

doi: 10.11838/sfsc.1673-6257.20402

竹豆间种对柑橘园土壤化学性质及微生物碳源代谢特征的影响

马昕伶^{1,2}, 秦文婧^{3#}, 刘凯^{1,2}, 刘佳³, 樊剑波^{1,2}, 李忠佩^{1,2}, 陈晓芬³,
吴萌^{1,2}, 江春玉^{1,2}, 刘凯丽⁴, 武志峰⁴, 刘明^{1,2*}

- (1. 中国科学院南京土壤研究所/土壤与农业可持续发展国家重点实验室, 江苏 南京 210008;
2. 中国科学院大学, 北京 100049; 3. 江西省农业科学院土壤肥料与资源环境
研究所/国家红壤改良工程技术研究中心, 江西 南昌 330200;
4. 江西省农业技术推广总站, 江西 南昌 330046)

摘要: 选择红壤丘陵区典型柑橘园, 设置清耕、自然生草和竹豆间种 3 种植模式, 研究不同种植模式下柑橘园土壤化学性质、微生物生物量、微生物碳源代谢特征变化, 并探明主导碳源代谢特征变化的土壤环境因素。结果表明, 相对于清耕和自然生草种植模式, 竹豆间种模式下柑橘园土壤 pH 提高了 24.03% 和 21.65%, 有机碳、碱解氮、有效磷、速效钾分别提高了 19.40% 和 25.14%、14.02% 和 18.61%、2.69 和 3.12 倍、63.40% 和 1.14 倍。柑橘园土壤微生物生物量碳受种植模式影响不显著, 但是竹豆间种显著提高了土壤微生物碳源利用能力 (Average well color development, AWCD) 和均匀度指数。竹豆间种模式下土壤微生物对于酰胺、氨基酸、酚类和多聚物等多个大类碳源的代谢强度显著高于其他处理, 清耕模式下土壤微生物对于糖类尤其是赤藓糖醇、葡萄糖-1-磷酸、D-纤维二糖的代谢强度显著高于其他处理。逐步回归分析结果表明, 微生物的碳源利用能力和土壤有机碳密切相关, 而 pH 是影响微生物功能多样性及多个特异性碳源代谢强度的首要因素。冗余分析结果表明, 柑橘园土壤微生物碳源利用模式受土壤环境因素影响的大小顺序为: pH > 有效磷 > 碱解氮 > 有机碳 > 速效钾。因此, 竹豆间种能够缓解柑橘园土壤酸化, 提高土壤养分含量, 改善微生物群落结构和功能多样性, 有利于柑橘园土壤生态健康和可持续利用。

关键词: 竹豆间种; 柑橘园; 红壤丘陵区; 微生物生物量碳; 微生物碳源代谢特征

随着人们消费需求的日益增加, 果品生产在我国农业生产中的地位越来越重要, 目前我国果园面积约为 $1.19 \times 10^7 \text{ hm}^2$, 水果年产量约为 $2.57 \times 10^8 \text{ t}$ ^[1]。传统果园管理以清耕为主, 面积占果园总面积的 90% 以上^[2]。但是现实生产中, 由于缺乏地表覆盖, 清耕果园水土流失易发、土壤养分失衡、生物功能退化, 不利于果园生态系统稳定和生产力提升^[3]。果树行间进行绿肥间种能够减少水土流失^[4]、提高土壤肥力^[5]、控制病虫草害^[6]、提高果品产量^[7],

在生产中逐渐得到重视。研究表明, 与清耕处理相比, 种植百喜草后, 脐橙果园土壤产流和产沙分别减少了 87.6% 和 99.4%, 径流水中氮、磷、钾含量分别减少了 53.0%、97.9%、92.6%^[8]; 冬夏两季分别间种箭舌豌豆和爬山豆后, 猕猴桃果园土壤有机质、全氮、有效磷、速效钾、缓效钾分别增加了 4.9%、25.9%、27.6%、9.8%、7.1%^[7]; 白三叶和田菁间种还田使蕉园土壤尖孢镰刀菌数量分别减少 79.92% 和 33.09%, 有效消减了蕉园的土传病害和连作障碍^[9]。

绿肥间种也能显著改善果园土壤微生物学性质。于淑慧等^[2]研究发现, 与清耕处理相比较, 间种二月兰之后, 桃园土壤脲酶、碱性磷酸酶、蔗糖酶活性分别增加 13.77%、20.03%、28.38%。潘介春等^[10]研究表明, 种植白三叶等绿肥以及自然生草处理下, 龙眼果园土壤微生物生物量显著高于清耕处理。除微生物数量和活性外, 微生物功能多样性在土壤养分循环中起关键作用, 可敏感反映不同种植模式下果

收稿日期: 2020-07-08; 录用日期: 2020-07-29

基金项目: 中国科学院重点部署项目 (KFZD-SW-112); 江苏省基础研究计划 (自然科学基金) (BK20191511); 财政部和农业农村部: 国家现代农业产业技术体系 (CARS-22-Z-06, CARS-22-G-14)。

作者简介: 马昕伶 (1998-), 男, 四川内江人, 硕士研究生, 研究方向为微生物生物学。E-mail: maxinling19@mails.ucas.ac.cn。秦文婧 (1984-), 女, 江西南昌人, 助理研究员, 从事绿肥栽培技术研究。E-mail: 250929187@qq.com。马昕伶和秦文婧为共同第一作者。

通讯作者: 刘明, E-mail: mliu@issas.ac.cn。

园土壤质量和生态功能的变化。杜毅飞等^[11]通过 BIOLOG 生态板法研究发现,与清耕处理相比较,间种白三叶等绿肥提高了苹果园土壤微生物碳源利用能力,并形成了独特的微生物群落结构;毛叶苕子间种也可以改善葡萄园土壤微生物功能多样性和群落结构^[12]。但是,此前关于绿肥间种对微生物碳源代谢特征影响的研究多见于北方果园。我国南北方气候特征迥异,土壤类型差异明显,绿肥间种后南方果园土壤微生物碳源代谢特征变化规律如何,目前尚无明确结论。

我国南方亚热带红壤丘陵区,水热资源丰富,生产潜力巨大,是经济林果的重要产区,该地区柑橘种植面积较广,约为 $1.79 \times 10^6 \text{ hm}^2$ 。但是一方面,红壤存在酸、黏、瘠、蚀等障碍因子^[13];另一方面,夏季高温多雨,造成清耕果园土壤养分流失和生物功能退化,制约了红壤丘陵区柑橘园生产力的提高。因地制宜发展柑橘绿肥间种模式具有重要现实意义,竹豆生物量大、抗酸耐瘠、固氮增肥,能有效提高土壤养分和农产品产量^[14],作为夏季绿肥在南方柑橘园具有较好的应用前景。但目前几乎未见南方果园竹豆间种的相关报道。本研究选择红壤丘陵区典型柑橘园,设置清耕、自然生草和竹豆间种 3 种植模式,研究不同种植模式对柑橘园土壤化学性质的影响,揭示土壤微生物碳源代谢特征变化,并探明起主导作用的土壤环境因素,研究结果将为竹豆绿肥的推广应用以及红壤区果园土壤的培肥改良提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究地概况

供试柑橘园位于江西省鹰潭市余江区刘家村垦殖场五分场 ($116^\circ 55' 15'' \text{E}$, $28^\circ 15' 42'' \text{N}$)。该地区属于亚热带季风气候,年均降水量 1795 mm,年均蒸发量 1318 mm,年均温 17.6°C ,无霜期 261 d。供试土壤发育于第三纪红砂岩母质。柑橘品种为早熟红美人 (*Citrus reticulata* Blanco),种植密度为 $2 \text{ m} \times 4 \text{ m}$ 。柑橘每年化肥 N、 P_2O_5 、 K_2O 施用量分别为 375、300、300 kg/hm^2 ,分 3 次施用,按还阳肥 (11 月)、花前肥 (3 月)、壮果肥 (7 月) 4:3:3 分配。此外,施还阳肥时一次性施入 $3750 \text{ kg}/\text{hm}^2$ 的有机肥,有机肥的基本性质为:含水

量 30%, N 2.50%, P_2O_5 0.60%, K_2O 2.10%, 有机质 $\geq 45\%$ 。

1.2 试验设计与土样采集

2018 年 3 月开始在柑橘园设置清耕 (CT)、自然生草 (NG)、竹豆间种 (GI) 3 种植模式。清耕:定期中耕除草,杂草移出柑橘园;自然生草:柑橘行间杂草自然生长,主要有香附子 (*Cyperus rotundus* L.)、蒲公英 (*Taraxacum mongolicum* Hand. Mazz.)、小飞蓬 (*Conyza canadensis* L. Cronq.)、白茅 (*Imperata cylindrica* L. Beauv.) 等,不刈割,不翻压;竹豆间种:3 月下旬在柑橘行间播种竹豆 (*Phaseolus calcaratus*),播种量为 $30 \text{ kg}/\text{hm}^2$,7 月中旬竹豆生长旺盛期刈割,翻压到 20 cm 表层土壤。杂草鲜草生物量约为 $11000 \text{ kg}/\text{hm}^2$,干物质重约为 $3300 \text{ kg}/\text{hm}^2$,含碳 380 g/kg、氮 17.3 g/kg、磷 3.14 g/kg、钾 45.5 g/kg、钙 7.35 g/kg、镁 4.34 g/kg;竹豆鲜草生物量为 $9500 \text{ kg}/\text{hm}^2$,干物质重约为 $2500 \text{ kg}/\text{hm}^2$,含碳 369 g/kg、氮 27.9 g/kg、磷 4.46 g/kg、钾 40.7 g/kg、钙 13.4 g/kg、镁 3.25 g/kg。每个种植模式重复 3 次,共 9 个小区,每小区 16 m^2 。2019 年 11 月柑橘收获后进行土壤样品的采集,采用五点法在每个小区随机采集 0 ~ 20 cm 土壤样品并混合均匀,随后将每小区混合土样分成两份:一份自然风干,用于测试土壤化学性质;另一份保存于 4°C 冰箱中,用于测定土壤微生物生物量碳及微生物碳源代谢特征。

1.3 测试方法

1.3.1 土壤化学性质测定

土样的 pH 采用电位计法测定,土壤有机碳 (SOC) 采用重铬酸钾容量法测定,碱解氮 (AN) 采用碱解扩散法测定,有效磷 (AP) 采用钼锑抗比色法测定,速效钾 (AK) 采用火焰光度法测定^[15]。

1.3.2 微生物性质测定

采用氯仿熏蒸法测定土壤微生物生物量碳 (MBC)^[15],根据熏蒸和未熏蒸处理土壤提取液中有机碳含量之差,除以系数 0.45 计算微生物生物量碳含量。

采用 BIOLOG Eco 平板培养法测定土壤微生物碳源利用模式和功能多样性^[16]。称取相当于 5 g 干土的新鲜土壤样品,采用 0.85% 的无菌 NaCl 溶液振荡、提取微生物,稀释提取液后接种至 BIOLOG Eco 96 孔培养板, 25°C 恒温培养,每隔 24 h 读取 590 nm 波长下每孔的吸光值。

1.4 数据处理

采用 BIOLOG ECO 平板培养对第 72 h 数据进行分析。平均吸光值 (Average well color development, AWCD) 和多样性指数计算参照 Garland 等^[17]的方法。AWCD 计算公式如下:

$$AWCD = \sum_{i=1}^n (C_i - R) / n \quad (1)$$

其中: C_i 为第 i 个孔的吸光值, R 为对照孔的吸光值, n 为培养板中碳源种类数。

功能多样性指数 Shannon (H') 计算公式如下:

$$H' = -\sum_{i=1}^n P_i \ln P_i \quad (2)$$

其中: H' 为功能多样性指数, P_i 为第 i 个孔相对吸光值与所有孔总相对吸光值的比值。

均匀度指数 Evenness (E) 计算公式如下:

$$E = H' / \ln S \quad (3)$$

其中: E 为均匀度指数, H' 为功能多样性指数, S 为微生物可利用的碳源数目。

利用 SPSS 26.0 通过 Tukey 法进行单因素方差分析 (One-way ANOVA), 确定各处理之间差异显

著性; 通过逐步回归分析 (Stepwise regression) 确定影响微生物性质的关键土壤环境因素。利用 R (version 3.2.3, R Development Core Team, 2014) 通过 vegan 包对微生物群落碳源利用模式进行冗余分析 (Redundancy analysis), 确定不同种植模式下土壤微生物碳源利用模式的差异及影响因素。采用 OriginPro 2015 作图。

2 结果与分析

2.1 不同种植模式下柑橘园土壤化学性质的变化

相对于清耕和自然生草模式, 竹豆间种显著提高了柑橘园土壤 pH 和养分含量, 土壤 pH 分别提高了 24.03% 和 21.65%; 有机碳分别提高了 19.40% 和 25.14%; 碱解氮分别提高了 14.02% 和 18.61%; 有效磷分别提高了 2.69 和 3.12 倍; 速效钾分别提高了 63.40% 和 1.14 倍。而清耕和自然生草两种模式下土壤化学性质较为接近 (表 1)。

表 1 不同种植模式对柑橘园土壤化学性质的影响

种植模式	pH	有机碳 (g/kg)	碱解氮 (mg/kg)	有效磷 (mg/kg)	速效钾 (mg/kg)
CT	4.62 ± 0.01c	9.38 ± 0.05b	95.60 ± 3.70b	25.00 ± 0.20b	194.00 ± 9.00b
NG	4.71 ± 0.02b	8.95 ± 0.28b	91.90 ± 3.70b	22.40 ± 1.10b	148.00 ± 8.00c
GI	5.73 ± 0.04a	11.20 ± 0.10a	109.00 ± 2.00a	92.30 ± 3.40a	317.00 ± 7.00a

注: 不同小写字母代表不同处理间差异显著 ($P < 0.05$)。下同。

2.2 不同种植模式下柑橘园土壤微生物性质的变化

自然生草模式下柑橘园土壤微生物生物量碳略高于其他处理, 但是各模式间差异不显著 (表 2)。相比较清耕和自然生草处理, 竹豆间种模式下柑橘园土壤微生物 AWCD 分别提高了 25.81% 和 66.67% ($P < 0.05$); Shannon 功能多样性指数分别提高了 3.94% 和 2.11%, 但是各模式间差异不显著 (表 2); 而 Evenness 均匀度指数分别提高了 4.91% ($P < 0.05$) 和 1.42% (表 2)。自然生草和清耕模式土壤微生物性质没有明显差异。

表 2 不同种植模式对柑橘园土壤微生物性质的影响

种植模式	MBC (mg/kg)	AWCD	Shannon	Evenness
CT	132 ± 20a	0.155 ± 0.024ab	2.79 ± 0.06a	0.815 ± 0.020b
NG	140 ± 39a	0.117 ± 0.017b	2.84 ± 0.03a	0.843 ± 0.006ab
GI	134 ± 29a	0.195 ± 0.012a	2.90 ± 0.03a	0.855 ± 0.017a

相对于清耕和自然生草模式, 竹豆间种模式下土壤微生物对酰胺、氨基酸、酚类和多聚物的代谢能力分别提高了 3.31 和 4.91 倍、1.14 和 1.41 倍、

42.5% 和 95.7%、66.4% 和 125%; 对羧酸代谢强度也分别提高了 28.1% 和 32.6%, 但是各处理间差异不显著 (图 1)。而清耕模式下土壤微生物对糖类的代谢强度最高, 比自然生草和竹豆间种模式分别提高了 1.84 倍和 83.1% (图 1)。

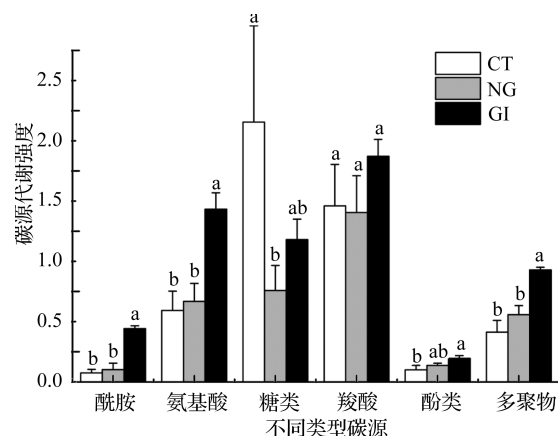


图 1 不同种植模式下土壤微生物对 6 大类碳源的代谢强度差异

注: 每大类碳源的代谢强度以该分类下各相关碳源平均吸光值表征。下同。

进一步分析不同种植模式下土壤微生物对 31 种碳源的代谢能力差异 (图 2), 结果表明, 相对其他模式, 竹豆间种提高了土壤微生物对 2 种酰胺类碳源 (苯基乙胺、腐胺)、3 种氨基酸类碳源 (L-精氨酸、L-天门冬酰胺、L-丝氨酸)、1 种糖类碳源 (D-半乳糖 γ -内酯)、1 种羧酸类碳源 (γ -羟基丁酸)、1 种酚类碳源 (2-羟基苯甲

酸) 和 2 种多聚物类碳源 (土温 40、土温 80) 的代谢能力, 对比清耕处理提高了 0.67 ~ 7.37 倍。自然生草模式下, 土壤微生物仅对 1 种羧酸类碳源 (α -丁酮酸) 的代谢能力较强; 清耕模式下, 土壤微生物对 3 种糖类碳源 (赤藓糖醇、葡萄糖-1-磷酸、D-纤维二糖) 的代谢强度较高。

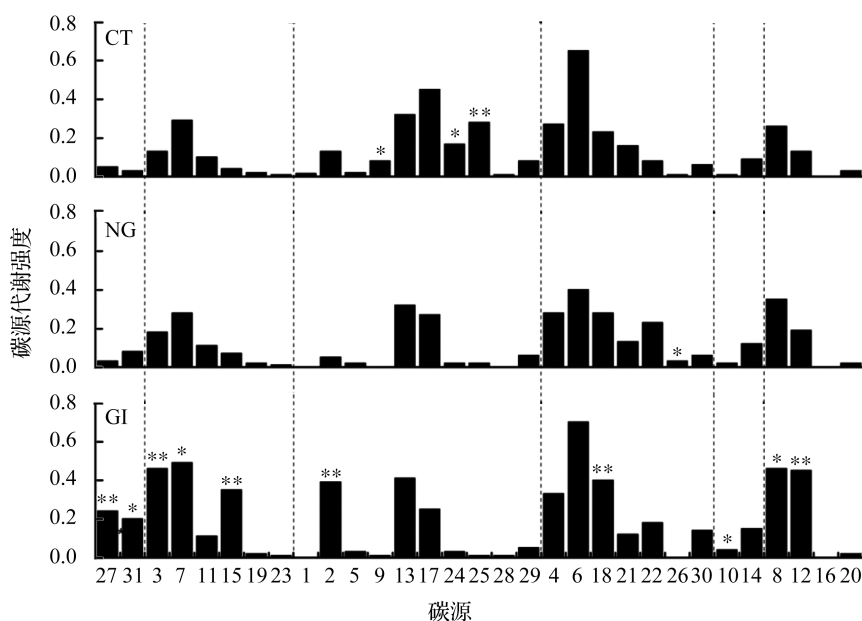


图 2 不同种植模式下土壤微生物对 31 种碳源的代谢强度差异

注: 酰胺类: 苯基乙胺 (27)、腐胺 (31); 氨基酸类: L-精氨酸 (3)、L-天门冬酰胺 (7)、苯丙氨酸 (11)、L-丝氨酸 (15)、苏氨酸 (19)、甘氨酸 (23); 糖类: β -甲基-D-葡萄糖苷 (1)、D-半乳糖 γ -内酯 (2)、D-木糖 (5)、赤藓糖醇 (9)、甘露醇 (13)、N-乙酰-D-葡萄糖胺 (17)、纤维二糖 (24)、葡萄糖-1-磷酸 (25)、 α -D-乳糖 (28)、D, L- α -甘油磷酸酯 (29); 羧酸类: 丙酮酸甲酯 (4)、D-半乳糖 (6)、 γ -羟基丁酸 (18)、D-氨基葡萄糖酸 (21)、衣康酸 (22)、 α -丁酮酸 (26)、D-苹果酸 (30); 酚类: 2-羟基苯甲酸 (10)、4-羟基苯甲酸 (14); 多聚物类: 土温 40 (8)、土温 80 (12)、 α -环糊精 (16)、糖原 (20); * 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$ 。

2.3 土壤微生物性质变化的影响因素

将不同模式下土壤微生物生物量碳、微生物碳源利用能力、功能多样性指数、代谢差异碳源与土壤化学性质进行回归分析, 明确影响土壤微生物性质变化的关键土壤环境因素。结果表明, 各种种植模式下没有与土壤微生物生物量碳显著相关的土壤环境因素 (表 3)。土壤微生物碳源利用能力 AWCD 的主要影响因素是 SOC, Shannon 功能多样性指数的主要影响因素是 pH, 没有与 Evenness 均匀度指数显著相关的土壤环境因素

(表 3)。pH 是影响不同种植模式下代谢差异碳源变化的主要因素, 其次是碱解氮、有效磷和有机碳。其中腐胺、L-精氨酸、 γ -羟基丁酸、2-羟基苯甲酸、土温 40、土温 80 这 6 种代谢差异碳源均受 pH 显著影响, L-天门冬酰胺、 α -丁酮酸 2 种代谢差异碳源主要受碱解氮影响, L-丝氨酸、苯基乙胺 2 种代谢差异碳源主要受有效磷影响, D-半乳糖 γ -内酯主要受有机碳影响, 赤藓糖醇、葡萄糖-1-磷酸、D-纤维二糖等与各环境因子没有明显关系 (表 3)。

表3 不同种植模式下各土壤微生物性质与土壤环境因素的关系

回归方程	R^2	P
MBC	—	—
AWCD=-0.144+0.03 SOC	0.746	<0.01
Shannon=2.43+0.08 pH	0.530	<0.05
Evenness	—	—
腐胺=-0.609+0.142 pH	0.703	<0.01
L- 精氨酸=-1.187+0.287 pH	0.917	<0.01
γ - 羟基丁酸=-0.384+0.137 pH	0.797	<0.01
2- 羟基苯甲酸=-0.125+0.03 pH	0.613	<0.05
土温 40=-0.419+0.154 pH	0.601	<0.05
土温 80=-1.102+0.27 pH	0.794	<0.01
L- 天门冬酰胺=-0.878+0.012 AN	0.823	<0.01
α - 丁酮酸=0.147-0.001 AN	0.596	<0.05
L- 丝氨酸=-0.043+0.004 AP	0.805	<0.01
苯基乙胺=-0.038+0.003 AP	0.877	<0.01
D-半乳酸 γ - 内酯=-1.267+0.148 SOC	0.914	<0.01
赤藓糖醇	—	—
葡萄糖-1- 磷酸	—	—
D- 纤维二糖	—	—

冗余分析结果表明, 载荷1轴(RDA1)对所有变量的解释量为48.6%, 载荷2轴(RDA2)解释量为19.8%。清耕、自然生草和竹豆间种模式在冗余分析载荷图上明显分为3个独立区组, 表明3种植模式下, 土壤微生物的碳源利用模式差异显著(图3)。土壤化学指标等环境因子与竹豆间种模式显著正相关, 结果表明, 种植绿肥后, 土壤环境因素的改善有利于微生物的碳源利用(图3)。根据各化学指标在RDA1轴上的投影值判断, 土壤微生物碳源利用模式受环境因子影响程度的大小顺序为: pH>有效磷>碱解氮>有机碳>速效钾(图3)。

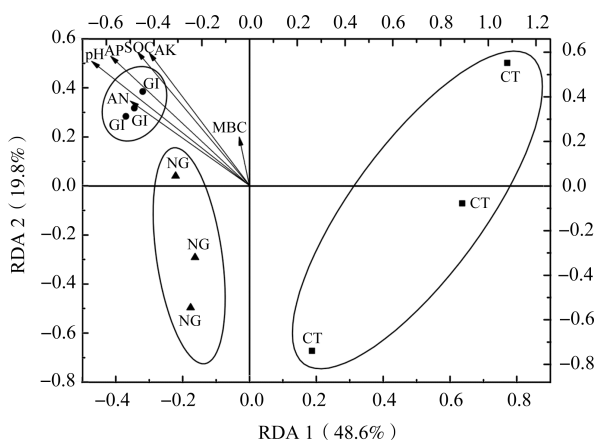


图3 不同种植模式下柑橘园土壤微生物碳源利用模式变化及影响因素

3 讨论

3.1 不同种植模式对柑橘园土壤化学性质的影响

本研究结果表明, 自然生草和竹豆间种模式显著提高了柑橘园土壤pH, 特别是竹豆间种模式对土壤pH提高效果最好。虽然绿肥根系可以分泌有机酸, 可能会降低土壤pH^[18], 但是, 另一方面, 由于本身含有碱基离子^[19], 绿肥翻压分解后补充了土壤碱基离子, 又可以提高土壤pH。本研究所采用的绿肥品种为竹豆, 其中钙、镁等碱基离子含量较高(分别为13.4和3.25 g/kg)。因此, 残体翻压后释放的碱基离子较多, 总体上提高了土壤pH。本研究仅通过2年竹豆种植就显著提高了柑橘园土壤有机碳、碱解氮、有效磷、速效钾的含量。姜培坤等^[19]也有类似报道, 即短期的绿肥种植和翻压即可提高板栗林土壤养分含量。首先, 由于含有碳、氮、磷、钾等养分, 竹豆残体的翻压分解, 可提供大量养分; 其次, 作为豆科绿肥, 竹豆种植后通过固氮作用也能有效提高土壤氮素水平^[20]。

3.2 不同种植模式对柑橘园土壤微生物量和功能多样性的影响

自然生草或者种植绿肥后, 有机物料归还土壤, 可利用碳源增加, 促进微生物生长。有研究表明, 与清耕相比, 自然生草和绿肥间种总体上可以提高果园土壤微生物生物量碳含量^[21]。然而本研究结果表明, 总体上各种种植模式下柑橘园土壤微生物生物量碳差异不显著。此前研究中, 果园自然生草或者绿肥间种后, 杂草或者绿肥的干物质量分别大于9000 kg/hm²^[22]和31000 kg/hm²^[19]。而本研究自然生草或竹豆种植年限较短, 杂草和竹豆的干物质量分别约为3300和2500 kg/hm², 较低的有机物归还水平短期内可能不足以对土壤微生物数量产生明显影响。与微生物数量变化不同, 竹豆间种处理明显提高了土壤微生物碳源利用能力和功能多样性指数。可能是竹豆根系分泌物和植株残体分解, 改善了土壤的化学性质, 最终促进了土壤微生物碳源代谢能力和代谢功能多样性。由此可见, 相对于微生物生物量, 微生物碳源代谢能力和功能多样性指标是响应果园土壤生态过程短期变化的更敏感生物指标。

3.3 不同种植模式对柑橘园土壤微生物碳源代谢特征的影响

不同种植模式下, 柑橘园土壤微生物对不同碳源底物的利用强度明显不同, 可明显分为3个区组。清耕处理土壤微生物对于糖类碳源, 尤其是赤藓糖醇、葡萄糖-1-磷酸、D-纤维二糖的代谢强度高于其他处理; 而自然生草处理土壤微生物对于 α -丁酮酸代谢能力较强; 竹豆间种后, 土壤微生物对于酰胺、氨基酸、羧酸、酚类和多聚物等多种碳源的代谢强度均显著高于其他处理。不同种植模式下植物根系分泌或者有机物料分解所产生的碳源种类和有效性不同, 可能导致了土壤微生物碳源利用模式的差异。例如, 清耕模式下土壤微生物碳源主要是来自柑橘树根系分泌物及死亡根系, 而赤藓糖醇是根系常见分泌物^[23], 葡萄糖-1-磷酸也是维持根细胞渗透压平衡的重要糖类代谢物^[24]。而有机物料, 特别是含氮丰富的竹豆残体归还土壤, 带来大量的蛋白质类、芳香类和大分子难降解有机物, 经过降解转化后, 可释放酰胺、氨基酸、酚类和多聚物等多种碳源, 最终造成土壤微生物的碳源利用模式发生变化^[25]。

3.4 影响微生物碳源代谢特征的主导因素

土壤pH和养分等指标是影响不同种植模式下果园土壤微生物变化的重要因素^[11]。本研究中, 有机碳是影响柑橘园土壤微生物碳源利用能力的主要因素。土壤有机碳含量的变化, 往往意味着微生物可利用碳源数量和有效性的改变, 最终影响微生物碳源利用能力。pH是影响微生物功能多样性指数和碳源利用模式的首要因素, 并且受其影响的代谢差异碳源数量也较多。pH可能通过3个途径影响土壤微生物的碳源利用模式: (1) pH可影响营养物质对微生物的促生作用^[26], 酸性或碱性条件下, 营养物质作用效果较弱, 中性条件下, 营养物质对微生物的促生作用明显; (2) pH影响土壤微生物酶种类和活性^[27], 而酶在土壤微生物碳代谢活动中起关键作用; (3) pH影响微生物群落结构和多样性^[28], 最终影响微生物的碳源利用模式和功能多样性。根据南方柑橘园土壤养分分级标准^[29], 本研究所选择的柑橘园土壤酸化、贫瘠严重, 竹豆间种模式使土壤pH趋于中性, 从而增强了营养物质对微生物的促生作用, 提高了碳代谢相关酶活性, 改善了微生物群落结构和

多样性, 最终促进了微生物对多种碳源的利用。

4 结论

柑橘园间种竹豆后, 显著改善了土壤酸化、贫瘠的状况, 提高了土壤微生物碳源代谢能力和功能多样性, 改变了微生物碳源利用模式。相对于微生物生物量, 微生物碳源代谢能力和功能多样性指标是响应柑橘园土壤生态过程短期变化的更敏感生物指标。

有机碳是影响各种种植模式下柑橘园土壤微生物碳源利用能力的主要因素, 而pH是影响微生物碳源利用模式的首要指标。竹豆间种模式通过提高柑橘园土壤pH, 从而改善了微生物碳源利用特征, 有利于柑橘园土壤生态健康和可持续利用。

参考文献:

- [1] 国家统计局. 中国统计年鉴[M]. 北京: 中国统计出版社, 2019.
- [2] 于淑慧, 朱国梁, 董浩, 等. 桃园种植不同绿肥对土壤肥力的影响[J]. 山东农业科学, 2019, 51(2): 72-75.
- [3] 王学雄, 蔡梦亭, 朱钦娟. 自然降雨下脐橙果园地表产流和产沙特征研究[J]. 赣南师范大学学报, 2016, 37(6): 84-87.
- [4] 刘明庆, 席运官, 汪贞. 野外模拟降雨条件下东江源脐橙果园产流试验[J]. 江苏农业科学, 2015, 43(7): 420-422, 474.
- [5] 秦景逸, 张云, 王秀梅, 等. 绿肥间作模式对苹果园土壤养分含量的影响[J]. 北方园艺, 2016(11): 169-172.
- [6] 闫文涛, 仇贵生, 张怀江, 等. 辽西苹果园三种地面管理模式对土壤理化性状和昆虫群落的影响[J]. 果树学报, 2014, 31(5): 801-808.
- [7] 陈秀德, 吴明波, 姚伦俊, 等. 猕猴桃园绿肥还田对土壤肥力及猕猴桃产质量的影响[J]. 贵州农业科学, 2018, 46(8): 73-76.
- [8] 王学雄, 谷战英, 黄齐. 赣南脐橙园水土流失面源污染的初步研究[J]. 中南林业科技大学学报, 2015, 35(5): 74-89.
- [9] 杨劲明, 王禹童, 陈冰, 等. 豆科绿肥残体对连作蕉园土壤肥力的影响[J]. 热带作物学报, 2020, 41(3): 433-440.
- [10] 潘介春, 徐石兰, 丁峰, 等. 生草栽培对龙眼果园土壤理化性质和微生物学性状的影响[J]. 中国果树, 2019(6): 59-64.
- [11] 杜毅飞, 方凯凯, 王志康, 等. 生草果园土壤微生物群落的碳源利用特征[J]. 环境科学, 2015, 36(11): 4260-4267.
- [12] 司鹏, 于会丽, 高登涛, 等. 生草对沙地葡萄园土壤微生物群落碳源利用特征的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2017, 35(2): 247-254.
- [13] 孙波. 红壤退化阻控与生态修复[M]. 北京: 科学出版社, 2011.
- [14] 张学风, 王登科, 黄蕾, 等. 重庆地区油菜收获后单作竹豆适宜播期和翻埋期的研究[J]. 草业学报, 2016(11): 169-172.
- [15] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.

- [16] Classen A T, Boyle S I, Heskins K E, et al. Community-level physiological profiles of bacteria and fungi: plate type and incubation temperature influences on contrasting soils [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2003, 44 (3): 319-328.
- [17] Garland J L, Mills A L. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community-level sole-carbon-source utilization [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1991, 57 (8): 2351-2359.
- [18] 孙文彦, 孙敬海, 尹红娟, 等. 绿肥与苗木间种改良苗圃盐碱地的研究 [J]. *土壤通报*, 2015, 46 (5): 1221-1225.
- [19] 姜培坤, 徐秋芳, 周国模, 等. 种植绿肥对板栗林土壤养分和生物学性质的影响 [J]. *北京林业大学学报*, 2007, 29 (3): 120-123.
- [20] 李增强, 王健红, 张贤, 等. 绿肥腐解及养分释放过程研究进展 [J]. *中国土壤与肥料*, 2017 (4): 8-16.
- [21] 吴家森, 张金池, 钱进芳, 等. 生草提高山核桃林土壤有机碳含量及微生物功能多样性 [J]. *农业工程学报*, 2013, 29 (20): 111-117.
- [22] 王艳廷, 冀晓昊, 张艳敏, 等. 自然生草对黄河三角洲梨园土壤物理性状及微生物多样性的影响 [J]. *生态学报*, 2015, 35 (16): 5374-5384.
- [23] 冯海超. 根系分泌物组分与 SQR9 基因转录的相关性分析及其趋化与成膜的影响 [D]. 南京: 南京农业大学, 2015.
- [24] 罗宁. 低温胁迫对玉米幼苗根系生理功能及激素代谢的影响 [D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2015.
- [25] 吴林坤, 林向民, 林文雄. 根系分泌物介导下植物-土壤-微生物互作关系研究进展与展望 [J]. *植物生态学报*, 2014, 38 (3): 298-310.
- [26] Xun W, Huang T, Zhao J, et al. Environmental conditions rather than microbial inoculum composition determine the bacterial composition, microbial biomass and enzymatic activity of reconstructed soil microbial communities [J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2015, 90: 10-18.
- [27] 王富国, 宋琳, 冯艳, 等. 不同种植年限酸化果园土壤微生物学性状的研究 [J]. *土壤通报*, 2011, 42 (1): 46-50.
- [28] Rousk J, Bååth E, Brookes P, et al. Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil [J]. *The ISME Journal*, 2010 (4): 1340-1351.
- [29] 曹胜, 欧阳梦云, 周卫军, 等. 湖南省柑橘园土壤 pH 和主要养分特征及其相互关系 [J]. *中国土壤与肥料*, 2020 (1): 31-38.

Effect of bamboo bean intercropping on soil chemical properties and microbial carbon metabolism in citrus orchard

MA Xin-ling^{1, 2}, QIN Wen-jing^{3*}, LIU Kai^{1, 2}, LIU Jia³, FAN Jian-bo^{1, 2}, LI Zhong-pei^{1, 2}, CHEN Xiao-fen³, WU Meng^{1, 2}, JIANG Chun-yu^{1, 2}, LIU Kai-li⁴, WU Zhi-feng⁴, LIU Ming^{1, 2*} (1. State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing Jiangsu 210008; 2. Graduate University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049; 3. National Engineering & Technology Research Center for Red Soil Improvement, Soil and Fertilizer & Resources and Environment Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang Jiangxi 330200; 4. Jiangxi Agro-Tech Extension Station, Nanchang Jiangxi 330046)

Abstract: Choose a typical citrus orchard in the red soil region and set up three planting patterns: clear tillage, natural grass growing and intercropping bamboo bean, were selected to study the changes of soil chemical properties, microbial biomass, and microbial carbon metabolic characteristics in citrus orchard. The critical soil factors affecting microbial carbon metabolic characteristics were also determined. The results showed that the pH of citrus orchard soil increased by 24.03% and 21.65%, and the organic carbon, alkaline nitrogen, available phosphorus, and available potassium increased by 19.40% and 25.14%, 14.02% and 18.61%, 2.69 and 3.12 times, 63.40% and 1.14 times, respectively, under the intercropping bamboo bean pattern, compared to clear tillage and natural grass growing. Microbial biomass carbon was not significantly affected by planting patterns, but the average well color development (AWCD) and evenness index of soil microbe were significantly improved by intercropping bamboo bean. The microbial metabolic intensity of amides, amino acids, phenolic compounds and polymers in soils under intercropping bamboo bean pattern were significantly higher than those under other patterns. Microbial metabolic intensity of carbohydrates, especially Erythritol, Glucose-1-phosphate and D-cellobiose in soils under clear tillage pattern were significantly higher than those under other patterns. Stepwise regression analysis showed that the AWCD was closely related to soil organic carbon. But pH was the primary soil factor affecting microbial functional diversity and metabolically differential carbon source. Redundancy analysis showed that the order of soil factors affecting carbon utilization patterns was: pH > available phosphorus > alkaline nitrogen > soil organic carbon > available potassium. In conclusion, intercropping bamboo bean can alleviate the soil acidification, increase the soil nutrient content, and improve the microbial community structure and functional diversity, which is conducive to the health and sustainability of the soil ecosystem in citrus orchard.

Key words: intercropping bamboo bean; citrus orchard; red soil region; microbial biomass carbon; microbial carbon metabolism