

研究报告

聚丙烯酰胺和生物炭共施对土壤细菌群落、理化因子和玉米产量的影响

赵卉鑫¹, 马鑫^{*1}, 张瑞喜¹, 张永虎², 唐海涛³

1 内蒙古自治区水利科学研究院, 内蒙古 呼和浩特 010020

2 内蒙古自治区农牧业科学院, 内蒙古 呼和浩特 010031

3 内蒙古博测质检科技有限责任公司, 内蒙古 呼和浩特 010010

赵卉鑫, 马鑫, 张瑞喜, 张永虎, 唐海涛. 聚丙烯酰胺和生物炭共施对土壤细菌群落、理化因子和玉米产量的影响[J]. 微生物学通报, 2023, 50(3): 1136-1148.

ZHAO Huixin, MA Xin, ZHANG Ruixi, ZHANG Yonghu, TANG Haitao. Effects of polyacrylamide and biochar co-application on soil bacterial community, physical and chemical factors, and maize yield[J]. Microbiology China, 2023, 50(3): 1136-1148.

摘要:【背景】细菌群落在土壤养分循环中扮演着重要角色, 并且土壤理化性质及作物产量会对其产生一定的影响。【目的】明确河套灌区滴灌条件下聚丙烯酰胺和生物炭共施对土壤细菌群落多样性及结构组成、理化因子和玉米产量的影响。【方法】设置对照(CK)、聚丙烯酰胺 22.5 kg/hm²+生物炭 9 000 kg/hm² (PB1)、聚丙烯酰胺 22.5 kg/hm²+生物炭 13 500 kg/hm² (PB2)和聚丙烯酰胺 22.5 kg/hm²+生物炭 18 000 kg/hm² (PB3)这 4 个不同处理, 利用高通量测序技术研究土壤细菌群落与环境因子和玉米产量的相互关系。【结果】与 CK 相比, PB1 和 PB2 处理均提高了土壤细菌群落的 α 多样性指数(Chao1 指数和 Shannon 指数)。聚丙烯酰胺和生物炭共施可改变土壤细菌群落结构组成, 不同处理的土壤细菌优势类群为变形菌门(*Proteobacteria*)和 Subgroup_6。PB1 处理的土壤水解氮和 PB2 处理的有效钾含量增加较为明显, 且 PB2 处理的综合土壤肥力排名位于首位。冗余分析表明 pH 是影响细菌群落结构(门、属水平)的主要环境因子。PB2 处理玉米的穗长、秃尖长、行粒数和百粒重均为最高。放线菌门(*Actinobacteria*)、Subgroup_6 和 *RB41* 对玉米行粒数的增加起正向促进作用, *Skermanella* 对玉米穗长的增加起正向促进作用。【结论】滴灌条件下聚丙烯酰胺和生物炭共施可通过改变土壤理化性质直接或间接增加细菌群落的多样性并改变细菌群落结构, 从而提高玉米产量, 且 PB2 处理效果最为明显。

关键词: 微生物群落结构; 聚丙烯酰胺; 生物炭; 滴灌; 高通量测序; 理化因子

资助项目: 内蒙古自治区科技成果转化项目(2019CG008); 内蒙古自治区技术攻关项目(2019GG022); 内蒙古自治区科技计划(2021GG0056)

This work was supported by the Science and Technology Achievements Transformation Project of Inner Mongolia Autonomous Region (2019CG008), the Technology Breakthrough Project of Inner Mongolia Autonomous Region (2019GG022), and the Science and Technology Project of Inner Mongolia Autonomous Region (2021GG0056).

*Corresponding author. E-mail: nmgmaxin@126.com

Received: 2022-04-07; Accepted: 2022-09-20; Published online: 2022-12-05

Effects of polyacrylamide and biochar co-application on soil bacterial community, physical and chemical factors, and maize yield

ZHAO Huixin¹, MA Xin^{*1}, ZHANG Ruixi¹, ZHANG Yonghu², TANG Haitao³

1 Inner Mongolia Autonomous Region Scientific Research Institute of Water Conservancy, Hohhot 010020, Inner Mongolia, China

2 Inner Mongolia Autonomous Region Academy of Agricultural and Animal Husbandry Sciences, Hohhot 010031, Inner Mongolia, China

3 Inner Mongolia Boce Quality Inspection Technology Company with Limited Liability, Hohhot 010010, Inner Mongolia, China

Abstract: **[Background]** Bacterial community plays an important role in soil nutrient cycling and meanwhile is affected by soil physical and chemical properties and crop yield. **[Objective]** To study the effects of co-application of polyacrylamide (PAM) and biochar on soil bacterial diversity and community structure, soil physical and chemical factors, and maize yield in Hetao irrigation area under drip irrigation. **[Methods]** We designed four treatments: control (CK, no polyacrylamide or biochar), 22.5 kg/hm² polyacrylamide+9 000 kg/hm² biochar (PB1), 22.5 kg/hm² polyacrylamide+13 500 kg/hm² biochar (PB2), and 22.5 kg/hm² polyacrylamide+18 000 kg/hm² biochar (PB3), to investigate the relationship among soil bacterial community, environmental factors, and maize yield by high-throughput sequencing technology. **[Results]** Compared with CK, PB1 and PB2 improved the alpha diversity indexes (Chao 1 and Shannon index) of soil bacteria. The co-application of polyacrylamide and biochar changed the structure of soil bacterial community, and the dominant groups of soil bacteria in different treatments were *Proteobacteria* and Subgroup_6. PB1 and PB2 significantly increased the content of available nitrogen and available potassium, respectively, and the comprehensive soil fertility was the highest in PB2 treatment. Redundancy analysis showed that pH was the main environmental factor affecting the bacterial community structure at the phylum and genus levels. The ear length, bald tip length, kernel number per row, and 100-kernel weight of maize in PB2 treatment were the highest. *Actinobacteria*, Subgroup_6, and *RB41* played a positive role in increasing the kernel number per row, and *Skermanella* in increasing the ear length. **[Conclusion]** Under drip irrigation, co-application of polyacrylamide and biochar can directly or indirectly increase bacterial diversity and alter bacterial community structure by changing soil physical and chemical properties to improve maize yield, and PB2 treatment demonstrates the best performance.

Keywords: microbial community structure; polyacrylamide; biochar; drip irrigation; high-throughput sequencing; physical and chemical factors

土壤细菌是数量最多、分布最广泛的微生物类群^[1], 在保持土壤肥力等方面起重要作用。不同施肥条件可以直接或间接改变细菌群落结构及多样性, 并且会受到土壤 pH、有机质含量等

环境因子的影响^[2-3]。生物炭(biochar, BIC)具有较强的吸附性, 可与土壤黏土矿物有机质形成团聚体。生物炭中含大量碳^[4], 可以为土壤细菌提供较好的生长环境, 最终影响其多样性。聚丙烯

酰胺(polyacrylamide, PAM)有较好的絮凝性,其功能是提高土壤结构稳定性和水分利用率、减少肥料流失^[5],从而间接改变菌群结构^[6]。河套灌区是以黄河水灌溉为主^[7],这种灌溉方式会导致土壤盐碱化和大量水资源的浪费。然而滴灌水肥一体化技术不仅可以提高水肥利用效率,并且可减轻土壤盐渍化程度^[8],同时也有研究发现滴灌条件下能增加土壤细菌多样性指数和改变细菌群落结构^[9-10]。

目前对于 PAM 和生物炭的共同施用对土壤细菌群落的研究相对较少。因此,本文在滴灌条件下,展开 BIC (9 000、13 500 和 18 000 kg/hm²) 和 PAM (22.5 kg/hm²) 的联合应用研究,并基于 PE250 测序平台,对滴灌条件下 PAM 和不同梯度生物炭共施对土壤细菌群落结构进行分析,并讨论群落组成与环境因子、玉米产量指标间的深层联系,以期为该地区农业发展提供微生物方面的基础资料,同时也为河套灌区发展农业节水提供理论依据。

1 材料与amp;方法

1.1 试验地概况

2021年4-10月在内蒙古巴盟临河区双河镇

进步村(40°34'N-44°17'N, 107°6'E-107°44'E)进行试验。该地区属于温带大陆性气候,年均降雨量为 141.2 mm,年均气温是 6.8 °C,无霜期为 140 d 左右,昼夜温差和蒸发量均较大。该试验地土壤类型为粉砂质黏壤土,其化学性质如表 1 所示。

1.2 试验设计

试验地各小区面积均为 120 m²,共 4 个小区,供试作物为玉米,各个小区周边设置面积大小相同的保护行。在滴灌条件下,共设置 CK (对照处理)、PAM+BIC1 (聚丙烯酰胺 22.5 kg/hm²+生物炭 9 000 kg/hm²)、PAM+BIC2 (聚丙烯酰胺 22.5 kg/hm²+生物炭 13 500 kg/hm²)和 PAM+BIC3 (聚丙烯酰胺 22.5 kg/hm²+生物炭 18 000 kg/hm²)这 4 个不同处理,每个处理 3 个重复,分别用 CK、PB1、PB2 和 PB3 表示。种植时施入底肥磷酸二铵 600 kg/hm²,不同处理施入不同量的 PAM 和 BIC。在玉米整个生育期内每 7-10 天进行一次滴灌,共计约 10 次,每次滴灌使用水肥一体化技术进行液体肥的追施,液体肥配方比例为尿素、五氧化二磷、氧化钾的比例。追肥配方及亩用量、各配方中微量元素的比例如表 2 和表 3 所示。

表 1 土壤理化性质

Table 1 The physicochemical properties of soil

指标 Index	数值 Numerical value
含水量 Water content (%)	16.2
颗粒组成 Particle composition (%)	
砾 Gravel (20-2 mm)	0.0
砂 Sand (2.00-0.02 mm)	27.0
粉砂粒 Silty sand (0.020-0.002 mm)	49.5
粘粒 Clay particle (<0.002 mm)	23.5
pH	7.9
电导率 Conductivity (mS/cm)	0.3
水解氮 Hydrolyzed nitrogen (mg/kg)	67.2
有效磷 Available phosphorus (mg/kg)	10.6
有效钾 Available kalium (mg/kg)	241.0

表 2 试验田追肥配方及用量信息

Table 2 Formula and amount of topdressing in experimental field

追肥配方 Topdressing formula	施用时期 Application period	次数 Number of times	配方比例 Formula proportion	配方肥用量 Dosage of formula fertilizer (kg/hm ²)
苗期配方 Seeding formula	出苗到拔节前 From seeding to jointing stage	1	8:3:1	300
穗期配方 Heading formula	拔节到灌浆初 From jointing to early filling stage	4-5	12.5:1:2.5	1 050
花粒期配方 Florescence formula	灌浆初到成熟前 From early filling to mature stage	1-2	12.5:1:1	225
合计 Total	/	8-10	/	1 575

/: 无法合计

/: Cannot be totaled.

表 3 施用肥料中各配方微量元素比例表

Table 3 The proportion of trace elements in each formula of fertilizer application (%)

Item	8:3:1	12.5:1:2.5	12.5:1:1
有机质 Organic matter	5.000	10.000	10.000
锌 Zinc	0.167	0.094	0.000
锰 Manganese	0.048	0.024	0.000
硼 Boron	0.018	0.009	0.000
铁 Iron	0.012	0.006	0.000
铜 Copper	0.002	0.001	0.000
钼 Molybdenum	0.000	0.000	0.000
pH	4.460	4.340	4.630

1.3 样品采集

在玉米抽穗期(8 月份)取土壤样品(耕层 0-30 cm)。为保证无菌条件下取样,每个小区取样前均进行土钻和手套的消毒。各小区选五点取样后混匀,去除残渣分别装入 2 个自封袋,进行标记后迅速放入装有干冰的容器中。完成取样后,一部分土样用冰袋包装邮寄至土壤微生物检验检测公司;另一部分土样经过处理后保存用于土壤化学性质的测定。

1.4 主要试剂和仪器

DNA 提取试剂盒 Omega Soil DNA Kit, Omega Bio-Tek 公司;Axygen 凝胶回收试剂盒和 Q5® High-Fidelity DNA Polymerase 高保真聚合酶, NEB 公司; Quant-iT PicoGreen dsDNA Assay Kit 荧光剂、TAE 琼脂糖凝胶电泳缓冲液和

Agarose 琼脂糖凝胶试剂, Invitrogen 公司; DL2000 DNA Marker, TaKaRa 公司; 其他试剂均为分析纯。

NanoDrop 超微量紫外分光光度计, Thermo Scientific 公司; 电泳仪, 北京六一生物科技公司; 凝胶成像系统, 北京百晶公司; 研磨仪器, 上海净信公司; PCR 扩增仪, ABI 公司; 酶标仪, Bio-Tek 公司; pH 计和电导率仪, 上海仪电科学仪器公司; 紫外可见分光光度计, 北京普析仪器有限公司; 智能数显多功能油水浴锅, 上海锦赋实验仪器设备有限公司; 生化培养箱, 上海坤天实验室仪器有限公司; 火焰光度计, 上海傲谱分析仪器有限公司。

1.5 土壤微生物样品的测定

土壤细菌样品送至南京派森诺基因科技有

限公司进行分析测定, 测序平台为 PE250。对于预处理完成的样品, 采用 Omega Soil DNA Kit 提取核酸, 对抽提完成的 DNA 进行 0.8% 琼脂糖凝胶电泳判断分子大小, 利用 Nanodrop 超微量紫外分光光度计进行定量。本试验目标片段是 468 bp, 土壤细菌 16S rRNA 基因区域为 V3-V4 区, 引物为 338F (5'-barcode+ACTCCTACGGG AGGCAGCA-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGG TWTCTAAT-3')^[11], 正向引物中的 barcode 是 1 个 7-10 个碱基的寡核苷酸序列, 用来区分同一文库中的不同样品。PCR 反应条件: 98 °C 5 min; 98 °C 30 s, 53 °C 30 s, 72 °C 45 s, 25 个循环; 72 °C 5 min; 12 °C 保存。PCR 采用 NEB Q5 DNA 高保真聚合酶, 其反应体系为: 5 μL 的 high GC buffer (5×), 5 μL 的 reaction buffer (5×), 0.25 μL 的 Q5 high-fidelity DNA polymerase, 各 1 μL 的正向和反向引物(0.01 mol/L), 2 μL 的 dNTPs (0.01 mol/L), 2 μL 的模板 DNA 和 8.75 μL 的 ddH₂O。PCR 扩增产物进行 2% 琼脂糖凝胶电泳, 切取目的片段用 Axygen 凝胶回收试剂盒回收目的片段。

1.6 土壤化学性质的测定

参照《土壤农化分析》^[12]的方法, 使用 pH 计和电导率仪测定土壤 pH、电导率; 采用 NaHCO₃⁻紫外分光光度法、重铬酸钾容量法、碱解扩散法、NH₄OAc⁻原子吸收法和重量法分别测定土壤有效磷、有机碳、水解氮、有效钾和全盐含量。

1.7 数据处理

试验数据分析基于南京派森诺基因科技有限公司所提供的云服务(<https://www.genescloud.cn/home>)进行。使用 SPSS25 进行相关性、主成分和方差分析, Excel 2010 整理数据和制作图表。

2 结果与分析

2.1 PAM 和生物炭共施对土壤细菌群落的影响

2.1.1 PAM 和生物炭共施对土壤细菌群落 α 多样性的影响

与 CK 相比, 所有处理均提高了土壤细菌群落的多样性(Shannon)指数, 最高的是 PB2 处理(11.05); PB1 和 PB2 处理提高了土壤细菌群落的丰富度(Chao1)指数, 其中最高的是 PB1 处理(6 816.34), 其次为 PB2 处理(6 826.06), 而 PB3 处理有所下降(6 220.78); 不同处理的均匀度(Pielou_evenness)和覆盖度(Goods_coverage)指数均达到 0.88 和 96% 以上, 这说明测序深度可以满足分析要求, 并能反映土壤物种多样性(图 1)。

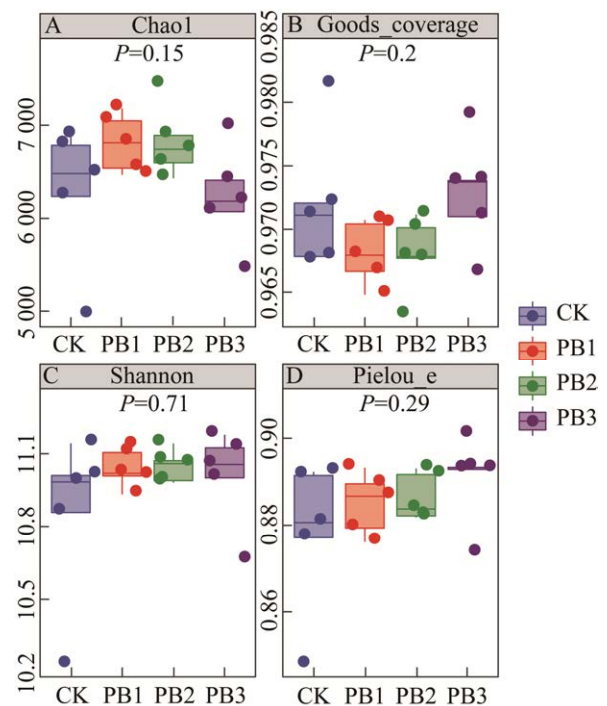


图 1 不同处理对土壤细菌群落 α 多样性的影响
Figure 1 Effects of different treatments on alpha diversity of soil bacterial community.

2.1.2 PAM 和生物炭共施对土壤细菌群落 β 多样性的影响

图 2 是不同处理土壤细菌群落组成的非度量多维尺度分析(non-metric multidimensional scaling analysis, NMDS), 其应力函数值(stress)为 0.069 1, 当此值小于 0.2 时, 说明 NMDS 排序效果良好且分析结果较为可靠。PB1 和 PB2 处理与 CK 处理的距离较远, 说明其与 CK 处理的土壤细菌群落的组成差异较大。

2.1.3 PAM 和生物炭共施对土壤细菌群落结构(门水平)的影响

由图 3 可知, 不同处理的土壤细菌优势门都是变形菌门(*Proteobacteria*), 分别占总物种的 31.89% (CK)、30.70% (PB1)、30.14% (PB2)和 30.83% (PB3); 其次为放线菌门(*Actinobacteria*), 分别占总物种的 22.62%、24.40%、25.14%和 23.72%; 酸杆菌门(*Acidobacteria*)分别占总物种的 15.84%、14.63%、15.06%和 16.24%。与 CK 相比, PB1、PB2 和 PB3 处理下变形菌门的相对丰度分别降低了 3.74%、5.50%和 3.34%; PB1、PB2 和 PB3 处理下放线菌门的相对丰度分别提

高了 7.85%、11.10%和 4.84%; PB3 处理提高了酸杆菌门的相对丰度(2.53%), 而 PB1 和 PB2 处理则有所降低(7.59%和 4.88%)。

2.1.4 PAM 和生物炭共施对土壤细菌群落结构(属水平)的影响

由图 4 可知, 不同处理的土壤细菌优势属均为 Subgroup_6, 分别占总物种的 8.06% (CK)、7.30% (PB1)、7.54% (PB2)和 8.21% (PB3); 其次为 *Skermanella*, 分别占总物种的 2.90%、2.70%、

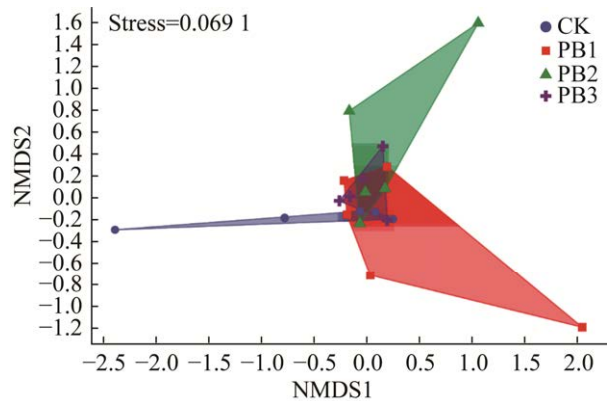


图 2 不同处理对土壤细菌群落 NMDS 的影响
Figure 2 Effects of different treatments on NMDS of soil bacterial community.

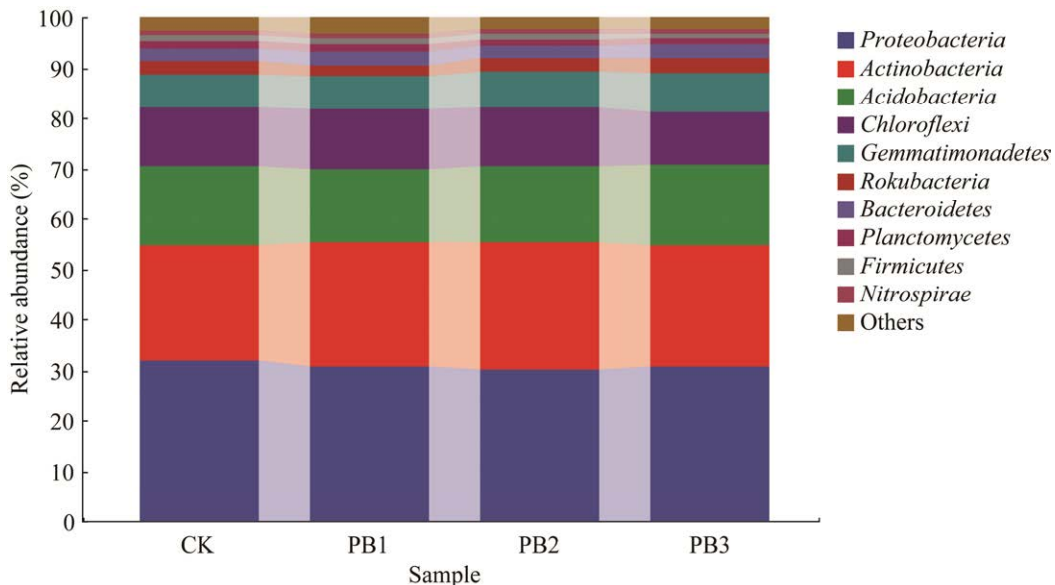


图 3 不同处理对门水平细菌群落相对丰度的影响

Figure 3 Effects of different treatments on relative abundance of bacterial communities at the phylum level.

3.36%和 2.65%; 以及 RB41, 分别占总物种的 2.94%, 2.67%, 2.62%和 2.78%。与 CK 相比, PB1 和 PB2 处理下 Subgroup_6 的相对丰度分别降低了 9.40%和 6.45%, 而 PB3 处理提高了 1.78%; PB1 和 PB3 处理下 *Skermanella* 的相对丰度分别降低了 6.70%和 8.58%, 而 PB2 处理提高了 15.82%; PB1、PB2 和 PB3 处理下 RB41 的相对丰度分别降低了 9.11%、10.81%和 5.38%。

2.2 PAM 和生物炭共施对土壤理化性质的影响

由表 4 可看出, PAM 和不同梯度生物炭共施能够改善土壤化学性质。与 CK 相比, 各处理均显著增加土壤 pH 值, 但电导率和全盐含量均有所降低, 且不存在显著性差异; PB1 处理可增加土壤水解氮的含量, 其增幅为 15.81%; PB2 处理可提高

有效钾含量, 其增幅为 7.21%; 各处理土壤有机碳、有效磷含量均有所提高, 但不存在显著性差异。

通过总方差解释表可以看到前 2 个成分的累计值为 87.81%, 这说明前 2 个主成分能够代表 7 个指标来分析, 按贡献率大小依次为 pH、全盐含量(表 5)。由表 6 可知, 经土壤肥力综合评估后, PB2 处理位于首位, 其次为 PB1 和 PB3 处理的土样, 综合肥力最低的为空白土样。

2.3 细菌多样性指数与土壤理化因子的相关性分析

Shannon 指数和 Chao1 指数反映了土壤细菌 α 多样性, NMDS1 指数和 NMDS2 指数反映了土壤细菌 β 多样性指数。由相关性来看, Shannon 指数与 pH 呈显著正相关($P < 0.05$); NMDS1 与 AK 呈显著负相关($P < 0.05$) (表 7)。

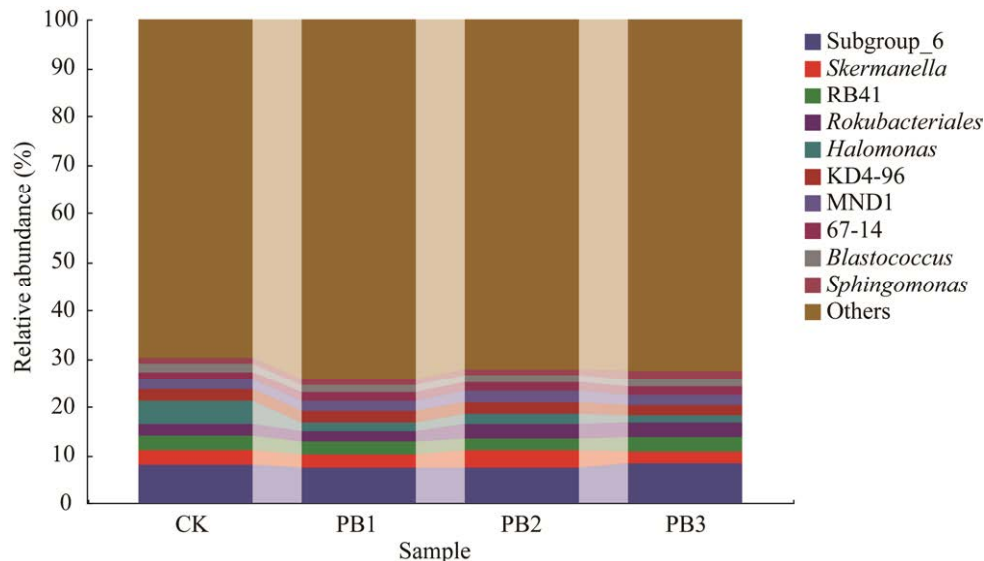


图 4 不同处理对属水平细菌群落相对丰度的影响

Figure 4 Effects of different treatments on relative abundance of bacterial communities at the genus level.

表 4 不同处理对土壤化学性质的影响

Table 4 Effects of different treatments on soil chemical properties

处理 Treatment	pH	电导率 Conductivity (mS/cm)	全盐 Total salt (g/kg)	有机碳 Organic matter (g/kg)	水解氮 Hydrolyzed nitrogen (mg/kg)	有效磷 Available phosphorus (mg/kg)	有效钾 Available kalium (mg/kg)
CK	7.49±0.07c	0.29±0.11a	1.28±0.24a	11.21±1.75a	95.33±24.68a	7.44±2.15a	229.00±33.62a
PB1	7.59±0.04b	0.28±0.06a	1.24±0.11a	12.85±1.11a	110.40±60.84a	12.21±7.77a	231.50±19.53a
PB2	7.67±0.04a	0.27±0.05a	1.22±0.12a	12.16±1.94a	86.01±25.83a	11.63±2.14a	245.50±36.89a
PB3	7.66±0.02a	0.28±0.05a	1.24±0.12a	11.53±2.12a	84.22±35.16a	13.25±1.83a	229.40±23.73a

同列不同字母表示差异显著($P < 0.05$), 下同

Different letters in the same column indicate significant difference at 0.05 level, the same below.

表 5 土壤理化因子主成分分析的特征值与方差分析贡献率结果

Table 5 Results of eigenvalue and variance analysis contribution rate of principal component analysis of soil physicochemical factors

成分 Component	初始特征值 Initial eigenvalue			提取载荷平方和 Distill the sum of squares of loads		
	主成分特征值 Principal component eigenvalue	方差百分比 Percentage variance	累积百分率 Cumulative percentage (%)	提取因子特征值 Extract factor eigenvalues	方差百分比 Percentage variance	累积百分率 Cumulative percentage (%)
pH	4.469	63.843	63.843	4.469	63.843	63.843
全盐 Total salt	1.677	23.964	87.806	1.677	23.964	87.806
电导率 Electrical conductivity	0.854	12.194	100.000			
有机碳 Soil organic carbon	7.79E-16	1.11E-14	100.000			
水解氮 Hydrolyzed nitrogen	3.78E-16	5.4E-15	100.000			
有效磷 Available phosphorus	3.26E-17	4.66E-16	100.000			
有效钾 Available kalium	-5.87E-17	-8.38E-16	100.000			

表 6 主成分得分与综合得分结果

Table 6 Results of principal component score and comprehensive score

处理 Treatment	主成分得分 Principal component score		综合得分 Comprehensive score	排名 Ranking
	F1	F2	F	
CK	-21.01	-15.12	-17.00	4
PB1	-5.25	-3.79	-4.25	2
PB2	39.97	34.81	33.76	1
PB3	-13.71	-15.90	-12.52	3

表 7 细菌多样性指数和土壤理化因子的相关性分析

Table 7 Correlation analysis between bacterial diversity index and soil physicochemical factors

相关性 Correlation	pH	TS	EC	SOC	HN	AP	AK	Chao1	Shannon	NMDS1	NMDS2
pH	1.000										
TS	-0.511*	1.000									
EC	-0.470*	0.961**	1.000								
SOC	0.090	0.140	0.100	1.000							
HN	-0.360	0.467*	0.480*	-0.050	1.000						
AP	0.420	-0.050	-0.070	0.140	-0.070	1.000					
AK	0.040	0.210	0.150	0.652**	0.000	0.250	1.000				
Chao1	0.280	-0.290	-0.200	0.170	-0.100	0.220	0.280	1.000			
Shannon	0.475*	-0.410	-0.290	0.030	-0.180	0.050	0.010	0.804**	1.000		
NMDS1	0.440	-0.340	-0.250	-0.240	-0.260	-0.080	-0.445*	0.450*	0.555*	1.000	
NMDS2	0.170	0.070	0.130	-0.150	-0.070	0.080	-0.060	0.050	0.110	0.000	1.000

*: $P < 0.05$; **: $P < 0.01$. The same below.

2.4 细菌群落结构与土壤理化因子的 RDA 冗余分析

在门水平上,选取所有物种与土壤理化因子

进行冗余分析(图 5A), RDA1 和 RDA2 可以解释土壤细菌群落结构总差异,分别为 13.38%和 5.27%。土壤环境因子 pH 对细菌群落结构组成

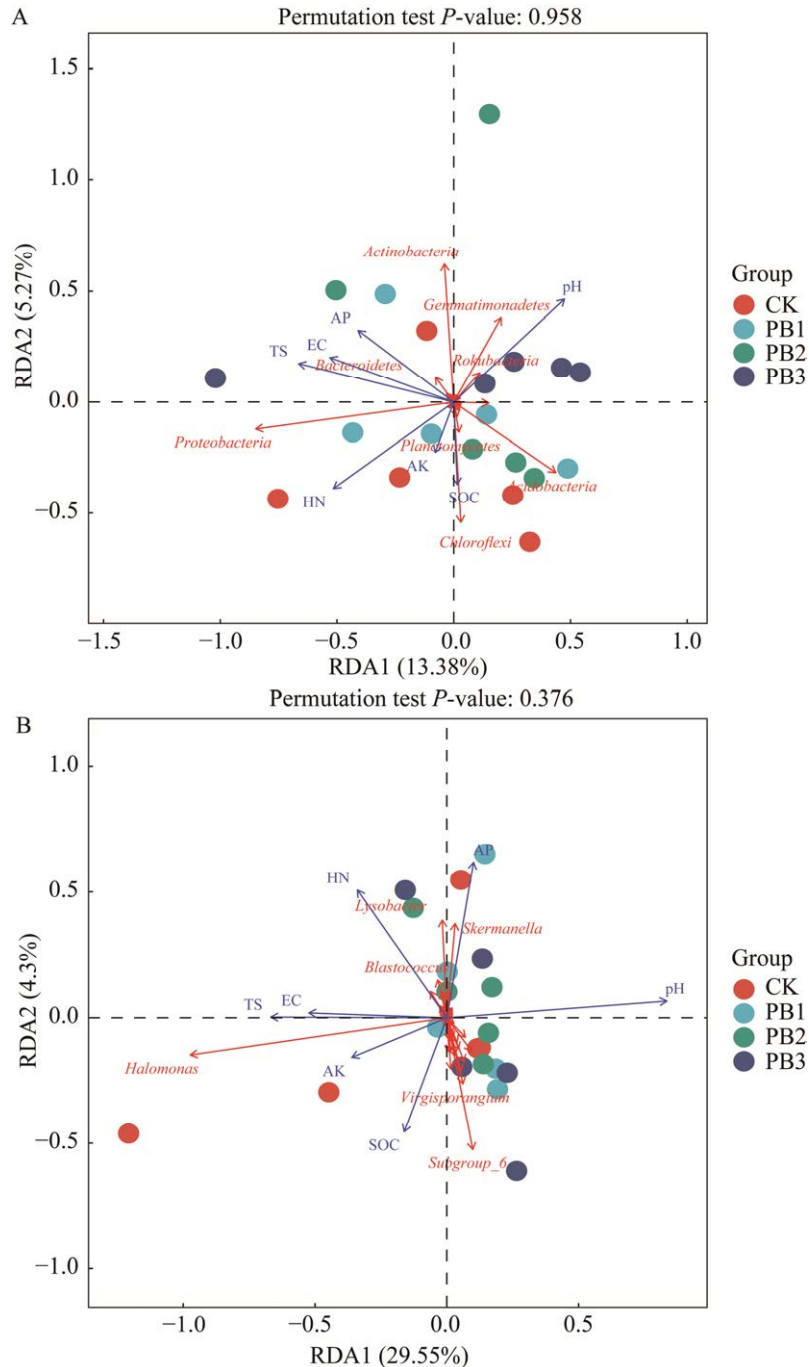


图 5 土壤细菌群落结构与化学性质的 RDA 分析 A: 门水平上土壤细菌群落结构与化学性质的相关性分析. B: 属水平上土壤细菌群落结构与化学性质的相关性分析

Figure 5 RDA analysis of soil bacterial community structure with chemical properties. A: The correlation analysis of soil bacterial community structure and chemical properties at the phyla level. B: The correlation analysis of soil bacterial community structure and chemical properties at the genus level.

的影响最大, 其次是水解氮(hydrolyzed nitrogen, HN)和全盐(total salt, TS)。变形菌门(*Proteobacteria*)与土壤有机碳(soil organic carbon, SOC)、有效钾(available potassium, AK)、HN、TS、电导率(electrical conductivity, EC)和有效磷(available phosphorus, AP)含量呈正相关关系; 放线菌门(*Actinobacteria*)、芽单胞菌门(*Gemmatimonadetes*)与土壤 pH 和 AP 含量呈正相关关系; 酸杆菌门(*Acidobacteria*)与土壤 AK 和 SOC 呈正相关关系; 浮霉菌门(*Planctomycetes*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*)与土壤 HN、AK 和 SOC 含量呈正相关关系; 拟杆菌门(*Bacteroidetes*)与土壤 AP、EC 和 TS 呈正相关关系; 己科河菌门(*Rokubacteria*)与土壤 pH 呈正相关关系。

在属水平上, 选取丰度前 50 的物种与土壤理化因子进行冗余分析(图 5B), RDA1 和 RDA2 分别为 29.55% 和 4.3%。土壤环境因子 pH 对细菌群落结构组成的影响最大, 其次是 AP 和 HN。嗜盐单胞菌属(*Halomonas*)与土壤 HN、EC、TS、

AK 和 SOC 含量呈正相关关系; Subgroup_6 与 EC、TS、pH、AK 和 SOC 含量呈正相关关系; *Skermanella*、杆状孢囊菌属(*Virgisporangium*)与土壤 HN、AP 和 pH 呈正相关关系; 溶杆菌属(*Lysobacter*)、芽球菌属(*Blastococcus*)与土壤 pH、AP、HN、EC 和 TS 为正相关关系。

2.5 不同处理下成熟期玉米指标差异

在表 8 中, PB2 处理的玉米穗长、秃尖长、玉米行粒数和百粒重均为最高, 而且与 CK 相比, 玉米穗长和百粒重均显著提高了 8.35% 和 5.88% ($P < 0.05$)。PB1 和 PB3 处理各项指标的变化却不显著, 甚至有所降低。

2.6 成熟期玉米指标与土壤细菌群落结构的相关分析

在门水平上(表 9), 玉米穗长与 *Gemmatimonadetes* 呈显著负相关关系($P < 0.05$), 玉米行粒数与 *Actinobacteria* 呈显著正相关关系($P < 0.05$), 而与 *Acidobacteria* 呈显著负相关关系($P < 0.05$)。在属水平上(表 10), 玉米穗长与

表 8 不同处理成熟期玉米相关指标差异

Table 8 Differences of related indexes of corn with different treatments on maturation period

处理	穗长	秃尖长	行粒数	百粒重
Treatment	Ear length (cm)	Bald tip length (cm)	Kernel number per row (grain)	100-kernel weight (g)
CK	21.19±1.18ab	1.30±0.71a	43.56±1.24a	34.00±4.36ab
PB1	21.83±1.53ab	1.26±0.69a	44.56±3.36a	32.33±0.50b
PB2	22.96±1.32a	1.61±1.14a	45.33±3.28a	36.00±2.29a
PB3	20.50±1.92b	1.51±0.50a	42.56±2.79a	29.33±3.21c

表 9 玉米指标与土壤细菌(门水平)的相关性分析

Table 9 Correlation analysis between maize index and soil bacteria (phylum level)

指标	穗长	秃尖长	行粒数	百粒重
Index	Ear length (cm)	Bald tip length (cm)	Kernel number per row (grain)	100-kernel weight (g)
<i>Proteobacteria</i>	0.243	-0.090	0.236	-0.217
<i>Actinobacteria</i>	0.289	0.351	0.534*	0.175
<i>Acidobacteria</i>	-0.385	-0.090	-0.641**	-0.056
<i>Chloroflexi</i>	-0.069	-0.084	-0.299	0.156
<i>Gemmatimonadetes</i>	-0.461*	0.021	-0.349	0.015
<i>Rokubacteria</i>	-0.034	0.253	-0.156	0.184
<i>Bacteroidetes</i>	-0.336	-0.417	-0.051	-0.215
<i>Planctomycetes</i>	-0.081	-0.260	-0.157	0.036
<i>Firmicutes</i>	0.185	0.094	0.158	0.305
<i>Nitrospirae</i>	-0.109	-0.066	-0.374	0.155

表 10 玉米指标与土壤细菌(属水平)的相关性分析

Table 10 Correlation analysis between maize index and soil bacteria (genus level)

指标 Index	穗长 Ear length (cm)	秃尖长 Bald tip length (cm)	行粒数 Kernel number per row (grain)	百粒重 100-kernel weight (g)
Subgroup_6	-0.369	-0.142	-0.523*	-0.104
<i>Skermanella</i>	0.449*	0.237	0.263	0.101
RB41	-0.416	-0.064	-0.698**	-0.159
<i>Rokubacteriales</i>	-0.034	0.253	-0.156	0.184
<i>Halomonas</i>	0.097	-0.099	0.159	-0.150
<i>KD4-96</i>	-0.040	0.149	-0.409	0.053
<i>MND1</i>	0.156	0.136	-0.111	0.288
<i>67-14</i>	-0.143	0.315	-0.009	0.205
<i>Blastococcus</i>	-0.032	0.000	-0.123	-0.030
<i>Sphingomonas</i>	-0.364	-0.086	-0.386	-0.197

Skermanella 呈显著正相关关系($P<0.05$), 玉米行粒数与 Subgroup_6 和 RB41 呈显著负相关关系($P<0.05$)。

3 讨论

诸多研究表明, PAM 和生物炭对土壤微生物丰富度及多样性产生显著影响^[13-14], 本文结果与文献一致。PB1 和 PB2 处理均提高了土壤细菌群落的丰富度指数(Chao1)和多样性指数(Shannon)。

在门水平上, 变形菌门(*Proteobacteria*)是最为优势的土壤细菌门, 其次为放线菌门(*Actinobacteria*)和酸杆菌门(*Acidobacteria*)。该试验地位于河套灌区, 其土壤为轻度盐渍化土壤, 变形菌门可能是盐渍化土壤中的主要优势群落^[15-17]。与 CK 相比, 各处理均提高了放线菌门的相对丰度, 放线菌门具有丝状形态, 可以降解和利用外源有机物^[18], 因此将 PAM 和生物炭施入盐渍化土壤后, 可为放线菌门提供较多营养物质, 使其成为第二大优势菌群, 且玉米行粒数与放线菌门为显著正相关关系(表 9)。有研究表明酸杆菌门是嗜酸细菌, 且一般出现在酸性较高的土壤中^[19]。本研究中 PB1 和 PB2 处理均降低酸

杆菌门的相对丰度, 这可能是因为生物炭为碱性物质且 pH 值高, 而且玉米行粒数与酸杆菌门为显著负相关关系(表 9), 因此呈现此趋势。

在属水平上, 所有已知菌属只占 40%左右, 未知菌属较多, 这说明该试验地土壤中有大部分未被挖掘的菌属。不同处理的土壤细菌优势属都是 Subgroup_6, 其次为 *Skermanella* 和 RB41。本研究中 PB1 和 PB2 处理降低了 Subgroup_6 和 RB41 的相对丰度, 这可能是因为 Subgroup_6 和 RB41 同属于酸杆菌门^[20], 因此和酸杆菌门的变化呈现相同的变化趋势, 且玉米行粒数与 Subgroup_6 和 RB41 呈显著负相关关系(表 10), 这说明 Subgroup_6 和 RB41 在该土壤中不适宜生存。PB2 处理提高了 *Skermanella* 的相对丰度, 且对于增加玉米穗长有显著作用(表 10), *Skermanella* 为典型的生物固氮菌^[21], 其增加使得土壤氮素养分含量提高。NMDS 和差异性分析表明, PB1 和 PB2 处理与 CK 处理的土壤细菌群落物种丰度组成差异较大, 这也说明 PAM 和生物炭共施使得群落结构发生了显著变化。

土壤理化性质也影响着土壤细菌群落的变化^[22]。 α 多样性指数(Shannon)与 pH 呈显著正相关($P<0.05$), β 多样性指数(NMDS1)与有效钾含量呈

显著负相关($P < 0.05$) (表 7), 这说明影响群落多样性的环境因子主要是 pH 与有效钾含量。土壤环境因子 pH 是影响土壤细菌群落(门、属水平)的主要因素(图 5), pH 已被发现在多个地理尺度上与一般微生物群落组成高度相关^[23], 而且也有学者研究证明 pH 是土壤细菌群落结构变化的重要预测因子^[24]。放线菌门(*Actinobacteria*)、芽单胞菌门(*Gemmatimonadetes*)、已科河菌属(*Rokubacteriales*)和 RB41 与土壤 pH 有较强的正相关性; 而变形菌门(*Proteobacteria*)、嗜盐单胞菌属(*Halomonas*)和 Subgroup_6 与土壤 pH 呈负相关性; 土壤全盐、有效钾、有机碳含量分别是变形菌门、嗜盐单胞菌属和 Subgroup_6 丰度变化的主要影响因子。因此, PAM 和不同梯度生物炭共施可能通过改善土壤质量进而改变土壤微生物群落结构、提高土壤细菌群落多样性, 最终提高作物产量。

4 结论

各处理的土壤细菌优势类群为变形菌门(*Proteobacteria*)和 Subgroup_6。PB1 和 PB2 处理均提高了土壤细菌群落的丰富度和多样性指数。PB1 和 PB2 处理可改善土壤理化性质, 且 PB2 处理的综合土壤肥力排名位于首位。土壤 pH 是影响土壤细菌群落多样性和结构组成(门、属水平)的主要环境因子。PB2 处理的玉米穗长、秃尖长、玉米行粒数和百粒重均为最高。放线菌门(*Actinobacteria*)、Subgroup_6 和 RB41 对玉米行粒数的增加起正向促进作用, *Skermanella* 对玉米穗长的增加起正向促进作用。综上所述, 在滴灌条件下 PB2 处理增施能够提高土壤细菌群落多样性并改善土壤理化性质及细菌群落组成, 可根据当地实际情况选择适宜用量。

REFERENCES

[1] BURNS KN, KLUEPFEL DA, STRAUSS SL, BOKULICH NA, CANTU D, STEENWERTH KL.

Vineyard soil bacterial diversity and composition revealed by 16S rRNA genes: differentiation by geographic features[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, 91: 232-247.

[2] TURNER S, MIKUTTA R, MEYER-STÜVE S, GUGGENBERGER G, SCHAARSCHMIDT F, LAZARCS, DOHRMANN R, SCHIPPERS A. Microbial community dynamics in soil depth profiles over 120 000 years of ecosystem development[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8: 874.

[3] ZHANG QP, MIAO FH, WANG ZN, SHEN YY, WANG GL. Effects of long-term fertilization management practices on soil microbial biomass in China's cropland: a meta-analysis[J]. *Agronomy Journal*, 2017, 109: 1183-1195.

[4] 徐敏, 伍钧, 张小洪, 杨刚. 生物炭施用的固碳减排潜力及农田效应[J]. *生态学报*, 2018, 38(2): 393-404.

XU M, WU J, ZHANG XH, YANG G. Impact of biochar application on carbon sequestration, soil fertility and crop productivity[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(2): 393-404 (in Chinese).

[5] 史吉刚. 保水剂、PAM 施用对土壤特性及对胡萝卜生长的影响[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学硕士学位论文, 2008.

SHI JG. Effects of super absorbent polymer and soil conditioner (PAM) on soil properties and carrot growth[D]. Hohhot: Master's Thesis of Inner Mongolia Agricultural University, 2008 (in Chinese).

[6] 余跃惠, 张凡, 舒福昌, 张学礼, 王正良, 周玲革, 赵勇, 赵立平. 油田污水污泥中以液蜡和聚丙烯酰胺(PAM)为营养源的微生物群落及功能分析[A]//首届全国微生物基因组学学术研讨会会程与论文摘要集[C]. 武汉, 2006: 36.

SHE YH, ZHANG F, SHU FC, ZHANG XL, WANG ZL, ZHOU LG, ZHAO Y, ZHAO LP. Microbial community and functional analysis of oil field sewage sludge with liquid wax and polyacrylamide (PAM) as nutrient Sources[A]//Proceedings and Abstracts of the First National Symposium on Microbial Genomics[C]. Wuhan, 2006: 36 (in Chinese).

[7] 郭瑞杰. 临河区农业节水灌溉发展下小麦种植成本-收益研究: 以双河镇为例[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学硕士学位论文, 2019.

GUO RJ. Study on the cost-benefit of wheat planting under the development of water-saving irrigation in Linhe: a case study of Shuanghe town as an example[D]. Hohhot: Master's Thesis of Inner Mongolia Agricultural University, 2019 (in Chinese).

[8] 谷强远, 刘义国, 冯木彩, 李军, 李玲燕, 万雪洁, 刘树堂, 师长海. 滴灌水氮耦合对不同类型土壤冬小麦

- 产量构成及水肥利用的影响[J]. 山东农业科学, 2021, 53(10): 47-55.
- GU QY, LIU YG, FENG MC, LI J, LI LY, WAN XJ, LIU ST, SHI CH. Water and nitrogen coupling effects under drip irrigation on yield components and water and fertilizer utilization of winter wheat in different soil types[J]. Shandong Agricultural Sciences, 2021, 53(10): 47-55 (in Chinese).
- [9] 王芳, 沈舒雨, 杨柳, 林妍敏, 南雄雄, 张俊华. 旱区滴灌条件下不同养分组合对叶用枸杞土壤活性碳库及细菌群落的调控效应[J]. 节水灌溉, 2021(12): 21-29.
- WANG F, SHEN SY, YANG L, LIN YM, NAN XX, ZHANG JH. Effects of different nutrient combinations on soil fertility and bacterial community of *Lycium chinense* mill under drip irrigation in arid area[J]. Water Saving Irrigation, 2021(12): 21-29 (in Chinese).
- [10] 郭慧楠. 生物炭对咸水滴灌棉田土壤的改良效应研究[D]. 石河子: 石河子大学硕士学位论文, 2021.
- GUO HN. Effect of biochar on soil improvement in saline water drip irrigation cotton field[D]. Shihezi: Master's Thesis of Shihezi University, 2021 (in Chinese).
- [11] CLAESSEON MJ, O'SULLIVAN O, WANG Q, NIKKILÄ J, MARCHESI JR, SMIDT H, DEVOS WM, ROSS RP, O'TOOLE PW. Comparative analysis of pyrosequencing and a phylogenetic microarray for exploring microbial community structures in the human distal intestine[J]. PLoS ONE, 2009, 4(8): e6669.
- [12] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- BAO SD. Soil and Agricultural Chemistry Analysis[M]. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2000 (in Chinese).
- [13] YAO Q, LIU JJ, YU ZH, LI YS, JIN J, LIU XB, WANG GH. Changes of bacterial community compositions after three years of biochar application in a black soil of northeast China[J]. Applied Soil Ecology, 2017, 113: 11-21.
- [14] ZHENG JF, CHEN JH, PAN GX, LIU XY, ZHANG XH, LI LQ, BIAN RJ, CHENG K, ZHENG JW. Biochar decreased microbial metabolic quotient and shifted community composition four years after a single incorporation in a slightly acid rice paddy from southwest China[J]. Science of the Total Environment, 2016, 571: 206-217.
- [15] YANG J, MA LA, JIANG HC, WU G, DONG HL. Salinity shapes microbial diversity and community structure in surface sediments of the Qinghai-Tibetan Lakes[J]. Scientific Reports, 2016, 6: 25078.
- [16] SINGH D, SHI LL, ADAMS JM. Bacterial diversity in the mountains of South-West China: climate dominates over soil parameters[J]. Journal of Microbiology, 2013, 51(4): 439-447.
- [17] 王鹏, 陈波, 张华. 基于高通量测序的鄱阳湖典型湿地土壤细菌群落特征分析[J]. 生态学报, 2017, 37(5): 1650-1658.
- WANG P, CHEN B, ZHANG H. High throughput sequencing analysis of bacterial communities in soils of a typical Poyang Lake wetland[J]. Acta Ecologica Sinica, 2017, 37(5): 1650-1658 (in Chinese).
- [18] 陈静, 胡云, 崔文芳. 秸秆还田对温室黄瓜根际土壤代谢和菌群的影响[J]. 中国瓜菜, 2020, 33(7): 14-18.
- CHEN J, HU Y, CUI WF. Effects of different modes of straw returned soil on metabolism and flora of rhizosphere soil of greenhouse cucumber[J]. China Cucurbits and Vegetables, 2020, 33(7): 14-18 (in Chinese).
- [19] BARNS SM, CAIN EC, SOMMERVILLE L, KUSKE CR. Acidobacteria phylum sequences in uranium-contaminated subsurface sediments greatly expand the known diversity within the Phylum[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2007, 73(9): 3113-3116.
- [20] 王军锋. 控制降水对黄土高原西部荒漠草原土壤细菌群落的影响研究[D]. 兰州: 西北师范大学硕士学位论文, 2021.
- WANG JF. Effect of controlled precipitation on soil bacterial community in desert steppe of western loess plateau[D]. Lanzhou: Master's Thesis of Northwest Normal University, 2021 (in Chinese).
- [21] 唐凯, 高晓丹, 贾丽娟, 徐慧欣, 李薏, 孟建宇, 陶羽, 冯福应. 浑善达克沙地生物土壤结皮及其下层土壤中固氮细菌群落结构和多样性[J]. 微生物学通报, 2018, 45(2): 293-301.
- TANG K, GAO XD, JIA LJ, XU HX, LI H, MENG JY, TAO Y, FENG FY. Community structure and diversity of diazotrophs in biological soil crusts and soil underneath crust of Hunshandake Deserts[J]. Microbiology China, 2018, 45(2): 293-301 (in Chinese).
- [22] ROUSK J, BÅÅTH E, BROOKES PC, LAUBER CL, LOZUPONE C, CAPORASO JG, KNIGHT R, FIERER N. Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil[J]. The International Society for Microbial Ecology Journal, 2010, 4(10): 1340-1351.
- [23] LAUBER CL, STRICKLAND MS, BRADFORD MA, FIERER N. The influence of soil properties on the structure of bacterial and fungal communities across land-use types[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2008, 40(9): 2407-2415.
- [24] LAUBER CL, HAMADY M, KNIGHT R, FIERER N. 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): 5111-5120.