

水分管理措施对施用有机肥麦田土壤酶活性和微生物群落结构的影响

张传更¹, 高阳^{1*}, 张立明², 司转运¹, 李双¹

(1. 中国农业科学院 农田灌溉研究所/农业部作物需水与调控重点实验室, 河南 新乡 453002;

2. 辽宁省葫芦岛市水文局, 辽宁 葫芦岛 125000)

摘要:【目的】研究不同水分管理措施对施用有机肥麦田土壤微生物群落结构和土壤酶活性的影响。【方法】通过田间试验,分析了充分供水和水分胁迫条件下施加有机肥与常规施肥下土壤微生物群落结构和土壤酶活性变化。【结果】在相同施肥处理下,充分供水处理较水分胁迫处理能大幅提高土壤蔗糖酶、纤维素酶、脲酶、过氧化氢酶和碱性磷酸酶活性;同一水分条件下,施加有机肥可以提高蔗糖酶、碱性磷酸酶和纤维素酶活性,而对脲酶无显著影响;有机肥在充分供水条件下才可以提高过氧化氢酶活性。Shannon和Simpson指数表明,T1与T2处理的群落多样性要高于T3和T4处理。T1处理的丰富度指数为31,分别比T2、T3和T4处理提高了15.01%、40.90%、72.22%。主成分分析表明,处理间的微生物群落结构差异明显,并且水分处理影响小麦根际微生物种群结构。根据LEFSE分析,厚壁菌门(Firmicutes)、黏球菌目(Myxococcales)和鞘脂杆菌目(Sphingobacteriales)是对T1和T2处理起重要作用的物种类群,绿弯菌门(Chloroflexi)是T3和T4处理中能起重要作用的物种类群。【结论】在充分供水下施用有机肥可提高土壤中蔗糖酶、碱性磷酸酶、纤维素酶和过氧化氢酶活性及土壤微生物多样性;充分供水是保证有机肥显著提高麦田土壤酶活性和微生物多样性的前提,尤其是在作物需水和需肥的关键期。

关键词:有机肥;水分胁迫;土壤酶活性;微生物多样性;微生物群落结构;主成分分析;LEFSE分析

中图分类号:S570.60

文献标志码:A

doi:10.13522/j.cnki.ggps.2017.0221

张传更,高阳,张立明,等.水分管理措施对施用有机肥麦田土壤酶活性和微生物群落结构的影响[J].灌溉排水学报,2018,37(2):38-44.

0 引言

土壤微生物是土壤养分转化与腐殖质形成过程的重要参与者,而土壤酶活性反映土壤微生物的活性,代表土壤中物质代谢的旺盛程度;土壤微生物多样性与土壤酶活性较其他土壤性质更快速地响应水肥管理、种植模式以及土地利用方式带来的变化。因此,近年来将土壤微生物数量、土壤酶活性与土壤微生物群落结构组成等作为土壤健康的生物指标来指导农田水肥管理^[1-3]。有机肥是我国农业生产中的重要传统性肥料,可以提高土壤肥力和改善土壤环境;其在农业生产和环境保护领域的应用引起了广泛关注,尤其在土壤微生态调控、提高农作物产量等方面受到国内外学者的深入研究和重视^[4]。施用有机肥可提高麦田土壤中的酶活性^[5-6],并且土壤酶活性受田间水分管理和施肥措施的影响^[7]。王才斌等^[8]研究表明,增施有机肥能有效增加土壤中细菌、放线菌和真菌数量,而在只施化肥的情况下,微生物数量不增加或者增加不明显。刘振香等^[9]研究表明,施用有机肥可以显著提高土壤微生物数量、多样性及丰富度,但会降低细菌群落优势度;过多施用有机肥,并不能无限提高土壤微生物的丰富度和改善微生物的群落结构^[6,10]。

农业生产中往往会施入大量无机肥,这对土壤微生物群落结构有重大影响,严重破坏土壤微生物群落结构和降低土壤酶活性,降低土壤微生物的多样性,导致微生物功能退化^[11-12]。华北平原是我国重要的粮食产区 and 农业水资源匮乏的地区,每年施用大量无机肥使得有益微生物种群遭到破坏,导致土壤病害泛滥,最终影响了作物产量和土壤生态环境。虽然已有关于有机肥对农田土壤酶活性和微生物特征影响的研究,但

收稿日期:2017-04-11

基金项目:现代农业产业技术体系建设专项(CARS-3-1-30);水利部行业科研专项(201501017)

作者简介:张传更,男,河南濮阳人。硕士研究生,主要从事农田生态系统水碳氮循环过程研究方向。E-mail: huainian1992zcg@163.com

通信作者:高阳,男,内蒙古赤峰人。副研究员,主要从事农田生态系统水碳氮循环过程研究方向。E-mail: gaoyang@caas.cn

是关于有机肥对麦田土壤的微生物群落结构和土壤酶的影响机制尚不清晰,尤其是水分管理对施用有机肥麦田土壤微生物群落结构的影响机理。为此,研究充足供水和水分胁迫对施用有机肥麦田根际土壤微生物群落结构和土壤酶活性的影响,为揭示有机肥对小麦根际土壤酶活性和微生物群落结构的影响机制、麦田用水管理以及有机肥的科学施用提供一定理论依据和数据支撑。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验于2015年10月—2016年6月在中国农业科学院新乡综合试验基地内进行;该基地位于河南省新乡市七里营镇,地处黄淮海平原。试验区属温带大陆性季风气候区,多年平均气温14℃,无霜期210 d,日照时间2 399 h,多年平均降水量为582 mm。土壤类型为壤土(潮土),成土母质为黄河冲积后的沉淀物,地下水埋深大于5 m。试验前农田土壤的基本理化性质见表1。试验用有机肥为纯鸡粪(干基含C量16.2%、含N量3.2%、含P₂O₅量0.76%、含K₂O量1.05%、pH值为7.84)。

表1 试验地土壤基本理化性质

pH值	土壤体积 质量/(g·cm ⁻³)	田间质量 持水率/%	有机质量/ (g·kg ⁻¹)	速效氮量/ (mg·kg ⁻¹)	全磷量/(g·kg ⁻¹)	全氮量/(g·kg ⁻¹)	速效钾量/ (mg·kg ⁻¹)
8.4	1.51	20.5	10.3	57.71	0.75	1.45	134.37

1.2 试验设计

供试冬小麦品种为“矮抗58”。共设4个处理,分别为①T1处理:施加有机肥2 250 kg/hm²,追施尿素308.55 kg/hm²,充分供水;②T2处理:施加有机肥2 250 kg/hm²,追施尿素308.55 kg/hm²,水分胁迫;③T3处理:常规施肥,仅施加尿素514.25 kg/hm²,充分供水;④T4处理:常规施肥,仅施加尿素514.25 kg/hm²,水分胁迫。充分供水和水分胁迫处理的灌水下限分别为田间质量持水率(FH)的70%和60%,灌水方式为地面灌。有机肥和磷钾肥作为基肥在播种时施入,P₂O₅、K₂O施用量分别为120、105 kg/hm²。采用随机区组设计,每个处理设置3次重复,共计12个小区,每个小区面积为3.75 m×9.6 m。

1.3 测定项目与方法

1.3.1 土壤物理化学性质的测定

土壤体积质量用环刀法测定;土壤pH值采用土壤pH值计测定;土壤全氮采用重铬酸钾-硫酸消化法测定;全磷采用高氯酸-硫酸酸溶-钼锑抗比色法测定;速效钾采用原子吸收分光光度法测定;速效氮采用扩散吸收法测定;有机质采用重铬酸钾法测定^[13]。

1.3.2 麦田根际取样

灌浆期是冬小麦需水和需肥的关键期,同时也是土壤中微生物和土壤酶最活跃的时期,故在冬小麦灌浆期采集土样。在根际取样前后监测土壤质量含水率,使得充分供水处理维持在70%FH;水分胁迫维持在60%FH,保证了准确的水分处理。采用多点取样法,每个处理于田间随机5点采集混合土样。采用抖根法收集冬小麦根际土壤,先将植株根系(10~35 cm)从土壤中整体挖出,抖掉与根系松散结合的土体,然后将与根系紧密结合的土壤刷下来作为根际土样品,将相同处理的5份根际土壤均匀混合后分为二部分,一部分于4℃冰箱保存用于测定土壤酶活性,另一部分土样于液氮中极速冷冻并于-80℃超低温冰箱中保存,用于测定土壤微生物多样性,各取3次重复。

1.3.3 土壤含水率

采用取土烘干法测定0~10、10~20、20~30、30~40、40~60、60~80和80~100 cm土层土壤含水率,每10 d测定1次。

1.3.4 土壤酶活性

采用磷酸苯二钠比色法测定土壤碱性磷酸酶活性;采用3,5-二硝基水杨酸比色法测定土壤蔗糖酶活性;采用蒽酮比色法测定土壤纤维素酶催化纤维素降解产生的还原糖量进而测定土壤纤维素酶活性;利用靛酚蓝比色法测定脲酶水解尿素产生的NH₃-N进而反应土壤脲酶活性;通过测定与土壤反应后溶液在240 nm波长下吸光度的变化,即可反映土壤过氧化氢酶活性高低^[13]。

1.3.5 微生物多样性

土壤微生物多样性采用高通量测序16sRNA技术进行测定;具体测试过程为:土壤样品→提取样品

DNA→检测合格的样品DNA→经过PCR扩增、混样、建库并做相应的检测→检测合格的文库将采用IlluminaMiseq/Hiseq高通量测序平台对样品进行测序→测序得到下机数据(Raw Data)→数据质控→OTU聚类

1.4 数据统计分析

采用Excel 2007和DPS 12.5软件对试验数据进行统计分析和作图;显著性水平设为0.05,结果以“平均值±标准误”表示。并采用Mothur软件分析土壤细菌覆盖度(Coverage)、物种丰富度指数(Richness、ACE和Chao)和物种多样性指数(Simpson和Shannon)。

2 结果与分析

2.1 水分管理措施对施用有机肥麦田土壤酶活性的影响

表2为不同处理条件下麦田土壤酶活性。在相同水分管理措施下,T1和T3处理脲酶活性差异不显著,T2和T4处理之间差异也不显著;而T1的脲酶活性比T2处理提高了21.07%,T3处理脲酶活性比T4处理提高了26.52%,表明添加有机肥并不能显著提高麦田土壤脲酶活性,而充分供水能提高脲酶活性。

表2 土壤酶活性

处理	蔗糖酶活性/ (mg·d ⁻¹ ·g ⁻¹)	脲酶活性/ (μg·d ⁻¹ ·g ⁻¹)	纤维素酶活性/ (mg·d ⁻¹ ·g ⁻¹)	过氧化氢酶活性/ (μmol·d ⁻¹ ·g ⁻¹)	碱性磷酸酶活性/ (nmol·d ⁻¹ ·g ⁻¹)
T1	124.126±0.854a	861.265±1.462a	21.032±0.423a	58.534±0.433a	24.319±0.235a
T2	96.243±0.921c	711.341±1.569bc	15.624±0.534c	54.621±0.269d	19.165±0.523c
T3	106.152±0.754b	870.029±1.321a	18.326±0.223b	57.183±0.562b	21.867±0.685b
T4	91.463±0.652d	687.614±1.169b	13.213±0.309d	56.020±0.152c	18.296±0.673d

注 不同小写字母表示各处理在P<0.05水平差异显著,下同。

各处理对土壤蔗糖酶、纤维素酶、过氧化氢酶和碱性磷酸酶活性影响差异明显。T1处理的土壤蔗糖酶、纤维素酶、过氧化氢酶和碱性磷酸酶活性最高。在相同水分管理条件下,T1和T2处理的蔗糖酶、纤维素酶和碱性磷酸酶活性都远高于T3和T4处理;T1处理的蔗糖酶、纤维素酶和碱性磷酸酶活性分别比T3处理提高了16.93%、14.76%和11.21%;T2处理的蔗糖酶、纤维素酶和碱性磷酸酶活性分别比T4处理提高了5.21%、12.03%和4.75%,差异达显著水平。在相同施肥条件下,T1和T3处理的蔗糖酶、纤维素酶、碱性磷酸酶和过氧化氢酶活性也高于T2和T4处理;T1处理的蔗糖酶、纤维素酶、碱性磷酸酶和过氧化氢酶活性分别比T2处理提高了28.97%、34.61%、26.89%和7.61%;T3处理的蔗糖酶、纤维素酶、碱性磷酸酶和过氧化氢酶活性比T4处理分别提高了16.06%、38.69%、19.52%和2.07%,且差异显著。与常规施肥相比,施加有机肥能显著提高蔗糖酶、纤维素酶、碱性磷酸酶和过氧化氢酶活性;与水分胁迫措施相比,充分供水措施可大幅度提高土壤酶活性。而对相同水分管理下过氧化氢酶活性进行分析发现,T1处理的过氧化氢酶活性比T3处理提高了2.36%;而T2处理的过氧化氢酶活性反而低于T4处理,并且差异显著;表明充分供水条件下,施加有机肥相比于常规施用化肥更有利于过氧化氢酶活性的提高,而在水分胁迫下施用有机肥反而不能提高过氧化氢酶活性。

2.2 水分管理措施对施用有机肥麦田土壤微生物群落的影响

2.2.1 各处理麦田土壤微生物多样性

各处理的覆盖值(Coverage)都高于95%,表明本次的测序结果能够反映样本中微生物的多样性(表3)。通过对Richness、Simpson、Evenness和Shannon等多样性指数进行分析,表明4个处理间的多样性指数数值存在一定的差异。Shannon指数越高说明样本的多样性越高,Simpson指数越低多样性反而越高^[4]。Shannon和Simpson指数的分析结果表明,T1处理的土壤微生物多样性与T2、T3和T4处理差异显著,T1处理的土壤微生物多样性最高,T4处理土壤微生物多样性指数最低。T1处理的微生物多样性高于T3处理,而且T2处理的多样性指数高于T4处理,表明施加有机肥相比于常规施肥更有利于土壤微生物多样性的提高,并且在充分供水下施加有机肥更能大幅度地提高土壤微生物多样性。不同处理间的均匀度和丰富度差异显著,4个处理的微生物丰富度指数的范围为18~31。T1处理的丰富度和均匀度分别比T3处理高40.9%和40%,T2处理的丰富度和均匀度分别比T4处理高44.4%和55.1%,表明施加有机肥相比于常规施用化肥可以显著提高微生物丰富度和均匀度;T1处理的丰富度和均匀度分别比T2处理高19.2%和46.4%,T3处理的丰富度和均匀度分别比T4处理高22.2%和55.1%,表明充分供水比水分胁迫能显著提高微生物丰富度和均匀

度。综合 Richness、Simpson、Evenness 和 Shannon 等多样性指数的分析结果可知,施加有机肥能明显改善小麦根际土壤微生物的多样性、提高微生物的均匀度和丰富度,并且充分供水下比水分胁迫对土壤微生物的改善效应更高。

表3 各处理的群落结构多样性指数

处理	Coverage/%	Chao	Simpson	Shannon	Evenness	Richness
T1	99.73	1 668±1a	0.596±0.03d	9.58±0.29a	0.693±0.11a	31±1a
T2	98.38	1 642±1.5b	0.713±0.06c	8.29±0.26b	0.524±0.09b	26±1.5b
T3	99.56	1 623±1c	0.846±0.04b	7.22±0.19c	0.495±0.05b	22±1c
T4	99.23	1 609±1d	0.952±0.03a	6.09±0.08d	0.338±0.06c	18±1d

注 Chao是用 chao1 算法估计样本中所含OTU数目的指数,chao1 在生态学中常用来估计物种总数。

2.2.2 各处理麦田土壤微生物群落结构

通过主成分分析,利用降维思想从大量的数据中揭示出微生物群落结构之间的差异性。在主成分分析后可以用点在降维后的主元向量空间中的位置反映不同的样品间微生物群落结构的远近。图1给出了不同处理冬小麦根际土壤微生物群落的主成分分析结果。第一主成分(PC1)和第二主成分(PC2)的累计贡献率达82.26%。其中PC1的贡献率为49.30%,权重最大,PC2的贡献率为32.96%。第一主成分PC1对群落的贡献远远大于第二主成分PC2,因此根据PC1可比较分析各处理微生物群落结构。T1和T2处理都在PC1轴上负向方向,而T3和T4处理都在PC1轴上正向方向,表明无论是水分亏缺还是充分供水条件下,施加有机肥对冬小麦根际微生物群落结构影响明显。T1和T2处理样品点都分散在PC1轴左侧的不同位置,相隔一定距离,而T3和T4各处理的样品点都分散在PC1轴右侧不同位置,但并未聚在一起,表明在相同施肥条件下,不同的水分处理对小麦根际微生物种群结构也有一定的影响。

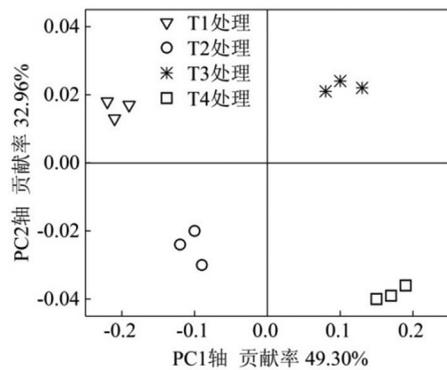


图1 根际土壤微生物群落的主成分分析结果

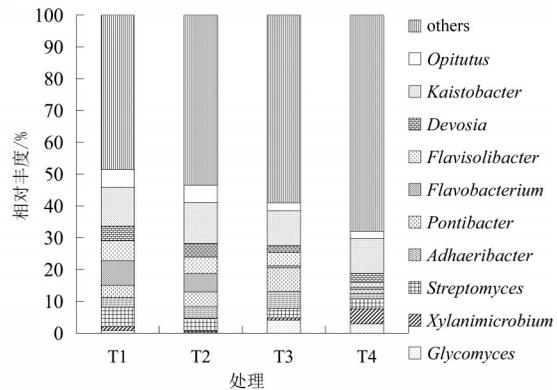


图2 各处理前10的细菌属的相对丰度分布图

4个处理土壤微生物总相对丰度在前10的细菌属(图2)分别为:糖霉菌属(*Glycomyces*)、解木聚糖微菌属(*Xylanimicrobium*)、链霉菌属(*Streptomyces*)、屈挠杆菌属(*Adhaeribacter*)、拟杆菌属(*Pontibacter*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、*Flavisolibacter*属、德沃斯氏菌属(*Devosia*)、*Kaistobacter*属、丰祐菌属(*Opiritus*)。

不同处理的优势种属分布及相对丰度不同(图2)。T1和T2处理的相对丰度排名在前10的优势种属的相对丰度总和远高于常规施肥处理,其优势种属总相对丰度分别为51.445%和46.495%。*Kaistobacter*属在4个处理中的相对丰度都相对较高,所占比例大,是极其重要的优势种属,在T1处理中占12.149%,在T2处理中占12.903%,在T3处理中占有10.961%,在T4处理中占有11.041%。糖霉菌属(*Glycomyces*)在T3和T4处理中的相对丰度分别是4.101%和2.934%,远高于T1和T2处理中的0.844%和0.281%,表明糖霉菌属(*Glycomyces*)的相对丰度在长期施用化肥的麦田土壤中较高。解木聚糖微菌属(*Xylanimicrobium*)在T4处理中的相对丰度是4.710%,远高于在T1、T2和T3处理,表明解木聚糖微菌属(*Xylanimicrobium*)是T4处理的优势种群,并且具有一定的抗旱性,表明水分胁迫下可以提高糖微菌属(*Xylanimicrobium*)的相对丰度。屈挠杆菌属(*Adhaeribacter*)和拟杆菌属(*Pontibacter*)在T3处理中的相对丰度分别是5.21%、7.496%,而在T1、T2和T4处理中的相对丰度分别是3.217%和3.832%、3.653%和4.623%、1.658%和1.283%,屈挠杆菌属(*Adhaeribacter*)和拟杆菌属(*Pontibacter*)在T3处理的相对丰度最高;链霉菌属(*Streptomyces*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、德沃斯氏菌属(*Devosia*)和丰祐菌属(*Opiritus*)分别在T1和T2处理中的相对丰度是5.906%和4.045%、7.679%和5.708%、4.557%和4.303%、5.619%和5.387%,均高于T3和T4处理的,表明麦田施用有机

肥可以有效提高链霉菌属(*Streptomyces*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、德沃斯氏菌属(*Devosia*)和丰祐菌属(*Opitutus*)的相对丰度;与水分胁迫措施下施加有机肥相比,而充分供水施加有机肥能提高链霉菌属(*Streptomyces*)和黄杆菌属(*Flavobacterium*)相对丰度。

2.2.3 土壤微生物类群 LEFSE 差异分析

为了找出对不同处理产生显著性差异影响的物种类群,进行了 LEFSE 分析(图3),进一步比较不同水分管理和有机肥处理下起显著作用的微生物类群。T1—T4 处理共有 16 个具有显著性差异的不同水平的物种类群。其中,T1 处理中起到重要作用的物种类群多达 9 种,分别是拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)、TM7_1 纲、厚壁菌门(*Firmicutes*)、放线菌门(*Actinobacteria*)、鞘脂杆菌科(*Sphingobacteriaceae*)、土地杆菌属(*Pedobacter*)、黏球菌目(*Myxococcales*)、鞘脂杆菌目(*Sphingobacteriales*);T2 处理差异显著的物种类群达到了 6 种,分别是黏球菌目(*Myxococcales*)、鞘脂杆菌目(*Sphingobacteriales*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)、盐水杆菌属(*Salinibacterium*)、变形菌门(*Proteobacteria*)、动性杆菌属(*Planomicrobium*);其中厚壁菌门(*Firmicutes*)、黏球菌目(*Myxococcales*)和鞘脂杆菌目(*Sphingobacteriales*)是 T1 和 T2 处理中起到显著作用的物种类群。T3 处理中起到显著作用的物种类群是绿弯菌门(*Chloroflexi*)、Ellin6529 纲和红微菌属(*Rhodoplanes*);T4 处理是的绿弯菌门(*Chloroflexi*)和红球菌属(*Rhodococcus*);而绿弯菌门(*Chloroflexi*)是常规施肥处理在水分充足和胁迫条件下都能起到显著作用的物种类群。施用有机肥处理条件下,无论是起到显著作用的物种类群数量还是 T1 和 T2 处理共有的产生显著性影响的物种类群都远多于常规施肥处理;可见,添加有机肥较常规施肥处理能有效增加土壤中的有益微生物类群,且其作用在水分充足条件下更为明显。

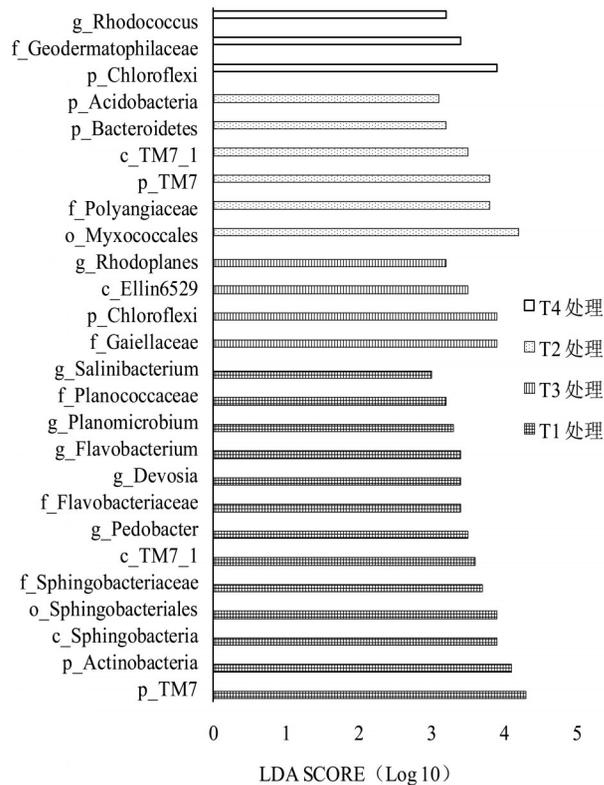


图3 各处理土壤微生物物种差异分析(LEFSE 分析)

3 讨论

土壤酶作为土壤生物活性及土壤肥力的重要组成部分,土壤酶活性已被广泛应用于评价土壤营养物质的循环转化情况以及评价各种农业措施和肥料施用的效果^[15-16]。研究表明,不同水分管理措施下施加有机肥对麦田土壤酶活性影响较大。在同一水分管理措施下,有机肥条件下土壤蔗糖酶、碱性磷酸酶和纤维素酶活性总的趋势是高于常规施用无机肥,这与王俊华等^[17]和李娟等^[18]的研究结果基本一致;在充分供水下有机肥更能大幅度地提高土壤蔗糖酶、碱性磷酸酶和纤维素酶活性。施加有机肥之所以能提高土壤酶活性是因为有机肥本身含有大量的酶,而且有机肥可以为产酶微生物提供丰富的营养源,促进土壤生化过程;另外营养元素的施入促进了作物生长,从而增加了根系分泌物,提高了土壤酶类活性^[17-19]。脲酶能促进有机化合

物尿素分子中碳氢键的水解,因而脲酶可用于表征土壤氮素的供应强度;土壤脲酶活性受土壤水分和微生物数量等影响,又与土壤供氮能力有密切关系,脲酶活性深受尿素施用量的影响,其原因可能是尿素的存在使分解尿素的微生物大量繁殖,从而使土壤中脲酶的酶活性得到一定的提升^[20-21]。在本试验条件下,充分供水下T1和T3处理脲酶活性无显著差异,水分胁迫下T2和T4处理脲酶活性也无显著差异,而充分供水能提高土壤脲酶活性,其原因可能是常规施肥下提供的尿素和有机肥中含有的有机化合物中的尿素分子都能被土壤中分解尿素的微生物直接利用。过氧化氢酶是直接参与土壤中物质转化和能量流动的一种重要的氧化还原酶,可以反映土壤有机质量并判断其转化状况,其活性与土壤肥力因子成正比^[22]。试验T1处理过氧化氢酶高于T3处理,而T4过氧化氢酶活性反而比T2处理提高了2.56%,其原因可能是水分胁迫影响了有机肥中有机质的转化。

土壤微生物群落组成(数量、结构、多样性)影响了土壤养分循环,对于维持农田生产力与保护环境有着重要意义^[23]。研究表明,施用有机肥对土壤微生物多样性和群落结构有显著影响。在本试验条件下,有机肥的施用可以提高土壤微生物的多样性、均匀度和丰富度,并且充分供水的效果更为明显,这与乔旭等^[6]和刘振香等^[9]的研究结果相一致。研究^[24-25]表明,施用有机肥更有利于提高土壤肥力,可以有效增加土壤中细菌和放线菌数量,提高土壤微生物活性,改善微生物结构和功能,从而实现土壤微生物生态平衡。本试验条件下各处理微生物群落结构差异显著,由PCA分析可知,有机肥处理与常规施肥处理小麦的根际微生物群落结构差异明显。长期施用有机肥可以提高放线菌门(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、酸杆菌门(Acidobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和变形菌门(Proteobacteria)等主要参与土壤有机质分解的微生物类群^[26]。鞘脂杆菌目(Sphingobacteriales)、厚壁菌门和黏球菌目(Myxococcales)主要是依附在施用有机肥的植物根际^[27-28]。绿弯菌门(Chloroflexi)是常规施肥下T3与T4处理中共同起到显著作用的物种类群;Fierer等^[29]也发现绿弯菌是土壤中的贫营养细菌,能够适应恶劣的土壤环境。本研究中有有机肥的施用明显改善了土壤微生物群落结构,且提高了微生物的丰富度和均匀度,增加有益微生物物种类群。T1处理中有多达9个起显著作用的物种类群,而在水分胁迫条件下,T2处理有6个具有显著作用的物种类群,施加有机肥虽然能改善土壤微生物群落结构,但其均匀度和丰富度却低于充分供水处理。

4 结论

1)充足供水下施加有机肥可以显著提高土壤中蔗糖酶、纤维素酶、碱性磷酸酶和过氧化氢酶的酶活性;与水分胁迫相比,充分供水能提高土壤脲酶活性,而施加有机肥并不能提高脲酶活性。

2)充足供水下施用有机肥可以明显改善土壤微生物群落结构,且提高了微生物的丰富度和均匀度,增加厚壁菌门(Firmicutes)、黏球菌目(Myxococcales)和鞘脂杆菌目(Sphingobacteriales)等微生物物种类群。

3)在实际生产中,合理的水分供应是施加有机肥提高土壤酶活性和改善微生物群落结构的必要条件,尤其是作物需水和需肥关键期。

参考文献:

- [1] 马晓霞,王莲莲,黎青慧,等.长期施肥对玉米生育期土壤微生物量碳氮及酶活性的影响[J].生态学报,2012,32(17):5502-5511.
- [2] 贾伟,周怀平,解文艳,等.长期有机无机肥配施对褐土微生物生物量碳氮及酶活性的影响[J].植物营养与肥料学报,2008,14(4):700-705.
- [3] LIU E K, ZHAO B Q, MEI X R, et al. Effects of no-tillage management on soil biochemical characteristics in Northern China[J]. Journal of Agricultural Science, 2010, 14(8):217-223.
- [4] 杨玉爱.我国有机肥料研究与展望[J].土壤学报,1996,33(4):414-422.
- [5] 王珂,杨玉爱,袁可能.有机肥对小麦根际土壤酶活性的影响(英文)[J].浙江大学学报,1995,21(2):111-115.
- [6] 乔旭,黄爱军,褚贵新,等.有机与无机肥配施对小麦土壤速效养分、酶活性及微生物数量的影响[J].新疆农业科学,2011,48(4):1399-1403.
- [7] 李兵,刘广明,杨劲松,等.农艺措施对黄淮海平原盐碱障碍农田土壤酶活性的影响[J].灌溉排水学报,2015,34(6):35-38.
- [8] 王才斌,郑亚萍,梁晓艳,等.施肥对旱地花生主要土壤肥力指标及产量的影响[J].生态学报,2013,33(4):1300-1307.
- [9] 刘振香,刘鹏,贾绪存,等.不同水肥处理对夏玉米田土壤微生物特性的影响[J].应用生态学报,2015,26(1):113-121.
- [10] 张瑞,张贵龙,陈冬青,等.不同施肥对农田土壤微生物功能多样性的影响[J].中国农学通报,2013,29(2):133-139.
- [11] ROESCH L, FULTHORPE R, RIVA A, et al. Pyrosequencing enumerates and contrasts soil microbial diversity[J].The ISME Journal, 2007, 1(4):283-290.
- [12] KIBBLEWHITE M G, RITZ K, SWIFT M J, et al. Soil health in agricultural systems. Philosophical transactions-Royal Society[J].Biological Sciences, 2008, 363(1492):685-701.
- [13] 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.
- [14] 王军.粪去津对土壤微生物群落结构及分子多样性的影响[D].泰安:山东农业大学,2012.

- [15] 姜勇,梁文举,闻大中,等. 免耕对农田土壤生物学特性的影响[J]. 土壤通报,2004, 35(3):347-351.
- [16] 许光辉,郑洪元. 土壤微生物分析方法手册[M]. 北京:农业出版社,1986.
- [17] 王俊华,尹睿,张华勇,等. 长期定位施肥对农田土壤酶活性及其相关因素的影响[J]. 生态环境,2007, 16(1):191-196.
- [18] 李娟,赵秉强,李秀英,等. 长期不同施肥条件下土壤微生物量及土壤酶活性的季节变化特征[J]. 植物营养肥料学报,2009, 15(5):1 093-1 099.
- [19] 高瑞,吕家珑. 长期定位施肥土壤酶活性及其肥力变化研究[J]. 中国生态农业学报,2005, 13(1):143-145.
- [20] 王灿,王德建,孙瑞娟,等. 长期不同施肥方式下土壤酶活性与肥力因素的相关[J]. 生态环境,2008, 17(2):688-692.
- [21] 孙瑞莲,赵秉强,朱鲁生,等. 长期定位施肥对土壤酶活性的影响及其调控土壤肥力的作用[J]. 植物营养与肥料学报,2003, 9(4):406-410.
- [22] 宋震震,李絮花,李娟,等. 有机肥和化肥长期施用对土壤活性有机氮组分及酶活性的影响[J]. 植物营养与肥料学报,2014, 20(3):525-533.
- [23] BELL T, NEWMAN J A, SILVERMAN B W, et al. The contribution of species richness and composition to bacterial services [J]. *Nature*, 2005, 436 (7054): 1 157-1 160.
- [24] 王锐,林先贵,陈瑞蕊,等. 长期不同施肥对潮土芽胞杆菌数量的影响及其优势度的季节变化[J]. 土壤学报,2013, 50(4):778-785.
- [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.
- [26] 邢鹏飞,武晓森,高圣超,等. 不同施肥处理对玉米-小麦轮作土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 微生物学杂志,2016, 36 (1):22-29.
- [27] 艾超. 长期施肥下根际碳氮转化与微生物多样性研究[D]. 北京:中国农业科学院研究生院, 2015.
- [28] HAICHAR FEZ, MAROL C, BERGE O, et al. Plant host habitat and root exudates shape soil bacterial community structure[J]. *The Isme Journal*, 2008, 2 (12):1 221-1 230.
- [29] FIERERN, BRADFORD M A, JACKSON R B, et al. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. *Ecology*, 2007, 88(6):1 354-1 364.

Effects of Water Management on Soil Enzyme Activities and Microbial Community Structure in Wheat Fields with Organic Fertilizer Application

ZHANG Chuangeng¹, GAO Yang^{1*}, ZHANG Liming², SI Zhuanyun¹, LI Shuang¹

(1. Farmland Irrigation Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Xinxiang 453002, China

2. Huludao Municipal Bureau of Hydrology, Huludao 125000, China)

Abstract: **【Objective】** Study the effects of different water management measures on soil microbial community structure and soil enzyme activities in wheat field with organic manure. **【Method】** The changes of soil microbial community structure and soil enzyme activities under different fertilization treatment of full water supply and under water stress were analyzed in the field experiment. **【Result】** The activities of sucrase, alkaline phosphatase, cellulase, catalase and urease with sufficient water were significantly higher than those of the other treatment with water stress under the same fertilization, the activities of sucrase, alkaline phosphatase and cellulase could be significantly improved by the application of organic fertilizer, and the application of organic fertilizer had no significant effect on urease under the same water condition; the activity of catalase was enhanced by organic fertilizer under the condition of sufficient water supply. According to the Shannon and Simpson index, the community diversity of T1 and T2 was higher than that of T3 and T4. According to the Richness index, the richness of T1 was 31, and was increased by 15.01%, 40.90% and 72.22% than that of T2, T3 and T4, respectively. The principal component analysis showed that the microbial community structure of different treatments was significantly different, and the water treatment had some effects on the rhizosphere microbial community structure actively. According to the LEFSE analysis, phylum Firmicutes, order Myxococcales and order Sphingobacteriales had significant effect on T2 and T1; phylum Chloroflexi had significant effect on T3 and T4. **【Conclusion】** Application of organic fertilizer with full water supply could significantly improve the activities of sucrase, alkaline phosphatase, cellulase and catalase and soil microbial diversity under the conditions of this experiment; and the sufficient irrigation is the premise to improve the soil enzyme activity and microbial diversity in wheat field, especially in the critical period of crop water and fertilizer requirement.

Key words: organic fertilizer; water stress; soil enzyme activities; microbial diversity; microbial community structure; PCA; LEFSE analysis

责任编辑:白芳芳