

稻-虾共作模式对涝渍稻田土壤微生物群落多样性及土壤肥力的影响^①

佘国涵¹, 彭成林¹, 徐祥玉¹, 赵书军¹, 徐大兵¹, 袁家富^{1*}, 贾平安², 刘军³

(1 湖北省农业科学院植保土肥研究所, 武汉 430064; 2 潜江市农技推广中心, 湖北潜江 433199;

3 湖北虾乡食品有限公司, 湖北潜江 433199)

摘要: 研究了稻-虾共作模式对涝渍稻田土壤微生物群落功能多样性及土壤肥力的影响。结果表明, 稻-虾共作模式的土壤平均颜色变化率(AWCD 值)在 0~50 cm 土层均高于中稻单作模式, 其中在 25~50 cm 土层中土壤 AWCD 值达到显著差异。0~25 cm 土层, 相对于中稻单作模式, 稻-虾共作模式的土壤微生物群落 McIntosh 指数显著增加, 且其微生物对胺类和酸类的利用率显著提高; 而 25~50 cm 土层, 稻-虾共作模式的土壤微生物群落 Shannon 指数和 McIntosh 指数均显著高于中稻单作模式, 其土壤微生物对糖类、醇类和酸类的利用率较中稻单作模式显著提高; 主成分分析表明对碳源利用主成分起分离作用的碳源为糖类和酸类。稻-虾共作模式的土壤有机碳和全氮含量在 25~50 cm 土层显著低于中稻单作模式, 其土壤有机碳和全氮含量较中稻单作模式分别下降了 41.8% 和 34.8%, 0~25 cm 土层不同模式的土壤养分无显著差异。由上可知稻-虾共作模式提高了土壤微生物的活性以及群落功能多样性, 尤其对底层土壤的影响尤为显著, 但降低了底层土壤的有机碳和全氮含量。

关键词: 稻-虾共作模式; 土壤微生物群落; 功能多样性; 土壤肥力

中图分类号: S154.3

中国南方涝渍田主要分布在沿江平原圩区、滨湖地区、临海地区、珠江三角洲以及山丘区的冲荒地等^[1]。据统计在长江中游地区中, 仅江汉平原涝渍田的面积就约达 76.7 万 hm^2 , 占该区总耕地面积的 39.4%^[2]。由于地下水位高、排水不畅, 土壤水分过多, 土质黏重, 透气性差, 土壤还原性强, 有机质分解缓慢, 从而使得涝渍田土壤耕层水、肥、气、热状况失调^[3]。

小龙虾, 学名克氏原螯虾(*Procambarus clarkii*), 隶属于甲壳纲十足目螯虾科, 是一种颇具经济价值的虾类, 具有很强的掘穴能力, 在冬夏两季营穴居生活, 成虾的洞穴深度大部分为 50~80 cm, 少部分可以达到 80~150 cm^[4-5]。稻-虾复合种养模式于 30 多年前已在美国路易斯安那州实行^[6], 但是由于小龙虾的活动降低了稻田水的浊度, 从而影响了水稻种子的萌发率, 而且小龙虾能够嚼断并摄食水稻幼苗^[7], 因此长期以来小龙虾往往视为一种稻田害虫作为防治对象^[8]。稻-虾共作模式是一种综合利用的种养模式, 即以涝

渍水田为基础, 以种稻为中心, 稻草还田养虾为特点的自然生态和人为干预相结合的复合生态系统, 该模式为每年 9—10 月份中稻收割灌水后将小龙虾苗投向稻田进行寄养, 小龙虾以被淹的稻草以及稻田中的浮游生物为食, 在次年的 5—6 月份水稻插秧前收获成熟小龙虾^[9], 而未成熟的幼虾随水迁移至稻田周围的虾沟中, 然后排水整地、移栽中稻, 待中稻分蘖后复水, 幼虾再次进入稻田生活, 在中稻收获前收获下一季成熟小龙虾, 该模式充分地利用了稻田的浅水环境和冬闲期, 把种植业和养殖业结合起来, 更好地保持了农田生态系统中物质良性循环。稻-虾共作模式目前仅在湖北省已推广近 13.3 万 hm^2 , 调查结果表明该模式平均产值比传统“稻-油轮作”模式或“稻-麦轮作”模式多收入近 4.5 万元/ hm^2 , 具有良好的和社会经济效益。

目前关于稻-虾共作模式的研究主要集中在该模式的生产技术以及经济效益等方面, 而对稻田土壤肥

基金项目: 国家科技支撑计划课题项目(2013BAD07B10)、湖北省自然科学基金项目(2015CFC894)和湖北省农业科技创新中心项目(2011-620-003-03-063)资助。

* 通讯作者(fu1682@sina.com)

作者简介: 佘国涵(1981—), 男, 河南濮阳人, 硕士, 助理研究员, 主要从事植物营养与土壤微生物方面的研究。E-mail: siguoh@qq.com

力以及土壤微生物群落功能多样性影响等方面的研究鲜有报道。本研究以湖北省稻-虾共作模式大面积推广的江汉平原为对象,通过比较稻-虾共作模式和中稻单作模式下土壤养分以及土壤微生物群落功能多样性的变化,旨在探索稻-虾共作模式对涝渍稻田土壤养分及微生物的影响,为进一步研究该模式下土壤环境过程变化提供数据支撑,同时为推广稻-虾共作模式提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

研究区域选在湖北省潜江市白鹭湖农场,地理坐标为 30°11'N、112°43'E,属江汉平原低湖区,冬季静态地下水位 40~60 cm,北亚热带季风湿润气候,年均气温 16.1℃,无霜期 246 天,年均降雨量 1 100 mm,土壤类型为湖积物发育而成的潮土性水稻土,种植制度为中稻-冬泡。

1.2 样地描述与样本采集

在研究区域内,选择稻-虾共作模式 8 年(CR8)和中稻单作模式(CR0)的田块作为采样田块。稻-虾共作模式中水稻收获后泡水养虾,稻草全量还田;中稻单作模式中水稻收获后,冬泡,不养虾,稻草不还田。在中籼稻产量达到 9 750 kg/hm²的前提下,稻-虾共作模式中籼稻的施肥量一般为每年施 N 79.5 kg/hm²、施 P₂O₅ 18.3 kg/hm² 和施 K₂O 33.4 kg/hm²,而中稻单作模式中,籼稻的施肥量一般为每年施 N 129 kg/hm²、施 P₂O₅ 24.3 kg/hm² 和施 K₂O 36.6 kg/hm²。

于 2014 年 10 月份进行土壤样品的采集,在每一种模式中随机选择 10 块具有代表性的田块,按 0~25、25~50 cm 土层采集土样。样品分两份,一份鲜土,去除植物残根和石块,混匀过 2 mm 筛,并保存在 4℃ 的冰箱中供测定生物学性状;一份风干去除植物根系、石块,研磨过 1 mm 筛后,分析土壤理化性状。

1.3 分析方法

1.3.1 土壤理化性质分析 土壤 pH 采用 1:2.5 土液比浸提法,pH 计测定;土壤有机碳含量采用重铬酸钾外加热法测定;全氮含量采用半微量开氏法测定;全磷采用钼锑抗比色法测定;火焰光度计法测定全钾含量;乙酸铵交换法测定阳离子交换量^[10]。

1.3.2 土壤微生物群落功能多样性分析 土壤微生物群落功能多样性采用 Biolog ECO 微平板法进行测定^[11]。称取过 2 mm 筛的 10 g 新鲜土壤,加入到 100 ml 0.85% (w/v) 的无菌 NaCl 溶液中,振荡 15 min 后,在超净台上用无菌的 0.85% NaCl 溶液稀释到

10⁻³,然后用 8 通道加样器分别向 Biolog ECO 板的各孔中加入 150 μl 稀释后的悬液,每个土壤样品做 3 次重复,25℃ 恒温培养,分别在 24、48、72、96、120、144、168、192 和 216 h 后测定各孔在 590 nm 波长下的光吸收值。

1.4 数据处理

1.4.1 平均颜色变化率(average well-color development, AWCD)

$$AWCD = \frac{\sum(A_i - A_{A1})}{31}$$

式中: A_i 为各反应孔在 590 nm 下第 i 孔的相对吸光度, A_{A1} 为 A1 孔的相对吸光度; $A_i - A_{A1} < 0$ 的孔均在计算中记为 0,即 $A_i - A_{A1}$ 的值均大于等于 0。

1.4.2 群落 Shannon 指数(H)

$$H = -\sum P_i \cdot \ln(P_i)$$

Shannon 指数用于评估丰富度,其中 P_i 为第 i 孔的相对吸光值与整个平板相对吸光值总和的比率。

1.4.3 群落 Simpson 指数(D)

$$D = 1 - \sum (P_i)^2$$

Simpson 指数用于评估优势度,其中 P_i 为第 i 孔的相对吸光值与整个平板相对吸光值总和的比率。

1.4.4 群落 McIntosh 指数(U)

$$U = \sqrt{\left(\sum n_i^2\right)}$$

McIntosh 指数基于群落物种多维空间距离的多样性指数,为一致性的量度,其中 n_i 是第 i 孔的相对吸光值。

1.4.5 数据统计分析 测定数据利用 Excel 进行数据初处理和制图,采用 SPSS21.0 软件进行统计方差分析。

2 结果与分析

2.1 不同稻作模式对土壤理化性质的影响

由土壤理化性质(表 1)的结果表明,随着土层深度的增加,土壤的 pH 和全钾含量呈增加的趋势,而土壤的有机碳、全氮、全磷、阳离子交换量和 C/N 比均呈下降趋势。0~25 cm 土层,相对于中稻单作模式,稻-虾共作模式的土壤有机碳和全氮均呈上升趋势,而全钾和 C/N 则呈下降趋势,但均未达到显著差异;25~50 cm 土壤,稻-虾共作模式的土壤有机碳、全氮、全磷、全钾和 C/N 比值较中稻单作模式均呈下降趋势,其中土壤有机碳和全氮含量分别下降了 41.8% 和 34.8%,达显著差异水平。

2.2 不同稻作模式下土壤 AWCD 值分析

Biolog ECO 微平板的 AWCD 值表征微生物群

表 1 不同稻作模式对土壤理化性质的影响
Table 1 Effect of different rice culture modes on soil physicochemical properties

土层 (cm)	处理	pH	有机碳 (g/kg)	全氮 (g/kg)	全磷 (g/kg)	全钾 (g/kg)	阳离子交换量 (cmol/kg)	C/N
0~25	CR0	7.30 ± 0.20 a	17.10 ± 1.78 a	2.08 ± 0.19 a	0.44 ± 0.06 a	19.45 ± 1.90 a	30.71 ± 4.48 a	8.28 ± 0.47 a
	CR8	7.38 ± 0.05 a	17.62 ± 1.27 a	2.41 ± 0.21 a	0.41 ± 0.02 a	18.47 ± 0.85 a	30.37 ± 1.03 a	7.35 ± 0.54 a
25~50	CR0	7.58 ± 0.34 a	6.65 ± 0.67 a	1.15 ± 0.13 a	0.31 ± 0.03 a	23.52 ± 1.46 a	26.72 ± 5.69 a	5.87 ± 0.69 a
	CR8	7.66 ± 0.06 a	3.87 ± 0.40 b	0.75 ± 0.06 b	0.29 ± 0.04 a	22.90 ± 2.67 a	26.46 ± 7.95 a	5.59 ± 0.46 a

注：同列数据小写字母不同表示同一土层不同处理间差异达到 $P < 0.05$ 显著水平。CR0：中稻单作模式，CR8：稻-虾共作模式 8 年，下表同。

落的碳源利用率,是土壤微生物群落利用单一碳源能力的重要指标之一,反映了土壤微生物活性、微生物群落生理功能多样性^[12]。由图 1 可知,随着培养时间延长,土壤微生物对不同碳源的利用程度逐渐提高;在 0~25 cm 和 25~50 cm 土层,培养 24~120 h 的土壤 AWCD 值的曲线斜率最大,表明此阶段土壤微生物的碳源代谢活性最高,之后进入平稳期。0~25 cm

土层,稻-虾共作模式和中稻单作模式的土壤 AWCD 值在 48 h 内差异不大,但是稻-虾共作模式的土壤 AWCD 值在 48~120 h 内高于中稻单作模式; 25~50 cm 土层,稻-虾共作模式的土壤 AWCD 值在整个培养时间内均高于中稻单作模式,这表明稻-虾共作模式较中稻单作模式增加了土壤中微生物活性,尤其在 25~50 cm 土层中其微生物活性明显增加。

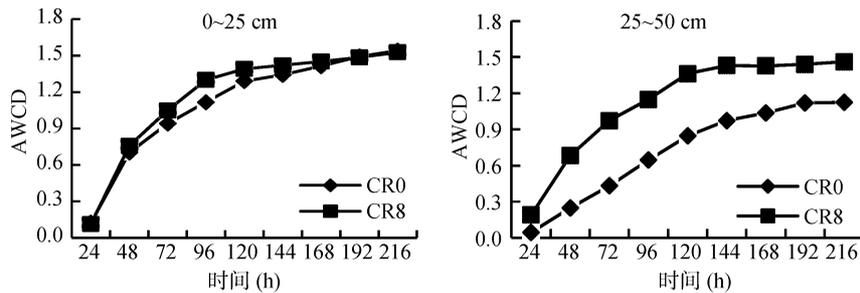


图 1 不同土层土壤微生物的 AWCD 值
Fig. 1 AWCD values of soil microbes in different soil layers

2.3 不同稻作模式下土壤微生物群落多样性分析

土壤微生物群落功能多样性是土壤微生物群落状态与功能的指标,反映土壤中微生物的生态特征^[13]。从表 2 可以看出,Biolog ECO 微平板培养 96 h 时,稻-虾共作模式的土壤 AWCD 值较中稻单作模式均有不同程度的提高,其中在 25~50 cm 土层达到了显著差异。稻-虾共作模式的土壤 AWCD 值在 0~25 cm 和 25~50 cm 较中稻单作模式分别提高了 16.1% 和 76.9%。

Shannon 指数是反映群落物种及其个体数和分布均匀程度的综合指标,受群落物种丰富度影响较

大^[14]; Simpson 指数反映了各物种种群数量的变化情况,指数越大,说明群落内物种数量分布越不均匀,优势种的地位越突出^[15],微生物多样性较差;而 McIntosh 指数则是群落物种均一性的度量,它既能反映碳源利用种类数上的差别,也能区分利用程度上的不同,即物种数(能利用的碳源数)越多且碳源利用强度越大的则 McIntosh 指数越大^[16]。0~25 cm 土层,土壤微生物群落的 Shannon 指数和 Simpson 指数在不同稻作模式中均无显著差异,但是稻-虾共作模式土壤微生物群落 McIntosh 指数显著高于中稻单作模式,可见稻-虾共作模式的土壤微生物对碳源

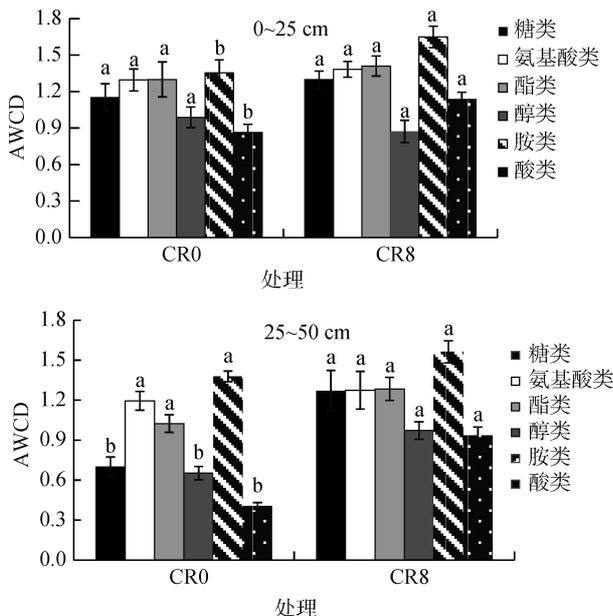
表 2 不同稻作模式下土壤微生物群落功能多样性指数
Table 2 Functional diversity index of the soil microbial community under different rice culture modes

土层(cm)	处理	AWCD (96 h)	Shannon 指数	Simpson 指数	McIntosh 指数
0~25	CR0	1.12 ± 0.06 a	3.20 ± 0.03 a	0.96 ± 0.01a	6.36 ± 0.45b
	CR8	1.30 ± 0.12 a	3.29 ± 0.07 a	0.95 ± 0.01a	7.27 ± 0.42a
25~50	CR0	0.65 ± 0.10 b	2.21 ± 0.37 b	0.96 ± 0.03a	4.71 ± 0.70b
	CR8	1.15 ± 0.14 a	3.04 ± 0.32 a	0.96 ± 0.01a	7.52 ± 0.36a

的利用率高于中稻单作模式。25~50 cm 土层,土壤微生物群落的 Simpson 指数在不同稻作模式中无显著差异,但是稻-虾共作模式的 Shannon 指数和 McIntosh 指数均显著高于中稻单作模式,这表明稻-虾共作模式下土壤中微生物的种群丰富度以及对碳源的利用率均高于中稻单作模式。

2.4 不同稻作模式下土壤微生物利用碳源分析

土壤微生物对不同碳源的利用反映了微生物的代谢功能类群^[17]。根据 Biolog ECO 微平板的碳源类型,将其 31 种碳源分为糖类、氨基酸类、酯类、醇类、胺类和酸类等 6 类,分析 96 h 时不同稻作模式下微生物利用碳源的 AWCD 值的变化。由图 2 可知,随着土层的加深,稻-虾共作模式中土壤微生物除醇类外,其他碳源的利用率均呈降低趋势,其中 25~50 cm 土层的微生物利用糖类、氨基酸类、酯类、胺类和酸类的 AWCD 值较 0~25 cm 土层分别降低了 2.1%、7.9%、9.0%、5.2% 和 17.6%;中稻单作模式中土壤微生物除对胺类的利用率升高外,其他碳源的利用率均随着土层的加深呈降低趋势,其中 25~50 cm 土层的微生物利用糖类、氨基酸类、酯类、醇类和酸类的 AWCD 值较 0~25 cm 土层分别降低了 39.1%、7.7%、21.2%、34.0%、53.1%,可见稻-虾共作模式提高了底层土壤中微生物利用糖类、酯类、醇类和酸类等碳源的能力。0~25 cm 土层,稻-虾共作模式的土壤中微生物对糖类、氨基酸类、酯类和醇类等碳源的利用率与中稻单作模式无



(图中小写字母不同表示同一碳源不同处理间差异达到 $P < 0.05$ 显著水平,下同)

图 2 土壤微生物利用不同种类碳源情况

Fig. 2 Status of different carbon sources utilized by soil microbes

显著差异,但是对胺类和酸类的利用率较中稻单作模式显著提高。25~50 cm 土层,稻-虾共作模式的土壤微生物对 6 类碳源的利用率较中稻单作均有升高的趋势,其中对糖类、醇类和酸类的利用率达到显著水平。

2.5 不同稻作模式下土壤微生物利用碳源主成分分析

根据培养 96 h 土壤微生物利用单一碳源的 AWCD 值,对不同土壤微生物利用单一碳源特性进行主成分分析,31 个主成分因子中前 11 个因子方差贡献率达 100%,其中第一主成分(PC1)的方差贡献率为 36.64%,第二主成分(PC2)的方差贡献率为 15.29%,第 3~11 主成分贡献率较小,为 1.66%~10.98%。从中选取累计方差贡献率为 51.93% 的前两个主成分 PC1 和 PC2 进行微生物群落功能多样性分析。从图 3 可知,不同处理在主成分坐标体系中差异十分明显,即土壤微生物群落功能多样性差异明显。PC1 将中稻单作模式不同土层深度的土壤微生物群落明显区分,而 PC2 将稻-虾共作模式不同土层深度的土壤微生物群落明显区分。第一和第二主成分得分系数与微生物对 31 种碳源利用率相关分析结果表明,对土壤微生物群落 PC1 起分异作用的主要碳源分别为土温 40 ($r = 0.900$)、D-甘露醇($r = 0.861$)、肝糖($r = 0.814$)、D-氨基葡萄糖酸($r = 0.810$)、衣康酸($r = 0.819$)、葡萄糖-1-磷酸盐($r = 0.819$);对 PC2 起分异作用的主要碳源为 D-纤维二糖($r = 0.741$)。由此可以看出,对 PC1 和 PC2 起分异作用的主要碳源分别是糖类和酸类。

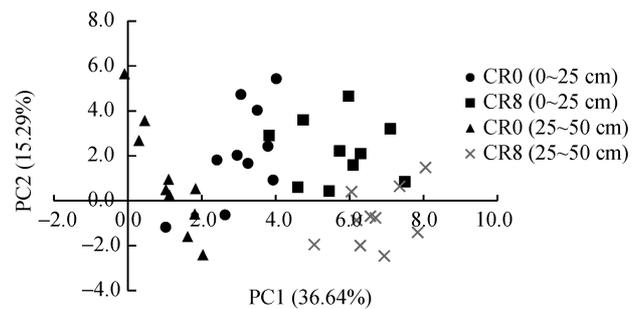


图 3 土壤微生物利用碳源的主成分分析

Fig. 3 The principal components of carbon sources utilized by soil microbes

3 讨论

稻-虾共作模式改变了涝渍稻田生态系统中物质的循环过程,必将对土壤的理化及生物性状产生影响。本研究结果表明,0~25 cm 土层,稻-虾共作模式的土壤有机碳和全氮含量较中稻单作模式有升高

的趋势,这可能是由于中稻单作模式仅依靠水稻的残留根茬还田弥补土壤有机碳的损失,致使土壤有机碳处于长期消耗状态,而在稻-虾共作模式中,小龙虾以全量还田的稻草为食,快速分解水稻秸秆并排泄粪便进入土壤,有效补充和提高了土壤有机碳和全氮的含量。这与展茗等^[18]的稻鸭共作模式对土壤有机碳的影响研究结果一致。

底栖动物的掘穴行为改变了土壤的理化性状,加快了有机物质在有氧和厌氧界面的交换过程,从而使土壤厌氧底层中相对难降解的有机物逐渐被好氧微生物降解,显著影响了土壤中有机碳的转化^[19-20]。Fanjul 等^[21]研究表明螃蟹的掘穴行为提高了沼泽地沉积物中有机质的质量以及生物有效性,增加了易分解有机碳的比例,加快了有机碳的矿化作用,但降低了沉积物中碳的储备能力。本研究表明,稻-虾共作模式的土壤有机碳和全氮含量在 25 ~ 50 cm 土层中显著低于中稻单作模式,这可能是由于在稻-虾共作模式下,小龙虾的掘穴打洞活动打通了涝渍稻田的表层和底层,使水中的养分物质和溶解氧到达土壤底层,扰动了土壤氧化还原界面,改变了底层土壤微生物的群落结构和组成,加快了底层土壤有机质的矿化,提高了养分物质释放量。

底栖动物通过掘穴、觅食等生物扰动改变了营养物质以及氧气的供应,影响着微生物的群落结构、多样性和功能^[22],而微生物功能多样性能够反映土壤质量指标信息,可作为评价土壤质量变化的敏感参数。本研究表明,稻-虾共作模式的土壤 AWCD 值在 0 ~ 25 cm 和 25 ~ 50 cm 土层均大于中稻单作模式,稻-虾共作模式的土壤微生物群落 McIntosh 指数在 0 ~ 25 cm 土层显著高于中稻单作模式,而 25 ~ 50 cm 土层,稻-虾共作模式的土壤微生物群落 Shannon 指数和 McIntosh 指数均显著高于中稻单作模式,这表明稻-虾共作模式下土壤中微生物活性以及功能多样性指数均呈不同程度的提高,且对 25 ~ 50 cm 土层的影响更加显著,这可能是由于在涝渍稻田中,由于地下水位较高,底层土壤出现潜育化,土壤透气性差,还原性强,有机质分解缓慢^[3],但是在稻-虾共作模式中小龙虾通过掘穴作用,提高了土壤的透气性,降低了土壤还原性以及 C/N,从而提高了土壤微生物的活性以及功能多样性。

微生物群落多样性反映了群落总体的变化,但未能反映微生物群落组成的详细信息^[23]。研究微生物群落对不同碳源利用能力的差异,可深入了解微生物群落的功能。本研究表明,稻-虾共作模式与中稻单作模式在 0 ~ 25 cm 和 25 ~ 50 cm 土层的土壤微生物

对各类碳源的利用率差异很大,这说明稻-虾共作模式对土壤微生物的群落组成影响很大。淹水条件下水稻土中积累的有机酸不仅对水稻根系发育具有抑制作用,影响水稻的生长^[24],而且可被微生物作为有效碳源转化为 CH₄ 等气体^[25]。本研究表明,稻-虾共作模式的土壤 0 ~ 50 cm 土层土壤微生物利用酸类的能力均显著高于中稻单作模式,这表明稻-虾共作模式下土壤微生物能够快速代谢土壤中累积的有机酸,从而有利于水稻的生长,可能降低 CH₄ 的排放量。25 ~ 50 cm 土层,稻-虾共作模式的土壤微生物利用糖类和醇类的能力均显著高于中稻单作模式,这可能与底层土壤中有机碳转化率提高有关。

Biolog 技术是快速测定土壤微生物群落功能代谢多样性的一种潜在有效手段,但该技术本身存在局限性,它表征的仅仅是土壤中生长快速或富营养微生物的活性,而不能反映土壤中生长缓慢或不可培养微生物活性^[26]。因此采用 Biolog 技术解析的只能是土壤中部分微生物群落特征,要全部解析土壤微生物群落结构还需要结合其他的研究手段,同时应进一步研究产生其土壤剖面代谢差异的微生物种类,将碳源利用速率与根际环境中实际存在的碳源有效性联系起来,以完善该技术在稻田土壤环境研究中的应用。

4 结论

1) 0 ~ 25 cm 土层,稻-虾共作模式的土壤有机碳和全氮较中稻单作土壤有升高趋势,而全钾和 C/N 有降低趋势;25 ~ 50 cm 土层,稻-虾共作模式的土壤有机碳、全氮、全磷、全钾和 C/N 较中稻单作均有下降趋势,其中有机碳和全氮达到显著差异。

2) 稻-虾共作模式的土壤 AWCD 值在 0 ~ 25 cm 和 25 ~ 50 cm 土层均高于中稻单作土壤,且其中 25 ~ 50 cm 土层土壤的 AWCD 值达到显著差异。0 ~ 25 cm 土层,稻-虾共作模式的土壤微生物群落 McIntosh 指数显著高于中稻单作模式,而 25 ~ 50 cm 土层稻-虾共作模式的土壤微生物群落 Shannon 指数和 McIntosh 指数均显著高于中稻单作模式。

3) 稻-虾共作模式提高了底层土壤中微生物利用糖类、酯类、醇类和酸类等碳源的能力;0 ~ 25 cm 土层,稻-虾共作模式的土壤微生物对胺类和酸类的利用率较中稻单作模式显著提高,而 25 ~ 50 cm 土层,稻-虾共作模式的土壤微生物对土壤中糖类、醇类和酸类等碳源的利用率显著高于中稻单作模式。主成分分析结果表明,不同稻作模式下土壤微生物群落功能多样性差异明显,对碳源利用主成分起分异作用的主要是糖类和酸类。

参考文献：

- [1] 温季, 王全九, 郭树龙, 等. 淮北平原涝渍兼治的组合排水形式与工程设计[J]. 西南理工大学, 2009, 25(1): 110-112
- [2] 李必华, 刘百韬, 李正浩, 等. 江汉平原涝渍地域分异规律研究[J]. 长江流域资源与环境, 2003, 12(3): 285-288
- [3] 龚子同, 张效朴, 韦启璠. 我国潜育性水稻土的形成、特性及增产潜力[J]. 中国农业科学, 1990, 23(1): 45-53
- [4] 唐鑫生. 克氏原螯虾[J]. 生物学通报, 2001, 35(9): 19-20
- [5] 龚世园, 李浪平, 吕建林, 等. 克氏原螯虾掘洞行为研究[J]. 淡水渔业, 2007, 37(6): 3-7
- [6] Chien Y H, Avault J W. Production of crayfish in rice fields[J]. The Progressive Fish-Culturist, 1980, 42(2): 67-71
- [7] Anastácio P M, Marques J C. Crayfish, *Procambarus clarkia*, effects on initial stages of rice growth in the lower Mondego River calley (Portugal)[J]. Freshwater Crayfish, 1997, 11: 608-617
- [8] Cabral J A, Marques J C, Nielsen S N. Modeling mosquitofish (*Gambusia holbrooki*) responses to Genapol OXD-080, a non-ionic surfactant, in rice fields[J]. Ecological Engineering, 2001, 16(4): 537-544
- [9] McClain W R, Romaine R P. Crayfish culture: A louisiana aquaculture success story[J]. World Aquaculture, 2004, 35: 31-35
- [10] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000: 146-190
- [11] Schutter M, Dick R. Shift in substrate utilization potential and structure of soil microbial communities in response to carbon substrates[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2001, 33: 1 481-1 491
- [12] 张红, 吕家琰, 曹莹菲, 等. 不同植物秸秆腐解特征与土壤微生物功能多样性研究[J]. 土壤学报, 2014, 51(4): 743-746
- [13] 周德平, 褚长彬, 范洁群, 等. 不同种植年限设施芦笋土壤微生物群落结构与功能研究[J]. 土壤, 2014, 46(6): 1 076-1 082
- [14] 李忠佩, 吴晓晨, 陈碧云. 不同利用方式下土壤有机碳转化及微生物群落功能多样性变化[J]. 中国农业科学, 2007, 40(8): 1 712-1 721
- [15] 孟庆杰, 许艳丽, 李春杰, 等. 不同植被覆盖对黑土微生物功能多样性的影响[J]. 生态学杂志, 2008, 27(7): 1 134-1 140
- [16] 徐秋芳, 姜培坤, 王奇赞, 等. 绿肥对集约经营毛竹林土壤微生物特性的影响[J]. 北京林业大学学报, 2009, 31(6): 43-48
- [17] 程存刚, 赵德英, 吕德国, 等. 植物源有机物料对果园土壤微生物群落多样性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2014, 20(4): 913-922
- [18] 展茗, 曹凑贵, 江洋, 等. 不同稻作模式下稻田土壤活性有机碳变化动态[J]. 应用生态学报, 2010, 21(8): 2 010-2 016
- [19] Fanjul E, Grela M A, Iribarne O. Effect of the dominant SW Atlantic intertidal burrowing crab *Chasmagnathus granulatus* on sediment chemistry and nutrient distribution[J]. Marine Ecology Progress Series, 2007, 341: 177-190
- [20] Kristensen E, Penha-Lopes G, Delefosse M, et al. What is bioturbation? The need for a precise definition for fauna in aquatic sciences[J]. Marine Ecology Progress Series, 2012, 446: 285-302
- [21] Fanjul E, Escapa M, Montemayor D, et al. Effect of crab bioturbation on organic matter processing in South West Atlantic intertidal sediments[J]. Journal of Sea Research, 2015, 95: 206-216
- [22] Laverock B, Tait K, Gilbert J A, et al. Impact of bioturbation on temporal variation in bacterial and archaeal nitrogen-cycling gene abundance in coastal sediments[J]. Environmental Microbiology Reports, 2014, 6(1): 113-121
- [23] Kennedy A C, Smith K L. Soil microbial diversity and the sustainability of agricultural soils[J]. Plant and Soil, 1995, 170: 75-86
- [24] Rao D N, Mikkelsen D S. Effect of rice straw additions on production of organic acids in a flooded soil[J]. Plant and Soil, 1977, 47: 303-311
- [25] Jones D L, Darrah P R. Role of root-derived organic acids in the mobilization of nutrients from the rhizosphere[J]. Plant and Soil, 1994, 166: 247-257
- [26] Konopka A, Oliver L, Turco R F. The use of carbon substrate utilization patterns in environmental and ecological microbiology[J]. Microbial Ecology, 1998, 35(2): 103-115

Effects of Rice-crayfish Integrated Mode on Soil Microbial Functional Diversity and Fertility in Waterlogged Paddy Field

SI Guohan¹, PENG Chenglin¹, XU Xiangyu¹, ZHAO Shujun¹, XU Dabing¹,
YUAN Jiafu^{1*}, JIA Ping'an², LIU Jun³

(1 *Plant Protection and Soil Fertilizer Institute, Hubei Academy of Agricultural Sciences, Wuhan 430064, China*; 2 *Qianjiang Agro-Technology Extension Center, Qianjiang, Hubei 433199, China*; 3 *Hubei Shrimp Township Food Company, Qianjiang, Hubei 433199, China*)

Abstract: The effects of rice-crayfish integrated mode on the soil microbial community functional diversity and soil fertility in waterlogged paddy field were investigated. The results indicated that the average well color development values (AWCD) of rice-crayfish integrated mode were higher than these of semi-late rice monoculture mode in 0–50 cm soil layer, and soil AWCD values of the former mode were significant greater than these of the letter mode in 25–50 cm soil layer. Compared with the semi-late rice monoculture mode, the rice-crayfish integrated mode significantly increased McIntosh index and utilization of amines and acids by soil microorganisms in 0–25 cm soil layer, and the mode also significantly increased Shannon index, McIntosh index and utilization of sugars, alcohols and acids by soil microorganisms in 25–50 cm soil layer. The principal component analysis suggested that the differentiations of soil microbial communities were mainly caused by sugars and acids. Soil carbon and total nitrogen of the rice-crayfish integrated mode were significantly lower than these of the semi-late rice monoculture mode in 25–50 cm soil layer, and the soil carbon and total nitrogen were decreased by 41.8% and 34.8%, respectively, in the rice-crayfish integrated mode compared with the semi-late rice monoculture mode. But there were no significant differences in soil nutrients between the two culture modes in 0–25 cm soil layer. Therefore, the rice-crayfish integrated mode increased the activity and functional diversity of soil microbial community, especially for sub soil, while decreased the contents of soil carbon and total nitrogen in sub soil.

Key words: Rice-crayfish integrated mode; Soil microbial community; Functional diversity; Soil fertility