

# 不同基质配方的有机肥对连作辣椒的生长及根际土壤微生物多样性的影响

赵 玲 欧阳立明 陆小辰

华东理工大学生物工程学院/生物反应器工程国家重点实验室, 上海 200237

**摘要** 以山东寿光辣椒大棚的连作土壤为基质, 以无机肥料作对照, 向辣椒连作土壤中基施 5 种不同配方的有机肥, 调节土壤 N、P、K 至相同水平, 研究其对辣椒的产量与品质的影响。同时采用 RAPD 和平板稀释计数相结合的方法, 考察不同肥料处理组中辣椒根际土壤微生物的数量与多样性的变化。结果显示: 大部分种类的有机肥均能增加辣椒根际土壤微生物的多样性, 其中, 以蚕沙和酵母发酵废液复配的有机肥 (SYM) 处理的根际土壤微生物的数量与多样性最高, 且在促进辣椒生长、抗猝倒病、提高辣椒品质 (维生素 C 和辣椒素含量) 方面都明显优于其他处理组。结果表明: 以发酵废料为基础的配方有机肥应用于连作土壤中, 可以提高作物的产量与品质, 改善土壤的微生态结构。

**关键词** 发酵废液; 有机肥; 辣椒; RAPD; 连作土壤; 根际土壤微生物

**中图分类号** S 154.1 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2013)02-0072-06

在我国, 尤其是在一些主要的蔬菜种植基地, 温室连作是一种比较普遍的生产形式。然而, 由于长期的连作以及无机化肥和化学农药过量施用, 许多问题都逐渐显现出来, 包括土壤肥力和微生物多样性的降低、自毒素和土传病害的积累、土壤酸化等<sup>[1-2]</sup>。这些都会造成作物产量与品质的下降、环境的污染等问题。

近年来, 施用有机肥改善植物营养备受关注。有机肥不但可以直接增加土壤有机质的含量, 而且还可以改善土壤的理化性质和微生态结构<sup>[3-5]</sup>。如在番茄的盆栽试验中, 以棉籽壳作为有机肥施于土壤中, 可以改善土壤的物理性质、提高土壤的肥力、增加有益菌的数量、提高番茄的产量<sup>[6-7]</sup>。有机肥的来源较为广泛, 如农业废料、动物粪便、作物残渣、堆肥等<sup>[8]</sup>。除此之外, 一些富含氨基酸等营养物质的工业发酵废料也可作为有机肥的重要来源。植物根际微生物直接参与土壤营养元素的代谢循环, 并通过多种作用机制调节植物的生长、影响病原菌的致病力<sup>[9-10]</sup>。然而, 由于连作和长期过量的使用无机化肥和化学杀菌剂, 土壤的微生态结构受到了严重

的破坏, 自毒物质和病原菌大量积累, 植物病害大面积暴发越来越频繁<sup>[9]</sup>。已有研究表明: 与传统的施用无机化肥相比, 添加有机肥更有利于改善土壤中微生物的生物量与活性<sup>[11]</sup>, 而不同来源的有机肥对同一作物的生长与产量也会带来不同的影响。

虽然关于有机肥的研究已经很多, 但有机肥对连作土壤中作物生长、根际微生物多样性的影响研究较少, 而将工业发酵废料作为有机添加剂进行相关研究的报道更是鲜见。本研究以连作土壤为基质, 在维持等水平 N、P、K 的基础上, 以无机肥料作为对照, 基施 5 种不同配方的有机肥, 考察它们对连作土壤中辣椒生长和产量的影响; 同时, 以 RAPD 和平板稀释计数相结合的方法, 考察根际土壤微生物的数量与多样性的变化, 为合理施用有机肥、克服连作障碍提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 土壤、种子、肥料与试剂

试验中的土壤为购自山东寿光蔬菜种植基地的

收稿日期: 2012-04-23

基金项目: 上海市自然科学基金项目(07ZR14030)

赵 玲, 硕士研究生. 研究方向: 微生物-植物相互作用. E-mail: zhaoling\_hytc@yahoo.com.cn

通讯作者: 欧阳立明, 博士, 副教授. 研究方向: 微生物-植物相互作用. E-mail: ouyanglm@ecust.edu.cn

大棚土壤,已连作辣椒 3 a;辣椒种子(美国大牛角)购自上海某市场;味精发酵废液、酵母发酵废液和蚕沙来自发酵工厂,泥炭购自上海某市场,上述发酵废

料及原始连作土壤中的营养元素等相关性质测定结果见表 1。试验中用到的 PCR 相关试剂购自上海捷瑞生物工程有限公司。

表 1 连作土壤和有机肥的营养元素含量

Table 1 Mineral nutrient contents of the continuous cropping soil and the organic fertilizers

样品 Samples	酸碱度 pH	有机质/% Organic matter	速效氮/(mg/kg) Available N	速效磷/(mg/kg) Available P	速效钾/(mg/kg) Available K
连作土壤 Continuous cropping soil	6.58	1.91	155	224	426
蚕沙 Silk worm excrement	7.82	44.72	30 500	6 200	24 000
泥炭 Turf	5.00	40.25	804	365	80
酵母发酵废液 Yeast fermentation waste	5.60	31.50	22 267	1 083	44 833
味精发酵废液 Monosodium glutamate fermentation waste	4.22	29.96	45 118	1 272	41 636

### 1.2 辣椒的种植试验

辣椒种子浸种、催芽后点播于 50 格(4.5 cm × 4.5 cm × 5.0 cm)的穴盘中,每格 1 粒,2 个月后,将已长出 4~5 片真叶的辣椒幼苗移植到盆(14 cm × 15 cm)中,每盆装连作土壤 2.5 kg,每盆 1 棵。

基施的 6 组不同配方的肥料为:泥炭酵母发酵废液复配肥(TYM)、泥炭味精发酵废液复配肥(TMM)、蚕沙酵母发酵废液复配肥(SYM)、蚕沙味精发酵废液复配肥(SMM)、2 倍施用量的蚕沙味精发酵废液复配肥(DSMM)以及无机化肥(CF)。制备有机复配肥时,用无机化肥补入各复配肥中,以保证各组肥料的总 N、P、K 水平一致。施肥时,每千克土壤中施用 N、P、K 的量分别为 0.2、0.03 和 0.17 g;在移植后,各组均施以等量的 Arnon 营养液(H<sub>3</sub>BO<sub>3</sub> 2.86 mg/L, CuSO<sub>4</sub> · 5H<sub>2</sub>O 0.08 mg/L, ZnSO<sub>4</sub> · 7H<sub>2</sub>O 0.22 mg/L, MnCl<sub>2</sub> · 4H<sub>2</sub>O 1.81 mg/L, H<sub>2</sub>MoO<sub>4</sub> · 4H<sub>2</sub>O 0.09 mg/L, 0.5% FeSO<sub>4</sub> 0.6 mL/L, 0.4% 酒石酸 0.6 mL/L)。每组分别有 40 个重复,每日补充等量自来水。

### 1.3 辣椒的生长状况测定

为考察不同肥料处理下辣椒的生长状况,分别在幼苗期、花期和成熟期取样测定株高、茎粗、真叶片数、最大真叶宽、根长、根体积、干质量以及各组的存活率。每组每次测定均取 10 株重复,将测定结果进行方差分析(SPSS version 16.0)。

### 1.4 根际土壤微生物的稀释计数

在取样测定植株生长的同时收集根际土壤,挖出植株,尽量不要破坏根系,轻抖去掉非根际土,粘附在植株根系的土样即为根际土壤,用已灭菌的镊子小心收集根际土壤于无菌管中。每组分别取 10 g

根际土壤样品于含 90 mL 无菌水的三角瓶中,180 r/min,30 °C 摇瓶 20 min;梯度稀释土壤悬液,分别接种适当稀释度的土壤悬液于牛肉膏蛋白胨培养基、马丁氏培养基以及高氏一号培养基中,分别在 35、28、28 °C 下培养 2、3 和 7 d 左右,统计并计算菌的数量,每一土样设 3 次重复。

### 1.5 DNA 的提取与 RAPD 分析

分别在花期和成熟期,将取自各组 10 株辣椒的根际土壤混匀,取 100 mg 土样,按 DNA 提取试剂盒(SoilMaster DNA extraction kit, EPICENTRE Biotechnologies)的操作说明来提取土壤 DNA。

经预试验,确定 RAPD 的反应体系:25 μL 的总体积中含 2.5 μL 10 × PCR buffer, 0.15 mmol/L dNTPs, 1.5 mmol/L MgCl<sub>2</sub>, 1.6 μmmol/L 单引物<sup>[12-13]</sup>(表 2), 2 U Taq DNA 聚合酶以及 1.5 μL 土壤 DNA。经 PCR 仪(Technie, the United Kingdom)扩增,扩增条件如下:94 °C 预变性 3 min; 40 个

表 2 RAPD 的引物编号及序列

Table 2 Serial numbers and sequences of the primers used for RAPD

编号 Code	序列 Sequence/(5'-3')	G+C 含量/% G+C content
PS01	GTCCACACGG	70
PS02	TCGGCGATAG	60
PS03	CAAACGTCGG	60
PS04	ACCTGAACGG	60
PS06	ACACCCACACA	60
PS09	GGGCTAGTCA	60
PS10	CTATCCTGCC	60
PS12	GTCCACCTCT	60
PS13	CACGAGTCTC	60
PS19	CGGGTCGTTC	70

循环;94 °C 变性 1 min、36 °C 退火 40 s、72 °C 延伸 1.5 min;72 °C 保温 10 min,最后将扩增产物保存于 4 °C。扩增产物在含 0.5 μg/mL EB 的 1.5% 琼脂糖凝胶中电泳,用 FR-980 电泳图像分析软件和 Quantity One 软件(Shanghai Furi Science & Technology Co.,Ltd.,China)进行电泳结果分析,以 Shannon-Weaver 指数和丰富度修正值作为分析参数<sup>[14]</sup>。

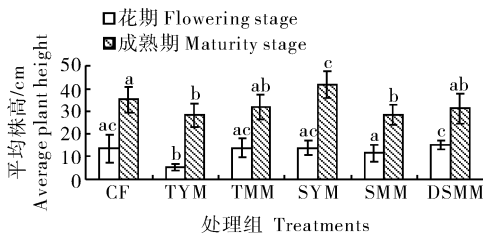
## 1.6 辣椒产量与品质分析

在成熟期,采摘辣椒果实,测定质量,并以 2,6-二氯酚法<sup>[15]</sup>测定辣椒果实中维生素 C 的含量,按照 Trejo-Gonzalez 等<sup>[16]</sup>的方法,测定辣椒素的含量,对测定结果进行方差分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 植株的生长状况

由于测定的株高、茎粗、真叶片数等各参数变化趋势一致,此处以植株平均株高作为代表,测定结果见图 1。在花期,DSMM 处理组的平均株高最高(14.98 cm),SYM 和 TMM 处理组次之,均为 13.83 cm,除 TYM 处理组外,其他各组间基本没有显著差异( $P>0.05$ );在成熟期,SYM 处理组的平均株高最高(41.6 cm),与其他组相比,SYM 组表现出了显著( $P<0.05$ )差异。



CF:无机化肥 Chemical fertilizer; TYM:泥炭酵母发酵废液复配肥 Turf plus yeast fermentation waste; TMM:泥炭味精发酵废液复配肥 Turf plus monosodium glutamate fermentation waste; SYM:蚕沙酵母发酵废液复配肥 Silk worm excrement plus yeast fermentation waste; SMM:蚕沙味精发酵废液复配肥 Silk worm excrement plus monosodium glutamate fermentation waste; DSMM:2 倍施用量的蚕沙味精发酵废液复配肥 Two times application rate of SMM; 含相同字母,表示差异不显著;不含相同字母,则表示差异显著。According to significance test ( $P<0.05$ ), different letters at the same column mean significantly different, with the same letter is not significantly different. 下同 The same as below.

图 1 花期和成熟期各处理组的平均株高

Fig. 1 Average height of the plants with the applications of different fertilizer treatments during the flowering stage and the maturity stage

在幼苗移植后,各组中的幼苗都暴发了不同程度的猝倒病,为评估有机肥对提高植株抗土传病害的能力,试验中对植株的存活率进行了统计(图 2)。其中,CF 组为 62.5%,SYM 和 DSMM 组分别为 84.0%和 88.5%,TMM 和 SMM 处理组分别为 70.0%和 62.8%,而 TYM 最低,为 41.3%。

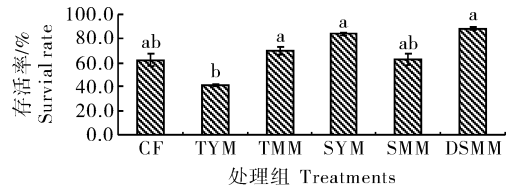


图 2 各处理组辣椒的存活率

Fig. 2 The survival of plants among the different fertilizer treatments

### 2.2 根际土壤微生物平板稀释计数

表 3 为不同生长时期,辣椒根际土壤微生物(细菌、真菌和放线菌)的计数结果。从该表中可以看到,除 TMM 组外,其他组的细菌在辣椒生长周期中基本保持一致的变化趋势:原始连作土壤中的细菌数量最高( $1 \times 10^8$  cfu/g);花期细菌数量下降;成熟期时,细菌数目又有所回升,但并未达到原始连作土壤中的量,而 TMM 组成熟期的细菌数量比花期还要低。辣椒生长周期中,各组的真菌数量都呈下降的趋势。从幼苗期到花期,除 DSMM 组外,其他组的放线菌数量均降低;从花期到成熟期,TMM 组的放线菌数量降低,而其他处理组均增加。

### 2.3 根际土壤 DNA 的 RAPD 分析

经预试验,确定了 10 条重现性较高的引物,扩增的条带数为 2~9 条。图 3 是 RAPD 扩增的部分电泳图。各组花期和成熟期土壤 DNA 扩增结果分析(图 4)显示:在花期,SYM 组的 Shannon-Weaver 指数和丰富度修正值最高,分别为 1.68 和 1.34;SMM 最低;到了成熟期,DSMM 组的 Shannon-Weaver 指数和丰富度修正值最高,为 1.31 和 1.38,SYM 组次之。

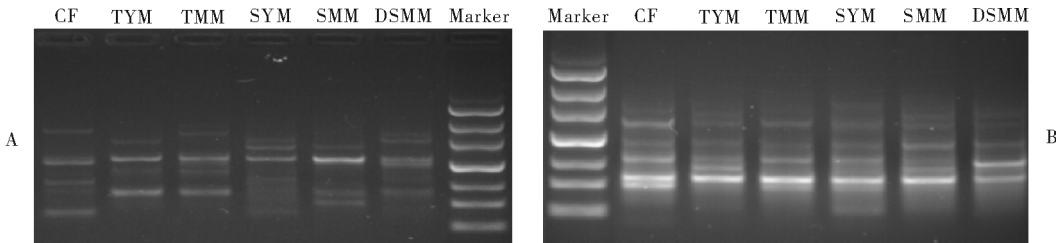
### 2.4 辣椒的产量与品质

辣椒产量、维生素 C 和辣椒素的含量测定结果(表 4)显示:与 CF 组相比,施用有机肥组的产量均有显著增加,其中,SYM 组的产量最高,其次是 TMM 组;除 DSMM 组外,其他各组的维生素 C 含量都要显著高于 CF 组;而除 TYM 组外,辣椒素的含量均高于 CF 组,且表现出显著差异。

表 3 不同生长时期各组根际土壤中细菌、真菌和放线菌的稀释计数

Table 3 The amount of the bacteria, fungi and actinomycete of the rhizospheric soils among the different fertilizer treatments during the three stages

处理组 Treatments	细菌/ $\times 10^7$ Bacteria			真菌/ $\times 10^5$ Fungi			放线菌/ $\times 10^6$ Actinomycetes		
	幼苗期 Seedling stage	花期 Flowering stage	成熟期 Maturity stage	幼苗期 Seedling stage	花期 Flowering stage	成熟期 Maturity stage	幼苗期 Seedling stage	花期 Flowering stage	成熟期 Maturity stage
	CF	10.0 $\pm$ 2.9 a	1.4 $\pm$ 0.2 a	2.9 $\pm$ 0.6 a	41.0 $\pm$ 5.0 a	12.0 $\pm$ 1.0 a	14.0 $\pm$ 0.9 a	4.6 $\pm$ 0.4 a	3.0 $\pm$ 0.1 a
TYM	10.0 $\pm$ 2.9 a	2.3 $\pm$ 0.7 ac	5.2 $\pm$ 0.6 a	41.0 $\pm$ 5.0 a	7.6 $\pm$ 0.5 b	12.0 $\pm$ 0.4 b	4.6 $\pm$ 0.4 a	2.4 $\pm$ 0.1 a	4.7 $\pm$ 0.6 ab
TMM	10.0 $\pm$ 2.9 a	3.8 $\pm$ 1.5 bd	2.7 $\pm$ 1.2 a	41.0 $\pm$ 5.0 a	16.0 $\pm$ 1.3 c	10.0 $\pm$ 0.2 b	4.6 $\pm$ 0.4 a	4.5 $\pm$ 0.9 ab	2.5 $\pm$ 0.3 b
SYM	10.0 $\pm$ 2.9 a	3.5 $\pm$ 1.2 bcd	9.3 $\pm$ 3.0 b	41.0 $\pm$ 5.0 a	23.0 $\pm$ 1.3 d	4.8 $\pm$ 0.5 c	4.6 $\pm$ 0.4 a	3.5 $\pm$ 2.3 a	8.8 $\pm$ 0.2 cde
SMM	10.0 $\pm$ 2.9 a	2.8 $\pm$ 0.2 ade	5.3 $\pm$ 1.2 a	41.0 $\pm$ 5.0 a	5.9 $\pm$ 0.6 e	7.2 $\pm$ 1.8 d	4.6 $\pm$ 0.4 a	3.5 $\pm$ 0.4 a	9.4 $\pm$ 2.1 ce
DSMM	10.0 $\pm$ 2.9 a	3.7 $\pm$ 0.6 bce	5.3 $\pm$ 2.1 a	41.0 $\pm$ 5.0 a	6.4 $\pm$ 0.6 be	4.1 $\pm$ 0.7 c	4.6 $\pm$ 0.4 a	6.5 $\pm$ 1.6 b	7.7 $\pm$ 1.3 ae



Marker: 含 7 个条带, 依次为 3 000, 2 000, 1 400, 900 (最亮), 600, 400 和 200 bp; A 和 B 均由引物 PS13 扩增而来; A 中模板是花期各组根际土壤 DNA; B 中模板是成熟期各组根际土壤 DNA. Marker: the DNA ladder consisting of 7 fragments, respectively are 3 000, 2 000, 1 400, 900 (brightest), 600, 400 and 200 bp; A and B were the results of the primer PS13; the DNA template of A was extracted from the flowering stage of the six treatments, B was extracted from the maturity stage.

图 3 各组根际土壤 DNA 经 RAPD 扩增的部分图谱

Fig. 3 The RAPD fingerprints of DNA from six rhizospheric soils

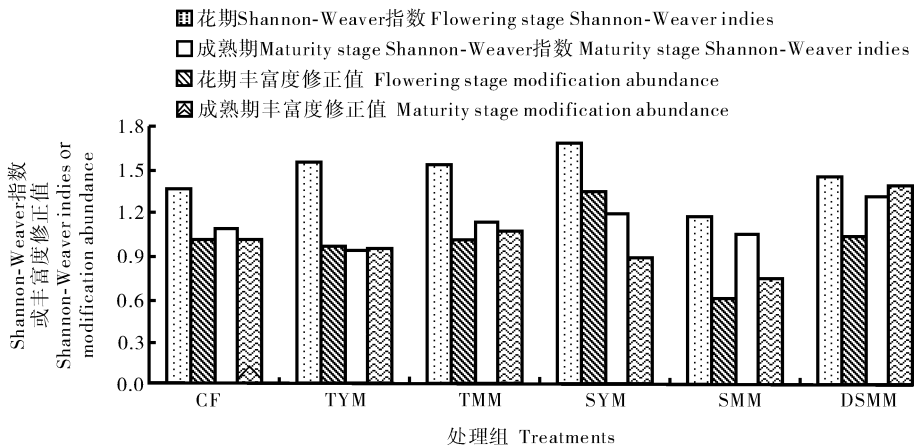


图 4 不同生长时期各组根际土壤 DNA 的 RAPD 参数分析

Fig. 4 RAPD analysis in the flowering and maturity stages from the six treatments

表 4 各组产量、维生素 C 和辣椒素含量

Table 4 The average fresh weight, vitamin C and capsaicin contents among these treatments

参数 Parameters	CF	TYM	TMM	SYM	SMM	DSMM
产量(总鲜质量)/g Yield(Total fresh weight)	27.4 $\pm$ 0.7 a	37.5 $\pm$ 4.0 b	44.6 $\pm$ 3.7 c	60.0 $\pm$ 1.0 d	41.0 $\pm$ 1.2 bc	32.7 $\pm$ 2.1 e
维生素 C/(mg/100 g) Vitamin C	12.27 $\pm$ 0.12 a	15.53 $\pm$ 0.42 b	18.27 $\pm$ 0.12 c	14.47 $\pm$ 0.23 d	16.60 $\pm$ 0.00 e	8.20 $\pm$ 0.00 f
辣椒素/(mg/g) Capsaicin	28.4 $\pm$ 0.7 a	30.0 $\pm$ 1.6 ac	41.4 $\pm$ 1.0 d	37.8 $\pm$ 1.1 b	31.6 $\pm$ 0.4 c	35.3 $\pm$ 3.1 b

### 3 讨 论

据已有研究报道,有机肥可显著影响作物的产量,且只有当有机肥的配方合理时,才能增加土壤肥力、提高作物的产量,反之亦会造成减产<sup>[17-18]</sup>。本试验得到了一致结果:与无机肥相比,有机肥一般可以提高连作土壤中辣椒的产量与品质,但不同配方有机肥对其影响又有所差异,本研究中有有机肥 SYM 组为最佳。施用含酵母发酵废液的有机肥处理组,其细菌的数量高于含味精发酵废液的有机肥处理组,这可能是由于酵母发酵废液中的 pH 高于味精发酵废液,且有机质含量较高,更有利于细菌的生长所造成的。与泥炭相比,蚕沙含有更多的氨基酸和植物激素<sup>[19]</sup>,且 pH 较高,这些差异可能是导致 SYM 处理组根际土壤微生物数量多、多样性高的一个重要因素,而微生态结构的差异又直接影响到了辣椒的生长。

对 RAPD 进行参数分析时,Shannon-Weaver 指数是描述微生物群落 DNA 条带多样性的主要参数,条带数表示样品总 DNA 的丰富度常以丰富度修正值来比较样品间的差异。从 RAPD 的结果中可以看出,SYM 和 DSMM 组可以提高微生物的多样性。此外,在本研究中,对同一样品分别进行 RAPD 和传统的平板稀释计数分析,其结果并不是始终保持一致:如 DSMM 组在成熟期,Shannon-Weaver 指数和丰富度修正值最高,但平板稀释计数结果显示其生物量并不是最高。导致这一现象的原因可能是自然环境中可培养的微生物仅占 1%,而以土壤为样本,直接从分子水平上比较微生物的多样性,其可信度更高<sup>[20]</sup>。

在 SYM 组中,根际土壤微生物的丰富度与该组的辣椒生长、产量和品质呈现正相关,这表明有机肥、植物及微生物三者之间存在着某种复杂的相互作用,这种作用直接影响到作物的产量与品质。与其他组相比,SYM 组最有利于促进辣椒的生长、提高抗病性、维持土壤较好的微生态结构,提高辣椒的产量,研究结果表明:在改善辣椒连作生产中,SYM 有机复配肥为最佳配方的有机肥料。

本研究结果表明:将酵母发酵废液、味精发酵废液作为有机肥应用于农业生产中,具有成本低、来源广的特性,且能够提供给微生物和植物更丰富的营养。然而,对不同的作物而言,使用有机肥的品种和配方还都需要进一步的研究。

**致 谢** 衷心感谢江苏龙灯化学有限公司在土壤和发酵废液成分分析方面给予的帮助!感谢华中农业大学植物科技学院姜道宏教授和美国 RTI 国际研究所 van der Lelie Daniel 博士对本文写作的指导!

### 参 考 文 献

- [1] GUO J H, LIU X J, ZHANG Y, et al. Significant acidification in major Chinese croplands[J]. *Science*, 2010, 327: 1008-1010.
- [2] MATSON P A, PARTON W J, POWER A G, et al. Agricultural intensification and ecosystem properties [J]. *Science*, 1997, 277: 25.
- [3] CELIK I, ORTAS I, KILIC S. Effects of compost, mycorrhiza, manure and fertilizer on some physical properties of a chromoxerert soil[J]. *Soil & Tillage Research*, 2004, 78: 59-67.
- [4] TEJADA M, GARCIA C, GONZALEZ J L, et al. Use of organic amendment as a strategy for saline soil remediation: influence on the physical, chemical and biological properties of soil[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2006, 38: 1413-1421.
- [5] 陈龙, 王敏, 王硕, 等. 生物质灰渣与化肥配施对土壤性质及油菜生长的影响[J]. *华中农业大学学报*, 2011, 30(6): 727-733.
- [6] BULLUCK L R, BROSIUS M, EVANYLO G K, et al. Organic and synthetic fertility amendments influence soil microbial, physical and chemical properties on organic and conventional farms[J]. *Applied Soil Ecology*, 2002, 19: 147-160.
- [7] LIU B, GUMPERTZ M L, HU S J, et al. Long-term effects of organic and synthetic soil fertility amendments on soil microbial communities and the development of southern blight[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2007, 39: 2302-2316.
- [8] OKA Y. Mechanisms of nematode suppression by organic soil amendments; a review[J]. *Applied Soil Ecology*, 2010, 44: 101-115.
- [9] MARSCHNER P, KANDELER E, MARSCHNER B. Structure and function of the soil microbial community in a long-term fertilizer experiment[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2003, 35: 453-461.
- [10] MANDAL A, PATRA A K, SINGH D, et al. Effect of long-term application of manure and fertilizer on biological and biochemical activities in soil during crop development stages[J]. *Bioresource Technology*, 2007, 98: 3585-3592.
- [11] 刘宇峰, 邓少虹, 梁燕菲, 等. 灌溉方式与有机无机氮配施对水稻土壤微生物活性的影响[J]. *华中农业大学学报*, 2012, 31(4): 428-435.
- [12] 陆合, 张碧波. 有机肥防治生姜青枯病及其 RAPD 分析[J]. *微生物学杂志*, 2009, 29(1): 74-78.
- [13] 吴凤芝, 周新刚. 不同作物间作对黄瓜病害及土壤微生物群落多样性的影响[J]. *土壤学报*, 2009, 46: 899-906.

- [14] YANG Y H, YAO J, HU S, et al. Effects of agricultural chemicals on DNA sequence diversity of soil microbial community: a study with RAPD marker[J]. *Microbial Ecology*, 2000, 39: 72-79.
- [15] 王秀奇, 秦淑媛, 天慧, 等. 基础生物化学实验[M]. 北京: 高等教育出版社, 1999: 195-201.
- [16] TREJO-GONZALER A, WILD-ALTAMIRANO C. A new method for the determination of capsaicin in *Capsicum* fruits [J]. *Journal of Food Science*, 1973, 38: 342-344.
- [17] CHIVENGE P, VANLAUWE B, SIX J. Does the combined application of organic and mineral nutrient sources influence maize productivity? A meta-analysis[J]. *Plant and Soil*, 2011, 342: 1-30.
- [18] GOPINATH K A, SAHA S, MINA B L, et al. Influence of organic amendments on growth, yield and quality of wheat and on soil properties during transition to organic production[J]. *Nutrient Cycling in Agroecosystems*, 2008, 82: 51-60.
- [19] 杨海霞, 朱祥瑞, 房泽民. 蚕沙的开发利用研究进展[J]. *蚕桑通报*, 2002, 33(3): 9-12.
- [20] RIESENFELD C S, SCHLOSS P D, HANDELSMAN J. Metagenomics: genomic analysis of microbial communities[J]. *Annual Review of Genetics*, 2004, 38: 525.

## Effects of different organic fertilizers on rhizospheric microbial diversity and growth of peppers in continuous cropping soil

ZHAO Ling OUYANG Li-ming LU Xiao-chen

*State Key Laboratory of Bioreactor Engineering, School of Biotechnology/  
East China University of Science and Technology, Shanghai 200237, China*

**Abstract** Using cropping soil (Shandong Shouguang pepper greenhouse) as basic matrix and the chemical fertilizer as control, five different organic fertilizer formulations with the same level of N, P and K content were applied to pepper plants potted in soil from a continuous cropping greenhouse to compare impacts of organic fertilizers on rhizospheric microbial diversity and the growth of peppers. The rhizosphere microbial quantity and diversity were investigated using random amplification of polymorphic DNA (RAPD) and a traditional plate counting method. Results showed that most types of organic fertilizer can increase rhizosphere soil microbial diversity and the organic fertilizer made from silk worm excrement plus yeast fermentation waste (SYM) is the highest one. SYM provides the best results in promoting plant growth, protection of seedlings from damping-off, and improving the vitamin C and capsaicin content of fruits. These results indicated that organic fertilizer produced by fermented waste is conducive to the sustainable development of agriculture which can increase yields and quality of crop, improve micro-ecological structure of soil in continuous cropping.

**Key words** fermentation waste; organic fertilizer; pepper; random amplification of polymorphic DNA (RAPD); continuous cropping soil; rhizospheric microbe

(责任编辑: 张志钰)