

陈晓娟,李 明. 宁夏酿酒葡萄不同子产区土壤细菌群落特征对比及其影响因子分析[J]. 江苏农业科学,2023,51(2):236-242.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.02.035

# 宁夏酿酒葡萄不同子产区土壤细菌群落特征对比及其影响因子分析

陈晓娟<sup>1</sup>, 李 明<sup>2,3</sup>

(1. 宁夏大学农学院,宁夏银川 750021; 2. 宁夏大学食品与葡萄酒学院,宁夏银川 750021;

3. 宁夏大学葡萄与葡萄酒研究院,宁夏银川 750021)

**摘要:**为了总结出适合贺兰山东麓葡萄产区的栽培管理措施,揭示该产区的土壤养分、细菌群落分布状态及影响因子,以 4 个子产区的代表性酒庄甘城子、立兰、玉泉营、天得葡萄园的土壤为研究对象,研究其葡萄根际 0~20、20~40 cm 土层土壤养分、细菌群落的状况特征。结果表明:4 个子产区的土壤养分存在较大差异,玉泉营产区的有机质、全氮含量整体相对较高,土壤肥力较高。不同子产区细菌群落结构的差异性较大,甘城子、天得产区细菌群落的多样性及丰富度较高。4 个子产区的优势菌门有变形菌门、放线菌门、酸杆菌门;优势菌属有 MND1 菌属、鞘氨醇单胞菌属、节核细菌菌属。Pearson 相关性分析表明,变形菌门与全氮、有效磷含量呈正相关;放线菌门与电导率值、全氮含量呈显著负相关;有机质及全氮含量为酸杆菌门重要影响因子;拟杆菌门与 pH 值、有效磷含量呈显著负相关;绿弯菌门与土壤 pH 值呈极显著正相关。期待贺兰山东麓不同酿酒葡萄子产区土壤细菌群落特征的组成及其影响因子的研究结果,可为开发利用荒漠草原土地提供理论依据。

**关键词:**葡萄园;土壤微生物;土壤养分;贺兰山东麓

**中图分类号:**S663.106<sup>+</sup>.1 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2023)02-0236-06

土壤是葡萄栽培的关键因素,提供给葡萄生长发育的必要营养条件。土壤类型、肥力、微生物、温度、水分等均能影响植株根系的生长和吸收功能。土壤微生物菌群组成及结构的变化与土壤养分含量相关<sup>[1]</sup>。微生物群落分布也是土壤肥力状况的体现,通过制约土壤活性影响根系对养分的吸收利用<sup>[2]</sup>,从而对土壤养分的有效性起间接影响作用<sup>[3]</sup>。据调查,土壤的养分状况和土壤中的微生物含量成正比关系,在做土壤检测时,通常会将微生物群落特征作为重要的评判标准<sup>[4-5]</sup>。有研究将土壤微生物区系及多样性作为生态环境质量的一个重要评价指标<sup>[6]</sup>。目前,有关土壤微生物的研究已经成为土壤学研究最活跃的领域之一。西班牙、法国、美国等已对其本土的土壤微生物做了广泛研究<sup>[7]</sup>。自然环境中仅有约 1% 甚至更少的微生物具有可培养性<sup>[8]</sup>,利用传统技术对土壤微生物进行研

究已不能满足微生物资源的开发和利用。高通量测序技术是近年来应用最普遍的新一代测序技术,具有高通量、高灵敏度和高准确性等特点<sup>[9]</sup>,为全面认识土壤微生物提供了新的契机<sup>[10-11]</sup>。

贺兰山东麓地处宁夏银川平原西部边缘(37°43'~39°23'N,105°45'~106°47'E),贺兰山沿山以东涵盖了石嘴山、银川、吴忠 3 市,属中温带干旱气候区。贺兰山东麓凭借其优越的地理位置和气候条件,成为中国重要的葡萄酒产区,也是世界最佳酿酒葡萄生态区之一。至 2020 年,在贺兰山东麓形成百万亩葡萄种植长廊,大量荒漠草原开垦为葡萄种植地,地表覆被发生改变,开垦后形成的土壤的物理、化学及生物学性质也都发生了极大的变化<sup>[7]</sup>。本试验通过测定甘城子、立兰、玉泉营、天得 4 个酿酒葡萄子产区的代表性酒庄葡萄园土壤的理化性质,对比分析不同产区土壤的养分差异;基于 Illumina Miseq 高通量测序技术,分析 4 个子产区葡萄园土壤的微生物群落特征,揭示不同产区的细菌群落特征,以期为贺兰山东麓酿酒葡萄产区土壤微生物资源库的建设以及葡萄根际微生物资源的筛选和利用提供理论依据。

收稿日期:2022-01-09

基金项目:国家自然科学基金(编号:41967040)。

作者简介:陈晓娟(1997—),女,宁夏海原人,主要从事研究方向设施果树栽培研究。E-mail:1798665321@qq.com。

通信作者:李 明,副研究员,硕士生导师,主要从事土壤微生物研究。E-mail:lm\_y096@126.com。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

以贺兰山东麓的 4 个酿酒葡萄子产区代表性酒庄葡萄园土壤为研究对象。采样地分别为甘城子 (GCZ)、立兰 (LL)、玉泉营 (YQY)、天得 (TD) 产区。甘城子产区 (38°08'54" N, 105°58'37" E), 位于吴忠市青铜峡市叶甘公路与 233 乡道交汇处北路东, 海拔 1 123 m, 土壤为普通灰钙土; 立兰酒庄 (38°27'38" N, 105°58'20" E), 位于银川市永宁县闽宁镇原隆村, 海拔 1 148 m, 土壤为砾质灰钙土; 玉泉营西夏王酒庄 (38°25'59" N, 106°06'04" E), 位于银川市永宁县玉泉大街, 海拔 1 092 m, 土壤为风沙土; 红寺堡天得酒庄 (37°32'09" N, 106°09'16" E), 位于吴忠市红寺堡区新庄集乡西川村, 海拔 1 403 m, 土壤为黄绵土。

### 1.2 供试材料

分别采集贺兰山东麓甘城子、立兰、玉泉营、天得酿酒葡萄园这 4 个区域的土壤。葡萄品种为 3 年生赤霞珠 (Cabernet sauvignon)。取样均在 2020 年 9 月进行, 采集葡萄根际 0 ~ 20、20 ~ 40 cm 土层土壤。随机选取 3 棵葡萄树, 每个采样点采取 2 组土样并做标记, 采土过程避免采取石块或大块的土壤。将采取的不同土样放置冰盒低温运回实验室, 采用 1.00、0.25 mm 孔径的筛子过筛, 将筛过的土样分成 2 组, 一组置于 -20 °C 冰箱中保存, 用于土壤细菌群落多样性测定; 另一组自然风干, 用于理化性质的测定。

### 1.3 试验方法

1.3.1 土壤理化性质测定 将风干后的土壤样品进行理化性质的测定: 使用 pH 计测定 pH 值, 使用电导率仪测定电导率, 采用重铬酸钾容量法 - 水合热法测定有机质含量, 采用 NaOH 碱解 - 扩散法测定有效氮含量, 采用火焰光度计法测定有效钾含量, 采用碳酸氢钠浸提 - 钼锑抗比色法测定有效钾含量<sup>[12]</sup>。

1.3.2 土壤 DNA 提取 采用 Mo Bio Power Soil DNA Isolation Kit (Carlsbad, USA) 试剂盒进行土壤中微生物原基因组总 DNA 的提取<sup>[13]</sup>。将提取的 DNA 作为模板进行下一步扩增。

1.3.3 PCR 扩增 采用细菌 16S rDNA V4 扩增通用引物进行目标基因 PCR 扩增, 细菌引物为 515F (5' - GTGCCAGCMGCCGCGGTAA - 3') 和 806R

(5' - GGACTACHVGGGTWTCTAAT - 3')<sup>[14]</sup>。

1.3.4 土壤细菌群落的测定 采取 Illumina Miseq 高通量测序, 获得土壤样品的丰度、 $\alpha$  多样性指数、群落结构和群落组成差异。

### 1.4 数据分析

利用 Microsoft Excel 2013 进行数据处理, 用 SPSS 19.0 软件 Duncan's 法进行单因素方差分析及 Pearson 相关性分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 土壤理化性质

4 个子产区葡萄根际 0 ~ 20、20 ~ 40 cm 土层土壤的化学性质见表 1。在葡萄根际土壤 0 ~ 20 cm 土层范围中, GCZ 产区土壤的 pH 值最大, YQY 产区土壤的电导率值最大 ( $P < 0.05$ ), YQY、TD 产区土壤的有机质含量显著大于其他产区 ( $P < 0.05$ ), YQY 产区土壤全氮含量亦大于其他产区, 有效氮含量 4 个产区无明显差异, TD 产区有效磷含量最大, GCZ 产区有效钾含量显著高于其他产区 ( $P < 0.05$ )。在葡萄根际 20 ~ 40 cm 土层土壤范围中, GCZ 产区的 pH 值显著高于其他产区 ( $P < 0.05$ ), LL、TD 产区电导率值显著高于其他 2 个产区 ( $P < 0.05$ ), LL 产区有机质含量在 4 个产区中较高, 全氮含量 YQY 产区最高且显著高于其他产区 ( $P < 0.05$ ), 有效氮含量是 LL 产区的最高, TD 产区有效磷含量显著高于其他产区, GCZ 产区有效钾含量显著高于其他产区 ( $P < 0.05$ )。通过对比, 0 ~ 20 cm 土层土壤的养分含量普遍高于 20 ~ 40 土层。

### 2.2 土壤细菌群落特征

2.2.1 不同产区的土壤细菌多样性指数分析 ACE 指数、Chao1 指数表示群落丰度, 指数越高说明群落的丰富度越大; Shannon 指数可以用来估计样本群落的多样性, 经常与 Simpson 指数一起用于反映  $\alpha$  多样性指数, 这 2 个指数越高表明微生物群落多样性越高。表 2 显示, 贺兰山东麓 4 个产区葡萄根际土壤 0 ~ 20、20 ~ 40 cm 土层的测序覆盖率在 98.23% ~ 98.63% 之间, 说明该测序样本的可信度较高。在葡萄根际土壤 0 ~ 20 cm 土层中, GCZ 产区的 Chao1 指数、ACE 指数最大, 说明在 GCZ 产区葡萄根际土壤 0 ~ 20 cm 土层中细菌群落丰富度较大。GCZ 产区的 Shannon 指数、Simpson 指数在 4 个产区中最大。在葡萄根际土壤 20 ~ 40 cm 土层中, GCZ 产区与 TD 产区的 ACE 指数、Chao1 指数较大, TD 产

表 1 不同产区葡萄根际土壤化学性质对比分析

根际土层 (cm)	产区	pH 值	电导率 ( $\mu\text{S}/\text{cm}^2$ )	有机质含量 (g/kg)	全氮含量 (g/kg)	有效氮含量 (mg/kg)	有效磷含量 (mg/kg)	有效钾含量 (mg/kg)
0 ~ 20	GCZ	8.67 $\pm$ 0.02a	214.67 $\pm$ 3.51b	8.00 $\pm$ 0.82b	7.02 $\pm$ 1.88b	43.27 $\pm$ 8.08a	16.91 $\pm$ 1.60c	110.27 $\pm$ 13.87a
	LL	8.46 $\pm$ 0.07b	189.87 $\pm$ 1.63c	7.85 $\pm$ 0.14b	7.74 $\pm$ 0.70b	52.60 $\pm$ 2.38a	28.59 $\pm$ 1.66a	67.21 $\pm$ 1.40b
	YQY	8.34 $\pm$ 0.06c	361.67 $\pm$ 13.87a	14.18 $\pm$ 1.86a	11.06 $\pm$ 1.21a	41.26 $\pm$ 9.86a	21.79 $\pm$ 2.10b	76.86 $\pm$ 1.22b
	TD	8.62 $\pm$ 0.02a	122.93 $\pm$ 17.31d	14.74 $\pm$ 0.88a	8.92 $\pm$ 1.55b	46.93 $\pm$ 6.85a	30.16 $\pm$ 1.55a	41.06 $\pm$ 0.61c
20 ~ 40	GCZ	9.00 $\pm$ 0.04a	167.60 $\pm$ 3.39c	6.62 $\pm$ 0.24a	6.65 $\pm$ 0.57b	29.60 $\pm$ 0.53a	16.30 $\pm$ 2.97b	98.36 $\pm$ 3.36a
	LL	8.32 $\pm$ 0.03c	582.00 $\pm$ 16.11a	4.41 $\pm$ 0.58b	6.36 $\pm$ 0.49b	23.47 $\pm$ 10.10a	20.96 $\pm$ 4.71b	72.61 $\pm$ 12.50b
	YQY	8.26 $\pm$ 0.13b	276.60 $\pm$ 11.91b	7.53 $\pm$ 1.50a	9.70 $\pm$ 0.33a	21.93 $\pm$ 2.80ab	22.34 $\pm$ 1.99b	83.75 $\pm$ 7.70bc
	TD	8.88 $\pm$ 0.02c	547.00 $\pm$ 17.51a	6.61 $\pm$ 0.61a	7.06 $\pm$ 0.82b	14.53 $\pm$ 1.84b	38.36 $\pm$ 5.30a	50.82 $\pm$ 4.05c

注:同列数据后不同字母表示在 0.05 水平显著。下同。

表 2 不同产区葡萄根际土壤的细菌多样性指数

根际土层 (cm)	产区	覆盖率 (%)	Chao1 指数	ACE 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
0 ~ 20	GCZ	98.33 $\pm$ 0.058ab	3 140.995 $\pm$ 30.096a	3 198.205 $\pm$ 33.391a	9.839 $\pm$ 0.136a	0.997 $\pm$ 0.001a
	LL	98.27 $\pm$ 0.208b	2 993.095 $\pm$ 157.085ab	3 098.467 $\pm$ 230.934a	9.681 $\pm$ 0.095ab	0.997 $\pm$ 0.000a
	YQY	98.63 $\pm$ 0.115a	2 865.709 $\pm$ 168.466b	2 907.368 $\pm$ 182.425a	9.451 $\pm$ 0.179b	0.994 $\pm$ 0.002b
	TD	98.23 $\pm$ 0.208b	3 103.557 $\pm$ 105.509ab	3 188.220 $\pm$ 168.283a	9.683 $\pm$ 0.084ab	0.996 $\pm$ 0.001a
20 ~ 40	GCZ	98.43 $\pm$ 0.058a	3 077.081 $\pm$ 34.952ab	3 128.149 $\pm$ 28.266ab	8.975 $\pm$ 0.126c	0.983 $\pm$ 0.002b
	LL	98.53 $\pm$ 0.115a	2 939.453 $\pm$ 127.475b	2 985.836 $\pm$ 121.411bc	9.465 $\pm$ 0.081b	0.995 $\pm$ 0.001a
	YQY	98.63 $\pm$ 0.058a	2 860.526 $\pm$ 77.495b	2 901.817 $\pm$ 77.261c	9.570 $\pm$ 0.028b	0.996 $\pm$ 0.001a
	TD	98.40 $\pm$ 0.173b	3 261.516 $\pm$ 167.591a	3 292.977 $\pm$ 164.087a	9.802 $\pm$ 0.037a	0.997 $\pm$ 0.000a

区的 Shannon 指数显著大于其他产区,该产区的 Simpson 指数也比其他产区大,说明 TD 产区细菌群落的多样性及丰富度较高。

2.2.2 不同产区细菌门水平群落结构组成 由图 1 可知,在 0 ~ 20 cm 土层中,细菌丰富度较高的 10 个门类从高到低依次为变形菌门 (Proteobacteria)、未知菌门 (unidentified \_ Bacteria)、放线菌门 (Actinobacteriota)、酸杆菌门 (Acidobacteriota)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、拟杆菌门 (Bacteroidota)、厚壁菌门 (Firmicutes)、黏菌门 (Myxococcota)、疣微菌门 (Verrucomicrobia)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadota)。其中变形菌门 (Proteobacteria) 是葡萄根际土壤 0 ~ 20 cm 土层中的最优势菌门,GCZ、LL、YQY、TD 这 4 个产区相对丰度分别为 20.89%、24.34%、17.33%、25.88%;同时还在根际土壤测得大量未知门类的菌,其相对丰度分别为 20.83%、23.33%、19.10%、16.65%;其次是放线菌门、酸杆菌门等,都占有一定的比例。

由图2可以看出,贺兰山东麓4个酿酒葡萄子

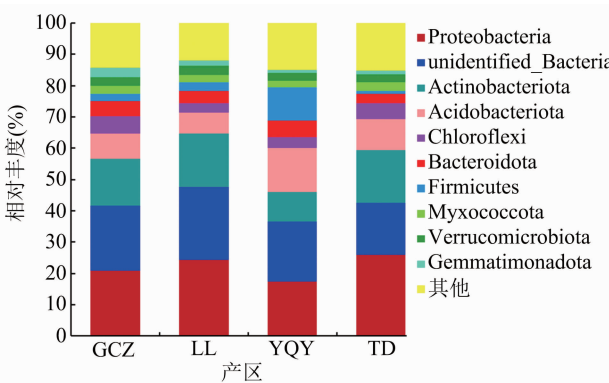


图1 不同产区葡萄根际 0~20 cm 土壤细菌门水平相对丰度

产区在葡萄根际土壤 20 ~ 40 cm 土层中排名前十的细菌菌门依次是变形菌门 (Proteobacteria)、未知菌门 (unidentified \_ Bacteria)、放线菌门 (Actinobacteriota)、酸杆菌门 (Acidobacteriota)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、拟杆菌门 (Bacteroidota)、黏菌门 (Myxococcota)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadota)、厚壁菌门 (Firmicutes)、未知古菌门 (unidentified \_ Archaea)。最优势菌门仍为变形菌门 (Proteobacteria), GCZ、LL、YQY、TD 这 4 个产区相

对丰度分别为 19.05%、22.41%、32.35%、22.78；其次是未知菌门，其相对丰度分别为 28.7%、17.62%、18.96%、18.14%；放线菌门相对丰度分别为 10.98%、23.77%、9.84%、15.09%。

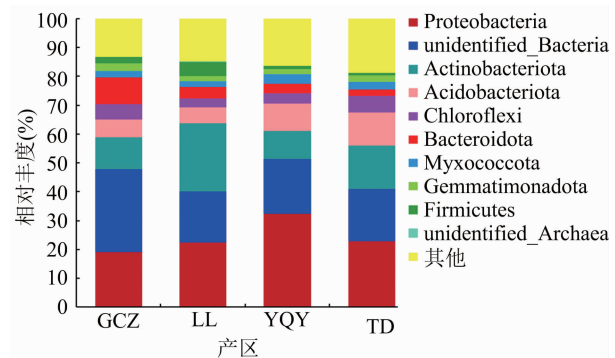


图2 不同产区葡萄根际 20~40 cm 土壤细菌门水平相对丰度

2.2.3 不同产区细菌属水平群落结构组成 由图 3 可知,在葡萄根际土壤 0~20 cm 土层中相对丰度排名前十的属分别为鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、链霉菌属 (*Steroidobacter*)、MND1 属、幽门螺菌属 (*RB41*)、*Dongia*、斯科曼氏属 (*Skermanella*)、海洋伍斯菌 (*Woeseia*)、未知类菌门

(*unidentified \_ Actinomarinales*)、农研丝杆菌属 (*Niastella*)、*Clostridium\_sensu\_stricto\_1*。优势菌属为鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)，在 TD 产区相对丰度最大,为 4.37%，其余 3 个产区的相对丰度分别为:GCZ 1.81%、LL 1.32%、YQY 1.75%；其次优势菌属为链霉菌属,GCZ、LL、YQY、TD 这 4 个产区相对丰度分别为 2.44%、2.01%、0.80%、2.19%。

如图 4 所示,贺兰山东麓不同产区葡萄根际土壤 20~40 cm 土层中较高 10 个属的细菌分别为 *MND1* 属、鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、节核细菌属 (*Arthrobacter*)、未知类菌门 (*unidentified \_ Actinomarinales*)、幽门螺菌属 (*RB41*)、*Chryseolinea* 菌属、链霉菌 (*Streptomyces*)、芽孢菌 (*Bacillus*)、*Pontibacter*、几丁质噬菌 (*Chitinophaga*)。其中, *MND1* 为最优势菌属,在 GCZ、LL、YQY、TD 这 4 个产区相对丰度分别为 1.78%、1.76%、2.74%、3.42%，鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 相对丰度分别为 0.70%、1.00%、2.97%、2.63%，节核细菌属 (*Arthrobacter*) 相对丰度分别为 0.70%、4.81%、2.37%、1.28%。

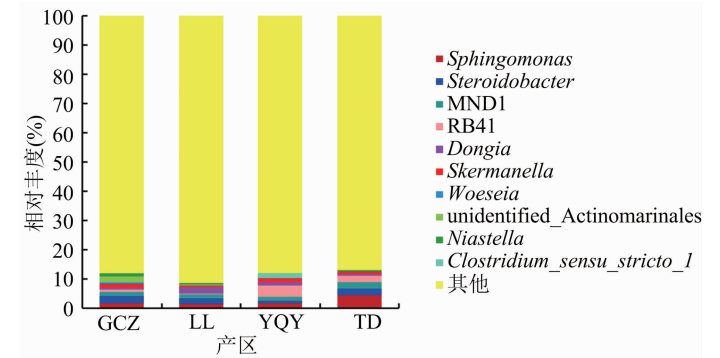


图3 不同产区葡萄根际 0~20 cm 土壤细菌属水平相对丰度

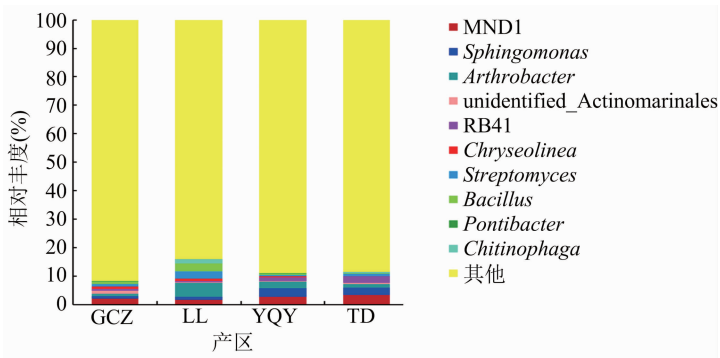


图4 不同产区葡萄根际 20~40 cm 土壤细菌属水平相对丰度

2.3 土壤理化性质与优势细菌群落门水平的相关性分析

表 3 表明,不同产区葡萄根际土壤 2 个土层中,

变形菌门与 pH 值、电导率值等呈负相关,与全氮、有效磷含量呈正相关;未知菌门与电导率值与呈显著正相关,与有效磷含量呈显著负相关;放线菌门

与电导率值、全氮含量呈显著负相关;酸杆菌门与有机质含量及全氮含量呈极显著正相关;拟杆菌门与 pH 值、有效磷含量呈显著负相关,与电导率值、有效钾含量呈极显著正相关;绿弯菌门与土壤 pH 值呈极显著正相关。

表 3 不同产区葡萄园土层土壤理化性质与优势细菌门相对丰度 Pearson 相关性分析

优势细菌门	Pearson 相关系数						
	pH 值	电导率	有机质含量	全氮含量	有效氮含量	有效磷含量	有效钾含量
Proteobacteria	-0.047	-0.302	-0.114	0.139	-0.175	0.295	-0.265
unidentified_Bacteria	-0.376	0.445 *	-0.224	-0.277	0.098	-0.419 *	0.575 **
Actinobacteriota	0.215	-0.501 *	-0.369	-0.469 *	0.002	0.152	-0.319
Acidobacteriota	0.285	0.024	0.652 **	0.607 **	-0.048	0.322	-0.300
Bacteroidota	-0.507 *	0.648 **	-0.130	-0.086	0.152	-0.595 **	0.663 **
Chloroflexi	0.576 **	-0.303	0.080	-0.341	-0.088	0.116	0.086

注: \*、\*\* 表示显著 ( $P<0.05$ )、极显著 ( $P<0.01$ ) 相关。

3 讨论

3.1 贺兰山东麓不同子产区土壤理化性质分布特征分析

土壤养分含量对植株的生长具有重要作用<sup>[15]</sup>。本研究对贺兰山东麓酿酒葡萄 4 个子产区葡萄根际 0~20、20~40 cm 土层土壤的理化性质进行分析,结果显示,玉泉营、天得产区的有机质与全氮含量较高,而有机质含量是土壤肥力的重要指标<sup>[16]</sup>,因此玉泉营产区葡萄根际 0~20 cm 土层土壤肥力较高,天得产区 20~40 cm 土壤肥力较高。该结果源于贺兰山东麓不同果园施肥量有差异<sup>[17]</sup>。有研究表明,葡萄最适宜的土壤 pH 值为 6.5~7.5<sup>[18]</sup>,本研究所测 pH 值为 8.12~9.00,由此可见 4 个产区的土壤碱性都较强,不利于葡萄植株生长。甘城子产区土壤的有效氮、有效钾含量在 4 个产区中较高,这是由土壤质地的不同及葡萄栽培过程中养分管理的差异所致<sup>[17,19]</sup>。

3.2 贺兰山东麓不同子产区土壤细菌多样性、群落结构组成及影响因子

本研究基于高通量测序分析贺兰山东麓不同土壤层细菌群落的结构组成,结果显示,测序覆盖率为 98.23%~98.63%,在测序具有可信度的情况下,得出 4 个酿酒葡萄子产区葡萄根际 0~20 cm 土层土壤中,甘城子产区根际土壤的细菌群落丰富度及多样性相对较高。有研究表明,有效钾对  $\alpha$  多样性指数的影响最大<sup>[20]</sup>,土壤中  $K^+$  有利于盐渍化土壤作物和微生物的生长,但是含量过高会产生盐害效应<sup>[21]</sup>。而本研究测得在葡萄根际 20~40 cm 土

层土壤中,天得产区的细菌群落丰富度及多样性指数最大,可能是因为天得产区的有效钾含量处于较合适范围。有机质也可以提高土壤微生物的多样性,可以起到稳定土壤微生态的作用<sup>[22]</sup>。因此,建议葡萄园适量施用生态有机肥,从而有效调控细菌群落结构,促进葡萄园微生物的多样性。

土壤理化性质和微生物相互影响,与植株共享一个土壤生态系统<sup>[23]</sup>。贺兰山东麓 4 个酿酒葡萄子产区的优势菌属有 MND1 菌属、鞘氨醇单胞菌属、节核细菌属,优势菌门为变形菌门、放线菌门、酸杆菌门,这与周柳婷等的研究结果<sup>[24~25]</sup>一致。研究表明,影响细菌群落特征的主要因子是 pH 值<sup>[26]</sup>,且大多数细菌最适 pH 值在 6.5~7.6 之间<sup>[27]</sup>。本研究中 pH 值与大多数细菌门类呈负相关。通常变形菌门为多数盐碱土壤地的优势菌门<sup>[26]</sup>,本研究测得变形菌门为 4 个产区最优势菌门,这与李润根等研究结果<sup>[28~29]</sup>一致。变形菌门中存在尿素酶,可以促进尿素分解,固定土壤中的氮素,参与土壤物质循环<sup>[30]</sup>。变形菌门在玉泉营、天得产区的相对丰度相比其他产区高,相对应地,玉泉营、天得产区土壤中全氮含量也较高,经 Pearson 相关性分析,全氮含量与变形菌门呈正相关,与罗旦等的研究结果<sup>[31]</sup>一致。放线菌门在立兰产区的相对丰度较其他产区高。相关研究表明,酸杆菌门细菌可以编码纤维素酶、淀粉水解酶的基因序列,酸杆菌门可以降解动植物残体产生有机质等养分,提高土壤肥力<sup>[32]</sup>。本试验中酸杆菌门在玉泉营 0~20 cm 土层土壤中相对丰度为 13.90%,相比其他产区最大;天得产区在 20~40 cm 土层土壤中相

对丰度为 11.56%, 相比其他产区大; 而 Pearson 相关性分析得出, 有机质含量与酸杆菌门呈极显著正相关, 在玉泉营、天得产区葡萄根际土壤中较高, 与隋夕然等的研究结果<sup>[33]</sup>一致。

#### 4 结论

对比贺兰山东麓 4 个酿酒葡萄子产区的土壤养分含量, 发现不同产区葡萄根际土壤养分均存在差异。其中, 玉泉营产区土壤肥力相对较高, 4 个产区葡萄根际土壤均偏碱性。

不同产区葡萄根际土壤细菌  $\alpha$  多样性指数分析表明, 各产区细菌群落结构的差异性较大。甘城子、天得产区细菌群落的多样性及丰富度相对较高。

贺兰山东麓 4 个酿酒葡萄子产区土壤的优势菌门为变形菌门、放线菌门、酸杆菌门, 优势菌属有 MND1 菌属、*Sphingomonas* 菌属、*Arthrobacter* 菌属。不同产区葡萄根际土壤理化性质与优势菌门的 Pearson 相关性分析表明, 全氮含量是影响变形菌门的重要因子; 有机质与全氮含量是影响酸杆菌门的重要因子; pH 值、有效磷含量、电导率值、有效钾含量是影响拟杆菌门的主要因子; pH 值是影响绿弯菌门的主要因子。

#### 参考文献:

- [1] Zhao H L, He Y H, Zhou R L, et al. Effects of desertification on soil organic C and N content in sandy farmland and grassland of Inner Mongolia[J]. *Catena*, 2009, 77(3): 187–191.
- [2] 彭日民, 彭 勇, 向国红, 等. 不同入侵植物根际土壤养分、酶活性和微生物学特征[J]. *江苏农业科学*, 2021, 49(21): 217–223.
- [3] 罗 玲, 钟 奇, 王 进, 等. 不同覆盖材料对避雨葡萄园土壤微生物特征及葡萄生长与品质的影响[J]. *核农学报*, 2021, 35(2): 471–480.
- [4] 宋希磊, 王永丽. 苹果园土壤微生物生态特征与改善研究[J]. *吉林农业*, 2018(14): 81.
- [5] 夏文旭. 酿酒葡萄根际土壤肥力与微生物多样性及生理活性研究[D]. 兰州: 兰州理工大学, 2016.
- [6] 李 茜, 刘松涛, 何 俊, 等. 葡萄园土壤养分变化特征对不同栽培年限的响应[J]. *西南农业学报*, 2020, 33(7): 1404–1409.
- [7] 王志秀, 贺 婧, 陈 锋. 贺兰山东麓葡萄产地不同种植年限土壤养分特征研究[J]. *中国土壤与肥料*, 2019(3): 15–21.
- [8] 柴丽红, 崔晓龙, 彭 谦, 等. 青海两盐湖细菌多样性研究[J]. *微生物学报*, 2004, 44(3): 271–275.
- [9] 王 超, 陈刘军, 田 伟, 等. 高通量测序解析微生物肥料对红壤有机农田土壤微生物群落的影响[J]. *江苏农业科学*, 2019, 47(2): 272–277.
- [10] 张 蕾, 徐慧敏, 朱宝利. 根际微生物与植物再植病的发生发展

- 关系[J]. *微生物学报*, 2016, 56(8): 1234–1241.
- [11] 纳小凡, 郑国琦, 彭 励, 等. 不同种植年限宁夏枸杞根际微生物多样性变化[J]. *土壤学报*, 2016, 53(1): 241–252.
  - [12] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
  - [13] 李 明, 马 飞, 肖国举. 稻作条件下不同施肥模式对盐碱化土壤细菌和古菌群落结构的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2018, 37(3): 495–504.
  - [14] Caporaso J G, Lauber C L, Walters W A, et al. Global patterns of 16S rRNA diversity at a depth of millions of sequences per sample[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2011, 108(Suppl 1): 4516–4522.
  - [15] 吴秋芳, 侯立江, 何玲敏, 等. 北艾根际与非根际土壤微生物多样性的高通量测序分析[J]. *河南农业大学学报*, 2021, 55(5): 928–935.
  - [16] 程云飞, 李炳韵, 胡英宏, 等. 不同连作年限对菠萝园土壤养分及可培养微生物数量的影响[J]. *热带生物学报*, 2021, 12(2): 185–191.
  - [17] Qian X, Gu J, Sun W, et al. Changes in the soil nutrient levels, enzyme activities, microbial community function, and structure during apple orchard maturation[J]. *Applied Soil Ecology*, 2014, 77: 18–25.
  - [18] 王晓雯, 洪振瀚, 刘安瑞, 等. 基于荧光定量 PCR 和高通量测序技术的葡萄园土壤细菌群落结构多样性分析[J]. *酿酒科技*, 2016(11): 28–33, 36.
  - [19] Mészáros M, Békíková H, Čonka P, et al. Effect of hail nets and fertilization management on the nutritional status, growth and production of apple trees[J]. *Scientia Horticulturae*, 2019, 255: 134–144.
  - [20] 彭玉娟, 崔学宇, 覃礼蒙, 等. 不同地区沙田柚果园土壤细菌群落结构和多样性分析[J]. *四川农业大学学报*, 2020, 38(6): 715–722, 741.
  - [21] 李 明, 毕江涛, 王 静. 宁夏不同地区盐碱化土壤细菌群落多样性分布特征及其影响因子[J]. *生态学报*, 2020, 40(4): 1316–1330.
  - [22] 夏围围, 贾仲君. 高通量测序和 DGGE 分析土壤微生物群落的技术评价[J]. *微生物学报*, 2014, 54(12): 1489–1499.
  - [23] 黄冠南, 丁美月, 马金才, 等. 吉林省四平地区粉黏壤土微生物群落结构与环境因子的关系[J]. *江苏农业科学*, 2019, 47(14): 306–310.
  - [24] 周柳婷, 李建鹏, 刘书影, 等. 基于高通量测序的连栽木麻黄根际土壤细菌群落变化研究[J]. *生态学报*, 2020, 40(8): 152–161.
  - [25] 郭丽丽, 尹伟伦, 郭大龙, 等. 油用凤丹牡丹不同种植时间根际细菌群落多样性变化[J]. *林业科学*, 2017, 53(11): 131–141.
  - [26] Xia N, Xia X H, Liu T, et al. Characteristics of bacterial community in the water and surface sediment of the Yellow River, China, the largest turbid river in the world[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2014, 14(11): 1894–1904.
  - [27] 庞兴红, 吕丽媛, 牛 远, 等. 太湖夏季浮游细菌群落多样性的空间格局[J]. *水生生物学报*, 2014, 38(2): 335–341.

陈慧娜,王 忍,黄 璜,等. 不同稻田生态种养模式对双季稻产量和  $\text{CH}_4$  排放规律的影响[J]. 江苏农业科学,2023,51(2):242–246.  
doi:10.15889/j.issn.1002–1302.2023.02.036

# 不同稻田生态种养模式对双季稻产量和 $\text{CH}_4$ 排放规律的影响

陈慧娜,王 忍,黄 璜,陈 灿,马微微,陈 璐,吕广动  
(湖南农业大学农学院/湖南省稻田生态种养工程技术研究中心,湖南长沙 410128)

**摘要:**为探究不同稻田生态种养模式的  $\text{CH}_4$  排放规律,设置单一种稻(CK)、稻田养鱼(RF)、稻田养泥鳅(RL)、稻田养鸭(RD)4 个处理,进行双季稻大区试验。结果表明:RF、RL、RD 的  $\text{CH}_4$  排放通量在早、晚稻  $\text{CH}_4$  排放最高峰分别较 CK 降低 6.38~9.81、6.28~9.72  $\text{mg}/(\text{m}^2 \cdot \text{h})$ 。RF、RL、RD 的全年  $\text{CH}_4$  排放量分别较 CK 降低 44.62%、39.25%、29.60% ( $P < 0.05$ ),双季稻总产量较 CK 增加了 5.82%~11.94% ( $P < 0.05$ ),双季稻单位产量增温潜势分别较 CK 降低了 46.78%、44.44%、36.26% ( $P < 0.05$ ),RF、RL 全年  $\text{CH}_4$  排放量显著低于 RD,降低率分别为 21.34% 和 16.68%。各生态种养处理早、晚稻的水稻生物量在齐穗期至成熟期均高于 CK,早、晚稻成熟期土壤有机质较 CK 分别高出 19.47%~58.11% 和 6.15%~56.21%。早、晚稻  $\text{CH}_4$  排放高峰的  $\text{CH}_4$  排放通量均与土壤有机质含量显著负相关,相关系数分别为 -0.806 和 -0.955。3 种稻田生态种养模式均具有固碳减排的作用,且能显著提高当季稻谷产量,均可作为水稻绿色生产模式进行推广。

**关键词:**稻田生态种养;双季稻;甲烷;产量

**中图分类号:**S511.04;S181 **文献标志码:**A **文章编号:**1002–1302(2023)02–0242–05

温室效应是全球共同面临的环境问题, $\text{CH}_4$  是作为重要的温室气体之一,其温室效应是  $\text{CO}_2$  的 28 倍<sup>[1]</sup>,对大气温室效应的贡献占 19%<sup>[2]</sup>。稻田是  $\text{CH}_4$  排放的重要来源之一,排放量占比达 6%<sup>[3]</sup>。围绕我国提出的“碳达峰”和“碳中和”目标,如何采取措施减少稻田  $\text{CH}_4$  排放,达到固碳减排,成为热

点研究课题。大量研究表明,稻田生态种养能减少稻田  $\text{CH}_4$  排放高峰期的排放通量和稻季  $\text{CH}_4$  排放总量<sup>[4–6]</sup>。稻田生态种养作为一种传统农业文化与现代农业技术相结合的水稻绿色生产方式,因其模式多样,适应性广,效益可观,在我国迅速推广和发展,2020 年全国稻渔综合种养面积达到 253 万  $\text{hm}^2$ ,平均水稻产量为 7.5  $\text{t}/\text{hm}^2$ ,湖南稻田生态种养面积超过 33 万  $\text{hm}^2$ <sup>[7]</sup>。湖南作为双季稻区和稻田生态种养活跃区,研究稻田生态种养模式下双季稻的  $\text{CH}_4$  排放规律意义重大。本研究选取稻鸭、稻鱼、稻鳅这 3 种主流稻田生态种养模式,研究其对双季稻稻田  $\text{CH}_4$  排放的影响,为稻田生态种养在固碳减排方面的应用提供参考。

收稿日期:2022–03–01

基金项目:湖北水稻生态优质技术集成与示范(编号:2018YFD0301003)。  
作者简介:陈慧娜(1996—),女,湖南娄底人,硕士,主要从事稻田生态种养模式研究。E-mail:897976455@qq.com。

通信作者:黄 璜,博士,教授,主要从事农田生态种养研究,  
E-mail:hh863@126.com;陈 灿,博士,副教授,主要从事稻田生态种养研究,E-mail:CC973@126.com。

[28]李润根,曾慧兰,曾建梅. 基于高通量测序的连作百合土壤细菌群落多样性研究[J]. 宜春学院学报,2021,43(3):85–91.

[29]李 丹,靳鲲鹏,李小霞,等. 基于高通量测序技术的玉米不同生育时期土壤细菌多样性变化[J]. 山西农业科学,2019,47(9):1569–1572.

[30]刘 阳,王馨悦,陈 拓,等. 可培养细菌多样性及抗辐射-抗氧化相关性特征:以库姆塔格沙漠东缘为例[J]. 中国环境科学,2021,41(12):5921–5932.

[31]罗 旦,陈吉祥,程 琳,等. 陕北沙化区 3 种主要植物根际土

壤细菌多样性与土壤理化性质相关性分析[J]. 干旱区资源与环境,2019,33(3):151–157.

[32]Yang J K, Zhang J J, Yu H Y, et al. Community composition and cellulase activity of cellulolytic bacteria from forest soils planted with broad-leaved deciduous and evergreen trees [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2014, 98(3):1449–1458.

[33]隋夕然,王 妍,刘云根,等. 典型喀斯特区云南松林土壤养分和细菌群落对海拔的响应[J]. 浙江农业学报,2021,33(12):2348–2357.