

生物炭协同暗管排水对滨海盐碱土壤微生物群落的影响

田雨雨^{1,2}, 李东伟¹, 曲子良³, 荆锐^{1,2}, 赵青青^{1,2}, 周新国^{1*}

(1.中国农业科学院 农田灌溉研究所, 河南 新乡 453002;

2.中国农业科学院 研究生院, 北京 100080; 3.辽宁省丹东水文局, 辽宁 丹东 118000)

摘 要:【目的】了解滨海地区盐渍化环境下生物炭协同暗管排水作用与土壤微生物群落的关系, 对于减轻土壤盐分过高对土壤生化功能的不利影响至关重要。【方法】本文以黄河三角洲滨海盐碱农田为研究对象, 研究单独暗管排水条件下不同暗管间距 10 m (S10)、20 m (S20)、30 m (S30) 以及生物炭协同暗管排水条件下不同暗管间距 10 m (B-S10)、20 m (B-S20)、30 m (B-S30) 对土壤理化性质和土壤微生物群落结构的影响, 并阐明生物炭与暗管排水协同作用下微生物群落结构变化的主要驱动因素。【结果】生物炭协同暗管排水改变了滨海盐碱农田的土壤理化性质, 且生物炭与暗管间距对含盐量、硝态氮、有机质、土壤全磷的交互作用显著。AccuITSTM 和 Accu16STM 绝对定量测序结果显示, 暗管间距及暗管间距和生物炭的交互作用对伞菌纲和 Acidobacteria_Gp4 有显著影响。冗余分析、皮尔逊相关性分析结果表明, 对作物生长有利的伞菌纲和被孢霉的绝对丰度与土壤含盐量和 Na⁺显著负相关, 与有机质和硝态氮显著正相关。生物炭协同暗管排水作用下, Na⁺量是影响土壤细菌和真菌的关键因素。【结论】B-S10 既可以改善土壤的营养状况, 又可以改善土壤微生物群落结构, 本研究可为解决盐碱地问题以及提高土壤质量和农业可持续性提供了有益的理论参考。

关键词: 暗管排水; 生物炭; 滨海盐碱地; 微生物群落组成; 绝对定量

中图分类号: S278

文献标志码: A

doi: 10.13522/j.cnki.ggps.2023527

田雨雨, 李东伟, 曲子良, 等. 生物炭协同暗管排水对滨海盐碱土壤微生物群落的影响[J]. 灌溉排水学报, 2024, 43(4): 82-89.

TIAN Yuyu, LI Dongwei, QU Ziliang, et al. Effect of biochar amendment and subsurface drainage on microbial communities in saline coastal soils[J]. Journal of Irrigation and Drainage, 2024, 43(4): 82-89.

0 引言

【研究意义】滨海地区农田面临着一个重要挑战: 土壤盐渍化。特别是在黄河三角洲地区, 该地域属于海陆交错带, 大量土地由海洋沉积物和冲积沉积物形成的泥滩构成, 使该区土壤天然含盐量较高^[1]。高盐土壤导致土壤容易板结, 微生物多样性受损, 土壤肥力下降, 生态系统受到威胁^[2]。滨海盐碱地改良是一项复杂而综合性的系统工程, 不仅要改善土壤的物理和化学性质, 还要综合考虑脱盐、培肥等多方面因素, 以实现水利工程排盐和土壤物理化学改良, 从而建立一个有益的水盐协同生态环境, 这也代表着盐碱地产业发展的新理念和方向^[3]。【研究进展】暗管排水技术是治涝和排盐的重要技术措施^[4]。暗管排水可以

通过改变土壤养分的有效性和通气性对土壤微生物群落结构产生直接或间接影响^[5-8]。研究表明, 土壤含盐量的变化会影响土壤微生物群落组成以及群落丰富度^[9]。Pankhurst 等^[10]研究发现, 土壤盐分与微生物群落丰富度指数呈显著负相关关系。此外, 土壤含水率也是土壤微生物群落结构的主要影响因素^[11]。生物炭的施用也可以通过改变土壤的理化性质来改变微生物栖息地, 从而影响土壤微生物活性和微生物群落的结构^[12-13]。研究发现, 微生物群落的变化可能与添加生物炭后土壤养分、pH 值和物理性质的变化有关^[14-15]。总之, 过去的研究均展示出土壤微生物对盐分、含水率以及土壤性质的变化表现出高度的敏感性。

【切入点】当前, 尽管在滨海盐碱地改良领域进行了大量研究, 但对于工程措施和化学措施的协同作用改良滨海盐碱地的研究相对较少。特别是特定化学措施与水利工程措施协同作用对土壤微生物群落特征的影响还未被充分研究。【拟解决关键问题】本研究以黄河三角洲滨海盐碱地为研究对象, 利用绝对定量测序方法来探讨土壤微生物类群-细菌和真菌, 在生物炭协同暗管排水作用下的群落组成结构。同时, 阐明

收稿日期: 2023-11-14 修回日期: 2024-01-11

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2023YFD2300304); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项项目 (IFI2023-23)

作者简介: 田雨雨 (1998-), 女, 内蒙古乌兰察布人。硕士研究生, 主要从事盐碱地改良, 排水理论与技术研究。E-mail: tyzgnykxy@163.com

通信作者: 周新国 (1970-), 男, 河南信阳人。研究员, 博士生导师, 主要从事农田排水技术研究。E-mail: zhouxinguo@caas.cn

©《灌溉排水学报》编辑部, 开放获取 CC BY-NC-ND 协议

生物炭与暗管排水协同作用下微生物群落结构变化的主要驱动因素，以期为盐碱地的生态修复和利用提供更多的理论参考和科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于山东省东营市黄河三角洲农业高新技术创新基地(37°27' N, 118°30' E)，地处暖温带大陆性季风气候区，由于地势低平，地下径流缓慢，排水不畅，土壤含盐量高。试验区年平均气温 12.8℃，平均海拔 8.8 m，无霜期 4 944 h，年平均总日照时间 2 196 h。年降水量 555.9 mm，年累积蒸散量 1 900.8 mm。试验地主要土壤类型为滨海盐土，耕层质地以砂壤和轻壤为主，0~20 cm 土层全盐量 5.33 g/kg、有机质量 8.22 g/kg、硝态氮量 18.55 mg/kg、铵态氮量 4.99 mg/kg。

1.2 试验设计

试验地种植有向日葵(TY5562)，行距 60 cm，株距 25 cm。本试验设置了 2 个试验因素，包括暗管间距(10、20、30 m)和生物炭(不添加生物炭、30 t/hm²)，共 6 个处理，分别为 B-S10(生物炭+10 m 暗管间距)、B-S20(生物炭+20 m 暗管间距)、B-S30(生物炭+30 m 暗管间距)、S10(10 m 暗管间距)、S20(20 m 暗管间距)和 S30(30 m 暗管间距)，每个处理 4 个重复。生物炭以 30 t/hm²(以干质量为基础)施用，并在田间用手播种机手动播撒。施用生物炭次日，用旋耕机将其埋入土壤表层 0~20 cm 深度。每个处理均有 3 根暗管，埋深均为 1.1 m。各处理除暗管间距和生物炭施用不同之外，采取的其他田间管理措施如病虫害防治、除草等，各处理均保持严格一致。

1.3 样品采集与测定

每个处理分别采取 3 个土壤混合样品进行理化性质测定分析。将采集的土壤分为三部分：①过 2 mm 筛后存于-80℃的超低温冰箱储存，用于 AccuITSTM(精确 ITS 绝对定量测序)和 Accu16STM(精确 16S 绝对定量测序)；②将新鲜的土壤保存于-4℃冰箱中，用于测定土壤铵态氮和硝态氮量；③最后一部分土壤样品经风干后研磨过筛，用于测定土壤有机质量、土壤全磷量、pH 值和含盐量。

1.3.1 土壤理化性质的测定

采用烘箱烘干法测定土壤含水率。使用 pH 计(PHS-25，中国上海)测定 1:2.5 土壤-水混合物测定 pH 值。电导率仪(DDSJ-308-a, Shanghai, China)测定 25℃的 1:5 土-水混合物的电导率(EC)，土壤含盐量根据回归公式计算^[16]，土壤含盐量(g/kg)

$=0.004 \times EC (\mu S/cm) + 0.237$, $n=81$, $R^2=0.974$ 。土壤铵态氮和硝态氮用流动分析仪(AA3-HR，德国)测定。采用紫外分光光度计(UV1200，上海)，测定土壤全磷^[17]。采用低温外热重铬酸钾氧化-比色法测定土壤有机质^[18-19]。

1.3.2 土壤微生物群落测定

供试土壤采用试剂盒“FastDNA® SPIN Kit (QIAGEN, USA)”提取 DNA，再使用琼脂糖凝胶电泳来评估 DNA 的完整性。同时，还对样本的 PCR 扩增进行检测，确保 DNA 的质量满足要求。这一步骤使用特定引物来进行高保真 PCR 预扩增，同时以标准细菌和真菌基因组 DNA mix 作为阳性对照。扩增后的产物经过琼脂糖凝胶电泳检测，合格的样本才能继续后续处理^[20]。细菌的扩增区域为 16S V3V4，正向引物为 CCTACGGGNGGCWGCAG，反向引物为 GACTACHVGGGTATCTAATCC；真菌的扩增区域为 ITS1，正向引物为 CTTGGTCATTAGAGGAAGTAA，反向引物为 GCTGCGTTCCTCATCGATGC。质控合格后，样本 DNA 与 spike-in 内参 DNA 一同进行目标区域 PCR 扩增。每个样本添加了特定的标签序列，以在后续的测序和生物信息学分析中对不同样本进行区分。然后对文库浓度进行准确测量，根据测序通量需求进行适当稀释，并按照不同样本的测序通量需求，按比例混合样本，最终形成混合文库。混合文库还需要经过质量检测，并准确测定文库浓度。最后，混合文库通过 Illumina 设备进行高通量测序，采用 2×250 bp 的双端测序策略，生成测序数据。

1.4 数据处理

利用 SPSS 23.0 统计软件(IBM Company, Armonk, NY, USA)，进行单因素方差分析(ANOVA)比较各组 Chao1 和 Shannon 指数以及细菌和真菌纲水平下排名前 5 的绝对丰度的差异，并用双因素方差分析确定生物炭和暗管间距对上述指标的主要影响和交互影响。采用 R 软件(Version 4.2.2)中的 ggplot2 包进行多样性指数箱线图的绘制以及用 Excel 2010 绘制细菌和真菌绝对丰度的柱状图。

利用 SPSS 23.0 统计软件(IBM Company, Armonk, NY, USA)，进行单因素方差分析(ANOVA)比较各组土壤理化性状差异，并采用双因素方差分析确定生物炭和暗管间距对上述指标的主要影响和交互影响。用 SPSS 软件进行 Person 相关性分析，并用 Origin 2018 绘制相关性热图。最后利用 R 软件(Version 4.2.2)中的 vegan 包进行冗余分析(RDA)，并作 RDA 图。

2 结果与分析

2.1 土壤理化特性

不同处理的土壤理化性质如表 1 所示。由表 1 可知,生物炭和暗管排水协同作用下 B-S30 处理的土壤含水率、土壤含盐量和 Na^+ 显著高于 B-S10 处理和 B-S20 处理; B-S10 处理的有机质和硝态氮显著高于 B-S20 处理和 B-S30 处理。单独暗管排水作用下, S30 处理的 pH 显著高于 S10 处理; S30 处理土壤含水率、土壤含盐量和 Na^+ 显著高于 S10、S20 处理; S10 处理硝态氮、有机质量和全磷均显著高于 S20、S30 处理。

考虑交互作用的双因素方差分析结果显示,土壤

pH、土壤含盐量和 Na^+ 受暗管间距以及生物炭和暗管间距交互作用的影响显著,随着暗管间距的减小,土壤含盐量和含 Na^+ 量呈降低趋势。土壤含水率只受暗管间距的作用显著,随着暗管间距的增大,土壤含水率呈升高趋势。生物炭、暗管间距、生物炭和暗管间距的交互作用对土壤有机质、硝态氮以及全磷均有显著影响。暗管间距相同,加入生物炭,分别提高了有机质 6.42%、45.84%、84.84%; 分别提高了硝态氮 2.38%、26.17%、21.72%; 分别提高了全磷 23.94%、3.03%、5.00%,说明生物炭协同暗管排水不但可以降低滨海盐碱地的盐分,还有利于养分的提升。

表 1 各个处理的土壤理化性质方差分析 (均值±标准差, $n=3$)

Tab.1 Analysis of variance (ANOVA) of soil physico-chemical properties (mean ± standard deviation, $n=3$)

生物炭/ (t hm ⁻²)	暗管 间距/m	处理	pH 值	土壤 含水率/%	土壤含盐量/ (g kg ⁻¹)	Na^+ 量/ (g kg ⁻¹)	有机质量/ (g kg ⁻¹)	硝态氮量/ (mg kg ⁻¹)	铵态氮量/ (mg kg ⁻¹)	全磷量/ (g kg ⁻¹)
30	10	B-S10	8.93±0.15a	20.70±0.69b	2.28±0.16b	0.93±0.013c	17.40±1.09a	32.70±0.10a	5.02±0.16a	0.88±0.08a
	20	B-S20	8.84±0.10a	22.01±1.69b	3.11±0.72b	1.18±0.03b	15.24±0.62b	28.72±0.44b	7.59±1.21a	0.68±0.07a
	30	B-S30	9.02±0.04a	26.86±1.68a	4.31±0.04a	1.62±0.06a	15.25±0.78b	24.1±0.50c	6.21±0.98a	0.45±0.03c
0	10	S10	8.62±0.13b	23.13±1.19b	2.30±0.17b	1.02±0.02c	16.35±2.77a	31.94±0.19a	5.85±0.33a	0.71±0.01a
	20	S20	8.83±0.03ab	21.90±1.61b	3.07±0.51b	1.31±0.04b	10.45±1.01b	22.76±1.00b	4.54±0.24b	0.66±0.03b
	30	S30	9.10±0.09a	26.56±0.73a	4.04±0.05a	1.40±0.031a	9.25±2.06b	19.80±0.76b	7.20±0.51a	0.40±0.08b
B			0.200ns	0.31ns	0.21ns	0.893ns	<0.01***	<0.01***	0.402	<0.01**
S			0.005**	<0.01**	<0.01**	<0.01**	<0.01***	<0.01***	0.432	<0.01**
B×S			0.048*	0.186ns	0.04*	<0.01**	0.022*	<0.01***	0.054	0.036*

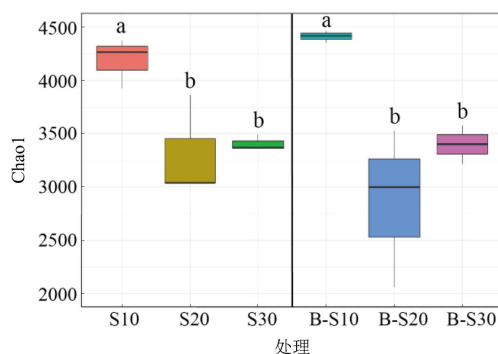
注 不同字母表示生物炭协同暗管排水作用、单独暗管排水作用下各处理之间差异显著 ($p<0.05$); ***表示 $p<0.001$, **表示在 $p<0.01$ 水平下差异显著, *表示在 $p<0.05$ 水平下差异显著, ns 表示无显著差异。下同。

2.2 微生物 Alpha 多样性

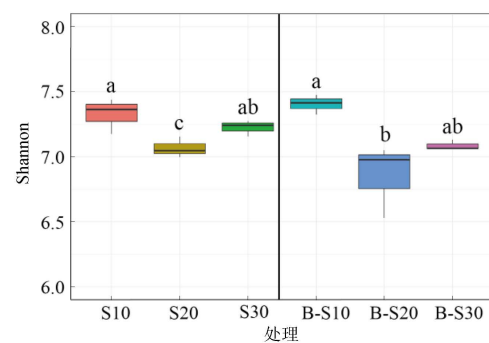
土壤微生物群落丰富度和多样性指数的显著性检验 (图 1) 显示,细菌的 Chao1 和 Shannon 指数均高于真菌。在细菌中, 10 m 暗管间距处理显著提高了 Chao1 指数,表明可以显著提高细菌群落的丰富度;与 20 m 暗管间距处理相比,也显著提高了 Shannon 指数,提高了细菌的多样性。在真菌中,生物炭协同暗管排水的群落丰富度随着暗管间距的增加而降低, B-S10 和 B-S20 的 Chao1 指数和 Shannon 指数显著高

于 B-S30。不添加生物炭时,暗管间距对真菌群落丰富度和多样性均无显著影响。

通过对土壤微生物群落的多样性指数进行双因素方差分析 (表 2), 结果显示暗管间距会对细菌的群落的 Chao1 指数和 Shannon 指数产生显著影响,表明暗管间距设置为 10 m 可以提高土壤细菌的丰富度和多样性。生物炭和暗管间距的交互作用对真菌的多样性指数有显著影响。



(a) 细菌 Chao1 指数



(b) 细菌 Shannon 指数

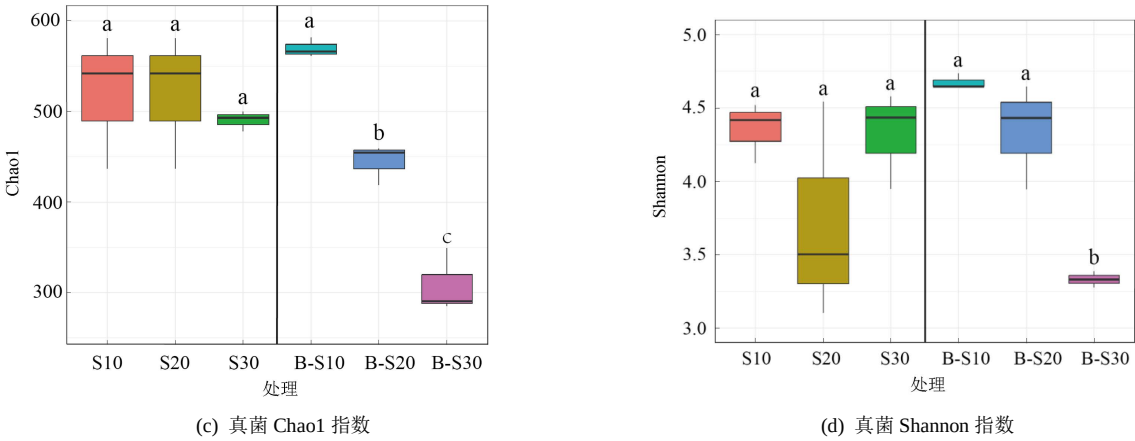


图 1 土壤细菌和真菌的多样性指数

Fig.1 Diversity indices of soil bacteria and fungi

表 2 生物炭协同暗管排水作用下土壤微生物 Alpha 多样性指数的双因素方差分析

Tab.2 Two-factor ANOVA analysis of soil microbial Alpha diversity indices under biochar synergistic subsurface drainage effects

处理	细菌		真菌	
	Chao1	Shannon	Chao1	Shannon
生物炭	0.668	0.188	0.008	0.494
暗管间距	<0.001***	0.001**	0.001**	0.023*
生物炭×暗管间距	0.333	0.21	0.004**	0.007**

2.3 土壤微生物群落组成

利用 Illumina 高通量测序平台,对 18 个细菌 16 S rRNA 文库和真菌 ITS 基因文库进行测序,研究不同处理下土壤细菌和真菌群落特征,如表 3 所示。

表 3 暗管间距、生物炭、暗管间距×生物炭对细菌和真菌纲水平上影响

Tab.3 Effects of drain spacing, biochar, and interaction of drain spacing and biochar on bacteria and fungi at the class level

处理	细菌				
	Acidobacteria_Gp6	α -变形菌	放线菌	γ -变形菌纲	Acidobacteria_Gp4
B	0.07	0.581	0.898	0.000***	0.388
S	0.000***	0.006**	0.000***	0.000***	0.000***
B×S	0.093	0.548	0.098	0.000***	0.000***

处理	真菌				
	座囊菌纲	粪壳菌纲	GS13	伞菌纲	被孢霉纲
B	0.000***	0.000***	0.000***	0.000***	0.007**
S	0.000***	0.000***	0.000***	0.000***	0.000***
B×S	0.000***	0.000***	0.000***	0.002**	0.002**

土壤细菌群落组成中的优势细菌纲为 Acidobacteria_Gp6、 α -变形菌纲、放线菌纲、 γ -变形菌纲、Acidobacteria_Gp4。暗管间距对 Acidobacteria_Gp6、 α -变形菌纲和放线菌纲的影响显著 ($p<0.01$),暗管间距为 10 m,其绝对丰度最高。Acidobacteria_Gp4 受暗管间距和生物炭的影响显著。生物炭、暗管间距以及他们的交互作用对 γ -变形菌纲的影响均显著(图 2)。

土壤真菌群落组成中的优势真菌纲为座囊菌纲、

粪壳菌纲、GS13、伞菌纲、被孢霉纲。生物炭、暗管间距以及其交互作用对优势细菌纲影响均显著 ($p<0.01$) (图 3)。

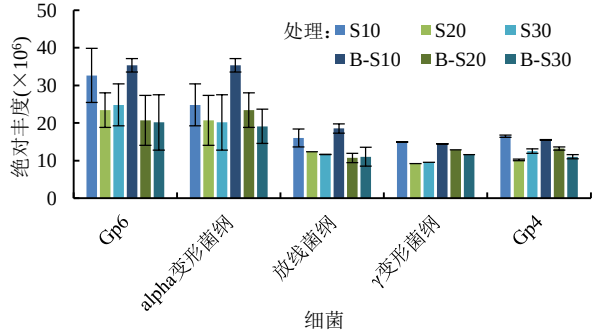


图 2 不同处理下细菌纲水平的绝对丰度 (平均值±标准差, n=3)

Fig.2 Absolute abundance of bacteriophage levels in different treatments (mean±standard deviation, n=3)

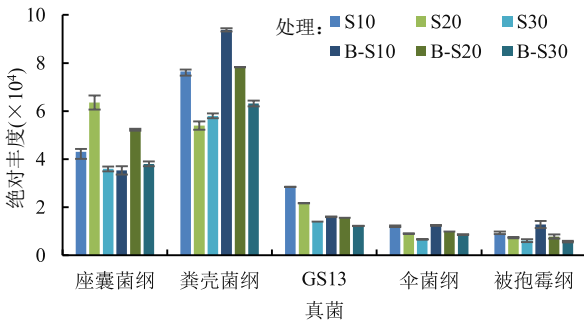


图 3 不同处理下真菌纲水平的绝对丰度 (平均值±标准差, n=3)

Fig.3 Absolute abundance of fungal phyla at the level of different treatments (mean±standard deviation, n=3)

2.4 土壤微生物与环境因子的关联分析

2.4.1 生物炭协同暗管排水条件下土壤优势细菌和真菌与环境因子的关联分析

图 4 为生物炭协同暗管排水条件下细菌和真菌的 RDA 分析,由图 4 可知,细菌和真菌群落结构的主要影响因子不同。 Na^+ 对细菌、真菌群落的影响程

度最大，其次是硝态氮 ($p<0.01$)。

纲水平下细菌和真菌的皮尔逊相关性热图如图 6 所示。在细菌中，Acidobacteria_Gp6、放线菌纲、 γ -变形菌纲、Acidobacteria_Gp4 与 pH、 Na^+ 、含盐量呈显著负相关，与有机质、硝态氮呈显著正相关。在真菌中，被孢霉纲、粪壳菌纲、伞菌纲与 pH、含盐量、 Na^+ 呈显著负相关，与有机质和硝态氮呈显著正相关。

2.4.2 暗管排水条件下土壤优势细菌和真菌与环境因子的关联分析

由土壤环境因子与优势细菌和真菌纲水平的 RDA 分析图 (图 5) 可知， Na^+ 、含盐量 ($p<0.01$)

是影响土壤微生物群落组成的关键因素，此外，铵态氮 ($p<0.05$) 也是影响土壤真菌群落组成的关键因素。

纲水平下细菌和真菌的皮尔逊相关性热图如图 6 所示 (图中*表示在 $p<0.05$ 水平下差异显著，**表示在 $p<0.01$ 水平下差异显著，***表示 $p<0.001$)，在细菌中，Acidobacteria_Gp6、放线菌纲、Acidobacteria_Gp4、 γ -变形菌纲与含盐量和 Na^+ 显著负相关，与有机质显著正相关。在真菌中，粪壳菌纲、GS13、被孢霉纲、伞菌纲与含盐量和 Na^+ 显著负相关，与有机质、硝态氮均显著正相关。GS13 和伞菌纲与土壤含水率显著负相关。

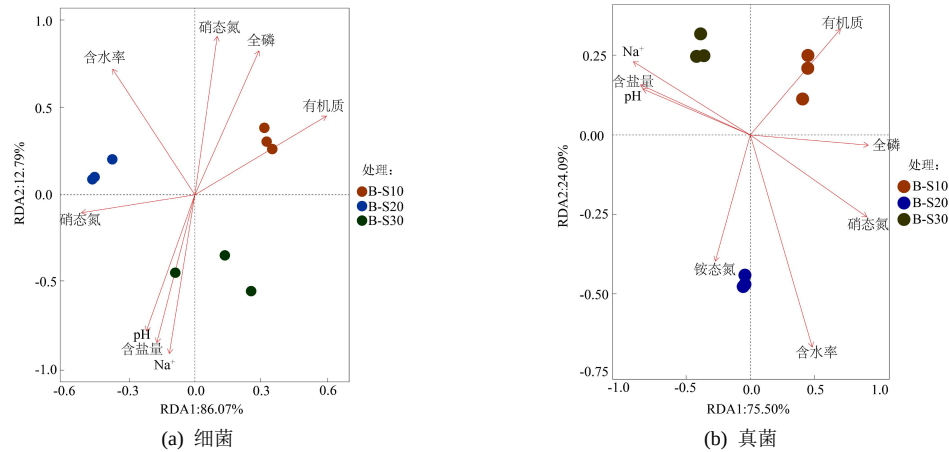


图 4 生物炭协同暗管排水条件下细菌和真菌的 RDA 分析

Fig.4 Redundancy analysis of bacteria and fungi under biochar synergistic subsurface drainage conditions

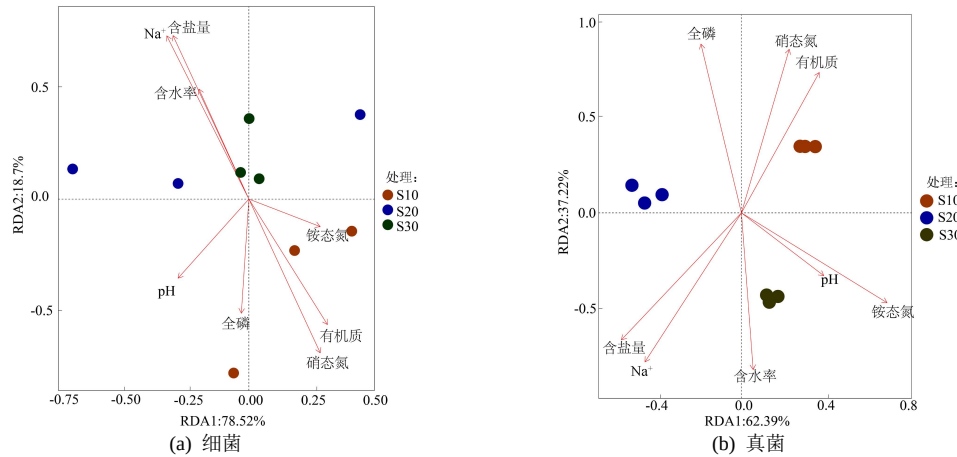


图 5 暗管排水条件下细菌和真菌的 RDA 分析

Fig.5 Redundancy analysis of bacteria and fungi under subsurface drainage conditions

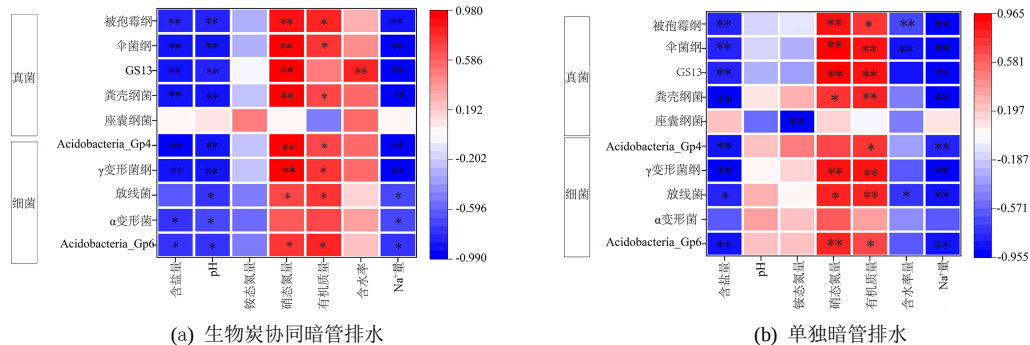


图 6 细菌和真菌的皮尔逊相关性热图

Fig.6 Pearson correlation heat map of bacteria and fungi

3 讨论

3.1 土壤理化性质对不同处理的响应

研究发现,暗管间距和生物炭与暗管间距的交互作用对土壤含盐量、 Na^+ 、有机质、硝态氮和全磷有显著影响(表1)。田玉福等^[21]研究表明,密布暗管,有利于降低土壤的含盐量和 Na^+ 。在本研究中,10 m间距和20 m间距各处理(S10、S20、B-S10、B-S20)下的含盐量和 Na^+ 量均显著低于30 m间距处理(S30、B-S30)。此外,B-S10处理和B-S20处理的含盐量和 Na^+ 均低于S10处理和S20处理,这可能归因于生物炭表面富含 Ca^{2+} 和 Mg^{2+} 等离子可交换土壤胶体中吸附的 Na^+ ,降低土壤中的钠盐量,从而降低土壤的含盐量^[22]。埋设暗管可以维持表层土壤中良好的盐平衡,增强微生物活性,从而促进硝化作用,增加硝态氮量^[23],这也是减小暗管间距,硝态氮量增加的可能原因。生物炭由于富含有机质且拥有较高比例难降解炭的特性,可以提高土壤的有机质量^[24]。生物炭本身含有大量营养元素^[25],如N和P,同时能够产生正负电荷,从而有效吸附盐碱土壤养分,降低养分的淋溶损失^[26]。生物炭提高了土壤有机质量、硝态氮量和全磷量,在本研究中也体现了这一规律。单独暗管排水和生物炭协同暗管排水条件下,30 m暗管间距(B-S30、S30)条件下,有机质的量均显著低于10 m间距(B-S10、S10)和20 m间距(B-S20、S20)。周文昌等^[27]研究表明土壤水分状况直接影响土壤有机质的分解和转化,暗管排水通过改变农田水分状态影响土壤有机质。罗纨等^[28]通过长期田间试验研究发现,农田的有机碳积累量在湿润年份呈下降趋势。在本研究中,B-S30、S30处理的土壤含水率显著高于B-S10、S10、B-S20处理和S20处理,这可能是有机质量显著低于其他四组的原因。

3.2 土壤微生物组成对改良措施的响应

Yao等^[29]研究了滨海地区土壤细菌群落组成随施氮量的变化,结果表明占主导地位的细菌纲有 α -变形菌纲、放线菌纲、 γ -变形菌纲等与土壤含盐量有关的细菌纲,本研究也发现了上述细菌纲。双因素方差分析结果显示(表3),暗管间距对Acidobacteria_Gp6、 α -变形菌纲、放线菌纲的绝对丰度有显著影响,暗管间距对含盐量的影响是极显著的(表1),这可能的解释是这些细菌纲对土壤含盐量更加敏感。因此Acidobacteria_Gp6、 α -变形菌纲、放线菌纲的绝对丰度在10 m间距的处理中最高。生物炭、暗管间距、生物炭与暗管间距的交互作用对 γ 变形菌纲有极显著的影响,其绝对丰度的变化规律与土壤有机质、硝态氮和全磷的变化规律基本一致(图2,表1)。

本研究发现暗管间距、生物炭和暗管排水的交互作用对绝对丰度排名前五的真菌纲均有影响,然而具体的影响的机制需要进一步试验确定。

3.3 土壤微生物群落组成的影响因子分析

相关研究均表明,土壤微生物的丰度与土壤的硝态氮、有机质量、含盐量等物理化学性质密切相关^[30-34],这与本研究结果一致。此外,研究还发现不同措施对细菌纲影响程度最大的因素均为 Na^+ ,而不同条件下影响土壤真菌纲绝对丰度的主要环境因子不同(图4),如生物炭协同暗管排水作用下,对真菌优势纲绝对丰度影响最大的因子是 Na^+ ,单独作用下,影响程度最大的环境因子是硝态氮(图5、图6)。

在本研究中,Acidobacteria_Gp6和Acidobacteria_Gp4在细菌中的绝对丰度较高。生物炭协同暗管排水作用下,Acidobacteria_Gp6和Acidobacteria_Gp4与含盐量和 Na^+ 显著负相关,有研究表明,酸杆菌门适宜在低盐度的环境下生存,他们在很大程度上会被其他嗜盐菌代替^[35-36]。生物炭协同暗管排水作用下,Acidobacteria_Gp6和Acidobacteria_Gp4与pH呈显著负相关,这与冯慧琳等^[37]的研究结果一致。酸杆菌一般具有嗜酸、寡营养和难培养的特点^[38],与土壤养分负相关。然而,在本研究中发现这种关系并不成立,表明在黄河三角洲滨海盐碱农田中酸杆菌可能存在独特的构局。

滨海地区由于地区降水的年际变率大、季节分配不均,强降雨集中,洪涝灾害频繁发生,农田长时间积水会严重影响好氧微生物的活性。本研究结果显示,在单独暗管排水作用下,被孢霉纲和伞菌纲与土壤含水率呈显著负相关,与有机质、硝态氮显著正相关(图6(b))。而多数伞菌纲下的真菌属于丛植菌根真菌,能为作物提供大量养分,促进作物生长^[39],且伞菌纲多为腐生菌,能分泌过氧化物酶从而分解和利用土壤中木质素、植株残留物等有机质^[40]。被孢霉真菌是植物生长促生菌^[41],能促进植物产生赤霉素、吲哚乙酸等植物激素及大量多不饱和脂肪酸,并为植物提供氮、磷等营养物质,促进植物的生长,显著提高植物生产力与抗胁迫能力^[42]。

4 结论

1) 生物炭协同暗管排水改变了滨海盐碱农田的土壤理化性质,且生物炭与暗管间距对含盐量、硝态氮、有机质、土壤全磷的交互作用显著。

2) AccuITSTM和Accu16STM绝对定量测序结果显示,暗管间距及暗管间距和生物炭的交互作用对伞菌纲和Acidobacteria_Gp4有显著影响,但影响机制不明,需要进一步研究探明。

3) 冗余分析、皮尔逊相关性分析结果表明, 对作物生长有利的伞菌纲和被孢霉纲的绝对丰度与土壤含盐量和 Na^+ 显著负相关, 与有机质和硝态氮显著正相关。

(作者声明本文无实际或潜在利益冲突)

参考文献:

- [1] LONG X H, LIU L P, SHAO T Y, et al. Developing and sustainably utilize the coastal mudflat areas in China[J]. *The Science of the Total Environment*, 2016, 569/570: 1 077-1 086.
- [2] ZHANG L, SU X Y, MENG H, et al. Cotton stubble return and subsoiling alter soil microbial community, carbon and nitrogen in coastal saline cotton fields[J]. *Soil and Tillage Research*, 2023, 226: 105 585.
- [3] 赵英, 王丽, 赵惠丽, 等. 滨海盐碱地改良研究现状及展望[J]. *中国农学通报*, 2022, 38(3): 67-74.
ZHAO Ying, WANG Li, ZHAO Huili, et al. Research status and prospects of saline-alkali land amelioration in the coastal region of China[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2022, 38(3): 67-74.
- [4] 李彦鑫, 徐丽, 齐菲, 等. 滨海盐碱农田暗管排盐渗流场模拟[J]. *中国生态农业学报(中英文)*, 2023, 31(7): 1 110-1 120.
LI YANXIN, XU LI, QI FEI, et al. Seepage field simulation of subsurface pipe salt drainage processes in coastal saline-alkali farmland[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2023, 31(7): 1 110-1 120.
- [5] HERRMANN L, LESUEUR D, ROBIN A, et al. Impact of biochar application dose on soil microbial communities associated with rubber trees in North East Thailand[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 689: 970-979.
- [6] WANG C Y, LIU W X, LI Q X, et al. Effects of different irrigation and nitrogen regimes on root growth and its correlation with above-ground plant parts in high-yielding wheat under field conditions[J]. *Field Crops Research*, 2014, 165: 138-149.
- [7] Iwai C B, OO A N, TOPARK-NGARM B. Soil property and microbial activity in natural salt affected soils in an alternating wet-dry tropical climate[J]. *Geoderma*, 2012, 189/190: 144-152.
- [8] YAN N, MARSCHNER P. Microbial activity and biomass recover rapidly after leaching of saline soils[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2013, 49(3): 367-371.
- [9] ZHANG R, ZHANG Y L, SONG L L, et al. Biochar enhances nut quality of *Torreya grandis* and soil fertility under simulated nitrogen deposition[J]. *Forest Ecology and Management*, 2017, 391: 321-329.
- [10] PANKHURST C E, YU S, HAWKE B G, et al. Capacity of fatty acid profiles and substrate utilization patterns to describe differences in soil microbial communities associated with increased salinity or alkalinity at three locations in South Australia[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2001, 33(3): 204-217.
- [11] ASKRI B, KHODMI S, BOUHLILA R. Impact of subsurface drainage system on waterlogged and saline soils in a Saharan palm grove[J]. *Catena*, 2022, 212: 106 070.
- [12] PRAYOGO C, JONES J E, BAEYENS J, et al. Impact of biochar on mineralisation of C and N from soil and willow litter and its relationship with microbial community biomass and structure[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2014, 50(4): 695-702.
- [13] XU H J, WANG X H, LI H, et al. Biochar impacts soil microbial community composition and nitrogen cycling in an acidic soil planted with rape[J]. *Environmental Science & Technology*, 2014, 48(16): 9 391-9 399.
- [14] AZEEM M, SUN D Q, CROWLEY D, et al. Crop types have stronger effects on soil microbial communities and functionalities than biochar or fertilizer during two cycles of legume-cereal rotations of dry land[J]. *The Science of the Total Environment*, 2020, 715: 136 958.
- [15] GROSSMAN J M, O'NEILL B E, TSAI S M, et al. Amazonian anthrosols support similar microbial communities that differ distinctly from those extant in adjacent, unmodified soils of the same mineralogy[J]. *Microbial Ecology*, 2010, 60(1): 192-205.
- [16] 张术伟, 王卓然, 常春艳, 等. 黄三角滨海区土壤盐时空分异特征及耦合关系分析[J]. *水土保持学报*, 2022, 36(4): 299-308, 315.
ZHANG Shuwei, WANG Zhuoran, CHANG Chunyan, et al. Spatial-temporal characteristics of soil water and salt and its coupling relationship in the coastal area of yellow triangle[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2022, 36(4): 299-308, 315.
- [17] LI D W, YANG Y H, ZHAO Y L, et al. Subsurface drainage influences the structure and assembly of soil bacterial and fungal communities in salinized cotton field[J]. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 2023, 69(8): 1 310-1 326.
- [18] WYLIE E M, COLLETTI L M, WALKER L F, et al. Comparison of the Davies and Gray titrimetric method with potassium dichromate and ceric titrants[J]. *Journal of Radioanalytical and Nuclear Chemistry*, 2018, 318(1): 227-233.
- [19] FREGERSLEV S, BLACKSTAD T W, FREDENS K, et al. Golgi potassium-dichromate silver-nitrate impregnation: Nature of the precipitate studied by X-ray powder diffraction methods[J]. *Histochemie*, 1971, 25(1): 63-71.
- [20] LU L H, YIN S X, LIU X, et al. Fungal networks in yield-invigorating and-debilitating soils induced by prolonged potato monoculture[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 65: 186-194.
- [21] 田玉福, 窦森, 张玉广, 等. 暗管不同埋管间距对苏打草甸碱土的改良效果[J]. *农业工程学报*, 2013, 29(12): 145-153.
TIAN Yufu, DOU Sen, ZHANG Yuguang, et al. Improvement effects of subsurface pipe with different spacing on sodic-alkali soil[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2013, 29(12): 145-153.
- [22] ABBAS G, ABRAR M M, NAEEM M A, et al. Biochar increases salt tolerance and grain yield of quinoa on saline-sodic soil: Multivariate comparison of physiological and oxidative stress attributes[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2022, 22(5): 1 446-1 459.
- [23] SINGH M, BHATTACHARYA A K, NAIR T V R, et al. Ammonium losses through subsurface drainage effluent from rice fields of coastal saline sodic clay soils[J]. *Water, Air, and Soil Pollution*, 2001, 127(1): 1-14.
- [24] MUKHERJEE A, LAL R. The biochar dilemma[J]. *Soil Research*, 2014, 52(3): 217.
- [25] 黄哲, 曲世华, 白岚, 等. 不同秸秆混合生物炭对盐碱土壤养分及酶活性的影响[J]. *水土保持研究*, 2017, 24(4): 290-295.
HUANG Zhe, QU Shihua, BAI Lan, et al. Effects of different straw mixing biochar on nutrient and enzyme activity of saline soil[J]. *Research of Soil and Water Conservation*, 2017, 24(4): 290-295.
- [26] DAHLAWI S, NAEEM A, RENGEL Z, et al. Biochar application for the remediation of salt-affected soils: Challenges and opportunities[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 625: 320-335.
- [27] 周文昌, 索郎夺尔基, 崔丽娟, 等. 排水对若尔盖高原泥炭地土壤有机碳储量的影响[J]. *生态学报*, 2016, 36(8): 2 123-2 132.
ZHOU Wenchang, SUOLANG Duoerji, CUI Lijuan, et al. Effects of drainage on soil organic carbon stock in the Zoige peatlands, eastern Qinghai-Tibetan Plateau[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, 36(8): 2 123-2 132.
- [28] 罗纨, 蔡思成, 李印娟, 等. 江苏沿海垦区暗管排水农田轮作对土壤有机碳的影响模拟[J]. *农业工程学报*, 2022, 38(18): 138-146.
LUO Wan, CAI Sicheng, LI Yinjuan, et al. Simulating the effect of crop rotation on soil organic carbon in subsurface drained farmlands in coastal reclamation areas of Jiangsu China[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2022, 38(18): 138-146.
- [29] YAO R J, YANG J S, WANG X P, et al. Response of soil characteristics and bacterial communities to nitrogen fertilization gradients in a coastal salt-affected agroecosystem[J]. *Land Degradation & Development*, 2021, 32(1): 338-353.

- [30] LAUBER C L, HAMADY M, KNIGHT R, et al. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(15): 5 111-5 120.
- [31] GRIFFITHS R I, THOMSON B C, JAMES P, et al. The bacterial biogeography of British soils[J]. *Environmental Microbiology*, 2011, 13(6): 1 642-1 654.
- [32] KURAMAE E E, YERGEAU E, WONG L C, et al. Soil characteristics more strongly influence soil bacterial communities than land-use type[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2012, 79(1): 12-24.
- [33] LI M, BI J T, WANG J. Bacterial community structure and key influence factors in saline soil of different sites in Ningxia[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, 40(4): 1 316-1 330.
- [34] YAN N, MARSCHNER P. Response of microbial activity and biomass to increasing salinity depends on the final salinity, not the original salinity[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2012, 53: 50-55.
- [35] EDMONDS J W, WESTON N B, JOYE S B, et al. Microbial community response to seawater amendment in low-salinity tidal sediments[J]. *Microbial Ecology*, 2009, 58(3): 558-568.
- [36] VAN HORN D J, OKIE J G, BUELOW H N, et al. Soil microbial responses to increased moisture and organic resources along a salinity gradient in a polar desert[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2014, 80(10): 3 034-3 043.
- [37] 冯慧琳, 徐辰生, 何欢辉, 等. 生物炭对土壤酶活和细菌群落的影响及其作用机制[J]. *环境科学*, 2021, 42(1): 422-432.
- [38] FENG Huilin, XU Chensheng, HE Huanhui, et al. Effect of biochar on soil enzyme activity & the bacterial community and its mechanism[J]. *Environmental Science*, 2021, 42(1): 422-432.
- [39] 韩东东, 郝振宇, 高广海, 等. 寡营养细菌及其生态作用和应用的研究进展[J]. *微生物学通报*, 2012, 39(4): 526-535.
- [40] HAN Dongdong, HAO Zhenyu, GAO Guanghai, et al. Ecological function of oligotrophic bacteria and their Applications in the environment[J]. *Microbiology China*, 2012, 39(4): 526-535.
- [41] HIBBETT D S. A phylogenetic overview of the Agaricomycotina[J]. *Mycologia*, 2006, 98(6): 917-925.
- [42] LUIS P, WALTHER G, KELLNER H, et al. Diversity of laccase genes from basidiomycetes in a forest soil[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2004, 36(7): 1 025-1 036.
- [43] 郭璞, 邢鹏杰, 宋佳, 等. 蒙古栎根系与根区土壤真菌群落组成及与环境因子的关系[J]. *菌物研究*, 2022, 20(3): 173-182.
- [44] GUO Pu, XING Pengjie, SONG Jia, et al. Fungal community in roots and the root zone of quercus mongolica and the correlations with the environmental factors[J]. *Journal of Fungal Research*, 2022, 20(3): 173-182.
- [45] 刘泽. 中国被孢霉属及近缘属的分类与分子系统发育研究[D]. 北京: 北京林业大学, 2020.
- [46] LIU Ze. Studies on the taxonomy and molecular phylogeny of *Mortierella* and allied Genera in china[D]. Beijing: Beijing Forestry University, 2020.

Effect of biochar amendment and subsurface drainage on microbial communities in saline coastal soils

TIAN Yuyu^{1,2}, LI Dongwei¹, QU Ziliang³, JING Rui^{1,2}, ZHAO Qingqing^{1,2}, ZHOU Xinguo^{1*}

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

2. Graduate School of Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100080, China;

3. Dandong Hydrographic Bureau of Liaoning Province, Dandong 118000, China)

Abstract: 【Background】 Soil microorganisms underpin soil functions, and its community is influenced by a multitude of abiotic and biotic factors. The objective of this paper is to study the combined effect of biochar amendment and subsurface drainage on microbial communities in salinized soil in coastal ecosystems. 【Method】 The experiment was conducted in a field at the Yellow River delta, with the subsurface drains spaced by 10 m (S10), 20 m (S20), and 30 m (S30), respectively. For each drain spacing, there was a biochar amendment treatment and non-biochar treatment. During the experiment, we measured the changes in soil physicochemical properties and microbial community structure. And the main driving factors for the changes in microbial community structure under synergistic effect of biochar and subsurface drainage were elucidated. 【Result】 Biochar amendment and subsurface drainage altered soil physicochemical properties. Biochar amendment and drain spacing were interactive having a significant impact on salinity, nitrate nitrogen, organic matter and total phosphorus in the soil. The sequencing of AccuITSTM and Accu16STM showed that drain spacing working separately or in combination with biochar amendment had a significant effect on Agaricomycetes and Acidobacteria_Gp4, albeit the underlying mechanisms are elusive. Redundancy analysis and Pearson correlation analysis showed that the absolute abundance of Agaricomycetes and Mortierellomycetes, beneficial for crop growth, were negatively correlated with soil salinity and sodium ions while positively correlated with organic matter and nitrate nitrogen, both at significant levels. Sodium ion content was the key factor affecting soil bacteria and fungi in all treatments we compared. 【Conclusion】 Amending the salinized soil by biochar coupled with subsurface drainage with the drains spaced 10 m apart worked best for improving soil nutrient and soil microbial community structure. It can be used as an improved technique for soil reclamation and agriculture production in salinized soils in coastal regions.

Key words: subsurface drainage; biochar; coastal saline soils; microbial community composition; absolute quantification

责任编辑: 赵宇龙