

王树强,许红丽,孙彩霞,等. 菌糠牛粪蚯蚓堆肥对草莓土壤理化性质和细菌多样性的影响[J]. 江苏农业科学,2023,51(17):218-230.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.17.031

菌糠牛粪蚯蚓堆肥对草莓土壤理化性质和细菌多样性的影响

王树强^{1,4}, 许红丽², 孙彩霞³, 李雪华¹, 陈振华^{1,5,6}, 姜楠^{1,5,6}, 张玉兰^{1,5,6}

(1. 中国科学院沈阳应用生态研究所, 辽宁沈阳 110016; 2. 福建师范大学, 福建福州 350007;

3. 东北大学生命科学与健康学院, 辽宁沈阳 110016; 4. 中国科学院大学, 北京 100049;

5. 辽宁省现代保护性耕作与生态农业重点实验室, 辽宁沈阳 110016; 6. 沈阳农田生态系统国家野外科学观测研究站, 辽宁沈阳 110016)

摘要:为探究蚯蚓粪有机肥较常规堆肥能否更好地改善土壤质量,本研究讨论蚯蚓堆腐菌糠生成的蚯蚓粪有机肥和传统堆腐方法制备的堆肥对土壤理化性质、土壤酶活性及微生物多样性的影响。试验选择草莓为供试作物,在辽宁省潮棕壤地区温室大棚内展开试验。基于等氮量物料折算,布设化学肥料处理(即对照 CK)、蚯蚓粪处理(VcF)和常规堆肥处理(OF)3个处理。收获草莓4次后,分析土壤理化性质、酶活性和微生物多样性。VcF和OF处理均显著升高了土壤pH值;VcF处理显著增强了脱氢酶、酸性磷酸酶和磷酸二酯酶活性,OF处理显著提高了α-葡糖苷酶、β-葡糖苷酶、脱氢酶、酸性磷酸酶、碱性磷酸酶和磷酸二酯酶活性。VcF和OF处理都显著增加了放线菌门和拟杆菌门的相对丰度;VcF处理还增加了酸杆菌门和绿弯菌门的相对丰度。VcF和OF处理增加了土壤细菌多样性,VcF处理土壤细菌多样性显著高于菌糠堆肥处理。RDA结果表明,pH值($F=20.1, P<0.01$)、全磷含量($F=4.7, P<0.1$)和酸性磷酸酶活性($F=11.6, P<0.01$)是影响细菌群落的关键因素。与化肥处理对比,蚯蚓粪和传统堆肥都可显著增强草莓种植土壤酶活性、改变细菌群落结构和改善土壤微生物多样性。相比于传统菌糠堆肥,蚯蚓粪能更好地促进土壤健康和改善土壤质量,抑制草莓连作障碍。在未来研究中,应深入研究施用蚯蚓粪的土壤中具有显著优势的微生物在土壤养分循环及根际环境调控中的作用。

关键词:菌糠;蚯蚓粪;堆肥;土壤酶;土壤微生物丰度;微生物多样性

中图分类号:S141.4;S156.2;S182 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2023)17-0218-13

2020 年我国食用菌总产量为 4 061 万 t, 占全球

收稿日期:2022-12-04

基金项目:中国科学院战略性先导科技专项(编号:XDA28090100);
辽宁省现代保护性耕作研发与应用高水平创新创业团队项目(编号:XLYC2008015);中国科学院科技服务网络计划(STS计划)区域重点资助项目(编号:KFJ-ST-S-QYZD-180)。

作者简介:王树强(1994—),男,山东烟台人,硕士研究生,研究方向为土壤有机质转化、土壤酶学和微生物学。E-mail:caswsq@163.com。

通信作者:张玉兰,博士,副研究员,研究方向为土壤有机质提升、营养元素转化的过程特征及其土壤酶学调节、植物营养等。E-mail:ylzhang@iae.ac.cn。

总产量 70% 以上,2020 年产生菌糠量达 2 200 万 t (干质量)^[1-4]。将废弃菌糠进行堆肥处理是目前常用的方式,既避免焚烧、填埋等传统处理方法带来的环境问题,还能够充分利用菌糠中的氮磷钾养分元素和纤维素、蛋白质等有机物质^[5-6]。东北地区传统堆肥工艺的发酵温度、堆肥速度受冬季气候寒冷限制,存在产品质量差、病菌多等问题。传统堆肥处理菌糠,大量的营养物质被微生物分解成 CO₂、NH₄ 等气体释放掉,导致其资源化利用程度不理想^[2]。而将蚯蚓引入有机废弃物堆肥过程,完成物料破碎及腐解时间比传统堆肥少,腐熟完全、养

[21] Mizuta K, Matsumoto T, Hatate Y, et al. Removal of nitrate - nitrogen from drinking water using bamboo powder charcoal [J]. Bioresource Technology, 2004, 95(3): 255 - 257.

[22] 惠锦卓,张爱平,刘汝亮,等. 添加生物炭对灌淤土土壤养分含量和氮素淋失的影响[J]. 中国农业气象, 2014, 35(2): 156 - 161.

[23] Laird D A, Fleming P, Davis D D, et al. Impact of biochar amendments on the quality of a typical Midwestern agricultural soil

[J]. Geoderma, 2010, 158(3): 443 - 449.

[24] Zhang C, Huang X, Zhang X W, et al. Effects of biochar application on soil nitrogen and phosphorous leaching loss and oil peony growth [J]. Agricultural Water Management, 2021, 255: 107022.

[25] 李江舟,姜冀来,张立猛,等. 不同生物炭添加量下烟土土壤养分的淋失[J]. 植物营养与肥料学报, 2015, 21(4): 1075 - 1080.

分损失少、不含病菌及虫卵,含有植物生长激素、腐殖酸等物质^[7-10]。蚯蚓堆腐生产出的蚯蚓粪有机肥更精细、均匀,其在大棚作物种植上和土壤改良方面的优越潜力备受关注^[11]。已有较多大棚作物施用蚯蚓粪的案例,如番茄、黄瓜、草莓、韭菜、甘蓝、甜瓜等^[12-18]。蚯蚓粪的氮磷钾养分及 pH 值、酶活性、微生物的组成和丰度等特性因原材料不同而存在显著差异^[19]。不同基质来源的蚯蚓粪对作物生长和土壤性质具有不同影响。菌糠复配畜禽粪便制备的蚯蚓粪对土壤有机碳、可矿化氮、有效磷、可交换钾含量等土壤理化性质,淀粉酶、脲酶、磷酸酶等土壤酶活性及土壤微生物量均有不同程度的改善,能够显著促进草莓增长,并增强草莓抵御病害的能力^[20-22]。

施用蚯蚓粪有机肥会对土壤理化性质产生影响^[23]。蚯蚓粪有机肥能够增强土壤肥力,提高土壤 pH 值,降低土壤电导率,缓解和修复大棚草莓种植土壤的盐渍化,改善草莓根系生长条件^[22,24-26]。草莓的连作模式往往会导致土壤微生物群落组成发生变化,微生物多样性降低、病原菌数量增多,微生物的功能潜力也受到影响^[27],进而影响草莓的质量及土壤生态系统的可持续性^[28]。土壤酶主要来自土壤微生物和植物根系分泌物,土壤酶活性往往表征着土壤肥力和养分循环的能力^[29]。研究表明,施用蚯蚓粪有机肥能增强温室微生物活性与土壤酶活性^[30],显著提高土壤细菌和真菌数量,改变土壤细菌群落结构,降低病原真菌的相对丰度,提高芽孢杆菌属等特有物种的数量^[14,26,31],并进而影响草莓的生长和品质^[29]。

草莓被誉为“浆果皇后”,经济价值高,在我国各地广泛种植。东北地区的草莓大多为设施大棚种植方式,不受季节限制,多茬连作。由于草莓生长周期较长,需持续投入大量化学肥料,因而容易造成大棚土壤盐分积累,氮、磷、钾养分含量失衡,土壤酸化问题日益严重^[17,32],严重影响草莓发育,甚至加重病害,降低草莓的产量和品质,缩短草莓存储时间,制约其经济效益^[33-34]。有关草莓种植施用蚯蚓粪的研究主要集中于草莓生长发育、产量、品质,如可溶性固形物、可溶性糖、可溶性蛋白质和维生素 C 含量等方面^[2,29,35]。蚯蚓粪或蚯蚓粪复合基质能够显著提高草莓匍匐茎的抽生数量,提高草莓叶面积、株高等生理指标,及草莓净光合速率、气孔导度等光合特性,从而促进草莓生长发育,进而

提高平均单果质量、单株产量,还能提升可溶性糖含量和维生素 C 含量等品质指标^[23,36-37]。

蚯蚓粪如何通过影响微生物与土壤理化性质、土壤酶活性之间的相互作用从而改善土壤、提高草莓抗病性还尚未得到清楚认知。因此,本研究以草莓种植土壤为研究对象,通过施用菌糠蚯蚓粪与菌糠堆肥,研究蚯蚓粪对土壤理化性质、土壤酶活性及土壤微生物群落多样性的影响,以期为合理施用蚯蚓粪、改善草莓生长提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地点位于辽宁省沈阳市苏家屯区十里河镇(41°31'N,123°24'E)中国科学院沈阳生态试验站大棚内。该地区日照充足,年平均气温 7~8℃,年平均降水量为 700 mm,气候类型属于温带半湿润大陆性气候。土壤类型为草甸棕壤,试验土壤理化性质本底值见表 1。

表 1 试验土壤理化性质本底值

项目	本底值
pH 值	7.03
有机碳含量(g/kg)	17.32
全氮含量(g/kg)	1.45
全磷含量(g/kg)	0.48
全钾含量(g/kg)	14.68
硝态氮含量(mg/kg)	72.23
铵态氮含量(mg/kg)	3.25
有效磷含量(mg/kg)	32.44
有效钾含量(mg/kg)	185.60

1.2 试验材料

本试验采用的草莓品种为甜查理。菌糠堆肥和菌糠蚯蚓粪生物有机肥为本研究自行堆肥获得,两者原材料均为菌糠和牛粪。从养殖户处获得菌糠和牛粪。菌糠和牛粪比例为 2:8,经常规堆沤方法堆制获得堆肥。将糠粪料预处理后作为养殖料喂饲蚯蚓,经蚯蚓过腹消化得到菌糠蚯蚓粪生物有机肥。试验所用的氮磷钾三元素复合肥料(N、P₂O₅、K₂O 含量均为 15%)从市场中采购。

1.3 试验设置

本次试验种植的草莓土壤设置 3 个处理,分别为常规肥料对照组(CK)、菌糠蚯蚓粪(VcF)和菌糠堆肥(OF),每个处理设 3 次重复。草莓常规设施种植理论需氮肥量为 750 kg/hm²。本次试验 3 个处理

施用等氮量肥料,均衡复合肥(N、P₂O₅、K₂O含量均为15%)施用总量为5 000 kg/hm²。复合肥底施60%,后期追肥占40%;有机肥施用总量为充分腐熟的菌糠牛粪堆肥50 t/hm²(1.5% N,以干基计)以及菌糠牛粪蚯蚓粪有机肥75 t/hm²(1.0% N,以干基计),底肥占80%,即分别为40 t/hm²和60 t/hm²(预估有机肥速效氮素效应与750 kg N的60%即450 kg N相当),后期追肥占20%。

本试验于温室大棚中进行,大棚长度为100 m,宽度为5 m。选在大棚中央地段进行草莓种植试验,设置3个区组(3次重复),每个区组平均划分成3个小区(3个处理),3个处理在区组内随机排列。每个小区长2.00 m,宽0.60 m结合整地撒施底肥,于施用底肥后10~15 d起垄,垄高度为0.35 m,垄顶宽度为0.60 m,底部宽度为0.70 cm。相邻小区间隔0.50 m,可减轻水分和养分迁移对相邻小区的影响。

垄顶覆盖塑料膜,随后移栽种苗定植,双行种植,行间距0.25~0.30 m。将5叶1心期草莓苗带土移栽定植、缓苗。草莓的株距为0.15 m,种植密度约为12株/m²(约1.2万株/hm²)。在草莓缓苗15 d、开花期、草莓膨果期和盛果期追肥,采用垄侧穴施方式施肥。根据草莓收获情况,每收获1~2次追肥1次,共计6次。每次追肥分别施用无机肥0.044 kg/m²、菌糠牛粪常规有机肥0.44 kg/m²和蚯蚓粪0.66 kg/m²。追肥后浇水,每个小区单独定量浇水,较好地避免各试验小区串肥。每个小区放置2张黄板防治病虫害,在棚中放养1箱蜜蜂备用开花期授粉。其他浇灌、除草和除虫等所有农艺措施均按照当地习惯进行操作。

草莓于2020年11月20日种植,于2021年1月27日进行第1次采摘。2021年4月用5点取样法随机采集每个小区0~20 cm土层的土壤,混合为1个土壤样品,带回实验室,将土壤样品分为3份,其中,第1份储存于4℃冰箱中,用于土壤酶活性的测定;第2份进行风干处理备用;第3份存储于-80℃的冰箱中,用于土壤微生物DNA的提取及后续微生物丰度和多样性测定。

1.4 测定指标和方法

1.4.1 土壤理化指标 含水量采用烘干法测定,土壤pH值采用电位法测定,土壤有机碳含量采用高温外热重铬酸钾氧化-容量法测定,土壤全钾含量采用氢氟酸-高氯酸消煮法测定;土壤有效钾含量

采用乙酸铵浸提法测定^[38];土壤全磷含量采用高氯酸消煮法测定^[39];土壤有效磷含量采用Olsen法测定^[40];土壤微生物量碳、氮含量采用三氯甲烷熏蒸法测定^[41];土壤全氮含量利用元素分析仪(Vario MACRO cube,Elementar,Germany)测定。

1.4.2 土壤酶活性 土壤脱氢酶、酸性磷酸单酯酶、碱性磷酸单酯酶、磷酸二酯酶活性测定参照Tabatabai的方法^[42];α-葡糖苷酶、β-葡糖苷酶活性测定参照Eivazi等人的方法^[43-44],N-乙酰基-葡糖苷酶活性测定参照Parham等人的方法^[45],以单位时间生成的对硝基酚(pNP)含量表示酶活性。

1.4.3 实时荧光定量PCR 土壤样品送至北京奥维森基因科技有限公司检测。提取土壤样本中的基因组DNA后,使用引物5'-ACTCCTACGGGAGCAGCAG-3'和5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'进行PCR扩增。PCR程序:95℃ 30 s,40个PCR循环[95℃ 5 s,60℃ 40 s(收集荧光)]。为建立PCR产物的熔解曲线,扩增反应结束后,按95℃ 10 s,60℃ 60 s,95℃ 15 s程序进行操作;并从60℃缓慢加热至99℃(仪器自动进行,升温速率为0.05℃/s)。

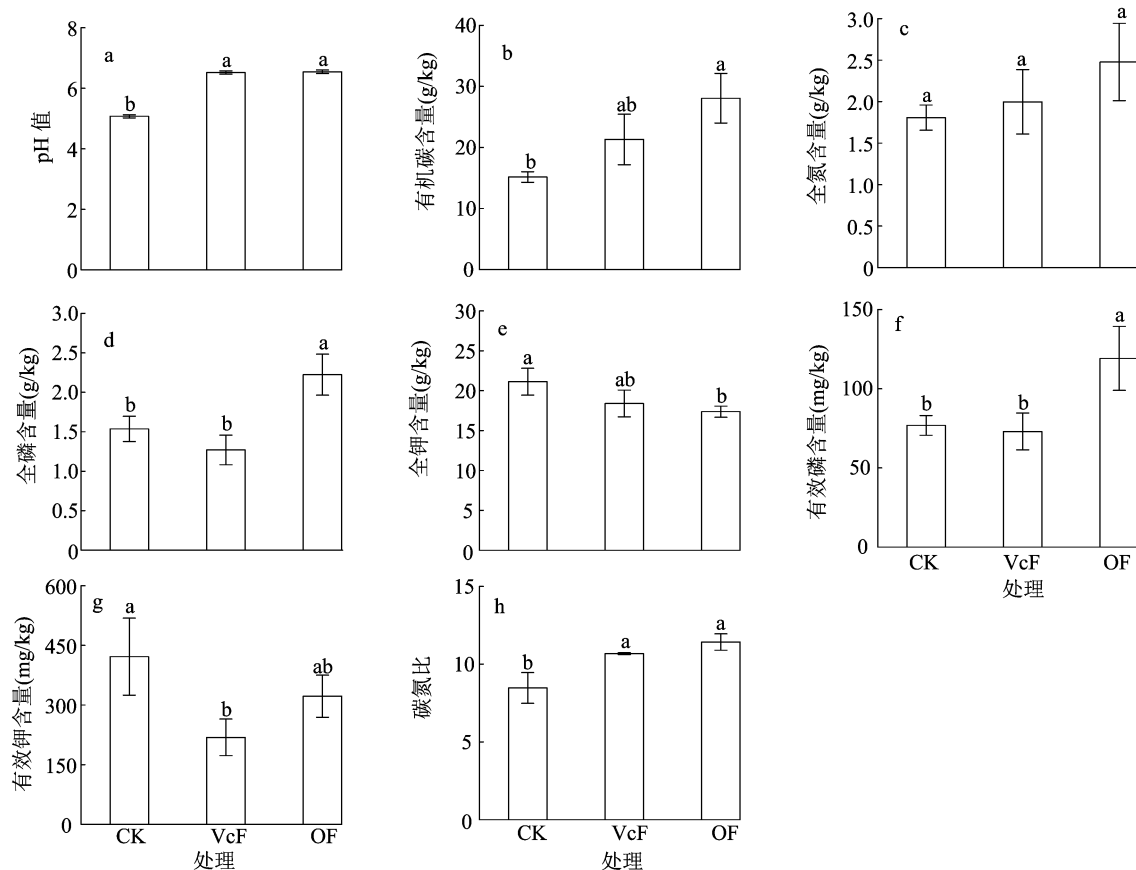
1.4.4 高通量测序 提取土壤中基因组DNA后,利用1%琼脂糖凝胶电泳检测DNA。按指定测序区域,合成带有条形码(barcode)的特异引物,PCR产物使用1%琼脂糖凝胶电泳检测扩增目的条带的大小,并用Agencourt AMPure XP核酸纯化试剂盒纯化。随后构建Miseq文库,利用Illumina MiSeq平台测定微生物DNA片段的序列。测序数据已经上传至NCBI数据库,登录号为PRJNA804409。

1.4.5 统计分析 利用Microsoft Excel 2019软件处理数据,并运用SPSS 26.0对数据进行单因素方差分析(one-way ANOVA),对其显著性差异采用LSD(α=0.05)和Duncan's检验法进行多重比较。采用Origin 2021和R软件进行图形绘制,采用Canoco 5.0软件绘制冗余分析(RDA)图,分析属水平上细菌与土壤理化性质。

2 结果与分析

2.1 施用蚯蚓粪对土壤理化性质的影响

菌糠堆肥和菌糠蚯蚓粪显著影响土壤理化性质。由图1可知,与对照相比,菌糠蚯蚓粪处理显著提高了pH值和碳氮比,显著降低了有效钾含量;菌糠堆肥处理显著提高了pH值、有机碳含量、碳氮



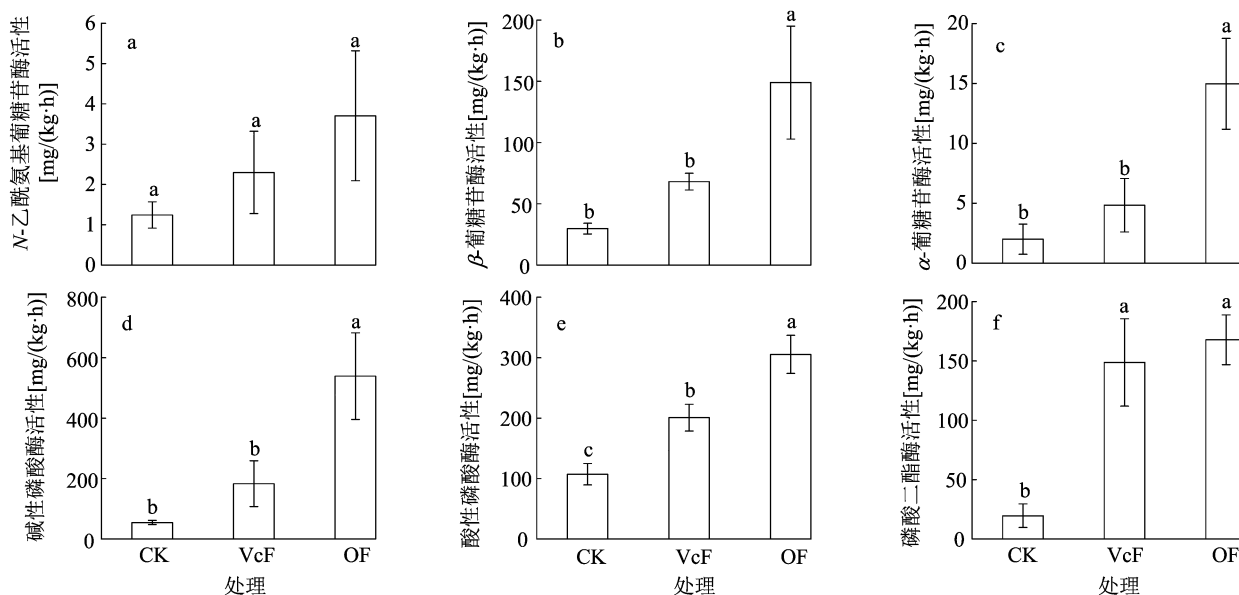
CK—对照; VcF—菌糠蚯蚓粪; OF—菌糠堆肥。柱上不同小写英文字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。图2、图3、图4同

图1 施用菌糠蚯蚓粪与菌糠堆肥对土壤理化性质的影响

比、全磷和有效磷含量,显著降低了全钾含量。与菌糠蚯蚓粪处理相比,菌糠堆肥处理显著提高了土壤全磷、有效磷含量。

2.2 蚯蚓粪有机肥施用对土壤酶活性的影响

由图2可知,相比于CK,菌糠堆肥处理显著增强了土壤 β -葡糖苷酶、 α -葡糖苷酶、酸性磷酸酶、



CK—对照; VcF—菌糠蚯蚓粪; OF—菌糠堆肥

图2 施用菌糠蚯蚓粪与菌糠堆肥对土壤中酶活性的影响

碱性磷酸酶和磷酸二酯酶的活性;菌糠蚯蚓粪处理显著增强了酸性磷酸酶和磷酸二酯酶活性。菌糠堆肥处理的 β -葡糖苷酶、 α -葡糖苷酶、碱性磷酸酶、酸性磷酸酶活性显著高于菌糠蚯蚓粪处理。

2.3 施用蚯蚓粪对土壤微生物数量、群落结构和多样性的影响

由图3可知,菌糠蚯蚓粪和菌糠堆肥处理对微

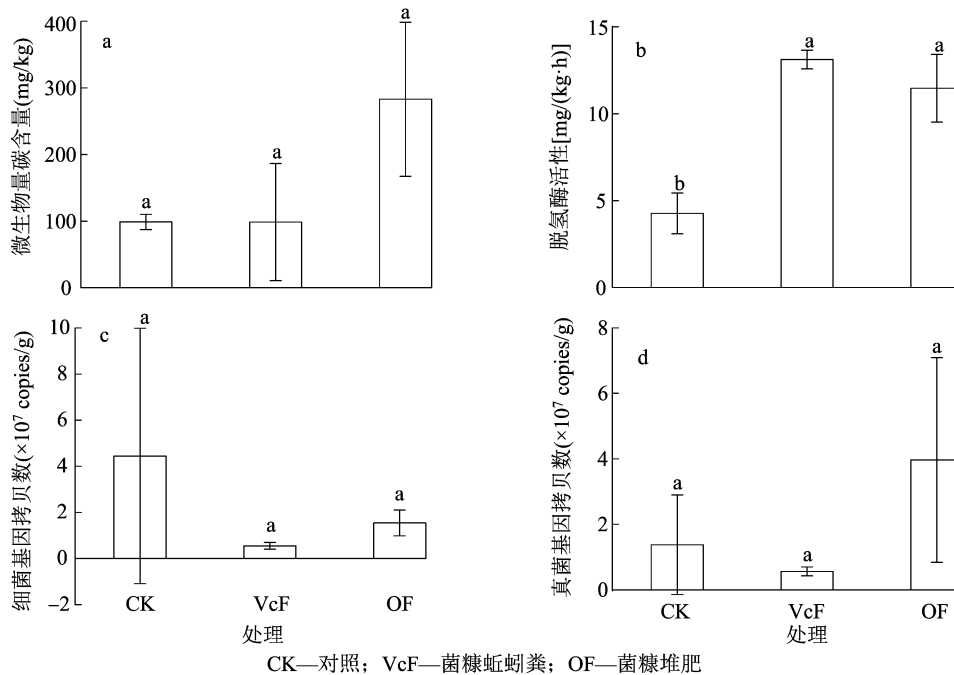


图3 施用菌糠蚯蚓粪与菌糠堆肥对土壤微生物量碳含量(a)、脱氢酶活性(b)、细菌丰度(c)和真菌丰度(d)的影响

由图4可知,对照组、菌糠蚯蚓粪组与堆肥组共同拥有的细菌操作分类单元(OTU)数量为2951个,占有测试土壤样本总OTU数量的比例为55.8%,对照组总OTU数量为3774个,菌糠堆肥组总OTU数量为4219个,菌糠蚯蚓粪组总OTU数量为4535个;对照组独有OTU数量为146个,菌糠堆肥组OTU数量为355个,菌糠蚯蚓粪组独有OTU数量为498个,表明施用蚯蚓粪和常规堆肥使土壤微生物群落发生了变化。选取Shannon指数与Chao1指数来评价土壤中添加蚯蚓粪对微生物多样性与丰富度变化的显著性。Chao1指数与Shannon指数越大,微生物群落多样性越高。 α 多样性指数分析结果表明,蚯蚓粪处理与堆肥处理中细菌Chao1指数与Shannon指数显著高于对照,施用蚯蚓粪和菌糠堆肥使细菌多样性增加,蚯蚓粪处理细菌多样性显著高于菌糠堆肥处理。

2.4 施用蚯蚓粪对土壤微生物群落组成的影响

草莓种植土壤中相对丰度在1%以上的细菌共

生物量碳含量均无显著影响,菌糠蚯蚓粪和菌糠堆肥处理均显著提高了土壤脱氢酶活性,表明菌糠蚯蚓粪和菌糠堆肥均增强了微生物活性,但蚯蚓粪和菌糠堆肥处理间差异不显著。蚯蚓粪和菌糠堆肥处理土壤对微生物丰度即细菌基因拷贝数和真菌拷贝数无显著影响,即对土壤细菌和真菌丰度未产生显著性影响。

鉴定出41个门。由图5-a可知,土壤样本中细菌相对丰度最高的5个门依次是变形杆菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、拟杆菌门(Bacteroidetes),占微生物群落相对丰度的80%以上。添加堆肥和蚯蚓粪后改变了草莓种植土壤中优势细菌门的相对丰度。菌糠蚯蚓粪处理的放线菌门、酸杆菌门、拟杆菌门和绿弯菌门的相对丰度分别显著增加了48.4%、40.8%、67.4%和119.0%,变形杆菌门相对丰度显著降低了42.6%。常规菌糠堆肥处理的放线菌门相对丰度显著增加了75.1%,拟杆菌门相对丰度显著增加211.8%;变形杆菌门相对丰度降低了33.5%,酸杆菌门相对丰度降低了24.7%。

从细菌属水平上分析,由图5-b可知,水恒杆菌属(*Mizugakiibacter*)、罗河杆菌属(*Rhodanobacter*)、*RB41*、鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、嗜盐囊菌属(*Haliangium*)是所有土

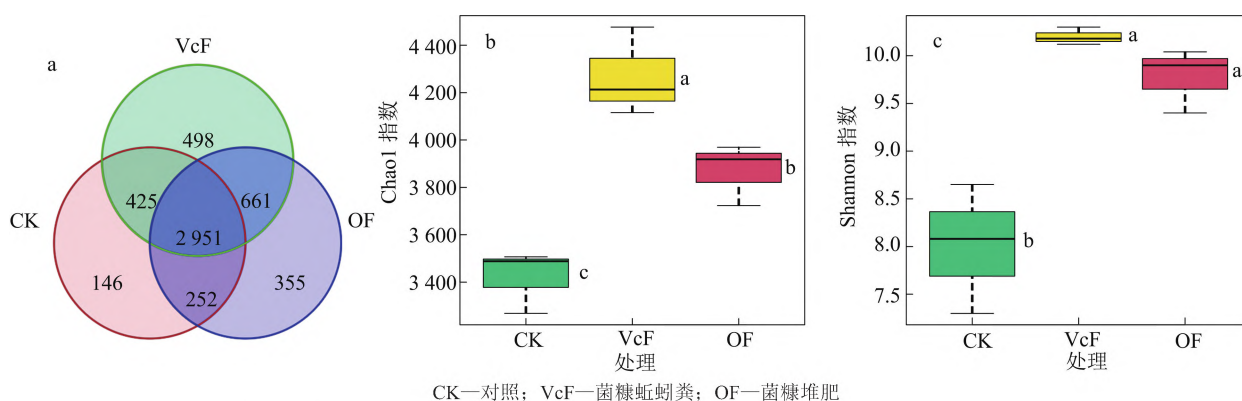


图4 施用菌糠蚯蚓粪与菌糠堆肥的土壤中细菌群落 OTU Venn 图(a)与 α 多样性指数(b, c)

壤样本中相对丰度排前五的属水平细菌。相对丰度在1%以上的细菌属共有20个。通过ANOVA分析3种处理之间20个细菌的差异显著性,其中,19个细菌差异显著。由图6可知,与对照处理相比,施用蚯蚓粪显著提高了脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、嗜盐囊菌属(*Haliangium*)、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)、类诺卡氏菌属(*Nocardioides*)以及未识别属的相对丰度;菌糠堆肥处理显著提高了鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、嗜盐囊菌属(*Haliangium*)、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)、*Pricia*、

链霉菌属(*Streptomyces*)、戴沃斯氏菌属(*Devosia*)、中慢生根瘤菌属(*Mesorhizobium*)、*Haloactinopolyspora*、*Luteibacter*、裂孢菌属(*Thermobifida*)、*Clostridium_sensu_stricto_1*、马杜拉放线菌属(*Actinomadura*)的相对丰度。施用蚯蚓粪和菌糠堆肥均显著降低了水恒杆菌属(*Mizugakiibacter*)、罗河杆菌属(*Rhodanobacter*)、卡斯特兰尼氏菌(*Castellaniella*)、酸杆菌属(*Acidobacterium*)、*Alkanibacter*的相对丰度,3个处理土壤细菌群落的组成具有显著差异。

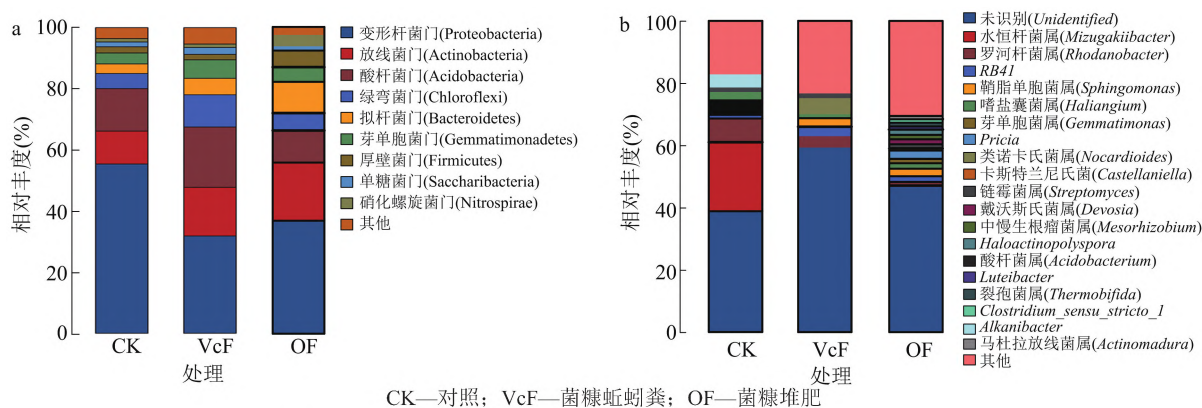


图5 蚯蚓粪与菌糠堆肥对门水平(a)与属水平(b)细菌物种组成的影响

利用 Mantel tests 分析属水平细菌与环境因子、酶活性的相关性,由图7-a可知,属水平细菌与全钾含量、pH值、磷酸二酯酶活性、酸性磷酸酶活性呈极显著关系($P < 0.01, R \geq 0.5$),与脱氢酶活性($P < 0.05, R \geq 0.5$)、有效钾含量($P < 0.05, R \leq 0.5$)呈显著关系。

分析土壤环境因子与土壤酶活性的相关性,由图7-a可知,有效钾含量与脱氢酶活性呈显著负相关($r = -0.74, P < 0.05$);全钾含量与酸性磷酸酶活性($r = -0.77, P < 0.05$)、磷酸二酯酶活性($r =$

$-0.81, P < 0.01$)呈显著负相关;pH值与脱氢酶活性($r = 0.94, P < 0.01$)、酸性磷酸酶活性($r = 0.82, P < 0.01$)、磷酸二酯酶活性($r = 0.94, P < 0.01$)呈极显著正相关;有机碳含量与 α -葡萄糖苷酶($r = 0.95, P < 0.01$)、 β -葡萄糖苷酶($r = 0.92, P < 0.01$)、酸性磷酸酶($r = 0.94, P < 0.01$)、碱性磷酸酶($r = 0.93, P < 0.01$)、磷酸二酯酶($r = 0.86, P < 0.01$)活性呈极显著正相关;有效磷含量与 α -葡萄糖苷酶($r = 0.92, P < 0.01$)、 β -葡萄糖苷酶($r = 0.89, P < 0.01$)、碱性磷酸酶($r = 0.87, P < 0.01$)活性呈极显

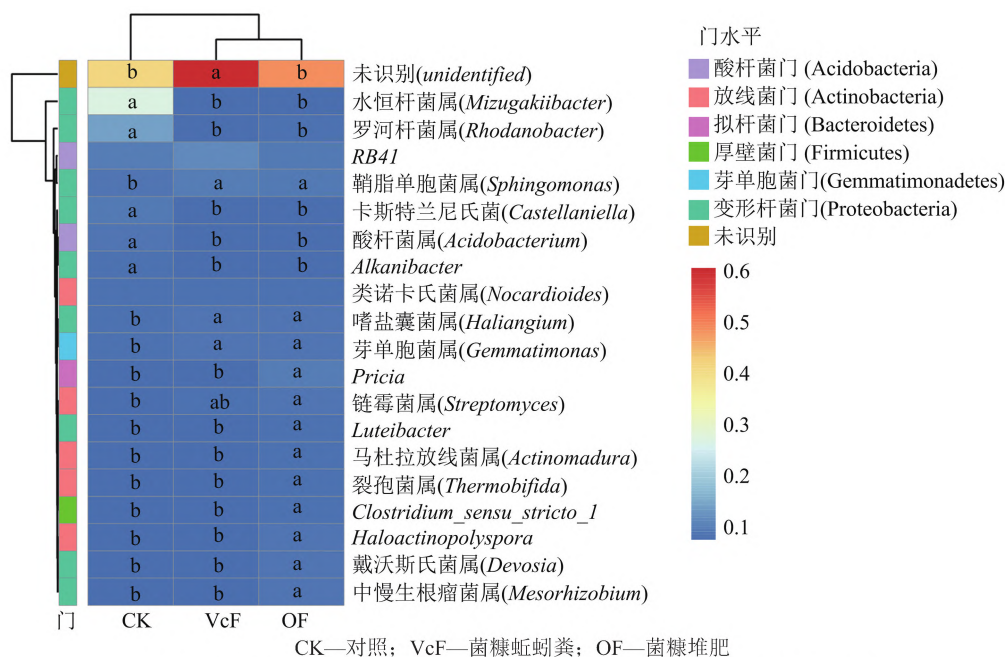


图6 施用菌糠蚯蚓粪和菌糠堆肥的土壤细菌在门与属水平上群落差异性分析

著正相关。

由细菌属水平群落和环境因子及酶活性之间 Spearman 相关性分析结果(图 7-b)可知,嗜盐囊菌属(*Haliangium*)与脱氢酶活性呈极显著正相关关系;芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)与 pH 值呈极显著正相关;*Pricia*与 α -葡萄糖苷酶、 β -葡萄糖苷酶、酸性磷酸酶、碱性磷酸酶活性呈极显著正相关;类诺卡氏菌(*Nocardioiodes*)与有效钾含量呈极显著负相关;链霉菌属(*Streptomyces*)与 α -葡萄糖苷酶、 β -葡萄糖苷酶、酸性磷酸酶、碱性磷酸酶活性呈极显著正相关,与全钾含量呈极显著负相关;戴沃斯氏菌属(*Devosia*)与 α -葡萄糖苷酶、 β -葡萄糖苷酶、酸性磷酸酶、碱性磷酸酶活性呈极显著正相关;*Haloactinopolyspora*与微生物量碳含量呈极显著相关;酸杆菌属(*Acidobacterium*)与 pH 值、酸性磷酸酶和碱性磷酸酶活性呈极显著负相关;*Luteibacter*与有效磷、全磷含量呈极显著正相关;*Alkanibacter*与 pH 值及 β -葡萄糖苷酶、脱氢酶、酸性磷酸酶、碱性磷酸酶、磷酸二酯酶活性呈极显著负相关;马杜拉放线菌属(*Actinomadura*)与全氮、有效磷含量及 α -葡萄糖苷酶、 β -葡萄糖苷酶、酸性磷酸酶、碱性磷酸酶活性呈极显著正相关。

将环境因子与相对丰度前 10 位的属水平细菌作冗余分析(RDA),由图 8 可知,进一步验证土壤理化性质和土壤酶活性对土壤微生物多样性的影响,轴 1 解释了属水平细菌群落变化的 87.14%,轴

2 解释了 11.91%。其中, pH 值($F = 20.1, P < 0.01$)、全磷含量($F = 4.7, P < 0.1$)和酸性磷酸酶活性($F = 11.6, P < 0.01$)分别解释了 74.1%、11.3%和 6.4%的细菌群落变化, pH 值、全磷含量和酸性磷酸酶活性是影响细菌群落的关键因素。其中, pH 值是嗜盐囊菌属(*Haliangium*)、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)的重要影响因素,全磷是 *Pricia* 的重要影响因素。

基于 Bray-Curtis 距离的聚类方法绘制主坐标分析(PCoA)图,由图 9 可知,根据 3 个处理土壤微生物群落之间的距离,分析 CK、VcF、OF 处理之间群落多样性的差异。不同处理沿第 1 坐标轴相互分离,在 PC1 和 PC2 上分别占据 50.74% 和 25.31% 的解释,OF 与 CK 的距离大于 VcF 与 CK 之间的距离,存在显著差异,且 OF 处理对细菌群落的影响大于 VcF 处理。Permanova 分析结果表明,3 个处理之间细菌群落差异显著($P < 0.05$),说明施用蚯蚓粪和菌糠堆肥显著改变了土壤细菌群落结构。

3 讨论

3.1 施用蚯蚓粪和菌糠堆肥改善土壤理化性质

菌糠蚯蚓粪和常规堆肥处理的土壤碳氮比显著增高,与有机物料碳输入有关。本研究中土壤 pH 值增高,与本底值接近,而许多研究也得到了同样的结果^[24-26],这表明菌糠蚯蚓粪和菌糠堆肥缓解了土壤酸化,可能是有机物分解产生的铵离子及在腐

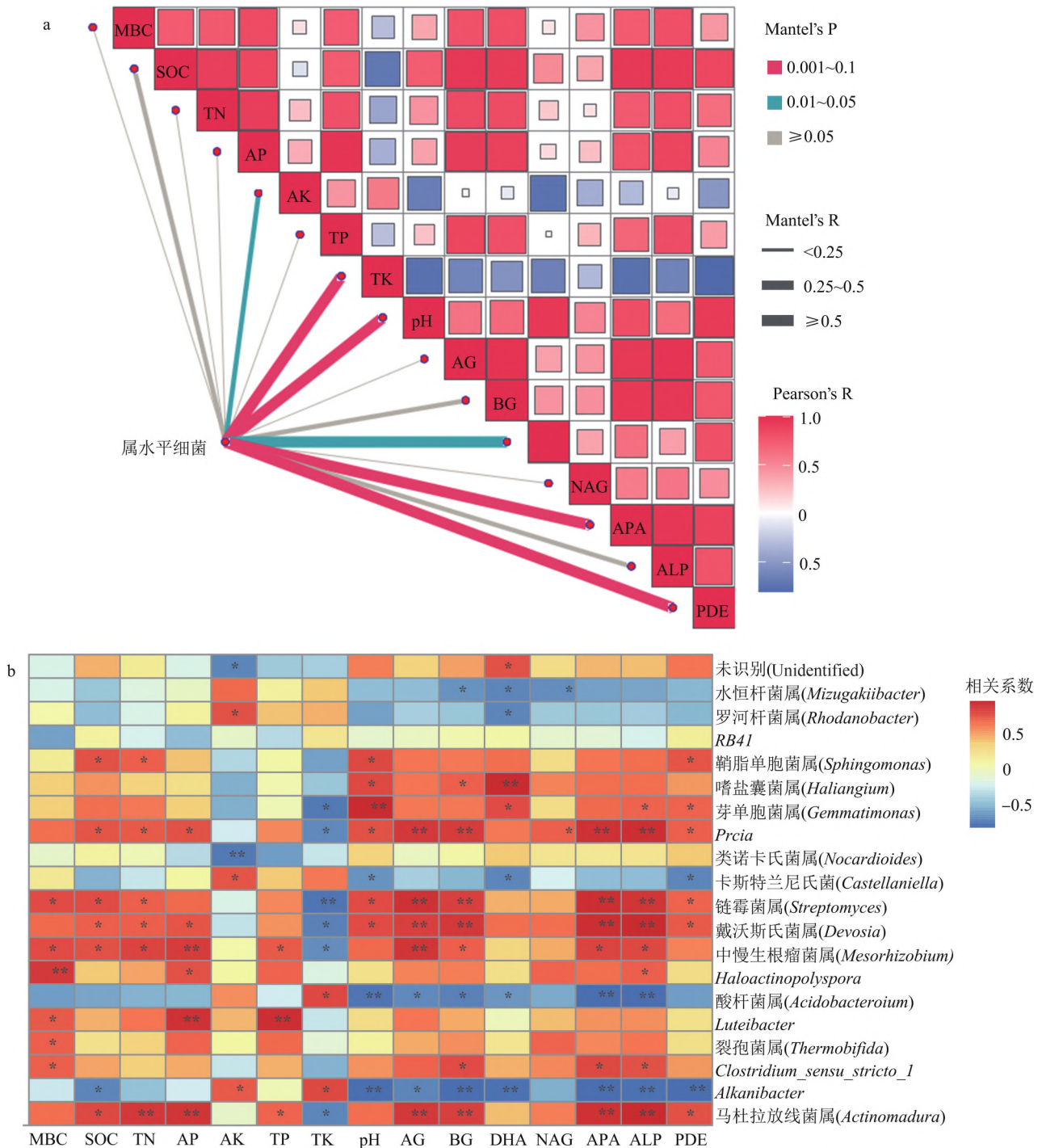
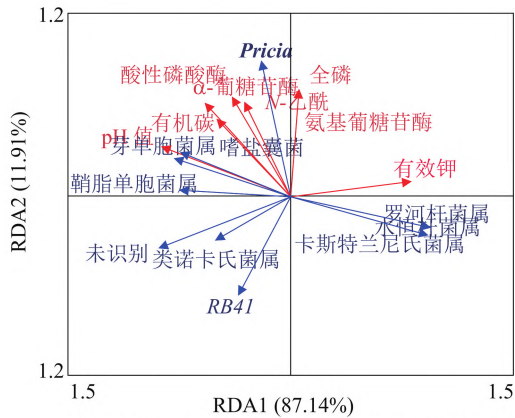


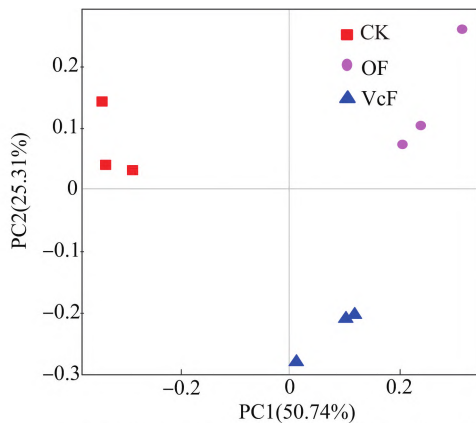
图7 土壤细菌群落与环境因子、酶活性的 Mantel tests 相关性热图(a); 属水平细菌与环境因子、酶活性的 Spearman 相关性热图(b)

殖化的过程中消耗酚基等基团、产生了羟基,造成土壤 pH 值升高^[26]。pH 值是影响微生物群落组成的关键因素^[46],菌糠蚯蚓粪和菌糠堆肥能够通过改变土壤 pH 值和碳氮比影响土壤微生物群落结构。菌糠常规堆肥处理显著提高了土壤 pH 值,缓解土

壤酸化,同时,对土壤有机碳、全碳、有效磷、全磷含量及碳氮比也有明显改善,这与曹雪莹等在马铃薯种植土壤中施用金针菇菌糠啤酒糟有机肥的研究结果^[47]基本一致。菌糠蚯蚓粪处理土壤的全磷、有效磷含量显著低于菌糠堆肥处理,原因可能在于蚯



CK—对照; VcF—菌糠蚯蚓粪; OF—菌糠堆肥
图8 施用菌糠蚯蚓粪和菌糠堆肥的土壤理化性质与属水平细菌丰度的 RDA 图



CK—对照; VcF—菌糠蚯蚓粪; OF—菌糠堆肥
图9 施用菌糠蚯蚓粪和菌糠堆肥的土壤中细菌群落 PCoA 图 (Permanova, $P=0.003$)

蚓粪种的腐殖质盐离子与磷酸盐离子竞争吸附位点,促进磷酸盐离子的溶出,及蚯蚓粪中的微生物释放草酸等有机酸,溶解土壤中的结合态磷和钾^[21];同时菌糠蚯蚓粪处理的草莓在返青期、旺盛生长期和花芽分化期高强度吸收了大量有效磷^[48]。此外,牛粪本身含有较高的磷^[49],及在堆肥过程中菌糠蚯蚓粪的有效磷含量显著低于传统堆肥^[50],可能也会造成菌糠堆肥处理有效磷、全磷含量高于菌糠蚯蚓粪处理。有效磷、有效钾含量的降低可能与草莓产量的显著提高密切相关^[2]。

3.2 施用蚯蚓粪和菌糠堆肥提高土壤酶活性

土壤酶参与土壤中许多重要的生物化学反应,酶活性是微生物活性的指标。本试验结果显示,菌糠堆肥处理显著提高了 α -葡萄糖苷酶、 β -葡萄糖苷酶、脱氢酶、酸性磷酸酶、碱性磷酸酶、磷酸二酯酶活性,菌糠蚯蚓粪处理显著提高了酸性磷酸酶、磷酸二酯酶活性。目前认为菌糠堆肥显著提高土壤

酶活性的机制可能是菌糠促进作物根系分泌物的产生或者是菌糠为微生物提供了粗蛋白、粗脂肪等营养物质,从而增强了土壤酶活性^[51]。 α -葡萄糖苷酶和 β -葡萄糖苷酶是碳循环中在有机物分解中起重要作用的酶,酶活性提高有利于菌糠中的纤维素、木质素等有机物质的分解。酸性和碱性磷酸酶能够催化有机磷酸单酯水解为无机磷^[52],施用蚯蚓粪能够提高微生物的底物利用能力,激活微生物活性,促进磷酸酶的分泌,同时由于土壤 pH 值升高,土壤碱性磷酸酶活性也随之增强^[53]。菌糠蚯蚓粪有机肥的施用,有利于增强土壤活性,促进形成高效的土壤生态系统,改善土壤微生境。

Mantel test 相关性分析结果表明,土壤有机碳含量与酸性磷酸酶、碱性磷酸酶、磷酸二酯酶活性均呈显著正相关,有效磷含量与碱性磷酸酶呈显著正相关,是由于蚯蚓粪的施用增强了微生物的底物利用能力,从而促进酶的分泌,增加土壤中的有效养分^[54]。菌糠堆肥处理有机碳、有效磷和全磷含量均高于对照处理和蚯蚓粪处理,菌糠堆肥处理的酸性磷酸酶、碱性磷酸酶的活性显著高于蚯蚓粪处理。由 Mantel Test 分析结果可知,酸性磷酸酶与属水平细菌群落具有显著相关性,磷是微生物生命活动必需的营养元素,酸性磷酸酶活性与微生物呼吸作用呈正相关^[55],磷酸酶活性的增强意味着微生物活性提高以及磷供应能力的增强。菌糠蚯蚓粪处理的酸性磷酸酶、磷酸二酯酶活性显著提高,而全磷、有效磷含量却略有降低,同样表明草莓在生长期可能吸收了大量磷。

3.3 施用蚯蚓粪和菌糠堆肥能够增加土壤细菌多样性

通过 16S rDNA 基因拷贝数可近似估计土壤中微生物的数量^[56]。本试验中,3 种施肥处理土壤的微生物(细菌和真菌)数量差异不显著。土壤脱氢酶活性能够代表分解有机物时微生物氧化能力^[57],脱氢酶活性、微生物量与 N、P 浓度呈正相关^[20],脱氢酶活性的升高可能与碳氮磷矿化有关^[58]。菌糠堆肥为微生物提供了碳氮磷养分,提高了微生物活性。相比于传统堆肥,除了提供微生物生存所需要的养分,蚯蚓能够增加生长介质中 0.25 ~ 2.00 mm 颗粒的数量,蚯蚓粪施用至土壤中能够增加土壤孔隙度^[59],提高微生物活性和脱氢酶活性。

通常认为微生物多样性对维持土壤健康与土壤生态系统多功能性有积极意义^[60],微生物多样性

可通过影响土壤功能间接驱动土壤生态系统对病原体的抑制^[61]。蚯蚓粪处理显著增加了细菌群落物种多样性,蚯蚓粪堆肥有机质分解程度更高,碳氮磷等元素有效性高^[62],因而蚯蚓粪处理土壤中微生物活性和多样性更高,有利于维持增强土壤生态系统的抗病性,维持土壤健康,保持土壤功能多样性。前人的研究表明,土壤碳氮比的升高会影响土壤微生物数量和组成^[63]。

变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、拟杆菌门等是土壤中的优势菌门^[64]。变形菌门和放线菌门是木质素分解的2个主要类群^[65],菌糠中木质纤维含量高,蚯蚓粪处理能够促进木质素等难降解有机物的分解,增加土壤养分。酸杆菌在同化硝酸盐还原过程中发挥重要作用^[66]。施用蚯蚓粪能够增加放线菌和绿弯菌的相对丰度,抑制土传病害^[67]。绿弯菌参与卤代烃的积累和植物衍生化合物的降解^[68],Liu等认为菌糠蚯蚓粪处理减少了绿弯菌门和变形菌门,从而刺激了土壤全氮的积累和玉米对氮的吸收^[64]。

由RDA和Spearman相关性分析结果可知,pH值、全磷和酸性磷酸酶是影响细菌群落的关键因素。芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)、*Pricia*、链霉菌属(*Streptomyces*)、戴沃斯氏菌属(*Devosia*)、酸杆菌属(*Acidobacterium*)、*Luteibacter*、*Alkanibacter*、马杜拉放线菌属(*Actinomadura*)等属水平细菌与pH值、全磷含量和酸性磷酸酶活性呈显著相关关系。碳氮磷元素往往是微生物的限制性因素^[69],土壤微生物是土壤碳氮磷循环的核心,嗜盐囊菌属(*Haliangium*)有机质分解能力强^[70];芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)在有机质含量丰富的土壤中丰度较高,能够通过调节自身碳氮的摄入影响碳氮循环^[71]。嗜盐囊菌属(*Haliangium*)、罗河杆菌属(*Rhodanobacter*)、卡斯特兰尼氏菌(*Castellaniella*)参与土壤中反硝化作用^[72-74],其丰度降低可以提高土壤 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 水平,从而增强作物对氮的有效吸收。酸杆菌属(*Acidobacterium*)适宜在低碳、中性至弱酸性环境中生存^[75],施用蚯蚓粪和菌糠堆肥增加了土壤有机碳含量,提高了土壤pH值,酸杆菌属的相对丰度降低。戴沃斯氏菌属(*Devosia*)与速效氮、磷酸酶活性呈显著正相关^[76]。据报道,类诺卡氏菌属具有阿特拉津降解基因[77]。

除此之外,蚯蚓粪对草莓连作障碍的改善也受到诸多研究者的关注。草莓连作障碍与土壤微生物群落结构的变化有关,其中,由尖孢镰刀菌引起的枯萎病是导致草莓连作障碍的主要病害之一^[78]。蚯蚓粪含有的假单胞菌属、芽孢杆菌属、微杆菌属等细菌,能够分泌促进植物生长的激素吲哚-3-乙酸(IAA),还分泌其他具有生物活性的化合物和代谢物,能够抑制植物病原体,改善植物的生长状况,有效抑制连作障碍^[79-80]。嗜盐囊菌属(*Haliangium*)、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)能够抑制真菌病原体^[71,81-82],缓解枯萎病,促进植物生长。菌糠堆肥同样提高了相关病原菌拮抗微生物的相对丰度,但传统堆肥中病原体灭活的不确定性会增加菌糠有机肥施用的隐患。若堆体表面温度过低或者堆肥基质混合不均匀,传统菌糠堆肥中的致病微生物如黄曲霉菌等不能被彻底杀灭^[83],在农田中施用这种有机肥,可能造成病原菌的扩散和繁殖,危及作物生长甚至人类健康,而菌糠蚯蚓粪能够通过微生物和酶降低堆肥中病原体水平,增强有机肥料的安全性^[84],从而保护草莓免受病原体侵害。

综上,造成菌糠蚯蚓粪和菌糠堆肥对细菌多样性的影响存在差异的原因可能是,菌糠蚯蚓粪改善了土壤微生物的栖息环境,为微生物的生存提供了必需的养分,同时抑制了病原菌的繁殖,病原菌与其他细菌的竞争减弱,从而增加了土壤细菌多样性;蚯蚓分泌物中携带的有益微生物定殖到土壤中,也会增加土壤细菌多样性。

菌糠蚯蚓粪处理对土壤质量的改善,未表现出相对于菌糠堆肥的显著优势,一方面是因为蚯蚓粪施用周期短,蚯蚓粪中的微生物不能适应土壤环境,土著微生物仍然占据优势地位,短期内施用蚯蚓粪的土壤中微生物群落结构并不总是发生显著变化,而且微生物群落结构的变化往往并不总是涉及微生物群落功能、养分有效性的增加^[50,85],土壤微生物生物量的增加不会影响养分固定对草莓植株的养分供应^[20];另一方面,蚯蚓粪对土壤理化性质的改善依赖于土壤微生物群落结构的变化,土壤有机质含量及底物的可利用性也可能是造成群落结构差异的原因^[86]。随着蚯蚓粪的长期施用,土壤质量和土壤健康将得到显著改善,许多研究已经证明了这一观点^[29,35-36]。

4 结论

草莓种植土壤施用菌糠蚯蚓粪与菌糠堆肥对

土壤理化性质、酶活性、微生物群落结构与多样性具有显著影响。结果表明,菌糠蚯蚓粪能够调控土壤 pH 值,显著提高脱氢酶、酸性磷酸酶活性,促进土壤碳氮循环;能够提高细菌 α 多样性,改变细菌群落结构。不同于传统菌糠堆肥对土壤理化性质的改善效果,菌糠蚯蚓粪在抑制病原体、缓解草莓连作障碍方面比传统菌糠堆肥更具优势。将菌糠进行蚯蚓堆肥,能够充分促进菌糠的资源化、无害化,菌糠蚯蚓粪对土壤生态系统和土壤健康的改善,有利于草莓种植体系的可持续发展,实现菌菇种植与草莓种植的一体化。

未来的研究应加强对蚯蚓粪有机肥对土壤微生物过程和养分循环影响的认识,应深入研究施用蚯蚓粪的土壤中具有显著优势的微生物或者关键类群微生物在土壤氮磷钾养分循环及根际环境调控中的作用。

参考文献:

- [1] 中国食用菌协会. 2020 年度全国食用菌统计调查结果分析[J]. 中国食用菌, 2022, 41(1): 85-91.
- [2] 陈彬, 张玉兰, 韩斯琴, 等. 菌糠源蚯蚓粪生物有机肥对果蔬生长和品质的影响[J]. 北方园艺, 2022(5): 15-23.
- [3] 郭远, 宋爽, 高琪, 等. 食用菌菌渣资源化利用进展[J]. 食用菌学报, 2022, 29(2): 103-114.
- [4] Lou Z M, Sun Y, Zhou X X, et al. Composition variability of spent mushroom substrates during continuous cultivation, composting process and their effects on mineral nitrogen transformation in soil[J]. Geoderma, 2017, 307: 30-37.
- [5] 杜金华, 张昕瑶, 马爽, 等. 食用菌糠综合再利用的研究现状[J]. 广东蚕业, 2021, 55(6): 25-26.
- [6] 楼子墨. 废弃菌糠理化性质及其资源化过程中的环境影响研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2016: 4-5.
- [7] Tajbakhsh J, Goltapeh E M, Varma A. Vermicompost as a biological soil amendment[M]//Karaca A. Biology of earthworms. Heidelberg: Springer, 2011: 215-228.
- [8] Hanc A, Dreslova M. Effect of composting and vermicomposting on properties of particle size fractions[J]. Bioresource Technology, 2016, 217: 186-189.
- [9] Gholami H, Saharkhiz M J, Raouf F F, et al. Humic acid and vermicompost increased bioactive components, antioxidant activity and herb yield of chicory (*Cichorium intybus* L.) [J]. Biocatalysis and Agricultural Biotechnology, 2018, 14: 286-292.
- [10] Pramanik P, Ghosh G K, Ghosal P K, et al. Changes in organic - C, N, P and K and enzyme activities in vermicompost of biodegradable organic wastes under Liming and microbial inoculants[J]. Bioresource Technology, 2007, 98(13): 2485-2494.
- [11] 高海, 王彦靖, 刘迎春, 等. 蚯蚓粪资源化利用研究现状与展望[J]. 现代农业科技, 2015(6): 255-256.
- [12] 周东兴, 申雪庆, 周连仁, 等. 蚯蚓粪对番茄农艺性状和品质的影响[J]. 东北农业大学学报, 2012, 43(11): 28-33.
- [13] 杨玉凯, 林碧英, 李彩霞, 等. 蚯蚓粪复合基质对番茄幼苗生长及光合特性的影响[J]. 江苏农业科学, 2018, 46(14): 137-139.
- [14] Zhao H T, Li T P, Zhang Y, et al. Effects of vermicompost amendment as a basal fertilizer on soil properties and cucumber yield and quality under continuous cropping conditions in a greenhouse[J]. Journal of Soils and Sediments, 2017, 17(12): 2718-2730.
- [15] 张舒玄, 聂欣, 常江杰, 等. 牛粪蚯蚓堆肥基质对草莓生长的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2017(3): 61-68.
- [16] 徐仲楠, 王冲, 朱遑, 等. 蚯蚓粪与土壤复配比例对基质微生物性状及韭菜生长和品质的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2019, 25(3): 519-524.
- [17] 吕振宇, 马永良. 蚯蚓粪有机肥对土壤肥力与甘蓝生长、品质的影响[J]. 中国农学通报, 2005, 21(12): 236-240.
- [18] 高莹, 孙喜军, 吕爽, 等. 不同改良剂对塑料大棚土壤理化性质及甜瓜品质的影响[J]. 中国农学通报, 2021, 37(11): 51-58.
- [19] Aida M, Mehrdad J, Marjan O. Improving the vermicompost quality by using horticultural and agronomic residues[J]. Journal of Plant Nutrition, 2022, 45(5): 727-738.
- [20] Arancon N Q, Edwards C A, Bierman P. Influences of vermicomposts on field strawberries: part 2. Effects on soil microbiological and chemical properties[J]. Bioresource Technology, 2006, 97(6): 831-840.
- [21] Pramanik P, Ghosh G K, Chung Y R. Changes in nutrient content, enzymatic activities and microbial properties of lateritic soil due to application of different vermicomposts: a comparative study of ergosterol and chitin to determine fungal biomass in soil[J]. Soil Use and Management, 2010, 26(4): 508-515.
- [22] Singh R, Sharma R R, Kumar S, et al. Vermicompost substitution influences growth, physiological disorders, fruit yield and quality of strawberry (*Fragaria × ananassa* Duch.) [J]. Bioresource Technology, 2008, 99(17): 8507-8511.
- [23] 郑世英, 郑建峰, 王宝泉, 等. 蚯蚓粪对草莓土壤肥力及产量和品质的影响[J]. 北方园艺, 2017(10): 16-20.
- [24] 孙萍, 林贤锐, 鲍慧, 等. 有机肥对设施草莓土壤盐渍化及草莓生长的影响[J]. 浙江农业科学, 2019, 60(8): 1298-1300.
- [25] Eo J, Park K C. Effect of vermicompost application on root growth and ginsenoside content of *Panax ginseng* [J]. Journal of Environmental Management, 2019, 234: 458-463.
- [26] Wang F L, Wang X X, Song N N. Biochar and vermicompost improve the soil properties and the yield and quality of cucumber (*Cucumis sativus* L.) grown in plastic shed soil continuously cropped for different years[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2021, 315: 107425.
- [27] Li J G, Ren G D, Jia Z J, et al. Composition and activity of rhizosphere microbial communities associated with healthy and

- diseased greenhouse tomatoes[J]. *Plant and Soil*,2014,380(1):337–347.
- [28] Trivedi P, He Z L, van Nostrand J D, et al. Huanglongbing alters the structure and functional diversity of microbial communities associated with citrus rhizosphere[J]. *The ISME Journal*,2012,6(2):363–383.
- [29] Zuo Y N, Zhang J X, Zhao R, et al. Application of vermicompost improves strawberry growth and quality through increased photosynthesis rate, free radical scavenging and soil enzymatic activity[J]. *Scientia Horticulturae*,2018,233:132–140.
- [30] Yang L J, Zhao F Y, Chang Q, et al. Effects of vermicomposts on tomato yield and quality and soil fertility in greenhouse under different soil water regimes[J]. *Agricultural Water Management*,2015,160:98–105.
- [31] 谭 骏, 黄河, 汤 薇, 等. 蚯蚓粪有机肥对土壤微生物群落的影响[J]. *江苏农业科学*,2021,49(20):228–233.
- [32] Brown G G. How do earthworms affect microfloral and faunal community diversity? [J]. *Plant and Soil*,1995,170(1):209–231.
- [33] Singh R, Sharma R R, Tyagi S K. Pre-harvest foliar application of calcium and boron influences physiological disorders, fruit yield and quality of strawberry (*Fragaria × ananassa* Duch.) [J]. *Scientia Horticulturae*,2007,112(2):215–220.
- [34] Li J G, Wan X, Liu X X, et al. Changes in soil physical and chemical characteristics in intensively cultivated greenhouse vegetable fields in North China [J]. *Soil and Tillage Research*,2019,195:104366.
- [35] Arancon N Q, Edwards C A, Bierman P, et al. Effects of vermicomposts on growth and marketable fruits of field-grown tomatoes, peppers and strawberries[J]. *Pedobiologia*,2003,47(5/6):731–735.
- [36] 左亚男. 蚯蚓粪对草莓植株生长发育的影响及作用机制[D]. 沈阳:沈阳农业大学,2017:17–31.
- [37] 仝雅娜, 李凤菊, 杜中平, 等. 不同配比蚯蚓粪复合基质培养对草莓产量和品质的影响[J]. *天津农业科学*,2021,27(5):25–28.
- [38] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京:中国农业科技出版社,2000.
- [39] Kuo S. Phosphorus[M]//Sparks D L. *Methods of soil analysis: Part 3. Chemical methods*. Madison: Soil Science Society of America,1996:869–919.
- [40] Olsen S R, Cole C V, Watanabe F S, et al. Estimation of available phosphorus in soils by extraction with sodium bicarbonate [J]. *Miscellaneous Paper Institute for Agricultural Research Samar*,1954:1–19.
- [41] Joergensen R G. The fumigation-extraction method to estimate soil microbial biomass: Calibration of the kEC value [J]. *Soil Biology and Biochemistry*,1996,28(1):25–31.
- [42] Tabatabai M. Soil enzymes[M]//Weaver R W, Angle S, Bottomley P, et al. *Methods of soil analysis: Part 2 Microbiological and biochemical properties*. Madison: Soil Science Society of America,1994:775–833.
- [43] Eivazi F, Tabatabai M A. Glucosidases and galactosidases in soils [J]. *Soil Biology and Biochemistry*,1988,20(5):601–606.
- [44] Eivazi F, Tabatabai M A. Factors affecting glucosidase and galactosidase activities in soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*,1990,22(7):891–897.
- [45] Parham J A, Deng S P. Detection, quantification and characterization of β -glucosaminidase activity in soil [J]. *Soil Biology and Biochemistry*,2000,32(8/9):1183–1190.
- [46] Zhao F Y, Zhang Y Y, Dong W G, et al. Vermicompost can suppress *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* via generation of beneficial bacteria in a long-term tomato monoculture soil [J]. *Plant and Soil*,2019,440(1/2):491–505.
- [47] 曹雪莹, 陈智毅, 唐秋实, 等. 金针菇菌糠啤酒糟有机肥对土壤及马铃薯品质的影响[J]. *食品安全质量检测学报*,2017,8(6):2140–2145.
- [48] 郑泽民, 洪建源, 胡安畅. 利用³²P研究草莓对磷元素的吸收分配规律[J]. *云南农业大学学报*,1989,4(2):140–144.
- [49] Asawalam D, Onwudike S. Complementary use of cow dung and mineral fertilizer: effect on soil properties, growth, nutrient uptake and yield of sweet potato (*Ipomea batatas*) [J]. *PAT*,2011,7(1):36–48.
- [50] Lazcano C, Gómez-Brandón M, Revilla P, et al. Short-term effects of organic and inorganic fertilizers on soil microbial community structure and function [J]. *Biology and Fertility of Soils*,2013,49(6):723–733.
- [51] 王一昭, 陈 花. 菌糠复合物对小白菜幼苗期土壤酶活性的影响[J]. *陕西农业科学*,2021,67(10):56–61.
- [52] Villar I, Alves D, Pérez-Díaz D, et al. Changes in microbial dynamics during vermicomposting of fresh and composted sewage sludge [J]. *Waste Management*,2016,48:409–417.
- [53] Rezaei-Chiyaneh E, Amirmia R, Chiyaneh S F, et al. Improvement of dragonhead (*Dracocephalum moldavica* L.) yield quality through a coupled intercropping system and vermicompost application along with maintenance of soil microbial activity [J]. *Land Degradation & Development*,2021,32(9):2833–2848.
- [54] Flegel M, Schrader S. Importance of food quality on selected enzyme activities in earthworm casts (*Dendrobaena Octaedra*, Lumbricidae) [J]. *Soil Biology and Biochemistry*,2000,32(8/9):1191–1196.
- [55] Pramanik P, Ghosh G K, Banik P. Effect of microbial inoculation during vermicomposting of different organic substrates on microbial status and quantification and documentation of acid phosphatase [J]. *Waste Management*,2009,29(2):574–578.
- [56] Su Z Z, Li Y, Pan L Q, et al. Identification and real-time qPCR quantification of a nitrite-N degrading bacterial strain in aquatic water [J]. *Aquaculture Research*,2017,48(7):3657–3668.
- [57] Huang K, Li F S, Wei Y F, et al. Changes of bacterial and fungal community compositions during vermicomposting of vegetable wastes by *Eisenia foetida* [J]. *Bioresource Technology*,2013,150:235–241.
- [58] Chatterjee D, Dutta S K, Kikon Z J, et al. Recycling of agricultural wastes to vermicomposts: characterization and application for clean and quality production of green bell pepper (*Capsicum annuum* L.)

- [J]. Journal of Cleaner Production,2021,315:128115.
- [59] Gong X Q, Li S Y, Sun X Y, et al. Green waste compost and vermicompost as peat substitutes in growing media for geranium (*Pelargonium zonale* L.) and calendula (*Calendula officinalis* L.) [J]. Scientia Horticulturae,2018,236:186 – 191.
- [60] Delgado – Baquerizo M, Maestre F T, Reich P B, et al. Microbial diversity drives multifunctionality in terrestrial ecosystems[J]. Nature Communications,2016,7:10541.
- [61] Trivedi P, Delgado – Baquerizo M, Trivedi C, et al. Keystone microbial taxa regulate the invasion of a fungal pathogen in agro – ecosystems[J]. Soil Biology and Biochemistry,2017,111:10 – 14.
- [62] Tiunov A V, Scheu S. Carbon availability controls the growth of detritivores (Lumbricidae) and their effect on nitrogen mineralization[J]. Oecologia,2004,138(1):83 – 90.
- [63] Przemieniecki S W, Skwiercz A, Damszel M, et al. Ecology, biology and enzymatic activity of the rhizosphere planted with *Larix decidua* seedlings after addition of vermicompost[J]. Applied Soil Ecology, 2021,168:104101.
- [64] Liu M L, Wang C, Wang F Y, et al. Maize (*Zea mays*) growth and nutrient uptake following integrated improvement of vermicompost and humic acid fertilizer on coastal saline soil [J]. Applied Soil Ecology,2019,142:147 – 154.
- [65] Chen Y X, Zhang Q G, Zhang Y F, et al. Changes in fibrolytic enzyme activity during vermicomposting of maize stover by an anecic earthworm *Amyntas hupeiensis* [J]. Polymer Degradation and Stability,2015,120:169 – 177.
- [66] Javier J D, Dini A F, Diego C, et al. Structural and functional insights from the metagenome of an acidic hot spring microbial planktonic community in the Colombian Andes [J]. PLoS One, 2012,7(12):e52069.
- [67] Wang L, Liu J B, Nie Y, et al. Effects of vermicompost on tomato *Fusarium* wilt and soil microbial community structure [J]. Acta Agriculturae Scandinavica(Section B:Soil & Plant Science),2021, 71(9):835 – 851.
- [68] Zhou R R, Wang Y, Tian M M, et al. Mixing of biochar, vinegar and mushroom residues regulates soil microbial community and increases cucumber yield under continuous cropping regime[J]. Applied Soil Ecology,2021,161:103883.
- [69] Marschner P, Kandeler E, Marschner B. Structure and function of the soil microbial community in a long – term fertilizer experiment[J]. Soil Biology and Biochemistry,2003,35(3):453 – 461.
- [70] 曹坤坤,张沙沙,胡学玉,等. 生物炭影响下土壤呼吸温度敏感性及细菌群落结构的变化[J]. 环境科学,2020,41(11): 5185 – 5192.
- [71] Li F, Chen L, Zhang J B, et al. Bacterial community structure after long – term organic and inorganic fertilization reveals important associations between soil nutrients and specific taxa involved in nutrient transformations [J]. Frontiers in Microbiology, 2017, 8:187.
- [72] Lévesque V, Rochette P, Hogue R, et al. Greenhouse gas emissions and soil bacterial community as affected by biochar amendments after periodic mineral fertilizer applications [J]. Biology and Fertility of Soils,2020,56:907 – 925.
- [73] Li X Y, Li B, Chen L, et al. Partial substitution of chemical fertilizer with organic fertilizer over seven years increases yields and restores soil bacterial community diversity in wheat – rice rotation [J]. European Journal of Agronomy,2022,133:126445.
- [74] Spain A M, Peacock A D, Istok J D, et al. Identification and isolation of a *Castellaniella* species important during biostimulation of an acidic nitrate – and uranium – contaminated aquifer [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2007, 73 (15): 4892 – 4904.
- [75] Koch I H, Gich F, Dunfield P F, et al. *Edaphobacter modestus* gen. nov., sp. nov., and *Edaphobacter aggregans* sp. nov., acidobacteria isolated from alpine and forest soils [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology,2008,58(5):1114 – 1122.
- [76] Xu L X, Yi M, Yi H L, et al. Manure and mineral fertilization change enzyme activity and bacterial community in millet rhizosphere soils[J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology,2018,34(1):8.
- [77] Vibber L L, Pressler M J, Colores G M. Isolation and characterization of novel atrazine – degrading microorganisms from an agricultural soil [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2007, 75 (4): 921 – 928.
- [78] 毕艳孟. 蚯蚓缓解草莓连作障碍的效应及机理研究[D]. 北京:中国农业大学,2016:57 – 67.
- [79] 孙喜军,吕爽,高莹,等. 蚯蚓粪对作物连作障碍抑制作用研究进展[J]. 土壤,2020,52(4):676 – 684.
- [80] Pathma J, Sakthivel N. Molecular and functional characterization of bacteria isolated from straw and goat manure based vermicompost [J]. Applied Soil Ecology,2013,70:33 – 47.
- [81] Qiu M H, Zhang R F, Xue C, et al. Application of bio – organic fertilizer can control *Fusarium* wilt of cucumber plants by regulating microbial community of rhizosphere soil [J]. Biology and Fertility of Soils,2012,48(7):807 – 816.
- [82] Huang X Q, Liu L L, Wen T, et al. Changes in the soil microbial community after reductive soil disinfestation and cucumber seedling cultivation [J]. Applied Microbiology and Biotechnology,2016,100(12):5581 – 5593.
- [83] 代晓航,魏超. 两种配方废弃菌棒堆肥中微生物多样性研究 [J]. 农业机械学报,2019,50(7):275 – 280,321.
- [84] Soobhany N, Mohee R, Garg V K. Inactivation of bacterial pathogenic load in compost against vermicompost of organic solid waste aiming to achieve sanitation goals: a review [J]. Waste Management,2017,64:51 – 62.
- [85] 雷小文,邱静芸,李建军,等. 蚯蚓粪及沼液处理对赣南稀土尾矿种植皇竹草及改良土壤的影响 [J]. 江苏农业科学,2021,49(11):191 – 196.
- [86] Franco – Otero V G, Soler – Rovira P, Hernández D, et al. Short – term effects of organic municipal wastes on wheat yield, microbial biomass, microbial activity, and chemical properties of soil [J]. Biology and Fertility of Soils,2012,48(2):205 – 216.