

短期梨树枝条覆盖还田对土壤理化性质和微生物群落的影响

陈启亮¹, 杨晓平¹, 张靖国¹, 范净¹, 史昊², 刘莉², 胡红菊^{1, 3*}

(1. 湖北省农业科学院果树茶叶研究所, 果树种质创新与利用湖北省重点实验室, 湖北 武汉 430064;
2. 安徽农业大学园艺学院, 安徽 合肥 230036; 3. 湖北洪山实验室, 湖北 武汉 430070)

摘要: 枝条还田不仅是废弃物资源化利用的有效途径, 还是土壤综合肥力提升的重要措施。以‘金蜜’梨为研究对象, 开展梨树枝条粉碎覆盖还田试验, 共设置 4 个处理: 不还田 (0 kg/株, R0)、低量还田 (4 kg/株, R4)、常规量还田 (8 kg/株, R8) 和高量还田 (12 kg/株, R12)。在梨树枝条还田 8 个月后, 采用常规分析方法和 Illumina MiSeq 高通量测序技术, 研究土壤理化性质和微生物群落对不同枝条还田量的响应差异。结果表明: 随着枝条还田量的增加, R4 处理可以提高土壤粘粒含量, 但 R8、R12 处理增加了砂粒含量; 土壤微生物量碳、氮含量以 R4 处理最高, 分别为 123.82 和 34.04 mg/kg。枝条还田对土壤细菌多样性指数无显著影响, 但增加了变形菌门的相对丰度、降低了绿弯菌门的相对丰度, 并改变了细菌目水平上的优势类群。R4 处理土壤真菌 chao1 指数显著高于其他处理, 枝条还田显著增加了担子菌门的相对丰度、降低了子囊菌门的相对丰度, 在真菌目水平上, 枝条还田增加了伞菌目、粪壳菌目等类群的相对丰度, 但降低了小子囊菌目的相对丰度。冗余分析结果显示, 土壤富里酸、机械组成 (粘粒和粉粒) 是微生物群落组成存在差异的主要驱动因子。因此, 在当前梨园枝条粉碎覆盖还田的条件下, 结合土壤理化性质和微生物群落结构的变化, 推荐短期内以 4 kg/株为最佳枝条还田量。

关键词: 枝条还田; 覆盖; 细菌; 真菌; 群落结构

梨树适应性强、分布广泛, 2019 年我国梨园面积为 94 万 hm^2 , 梨是仅次于苹果、柑橘的第三大水果。然而, 受品质、栽培技术等多方面因素的影响, 我国梨果品质相对较低, 梨产业发展滞后。果实的品质问题大多与土壤性质相关, 如土壤因子与香梨黄化病之间的关系^[1]。因此, 提高土壤综合肥力对果实提质增效、果树产业升级具有重要意义。果树修剪是调节果树生长的必要措施, 但其产生的废弃枝条数量庞大, 由于枝条的收集、运输、处理等工作费时费力, 农户往往直接将其丢弃或焚烧, 这不仅会造成资源的浪费, 还会引起病虫害传播和环境污染等问题。研究表明, 果树枝条富含矿质元素和有机碳等有益成分, 枝条粉碎还田不仅为果园修剪废弃物的有效利用提供了出路, 还可

以改善土壤性质、提高果园生产力。据估算, 2017 年山东省果树修剪枝条可为土壤提供 154 万 t 有机质以及超过 4 万 t 大量元素和 1 万 t 微量元素的养分^[2]。枝条还田作为一种新型的土壤管理模式, 在不同果园中均有应用。苹果枝条夏季采用直接地表覆盖、冬季采用剪成段埋土覆盖的方式, 有利于土壤有机质、矿质养分和土壤酶活性的提高^[3]。桃树修剪枝条以常规量还田对植株生长、土壤自毒物质等均没有不利的影响, 但枝条过量还田会抑制桃树生长^[4]。葡萄枝条行内覆盖可增加土壤细菌群落的丰度和多样性, 进而改善土壤养分状况^[5]。梨园修剪枝条覆盖还田可增加土壤微生物碳、氮含量以及真菌、细菌数量, 并提高果实可溶性糖含量, 有助于果实提前上市^[6]。尽管果树枝条还田是废弃物肥料化利用的重要途径, 但枝条还田技术不成熟、还田效果不明显等问题导致果农意愿不强, 仍然阻碍着果树产业的发展。本研究以梨园为研究对象, 设置不同的枝条还田量, 分析梨树枝条还田条件下土壤物理、化学、微生物性质的变化特征以及果实的产量、品质差异, 以期解决梨园修剪枝条最佳还田量问题, 为枝条还田技术在果树产业的发展中发挥关键作用提供理论依据。

收稿日期: 2021-11-30; 录用日期: 2022-02-28

基金项目: 现代农业产业技术体系建设专项 (CARS-28); 国家科技资源共享服务平台项目 (NHGRC)。

作者简介: 陈启亮 (1976-), 研究员, 本科, 主要从事砂梨种质资源收集、保存、鉴定评价与共享利用研究。E-mail: cq199@sina.com。

通讯作者: 胡红菊, E-mail: hongjuhu@sina.com。

1 材料与方法

1.1 试验地点

试验位于武汉市江夏区金水闸湖北省农业科学院果树茶叶研究所国家砂梨种质资源圃(武汉)(30° 17' 43" N, 114° 08' 37" E)。该地属亚热带湿润季风气候,年平均温度 16.8 °C,年日照时数 1800 ~ 2000 h, ≥ 10 °C 年积温 4500 ~ 5200 °C,年平均降水量 1100 mm,无霜期 266 d,海拔 36 m。试验地土壤为砂质红壤土, pH 值 5.73,有机质 16.84 g/kg、全氮 1.19 g/kg、碱解氮 85.44 mg/kg、有效磷 126.97 mg/kg、速效钾 264.46 mg/kg。供试梨树品种为‘金蜜’梨^[7],树龄 12 年,株行距 2 m × 4 m。梨树枝条全碳 46.74%、全氮 0.625%、全磷 0.089%、全钾 0.324%、含水量 13.1%。

1.2 试验设计

根据往年梨树修剪枝条量平均约为 8 kg/株,本试验共设置 4 个处理:不还田(R0),采用园艺地布进行覆盖;低量还田(R4),采用枝条粉碎物 4 kg/株进行覆盖;常规量还田(R8),采用枝条粉碎物 8 kg/株进行覆盖;高量还田(R12),采用枝条粉碎物 12 kg/株进行覆盖。每个处理选择长势一致的 5 株梨树予以标记,于 2016 年 11 月将修剪的枝条粉碎成 2 ~ 3 cm 小段,自然晾干,2017 年 3 月 10 日将枝条粉碎物均匀覆盖于梨树树盘,树盘高 30 cm,宽 100 cm。参试梨树按南北向分布在同一行,各处理其他管理措施保持一致。

1.3 土壤样品采集与分析

1.3.1 土壤样品的采集

试验开始前标记 20 株梨树,每个处理 5 株。于 2018 年 7 月中旬(成熟期),去除树盘表面覆盖物,用环刀采集 0 ~ 10 cm 土层土壤,用于容重、土壤机械组成测定。在距离树干半径 30 cm 处随机选取 5 个点,每个处理共采集 25 个点。采集土壤样品时,用 75% 乙醇消毒液对土钻进行灭菌,然后用土钻采集 0 ~ 20 cm 土层土壤,剔除石块、草根、秸秆等肉眼可见的杂物,采用四分法混合均匀,分为 3 部分,一部分装入 4 °C 冰箱保存,用于测定土壤微生物生物量碳和氮;一部分风干,用于土壤有机质、富里酸、胡敏酸的测定;一部分用无菌锡箔纸包好,液氮速冻后保存于 -80 °C 超低温冰箱,用于细菌、真菌群落多样性高通量测序。

1.3.2 土壤理化性质及微生物生物量碳、氮的测定

土壤容重采用环刀法测定,土壤机械组成采用激光测定仪测定,土壤有机质含量采用重铬酸钾容量法测定^[8]。富里酸和胡敏酸含量采用焦磷酸钠/氢氧化钠提取-重铬酸钾氧化容量法测定(NY/T 1867-2010)。土壤微生物生物量碳、氮采用氯仿熏蒸-K₂SO₄浸提-有机碳氮分析仪测定^[9]。

1.3.3 微生物多样性分析

称取新鲜土壤,采用 E.Z.N.A® Soil NDA Kit (Omega Bio-tek, USA) 试剂盒提取土壤微生物总 DNA,利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组 DNA。细菌对 16S rRNA 基因的 V3 ~ V4 高变区片段进行 PCR 扩增,引物序列为 338F (5' -ACT CCT ACG GGA GGC AGC AG-3') 和 806R (5' -GGA CTA CHV GGG TWT CTA AT-3')。真菌对 18S rRNA 基因的 V3 ~ V4 高变区片段进行 PCR 扩增,引物序列为 SSU0817F (5' -TTA GCA TGG AAT AAT RRA ATA GGA-3') 和 81196R (5' -TCT GGA CCT GGT GAG TTT CC-3')。扩增条件为:95 °C 预变性 2 min,接着进行 25 个循环,包括 95 °C 变性 30 s,55 °C 退火 30 s,72 °C 延伸 30 s;循环结束后 72 °C 最终延伸 5 min。每个样本 3 次重复,将同一样本的 PCR 产物混合后用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测,使用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒 (AXYGEN 公司) 切胶回收 PCR 产物,Tris_HCl 洗脱;2% 琼脂糖电泳检测。参照电泳初步定量结果,将 PCR 产物用 QuantiFluor™-ST 蓝色荧光定量系统 (Promega 公司) 进行检测定量,按照每个样本的测序量要求进行相应比例的混合。在上海美吉生物医药科技有限公司的 Illumina Miseq PE300、PE250 平台上分别进行细菌和真菌的测序。

1.4 数据统计与分析

细菌和真菌多样性分析采用 chao1 和 shannon 指数。

$$\text{chao1 指数计算公式: } S_{\text{chao1}} = S_{\text{obs}} + \frac{n_1 (n_1 - 1)}{2 (n_2 + 1)}$$

其中, S_{chao1} 为估计的 OTU (operational taxonomic unit) 数, S_{obs} 为实际观测到的 OTU 数, n_1 为只含有一条序列的 OTU 数 (如 singletons), n_2 为只含有两条序列的 OTU 数。

$$\text{shannon 指数计算公式: } H_{\text{shannon}} = - \sum_{i=1}^{S_{\text{obs}}} \frac{n_i}{N} \ln \frac{n_i}{N}$$

其中, S_{obs} 为实际观测到的 OTU 数, n_i 为第 i

个 OTU 所含的序列数, N 为所有的序列数。

采用单因素方差分析判断各处理之间梨果产量、品质, 土壤理化性质, 微生物生物量碳、氮, 细菌、真菌群落多样性和群落结构之间的差异, 多重比较采用最小显著差数法 (Least significant difference, LSD), $P < 0.05$ 表示差异显著, 数据分析采用 SPSS 20.0 (SPSS Inc., Chicago, IL, USA) 进行。采用冗余分析 (Redundancy analysis, RDA) 分析环境因子对微生物群落分布的影响, 采用 CANOCO 4.5 (Microcomputer Power, Ithaca, NY, USA) 进行分析。

2 结果与分析

2.1 枝条还田量对土壤理化性质和微生物生物量碳、氮的影响

梨树枝条覆盖还田对土壤容重和机械组成的影

响结果如表 1 所示, R0 ~ R12 处理土壤容重变幅为 1.10 ~ 1.27 g/cm^3 , 不同枝条还田量对土壤容重无显著影响。从土壤机械组成来看, R0 处理粘粒、粉粒和砂粒含量分别为 5.52%、81.83% 和 12.65%, R4 处理显著增加了粘粒和粉粒含量、降低了砂粒含量, 但随着枝条还田量的进一步增加, R8 和 R12 处理则降低了粘粒和粉粒含量、增加了砂粒含量。

由表 2 可以看出, 随着枝条覆盖还田量的不断增加, 土壤有机质、富里酸和胡敏酸含量无明显变化规律, 但 R4 和 R12 处理有机质和富里酸含量显著高于 R0 处理。土壤微生物生物量碳、氮的结果以 R0 处理普遍较低, 不同枝条还田量处理中以 R4 处理最高, 分别为 123.82 和 34.04 mg/kg 。

表 1 枝条还田量对土壤容重和机械组成的影响

处理	土壤容重 (g/cm^3)	土壤机械组成 (%)		
		粘粒 (<0.002 mm)	粉粒 (0.002 ~ 0.05 mm)	砂粒 (0.05 ~ 2 mm)
R0	1.27 ± 0.11a	5.52 ± 0.38b	81.83 ± 1.14a	12.65 ± 1.01b
R4	1.10 ± 0.16a	6.83 ± 0.37a	82.22 ± 0.62a	10.95 ± 0.73c
R8	1.25 ± 0.04a	5.15 ± 0.10b	79.35 ± 0.45b	15.50 ± 0.37a
R12	1.12 ± 0.07a	4.42 ± 0.40c	79.83 ± 1.05b	15.75 ± 0.74a

注: 同列不同字母表示处理间差异达显著水平 ($P < 0.05$)。下同。

表 2 枝条还田量对土壤化学指标和微生物生物量碳、氮的影响

处理	有机质 (%)	富里酸 (g/kg)	胡敏酸 (g/kg)	微生物生物量碳 (mg/kg)	微生物生物量氮 (mg/kg)
R0	1.64 ± 0.27c	2.44 ± 0.05c	1.19 ± 0.09d	29.14 ± 3.58c	9.53 ± 0.23c
R4	2.16 ± 0.34b	3.02 ± 0.12a	0.97 ± 0.04d	123.82 ± 9.23a	34.04 ± 2.31a
R8	1.53 ± 0.64d	2.32 ± 0.02c	0.70 ± 0.06c	46.69 ± 10.96b	9.09 ± 0.63c
R12	2.25 ± 0.34a	2.62 ± 0.10b	1.72 ± 0.14a	119.53 ± 2.99a	17.87 ± 1.01b

2.2 枝条还田对土壤细菌多样性和群落组成的影响

不同处理土壤细菌 chao1 和 shannon 指数的结果如表 3 所示, R0 ~ R12 处理的 chao1 指数介于 3406 ~ 3509 之间, 且处理间无显著差异; 土壤细

表 3 土壤微生物多样性指数分析

处理	细菌		真菌	
	chao1 指数	shannon 指数	chao1 指数	shannon 指数
R0	3430 ± 146a	10.48 ± 0.02b	593 ± 66bc	6.45 ± 0.08a
R4	3406 ± 905a	10.73 ± 0.07a	859 ± 90a	6.35 ± 0.04a
R8	3509 ± 146a	10.53 ± 0.04b	703 ± 34b	6.47 ± 0.05a
R12	3476 ± 250a	10.50 ± 0.10b	527 ± 31c	4.09 ± 0.67b

菌 shannon 指数介于 10.48 ~ 10.73 之间, 其中 R4 处理显著高于 R0 处理。因此, 梨树枝条覆盖还田对土壤细菌群落丰富度无明显影响, 而 4 $\text{kg}/\text{株}$ 的枝条覆盖还田可提高细菌群落多样性。

如图 1 所示, 细菌门水平上, R0 ~ R12 4 个处理的优势类群分别为变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria) 和绿弯菌门 (Chloroflexi), 其相对丰度均超过 10%。在这 4 类优势群中, R0 处理变形菌门的相对丰度为 26.3%, R4 ~ R12 处理介于 29.7% ~ 31.5% 之间, 均高于 R0 处理, 其中以 R12 处理最高; R0 处理绿弯菌门的相对丰度为 15.5%, R4 ~ R12 处理介于

10.5% ~ 13.6% 之间, 均低于 R0 处理, 其中以 R4 处理最低; 放线菌门和酸杆菌门的相对丰度变幅分别为 17.6% ~ 20.3% 和 13.7% ~ 16.7%, 不同处理间无明显的变化规律。总体来看, 枝条覆盖还田主要是增加了变形菌门的相对丰度、降低了绿弯菌门的相对丰度, R4 处理土壤中放线菌门相对丰度明显低于 R8 和 R12 处理。

在细菌目水平上 (图 1), R0 处理土壤细菌群落的优势菌目 (相对丰度 >5%) 为芽单胞菌目 (Gemmatimonadales, 7.9%)、根瘤菌目 (Rhizobiales, 6.0%)、伯克氏菌目 (Burkholderiales, 5.4%)、Vicinamibacterales (5.2%)、酸杆菌目 (Acidobacteriales, 5.1%) 和弗兰克氏菌目 (Frankiales, 5.0%)。枝条粉碎覆盖还田后, R4 处理优势菌目依次为根瘤菌目 (9.8%)、Vicinamibacterales (8.2%)、伯克氏菌目 (6.6%) 和芽单胞菌目 (6.5%); 随着枝条还田量的增加, R8 和 R12 处理的的优势菌目较 R4 处理新增了酸杆菌目, 相对丰度分别为 5.9% 和 5.0%。因此, 与不还田土壤细菌优势菌目相比, 枝条覆盖还田主要是增加了根瘤菌目的相对丰度, 且以 4 kg/ 株还田量最为明显。

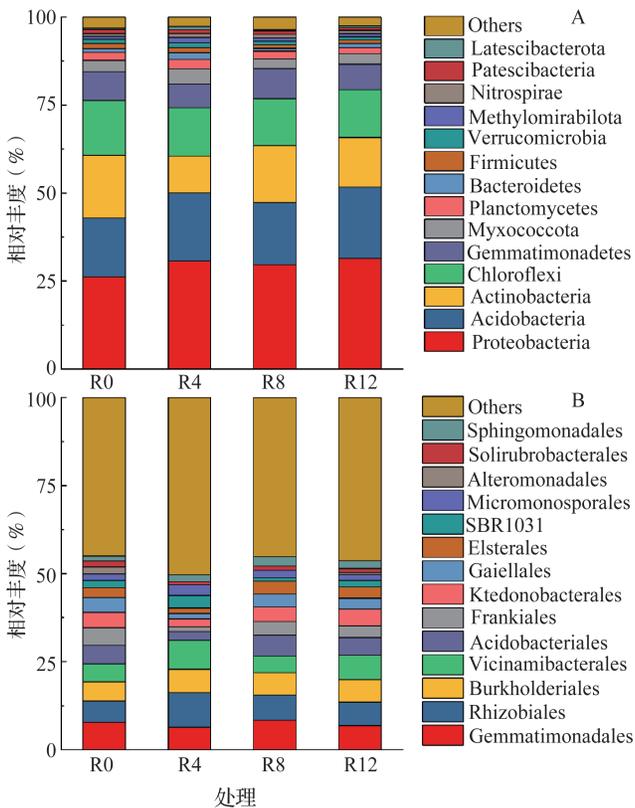


图 1 土壤细菌群落组成

注: 图 A 为门水平, 图 B 为目水平。

2.3 枝条还田对土壤真菌多样性和群落结构的影响

不同处理土壤真菌 chao1 和 shannon 指数的结果如表 3 所示, R0 处理真菌 chao1 指数为 593, 当枝条还田量增加到 4 kg/ 株时, chao1 指数达到最高 (859), 随后逐渐降低; shannon 指数在 R0 ~ R8 处理间无显著差异, 变幅为 6.35 ~ 6.47, 当枝条还田量增加到 12 kg/ 株时, shannon 指数降至最低 (4.09)。因此, 梨树枝条覆盖还田量在 8 kg/ 株内, 土壤真菌群落丰富度和多样性均可维持在较高的水平, 当还田量为 4 kg/ 株时, 真菌群落丰富度达到最高。

如图 2 所示, 在真菌门水平上, R0 处理优势类群为子囊菌门 (Ascomycota), 所占比例达到 68.5%; 其次为担子菌门 (Basidiomycota), 但比例低于 5%。R4 ~ R12 处理优势菌门为子囊菌门和担子菌门, 所占比例变幅分别为 23.4% ~ 63.5% 和 14.1% ~ 65.5%, 随着枝条还田量的增加, 子囊菌门所占比例逐渐降低, 而担子菌门呈现逐渐增加的趋势。另外, R0 ~ R12 4 个处理的 unclassified_k_Fungi 所占比例达到 9.2% ~ 24.5%, 而捕虫霉门 (Zoopagomycota) 和被孢霉门 (Mortierellomycota) 均低于 2%。因此, 枝条覆盖还田对土壤真菌优势菌门的影响主要是体现在降低了子囊菌门的相对丰度、

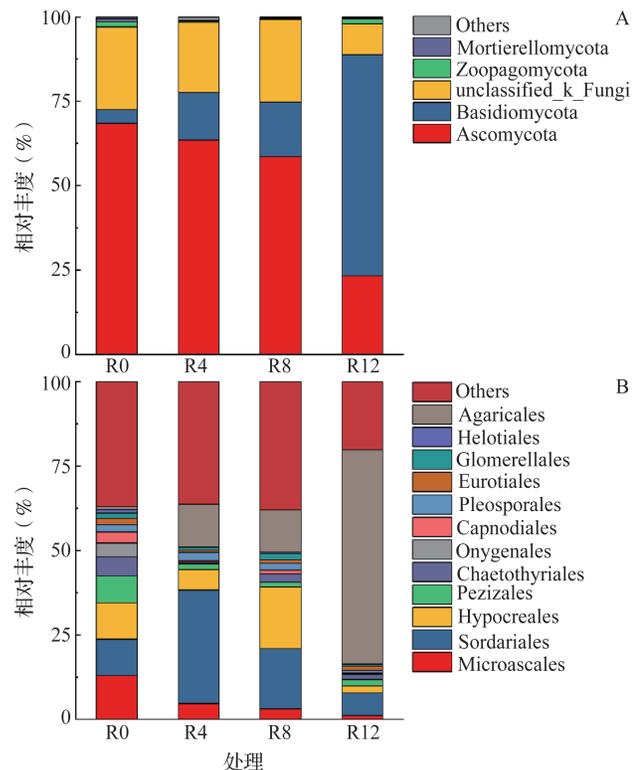


图 2 土壤真菌群落组成

注: 图 A 为门水平, 图 B 为目水平。

增加了担子菌门的相对丰度,且高量(12 kg/株)枝条覆盖还田中担子菌门成为最主要的真菌优势菌门。

在真菌目水平上(图2),R0处理土壤真菌群落的优势菌目(相对丰度>5%)为小子囊菌目(Microascales, 13.0%)、粪壳菌目(Sordariales, 10.8%)、肉座菌目(Hypocreales, 10.8%)、盘菌目(Pezizales, 8.0%)和刺盾负目(Chaetothyriales, 5.6%)。枝条粉碎覆盖还田后,R4和R8处理的优势菌目均为粪壳菌目、肉座菌目和伞菌目(Agaricales),R12处理则为粪壳菌目和伞菌目;与R0处理相比,枝条还田主要提高了粪壳菌目、肉座菌目和伞菌目的相对丰度,同时降低了小子囊菌目、盘菌目和刺盾负目的相对丰度。总体来看,枝条还田对土壤真菌优势菌目的

影响主要体现在增加了伞菌目、降低了小子囊菌目和盘菌目,而低量(4 kg/株)枝条覆盖还田中粪壳菌目成为最主要的真菌优势菌目。

2.4 环境因子对土壤细菌和真菌群落结构的影响

土壤微生物群落结构与环境因子的RDA分析结果如图3所示,RDA1和RDA2分别可解释细菌群落变异的74.37%和10.52%,真菌群落变异的82.75%和12.16%,前两个约束轴分别解释了细菌和真菌总变异的84.89%和94.91%。进一步分析优势类群与环境因子之间的关系发现,土壤富里酸含量与根瘤菌目(Rhizobiales)和Vicinamibacterales均呈显著正相关关系;土壤粘粒和粉粒含量均与粪壳菌目(Sordariales)呈显著正相关关系。

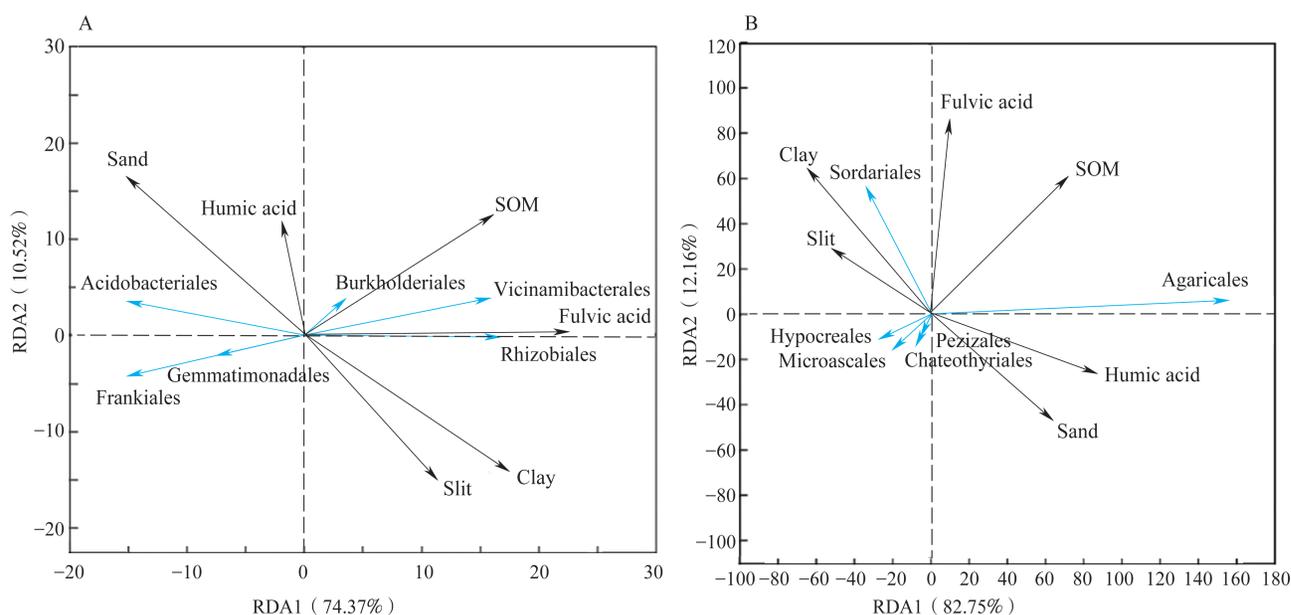


图3 土壤细菌和真菌群落的RDA分析

注:图A为细菌,图B为真菌。

3 讨论

果树修剪是果园管理的重要措施,枝条还田成为农业生态良性循环的关键链条。与秸秆还田培肥农田土壤类似,果园枝条还田是改善土壤结构、提高土壤肥力的重要措施之一。果树枝条中富含木质素、纤维素、糖类等有机物质及氮、磷、钾等矿质养分,是提高土壤综合肥力的重要保证。在我国东北地区,苹果枝条夏季采用直接覆盖、冬季采用剪成段埋土覆盖的方式,有利于土壤有机质、速效磷和钾含量的提高,且夏季覆盖效果整体优于冬季,另外,苹果枝条覆盖还田有效地防止了土壤水

分的蒸发^[3]。在宁夏地区,葡萄园同样采用枝条行内覆盖还田的方式降低地表蒸发量,且土壤有机质、碱解氮和速效磷含量较普通清耕方式均有显著的提高^[5]。在辽西地区,梨园采用地膜或秸秆进行树盘覆盖的方式,以达到土壤保蓄水和培肥的目的^[10]。在长江下游地区,梨园枝条经发酵腐熟后降解为新的腐殖质,覆盖还田可降低土壤容重,并提高土壤水溶性有机碳和速效养分含量^[11]。本研究中,梨园土壤属粉砂性,与枝条不还田相比,低量(4 kg/株)枝条覆盖还田降低了土壤砂粒含量,增加了粘粒含量,这可能与枝条覆盖降低了水滴溅蚀和地表径流有关^[12];随着枝条覆盖还田量的增

加, 较高的土壤含水率增加了淋溶风险, 进而导致粘粒含量的降低^[13]。另外, 枝条还田对土壤化学性质的影响主要体现在提高有机质、铵态氮和硝态氮含量。一方面, 枝条覆盖还田避免了土壤扰动, 降低了CO₂的排放, 有利于有机碳的积累; 另一方面, 枝条覆盖减少了土壤水分蒸发, 活化了水溶性铵态氮和硝态氮, 有利于氮素的积累^[14]。

秸秆还田土壤微生物生物量氮较不还田有明显的增加效应, 且在还田初期, 微生物生物量氮处于动态调整的阶段^[15], 本研究通过短期的枝条还田发现, 土壤微生物生物量碳、氮均有较大幅度的提高, 仍需一段时间才能达到稳定状态。通常情况下, 秸秆采用粉碎覆盖的方式还田时, 土壤真菌对秸秆的分解作用要强于细菌^[16]。在连续梨树枝条粉碎还田时, 还田量一定要小于8 kg/株^[17], 本研究中枝条还田量为4~8 kg/株时, 真菌chao1指数显著高于不还田处理, 而不同处理下细菌多样性无明显变化。从微生物群落结构来看, 不同枝条还田量处理提高了变形菌门的相对丰度, 变形菌门是细菌中规模最大、研究最广的类群之一, 包括根瘤菌目、红杆菌目、红螺目、立克次目、鞘氨醇单胞菌目和弧菌目^[18], 变形杆菌参与了土壤中必需矿物质营养物质的生物循环^[19], 根际中较高比例的变形杆菌有利于土壤肥力的提升^[20]。梨树枝条还田量为4 kg/株时, 根瘤菌目和伯克氏菌目均显著高于其他处理, 根瘤菌富集于根际, 可产生矿化土壤有机质的酶, 伯克氏菌同样具有固氮的作用, 从而促进植物生长^[21-22]。另外, 枝条还田还能提高土壤酸杆菌门的相对丰度, 具有降解纤维素和调节土壤酸碱度的作用^[23-24]。低量枝条还田(4 kg/株)还可以显著提高土壤粪壳菌目和格孢腔菌目的相对丰度, 均是降解木质素的有效微生物, 且表现出寡营养的特征^[25-26]。枝条还田还可以增加土壤伞菌目, 伞菌纲多为腐生菌, 通过分泌过氧化物酶分解和利用土壤中的木质素、植株残留物等有机物质^[27], 当枝条还田量为4 kg/株时, 土壤伞菌目即可增加10倍以上, 是养分供给的重要保障。总体来看, 短期梨树枝条覆盖还田量为4 kg/株时, 土壤机械组成、有机质和养分含量均有所改善, 进而改变了细菌和真菌的群落组成, 是梨园枝条粉碎覆盖还田的最佳用量。

4 结论

本研究分析了枝条还田对梨果产量与品质、土

壤理化性质、微生物生物量碳、氮及土壤细菌与真菌群落组成的影响, 初步确定了短期(2年)梨树枝条覆盖还田的最佳用量, 即4 kg/株, 但枝条还田的长期效应(5~8年)仍不明确。由于梨树枝条的常规修剪量为8 kg/株, 仍有一半的枝条有待处理与利用, 因此, 全量枝条还田技术(如粉碎翻压、联合堆肥还田、覆盖联合腐熟剂等)仍需进一步研究。

参考文献:

- [1] 何天明, 刘泽军, 覃伟铭, 等. 土壤因子对库尔勒香梨缺铁失绿症发生的影响[J]. 西北农业学报, 2013, 22(1): 97-103.
- [2] 陈炆, 王丽霞, 杨毅, 等. 山东省果树修剪枝条资源评估及肥料化利用潜力分析[J]. 中国果树, 2020(4): 92-95.
- [3] 周江涛, 程存刚, 赵德英, 等. 苹果枝条不同覆盖方式对果园土壤理化性质的影响[J]. 北方园艺, 2019(11): 39-44.
- [4] 张江红, 彭福田, 蒋晓梅, 等. 桃树枝条还田对土壤自毒物质、微生物及植株生长的影响[J]. 植物生态学报, 2016, 40(2): 140-150.
- [5] 刘思, 徐国前, 张军翔. 葡萄行内覆盖对土壤细菌群落结构的影响[J]. 核农学报, 2020, 34(12): 2865-2871.
- [6] 赵鹏. 秸秆还田和枝条堆肥对梨园土壤性状及梨果品质的影响研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2015.
- [7] 陈启亮, 杨晓平, 胡红菊, 等. 金蜜梨新梢与果实生长动态及相关性分析[J]. 湖北农业科学, 2014, 53(1): 83-85.
- [8] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2005.
- [9] 李新爱, 肖和艾, 吴金水, 等. 喀斯特地区不同土地利用方式对土壤有机碳、全氮以及微生物生物量碳和氮的影响[J]. 应用生态学报, 2006, 17(10): 1827-1831.
- [10] 赵德英. 梨园树盘覆盖的土壤生态效应及树体生理响应研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2013.
- [11] 赵鹏, 詹国勤, 徐加宽, 等. 梨园秸秆和修剪枝条的还田效果研究[J]. 南京农业大学学报, 2015, 38(4): 610-616.
- [12] 邱野, 王瑄, 李德利, 等. 不同耕作模式下坡耕地次降雨径流量及径流泥沙颗粒机械组成规律[J]. 水土保持学报, 2012, 26(2): 62-65.
- [13] 胡锦涛, 樊军, 付威, 等. 保护性耕作措施对旱地春玉米土壤水分和硝态氮淋溶累积的影响[J]. 应用生态学报, 2019, 30(4): 1188-1198.
- [14] 卜玉山, 邵海林, 王建程, 等. 秸秆与地膜覆盖春玉米和春小麦耕层土壤碳氮动态[J]. 中国生态农业学报, 2010, 18(2): 322-326.
- [15] 李贵桐, 赵紫娟, 黄元仿, 等. 秸秆还田对土壤氮素转化的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2002, 8(2): 162-167.
- [16] Beare M H, Hu S, Coleman D C, et al. Influences of mycelial fungi on soil aggregation and organic matter storage in conventional and no-tillage soils[J]. Applied Soil Ecology, 1997, 5(3): 211-219.

- [17] 刘莉, 史昊, 栾晓龙, 等. 梨树弃枝粉碎还田对梨园土壤理化性质和梨生长的影响[J]. 西北植物学报, 2021, 41(6): 1019–1027.
- [18] Gupta R S, Mok A. Phylogenomics and signature proteins for the alpha Proteobacteria and its main groups[J]. BMC Microbiology, 2007, 7: 106.
- [19] Lesaulnier C, Papamichail D, McCorkle S, et al. Elevated atmospheric CO₂ affects soil microbial diversity associated with trembling aspen[J]. Environmental Microbiology, 2008, 10(4): 926–941.
- [20] Chaudhry V, Rehman A, Mishra A, et al. Changes in bacterial community structure of agricultural land due to long-term organic and chemical amendments[J]. Microbial Ecology, 2012, 64: 450–460.
- [21] Shi S J, Richardson A E, O’Callaghan M, et al. Effects of selected root exudate components on soil bacterial communities[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2011, 77: 600–610.
- [22] Garrido-Oter R, Nakano R T, Dombrowski N, et al. Modular traits of the rhizobiales root microbiota and their evolutionary relationship with symbiotic rhizobia[J]. Cell Host Microbe, 2018, 24(1): 155–167.
- [23] Lauber C L, Hamady M, Knight R, et al. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2009, 75(15): 5111–5120.
- [24] Bruce T, Martinez I B, Neto O M, et al. Bacterial community diversity in the Brazilian Atlantic forest soils[J]. Microbial Ecology, 2010, 60(4): 840–849.
- [25] Entwistle E M, Zak D R, Edwards I P. Long-term experimental nitrogen deposition alters the composition of the active fungal community in the forest floor[J]. Soil Science Society of America Journal, 2013, 77: 1648–1658.
- [26] Ho A, Di Lonardo D P, Bodelier P L E. Revisiting life strategy concepts in environmental microbial ecology[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2017, 93(3): 6.
- [27] Luis P, Walther G, Kellner H, et al. Diversity of laccase genes from basidiomycetes in a forest soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2004, 36(7): 1025–1036.

Effects of short-term pear branches mulching on soil physical-chemical properties and microbial community structures

CHEN Qi-liang¹, YANG Xiao-ping¹, ZHANG Jing-guo¹, FAN Jing¹, SHI Hao², LIU Li², HU Hong-ju^{1, 3*} (1. Hubei Key Laboratory of Germplasm Innovation and Utilization of Fruit Trees, Research Institute of Fruit and Tea, Hubei Academy of Agriculture Sciences, Wuhan Hubei 430064; 2. College of Horticulture, Anhui Agricultural University, Hefei Anhui 230036; 3. Hubei Hongshan Laboratory, Wuhan Hubei 430070)

Abstract: Branches returning is not only an effective way of waste resource utilization, but also an important approach to improve soil comprehensive fertility. In the present study, a branches mulching experiment was conducted from 2017 to 2018 and the pear tree cultivar was ‘Jinmi’ pear. Four treatments were set up: no branches mulching at 0 kg/plant (R0), low branches mulching rate at 4 kg/plant (R4), conventional branches mulching rate at 8 kg/plant (R8) and high branches mulching rate at 12 kg/plant (R12). In order to study the effect of different branches mulching rate on soil physico-chemical properties and microbial community structures, the general analysis method and Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology were adopted, after 8 months of the return of pear branches to the field. The results showed: With the increasing branches mulching rate, R4 treatment improved soil clay content, R8 and R12 treatment improved soil sand content. The highest microbial biomass carbon and nitrogen were both obtained in R4 treatment, which were 123.82 and 34.04 mg/kg, respectively. Compared with R0, branches mulching (R4 ~ R12) had no significant effect on bacterial diversity, but increased the relative abundance of Proteobacteria, and decreased Chloroflexi. Branches mulching altered the bacterial community structures at order level. For the fungi, R4 treatment had the highest chao1 index. At fungal phylum level, branches mulching (R4 ~ R12) increased the relative abundance of Basidiomycota, but decreased the relative abundance of Ascomycota. At fungal order level, branches mulching increased the relative abundance of the relative abundance Agaricales and Sordariales, but decreased Microascales. The redundancy analysis showed that soil fulvic acid and mechanical composition (clay and silt) were the main environmental driving factors. Therefore, under the current condition of pear branches mulching, considering the changes in soil physico-chemical properties and microbial community structures, the optimal branches mulching rate in the short-term was 4 kg/plant.

Key words: branches returning; mulching; bacteria; fungi; community structures