

微生物菌剂对连作地块辣椒生长和微生物群落的影响

刘志良¹, 刘玉兵², 刘新华², 鄢继琼³, 曹春信²

(1. 泰顺县农业技术推广中心 浙江泰顺 325500; 2. 金华市农业科学研究院 浙江金华 321000;
3. 椒椒农业发展有限公司 浙江金华 321000)

摘要: 以辣椒品种鸡爪×吉林为材料, 采用穴施方法, 研究微生物菌剂对连作地块辣椒生长和微生物群落的影响。结果表明, 微生物菌剂在一定程度上促进了辣椒生长, 株高、茎粗、果长、果宽和产量等指标均显著高于不施用微生物菌剂的对照, 其中产量增加幅度最大, 较对照显著提高了 14.76%。施用微生物菌剂提高了土壤中真菌和细菌相对物种数量和 OTU 数量; 通过 KEGG 代谢途径分析, 发现代谢通道是差异功能最显著富集的通路, 相对丰度近 80%。综上, 微生物菌剂能够改善土壤真菌和细菌群落结构, 促进辣椒植株生长, 提高辣椒产量。

关键词: 辣椒; 微生物菌剂; 连作; 生长; 微生物群落

中图分类号: S641.3

文献标志码: A

文章编号: 1673-2871(2025)08-154-07

Effects of microbial agents on the pepper growth and microbial community in continuous cropping plots

LIU Zhiliang¹, LIU Yubing², LIU Xinhua², YAN Jiqiong³, CAO Chunxin²

(1. Taishun County Agricultural Technology Extension Center, Taishun 325500, Zhejiang, China; 2. Jinhua Agricultural Science Research Institute, Jinhua 321000, Zhejiang, China; 3. Jiaojiao Agricultural Development Co., Ltd., Jinhua 321000, Zhejiang, China)

Abstract: Using the chili variety Chicken Claw x Jilin as the material, the effect of microbial agents on the growth and microbial community of chili pepper in continuous cropping plots was studied through hole application method. The results indicate that the microbial agent (SW) promotes the growth of pepper to a certain extent. The plant height, stem diameter, fruit length, fruit width and yield of the plant are significantly higher than those of the control (CK). Notably, the yield is the largest, with an increase of 14.76% compared to the control. The application of microbial agent increases the relative species number and OTU number of fungi and bacteria in the soil. Through KEGG metabolic pathway analysis, it is found that metabolism is the pathway with the most significant enrichment of differential functions, with relative abundance of nearly 80%. Comprehensive analysis shows that microbial agent can improve the community structure of soil fungi and bacteria, promote the growth of pepper plant, and increase pepper yield.

Key words: Pepper; Microbial agent; Crop continuous; Growth; Microbial community

近年来, 随着全球人口增加, 城市化进程加快, 耕地面积逐渐减少, 重茬导致的连作障碍已成为制约辣椒生产和发展的一大难题^[1]。微生物菌剂具有改善土壤结构、预防土传病害、维持根际微生物区系平衡和降解有毒有害物质等作用^[2]。研究表明, 施用微生物菌剂后, 番茄、辣椒和草莓等作物的株高、茎粗、单果质量、果实维生素 C 含量均有不同程

度的增加, 改善了植株长势并提高了营养品质^[3-4]; 施用微生物菌剂可显著提高土壤的电导率、有效磷和速效钾含量, 增加土壤中芽孢杆菌属的丰度以及真菌群落的丰富度和多样性, 进而提高草莓的存活率和产量^[5]。

施用微生物菌剂能够增加土壤中微生物种类、数量, 并增强其活性, 通过代谢产物转化土壤中的

收稿日期: 2024-10-28; 修回日期: 2025-02-01

基金项目: 浙江省基础公益研究计划项目(LGN22C150021); 金华市重点科技计划资助项目(2020-2-012)

作者简介: 刘志良, 男, 高级农艺师, 主要从事蔬菜推广工作。E-mail: 459580069@qq.com

共同第一作者: 刘玉兵, 男, 农艺师, 主要从事蔬菜育种与设施栽培技术研究。E-mail: 954020151@qq.com

通信作者: 曹春信, 男, 高级农艺师, 主要从事蔬菜育种与栽培技术研究。E-mail: caochunxin2010@163.com

营养元素,从而提高作物产量,改善作物品质,减少化肥用量,降低成本,改良土壤;同时抑制土壤有害物质产生,降低草莓炭疽病的发病率和致死率^[6],增强辣椒抵抗辣椒疫霉菌侵染的能力^[7],降低设施番茄灰霉病、叶霉病、晚疫病的发病率^[8];增强抵抗干旱胁迫响应的能力^[9],以及在 Cd 和 Pb 污染土壤修复等方面具有良好的生态环境效应^[10-11]。

笔者选用的试验地已连续种植辣椒 15 a(年),虽然利用夏季高温闷棚、生石灰消毒、冬季低温冷冻及雨水淋溶等物理手段,在一定程度上减少了土壤中病虫的数量,减轻了病害的发生程度,缓解了土壤连作障碍等问题。然而在第二年辣椒种植过程中,尤其秋季辣椒生长后期,土传病害加剧,土壤营养失衡,土壤板结、酸化,微生物群落失衡等问题依然存在,最终导致辣椒产量降低、品质下降。试验地种植户在施用微生物菌剂后发现,辣椒植株在生长后期病害发生率及病害症状有一定程度的下降和缓解。众多研究者采用每棚定量、均匀撒施的方式,而本试验采用打孔定位、定量穴施的方式,探究微生物菌剂对连作地块辣椒生长和产量的影响,并对土壤中养分含量和微生物群落结构进行分析,探索微生物菌剂促生、抗病的作用机制,以期缓解辣椒连作障碍提供一定的理论和技术支撑。

1 材料与方 法

1.1 材 料

试验于 2023 年 7—12 月在浙江省金华市白龙桥镇金华市农业科学院辣椒基地进行,试验地连续种植辣椒 15 a,土壤肥力中等,有机质含量(w ,后同)11.32 g·kg⁻¹、全氮(N)含量 0.65 g·kg⁻¹、速效磷(P₂O₅)含量 4.81 mg·kg⁻¹、速效钾(K₂O)含量 114.66 mg·kg⁻¹,pH=6.8。供试辣椒品种为鸡爪×吉林;微生物菌剂采购于山东金惠农生物科技有限公司,有效活菌数≥5.0 亿·g⁻¹,主要成分为解淀粉芽孢杆菌。

1.2 试验设计

2023 年 7 月 15 日辣椒播种,采用穴盘育苗,8 月 20 日定植。试验共设置 2 个处理:1 个微生物菌剂处理(SW),1 个不施用微生物菌剂处理作为对照(CK),每个处理 3 次重复,共 6 个小区,每小区面积 40 m²,各小区随机排列。采用高垄覆膜栽培,每垄双行定植 160 株,株距 40 cm,行距 40 cm。在定植前 7~10 d,整地作畦,每 667 m²施复合肥 25 kg 和过

磷酸钙 20 kg,定植当天对畦面打孔,孔内穴施约 16 g 微生物菌剂,随后将辣椒定植到施有微生物菌剂的孔内,后续管理按照田间正常管理。

在最后一次采摘时(即 12 月 14 日),通过五点取样法采集辣椒植株根部周边、土层厚为 15 cm 的土壤,每组处理随机采集 3 份样品,然后立即置于干冰中,带回实验室并置于-80 °C 冰箱中保存,用于后续土壤真菌、细菌多样性及群落结构的测定。

1.3 测定指标及方法

1.3.1 辣椒植株性状及产量测定 在成熟期每小区随机选取 10 株辣椒,用直尺测量茎最底部到最高枝生长点的高度为株高,用游标卡尺测量植株第 1 节间的宽度为茎粗。从坐果期开始,每小区选择代表性植株 10 株,采用标记称质量法测定果长、果宽、单果质量。在果实采收期,各处理小区果实达到采摘标准后每隔 5 d 采收一批并称量鲜质量,小区总产量为每次采摘的质量之和。

1.3.2 土壤 DNA 提取、扩增和高通量测序 称取 1 g 土壤样品,采用 DNA 提取试剂盒(PowerSoil DNA Isolation Kit)提取土壤总 DNA,使用引物 338-F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3') 和 806-R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 对细菌 16S rRNA V3-V4 区和真菌 ITS1 分别进行扩增。反应体系:采用诺唯赞生物科技有限公司生产的 2×ChamQ Universal SYBR qPCR Master Mix 试剂盒进行荧光定量 PCR(表 1)。反应程序:采用三步法 PCR 扩增程序进行 PCR 反应:第一步,95 °C 30 s;第二步,95 °C 10 s,60 °C 30 s,40 个循环;第三步,95 °C 15 s,60 °C 60 s,95 °C 15 s。将 PCR 扩增片段纯化和定量分析后进行高通量测序,测序由北京华大基因生物科技有限公司完成。

表 1 荧光定量 PCR 反应体积

Table 1 Reaction volume of fluorescent quantitative PCR

成分 Component	体积 Volume/ μ L
2×ChamQ Universal SYBR qPCR Master Mix	10.0
正向引物 Forward primer	0.5
反向引物 Reverse primer	0.5
溶解 cDNA Template cDNA	2.0
ddH ₂ O	7.0

1.4 数据分析

采用 Microsoft Excel 软件进行数据处理,利用 R 软件包“vegan”与 SPSS 22.0 统计软件进行分析。KEGG 功能预测:细菌测序使用 PICRUST 软件

通过比对 16S 测序数据获得物种组成信息,真菌测序使用 PICRUST 软件通过比对 ITS1 测序数据获得物种组成信息,然后分别推测样本中的功能基因组成,并分析不同样本或分组之间在功能上的差异。

2 结果与分析

2.1 微生物菌剂对辣椒生长和产量的影响

从表 2 可以看出,施用微生物菌剂处理(SW)能促进辣椒植株生长,株高、茎粗、果长、果宽及产

表 2 微生物菌剂对辣椒生长和产量的影响

Table 2 Effects of microbial agents on pepper growth and yield

处理 Treatment	株高 Plant height/cm	茎粗 Stem diameter/cm	果长 Fruit length/cm	果宽 Fruit width/cm	单果质量 Single fruit mass/g	产量 Yield/(kg·667 m ²)
SW	72.73±0.23 a	2.04±0.01 a	14.27±0.03 a	1.41±0.01 a	12.26±0.04 a	3 093.00±7.2 a
CK	64.90±0.36 b	1.93±0.01 b	13.80±0.02 b	1.33±0.01 b	11.75±0.04 a	2 695.30±8.0 b

注:同列不同小写字母表示在 0.05 水平差异显著。下同。

Note: Different small letters in the same column indicate significant difference at 0.05 level. The same below.

量分别较 CK 显著增加了 12.06%、5.70%、3.41%、6.02%、4.34%和 14.76%;而单果质量略高于对照,但差异不显著。

2.2 土壤微生物群落组成及关键物种差异比较

从图 1 可以看出,不同处理下土壤真菌和细菌微生物群落组成有所差异。土壤中真菌在属水平上的前 5 个优势菌门分别为散囊菌(*Eurotiomyces*)、被孢霉菌(*Mortierellomyces*)、粪壳菌(*Sordariomyces*)、伞菌(*Agaricomycetes*)和座囊菌(*Dothideomycetes*);细菌在属水平上的前 5 个优势菌门分别为 α -蛋白菌(*Alpha proteobacteria*)、伽马杆菌(*Gammaproteobacteria*)、芽单胞菌(*Gemmatimonadia*)、酸杆菌 Gp2 和 Gp1 (*Acidobacteria_Gp2*

和 *Acidobacteria_Gp1*)。如图 2 所示,通过分析土壤中真菌和细菌的 10 个关键物种发现,SW 处理下土壤中真菌和细菌的关键物种相对丰度之和分别占总群落的 83%和 59%,而 CK 为 86%和 55%;SW 处理下土壤中真菌和细菌前 5 个优势菌纲(门)相对丰度之和分别占总群落的 76%和 45%,而 CK 为 71%和 42%。另外,真菌中被孢霉菌、散囊菌、黑粉菌、球囊菌和细菌中的 α -蛋白菌、芽单胞菌、酸杆菌 *_GP6*、 β -变形菌相对丰度在 SW 处理下高于 CK,其他菌纲(门)相对丰度低于 CK。

2.3 土壤真菌和细菌群落 α 多样性

如图 3 所示,随着样本量的增加,土壤真菌和细菌群落 OTU 丰富度稀释曲线逐渐趋于平缓。

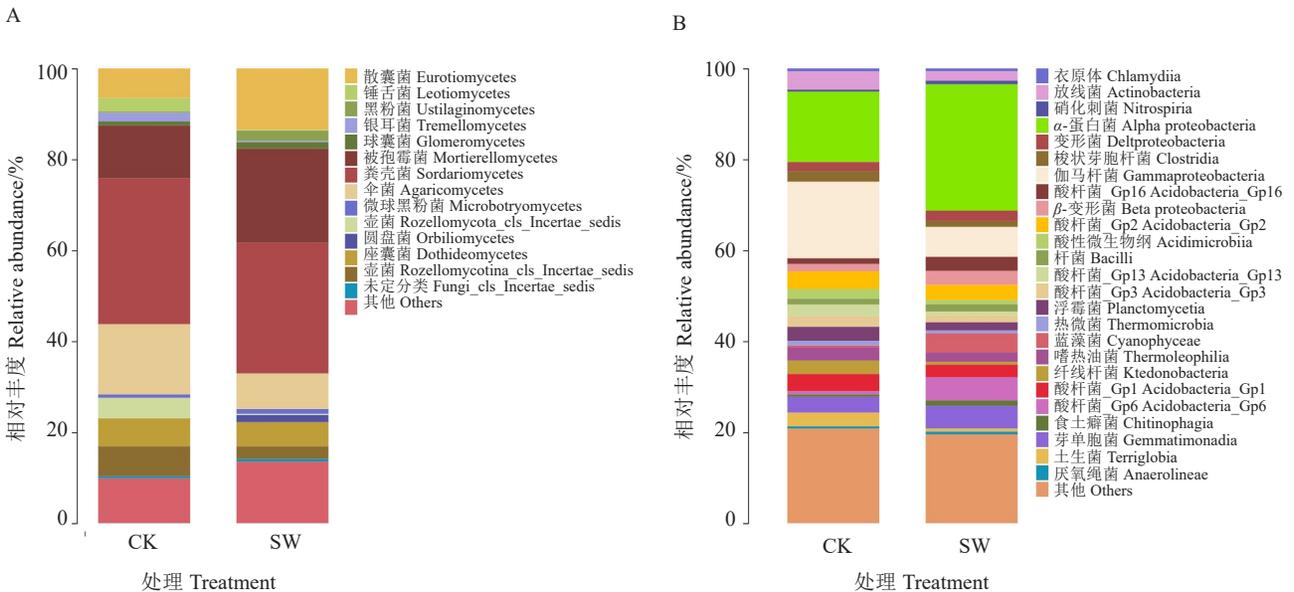


图 1 不同处理下土壤真菌(A)和细菌(B)在纲和门分类水平的相对丰度

Fig. 1 Relative abundance of soil fungi (A) and bacteria (B) at the taxonomic level of classes and phyla under different treatments

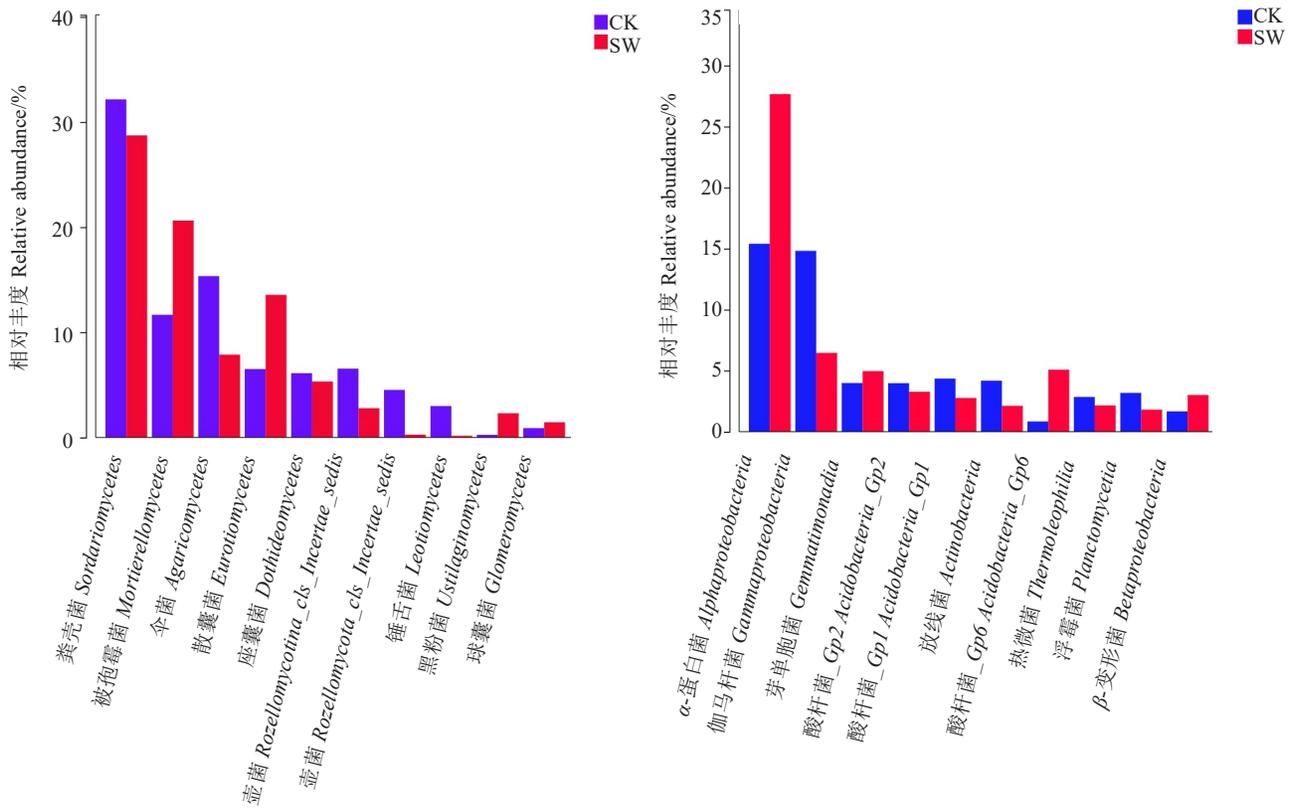


图2 不同处理下土壤真菌(A)和细菌(B)关键物种差异比较

Fig. 2 Comparison of key species differences of soil fungi (A) and bacteria (B) under different treatments

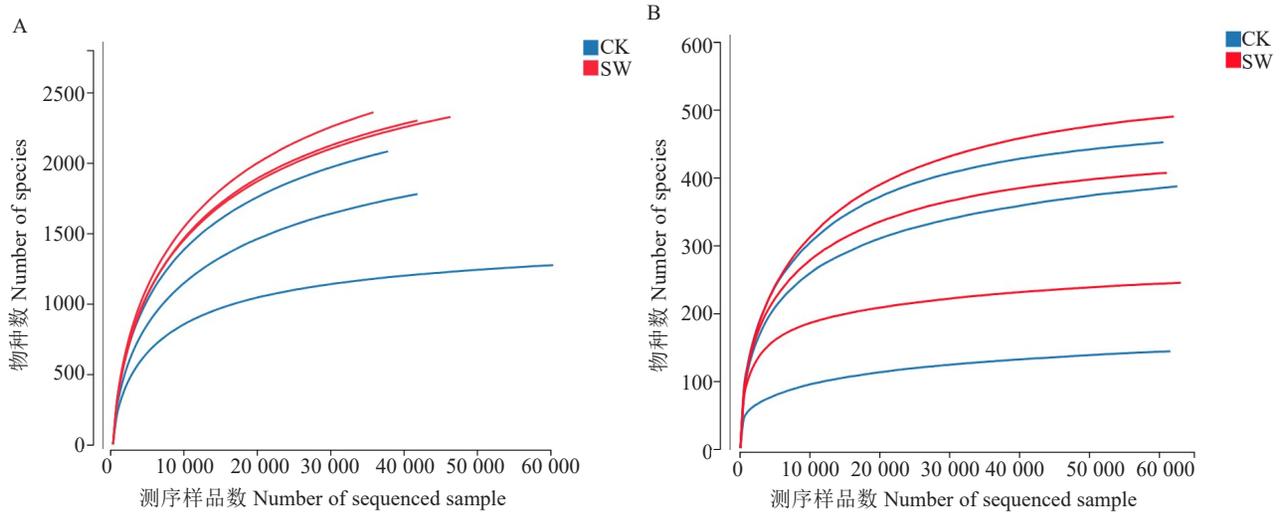


图3 不同处理下土壤真菌(A)、细菌(B)OTU 丰富度稀疏曲线

Fig. 3 Sparse OTU richness curves of soil fungi (A) and bacteria (B) under different treatments

SW 处理下土壤中的真菌相对物种数约 2500 种,而 CK 仅 2000 种左右;细菌相对物种数低于真菌相对物种数,SW 处理下土壤中的细菌相对物种数约 500 种,CK 约 450 种,说明施用生物菌剂后土壤中的真菌和细菌相对物种数量均有所增加。

由图 4 可知,真菌 OTU 总数为 621 个,其中 SW 处理下特有真菌 OTU 数为 328 个,CK 特有真菌 OTU 数为 293 个,共有真菌 OTU 数为 376 个;

而细菌 OTU 总数高于真菌 OTU 总数,共有 OTU 数达 2238 个,其中 SW 处理下特有细菌 OTU 数为 994 个,CK 特有细菌 OTU 数为 564 个。因此,在施用生物菌剂后,土壤中的真菌和细菌数量均高于 CK,具有更丰富的微生物多样性。

从表 3 可以看出,SW 处理下土壤真菌和细菌中的 Chaol 指数和香农-维纳指数(Shannon)高于 CK,但差异不显著;而 SW 处理下真菌中辛普森指

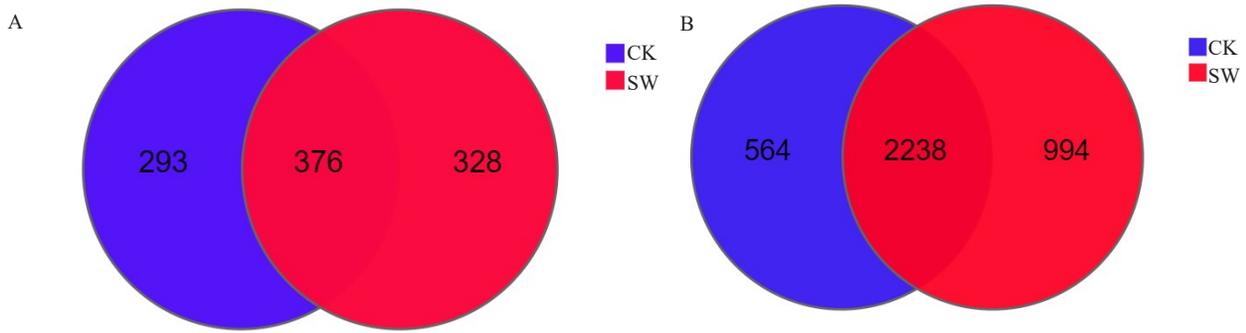


图4 不同处理下真菌(A)和细菌(B)OTUs 韦恩图

Fig. 4 OTUs Venn diagram of fungi (A) and bacteria (B) under different treatments

表3 不同处理下土壤真菌和细菌多样性变化

Table 3 Changes in soil fungal and bacterial diversity under different treatments

处理 Treatment	真菌 Fungal			细菌 Bacterial		
	Chao-1 指数 Chaol index	香农-维纳指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index	Chao-1 指数 Chaol index	香农-维纳指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index
SW	404.11±72.62 a	3.62±0.09 a	0.06±0.01 a	2 554.34±159.23 a	6.22±0.09 a	0.01±0.00 a
CK	363.15±95.29 a	3.34±0.22 a	0.08±0.01 a	1 944.58±330.77 a	5.79±0.32 a	0.01±0.00 a

数(Simpson)略低于 CK,但差异不显著,而细菌中 Simpson 指数相同。因此,施用微生物菌剂可丰富土壤中真菌和细菌多样性,改善土壤真菌和细菌群落结构。

2.4 KEGG 通路富集分析

如图 5 所示,KEGG 通路主要富集在代谢通道

(metabolism)、遗传信息处理 (genetic information processing)、细胞过程 (cellular processes)、环境信息处理 (environmental information processing),其中代谢通道是差异功能最显著富集的通路,相对丰度近 80%。此外,两处理间的 *p*-value 和 FDR 值在所有通路中差异均不显著。

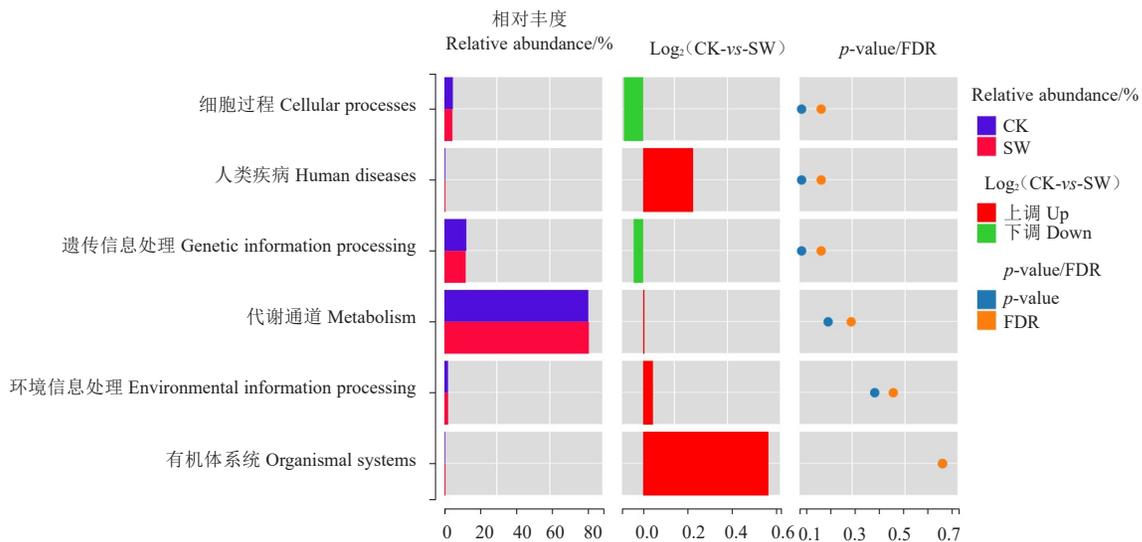


图5 不同处理下土壤细菌 KEGG 差异分析

Fig. 5 Differential analysis of soil bacterial KEGG under different treatments

从图 6 可以看出,最显著富集通路代谢通道上的代谢物主要有碳水化合物代谢(carbohydrate metabolism)、萜类化合物和聚酮类化合物代谢(metabolism of terpenoids and polyketides)、辅因子和维生

素代谢(metabolism of cofactors and vitamins)、氨基酸代谢(amino acid metabolism)、其他氨基酸代谢(metabolism of other amino acids)、脂质代谢(lipid metabolism)、外源性物质的生物降解和代谢(xeno-

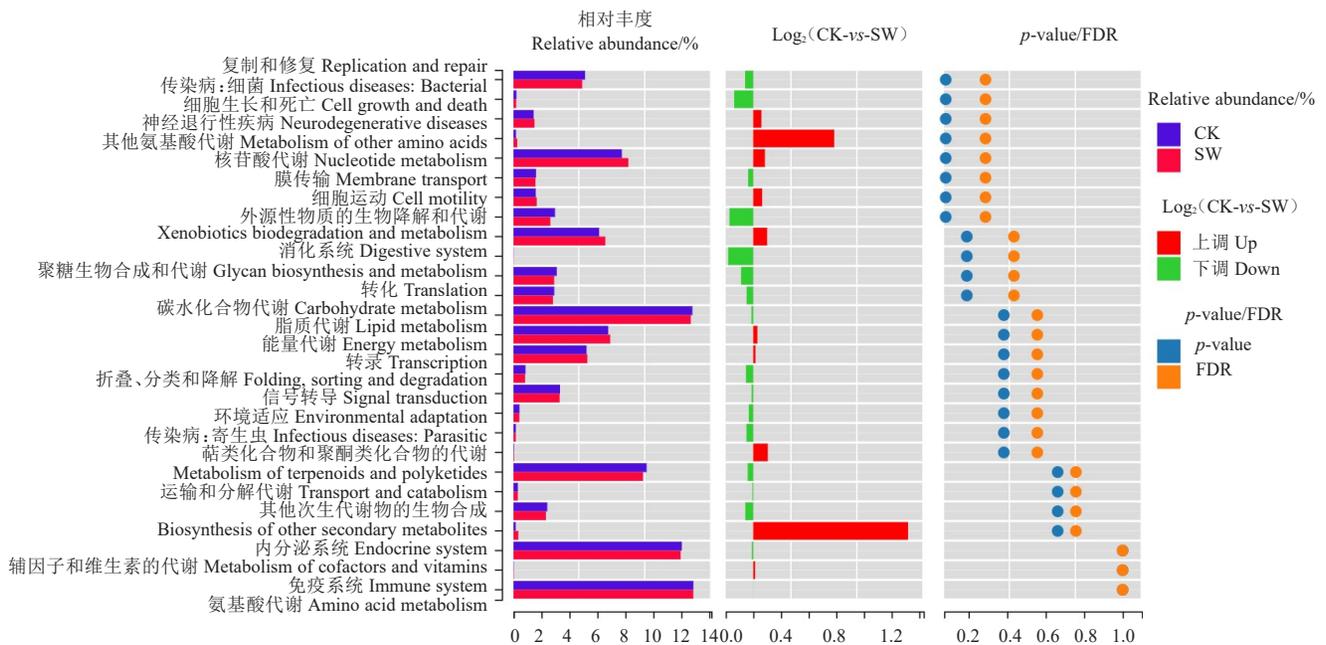


图6 不同处理下土壤细菌主要代谢富集分析

Fig. 6 Analysis of major metabolic enrichment of soil bacteria under different treatments

biotics biodegradation and metabolism)、能量代谢 (energy metabolism) 及复制和修复 (replication and repair)。其中 SW 处理下相对丰度分别为 12.68%、9.26%、11.95%、12.86%、8.22%、6.92%、6.57%、5.29% 和 4.92%；CK 处理下相对丰度分别为 12.79%、9.52%、12.04%、12.86%、7.75%、6.77%、6.12%、5.22% 和 5.12%。因此,在 SW 处理下代谢通道上的代谢物总相对丰度为 78.67%,高于 CK 的 78.18%,说明在 SW 处理下细菌群落代谢物的相对丰度较高。

3 讨论与结论

近年来,施用微生物菌剂已成为保障土壤可持续发展、促进作物生长、提高作物产量和品质的重要措施之一。研究表明,微生物菌剂处理能促进番茄植株生长,提高果实产量和品质^[12-13];可有效控制辣椒发病率,减轻疫病发生程度,缓解温室辣椒连作障碍^[14-15]。本研究结果表明,与对照相比,施用微生物菌剂处理显著增加了辣椒的株高、茎粗、果长、果宽和产量。说明微生物菌剂的施用对促进辣椒植株生长、提高辣椒产量有较好的效果。这一结论与前人在甜瓜、生菜上的研究结果相同^[16-17]。

微生物群落结构是影响土壤质量和植物病害的关键因素^[18]。研究表明,不同微生物菌剂对秸秆中可培养微生物数量有显著影响,秸秆中可培养真菌、细菌、放线菌数量在前 30 d 显著高于不施菌剂

的对照和混合菌剂处理^[19-20];杨楠等^[21]研究表明,施加微生物菌剂可以显著提高马铃薯根际土壤细菌 OTU 数量、Chaol 指数和 ACE 指数,以及土壤中根瘤菌属 *Rhizobium*、假单胞菌属 *Pseudomonas*、芽孢杆菌属 *Bacillus* 等细菌属及被孢霉属 *Mortierella* 等真菌属物种的相对丰度^[22-23],同时减少病原真菌数量,增加了细菌数量和生物量^[24-25]。侯栋等^[26]采用微生物菌肥替代部分化肥,发现施用微生物菌肥不仅增加了有益微生物如浮霉菌门 (Planctomycetes)、放线菌门 (Actinobacteria)、厚壁菌门 (Firmicutes) 和被孢霉属 (*Mortierella*) 等的相对丰度,而且降低了病原菌如油壶菌属 (*Ophiostoma*) 和小壶菌属 (*Spizellomyces*) 的相对丰度。本研究结果显示,施用微生物菌剂土壤中的真菌和细菌相对物种数量均多于 CK, OTU 数量也多于 CK。在真菌和细菌群落 α 多样性方面, SW 处理下土壤真菌和细菌中的 Chaol 指数和香农-维纳指数明显大于 CK, 真菌中辛普森指数略低于 CK, 但差异不显著, 而细菌中辛普森指数相同, 说明施用微生物菌剂可丰富土壤中真菌和细菌多样性, 改善土壤真菌和细菌群落结构组成。通过 KEGG 代谢途径分析, 观测不同处理土壤细菌群落的功能基因在代谢途径上的差异和变化, 结果显示, KEGG 通路主要富集在代谢通道、遗传信息处理、细胞过程和环境信息处理, 其中代谢通道是差异功能最显著富集的通路, 相对丰度近 80%。说明施用微生物菌剂可以促进细菌生长和繁

殖,提高细菌群落多样性、优势菌群丰度及代谢物相对丰度,改善根际土壤细菌群落结构组成。

综上所述,施用微生物菌剂显著促进了辣椒生长,提高了产量,增加了土壤中的真菌和细菌相对物种数量及 OTU 数,丰富了土壤中真菌和细菌多样性,改善了土壤真菌和细菌群落结构的组成。

参考文献

- [1] XIONG W, ZHAO Q Y, ZHAO J, et al. Different continuous cropping spans significantly affect microbial community membership and structure in a vanilla-grown soil as revealed by deep pyrosequencing[J]. *Microbial Ecology*, 2015, 70(1): 209-218.
- [2] 李玉柱, 谭智勇, 刘艺, 等. 微生物菌剂对土壤养分及微生物群落结构影响的研究进展[J]. *中南农业科技*, 2024, 45(3): 222-226.
- [3] 黄文, 郭竞, 刘慧超, 等. 不同微生物菌剂对番茄产量及品质的影响[J]. *中国瓜菜*, 2022, 35(8): 75-78.
- [4] 王赫, 李晓雪, 王亚玲, 等. 化肥减量配施有机肥和菌剂对辣椒产量、品质和养分累积的影响[J]. *北方园艺*, 2021(16): 1-7.
- [5] 杨肖芳, 郭瑞, 姚燕来, 等. 微生物菌剂对连作地块草莓生长、土壤养分及微生物群落的影响[J]. *核农学报*, 2023, 37(6): 1253-1262.
- [6] 王明湖, 连瑛, 李雅颖, 等. 不同微生物菌剂对草莓炭疽病防控和土壤微生物群落结构的影响[J]. *浙江农业科学*, 2022, 63(4): 783-786.
- [7] 杜公福, 黄永, 黄大野, 等. 不同微生物菌剂对辣椒疫病防控效果及土壤细菌群落结构的影响[J]. *热带作物学报*, 2023, 44(6): 1214-1223.
- [8] 王子凡, 李燕, 张庆银, 等. 微生物菌剂对设施番茄主要病害及土壤微生物群落的影响[J]. *中国农业科技导报*, 2024, 26(6): 102-112.
- [9] 刘玮, 冯康安, 朱宝才. 拂子茅生物量分配及土壤微生物对干旱胁迫的响应[J]. *北方园艺*, 2024(11): 79-87.
- [10] 杨文昊. 复合微生物菌剂对镉污染小麦土壤修复效应研究[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2022.
- [11] 王柯懿, 陈霞霞, 莫凌, 等. 微生物菌剂对芦竹修复 Pb 污染土壤的影响[J]. *植物资源与环境学报*, 2023, 32(6): 43-49.
- [12] 王丽丽, 朱诗君, 狄蕊, 等. 微生物菌肥菌剂对番茄生长发育和产量品质的影响[J]. *土壤与作物*, 2022, 11(1): 88-95.
- [13] 夏渝静, 卢树昌, 张迎珂. 减氮与配施微生物菌剂对设施番茄产量、品质及氮素吸收的影响[J]. *江苏农业科学*, 2024, 52(9): 189-195.
- [14] 郭志国, 魏永洋, 安军妹, 等. EV-微生物菌剂对新疆辣椒抗重茬的作用效果研究[J]. *种子科技*, 2023, 41(4): 37-39.
- [15] 王进明, 董孔军. 土壤熏蒸、微生物菌剂及不同肥料配施对温室辣椒连作障碍的治理效果[J]. *中国蔬菜*, 2022(8): 85-91.
- [16] 吴小丽, 马留辉, 张慧娜. 不同微生物菌肥对甜瓜生长、产量和品质的影响[J]. *中南农业科技*, 2024, 45(7): 1-4.
- [17] 褚义红. 不同微生物菌肥对温室生菜生长、品质、产量及氮素积累的影响[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2014.
- [18] DAI Z M, YU M J, CHEN H H. Elevated temperature shifts soil N cycling from microbial immobilization to enhanced mineralization, nitrification and denitrification across global terrestrial ecosystems[J]. *Global Change Biology*, 2020, 26(9): 5267-5276.
- [19] 孙翠焕, 陈丽媛, 陈杰, 等. 微生物菌剂对秸秆降解及秸秆中微生物变化规律的影响[J]. *微生物学杂志*, 2023, 43(4): 84-89.
- [20] 李雪菲. 添加微生物菌剂对设施辣椒秸秆腐熟还田及微生物群落的影响[D]. 北京: 中国农业科学院, 2023.
- [21] 杨楠, 谭雪莲, 郭天文, 等. 施加微生物菌剂对马铃薯根际土壤细菌多样性的影响[J]. *西北农业学报*, 2023, 32(5): 781-790.
- [22] 张大琪, 任立瑞, 杜洪志, 等. 微生物菌剂处理增加了生姜土壤有益微生物的相对丰度[J]. *植物保护*, 2023, 49(4): 55-66.
- [23] 王初亮, 张思敏, 何钢, 等. 生物炭与微生物菌剂配施对植烟土壤理化性质及细菌多样性的影响[J]. *作物研究*, 2023, 37(3): 230-238.
- [24] 栗瑞红, 李红霞, 李长胜, 等. 微生物菌剂对连作蒙古黄芪生物量及土壤真菌群落结构的影响[J]. *北方农业学报*, 2022, 50(6): 50-56.
- [25] 王莹, 杜鹏飞, 李娟. 不同微生物菌肥对甘草光合生理、黄酮含量及土壤微生物的影响[J]. *北方园艺*, 2023(18): 103-110.
- [26] 侯栋, 李亚莉, 岳宏忠, 等. 微生物菌肥替代部分化肥对花椰菜产量、品质及土壤微生物的影响[J]. *浙江农业学报*, 2024, 36(3): 589-599.