

张 燕,李亮生,陈帅伟,等. 小麦秸秆及其生物炭对植烟土壤养分、酶活性及细菌群落结构的影响[J]. 江苏农业科学,2023,51(7):213-220.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.07.029

小麦秸秆及其生物炭对植烟土壤养分、酶活性及细菌群落结构的影响

张 燕^{1,2}, 李亮生³, 陈帅伟⁴, 李 军⁴, 陈享灯³, 宋文静¹

(1. 中国农业科学院烟草研究所/农业农村部烟草生物学与加工重点实验室/中国农业科学院青岛烟草资源与环境野外科学观测试验站, 山东青岛 266101; 2. 中国农业科学院研究生院, 北京 100081;
3. 福建省烟草公司龙岩市公司, 福建龙岩 364000; 4. 山东中烟工业有限责任公司, 山东济南 250014)

摘要:采用大田试验,研究常规施肥(CK)、CK+施用小麦秸秆,还田量 6.75 t/hm²(WS)、CK+施用小麦秸秆生物炭,还田量 2.25 t/hm²(BC)3 个处理,烤烟生长季后土壤养分、酶活性变化,并结合高通量测序技术手段获取的土壤细菌群落结构和多样性结果,探讨影响细菌群落的主控环境因子。结果表明:与 CK 处理相比,WS 处理显著提升了土壤碱解氮(AN)、有效磷(AP)、全氮(TN)和有机碳(TOC)含量,增幅分别为 78.11%、100.81%、21.65% 和 20.71%;显著提升了土壤蔗糖酶活性,增幅为 112.54%;显著提高了 16S 基因型细菌 Shannon 指数、ACE 指数和 Chao 1 指数,增幅分别为 2.64%、14.18% 和 14.19%;BC 处理总有机碳含量较 CK 显著增加了 74.93%,全钾(TK)含量显著提高了 21.93%,土壤酶活性、土壤细菌多样性和丰富度指数则变化较小;变形菌门(Proteobacteria)为各处理 *nosZ* 基因型反硝化细菌群落、16S 基因型细菌群落和 AOA 细菌群落共同的优势菌门;PCoA 分析显示,秸秆及秸秆生物炭还田使植烟土壤中 16S 基因型细菌群落结构发生改变;冗余分析进一步指出,总有机碳是引起该细菌群落变化($r^2 = 0.627$, $P < 0.05$)的主要环境因子,不同处理对 *nosZ* 基因型反硝化细菌、AOA 和 AOB 细菌群落结构影响较小。综上,秸秆还田有利于提高土壤养分含量、土壤酶活性及 16S 基因型细菌多样性,秸秆生物炭更有利于土壤总有机碳外的积累;秸秆及秸秆生物炭使 16S 基因型细菌群落结构发生改变,总有机碳是引起细菌群落变化的主控环境因子。

关键词:秸秆;秸秆生物炭;土壤养分;酶活性;细菌群落结构

中图分类号:S181;S154 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2023)07-0213-07

据统计,我国每年秸秆产量 9 亿 t,可加工为副产物的达 5.8 亿 t,其中 2.3 亿 t 的副产物可以被利用,剩下的 3.5 亿 t 副产物会被丢弃。近年来我国工业化发展迅速,对于秸秆的需求越来越少,如何处理和合理利用这些废弃的秸秆资源已成为当前亟待解决的问题。作为一种重要的生物有机资源,秸秆中含有丰富的有机质及营养元素,包括氮、磷、钾、钙、镁等^[1],秸秆腐解后产生的活性有机碳,可以为微生物提供充足的碳源,能够有效增加土壤微

生物数量和微生物多样性^[2]。秸秆还田后直接增加了土壤有机质含量,使得土壤微生物活性增强,从而提高了土壤酶活性,促进了土壤养分的转化^[3]。

生物炭是由有机材料(如秸秆、木材、植物残渣和粪肥)在厌氧的条件下热解(300~1 000 ℃温度范围)生成^[4]。生物炭具有孔隙度大、高抗生化分解等特性,常被用作土壤调节剂改善土壤理化性状,提升土壤肥力等^[5-7]。在山东烟区,植烟土壤由于长期连作、有机物料不足等不合理的农业管理措施,土壤理化性状较差、微生物活性降低等土壤质量问题已成为制约山东烟区实现可持续发展的瓶颈。科学、合理地利用当地的小麦秸秆资源改善烟田土壤可能是实现山东烟区烟田土壤质量提升的重要途径。目前,关于秸秆及秸秆生物炭对山东烟区烟田氨氧化土壤微生物与土壤养分及相关酶活关联度分析的研究报道较少,本研究通过比较不同秸秆处理方式下植烟土壤的理化性状、养分状况、

收稿日期:2022-05-28

基金项目:中国农业科学院科技创新工程项目(编号:ASTIP-TRIC03);中国烟草总公司山东省公司重点科技项目(编号:201910);山东省自然科学基金(编号:ZR2021QD036);中国农业科学院烟草研究所青年科学基金(编号:2020B01)。

作者简介:张 燕(1997—),女,山东滨州人,硕士研究生,主要从事土壤生态研究。E-mail:1290248813@qq.com。

通信作者:宋文静,博士,副研究员,主要从事土壤生态研究。E-mail:songwenjing@caas.cn。

土壤酶活性以及土壤氨氧化菌的群落组成等的差异,为秸秆资源的合理利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验区位于山东潍坊烟草有限公司诸城分公司洛庄烟站(36°1'N,119°6'E),试验区年日照时数在 2 500 h 以上,年平均气温 12 ℃ 以上,年平均降水量

750 mm 左右,年平均无霜期 230 d 左右。土壤基础理化性状如表 1 所示。

1.2 试验设计

试验设置 3 个处理:(1)CK,常规施肥;(2)WS,CK + 施用小麦秸秆,还田量 6.75 t/hm²; (3) BC,CK + 施用小麦秸秆生物炭,还田量 2.25 t/hm²。每个处理 3 次重复,随机区组设计,每个小区面积为 48 m²。小麦秸秆及其生物炭的理化性状详见表 2。

表 1 土壤基础理化性状

土层 (cm)	土壤容重 (g/cm ³)	有机碳含量 (g/kg)	碱解氮含量 (mg/kg)	有效磷含量 (mg/kg)	速效钾含量 (mg/kg)	pH 值	沙粒 (>0.05mm,%)	粉沙粒(0.050 ~ 0.002 mm,%)	黏粒 (<0.002 mm,%)
0 ~20	1.19 ±0.15	8.58 ±0.23	91.00 ±2.63	20.06 ±1.06	213.59 ±8.12	7.89 ±0.08	12.51 ±1.25	44.65 ±5.87	42.90 ±5.55
20 ~40	1.30 ±0.16	7.95 ±0.32	66.00 ±3.62	10.62 ±0.85	208.35 ±10.12	8.03 ±0.09	12.57 ±1.33	42.42 ±3.95	45.11 ±4.23

表 2 小麦秸秆及其生物炭的理化性状

试验材料	pH 值	全碳含量 (g/kg)	全氮含量 (g/kg)	全磷含量 (g/kg)	全钾含量 (g/kg)	全钙含量 (g/kg)	全镁含量 (g/kg)
小麦秸秆	7.62 ±0.12	694.90 ±6.03	11.44 ±0.57	0.977 ±0.03	11.84 ±0.20	3.57 ±0.06	2.32 ±0.07
麦秸生物炭	10.60 ±0.07	474.4 ±3.60	9.0 ±0.26	1.852 ±0.01	44.7 ±0.50	8.46 ±0.44	5.61 ±0.25

在 2021 年 3 月 20 日烟田起垄前,撒施小麦秸秆或生物炭,施肥种类及用量情况:复合肥(含 N、P₂O₅、K₂O 分别为 10%、10%、20%)施用量为 600.0 kg/hm²,硫酸钾(含 K₂O 50%)施用量为 105.0 kg/hm²,磷酸二铵(含 N、P₂O₅ 分别为 16.5%、44.5%)施用量为 60.0 kg/hm²。

供试烤烟品种为 NC55,移栽时间为 2021 年 5 月 8 日,烤烟的株行距为 1.2 m ×0.5 m。

1.3 样品采集与测定

1.3.1 土壤的采集及土壤养分的检测 2021 年 7 月 20 日,于烟叶采烤结束后,按照 5S 法,用土钻在不同小区于烟垄垄体正中收集耕层土样。土样过 2 mm 筛,用于测定土壤酶活性;其余土壤样品经风干后,测定土壤化学指标;新鲜土样用于检测土壤微生物群落结构及多样性。总有机碳(TOC)、土壤全氮(TN)、碱解氮(AN)、土壤有效磷(AP)、土壤有效钾(AK)含量,土壤 pH 值均依照土壤农业化学分析方法^[8]测定。

1.3.2 土壤酶活性的检测 土壤酶活性^[9]测定:土壤蔗糖酶活性选用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定;土壤脲酶活性选用靛酚比色法测定;过氧化氢酶活性采用紫外分光光度法测定;中性磷酸酶活性采用磷酸苯二钠比色法测定。

1.3.3 土壤微生物提取及高通量测序 采用 Fast DNA SPIN Kit for Soil 土壤 DNA 提取试剂盒按步骤提取。利用 Illumina 公司的 MiSeq PE250 平台进行测序(上海美吉生物医药科技有限公司)。

1.4 数据分析

应用 QIIME 软件处理高通量测序结果;利用 Mothur 软件包以 97% 为阈值对细菌基因序列划分分类单元,并计算细菌多样性指数和丰富度指数;应用 SPSS 进行土壤细菌群落组成和相对丰度分析,采用 Origin 2021 处理数据和制作图表。

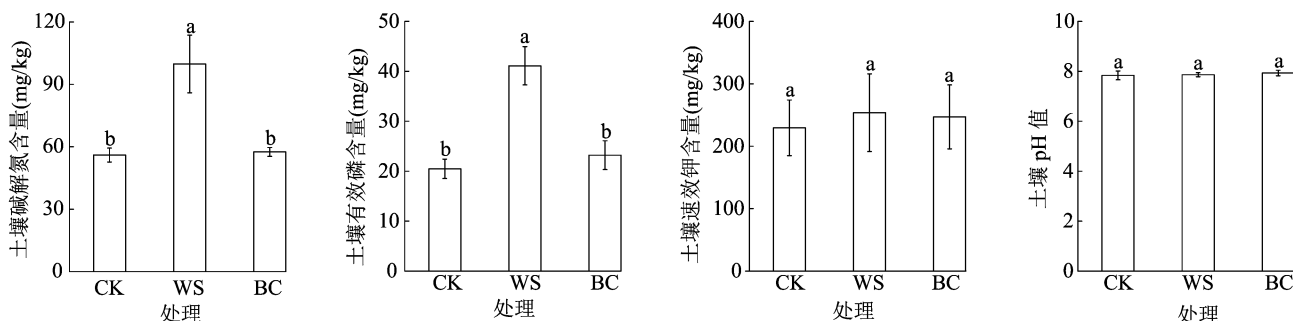
2 结果与分析

2.1 秸秆及秸秆生物炭对土壤速效养分和 pH 值的影响

由图 1 所示,与 CK 相比,WS 处理显著提高了土壤碱解氮和有效磷含量,增幅分别为 78.11% 和 100.81%,而 BC 处理养分含量变化较小。各处理间土壤速效钾含量和 pH 值无显著差异。

2.2 秸秆及秸秆生物炭对土壤全效养分的影响

如图 2 所示,WS 处理土壤全氮含量较 CK 显著提高了 27.65%。与 CK 处理相比,WS 和 BC 处理均显著提高了土壤总有机碳含量,增幅分别为 20.71%、74.93%。BC 处理较 CK 处理土壤全钾含量显著提



柱上不同小写字母表示处理间存在显著差异 ($P < 0.05$)。下图同

图1 秸秆及秸秆生物炭对土壤速效养分和 pH 值的影响

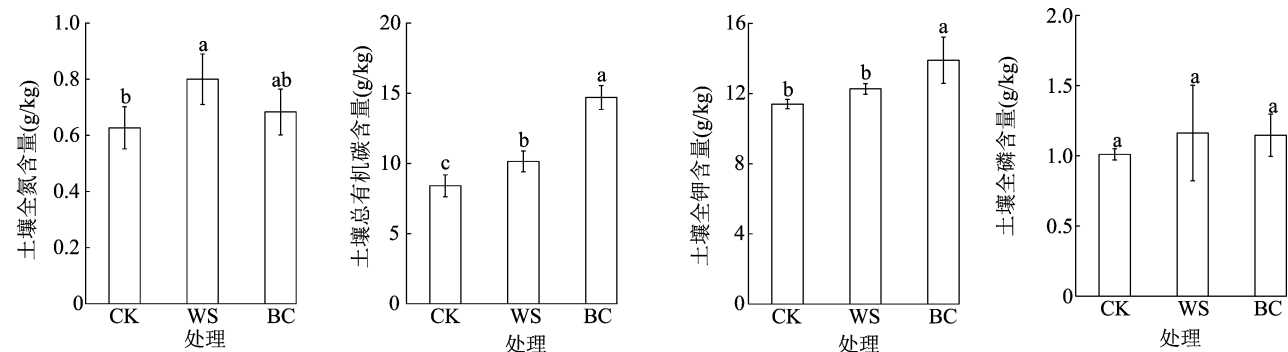


图2 秸秆及秸秆生物炭对土壤养分的影响

高了 21.93%, 而 WS 处理土壤全钾含量变化较小。

2.3 秸秆及秸秆生物炭对土壤酶活性的影响

如图 3 所示, 与 CK 相比, WS 处理显著提升了

蔗糖酶活性, 增幅为 112.54%, BC 处理与 CK 处理差异不显著。各处理间土壤脲酶、磷酸酶和过氧化氢酶活性无显著差异。

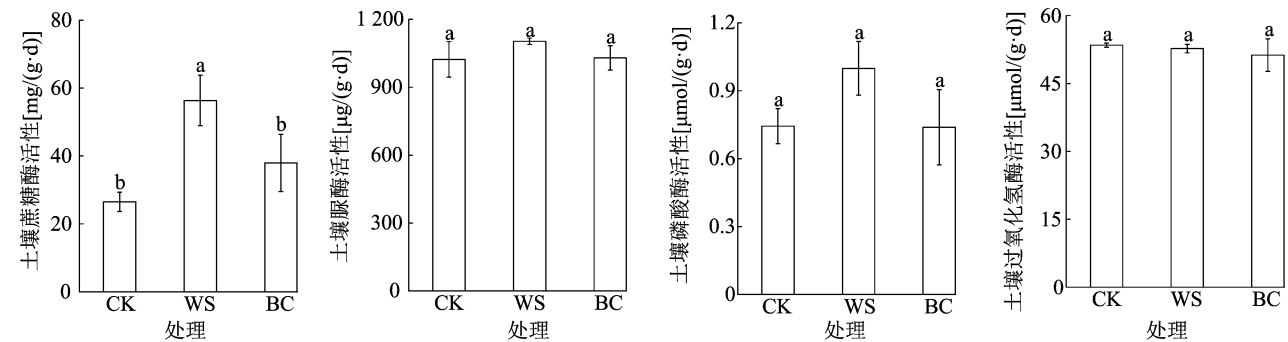


图3 秸秆及秸秆生物炭对土壤酶活性的影响

2.4 秸秆及秸秆生物炭对土壤细菌群落的影响

2.4.1 微生物多样性 由表 3 可知, WS 处理中 16S 基因型细菌 Shannon 指数、ACE 指数均高于 CK 处理和 BC 处理, 但差异并不显著, Chao1 指数显著高于 CK 处理和 BC 处理, 与 CK 相比, 增幅为 14.19%。各处理 *nosZ* 基因型反硝化细菌、AOA 和 AOB 的群落多样性和丰富度指数差异均不显著。

2.4.2 土壤细菌的群落结构分析 对不同处理优势细菌门水平的分析表明 (图 4), 3 种处理中 *nosZ* 基因型反硝化细菌群落的优势菌门为变形菌门

(Proteobacteria), AOA 群落的优势菌门为泉古菌门 (Crenarchaeota), 16S 基因型细菌的优势菌门为放线菌门 (Actinobacteria), AOB 群落的优势菌门为变形菌门。

对不同处理优势细菌属水平的分析表明, 3 种处理中 *nosZ* 基因型反硝化细菌群落的优势菌属为 unclassified_k_norank_d_Bacteria, 16S 基因型细菌的优势菌属为 norank_c_Soil_Crenarchaeotic_Group_SCG, AOA 群落的优势菌属为 norank_c_environmental_samples_p_Crenarchaeota, AOB 群落的

表 3 秸秆及秸秆生物炭对土壤微生物和细菌种类丰富度和多样性指标的影响

不同处理的多样性指标	Shannon 指数	Simpson 指数	ACE 指数	Chao 1 指数
16S				
CK	6.06 ±0.22a	0.008 9 ±0.003 6a	4 175.98 ±515.79a	3 974.78 ±123.56b
WS	6.22 ±0.16a	0.008 6 ±0.002 4a	4 768.14 ±303.63a	4 538.78 ±54.30a
BC	5.85 ±0.17a	0.013 1 ±0.002 5a	4 731.06 ±353.87a	4 040.66 ±342.58b
<i>nosZ</i>				
CK	4.34 ±0.17a	0.049 ±0.007a	1 663.36 ±93.54a	1 334.65 ±106.09a
WS	4.35 ±0.11a	0.048 ±0.005a	1 594.80 ±158.57a	1 299.60 ±62.57a
BC	4.28 ±0.68a	0.064 ±0.044a	1 531.90 ±199.71a	1 259.98 ±232.12a
<i>amoA</i> - AOA				
CK	2.15 ±0.10a	0.25 ±0.05a	52.86 ±1.57a	52.40 ±1.04a
WS	2.16 ±0.19a	0.24 ±0.02a	53.13 ±8.68a	52.48 ±9.36a
BC	2.22 ±0.29a	0.22 ±0.08a	61.52 ±7.48a	74.33 ±23.86a
<i>amoA</i> - AOB				
CK	2.28 ±0.21a	0.16 ±0.04a	52.76 ±8.49a	51.33 ±7.18a
WS	2.07 ±0.14a	0.21 ±0.02a	48.86 ±3.23a	48.33 ±2.47a
BC	2.10 ±0.07a	0.20 ±0.02a	55.84 ±10.53a	54.42 ±12.48a

注:同列数据后不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$)。

优势菌属为 *norank_f_environmental_samples*。秸秆及秸秆生物炭还田后的土壤优势菌群组成与常规施肥一致,但优势细菌群分类组成比例存在差异。

2.4.3 土壤细菌的群落组成分析 由图 5 可知,第 1 主成分 PC1 对 16S 基因型细菌群落组成差异的解释度为 27.50%,第 2 主成分 PC2 对 16S 基因型细菌群落组成差异的解释度为 20.86%,PC1 和 PC2 可累积解释 48.36% 的变异度。秸秆及秸秆生物炭还田使植烟土壤中 16S 基因型细菌群落结构发生改变,但对 *nosZ* 基因型反硝化细菌 (PC1 = 30.16%, PC2 = 20.50%)、*amoA* - AOA (PC1 = 60.78%, PC2 = 23.32%)、*amoA* - AOB (PC1 = 37.89%, PC2 = 33.60%) 的细菌群落结构改变不显著。

2.5 影响植烟土壤细菌群落的因子分析

冗余分析结果显示(图 6),在不同的处理中,总有机碳含量是引起 *nosZ* 基因型反硝化细菌群落变化($r^2 = 0.733, P < 0.05$)的主控因子,也是引起 16S 基因型细菌群落变化($r^2 = 0.627, P < 0.05$)的主要环境因子,有效磷($r^2 = 0.424, P < 0.05$)是影响 AOB 群落变化的主要环境因子。

3 讨论

3.1 秸秆及秸秆生物炭还田对土壤养分的影响

本研究结果表明,秸秆还田显著提升了植烟土壤碱解氮、有效磷含量,这与邹清祺等的研究结果^[10-13]一致。秸秆还田对土壤养分含量的提升作用与秸秆矿化分解后向土壤中释放了大量养分元

素有关^[14]。此外,秸秆腐解形成的腐殖质具有溶磷和解钾的双重作用,也能够通过活化土壤中的磷、钾元素来提升土壤中的速效养分含量^[13]。

研究表明,土壤添加生物炭后有利于改善土壤养分状况,增加土壤孔隙度,促进土壤团聚体的形成,构建良好的土壤结构^[15]。本研究中,秸秆生物炭处理显著提升了土壤中的总有机碳含量,这与 Liu 等利用商业木炭残留物制备的生物炭改良玉米田沙性土的研究结果^[16]一致。添加生物炭短期内即能提高土壤中的 TOC 含量的主要原因在于生物炭的芳环结构使其具有高度的稳定性和抗分解特性^[17],这使其在土壤中难以为土壤微生物所分解利用。

3.2 秸秆及秸秆生物炭还田对土壤酶活性的影响

土壤酶活性在土壤碳氮代谢和养分循环中发挥重要作用,能够表征土壤养分代谢强度^[18]。靳玉婷等在巢湖地区利用秸秆还田改良稻-油轮作农田土壤发现,秸秆还田使水稻季和油菜季土壤磷酸酶和脲酶活性明显提升,且油菜季增幅高于水稻季^[19]。程曼等在山西省对黄土旱塬区的研究发现,秸秆直接还田对玉米田脲酶和磷酸酶活性影响较小^[20]。在本研究中,小麦秸秆还田提高了土壤蔗糖酶活性,主要是由于:一是秸秆还田丰富了微生物提供可利用碳源的种类和数量^[21-22],刺激了微生物代谢;二是秸秆还田改善了土壤理化特性,优化了微生物生活环境,提供了土壤酶载体;三是秸秆还田与化肥配施还能够加速土壤自身有机碳的矿化分解来提升土壤酶活性^[23]。

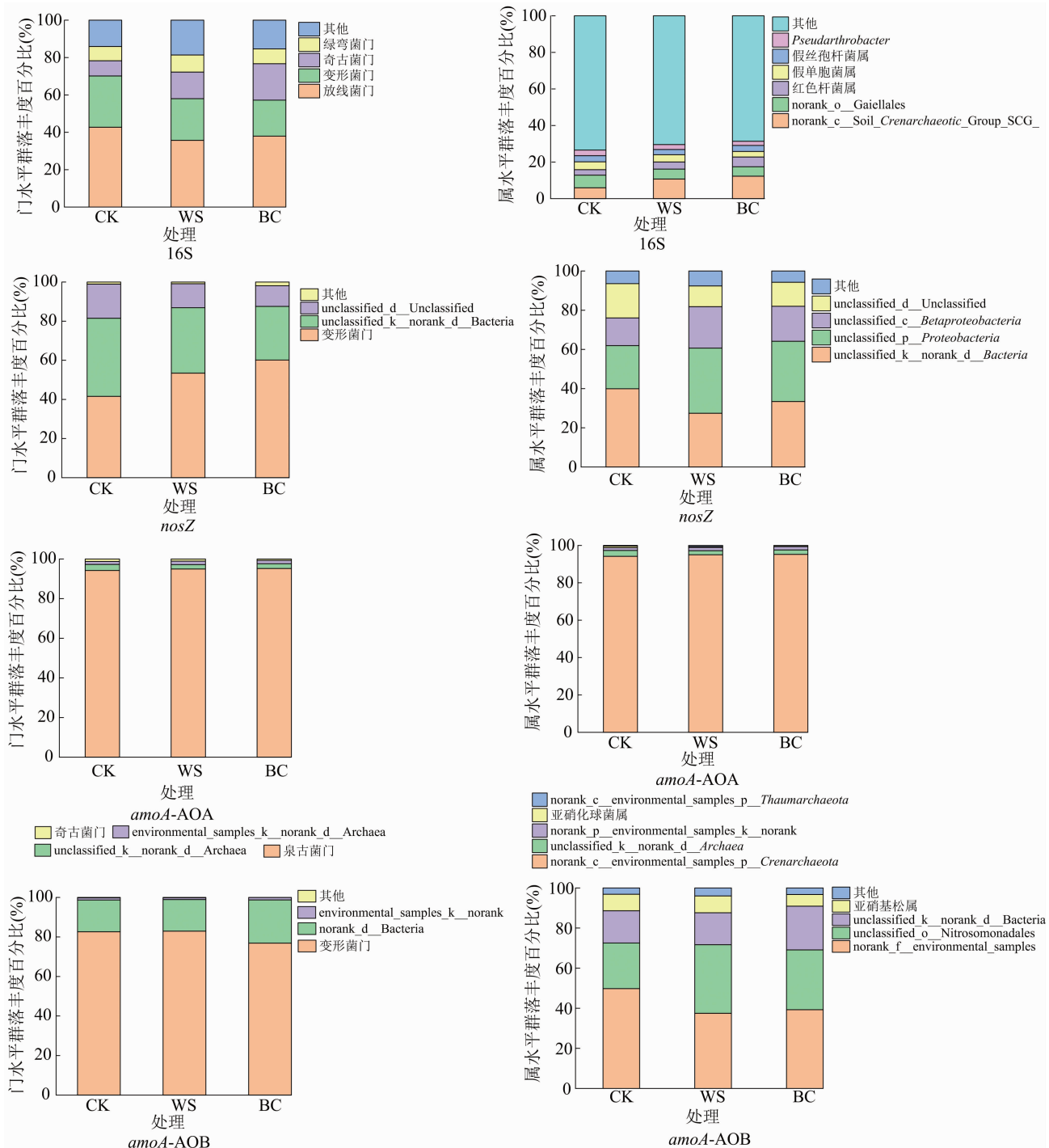


图4 不同处理植烟土壤细菌群落在门水平、属水平上的组成和相对丰度

生物炭对土壤酶活性影响因材料来源、制备工艺、土壤类型等的不同而存在较大差异^[24-26]。杜倩等在四川凉山的研究发现,玉米生物炭和油菜生物炭明显提升了不同烤烟生育期土壤蔗糖酶、脲酶、蛋白酶活性^[26]。张桃香等通过室内试验研究发现,低温条件(300 ℃)较高温条件(600 ℃)下制备的生物炭更有利于南方茶林红壤土脲酶、酸性磷酸酶等酶活性的提高^[27]。在本研究中,与秸秆还田对土壤

蔗糖酶的提升不同,秸秆生成的生物炭处理对蔗糖酶活性影响较小。这一研究结论与 Mierzwa - Hersztek 等的研究结论^[28]一致。导致这一现象的根本原因在于秸秆转化为生物炭后有机碳的存在形态发生改变,致使其对土壤微生物活性的影响与秸秆直接还田处理存在较大差异^[29]。此外,生物炭表面的官能团对活性底物和土壤酶的吸附也会限制土壤酶活性的提升^[30]。

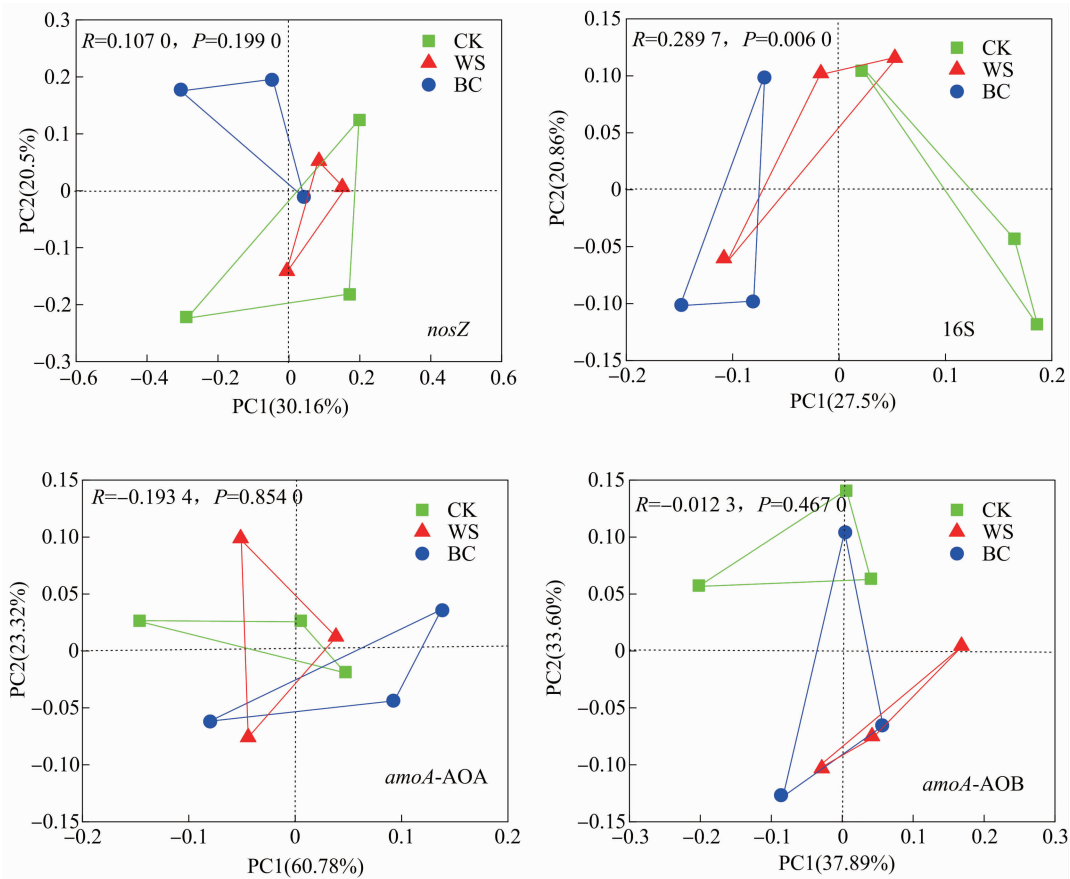


图5 植烟土壤基于 OUT 水平上的细菌群落主成分分析

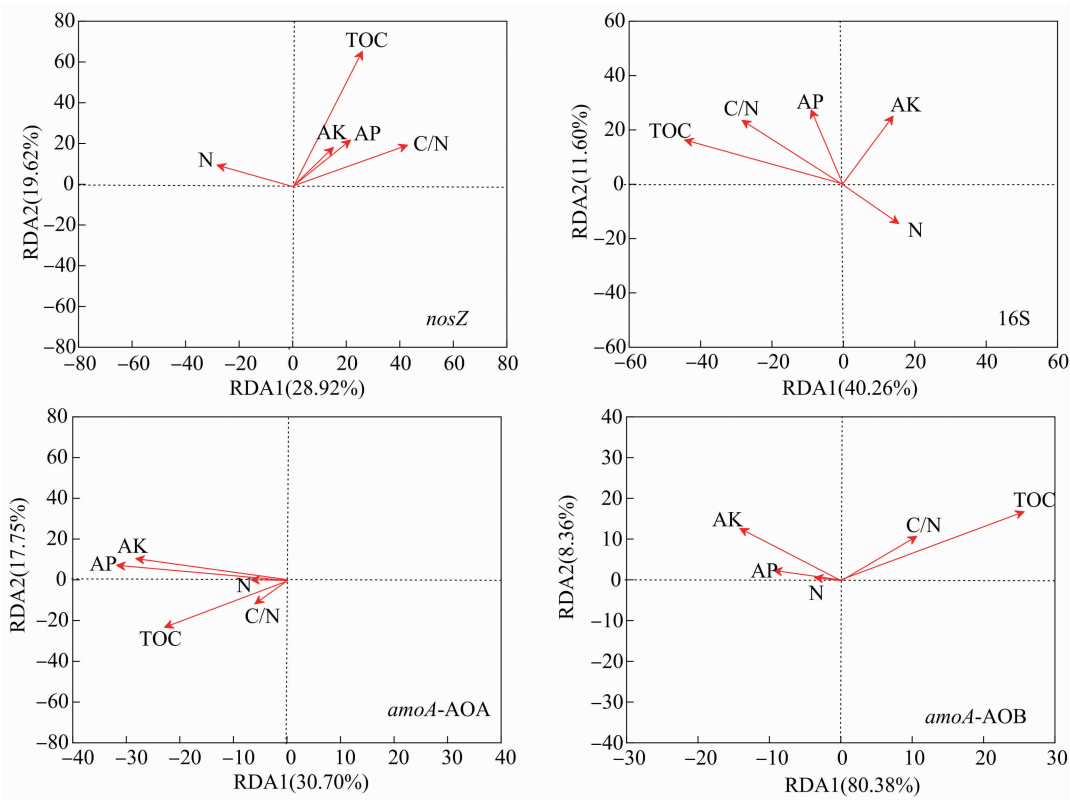


图6 不同处理下细菌群落结构和土壤养分的冗余分析

3.3 秸秆及秸秆生物炭还田对细菌群落的影响

土壤微生物多样性被公认为是维持土壤健康的关键因素。本研究发现,秸秆还田使 16S 基因型细菌群落多样性指数中的 Shannon 指数、ACE 指数和 Chao 1 指数显著提升。这表明,秸秆还田有助于提升土壤 16S 基因型细菌群落丰富度和多样性。胡蓉等通过对稻麦轮作系统农田土壤的研究也发现,秸秆还田后,水稻根际细菌群落 Chao 1 丰富度指数和 Shannon 多样性指数均明显增加^[31]。土壤细菌群落门水平的相对丰度比较发现,变形菌门为 *nosZ* 基因型反硝化细菌群落、16S 基因型细菌群落和 AOA 细菌群落共同的优势菌门。

主成分分析发现,秸秆还田和秸秆生物炭处理均改变了 16S 基因型细菌的群落结构。赵凤艳等的研究也发现,添加不同有机物料后,设施番茄长期连作土壤的微生物群落结构发生了改变^[32]。微生物也会反作用于生存的环境,微生物多样性的任何损失也可能会减少多功能性,从而对陆地生态系统提供的服务产生负面影响^[33]。在本研究中,秸秆和生物炭处理改变了土壤总有机碳含量,冗余分析进一步指出总有机碳是引起 16S 基因型细菌群落发生变化的主要环境因子。

4 结论

秸秆还田提高了植烟土壤总有机碳、碱解氮、有效磷和全氮含量,增加了植烟土壤蔗糖酶活性,提升了 16S 基因型细菌的丰富度和多样性;添加生物炭显著提高了土壤总有机碳和全钾含量;秸秆还田及其生物炭处理使土壤 16S 基因型细菌群落结构发生了改变,总有机碳是引起 16S 基因型细菌群落变化的主控环境因子。

参考文献:

- [1] 李 杨,孙玉禄,刘晓辉,等. 秸秆还田和氮肥供应对设施番茄土壤肥力与氮素淋溶的影响[J/OL]. 吉林农业大学学报:1-9 [2022-11-21]. <https://doi.org/10.13327/j.jjlau.2021.1318>.
- [2] 潘剑玲,代万安,尚占环,等. 秸秆还田对土壤有机质和氮素有效性影响及机制研究进展[J]. 中国生态农业学报,2013,21(5):526-535.
- [3] 劳秀荣,吴子一,高燕春. 长期秸秆还田改土培肥效应的研究[J]. 农业工程学报,2002,18(2):49-52.
- [4] 高日平,赵思华,刁生鹏,等. 秸秆还田对黄土风沙区土壤微生物、酶活性及作物产量的影响[J]. 土壤通报,2019,50(6):1370-1377.
- [5] Alfadil A A, Xia J H, Shaghaleh H, et al. Wheat straw biochar application improves the morphological, physiological, and yield attributes of maize and the physicochemical properties of soil under deficit irrigation and salinity stress[J]. Journal of Plant Nutrition, 2021,44(16):2399-2420.
- [6] 杨应粉,许山河,郑 武,等. 秸秆还田对植烟土壤改良及烤烟品质的影响探究[J]. 南方农业,2021,15(11):230-235.
- [7] 尚志强,张晓海,邵 岩,等. 秸秆还田和覆盖对烤烟生长发育及品质的影响[J]. 烟草科技,2006,39(1):50-53.
- [8] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3 版. 北京:中国农业出版社,2000.
- [9] 王 毅. 小麦秸秆及其生物炭对山东烟区植烟潮褐土的改良效应研究[D]. 北京:中国农业科学院,2020.
- [10] 邹清祺,郝起礼,陈田庆. 不同秸秆还田方式对土壤有机质及速效养分的影响[J]. 西部大开发(土地开发工程研究),2017,2(7):58-63.
- [11] 韩 金,韩秋静,马 静,等. 秸秆还田对洛阳植烟土壤养分和盐分的影响[J]. 河南农业科学,2021,50(8):76-84.
- [12] 党 昆,陈 伟,张洪淇,等. 秸秆还田和地膜覆盖对稻区土壤理化性质及水稻产量的影响[J]. 东北农业科学,2021,46(4):11-16.
- [13] 刘继增,张 扬,崔广禄,等. 秸秆还田对土壤理化性质及小麦产量的影响[J]. 河北农业科学,2017,21(6):44-48,98.
- [14] 杨学礼. 浅析秸秆还田对土壤养分的提升和作物产量的影响[J]. 农业开发与装备,2021(7):141-142.
- [15] 罗 梅,田 冬,高 明,等. 紫色土壤有机碳活性组分对生物炭施用量的响应[J]. 环境科学,2018,39(9):4327-4337.
- [16] Liu J, Schulz H, Brandl S, et al. Short-term effect of biochar and compost on soil fertility and water status of a Dystric Cambisol in NE Germany under field conditions[J]. Journal of Plant Nutrition and Soil Science, 2012,175(5):698-707.
- [17] 黎嘉成,高 明,田 冬,等. 秸秆及生物炭还田对土壤有机碳及其活性组分的影响[J]. 草业学报,2018,27(5):39-50.
- [18] Pausch J, Kuzyakov Y. Carbon input by roots into the soil: quantification of rhizodeposition from root to ecosystem scale[J]. Global Change Biology, 2018,24(1):1-12.
- [19] 靳玉婷,李先藩,蔡 影,等. 秸秆还田配施化肥对稻-油轮作土壤酶活性及微生物群落结构的影响[J]. 环境科学,2021,42(8):3985-3996.
- [20] 程 曼,解文艳,杨振兴,等. 黄土旱塬长期秸秆还田对土壤养分、酶活性及玉米产量的影响[J]. 中国生态农业学报,2019,27(10):1528-1536.
- [21] 胡乃娟,韩新忠,杨敏芳,等. 秸秆还田对稻麦轮作农田活性有机碳组分含量、酶活性及产量的短期效应[J]. 植物营养与肥料学报,2015,21(2):371-377.
- [22] Hao M M, Hu H Y, Liu Z, et al. Shifts in microbial community and carbon sequestration in farmland soil under long-term conservation tillage and straw returning[J]. Applied Soil Ecology, 2019,136:43-54.
- [23] Wang X, Jia Z, Liang L. Effect of straw incorporation on soil moisture, evapotranspiration, and rainfall-use efficiency of maize under dryland farming[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2014,69(5):449-455.

刘芸婷,潘俊臣,莫碧霞,等. 腐殖酸和生物质炭对土壤磷素转化及甘蔗生长的影响[J]. 江苏农业科学,2023,51(7):220-226.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.07.030

腐殖酸和生物质炭对土壤磷素转化及甘蔗生长的影响

刘芸婷,潘俊臣,莫碧霞,姚校娟,易科,覃美,唐新莲

(广西大学农学院甘蔗生物学重点实验室,广西南宁 530004)

摘要:为探究腐殖酸与生物质炭配施化学磷肥对酸性土壤磷素活化及甘蔗生长的影响。采用盆栽试验,探究了 2 个施磷水平和 2 种磷素活化剂的施用对土壤养分、磷素转化及甘蔗生长的影响。结果表明,腐殖酸与生物质炭单独施用或配合施用提高了土壤速效磷、磷素活化率、有机质、有效钾、碱解氮的含量及磷酸酶的活性,且甘蔗株高、茎粗、全磷含量、磷积累量及磷肥利用率也有所提高,但显著降低了土壤无机磷 O-P 的含量,其中 0.1 g/kg 磷肥 + 2 g/kg 腐殖酸处理(P1F)的土壤 O-P 含量显著低于单施 0.1 g/kg 磷肥处理(P1)49.35%,腐殖酸与生物质炭配施处理(P1FS)较空白对照处理(CK)的土壤有机质含量和磷酸酶活性分别显著提高了 29.31% 和 42.11%。在 2 个施磷水平下,腐殖酸与生物质炭的施用对土壤无机磷形态含量增加的效果从大到小依次为 Fe-P > Ca-P > Al-P > O-P。表明施用腐殖酸与生物质炭提高了土壤的速效养分、磷素含量、磷酸酶活性,促进了土壤磷素转化,进而影响了甘蔗对磷素的吸收利用。

关键词:腐殖酸;生物质炭;甘蔗;磷;有效性;磷转化

中图分类号:S153.6;S566.106

文献标志码:A

文章编号:1002-1302(2023)07-0220-07

磷是植物必需的矿质营养元素,对作物产量与品质具有至关重要的作用^[1]。甘蔗作为我国重要的经济作物,属于多年生禾本科单子叶植物,其生

长期长,对磷素需求量多,磷肥施用量大^[2-3]。广西壮族自治区地处热带、亚热带地区,具有优异的气候条件和丰富的水资源,是我国甘蔗的主产区;但广西壮族自治区绝大多数蔗区土壤类型为酸性红壤,该土壤脱硅富铝、富铁化严重,土壤中的铁铝氧化物极易将磷(P)固定成难溶性磷酸盐而难以被植物直接吸收利用,进而导致土壤有效磷含量及甘蔗的当季磷肥利用率低,仅有 10%~25%^[4]。为满足甘蔗对磷含量的高需求,生产上普遍存在过量施用磷肥的情况,这不仅增加了生产成本,还导致酸性

收稿日期:2022-04-22

基金项目:广西科技重大专项(编号:桂科 2018-266-Z01);广西创新驱动发展专项(编号:桂科 AA17204078)。

作者简介:刘芸婷(1997—),女,广西玉林人,硕士,主要从事农业资源开发与利用研究。E-mail:781250977@qq.com。

通信作者:唐新莲,博士,副教授,主要从事植物营养与环境生态研究。E-mail:txl@gxu.edu.cn。

[24]赵军,耿增超,尚杰,等. 生物炭及炭基硝酸铵对土壤微生物量碳、氮及酶活性的影响[J]. 生态学报,2016,36(8):2355-2362.

[25]Zhang L Y, Xiang Y Z, Jing Y M, et al. Biochar amendment effects on the activities of soil carbon, nitrogen, and phosphorus hydrolytic enzymes: a meta-analysis[J]. Environmental Science and Pollution Research International, 2019, 26(22):22990-23001.

[26]杜倩,黄容,李冰,等. 生物炭还田对植烟土壤活性有机碳及酶活性的影响[J]. 核农学报,2021,35(6):1440-1450.

[27]张桃香,郑钰钢,陈辉. 不同温度生物炭对油茶林红壤呼吸作用 and 酶活性的影响研究[J]. 土壤通报,2019,50(1):96-102.

[28]Mierzwa-Hersztel M, Gondek K, Baran A. Effect of poultry litter biochar on soil enzymatic activity, ecotoxicity and plant growth[J]. Applied Soil Ecology, 2016, 105:144-150.

[29]Steinbeiss S, Gleixner G, Antonietti M. Effect of biochar amendment

on soil carbon balance and soil microbial activity[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2009, 41(6):1301-1310.

[30]Lamirato C, Miltner A, Kaestner M. Effects of wood char and activated carbon on the hydrolysis of cellobiose by β -glucosidase from *Aspergillus niger*[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2011, 43(9):1936-1942.

[31]胡蓉,郑露,刘浩,等. 秸秆还田对水稻根际微生物多样性和水稻纹枯病发生的影响[J]. 植物保护学报,2020,47(6):1261-1269.

[32]赵凤艳,张勇勇,张明琦,等. 有机物料对设施番茄长期连作土壤细菌群落结构的影响[J]. 生态学杂志,2019,38(6):1732-1740.

[33]Delgado-Baquerizo M, Maestre F T, Reich P B, et al. Microbial diversity drives multifunctionality in terrestrial ecosystems[J]. Nature Communications, 2016, 7:10541.