



application in early rice cultivation. **【Methods】** An early rice cultivar ‘Liangyouhua 6’ was cultivated in a pot experiment. The treatments were two different urea types (common urea, U and urea containing amino acid, AU) with the same N input levels separately applied as the basal nitrogen fertilizers under two different soil conditions (dry and flooding), while non-application of either urea (no N) under both soil conditions was regarded as controls. The soil and rice plants samples were collected in all the treatments after the rice seedlings grew for 30 days. The growth and root morphological characteristics of rice, soil nutrient contents, and soil microbial community composition were analyzed. **【Results】** AU promoted root growth, increased root fresh weight, root length, root diameter, root surface area, and number of root tips by 9.65%, 45.06%, 25.93%, 6.17%, and 90.52%, respectively, compared with common urea (U) under dry soil condition. AU also increased these aforementioned root characteristics more than U and control under flooding, but less than the increase recorded under dry condition. The root length, root diameter, root surface area, and number of root tips of rice seedlings under the two urea treatments in dry soil were significantly lower than those under flooding condition. Compared with U, AU increased organic carbon, total N, and microbial biomass N in dry soil by 17.04%, 18.18%, and 30.00%, respectively. In flooded soil, AU increased ammonium N and microbial biomass N by 39.70% and 38.01%, respectively, but decreased nitrate N by 33.70%. AU increased the total number of bacteria in both dry and flooded soils ( $1.88 \times 10^7$  cfu/g and  $1.93 \times 10^7$  cfu/g) than U ( $1.59 \times 10^7$  cfu/g and  $1.57 \times 10^7$  cfu/g). AU increased the number of ammoniating bacteria and nitrifying bacteria in both flooded and dry soils than U and control. However, the number of ammoniating bacteria under AU treatment was higher in flooded soil than dry soil, whereas number of nitrifying bacteria under AU treatment was lower in flooded soil compared with dry soil. The dominant bacteria in dry soil was *Sphingomonas* (with relative abundance of 18.78%–22.59%), whereas *Aeromonas* (43.09%–52.72%) and *Flavobacterium* (14.86%–18.87%) were dominant in flooding condition. Compared with U treatment, the abundances of *Aeromonas* and *Sphingomonas* in AU treatment decreased significantly while *uncultured\_bacterium\_c\_Subgroup\_6* increased significantly. The total N, ammonium N, and organic carbon contents were significantly correlated with microbial community structure. **【Conclusions】** Urea containing amino acid shows higher significance in promoting the growth, formation, and development of rice root through increase in organic carbon and microbial biomass nitrogen in the rhizosphere, reduction in nitrate nitrogen, and increase ammonium nitrogen content under flooding condition. Increase in bacteria population improves the structure of rice rhizosphere colony which is beneficial for nitrogen absorption by rice and maintenance of soil nitrogen.

**Key words:** urea containing amino acid; rice; rhizosphere; soil nutrient; microbial flora

水稻根系是吸收水分和养分的器官，根系形态及其发育状况与地上部器官建成和产量密切关联<sup>[1-2]</sup>。水稻根系的生长与形态构成受诸多因素的影响，其中稻田水分管理和氮素养分形态特征对水稻根系生长、养分吸收和产量形成影响巨大<sup>[3]</sup>。根土界面是微生物和水稻根系发育异常活跃的区域，不同水、氮管理必然先通过影响水稻根际土壤生态系统的功能，进而影响地上部分的生长发育<sup>[4]</sup>。根际作为植物—土壤—微生物相互作用的微区域，既是养分和水分从土壤进入作物系统参与物质循环的重要门户，又是土壤微生物非常活跃的场所，也是养分生物有效性研究关注的焦点<sup>[5]</sup>。不同水分条件、不同氮肥运

筹和不同氮肥种类对土壤微生物的种类和丰度产生明显影响，而且不同微生物对水分和氮肥响应程度不同<sup>[6-7]</sup>，有研究表明土壤微生物多样性与作物生产力具有一定的相关性<sup>[8]</sup>。不同水分管理体现在水稻生产实际中即是旱作和水作，因此，研究不同稻作模式下的氮素养分管理对水稻根系生长和根际微生物菌群响应机制具有重要的理论价值和实际意义。

氨基酸作为一种生物刺激素能促进作物根系生长，提高体内相关酶基因表达，增加相关酶的活性，提升作物对逆境的适应性<sup>[9-10]</sup>。以氨基酸为增效剂生产的氨基酸多元微肥、水溶肥和复合肥有广泛的应用，其中水稻上已取得了显著效果<sup>[11-12]</sup>。在生产







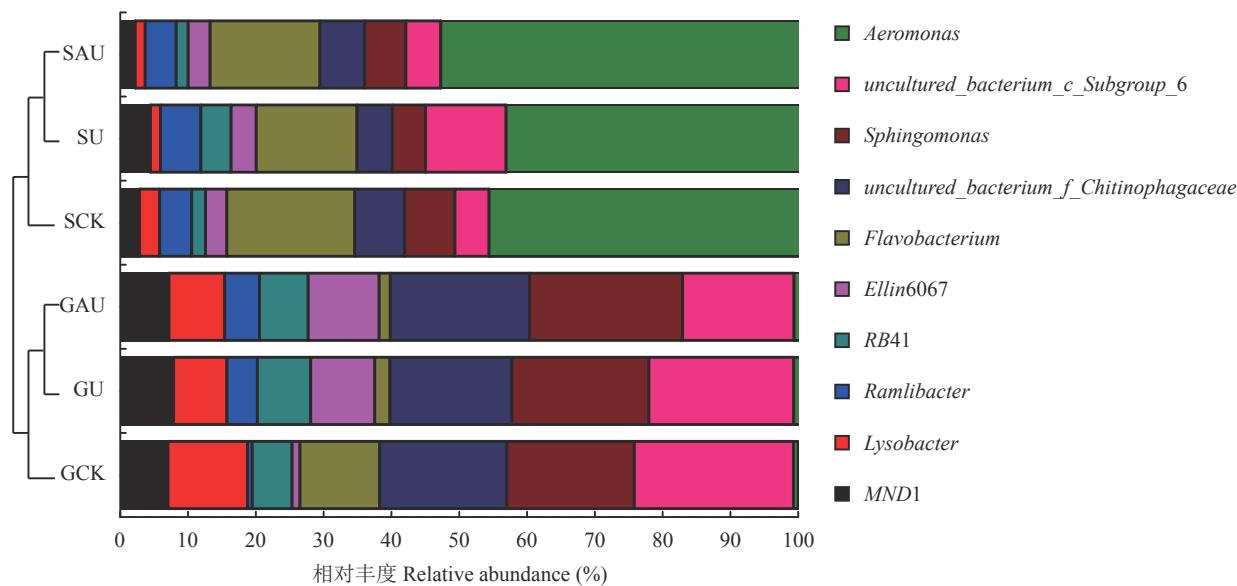


图 1 不同施肥处理土壤细菌属分类水平群落结构组成 (平均相对丰度  $> 1\%$ )

Fig. 1 The bacterial community structure at the genus classification level under different fertilizer application  
(Average relative abundance  $> 1\%$ )

[注 (Note) : CK—不施尿素 No urea (control); U—普通尿素 Common urea; AU—氨基酸增值尿素 Urea containing amino acid. GCK—旱作不施尿素 No urea without flooding in pot (control); GU—旱作施普通尿素 Common urea without flooding in pot; GAU—旱作施氨基酸增值尿素 Urea containing amino acid without flooding in pot; SCK—水作不施尿素 No urea under flooding (control); SU—水作施普通尿素 Common urea under flooding; SAU—水作施氨基酸增值尿素 Urea containing amino acid under flooding.]

落距离较远，说明稻作方式对根际微生物群落有显著影响。在属分类水平上，列出平均相对丰度  $> 1\%$  的类群，共得到 10 个类群 (图 1)。两种稻作方式下，氨基酸增值尿素的施用都对水稻根际土壤细菌群落结构丰度产生显著影响。旱作条件下主要优势种群为：*uncultured bacterium c Subgroup 6*、*uncultured bacterium f Chitinophagaceae* 和鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)，相对丰度分别为 16.43%~23.47%、17.98%~20.53% 和 18.78%~22.59%；而水作条件下气单胞菌属 (*Aeromonas*) 和黄杆菌属 (*Flavobacterium*) 为主要优势种群，相对丰度分别为 43.09%~52.72% 和 14.86%~18.87%。与普通尿素处理相比，水作氨基酸增值尿素处理根际气单胞菌属显著降低了 23.45%，旱作根际鞘氨醇单胞菌属降低了 22.23%，而 *uncultured bacterium c Subgroup 6* 属增加了 18.75%，差异显著。

## 2.6 水稻根际土壤细菌群落结构的主成分分析

图 2 主成分分析结果表明，第一、第二主成分轴对细菌群落结构变异的解释量分别为 71.01% 和 19.72%。其中，两种种植模式处理分析结果分别聚集在 Y 轴上下两侧，两种稻作方式下土壤细菌群落结构差异明显。不同稻作方式下施用氨基酸尿素肥

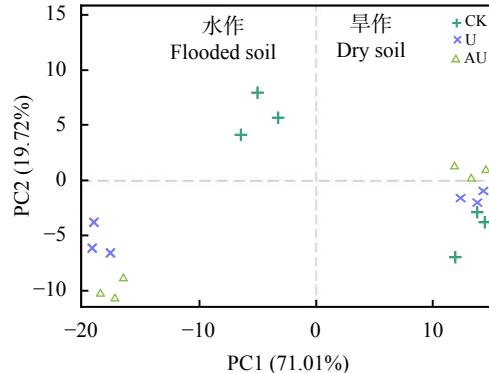


图 2 不同处理下细菌群落结构的主成分分析

Fig. 2 Principal components analysis of the bacterial community structure under different treatments

[注 (Note) : CK—不是尿素 No urea (control); U—普通尿素 Common urea; AU—氨基酸增值尿素 Urea containing amino acid.]

料对土壤微生物产生明显效应，与普通尿素处理相比，水作条件下细菌群落结构差异更加明显。

## 2.7 水稻根际土壤微生物群落和环境因子相关性分析

采用 RDA 方法分析细菌群落种类与土壤理化性质之间的关系，结果 (图 3) 显示，土壤 pH ( $P < 0.001$ )、全氮含量 ( $P < 0.001$ )、铵态氮含量 ( $P < 0.001$ ) 和有机碳含量 ( $P < 0.001$ ) 与微生物群落结构

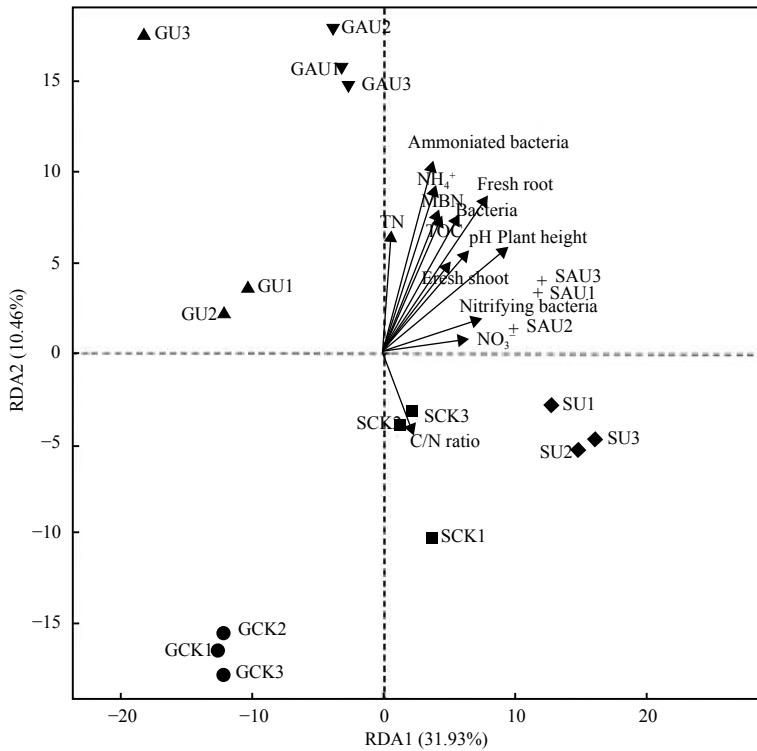


图 3 土壤微生物群落特征-土壤环境关系冗余分析

Fig. 3 Redundancy analysis between soil properties and the bacterial community structure

[注 (Note) : TN—全氮 Total N; MBN—微生物氮 Microbial biomass N; TOC—总有机氮 Total organic C; GCK1、GCK2、GCK3—旱作不施尿素 No urea without flooding in pot (control); GU1、GU2、GU3—旱作施普通尿素 Common urea without flooding in pot; GAU1、GAU2、GAU3—旱作施氨基酸增值尿素 Urea containing amino acid without flooding in pot; SCK1、SCK2、SCK3—水作不施尿素 No urea under flooding (control); SU1、SU2、SU3—水作施普通尿素 Common urea under flooding; SAU1、SAU2、SAU3—水作施氨基酸增值尿素 Urea containing amino acid under flooding. 1、2、3 为同一处理下的平行重复 1, 2, 3 are parallel repeats under the same treatment.]

显著相关。水作和旱作两种种植方式下, 氨基酸增效剂的添加主要是通过影响土壤铵态氮含量影响细菌群落结构, 土壤氨化细菌数量与根际土壤铵态氮、有机碳、全氮等显著相关; 硝化细菌数量与根际硝态氮含量呈显著相关, 表明氨基酸增效剂的添加主要通过影响土壤铵态氮的含量进而影响土壤碳、氮转化的根际微生物过程。

### 3 讨论

#### 3.1 氨基酸增值尿素对不同稻作模式水稻生长与根系形态特征的影响

根系在植物生长发育过程中既是植株吸收水分和养分的主要器官, 又是锚定植物支撑地上部正常形态的重要保证<sup>[20]</sup>。本研究结果表明, 稻作方式和氮肥种类都对水稻根系生长和形态建成产生显著影响。和普通尿素相比, 氨基酸增值尿素对水稻根系生物量、根长、根直径、根表面积和根尖数都表现出明显的促进作用, 两种稻作模式对氨基酸的促根

生长效应影响程度有所差异。从水稻根系鲜重看, 尽管水作根系鲜重高于旱作, 但氨基酸增值尿素较普通尿素处理的根系生物量增加百分率在旱作条件下高出水作 2.09 个百分点, 由此可见旱作水稻上氨基酸增效剂添加较水作条件下的促根生长效应更加显著。从根系形态特征看, 两种稻作模式下, 氨基酸增值尿素均显著增加了水稻的根长、根直径、根表面积、根体积等形态指标数值, 但旱作模式下, 水稻根系对氨基酸添加剂的响应程度更明显。同样的氮肥种类, 旱作根系形态指标均显著低于水作, 和普通尿素处理比较, 氨基酸增值尿素明显缓解了旱作对水稻根系生长的抑制效应, 这为水稻旱作根系形态优化和水稻生育早期的水氮调控提供了有益的借鉴。这些结果与陈伟立等<sup>[21]</sup>通过控制水分和养分影响根系的生长发育状况及生理特性的报道类似。

#### 3.2 氨基酸增值尿素对不同稻作模式水稻根际养分特征的影响

进一步研究发现, 氨基酸增值尿素与普通尿素

对水稻根际土壤养分有显著影响，稻作方式不同，氨基酸增值尿素表现出的效应有明显差异。无论是旱作还是水作，氨基酸增值尿素均显著增加了根际微生物氮，其原因可能是氨基酸增效剂在植物-土壤-微生物系统中，既能被植物吸收也能被微生物利用，微生物对氨基酸的高亲和力使得其在吸收动力学和微时空上具有优势<sup>[22]</sup>，再加上氨基酸的根系刺激效应，导致微生物大量繁殖，进而将尿素态氮转化为微生物态氮保存在微生物体内，这种氮的微生物转换机制可以保证氮素的持续供应<sup>[23]</sup>。水作条件下，氨基酸增效剂的添加，水稻根际土壤铵态氮含量显著上升，而硝态氮含量明显降低，水稻是典型的喜铵作物<sup>[24]</sup>，有研究表明铵态氮可以刺激水稻根系通气组织的形成，提高氮素吸收率，从而增加氮素在植株体内的累积同化<sup>[25]</sup>，这种根际的高生物量氮、高比例铵和低比例硝的氮素形态分布，既有利于水作下的氮素吸收，也有利于水稻根际的氮素保蓄，可降低稻田硝态氮的淋洗损失风险。水稻旱作条件下，氨基酸增效剂对根际无机氮素形态影响不明显，只是微生物氮较普通尿素处理显著增加，这种增加效应小于氨基酸增效剂在水作条件下的效应，水作条件下，氨基酸增效剂较旱作条件下能更好的激活土壤微生物群落的固氮作用，有利于土壤对化肥氮的保持<sup>[23]</sup>。氨基酸的添加增加水稻生育早期根际土壤有效养分含量的原因，一是由于试验所用复合氨基酸液富含多种小分子有机营养物质，与尿素熔融复合后可能会发生络合、螯合或物理-化学吸附作用，减缓氮素化肥的溶解和转化时间，使氮素释放表现出一定缓释性，提高了尿素态氮在土壤中的保蓄，增加氮肥有效供应时间，有利于作物对氮素的吸收利用<sup>[26-27]</sup>。二是作为小分子复合氨基酸与尿素复合施入土壤后，氨基酸可直接被作物吸收利用并参与代谢过程，节省了无机氮源正常代谢过程的能量消耗，促进植株生长和干物质积累<sup>[28-29]</sup>。另一方面，研究不同铵硝比对水稻生长的效应发现，低量铵硝比可以增加水稻秧苗根系中干物质量和根体积，有益于氮素吸收和增加水稻生物量<sup>[30-31]</sup>。本研究中，两种稻作模式下，施用氨基酸增值尿素与施普通尿素相比均增加了根际土壤的铵硝比，这可能与氨基酸添加影响尿素在土壤中转化有关，具体的机制有待深入研究。

### 3.3 氨基酸增值尿素对不同稻作模式水稻根际微生物菌群的影响

分析土壤根际细菌群落显示，氨基酸增效剂添

加能明显改善施尿素条件下的根际土壤菌群结构。与普通尿素处理比较，水作条件下氨基酸增值尿素降低了气单胞菌属(反硝化菌)的数量，有利于减少硝态氮的反硝化脱氮损失，增加水作条件下的氮素保持。旱作条件下氨基酸增值尿素处理降低了鞘氨醇单胞菌属(反硝化菌)的数量，除保持与水作条件下有利于氮素保持的共性外，鞘氨醇单胞菌属还属于一类致病菌，其数量减少降低了水稻根系的感染机会，有利于旱作条件下水稻根系健康环境的构成。旱作条件下土壤微生物种群以 *uncultured\_bacterium\_c\_Subgroup\_6*、*uncultured\_bacterium\_f\_Chitinophagaceae*、*Lysobacter* 和 *Sphingomonac* 为主，而水作条件优势种群变为 *Aeromonas* 和 *Flavobacterium*，也是水环境中普遍存在的两类与鱼病有关的固有细菌<sup>[32]</sup>。旱作氨基酸增效剂的添加能够明显降低可以引起根部伤口感染的微生物 *Sphingomonas* 菌群数量，利于根际土壤菌群健康发育。而水作氨基酸增值尿素处理可以显著降低 *Aeromonas* 和 *Flavobacterium* 两种菌群所占比例，促进了稻田健康菌群系统形成<sup>[33]</sup>。有研究表明土壤氮循环与微生物群落结构多样性存在显著相关性<sup>[34]</sup>，与普通尿素处理比较，氨基酸增效剂添加明显增加水作氨化细菌数量和旱作硝化细菌数量，这与氨基酸有利于功能型微生物氨化细菌、硝化细菌的繁殖有关<sup>[35]</sup>。冗余分析结果表明，硝化细菌和氨化细菌分别是影响根际土壤硝态氮和铵态氮含量的最主要因素，土壤中这两类菌群的增加可以强化根系脱落物或者植株残留等有机物质的分解，优化植物根际的氮素供应，从而提高植株生物量<sup>[36]</sup>。

## 4 结论

氨基酸增值尿素在淹水和旱作条件下，均可显著促进水稻根系生长和根系形态建成，淹水条件下的效果好于旱作。旱作条件下，氨基酸增值尿素较普通尿素增加了根际生物量碳、氮，增强了根际土壤氮素的生物保蓄能力，可更有效减轻旱作对水稻根系生长的抑制效应；在水作条件下，氨基酸增值尿素能够明显降低根际硝态氮含量，提高铵态氮含量，有利于水稻的氮素吸收。与普通尿素相比，氨基酸增值尿素可显著增加氨化细菌、硝化细菌和细菌总数量，增加根际微生物多样性和改善优势菌群，有利于水稻根际健康菌落的建成。



- Wang H. Study on the effect of nitrogen application in different water modes on the ecological effect of rice rhizosphere microorganisms [D]. Hangzhou: MS Thesis of Zhejiang University, 2006.
- [24] 何文寿, 李生秀, 李辉桃. 水稻对铵态氮和硝态氮吸收特性的研究 [J]. 中国水稻科学, 1998, (4): 249–252.
- He W S, Li S X, Li H T. Study on the absorption characteristics of ammonium nitrogen and nitrate nitrogen by rice[J]. *Chinese Journal of Rice Science*, 1998, (4): 249–252.
- [25] 汪晓丽, 封克, 盛海君, 等. 不同水稻基因型苗期 $\text{NO}_3^-$ -N吸收动力学特征及其受吸收液中 $\text{NH}_4^+$ -N的影响[J]. 中国农业科学, 2003, 36(11): 1306–1311.
- Wang X L, Feng K, Sheng H J, et al. Dynamic characteristics of  $\text{NO}_3^-$ -N uptake in different rice genotypes at seedling stage and its influence by  $\text{NH}_4^+$ -N in absorbing solution[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2003, 36(11): 1306–1311.
- [26] 赵京音, 姚政, 蒋小华. 利用农业有机废弃物提高化学氮肥利用率的研究. I. 有机物料对尿素氮在土壤中转化的影响[J]. 上海农业学报, 1998, 14(2): 67–72.
- Zhao J Y, Yao Z, Jiang X H. Studies on increasing nitrogen utilization rate of chemical N fertilizer by application of organic wastes as additives I. Effects of application of organic wastes and matter as additives on transformation of urea-N in soils[J]. *Acta Agriculturae Shanghai*, 1998, 14(2): 67–72.
- [27] 巨晓棠, 刘学军, 张福锁. 尿素配施有机物料时土壤不同氮素形态的动态及利用[J]. 中国农业大学学报, 2002, 7(3): 52–56.
- Ju X T, Liu X J, Zhang F S. Dynamics of various nitrogen forms in soil and nitrogen utilization under application urea and different organic materials[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2002, 7(3): 52–56.
- [28] 王莹, 史振声, 王志斌, 等. 植物对氨基酸的吸收利用及氨基酸在农业中的应用[J]. 中国土壤与肥料, 2008, (1): 6–11.
- Wang Y, Shi Z S, Wang Z B. et al Absorption and utilization of amino acids by plant and applications of amino acids on agriculture [J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2008, (1): 6–11.
- [29] Li S, Liu L, Jiang H, et al. It was found that amino sugar nitrogen was a new source of energy for plant[J]. *Journal of Agricultural Science*, 2014, 6(2): 45–53.
- [30] Wang X B, Wu P, Hu B, et al. Effects of nitrate on the growth of lateral root and nitrogen absorption in rice[J]. *Acta Botanica Sinica*, 2002, 44(6): 678–683.
- [31] 谈建康, 张亚丽, 沈其荣, 等. 不同形态氮素比例对水稻苗期水分利用效率及其生物效应的影响[J]. 南京农业大学学报, 2002, 25(3): 49–52.
- Tan J K, Zhang Y L, Shen Q R, et al. Effects of different  $\text{NH}_4^+$ - $\text{N}/\text{NO}_3^-$ -N ratios on water use efficiency and its biological characteristics of rice at early stage[J]. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 2002, 25(3): 49–52.
- [32] Olumide A O, Asmat A. Antibiotic resistance profiling and phenotyping of *Aeromonas* species isolated from aquatic sources[J]. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 2017, 24: 65–70.
- [33] Vania F, Ivone V M, Marcia S, et al. Diversity and antibiotic resistance of *Aeromonas* spp. in drinking and waste water treatment plants[J]. *Water Research*, 2011, 45(17): 5599–5611.
- [34] 孙波, 王晓明, 吕新华. 我国60年来土壤养分循环微生物机制的研究历程—基于文献计量学和大数据可视化分析[J]. 植物营养与肥料学报, 2017, 23(6): 1590–1601.
- Sun B, Wang X Y, Lü X H. The research process of microbial mechanism of soil nutrient cycling in the past 60 years in China based on bibliometrics and big data visualization analysis[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2017, 23(6): 1590–1601.
- [35] 贺纪正, 张丽梅. 土壤氮素转化的关键微生物过程及机制[J]. 微生物学通报, 2013, 40(1): 98–108.
- He J Z, Zhang L M. Key microbial processes and mechanisms of soil nitrogen transformation[J]. *Microbiology China*, 2013, 40(1): 98–108.
- [36] 朱世东, 徐文娟, 赵国荣. 多功能营养型蔬菜无土栽培基质的特性研究[J]. 应用生态学报, 2002, 13(4): 425–428.
- Zhu S D, Xu W J, Zhao G R. Study on the characteristics of soilless culture media of multifunctional nutritional vegetables[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2002, 13(4): 425–428.