文章编号:1000-7601(2025)05-0159-09 doi:10.7606/j.issn.1000-7601.2025.05.16

长期咸水滴灌对棉田土壤有机碳组分及碳转化功能微生物的影响

张 楠,郭晓雯,吴一博,闵 伟,郭慧娟

(石河子大学农学院,新疆生产建设兵团绿洲生态农业省部共建国家重点实验室培育基地,新疆 石河子 832003)

摘 要:为明晰长期咸水滴灌对棉田土壤有机碳组分及碳转化功能微生物的影响,于 2009 年开展长期咸水灌溉试验,试验设淡水(0.35 dS·m^{-1},FW)和咸水(8.04 dS·m^{-1},SW)两种灌溉水盐度,以 2023 年棉花花铃期采集的 0~20 cm 土层土壤样品为研究对象,测定土壤的理化性质、有机碳组分和酶活性,利用宏基因组测序技术,定性定量分析棉田土壤中碳转化微生物群落特征,通过相关性分析探究碳转化微生物群落组成与土壤酶活性以及土壤有机碳组分之间的相关关系。结果表明:与淡水灌溉处理相比,咸水滴灌显著增加土壤含水量和电导率,分别增加27.6%和84.2%,但显著降低了土壤 pH 值、土壤总有机碳、易氧化有机碳、可溶性有机碳和微生物量碳含量,分别降低 7.8%、15.4%、3.5%、10.4%和 11.5%;同时显著降低蔗糖酶、β-葡萄糖苷酶、过氧化氢酶和土壤 N-乙酰-β-D-葡萄糖苷酶活性,分别降低了 57.7%、31.8%、10.5%和 55.6%。本研究筛选出门水平优势微生物主要包括酸杆菌门、变形菌门和放线菌门;属水平优势微生物主要包括类诺卡氏属、链霉菌属和鞘脂单胞菌属。长期咸水滴灌显著降低有机碳氧化过程相关基因 *coxM*、*coxS*、*fae*、*fodH*、*ubiX*,但显著增加 *fghA* 基因相对丰度。有机碳氧化过程相关基因表达与土壤易氧化有机碳、溶解性有机碳和总有机碳含量呈正相关关系,酸杆菌门和变形菌门与微生物量碳含量呈正相关关系。长期咸水滴灌会改变土壤碳转化微生物群落特征及功能基因表达,同时影响土壤理化性质、降低有机碳组分含量和酶活性,其中,土壤电导率(*EC*)、含水量(*SWC*)和可溶性有机碳(DOC)含量是影响碳转化微生物的主要驱动因素。

关键词:棉田;咸水滴灌;土壤有机碳;土壤碳转化微生物;土壤酶

中图分类号:S562; S275.6 **文献标志码**:A

Effects of long-term saline water drip irrigation on soil organic carbon fractions and carbon conversion microorganisms in cotton fields

ZHANG Nan, GUO Xiaowen, WU Yibo, MIN Wei, GUO Huijuan

(*College of Agriculture, Shihezi University, the Key Laboratory of Oasis Eco-agriculture, Xinjiang Production and Construction Corps, Shihezi, Xinjiang* 832003, *China*)

Abstract: To clarify the effects of long-term saline water drip irrigation on the organic carbon components of cotton field soil and the carbon-transforming functional microorganisms, a long-term saline water irrigation experiment was initiated in 2009, setting two irrigation water salinities: freshwater (0.35 dS·m^{-1}, FW) and saline water (8.04 dS·m^{-1}, SW). Soil samples from the 0~20 cm layer were collected during the flowering period of cotton in 2023 to study the physicochemical properties, organic carbon components, and enzyme activities of the soil. Using metagenomic sequencing technology, the characteristics of carbon-transforming microbial communities in cotton field soil were qualitatively and quantitatively analyzed. Correlation analysis was conducted to explore the relationships between the composition of carbon-transforming microbial communities, soil enzyme activities, and soil organic carbon components. The results showed that compared to freshwater irrigation, saline water drip irrigation significantly increased soil moisture content and electrical conductivity by 27.6% and 84.2%, respectively, but significantly reduced soil pH, total organic carbon, easily oxidizable organic carbon, soluble organic carbon, and microbial bio-

收稿日期:2024-12-10 **修回日期**:2025-01-08

基金项目:国家自然科学基金(32160742);新疆生产建设兵团科技创新人才项目(2024DB020);石河子大学大学生研究训练计划项目(SRP2024194)

作者简介:张楠(2001-),女,新疆博乐人,硕士研究生,研究方向为土壤肥力与养分循环。E-mail:zhangnanxx2001@qq.com

通信作者:郭慧娟(1989-),女,河南周口人,副教授,硕士生导师,主要从事土壤肥力及其调控研究。E-mail:guohjmw@163.com

mass carbon content, decreasing by 7.8%, 15.4%, 3.5%, 10.4%, and 11.5%, respectively. Simultaneously, it significantly reduced the activities of sucrose, β-glucosidase, peroxidase, and N-acetyl-β-D-glucosaminidase by 57.7%, 31.8%, 10.5%, and 55.6%, respectively. The study identified the dominant phyla as Acidobacteria, Proteobacteria, and Actinobacteria, with the dominant genera being *Nocardioides*, *Streptomyces*, and *Sphingomonas*. Long-term saline water drip irrigation significantly reduced the relative abundance of genes related to organic carbon oxidation processes, specifically *coxM*, *coxS*, *fae*, *fodH*, and *ubiX*, while significantly increasing the relative abundance of *fghA*. The genes related to organic carbon oxidation processes showed positive correlations with easily oxidizable organic carbon, dissolved organic carbon, and total organic carbon, while Acidobacteria and Proteobacteria were positively correlated with microbial biomass carbon. Long-term saline water drip irrigation will alter the characteristics of soil carbon-transforming microbial communities and functional genes while also affecting soil physicochemical properties, reducing organic carbon component content and enzyme activities. Among these, soil electrical conductivity (*EC*), soil water content (*SWC*), and dissolved organic carbon (DOC) are the main driving factors influencing carbon-transforming microorganisms.

Keywords: cotton fields; saline water drip irrigation; soil organic carbon; soil carbon conversion microorganisms; soil enzyme

新疆地处我国西北干旱区,是我国重要的棉花产区。该区淡水资源缺乏,但有较为丰富的咸水资源可替代淡水保证作物正常生长[1]。然而长期咸水灌溉会导致土壤盐分不断积累,造成土壤盐渍化、土壤理化性质恶化和肥力降低等问题,从而抑制作物生长[2]。土壤有机碳是土壤肥力之根本,它的含量高低能直接影响耕地生产力水平和农作物产量[3]。因此,探究长期咸水滴灌对土壤有机碳的影响,对于咸水长期可持续利用具有重要指导意义。

近年来,农田土壤碳转化的研究逐渐成为重点,土壤微生物作为土壤碳转化的主要驱动者,在土壤有机碳的转化过程中发挥着重要作用[4]。当前盐分对土壤微生物群落结构和功能以及土壤有机碳组分的影响还存在争议。多数研究表明,盐分会抑制微生物细胞生理代谢过程和活性[5],减少微生物数量和群落多样性[6],显著降低土壤有机碳库容量和有机质矿化速率[7]。但也有研究持相反意见,他们认为土壤有机碳矿化速率和微生物活性随着土壤盐分增加而升高[8]。土壤酶能够反映土壤肥力和有机物代谢水平,直接或间接地催化土壤有机碳转化与分解[6]。研究发现盐分在抑制微生物活动和呼吸进程的同时可降低土壤酶活性[9],盐分也可以通过破坏酶的分子稳定性,从而减弱碳获取酶类的活性[10]。土壤蔗糖酶等与土壤有机质分解密切相关,且随土壤盐分含量的增加而降低[11]。然而,在干旱区,盐分对土壤有机碳组分及碳转化功能微生物的影响尚未明晰。

因此,本试验选取长期咸水滴灌的棉田土壤作为研究对象,通过探讨棉田土壤理化性质、有机碳组分、酶活性以及微生物群落组成对长期咸水滴灌的响应特征,明确影响土壤碳转化功能微生物的关键环境因子,阐明长期咸水滴灌棉田土壤碳转化的微生物机制,为干旱区咸水资源的合理开发和土壤碳库管理提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

本研究在石河子大学农科综合实验中心(86°98′E,44°33′N)开展。土壤质地为壤土,土壤类型为灰漠土;2009年采集0~20 cm土层土壤测定的基础理化性质如下:土壤pH值(水土比2.5∶1)为7.9,电导率(水土比5∶1)为0.13 dS·m^{-1},土壤容重为1.31 g·cm^{-3},有机质含量为16.8 g·kg^{-1},全氮为1.1 g·kg^{-1},速效磷为25.9 mg·kg^{-1},速效钾为253 mg·kg^{-1}。

1.2 试验设计

试验在长期咸水灌溉(2009—2022年)定位试验基础上进行。供试作物为棉花'新陆早74号'。试验共设两个处理,分别为淡水(FW,0.35 dS·m^{-1})和咸水(SW,8.04 dS·m^{-1})滴灌处理,其中淡水为地下水,咸水是通过向淡水加入质量比为1∶1的NaCl和$CaCl_2$调配而成,两种灌溉水质的离子浓度如表1所示。试验为随机区组试验,每个处理3个重复,共6个试验小区,每个小区面积25 m^2。

棉花种植采用干播湿出法,于每年4月中旬播种,9月下旬收获。栽培技术为覆膜栽培,滴灌设施为一膜3管6行,行距配置为(60+10) cm,株距为10 cm,播种密度22.2×10^4株·hm^{-2}。播种后滴出苗

表 1　灌溉水质离子浓度/(g·L^{-1})

Table 1　Ion concentrations of irrigation water quality

处理 Treatment	K^+	Na^+	Ca^{2+}	Mg^{2+}	HCO_3^-	Cl^-	SO_4^{2-}
FW	0.021	0.006	0.052	0.017	0.064	0.092	0.031
SW	0.021	1.346	1.187	0.017	0.074	3.618	0.043

水 30 mm。从 6 月中旬开始,每 7~10 d 灌水一次,共 9 次,灌水定额为 450 mm。棉花整个生育期内,氮肥(尿素)(以 N 计,N≥46.4%,用量 360 kg·hm^{-2})作追肥,分 5 次随水滴施;硫酸钾(以 K_2O 计,用量 60 kg·hm^{-2})和重过磷酸钙(以 P_2O_5 计,用量 105 kg·hm^{-2})作基肥,在每年播种前一次性施入土壤。其他田间管理措施同当地大田生产保持一致。

1.3　样品采集

在棉花花铃期选用多点混合取样法采集各试验小区 0~20 cm 土层的耕层土壤,各小区均取 3 个样点,将每个处理的 3 个小区土样充分混合并除去杂物。将一份鲜土过 2 mm 筛,在 4℃的冰箱中保存用于酶活性测定;一份置于冰盒存放于-80℃的冰箱用于土壤微生物宏基因组测序;另一份自然风干后研磨过筛(1 mm),用于测定土壤理化性质和碳组分。在采集土壤的同时,各处理均选取 3 株棉花,将棉花各器官鲜样进行杀青(105℃),烘干(75℃)至恒重后称重,记录各处理的棉花干物质量。在棉花收获期测定棉花籽棉产量。

1.4　土壤样品的测定

1.4.1　*棉花干物质量和产量测定*　棉花干物质量采用烘干法测定[12];棉花产量以单位面积内籽棉的产量来计算,采摘棉花样品后晾干至恒重,称重得到棉花籽棉产量。

1.4.2　*土壤理化性质、有机碳组分和酶活性的测定*　土壤理化性质测定方法参考《土壤农化分析》[12],其中土壤总有机碳和可溶性有机碳均采用重铬酸钾法测定[13];易氧化有机碳采用高锰酸钾氧化法测定[14];微生物量碳采用氯仿熏蒸法测定[15]。蔗糖酶(SC)、过氧化氢酶(CAT)、β-葡萄糖苷酶(β-GLU)和 N-乙酰基-β-D-葡萄糖苷酶(SNAG)分别采用 3,5-二硝基水杨酸比色法[16]、高锰酸钾滴定法[16]、对硝基苯-β-D-葡萄糖苷底物培养法[17]和对硝基酚氨基葡萄糖苷底物培养法测定[17]。

1.4.3　*土壤微生物宏基因组测定*　使用 Illumina NovaSeq Reagent Kits 试剂盒进行 DNA 提取。用琼脂糖凝胶电泳将分离出的基因片段进行质量检测,选取合格的基因片段进行保存。使用超声波粉碎仪器 Covaris M220 和建库试剂盒 NEXTFLEX Rapid DNA-Seq Kit 进行粉碎(400bp)和建库。宏基因组测序工作由上海阿趣生物科技有限公司高通量测序平台完成,使用 Illumina 测序平台测序。测序完成后,筛选出高质量的读数,使用拼接软件 MEGAHIT 将筛选出的高质量数据拼接并组装成重叠群,然后构建 De-Brujin graph,获得 Contigs。随后进一步筛选长度大于 400 bp 以上的 Contigs 作为最终组装结果。使用生物信息学软件 Prodigal 对 Contigs 序列进行预测,将其准确解码为氨基酸序列。用特定的 CD-HIT 软件工具筛选出非冗余的初始基因目录。依据 identity 95% 和 coverage 90% 进行聚类,并从每个聚类中选取最长的序列作为典型序列。为进一步揭示这些基因的功能和特性,结合 KEGG 数据库进行物种注释和基因预测。

1.5　数据分析

使用 Excel 2019 进行数据整理,用 SPSS 统计软件包(version SPSS.26.0)进行单因素方差分析(显著水平 $P<0.05$),通过独立样本 T 检验确定组间有显著性差异($P<0.05$)。用 Excel 2019 绘制柱状图。用 Origin 2021 绘制相关性分析热图。用 Gephi (0.9.2)绘制相关性网络分析图。

2　结果与分析

2.1　不同处理下棉花生物量和产量

由表 2 可知,SW 处理的棉花干物质量和籽棉产量较 FW 处理分别显著降低 40.2% 和 45.2%。

表 2　淡水和咸水滴灌条件下棉花的干物质量和产量

Table 2　Dry matter mass and yield of cotton under freshwater and saline drip irrigation conditions

处理 Treatment	干物质量/(t·hm^{-2}) Dry matter mass	籽棉产量/(kg·hm^{-2}) Seed cotton yield
FW	37.8±0.2**	5021.3±5**
SW	22.6±1.2	2753.8±7

注:**表示在 $P<0.01$ 水平差异显著。数据以“均值±标准差”表示,其中“±”后的数值为标准差。

Note: ** indicates significant differences at the $P<0.01$ level. Data are expressed as “mean ± standard deviation”, where the value after “±” is the standard deviation.

2.2 土壤理化性质和有机碳组分

由图 1 可知,SW 较 FW 处理能显著增加土壤含水率和电导率,分别增加 27.6% 和 84.2%;但土壤 pH 值显著降低 7.8%。由图 2 可知,SW 处理的土壤总有机碳(TOC)、易氧化有机碳(EOC)、可溶性有机碳(DOC)和微生物量碳(MBC)含量较 FW 处理分别显著降低 15.4%、3.5%、10.4%和 11.5%。

2.3 不同处理下土壤酶活性

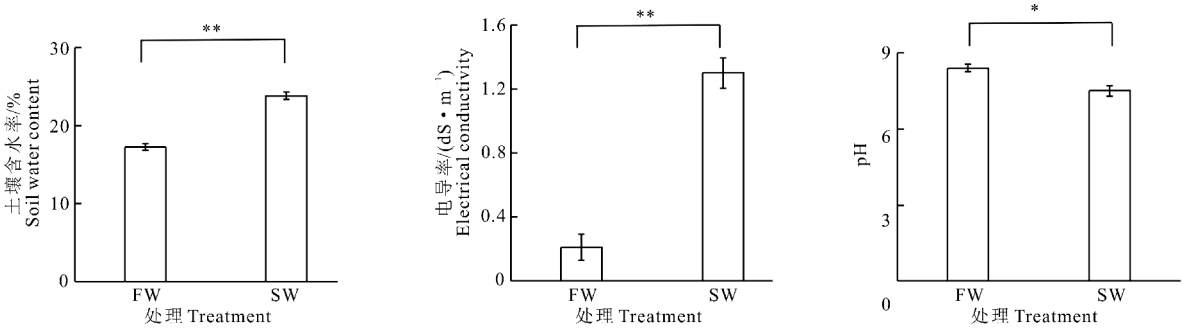
由图 3 可知,SW 较 FW 处理显著降低了蔗糖酶、β-葡萄糖苷酶、过氧化氢酶和土壤 N-乙酰-β-D-葡萄糖苷酶活性,分别降低 57.7%、31.8%、10.5%和 55.6%。

2.4 土壤微生物主成分分析

土壤碳循环微生物群落主成分分析如图 4 所示。主成分 PCA1 和 PCA2 的贡献率分别为 55.78%和 18.52%,累积贡献率为 74.30%。FW 和 SW 处理在 PCA1 轴上显著分离,表明长期咸水滴灌对土壤微生物群落结构具有显著影响。

2.5 土壤碳循环各过程的微生物群落结构

在门水平分类上,相对丰度≥1%的优势菌门类共筛选到 14 个(图 5),包括 Acidobacteria(酸杆菌门)、Proteobacteria(变形菌门)、Actinobacteria(放线菌门)、Gemmatimonadetes(芽单胞菌门)、Chloroflexi(绿弯菌门)、Candidatus(深古菌门)、Armatimonadetes



注:图中*、**、***分别表示在 $P<0.05$、$P<0.01$ 和 $P<0.001$ 水平差异显著,下同。

Note: *, **, and *** in the figure indicate significant differences at the $P<0.05$, $P<0.01$, and $P<0.001$ levels, respectively. The same below.

图 1 长期咸水滴灌对土壤含水量、电导率和 pH 值的影响

Fig.1 Effects of long-term saline drip irrigation on soil water content, electrical conductivity, and pH value

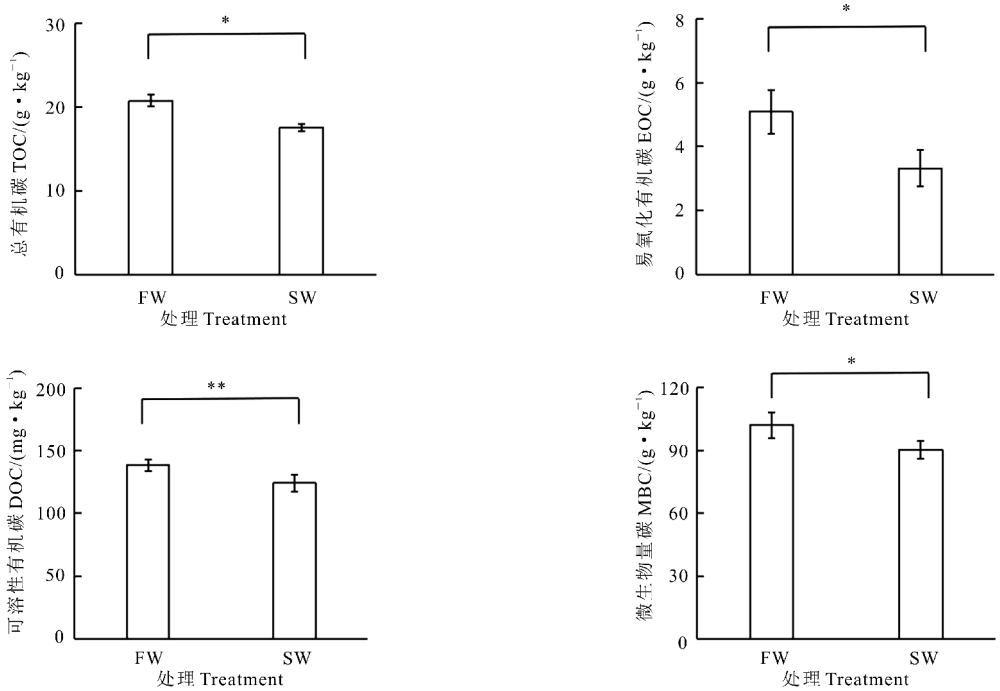


图 2 长期咸水滴灌对土壤总有机碳、易氧化有机碳、可溶性有机碳和微生物量碳含量的影响

Fig.2 Effects of long-term saline drip irrigation on soil total organic carbon, easily oxidized organic carbon, soluble organic carbon, and microbial biomass carbon contents

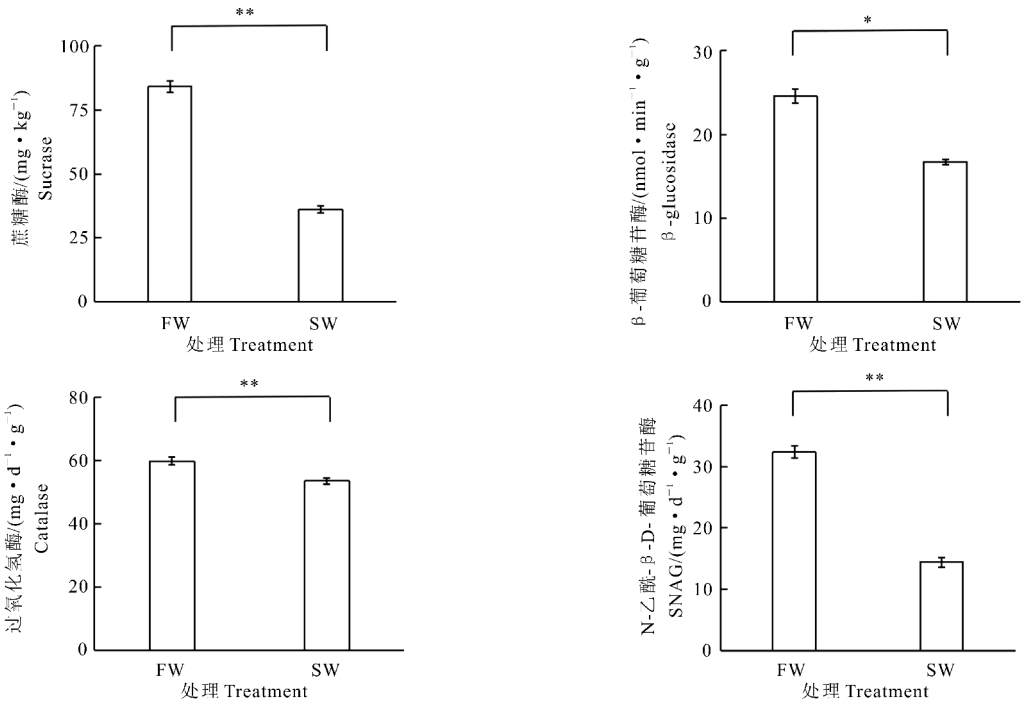


图 3　长期咸水滴灌对土壤蔗糖酶、β-葡萄糖苷酶、过氧化氢酶和土壤 N-乙酰-β-D-葡萄糖苷酶活性的影响

Fig.3　Effects of long-term saline drip irrigation on the activities of soil sucrase, β-glucosidase, catalase, and N-acetyl-β-D-glucosidase

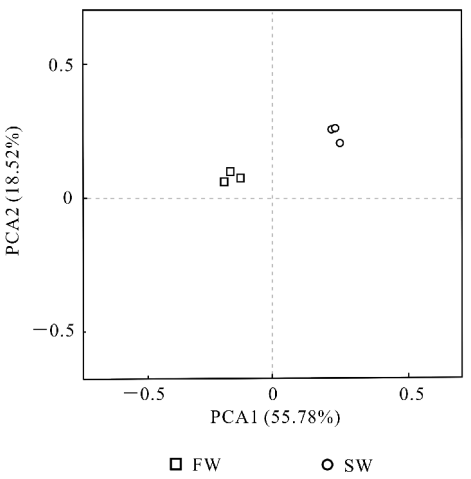


图 4　淡水和咸水滴灌条件下土壤微生物群落的 PCA 分析

Fig.4　PCA analysis of soil microbial communities under freshwater and saline drip irrigation conditions

(装甲菌门)、Bacteroidetes(拟杆菌门)、Nitrospirae(硝化螺旋菌门)、Chlorobi(绿菌门)、Verrucomicrobia(疣微菌门)、Firmicutes(厚壁菌门)、Planctomycetes(浮霉菌门)和 Thaumarchaeota(奇古菌门),约占两个处理碳循环途径总序列的 97%以上。与 FW 处理相比,SW 处理增加了土壤碳转化各个过程中变形菌门和芽单胞菌门等的相对丰度,但降低了放线菌门和酸杆菌门等的相对丰度;绿弯菌门相对丰度在有机碳氧化过程、甲烷代谢过程中增加,而在碳固定和发酵过程中降低。酸杆菌门在有机碳氧化过程中的相对丰度最高,变形菌门在碳固定和甲烷代谢过程中的相对丰度最高,放线菌门在发酵过程中的相对丰度最高。

在属水平分类上,相对丰度≥1%的优势菌属共筛选到 16 个(图 6),主要为 *Nocardioides*(类诺卡氏属)、*Nonomuraea*(野野村氏菌属)、*Streptomyces*(链霉菌属)、*Sphingomonas*(鞘脂单胞菌属)和 *Halomonas*(盐单胞菌属)等,约占两个处理碳转化过程总序列的 97%以上。SW 较 FW 处理增加了土壤碳转化各个过程中鞘脂单胞菌属等的相对丰度,但降低了类诺卡氏属和野野村氏菌属等的相对丰度。类诺卡氏属和野野村氏菌属在有机碳氧化和碳固定过程中相对丰度最高。

2.6　土壤碳转化过程功能基因相对表达量

通过对土壤碳转化 4 个途径的关键功能基因进行分析发现(图 7),SW 较 FW 处理显著下调了有机碳氧化过程相关基因的表达(*coxM*、*coxS*、*fae*、*fodH*、*ubiX*),但显著提高了有机碳氧化过程 *fghA* 的相对丰度。

2.7　土壤微生物属水平与环境因子的相关性分析

土壤微生物属水平与环境因子的相关性网络分析结果如图 8 所示,FW 处理共 50 个有效节点,其中变形菌门和放线菌门占比最多;526 个菌属间相

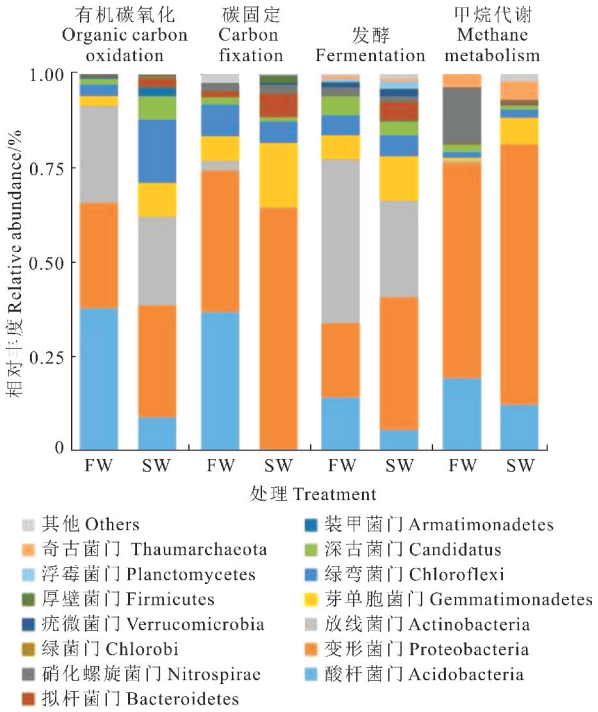


图 5 淡水和咸水滴灌条件下土壤碳转化微生物群落相对丰度(门水平)

Fig.5 Relative abundance of soil carbon conversion microbial community under freshwater and saline drip irrigation conditions (Phylum level)

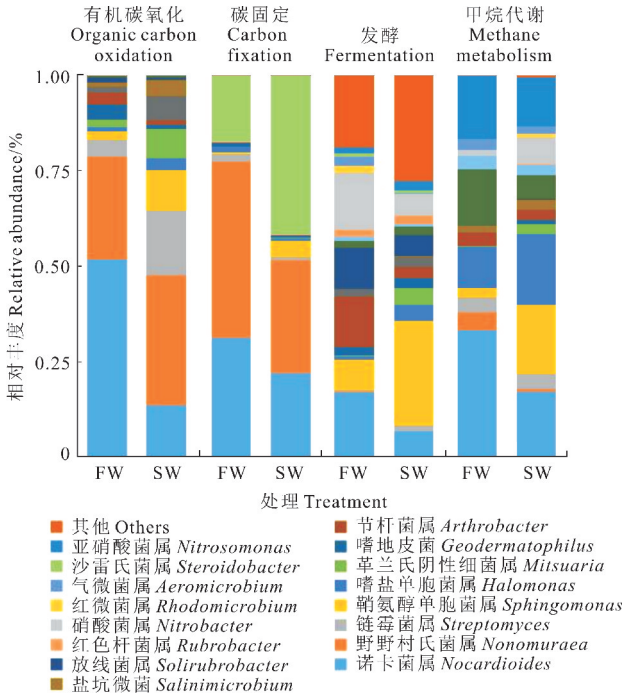


图 6 淡水和咸水滴灌条件下土壤碳转化微生物群落相对丰度(属水平)

Fig.6 Relative abundance of soil carbon conversion microbial communities under freshwater and saline drip irrigation conditions (Genus level)

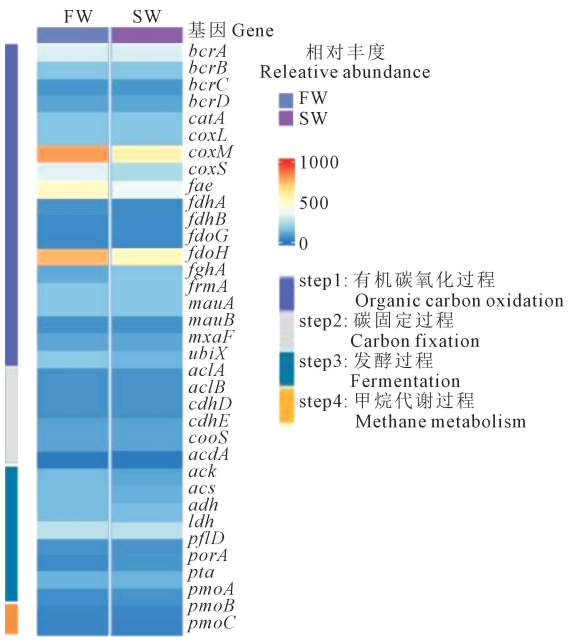


图 7 淡水和咸水滴灌条件下土壤碳转化功能基因的相对丰度

Fig.7 Relative abundance of soil carbon conversion functional genes under freshwater and saline drip irrigation conditions

关性程度不同,其中 501 个呈正相关关系,25 个呈负相关关系。SW 处理共 49 个有效节点,其中变形菌门和芽单胞菌门占比最多。447 个菌属间相关性程度不同,其中 247 个呈正相关关系,200 个呈负相关关系。基于节点中心性,该值最高的两个核心物种分别为类诺卡氏属和链霉菌属。

对土壤酶与环境因子进行相关性分析发现(图 9),SC、SNAG 和 CAT 均与 EOT、TOC、DOC、pH 值呈显著正相关关系,β-GLU 与 TOC、DOC 和 pH 值呈显著正相关关系,而 SC、β-GLU、SNAG 和 CAT 均与 *EC* 和 *SWC* 呈显著负相关关系。

在门分类水平下(图 10),酸杆菌门和变形菌门与土壤 MBC 呈显著正相关关系,拟杆菌门、疣微菌门和浮霉菌门与土壤 *EC* 和 *SWC* 呈显著正相关关系,但拟杆菌门与土壤 pH 值、DOC 和 TOC 呈显著负相关关系,疣微菌门和浮霉菌门与土壤 EOC 和 DOC 呈显著负相关关系。芽单胞菌门与土壤 *EC* 呈显著正相关关系,但与土壤 EOC 和 DOC 呈显著负相关关系。

如图 11 可知,*coxM*、*fodH*、*fghA* 和 *ubiX* 与土壤 pH 值、EOC、DOC 和 TOC 呈显著正相关关系,但与土壤 *EC* 和 *SWC* 呈显著负相关关系。

3 讨 论

3.1 咸水滴灌对棉花干物质、产量的影响

本试验结果表明,长期咸水滴灌会显著降低棉花干物质量和籽棉产量。长期咸水灌溉后盐分会

在土表积聚,形成次生盐渍化土壤,会降低土壤稳定性、养分有效性,改变微生物群落组成,对土壤造成不利影响,从而抑制作物正常生长发育,且随着土壤盐分的增高,导致土壤水分不易蒸发、土壤养分深层淋洗,从而抑制作物根系对水分及养分的吸收,最终致使作物产量下降[18]。

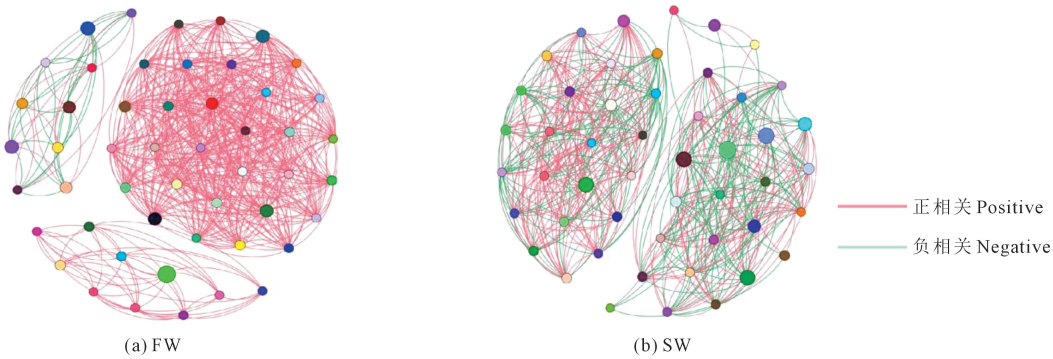
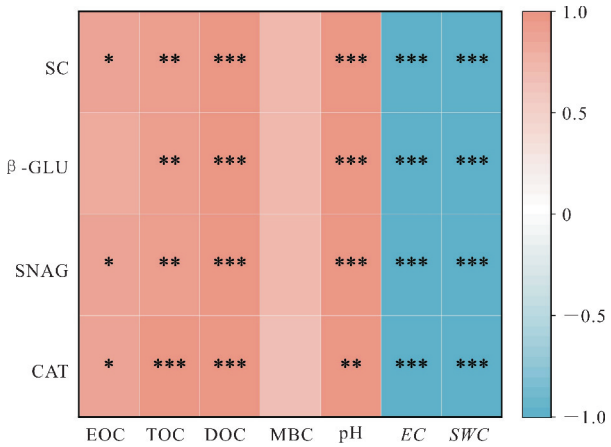


图 8　土壤微生物属水平与环境因子的相关性网络图

Fig.8　Correlation network diagram of genus level communities and environmental factors



注:SC:蔗糖酶;β-GLU:β-葡萄糖苷酶;SNAG:N-乙酰-β-D-葡萄糖苷酶;CAT:过氧化氢酶;MBC:微生物量碳;EOC:易氧化有机碳;DOC:溶解性有机碳;TOC:总有机碳;*EC*:电导率;*SWC*:含水量。1 表示完全正相关,-1 表示完全负相关,0 表示无线性相关;暖色调(红色)代表正相关,冷色调(蓝色)代表负相关,颜色深度与相关性强度成正比。下同。

Note: SC: Sucrase; β-GLU: β-glucosidase; SNAG: N-acetyl-β-D-glucosaminidase; CAT: Catalase; MBC: Microbial biomass carbon; EOC: Easily oxidizable organic carbon; DOC: Dissolved organic carbon; TOC: Total organic carbon; *EC*: Electrical conductivity; *SWC*: Soil water content. 1 indicates a complete positive correlation, -1 indicates a complete negative correlation, and 0 indicates no linear correlation. Warm tones (red) represent positive correlations, while cool tones (blue) represent negative correlations, the depth of the color is proportional to the strength of the correlation. The same below.

图 9　土壤酶与环境因子的相关性分析

Fig.9　Correlation analysis between soil enzymes and environmental factors

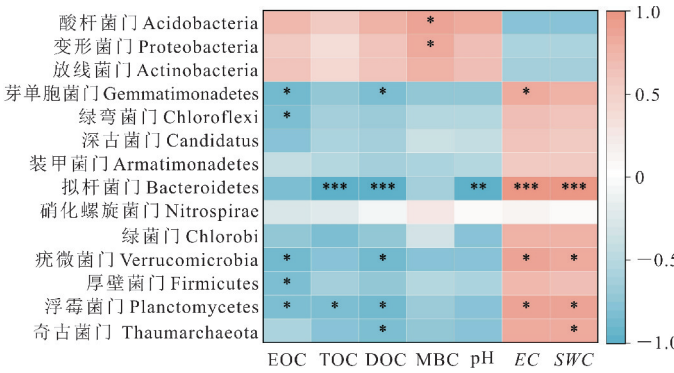


图 10　门水平上前 10 种微生物与环境因子的相关分析

Fig.10　Correlation analysis between the top 10 microorganisms and environmental factors at the phylum level

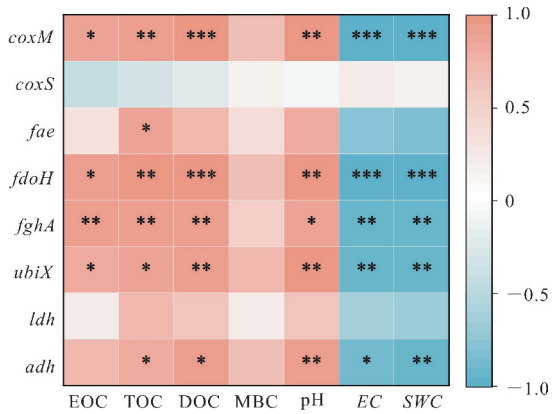


图 11　土壤碳转化功能基因与环境因子间的相关分析

Fig.11　Correlation analysis between soil carbon conversion functional genes and environmental factors

3.2 咸水滴灌对棉田土壤理化性质和有机碳组分的影响

咸水灌溉给作物根区土壤带入盐分,影响土壤理化性质。前人研究结果表明,咸水灌溉显著提高了土壤电导率,这是因为土壤含盐量与灌溉水矿化度正相关,且存在表聚现象。土壤含水量增加是因为高盐环境会抑制作物吸水和蒸腾作用,导致作物无法有效吸水,而土壤中的水分积存最终使得土壤含水量增加。土壤pH值的下降主要是因为盐渍化土壤中强酸性离子(如SO_4^{2-}和Cl^-)的积累[19]。土壤有机碳对土壤结构和功能有着重要影响,且有机碳的转化与环境因子的变化密切相关。本试验发现,土壤有机碳组分含量随盐分的升高而下降,这与张剑等[20]研究结果一致,一方面是因为土壤盐分是限制植物生长的重要因素,也是提升土壤微生物活性的限制因素,长期咸水滴灌后地表层盐分含量较高,表聚现象明显,盐分通过影响植物长势和微生物的活性来影响土壤有机碳的输入与输出,生物量的减小会降低土壤有机碳的输入,且盐分还通过抑制土壤氮、磷等养分供给的能力,从而增强微生物体内的渗透压,削弱土壤溶液和微生物活动的缓冲作用,最终影响土壤碳固存能力[21]。另一方面是因为盐分增加后土壤有机碳矿化能力提高,从而导致土壤积累的有机碳减少。

3.3 咸水滴灌对棉田土壤酶活性、碳转化微生物群落和功能基因的影响

土壤酶是土壤物质循环和能量流动的驱动力,土壤酶活性的高低反映着土壤对物质转化能力的强弱。本研究表明,咸水滴灌使参与碳转化的主要酶活性降低,如SC、β-GLU、SNAG和CAT,盐分可以影响土壤微生物群落结构与数量的变化,并通过渗透胁迫降低土壤酶活性,造成土壤生态系统整体活性下降[22],长期咸水滴灌后盐分在土壤中积累,土壤板结,通气性能和水环境变差,抑制了土壤微生物和根系活动,进而导致土壤酶活性下降。相关性分析结果表明,土壤DOC、EOC和TOC与酶活性均呈显著正相关关系,其中土壤EOC含量与SNAG、SC和CAT存在显著正相关关系,这与王鹏等[23]研究结果一致,可能是因为SNAG作为碳循环相关酶,可以水解含氮有机物中蛋白质以及几丁质,并通过这一过程释放碳,因此SNAG活性可以影响土壤EOC含量,还可能是因为土壤有机碳对这几种酶活性的变化响应敏感,酶活性的强弱与土壤有机碳的矿化速率密切相关[24]。而土壤DOC和TOC与酶活性呈极显著正相关关系,原因可能是较高的酶活性会增强土壤微生物活动和土壤呼吸强度,进而促进碳组分的积累。

土壤微生物是土壤养分矿化和碳氮固存等多种生物地球化学过程的驱动者。且土壤盐分是驱动微生物功能的最重要因素,盐分会改变土壤细菌的多样性和群落结构[25]。本试验中参与碳循环的路径包括有机碳氧化、碳固定、发酵及甲烷代谢过程。研究结果表明,咸水滴灌增加土壤碳转化各个过程中变形菌门的相对丰度,这与Feng等[26]研究结果一致。变形菌门是土壤细菌中最大的菌门之一,在生物地球化学循环中起着重要作用,包括碳、氮、硫和铁循环,它们具有多功能性和执行多种代谢过程的能力。变形菌门的相对丰度随盐分增加而增加,原因可能是棉花通过分泌根系分泌物来促进根际土壤养分循环,从而增加变形菌门和拟杆菌门的相对丰度,这有助于棉花不同生长阶段适应盐碱土的恶劣环境[26]。同样,芽单胞菌门的相对丰度随盐分增加而增加,原因是芽单胞菌门均属于典型的嗜盐菌类群,通过渗透调节可以有效抵抗盐胁迫,会分泌有机酸等物质从而降低土壤酸碱度,减轻盐分对作物生长造成的损害。但咸水滴灌降低了酸杆菌门和放线菌门等的相对丰度,有研究发现,酸杆菌门在适应各种生理和生态条件方面具有高度的多样性,它具有降解复杂的含碳化合物的能力[27],酸杆菌的数量与土壤有机质呈显著正相关关系,因此,酸杆菌门的相对丰度降低的原因可能是盐分导致土壤有机质含量减少,影响酸杆菌门的生长和繁殖。放线菌广泛分布于土壤中,在养分循环和防御机制中发挥着至关重要的作用。另外,放线菌具有在植物组织内作为内生菌存活的能力,有助于营养同化和促进植物生长,能在恶劣的环境条件下驱动营养循环。在本研究中,放线菌在盐分增加的土壤中相对丰度降低,原因可能是放线菌不能适应高盐碱土壤环境[26]。因此,盐分会显著影响土壤碳循环微生物群落结构,同时,微生物可以通过调节其物种组成和相对丰度来适应长期咸水滴灌导致的盐胁迫。

本试验还发现,咸水滴灌降低了有机碳氧化过程相关基因*coxM*、*coxS*等相对丰度,*coxM*、*coxS*是编码一氧化碳脱氢酶的亚基,一氧化碳脱氢酶是一类存在于许多需氧和厌氧微生物中的脱氢酶,能够催化CO氧化为CO_2的反应或其逆反应[28],在这些微生物的代谢途径中起着关键作用。咸水滴灌降低了有机碳氧化过程相关基因的相对丰度,可能是盐分抑制了有机碳氧化过程相关基因调控的微生物

活性。微生物分泌的酶能够催化有机碳的分解和合成反应,根据碳利用营养策略的差异,微生物可分为两大类:富营养型和寡营养型,且土壤微生物群落组成在土壤有机碳矿化过程中扮演着关键角色。本试验中,酸杆菌门和变形菌门与土壤 MBC 含量呈显著正相关关系,一方面原因是变形菌门为富营养型微生物,会增强土壤有机质的分解代谢能力;另一方面,这些微生物能够对顽固或复杂的土壤有机质化合物(如多糖)降解过程做出重大贡献,且难降解有机碳的积累为其提供丰富的底物,进而提高了其相对丰度[29]。疣微菌门、拟杆菌门和芽单胞菌门与土壤 DOC、EOC 和 TOC 含量呈显著负相关关系,可能是由于疣微菌门等为寡营养型微生物,且在盐分较高的环境中,对土壤有机质的分解代谢能力较弱。

4　结　论

与淡水滴灌处理相比,长期咸水滴灌后显著增加土壤电导率和含水量,分别增加 84.2%和 27.6%,显著降低土壤蔗糖酶、β-葡萄糖苷酶、过氧化氢酶和土壤 N-乙酰-β-D-葡萄糖苷酶活性,降低土壤总有机碳、易氧化有机碳、可溶性有机碳含量和微生物量碳含量,降幅分别为 10.5%~57.7%和 3.5%~15.4%。同时,长期咸水滴灌改变了土壤碳转化微生物群落结构并降低其功能基因的相对丰度。因此,在咸水滴灌的棉田土壤中,可以通过秸秆还田和施用生物炭等方式减轻盐害,从而提高土壤碳固存和作物应对盐胁迫的能力。

参 考 文 献:

[1] HASSAN D F, JAFAAR A A, MOHAMM R J. Effect of irrigation water salinity and tillage systems on some physical soil properties[J]. Iraqi Journal of Agricultural Sciences, 2019, 50(1): 42-47.

[2] 马杰, 王忠媛, 唐立松, 等. 非生物过程对盐碱土土壤 CO_2通量的影响[J]. 干旱区地理, 2014, 37(3): 555-560.
MA J, WANG Z Y, TANG L S, et al. Effect of soil abiotic processes on soil CO2 flux in saline/alkaline soils[J]. Arid Land Geography, 2014, 37(3): 555-560.

[3] 孙涛, 冯晓敏, 高新昊, 等. 多样化种植对土壤团聚体组成及其有机碳和全氮含量的影响[J]. 中国农业科学, 2023, 56(15): 2929-2940.
SUN T, FENG X M, GAO X H, et al. Effects of diversified cropping on the Soil aggregate composition and organic carbon and total nitrogen content[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2023, 56(15): 2929-2940.

[4] 苑广源, TITO M, 毛丽萍, 等. 16 年保护性耕作措施对粮草轮作系统土壤碳库及稳定性的影响[J]. 水土保持学报, 2021, 35(3): 252-258, 267.
YUAN G Y, TITO M, MAO L P, et al. Effects of conservational tillage measures onsoil carbon pool and stability in a winter forage-crop rotation system on the loess plateau of China[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2021, 35(3): 252-258, 267.

[5] YAN N, MARSCHNER P. Microbial activity and biomass recover rapidly after leaching of saline soils[J]. Biology and Fertility of Soils, 2013, 49(3): 367-371.

[6] 刘红宜, 陈冲, 卢瑛, 等. 珠江三角洲平原农田土壤有机碳组分及剖面分布特征[J]. 土壤通报, 2017, 48(2): 399-405.
LIU H Y, CHEN C, LU Y, et al. Characteristics of organic C fractions and its distribution insoil profiles of cultivated land in pearl river delta plain[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2017, 48(2): 399-405.

[7] AL-BUSAIDI K T S, BUERKERT A, JOERGENSEN R G. Carbon and nitrogen mineralization at different salinity levels in omani low organic matter soils[J]. Journal of Arid Environments, 2014, 100-101: 106-110.

[8] CHANDRA S, JOSHI H C, PATHAK H, et al. Effect of potassium salts and distillery effluent on carbon mineralization in soil[J]. Bioresource Technology, 2002, 83(3): 255-257.

[9] LUO J Y, ZHANG S, ZHU X Z, et al. Effects of soil salinity on rhizosphere soil microbes in transgenic Bt cotton fields[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2017, 16(7): 1624-1633.

[10] FANG Z M, FANG W, LIU J J, et al. Cloning and characterization of a beta-glucosidase from marine microbial metagenome with excellent glucose tolerance[J]. Journal of Microbiology and Biotechnology, 2010, 20(9): 1351-1358.

[11] 李美茹, 李世奇. 黄瓜大棚土壤肥力与土壤酶活性关系初探[J]. 北方园艺, 2008, (9): 66-68.
LI M R, LI S Q. The disquisition between enzyme activity and fertility of soil in cucumis greenhouse[J]. Northern Horticulture, 2008, (9): 66-68.

[12] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000: 22-24.
BAO S D. Soil and agricultural chemistry analysis[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2000: 22-24.

[13] 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: 107-108.
LU R K. Methods for agricultural chemical analysis ofsoil[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000: 107-108.

[14] BLAIR G J, LEFROY R D B, LISLE L. Soil carbon fractions based on their degree of oxidation, and the development of a carbon management index for agricultural systems[J]. Australian Journal of Agricultural Research, 1995, 46(7): 1459-1466.

[15] BROOKES P C, LANDMAN A, PRUDEN G, et al. Chloroform fumigation and the release of soil nitrogen:a rapid direct extraction method to measure microbial biomass nitrogen in soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1985, 17(6): 837-842.

[16] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986: 274-325.
GUAN S Y. Soil enzyme and its research method[M]. Beijing: Agricultural Publishing House, 1986: 274-325.

[17] PAUSTIAN K, SIX J, ELLIOTT E T, et al. Management options for reducing CO_2 emissions from agricultural soils[J]. Biogeochemistry, 2000, 48(1): 147-163.

[18] 梁鹏飞, 郭全恩, 曹诗瑜, 等. 盐渍化土壤改良剂对草坪根际土壤细菌群落多样性的影响[J]. 土壤, 2023, 55(1): 140-146.
LIANG P F, GUO Q E, CAO S Y, et al. Effects of salinizedsoil amendments on diversity of bacterial community in turfgrass rhizosphere[J]. Soils, 2023, 55(1): 140-146.

(下转第 176 页)