

农村混合污水灌溉对小麦生长及其根际微环境的影响

刘辉^{1,2}, 范东芳^{1,2}, 黄引娣^{1,2}, 伍永钢^{1,2}, 胡林娜^{1,2}

(1. 安徽师范大学环境科学与工程学院, 安徽 芜湖 241003; 2. 安徽省水土污染治理与修复工程实验室, 安徽 芜湖 241003)

摘要: 以土柱模拟试验为基础, 利用不同稀释倍数的农村混合污水(污水: 清水为 1:0, 1:1, 0:1)灌溉小麦, 进而研究农村混合污水灌溉(WG)对小麦生长、根际土壤养分、酶活性和微生物多样性的影响。结果表明, 污水含量的高低对小麦生长及根际土壤养分、酶活性和微生物多样性有一定的影响。与清水灌溉(CK)相比, WG处理后: (1) 小麦株高、径粗、鲜重和干重均显著高于 CK ($P < 0.05$), 小麦叶片叶绿素 a、叶绿素 b 和总叶绿素含量显著增加 ($P < 0.05$); (2) 小麦根际土壤除有机质含量增加 16.42% 外, pH、土壤全氮、全钾、全磷、速效磷、速效钾和碱解氮含量及综合肥力均降低 (0.95%~16.79%), 且速效钾含量降低较为显著 ($P < 0.05$); (3) 小麦根际土壤酸性磷酸酶、脲酶和转化酶活性均显著高于 CK ($P < 0.05$), 过氧化氢酶活性显著降低 ($P < 0.05$); (4) 由 Shannon、Ace、Chao、Coverage、Simpson 指数及细菌和真菌在 genus 水平上的微生物群落结构分布可知, 小麦根际土壤细菌多样性降低, 真菌多样性增加。同时, 改变了小麦根际土壤细菌和真菌在 genus 水平上优势种的相对丰度, 但细菌优势种的种类没有发生改变, 真菌优势种的种类发生改变。研究结果可为示范区农村混合污水灌溉模式的研究提供有力的理论依据。

关键词: 污水; 小麦; 根际; 土壤养分; 酶活性; 微生物多样性

中图分类号: S512.1; S607

文献标识码: A

文章编号: 1009-2242(2019)02-0336-06

DOI: 10.13870/j.cnki.stbcbx.2019.02.051

Effects of Rural Mixed Wastewater Irrigation on Growth and Rhizosphere Micro-environment of Wheat

LIU Hui^{1,2}, FAN Dongfang^{1,2}, HUANG Yindi^{1,2}, WU Yonggang^{1,2}, HU Linna^{1,2}

(1. School of Environmental Science and Engineering, Anhui Normal University, Wuhu, Anhui 241003;

2. Anhui Provincial Engineering Laboratory of Water and Soil Pollution Control and Remediation, Wuhu, Anhui 241003)

Abstract: Based on the soil column simulation experiment, wheat was irrigated with different dilutions rural mixed wastewater (sewage : clear water as 1 : 0, 1 : 1 and 0 : 1), and then the effects of rural mixed wastewater irrigation (WG) on wheat growth and soil nutrients, enzyme activity and microbial diversity in rhizosphere soil were studied. The results showed that the content of sewage had a certain influence on wheat growth, soil nutrients, enzyme activity and microbial diversity in wheat rhizosphere soil. Compared with clean water irrigation (CK): (1) The plant height, diameter, fresh weight and dry weight of wheat treated with WG were significantly greater than those in CK treatment ($P < 0.05$), and the contents of chlorophyll a, chlorophyll b and total chlorophyll in wheat leaves increased significantly ($P < 0.05$). (2) In the WG treatment, the organic matter content in wheat rhizosphere soil increased by 16.42%, while soil pH, the contents of total nitrogen, total potassium, total phosphorus, available phosphorus, available potassium and alkali-hydrolyzable nitrogen as well as comprehensive fertility decreased (0.95%~16.79%), and available potassium content decreased significantly ($P < 0.05$). (3) The activities of acid phosphatase, urease and invertase in wheat rhizosphere soil in WG treatment were significantly higher than those in CK treatment ($P < 0.05$), but catalase activity significantly decreased ($P < 0.05$). (4) According to Shannon, Ace, Chao, Coverage, Simpson index and microbial community structure distribution map of bacteria and fungi at genus level, the diversity of bacteria in wheat rhizosphere soil decreased in WG treatment, while the diversity of

收稿日期: 2018-09-19

资助项目: 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2015ZX07204-007-007)

第一作者: 刘辉(1982—), 男, 博士, 副教授, 主要从事水污染控制和资源微生物开发研究。E-mail: liuhuihk82@163.com

通信作者: 伍永钢(1975—), 男, 硕士, 副教授, 主要从事水污染控制研究。E-mail: wuygses@mail.ahnu.edu.cn

fungi increased. At the same time, WG changed the relative abundance of dominant species of bacteria and fungi at genus level in wheat rhizosphere soil, but the dominant species of bacteria did not change, and the fungi dominant species changed. This study provides a strong theoretical basis for the study of rural mixed sewage irrigation mode in demonstration area.

Keywords: wastewater; wheat; rhizosphere; soil nutrient; enzyme activity; microbial diversity

我国是一个农业大国,主要以种植小麦和水稻为主,而小麦作为一种保障人民正常生存的重要粮食作物,其产量的高低直接影响我国农业生产总值和国民经济的发展^[1]。同时,我国淡水资源较为贫瘠,农业灌溉用水资源较为缺乏,水资源短缺已经成为农业生产过程中的重要限制因素之一^[2]。据统计,我国农业灌溉面积约占全国耕地总面积的48%,灌区农作物产出量却占我国粮食总产量的3/4,则灌溉在农业生产中起到至关重要的作用^[3]。据调研可知,研究区内农村混合污水中COD和氨氮含量较高,水体自净能力减弱,水环境质量恶化,且农村混合污水中不含有重金属和多环芳烃等有毒有害物质。因此,合理灌溉农村混合污水,不仅能够高效利用水资源,实现农村混合污水的低成本处理,而且可减少肥料的投入,降低生产成本。

淮河流域作为我国重要的农产品生产和供给基地,是我国小麦生产的主要核心区域。八里河流域位于淮河与沙颍河的交汇处,柳沟是八里河流域上游的重要支流之一,是进行截污治理的核心示范区,该流域以小麦为主要种植作物。由于农村污水氮磷钾等植物生长所需的养分物质含量丰富,重金属等有毒有害物质的含量相对较低^[4]。因此,将农村混合污水进行合理灌溉,可达到高效利用水资源,降低农村混合污水处理成本和缓解农业用水紧张的问题,且可提高农田土壤养分含量,减少肥料施用量,降低农作物生产成本^[5]。开展农村混合污水灌溉对小麦生长及根际土壤养分含量、酶活性和微生物多样性进行研究,为今后在该区域开展污水灌溉模式研究、建立灌溉—调水分配模式、改善河流水质及恢复生态平衡体制提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

1.1.1 试验装置 本试验通过土柱模拟装置探讨农村混合污水灌溉对小麦生长、生理指标、根际土壤pH、养分含量、酶活性及微生物活性的影响。试验装置采用PVC管,内径15 cm,深37 cm,底部6 cm处设1个出水口。

1.1.2 试验土壤 供试土壤为红薯种植地0—20 cm深度处土壤,取自阜阳市颍上县耿棚镇,采样时间为2016年11月5日。供试土壤pH 6.25,有机质含量8.50

g/kg,全氮含量1.20 g/kg,全钾含量18.60 g/kg,全磷含量0.38 g/kg,速效钾含量119.00 mg/kg,速效磷含量32.73 mg/kg,碱解氮含量98.00 mg/kg。

1.1.3 试验用水 试验用水采用人工配水的方式模拟研究区经过生态塘处理后的农村混合污水,试验用水水质为:COD<80 mg/L, NH₃-N<8 mg/L, TP<0.3 mg/L, pH 7~8。

1.1.4 供试植物 供试作物为小麦,品种为“中麦175”。

1.2 试验方法

1.2.1 试验设计 将供试土壤样品自然风干后过2 mm筛用于试验装置的填装,并保证填装过程中土壤的干容重约为1.35 g/cm³,填土深度为20 cm。试验共设置农村混合污水灌溉(WG)(农村混合污水:清水为1:0)、农村混合污水和清水灌溉(QWG)(农村混合污水:清水为1:1)和清水灌溉(CK)(农村混合污水:清水为0:1)3个处理,每个处理重复3次。于2017年4月4日开始播种小麦种子,待种子萌发后定期浇水,且不同处理间每次浇水量基本相同。

1.2.2 样品的采集与处理 试验于2017年6月23日结束。试验结束后用灭菌牙签获得小麦根际土壤样品,同时根据试验检测指标对小麦根际土壤样品进行相关的预处理。其中用于土壤理化性质和养分指标的测定参照《土壤农化分析》^[6];用于土壤酶活性测定的土壤样品参照关松荫^[7]的方法进行处理;用于土壤微生物多样性分析的土样置于无菌袋内,-80℃冷冻保存,之后送上海生工检测公司进行检测。取土后,用水直接冲洗土柱至植物根系完全露出,用吸水纸将小麦植株表面水分吸干,分别测定小麦鲜重、干重、株高、径粗、根长和叶绿素含量等。

1.2.3 测定方法 小麦生物学指标(株高、径粗、鲜重和干重等)的测定采用常规方法^[8];采用分光光度法对小麦叶绿素含量进行测定^[9];土壤养分及理化性质(全氮、全钾、全磷、碱解氮、速效钾、速效磷、有机质和pH)的测定参考《土壤农业化学分析方法》^[10];土壤酶活性(脲酶、蔗糖酶、过氧化氢酶和酸性磷酸酶)的检测依照《土壤酶及其研究法》^[7]进行;采用16S rDNA宏基因组测序技术,分别对细菌16S V3-V4区和真菌18S V4区土壤微生物的多样性进行测定。

1.3 评价方法

根据第2次全国土壤普查标准确定土壤各评价

指标的分级标准。同时,采用修正的内梅罗综合指数法对污灌后小麦根际土壤的肥力质量进行评价^[11]。土壤肥力质量计算公式为:

$$P=\sqrt{\frac{P_{i\text{平均}}^2+P_{i\text{最小}}^2}{2}}\cdot\left(\frac{n-1}{n}\right)$$

式中: P 为土壤综合肥力系数; $P_{i\text{平均}}$ 为土壤各评价指标分肥力系数的平均值; $P_{i\text{最小}}$ 为土壤各评价指标的分肥力系数中的最小值; n 为参与评价的土壤因子的个数。

1.4 分析方法

应用 Microsoft Excel 2010 和 SPSS 17.0 软件对试验数据进行基础处理与分析。采用单因素(One-way ANOVA)

和 Duncan 法进行方差分析和多重比较($\alpha=0.05$)。

2 结果与分析

2.1 农村混合污水灌溉对小麦生长的影响

由表 1 可以看出,WG 处理显著促进小麦的生长发育。3 种水质灌溉处理下小麦根长无显著性差异,且 WG 处理下小麦根长最长(19.43 cm);WG 和 QWG 处理下小麦株高和径粗均显著高于 CK 处理($P<0.05$);WG 处理下小麦鲜重和干重分别为 2.42、0.67 g,显著高于 QWG 和 CK 处理($P<0.05$)。说明 WG 促进小麦生长,使小麦植株的重量增加。

表 1 农村混合污水灌溉对小麦生长的影响

灌溉处理	根长/cm	株高/cm	径粗/mm	鲜重/g	干重/g
WG	19.43±4.80a	21.10±0.95a	3.45±0.55a	2.42±0.48a	0.67±0.16a
QWG	12.23±3.70a	21.70±2.19a	2.73±1.10ab	1.33±0.55b	0.36±0.13b
CK	16.33±1.96a	15.67±1.64b	1.75±0.58b	0.75±0.07b	0.20±0.03b

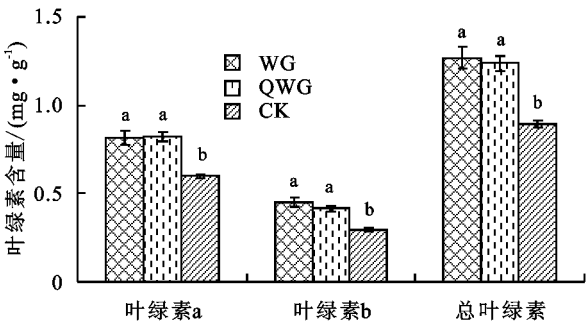
注:表中数据为平均值±标准差;同列不同字母表示各处理在 0.05 水平上差异显著。下同。

WG 处理对小麦叶片中叶绿素含量有一定的影响。由图 1 可知,WG 和 QWG 处理下小麦叶片叶绿素 a 含量均为 0.82 mg/g,显著高于 CK(0.60 mg/g)处理($P<0.05$);小麦叶片叶绿素 b 含量依次为 WG(0.45 mg/g)>QWG(0.42 mg/g)>CK(0.30 mg/g)($P<0.05$);CK 处理下小麦叶片总叶绿素含量最低(0.89 mg/g),与 WG(1.27 mg/g)和 QWG(1.24 mg/g)处理间存在显著性差异($P<0.05$)。说明 WG 使小麦叶片中叶绿素含量提高,植物光合作用增强。

2.2 农村混合污水灌溉对小麦根际土壤养分影响

WG 处理对小麦根际土壤 pH 和养分含量存在一定的影响。由表 2 可知,CK 处理下,小麦根际土壤 pH 为 6.19,显著高于 WG 处理($P<0.05$)。QWG 和 CK 处理下,小麦根际土壤中速效钾的含量分别为 159.60、142.40 mg/kg,显著高于 WG 处理($P<0.05$)。与 CK 处理相比,WG 和 QWG 处理下小麦根际土壤有机质含量分别增加 16.42%和 1.49%。总体来说,WG 和 QWG 处理

下小麦根际土壤全氮、全钾、全磷、速效磷和碱解氮的含量均略低于 CK 处理,说明 WG 在一定程度上降低小麦根际土壤 pH 和土壤养分含量。修正的内梅罗综合指数法分析结果表明,CK 处理下小麦根际土壤的 P 为 1.19,WG 和 QWG 处理下小麦根际土壤的 P 为 1.13 和 1.18,说明 WG 条件下小麦根际土壤综合肥力指数略有降低,但差异不显著。



注:图中不同小写字母表示各处理叶片叶绿素含量在 0.05 水平上差异显著。

图 1 农村混合污水灌溉对小麦叶片叶绿素含量的影响

表 2 农村混合污水灌溉处理对小麦根际土壤理化性质的影响

灌溉处理	pH	有机质/ (g · kg ⁻¹)	全氮/ (g · kg ⁻¹)	全钾/ (g · kg ⁻¹)	全磷/ (g · kg ⁻¹)	速效钾/ (mg · kg ⁻¹)	速效磷/ (mg · kg ⁻¹)	碱解氮/ (mg · kg ⁻¹)	土壤综合 肥力系数 P
WG	5.92±0.04b	7.80±1.39a	0.89±0.04a	22.90±2.56a	0.36±0.06a	126.20±9.73b	27.14±5.72a	98.00±4.00a	1.13±0.04a
QWG	6.17±0.01a	6.80±1.48a	1.10±0.15a	20.90±1.94a	0.35±0.05a	159.60±12.54a	26.08±3.22a	105.00±7.00a	1.18±0.07a
CK	6.19±0.03a	6.70±0.78a	0.90±0.12a	23.60±3.00a	0.42±0.08a	142.40±4.36ab	27.40±0.53a	107.33±8.08a	1.19±0.03a

2.3 农村混合污水灌溉对小麦根际土壤酶活性的影响

由表 3 可知,WG 处理对小麦根际土壤酶活性产生一定的影响。不同水质灌溉条件下,小麦根际土壤中过氧化氢酶活性表现为 CK>QWG>WG;酸性磷酸酶、脲酶和转化酶活性均表现为 WG>QWG>CK。与 CK 相比,WG 和 QWG 处理下小麦根际土

壤过氧化氢酶活性显著降低($P<0.05$),分别降低 26.18%和 8.42%。

WG 处理下小麦根际土壤酸性磷酸酶、脲酶和转化酶活性均显著高于 CK($P<0.05$)。与 CK 相比,WG 和 QWG 处理下土壤酸性磷酸酶活性分别增加 32.17%和 9.42%;土壤脲酶活性分别增加 58.66%

和 15.66%；而土壤转化酶活性分别增加 53.50%和 44.20%，说明 WG 和 QWG 有利于提高小麦根际土壤酸性磷酸酶、脲酶和转化酶的活性，使小麦根际土壤过氧化氢酶活性降低。

表 3 农村混合污水灌溉处理对小麦根际土壤酶活性的影响

灌溉处理	过氧化氢酶/ (mL · g ⁻¹ · 20 min ⁻¹)	酸性磷酸酶/ (mg · g ⁻¹ · 24 h ⁻¹)	脲酶/ (mg · g ⁻¹ · 24 h ⁻¹)	转化酶/ (mg · g ⁻¹ · 24 h ⁻¹)
WG	1.38±0.04c	38.11±3.42a	1.97±0.11a	44.77±5.93a
QWG	1.71±0.03b	31.55±1.82b	1.44±0.11b	42.06±6.12a
CK	1.86±0.05a	28.83±0.85b	1.24±0.09b	29.17±1.56b

2.4 农村混合污水灌溉对小麦根际土壤微生物多样性的影响

2.4.1 土壤细菌多样性变化 从表 4 可以看出,不同水质处理条件下,小麦根际土壤细菌多样性存在一定差异。WG 处理后供试土壤细菌的 Shannon 和 Coverage 指数较 QWG 和 CK 处理低,分别为 6.161 和 0.877,而 ACE、Chao 和 Simpson 指数高于 QWG 和 CK 处理,分别为 18 805.132,11 352.328 和 0.013,微生物多样性总体表现为 CK>QWG>WG,说明 WG 在一定程度上能够抑制小麦根际土壤细菌的多样性。由图 2 可知,WG 处理下,物种 Gp1 的相对丰度为 12.47%,高于 QWG 和 CK 处理;物种 unclassified 的相对丰度为 10.55%,低于其他处理,且不同水质处理下 Gp1 和 unclassified 的物种相对丰度均较高。说明 WG 改变小麦根际土壤细菌在 genus 水平上优势种的相对丰度,但优势种的种类没有发生改变。

表 4 农村混合污水灌溉对小麦根际土壤细菌 Alpha 多样性的影响

灌溉处理	Shannon	ACE	Chao	Coverage	Simpson
WG	6.161	18805.132	11352.328	0.877	0.013
QWG	6.229	13500.098	8563.972	0.899	0.011
CK	6.506	10515.346	7530.963	0.907	0.007

2.4.2 土壤真菌多样性变化 由表 5 可以看出,不同水质灌溉处理对小麦根际土壤真菌多样性影响不同。WG 处理小麦根际土壤真菌的 Shannon(4.138)、ACE(10 668.421)和 Chao(6 018.410)指数高于 QWG 和 CK 处理,而 Coverage 指数则表现为 QWG>WG>CK,Simpson 指数比 QWG 和 CK 处理低,为 0.071,说明 WG 使小麦根际土壤真菌的多样性增加。由图 3 可知,WG 处理下小麦根际土壤真菌在 genus 水平上物种 unclassified 和 Ceramothyrium 的相对丰度较大,分别为 14.91%和 23.24%,而 QWG 和 CK 处理下物种 unclassified 和 Porphyra 所占比例较大,分别为 36.35%,23.36%和 33.15%,18.08%。说明 WG 在一定程度上改变小麦根际土壤真菌在 genus 水平上优势种的种类和相对丰度。

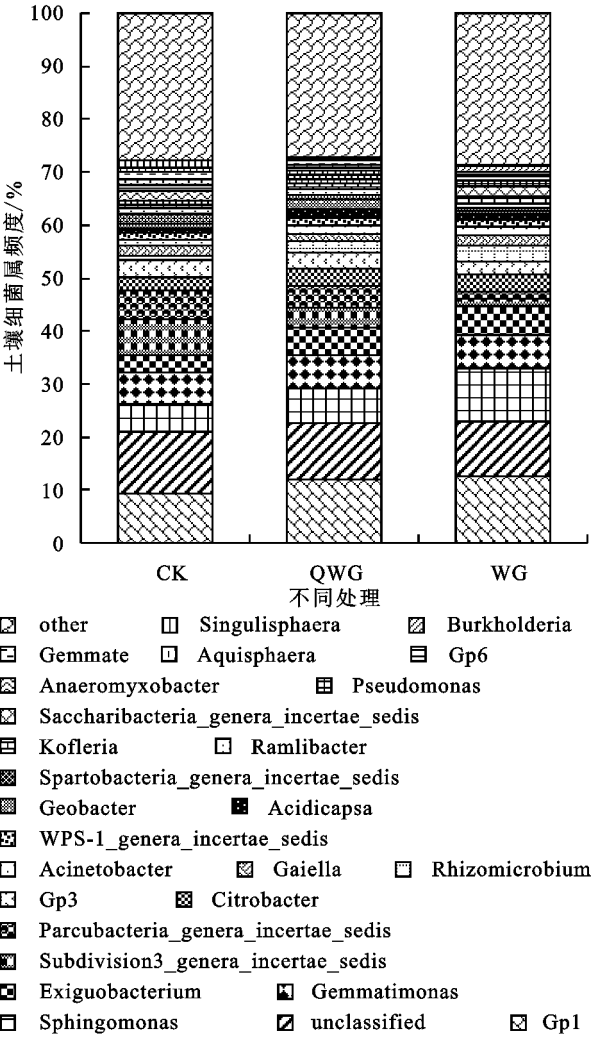


图 2 农村混合污水灌溉小麦根际

土壤细菌属水平群落结构分布

表 5 农村混合污水灌溉对小麦根际土壤真菌 Alpha 多样性的影响

灌溉处理	Shannon	ACE	Chao	Coverage	Simpson
WG	4.138	10668.421	6018.410	0.957	0.071
QWG	3.643	10208.651	5615.011	0.960	0.101
CK	3.821	9739.535	5788.327	0.954	0.106

3 讨论

污水灌溉作为一种治理水环境污染、调控水资源不足、缓解农业灌溉用水短缺及促进农作物生产的一种综合性措施,其发展历史较为悠久^[12]。同时,根际常被看作是探讨植物、土壤和微生物之间相互作用关系的重要

陆地微生态系统^[13]。而根系作为植物地下的营养器官,不仅具有吸收水分和汲取养分的功能,而且能够合成激素和蛋白质等一些有机物质,促进合成植物叶绿素的作用^[14]。土壤酶活性、微生物学特性及养分特征对于评估土壤肥力质量具有重要的意义^[15]。

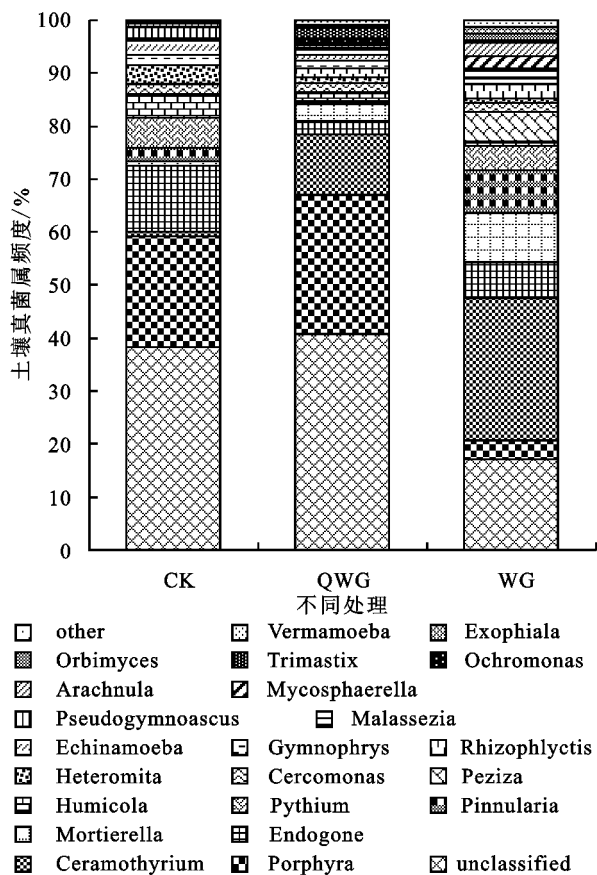


图3 农村混合污水灌溉小麦根际土壤真菌属水平群落结构分布

研究表明, WG 处理能够促进小麦植株生长, 提高小麦叶片中叶绿素含量, 增强小麦植株光合作用, 其具体表现为 WG 处理后小麦植株株高、根长、径粗、鲜重和干重均高于 CK 处理, 且 WG 处理后小麦叶片中叶绿素 a、叶绿素 b 和总叶绿素含量显著高于 CK 处理($P<0.05$)。分析其原因可能是污水灌溉条件下土壤供肥能力和小麦光合作用增强。一方面农村混合污水中富含的植物生长所需的氮、磷、钾等营养物质经灌溉进入土壤, 在土壤酶及微生物的作用下使土壤微生态系统中可利用营养元素含量提高, 进而促进小麦植株生长; 另一方面, 叶绿素作为绿色植物吸收、传递和转化光能的重要性介质, 是反映植物光合作用强弱和生长发育健康状况的关键性指标^[16]。WG 处理使小麦植株叶绿素含量增加, 光合作用提高, 抗病性能增强, 从而促进作物生长。

土壤养分是决定作物产量的重要性因素, 是表征土壤肥力状况的关键性指标, 尤其是土壤的速效养分易被植物吸收利用, 能够很好地反映土壤肥力状况^[17]。本研究发现, 与 CK 处理相比, WG 处理条件

下小麦根际土壤有机质含量升高 16.42%, 但土壤其余养分含量均降低, 土壤速效钾含量降低较为显著 ($P<0.05$), 这与焦志华等^[18]对污水灌溉后土壤有机质及於进等^[19]对土壤速效磷的研究结果基本一致。分析其原因可能是 WG 处理使小麦根际土壤中的酶促反应加快, 土壤供养分能力增强, 且植物生长需要养分元素, 小麦根系作为植物的营养器官, 从土壤中吸收大量的速效养分, 从而使得土壤养分含量降低。本研究发现, WG 处理后小麦根际土壤 pH(5.92) 显著低于 CK(6.19) ($P<0.05$)。同时, 小麦生长的适宜 pH 为 6.0~7.0。若对供试土壤长期进行 WG 处理, 作物根际土壤 pH 是否还会发生变化, 对农作物的生长是否会产生不良的影响, 还需进一步研究。

土壤酶是由植物根系和微生物活动产生的具有催化作用和生物活性的一类蛋白质, 它参与土壤微生态系统中的物质循环和能量转化过程^[7], 与土壤肥力之间具有一定的相关性, 是反映土壤肥力质量的重要指标^[15]。本研究表明, 农村混合污水灌溉处理下小麦根际土壤酸性磷酸酶、脲酶和转化酶活性均显著高于 CK ($P<0.05$), 而小麦根际土壤过氧化氢酶活性显著降低 ($P<0.05$), 即与 CK 相比, WG 处理后小麦根际土壤酸性磷酸酶、脲酶和转化酶活性分别增加 32.17%, 58.66% 和 53.50%, 小麦根际土壤过氧化氢酶活性降 26.18%, WG 处理后小麦根际土壤酶活性的变化与郭晓明等^[20]对土壤脲酶、磷酸酶和转化酶活性的研究结果相类似。究其原因可能是 WG 处理使污水中含有的营养物质进入供试土壤, 使小麦根际土壤中原有的养分含量发生改变, 且土壤酶活性与土壤养分之间存在一定的相关性^[15], 而 WG 处理后小麦根际土壤中总氮和总磷含量降低, 说明其被水解的强度增大, 与之循环转化相关的土壤脲酶和酸性磷酸酶活性增强。

土壤微生物是维持土壤微生态系统平衡的重要参与者, 是反映土壤生物活性的敏感性指标, 其多样性指数能够表征土壤肥力质量^[21]。同时, 根际土壤微生物群落的变化对植物生长发育产生一定的影响^[13]。本研究发现, WG 处理在一定程度上抑制小麦根际土壤细菌的多样性, 改变细菌在 genus 水平上优势种的相对丰度, 但优势种均为 Gp1 和 unclassified。而 WG 处理使小麦根际土壤真菌的多样性增加, 改变小麦根际土壤真菌在 genus 水平上优势种的种类和相对丰度。葛红莲等^[22]研究也发现, 长期污水灌溉能够抑制小麦根际土壤细菌的繁殖和活性, 但对土壤真菌的活性具有一定的促进作用; Qian 等^[15]指出, 土壤微生物多样性的高低是反映土壤肥力大小的重要生物学指标。因此, 究其原因可能是 WG 处理促进小麦植株的生长, 且小麦根际土壤肥力降低,

而土壤细菌与土壤肥力显著相关,土壤真菌能够以病害的形式直接对作物生长产生影响^[23],使得WG处理后小麦根际细菌多样性降低,真菌多样性增加。

土壤养分特征、微生物群落结构和多样性指标及土壤酶活性是土壤微生态环境的重要组成部分,常被看作是了解土壤质量和土壤肥力状况的重要指标^[15]。修正的内梅罗综合指数法评价结果表明,WG条件下小麦根际土壤的 P 值为1.13,略低于CK处理(1.19),说明WG在一定程度上降低土壤的综合肥力水平。而Qaryouti等^[24]研究表明,污水灌溉能够使土壤的综合肥力增加,一定程度上可改善土壤质量。WG处理后小麦根际土壤的肥力整体上呈现降低的趋势,可能是因为WG处理小麦根际土壤酸性磷酸酶、脲酶和转化酶活性增强,促进土壤养分水解过程,且小麦在吸收水分的同时其根部将根际土壤中植物生长所需的养分转移到植株体内,供其生长发育^[25],从而导致土壤养分含量降低,土壤综合肥力下降。

4 结论

(1)农村混合污水灌溉处理后小麦植株株高、径粗、鲜重和干重显著增加($P<0.05$),但根长增加不显著。同时,农村混合污水灌溉使小麦叶片叶绿素a、叶绿素b和总叶绿素含量显著增加($P<0.05$),说明农村混合污水灌溉在一定程度上使小麦叶片的光合作用增强,促进小麦植株的生长。

(2)农村混合污水灌溉使小麦根际土壤pH降低,各养分中除有机质含量增加外,其余小麦根际土壤养分含量均降低,且土壤速效钾含量降低较为显著($P<0.05$)。内梅罗综合指数法评价结果表明,农村混合污水灌溉使小麦根际土壤的综合肥力降低。

(3)农村混合污水灌溉对小麦根际土壤酶活性存在一定的影响作用。农村混合污水灌溉处理下小麦根际土壤酸性磷酸酶、脲酶和转化酶活性均显著高于CK($P<0.05$),而小麦根际土壤过氧化氢酶活性显著降低($P<0.05$)。

(4)由Alpha多样性指数(Shannon、Ace、Chao、Coverage和Simpson指数)可知,农村混合污水灌溉在一定程度上使小麦根际土壤细菌的多样性降低,小麦根际土壤真菌多样性增加。同时,由细菌和真菌在genus水平上的微生物群落结构分布可知,农村混合污水灌溉改变小麦根际土壤细菌在genus水平上优势种的相对丰度,但优势种的种类没有发生改变,但改变小麦根际土壤真菌在genus水平上优势种的种类和相对丰度。

参考文献:

[1] 李军玲,郭其乐,彭记永. 基于MODIS数据的河南省冬

小麦产量遥感估算模型[J]. 生态环境学报, 2012, 21(10):1665-1669.

- [2] Cao Y N, Tian Y Q, Gao L H, et al. Attenuating the negative effects of irrigation with saline water on cucumber (*Cucumis sativus* L.) by application of straw biological-reactor [J]. *Agricultural Water Management*, 2016, 163:169-179.
- [3] Sun S K, Wu P T, Wang Y B, et al. The impacts of interannual climate variability and agricultural inputs on water footprint of crop production in an irrigation district of China [J]. *Science of the Total Environment*, 2013, 444:498-507.
- [4] Powley H R, Durr H H, Lima A T, et al. Direct discharges of domestic wastewater are a major source of phosphorus and nitrogen to the Mediterranean Sea [J]. *Environmental Science and Technology*, 2016, 50(16): 8722-8730.
- [5] Singh P K, Deshbhratar P B, Ramteke D S. Effects of sewage wastewater irrigation on soil properties, crop yield and environment [J]. *Agricultural Water Management*, 2012, 103:100-104.
- [6] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京:中国农业出版社, 2000.
- [7] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京:农业出版社, 1986.
- [8] 王艳芳,王珂,徐少卓,等. 生物炭介导下磷水平对连作苹果幼苗及土壤环境的影响[J]. 水土保持学报, 2018, 32(1):232-237.
- [9] 周春艳,华灯鑫,乐静,等. 基于神经网络的叶绿素含量精细测量建模方法研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2015, 35(9):2629-2633.
- [10] 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, 2000:22-169.
- [11] 罗红,普布顿珠,朱雪林,等. 西藏人工造林作业区土壤肥力评价[J]. 应用生态学报, 2017, 28(5):1507-1514.
- [12] Munir O, Salih G, Serdal S, et al. An overview of the possibilities for wastewater utilization for agriculture in Turkey [J]. *Israel Journal of Plant Sciences*, 2011, 59(2/4):223-234.
- [13] Eisenhauer N, Scheu S, Jousset A. Bacterial diversity stabilizes community productivity [J]. *PLoS One*, 2012, 7(3):e34517.
- [14] 王艳丽,王京,刘国顺,等. 磷施用量对烤烟根系生理及叶片光合特性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2016, 22(2):410-417.
- [15] Qian X, Gu J, Sun W, et al. Changes in the soil nutrient levels, enzyme activities, microbial community function, and structure during apple orchard maturation [J]. *Applied Soil Ecology*, 2014, 77:18-25.
- [16] 唐钢梁,李向义,林丽莎,等. 短期环割对塔克拉玛干沙漠南缘两种荒漠植物的生理影响[J]. 植物生态学报, 2013, 37(12):1101-1113.

- [8] Ahmed M B M, Rajapaksha A U, Lim J E, et al. Distribution and accumulative pattern of tetracyclines and sulfonamides in edible vegetables of cucumber, tomato, and lettuce[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2015, 63(2): 398-405.
- [9] Xie X J, Zhou Q X, Lin D S, et al. Toxic effect of tetracycline exposure on growth, antioxidative and genetic indices of wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Environmental Science and Pollution Research International, 2011, 18(4): 566-575.
- [10] Farkas M H, Berry J O, Aga D S. Chlortetracycline detoxification in maize via induction of glutathione S-transferases after antibiotic exposure[J]. Environmental Science and Technology, 2007, 41(4): 1450-1456.
- [11] 徐秋桐, 顾国平, 章明奎. 有机肥对土壤中抗生素降解的促进作用[J]. 浙江农业学报, 2015, 27(3): 417-422.
- [12] 段曼莉. 生物炭对土壤中抗生素及其抗性基因变化的影响研究[D]. 陕西 杨凌: 西北农林科技大学, 2017.
- [13] 高俊凤. 植物生理学实验指导[M]. 北京: 高等教育出版社, 2006: 218-228.
- [14] 林艳, 郭伟珍, 徐振华, 等. 大叶女贞抗寒性及冬季叶片丙二醛和可溶性糖含量的变化[J]. 中国农学通报, 2012, 28(25): 68-72.
- [15] 何书美, 刘敬兰. 茶叶中总黄酮含量测定方法的研究[J]. 分析化学, 2007, 35(9): 1365-1368.
- [16] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000: 25-188.
- [17] 朱小平, 王文颇, 刘微, 等. 施用微生物加菌糠对辣椒养分吸收及土壤养分转化的影响[J]. 中国农学通报, 2005, 21(5): 281-283.
- [18] 李亚宁, 张丽红, 殷艳艳, 等. 典型磺胺类抗生素对油菜叶片叶绿素、可溶性蛋白及抗氧化酶的影响[J]. 环境污染与防治, 2017, 39(11): 1209-1212.
- [19] Prabhukarthikeyan S R, Keerthana U, Raguchander T. Antibiotic-producing *Pseudomonas fluorescens*, mediates rhizome rot disease resistance and promotes plant growth in turmeric plants[J]. Microbiological Research, 2018, 210: 65-73.
- [20] Liu D, Lu L, Luo W, et al. Degradation of tetracyclines in soils and their effects on root growth of Chinese cabbages (*Brassica campestris* L.) [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2017, 37(5): 1957-1966.
- [21] 熊华焯, 秦俊梅, 马浩天. 含土霉素土壤添加不同基质后对玉米生理特性的影响[J]. 水土保持学报, 2018, 32(2): 283-289.
- [22] 秦俊梅, 熊华焯, 李兆君. 施用含四环素类抗生素鸡粪对玉米生长的影响及其残留特征[J]. 灌溉排水学报, 2018, 37(9): 22-28.
- [23] 王芳, 李永生, 王汉宁, 等. 钙对铅胁迫下玉米幼苗生长及生理特性的影响[J]. 水土保持学报, 2016, 30(3): 202-207.
- [24] 苏丹, 李红丽, 董智, 等. 盐胁迫对白榆无性系抗氧化酶活性及丙二醛的影响[J]. 中国水土保持科学, 2016, 14(2): 9-16.

(上接第 341 页)

- [17] Zhang P, Chen X L, Wei T, et al. Effects of straw incorporation on the soil nutrient contents, enzyme activities, and crop yield in a semiarid region of China[J]. Soil and Tillage Research, 2016, 160: 65-72.
- [18] 焦志华, 黄占斌, 李勇, 等. 再生水灌溉对土壤性能和土壤微生物的影响研究[J]. 农业环境科学学报, 2010, 29(2): 319-323.
- [19] 於进, 杨胜翔, 王丹璐, 等. 甘肃中部干旱地区生活污水灌溉可行性分析[J]. 安徽农业科学, 2012, 40(24): 12188-12190.
- [20] 郭晓明, 马腾, 陈柳竹, 等. 污水灌溉区土壤肥力及酶活性特征研究[J]. 生态环境学报, 2012, 21(1): 78-83.
- [21] Tautges N E, Sullivan T S, Reardon C L, et al. Soil microbial diversity and activity linked to crop yield and quality in a dryland organic wheat production system [J]. Applied Soil Ecology, 2016, 108: 258-268.
- [22] 葛红莲, 陈龙, 张军令, 等. 长期污水灌溉对小麦根际土壤微生物区系的影响[J]. 节水灌溉, 2009(5): 14-15.
- [23] 常强强, 范佳佳, 刘慧君, 等. 不同地区青檀根际土壤肥力和真菌多样性及其相关性分析[J]. 植物资源与环境学报, 2017, 26(3): 27-34.
- [24] Qaryouti M, Bani-Hani N, Abu-Sharar T M, et al. Effect of using raw waste water from food industry on soil fertility, cucumber and tomato growth, yield and fruit quality [J]. Scientia Horticulturae, 2015, 193: 99-104.
- [25] 曲成闯, 陈效民, 韩召强, 等. 施用生物有机肥对黄瓜不同生育期土壤肥力特征及酶活性的影响[J]. 水土保持学报, 2017, 31(6): 279-284.