

DOI: 10.5846/stxb201707101245

黄雪娇, 王菲, 谷守宽, 袁婷, 金珂旭, 樊驰, 李振轮, 王正银. 钾肥及与秸秆配施对紫色土作物产量和微生物群落结构的影响. 生态学报, 2018, 38(16): - .

Huang X J, Wang F, Gu S K, Yuan T, Jin K X, Fan C, Li Z L, Wang Z Y. Effects of potassium sources and rates on crop yields and microbial community structure in a four-year experiment in purple soil. Acta Ecologica Sinica, 2018, 38(16): - .

钾肥及与秸秆配施对紫色土作物产量和微生物群落结构的影响

黄雪娇¹, 王菲², 谷守宽¹, 袁婷¹, 金珂旭¹, 樊驰¹, 李振轮¹, 王正银^{1*}

1 西南大学资源与环境学院, 重庆 400715

2 重庆工业职业技术学院, 重庆 401120

摘要: 基于紫色菜园土壤莴笋-白菜-甜玉米轮作 4 年 12 季连续定位施钾肥试验, 研究不同种类钾肥及用量对重庆地区紫色菜园土上作物产量和土壤微生物群落结构的影响, 为该地区作物生产确定合理的施钾技术提供科学依据。结果表明, 在施用氮磷肥基础上, 不同钾肥处理莴笋、白菜、甜玉米产量均显著提高; 从 3 种作物 4 年平均产量和钾肥效益看, 以单施适量化学钾 (K_2)、单施适量秸秆钾 (M_2) 和秸秆还田配施少量化学钾 (K_1+M_1) 的施钾肥模式对白菜的增产效果好, 增产 28.05%—30.27%; M_2 和 K_1+M_1 施钾肥模式对莴笋的增产效果较好, 增产 13.89% 和 13.81%; K_1+M_1 施钾肥模式对甜玉米的增产效果最好, 增产 15.10%, 表明秸秆还田配施少量化学钾 (K_1+M_1) 模式在供试 3 种作物生产中具有很好的应用前景。不同施钾处理对土壤微生物群落结构及丰度均会产生一定影响, 以秸秆还田配施少量化学钾肥 (K_1+M_1) 对提高土壤细菌、真菌、革兰氏阳性菌的作用较好, 并显著增加土壤微生物总 PLFA 含量, 缓解对土壤微生物生存环境的胁迫, 说明 K_1+M_1 能为土壤微生物的生长繁育创造有利环境。莴笋、白菜、甜玉米 3 种作物 4 年平均产量与土壤细菌、真菌、革兰氏阳性菌和革兰氏阴性菌数量间存在显著相关性 ($P<0.05$), 而不同钾肥处理对土壤微生物特征具有一定影响, 说明施钾肥可能会调节土壤微生物特征, 从而促进作物增产。

关键词: 施钾肥模式; 紫色土; 作物产量; 微生物群落结构; 磷脂脂肪酸

Effects of potassium sources and rates on crop yields and microbial community structure in a four-year experiment in purple soil

HUANG Xuejiao¹, WANG Fei², GU Shoukuan¹, YUAN Ting¹, JIN Kexu¹, FAN Chi¹, LI Zhenlun¹, WANG Zhengyin^{1*}

1 College of Resources and Environment, Southwestern University, Chongqing 400715, China

2 Chongqing industry polytechnic college, Chongqing 401120, China

Abstract: Community structures and edaphon quantities play important roles in soil quality changes and nutrition cycling. Different fertilization patterns strongly affect community structure and edaphon quantity, as well as plant and cultivated land quality. However, there is little information about the soil microbial community and functional diversity that is affected by different potassium fertilizer sources on purple soil. To understand the effects of potassium sources and rates on crop yield and microbial community structure in the Chongqing region, a four-year (12 seasons) experiment was conducted on a purple vegetable soil with a rotation of lettuce-cabbage-sweet corn. There were seven treatments consisting of a control (CK, no potassium fertilizer), low dose of chemical potassium fertilizer (K_1), medium dose of chemical potassium fertilizer

基金项目: 国家公益性行业(农业)科研专项(201203013)

收稿日期: 2017-07-10; 网络出版日期: 2018-00-00

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: wang_zhengyin@163.com

(K_2), high dose of chemical potassium fertilizer (K_3), low dose of straw (M_1), medium dose of straw (M_2), and $K_1 + M_1$. Crop yields, soil microbial properties including contents and composition of microbial phospholipid fatty acids (PLFA), the microbial community, and the ratios of microorganisms were investigated. Results showed that application of two types of K fertilizer sources increased the yield of lettuce, cabbage, and sweet corn when applied at $300 \text{ kg} \cdot \text{N} \cdot \text{hm}^{-2}$ and $150 \text{ kg} \cdot \text{P}_2\text{O}_5 \cdot \text{hm}^{-2}$. The treatments of K_2 , M_2 , and $K_1 + M_1$ effectively promoted cabbage yield by 28.05%—30.27%. The treatments of M_2 and $K_1 + M_1$ effectively increased lettuce yield by 13.89% and 13.81%, respectively, whereas the $K_1 + M_1$ treatment effectively enhanced sweet corn yield by 15.10%. These results elucidated that the $K_1 + M_1$ treatment appeared to be an effective combination for production of these three crops. The PLFA analysis of soil microbes showed that different potassium sources affected the soil microbial community structure and abundance. The $K_1 + M_1$ treatment improved the content of bacteria, fungi, and gram-positive bacteria, and thus significantly increased the total PLFA content and mitigate environmental stress imposed on microbial survival. It further illustrated that the application of corn straw with a small amount of chemical potassium fertilizer ($K_1 + M_1$) could create a favorable environment for the growth and reproduction of soil microbes. Correlation between the average yield of three crops (lettuce, cabbage, sweet corn) and the content of soil microbes (bacteria, fungi, gram-positive bacteria, and gram-negative bacteria) was significant ($P < 0.05$), whereas different K sources and rates affected soil microbial characteristics. Thus, K fertilizer might increase crop yield by regulating soil microbial characteristics.

Key Words: model of potassium fertilization; purple soil; crop yields; microbial community structure; phospholipid fatty acid (PLFA)

钾是作物生长必需的三大营养元素之一,土壤钾素含量是影响作物产量和品质的重要因素^[1-3]。土壤钾素亏缺已严重限制农业生产的持续发展^[4],而施用钾肥是补充土壤钾素不足、提高农作物产量和品质的重要途径^[5]。但不同钾肥品种及施用量的产量效应有明显差异。Qiu 等^[6]研究表明,在氮磷肥基础上配施不同量钾肥均可提高玉米产量,在 20 年试验期间施用高量和低量钾肥较不施钾肥处理大幅度提高了玉米产量。高翔等^[7]利用盆栽试验研究发现在氮磷肥基础上,中量控释包膜氯化钾较普通化学钾肥和不施钾肥处理显著提高马铃薯产量。可见,研究不同品种钾肥对作物的产量效应对于制定科学施肥方案具有重要参考价值。土壤微生物是土壤中物质循环的主要动力,与土壤肥力有直接关系,是衡量土壤质量的重要指标^[8]。施肥可使土壤微生物群落结构发生显著变化^[9],而施肥模式是影响土壤微生物群落结构的一个重要因素^[10]。不同施肥模式强烈影响土壤微生物的种群结构及数量,进而可能影响植物品质及耕地质量^[11-13]。

紫色土是广泛分布于四川盆地的典型土壤,也是重庆市主要的农业耕作土壤之一。目前,施肥对紫色土壤微生物的影响尚有报道,主要涉及实验室条件下土壤微生物群落结构多样性的研究^[14-15]。土壤微生物结构多样性可反映微生物群落的动态变化,研究方法较多,而不同方法反映土壤微生物多样性的情况不同,其中磷脂脂肪酸法(phospholipid fatty acid, PLFA)具有操作简便、结果可靠、可定量描述土壤微生物群体的优点,可有效分析土壤微生物群落结构的多样性。因此,为弄清不同钾肥施用模式对紫色土作物产量和土壤微生物群落结构的影响规律,本文采用定位试验和 PLFA 法,研究单施化学钾肥、秸秆钾代替化肥钾施用及秸秆还田配施化学钾肥对重庆地区紫色土作物产量和土壤微生物群落结构的影响规律,以期为该地区农业生产中合理施用钾肥提供科学的理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

试验在重庆市北碚区柳荫镇麻柳河村二社进行。供试土壤为红棕紫泥,其基本农化性状为:土壤 pH 7.7,有机质 16.8 g/kg ,碱解氮 144.9 mg/kg ,有效磷 35.2 mg/kg ,速效钾 63.3 mg/kg 。供试莴笋品种为金香玉、白菜

品种为华良早 5 号、甜糯玉米。供试肥料为尿素(N, 46%)、磷酸一铵(N, 11%; P_2O_5 , 52%)、氯化钾(K_2O , 60%)、玉米秸秆(全氮 1.083%、全磷 0.117%、全钾 1.629%)。

1.2 试验设计

试验设计 7 个处理,分别为不施钾肥(CK),每公顷 75、150 kg 和 225 kg 化学钾肥(分别记为 K_1 、 K_2 和 K_3), 75 kg 和 150 kg 秸秆钾(分别记为 M_1 和 M_2)和 75 kg 化学钾肥+ 75 kg 秸秆钾(K_1+M_1)。试验处理重复 3 次,小区面积 27 m²。每个处理 N、 P_2O_5 的施肥水平相同,分别为 300、150 kg/hm²,其中氮肥作为追肥分 3—4 次施入,磷肥和钾肥做基肥一次性施入。玉米秸秆用机器粉碎,长度约为 5—8 cm,并于基肥施用前 1—3 d 翻压、整平土地。采用莴笋-白菜-甜玉米轮作方式,共连续种植 12 季(茬)蔬菜(即莴笋、白菜和甜玉米各种植 4 季),施肥方案一致。试验于 2012 年 8 月 31 日开始,2016 年 7 月 30 日结束。

1.3 样品采集

连续 4 年按时采集莴笋、白菜和甜玉米,并分别记录这 3 种作物每季的产量。2016 年 7 月 30 日采集以上 7 组处理土样。采用 5 点法随机采集耕层 0—20 cm 土壤样品,每个土样 3 次重复,用 4 分法将土壤样品混匀后过 2 mm 筛,用无菌塑料袋装入,冷冻干燥后 -70℃ 保存,用于 PLFA 分析。

1.4 作物产量效应分析

通过测定每种作物 4 年的平均产量及钾肥效益,分析不同施钾处理对不同作物产量及钾肥效益的影响。平均产量计算公式: $W = \sum W_i / 4$;钾肥效益计算公式: $H = \Delta W / B_i$ 。

式中, W_i 为每年作物的产量(kg/hm²); W 为作物 4 年的平均产量(kg/hm²); ΔW 为增产量(kg/hm²); B_i 为钾肥的施用量(kg/hm²)。

1.5 土壤微生物群落测定

土壤微生物 PLFA 按修正的 Bligh-Dyer 法^[16]提取后,用 Agilent 6850 气相色谱仪(FID 检测器)分析磷脂脂肪酸(PLFA)的成分。色谱条件为:HP-5 柱(25.0 m×200 μm×0.33 μm),进样量 1 μL,分流比 10:1,载气(H_2),尾吹气高纯 N_2 ,助燃气空气,流速 0.8 mL/min;汽化室温度 250℃、检测器温度 300℃,柱前压 10.0 psi (1 psi = 6.895 kPa),质谱全扫描范围 30—600 质荷比;二阶程序柱温 170℃(5 min)→260℃→310℃,维持 1.5 min。各成分脂肪酸通过 MIDI Sherlock 微生物鉴定系统 (Version 6.1, MIDI, Inc., Newark, DE) 进行,标准品购于美国 MIDI 公司的 C9—C20 的脂肪酸甲酯,PLFA 用 C19:0 做内标,换算 PLFA 的绝对含量^[17]。

细菌标记性脂肪酸有 12:0, 13:0, 14:0, i14:0, 15:0, i15:0, a15:0, 16:0, i16:0, 16:12OH, 16:1ω5c, i17:0, a17:0, cy17:0, 18:0, cy19:0ω8c 等,其中 i14:0, i15:0, a15:0, i16:0, i17:0, a17:0 等代表革兰氏阳性细菌, 16:1ω5c, cy17:0, cy19:0ω8c 等代表革兰氏阴性细菌;真菌标记性脂肪酸有 18:1ω9c;放线菌标记性脂肪酸有 10Me17:0 和 10Me18:0。一般饱和脂肪酸以 12:0, 13:0, 14:0, 16:0, 18:0 等之和计;单烯不饱和脂肪酸以 16:12OH, 16:1ω5c, cy17:0 等之和计。异构磷脂脂肪酸以 i14:0, i15:0, i16:0, i17:0 等之和计;反异构磷脂脂肪酸以 a15:0, a17:0 等之和计^[18-20]。

1.6 数据处理与分析

采用 Excel、SPSS Statistics 19.0 对实验结果进行统计分析与作图。

2 结果与讨论

2.1 不同施钾处理对作物产量及钾肥效益的影响

合理施用钾肥可有效提高作物产量,但不同钾肥品种的产量效应存在明显差异^[21]。表 1 可知,在施用氮磷肥基础上,6 个施钾处理均较无钾处理(CK)显著增加莴笋、白菜和甜玉米的 4 年平均产量。仅施化学钾肥处理中,3 种作物年平均产量随钾肥施用量增加而增大,从钾肥用量看,化肥 K_2 (150 kg/hm²) 水平是 3 种作物较为适宜的用量,可使莴笋、白菜和甜玉米产量分别提高 10.54%、28.05% 和 10.27%。利用秸秆钾替代化学钾处理时,3 种作物平均产量也呈现相同增长规律,从钾肥用量看, M_2 (150 kg/hm²) 水平是 3 种作物较为适宜的

用量,分别使莴笋、白菜、甜玉米产量提高 13.89%、29.07%和 10.31%。而秸秆还田与化学钾配施处理($K_1 + M_1$)的产量显著高于化学钾 K_1 处理和秸秆 M_1 处理,与化学钾 K_3 处理和秸秆 M_2 处理相当,该处理可提高莴笋、白菜、甜玉米产量 13.81%、30.27%和 15.10%,说明秸秆还田配施少量化学钾肥可显著提高作物产量,这与前人的研究成果一致^[22-24]。可见,充分利用秸秆资源不仅可减少钾肥投入,有效缓解我国钾肥资源不足的问题,还能避免秸秆燃烧带来的资源浪费问题,对作物增产具有显著效果。表 1 还可见, K_2 、 M_2 、 $K_1 + M_1$ 处理对白菜的增产效果一致(增产 28.05%—30.27%), M_2 和 $K_1 + M_1$ 处理对莴笋的增产效果一致(增产 13.89%和 13.81%)且高于 K_2 处理, $K_1 + M_1$ 处理对甜玉米的增产效果最好(增产 15.10%),表明秸秆还田配施化学钾($K_1 + M_1$)模式在供试 3 种作物生产中具有很好的应用前景。

表 1 不同施钾处理作物年平均产量及钾肥效益

Table 1 The annual mean yield of crops and fertilizer efficiency in different potassium treatments

处理 Treatment	莴笋 Lettuce		白菜 Cabbage		甜玉米 Sweet corn	
	平均产量 Average yield /(kg/hm ²)	钾肥效益 Fertilizer efficiency /(kg/kg)	平均产量 Average yield /(kg/hm ²)	钾肥效益 Fertilizer efficiency /(kg/kg)	平均产量 Average yield /(kg/hm ²)	钾肥效益 Fertilizer efficiency /(kg/kg)
CK	35674d	—	30756d	—	15233c	—
K_1	38355c	35.7	37896c	95.2	16361b	15.0
K_2	39436b	25.1	39385b	57.5	16798ab	10.4
K_3	40162ab	19.9	39681ab	39.7	17304a	9.2
M_1	38826bc	42.0	38412c	102.1	16696b	19.5
M_2	40628a	33.0	39698ab	59.6	16804ab	10.5
$K_1 + M_1$	40601a	32.8	40065a	62.1	17533a	15.3

同列不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$)

CK: 对照 Control; K_1 :施用 75kg/hm²化学钾肥处理, low doses of chemical potassium fertilizer; K_2 :施用 150 kg/hm²化学钾肥处理, medium dose of chemical potassium fertilizer; K_3 :施用 225kg/hm²化学钾肥处理, high dose of chemical potassium fertilizer; M_1 :施用 75kg/hm²秸秆钾肥处理, low dose of straw; M_2 :施用 150 kg/hm²秸秆钾肥处理, medium dose of straw; $K_1 + M_1$: 75 kg 化学钾肥+ 75 kg 秸秆钾配施处理, low dose of straw with chemical potassium fertilizer

2.2 不同施钾处理对土壤微生物 PLFA 含量及组成的影响

磷脂脂肪酸 (phospholipid-derived fatty acids, PLFA) 作为微生物的生物标记,其组成可以反映土壤微生物群落的生物量和结构^[25-26]。本研究中,施用不同种类钾肥处理土壤中共检出 18 种 PLFA,包括代表细菌的 15 种 14-19 碳 PLFA,代表放线菌的 10Me17:0 和 10Me18:0,代表真菌的 18:1 ω 9c (图 1)。所有处理中,含量相对较高的 PLFA 有 16:0, i15:0, a15:0, 16:1 ω 5c, cy17:0, 18:1 ω 9c, cy19:0 ω 8c。不同施钾处理均会影响土壤各 PLFA 含量及种类。 $K_1 + M_1$ 较 CK 显著增加饱和脂肪酸 (14:0, 16:0)、异构脂肪酸 (i14:0, i15:0, i16:0, i17:0)、反义构脂肪酸 (a15:0, a17:0) 及真菌 (18:1 ω 9c) 的含量 ($P < 0.05$); K_2 较 CK 显著增加真菌 (18:1 ω 9c) 的含量 ($P < 0.05$);其他施钾处理土壤各 PLFA 的含量较 CK 也具有一定差异,但不显著。CK 和 K_2 各检测出 17 种 PLFA, K_1 、 M_2 及 $K_1 + M_1$ 有 18 种, M_1 有 16 种, K_3 有 13 种, K_3 处理后土壤微生物种类有所减少,可能是施钾量过高易对土壤微生物产生毒害作用。所有施钾处理 (K_3 除外) 均较 CK 显著增加土壤微生物总 PLFA 含量 ($P < 0.05$),其中秸秆还田与少量化学钾配施处理 ($K_1 + M_1$) 较其余各处理显著增加土壤微生物总 PLFA 含量 ($P < 0.05$),增幅分别为 70.77% (CK), 40.10% (K_1), 44.03% (K_2), 74.91% (K_3), 41.81% (M_1), 30.66% (M_2)。综上,不同施钾处理对土壤微生物均会产生一定影响,其中, K_1 、 M_2 及 $K_1 + M_1$ 处理可增加土壤微生物种类,且 $K_1 + M_1$ 处理对土壤微生物总量的增加效果最好。这可能是由于除补充氮磷钾基础营养外,秸秆在腐解过程中产生大量可被微生物分解利用的碳源,为微生物的繁殖提供能源。

2.3 不同施钾处理对土壤微生物群落的影响

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,影响土壤物质转化及养分循环,是土壤健康或土壤质量的

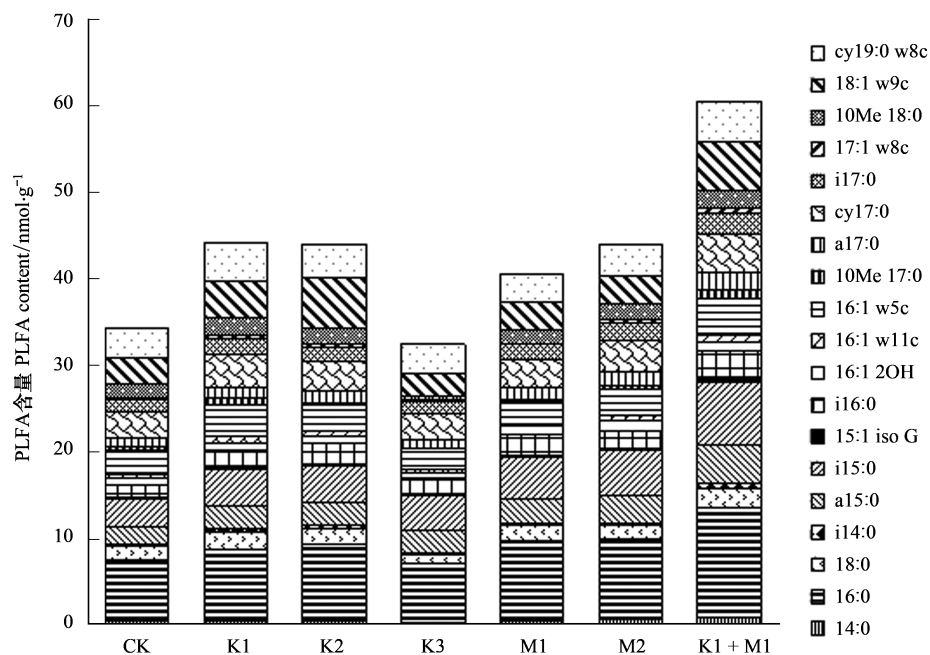


图1 土壤微生物 PLFA 含量及组成

Fig.1 Contents and compositions of microbial PLFA in soil

PLFA: 磷脂脂肪酸, phospholipid-derived fatty acids; CK: 对照, Control; K₁:施用 75kg/hm² 化学钾肥处理, low doses of chemical potassium fertilizer; K₂:施用 150 kg/hm² 化学钾肥处理, medium dose of chemical potassium fertilizer; K₃:施用 225kg/hm² 化学钾肥处理, high dose of chemical potassium fertilizer; M₁: 施用 75kg/hm² 秸秆钾肥处理, low dose of straw; M₂:施用 150 kg/hm² 秸秆钾肥处理, medium dose of straw; K₁+M₁: 75 kg 化学钾肥+ 75 kg 秸秆钾配施处理, low dose of straw with chemical potassium fertilizer

评价指标^[27-28]。表 2 可看出,土壤中细菌、真菌、放线菌、革兰氏阳性菌和革兰氏阴性菌对不同施钾处理表现出不同的响应特征。各施钾处理均较 CK 显著增加土壤细菌、真菌及革兰氏阳性菌 PLFA 含量(除 K₃ 外)。K₁ 及 K₁+M₁ 较 CK 显著增加土壤放线菌的 PLFA 含量,而 K₃ 显著降低,表明土壤放线菌适宜在化学钾肥含量较低的土壤中生存。各施钾肥处理均显著提高土壤革兰氏阴性菌 PLFA 含量。总体上看, K₁+M₁ 处理对提高土壤细菌、真菌、革兰氏阳性菌的作用较好,这与刘骁蓓等^[29]的研究结果一致。因为秸秆还田后,秸秆中的有机物在微生物的作用下分解矿化,释放出养分或转化为腐殖质,增加土壤有机质含量^[30]。同时,释放的养分又可促进微生物生长和繁殖,从而增加土壤微生物数量。

表 2 土壤微生物群落/(nmol/g)

Table 2 Soil microbial communities

处理 Treatment	细菌 Bacteria	放线菌 Actinomycetes	真菌 Fungi	革兰氏阳性菌 Gram positive bacteria	革兰氏阴性菌 Gram negative bacteria
CK	28.96c	1.83b	2.60c	18.86c	10.10c
K ₁	34.67b	2.78a	3.25b	21.73b	12.94b
K ₂	34.68b	2.05ab	3.10b	21.63b	13.05ab
K ₃	30.59bc	0.45c	2.01c	18.67c	11.92b
M ₁	35.52b	1.85b	3.13b	24.05b	11.47b
M ₂	38.05ab	2.22ab	3.37b	25.20b	12.85ab
K ₁ +M ₁	48.44a	2.76a	5.73a	34.47a	13.97a

同列不同小写字母表示处理间差异显著 ($P<0.05$)

2.4 不同施钾处理对土壤微生物相对丰度的影响

土壤微生物群落相对丰度可反映土壤微生物生存的生态环境。土壤细菌与真菌比值越低土壤生态系统

越稳定,革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌的比值越大土壤种群的相对丰富程度越高^[31];而外界胁迫越大,土壤一般饱和脂肪酸/单烯不饱和脂肪酸的比值越低,异构 PLFA/反异构 PLFA 比率越高^[32]。表 3 可知, K_1+M_1 处理较其他处理显著降低细菌/真菌值,而 K_3 处理较其他处理显著增加细菌/真菌值; M_1 、 M_2 、 K_1+M_1 处理较 CK 显著增加革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌值; K_1+M_1 处理较单独施化学钾肥处理、利用秸秆钾替代化学钾处理和 CK 显著增加一般饱和脂肪酸/单烯不饱和脂肪酸值。由此认为,秸秆还田与少量化学钾配施对土壤微生物生存环境的扰动较小,进而提高了土壤生态系统的稳定性。

表 3 土壤微生物各类群 PLFA 比值/(nmol/g)

Table 3 Ratios of different microorganism PLFA contents in soil

处理 Treatment	细菌/真菌 Bacteria/Fungi	革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌 Gram positive bacteria /Gram negative bacteria	一般饱和脂肪酸/单烯不饱和脂肪酸 Normal saturated fatty acid /Monounsaturated fatty acid	异构 PLFA/反异构 PLFA Iso phospholipid fatty acid /Anteiso phospholipid fatty acid
CK	11.14b	1.87b	1.68b	2.07a
K_1	10.67b	1.68b	1.68b	2.12ab
K_2	11.19b	1.66b	1.37bc	2.14ab
K_3	15.22c	1.567b	1.35bc	2.15ab
M_1	11.35b	2.10a	1.66b	2.05a
M_2	11.29b	1.96a	1.52b	2.03a
K_1+M_1	8.45a	2.47a	1.94a	2.02a

同列不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)

2.5 作物产量与土壤微生物特征间的相关性

4 年 3 种作物的平均产量与土壤生物学性状相关性分析结果(表 4)表明,莴笋产量与土壤细菌及革兰氏阴性菌数量呈极显著相关($P<0.01$),与革兰氏阳性菌呈显著相关($P<0.05$),与其他微生物指标的相关性不显著($P>0.05$);白菜产量与土壤细菌数量呈极显著相关($P<0.01$),与革兰氏阳性菌及革兰氏阴性菌数量呈显著相关($P<0.05$),与其他微生物指标的相关性不显著($P>0.05$);甜玉米产量与土壤革兰氏阳性菌及革兰氏阴性菌数量呈极显著相关($P<0.01$),与细菌及真菌数量呈显著相关($P<0.05$),与其他微生物指标的相关性不显著($P>0.05$)。综上,作物产量与土壤微生物性状之间存在相关性。而不同钾肥处理对土壤微生物特征具有一定影响,说明施钾处理可能会通过调节土壤微生物特征,从而促进作物增产。但由于土壤是一个复杂的生态系统,对作物产量产生影响的环境因子很多(如土壤理化指标、土壤动物等),因此,今后应进一步考察不同施钾处理对土壤各环境因子的影响、各环境因子间的关系,以及它们对作物的共同影响,最终确定施钾肥影响作物产量的具体机制,从而指导科学合理施钾肥。

表 4 作物产量与土壤微生物性状之间的相关性

Table 4 Correlation matrix between rice yield and soil microbial properties

微生物性状 Microbial properties	莴笋产量 Lettuce yield	白菜产量 Cabbage yield	甜玉米产量 Sweet corn yield
细菌 Bacteria	0.616 **	0.554 **	0.631 *
真菌 Fungi	0.395	0.336	0.437 *
放线菌 Actinomycetes	-0.013	0.032	-0.083
革兰氏阳性菌 Gram positive bacteria	0.538 *	0.460 *	0.563 **
革兰氏阴性菌 Gram negative bacteria	0.788 **	0.811 *	0.756 **

* 为 $P<0.05$; ** 为 $P<0.01$.

3 结论

(1) 在施用氮磷肥基础上,施化学钾肥和秸秆还田均能增加莴笋、白菜、甜玉米 4 年平均产量,在种植白

菜时可采用单施适量化学钾肥(K_2)、单施适量秸秆钾肥(M_2)和秸秆还田配施化学钾(K_1+M_1)模式,种植莴笋时可采用 M_2 和 K_1+M_1 施钾肥模式,种植甜玉米时应采用 K_1+M_1 施钾肥模式。

(2)不同施钾处理对土壤微生物均会产生一定影响,以秸秆还田配施化学钾(K_1+M_1)对提高土壤细菌、真菌、革兰氏阳性菌的作用较好,可显著增加土壤微生物总 PLFA 含量,并减弱对土壤微生物生存环境的胁迫。

(3)不同施钾肥模式莴笋、白菜、甜玉米 4 年平均产量与土壤微生物性状间存在相关性,施用钾肥可能会通过调节土壤微生物特征有利于作物增产。

参考文献(References):

- [1] 王西和,吕金岭,刘骅.灰漠土小麦-玉米-棉花轮作体系钾平衡与钾肥利用率.土壤学报,2016,53(1):213-223.
- [2] Singh V K, Dwivedi B S, Buresh R J, Jat M L, Majumdar K, Gangwar B, Govil V, Singh S K. Potassium fertilization in rice-wheat system across northern India: crop performance and soil nutrients. Agronomy Journal, 2013, 105(2): 471-481.
- [3] Li X K, Zhan L P, Lu J W, Liao Z W, Li J F, Ren T, Cong R H. Potassium mobilization and transformation in red paddy soil as affected by rice. Agronomy Journal, 2014, 106(3): 1011-1017.
- [4] Zhen L, Zoenbisch M A, Chen G B, Feng Z M. Sustainability of farmers' soil fertility management practices: a case study in the North China Plain. Journal of Environmental Management, 2006, 79(4): 409-419.
- [5] 唐旭,计小江,李超英,吴春艳,杨生茂,刘玉学,吕豪豪,陈义.水稻-大麦长期轮作体系钾肥效率及土壤钾素平衡.中国农业科学,2014,47(1):90-99.
- [6] Qiu S J, Xie J G, Zhao S C, Xu X P, Hou Y P, Wang X F, Zhou W, He P, Johnston A M, Christie P, Jin J Y. Long-term effects of potassium fertilization on yield, efficiency, and soil fertility status in a rain-fed maize system in Northeast China. Field Crops Research, 2014, 163: 1-9.
- [7] 高翔,李成亮,张民,王荣.钾肥种类及用量对马铃薯生长和品质的影响.水土保持学报,2014,28(2):143-148.
- [8] 马晓霞,王莲莲,黎青慧,李花,张树兰,孙本华,杨学云.长期施肥对玉米生育期土壤微生物量碳氮及酶活性的影响.生态学报,2012,32(17):5502-5511.
- [9] 徐万里,唐光木,葛春辉,王西和,刘骅.长期施肥对新疆灰漠土土壤微生物群落结构与功能多样性的影响.生态学报,2015,35(2):468-477.
- [10] 郭奇峰,陆扣萍,毛霞丽,秦华,王海龙.长期不同施肥对农田土壤养分与微生物群落结构的影响.中国农学通报,2015,31(5):150-156.
- [11] Lohmus K, Truu M, Truu J, Ostonen I, Kaar E, Vares A, Uri V, Alama S, Kanal A. Functional diversity of culturable bacterial communities in the rhizosphere in relation to fine-root and soil parameters in alder stands on forest, abandoned agricultural, and oil-shale mining areas. Plant and Soil, 2006, 283(1/2): 1-10.
- [12] Song X H, Xie K, Zhao H B, Li Y L, Dong C X, Xu Y C, Shen Q R. Effects of different organic fertilizers on tree growth, yield, fruit quality, and soil microorganisms in a pear orchard. European Journal of Horticultural Science, 2012, 77(5): 204-210.
- [13] Ding X L, Han X Z. Effects of long-term fertilization on contents and distribution of microbial residues within aggregate structures of a clay soil. Biology and Fertility of Soils, 2014, 50(3): 549-554.
- [14] 王菲,袁婷,谷守宽,王正银.有机无机缓释复合肥对不同土壤微生物群落结构的影响.环境科学,2015,36(4):1461-1467.
- [15] 王菲,袁婷,谷守宽,王正银.有机无机缓释复合肥对土壤微生物量碳、氮和群落结构的影响.生态学报,2016,36(7):2044-2051.
- [16] Zelles L, Bai Q Y, Beck T, Beese F. Signature fatty acids in phospholipids and lipopolysaccharides as indicators of microbial biomass and community structure in agricultural soils. Soil Biology and Biochemistry, 1992, 24(4): 317-323.
- [17] 黄雪娇,石纹豪,倪九派,李振轮.紫色母岩覆盖层控制底泥磷释放的效果及机制.环境科学,2016,37(10):3835-3841.
- [18] Kimura M, Asakawa S. Comparison of community structures of microbiota at main habitats in rice field ecosystems based on phospholipid fatty acid analysis. Biology and Fertility of Soils, 2006, 43(1): 20-29.
- [19] Djukic I, Zehetner F, Mentler A, Gerzabek M H. Microbial community composition and activity in different Alpine vegetation zones. Soil Biology and Biochemistry, 2010, 42(2): 155-161.
- [20] Frostegård Å, Bååth E, Tunlio A. Shifts in the structure of soil microbial communities in limed forests as revealed by phospholipid fatty acid analysis. Soil Biology and Biochemistry, 1993, 25(6): 723-730.
- [21] 金珂旭,王正银,樊驰,刘辉,何德清.不同钾肥对甘蓝产量、品质和营养元素形态的影响.土壤学报,2014,51(6):1369-1377.
- [22] 刘秋霞,戴志刚,鲁剑巍,任涛,周先竹,王忠良,李小坤,丛日环.湖北省不同稻作区域秸秆还田替代钾肥效果.中国农业科学,2015,

- 48(8): 1548-1557.
- [23] 李继福, 鲁剑巍, 任涛, 丛日环, 李小坤, 周鹏, 杨文兵, 戴志刚. 稻田不同供钾能力条件下秸秆还田替代钾肥效果. 中国农业科学, 2014, 47(2): 292-302.
- [24] Zhao S C, He P, Qiu S J, Jia L L, Liu M C, Jin J Y, Johnston A M. Long-term effects of potassium fertilization and straw return on soil potassium levels and crop yields in north-central China. *Field Crops Research*, 2014, 169: 116-122.
- [25] Xu Z W, Yu G R, Zhang X Y, Ge J P, He N P, Wang Q F, Wang D. The variations in soil microbial communities, enzyme activities and their relationships with soil organic matter decomposition along the northern slope of Changbai Mountain. *Applied Soil Ecology*, 2015, 86: 19-29.
- [26] Bardgett R D, Hobbs P J, Frostegård Å. Changes in soil fungal: bacterial biomass ratios following reductions in the intensity of management of an upland grassland. *Biology and Fertility of Soils*, 1996, 22(3): 261-264.
- [27] 潘能, 侯振安, 陈卫平, 焦文涛, 彭驰, 刘文. 绿地再生水灌溉土壤微生物量碳及酶活性效应研究. 环境科学, 2012, 33(12): 4081-4087.
- [28] Dou F G, Wright A L, Mylavarapu R S, Jiang X J, Matocha J E. Soil enzyme activities and organic matter composition affected by 26 years of continuous cropping. *Pedosphere*, 2016, 26(5): 618-625.
- [29] 刘骁倩, 涂仕华, 孙锡发, 辜运富, 张先琴, 张小平. 秸秆还田与施肥对稻田土壤微生物生物量及固氮菌群落结构的影响. 生态学报, 2013, 33(17): 5210-5218.
- [30] 陈昕, 姜成浩, 罗安程. 秸秆微生物降解机理研究. 安徽农业科学, 2013, 41(23): 9728-9731, 9740-9740.
- [31] De Vries F T, Hoffland E, Van Eekeren N, Brussaard L, Bloem J. Fungal/bacterial ratios in grasslands with contrasting nitrogen management. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, 38(8): 2092-2103.
- [32] 吴愉萍. 基于磷脂脂肪酸(PLFA)分析技术的土壤微生物群落结构多样性的研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2009.