

· 热带作物 ·

DOI: 10.15886/j.cnki.rdswwb.20230036



主持人: 徐 冉

稻豆轮作对土壤理化性质及微生物群落的影响

李 冉, 李精华, 林生威, 解添杰, 范平珊, 王 庆, 李婷玉, 王 帅

(海南大学 三亚南繁研究院, 海南 三亚 572000)

摘要: 为了研究稻豆轮作对土壤理化性质和微生物群落结构的影响, 采用常规土壤理化分析和微生物分析方法, 以在海南岛东方市实施的稻-稻-稻(RRR)连作和稻-豆-稻(RSR)轮作下的土壤为研究对象, 比较了水稻连作和稻豆轮作下的土壤理化性质、碳组分和微生物群落结构的差异。结果显示, RSR处理的土壤有机质、全氮含量、有效磷、速效钾、水稻产量, 均高于RRR处理, 说明稻豆轮作显著提高了土壤全氮、速效钾含量并降低了pH值; 土壤微生物分析结果表明, RSR处理的土壤细菌ACE、Chao1和Shannon指数值比RRR处理提高了40.2%、40.3%、5.7%; 土壤微生物分析结果还表明, RSR处理的土壤真菌Shannon和Simpson指数比RRR处理提高了20.1%和16.5%。土壤微生物分析结果说明, 稻豆轮作对土壤微生物群落组成产生了显著影响。土壤细菌和真菌群落组成与土壤有机质、速效钾、pH、热水可提取碳(HWEC)、微生物生物量碳(MBC)呈极显著($P < 0.01$)相关。本研究结果表明, 稻豆轮作显著提高了土壤微生物群落结构, 促进了有机质分解、提高了磷和速效钾的有效性, 从而提高了作物产量。

关键词: 轮作; 土壤有机质; 土壤养分含量; 土壤团聚体; 土壤微生物

中图分类号: S344.1; Q938.1+3 **文献标志码:** A **文章编号:** 1674-7054(2024)02-0157-08

李冉, 李精华, 林生威, 等. 稻豆轮作对土壤理化性质及微生物群落的影响 [J]. 热带生物学报, 2024, 15(2): 157-164. doi: 10.15886/j.cnki.rdswwb.20230036

水稻(*Oryza sativa* L.)是我国乃至世界上最重要的粮食作物之一, 对保障我国粮食安全意义重大^[1]。目前海南岛稻田以双季稻耕作模式为主, 长期的连作和依赖化学肥料, 降低了土壤微生物活性和土壤养分的转化, 这导致作物减产和土传病害增加, 不利于农业生产的可持续发展^[2-3]。稻田采用水旱轮作是克服水稻连作障碍的有效措施^[4]。轮作是指在同一块土地上有计划地按顺序种植不同种类作物的复种方式^[5]。水旱轮作能够显著提高土壤有机质的矿化速率, 使土壤有机质短期内快速下降, 导致团聚体裂解和重组, 促进养分的周转和循环利用^[6]。土壤团聚体是土壤结构的基础^[7], 它在土壤中具有保证和协调土壤中的水肥气热、影响土壤微生物活性、维持和稳定土壤

疏松熟化具有重要意义^[8], 但团聚体的形成和稳定性受生物和非生物因素的影响较多^[9]。在非生物因素中, 轮作能够显著增加表层土壤水稳性大团聚体的数量, 从而促进土壤团聚体形成和稳定^[10]。在生物因素中, 土壤微生物通过代谢活动释放的代谢产物和酶类物质来影响土壤有机质及土壤团聚过程^[11]。稻豆轮作能够缓解土壤盐渍化、有效提高土壤大团聚体的比例, 增加团聚体的稳定性, 提高土壤有机碳的含量, 增加土壤微生物多样性, 对实现农业可持续发展具有重要意义^[12-14]。目前, 关于稻豆轮作对土壤理化性质和微生物群落结构的影响研究报道较少。为此, 以水稻连作和稻豆轮作为研究对象, 结合土壤理化性质和微生物的分析方法, 探究不同施肥处理对土壤的综合

收稿日期: 2023-05-08 修回日期: 2023-05-18

基金项目: 海南省院士创新平台科研专项(YSP TZ202019); 海南省重大科技计划(ZDKJ2021008); 海南省院士工作站(SQ2019ysgzz0037)

第一作者: 李冉(1995-), 男, 海南大学2020级硕士研究生。E-mail: 875989201@qq.com

通信作者: 王帅(1993-), 博士, 讲师, 研究方向: 作物养分管理。E-mail: wangshuai1993@hainanu.edu.cn

影响, 以期为稻豆轮作的实际应用提供科学依据。

1 研究地区与方法

1.1 研究区概况 试验地为海南省东方市农乐南繁科技有限公司田间实验基地(18°87' N, 108°70'E), 属热带季风海洋性气候, 年平均降水量为 950 mm, 年平均蒸发量 2 300 mm, 土壤类型为水稻土。试验布置前耕层土壤基础理化性质为 pH 5.4, 土壤全氮 0.43 g·kg⁻¹, 有机质 1.34%, 有效磷 28.51 mg·kg⁻¹、速效钾 84.98 mg·kg⁻¹。

1.2 试验设计 试验开始于 2021 年 7 月, 试验共设 2 个处理: 水稻连作(稻-稻-稻)处理(RRR)和水稻-大豆-水稻轮作(稻-豆-稻)处理(RSR); 每个处理 4 次重复, 共 8 个小区。水稻季氮、磷、钾肥用量分别为 180、90、120 kg·hm⁻², 磷肥和钾肥作为底肥一次性施入, 氮肥分别在播前、分蘖期、抽穗期按比例 40 : 35 : 25 施入; 大豆季氮、磷、钾肥用量为 150、150、150 kg·hm⁻²。

供试水稻品种为‘寿乡一号’, 大豆品种为‘闽豆 64’, 由海南农乐南繁科技有限公司提供。水稻连作播种日期: 2021 年 7—11 月; 收获日期: 2022 年 2—6 月、2022 年 8—11 月; 水稻播种量为 45 kg·hm⁻², 株行距为 25 cm×25 cm。稻豆轮作播种日期: 2021 年 7—11 月, 收获日期: 2021 年 12 月—2022 年 3 月、2022 年 8—11 月; 水稻播种量为 90 kg·hm⁻², 株行距为 20 cm×25 cm, 播种深度为 5 cm。试验周期为 1 a, 栽培和植保等田间管理与农户保持一致。

1.3 样品采集和分析方法

1.3.1 土样采集 采用 5 点取样法采集 RRR 和 RSR 处理种植前后 0~30 cm 耕层土壤, 过 2 mm 筛并将土壤样品分为 3 个部分, 一部分保存于 -80 °C 冰箱中, 用于测定微生物多样性; 一部分存于 4 °C 冰箱中, 用于测定土壤微生物量碳氮及有机碳组分; 剩余部分风干, 用于测定土壤理化性质及土壤团聚体。

1.3.2 土壤理化性质测定 土壤微生物生物量碳采用氯仿熏蒸-K₂SO₄ 浸提法测定^[15]; 水溶性碳(WSC)和热水可氧化碳(HWEC)含量采用振荡浸提分光光度法测定^[16]; 测土壤 pH 时按土水质量比 1 : 2.5 配样, pH 计测定^[17]; 土壤有机碳采用外加热重铬酸钾氧化法容量测定; 全氮用凯氏定氮法测定; 有效磷采用 0.5 mol·L⁻¹ 碳酸氢钠法测定; 速效钾采用中性乙酸浸提法测定^[18]; 土壤团聚体稳定性采用湿筛法测定^[19]。

1.3.3 土壤微生物多样性测定 根据 DNeasy Power Soil Kit(QIAGEN)试剂盒说明书对土壤总 DNA 进行提取, 利用 Novaseq 6000 PE250 平台对提取的 DNA 质量浓度和纯度进行检测; 对细菌 16S rDNA V4+V5 区和真菌 ITS1F 和 2R 区域进行扩增。对构建好的文库进行检验、测序。对测序结果进行操作单位聚类与分析、Alpha 多样性分析、Beta 多样性分析及不同分类水平的群落结构分析。

1.3.4 植株样品采集与分析 于 2021-11-08、2022-03-15、2022-11-25 测定 RRR 和 RSR 处理水稻成熟期的产量。植株全氮含量采用凯氏定氮法测定^[18], 并计算周年产量、吸氮量和氮肥利用率。计算如下: (1)产量=每季产量之和; (2)吸氮量=每季(秸秆+籽粒)含氮量×产量; (3)氮肥利用率=吸氮量×氮肥投入量。

1.4 数据处理 采用 Excel 2016 和 IBM SPSS 23.0 软件对数据进行统计分析, 采用单因素(one-way ANOVA)进行方差分析, Duncan 法进行多重比较($P < 0.05$), 利用软件 Origin Pro 2021 作图。图标中数据为平均值±标准差。

2 结果与分析

2.1 稻豆轮作体系对作物吸氮量的影响 如表 1 所示, RRR 处理与 RSR 处理相比, 水稻周年产量、周年吸氮量、氮素利用效率和下季水稻产量产生了显著变化。RSR 处理的周年产量为 7 869.2 kg·hm⁻²,

表 1 稻稻连作和稻豆轮作周年产量、周年吸氮量、氮素利用率和第二季水稻产量

处理	氮投入量/(kg·hm ⁻²)	周年产量/(kg·hm ⁻²)	周年吸氮量/(kg·hm ⁻²)	氮素利用率/%	第二季水稻产量/(kg·hm ⁻²)
RRR	360	9 520.6±115.5 ^a	175.6±12.6 ^b	48.8±3.47 ^b	4 748.5±26.3 ^b
RSR	330	7 869.2±367.8 ^b	274.2±8.10 ^a	83.1±2.46 ^a	5 865.4±36.1 ^a

注: 小写字母表示不同处理之间的显著差异($P < 0.05$)。下同

与 RRR 处理相比降低了 17.3%。RSR 处理周年吸氮量为 $274.2 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$, 氮素利用率为 83.1%, 与 RRR 处理相比分别显著提高了 56.2%和 70.3%。RSR 处理的第二季水稻产量为 $5865.4 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$, 与 RRR 处理相比提高了 23.5%。

2.2 稻豆轮作下土壤理化性质的变化 如表 2 所示, 与 RRR 处理相比, RSR 处理土壤理化性质产生了显著变化。RSR 处理土壤的全氮含量为 $0.57 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 有效磷含量为 $38.4 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, 与 RRR 处理相比分别显著提高了 16.6%和 12.6%。土壤速效钾和有机质含量为 $109.1 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 $15.7 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 与 RRR 处理相比分别显著提高了 14.3%和 26.6%。

表 2 不同处理对土壤理化性质的影响

处理	有机质/($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	全氮/($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	有效磷/($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	速效钾/($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	pH
RRR	12.4 ± 0.23^b	0.49 ± 0.06^a	34.1 ± 1.38^b	95.4 ± 0.98^b	5.65 ± 0.2^a
RSR	15.7 ± 0.46^a	0.57 ± 0.03^a	38.4 ± 4.79^a	109.1 ± 9.44^a	5.14 ± 0.1^b

表 3 不同处理对土壤水稳性团聚体的影响

处理	平均质量直径(MWD)	几何平均直径(GMD)	大团聚体比例($R>0.25$)
RRR	0.31 ± 0.01^a	0.907 ± 0.0001^a	0.23 ± 0.04^a
RSR	0.32 ± 0.01^a	0.906 ± 0.0001^a	0.24 ± 0.03^a

2.4 稻豆轮作下土壤碳组分的变化 土壤碳组分能直观反映土壤碳动态, 常与养分循环、团聚体稳定性等土壤功能联系在一起。同时土壤碳组分也是土壤健康的重要组成部分, 与土壤养分有效性及微生物活性密切相关。土壤碳组分中除土壤有机碳(SOC)外, 微生物生物量碳(MBC)、热水可提取碳(HWEC)、水溶性碳(WSC)也是碳组分的重要组成部分, 是反映土壤健康的重要指标。如表 4

所示, RRR 处理与 RSR 处理相比, 土壤有机碳组分产生了显著性变化。RSR 处理的热水可提取碳(HWEC)、水溶性碳(WSC)含量分别为 43.7 、 $10.3 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, 与 RRR 处理相比分别显著提高了 35.7%和 18.9%。RSR 处理微生物生物量碳(MBC)和土壤有机碳(SOC)的含量分别为 34.8 和 $1.79 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 与 RRR 处理相比, 显著提高 38%和 26.9%。

2.3 稻豆轮作下土壤团聚体的变化 土壤团聚体作为土壤的基本结构之一, 其组成和稳定性影响土壤养分在团聚体中的分布。不同粒级团聚体的组成是鉴定土壤肥力状况的指标之一。土壤团聚体的组成主要受不同粒径分布和轮作模式影响。如表 3 所示, 轮作处理土壤水稳性平均质量直径(MWD)和几何平均直径为 0.32 和 0.906 mm , 与 RRR 处理相比, 上升了 0.01 和下降了 0.001 mm , 大团聚体比例($R>0.25$)为 0.24 mm , 下降了 0.01 mm 。

表 4 不同处理对土壤有机碳组分的影响

处理	土壤有机碳(SOC)/($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	热水可提取碳(HWEC)/($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	水溶性碳(WSC)/($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	微生物生物量碳(MBC)/($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)
RRR	1.41 ± 0.03^b	32.2 ± 0.74^b	8.66 ± 1.12^b	25.2 ± 0.60^b
RSR	1.79 ± 0.05^a	43.7 ± 2.14^a	10.3 ± 0.04^a	34.8 ± 2.49^a

2.5 稻豆轮作下土壤微生物多样性变化

2.5.1 稻豆轮作下土壤微生物 α 多样性 Ace 值是用来估计群落中含有 OTU 数目的指数, 使用 Chao1 算法估算群落中所含 OTU 数目, 其中 Ace 和 Chao1 的数值越大代表样本中所含物种越

多; Shannon 和 Simpson 指数用于评估样本中物种组成的多样性, 数值越大代表该环境中的多样性越高。如表 5 所示, RRR 处理与 RSR 处理相比, 土壤微生物丰度和多样性产生了显著性变化。RSR 处理下土壤细菌的 ACE 指数、Chao1 指数和

Shannon 指数, 与 RRR 处理相比, 分别显著提高了 40.2%、40.3%、5.7%, 对 Simpson 指数则无显著影响。RSR 处理与 RRR 处理相比, 土壤真菌

Shannon 指数和 Simpson 指数, 显著提高了 20.1% 和 16.5%。稻豆轮作没有对土壤真菌 Ace 指数和 Chao1 指数产生显著性影响。

表 5 不同处理对土壤微生物 α 多样性的影响

种植方式	微生物	ACE 指数	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
RRR	细菌 Bacteria	1390.8±35.2 ^b	1386.9±34.5 ^b	9.33±0.13 ^b	0.99±0.0006 ^a
RSR	细菌 Bacteria	1949.6±142.1 ^a	1945.9±142.5 ^a	9.86±0.14 ^a	0.98±0.0003 ^a
RRR	真菌 Fungus	265.7±44.5 ^a	265.5±44.4 ^a	4.03±0.33 ^b	0.79±0.04 ^b
RSR	真菌 Fungus	328.5±42.4 ^a	328.5±42.4 ^a	4.84±0.25 ^a	0.92±0.02 ^a

2.5.2 稻豆轮作下土壤微生物优势菌属分析 不同耕作条件下土壤共有 11 个优势细菌属(选取相对丰度前 10 位, 其他属为 other)。如图 1-a 所示, 土壤细菌属水平的群落结构基本一致。其中, 轮作处理下的优势细菌属为 *Koribacter* 菌属(平均相对丰度为 1.7%)、红游动菌属(*Rhodoplanes* 平均相对丰度为 1.3%)、硫杆菌(*Thiobacillus* 平均相对丰

度为 1.6%)、戴氏菌属(*Dyella* 平均相对丰度为 1.9%), 这 4 个优势菌属累计相对丰度为 6.5%。与 RRR 处理相比, RSR 处理 *Koribacter* 菌属、红游动菌属(*Rhodoplanes*)、硫杆菌属(*Thiobacillus*)、戴氏菌属(*Dyella*)的相对丰度分别显著提高了 35.4%、91.4%、161.8%、275.5%, *Anaerolinea* 菌属的相对丰度显著降低了 69.9%。

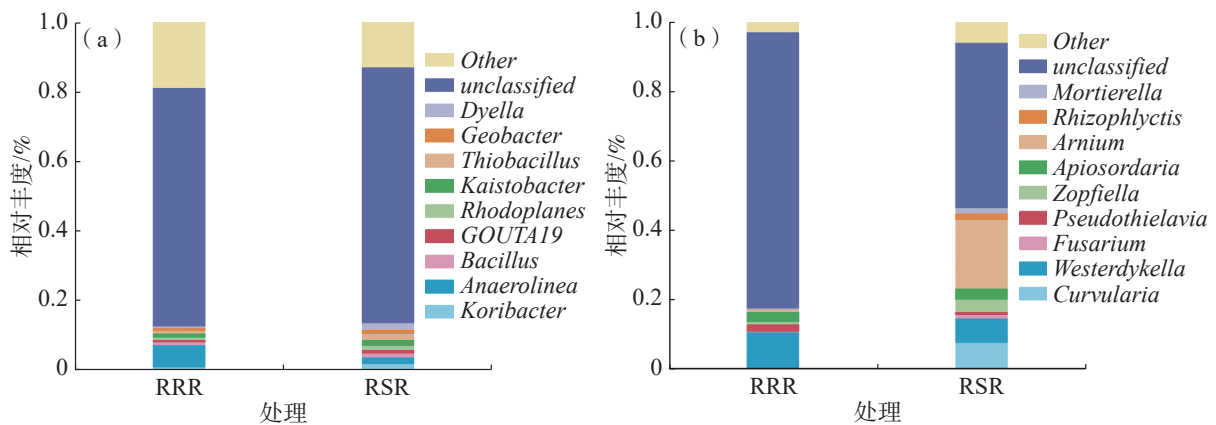


图 1 不同处理对细菌优势菌属(a)和真菌优势菌属(b)的影响

不同耕作条件下土壤共有 11 个优势真菌属(选取相对丰度前 10 位, 其他属 other)。如图 1-b 所示, 土壤真菌属水平的群落结构基本一致。其中, 轮作处理下的优势真菌属为小被孢霉属(*Mortierella* 平均相对丰度 1.5%)、柄孢壳属(*Zopfiella* 平均相对丰度 3.5%)、镰刀菌属(*Fusarium* 平均相对丰度 1%)、*Apiosordaria* 属(*Apiosordaria* 平均相对丰度 1.5%), 这 4 个优势菌属累计相对丰度为 1.9%。与 RRR 处理相比, RSR 处理小被孢霉属(*Mortierella*)、柄孢壳属(*Zopfiella*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、*Apiosordaria* 属的相对丰度分别提高了 690.6%、428.7%、398.4%、

11.3%。*Westerdykella* 菌属和伪硫杆菌(*Pseudothielavia*)的相对丰度分别显著降低 31.9% 和 57.4%。

2.5.3 不同处理下土壤微生物群落结构分析 采用基于 Bray-Curtis 距离矩阵的主坐标分析(PCoA)来分析不同处理下的土壤细菌群落结构差异。PCoA 结果的分析表明(图 2-a), 前 2 个主成分解释了 84.1% 的细菌群落变异; 结合 PERMANOVA 分析结果表明, 不同耕作模式下细菌 OTU 数目在两轴间存在显著差异, 说明 RSR 处理对土壤细菌群落结构产生了显著性影响。PCoA 结果的分析表明(图 2-b), 前 2 个主成分解释了 72.9% 的真菌群落变异; 结合 PERMANOVA 分析

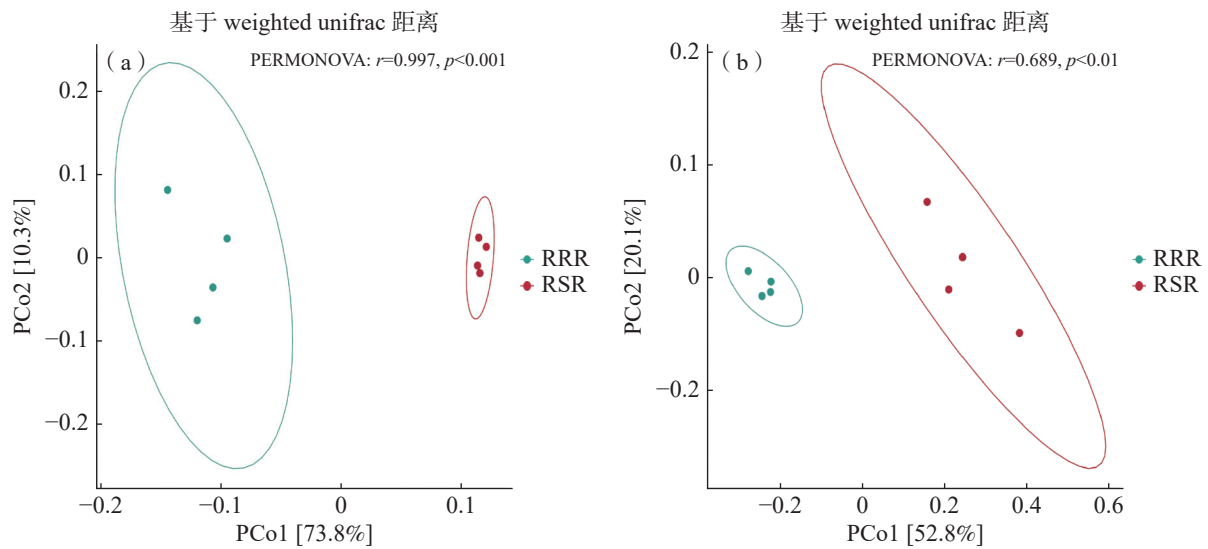


图 2 不同处理下土壤细菌(a)和真菌(b)群落结构 PCoA 分析

的结果表明,不同耕作措施下真菌 OTU 数目在两轴间存在显著差异,说明 RSR 处理对土壤真菌群落结构产生了显著性影响。

2.6 土壤细菌、真菌群落组成与土壤性质相关性分析 土壤细菌群落(图 3)与土壤速效钾($r=0.49$)、有机质($r=0.19$)、HWEC ($r=0.25$)、MBC ($r=$

0.33)呈显著相关性($P<0.05$)。说明土壤速效钾、有机质、HWEC 和 MBC 对土壤细菌产生了显著影响,而与土壤全氮、有效磷、pH、WSC、MWD、产量无明显差异($P>0.05$)。这说明土壤细菌主要受土壤速效钾、有机质、HWEC、MBC 指标变化而改变。

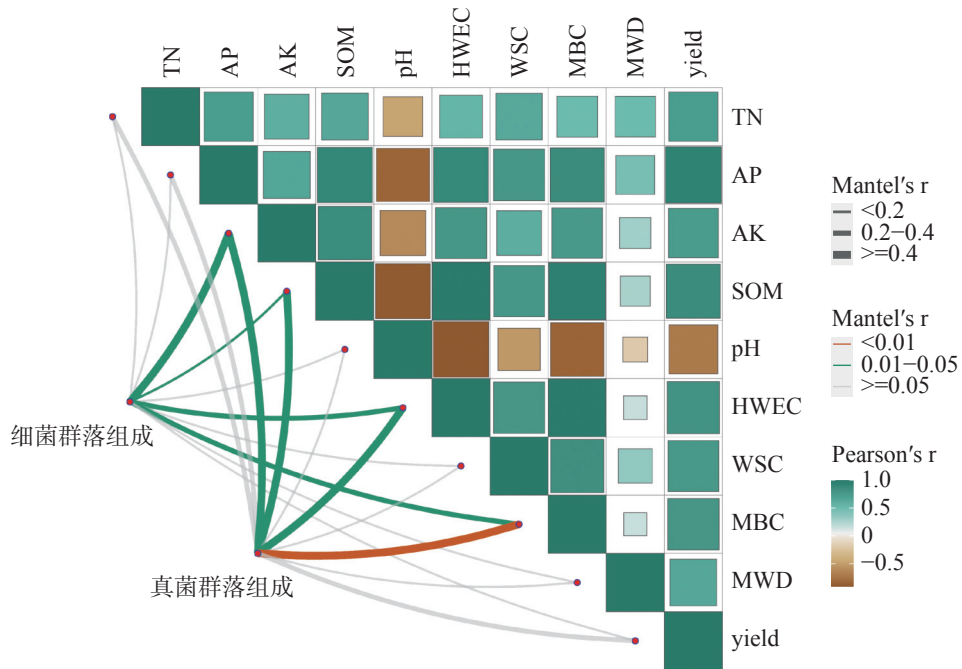


图 3 土壤细菌、真菌群落组成与土壤性质的关系

土壤真菌群落(图 3)与土壤速效钾($r=0.60$)、有机质($r=0.56$)、HWEC($r=0.58$)呈显著相关性($P<0.05$),与 MBC($r=0.59$)呈极显著相关性($P<0.01$)。这说明土壤真菌群落主要会随着土壤速效钾、有机质、HWEC 和 MBC 的变化而发生改变。

3 讨论

3.1 稻豆轮作对作物氮产量的影响 土壤养分含量和作物产量是衡量土壤能否可持续生产的主要指标,而土壤养分是提高轮作系统生物量的主要

因素^[20-21]。与水稻连作相比,RSR 处理水稻周年产量下降了 17.3%。RSR 处理周年吸氮量和氮素利用率,与 RRR 相比提高了 56.2% 和 70.3%。RSR 处理第二季水稻产量,与 RRR 处理相比提高了 23.5%。因为轮作处理中大豆的单产较低,从而使轮作周年产量下降,而同时大豆籽粒含氮量较高,使 RSR 处理周年氮产量得到提高。轮作影响土壤团粒结构,改善了土壤养分供给能力,促进植株的干物质积累与营养元素含量,从而提高了下茬水稻产量^[21-23]。

3.2 稻豆轮作对土壤理化及团聚体稳定性的影响

本研究结果表明,稻豆轮作后 pH 降低了 0.51,这是因为大豆根系分泌物中的大量有机酸分子能够增加土壤中的 H⁺,使根际土壤酸化,从而改变了土壤的 pH^[24]。此外,稻豆轮作增加了土壤氮、有效磷、速效钾的含量。这是由于轮作改变了土壤微生物群落结构与多样性,使得土壤胶结物质所固定的养分元素在微生物的介导下得到释放,提高了土壤养分的有效性^[25-26]。

土壤团聚体是土壤结构的基础,土壤团聚体平均质量直径、几何平均直径和大团聚体比例是表示土壤团聚体稳定性的关键指标,它们的值越高,表征土壤团聚度越好,团聚体结构越稳定^[19,25]。轮作下土壤微团聚体比例没有显著变化,虽然轮作促进了土壤微生物、植物等生物因素的变化,但由于轮作时间较短,对土壤团聚体没有产生显著影响^[26]。

3.3 稻豆轮作对土壤碳组分的影响 本研究结果表明,稻豆轮作使 HWEC、WSC、MBC 和 SOC 含量分别显著提高了 35.7%、18.9%、38% 和 26.9%。众多研究指出,种植制度和耕作栽培方式的不同,轮作明显提高了土壤有机碳,增加了氮素供应来提高微生物对其利用率,也可能因为激发效应降低土壤碳组分含量,从而改变土壤有机碳组分,这与前人研究结果一致^[27-29]。

3.4 稻豆轮作对土壤微生物群落结构的影响

微生物是土壤与作物根际养分转化的主要过程之一^[5],它生长所需要的营养元素和碳源来自于土壤,同时微生物又能够分解土壤中的有机碳/氮,使土壤碳/氮含量提高^[30]。本研究结果表明,稻豆轮作提高了土壤细菌和真菌的丰富度与多样性。轮作通过改变微生物群落结构,从而影响了土壤的

养分形态及产量^[31]。细菌和真菌 PCoA 分析的结果表明,水稻连作和稻豆轮作后土壤 OTU 数目存在显著性差异,说明稻豆轮作显著影响土壤微生物群落结构,与张河庆等^[32]的研究结果一致。一方面轮作改变了土壤微生物的生态系统,另一方面不同作物类型释放的根系分泌物,改变了土壤的环境条件,从而对土壤微生物物种和丰度产生影响,改变了土壤微生物群落的结构^[5,33]。

随着轮作的进行,土壤理化指标会随着细菌群落的改变而发生变化。一方面,水旱轮作改善了土壤通气性;另一方面不同作物的根系分泌物改变了土壤的环境条件,进而对微生物活性产生了影响,间接提高土壤养分和有机碳含量,从而使土壤细菌群落也发生了改变。土壤真菌主要可以分解土壤中的植物残体和纤维素、半木纤维素、木质素等难降解有机物,在降解过程中释放养分,促进植物生长,进而影响土壤真菌^[34]。土壤真菌群落对土壤全氮、有效磷、pH、WSC、MWD、产量无明显差异($P>0.05$),这可能是不同作物对土壤的利用方式和对土壤性质需求不同所致^[31,35]。

4 结 论

稻豆轮作能够显著提高土壤全氮、有效磷、速效钾、HWEC、SOC 等,对土壤 WSC 和 MBC 影响不显著;此外稻豆轮作能够显著提高土壤细菌和真菌的丰富度、多样性与群落结构。不同耕作措施的土壤细菌和真菌的群落组成具有较大差异,说明不同耕作模式能够对土壤细菌和真菌群落组成有显著影响。土壤细菌和真菌群落主要与土壤速效钾、有机质、HWEC、MBC ($P<0.01$) 有关。这说明稻豆轮作通过影响植物和微生物的生长代谢,使土壤养分含量和土壤微生物发生改变。本研究结果有助于理解稻豆轮作下土壤理化性质与土壤微生物群落的变化,为不同耕作模式的实际应用提供理论支撑,然而关于稻豆轮作的遗留效应还有待进一步研究。

参考文献:

- [1] 岑新杰,严小微,唐清杰,等.近年来海南水稻生产情况调研及发展建议[J].上海农业科技,2020(6):18-19.
- [2] CHEN Z, TI J S, CHEN F. Soil aggregates response to tillage and residue management in a double paddy rice soil of the Southern China[J]. *Nutrient Cycling in Agro-*

- cosystems, 2017, 109(2): 103 – 114.
- [3] 孙子欣, 蔡柏岩. 连作对土壤微生物菌群影响及修复研究进展[J]. 作物杂志, 2022(6): 7 – 13.
- [4] CHEN S, ZHENG X, WANG D, et al. Effect of long-term paddy-upland yearly rotations on rice (*Oryza sativa*) yield, soil properties, and bacteria community diversity[J]. The Scientific World Journal, 2012, 2012: 279641.
- [5] 杨敬林, 李琳, 胡德勇. 长期稻-稻-油菜轮作对土壤理化性质及微生物群落结构的影响[J]. 河南农业科学, 2017, 46(9): 45 – 49.
- [6] MIZUHIKO N I S H I D A. Decline in fertility of paddy soils induced by paddy rice and upland soybean rotation, and measures against the decline[J]. Japan Agricultural Research Quarterly:JARQ, 2016, 50(2): 87 – 94.
- [7] 李娜, 韩晓增, 尤孟阳, 等. 土壤团聚体与微生物相互作用研究[J]. 生态环境学报, 2013, 22(9): 1625 – 1632.
- [8] DOMŻŁ H, HODARA J, SŁOWIŃSKA-JURKIEWICZ A, et al. The effects of agricultural use on the structure and physical properties of three soil types[J]. Soil and Tillage Research, 1993, 27(1/2/3/4): 365 – 382.
- [9] 刘亚龙, 王萍, 汪景宽. 土壤团聚体的形成和稳定机制: 研究进展与展望[J]. 土壤学报, 2023, 60(3): 627 – 643.
- [10] 白怡婧, 刘彦伶, 李渝, 等. 长期不同轮作模式对黄壤团聚体组成及有机碳的影响[J]. 土壤, 2021, 53(1): 161 – 167.
- [11] 沈晓琳, 王丽丽, 赵建宁, 等. 耕作方式对潮土土壤团聚体微生物群落结构的影响[J]. 应用生态学报, 2021, 32(8): 2713 – 2721.
- [12] 卢欣欣, 邢茂玉, 姚陆铭, 等. 扁豆-水稻轮作对土壤环境影响的比较分析[J]. 上海农业学报, 2016, 32(5): 92 – 96.
- [13] 吴玉红, 王吕, 崔月贞, 等. 轮作模式及秸秆还田对水稻产量、稻米品质及土壤肥力的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2021, 27(11): 1926 – 1937.
- [14] 徐光辉, 王洋, 王继红, 等. 休耕轮作对农田土壤微生物量碳的影响[J]. 土壤通报, 2018, 49(4): 897 – 901.
- [15] JOERGENSEN R G. The fumigation-extraction method to estimate soil microbial biomass: Calibration of the k_{EC} value[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1996, 28(1): 25 – 31.
- [16] GHANI A, DEXTER M, PERROTT K W. Hot-water extractable carbon in soils: a sensitive measurement for determining impacts of fertilisation, grazing and cultivation[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2003, 35(9): 1231 – 1243.
- [17] 黄清扬, 徐仁扣, 俞元春. 不同产地油菜秸秆制备的生物质炭对红壤酸度和土壤 pH 缓冲容量的影响[J]. 土壤通报, 2022, 53(4): 821 – 827.
- [18] 鲍士旦. 土壤农化分析 [M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000: 268–270.
- [19] 蒋雪洋, 张前前, 沈浩杰, 等. 生物质炭对稻田土壤团聚体稳定性和微生物群落的影响[J]. 土壤学报, 2021, 58(6): 1564 – 1573.
- [20] 贾雪杰, 游明鸿, 李达旭, 等. 减量施肥对金花菜-水稻轮作系统中产量和土壤养分的影响[J]. 草地学报, 2023, 31(3): 876 – 883.
- [21] 朱兆良, 金继运. 保障我国粮食安全的肥料问题[J]. 植物营养与肥料学报, 2013, 19(2): 259 – 273.
- [22] DICK W A, THAVAMANI B, CONLEY S, et al. Prediction of β -glucosidase and β -glucosaminidase activities, soil organic C, and amino sugar N in a diverse population of soils using near infrared reflectance spectroscopy[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2013, 56: 99 – 104.
- [23] GÜNAL E, ERDEM H, DEMIRBAŞ A. Effects of three biochar types on activity of β -glucosidase enzyme in two agricultural soils of different textures[J]. Archives of Agronomy and Soil Science, 2018, 64(14): 1963 – 1974.
- [24] 于崧, 杨贺麟, 朱雪天, 等. 盐碱胁迫对芸豆根系分泌物组分及含量的影响[J]. 北方园艺, 2021(17): 90 – 96.
- [25] 陈晓东, 吴景贵, 范围, 等. 有机物料对原生盐碱土微生物团聚体特征及稳定性的影响[J]. 水土保持学报, 2020, 34(2): 201 – 207.
- [26] 温云杰. 有机培肥过程中有机碳对红壤旱地团聚体形成的影响及其分子机制 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2021.
- [27] SIX J, CALLEWAERT P, LENDERS S, et al. Measuring and understanding carbon storage in afforested soils by physical fractionation[J]. Soil Science Society of America Journal, 2002, 66(6): 1981 – 1987.
- [28] DUAN Y, CHEN L, ZHANG J, et al. Long-term fertilisation reveals close associations between soil organic carbon composition and microbial traits at aggregate scales[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2021, 306: 107169.
- [29] YANG F, TIAN J, MEERSMANS J, et al. Functional soil organic matter fractions in response to long-term fertilization in upland and paddy systems in South China[J]. CATENA, 2018, 162: 270 – 277.
- [30] 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.
- [31] 姚钦, 许艳丽, 宋洁, 等. 不同种植方式下大豆田土壤微生物磷脂脂肪酸特征[J]. 大豆科学, 2015, 34(3): 442 – 448.
- [32] 张河庆, 吴婕, 韩帅, 等. 4 种周年轮作模式对耕作层土壤微生物的影响[J]. 中国农学通报, 2022, 38(20): 73 – 80.
- [33] 王秀呈. 稻—稻—绿肥长期轮作对水稻土壤及根系细菌群落的影响 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2015.
- [34] 张翰林, 白娜玲, 郑宪清, 等. 秸秆还田与施肥方式对稻麦轮作土壤细菌和真菌群落结构与多样性的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2021, 29(3):

531 – 539.

[35] 路妍, 高健, 康文钦, 等. 不同轮作模式下高发小麦赤

霉病土壤真菌多样性变化 [J]. 华北农学报, 2022,

37(6): 173 – 181.

Effects of rice-soybean-rice rotation on soil physicochemical properties and microbial community

LI Ran, LI Jinghua, LIN Shengwei, XIE Tianjie, FAN Pingshan,

WANG Qing, LI Tingyu, WANG Shuai

(Sanya Nanfan Research Institute, Hainan University, Sanya, Hainan 572000, China)

Abstract: Paddy rice (*Oryza sativa* L.) is mainly grown thrice a year in Hainan Island. However, long-term continuous cropping and excessive nutrient input will reduce soil microbial activity and soil nutrient conversion, which is not conducive to the sustainable development of agricultural production. The soil under rice-rice-rice (RRR) continuous cropping and rice-soybean-rice (RSR) rotation systems in Dongfang City, Hainan Island was determined by using conventional soil physical and chemical analysis and microbial analysis methods, and the soil physical and chemical properties, carbon components and microbial community structure under the rice continuous cropping and the rice-soybean-rice rotation were compared to analyze the effects of the RRR and RSR on the soil physical and chemical properties and microbial community structure. The results showed that soil organic matter, total nitrogen content, available phosphorus, available potassium and rice yield under the RSR treatment were all higher than those under the RRR treatment, indicating that the RSR treatment significantly increased soil total nitrogen and available potassium content and decreased soil pH value. The soil microbial analysis showed that ACE, Chao1 and Shannon indices of the soil bacteria under the RSR treatment increased by 40.2%, 40.3% and 5.7%, respectively as compared with those under the RRR treatment. The soil microbial analysis also showed that the Shannon and Simpson indices of the soil fungi under the RSR treatment increased by 20.1% and 16.5%, respectively as compared with those under the RRR treatment. The soil microbial analysis showed that the RSR rotation had a significant effect on soil microbial community composition. The soil bacterial and fungal community compositions were significantly correlated with soil organic matter, available potassium, pH, hot water extractable carbon (HWEC) and microbial biomass carbon (MBC) ($P > 0.01$). All the results showed that the RSR rotation significantly improved the soil microbial community structure, promoted the decomposition of organic matter, improved the availability of phosphorus and available potassium, and thus improved the crop yield.

Keywords: rotation; soil organic matter; soil nutrition content; soil aggregate; soil microbe

(责任编辑:叶 静)