

大豆苗期水分亏缺对土壤酶活性及微生物多样性的影响

李多¹ 王晨¹ 张明聪² 曹亮¹ 金喜军¹ 张玉先¹ 王孟雪¹

(¹黑龙江八一农垦大学农学院, 163000, 黑龙江大庆; ²农业农村部东北平原农业绿色低碳重点实验室, 163000, 黑龙江大庆)

摘要 为研究不同程度水分亏缺对大豆土壤酶活性及土壤微生物多样性的影响, 以干旱敏感型大豆绥农 26 为材料, 采用盆栽试验, 在苗期分别设置土壤含水量为田间持水量的 70% (正常供水, CK)、60% (轻度水分亏缺, T1)、50% (中度水分亏缺, T2) 和 40% (重度水分亏缺, T3) 4 个处理, 对土壤酶活性进行测定, 并利用高通量测序技术对土壤微生物的群落构成和多样性进行研究。结果表明, 除成熟期外, 其他生育期土壤脲酶活性均为 T1 处理最大; 与 CK 相比, 不同处理土壤蔗糖酶活性下降 13.89%~21.94%; 复水后, 土壤过氧化氢酶活性则为 T2 处理最高, 而土壤磷酸酶活性则在 T1 处理达到最大。水分亏缺可引起土壤微生物数量发生改变, 丰富度增加, 且与酶活性间存在一定的相关性。大豆单株产量在 T1 处理下达到最大, 相比 CK 显著提高 9.55%。综上所述可知, 适度的水分亏缺在一定程度上可对土壤酶活性起到促进作用, 进一步影响土壤微环境, 从而达到节水增产目的。

关键词 大豆; 水分亏缺; 土壤酶; 土壤微生物

近年来, 全球气候变暖日趋严重, 降水量持续降低和蒸发量不断增加导致全球干旱区的面积逐渐扩大^[1], 水资源的短缺和生态系统的脆弱性进一步加剧了水资源的供需矛盾, 因此, 采取适宜的水分亏缺灌溉措施可作为缓解此问题的途径之一。土壤微生物和土壤酶作为土壤的重要组成部分, 是最敏感的土壤生物学指标。土壤中的微生物种类多且数量庞大, 土壤的结构、肥力和养分利用率等都会受到土壤微生物多样性的影响^[2]。土壤微生物作为生态系统重要的组成部分^[3], 可以保障土壤利用的可持续性, 使土壤微生物环境趋于稳定^[4], 是土壤养分循环的主要驱动者, 并且可有效调节地上作物生长。土壤含水量的不同将导致植物根系发育、微生物活动及腐殖质分解速率发生改变, 故而对土壤微生物群落结构及其多样性产生一定的影响。韩冰^[5]研究表明, 不同灌水处理对土壤微生物群落碳源利用具有区别, 灌水量过大或过小均会抑制土壤微生物活性与功能多样性。刘奎等^[6]研究发现, 干湿交替将显著改变土壤的微生物群落结构, 降低免耕土壤中微生物群落多样性, 且受干湿交替频率的影响较大。Ochoa-Hueso 等^[7]研究发现干旱导致土壤中细菌和真菌的群落结构发生变化, 并筛选出一系列具有较强耐旱能力的微生物。土壤微生物分泌

出具有生物活性的土壤酶, 参与土壤中物质循环和能量流动, 其含量的多少可反映土壤物质与能量代谢旺盛程度的高低^[8]。许多研究^[9-11]表明, 土壤酶活性对水分变化响应灵敏, 在适当的水分范围内酶活性较高, 但是过高或过低的水分均会对酶活性产生抑制作用。土壤水分状况不仅能够使土壤微生物丰度及多样性发生改变, 间接影响土壤酶活性, 还可以通过影响土壤温湿度等环境因素, 调控土壤养分的物理扩散和化学形态的转化, 从而对作物吸收养分产生一定的影响^[12]。

大豆是广泛种植的一种粮油作物^[13], 在我国农业生产上占据着重要地位, 然而大豆生长发育需水量大, 但抗旱能力相对较弱^[14], 对水分要求敏感, 水分不充足会对其生长发育及产量、品质等造成不利影响。与此同时, 我国农业灌溉水利用率低, 节水灌溉技术不发达, 因此寻找适宜的水分条件, 在农业用水短缺的情况下提高水分利用效率, 并且可以保证大豆正常生长发育具有一定意义。

虽然已有关于水分对微生物特征影响和土壤酶活性的研究, 但是关于大豆苗期进行水分亏缺灌溉对土壤酶活性及微生物多样性的影响研究报道较少, 且其影响机制尚不清晰。为此, 本研究以大豆绥农 26 为供试材料, 采取盆栽方式, 研究并分

作者简介: 李多, 主要从事农业环境保护与资源利用研究, E-mail: liduo53@163.com

王孟雪为通信作者, 主要从事农业水土工程研究, E-mail: wangmengxue1978@163.com

基金项目: 国家重点研发计划 (2018YFD1000905); 大庆市指导性科技计划 (zd-2020-44)

收稿日期: 2022-09-27; 修回日期: 2023-11-02; 网络出版日期: 2023-11-09

析大豆苗期不同程度水分亏缺对土壤微生物及土壤酶活性的影响,从而进一步了解干旱响应机理以及复水后的补偿机制,为提高大豆水分利用效率提供依据,并为今后建立合理节水灌溉措施及科学用水提供技术依据和数据支撑。

1 材料与方法

1.1 供试材料

试验于 2021 年在黑龙江省大庆市国家杂粮工程技术研究中心的防雨棚内进行,采用盆栽试验,盆栽桶直径 30 cm,高 33 cm,用土为黑钙土,取自黑龙江八一农垦大学校外试验基地,土壤含有机质 22.37 g/kg,碱解氮 74.75 mg/kg,速效磷 21.87 mg/kg,速效钾 110 mg/kg, pH 8.13。供试大豆品种为干旱敏感型绥农 26^[15],由国家杂粮工程技术研究中心提供。

1.2 试验方法

1.2.1 种子处理与播种 播种前选取粒大饱满、大小色泽均匀一致、不干瘪无虫蛀的种子,经 5%次氯酸钠消毒,并用无菌水冲洗干净后,于盆栽中播种 9 粒,在苗期(V1)间苗,每盆保留长势均匀一致的幼苗 3 株。

1.2.2 试验设计 大豆苗期进行不同梯度水分亏缺处理,经干旱胁迫 7 d 进行第 1 次土壤取样,统一复水 3 d 后进行第 2 次土壤取样,此后于开花期(R1)、结荚期(R3)、鼓粒期(R5)、完熟期(R8)分别取样。采用随机试验设计,设 4 个处理,分别为 CK(土壤含水量保持田间持水量 70%±5%)、T1(土壤含水量保持田间持水量 60%±5%)、T2(土壤含水量保持田间持水量 50%±5%)、T3(土壤含水量保持田间持水量 40%±5%)。装盆前施基肥,施肥量为 N 150 mg/kg; P₂O₅ 100 mg/kg; K₂O 150 mg/kg,肥料与过筛后土壤混匀装盆,每盆装 15 kg,播后覆土 2 kg,每日 17:00 称量盆栽质量,进行人工浇水使各处理保持其相应含水量。

1.3 土壤样品采集

将大豆根系及土壤挖出,首先去除根部大块土壤,然后采用抖根的方式将与植株附着不紧密的土壤去除,用无菌刷子采集根部附着的紧密土壤,随机多点混合取样后放进无菌的离心管内,迅速放进干冰中储存,后续进行土壤微生物样品的高通量测序。将剩余的土壤多点随机取样,混合均匀

装入塑封袋,并带回实验室处理,经风干研磨处理后过 1 mm 土筛,用于土壤酶活性的测定。

1.4 测定项目与方法

1.4.1 土壤酶活性 采用苯酚钠-一次氯酸钠比色法测定脲酶活性,采用磷酸苯二钠比色法测定碱性磷酸酶活性,采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定蔗糖酶活性,以上土壤酶活性的测定均参照关松荫^[16]的方法,采用紫外分光光度法^[17]测定过氧化氢酶活性。

1.4.2 土壤微生物多样性 微生物多样性是基于 Illumina Novaseq 测序平台,利用双末端测序(Paired-End)的方法,构建小片段文库进行高通量测序。通过对 Reads 拼接过滤、聚类或去噪,进行物种注释及丰度分析,揭示样品的物种构成,以便挖掘样品间的差异。

1.4.3 产量及其构成因素 在大豆成熟期分别对各处理随机取 6 盆(共 18 株)进行测定,采用天平、卷尺和游标卡尺等工具来测定株高、茎粗、节数、单株荚数、单株荚重、单株粒数和单株产量等指标。

1.5 数据处理

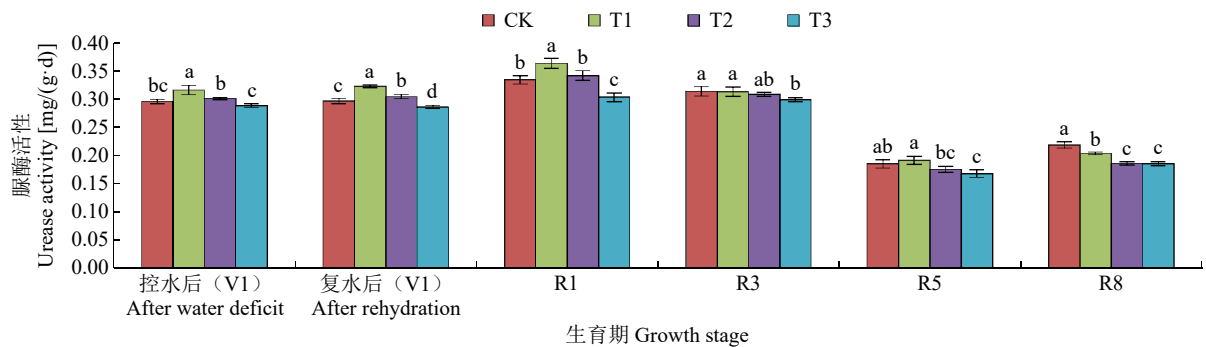
采用 Excel 2019 进行数据的统计整理及作图。使用 SPSS 25.0 进行数据单因素方差分析(ANOVA)、Duncan 多重比较。通过 Pearson 相关分析,确定土壤酶活性与土壤微生物多样性指数的相关关系。

2 结果与分析

2.1 苗期不同程度水分亏缺对土壤酶活性的影响

2.1.1 对土壤脲酶活性的影响 如图 1 所示,不同水分亏缺处理的脲酶活性在绥农 26 整个生育期均表现为先升高后降低的趋势,且开花期和结荚期的脲酶活性均高于鼓粒期和成熟期。在苗期进行水分亏缺处理时,T1 处理脲酶活性最高,相比 CK 显著增加了 6.83%;复水后,T1、T2 处理酶活性显著高于 CK,相比 CK 分别升高了 8.77%和 2.60%,但是 T3 处理低于 CK,比 CK 降低 3.51%;在开花期,各处理土壤脲酶活性表现为 T1>T2>CK>T3,对 T1 处理的影响最大,相比 CK,T1 处理显著增加了 8.86%;在结荚期,T1、T2 处理与 CK 差异并未达显著水平,而 T3 处理相比 CK 显著降低了 4.78%;在鼓粒期,仅 T3 处理相比 CK 显著降低了 9.31%,

其他处理较 CK 差异不明显；在成熟期，不同处理脲酶活性相比 CK 均有不同程度降低，分别降低了



不同小写字母表示差异在 $P < 0.05$ 水平差异显著，下同。
Different letters indicate significant difference at $P < 0.05$ level, the same below.

图 1 苗期不同程度水分亏缺对脲酶活性的影响

Fig.1 Effects of different degrees of water deficiency at seedling stage on urease activities

6.91%、15.10%和 15.29%，且与 CK 差异显著。

2.1.2 对土壤蔗糖酶活性的影响 由图 2 可知，土壤蔗糖酶活性随着大豆生长发育进程的推进其变化是不同的。对苗期进行不同程度水分亏缺处理时，土壤蔗糖酶活性随着水分含量的降低呈逐渐降低的趋势，T1、T2 和 T3 处理的蔗糖酶活性相比 CK 处理分别显著降低 13.89%、20.73%和 21.94%；复水后，T2 处理的蔗糖酶活性最高，T3 处理次之，分别是 CK 活性的 1.10 和 1.04 倍，此

时 T1 处理蔗糖酶活性最低，与 CK 之间差异不显著；在始花期，T1 处理蔗糖酶活性最高，较 CK 升高了 30.88%；在结荚期，CK、T1 处理下蔗糖酶活性相比 T2、T3 处理显著上升了 17.05%~21.01%；在鼓粒期，各处理对土壤蔗糖酶活性的影响具体表现为 $CK > T1 > T2 > T3$ ，相比 CK，T2、T3 处理分别显著降低了 17.84%、29.71%；在成熟期，各处理与之前变化趋势一致，然而酶活性整体降低，各处理间差异达到显著水平，分别较 CK 降低了

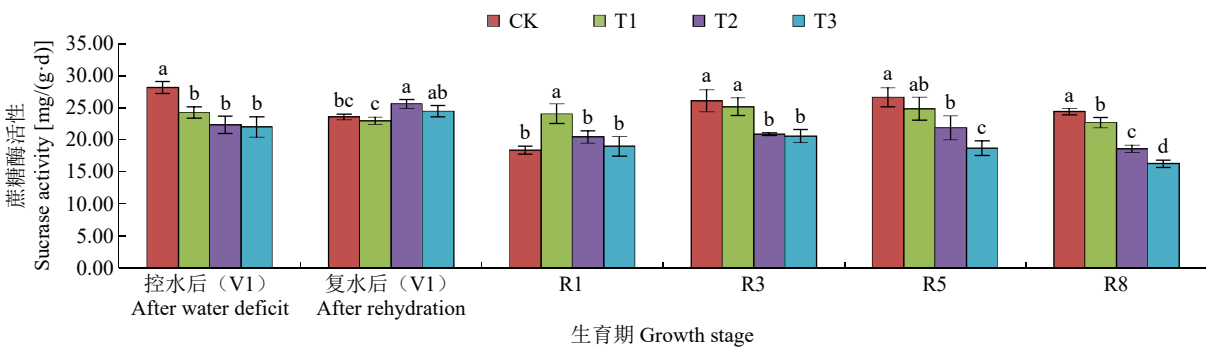


图 2 苗期不同程度水分亏缺对蔗糖酶活性的影响

Fig.2 Effects of different degrees of water deficiency at seedling stage on sucrase activities

6.97%、23.77%和 33.28%。

2.1.3 对土壤过氧化氢酶活性的影响 通过图 3 可以发现，苗期不同程度水分亏缺和复水处理对大豆不同生育期土壤过氧化氢酶活性的影响较为稳定，其中开花期的过氧化氢酶活性相对最高。在苗期进行水分亏缺阶段，T3 处理酶活性优于 CK，显著提高了 8.87%，T1 处理次之，相比 CK 提高了 3.38%，而 T2 处理相比 CK 降低了 0.46%，差异不显著；复水后，T2 处理酶活性最高，达到了 1.61 mg/g，相比 CK 升高了 11.20%，而 T1 和 T3 处理相比 CK

之间未达到显著差异；在开花期，T2 处理水分亏缺条件下酶活性达到最大，相比 CK 增长了 9.00%；在结荚期，除 T2 处理外，T1、T3 处理相比 CK 均未达到显著差异，T2 处理酶活性为 1.57 mg/g；在鼓粒期及成熟期，各处理相比 CK 其土壤过氧化氢酶活性并未出现明显的变化，说明此时已经恢复了苗期不同梯度水分亏缺处理对土壤中过氧化氢酶活性所造成的影响。

2.1.4 对土壤磷酸酶活性的影响 由图 4 可以看出，通过对大豆苗期进行不同程度的水分亏缺处

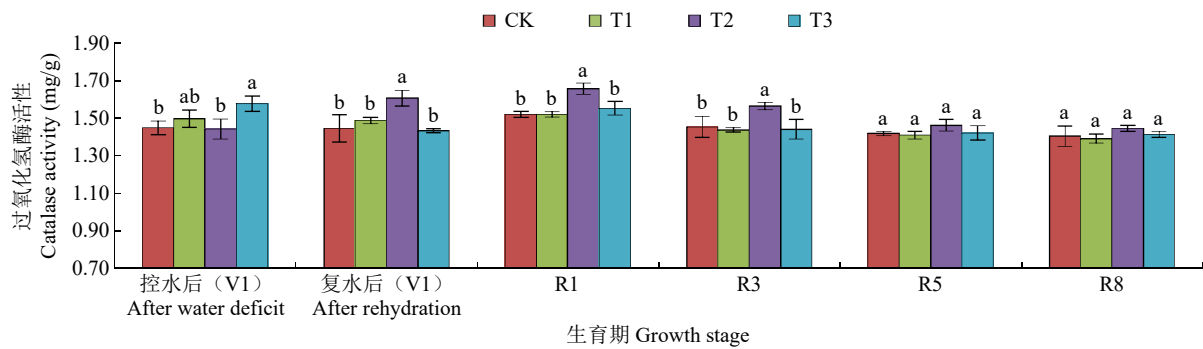


图 3 苗期不同程度水分亏缺对过氧化氢酶活性的影响

Fig.3 Effects of different degrees of water deficiency at seedling stage on catalase activities

理，土壤内磷酸酶活性将会随着水分含量的减少而显著降低，各处理较 CK 下降范围可达到 10.36%~23.53%，说明随着水分含量的持续降低，将会对土壤中磷酸酶活性造成显著影响，且降低的幅度与水分亏缺程度呈正相关；复水后，土壤磷酸酶活性相比之前均有不同程度的提高，说明产生了一定的补偿效应，以缓解前期所造成的损害，土壤中磷酸酶活性表现为 T1 处理最大，T2 处理次之，其中 T1 处理比 CK 显著提高了 11.84%，T2 处理比 CK 提高了 1.81%，而 T3 处理则比 CK 显著降低了

10.44%，说明复水后，T3 处理仍不可弥补前期水分亏缺所造成的影响；在开花期，T1 处理酶活性显著高于其他处理，T1 处理相比 CK 显著增长了 3.36%，而 T3 处理最低，较 CK 显著减少了 7.15%；在结荚期，T1、T2 处理与 CK 之间差异均未达到显著水平，而 T3 相比 CK 显著降低了 9.88%；在鼓粒期，T1、T2 处理的磷酸酶活性显著高于其他处理，分别达到了 0.69 和 0.70 mg/(g·d)；成熟期的酶活性变化趋势与鼓粒期变化一致，T1、T2 处理相比 CK 分别提高了 4.18%、5.72%，然而 T3 处理

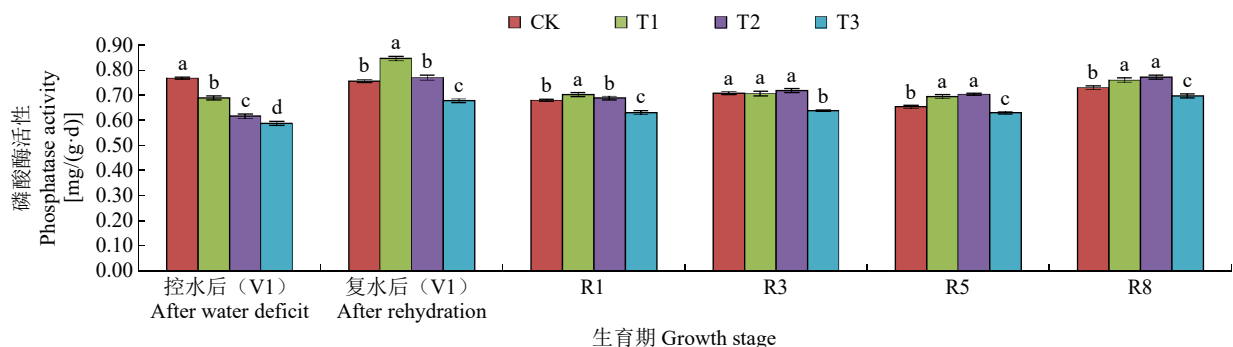


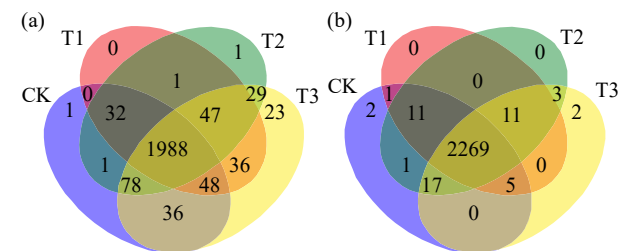
图 4 苗期不同程度水分亏缺对磷酸酶活性的影响

Fig.4 Effects of different degrees of water deficiency at seedling stage on phosphatase activities

相比 CK 降低了 4.50%，且差异显著。

2.2 苗期不同程度水分亏缺对土壤微生物群落多样性的影响

2.2.1 土壤微生物群落的高通量测序 控水阶段，通过对不同水分处理细菌群落韦恩图（图 5a）的比较分析发现，CK 共有 2184 个 OTU，T1 有 2152 个 OTU，T2 有 2177 个 OTU，T3 有 2285 个 OTU，各处理共有的 OTU 有 1988 个，所含特有物种的个数不同，其中 T3 处理包含特有物种最多，为 23 个。经复水后（图 5b）各处理 OTU 个数均有所增加，CK、T1、T2 和 T3 处理分别为 2306、2297、2312、2307 个，共有 OTU 为 2269 个。



(a) 水分亏缺, (b) 复水后。

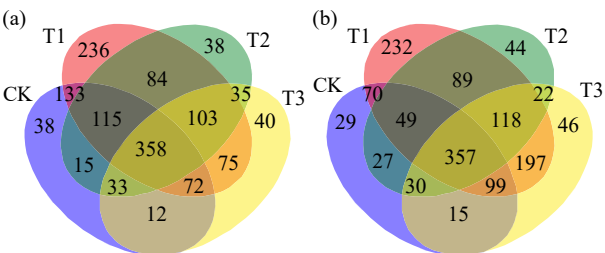
(a): Water deficit treatment, (b) After rehydration.

图 5 苗期不同程度水分亏缺及复水土壤细菌韦恩图

Fig.5 Venn diagram of soil bacteria with different degrees of water deficit and rehydration treatment at seedling stage

控水阶段，通过真菌群落韦恩图（图 6a）可以看出，苗期不同水分处理下（CK、T1、T2 和 T3）

的土壤中真菌 OTU 分别为 776、1176、781、728 个，共有优势真菌 OTU 有 358 个，占总真菌 OTU 的 25.81%，其中 T1 处理特有优势真菌最多，占总



(a) 水分亏缺, (b) 复水后。
(a): Water deficit, (b) After rehydration.

图 6 苗期不同程度水分亏缺及复水土壤真菌韦恩图

Fig.6 Venn diagram of soil fungi with different degrees of water deficit and rehydration treatments at seedling stage

真菌 OTU 的 17.02%，说明轻度水分亏缺处理有利于土壤中真菌的富集，可以使相对较多的特异性优势细菌类群存在。复水后（图 6b），CK、T1、T2 和 T3 处理 OTU 分别为 676、1211、736、884 个，分别占真菌总 OTU 的 47.47%、85.04%、51.69%和 62.08%。

2.2.2 土壤微生物菌群 Alpha 多样性分析 通过表 1 及表 2 可知，苗期不同水分亏缺处理及复水 2 个时期的样品覆盖率均达到 99%以上，说明样本中物种被测出的概率很高，可以反映样本中微生物的真实情况，测序文库基本达到饱和。结果表明绥农 26 苗期复水前后土壤细菌和真菌 Alpha 多样性指数变化特征不一致。

表 1 苗期不同程度水分亏缺及复水处理土壤细菌 Alpha 多样性指数

Table 1 Alpha diversity index of soil bacteria with different degrees of water deficit and rehydration treatment at seedling stage

时期 Stage	处理 Treatment	Chao1 指数 Chao1 index	ACE 指数 ACE index	Simpson 指数 Simpson index	Shannon 指数 Shannon index	覆盖率 Coverage (%)
控水后 After water deficit	CK	2132.48±21.47b	2102.97±32.01b	0.9973±0.0003a	9.65±0.06a	99.71
	T1	2149.28±28.03b	2108.51±24.70b	0.9971±0.0001a	9.58±0.01a	99.68
	T2	2172.92±33.32b	2149.11±45.74b	0.9971±0.0003a	9.64±0.17a	99.70
	T3	2257.39±28.20a	2240.09±31.32a	0.9972±0.0004a	9.72±0.17a	99.71
复水后 After rehydration	CK	2255.41±66.58a	2252.51±53.45a	0.9969±0.0003b	9.61±0.04a	99.65
	T1	2186.41±108.55a	2166.79±110.05a	0.9971±0.0003ab	9.67±0.03a	99.67
	T2	2284.27±45.35a	2264.62±58.90a	0.9975±0.0003a	9.80±0.19a	99.74
	T3	2295.40±15.72a	2282.64±21.95a	0.9973±0.0002ab	9.69±0.07a	99.74

同一列中数据后不同小写字母表示处理间差异达到 5%显著水平，下同。
Different lowercase letters within the same column indicate significant difference at 5% level between treatments, the same below.

表 2 苗期不同程度水分亏缺及复水处理土壤真菌 Alpha 多样性指数

Table 2 Alpha diversity indexes of soil fungi with different degrees of water deficit and rehydration treatments at seedling stage

时期 Stage	处理 Treatment	Chao1 指数 Chao1 index	ACE 指数 ACE index	Simpson 指数 Simpson index	Shannon 指数 Shannon index	覆盖率 Coverage (%)
控水后 After water deficit	CK	591.47±20.69c	599.23±24.48c	0.9710±0.0291a	6.80±0.36a	99.91
	T1	788.53±16.93a	823.62±46.77a	0.9696±0.0206a	6.96±0.21a	99.85
	T2	694.36±29.35b	704.69±24.29b	0.9563±0.0396a	6.80±0.33a	99.89
	T3	637.46±33.89c	638.80±32.29c	0.9686±0.0159a	6.51±0.27a	99.87
复水后 After rehydration	CK	543.33±24.50c	594.31±29.67c	0.9211±0.0412b	5.82±0.30c	99.89
	T1	757.29±23.45a	872.20±29.58ab	0.9339±0.0419ab	6.75±0.34b	99.85
	T2	675.13±34.01b	894.08±11.97a	0.9608±0.0230ab	6.41±0.26b	99.84
	T3	732.85±37.43a	827.30±49.88b	0.9854±0.0068a	7.45±0.31a	99.86

对苗期不同水分亏缺处理的土壤细菌群落多样性变化进行分析，T3 处理 Chao1 指数和 ACE 指数均显著高于其他处理，相比 CK 分别增长了 5.86%、6.52%，说明此水分处理可以提高土壤细菌群落丰富度。控水阶段，不同水分处理下土壤细菌的 Simpson 和 Shannon 指数仅在数值上有所不同，处理间差异不显著。复水后，不同处理间 Chao1、

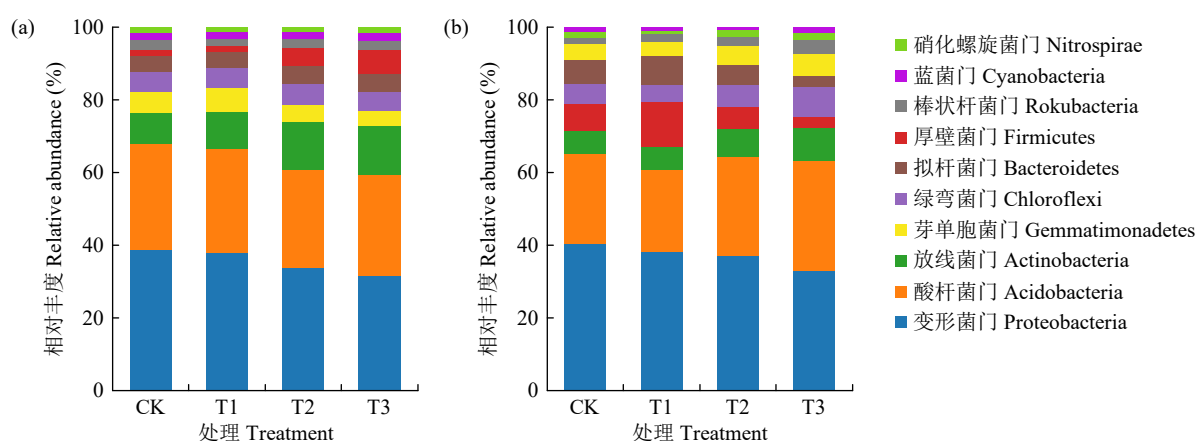
ACE 以及 Shannon 指数差异不显著，但相对于 CK，各处理 Simpson 指数有所增加，其中 T2 处理与 CK 差异显著。

对苗期不同水分亏缺处理的土壤真菌群落多样性变化进行分析，T1 处理的 Chao1 指数和 ACE 指数最高，分别为 788.53 和 823.62，高于其他处理，较 CK 分别提高了 33.32%和 37.45%，说明轻

度水分亏缺条件下有利于土壤真菌丰富度的提高, 而 Simpson 和 Shannon 指数均没有显著的变化。复水后, 各处理土壤真菌 Chao1 指数以及 ACE 指数相较于 CK 均显著增加, 其中 T1~T3 处理 Chao1 指数比 CK 分别显著增长了 39.38%、24.26% 和 34.88%, 而 T1、T2 和 T3 处理 ACE 指数分别较 CK 增长了 46.76%、50.44% 和 39.20%, 且差异显著。与 CK 相比, T3 处理的 Simpson 指数显著提高

了 6.98%, 而与 T1 和 T2 之间差异不显著。Shannon 指数经过不同水分亏缺处理后均显著高于 CK, 分别增长了 15.98%、10.14 和 28.01%。

2.2.3 土壤微生物群落物种组成 为了探究绥农 26 苗期不同程度水分亏缺处理及复水对土壤微生物群落结构的影响规律, 对聚类后的分类单元进行物种注释。土壤中细菌和真菌在门水平上物种种类和相对丰度如图 7 和图 8 所示。



色块的长度表示此物种相对含量的高低, 图中只表示丰度大于 0.1% 且排名前十的主要菌门, 下同。

The length of the color block indicates the relative content of the species, the figure only indicates the top ten major phyla with abundance greater than 0.1%, the same below.

图 7 苗期不同程度水分亏缺(a)及复水处理(b)土壤细菌在门分类水平群落结构及相对丰度

Fig.7 Community structure and relative abundance of soil bacteria at phylum classification level in different degrees of water deficit (a) and rehydration treatments (b) at seedling stage

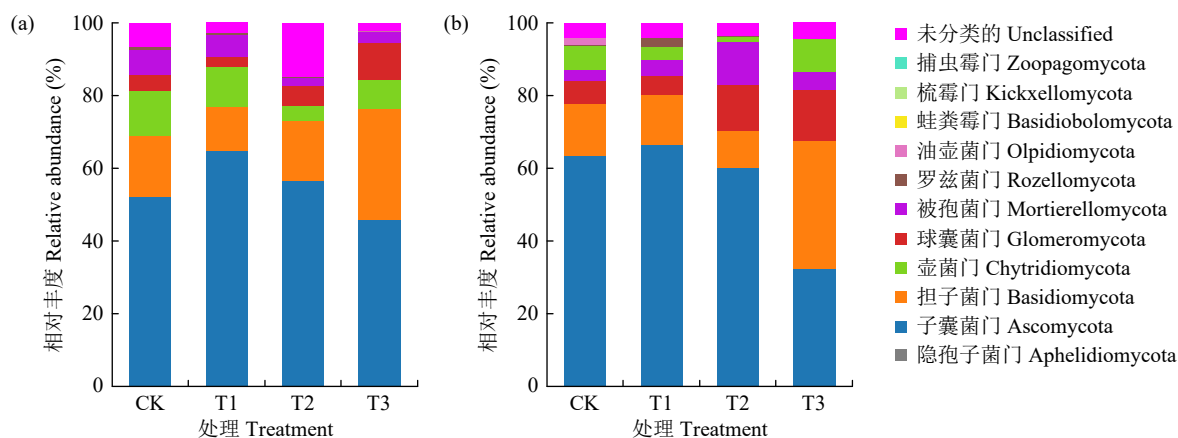


图 8 苗期不同程度水分亏缺(a)及复水处理(b)土壤真菌在门分类水平群落结构及相对丰度

Fig.8 Community structure and relative abundance of soil fungi at phylum classification level in different degrees of water deficit (a) and rehydration treatments (b) at seedling stage

本研究表明土壤样品中细菌 OTU 隶属于 30 个门、86 个纲、184 个目、308 个科、531 个属以及 579 个种。从图 7 可以发现在复水前后 2 次土壤样本的细菌所含物种基本一致, 但是各个处理主要菌门所占比例不同。通过图 7a 发现控水时期, 变形菌门在不同处理间其相对丰度变化范围为 30.45%~

37.96%, 酸杆菌门变化范围在 26.19%~28.37%, 放线菌门变化范围则在 8.11%~12.83%, 以上 3 种菌门是具有优势的菌门, 相对比例之和可达到总群落的 70% 以上。其中, CK、T1 相比于 T2、T3 处理其变形菌门和酸杆菌门在土壤中的相对丰度更高, CK、T1 这 2 个菌门丰度占比分别达到了 37.96%、

28.33%和 37.05%、28.37%，说明轻度水分亏缺对这 2 个菌门的生存影响较小，不会严重影响它们的活性。与此同时，各处理随着水分含量的减少土壤中放线菌门丰度有所提升，比 CK 分别显著增长了 18.74%、53.88%和 58.20%。各处理芽单胞菌门在总菌群落比例变化范围为 4.37%~6.69%，T1 处理相对丰度最高，比 CK 提高了 15.94%，高于其他处理。

复水后，由图 7b 可知，不同处理所含菌门的比例相比控水时有所不同，根据菌门所含丰度的多少可以得到，不同处理间变形菌门变化范围在 31.68%~38.31%，酸杆菌门变化范围在 21.45%~29.75%，放线菌门变化范围在 5.89%~8.67%，厚壁菌门变化范围在 2.9%~11.74%，绿弯菌门变化范围为 4.65%~7.93%，拟杆菌门变化范围为 3.11%~7.34%，芽单胞菌门变化范围为 3.79%~6.17%，其中变形菌门在复水前后菌门所占比例变化不大，而酸杆菌门 CK、T1 处理相较于干旱胁迫时其所含比例降低，而 T3 处理此菌门含量有所增加，增加了 11.26%。此外，各个处理下放线菌门在复水后相对丰度均有所降低，其中 T1 处理所下降的比例最大，为 37.80%，说明轻度水分亏缺处理对放线菌门的影响相对较大。相反，厚壁菌门在复水后，除 T3 处理外，其余处理相对含量均有所增加，T1 处理下此菌群丰度可达到之前的 7.29 倍，说明轻度水分亏缺处理后复水对此菌的生存条件有利，而重度水分亏缺条件下即使复水也不可弥补对其造成的伤害，拟杆菌门的变化趋势与厚壁菌门基本一致。

研究结果发现大豆土壤样品通过不同程度水分亏缺处理和复水，土壤中真菌 OTU 隶属于 12 个门、28 个纲、73 个目、159 个科、336 个属以及 441 个种。由图 8 可以发现，不同处理复水前后真菌群落中包含着相同优势的菌门，但是相对丰度随着处理的不同而有所变化；控水时期，在门水平上主要的优势菌门分别为子囊菌门、担子菌门和壶菌门，此 3 个菌门丰度占据总群落的 80%以上。其中子囊菌门的丰度在不同处理间存在差异，随着水分含量的减少呈现先升高后降低的变化趋势，T1 处理所含此菌门相对丰度最高，相比 CK，T1 和 T2 处理分别增长了 24.28%和 8.37%。T3 处理的担子菌门的相对丰度明显高于其他处理，是 CK 的 1.82 倍。壶菌门在群落中丰度的变化趋势则随着土壤水分含量不断降低，其丰度先降低后升高，在 T2 处

理下达到最低，仅占 3.91%。球囊菌门的丰度在各个处理间具体表现为 $T3 > T2 > CK > T1$ ，说明水分含量降低会使此菌门相对丰度降低，但是当水分降低到一定程度时，反而有利于此菌的生存。被孢霉门丰度的变化则是随着水分含量的降低而减少，T2 和 T3 处理相比 CK 分别降低了 64.52%和 57.92%。

复水后，土壤真菌的优势菌门相比之前稍有变化，图 8b 相对丰度分析结果表明，子囊菌门变化范围在 32.12%~66.44%，担子菌门变化范围在 10.33%~35.41%，球囊菌门变化范围在 5.10%~13.81%，均是土壤真菌群落的优势菌门。其中球囊菌门相比复水前，各个处理丰度明显增大，分别是之前的 1.98、2.25、1.32 倍。子囊菌门丰度在各个处理中呈现出 $T1 > CK > T2 > T3$ 的变化趋势，T1 处理丰度最高，相比 CK 增长了 4.56%。随着处理水分含量的降低担子菌门的丰富度呈先降低后升高的变化趋势，其中 T3 处理最大，达到了 35.41%。经过复水后被孢霉门丰度变化明显，不同处理间呈现先升高后降低的变化规律，在 T2 处理时丰度最高，可以达到 12.02%。相反，不同处理内随着相对水分含量的降低，壶菌门丰度先降低后升高，相比复水前，T3 处理相比之前增加 18.44%，说明重度水分亏缺后复水可以促进此菌门的富集，其余菌门变化并不显著，丰度较低。

2.3 土壤酶活性与微生物 Alpha 多样性指数的相关性分析

由表 3 可知，土壤脲酶活性与细菌 Chao1、ACE 指数均呈显著负相关，相关系数分别达到了 -0.431、-0.444；而土壤过氧化氢酶活性与细菌 Simpson、Shannon 指数均呈显著正相关，相关系数为 0.420、0.471。此外，土壤脲酶活性与真菌 Chao1、ACE 指数之间的相关系数分别为 0.537、0.520，均呈极显著正相关关系，而其他 3 种土壤酶活性与土壤微生物 Alpha 多样性指数之间的相关关系均未达到显著水平。

2.4 苗期不同程度水分亏缺对大豆产量及其构成因素的影响

由表 4 可知，通过对大豆苗期进行不同程度的水分亏缺处理，相比 CK，各个处理株高、茎粗及单株荚重均随着水分含量的减少而显著降低；节数、单株荚数均在轻度水分亏缺条件下（T1）达到最大，与 CK 之间差异不显著，而单株粒数则比 CK 显著增长了 5.07%；在 T1 处理下，大豆单株产

表 3 苗期不同程度水分亏缺及复水土壤酶活性与微生物 Alpha 多样性指数的相关性
Table 3 Correlations between soil enzyme activities and Alpha diversity indexes of soil microorganisms with different degrees of water deficit and rehydration treatments

分类 Classify	多样性指数 Diversity index	脲酶活性 Urease activity	蔗糖酶活性 Sucrase activity	过氧化氢酶活性 Catalase activity	磷酸酶活性 Phosphatase activity
细菌 Bacteria	Chao1	-0.431*	-0.207	0.359	-0.116
	ACE	-0.444*	-0.229	0.314	-0.094
	Simpson	-0.167	0.126	0.420*	-0.024
	Shannon	-0.192	-0.080	0.471*	0.027
真菌 Fungi	Chao1	0.537**	-0.217	0.091	-0.034
	ACE	0.520**	-0.077	0.267	0.290
	Simpson	-0.148	0.166	0.094	-0.332
	Shannon	-0.015	0.072	-0.161	-0.204

“**” 表示极显著相关 ($P < 0.01$) ; “*” 表示显著相关 ($P < 0.05$) 。
“**” shows extremely significant correlation ($P < 0.01$); “*” shows significant correlation ($P < 0.05$).

表 4 苗期不同程度水分亏缺对大豆产量及其构成因素的影响
Table 4 Effects of different degrees of water deficiency on soybean yield and its components

处理 Treatment	株高 Plant height (cm)	茎粗 Stem diameter (mm)	节数 Pitch number	单株荚数 Number of pods per plant	单株荚重 Pod weight per plant (g)	单株粒数 Grains per plant	单株产量 Yield per plant (g)
CK	82.37±1.46a	9.10±0.20a	16.67±0.87ab	32.22±1.20a	8.71±0.14a	67.89±2.93b	13.40±0.20b
T1	79.16±0.98b	7.97±0.07b	17.11±0.93a	33.44±2.07a	7.24±0.17b	71.33±3.28a	14.68±0.20a
T2	75.95±0.98c	7.75±0.04c	16.00±1.12ab	28.67±1.22b	6.76±0.18c	65.89±2.32bc	12.84±0.17c
T3	72.74±0.98d	7.54±0.07d	15.78±0.97b	27.78±1.79b	5.90±0.16d	64.33±2.65c	12.75±0.30c

量达到最大，相比 CK、T2 和 T3 处理分别提高了 9.55%、14.33%、15.14%，差异显著。

3 讨论

土壤酶推动土壤代谢，可参与到土壤各个生物化学反应之中，一方面促进土壤有机物转化，另一方面为植物提供营养元素^[18]。水分不仅可以影响农作物生长，也与土壤酶活性和土壤微生物数量存在着至关重要的作用。本研究结果表明，通过苗期不同程度的水分亏缺及复水后，土壤脲酶活性在开花期、结荚期相对较高，但在鼓粒期活性较低，这可能是因为作物在不同的生长发育阶段对养分的需求具有差异，且根系吸收养分能力和根系发达程度也会影响土壤酶活性的变化，与姜佰文等^[19]研究结果相似。

此外，本试验中，适当的水分亏缺有利于土壤脲酶活性的提高，这与肖新等^[20]通过控制灌溉研究稻基农田土壤酶活性和土壤微生物量碳氮中所得出的结论一致，节水灌溉模式有利于改善土壤通气情况，从而可以提高土壤脲酶活性、土壤中微生物量、碳氮量等。陶佳^[21]以苹果幼树为研究对象，发现干旱处理可以使碱性磷酸酶活性降低，但却可以显著提高基质过氧化氢酶活性，这与本试验研究结

果类似。通过对苗期进行不同程度控水，土壤磷酸酶的活性随着干旱胁迫程度的增加而降低，而水分含量的降低对土壤过氧化氢酶活性则有很好的促进作用，说明植物在处于不利环境时，过氧化氢酶活性的增加有助于消除过氧化氢对大豆的毒害作用，有益于改善土壤环境，从而促进对矿质养分的吸收与利用。

蔗糖酶对土壤含水量变化很敏感，本试验结果显示，水分缺少对蔗糖酶活性有显著抑制作用，此结果与周芙蓉等^[22]研究结论存在一定的差异性，可能与有无植物种植、植物活体及残体分泌物等因素有关。大部分研究^[23-26]都证实了水分对土壤酶活性有一定的影响。过高或过低水分均对土壤酶产生抑制作用，通过补偿缺失的水分后，T2 和 T3 处理下蔗糖酶活性相比 CK 显著提高，说明及时补充水分有利于蔗糖酶活性的提高。整体上，经复水后可以使各个处理土壤酶活性得到加强，但是激活过程较为复杂，没有统一的增长规律。

土壤水分条件对土壤微生物活动十分重要，可以直接或者间接地影响土壤微生物群落结构，有选择地“驯化”有益微生物，促进养分水解和转化，从而抵抗逆境^[27]。不同微生物群落当面临水分条件变化时，其响应是具有差异的。本研究发现不同水

分处理下细菌的优势菌门包括变形菌门、酸杆菌门和放线菌门等,这与 Xu 等^[28]研究干旱与植物发育对高粱根部微生物群落影响得出的结论类似。随着含水量降低,变形菌门丰度减少,而放线菌门丰度增加,这与 Hartmann 等^[29]研究结果不一致,可能是与干旱处理持续的时间和强度、温度和土壤 pH 等因素有关。对于真菌,不同水分处理下的优势菌门包括子囊菌门 (Ascomycota) 和担子菌门 (Basidiomycota),此结论与前人^[30]结果一致,其中 T1 和 T2 处理下子囊菌门丰度显著高于对照,说明轻、中度水分亏缺均可对子囊菌门富集起积极作用。但是通过高通量测序技术所检测出的细菌与真菌群落丰度的变化与水分之间的功能关系还不明确,需要进一步研究。

水分很大程度上会影响作物光合作用^[31],又通过影响根系生长发育等因素,对大豆产量造成一定的影响。本研究结果表明,轻度水分亏缺条件下 (T1) 有利于大豆产量的提高,且达到最高,此试验结果与唐梅等^[32]研究结果一致,说明适当的水分亏缺不会对产量产生不可逆的不利影响,反而对产量和水分利用效率均有一定正效应。

综上分析,土壤酶和土壤微生物对于水分的变化响应十分明显,但土壤是一个复杂的综合体,其中各个成分之间相互联系、影响,故水分对土壤酶和土壤微生物所产生的机制是多种内部反应的共同结果,其中的制约因素以及机理需要进一步深入研究。

4 结论

对大豆苗期进行适度的水分亏缺和复水,可对土壤酶活性及土壤微生物多样性产生积极影响。土壤酶活性与土壤微生物种类及其数量相互影响、调节,从而促进土壤内养分的循环与转化,改善土壤微生态环境,进而使得大豆产量有一定的增加。本试验分析后发现,苗期各处理中 T1 处理 (60%, 轻度水分亏缺) 效果最优,可以达到节水灌溉的目的,为高效节水灌溉制度的建立和增产提供一定的科学指导。

参考文献

[1] 陈亚宁,李玉朋,李稚,等. 全球气候变化对干旱区影响分析. 地球科学进展, 2022, 37(2): 111-119.
[2] 袁仁文,刘琳,张蕊,等. 植物根际分泌物与土壤微生物互作关系的机制研究进展. 中国农学通报, 2020, 36(2): 26-35.
[3] 陆宁海,杨蕊,郎剑锋,等. 秸秆还田对土壤微生物种群数量

及小麦茎基腐病的影响. 中国农学通报, 2019, 35(34): 102-108.
[4] 刘亚军,王文静,王红刚,等. 作物轮作对甘薯田土壤微生物群落的影响. 作物杂志, 2021(6): 122-128.
[5] 韩冰. 灌水控制下限对设施土壤 N₂O 排放及微生物功能多样性的影响. 沈阳: 沈阳农业大学, 2017.
[6] 刘奎,葛壮,徐英德,等. 不同耕作方式下黑土微生物群落对干湿交替的响应. 土壤学报, 2020, 57(1): 206-216.
[7] Ochoa-Hueso R, Collins S L, Delgado-Baquerizo M, et al. Drought consistently alters the composition of soil fungal and bacterial communities in grasslands from two continents. Global Change Biology, 2018, 24: 2818-2827.
[8] 景宇鹏,李跃进,姚一萍,等. 盐渍化土壤酶活性及其与微生物、理化因子的关系. 中国农业科技导报, 2016, 18(2): 128-138.
[9] 仙旋旋,孔范龙,朱梅珂,等. 水盐梯度对滨海湿地土壤养分指标和酶活性的影响. 水土保持通报, 2019, 39(1): 65-71.
[10] 田幼华,吕光辉,杨晓东,等. 水盐胁迫对干旱区植物根际土壤酶活性的影响. 干旱区资源与环境, 2012, 26(3): 158-163.
[11] 邱丽丽,张佳宝,赵炳梓. 土壤干旱对两品种小麦根际土壤微生物群落组成和酶活性的影响. 干旱区资源与环境, 2022, 36(2): 116-122.
[12] 李旺霞,陈彦云,陈科元,等. 不同降雨量对雨养农业区土壤酶活性和土壤微生物的影响. 南方农业学报, 2015, 46(9): 1579-1583.
[13] 闫春娟,宋书宏,王文斌,等. 不同基因型大豆生理特性和产量对不同降雨条件的响应. 节水灌溉, 2021(5): 8-14.
[14] 李盛有,孙旭刚,王昌陵,等. 不同嫁接方式下大豆对干旱胁迫的响应. 中国油料作物学报, 2020, 42(4): 632-639.
[15] 邹京南,曹亮,王梦雪,等. 外源褪黑素对干旱胁迫下大豆结荚期光合及生理的影响. 生态学杂志, 2019, 38(9): 2709-2718.
[16] 关松荫. 土壤酶及其研究方法. 北京: 农业出版社, 1986.
[17] 杨兰芳,曾巧,李海波,等. 紫外分光光度法测定土壤过氧化氢酶活性. 土壤通报, 2011, 42(1): 207-210.
[18] 王理德,王方琳,郭春秀,等. 土壤酶学研究进展. 土壤, 2016, 48(1): 12-21.
[19] 姜佰文,马晓东,周宝库,等. 有机无机肥料配施对土壤酶活性、微生物量及玉米产量影响. 东北农业大学学报, 2016, 47(5): 23-28, 43.
[20] 肖新,朱伟,肖靓,等. 适宜的水氮处理提高稻基农田土壤酶活性和土壤微生物量碳氮. 农业工程学报, 2013, 29(21): 91-98.
[21] 陶佳. 断根与干旱对苹果幼树生长发育及根际环境的影响. 杨凌: 西北农林科技大学, 2015.
[22] 周芙蓉,王进鑫,杨楠,等. 水分和铅胁迫对土壤酶活性的影响. 草地学报, 2013, 21(3): 479-484.
[23] Kivlin S N, Treseder K K. Soil extracellular enzyme activities correspond with abiotic factors more than fungal community composition. Biogeochemistry, 2014, 117(1): 23-37.
[24] 玛伊努尔·依克木,张丙昌,买买提明·苏来曼. 古尔班通古特沙漠生物结皮中微生物量与土壤酶活性的季节变化. 中国沙漠, 2013, 33(4): 1091-1097.
[25] 朱琳,李玉玺,王寅,等. 苗期干旱胁迫下施氮对玉米氮素吸收和土壤生物化学性质的影响. 水土保持学报, 2021, 35(4): 267-274.
[26] Seo J, Jang I, Jung J Y, et al. Warming and increased precipitation enhance phenol oxidase activity in soil while warming induces drought stress in vegetation of an Arctic ecosystem. Geoderma, 2015, 259/260: 347-353.
[27] 方静. 耐旱春小麦根际微生物对干旱胁迫的响应机制. 呼和浩

- 特：内蒙古大学，2021.
- [28] Xu L, Naylor D, Dong Z B, et al. Drought delays development of the sorghum root microbiome and enriches for monoderm bacteria. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2018, 115(18): 4284-4293.
- [29] Hartmann M, Brunner I, Hagedorn F, et al. A decade of irrigation transforms the soil microbiome of a semi-arid pine forest. *Molecular Ecology*, 2017, 26(4): 1190-1206.
- [30] 岳丹丹, 韩贝, Abid Ullah, 等. 干旱条件下棉花根际真菌多样性分析. *作物学报*, 2021, 47(9): 1806-1815.
- [31] 杨司睿, 范井伟, 孙永强, 等. 罗布泊腹地人工植被梭梭的光学特性及其对干旱胁迫的响应. *干旱区研究*, 2018, 35(2): 379-386.
- [32] 唐梅, 李伏生, 张富仓, 等. 不同磷钾条件下苗期适度水分亏缺对大豆生长及干物质积累的影响. *干旱地区农业研究*, 2006(5): 109-114.

Effects of Water Deficit in Soybean Seedling Stage on Soil Enzyme Activity and Microbial Diversity

Li Duo¹, Wang Chen¹, Zhang Mingcong², Cao Liang¹, Jin Xijun¹, Zhang Yuxian¹, Wang Mengxue¹

(¹College of Agronomy, Heilongjiang Bayi Agricultural University, Daqing 163000, Heilongjiang, China;

²Key Laboratory of Low-Carbon Green Agriculture in Northeastern China, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Daqing 163000, Heilongjiang, China)

Abstract In order to study the effects of different degrees of water deficit on soil enzyme activities and soil microbial diversity of soybean, a pot experiment was conducted with drought sensitive soybean Suinong 26. At seedling stage, soil water content was set at 70% (normal water supply, CK), 60% (mild water deficit, T1), 50% (moderate water deficit, T2) and 40% (severe water deficit, T3) of field capacity treatments, the soil enzyme activity was determined, and the high-throughput sequencing technique was used to study the community composition and diversity of soil microorganisms. The results showed that soil urease activity in T1 treatment was the highest in all growth stages except mature stage. Compared with CK, soil sucrase activity in different water deficit treatments decreased by 13.89% to 21.94%. After rehydration, soil catalase activity was the highest with T2 treatment, while soil phosphatase activity reached the highest with T1 treatment. Water deficit could lead to changes in the number of soil microorganisms, increase in richness, and there was a certain correlation with enzyme activities. The yield per plant of soybean reached the maximum with T1 treatment, which was significantly higher than that of CK by 9.55%. To sum up, moderate water deficit could promote soil enzyme activity to a certain extent, and further affected soil microenvironment, so as to achieve the purpose of saving water and increasing production.

Key words Soybean; Water deficit; Soil enzymes; Soil microorganisms