

氮肥减半配施有机肥对燕麦田土壤微生物群落功能多样性的影响

路 花 张美俊* 冯美臣 王 超 王晓雪 杨武德

(山西农业大学农学院, 山西太谷 030801)

摘 要 研究氮肥减半配施有机肥燕麦田土壤微生物群落碳源代谢特征,从土壤微生物群落功能多样性变化角度探讨燕麦田有机肥替代部分氮肥的可行性。设置不施肥 CK、常规施氮 N1(含纯 N $90 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$)、氮肥减半 N2(含纯 N $45 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$)、氮肥减半配施有机肥 N2O1(O1 含总 N 量为 $90 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$)和 N2O2(O2 含总 N 量为 $45 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$)的 5 个处理。采用 Biolog-ECO 法,研究不同施肥处理燕麦田土壤微生物群落对糖类、氨基酸类、胺类、羧酸类、聚合物类和其他类碳源的代谢利用特征。结果表明:氮肥减半配施有机肥改变了燕麦田土壤微生物群落对糖类、氨基酸类、羧酸类和聚合物类的代谢偏好;随有机肥配施量增加,对六类碳源的利用得到显著提高;主成分分析显示,氨基酸类和胺类是引起不同施肥处理燕麦田土壤微生物群落代谢特征差异的主要碳源;氮肥减半后随配施有机肥量增加,燕麦田土壤微生物群落的丰富度和均匀度显著提高;氮肥减半后,配施有机肥量增加到总 N 量 $90 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 时,能通过影响土壤微生物群落功能多样性提高燕麦产量。因此,减氮配施一定量有机肥是提高燕麦田土壤微生物群落功能多样性和增加产量的有效途径。

关键词 配施有机肥;氮肥;土壤微生物群落;碳源利用;多样性指数;燕麦产量

Effects of half-reduced nitrogen fertilization combined with organic fertilizer on functional diversity of soil microbial communities in oat field. LU Hua, ZHANG Mei-jun*, FENG Meichen, WANG Chao, WANG Xiao-xue, YANG Wu-de (*College of Agronomy, Shanxi Agricultural University, Taigu 030801, Shanxi, China*).

Abstract: We evaluated the carbon metabolism characteristics of soil microbial communities under half-reduced N fertilization combined with organic fertilizer in the oat field. The aim was to investigate the possibility of the replacement of partial N by organic fertilizer from the perspective of soil microbial functional diversity. There were five treatments in the experiment: no fertilizer CK, conventional nitrogen N1 (pure N $90 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$), nitrogen fertilizer halved N2 (pure N $45 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$), and nitrogen fertilizer halved combined with organic fertilizer N2O1 and N2O2 (O1 contains a total N of $90 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ and O2 contains a total N of $45 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$). The Biolog-ECO method was used to evaluate the metabolism characteristics of soil microbial communities on carbohydrates, amino acids, amines, carboxylic acids, polymers, and others. The results showed that N fertilizer halved combined with organic fertilizer changed the metabolic preferences of soil microbial communities on carbohydrates, amino acids, carboxylic acids and polymers in the oat field. After N fertilizer halved, there was a significant increase of the utilization on the six types of carbon sources for soil microbial communities with the increasing organic fertilizer application. Principal component analysis showed that amino acids and amines were the main carbon sources which induced the metabolism characteristic differences of soil microbial community among different fertilization regimes. After N fertilizer halved, richness and evenness of soil microbial communities were increased with the increasing organic fertilizer application. After N fertilizer halved,

山西省重点研发计划重点项目(201703D211001-03-01)和山西省重点研发计划重点项目(201703D211001-03-03)资助。

收稿日期: 2019-04-25 接受日期: 2019-09-05

* 通讯作者 E-mail: meijunz@126.com

when the amount of organic fertilizer equaling total N of $90\text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$, oat yield was increased by the changes of soil microbial functional diversity. Therefore, N fertilizer reduction and organic fertilizer substitution was an effective measure to improve soil microbial functional diversity in oat fields.

Key words: organic fertilizer application; nitrogen fertilizer; soil microbial community; carbon source utilization; diversity index; oat yield.

中国氮肥施用量已达到国际安全标准上限,使用量已超过大部分发达国家(史常亮等,2016)。氮肥过量施用,导致农田土壤大量氮素盈余,造成氮肥资源浪费,影响土壤生态环境(巨晓棠等,2003;Guo *et al.*,2010)。减少氮肥投入、有机肥替代来高效管理养分资源,是实现作物高产和农田环境保护的根本出路(刘兆辉等,2016;张绪成等,2016)。土壤微生物群落作为土壤生态系统中最重要的一部分,参与土壤物质循环和养分转化过程,研究土壤微生物群落对减氮配施有机肥的响应对评价土壤生态环境健康具有重要意义。

随着高通量测序技术发展,运用高通量测序技术进行了施肥对土壤微生物群落结构、物种组成和多样性等方面的研究(杨亚东等,2017;周艳飞等,2018),但此技术无法获得有关微生物群落总体活性与代谢功能的信息。Biolog 法是目前已知的研究微生物代谢功能多样性很有力的方法,可弥补这些不足(田雅楠等,2011)。有研究者采用 Biolog 法分析了有机肥添加对土壤微生物群落功能多样性的影响。胡可等(2007)利用 Biolog 法研究不同施肥处理下土壤微生物群落功能多样性变化,结果表明,生物有机肥处理更能提高土壤中微生物的活性。侯晓杰等(2007)通过 Biolog 法研究表明,含有机肥的处理比单施氮肥土壤微生物群落对碳源的利用率较高。何翠翠等(2018)采用 Biolog 法研究氮肥减量的情况下,有机肥替代部分氮肥能够提高土壤微生物的多样性和活性,可以显著提高微生物对碳源的利用程度。

燕麦作为小宗杂粮,前人对燕麦研究多集中在其抗性(Sánchez-Martín *et al.*,2015)、功能物质挖掘方面(Zhang *et al.*,2019)。关于减氮配施有机肥对燕麦田土壤微生物群落功能多样性影响方面的研究和报道较少。Biolog 方法通过反映土壤微生物群落对不同碳源利用的选择性差异,来表征土壤微生物群落的代谢功能特点及微生物群落多样性的动态变化。本研究通过监测土壤微生物群落对 Biolog-ECO 板 31 种碳源的利用,反映燕麦田氮肥减半配施有机

肥土壤微生物群落的代谢偏好和多样性差异变化,以期对燕麦生产可持续的土壤健康管理和产量提高提供理论和实践依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本试验于 2018 年在山西农业大学农学院试验农场进行,供试土壤为石灰性褐土,耕作层土壤(0~20 cm)pH 为 7.30,有机质 $16.41\text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 、全氮 $1.80\text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 、速效磷 $6.90\text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 。

供试燕麦品种为“坝苽 18 号”。氮肥为尿素(含纯 N 46%),有机肥为羊粪(含总 N 0.60%,总 P_2O_5 0.30%,总 K_2O 0.20%)。

1.2 试验设计

采用随机区组设计,小区面积为 12 m^2 ($3\text{ m} \times 4\text{ m}$)。共设 5 个处理:不施肥 CK、常规施氮 N1($90\text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$)、氮肥减半 N2($45\text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$)、氮肥减半配施有机肥 N2O1 和 N2O2,其中有机肥 O1 施用量为 $15000\text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ (含总 N $90\text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$)、O2 施用量为 $7500\text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ (含总 N $45\text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$)。每处理 3 次重复,共计 15 个小区。各处理补充磷肥为过磷酸钙(含 P_2O_5 16%),钾肥为氯化钾(含 K_2O 60%),使各处理施入的磷、钾肥含量保持一致,肥料在播种前一次性施入。各处理肥料用量见表 1。

1.3 土样采集

在燕麦成熟期采集土样,每小区在燕麦行间采用 5 点法采集耕作层 0~20 cm 土壤样品,混匀为一个土样,将碎石、茎叶和死根等杂物挑出。将混合土样过 2 mm 筛,进行微生物群落碳源利用测定。

表 1 不同施肥处理($\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$)
Table 1 Different fertilizer treatments

处理	N	P_2O_5	K_2O
CK	0	45	30
N1	90	45	30
N2	45	45	30
N2O1	135	45	30
N2O2	90	45	30

1.4 土壤微生物群落碳源利用测定

土壤微生物群落碳源利用采用 Biolog-ECO 板进行测定。Biolog-ECO 板第一个微孔为对照孔,其余 31 个微孔每孔均含有一种不同的有机碳源和相同含量的四唑紫染料,通过颜色的变化深浅来反映土壤微生物对 31 种碳源的利用特征(高明霞等,2015;祝英等,2015)。31 种碳源可被分为六大类,分别为糖类(12 种)、氨基酸类(6 种)、胺类(2 种)、羧酸类(5 种)、聚合物类(4 种)和其他类(2 种)。

参照 Frac 等(2012)的方法:称取 10 g 鲜土加入 90 mL 灭菌的 NaCl(0.85%)于三角瓶中,封口后在摇床上(200 r · min⁻¹)震荡 15 min,静止 15 min,然后将土壤样品稀释至 10⁻³。取 125 μL 菌悬液接种到 Biolog 每孔中,25 ℃ 恒温培养,每隔 24 h 分别在波长 590 nm 的酶标仪(SP-Max23A 光吸收型全波长酶标仪)下读取数据,连续培养 168 h,数据小于 0.06 时按 0 处理。

1.5 数据分析

采用 Biolog-ECO 板培养 96 h 的数据进行分析。土壤微生物群落碳源利用:用平均微孔颜色吸光值(average well color development,AWCD)来描述。计算公式为:

$$AWCD = \sum (C_i - R) / n$$

式中,C_i是所测得各类碳源反应孔的光密度值,R 是对照孔的光密度值,n 为所有碳源的种类数(31)或六大类碳源各自种类数。

土壤微生物群落功能多样性分析:用 Shannon 指数(H)、Simpson 指数(D)和 McIntosh 指数(U)来描述。

Shannon 指数,用于评估群落物种丰富度,计算公式为:

$$H = - \sum P_i \ln P_i$$

Simpson 指数,用于评估群落物种优势度,计算公式为:

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

McIntosh 指数,用于评估群落物种均匀度,计算公式为:

$$U = \sqrt{\sum (C_i - R)^2}$$

式中,P_i为第 i 个碳源孔相对光密度值与整个平板相对光密度值总和的比率(C_i - R) / ∑ (C_i - R)。

土壤微生物群落碳源利用主成分分析:用土壤

微生物群落对六大类碳源利用的 AWCD 值分析。

采用 Microsoft Excel 2010 进行数据整理,DPS 9.5 进行差异性分析,Origin 8.0 进行绘图,SPSS 19.0 和 GGE biplot 5.2 进行主成分分析和作图。

2 结果与分析

2.1 不同施肥处理燕麦田土壤微生物群落对各类碳源的利用

图 1 显示了不同施肥处理燕麦田土壤微生物群落对六类碳源利用百分比情况。不同施肥处理对六类碳源利用的百分比有差异。各处理对六类碳源的利用均表现为对其他类碳源利用的百分比最低。氮肥减半 N2 处理和减半后配施有机肥的 N2O1、N2O2 处理对其他五类碳源的利用百分比顺序一致,均为糖类>氨基酸类>胺类>羧酸类>聚合物类,而对照和常规施氮 N1 处理对五类碳源的利用顺序为氨基酸类>糖类>胺类>聚合物类>羧酸类,表明氮肥减半及减半后配施有机肥改变了土壤微生物群落对部分碳源的优先利用顺序。

由图 2 可以看出,不同施肥处理燕麦田土壤微生物群落对同类碳源的利用能力存在显著差异。常规施氮 N1 处理对六类碳源的利用均显著低于对照,表明与对照相比,常规施氮土壤微生物群落会显著降低对六类碳源的利用。含有机肥的处理对糖类、氨基酸类、胺类、聚合物类的利用均显著大于单施氮肥和对照,且氮肥减半 N2 处理对这四类碳源的利用显著大于常规施氮 N1 处理。如氮肥减半 N2 处理较减半后配施有机肥 N2O2 处理对糖类、氨基酸类、胺类和聚合物类碳源的利用分别显著降低了 3 1.19%、18.03%、29.00%和 11.72%;较氮肥减半后

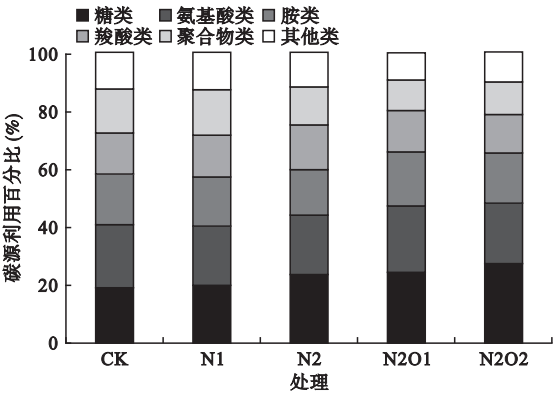


图 1 不同施肥处理土壤微生物群落碳源利用比例
Fig.1 Percentage of utilization of soil microbial communities on carbon sources under different fertilizations

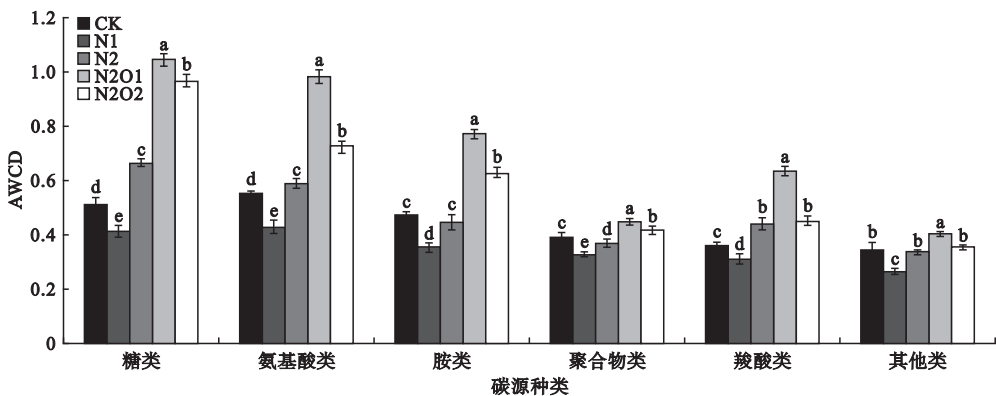


图 2 不同施肥处理土壤微生物群落对同类碳源的利用
Fig.2 Utilization of soil microbial community on similar carbon sources under different fertilizations
图中数据为平均数±标准差,同一碳源不同小写字母表示不同施肥处理间在 0.05 水平差异显著。

配施有机肥 N2O1 处理对糖类、氨基酸类、胺类和聚合物类碳源的利用降低幅度更大,分别显著降低了 36.28%、39.82%、42.12%和 17.82%,表明氮肥减半能显著提高土壤微生物群落对这四类碳源的利用,且在氮肥减半后,随配施有机肥量的增加,土壤微生物群落对这四类碳源的利用有显著提高的作用。常规施氮 N1 处理对羧酸类和其他类碳源的利用也显著低于氮肥减半 N2 处理及减半后配施有机肥 N2O2、N2O1 处理。氮肥减半 N2 处理与减半后配施有机肥的 N2O2 处理对羧酸类和其他类碳源的利用差异不显著,但比减半后配施有机肥的 N2O1 处理对这两类碳源的利用显著降低了 30.76%和 16.79%。以上分析表明,与常规施氮相比,氮肥减半能显著提高土壤微生物群落对六类碳源的利用。在氮肥减半情况下,土壤微生物群落对糖类、氨基酸类、胺类、聚合物类的利用随有机肥配施量的增加而增加,对羧酸类和其他类碳源的利用在有机肥配施量增加 1 倍时,能显著提高对这两类碳源的利用。

2.2 不同施肥处理燕麦田土壤微生物群落碳源利用主成分分析

由图 3 可以看出,第 1 主成分(PC1)方差贡献率就达 91.10%,而 CK、N1、N2 处理均落在 PC1 轴的负端,N2O1 和 N2O2 处理均落在 PC1 轴的正端,显然 PC1 可以明显区分不同施肥处理燕麦田土壤微生物群落碳源代谢差异。主成分图中连接原点和各个碳源的直线称为碳源的“向量”(严威凯,2010;2015),碳源向量的长度是对土壤微生物群落碳源代谢能力差异的度量。由图 3 可知,糖类、氨基酸类、胺类、聚合物类、羧酸类和其他类碳源的向量长度分别为 1.552、1.584、1.578、1.544、1.539 和 1.562,

表明氨基酸类和胺类是区分有机肥配施后燕麦田土壤微生物群落碳源代谢差异的主要碳源。

2.3 不同施肥处理燕麦田土壤微生物群落功能多样性指数变化

表 2 显示,不同施肥处理对燕麦田土壤微生物群落功能多样性指数影响不同。各处理土壤微生物群落 Simpson 指数无显著差异。含有机肥处理的土壤微生物群落 Shannon 指数和 McIntosh 指数均显著大于单施氮肥和对照,如氮肥减半配施有机肥 N2O2 处理 Shannon 指数和 McIntosh 指数比常规施氮 N1 分别显著提高了 0.90%、33.43%;比氮肥减半 N2 处理这两个多样性指数分别显著提高了 0.60%、16.7%。表明添加有机肥能显著提高土壤微生物群落丰富度和均匀度。氮肥减半配施有机肥 N2O1 处理 Shannon 指数和 McIntosh 指数显著高于 N2O2 处理,显示随有机肥用量增加,土壤微生物群落丰富度和均匀度显著增加。由表2还可以看出,与对照相

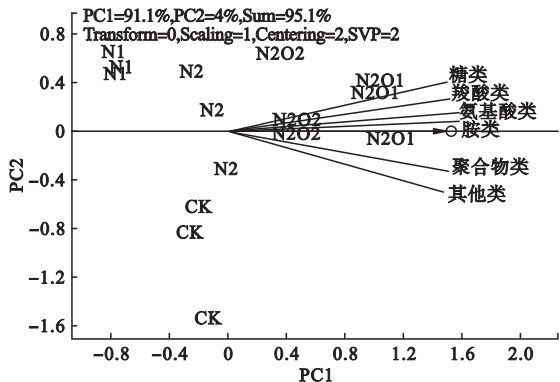


图 3 不同施肥处理土壤微生物群落碳源利用主成分分析
Fig.3 Principal component analysis of utilization of soil microbial communities on carbon source under different fertilizations

表 2 不同施肥处理土壤微生物群落功能多样性指数
Table 2 Functional diversity indices of soil microbial communities under different fertilizations

处理	Shannon 指数 (H)	Simpson 指数 (D)	McIntosh 指数 (U)
CK	3.34±0.001 c	0.97±0.003 a	3.09±0.029 e
N1	3.34±0.004 c	0.97±0.005 a	3.62±0.004 d
N2	3.35±0.006 c	0.97±0.003 a	4.14±0.026 c
N2O1	3.41±0.004 a	0.97±0.004 a	5.71±0.027 a
N2O2	3.37±0.001 b	0.97±0.001 a	4.83±0.048 b

表中数据为平均数±标准差,同一列中不同小写字母表示在 0.05 水平差异显著 ($P<0.05$)。

比,施氮肥不会影响土壤微生物群落 Shannon 指数和 Simpson 指数,但会显著增加 McIntosh 指数,如常规施氮 N1 和氮肥减半 N2 分别比对照 McIntosh 指数增加 17.15% 和 33.98%,表明施氮肥可以增加燕麦田土壤微生物群落均匀度,且在氮肥减半条件下,土壤微生物群落均匀度增加幅度更大。

2.4 不同施肥处理燕麦产量及与土壤微生物群落功能多样性指数的相关性

图 4 显示,各施肥处理燕麦产量均显著高于 CK。常规施氮 N1 处理和氮肥减半 N2 处理之间燕麦产量存在显著差异,表明氮肥减半施用会显著降低燕麦产量,降低幅度达 17.82%。氮肥减半后配施有机肥 N2O2 处理燕麦产量也显著低于常规施氮 N1 处理,但是配施有机肥 N2O1 处理燕麦产量显著高于常规施氮处理,提高幅度为 3.61%。表明氮肥减半情况下,配施等量氮的有机肥燕麦产量低于常规施氮,有机肥配施量增加 1 倍时,燕麦产量比常规施氮显著提高。

表 3 显示不同施肥处理燕麦产量与土壤微生物群落 Shannon 指数和 McIntosh 指数均呈显著正相

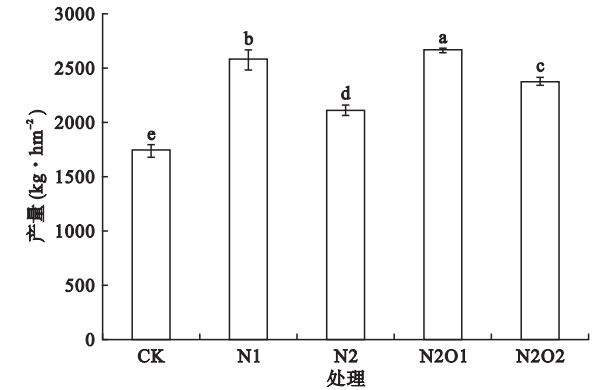


图 4 不同施肥处理燕麦产量
Fig.4 Oat yield under different fertilizations

图中数据为平均数±标准差,不同小写字母表示在 0.05 水平差异显著。

表 3 燕麦产量与土壤微生物群落功能多样性指数的相关性
Table 3 Correlation between oat yield and functional diversity indices of soil microbial communities

项目	Shannon 指数 (H)	Simpson 指数 (D)	McIntosh 指数 (U)
产量	0.61 *	0.28	0.69 *

* 表示在 0.05 水平差异显著 ($P<0.05$)。

关。表明燕麦产量与土壤微生物群落丰富度和均匀度相关。

3 讨论

3.1 土壤微生物群落碳源利用

Biolog-ECO 微平板中孔的 AWCD 值是反映土壤微生物群落代谢功能多样性的一个重要指标,可以评判微生物群落对碳源利用的总的能力(吴芳芳等,2014)。本试验结果显示,与常规施氮相比,氮肥减半及减半后配施有机肥改变了燕麦田土壤微生物群落对氨基酸类、糖类、聚合物类、羧酸类四类碳源的先后利用顺序,说明氮肥减半及减半后配施有机肥燕麦田土壤微生物群落产生了代谢变异性,改变了对碳源的代谢偏好。徐江兵等(2018)采用 Biolog 法研究有机肥配施对红壤微生物碳源代谢活性的影响,结果也表明有机无机肥配施能显著提高红壤微生物的碳源底物利用能力,改变对碳源的偏好。

试验结果还显示,与对照相比,常规施氮燕麦田土壤微生物群落会显著降低对六类碳源的利用,氮肥减半能显著提高土壤微生物群落对这六类碳源的利用,且在氮肥减半情况下随配施有机肥量的增加,对糖类、氨基酸类、胺类、聚合物类碳源的利用有进一步显著提高的作用。对羧酸类和其他类碳源的利用在有机肥配施量增加 1 倍时,有进一步显著提高的作用。表明氮肥减半及减半配施有机肥和常规施氮燕麦田土壤微生物群落在碳源利用上存在明显差异。施用有机肥(或有机无机肥配施)后,土壤微生物群落对碳源底物利用能力显著增强(侯晓杰等,2007;徐江兵等,2018)。有机肥氮投入比例对土壤微生物碳源利用特征的影响研究表明,有机肥替代无机肥氮素可以显著提高土壤微生物群落对碳源的利用效率,且随有机肥投入量的增加而增加(何翠翠等,2018)。这些试验结果与本研究中氮肥减半配施有机肥显著提高燕麦田土壤微生物群落对碳源利用能力的结果是一致的。配施有机肥增加土壤各

种养分含量,改善土壤物理性状,从而改善土壤微生物群落生境,使土壤微生物生存能力增加,代谢活性提高,最终使配施有机肥土壤微生物群落提高了对 Biolog-ECO 板各类碳源的利用。

3.2 土壤微生物群落碳源利用主成分分析

对 Biolog 数据进行主成分分析是解析土壤微生物群落碳源代谢特征的有效手段 (Frac *et al.*, 2012)。本研究结果显示,不同施肥处理位于主成分分析 PC1 不同位置。Garland 等 (1991) 认为,各处理在主成分图空间位置上的不同与微生物碳源代谢利用能力是相关联的。由此推断,本试验中,不同施肥处理土壤微生物群落碳源代谢特性存在差异性。进一步分析表明,氨基酸类和胺类是区分不同施肥处理土壤微生物群落代谢特性差异的主要碳源。不同施肥处理与地膜覆盖对土壤微生物群落功能多样性的影响研究表明糖类和氨基酸类与各主成分具有显著的相关性,是微生物利用的主要碳源,并且是各施肥处理的主要区分碳源 (侯晓杰等, 2007),与本研究结果有一些差异,可能与施入的肥料不同有关。

3.3 土壤微生物群落多样性变化

土壤微生物群落多样性是群落总体动态的反映,受土壤特性影响较大,不同的施肥处理对微生物群落多样性产生的影响至关重要 (徐永刚等, 2010; 张瑞等, 2013)。土壤微生物群落差异可通过微生物群落对 Biolog-ECO 微平板不同碳源利用能力来体现 (Zhang *et al.*, 2019)。本研究结果显示,与对照相比,常规施氮和氮肥减半仅显著提高了燕麦田土壤微生物群落 McIntosh 指数,即施氮肥可显著增加土壤微生物群落均匀度,且氮肥减半燕麦田土壤微生物群落均匀度增加幅度更大。五年连续施用无机肥料研究也显示无机肥料没有影响土壤微生物群落的丰富度和优势度 (何翠翠等, 2018),与本研究结果是一致的。

氮肥减半情况下,配施有机肥的燕麦田土壤微生物群落 Shannon 指数和 McIntosh 指数均比氮肥减半燕麦田有显著增加,且随有机肥用量增加,土壤微生物群落 Shannon 指数和 McIntosh 指数进一步显著增加。表明氮肥减半后,随配施有机肥量增加能进一步提高燕麦田土壤微生物群落的丰富度和均匀度。有机肥含有充足的养分,可作为土壤微生物代谢的碳源及能量,使配施有机肥土壤微生物群落数量和种类增加,土壤微生物群落结构多样性发生变

化,促使其土壤微生物群落的丰富度和均匀度增加。李猛等 (2017) 研究表明,有机肥配施氮肥减半处理的土壤微生物群落物种丰富度均显著高于不施肥和常规施氮处理。徐万里等 (2015) 在研究新疆灰漠土土壤肥力长期试验也表明,氮肥配施低量、高量有机肥的处理土壤微生物群落物种丰富度均显著高于单施氮肥处理,与本研究结果相似。何翠翠等 (2018) 在研究有机肥氮投入比例对土壤微生物群落碳源利用特征的影响中显示,有机氮替代处理的微生物碳源利用丰富度指数显著高于不施肥对照处理和单施化肥处理,但均匀度指数有了明显的降低,且随着有机肥氮素替代比例的增大,差异越明显。而本研究显示,燕麦田土壤微生物群落的均匀度也会随配施有机肥量的增加而增加,可能是由于不同试验施入有机肥的种类和时期不同,以及有机肥和无机肥的配比不同所致。另一角度也表明,配施有机肥土壤微生物群落代谢功能多样性发生变化,以及与之相适应的碳源利用方式的变化,必然会影响土壤中各种养分的循环转化过程,从而会影响配施有机肥土壤养分的数量及形态。

3.4 燕麦产量变化

土壤微生物参与养分的活化、转化和运输等过程,一定程度上改变地上植物的生产力和养分利用率 (沈仁芳等, 2017; 肖琼等, 2018)。在农田有机改良措施研究中发现,土壤微生物会随着有机物料加入而恢复,微生物的恢复会对氮循环、土壤质量及作物产量产生正向影响 (Kallenbach *et al.*, 2011; 李光宇等, 2018)。微生物不同的群落结构和代谢功能,以及与之相适应的碳源利用方式必然会影响土壤中各种养分的循环转化过程,从而影响土壤养分数量及形态,最终影响作物产量 (孙瑞莲等, 2004; 孙凤霞等, 2010)。为了进一步探究不同施肥处理土壤微生物群落功能多样性与燕麦产量的关系,本研究对不同施肥处理土壤微生物群落 Shannon 指数、Simpson 指数和 McIntosh 指数与燕麦产量进行了相关分析,发现燕麦产量与土壤微生物群落丰富度和均匀度均呈显著正相关。本研究显示,氮肥减半后配施有机肥燕麦田土壤微生物群落的丰富度和均匀度均会显著提高,但氮肥减半后配施等量氮的有机肥比常规施氮会显著降低燕麦产量,配施有机肥增加 1 倍后燕麦产量才能显著超过常规施氮处理。说明氮肥减半后只有配施足够量的有机肥才能通过影响土壤微生物群落功能多样性最终提高燕麦产量。

4 结 论

氮肥减半及减半后配施有机肥显著提高了燕麦田土壤微生物群落对六类碳源的利用,随配施有机肥量增加,土壤微生物群落有进一步显著提高对六类碳源利用的趋势。氨基酸类和胺类碳源是区分不同施肥处理燕麦田土壤微生物群落碳源代谢差异的主要碳源;氮肥减半后随配施有机肥量增加,燕麦田土壤微生物群落的丰富度和均匀度均进一步提高,燕麦产量与土壤微生物群落丰富度和均匀度均呈显著正相关;氮肥减半后配施有机肥总 N 量达 $90 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 时,能通过影响土壤微生物群落功能多样性提高燕麦产量。

参考文献

高明霞,孙 瑞,崔全红,等. 2015. 长期施用化肥对壤土微生物多样性的影响. 植物营养与肥料学报, **21**(6): 1572-1580.

何翠翠,李贵春,尹昌斌,等. 2018. 有机肥氮投入比例对土壤微生物碳源利用特征的影响. 植物营养与肥料学报, **24**(2): 383-393.

侯晓杰,汪景宽,李世朋. 2007. 不同施肥处理与地膜覆盖对土壤微生物群落功能多样性的影响. 生态学报, **27**(2): 655-661.

胡 可,王利宾. 2007. Biolog 微平板技术在土壤微生态研究中的应用. 土壤通报, **38**(4): 819-821.

巨晓棠,张福锁. 2003. 关于氮肥利用率的思考. 生态环境, **12**(2): 192-197.

李 猛,张恩平,张淑红,等. 2017. 长期不同施肥设施菜地土壤酶活性与微生物碳源利用特征比较. 植物营养与肥料学报, **23**(1): 44-53.

李光宇,吴次芳. 2018. 土壤微生物研究在农田质量评价中的应用. 土壤学报, **55**(3): 543-556.

刘兆辉,薄录吉,李 彦,等. 2016. 氮肥减量施用技术及其对作物产量和生态环境的影响综述. 中国土壤与肥料, (4): 1-8.

沈仁芳,孙 波,施卫明,等. 2017. 地上-地下生物协同调控与养分高效利用. 中国科学院院刊, **32**(6): 566-574.

史常亮,郭 焱,朱俊峰. 2016. 中国粮食生产中化肥过量施用评价及影响因素研究. 农业现代化研究, **37**(4): 671-679.

孙凤霞,张伟华,徐明岗,等. 2010. 长期施肥对红壤微生物生物量碳氮和微生物碳源利用的影响. 应用生态学报, **21**(11): 2792-2798.

孙瑞莲,朱鲁生,赵秉强,等. 2004. 长期施肥对土壤微生物的影响及其在养分调控中的作用. 应用生态学报, **15**(10): 1907-1910.

田雅楠,王红旗. 2011. Biolog 法在环境微生物功能多样性研究中的应用. 环境科学与技术, **34**(3): 50-57.

吴芳芳,郑有飞,吴荣军,等. 2014. 地表太阳辐射减弱对小麦根际土壤微生物碳代谢指纹的影响. 生态学杂志, **33**(4): 1021-1026.

肖 琼,王齐齐,邬 磊,等. 2018. 施肥对中国农田土壤微

生物群落结构与酶活性影响的整合分析. 植物营养与肥料学报, **24**(6): 1598-1609.

徐江兵,王艳玲,刘 明,等. 2018. BIOLOG 与微量热耦合研究提高红壤微生物代谢活性的碳源因子. 土壤学报, **55**(1): 203-212.

徐万里,唐光木,葛春辉,等. 2015. 长期施肥对新疆灰漠土土壤微生物群落结构与功能多样性的影响. 生态学报, **35**(2): 468-477.

徐永刚,宇万太,马 强,等. 2010. 不同施肥制度对土壤微生物生态影响的评价. 土壤通报, **41**(5): 1262-1269.

严威凯. 2010. 双标图分析在农作物品种多点试验中的应用. 作物学报, **36**(11): 1805-1819.

严威凯. 2015. 农作物品种试验数据管理与分析. 北京: 中国农业科学技术出版社.

杨亚东,冯晓敏,胡跃高,等. 2017. 豆科作物间作燕麦对土壤固氮微生物丰度和群落结构的影响. 应用生态学报, **28**(3): 957-965.

张 瑞,张贵龙,陈冬青,等. 2013. 不同施肥对农田土壤微生物功能多样性的影响. 中国农学通报, **29**(2): 133-139.

张绪成,于显枫,王红丽,等. 2016. 半干旱区减氮增钾、有机肥替代对全膜覆盖垄沟种植马铃薯水肥利用和生物量积累的调控. 中国农业科学, **49**(5): 852-864.

周艳飞,聂江文,王幼娟,等. 2018. 施氮水平对稻-稻-紫云英稻田土壤细菌数量及群落结构的影响. 农业资源与环境学报, **35**(6): 508-517.

祝 英,王治业,彭铁楠,等. 2015. 有机肥替代部分化肥对土壤肥力和微生物特征的影响. 土壤通报, **46**(5): 1161-1167.

Frac M, Oszust K, Lipiec J. 2012. Community level physiological profiles (CLPP), characterization and microbial activity of soil amended with dairy sewage sludge. *Sensors*, **12**: 3253-3268.

Garland JL, Mills AL. 1991. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on basis of patterns of community level sole-carbon-source utilization. *Applied and Environmental Microbiology*, **57**: 2351-2359.

Guo JH, Liu XJ, Zhang Y, et al. 2010. Significant acidification in major Chinese croplands. *Science*, **327**: 1008-1010.

Kallenbach C, Grandy AS. 2011. Controls over soil microbial biomass responses to carbon amendments in agricultural systems: A meta-analysis. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, **144**: 241-252.

Sánchez-Martín J, Heald J, Kingston-Smith A, et al. 2015. A metabolomic study in oats (*Avena sativa*) highlights a drought tolerance mechanism based upon salicylate signalling pathways and the modulation of carbon, antioxidant and photo-oxidative metabolism. *Plant, Cell and Environment*, **38**: 1434-1452.

Zhang KL, Li XP, Ma Z, et al. 2019. Solvent retention capacity of oat flour: Relationship with oat β -glucan content and molecular weight. *Food Hydrocolloids*, **93**: 19-23.

Zhang MJ, Feng MC, Xiao LJ, et al. 2019. Persistence of Cry1Ac protein from transgenic *Bt* cotton cultivation and residue returning in fields and its effect on functional diversity of soil microbial communities. *Pedosphere*, **29**: 114-122.

作者简介 路 花,女,1995年生,硕士研究生,主要从事作物生态研究. E-mail: luhua144221@163.com

责任编辑 李凤芹