

于涵,王晓萍,吴姝菊. 纳米硅藻页岩对水稻土壤微生物功能多样性的影响[J]. 江苏农业科学,2019,47(5):217-221.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2019.05.053

纳米硅藻页岩对水稻土壤微生物功能多样性的影响

于涵,王晓萍,吴姝菊

(哈尔滨师范大学生命科学与技术学院,黑龙江哈尔滨 150025)

摘要:拟研究常规施肥下纳米硅藻页岩的施用对水稻土壤中微生物群落功能多样性的影响,为合理施用纳米硅藻页岩改良农田土壤微生态环境提供理论参考。以常规水田土壤为研究对象,分别施用 0、150、300、600 kg/hm² 等 4 种不同剂量的纳米硅藻页岩(分别记作 CK、DS₁₅₀、DS₃₀₀、DS₆₀₀),采用 Biolog 技术进行研究。结果表明,与对照处理相比,DS₃₀₀处理可以提高土壤微生物活性、微生物群落物种多样性、微生物对碳水化合物类碳源的利用率。对 31 种碳源作主成分降维分析表明,DS₃₀₀处理的土壤微生物能够提高对 D-半乳糖醛酸、D-甘露醇、N-乙酰-D-葡萄糖胺等共 13 种碳源的利用率。此外研究表明,施用 300 kg/hm² 纳米硅藻页岩可以提高土壤微生物的代谢活性和微生物对碳源的利用能力,从而增强水稻土壤微生物的功能多样性,促进微生物类群向更好的趋势发展,对于维持农田土壤生态系统的健康有重要意义。

关键词:纳米硅藻页岩;微生物群落;功能多样性;Biolog 法;主成分分析;碳源利用

中图分类号: S154.3 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2019)05-0217-05

纳米硅藻页岩是一种具有巨大表面积和丰富多孔状微孔隙且富含二氧化硅的天然纳米矿物^[1],具有很强的吸附能力,起源于黑龙江省嫩江流域,其储量丰富,开采方便,对于保持和提高土壤肥力及农业可持续发展均有重要作用^[2]。过去对纳米硅藻页岩的研究主要集中在工业领域,忽视了纳米硅藻页岩在农业领域的开发和利用。近年来,有许多学者研究认为,纳米硅藻页岩在土壤改良和修复方面有许多优良特性^[3],对微生物的吸附能力较强,可以改变微生物的活性和数量^[4]。有研究表明,施用纳米硅藻页岩可以调节土壤的理化性质,并降低有毒有害元素对植物的毒性^[1,5]。还有研究表明,纳米硅藻页岩对土壤养分元素的缓释和利用^[6]、对土

壤酸碱度的调节^[7]、对微生物的物理保护作用以及对有毒有害物质的吸附等都有利于提高土壤微生物的活性及数量^[4]。此外,有研究表明,纳米硅藻页岩同类物质的施用能够提高土壤微生物群落的功能多样性^[8],施用纳米硅藻页岩能够促进细菌的生长,增加细菌数量^[4],提高酶活性^[7]。近年来,随着可再生能源的逐渐减少,纳米硅藻页岩在农田土壤上的应用正逐渐受到研究者们的关注。

土壤中微生物的数量庞大,代谢能力较强,是土壤生态系统的重要组成部分,微生物的功能多样性对土壤变化非常敏感,不仅是衡量土壤质量变化的灵敏指标,同时也是评价生态系统是否可持续的重要生物学指标^[9]。因此,研究土壤微生物的功能多样性具有重要意义。

研究土壤微生物群落多样性的方法很多,Biolog 微孔平板法能够简单、快速地定量分析微生物群落对碳源利用的动力学特征^[10-11],因此倍受研究者们喜爱。目前,已有研究表明,纳米硅藻页岩对水稻土壤有显著的改良效果^[5],目前施用纳米硅藻页岩对农田土壤微生物影响的研究尚未见相关报道,缺乏纳米硅藻页岩直接施用后对土壤生态系统中微生物

收稿日期:2018-09-21

基金项目:黑龙江省高教强省专项“互联网+农业”(编号:黑农委联发 2016-64)。

作者简介:于涵(1994—),女,山东日照人,硕士研究生,主要从事分子遗传学研究。E-mail:yuhan18045884692@126.com。

通信作者:吴姝菊,硕士,教授,主要从事植物栽培养护与植物生态修复方向的研究。E-mail:shuju1965@163.com。

[3]张亚静. 新增建设用地计划指标分配方法研究——以廊坊市为例[D]. 保定:河北农业大学,2011.

[4]高艳侠. 土地利用总体规划中乡镇新增建设用地指标分解研究[D]. 武汉:华中农业大学,2011.

[5]郭珊珊. 鹤峰县土地利用总体规划中新增建设用地指标分解研究[D]. 武汉:湖北大学,2012.

[6]郭杰,包倩,欧名豪. 基于资源禀赋和经济发展区域分异的中国新增建设用地指标分配研究[J]. 中国土地科学,2016,30(6):71-80.

[7]刘红梅,孟鹏,马克星,等. 经济发达地区建设用地减量化研究——基于“经济新常态下土地利用方式转变与建设用地减量化研讨会”的思考[J]. 中国土地科学,2015,29(12):11-17.

[8]李效顺. 基于耕地资源损失视角的建设用地增量配置研究——

转型期中国的实证分析[D]. 南京:南京农业大学,2010.

[9]陈春,冯长春. 中国建设用地变化驱动力研究[M]. 北京:北京大学出版社,2014:78-88.

[10]牛文元. 持续发展导论[M]. 北京:科学出版社,1994:1-6.

[11]黄常锋,何伦志,刘凌. 基于相对资源承载力模型的研究[J]. 经济地理,2010,30(10):1612-1618.

[12]翟腾腾,郭杰,欧名豪. 基于相对资源承载力的江苏省建设用地管制分区研究[J]. 中国人口·资源与环境,2014,24(2):69-75.

[13]徐勇,汤青,樊杰,等. 主体功能区可利用土地资源指标及其算法[J]. 地理研究,2010,29(7):1223-1232.

[14]孔伟,郭杰,欧名豪,等. 中国建设用地集约利用变化及分区管控研究[J]. 中国土地科学,2016,30(4):13-20.

代谢情况的系统研究。因此,本研究采用 Biolog 微孔板技术,以常规水稻生产田为研究对象,研究不同施用量的纳米硅藻页岩处理对土壤微生物群落碳源利用及代谢能力的影响,以期阐明施用纳米硅藻页岩后水稻土壤微生物多样性的变化规律,为纳米硅藻页岩在改良农田土壤微生态环境方面的作用提供理论依据。

1 材料与方法

研究地区位于黑龙江省哈尔滨市道外区农技示范中心(地理位置为 126°56'E,45°56'N),海拔 119 m,属于中温带大陆性季风气候区,年均气温为 3.50~4.50℃,全年无霜期为 135~145 d,年均降水量为 400~600 mm,降水多集中于 6—9 月^[12]。

1.1 试验材料

纳米硅藻页岩粉比表面积为 277.30 cm²/g,孔径为 5~20 nm,吸水率为 74.40%,pH 值为 7.50,化学成分:81.01% SiO₂,7.84% Al₂O₃,1.68% Fe₂O₃,0.60% CaO,0.59% MgO,8.28% 其他成分^[1]。试验所用纳米硅藻页岩粉由黑龙江广拓农业科技有限公司提供。

1.2 试验设计

本试验采用的方法是大区对比法,不设重复,共设置 4 个处理:常规施肥(CK),常规施肥+150 kg/hm² 纳米硅藻页岩粉(DS₁₅₀),常规施肥+300 kg/hm² 纳米硅藻页岩粉(DS₃₀₀),常规施肥+600 kg/hm² 纳米硅藻页岩粉(DS₆₀₀)。每个处理区面积约为 420 m²,各区间隔 1.5 m。常规施肥采用水稻专用复合肥(N、P₂O₅、K₂O 比例为 12:18:15),施基肥、追肥时使用。纳米硅藻页岩粉的施用方法是在施基肥时与复合肥混合后施入土壤,追肥时不施加纳米硅藻页岩粉。2017 年 5 月初进行农田土壤翻耕,5 月 10 日于田间土壤中施用基肥,基肥用量为 938 kg/hm²,5 月 13 日插水稻秧苗,每穴插入 2~3 株,株距为 13 cm,行距为 30 cm,分蘖期追施 1 次复合肥,其施用量为 562 kg/hm²。各处理区均采用传统水分管理模式(前期淹水、中期烤田、后期干湿交替)。其他田间管理同当地常规栽培规范,试验期间严格控制田间草、虫、病害。

1.3 样品的采集与测定方法

2017 年 9 月 5 日采集各处理区耕作层 0~20 cm 的土壤,采集前先去附着在水稻土壤表面的凋落物及杂石等,将采集到的土样装入自封袋中密封,并置于带冰的保温箱中带回实验室,放入 4℃ 冰箱并取出一部分新鲜土壤,立即用于 Biolog 试验。

用 Biolog-Eco 微孔板(Biolog Eco Plate™)进行测定。Biolog 板内有 31 种碳源孔,分别是 β -甲基-D-葡萄糖苷、D-半乳糖酸- γ -内酯、D-木糖、D-半乳糖醛酸、i-赤藓糖醇、D-甘露醇、N-乙酰-D-葡萄糖胺、D-葡萄糖胺酸、D-纤维二糖、1-磷酸葡萄糖、D,L- α -磷酸甘油、 α -D-乳糖、L-精氨酸、L-天门冬酰胺、L-苯丙氨酸、L-丝氨酸、L-苏氨酸、甘氨酸-L-谷氨酸、丙酮酸甲酯、 γ -羟丁酸、衣康酸、 α -丁酮酸、D-苹果酸、吐温 40、吐温 80、肝糖、 α -环式糊精、2-羟基苯甲酸、4-羟基苯甲酸、苯乙基胺、腐胺。称取 5 g 鲜土于 45 mL 0.85% NaCl 溶液中,于 200 r/min 摇床中振荡 40 min,静置 20 min 后取上清液,之后再加入 NaCl 溶

液,反复振荡、静置、取上清液至土壤样品被稀释为 10⁻³。吸取 150 μ L 稀释液于 Biolog-Eco 微孔板中,在 25℃ 恒温培养箱中连续培养 10 d,每隔 24 h 用 Elx800™ 酶标仪分别测定 590、750 nm 波长处的吸光度^[13-14]。

1.4 数据处理与统计分析

土壤微生物群落代谢活性用单孔的平均颜色变化率(average well color development,简称 AWCD)来表示,需要用培养 10 d 的全部数据,单孔吸光度为波长为 590 nm 的吸光度减去波长为 750 nm 的吸光度(590 nm 代表颜色+浊度的波长,750 nm 代表浊度的波长),若所得数值小于 0.06,则不作统计计算^[15]。选择培养 96 h 的数据^[16]进行单因素方差分析(ANOVA)、多重比较[最小显著性差异法(LSD), α =0.05]、主成分分析、功能多样性指数的计算^[17]、6 类碳源底物吸光度的计算^[17]。使用 Excel 2010、SPSS 20.0 进行数据统计和作图,数据表示为“平均值 \pm 标准差”。

2 结果与分析

2.1 纳米硅藻页岩对水稻土壤微生物活性的影响

Biolog-Eco 微孔板内 31 孔碳源的 AWCD 值是衡量土壤微生物群落利用单一碳源能力的重要指标,能够反映土壤微生物的代谢活性,AWCD 值越高,表明土壤微生物对碳源的利用程度越高,微生物的代谢活性越强^[18]。由图 1 可看出,随着培养时间的延长,土壤微生物对碳源的利用程度越高,吸光度在培养至 48 h 时的变化速率最大,随后吸光度逐渐增加,到培养 240 h 时基本稳定。从培养 48 h 开始,DS₃₀₀处理的土壤 AWCD 值均高于其他 3 个处理,DS₆₀₀处理均明显低于其他 3 个处理,表明施用纳米硅藻页岩能够影响土壤微生物对碳源的利用。在培养 240 h 时,4 个处理的 AWCD 值排序为 DS₃₀₀>CK>DS₁₅₀>DS₆₀₀,经方差检验,DS₃₀₀处理的 AWCD 值为 1.035,显著高于 CK 处理的 AWCD 值(0.977, P <0.05),DS₆₀₀处理的 AWCD 值为 0.771,显著低于 CK 处理(P <0.05),而 DS₁₅₀处理与 CK 相比差异不显著。以上试验结果表明,施用剂量为 300 kg/hm² 的纳米硅藻页岩能够提高土壤微生物的代谢活性。

2.2 纳米硅藻页岩对水稻土壤微生物群落多样性指数的影响

对 Biolog-Eco 板培养至 96 h 的吸光度进行 4 种多样性指数分析,可以反映土壤微生物群落不同纳米硅藻页岩施用量处理下的微生物群落代谢的差异^[16]。Shannon 指数常用于表征土壤微生物群落的多样性,Simpson 指数常用于表征微生物群落的优势度,McIntosh 指数可以反映微生物群落的均匀度,Richness 指数则可用于反映微生物群落的丰富度情况^[19-20]。由表 1 可以看出,Shannon 指数、Simpson 指数、Richness 指数在各处理间的排序均为 DS₃₀₀>CK>DS₁₅₀>DS₆₀₀,表明 DS₃₀₀处理可以提高土壤微生物群落的多样性。方差检验结果表明,施用高剂量的纳米硅藻页岩处理的 McIntosh 指数、Shannon 指数显著低于其他处理(P <0.05),在其他指数上差异均不显著,表明高施用量的纳米硅藻页岩会显著降低土壤微生物群落的均匀度和多样性。

2.3 纳米硅藻页岩对水稻土壤微生物利用 6 类碳源的影响

对 Biolog-Eco 微孔板内的 31 种碳源进行分类,可分成

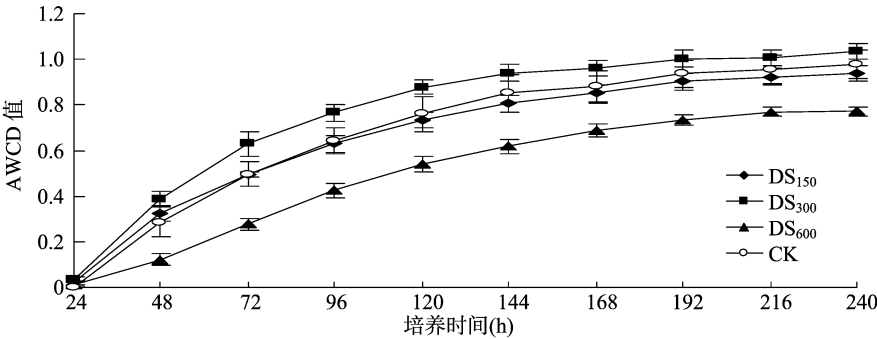


图1 不同纳米硅藻页岩处理土壤 AWCD 值的变化

表 1 不同纳米硅藻页岩处理的土壤微生物群落的多样性指数

处理	Shannon 指数	Simpson 指数	McIntosh 指数	Richness 指数
DS ₁₅₀	1.30 ± 0.03b	0.942 ± 0.02a	4.86 ± 0.84b	20.33 ± 2.68a
DS ₃₀₀	1.35 ± 0.02a	0.951 ± 0.00a	5.24 ± 0.26a	22.33 ± 2.08a
DS ₆₀₀	1.26 ± 0.01c	0.928 ± 0.02a	3.18 ± 0.77c	20.67 ± 2.96a
CK	1.33 ± 0.02ab	0.945 ± 0.01a	4.57 ± 0.63b	22.13 ± 2.37a

注:同列数据后标有不同小写字母表示在 0.05 水平上差异显著。表 2 同。

6 类,分别计算 4 种处理下这 6 类碳源的平均吸光度(6 类碳源的吸光度测定波长均为 590、750 nm),可以反映土壤微生物对不同碳源利用效率的差异^[21]。如表 2 所示,DS₃₀₀ 处理对碳水化合物、氨基酸、羧酸和多聚物的利用程度最高,经方差

检验,DS₃₀₀、DS₁₅₀ 处理对碳水化合物类碳源的利用效果显著高于对照处理,表明施用合适剂量的纳米硅藻页岩能够提高土壤微生物对碳水化合物类碳源的利用能力,可以促进喜食碳水化合物类碳源微生物的生长。

表 2 不同纳米硅藻页岩处理的土壤微生物对 6 类碳源的利用情况

处理	平均吸光度					
	碳水化合物	氨基酸	羧酸	多聚物	酚类	胺类
DS ₁₅₀	0.82 ± 0.26b	0.68 ± 0.18b	0.36 ± 0.07a	0.62 ± 0.17a	0.15 ± 0.09a	0.51 ± 0.08a
DS ₃₀₀	0.98 ± 0.06a	0.84 ± 0.17a	0.54 ± 0.17a	0.78 ± 0.11a	0.19 ± 0.07a	0.38 ± 0.07b
DS ₆₀₀	0.45 ± 0.09d	0.50 ± 0.18c	0.32 ± 0.04a	0.61 ± 0.19a	0.24 ± 0.02a	0.26 ± 0.08c
CK	0.78 ± 0.10c	0.72 ± 0.36b	0.39 ± 0.14a	0.69 ± 0.06a	0.18 ± 0.08a	0.57 ± 0.09a

2.4 纳米硅藻页岩各处理土壤微生物在 31 孔碳源上的主成分分析

Biolog - Eco 微孔板能够提供土壤微生物对板内 31 种碳源的利用信息,每种碳源相当于 1 个变量,由于微生物对有些碳源的利用方式是相似的,所以这些数据会存在大量重复信息。为了有效利用数据,对 31 种碳源采用降维的方式,可以找到代替较多原有变量的较少新变量^[22],从而明确不同纳米硅藻页岩施用量处理下土壤微生物类群的差异。主成分分析方法要求各主成分的累积方差贡献率大于 85% 才能够有效地反映真实情况。因此,为了能使主成分累积贡献率达到 85% 以上,本研究采用 4 个主成分进行分析。

由表 3 可知,PC₁ ~ PC₄ 累积方差贡献率达 99.00%, 方差贡献率大于 85%, 因此这 4 个主成分能够反映 31 种碳源的全部信息。将与 PC₁ ~ PC₄ 上相关性较大的碳源,即相关性的绝对值大于 0.50 的碳源列在表 4 中。可以看出,PC₁ 主要代表 13 种碳源,PC₂ 主要代表 11 种碳源,PC₃ 主要代表 6 种碳源,PC₄ 主要代表 5 种碳源,说明这 4 个主成分能够包含 31 种碳源的全部信息。

由表 5 可知,各处理在 PC₁、PC₂ 上的得分均较高,DS₁₅₀、DS₃₀₀ 和 CK 处理均在 PC₁ 的正方向,而 DS₆₀₀ 处理在 PC₁ 的负方向,说明 PC₁ 所代表的碳源能够很好地将 DS₁₅₀、DS₃₀₀、CK 处理与 DS₆₀₀ 处理分辨开,DS₁₅₀、DS₃₀₀、CK 处理与 DS₆₀₀ 处理的

表 3 主成分分析中因子 1 ~ 因子 4 的累积代表信息比重

主成分	特征值	方差贡献率 (%)	累积方差贡献率 (%)
主成分 1 (PC ₁)	11.91	38.43	38.43
主成分 2 (PC ₂)	8.63	27.84	66.26
主成分 3 (PC ₃)	5.44	17.56	83.83
主成分 4 (PC ₄)	5.01	15.18	99.00

微生物群落结构存在明显差异。

主成分分析结果表明,施用高剂量的纳米硅藻页岩后,微生物对碳源的利用有了很大改变。DS₁₅₀、CK 处理均在 PC₁ 的正方向和 PC₂、PC₃、PC₄ 的负方向上,说明 DS₁₅₀ 处理与 CK 处理的微生物群落结构最相似,表明施用低量的纳米硅藻页岩后,微生物对碳源的利用没有发生明显改变。DS₃₀₀ 处理在 PC₁ 的正方向上得分最高,说明 DS₃₀₀ 处理对 PC₁ 所代表的碳源利用程度最高,表明施用适量的纳米硅藻页岩可以提高微生物对 PC₁ 代表的碳源的利用率。

3 结论与讨论

Biolog - Eco 微孔板能够快速、敏感地反映土壤微生物的变化特征,对其进行数据分析时,选择 AWCD 值、多样性指数、6 类碳源的利用率及主成分分析方法能够有效提取信息^[17]。对 AWCD 值的分析结果显示,培养至 24 h 时,各处理

表 4 与主成分分析中因子 1 ~ 因子 4 相关性较大的碳源

碳源类别	名称	相关系数			
		PC ₁	PC ₂	PC ₃	PC ₄
碳水化合物	β -甲基-D-葡萄糖苷		0.706		
	D-半乳糖酸- γ -内酯		-0.977		
	D-木糖			-0.787	
	D-半乳糖醛酸	0.945			
	i-赤藓糖醇		0.876		
	D-甘露醇	0.917			
	N-乙酰-D-葡萄糖胺	0.708			
	D-葡萄糖胺	0.775			
	D-纤维二糖	0.895			
	1-磷酸葡萄糖	0.956			
	D,L- α -磷酸甘油	0.765	-0.518		
氨基酸	α -D-乳糖	0.818		-0.562	
	L-精氨酸		-0.793		
	L-天门冬酰胺			0.612	
	L-苯丙氨酸			-0.790	
	L-丝氨酸	0.977			
	L-苏氨酸				0.790
	甘氨酸-L-谷氨酸		0.648		
羧酸	丙酮酸甲酯	0.764			
	γ -羟丁酸			0.611	
	衣康酸		0.913		
	α -丁酮酸			0.897	
	D-苹果酸	0.676			-0.596
多聚物	吐温 40	0.800			
	吐温 80	0.802			
	肝糖				0.879
	α -环式糊精		0.665		
酚类	2-羟基苯甲酸		-0.692		
	4-羟基苯甲酸		0.657		-0.503
胺类	苯乙基胺		-0.862		
	腐胺				-0.669

表 5 不同纳米硅藻页岩处理的土壤微生物利用碳源的主成分得分

处理	得分			
	PC ₁	PC ₂	PC ₃	PC ₄
DS ₁₅₀	3.71	-6.85	-8.29	-1.97
DS ₃₀₀	15.31	10.55	1.02	-1.96
DS ₆₀₀	-13.37	2.68	2.52	-6.40
CK	5.07	-10.67	-6.32	-1.40

的 AWCD 值均几乎为 0,且差异不显著,这是由于土壤中存在一些如自生固氮菌、硝化和亚硝化等生长较慢或完全没有增殖的微生物^[9]。从培养 48 h 开始,AWCD 值快速增长,DS₃₀₀ 处理明显高于其他处理,到培养 240 h 时 AWCD 值稳定。分析表明,施用不同量纳米硅藻页岩的土壤微生物活性排序表现为 DS₃₀₀ > CK > DS₁₅₀ > DS₆₀₀,其中 DS₃₀₀、DS₆₀₀ 处理与对照处理相比差异显著,表明施用中剂量的纳米硅藻页岩会提高土壤微生物的活性,施用高剂量的纳米硅藻页岩会对土壤微生物代谢活性有明显的抑制作用。这与蔡燕飞等施用同类物质的研究结果^[23]相似。产生这样的结果可能的原因是施用中量纳米硅藻页岩时,因纳米硅藻页岩表面有丰富的毛孔状结构,可以增加土壤的保肥能力和土壤含氧量^[4],从而促进微生物的生长,进而提高土壤微生物的代谢活性。

土壤微生物是土壤中最为活跃的组成部分,微生物代谢活性增强,表明施用中量纳米硅藻页岩对土壤改良有一定的作用。而施用高剂量的纳米硅藻页岩,会造成土壤中重金属含量的积累(纳米硅藻页岩中含有少量的铁、锰等重金属元素^[1]),由于重金属对土壤微生物具有一定的毒害作用^[24],而造成土壤微生物代谢活性的显著降低。因此可见,纳米硅藻页岩的合理施用才可以促进土壤微生物的生长,提高水稻土壤微生物的活性,从而提升土壤的肥力水平。

对土壤微生物碳源利用多样性的指数分析结果显示,微生物碳源利用的 Shannon 指数、Simpson 指数和 Richness 指数在各处理中均表现为 DS₃₀₀ 处理最高,说明施用中量的纳米硅藻页岩有提高土壤微生物多样性的潜力。DS₃₀₀ 处理的多样性指数、优势度指数和丰富度指数最高,DS₃₀₀ 处理能够显著促进喜食碳水化合物类碳源的微生物群落生长。主成分分析结果显示,CK、DS₁₅₀、DS₃₀₀ 处理土壤微生物的群落结构相近,而 DS₆₀₀ 处理与其他处理土壤微生物的群落结构明显不同,说明 DS₆₀₀ 处理显著改变了土壤微生物的群落结构,可能是导致土壤微生物群落活性的显著降低及碳源代谢能力减弱的原因。因此可见,合理确定纳米硅藻页岩的施用剂量,建立标准的使用方法,有利于纳米硅藻页岩农业规模化的应用,充分发

挥纳米硅藻页岩自身的优势,合理利用该项资源及有效规避使用风险。

Biolog 技术虽然简便、省时、高效,但仅从土壤微生物的代谢信息获得微生物群落结构的信息,因此还存在一定的局限性,且使用该技术培养的微生物总数有限,土壤中那些难培养或不可培养的微生物群落代谢活性和土壤微生物对碳源的利用在该技术中响应程度不高^[25]。因此在后续研究中,在研究微生物群落多样性时使用 Biolog 技术,也应该配合其他技术作辅助分析,如变性梯度凝胶电泳技术^[26]、宏基因组技术^[27]、Illumina 高通量测序技术^[28]等,从分子水平上研究纳米硅藻页岩对农田土壤生态系统的影响,为提高土壤质量和农田生态系统的稳定性提供科学依据。

本研究应用 Biolog-Eco 技术,研究不同施用量的纳米硅藻页岩对土壤微生物的代谢活性、碳源代谢多样性的影响。结果表明,合理施用纳米硅藻页岩对维持水稻土壤生态系统的稳定具有积极影响。不同施用量纳米硅藻页岩处理的 AWCD 值、多样性指数、优势度指数和丰富度指数均表现为中施用量提高,低施用量无影响,高施用量显著降低。在对 6 类碳源的利用中,DS₃₀₀、DS₁₅₀ 处理土壤微生物对碳水化合物类碳源的利用显著高于对照,DS₆₀₀ 处理。主成分分析结果表明,DS₃₀₀ 处理对 PC₁ 代表的碳源的利用程度最高。当纳米硅藻页岩的施用量为 300 kg/hm² 时,能够提高水稻土壤微生物的代谢活性和碳源代谢多样性,对于改善农田土壤肥力有重要意义,纳米硅藻页岩矿物资源在农业上具有十分广阔的发展前景和应用潜力。关于纳米硅藻页岩的直接施用是否能提高水稻产量和水稻品质,有待于进一步试验研究。

参考文献:

- [1] 李青山,顾晓华,周可富. 天然矿物纳米材料开发与应用[J]. 纳米材料与应用,2004(4):12-15.
- [2] 本土春. 我国微米级无机多孔非金属矿及其应用[J]. 高校地质学报,2000,6(2):340-344.
- [3] 罗贵荣. 天然矿物肥料及其农业应用[J]. 浙江农业科学,2006(3):348-349.
- [4] 王晋,王百文,孙钊. 轻质页岩助滤微生物实验报告[J]. 中国卫生检验杂志,2003,13(2):171.
- [5] 史向军,赵艳云. 硅肥在水稻栽培中的作用[J]. 吉林农业,1995(12):16.
- [6] 朱宪荣,王红艳,张伟光. 轻质页岩缓释肥料的研制[J]. 中氮肥,2009,25(5):43-45,52.
- [7] 王胜. 一种采用含硅藻页岩的营养土对重度盐碱地进行原土栽培的方法:201610372554.3[P]. 2016-05-31.
- [8] 杜瑞英. 土壤改良剂和红麻联合修复对多金属污染土壤中微生物群落功能的影响[J]. 生态与农村环境学报,2013,29(1):70-75.
- [9] 许文欢,张雅坤,王国兵,等. 不同施肥方式对苏北杨树人工林土壤微生物碳源代谢的影响[J]. 生态学杂志,2015,34(7):1791-1797.
- [10] 王梓,韩晓增,张志明,等. 中国东北黑土土壤剖面微生物群落碳源代谢特征[J]. 生态学报,2016,36(23):7740-7748.
- [11] Bissett A, Richardson A E, Baker G, et al. Bacterial community response to tillage and nutrient additions in a long-term wheat cropping experiment[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2013, 58(2):281-292.
- [12] 黑龙江省土壤管理普查办公室. 黑龙江土壤[M]. 北京:中国农业出版社,1992:4-821.
- [13] Rutgers M, Wouterse M, Drost S M, et al. Monitoring soil bacteria with community-level physiological profiles using BiologTM ECO-plates in the Netherlands and Europe[J]. Applied Soil Ecology, 2016, 97:23-35.
- [14] Gryta A, Frac M, Oszust K. The application of the Biolog Eco Plate approach in ecotoxicological evaluation of dairy sewage sludge[J]. Applied Biochemistry & Biotechnology, 2014, 174(4):1434-1443.
- [15] 邹春娇,齐明芳,马建,等. Biolog-ECO 解析黄瓜连作营养基质中微生物群落结构多样性特征[J]. 中国农业科学,2016,49(5):942-951.
- [16] 赵兰凤,张新明,程根,等. 生物炭对菜园土壤微生物功能多样性的影响[J]. 生态学报,2017,37(14):4754-4762.
- [17] 宋收,陈晓明,肖伟,等. 基于 BIOLOG 指纹解析土壤可培微生物对铀污染的响应[J]. 核农学报,2016,30(6):1169-1177.
- [18] 淡俊豪,齐绍武,黎娟,等. 生石灰对酸性土壤 pH 值及微生物群落功能多样性的影响[J]. 西南农业学报,2017,30(12):2739-2745.
- [19] 孔滨,杨秀娟. Biolog 生态板的应用原理及碳源构成[J]. 绿色科技,2011,7(7):231-234.
- [20] 朱金山,张慧,马连杰,等. 不同沼灌年限稻田土壤微生物群落分析[J]. 环境科学,2018,39(5):1-19.
- [21] 孙丽静,蒋益成. 岭南不同园林植物根区土壤微生物功能多样性季节动态变化[J]. 江苏农业科学,2016,44(10):478-483.
- [22] 安丽芸,李君剑,严俊霞,等. 微生物多样性对土壤碳代谢特征的影响[J]. 环境科学,2017,38(10):4420-4426.
- [23] 蔡燕飞,何成新,廖宗文,等. 蛭石和沸石对番茄青枯病及土壤微生物的影响[J]. 生态环境,2003,12(2):179-181.
- [24] 李焱,李云云. 重金属污染土壤微生物多样性研究方法[J]. 安徽农学通报,2017,23(13):36-38.
- [25] 朱菲莹,肖姬玲,张屹,等. 土壤微生物群落结构研究方法综述[J]. 湖南农业科学,2017,46(10):112-115,120.
- [26] Velasco A G V, Kowalchuk G A, Mañero F J G, et al. Increased microbial activity and nitrogen mineralization coupled to changes in microbial community structure in the rhizosphere of Bt corn[J]. Applied Soil Ecology, 2013, 68(2):46-56.
- [27] Souza R C, Hungria M, Cantão M E, et al. Metagenomic analysis reveals microbial functional redundancies and specificities in a soil under different tillage and crop-management regimes[J]. Applied Soil Ecology, 2015, 86:106-112.
- [28] Hao H T, Zhao X, Wang Y, et al. Effects of gravel-sand mulching on soil bacterial community and metabolic capability in the semi-arid Loess Plateau, China[J]. World Journal of Microbiology & Biotechnology, 2017, 33(11):209.