

# 节水灌溉对盐渍土盐分调控与土壤微生物区系的影响\*

樊金萍<sup>1</sup> 张建丽<sup>1†</sup> 王婧<sup>2</sup> 逢焕成<sup>2†</sup> 李玉义<sup>2</sup> 李二珍<sup>3</sup> 靳存旺<sup>3</sup>

(1 北京理工大学生命学院, 北京 100081)

(2 中国农业科学院农业资源与农业区划研究所, 北京 100081)

(3 内蒙古五原县农技推广中心, 内蒙古巴彦淖尔 015100)

## EFFECTS OF WATER-SAVING IRRIGATION ON SOIL SALT DISTRIBUTION AND SOIL MICROFLORA IN SALINE SOIL

Fan Jinping<sup>1</sup> Zhang Jianli<sup>1†</sup> Wang Jing<sup>2</sup> Pang Huancheng<sup>2†</sup> Li Yuyi<sup>2</sup> Li Erzhen<sup>3</sup> Jin Cunwang<sup>3</sup>

(1 School of Life Science, Beijing Institute of Technology, Beijing 100081, China)

(2 Institute of Agricultural Resources and Regional Planning, CAAS, Beijing 100081, China)

(3 Inner Mongolia Wuyuan Agro-technique Extension Center, Wuyuan, Bayan Nur, Inner Mongolia 015100, China)

关键词 河套灌区; 灌溉定额; 食葵; 土壤微生物区系

中图分类号 S154.37 文献标识码 A

河套灌区是我国大型自流灌区之一, 盐渍化是该区土壤主要障碍因素之一。目前, 河套灌区葵花田生育期灌溉量约为  $1\ 100 \sim 1\ 200\ \text{m}^3\ \text{hm}^{-2}$ , 灌溉用水量偏大和地下水位偏高已成为制约当地灌溉农业可持续发展的主要障碍: 一方面, 水资源浪费严重; 另一方面, 过度灌溉会加重表土盐渍化。此外, 黄河来水持续减少, 河套灌区 2010 年引水指标为 35.68 亿  $\text{m}^3$ , 较 1994 年减少 5.32 亿  $\text{m}^3$ , 且还需进一步缩减。在土壤盐渍化和水资源紧缺化的双重压力下, 制定农田控盐和节水灌溉相结合的节水控盐灌溉制度, 是当地节约用水和防治土壤盐渍化的当务之急。在以往的研究中, 张德山<sup>[1]</sup> 提出河套灌区必须以排定灌, 抑制灌后土壤返盐。前人多用土壤理化指标和作物产量指标分析灌溉效果<sup>[2-4]</sup>, 对于不同灌溉量的盐渍土土壤微生物区系变化报道较少。目前, 国内外针对灌溉对土壤微生物的影响研究多集中在非清洁水灌溉和不同灌溉方式等方面<sup>[5-7]</sup>。作为评价土壤质量的生物学指标之一, 土壤微生物可反映土壤生态系统的功能演变

和改良状态, 因此, 研究不同灌溉量的土壤微生物区系变化有助于合理灌溉制度的确定。

本研究在河套灌区五原县葵花田进行试验, 测定四种灌溉量处理下, 土壤水盐分布特征与作物产量, 并与无灌溉的盐荒地进行比较, 研究不同处理土壤微生物区系变化, 综合评价不同灌溉定额的具体效果, 以期得出合理的灌溉制度。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

研究区位于内蒙古河套灌区五原县民联村, 全年日照时数约 3 260 h, 年均温  $6.1\ ^\circ\text{C}$ ,  $\geq 10\ ^\circ\text{C}$  的积温约  $3\ 360\ ^\circ\text{C}$ , 无霜期 117 ~ 136 d, 年降水量 170 mm, 大多集中在夏秋两季, 年蒸发量 2 060 mm。由于蒸发量过大, 冬春土壤盐分表聚现象严重。表层土壤为粉壤土, 生育期内地下水埋深变幅 1.2 ~ 1.7 m。2010 年 5 月 12 日取样测定研究区土壤基础含盐量及离子组成见表 1。

\* 国家自然科学基金项目(31070002, 30970009, 31000692)和公益性行业(农业)科研专项经费资助项目(200903001)资助

† 通讯作者: 张建丽, 女, 教授, 主要从事微生物资源与系统分类学研究, E-mail: zhangjianli@bit.edu.cn; 逢焕成, 男, 研究员, 研究方向为盐碱地资源利用, E-mail: hcpang@caas.ac.cn

作者简介: 樊金萍(1985—), 女, 硕士研究生, 主要从事微生物系统分类学研究。E-mail: fjpfighting@163.com

收稿日期: 2011-10-11; 收到修改稿日期: 2011-12-28

表 1 研究区 0~20 cm 土层基础含盐量与离子组成

处理	pH	CO <sub>3</sub> <sup>2-</sup>	HCO <sub>3</sub> <sup>-</sup>	Cl <sup>-</sup>	SO <sub>4</sub> <sup>2-</sup>	Ca <sup>2+</sup>	Mg <sup>2+</sup>	Na <sup>+</sup>	K <sup>+</sup>	土壤含盐量 (g kg <sup>-1</sup> )
		(cmol kg <sup>-1</sup> )							(10 <sup>-3</sup> cmol kg <sup>-1</sup> )	
W1	8.30	0	0.994	1.613	1.538	0.650	0.575	0.003	0.04	2.31
W2	8.39	0	0.999	1.875	1.767	0.550	0.917	0.031	0.45	2.53
W3	8.32	0	1.031	1.800	1.858	0.583	0.717	0.028	0.45	2.45
W4	8.19	0	0.928	2.323	1.983	0.483	1.192	0.052	0.87	2.87
SW	9.41	1.103	1.657	27.30	7.853	0.153	0.163	0.235	2.08	22.65

注: W1:灌溉量 675 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup>; W2:灌溉量 900 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup>; W3:灌溉量 1 125 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup>; W4:灌溉量 1 350 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup>; SW:盐荒地,灌溉量为零

## 1.2 试验设计与田间管理

河套灌区葵花田一年灌溉 3 次,分别为秋浇、春灌、生育期灌溉。试验区秋浇于上年 10 月底进行,灌溉量 1 500 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup>;春灌于 5 月底进行,灌溉量 1 200 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup>,各处理一致。本研究共设 675(W1)、900(W2)、1 125(W3)、1 350(W4) m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup> 四个处理,生育期内灌溉一次(7 月 7 日),三次重复,小区随机排列,面积 12 m<sup>2</sup> (3 m × 4 m),区间起垄,周围设 0.5 m 保护行。

供试作物为食葵,品种为 LD5009,为中熟食用美葵杂交种,种植密度约 4.4 × 10<sup>4</sup> 株/hm<sup>2</sup>。6 月 4 日播种,9 月 23 日收获。播前施底肥,施肥量为磷酸二铵 375 kg hm<sup>-2</sup>,尿素 225 kg hm<sup>-2</sup>。其他田间管理措施与当地农户一致。

## 1.3 取样方法与数据测定

食葵播前、灌后、收后分别通过田间取土进行水盐测定,取土层次为 0~10 cm、10~20 cm、20~40 cm、40~60 cm、60~80 cm、80~100 cm 共 6 层。烘干法测定土壤含水量;电导率法测定土壤全盐量。食葵收获后考种,风干后计产,每处理单打单收。

## 1.4 微生物区系分析

在食葵成熟期采集 W1、W2、W3、W4 和 SW 共五个处理的 0~20 cm 土样,测定 pH 后,采用稀释平板涂布法,利用牛肉膏蛋白胨培养基、高氏一号培养基和 PDA 培养基分别对细菌、放线菌和真菌进行培养,计数菌落总数。每个土样采用 10<sup>-2</sup>、10<sup>-3</sup>、10<sup>-4</sup> 三个梯度,每个梯度设 3 个重复,数据处理根据平板中菌落密度,选取合适梯度进行总数计数。

对平板中的细菌优势菌群进行分离纯化,提取 DNA,并对其 16S rDNA 进行 PCR 扩增,并测序,于 EzTaxon 数据库中进行序列比对,初步确定其最相似菌和其所在的属。

## 1.5 数据处理

数据在 Office Excel 2003 中进行基本处理,并

用 SPSS 13.0 软件做差异性分析和相关关系分析,检验不同灌溉处理之间的微生物数目、食葵产量的差异性,及各微生物因子与灌溉量、全盐量和脱盐量之间的相关关系。

## 2 结果与分析

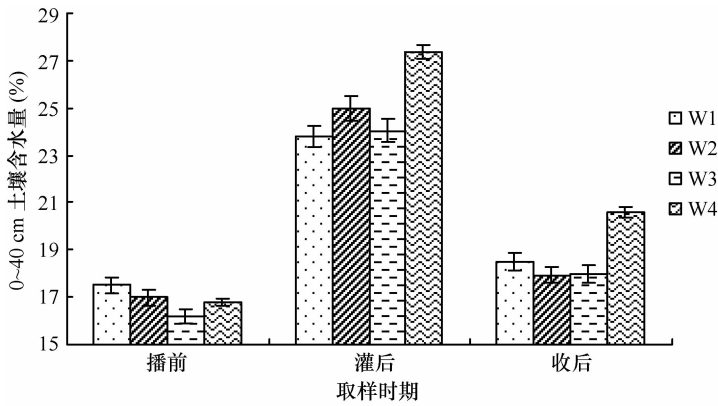
### 2.1 节水灌溉对土壤水分动态的影响

不同灌溉量处理下,葵花田耕层(0~40 cm)土壤水分含量不同(图 1)。灌溉前,各处理土壤水分含量较低,且差异不显著。灌溉后一周的耕层土壤水分含量表现为 W4 > W2 > W3 > W1。W4 对土壤墒情改善最多,耕层含水量为 27.3%,增幅达 10.56%,极显著高于其他处理,较 W2 高 9.49%。W2 耕层含水量达 24.99%,显著高于 W3、W1。W3、W1 间差异不显著。

不同处理储墒时间也有差异,葵花收获后耕层土壤水分含量以 W4 最高,显著高于其他处理,其保墒时间最长;W1 次之,高于 W2 和 W3,但差异不显著;W2 和 W3 差异极小,保墒时间均较短。这是因为在其他条件一致的情况下,土壤含水量主要取决于作物蒸腾作用,W2 与 W3 食葵长势较好,蒸腾作用旺盛,生育期结束后降低了耕层含水量。

### 2.2 节水灌溉对土壤盐分空间分布动态的影响

结果显示,灌后葵花田耕层(0~40 cm)盐分与播前相比,下降较多(图 2a,图 2b),说明生育期灌溉具有洗盐脱盐的作用。各处理灌溉一周后脱盐量 W4 > W3 > W2 > W1, W4 脱盐量最高,达 0.87 g kg<sup>-1</sup>,其次为 W3,为 0.46 g kg<sup>-1</sup>,再次为 W2,为 0.29 g kg<sup>-1</sup>。之后,随着食葵生育期的推进,土壤逐渐开始返盐。各处理耕层(0~40 cm)灌后返盐量不同, W1 > W3 > W2 > W4。W1 最高,达 0.29 g kg<sup>-1</sup>,其次是 W3 和 W2,分别为 0.16 和 0.14 g kg<sup>-1</sup>, W4 最低。



注：W1: 675 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup>; W2: 900 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup>; W3: 1 125 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup>; W4: 1 350 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup>。下同

图 1 不同灌溉定额 0~40 cm 土层土壤水分变化

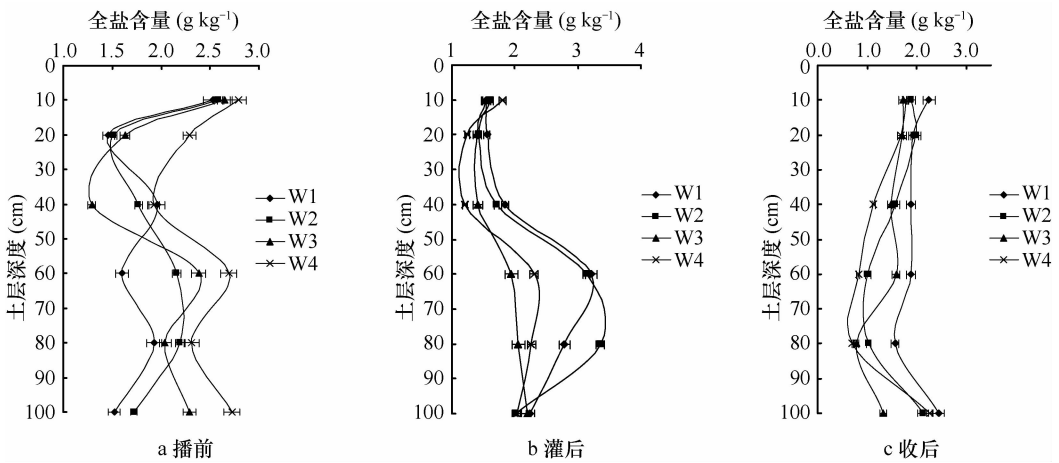


图 2 不同灌溉量处理土壤盐分分布变化

不同土层生育期脱盐量与生育期灌溉量呈显著正相关(图 3)。其中,表土层(0~10 cm)和心土层(40~100 cm)的脱盐量虽随灌溉量增大而增大,但每增加百方水的脱盐效率却随之下降。本试验灌溉量下,表土层脱盐效果由每百方 0.192 g kg<sup>-1</sup>下降至 0.043 g kg<sup>-1</sup>,心土层脱盐效率由每百方 0.406 g kg<sup>-1</sup>

下降至 0.137 g kg<sup>-1</sup>;而熟土层(10~40 cm)则是灌溉量由 675 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup>增加至 1 125 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup>时脱盐效率差异不大,灌溉量由 1 125 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup>增加至 1 350 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup>时脱盐效率明显增大。说明食葵生育期灌溉过程中,并非灌溉量越大,脱盐效果一定就好。合理的灌水量可有效节水与控盐。

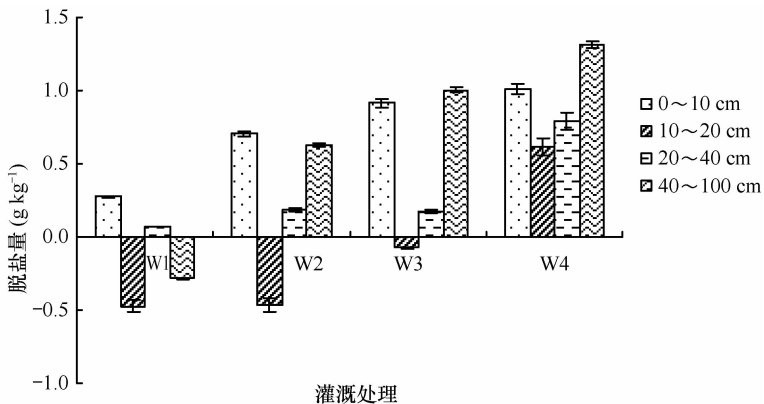


图 3 土壤脱盐量与灌溉量的关系

### 2.3 节水灌溉对土壤微生物数目的影响

由表2可知,不同处理细菌数目差异显著,  $W2 > W1 > W3 > W4 > SW$ 。其中,  $W2$  最高, 达  $1.19 \times 10^6$  cfu  $g^{-1}$ , 极显著高于其他处理, 而  $W4$  细菌数目极显著低于其他灌溉处理。细菌偏好湿润的生存环境<sup>[8]</sup>, 然而各处理细菌数目并非随灌溉量的增加而增加, 灌溉量较大的处理细菌数目反而显著降低, 这可能是由于盐渍土大量灌溉后通透性变差, 理化性质复杂, 土壤板结, 呈嫌气状态, 好氧细菌繁殖受到抑制。

不同处理的土壤放线菌数目  $W2 > W3 > W4 > W1 > SW$ 。与  $SW$  相比,  $W1$ 、 $W2$  放线菌数目逐渐显著提高, 灌溉量最少的  $W1$  放线菌数目也最低, 为

$3.25 \times 10^5$  cfu  $g^{-1}$ ,  $W2$  最高, 达  $5.73 \times 10^5$  cfu  $g^{-1}$ 。适度灌溉可以降低土壤盐分, 增加溶于土壤溶液中的有机营养物质, 湿润的环境也利于孢子萌发, 促进放线菌繁殖。而随灌溉量提高,  $W3$  和  $W4$  的放线菌数目开始降低, 这可能是由于灌溉量过高会减少溶氧。

盐碱土中真菌总数远少于细菌和放线菌, 不同处理真菌数目  $W3 > W2 > W1 > W4 > SW$ , 随灌溉量的增加,  $W1$ 、 $W2$  和  $W3$  的真菌数目显著增长,  $W3$  的真菌数最高, 为  $3.02 \times 10^4$  cfu  $g^{-1}$ 。这可能是由于真菌适宜在偏酸的环境中生长<sup>[9]</sup>, 灌溉淋洗会降低土壤 pH。灌溉量最大的  $W4$  真菌数目最少, 基本与  $SW$  相当, 可能因为真菌较不能耐受低氧水平, 灌溉量过大造成土壤溶氧量降低, 抑制真菌繁殖。

表2 不同灌溉量下土壤微生物数目

处理	细菌菌落数( $10^6$ cfu $g^{-1}$ )	放线菌菌落数( $10^5$ cfu $g^{-1}$ )	真菌菌落数( $10^4$ cfu $g^{-1}$ )
W1	1.10 B	3.25 C	1.01 C
W2	1.19 A	5.73 A	1.67 B
W3	1.08 B	5.60 A	3.02 A
W4	0.89 C	4.75 B	0.33 D
SW	0.46 D	1.55 D	0.33 D

注:不同字母表示差异达到极显著水平( $p < 0.01$ )

### 2.4 节水灌溉对土壤优势细菌菌群的影响

由表3可知,随着灌溉量的增加,土壤中优势菌群种类基本上先增后减。 $W2$  的优势菌群种类最多,  $W4$  和  $SW$  的最少。各处理均广泛分布着芽孢杆菌属(*Bacillus*)和假单胞菌属(*Pseudomonas*)的优势菌,  $W2$  和  $W3$  均有假黄单胞菌属(*Pseudoxanthomonas*)的分布。各处理之间又存在不同的优势菌,  $W1$  有 *Zimmermannella* 属和剑菌属(*Ensifer*),  $W2$  有藤黄单胞菌属(*Luteimonas*)和根瘤菌属(*Rhizobium*)。  $SW$  处理不同于灌溉组, 根瘤菌属(*Rhizobium*)和微小杆菌属(*Exiguobacterium*)分布广泛。

芽孢杆菌可降解土壤中的碳水化合物、氨基酸和蛋白质, 也可有效降解作物难以利用的有机磷, 并可分泌枯草菌素和多黏菌素等活性物质, 抑制有害微生物繁殖, 减少病害<sup>[10-11]</sup>。假单胞菌可降解有机、无机磷。藤黄单胞菌、根瘤菌、假黄单胞菌和剑菌等也可降解土壤有机物, 根瘤菌还可以固氮<sup>[12-13]</sup>, 剑菌则可降解土壤中的大多数糖类, 利用硝酸盐、亚硝酸盐和大多数的氨基酸<sup>[14]</sup>。这些有益细菌在各灌溉处理中的广泛分布, 说明灌溉使盐渍土壤微生态系统得到了改善, 利于农业利用。

表3 不同灌溉量优势细菌分布

处理	优势细菌属名
SW	根瘤菌属( <i>Rhizobium</i> ), 微小杆菌属( <i>Exiguobacterium</i> )
W1	芽孢杆菌属( <i>Bacillus</i> ), 假单胞菌属( <i>Pseudomonas</i> ), 剑菌属( <i>Ensifer</i> ), <i>Zimmermannella</i> 属
W2	芽孢杆菌属( <i>Bacillus</i> ), 假单胞菌属( <i>Pseudomonas</i> ), 假黄单胞菌属( <i>Pseudoxanthomonas</i> ), 藤黄单胞菌属( <i>Luteimonas</i> ), 根瘤菌属( <i>Rhizobium</i> )
W3	芽孢杆菌属( <i>Bacillus</i> ), 假单胞菌属( <i>Pseudomonas</i> ), 假黄单胞菌属( <i>Pseudoxanthomonas</i> )
W4	芽孢杆菌属( <i>Bacillus</i> ), 假单胞菌属( <i>Pseudomonas</i> )

## 2.5 节水灌溉对食葵产量的影响

不同处理的食葵产量  $W2 > W1 > W3 > W4$  (表 4), 处理间差异显著。W2 的产量极显著高于其他处理, 百粒重与盘粒数均较其他处理有很大提高; W1、W3 处理差异不显著; W4 产量极显著低于其他

处理, 其百粒重在各处理中最低, 盘粒数也处于较低水平。上述产量结果说明适当灌溉不但可以节水, 也不会显著减产。此外, 食葵是一种对田间积水反应敏感的作物, 根的生长要求比较通畅的土壤环境, 灌溉量太大反而会降低食葵产量水平。

表 4 不同灌溉量对食葵产量的影响

处理	产量(kg hm <sup>-2</sup> )	百粒重(g)	盘粒数(粒盘 <sup>-1</sup> )
W1	2 033 B	16.3	590
W2	2 213 A	19.3	606
W3	2 025 B	17.3	547
W4	1 783 C	15.3	556

## 2.6 各因素简单相关关系分析

对各因素进行简单相关分析表明(表 5), 灌溉量与全盐量之间呈极显著负相关, 与脱盐量之间呈显著正相关, 说明生育期灌溉可起到淋盐、洗盐的效果。全盐量与各微生物因子之间呈负相关关系,

盐分含量越高, 越不利于微生物的繁殖, 尤其可抑制土壤细菌( $r = -0.865$ )和放线菌( $r = -0.877$ )的生长繁殖。此外, 灌溉量与各微生物因子之间相关性不显著, 也在一定程度上验证了微生物数目与灌溉量之间的非线性关系。

表 5 不同因素间简单相关关系分析

因素	细菌数目	放线菌数目	真菌数目	微生物总数	灌溉量
灌溉量	0.686	0.866	0.391	0.786	—
全盐量	-0.865	-0.877	-0.468	-0.907*	-0.994**
脱盐量	0.080	0.490	-0.065	0.240	0.962*

注: \*\* 或 \* 分别表示在 0.01 和 0.05 水平上的相关性

## 3 结 论

1) 不同灌溉量处理的水分入渗深度、土壤储墒量和时间、淋盐效果均有差异, 灌溉量过多或过少, 均不能有效调控土壤盐分。适度灌溉能够节水控盐, 也可以保持较高产量。试验结果表明, 900 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup> 的生育期灌溉定额较好地满足了盐渍土食葵的水分需求和土壤的洗盐需求, 也具有较好的产量效益。

2) 土壤盐分过高可显著降低土壤微生物数量, 尤其可抑制土壤细菌和放线菌的生长繁殖, 盐分含量越高, 越不利于微生物的繁殖。

3) 不同的灌溉量造成盐渍土壤微生物数量的变化, 主要原因在于土壤中水、盐、气、肥等因素随灌溉量发生变化所致。一个适度的灌溉量是微生物数量增长必要条件, 过少或过多的灌溉量均不利于微生物繁殖。900 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup> 的灌溉定额最有利于细菌和放线菌繁殖, 1 125 m<sup>3</sup> hm<sup>-2</sup> 的灌溉定额最有利于真菌繁殖。

4) 试验结果显示, 微生物数目多的处理 W2

和 W3, 产量也较高。这可能是由于微生物可降解土壤有机物, 供给作物利用。相关机理尚需进一步揭示。

## 参 考 文 献

- [1] 张德山. 内蒙古河套灌区土壤积盐规律及其灌溉调控. 人民黄河, 1988(4): 33—36
- [2] 史海滨, 赤江刚夫, 长堀金造, 等. 盐分再分配条件下河套灌区冲洗水量的数值模拟. 农业工程学报, 2002, 18(5): 67—72
- [3] 罗玉丽, 姜丙洲, 卞艳丽, 等. 秋浇定额对土壤盐分变化的影响分析. 水资源与水工程学报, 2010, 21(2): 118—123
- [4] 蒋静, 冯绍元, 王永胜, 等. 灌溉水量和水质对土壤水盐分布及春玉米耗水的影响. 中国农业科学, 2010, 43(11): 2 270—2 279
- [5] 李慧, 陈冠雄, 杨涛, 等. 沈抚灌区含油污水灌溉对稻田土壤微生物种群及土壤酶活性的影响. 应用生态学报, 2005, 16(7): 1 355—1 359
- [6] 靳正忠, 雷加强, 徐新文, 等. 沙漠腹地咸水滴灌林地土壤养分、微生物量和酶活性的典型相关关系. 土壤学报, 2008, 45(6): 1 119—1 127
- [7] 范君华, 刘明. 膜下滴灌与沟灌海岛棉田土壤微生物特性的比较. 节水灌溉, 2005(1): 9—12

- [ 8 ] 亚历山大. 土壤微生物学导论. 广西农学院农业微生物学教研组. 译. 北京:科学出版社,1983:9—45
- [ 9 ] 沈萍, 陈向东. 微生物学. 第2版. 北京:高等教育出版社, 2006: 149—152
- [10] 刘秀花. 芽孢杆菌的应用研究及进展. 商丘师范学院学报, 2005,21(5):135—138
- [11] 冯月红,姚拓,龙瑞军. 土壤解磷菌研究进展. 草原与草坪, 2003(1):3—7
- [12] 李广宁,邓小丽,周丽沙,等. 一株藤黄单胞菌属细菌 HF-1127 的分离与鉴定. 生物技术, 2009, 19(5): 43—46
- [13] 陈秀蓉,南志标. 细菌多样性及其在农业生态系统中的作用. 草业科学,2002,19(9):34—38
- [14] Young J M. The genus name *Ensifer* Casida 1982 takes priority over *Sinorhizobium* Chen *et al.* 1988, and *Sinorhizobium morelense* Wang *et al.* 2002 is a later synonym of *Ensifer adhaerens* Casida 1982. Is the combination ‘*Sinorhizobium adhaerens*’ (Casida 1982) Willems *et al.* 2003 legitimate? Request for an opinion. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2003, 53: 2 107—2 110