

引用格式:

张慧菊, 田敏, 杨明愈, 刘海怡, 林原, 柳蓉, 秦玉芝, 熊兴耀, 胡新喜. 种植方式对马铃薯生长及根区土壤细菌群落结构的影响[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2024, 50(3): 17–26.

ZHANG H J, TIAN M, YANG M Y, LIU H Y, LIN Y, LIU R, QIN Y Z, XIONG X Y, HU X X. Effects of planting patterns on potato growth and soil bacterial community structure in root zone[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2024, 50(3): 17–26.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>



种植方式对马铃薯生长及根区土壤细菌群落结构的影响

张慧菊¹, 田敏¹, 杨明愈¹, 刘海怡¹, 林原^{1,2,3}, 柳蓉^{1,2,3}, 秦玉芝^{1,2,3}, 熊兴耀⁴, 胡新喜^{1,2,3*}

(1.湖南农业大学园艺学院, 湖南长沙 410128; 2.湖南省马铃薯工程技术研究中心, 湖南长沙 410128; 3.蔬菜生物学湖南省重点实验室, 湖南长沙 410128; 4.中国农业科学院深圳农业基因组研究所, 广东深圳 518120)

摘要:以‘华薯5号’为材料, 于2022、2023年在湖南省株洲市开展大田栽培试验, 研究不同种植方式对马铃薯生长、土壤化学性质及细菌群落结构的影响。结果表明: 高产高效方式(种植密度为82 500株/hm², 施硫酸钾复合肥1 125 kg/hm²、有机肥1 500 kg/hm²、生物酶活化磷肥750 kg/hm²、40%硫酸锌15 kg/hm²)的株高、茎粗高于农民方式(种植密度为67 500株/hm², 施750 kg/hm²硫酸钾复合肥)和高产方式(种植密度为75 000株/hm², 施1 500 kg/hm²硫酸钾复合肥); 2022、2023年高产高效方式的产量分别为28.78、46.83 t/hm², 显著高于农民方式和高产方式的; 高产高效方式的土壤pH、有机质(SOM)含量和脲酶活性均显著高于农民方式和高产方式的; 高产方式显著提高了土壤水解性氮、有效磷、速效钾的含量; 采用高通量测序对不同种植方式马铃薯根区土壤细菌群落结构进行分析, 结果表明, 高产方式的OTUs、Chao1指数最高; 主成分分析表明, 农民方式与高产方式、高产高效方式的细菌群落组成差异较大, 高产高效方式门水平上Proteobacteria和Deferribacterota相对丰度及属水平上Mucispirillum和Lactobacillus相对丰度均高于农民方式和高产方式; RDA分析表明, 土壤pH、N、P、K、有机质含量及土壤脲酶活性是影响细菌群落结构的主要环境因子; SEM分析表明, 土壤pH和SOM、N、P、K含量是提高马铃薯产量和改变土壤细菌多样性的主要驱动因子。综上所述, 与农民方式、高产方式相比, 高产高效方式能促进马铃薯植株生长, 缓解土壤酸化和提高有机质含量, 增加根区土壤细菌主要优势门的相对丰度, 显著增加块茎产量。

关键词: 马铃薯; 种植方式; 密度; 肥料; 产量; 细菌群落

中图分类号: S532.01

文献标志码: A

文章编号: 1007-1032(2024)03-0017-10

Effects of planting patterns on potato growth and soil bacterial community structure in root zone

ZHANG Huiju¹, TIAN Min¹, YANG Mingyu¹, LIU Haiyi¹, LIN Yuan^{1,2,3},
LIU Rong^{1,2,3}, QIN Yuzhi^{1,2,3}, XIONG Xingyao⁴, HU Xinxi^{1,2,3*}

(1.College of Horticulture, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China; 2.Hunan Provincial Engineering Research Center for Potatoes, Changsha, Hunan 410128, China; 3.Key Laboratory of Vegetable Biology of Hunan Province, Changsha, Hunan 410128, China; 4.Agricultural Genomics Institute at Shenzhen, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Shenzhen, Guangdong 518120, China)

Abstract: Using ‘Huashu No.5’ as material, field cultivation experiments were carried out in Zhuzhou City, Hunan Province in 2022 and 2023 to study the effects of different planting patterns on potato growth, soil chemical properties

收稿日期: 2023-10-10

修回日期: 2024-06-12

基金项目: 农业部和财政部现代农业技术产业体系(CARS-09-ES16); 湖南省农业农村厅项目(湘财建指[2023]98号)

作者简介: 张慧菊(1998—), 女, 河南商丘人, 硕士研究生, 主要从事马铃薯栽培生理研究, 2338659343@qq.com; *通信作者, 胡新喜, 博士, 教授, 主要从事马铃薯栽培生理研究, huxinxi163@163.com

and bacterial community structure. The results showed that the high yield and high efficiency pattern (planting density of 82 500 plants/hm², 1 125 kg/hm² potassium sulfate compound fertilizer, 1 500 kg/hm² organic fertilizer, 750 kg/hm² bioenzyme activated phosphate fertilizer and 40% zinc sulfate 15 kg/hm²) had higher plant height and stem diameter than the farmer pattern (planting density of 67 500 plants/hm² and 750 kg/hm² potassium sulfate compound fertilizer) and high-yield pattern (planting density of 75 000 plants/hm² and 1 500 kg/hm² potassium sulfate compound fertilizer). The yield of high-yield and high-efficiency pattern were 28.78 and 46.83 t/hm², in 2022 and 2023 respectively, which were significantly higher than those of the farmer pattern and high-yield pattern. The soil pH, organic matter (SOM) content and urease activity of high yield and high efficiency pattern were significantly higher than those of the farmer pattern and high yield pattern, and the contents of hydrolytic nitrogen, available phosphorus and available potassium in soil of the high yield pattern were significantly increased. High-throughput sequencing was used to analyze soil bacterial community structure in potato root zone of different patterns, the results showed that the OTUs number, Chao1 index of the high yield pattern were the highest. Principal component analysis showed that the bacterial community composition of these three patterns was quite different. The relative abundance of Proteobacteria and Deferribacterota at the phylum level and *Mucispirillum* and *Lactobacillus* at the genus level in the high yield and efficiency pattern were the highest. Redundancy analysis showed that soil pH, N, P, K, SOM contents and soil urease activity were the main environmental factors affecting the bacterial community structure. SEM analysis showed that soil pH and SOM, N, P, K contents were the main driving factors to improve potato yield and change soil bacterial diversity. In conclusion, high yield and efficiency pattern could promote the growth of potato plants, alleviate soil acidification, and increase the SOM content, the relative abundance of main dominant phylum of soil bacteria in the root zone and the tuber yield.

Keywords: potato; planting pattern; density; fertilizer; yield; bacterial community

马铃薯(*Solanum tuberosum* L.)属茄科一年生作物, 是全球第四大粮食作物, 用途广泛^[1]。中国是马铃薯生产第一大国, 2020年中国马铃薯种植面积占全球的22.57%, 但单产仅为世界平均水平的85.20%^[2]。适宜的种植方式对提高马铃薯产量、品质有重要影响, 种植方式涉及水分、养分、密度、覆盖等方面^[3-4]。中国马铃薯生产方式主要有低产方式和高产方式: 低产方式一般在贫瘠缺水的山区施行, 主要特点是稀植、少肥、管理粗放; 高产方式主要在地力、温光、灌溉条件好且产量潜力大的地区施行, 主要特点是合理密植、肥水高投入、轻简化或机械化。实际生产中, 种植大户或生产企业为追求高产或超高产, 过度施用化肥, 重大量元素氮、磷、钾, 轻中微量元素, 忽视有机肥, 造成肥料结构失调^[5], 导致化肥施用量逐年增加, 肥料利用效率降低, 生产成本增加^[6]。为减少化肥和农药给人类和环境带来的负面影响, 国家“十四五”规划实施“药肥双减”的绿色农业战略, 旨在以化肥、农药减施为手段, 改善农产品质量和生态环境^[7]。但是, 要实现化肥减施和增产的目的, 需科学配施有机肥、生物肥料等其他非化学肥料^[8]。已有研究^[9]表明, 对马铃薯进行减施化肥后辅助施用有机肥可提高马铃薯产

量。梁玲玲^[10]研究表明, 在减少化肥养分配施中微量元素、腐植酸水溶肥和有机肥条件下马铃薯的产量增加。有研究表明, 随种植密度增加, 单株产量逐渐降低^[11-12], 而合理密植能增加马铃薯叶面积系数, 有助于形成光合产物向块茎转移, 发挥单株与群体之间的互补性, 形成合理的群体结构^[13]。BANI-HANI等^[14]研究发现, 马铃薯的产量与种植密度相关, 在种植密度为83 200株/hm²时, 总产量和商品薯率最高, 但种植过于密集, 单株产量降低。

有益的土壤环境往往伴随着丰富的土壤微生物群落^[15-16]。种植密度影响作物根系的形态分布和土壤微环境中水分、营养元素的吸收和转化, 间接对土壤微生物结构存在影响^[17]。目前关于马铃薯种植密度对土壤微生物的影响鲜有报道。探索栽培密度与肥料耦合形成的高产高效方式对马铃薯土壤微生物群落的影响有重要意义。本研究中, 基于化肥减施、增施有机肥与中微量元素、合理密植的种植方式对马铃薯生长、产量及土壤化学性质和细菌群落结构的影响, 研究高产高效种植方式形成高产高效的机制, 旨在为马铃薯产业健康可持续发展提供技术支持。

1 试验地概况

试验地位于湖南省株洲市炎陵县水口镇(113°81'01"E, 26°31'99"N, 海拔高度 320 m)。供试土壤为砂壤土, 前茬作物为水稻。马铃薯播种前采用 5 点取样法采集土壤基样, 测得土壤的基本理化性质: 土壤 pH 5.51, 有机质含量为 29.3 g/kg, 水解性氮、有效磷、速效钾的含量分别为 199、85.7、96 mg/kg, 全氮、全磷、全钾的含量分别为 1.71、1.05、32 g/kg。

2 材料与方法

2.1 材料

马铃薯品种为‘华薯 5 号’。施用的肥料有: 硫酸钾复合肥(N、P₂O₅、K₂O 的质量比为 15 : 15 : 15, 总养分含量 ≥ 45%, 总硫含量 ≥ 10%); 生物酶活化磷肥(氧化钙含量 ≥ 20%、P₂O₅ 含量 ≥ 16.0%、氧化性硅含量 ≥ 15%、氧化镁含量 ≥ 5%); 黄腐酸生物有机肥(腐植酸含量 ≥ 20%, 黄腐酸含量 ≥ 12%, 钙、镁、硫含量 ≥ 10%, 有机质含量 ≥ 40%); 锌肥(纯锌含量 ≥ 21%)。

2.2 试验设计

采用大田栽培试验。2021 年 12 月 20 日播种, 2022 年 5 月 3 日收获; 2022 年 12 月 18 日播种, 2023 年 5 月 8 日收获。2 年试验在同一块试验田进行, 随机区组排列。设农民方式(FP)、高产方式(HP)和高产高效方式(HH)3 个处理: 农民方式种植密度为 67 500 株/hm², 每 hm² 施 750 kg 硫酸钾复合肥(简称复合肥); 高产方式 (HP)种植密度为 75 000 株/hm², 每 hm² 施 1 500 kg 复合肥; 高产高效方式 (HH)种植密度为 82 500 株/hm², 每 hm² 施复合肥 1 125 kg、有机肥 1 500 kg、生物酶活化磷肥 750 kg、40%硫酸锌 15 kg。每个处理重复 3 次, 共 9 个小区, 小区面积为 20 m²。采用单垄双行栽培, 所有肥料作基肥一次性施入, 播后用黑色地膜覆盖, 膜上覆盖 2~3 cm 土壤。

2.3 测定项目及方法

1) 生长指标: 于马铃薯出苗后第 60 天在每小区随机取 10 株, 测量株高和茎粗; 用 PJ-4N 叶绿素测定仪测定植株从上向下第 4 片完全展开顶小

叶的 SPAD 值。

2) 产量及其构成因子和氮素偏生产力: 收获时每小区随机选取 10 株, 统计单株块茎数、单株产量、单薯质量; 以小区测产, 并折合成每 hm² 的产量; 计算商品薯 (50 g 及以上为商品薯)率; 按照文献[18]的方法计算氮素偏生产力。

3) 块茎品质性状: 成熟期收获时每个小区随机选取 1 kg 马铃薯块茎, 切片后 105 °C 杀青 30 min, 65 °C 烘干至恒重, 根据 Mepkep 干物质含量表测定干物质、淀粉含量; 采用 2,4-二硝基苯肼法测定维生素 C 含量。

4) 土壤化学性质: 成熟期采用 5 点取样法获取土样, 采用凯氏定氮法测定氮含量; 采用微波消解-分光光度法测定磷含量; 采用火焰光度法测定钾含量; 采用 pH 计(Sartorius PB-10)测定 pH 值; 采用重铬酸钾-外加热法测定有机质含量; 使用苏州科铭生物技术有限公司生产的试剂盒测定土壤酶活性。

5) 土壤细菌测序: 将处理好的土样进行总 DNA 提取, 使用引物(GTGCCAGCMGCCGCG GTAA, GGACTACHVGGGTWTCTAAT)对细菌 16S rRNA 基因的 16S V4 区进行扩增, 将 PCR 扩增片段纯化和定量分析后通过 illumina NovaSep 进行双末端测序(北京诺禾致源生物科技有限公司)。测序完成后使用 FLASH 软件进行样本 reads 拼接, 采用 QIIME2 降噪(过滤掉相对丰度小于 5 的序列)获得 ASVs(amplicon sequence variants), 使用 Naive Bayes 分类器 Silva 138.1 数据库进行物种注释。运用 QIIME2 软件计算 α 多样性指数; 计算 Unifrac 距离; 采用 R 软件绘制主成分分析(PCA)图; 运用 LEfSe 软件进行 LEfSe 分析。

2.4 数据分析

采用 SPSS 26.0 进行单因素 ANOVA 方差分析, 选用 Duncan's 检验法进行多重比较; 运用 Canoco 5.0 软件进行冗余分析; 采用最大似然法(maximum likelihood, ML)结构方程模型分析土壤化学特性、土壤细菌多样性和产量之间的关系, 模型中的路径系数和决定系数(R²)采用 AMOS 软件分析、计算。

3 结果与分析

3.1 种植方式对马铃薯植株生长的影响

如表 1 所示, 在出苗第 60 天时(块茎膨大期), 2022 年和 2023 年不同种植方式马铃薯株高分别为 42.70~51.09 cm 和 35.47~43.81 cm, 均为高

产高效方式的最高。2022 年马铃薯茎粗为 10.56~13.00 mm, 高产高效方式的最高, 为 13.00 mm, 显著大于农民方式和高产方式的。2022 年叶片 SPAD 值为 47.11~48.78, 各处理间差异不显著; 2023 年 SPAD 值为 36.97~48.53, 高产高效方式的最高。

表 1 不同种植方式下马铃薯植株的生长性状

处理	株高/cm		茎粗/mm		SPAD 值	
	2022 年	2023 年	2022 年	2023 年	2022 年	2023 年
FP	(42.70±2.86)c	(35.47±6.09)b	(11.64±0.95)b	9.31±1.68	47.87±4.57	(36.97±4.15)b
HP	(46.87±1.44)b	(37.21±6.05)b	(10.56±1.37)b	9.79±1.83	48.78±2.89	(46.21±3.41)a
HH	(51.09±3.27)a	(43.81±5.72)a	(13.00±2.00)a	10.06±1.62	47.11±4.51	(48.53±4.19)a

同列不同字母示处理间的差异有统计学意义($P<0.05$)。

3.2 种植方式对马铃薯产量及其构成因子和氮素利用效率的影响

由表 2 可知, 在马铃薯成熟期, 2022 和 2023 年不同种植方式马铃薯产量分别为 18.30~28.78 t/hm² 和 29.66~46.83 t/hm², 均为高产高效方式的产量最高。2022 年马铃薯商品薯率为 86.82%~91.84%, 其中高产高效方式显著高于农民方式和高产方式的商品薯率; 2023 年商品薯率为 86.66%~89.70%, 各

理无显著差异; 2022 年单株块茎数为 3.44~5.06, 处理间差异不显著; 2023 年单株块茎数为 4.53~9.33, 高产高效方式的单株块茎数显著高于农民方式和高产方式的单株块茎数; 2022 和 2023 年各处理氮素偏生产力分别为 91.34~170.56、161.27~277.50 kg/kg, 高产高效方式的氮素偏生产力显著高于高产方式的氮素偏生产力。

表 2 不同种植方式下马铃薯的产量及其构成因子和氮素利用效率

处理	产量/(t hm ⁻²)		商品薯率/%		单株块茎数		氮素偏生产力/(kg kg ⁻¹)	
	2022 年	2023 年	2022 年	2023 年	2022 年	2023 年	2022 年	2023 年
FP	(18.30±0.77)b	(29.66±1.74)c	(87.13±0.04)b	86.72±0.02	4.89±1.23	(4.53±0.50)b	(162.69±6.85)a	(263.62±15.47)a
HP	(20.55±1.76)b	(36.29±3.02)b	(86.82±0.01)b	89.70±0.01	3.44±0.42	(4.53±1.30)b	(91.34±7.85)b	(161.27±13.42)b
HH	(28.78±1.13)a	(46.83±1.38)a	(91.84±0.01)a	86.66±0.03	5.06±0.84	(9.33±1.80)a	(170.55±6.74)a	(277.50±8.19)a

同列不同字母示处理间的差异有统计学意义($P<0.05$)。

3.3 种植方式对马铃薯块茎品质的影响

2022 和 2023 年各处理块茎干物质含量分别为 15.34%~17.09% 和 15.68%~17.40%, 淀粉含量分别为 9.56%~11.27% 和 9.84%~11.52%, 各处理间差异不

显著; 2022 年维生素 C 含量为 145.23~215.00 μg/g, 其中高产高效方式的最高, 显著高于高产方式的, 2023 年维生素 C 含量为 283.54~313.51 μg/g, 各处理间差异不显著(表 3)。

表 3 不同种植方式下马铃薯块茎的品质性状

处理	干物质含量/%		淀粉含量/%		维生素 C 含量/(μg g ⁻¹)	
	2022 年	2023 年	2022 年	2023 年	2022 年	2023 年
FP	16.88±0.01	17.40±0.01	11.19±0.01	11.52±0.01	(177.04±26.54)ab	297.41±14.11
HP	15.34±0.01	15.68±0.01	9.56±0.01	9.84±0.01	(145.23±13.41)b	283.54±51.07
HH	17.09±0.01	16.34±0.01	11.27±0.01	10.38±0.01	(215.00±24.01)a	313.51±6.83

同列不同字母示处理间的差异有统计学意义($P<0.05$)。

3.4 种植方式对马铃薯土壤化学性质和酶活性的影响

2022 年收获时根区土壤 pH 为 4.34~4.66，高产高效方式的显著高于农民方式和高产方式的；有机质含量为 28.97~32.43 g/kg，高产高效方式的最高，显著高于农民方式和高产方式的有机质含量；水解氮、有效磷和速效钾含量分别为

200.33~269.00、170.70~319.90、173.50~336.50 mg/kg，均以高产方式的氮磷钾含量最高；高产高效方式的土壤脲酶活性最高，为 156.04~334.39 μg/(d g)，显著高于农民方式和高产方式的脲酶活性；土壤的酸性磷酸酶活性为 34.72~48.08 μmol/(d g)，蔗糖酶活性为 5.71~8.02 mg/(d g)，各处理的差异不显著(表 4)。

表 4 不同种植方式下土壤的化学性质和酶活性

Table 4 Chemical properties and enzyme activity of soil under different planting methods

处理	pH	有机质含量/ (g kg ⁻¹)	水解氮含量/ (mg kg ⁻¹)	有效磷含量/ (mg kg ⁻¹)	速效钾含量/ (mg kg ⁻¹)	脲酶活性/ (μg·d ⁻¹ ·g ⁻¹)	酸性磷酸酶活性/ (μmol·d ⁻¹ ·g ⁻¹)	蔗糖酶活性/ (mg d ⁻¹ ·g ⁻¹)
FP	(4.35±0.09)b	(31.06±0.29)b	(219.33±8.02)b	(170.70±9.80)b	(173.50±2.50)b	(169.42±65.71)b	41.05±3.50	6.44±0.98
HP	(4.34±0.20)b	(28.97±0.55)c	(269.00±10.00)a	(319.90±6.50)a	(336.50±32.50)a	(156.04±40.71)b	34.72±13.39	5.71±2.34
HH	(4.66±0.08)a	(32.43±0.95)a	(200.33±2.08)c	(175.35±17.15)b	(210.50±19.50)b	(334.39±101.19)a	48.08±2.99	8.02±0.72

同列不同字母示处理间的差异有统计学意义(P<0.05)。

3.5 种植方式对根区土壤细菌群落结构的影响

3.5.1 根区土壤细菌测序结果

图 1 为 3 个处理土壤细菌群落降噪后得到的 ASVs(扩增子序列变异)，经检测得到 6 734 个 ASVs，FP、HP 和 HH 独有的 ASVs 数分别为 1 439、1 301 和 1 287 个；FP、HP 和 HH 共有的 ASVs 数为 1 457 个，HP 和 HH 共有的 ASVs 数最高，为 1 977 个，说明二者的相似性最高，FP 和 HH 共有的 ASVs 数最低，为 1 791 个。对 ASVs 进行物种注释，共注释到 49 门，124 纲，264 目，396 科，685 个属，282 个种。

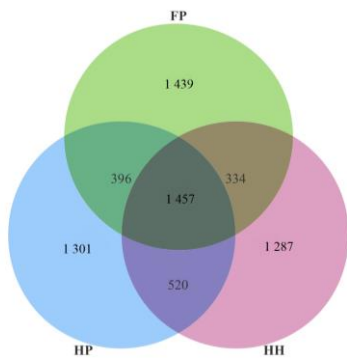


图 1 不同种植方式土壤细菌群落 ASVs 数韦恩图

Fig.1 Venn diagram of soil bacteria communities ASVs numbers under different planting patterns

3.5.2 根区土壤细菌 α 和 β 多样性

从表 5 可以看出，各处理物种覆盖率均达到 100%，表明样品构建的细菌文库能真实有效地反映物种的多样性。高产方式的 OTUs 和 Chao1 指数最高，高产高效方式的次之，农民方式的最低，高产方式的显著高于农民方式的，说明高产方式的土壤细菌物种较农民方式的更丰富，各处理 Shannon、Simpson 和 Pielou_e 指数差异不显著。

基于 ASVs 的主成分分析结果(图 2)显示，各处理的土壤细菌群落组成具有明显差异，在 PC1 方向上，农民方式与高产方式、高产高效方式分开，距离较远，高产方式处理与高产高效方式处理未分开，说明农民方式与高产方式、高产高效方式群落差异较大，高产方式与高产高效方式的土壤细菌群落结构比较接近；但是在 PC2 方向上，高产方式能与高产高效方式分开，说明高产方式与高产高效方式的土壤细菌群落结构还是存在较大差异。

表 5 根区土壤细菌群落 α 多样性指数

Table 5 The α diversity index of soil bacterial community in root zone

处理	覆盖率/%	OTUs	Chao1	Shannon	Simpson	Pielou_e
FP	100±0.00	(1 837±89.27)b	(1 837.90±88.88)b	9.52±0.24	0.996±0.00	0.878±0.02
HP	100±0.00	(2 056±51.18)a	(2 057.42±51.59)a	9.66±0.25	0.993±0.00	0.878±0.02
HH	100±0.00	(1 968±95.29)ab	(1 970.94±94.53)ab	9.63±0.14	0.995±0.00	0.880±0.01

同列不同字母示处理间的差异有统计学意义(P<0.05)。

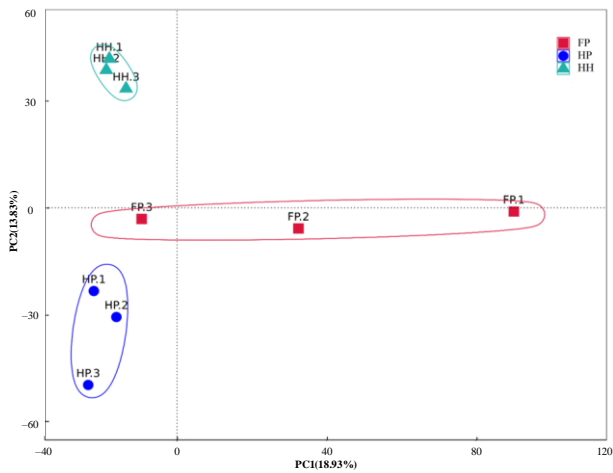


图2 不同种植方式土壤细菌的主成分分析结果

Fig.2 Results of principal component analysis of soil bacteria under different planting methods

3.5.3 根区土壤细菌门水平和属水平的相对丰度
各处理相对丰度排名靠前的细菌门均为 Proteobacteria(变形菌门)、Acidobacteriota(酸杆菌

门)、Bacteroidota(拟杆菌门)等菌门,但是不同处理不同门类的相对丰度存在较大的差异。Proteobacteria、Deferribacterota(脱铁杆菌门)、Verrucomicrobiota(疣微菌门)均为 HH 的相对丰度最高,分别为 42.39%、1.18%和 2.75%,FP 的最低,分别为 31.59%、0.08%和 2.23%。Actinobacteria(放线菌门)、Chloroflexi(绿弯菌门)、Gemmatimonadota(芽单胞菌门)为 HP 的最高,分别为 9.80%、8.82%、3.21%,其中 Actinobacteria、Chloroflexi 显著高于 FP 和 HH 的。Bacteroidota 和 Firmicutes(厚壁菌门)为 FP 的相对丰度最高,分别为 12.77%和 11.39%,HP 的最低,分别为 5.13%、5.19%。Crenarchaeota(泉古菌门)为 FP 的相对丰度最高(1.64%),HH 的最低(0.63%)。所有处理中前 6 种菌门占全部菌门的 84.98%,其中 Proteobacteria(变形菌门)的占比最高(表 6)。

表6 不同种植方式排名前 10 的门、属水平土壤细菌群落的相对丰度

Table 6 Relative abundance of soil bacterial communities under different planting patterns at phylum and genus levels(top10)

水平	分类	相对丰度/%		
		FP	HP	HH
门	Proteobacteria	31.59±0.08	38.10±0.06	42.39±0.05
	Acidobacteriota	16.93±0.02	17.53±0.03	15.49±0.00
	Bacteroidota	12.77±0.06	5.13±0.00	6.93±0.01
	Firmicutes	11.39±0.07	5.19±0.01	6.35±0.04
	Actinobacteria	(6.80±0.02)b	(9.80±0.01)a	(6.99±0.01)b
	Chloroflexi	(6.54±0.01)b	(8.82±0.02)a	(6.20±0.01)b
	Gemmatimonadota	2.22±0.01	3.21±0.00	2.80±0.00
	Deferribacterota	0.08±0.00	0.19±0.00	1.18±0.02
	Verrucomicrobiota	2.23±0.00	2.63±0.01	2.75±0.00
	Crenarchaeota	1.64±0.01	0.69±0.00	0.63±0.00
属	<i>Rhodanobacter</i>	8.28±0.02	14.63±0.05	13.37±0.03
	<i>Bacteroides</i>	3.23±0.02	1.63±0.00	1.09±0.01
	<i>Muribaculaceae</i>	2.33±0.02	0.45±0.00	1.28±0.01
	<i>Escherichia-Shigella</i>	(2.40±0.02)a	(0.16±0.00)b	(0.26±0.00)b
	<i>Mucispirillum</i>	0.08±0.00	0.19±0.00	1.10±0.02
	<i>Lactobacillus</i>	1.11±0.01	0.84±0.00	1.22±0.01
	<i>Candidatus_Nitrosotalea</i>	1.24±0.01	0.49±0.00	0.35±0.00
	<i>Candidatus_Solibacter</i>	1.70±0.00	1.80±0.00	1.39±0.00
	<i>Candidatus_Koribacter</i>	1.38±0.00	1.55±0.00	1.52±0.00
	<i>Chloroplast</i>	1.08±0.01	0.10±0.00	0.07±0.00

同行不同字母示处理间的差异有统计学意义(P<0.05)。

各处理相对丰度排名前 10 的细菌属均为 *Rhodanobacter*(罗河杆菌属)、*Bacteroides*(拟杆菌属)、*Muribaculaceae* 等菌属,但是不同处理不同属的相对丰度存在较大的差异。HP 中的 *Rhodanobacter*、*Candidatus_Koribacter* 的相对丰度最高,分别为 14.63%、1.55%,FP 的最低。FP 中的 *Bacteroides*、*Candidatus_Nitrosotalea*、*Chloroplast* 的相对丰度最高,分别为 3.23%、1.24%、1.08%,HH 的最低,分别为 1.09%、0.35%、0.07%。FP 中的 *Muribaculaceae*、*Escherichia-Shigella* 的相对丰度最高,分别为 2.33%、2.40%,其中 FP 的 *Escherichia-Shigella* 相对丰度显著高于 HP 和 HH 的。HH 中的 *Mucispirillum* 的相对丰度最高,为 1.10%,FP 的最低,为 0.08%。HH 中的 *Lactobacillus* 的相对丰度最高,为 1.22%,HP 的最低,为 0.84%;HP 中的 *Candidatus_Solibacter* 的相对丰度最高,为 1.80%,HH 的最低,为

1.39%。各处理中 *Rhodanobacter* 在各组分中的占比最高(表 6)。

3.5.4 根区土壤细菌的 LEfSe 分析

物种进化分支图(图 3-A)从内圈到外圈依次为样本群落中从门到属的等级关系,以及各分类单元在不同方式间的差异情况。图 3-B 结果显示,FP 处理在土壤中起主要作用的菌目为 Enterobacteriales、Chitinophagales、Sphingobacteriales,菌科为 Chitinophagaceae、Sphingobacteriaceae、Enterococcaceae、Crocinitomicaceae,菌属 *Pedobacter*、*Edaphobaculum*、*Enterococcus*、*Brevundimonas*、*Mucilaginibacter*、*Fluviicola*、*Lachnoclostridium*、*Pseudoxanthomonas*; HP 处理在土壤中起主要作用的菌纲为 Nitrospiria,菌目为 Anaerolineales、Propionibacteriales、Nitrospirales、Micromonosporaceae,菌科为 Anaerolineaceae、

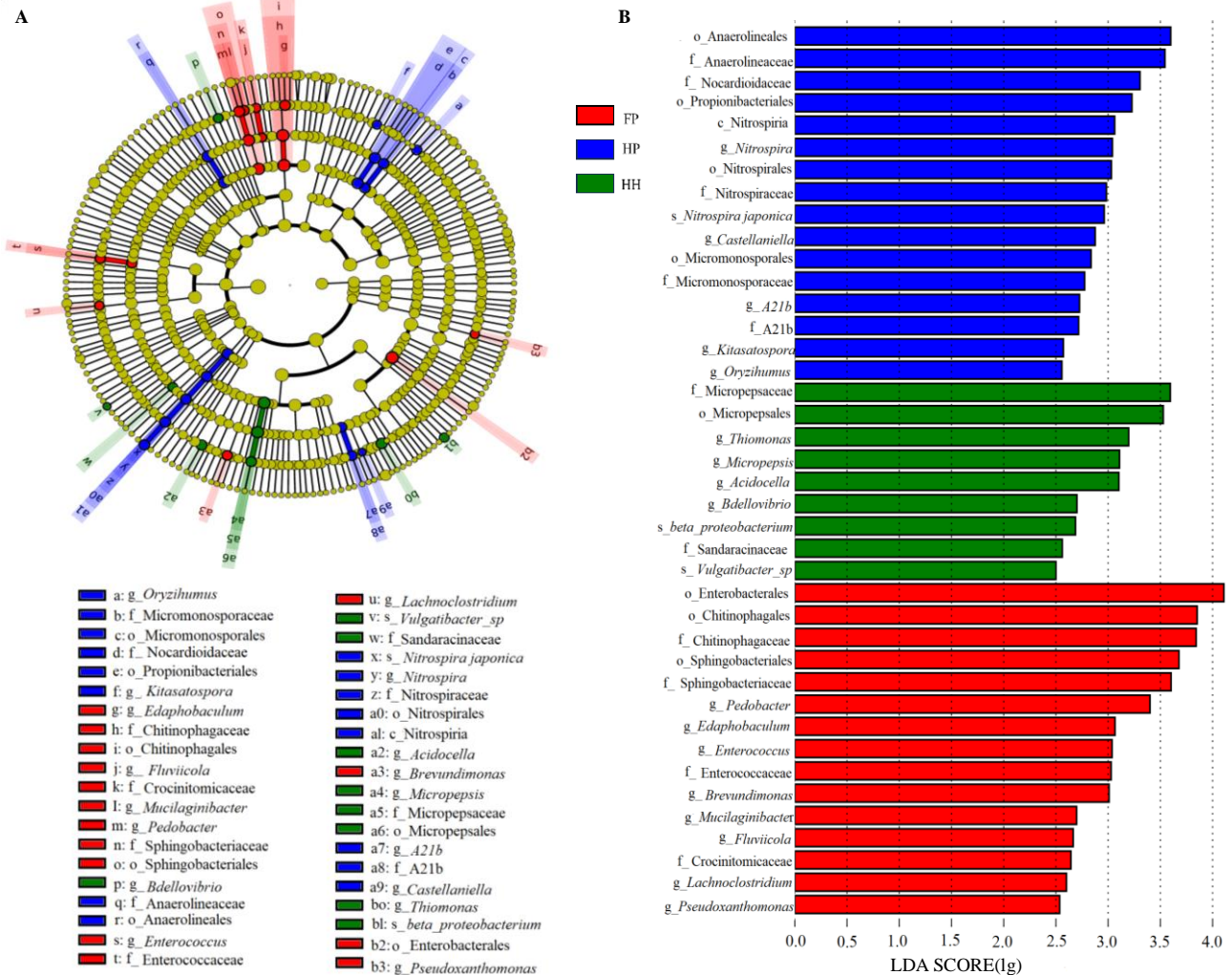


图 3 不同种植方式下土壤细菌 LEfSe 分析的物种差异(LDA 阈值为 2.5)

Fig.3 LEfSe analysis of species differences of soil bacteria under different planting patterns (LDA score 2.5)

Nocardioideae、Nitrospiraceae、Micromonosporaceae、A21b, 菌属 *Nitrospira*、*Castellaniella*、*A21b*、*Oryzihumus*、*Kitasatospora*, 菌种为 *Nitrospira_japonica*; HH 处理在土壤中起主要作用的菌目为 Micropepsales, 菌科为 Micropepsaceae、Sandaracinaceae, 菌属 *Thiomonas*、*Micropepsis*、*Acidocella*、*Bdellovibrio*, 菌种为 *beta_proteobacterium*、*Vulgatibacter_sp.*

3.5.5 土壤细菌群落与土壤化学特性、酶活性的相关性

优势菌门与不同种植方式环境因子的 RDA 分析结果(图 4-A)表明, RDA1 和 RDA2 对细菌群落影响程度的累计解释量为 74.68%, 优势菌属 RDA(图 4-B)解释度为 80.19%。pH、S-UE、AP、AN、AK 和 OM 是影响土壤细菌群落的重要环境因子, 而 S-ACP 和 S-SC 对土壤细菌群落的影响较小。

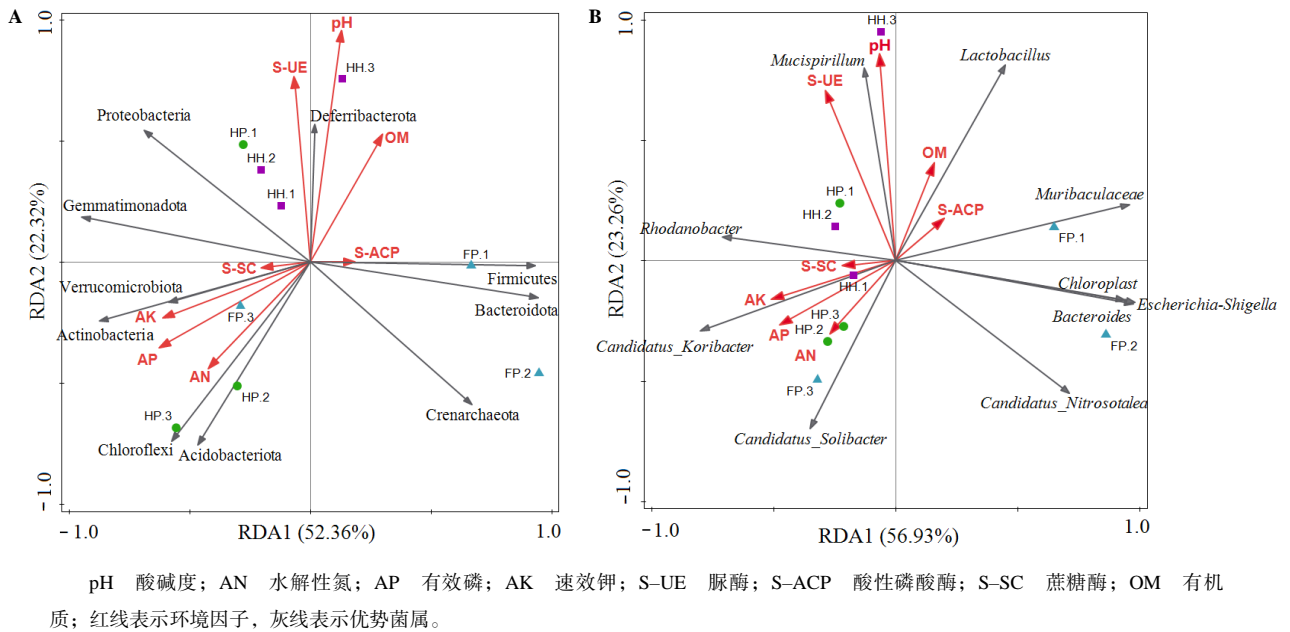


图 4 土壤细菌群落组成与土壤化学性质及酶活性之间的冗余分析(RDA)结果

Fig.4 Results of redundancy analysis(RDA) between soil bacterial community composition and soil chemical properties and enzyme activities

门水平上, S-UE、OM、pH 为高产高效方式土壤细菌群落组成的主要影响因子, AN、AP、AK 为高产方式土壤细菌群落组成的主要影响因子。pH 与 Bacteroidota、Firmicutes、Deferribacterota、Proteobacteria、Gemmatimonadota 的相对丰度呈正相关; OM 与 Bacteroidota、Firmicutes、Deferribacterota、Proteobacteria 的相对丰度呈正相关; S-UE 与 Gemmatimonadota、Proteobacteria、Deferribacterota 的相对丰度呈正相关; AN、AP、AK 与 Proteobacteria、Gemmatimonadota、Verrucomicrobiota、Actinobacteria、Chloroflexi、Acidobacteriota 的相对丰度呈正相关。

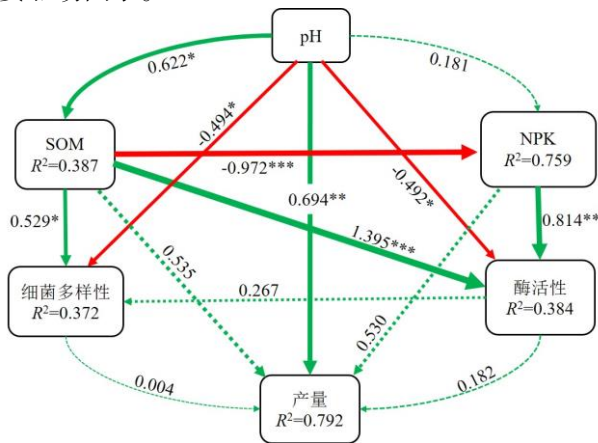
属水平上, AN、AP、AK 为高产方式土壤细菌群落的主要影响因子, AK、S-SC 和 pH 为高产高效方式土壤细菌群落的主要影响因子。pH 与 *Muribaculaceae*、*Mucispirillum*、*Lactobacillus* 的

相对丰度呈正相关; S-UE 与 *Mucispirillum*、*Lactobacillus*、*Rhodanobacter* 的相对丰度呈正相关; AN、AP、AK 与 *Rhodanobacter*、*Candidatus_Koribacter*、*Candidatus_Solibacter* 的相对丰度呈正相关。

3.5.6 土壤特性对马铃薯产量的直接和间接效应

采用 SEM 分析不同种植方式下土壤化学特性、细菌多样性与马铃薯产量之间的关系。结果(图 5)显示, 土壤 pH 与马铃薯产量呈显著正相关, 而与土壤细菌多样性和酶活性呈显著负相关; 土壤 SOM 与土壤 N、P、K 含量呈显著负相关, 与土壤细菌多样性和酶活性存在显著正相关; 土壤 N、P、K 含量与土壤酶活性存在显著正相关。综合分析, 土壤 pH、SOM 和 N、P、K 含量是提高马铃薯产量和改变土壤细菌多样性的主

要驱动因子。



pH 酸碱度; SOM 有机质; NPK 氮、磷和钾; 绿色箭头表示有正向影响; 红色箭头表示有负向影响; 箭头粗细表示路径系数的大小; 虚线表示无显著影响; “*” “**” “***” 分别示在 0.05、0.01、0.001 水平显著。

图 5 不同种植方式下马铃薯产量与土壤特性的结构方程模型(SEM)分析结果

Fig.5 Structural equation model analysis result of potato yield and soil characteristics under different planting patterns

4 结论与讨论

吴雁斌等^[19]研究表明马铃薯株高随着种植密度增加而升高; 段惠敏等^[20]研究发现随种植密度增加, 马铃薯株高增加, 但茎粗降低。本研究结果表明, 高产高效方式种植的马铃薯株高、茎粗显著高于农民方式和高产方式的, 分析其原因, 可能是增加种植密度增强了个体对养分的竞争, 植株纵向生长, 但由于高产高效方式额外配施有机肥和磷肥产生的肥料效应弥补了高密度下茎粗变细这一现象。

前人^[21-22]研究表明, 通过合理密植和优化肥料管理可达到节本增效的目的。本研究结果表明, 与高产方式相比, 减量复合肥增施有机肥配合高密度栽培可显著提高马铃薯产量, 而对干物质、淀粉和维生素 C 含量影响不显著, 且 2 年趋势一致, 说明有机肥有利于马铃薯增产。本研究中, 2022 年的总体产量偏低, 主要原因为 2022 年 1—2 月马铃薯生长遭遇冷害, 全省平均气温 3.8 °C, 较常年降低 3.4 °C。在 2023 年的重复试验中, 高产高效方式的产量达 46.83 t/hm²。

合理施肥可适当改良土壤理化性质, 进一步促进作物生长发育; 过量施化肥会引发土壤硝酸盐残留、土壤板结、酸化、氮肥利用率低、环境

污染等问题^[23]。有机肥可改良土壤结构, 调节 pH, 活化土壤养分, 达到提高作物产量的目的。本研究中, 高产高效方式的土壤 pH 和有机质含量显著高于其他处理的, 而高产方式的土壤水解性氮、有效磷、速效钾含量均显著升高。可能是锌肥不能与磷肥混合施用, 两者混用易形成磷酸锌沉淀物, 造成锌-磷拮抗作用^[24], 从而降低锌肥和磷肥的有效性, 加之施用氮磷钾配方复合肥提高了土壤速效养分元素含量^[25], 导致高产方式土壤速效养分含量最高。本研究结果表明, 高产高效方式下 3 种土壤酶活性均最高, 其中脲酶活性显著高于其他 2 种处理的。可见, 减施化肥增补有机肥能显著影响土壤酶活性, 这与陈隆通^[26]的研究结果相似。

有机质、氮磷钾养分含量是土壤微生物群落构建的重要驱动力^[27]。有研究表明, 细菌活性与土壤养分含量呈显著正相关^[28], 与 pH 值呈负相关^[29], pH 越高, 细菌群落丰富度越低。本研究中, 高产方式的土壤 OTUs 和 Chao1 指数最高, 显著高于农民方式的, 与高产高效方式的土壤多样性和丰富度差异不显著。可能是因为高产方式的土壤速效养分含量最高, 导致高产方式细菌群落多样性和丰富度最高。

Proteobacteria 是多种宿主植物的优势菌门^[30], 属富营养类群^[31], 具有极大的可变形态和生理学特性^[32]。Acidobacteriota 和 Chloroflexi 门是贫营养型菌群, 嗜酸^[33], 可消耗难降解的有机碳库, 一般存在于营养贫瘠土壤中^[34]。本研究中, Proteobacteria 在高产高效方式处理中相对丰度最高, 有机肥的施用有利于富营养类群微生物的生长, 同时富营养类群微生物的高丰度也反映了土壤的高肥力^[35], Acidobacteriota 和 Chloroflexi 在单施复合肥的农民方式、高产方式表现出较高丰度。本研究发现, 高产高效方式虽然没有显著提高土壤细菌的多样性和丰富度, 但是改变了部分细菌群落的组成, 富营养型细菌群落相对丰度占比增加, 贫营养型细菌群落相对丰度占比下降, 说明高产高效方式有助于富集有益细菌, 改善马铃薯根区土壤微生态, 有利于马铃薯生长, 进一步提高产量。

综上, 种植方式显著影响马铃薯植株生长和

产量,对干物质、淀粉含量影响不显著,显著改变了pH、有机质、水解氮、有效磷、速效钾含量和脲酶活性,影响了土壤细菌多样性和群落组成。相关性分析表明,pH、水解氮、有效磷、速效钾、有机质含量和脲酶是影响土壤细菌群落的重要因子,也是提高马铃薯产量的主要驱动因子。与农民方式和高产方式相比,高产高效方式能促进马铃薯生长,缓解土壤酸化,提高有机质含量和土壤酶活性,提高马铃薯产量。

参考文献:

- [1] SAIDI A, HAJIBARAT Z. Phytohormones: plant switchers in developmental and growth stages in potato[J]. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 2021, 19(1): 89.
- [2] 蔡林志, 贡丹敏, 丁仁, 等. 施氮水平对不同马铃薯品种生长与产量的影响[J]. *中国瓜菜*, 2023, 36(2): 84-90.
- [3] 乔赵崇, 王炯琪, 赵海超, 等. 种植模式对冀西北坝上土壤活性有机质和碳库管理指数的影响[J]. *生态环境学报*, 2020, 29(6): 1139-1146.
- [4] 姜艳, 王鹏, 徐飞, 等. 种植模式对机采棉生长及棉田水分利用效率的影响[J]. *西北农业学报*, 2021, 30(1): 93-101.
- [5] 孟扬, 何文寿, 侯贤清, 等. 施肥对雨养区马铃薯干物质累积及肥效的影响[J]. *分子植物育种*, 2019, 17(12): 4144-4152.
- [6] 于静, 熊兴耀, 高玉林, 等. 中国马铃薯不同产区氮肥利用率的比较分析[J]. *中国蔬菜*, 2019(7): 43-50.
- [7] 农业农村部. 农业农村部关于印发《到2025年化肥减量化行动方案》和《到2025年化学农药减量化行动方案》的通知: 农农发[2022]8号[A]. (2022-11-18).
- [8] 杨雪, 高倩, 蔡林志, 等. 新型肥料施用对马铃薯生长和产量及品质的影响[J]. *湖南农业大学学报(自然科学版)*, 2022, 48(5): 550-555.
- [9] 孙得翔, 石铭福, 王勇, 等. 有机肥部分替代化肥对马铃薯农艺性状、产量和品质的影响[J]. *甘肃农业大学学报*, 2022, 57(6): 43-51.
- [10] 梁玲玲. 不同化肥减施技术对马铃薯产量、养分累积及品质的影响[D]. 武汉: 华中农业大学, 2020.
- [11] 王友生, 岳云, 李效文. 不同肥力水平和种植密度对定西秸秆覆盖马铃薯生产的影响[J]. *西北农业学报*, 2019, 28(2): 198-203.
- [12] 王天文, 李长忠, 陈广海. 播期和密度对马铃薯原种扩繁生长发育及产量的影响[J]. *作物杂志*, 2020(2): 162-167.
- [13] 梁晓丽. 密度与氮钾肥对马铃薯生长及品质的影响[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2016.
- [14] BANI-HANI N M, AL-TABBAL J, AHMAD HADDAD M, et al. Effect of plant density on the water use efficiency and quality of potato(*Solanum tuberosum* L. cv. spunta) in the Jordan Valley[J]. *Journal of Agricultural Science*, 2018, 10(12): 203.
- [15] LIU N, SHAO C, SUN H, et al. Arbuscular mycorrhizal fungi biofertilizer improves American ginseng(*Panax quinquefolius* L.) growth under the continuous cropping regime[J]. *Geoderma*, 2020, 363: 114155.
- [16] HAUTBERGUE T, JAMIN E L, DEBRAUWER L, et al. From genomics to metabolomics, moving toward an integrated strategy for the discovery of fungal secondary metabolites[J]. *Natural Product Reports*, 2018, 35(2): 147-173.
- [17] 尚宏越. 玉米种植密度对土壤AM真菌特征的影响及其机制[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2022.
- [18] 杨新强, 孙建好, 李伟绮, 等. NBPT和DMPP对陇中半干旱区马铃薯产量及水分利用效率的影响[J]. *寒旱农业科学*, 2023, 2(10): 917-921.
- [19] 吴雁斌, 吕和平, 梁宏杰, 等. 不同覆膜方式与种植密度互动对马铃薯光合特性及产量的影响[J]. *中国瓜菜*, 2022, 35(7): 62-68.
- [20] 段惠敏, 卢潇, 周晓洁, 等. 马铃薯叶型和种植密度对产量组分的影响[J]. *作物杂志*, 2021(1): 160-167.
- [21] 周江明, 赵琳, 董越勇, 等. 氮肥和栽植密度对水稻产量及氮肥利用率的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2010, 16(2): 274-281.
- [22] 谢小兵, 周雪峰, 蒋鹏, 等. 低氮密植栽培对超级稻产量和氮素利用率的影响[J]. *作物学报*, 2015, 41(10): 1591-1602.
- [23] GUO J H, LIU X J, ZHANG Y, et al. Significant acidification in major Chinese croplands[J]. *Science*, 2010, 327: 1008-1010.
- [24] 王岩, 郭涛, 邢丹. 局部施磷对玉米磷、锌拮抗作用的影响[J]. *中国土壤与肥料*, 2019(3): 94-99.
- [25] 林治安, 赵秉强, 袁亮, 等. 长期定位施肥对土壤养分与作物产量的影响[J]. *中国农业科学*, 2009, 42(8): 2809-2819.
- [26] 陈隆通. 减施化肥增施有机肥对土壤肥力及马铃薯生长发育的影响[D]. 重庆: 西南大学, 2020.
- [27] 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.

- [12] KATO H K, TOH H. Parallelization of the MAFFT multiple sequence alignment program[J]. *Bioinformatics*, 2010, 26(15): 1899–1900.
- [13] XIA X, XIE Z. DAMBE: software package for data analysis in molecular biology and evolution[J]. *The Journal of Heredity*, 2001, 92(4): 371–373.
- [14] TAMURA K, STECHER G, PETERSON D, et al. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2013, 30(12): 2725–2729.
- [15] LIU S, RAO D Q. A new species of the genus *Pareas* (Squamata, Pareidae) from Yunnan, China[J]. *ZooKeys*, 2021, 1011: 121–138.
- [16] TAN C H, TAN K Y, NG T S, et al. Venom proteome of spine-bellied sea snake(*Hydrophis curtus*) from Penang, Malaysia: toxicity correlation, immunoprofiling and cross-neutralization by sea snake antivenom[J]. *Toxins*, 2018, 11(1): 3.
- [17] ARTEAGA A, MEBERT K, VALENCIA J H, et al. Molecular phylogeny of *Atractus*(Serpentes, Dipsadidae), with emphasis on Ecuadorian species and the description of three new taxa[J]. *ZooKeys*, 2017(661): 91–123.
- [18] TAVARES E S, BAKER A J. Single mitochondrial gene barcodes reliably identify sister-species in diverse clades of birds[J]. *Bmc Evolutionary Biology*, 2008, 8: 1–81.
- [19] 邓立彬, 汤晓丽, 邵建明, 等. 江西7种蛇类基于16S rRNA 基因的 DNA 条形码构建[J]. *南昌大学学报(理科版)*, 2011, 35(1): 95–102.

责任编辑: 罗慧敏
英文编辑: 罗维

(上接第26页)

- [28] 崔月贞, 吴玉红, 郝兴顺, 等. 汉中盆地水稻产量和土壤微生物对新型肥料的响应[J]. *西南农业学报*, 2019, 32(11): 2592–2599.
- [29] 赵轻舟, 王艳芬, 崔晓勇, 等. 草地土壤微生物多样性影响因素研究进展[J]. *生态科学*, 2018, 37(3): 204–212.
- [30] ANDREOTE F D, DE CÁSSIA PEREIRA E SILVA M. Microbial communities associated with plants: learning from nature to apply it in agriculture[J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2017, 37: 29–34.
- [31] GHOSH A, BHATTACHARYYA R, DWIVEDI B S, et al. Temperature sensitivity of soil organic carbon decomposition as affected by long-term fertilization under a soybean based cropping system in a sub-tropical Alfisol[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2016, 233: 202–213.
- [32] ZHENG J F, CHEN J H, PAN G X, et al. A long-term hybrid poplar plantation on cropland reduces soil organic carbon mineralization and shifts microbial community abundance and composition[J]. *Applied Soil Ecology*, 2017, 111: 94–104.
- [33] 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展[J]. *生物技术通报*, 2016, 32(2): 14–20.
- [34] DELGADO-BAQUERIZO M, TRIVEDI P, TRIVEDI C, et al. Microbial richness and composition independently drive soil multifunctionality[J]. *Functional Ecology*, 2017, 31: 2330–2343.
- [35] DINÇÄ L C, GRENNI P, ONET C, et al. Fertilization and soil microbial community: a review[J]. *Applied Sciences*, 2022, 12(3): 1198.

责任编辑: 毛友纯
英文编辑: 柳正