

DOI: 10.11766/trxb202505200231

CSTR: 32215.14.trxb202505200231

王琦, 敬如岩, 武艺菲, 白雨茜, 闫天龙, 丁新景. 磁化水灌溉对三种设施蔬菜土壤细菌群落特征及功能的影响[J]. 土壤学报, 2026, 63 (4): 1361–1371.

WANG Qi, JING Ruyan, WU Yifei, BAI Yuqian, YAN Tianlong, DING Xinjing. The Effects of Magnetically Treated Water Irrigation on Soil Bacterial Community Characteristics and Functions in Three Types of Greenhouse Vegetables[J]. Acta Pedologica Sinica, 2026, 63 (4): 1361–1371.

磁化水灌溉对三种设施蔬菜土壤细菌群落特征及功能的影响*

王琦¹, 敬如岩², 武艺菲¹, 白雨茜¹, 闫天龙¹, 丁新景^{1†}

(1. 辽宁师范大学地理科学学院, 辽宁大连 116029; 2. 陕西省富平县林业局, 陕西渭南 711799)

摘要: 土壤细菌群落是设施农业生态系统功能维持的关键驱动因素。磁化水 (MTW) 灌溉对设施栽培土壤细菌群落结构和功能的调控作用尚不明确。本研究以茄子、黄瓜和辣椒栽培小区土壤为对象, 设置 MTW 与非磁化水 (NMTW) 灌溉处理, 基于高通量测序技术和功能预测分析, 系统评估 MTW 灌溉对细菌群落组成、多样性及环境驱动因子的影响。结果表明: MTW 灌溉使各蔬菜栽培小区土壤中变形菌门和放线菌门细菌丰度分别提升 7.43%~61.94% 和 1.95%~11.79%, 绿弯菌门和芽单胞菌门细菌丰度分别降低 3.98%~27.42% 和 7.89%~9.62%。属水平上, MTW 灌溉提高了各蔬菜小区土壤链霉菌属和 *Chryseolinea* 属细菌丰度。 α 多样性分析显示, MTW 灌溉使辣椒栽培小区细菌群落的 Chao1、ACE 及 Shannon 指数分别显著提升 21.27%、26.74% 和 12.22%, 而茄子与黄瓜栽培小区细菌群落多样性无显著变化。冗余分析 (RDA) 表明, MTW 灌溉改变了影响土壤细菌群落的环境因子, 土壤 pH、速效磷和全磷成为调控优势细菌门丰度的关键因子。功能预测 (FAPROTAX) 显示, MTW 灌溉显著促进纤维素分解、固氮作用等功能型细菌富集, 同时降低人类病原体功能型细菌的丰度。本研究揭示了 MTW 灌溉对设施栽培土壤细菌群落多维度特征的影响, 为调控细菌结构和功能, 优化微生物生态网络, 促进设施栽培土壤可持续利用提供了理论依据。

关键词: 设施栽培; 磁化作用; 土壤微生物; 高通量测序

中图分类号: S154.3; S274.3 **文献标志码:** A

The Effects of Magnetically Treated Water Irrigation on Soil Bacterial Community Characteristics and Functions in Three Types of Greenhouse Vegetables

WANG Qi¹, JING Ruyan², WU Yifei¹, BAI Yuqian¹, YAN Tianlong¹, DING Xinjing^{1†}

(1. School of Geography, Liaoning Normal University, Dalian, Liaoning 116029, China; 2. Forestry Bureau of Fuping County, Weinan, Shaanxi 711799, China)

* 国家自然科学基金项目 (41871043, 41701106, 42307552) 资助 Supported by the National Natural Science Foundation of China (Nos. 41871043, 41701106, 42307552)

† 通讯作者 Corresponding author, E-mail: dingxj@lnnu.edu.cn

作者简介: 王琦 (2001—), 男, 山东菏泽人, 硕士研究生, 主要从事土壤微生物研究。E-mail: wangqi010822@163.com

收稿日期: 2025-05-20; 收到修改稿日期: 2025-11-03; 网络首发日期 (www.cnki.net): 2026-01-08

Abstract: 【 Objective 】 Soil bacterial communities are key drivers of ecosystem functions in facility-based agriculture. However, the regulatory effects of magnetized water (MTW) irrigation on the structure and function of soil bacterial communities under facility cultivation remain unclear. 【 Method 】 In this study, soils from eggplant, cucumber, and pepper cultivation plots were used as research objects. The experimental design comprised irrigation treatments using MTW and non-magnetized water (NMTW). Employing high-throughput sequencing technology combined with functional prediction analysis (FAPROTAX), the study systematically evaluated the impact of MTW irrigation on bacterial community composition, diversity, and key environmental driving factors. 【 Result 】 The results demonstrated that MTW irrigation significantly increased the abundances of Proteobacteria and Actinobacteria bacteria in soils of all vegetable cultivation plots by 7.43% - 61.94% and 1.95% - 11.79%, respectively, while decreasing the abundance of Chloroflexi and Gemmatimonadetes by 3.98% - 27.42% and 7.89% - 9.62%, respectively. At the genus level, MTW irrigation increased the relative abundance of Streptomyces and Chryseolinea in plot soils across all vegetable cultivation systems. Moreover, alpha diversity analysis showed that MTW irrigation significantly increased the Chao1, ACE, and Shannon indices of bacterial communities in pepper cultivation plots by 21.27%, 26.74%, and 12.22%, respectively, while no significant changes in bacterial community diversity were observed in eggplant and cucumber cultivation plots. Also, the redundancy analysis (RDA) revealed that MTW irrigation altered the environmental factors influencing soil bacterial communities, with soil pH, available phosphorus, and total phosphorus being the key factors regulating the abundance of dominant bacterial phyla. Functional prediction (FAPROTAX) showed that MTW irrigation significantly promoted the enrichment of functional bacteria related to cellulolysis and nitrogen fixation, while reducing the abundance of functional bacteria associated with human pathogens. 【 Conclusion 】 This study elucidates the multidimensional impacts of MTW irrigation on soil bacterial communities in facility agriculture systems, specifically addressing compositional, functional, and ecological network characteristics. The findings establish a theoretical foundation for regulating soil bacterial structure and metabolic functions, optimizing microbial ecological networks, and promoting sustainable soil management in protected cultivation.

Key words: Facility cultivation; Magnetization; Soil microorganism; High-throughput sequencing

集约化设施栽培作为现代农业的重要生产模式,通过精准调控光热水肥条件显著提升作物产量与品质,其高产出、高效率的特性对提高土地生产力,促进农民增收,实现农业现代化具有重要意义。然而,在高强度生产体系下,高复种指数、通气受限及淋溶不足等耕作环境与过量施肥、长期连作等管理方式相叠加,导致土壤健康风险持续累积。研究表明,过量施氮可显著提高土壤全氮含量,引起酸化并加速盐基离子淋失,降低养分利用效率^[1]。灌溉水滞留与化肥残留,易引起土壤盐分积累,导致土壤电导率升高,影响作物根系生长^[2]。此外,长期连作与过量农药使用会加剧重金属污染风险,严重威胁土壤生态功能与设施蔬菜的可持续生产^[3]。因此,寻求绿色、高效的土壤修复技术已成为设施农业可持续发展的迫切需求。

磁化水 (Magnetically treated water, MTW) 灌溉作为新型农业物理处理技术,其绿色环保、操作简便的特性,在作物生理调控与土壤改良领域展现出巨大的应用价值。当水流经特定强度的静磁场或

交变磁场时,作用于水分子的洛伦兹力可改变水分子间氢键的键角与键长,促使大的缔合水分子簇结构解离,形成更小、更稳定的单分子或小分子团^[4]。这种分子层面的重构显著优化了水的物理化学性质,表现为表面张力降低、黏度减小、极性增强、溶解能力和渗透性提高^[5]。这些被优化的水特性,直接作用于土壤环境,产生多重改良效应。MTW 灌溉能有效降低盐碱土的分子势能和毛管势能,提高水分渗透系数及矿物质盐的溶解能力,从而减少水分蒸发,提高土壤含水量,缓解设施土壤因淋溶不足或高蒸发导致的干旱胁迫^[6]。同时,MTW 灌溉有利于增强土壤盐分离子的扩散系数,有效降低土壤中 SO_4^{2-} 和 Cl^- 等离子的浓度,使盐渍化土壤脱盐效率达 20%~30%,显著缓解盐分积累对作物根系生长和养分吸收的抑制作用^[7]。此外,MTW 灌溉还有助于改善土壤结构,通过影响黏土矿物的水合作用和胶体分散性,减少板结,促进团聚体形成^[8]。这些对土壤水分状况、盐分平衡和物理结构的协调改善,共同优化了土壤微环境,为微生物活动创造了

有利的条件, 是维持和恢复设施土壤健康的基础。微生物作为土壤生态系统功能的核心驱动者, 其结构和功能对环境变化极为敏感。现有大量研究表明, MTW 灌溉对作物种子萌发活力^[9]、植株生理代谢、生长^[10]和品质^[11]的积极影响, 但这些效应可能源于土壤环境改善及其驱动的微生物活动变化所带来的间接生理响应或协同效应。

土壤细菌作为农业生态系统的核心生物组分, 不仅参与凋落物降解和有机质矿化过程, 同时介导氮素固定、磷素活化及硫素转化等关键生物地球化学循环^[12]。细菌通过固氮、解磷及分泌次生代谢产物等生理过程, 显著提升土壤肥力, 促进作物增产^[13]。细菌的种类、数量和功能是土壤健康评价的重要指标, 对农业管理措施的响应敏感^[14]。在设施栽培这一集约化模式下, 特定的管理措施通过改变土壤理化性质, 深刻影响土壤细菌群落特征。研究表明, 相比大田, 设施栽培土壤中的细菌数量、多样性指数、丰富度指数和均匀度指数分别增加 63.3%、3.20%、11.4%和 1.69%^[15]。然而, 随着设施蔬菜连作年限的增加, 细菌群落的丰富度和多样性显著降低^[16]。化肥施用模式也深刻影响细菌群落, 过量施用复合肥导致土壤酸化、盐渍化加剧, 会显著降低细菌多样性指数^[17], 而优化施肥则有助于改善土壤环境, 提升特定功能菌群的丰度^[18]。此外, 设施农业采用的加气滴灌^[19]、施用生物炭^[20]和添加火山灰土壤改良剂^[21]等管理方式, 通过改变土壤水热条件和有机质周转, 也能重塑细菌群落结构。尽管土壤细菌的生态功能已获广泛认知, 但 MTW 灌溉对设施栽培土壤细菌群落结构及其代谢功能的调控机制仍不明晰。因此, 本研究选取茄子 (*Solanum melongena* L.)、黄瓜 (*Cucumis sativus* L.) 和辣椒 (*Capsicum annuum* L.) 三种典型设施蔬菜栽培地为对象, 通过高通量测序与功能预测分析, 探究 MTW 灌溉对土壤细菌群落组成、功能表达及环境驱动因子的影响, 为设施农业土壤健康管理和持续生产提供理论支撑。

1 材料与方 法

1.1 试验地概况

田间试验于 2016 年 1—11 月在山东省寿光市洛

城镇进行, 分别选取孙家庄村 (36° 49'N, 118° 48'E)、冯家尧河村 (36° 48'N, 118° 49'E) 和董家营子村 (36° 53'N, 118° 52'E) 作为茄子、黄瓜和辣椒的设施栽培试验区。该地区属暖温带季风区大陆性气候, 年平均气温 12.7℃, 年平均降水量 593.8 mm。年蒸发量为 1834.0 mm, 年日照总时数 2 549 h。供试土壤均为潮土, 土壤基础理化性质如表 1 所示。土壤样品的室内理化分析于 2016 年 12 月—2017 年 3 月在山东农业大学山东省高校森林培育重点实验室完成。

1.2 试验设计

采用随机区组设计, 在孙家庄村、冯家尧河村和董家营子村各选取 1 个东西走向的温室大棚 (100 m×12 m)。棚内横向划分两个 49 m×12 m 的东、西半区, 中间设置 1.5 m 宽保护行进行隔离。东区进行磁化水 (Magnetic treatment of water, MTW) 灌溉, 西区进行非磁化水 (Non-magnetic treatment of water, NMTW) 灌溉, 作为对照处理。灌溉方式为大水漫灌, 每次灌溉水量一致。每个半区内纵向设置 3 个 16 m×5.5 m 的独立重复小区。棚内种植 11 行作物, 行距 50 cm, 株距 45 cm, 整棚每行定植 222 株作物; 独立小区内每行实际定植 36 株。作物移栽时间为辣椒 8 月 8 日、茄子 8 月 6 日、黄瓜 8 月 15 日, 缓苗期统一灌溉确保成活, 20 天后按照处理分区灌溉。试验使用磁化装置型号为 PP-60-ADS-600 (购自莱芜恒锐农林科技有限公司), 内外口径为 60 mm, 磁感应强度为 60 mT, 可灌溉面积为 1 200~1 800 m²。

1.3 土壤样品采集

于 2016 年 11 月 25 日—30 日, 采集土壤样品, 此时辣椒、茄子和黄瓜分别处于移栽后 109、111 和 102 天, 均为结果末期。在每个独立重复小区内, 按“S”形路线随机选取 5 个点位, 采集 0~15 cm 耕层土壤, 混合为 1 个生物学重复样本。样品去除可见根系和砾石后均分为 3 份。1 份鲜土置于-80℃ 环境下保存, 用于微生物高通量测序。另外 2 份样品风干后分别过 1 mm 和 0.25 mm 尼龙筛, 用于土壤速效养分和全量养分含量的测定。试验共获得 6 份生物学样本, 对应 MTW 与 NMTW 灌溉 2 个处理, 每个处理包含 3 个独立重复。

1.4 指标测定

(1) 土壤理化性质测定。土壤 pH 采用玻璃电

表 1 三种蔬菜栽培区土壤基础理化性质

Table 1 Basic physicochemical properties of soils in three vegetable cultivation areas

处理 Treatments	茄子小区 Eggplant plots		黄瓜小区 Cucumber plots		辣椒小区 Pepper plots	
	非磁化 NMQ	磁化 MQ	非磁化 NMH	磁化 MH	非磁化 NML	磁化 ML
pH	6.84±0.81	6.29±0.28	7.43±0.11	7.52±0.14	7.03±0.23	7.43±0.12
土壤有机质 SOM/ (g kg ⁻¹)	14.27±0.70	13.30±0.57	11.49±0.84	11.20±0.58	12.82±0.51	13.25±0.40
全氮 TN/(g kg ⁻¹)	3.39±0.42	2.39±0.90	1.35±0.20	1.48±0.06	2.79±0.34	2.08±0.20
NO ₃ ⁻ -N/(mg kg ⁻¹)	22.98±0.48	29.55±4.86	17.62±4.56	27.63±4.55	24.19±4.18	25.01±2.62
NH ₄ ⁺ -N/(mg kg ⁻¹)	28.97±2.62	26.38±0.22	29.03±3.86	38.21±9.35	28.45±1.66	26.37±1.91
全磷 TP/(g kg ⁻¹)	2.41±0.04	2.42±0.08	2.31±0.04	2.33±0.04	2.34±0.03	2.36±0.01
速效磷 AP/(mg kg ⁻¹)	69.70±3.89	94.00±15.81	58.29±7.81	66.35±12.83	69.47±5.66	79.69±6.24
容重 BD/(g·cm ⁻³)	1.24±0.02	1.16±0.02	1.28±0.02	1.20±0.03	1.18±0.06	1.13±0.04
土壤孔隙度 SP/%	53.34±0.65	56.35±0.92	51.83±0.83	54.84±1.06	55.41±2.38	57.47±1.41

注:表中数据为平均值±标准差。SOM:土壤有机质;TN:全氮;NO₃⁻-N:硝态氮;NH₄⁺-N:铵态氮;TP:全磷;AP:速效磷;BD:容重;SP:土壤孔隙度。Note:Data in the table are means ± standard deviation. NMQ: Non-magnetized water irrigation in eggplant plots; MQ: Magnetized water irrigation in eggplant plots; NMH: Non-magnetized water irrigation in cucumber plots; MH: Magnetized water irrigation in cucumber plots; NML: Non-magnetized water irrigation in pepper plots; ML: Magnetized water irrigation in pepper plots. SOM: Soil organic matter; TN: Total nitrogen; NO₃⁻-N: Nitrate nitrogen; NH₄⁺-N: Ammonium nitrogen; TP: Total phosphorus; AP: Available phosphorus; BD: Bulk density; SP: Soil porosity.

极法(水土比 2.5:1)测定;土壤容重和孔隙度均采用环刀法测定;有机碳含量采用 K₂Cr₂O₇ 氧化法和 FeSO₄ 反滴定法测定^[22];全氮含量采用 KjeltecTM8400 全自动凯氏定氮仪(瑞典 Foss 公司)测定;铵态氮和硝态氮含量采用全自动间断化学分析仪(Clever Chem 380)测定;全磷含量采用 H₂SO₄-HClO₄ 消煮,钼锑抗比色法测定;速效磷含量采用 NaHCO₃ 浸提一分光光度计法测定;蔗糖酶活性采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定;磷酸酶活性采用磷酸苯二钠比色法测定^[23]。

(2)土壤微生物 DNA 提取及 PCR 测定。DNA 的提取及 16S rRNA 基因扩增子测序工作委托北京诺禾致源科技股份有限公司完成。采用 CTAB 法对样本的基因组 DNA 进行提取,之后利用琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的纯度和浓度,取适量的样品于离心管中,使用无菌水稀释样品至 1 ng·μL⁻¹。以稀释后的基因组 DNA 为模板,对 16S rRNA 基因的 V4-V5 区域进行扩增,扩增引物为 515F(5'-GTGCCAG CMGCCGCGGTAA-3')和 806R(5'-CCGTCAT TCCTTTGAGTTT-3')。PCR 产物使用 2%浓度的琼

脂糖凝胶进行电泳检测,根据 PCR 产物浓度进行等量混样,充分混匀后使用 2%的琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物,对目的条带使用 qiagen 公司提供的回收试剂盒回收产物。使用 TruSeq@DNA PCR-Free Sample Preparation Kit 文库试剂盒进行文库构建,构建好的文库经过 Qubit 和 Q-PCR 定量,文库合格后,使用 Illumina HiSeq2500 平台进行上机测序。利用 Uparse 软件(Uparse v7.0.1001)对所有样品的全部有效数据(Effective Tags)进行聚类,默认以 97%的一致性将序列聚类成为 OTUs^[24]。对 OTU 代表序列进行物种注释,用 Mothur 方法与 SILVA^[25]的 SSUrRNA 数据库^[26]进行物种注释分析(设定阈值为 0.8~1),获得分类学信息并统计 NMTW 灌溉茄子小区(NMQ)、MTW 灌溉茄子小区(MQ)、NMTW 灌溉黄瓜小区(NMH)、MTW 灌溉黄瓜小区(MH)、NMTW 灌溉辣椒小区(NML)、MTW 灌溉辣椒小区(ML)细菌群落组成。

1.5 数据统计分析

对测序得到的数据进行 α 多样性指数及细菌群落组成等信息的处理、计算与分析。采用单因素方

差分析 (one-way ANOVA), 检验 MTW 灌溉对各小区细菌群落 α 多样性的影响, 使用最小显著差异法 (Least significant difference, LSD) 进行差异性显著检验 ($P < 0.05$)。主坐标分析 (Principal co-ordinates analysis, PCoA) 用于分析 MTW 灌溉对栽培地土壤细菌群落结构的影响, 并采用基于 Bray-Curtis 距离的多元置换方差分析检验不同小区间及同一小区对照处理和 MTW 灌溉处理是否存在差异。采用 Canoco5 中的冗余分析 (Redundancy analysis, RDA) 检验土壤理化性质与细菌群落之间的相关性。使用原核生物功能注释数据库 (FAPROTAX) 进行细菌功能预测。所有统计分析均在 R4.4.1 软件中完成, 使用 Origin2022 完成作图。

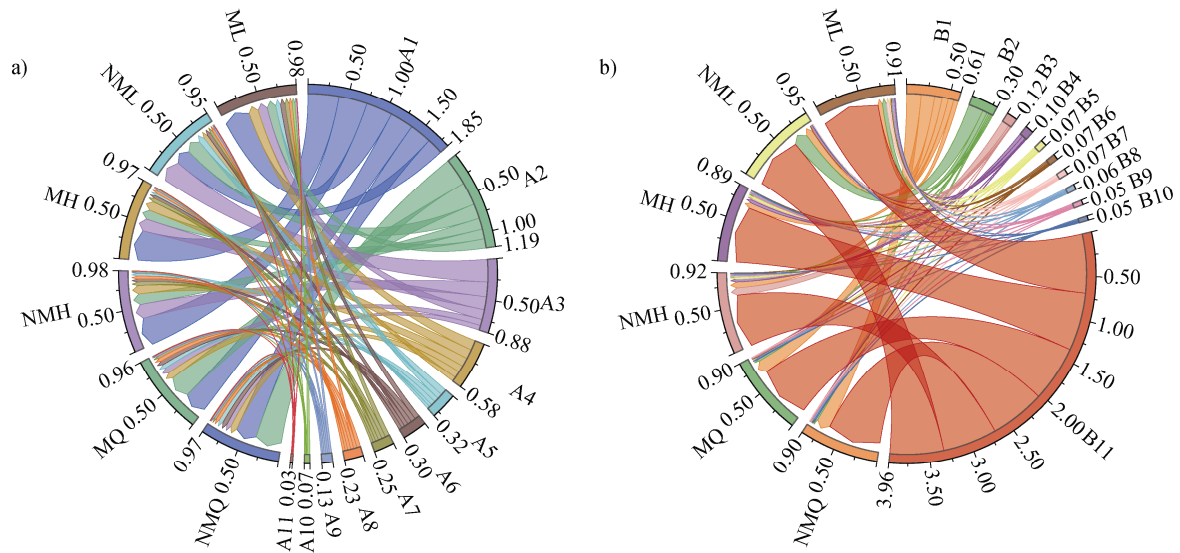
2 结 果

2.1 磁化与非磁化水灌溉对三种蔬菜土壤细菌群落组成的影响

对 3 个蔬菜栽培小区土壤细菌群落的组成进行

分析, 共测出 47 门细菌。变形菌门 (Proteobacteria)、厚壁菌门 (Firmicutes)、放线菌门 (Actinobacteria) 和拟杆菌门 (Bacteroidetes) 是各小区中的优势细菌门, 相对丰度 $> 5\%$ (图 1a)。MTW 灌溉对细菌群落结构产生显著影响 ($P < 0.05$)。在门水平上, 显著提升变形菌门和放线菌门细菌的相对丰度 ($P < 0.05$), 其中变形菌门细菌在茄子、黄瓜和辣椒小区分别增加 7.43%、8.21% 和 61.94%。放线菌门相对丰度在辣椒小区增加 11.79%, 增幅最高。与对照相比, 芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes) 和绿弯菌门 (Chloroflexi) 细菌丰度显著下降 ($P < 0.05$), 其中茄子小区中芽单胞菌门细菌降低 9.62%。绿弯菌门细菌相对丰度在茄子、黄瓜和辣椒小区分别减少 3.98%、6.25% 和 27.42%。

三个小区所有细菌 OTU 归类共得到 610 个属, 其中芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、*Chryseolinea* 属、链霉菌属 (*Streptomyces*) 和类芽孢杆菌属 (*Paenibacillus*) 为优势菌属, 相对丰度 $> 1\%$ (图 1b)。MTW 灌溉对属水平细菌具有显著调控效应, 其中链霉菌属丰



注: A1-A11 分别表示 Proteobacteria, Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria, Chloroflexi, Gemmatimonadetes, Planctomycetes, Acidobacteria, Thermomicrobia, Deinococcus-Thermus, Others, B1-B11 分别表示 Bacillus Chryseolinea, Galbibacter, Pseudomonas, Luteimonas, Steroidobacter, Truepera, Streptomyces, Planctomycetes, Paenibacillus, Others。下同。Note: A1-A11 represent Proteobacteria, Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria, Chloroflexi, Gemmatimonadetes, Planctomycetes, Acidobacteria, Thermomicrobia, Deinococcus-Thermus, and Others, respectively. B1-B11 represent Bacillus, Chryseolinea, Galbibacter, Pseudomonas, Luteimonas, Steroidobacter, Truepera, Streptomyces, Planctomycetes, Paenibacillus, and Others, respectively. The same below.

图 1 非磁化与磁化水灌溉下三种蔬菜土壤细菌群落门水平 (a) 和属水平 (b) 组成

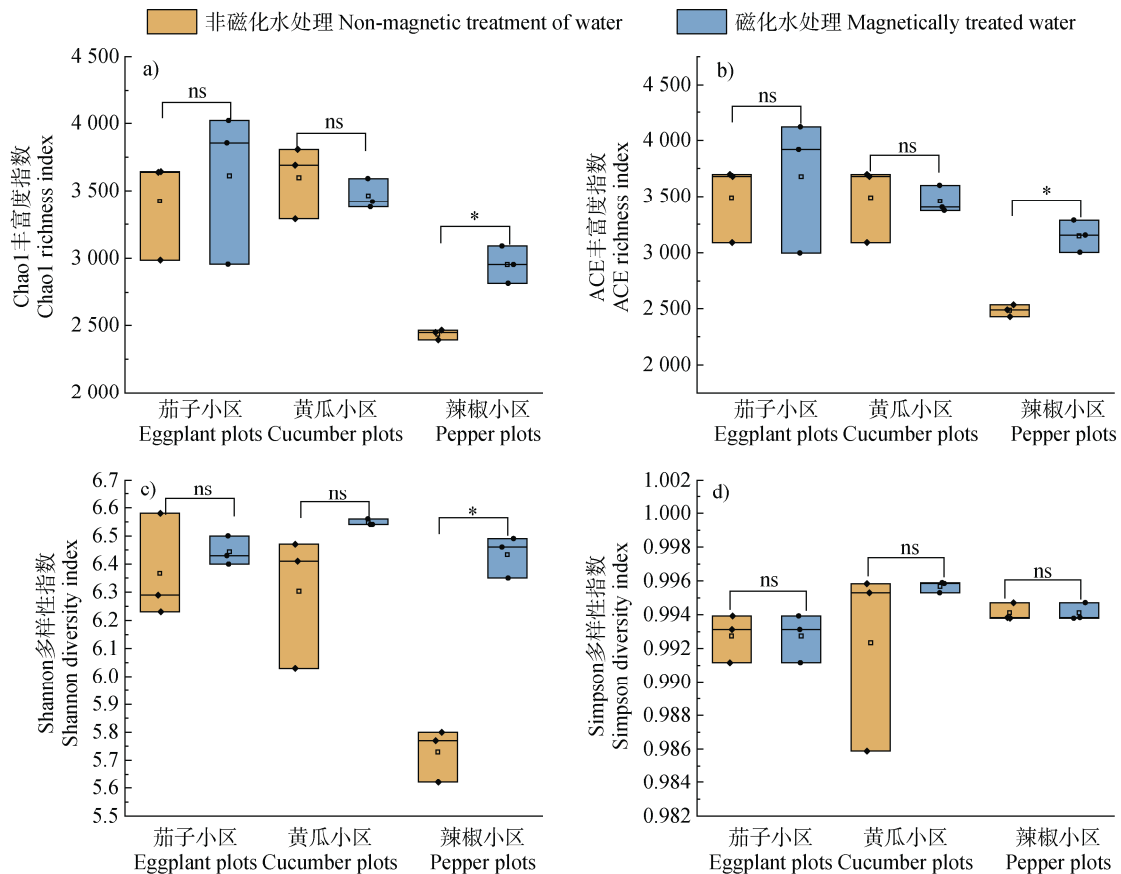
Fig. 1 Composition of soil bacterial communities at phylum (a) and genus (b) levels for three vegetable crops under non-magnetic treatment of water and magnetically treated water irrigation

度在茄子、黄瓜和辣椒小区分别提升 18.39%、17.17%和 10.96%; *Chryseolinea* 属也显著增殖, 在各小区中增幅达 22.34%~34.35%。

2.2 磁化与非磁化水灌溉对三种蔬菜土壤细菌多样性的影响

多样性分析表明, MTW 灌溉对 α 多样性的调

控呈现作物特异性, 辣椒小区细菌群落的 Chao1、ACE 及 Shannon 指数较对照分别显著提升 21.27%、26.74%和 12.22% ($P < 0.05$), 而茄子与黄瓜小区细菌群落的多样性指数则未表现出统计学显著差异 ($P > 0.05$)。此外, MTW 灌溉对 3 个小区细菌群落的 Simpson 指数均未产生显著影响 (图 2d)。



注: *表示非磁化处理各小区间差异显著 ($P < 0.05$); ns 表示无显著差异 ($P > 0.05$)。Note: * indicates significant differences among plots under non-magnetized water irrigation ($P < 0.05$). ns denotes no significant difference ($P > 0.05$).

图 2 非磁化与磁化水灌溉对 3 种蔬菜土壤细菌群落 α 多样性指数的影响 (a. Chao1 指数; b. ACE 指数; c. Shannon 指数; d. Simpson 指数)

Fig. 2 Effects of non-magnetic treatment of water and magnetically treated water irrigation on α -diversity indices of soil bacterial communities in three vegetable crops (a. Chao1 index; b. ACE index; c. Shannon index; d. Simpson index)

基于 Bray-Curtis 距离对 3 个蔬菜栽培小区的细菌群落结构进行 PCoA 分析 (图 3)。主成分轴 PCoA1 和 PCoA2 累计解释了 70.19% 的群落变异。MTW 灌溉对辣椒小区细菌群落影响显著 ($P < 0.05$), 而在茄子和黄瓜小区中未引起显著变化 ($P > 0.05$)。置换多元方差分析 (PERMANOVA) 进一步发现, 作物类型对群落结构具有显著影响 ($P < 0.05$), 茄子、黄瓜和辣椒小区组内样本呈现高度聚集, 而组间离

散度显著大于组内变异 ($P < 0.01$)。

2.3 磁化与非磁化水灌溉下土壤细菌群落结构的环境驱动因子

为解析环境因子对细菌群落结构的驱动作用, 选取相对丰度前 10 的细菌门与土壤理化性质进行冗余分析 (RDA)。结果如图 4 所示。对照处理的两轴分别解释了 47.91% 和 30.63% 的变异 (图 4a)。土壤 TN、铵态氮 ($\text{NH}_4^+\text{-N}$)、pH 和 SOC 的贡献度达

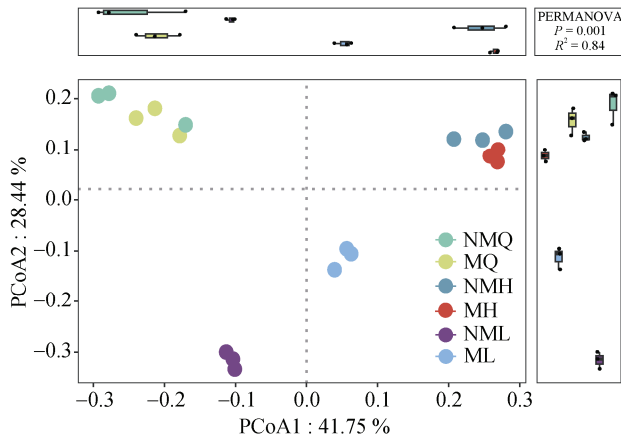


图 3 基于 Bray-Curtis 距离的非磁化与磁化水灌溉下土壤细菌群落 PCoA 分析

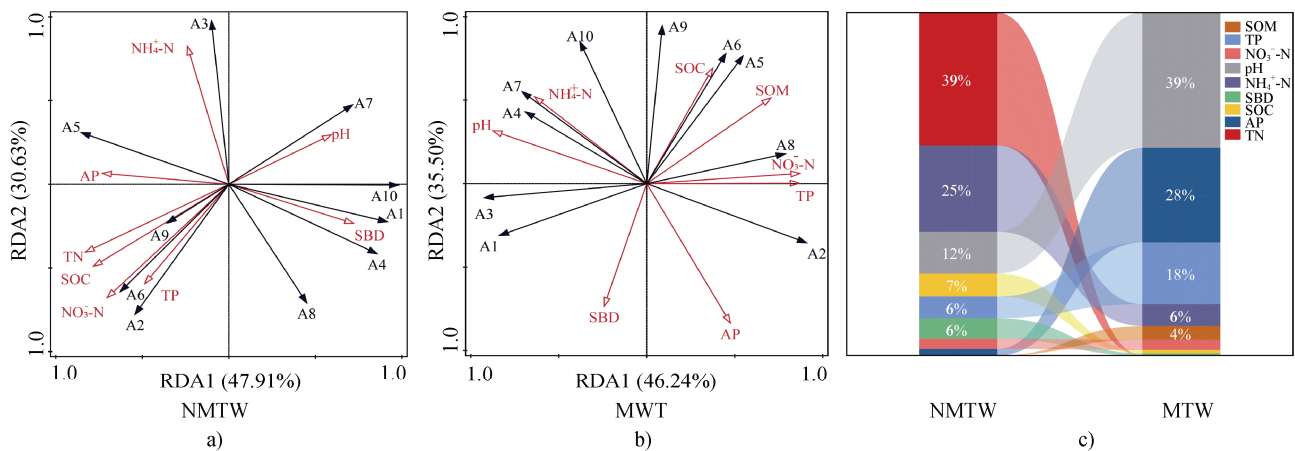
Fig. 3 Principal coordinate analysis of soil bacterial communities based on Bray-Curtis distance under non-magnetic treatment of water and magnetically treated water

到 6.7%~38.7%，是引起优势细菌门丰度变化的主要因素（图 4c）。MTW 灌溉处理引起土壤理化性质变化，在门水平两轴累计解释了 81.74% 的变异（图 4b）。土壤 pH、AP 和全磷（TP）对细菌门相对丰度的贡献度达 18.0%~39.4%，成为细菌群落结构变化的重

要驱动因素（图 4c）。

2.4 磁化与非磁化水灌溉下三种蔬菜的土壤细菌群落功能的 FAPROTAX 预测

基于 FAPROTAX 数据库功能注释结果，对丰度前 30 的功能型进行分析，结果如图 5 所示。化能异养（chemoheterotrophy, 18.96%~22.66%）、好氧化能异养（aerobic_chemoheterotrophy, 11.33%~14.18%）及无氧化能异养（anaerobic_chemoheterotrophy, 7.63%~9.40%）是各小区微生物群落的核心功能类型。MTW 灌溉显著增强碳循环相关功能型菌群的丰度（ $P < 0.05$ ），纤维素分解功能型细菌（cellulolysis）在黄瓜小区响应最显著，相对丰度提升 7.73%，同时需氧化能异养功能细菌在各小区也呈现同步增长趋势。氮循环功能型菌群在辣椒小区表现特异性富集，固氮作用（Nitrogen Fixation）和尿素分解（Ureolysis）丰度分别增加 3.12% 和 21.67%，而黄瓜小区硝化作用（Nitrification）功能型丰度亦呈显著上升趋势。此外，MTW 灌溉显著降低了各小区中人类病原体功能型（Human Pathogens All）的丰度，其中黄瓜小区降低 11.36%，降幅最大（ $P < 0.05$ ）。



注：NMTW 为非磁化水处理；MTW 为磁化水处理；红色箭头表示环境因子，黑色箭头表示微生物丰度；SOM：土壤有机质；TN：全氮； NO_3^- -N：硝态氮； NH_4^+ -N：铵态氮；TP：全磷；AP：速效磷；BD：容重。Note: NMTW: Non-magnetized water treatment; MTW: Magnetized water treatment. Red arrows represent environmental factors. Black arrows represent microbial abundance. SOM: Soil organic matter; TN: Total nitrogen; NO_3^- -N: Nitrate nitrogen; NH_4^+ -N: Ammonium nitrogen; TP: Total phosphorus; AP: Available phosphorus; SBD: Soil bulk density

图 4 非磁化 (a) 与磁化水 (b) 灌溉下土壤理化因子与门水平细菌群落的冗余分析及环境因子解释度 (c)

Fig. 4 Redundancy analysis of soil physicochemical factors and bacterial communities at the phylum level, and the explanatory power of environmental factors (c) under non-magnetized water (a) and magnetically treated water (b) irrigation

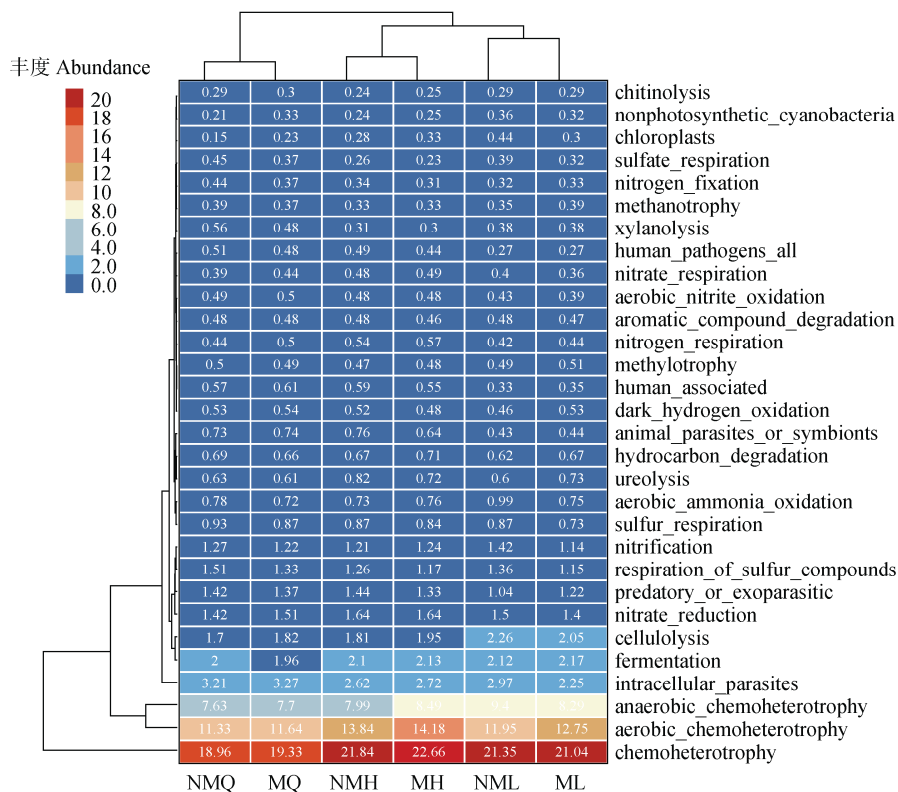


图 5 非磁化与磁化水灌溉下三种蔬菜土壤细菌群落功能的 FAPROTAX 预测

Fig. 5 FAPROTAX-based prediction of soil bacterial community functions for three vegetable crops under non-magnetic treatment of water and magnetically treated water irrigation

3 讨论

3.1 磁化水灌溉对设施栽培蔬菜土壤细菌群落组成及碳氮循环功能的影响

MTW 灌溉显著改变设施栽培蔬菜土壤的细菌群落结构, 促进土壤碳氮循环过程, 有效提升了土壤关键生态功能。本研究发现, MTW 灌溉时, 土壤中变形菌门和放线菌门细菌的相对丰度分别增加 7.43%~61.94% 和 1.95%~11.79%; 而绿弯菌门和芽单胞菌门细菌的丰度则分别降低 3.98%~27.42% 和 7.89%~9.62% (图 1a)。这一结果与 Han 等^[27]的研究类似。其原因可能是, MTW 灌溉促进土壤中矿物晶体的形成, 导致土壤渗透压升高, 提高有机质溶解度, 使氮、磷等有效养分含量增加^[28]。富营养型的变形菌门和放线菌门细菌在此养分改善环境中获得竞争优势而富集, 而适应低营养胁迫的绿弯菌门和芽单胞菌门等寡营养型细菌则相对减少。本研究观测到蔬菜栽培小区间土壤细菌群落结构变化程度呈现异质性, 这可能是作物根系对 MTW 灌溉的生理响应存

在种间差异, 如茄子根系黄酮类化合物分泌增加^[29]、黄瓜根系抗氧化酶活性增强^[30], 影响根际分泌物组成和微环境特征所致。群落结构的变化可能关联到土壤功能的转变。功能型分析显示, MTW 灌溉显著提高了参与硝化作用、固氮作用和纤维素分解的功能型细菌丰度, 与 Song 等^[31]的研究结果相似。富集的变形菌门细菌通过代谢氨、甲烷等物质主导氮素转化^[32]; 显著富集的链霉菌属细菌能分泌纤维素酶和几丁质酶, 高效分解难降解的有机物^[33-34]。此外, MTW 灌溉还降低了人类病原体功能型的丰度, 可能是因为 MTW 灌溉引起土壤 pH 和电导率升高, 抑制兼性厌氧病原菌的硝酸盐呼吸效率, 从而削弱其竞争优势^[35]。综上, MTW 灌溉通过改变土壤理化性质, 驱动变形菌门和放线菌门等富营养型细菌富集, 优化功能菌群代谢网络, 增强土壤碳氮循环关键过程的协同作用, 提升生态功能。

3.2 磁化水灌溉对土壤细菌 α 多样性的作物特异性影响

微生物多样性是维持土壤生态系统功能与肥力的关键生物学指标, 其群落结构的稳定性影响养分

循环和作物生产力^[36]。本研究通过 α 多样性分析发现, MTW 灌溉使辣椒小区土壤细菌群落的 Chao1、ACE 及 Shannon 指数较对照分别显著提升 21.27%、26.74% 和 12.22%, 而茄子和黄瓜小区未呈现显著响应。该现象可能与不同蔬菜根系分泌物组成及养分吸收差异有关, 如辣椒根系分泌的有机酸和酚类物质含量显著高于茄子和黄瓜^[37]。在 MTW 灌溉提升离子迁移效率的协同作用下, 根系分泌物更易扩散至非根际土壤, 从而有效改变碳源的可利用性, 拓宽微生物生态位。同时, 辣椒对磷的高需求与低吸收效率使其土壤易处于磷限制状态^[38]。MTW 灌溉有利于提升土壤有效磷的含量, 缓解养分胁迫, 促进放线菌门等溶磷功能细菌的增殖, 并通过级联效应提高群落多样性^[39]。相比之下, 茄子和黄瓜具有较强的磷活化能力, 其土壤对 MTW 灌溉诱导的磷有效性变化的响应较弱^[40]。此外, 辣椒根系分布较浅, 可能限制土壤氧气扩散, 而 MTW 处理通过减小水分子团簇尺寸、提升溶解氧含量, 有利于改善辣椒栽培小区土壤的好氧环境, 促进好氧异养菌的代谢活性^[41]。茄子和黄瓜的根系分布较深, 可能缓冲土壤氧气波动, 降低其小区土壤细菌群落对 MTW 灌溉调控土壤氧气含量的响应。Han 等^[42]观察到, 外加磁场导致微生物多样性下降, 与本研究结果的差异可能是由于磁感应强度、土壤基质特性以及磁场作用时间存在显著差异。Albuquerque 等^[43]的试验数据显示, 当磁感应强度超过生物耐受阈值时, 可能引发微生物细胞膜电位异常等负面效应。因此, 在实践中需通过优化磁场参数、控制水流速度及维持适宜水质等关键参数, 实现微生物群落的正向调控。

3.3 磁化水灌溉下环境因子对土壤细菌群落结构的调控作用

土壤理化性质的动态变化是驱动微生物群落结构演替的关键因子, 其通过调控细菌代谢与资源分配影响群落多样性^[44]。磁化水灌溉通过改变水分子的物理化学特性, 重构土壤微环境。磁化作用使水分子簇尺寸减小并降低表面张力, 显著增强水分的渗透能力与离子迁移效率^[45]。这一理化过程促进黏土矿物层间水的运移, 减少胶体颗粒板结, 提升团聚体稳定性, 使 3 个蔬菜小区土壤孔隙度增加, 容重降低 (表 1)。同时, MWT 增强磷酸盐解聚与矿

物溶解能力, 提高土壤氮、磷养分的生物有效性, 速效磷和硝态氮含量在 3 个蔬菜小区分别提升 13.83%~34.85% 和 3.39%~56.81% (表 1)。MTW 灌溉诱导的土壤理化性质变化是驱动细菌群落结构演变的关键。冗余分析表明, 对照处理中细菌群落主要受全氮、铵态氮、pH 和有机碳调控; 而 MTW 灌溉后, 土壤 pH、速效磷和全磷成为主导调控因子, 与 Xie 等^[46]和 Zhang 等^[47]关于养分驱动微生物群落变化的研究结果类似。细菌群落结构变化的同时, 反馈调节土壤养分的循环过程。MTW 灌溉通过增强氮素溶解与有机质矿化效率, 并优化土壤微环境, 提升硝化菌群活性, 加速有机氮向硝态氮的转化。大量释放的无机氮因被作物吸收增强或淋溶损失而消耗, 最终导致土壤全氮含量降低。MTW 增强的离子迁移能力促进矿物结合态磷的溶解, 同时显著富集的放线菌门细菌通过分泌有机酸和磷酸酶, 进一步活化土壤无机磷库, 提升土壤有效磷含量。然而, 作物对磷的吸收可能平衡了磷的活化过程, 使得土壤全磷含量变化不显著。综上, 磁化水灌溉通过其物理-化学效应直接改善土壤物理结构并提升关键养分的生物有效性, 进而驱动土壤细菌群落结构与多样性的变化。群落结构的变化则进一步优化了土壤碳、氮养分的生物地球化学循环过程, 形成反馈调节。

4 结 论

MTW 灌溉处理显著改变了设施栽培土壤细菌群落结构, 具体表现为变形菌门和放线菌门细菌以及链霉菌属、*Chryseolinea* 属细菌的相对丰度提升, 绿弯菌门和芽单胞菌门等寡营养型细菌相对丰度降低。辣椒栽培小区细菌群落的 Chao1、ACE 及 Shannon 指数显著提高, 而茄子与黄瓜栽培小区细菌的多样性指数则无显著变化, 反映了磁化水灌溉对细菌 α 多样性的调控具有作物特异性。磁化水灌溉通过调控土壤 pH、速效磷和全磷的生物有效性, 改变了细菌群落的环境影响因子。磁化水灌溉促进纤维素分解、固氮等碳氮循环功能菌群的富集, 降低人类病原体功能型细菌的丰度, 优化土壤生态功能。本研究揭示了磁化水灌溉通过促进功能菌群定向富集, 改善细菌群落结构及功能网络, 为设施土

壤健康管理提供理论参考。

参考文献 (References)

- [1] Ti C P, Luo Y X, Yan X Y. Characteristics of nitrogen balance in open-air and greenhouse vegetable cropping systems of China[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2015, 22 (23): 18508—18518.
- [2] Ammari T G, Tahhan R, Al Sulebi N, et al. Impact of intensive greenhouse production system on soil quality[J]. Pedosphere, 2015, 25 (2): 282—293.
- [3] Wang J, Mi W K, Song P P, et al. Cultivation ages effect on soil physicochemical properties and heavy metal accumulation in greenhouse soils[J]. Chinese Geographical Science, 2018, 28 (4): 717—726.
- [4] Surendran U, Sandeep O, Joseph E J. The impacts of magnetic treatment of irrigation water on plant, water and soil characteristics[J]. Agricultural Water Management, 2016, 178: 21—29.
- [5] Yang T, Wang Q J, Wu L S, et al. A mathematical model for the transfer of soil solutes to runoff under water scouring[J]. Science of the Total Environment, 2016, 569/570: 332—341.
- [6] Zhou B B, Yang L, Chen X P, et al. Effect of magnetic water irrigation on the improvement of salinized soil and cotton growth in Xinjiang[J]. Agricultural Water Management, 2021, 248: 106784.
- [7] Bu D S, Feng W G, Cai L H, et al. Effects of magnetization water on desalination in cotton farmland of under-film dripping irrigation in Xinjiang Province[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2010, 26 (S2): 163—166. [卜东升, 奉文贵, 蔡利华, 等. 磁化水膜下滴灌对新疆棉田土壤脱盐效果的影响[J]. 农业工程学报, 2010, 26 (S2): 163—166.]
- [8] Isildar A A, Akgüll M, Basayigit L, et al. Effects of magnetic fields on some soil properties[J]. Fresenius Environmental Bulletin, 2003, 12 (9): 1037—1043.
- [9] Khristyuk V T. Effect of a low-frequency electromagnetic field on growth and malt quality of brewer's barley[J]. Russian Agricultural Sciences, 2009, 35 (6): 429—431.
- [10] Selim A, Zayed M, Zayed M. Magnetic field treated water effects on germination, growth and physio-chemical aspects of some economic plants[J]. Acta Botanica Hungarica, 2013, 55 (1/2): 99—116.
- [11] Yao X Y, Wang X F, Qu M S, et al. Combined effects of magnetized irrigation and water source on Italian lettuce (*Lactuca sativa* L. var. *ramosa hort.*) growth and gene expression[J]. Agronomy, 2024, 14 (11): 2621.
- [12] Li J J, Zhou X M, Yan J X, et al. Effects of regenerating vegetation on soil enzyme activity and microbial structure in reclaimed soils on a surface coal mine site[J]. Applied Soil Ecology, 2015, 87: 56—62.
- [13] Chaudhary S, Sindhu S S, Dhanker R, et al. Microbes-mediated sulphur cycling in soil: Impact on soil fertility, crop production and environmental sustainability[J]. Microbiological Research, 2023, 271: 127340.
- [14] Hu M, Zeng Q C, Zhou Q, et al. Study on the coupling mechanism between soil bacterial community diversity and ecosystem multifunctionality in intensive *Citrus* cultivation systems[J]. Acta Pedologica Sinica, 2025, 62 (4): 1197—1209. [胡漫, 曾全超, 周全, 等. 集约化种植柑橘土壤细菌群落多样性与生态系统多功能性的耦合机制研究[J]. 土壤学报, 2025, 62 (4): 1197—1209.]
- [15] Sun Y Q Q, Yan Y Y, Qu J S, et al. Effects of facility cultivation pattern on soil bacterial community in Ningxia Region[J]. Acta Pedologica Sinica, 2025, 62 (2): 565—578. [孙殷沁沁, 闫元元, 曲继松, 等. 宁夏地区设施栽培模式对土壤细菌群落的影响[J]. 土壤学报, 2025, 62 (2): 565—578.]
- [16] Huang S C, Yu J H, Hou D, et al. Response of soil microbial community diversity to continuous cucumber cropping in facilities along the Yellow River irrigation area[J]. PLoS One, 2023, 18 (8): e0289772.
- [17] Zhang J L, Yang J, Zhang W H, et al. Amelioration effect of biochar on nitrogen transformation and secondary salinization of vegetable soils in facilities[J]. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 2023, 23 (4): 4971—4986.
- [18] Lang Y Q, Ma Y, Wang G L, et al. Optimized fertilization shifted soil microbial properties and improved vegetable growth in facility soils with obstacles[J]. Horticulturae, 2023, 9 (12): 1303.
- [19] Liang Y C, Wang W, Xi J S, et al. Impact of aerated irrigation duration on the growth of greenhouse grape seedlings and rhizosphere soil microorganisms[J]. Horticulturae, 2024, 10 (12): 1351.
- [20] Sun M H, Fan S X, Zhang N. Effects of biochar combined with the application of plant ash and effective microorganisms on the soil in the vegetable facility[J]. Scientific Reports, 2025, 15: 15824.
- [21] Xue D X, Wang Y Y, Sun H, et al. Effects of soil conditioner (volcanic ash) on yield quality and rhizosphere soil characteristics of melon[J]. Plants, 2024, 13 (13): 1787.
- [22] Bao S D. Soil and agricultural chemistry analysis[M]. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2000. [鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000.]
- [23] Guan S Y. Soil enzyme and its research method[M]. Beijing: Agriculture Press, 1986. [关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986.]
- [24] Edgar R C. UPARSE: Highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. Nature Methods, 2013, 10 (10): 996—998.

- [25] Wang Q, Garrity G M, Tiedje J M, et al. Naive Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, 73 (16): 5261—5267.
- [26] Quast C, Pruesse E, Yilmaz P, et al. The SILVA ribosomal RNA gene database project: Improved data processing and web-based tools[J]. *Nucleic Acids Research*, 2013, 41 (Database issue): D590—D596.
- [27] Han W H, Wang N Z, Hu J H, et al. The rhizosphere soil properties and bacteria community of poplar are affected by magnetic field under salt condition[J]. *Rhizosphere*, 2023, 27: 100747.
- [28] Lundager Madsen H E. Crystallization of calcium carbonate in magnetic field in ordinary and heavy water[J]. *Journal of Crystal Growth*, 2004, 267 (1/2): 251—255.
- [29] Cui H R, Liu X M, Jing R Y, et al. Irrigation with magnetized water affects the soil microenvironment and fruit quality of eggplants in a covered vegetable production system in Shouguang City, China[J]. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 2020, 20 (4): 2684—2697.
- [30] Bhardwaj J, Anand A, Nagarajan S. Biochemical and biophysical changes associated with magnetopriming in germinating cucumber seeds[J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2012, 57: 67—73.
- [31] Song X T, Zhang G L, Luan J J, et al. Effect of magnetic fields on simultaneous nitrification and denitrification microbial systems[J]. *Water Science and Technology*, 2023, 88 (3): 517—529.
- [32] Lv X F, Yu J B, Fu Y Q, et al. A meta-analysis of the bacterial and archaeal diversity observed in wetland soils[J]. *The Scientific World Journal*, 2014, 2014 (1): 437684.
- [33] Ding X J, Jing R Y, Huang Y L, et al. Bacterial structure and diversity of rhizosphere and bulk soil of *Robinia pseudoacacia* forests in Yellow River Delta[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2017, 54 (5): 1293—1302. [丁新景, 敬如岩, 黄雅丽, 等. 黄河三角洲刺槐根际与非根际细菌结构及多样性[J]. *土壤学报*, 2017, 54 (5): 1293—1302.]
- [34] George M. Distribution and bioactive potential of soil actinomycetes from different ecological habitats[J]. *African Journal of Microbiology Research*, 2012, 6(10): 2265—2271.
- [35] Feng Y Z, Grogan P, Caporaso J G, et al. pH is a good predictor of the distribution of anoxygenic purple phototrophic bacteria in Arctic soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 74: 193—200.
- [36] Yang X L, Cheng J, Franks A E, et al. Loss of microbial diversity weakens specific soil functions, but increases soil ecosystem stability[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2023, 177: 108916.
- [37] Sun K, Cui Y T, Sun L, et al. Optimizing the manure substitution rate based on phosphorus fertilizer to enhance soil phosphorus turnover and root uptake in pepper (*Capsicum*) [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2024, 15: 1356861.
- [38] Dobránszki J. From mystery to reality: Magnetized water to tackle the challenges of climate change and for cleaner agricultural production[J]. *Journal of Cleaner Production*, 2023, 425: 139077.
- [39] Naureen Z, Sham A, Al Ashram H, et al. Effect of phosphate nutrition on growth, physiology and phosphate transporter expression of cucumber seedlings[J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2018, 127: 211—222.
- [40] Toledo E J L, Ramalho T C, Magriotis Z M. Influence of magnetic field on physical-chemical properties of the liquid water: Insights from experimental and theoretical models[J]. *Journal of Molecular Structure*, 2008, 888 (1/2/3): 409—415.
- [41] Han J L, Jia J N, Hu X J, et al. Effect of magnetic field coupled magnetic biochar on membrane bioreactor efficiency, membrane fouling mitigation and microbial communities[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 931: 172549.
- [42] Albuquerque W W C, Costa R M P B, Fernandes T D E, et al. Evidences of the static magnetic field influence on cellular systems[J]. *Progress in Biophysics and Molecular Biology*, 2016, 121 (1): 16—28.
- [43] Philippot L, Chenu C, Kappler A, et al. The interplay between microbial communities and soil properties[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2024, 22 (4): 226—239.
- [44] Khoshravesh M, Mirzaei S M J, Shirazi P, et al. Evaluation of dripper clogging using magnetic water in drip irrigation[J]. *Applied Water Science*, 2018, 8 (3): 81.
- [45] Xie X F, Ji R T, Xu Z Q, et al. Effect of salt-tolerant rice (*Oryza sativa* L.) cultivation on soil bacterial community and ecological function groups in coastal saline land[J]. *Applied Soil Ecology*, 2024, 201: 105511.
- [46] Zhang J, Wang J J, Wang P C, et al. Effect of no-tillage and tillage systems on melon (*Cucumis melo* L.) yield, nutrient uptake and microbial community structures in greenhouse soils[J]. *Folia Horticulturae*, 2020, 32 (2): 265—278.

(责任编辑: 檀满枝)