贾俊仙,高浩竣,李睿琦,等.乙酰化葡萄糖施用对盐碱土土壤肥力和细菌群落结构的影响[J].山西农业大学学报(自然科学版),2024,44(4):82-92.
Jia J X, Gao H J, Li R Q,et al.Effects of acetylated glucose application on soil fertility and bacterial community structure in saline-alkaline soil[J].Journal of Shanxi Agricultural University(Natural Science Edition), 2024,44(4):82-92.
doi: 10.13842/j.cnki.issn1671-8151.202405035

乙酰化葡萄糖施用对盐碱土土壤肥力和细菌群落结构的影响

贾俊仙[1],高浩竣[2],李睿琦[2],殷丛丛[1],岳爱琴[2],杜维俊[2],赵晋忠[1*]

(1.山西农业大学 基础部,山西 晋中 030801;2.山西农业大学 农学院,山西 晋中 030801)

摘　要:[目的]乙酰化葡萄糖是一种新型绿色盐碱土改良剂,研究乙酰化葡萄糖对盐碱土土壤肥力和细菌群落的影响,探索乙酰化葡萄糖改良盐碱土的可能作用机制,可为采用乙酰化葡萄糖改良盐碱地提供理论依据。[方法]选取山西省定襄县盐碱土为供试土壤,进行大豆盆栽试验,设置了对照(CK)、3个水平乙酰化葡萄糖处理T1(0.31 g•kg^{-1})、T2(0.62 g•kg^{-1})、T3(0.92 g•kg^{-1})和3个水平葡萄糖处理T4(0.31 g•kg^{-1})、T5(0.62 g•kg^{-1})、T6(0.92 g•kg^{-1}),分析比较不同处理大豆农艺性状、土壤化学性质及酶活性变化,并采用高通量测序技术对大豆根际土壤细菌16S rRNA基因V3—V4区进行多样性测序和分析。[结果]施用乙酰化葡萄糖后,大豆株高、主茎节数、地上部干重、根干重、单株粒数和单株粒重均显著高于对照。土壤pH和电导率分别比对照显著降低了0.21～0.34和8.91%～16.74%,土壤阳离子交换量、有机质含量则显著升高了8.52%～16.43%、4.78%～74.82%;土壤脲酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶活性显著增强。大豆完熟期根际土壤放线菌门的相对丰度显著提高;在属水平上,节杆菌属、斯科曼氏菌属、考克氏菌属的相对丰度显著增加。相关性分析结果显示,节杆菌属、斯科曼氏菌属与土壤pH、电导率显著负相关,与土壤有机质、阳离子交换量显著正相关;考克氏菌属也与土壤pH显著负相关,与阳离子交换量显著正相关。[结论]施用乙酰化葡萄糖能有效降低供试盐碱土碱性和土壤含盐量,提高土壤肥力和营养物质保持能力,改善根际土壤细菌群落结构,促进土壤中有益菌的活动,并进一步促进大豆生长,对于盐碱土改良具有明显作用。

关键词:盐碱土; 乙酰化葡萄糖; 土壤肥力; 土壤细菌群落
中图分类号:S154.3　　**文献标识码**:A　　**文章编号**:1671-8151(2024)04-0082-11

我国盐碱地总面积达9.91×10^7 hm^2,约占国土面积的10%,并且由于自然条件和人类活动影响,盐碱地面积还在不断增长[1-2]。盐碱地土壤中盐分的累积和较高的pH会产生一系列负面影响,导致表层土壤粘结和硬化,形成板结层,降低土壤的通气性和导水性,土壤保水保肥能力下降[3]。盐分的累积还会降低土壤的渗透性,影响水分在土壤中的垂直运动能力,导致灌溉水和雨水难以渗透到更深层的土壤中,影响植物对水分的利用效率[4]。此外,土壤中的Na^+、CO_3^{2-}、HCO_3^-会对土壤中的微生物产生离子毒害,抑制土壤微生物和土壤酶的活性,不利于土壤中的养分循环[5],最终对作物生长发育产生不利影响,严重时会导致作物死亡[6],对农业可持续发展造成严重阻碍,威胁我国粮食安全。因此,盐碱地改良迫在眉睫。

乙酰化葡萄糖是一种新型绿色土壤改良剂,改良土壤盐碱程度的同时,在土壤中无残留,不会造成二次污染[7]。乙酰化葡萄糖与碱作用不仅可以降低碱胁迫液的pH,其降解生成的葡萄糖还可作为外源糖促进植物的生长,显著提高碱胁迫下小麦幼苗的株高、根长、根冠比以及干物质的积累[8],提高大豆幼苗的抗氧化酶活性、渗透调节物质含量及根系活力,有效缓解碱胁迫对大豆幼苗的损伤、增强其抗逆性及根系的生理功能,促进大豆幼苗的生长发育[9]。乙酰化葡萄糖添加到盐碱地后,同样能够降低盐碱土的pH和土壤盐碱程

收稿日期:2024-05-28　　**修回日期**:2024-06-20
基金项目:山西省科技成果转化引导专项计划(202104021301038);山西省专利转化专项计划项目(202202035)
作者简介:贾俊仙(ORCID:0000-0002-5707-8613),副教授,研究方向:土壤改良
*通信作者:赵晋忠(ORCID:0000-0003-0823-324X),教授,博士生导师,E-mail:zhaojz@sxau.edu.cn

度,增加玉米苗期株高和百粒重,极大地增加玉米产量[7,10]。乙酰化葡萄糖促进植物生长的影响机制可能与乙酰化葡萄糖降低碱胁迫、提高土壤有机质含量、提高土壤酶活性、促进土壤中微生物的繁殖等有关[8],但具体影响机制尚不清楚,需进一步研究,特别是乙酰化葡萄糖对盐碱土微生物群落的影响及作用机制方面缺乏全面的研究和认识。本研究选取山西省定襄县盐碱土为供试土壤,进行大豆盆栽试验,分析施用改良剂乙酰化葡萄糖后大豆农艺性状、土壤化学性质及酶活性变化,并采用高通量测序技术对不同处理大豆根际土壤细菌16S rRNA V3-V4区进行多样性测序和分析,研究乙酰化葡萄糖对盐碱土肥力和土壤细菌群落的影响,探索乙酰化葡萄糖改良盐碱土的可能作用机制,旨在为采用乙酰化葡萄糖改良盐碱地提供理论依据。

1　材料和方法

1.1　试验材料

供试土壤于2023年采自山西省定襄县农田(38°32′53"N,112°56′20"E),清除土壤表面的杂质,采集表层0～20 cm土壤,风干后研磨过2 mm筛备用。供试土壤基本肥力状况为:pH为9.11、电导率0.46 mS·cm^{-1}、土壤碱化度(ESP)26.83%、Cl^-含量0.03 g·kg^{-1}、有机质含量15.47 g·kg^{-1}、全氮含量1.25 g·kg^{-1}、全磷含量0.18 g·kg^{-1}、全钾含量4.88 g·kg^{-1}、碱解氮含量105.02 mg·kg^{-1}、速效磷含量9.66 mg·kg^{-1}、速效钾含量291.94 mg·kg^{-1}。供试大豆为耐盐品种'汾豆98';供试乙酰化葡萄糖($C_{16}H_{22}O_{11}$)由课题组合成[11],葡萄糖($C_6H_{12}O_6$)为分析纯。

1.2　试验方法

大豆盆栽试验于2023年在山西农业大学农作站进行。试验共设置7个处理,包括无添加对照(CK),乙酰化葡萄糖处理T1(0.31 g·kg^{-1})、T2(0.62 g·kg^{-1})、T3(0.92 g·kg^{-1}),葡萄糖处理T4(0.31 g·kg^{-1})、T5(0.62 g·kg^{-1})、T6(0.92 g·kg^{-1})。设置了3个取样时期,大豆初荚期(R3)、鼓粒期(R6)和完熟期(R8),每时期每处理均设3次重复。

试验前,将土壤与施用物料混合均匀,分装入花盆中,浇水,土壤持水量达到80%左右,预培养1周。选取籽粒饱满、大小均匀的大豆种子,用无菌水清洗干净,用75%酒精消毒15 s,冲洗后用3%的次氯酸钠浸泡30 min,最后用无菌水冲洗4～5次。每盆播种15粒大豆种子,均匀地撒入花盆中,然后再将其表层盖上1层约1 cm厚的干土,然后喷壶湿润表层土壤。播种后不定期观察大豆的生长状况,并适量浇水,浇水量每盆均相同,并以不发生淋洗为准。为明确乙酰化葡萄糖施用的影响,大豆生育期未进行施肥。待大豆幼苗长到第1片三叶展开时开始间苗,每盆保留3株长势均匀的大豆幼苗。

分别在大豆初荚期(R3)和鼓粒期(R6)将大豆植株取出调查农艺性状,测量株高、主茎节数、地上部干重、根干重,收获后(R8)测定单株粒数和单株粒重。将花盆中的土壤倒出,混匀,去除杂质后风干过筛,用于土壤理化性质测定,每个取样时间每处理均为3次重复。

1.3　土壤化学性质及酶活性测定

土壤化学性质测定参照鲍士旦等[12]的方法,pH采用电位法测定(水:土=2.5:1),电导率(EC)采用电导率仪测定(水:土=5:1),阳离子交换量(CEC)采用NaOAc-火焰光度法测定,土壤有机质(SOM)含量采用重铬酸钾容量法-外加热法测定,全氮(TN)含量采用凯氏定氮法测定,全磷(TP)含量采用钼锑抗比色法测定,全钾(TK)含量采用NaOH熔融-火焰光度法测定,碱解氮(AN)含量采用碱解扩散法测定,速效磷(AP)含量采用$NaHCO_3$浸提-钼锑抗比色法测定,速效钾(AK)含量采用NH_4OAc浸提-火焰光度法测定。

土壤酶活性测定参照查同刚的方法[13],土壤脲酶(S-UE)活性采用NH_4^+释放法测定,土壤碱性磷酸酶(S-ALP)活性采用比色法进行测定,土壤过氧化氢酶(S-CAT)活性采用高锰酸钾滴定法测定。

1.4　土壤微生物测序

采用抖根法采集R3、R6、R8时期大豆根际的新鲜土壤,取后立即装入离心管中,液氮速冻,保存于－80 ℃冰箱备用。

使用MagAtract PowerSoil Pro DNA Kit(Qiagen, Hilden, Germany)提取大豆根际微生物总DNA。DNA浓度和纯度用NanoDrop2000(Thermo Fisher Scientific, U.S.)检测。土壤细菌16S rRNA基因V3-V4区扩增引物参考赵娟等[14]

的方法。利用Illumina Miseq PE300平台对土壤细菌16S rRNA基因进行测序。基于Qiime 1.9.1平台对原始测序序列进行质控、拼接、去除嵌合体。序列比对后筛选出相似性在97%以上的操作分类单元(OTU)。OTU物种分类学注释采用RDP Classifier 2.13,通过与Silva 16S rRNA基因数据库(v138)比对进行,置信度阈值设为70%,在不同物种分类水平下统计出各样本群落组成[15]。

1.5 统计分析

采用Excel 365对数据进行统计;使用Origin 2024进行单因素方差分析(ANOVA),采用Tukey检验分析差异显著性并作图;使用Adobe Illustrator 2022处理图片。在美吉生物云平台(https://cloud.majorbio.com)上进行微生物分析。

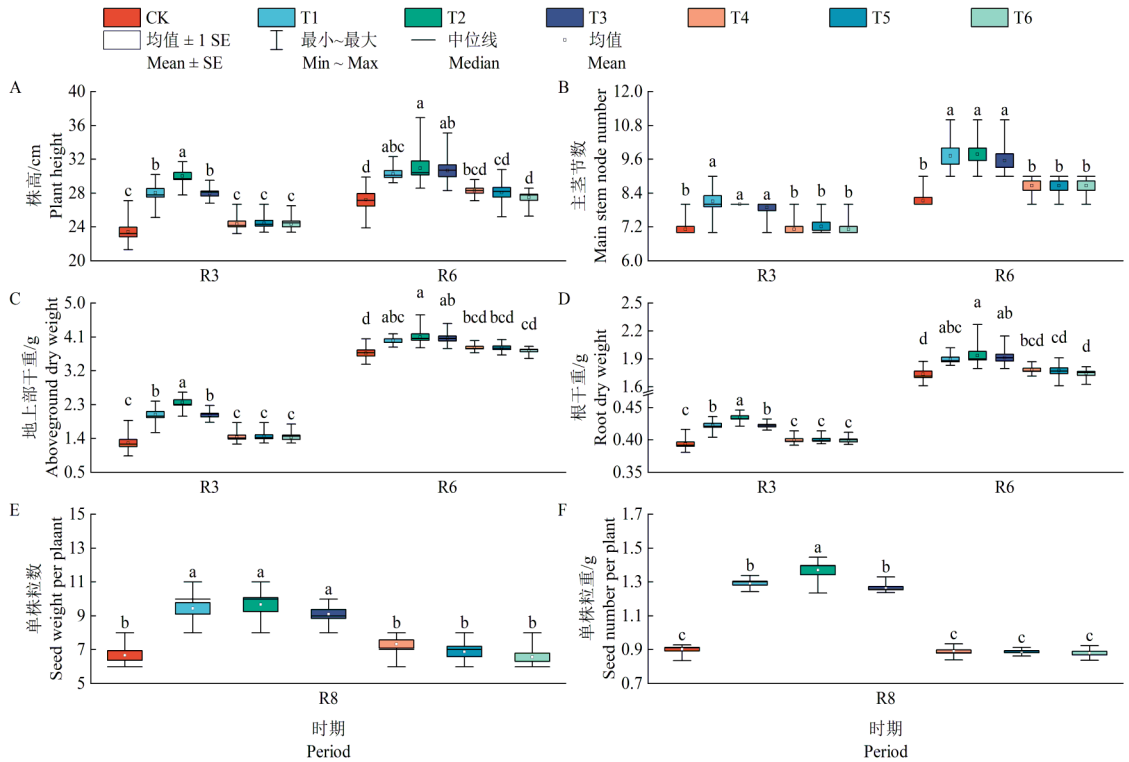
2 结果与分析

2.1 施用乙酰化葡萄糖大豆生长特征

为明确施用乙酰化葡萄糖对盐碱土中大豆生长发育的影响,调查了盆栽试验大豆初荚期(R3)、鼓粒期(R6)的农艺性状。由图1可知,盐碱土施用乙酰化葡萄糖处理,R3、R6时期供试大豆的株高(图1A)、主茎节数(图1B)、地上部干重(图1C)和根干重(图1D)均显著高于对照($P<0.05$),而施用葡萄糖处理则与对照无显著差异。与对照相比,施用乙酰化葡萄糖处理大豆株高升高了3.04~6.60 cm,主茎节数增幅为10.97%~20.30%,地上部干重增加了8.99%~84.10%,根干重增加了7.22%~11.39%,其中T2处理显著高于各处理或差异不显著,表明该处理对大豆生长的影响最大。与对照相比,施用乙酰化葡萄糖还显著增加了盆栽大豆的单株粒数(图1E)和单株粒重(图1F),施用葡萄糖处理各指标均与对照无显著差异。

2.2 施用乙酰化葡萄糖土壤化学性质和酶活性

通过比较不同处理土壤化学性质和酶活性的变化,可揭示乙酰化葡萄糖施用对供试盐碱土的改良效果。图2可见,与对照相比,施用乙酰化葡萄糖处理R3、R6、R8时期土壤pH(图2A)和电导



R3、R6和R8分别为大豆初荚期、鼓粒期和完熟期。不同小写字母表示同一时期不同处理间差异显著($P<0.05$)。图2同

R3, R6, and R8 soybean beginning pod, full seed and full maturity. Different lowercase letters indicate significant differences between treatments in the same period ($P<0.05$). The same as Fig. 2

图1 不同时期不同处理下的大豆农艺性状

Fig.1 Agronomic traits of soybean under different treatments at different growth stages

率(图2B)均显著降低($P<0.05$),pH值降低了0.21～0.34,电导率降幅为8.91%～16.74%;而施用葡萄糖土壤pH仅比对照降低了0.02～0.05,电导率则与对照无显著差异。土壤电导率是衡量土壤中可溶性离子浓度的指标,反映了土壤含盐量的高低[12],土壤pH和电导率变化的结果说明,施用乙酰化葡萄糖能够有效降低供试盐碱土的碱化程度和盐分含量,减少土壤积盐现象,对于盐碱地土壤改良具有明显作用,且改良效果优于葡萄糖处理。

施用乙酰化葡萄糖,R3、R6、R8时期土壤阳离子交换量(图2C)和有机质含量(图2D)均显著高于对照($P<0.05$),分别较对照提高了8.52%～16.43%和4.78%～74.82%,且土壤阳离子交换量及T2处理的土壤有机质含量显著高于施用葡萄糖处理。此结果表明,施用乙酰化葡萄糖能够提高供试盐碱土肥力水平和保肥能力,且作用效果总体优于施用葡萄糖,其中T2处理的作用效果最为显著。

由图2还可见,施用乙酰化葡萄糖,除T6处理的全氮含量外,各处理土壤全氮、全磷、全钾含量均显著低于对照($P<0.05$)(图2E～图2G),降幅分别为17.63%～28.81%、26.37%～44.53%、6.24%～9.10%。施用乙酰化葡萄糖处理土壤全氮含量显著低于施用葡萄糖处理,而全磷、全钾含量与施用葡萄糖处理无显著差异。总的来看,在大豆盆栽试验中,施用乙酰化葡萄糖和葡萄糖后,土壤全氮、全磷、全钾含量普遍低于对照,这可能是由于施用乙酰化葡萄糖和葡萄糖后,作物长势良好,促进了作物对土壤养分的吸收利用。

土壤酶在保护土壤微生物、促进细菌-植物相互作用以及土壤生物地球化学循环中发挥着至关重要的作用[16]。与对照相比,施用乙酰化葡萄糖和葡萄糖R3、R6、R8时期土壤脲酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶活性均显著提高($P<0.05$)(图2H～图2J)。其中施用乙酰化葡萄糖处理土壤脲酶活性提高了17.54%～22.47%,土壤碱性磷酸酶活性提高了5.54%～16.51%,过氧化氢酶活性提高了27.80%～70.28%。

2.3　施用乙酰化葡萄糖大豆根际土壤细菌群落α多样性变化

为了探讨盐碱土施用乙酰化葡萄糖对大豆根际细菌群落结构的影响,对供试盐碱土施用不同剂量改良剂后大豆根际细菌基因组16S rRNA进行了基因测序。根据前文乙酰化葡萄糖对大豆生长特征及土壤化学性质和酶活性的影响结果,乙酰化葡萄糖T2处理的改善效果最好,因此,在后续的微生物分析部分的3个葡萄糖中处理仅选用了与T2处理施用量相对应的T5处理进行了测定。使用Qiime 1.9.1过滤低质量读数,获得了Clean reads 3182273条,大部分序列长度在400～440 bp。由稀释曲线(图3A)可见,随着测序条数的增加,各处理细菌OTUs数均表现为先急剧上升,后趋于平缓,说明能够观察到细菌群落的多样性;在细菌物种积累曲线中(图3B),新物种的增加率随着采样过程中样本量的增加而增加,能够观察到细菌群落的丰富度;由细菌Rank-Abundance曲线可见(图3C),所有的处理中具有较高的物种丰富度和多样性。上述信息说明测序深度足够高,可以进行细菌群落多样性分析。

α多样性可以反映土壤细菌群落的丰富度和多样性,常用Ace、Chao指数和Shannon指数、Simpson指数衡量[17]。Ace和Chao指数值越大,群落丰富度越高,Shannon指数值越大,Simpson指数值越小,物种多样性越高。由表1可见,施用乙酰化葡萄糖处理T1、T2、T3及施用葡萄糖处理T5,大豆R3、R6、R8时期根际土壤的Ace、Chao指数(除R3时期的T1处理外)、Shannon指数和Simpson指数均与对照无显著差异,说明施用乙酰化葡萄糖或葡萄糖对供试盐碱土中大豆根际细菌类群物种丰富度和多样性没有明显影响。除T3处理Ace指数在R6时期显著高于R3时期外,其它同一处理的上述4项指数在不同时期没有显著变化。

2.4　施用乙酰化葡萄糖大豆根际土壤门水平细菌群落

为了进一步分析样品的细菌群落结构,对样品进行门水平的丰度分布分析,结果显示,大豆R3、R6、R8时期各施用处理根际土壤细菌相对丰度大于1%的门均为12个,占细菌相对丰度的95%以上(图4)。其中放线菌门(Actinobacteriota)、绿弯菌门(Chloroflexi)、变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、拟杆菌门(Bacteroidota)、厚壁菌门(Firmicutes)7个门占主导地位,约占细菌

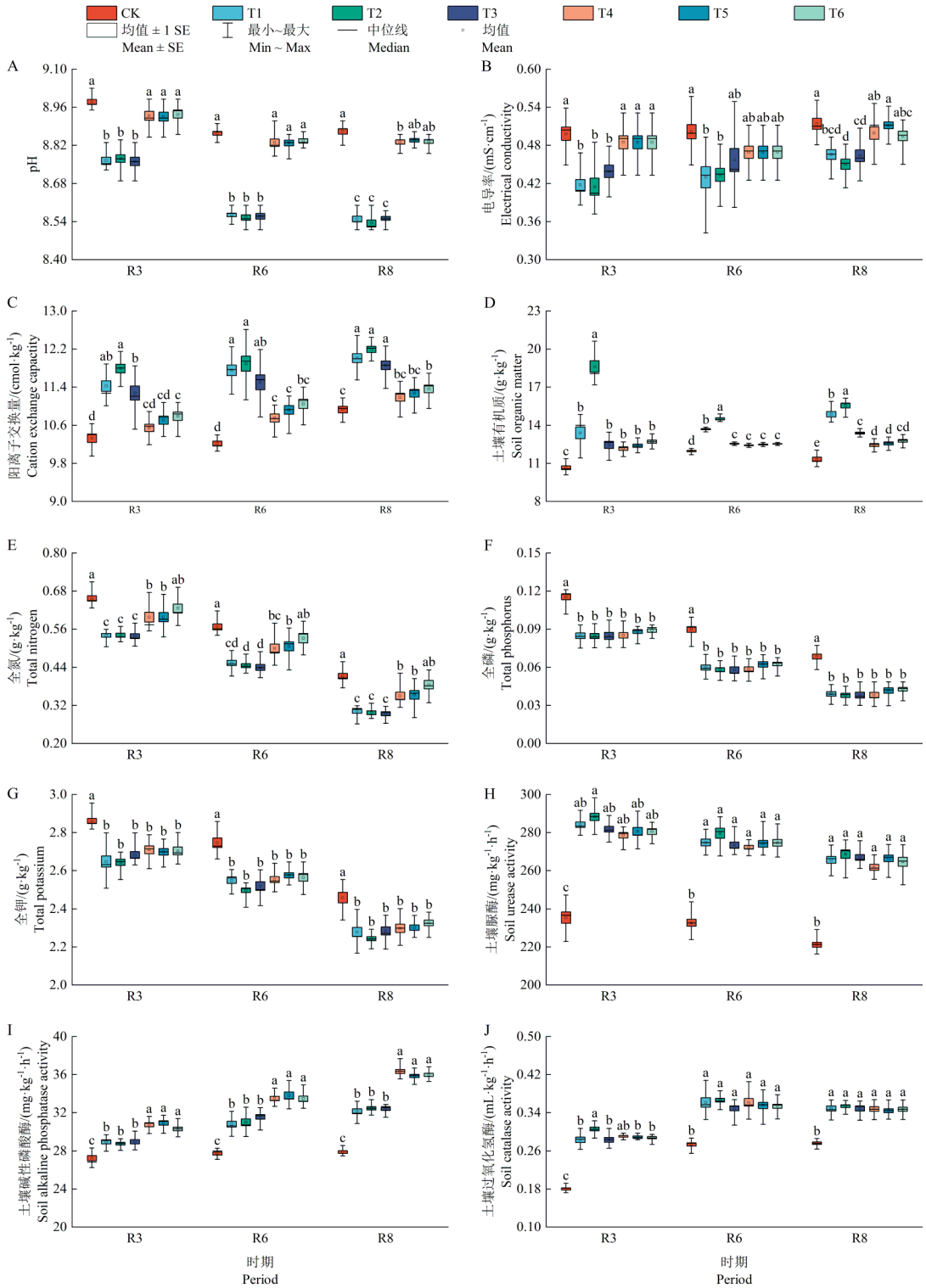
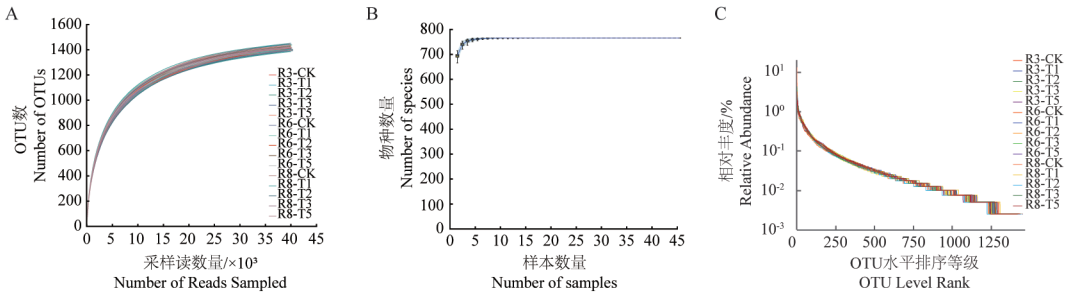


图2 不同时期不同处理下土壤化学性质及酶活性

Fig.2 Soil chemical properties and enzyme activities under different treatments at different growth stages

群落90%左右。

尽管各处理在门水平上细菌群落组成没有差异,但在相对丰度和群落结构上存在一定差异。与对照相比,施用乙酰化葡萄糖后大豆生长的R8时期T2、T3处理土壤放线菌门(Actinobacteriota)的丰度分别显著增加了21.63%、17.50%($P<0.05$),而施用葡萄糖处理仅增加了4.89%(图5)。放线菌门丰度除CK处理在R6时期显著高于R3、



A:大豆根际细菌群落的稀释曲线;B:大豆根际细菌群落的物种积累曲线;C:大豆根际细菌群落的Rank－Abundance曲线

A: Rarefaction curve of soybean rhizosphere bacterial community; B: Species accumulation curves of soybean rhizosphere bacterial community; C: Rank－Abundance curve of soybean rhizosphere bacterial community

图3　大豆根际细菌的总体序列信息

Fig.3　Overall sequence information of soybean rhizosphere bacteria

表1　不同时期不同处理大豆根际土壤细菌α－多样性指数

Table 1　Bacterial alpha diversity indices under different treatments at different growth stages

时期 Period	处理 Treatment	Ace	Chao	Shannon	Simpson
R3	CK	1482±9aA	1484±11bA	6.031±0.058aA	0.005±0.000aA
	T1	1509±20aA	1529±21aA	6.040±0.035aA	0.006±0.001aA
	T2	1494±8aA	1500±9abA	5.994±0.022aA	0.006±0.000aA
	T3	1481±11aB	1497±14abA	5.900±0.112aA	0.007±0.002aA
	T5	1484±10aA	1485±12bA	5.956±0.070aA	0.006±0.001aA
R6	CK	1497±22aA	1503±27aA	6.008±0.037aA	0.006±0.001aA
	T1	1511±6aA	1520±13aA	6.057±0.056aA	0.005±0.000aA
	T2	1511±9aA	1526±12aA	6.008±0.047aA	0.006±0.000aA
	T3	1507±11aA	1516±18aA	6.003±0.082aA	0.006±0.001aA
	T5	1499±13aA	1507±21aA	6.023±0.022aA	0.006±0.000aA
R8	CK	1508±13aA	1515±18aA	5.876±0.219aA	0.012±0.008aA
	T1	1484±22aA	1485±23aA	6.049±0.106aA	0.005±0.001aA
	T2	1499±23aA	1511±22aA	5.925±0.086aA	0.007±0.001aA
	T3	1487±7aAB	1501±9aA	5.956±0.071aA	0.006±0.001aA
	T5	1498±9aA	1507±18aA	6.046±0.038aA	0.005±0.000aA

注:表中的数据为算术平均值±标准差。不同小写字母表示同一指标在同一时期不同施用处理间差异显著($P<0.05$),不同大写字母表示同一指标的相同施用处理在不同时期间差异显著($P<0.05$)。图5、图7同

Note: Data are means ± SD. Different lowercase letters indicated significant differences of the same index between different addition treatments in the same period ($P<0.05$), and different capital letters indicated significant differences between different periods in the same addition treatment ($P<0.05$). The same as Fig. 5 and Fig. 7

R8时期外,其它处理在不同时期没有显著变化。放线菌门在干旱半干旱地区分布较广,其菌丝体能够降解土壤中的难溶性物质,在土壤养分循环和提高土壤生产力等方面发挥着重要作用[18-19]。

2.5　施用乙酰化葡萄糖大豆根际土壤属水平细菌群落

在属水平上,大豆生长的R3、R6、R8时期,各施用处理大豆根际土壤有38个相对丰度大于1%的属,其中11个细菌属占主导地位(相对丰度>3%),占土壤细菌类群的26%以上(图6)。

与对照相比,施用乙酰化葡萄糖后,大豆生长后期的根际土壤中,节杆菌属(*Arthrobacter*)、斯科曼氏菌属(*Skermanella*)、考克氏菌属(*Kocuria*)和*Quadrisphaera*菌属的丰度均显著增加(图7)。大豆生长的R6和R8时期,T2处理根际土壤节杆菌属的丰度分别增加至对照的2.18倍、3.93倍,T3处理分别增加至对照的3.67倍、5.72倍,而施用葡萄糖处理与对照无显著差异(图7A)。相较于对

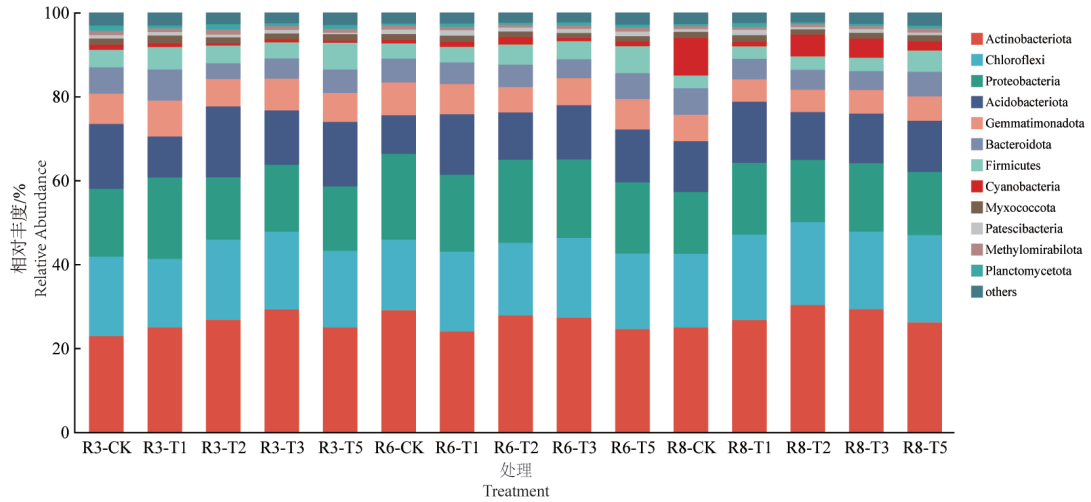


图4 不同时期不同处理门水平大豆根际细菌群落结构

Fig.4 Phylum-level structure of soybean rhizosphere bacterial communities under different treatments at different stages

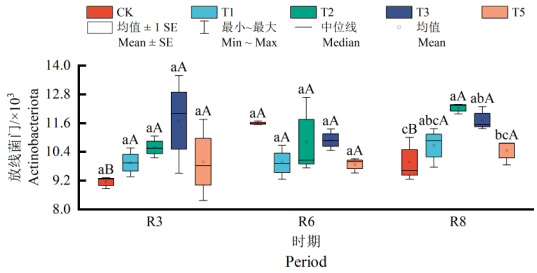


图5 门水平细菌群落的差异性分析

Fig.5 Differential analysis of phylum level bacterial communities

照,T2、T3处理斯科曼氏菌属的相对丰度在R6和R8时期显著增加,特别是T3处理的斯科曼氏菌属相对丰度在R6、R8时期分别增加至对照的2.66倍、2.94倍,也显著高于葡萄糖处理(T5)(图7B);T2、T3处理R8时期考克氏菌属菌属的相对丰度分别增加至对照的2.30倍、2.43倍(图7C)。同一处理的上述菌属在不同时期无显著差异。

2.6 大豆根际细菌群落组成与土壤化学性质的相关性分析

采用皮尔逊相关性分析检验了施用乙酰化葡萄糖大豆根际细菌群落属水平丰度升高的菌属与土壤化学性质、酶活性和大豆农艺性状的相关性(图8)。结果显示,节杆菌属(*Arthrobacter*)与土壤pH、电导率显著或极显著负相关,与土壤有机质含量、阳离子交换量、脲酶活性、碱性磷酸酶活性、过氧化氢酶活性以及大豆株高显著或极显著正相关;斯科曼氏菌属(*Skermanella*)则与土壤pH、电导率与全氮、全磷、全钾含量极显著负相关,与土壤有机质含量、阳离子交换量、脲酶活性、碱性磷酸酶活性、过氧化氢酶活性以及株高、主茎节数极显著正相关;考克氏菌属(*Kocuria*)也与土壤pH显著负相关,与阳离子交换量、过氧化氢酶活性、株高显著正相关。总体来看,上述菌属与土壤盐碱度指标pH、电导率呈负相关,与土壤肥力指标有机质含量、阳离子交换量、酶活性及作物农艺指标呈正相关。斯科曼氏菌属与土壤全氮、全磷、全钾含量呈负相关,可能是由于施用乙酰化葡萄糖后,土壤碱害减弱,微生物活性增强,作物长势良好,促进了作物对氮磷钾养分的吸收利用,这与前文结果分析一致。

3 讨论

本文研究结果显示,乙酰化葡萄糖施用对于盐碱地土壤改良具有明显作用,显著降低了供试盐碱土的pH和电导率,有效降低了供试盐碱土的碱化程度和盐分含量,这与崔文明等[10]的田间试验结果和郝统等[20]水培法模拟碱胁迫试验结果相似。其作用原理是施入盐碱土的乙酰化葡萄糖在土壤中反应后转化为葡萄糖和乙酸,一方面碱性条件下的水解反应会消耗OH^-,使得土壤pH降低,另一方面,水解产物之一乙酸的酸性大于碳酸,会和碱性盐土中的碳酸钠和碳酸氢钠进一步作用,将CO_3^{2-}、HCO_3^-转化为水和二氧化碳,二氧化碳以气体形式释放出土壤,从而有效降低可溶性CO_3^{2-}、HCO_3^-含量,并缓解了由于CO_3^{2-}、HCO_3^-水解而导致的土壤pH升高,实现降碱降盐[16]。

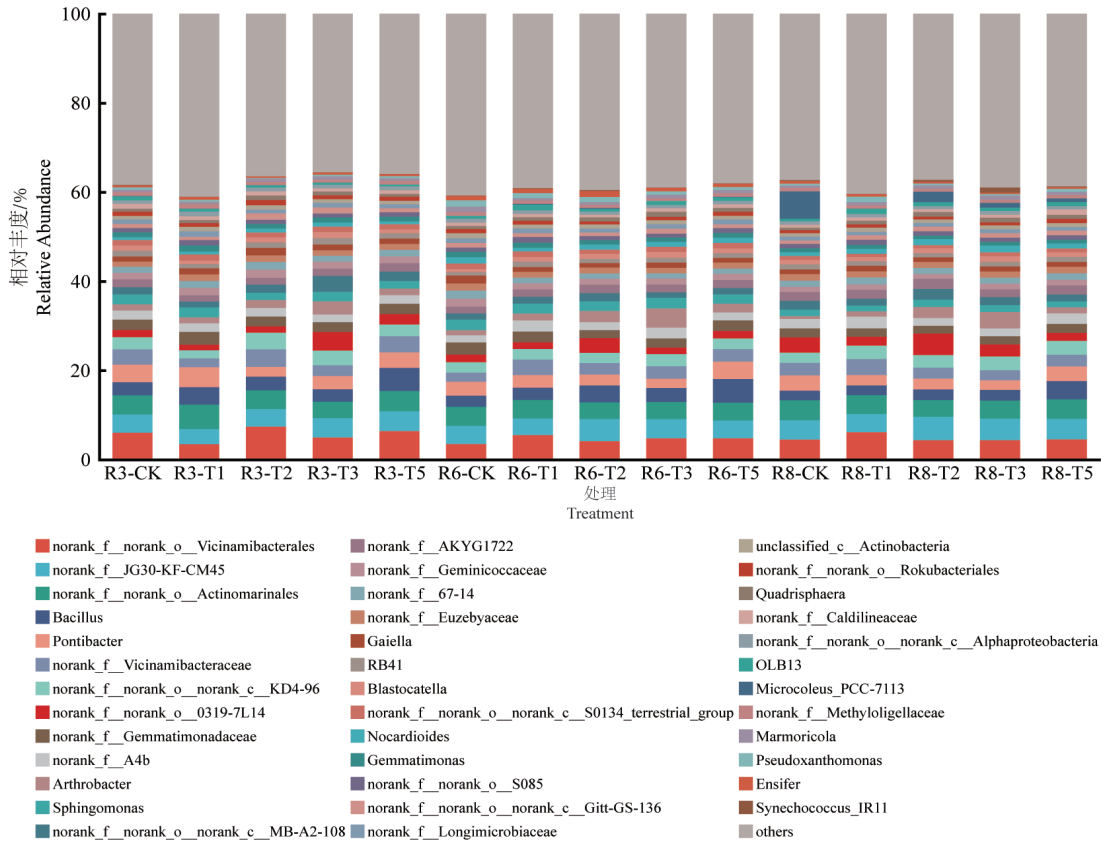
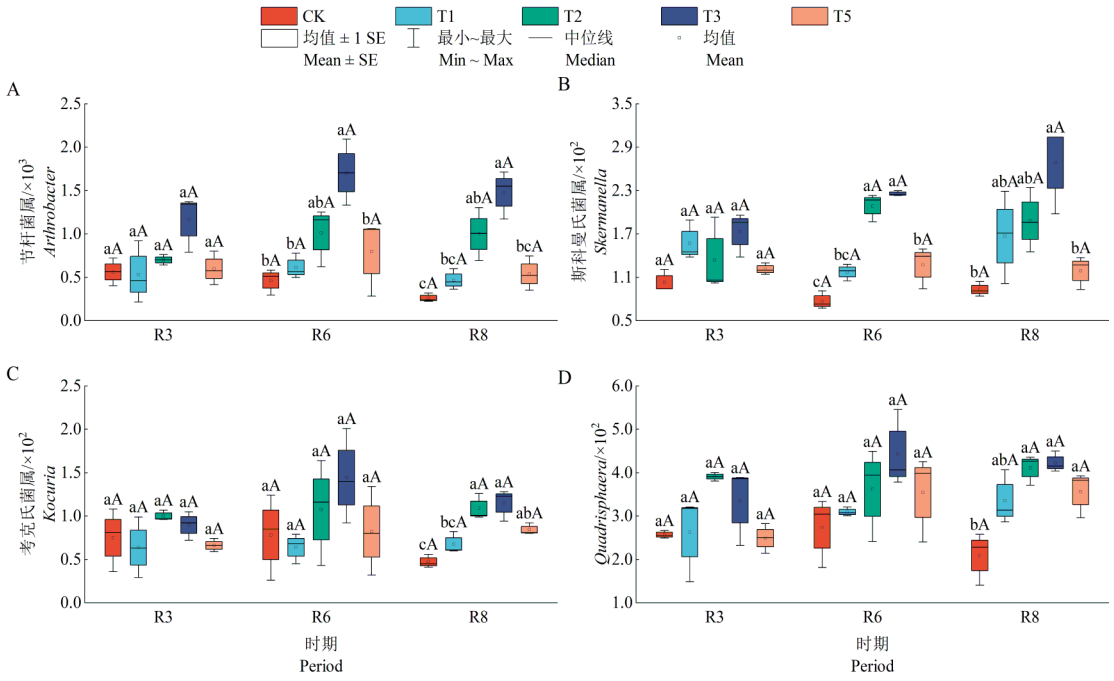


图 6　不同时期不同处理属水平大豆根际细菌群落结构

Fig.6　Genus-level structure of soybean rhizosphere bacterial communities under different treatments at different stages

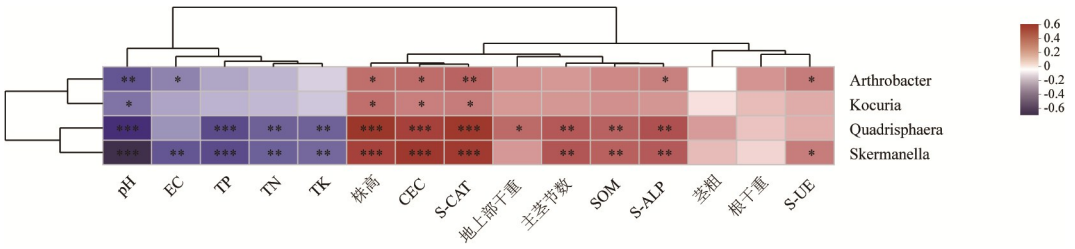


A、B、C、D分别为节杆菌属、斯科曼氏菌属、考克氏菌属和*Quadrisphaera*菌属在R3、R6、R8期的丰度

A, B, C, and D represented the relative abundance of *Arthrobacter*, *Kocuria* , *Skermanella*, and *Quadrisphaera*, respectively, at R3, R6, and R8 growth stages

图 7　属水平细菌群落的差异性分析

Fig.7　Differential analysis of genus level bacterial communities



*、**和***分别表示相关性在0.05、0.01和0.001水平达到显著和极显著

*, **, and *** indicated the correlation was significant at $P<0.05$, 0.01, and 0.001 level, respectively

图8 大豆农艺性状和土壤化学性质与根际细菌属水平丰度的相关性分析

Fig.8 Correlation analysis of soybean agronomic traits and soil chemical properties with genus-level abundance of rhizosphere bacteria

本研究中,施用乙酰化葡萄糖,土壤阳离子交换量和有机质含量显著提高,且显著高于施用葡萄糖处理;土壤脲酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶活性也显著提高。阳离子交换量和土壤有机质含量都是衡量土壤肥力状况的重要指标,而土壤酶活性可以代表土壤中物质代谢的旺盛程度,反映微生物对养分的吸收利用状况等,也是土壤肥力的重要指标[21]。研究结果说明,施用乙酰化葡萄糖能够提高供试盐碱土肥力水平和保肥能力,且作用效果总体优于施用葡萄糖。于跃跃等[21]的研究发现,葡萄糖为易利用碳源,添加葡萄糖可显著提升土壤微生物活性及脱氢酶和碱性磷酸酶活性。本研究中乙酰化葡萄糖分解后产生的葡萄糖,一方面为微生物提供了易利用碳源,另一方面,由于乙酰化葡萄糖施用降低了土壤的pH和盐分含量,改善了微生物的生长环境,降低了对微生物的盐碱胁迫,提高了土壤酶活性,因此作用效果优于施用葡萄糖处理。

土壤微生物在土壤生态系统中起着至关重要的作用,每一种微生物都具有独特的生态位和特殊的生态功能[22]。本研究中,尽管各处理间大豆根际土壤细菌群落丰富度和多样性差异不大,但施用乙酰化葡萄糖后,节杆菌属、斯科曼氏菌属、考克氏菌属的丰度显著增加。节杆菌属属于放线菌门,能降解土壤中的多种环境污染物,是主要的有机物分解者[23]。斯科曼氏菌属是一种固氮菌,能够增加土壤氮素的含量[24]。考克氏菌属能够减少由过氧化氢引起的氧化胁迫,有效降低细胞中丙二醛的含量,同时提升细胞内过氧化氢酶的活性及其对羟自由基的清除作用[25]。说明施用改良剂乙酰化葡萄糖能促进与土壤碳、氮养分循环和抗逆性相关的有益菌丰度提高。Xing等[16]的研究也发现,添加改良剂生物炭后,降低土壤盐度的同时可以提高土壤微生物的活性,参与碳、氮、磷循环的嗜热菌属、短波单胞菌属、斯氏菌属和黄单胞菌属相对丰度提高,这与本研究施用改良剂能够促进盐碱土中与养分循环相关的菌属丰度提高的结果一致。

根际细菌属水平丰度与土壤化学性质、酶活性、大豆农艺性状的相关性分析表明,细菌丰度与土壤盐碱度负相关,与土壤肥力、酶活性及作物农艺指标正相关,说明改良剂乙酰化葡萄糖的施用通过有效降低供试盐碱土的pH和盐分含量,并为微生物提供易利用碳源,改善了土壤微生物生长的微环境,降低了对微生物的盐碱胁迫,进而改善了土壤微生物群落结构,增加了参与土壤元素循环菌群的丰度,提高了土壤肥力水平及酶活性,从而使土壤理化性质得以改善,并进一步促进了大豆生长。

4 结论

本研究通过施用土壤改良剂乙酰化葡萄糖,评估其在修复盐碱土方面的有效性,并阐明其潜在的作用机制。研究结果表明,施用乙酰化葡萄糖在有效降低供试盐碱土的碱性和土壤含盐量,降低盐碱胁迫的同时,为土壤微生物提供了可直接利用的活性碳源,促进了土壤酶活性的提高,提高了盐碱土的肥力水平和营养物质保持能力,改善了大豆根际土壤细菌群落结构,增加了有益于碳氮循环以及与抗逆性相关的微生物的丰度,从而进一步促进了大豆生长,对于盐碱地土壤改良具有明显作用。本研究结果为采用化学改良剂乙酰化葡萄糖修复盐碱土提供了理论依据。

参考文献

[1]胡炎,杨帆,杨宁,等. 盐碱地资源分析及利用研究展望[J].

土壤通报,2023,54(2):489-494.
Hu Y, Yang F, Yang N, et al. Analysis and prospects of saline-alkali land in China from the perspective of utilization [J]. Chinese Journal of Soil Science, 2023, 54(2): 489-494.

[2]Zhang B Q, Wang N. Study on the harm of saline alkali land and its improvement technology in China [J]. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science, 2021, 692(4): 042053.

[3]赵维彬,王松,刘玲玲,等. 生物炭改良盐碱地效果及其对植物生长的影响研究进展[J]. 土壤通报,2024,55(2):551-561.
Zhao W B, Wang S, Liu L L, et al. Effect of biochar amendment on saline-alkaline soil amelioration and plant growth: a literature review[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2024, 55(2): 551-561.

[4]Orlovsky N, Japakova U, Zhang H F, et al. Effect of salinity on seed germination, growth and ion content in dimorphic seeds of *Salicornia europaea* L. (*Chenopodiaceae*) [J]. Plant Diversity, 2016, 38(4): 183-189.

[5]邹晓君,列志旸,薛立. 盐胁迫对4种园林植物土壤养分及酶活性的影响[J]. 东北林业大学学报,2019,47(3):74-78.
Zou X J, Lie Z Y, Xue L. Effects of salt stress on soil nutrient and enzyme activity of four landscape plants [J]. Journal of Northeast Forestry University, 2019, 47(3): 74-78.

[6]Ilangumaran G, Smith D L. Plant growth promoting rhizobacteria in amelioration of salinity stress: a systems biology perspective[J]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8: 1768.

[7]杜康瑞,段喜明,赵晋忠,等. 盐碱地改良剂与肥料混施对土壤pH值及玉米生长发育的影响[J]. 华北农学报,2019,34(3):180-185.
Du K R, Duan X M, Zhao J Z, et al. Effects of saline-alkali land improver and fertilizer on soil pH and maize growth and development [J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2019, 34(3): 180-185.

[8]高培芳,崔文明,王世飞,等. 乙酰化葡萄糖对碱胁迫下小麦幼苗生长的影响[J]. 华北农学报,2017,32(3):125-131.
Gao P F, Cui W M, Wang S F, et al. Effects of acetyl glucose on the growth of wheat seedlings under alkali stress [J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2017, 32(3): 125-131.

[9]殷丛丛,陈锦芳,郝统,等. 外源乙酰化糖对碱胁迫下大豆幼苗的影响[J]. 山西农业大学学报(自然科学版),2021,41(2):25-33.
Yin C C, Chen J F, Hao T, et al. Effect of exogenous acetylated sugar on soybean seedlings under alkali stress [J]. Journal of Shanxi Agricultural University (Natural Science Edition), 2021, 41(2): 25-33.

[10]崔文明,张中东,赵成萍,等. 新型改良剂对盐碱地土壤性质和玉米生长的影响[J]. 山西农业大学学报(自然科学版),2014,34(6):531-534.
Cui W M, Zhang Z D, Zhao C P, et al. The effects of a novel soil amendment on the saline alkali soil properties and the growth of maize plants [J]. Journal of Shanxi Agricultural University(Natural Science Edition), 2014, 34(6): 531-534.

[11]岳爱琴,王世飞,刁秀楠,等. 一种全乙酰基葡萄糖的制备方法[P]. 中国,CN201610515530.9. 2019-04-23.
Yue A Q, Wang S F, Diao X N, et al. A preparation method of full acetylglucose[P]. China, CN201610515530.9. 2019-04-23.

[12]鲍士旦. 土壤农化分析3版[M]. 北京:中国农业出版社,2000:25-200.
Bao S D. Agrochemical Analysis of soils, 3rd edition [M]. Beijing: Agricultural Press of China, 2000: 25-200.

[13]查同刚. 土壤理化分析[M]. 北京:中国林业出版社,2017:177-201.
Zha T G. Soil physical and chemical analysis [M]. Beijing: China Forestry Publishing House, 2017: 177-201.

[14]赵娟,刘霆,张涛涛,等. 黑曲霉菌剂不同处理对西瓜根际细菌群落及土壤理化性质的影响[J]. 微生物学通报,2023,50(6):2468-2480.
Zhao J, Liu T, Zhang T T, et al. Effect of different treatments of Aspergillus niger agent on the rhizosphere bacterial community and soil physicochemical properties of watermelon [J]. Microbiology China, 2023, 50(6): 2468-2480.

[15]李毅,张泽钧,康力文,等. 野生小熊猫主食竹叶围细菌的年际变化[J]. 四川林业科技,2023,44(3):45-53.
Li Y, Zhang Z J, Kang L W, et al. Interannual variation of bacteria communities in red pandas foraging bamboos phyllosphere [J]. Journal of Sichuan Forestry Science and Technology, 2023, 44(3): 45-53.

[16]Xing J, Li X Y, Li Z Q, et al. Remediation of soda-saline-alkali soil through soil amendments: microbially mediated carbon and nitrogen cycles and remediation mechanisms [J]. The Science of the Total Environment, 2024, 924: 171641.

[17]乔清华,黄瑞基,盛福瑞,等. 不同土壤改良剂对酸化土壤微生物群落结构的影响[J]. 中国土壤与肥料,2023(2):62-72.
Qiao Q H, Huang R J, Sheng F R, et al. Effects of different soil amendments on microbial community structure in acidified soil[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2023(2): 62-72.

[18]王文晓,李小伟,黄文广,等. 蒙古沙冬青根际土壤细菌群落组成及多样性与生态因子相关性研究[J]. 生态学报,2020,40(23):8660-8671.
Wang W X, Li X W, Huang W G, et al. Correlations between the composition and diversity of bacterial communities and ecological factors in the rhizosphere of *Ammopiptanthus mongolicus*[J]. Acta Ecologica Sinica, 2020, 40(23): 8660-8671.

[19]张玲豫,齐雅柯,焦健,等. 河西走廊沙地芦苇(*Phragmites australis*)根际土壤微生物群落多样性[J]. 中国沙漠,2021,41(6):1-9.
Zhang L Y, Qi Y K, Jiao J, et al. Microbial community diversity of reed rhizosphere soil in different sandy land habitats of Hexi Corridor, Gansu, China [J]. Journal of Desert Research, 2021, 41(6): 1-9.

[20]郝统,赵晋忠,杜维俊,等. 新型改良剂对碱胁迫下大豆萌发的影响[J]. 山西农业科学,2019,47(4):548-552.
Hao T, Zhao J Z, Du W J, et al. Effect of new modifiers on soybean germination under alkali stress [J]. Journal of Shanxi

Agricultural Sciences, 2019, 47(4): 548-552.
[21]于跃跃,赵炳梓. 无机氮和葡萄糖添加对土壤微生物生物量和活性的影响[J]. 土壤学报,2012,49(1):139-146.
Yu Y Y, Zhao B Z. Effect of amendment of inorganic nitrogen and glucose on soil microbial biomass and activity [J]. Acta Pedologica Sinica, 2012, 49(1): 139-146.
[22]刘佳,陈晓芬,刘明,等. 长期施肥对旱地红壤细菌群落的影响[J]. 土壤学报,2020,57(2):468-478.
Liu J,Chen X F,Liu M, et al. Effects of long-term fertilization on bacterial community in upland red soil[J]. Acta Pedologica Sinica,2020,57(2):468-478.
[23]张新建,张广志,杨合同. 节杆菌环境适应性的基因组学研究进展[J]. 微生物学报,2016,56(4):570-577.
Zhang X J, Zhang G Z, Yang H T. Genomics basis of *Arthrobacter* spp. environmental adaptability-a review [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2016, 56(4): 570-577.
[24]王加龙,刘驰,雷丽,等. 非共生固氮菌及其固氮作用[J]. 微生物学报,2022,62(8):2861-2878.
Wang J L, Liu C, Lei L, et al. Asymbiotic nitrogen-fixing bacteria and their nitrogen fixation potential [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2022, 62(8): 2861-2878.
[25]李婷,张威,吴明辉,等. 荒漠土壤中两株抗氧化细菌的抗氧化生理生化特征[J]. 微生物学通报,2020,47(2):379-389.
Li T, Zhang W, Wu M H, et al. Physiological and biochemical characteristics of two antioxidant bacteria in desert soil[J]. Microbiology China, 2020, 47(2): 379-389.

Effects of acetylated glucose application on soil fertility and bacterial community structure in saline-alkaline soil

Jia Junxian[1], Gao Haojun[2], Li Ruiqi[2], Yin Congcong[1], Yue Aiqin[2], Du Weijun[2], Zhao Jinzhong[1*]

(*1.Department of Bacsic, Shanxi Agricultural University, Jinzhong 030800, China; 2.College of Agronomy, Shanxi Agricultural University, Jinzhong 030800, China*)

Abstract: [Objective] The study aimed to examine the impacts of acetylated glucose on soil fertility and bacterial community structure in saline-alkaline soil, and to investigate its potential mechanisms for soil improvement. The findings aimed to establish a theoretical support for using acetylated glucose to ameliorate saline-alkaline land. [Methods] Saline-alkaline soil from Dingxiang County, Shanxi Province, was selected for a soybean pot experiments. The experiment included a control (CK) and three levels of acetylated glucose treatment: T1 (0.31 g·kg^{-1}), T2 (0.62 g·kg^{-1}), and T3 (0.92 g·kg^{-1}), as well as three levels of glucose treatments: T4 (0.31 g·kg^{-1}), T5 (0.62 g·kg^{-1}), and T6 (0.92 g·kg^{-1}). The study analyzed and compared soybean agronomic traits, soil chemical properties, and enzyme activities under different treatments. High-throughput sequencing technology was used to sequence and analyze the diversity of the 16S rRNA gene V3-V4 region of bacterial communities in the soybean rhizosphere soil. [Results] The application of acetylated glucose significantly increased soybean plant height, main stem node number, aboveground dry weight, root dry weight, the number of grains per plant, and grain weight per plant compared to the control. Soil pH and electrical conductivity were significantly reduced by 0.21 to 0.34 and 8.91% to 16.74%, respectively, compared to the control. Soil cation exchange capacity and organic matter content were significantly elevated by 8.52% to 16.43%, and 4.78% to 74.82%, respectively. Soil urease, alkaline phosphatase, and catalase activities were all significantly enhanced. In the rhizosphere soil of mature soybeans, the relative abundance of Actinobacteria phylum increased significantly. At the genus level, the relative abundance of *Arthrobacter*, *Skermanella* and *Kocuria* increased significantly. Correlation analysis indicated that *Arthrobacter* and *Skermanella* were significantly negatively correlated with soil pH and electrical conductivity, and significantly positively correlated with soil organic matter and cation exchange capacity. Similarly, *Kocuria* was also significantly negatively correlated with soil pH and significantly positively correlated with cation exchange capacity. [Conclusion] The application of acetylated glucose effectively mitigated the alkalinity and salinity of the tested saline-alkaline soil, enhanced soil fertility and nutrient retention, improved the bacterial community structure in the rhizosphere soil, and promoted the activity of beneficial bacteria, and further facilitated soybean growth. These findings underscore the significant potential of acetylated glucose on the improvement of saline-alkaline soil.

Keywords: Saline-alkaline soil, Acetylated glucose, Soil fertility, Soil bacterial community

(编辑:郭玥微)