

邓时铭,何志刚,邹利,等. 稻鳅共作模式对土壤营养、酶活性及微生物多样性的影响[J]. 江苏农业科学,2021,49(17):216-220.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2021.17.038

稻鳅共作模式对土壤营养、酶活性及微生物多样性的影响

邓时铭¹, 何志刚^{1,2}, 邹利¹, 刘丽^{1,2}, 李金龙^{1,2}, 郑梦婷³, 蒋国民¹, 王冬武^{1,2}, 刘晓燕³

(1. 湖南省水产科学研究所, 湖南长沙 410153; 2. 水生动物营养与品质调控湖南省重点实验室, 湖南长沙 410003;

3. 湖南农业大学动物科学技术学院, 湖南长沙 410128)

摘要:为探明稻鳅共生对稻田土壤表层养分、酶活性和微生物的影响,测定了稻鳅共生前后土壤的主要氮、磷、钾、酶活性和微生物多样性的变化,并以施肥和施药的稻田为对照。结果显示,稻田养殖泥鳅,土壤表层微生物丰度 Chao 指数和多样性 Shannon 指数明显上升,增加 5 门 735 属,对照田变化不明显;稻鳅田中性磷酸酶、酸性磷酸酶和碱性磷酸酶活性极显著低于对照田($P < 0.01$),脲酶和蔗糖酶活性极显著高于对照田($P < 0.01$),使得稻鳅田土壤磷肥出现累积,钾肥变化不明显,氮肥和有机质明显下降。因此,稻鳅共生模式丰富了稻田土壤表层微生物群落构成,提高了酶活性,促进了营养物质转化、循环与利用。

关键词:稻鳅共作模式;土壤微生物;土壤养分;土壤酶

中图分类号:S181;S964.2 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2021)17-0216-04

台湾泥鳅别称大鳞副泥鳅,生命力强,好钻泥,耐低氧,生活水域广,食性杂,肉质细嫩、味道鲜美,蛋白质含量高达 18%~20%,富含不饱和脂肪酸,是具有一定药用功能的强身食品,很受人们青睐,现已畅销国内外,是我国出口水产品之一^[1]。目前我国泥鳅以高密度池塘养殖为主,但水质易污染,机体易患病,产品质量下降。因此,将宜在水位较浅的肥水水域生活的泥鳅^[2],进行稻田养殖探究。

我国有着悠久的稻田养鱼历史,是世界上最早开展稻田养鱼的国家,到 2019 年,我国稻渔综合种养面积达 231 万 hm^2 ,而稻鳅养殖占比较小(1.94%)^[3],稻鳅养殖研究也主要集中在养殖技术^[4-5]及经济效益方面^[6],对稻鳅养殖田的肥力、微生物群落多样性及功能等方面的探究较少。

土壤微生物是土壤环境中重要的生物,对土壤营养物质的转化和循环起到重要作用,也是评价土壤质量的一个重要指标^[7]。研究发现,长期施肥可降低土壤微生物数量^[8],农药的使用对土壤微生物

群落结构也产生一定的影响^[9]。本研究在湖南省益阳市南县红旗桥金水湾选择 4 块田进行稻鳅生态养殖试验,不施肥,不施药,通过采集稻田土壤泥样,检测分析土壤理化性质、酶活性及微生物构成等指标,比较分析稻鳅共生模式下土壤养分及微生物群落的变化,旨在探索稻鳅共生模式对土壤的影响,以期为稻鳅养殖提供技术支撑,为我国稻渔综合种养的持续健康发展提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验田设计

养殖试验地点位于湖南省益阳市南县的金水湾基地(112°10'53"~112°49'06"E、29°03'03"~29°31'37"N),为过渡性亚热带季风气候。试验田共 4 块:1 块为对照田(RM),水稻单作模式;3 块为试验田(RL1、RL2、RL3),稻鳅共生模式,内有环沟。

1.2 试验材料

水稻品种农香 32 由湖南省水稻研究所提供。泥鳅为大鳞副泥鳅,鲤形目鳅科副泥鳅属,规格为(5.36~5.64)g/尾。

1.3 泥鳅放养

待禾苗返青后,随机挑选大小均匀、体质健壮、体表无伤、室外暂养 10 d 的泥鳅进行放养,试验田 RL1、RL2、RL3 分别放养 15、20、25 kg,养殖密度分别为 29.43、39.24、49.04 kg/667 m^2 。

收稿日期:2020-11-16

基金项目:湖南省科技重大专项(编号:2017NK1030);湖南省农业科技创新资金(编号:2017XC02)。

作者简介:邓时铭(1974—),女,湖南祁东人,硕士,副研究员,主要从事水产养殖研究。E-mail:976222@qq.com。

通信作者:王冬武,硕士,研究员,主要从事稻渔综合种养技术研究, E-mail:1309128968@qq.com;刘晓燕,博士,教授,主要从事鱼类病害研究, E-mail:1176450971@qq.com。

1.4 试验田管理

泥鳅放养第 3 天开始投喂膨化配合饲料(34% CP),日投饵量为泥鳅总质量 3%,分 2 次投,养殖周期为 13 周,投喂 1 h 后清除残饵。试验期间,稻鳅共生田(RL)不施肥、不撒药,水稻单作田(RM)进行常规管理,施加尿素、复合肥和除虫管理。

1.5 样品的采集与处理

水稻栽种前和水稻收割后,同一位置采取稻田土壤表层 0~5 cm 泥土^[10],每块稻田 3 个采样点混匀为 1 个样^[11]。对照田样品设为水稻单作前(RM)、水稻单作后(RRM),试验田样品设为稻鳅共生前(RL)和稻鳅共生后(RRL)。

1.6 土壤理化性质测定

土壤有机质含量测定采用重铬酸钾容量法;全氮含量测定采用重铬酸钾-硫酸消化法;全磷含量测定采用高氯酸-硫酸法;速效磷含量测定采用碳酸氢钠-钼锑抗比色法;速效钾含量测定采用乙酸铵-火焰法;水碱性氮含量测定采用碱解扩散法^[12]。土壤脲酶、蔗糖酶和磷酸酶活性采用南京建成生物工程研究所试剂盒进行测定。

1.7 土壤微生物检测

土壤微生物高通量测序送检上海美吉生物医药科技有限公司,细菌引物为 338F_806R,对其 16S rRNA 基因高变区 V3~V4 进行扩增^[13],每个样品 3 次重复,使用 Illumina PE250 进行文库构建和高通量测序。

1.8 数据处理

用 Excel 2013 整理稻田土壤理化性质、酶活性和微生物多样性指标及主要菌属的相对丰度,数据结果用平均值±标准差($\bar{x} \pm s$)表示,用 SPSS 23.0 软件进行单因素分析,差异显著($P < 0.05$)时,则用 Duncan's 法进行多重比较。

2 结果与分析

2.1 土壤营养物质变化

2.1.1 土壤有机质、全氮、全磷及全钾变化 从试验前后土壤营养物质变幅(表 1)来看,施肥的水稻单作模式,土壤表层有机质、全氮含量变化小,全磷含量略有上升,全钾含量增加 6.89 g/kg;不施肥的稻鳅共生模式(RL),土壤有机质和全氮含量下降,降幅值明显高于水稻单作模式,全磷含量均呈现不同程度增加,增值低于水稻单作模式,RL3 和水稻单作田差异不大。而土壤全钾变幅极明显地低于水稻单作模式。3 个不同养殖密度稻鳅共生模式,随着养殖密度的增加,土壤有机质降幅逐步增加,全氮降幅以 RL2 组为最大,全磷和全钾的增幅以 RL3 组为最大。

表 1 土壤表层营养成分变幅

模式		营养成分变幅(g/kg)			
		全氮	全磷	全钾	有机质
水稻单作(RM)	ΔRM	-0.06	0.17	6.89	-0.09
稻鳅共生(RL)	ΔRL1	-0.36	0.11	0.00	-10.40
	ΔRL2	-0.44	0.06	-0.30	-11.40
	ΔRL3	-0.30	0.16	0.40	-11.70

注:“-”表示试验后数值小于试验前。

2.1.2 土壤水解性氮、有效磷和速效钾变化 从表 2 可以看出,水稻单作模式土壤水解性氮、有效磷和速效钾 3 种可利用营养物质含量均较稻鳅共生模式高,试验后,水稻单作模式土壤有效磷和速效钾出现极显著降低($P < 0.01$),水解性氮变化不显著;稻鳅共生模式下,土壤水解性氮下降不明显,有效磷极显著下降($P < 0.01$),以 RL2 组降幅值为最大,速效钾下降显著($P < 0.05$)。试验后期,稻鳅共生模式速效钾和水解性氮含量表现为 RL3 > RL1 > RL2。

表 2 土壤表层可利用养分含量

mg/kg

模式		水解性氮含量		有效磷含量		速效钾含量	
		始值	末值	始值	末值	始值	末值
水稻单作	RM	199.72 ± 5.89a	189.05 ± 7.51a	74.10 ± 2.15A	27.22 ± 1.19B	149.70 ± 5.13A	105.18 ± 1.86B
稻鳅共生(RL)	RL1	89.80 ± 6.49a	80.00 ± 1.91a	10.70 ± 0.98A	4.39 ± 0.37B	108.00 ± 5.84a	92.60 ± 4.36 b
	RL2	84.50 ± 3.81a	78.20 ± 7.53a	13.70 ± 1.06A	4.62 ± 0.66B	102.00 ± 4.39a	88.20 ± 6.19b
	RL3	95.10 ± 5.67a	86.10 ± 5.29a	12.20 ± 1.07A	4.88 ± 0.21B	114.00 ± 8.38a	95.60 ± 5.21b

注:同一指标同行数据后不同小写字母、大写字母分别表示差异显著($P < 0.05$)、差异极显著($P < 0.01$)。

2.2 土壤酶活变化

由表 3 可知,所有试验田中酸性磷酸酶和碱性磷酸酶活性为最强,水稻单作模式(RM)下极显著

高于稻鳅共生模式(RL)($P < 0.01$),而稻鳅共生模式(RL)的蔗糖酶和脲酶活性又极显著高于水稻单作模式(RM)($P < 0.01$),并随着泥鳅养殖密度的增

表 3 土壤表层酶活性

模式		蔗糖酶活性 (U/g)	酸性磷酸酶活性 [nmol/(d·g)]	中性磷酸酶活性 [nmol/(d·g)]	碱性磷酸酶活性 [nmol/(d·g)]	脲酶活性 (μg/g)
水稻单作	RM	1.21 ± 0.03A	2 823.97 ± 62.21A	1 056.77 ± 7.29A	3 778.87 ± 56.52A	36.05 ± 3.20A
稻鳅共生	RL1	2.20 ± 0.07B	1 041.88 ± 299.36B	21.05 ± 7.29D	529.49 ± 122.19C	92.15 ± 0.86C
	RL2	1.86 ± 0.04C	936.80 ± 70.55B	67.36 ± 19.29C	588.33 ± 43.64C	73.28 ± 5.39D
	RL3	1.75 ± 0.04C	1 588.48 ± 200.32B	155.78 ± 26.29B	932.27 ± 113.86B	108.72 ± 4.02B

注:同列数据后不同小写字母、大写字母分别表示差异显著($P < 0.05$)、差异极显著($P < 0.01$)。

加,蔗糖酶活性呈下降趋势,RL1 极显著高于 RL2 和 RL3($P < 0.01$),RL2 和 RL3 间差异不显著,而脲酶活性在组间差异极显著($P < 0.01$),RL2 组脲酶活性为最低。

2.3 土壤微生物的变化

2.3.1 高通量测序结果及多样性分析 将水稻单作和稻鳅共生模式前后表层土壤进行微生物 16S 高通量测序分析,测序细菌平均有效序列长度为 420.28 ~ 422.96 bp,再以 97% 的相似水平划分 OTUID。

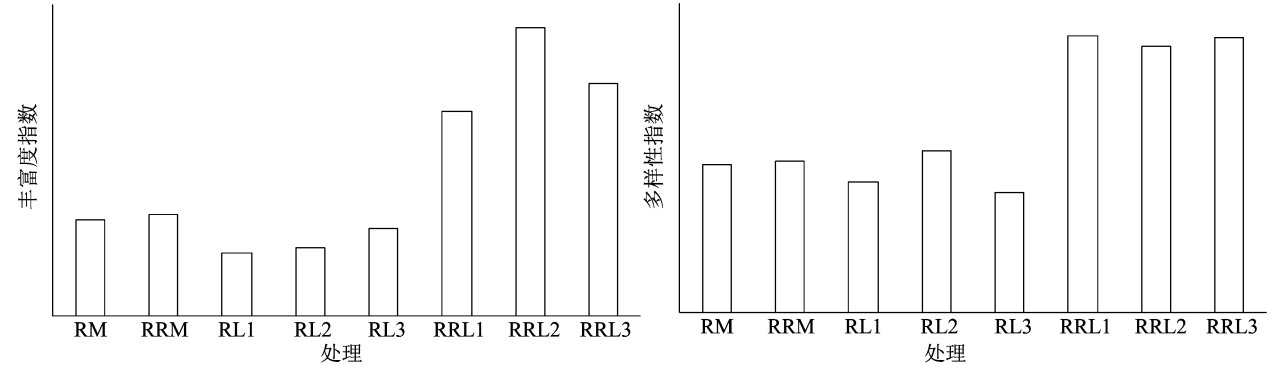


图1 土壤表层的微生物多样性

2.3.2 表层土壤细菌群落结构分析 由图 2 可知,试验前后,水稻单作模式的表层土壤微生物种类在门属分类水平上无变化,为 58 门 579 属,试验后期 (RRM) 土壤主要优势菌门为变形菌门 (Proteobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi) 和硝化螺旋菌门 (Nitrospirae),其相对丰度在 5% 以上;引入泥鳅后,稻田土壤表层微生物增加 5 门 735 属,优势菌门和水稻单作模式后期一致,但丰度有所不同,RRL1 和 RRL3 2 组稻鳅田绿弯菌门 (Chloroflexi) 和酸杆菌门 (Acidobacteria) 相对丰度上升,变形菌门 (Proteobacteria) 相对丰度下降,而 RRL2 组优势菌绿弯菌门 (Chloroflexi) 和酸杆菌门 (Acidobacteria) 相对丰度明显下降,而以马赛菌属 (Massilia) 为优势菌属 (相对丰度达 40.09%) 的变形菌门 (Proteobacteria) 的相对丰度上升,高达 66.18%。

如图 1 所示,水稻单作模式下水稻种植前后丰富度 (Chao) 指数和多样性 (Shannon) 指数变化不明显。稻鳅共生模式下,随着泥鳅的加入,表层土壤微生物 Chao 指数和 Shannon 指数不断上升,并随着泥鳅放养密度的增加均有不同程度的增加,都明显高于水稻单作模式后期 (RRM),以 RRL2 的 Chao 指数为最高,其次是 RRL3 和 RRL1。微生物 Shannon 指数以 RRL1 组为最高,其次为 RRL3 和 RRL2,组间差异不明显,但都明显高于水稻单作模式 (RRM)。

3 讨论与结论

稻田土壤微生物是稻田生态系统的重要组成部分^[14],其对外界环境变化具有敏感而快速的响应^[15],从而影响着土壤的酶活性、物质循环及肥力^[16]。而土壤微生物多样性是土壤微生物群落状态与功能的指标,能反映出土壤中微生物的生态特征^[17],因此采用了高通量测序技术分析稻鳅共生对稻田土壤微生物群落组成的影响。从试验结果来看,稻田引入泥鳅,稻田土壤表层微生物种类增多,在门和属的微生物分类水平,共检测到 5 门 735 属,虽然其优势菌门种类与水稻单作模式一样,仍以变形菌门 (Proteobacteria) 占绝对优势,但反映微生物相对丰度的 Chao 指数^[11]和反映微生物多样性的 Shannon 指数^[18]得以明显提高,大大地丰富了稻鳅土壤表层微生物数量和构成。

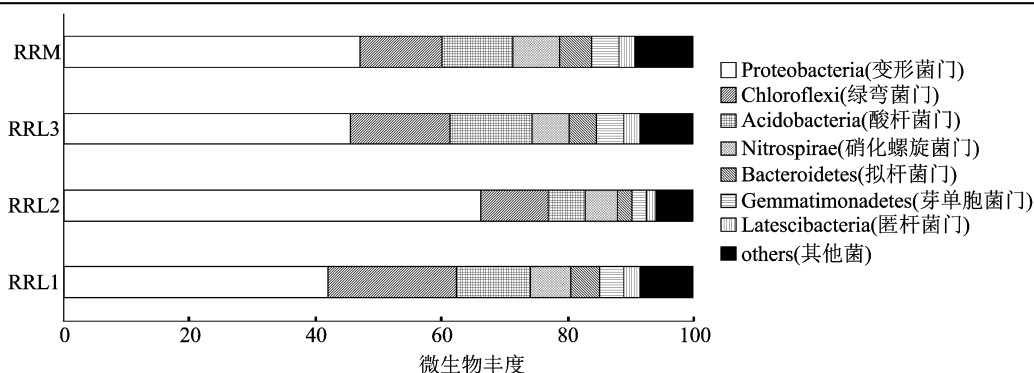


图2 试验田后期土壤表层微生物丰度

土壤酶活性是土壤养分循环和代谢的主要驱动力,是反映土壤肥力和功能的重要指标之一^[19],它不但与施肥^[20-21]有关,也与土壤微生物的活动息息相关。在水稻单作模式下,施加化肥和有机肥,大大提升了土壤中有效磷、速效钾和水解性氮含量,增加了稻田土壤养分,刺激土壤微生物产生了大量酶,引起土壤酶活性的增加^[22-23],导致土壤表层磷酸酶的活性远远高于稻鳅共生模式,但没有提高土壤表层微生物门属水平的数量,对微生物多样性的影响也不显著,这与 Sarathchandra 等的研究结果^[24]相一致。稻鳅共生模式,不施肥,不施药,明显增加了土壤表层微生物的丰度和多样性,提升了土壤中参与尿素不同形态相互转化的脲酶^[25-26]和参与土壤有机质转化的蔗糖酶的活性^[27],使得稻田土壤总氮和有机质降幅明显,从而加快氮肥和有机质的转化与循环,促进土壤营养物质的释放,节约了肥料投入,减少了农业面污染。

稻鳅共生模式,不但节约水资源和土地资源,而且还增加了稻田土壤磷营养,增加了表层土壤微生物门属水平的数量,提高了微生物的丰度指数和多样性指数,极显著地增强了蔗糖酶和脲酶的活性,加快了土壤有机质和氮肥转化与循环,促进土壤营养物质的释放与利用,节约投入,减少污染。

参考文献:

- [1] 王冬武,高峰. 泥鳅生态养殖[M]. 长沙:湖南科学技术出版社,2013:1-8.
- [2] 刘君楠,王自蕊,张正洲,等. 稻鳅综合种养技术[J]. 江西水产科技,2018(1):27-28,32.
- [3] 农业农村部渔业渔政管理局,全国水产技术推广总站,中国水产学会. 中国稻渔综合种养产业发展报告(2020)[J]. 中国水产,2020(10):12-19.
- [4] 蒋静,陈春华,陈里鹏. 稻鳅共生高效生态种养技术[J]. 科学养鱼,2016(1):27-28.
- [5] 熊华伟. 稻鳅综合种养生态模式研究[J]. 中国水产,2017(7):91-92.
- [6] 陈灿,郑华斌,黄璜,等. 稻田养鳅模式对稻米品质和经济效益的影响[J]. 中国稻米,2015,21(4):124-127.
- [7] 周雪芳,朱晓伟,陈泽恺,等. 稻蛙生态种养对土壤微生物及无机磷含量的影响[J]. 核农学报,2016,30(5):971-977.
- [8] 谭周进,冯跃华,刘芳,等. 稻作制与有机肥对红壤水稻土微生物及酶活性的影响研究[J]. 中国生态农业学报,2004,12(2):121-123.
- [9] 傅丽君,赵士熙,王海,等. 4种农药对土壤微生物呼吸及过氧化氢酶活性的影响[J]. 福建农林大学学报(自然科学版),2005,34(4):441-445.
- [10] 吴晶. 氮肥施用量及种类对高产稻田土壤理化性质和细菌群落的影响[D]. 扬州:扬州大学,2019,27-29.
- [11] 罗衡,赵良杰,李丰,等. 养殖鳖的引入对稻田土壤细菌群落结构的影响[J]. 水产学报,2018,42(5):720-732.
- [12] 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.
- [13] Bates S T, Berg - Lyons D, Caporaso J G, et al. Examining the global distribution of dominant archaeal populations in soil[J]. The ISME Journal,2011,5:908-917.
- [14] 章家恩,许荣宝,全国明,等. 鸭稻共作对土壤微生物数量及其功能多样性的影响[J]. 资源科学,2009,31(1):56-62.
- [15] 赵翔刚,罗衡,刘其根,等. 稻田养殖沙塘鳢对稻田水体及底泥微生物群落结构及多样性的影响[J]. 淡水渔业,2017,47(4):8-14.
- [16] 郭文啸. 不同种植模式对稻田土壤养分和微生物特性的影响[D]. 上海:上海交通大学,2017:25-35.
- [17] 周德平,褚长彬,范洁群,等. 不同种植年限设施芦笋土壤微生物群落结构与功能研究[J]. 土壤,2014,46(6):1076-1082.
- [18] 李忠佩,吴晓晨,陈碧云. 不同利用方式下土壤有机碳转化及微生物群落功能多样性变化[J]. 中国农业科学,2007,40(8):1712-1721.
- [19] Geisseler D, Scow K M. Long-term effects of mineral fertilizers on soil microorganisms—a review[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2014,75:54-63.
- [20] Zhang X Y, Dong W Y, Dai X Q, et al. Responses of absolute and specific soil enzyme activities to long term additions of organic and mineral fertilizer[J]. Science of the Total Environment,2015,536:59-67.

管冠,郭等等,李倩磊,等. 生草栽培对纽荷尔脐橙根系生长及土壤微生物群落的影响[J]. 江苏农业科学,2021,49(17):220-225.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2021.17.039

生草栽培对纽荷尔脐橙根系生长 土壤微生物群落的影响

管冠,郭等等,李倩磊,姚锋先,刘桂东

(赣南师范大学国家脐橙工程技术研究中心,江西赣州 341000)

摘要:赣南地区是我国脐橙主产区,脐橙产业已经成为赣南地区的支柱产业,然而传统清耕果园土壤退化现象日益突出,严重制约了当地脐橙产业的发展。采用生草盆栽试验,以裸露土壤为对照,比较各生草处理的 pH 值、有机质含量、碱解氮含量、速效磷含量、速效钾含量及根系生长状况、土壤微生物数量、土壤微生物多样性。结果表明,相比裸露土壤,无分隔处理 SC4 和尼龙袋分隔处理 SC3 显著提高了土壤有机质含量、脐橙根系生长发育、微生物数量、AWCD 值和 Shanon - Wiener、PD - Whole - tree 指数,且尼龙袋分隔处理 SC3 中独有的 OTU 数量显著高于其他处理。生草栽培有利于纽荷尔脐橙根系生长、土壤理化性状改善及脐橙产业的可持续发展。

关键词:生草栽培;纽荷尔脐橙;根系;土壤微生物;赣南地区

中图分类号:S666.406 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2021)17-0220-06

赣南地区年产百万吨脐橙,是全国面积最大、产量最高的产区,在世界脐橙产业中也数一数二,被誉为“世界橙乡”^[1]。其中,纽荷尔脐橙种植面积最大^[2],赣南脐橙有肉质脆嫩、化渣,风味芳香,口感酸甜适中等特色,果实远销海内外。近年来,其种植规模大大增加,已经成为赣南地区经济发展的支柱产业。赣南地域主要以山地和丘陵为主,土壤有机质含量低、酸度高,赣南地区的果农主要采用传统的清耕栽培技术。由此,土壤肥力下降问题越

来越严重,果园的品质和产量也日益下降^[3],这不仅影响果农的经济情况,也严重制约我国脐橙产业的可持续发展。为了解决这一问题,政府引进生草栽培技术,并大力推广。果园生草栽培就是在果园全园或果树行间人工种草或者自然生草的栽培模式。它具有改善土壤结构、提高土壤肥力^[4-6]、提高果园的品质和产量的优势^[7]。

植物根系直接影响植物地上部碳水化合物的合成和转化。植物根系越发达、根表面积越大,则对土壤养分吸收能力越强。根系的生长发育受土壤理化性质及土壤养分含量的影响,同时,根系的生长状况又会对土壤环境产生影响。土壤理化性质越优越、养分含量越高,越能促进植物根系的生长发育,进而促进植物的营养生长^[7]。根际土壤微生物是土壤生态结构中最活跃的组成部分,它在腐

收稿日期:2021-03-12

基金项目:江西省重点研发计划重大项目(编号:20192ACB80009);

江西省教育厅科技项目(编号:GJJ180759);江西省自然科学基金

(编号:20202BABL215029)。

作者简介:管冠(1985—),男,湖北黄石人,博士,副教授,主要从事土壤生物学研究。E-mail:guanguan_1985@aliyun.com。

[21]肖琼,王齐齐,邹磊,等. 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[J]. 植物营养与肥料学报,2018,24(6):1598-1609.

[22]Geisseler D, Linquist B A, Lazicki P A. Effect of fertilization on soil microorganisms in paddy rice systems—a meta-analysis[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2017, 115:452-460.

[23]Luo G W, Li L, Friman V P, et al. Organic amendments increase crop yields by improving microbe-mediated soil functioning of agroecosystems: a meta-analysis [J]. Soil Biology & Biochemistry, 2018, 124:105-115.

[24]Sarathchandra S U, Ghani A, Yeates G W, et al. Effect of nitrogen and phosphate fertilisers on microbial and nematode diversity in pasture soils[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2001, 33(7/8):953-964.

[25]韩新忠,朱利群,杨敏芳,等. 不同小麦秸秆还田量对水稻生长、土壤微生物生物量及酶活性的影响[J]. 农业环境科学学报, 2012, 31(11):2192-2199.

[26]刘云. 黄河三角洲盐碱地不同防护林类型的土壤酶活性 [D]. 泰安:山东农业大学,2013:22-31.

[27]洪常青,何忠俊,鱼海霞. 三江并流区暗棕壤酶活性特征研究 [J]. 云南农业大学学报(自然科学),2013,28(6):857-864.