

网络出版时间:2018-05-25 09:43

DOI:10.13207/j.cnki.jnwafu.2018.11.008

网络出版地址:http://kns.cnki.net/kcms/detail/61.1390.S.20180525.0939.016.html

增氧条件下施用有机肥对水稻土壤微生物的影响

张立成^a, 胡德勇^b, 杨敬林^b, 张文萍^b, 肖卫华^{a,b}

(湖南农业大学 a 资源环境学院, b 工学院, 湖南 长沙 410128)

【摘要】【目的】研究增氧对施用有机肥水稻土壤中微生物数量和群落结构的影响。【方法】采用盆栽水稻试验,设计了施用有机肥和增氧 2 个因素,其中施用有机肥因素设施用绿肥紫云英、施用农家肥干牛粪以及不施肥 3 个水平,增氧因素设加氧和不加氧 2 个水平,共计有加氧施用绿肥、不加氧施用绿肥、加氧施用农家肥、不加氧施用农家肥和不加氧且不施肥(对照)5 个处理,分别编号为 OG、G、OF、F、CK,每处理 6 个重复。将有机肥与土壤混匀后,称取 15 kg 放入试验桶中,于水稻苗移栽 3 d(返青后)开始进行加氧处理,直至水稻收获后停止。于水稻成熟收割期选取不同土层深度的土壤样品,测定不同处理组微生物数量,并进行磷脂脂肪酸(PLFA)生物标记分析。【结果】增氧和施用有机肥的各处理组 0~15 cm 土层微生物数量与 CK 存在明显差异,施用农家肥处理能够提高土壤细菌、真菌和放线菌数量;施用绿肥处理能够提高土壤细菌和放线菌的数量,但使真菌数量有所下降。与不加氧处理相比,加氧处理均能够增加施肥土壤中各类微生物的数量。PLFA 生物标记分析显示,共检测到 32 种特定标记的 PLFA,但其中只有 17 种 PLFA 含量大于 0.01 nmol/g,这 17 种 PLFA 指示的土壤微生物包括革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌、细菌、真菌、放线菌和原核生物。各个处理组土壤微生物群落结构存在明显差异,OG 和 OF 处理组 PLFA 总量均显著大于 G、F 处理组和 CK。CK 组微生物群落主要受真菌和细菌的影响,F 处理组微生物群落受革兰氏阳性菌和革兰氏阴性菌的影响,OF、OG 和 G 处理组微生物群落主要受放线菌的影响。【结论】增氧处理可以增加施有机肥土壤的微生物数量,影响土壤微生物群落结构。

【关键词】 水稻土壤;增氧;有机肥;微生物;群落结构

【中图分类号】 S154.3

【文献标志码】 A

【文章编号】 1671-9387(2018)11-0055-08

Effects of organic fertilizer on paddy soil microorganism under aerobic conditions

ZHANG Licheng^a, HU Deyong^b, YANG Jinglin^b, ZHANG Wenping^b, XIAO Weihua^{a,b}

(a Resources and Environments College, b Engineering College, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China)

Abstract:【Objective】This study investigated the effects of oxygen on microbial population and community structure in paddy soil with organic fertilizer.【Method】This study adopted pot experiment of rice with two factors of oxygen and organic fertilizer. Organic fertilizer applications included the use of green manure in milk vetch, farmyard manure in dry cow dung and no fertilizer applied, and oxygen applications included with oxygen and without oxygen. A total of five treatments oxygen with green manure, only with green manure, oxygen with farmyard manure, only with farmyard manure, and without oxygen and fertilizer treatment (control), with the codes of OG, G, OF, F, and CK were used and each treatment had six repeats. After mixing the organic manure with soil, 15 kg mixture was transferred to each pot and the oxygen started three days after rice seeding while ended after harvest. The soil samples of different soil depth were se-

【收稿日期】 2017-08-04

【基金项目】 国家自然科学基金项目(31401951);湖南省自然科学基金项目(2017JJ3117)

【作者简介】 张立成(1987—),男,湖南邵阳人,在读博士,主要从事农业环境土壤多样性研究。E-mail:zlc730@163.com

【通信作者】 肖卫华(1980—),女,湖南邵阳人,副教授,在职博士,主要从事农业水利工程与植物营养研究。

E-mail:xiaowh510@sina.cn

lected in the mature period of rice, the microbial quantity was determined and the biomarker analysis of phospholipid fatty acid (PLFA) was carried out. 【Result】 The number of microorganism at soil layer of 0—15 cm of organic fertilizer treatment group was significantly different from that of CK, and the application of farmyard manure could improve the numbers of bacteria, fungi and actinomycetes in soil. The application of green manure treatment increased the numbers of bacteria and actinomycetes in soil, but decreased the number of fungi. Compared with un-oxygenated treatment, aerobic treatment can promote the increase of microbial populations in soil. A total of 32 specific markers of PLFA were detected, but only 17 had contents more than 0.01 nmol/g. The 17 PLFAs markers included Gram-positive bacteria, Gram-negative bacteria, bacteria, fungi, actinomycetes and prokaryotes. There were significant differences in soil microbial community structure of each treatment group. The total numbers of PLFA in OG and OF treatment groups were significantly greater than that of G, F and CK. Microbial communities of CK were mainly affected by fungi and bacteria, microbial communities of F were affected by Gram-positive bacteria and Gram-negative bacteria, and OF, OG and G groups were mainly affected by actinomycetes. 【Conclusion】 Aerobic treatment can increase the microbial populations in soil and affect the microbial community structure of soil.

Key words: paddy soil; adding oxygen; organic fertilizer; microorganism; structure of cluster

增氧灌溉是近年来提出的一项新的灌溉技术,其主要目的是解决土壤透气性差、氧气含量不足的问题^[1-2]。另外有研究发现,增氧灌溉有益作物生长,并能提高根系活力,增强根系的养分吸收能力^[3]。饶晓娟等^[4]研究表明,水中增氧对水培棉的生长有明显的促进作用,并且能够增强棉花对氮、磷、钾的吸收。前人在增氧灌溉应用于旱地作物油菜、马铃薯、烟草等试验中均发现,增氧能使作物根系趋于发达,经济产量增高^[5-7]。氮、磷、钾是作物生长的主要营养元素,土壤种植作物后每年将会有大量的营养元素被作物吸收,因而土壤中营养元素会逐年减少^[8]。为了满足作物对营养元素的需求,人们不断向土壤中施加化肥以弥补营养元素减少造成的肥力亏缺,但是大量施用化肥易造成土壤板结或出现次生盐碱化现象^[9]。施用农家畜禽粪便堆肥和绿肥等有机肥也能够补充土壤的氮、磷、钾元素,提高土壤肥力,但其肥效低于化肥,因此作物生长过程中对该类肥料的利用率不高^[10]。这是由于有机肥中的各类肥料元素含量虽较高,但都以有机态的形式存在,因此很难被作物直接吸收利用。有机肥在土壤上要经有机态转化成无机态才能成为有效态的肥料,这个转化过程与土壤中的微生物息息相关^[11-12]。土壤中不同功能的微生物菌种分解不同有机态肥料元素,目前已从土壤中分离出溶磷菌、解钾菌和固氮菌等对肥效元素起主要转化作用的微生物菌类^[13]。不同功能类微生物在土壤中的生长环境不同,土壤微生物按照氧气需求条件可以分为好氧菌、厌氧菌和兼性好氧厌氧菌三大类。土壤中的细菌、

真菌和放线菌的数量及其多样性可以反映土壤环境的生态功能和土壤质量^[14]。土壤中氧气含量变化会引起土壤中微生物生长状况的改变^[15],目前关于土壤增氧对施有机肥土壤微生物的影响研究尚鲜有报道。土壤微生物的生物量、群落结构与土壤有机质和土壤肥力密切相关,本研究以土壤微生物量和群落结构特征为切入点,研究土壤增氧和施加有机肥对土壤微生物的影响,以期从土壤微生物方面了解增氧对作物生长的影响机理。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验于 2016 年 3 月在湖南农业大学土肥资源高效利用国家实验室中心试验站(E113°04'50", N28°11'12")的透光大棚中进行。试验地属于亚热带季风气候,光照充足,平均日温 13.6℃,大棚四周设有通风设施,棚内环境与自然环境相近。试验土壤取自湖南农业大学耘园试验基地,为第四纪发育的红黄泥,是南方丘陵地貌的典型土壤。土壤全氮、全磷、全钾含量分别为 1.34, 0.25, 35.56 g/kg, 碱解氮、速效磷、速效钾含量分别为 70.51, 36.70, 117.13 mg/kg, 有机质含量为 16.91 g/kg, pH 值 6.03, 土壤肥力中等。

1.2 供试材料

水稻品种为“深两优 5814”,由湖南亚华种业有限公司提供。

绿肥紫云英的主要成分(质量分数)为:纤维素 2.94%,蛋白质 2.36%,糖类 4.18%,可溶性盐类化

合物0.61%。农家肥干牛粪的主要成分(质量分数)为:有机质 14.50%,粗纤维 43.60%,粗蛋白 13.74%,粗脂肪 1.65%,硝酸盐和磷酸盐等化合物 1.29%。

1.3 试验设计

试验采用盆栽种植水稻方法,设计了施用有机肥和增氧 2 个因素,其中施用有机肥因素包括施用绿肥紫云英、施用农家肥干牛粪以及不施肥 3 个水平,增氧因素包括加氧和不加氧 2 个水平,共计 5 个处理:加氧施用绿肥处理、不加氧施用绿肥处理、加氧施用农家肥处理、不加氧施用农家肥和不加氧且不施肥处理(对照),编号分别为 OG、G、OF、F、CK,每处理 6 个重复。将试验土壤经自然风干后过孔径 0.5 cm 筛网,将有机肥与过筛后土壤按一定比例混合,其中绿肥鲜质量与土壤的质量比为 1:20,干牛粪与土壤的质量比为 1:160,将有机肥与土壤混匀后,称取 15 kg 放入试验桶(试验桶下底直径 30 cm,上底直径 35 cm,高 40 cm)中。加氧处理方式:在试验桶中预先埋置带孔通气管,将通气管与通气泵相连接并用定时器控制 2 h 通气 1 次,每次通气 4 min,全天进行。通气管铺设时采用塑料软管将其一端扎紧,另一端与通气泵相连,从扎紧端起每隔 10 cm 打孔,均匀沿软管打 10 个小孔,然后用纱布缠绕小孔防止泥土堵塞,将带孔软管沿盆四周从底部向上螺旋上升铺设,使土壤中各土层之间通气量均匀。水稻苗移栽 3 d 返青后开始进行加氧处理,直至水稻收获后停止。于 2016 年 3 月 5 日开始种植水稻,7 月 20 日收获。水稻收割时开始采集土壤样品,取土壤样品时,用带刻度的取土器插入不同深

度土层,分别采集 0~5,5~10,10~15,15~20,20~25,25~30 cm 土层的非根际土样。

1.4 测定指标及方法

土壤微生物数量测定应用稀释菌悬液涂平板法进行:(1)细菌采用牛肉蛋白琼脂固态培养基培养,土壤悬浊液的梯度稀释度为 10^{-3} , 10^{-4} , 10^{-5} , 10^{-6} 。(2)真菌采用马丁氏培养基培养,土壤悬浊液的梯度稀释度为 10^{-2} , 10^{-3} , 10^{-4} 。(3)放线菌采用改良高氏 1 号培养基,悬浊液浓度采用 10^{-3} , 10^{-4} 稀释度^[16]。土壤微生物群落分析采用磷脂脂肪酸(PLFA)标记,根据质谱图分析,以 PLFA19:0 为内标物进行定量分析,应用气相色谱质谱仪(GS-MS)对细菌、真菌、放线菌、革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌含量以及 PLFA 总量进行测定^[17-18]。

1.5 数据处理与分析

试验检测获得的数据取 6 个重复的平均值,用 Excel 2010 软件整理,利用 Origin 8.0 进行主成分分析,用 Canoco 4.5 进行冗余分析,用 SPSS 19.0 软件进行数据统计分析,用 Duncan's 新复极差法进行多重比较。主成分分析是对多个变量进行降维处理,以确定土壤微生物的主要影响因素,冗余分析是对土壤微生物之间的相关性进行比较分析。

2 结果与分析

2.1 增氧条件下施用有机肥对不同土层微生物数量的影响

土壤微生物数量是反映土壤生物化学活性的一个重要指标。增氧条件下施用有机肥对不同土层土壤细菌、真菌和放线菌数量的影响见图 1~3。

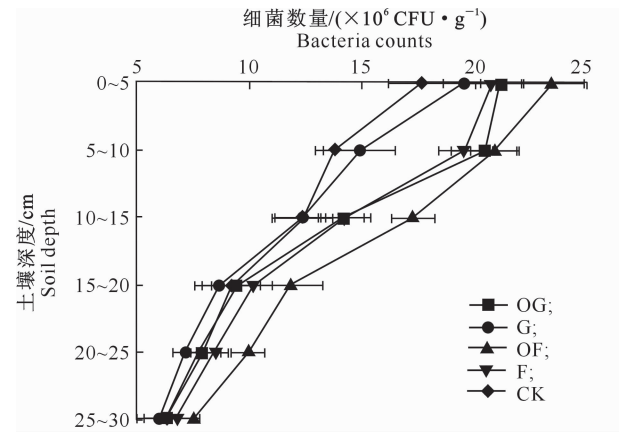


图 1 增氧条件下施用有机肥对不同土层细菌数量的影响
Fig. 1 Soil bacteria counts at different soil depths under oxygenation

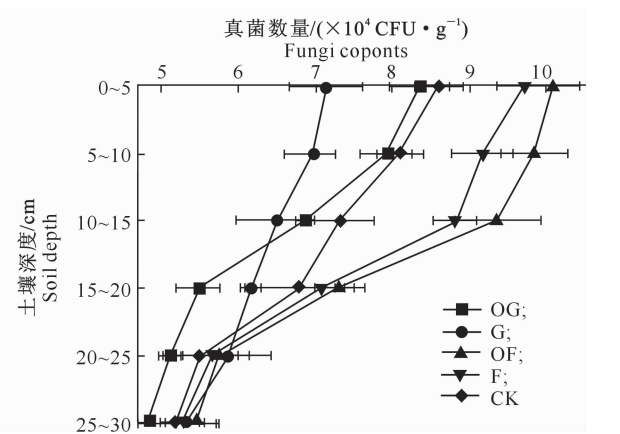


图 2 增氧条件下施用有机肥对不同土层真菌数量的影响
Fig. 2 Soil fungi counts at different soil depths under oxygenation

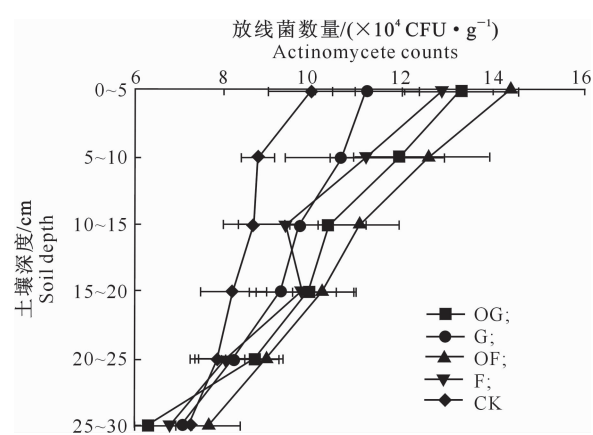


图 3 增氧条件下施用有机肥对不同土层放线菌数量的影响
Fig. 3 Soil actinomycete counts at different soil depths under oxygenation

图1~3 显示,土壤细菌、真菌和放线菌数量随土层深度的增加总体呈下降趋势,说明土壤中的微生物主要集中在土壤表层。土壤表层较多的有机物质及充足的空气和水分可为微生物生长提供良好的环境条件和碳源等营养元素。

图 1 显示,在 0~15 cm 土层,OG 和 OF 处理组土壤细菌数量较高;15~30 cm 土层,OF 和 F 处理组土壤细菌数量较高;而 0~30 cm 土层,OF 处理组土壤的细菌数量均高于其他处理组,可知在加氧条件下,施用农家肥相对施绿肥处理更能提高土壤细菌数量。随着土层深度的增加,各个处理组土壤细菌数量逐渐趋近相同水平,增氧处理对土层深度大于 20 cm 土壤的细菌数量无显著影响。

图 2 表明,0~15 cm 土层 G 处理组以及 15~

30 cm 土层 OG 处理组土壤真菌数量均低于其他处理组,可知施加绿肥会降低土壤真菌数量。这是因为绿肥腐化产物中包含胡敏酸和富里酸等有机化合物,这些酸类化合物不利于真菌类微生物生长。在 0~25 cm 土层,OF 和 F 处理组土壤真菌数量均高于其他处理组,且 OF 处理组真菌数量大于 F 处理组。表明施用农家肥可显著提高土壤真菌数量,这是由于农家肥本身含有的真菌数量较大,增氧处理更利于这些真菌类微生物的繁殖;在 25~30 cm 土层,OG、G、OF、F、CK 处理组土壤真菌数量差异较小。

图 3 显示,在 0~25 cm 土层,OG 和 OF 处理组土壤放线菌数量均高于 G、F 处理组,表明施用有机肥后增氧处理能够提高土壤放线菌的数量;在 25~30 cm 土层,OG、G、OF、F、CK 处理组土壤放线菌数量差异较小。在 0~25 cm 土层,OG、G、OF、F 处理组的土壤放线菌数量均高于 CK,表明加氧及施用有机肥均能增加土壤放线菌数量。

2.2 增氧条件下施用有机肥对微生物群落 PLFA 含量的影响

土壤微生物群落分析时,将 5 个处理组的各土层深度土壤混匀过孔径 2 mm 筛网后作为待测样品,以 PLFA19:0 为内标物进行定量分析,结果共检测到 32 种特定标记的 PLFA,但其中只有 17 种 PLFA 的含量大于 0.01 nmol/g,故本研究只分析了 OG、G、OF、F 和 CK 处理组这 17 种 PLFA 的含量,结果见表 1。

表 1 增氧条件下施用有机肥对不同土壤 PLFA 含量的影响

Table 1 Effect of organic fertilizers under oxygenation on soil PLFA concentration			nmol/g				
编号 No.	磷脂脂肪酸 PLFA	微生物类型 Types of microorganism	OG	G	OF	F	CK
1	i15:0	革兰氏阳性菌 Gram-positive bacteria	3.634	2.865	4.769	4.162	3.251
2	16:0	细菌 Bacteria	0.765	0.542	0.982	0.683	0.463
3	16:1ω9c	革兰氏阴性菌 Gram-negative bacteria	1.336	1.341	1.763	1.544	1.462
4	18:1ωt	革兰氏阴性菌 Gram-negative bacteria	0.036	0.024	0.051	0.042	0.027
5	16:1ω7	真菌 Fungi	0.832	0.635	0.672	0.513	0.482
6	10Me16:0	放线菌 Actinomycete	0.927	0.812	0.712	0.643	0.536
7	18:3ω6	真菌 Fungi	1.087	0.873	1.984	1.671	0.736
8	cy17:0	细菌 Bacteria	5.484	4.285	3.829	2.925	2.738
9	16:1ω5c	革兰氏阴性菌 Gram-negative bacteria	0.272	0.187	0.325	0.264	0.161
10	a19:0	革兰氏阳性菌 Gram-positive bacteria	0.088	0.073	0.106	0.092	0.067
11	17:1ω6	细菌 Bacteria	1.673	1.152	1.734	1.339	1.406
12	10Me18:0	放线菌 Actinomycete	0.528	0.431	0.706	0.664	0.358
13	18:2ω6	真菌 Fungi	0.457	0.293	0.734	0.603	0.515
14	20:3ω6	原核生物 Prokaryote	0.032	0.021	0.026	0.074	0.073
15	i17:0	革兰氏阳性菌 Gram-positive bacteria	0.329	0.264	0.357	0.261	0.176
16	15:0	细菌 Bacteria	4.586	4.034	3.563	2.836	2.412
17	18:1ω7c	革兰氏阴性菌 Gram-negative bacteria	0.745	0.631	0.946	0.837	0.504

表 1 中,特定脂肪酸的排列为碳的数目、双键的数目,随后跟随双键的位置,其中 c 和 t 分别表示顺式和反式脂肪酸(cis/trans-fatty acids),a 和 i 分别指反异支链脂肪酸及异式支链脂肪酸(Trans/het-ero-branched fatty acids),cy 表示环状支链脂肪酸(annular branched fatty acids),10Me 表示第 10 个碳原子的甲基(methyl), ω 表示脂肪酸的甲基第 1 个双键的位置。表 1 显示,17 种 PLFA 指示的土壤微生物包括革兰氏阳性菌(i15:0、a19:0、i17:0)、革兰氏阴性菌(16:1 ω 9c、18:1 ω t、16:1 ω 5c、18:1 ω 7c)、细菌(16:0、cy17:0、17:1 ω 6、15:0)、真菌(16:1 ω 7、18:3 ω 6、18:2 ω 6)、放线菌(10Me16:0、10Me18:0)和原核生物(20:3 ω 6)。5 个处理组土壤样品中含量较高的 PLFA 均为 cy17:0、15:0、i15:0、16:1 ω 9c、18:3 ω 6、17:1 ω 6,说明含有这些脂肪酸的微生物在土壤中占优势。以上 6 种 PLFA 含量在不同处理组中存在差异,其中 CK 处理组细菌和真菌类微生物含量均较低,土壤中优势类微生物的检测结果说明,加氧和施肥处理可增加土壤微生物的数量。

2.3 增氧条件下施用有机肥对微生物群落结构的影响

由表 2 可知,各类微生物类群 PLFA 总量均以

细菌含量最高,其次是革兰氏阳性菌,放线菌含量最低,表明细菌在土壤微生物类群中占有明显的优势。从不同处理土壤微生物类群的 PLFA 总量看,OG 处理组显著大于 G 处理组,OF 处理组显著大于 F 处理组;5 个处理组中,OG 和 OF 处理组均较高,G 和 F 处理组次之,且以上 4 组均显著高于 CK。从土壤细菌含量看,OG 处理组显著大于 G 处理组,OF 处理组显著大于 F 处理组,但是 OG、G、OF 处理组均显著高于 CK,而 F 处理组与 CK 差异不显著。从土壤革兰氏阳性菌和真菌含量看,OG 处理组显著大于 G 处理组,但 OF 与 F 处理组差异不显著,且以上 4 组均高于 CK。从土壤革兰氏阴性菌和放线菌含量看,OG 与 G、OF 与 F 处理组差异均不显著,但均高于 CK,其中 OF、F 处理组与 CK 差异均显著。各处理组革兰氏阳性菌与革兰氏阴性菌的比值均无显著差异,说明增氧和施肥处理并未明显改变土壤革兰氏阳性菌与革兰氏阴性菌含量的比值。从土壤真菌与细菌含量的比值看,OG 与 G、OF 与 F 处理组差异均不显著,表明增氧处理未引起真菌与细菌含量比值的显著变化;但是 OG 和 G 处理组均显著低于 OF 和 F 处理组,这可能是因农家肥中真菌含量较绿肥高所致。

表 2 增氧条件下施用有机肥对土壤微生物类群 PLFA 含量的影响

Table 2 PLFA varieties of soil microorganism clusters under different treatments

处理 Treatment	细菌/ (nmol·g ⁻¹) Bacteria	革兰氏 阳性菌/ (nmol·g ⁻¹) Gram-positive bacteria	革兰氏阴性菌/ (nmol·g ⁻¹) Gram- negative bacteria	真菌/ (nmol·g ⁻¹) Fungi	放线菌/ (nmol·g ⁻¹) Actinomycete	革兰氏阳性菌/ 革兰氏阴性菌 Gram-positive bacteria/ Gram-negative bacteria	真菌/细菌 Fungi/ Bacteria	总量/ (nmol·g ⁻¹) Total
OG	12.508 a	4.051 b	2.389 c	2.376 b	1.455 a	1.696 a	0.190 c	23.511 a
G	10.013 b	3.202 c	2.183 c	1.801 c	1.243 a	1.467 a	0.180 c	18.963 b
OF	10.108 b	5.232 a	3.085 a	3.390 a	1.418 a	1.696 a	0.335 a	23.859 a
F	7.783 c	4.515 ab	2.687 ab	2.787 ab	1.307 a	1.680 a	0.358 a	19.653 b
CK	7.019 c	3.494 d	2.154 c	1.733 c	0.894 b	1.622 a	0.247 b	15.767 c

注:同列数据后标不同小写字母表示处理组之间差异显著(P<0.05)。
Note:Different lowercase letters in each column indicate significant difference among groups(P<0.05).

2.4 增氧条件下施用有机肥对土壤微生物群落多样性的影响

主成分分析可有效地区别微生物类群的多样性特征。通过对 PLFA 含量的主成分分析发现,第一主成分(PC1)解释了土壤样品 61.82%的变量方差,第二主成分(PC2)解释了土壤样品 19.14%的变量方差。从图 4 可知,不同处理组微生物类群在主成分坐标轴上差异明显,其中 OF 和 F 处理组在 PC1 轴的正方向且分布相近,OG 和 G 处理组总体在 PC1 轴的负方向且分布相近,CK 处理组在 PC1 轴和 PC2 轴的负方向。相同处理组土壤微生物类群

在第一主成分和第二主成分轴上的分布点相同,分布距离较近,不同处理组之间差异较大。施用农家肥或绿肥,以及是否进行加氧处理,其土壤微生物群落结构差异较小,但与不施肥的对照组相比差异均比较明显。这是因为土壤微生物的种类和含量与土壤环境条件密切相关,施肥和加氧处理会对土壤微生物群落产生明显影响。
PLFA 标记分析表明,微生物群落与土壤施肥和增氧条件密切相关,本研究对各处理组 PLFA 含量进行冗余分析,得到 RDA 排序图见图 5。由图 5 可知,施肥和增氧处理对土壤微生物群落影响较大。

在各施肥和增氧处理的 RDA 排序图中,第一排序轴与土壤细菌和真菌的相关系数分别为 0.82 和 0.99,第二排序轴与土壤放线菌、革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌的相关系数分别为 0.95,0.74 和 0.91。细菌、真菌与第一排序轴呈正相关,革兰氏阳性菌和

革兰氏阴性菌与第二排序轴呈正相关,放线菌与第二排序轴呈负相关。CK 处理组微生物群落主要受真菌和细菌的影响,F 处理组主要受革兰氏阳性菌和革兰氏阴性菌的影响,OF、OG 和 G 处理组主要受放线菌的影响。

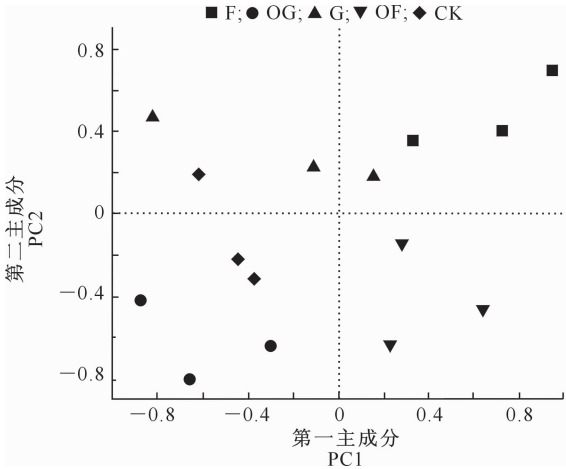


图 4 增氧及施用有机肥条件下土壤 PLFA 生物标记的主成分分析

Fig. 4 Principal component analysis on soil PLFA marked with biology of different treatments

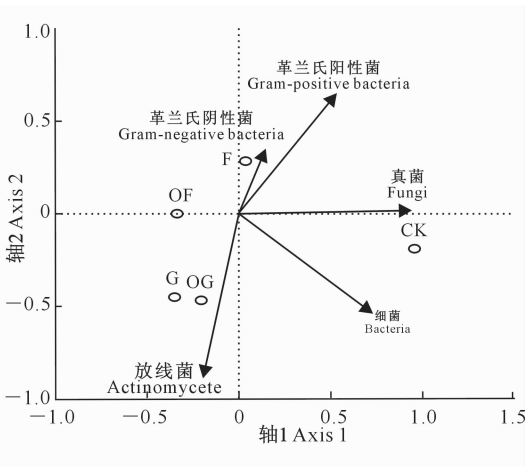


图 5 增氧及施用有机肥条件下土壤 PLFA 生物标记的冗余分析

Fig. 5 Redundancy analysis on soil PLFA marked with biology of different treatments

3 讨 论

通氧处理可使土壤不断获得新鲜气体,为好氧微生物提供了良好的生长环境^[19]。已有研究发现,对土壤肥效转化产生主要影响作用的是好氧类微生物^[20]。本试验研究发现,与 CK 相比,增氧和施肥处理能够显著提高土壤细菌、放线菌数量,改善微生物群落结构。土壤可培养微生物数量的变化,从一定程度上反映了土壤微生物的丰富度特征。土壤施用农家肥和绿肥等有机肥均主要是对 0~15 cm 土层微生物数量产生影响,施肥后的加氧处理更能促进土壤微生物生长,这是因为 0~15 cm 土层中存在较多的好氧微生物,因此增氧处理能对土壤可培养微生物数量产生显著影响。可培养微生物数量的增加,将有效提高土壤肥效元素的释放,肥效元素又能增加微生物生长所需的食物源,良好的生长环境和充足的食物源促进了土壤微生物的快速繁殖,从而使土壤微生物数量增加。土壤微生物数量的改变,则会引起土壤微生物群结构的变化。PLFA 生物标记总含量能够反映土壤中各类微生物群落的变化^[21],PLFA 生物标记主要是根据不同类群微生物指示 PLFAs 的不同,通过提取和分离不同途径合成的细胞膜中的成分,由于该成分具有高度的专一性,故可以作为不同微生物类群的标记物^[22]。本研究

通过磷脂脂肪酸分析法对各处理组土壤样品中微生物群落结构的分布特征进行分析,结果发现这些土壤生物包括细菌、真菌、放线菌、革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌和原核生物。施用有机肥的同时进行增氧处理,其 PLFA 总量均显著大于不增氧处理组,可知增氧处理能够明显提高施有机肥土壤中的微生物数量。本试验中,不同处理组土壤各类菌群微生物含量有一定差异,说明不同施肥处理对土壤微生物群落结构产生了影响,这与一些学者的研究结果相同,即施用有机肥和加氧处理不仅显著提高了微生物活性,而且丰富了微生物的多样性^[23-24]。主成分分析中,施用绿肥处理与施用农家肥处理组的土壤微生物类群分布点在主成分轴上距离相差较大,其中 F 和 OF 处理组主要分布在 PC1 轴的正方向,G 和 OG 处理组主要分布在 PC1 轴的负方向,说明两类施肥方式中土壤微生物类群组成差别较大。这与前人研究得到的“施有机肥可提高土壤微生物活性、改善微生物群落结构和功能”的结果^[25-26]相同。

4 结 论

本试验通过施用 2 种有机肥及增氧处理研究水稻土壤微生物的变化特征,结果表明,施用农家肥或绿肥均可提高土壤微生物数量,其中施农家肥加氧处理组(OF)土壤细菌、真菌、放线菌数量较 CK 明

显增多,且亦高于其他处理组。各处理组土壤微生物数量由高到低表现为,增氧施用有机肥处理组>施用有机肥处理组>CK。增氧和施用有机肥处理与不同微生物群落结构组成有一定的相关性,冗余分析结果表明,增氧处理与土壤中的放线菌类微生物有较高的相关性,施农家肥处理与土壤中的革兰氏阴性菌和革兰氏阳性菌有较高的相关性。

[参考文献]

- [1] Shahien M M, Abuarab M E, Magdy E. Root aeration improves yield and water use efficiency of irrigated potato in sandy clay loamsoil [J]. *International Journal of Advanced Research*, 2014, 2(10): 310-320.
- [2] Lei H J, Bhattarai S, Balsys R, et al. Temporal and spatial dimension of dissolved oxygen saturation with fluidic oscillator and Mazzei air injector in soil-less irrigation systems [J]. *Irrigation Science*, 2016, 34(6): 421-430.
- [3] 温改娟, 蔡焕杰, 陈新明, 等. 加气灌溉对温室番茄生长、产量及品质的影响 [J]. *干旱地区农业研究*, 2014, 32(3): 83-87.
Wen G J, Cai H J, Chen X M, et al. Impact of aerated subsurface irrigation to growth, yield and quality of greenhouse tomato [J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2014, 32(3): 83-87.
- [4] 饶晓娟, 蒋平安, 付彦博, 等. 增氧对水培棉花生长的影响研究 [J]. *棉花学报*, 2016, 28(3): 276-282.
Rao X J, Jiang P A, Fu Y B, et al. Effect of aeration on the growth of hydroponic cotton [J]. *Cotton Science*, 2016, 28(3): 276-282.
- [5] 肖卫华, 姚帮松, 张文萍, 等. 加氧灌溉对烟草生长影响规律的研究 [J]. *中国农村水利水电*, 2014(2): 30-32.
Xiao W H, Yao B S, Zhang W P, et al. Research on the influence of tobacco growth by oxygenation [J]. *China Rural Water & Hydropower*, 2014(2): 30-32.
- [6] 陈 涛, 姚帮松, 肖卫华, 等. 增氧灌溉对马铃薯产量及水分利用效率的影响 [J]. *中国农村水利水电*, 2013(8): 70-72.
Chen T, Yao B S, Xiao W H, et al. Effect of aerobics irrigation on potato yield and water use efficiency [J]. *China Rural Water & Hydropower*, 2013(8): 70-72.
- [7] 刘朵朵, 姚帮松, 张文萍, 等. 根区供氧对滞水油菜生长特性的影响研究 [J]. *灌溉排水学报*, 2013, 32(3): 128-130.
Liu D D, Yao B S, Zhang W P, et al. Effect of rootzone oxygen supply on the growth characteristic of stagnant water rape [J]. *Journal of Irrigation and Drainage*, 2013, 32(3): 128-130.
- [8] 刘守龙, 肖和艾, 童成立, 等. 亚热带稻田土壤微生物生物量碳、氮、磷状况及其对施肥的反应特点 [J]. *农业现代化研究*, 2003, 24(4): 278-283.
Liu S L, Xiao H A, Tong C L, et al. Microbial biomass C, N and P and their responses to application of inorganic and organic fertilizers in subtropical paddy soils [J]. *Research of Agricultural Modernization*, 2003, 24(4): 278-283.
- [9] 山 楠, 赵同科, 毕晓庆, 等. 适宜施氮量降低京郊小麦-玉米农田 N_2O 排放系数增加产量 [J]. *农业工程学报*, 2016, 32(22): 163-170.
- [10] 李玲玲, 李书田. 有机肥氮素矿化及影响因素研究进展 [J]. *植物营养与肥料学报*, 2012, 18(3): 749-757.
Li L L, Li S T. A review on nitrogen mineralization of organic manure and affecting factors [J]. *Plant Nutrition & Fertilizer Science*, 2012, 18(3): 749-757.
- [11] Jia L, Wei R, Jiang H, et al. Application of bio-organic fertilizer significantly affected fungal diversity of soils [J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2010, 74(6): 2039.
- [12] Carmo J B D, Filoso S, Zotelli L C, et al. Infield greenhouse gas emissions from sugarcane soils in Brazil: effects from synthetic and organic fertilizer application and crop trash accumulation. [J]. *Global Change Biology Bioenergy*, 2013, 5(3): 267-280.
- [13] 方方舟, 左雪枝. 稻田固氮解磷解钾菌筛选及其复合菌剂对土壤培肥作用 [J]. *中国土壤与肥料*, 2014, 33(2): 82-87.
Fang H Z, Zuo X Z. Isolation and application of N-fixing, P-releasing and K-releasing bacteria from rice paddy [J]. *Soil & Fertilizer Sciences in China*, 2014, 33(2): 82-87.
- [14] Singh J S, Pandey V C, Singh D P. Efficient soil microorganisms: a new dimension for sustainable agriculture and environmental development [J]. *Agriculture Ecosystems & Environment*, 2011, 140(3/4): 339-353.
- [15] 肖卫华, 姚帮松, 张文萍, 等. 根区通气增氧对杂交水稻根系及根际土壤微生物的影响研究 [J]. *中国农村水利水电*, 2016(8): 41-43.
Xiao W H, Yao B S, Zhang W P, et al. Effect of hybrid rice root and rhizosphere microbes by aeration in root zone [J]. *China Rural Water & Hydropower*, 2016(8): 41-43.
- [16] 吴金水. 土壤微生物生物量测定方法及其应用 [M]. 北京: 气象出版社, 2006.
Wu J S. The method and application of determination soil microorganism biomass [M]. Beijing: China Meteorological Press, 2006.
- [17] 陈晓娟, 吴小红, 刘守龙, 等. 不同耕地利用方式下土壤微生物活性及群落结构特性分析: 基于 PLFA 和 MicroRespTM 方法 [J]. *环境科学*, 2013, 34(6): 2375-2382.
Chen X J, Wu X H, Liu S L, et al. Microbial activity and community structure analysis under the different land use patterns in farmland soils: based on the methods PLFA and MicroRespTM [J]. *Environmental Science*, 2013, 34(6): 2375-2382.
- [18] 谢 东. 增氧灌溉对超级稻根际土壤微生物的影响 [D]. 长沙: 湖南农业大学, 2014.
Xie D. The effects of oxygation on microorganism in the rhizosphere soil of super rice [D]. Changsha: Hunan Agricultural University, 2014.
- [19] 耿晓洒, 汤庆丰, 邢美燕, 等. 城市污泥好氧堆肥研究进展 [J]. *安徽农业科学*, 2016(18): 107-110.

Geng X S,Tang Q F,Xing M Y,et al. Research progress of aerobic composting of urban sludge [J]. Anhui Agricultural Science,2016(18):107-110.

[20] 左易灵,贺学礼,王少杰,等. 磷脂脂肪酸(PLFA)法检测蒙古沙冬青根围土壤微生物群落结构 [J]. 环境科学,2016,37(7):2705-2713.

Zuo Y L,He X L,Wang S J,et al. Characteristics of soil microbial community structure in the rhizospheric soil of *Ammodendron mongolicum* by phospholipid fatty acid (PLFA) [J]. Environmental Science,2016,37(7):2705-2713.

[21] 张秋芳,刘 波,林营志,等. 土壤微生物群落磷脂脂肪酸 PLFA 生物标记多样性 [J]. 生态学报,2009(8):4127-4137.

Zhang Q F,Liu B,Lin Y Z,et al. The diversity of phospholipid fatty acid (PLFA) biomarker for the microbial community in soil [J]. Acta Ecologica Sinica,2009(8):4127-4137.

[22] 武晓森,杜广红,穆春雷,等. 不同施肥处理对农田土壤微生物区系和功能的影响 [J]. 植物营养与肥料学报,2014,20(1):99-109.

Wu X S,Du G H,Mu C L,et al. Effects of different fertilization on structure and function of soil bacterial community [J]. Journal of Plant Nutrition & Fertilizer,2014,20(1):99-109.

[23] 李晨华,张彩霞,唐立松,等. 长期施肥土壤微生物群落的剖面变化及其与土壤性质的关系 [J]. 微生物学报,2014,54(3):319-329.

Li C H,Zhang C X,Tang L S,et al. Effect of long-term fertilizing regime on soil microbial diversity and soil property. [J]. Acta Microbiologica Sinica,2014,54(3):319-329.

[24] 陶 磊. 有机肥替代部分无机肥对滴灌棉田土壤生物活性及微生物多样性的影响 [D]. 新疆石河子:石河子大学,2013.

Tao L. The soil microbial activity and microbial functional diversity of cotton field in northern Xinjiang response to organic fertilizer partial substitution for chemical fertilizer [D]. Shihezi,Xijiang:Shihezi University,2013.

[25] 胡 可,李华兴,卢维盛,等. 生物有机肥对土壤微生物活性的影响 [J]. 中国生态农业学报,2010,18(2):303-306.

Hu K,Li H X,Lu W S,et al. Effect of microbial organic fertilizer application on soil microbial activity [J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture,2010,18(2):303-306.

[26] 姜丽娜,敬 岩,符建荣,等. 有机肥提升高产稻田生产力及土壤生物活性作用研究 [J]. 土壤通报,2010,41(4):892-897.

Jiang L N,Jing Y,Fu J R,et al. Contribution of manure to enhancements of productivity and biological activity in high-yielding rice fields [J]. Chinese Journal of Soil Science,2010,41(4):892-897.

(上接第 54 页)

[29] 方香玲. 昆虫病原线虫共生菌的鉴定,培养及其抑菌活性研究 [D]. 陕西杨凌:西北农林科技大学,2008.

Fang X L. Study on identification, culture and antimicrobial activity of *Entomopathogenic* nematodes [D]. Yangling, Shaanxi;Northwest A&F University,2008.

[30] Sleator R D,Hill C. Bacterial osmoadaptation;the role of osmolytes in bacterial stress and virulence [J]. FEMS Microbiology Reviews,2002,26(1):49-71.

[31] 徐 莹,梁红敏. 影响植物乳杆菌 T102 生长与产细菌素能力的因素 [J]. 中国乳品工业,2014,42(9):22-25.

Xu Y,Liang H M. Factors affecting the growth and bacteriocin production of *Lactobacillus plantarum* T102 [J]. China Dairy Industry,2014,42(9):22-25.