

坤杜孜阿依·库德来提, 张家俊, 李承壁, 等. 化肥配施 γ -聚谷氨酸对采后棉田土壤理化性质及碳氮循环微生物群落的影响[J]. 山西农业科学, 2026, 54(1): 13-23.

KUDELAITI K Y, ZHANG J J, LI C B, et al. Effects of chemical fertilizer combined with γ -polyglutamic acid on soil physicochemical properties and carbon-nitrogen cycling microbial community in post-harvest cotton fields[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2026, 54(1): 13-23.

doi:10.26942/j.cnki.issn.1002-2481.2026.01.02

化肥配施 γ -聚谷氨酸对采后棉田土壤理化性质及碳氮循环微生物群落的影响

坤杜孜阿依·库德来提^{1,2,3}, 张家俊^{1,2,3}, 李承壁^{1,2,3}, 董正武^{1,2,3}, 刘隋赞昊^{1,2,3}

(1. 新疆师范大学生命科学院, 新疆 乌鲁木齐 830054; 2. 新疆特殊环境物种保护与调控生物实验室, 新疆 乌鲁木齐 830054; 3. 新疆特殊环境物种多样性应用与调控重点实验室, 新疆 乌鲁木齐 830054)

摘要: 针对新疆棉田因长期过量施肥导致的土壤退化及生态环境风险加剧问题, 探讨环保型肥料增效剂 γ -聚谷氨酸(γ -PGA)配施化肥对采后棉田土壤理化性质、养分循环相关微生物群落结构的调控作用, 设置不施肥(CK)、单施化肥(NK)、化肥配施 γ -PGA 水溶液(YT)、化肥配施 γ -PGA 颗粒(GT)共4个处理开展田间试验, 利用土壤农化分析和高通量测序技术, 测定采后棉田土壤养分特征与碳氮循环相关微生物群落组成。结果表明, YT处理可显著优化采后土壤养分库容, GT处理使易氧化有机碳含量提升至8.03 g/kg, 碳氮比提高至11.57; YT处理全磷含量达1.62 g/kg, 显著高于其他处理。在氮素形态方面, GT处理在土壤氮素养分固持与积累方面表现最优。GT处理的土壤碱解氮含量显著高于CK和YT处理, 其有效氮供应能力较强, 表明GT处理既能促进土壤对铵态氮的固持, 又可有效降低易淋失的硝态氮积累。在磷素养分积累与固持方面, YT处理土壤全磷含量最高, 显著高于其他处理, 其磷素总积累能力最强, 有效磷含量也维持在较高水平, 且其微生物量氮含量在所有处理中最高, 表明YT能有效促进磷素转化与生物固持, 提升了土壤磷库的稳定性与生物有效性。配施 γ -聚谷氨酸可通过调节微生物群落结构进而改善土壤养分有效性, 实现棉田土壤质量的综合提升。

关键词: 棉田; γ -聚谷氨酸; 土壤农化分析; 高通量测序; 碳氮循环; 微生物群落

中图分类号: S562 文献标识码: A 文章编号: 1002-2481(2026)01-0013-11

Effects of Chemical Fertilizer Combined with γ -Polyglutamic Acid on Soil Physicochemical Properties and Carbon-Nitrogen Cycling Microbial Community in Post-Harvest Cotton Fields

KUDELAITI Kunduziayi^{1,2,3}, ZHANG Jiajun^{1,2,3}, LI Chengbi^{1,2,3},

DONG Zhengwu^{1,2,3}, LIUSUI Yunhao^{1,2,3}

(1. College of Life Sciences, Xinjiang Normal University, Urumqi 830054, China; 2. Xinjiang Special Environmental Species Protection and Regulation Biology Laboratory, Urumqi 830054, China; 3. Xinjiang Special Environmental Species Diversity Application and Regulation Key Laboratory, Urumqi 830054, China)

Abstract: In response to the issues of soil degradation and increased ecological risks in Xinjiang cotton fields caused by long-term excessive fertilizer application, in this study, regulatory effects of an environmentally friendly fertilizer synergist γ -polyglutamic acid(γ -PGA) combined with chemical fertilizer on the physicochemical properties of post-harvest cotton soil and the microbial community structure associated with nutrient cycling were investigated. Relying on a field experiment, four treatments were established: no fertilization(CK), chemical fertilizer alone(NK), chemical fertilizer combined with γ -PGA

收稿日期: 2025-11-25

基金项目: 新疆维吾尔自治区自然科学基金(2024D01A82); 新疆特殊环境物种保护与调控生物学实验室招标课题(XJDX1414-2023-02)

作者简介: 坤杜孜阿依·库德来提, 在读硕士, 研究方向: 植物生态学, E-mail: 2948509148@qq.com

通信作者: 刘隋赞昊, 副教授, 博士, 主要从事干旱区植物与微生物互作生态学研究, E-mail: liusuiyunhao@xjnu.edu.cn

aqueous solution(YT), and chemical fertilizer combined with γ -PGA granules(GT). Using soil agrochemical analysis and high-throughput sequencing technology, the nutrient characteristics of post-harvest cotton soil and the composition of the microbial community related to carbon and nitrogen cycling were determined. The results showed that the YT treatment significantly optimized the post-harvest soil nutrient storage capacity. The GT treatment increased the readily oxidizable organic carbon content to 8.03 g/kg and carbon-to-nitrogen ratio(C/N ratio) to 11.57. The YT treatment achieved a total phosphorus content of 1.62 g/kg, significantly higher than that under other treatments. Regarding nitrogen forms, the GT treatment demonstrated the best performance in soil nitrogen nutrient retention and accumulation. The soil alkali-hydrolyzable nitrogen content under the GT treatment was significantly higher than that under CK and YT treatments, with a stronger effective nitrogen supply capacity, indicating that the GT treatment not only promoted the retention of ammonium nitrogen in the soil but also effectively reduced the accumulation of nitrate nitrogen prone to leaching. In terms of phosphorus nutrient accumulation and retention, the YT treatment had the highest total phosphorus content in the soil, significantly higher than that under other treatments. Its total phosphorus accumulation ability was the strongest, and the YT treatment also maintained a high level of the available phosphorus content. Moreover, its microbial biomass nitrogen was the highest among all treatments, indicating that YT could effectively promote phosphorus transformation and biological retention, improve the stability and bioavailability of soil phosphorus storage. The combined application of γ -polyglutamic acid could improve soil nutrient availability and achieve comprehensive enhancement of soil quality in cotton field by regulating microbial community structure.

Keywords: cotton field; γ -polyglutamic acid; soil agrochemical analysis; high-throughput sequencing; carbon and nitrogen cycling; microbial community

新疆作为我国最重要的棉花生产基地,棉花产量占全国总产量的90%以上,对保障国家农业经济稳定具有战略意义^[1]。然而,在长期高产目标驱动下,该地区普遍存在严重的化肥过量施用问题。调查数据显示,北疆棉区单位面积化肥施用量高达939.9 kg/hm²,是当地推荐施肥量的1.85倍,而同期棉花单产仅提高4%。为追求高产而长期过量施用化肥已引发一系列土壤生态问题,包括土壤板结、盐渍化加剧、有机质矿化加速以及肥力衰退^[2]。尤为关键的是,在棉花采收后的冬季休耕期,大量未被利用的氮素等养分在土壤中积累,并通过淋溶、挥发及冻融循环下的反硝化作用,不仅增加了温室气体的排放,也增加了地下水污染的风险^[3]。但这一过程的内在迁移转化机理尚不完全明晰,因此,探索既能维持棉花产量又能减少环境污染的绿色施肥技术,已成为新疆棉花产业可持续发展的迫切需求。

γ -聚谷氨酸(γ -PGA)作为一种由微生物发酵产生的绿色、可生物降解的聚氨基酸,其分子链上富含的游离羧基使其具有超强亲水性和保水能力,能吸收自身重量数百倍的水分^[4]。这使得 γ -PGA在农业上作为肥料增效剂展现出巨大潜力,其作用包括通过羧基与养分离子络合减少流失、平衡土壤酸碱度、螯合重金属以及促进作物根系发育^[5]。研究表明,在多种作物上应用 γ -PGA可实现增产4.7%~15.9%,提高肥料利用率10.2%~14.0%。廉晓娟等^[6]、邓桂湖等^[7]研究发

现,施用 γ -PGA增效剂可使设施黄瓜单瓜质量增加4.01%~25.84%,产量提高1.31%~9.12%,并显著提升维生素C和可溶性糖含量。 γ -PGA能显著促进作物对钙、镁等中微量元素的吸收,增幅最高可达29.6%和22.2%,并能增强叶片抗氧化酶(SOD、CAT)活性,降低硝酸盐含量,一次性施用的效果多优于分次施用^[8-9]。 γ -PGA的增效作用很大程度上通过调控土壤微生物群落这一媒介实现^[10]。多项研究显示, γ -PGA的施用能增加土壤微生物种群的数量、多样性及均匀度,并增强脲酶、蔗糖酶等土壤酶活性。

有研究表明, γ -PGA对土壤微生物的积极影响,主要集中在作物生育期内对土壤微生物生态的短期响应^[11]。对于棉花采收后土壤中 γ -PGA如何通过调控微生物群落以维持其养分活性与循环功能,其内在机制特别是对关键功能微生物类群及其驱动的碳氮循环过程的影响,尚缺乏深入解析。此外,在新疆干旱区特有的中温带大陆性气候与壤土条件下, γ -PGA不同形态对采后棉田土壤微生物群落结构及其功能的长效影响规律与差异也有待阐明。

本研究利用宏基因组测序技术,精确解析了 γ -PGA水溶液与颗粒2种形态处理下,棉花采后土壤微生物的群落结构、优势菌门及关键功能属的响应规律。重点从微生物群落尺度揭示 γ -PGA影响土壤碳氮循环的关键过程,阐明其在采后棉田土壤中维持养分和生物活性的微生物学机制,以期为

优化棉花土壤管理策略提供重要的理论依据。

1 材料和方法

1.1 试验地概况

试验田位于新疆乌鲁木齐市新疆师范大学温泉校区内的桃山试验基地(44°96'N, 80°95'E)。该区域属中温带大陆性气候区,其特征是冬夏长、春秋短,昼夜温差大,年均气温约6.7℃,年均降水量约280 mm。土壤为壤土,已连续耕作2 a,土壤基本理化性质为:有机质含量为13.2 g/kg,碱解氮含量为63.25 mg/kg,速效磷含量为22.5 mg/kg,速效钾含量为210.3 mg/kg, pH值为7.61。

1.2 试验材料

供试棉花选用新陆早80号(常规早熟陆地棉,审定编号:新审棉2017年44号)。供试化肥为磷酸钾复合肥,其氮(N)、五氧化二磷(P_2O_5)、氧化钾(K_2O)含量均为15%。纯 γ -聚谷氨酸(γ -PGA)制剂、水溶液(γ -PGA含量 $\geq 5\%$)、颗粒剂(γ -PGA含量 $\geq 10\%$)均由新疆慧尔农业集团股份有限公司提供。2种 γ -PGA制剂中所含的氮、磷、钾含量均极低,其养分输入对试验处理的干扰可忽略(水溶液制剂:N 0.3%、 P_2O_5 0.16%、 K_2O 0.11%;颗粒剂:N 0.15%、 P_2O_5 0.11%、 K_2O 0.41%)。

1.3 试验设计

于2023年5月10日进行棉花播种,采用覆膜栽培模式,每膜配置2行,行距50 cm,种植密度为22.2万株/hm²。设置不施肥(CK)、单施化肥(NK)、化肥配施 γ -PGA水溶液(YT)及化肥配施 γ -PGA颗粒(GT)共4个处理,3次重复。采用随机区组排列,小区面积为10 m²(2 m×5 m),小区间隔1 m。各处理施肥量如下:氮磷钾复合肥施用量为285 kg/hm², γ -PGA水溶液施用量为9 L/hm², γ -PGA颗粒施用量为4.5 kg/hm²。YT、GT处理的 γ -PGA实际投入量相同,均为450 g/hm²。

1.4 土壤样品的采集与测定

土壤样品于2023年10月25日棉花采收后采集。每个处理随机布设6个采样点,取0~20 cm耕层土壤。将同一处理的土样混合均匀,除去植物残体与细小根系后,按3次生物学重复制备,共获得12份混合样品。每份样品分为2部分,一部分经自然风干、研磨过筛后,用于常规土壤养分指标测定;另一部分于-80℃超低温保存,供后续宏基

因组分析。

土壤理化性质参照《土壤农化分析》^[12-13]测定。pH值采用pH计法测定;总有机碳、可溶性有机碳、易氧化有机碳、惰性有机碳含量分别采用重铬酸钾外加热法、去离子水浸提-总有机碳分析法、高锰酸钾氧化-分光光度法及差减法(惰性有机碳=总有机碳-易氧化有机碳)测定;全氮、碱解氮、可溶性总氮含量分别采用vario MACRO cube元素分析法、碱解扩散法、过硫酸钾氧化-紫外分光光度法测定;铵态氮、硝态氮、亚硝态氮含量采用氯化钾浸提-连续流动分析法测定;可溶性有机氮含量采用差减法(可溶性有机氮=可溶性总氮-铵态氮-硝态氮)得出;全磷、有效磷含量分别采用氢氧化钠熔融-钼锑抗比色法、碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法测定;微生物量碳、微生物量氮含量采用氯仿熏蒸提取。

宏基因组测序工作由北京百迈客生物技术有限公司完成,每个样本设置3个生物学重复。对原始测序数据进行质控后,获得高质量Clean Data,随后进行宏基因组组装,生成各样本的contig序列。基于单个样本组装结果预测编码基因并获得蛋白序列,合并所有样本预测基因后,利用CD-HIT进行去冗余处理,构建非冗余基因集,并通过Salmon计算基因丰度表。将非冗余基因集与NR数据库进行比对,并依据KEGG数据库完成功能注释,获取物种与功能基因注释信息。根据基因丰度汇总计算各物种丰度,最终在门、属层级统计丰度,并构建相应水平的丰度表格。

1.5 数据分析

采用SPSS 26.0软件分析数据,运用单因素方差分析(One-way ANOVA)中的最小显著性差异法(LSD)对棉花土壤养分数据进行差异显著性检验($P < 0.05$)。基于百迈客云平台(www.biocloud.net)开展多样品间物种组成比较分析。

2 结果与分析

2.1 不同配施处理对采后棉田土壤理化性质的影响

从表1可以看出,各处理土壤pH值为7.61~8.31,其中,NK处理pH值最低,为7.61,显著低于CK($P < 0.05$)。在碳组分方面,CK总有机碳、惰性有机碳含量最高,分别为25.28、20.42 g/kg,均显

著高于NK、YT处理($P<0.05$);GT处理的易氧化有机碳含量和C/N最高,分别为8.03 g/kg和11.57,显著高于其他处理($P<0.05$)。NK处理总有机碳、惰性有机碳含量最低,分别为14.31、10.32 g/kg。此外,GT处理的可溶性有机碳含量为0.18 g/kg,显著高于其他处理($P<0.05$)。

表1 不同配施处理对采后棉田土壤碳素相关理化性质的影响
Tab.1 Effects of various application treatments on physicochemical properties associated to soil carbon in post-harvest cotton field

处理 Treatment	pH	总有机碳含量/(g/kg) Total organic carbon content	可溶性有机碳含量/(g/kg) Soluble organic carbon content	易氧化有机碳含量/(g/kg) Readily oxidizable organic carbon content	惰性有机碳含量/(g/kg) Inert organic carbon content	C/N
CK	8.31±0.03a	25.28±0.34a	0.16±0.01b	1.97±0.04d	20.42±0.70a	8.00±0.16b
NK	7.61±0.08d	14.31±0.19d	0.15±0.01b	3.15±0.04c	10.32±0.45c	7.65±0.02c
GT	7.70±0.01c	24.41±0.07b	0.18±0.01a	8.03±0.14a	16.07±0.19b	11.57±0.14a
YT	8.11±0.03b	15.82±0.36c	0.15±0.00b	6.12±0.03b	8.52±0.27d	7.16±0.10d

注:同列不同小写字母表示各处理间差异显著($P<0.05$)。下表同。

Note: Different lowercase letters in the same column indicated significant differences among the different treatments($P<0.05$). The same as below.

由表2可知,NK处理的土壤碱解氮、硝态氮含量均为所有处理中最高,分别为405.98、66.85 mg/kg,显著高于其他处理($P<0.05$)。GT处理的铵态氮含量高达18.38 mg/kg,显著高于其他处理($P<0.05$)。CK的各项氮素指标含量普遍较低,但其可溶性有机氮含量较高,为18.87 mg/kg。

表2 不同配施处理对采后棉田土壤氮素相关理化性质的影响
Tab.2 Effects of various application treatments on physicochemical properties associated to soil nitrogen in post-harvest cotton field

处理 Treatment	全氮含量/(g/kg) Total nitrogen content	碱解氮含量/(mg/kg) Alkali-hydrolyzable nitrogen content	铵态氮含量/(mg/kg) Ammonium nitrogen content	硝态氮含量/(mg/kg) Nitrate nitrogen content	亚硝态氮含量/(mg/kg) Nitrous nitrogen content	可溶性总氮含量/(mg/kg) Soluble total nitrogen content	可溶性有机氮含量/(mg/kg) Soluble organic nitrogen content
CK	3.16±0.02a	221.66±2.47d	5.05±0.04d	6.18±0.02d	0.70±0.00a	30.79±0.12c	18.87±0.07b
NK	1.87±0.02c	405.98±1.17a	6.58±0.05c	66.85±0.45a	0.08±0.00a	77.81±0.49a	4.31±0.99d
GT	2.11±0.02d	380.67±6.59b	18.38±0.02a	18.15±0.10b	0.88±0.00a	58.39±0.24b	20.98±0.12a
YT	2.21±0.02b	299.89±16.53c	8.20±0.08b	16.38±0.13c	0.10±0.00a	29.04±0.25d	4.36±0.04c

由表3可知,在磷素方面,YT处理的土壤全磷含量最高,为1.62 g/kg,显著高于GT、NK处理和CK($P<0.05$)。YT处理的有效磷含量为91.49 mg/kg,虽显著高于NK、GT处理($P<0.05$),却显著低于CK($P<0.05$)。在微生物生物量方面,YT处理的微生物量氮含量最高,为72.47 mg/kg,显著高于其他处理($P<0.05$);GT处理的微生物量碳含量最高,为296.99 mg/kg,也显著高于其他处理($P<0.05$);YT处理的微生物量C/N最低,显著低于其他处理($P<0.05$)。

表3 不同配施处理对采后棉田土壤磷素与微生物量C/N相关理化性质的影响
Tab.3 Effects of various application treatments on physicochemical properties associated to soil phosphorus and microbial biomass C/N in post-harvest cotton field

处理 Treatment	全磷含量/(g/kg) Total phosphorus content	有效磷含量/(mg/kg) Available phosphorus content	微生物量氮含量/(mg/kg) Microbial biomass nitrogen content	微生物量碳含量/(mg/kg) Microbial biomass carbon content	微生物量C/N Microbial biomass C/N
CK	0.96±0.01c	97.56±0.03a	17.52±0.33d	95.10±1.95d	5.43±0.01b
NK	0.80±0.01d	87.53±0.95c	24.91±0.41c	161.81±0.91c	6.50±0.14a
GT	1.30±0.02b	67.86±0.74d	57.15±1.11b	296.99±5.78a	5.20±0.00c
YT	1.62±0.02a	91.49±0.34b	72.47±2.52a	236.47±1.54b	3.27±0.10d

显数量的蓝藻门,在CK中占比最高,达4.4%,在YT、GT处理中分别占0.6%、1.4%。

在甲烷氧化的过程中,变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、芽单胞菌门是该过程的主要参与者。变形菌门在CK中的相对丰度最高,其余3组相对于CK均有一定程度的下降;而对于放线菌门,在YT、NK处理和CK中的相对丰度差别不大,分别为19%、19%、20%,而在GT处理中则明显偏低,仅占8%。酸杆菌门在CK中的相对丰度最低,占7%,而其余3组明显高于CK,在GT处理中的相对丰度最高,为22%。芽单胞菌门在GT处理中的相对丰度为6%,在YT处理中为2%。

在厌氧碳固定过程中,变形菌门、放线菌门、酸杆菌门是该过程中的主要微生物所属门。变形菌门在CK中占43%,其余3组的相对丰度均有所降低,GT、NK处理变化较大,均为35%。放线菌门在CK中的相对丰度为17%,GT处理相对于CK明显降低,相对丰度仅为8%。酸杆菌门在CK中的相对丰度为7%,其余3组较CK均有所提高,GT处理变化最大,达19%。

在共氧化过程中,变形菌门占相对丰度百分

比最高,在CK中高达41%,而YT处理最低,为38%。放线菌门是该过程中相对丰度第2的微生物门,该门在CK中占26%,GT处理相对于CK占比降低到18%,而YT处理则有所上升,达到了32%。酸杆菌门在该过程中也起着重要的作用,CK中酸杆菌门相对丰度为2%,而其他3组则有明显提高,GT处理变化最为显著,为12%。

在碳矿化过程中,变形菌门、放线菌门、绿湾菌门(Chloroflexi)与酸杆菌门起着重要的作用,变形菌门占比最高,在CK中占比47%,其余3组均有所降低,NK处理变化最为明显,为37%。而对于放线菌门,CK与NK处理占比相当,均为17%,而GT处理则最低,仅为8%。对于绿湾菌门,在CK中占13%,其余3组相对于CK略有提高,最明显的为NK处理,占比为15%。酸杆菌门在CK中的相对丰度最低,仅为2%,其他3组均有明显提高,GT、NK处理变化明显,酸杆菌门相对丰度提高至10%。

2.2.2 配施聚谷氨酸后各处理土壤微生物碳代谢过程中属水平群落的组成与相对丰度 土壤属水平碳代谢途径的微生物群落结构如图3所示。

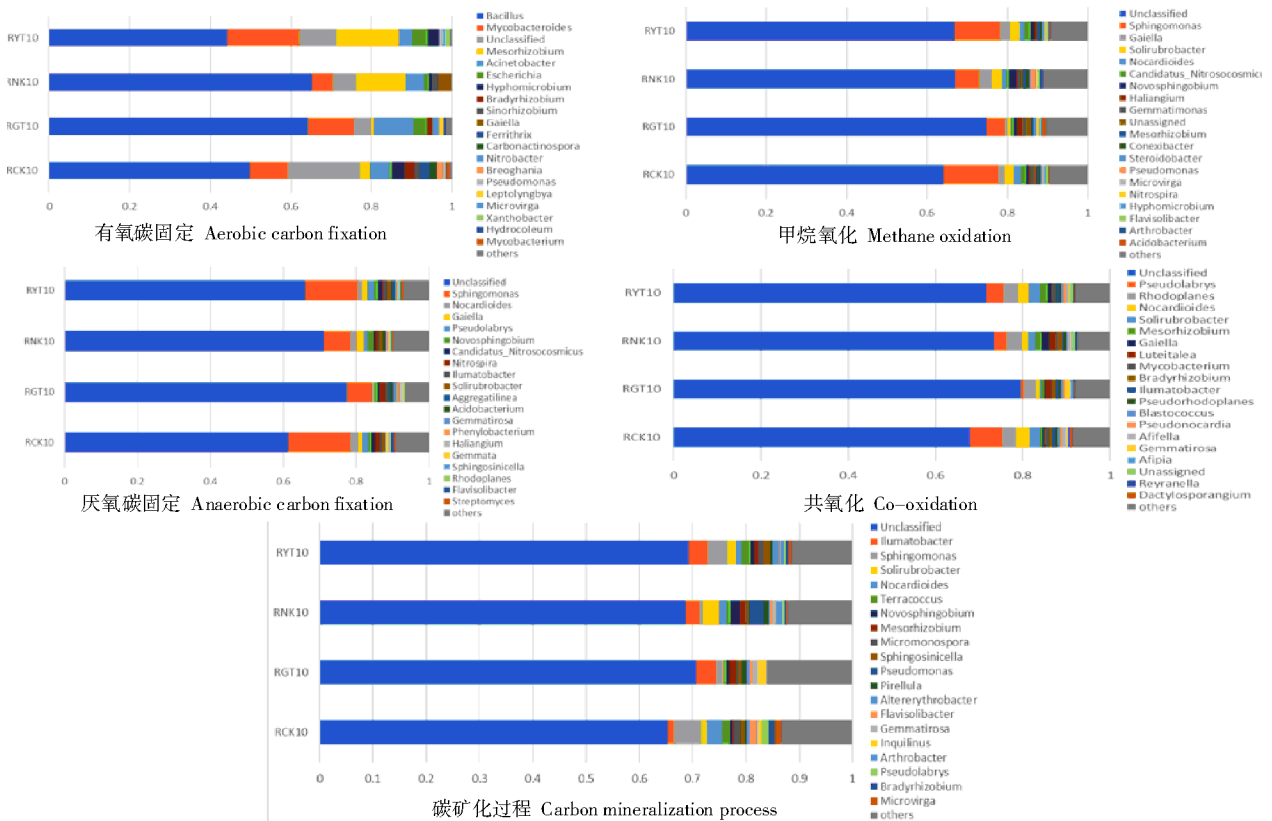


图3 土壤属水平碳代谢途径的微生物群落结构

Fig.3 Microbial community structure at the genus level in soil carbon metabolic pathways

在碳固定过程中,芽孢杆菌属(*Bacillus*)占据着重要位置,在CK中的相对丰度为49%,而在YT处理中则有所降低,相对丰度为44%,GT、NK处理则明显提高,相对丰度分别为64%、65%。其次是分枝杆菌属(*Mycobacteroides*),在CK中的相对丰度为9%,NK处理为5%,GT处理为11%,变化最大的是YT处理,为17%。在甲烷氧化过程中,有着多种微生物起着作用,其中,鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*),在CK中的相对丰度为13%,而在GT、NK处理中占比较低,分别为4%、5%。

在厌氧碳固定过程中,鞘氨醇单胞菌也起着重要的作用,在CK中该菌的相对丰度为17%,在YT处理中为14%,在GT、NK处理中相对丰度明显降低,分别为6%、7%。在共氧化过程中,和生丝微菌属(*Pseudolabrys*)起着一定作用,在CK中该菌的相对丰度为7%。其余3组均有一定程度下降,在GT、YT、NK处理中的相对丰度分别为1%、4%、3%。在碳矿化过程中,伊鲁马托杆菌属(*Ilumatobacter*)在CK中的相对丰度为1%,在GT、YT处理中该菌的相对丰度增加了约3%,在NK处理中增加了约2%。

2.3 配施聚谷氨酸后各处理土壤微生物在氮代谢过程中门类水平与属水平的相对丰度

土壤中N循环流程如图4所示。

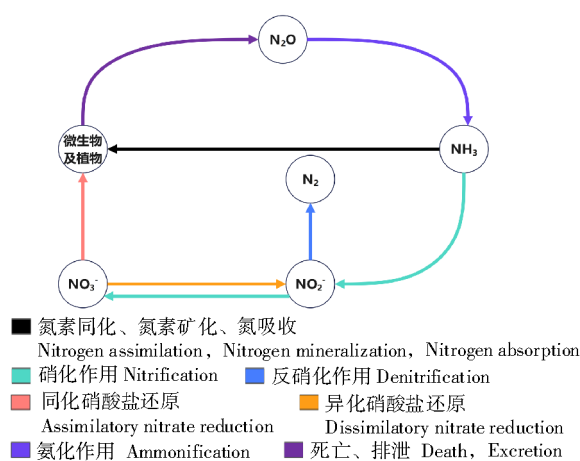


图4 土壤中N循环流程

Fig.4 Flow chart of N circulation in soil

由图4可知,土壤中N₂O经过氨化作用,变成NH₃,NH₃可经过氮素同化、氮素矿化和氮吸收过程为微生物及植物利用,同时也可经过硝化作用变成NO₂⁻,NO₂⁻可经反硝化作用成为N₂,也可经过硝化作用成为NO₃⁻,NO₃⁻经过同化硝酸盐还原

作用,被微生物及植物利用,也可经过异化硝酸盐还原成NO₂⁻,微生物及植物通过自身的死亡和排泄过程又将其转变为土壤中的N₂O,由此构成土壤中的氮循环。通过比较施加 γ -PGA处理和未处理的土壤样本,流程图可以揭示 γ -PGA对土壤氮循环的具体影响。这包括了 γ -PGA对不同微生物群落结构和功能的影响,以及这些变化如何促进土壤养分的增加和作物的生长。

2.3.1 配施聚谷氨酸后各处理微生物氮代谢过程中门类水平相对丰度的变化 如图5所示,在氮素同化过程中,变形菌门在CK中的相对丰度为34%,酸酐菌门、放线菌门和浮霉菌门在CK中的相对丰度均为17%,这些微生物在该过程中起着重要的作用。其他几个处理相对于CK均发生一定变化,其中,GT处理中变形菌门的相对丰度减少了15%,酸酐菌门增加了27%,放线菌门减少了6%,浮霉菌门减少了10%;而YT处理较CK变形菌门减少了3%,酸酐菌门增加了8%,放线菌门减少了1%,浮霉菌门减少了4%。NK处理较CK变形菌门增加了8%,酸酐菌门增加了10%,放线菌门减少了2%,浮霉菌门减少了1%。

在氮素矿化过程中,变形菌门在CK中的相对丰度为38%,占比最高,在GT、YT、NK处理中占比也最高,分别为43%、40%、46%。绿湾菌门与拟杆菌门也占有一定比例,在GT处理中,绿湾菌门占比相对于CK有所下降,而YT、NK处理则有所提高。CK与GT处理中的拟杆菌门相对丰度相近,而NT处理较低,YT处理较高。在氮吸收过程中,变形菌门在该过程中起着最为重要的作用,放线菌门次之,在CK中放线菌门的相对丰度达到52%,其余3组与CK没有明显差别。

在硝化作用过程中,变形菌门起着重要的作用,变形菌门在CK中的相对丰度为45%,相对于CK,GT、NK处理均有所提高,分别提高了12%、9%,而YT处理却降低了2%。放线菌门在CK中的相对丰度为26%,在NK处理中占20%,在YT处理中占29%,而在GT处理中,放线菌门的相对丰度仅有8%,被相对丰度为17%的土壤硝化螺菌门(Nitrospirae)反超。在反硝化作用过程中,变形菌门在CK和GT、NK、YT处理中的相对丰度分别为40%、43%、43%、44%,占有较为重要的位置。放线菌门在CK、GT、NK、YT中的相对丰度分别为27%、12%、23%、27%,放线菌门的相对丰

度均排第2。

在异化硝酸盐还原过程中,变形菌门在CK、GT、NK、YT处理中的相对丰度分别为46%、35%、43%、44%。此外,放线菌门在CK、NK、YT等3组中的相对丰度排名第2,分别为13%、14%、

16%。而在GT处理中,相对丰度仅为6%。在GT处理中,占比第2的是酸酞菌门,相对丰度为18%。在同化硝酸盐反应过程中,变形菌门占比最高,在CK、GT、NK、YT中的相对丰度分别为71%、67%、71%、77%。

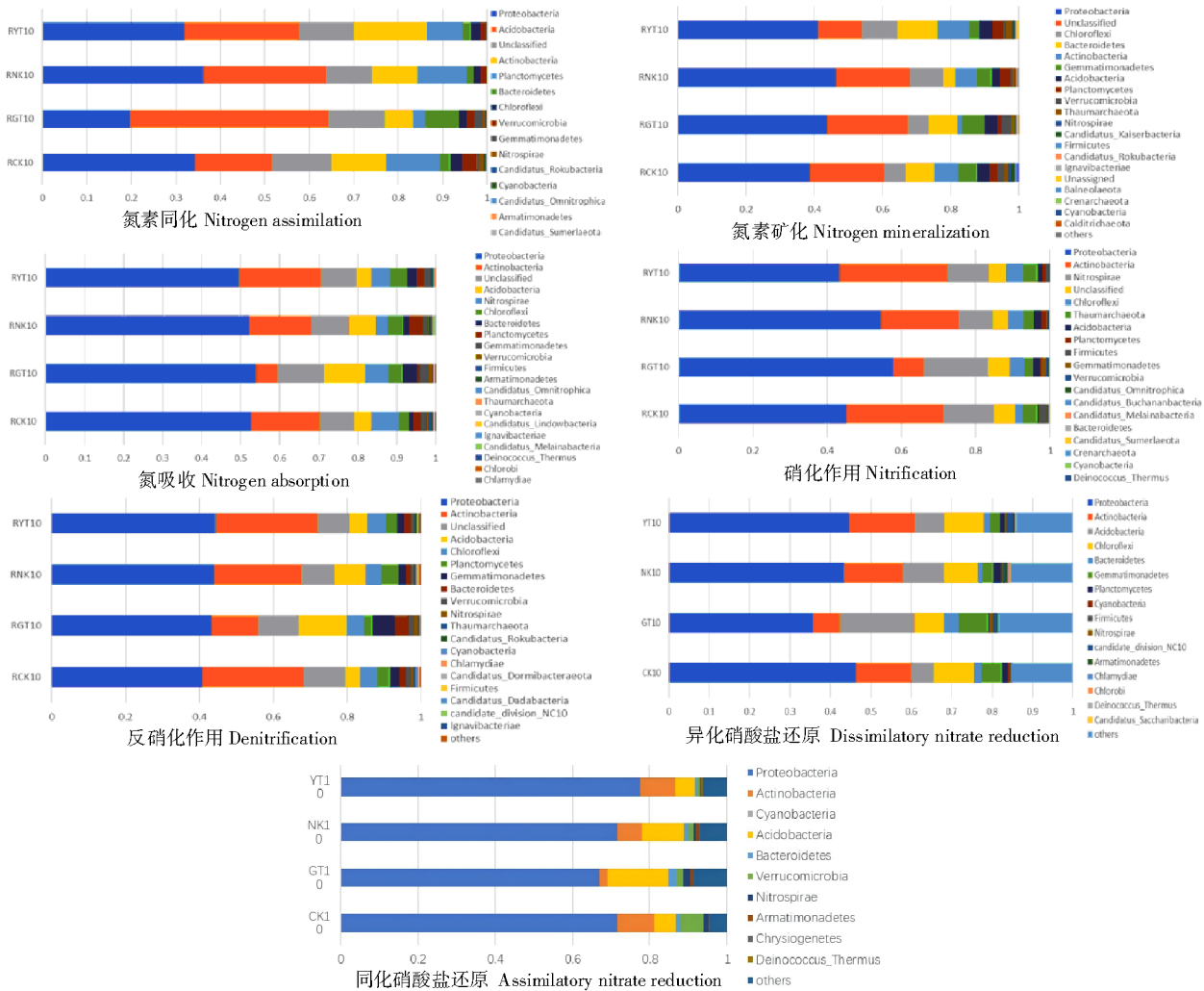


图5 土壤门水平氮代谢途径的微生物群落结构

Fig.5 Microbial community structure at the phylum level in soil nitrogen metabolic pathways

2.3.2 配施聚谷氨酸后各处理微生物氮代谢过程中属水平相对丰度的变化 如图6所示,在氮素同化过程中,卢泰塔莱菌属(*Luteitalea*)在CK中的相对丰度为2%,在GT和NK、YT处理中的相对丰度分别为19%、7%、4%。在氮素矿化过程中,类固醇杆菌属(*Steroidobacter*)在CK和GT、NK处理中的相对丰度均为3%,在YT处理中仅占1%。在氮吸收过程中,硝化螺旋菌属(*Nitrospira*)在CK和GT、NK、YT处理中的相对丰度分别为7%、5%、2%、4%。

在硝化作用过程中,硝化螺旋菌属在CK和GT、NK、YT处理中的相对丰度分别为12%、15%、8%、10%。在反硝化作用过程中,鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)在CK和GT、NK、YT处理中的相对丰度分别为4%、1%、1%、4%。在异化硝酸盐还原过程中,鞘氨醇单胞菌属在CK和GT、NK、YT处理中的相对丰度分别为4%、1.5%、1.5%、2%。在同化硝酸盐还原过程中,鞘氨醇单胞菌属在CK中的相对丰度为11%,而在GT、NK处理中均占4%,在YT处理中占10%。

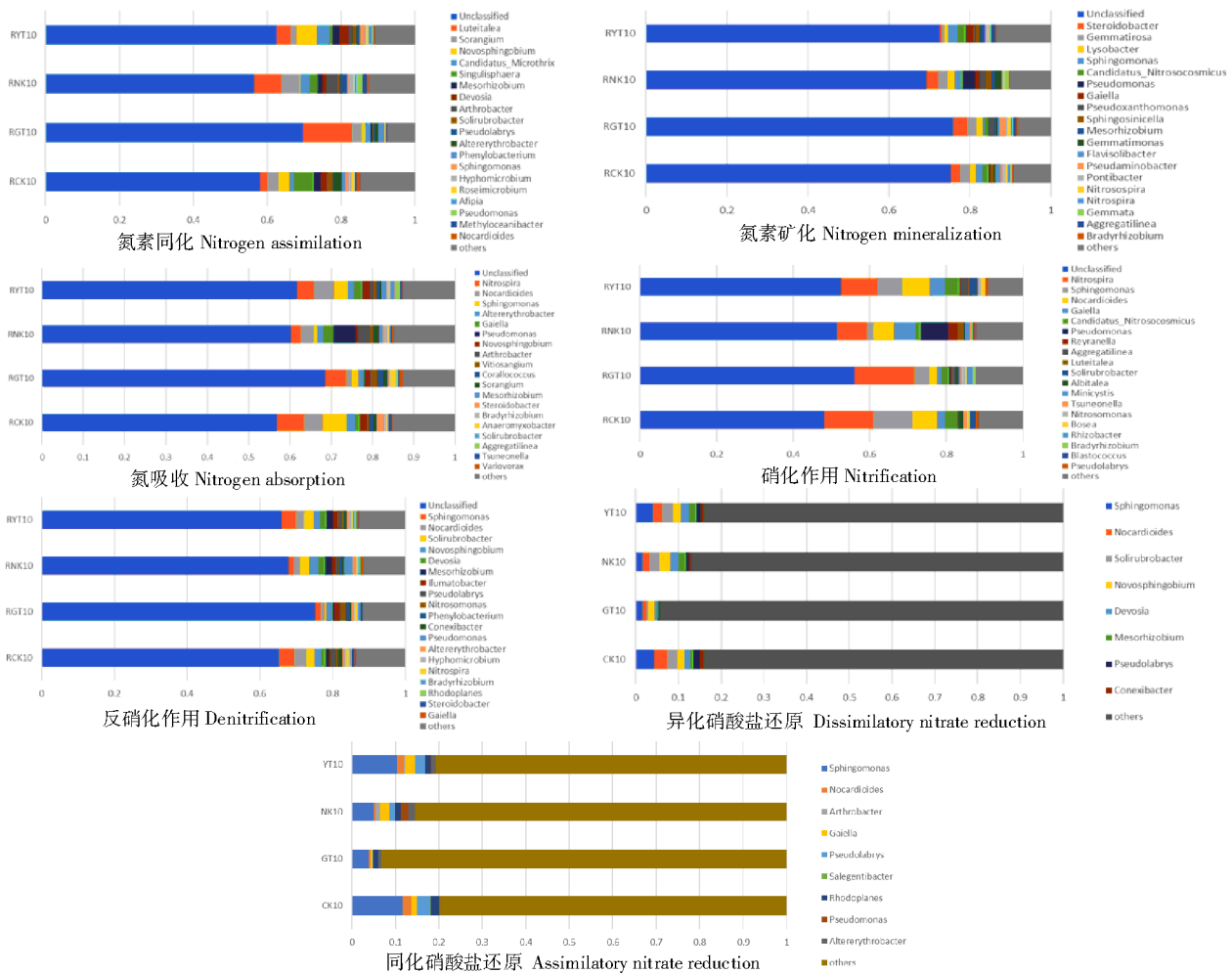


图6 土壤属水平氮代谢途径的微生物群落结构

Fig.6 Microbial community structure at the genus level in soil nitrogen metabolic pathways

3 结论与讨论

本研究通过分析化肥配施不同形态 γ -聚谷氨酸 (γ -PGA) 对采后棉田土壤的影响, 发现相较于单施化肥, γ -PGA 的添加能够优化土壤养分的库容结构与转化效率。颗粒态 γ -PGA 倾向于通过提升土壤活性有机碳组分和调控氮素形态向更稳定的铵态氮转化, 以增强养分的生物有效性, 水溶态 γ -PGA 则在促进磷素固持与提升微生物生物量方面表现出优势。2 种形态的 γ -PGA 通过差异化功能调控土壤微生态系统元素循环, 实现对采后棉田土壤质量涵养的作用。

在碳、氮循环及其土壤微生物活性方面, 各处理表现出显著的关联效应。GT 处理显著提升了易氧化有机碳含量 (8.03 g/kg) 和土壤 C/N 比 (11.57), 这表明添加颗粒 γ -PGA 能够促进土壤活性碳库的积累。活性碳组分的增加可能是由于土壤微生物

提供了更充足的能源, 进而刺激氮转化的活性。这一点在 GT 处理将氮素形态导向铵态氮 (18.38 mg/kg) 和可溶性有机氮 (20.98 mg/kg) 为主的结果中得到证实, 说明碳源有效性对微生物介导的氮素固持产生了积极影响, 这与张婧赢等^[14]的研究结果相同。与之对比, NK 处理的高硝态氮含量 (66.85 mg/kg) 与其较低的易氧化有机碳和 C/N 比, 反映了单施化肥的采后棉田在失去植物供给碳素后, 碳源相对不足, 可能导致氮素以更易淋失的形态积累。微生物量碳氮的结果也能支持这一观点, GT 处理拥有较高的微生物量碳 (296.99 mg/kg) 和微生物量氮 (57.15 mg/kg), 表明其微生物群落处于活跃的生长状态, 有效地将养分固定; 而 YT 处理极高的微生物量氮 (72.47 mg/kg) 与其较低的微生物量 C/N (3.27), 则提示其微生物群落可能更侧重于氮的转化^[15]。

在磷库转化与微生物代谢的耦合方面, 颗粒

态 γ -PGA 与水溶态 γ -PGA 也表现出不同的调控作用。YT 处理获得了较高的全磷含量(1.62 g/kg),但其有效磷含量(91.49 mg/kg)却低于 NK 处理,这表明 YT 处理可能通过 γ -PGA 的吸附作用激发了微生物的固磷效应,促进了磷在土壤中的固持。值得注意的是, YT 处理同时拥有较高的微生物量氮,其较低的微生物量 C/N 通常意味着微生物代谢活动旺盛,对养分的需求强烈。这种活跃的微生物代谢可能加速了有机磷的矿化,但新形成的无机磷又被快速固定或吸收,从而在表观上表现为有效磷库增长不明显。反之, GT 处理通过维持较高的微生物量碳和相对平衡的微生物量 C/N (5.2),可能驱动了一个更为稳健的磷素微生物周转模式,这与其在碳氮循环中表现出的增强系统稳定性的作用是一致的。

不同配施处理对采后棉田土壤养分组分产生的差异化影响,其调控机制与土壤微生物群落功能密切相关。本研究结果显示, YT 处理对惰性有机碳的影响最为显著,这可能是由于放线菌门保持了较高的相对丰度。放线菌门作为一类公认的、能够降解顽固有机质的微生物,其丰度的维持可能促进了稳定碳库的转化与更新^[16]。与之相反, NK 处理则导致易氧化有机碳大幅降低,这很可能是因为化肥的强烈刺激促进了快速生长型微生物对活性碳源的消耗^[17],这一推断从芽孢杆菌在 NK 处理的相对丰度高达 65% 得到了支持。此外, GT 处理 C/N 变化较大,且在碳矿化过程中,酸杆菌门的相对丰度从 CK 的 2% 显著提升至 10%。酸杆菌门通常与营养环境不优和复杂有机质的分解有关,其丰度的激增可能驱动了土壤有机质矿化路径的改变,从而导致 C/N 的明显波动^[18]。

在氮循环方面,各处理具有不同的响应,并由不同的功能微生物所驱动。NK 处理表现出一种氮转化模式,其全氮、硝态氮、亚硝态氮和可溶性总氮等多个指标变化较为剧烈。反映了化肥对氮循环过程的强烈扰动^[19]。尽管 NK 处理变形菌门在硝化作用中的相对丰度(54%)高于 CK(45%),但专门从事硝化作用的硝化螺旋菌属在 NK 处理的相对丰度(8%)却低于 GT 处理(15%)。表明 NK 处理可能主要刺激了变形菌门中其他非专性硝化菌类的活性,导致硝化产物的快速积累^[20]。GT 处理则表现出对特定氮转化途径的精准调控,在铵态氮上变化最为明显,在反硝化作用中放线菌门的相对丰度从 CK 的 27% 急剧降至 12%。放线菌门中包

含部分反硝化菌,其丰度的降低可能有助于减少氮素以气态形式损失^[21]。在异化硝酸盐还原过程中, GT 处理的酸杆菌门相对丰度跃升至 18%,成为第 2 优势菌门,暗示 GT 处理可能通过富集酸杆菌门中具有此功能的类群,改变了硝酸盐的转化归宿。相比之下, YT 处理展现出一种温和的调控状态,其在全氮、碱解氮等指标上变化较小,但在亚硝态氮上变化明显,表明其可能精细地调控了硝化过程的中间步骤,起到了“稳氮”的效果^[22]。

综合碳氮循环结果,通过添加聚谷氨酸、单施化肥与不施肥对比, NK、YT、GT 处理均显著改变了土壤的理化环境,不同程度对土壤 pH 值、土壤中各种碳氮元素的含量等产生了影响。这可能是由于聚谷氨酸作为一种生物源活性物质,为土壤中微生物提供营养,在增加土壤微生物多样性和丰富度、改变土壤微生物种群相对丰度的同时,间接改变了土壤结构,有益于作物的生长^[23]。

本研究通过田间试验系统探讨了化肥配施颗粒态、水溶态的 γ -聚谷氨酸对采后棉田土壤理化性质及碳氮循环微生物群落的调控效应。化肥配施 γ -聚谷氨酸能够显著改善采后棉田土壤的养分库容状况,并通过调控微生物群落结构与功能,增强养分固持与转化效率。 γ -聚谷氨酸作为环境友好型肥料增效剂,能够通过“养分—微生物”互作机制优化采后棉田土壤质量,在减少化肥用量的同时实现土壤肥力的综合提升,为干旱区棉田的绿色生产与可持续发展提供了有效的技术途径。

参考文献:

- [1] 包艳丽, 王晓伟, 戴俊生. 新疆植棉规模变动影响因素分析[J]. 山西农业科学, 2016, 44(12): 1877-1881.
BAO Y L, WANG X W, DAI J S. Analysis of cotton planting scale change influence factors in Xinjiang[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2016, 44(12): 1877-1881.
- [2] 王闪, 张金珠, 王振华, 等. 聚谷氨酸与灌溉定额协同调控对盐碱土壤及棉花产量的影响[J]. 土壤学报, 2025, (11): 1-14.
WANG S, ZHANG J Z, WANG Z H, et al. Interactive effects of poly- γ -glutamic acid and irrigation quota on saline-alkali soil properties and cotton yield[J]. Acta Pedologica Sinica, 2025, (11): 1-14.
- [3] 张志祺, 马瑛, 王保力. 棉农参与农业面源污染治理意愿的影响因素分析: 以新疆玛纳斯县为例[J]. 天津农业科学, 2016, 22(2): 43-47.
ZHANG Z Q, MA Y, WANG B L. Analysis of influence factors of cotton farmers' participation willingness to agricultural non-point source pollution control: taking Manasi County of Xinjiang as an example[J]. Tianjin Agricultural Sciences, 2016, 22(2): 43-47.
- [4] 刘端义, 梅金先, 张旅峰, 等. 聚- γ -谷氨酸及其增效肥在水稻

- 上的应用[J]. 湖北农业科学, 2010, 49(10): 2390-2394.
- LIU D Y, MEI J X, ZHANG L, et al. Effects of poly-(γ -glutamic acid) synergist and beneficiate complex fertilizer on rice[J]. Hubei Agricultural Sciences, 2010, 49(10): 2390-2394.
- [5] 曹名锋, 金映虹, 解慧, 等. γ -聚谷氨酸的微生物合成、相关基因及应用展望[J]. 微生物学通报, 2011, 38(3): 388-395.
- CAO M F, JIN Y H, XIE H, et al. Biosynthesis of poly(γ -glutamic acid), its related genes and application prospects[J]. Microbiology China, 2011, 38(3): 388-395.
- [6] 廉晓娟, 王艳, 梁新书, 等. 聚谷氨酸肥料增效剂对设施黄瓜生长、产量、品质的影响[J]. 天津农业科学, 2024, 30(5): 8-12.
- LIAN X J, WANG Y, LIANG X S, et al. Effect of polyglutamic acid fertilizer synergist on growth yields and quality of solar cucumber[J]. Tianjin Agricultural Sciences, 2024, 30(5): 8-12.
- [7] 邓桂湖, 郑雅颖, 王可馨, 等. 聚- γ -谷氨酸对黄瓜产量和果实品质的影响[J]. 中国果菜, 2023, 43(6): 76-80.
- DENG G H, ZHENG Y J, WANG K X, et al. Effect of poly- γ -glutamic acid on the yield and fruit quality of cucumber[J]. China Fruit & Vegetable, 2023, 43(6): 76-80.
- [8] 黄巧义, 唐拴虎, 李苹. 包膜材料 γ -聚谷氨酸对菜心的农学效应[J]. 植物营养与肥料学报, 2016, 22(6): 1645-1654.
- HUANG Q Y, TANG S H, LI P. Agronomic effects of coating material γ -polyglutamic acid on Chinese flowering cabbage[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizer, 2016, 22(6): 1645-1654.
- [9] 肖天昊, 曹辉, 周昕. 不同施肥梯度下 γ -聚谷氨酸肥料增效剂对草坪的影响[J]. 草学, 2024(2): 58-62.
- XIAO T H, CAO H, ZHOU X. Effects of different fertilization gradients and different γ -polyglutamic acid chemical fertilizer synergist levels on turf[J]. Journal of Grassland and Forage Science, 2024(2): 58-62.
- [10] 陶龙锦, 张经博, 董正武. 微粒聚谷氨酸配施化肥对棉花生长和土壤养分及微生物群落结构的影响[J]. 山西农业科学, 2023, 51(9): 996-1005.
- TAO L J, ZHANG J B, DONG Z W. Effects of particulate polyglutamic acid combined with chemical fertilizer on cotton growth, soil nutrients, and microbial community structure[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2023, 51(9): 996-1005.
- [11] 陶龙锦, 张经博, 董正武, 等. γ -聚谷氨酸配施化肥对新疆棉田土壤微生物群落结构及功能的影响[J]. 微生物学报, 2024, 64(10): 3702-3722.
- TAO L J, ZHANG J B, DONG Z W, et al. Effects of γ -polyglutamic acid combined with chemical fertilizer on soil microbial community structure and function in Xinjiang cotton fields[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2024, 64(10): 3702-3722.
- [12] 李忠意, 杨剑虹. “土壤农化分析”实验教学的改革与探索[J]. 西南师范大学学报(自然科学版), 2019, 44(1): 144-149.
- LI Z Y, YANG J H. The reform and exploration on teaching of soil agrochemistry analysis experiment[J]. Journal of Southwest China Normal University(Natural Science Edition), 2019, 44(1): 144-149.
- [13] 崔文芳, 王俊超, 李明, 等. 不同施肥结构对土壤理化性质的影响[J]. 山西农业科学, 2008, 36(11): 93-96.
- CUI W F, WANG J C, LI M, et al. Effect of fertilization structures to the physical and chemical properties of soil[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2008, 36(11): 93-96.
- [14] ZHANG J Y, LIU Y X, ZHANG N. NRT1.1B is associated with root microbiota composition and nitrogen use in field-grown rice[J]. Nature Biotechnology, 2019, 37(6): 676-684.
- [15] 刘威, 赵园园, 陈小龙, 等. 不同有机肥对豫中和滇西烟区土壤氮素矿化及酶活性的影响[J]. 河南农业科学, 2023, 52(11): 85-93.
- LIU W, ZHAO Y Y, CHEN X L, et al. Effects of different organic fertilizers on soil nitrogen mineralization and enzyme activities in central Henan and western Yunnan tobacco-growing areas[J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2023, 52(11): 85-93.
- [16] 陶龙锦, 张经博, 董正武, 等. γ -聚谷氨酸对棉花生长与根际微生物的影响[J]. 山西农业大学学报(自然科学版), 2023, 43(4): 33-44.
- TAO L J, ZHANG J B, DONG Z W, et al. Effects of γ -polyglutamic acid on cotton growth and rhizosphere microorganisms[J]. Journal of Shanxi Agricultural University(Natural Science Edition), 2023, 43(4): 33-44.
- [17] 王静, 许畅, 张丽娟, 等. 不同有机物质对盐渍化土壤团聚体碳氮分布与微生物群落的影响[J/OL]. 中国农业科技导报, 1-11 [2025-11-25]. <https://doi.org/10.13304/j.nykjdb.2024.0811>.
- WANG J, XU C, ZHANG L J, et al. Effect of different organic matter on carbon and nitrogen distribution of salinized soil aggregates and influence of microbial community[J/OL]. Journal of Agricultural Science and Technology, 1-11 [2025-11-25]. <https://doi.org/10.13304/j.nykjdb.2024.0811>.
- [18] 孔亚丽, 秦华, 朱春权, 等. 土壤微生物影响土壤健康的作用机制研究进展[J]. 土壤学报, 2024, 61(2): 331-347.
- KONG Y L, QIN H, ZHU C Q, et al. Research progress on the mechanism by which soil microorganisms affect soil health[J]. Acta Pedologica Sinica, 2024, 61(2): 331-347.
- [19] 何宇, 吕卫光, 李双喜. γ -聚谷氨酸发酵液对小白菜生长及氮磷肥料利用率的影响[J]. 浙江农业学报, 2023, 35(2): 329-337.
- HE Y, LÜ W G, LI S X. Effects of γ -polyglutamic acid fermentation broth on growth of pakchoi and utilization rate of nitrogen and phosphorus fertilizer[J]. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2023, 35(2): 329-337.
- [20] 张盼盼, 党永富, 李川. 氮肥减施下施用炭吸附聚谷氨酸叶面肥对夏玉米产量、氮素累积和转运的影响[J]. 玉米科学, 2022, 30(3): 143-150.
- ZHANG P P, DANG Y F, LI C. Effect of foliar carbon-adsorbed polyglutamic acid under reduced nitrogen application on yield and nitrogen accumulation and transportation of summer maize[J]. Journal of Maize Sciences, 2022, 30(3): 143-150.
- [21] 石肖肖, 史文娟, 庞琳娜. γ -聚谷氨酸对土壤水氮运移特性的影响[J]. 水土保持学报, 2020, 34(3): 190-197.
- SHI X X, SHI W J, PANG L N. Effects of γ -polyglutamic acid on soil water and nitrogen transport characteristics[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2020, 34(3): 190-197.
- [22] 李南, 司贤宗, 党静, 等. γ -聚谷氨酸与氮肥配施对芝麻产质量及氮利用的影响[J]. 安徽农业科学, 2025, 53(8): 147-149.
- LI N, SI X Z, DANG J, et al. Effects of γ -polyglutamic acid and nitrogen on the yield, quality and nitrogen utilization of sesame[J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2025, 53(8): 147-149.
- [23] 林先贵. 土壤微生物研究原理与方法[M]. 北京: 高等教育出版社, 2010.
- LIN X G. Principles and methods of soil microbiology research[M]. Beijing: Higher Education Press, 2010.