doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2026.22.033

放线菌和食用菌菌渣联合施用对东北黑土区土壤结构与抗蚀性的影响

李天霄　刘清源　肖兆兴　付　强
(东北农业大学水利科学与工程学院, 哈尔滨 150030)

摘要: 针对东北黑土区长期高强度耕作与气候变化导致的土壤结构退化、侵蚀多发问题,以及食用菌菌渣资源化利用率低的双重瓶颈,本研究以松嫩平原典型退化黑土为对象,设置空白对照(CK)、单施菌渣(SMS)、单接种放线菌(T)和放线菌与菌渣联合施用(SMS + T)4 个处理,测定土壤胞外多糖含量、有机质含量、团聚体稳定性及侵蚀性 K 值,探究放线菌与食用菌菌渣联合施用对土壤结构及抗蚀性的调控机制。结果表明,与 CK 相比,T 处理虽提升土壤胞外多糖含量 147.58%,但降低有机质含量 23.38%;SMS 处理对 2 项指标无显著影响;而 SMS + T 处理同时提升土壤胞外多糖含量 190.11% 和土壤有机质含量 32.34%,且对胞外多糖的提升效果显著高于 2 个单独处理。在此基础上,SMS + T 处理显著增加大团聚体占比,降低 0 ~ 0.25 mm 微团聚体占比 27.53%,平均质量直径(MWD)、几何平均直径(GMD)和水稳性大团聚体含量($WR_{0.25}$)分别提升 54.90%、58.06% 和 33.11%,团聚体破坏率(PAD)和分形维数(D)分别降低 50.79% 和 6.84%,土壤侵蚀性 K 值下降 1.41%,表现出最优的土壤结构改良与抗侵蚀能力。研究结果可为东北寒地黑土区退化土壤修复与水土流失防治提供理论依据和技术支撑,同时为食用菌菌渣利用提供了新途径。

关键词: 放线菌; 食用菌菌渣; 土壤结构; 抗蚀性; 东北黑土区
中图分类号: S156　　**文献标识码**: A　　**文章编号**: 1000-1298(2026)22-0378-09　　**OSID**:

Impact of Combined Application of Actinomycetes and Edible Mushroom Residue on Soil Structure and Anti-erosion in Black Soil Region of Northeast China

Li Tianxiao　Liu Qingyuan　Xiao Zhaoxing　Fu Qiang
(*College of Hydraulic Science and Engineering*, *Northeast Agricultural University*, *Harbin* 150030, *China*)

Abstract: In response to the dual bottleneck of soil structure degradation and erosion caused by long-term high-intensity cultivation and climate change in the black soil area of Northeast China, as well as the low utilization rate of edible mushroom residue resources, taking typical degraded black soil in the Songnen Plain as object, four treatments were set up: blank control (CK), single application of mushroom residue (SMS), single inoculation of actinomycetes (T), and combined application of actinomycetes and spent mushroom substrate (SMS + T). Soil extracellular polysaccharides content, organic matter content, aggregate stability and soil erodibility K value were determined to explore the regulatory mechanism of combined application of actinomycetes and spent mushroom substrate on soil structure and erosion resistance. The results showed that compared with CK, treatment T increased soil extracellular polysaccharide content by 147.58% but decreased soil organic matter content by 23.38%; treatment SMS had no significant effect on both indicators; while treatment SMS + T simultaneously increased soil extracellular polysaccharide content by 190.11% and soil organic matter content by 32.34%, and its enhancement effect on extracellular polysaccharides was significantly higher than that of the two single treatments. On this basis, treatment SMS + T significantly increased the proportion of macroaggregates and decreased the proportion of 0 ~ 0.25 mm microaggregates by 27.53%. The mean weight diameter

收稿日期: 2026 - 05 - 04　修回日期: 2026 - 05 - 27
基金项目: 国家自然科学基金项目(52579033、52539003、42577373、52422902)和黑龙江省自然科学基金项目青年项目 A 类(JQ2025E001)
作者简介: 李天霄(1984—),男,教授,博士生导师,主要从事农业水土资源高效利用研究,E-mail: litianxiao@neau.edu.cn
通信作者: 付强(1973—),男,教授,博士生导师,主要从事农业水土资源高效利用研究,E-mail: fuqiang0629@126.com

(MWD), geometric mean diameter (GMD) and water-stable macroaggregate content ($WR_{0.25}$) were increased by 54.90%, 58.06% and 33.11%, respectively; the percentage of aggregate destruction (PAD) and fractal dimension (D) were decreased by 50.79% and 6.84%, respectively; and the soil erodibility K value was decreased by 1.41%, showing the optimal soil structure improvement and anti-erosion ability. The research results can provide theoretical basis and technical support for the restoration of degraded soil and prevention of soil erosion in the cold black soil area of Northeast China, and also it can provide ways for the utilization of edible mushroom residue.

Key words: actinomycetes; spent mushroom substrate; soil structure; erosion resistance; black soil region of Northeast China

0　引言

黑土作为保障国家粮食安全的重要战略资源,健康状况直接决定我国农业的可持续发展能力[1-2]。然而,由于长期高强度耕作与气候变化的影响,东北黑土区土壤退化问题日益严峻,主要表现为部分开垦 40 年以上的耕地有机质损失超过 50%[3]。长期单一化肥施用导致微生物群落结构失衡,对复杂有机物的降解能力显著减弱[4]。典型黑土区年均流失表层黑土 0.3 ~ 1.0 cm,土壤结构稳定性大幅下降[5]。与此同时,黑龙江省作为我国食用菌产业大省,生产规模与产值均位居全国前列,尤其是黑木耳产量已占据全国总产量的 50% 以上[6]。但产业发展也伴随着大规模农业废弃物的处置压力,每年产生的食用菌菌渣达数千万吨,是区域农业生态循环的关键瓶颈[7]。因此,如何解决东北黑土结构退化与农业废弃物污染双重困境,是当前研究领域的关键问题。

围绕这一问题,国内外学者开展了大量研究,其中微生物接种技术因环境友好性和可持续性,被视为提升退化黑土结构稳定性的关键技术之一[8-10]。值得注意的是,在东北黑土区,放线菌作为土壤微生物群落中优势类群,在土壤生态系统中扮演着重要角色[11]。一方面,放线菌代谢产生的胞外多糖和菌丝网络是土壤团聚体形成与稳定的重要途径:胞外多糖能胶结土壤颗粒形成微团聚体;菌丝可缠绕、连接微团聚体,显著增强土壤团聚体的机械强度和稳定性[12]。另一方面,放线菌还能分泌纤维素酶、木质素酶等多种胞外水解酶,高效分解难降解有机物,是驱动土壤有机质周转的关键功能类群[13]。然而,现有研究表明,相较于直接接种,外源微生物与碳源协同接种技术更具有应用价值[14]。食用菌菌渣中富含有机质和菌丝残体,是一种潜在的木质纤维素类生物质资源[15]。但目前菌渣处理仍以焚烧、填埋为主,不仅难以实现高值化利用,还会造成大气、水体和土壤污染[16]。此外,食用菌菌渣作为外源添加物进入土壤后,可通过改变土壤理化性质和碳氮比,影响土壤微生物群落的丰度、多样性与结构[17-18]。多数研究证实,适量施用菌渣能促进土壤有益微生物的生长繁殖,增强土壤微生物群落的整体功能[19]。

尽管放线菌接种与菌渣还田在退化土壤修复中均展现出良好的应用前景,但对二者的研究多处于独立开展状态[20-21],缺乏将二者有机结合的系统性探索,难以同时实现农业废弃物高值化利用与退化黑土生态修复。理论上,利用菌渣中丰富的木质纤维素作为放线菌生长的碳源,可有效促进目标菌群在黑土中定殖与增殖,强化其分泌胞外多糖和构建菌丝网络的功能效应,从而加速土壤团聚体形成与结构重塑;而放线菌对菌渣中难降解有机物的高效转化,能进一步提升土壤有机质水平,实现废弃资源利用的良性循环。但目前关于二者协同作用通过胞外多糖分泌和有机质周转等途径调控土壤团聚体稳定性及抗蚀性内在机制,缺乏系统的科学认识,更缺少针对东北黑土区特定土壤条件的验证研究。

针对上述问题,本研究以东北地区典型黑土为研究对象,探究放线菌协同食用菌菌渣对退化黑土团聚体稳定性及土壤抗蚀性的调控机制,以期为利用微生物修复退化黑土及提升生态系统稳定性提供理论依据与技术支撑。

1　材料与方法

1.1　试验材料

1.1.1　土壤样品采集

试验于 2025 年 7—10 月在黑龙江省哈尔滨市东北农业大学人工气候室内进行。试验用土取自中国东北松嫩平原地区(45.70°N,125.50°E),属典型黑土。该地区土壤因长期耕作导致结构破碎化严重,侵蚀敏感性显著升高,已呈现明显的结构退化特征。采用五点取样法在采样区内采集 0 ~ 20 cm 耕作层土壤,取样前清理表层杂物。将采集的土壤样品储存于 4℃ 恒温环境中,直至送至实验室处理前[22]。

1.1.2 微生物接种剂和食用菌菌渣制备

试验采用改良高氏一号放线菌液体培养基,并采用稀释至灭绝方法[23-24],将采自研究站点的 1 g 土壤样品,加入盛有 9 mL 无菌液体培养基的锥形瓶中,制备 10^{-1}初始稀释液,依次以 10 倍梯度连续稀释至 10^{-6}。利用 96 孔板将稀释度 10^{-4}、10^{-5}、10^{-6}的 200 μL 样品接种至对应孔中,每个稀释度设置 8 个重复。将孔板置入恒温振荡培养箱(25℃、150 r/min)培养 7 ~ 14 d。从最高稀释度仍呈现生长特征的孔中挑取菌液,并转接到液体培养基中。随后将液体培养基置入恒温培养箱,期间借助比浊法估算细胞密度。在 OD_{600}为 1、细胞密度约为 3×10^8 CFU/mL 时,通过高速冷冻离心机收集菌体并制备 3 L 放线菌菌剂。食用菌菌渣以黑木耳渣为底料制成,在室温下风干 3 ~ 5 d,粉碎并过 2 mm 筛网,最后用高压蒸汽灭菌锅灭菌。

1.2 试验设计

将采集的土壤风干并过 2 mm 筛网进行筛分,随后在高压蒸汽灭菌锅中灭菌 30 min 并干燥至恒定质量。基于先前试验结果和松嫩平原平均含水率,按 15% 设定含水率施加无菌水,用喷壶分层润湿并轻压平整,用保鲜膜密封养护 48 h,以确保土壤内部含水状态均匀,随后按照松嫩平原土壤容重(1.2 g/cm^3)填充土箱。试验设置:每组重复 3 次,共 12 个土箱。其中 CK:向土壤表面喷洒 125 mL 无菌水;SMS:向土壤中添加 40 g 菌渣;T:向土壤表面喷洒 125 mL 放线菌菌液;SMS + T:向土壤表面喷洒 125 mL 放线菌菌液并向土壤中添加 40 g 菌渣。喷施后覆盖保鲜膜密封静置 24 h 以促进溶液渗透。在试验周期 60 d 内,在时间点 0、5、10、15、30、60 d 测定土壤理化性质;其中,土壤团聚体与侵蚀性指标于 60 d 测定。

1.3 指标测定

1.3.1 胞外多糖含量测定

按照 Redmile-Gordon 等[25]的阳离子交换树脂(CER)法提取胞外多糖。将土壤样品置于 50 mL 聚丙烯离心管中,先用 0.01 mol/L $CaCl_2$溶液去除土壤中杂质。然后将预先准备的磷酸盐缓冲液(pH 值为 7.0、4℃)与树脂(按 1 mg 土壤有机质(SOC):178 mg 阳离子交换树脂(CER)比例,基于最高土壤 SOC 含量)一同加入离心管中,冰浴条件下振荡并离心后,用滤膜去除颗粒和细胞残留物,并按照 Dubois 等[26]的方法测定总多糖含量。

1.3.2 土壤粒径分析

土壤粒径通过激光粒度分析仪(Microtrac S3500SI 型)分析。称取约 0.3 g 过 2 mm 筛网的风干土样,经浓度 10% 过氧化氢(H_2O_2)去除有机质、浓度 10% 盐酸(HCl)去除碳酸盐并洗涤至中性,加入浓度 0.1 mol/L 六偏磷酸钠分散剂超声分散样品后备用。测定时依次打开主机、进样器与控制计算机,试验前先清洗管路并置零,然后将样品加入进样器,运行检测程序。试验中每个土壤样品均采用相同处理方法和测量流程,并设置 3 组重复[27]。根据美国土壤粒径分类标准,0 ~ 0.002 mm 为黏粒,0.002 ~ 0.05 mm 为粉粒,0.05 ~ 2.000 mm 为砂粒。

1.3.3 团聚体稳定性

通过干筛法测得土壤机械稳定性团聚体组成。土壤团聚体水稳定性采用 DIK 土壤团聚体分析仪(日本 Daiki 公司)测定。将风干土样经去离子水预湿后,通过分析仪进行筛分,收集各级筛子上团聚体,干燥至恒定质量后称量。各指标计算式为

$$MWD = \sum_{i=1}^{n} \bar{x}_i W_i \tag{1}$$

$$GMD = \exp\left(\sum_{i=1}^{n} W_i \ln \bar{x}_i \right) \tag{2}$$

$$W_{R0.25} = \left(1 - \frac{M_{x<0.25}}{M_T}\right) \times 100\% \tag{3}$$

$$PAD = \frac{D_{R0.25} - W_{R0.25}}{D_{R0.25}} \times 100\% \tag{4}$$

$$\frac{M_{(r<\bar{x}_i)}}{M_T} = \left(\frac{\bar{x}_i}{x_{\max}}\right)^{3-D} \tag{5}$$

式中 MWD——平均质量直径,mm

GWD——平均几何直径,mm

$\bar{x}_i$——第 i 级团聚体平均直径,mm

W_i——对应粒级团聚体占总体积百分比,%

$W_{R0.25}$——>0.25 mm 水稳定性团聚体比例,%

$M_{x<0.25}$——<0.25 mm 团聚体质量,g

M_T——团聚体总质量,g

PAD——团聚体破坏率,%

$D_{R0.25}$——>0.25 mm 机械稳定性团聚体比例,%

$M_{(r<\bar{x}_i)}$——粒径小于 $\bar{x}_i$团聚体累积质量,g

$x_{\max}$——团聚体最大粒径,mm

D——分形维数

1.3.4 土壤侵蚀性 K 值

通过基于土壤有机碳含量和颗粒组成的 EPIC - K 模型[28]计算土壤侵蚀性 K 值。计算式为

$$K = 0.1317\left[0.2 + 0.3\exp\left(-0.0256 S_{AN}\left(1 - \frac{S_{IL}}{100}\right)\right)\right] \cdot \left(\frac{S_{IL}}{C_{LA} + S_{IL}}\right)^{0.5} \left(1 - \frac{0.25C}{C + \exp(-2.95C + 3.72)}\right) \cdot \left(1 - \frac{0.7 S_{N1}}{S_{N1} + \exp(-5.51 + 22.9 S_{N1})}\right) \tag{6}$$

其中　$$S_{N1} = 1 - \frac{S_{AN}}{100} \quad (7)$$

式中　S_{AN}——砂粒(0.050 ~ 2.000 mm)质量分数,%

S_{IL}——粉粒(0.002 ~ 0.050 mm)质量分数,%

C_{LA}——黏粒(0 ~ 0.002 mm)质量分数,%

S_{N1}——非砂粒颗粒(粉粒 + 黏粒)质量分数,%

C——土壤有机碳含量,%

1.4　其他指标测定

TDR - MUX 土壤水分、水势、温度、盐分监测系统可用来监测土壤水分和温度。土壤总有机碳含量采用高温催化燃烧法测定,并通过系数将土壤总有机碳含量转换成土壤有机质含量[29],所用仪器为 Elementar vario TOC cube 型总有机碳分析仪。

1.5　统计分析

采用 SPSS 26.0 对数据进行统计与分析。通过双因素方差分析检验不同处理对土壤理化性质的影响,Duncan 法进行组间差异多重比较,显著性水平设置为 $P < 0.05$。采用 Pearson 相关分析确定测定指标的相关性。采用双尾检验方法检验相关系数显著性。$P < 0.05$ 具有统计学显著性,$P < 0.01$ 为高度显著性,$P < 0.001$ 为极显著性。所有图表均采用 Origin 2025 软件绘制。

2　结果与分析

2.1　不同处理对土壤胞外多糖含量的影响

如图 1(图中不同大写字母表示相同时间不同处理间显著性,不同小写字母表示相同处理不同时间显著性,下同)、表 1 所示,土壤胞外多糖含量在不同处理方式下具有显著差异($P < 0.05$)。与对照组(CK)和单施加菌渣组(SMS)相比,单接种放线菌处理组(T)和协同处理组(SMS + T)显著提高了土壤胞外多糖含量,并且协同处理显著优于单接种放线菌处理($P < 0.05$)。在试验初期(0 ~ 10 d),T 处理胞外多糖含量随培养时间增加,5 d 时较 CK 组提高 24.69%,10 d 时提高 65.85%,且随时间延长,该效应逐渐增强。相同培养时间下,SMS + T 处理始终高于其他处理;5 d 和 10 d 时,其含量较 SMS 组提高 29.67% 和 73.40%,且高于同时间的 T 处理。在 60 d 时,与 CK 相比,SMS、T、SMS + T 处理土壤胞外多糖含量分别提升 3.29%、147.58% 和 190.11%。综上所述,放线菌与食用菌菌渣协同处理显著促进土壤胞外多糖的积累,且效果优于单施加放线菌处理。

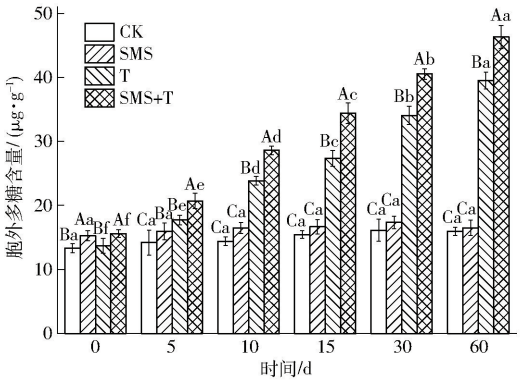


图 1　不同处理土壤胞外多糖含量动态变化

Fig. 1　Changes in extracellular polysaccharide content of soil under different treatments

表 1　土壤胞外多糖含量双因素方差分析

Tab. 1　Two-way analysis of variance on soil extracellular polysaccharide content

培养时间/d	T	SMS	T × SMS
5	***	*	*
10	***	**	***
15	***	**	**
30	***	**	**
60	***	*	**

注:*表示 $P < 0.05$,**表示 $P < 0.01$,***表示 $P < 0.001$。下同。

2.2　不同处理对土壤有机质含量的影响

由图 2、表 2 可知,不同处理对土壤有机质含量具有显著影响。整个培养周期内,对照处理(CK)、单施加菌渣处理(SMS)和单接种放线菌处理(T)土壤有机质含量随时间呈持续下降趋势,而协同处理(SMS + T)土壤有机质含量随时间延长呈先下降后上升趋势。在试验初期(0 ~ 10 d),各处理间差距较不明显。10 ~ 15 d 时,接种组(T、SMS + T 处理)与未接种组(CK、SMS 处理)出现差异。60 d 时,CK、SMS 和 T 处理较初始分别减少 29.42%、27.41% 和 46.33%,其中 T 处理下降幅度显著高于 CK 和 SMS 处理($P < 0.05$);而 SMS + T 处理较初始仅减少 8.91%,且较 15、30 d 相比有上升趋势。与此同时,

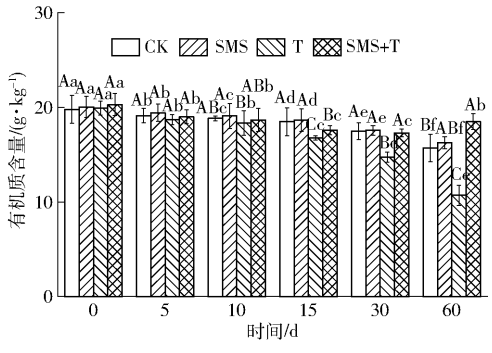


图 2　不同处理土壤有机质含量动态变化

Fig. 2　Changes in soil organic matter content under different treatments

SMS + T 处理土壤有机质含量较 CK 处理提高 32.34%，T 处理较 CK 处理降低 23.38%；SMS + T 处理土壤有机质含量显著高于 T 处理（$P < 0.05$），较 T 处理提升 72.72%。综上所述，放线菌与食用菌菌渣协同处理可显著抑制土壤有机质含量下降，有效维持土壤有机质水平。

表 2 土壤有机质含量双因素方差分析

Tab. 2 Two-way analysis of variance on soil organic matter content

培养时间/d	T	SMS	T × SMS
5	*	*	*
10	*	*	*
15	**	*	*
30	***	**	***
60	***	***	***

2.3 不同处理对土壤团聚体稳定性及侵蚀性 K 值的影响

由图 3（图中不同大写字母表示不同处理间差异显著性）、表 3 可知，各处理团聚体占比均呈现 0 ~ 0.25 mm、0.25 ~ 1 mm、1 ~ 2 mm、> 2 mm 依次递减。与对照（CK）相比，T、SMS + T 处理显著增加 > 2 mm 和0.25 ~ 1 mm 粒级团聚体占比；相应地，T 处理和 SMS + T 处理 0 ~ 0.25 mm 粒级团聚体占比降低 15.29% 和 27.53%。上述结果表明，接种放线菌能显著增加大粒级团聚体含量，降低小粒级团聚体含量；放线菌与食用菌菌渣协同处理效果优于单独接种放线菌处理。

不同处理下土壤团聚体稳定性指数（表 4）整体变化由大到小依次为 SMS + T、T、SMS、CK，且处理间差异显著（$P < 0.05$）。具体而言，与 CK 处理相比，SMS、T 和 SMS + T 3 个处理平均质量直径（MWD）、几何平均直径（GMD）和水稳定性大团聚体含量（$WR_{0.25}$）增加 7.84% ~ 54.90%、6.45% ~ 58.06% 和 6.85% ~ 33.11%，团聚体破坏率（PAD）和分形维数（D）减少 12.48% ~ 50.79% 和 0.04 ~ 0.18；其中 SMS + T 处理变化幅度最显著（$P < 0.05$），MWD、GMD 和 $WR_{0.25}$ 增加幅度最大且 PAD 和 D 为处理组最低水平。由此可知，放线菌与食用菌菌渣协同处理能改善土壤团聚体结构稳定性，提升土壤水稳性大团聚体比例，降低团聚体水力破坏程度，且效果最优。

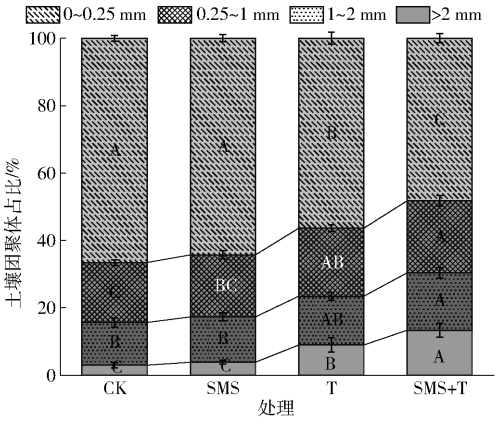


图 3 不同处理下不同粒径土壤团聚体占比

Fig. 3 Percentage of soil aggregates with different particle sizes under different treatments

不同处理下土壤粒径分布与侵蚀性 K 值如表 5 所示。与 CK 处理相比，各处理均呈黏粒含量下降，粉粒和砂粒含量上升趋势。具体而言，SMS 处理与 CK 处理之间无显著差异（$P > 0.05$）；T 处理、SMS +

表 3 土壤团聚体指标及侵蚀性指标双因素方差分析

Tab. 3 Two-way analysis of variance on soil aggregate index and erosion index

处理	0 ~ 0.25 mm 团聚体含量		0.25 ~ 1 mm 团聚体含量		1 ~ 2 mm 团聚体含量		>2 mm 团聚体含量		
SMS	*		*		**		**		
T	*		**		***		***		
SMS × T	**		**		***		***		
处理	MWD	GMD	$WR_{0.25}$	PAD	D	黏粒含量	粉粒含量	砂粒含量	K
SMS	**	**	*	***	*	*	*	*	**
T	**	**	***	***	**	***	**	***	***
SMS × T	**	***	***	***	**	**	*	**	***

表 4 不同处理下土壤团聚体稳定性指数

Tab. 4 Stability index of soil aggregates under different treatments

处理	MWD/mm	GMD/mm	$WR_{0.25}$/%	PAD/%	D
CK	(0.51 ± 0.01)^{D}	(0.31 ± 0.03)^{D}	(50.98 ± 0.56)^{D}	(33.65 ± 1.01)^{A}	(2.63 ± 0.01)^{A}
SMS	(0.55 ± 0.03)^{C}	(0.33 ± 0.02)^{C}	(54.47 ± 0.52)^{C}	(29.45 ± 0.56)^{B}	(2.59 ± 0.03)^{B}
T	(0.67 ± 0.02)^{B}	(0.42 ± 0.01)^{B}	(63.39 ± 0.76)^{B}	(20.19 ± 0.83)^{C}	(2.47 ± 0.01)^{C}
SMS + T	(0.79 ± 0.01)^{A}	(0.49 ± 0.02)^{A}	(67.86 ± 0.46)^{A}	(16.56 ± 0.45)^{D}	(2.45 ± 0.02)^{D}

注：不同大写字母表示不同处理间差异显著（$P < 0.05$）。下同。

表 5　不同处理下土壤粒径分布与侵蚀性 K 值

Tab. 5　Soil particle size distribution and erosive K value under different treatments

处理	黏粒含量/%	粉粒含量/%	砂粒含量/%	K
CK	(17.88 ± 1.56)^{A}	(80.83 ± 1.13)^{B}	(1.29 ± 0.43)^{B}	(0.056 7 ± 0.000 3)^{B}
SMS	(16.69 ± 0.74)^{A}	(81.40 ± 1.67)^{B}	(1.91 ± 0.93)^{B}	(0.056 6 ± 0.000 1)^{B}
T	(13.45 ± 2.39)^{B}	(82.68 ± 1.69)^{B}	(3.87 ± 0.70)^{A}	(0.059 1 ± 0.000 5)^{A}
SMS + T	(9.98 ± 0.47)^{C}	(85.71 ± 1.15)^{A}	(4.31 ± 0.68)^{A}	(0.055 9 ± 0.000 6)^{C}

T 处理与 CK 处理之间存在显著差异($P < 0.05$)，黏粒含量较 CK 处理分别降低 4.43、7.90 个百分点，粉粒含量分别提高 1.85、4.88 个百分点，砂粒含量分别提高 2.58、3.02 个百分点。对于侵蚀性 K 值，SMS 处理与 CK 处理差异不显著，T 处理相较于 CK 处理上升 4.23%，SMS + T 处理相较于 CK 处理下降 1.41%，为所有处理中最低水平。

综上所述，单接种放线菌虽能一定程度上促进土壤大团聚体形成，提升团聚体水稳定性并促进土壤颗粒转化，但有降低土壤抗蚀性的趋势；而放线菌与食用菌菌渣协同处理对土壤结构的改良效果最为显著，不仅能促进大团聚体形成，提升土壤团聚体稳定性，降低土壤侵蚀性 K 值，表现出最优的土壤结构改良效果与抗侵蚀能力提升。

2.4　土壤理化性质与侵蚀性相关性分析

图 4(图中 * 表示 $P < 0.05$，** 表示 $P < 0.01$，*** 表示 $P < 0.001$)为土壤胞外多糖含量、有机质含量、团聚体特征、机械组成与侵蚀性 K 值的相关性分析结果。胞外多糖含量与土壤团聚体稳定性指数(MWD、GMD、$WR_{0.25}$)呈显著正相关($P < 0.01$)，与团聚体破坏率(PAD)和分形维数(D)呈显著负相关($P < 0.05$)。土壤有机质含量与 PAD 呈显著负相关，与 D、土壤侵蚀性 K 值呈极显著负相关($P < 0.001$)。>2 mm、1 ~ 2 mm、0.25 ~ 1 mm 粒级大团聚体含量之间呈显著正相关，且与 0 ~ 0.25 mm 粒级微团聚体含量有负相关趋势；0 ~ 0.25 mm 微团聚体含量与 MWD、GMD 呈极显著负相关($r = -0.880$，$P < 0.001$；$r = -0.862$，$P < 0.001$)。土壤团聚体稳定性指数(MWD、GMD、$WR_{0.25}$)呈显著正相关，与 PAD、D 呈负相关，表明各稳定性指标具有良好的一致性。

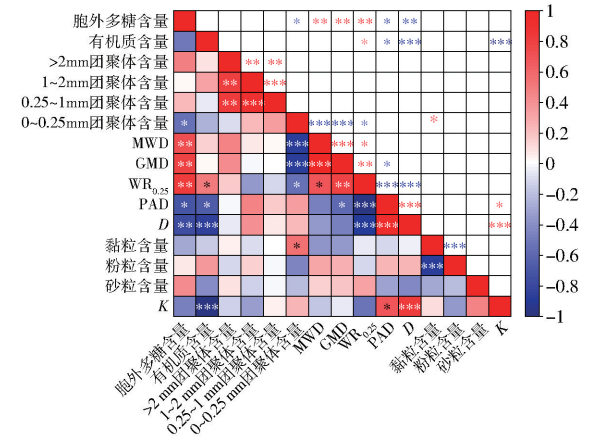


图 4　土壤胞外多糖含量、有机质含量和土壤结构指标间相关性分析

Fig. 4　Correlation analysis between soil extracellular polysaccharide content, organic matter content, and soil structure indicators

3　讨论

土壤团聚体作为土壤结构的基本单元，形成与稳定主要受土壤有机质和微生物活动的调控，直接决定土壤的抗侵蚀能力、保水保肥性能及生态功能[30]。分泌胞外多糖是土壤微生物调控土壤团聚体形成的重要途径。放线菌作为土壤中的优势丝状微生物类群，分泌的胞外多糖可通过氢键、阳离子桥等作用胶结土壤颗粒[31]，同时产生的木质素酶等胞外酶可分解有机物，二者共同参与土壤团聚体的形成。本研究发现，单一放线菌接种可显著提升土壤胞外多糖含量，而放线菌与食用菌菌渣协同处理效果更为突出：60 d 时，协同处理胞外多糖含量较未接种组增加近 1.65 倍。这一结果的内在机制在于：放线菌在生长繁殖过程能分泌大量胞外多糖，而菌渣添加为放线菌提供了充足碳源，显著促进了放线菌生物量积累和代谢活性，进而大幅提高了胞外多糖分泌量。这与前人研究结果类似，Zhang 等[32]研究发现，施氮条件下富营养型分解菌使秸秆分解速率提升 16.77%，促进了土壤养分积累，证实了功能微生物与有机物料的协同增效作用。与此同时，土壤有机质直接影响土壤团聚体的胶结强度和抗破碎能力，是维持土壤结构长期稳定的物质基础[33]。值得关注的是，T 处理在显著提升胞外多糖含量的同时，却导致土壤有机质含量较对照显著降低 23.38%，而 SMS + T 处理有机质含量仅下降 8.91%，且显著高于对照。这是因为放线菌作为异养微生物，生长繁殖和代谢胞外多糖都需消耗土壤有机碳，单一接种时土壤有机质成为主要碳源，加速了有机质分解[34]；而菌渣添加优先作为放线菌碳源，减少了对土壤有机质的分解，分解产生的物质还能包裹在土

壤团聚体表面[35],进一步减少土壤有机质损失,实现土壤胞外多糖含量提高与有机质水平维持。这种有机质水平的有效维持,进一步增强土壤团聚体水稳定性和抗侵蚀能力[36]。相关性分析结果(图 4)表明,土壤有机质含量与团聚体破坏率和分形维数呈显著负相关,与水稳性大团聚体含量呈显著正相关,充分证实有机质在土壤结构改良中的重要地位。

土壤团聚体稳定性是评价土壤抗侵蚀能力的核心指标,其中平均质量直径、几何平均直径和水稳性大团聚体含量越高,团聚体破坏率和分形维数越低,表明土壤结构越稳定。本研究中,T 处理和 SMS + T 处理均呈现改善土壤团聚体结构的效果,而 SMS + T 处理 MWD、GMD 和 $WR_{0.25}$ 较 CK 分别显著提升 54.90%、58.06% 和 33.11%,PAD 和 D 分别显著降低 50.79% 和 6.84%,改良效果最为显著。结合相关性分析结果,胞外多糖含量与 MWD、GMD、$WR_{0.25}$ 呈极显著正相关,与 PAD、D 呈极显著负相关,进一步证实了胞外多糖在促进土壤大团聚体形成、提升团聚体稳定性中的核心驱动作用;此外,放线菌的丝状菌丝可物理缠绕土壤颗粒,与胞外多糖的化学胶结作用协同,共同构建稳定的大团聚体[37]。Xiao 等[38]研究也表明,土壤微生物接种与水稳性大团聚体含量呈显著正相关,是影响土壤团聚体稳定性的关键因子。

土壤侵蚀性 K 值是量化土壤可蚀性的重要指标,K 值越低,表明土壤抗侵蚀能力越强。K 值受土壤黏粒、粉粒、砂粒和有机质含量的共同影响,本研究发现,T 处理和 SMS + T 处理均表现为黏粒含量减少,粉粒和砂粒增加趋势,但 T 处理土壤侵蚀性 K 值较 CK 处理上升 4.23%,而 SMS + T 处理 K 值为所有处理中最低,较 CK 下降 1.41%。这一结果可通过相关性分析得到合理解释:土壤侵蚀性 K 值与有机质含量呈极显著负相关($r = -0.975$,$P < 0.001$),说明有机质是影响土壤可蚀性的关键因素。这是因为有机质可通过改变土壤颗粒的表面电荷性质,增加颗粒间的内聚力和黏结强度,同时降低土壤颗粒的分散性[39];而本研究中机械组成变化幅度相对较小,且砂粒含量增加并未导致土壤结构粗糙化,因此有机质含量差异成为决定土壤可蚀性的关键。综上所述,放线菌与食用菌菌渣协同处理通过促进胞外多糖分泌、维持有机质水平的双重机制,实现了土壤团聚体结构稳定和抗侵蚀能力提升,可为寒地黑土区退化土壤修复和土壤侵蚀防治提供理论依据与技术支撑。未来可开展长期定位田间试验,深入探究协同处理在不同土壤类型、不同气候条件下适用性与长期效应,为该技术大面积推广应用提供更加坚实科学依据。

4 结论

(1)放线菌与食用菌菌渣联合施用可显著提升土壤胞外多糖含量并有效维持有机质水平。单一放线菌接种及联合施用均可显著提高土壤胞外多糖含量,60 d 时联合施用处理较未接种处理增加近 1.65 倍;单一放线菌处理导致土壤有机质含量降低 46.33%,而联合施用处理仅下降 8.91%,且较 CK 处理显著提高 32.34%,有效缓解了放线菌生长繁殖与代谢产物合成导致的有机质损耗问题。

(2)放线菌与食用菌菌渣联合施用可显著优化土壤团聚体粒径分布并提升团聚体稳定性。与 CK 相比,T 处理和 SMS + T 处理显著增加了 >2 mm 和 0.25 ~1 mm 粒级大团聚体含量,分别降低 0 ~0.25 mm 微团聚体占比 15.29% 和 27.53%;各处理团聚体稳定性整体由大到小依次为 SMS + T、T、SMS、CK,协同处理 MWD、GMD 和 $WR_{0.25}$ 较 CK 分别显著提升 54.90%、58.06% 和 33.11%,PAD 和 D 分别显著降低 50.79% 和 6.84%,对土壤团聚体的改良效果最为显著。

(3)放线菌与食用菌菌渣联合施用可显著优化土壤粒径分布并降低土壤侵蚀性 K 值。T 处理和 SMS + T 处理均呈黏粒含量减少、粉粒含量和砂粒含量增加的相同趋势;T 处理虽改善了团聚体结构,但导致土壤侵蚀性 K 值较 CK 上升 4.23%;而 SMS + T 处理 K 值为所有处理组中最低,较 CK 下降 1.41%,且显著优于 T 处理,表现出最优的土壤抗侵蚀能力。

参 考 文 献

[1] 梅楠, 谷岩, 李德忠,等. 基于最小数据集的吉林省黑土耕层土壤质量评价[J]. 农业工程学报, 2021, 37(12): 91 -98.
Mei Nan, Gu Yan, Li Dezhong, et al. Soil quality evaluation in topsoil layer of black soil in Jilin Province based on minimum data set[J]. Transactions of the CSAE, 2021, 37(12): 91 -98. (in Chinese)

[2] 盖兆雪, 郑文璐, 王洪彦,等. 气候变化下黑土区陆地生态系统碳储量时空格局与模拟[J]. 农业机械学报, 2024, 55(6): 303 -316.
Gai Zhaoxue, Zheng Wenlu, Wang Hongyan, et al. Spatio-temporal pattern and simulation of terrestrial ecosystem carbon storage in black soil region under climate change[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2024, 55(6): 303 -316. (in Chinese)

[3] 范益恺, 黎烨, 陈增明,等. 三江平原旱作黑土质量演变及其驱动因子分析[J]. 农业工程学报, 2025, 41(20): 247 – 257.
Fan Yikai, Li Ye, Chen Zengming, et al. Dynamics of soil quality and its driving factors for the Mollisols in the Sanjiang Plain of Heilongjiang in China[J]. Transactions of the CSAE, 2025, 41(20): 247 – 257. (in Chinese)

[4] Qu M, Chen Y, Khan A, et al. Enhancing maize yield stability, soil health, and microbial diversity via long-term manure practices: insights from a 14-year trial[J]. Environmental Technology & Innovation, 2025, 38: 104177.

[5] Luo C, Kong D, Zhang Y, et al. Beyond decline: spatial heterogeneity of soil organic matter as an emerging signal of cropland degradation in Northeast China[J]. Catena, 2026, 263: 109751.

[6] 叶青雷, 马云桥. 黑龙江省食用菌产业发展现状及对策[J]. 安徽农学通报, 2022, 28(1): 24 – 25.

[7] 于海洋, 王延锋, 史磊,等. 食用菌菌渣综合利用研究综述[J]. 食用菌, 2024, 46(4): 6 – 9.
Yu Haiyang, Wang Yanfeng, Shi Lei, et al. Review on comprehensive utilization of edible fungi residue[J]. Edible Fungi, 2024, 46(4): 6 – 9. (in Chinese)

[8] Li M, Ye S, Wang S. Arbuscular mycorrhizal fungi enhance aggregate stability by regulating aggregate turnover using the combined 13C and rare earth oxides as tracers[J]. Soil and Tillage Research, 2026, 260: 107138.

[9] 赵双, 张涛, 石连旋,等. 模拟增温和施氮条件下丛枝菌根真菌对草甸草原土壤团聚体稳定性和土壤碳储量的影响[J]. 中国草地学报, 2021, 43(9): 97 – 106.
Zhao Shuang, Zhang Tao, Shi Lianxuan, et al. Effects of arbuscular mycorrhizal fungi on soil aggregate stability and soil carbon storage in meadow grassland under simulated warming and nitrogen addition conditions[J]. Chinese Journal of Grassland, 2021, 43(9): 97 – 106. (in Chinese)

[10] 佘冬立, 杨晓龙, 白胤豪,等. 海涂盐渍土巴氏芽孢杆菌诱导碳酸钙胶结改性试验研究[J]. 农业机械学报, 2025, 56(8): 614 – 620.
She Dongli, Yang Xiaolong, Bai Yinhao, et al. Modification of coastal saline soil by calcium carbonate cementation induced by *Sporosarcina pasteurii*[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2025, 56(8): 614 – 620. (in Chinese)

[11] Liu J, Sui Y, Yu Z, et al. High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of Northeast China[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 70: 113 – 122.

[12] 李娜, 韩晓增, 尤孟阳,等. 土壤团聚体与微生物相互作用研究[J]. 生态环境学报, 2013, 22(9): 1625 – 1632.
Li Na, Han Xiaozeng, You Mengyang, et al. Research review on soil aggregates and microbes[J]. Ecology and Enviromental Sciences, 2013, 22(9): 1625 – 1632. (in Chinese)

[13] 刘晓飞, 侯艳, 马京求,等. 降解玉米芯木质纤维素放线菌的筛选与发酵条件优化[J]. 农业机械学报, 2020, 51(11): 329 – 337.
Liu Xiaofei, Hou Yan, Ma Jingqiu, et al. Efficient degradation and optimization of fermentation conditions of actinomycetes from corn cob[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2020, 51(11): 329 – 337. (in Chinese)

[14] Du J, Li Y, Ur-Rehman S, et al. Synergistically promoting plant health by harnessing synthetic microbial communities and prebiotics[J]. iScience, 2021, 24(8): 102918.

[15] Ma X, Yan S, Wang M. Spent mushroom substrate: a review on present and future of green applications[J]. Journal of Environmental Management, 2025, 373: 123970.

[16] Mohd H F H, Rezania S, Mat T S, et al. Environmentally sustainable applications of agro-based spent mushroom substrate (SMS): an overview[J]. Journal of Material Cycles and Waste Management, 2018, 20(3): 1383 – 1396.

[17] Nie H, Li C, Jia Z, et al. Microbial inoculants using spent mushroom substrates as carriers improve soil multifunctionality and plant growth by changing soil microbial community structure[J]. Journal of Environmental Management, 2024, 370: 122726.

[18] Álvarez-Martín A, Hilton S L, Bending G D, et al. Changes in activity and structure of the soil microbial community after application of azoxystrobin or pirimicarb and an organic amendment to an agricultural soil[J]. Applied Soil Ecology, 2016, 106: 47 – 57.

[19] 张楠, 潘雪, 刘杰,等. 白浆土土壤养分及微生物群落结构对增施菌渣的响应[J]. 中国农学通报, 2025, 41(2): 49 – 55.
Zhang Nan, Pan Xue, Liu Jie, et al. Response of soil nutrients and microbial communities to increased application of mushroom dreg in alibic soil[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2025, 41(2): 49 – 55. (in Chinese)

[20] Hashim H S, Zayan M M, Mohamed A A, et al. Actinomycetes in the spotlight: biodiversity and their role in bioremediation[J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2026, 42(2): 44.

[21] 耿和田, 王旭东, 石思博,等. 菌渣与化肥配施对稻田土壤微生物群落组成及多样性的影响[J]. 环境科学, 2023, 44(4): 2338 – 2347.
Geng Hetian, Wang Xudong, Shi Sibo, et al. Effects of combined application of fungal residue and chemical fertilizer on soil microbial community composition and diversity in paddy soil[J]. Environmental Science, 2023, 44(4): 2338 – 2347. (in Chinese)

[22] Mauser K M, Wolfram J, Spaak J W, et al. Current-use pesticides in vegetation, topsoil and water reveal contaminated landscapes of the Upper Rhine Valley, Germany[J]. Communications Earth & Environment, 2025, 6(1): 13.

[23] Díaz-García L, Huang S X, Spröer C, et al. Dilution-to-stimulation/extinction method: a combination enrichment strategy to

develop a minimal and versatile lignocellulolytic bacterial consortium[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2021, 87(2): 15.

[24] Ordonez A, Hussain U, Cambon M C, et al. Evaluating agar-plating and dilution-to-extinction isolation methods for generating oak-associated microbial culture collections[J]. ISME Communications, 2025, 5(1): ycaf019.

[25] Redmile-Gordon M A, Brookes P C, Evershed R P, et al. Measuring the soil-microbial interface: extraction of extracellular polymeric substances (EPS) from soil biofilms[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2014, 72: 163 - 171.

[26] Dubois M, Gilles K A, Hamilton J K, et al. Colorimetric method for determination of sugars and related substances[J]. Analytical Chemistry, 1956, 28(3): 350 - 356.

[27] Bittelli M, Andrenelli M C, Simonetti G, et al. Shall we abandon sedimentation methods for particle size analysis in soils?[J]. Soil and Tillage Research, 2019, 185: 36 - 46.

[28] Williams J R. The erosion-productivity impact calculator (EPIC) model: a case history[J]. Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B: Biological Sciences, 1990, 329(1255): 421 - 428.

[29] Nelson D W, Sommers L E. Total carbon, organic carbon, and organic matter[M]. ASA, SSSA: Madison,1982.

[30] 刘亚龙, 王萍, 汪景宽. 土壤团聚体的形成和稳定机制:研究进展与展望[J]. 土壤学报, 2023, 60(3): 627 - 643.
Liu Yalong, Wang Ping, Wang Jingkuan, et al. Formation and stability mechanism of soil aggregates: progress and prospect[J]. Acta Pedologica Sinica, 2023, 60(3): 627 - 643. (in Chinese)

[31] Walshire L A, Zhang H, Nick Z H, et al. Modification of surface properties of clay minerals with exopolysaccharides from rhizobium tropici[J]. ACS Earth and Space Chemistry, 2024, 8(1): 137 - 147.

[32] Zhang M, Zhang L, Li J, et al. Nitrogen-shaped microbiotas with nutrient competition accelerate early-stage residue decomposition in agricultural soils[J]. Nature Communications, 2025, 16(1): 5793.

[33] 王苗苗, 王恩姮, 韩明钊,等. 外源有机物料提升农田黑土抗机械扰动能力研究[J]. 土壤通报, 2022, 53(2): 341 - 348.
Wang Miaomiao, Wang Enheng, Han Mingzhao, et al. Improving resistance of black soil to mechanical disturbance with added organic materials[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2022, 53(2): 341 - 348. (in Chinese)

[34] Fan F, Yin C, Tang Y, et al. Probing potential microbial coupling of carbon and nitrogen cycling during decomposition of maize residue by 13C - DNA - SIP[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 70: 12 - 21.

[35] 栗方亮, 张青, 王煌平,等. 定位施用菌渣对稻田土壤团聚体中碳氮含量的影响[J]. 土壤, 2017, 49(1): 70 - 76.
Li Fangliang, Zhang Qing, Wang Huangping, et al. Effects of positioning application of mushroom residues on carbon and nitrogen contents in soil aggregates of paddy field[J]. Soils, 2017, 49(1): 70 - 76. (in Chinese)

[36] Zhao Ying, Meng Qingfeng. Distribution and stability of water-stable aggregates as affected by long-term cattle manure application to saline-sodic soil in the black soil region of Northeastern China[J]. International Journal of Agricultural and Biological Engineering, 2022, 15(3): 139 - 145.

[37] Reed C K, Lemaster D, Schartiger R, et al. Actinobacteria, mycorrhizae, and the biology of soil aggregate stability[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2026, 213: 110048.

[38] Xiao Z, Hou R, Li T, et al. Mechanism of microbial inhibition of rainfall erosion in black soil area, as a soil structure builder[J]. Soil and Tillage Research, 2023, 233: 105819.

[39] Yu Z, Zheng Y, Zhang J, et al. Importance of soil interparticle forces and organic matter for aggregate stability in a temperate soil and a subtropical soil[J]. Geoderma, 2020, 362: 114088.