

不同保护性耕作措施对三种土壤微生物氮素类群数量及其分布的影响

赵有翼^{1,2}, 蔡立群¹, 王静¹, 张仁陟^{1*}

(1. 甘肃农业大学资源与环境学院, 甘肃 兰州 730070; 2. 兰州城市学院, 甘肃 兰州 730070)

摘要:通过设置在陇中黄土高原丘陵沟壑区的长期定位试验,研究了不同保护性耕作措施下旱作春小麦—豌豆轮作系统中土壤氨化细菌、硝化细菌和自身固氮菌数量及其分布的差异。结果表明,无论是小麦地还是豌豆地,土壤氨化细菌、硝化细菌、自身固氮菌数量在0~5, 5~10和10~30 cm土层中均呈现免耕秸秆覆盖>秸秆还田>免耕不覆盖>传统耕作的趋势,且随着土层的加深,在小麦地中,免耕秸秆覆盖处理的氨化细菌数量比免耕不覆盖处理分别增加了76.21%, 146.92%和67.82%,且差异均达到5%的显著水平,在豌豆地中,各处理自身固氮菌数量逐渐减少,而硝化细菌数量呈先增加后减少的趋势,免耕秸秆覆盖、秸秆还田处理土壤氨化细菌数量逐渐下降,而免耕不覆盖、传统耕作处理的土壤氨化细菌数量先增加后减少。

关键词:保护性耕作措施;土壤氨化细菌;硝化细菌;自身固氮菌

中图分类号:S154.36 **文献标识码:**A **文章编号:**1004-5759(2009)04-0125-06

* 土壤微生物氮素类群主要有土壤氨化细菌、硝化细菌、自生固氮菌,还有少量的反硝化细菌。它们直接或间接地参与土壤碳、氮元素的循环和能量的流动,其数量和活性关系到土壤生态系统的维持和稳定^[1,2],在土壤肥力评价和生物净化等方面有着重要作用。其中,土壤氨化细菌可以使动植物残体中含有的蛋白质氨化,使土壤中不能被植物所利用的有机含氮化合物转化为可利用态氮^[3];土壤中硝酸盐类的累积,又主要是氨化作用所产生的氨通过硝化细菌的硝化作用氧化为硝酸,再与土壤中的金属离子作用而形成;自生固氮菌则具有固定大气中氮素的能力。土壤微生物的数量及分布除了受土壤本身性质影响外,还受到许多外在因素的影响,其中土地利用及耕作管理方式对其影响尤为突出^[4]。姚槐应等^[5]采用碳素利用(BDLOG)和磷酸酯脂肪酸(PLFA)2种方法研究了8种供试红壤微生物群落的功能多样性和结构多样性,2种方法均表明土地利用方式能显著影响微生物的多样性及其活性。保护性耕作是一种以秸秆覆盖处理和免耕播种技术为核心的新型耕作方法,在提高土壤有机质含量、增加土壤湿度、调节土壤温度、促进土壤微生物生长与繁殖等方面具有重要作用^[6~10]。因此,多年来国内外对保护性耕作的研究主要侧重于保护性耕作对土壤侵蚀、土壤水热状况、土壤养分状况及作物产量的影响研究,从微生物特殊生理类群角度探讨其作用的研究较少^[11~13],而对黄土高原西部雨养农业区土壤微生物氮素生理类群的研究更是鲜有报道。本研究旨在对设置在甘肃省定西市李家堡镇的不同保护性耕作试验下3种土壤微生物氮素类群数量及分布进行研究,以期查明不同的保护性耕作措施对土壤微生物氮素类群数量和分布的规律,为土壤氮素的高效利用提供微生物学方面的数据支持。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验区属黄土高原半干旱丘陵沟壑区,平均海拔2 000 m,日照时数2 476.6 h,年均气温6.4℃,≥0℃年积温2 933.5℃,≥10℃年积温2 239.1℃;无霜期140 d。多年平均降水390.9 mm,年蒸发量1 531 mm,干燥度2.53,80%保证率的降水量为365 mm,变异系数为24.3%,为黄土高原西部典型的半干旱雨养农业区。试验区土壤为典型的黄绵土,土质绵软,土层深厚,质地均匀,贮水性能良好;0~200 cm土壤容重平均为1.19 g/cm³,土

* 收稿日期:2009-02-17;改回日期:2009-03-25

基金项目:国家科技支撑计划项目(2006BAD15B06)和国家自然科学基金项目(40771132)资助。

作者简介:赵有翼(1974-),男,甘肃会宁人,在读博士。E-mail:lzszyy@sohu.com

* 通讯作者。E-mail:zhangrz@gsau.edu.cn

壤有机质 12.01 g/kg,全氮 0.76 g/kg,全磷 1.77 g/kg。2007 年春小麦(*Triticum aestivum*)生育期降水 230.5 mm。

1.2 试验设计

长期定位试验于 2001 年 8 月开始布置,采用春小麦和豌豆(*Pisum sativum*)双序列轮作方式,共设 4 个处理,3 次重复,采用随机区组排列,共 24 个小区,小区面积为 4 m×20 m。供试作物为春小麦(定西 35 号,播种量 187.5 kg/hm²)和豌豆(绿农 1 号,播种量 180 kg/hm²)。春小麦各处理均施纯氮 105 kg/hm²,纯 P₂O₅ 105 kg/hm²(尿素十二铵);豌豆各处理均施纯氮 20 kg/hm²,纯 P₂O₅ 105 kg/hm²(过磷酸钙十二铵),所有肥料均作为基肥在播种的同时施入。春小麦于 2007 年 3 月 25 日播种,8 月 10 日收获;豌豆 4 月 5 日播种,8 月 1 日收获。试验各处理用中国农业大学研制的免耕播种机播种。2001 年 8 月试验布置时,秸秆还田和免耕秸秆覆盖处理所用的覆盖材料为当年产的小麦秸秆,经翻晒后切成 5 cm 左右均匀撒布于小区内,用量为 6 750 kg/hm²,具体操作方法见表 1。

表 1 试验处理描述

Table 1 Treatments description

代码 Code	处理 Treatment	操作方法 Methods
T	传统耕作 Conventional tillage	作物收获后至冻结前三耕两耧,翻耕深度依次为 20,10 和 5 cm After harvesting the crops, the fields were tilled 3 times into 20, 10 and 5 cm in turn, and leveled 2 times before it freezes
NT	免耕不覆盖 No-till with no straw cover	全年不耕作,播种时用免耕播种机一次性完成播种和施肥,收获后用 2,4-D 丁酯除草 Notill, sowing seeds and fertilization were performed with seeding-machine at the same time, after harvesting the crops, the herbicide of 2,4-(dichlorophenoxy)acetic acid were used to weed
TS	秸秆还田 Conventional tillage with straw incorporated	耕作同 T,第 1 次耕作时将当年收获的所有秸秆脱粒后切成 5 cm 左右翻埋入土 The till methods same as T, but all the straws, which were cut shorter than 5 cm or so, will incorporated to the plot at the first till
NTS	免耕秸秆覆盖 No-till with straw cover	耕作同 NT,收获脱粒后将当年所有秸秆切成 5 cm 左右,均匀覆盖于原小区 The till methods same as NT, but all the straws, which were cut shorter than 5 cm or so, will covered on the plot surface

1.3 土样采集

土样采集(2007 年 8 月 15 日):除去地面植被和地表覆盖物,并铲除表面 1 cm 左右的表土,以避免地面微生物与土样混杂。在选定的采样点上,在同一垂直面上逐层用采样器采样,采样深度为 0~5,5~10 和 10~30 cm。

1.4 测定项目及方法

采用牛肉膏蛋白胨琼脂培养基,以平板表面涂抹法测定氨化细菌数量;改良斯蒂芬逊培养基,以稀释法测定硝化细菌数量;改良阿须贝(Ashby)无氮琼脂培养基,以平板表面涂抹法测定自生固氮菌数量^[3]。数据的显著性检验采用 DPS 软件的 LSD 法。

2 结果与分析

2.1 不同保护性耕作措施对土壤氨化细菌数量及其分布的影响

经过 6 年的轮作,不同保护性耕作措施下土壤氨化细菌数量在春小麦地和豌豆地中呈现出不同的规律(图 1)。在春小麦地中,各处理土壤氨化细菌数量在 0~5,5~10 和 10~30 cm 土层中均呈现 NTS 处理>TS 处理>NT 处理>T 处理的趋势,且随着土层的加深,各处理土壤氨化细菌数量逐渐下降。统计结果显示,有秸秆参与的 2 个处理显著较没有秸秆参与的 2 个处理提高了土壤氨化细菌的数量,且在 0~5,5~10 和 10~30 cm 土层中,TS 处理比 T 处理土壤氨化细菌数量分别增加了 133.01%,148.72%和 240.48%; NTS 处理比 NT 处理分别增加了 76.21%,146.92%和 67.82%,且差异均达到 5%的显著水平。

在豌豆地中,各处理土壤氨化细菌数量在 0~5,5~10 和 10~30 cm 土层中均呈现 NTS 处理>TS 处理>NT 处理>T 处理,但随着土层的加深,NTS、TS 处理土壤氨化细菌数量逐渐下降,而 NT、T 处理的土壤氨化细

菌数量先升高后降低。统计结果显示,豌豆地中各土层的土壤氨化细菌数量也呈现 TS 处理 > T 处理、NTS 处理 > NT 处理,处理间差异显著($P \leq 0.05$)。

2.2 土壤硝化细菌数量及其分布

在小麦地和豌豆地中,各土层的土壤硝化细菌数量均有 NT 处理高于 T 处理、NTS 处理高于 TS 处理的趋势(图 2),且各处理中土壤硝化细菌数量均呈先增加后减少,即 $5 \sim 10 > 0 \sim 5 > 10 \sim 30$ cm。其中,在 $0 \sim 5$ cm 土层中,小麦地和豌豆地的 NT 处理较 T 处理分别增加了 269.70% 和 16.41%,处理间差异显著($P \leq 0.05$),NTS 处理较 TS 处理分别增加了 81.96% 和 124.59%,处理间差异也达到显著水平($P \leq 0.05$);在 $5 \sim 10$ cm 土层中,2 种轮作序列的 NT 处理较 T 处理分别增加了 7.23% 和 8.75%,处理间差异不显著,NTS 处理较 TS 处理分别增加了 187.50% 和 75.45%,处理间差异显著($P \leq 0.05$)。

进一步分析秸秆覆盖的作用,结果表明,秸秆参与的 2 个处理较其他处理显著增加了土壤硝化细菌的数量。在 $0 \sim 5$ 和 $5 \sim 10$ cm 土层中,小麦地 TS 处理的土壤硝化细菌数量较 T 处理增加了 109.10% 和 24.76%;NTS 处理的较 NT 处理增加了 81.96% 和 187.50%,处理间差异显著($P \leq 0.05$)。豌豆地中土壤硝化细菌数量的变化趋势与小麦地相似,即 TS 处理 > T 处理、NTS 处理 > NT 处理。在 $0 \sim 5$ 和 $5 \sim 10$ cm 土层中,TS 处理的土壤硝化细菌数量较 T 处理分别提高了 59.70% 和 40.00%,NTS 处理较 NT 处理分别提高了 124.35% 和 125.86%,差异显著($P \leq 0.05$); $10 \sim 30$ cm 土层,TS 处理较 T 处理提高了 19.05%,处理间差异不显著;NTS 处理较 NT 处理提高了 80.95%,处理间差异显著($P \leq 0.05$)。

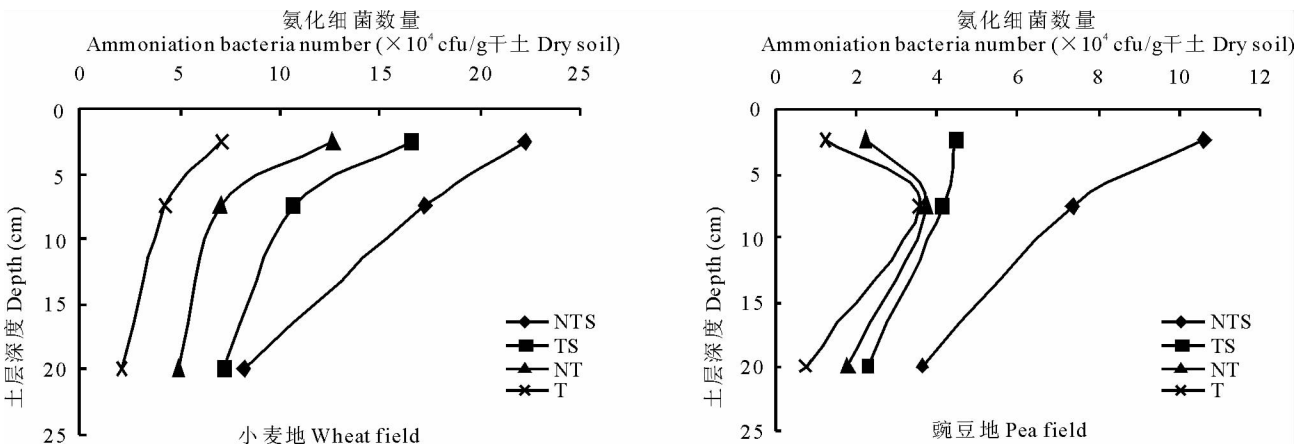


图 1 土壤氨化细菌数量及其分布

Fig. 1 Distributions of soil ammoniation bacteria number in the soil depth

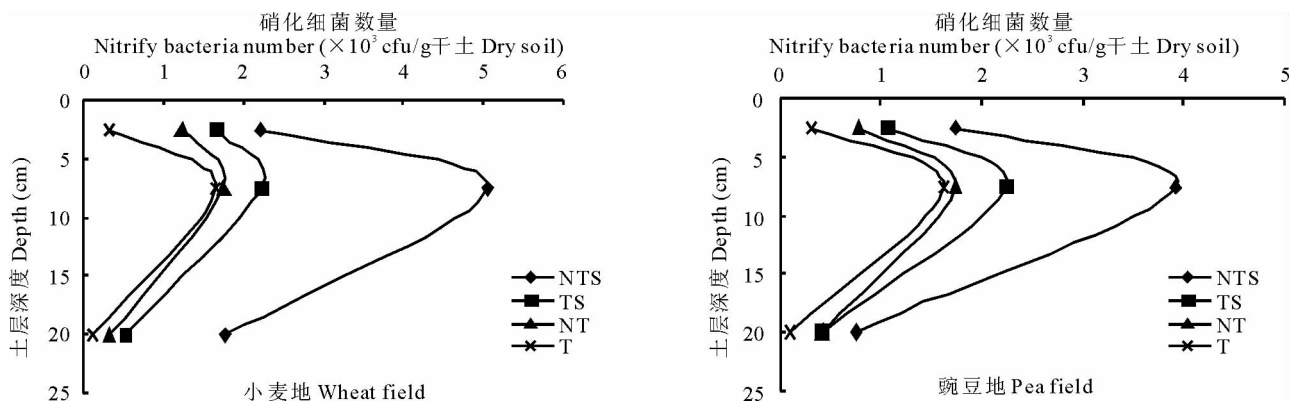


图 2 土壤硝化细菌数量及其分布

Fig. 2 Distributions of soil nitrify bacteria number in the soil depth

2.3 土壤自生固氮菌数量及其分布

免耕可显著增加土壤自生固氮菌的数量(图3)。在小麦地和豌豆地中,各土层的自生固氮菌的数量均呈现免耕处理高于翻耕处理的,即NT处理>T处理,NTS处理>TS处理,且处理间差异达到了5%的显著水平。尤其在小麦地的5~10 cm土层中,NTS处理的自生固氮菌可高达 1.32×10^6 cfu/g干土,较TS处理增加了34.54%。

各土层中小麦地的自生固氮菌的数量均呈现TS处理高于T处理,NTS处理高于NT处理,处理间差异显著($P \leq 0.05$)。在0~5,5~10和10~30 cm土层中,TS处理的自生固氮菌较T处理分别增加了69.80%,9.88%和171.92%,NTS处理较NT处理分别增加了38.14%,43.88%和73.00%。各土层中豌豆地的自生固氮菌数量呈现与小麦地类似的变化趋势。TS处理的自生固氮菌数量较T处理增加了66.95%,NTS处理较T处理增加了87.27%,处理间差异显著($P \leq 0.05$)。

小麦地中,NTS、NT、T处理自生固氮菌的数量均呈现随土层深度的加深先增加后减少的变化趋势,即 $5 \sim 10 > 0 \sim 5 > 10 \sim 30$ cm。豌豆地中,各处理自生固氮菌的数量均呈现随土层深度的加深而减少的变化趋势,即 $0 \sim 5 > 5 \sim 10 > 10 \sim 30$ cm。

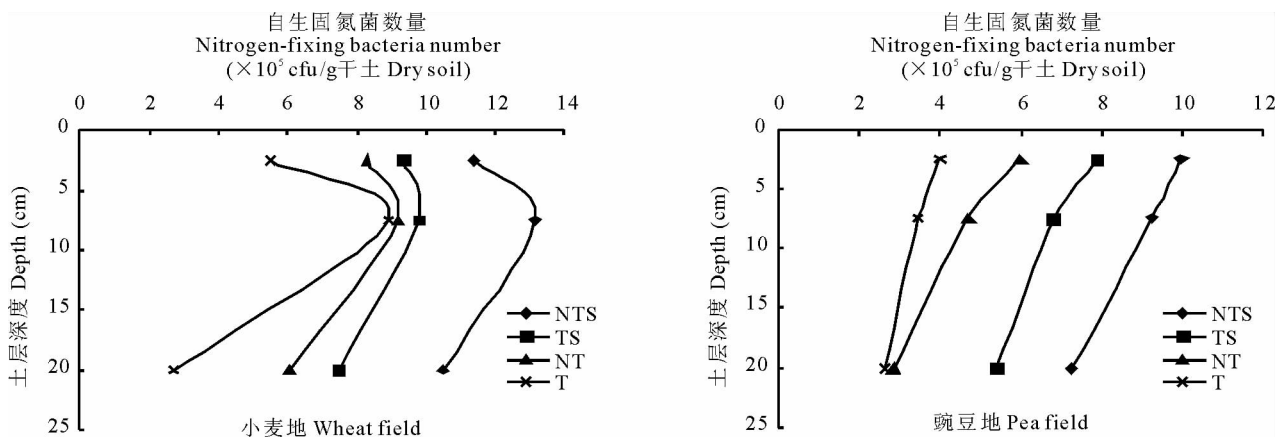


图3 土壤自生固氮菌数量及其分布

Fig. 3 Distributions of soil nitrogen-fixing bacteria number in the soil depth

3 讨论

提高土壤氮素利用率一直是广大农业科研工作者关注的热点问题^[14,15],而土壤微生物,特别是氮素类群微生物的研究则成为了解决上述问题的最终落脚点。保护性耕作,特别是免耕、秸秆覆盖等措施对土壤水、肥、气、热及农田小气候的影响均与传统耕作模式下存在一定差异,并直接或间接地影响了土壤微生物的活动。

本研究对实施了6年保护性耕作的春小麦及豌豆地收获期土壤微生物氮素类群数量及分布进行了相关测定,结果表明,土壤氨化细菌、硝化细菌、自身固氮菌数量在春小麦地和豌豆地0~5,5~10和10~30 cm土层中均呈现NTS>TS>NT>T的趋势。究其原因,可能在于以下2个方面:第1,保护性耕作措施中诸如免耕可以减少人为活动对土壤结构的扰动和破坏,而秸秆还田与覆盖可以减少土壤侵蚀,减少土壤水分蒸发,增加土壤有机质,改善土壤结构,为土壤微生物创造较为有利的生长繁殖环境^[9,16~18];第2,土壤微生物数量主要受有机质的影响,有机物质为微生物的生长提供营养源。秸秆还田与覆盖可有效的增加土壤有机质含量、调节土壤的碳/氮,而秸秆覆盖还对土壤温度变化有明显的调节作用,从而有利于土壤微生物的生长与繁殖^[17~20]。

3种微生物氮素类群均集中在0~5和5~10 cm两层,这主要是由于作物根系、作物凋落物集中在0~10 cm土层,因此土壤表层积累了大量的腐殖质^[20,21],有机质含量高,有充分的营养源,有利于土壤微生物的生长与繁殖,进而使表层的土壤微生物数量较高,这与姚拓等^[22]的研究结果相似。

另外,数据对比结果显示,各处理春小麦地的土壤氨化细菌、硝化细菌、自身固氮菌数量在0~5和5~10 cm

两个层次均比豌豆地的高,这在其他研究中未能有过报道。笔者认为,出现这种情况的原因有二:其一,春小麦地中施氮量较豌豆地高 425%,促进了上述土壤微生物氮素类群的生长与繁殖;其二,春小麦地的上茬作物为豌豆,其秸秆的碳/氮较豌豆地的上茬作物春小麦低,易于被微生物腐解。

综上所述,土壤微生物氮素类群数量与保护性耕作措施种类、作物类型间存在着一定的互动与千丝万缕的联系,一个或一些因素的改变往往会导致整个微生物系统的变化。而秸秆覆盖或还田,以及免耕均能在一定程度上提高土壤微生物氮素类群的数量。因此,在黄土高原丘陵沟壑区农田生态系统的管理及开发利用中,不但要注重有机物质的不断输入,还要关注土壤耕作方式的变化,才能够不断促进土壤氮素的循环和转化。同时,保护性耕作措施对其他特殊生理类群微生物数量及分布的影响也有待于进一步研究。

参考文献:

- [1] Prassd P. A comparative count of the microbiological characteristics of soils under natural forest, grassland and crop field from Eastren India[J]. Plant and Soil, 1995, 175(1): 85-91.
- [2] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京:农业出版社,1986. 112-132.
- [3] 土壤微生物研究会. 土壤微生物实验法[M]. 北京:科学出版社,1983. 62-139.
- [4] 韩芳,邵玉琴,赵吉,等. 皇甫川流域不同土地利用方式下的土壤微生物多样性[J]. 内蒙古大学学报(自然科学版),2003,(5): 298-303.
- [5] 姚槐应,何振立,黄昌勇. 不同土地利用方式对红壤微生物多样性的影响[J]. 水土保持学报,2003,17(2):51-54.
- [6] 樊丽琴,南志标,沈禹颖,等. 保护性耕作对黄土高原豌豆田土壤微生物量碳的影响[J]. 草原与草坪,2005,(4):51-54.
- [7] 范丙全,刘巧玲. 保护性耕作与秸秆还田对土壤微生物及其溶磷特性的影响[J]. 生态农业学报,2005,13(3):130-132.
- [8] 王启兰,王长庭,杜岩功,等. 放牧对高寒嵩草草甸土壤微生物量碳的影响及其与土壤环境的关系[J]. 草业学报,2008,17(2): 39-41.
- [9] 郭彦军,韩建国. 农牧交错带退耕还草对土壤酶活性的影响[J]. 草业学报,2008,17(5):16-23.
- [10] 王丽宏,杨光立,曾昭海,等. 稻田冬种黑麦草对饲草生产和土壤微生物效应的影响[J]. 草业学报,2008,17(2):157-161.
- [11] 杨青华,韩锦峰. 棉田不同覆盖方式对土壤微生物和酶活性的影响[J]. 土壤学报,2005,42(2):348-351.
- [12] 陈锡时,郭树凡,汪景宽,等. 地膜覆盖栽培对土壤微生物种群和生物活性的影响[J]. 应用生态学报,1998, 9(4): 435-439.
- [13] 金钧然. 不同林分下的土壤细菌区系[J]. 北京林业大学学报,1991,13(2):135-138.
- [14] 刘世贵,葛绍荣,龙章富. 川西北退化草地土壤微生物数量与区系研究[J]. 草业学报,1994,3(4):70-76.
- [15] 姚拓,张德罡,胡自治. 高寒地区燕麦根际联合固氮菌研究 I. 固氮菌分离及鉴定[J]. 草业学报, 2004, 13(2):106-111.
- [16] 罗珠珠,黄高宝,张国盛. 不同耕作方式对黄土高原旱地表容重和水分入渗的影响[J]. 干旱地区农业研究,2005,23(5):7-11.
- [17] 李玲玲,黄高宝,张仁陟,等. 免耕秸秆覆盖对旱作农田土壤水分的影响[J]. 水土保持学报,2005,19(5):95-96.
- [18] 逢蕾,黄高宝. 不同耕作方式对旱地土壤有机碳转化的影响[J]. 水土保持学报,2006,20(3):110-113.
- [19] 黄高宝,李玲玲,张仁陟,等. 免耕秸秆覆盖对旱作麦田土壤温度的影响[J]. 干旱地区农业研究,2006,24(5):1-4.
- [20] 陈蓓,张仁陟. 免耕与覆盖对土壤微生物数量及组成的影响[J]. 甘肃农业大学学报,2004, 39(6):634-638.
- [21] 张萍,刀志灵,郭辉军. 高黎贡山不同土地利用方式对土壤微生物数量和多样性的影响[J]. 云南植物研究,1999,(增刊):84-89.
- [22] 姚拓,龙瑞军,师尚礼,等. 高寒草地不同扰动生境土壤微生物氮素生理群数量特征研究[J]. 土壤学报,2007,44(1):122-128.

Effects of different conservation tillage on amount and distribution of soil ammonifying bacteria, nitrobacteria and nitrogen-fixing bacteria

ZHAO You-yi^{1,2}, CAI Li-qun¹, WANG Jing¹, ZHANG Ren-zhi¹

(1. Resources and Environment Faculty of Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China;

2. Lanzhou City University, Lanzhou 730070, China)

Abstract: Field experiments were conducted in Dingxi, in the western Loess Plateau, on the effects of tillage on soil ammonifying bacteria, nitrobacteria and nitrogen-fixing bacteria under a rotation system with spring wheat and pea. The treatments were conventional tillage and three conservation agriculture patterns: Conventional tillage (T), conventional tillage with stubble incorporation (TS), no till with no straw cover (NT), no till with straw cover (NTS) The amount of soil ammonifying bacteria, nitrobacteria and nitrogen-fixing bacteria from high to low was NTS, TS, NT, and T in the 0–5, 5–10, and 10–30 cm depths of soil under two rotation fields. The amounts of soil ammonifying bacteria in NTS at these three depths was 76.21%, 146.92%, 67.82% respectively, higher than that in NT. Soil nitrobacteria and nitrogen-fixing bacteria initially increased, then decreased in all treatments in spring wheat fields. However, soil nitrogen-fixing bacteria decreased with soil depth, while nitrobacteria initially increased, then decreased in pea fields. Ammonifying bacteria decreased with soil depth in NTS and TS, but initially increased, then decreased in NT and T.

Key words: conservation tillage; ammonifying bacteria; nitrobacteria bacteria; nitrogen-fixing bacteria