

DOI: 10.13758/j.cnki.tr.2023.02.010

房彦飞, 徐文修, 唐江华, 等. 复播大豆土壤微生物区系对麦-豆轮作体系周年施氮量的响应. 土壤, 2023, 55(2): 305–312.

复播大豆土壤微生物区系对麦-豆轮作体系周年施氮量的响应^①

房彦飞, 徐文修*, 唐江华, 符小文, 张永杰, 杜孝敬, 张娜, 安崇霄

(新疆农业大学农学院, 乌鲁木齐 830052)

摘要: 为了揭示周年施氮对复播大豆土壤微生物区系的后效及叠加效应, 于2017—2019年采用裂区试验设计, 在麦-豆周年轮作体系下, 设置不同施氮组合(麦季施氮0、104、173、242 kg/hm², 分别标记为N0、N1、N2、N3; 复播大豆施氮0、69、138 kg/hm², 分别标记为S0、S1、S2), 探究豆茬土壤细菌、真菌和放线菌数量, 土壤菌群结构和氮素生理群数量的变化规律。结果表明: 前茬麦季施氮对复播大豆土壤微生物数量具有显著的后效; 复播大豆不施氮条件下, 麦季N2~N3施氮范围有利于增加豆茬土壤细菌、真菌、放线菌和氮素生理群数量。在冬小麦不施氮条件下, 当季豆茬施氮较不施氮处理能显著增加土壤3大类微生物和氮素生理群数量, 但豆茬施氮量较高反而显著降低氨化细菌和好气性自生固氮菌数量。麦季各施氮处理与豆茬S1处理组合下土壤3大类微生物数量, 细菌与真菌比值(B/F)及放线菌与真菌比值(A/F), 氨化细菌、固氮菌和硝化细菌数量基本均高于与S2处理组合, 其中N1S1施氮组合下豆茬土壤放线菌数量、好气性自生固氮菌数量、B/F和A/F值达到最高, N2S1施氮组合下土壤细菌、真菌和氨化细菌数量基本达到顶峰, 当季施氮或周年施氮量过高则增加了土壤反硝化细菌数量, 显著降低B/F、A/F值, 对土壤3大类群微生物及其他氮素生理群数量均产生不同程度的抑制作用。因此, 前茬小麦和后茬大豆适量施氮是维持土壤优势菌群的重要措施, 周年氮肥的优化施用要充分考虑前、后茬氮肥的叠加效应。在本研究条件下, 麦季施氮104~173 kg/hm²(N1~N2), 大豆季增施氮肥69 kg/hm²(S1)的周年施氮量组合有利于改善土壤微生物生存环境, 良化土壤质量, 对提高土壤肥力及维持农田生态环境具有重要的意义。

关键词: 复播大豆; 周年施氮量; 土壤微生物区系

中图分类号: S154.3 **文献标志码:** A

Response of Soil Microbial Flora of Reseeding Soybean to Annual Nitrogen Application Rate Under Rotation of Wheat and Soybean

FANG Yanfei, XU Wenxiu*, TANG Jianghua, FU Xiaowen, ZHANG Yongjie, DU Xiaojing, ZHANG Na, AN Chongxiao
(College of Agronomy, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China)

Abstract: In order to reveal the after-effects and superimposed effects of annual nitrogen application rate on soil microbial flora of reseeded soybeans, a split-plot experiment was conducted in 2017—2019 under wheat soybean rotation, in which the annual nitrogen application included 0 (N0), 104 (N1), 173 (N2) and 242 (N3) kg/hm² in wheat season, while 0 (S0), 69 (S1), 138 (S2) kg/hm² in reseeded soybean season, then the changes of the number of soil bacteria, fungi and actinomycetes, the structure of soil flora and the number of nitrogen physiological groups in soybean stubble were analyzed. The results show that nitrogen application in the wheat season has a significant after-effect on the number of soil microorganisms in reseeded soybean. Under the condition of no nitrogen application in reseeded soybean, the range of N2 to N3 nitrogen application in wheat season is beneficial to increase soil bacteria, fungi, actinomycetes and nitrogen physiological groups. Under the condition of no nitrogen application in wheat season, nitrogen application in soybean stubble significantly increases the number of three types of soil microorganisms and nitrogen physiological groups, but the higher nitrogen application in soybean stubble significantly reduces ammonifying bacteria and aerobic autogenous nitrogen-fixing bacteria. Nitrogen treatment in wheat season combined with S1 in soybean stubble increases the three types of soil microorganisms, B/F and A/F values, ammonifying bacteria, nitrogen-fixing bacteria and nitrifying bacteria compared with combined with S2, among of which, N1S1 is the highest in soil actinomycetes,

①基金项目: 国家自然科学基金项目(31760371)资助。

* 通讯作者(xjxwx@sina.com)

作者简介: 房彦飞(1993—), 女, 河南开封人, 博士研究生, 研究方向为耕作制度与农田生态。E-mail: 13009634490@163.com

aerobic autogenous nitrogen-fixing bacteria, B/F and A/F values, while N2S1 is near the highest in soil bacteria, fungi and ammonifying bacteria. Excessive annual nitrogen application increases soil denitrifying bacteria, significantly reduces B/F and A/F values, and inhibits three soil microorganisms and other nitrogen physiological groups to varying degrees. Therefore, proper amount of nitrogen application for wheat and subsequent soybeans is an important measure to maintain the dominant soil flora, the optimal application of annual nitrogen fertilizer should fully consider the superimposed effects of nitrogen fertilizer of the preceding and subsequent crops. Under the conditions of this study, the combination of 104—173 kg/hm² (N1 to N2) nitrogen in wheat season and 69 kg/hm² (S1) nitrogen fertilizer in soybean season is beneficial to soil microbial survival, soil fertility and quality, and ecological environment of farmland.

Key words: Reseeding soybeans; Annual nitrogen application rate; Soil microbial flora

土壤微生物是土壤生态系统中养分源和汇的一个巨大原动力,在植物凋落物降解、养分循环与改善土壤理化性质中起着重要的作用,是最有潜力和最敏感的生态学指标之一^[1-2]。土壤微生物活性、数量及种群结构易受耕作措施^[3]、施肥制度^[4]、种植模式^[5]等外界因素的影响,尤其施肥一方面能促进作物生长发育,为土壤微生物提供良好的营养条件和栖息环境,保证其生长繁殖;另一方面土壤微生物在生长繁殖过程中也会向土壤释放养分,达到培肥地力的效果^[6]。目前,大量的研究表明,增施氮肥会提供更为丰富的土壤养分,有利于增加土壤微生物数量和提高细菌优势菌群多样性^[7],且不同的氮肥用量会促使土壤微生物数量及菌群结构发生变化^[8]。此外,土壤微生物参与生态系统碳氮循环且关系密切,特别是功能微生物,如与氮循环有关的固氮、氮矿化、硝化和反硝化等氮素生理群微生物^[9],对土壤氮循环及物质的转化起重要作用。因此,研究施氮量对土壤微生物区系变化特征的影响,对于了解农田土壤氮素循环,改善土壤质量等具有重要的意义。

新疆北疆地区因增温显著而逐渐实现“一年两熟”后,小麦-大豆逐渐成为伊犁河谷地区主要的轮作模式^[10-11]。但由于缺乏相对应的周年合理施肥制度,导致当地“一炮轰”或周年施氮过多等现象普遍存在。前人关于多熟种植中周年施肥的研究表明,前茬作物收获后残留在土壤中的氮有一部分不仅能够被后茬作物所吸收利用,而且与施肥量密切相关^[12-13]。据本课题组在前期的研究中发现,前茬麦季施氮对后茬大豆具有显著的后效作用^[14],但目前多数研究大都集中在作物产量形成^[15-16]、土壤氮肥后效及其去向^[17]、氮素吸收利用^[18]等方面,而在麦-豆周年轮作模式下有关前、后茬氮肥叠加效应对具有固氮特性的后茬大豆土壤微生物区系影响的研究至今鲜有报道。因此,本试验以北疆伊犁河谷地区冬小麦-夏大豆为研究对象,探究周年不同施氮组合对复播大豆农田土

壤 3 大类群微生物、菌群结构和氮素生理群数量的影响,以揭示周年不同施氮组合氮肥的叠加效应对后茬大豆土壤微生物区系变化的影响,从土壤微生物环境的角度,探求有利于良化土壤环境的周年氮肥运筹组合,为该体系制定科学的施肥技术提供一定的理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验于 2017 年 10 月—2019 年 10 月年连续 2 年在伊犁哈萨克自治州伊宁县农业科技示范园(44°N, 81°E)内进行。该园区位于伊宁县萨地克于孜乡东部,海拔 720 m,年日照时数可达 2 800~3 000 h,年均气温 9.3 °C,全年无霜期 164 d,年均降水量约 340 mm,气候较湿润。试验区土壤 0~20 cm 耕层基础理化性质如表 1 所示,2 年试验中复播大豆生育期内的降水量和日均温度如表 2 和图 1 所示。

1.2 试验设计

试验为双因素裂区试验设计,设冬小麦施氮量为因子,复播大豆施氮量为副因子。冬小麦共设 4 个施氮水平,分别为 0 (N0)、104 (N1)、173 (N2)、242 kg/hm²(N3),各处理重复 3 次,小区面积为 76.5 m²

表 1 0~20 cm 耕层土壤基础理化性质

Table 1 Physiochemical properties of topsoil in 0-20 cm tillage layer

年份	pH	全氮 (g/kg)	有机质 (g/kg)	碱解氮 (mg/kg)	有效磷 (mg/kg)	速效钾 (mg/kg)
2017	8.20	1.05	16.02	94.80	18.60	125
2018	8.25	1.04	13.44	83.72	23.04	184

表 2 试验年度复播大豆生育期间降水量(mm)

Table 2 Precipitation during the growth period of reseeded soybean in experimental year

年份	7月	8月	9月	10月上旬	全生育期
2018	20.00	15.90	25.00	0.00	60.90
2019	29.20	32.30	35.40	2.00	98.90

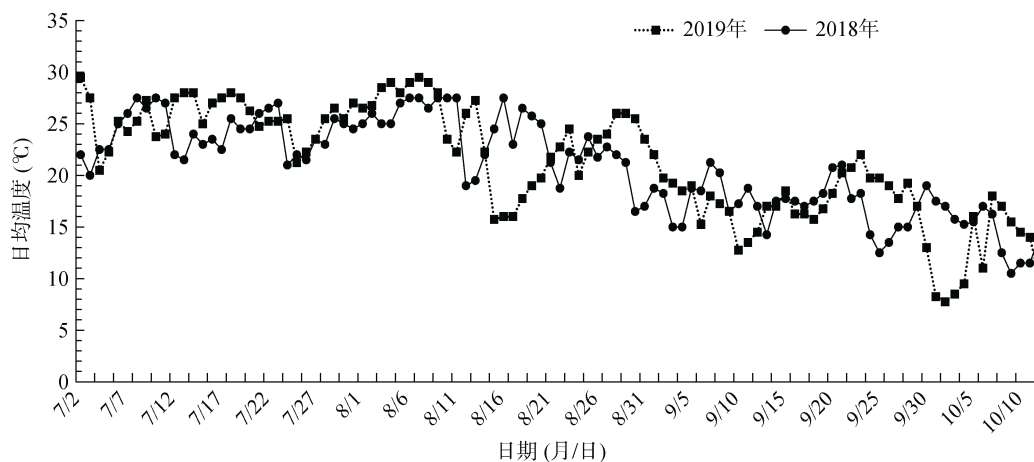


图 1 2018 年和 2019 年复播大豆生育期日均温度

Fig. 1 Mean daily temperature during the growth period of reseeded soybeans in 2018 and 2019

(17 m × 4.5 m), 共 12 个小区。在冬小麦收获后, 原位于冬小麦的各小区定点划分出同等面积的 3 个小区作为复播大豆当季施氮量的 3 个施氮水平小区, 分别为 0 (S0)、69 (S1)、138 kg/hm² (S2), 小区面积为 22.5 m² (5 m × 4.5 m), 共 36 个小区。周年施氮量均以纯氮计, 供试氮肥为尿素(含 N 460 g/kg)。

冬小麦分别于 2017 年 10 月 18 日和 2018 年 10 月 14 日采用 15 cm 等行距播种。播种前将麦季各处理氮肥总量的 40% 和磷肥 204 kg/hm² (含 P₂O₅ 440 g/kg) 结合整地一次性施入, 剩余的氮肥于拔节期、抽穗期按各处理总施氮量的 30% 随水追施, 并于 2018 年 6 月 30 日和 2019 年 7 月 2 日收获。复播大豆分别于 2018 年 7 月 2 日和 2019 年 7 月 4 日采用 30 cm 等行距播种, 种植密度为 52.5 万株/hm², 氮肥于复播大豆始花期一次性随水滴施, 并于 2018 年 10 月 11 日和 2019 年 10 月 12 日收获。供试冬小麦和大豆均为当地主栽品种新冬 41 号和黑河 45 号。两季作物灌溉方式均为滴灌, 其他田间栽培措施同当地常规。

1.3 土壤样品的采集

于复播大豆收获后, 采用“S”形取样法用土钻采集 0 ~ 20 cm 耕层的土样充分混匀, 过 2 mm 筛后将混匀的土样装入无菌纸袋, 立即带回实验室进行土壤微生物数量的测定, 未及时测定的土样放入 4℃ 冰箱保存并在一个月内测定完毕。

1.4 土壤微生物数量的测定

细菌、真菌、放线菌测定采用稀释平板法。将盛有 10 g 新鲜土壤和 90 mL 无菌水的三角瓶放在振荡机上振荡 20 min, 使土样均匀地分散在稀释液成为土壤悬液。土壤悬液接种采用混菌法, 细菌选择牛肉

膏蛋白胨培养基, 真菌选择马丁氏培养基, 放线菌选择改良高氏 I 号培养基。微生物数量结果计算以 cfu/g 干土表示^[19]。

氮素生理群采用 MPN 稀释法计数, 又称最大或然数法。选择 4 个相连的稀释度, 将不同的土壤悬液分别接种至不同培养基的试管中。氨化细菌采用蛋白胨氨化培养基, 好气性自生固氮菌采用阿须贝氏培养基, 硝化细菌采用改良的斯蒂芬森培养基, 反硝化细菌采用反硝化细菌培养基。土壤中硝化细菌数量的测定一般情况下只测定亚硝酸细菌的数量即能说明硝化细菌数量的多少。按照《最大或然数法测数统计表》得出数量指标和菌的近似值进行计算^[19]。

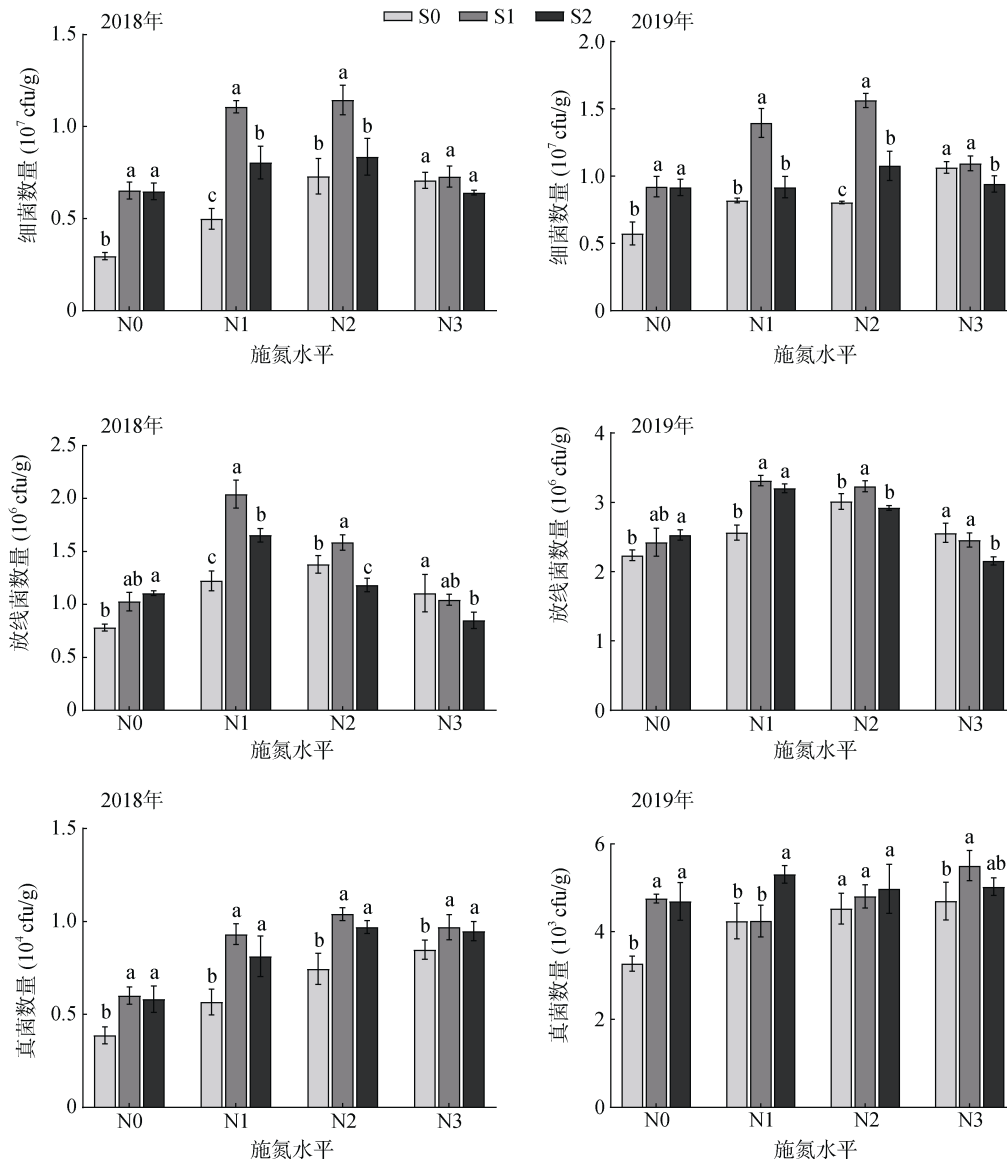
1.5 数据处理

试验数据的处理及作图采用 Excel 2010 和 GraphPad Prism 8.0 软件进行, 用 SPSS 19.0 统计软件进行方差分析, 不同处理之间多重比较采用 Duncan 新复极差法 ($P < 0.05$)。

2 结果与分析

2.1 周年不同施氮组合对复播大豆土壤 3 大类微生物数量的影响

麦季施氮不仅影响当季冬小麦土壤微生物数量的变化, 其后效作用以及复播大豆施氮的叠加效应同样对豆茬土壤微生物数量产生明显的影响。由图 2 可知, 豆茬不施氮条件下, 豆茬土壤微生物数量的高低取决于前茬麦季施氮量的多少, 麦季施氮越多, 大豆收获后土壤细菌和真菌数量也越高, N3S0 处理较 N0S0 处理土壤细菌和真菌数量两年平均分别显著提高了 103.35% 和 84.29%; 而土壤放线菌数量则在 N2S0 处理达到最高, 较 N0S0 处理显著提高了 45.50%。在



(图中不同小写字母表示同一麦季施氮量条件下大豆季不同施氮量处理间差异显著($P < 0.05$); N 代表冬小麦季; S 代表夏大豆季; 下同)

图 2 周年不同施氮组合夏大豆收获后土壤 3 大菌群数量

Fig. 2 Quantities of three soil microflora under different nitrogen fertilization after harvest of summer soybean

麦季不施氮条件下, 豆季施氮处理土壤细菌、放线菌和真菌数量的平均值较不施氮处理两年依次提高了 80.09%、17.36% 和 48.79%, 且大豆季各施氮处理基本均与不施氮处理达到显著差异($P < 0.05$)。

进一步分析麦季不同施氮水平下复播大豆施氮量对土壤 3 大类微生物数量的叠加效应(图 2)。在麦季各施氮水平下, 两年的数据均表明, 麦季施氮处理 N1、N2、N3 分别与大豆 S1 的施氮组合均有利于增加土壤细菌、放线菌和真菌数量; 由于年际间的差异, 2019 年土壤细菌和放线菌数量均高于 2018 年, 而土壤真菌数量低于 2018 年, 这可能是因为两年的气温、降水量等气候条件不同导致两年的土壤微生物数量差异较大所致。其中, 土壤细菌数量较各对应的与

S2 施氮组合平均值依次高出 45.34%、41.46% 和 15.12%, 土壤放线菌数量较各对应的与 S2 施氮组合平均值依次高出 10.23%、17.34% 和 16.45%, 且麦季施氮处理所对应的 S1 施氮组合基本均与各对应的 S2 施氮组合达到显著差异; 而土壤真菌数量较各对应的与 S2 施氮组合平均值依次高出 0.99%、3.57% 和 4.75%, 但未产生显著差异($P > 0.05$)。另外, N2S1 处理的土壤细菌和真菌数量在所有处理中两年平均值达到最高, 土壤放线菌数量则在 N1S1 处理达到顶峰, 最有利于豆茬土壤微生物数量的增加, 增强微生物代谢活性, 并进一步促进土壤中腐殖质的形成和有机质的矿化; 但麦季施氮处理在 N2 的基础上豆茬继续高量施氮($\geq S2$)则抑制土壤细菌和放线菌数量的

增加, 而且两季施氮量越大抑制越强烈, 但对土壤真菌数量无明显影响。

2.2 周年不同施氮组合对复播大豆土壤菌群结构的影响

通过计算复播大豆土壤细菌与真菌(B/F)、放线菌与真菌(A/F)的比值发现(表 3), 周年不同施氮组合在影响土壤 3 大类微生物数量的同时对土壤菌群结构也产生了不同程度的影响。在麦-豆周年不同施氮组合下, N1S1 处理两年的 B/F 和 A/F 值均达到最大值, 2018 年 B/F 和 A/F 值分别为 1 191.40 和 218.85, 2019 年分别为 3 310.16 和 784.36, 土壤 3 大菌群数量年度差异大是造成 B/F 和 A/F 比值年度间差异大的原因。进一步分析可知, 在前茬麦季不施氮条件下, 两年的 B/F 值随大豆季施氮量的增加呈不断上升的趋势, 均在 N0S2 处理达到最大, 而 A/F 值呈先降后增的变化趋势, 均在 N0S0 处理达到最大。在前茬麦季低氮(N1)和中氮(N2)条件下, B/F、A/F 值基本表现出先增后降一致的变化规律, 至各对应的 S1 处理达到最大, 且基本均与各对应的 S2 处理达到显著差异。在前茬麦季高氮(N3)条件下, B/F、A/F 值随大豆季施氮量的增加均表现出不断下降的一致趋势, 在 N3S0 处理达到最高, 基本与 N3S2 处理产生显著差异。由此可知, 前茬麦季施氮会影响后茬大豆菌群结构, N1S1 周年施氮量组合有利于改善夏大豆土壤菌群结构, 增加土壤中有益微生物数量, 提高土壤肥力, 但麦-豆两季施氮量均高的周年组合会导致 B/F 和 A/F 值显著下降, 使得土壤肥力降低, 地力衰竭。

表 3 周年不同施氮组合对夏大豆土壤菌群结构的影响
Table 3 Effects of annual nitrogen fertilization on soil flora structure of summer soybean

处理	2018 年		2019 年	
	B/F 值	A/F 值	B/F 值	A/F 值
N0S0	769.17 b	203.33 a	1 765.20 a	684.55 a
N0S1	1 087.62 a	170.72 a	1 938.71 a	509.52 b
N0S2	1 121.67 a	191.39 a	1 967.46 a	542.56 b
N1S0	897.10 b	218.73 a	1 942.57 b	607.14 b
N1S1	1 191.40 a	218.85 a	3 310.16 a	784.36 a
N1S2	1 006.40 a	205.89 a	1 733.33 b	603.61 b
N2S0	979.17 ab	186.25 a	1 782.79 b	666.50 a
N2S1	1 102.46 a	152.78 b	3 260.99 a	673.11 a
N2S2	860.89 b	122.09 c	2 198.49 b	590.87 b
N3S0	836.74 a	130.74 a	2 283.33 a	547.37 a
N3S1	752.85 ab	107.89 ab	1 990.81 a	446.39 b
N3S2	678.23 b	89.79 b	876.19 a	429.13 b

注: 同列不同小写字母表示同一麦季施氮量条件下大豆季不同施氮量处理间差异显著($P < 0.05$)。

2.3 周年不同施氮组合对复播大豆土壤氮素生理群数量的影响

土壤微生物中的各类生理类群参与土壤中物质的分解、吸收和转化过程, 因此其数量和活性直接关系到土壤肥力的高低。如图 3 所示, 在大豆季不施氮条件下, 除土壤好气性自生固氮菌在麦季 N2 处理两年均达到最高外, 复播大豆土壤氨化细菌、硝化细菌和反硝化细菌数量均随麦季施氮量的增加呈不断上升的变化趋势, 至麦季 N3 处理达到最高, N3S0 处理土壤氨化细菌、硝化细菌和反硝化细菌数量两年平均值分别较 N0S0 处理显著增加了 5.21 倍、1.96 倍和 0.95 倍。在麦季不施氮条件下, 大豆季土壤氨化细菌和好气性自生固氮菌数量随当季施氮量的增加均呈先增后降的一致变化趋势, 至大豆季 S1 处理达到最大, 土壤氨化细菌数量两年平均值分别较 N0S0 处理和 N0S2 处理增加了 230.29% 和 34.97%, 土壤好气性自生固氮菌数量两年平均值分别较 N0S0 和 N0S2 处理增加了 25.60% 和 22.69%, 且 N0S1 处理基本与其他处理达到显著差异; 而土壤硝化细菌和反硝化细菌数量则随豆季施氮量的增加呈不断上升的趋势, 两年均以 N0S2 处理最高, 较 N0S0 处理两年平均值分别显著增加了 127.10% 和 66.47%。

进一步分析麦季不同施氮水平下大豆施氮量对土壤氮素生理群数量的叠加效应(图 3), 可见, 麦季 N1、N2、N3 施氮处理与大豆 S1 施氮各组合有利于增加土壤氨化细菌和好气性自生固氮菌数量, 较各对应的与大豆 S2 施氮各组合土壤氨化细菌数量平均值依次高出 12.46%、16.38% 和 34.30%, 土壤好气性自生固氮菌数量平均值依次高出 40.27%、19.64% 和 31.80%, 其中土壤氨化细菌数量在 N2S1 处理、土壤好气性自生固氮菌数量在 N1S1 处理的周年施氮组合两年平均值达到最高峰, 能保证较高的土壤氨化细菌和好气性自生固氮菌数量, 尤其土壤好气性自生固氮菌在麦季和豆季均高量施氮条件下降幅较为明显, 表明其对氮素的叠加作用更为敏感。由周年氮素叠加效应对土壤硝化、反硝化细菌数量的影响可知, 在麦季 N1、N2 施氮条件下, 土壤硝化细菌和反硝化细菌数量基本均表现为一致的 $N1S2 > N1S1$, $N2S2 < N2S1$; 而在麦季 N3 施氮基础上, 土壤硝化细菌和反硝化细菌数量分别在 N3S1、N3S2 周年施氮处理达到最高, 其中大豆季 S2 施氮处理反而较 S1 施氮处理土壤硝化细菌降低了 142.04%, 但反硝化细菌数量则增加了 2.56%; 但在麦季各施氮基础上大豆季 S1 与 S2 施氮处理间无显

著差异。说明在麦季各施氮基础上大豆季施氮能显著增加土壤硝化和反硝化细菌数量, 但豆茬施氮量的多少对其数量无明显影响, 且在若周年施氮量均

过高的条件下, 对土壤硝化细菌数量产生小幅度的抑制作用, 而对土壤反硝化细菌数量起到轻微的促进作用。

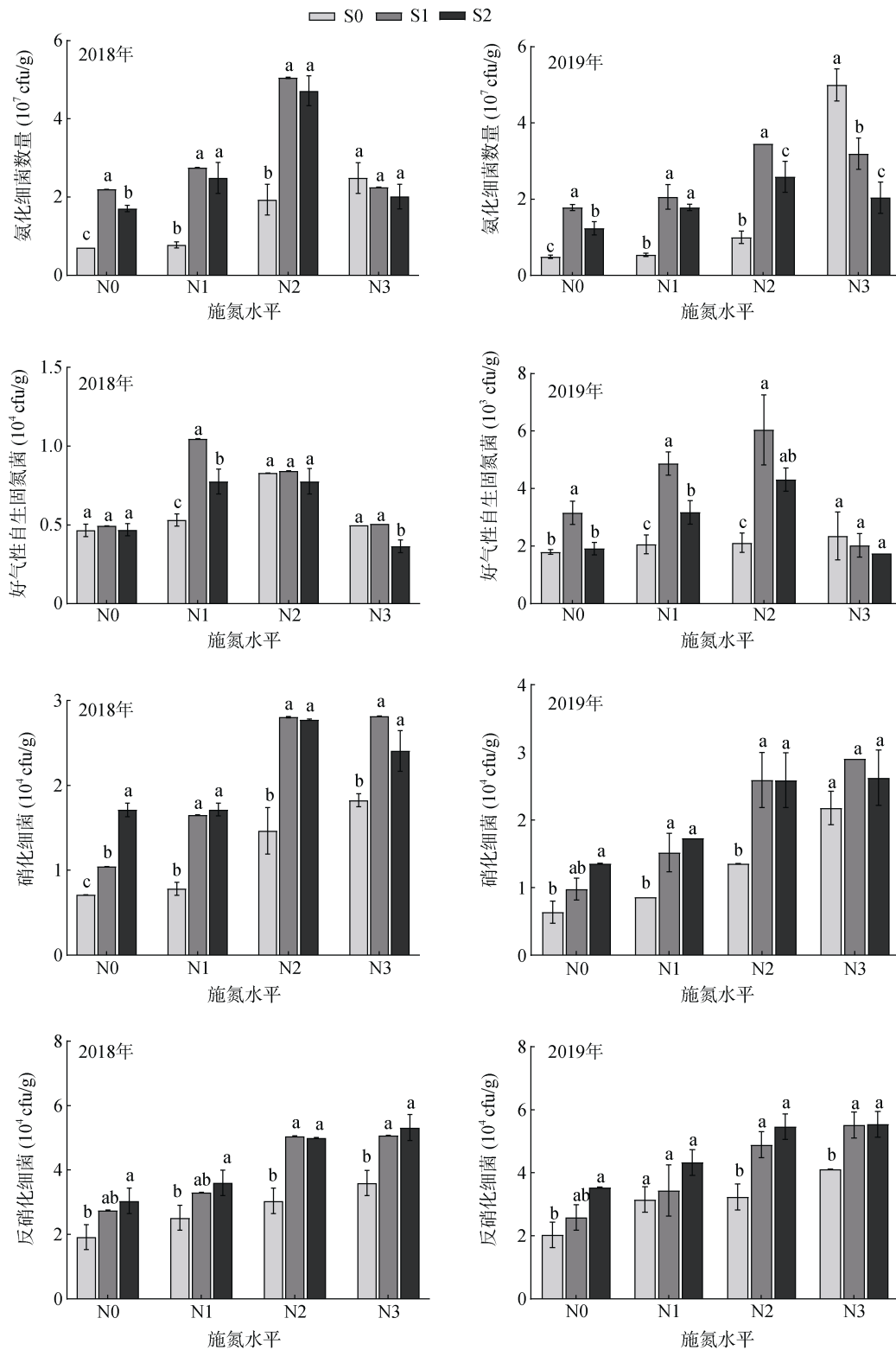


图 3 周年不同施氮组合对夏大豆土壤氮素生理群数量的影响

Fig. 3 Effects of different annual nitrogen application on soil nitrogen physiological groups of summer soybean

3 讨论

土壤微生物参与调控土壤中养分循环及物质转化,其数量与土壤肥力之间有着很强的联系,是土壤肥力水平的活指标^[20-21]。大量研究表明,在一定范围内合理施用氮肥能增加土壤细菌、放线菌和真菌数量,有利于保持土壤中旺盛的微生物活动,使得土壤生物活性不断增强,进而有利于土壤保持健康的状态^[22-23]。此外,也有研究发现,长期的高氮处理可能直接或间接影响土壤微生物的群落组成,导致 B/F 值较低^[24-25],本研究结果与之一致。本试验条件下,周年合理施氮能促进小麦-复播大豆周年土壤 3 大类群微生物数量、B/F 和 A/F 值的增加,但周年施氮过高会抑制土壤细菌和放线菌数量,降低 B/F 和 A/F 值,对真菌数量无明显影响,尤其麦季高氮处理基础上大豆季再增施氮肥会强烈抑制土壤放线菌数量,这可能与前、后茬施氮过高导致碳源不足,土壤微生物数量下降有关^[26];而多数土壤真菌比细菌有更强的吸收氮素的能力^[27],因此相较于土壤细菌和放线菌,周年高量氮肥对土壤真菌数量的影响不大,进而造成 B/F 和 A/F 值降低,土壤菌群结构比例失衡,降低土壤质量。但也有研究认为,只有高量施氮才能明显增加土壤微生物数量^[28],且施肥未改变土壤微生物真菌与细菌比值^[29]。造成研究结果不同的原因可能是供试地域环境、土壤类型、施肥水平不同导致土壤微生物数量产生差异,最终影响 B/F 和 A/F 值的大小。

土壤氮素营养是影响土壤微生物氮素生理群生长最主要的因子之一,添加氮素能够促进土壤微生物氮素生理群数量的增加^[30]。研究发现,大量施用氮肥会强烈抑制自生固氮菌的生长^[31-32],长期单施氮肥能显著增加土壤氨化细菌、硝化细菌等生理群数量^[33-34],但高浓度氮肥会降低土壤氨化细菌数量^[35],促进硝化细菌数量的增加,进而可能会加速硝化作用,增加氮素淋失的风险^[36]。本研究结果与上述研究结果高度相似。本试验条件下,麦季施氮基本均能增加后茬大豆土壤氮素生理群数量,且在麦季施氮基础上大豆当季施氮仍能显著增加土壤氮素生理群数量,但豆茬施氮量的多少对硝化和反硝化细菌数量无明显影响,而前、后茬氮肥总量高的条件下加强了其叠加效应,使土壤中的氮浓度过高,降低了土壤氨化细菌、自生固氮菌和硝化细菌数量,对土壤反硝化细菌数量起到轻微的促进作用。这主要是因为前茬麦季残留的氮素和后茬大豆当季适量氮肥的施入即可为土壤微生物的生长提供充足的营养源,增加土壤氮素生理群数量,加速与其相关的氨化作用、固氮作用、

硝化-反硝化作用的进程,从而增加土壤中可供植物吸收利用的氮素。但周年均高量施氮,氮肥的叠加效应可能加速土壤的酸化,土壤容重增大,孔隙度降低,造成土壤板结^[37],使土壤微生物的生活环境变得恶劣,从而抑制好氧微生物的活性,使得土壤氨化细菌、固氮菌和硝化细菌数量降低;但土壤硝化细菌数量并未显著下降,对硝化作用的影响不大,可能仍会积累大量的硝酸盐,且在一定的条件下,如土壤湿度大、通气不良等环境可增加厌氧型微生物的数量,并有可溶性有机物存在时,可以被一些嫌气性的反硝化细菌还原为亚硝酸、氨,甚至还原成氮气,成为氮肥损失的重要途径之一^[38]。但也有研究认为,高氮处理显著降低土壤硝化细菌和反硝化细菌数量,增加了土壤固氮菌数量^[39],这可能与土壤基础理化性质不同和设置的施氮梯度较低有关。

4 结论

在冬小麦不施氮条件下,复播大豆施氮较不施氮处理能显著增加土壤 3 大类微生物和氮素生理群数量。在复播大豆不施氮条件下,冬小麦 N2 处理有利于提高土壤放线菌和好气性自生固氮菌数量, N3 处理有利于提高土壤细菌、真菌、氨化细菌、硝化细菌和反硝化细菌数量。在周年均施氮的条件下,麦季各施氮处理与豆茬 S1 处理组合的土壤 3 大类微生物数量, B/F 及 A/F 值,氨化细菌、固氮菌和硝化细菌数量基本均高于与 S2 处理组合,其中, N1S1 处理土壤放线菌数量、好气性自生固氮菌数量、B/F 和 A/F 值达到最高, N2S1 处理土壤细菌、真菌和氨化细菌数量基本达到顶峰;当季施氮或周年施氮量过高则增加了土壤反硝化细菌数量,显著降低 B/F、A/F 值,对土壤细菌、放线菌、真菌 3 大类群微生物数量及其他氮素生理群数量均产生不同程度的抑制作用。综上,伊犁河谷麦-豆两熟地区麦季施氮 104 ~ 173 kg/hm² (N1 ~ N2),大豆季增施氮肥 69 kg/hm² (S1)的周年施氮量组合有利于改善土壤微生物生存环境,良化土壤质量。

参考文献:

- [1] 孙波,赵其国,张桃林,等. 土壤质量与持续环境——III. 土壤质量评价的生物学指标[J]. 土壤, 1997, 29(5): 225-234.
- [2] 孙瑞莲,朱鲁生,赵秉强,等. 长期施肥对土壤微生物的影响及其在养分调控中的作用[J]. 应用生态学报, 2004, 15(10): 1907-1910.
- [3] 黄召存,陈娇,熊瑛,等. 保护性耕作对蚕豆根际土壤微生物数量和酶活性的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2018, 36(3): 79-85.
- [4] 严君,韩晓增,陈旭,等. 施肥对小麦、玉米和大豆连作

- 土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2019, 37(6): 171-177.
- [5] 张笑宇, 段宏群, 王闷灵, 等. 轮作与连作对烟田土壤微生物区系及多样性的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2018(6): 84-90.
- [6] 马琳. 土壤微生物数量变化特征研究进展[J]. 南方农业, 2018, 12(31): 106-108.
- [7] 张珺瑾, 王婧, 张莉, 等. 盐碱地不同施氮量对土壤微生物区系与食葵产量的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2017, 35(4): 22-27, 73.
- [8] 聂江文, 王幼娟, 吴邦魁, 等. 施氮对冬种紫云英不还田条件下稻田土壤微生物数量与结构的影响[J]. 生态学杂志, 2018, 37(12): 3617-3624.
- [9] 单文俊, 王庆贵, 闫国永, 等. 基于土壤微生物的碳氮互作效应综述[J]. 中国农学通报, 2016, 32(23): 65-71.
- [10] 王荣晓, 徐文修, 只娟. 阿勒泰地区近 50a $\geq 0^{\circ}\text{C}$ 积温时空变化趋势分析[J]. 新疆农业科学, 2014, 51(7): 1246-1252.
- [11] 牛海生, 徐文修, 徐娇媚, 等. 气候突变后伊犁河谷两熟制作物种植区的变化及风险分析[J]. 中国农业气象, 2014, 35(5): 516-521.
- [12] 李志宏, 王兴仁, 曹一平. 冬小麦-夏玉米轮作条件下氮肥后效的定量研究[J]. 北京农业大学学报, 1995(S2): 29-32.
- [13] 张震, 钟雯雯, 王兴亚, 等. 前茬冬小麦栽培措施对后茬夏玉米光合特性及产量的影响[J]. 华北农学报, 2017, 32(4): 155-161.
- [14] 房彦飞, 符小文, 徐文修, 等. 冬小麦施氮水平对后茬大豆光合特性及产量的影响[J]. 新疆农业科学, 2019, 56(6): 1003-1011.
- [15] 吕广德, 王瑞霞, 牟秋焕, 等. 玉米小麦周年氮肥运筹对砂浆黑土区小麦干物质及氮素积累分配和产量的影响[J]. 麦类作物学报, 2020, 40(8): 972-980.
- [16] 吕广德, 孙宪印, 孙盈盈, 等. 玉米-小麦周年氮肥运筹对小麦‘泰山 28’产量构成和旗叶光合特性的影响[J]. 中国农业大学学报, 2021, 26(4): 28-37.
- [17] 董娴娴, 刘新宇, 任翠莲, 等. 潮褐土冬小麦-夏玉米轮作体系氮肥后效及去向研究[J]. 中国农业科学, 2012, 45(11): 2209-2216.
- [18] 李岚涛, 任丽, 尹焕丽, 等. 施氮模式对玉-麦周年轮作系统产量和氮吸收利用的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2019, 27(11): 1682-1694.
- [19] 李振高, 骆永明, 滕应. 土壤与环境微生物研究法[M]. 北京: 科学出版社, 2008.
- [20] He Z L, Wu J, O'Donnell A G, et al. Seasonal responses in microbial biomass carbon, phosphorus and sulphur in soils under pasture[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 1997, 24(4): 421-428.
- [21] Watanabe I, Inubushl K. Dynamics of available nitrogen in paddy soils[J]. *Soil Science and Plant Nutrition*, 1986, 32(1): 37-50.
- [22] 肖新, 李英峰, 韩贻涛, 等. 尿素施用量对道地药材滁菊土壤微生物活性的影响[J]. 水土保持学报, 2011, 25(5): 99-102.
- [23] 陈松鹤, 徐开未, 樊高琼, 等. 长期施氮对饲草玉米产量、土壤养分和微生物数量的影响[J]. 四川农业大学学报, 2019, 37(3): 314-320.
- [24] Strickland M S, Rousk J. Considering fungal: Bacterial dominance in soils-Methods, controls, and ecosystem implications[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, 42(9): 1385-1395.
- [25] 周晶. 长期施氮对东北黑土微生物及主要氮循环菌群的影响[D]. 北京: 中国农业大学, 2017.
- [26] 何文天, 任家兵, 汤利, 等. 不同施氮水平下小麦蚕豆间作对蚕豆根际微生物区系的影响[C]//面向未来的土壤科学(中册)——中国土壤学会第十二次全国会员代表大会暨第九届海峡两岸土壤肥料学术交流研讨会论文集. 成都, 2012: 233-239.
- [27] Wu T H. Can ectomycorrhizal fungi circumvent the nitrogen mineralization for plant nutrition in temperate forest ecosystems?[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, 43(6): 1109-1117.
- [28] 张彦东, 孙志虎, 沈有信. 施肥对金沙江干热河谷退化草地土壤微生物的影响[J]. 水土保持学报, 2005, 19(2): 88-91.
- [29] 肖琼, 王齐齐, 邬磊, 等. 施肥对中国农田土壤微生物群落结构与酶活性影响的整合分析[J]. 植物营养与肥料学报, 2018, 24(6): 1598-1609.
- [30] 张慧敏, 李希来, 杨帆. 增温和氮添加对高寒草甸土壤微生物氮素生理群的影响[J]. 草地学报, 2020, 28(3): 606-612.
- [31] Odell R T, Melsted S W, Walker W M. Changes in organic carbon and nitrogen of morrow plot soils under different treatments, 1904-1973[J]. *Soil Science*, 1984, 137(3): 160-171.
- [32] Riley H. Long-term fertilizer trials on loam soil at Møystad, south-eastern Norway: Crop yields, nutrient balances and soil chemical analyses from 1983 to 2003[J]. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section B — Soil & Plant Science*, 2007, 57(2): 140-154.
- [33] 李秀英, 赵秉强, 李絮花, 等. 不同施肥制度对土壤微生物的影响及其与土壤肥力的关系[J]. 中国农业科学, 2005, 38(8): 1591-1599.
- [34] Gu Y F, Zhang X P, Tu S H, et al. Soil microbial biomass, crop yields, and bacterial community structure as affected by long-term fertilizer treatments under wheat-rice cropping[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2009, 45(3): 239-246.
- [35] 张淑红, 高巍, 张恩平, 等. 长期定位施氮对连作番茄土壤可培养微生物数量的影响[J]. 土壤通报, 2012, 43(1): 60-65.
- [36] 赵奎军, 马凤鸣, 姜福臣, 等. 不同施氮水平对甜菜地和休闲地土壤微生物数量的影响[J]. 中国甜菜, 1995, 17(3): 20-25.
- [37] 葛晓光, 张恩平, 高慧, 等. 长期施肥条件下菜田-蔬菜生态系统变化的研究——(II)土壤理化性质的变化[J]. 园艺学报, 2004, 31(2): 178-182.
- [38] 丁梦娇, 黄莺, 易维洁, 等. 施用有机肥对植烟土壤氮素转化与功能微生物的影响[J]. 西南农业学报, 2016, 29(5): 1166-1171.
- [39] 李春越, 薛英龙, 王益, 等. 长期施肥对黄土旱塬农田土壤氮素生理菌群和解磷菌的影响[J]. 生态学杂志, 2020, 39(11): 3658-3667.