

DOI: 10.13758/j.cnki.tr.2024.01.011

邢锦城, 洪立洲, 朱小梅, 等. 施氮对田菁翻压还田滩涂盐渍土碳氮及细菌群落结构的影响. 土壤, 2024, 56(1): 82–89.

施氮对田菁翻压还田滩涂盐渍土碳氮及细菌群落结构的影响^①

邢锦城¹, 洪立洲^{1*}, 朱小梅¹, 刘冲¹, 董静¹, 王建红², 韩建均³, 张振华¹

(1 江苏沿海地区农业科学研究所, 江苏盐城 224002; 2 浙江省农业科学院, 杭州 310021; 3 清华苏州环境创新研究院, 江苏苏州 215000)

摘要: 为探讨不同施氮处理下田菁翻压还田对滩涂盐渍土的改良效果, 通过田间小区试验研究了不同施氮水平下(CK、SN1、SN2、SN3、SN4 对应的施氮量分别为 0、90、135、180、225 kg/hm²)绿肥田菁还田对土壤碳氮、pH、水溶性盐和细菌群落结构的影响。结果表明: SN3 处理下田菁生物量和碳、氮累积量最高, 分别为 41 882、3 756 和 101.5 kg/hm²。作绿肥翻压还田后, 则以 SN2 处理土壤有机碳、全氮含量最高, 分别为 6.51 g/kg 和 0.637 g/kg。各施氮处理下, 田菁翻压后土壤微生物生物量碳氮含量低于 CK 处理。随田菁翻压量的增加, 土壤 pH 呈逐步下降趋势, 而土壤水溶性盐总量则随施氮水平和翻压量的增加而上升, 但较种植前明显降低。不同施氮处理田菁翻压后, 土壤中具有一定有机降解功能的变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门、放线菌门和绿弯菌门等细菌类群占据主导地位, 且相对丰度随田菁翻压量的增加呈一定变化趋势, 但细菌群落结构变化不明显。土壤门水平优势菌群相对丰度与土壤碳氮含量、pH 和水溶性盐总量等指标均呈一定的相关关系, 其中以拟杆菌门、厚壁菌门、蓝菌门、绿弯菌门和迷踪菌门相对丰度与土壤有机碳和全氮含量的相关性较显著。综上所述, SN2 处理下田菁翻压还田可显著提升滩涂土壤有机碳和全氮含量; 不同施氮水平下生长的田菁翻压还田后, 土壤水溶性盐总量均较种植前显著降低, 主要优势菌群均有利于绿肥降解与土壤培肥, 改善滩涂土壤微生态环境。

关键词: 氮肥用量; 田菁; 翻压还田; 土壤理化性状; 盐渍土

中图分类号: S147.2; S158.3 **文献标志码:** A

Effects of Overturning *Sesbania Cannabina* Under Different Nitrogen Treatments on Carbon, Nitrogen and Bacteria Community Structure in Coastal Saline Soil

XING Jincheng¹, HONG Lizhou^{1*}, ZHU Xiaomei¹, LIU Chong¹, DONG Jing¹, WANG Jianhong², HAN Jianjun³, ZHANG Zhenhua¹
(1 Jiangsu Coastal Area Institute of Agricultural Sciences, Yancheng, Jiangsu 224002, China; 2 Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, Hangzhou 310021, China; 3 Research Institute for Environmental Innovation (Suzhou) Tsinghua, Suzhou, Jiangsu 215000, China)

Abstract: In order to explore the improvement effects of *Sesbania cannabina* returning on saline soils in tidal flat under different nitrogen application treatments, a field plot experiment was conducted to study the effects of returning green manure *Sesbania cannabina* to the field on the contents of soil carbon, nitrogen, pH and total water-soluble salt and bacterial community structures under different nitrogen application treatments (CK, SN1, SN2, SN3, SN4 corresponding to nitrogen application rates of 0, 90, 135, 180, and 225 kg/hm², respectively). The results showed that the biomass, carbon and nitrogen accumulation of *Sesbania cannabina* were the highest under SN3 which were 41 882, 3 756 and 101.5 kg/hm², respectively. After returning green manure to the field, soil organic carbon and total nitrogen contents of SN2 were the highest, which were 6.51 g/kg and 0.637 g/kg, respectively. Soil microbial biomass carbon and nitrogen were lower than CK after nitrogen application. With the increase of the amount of *Sesbania cannabina* overturning, soil pH decreased gradually, while soil total water-soluble salt increased with the increase of nitrogen application level or the amount of *Sesbania cannabina* overturning, but it was significantly lower than that before planting. After the overturning of *Sesbania cannabina* under different nitrogen application treatments, Proteobacteria, Acidobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria and Chloroflexi, which have certain organic degradation function were the dominant

①基金项目: 江苏省碳达峰碳中和科技创新专项(BE2022304)、国家绿肥产业技术体系项目(CARS-22-G-15)和江苏省沿海开发集团揭榜挂帅项目(2022YHTDJB014)资助。

* 通讯作者(ychonglz@163.com)

作者简介: 邢锦城(1983—), 男, 山东滕州人, 硕士, 副研究员, 主要从事耐盐植物育种与土壤改良利用研究。E-mail: sdauxxx@163.com

phyla in the soil. The relative abundance showed a certain change trend with the increase of the turnover amount of *Sesbania cannabina*, but the change of bacterial community structure was not obvious. There was a certain correlation between the dominant bacteria at phylum level with soil carbon, nitrogen, pH and total water-soluble salt. Among them, the correlation of Bacteroidetes, Firmicutes, Cyanobacteria, Chloroflexi and Mitrobacter with soil organic carbon and total nitrogen were significant. In summary, the returning of *Sesbania cannabina* to the field under SN2 can significantly increase the contents of soil organic carbon and total nitrogen in the tidal flat, the returning of *Sesbania cannabina* can significantly reduce soil water-soluble salt, and the main dominant soil bacterium groups are beneficial to green manure degradation and soil fertilization, thus can improve soil micro-ecological environment of coastal area.

Key words: Nitrogen application rate; *Sesbania cannabina*; Overturning; Basic properties of soil; Saline soil

盐渍土是由于自然和人为因素所导致的低产盐土和碱土的总称。据统计,我国盐渍土面积约为 $3.69 \times 10^7 \text{ hm}^2$, 主要分布在东北、华北、西北内陆地区以及滨海滩涂^[1]。江苏的盐渍土主要分布在东部滨海滩涂, 对其改良利用的主要方式包括化学、工程及生物措施, 化学和工程措施改良盐渍土投资大、成本高, 相比之下, 生物改良方法具有投资少、效益好等特点^[2], 而通过绿肥或秸秆还田进行盐渍土改良则是一种重要的生物改良措施。

绿肥是最清洁的有机肥资源, 无重金属、抗生素及激素等残留, 能提供大量有机质, 改善土壤结构和理化性质, 提高土壤质量^[3]。近年来, 很多学者在绿肥种质资源的筛选、绿肥种植与利用模式、绿肥对土壤理化性质的影响等领域开展了大量研究, 但试验地大多为旱地、水田或植烟土壤等, 在绿肥对滩涂盐渍土改良效应方面还缺乏系统深入的研究^[3-5]。由此, 本试验以江苏沿海新围垦滩涂盐渍土为研究对象, 探讨了不同施氮处理对田菁生长及翻压后土壤碳氮、pH、水溶性盐及细菌群落结构的影响, 以为滩涂盐渍土的生物改良及资源利用提供理论依据与技术支持。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验于 2019 年 6—8 月在江苏省东台市弶港镇条子泥垦区进行, 地理位置 $32^{\circ}51'6'' \text{ N}$, $120^{\circ}53'31'' \text{ E}$ 。该区地处北亚热带大陆性气候带, 年均气温 $13 \sim 16 \text{ }^{\circ}\text{C}$, 日照充足, 雨量丰沛, 土壤类型为滨海潮土。试验地土壤基础理化性状见表 1。

表 1 供试土壤基本性状
Table 1 Basic properties of tested soil

| pH | 有机碳 (g/kg) | 全氮 (g/kg) | 微生物生物量 碳(mg/kg) | 微生物生物 量氮(mg/kg) | 水溶性盐总 量(g/kg) |
|------|---------------|--------------|--------------------|--------------------|------------------|
| 8.16 | 5.28 | 0.398 | 170.5 | 22.4 | 2.71 |

1.2 试验设计

供试绿肥田菁, 品种为盐菁胶 1 号。根据前期试验结果并参考相关文献资料^[6-7], 试验设 5 个施氮处理 CK、SN1、SN2、SN3、SN4, 对应的氮水平分别为 0、90、135、180 和 225 kg/hm^2 , 每处理 3 次重复, 随机区组设计, 每小区面积 24 m^2 。各处理磷钾肥用量一致, 为 P_2O_5 90 kg/hm^2 , K_2O 75 kg/hm^2 。供试肥料为尿素(N, 460 g/kg)、过磷酸钙(P_2O_5 , 120 g/kg)和硫酸钾(K_2O , 520 g/kg), 磷钾肥全部作基肥于当季施入, 氮肥按基肥 50%+追肥 50% 的比例施入。2019 年 6 月上旬播种, 8 月下旬田菁盛花期测产并翻压还田, 同时采集植株样品用于碳氮含量的测定。翻压 25 d 后采集 0~20 cm 深度土壤样品, 鲜样用于土壤细菌高通量测序分析和微生物生物量碳氮的测定, 风干样用于土壤 pH、全氮、有机碳和水溶性盐总量的测定。

1.3 测定项目与方法

1.3.1 植株生物量测定 每小区随机选取 3 个 1 m^2 样方, 先刈割地面 50 cm 以上部分植株, 再把根部取出去泥后合并称重, 统计田间实际产量。

1.3.2 植株碳氮和土壤理化性状测定 绿肥植株碳氮含量和土壤 pH、全氮、有机碳及水溶性盐总量采用常规方法测定^[8]。土壤微生物生物量碳氮采用氯仿熏蒸- K_2SO_4 浸提法测定^[9-10]。

1.3.3 土壤 DNA 提取及高通量测序 使用 QIAGEN 试剂盒提取土壤微生物 DNA。采用细菌 16S rDNA V_3+V_4 区域引物 338F (5'-CCTACGRRBGC ASCAGKVRVGAAT-3') 和 806R (5'-GGACTACNVGG GTWTCTAATCC-3') 对样品目的片段进行 PCR 扩增。对 PCR 扩增产物用琼脂糖凝胶电泳检测, 并根据电泳结果进行纯化、定量和均一化处理形成测序文库。构建好的文库经文库检测合格后, 使用 Illumina Miseq 测序仪进行测序, 由苏州金唯智生物科技有限公司完成。

1.3.4 生物信息数据分析 对双端测序得到的正反向 reads 进行两两组装连接, 过滤拼接结果中含有氮(N)的序列, 保留序列长度大于 200 bp 的序列。经过质量过滤, 去除嵌合体序列, 得到最终的有效数据。利用 VSEARCH 软件对所有样品的全部有效数据进行聚类(序列相似性设为 97%), 获得 OTU(操作分类单元), 并基于 Silva(细菌)分类学数据库对 OTU 进行分类学注释。然后用 RDP classifier (Ribosomal Database Program) 贝叶斯算法对 OTU 的代表性序列进行物种分类学分析, 并在不同物种分类水平下统计每个样本的群落组成。基于 OTU 的分析结果, 采用对样本序列进行随机抽样的方法, 分别计算 Shannon、Chao1 等 α 多样性指数, 并作稀释曲线。

1.3.5 土壤微生物熵计算方法^[11] 土壤微生物熵=土壤微生物生物量碳/土壤总有机碳。

1.4 数据处理与分析

试验数据采用 Excel 2013 和 SPSS 26.0 进行整理与统计分析。

2 结果与分析

2.1 不同施氮处理田菁生物量、碳氮养分积累及其碳氮比

由表 2 可知, 施肥可明显提高田菁生物量与碳积累量, SN2、SN3 和 SN4 处理均较 CK 处理显著

增加, 且以 SN3 处理最高, 增幅分别为 21.0% 和 26.4%。各施肥处理田菁氮积累量均显著高于 CK 处理, 其含量高低顺序以 SN3>SN2>SN4>SN1>CK, SN3 处理氮积累量较 CK 处理增加 23.9 kg/hm²。各施氮处理下田菁碳氮比(C/N)与 CK 处理相比无显著差异, 仅 SN2、SN3 处理 C/N 略低, 可见施氮对植株 C/N 的影响不大。

2.2 田菁翻压还田对土壤 pH、水溶性盐总量的影响

图 1 显示, 随着施氮水平的增加, 田菁翻压后土壤 pH 呈逐步降低的趋势, SN1、SN2 和 SN3 处理下土壤 pH 与 CK 处理无显著差异, SN4 处理下土壤 pH 与 CK 处理相比显著降低。不同施氮水平下生长的田菁翻压还田后, 各施氮处理土壤水溶性盐总量均明显高于 CK 处理, 其中以 SN3 处理最高, 为 1.66 g/kg, 但与种植前相比均明显降低。

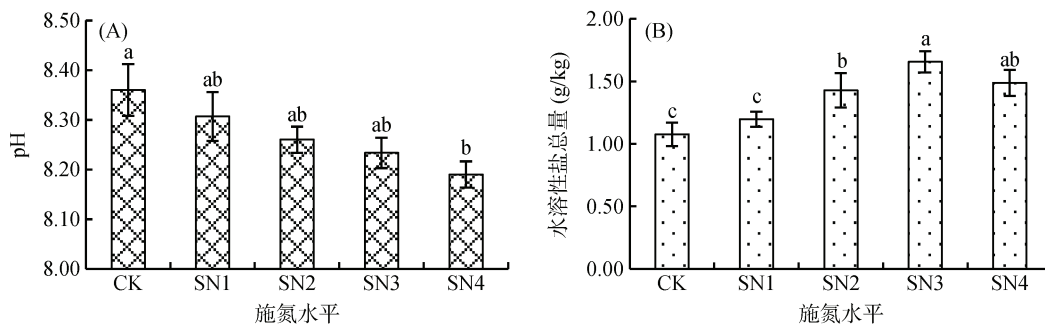
2.3 田菁翻压还田对土壤有机碳、全氮及微生物生物量碳氮的影响

表 3 数据表明, SN1、SN2 和 SN3 处理田菁翻压后提升了土壤总有机碳和全氮含量, 且均以 SN2 处理含量最高, 与 CK 处理相比, 分别增加 0.25 g/kg 和 0.172 g/kg, 而 SN4 处理土壤总有机碳和全氮含量则显著低于 CK 处理。与 CK 处理相比, 各施氮处理田菁翻压还田后土壤微生物生物量碳、氮含量与 CK

表 2 田菁生物量、碳氮养分积累量与 C/N
Table 2 The biomass, C and N accumulation, and C/N of *Sesbania cannabina*

| 处理 | 生物量(kg/hm ²) | 碳积累量(kg/hm ²) | 氮积累量(kg/hm ²) | C/N |
|-----|--------------------------|---------------------------|---------------------------|--------------|
| CK | 34 628 ± 3 349 b | 2 971 ± 291 b | 77.6 ± 5.6 c | 38.3 ± 4.2 a |
| SN1 | 38 354 ± 2 816 ab | 3 417 ± 381 ab | 88.9 ± 3.9 b | 38.4 ± 2.9 a |
| SN2 | 41 411 ± 3 382 a | 3 641 ± 151 a | 99.7 ± 5.7 a | 36.5 ± 2.3 a |
| SN3 | 41 882 ± 2 291 a | 3 756 ± 271 a | 101.5 ± 3.5 a | 37.0 ± 1.6 a |
| SN4 | 41 661 ± 3 519 a | 3 719 ± 192 a | 97.7 ± 1.7 a | 38.1 ± 1.2 a |

注: 同列数据后不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$), 下同。



(图中不同小写字母表示处理间差异在 $P<0.05$ 水平显著; 下同)

图 1 不同施氮水平下田菁翻压后土壤 pH (A) 和水溶性盐总量 (B)

Fig. 1 Soil pH (A) and water-soluble salt contents (B) after *Sesbania cannabina* overturning under different nitrogen application levels

表 3 田菁翻压还田对土壤碳氮及微生物熵的影响
Table 3 Effects of *Sesbania cannabina* overturning on soil carbon, nitrogen and microbial quotient

| 处理 | 总有机碳(g/kg) | 全氮(g/kg) | 微生物生物量碳(mg/kg) | 微生物生物量氮(mg/kg) | 微生物熵(%) |
|-----|----------------|-----------------|----------------|----------------|---------------|
| CK | 6.26 ± 0.04 b | 0.465 ± 0.012 c | 215.6 ± 4.9 a | 29.7 ± 1.6 a | 3.44 ± 0.02 a |
| SN1 | 6.39 ± 0.11 ab | 0.537 ± 0.006 b | 185.5 ± 2.4 b | 26.0 ± 0.6 b | 2.90 ± 0.05 c |
| SN2 | 6.51 ± 0.11 a | 0.637 ± 0.005 a | 172.7 ± 1.8 c | 25.7 ± 0.8 b | 2.65 ± 0.04 d |
| SN3 | 6.33 ± 0.05 b | 0.476 ± 0.007 c | 171.7 ± 5.5 c | 23.9 ± 1.1 c | 2.71 ± 0.02 d |
| SN4 | 5.62 ± 0.03 c | 0.402 ± 0.012 d | 181.7 ± 2.6 b | 27.2 ± 0.3 b | 3.23 ± 0.02 b |

处理相比均显著降低,降幅分别为 14.0%~20.4% 和 8.4%~19.5%。土壤微生物熵是土壤微生物生物量碳与土壤总有机碳的比值,表征土壤中输入的有机质向微生物生物量碳的转化效率,反映土壤微生物对土壤碳损失和土壤有机碳固存的贡献,是评价土壤有机碳动态及质量的有效指标^[11]。本试验中,土壤微生物熵范围为 2.65%~3.44%,与前人研究的土壤微生物熵(0.27%~7.00%)^[12]相比,处于偏低水平。各施氮处理下田菁翻压后的土壤微生物熵均显著低于 CK 处理,且以总有机碳含量最高的 SN2 处理最低。

2.4 田菁翻压还田对土壤细菌群落结构的影响

2.4.1 土壤细菌的测序稀释曲线和 OTU 特征 稀释曲线能够反映土壤样品序列的测序深度,图 2 显示,在 97% 的相似度下,本试验 5 个处理的稀释曲线趋于平稳,说明测序深度和测序数据量合理,序列信息能够充分反映样本总体信息。Venn 图能够反映

不同处理下土壤样品共有或特有 OTU 数目,本试验 5 个处理土壤共有细菌 OTU 数量为 2 423 个,约占土壤细菌 OTU 数目的 3.2%; CK、SN1、SN2、SN3、SN4 处理特有 OTU 数量分别为 183、160、408、448 和 377 个,SN1 处理土壤细菌特有 OTU 数量与 CK 处理差异不大,SN2、SN3 和 SN4 处理土壤细菌特有 OTU 数量是 CK 处理的 2 倍~3 倍。

2.4.2 土壤细菌群落功能多样性 Simpson 指数和 Shannon 指数可反映群落物种多样性,Chao1 指数和 ACE 指数可衡量群落物种丰度即物种数量的多少。由表 4 可知,不同施氮处理下田菁翻压还田后土壤细菌 Simpson 指数和 Shannon 指数与 CK 处理相比,均无显著变化。各处理土壤 Chao1 和 ACE 指数显著高于 CK 处理,且均以 SN2 和 SN3 处理最高。可见,不同施氮处理即不同田菁翻压量对土壤细菌群落多样性无显著影响,但适量的绿肥翻压可提高土壤细菌群落物种丰度。

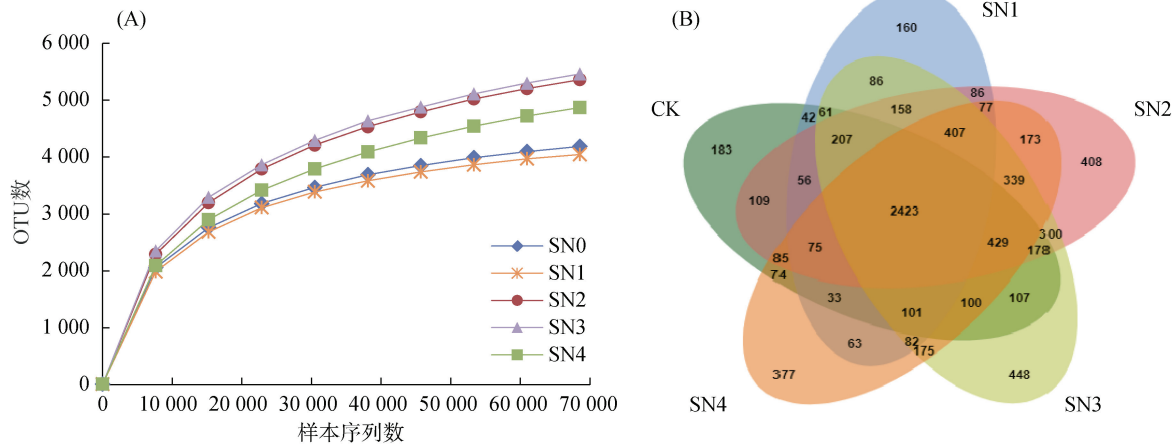


图 2 不同处理下土壤细菌稀释曲线(A)和 Venn 图(B)

Fig. 2 Soil bacterial rarefaction curves (A) and Venn diagram (B) of soil bacterial communities under different treatments

表 4 田菁翻压还田后土壤细菌群落多样性指数
Table 4 Soil bacteria community diversity indexes after *Sesbania cannabina* overturning

| 处理 | ACE | Chao1 | Shannon | Simpson |
|-----|-------------|-------------|---------------|-----------------|
| CK | 4697 ± 73 c | 4770 ± 63 c | 10.1 ± 0.3 ab | 0.996 ± 0.012 a |
| SN1 | 4468 ± 49 d | 4504 ± 32 d | 9.8 ± 0.2 b | 0.994 ± 0.030 a |
| SN2 | 6513 ± 29 a | 6540 ± 30 a | 10.5 ± 0.5 a | 0.998 ± 0.011 a |
| SN3 | 6603 ± 74 a | 6675 ± 62 a | 10.4 ± 0.3 a | 0.996 ± 0.045 a |
| SN4 | 6123 ± 43 b | 6165 ± 42 b | 10.2 ± 0.4 ab | 0.997 ± 0.024 a |

2.4.3 土壤细菌群落结构组成 由图 3 知,不同施氮处理田菁翻压后土壤中优势菌群主要为变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)和芽单胞菌门(Gemmatimonadetes),相对丰度分别为 40.8%~49.1%、18.3%~27.5%、5.8%~7.7%、5.6%~7.8%、4.4%~7.6% 和 5.6%~7.1%,约占总菌群数的 90% 以上。变形菌门、拟杆菌门和放线菌门相对丰度均随田菁翻压量的增加呈先升高再降低的趋势,丰度最高值分别出现在 SN1、SN2 和 SN3 处理。酸杆菌门和绿弯菌门的相对丰度则随田菁翻压量的增加先降低后又逐渐上升,丰度最高值分别为 CK 和 SN4 处理。厚壁菌门为参与秸秆降解的重要菌群^[13],其丰度在 SN2 处理下最高,占菌群比例的 3.04%,是 CK 处理的 2.8 倍,SN3、SN4 处理下该菌群相对丰度逐渐降低。

除 Unclassified_Unclassified 外,不同处理田菁翻压还田后土壤各菌属的相对丰度均小于 10%(图 4),优势菌属有 Unclassified_Unclassified、鞘氨醇单胞菌属

(*Sphingomonas*)、*RB41*、未识别芽单胞菌属(*f_Gemmatimonadaceae_Unclassified*)和 *MND1* 等。其中,*RB41* 是土壤中的常见菌属;鞘氨醇单胞菌属则可存在于轻度至重度盐化土层中,对植株残体或比较复杂的大分子有机物有降解作用^[14]。与其他优势菌属在 SN1、SN2 处理下相对丰度较低的情况不同,鞘氨醇单胞菌属相对丰度在 SN1、SN2 处理下较高,随着田菁翻压量增加,其相对丰度又呈逐步递减趋势。

2.5 土壤细菌群落组成与土壤碳氮、pH 及水溶性盐的相关性

表 5 显示,拟杆菌门相对丰度与土壤有机碳、全氮含量呈显著或极显著正相关。放线菌门相对丰度与土壤微生物生物量氮含量呈极显著负相关。绿弯菌门相对丰度分别与土壤 pH 和有机碳含量呈显著或极显著负相关。厚壁菌门相对丰度与土壤全氮、微生物生物量碳含量分别呈显著正相关或负相关。蓝菌门相对丰度仅与土壤全氮含量呈极显著正相关。肉芽孢杆菌门、六核杆菌门及 *Latescibacteria* 相对丰度与土壤碳氮含量、pH 部分指标间也呈显著或极显著正负相关性。

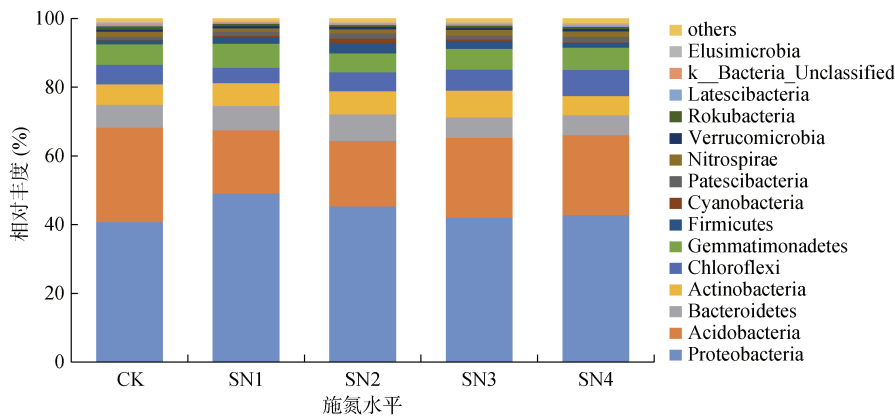


图 3 门水平各处理土壤样品细菌群落结构

Fig. 3 Soil bacterial community structures at phylum level under different treatments

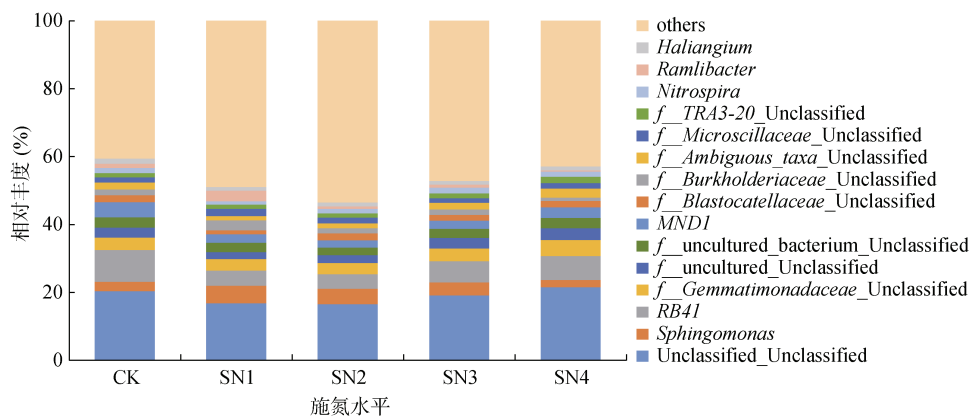


图 4 属水平各处理土壤样品细菌群落结构

Fig. 4 Soil bacterial community structures at genus level under different treatments

表 5 土壤优势细菌群落(门水平)与土壤碳氮、pH 及水溶性盐的相关性
Table 5 Correlations between soil dominant microorganisms (phylum) with soil carbon, nitrogen, pH and water soluble salt

| | 有机碳 | 全氮 | 微生物量碳 | 微生物量氮 | pH | 水溶性盐总量 |
|-------------------------|----------|---------|---------|----------|---------|--------|
| 变形菌门 | 0.351 | 0.551 | -0.345 | -0.155 | 0.549 | -0.197 |
| 酸杆菌门 | -0.364 | -0.673 | 0.681 | 0.274 | 0.226 | -0.181 |
| 拟杆菌门 | 0.729* | 0.922** | -0.002 | -0.279 | 0.492 | -0.438 |
| 放线菌门 | 0.658 | 0.407 | -0.561 | -0.957** | -0.095 | 0.506 |
| 绿弯菌门 | -0.842** | -0.672 | -0.155 | 0.559 | -0.727* | 0.549 |
| 芽单胞菌门 | -0.290 | -0.353 | 0.077 | 0.257 | 0.044 | -0.267 |
| 厚壁菌门 | 0.617 | 0.831* | -0.756* | -0.631 | -0.269 | 0.484 |
| 蓝菌门 | 0.613 | 0.906** | -0.497 | -0.428 | -0.070 | 0.218 |
| 肉芽孢杆菌门 | -0.448 | 0.083 | -0.694 | 0.394 | -0.802* | 0.523 |
| 硝化螺旋菌门 | -0.474 | -0.610 | 0.051 | 0.135 | -0.399 | 0.486 |
| 疣微菌门 | -0.412 | 0.094 | -0.477 | 0.502 | -0.531 | 0.166 |
| 六核杆菌门 | 0.063 | -0.389 | 0.896** | 0.026 | 0.726* | -0.610 |
| Latescibacteria | -0.525 | -0.787* | 0.839** | 0.553 | 0.353 | -0.495 |
| k_Bacteria_Unclassified | -0.551 | -0.454 | 0.491 | 0.645 | -0.039 | -0.119 |
| 迷踪菌门 | -0.809* | -0.564 | -0.080 | 0.639 | -0.649 | 0.438 |

注: *表示在 $P < 0.05$ 水平显著相关; **表示在 $P < 0.01$ 水平极显著相关。

3 讨论

3.1 施氮水平对田菁生物量、碳氮养分积累量及 C/N 的影响

田菁为豆科植物,本身具有固氮功能,但在施氮条件下优先吸收利用外源氮肥,当施氮量为 SN2、SN3 水平时,其生物量与 CK 处理相比显著增加,而达到 SN4 水平后,其生物量则较 SN3 水平时有所下降,这可能与基肥施用量偏高抑制了田菁前期生长有关。本试验中,不同氮肥施用水平下,田菁植株翻压时的 C/N 为 36.5~38.4,差异不显著。资料显示,田菁的 C/N 为 24.5^[15],本课题前期试验中田菁地上部 C/N 为 16~22,根部为 48~52,各处理间 C/N 也无显著差异^[7]。可见,植株 C/N 与田菁生长部位及生长时期密切相关,而施肥水平对其影响不明显。

3.2 田菁翻压还田对土壤 pH 和水溶性盐的影响

本试验中,随着施氮水平的提高,田菁翻压还田后土壤 pH 呈逐步下降的趋势,这是因为随着田菁翻压量的增加,植株降解过程中释放出的腐殖酸类物质也越多,使土壤 pH 在短期内呈降低态势,这与何宏斌等^[16]的研究结论相一致。与种植前相比,田菁翻压还田显著降低了土壤水溶性盐总量,但与 CK 处理相比,随田菁翻压量的增加,土壤水溶性盐总量呈逐步上升趋势,原因可能在于虽然田菁翻压还田使土壤中水稳性团聚体含量增加,有效阻断了地下部盐分向地表的迁移,大大降低了土壤耕作层的水溶性

盐总量^[17],但因试验施入的肥料在土壤中分解为各类养分离子并被植株吸收后,又以还田的形式回归土壤,使土壤中水溶性盐总量随翻压量的增加而上升。

3.3 田菁翻压还田对土壤有机碳、全氮及微生物生物量碳氮的影响

研究表明,绿肥翻压还田可显著提高土壤养分含量,调节土壤养分平衡^[3-5]。本试验中,与种植前相比,田菁作绿肥翻压还田可显著提高土壤有机碳、全氮含量,与前人研究结果基本一致^[16-17]。差异之处在于,基于高量施肥水平的 SN3 和 SN4 处理田菁生物量和碳、氮积累量最高,但作绿肥翻压还田后,对土壤有机碳、全氮提升的贡献却显著弱于低施氮水平、低生物量的 SN2 处理,其可能原因:一是 SN3 和 SN4 处理田菁翻压量较高,超出了土壤微生物对绿肥植株消解吸纳的最大承载量,使其未能在固定时段内有效腐解;二是土壤胶体对大量外源养分的吸附和融合具有滞后性,使 SN3 和 SN4 处理下田菁还田后土壤有机碳与全氮含量偏低。

土壤微生物生物量碳、氮是土壤有机养分的活性部分,可反映土壤有效养分状况和生物活性,对土壤养分的转化和供应至关重要,是评价土壤微生物数量和活性及土壤肥力的重要指标^[18]。有研究表明,绿肥或秸秆翻压还田可显著提高土壤微生物生物量碳、氮含量,且高量秸秆还田处理下土壤微生物量碳、氮含量高于低量秸秆还田处理,并随秸秆还田量的增加提高幅度更大^[19]。本试验中,CK 处理田菁翻压还田

量约为 34.6 t/hm², 各施肥处理翻压还田量较 CK 处理高 10.8% ~ 21.0%, 微生物生物量碳、氮含量则较 CK 处理分别低 14.0% ~ 20.4% 和 8.4% ~ 19.5%, 这与吴立鹏等^[20]与郑佳舜等^[21]所述水稻秸秆单倍还田量处理的土壤微生物生物量碳、氮含量高于秸秆双倍还田量处理的研究结果基本一致, 但与汤宏等^[18]的相关研究结论相悖。本研究认为, 这可能与绿肥自身 C/N 及其翻压还田基数有关。土壤微生物适宜活动的 C/N 一般为 25 : 1, 当碳源过量而氮源相对不足时会引起 C/N 失衡, 土壤微生物体的构建只能根据氮的含量来决定, 微生物数量达不到峰值, 有机质的分解也受到影响。本试验中, 田菁翻压时 C/N 为 36.5 ~ 38.4, 碳源的单一过量使微生物的 C/N 失衡而不能满足微生物正常生长与繁殖, 抑制了微生物的数量和活性, 使微生物生物量碳、氮含量低于 CK 处理。这也从侧面验证了前人有关 22.5 t/hm² 的绿肥翻压量是绿肥腐解与作物生长过程中氮素“固定-释放-吸收”平衡阈值的研究结论^[22]。

3.4 田菁翻压还田对土壤细菌群落结构的影响

资料显示, Chao1 指数和 ACE 指数可反映群落物种的丰度, Simpson 和 Shannon 指数则可衡量群落物种的丰富度和均匀度。有研究表明, 绿肥翻压为土壤微生物提供了大量碳源和氮源, 使细菌 Shannon 指数与 Simpson 指数明显提高^[23], 但也有研究指出, 秸秆还田或施用氮肥降低了土壤细菌丰富度和均匀度^[24]。本研究中, 随田菁翻压量增加, 土壤细菌 Chao1 指数和 ACE 指数显著提高, Shannon 指数与 Simpson 指数无明显变化, 说明其多样性基本不受施氮量或翻压量的影响, 这与 Yan 等^[25]提出的秸秆还田或施用氮肥可提高土壤细菌丰富度但对其均匀度没有影响的研究结论较一致。究其原因可能与不同区域原生土壤细菌群落差异及秸秆腐解对土壤基础性影响大小有关。

本研究中, 不同处理田菁翻压还田后, 土壤优势菌群中的变形菌门、绿弯菌门和厚壁菌门均为典型的富营养细菌类群, 直接参与秸秆的降解; 酸杆菌门的某些菌群已被证明具有纤维素降解功能; 拟杆菌门、放线菌门细菌也与有机物质的分解利用密切相关^[13,26-28]。可见, 田菁翻压还田后土壤中以具有有机降解功能的细菌群落占主导地位。有研究表明, 紫云英作绿肥翻压还田后分别提高了土壤酸杆菌门、绿弯菌门或放线菌门相对丰度, 但降低厚壁菌门相对丰度^[4]。杨思等^[23]的研究则表明, 随苜蓿压青量的增加, 酸杆菌门、绿弯菌门和疣微菌门丰度呈明显

上升趋势, 变形菌门、放线菌门、芽单胞菌门和拟杆菌门丰度则略呈上升趋势。本试验中, 不同处理细菌群落丰度变化与上述结论有所不同, 随着田菁翻压量的增加, 主要优势菌群丰度多呈抛物线式变化, 变形菌门、拟杆菌门、放线菌门和绿弯菌门相对丰度最高分别出现在 SN1、SN2、SN3 和 SN4 处理, 这可能是翻压量的不同引起田菁腐解进程及土壤环境的差异, 使不同营养型细菌繁殖与生活能力有所变化, 从而导致相对丰度的改变。前人有关施氮对细菌群落结构影响的研究表明, 变形菌门、拟杆菌门、放线菌门和厚壁菌门相对丰度随施氮量增加而上升, 而寡营养细菌酸杆菌却表现出相反的趋势^[26,29]。酸杆菌门为本试验中相对丰度仅次于变形菌门的第二大细菌类群, 相对丰度最高的处理为 CK, 其嗜酸及寡营养特性是导致该菌群在翻压量上升的情况下相对丰度下降的重要因素之一。整体来看, 不同施肥处理或田菁翻压量下, 土壤中各优势菌群处于此消彼长的动态平衡状态, 且相对丰度总和均保持在 90% 左右。可见, 经过一个生长季后, 由于施氮量不同而产生的田菁生物量的差异, 会在翻压后使部分细菌群落的结构产生一定变化, 但总体有利于绿肥降解和土壤改良培肥。

前人的研究表明, 土壤细菌群落结构受土壤碳氮的影响较大, 各细菌类群相对丰度与土壤碳氮含量间存在一定的相关性^[27]。本研究中, 变形菌门和拟杆菌门相对丰度与土壤有机碳和全氮含量、绿弯菌门相对丰度与土壤有机碳含量间的显著正相关关系均与前人的研究结论基本一致^[23]。而酸杆菌门相对丰度与有机碳含量间呈一定负相关性, 这与杨思等^[23]有关酸杆菌门相对丰度与有机碳含量呈显著正相关的研究结论相悖。这种土壤微生物群落结构与土壤碳氮关系的变化是否与耕作方式、施肥处理、土壤类型及气候变化等人为或自然因素有关还有待进一步研究^[30]。

4 结论

1) 随着施氮量的增加, 田菁植株生物量和碳、氮累积量总体呈逐渐增加趋势, 最高均为 SN3 处理, 而植株 C/N 均在 36.5 ~ 38.4, 无显著变化。

2) 不同施氮水平下生长的田菁作绿肥翻压后, 土壤有机碳、全氮含量最高均为 SN2 处理, 分别为 6.51 g/kg 和 0.637 g/kg。土壤微生物生物量碳、氮含量及微生物熵均以 CK 处理最高。土壤 pH 随翻压量增加而降低, 而水溶性盐总量则随翻压量增加呈上升趋势。

3)不同施氮处理下,田菁翻压后土壤优势菌群中的变形菌门、拟杆菌门和放线菌门细菌相对丰度均随田菁翻压量的增加呈先升高再降低的趋势,丰度最高值分别出现在 SN1、SN2 和 SN3 处理。酸杆菌门和绿弯菌门的相对丰度则以 CK 和 SN4 处理最高。土壤优势菌属中的鞘氨醇单胞菌属相对丰度则随着田菁翻压量的增加呈逐步递减趋势。整体来看,不同施氮处理或田菁翻压量下,土壤中各优势菌群处于此消彼长的动态平衡状态,且相对丰度总和均保持在 90% 左右,总体有利于绿肥降解和土壤改良培肥。

4)田菁翻压还田后,土壤门水平优势菌群丰度与土壤碳氮含量、pH 和水溶性盐总量等指标间均呈一定的相关关系。其中,拟杆菌门、放线菌门、绿弯菌门、厚壁菌门、蓝菌门、肉芽孢杆菌门、六核杆菌门、迷踪菌门和 *Latescibacteria* 相对丰度与土壤有机碳、全氮、微生物生物量碳氮含量及 pH 的相关性较显著。可见,土壤碳氮、pH 差异是影响土壤细菌群落组成的重要因素。

参考文献:

- [1] 杨劲松,姚荣江,王相平,等. 中国盐渍土研究: 历程、现状与展望[J]. 土壤学报, 2022, 59(1): 10–27.
- [2] 黄晶,孔亚丽,徐青山,等. 盐渍土壤特征及改良措施研究进展[J]. 土壤, 2022, 54(1): 18–23.
- [3] 曹卫东,包兴国,徐昌旭,等. 中国绿肥科研 60 年回顾与未来展望[J]. 植物营养与肥料学报, 2017, 23(6): 1450–1461.
- [4] 林叶春,李雨,陈伟,等. 绿肥压青对喀斯特地区植烟土壤细菌群落特征的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2018(3): 161–167.
- [5] Thomsen I K, Thomsen I K, Christensen B T. Yields of wheat and soil carbon and nitrogen contents following long-term incorporation of barley straw and ryegrass catch crops[J]. Soil Use and Management, 2004, 20(4): 432–438.
- [6] 郭小倩,朱广龙,季中亚,等. 密度和施氮量对盐碱地田菁生长生理特性及产量的影响[J]. 扬州大学学报(农业与生命科学版), 2019, 40(1): 20–25.
- [7] 朱小梅,王甫同,邢锦城,等. 田菁翻压还田对滩涂土壤碳氮及微生物生物量的影响[J]. 土壤, 2021, 53(3): 529–536.
- [8] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [9] Vance E D, Brookes P C, Jenkinson D S. An extraction method for measuring soil microbial biomass C[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1987, 19(6): 703–707.
- [10] Brookes P C, Landman A, Pruden G, et al. Chloroform fumigation and the release of soil nitrogen: A rapid direct extraction method to measure microbial biomass nitrogen in soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1985, 17(6): 837–842.
- [11] 徐阳春,沈其荣,冉炜. 长期免耕与施用有机肥对土壤微生物生物量碳、氮、磷的影响[J]. 土壤学报, 2002, 39(1): 83–90.
- [12] Omay A B, Rice C W, Maddux L D, et al. Changes in soil microbial and chemical properties under long-term crop rotation and fertilization[J]. Soil Science Society of America Journal, 1997, 61(6): 1672–1678.
- [13] Liu L, Ding M J, Zhou L K, et al. Effects of different rice straw on soil microbial community structure[J]. Agronomy Journal, 2021, 113(2): 794–805.
- [14] 张云龙,郜春花,靳东升,等. 矿区复垦土壤中鞘氨醇单胞菌促进秸秆腐解性能分析[J]. 山西农业科学, 2022, 50(1): 67–77.
- [15] 北京农业大学. 农业化学: 总论[M]. 北京: 中国农业出版社, 2003.
- [16] 何宏斌,张钰薇,程俊康,等. 冬闲期种植多花黑麦草对稻田土壤性状的影响[J]. 生态科学, 2019, 38(2): 155–161.
- [17] 任承钢,李岩,刘卫,等. 高效双接种田菁修复黄河三角洲盐碱土壤研究[J]. 海洋科学, 2017, 41(5): 1–7.
- [18] 汤宏,沈健林,张杨珠,等. 秸秆还田与水分管理对稻田土壤微生物量碳、氮及溶解性有机碳、氮的影响[J]. 水土保持学报, 2013, 27(1): 240–246.
- [19] 高高涓,曹卫东,白金顺,等. 长期冬种绿肥改变红壤稻田土壤微生物生物量特性[J]. 土壤学报, 2015, 52(4): 902–910.
- [20] 吴立鹏,张士荣,娄金华,等. 秸秆还田与优化施氮对稻田土壤碳氮含量及产量的影响[J]. 华北农学报, 2019, 34(4): 158–166.
- [21] 郑佳舜,胡钧铭,韦翔华,等. 绿肥压青对粉垄稻田土壤微生物量碳和有机碳累积矿化量的影响[J]. 中国生态农业学报, 2021, 29(4): 691–703.
- [22] 李正,刘国顺,敬海霞,等. 翻压绿肥对植烟土壤微生物量及酶活性的影响[J]. 草业学报, 2011, 20(3): 225–232.
- [23] 杨思,杨文平,景豆豆,等. 麦后复种苜蓿压青还田改善土壤微生物群落结构[J]. 应用与环境生物学报, 2021, 27(4): 978–987.
- [24] Zhao S C, Qiu S J, Xu X P, et al. Change in straw decomposition rate and soil microbial community composition after straw addition in different long-term fertilization soils[J]. Applied Soil Ecology, 2019, 138: 123–133.
- [25] Yan S S, Song J M, Fan J S, et al. Changes in soil organic carbon fractions and microbial community under rice straw return in Northeast China[J]. Global Ecology and Conservation, 2020, 22: e00962.
- [26] 王光华,刘俊杰,于镇华,等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展[J]. 生物技术通报, 2016, 32(2): 14–20.
- [27] 李丽娜,席运官,陈鄂,等. 耕作方式与绿肥种植对土壤微生物组成和多样性的影响[J]. 生态与农村环境学报, 2018, 34(4): 342–348.
- [28] 赵文慧,马垒,徐基胜,等. 秸秆与木本泥炭短期施用对潮土有机质及微生物群落组成和功能的影响[J]. 土壤学报, 2020, 57(1): 153–164.
- [29] Fierer N, Lauber C L, Ramirez K S, et al. Comparative metagenomic, phylogenetic and physiological analyses of soil microbial communities across nitrogen gradients[J]. The ISME Journal, 2012, 6(5): 1007–1017.
- [30] 高晶晶,刘红梅,杨殿林,等. 不同耕作方式对玉米田土壤微生物功能多样性的影响[J]. 中国农学通报, 2021, 37(3): 98–104.