

李程鹏,武晓阳,饶 敏,等. 全长 16S rRNA 基因测序揭示荞麦根际微生物群落的组装特征[J/OL]. 大麦与谷类科学,2026,43(3): 1-7,22(2026-06-01). DOI:10.14069/j.cnki.32-1769/s.2026.03.001.

全长 16S rRNA 基因测序揭示荞麦根际微生物群落的组装特征

李程鹏¹,武晓阳¹,饶 敏²,杨 俊¹,张艳军³,汤翠凤^{1*}

(1. 云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所,云南 昆明 650223;2. 玉溪市检验检测认证院,云南 玉溪 653100;

3. 玉溪市农业科学院,云南 玉溪 653100)

摘要:根际微生物群落对植物健康与土壤生态功能至关重要。为解析当地特色作物荞麦(*Fagopyrum tataricum*)的根际微生物组结构,以种植于云南昆明农田的荞麦为研究对象,采用全长 16S rRNA 基因高通量测序技术,比较分析其根际与非根际土壤的微生物群落。结果表明,所有样本在门、纲、属水平均表现出丰富的多样性,共鉴定出 19 门、36 纲、257 属。其中,拟杆菌门(Bacteroidota)、变形菌门(Proteobacteria)和疣微菌门(Verrucomicrobiota)为核心优势菌门。主成分分析显示,根际与非根际土壤样本沿主成分轴显著分离,证实了荞麦根系对其根际微生物群落结构具有显著的塑造作用。进一步分析鉴定出 8 个在根际中显著富集的操作分类单元(OTUs),其主要归属于铁杆菌属(*Ferruginibacter*)、黄腐杆菌属(*Flavihumibacter*)、黄噬菌属(*Flavisolibacter*)和土单胞菌属(*Terrimonas*)等。

关键词:荞麦;根际微生物组;16S rRNA;基因测序;植物-微生物互作;益生菌资源

中图分类号:S517

文献标志码:A

文章编号:1673-6486-20260017

作为一种原产于喜马拉雅地区的蓼科(Polygonaceae)植物,苦荞(*Fagopyrum tataricum*)是极具特色的药食同源作物。现代研究确立了其作为功能食品的重要地位:苦荞谷物富含黄酮类(尤其是芦丁)、多糖及蛋白质等生物活性物质。尤为突出的是,其芦丁含量远高于甜荞(*F. esculentum*),是迄今发现的唯一在谷物中富含芦丁的大田作物,这使其成为该稀缺功效成分不可多得的天然来源^[1]。大量研究证实,这些成分赋予苦荞以抗氧化、降血脂、控制血糖及抗炎等多重健康功效^[2-4]。因此,苦荞在开发用于应对慢性疾病、促进人类健康的功能性食品和添加剂方面展现出广阔前景。

在植物-微生物互作体系中,多种根际细菌通过调控宿主的多个生理过程,从而深度参与并影响其整个生命周期^[5-6]。具体而言,这些微生物通过参与碳、氮、铁、硫等关键元素的生物地球化学循环,

为植物生长提供必需的养分支持^[5,7-8]。此外,它们还通过识别微生物相关分子模式,系统性地激活植物的免疫防御系统,从而构建一道抑制病原菌侵染的生物防线^[6,9]。更为关键的是,植物根际促生菌通过一系列协同作用机制,在物理、化学及生物学层面激活植物的多重响应,从而系统性地增强宿主应对非生物胁迫的能力^[10]。迄今为止,已有大量研究围绕水稻、玉米、大豆等粮食作物展开^[11-15],系统揭示了其根际微生物组的群落特征。

荞麦根际微生物组的结构与功能目前尚不明确。为此,本研究旨在利用第三代 PacBio(太平洋生物科学公司)长读长测序技术,以单分子分辨率精确表征荞麦的根际微生物群落,并与非根际本体土壤进行对比,据此获得荞麦高精度微生物群落图谱。这将有助于发掘可增强荞麦生产可持续性的微生物资源,从而开辟新的研究途径。

1 材料与方法

1.1 样品采集、处理与 DNA 提取

于荞麦成熟期,在云南省昆明市的荞麦试验田中(102°44'E、25°07'N,海拔约 1 980 m,种植品种为纯化的云南地方种质资源 Yunnan-26)采集植株样本。采样点间距 ≥ 5 m,以确保样本间相互独立。

收稿日期:2026-01-22;修回日期:2026-05-25。

基金项目:云南省科技厅科技计划资助项目(202301AU070225);

云南省农业科学院科研预研项目(2024KYZX-08)。

作者简介:李程鹏(1987—),男,博士,助理研究员,研究方向为根际微生态系统影响荞麦重要农艺性状机制。

Email: 610054483@qq.com。

* 通信作者:汤翠凤(1976—),女,硕士,研究员,主要从事作物种质资源研究。Email: 741606821@qq.com。

根际土壤(rhizosphere soil)的采集严格遵循标准操作规程:选取生长健壮、无病虫害的荞麦植株,小心挖取完整根系后,轻抖以去除疏松附着的非根际土壤,随后收集紧密附着于根表、厚度约1 mm的土壤层,定义为根际土壤。非根际土壤(bulk soil)采集自地块中未种植荞麦的裸地(远离植株根区)。所有样品采集后立刻投入液氮中速冻,并转移至-80℃超低温冰箱中保存,直至后续分析。随后所有样本使用VAMNE Stool/Soil DNA Extraction Kit(制造商:南京诺唯赞生物科技有限公司;型号:DM401-C3-P2)进行提取,所有步骤均遵循制造商提供的指南。

1.2 全长16S rRNA基因文库构建与测序

为扩增细菌的16S rRNA基因全长序列,使用通用引物27F(5'-AGRGTGTTGATYNTGGCTCAG-3')和改良版1492R(5'-TASGGHTACCTTGTASGACTT-3'),该序列在经典1492R基础上增加了简并碱基以提高对部分细菌类群的扩增效率)进行PCR扩增^[16]。每20 μL反应体系包含:2 μL模板DNA、6.5 μL无菌水、10 μL KOD One™ PCR预混液(KOD One™ PCR Master Mix)、引物各1.5 μL。PCR反应程序为:95℃ 2 min;继以22个循环的98℃ 10 s、55℃ 30 s、72℃ 1 min 30 s;最后72℃延伸2 min,并于4℃下保存。使用PacBio SMRTbell Prep Kit 3.0对混合PCR产物进行建库,包括损伤修复、末端修复及SMRTbell接头连接。随后,利用Revio SPRQ Polymerase Kit将测序引物和聚合酶与环形文库结合。最后,对结合产物进行磁珠纯化,并使用PacBio Revio测序平台进行HiFi测序。

1.3 序列数据预处理

将从PacBio测序平台下机的原始数据通过SMRT Link软件包转换为环形一致性序列(CCS)文件后,按以下步骤进行预处理:首先,使用Lima(v1.7.0)根据样本的Barcode序列区分并提取各样本的CCS序列,获得Raw-CCS数据。随后,利用Cutadapt(v1.9.1)识别并去除两端的引物序列,并基于预设长度进行过滤,得到不含引物的Clean-CCS序列。最后,使用UCHIME(v4.2)检测软件鉴定并去除嵌合体序列,最终获得用于下游分析的高质量Effective-CCS序列^[17]。

1.4 生物信息学与统计分析

获得高质量序列后,使用Usearch软件^[18]在97%相似度水平下对序列进行聚类,生成操作分类单元(OTUs);随后,以SILVA(<https://www.arb-silva.de/>)数据库为参考,利用朴素贝叶斯分类器对代表性序

列进行物种注释。为进行多样性分析,首先利用QIIME2(<https://qiime2.org/>)评估群落的Alpha多样性指数,并使用R语言绘制稀释曲线以验证测序深度^[19]。在Beta多样性分析层面,使用QIIME2计算群落间距离矩阵,并进一步通过R语言进行主成分分析(PCA)以可视化样本差异;同时,使用vegan包进行PERMANOVA(置换多元方差)分析,以统计检验组间群落结构的差异显著性。所有分析前的数据标准化(如抽平)处理均使用R语言的phyloseq包完成^[20]。

2 结果与分析

2.1 荞麦根部细菌群落组成分析

本研究于荞麦成熟期(80%种子成熟时)完成采样,共采集9份根际土壤样品和3份非根际土壤样品。为便于后续分析,所有样品按基质类型与采样点统一编号:Rhi(根际土壤,rhizosphere soil)后接数字1—9,对应9株独立荞麦植株的根际土壤;Soil(非根际土壤,bulk soil)后接数字1—3,对应3个非根际土壤样品。对所有样本进行DNA提取后,利用PacBio测序平台进行分析,共获得155 808条环形一致性序列(CCS)。经过初步质控,包括Barcode识别、长度过滤及嵌合体去除后,共得到153 739条高质量的有效CCS序列,其平均长度为1 450~1 461 bp,有效序列比例为97.25%~99.39%(表1)。

进一步使用Usearch软件在97%相似度水平下对有效CCS进行聚类。结果表明,总体细菌群落呈现较高的复杂度,共鉴定出720个OTU。其中,根际土壤样本平均包含317个OTU,而非根际土壤样本则平均包含433个OTU(表1)。

稀释曲线分析显示,所有样本的曲线在达到一定程度后均趋于饱和,显示本研究的测序数据量合理,能够可靠地反映样本的微生物群落组成(图1-A)。群落结构在分类学各层级上均表现出丰富的多样性,共鉴定出19个门、36个纲和257个属(图1-B、图1-C、图1-D)。在门水平上,拟杆菌门(Bacteroidota)、变形菌门(Proteobacteria)和疣微菌门(Verrucomicrobiota)是所有样本中的核心类群。此外,优势门内的特定纲也呈现显著的丰度差异,例如拟杆菌纲(Bacteroidia)在样本Rhi_5中丰度最高(50.05%),而在样本Soil_1中最低(31.51%)。在属水平上,主要包括来自拟杆菌门的黄噬菌属(*Flavisolibacter*)、黏杆菌属(*Mucilaginibacter*)、黄丝菌属(*Flavitalea*)、土单胞菌属(*Terrimonas*);变形菌

门的鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、食酸菌属 (*Massilia*)；以及来自硝化螺菌门的硝化螺菌属 (*Variovorax*)、拉姆利杆菌属 (*Ramlibacter*)、马赛菌 (*Nitrospira*)。

表 1 测序数据质量控制与基本信息汇总

样本	原始 CCS/ 条	过滤 CCS/ 条	有效 CCS/ 条	平均长度 /bp	有效 CCS 占比 /%	OTU/ 个
Rhi_1	12 996	12 987	12 874	1 461	99.06	311
Rhi_2	13 005	12 990	12 783	1 458	98.29	362
Rhi_3	13 010	12 990	12 907	1 459	99.21	288
Rhi_4	13 005	12 998	12 648	1 458	97.25	366
Rhi_5	12 904	12 892	12 809	1 457	99.26	305
Rhi_6	13 001	12 992	12 870	1 456	98.99	314
Rhi_7	12 918	12 910	12 804	1 459	99.12	249
Rhi_8	12 927	12 915	12 693	1 455	98.19	323
Rhi_9	13 024	13 018	12 741	1 454	97.83	339
Soil_1	12 969	12 967	12 787	1 450	98.60	549
Soil_2	13 005	12 989	12 926	1 450	99.39	360
Soil_3	13 044	13 026	12 897	1 454	98.87	391

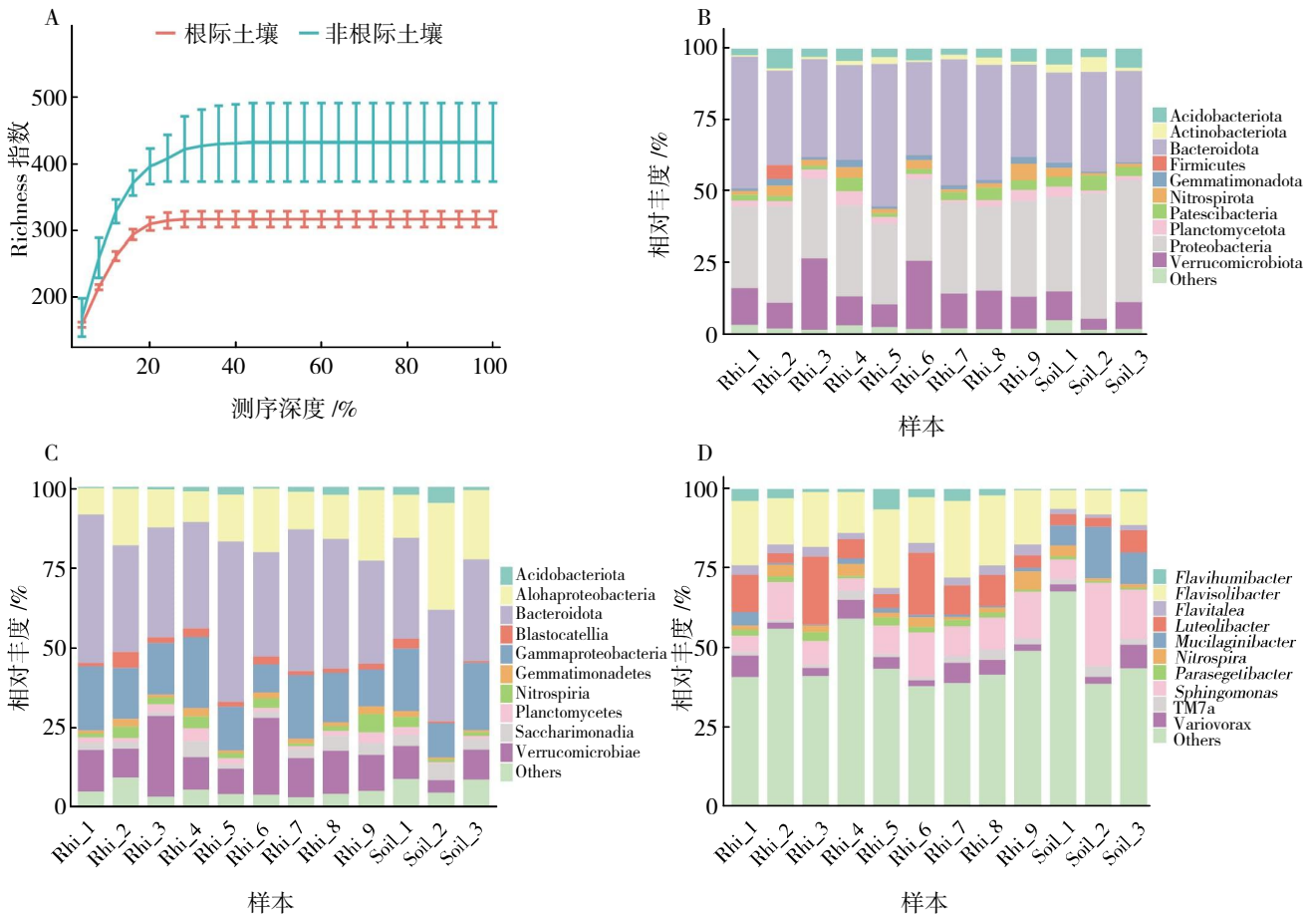


图 A 为稀释曲线,用于验证测序数据量能否合理覆盖群落多样性

图 B—D 为群落组成堆叠图,分别展示了门、纲、属水平上的相对丰度分布,以揭示不同分类层级下的优势菌群

图 1 微生物群落的物种多样性评估与组成结构分析

2.2 Alpha 多样性分析

对所有样本的 Alpha 多样性分析显示,反映样品中微生物多样性的香农 (Shannon) 指数介于

4.24 ~ 5.47, 辛普森 (Simpson) 指数介于 0.95 ~ 0.99, 费希尔 (Fisher) 指数介于 41.40 ~ 118.80, 均匀度 (Pielou) 指数介于 0.73 ~ 0.87 (表 2)。

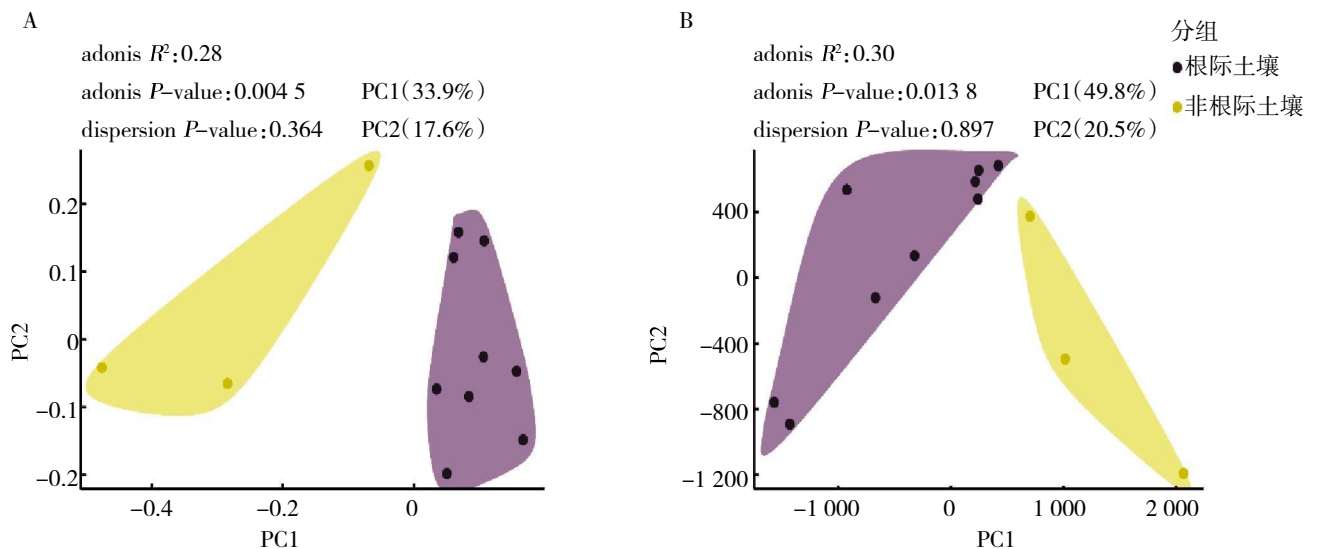
表 2 基于 16S rRNA 基因测序的各样品微生物群落 Alpha 多样性比较

样本	分组	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	Fisher 指数	Pielou 指数
Rhi_1	Rhi	311	4.42	0.97	55.03	0.77
Rhi_2	Rhi	362	4.82	0.98	71.49	0.82
Rhi_3	Rhi	288	4.29	0.95	51.83	0.76
Rhi_4	Rhi	366	4.94	0.99	71.92	0.84
Rhi_5	Rhi	305	4.49	0.97	57.39	0.79
Rhi_6	Rhi	314	4.32	0.95	56.45	0.75
Rhi_7	Rhi	249	4.24	0.97	41.40	0.77
Rhi_8	Rhi	322	4.50	0.97	60.32	0.78
Rhi_9	Rhi	339	4.74	0.98	62.17	0.81
Soil_1	Soil	549	5.47	0.99	118.80	0.87
Soil_2	Soil	360	4.30	0.95	69.52	0.73
Soil_3	Soil	390	4.64	0.98	75.05	0.78

2.3 Beta 多样性分析

基于 Bray-curtis 距离 (图 2-A) 与欧式距离 (图 2-B) 的主成分分析显示, 荞麦根际和土壤样本沿着两个主成分轴呈聚集趋势。在基于 Bray-Curtis 距离的分析中, 前两个主成分轴分别解释了总变异的 33.9% 和 17.6%; 而在基于欧式距离的分析中, 前两个主成分轴分别解释了 49.8% 和 20.5% 的变异。以

上结果表明荞麦根际与土壤的微生物群落结构存在显著差异。PERMANOVA 分析进一步确认了根际与土壤群落结构的差异具有高度统计学意义 (Bray-Curtis: $P = 0.0045$; Euclidean: $P = 0.0138$)。这些结果共同表明, 荞麦能够从土壤微生物库中选择性地招募微生物, 形成独特的根际微生物群落。



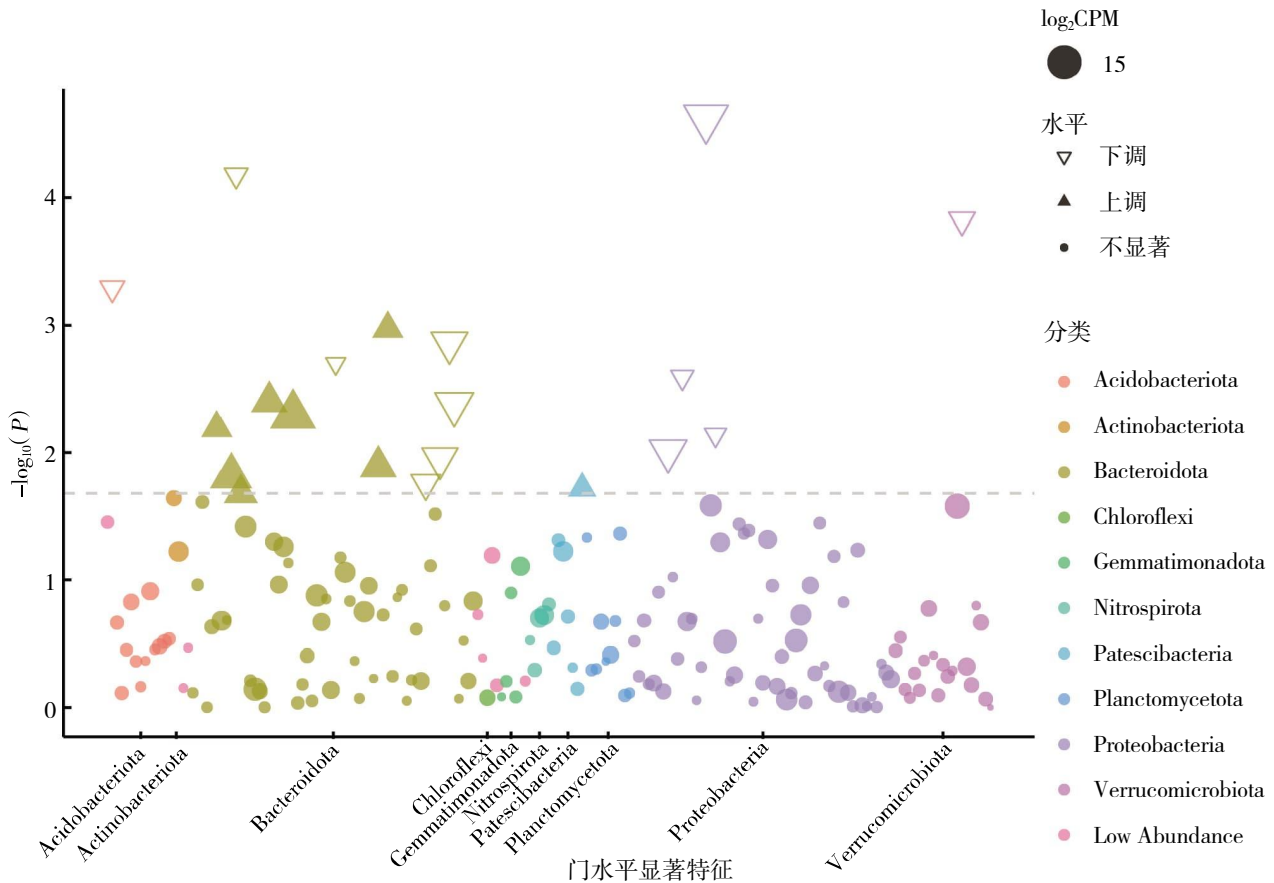
主成分分析 (PCA) 基于 16S rRNA 基因操作分类单元 (OTU) 的相对丰度, 分别使用 (A) Bray-Curtis 距离和 (B) 欧式距离构建

图 2 基于两种不同距离算法评估土壤微生物群落结构的差异

2.4 根际富集与减少的关键微生物类群

在荞麦的根际与土壤微生物群落中, 观察到在 OTU 水平上的显著组成差异。软件共识别到 20 个显著差异的 OTU, 其中 8 个在根际中显著富集, 12 个显著减少(图 3)。其中, 在根际显著富集的 OTU 包括: 与铁循环相关的 OTU597(铁杆菌属, $P=0.006$); 属于黄腐杆菌属的 OTU755(*Flaviumibacter cheonanensis*, $P=0.015$)、OTU956(*Flavisolibacter ginsengisoli*,

$P=0.020$)、革兰氏阴性细菌 OTU107(*Flavisolibacter* sp. MDT2_37, $P=0.005$)以及人参土黄杆菌 OTU457(*Flavisolibacter ginsengiterrae*, $P=0.004$); 由 Sheu 等在 2010 年首次描述土单胞菌属的 OTU543(*Terrimonas rhizosphaerae*, $P=0.013$)和 OTU327(*Terrimonas suqianensis*, $P=0.001$)^[21]; 糖单胞菌目(*Saccharimonadales*)的 OTU238($P=0.019$)。



Y 轴显示了 OTUs 的相对丰度, 虚线代表了设定的显著性阈值, CPM 表示每百万序列计数

图 3 根际与非根际土壤微生物群落差异的曼哈顿图

3 讨论

本研究采用基于单分子实时测序的 PacBio 长读长技术, 系统解析了荞麦根际细菌群落的组成结构, 并通过与本体土壤对比, 明确了根际微生物的特异性富集特征。该技术的核心优势在于其能够直接获取覆盖 V1—V9 区的完整 16S rRNA 基因序列。这种全长测序策略从根本上解决了因序列信息不完整而导致的物种注释模糊性问题。据此构建的高分辨率荞麦微生物群落图谱, 将为筛选具有促生、抗逆等功能潜力的微生物资源提供全新的研究视角。

Edwards 等研究指出, 水稻根际微生物主要归属于酸杆菌门(*Acidobacteria*), 其次是绿弯菌门(*Chloroflexi*)和变形菌门^[22]。相较之下, 小麦根际在门水平上的优势类群为变形菌门、酸杆菌门与拟杆菌门^[15], 而玉米根际则以变形菌门、拟杆菌门和放线菌门为主^[23]。本研究发现, 荞麦根际微生物的优势类群为拟杆菌门、变形菌门和疣微菌门, 以上结果表明不同宿主植物对其根际微生物群落具有显著的特异性选择能力。这种选择性可能源于受遗传调控的根系分泌物, 其包含的有机酸、氨基酸、多糖等多样代谢物, 能够主动招募特定微生物, 从而形成独

特的根际群落^[24-25]。未来的研究可整合宏基因组学、宏转录组学及代谢组学等多组学技术,系统性地解析荞麦根系分泌物介导的“植物-土壤-微生物”互作网络,从而从功能与机制层面深化我们对这一复杂系统的理解。

本研究发现,荞麦根际与非根际土壤的微生物群落结构存在显著差异,这与植物通过根系分泌物选择性招募根际微生物的普遍模型相一致。该现象在不同作物体系中得到了广泛证实^[26]。Breidenbach等研究显示,水稻根际的16S rRNA基因丰度约为非根际土壤的两倍,揭示了根际环境对微生物生长与富集的促进作用^[27]。从群落结构的角度来看,Shenton等通过主成分分析证实,不同基因型水稻的根际与非根际微生物群落存在明显分离,进一步支持了宿主对根际微生物组的塑造作用^[28]。值得注意的是,所观察到的群落结构差异可能并非仅由植物选择单方面驱动。不同微生物区室(如根际、非根际土壤)间的群落差异,很可能也源于微生物自身复杂的相互作用,包括对资源的竞争与功能上的协作,这些相互作用共同参与了最终群落结构的组装^[29-31]。

为明晰荞麦根际与非根际微生物群落的差异,本研究首先鉴定了具有显著丰度差异的操作分类单元(OTUs)。进一步利用曼哈顿图对上述OTUs进行可视化分析,以识别那些最能代表群落分异的关键微生物类群。其中包括一个归属于铁杆菌属的未培养菌株(OTU597),该属菌株被认为参与铁循环。这一发现进一步提示,铁代谢可能在荞麦根际微环境中扮演着重要的生态功能角色。值得注意的是,本研究中检测到人参地黄色土源菌 *Flavisolibacter ginsengisoli* 和 *Flavisolibacter ginsengiterrae*, 这些菌最早从人参田土壤中分离得到,其在有机物分解和养分循环方面具有潜在功能,可能通过改善土壤理化性质,促进植物根际健康,从而对人参等作物的生长产生积极影响,为人参种植土壤改良提供了潜在的微生物资源^[32-33]。

4 结论

荞麦根际与土壤的细菌群落结构存在显著差异,证实植物可能通过选择性招募机制从土壤微生物库中组装独特的根际微生物组。根际富集的微生物(如铁杆菌属、黄腐杆菌属等)多与铁元素循环及有机碳降解功能关联,暗示这些类群在荞麦的养分

转化与健康维持中具有潜在作用。

参考文献:

- [1] Couch J F, Naghski J, Krewson C F, et al. Buckwheat as a source of rutin[J]. Science, 1946, 103(2668): 197-198.
- [2] Dzah C S, Duan Y Q, Zhang H H, et al. Ultrasound-, subcritical water- and ultrasound assisted subcritical water-derived Tartary buckwheat polyphenols show superior antioxidant activity and cytotoxicity in human liver carcinoma cells [J]. Food Research International, 2020, 137: 109598.
- [3] Huang S Q, Ma Y L, Sun D, et al. *In vitro* DNA damage protection and anti-inflammatory effects of tartary buckwheats (*Fagopyrum tataricum* L. Gaertn) fermented by filamentous fungi[J]. International Journal of Food Science and Technology, 2017, 52: 2006-2017.
- [4] Wu W J, Li Z G, Qin F, et al. Anti-diabetic effects of the soluble dietary fiber from Tartary buckwheat bran in diabetic mice and their potential mechanisms [J]. Food & Nutrition Research, 2021, 65. DOI: 10.29219/fnr.v65.4998.
- [5] Chang J J, Costa O Y A, Sun Y, et al. Domesticated rice alters the rhizosphere microbiome, reducing nitrogen fixation and increasing nitrous oxide emissions[J]. Nature Communications, 2025, 16: 2038.
- [6] Andargie Y E, Lee G, Jeong M, et al. Deciphering key factors in pathogen-suppressive microbiome assembly in the rhizosphere[J]. Frontiers in Plant Science, 2023, 14: 1301698.
- [7] 尹丹, 朱忆雯, 胡敏, 等. 水稻根际微生物及其驱动的土壤碳氮磷循环[J]. 植物营养与肥料学报, 2024, 30(11): 2207-2220.
- [8] 覃潇敏, 郑毅, 汤利, 等. 施氮对间作条件下玉米、马铃薯根际微生物群落功能多样性的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2015, 32(4): 354-362.
- [9] 张金波, 王永斌, 谭巍巍, 等. 大豆根际微生物的研究进展[J]. 大豆科学, 2024, 43(4): 471-480.
- [10] Zhou H P, Shi H F, Yang Y Q, et al. Insights into plant salt stress signaling and tolerance[J]. Journal of Genetics and Genomics, 2024, 51(1): 16-34.
- [11] Araujo A S F, Miranda A R L, Pereira de Araujo A P, et al. Microbial communities in the rhizosphere of maize and cowpea respond differently to chromium contamination[J]. Chemosphere, 2023, 313: 137417.
- [12] Liu F, Hewezi T, Lebeis S L, et al. Soil indigenous microbiome and plant genotypes cooperatively modify soybean rhizosphere microbiome assembly[J]. BMC Microbiology, 2019, 19(1): 201.
- [13] Zhang F, Xu N H, Zhang Z Y, et al. Shaping effects of rice, wheat, maize, and soybean seedlings on their rhizosphere microbial community[J]. Environmental Science and Pollution Research,

- 2023,30(13):35972–35984.
- [14] Marques J M, Da Silva T F, Vollu R E, et al. Plant age and genotype affect the bacterial community composition in the Tuber rhizosphere of field-grown sweet potato plants[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2014, 88(2):424–435.
- [15] 王香生, 连延浩, 郭 辉, 等. 小麦红花间作系统根际微生物群落结构及功能分析[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2023, 31(4):516–529.
- [16] Lai X J, He Z H, Wang S Y, et al. Bacterial wilt pathogen induced spatial shifts of root-associated microbiome and metabolome of potatoes[J]. Frontiers in Plant Science, 2025, 16:1577123.
- [17] Edgar R C, Haas B J, Clemente J C, et al. UCHIME improves sensitivity and speed of *Chimera* detection[J]. Bioinformatics, 2011, 27(16):2194–2200.
- [18] Edgar R C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST[J]. Bioinformatics, 2010, 26(19):2460–2461.
- [19] Bolyen E, Rideout J R, Dillon M R, et al. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2[J]. Nature Biotechnology, 2019, 37(8):852–857.
- [20] Watson M, McMurdie P J, Holmes S. Phyloseq: an R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data[J]. PLoS One, 2013, 8(4):e61217.
- [21] Sheu S Y, Cho N T, Arun A B, et al. *Terrimonas aquatica* sp. nov., isolated from a freshwater spring[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2010, 60:2705 – 2709.
- [22] Edwards J, Johnson C, Santos-Medellín C, et al. Structure, variation, and assembly of the root-associated microbiomes of rice[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2015, 112(8):E911–E920.
- [23] 汪娅婷, 付丽娜, 姬广海, 等. 基于高通量测序技术研究云南玉米根际微生物群落多样性[J]. 江西农业大学学报, 2019, 41(3):491–500.
- [24] Backer R, Rokem J S, Ilangumaran G, et al. Plant growth-promoting rhizobacteria: context, mechanisms of action, and roadmap to commercialization of biostimulants for sustainable agriculture[J]. Frontiers in Plant Science, 2018, 9:1473.
- [25] Badri D V, Weir T L, Van Der Lelie D, et al. Rhizosphere chemical dialogues: plant-microbe interactions[J]. Current Opinion in Biotechnology, 2009, 20(6):642–650.
- [26] Xu Y, Ge Y, Song J X, et al. Assembly of root-associated microbial community of typical rice cultivars in different soil types[J]. Biology and Fertility of Soils, 2020, 56(2):249–260.
- [27] Breidenbach B, Pump J, Dumont M G. Microbial community structure in the rhizosphere of rice plants[J]. Frontiers in Microbiology, 2016, 6:1537.
- [28] Shenton M, Iwamoto C, Kurata N, et al. Effect of wild and cultivated rice genotypes on rhizosphere bacterial community composition[J]. Rice, 2016, 9(1):42.
- [29] Guo Y P, Kuzyakov Y, Li N, et al. Rice rhizosphere microbiome is more diverse but less variable along environmental gradients compared to bulk soil[J]. Plant and Soil, 2025, 506:767–785.
- [30] Yu Z C, Zhang W, Wu J H, et al. Life-history strategies of rhizosphere microbes mediate community stability and nutrient acquisition trade-offs in extreme Alpine ecosystems[J]. Ecological Indicators, 2026, 183:114688.
- [31] Guo W, Li M H, Qi L H. The contrasting roles of fungal and bacterial diversity and composition in shaping the multifunctionality of rhizosphere and bulk soils across large-scale bamboo forests[J]. BMC Microbiology, 2025, 25:252.
- [32] Hoang V A, Kim Y J, Nguyen N L, et al. *Brachybacterium ginsengisoli* sp. nov., isolated from soil of a ginseng field[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2014, 64(Pt_9):3063–3068.
- [33] Yoon M H, Im W T. *Flavisolibacter ginsengiterrae* gen. nov., sp. nov. and *Flavisolibacter ginsengisoli* sp. nov., isolated from ginseng cultivating soil[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2007, 57(8):1834–1839.

(下转第 22 页)

本刊加入有关数据库的特别声明

为了适应我国期刊信息化建设的需要和扩大作者学术交流渠道,实现期刊编辑、出版工作的网络化与数字化,提高作者所发表论文的被引频次与影响力,本刊已加入《中国学术期刊(光盘)》、“中国期刊网”“万方数据—数字化期刊群”、重庆维普“中文期刊数据库”、超星期刊“域出版”平台和国家科技学术期刊开放平台等。作者无需另外支付网络编审费。作者著作权使用费与本刊稿酬由本刊编辑部一次性给付作者。如作者不同意编入上述数据库,请务必提供书面说明。所刊载文献被以各种形式转载时请注明来源于本刊。

《大麦与谷类科学》杂志编辑部

潘丽卿,王 瑶,朱 威,等. 大麦浙大 9 号全产业链应用——从高产栽培到精酿啤酒酿造[JOL]. 大麦与谷类科学,2026,43(3):8-14 (2026-04-30). DOI:10.14069/j.cnki.32-1769/s.2026.03.002.

大麦浙大 9 号全产业链应用 ——从高产栽培到精酿啤酒酿造

潘丽卿¹,王 瑶³,朱 威³,吕吉鸿⁴,李志坤⁵,怀 燕⁵,陈兆锋³,张国平²,叶玲珍^{2*}

[1. 余姚市农业技术推广服务总站,浙江 宁波 315400;2. 浙江大学作物科学研究所,浙江 杭州 310058;3. 粤海永顺泰(宁波)麦芽有限公司,浙江 宁波 315800;4. 杭州千岛湖啤酒有限公司,浙江 杭州 310000;5. 浙江省农业技术推广中心,浙江 杭州 310000]

摘要:为系统评价啤酒大麦品种浙大 9 号的产业化应用潜力,从规模化种植、工业化制麦及至 10 kL 精酿啤酒试酿探索了其全产业链应用路径。在浙江余姚沿海滩涂盐渍化土壤(土壤 Na^+ 质量分数 0.4%~0.5%)条件下,浙大 9 号表现高产优质,数百亩成片种植实收产量达 427.13 kg/667 m²;籽粒蛋白质质量分数为 12.06%,>2.5 mm 饱满粒占比 82.46%。优化制麦工艺制备的麦芽主要品质指标在微型与规模化生产中高度一致:浸出率达 80.10%~80.20%,糖化力为 325.00~331.00 WK,库尔巴哈值(KI)介于 43.80%~44.70%;尤为突出的是,其细胞壁降解充分,麦汁 β -葡聚糖质量浓度低至 87.00~96.00 mg/L,黏度仅为 1.50~1.51 mPa·s。在 10 kL 规模的 11 °P 原浆精酿啤酒酿造试验中,麦汁 α -氨基氮(FAN)质量浓度高达 226 mg/L,为酵母提供了充足营养,保障了高效的发酵性能与双乙酰的充分还原(终值 0.03 mg/L)。最终成品啤酒酒精度(体积分数)为 4.92%,泡持性达 334 s,感官品评出口感干净、酒体饱满且麦香突出。综上,浙大 9 号兼具高产、优质、制麦与酿造性能俱佳的综合优势,是实现高端啤酒原料国产化替代的优良品种。

关键词:啤酒大麦;浙大 9 号;制麦工艺; β -葡聚糖;麦汁黏度;原浆精酿啤酒;全产业链

中图分类号:S512.3

文献标志码:A

文章编号:1673-6486-20260026

大麦(*Hordeum vulgare* L.)是全球重要的禾谷类作物,广泛用于食品、饲料及酿造加工。作为全球最大的啤酒生产与消费国,我国啤酒产业对优质啤酒大麦的需求持续增长;然而,国内大麦种植面积下降导致原料供给不足,进一步加剧对进口的依赖。在全球供需格局、汇率与物流成本波动背景下,进口依赖可能引发原料价格波动与供应不确定性,进而影响产业链稳定与企业成本控制。因此,推进优质啤酒大麦品种国产化选育,并配套完善其栽培与加工技术体系,是提升啤酒原料自主保障能力与产业链韧性的关键途径。近年来,国内在啤酒大麦新品种选育及其配套栽培与加工技术方面取得了积

极进展^[1-2]。在我国南方地区,大麦还具有重要的农业生产价值。其生育期相对较短、耐迟播、收获期早,可与水稻等夏季作物形成季节互补,尤其适合与长江中下游等地区普遍种植的长生育期水稻构建周年轮作体系,有效提升冬季耕地利用率和农田综合生产能力。在满足啤酒产业需求与促进农业增效的双重背景下,发展适应南方生态条件的啤酒大麦生产,对于优化区域种植结构、提高复种指数以及推进啤酒原料国产化替代,均具有重要的现实意义。

啤酒品质高度依赖于麦芽原料特性。麦芽质量不仅直接决定麦汁组成、糖化与过滤效率及发酵进程,还对成品啤酒的风味、泡沫持久性及稳定性具有关键影响^[3-4]。优质啤酒大麦需满足以下核心指标:籽粒饱满均一、发芽整齐、蛋白质含量适中且可控、浸出率高、糖化力满足工艺需求;在制麦过程中,还需确保细胞壁物质(尤其是 β -葡聚糖)充分降解,以降低麦汁黏度、改善过滤性能并增强啤酒的非生物稳定性^[5-6]。值得注意的是,同一品种在不同生态区与栽培管理模式下,其品质性状可能呈现显著差异;即使原料品质指标相近,浸麦工艺(时长与温度)、发芽调控(温湿度与周期)、干燥焙焦条件

收稿日期:2026-02-08;修回日期:2026-04-21。

基金项目:浙江省农业重大技术协同推广计划项目(2025ZDXT03);余姚市科技计划项目(2025JH03010019);浙江省产业团队项目“大麦—早稻—晚稻”一年三熟亩产吨半高产栽培技术示范推广;国家自然科学基金面上项目(32171917)。

作者简介:潘丽卿(1986—),女,农艺师,主要从事粮油高产栽培技术推广工作。Email: 114626398@qq.com。

* 通信作者:叶玲珍(1987—),女,博士,研究员,主要从事麦类作物遗传研究。Email: yelingzhen@zju.edu.cn。

等制麦参数,以及糖化程序、发酵温控与压力曲线等酿造条件,均会影响最终产品质量。因此,针对优良品种构建涵盖“栽培—制麦—酿造”的全产业链系统评价体系,并形成标准化、可复制的“品种—栽培—制麦—酿造”技术链,是实现啤酒大麦品种商业化应用与规模化推广的重要技术支撑。

浙大9号是由浙江大学农业与生物技术学院与桐乡市农业技术推广服务中心联合选育的二棱、半冬性偏春性皮大麦品种,已通过浙江省非主要农作物品种审定[审定编号:浙(非)审麦 2010001]。该品种具有分蘖力强、穗数多、籽粒均匀饱满(千粒质量达45 g以上)、抗逆性较强等特点,具备产业化开发潜力^[7]。本研究以浙大9号为材料,在浙江余姚海涂盐渍化土壤条件下开展规模化示范种植,系统评价其产量潜力与原料品质特性;通过微型制麦与工业化规模制麦试验,验证其制麦品质的工艺稳定性与商业化生产适应性;最终在10 kL酿造系统内完成11°P原浆精酿啤酒试制,并对其风味特征、理化指标及非生物稳定性进行综合评价,以期为该品种的产业化推广及高端啤酒原料国产化替代提供科学依据与技术支撑。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试大麦品种为浙大9号,该品种株型紧凑,茎秆粗壮,2年浙江省区域试验的农艺性状平均如下:株高89.7 cm,穗大粒多,千粒质量44.5 g,全生育期178 d,平均产量365 kg/667 m²,中抗赤霉病,籽粒粗蛋白质量分数10.3%、浸出率80.0%、库尔巴哈值46.2%,品质特性适合啤酒。

1.2 田间试验

田间栽培试验于2024—2025年度在浙江省余姚市临山镇正大农业试验基地(120°96'E、30°22'N)进行,种植面积46.7 hm²。试验田为海涂砂壤土,表层(0~20 cm)土壤盐分质量分数为0.4%~0.5%,肥力中等,地势平整,排灌系统良好。

2024年11月11日播种,采用机条播,播种量为187.5 kg/hm²。前茬水稻收获并整地后,一次性施入复合肥(N、P₂O₅、K₂O的质量分数分别为20%、15%、10%)525 kg/hm²作为基肥;在拔节期,追施尿素150 kg/hm²。在抽穗扬花期,采用植保无人机(UAV)喷施20%氟唑菌酰胺悬浮剂与25%丙环唑乳油复配制剂防治赤霉病,两次喷施间隔时间为

7 d,喷液量为90 L/hm²。

在大麦蜡熟期,随机取样点(1 m²样方,5次重复)测定单位面积有效穗数,并随机选取30株,考察每穗粒数和千粒质量。成熟后,使用联合收割机进行大区实收测产,以安全含水量(≤12.5%)计算理论产量。

1.3 制麦工艺

1.3.1 微型制麦。采用优化的微型制麦工艺进行小试(Joe White 微型制麦系统,澳大利亚)。具体为:于17℃下进行24 h“三浸两干”式浸麦(4 h湿浸-7 h干浸-3 h湿浸-5 h干浸-3 h湿浸-2 h干浸);继而发芽96 h,前48 h 18℃、后48 h 17℃,发芽期间每8 h翻麦1次;最后进行22 h升温干燥,温度依次为50、55、60、63、68、73、77℃,随后在85℃下焙焦3 h。

1.3.2 车间规模化制麦。基于微型制麦工艺进行车间规模化生产验证。采用“三浸两干”浸麦工艺(4 h湿浸-8 h干浸-3 h湿浸-4 h干浸-3 h湿浸-3 h干浸)，“三浸”进水温度分别为16、17、17℃;发芽阶段采用“前高后低”式控温(前72 h为18℃,后24 h为17℃),在第28 h喷淋补水;干燥阶段先在51~63℃下低温高风量(≥90%)干燥20 h,再转入高温低风量(99%降至70%)焙焦程序,经63~77℃多步升温后,最终在85℃下焙焦3 h完成制麦。

1.4 啤酒酿造工艺

啤酒由千岛湖啤酒有限公司酿制,以10 kL规模,按11°P原浆精酿啤酒生产工艺进行。

1.4.1 糖化。糖化采用多步升温浸出糖化工艺。在糖化锅中以质量比为3.64:1的料水比投入1550 kg浙大9号麦芽与100 kg红麦芽,并添加乳酸、氯化钙、β-葡聚糖酶和木聚糖酶。糖化程序依次为:55℃保温6 min终止蛋白活性,升温至63℃保温30 min进行糖化,继续升温至72℃保温25 min以促进糊精生成,最后升温至77℃,杀灭酶活性,1 min后过滤。该工艺旨在通过精确控制各阶段温度以充分降解蛋白质、β-葡聚糖和淀粉,以获得目标麦汁组分,并为后续过滤与发酵奠定良好基础。

1.4.2 发酵。发酵采用底层发酵工艺。麦汁冷却后接种Lager酵母,使酵母数达到 $1.0 \times 10^7 \sim 1.8 \times 10^7$ 个/mL。发酵过程分为4个阶段:首先在10℃下进行24~36 min的起发阶段;随后进入8~10 d的主发酵,当糖度降至 $(7.0 \pm 0.3)^\circ\text{P}$ 时,升温至12℃以促进双乙酰还原;当糖度降至 $4.2 \sim 4.8^\circ\text{P}$ 时,开始升压至0.10 MPa。经检测,当双乙酰质量浓度≤0.08 mg/L且糖度≤ 3.2°P 时,开始进入降温阶段。

最后在 $(0 \pm 0.5)^\circ\text{C}$ 条件下进行为期不少于 5 d 的后续,期间定期排放酵母,直至啤酒成熟。发酵结束后,采用离心方式生产清酒,并进行灌装。

1.5 品质检测方法

1.5.1 大麦品质检测。参照 GB/T 7416—2008《啤酒大麦》^[8]测定大麦籽粒的水分质量分数、蛋白质质量分数、千粒质量、容重和发芽率。

1.5.2 麦芽品质检测。参照 GB/T 7416.2—2025《啤酒原料质量要求 第 2 部分:啤酒麦芽》^[9]测定麦芽的水分、浸出率、色度、浊度、库尔巴哈值(KI)、糖化力(DP)、 β -葡聚糖和黏度。

1.5.3 啤酒品质检测。参照 GB/T 4928—2008《啤酒分析方法》和 GB/T 4927—2025《啤酒》^[10]测定麦汁、发酵液、清酒及成品啤酒的色度、总酸、pH 值、原麦汁浓度、酒精度、双乙酰、二氧化碳、苦味质(BU)、泡持性、浊度等指标;采用气相色谱法检测风味物质(高级醇、酯类),并组织专业品酒员进行感官品评。

1.6 数据处理

试验数据采用 Excel 2019 进行整理与统计分析,结果以平均值表示,图表采用 Origin 2021 软件绘制。

2 结果与分析

2.1 大麦农艺性状与品质表现

浙大 9 号于 2025 年 4 月 28 日成熟,全生育期 168 d;有效穗数为 39.21 万个/667 m²,穗粒数 25.38 粒/穗,千粒质量 48.12 g,理论产量为 478.87 kg/667 m²,实割产量为 427.13 kg/667 m²。

大麦籽粒品质表现见表 1。该批次大麦麦皮色泽淡黄、略有光泽,水分质量分数 11.04%,蛋白质质量分数 12.06%,夹杂物与破碎粒含量极低(分别为 0.10%和 0.29%),表明收储过程控制良好。该品种籽粒容重达 68.68 kg/hL,千粒质量 48.31 g,均达到优质二棱啤酒大麦质量标准。筛选试验结果显示,该品种 > 2.5 mm 的饱满籽粒占比为 82.46%。3 d 发芽率达到 92.80%,5 d 发芽率为 97.10%,水敏性为 18.30%,表明该品种发芽潜力良好。重金属、农残及真菌毒素检测结果均符合国标要求,为后续安全生产提供了保障。

2.2 麦芽品质特性

优化微型制麦与车间规模化制麦获得的麦芽品质见表 2。浙大 9 号微型制麦的麦芽浸出率为

80.20%, α -氨基氮质量分数为 1 770.0 mg/kg,糖化力高达 331.00 WK,库尔巴哈值(KI)为 43.80%,达到或高于优级淡色麦芽。尤为突出的是,浙大 9 号麦汁黏度仅为 1.50 mPa·s, β -葡聚糖质量浓度低至 96.00 mg/L,表明麦芽溶解性好,有利于改善麦汁过滤性能和啤酒非生物稳定性。

表 1 浙大 9 号籽粒品质性状

指标	测定值	标准值 (优级)	标准值 (一级)
水分质量分数 /%	11.04		12.00
蛋白质质量分数 /%	12.06		10.00 ~ 12.50
容重 /(kg/hL)	68.68		
千粒质量 /g	48.31	38.00	35.00
> 2.5 mm 饱满粒 /%	82.46	85.00	80.00
夹杂物 /%	0.10	1.00	1.50
破碎粒 /%	0.29	0.50	1.00
3 d 发芽率 /%	92.80	95.00	92.00
5 d 发芽率 /%	97.10	97.00	95.00
水敏性 /%	18.30		

注:标准值参考 GB/T 7416—2008《啤酒大麦》^[8]中二棱大麦理化指标。

车间规模化生产的麦芽品质与微型制麦的结果基本一致,证明制麦工艺的稳定性与可行性。浙大 9 号主要品质指标为:浸出率 80.10%, α -氨基氮质量分数 1 850.0 mg/kg,糖化力 325.00 WK,库尔巴哈值 44.70%。同样,浙大 9 号麦汁黏度(1.51 mPa·s)和 β -葡聚糖质量浓度(87.00 mg/L)均处于较低的水平,证明该工艺在工业化生产中能保持高品质麦芽生产能力。

2.3 精酿啤酒酿造过程分析

2.3.1 麦汁质量。在 10 kL 生产试验中,糖化过程运行平稳,淀粉分解时间碘检正常;设计产量 10.0 kL,最终获得麦汁 10.25 kL,糖化得率满足 $\geq 94\%$ 的工艺要求。麦汁过滤时间为 125 min,处于生产可接受范围,未出现明显跑槽或过滤异常,表明麦芽溶解程度与麦汁黏度控制良好。

麦汁理化指标见表 3。所得 11.25 °P 麦汁的 α -氨基氮质量浓度为 226 mg/L,显著高于常规水平,能够为酵母生长繁殖与氮代谢提供充足营养,有利于缩短起发滞后,并支撑正常的发酵动力学。极限发酵度达到 84.1%,表明麦汁可发酵性较强,淀粉降解充分,这是获得预期酒精度与终发酵度的基础。

表 2 浙大 9 号麦芽品质指标

指标	微型制麦	车间规模生产制麦	标准值(优级)	标准值(一级)
水分质量分数 /%	4.14	4.69	5.0	5.0
浸出率 /%	80.20	80.10	79.0	77.0
α -氨基氮质量分数(以干基计)/(mg/kg)	1 770.0	1 850.0	1 500.0	1 400.0
糖化力 /WK	331.00	325.00	260.00	240.00
色度 /EBC	5.00	5.20	—	—
浊度 /EBC	1.72	1.30	—	—
蛋白质质量分数 /%	11.86	11.92	—	—
可溶性氮质量分数 /(mg/kg)	8 310.00	8 530.00	—	—
库尔巴哈值(库值)/%	43.80	44.70	40.00 ~ 45.00	40.00 ~ 45.00
黏度 /(mPa·s)	1.50	1.51	—	—
过滤时间 /min	45.00	45.00	—	—
脆度 /%	71.08	71.34	—	—
全玻 /%	0.66	2.20	—	—
pH 值	5.96	5.95	—	—
总酸 /(mg/kg)	16.60	1.72	—	—
β -葡聚糖质量浓度 /(mg/L)	96.00	87.00	—	—

注:标准值参考 QB/T 1686—2008《啤酒麦芽》^[1]中淡色麦芽理化指标

表 3 浙大 9 号 11°P 原浆精酿啤酒麦汁指标

色度 / EBC	总酸体积分数 / (mL/L)	pH 值	原麦汁浓度 / °P	α -氨基氮质量 浓度 /(mg/L)	浊度 / EBC	多酚质量浓度 / (mg/L)	苦味质 / BU	极限发酵度 / %
17.38	13.8	5.40	11.25	226	9.31	219	22.2	84.1

2.3.2 发酵动力学与双乙酰还原。发酵动力学与双乙酰还原过程如图 1 所示。在接种后的前 3 d,酵母数迅速由 15.5×10^6 个/mL 增至 43.5×10^6 个/mL 的峰值,原麦汁浓度也由 10.5°P 快速降至 7.4°P ,说明主发酵活力旺盛。双乙酰浓度在第 2 天达到

0.42 mg/L 的最高点,随后下降。发酵第 6 天,糖度降至 3.0°P 并趋于稳定,表明主发酵基本完成。随着发酵进入后期,酵母活性趋缓并开始沉降,双乙酰被有效还原,至第 9 天其浓度已降至 0.06 mg/L ,满足后熟期的工艺控制要求。

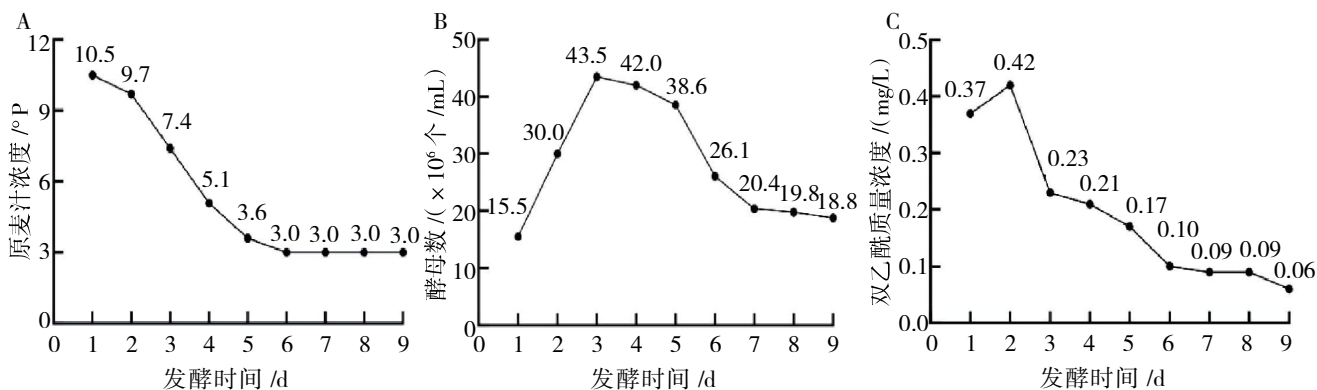


图 1 原麦汁浓度(A)、酵母数(B)和双乙酰质量浓度(C)在发酵期间的变化过程

2.4 啤酒成品品质评价

2.4.1 发酵液理化指标。发酵液理化指标见表 4,酒精度 4.92%(体积分数,下同),真正发酵度 66.2%,发酵完成度良好;双乙酰质量浓度为 0.03 mg/L,满足低双乙酰控制目标,表明该麦芽在此工艺条件下具有良好的发酵适配性与成熟度可控性。

最终成品检测结果显示,发酵液的酒精度为 4.68%,原麦汁浓度为 11.23 °P,二氧化碳质量分数为 0.51%,色度为 16.28 EBC,浊度为 27.0 EBC,呈现出原浆啤酒特有的诱人外观。泡持性长达 334 s,远超“ ≥ 180 s”的标准要求,且丰富细腻。

2.4.2 风味物质组成。风味物质检测结果见表 5。总醇的质量浓度为 69.30 mg/L,处于 60~90 mg/L 的合理控制范围;乙酸乙酯的质量浓度为 22.99 mg/L,相对较高,有利于形成适度的果香与发酵香气;醇酯

比为 3.01,显示高级醇与酯类比例较为平衡,可支撑“干净且具发酵香气”的风味表达。乙醛的质量浓度为 2.92 mg/L,处于可接受范围内;无明显青味缺陷。

2.4.3 离心清酒与成品指标。试验产品采用离心方式获得清酒,结果见表 6。离心后,浊度为 28.04 EBC,说明仅通过离心即可达到原浆浑浊度风格要求;其他理化指标保持稳定,双乙酰质量浓度仍为 0.03 mg/L,未出现二次上升。

成品检测结果见表 7。酒精度 4.68%,原麦汁浓度 11.23 °P,二氧化碳质量分数 0.51%,色度 16.28 EBC,浊度 27.0 EBC,符合原浆产品外观特征。泡持性 334 s,远高于“ ≥ 180 s”的要求,表明泡沫性能优良。总体上,成品理化指标满足啤酒相关国家标准的优先级标准。

表 4 浙大 9 号 11°P 原浆精酿啤酒发酵液指标

	色度 / EBC	总酸体积 分数 /(mL/L)	pH 值	原麦汁浓度 / °P	酒精度(体积 分数)/%	双乙酰质量 浓度 /(mg/L)	二氧化碳质量 分数 /%	苦味质 / BU	真正发酵 度 /%
样品检测	15.55	20.1	4.61	11.27	4.92	0.03	0.48	12.6	66.2

表 5 浙大 9 号 11°P 原浆精酿啤酒发酵液风味指标

质量浓度 /(mg/L)								醇酯比
乙醛	乙酸乙酯	正丙醇	异丁醇	乙酸异戊酯	异戊醇	己酸乙酯	总醇	
2.92	22.99	15.05	9.32	0.77	44.93	0.21	69.30	3.01

表 6 浙大 9 号 11°P 原浆精酿啤酒清酒指标

色度 / EBC	总酸体积分数 / (mL/L)	浊度 / EBC	pH 值	酒精度 (体积分数)/%	双乙酰 质量浓度 /(mg/L)	二氧化碳 质量分数 /%	苦味质 / BU	真正 发酵度 /%
16.87	16.8	28.04	4.63	4.80	0.03	0.48	10.4	65.5

表 7 浙大 9 号 11°P 原浆精酿啤酒成品指标

项目	色度 / EBC	总酸体积 分数 /(mL/L)	浊度 / EBC	原麦汁浓度 / °P	酒精度 (体积分数)/%	双乙酰 质量浓度 /(mg/L)	二氧化碳 质量分数 /%	泡持性 / s
检验结果	16.28	17.7	27.0	11.23	4.68	0.03	0.51	334
标准值(优级)	—	≤ 26.0	> 2.0	—	≥ 2.50	≤ 0.10	0.35~0.65	≥ 180

注:标准值参考 GB/T 4927—2025《啤酒质量要求》^[12]中感官和理化要求指标。

2.4.4 感官评价。品评员一致认为,该啤酒口感干净,酒体饱满,麦香特征突出,发酵香气协调,无明显硫味、溶剂味或双乙酰带来的奶油/黄油异味;结

合较高泡持性与稳定的理化指标,浙大 9 号麦芽在本试验工艺条件下能够生产高品质原浆精酿啤酒。

3 讨论

本研究首次对国产啤酒大麦新品种浙大9号开展了从规模化栽培、工业化制麦到10 kL中试酿造的全产业链系统评价,构建了从原料到成品的完整数据链,为其产业化应用提供了关键技术支撑。

3.1 蛋白质特性与发酵性能的协同关系

供试浙大9号大麦原料的蛋白质质量分数为12.06%,处于适宜范围的上限。通常认为,过高的蛋白质含量可能导致麦汁可溶性氮超标,进而引发啤酒非生物稳定性下降、过滤困难及风味失衡等潜在问题^[13]。本研究通过优化浸麦与发芽工艺,实现了蛋白质的适度降解与可溶性物质的均衡溶出。所得麦芽的库尔巴哈值(KI)稳定在44%左右,表明蛋白溶解程度适中;麦汁中 α -氨基氮(FAN)质量浓度达到226 mg/L,为酵母生长提供了充足的氮源。

充足的氮素供给显著改善了发酵性能:发酵过程中糖度下降迅速,双乙酰生成与还原效率高,终成品中双乙酰浓度<0.06 mg/L,远低于风味阈值与工艺上限。同时,成品啤酒中醇类与酯类物质含量均衡,未出现因氮源过剩而引起的杂醇粗糙感或发酵副产物异常累积现象。上述结果表明,通过精准调控制麦工艺,浙大9号偏高的蛋白质含量可转化为酿造过程中的营养优势,有效保障酵母代谢活力与发酵性能。

3.2 细胞壁降解特性及其对过滤性能的影响

本研究中,浙大9号麦芽的 β -葡聚糖质量浓度(87.00~96.00 mg/L)和麦汁黏度(1.50~1.51 mPa·s)均处于优良水平,表明制麦过程中细胞壁充分降解。 β -葡聚糖与麦汁黏度是影响麦汁过滤效率与稳定性以及啤酒冷混浊与非生物稳定性的关键指标^[6,14]。较低的 β -葡聚糖和黏度通常意味着更低的过滤风险和更宽的工艺操作窗口。在本次10 kL规模酿造中,麦汁过滤总时长为125 min,属于中等水平,但过程平稳,未出现压力骤升或滤层板结等现象。结合实验室规模下45 min的优异过滤表现,说明该原料具备良好的内在溶解特性,其工业化过滤行为稳定可控。后续通过进一步优化粉碎参数(如辊距与筛分级配)、调整洗槽水温与流速、合理控制麦汁泵抽吸负荷等措施,有望进一步缩短过滤时间,从而提升设备产能利用效率。

3.3 制麦工艺的放大效应与稳定性

微型制麦与车间规模化制麦的结果在浸出率、

糖化力、库尔巴哈值、 β -葡聚糖含量及麦汁黏度等核心质量指标上呈现高度一致性。这表明,本研究建立的浸麦、发芽、干燥工艺参数具有良好的放大适应性与过程稳定性,为浙大9号制定标准化操作规程、实现稳定可重复的工业化生产提供了可靠依据。

3.4 麦芽脆度问题与潜在优化方向

本研究制备的浙大9号麦芽脆度为71.08%,低于进口优质麦芽常规水平($\geq 78\%$)。脆度作为评估麦芽溶解均匀性和胚乳修饰程度的关键物理指标,偏低可能导致粉碎均匀性下降,进而影响过滤床层结构稳定性并降低麦汁过滤效率^[15]。尽管当前中试条件下未出现显著的负面效应,但该指标仍存在优化空间。建议后续采取双路径改进策略:在制麦环节,精细调控发芽终点与干燥焙焦曲线,促进麦粒内部的均匀溶解;在酿造环节,针对性地调整粉碎辊距与筛分参数,适配该麦芽的物理特性,以优化过滤性能并降低能耗。

3.5 浙大9号商业化应用前景展望

综合评估表明,浙大9号具备三大突出特性:1)高蛋白含量和高效氮源供给,蛋白质资源转化为优质氮源,支撑酵母健康代谢;2)低 β -葡聚糖/低黏度,赋予麦汁过滤性能优势;3)突出的麦芽香气表达,提供独特风味基础。基于上述特性,该品种不仅适用于生产常规的拉格型啤酒,更在以下特色啤酒品类中具有显著应用价值:全麦型、高浓度或原浆类精酿。此外,在德式小麦啤酒、博克等啤酒品类中,亦可通过针对性配方设计与工艺调控,充分发挥其原料特性,为差异化产品开发提供优质原料支撑。

4 结论

本研究系统证明了国产啤酒大麦新品种浙大9号全产业链的应用价值。该品种在浙江余姚海涂盐渍化土壤条件下表现高产优质。通过优化制麦工艺,制备的麦芽核心指标(如浸出率、糖化力与 β -葡聚糖)达到优级麦芽标准,且工艺从实验室到工业化生产均具良好稳定性。在10 kL规模的11 °P原浆精酿啤酒试酿中,浙大9号麦芽表现出稳定高效的糖化与发酵过程,最终成品啤酒理化指标优良,并呈现出麦香突出、酒体饱满的感官特征。总之,浙大9号是一个综合性状优异、具备优良产业化潜力的国产啤酒大麦品种。本研究为其构建的“栽培—制

麦—酿造”配套技术体系,成功打通了该品种的高值化应用路径,可为提升我国啤酒原料的国产化水平及市场竞争力提供重要的品种储备与技术支持。

参考文献:

- [1] 路晶馨,吕超,范超,等. 优质高产多抗啤酒大麦品种扬农啤 14 的选育及栽培技术[J]. 大麦与谷类科学,2025,42(6):54–59.
- [2] 葛方赢,岳文浩,蔡康锋,等. 啤酒大麦主要麦芽品质性状研究进展[J/OL]. 浙江农业学报,2025:1–11(2025–12–05)[2026–02–08]. <https://link.cnki.net/urlid/33.1151.S.20251205.1415.006>.
- [3] 叶玲珍. 啤酒大麦籽粒混浊敏感蛋白的遗传机理与氮肥反应研究[D]. 杭州:浙江大学,2014:1–9.
- [4] 保殷荣,宫雪,窦婷语,等. 国内外啤酒大麦品种酿造品质比较分析[J]. 植物遗传资源学报,2024,25(11):1870–1881.
- [5] 韦康. 大麦品质性状的基因型和环境变异及其机理研究[D]. 杭州:浙江大学,2009:7–26.
- [6] 乔海龙,杨启东,陈健,等. 大麦 β -葡聚糖的研究现状与展望[J]. 江苏农业科学,2012,40(1):4–7.
- [7] 鲁立明,潘丽卿,谢冲聪,等. 余姚市“麦稻稻”一年三熟种植模式中大麦“浙大 9 号”的适宜播种期筛选试验[J]. 上海农业科技,2025(5):84–86,90.
- [8] GB/T 7416—2008 啤酒大麦[S]. 北京:中国标准出版社,2008.
- [9] GB/T 7416.2—2025 啤酒原料质量要求 第 2 部分: 啤酒麦芽[S]. 北京:中国标准出版社,2025.
- [10] GB/T 4928—2008 啤酒分析方法[S]. 北京: 中国标准出版社,2008.
- [11] QB/T 1686—2008 啤酒麦芽[S]. 北京: 中国轻工业出版社,2008.
- [12] GB/T 4927—2025 啤酒质量要求[S]. 北京:中国标准出版社,2025.
- [13] 金昭. 基于蛋白质组学的江苏啤酒大麦麦芽过滤性能缺陷的研究[D]. 无锡:江南大学,2014:1–11.
- [14] 陈涛,李琳,乔降华. 浅谈麦汁 β -葡聚糖含量的影响因素[J]. 啤酒科技,2010(10):48–49.
- [15] 付廷发. 水份对成品麦芽脆度变化影响研究[J]. 中外酒业·啤酒科技,2017(5):32–35.

Whole Industry Chain Application of Barley Variety Zheda No.9: from High-yield Cultivation to Craft Beer Brewing

Pan Liqing¹, Wang Yao³, Zhu Wei³, Lyu Jihong⁴, Li Zhikun⁵, Huai Yan⁵, Chen Zhaofeng³, Zhang Guoping², Ye Lingzhen²

[1. Yuyao Agricultural Technology Extension Service Station, Ningbo 315400, China; 2. Institute of Crop Science, Zhejiang University, Hangzhou 310058, China; 3. COFCO Yongshuntai (Ningbo) Malt Co., Ltd., Ningbo 315800, China;

4. Hangzhou Qiandaochu Beer Co., Ltd., Hangzhou 310000, China;

5. Zhejiang Agricultural Technology Extension Center, Hangzhou 310000, China]

Abstract: To systematically evaluate the industrial application potential of the malting barley cultivar Zheda No.9, this study explored its application path across the entire industry chain, from large-scale cultivation and industrial malting to pilot-scale 10 kL craft beer brewing. Under saline-alkali soil conditions (soil Na^+ content: 0.4%-0.5%) on coastal mudflats in Yuyao City, Zhejiang Province, Zheda No.9 demonstrated high yield and quality. The actual harvested yield reached 427.13 kg/667 m^2 for several hundred mu of contiguous planting. The grain protein content was 12.06%, with the proportion of plump kernels (>2.5 mm) reaching 82.46%. The malt produced using optimized malting protocols showed highly consistent key quality indicators between pilot and large-scale production, with an extract content of 80.1%-80.2%, a diastatic power of 325.00-331.00 WK, and Kolbach index (KI) of 43.80%-44.70%. Notably, cell wall degradation was sufficient, resulting in low wort β -glucan content (87.00-96.00 mg/L) and viscosity (1.50-1.51 mPa·s). In a 10 kL pilot brewing trial for 11°P craft beer (unfiltered), the wort free amino nitrogen (FAN) content reached 226 mg/L, providing ample nutrition for yeast and ensuring efficient fermentation performance and sufficient diacetyl reduction (final value 0.03 mg/L). The final beer product had an alcohol content of 4.92% v/v, foam stability of 334 s, and sensory evaluation described it as having a clean taste, full body, and prominent malt aroma. In conclusion, Zheda No.9 has comprehensive advantages of high yield, excellent quality, and superior malting and brewing performance, which is an outstanding cultivar for achieving domestic substitution of high-end beer raw materials.

Key Words: Malting barley; Zheda No.9; Malting process; β -glucan; Wort viscosity; Unfiltered craft beer; Whole industry chain

江月,朱济邹,张翔,等. 稻-麦两熟区机插水稻长秧龄壮秧培育技术研究进展[JOL]. 大麦与谷类科学,2026,43(3):15–22(2026-04–30). DOI:10.14069/j.cnki.32-1769/s.2026.03.003.

稻-麦两熟区机插水稻长秧龄壮秧培育技术研究进展

江月¹,朱济邹¹,张翔¹,宋焱琪¹,陈羿帆¹,马唯一¹,汪璐璐^{1,2},孟天瑶²,陈英龙¹,高平磊¹,戴其根¹,韦还和^{1*}

(1. 江苏省作物遗传生理重点实验室 / 江苏省作物栽培生理重点实验室 / 江苏省粮食作物现代产业技术协同创新中心 / 扬州大学水稻产业工程技术研究院,扬州大学,江苏扬州 225009;2. 扬州大学教育部农业与农产品安全国际合作联合实验室 / 扬州大学农业科技发展研究院,扬州大学,江苏扬州 225009)

摘要:稻麦两熟制下茬口衔接矛盾突出、长秧龄机插产量损失高,严重制约了稻-麦周年优质高产潜力。本文概述了机插水稻秧龄对秧苗素质、机插质量、干物质和养分积累、产量及其构成因素、稻米品质的影响效应,分析了长秧龄机插水稻生长发育特点、长秧龄水稻机械移栽的优势与存在问题,从育秧技术与装备、育秧方式、精量稀播、秧盘类型、育秧基质、水肥管理、化控剂施用等方面提出了稻麦两熟区机插水稻长秧龄壮秧培育的关键农艺措施,最后就加强稻麦两熟区长秧龄壮秧培育的技术研究进行了展望。

关键词:稻麦两熟区;机插水稻;长秧龄壮秧;产量;品质

中图分类号:S511

文献标志码:A

文章编号:1673-6486-20260027

我国稻麦两熟区主要分布在长江流域和黄河以南地区,包括江苏、安徽、湖北、四川、重庆、浙江、上海等省(市),常年种植面积为 533 万 hm^2 左右,其生产能力的稳步提高和可持续发展,对国家粮食安全起至关重要的作用^[1]。水稻机械化栽培已成为水稻的主要种植方式^[2]。机插水稻采用塑盘育秧,机插秧苗的培育通常存在播种密度高、秧苗生长空间小、秧龄短的问题;密播条件下移栽秧龄一般以 15~20 d 为宜,适栽期窄,秧龄弹性小^[3-4]。然而在实际情况,由于两种作物茬口衔接时大田准备工序多且时间长、阴雨天气影响等多种原因,常导致不能适期移栽而形成超龄秧,秧苗素质严重下降,秧苗移栽后返青慢、缓苗期长,限制了机插稻产量和品质的提高^[5-6]。我国稻麦两熟地区热量资源相对紧张,换茬矛盾突出,农时紧迫,亟需进一步延长机插稻秧龄,培育长秧龄壮秧,以缓解上述矛盾^[7]。本文就机插水稻秧龄对水稻产量和品质形成的影响及其生理机制进行综述,梳理了机插水稻长秧龄壮秧

培育关键农艺措施的研究现状,以期为优化稻麦两熟区机插稻长秧龄壮秧培育、缓解接茬矛盾、促进周年优质高产提供参考。

1 机插水稻长秧龄对水稻产量和品质形成的影响

1.1 机插水稻长秧龄对秧苗素质的影响

张建等研究表明,与播后 20 d 适栽期秧苗相比,播后 28 d 长秧龄初期秧苗干质量和单位苗高干质量仍呈增加趋势,根系长度和数目不再增加;播后 36 d 长秧龄阶段的秧苗高度呈快速增加趋势,单位苗高干质量、秧苗 SPAD 值(表示叶绿素相对含量)和根系活力则大幅下降^[8]。王斌等研究表明,与播后 20 d 适栽秧龄相比,播后 25~35 d 长秧龄秧苗高度、绿叶数、根数、茎基宽和干质量呈增加趋势,根系发根力、根系活力和秧苗素质呈持续下降趋势^[9]。李旭毅等研究表明,正常播期下超级稻播后 30~42 d 秧苗根冠比、茎基宽度、单位苗高干质量等形态指标均有所提升,根系发根力呈下降趋势;播后 42~54 d 秧苗根冠比、单位苗高干质量和根系发根力急剧下降^[10]。王静静等研究表明,稀播秧龄 25~35 d 的秧苗茎基宽和百株干质量高于常规播量秧龄 25 d 的秧苗;但稀播秧龄 40 d 的秧苗叶色明显偏黄、黄叶数多,整体秧苗素质变差^[11]。与适栽秧龄相比,长秧龄秧苗的高度、茎基宽、单位苗高干质量等指标均有所提升,但发根力、根系活力等指

收稿日期:2026-03-02;修回日期:2026-03-30。

基金项目:国家重点研发计划(2024YFD2000201);常州市农业科技创新项目[NKCX(2025)25];扬州大学“青蓝工程”项目;江苏省高校优势学科建设工程项目(PAPD)。

作者简介:江月(2002—),女,硕士研究生,主要从事水稻优质高产栽培与逆境生理研究。Email: MX120250744@stu.yzu.edu.cn。

* 通信作者:韦还和(1990—),博士,副教授,硕士生导师,主要从事水稻优质高产栽培与逆境生理研究。Email: 006931@yzu.edu.cn。

标持续下降,造成秧苗素质随着秧龄的增长而恶化。随着秧龄延长,秧苗在有限空间中生长,根系相互交织,空间与养分竞争加剧,根系衰老进程加快,不仅削弱水分与矿质养分的吸收能力,还影响细胞分裂素等根源激素的合成与向上运输,从而对水稻地上部生长和产量形成负反馈调控。

1.2 机插水稻长秧龄对机插质量的影响

张均华等研究表明,秧龄为12~24 d的晚稻秧苗的生理特征基本随秧龄增加而增加,秧龄超过24 d的晚稻随秧龄延长,秧块素质和机插质量明显下降,漏插率和伤秧率显著上升;水稻全生育期延长,大田生育期缩短^[12]。赵敏等研究表明,30 d秧龄秧苗的每穴苗数最高,漏秧率最低;与低、中秧龄苗相比,40 d秧龄秧苗漏秧率、伤秧率和浮秧率均最高,且穴苗数最低,不适宜机插^[13]。王静静等研究表明,在秧龄25 d时,稀播与常规播量处理相比,全漂率略有降低,匀秧率、伤秧率和漏插率随着秧龄的增加有所增加,以秧龄40 d处理最高,说明秧苗株高过高易导致秧苗发生机械损伤,从而不利于插秧质量的提高^[14]。因此,长秧龄可能会导致水稻徒长,水稻秧苗的漏插率、伤秧率和机械损伤增加,从而降低机插质量。

1.3 机插水稻长秧龄对干物质和养分积累的影响

滕飞等研究表明,随着移栽秧龄增大,水稻全生育期天数缩短,秧苗养分吸收不充分,导致拔节期、抽穗期和成熟期干物质质量显著下降^[14]。刘奇华等研究表明,长秧龄(42 d)机插稻相较于手栽稻的孕穗期、抽穗期和成熟期推迟4~13 d;中早熟品种长秧龄机插稻在孕穗期至成熟期的吸氮量少于手栽稻,而中晚熟品种在此阶段的吸氮量多于手栽稻^[15]。赵敏研究表明,长秧龄秧苗机插时易导致植伤,大田分蘖起步延迟,削弱生育前期水稻分蘖发生的能力并延缓干物质积累进程^[16]。吕腾飞等研究表明,齐穗期水稻叶面积指数(LAI)随秧龄的延长呈递减趋势,65 d处理的平均LAI显著低于35和50 d处理;此外,65 d秧龄的上部叶片营养器官过度生长,表征为叶片显著增长、增宽,进而引发叶片披垂,水稻花后群体的光合效率降低,最终对结实率和千粒质量产生抑制作用;由秧龄过长引发的群体结构劣化与光合产能下降,可能是制约水稻产量进一步提高的关键生理原因^[17]。张军等研究表明,与常规秧龄20 d(CK)相比,长秧龄30 d机插水稻在秧田期秧龄延长10 d左右,全生育期延长5~7 d,虽然移栽期基本苗数和全生育期茎蘖数偏少,但秧苗素质较为突出,群体中后期光合产能、干物质积累量和收获

指数高,最终实产较高^[15]。李应洪等研究表明,25 d秧龄机插水稻在关键生育期植株氮素吸收与阶段氮素积累量,齐穗至成熟期氮素吸收速率、茎和叶的氮素转运量、穗部氮素增加量、氮素偏生产力、拔节后根系干质量及产量均显著高于40 d秧龄机插水稻^[18]。过长秧龄水稻的营养器官过度生长,光合效率降低,营养积累减少,导致最终产量降低。

1.4 机插水稻秧龄对产量及其构成因素的影响

滕飞等研究表明,移栽秧龄是影响晚稻产量的重要因素,且感温性迟熟品种受影响较大;长秧龄秧苗移栽导致水稻有效穗数减少、结实率下降是水稻产量下降的重要原因^[14]。王坤庭等研究表明,与20 d秧龄处理相比,30 d秧龄处理的每穗粒数显著增加,其他产量构成因素差异不显著,因而显著增加了产量^[19]。姜心禄等研究表明,随着秧龄延长,对水稻产量及其构成因素的影响逐渐显著,表现为水稻穗数、千粒质量减少,产量显著下降;与30 d秧龄秧苗相比,35 d秧龄秧苗和50 d秧龄秧苗机插时的减产幅度分别为1.1%和14.9%^[20]。霍中洋等研究表明,适龄移栽秧苗的单位面积穗数及每穗粒数相较于超龄移栽秧苗增加,且以单位面积穗数的增加最为明显,因此适龄移栽的秧苗产量高^[21]。贾现文等研究表明,与迟栽(28 d和35 d秧龄)处理相比,21 d适龄移栽杂交稻表现出明显优异的群体质量,不仅显著提高了各生育阶段的茎蘖数、成穗率、叶面积指数及抽穗期的叶面积构成,更改善了抽穗后的冠层光合结构(剑叶光合与群体透光)^[22]。贾旋等研究则表明,与25 d和30 d短秧龄相比,机插大钵钵秧苗35 d秧龄移栽后群体茎蘖数、分蘖成穗率、地上部干物质质量、收获指数均较高,产量则较之提高19.4%~42.5%^[23]。因此,在适宜秧龄范围内水稻产量及其构成因素会增加,秧龄过长易发生减产。

1.5 机插水稻长秧龄对稻米品质的影响

王坤庭等研究表明,30 d秧龄处理的精米率和整精米率均比20 d秧龄处理低,但糙米率差异不显著^[19]。张军等研究表明,与常规秧龄20 d(CK)相比,30 d长秧龄机插优质食味粳稻的稻米加工品质、外观品质、食味品质提高;30 d长秧龄机插优质食味粳稻米峰值黏度、热浆黏度、最终黏度和崩解值均比CK高,而消减值降低^[5]。

2 长秧龄机插水稻生长发育特点、优势与存在问题

2.1 长秧龄机插水稻生长发育特点

由前所述,水稻秧龄的长度不仅影响秧苗素质

和机插,也影响水稻干物质积累、产量高低和品质优劣。在南方稻麦两熟种植区域,机插秧普遍应用毯状小苗机插方式,秧龄弹性小、适宜栽插期较短以及前茬小麦秸秆全量还田的耕作模式进一步提升了机插作业难度。若秧龄太小,易造成栽插质量低、秧苗盘根力小、分布均匀度差的问题,且植伤较大;若秧龄过大,则会增加机插难度,延长秧苗返青活棵周期,导致低位有效分蘖数显著减少,使水稻产量和品质下降^[5-6,19-21]。机插秧技术对秧苗形态与质量要求严格,使得秧龄控制成为其推广应用中的关键制约因素。在温光资源紧张、茬口衔接紧的稻麦两熟区,这一问题尤为突出^[5]。传统手栽秧的秧龄划分标准将 3.0 叶以下的秧苗归为小苗,3.1~5.0 叶的秧苗归为中苗,5.1~7.0 叶的秧苗归为大苗,高温条件下机插水稻的苗情动态变化较为迅速,相较于传统手栽秧,机插秧的播种密度更大、群体更拥挤,因此小苗、中苗和大苗的叶龄与传统的手栽秧存在差异,一般将 3.0~3.5 叶的秧苗归为小苗,3.6~4.5 叶的秧苗归为中苗,4.5 叶以上的秧苗归为大苗,相对应的秧龄分别为 18~20 d、21~27 d 和 28 d 以上^[24],而超过 28 d 的长秧龄秧苗甚至长秧龄大苗的情况在机插秧中普遍存在。秧苗素质作为衡量机插质量的重要指标,育秧质量直接关乎后续栽插质量与产量(图 1)。因此,提高秧苗素质不仅能够改善水稻机插作业质量,更是实现机插水稻优质高产的关键。

2.2 长秧龄水稻机械移栽的优势

一方面,长秧龄秧苗具有较大的秧龄弹性,为

前茬秸秆还田、土壤耕整等作业提供了充裕的时间窗口,并能有效规避不利天气对栽插的制约。另一方面,适度提前育秧时间可以缓解茬口紧张问题,并延长水稻全生育期,提高生产效率^[25-26]。另外,长秧龄秧苗机插后发根力显著增强,早发新根且秧苗健壮程度提升,能够更好地衔接规模化种植,加快返青进程,进而推动水稻高质量群体的构建与发展^[27-28]。特别是近年来南方稻麦两熟区选育和推广应用的水稻全生育期天数增加趋势明显,长秧龄秧苗机插的优势将愈发突出^[29]。

2.3 长秧龄秧苗机插存在的问题

毯苗机栽过程中的机械作业会造成秧苗根系损伤,导致栽插质量下降并延缓水稻的生长发育过程。伤根产生的生理胁迫导致秧苗的成活率降低,分蘖芽等其他器官的发育迟缓,最终制约产量的形成^[30]。汪珽珽研究表明,与 20 d 适栽秧龄秧苗相比,30~40 d 长秧龄秧苗在移栽过程中,茎秆在分蘖阶段易发生弹性变形,导致内部结构受损,水分和养分的输导效率、根系活力和吸水能力均显著降低;30~40 d 长秧龄秧苗在分蘖过程中更易撕裂,造成根尖严重损伤,影响吸收能力^[31]。移栽速度是影响秧苗机械损伤程度的重要因素,高转速虽能减少根系撕裂,但加剧了茎秆受力损伤。根茎复合损伤会延缓移栽后秧苗生长进程、心叶生长和返青期的发生,降低水分和养分的运输效率,严重时导致植株死亡(图 1)。

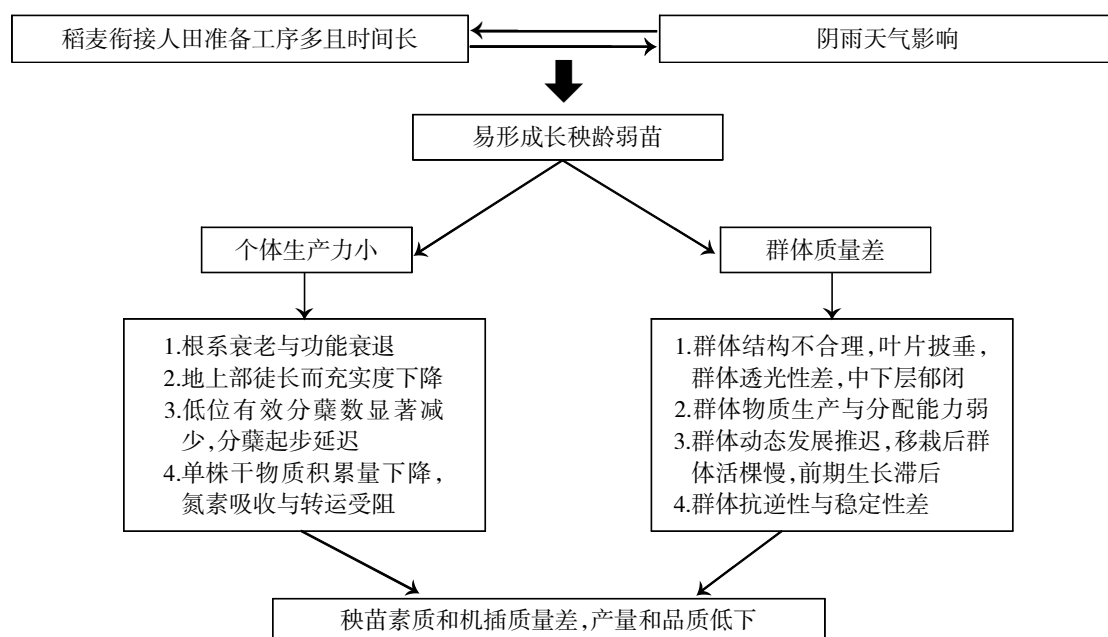


图 1 长秧龄秧苗形成原因及存在问题

3 机插水稻长秧龄壮秧指标与培育关键农艺技术

3.1 育秧技术与装备

近些年,我国在水稻长秧龄壮秧培育的相关技术与装备上取得了一些进展^[32-33]。如采用水稻印刷粘种机、气吸式播种流水线作业,为保障出苗均匀度,可将秧盘播种密度精准调控至 1.5 粒/cm² 左右,以培育出综合素质优的机插秧苗。围绕南方多熟制水稻生产的核心需求,由农业农村部南京农业机械化研究所提出的“对位均匀播种+精准移送秧苗+大苗高速栽插”系统技术方案,创制了水稻低播量均匀育秧播种流水线,实现了播种环节省种 10%~30%、作业效率达 500 盘/h 的目标,配套的大苗插秧机具有苗高范围宽(10~40 cm 大苗)、伤秧率低

(≤4%)等特点,为有效缓解季节茬口矛盾提供了重要的装备支撑与解决方案。

3.2 育秧方式

研究表明,相较于机插毯苗,机插钵苗育秧方式能够延长秧龄,可将适宜秧龄延长至 30~35 d,培育生育期稍长的高产品种,使水稻有效生长季得以向前延伸利用 10~15 d^[34-36]。此外,机插钵苗可培育带蘖、秧龄弹性大、秧苗充实度和根冠比高的壮秧。研究表明,相较于传统撒播,精准条播培育出的秧苗素质显著提升;机插播种量、漏秧率和伤根率降低,秧苗均匀度、有效穗数和机插 2~3 株苗栽插合格率提高,促使栽后秧苗快速返青,优化群体分蘖动态、叶面积指数及干物质积累过程,提高了水稻群体有效穗数进而提高产量^[37-38]。

表 1 不同育秧方式下适宜移栽秧龄及秧苗素质、机插效果和产量比较

育秧方式	适宜秧龄/d	秧苗素质特点	机插效果	产量效应
常规毯苗育秧	15~20	根系盘结紧密,空间小,易徒长	漏秧率、伤秧率随秧龄延长显著增加	适栽期产量高,超秧龄减产明显
机插钵苗育秧	30~35	带蘖率高,根冠比大,充实度好	植伤轻,返青快,适宜大苗机插	延长水稻有效生长期,利于高产
精准条播育秧	25~30	秧苗分布均匀,秧苗素质优	漏秧率低,穴苗数均匀,机插质量高	优化群体结构,有效穗数增加
稀播长秧龄育秧	25~35	单株空间大,干物质积累多,素质优	插秧质量较高,全漂率降低	产量高于常规播量适栽处理

3.3 精量稀播

王坤庭等研究表明,过高的播种量导致秧苗群体拥挤,通风透光条件恶化,秧苗素质显著降低,机械移栽难度增大,最终造成产量下降;而适宜的稀播模式可扩大秧苗个体生长空间且提高单株养分利用效率,显著改善秧苗的株高、茎粗、根冠比等素质指标;适度延长秧龄有助于秧苗积累更多生物量并优化各秧苗素质指标,通过培育高素质秧苗为栽后高产群体的构建提供保障,从而实现增产目标^[39]。唐承翰等研究表明,通过降低播种量优化秧苗生长空间与资源竞争,有效提升了机插杂交稻的秧苗素质^[39]。高素质秧苗栽插后,其高位分蘖(第 2、第 3 叶位)的发生能力显著增强,进而促进群体形成更高的叶面积指数与干物质积累量,因此获得高产。邵星宇等研究表明,超过 25 d 秧龄的秧苗素质迅速下降;降低播量(从 120 g/盘降至 90 g/盘)与壮秧剂协同处理可显著提升秧苗素质,提高苗期同化物的合成和积累水平,增加秧龄弹性,降低长秧龄秧苗移栽难度,提升长秧龄秧苗机插质量^[40]。

3.4 秧盘类型

贾旋等研究表明,针对南方晚稻的大钵体毯状

苗机插栽培,采用秧龄 35 d 与基质-土壤体积比 2:1 的育秧技术方案,可培育出高素质秧苗,并构建高质量的栽插群体^[23]。秧苗素质与群体结构得到显著改善,最终通过优化产量构成因素实现显著增产,且籽粒成熟度良好。杨松等研究表明,与普通塑料盘相比,大体钵型毯状降解盘透水透气性更佳,机插时秧苗带土成球性好,减轻植伤,秧苗的栽插质量和综合素质显著提高,秧苗快速活棵育苗^[7]。易子豪等认为适当增加钵碗深度有助于降低钵外根质量与钵外根比,从而对水稻秧苗根系形成有效保护,促进根系生长发育,并最终提高产量。钵碗深度为 8 或 12 mm 时,不仅有利于秧盘取秧操作的顺利进行,还能维持较高的秧毯形态完整性,进而保障大钵苗机械插秧质量,并为机插水稻高产奠定基础^[41]。然而,若钵碗深度过大,则易导致取秧操作困难、秧毯质量下降,对机插作业产生不利影响。成臣等研究表明,随着秧龄延长,不同育秧方式下的秧苗在叶龄、苗高、根长、根数及分蘖数等形态指标上均呈现增长趋势;然而,总茎蘖数在移栽后各阶段整体维持在较低水平,最终导致晚粳稻产量显著下降^[42]。在长秧龄条件下,相较于机插毯苗育秧方式,抛秧

盘 353 孔塑盘育秧、434 孔塑盘育秧以及湿润育秧所培育的南方晚稻秧苗,在秧苗综合素质及产量方面均表现更优。

3.5 育秧基质

林育炯等研究表明,与对照相比,轻型无土基质和混合基质可提供充足的速效养分,有效促进秧苗地上部与根系的健壮生长,培育出的秧苗伤秧率和漏秧率低、栽插质量高;其中轻型无土基质通气透水性良好,有利于根系盘结成型;较强的保水保肥能力可减少养分淋溶损失,保障秧苗生长期间的营养供给;较低的容重有助于减轻育秧与插秧作业强度;同时,适宜的含水量与良好的吸水特性能够提高育秧流水线作业效率,并延长基质保质期^[43]。张均华等研究表明,采用营养土育秧时水稻最适机插秧龄为 18 d,轻型无土基质可适当有效延长适栽秧龄,其适宜机插秧龄为 18~24 d^[12]。凌宇飞等研究表明,高密度播种条件下,秸秆基质块育秧盘用量减少,所育秧苗的质量增加,减轻了搬运作业成本^[44]。在 15 d 短秧龄条件下,秸秆基质块应用于超高密度育秧可保持秧苗的生理优势,但随着秧龄延长,秧苗由于竞争养分而衰老加剧。杜益涵等研究表明,打印秸秆基质盘播种育秧较传统育秧模式具有较高的出苗率,秧苗株距离散度较低,秧苗分布匀称,茎基宽及秧苗发根力显著提高,移栽后伤秧率及漏插率较低,机插秧质量和效率大幅提升^[45]。

3.6 水肥管理

牛春荟等研究表明,秧苗素质相关指标随土壤含水量的升高呈下降趋势^[46]。在苗后阶段将土壤含水量控制在 50% 左右时,秧苗在株高、茎基宽等地上部性状,以及根系形态、活力及发根力等地下部指标上均显著优于其他水分处理,精准调控水分管理是培育水稻壮苗的有效途径。王泰毅等研究表明,离乳期将土壤水分含量控制在 50%~60% 时,可控制秧苗株高的快速增长,并显著提高秧苗茎基宽、充实度和壮秧指数^[47]。刘兵研究表明,秧龄 30 d 的水稻秧苗在微喷灌旱育秧技术处理后综合素质、机插质量以及最终产量最佳^[48]。易子豪等研究表明,轻度水分胁迫可激发秧苗生长补偿效应,促进秧苗素质的提高,株高、叶面积、干物质积累量增加;而中度和重度水分胁迫则抑制秧苗生长,导致株高降低、叶面积减小、根系发育受阻、干物质积累量显著下降^[49]。控制土壤水势在 -60 kPa 时提高秧苗素质的效果最好。

区惠平等研究表明,利用钵盘育秧技术并配合施用控释尿素,以秧肥替代常规田间施肥方式,在减少 30% 常规施氮量的条件下,可显著提升秧苗质量、水稻穗数、稻谷产量和氮吸收量^[50]。陈功磊等研究表明,与常规育秧相比,接触施肥育秧显著增加秧苗生物量并促进养分积累;大田相同施肥水平下,能够增加水稻产量,提高氮肥利用率^[51]。何勇等研究表明,印度梨形孢(*Piriformospora indica*)与复合肥配施能显著增加秧苗的内源激素水平、生物量、叶绿素含量、根系活力及硝酸还原酶活性水平,从而促进水稻秧苗生长发育^[52]。

3.7 化控剂施用

毋翔等研究表明,生物炭基质中添加 2,4-表油菜素内酯(EBR)能显著改善水稻秧苗的根系活力和根系形态,根系的盘结力大幅提高;同时通过诱导水稻秧苗体内抗氧化酶(SOD、POD、CAT)活性及相关基因的上调,并增加可溶性糖与蛋白的积累,从而在生理与分子水平上协同改善秧苗发育状况,促进秧苗生长^[53]。廖莎等研究表明,施用烯效唑能有效促进秧苗栽后新根与新叶的发生,加速返青进程,以基施方式效果最显著,不仅能增强秧苗的单株与群体分蘖能力,还能延长有效分蘖期,推迟分蘖高峰出现的时间,进而有利于构建更合理的群体结构^[54]。张均华等研究表明,秧龄超过 24 d 时,烯效唑浸种处理的营养土育秧晚稻的有效穗数和每穗粒数显著增加,且该增产效应随秧龄延长而愈加显著;与之相比,在长秧龄条件下,烯效唑浸种对轻型无土基质所育秧苗的秧块质量有一定改善作用,但其增产效果未达显著水平^[12]。龙瑞平等研究表明,在旱育秧条件下,当秧龄短于 30 d 时,采用降低播种量协同 1 叶 1 心期多效唑喷施的调控措施,可有效抑制秧苗徒长现象,并使产量随秧龄的增长呈上升趋势;当秧龄超过 30 d 后,多效唑喷施与否对同秧龄秧苗的最终产量未产生显著调控差异^[55]。张震针对长秧龄秧苗秧龄弹性小、栽插难度大的问题,采用喷施和浸种两种处理方式施用烯效唑(S3307),通过调控秧苗形态建成及生理代谢特性,提高秧龄弹性和成苗率^[56]。除了以上的化控剂之外,芸苔素内酯、萘乙酸、壳寡糖等化控剂也广泛用于水稻秧苗生长。

由上述内容可以得出,通过育秧技术与装备、育秧方式、精量稀播、秧盘类型、育秧基质、水肥管理、化控剂施用的系统集成,培育出根系发达、茎基宽厚、带蘖率高、抗逆性强且适配机械化栽插的长

秧龄(秧龄 25 ~ 30 d)壮秧,最终实现稻麦茬口有效衔接与周年高产稳产。

4 展望

南方稻-麦两熟制对保障我国粮食安全举足轻重。水稻长秧龄(25 ~ 30 d)壮秧培育可有效缓解稻-麦两熟区的茬口矛盾,实现周年高产、稳产和优质;但秧龄超过一定阈值(35 d 以上)则会导致秧苗素质弱,不利于发棵,易致死苗、僵苗,群体质量差、产量低。现有长秧龄秧苗仍普遍存在苗弱、分蘖发生受阻、断叶和黄叶多、苗太高机插易搭桥伤秧、返青期长等影响机插质量和丰产高效的瓶颈问题,亟须研究育秧方式、播种量、秧盘类型、育秧基质、养分、水分和化控管理下随秧龄增长对秧苗素质影响的效应,建立播种量、养分、水分和化控与长秧龄苗质、成毯性、抗植伤能力的定量关系模型,明确机艺融合的长秧龄壮秧形态生理指标与培育的农艺参数,研发水稻低播量成毯壮苗与带蘖调控技术,大幅度提高水稻长秧龄大苗工厂化育秧秧苗素质,以期成为南方稻-麦两熟制的发展提供育插秧技术支撑。

参考文献:

- [1] 陈长青,李伟玮,朱相成,等. 江淮稻-麦两熟种植制度对气候变暖的适应[J]. 作物学报,2021,47(11):2250-2257.
- [2] 胡雅杰,张海鹏,郭保卫,等. 中国水稻机械化精简化栽培技术发展历程与展望[J]. 农业工程学报,2025,41(16):13-24.
- [3] Li Y X,Liu Y,Wang Y H,et al. Effects of seedling age on the growth stage and yield formation of hydroponically grown long-mat rice seedlings[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2020,19(7):1755-1767.
- [4] Cao J,Li X X,Wang F,et al. The responses of yield performance to seedling ages with varied seeding or transplanting dates of middle-season rice in Central China[J]. Journal of Plant Growth Regulation,2022,41(8):3153-3168.
- [5] 张 军,方书亮,周冬冬,等. 淮北地区长秧龄麦茬机插优质食味粳稻产量及品质特征[J]. 中国农学通报,2022,38(10):1-8.
- [6] Li Y X,Luo H H,Yin Y A,et al. Enhancing grain yield and operational feasibility by transplanting young hydroponically grown long-mat rice seedlings[J]. Agronomy Journal,2019,111(5):2303-2313.
- [7] 杨 松,贾一磊,王进友,等. 毯苗机插水稻稀播长秧龄农机与农艺相配套技术研究[J]. 中国稻米,2020,26(2):73-76,79.
- [8] 张祖建,王 君,郎有忠,等. 机插稻超秧龄秧苗的生长特点研究[J]. 作物学报,2008,34(2):297-304.
- [9] 王 斌,吴文革,周永进,等. 秧龄和二次化控对机插水稻毯状育苗综合素质及产量的影响[J]. 中国农业科技导报,2014,16(4):133-142.
- [10] 李旭毅,池忠志,姜心禄,等. 农艺措施对成都平原两熟区机插超级稻长秧龄秧苗生长的影响[J]. 作物学报,2012,38(8):1544-1550.
- [11] 王静静,唐小洁,张 鹏,等. 稀落谷长秧龄对机插水稻秧苗素质、栽插质量及产量的影响[J]. 中国稻米,2019,25(6):83-85.
- [12] 张均华,林育炯,黄 洁,等. 基质类型及烯效唑对不同秧龄晚稻机插质量和产量的影响[J]. 农业工程学报,2018,34(1):44-52.
- [13] 赵 敏,钟晓媛,田青兰,等. 育秧环境与秧龄对杂交籼稻秧苗生长及机插质量的影响[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版),2015,41(5):537-546.
- [14] 滕 飞,陈惠哲,曾研华,等. 不同秧龄对双季机插晚稻生长特性与产量形成的影响[J]. 中国农学通报,2014,30(30):95-100.
- [15] 刘奇华,吴 修,陈博聪,等. 长秧龄机插稻氮素利用特性及其与环境温度的相关性[J]. 农业工程学报,2013,29(22):23-31.
- [16] 赵 敏. 育秧环境与秧龄对杂交籼稻秧苗生长、机插质量和干物质积累的影响[D]. 雅安:四川农业大学,2016:35-36.
- [17] 吕腾飞,周 伟,孙永健,等. 不同秧龄和氮肥运筹对杂交籼稻株型的影响[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版),2015,41(2):169-178.
- [18] 李应洪,孙永健,李 玥,等. 不同秧龄下机插方式与密度对杂交稻根系生长及氮素利用特征的影响[J]. 中国水稻科学,2017,31(6):599-610.
- [19] 王坤庭,冯 源,刘梦竹,等. 播种量和秧龄对机插籼粳杂交稻秧苗素质、产量和加工品质的影响[J]. 中国稻米,2024,30(3):91-97.
- [20] 姜心禄,李旭毅,池忠志,等. 3 种秧苗不同秧龄机插对水稻产量性状的影响[J]. 西南农业学报,2015,28(6):2444-2450.
- [21] 霍中洋,魏海燕,张洪程,等. 穗肥运筹对不同秧龄机插超级稻宁粳 1 号产量及群体质量的影响[J]. 作物学报,2012,38(8):1460-1470.
- [22] 贾现文,朱起超,杨志远,等. 移栽秧龄对机插杂交稻产量及群体质量的影响[J]. 农业工程学报,2014,30(12):18-25.
- [23] 贾 旋,宋建农,王继承,等. 秧龄和基土比对机插大钵体毯状苗晚稻群体质量和产量的影响[J]. 农业工程学报,2022,38(12):1-11.
- [24] 王强盛,管永祥,章 泳,等. 水稻大苗机插存在问题及技术途径[J]. 中国稻米,2018,24(4):24-26.
- [25] 文喜贤,孙明珠,刘凯丽,等. 基于育秧机插新技术创制的中国双季稻区“稻-稻-油”三熟制模式优化研究[J]. 中

- 国农学通报,2024,40(20):9-19.
- [26] 阿什日轨,张荣萍,周宁宇,等. 长秧龄条件下施氮量对杂交稻分蘖特性和产量的影响[J]. 杂交水稻,2022,37(6):97-103.
- [27] He W J, He B, Wu B Y, et al. Growth of tandem long-mat rice seedlings using controlled release fertilizers: mechanical transplantation can be more economical and high yielding[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2023, 22(12): 3652-3666.
- [28] Feng Y, Liu M Z, Wang K T, et al. Optimal seeding rate enhances seedling quality, mechanical transplanting quality, and yield in hybrid rice[J]. Frontiers in Plant Science, 2024, 15: 1427972.
- [29] Xue K, Gao K J, Kuang F M, et al. Machinery-plant-paddy soil coupling model based numerical simulation method of mechanical transplanting process of big rice seedling[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2022, 198: 107053.
- [30] Wang T J, Shi M H, Xi D D, et al. Injury mechanisms in high-speed transplanting of over aged rice seedlings[J]. Biosystems Engineering, 2024, 248: 142-155.
- [31] 汪珽珽. 水稻长秧龄大苗机插损伤的定量评价与模型构建[D]. 合肥: 安徽农业大学, 2024: 43-45.
- [32] 张青, 王明, 朱孔志, 等. 杂交水稻制种亲本印刷粘种育秧特性及其机插效果研究[J]. 杂交水稻, 2025, 40(1): 70-78.
- [33] 刘爱民, 唐文帮. 杂交水稻种子生产加工机械化技术的进步与发展[J]. 中国稻米, 2025, 31(4): 71-78.
- [34] 付正豪, 马中涛, 魏海燕, 等. 不同机械化栽培方式下控释肥配比对迟熟中梗水稻产量形成及氮素吸收利用的影响[J]. 作物学报, 2022, 48(1): 165-179.
- [35] 习敏, 吴文革, 许有尊, 等. 钵苗机插密度对不同穗型杂交籼稻生长和产量形成的影响[J]. 福建农业学报, 2021, 36(7): 735-741.
- [36] 原培超, 纪要, 张文毅, 等. 水稻钵苗机械化移栽研究现状及展望[J]. 中国农机化学报, 2025, 46(4): 29-34, 57.
- [37] 王亚梁, 朱德峰, 陈若霞, 等. 杂交稻低播量精准条播育秧机插提高群体均匀度和产量的效应分析[J]. 中国农业科学, 2022, 55(4): 666-679.
- [38] 朱德峰, 王亚梁, 陈惠哲, 等. 杂交稻精准播种育秧机插技术[J]. 中国稻米, 2021, 27(5): 19-22.
- [39] 唐承翰, 王晶卿, 陈惠哲, 等. 杂交稻条播育秧机插秧苗素质对产量的影响[J]. 中国水稻科学, 2025, 39(2): 245-254.
- [40] 邵星宇, 陈英龙, 王洋, 等. 播量与壮秧剂对超秧龄水稻秧苗素质的影响[J]. 江苏农业科学, 2021, 49(18): 77-83.
- [41] 易子豪, 朱德峰, 朱从桦, 等. 不同规格大钵育秧盘育秧对水稻秧苗生长和产量的影响[J]. 中国农机化学报, 2018, 39(10): 18-21.
- [42] 成臣, 雷凯, 吕伟生, 等. 不同育秧方式和秧龄对南方晚粳稻秧苗素质及产量的影响[J]. 杂交水稻, 2019, 34(6): 46-51.
- [43] 林育炯, 张均华, 胡继杰, 等. 不同类型基质对机插水稻秧苗生理特征及产量的影响[J]. 农业工程学报, 2016, 32(8): 18-26.
- [44] 凌宇飞, 胡群, 夏宇欣, 等. 秸秆基质块超高密度育秧对水稻毯苗素质及机插适应性的影响[J]. 农业工程学报, 2025, 41(7): 22-35.
- [45] 杜益涵, 肖红娟, 沙春阳, 等. 打印秸秆基质盘播种对水稻秧苗素质、栽插质量及产量的影响[J]. 中国稻米, 2023, 29(2): 81-84.
- [46] 牛春芸, 钱永德, 汪秀志, 等. 播种量和苗后水分管理对寒地水稻秧苗素质的影响[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(3): 110-115.
- [47] 王泰毅, 钱永德, 陈书强, 等. 离乳期水分胁迫对寒地水稻秧苗素质及产量的影响[J]. 北方水稻, 2025, 55(4): 8-12.
- [48] 刘兵. 微喷早育不同秧龄对水稻秧苗素质及产量结构的影响[J]. 上海农业科技, 2022(3): 49-51.
- [49] 易子豪, 朱德峰, 王亚梁, 等. 水分亏缺对水稻秧苗素质的影响及调控[J]. 中国稻米, 2020, 26(6): 32-36.
- [50] 区惠平, 彭嘉宇, 孙巧玉, 等. 钵盘育秧一次性施氮对水稻秧苗质量、产量提升和稻田氮磷减排的协同效应[J]. 植物营养与肥料学报, 2025, 31(6): 1226-1238.
- [51] 陈功磊, 颜栋, 汪吉东, 等. 水稻育秧盘接触施肥对秧苗生长、养分氮磷钾的释放特征和水稻产量的影响[J]. 中国农学通报, 2025, 41(14): 52-60.
- [52] 何勇, 张诗鸾, 王志成, 等. 印度梨形孢与复合肥组合施用对水稻机插秧秧苗素质的影响[J]. 中国水稻科学, 2025, 39(3): 412-422.
- [53] 毋翔, 张义凯, 张鹏, 等. 2,4-表油菜素内酯对生物炭基质育秧水稻秧苗根系生长及生理特性的影响[J]. 中国水稻科学, 2024, 38(6): 685-694.
- [54] 廖莎, 谭雪明, 李木英, 等. 稻草基质育秧不同烯效唑处理对水稻秧苗生理活性及栽后生长的影响[J]. 江苏农业科学, 2020, 48(18): 96-102.
- [55] 龙瑞平, 李贵勇, 夏琼梅, 等. 不同秧龄与多效唑喷施对机插水稻生长特性的影响[J]. 江苏农业科学, 2017, 45(19): 158-160.
- [56] 张震. 外源调节剂对长秧龄机插秧苗素质的影响[D]. 南京: 南京农业大学, 2020: 56.

Research Progress in Cultivation Technology of Long-aged Strong Seedlings by Mechanical Transplanting in Rice–Wheat Rotation Cropping Areas

Jiang Yue¹, Zhu Jizou¹, Zhang Xiang¹, Song Yanqi¹, Chen Yifan¹, Ma Weiyi¹, Wang Lulu^{1,2}, Meng Tianyao²,
Chen Yinglong¹, Gao Pinglei¹, Dai Qigen¹, Wei Huanhe¹

(1. Jiangsu Key Laboratory of Crop Genetics and Physiology / Jiangsu Key Laboratory of Crop Cultivation and Physiology / Jiangsu Co-Innovation Center for Modern Production Technology of Grain Crops / Research Institute of Rice Industrial Engineering Technology, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China; 2. Joint International Research Laboratory of Agriculture and Agro-product Safety, Ministry of Education / Institute of Agricultural Science and Technological Development, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China)

Abstract: Under the rice-wheat rotation cropping system, the tight cropping schedule poses significant challenges, and the significant yield losses occur due to long-seedling-age machine transplanting, which seriously restricts the high-yield and high-quality potential of rice and wheat. This article summarizes the effects of machine-transplanted rice seedling age on seedling quality, mechanical-transplanting quality, dry matter and nutrient accumulation, grain yield and its components, and rice grain quality, analyzes the growth and development characteristics of long-seedling-age machine-transplanted rice, and analyzes the advantages and problems of long-seedling-age machine-transplanted rice. Furthermore, the key agronomic aspects of machine-transplanted long-seedling-age and strong seedling cultivation in rice-wheat rotation cropping areas are proposed, with regard to seedling cultivation technology and equipment, seedling cultivation methods, precision and sparse sowing, seedling tray types, seedling substrate, water and fertilizer management, and plant growth regulators application. Finally, the enhancing research for the cultivation of long-seedling-age and strong seedlings in rice-wheat rotation cropping areas is discussed.

Key Words: Rice-wheat rotation cropping areas; Machine-transplanted rice; Long-seedling-age and strong rice seedlings; Yield; Quality

(上接第 7 页)

Assembly Characteristics of Buckwheat Rhizosphere Microbiome Revealed by Full-Length 16S rRNA Sequencing

Li Chengpeng¹, Wu Xiaoyang¹, Rao Min², Yang Jun¹, Zhang Yanjun³, Tang Cuifeng¹

(1. Biotechnology and Germplasm Resources Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650223, China;
2. Yuxi Institute of Inspection, Testing and Certification, Yuxi 653100, China;
3. Yuxi Academy of Agricultural Sciences, Yuxi 653100, China)

Abstract: The microbial community in the rhizosphere environment is crucial for the health of terrestrial plants and soil ecological function. This study aimed to characterize the composition and structure of the rhizosphere microbial community of buckwheat (*Fagopyrum tataricum*). Buckwheat grown in farmland was used as the experimental material in Kunming, Yunnan Province, full-length 16S rRNA gene high-throughput sequencing was employed to compare the microbial communities in the rhizosphere and bulk soil. The results showed that the samples exhibited considerable diversity across taxonomic levels, with 19 phyla, 36 classes, and 257 genera identified. At the phylum level, Bacteroidota, Proteobacteria and Verrucomicrobiota were the core taxa across all samples. Principal component analysis revealed a clear separation between the rhizosphere and bulk soil samples along the principal component axes, indicating that buckwheat roots significantly shape the rhizosphere microbial community structure. Furthermore, eight operational taxonomic units (OTUs) were identified as significantly enriched in the buckwheat rhizosphere. The OTUs primarily belonged to the genera *Ferruginibacter*, *Flaviumibacter*, *Flavisolibacter* and *Terrimonas*.

Key Words: Buckwheat; Rhizosphere microbiome; Full-length 16S rRNA sequencing; Plant-microbe interaction; Probiotic resources

董林林,严 凯,盛雪雯,等. 肥料类型与施用方式对稻田固碳减排和水稻产量的影响[J/OL]. 大麦与谷类科学,2026,43(3):23–31 (2026–04–28). DOI:10.14069/j.cnki.32–1769/s.2026.03.004.

肥料类型与施用方式对稻田固碳减排和水稻产量的影响

董林林^{1,2,4},严 凯³,盛雪雯³,施林林^{1,2,4},陆长婴^{1,2,4},王海候^{1,2,4},吴正贵^{3*}

(1. 农业农村部土壤质量苏州野外科学观测研究站,江苏 苏州 215155;2. 苏州市农业科学院,江苏 苏州 215105;

3. 苏州市农业技术推广中心,江苏 苏州 215008;4. 苏州市耕地质量监测与保育重点实验室,江苏 苏州 215105)

摘要:肥料类型与施用方式对温室气体排放和肥料利用的影响重大。本研究在太湖地区开展常规化肥表施、缓混肥表施与浅施的田间试验,比较研究肥料类型和施用方式对稻田温室气体排放和肥料利用率的影响。结果表明:常规化肥表施处理的水稻氮肥偏生产力较缓混肥表施和浅施处理分别高 12.07%和 11.27% ($P < 0.05$),缓混肥表施与浅施处理间水稻产量和肥料利用率差异无统计学意义;常规化肥表施处理下 CH_4 排放量较缓混肥表施和浅施处理分别高 41.44%和 28.70% ($P < 0.01$);缓混肥表施和浅施处理的 N_2O 排放量较常规化肥表施处理分别高 35.11%和 25.78%,缓混肥表施更有利于降低 CH_4 排放,但会增加 N_2O 排放,温室气体排放强度增加。水稻种植前后,常规化肥表施处理的土壤有机碳含量下降了 6.25%,缓混肥表施和浅施处理的土壤有机碳含量分别增加了 6.02%和 8.19%。水稻产量与产量构成和土壤有机碳含量对 CH_4 和 N_2O 排放的影响显著,缓混肥浅施并追施尿素对稻田土壤固碳减排具有重要意义。

关键词:常规化肥;缓混肥;土壤有机碳;温室气体;氮肥偏生产力

中图分类号:S511

文献标志码:A

文章编号:1673–6486–20250130

温室气体浓度升高导致的全球气候变暖影响了施肥、灌溉等农田管理措施的应用^[1–2]。土壤有机碳(SOC)是衡量土壤肥力的关键指标,也是影响陆地生态系统碳循环的重要因素^[3–4]。农业生产措施对土壤有机碳产生强烈影响,适宜的生产措施可促进土壤有机碳固存,减缓土壤有机碳的矿化分解,降低大气中温室气体浓度,减弱因温室效应增强而引发的气候变暖^[5–6]。

在众多农田管理措施中,肥料类型及施用方式是影响稻田生态系统固碳减排最为重要的因素。适量施肥或增加肥料施入深度既有利于土壤有机碳累积,也可减少温室气体排放,因此,减少化肥用量和增加施肥深度被认为是促进农田生态系统固碳减排的有效措施^[7–8]。与常规化肥相比,缓混肥中氮、磷、钾的缓慢释放可提供较长时间的养分供应,并

促进作物生长,特别是作物根系的生长能增加深层土壤有机碳含量^[9–10]。郭松等研究表明,缓混肥一次性基施可有效降低氨挥发和温室气体排放,当缓混肥追施尿素的施氮质量比例为 7 : 3 时既可增产又能减少温室气体排放,属丰产减排型施肥模式^[11];杨明达研究表明,缓混肥机械侧条施肥处理下可显著降低氨挥发和 CH_4 、 N_2O 排放,通过提高有效穗数来增加水稻产量和氮肥利用率^[12];孟铁研究指出,一次性基施缓混肥显著提高了水稻的有效穗数和群体颖花量,既提高了水稻产量和品质,也降低了温室气体排放^[13]。然而,也有不少研究认为施用化肥会促进 SOC 的矿化分解,降低其储量,并增加温室气体排放。李琳等研究发现,施用化肥会增加秸秆还田土壤的 CH_4 排放,并在插秧后第 15 天和第 35 天出现 N_2O 排放高峰,增强温室效应^[14];Li 等研究发现,施用缓混肥可降低稻田 CH_4 排放,对减缓全球变暖具有积极作用^[15–16];曹玉东等在湖北省进行的田间试验表明,侧深施肥技术显著提高了水稻产量、养分吸收量和肥料利用率,水稻种植的经济效益明显提高^[17];陈京都等研究表明,缓混肥和常规化肥水稻机插侧深施肥技术可有效提高水稻产量和降低人工成本,增产增效明显^[18]。因此,肥料类型和施用方式对稻田固碳减排和丰产增效具有重要意义。

收稿日期:2025–12–22;修回日期:2026–04–20。

基金项目:苏州市农业科技创新项目(SNG2022071);江苏省碳达峰碳中和专项(BE2022308);苏州市碳达峰碳中和科技重点专项(ST202228)。

作者简介:董林林(1979—),女,博士,副研究员,主要从事农田管理与土壤培肥研究。Email: jinjindoudou2005@163.com。

* 通信作者:吴正贵(1973—),男,高级农艺师,主要从事农作物栽培研究与技术推广工作。Email: 807425007@qq.com。

太湖地区是我国重要的粮食产区,水稻生产对化肥的依赖性强,施肥强度较高。基于缓混肥具有养分释放缓慢、一次性施用可节约劳动力投入等方面的优势,近年来在太湖地区得到广泛的推广运用。基于此,本研究在太湖地区开展了常规化肥和缓混肥表施与深施的稻麦轮作试验,比较研究肥料类型和施用方式对稻田温室气体排放、土壤有机碳变化和水稻产量的影响,为采用适宜的肥料及施用方式促进土壤固碳减排和水稻高效生产提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 试验地点

试验地点位于苏州市相城区望亭镇北苏州市农业科学院(120°25′26″E、31°27′16″N)内,属亚热带季风气候,年降水量 1 128 mm,年均温度 15.7℃,有效积温 4 947℃·d(>10℃)。土壤类型为重壤质黄泥土,土壤有机碳含量(质量分数,下同)20.82 g/kg,全氮含量为 1.82 g/kg,速效磷含量为 32.71 mg/kg,速效钾含量为 166.25 mg/kg, pH 值为 6.21。

1.2 试验设计

试验布设于 2024 年,包括常规化肥表施(对照, T1)和缓混肥一次性基施 2 种肥料类型,常规化肥表施是常规化肥(尿素+磷肥+钾肥)以基肥形式表施,并追施尿素作分蘖肥和穗肥;缓混肥一次性基施包括缓混肥表施(T2)和缓混肥浅施(T3)2 种方式。试验共设 3 个处理,为便于机械化耕作,本试验进行大区设计,常规化肥表施处理的田块面积为 1 503.5 m²,水稻机插秧前,常规化肥以人工撒施方式表施于稻田;缓混肥表施处理的田块面积为 720.4 m²,水稻机插秧前缓混肥以人工撒施方式表施于稻田;缓混肥浅施处理的田块面积为 720.4 m²,水稻机插秧前缓混肥经人工撒施并借助旋耕机浅旋,旋耕深度约 5 cm,缓混肥带入深度约 5 cm。供试水稻品种为常规粳稻宁香粳 9(源自宁粳 1 号/武软 2//宁粳 3 号,南京农业大学水稻研究所选育),全生育期为 153.9 d。试验用氮肥为尿素(执行标准:GB/T 2440—2017《尿素》,总氮含量(质量分数,下同)≥46%),磷肥为过磷酸钙(执行标准:GB/T 20413—2017《过磷酸钙》,P₂O₅含量≥12.0%),钾肥为氯化钾(执行标准:37918—2019《肥料级氯化钾》,K₂O 含量≥60%),缓混肥中 N、P₂O₅、K₂O 的质量比为 30:6:12

[执行标准:GB/T 21633—2020《掺混肥料(BB 肥)》、GB/T 23348—2009《缓释肥料》]。稻前小麦收获后,麦秸秆采用机械切碎 5~10 cm 后旋耕还田。

1.3 田间管理

3 种处理作物全生育期田间管理一致。于 2024 年 6 月 18 日进行水稻机插秧,栽插密度为 30 cm×12 cm,11 月初收获。3 种处理氮肥用量相同,均为纯氮 270 kg/hm²。施用常规化肥的处理氮肥(尿素)按基肥、蘖肥、穗肥的质量比为 3:4:3 施用,分蘖肥和穗肥追施尿素,其中分蘖肥按质量比 4:6 分 2 次于 6 月 24 日和 7 月 9 日施入,撒施量分别为 71.8、107.7 kg/hm²,穗肥于 8 月 14 日施入,撒施量为 134.7 kg/hm²;磷、钾肥用量均为 67.5 kg/hm²,磷肥作基肥一次性施入,钾肥基肥和穗肥各半,施用量均为 43.0 kg/hm²。缓混肥作基肥一次性施入,施氮量为 270 kg/hm²,磷肥和钾肥施用量分别为 54、108 kg/hm²,后期不追施分蘖肥和穗肥。

1.4 样品采集与分析

温室气体采集与测定采用静态箱-气相色谱法,于 2024 年水稻插秧后第 3 天采集温室气体样品,之后每 7 d 进行一次采气,孕穗期至水稻收获期间(9 月初至 10 月底)每 10 d 采集温室气体,每个处理 3 次重复,借助安捷伦 7890B 气相色谱仪测定 CH₄ 和 N₂O 的浓度。静态箱由透明有机玻璃制成,分顶部箱体、底部箱体和底座等部分。顶部箱体长、宽、高均为 50 cm,底部箱体长和宽均为 50 cm,高 60 cm,底座的长和宽均为 50 cm,高为 15 cm,底箱和底座顶部均设有 4 cm 凹槽。采集气样时,凹槽内保持一定的水量以确保箱体的密闭性。借助自采气装置将进气管与箱体一侧通气孔连接,设自动采集气体 4 次,每 2 次间隔时间 10 min,采气体自带温度传感器,采气时记录箱体内温度,将采集的气体装于 0.25 L 铝箔气袋(4 连装)。

按照生态学采样方法采集水稻和土壤样品,将每个大区分为 3 个小区,每个小区 3 次重复。水稻成熟期每个处理采集 3 个 2 m² 的样方测定水稻产量,并测定水稻千粒质量、结实率等产量构成要素。水稻收获后采集 0~20 cm 土壤样品 1.0 kg,每个处理 3 次重复,每个重复样品由 3 个不同的点位样品混合而成,共采集了 9 个点位的样品。采集的土壤样品经风干后剔除草根等杂质,研磨至 60 目。采用重铬酸钾外加热法测定土壤有机碳含量,测定方法参考《土壤农业化学分析方法》^[19]。

1.5 数据计算

运用安捷伦 7890B 气相色谱仪(美国安捷伦公司)测定 CH₄ 和 N₂O 的浓度,根据公式(1)—(4)计算温室气体排放通量和排放量、温室气体增温潜势和排放强度^[14];根据公式(5)—(7)分别计算水稻收获指数、草谷比和氮肥偏生产力。

$$F=\rho\times273/(273+T)\times H\times(dC/dt); \quad (1)$$

$$T_c=\sum(R_i\times D_i); \quad (2)$$

$$A(GWP)=F_{CH_4}\times28+F_{N_2O}\times265; \quad (3)$$

$$B(GHGI)=A(GWP)/Y; \quad (4)$$

$$\text{收获指数}=\text{水稻产量}/\text{地上部生物量}; \quad (5)$$

$$\text{草谷比}=\text{水稻秸秆质量}/\text{籽粒质量}; \quad (6)$$

$$\text{氮肥偏生产力}=\text{产量}/\text{施氮量}。 \quad (7)$$

式中: F 为 CH₄ 或 N₂O 排放通量,单位分别为 mg/(m²·h)和 μg/(m²·h); ρ 为标准大气压下的气体密度,CH₄ 为 0.714 kg/m³,N₂O 为 1.25 kg/m³; T 为采样过程中箱内的平均温度(℃); H 为采样箱净高度(m); dC/dt 为采样时间内气体浓度随时间变化的直线斜率。 T_c 为各个生育期 CH₄ 或 N₂O 排放量, R_i 为相邻 2 次测定排放量的均值, D_i 为相邻 2 次测定日期的间隔天数(d); F_{CH_4} 和 F_{N_2O} 分别为稻田 CH₄ 和 N₂O 的累积排放量(t/hm²); Y 为作物产量(t/hm²);GWP 为温室气体增温潜势(kg/hm²),其值用 A 表示;GHGI 为温室气体排放强度(kg/kg),其值用 B 表示。全生育期的 CH₄、N₂O 排放总量为各个生育期排放量之和。CH₄ 和 N₂O 排放通量为 3 次重复的平均值。

1.6 数据处理

单因素方差分析用于检验不同肥料类型和施用方式下温室气体排放量、土壤有机碳和水稻产量间的差异,确定肥料类型和施用方式对稻田温室气

体排放、土壤有机碳变化和水稻产量的影响。主成分分析用于明确影响稻田温室气体排放的主要因素。Pearson 相关分析用于检验稻田温室气体排放、土壤有机碳与水稻产量间的相关性。数据处理与分析借助 Excel 2023 和 SPSS 23.0 软件完成。

2 结果与分析

2.1 肥料类型和施用方式对水稻产量和产量构成的影响

由表 1 可知,肥料类型和施用方式对水稻产量和产量构成产生重要影响。常规化肥表施处理的水稻产量显著高于缓混肥表施和浅施处理,分别达 12.14%和 11.26%($P<0.01$),缓混肥浅施的产量高于表施。常规化肥表施处理的水稻千粒质量较缓混肥表施和浅施处理分别低 9.58%和 5.48%($P<0.05$);缓混肥表施和浅施处理的水稻结实率较常规化肥表施处理分别高 26.52%和 23.18%,草谷比较常规化肥表施处理分别高 13.68%和 18.95%,差异均具有高度统计学意义($P<0.01$);常规化肥表施处理的水稻穗数高于缓混肥表施,但低于缓混肥浅施处理,3 个处理间差异无统计学意义。常规化肥表施处理的穗粒数最高,较缓混肥表施和浅施处理分别高 11.88%和 1.43%,缓混肥浅施处理的穗粒数较缓混肥表施处理高 10.30%($P<0.05$),缓混肥表施不利于提高水稻穗粒数。常规化肥表施处理的水稻收获指数较缓混肥表施和浅施处理分别显著高 6.25%和 8.51%($P<0.01$),常规化肥表施处理更有利于提高水稻收获指数。

表 1 不同类型的肥料及施用方式下的水稻产量和产量构成

指标	常规化肥表施	缓混肥表施	缓混肥浅施
产量/(t/hm ²)	8.50 ± 0.08 A	7.58 ± 0.14 B	7.64 ± 0.20 B
千粒质量/g	18.98 ± 0.13 b	20.99 ± 0.15 a	20.08 ± 0.49 a
结实率/%	64.18 ± 0.31 B	81.20 ± 1.29 A	79.06 ± 4.03 A
穗数/(万个/667 m ²)	19.14 ± 0.00 a	18.31 ± 0.21 a	19.75 ± 0.00 a
穗粒数/(粒/穗)	188.33 ± 10.04 a	168.33 ± 1.20 b	185.67 ± 7.22 a
草谷比	0.95 ± 0.03 B	1.08 ± 0.06 A	1.13 ± 0.04 A
收获指数	0.51 ± 0.01 A	0.48 ± 0.01 B	0.47 ± 0.09 B

注:表中不同小写字母代表同一指标不同施肥方式下差异具统计学意义($P<0.05$),不同大写字母表示同一指标不同施肥方式下差异具高度统计学意义($P<0.01$)。表 2 同。

本试验中,缓混肥表施或浅施处理的产量均未超过常规化肥表施,未达到增产效果。缓混肥一次性施用后其养分的缓慢释放可在水稻成穗后提供相对充足的养分供应,因此,2个施用缓混肥的处理水稻千粒质量高于常规化肥表施,而且缓混肥的养分释放使得稻谷更加饱满,瘪谷粒更少,水稻的结实率更高。施用常规化肥的处理在水稻分蘖、抽穗期补充了氮肥,促进了水稻分蘖、成穗和穗粒发育,因此常规化肥表施处理的穗数和穗粒数均高于缓混肥表施处理。缓混肥浅施处理下的水稻穗数和穗粒数接近于施用常规化肥的处理,说明缓混肥浅施处理对穗数和穗粒数的提高效果更好。相对而言,缓混肥中养分的缓慢释放为水稻生长提供了持续的养分供应,促进了水稻生长,特别是水稻秸秆的生长,因此施用缓混肥的2个处理水稻草谷比明显高于常规化肥表施处理,而水稻收获指数却低于常规化肥表施处理。

2.2 肥料类型和施用方式对稻田 CH_4 和 N_2O 排放通量的影响

如图1所示,肥料类型和施用方式对水稻生育期内 CH_4 和 N_2O 排放规律的影响明显,且对不同时期 CH_4 和 N_2O 的排放量产生显著影响。水稻插秧后及分蘖初期,3种施肥处理间 CH_4 排放通量差异明显,施用常规化肥的处理,在水稻机插后第2天(06-20) CH_4 排放通量最高,达 $55.33 \text{ mg}/(\text{m}^2 \cdot \text{h})$,之后缓慢下降,并于施用第一次和第二次分蘖肥时出现2个较低的排放高峰,分蘖期至孕穗期的 CH_4 排放较平稳,齐穗期和扬花灌浆期分别出现排放小高峰,成熟期稻田 CH_4 排放降低(图1-A)。缓混肥表施处理的 CH_4 排放通量在水稻机插后第15天(07-04)最大,为 $27.34 \text{ mg}/(\text{m}^2 \cdot \text{h})$,缓混肥浅施处理的 CH_4 排放通量在水稻机插后第2天(06-20)最高,为 $22.93 \text{ mg}/(\text{m}^2 \cdot \text{h})$,在水稻分蘖盛期、孕穗期和齐穗期施用缓混肥的2个处理分别出现排放小高峰,呈相似的波动变化规律。缓混肥表施处理中,水稻分蘖期的 CH_4 排放通量低于缓混肥浅施处理,抽穗期和齐穗期的 CH_4 排放通量高于缓混肥浅施处理。

如图1-B所示,3种施肥处理均在水稻分蘖期、拔节孕穗期、齐穗期和成熟期出现了 N_2O 排放高峰。受追施分蘖肥的影响,分蘖期和拔节孕穗期出现 N_2O 排放小高峰,拔节孕穗期 N_2O 排放峰值最大且持续时间最长;而分蘖期后稻田搁田、干湿交替的水分管理降低了土壤水分,增加了 N_2O 排放量;水稻齐穗期后因田间水分管理的变化,稻田烤田促使水分减少,使得大量的 N_2O 释放出来,形成 N_2O 排

放小高峰,并持续到水稻成熟期。在水稻分蘖期(07-15)出现了第一个 N_2O 排放小高峰, N_2O 排放通量峰值的大小顺序为:缓混肥表施 > 常规化肥表施 > 缓混肥浅施,可能是因为以基肥形式一次性施入的缓混肥用量远高于常规化肥用量,从而出现较高的 N_2O 排放通量。分蘖盛期,水稻对氮素的需求增加,缓混肥中氮素释放缓慢,作物吸收环境中的氮素,在淹水状态下, N_2O 排放出现负值,呈固氮状态;水稻分蘖后期稻田干湿交替的水分管理促进了 N_2O 的排放,以及缓混肥中氮素的释放,出现了 N_2O 排放高峰值(08-01),且缓混肥表施处理的 N_2O 排放峰值最大,3种施肥处理的 N_2O 排放通量最大值的大小顺序为:缓混肥表施 [$0.47 \text{ mg}/(\text{m}^2 \cdot \text{h})$] > 缓混肥浅施 [$0.45 \text{ mg}/(\text{m}^2 \cdot \text{h})$] > 常规化肥表施 [$0.27 \text{ mg}/(\text{m}^2 \cdot \text{h})$],但常规化肥处理的峰值(08-08)滞后于缓混肥处理,且持续较长时间的排放高值。在齐穗期后(09-27)仅缓混肥浅施处理出现 N_2O 排放通量峰值并逐渐降低,至水稻灌浆期(10-08)出现第三个 N_2O 排放通量小高峰期,峰值大小顺序为:缓混肥表施 > 缓混肥浅施 > 常规化肥表施,由于土壤含水量降低及缓混肥中的氮素释放,加速了稻田 N_2O 排放;随着成熟期落干烤田,土壤水分进一步降低,常规化肥表施处理的 N_2O 排放通量略有增加,并持续至水稻收获期(10-28)。

2.3 肥料类型和施用方式对稻田温室气体排放强度的影响

由表2可知,肥料类型和施用方式显著影响了稻田温室气体排放通量和排放强度。在整个水稻生育期内, CH_4 的平均排放通量和排放量的大小顺序均为:常规化肥表施 > 缓混肥浅施 > 缓混肥表施,常规化肥表施处理下 CH_4 的平均排放通量分别高于缓混肥表施 41.40%和浅施处理 28.60%, CH_4 累积排放量分别高于缓混肥表施 41.44%和浅施处理 28.70%,缓混肥表施处理的 CH_4 排放通量和排放量均低于缓混肥浅施处理。缓混肥表施和浅施处理下 N_2O 的平均排放通量分别高于常规化肥表施处理 34.38%和 25.00%, N_2O 累积排放量分别高于常规化肥表施处理 35.11%和 25.78%,施用常规化肥和缓混肥处理间 N_2O 累积排放量差异具高度统计学意义 ($P < 0.01$)。常规化肥表施处理下温室气体增温潜势最高,分别高于缓混肥表施 9.04%和浅施处理 7.09%,缓混肥表施和浅施处理间差异无统计学意义。常规化肥表施处理下温室气体排放强度最低,分别低于缓混肥表施 20.47%和浅施处理 15.83%,常规化肥表施和缓混肥处理间差异具统计学意义 ($P < 0.05$)。

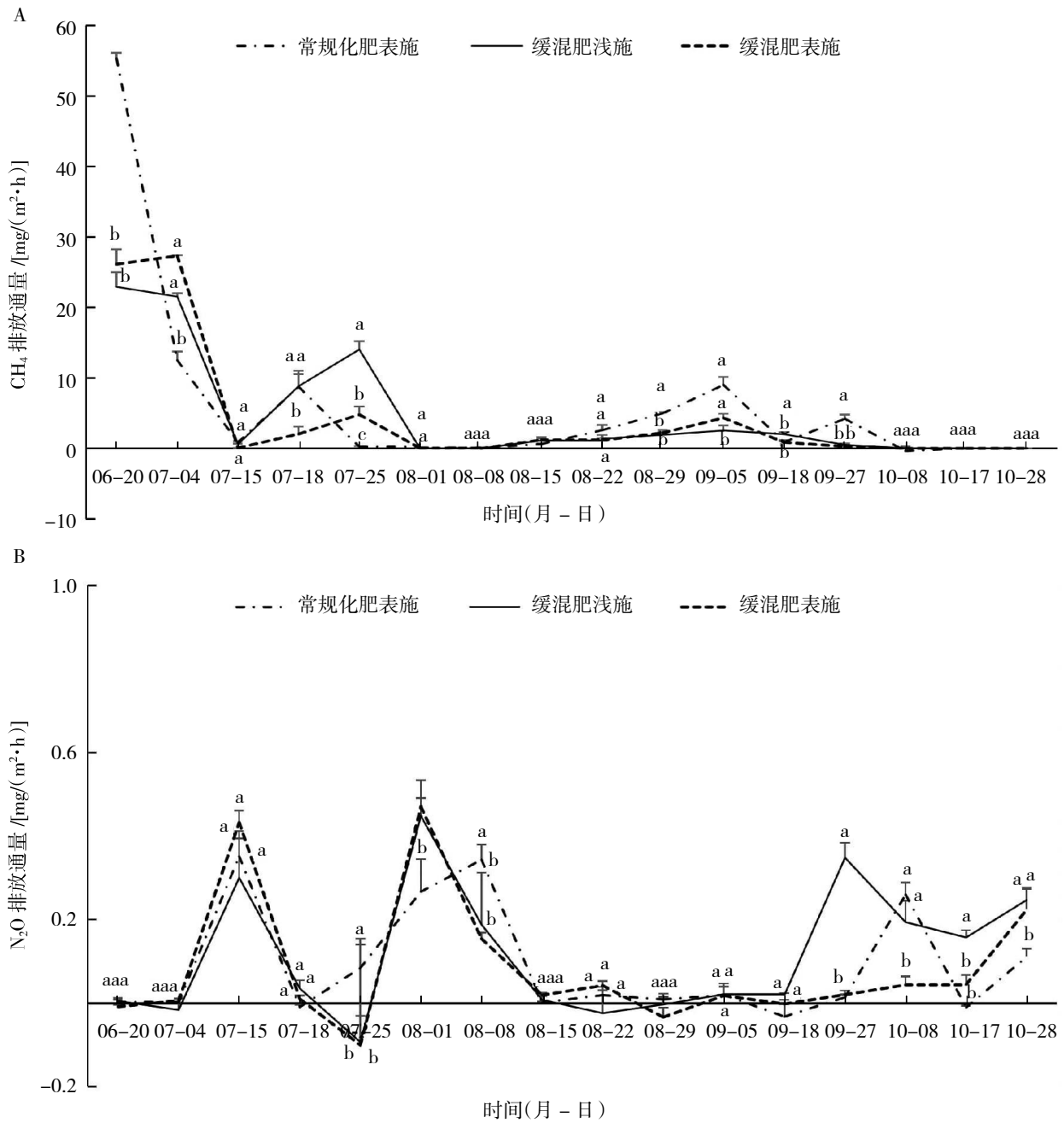


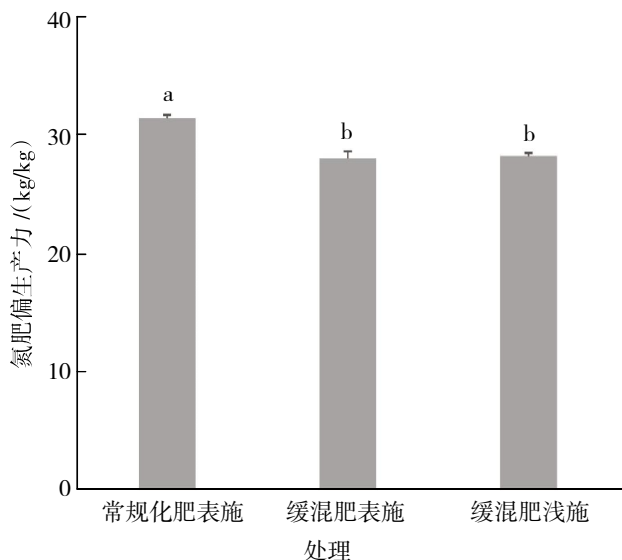
图 1 不同类型肥料及施用方式下 CH_4 (A)和 N_2O (B)的排放通量

表 2 肥料类型和施用方式影响下的稻田温室气体排放

指标	常规化肥表施	缓混肥表施	缓混肥浅施
CH_4 平均排放通量 $[\text{mg}/(\text{m}^2 \cdot \text{h})]$	6.25 ± 0.32 A	4.42 ± 0.16 B	4.86 ± 0.30 B
CH_4 累积排放量 $[(\text{kg}/\text{hm}^2)]$	205.54 ± 10.79 A	145.32 ± 5.10 B	159.70 ± 4.53 B
N_2O 平均排放通量 $[\text{mg}/(\text{m}^2 \cdot \text{h})]$	0.32 ± 0.01 B	0.43 ± 0.02 A	0.40 ± 0.02 A
N_2O 累积排放量 $[(\text{kg}/\text{hm}^2)]$	10.51 ± 0.26 B	14.20 ± 0.50 A	13.22 ± 0.64 A
增温潜势 $[(\text{kg}/\text{hm}^2)]$	$8\,540.20 \pm 292.88$ a	$7\,832.30 \pm 179.50$ a	$7\,975.10 \pm 118.20$ a
排放强度 $[(\text{kg}/\text{kg})]$	1.01 ± 0.04 b	1.27 ± 0.02 a	1.20 ± 0.07 a

2.4 肥料类型和施用方式对氮肥偏生产力的影响

如图 2 所示,常规化肥表施处理的氮肥偏生产力较缓混肥表施和浅施的处理分别高 12.07% 和 11.27%,差异具统计学意义($P < 0.05$),缓混肥表施和浅施处理间氮肥偏生产力差异无统计学意义,缓混肥浅施处理的氮肥偏生产力较缓混肥表施低 0.71%。缓混肥一次性基施后,在水稻分蘖期和孕穗期等高需氮生育期的养分供给不如追施化肥下快速、充足,影响了水稻生长和对养分的吸收利用,并不利于水稻增产和氮肥利用率提升,因此,缓混肥一次性基施的 2 个处理氮肥偏生产力低于常规化肥处理。

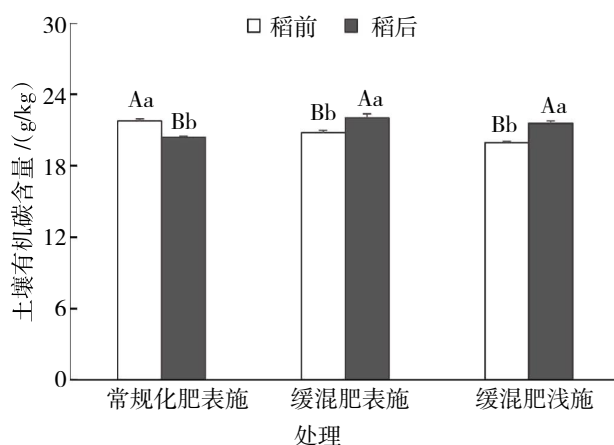


图中不同小写字母表示不同处理间差异具统计学意义($P < 0.05$)

图 2 不同类型肥料及施用方式下的氮肥偏生产力

2.5 肥料类型和施用方式对稻田土壤有机碳含量的影响

肥料类型和施用方式对稻田土壤有机碳变化产生明显影响(图 3)。水稻种植前土壤有机碳含量的大小顺序为:常规化肥表施 > 缓混肥表施 ≥ 缓混肥浅施,水稻收获后,3 种处理土壤有机碳含量的大小顺序为:缓混肥表施 > 缓混肥浅施 > 常规化肥表施,常规化肥表施处理的 SOC 含量下降了 6.25%,缓混肥表施和浅施的处理 SOC 含量分别增加了 6.02% 和 8.19%,常规化肥表施处理的 SOC 含量较缓混肥表施和浅施处理分别低 7.33% 和 5.38%,说明缓混肥表施和浅施均有利于增加 SOC,促进稻田土壤固碳培肥。缓混肥表施可能减少了深层 SOC 的矿化分解,较缓混肥浅施处理有更多的有机碳累积。



图中不同大写字母表示稻前或稻后不同处理间土壤有机碳含量差异具统计学意义($P < 0.05$);不同小写字母表示同一处理的土壤有机碳含量在水稻收获前和收获后差异具统计学意义($P < 0.05$)

图 3 不同类型肥料及施用方式下的土壤有机碳含量(质量分数)

2.6 影响稻田温室气体排放的因子分析

稻田温室气体排放受多因素影响,主成分分析结果(图 4)显示,收获指数、草谷比、结实率、产量、氮肥偏生产力、 CH_4 排放量和排放通量、稻前土壤有机碳等可解释 66.16% 的变化, N_2O 排放通量和排放量、增温潜势和排放强度可解释 23.07% 的变化,穗数可解释 10.78% 的变化,3 项主成分因子共解释了 94.00% 的变化,但草谷比和结实率对温室气体增温潜势表现出负面影响,与收获指数的影响相反。

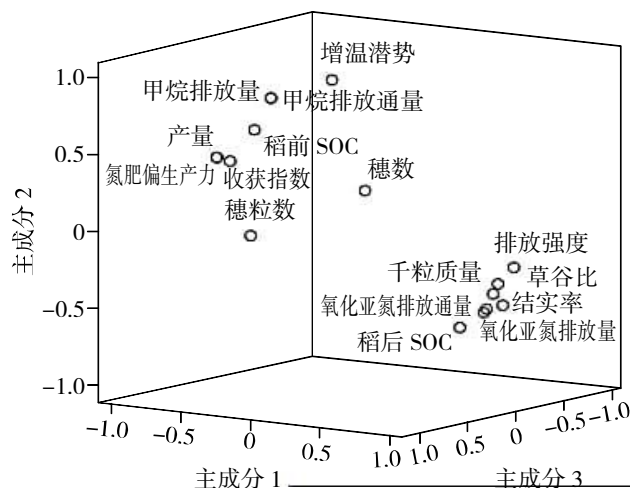


图 4 不同类型肥料及施用方式下稻田温室气体排放的主成分分析

稻田温室气体排放受施肥、灌溉等稻田管理措施的影响深刻,相关性分析结果(表 3)显示,增温潜势仅与稻前土壤有机碳含量和千粒质量呈显著相关,相关系数分别为 0.787 和 -0.693 ($P < 0.05$);除穗粒数和穗数外,稻田温室气体排放强度与其他因

素均呈显著相关,与稻前土壤有机碳含量、水稻产量和收获指数呈显著负相关($P<0.05$),与氮肥偏生产力呈极显著负相关($P<0.01$),与稻后土壤有机碳含量和草谷比呈显著正相关($P<0.05$),与千粒质量和结实率呈极显著负相关($P<0.01$)。

由表 3 可知,水稻产量、千粒质量、结实率、氮肥偏生产力和土壤有机碳对稻田 CH_4 和 N_2O 的排放产生影响, N_2O 的排放还受到草谷比和收获指数的影响。千粒质量和结实率与稻田 CH_4 排放通量和排放量之间呈极显著负相关($P<0.01$),与 N_2O 排放通量和排放量之间呈极显著正相关($P<0.01$),结实率对 CH_4 和 N_2O 排放的影响大于千粒质量;水稻产量和氮肥偏生产力与 CH_4 排放通量和排放量之间呈显著正相关($P<0.05$),与 N_2O 排放通量和排放量之间呈显著负相关($P<0.05$)。 CH_4 排放通量和排放量均与水稻插秧前

土壤有机碳含量呈极显著正相关($P<0.01$),与水稻收获后的土壤有机碳含量呈显著负相关($P<0.05$); N_2O 排放通量和排放量均与水稻插秧前土壤有机碳含量呈极显著负相关($P<0.01$),与水稻收获后土壤有机碳含量呈极显著正相关($P<0.01$),水稻种植前后土壤有机碳含量对 CH_4 和 N_2O 排放的影响效果相反。这也说明水稻种植前有机碳含量较高的土壤,会释放更多的 CH_4 。在生产实际中,有机碳含量较高的土壤,水稻长势更好,对有机碳的消耗也更多,土壤微生物活性更强,导致水稻收获后土壤有机碳含量降低。穗粒数和穗数对稻田温室气体排放不产生明显影响。水稻产量及产量构成与土壤有机碳含量通过影响稻田 CH_4 和 N_2O 的排放,对温室气体排放强度产生显著影响。增加水稻产量会增加温室气体排放量,而提升氮肥利用率可降低温室气体排放强度。

表 3 稻田温室气体排放与水稻产量构成、土壤有机碳之间的相关性分析(r)

指标	CH_4 排放通量	CH_4 排放量	N_2O 排放通量	N_2O 排放量	增温潜势	排放强度
稻前土壤有机碳	0.889**	0.910**	-0.908**	-0.860**	0.787*	-0.761*
稻后土壤有机碳	-0.790*	-0.764*	0.848**	0.895**	-0.516	0.721*
产量	0.790*	0.788*	-0.777*	-0.781*	0.651	-0.926**
草谷比	-0.640	-0.620	0.675*	0.721*	-0.424	0.769*
收获指数	0.646	0.621	-0.646	-0.699*	0.443	-0.736*
氮肥偏生产力	0.790*	0.788*	-0.777*	-0.781*	0.651	-0.926**
千粒质量	-0.835**	-0.852**	0.887**	0.857**	-0.693*	0.877**
结实率	-0.883**	-0.884**	0.953**	0.959**	-0.660	0.876**
穗粒数	0.454	0.484	-0.628	-0.611	0.290	-0.617
穗数	0.321	0.374	-0.330	-0.212	0.440	-0.159

注:*,** 分别表示显著相关、极显著相关。

3 讨论

缓混肥一次性施用可减少稻田温室气体排放,特别是稻田 CH_4 的排放^[15-16]。余庆等研究表明,与常规施肥相比,缓混肥一次性侧深施入可减少 55.3% 的 CH_4 和 25.1% 的 N_2O 排放,从而降低全球增温潜势,且双季稻不减产^[20]。一次性基施缓混肥可提高产甲烷菌和甲烷氧化菌的丰度,降低 CH_4 、 N_2O 排放量和温室气体排放强度^[13]。另外,缓混肥的包膜延缓了氮素释放,同时促进了甲烷氧化菌的产生并抑制了氨氧化细菌和古菌的生长,从而降低了 CH_4 、 N_2O 排放^[10],具有更好的减排效果。本研究中,常规化肥表施处理的土壤有机碳初始值高于施用缓混肥的处

理,可能导致常规化肥表施处理的 CH_4 排放量要高于施用缓混肥的处理。前期的相关研究表明,土壤有机碳及溶解性有机碳是影响稻田 CH_4 排放的关键因素^[21-22];施用缓混肥的处理 N_2O 的平均排放通量和排放量均高于常规施肥,可能是因为试验区土壤氮的本底值较高,在水稻生育后期进行烤田、控水时,会产生 N_2O 的大量排放,再加上缓混肥中氮素的释放,使得水稻生育后期的 N_2O 排放明显高于常规施肥处理;缓混肥浅施与表施的肥料用量相同,但施肥深度不同,浅施处理增加了施肥深度,减少了氮素挥发和表层土壤中的活性氮浓度,使得缓混肥浅施处理的 N_2O 排放通量低于缓混肥表施处理^[9]。

化肥中的营养元素易被吸收且肥效快,施入后

可迅速、及时地补充作物所需的大量氮、磷、钾等营养元素,同时也需要消耗以土壤有机质为主的含碳物质,导致土壤有机质下降。土壤有机质是维持土壤结构和肥力的重要因素,当有机质消耗过多而又得不到补充时,将导致土壤肥力下降。另外,土壤有机碳的变化也与其初始值有关,试验前常规化肥表施处理的有机碳含量高于施用缓混肥的处理,经过耕作、施肥及作物生长后,导致初始值较高的土壤有机碳含量下降^[23]。因此,在实际生产中需通过秸秆还田、施用有机肥等措施来增加土壤有机质含量,为土壤微生物活动提供碳源,以保障作物健康生长^[24]。合理施肥可增加土壤有机质含量,特别是微生物残体碳含量的增加可提高稳定性更强的碳组分占比,提高土壤碳库储量和稳定性,实现固碳培肥的目标^[25]。

相对而言,常规化肥表施处理的氮肥偏生产力最高、水稻产量最高、温室气体排放强度最低,说明常规化肥表施更有利于减少温室气体排放强度,但不利于减少温室气体排放量。施用缓混肥虽没有显著增加水稻产量,但能提高水稻千粒质量和结实率,通过影响水稻产量构成对水稻产量产生影响,且有较好的减排效果^[25]。若要实现水稻丰产减排生产,施用缓混肥是可行的措施,但需改变施用方式,如通过增加施入深度或将缓混肥一次性基施调整为缓混肥基肥与追施穗肥(如尿素)的方式来提高氮素利用效率,实现丰产减排目标。黄恒在江苏泰州的研究表明,当基肥氮和穗肥氮的质量比例为7:3时,氮肥利用率最高^[26],这是否为太湖地区水稻种植中基施氮和追施氮的合理比例,还需要做进一步研究。缓混肥一次性基施在降低温室气体方面效果明显,却未获得更高的水稻产量,因此,如何合理、高效地施用缓混肥,促进水稻生产丰产增效的相关研究还有待深入。

4 结论

肥料类型和施用方式对稻田温室气体排放和水稻产量产生重要影响。施用常规化肥并不能有效降低温室气体排放,但更有利于提高水稻产量和氮肥利用效率,而常规化肥表施处理下水稻千粒质量和结实率低于缓混肥表施和浅施。施用缓混肥可显著降低 CH_4 排放量,从而降低增温潜势,却因 N_2O 排放量的增加和水稻产量的降低,导致温室气体排放强度升高。肥料类型和施用方式通过对水稻产量

结构的显著影响来影响稻田 CH_4 的平均排放通量和排放量,是影响稻田温室气体排放与水稻产量的重要因素。施用缓混肥在减少温室气体排放的同时,促进了土壤固碳,是实现稻田固碳减排的可选肥料。

参考文献:

- [1] Li J L, Li Y E, Wan Y F, et al. Annual greenhouse gas emissions from a rice paddy with different water-nitrogen management strategies in Central China[J]. Soil and Tillage Research, 2024, 235:105906.
- [2] 朱小红, 马友华, 杨书运, 等. 施肥对农田温室气体排放的影响研究[J]. 农业环境与发展, 2011, 28(5):42-46.
- [3] 董林林, 盛雪雯, 严 凯, 等. 耕作方式对稻田土壤团聚体构成和水溶性有机碳的影响[J]. 山西农业科学, 2025, 53(4): 56-63.
- [4] Zhang S, Lin J J, Wang P, et al. The direct and legacy effects of drying-rewetting cycles on active and relatively resistant soil carbon decomposition[J]. Land Degradation & Development, 2023, 34(7):2124-2135.
- [5] 张卫建, 张 艺, 邓艾兴, 等. 我国水稻品种更新与稻作技术改进对碳排放的综合影响及趋势分析[J]. 中国稻米, 2021, 27(4):53-57.
- [6] Mofijul Islam S M, Gaihire Y K, Islam M N, et al. Effects of integrated nutrient management and urea deep placement on rice yield, nitrogen use efficiency, farm profits and greenhouse gas emissions in saline soils of Bangladesh[J]. Science of the Total Environment, 2024, 909:168660.
- [7] 徐秋月, 沈明星, 陆长婴, 等. 水稻机直播基肥正位深施对土壤养分的影响[J]. 山西农业科学, 2023, 51(4):382-390.
- [8] 王火焰, 周健民. 根区施肥:提高肥料养分利用率和减少面源污染的关键和必需措施[J]. 土壤, 2013, 45(5):785-790.
- [9] 周志宏, 韩 笑, 石 吕, 等. 不同化肥减施模式对机插粳稻产量、氮肥利用效率及经济效益的影响[J]. 大麦与谷类科学, 2022, 39(6):38-43, 49.
- [10] 崔茂亚, 刘淑丽, 刘嘉桐, 等. 不同缓控释肥配方对水稻产量及稻田氨挥发、温室气体排放的影响[J]. 农业环境科学学报, 2025, 44(8):1977-1987.
- [11] 郭 松, 郭慧婷, 张裕梁, 等. 侧深施控释氮肥运筹方式对水稻产量、 NH_3 挥发和温室气体排放的影响[J]. 作物学报, 2024, 50(6):1525-1539.
- [12] 杨明达. 缓控释肥种类及施肥方式对氨挥发和温室气体排放的影响[D]. 南京:南京农业大学, 2019:29-41.
- [13] 孟 轶. 一次性基施控释掺混肥对水稻产量、稻米品质和温室气体排放的影响[D]. 扬州:扬州大学, 2024:13-44.
- [14] 李 琳, 胡立峰, 陈 阜, 等. 长期不同施肥类型对稻田甲

- 烷和氧化亚氮排放速率的影响[J]. 农业环境科学学报, 2006,25(增刊):707–710.
- [15] Li L, Tian H, Zhang M H, et al. Deep placement of nitrogen fertilizer increases rice yield and nitrogen use efficiency with fewer greenhouse gas emissions in a mechanical direct-seeded cropping system[J]. The Crop Journal, 2021,9(6):1386–1396.
- [16] Zhang L, Zhang F, Zhang K P, et al. Effect of agricultural management practices on rice yield and greenhouse gas emissions in the rice-wheat rotation system in China[J]. Science of the Total Environment, 2024,916:170307.
- [17] 曹玉东, 吴朋浩, 戴志刚, 等. 侧深施肥对水稻产量、养分吸收及经济效益的影响[J]. 中国水稻科学, 2024,38(6): 695–708.
- [18] 陈京都, 唐建鹏, 胡雅杰, 等. 优良食味水稻南粳 3908 机插同步侧深施肥减氮增效技术示范与应用[J]. 大麦与谷类科学, 2023, 40(4):50–54.
- [19] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京:中国农业科学技术出版社, 2000:106–109.
- [20] 余庆, 冯涛, 丁紫娟, 等. 有机肥与控释尿素减氮配施对再生稻田温室气体排放的影响[J]. 农业环境科学学报, 2025,44(6):1675–1686.
- [21] 温雅, 顾嘉怡, 王超瑞, 等. 水稻高产减排的氮肥管理技术及其对稻田温室排放影响的研究进展[J]. 中国稻米, 2025,31(1):11–17.
- [22] Xiao Y, Huang R, Zhang Z J, et al. Effects of soil labile carbon fractions and microbes on GHG emissions from flooding to drying in paddy fields[J]. Journal of Environmental Sciences, 2025,158:420–434.
- [23] Slessarev E W, Mayer A, Kelly C, et al. Initial soil organic carbon stocks govern changes in soil carbon:Reality or artifact[J]. Global Change Biology, 2023,29(5):1239–1247.
- [24] 马子钰, 马文林. 施肥对中国农田土壤固碳影响效应研究[J]. 土壤, 2022,54(5):905–911.
- [25] 康治东, 徐飞, 卢恒, 等. 缓释氮肥减量替代对水稻产量和稻田温室气体排放的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2025,33(7):1383–1393.
- [26] 黄恒. 不同侧深施氮方式对水稻产量、氮素吸收利用及品质的影响[D]. 扬州:扬州大学, 2021:15–27.

Effects of Fertilizer Types and Application Methods on Soil Organic Carbon Sequestration, Greenhouse Gas Emission Reduction and Rice Yield in Paddy Ecosystems

Dong Linlin^{1,2,4}, Yan Kai³, Sheng Xuewen³, Shi Linlin^{1,2,4}, Lu Changying^{1,2,4}, Wang Haihou^{1,2,4}, Wu Zhenggui³

(1. Suzhou Field Scientific Observation and Research Station for Soil Quality, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Suzhou 215155, China; 2. Suzhou Academy of Agricultural Sciences, Suzhou 215105, China; 3. Suzhou Agricultural Technology Promotion Center, Suzhou 215008, China; 4. Suzhou Key Laboratory of Cultivated Land Quality Monitoring and Conservation, Suzhou 215105, China)

Abstract: The type and application method of fertilizers have a significant impact on greenhouse gas emissions and fertilizer utilization. In this study, the field experiments including conventional chemical fertilizer surface application (CFS), controlled-release surface application (CRFS) and shallow application (CRFSA) were conducted in the Taihu Lake area to compare the effects of fertilizer types and application methods on greenhouse gas emissions and fertilizer utilization efficiency in paddy fields. The results showed that the rice yield and the nitrogen partial factor productivity of CFS treatment were 12.07% and 11.27% higher than those of CRFS and CRFSA treatments, respectively ($P < 0.05$). There was no statistically significant difference in rice yield and fertilizer utilization efficiency between CRFS and CRFSA treatments. The CH_4 emissions of CFS were 41.44% and 28.70% higher than those under CRFS and CRFSA, respectively ($P < 0.01$), and the N_2O emissions under the CRFS and CRFSA treatments were 35.11% and 25.78% higher than those under the CFS treatment, respectively. Controlled-release fertilizer shallow application is more conducive to reducing CH_4 emissions, but it will increase N_2O emissions and greenhouse gas emission intensity compared with surface application. Before and after rice cultivation, the soil organic carbon content decreased by 6.25% in the CFS treatment, and increased by 6.02% and 8.19% in the CRFS and CRFSA treatments, respectively. Rice yield, yield components and soil organic carbon were closely related to CH_4 and N_2O emissions, and shallow application of controlled-release fertilizers and topdressing with urea were of great significance for carbon sequestration and greenhouse gas emission reduction in paddy soil.

Key Words: Conventional chemical fertilizer; Controlled-release fertilizer; Soil organic carbon; Greenhouse gas; Nitrogen partial factor productivity

赵双玲,王圣毅,王肖娟,等. 二氧化碳水溶液与尿素减施对膜下滴灌水稻产量及穗部特征的影响[J/OL]. 大麦与谷类科学,2026,43(3):32–36,44(2026–05–18). DOI:10.14069/j.cnki.32–1769/s.2026.03.005.

二氧化碳水溶液与尿素减施对膜下滴灌水稻产量及穗部特征的影响

赵双玲,王圣毅*,王肖娟*,马陈虎,柯璐瑶,郝玉峰,李 丽,钱冠云

[新疆天业(集团)有限公司,新疆 石河子 832011]

摘要:以水稻品种宁粳 53 为试验材料,系统探究滴施 CO_2 水溶液与氮肥(尿素)减施对膜下滴灌水稻产量、主要农艺性状及穗部特征的影响。结果表明,相较于常规灌溉处理(CK),碳氮协同灌溉试验(CO_2 水溶液 + 尿素减施)显著提高了滴灌水稻的产量,其中:在尿素减施 20%条件下水稻增产 14.49%,尿素减施 40%条件下水稻增产 23.86%,尿素减施 60%条件下水稻增产 5.98%。 CO_2 水溶液 + 氮肥减施(20%、40%)显著提升了有效穗数、穗粒数、结实率、千粒质量,农艺性状对产量的直接途径系数均为正值,其对产量的直接作用表现为结实率 > 千粒质量 > 单株分蘖数 > 穗粒数 > 株高 > 有效穗数 > 穗长, CO_2 水溶液 + 尿素减施有助于改善膜下滴灌水稻的穗部性状,水稻产量的提升主要依赖于结实率、千粒质量及单株分蘖数的直接正向贡献,株高与有效穗数则通过与其他性状的协同作用发挥间接调控效应。在 CO_2 水溶液滴灌条件下,尿素减施 40%处理对膜下滴灌水稻的增产效应优于尿素减施 60%的处理。

关键词: CO_2 水溶液;氮肥;水稻;产量性状;穗部性状;途径分析;相关性

中图分类号: S511

文献标志码: A

文章编号: 1673–6486–20260006

水稻是世界上重要的粮食作物之一,为全球 50%以上人口提供热量^[1]。氮素是水稻生长发育过程中必不可少的营养元素,且水稻是消耗氮素较多的农作物之一^[2],合理施用氮肥不仅能够提高水稻产量,还能促进农业的可持续发展^[3]。增施氮肥是水稻高产的主要措施。然而,施氮量与水稻的生长和产量并不总是呈线性正相关^[4]。刘光明等研究指出,合理施用氮肥有利于水稻地上部的生长,改善群体结构,提高产量,是当前主要的农艺措施之一^[5]。研究表明,不同施氮水平对水稻籽粒强、弱势粒的灌浆特性影响不同,为保障水稻籽粒的充实性,合理施用氮肥对籽粒灌浆具有重要调节作用^[6]。因此,在保障粮食安全的同时,减少氮肥施用已经成为农业生产及生态环境方面一个迫切需要解决的重大问题。本研究是关于二氧化碳(CO_2)水溶液与氮肥减施在膜下滴灌水稻生产中的调控效应。报道显示,N 素在 C_3 植物对 CO_2 浓度升高的适应中起着极重要的作用^[7]。研

究也表明, CO_2 +N 会促进水稻的光合作用,提高水稻产量^[8]。

本研究采用当地工业二氧化碳尾气作为原料,通过工农一体化深度融合集成技术,探索新型碳减排与利用路径,对实现“双碳”目标、改良盐碱地及保障粮食安全具有重要意义。通过利用工业废气(CO_2)与膜下滴灌水稻减氮措施之间的调控效应,设计滴施二氧化碳水溶液与不同尿素用量的调控处理,并与常规灌溉模式进行对比,重点探究在二氧化碳水溶液条件下不同氮肥施用量对膜下滴灌水稻生长发育、农艺性状、穗部特征及产量的影响。

1 材料与方法

1.1 试验设计与方法

本研究采用单因素试验设计,试验设置 4 个氮肥(尿素)梯度处理(试验处理设置见表 1),其中以 40 kg/667 m² 尿素为基准, CO_2 气体施用量为 158.5 kg/667 m²,滴施期间 pH 值为 6.0~6.5。对照为常规灌溉制度(不滴施 CO_2 水溶液),全生育期灌水总量为 609 m³/667 m²。供试水稻品种为宁粳 53,生育期 149 d,株高 104.1 cm,主茎叶片数为 14 片,穗长 20 cm,每穗实粒数 95 粒,结实率 88.1%,千粒质量 25.8 g。其稻米品质指标如下:出糙率 83.2%,精米率 75%,整精米率 63.1%,垩白粒率 30%,垩白度

收稿日期:2026–01–13;修回日期:2026–04–21。

基金项目:兵团重点领域科技攻关计划(2023AB017–01)。

作者简介:赵双玲(1980—),女,高级农艺师,主要从事膜下滴灌水稻高产栽培与生理性状研究。Email: 657471707@qq.com。

* 通信作者:王圣毅(1985—),男,高级农艺师,主要从事工农一体化研究,Email: 917567161@qq.com;王肖娟(1978—),女,博士,副研究员,主要从事膜下滴灌作物栽培研究,Email: 80347171@qq.com。

4.8%,直链淀粉质量分数为 16.8%,胶稠度 70 mm,达到国家优质稻谷标准 3 级,中抗叶瘟与穗颈瘟。

本研究采用膜下滴灌技术种植:一膜四管八行的种植模式。膜宽为 2.05 m,种植幅宽为 2.24 m。播

种作业采用机械化播种,播种深度 2~3 cm,株距 10 cm,每穴播种 6~8 粒,理论密度为 2.34 万穴 /667 m²。田间保苗率维持在 90%~95%。

表 1 试验处理

处理	用量
1	尿素 40 kg/667 m ² + 大量水溶肥 30.5 kg/667 m ² + 磷酸二氢钾 6 kg/667 m ² + 氯化钾 4 kg/667 m ² +CO ₂ 158.5 kg/667 m ²
2	尿素 32 kg/667 m ² + 大量水溶肥 30.5 kg/667 m ² + 磷酸二氢钾 6 kg/667 m ² + 氯化钾 4 kg/667 m ² +CO ₂ 158.5 kg/667 m ²
3	尿素 24 kg/667 m ² + 大量水溶肥 30.5 kg/667 m ² + 磷酸二氢钾 6 kg/667 m ² + 氯化钾 4 kg/667 m ² +CO ₂ 158.5 kg/667 m ²
4	尿素 16 kg/667 m ² + 大量水溶肥 30.5 kg/667 m ² + 磷酸二氢钾 6 kg/667 m ² + 氯化钾 4 kg/667 m ² +CO ₂ 158.5 kg/667 m ²
CK	尿素 40 kg/667 m ² + 大量水溶肥 30.5 kg/667 m ² + 磷酸二氢钾 6 kg/667 m ² + 氯化钾 4 kg/667 m ²

注:以 40 kg/667 m² 尿素(处理 1)为基准,处理 2、3、4 分别减施 20%、40%、60%;磷酸二氢钾和氯化钾为后期滴灌施用;CO₂ 气体随水滴灌施用,滴施期间 pH 值为 6.0~6.5。

1.2 田间管理

2025 年 4 月 25 日 CO₂ 膜下滴灌水稻播种,4 月 27 日滴出苗水,5 月 8 日水稻全部齐苗。采用膜下滴灌水稻旱作栽培技术,依据作物需水需肥规律实施精准水肥管理,实现水肥一体化调控,肥料通过滴灌系统随水同步施入。

1.3 农艺性状调查及考种方法

采用定时、定点、定穴的方法,系统调查各处理组的水稻叶片数、株高及分蘖动态,旨在明确水稻关键农艺性状的表现。水稻产量构成要素主要包括单位面积有效穗数、穗粒数、结实率及千粒质量。考种指标为穗粒数、有效穗数、千粒质量、实收产量与理论产量等。

1.4 数据处理

采用 WPS office 进行数据整理,并用 Excel 2025 对数据进行方差分析,多重比较采用 Duncan 法。

2 结果与分析

2.1 CO₂ 水溶液和尿素减施对膜下滴灌水稻产量及其构成因素的影响

试验结果(表 2)表明,随着尿素施用量水平递减,水稻有效穗数、穗粒数、结实率、千粒质量、产量均有逐步升高又降低的趋势,但穗粒数、千粒质量各处理间差异均无统计学意义,有效穗数仅有处理 4 显著低于其他 3 个处理(处理 1、处理 2、处理 3 间差异不具统计学意义),在产量及其构成因子中,产量与结实率受尿素影响较为显著,各处理间差异均有统计学意义。在以 40 kg/667 m² 尿素为基准、减施尿素 20%、40%、60%处理(处理 2、处理 3、处理 4)下,膜下滴灌水稻产量较对照分别提高了 14.49%、23.86%、5.98%,且差异具统计学意义;除处理 4 外,其他 3 个处理的有效穗数、穗粒数、结实率、千粒质量与对照相较,差异均具有统计学意义($P < 0.05$),结果表明 CO₂ 水溶液与尿素减施对膜下滴灌水稻产量及其构成因子具有显著性影响。

表 2 CO₂ 水溶液和尿素对膜下滴灌水稻产量及其构成因素的影响

处理	有效穗数 / (万个 /667 m ²)	穗粒数 / (粒 / 穗)	结实率 / %	千粒质量 / g	产量 / (kg/667 m ²)
1	21.57 ± 0.19 a	95.09 ± 0.06 a	91.14 ± 0.71 b	24.75 ± 0.10 a	507.64 ± 3.66 b
2	21.21 ± 0.28 a	94.87 ± 2.36 a	89.45 ± 0.24 c	24.57 ± 0.21 a	494.39 ± 10.47 c
3	22.34 ± 0.36 a	95.71 ± 0.63 a	95.59 ± 0.38 a	25.01 ± 0.07 a	534.85 ± 10.47 a
4	20.03 ± 0.55 b	93.32 ± 2.23 ab	87.44 ± 0.52 d	24.49 ± 0.11 a	457.62 ± 1.01 d
CK	19.78 ± 0.32 b	91.09 ± 0.47 b	86.91 ± 0.25 d	23.96 ± 0.11 b	431.81 ± 9.34 e

注:同列数据后不同小写字母表示差异具统计学意义($P < 0.05$)。表 4 同。

2.2 CO₂ 水溶液与尿素减施调控下膜下滴灌水稻产量与农艺性状的途径分析

为了评价各个处理间产量性状的大小和性质,利用途径分析将各个处理的农艺性状和产量的关系分解成直接途径系数(直接作用)和间接途径系数(间接作用)^[9],途径分析结果见表 3。由表 3 可知,所有的农艺性状对产量的直接途径系数均为正值,其对产量的直接作用表现为结实率>千粒质量>单株分蘖数>穗粒数>株高>有效穗数>穗长,其中结实率对产量的直接途径系数最大,为 0.603,达到极显著水平,说明在 CO₂ 水溶液与尿素协同施用下,膜下滴灌水稻的关键农艺性状得到优化,尤其是结实率的显著提升,直接驱动了产量的大幅

提升。

间接途径系数分析表明,各性状通过影响其他性状对产量产生的间接效应普遍小于其直接效应。株高通过单株分蘖数(0.085)及有效穗数(0.157)的间接途径系数相对较高;穗粒数通过有效穗数(0.211)的间接效应应在各间接路径中较为突出;结实率与千粒质量的间接途径系数均小于 0.07,表明二者对产量的影响以直接效应为主,受其他性状的间接调节作用有限。综上,在 CO₂ 水溶液与尿素减施条件下,膜下滴灌水稻产量的提升主要依赖于结实率、千粒质量及单株分蘖数的直接正向贡献,株高与有效穗数则通过与其他性状的协同作用发挥间接调控效应。

表 3 CO₂ 水溶液+尿素减施下膜下滴灌水稻产量与农艺性状的途径分析

农艺性状	相关系数	直接途径系数	间接途径系数						
			株高	单株分蘖数	穗长	有效穗数	穗粒数	结实率	千粒质量
株高	0.672**	0.254	—	0.085	0.041	0.157	0.032	0.081	0.022
单株分蘖数	0.845**	0.512*	0.170	—	0.018	0.094	0.026	0.018	0.007
穗长	0.314	0.098	0.106	0.045	—	0.042	0.008	0.015	0
有效穗数	0.529*	0.187	0.134	0.046	0.021	—	0.046	0.089	0.006
穗粒数	0.862**	0.421*	0.098	0.037	0.012	0.211	—	0.080	0.003
结实率	0.780**	0.603**	0.028	0.019	0.011	0.067	0.043	—	0.013
千粒质量	0.603**	0.573**	0.024	0.009	0.003	0.018	0.010	0.003	—

注:*表示 $P<0.05$,**表示 $P<0.01$ 。

2.3 CO₂ 水溶液与尿素减施对膜下滴灌水稻穗部特征性状的影响

根据表 4 所示穗部性状特征分析结果,与对照(CK)相比,处理 3 在减氮 40%条件下对膜下滴灌水稻的一次枝梗数、实粒数、结实率、贡献率以及二次枝梗数、实粒数、结实率均产生显著影响($P<0.05$),分别提高了 31.91%、13.03%、9.02%、1.81%、81.82%、12.08%和 11.61%。处理 1、处理 2 及处理 4 的穗部性状指标相较于 CK 亦呈不同程度提升,表明

CO₂ 水溶液+尿素减施有助于改善膜下滴灌水稻的穗部性状,其中,一次枝梗数和二次枝梗数的增加为穗部提供了更多的籽粒着生位点,是产量提高的重要基础;而结实率的提升则直接反映了籽粒的充实程度,对产量的贡献更为直接。此外,处理 3 虽然总粒数较少,但因其较高的结实率,最终实现了产量的显著提升,这进一步证实了 CO₂ 水溶液与尿素减施 20%、40%在促进水稻灌浆结实方面的积极作用。

表 4 CO₂ 水溶液+尿素减施对膜下滴灌水稻穗部特征性状的影响

处理	一次枝梗性状				总粒数/ (粒/穗)	二次枝梗性状			
	枝梗数/	实粒数/	结实率/	贡献率/		枝梗数/	实粒数/	结实率/	贡献率/
	个	(粒/穗)	%	%		个	(粒/穗)	%	%
1	11.20±0.50 b	62.20±6.06 ab	91.94±0.77 b	63.18±0.41 ab	107.02±0.79 a	14.40±0.55 b	34.87±0.10 b	90.33±0.33 b	36.07±0.28 c
2	10.80±0.00 b	60.00±4.12 ab	90.15±0.54 c	63.04±0.49 ab	105.57±1.21 b	14.00±0.71 b	34.70±0.57 b	88.95±0.38 c	36.96±0.83 b
3	12.40±0.50 a	63.75±5.49 a	95.61±0.90 a	64.14±0.64 a	103.97±0.68 c	20.00±0.79 a	35.82±0.05 a	95.59±0.18 a	35.87±0.26 c
4	10.60±0.50 b	57.50±3.77 ab	90.96±0.44 c	61.85±0.24 b	102.18±0.61 d	13.60±0.89 b	32.89±0.73 c	84.45±0.57 e	38.15±0.57 a
CK	9.40±0.55 c	56.40±4.83 b	87.70±0.92 d	63.00±0.14 b	102.09±0.64 d	11.00±0.71 c	31.96±0.71 d	85.65±0.84 d	37.00±0.66 b

2.4 CO₂ 水溶液与尿素减施下膜下滴灌水稻产量与穗部特征性状的相关性

从表 5 的结果分析中可以看出, 处理 1 的二次枝梗数与产量呈正相关($r=0.92^*$), 说明在处理 1 条件下, 增加二次枝梗数是提高产量的重要途径, 一次枝梗实粒数与产量呈中等正相关($r=0.50$), 该结果表明穗部结构性状对膜下滴灌水稻的产量有一定的贡献率。在处理 2 中一次枝梗结实率($r=0.81$)、二次枝梗结实率($r=0.70$)与产量呈正相关, 说明处理 2 条件下有利于提高膜下滴灌水稻的结实率, 二次枝梗实粒数($r=-0.78$)、二次枝梗总粒数($r=-0.86$)与产量呈负相关, 说明在该处理下二次枝梗粒数增

加可能会导致膜下滴灌水稻的结实率下降而影响产量; 处理 3 的各穗部性状对产量影响并不明显, 说明该处理下产量受穗部特征多个性状的共同影响; 处理 4 中二次枝梗实粒数与产量呈显著正相关($r=0.94^*$), 说明在该处理下提高二次枝梗实粒数是增产的关键, 一次枝梗实粒数、总粒数与结实率也与产量呈正相关, 说明穗部整体性状对产量有综合影响。综上所述, 通过 CO₂ 水溶液与尿素减施调控能够增加二次枝梗数、一次枝梗实粒数、二次枝梗实粒数、一次枝梗结实率和二次枝梗结实率, 进而提高膜下滴灌水稻的产量。

表 5 CO₂ 水溶液与尿素减施下膜下滴灌水稻产量与穗部特征性状的相关性

穗部性状	产量				
	处理 1	处理 2	处理 3	处理 4	CK
一次枝梗数	0.32	-0.65	0.25	-0.38	0.31
一次枝梗实粒数	0.50	0.26	-0.06	0.53	0.62
一次枝梗总粒数	-0.16	0.26	-0.14	0.52	0.69
二次枝梗数	0.92*	0.20	0.36	0.24	-0.21
二次枝梗实粒数	-0.08	-0.78	0.06	0.94*	0.42
二次枝梗总粒数	-0.08	-0.86	0.06	0.35	0.42
一次枝梗结实率	-0.17	0.81	0.24	0.54	0.35
二次枝梗结实率	0.19	0.70	-0.21	0.63	0.89

注: * 表示产量与穗部性状显著相关($P<0.05$)。

3 讨论

3.1 CO₂ 对膜下滴灌水稻产量的影响

已有研究表明, 水稻有效穗数和每穗粒数是决定籽粒产量的关键因素^[9], 且与产量呈显著正相关^[11]。本试验中, CO₂ 水溶液与尿素减施对水稻有效穗数、结实率、千粒质量及产量均产生极显著影响($P<0.01$), 该结果与翁艺华等的结论^[12-13]一致; 通径分析结果也印证了全瑞兰等的研究^[14]。赵庆雷等研究指出, 水稻穗粒数、一次枝梗数、二次枝梗数及产量均随施氮量增加呈先增后减趋势^[15], 本试验同样观察到类似规律, 并与李思平等关于适宜氮素水平对千粒质量、穗数、结实率交互效应极显著的结论^[16]相吻合。在此基础上, 本研究进一步发现, 通过外源 CO₂ 输入可在尿素减量条件下实现高产, 将工业 CO₂ 尾气作为农业资源利用, 体现了“以废促生”的

可持续理念。

通过滴灌系统将工业 CO₂ 以水溶液形式施用于水稻根区, 可有效补充外源碳, 促进根系生长发育并增强其生理活性, 进而提升植株对氮素等养分的吸收与转化效率^[17]。碳氮代谢的协同优化显著增强了叶片光合性能, 促进了同化物向穗部的转运, 最终体现为结实率与千粒质量的显著提高。本试验结果与李思平等研究关于适宜氮素水平对千粒质量、穗数、结实率的交互效应均表现为极显著的结论^[16]相一致。

3.2 减氮条件下水稻增产的最适施氮量

本试验结果表明, 在尿素减施 40% 的条件下, 水稻产量反而达到最高。其增产机理在于: CO₂ 水溶液提供外源碳, 维持叶片光合性能, 弥补了氮素减少对碳同化的潜在影响; 适量减氮促使植株将养分优先分配至籽粒灌浆, 提高了氮素生理利用效率;

CO₂ 水溶液调节根区 pH 值至 6.0~6.5, 促进根系对土壤现有养分的吸收, 有效补偿了外源尿素减少带来的供应压力。本试验条件下, 尿素减施 40% 为最适施氮量, 减施 60% 时产量虽有回落但仍高于对照, 表明氮素供应存在阈值。最适施氮量可能因品种、土壤类型、气候条件及 CO₂ 施用方式等因素而异。

综上所述, 在膜下滴灌条件下, 滴施 CO₂ 水溶液可使尿素最适量较常规用量减少 40%, 在实现增产的同时达到减氮增效的目标。

4 结论

4.1 CO₂ 水溶液与尿素减施促进水稻增产

在尿素减施 40% 条件下, 有效穗数、结实率与千粒质量均达极显著水平。通径分析显示, 主要农艺性状中结实率对产量的直接正向贡献最大(直接通径系数为 0.603), 其次为千粒质量与分蘖数。这表明, CO₂ 水溶液与尿素减施的增产机制并非仅依赖穗数增加, 而且还通过提高结实率与千粒质量实现, 为高产栽培中的性状优化提供了明确方向。

4.2 CO₂ 水溶液与尿素减施调控优化水稻穗部特征

穗部性状分析显示, 碳氮协同处理(尤以尿素减施 40% 为著)可极显著增加一次枝梗数与二次枝梗数, 分别提高 31.91% 与 81.82%, 并同步提升膜下滴灌水稻结实率。枝梗数量增加扩大了籽粒着生空间, 结实率提高则使潜在库容得到有效充实。相关性分析表明, 不同处理中二次枝梗数、一次枝梗实粒数及二次枝梗结实率等性状与产量呈显著或极显著正相关, CO₂ 水溶液与尿素减施可通过塑造穗部结构促进产量形成。

4.3 CO₂ 水溶液与尿素减施调控的最适比

本试验中, 尿素减施 40% 处理表现出最佳的增产效应; 尿素减施 60% 处理的各项指标虽高于对照(CK), 但较尿素减施 40% 处理有所回落。在 CO₂ 水溶液供应条件下, 尿素减施 40% 处理的增产效应优于尿素减施 60% 处理。

参考文献:

- [1] 程勇翔, 王秀珍, 郭建平, 等. 中国水稻生产的时空动态分析[J]. 中国农业科学, 2012, 45(17): 3473-3485.
- [2] 朱勇勇, 宋秉羲, 杨王敏, 等. 旱作条件下氮肥减施对水稻生长、产量与经济收益的影响[J]. 生态环境学报, 2021, 30(11): 2150-2156.
- [3] 杨蕊. 施氮水平对不同氮效率水稻品种花后碳代谢及产量形成的影响[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2023: 5.
- [4] 高群山, 汤小兰, 周兴山, 等. 不同氮肥用量水平对水稻生长及产量影响[J]. 北方水稻, 2015, 45(6): 32-34, 38.
- [5] 刘光明, 赵灿, 蒋岩, 等. 施氮量对水稻源库协同衰老特征的影响[J]. 植物生理学报, 2022, 58(1): 173-185.
- [6] 彭少兵, 黄见良, 钟旭华, 等. 提高中国稻田氮肥利用率的研究策略[J]. 中国农业科学, 2002, 35(9): 1095-1103.
- [7] 蔡威威, 艾天成, 万运帆, 等. 环境温度和 CO₂ 浓度升高对湖北早稻氮素含量及产量的影响[J]. 中国农业气象, 2016, 37(2): 231-237.
- [8] 刘红江, 杨连新, 黄建晔, 等. FACE 对常规籼稻扬稻 6 号产量形成的影响[J]. 农业环境科学学报, 2009, 28(2): 299-304.
- [9] 吕建群, 曾宪平. 四川中粳中熟杂交水稻产量与主要经济性状的分析[J]. 中国农学通报, 2006, 22(10): 184-186.
- [10] 秦碧蓉, 尤赛雅, 陈书融, 等. 不同施氮水平对双季稻产量、氮素利用率及稻田氮素平衡的影响[J]. 作物杂志, 2024(2): 89-96.
- [11] 王新其, 程灿, 方军, 等. 氮肥运筹对杂交粳稻“申优 17”主要品质性状效应分析[J]. 上海农业学报, 2020, 36(4): 25-30.
- [12] 翁艺华, 朱熙晴, 童秋语, 等. 氮肥减施与养殖密度协同调控对稻虾共作模式水稻生长及土壤生态的影响[J]. 南京师大学报(自然科学版), 2025, 48(5): 66-74.
- [13] 付景, 王生轩, 尹海庆, 等. 施氮量对直播稻郑早 10 号群体特征及产量的影响[J]. 河南农业科学, 2017, 46(1): 30-35.
- [14] 全瑞兰, 鲁伟林, 霍二伟, 等. 杂交水稻广两优 916 产量性状分析[J]. 天津农业科学, 2020, 26(6): 30-34, 38.
- [15] 赵庆雷, 马惠, 刘奇华, 等. 水肥调控措施对水稻养分吸收及稻谷产量的影响[J]. 西北农业学报, 2022, 31(2): 175-182.
- [16] 李思平, 曾路生, 吴立鹏, 等. 氮肥水平与栽植密度对植稻土壤养分含量变化与氮肥利用效率的影响[J]. 中国水稻科学, 2020, 34(1): 69-79.
- [17] 冉毅, 吴延萍, 徐朗, 等. 富碳沼液施用对水稻分蘖期生长的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2020, 37(2): 202-208.

(下转第 44 页)

程卫根,顾莉娟. 不同土壤调理剂施用对酸性麦田土壤性质、养分和小麦产量的影响[J/OL]. 大麦与谷类科学,2026,43(3):37–44 (2026–05–28). DOI:10.14069/j.cnki.32–1769/s. 2026.03.006.

不同土壤调理剂施用对酸性麦田土壤性质、养分和小麦产量的影响

程卫根¹,顾莉娟^{2*}

(1. 江苏省盐城市盐都区郭猛镇农村工作办公室,江苏 盐都 224014;2. 江苏省盐城市盐都区秦南镇农村工作办公室,江苏 盐都 224021)

摘要:为探究麦田土壤改良和小麦生产力协同提升的有效途径,采用常规施肥(对照)及“常规施肥+”矿源黄腐酸钾(2 kg/667 m²)、硅钙镁钾肥(150 kg/667 m²)、海藻微生物菌剂(150 kg/667 m²)和稻壳炭(150 kg/hm²)4种土壤调理剂处理,分析常规施肥+调理剂施用对麦田土壤养分指标、小麦养分吸收、物质积累和籽粒产量等的调控效应。结果表明,矿源黄腐酸钾、硅钙镁钾肥、海藻微生物菌剂和稻壳炭调理剂的使用有利于减缓土壤酸化,维持pH值的稳定。矿源黄腐酸钾和稻壳炭调理剂施用处理较对照可分别提升土壤有机质含量3.04%和3.43%(差异无统计学意义),效果优于硅钙镁钾肥和海藻微生物菌剂。不同调理剂中,矿源黄腐酸钾、硅钙镁钾肥较对照籽粒氮含量分别增加4.54%和5.17%,籽粒磷含量分别增加26.15%和10.25%,籽粒钾含量分别增加0.83%和0.97%,促进全株氮、磷、钾积累;矿源黄腐酸钾、硅钙镁钾肥也促进小麦开花期和成熟期干物质积累与籽粒灌浆;矿源黄腐酸钾、硅钙镁钾肥和稻壳炭施用后小麦产量较对照分别提升3.45%、1.32%和0.51%,其中仅矿源黄腐酸钾施用后小麦产量与对照差异具统计学意义($P < 0.05$)。

关键词:土壤调理剂;土壤肥力;养分含量;小麦产量

中图分类号:S156.2

文献标志码:A

文章编号:1673–6486–20260019

几十年来,化学肥料的施用对于提升我国粮食产能、保障国家粮食安全做出了巨大贡献。然而化肥的长期不合理施用,一方面导致肥料利用率低下,资源浪费严重,作物生产报酬率递减,农民收益逐渐下降^[1];另一方面加剧耕地土壤酸化,减少土壤有机质含量,降低土壤肥力,以及产生一系列的环境污染问题,对现代农业高效绿色可持续发展带来一定挑战^[2–3]。小麦作为我国重要的口粮作物之一,如何维持麦田土壤肥力、持续提升小麦生产力、实现长期可持续高产稳产是目前小麦生产中亟待解决的科学问题。

前人研究表明,为了改善耕地土壤状况,在施用化学肥料的同时增施土壤调理剂,可有效改善土壤理化性状,同时满足作物养分供应,可在改良土壤肥力的同时促进作物养分吸收利用^[4]。施用调理剂不仅能够降低土壤容重,调节土壤pH,改善土壤肥力^[5],还具有修复农田污染的能力,有利于维持和改善农田土壤生产力^[6]。研究认为,一定剂量的土壤

调理剂配施常规化肥,可在改善土壤肥力的同时促进植株根系形态建成,改善作物养分吸收能力,从而促进小麦前期营养器官生长发育,推进光合同化物的生产与积累,进而提高小麦籽粒产量和收获指数^[7–8]。此外,生物炭和秸秆腐熟物等碳基土壤调理剂已被证实具有长期土壤改良和作物增产效应^[9–10],这为小麦节肥高效生产提供了重要思路。

目前生产中常见的土壤调理剂大致有腐植酸型、矿物质型、生物制剂型和生物炭基型,其代表产品分别有矿源黄腐酸钾、硅钙镁钾肥、海藻微生物菌剂和稻壳炭。其中,矿源黄腐酸钾作为一种小分子有机络合剂,具有强大的官能团活性,能够活化土壤矿质养分、促进团粒结构形成,并直接作为生物刺激素调控作物根系生长。硅钙镁钾肥作为一种矿物质调理剂,不仅能直接补充作物生长必需的硅、钙、镁、钾等元素,增强植株机械强度与抗逆性,还能有效中和土壤酸度,改善土壤化学环境。海藻微生物菌剂则是一种复合生物制剂,将海藻提取物富含的天然生长促进物质与有益微生物相结合,通过营养供给与微生物活化的双重作用,协同促进养分吸收和根际微生态健康。而稻壳炭作为一种典型的生物质炭,凭借其稳定多孔的物理结构和巨大的比表面积,在提升土壤保水保肥能力、改良土壤结

收稿日期:2026–01–27;修回日期:2026–05–12。

作者简介:程卫根(1973—),男,高级农艺师,主要从事农业技术推广工作。Email: 472837343@qq.com。

* 通信作者:顾莉娟(1973—),女,高级农艺师,主要从事农业技术推广工作。Email: 1174694030@qq.com。

构、吸附钝化重金属以及为有益微生物提供栖息地方面表现出巨大潜力。有学者指出,土壤调理剂的合理应用可有效改善农田土壤的理化性状,补充土壤肥力,同时改善土壤微生物群落结构,从而改善土壤的障碍因子,促进作物高产高质高效;但土壤调理剂的不规范施用也可能引起土壤退化加剧甚至产生二次污染,也会对土壤生态系统的结构和功能造成负面影响,引发土壤生产力下降和农产品安全等问题^[11]。

当前市场上土壤调理剂种类多样,施用效果良莠不齐,盲目施用往往难以达到预期效果^[12-13]。为切实提高土壤调理剂在麦田中的应用价值,本试验以矿源黄腐酸钾、硅钙镁钾肥、海藻微生物菌剂和稻壳炭4种土壤调理剂为材料,开展不同类型土壤调理剂施用效果比较试验,以期明确不同类型土壤调理剂对小麦产量品质和土壤性状改良的调控效应,为小麦绿色高效可持续生产提供科学指导。

1 材料与方法

1.1 试验地概况与供试材料

田间试验于2023年11月—2024年6月小麦季在江苏省盐城市盐都区郭猛镇试验基地(33°27'E、120°04'N)进行。试验田块前茬作物为水稻,秸秆全量还田,土地平整,土壤肥力中等,有代表性。试验地土壤质地为黏壤土,播种前土壤耕层(0~20 cm)各养分指标:pH值6.33,有机质含量(质量分数,下同)19.9 g/kg、全氮含量1.3 g/kg、碱解氮含量129.0 mg/kg、有效磷含量11.3 mg/kg、速效钾含量87.4 mg/kg。

1.2 供试材料

供试小麦品种为农麦77,由江苏神农大丰种业科技有限公司提供,为当地主栽品种。供试土壤调理剂的种类及用量如下:矿源黄腐酸钾(山东绿陇生物科技有限公司生产),w(黄腐酸钾)≥50%,pH值8~11,施用量2 kg/667 m²;硅钙镁钾肥(山东阿康农业科技有限公司生产),w(有效硅)≥25%、w(有效钙)≥25%、w(有效镁)≥12%、w(黄腐酸钾)≥15%、w(海藻酸)≥5%,pH值8~10,施用量150 kg/667 m²;海藻微生物菌剂(山东阿康农业科技有限公司生产),有效活菌数≥5亿/g,施用量150 kg/667 m²;稻壳炭(宁波花彩园艺有限公司生产),pH值8.4~10.8,施用量150 kg/hm²。试验采用的常规肥料为尿素(含N量为46%)、过磷酸钙(P₂O₅含量12%以

上)、氯化钾(K₂O含量为60%)。

1.3 试验设计

本试验共设5个处理:处理1为常规施肥(CK),处理2为常规施肥+矿源黄腐酸钾(腐植酸型调理剂),处理3为常规施肥+硅钙镁钾肥(矿物质型调理剂),处理4为常规施肥+海藻微生物菌剂(生物制剂型调理剂),处理5为常规施肥+稻壳炭(生物炭基型调理剂)。各处理重复3次,共15个小区,小区面积75 m²(5 m×15 m),小区之间开沟(沟宽25 cm,沟深30 cm)以避免串肥,各小区随机区组排列。

农麦77播种时间为2023年11月9日,采用播种机条播,行距25 cm,用种量19 kg/667 m²。常规施肥(CK)用量为纯氮16 kg/667 m²、磷肥(P₂O₅)6 kg/667 m²、钾肥(K₂O)6 kg/667 m²,其余各处理氮、磷、钾肥用量和施用时间与常规施肥(CK)一致。其中氮肥为3次施用,分别为基肥50%(2023年11月9日)、拔节肥30%(2024年3月24日)、孕穗肥20%(2024年4月13日);磷、钾肥作基肥一次性施用。土壤调理剂于播种前随基肥施入土壤。其他管理措施同当地高产栽培管理。

1.4 测定项目与方法

1.4.1 土壤养分。于小麦播种前及成熟期每小区采用五点取样法按“S”型采集土壤样品(0~20 cm混合土样),于阴凉处自然风干后,参照鲍士旦的方法^[14],测定土壤pH值和土壤有机质、全氮、碱解氮、有效磷、速效钾含量(质量分数)等养分指标。

1.4.2 植株干物质积累量。分别于小麦开花期(2024年4月26日)和成熟期(2024年6月6日)计数田间茎蘖数并进行小麦植株取样,每小区随机取整株样品20株,在实验室烘箱105℃杀青30 min,80℃烘干至恒质量后称质量以测定植株干物质积累量。小麦花后干物质积累量为成熟期与开花期干物质积累量的差值。

1.4.3 植株氮、磷、钾含量及养分积累量。取成熟期植株烘干样品,粉碎后分别测定秸秆和籽粒氮、磷、钾养分含量,并根据干物质积累量计算秸秆和籽粒氮、磷、钾积累量等,全株氮、磷、钾积累量为秸秆和籽粒养分积累量之和。其中植株氮含量采用凯氏定氮法测定,植株磷含量采用钼锑抗比色法测定,植株钾含量采用火焰光度法测定^[15],重复3次。

1.4.4 产量和产量构成。于小麦成熟期每小区连续取50穗,计数每穗粒数;选取1 m²有代表性样方,统计穗数后人工收割、脱粒、晾晒、称质量并测定含

水率,从测产籽粒中数出 1 000 粒测定千粒质量,重复 3 次。千粒质量和籽粒产量按国标折算为 13%标准含水率。

1.5 数据处理

试验数据使用 Excel 2016 进行整理并绘图;采用 Duncan 新复极差法进行单因素方差分析。

2 结果与分析

2.1 不同土壤调理剂处理下土壤 pH 值和养分含量

由表 1 可以看出,施用不同调理剂对小麦成熟期土壤养分指标的影响各有不同。矿源黄腐酸钾(处理 2)、硅钙镁钾肥(处理 3)、海藻微生物菌剂(处理 4)和稻壳炭(处理 5)施用与常规施肥(处理 1, CK)相比,土壤 pH 值分别提升 4.79%、5.48%、8.22%和 6.85%,其中海藻微生物菌剂(处理 4)和稻壳炭(处理 5)相比于常规施肥(CK)差异具统计学意义($P < 0.05$),表明这些调理剂的施用有助于减缓土壤酸化,维持 pH 值的前后稳定。矿源黄腐酸钾(处理 2)和稻壳炭(处理 5)在改善土壤有机质含量方

面的效果优于硅钙镁钾肥(处理 3)和海藻微生物菌剂(处理 4),二者较 CK 可分别提升土壤有机质含量 3.04%和 3.43%,且矿源黄腐酸钾(处理 2)和稻壳炭(处理 5)土壤有机质含量较硅钙镁钾肥(处理 3)分别显著提升 6.41%和 6.82%($P < 0.05$),各处理均较种植前的土壤有机质含量略有增加。稻壳炭(处理 5)相比海藻微生物菌剂(处理 4)显著提高了土壤全氮含量,增幅为 8.53%($P < 0.05$),但二者与其他处理差异无统计学意义,各处理均与种植前的土壤有机质含量相当。相比于常规施肥(CK),各调理剂均不同程度降低土壤碱解氮含量,降幅为 2.82%~8.80%,其中矿源黄腐酸钾(处理 2)和稻壳炭(处理 5)与 CK、硅钙镁钾肥(处理 3)差异具统计学意义($P < 0.05$)。施用矿源黄腐酸钾(处理 2)、硅钙镁钾肥(处理 3)和稻壳炭(处理 5)均不同程度地提高土壤有效磷和速效钾含量,其中:稻壳炭(处理 5)与常规施肥(CK)相比有效磷含量增幅分别达到显著的 8.83%($P < 0.05$);矿源黄腐酸钾(处理 2)、硅钙镁钾肥(处理 3)和稻壳炭(处理 5)相较 CK 速效钾含量增幅分别显著达 5.32%、11.13%和 14.33%($P < 0.05$)。

表 1 不同调理剂处理下土壤 pH 值和养分含量(质量分数)差异

处理	pH 值	有机质含量 / (g/kg)	全氮含量 / (g/kg)	碱解氮含量 / (mg/kg)	有效磷含量 / (mg/kg)	速效钾含量 / (mg/kg)
1(CK)	5.84 ± 0.16 b	22.73 ± 0.28 ab	1.33 ± 0.01 ab	134.02 ± 2.83 a	14.73 ± 0.41 bc	87.04 ± 2.26 c
2	6.12 ± 0.13 ab	23.42 ± 0.42 a	1.35 ± 0.03 ab	123.31 ± 1.41 b	15.75 ± 0.42 ab	91.67 ± 1.56 b
3	6.16 ± 0.13 ab	22.01 ± 0.42 b	1.34 ± 0.04 ab	130.24 ± 2.83 a	15.01 ± 0.33 abc	96.73 ± 4.24 a
4	6.32 ± 0.10 a	22.60 ± 0.14 ab	1.29 ± 0.03 b	128.16 ± 4.24 ab	14.63 ± 0.18 c	84.18 ± 2.83 c
5	6.24 ± 0.10 a	23.51 ± 0.28 a	1.40 ± 0.04 a	122.23 ± 2.83 b	16.03 ± 0.33 a	99.51 ± 2.26 a

注:表中数据为平均值 ± 标准差;同列数据后不同小写字母表示差异具统计学意义($P < 0.05$)。下同。

2.2 不同土壤调理剂下植株氮磷钾含量

由表 2 可以看出,矿源黄腐酸钾(处理 2)、硅钙镁钾肥(处理 3)和海藻微生物菌剂(处理 4)施用比常规施肥(CK)籽粒中全氮含量分别提升 4.54%、5.17%、1.66%,且其中硅钙镁钾肥(处理 3)和常规施肥(CK)间差异具统计学意义($P < 0.05$)。处理 2—处理 5 均表现出提高籽粒全磷含量的趋势,相比常规施肥(CK)增幅分别达 26.15%、10.25%、7.28%和 0.15%,其中,矿源黄腐酸钾(处理 2)、硅钙镁钾肥(处理 3)与常规施肥(CK)间差异具统计学意义($P < 0.05$)。矿源黄腐酸钾(处理 2)和硅钙镁钾肥

(处理 3)处理下籽粒全钾含量分别增加 0.83%和 0.97%(与 CK 相当),而海藻微生物菌剂(处理 4)和稻壳炭(处理 5)显著降低籽粒中全钾含量,与常规施肥(CK)相比分别降低 8.83%、8.69%($P < 0.05$)。与常规施肥(CK)相比,不同调理剂对秸秆氮、磷含量的影响较小,其中全氮含量仅稻壳炭(处理 5)显著低于 CK($P < 0.05$);不同调节剂处理秸秆全磷含量与常规施肥(CK)差异均无统计学意义;稻壳炭(处理 5)秸秆全钾含量与 CK 差异无统计学意义,矿源黄腐酸钾(处理 2)、硅钙镁钾肥(处理 3)和海藻微生物菌剂(处理 4)秸秆全钾含量均显著低于

CK ($P < 0.05$)。

2.3 不同土壤调理剂下植株氮、磷、钾积累量

由表 3 可以看出,不同调理剂对小麦植株氮、磷、钾积累量的调控效应存在差异。矿源黄腐酸钾(处理 2)、硅钙镁钾肥(处理 3)和海藻微生物菌剂(处理 4)与常规施肥(CK)较籽粒氮积累量分别提升 3.96%、5.94%和 0.99%,全株氮积累量分别提升 4.13%、5.51%和 0.86%,其中硅钙镁钾肥(处理 3)全株氮积累量与矿源黄腐酸钾(处理 2)和海藻微生物菌剂(处理 4)差异均不具统计学意义,但显著高于 CK 和稻壳炭(处理 5) ($P < 0.05$)。矿源黄腐酸钾(处

理 2)和硅钙镁钾肥(处理 3)与 CK 相比显著提高籽粒和全株磷积累量,其中籽粒磷积累量增幅分别为 30.85%和 11.83%,全株磷积累量增幅分别为 34.21%和 12.20% ($P < 0.05$)。不同土壤调理剂籽粒钾积累量与 CK 差异均无统计学意义,植株中钾元素更多积累在秸秆中,其中矿源黄腐酸钾(处理 2)、硅钙镁钾肥(处理 3)和稻壳炭(处理 5)的秸秆钾积累量较 CK 分别提升 5.70%、4.09%和 8.18%,全株钾积累量均显著高于 CK ($P < 0.05$);海藻微生物菌剂(处理 4)与 CK 相比,显著降低秸秆和全株钾积累量,降幅分别为 8.30%和 8.80% ($P < 0.05$)。

表 2 不同调理剂处理下小麦成熟期植株体内氮、磷、钾含量差异

取样部位	处理	全氮含量/(g/kg)	全磷(P_2O_5)含量/(g/kg)	全钾(K_2O)含量/(g/kg)
籽粒	1(CK)	17.42 ± 0.23 b	6.73 ± 0.17 c	7.25 ± 0.23 a
	2	18.21 ± 0.27 b	8.49 ± 0.16 a	7.31 ± 0.18 a
	3	18.32 ± 0.18 a	7.42 ± 0.13 b	7.32 ± 0.16 a
	4	17.71 ± 0.11 ab	7.22 ± 0.27 bc	6.61 ± 0.07 b
	5	16.22 ± 0.30 c	6.74 ± 0.23 c	6.62 ± 0.27 b
秸秆	1(CK)	3.32 ± 0.20 a	0.65 ± 0.02 ab	17.72 ± 0.37 a
	2	3.12 ± 0.16 ab	0.72 ± 0.03 a	16.83 ± 0.20 c
	3	3.17 ± 0.20 ab	0.69 ± 0.03 ab	17.24 ± 0.11 b
	4	3.37 ± 0.10 a	0.62 ± 0.03 b	16.41 ± 0.17 d
	5	2.79 ± 0.18 b	0.64 ± 0.02 ab	17.84 ± 0.16 a

表 3 不同调理剂处理下小麦成熟期植株体内氮、磷、钾积累量差异

取样部位	处理	全氮积累量/(kg/667 m ²)	全磷(P_2O_5)积累量/(kg/667 m ²)	全钾(K_2O)积累量/(kg/667 m ²)
籽粒	1(CK)	10.10 ± 0.22 ab	3.89 ± 0.05 d	4.20 ± 0.16 abc
	2	10.50 ± 0.27 a	5.09 ± 0.10 a	4.38 ± 0.08 a
	3	10.70 ± 0.40 a	4.35 ± 0.13 b	4.30 ± 0.25 ab
	4	10.20 ± 0.18 ab	4.14 ± 0.12 c	3.79 ± 0.10 c
	5	9.40 ± 0.13 b	3.93 ± 0.11 d	3.85 ± 0.08 bc
秸秆	1(CK)	1.51 ± 0.12 ab	0.29 ± 0.01 bc	8.07 ± 0.17 b
	2	1.59 ± 0.09 a	0.52 ± 0.02 a	8.53 ± 0.16 a
	3	1.55 ± 0.08 ab	0.34 ± 0.03 b	8.40 ± 0.12 ab
	4	1.51 ± 0.04 ab	0.28 ± 0.01 c	7.40 ± 0.09 c
	5	1.36 ± 0.07 b	0.31 ± 0.01 bc	8.73 ± 0.13 a
全株	1(CK)	11.61 ± 0.27 b	4.18 ± 0.13 c	12.27 ± 0.18 c
	2	12.09 ± 0.26 ab	5.61 ± 0.12 a	12.91 ± 0.31 a
	3	12.25 ± 0.09 a	4.69 ± 0.11 b	12.70 ± 0.30 b
	4	11.71 ± 0.21 ab	4.42 ± 0.14 bc	11.19 ± 0.24 d
	5	10.76 ± 0.21 c	4.24 ± 0.05 c	12.58 ± 0.36 b

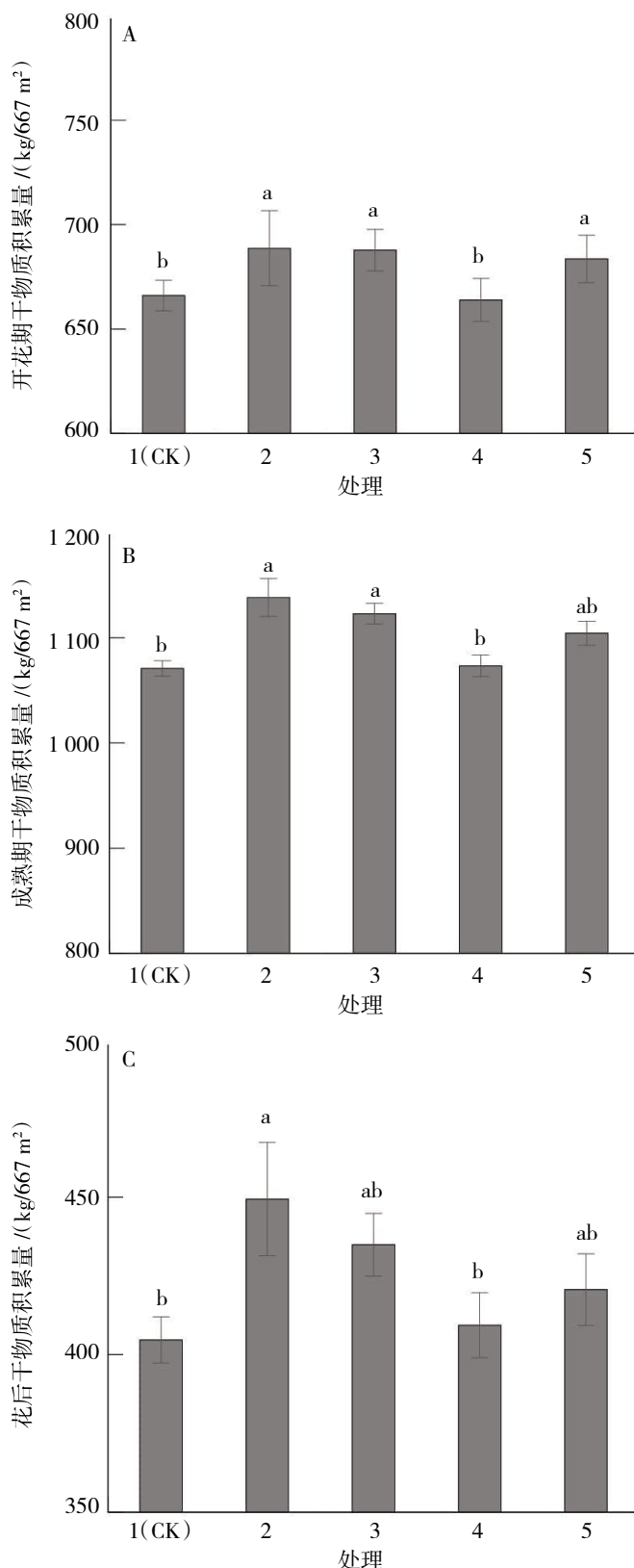
2.4 不同土壤调理剂下小麦植株干物质积累

由图 1-A、1-B 可以看出,在开花期矿源黄腐酸钾(处理 2)、硅钙镁钾肥(处理 3)和稻壳炭(处理 5)施用较处理 1(CK)显著提高小麦干物质积累量,增幅分别为 3.40%、3.27%和 2.63%;海藻微生物菌剂(处理 4)在开花期和成熟期干物质积累量与 CK 差异均无统计学意义。在成熟期,矿源黄腐酸钾(处理 2)和硅钙镁钾肥(处理 3)干物质积累量表现较高,二者之间差异不具统计学意义,但均显著高于 CK 和海藻微生物菌剂(处理 4),其中与 CK 相比增幅分别为 6.29%和 4.86%。稻壳炭(处理 5)与 CK 相比干物质积累量提升 3.13%,但差异无统计学意义。

由图 1-C 可以看出,不同调理剂施用下小麦花后干物质积累量表现为矿源黄腐酸钾(处理 2)≥硅钙镁钾肥(处理 3)≥稻壳炭(处理 5)≥海藻微生物菌剂(处理 4)≥CK,其中只有矿源黄腐酸钾(处理 2)的花后干物质积累量显著高于常规施肥(CK),增幅为 11.04%($P < 0.05$);其他处理花后干物质积累量与 CK 相比均无统计学意义。

2.5 不同土壤调理剂下小麦产量及产量构成

由表 4 可以看出,不同土壤调理剂施用影响小麦产量形成。从籽粒产量看,不同调理剂施用小麦产量表现为矿源黄腐酸钾(处理 2)≥硅钙镁钾肥(处理 3)≥稻壳炭(处理 5)≥常规施肥(CK)≥海藻微生物菌剂(处理 4),矿源黄腐酸钾、硅钙镁钾肥和稻壳炭施用后小麦产量较对照分别提升 3.45%、1.32%和 0.51%,其中只有矿源黄腐酸钾(处理 2)产量显著高于 CK 与海藻微生物菌剂(处理 4)($P < 0.05$)。从产量构成看,矿源黄腐酸钾(处理 2)、硅钙镁钾肥(处理 3)和稻壳炭(处理 5)的穗数高于常规施肥(CK),但差异均无统计学意义;海藻微生物菌剂(处理 4)穗数表现最低,与硅钙镁钾肥(处理 3)相比显著降低 5.95%($P < 0.05$)。矿源黄腐酸钾(处理 2)的每穗粒数表现最高,比 CK 提升 1.44%,但不同处理间差异均无统计学意义。不同调理剂中,矿源黄腐酸钾(处理 2)、硅钙镁钾肥(处理 3)和海藻微生物菌剂(处理 4)的千粒质量均显著高于 CK ($P < 0.05$),而稻壳炭(处理 5)的千粒质量与 CK 差异无统计学意义。总体而言,矿源黄腐酸钾(处理 2)穗数和穗粒数与 CK 差异均无统计学意义,但千粒质量显著高于 CK($P < 0.05$),是产量提升的主要贡献因子。



图中不同小写字母表示不同处理间差异具统计学意义 ($P < 0.05$);图中柱上误差线为标准差

图 1 不同调理剂处理下小麦开花期、成熟期和花后植株干物质积累量差异

表 4 不同调理剂处理下小麦产量和产量构成差异

处理	穗数/(万个/667 m ²)	穗粒数/(粒/穗)	千粒质量/g	籽粒产量/(kg/667 m ²)
1(CK)	28.04 ± 1.20 ab	40.40 ± 1.64 a	54.20 ± 0.38 b	579.11 ± 4.10 b
2	28.42 ± 0.68 ab	40.98 ± 0.99 a	55.27 ± 0.73 a	599.10 ± 9.92 a
3	29.09 ± 0.28 a	39.40 ± 1.47 a	55.24 ± 0.24 a	586.77 ± 11.25 ab
4	27.36 ± 0.34 b	39.83 ± 0.78 a	55.24 ± 0.41 a	573.27 ± 6.92 b
5	28.18 ± 0.65 ab	40.21 ± 0.64 a	54.85 ± 0.17 ab	582.04 ± 11.47 ab

3 讨论

前人研究表明,硅钙镁钾肥和稻壳炭等土壤调理剂呈碱性,能直接中和土壤中的氢离子;此外,矿源黄腐酸钾、海藻微生物菌剂和稻壳炭等土壤调理剂还富含大量羟基、酚羟基等含氧官能团,可通过与土壤中的氢离子发生络合反应,有效中和土壤酸度,缓解土壤酸化^[16]。赵磊等研究也证实,硅酸盐矿物、腐植酸和矿物调理剂等酸性土壤中施用均有利于提高土壤 pH 值,可有效改善土壤酸化^[17]。在本试验中,施用不同类型的土壤调理剂均能不同程度地缓解土壤酸化过程,其中以海藻微生物菌剂和稻壳炭效果较佳。土壤酸化实质上是 H⁺ 增加、Al³⁺ 水解和盐基阳离子减少的过程,增加盐基离子是改良酸性土壤的有效途径之一^[18]。海藻微生物菌剂中有益微生物和海藻成分能通过代谢活动消耗土壤中的有机酸等致酸物质,并在此过程中产生碱性物质,从而直接中和土壤酸度^[19]。而稻壳炭改善酸性土壤一方面在于其本身呈碱性,且富含钾、钙、镁等盐基离子,能直接中和土壤中的氢离子;同时,稻壳炭具有极高的阳离子交换量,能吸附土壤中的致酸离子,从而提高土壤的盐基饱和度^[20]。

土壤调理剂具有显著的保水、增肥、透气的土壤调理性能,一方面能够打破土壤板结、疏松土壤、提高土壤透气性,另一方面可促进土壤微生物活性、增强土壤肥水渗透力,具有促进作物养分吸收、提升作物产量、改善作物品质等作用^[21]。本研究发现,不同土壤调理剂对麦田土壤养分的调控效应存在区别,其中矿源黄腐酸钾和稻壳炭有利于提升土壤有机质、全氮、有效磷和速效钾含量;硅钙镁钾肥也有效增加土壤有效磷和速效钾含量,而海藻微生物菌剂对于土壤养分的影响效应不明显。于晓东等研究指出,腐植酸土壤调理剂施用可改善土壤化学

性状,提升土壤养分含量,从而促进小麦产量提升 7.47% ~ 30.7%^[22]。李中阳等研究表明,在小麦上施用生物炭后产量随着生物炭施用量的增加呈先提高后下降的趋势,用量过高不利于小麦产量提升,这可能是由于生物炭的高含碳量,导致土壤碳氮比增加,微生物与作物竞争吸收氮,限制作物养分吸收,从而导致产量下降^[23]。袁天佑等关于 0 ~ 1 500 kg/667 m² 生物炭用量比较研究也证实了上述观点,认为生物炭用量在 166.67 kg/667 m² 条件下有利于小麦增产^[24]。本研究用量与之相近,但产量提升不显著,籽粒氮积累量也不足,可能是因为本试验条件下生物炭施用前期吸附土壤氮素并诱导微生物吸收利用,更多比例可被植株直接吸收利用的氮素被转化为微生物氮,一定程度上限制了小麦植株对土壤无机氮的吸收。微生物菌剂含有大量有益微生物菌群,施用后可活化土壤活性酶、分解有机质,在改良土壤、增强作物抗逆能力、促进作物生长、增加作物产量、提高作物品质等方面具有潜力^[25]。在本研究中,海藻微生物菌剂施用可提高籽粒氮含量,但对土壤养分、植株干物质积累和产量等指标未表现出明显的促进效应,这可能与微生物菌剂的种类、用量以及土壤中优势菌群的种类有关;矿源黄腐酸钾和硅钙镁钾肥较海藻微生物菌剂和稻壳炭更有利于提高植株体内氮、磷、钾含量及积累量,从而促进小麦花前和花后干物质积累,有利于促进籽粒灌浆充实,与常规施肥相比,在促进穗数提升的同时显著提高千粒质量,进而实现产量提升。在本试验条件下,综合不同土壤调理剂施用对土壤 pH 值和养分含量以及小麦产量的影响,施用 2 kg/667 m² 矿源黄腐酸钾和 150 kg/667 m² 硅钙镁钾肥有利于促进酸性土壤 pH 改良和小麦产量的协同提升,但这是基于一年的试验结果,对于所述调理剂的长期使用效应还有待于进一步深入研究。

4 结论

1) 施用不同类型的土壤调理剂均有利于缓解土壤酸化过程,改善酸性麦田土壤性质。相较于常规施肥(CK),矿源黄腐酸钾和稻壳炭表现出不同程度提高土壤有机质、全氮、有效磷和速效钾含量的趋势;硅钙镁钾肥调理剂表现出增加土壤有效磷和速效钾含量的趋势,而海藻微生物菌剂对于土壤养分的影响不明显。

2) 矿源黄腐酸钾和硅钙镁钾肥较海藻微生物菌剂和稻壳炭更能改善植株体内氮、磷、钾含量及积累,从而有利于小麦花前和花后干物质积累,促进籽粒灌浆充实,较常规施肥可增产 1.32%~3.45%,其中以加矿源黄腐酸钾处理的小麦增产显著。

参考文献:

- [1] 柴健,于爱忠,李悦,等.绿肥还田量结合氮肥减施对绿洲灌区小麦产量和氮素吸收利用的影响[J].作物学报,2023,49(11):3131-3140.
- [2] 姜晓琳,肖永丰,刘江东.土壤调理剂的研究与应用进展[J].环境生态学,2024,6(8):105-109.
- [3] 王燕,陆璐,陆东,等.小麦应用土壤调理剂试验报告[J].新农民,2024(36):56-58.
- [4] 蔡典雄,张志田,张镜清,等.TC土壤调理剂在北方旱地上的使用效果初报[J].土壤肥料,1996(4):34-36,48.
- [5] 袁晶晶,同延安,卢绍辉,等.生物炭与氮肥配施改善土壤团聚体结构提高红枣产量[J].农业工程学报,2018,34(3):159-165.
- [6] 肖占文,赵致禧,赵芸晨,等.化肥减量下有机肥配施土壤调理剂和生物菌肥对玉米连作土壤的生态修复效应[J].中国土壤与肥料,2023(10):48-54.
- [7] 张贺,杨静,周吉祥,等.连续施用土壤改良剂对砂质潮土团聚体及作物产量的影响[J].植物营养与肥料学报,2021,27(5):791-801.
- [8] 杨丽,王劲松,董二伟,等.长期施用秸秆生物炭对土壤养分及作物生长的影响[J].干旱地区农业研究,2024,42(2):62-70.
- [9] 赵新梅,宋鹏飞,李枝武,等.碳基土壤调理剂对烤烟生长期高肥力土壤的调理效果研究[J].西南农业学报,2020,33(11):2565-2571.
- [10] Cong M F, Hu Y, Sun X, et al. Long-term effects of biochar application on the growth and physiological characteristics of maize[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2023, 14: 1172425.
- [11] 索琳娜,马杰,刘宝存,等.土壤调理剂应用现状及施用风险研究[J].农业环境科学学报,2021,40(6):1141-1149.
- [12] 吴丹萍,李芳芳,赵婧,等.生物炭在制备及土壤应用中的潜在环境风险[J].昆明理工大学学报(自然科学版),2019,44(1):98-103.
- [13] 侯丽雅.水中腐植酸的危害及去除方法[J].水利科技与经济,2011,17(9):68-70.
- [14] 鲍士旦.土壤农化分析[M].3版.北京:中国农业出版社,2000:25-114.
- [15] 曹向虎,赵跃华,李运超,等.皖北地区冬小麦肥料利用率试验[J].安徽农学通报,2025,31(13):1-4.
- [16] 张阳阳,王梦园,周伟,等.调理剂对酸性富硒土壤改良效果的初步研究[J].资源环境与工程,2024,38(1):34-39,91.
- [17] 赵磊,李燕.增施土壤调理剂对土壤酸度降低和菠菜生长及营养元素吸收的影响[J].农业科技通讯,2024(7):103-105,109.
- [18] Cai Z J, Wang B R, Xu M G, et al. Nitrification and acidification from urea application in red soil (Ferralic Cambisol) after different long-term fertilization treatments[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2014, 14(9):1526-1536.
- [19] Shanthakumar S, Abinandan S, Venkateswarlu K, et al. Algalization of acid soils with acid-tolerant strains: Improvement in pH, carbon content, exopolysaccharides, indole acetic acid and dehydrogenase activity[J]. *Land Degradation & Development*, 2021, 32(11):3157-3166.
- [20] 杨彩迪,宗玉统,卢升高.不同生物炭对酸性农田土壤性质和作物产量的动态影响[J].环境科学,2020,41(4):1914-1920.
- [21] 高风云,徐广辉,杨怀玉,等.土壤调理剂对小麦产量及土壤理化性状的影响[J].农技服务,2023,40(11):18-21.
- [22] 于晓东,郭新送,陈士更,等.腐植酸土壤调理剂对黄河三角洲盐碱土化学性状及小麦产量的影响[J].农学学报,2020,10(11):25-31.
- [23] 李中阳,齐学斌,樊向阳,等.生物质炭对冬小麦产量、水分利用效率及根系形态的影响[J].农业工程学报,2015,31(12):119-124.
- [24] 袁天佑,王超,吴孟孟,等.两种耕作方式下生物炭用量对潮土肥力及小麦产量的影响[J].中国土壤与肥料,2025(11):147-154.
- [25] 陈芳,李宇辉,王兵跃,等.微生物菌剂对冬小麦生长发育及产量的影响[J].新疆农业科学,2024,61(8):1853-1860.

Effects of Different Soil Conditioners on Acidic Wheat Field Soil Properties, Nutrients and Wheat Yield

Cheng Weigen¹, Gu Lijuan²

(1. Rural Work Office of Guomeng Town, Yandu District, Yancheng City, Jiangsu Province, Yandu 224014, China; 2. Rural Work Office of Qinnan Town, Yandu District, Yancheng City, Jiangsu Province, Yandu 224021, China)

Abstract: To explore an effective approach for synergistically improving wheat field soil and enhancing wheat productivity, the conventional fertilization was used as the control, and four soil conditioners including mineral-derived potassium fulvate (2 kg/667 m²), silicon-calcium-magnesium-potassium fertilizer (150 kg/667 m²), seaweed microbial inoculant (150 kg/667 m²), and rice husk biochar (150 kg/hm²) were used as materials to analyze the regulatory effects of these conditioners on soil nutrient indicators, wheat nutrient uptake, dry matter accumulation and grain yield. The results showed that the use of mineral-source potassium fulvate, silicon-calcium-magnesium-potassium fertilizer, seaweed microbial inoculant, and rice husk biochar conditioner are beneficial for alleviating soil acidification and maintaining soil pH stability. Among the different conditioners, mineral-derived potassium fulvate and rice husk biochar increased soil organic matter content by 3.04% and 3.43%, respectively, compared with conventional fertilization (no statistically significant difference), which showed a great increase than silicon-calcium-magnesium-potassium fertilizer and seaweed microbial inoculant. Mineral-derived potassium fulvate and silicon-calcium-magnesium-potassium fertilizer increased grain nitrogen content by 4.54% and 5.17%, grain phosphorus content by 26.15% and 10.25%, and grain potassium content by 0.83% and 0.97%, respectively, compared with conventional fertilization. They also promoted the accumulation of nitrogen, phosphorus, and potassium in the whole plant, dry matter accumulation and grain filling during the flowering and maturity stages. Among the four conditioners, grain yields under mineral-derived potassium fulvate, silicon-calcium-magnesium-potassium fertilizer and rice husk biochar increased by 3.45%, 1.32% and 0.51%, respectively, compared with conventional fertilization. The yield increase under mineral-derived potassium fulvate was statistically significant ($P < 0.05$).

Key Words: Soil conditioners; Soil fertility; Nutrient content; Wheat yield

(上接第 36 页)

Effects of CO₂ Aqueous Solution and Urea Reduction on Rice Yield and Panicle Characteristics Under Mulch Drip Irrigation

Zhao Shuangling, Wang Shengyi, Wang Xiaojuan, Ma Chenhu, Ke Luyao, Hao Yufeng, Li Li, Qian Guanyun

[Xinjiang Tianye (Group) Co., Ltd., Shihezi 832011, China]

Abstract: This study used the rice cultivar Ningjing 53 as the test material to systematically investigate the effects of CO₂ aqueous solution and nitrogen fertilizer (urea) reduction on yield, the main agronomic traits and panicle characteristics of rice under mulch drip irrigation. The results showed that compared with conventional irrigation treatment (CK), the carbon-nitrogen synergistic irrigation experiment (CO₂ aqueous solution + reduced application of urea) significantly increased the rice yield under mulch drip irrigation, and the yield of rice under mulch drip irrigation increased by 14.49% under 20% reduced nitrogen, 23.86% under 40% reduced nitrogen, and 5.98% under 60% reduced nitrogen. The CO₂ aqueous solution and nitrogen fertilizer reduction (20% and 40%) treatments significantly increased effective panicle number, grain number per panicle, seed setting rate and thousand-grain weight. The direct path coefficients of agronomic traits on yield were all positive. Their direct effects on yield were ranked as seed setting rate > thousand-grain weight > tillers number per plant > grain number per panicle > plant height > effective panicle number > panicle length. The CO₂ aqueous solution and nitrogen fertilizer reduction was helpful to improve the panicle traits of rice under mulch drip irrigation. The increase in rice yield mainly depended on the direct positive contribution of seed setting rate, thousand-grain weight and tillers number per plant, while plant height and effective panicle number exerted an indirect regulatory effect through the synergistic effect with other traits. Under CO₂ aqueous solution drip irrigation, the rice yield under 40% urea reduction was higher than that under urea 60% reduction.

Key Words: CO₂ aqueous solution; Nitrogen fertilizer; Rice; Yield traits; Panicle traits; Path analysis; Correlation

陆绣宇,王凤涛,冯 晶,等. 大麦叶斑病原菌 *Cs29634* 基因调控途径分析[J/OL]. 大麦与谷类科学,2026,43(3):45–54,60(2026–06–02). DOI:10.14069/j.cnki.32–1769/s.2026.03.007.

大麦叶斑病原菌 *Cs29634* 基因调控途径分析

陆绣宇^{1,2},王凤涛²,冯 晶²,孙 丹³,侯 璐^{1*},蔺瑞明^{2*}

(1. 青海大学农林科学院 / 青海省农业有害生物综合治理重点实验室,青海 西宁 810016;2. 中国农业科学院植物保护研究所 / 植物病虫害综合治理全国重点实验室,北京 100193;3. 黑龙江省农业科学院作物资源研究所,黑龙江 哈尔滨 150086)

摘要:麦根腐平脐蠕孢菌(*Bipolaris sorokiniana*)是气候温暖湿润地区麦类作物重要病原真菌之一,其侵染寄主植物的叶片、根系和籽粒,造成严重减产。*B. sorokiniana*群体内存在极其丰富的致病力变异,为培育抗病性持久的品种带来挑战。因此,明晰病原菌致病机制至关重要。MAPK 通路是普遍存在于真核生物中的信号转导途径,属于级联激酶信号通路。*B. sorokiniana*具有 3 个 MAPK 信号通路,即高渗透压甘油(HOG)通路、细胞壁完整性(CWI)通路和有性交配与菌丝生长(Fus3/Kss1)通路。属于 CWI 通路的 MAPKK 基因 *Cs29634* 突变体生物学表型性状如菌丝生长速度、产孢、致病力和耐渗透胁迫能力发生明显变化。本研究对正常条件下生长 3、5、10 d 的野生型和 $\Delta Cs29634$ 突变体菌株分别取样,根据不同的生长时期分为 9 组进行转录组分析,经过数据质控和序列比对得到差异表达基因共 8 450 个。生长前期差异表达基因主要参与碳水化合物跨膜转运与多糖代谢,中期主要调控黑色素、甾醇合成,参与细胞壁组分构成和菌丝生长、分生孢子形成相关代谢途径,后期主要涉及碳水化合物尤其是多糖代谢以及致病相关过程。因此,*Cs29634* 参与碳水化合物代谢与跨膜转运、氨基酸和脂质代谢调控通路,调控黑色素、甾醇合成,从而调控 *B. sorokiniana* 产孢、细胞自溶和致病力。*Cs29634* 调控的关键基因及代谢通路能为揭示 *B. sorokiniana* 致病力变异提供重要信息。

关键词:大麦;蠕孢菌叶斑病;麦根腐平脐蠕孢菌;MAPKK;致病力;转录组分析

中图分类号:S432.1;S512.3

文献标志码:A

文章编号:1673–6486–20260051

大麦(*Hordeum vulgare* L.)种植区域广泛,耐逆境胁迫能力强,全球种植面积和产量仅次于玉米、水稻、小麦,是第四大谷类作物。青藏高原裸粒大麦变种(*H. vulgare* var. *nudum*)被称作青稞,是高寒地区唯一广泛种植的主粮作物^[1]。大麦主要用于酿造和饲料,少量用作粮食^[2],但主栽地区病害流行严重制约了大麦产量和品质^[3]。其中,麦根腐平脐蠕孢菌[*Bipolaris sorokiniana*(Sacc.)Shoemaker,有性态 *Cochliobolus sativus*]是重要病原真菌之一,在世界麦类作物主要栽培地区均有分布。该病原菌不仅侵染麦类作物叶片引起叶斑病(Spot blotch),还侵染寄主根系和种子,引起普通根腐病(Common root rot)和黑

胚病(Black point)^[4]。据报道,全球 90 多个国家发生 *B. sorokiniana* 引起的麦类作物叶斑病,尤其在温暖潮湿的气候条件下更容易暴发流行,对麦类作物安全生产造成严重威胁^[5]。在印度、加拿大和美国等大麦主产区,叶斑病造成不同程度减产,最高减产 79.6%^[6–7];在我国黑龙江、内蒙古东部等北方春麦区,叶斑病一般流行年份造成平均减产 10%~20%,高感病品种减产 30%~50%^[8–9]。施用化学药剂是防治叶斑病的重要措施,但会加重土壤农药残留、环境污染以及病原菌抗药性积累^[10–11]。近五十多年来,国内外已针对 *B. sorokiniana* 地区优势小种筛选鉴定了抗病材料^[12–13]。然而,我国对叶斑病中抗以上的主栽大麦品种稀少,缺少优良抗源,亟须培育抗病新品种^[8,14–15]。另一方面,*B. sorokiniana* 群体中存在丰富的毒性变异。例如,在我国发现 14 个致病类型^[14],在美国、澳大利亚、新西兰、乌拉圭和波兰等国家发现多个优势致病类型。在病害流行区周期性发生优势致病类型更替,极易导致推广 3—5 年的主栽品种降低或“丧失”抗病性^[9]。因此,探究病原菌毒性变异调控机制有助于针对性研发病害的防治新策略,对开发病害防控新措施具有重要意义。

收稿日期:2026–04–30;修回日期:2026–05–25。

基金项目:国家现代农业大麦青稞产业技术体系(CARS–05);黑龙江省自然科学基金(LH2023C094)。

作者简介:陆绣宇(2001—),女,硕士研究生,主要从事大麦叶斑病致病性研究。Email: luxiuYu2001@163.com。

* 通信作者:侯 璐(1983—),女,博士,研究员,主要从事植物病理学、作物抗病遗传与分子致病机制相关研究,Email: mantou428@163.com;蔺瑞明(1972—),男,博士,副研究员,主要从事麦类作物抗真菌病害分子遗传与病原菌致病力变异研究,Email: linruiming@caas.cn。

丝裂原活化蛋白激酶(mitogen-activated protein kinase, MAPK)介导的信号转导途径是真核生物最重要、最保守的一种细胞内信号级联系统,能将胞外刺激信号传导至细胞内,进而调控生物体内各种生理生化反应过程^[16]。MAPK 级联系统对调控真菌生长、发育和侵染过程发挥重要作用。目前已鉴定出 3 个调控 *B. sorokiniana* 致病过程必需的 MAPK 通路,包括高渗透压甘油(high osmolarity glycerol, HOG)通路、细胞壁完整性(cell wall integrity, CWI)通路和 Fus3/Kss1 通路^[17]。例如, *Slr2* 及其同源基因是丝状真菌 CWI 通路的关键 MAPK 基因,该通路也称作 *Slr2/Mpk1* 通路,突变 *Cssl2* 并不影响 *B. sorokiniana* 附着胞的形成,但对细胞壁降解酶更加敏感,并且显著降低致病性^[18]。此外,稻瘟菌 Δ *MPS1* 突变体抑制气生菌丝生长和分生孢子形成^[19];核盘菌 Δ *SMK3* 突变体减少菌核数量,但增加气生菌丝数量^[20]。

前期研究发现,编码 CWI-MAPK 通路的丝裂原活化蛋白激酶激酶(mitogen-activated protein kinase kinase, MAPKK)基因 *Cs29634* 突变体在培养过程中菌丝自溶性逐步增强,产孢量和致病力显著降低^[21]。本研究拟通过转录组分析,揭示 *Cs29634* 参与调控 *B. sorokiniana* 产孢和生长发育相关的下游关键基因及所属代谢通路,研究结果将为解析 *B. sorokiniana* 致病力调控机制提供参考信息。

1 材料与方法

1.1 试验材料

麦根腐平脐蠕孢菌(*B. sorokiniana*)野生型菌株 Z15525 分离自内蒙古呼伦贝尔大麦产区,敲除编码 MAPKK 基因 *Cs29634*,获得突变菌株 Δ *Cs29634*。将其在玉米酵母琼脂(YECSA)培养基(KH_2PO_4 1.0 g, $\text{MgSO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$ 0.5 g, 酵母粉 4.0 g, 玉米粉 15.0 g, 琼脂粉 20.0 g, 补水至 1 L, 调 pH 值至 7.0)上活化、-20℃ 长期保存的菌株,25℃ 培养 7 d(光照周期 12 h 昼/12 h 夜)。收集活化的菌丝体充分研磨,将 1.0 mL 菌丝悬浮液均匀涂布在 YECSA 平板上继续培养,分别刮取培养 3、5、10 d 菌丝体,每个菌丝样品 0.3 g,置于螺旋冷冻管中。每个菌株在同一时间取 3 份样品,液氮速冻后 -80℃ 保存,用于转录组和蛋白质测序分析(表 1)。

表 1 用于转录组分析 *Bipolaris sorokiniana* 野生型 Z15525 和突变菌株 Δ *Cs29634*

试验菌株	培养时间/d	样品试验编号
Z15525	3	A1, A2, A3
Z15525	5	B1, B2, B3
Z15525	10	C1, C2, C3
Δ <i>Cs29634</i>	3	D1, D2, D3
Δ <i>Cs29634</i>	5	E1, E2, E3
Δ <i>Cs29634</i>	10	F1, F2, F3

注:Z15525 是 *B. sorokiniana* 野生型, Δ *Cs29634* 是 *Cs29634* 基因敲除突变菌株。

1.2 试验方法

1.2.1 病原菌总 RNA 提取。采用 TRIzol 方法进行菌株总 RNA 提取^[22]。具体方法是将冷冻菌丝样品的离心管加入钢珠和液氮,在 18 000 r/min 条件下用组织研磨仪充分破碎 30 s,重复 2 次。样品粉末中加入 1 mL Trizol,轻轻混匀,室温静置 10 min;加入氯仿,剧烈震荡 30 s,室温静置 2 min;4℃、12 000 r/min 离心 15 min,吸取上清液 500 μL 转入另一个无 RNase 的 1.5 mL 离心管;加入等体积异丙醇,颠倒混匀,静置 15 min 沉降;4℃、12 000 r/min 低温离心 15 min,弃上清;加入 75% 无水乙醇充分混匀,使沉淀悬浮;4℃、8 000 r/min 离心 5 min,弃上清,重复 2 次,干燥 10 min。最后加入适量焦碳酸二乙酯溶液(DEPC)溶解 RNA,存放于 -80℃ 冰箱。用 Nanodrop 2000 超微量分光光度计检测提取 RNA 纯度和浓度,1% 琼脂糖凝胶电泳检测 RNA 完整性。待测样品由上海欧易生物医学科技有限公司进行转录组测序。独立重复转录组测序试验 3 次。

1.2.2 转录组测序与分析。利用 hisat2 软件(欧易生物医学科技有限公司)将符合质控的高质量测序数据(Clean reads)与病原菌 *B. sorokiniana* 参考基因组序列(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome>)比对,获取测序基因在参考基因组的位置信息,以及测序样本特有的序列特征^[23]。使用 htseq-count 软件获取每个样本比对到蛋白编码基因的 reads 个数^[24]。比对获得 counts 后,过滤编码蛋白的基因,去除 counts 在所有样本中都为 0 的预测基因。用 FPKM(fragments per kilobase per million fragments)定量基因的表达量,DESeq 软件筛选差异表达基因(differentially expressed genes, DEG),以指数 $\log_2$ fold change(缩写

$|\log_2 FC| \geq 1$ 和 $P \leq 0.05$ 为筛选标准^[25]。将 DEG 注释到 GO、KEGG 数据库中,获得 DEG 的 GO 功能注释和富集代谢通路的结果。

1.2.3 差异表达基因 PCR 验证。在 PDA 培养基上培养野生型 Z15525、突变菌株 $\Delta Cs29634$ 及其回补菌株 Cs29634C,在无菌条件下刮取培养 7 d 的菌丝约 5 g,置于无 RNase 冻存管, -80°C 保存。提取总 RNA 并进行反转录,获得样品 cDNA。随机选择 3 个转录组差异表达基因进行 qPCR 验证,包括野生型和突变体菌株生长 10 d 比较中 MAPK 信号通路下调基因 Cs252791(差异倍数 Foldchange = 0.495, $P < 0.05$),在野生型生长 10 d 和生长 3 d 比较中氨基酸代谢和降解通路中无变化、但在突变体菌株生长 10 d 和生长 3 d 比较中表达水平下调基因 Cs38201(差异倍数 Foldchange = 0.085, $P < 0.05$),以及在野生型生长 10 d 和生长 3 d 比较中氨基酸代谢和降解通路中显著下调、但突变体菌株生长 10 d 和生长 3 d 比较中上调表达基因 Cs28936(差异倍数 Foldchange = 3.289, $P < 0.05$)。依据 *B. sorokiniana* 参考基因组序列,利用 DNAMAN 软件设计引物序列,包括内参基因 *GPD*(F:CAACGGCTTCGGTCGCATTGGC, R:CCAAAGGAGTTGGTTGTGC)、Cs28936(F:ACCACACCCGACACCTTCAACTAC, R:CACCCTTTCGCTTACCACCAGTCTC)、Cs38201(F:GACCATAGCCACCACCGTCAACAAG, R:TTCTTCTGCCTTAGCACACCAAGCA)和 Cs252791(F:TCAGACGGCTACGAGATGCCACTAA, R:TTGGACACGAGATTGATGACCACCT),引物由北京擎科生物科技股份有限公司合成。PCR 扩增体系 20 μL ,包含 SYBR qPCR Master Mix(U+) $10\mu\text{L}$,上游和下游引物(浓度为 10 $\mu\text{mol/L}$)各 0.4 μL ,cDNA 1 μL ,ddH₂O 8.2 μL 。q-PCR 反应条件:初始预变性 95 $^\circ\text{C}$ 20 s;随后进行 40 个循环,每个循环包括 95 $^\circ\text{C}$ 变性 10 s,60 $^\circ\text{C}$ 退火 20 s(同步采集荧光信号),72 $^\circ\text{C}$ 延伸 30 s;升降温速率分别为 2.63 和 2.42 $^\circ\text{C/s}$ 。对所得数据进行方差分析(ANOVA)之后进行多重比较,确定差异是否显著。

2 结果与分析

2.1 转录组数据质量评估

获得 *B. sorokiniana* 野生型 Z15525 和突变体 $\Delta Cs29634$ 不同生长时期样本的高质量测序数据,分别获得 $(47.06 \sim 51.65) \times 10^6$ 条和 $(46.01 \sim 51.05) \times 10^6$ 条原始序列,经质控过滤后高质量序列(Clean data)比例分别高于 94.15%和 93.34%,数据有效利用率高(表 2)。野生型菌株样本和突变体菌株样本 Q30(phred quality score 30,碱基质量值)碱基百分比分别高于 91.88%和 91.44%(Q30 $\geq 90\%$ 为优质),GC 比例分布分别介于 52.70%~53.68%和 51.79%~53.93%;质控后测序数据与参考基因组总比对率分别为 95.54%~97.33%和 95.30%~96.56%,唯一比对率分别为 90.89%~96.43%和 82.95%~95.97%,表明野生型 Z15525 和突变体 $\Delta Cs29634$ 转录组数据对参考菌株的转录本均具有较好的同源基因覆盖度,适用于后续差异表达基因筛选及功能富集分析。对质控得到的清洁测序序列进行基因表达定量,以 FPKM ≥ 1 为筛选阈值,剔除无表达与极低表达的转录本,最终得到 8 450 个可信基因。另外,不同取样时间点的 3 个重复样品可信基因数据相关性范围为 0.67~0.99。

2.2 差异表达基因筛选与表达模式分析

将可信基因分为 9 组进行比较分析,按照 $|\log_2 FC| \geq 1$ 且 $P \leq 0.05$ 标准筛选统计差异表达基因 8 450 个,其中上调表达 5 434 个,下调表达 5 742 个(表 3)。以培养 3 和 10 d 野生型和突变体(D_A)和(F_C)转录组数据比较为例,绝大多数差异基因的 $\log_2 FC \geq 1$,而且上调与下调基因均存在较大幅度变化的情况,部分基因的表达水平出现显著差异,表明缺失 Cs29634 能激活和抑制属于一些生物学功能模块的基因表达水平(图 1-a),热图显示样本的差异表达基因都被分为野生型和突变体两大组,且各同组内生物学重复高度聚集(图 1-b)。

表 2 *Bipolaris sorokiniana* 野生型 Z15525 和突变体 Δ Cs29634 转录组测序数据质量评估

样品	原始读数 / $\times 10^6$ 条	有效读数 / $\times 10^6$ 条	Q30/%	GC 比例 /%	唯一对比率 /%	总对比率 /%
A1	47.06	44.80	93.74	53.17	94.91	95.54
A2	49.08	46.25	94.25	53.53	95.88	96.48
A3	49.87	47.32	93.75	53.25	95.23	95.84
B1	51.65	48.63	94.45	53.68	96.42	97.02
B2	48.56	46.08	91.88	53.59	96.43	96.99
B3	51.38	48.72	93.69	53.74	96.33	96.91
C1	51.28	48.86	93.70	52.70	90.89	96.46
C2	47.51	45.08	93.86	53.20	95.78	96.60
C3	48.28	45.67	93.34	52.81	93.07	97.33
D1	46.75	43.64	94.05	53.39	95.70	96.37
D2	50.68	47.70	93.57	53.65	95.91	96.56
D3	50.60	48.14	93.83	53.32	95.74	96.39
E1	46.01	44.09	91.44	53.93	95.81	96.45
E2	48.92	46.51	93.49	53.74	95.97	96.52
E3	48.86	46.32	93.67	53.32	95.09	95.80
F1	50.43	48.08	93.49	52.10	85.27	95.50
F2	49.72	46.85	92.88	51.79	82.95	96.00
F3	51.05	47.97	93.83	52.43	87.57	95.30

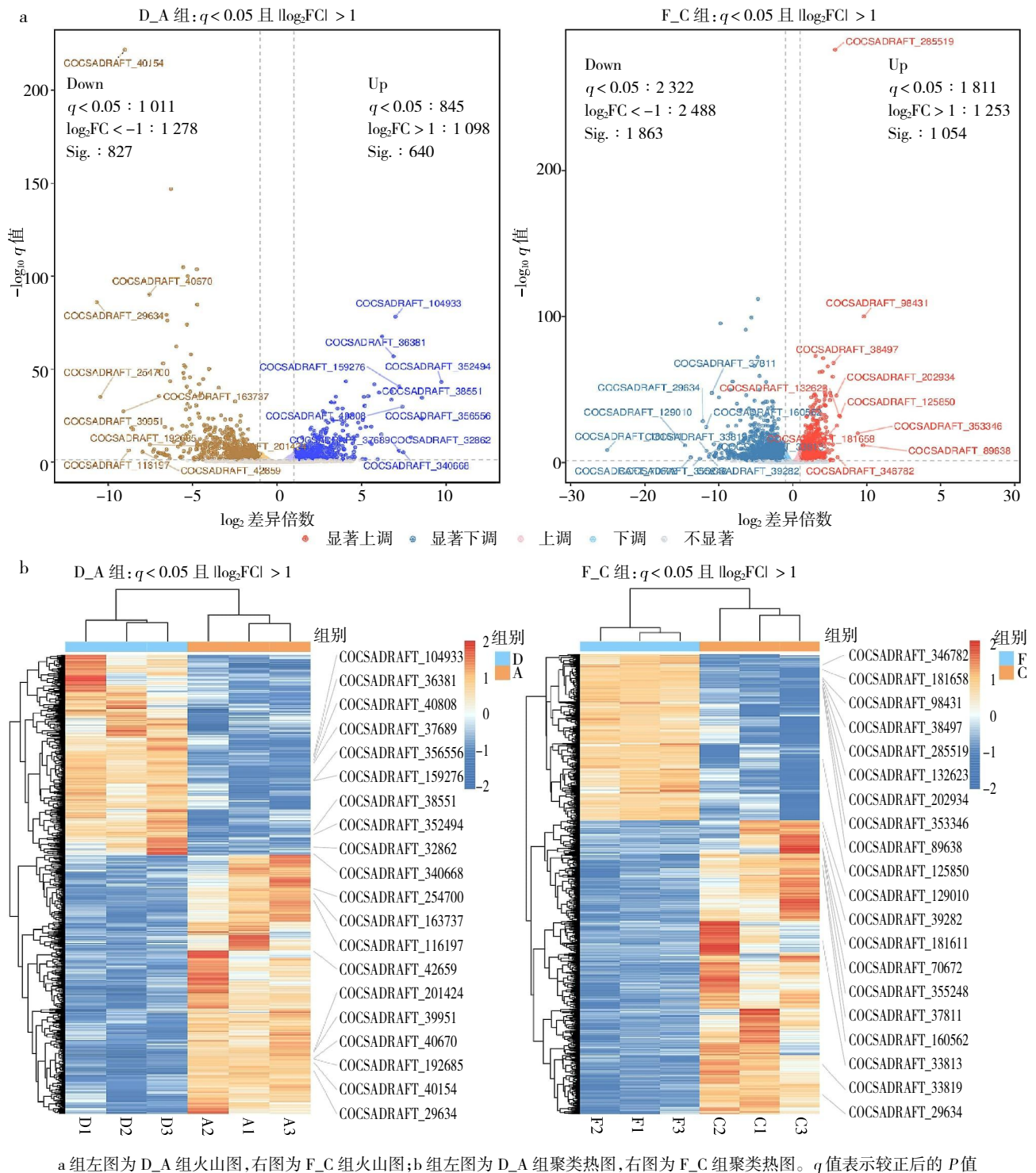
表 3 *Bipolaris sorokiniana* 野生型 Z15525 和突变体 Δ Cs29634 转录组差异基因统计

表达调控	差异表达基因比较分组 / 个								
	B_A	C_A	C_B	D_A	E_B	E_D	F_C	F_D	F_E
上调	515	1 539	1 646	640	832	32	1 054	1 424	1 279
下调	610	1 023	984	827	950	101	1 863	1 773	1 853
总计	1 125	2 562	2 630	1 467	1 782	133	2 917	3 197	3 132

2.3 差异表达基因功能分析

对培养 3、5、10 d 野生型和突变体差异表达上调和下调基因进行 GO 功能富集分析, 差异表达基因集中在 3 个模块, 即生物过程(biological process)、细胞组分(cellular component)和分子功能(molecular function), 分别列出每个模块分析结果前 10 项(图 2)。其中, 培养 3 d 野生型和突变体比较组合(D_A), 差异表达基因在生物过程方面显著富集于跨膜运输和包括己糖、戊糖在内的多种糖代谢过程, 包括 COCSADRAFT_108683($\log_2FC=0.58$)、COCSADRAFT_117978 ($\log_2FC=-1.95$)、COCSAD_

RAFT_111581($\log_2FC=-2.66$)等, 在细胞组分方面富集于质膜组分和细胞壁的胞外区域, 包括 COCSADRAFT_101187($\log_2FC=1.93$)、COCSADRAFT_103550($\log_2FC=0.69$)、COCSADRAFT_132882 ($\log_2FC=-0.97$)等, 在分子功能方面富集于碳水化合物质子同向转运蛋白、葡萄糖跨膜运输、单加氧酶、氧化还原酶、几丁质酶和铁离子、血红素结合等活性(图 2-a), 包括 COCSADRAFT_125649($\log_2FC=0.74$)、COCSADRAFT_109925($\log_2FC=0.70$)、COCSADRAFT_136397($\log_2FC=-1.76$)等。



a 组左图为 D_A 组火山图, 右图为 F_C 组火山图; b 组左图为 D_A 组聚类热图, 右图为 F_C 组聚类热图。q 值表示校正后的 P 值

图 1 *Bipolaris sorokiniana* 野生型 Z15525 和突变体 $\Delta Cs29634$ 培养 3 和 10 d 转录组差异表达基因分析

在培养 5 d 比较组合(E_B)中, 差异表达基因涉及生物过程显著富集于调控真菌生长的支链氨基酸(BCAA)和过氧化氢分解代谢、细胞壁结构、隔蛋白环组装, 分生孢子形成, 赤霉素、黑色素、甾醇等合成, 包括 *COCSADRAFT_135272* ($\log_2 FC=5.15$)、*COCSADRAFT_122992* ($\log_2 FC=1.89$)、*COCSADRAFT_139339* ($\log_2 FC=-1.52$)等; 细胞组分主要涉及菌丝细

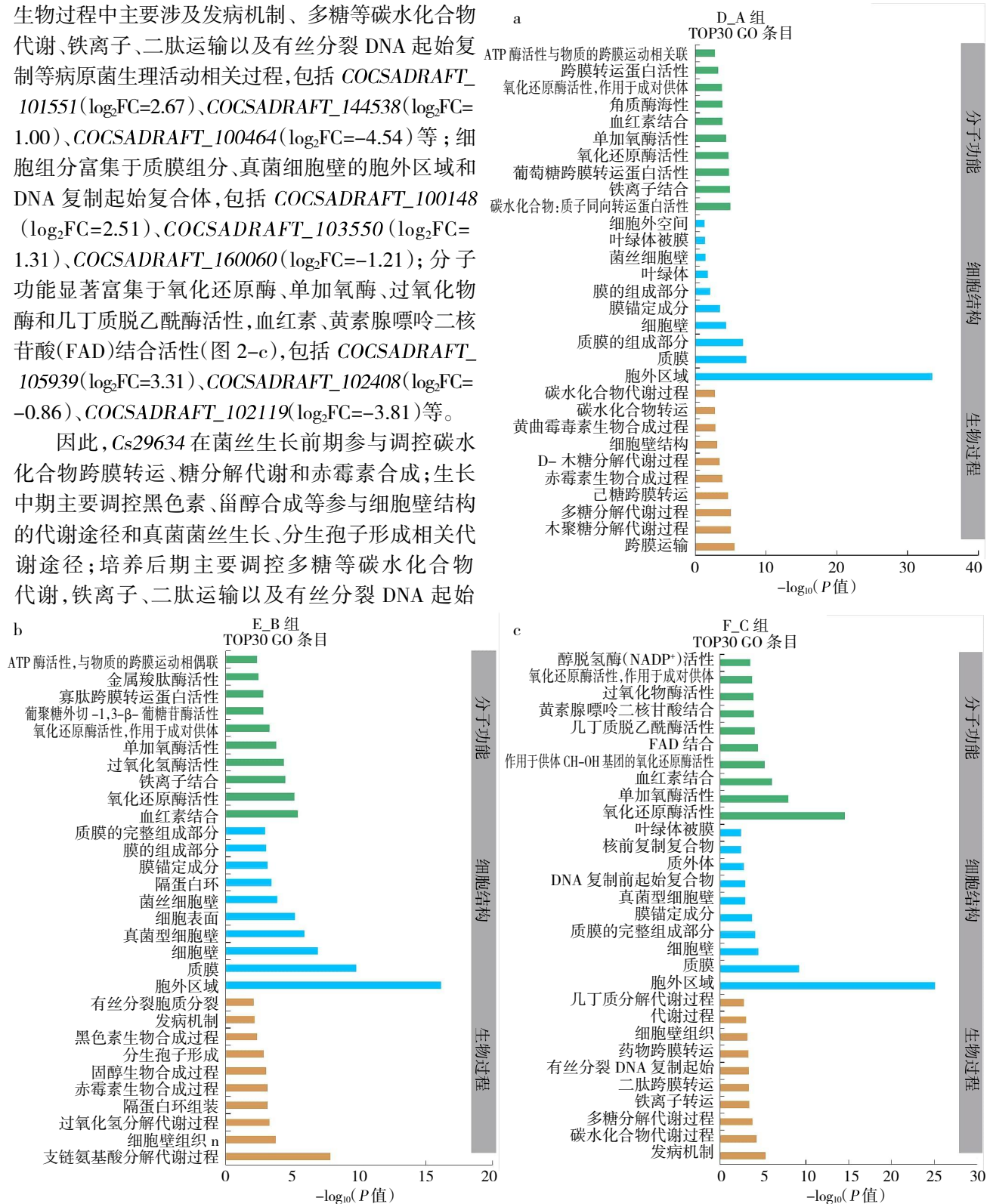
胞壁和质膜组分的胞外区域, 包括 *COCSADRAFT_100148* ($\log_2 FC=1.48$)、*COCSADRAFT_101551* ($\log_2 FC=-1.36$)、*COCSADRAFT_103258* ($\log_2 FC=-2.29$)等; 分子功能侧重于氧化还原酶、过氧化氢酶、单加氧酶和外切-1,3- β -D-葡聚糖酶活性, 铁离子、血红素结合活性(图 2-b), 包括 *COCSADRAFT_237470* ($\log_2 FC=3.95$)、*COCSADRAFT_177419* ($\log_2 FC=2.61$)、

COCSADRAFT_100700($\log_2FC=-2.83$)、*COCSADRAFT_104259*($\log_2FC=-9.31$)等。

培养 10 d 比较组合(F_C)中,差异表达基因在生物过程中主要涉及发病机制、多糖等碳水化合物代谢、铁离子、二肽运输以及有丝分裂 DNA 起始复制等病原菌生理活动相关过程,包括 *COCSADRAFT_101551*($\log_2FC=2.67$)、*COCSADRAFT_144538*($\log_2FC=1.00$)、*COCSADRAFT_100464*($\log_2FC=-4.54$)等;细胞组分富集于质膜组分、真菌细胞壁的胞外区域和 DNA 复制起始复合体,包括 *COCSADRAFT_100148*($\log_2FC=2.51$)、*COCSADRAFT_103550*($\log_2FC=1.31$)、*COCSADRAFT_160060*($\log_2FC=-1.21$);分子功能显著富集于氧化还原酶、单加氧酶、过氧化物酶和几丁质脱乙酰酶活性,血红素、黄素腺嘌呤二核苷酸(FAD)结合活性(图 2-c),包括 *COCSADRAFT_105939*($\log_2FC=3.31$)、*COCSADRAFT_102408*($\log_2FC=-0.86$)、*COCSADRAFT_102119*($\log_2FC=-3.81$)等。

因此, *Cs29634* 在菌丝生长前期参与调控碳水化合物跨膜转运、糖分解代谢和赤霉素合成;生长中期主要调控黑色素、甾醇合成等参与细胞壁结构的代谢途径和真菌菌丝生长、分生孢子形成相关代谢途径;培养后期主要调控多糖等碳水化合物代谢,铁离子、二肽运输以及有丝分裂 DNA 起始

复制等与致病相关的过程。说明 *Cs29634* 对调控 *B. sorokiniana* 菌丝生长、产孢以及致病过程发挥关键性作用。



a 图为野生型菌株和突变体菌株生长 3 d 比较组, b 图为野生型菌株和突变体菌株生长 5 d 比较组, c 图为野生型菌株和突变体菌株生长 10 d 比较组

图 2 *Bipolaris sorokiniana* 野生型 Z15525 和突变体 $\Delta Cs29634$ 差异表达基因 GO 分析

KEGG 富集分析和比较培养 5 d 与 3 d、10 d 与 3 d 及 10 d 与 5 d 组合的突变体和野生型菌丝体转录组的上调、下调差异表达基因,发现 $\Delta Cs29634$ 引起下游基因表达水平发生明显改变(表 3),以野生型差异基因表达下降为对照,突变菌株 $\Delta Cs29634$ 出现差异表达基因上调的情况从生长 5 d 和 3 d 对比的 93 个增加至生长 10 d 和生长 5 d 对比的 103 个和生长 10 d 和生长 3 d 对比的 122 个,生长早期差异表达基因主要涉及氨基酸、糖类和脂质代谢,生长

后期优先集中在核糖体、DNA 复制和氧化磷酸化等,其次是氨基酸、糖类代谢和细胞周期。同时发现,野生型中 $Cs29634$ 正调控的下游表达基因中上调表达基因从生长 5 d 和 3 d 对比的 55 个增加至生长 10 d 和生长 5 d 对比的 153 个以及生长 10 d 和生长 3 d 对比的 133 个,这些基因主要富集在糖类、氨基酸和脂质的合成代谢、细胞周期以及参与环境信号转导过程中。

表 3 KEGG 分组比较 *Bipolaris sorokiniana* 野生型 Z15525 和突变体 $\Delta Cs29634$ 差异表达基因

比较分组	参与途径							差异表达 基因总数 / 个
	代谢通路 / 条				遗传信息	环境信息	细胞过程	
	碳水化合物	氨基酸	脂质	总计	处理通路 / 条	处理通路 / 条	通路 / 条	
突变体 5 d vs. 3 d 未显著变化,野生型上升	11	29	10	71	10	8	6	55
突变体 5 d vs. 3 d 未显著变化,野生型下降	23	66	18	148	3	1	4	93
突变体 10 d vs. 5 d 未显著变化,野生型上升	36	92	33	220	9	2	20	153
突变体 10 d vs. 5 d 未显著变化,野生型下降	14	38	11	102	43	3	24	103
突变体 10 d vs. 3 d 未显著变化,野生型上升	19	39	14	164	16	8	24	133
突变体 10 d vs. 3 d 未显著变化,野生型下降	19	39	16	116	46	1	21	122

2.4 差异表达基因 qPCR 检测

结果显示,差异表达基因 $Cs28936$ 在突变体中表达量高于野生型和回补菌株(但差异不具统计学意义),说明该基因表达受 $Cs29634$ 负调控;受 $Cs29634$ 正调控基因 $Cs38201$ 和 $Cs252791$ 在突变体中不表达或表达量极低,不被检测到,但在野生型和回补菌株中显著表达(图 3)。上述 qPCR 检测目的基因相对表达量变化趋势与转录组测序结果一致,说明本研究的转录组测序数据可靠,能为后续试验分析提供可靠数据。

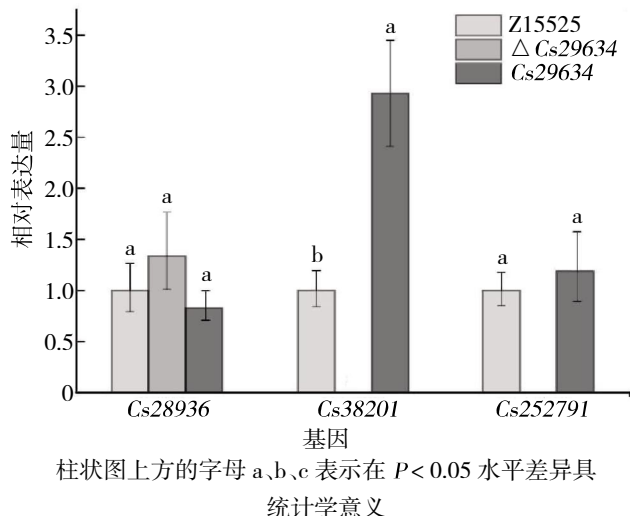


图 3 qPCR 检测差异表达基因 $Cs28936$ 、 $Cs38201$ 和 $Cs252791$ 在 *Bipolaris sorokiniana* 野生型 Z15525、突变体和回补菌株表达水平

3 讨论

已有研究表明,MAPK 通路利用两条路径调控真菌菌丝发生自溶解,一个是 MAPK 同源基因缺失,另一个是 ROS 过度积累激活 MAPK 通路^[26]。例如,梨炭疽病菌(*Colletotrichum fructicola*)FUS3/Kss3 同源基因 *CfMK1* 缺失造成突变体菌丝发育不良,出现菌丝自溶现象,不能形成分生孢子,同时丧失了形成附着胞和致病能力^[27]。将绿木霉菌(*Trichoderma virens*)Slt2 同源基因 *TmkB* 敲除后发现,病原菌对细胞壁降解酶敏感性增加,且能造成菌丝自溶^[28]。构巢曲霉(*Aspergillus nidulans*)缺失 *FUS3* 同源基因 *MpkB*,也致使病原菌培养过程发生典型的菌丝自溶现象,同时促进细胞壁水解酶的转录水平提高^[29]。Hog1-MAPK 通路和 Slt2-MAPK 通路对病原菌的产孢和致病力起着关键性调控作用。例如,在 Hog1-MAPK 通路中,交链孢菌(*Alternaria alternata*)缺失同源基因 *AaSho1* 造成突变体侵染性下降、毒力降低^[30];香蕉枯萎病菌(*Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*)缺失 MAPK 同源基因 *FoHog1* 造成病原菌致病力和产孢量降低,同时耐渗透胁迫也会更加敏感^[31]。在 Slt2-MAPK 通路中,*A. alternata* 的 *Slt2* 同源基因 *AaSlt2* 缺失会导致病原菌产孢量下降、在寄主上的毒力显著降低^[32]。胶孢炭疽菌(*Colletotrichum gloeosporioides*)Slt2

同源基因 *Cgl-SLT2* 缺失,致使病原菌的营养生长和产孢存在缺陷,造成病原菌的致病性下降^[33]。因此,真菌利用 *Slr2* 和 *Hog1* 通路维持细胞壁完整性,调控致病力和产孢过程。前期研究已证明,敲除编码调控细胞壁完整性(CWI)途径的 MAPKK 基因 *Cs29634*,突变体菌丝体稀疏,培养后期发生菌丝自溶现象,提高对渗透胁迫因子的敏感性,致病力显著降低,产孢量显著下降^[21]。说明 *Cs29634* 是调控 *B. sorokiniana* 菌丝生长、产孢和致病过程的关键基因。

碳水化合物、氨基酸和脂质代谢在病原真菌生长发育和致病力方面具有重要作用^[34-35]。本研究对随机选择的 3 个差异表达基因进行了 qPCR 验证,结果表明该转录组测序数据可靠。通过转录组分析发现,培养早期 *Cs29634* 调控的下游基因主要参与碳水化合物代谢,中后期增加的差异表达基因主要富集于碳水化合物、氨基酸代谢,其次是运输和分解代谢,以及信号转导。 Δ *Cs29634* 突变菌株在生长早期的差异表达基因主要富集于氨基酸和碳水化合物代谢,后期主要涉及翻译、DNA 复制与修复,而氨基酸和碳水化合物等代谢通路明显受到抑制,是导致菌丝溶解和产孢量显著减少的重要原因。精氨酸、丝氨酸和异亮氨酸等重要氨基酸合成对禾谷镰刀菌(*F. graminearum*)和稻曲拟黑粉菌(*Ustilaginoidea virens*)生长、致病力和产孢均产生显著影响^[36-40]。糖类在调节真菌的代谢、细胞壁生物合成以及次级代谢产物的生成方面发挥着不可或缺的作用^[35]。真菌病原菌体内的糖转运蛋白通过糖酵解、戊糖磷酸化途径以及柠檬酸循环等途径密切影响着细胞壁的形成、菌丝的生长和致病力的强弱^[41]。例如,烟曲霉(*A. fumigatus*) 蛋氨酸的缺失会影响氨基酸代谢和糖代谢的多个通路,造成菌体细胞壁合成受阻,致病力降低和过早凋亡的情况。黄曲霉菌(*A. flavus*)、玉米黑粉菌(*Ustilago maydis*)、炭疽菌(*Colletotrichum* spp.)和隐球菌(*Cryptococcus* spp.)等真菌中的糖转运蛋白的缺失导致生长缓慢、产孢降低和致病力降低等结果^[41-44]。病原菌通过转运蛋白将周围环境中的糖类等物质输入体内,进行一系列反应后转化为自身所需的营养物质和能量,维持正常的生理活动^[45]。丝绒盖壳菌(*Coniochaeta velutina*)引起胶孢炭疽菌(*Colletotrichum gloeosporioides*)MAPK 信号转导紊乱,影响其氨基酸的合成,从而实现生物防治目的^[46]。烟曲霉(*A. fumigatus*)缺失 *MpkA* 基因导致精氨酸合成路径改变,持续转化为鸟氨酸以维持铁载

体的合成^[47],白假丝酵母菌(*Candida albicans*)脯氨酸与精氨酸的分解代谢激活 *Ras1*-MAPK/ cAMP 通路,对病原菌菌丝的致病性具有积极作用^[48]。在酿酒酵母(*Saccharomyces cerevisiae*)中,葡萄糖饥饿能够激活 MAPK 的 *Ste11*-*Kss1* 通路,进而调控假菌丝和生物膜的形成^[49],构巢曲霉的 HOG-MAPK 通路通过介导葡萄糖的碳源阻遏来决定病原菌碳源的偏好^[50]。本研究中,*Cs29634* 富集的调控通路包括碳水化合物代谢、转运和葡萄糖跨膜运输。因此,MAPK 信号级联通路的 *Cs29634* 基因参与调控 *B. sorokiniana* 多个代谢途径,尤其是参与调控碳水化合物和氨基酸代谢途径,而且两个代谢途径彼此存在密切的联系。由于 *Cs29634* 基因属于 CWI-MAPK 通路的 MAPKK 基因,且在病原菌生长的不同阶段产生的调控效应多样化,但到目前为止,有关糖代谢和氨基酸代谢以及其他通路之间在真菌中的联系机制仍不明朗,因此,在 *B. sorokiniana* 的后续研究中,可以在糖代谢、氨基酸代谢或遗传信息相关生理过程中挖掘与 CWI-MAPK 通路密切联系的关键基因,探究这些关键基因对 *B. sorokiniana* 致病机制的调控作用,可为后续从糖代谢和氨基酸代谢途径着手探究 *B. sorokiniana* 的致病机制提供重要信息。

4 结论

突变体菌株 *Cs29634* 在生长后期菌丝出现自溶现象与病原菌细胞壁的完整性有关,在 GO 富集分析中病原菌细胞壁和膜的相关结构在病原菌的整个生理过程中均出现显著富集,说明 *Cs29634* 基因对病原菌的细胞结构存在影响。另外,在病原菌生长早期,氨基酸代谢和碳水化合物代谢等代谢过程显著富集,说明 *Cs29634* 基因对病原菌生长早期的物质合成代谢等起主导作用,基因的缺失使得突变体菌株的代谢发生紊乱,生长后期染色质复制和修复、细胞周期以及与致病力相关的代谢通路的显著表达,说明其对病原菌生长后期的生殖生长、适应刺激、遗传信息处理和致病力等过程发挥关键调控作用。

参考文献:

- [1] 胡德央,成彦斌,卓 嘎,等. 青藏高原青稞主要病虫害发生特点与综合防治[J]. 农业工程技术,2025,45(25):53-54.

- [2] 刘欣. 大麦叶斑突变体的表型鉴定和调控分析[D]. 杭州: 浙江大学, 2020: 4.
- [3] 张海娟. 大麦网斑病原菌的分离鉴定及大麦种质抗网斑病的关联分析[D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2016: 1.
- [4] Al-Sadi A M. *Bipolaris sorokiniana*-induced black point, common root rot, and spot blotch diseases of wheat: a review[J]. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 2021, 11: 584899.
- [5] 吕二锁, 张凤英, 蔺瑞明, 等. 大麦种质资源苗期根腐病抗性鉴定[J]. *大麦与谷类科学*, 2015(3): 30–34.
- [6] Clark R V. Yield losses in barley cultivars caused by spot blotch[J]. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 1979, 1(2): 113–117.
- [7] Singh R N, Singh A K, Singh S P. Prevalence and management of spot blotch (*Cochliobolus sativus*) of barley (*Hordeum vulgare* L.) in eastern India[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences India, Section-B: Biological Sciences*, 2009, 79(1): 65–69.
- [8] 姚全杰, 郭焕强, 陈琳, 等. 大麦种质对叶斑病的抗性鉴定与评价[J]. *植物病理学报*, 2019, 49(1): 75–82.
- [9] Guo H Q, Yao Q J, Chen L, et al. Virulence and molecular diversity in the *Cochliobolus sativus* population causing barley spot blotch in China[J]. *Plant Disease*, 2019, 103(9): 2252–2262.
- [10] 尹维松. 农药减量控害增效技术在农业有害生物防治上的应用[D]. 合肥: 安徽农业大学, 2016: 2.
- [11] 郑晓东, 白育铭, 刘艳俊, 等. 山西省实施化学农药减量增效工作实践与思考[J]. *中国植保导刊*, 2025, 45(1): 104–106.
- [12] Fetch T G Jr, Steffenson B J. Rating scales for assessing infection responses of barley infected with *Cochliobolus sativus*[J]. *Plant Disease*, 1999, 83(3): 213–217.
- [13] Verma R, Singh D, Selvakumar R, et al. Resistance to spot blotch in barley germplasm[J]. *Indian Journal of Plant Genetic Resources*, 2013, 26(3): 220–225.
- [14] 郭焕强. 大麦叶斑病菌鉴别品种体系组建及其毒性分析[D]. 北京: 中国农业科学院, 2016: 7.
- [15] 荀金玉, 孙丹, 尚佳薇, 等. 大麦抗锈孢叶斑病遗传资源鉴定及主要抗病类型分析[J]. *植物病理学报*, 2024, 54(1): 137–146.
- [16] Zhao X H, Mehrabi R, Xu J R. Mitogen-activated protein kinase pathways and fungal pathogenesis[J]. *Eukaryotic Cell*, 2007, 6(10): 1701–1714.
- [17] Leng Y Q, Zhong S B. The role of mitogen-activated protein (MAP) kinase signaling components in the fungal development, stress response and virulence of the fungal cereal pathogen *Bipolaris sorokiniana*[J]. *PLoS One*, 2015, 10(5): e0128291.
- [18] Jiang C, Zhang X, Liu H Q, et al. Mitogen-activated protein kinase signaling in plant pathogenic fungi[J]. *PLoS Pathogens*, 2018, 14(3): e1006875.
- [19] Xu J R, Staiger C J, Hamer J E. Inactivation of the mitogen-activated protein kinase Mps1 from the rice blast fungus prevents penetration of host cells but allows activation of plant defense responses[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1998, 95(21): 12713–12718.
- [20] Bashi Z D, Gyawali S, Bekkaoui D, et al. The *Sclerotinia sclerotiorum* Sl2 mitogen-activated protein kinase ortholog, SMK3, is required for infection initiation but not lesion expansion[J]. *Canadian Journal of Microbiology*, 2016, 62(10): 836–850.
- [21] 陈琳. 麦根腐平脐蠕孢菌 MAPKK 和异柠檬酸裂解酶基因的功能研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2021: 29–39.
- [22] Rio D C, Ares M Jr, Hannon G J, et al. Purification of RNA using TRIzol (TRI reagent)[J]. *Cold Spring Harbor Protocols*, 2010(6): pdb.prot5439.
- [23] Kim D, Langmead B, Salzberg S L. HISAT: a fast spliced aligner with low memory requirements[J]. *Nature Methods*, 2015, 12(4): 357–360.
- [24] Anders S, Pyl P T, Huber W. HTSeq: a Python framework to work with high-throughput sequencing data[J]. *Bioinformatics*, 2015, 31(2): 166–169.
- [25] Benjamini Y, Yekutieli D. The control of the false discovery rate in multiple testing under dependency[J]. *The Annals of Statistics*, 2002, 29(4): 1165–1188.
- [26] Yang H L, Zheng Z H, Zhou H B, et al. Proteomics reveals the mechanism underlying the autolysis of postharvest *Coprinus comatus* fruiting bodies[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2022, 70(4): 1346–1357.
- [27] Li C H, Sun W B, Cao S L, et al. The *CfMK1* gene regulates reproduction, appressorium formation, and pathogenesis in a pear anthracnose-causing fungus[J]. *Journal of Fungi*, 2022, 8(1): 77.
- [28] Kumar A, Scher K, Mukherjee M, et al. Overlapping and distinct functions of two *Trichoderma virens* MAP kinases in cell-wall integrity, antagonistic properties and repression of conidiation[J]. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 2010, 398(4): 765–770.
- [29] Kang J Y, Chun J, Jun S C, et al. The *MpkB* MAP kinase plays a role in autolysis and conidiation of *Aspergillus nidulans*[J]. *Fungal Genetics and Biology*, 2013, 61: 42–49.
- [30] Liu Y X, Yuan J, Li Y C, et al. The sensor protein AaSho1 regulates infection structures differentiation, osmotic stress tolerance and virulence via MAPK module AaSte11–AaPbs2–AaHog1 in *Alternaria alternata*[J]. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 2024, 23: 1594–1607.
- [31] 毛超, 陈平亚, 戴青冬, 等. 香蕉枯萎病菌中 *Hog1* MAPK 同源基因 *FoHog1* 敲除突变体的生物学特性[J]. *微生物学报*, 2014, 54(11): 1267–1278.
- [32] Jiang Q Q, Wang T L, Li Y C, et al. *AaSl2* is required for

- vegetative growth, stress adaption, infection structure formation, and virulence in *Alternaria alternata*[J]. Journal of Fungi, 2024, 10(11):774.
- [33] Yong H Y, Bakar F D A, Illias R M, et al. *Cgl-SLT2* is required for appressorium formation, sporulation and pathogenicity in *Colletotrichum gloeosporioides*[J]. Brazilian Journal of Microbiology, 2013, 44(4):1241–1250.
- [34] Divon H H, Fluhr R. Nutrition acquisition strategies during fungal infection of plants[J]. FEMS Microbiology Letters, 2007, 266(1):65–74.
- [35] Yasin R, Usman S, Qin Q J, et al. Key sugar transporters drive development and pathogenicity in *Aspergillus flavus*[J]. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 2025, 15:1661799.
- [36] Hoffmeister D, Keller N P. Natural products of filamentous fungi: enzymes, genes, and their regulation[J]. Natural Product Reports, 2007, 24(2):393–416.
- [37] Wang G H, Wang C F, Hou R, et al. The *AMT1* arginine methyltransferase gene is important for plant infection and normal hyphal growth in *Fusarium graminearum*[J]. PLoS One, 2012, 7(5):e38324.
- [38] Liu X, Xu J H, Wang J, et al. Involvement of threonine deaminase *FgIlv1* in isoleucine biosynthesis and full virulence in *Fusarium graminearum*[J]. Current Genetics, 2015, 61(1):55–65.
- [39] Chen Y, Zuo R F, Zhu Q, et al. *MoLys2* is necessary for growth, conidiogenesis, lysine biosynthesis, and pathogenicity in *Magnaporthe oryzae*[J]. Fungal Genetics and Biology, 2014, 67:51–57.
- [40] Du Y, Zhang H F, Hong L, et al. Acetolactate synthases *MoIlv2* and *MoIlv6* are required for infection-related morphogenesis in *Magnaporthe oryzae*[J]. Molecular Plant Pathology, 2013, 14(9):870–884.
- [41] Fleck C B, Schobel F, Brock M. Nutrient acquisition by pathogenic fungi: nutrient availability, pathway regulation, and differences in substrate utilization[J]. International Journal of Medical Microbiology, 2011, 301(5):400–407.
- [42] Liu N, Wang Q N, He C Z, et al. *CgMFS1*, a major facilitator superfamily transporter, is required for sugar transport, oxidative stress resistance, and pathogenicity of *Colletotrichum gloeosporioides* from *Hevea brasiliensis*[J]. Current Issues in Molecular Biology, 2021, 43(3):1548–1557.
- [43] Liu T B, Wang Y N, Baker G M, et al. The glucose sensor-like protein Hxs1 is a high-affinity glucose transporter and required for virulence in *Cryptococcus neoformans*[J]. PLoS One, 2013, 8(5):e64239.
- [44] Kodama S, Ishizuka J, Miyashita I, et al. Extracellular esterases from the surface of *C. orbiculare* conidia hydrolyze the host plant cuticle[J]. PLoS Pathogens, 2017, 13(2):e1006189.
- [45] 胡雅文. 肠外致病性大肠杆菌糖代谢和嘌呤代谢相关基因对其致病性的影响研究[D]. 武汉:华中农业大学, 2024:8.
- [46] Zheng W, Yang C L, Zhou C B, et al. Disruption of MAPK signalling and amino acid biosynthesis underlies the antifungal biocontrol mechanism of *Coniochaeta velutina* against *Colletotrichum gloeosporioides*: a transcriptome and metabolome analysis[J]. Canadian Journal of Microbiology, 2025, 71:1–13.
- [47] Jain R, Valiante V, Remme N, et al. The MAP kinase MpkA controls cell wall integrity, oxidative stress response, gliotoxin production and iron adaptation in *Aspergillus fumigatus*[J]. Molecular Microbiology, 2011, 82(1):39–53.
- [48] Silao F G S, Ward M, Ryman K, et al. Mitochondrial proline catabolism activates Ras1/cAMP/PKA-induced filamentation in *Candida albicans*[J]. PLoS Genetics, 2019, 15(2):e1007976.
- [49] Karunanithi S, Cullen P J. The filamentous growth MAPK pathway responds to glucose starvation through the Mig1/2 transcriptional repressors in *Saccharomyces cerevisiae* [J]. Genetics, 2012, 192(3):869–887.
- [50] de Assis L J, Silva L P, Liu L, et al. The high osmolarity glycerol mitogen-activated protein kinase regulates glucose catabolite repression in filamentous fungi[J]. PLoS Genetics, 2020, 16(8):e1008996.

(下转第 60 页)

本刊常用计量单位符号简介

为执行国务院发布的《关于在我国统一实行法定计量单位的命令》的规定, 根据中华人民共和国“量和单位”系列国家标准(GB3100—1993、GB/T3101—1993 和 GB/T3102.1~3102.13—1993), 现将本刊常用的计量单位符号介绍如下, 希广大作者遵照执行。

时间: 日(天)—d; 表格中(月/日)应用(月—日), 如 2/30 应用 02—30; 时—h; 分—min; 秒—s。质量: 吨—t; 公斤(千克)—kg; 克—g; 毫克—mg; 微克—μg; 纳克—ng。体积: 升—L; 毫升—mL; 微升—μL。浓度: 通常指物质的量浓度, 克分子浓度(M)废用, 改为 mol/L; 当量浓度(N)废用, 换算成相应的 mol/L; 质量浓度单位为 kg/L; 质量摩尔浓度单位为 mol/kg; ppm 换算为相应的 mg/kg (质量分数)、μL/L (体积分数)、μmol/mol (摩尔分数)等。面积: 亩—667 m², 万亩换算为万 hm² 等。

梁虎军,杨万新,刘 容,等. 5 种杀菌剂浸种处理对水稻苗期生长发育的影响[J/OL]. 大麦与谷类科学,2026,43(3):55–60(2026–04–24). DOI:10.14069/j.cnki.32–1769/s.2026.03.008.

5 种杀菌剂浸种处理对水稻苗期生长发育的影响

梁虎军,杨万新,刘 容,赵 振,刘丽娟,罗树凯*

(新疆兵团第一师农业科学研究所,新疆阿拉尔 843300)

摘要:在阿拉尔地区水稻田将稻瘟病防治药剂通过室内发芽、室内浸种、大田小区浸种处理,探讨 5 种杀菌剂浸种处理对水稻苗期生长的影响。结果发现:各药剂处理的发芽率均在 90.00%以上,室内浸种各处理出苗率均高于对照;各药剂处理均能不同程度促进水稻幼苗的生长。主成分分析发现,发芽率、芽长、出苗率、株高、叶片数、鲜质量和防效在各主成分中累计贡献率达 85%以上,在各主成分中,室内浸种试验和大田试验中鲜质量、株高系数均较高。运用隶属函数法综合评价水稻苗期各项相关指标的平均隶属度,结果为甲基硫菌灵 > 多菌灵 > 咪鲜胺 > 乙蒜素 > 稻瘟灵。结果表明,甲基硫菌灵和多菌灵对水稻生长综合评价较优。

关键词:杀菌剂浸种;水稻苗期;生长发育指标;主成分分析;隶属函数

中图分类号:S435.111.4+1

文献标志码:A

文章编号:1673–6486–20260009

稻瘟病是水稻重要病害之一,可导致大幅度减产,甚至颗粒无收。近年来,新疆阿拉尔地区的水稻田内稻瘟病持续发生,已经成为制约当地水稻生产的影响因素。针对稻瘟病的发生为害,化学药剂的控制仍是防治稻瘟病最重要的措施^[1–3]。乙蒜素、稻瘟灵、咪鲜胺、甲基硫菌灵等化学药剂以及枯草芽孢杆菌等生物药剂^[4–7]先后在防治稻瘟病试验中产生了较好的效果,其中乙蒜素、稻瘟灵、咪鲜胺等药剂均为阿拉尔地区稻区稻瘟病防治的常用化学药剂。药剂对水稻稻瘟病防治效果的相关研究较多,但不同的药剂处理对水稻生长影响的相关研究报道较少^[8–9]。为此,本研究旨在探讨室内、大田条件下,5 种杀菌剂药剂浸种对水稻发芽、株高等苗期生长状况的影响。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试水稻品种为新稻 11,由新疆农业科学院核技术生物技术研究所选育并于 2006 年审定,生育

期为 155 d,株高 95 ~ 100 cm,穗长 18 ~ 20 cm。药剂及稀释倍数:80%乙蒜素(天津市汉邦植物保护剂有限责任公司)4 000 倍液,40%稻瘟灵(四川省川东农药化工有限公司)400 倍液,70%甲基硫菌灵(陕西上格之路生物科学有限公司)1 000 倍液,40%多菌灵(江苏蓝丰生物化工股份有限公司)250 倍液,45%咪鲜胺(广东植物龙生物技术有限公司)2 000 倍液。

1.2 室内试验

参照 GB/T 3543.4—2025《农作物种子检验规程 第 4 部分:播种质量 发芽试验》开展试验。

1.2.1 室内发芽试验。将不同药剂按比例配制成药液,选取 100 粒水稻种子在药液中浸泡 48 h,用湿润的灭菌棉纤维织物(毛巾)作为种子培养介质放入培养箱,保持介质湿润。共 5 个药剂处理,每个处理重复 3 次,以清水为对照处理。7 d 后打开介质调查发芽率、根长、芽长。光照培养箱温度:(27 ± 1)℃;湿度:65% ± 10%;光照:每天光照 16 h。本试验采用灭菌棉纤维织物作为发芽介质,该介质符合 GB/T 3543.4—2025 对发芽介质的通用要求,与标准推荐的棉纤维类纸介质同属植物纤维材质,保湿效果好,操作简便,便于完整获取根长、芽长等指标,结果可靠。

1.2.2 室内浸种试验。将不同药剂按比例配制成药液,选取 100 粒稻种,在长、宽、高分别为 19、13、12 cm 的塑料盒中加入 5 cm 厚的灭菌细沙作为培养盒。将稻种浸泡在药液中,48 h 后将稻种播种于培养盒

收稿日期:2026–01–15;修回日期:2026–03–26。

基金项目:2024 年兵团英才支持计划骨干项目(罗树凯);第一师阿拉尔市科研计划(2024NY01)。

作者简介:梁虎军(1986—),男,硕士,助理研究员,主要从事农作物病虫害预测预报工作。Email: lhj2006_222@126.com。

* 通信作者:罗树凯(1978—),男,副研究员,研究方向为农作物病虫害预测预报。Email: xjluoshukai@163.com。

内,浇水至沙土湿润,放置于光照培养箱中,及时补充水分保持培养盒土壤湿润。共 5 个药剂处理,每个处理重复 3 次,以清水为对照处理。播种后 7 d 调查出苗率,15、25 d 取连续 10 株稻苗,调查出苗率、株高、叶数、根数和鲜质量。

1.3 浸种小区试验

地点为阿拉尔市某团某连水稻田 (81°6′39″E、40°29′25″N)。5 种药剂品种按照比例配成药液,以清水为对照处理。将稻种分别在药液中浸泡 48 h 后捞出,沥干,分小区撒播。每个处理 3 次重复,共 18 个小区,每小区 70 m²。分别于播后 15、25、35 d 随机取连续 10 株调查生长指标,播后 35 d 调查稻田叶片发病情况,并计算防效。

1.4 数据处理分析

利用 Excel 2010 进行统计,采用 DPS 7.55 进行相关数据分析。

病情指数 = $[\sum (\text{各级病叶数} \times \text{相对级代表数值}) / (\text{调查总数} \times 9)] \times 100$;

防效 = $[(\text{空白对照区药后病情指数} - \text{药剂处理区药后病情指数}) / \text{空白对照区药后病情指数}] \times 100\%$ [10]。

应用隶属函数法综合评价各药剂处理下水稻苗期生长指标。利用公式 $X(\mu) = (X - X_{\min}) / (X_{\max} - X_{\min})$ 计算各处理水稻的发芽率、出苗率、株高、叶片数、根数、鲜质量、防效在不同药剂处理下的具体隶属函数值 [11-12]。式中: X 为参试水稻某一生长指标的测定值; $X_{\max}$ 和 $X_{\min}$ 分别为所有处理中该指标的最大值和最小值,将每一指标在不同药剂处理下的隶属值累加求平均值,根据平均隶属函数值大小确定药剂对水稻生长影响的强弱,平均值越大,影响越强;反之,影响越弱。

2 结果与分析

2.1 室内发芽情况

由表 1 可知,各药剂处理的发芽率均在 90.00% 及以上,处理间差异无统计学意义,其中稻瘟灵和甲基硫菌灵处理的发芽率均高于清水对照,其他处理均低于对照;乙蒜素处理芽长高于对照,咪鲜胺处理芽长显著低于对照,其他处理均低于对照;各处理根长均低于对照,其中甲基硫菌灵、稻瘟灵、咪鲜胺处理根长与对照相比差异均具统计学意义。

表 1 不同杀菌剂处理对水稻种子发芽的影响

处理	发芽率 /%	芽长 /cm	根长 /cm
清水对照	94.67 ± 0.88 a	0.96 ± 0.11 a	4.03 ± 0.31 a
乙蒜素	90.00 ± 3.46 a	1.02 ± 0.14 a	3.52 ± 0.18 ab
稻瘟灵	95.00 ± 0.58 a	0.77 ± 0.05 abc	2.00 ± 0.11 d
甲基硫菌灵	95.00 ± 0.58 a	0.85 ± 0.09 ab	3.21 ± 0.17 bc
多菌灵	92.00 ± 0.00 a	0.81 ± 0.06 ab	3.46 ± 0.26 ab
咪鲜胺	93.67 ± 2.60 a	0.64 ± 0.06 bc	2.85 ± 0.18 c

注:同列数据后不同小写字母表示处理间差异具统计学意义 ($P < 0.05$)。表 2、表 3 同。

2.2 室内浸种试验情况

由表 2 可知,各药剂处理出苗率均高于对照。浸种后 15 d,各处理株高(除乙蒜素、稻瘟灵处理外)、叶片数、根数(除稻瘟灵、咪鲜胺处理外)高于对照,甲基硫菌灵、咪鲜胺处理的叶片数显著高于对照;咪鲜胺处理的鲜质量显著高于对照。药后 25 d,乙蒜素处理的叶片数少于对照;多菌灵处理的根数低于对照;多菌灵、咪鲜胺处理的鲜质量显著高于对照;其他处理各指标与对照差异无统计学意义。

2.3 浸种小区试验情况

如表 3 所示,播种 15 d 时,各处理水稻株高均明显高于清水对照,其中甲基硫菌灵、稻瘟灵、乙蒜素处理的株高高于其他各处理且显著高于对照;各处理叶片、根数与对照差异无统计学意义;稻瘟灵、甲基硫菌灵处理的鲜质量最高且显著高于清水对照。

播种 25 d 时,甲基硫菌灵处理株高为 16.45 cm,与稻瘟灵处理(14.56 cm)差异不具统计学意义,显著高于其他各处理;咪鲜胺处理最低,为 13.01 cm。

各处理的叶片数均高于清水对照。乙蒜素处理的根数最高,为 14.13 根/株,其次为甲基硫菌灵处理,为 13.90 根/株,二者均显著高于对照处理;多菌灵处理最低,为 11.20 根/株,与对照处理差异不具统计学意义。甲基硫菌灵处理的鲜质量为 1.41 g/株,显著高于其他处理。

播种 35 d 时,水稻处于分蘖期,各处理的株高、

叶片数、根数、鲜质量均高于对照。甲基硫菌灵、多菌灵、稻瘟灵处理的株高显著高于对照处理;多菌灵、咪鲜胺处理的叶片数显著高于对照处理,其中咪鲜胺处理的叶片数最多,达 14.27 片/株,高于其他处理。防效较好的是多菌灵、咪鲜胺和甲基硫菌灵处理,稻瘟灵和乙蒜素处理防效均低于 60%。

表 2 室内浸种试验水稻苗期生长指标

处理	出苗率/%	株高/cm		叶片数/(片/株)		根数/(根/株)		鲜质量/(g/株)	
		15 d	25 d	15 d	25 d	15 d	25 d	15 d	25 d
清水对照	74.33 ± 7.89 a	12.34 ± 1.82 abc	16.34 ± 0.61 a	1.57 ± 0.23 b	2.00 ± 0.00 a	3.67 ± 0.46 a	4.20 ± 0.12 ab	0.03 ± 0.01 bc	0.03 ± 0.00 bc
乙蒜素	85.33 ± 3.71 a	11.91 ± 1.18 bc	16.17 ± 1.48 a	1.63 ± 0.12 ab	1.97 ± 0.03 a	4.30 ± 0.06 a	5.20 ± 0.25 a	0.03 ± 0.00 bc	0.04 ± 0.00 ab
稻瘟灵	89.33 ± 1.67 a	11.69 ± 1.01 bc	16.02 ± 0.59 a	1.63 ± 0.12 ab	2.00 ± 0.00 a	3.33 ± 0.35 a	4.80 ± 0.80 ab	0.03 ± 0.00 bc	0.04 ± 0.00 ab
甲基硫菌灵	83.00 ± 5.13 a	13.94 ± 0.55 abc	18.63 ± 0.93 a	1.93 ± 0.07 a	2.00 ± 0.00 a	4.17 ± 0.22 a	4.33 ± 0.45 ab	0.03 ± 0.00 bc	0.04 ± 0.00 ab
多菌灵	87.61 ± 3.67 a	15.70 ± 1.27 ab	19.32 ± 0.39 a	1.67 ± 0.07 ab	2.00 ± 0.00 a	3.87 ± 0.59 a	3.63 ± 0.43 b	0.04 ± 0.00 ab	0.05 ± 0.00 a
咪鲜胺	87.67 ± 2.33 a	16.31 ± 1.75 a	18.00 ± 1.42 a	1.97 ± 0.03 a	2.00 ± 0.00 a	3.50 ± 0.31 a	4.67 ± 0.23 ab	0.05 ± 0.00 a	0.05 ± 0.00 a

表 3 浸种小区试验水稻生长指标

处理	株高/cm			叶片数/(片/株)			根数/(根/株)			鲜质量/(g/株)			防效/%
	15 d	25 d	35 d	15 d	25 d	35 d	15 d	25 d	35 d	15 d	25 d	35 d	
清水对照	6.81 ± 0.36 b	12.90 ± 0.27 b	23.28 ± 0.70 b	2.00 ± 0.00 a	2.60 ± 0.12 a	9.73 ± 0.88 c	3.93 ± 0.24 a	11.30 ± 0.15 b	44.30 ± 3.13 a	0.024 ± 0.003 b	0.92 ± 0.04 b	9.20 ± 0.85 b	—
乙蒜素	8.51 ± 0.18 a	13.86 ± 0.70 b	25.29 ± 0.94 ab	2.00 ± 0.00 a	3.07 ± 0.09 a	10.80 ± 1.31 bc	4.33 ± 0.33 a	14.13 ± 0.95 a	48.23 ± 4.69 a	0.029 ± 0.002 ab	1.16 ± 0.05 b	12.92 ± 0.46 a	59.77 ± 18.29 bc
稻瘟灵	8.41 ± 0.61 a	14.56 ± 0.83 ab	26.20 ± 0.28 a	2.00 ± 0.00 a	2.70 ± 0.17 a	12.47 ± 0.54 abc	3.93 ± 0.24 a	12.17 ± 1.24 ab	54.80 ± 1.79 a	0.033 ± 0.003 a	0.96 ± 0.11 b	12.73 ± 0.82 a	42.35 ± 12.53 c
甲基硫菌灵	8.45 ± 0.20 a	16.45 ± 0.68 a	26.36 ± 0.38 a	2.07 ± 0.07 a	3.07 ± 0.12 a	12.53 ± 1.20 abc	3.73 ± 0.35 a	13.90 ± 0.30 a	51.23 ± 3.88 a	0.034 ± 0.003 a	1.41 ± 0.10 a	12.84 ± 1.43 a	92.64 ± 7.36 ab
多菌灵	8.03 ± 0.98 ab	13.35 ± 0.59 b	26.63 ± 0.26 a	2.00 ± 0.00 a	2.77 ± 0.09 a	13.27 ± 1.25 ab	3.87 ± 0.24 a	11.20 ± 0.60 b	50.03 ± 3.76 a	0.030 ± 0.008 ab	1.10 ± 0.08 b	14.20 ± 1.70 a	100.00 ± 0.00 a
咪鲜胺	8.19 ± 0.14 ab	13.01 ± 0.64 b	25.17 ± 0.93 ab	2.00 ± 0.00 a	2.77 ± 0.23 a	14.27 ± 0.54 a	3.67 ± 0.18 a	11.23 ± 0.28 b	49.13 ± 1.96 a	0.030 ± 0.003 ab	1.01 ± 0.01 b	15.31 ± 0.92 a	100.00 ± 0.00 a

2.4 水稻各生长指标的主成分分析

对水稻苗期各生长指标进行主成分分析,计算出主成分特征值、贡献率和累计贡献率(表 4),以及 3 种试验条件下水稻生长特征指数第一、第二和第三主成分的特征向量(表 5)。

水稻苗期各生长指标的主成分分析以累计贡献率 > 85% 为依据。由表 4 可见,室内发芽试验中第一和第二主成分累计贡献率分别提取了发芽率、芽长、根数 3 个指标中的 74.57%、90.66%;室内浸种中

第一、第二和第三主成分累计贡献率分别提取了出苗率、株高、叶片数、根数、鲜质量 5 个指标中的 60.17%、84.95% 和 95.66%; 大田浸种试验中第一、第二和第三主成分累计贡献率分别提取了株高、叶片数、根数、鲜质量和防效 5 个指标中的 53.65%、83.86%、98.25%。可见发芽率、出苗率、株高、叶片数、根数、鲜质量能评价水稻的生长发育情况。

如表 5 所示,室内发芽试验中水稻生长各特征指数在第一主成分中发芽率系数(-0.604 8)绝对值

为最大,第二主成分中根长系数(0.783 7)最大。室内浸种试验中水稻生长各特征指数在第一主成分中根数系数(-0.534 7)绝对值为最大,第二主成分中出苗率系数(0.879 9)最大,第三主成分中叶片数系数(-0.754 3)绝对值最大。浸种小区试验中水稻生长各特征指数在第一主成分中鲜质量(0.581 6)、相

对防效(0.526 6)系数较大,第二主成分中株高(0.671 8)、根数(0.549 5)系数最大;第三主成分中株高(-0.536 1)、根数(0.488 0)、相对防效(-0.496 8)系数绝对值较大。在各主成分中,室内浸种试验和小区试验中鲜质量、株高系数均较高。

表 4 各试验方法水稻生长特征指数、主成分的特征值、贡献率和累计贡献率

试验方法	主成分	特征值	贡献率 /%	累计贡献率 /%
室内发芽	1	2.237	74.57	74.57
	2	0.483	16.09	90.66
	3	0.280	9.34	100.00
室内浸种	1	3.009	60.17	60.17
	2	1.239	24.78	84.95
	3	0.536	10.71	95.66
	4	0.217	4.34	100.00
大田浸种	1	2.682	53.65	53.65
	2	1.511	30.21	83.86
	3	0.720	14.39	98.25
	4	0.087	1.75	100.00

表 5 各试验方法水稻生长特征指数主成分的特征向量

试验方法	特征指数	第一主成分	第二主成分	第三主成分
室内发芽	根长	0.551 6	0.783 7	0.285 5
	芽长	0.574 4	-0.605 1	0.551 3
	发芽率	-0.604 8	0.140 1	0.784 0
室内浸种	出苗率	0.074 5	0.879 9	0.125 2
	株高	0.526 2	-0.360 4	0.103 5
	叶片数	0.442 0	0.240 8	-0.754 3
	根数	-0.534 7	0.112 1	0.070 6
	鲜质量	0.486 1	0.159 5	0.632 2
	株高	-0.185 6	0.671 8	-0.536 1
小区浸种	叶片数	0.462 1	0.459 5	0.383 0
	根数	-0.369 5	0.549 5	0.488 0
	鲜质量	0.581 6	0.029 9	0.284 5
	相对防效	0.526 6	0.186 1	-0.496 8

2.5 各处理药剂对水稻苗期生长影响的综合评判
药剂对水稻苗期生长影响的综合评判是多项指标综合作用的结果,本研究为了较全面地反映稻瘟病防治药剂对水稻生长及病害防治的综合效果,运用隶属函数法计算各项相关指标的平均隶属度,对5种药剂进行综合评价。平均隶属度越大,表明该药剂越适用于防治水稻病害且安全性高,反之则不

适用。结果(表 6)表明,乙蒜素、稻瘟灵、甲基硫菌灵、多菌灵、咪鲜胺 5 种化学药剂的平均隶属度为 0.456 1 ~ 0.733 1,甲基硫菌灵处理最高(0.733 1),稻瘟灵处理最低(0.456 1),平均隶属度显示 5 种药剂对水稻苗期生长的影响效果优劣排序为甲基硫菌灵 > 多菌灵 > 咪鲜胺 > 乙蒜素 > 稻瘟灵。

表 6 试验各处理隶属函数

药剂处理	隶属函数值									综合 评价值	排序
	发芽率	出苗率	根长	芽长	株高	叶片数	根数	鲜质量	防效		
清水对照	0.933	0	1.000	0.834	0.047	0.200	0.228	0.018	—	0.407 5	6
乙蒜素	0	0.733	0.752	1.000	0.392	0.280	0.875	0.386	0.302	0.524 7	4
稻瘟灵	1.000	1.000	0	0.351	0.456	0.397	0.495	0.407	0	0.456 1	5
甲基硫菌灵	1.000	0.578	0.597	0.551	0.832	0.907	0.598	0.663	0.872	0.733 1	1
多菌灵	0.400	0.889	0.721	0.444	0.742	0.477	0.280	0.674	1.000	0.625 1	2
咪鲜胺	0.733	0.889	0.420	0	0.602	0.671	0.261	0.754	1.000	0.592 2	3

3 讨论与结论

本研究采用室内发芽、室内浸种、大田小区浸种三种方式,探究了稻瘟病防治药剂对水稻苗期生长发育的影响,结合主成分分析和隶属函数法综合评价,结果表明供试稻瘟病防治药剂均能不同程度促进水稻幼苗生长,其中甲基硫菌灵和多菌灵综合促长效果较优。

化学药剂对于水稻苗期生长的安全性评价多采用发芽率、出苗率、株高、根长等相应指标^[13-15]。本研究主成分分析结果显示,发芽率、出苗率、株高、鲜质量对于评价药剂对水稻的生长影响贡献较大,与朱友理等研究^[16]较为一致,可以作为评价稻瘟病防治药剂浸种安全性的关键指标。

不同浓度的化学药剂对水稻的生长促进作用有一定差异^[13],不同水稻品种对同一药剂和浓度的敏感性不同^[16]。高浓度的防治药剂会导致水稻品种间的敏感差异变大,对水稻的出苗有一定的抑制作用,但对其苗期生长有一定的促进作用^[13]。邓接楼等研究发现,咪酰胺对水稻种子发芽率、幼苗生长有一定抑制作用,但同时使水稻幼苗的 CAT 活性、SOD 活性和叶绿素含量有了相应的提高,这些抗逆性的增加对植物有一定的保护和促进作用^[9]。本研究同样发现,浸种后 35 d,乙蒜素、稻瘟灵、甲基硫菌灵、多菌灵、咪鲜胺处理的水稻苗期生长各指标均高于清水对照,对水稻生长有一定促进作用。化学药剂对水稻生长的促进或抑制作用,可能与浸种药剂浓度、试验方法的选择及水稻品种差异有关。

本研究通过分析 5 种稻瘟病防治药剂浸种对水稻苗期生长的影响,明确了优选药剂、重要评价指标及药剂作用的影响因素,可为阿拉尔地区乃至南疆水稻苗期稻瘟病的浸种防控及优质育苗提供一定的技术参考与实践支撑。

参考文献:

- [1] 陈 婧,罗树凯,刘 容,等. 新疆阿拉尔地区稻瘟病菌孢子动态及发病率初探[J]. 中国植保导刊,2018,38(8):48-50.
- [2] 周艾艾,田旭军,李 明,等. 防治稻瘟病的药剂及组合筛选[J]. 中国植保导刊,2023,43(1):73-75,78.
- [3] 王玉强,黎 明,王晓兵,等. 不同稻瘟病防治药剂在稻米中残留试验的研究[J]. 安徽农学通报,2023,29(17):153-156.
- [4] 朱 峰,王继春,田成丽,等. 8 种杀菌剂对水稻稻瘟病菌的室内毒力测定及苗期防治效果[J]. 东北农业科学,2023,48(5):81-83,101.
- [5] 于良斌. 5 种杀菌剂对水稻稻瘟病的田间防效及产量的影响[J]. 农药,2024,63(3):212-216.
- [6] 徐 文,王 昆,田家顺. 不同药剂防治水稻稻瘟病田间药效试验[J]. 湖南农业科学,2022(8):49-51.
- [7] 高海峰,陈 利,白微微,等. 9 种杀菌剂对新疆荒漠绿洲稻区水稻稻瘟病的防治效果评价[J]. 新疆农业科学,2018,55(11):2105-2111.
- [8] 徐伟松,罗建军,刘承兰,等. 1.6%胺鲜酯对水稻生长影响及增产作用研究[J]. 安徽农业科学,2014,42(4):994-995.
- [9] 邓接楼,张高阳,周木华,等. 不同水稻药剂浸种对杂交水稻种子萌发及幼苗生长的影响[J]. 上饶师范学院学报,2016,36(3):85-89.
- [10] 刘晓鹏,赵振华,陈劲礼,等. 2015 年春雷·三环唑防治水稻稻瘟病多地示范效果[J]. 中国植保导刊,2016,36(7):63-65.
- [11] 季 波,时 龙,徐金鹏,等. 10 种禾本科牧草种质资源萌发期抗旱性评价[J]. 种子,2020,39(7):12-18.
- [12] 肖 红,徐长林,鱼小军,等. 不同产地扁蓊豆种子萌发期抗旱性综合评价[J]. 干旱地区农业研究,2014,32(5):73-77,265.
- [13] 王法国,许萍萍,张荣胜,等. 解淀粉芽孢杆菌干悬浮剂对稻瘟病的防治效果及安全性评价[J]. 中国生物防治学报,2017,33(2):241-247.
- [14] 徐 蓬,王红春,吴佳文,等. 2%双唑草腈颗粒剂对机插秧稻田杂草的防效及水稻的安全性[J]. 杂草学报,2016,34(3):45-49.

[15] 于居龙,张 国,缪 康,等. 氯虫苯甲酰胺拌种对稻纵卷叶螟的防治效果及安全性评价[J]. 农药学报,2019,21(3):300–308.

[16] 朱友理,何东兵,曹书培,等. 不同浸种剂和浓度对5个水稻品种发芽率和幼苗生长的安全性研究[J]. 江苏农业科学,2019,47(7):79–83.

Effects of Seed Soaking with Five Rice Blast Fungicides on Rice Seedling Growth and Development

Liang Hujun, Yang Wanxin, Liu Rong, Zhao Zhen, Liu Lijuan, Luo Shukai

(Research Institute of Agricultural Sciences and Technology, 1st Agricultural Production Division, Xinjiang Production and Construction Corps, Alar 843300, China)

Abstract: To study the effects of seed soaking treatment with five fungicides on rice seedling growth, the effects of rice blast disease control agents on rice seedling growth and development in rice fields in Aral, Xinjiang were studied by indoor germination test, indoor seed soaking test and soaking in field plot experiment. The results showed that the germination rate of all treatments was above 90.00%, the seedling emergence rate of all treatments in the indoor seed soaking test was higher than that of the control, and the growth of rice seedlings was promoted by different treatments. Principal component analysis showed that the cumulative contribution of germination percentage, bud length, seedling emergence percentage, plant height, number of leaves, fresh weight and control effect was over 85% in the first two principal components, the coefficients of fresh weight and plant height were higher in indoor seed soaking test and field test. Using the membership function method, the comprehensive evaluation results of the related indexes with the average membership degree were as follows: thiophanate-methyl > carbendazim > prochloraz > isoprothiolane > ethylin. It was concluded that thiophanate-methyl and carbendazim were the best for comprehensive evaluation of rice growth.

Key Words: Seed soaking; Rice seedling stage; Growth and development index; Principal component analysis; Membership function

(上接第 54 页)

Regulatory Pathways of Gene *Cs29634* in *Bipolaris sorokiniana*, the Causal Agent of Barley Spot Blotch

Lu Xiuyu^{1,2}, Wang Fengtao², Feng Jing², Sun Dan³, Hou Lu¹, Lin Ruiming²

(1. Qinghai Key Laboratory of Agricultural Integrated Pest Management, Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Qinghai University, Xining 810016, China; 2. State Key Laboratory for Biology of Plant Diseases and Insect Pests, Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China; 3. Institute of Crop Resources, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China)

Abstract: *Bipolaris sorokiniana* is one of the important pathogenic fungi affecting cereal crops in warm and humid climatic regions, infecting the leaves, roots and grains of host plants and causing severe yield losses. Abundant pathogenic variations exist within *B. sorokiniana* populations, posing significant challenges for breeding cultivars with durable disease resistance. Therefore, elucidating the pathogenic mechanisms of this fungus is of vital importance. The MAPK pathway is a conserved signal transduction pathway in eukaryotic organisms (belonging to the cascade kinase signaling pathways). In *B. sorokiniana*, there are three MAPK signaling pathways, namely the high-osmolarity glycerol (HOG), cell wall integrity (CWI), and the mating and filamentous growth (Fus3/Kss1). The MAPKK gene *Cs29634* of CWI pathway has remarkably affected biological phenotypes of the mutant strain, such as mycelial growth rate, conidiation, pathogenicity and stress tolerance. Samples were collected from both wild-type and $\Delta Cs29634$ mutant strains cultured for 3, 5 and 10 days under normal cultivation conditions. All samples were divided into nine groups for transcriptomic sequencing analysis. After data quality control and sequence alignment, a total of 8 450 differentially expressed genes (DEGs) were identified. At the early growth stage, DEGs were mainly involved in carbohydrate transmembrane transport and polysaccharide metabolism. At the intermediate stage, the DEGs primarily regulated melanin and sterol biosynthesis and participated in metabolic pathways related to cell wall component formation, mycelial growth and conidiation. At the late growth stage, they were predominantly associated with carbohydrate metabolism, particularly polysaccharide metabolism, and pathogenicity-related processes. These results indicated that *Cs29634* was involved in the regulation of carbohydrate metabolism and transmembrane transport, as well as amino acid and lipid metabolic pathways, and modulates melanin and sterol biosynthesis, thereby regulating conidiation, cell autolysis, and pathogenicity in *B. sorokiniana*. The key genes and metabolic pathways regulated by *Cs29634* can provide critical information for understanding the pathogenic variation of *B. sorokiniana*.

Key Words: Barley; Spot blotch; *Bipolaris sorokiniana*; MAPKK; Pathogenicity; Transcriptomic analysis

韦琳昕,袁思梦,邱先进,等. 早熟抗稻瘟病晚粳糯稻新品种长农糯 22117 的选育与栽培技术[J/OL]. 大麦与谷类科学,2026,43(3): 61–64,70(2026–03–05). DOI:10.14069/j.cnki.32–1769/s.2026.03.009.

早熟抗稻瘟病晚粳糯稻新品种长农糯 22117 的选育与栽培技术

韦琳昕¹,袁思梦¹,邱先进²,徐俊英²,杨隆维²,刘海洋²,田雨³,陈凯⁴,胡慧^{1*}

[1. 长江大学文理学院,湖北 荆州 434020;2. 湿地生态与农业利用教育部工程研究中心 / 农业农村部长江中游作物绿色高效生产重点实验室(部省共建),长江大学,湖北 荆州 434025;3. 宜昌市农业科学院,湖北 宜昌 443004;

4. 岭南现代农业科学与技术广东省实验室深圳分中心 / 中国农业科学院深圳农业基因组研究所,广东 深圳 518120]

摘要:长农糯 22117 是长江大学与中国农业科学院深圳农业基因组研究所以金香玉 1 号和合丰糯 331 为亲本,采用分子标记辅助选择结合系谱法培育出的早熟抗稻瘟病晚粳糯稻新品种。该品种全生育期比对照鄂晚 17 早熟 10.0 d,中抗稻瘟病,产量比对照高 5.0%,米质达到农业行业标准 NY/T 593—2021《食用稻品种品质》3 级优质稻,且糯性好、整精米率高、耐冷性好,已于 2025 年通过湖北省农作物品种审定委员会审定(审定编号:鄂审稻 20251019),适宜在湖北省双季稻区的稻瘟病轻病区作晚稻种植。长农糯 22117 的选育过程、特征特性和栽培技术能为该品种的推广提供参考。

关键词:糯稻;长农糯 22117;早熟抗稻瘟病;选育;特征特性;栽培技术

中图分类号:S511.2+3

文献标志码:B

文章编号:1673–6486–20260020

糯稻是一类直链淀粉质量分数低于 2% 的水稻总称^[1],主要是由水稻第 6 染色体短臂上的 *Waxy* 基因突变导致^[2]。糯稻在我国的种植历史十分悠久,在我国和东南亚等很多地区都被制作成糕点、汤圆和年糕等食品,醪糟、黄酒等饮品及酱油、醋等调味料^[3]。近年来,随着糯稻用途不断多样化和酒类需求的不断增加,安徽和江苏等地的糯稻种植面积迅速增加,收购价格也明显高于非糯品种,因此糯稻种植效益显著提高^[4]。湖北省孝感市和应城市是传统的糯稻种植区,糯稻种植面积约为 9 万 hm^2 ,占全国糯稻面积的 10% 左右^[5]。

稻瘟病由稻瘟病菌引起,是我国水稻生产中的三大病害之一,对水稻产量影响极大,严重时可导致绝收^[6]。糯稻对稻瘟病的抗性较差,选育抗稻瘟病的糯稻品种是防治稻瘟病最经济有效的方法。基于此,长江大学与中国农业科学院深圳农业基因组研究所(岭南现代农业科学与技术广东省实验室深圳分中心)以抗稻瘟病软米品种金香玉 1 号^[7]和晚粳糯稻品系合丰糯 331 为亲本,采用分子标记辅助

选择结合系谱法,培育出早熟抗稻瘟病的晚粳糯稻新品种长农糯 22117,为湖北省糯稻种植区提供优良粳糯新品种。

1 长农糯 22117 亲本来源与选育经过

1.1 亲本来源

母本金香玉 1 号是由江苏金土地种业有限公司、江苏里下河地区农业科学研究所共同选育的迟熟中粳软米品种,该品种携带稻瘟病抗性基因 *Pi-gm*^[8],对稻瘟病抗性较好,产量高,食味值好。父本合丰糯 331 是由安徽皖垦种业股份有限公司、合肥市农业科学院以武香粳 14 和镇糯 9380 为亲本通过系谱法选育的晚粳品系,该品系具有早熟、高产、糯性好等优点。

1.2 选育经过

2018 年夏季在荆州配制金香玉 1 号与合丰糯 331 杂交,2018 年冬季在海南陵水种植 12 个 F_1 单株,混收真杂种种子。2019 年夏季在荆州种植了 500 株 F_2 分离群体,经过产量考察、品质鉴定结合 PI31 标记鉴定 *Pi-gm* 基因型,共选择 5 个优良单株。同年冬季在海南加代种植 5 个 F_3 株系,每个株系种植 50 株,成熟后混收。2020 年夏种植 5 个 F_4 株系,每个株系种植 100 株,经过产量、品质鉴定结合 PI31 标记鉴定 *Pi-gm* 基因型,共选择 15 个优良

收稿日期:2026–01–28;修回日期:2026–02–18。

基金项目:湖北省中央引导地方科技发展专项(2024BSB011)。

作者简介:韦琳昕(2005—),女,主要从事水稻遗传育种研究。

Email: 1361702514@qq.com。

* 通信作者:胡慧(1985—),女,博士,讲师,主要从事水稻遗传育种研究。Email: 240925404@qq.com。

单株。2020 年冬季在海南加代种植 15 个 F_5 株系, 每个株系种植 50 株, 成熟后混收。2021 年夏季种植 15 个 F_6 株系, 经过产量、品质鉴定结合 PI31 标记鉴定 $Pi-gm$ 基因型, 共选择 52 个优良单株。2021 年冬季在海南加代, 鉴定株系稳定性, 选择 30 个稳定株系, 并按株系混收。2022 年夏季在湖北进行多点品比试验。根据各地产量和抗性表现, 选择编号为

22117 的株系定名为长农糯 22117。2023 年该品种参加湖北省晚稻区域试验, 因为早熟、高产、优质、稻瘟病抗性好进入次年区域试验; 2024 年参加湖北省晚稻区域试验并同步开展生产试验。2025 年该品种通过湖北省审定, 审定编号为鄂审稻 20251019。具体选育流程见表 1。

表 1 长农糯 22117 选育经过

年份	地点	世代	选育内容
2018 年夏	湖北荆州	F_0	金香玉 1 号和合丰糯 331 杂交, 获得 50 粒杂交种
2018 年冬	海南陵水	F_1	种植 12 个单株, 混收真杂种种子
2019 年夏	湖北荆州	F_2	种植 500 个单株的群体, 经过产量考察、品质鉴定结合 PI31 标记鉴定 $Pi-gm$ 基因型, 共选择 5 个优良单株
2019 年冬	海南陵水	F_3	种植 5 个株系, 每个株系种植 50 株, 成熟后混收
2020 年夏	湖北荆州	F_4	种植 5 个株系, 每个株系种植 100 株, 经过产量、品质鉴定结合 PI31 标记鉴定 $Pi-gm$ 基因型, 共选择 15 个优良单株
2020 年冬	海南陵水	F_5	种植 15 个株系, 每个株系种植 50 株, 成熟后混收
2021 年夏	湖北荆州	F_6	种植 15 个株系, 经过产量、品质鉴定结合 PI31 标记鉴定 $Pi-gm$ 基因型, 共选择 52 个优良单株
2021 年冬	海南陵水	F_7	鉴定株系稳定性, 选择 30 个稳定株系, 并按株系混收
2022 年夏	湖北荆州等地	F_8	多点试种(平均产量 601.3 kg/667 m ² , 比对照增产 9.37%, 早熟 6 d), 推荐参加晚稻区域试验
2023 年夏			湖北省晚稻 B 组区域试验, 表现早熟、高产、优质、抗稻瘟病
2024 年夏			湖北省晚稻 B 组区域试验, 同步开展生产试验, 表现早熟、高产、优质、抗稻瘟病
2025 年			湖北省审定, 审定编号: 鄂审稻 20251019

2 长农糯 22117 特征特性

2.1 主要农艺性状

长农糯 22117 属于早熟晚粳糯稻, 植株较矮, 分蘖适中, 半直立穗, 穗型较大, 后期转色好。2023—2024 年湖北省晚稻区域试验结果(表 2)显示, 长农糯 22117 全生育期为 113.8 d, 比对照鄂晚 17 早熟 10.0 d; 株高为 87.0 cm, 比对照矮 9.4 cm; 有效穗数 23.0 万个/667 m², 穗长 15.9 cm, 每穗总粒数 144.5 粒, 实粒数 112.0 粒/穗, 结实率 77.6%, 千粒质量 24.02 g。其中 2023 年长农糯 22117 全生育期为 115.8 d, 比对照鄂晚 17 早熟 9.5 d; 株高为 89.7 cm, 比对照矮 8.2 cm; 有效穗数 22.1 万个/667 m², 穗长 15.4 cm, 每穗总粒数 137.7 粒, 实粒数 107.9 粒/穗,

结实率 78.4%, 千粒质量 24.09 g。2024 年长农糯 22117 全生育期为 111.9 d, 比对照鄂晚 17 早熟 10.4 d; 株高为 84.3 cm, 比对照矮 10.6 cm; 有效穗数 23.8 万个/667 m², 穗长 16.4 cm, 每穗总粒数 151.3 粒, 实粒数 116.2 粒/穗, 结实率 76.8%, 千粒质量 23.96 g。

2.2 产量表现

长农糯 22117 在 2023—2024 年参加湖北省晚稻区域试验, 平均产量为 543.0 kg/667 m², 比对照产量高 5.0%(表 2)。其中 2023 年长农糯 22117 的平均产量为 533.3 kg/667 m², 比对照产量高 2.1%, 增产点达 60.0%; 2024 年该品种平均产量为 552.6 kg/667 m², 比对照产量高 8.1%, 增产点达 100.0%。2024 年生产试验中, 长农糯 22117 平均产量为 554.6 kg/667 m², 比对照产量高 6.0%。

2.3 品质表现

由表 3 可知,长农糯 22117 在 2023 年糙米率为 85.0%,整精米率达到 73.6%,粒长 4.8 mm,长宽比 1.8,直链淀粉质量分数 1.1%,胶稠度 100 mm,碱消值 6.0,透明度 1 级;2024 年糙米率 84.4%,整精米率达到 70.0%,粒长 4.6 mm,长宽比为 1.7,直链

淀粉质量分数 1.4%,胶稠度 98 mm,碱消值 6.3,透明度 1 级。因此,2 年度该品种品质均达到了农业行业标准 NY/T 593—2021《食用稻品种品质》3 级。由区域试验品质分析结果可以看出,长农糯 22117 的直链淀粉含量低,糯性好,整精米率高,品质优。

表 2 长农糯 22117 区域试验中主要农艺性状及产量

年份	品种	全生育期/d	株高/cm	有效穗数/(万个/667 m ²)	穗长/cm	穗粒数/(粒/穗)	实粒数/(粒/穗)	结实率/%	千粒质量/g	产量/(kg/667 m ²)	生产试验产量/(kg/667 m ²)
2023	长农糯 22117	115.8	89.7	22.1	15.4	137.7	107.9	78.4	24.09	533.3	—
	鄂晚 17(CK)	125.3	97.9	24.7	15.9	120.6	99.5	82.5	22.25	522.4	—
2024	长农糯 22117	111.9	84.3	23.8	16.4	151.3	116.2	76.8	23.96	552.6	554.6
	鄂晚 17(CK)	122.3	94.9	25.6	16.3	126.9	104.5	84.4	21.43	511.4	523.0
2 年 平均	长农糯 22117	113.8	87.0	23.0	15.9	144.5	112.0	77.6	24.02	543.0	554.6
	鄂晚 17(CK)	123.8	96.4	25.1	16.1	123.7	102.0	83.5	21.84	516.9	523.0

表 3 长农糯 22117 在区域试验中品质表现

年份	品种	糙米率/%	整精米率/%	粒长/mm	长宽比	垩白度/%	直链淀粉质量分数/%	胶稠度/mm	碱消值	透明度/级	品质等级/级
2023	长农糯 22117	85.0	73.6	4.8	1.8	—	1.1	100	6.0	1	3
	鄂晚 17(CK)	83.9	74.0	4.9	1.9	2.6	18.6	70	7.0	1	2
2024	长农糯 22117	84.4	70.0	4.6	1.7	—	1.4	98	6.3	1	3
	鄂晚 17(CK)	83.4	72.6	4.8	1.8	3.0	17.7	61	6.9	1	3

2.4 抗性表现

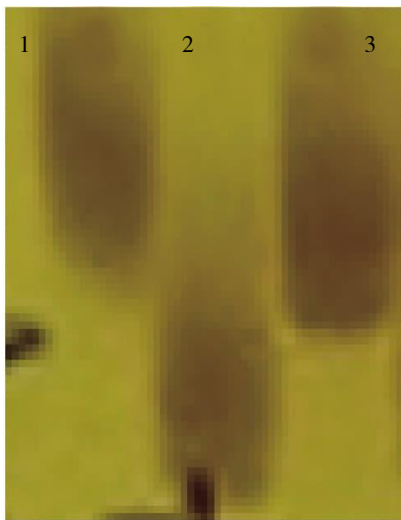
长农糯 22117 在 2023—2024 年湖北省晚稻区域试验中进行了稻瘟病、白叶枯病、纹枯病、稻曲病和耐冷性鉴定(表 4)。分子标记 PI31 与 *Pi-gm* 紧密连锁,且在金香玉 1 号与合丰糯 331 之间有多态性。在 F₂、F₄ 和 F₆ 中均用该标记进行了基因型鉴定,选择含有 *Pi-gm* 的单株。因此,长农糯 22117 由于导入了稻瘟病抗性基因 *Pi-gm*(图 1),在 2 年区域

试验中表现为中抗稻瘟病(3 级),稻瘟病综合指数 2.4;其中 2023 年表现为中抗稻瘟病(3 级),稻瘟病综合指数为 2.4;2024 年表现为抗病(1 级),稻瘟病综合指数为 1.8。长农糯 22117 对其他病害的抗性分别为中感白叶枯病(5 级)、感纹枯病(7 级)、高感稻曲病(9 级),耐冷性鉴定为耐冷型(3 级)。区域试验抗性鉴定结果表明,长农糯 22117 具有较好的稻瘟病抗性和耐冷性。

表 4 长农糯 22117 在区域试验中抗性表现

年份	品种	稻瘟病抗性	白叶枯病抗性	纹枯病抗性	稻曲病抗性	耐冷性
2023	长农糯 22117	中抗	中感	感	发病	—
	鄂晚 17(CK)	中抗	中感	中感	发病	—
2024	长农糯 22117	抗	中感	感	高感	耐冷
	鄂晚 17(CK)	高感	中感	感	未发病	—

注:稻瘟病抗病评价参照 DB42/T 2255—2024《水稻品种抗稻瘟病鉴定技术规程》。



第 1 泳道为金香玉 1 号,第 2 泳道为合丰糯 331,第 3 泳道为长农糯 22117

图 1 利用 PI31 鉴定长农糯 22117 稻瘟病抗性基因 *Pi-gm* 基因型

3 长农糯 22117 栽培技术

3.1 适期播种,保证基本苗

长农糯 22117 为早熟晚粳品种,一般播种期在 6 月下旬。区域试验结果显示,该品种的结实率不高。从考种数据可以看出,由于长农糯 22117 的生育期较短,而 2023 年和 2024 年 8 月下旬到 9 月初均出现了极端高温,说明该品种的耐热性一般。因此,应该在保证安全齐穗的情况下,将长农糯 22117 的播种期选在 6 月下旬至 7 月上旬,避免在其抽穗期遇到高温。长农糯 22117 的秧田播种量为 20 kg/667 m² 左右,大田用种量 3.0 ~ 4.0 kg/667 m²;秧龄不宜超过 30 d,栽插密度应该控制在 2.0 万 ~ 2.5 万穴 /667 m²,每穴插 3 ~ 4 株秧苗,基本苗数 12 万 ~ 15 万株 /667 m²。

3.2 科学管理肥水

当长农糯 22117 长至 2 叶 1 心时施断奶肥,移栽前 3 ~ 5 d 施送嫁肥,合计施用尿素 10 ~ 15 kg/667 m²。建议大田纯氮施用量达到 15 ~ 18 kg/667 m²,其中 N、P₂O₅、K₂O 的质量比控制在 2.0 : 1.0 : 1.5 左右。由于长农糯 22117 是一个大穗型品种,应采取前重、中稳、后补的施肥策略,做到重施基肥,早施分蘖肥,稳施拔节肥,巧施保花肥。

水分管理上要做到浅水插秧,寸水活蔸返青,薄水促蘖,孕穗到抽穗扬花期保持浅水层,齐穗后灌足水。后期干干湿湿,直到黄熟,以利灌浆和减轻纹枯病。

3.3 加强病虫害防治

播种前用强氯精或咪鲜胺浸种,防止恶苗病和根尖线虫病等。秧田要注意防治稻蓟马,插秧前与送嫁肥一起施用 1 次送嫁药。根据植保部门发布的虫病测报情况,科学防治稻螟虫、钻心虫和稻飞虱等虫害以及稻瘟病、白叶枯病和纹枯病等病害。

草害防治要抓住出苗高峰和移栽后 10 d 这两个时期,秧田施用“帆邦”苄嘧·丙草胺等药剂封闭除草,3 叶期施用“稻杰”等药剂防治稗草;移栽后结合分蘖肥施用“野老”等药剂进行封闭,后期可结合人工除草,喷施“稻杰”“千金”等药剂防治稗草、千金子等草害。

3.4 适时收割

在 90% ~ 95% 谷粒黄熟时,抢晴天及时收割。及时晒干,确保其优质高产。

参考文献:

- [1] 朱 军,朱自忠,李 平. 中国糯稻遗传育种研究进展[J]. 杂交水稻,2021,36(1):1-8.
- [2] 胡 杨,钟思志,陈 芳,等. 糯稻研究进展:从遗传基础到应用前景[J]. 安徽农业科学,2025,53(23):1-4.
- [3] 郝栖贤,周坤能,云 鹏,等. 高产优质中粳糯稻新品种徽糯 903 的选育与应用[J]. 大麦与谷类科学,2025,42(5):61-65.
- [4] 王 文,梅 佳,吕乐城,等. 早熟晚粳糯稻新品种苏糯 7132 的选育与应用[J]. 大麦与谷类科学,2024,41(1):74-77.
- [5] 田玉霞,王 奇,范玉莲,等. 湖北省籼型糯稻产业现状、问题与发展建议[J]. 农业工程技术,2022,42(35):11-12.
- [6] 曾晓强,胡 慧,高若愚,等. 利用分子标记辅助选择改良‘长农粳 1 号’的稻瘟病抗性[J]. 分子植物育种,2022,20(13):4400-4406.
- [7] 季红娟,张小祥,张 耗,等. 优良食味粳稻品种金香玉 1 号产量与品质对播期的响应[J]. 扬州大学学报(农业与生命科学版),2023,44(4):24-30.
- [8] Deng Y W,Zhai K R,Xie Z,et al. Epigenetic regulation of antagonistic receptors confers rice blast resistance with yield balance[J]. Science,2017,355(6328):962-965.

(下转第 70 页)

杨 莉,陈艺博,段国辉,等. 旱地小麦新品种洛早 28 高产稳产及抗逆特性分析[J/OL]. 大麦与谷类科学,2026,43(3):65–70(2026–03–10). DOI:10.14069/j.cnki.32–1769/s.2026.03.010.

旱地小麦新品种洛早 28 高产稳产及抗逆特性分析

杨 莉,陈艺博,段国辉,赵 严,丁志强,冯伟森,张学品,吴少辉*

(洛阳市农林科学院 / 河南省抗旱节水小麦育种工程技术研究中心, 河南 洛阳 471000)

摘要:洛早 28 是洛阳市农林科学院小麦研究所选育的半冬性旱地小麦新品种,2022 年通过国家审定(审定编号:国审麦 20220055)。为了使洛早 28 在生产上发挥更大价值,根据国家黄淮冬麦区早肥组区域试验和生产试验结果,对小麦新品种洛早 28 的丰产性、稳产性、适应性和抗逆性等进行分析。结果表明,洛早 28 平均产量为 5 997.0 ~ 7 866.0 kg/hm²,比对照洛早 7 号增产 5.3% ~ 7.4%,高产潜力大,丰产性好;洛早 28 高稳系数为 72.0% ~ 85.8%,变异系数为 12.2% ~ 25.7%,适应度为 50.0% ~ 64.3%,与对照品种相当或优于对照品种,稳产性强、适应性广;洛早 28 抗旱指数为 0.922 ~ 0.953,抗寒性为 1 ~ 2 级,慢条锈病,其综合抗性较好。生产上可以通过加强肥水管理,前期稳定有效穗数和每穗粒数,后期提高千粒质量,以充分发挥洛早 28 的高产潜力。

关键词:洛早 28; 丰产性; 稳产性; 抗逆性

中图分类号:S512.1

文献标志码:B

文章编号:1673–6486–20260021

在全球气候变暖的大背景下,干旱已成为影响农业生产和农民收入的主要因素之一。小麦是我国重要的粮食作物之一,也是我国农业的用水大户,占农业总用水量的 50% 左右。我国小麦常年种植面积约为 2 358 万 hm²,约有 20% 的面积不具备水浇条件,完全靠天吃饭,其丰歉直接影响着粮食总产量的提升。北方冬麦区的旱地小麦生长期多处于旱季,降水量少,降水年际变率大,季节性干旱突出,小麦生长严重依赖上年夏秋蓄墒。受自然降水影响,旱地小麦产量低且年际间差异大,近五年来旱地平均产量比水浇地低 85 kg/667 m² 左右,产量提升空间巨大。推广水分高效利用、抗寒、抗冻、抗干热风、产量波动小的旱地小麦新品种,是增强粮食生产抗旱韧性、稳定国家口粮安全、应对气候挑战的关键科技手段。

洛早 28 是以协调抗旱性与丰产性,增强抗寒、抗病、抗倒伏、抗干热风性能为目标,针对黄淮麦区选育的抗旱高产小麦新品种,在区域试验和生产试

验中表现出高产稳产、抗旱抗寒、广适性好等特性,于 2022 年通过国家审定^[1],并于 2024 年创造了产量 660.62 kg/667 m² 的全国旱地小麦百亩方高产纪录。本研究利用 2018—2021 年国家黄淮冬麦区早肥组区域试验和生产试验结果,采用高稳系数法和变异系数法分析洛早 28 的丰产性、稳产性和适应性,通过变异系数和相关性对产量构成因素与产量的关系进行分析,以期为该品种在生产上的大面积推广应用提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

洛早 28 是洛阳市农林科学院针对黄淮旱作麦区存在的抗旱性与丰产性不协调、综合抗逆性不强、稳产性及适应性差等问题,以矮抗 58 为母本、洛早 6 号为父本配制杂交组合,采用“水旱协调选择混合法”选育而成,2022 年通过国家农作物品种审定委员会审定(审定编号:国审麦 20220055)。

1.2 数据来源

数据来源于国家黄淮冬麦区早肥组 2018—2020 年 2 年度区域试验和 2020—2021 年度生产试验。试验采用随机区组设计,其中,区域试验设置 3 次重复,小区面积 12 ~ 15 m²,收获计产面积 12 m² 以上;生产试验设置 2 次重复,小区收获计产面积 150 m² 以上。每个试点均选择有代表性的旱地进行

收稿日期:2026–01–29;修回日期:2026–02–25。

基金项目:国家小麦产业技术体系(CARS–03–77);洛阳市科技发展规划(2302034A);洛阳市青年人才托举工程项目(2025HLTJ11)。

作者简介:杨 莉(1987—),女,博士,助理研究员,主要从事小麦抗旱基因挖掘和分子辅助育种研究。Email: yanglily1120@126.com。

* 通信作者:吴少辉(1972—),女,研究员,主要从事小麦遗传育种研究。Email: lywushaohui@126.com。

试验,小麦生育期间禁止浇水。2018—2019 年度同组参试品种 13 个,设置试验点 17 个,其中 15 个试点符合试验方案要求;2019—2020 年度同组参试品种 15 个,设置试验点 17 个,其中 14 个试点符合试验方案要求;2020—2021 年度同组参试品种 5 个,设置试验点 8 个,各试点的试验质量管理水平平均达到国家生产试验方案要求。3 个年度累计汇总 37 个点次试验结果,对照品种(CK)均为洛旱 7 号。

抗旱性鉴定参照国家标准 GB/T 21127—2007《小麦抗旱性鉴定评价技术规范》进行,主要采用旱棚鉴定法。以小区籽粒产量抗旱指数作为全生育期抗旱性鉴定指标,抗旱指数计算公式为 $I_D = Y_{ST}^2 \cdot Y_{SW}^{-1} \cdot Y_{CKW} \cdot (Y_{CKT}^2)^{-1}$,式中: I_D 为抗旱指数; Y_{ST} 为待测品种棚内籽粒产量; Y_{SW} 为待测品种棚外籽粒产量; Y_{CKW} 为对照品种棚外籽粒产量; Y_{CKT} 为对照品种棚内籽粒产量。根据抗旱指数,可以将试验材料的抗旱性分成 5 个级别, $I \geq 1.300$ 抗旱级别为 1 级,抗旱性评价为强; $I = 1.100 \sim 1.299$ 抗旱级别为 2 级,抗旱性评价为较强; $I = 0.900 \sim 1.099$ 抗旱级别为 3 级,抗旱性评价为中等; $I = 0.700 \sim 0.899$ 抗旱级别为 4 级,抗旱性评价为较弱; $I \leq 0.699$ 抗旱级别为 5 级,抗旱性评价为弱。

根据越冬死茎率将抗寒性分为 5 个级别,越冬死茎率 $\leq 10\%$,抗寒性级别为 1 级,抗寒性评价为好;越冬死茎率 $10.1\% \sim 15.0\%$,抗寒性级别为 2 级,抗寒性评价为较好;越冬死茎率 $15.1\% \sim 20.0\%$,抗寒性级别为 3 级,抗寒性评价为中等;越冬死茎率 $20.1\% \sim 25.0\%$,抗寒性级别为 4 级,抗寒性评价为较差;越冬死茎率 $> 25.0\%$,抗寒性级别为 5 级,抗寒性评价为差。

抗病性鉴定方法和调查记载标准参照 NY/T 1443—2007《小麦抗病虫性评价技术规范》系列标准,条锈病计算方法参考 NY/T 2953—2016《小麦区域

试验品种抗条锈病鉴定技术规程》;白粉病鉴定方法和调查记载标准参见《全国小麦品种试验抗病虫鉴定标准(试行)》。

1.3 数据分析

利用 Excel 2010 和 SAS 9.0 统计分析软件进行丰产性、稳产性和适应性数据分析。根据试验品种平均产量与对照品种(洛旱 7 号)平均产量增减百分率来评价洛旱 28 的丰产性^[2-3];参照温振民等^[4]和 Francis 等^[5]提出的方法分别计算高稳系数(HSC)和变异系数(CV),HSC 值越大、CV 值越小且平均产量越高的品种稳产性越好;适应度为参试品种平均产量的试点数占试点总数的百分比,适应度值越大,品种的适应性越好^[6]。此外,根据区域试验和生产试验总结中的严重倒伏点率以及鉴定单位出具的抗旱性、抗寒性、抗病性鉴定结果分析试验品种的抗逆性。

2 结果与分析

2.1 洛旱 28 丰产性分析

由表 1 可知,洛旱 28 参加 2018—2019 年度国家黄淮冬麦区旱肥组区域试验,平均产量为 $7\,866.0\text{ kg/hm}^2$,比对照品种洛旱 7 号增产 6.6%,产量居 13 个参试品种的第 2 位;2019—2020 年度继续试验,平均产量 $6\,082.5\text{ kg/hm}^2$,比对照增产 5.3%,产量居 15 个参试品种的第 2 位;在 2020—2021 年度国家黄淮冬麦区旱肥组生产试验中,洛旱 28 平均产量 $5\,997.0\text{ kg/hm}^2$,比对照增产 7.4%,居 5 个参试品种第 2 位。3 年 37 个试点中共有 35 个试点增产,增产点率 94.6%,其中 33 个试点增产幅度超过 2.0%,占总试点数的 89.2%。以上结果说明,洛旱 28 具有较高的高产潜力,丰产性良好。

表 1 2018—2021 年度洛旱 28 产量表现

年度	试验类型	产量 / (kg/hm^2)	较对照增 / %	位次	总试 点数 / 个	增产 点数 / 个	增产 点率 / %	增产 $\geq 2.0\%$ 点数 / 个	增产 $\geq 2.0\%$ 点率 / %
2018—2019	区域试验	7 866.0	6.6	2	15	15	100.0	13	86.7
2019—2020	区域试验	6 082.5	5.3	2	14	13	92.9	13	92.9
2020—2021	生产试验	5 997.0	7.4	2	8	7	87.5	7	87.5

2.2 洛旱 28 稳产性分析

对洛旱 28 在区域试验和生产试验中的高稳系数和变异系数进行计算,结果列于表 2。高稳系数值

越大、变异系数值越小且平均产量越高说明品种的稳产性越好。洛旱 28 的高稳系数分别为 72.0%、83.0%和 85.8%,稍高于对照品种洛旱 7 号的高稳系

数(67.8%、78.7%和 79.1%);洛早 28 的变异系数分别为 25.7%、13.3%和 12.2%,与对照品种相当,且洛早 28 的产量居所有参试品种的第 2 位并显著高于

对照品种。因此,洛早 28 在地点间及年际间均能表现良好的高产稳产特性。

表 2 洛早 28 稳产性和适应性

年度	品种名称	平均产量 / (kg/hm ²)	标准差 / (kg/hm ²)	高稳系数 / %	变异系数 / %	适应度 / %
2018—2019	洛早 28	7 866.0	1 519.5	72.0	25.7	60.0
	洛早 7 号	5 986.5	1 638.0	67.8	25.4	60.0
2019—2020	洛早 28	6 082.5	810.0	83.0	13.3	64.3
	洛早 7 号	5 775.0	777.0	78.7	13.5	64.3
2020—2021	洛早 28	5 997.0	730.5	85.8	12.2	50.0
	洛早 7 号	5 583.0	726.0	79.1	13.0	37.5

2.3 洛早 28 适应性分析

适应度值越大,品种适应性越好。由表 2 可知,2018—2019 年度和 2019—2020 年度区域试验中,洛早 28 的适应度分别为 60.0%和 64.3%,与对照品种适应度相同;2020—2021 年度生产试验中,洛早 28 的适应度为 50.0%,高于对照品种洛早 7 号的 37.5%,说明洛早 28 具有广泛适应性。

2.4 洛早 28 抗逆性分析

在国家黄淮冬麦区早肥组 2018—2019、2019—2020 年度区域试验和 2020—2021 年度生产试验

中,洛早 28 的倒伏达标点率分别为 80.0%、78.6%和 87.5%,高于对照的倒伏达标点率(60.0%、71.4%和 75.0%)。根据 2018—2019 年度和 2019—2020 年度国家黄淮冬麦区早肥组抗旱性、抗寒性和抗病性鉴定试验(表 3),洛早 28 的抗旱指数分别为 0.953 和 0.922,抗旱性中等;抗寒性级别分别为 2 和 1 级,抗寒性好;抗病性鉴定结果均为慢条锈病,高感叶锈病、白粉病及感黄矮病。综上所述,洛早 28 的抗倒伏能力强、抗寒抗旱性好、综合抗性好。

表 3 洛早 28 抗逆性表现

年度	抗旱指数	抗旱性 / 级	抗寒性 / 级	条锈病	叶锈病	白粉病	黄矮病
2018—2019	0.953	3	2	慢	高感	高感	感
2019—2020	0.922	3	1	慢	高感	高感	感

2.5 洛早 28 产量构成因素分析

分析洛早 28 的产量构成因素后发现(表 4),洛早 28 的有效穗数平均为 541.5 万~598.5 万个/hm²,穗粒数平均为 30.2~33.8 粒/穗,千粒质量平均为 41.7~42.5 g,有效穗数和每穗粒数年际间变化较大,千粒质量则比较稳定;在 3 组试验中,洛早 28 有效穗数的变异系数分别为 20.2%、16.4%和 15.8%,每穗粒数的变异系数分别为 9.6%、15.3%和 12.8%,千粒质量的变异系数分别为 9.1%、9.1%和 4.8%,与千粒质量相比,洛早 28 的有效穗数波动较大,其次为每穗粒数。以上分析说明洛早 28 的千粒质量受环境因素的影响较小,有效穗数和穗粒数特别是有效

穗数则易受环境因素的影响。对洛早 28 的产量构成因素与产量之间的相关性进行分析(表 5)发现,2 年度有效穗数与产量均呈极显著正相关(r 分别为 0.87、0.68, $P < 0.01$),进一步说明有效穗数是影响洛早 28 产量的最主要因素。综上所述,通过栽培措施增加有效穗数和每穗粒数是发挥洛早 28 高产潜力的有效途径。

2.6 洛早 28 的农艺性状分析

在国家黄淮冬麦区早肥组 2018—2019、2019—2020 年度区域试验和 2020—2021 年度生产试验中,洛早 28 的生育期分别为 239.7、234.8、236.6 d,分别比对照早熟 0.5、0.4、0.8 d(表 6),生育期适中。

洛旱 28 的株高平均为 74.3、76.3、77.9 cm;株高的变异范围较大,分别为 58.8 ~ 85.0、55.0 ~ 93.3、56.3 ~ 95.5 cm。相关性分析表明,洛旱 28 的株高与产量、有效穗数均呈极显著正相关(表 5)。

表 4 洛旱 28 产量构成因素

产量要素	年度	试验类型	平均值	范围	标准差	变异系数 /%
有效穗数 / (万个 /hm ²)	2018—2019	区域试验	597.0	369.0 ~ 853.5	121.5	20.2
	2019—2020	区域试验	598.5	441.0 ~ 742.5	99.0	16.4
	2020—2021	生产试验	541.5	417.0 ~ 637.5	85.5	15.8
穗粒数 / (粒 / 穗)	2018—2019	区域试验	30.8	27.5 ~ 36.1	2.9	9.6
	2019—2020	区域试验	30.2	20.0 ~ 37.6	4.6	15.3
	2020—2021	生产试验	33.8	24.3 ~ 37.6	4.3	12.8
千粒质量 / g	2018—2019	区域试验	41.7	32.6 ~ 48.6	3.8	9.1
	2019—2020	区域试验	42.5	34.8 ~ 47.6	3.9	9.1
	2020—2021	生产试验	41.8	37.8 ~ 43.8	2.0	4.8

表 5 洛旱 28 产量构成因素和株高与产量的相关性

	年度	有效穗数	穗粒数	千粒质量	株高
产量	2018—2019	0.87**	0.14	0.06	0.76**
	2019—2020	0.68**	0.17	0.33*	0.79**
有效穗数	2018—2019		0.20	-0.25	0.83**
	2019—2020		-0.20	0.08	0.49**
穗粒数	2018—2019			0.24	0.12
	2019—2020			-0.04	0.43**
千粒质量	2018—2019				-0.25
	2019—2020				0.16

注:* 和 ** 分别代表显著相关($P < 0.05$)、极显著相关($P < 0.01$)。

表 6 洛旱 28 农艺性状

年度	生育期 /d	株高 /cm	株高变异范围 /cm
2018—2019	239.7	74.3	58.8 ~ 85.0
2019—2020	234.8	76.3	55.0 ~ 93.3
2020—2021	236.6	77.9	56.3 ~ 95.5

3 讨论

3.1 洛旱 28 的丰产性、稳产性和适应性

在现代农业追求高产、高效、优质、生态、安全的背景下,对品种的要求不再是单纯的高产,而是在高产的基础上,兼具稳定性、抗逆性和广泛的适应性。区域试验和生产试验在不同年份、不同环境下对参试品种进行系统鉴定,能够有效地反映出品种的特性。本研究通过对洛旱 28 的区域试验和生产试验结果进行分析,发现洛旱 28 平均产量可达

5 997.0 ~ 7 866.0 kg/hm², 比对照品种增产 5.3% ~ 7.4%;在 37 个试点中共有 35 个试点增产,增产点率 94.6%,增产 $\geq 2.0\%$ 点率 89.2%;洛旱 28 的高稳系数、变异系数和适应度与对照品种相当或优于对照品种,且产量居参试品种第 2 位。说明洛旱 28 具有良好的高产稳产性和广泛的适应性。

3.2 洛旱 28 的抗逆性

旱地气候多变,干旱发生频繁。良好的抗旱性对于旱地品种而言,是其生存和实现高产稳产的生物学基础。但抗旱性和丰产性在生物学特性上存在

固有矛盾,一个强抗旱的品种,在正常或良好水肥条件下,其生长速度和产量潜力会远低于普通高产品种,但通过科学的育种手段,可以在一定范围内实现两者的协同与平衡,找到“既相对抗旱又相对高产”的最佳结合点^[7-8]。洛早 28 的抗旱指数为 0.922~0.953,属于中等抗旱性,意味着洛早 28 在中等及以下干旱年份能够保持相对稳定的产量,避免绝收或严重减产,又能在丰水年份或补充灌溉下实现高产。

旱地农业依赖自然降水,无法进行补充灌溉。在这种“靠天吃饭”的条件下,冬季低温、早春倒春寒和温度剧烈波动是主要的非生物威胁。旱地品种的抗寒性直接关系到植株能否在严酷的、非灌溉的冬季环境中存活下来,并为在春季有限水热条件下的产量奠定基础。因此,在旱地小麦育种和品种选择过程中,抗寒性一直是仅次于抗旱性的核心育种目标。在 2 年度的区域试验过程中,洛早 28 抗寒性鉴定分别为 2 和 1 级,说明洛早 28 的抗寒性较好,能够在适宜种植区域安全越冬并保持较高的基本苗数和冬季分蘖存活率,为来年产量形成打好基础。

小麦产量受倒伏因素的严重制约,常规情况下可通过小麦植株矮化降低小麦倒伏率,进而达到增产的目的。株高过高或过低均降低小麦小区产量及抗旱指数^[9-10],故合理控制小麦植株株高,避免植株过高或过低诱发的减产现象极为重要。洛早 28 的平均株高在 74.3~77.9 cm,株高适中,部分试点因株高过高存在倒伏现象,因此,在生产中应避免盲目高水肥管理导致的倒伏减产。

3.3 洛早 28 的推广应用

小麦产量由单位面积穗数、穗粒数和粒质量决定,三者之间的相互协调是实现高产的必要条件。洛早 28 的有效穗数变异较大,其次为每穗粒数,千粒质量最小,说明该品种千粒质量的遗传力高、受环境影响小,这与杨洪强等的研究结果^[11-13]基本一致。因此,在推广应用中可采取“稳穗增粒提重”策略,发挥洛早 28 的高产潜力,即在保持较高有效穗数的前提下,协同提升穗粒数与千粒质量^[14]。具体来说,应注重以下四点:一是在确定最佳播期播量的前提下,通过深松蓄水、精量或半精量播种、播后镇压(提墒、促根、防冻)等技术,为种子萌发和幼苗生长创造最佳环境;二是通过适当的中耕和肥水管理促根壮蘖,防寒控旺长,保证足够的有效分蘖数;三是坚持“氮肥后移”技术,预防倒春寒,在拔节和孕穗期保证水分供应或利用好自然降水,以保护每穗小花分化,减少退化,提高结实率;四是做好“一喷三防”技术集成,在孕穗至灌浆期,将杀虫剂、杀菌

剂、叶面肥(磷酸二氢钾、尿素等)或生长调节剂混合一次性喷施,实现防病虫、防早衰、防干热风、增粒质量的多重目标^[1]。

4 结论

洛早 28 是一个丰产稳产性好、适应性广、抗逆性强、综合性状优良的旱地小麦新品种,适合在黄淮麦区的山西省晋南、陕西省咸阳和渭南、河南省旱肥地及河北省、山东省旱地种植。为了保证洛早 28 的大面积推广及安全生产,在栽培管理上应当采取适时中耕补灌、趁墒追肥、做好“一喷三防”等措施协调产量三要素,确保该品种的稳产高产。

参考文献:

- [1] 赵 严,吕维娜,于新峰,等. 抗旱高产广适小麦新品种洛早 28 的选育及高产栽培技术[J]. 农业科技通讯,2024(10): 188-190,193.
- [2] 郭智萍,孙希增,李秀民,等. 小麦新品种浚 2016 丰产性、稳产性及适应性分析[J]. 陕西农业科学,2013,59(4):70-72.
- [3] 赵国轩,孔欣欣,赵鹏飞,等. 小麦新品种开麦 1606 丰产性、稳产性及适应性分析[J]. 种业导刊,2024(6):16-20.
- [4] 温振民,张永科. 用高稳系数法估算玉米杂交种高产稳产性的探讨[J]. 作物学报,1994,20(4):508-512.
- [5] Francis T R,Kannenberg L W. Yield stability studies in short-season maize. I. A descriptive method for grouping genotypes[J]. Canadian Journal of Plant Science,1978,58(4):1029-1034.
- [6] 孔欣欣,赵国轩,杨丹丹,等. 绿色小麦新品种开麦 1706 的丰产性、稳产性及适应性分析[J]. 农业科技通讯,2023(12): 54-58.
- [7] Tardieu F. Any trait or trait-related allele can confer drought tolerance:just design the right drought scenario[J]. Journal of Experimental Botany,2012,63(1):25-31.
- [8] Blum A. Drought resistance,water-use efficiency,and yield potential:are they compatible,dissont,or mutually exclusive[J]. Australian Journal of Agricultural Research,2005,56(11):1159-1168.
- [9] 赵吉平,周 伟,郭鹏燕,等. 干旱胁迫对小麦品种株高与产量及抗旱性相关分析[J]. 种子,2020,39(9):120-123.
- [10] 关军锋,马春红,李广敏. 干旱胁迫下小麦根冠生物量变化及其与抗旱性的关系[J]. 河北农业大学学报,2004,27(1):1-5.
- [11] 杨洪强,吴少辉,牛 鑫,等. 旱地小麦新品种“洛早 6 号”高产稳产性分析[J]. 江西农业学报,2008,20(7):112-113.
- [12] 王 丹,程 星,许国震,等. 国审小麦品种濮麦 116 产量特性分析[J]. 中国种业,2024(6):146-152.
- [13] 夏彦莉,任星旭,李永珍,等. 国审高产稳产小麦新品种新

麦 9369 的产量特性分析[J]. 农业科技通讯, 2024(9):42–46.

小麦育种遗传改良分析[J]. 大麦与谷类科学, 2025, 42(5): 26–35.

[14] 冯伟森, 张学品, 杨 莉, 等. 黄淮冬麦区不同生态型旱地

Analysis of High Yield, Stability and Stress Resistance of New Dryland Wheat Variety Luohan 28

Yang Li, Chen Yibo, Duan Guohui, Zhao Yan, Ding Zhiqiang, Feng Weisen, Zhang Xuepin, Wu Shaohui

(Luoyang Academy of Agriculture and Forestry Sciences / Henan Engineering Research Center for Drought-resistant and Water-saving Wheat Breeding, Luoyang 471000, China)

Abstract: Luohan 28 is a semi-winter drought-resistant wheat variety developed by Wheat Research Institute of Luoyang Academy of Agriculture and Forestry Sciences, and it was nationally approved in 2022 (Approval Number: Guoshenmai 20220055). To maximize the production value of Luohan 28, its high yield, yield stability, adaptability and stress resistance were analyzed based on the results of regional trials and production tests in the drought-fertilizer interaction group of the Huang-Huai winter wheat area. The results showed that Luohan 28 has an average yield of 5 997.0–7 866.0 kg/hm², which is 5.3%–7.4% higher than those of the control variety Luohan No.7, indicating high-yield potential and good productivity. The high stability coefficient (HSC) of Luohan 28 is 72.0%–85.8%, the coefficient of variation is 12.2%–25.7%, and the adaptability is 50.0%–64.3%, which are comparable to or better than those of the control variety, indicating strong stability and wide adaptability. The drought resistance index of Luohan 28 ranges from 0.922 to 0.953, and its cold resistance is at levels 1 to 2. It exhibits slow rusting resistance to stripe rust and has relatively good overall resistance. In production, its high yield potential can be achieved by enhancing fertilizer and water management, stabilizing effective spike number and grains per spike at the early stage, and increasing thousand-grain weight at the later stage.

Key Words: Luohan 28; High yield; Yield stability; Stress resistance

(上接第 64 页)

Breeding and Cultivation Techniques of New Early-maturing and Blast-resistant Late Geng Glutinous Rice Variety Changnongnuo 22117

Wei Linxin¹, Yuan Simeng¹, Qiu Xianjin², Xu Junying², Yang Longwei², Liu Haiyang², Tian Yu³, Chen Kai⁴, Hu Hui¹

[1. College of Arts and Sciences, Yangtze University, Jingzhou 434020, China; 2. Engineering Research Center of Wetland Ecology and Agricultural Utilization, Ministry of Education / Key Laboratory of Green and Efficient Production of Crops in the Middle Yangtze River, Ministry of Agriculture and Rural Affairs (Co-construction by Ministry and Province), Yangtze University, Jingzhou 434025, China; 3. Yichang Academy of Agricultural Sciences, Yichang 443004, China; 4. Shenzhen Branch, Guangdong Laboratory for Lingnan Modern Agriculture / Agricultural Genomics Institute at Shenzhen, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Shenzhen 518120, China]

Abstract: Changnongnuo 22117 is a new early-maturing late geng (*japonica*) glutinous rice variety with rice blast resistance bred by Yangtze University and Shenzhen Institute of Agricultural Genomics, Chinese Academy of Agricultural Sciences. It was developed via molecular marker-assisted selection combined with pedigree method from a cross between Jinxiangyu No.1 and Hefengnuo 331. The whole growth duration of the variety is 10.0 days shorter than that of the control variety Ewan 17. Changnongnuo 22117 has moderate resistance to rice blast, and its yield is 5.0% higher than that of the control. Its grain quality met the third grade of high-quality rice of Agricultural Industry Standard NY593—2021 Quality of Edible Rice Varieties, with excellent glutinousness, high whole milled rice rate and good cold tolerance. It was approved by Hubei Provincial Crop Variety Approval Committee in 2025 (Approval Number: Eshendao 20251019), and is suitable for planting as late rice in the areas with low rice blast incidence in the double-cropping rice regions of Hubei Province. This paper introduces the breeding process, characteristics and cultivation techniques of Changnongnuo 22117, providing a reference for its cultivation and extension.

Key Words: Glutinous rice; Changnongnuo 22117; Early maturity; Blast resistance; Breeding; Characteristics; Cultivation techniques

杨学明,朱海鹏,华 荣,等. 抗赤霉病和穗发芽小麦新品种宁红麦 1119 的选育及特征特性[J/OL]. 大麦与谷类科学,2026,43(3): 71-75(2026-06-05). DOI:10.14069/j.cnki.32-1769/s.2026.03.011.

抗赤霉病和穗发芽小麦新品种宁红麦 1119 的选育及特征特性

杨学明¹,朱海鹏²,华 荣²,王亚松²,姚金保¹,周森平¹,张 鹏¹,李化冰^{1,3}

(1. 江苏省农业科学院粮食作物研究所,江苏 南京 210014;2. 江苏红旗种业股份有限公司,江苏 泰州 225311;

3. 南京农业大学农学院,江苏 南京 211800)

摘要:宁红麦 1119 是江苏省农业科学院与江苏红旗种业股份有限公司以赤霉病抗性较好的品系宁 0320、宁 0076 分别作为母本、父本进行杂交,分离后代采用集团法选择育成的小麦新品种,2021 年通过江苏省审定(审定编号:苏审麦 20210002),2025 年获得植物新品种权证书(品种权号:CNA20231006903)。2018—2021 年度在江苏省淮南小麦新品种区域试验和生产试验中,宁红麦 1119 区域试验平均产量 7 944.6 kg/hm²,较对照扬麦 20 增产 3.6%,成穗数 466.5 万个/hm²,穗粒数 40.6 粒/穗,千粒质量 43.7 g;生产试验平均产量 7 371.6 kg/hm²,比对照扬麦 20 增产 5.5%。该品种中抗—抗赤霉病,携带 *Fhb1*、*Fhb4*、*QFhs.crc-2DL* 抗赤霉病基因/位点,中抗黄花叶病毒病,高抗穗发芽,品质检测结果达中筋小麦品种标准。宁红麦 1119 的选育过程、主要特征特性以及栽培技术的梳理与总结,为该品种试验示范及大面积推广应用提供参考。

关键词:宁红麦 1119;选育过程;特征特性;赤霉病;穗发芽

中图分类号:S512.1

文献标志码:B

文章编号:1673-6486-20260024

小麦是江苏省重要的粮食作物,常年种植面积约 230 万 hm²,总产量 1 300 万 t 左右,面积、总产量分别居全国第 4、第 5 位,为国家粮食安全提供了坚实保障。以淮河—苏北灌溉总渠为界,全省麦作分属两大生态类型麦区,淮河—苏北灌溉总渠以南为江苏淮南麦区、以北为江苏淮北麦区。从全国小麦生态区域划分来看,淮北麦区属于黄淮南片冬麦区,淮南麦区属于长江中下游冬麦区^[1-2]。小麦赤霉病是由禾谷镰刀菌为优势致病菌种引起的小麦重要病害,长江中下游冬麦区是我国小麦赤霉病发生的核心流行区域^[3-5]。穗发芽指小麦在收获前遭遇连续阴雨或高湿环境时,种子在未收获的麦穗上萌动发芽的现象。在小麦蜡熟末期,江苏淮南麦区有时遇到阴雨连绵天气,易导致穗发芽,造成小麦产量损失和品质下降^[6-8]。因而,选育赤霉病和穗发芽抗性强、高产稳产的小麦品种,是江苏淮南地区小麦育种单位的重要工作。春性、红粒、高抗穗发芽、抗赤霉病性强的小麦新品种宁红麦 1119,系江苏省农业科学院粮食作物研究所与江苏红旗种业股份有限公司以宁

0320 为母本、宁 0076 为父本进行杂交,分离世代采用集团法选择选育而成,2021 年通过江苏省审定(审定编号:苏审麦 20210002),2025 年获得植物新品种权(品种权号:CNA20231006903)。该品种为春性、中早熟、多穗型品种,具有高产稳产、抗赤霉病、高抗穗发芽等特征,具备在江苏淮南麦区乃至长江中下游麦区大面积推广应用的潜力。本文根据江苏省种子管理站中间试验结果,以及赤霉病抗性基因/位点分子标记分析和高分子量谷蛋白亚基组成分析结果,对该品种的选育经过、主要特征特性以及栽培技术要点进行系统总结,以期充分发挥品种特点,为新品种的试验示范和大面积应用提供参考。

1 宁红麦 1119 选育经过

2005 年春,在江苏省农业科学院院部试验基地以品系宁 0320 为母本、宁 0076 为父本进行杂交,于当年秋天在南京种成 F₁,表现为株高适中、赤霉病轻、熟相较好。F₂—F₄ 按大田生产播种密度种成小区,采用集团选择法进行选择,即在 F₂、F₃ 根据赤霉病、小麦黄花叶病、株高、熟期等性状,田间选择优异单穗,在室内淘汰基部小穗退化严重的单穗,混穗脱粒后,对籽粒性状进行选择;在 F₄,对当选单穗进行单独脱粒、籽粒性状评价。F₄ 当选单穗于 2009 年秋

收稿日期:2026-02-02;修回日期:2026-04-13。

基金项目:江苏省重点研发项目(BE2018350);江苏省农业科技自主创新资金项目[CX(19)1001]。

作者简介:杨学明(1971—),男,博士,研究员,主要从事小麦遗传育种研究。Email: xmyang@jaas.ac.cn。

播种成穗行,根据田间抗病性、分蘖性、株高、熟期等性状进行选择,其中编号为 E1605 的穗行表现赤霉病轻、抗黄花叶病毒病、分蘖性强、成熟期适中。2010 年秋播该穗行进入产量初级鉴定圃(田间编号为 F142),种植于江苏红旗种业股份有限公司试验基地,表现为抗赤霉病和黄花叶病毒病,感白粉病,

抗倒性好,小区产量高。2011 年秋播时以品系名“宁红 1119”进入产量鉴定圃,2012—2014 年进行多点适应性试验。2017—2021 年该品种相继参加江苏省淮南小麦良种预备试验、区域试验和生产试验。2021 年 12 月该品种通过江苏省农作物品种审定委员会审定,定名为“宁红麦 1119”(选育过程见图1)。

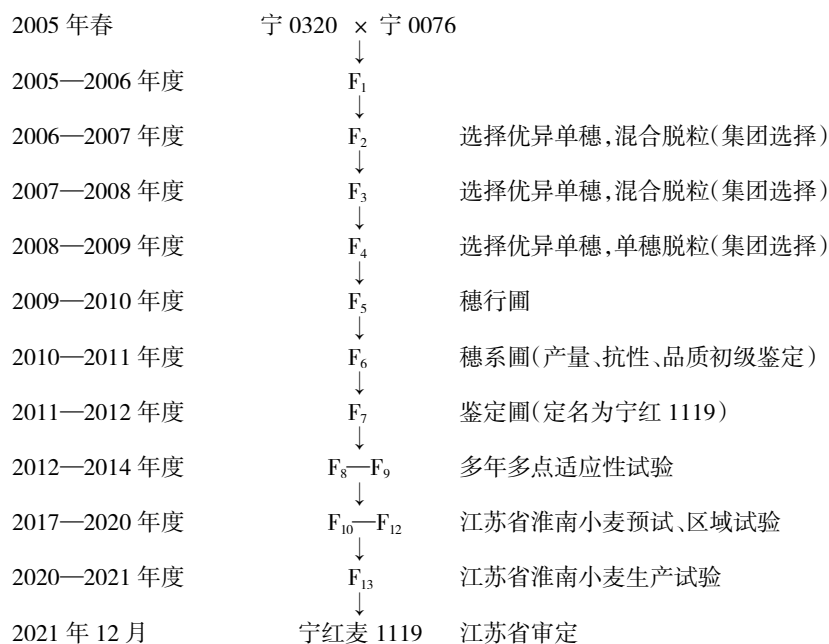


图 1 宁红麦 1119 的选育过程

2 宁红麦 1119 品种主要特征特性

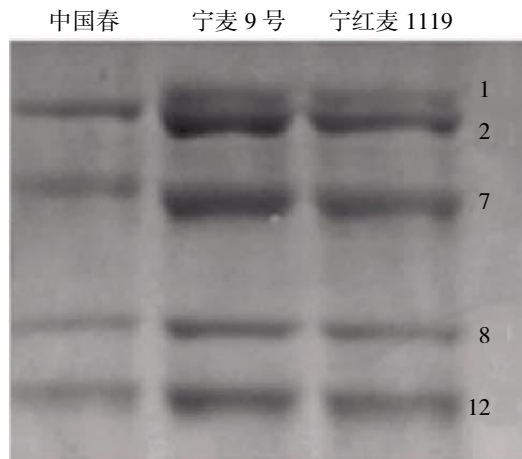
2.1 农艺性状

宁红麦 1119 为春性、中早熟品种,区域试验中生育期为 208.0 d,较对照品种扬麦 20 早熟 1.0 d;平均株高 88.1 cm,成穗数 466.5 万个/hm²,穗粒数 40.6 粒/穗,千粒质量 43.7 g;幼苗直立,株型较紧凑,耐肥抗倒性较好;穗层整齐,熟相好;长芒、白壳,长方型穗,红粒、粉质。

2.2 籽粒品质

在区域试验中,宁红麦 1119 两年籽粒抽样经农业农村部谷物品质监督检验测试中心(哈尔滨)测定,主要品质性状平均结果为:容重 810 g/L,粗蛋白(干基)含量(质量分数,下同)14.1%,湿面筋含量 30.7%,吸水量 596 mL/kg,稳定时间 2.1 min,最大拉伸阻力 116 E.U.,拉伸面积 30 cm²,硬度指数 51.8(表 1)。2021—2022 年度、2022—2023 年度,利用单籽粒谷物特性测定仪(SKCS4100),对种植于江苏省农业科学院院部基地的宁红麦 1119 和对照品种扬

麦 20 进行分析,宁红麦 1119 硬度指数为 28、25,扬麦 20 硬度指数为 36、32,表明相对于对照品种扬麦 20,宁红麦 1119 具有更软的籽粒质地。通过 SDS-PAGE 方法^[9-10]对宁红麦 1119 的高分子量谷蛋白亚基组成进行分析,该品种具有 1、7+8、2+12 亚基(图 2)。



1、2、7、8、12 均为谷蛋白亚基组分

图 2 高分子量谷蛋白亚基 SDS-PAGE 分析

表 1 宁红麦 1119 和对照品种扬麦 20 的品质检测结果

年份	品种名称	容重 / (g/L)	粗蛋白含量 / (干基, %)	湿面筋含量 / %	吸水量 / mL	稳定时间 / min	拉伸阻力 / E.U.	拉伸面积 / cm ²	硬度 指数
2018— 2019	宁红麦 1119	816	14.1	31.1	57.9	1.5	84	22	52.0
	扬麦 20(CK)	815	13.1	28.4	51.5	2.6	158	37	50.0
2019— 2020	宁红麦 1119	804	14.1	30.2	61.3	2.6	147	38	51.5
	扬麦 20(CK)	804	14.5	32.1	61.7	4.5	271	57	55.5
平均	宁红麦 1119	810	14.1	30.7	59.6	2.1	116	30	51.8
	扬麦 20(CK)	810	13.8	30.3	56.6	3.6	215	47	52.8

注:吸水量为 100 g 水分含量为 14% 的小麦粉所需添加水的体积(mL)。硬度指数参照 GB/T 21304—2007《小麦硬度测定硬度指数法测定》。

2.3 抗病(逆)性

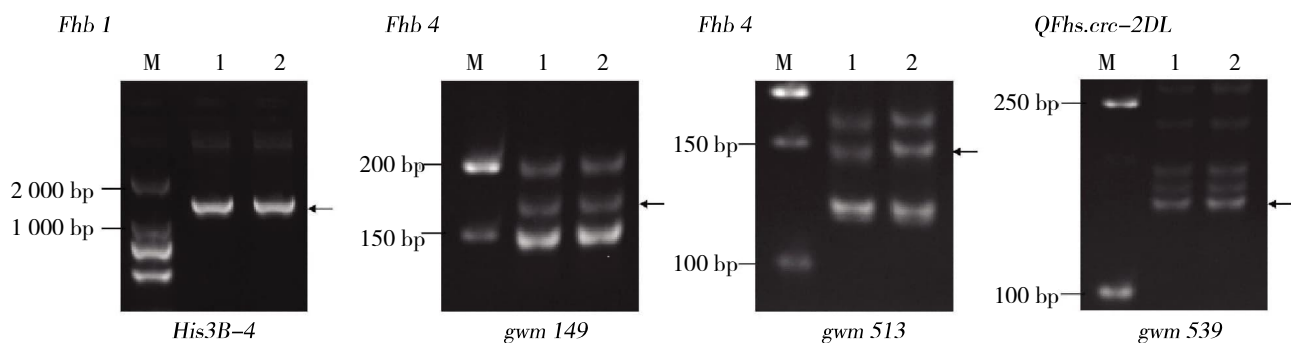
在区域试验和生产试验中,江苏省种子管理站组织相关科研单位对小麦主要病害和穗发芽抗性进行了鉴定。赤霉病抗性鉴定结果为:赤霉病单花滴注接种鉴定,3 年严重度分别为 1.33、1.25、1.25,抗性评价分别为 R、MR、R;自然发病鉴定,3 年病情指数分别为 0、0、3.13,第 2 年、第 3 年抗性评价分别为 R、MR。其他病害鉴定结果为:中抗黄花叶病,高感叶锈病、条锈病、白粉病和纹枯病。对穗发芽进

行连续 3 年鉴定,均达高抗水平(表 2)。对 2021 年江苏省审定的 18 个淮南小麦品种的赤霉病抗性结果进行分析,宁红麦 1119 是唯一赤霉病单花滴注接种严重度连续 3 年均低于 1.5 的品种,表明该品种对赤霉病具有较强的抗性。利用与小麦抗赤霉病基因 / 位点紧密连锁分子标记 *Hi3B-4*、*gwm149*、*gwm513*、*gwm539* 进行检测^[11-12],宁红麦 1119 同时携带 *Fhb1*、*Fhb4*、*QFhs.crc-2DL* 赤霉病抗性基因 / 位点(图 3)。

表 2 宁红麦 1119 和对照品种扬麦 20、苏麦 3 号的抗性鉴定结果

年份	品种名称	赤霉病				纹枯病	白粉病	黄花叶病	条锈病	叶锈病	穗发芽
		单花滴注接种		自然发病							
		严重度	抗性评价	病情指数	抗性评价						
2018— 2019	宁红麦 1119	1.33	R	0		HS	IM	MR	HS	HS	HR
	扬麦 20	2.90	MR	0		S	IM	MS	MS	MS	HR
	苏麦 3 号	1.45	R	0							
2019— 2020	宁红麦 1119	1.25	MR	0	R	HS	HS	HR	MR	MS	HR
	扬麦 20	1.62	MR	0	R	S	HS	S	HR	HR	HR
	苏麦 3 号	1.10	R	0	R						
2020— 2021	宁红麦 1119	1.25	R	3.13	MR						HR
	扬麦 20	2.00	MR	2.31	MR						HR
	苏麦 3 号	1.26	R	0.94	R						
综合 评价	宁红麦 1119			MR-R		HS	HS	MR	HS	HS	HR
	扬麦 20			MR		HS	HS	S	MS	MS	HR
	苏麦 3 号			R							

注:IM 表示免疫;(H)R 表示(高)抗;MR 表示中抗;MS 表示中感;(H)S 表示(高)感。苏麦 3 号为赤霉病抗病对照品种。



M—DNA 标记;1—望水白;2—宁红麦 1119。箭头示目标条带

图 3 赤霉病基因/位点 (*Fhb1*、*Fhb4*、*QFhs.crc-2DL*) 电泳分析

3 宁红麦 1119 产量表现

由表 3 可知,2017—2018 年度江苏省淮南小麦新品种预备试验中,宁红麦 1119 平均产量 7 018.4 kg/hm²,较对照品种扬麦 20 增产 7.8%。2018—2020 年度参加江苏省淮南小麦新品种 A 组

区域试验,该品种平均产量 7 944.6 kg/hm²,较对照扬麦 20 增产 3.6%。2020—2021 年度继续参加江苏省淮南小麦新品种生产试验,该品种平均产量 7 371.6 kg/hm²,较对照扬麦 20 增产 5.5%。2022—2024 年,江苏泰州、南通、扬州等地连续大面积示范种植宁红麦 1119,平均产量均超过 7 150 kg/hm²。

表 3 宁红麦 1119 产量表现

年度	试验名称	平均产量 /(kg/hm ²)	较对照扬麦 20 增产 /%
2017—2018	江苏省淮南小麦预备试验	7 018.4	7.8
2018—2019	江苏省淮南小麦区域试验	7 777.5	0.1
2019—2020	江苏省淮南小麦区域试验	8 111.6	7.2
2020—2021	江苏省淮南小麦生产试验	7 371.6	5.5

4 宁红麦 1119 栽培技术要点

4.1 适期播种

适宜的播种时间是保障小麦冬前苗势健壮的重要条件,宁红麦 1119 在江苏淮南地区常年适宜播期为 10 月 25 日至 11 月 10 日,在此期间争取早播,以确保齐苗、壮苗,为高产打好基础。如果播期过晚,易造成冬前苗势弱,难以培育壮苗越冬,有效分蘖不足,从而影响成穗数。

4.2 基本苗及群体结构

宁红麦 1119 分蘖性较强,长方型穗,该品种获得高产的主要策略是在一定穗数的基础上增加穗粒数、提高千粒质量。7 500 kg/hm² 以上产量的穗粒结构为:成穗数 450 万~495 万个/hm²,穗粒数 40~44 粒/穗,千粒质量 43~46 g;群体结构为:基本苗数 180 万~240 万株/hm²,越冬苗数 600 万~900 万株/hm²,高峰苗数 1 050 万~1 200 万株/hm²。在中低产田或晚播的情况下,要适当增加基本苗

数,以提高单位面积穗数。

4.3 肥水运筹

宁红麦 1119 为多穗多粒型品种,肥料运筹上前期施足基苗肥,占肥料总量的 60%,以提高茎蘖数;拔节孕穗肥占 40%,开花灌浆期结合病虫害防治适当喷施叶面肥,以增加穗粒数、提高千粒质量。7 500 kg/hm² 以上产量的施肥量为:纯 N 225~240 kg/hm²,P₂O₅ 90 kg/hm²,K₂O 120 kg/hm²。田间竖沟与横沟配套,横沟与田外沟相通,达到雨停不积水、灌排顺畅。

4.4 病虫草害防治

在小麦生育期内应注意防治病虫草害。麦田杂草以播种后封闭除草为主,苗期防除为辅。苗期根据田间杂草类型选用除草剂,在日平均气温高于 5℃ 的冬前或早春进行化学除草。返青至拔节期防治纹枯病,可用噻呋酰胺(24%悬浮剂 300 mL/hm²)或者戊唑醇(43%悬浮剂 250 mL/hm²) 对水 450~750 kg/hm²,在植株茎基部喷雾防治;对白粉病或锈

病的防治,可用三唑酮(20%粉剂 300~450 g/hm²)或醚菌酯(375 mL/hm²)对水 450~750 kg/hm² 喷雾防治;抽穗扬花期主动防治小麦赤霉病,可用 40%丙硫·戊唑醇悬浮剂(1 050~1 200 mL/hm²)或氰烯·戊唑醇(750~900 mL/hm²)对水 450~600 kg/hm² 喷雾防治 1—2 次^[13]。蚜虫防治,可选用阿维吡虫啉 1 155 mL/hm²、25%氰戊乐果 937.5 mL/hm² 对水 450 kg/hm² 喷雾防治。

4.5 适时收获

根据小麦蜡熟末期天气情况,及时使用联合收割机抢收,收获时避开阴雨天气,注意防止机械混杂。将收获后的籽粒晒干或烘干至安全水份后,贮藏于通风干燥处。

参考文献:

- [1] 何中虎,林作楫,王龙俊,等. 中国小麦品质区划的研究[J]. 中国农业科学,2002,35(4):359–364.
- [2] 王龙俊,陈荣振,朱新开,等. 江苏省小麦品质区划研究初报[J]. 江苏农业科学,2002,30(2):15–18.
- [3] 周朝飞,夏穗生,钱存鸣,等. 关于小麦抗赤霉病育种问题的探讨[J]. 中国农业科学,1987,20(2):19–25.
- [4] 程顺和,张 勇,别同德,等. 中国小麦赤霉病的危害及抗性遗传改良[J]. 江苏农业学报,2012,28(5):938–942.
- [5] 曹淑琳,杨红福,冷苏凤,等. 江苏省主推及新育成小麦品种抗赤霉病评价及毒素积累分析[J]. 麦类作物学报,2022,42(8):958–968.
- [6] 闫长生,张海萍,海 林,等. 中国小麦品种穗发芽抗性差异的研究[J]. 作物学报,2006,32(4):580–587.
- [7] 葛永福,钱存鸣,周朝飞,等. 小麦品种抗穗发芽特性及其鉴定方法[J]. 江苏农业科学,1989,17(3):2–6.
- [8] 徐忆菲,徐 敏,李 特,等. 2023 年江苏省麦收期连阴雨天气特征及其对冬小麦的影响分析[J]. 气象与环境科学,2024,47(1):37–44.
- [9] 张纪元,张平平,姚金保,等. 以 EMS 诱变创制软质小麦宁麦 9 号高分子量谷蛋白亚基突变体[J]. 作物学报,2014,40(9):1579–1584.
- [10] 魏 青,马指挥,杨晓雨,等. 146 份黄淮麦区小麦参试品种(系)高分子量谷蛋白亚基分析[J]. 西北农业学报,2026,35(1):23–30.
- [11] 陈 婧,贾宝森,丁富功,等. 454 份小麦品种(系)赤霉病抗性鉴定及优异种质筛选[J]. 麦类作物学报,2024,44(9):1133–1142.
- [12] Somers D J, Fedak G, Savard M. Molecular mapping of novel genes controlling *Fusarium* head blight resistance and deoxynivalenol accumulation in spring wheat[J]. Genome, 2003,46(4):555–564.
- [13] 杨学明,姚金保,周森平. 紫粒小麦新品种宁紫麦 1 号的选育及特征特性[J]. 大麦与谷类科学,2025,42(2):74–78.

Breeding and Characteristics of New Wheat Variety Ninghongmai 1119 with Resistance to *Fusarium* Head Blight and Pre-harvest Sprouting

Yang Xueming¹, Zhu Haipeng², Hua Rong², Wang Yasong², Yao Jinbao¹, Zhou Miaoping¹, Zhang Peng¹, Li huabing^{1,3}
(1. Institute of Food Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China; 2. Jiangsu Hongqi Seed Industry Co., Ltd., Taizhou 225311, China; 3. College of Agriculture, Nanjing Agricultural University, Nanjing 211800, China)

Abstract: Ninghongmai 1119 is a new wheat variety developed by Jiangsu Academy of Agricultural Sciences and Jiangsu Hongqi Seed Industry Co., Ltd. It was selected through the bulk selection method from the progeny of a cross between the lines Ning 0320 (maternal parent) and Ning 0076 (paternal parent), both of which exhibit good resistance to *Fusarium* head blight. The variety was approved by the Jiangsu Provincial Crop Variety Approval Committee in 2021 (approval number: Sushenmai 20210002) and obtained the certificate of new plant variety right in 2025 (variety right number: CNA20231006903). In the regional and production trials for new wheat varieties in southern Jiangsu province from 2018 to 2021, Ninghongmai 1119 achieved an average yield of 7 944.6 kg/hm² in the regional trial, representing a 3.6% increase compared to the control variety Yangmai 20. The spike number was 4.665 million per hm², with 40.6 grains per spike and a 1 000-grain weight of 43.7 g. In the production trial, the average yield was 7 371.6 kg/hm², representing a 5.5% increase compared to the control variety Yangmai 20. It exhibits moderate to high resistance to *Fusarium* head blight, carrying *Fhb1*, *Fhb4* and *QFhs.crc-2DL* resistance genes or loci. It also has moderate resistance to yellow mosaic virus disease and high resistance to pre-harvest sprouting. The quality testing results meet the standards for medium-gluten wheat varieties. This article summarizes the breeding process, main characteristics, and cultivation techniques of Ninghongmai 1119, providing a reference for the trial demonstration and large-scale promotion and application of this variety.

Key Words: Ninghongmai 1119; Breeding process; Characteristics; *Fusarium* head blight; Pre-harvest sprouting

高 青,刘梦莹. 优质耐盐碱稻新品种华丰稻 2 号的选育及其高产栽培技术[J/OL]. 大麦与谷类科学,2026,43(3):76–79 (2026–05–28). DOI:10.14069/j.cnki.32–1769/s.2026.03.012.

优质耐盐碱稻新品种华丰稻 2 号的选育及其高产栽培技术

高 青,刘梦莹

(江苏大丰华丰种业股份有限公司,江苏 盐城 224145)

摘要:华丰稻 2 号(华丰稻 1 号/镇稻 21 号)是江苏大丰华丰种业股份有限公司经多代选育而成的中熟中梗耐盐碱稻新品种,具有熟期早、稳产性好、抗性好等优点。在 2021—2023 年三年试验中,华丰稻 2 号平均增产幅度均超过了 6%,表现出较好的高产稳产性;2023 年稻米品质经农业农村部食品质量监督检验测试中心(武汉)检测,垩白度仅为 0.9%,达到了农业行业标准 NY/T 593—2021《食用稻品种品质》标准 1 级;中感稻瘟病、白叶枯病和条纹叶枯病,高感纹枯病;耐盐碱性综合鉴定评价为 5 级,适合江苏沿海滩涂地区种植,可以有效提高滩涂盐碱地的利用率。华丰稻 2 号的选育过程及其配套的高产高效栽培技术的系统阐述,可为其后的推广应用提供技术支撑与参考依据。

关键词:中熟中梗稻;耐盐碱;华丰稻 2 号;品种选育;栽培技术

中图分类号:S511

文献标志码:B

文章编号:1673–6486–20260028

江苏省沿海滩涂面积大,且随着黄海的东退,滩涂面积每年在增长,由于沿海滩涂盐碱地不适宜传统的农业生产,导致其开发利用率不高。筛选与种植耐盐碱水稻品种,对开发利用沿海滩涂盐碱土地资源、保障地区农业生产、缓解土地资源紧张局面具有重要意义。为此,将具有优质食味、抗稻瘟病、早熟、抗穗发芽、耐盐碱性较好等目标性状的亲本广泛用于配制杂交组合,同时加大稻米外观、食味品质及耐盐性的选择强度,最终选育出优质食味耐盐碱水稻——华丰稻 2 号。该品种于 2024 年 7 月通过江苏省农作物品种审定委员会审定(审定编号:苏审稻 20240069),适宜种植区域为江苏省沿海滩涂地区,对实现沿海滩涂盐碱地的资源化利用及水稻的优质化生产具有重要意义。2024 年该品种申请国家植物新品种权保护(申请号:20241000544,公告号:CNA075373E)。

1 华丰稻 2 号选育经过

2014 年夏,在江苏省盐城市大丰区以华丰稻 1 号为母本、镇稻 21 号^[1]为父本杂交,并于当年冬季

在海南种植 F_1 ,混合收获,2015 年夏在大丰种植 F_2 群体,经过筛选优选选择单株 28 株,2015—2018 年经过多代系统法选育,2019 年将优势单株按株系种植,其中株系 163 表现突出,编号华丰 20022 于 2020 年进行大区品比,同时进行多点试验,2021—2023 年参加江苏省耐盐中梗稻联合体试验,2024 年定名华丰稻 2 号,同年 7 月通过江苏省农作物品种审定委员会审定(审定编号:苏审稻 20240069)。具体的选育过程见表 1。

2 华丰稻 2 号产量表现

华丰稻 2 号于 2021、2022 年参加江苏省耐盐中梗稻科企联合体区域试验,2023 年参加生产试验。由表 2 可知,3 年该品种平均产量分别为 561.0、517.0、536.8 kg/667 m²,较对照盐稻 12 号^[4]分别增产 6.2%、8.5%和 7.0%。其中两年区域试验的 9 个试验点中有 7 个点增产,且增产幅度均在 5%以上,2023 年生产试验中 5 个试验点全部增产^[1],表现出耐盐碱性强、高产稳产性好。

3 华丰稻 2 号主要特征特性

3.1 农艺性状

华丰稻 2 号叶色中绿、分蘖性强,后期株型适中,群体与穗层整齐一致,穗粒结构协调,灌浆速度

收稿日期:2026–03–13;修回日期:2026–05–07。

基金项目:国家农业重大科技项目子课题(NK202205030102);江苏省农业重大新品种创制项目(PZCZ201701)。

作者简介:高 青(1988—),男,农艺师,主要研究方向为水稻育种与水稻栽培。Email:1063405615@qq.com。

快,结实率高,成熟期转色落黄好。该品种 2 年平均株高 83.8 cm,抗倒性强,有效穗数 20.3 万个/667 m²,每穗总粒数 145.5 粒,结实率 89.0%,千粒质量 23.7 g,全生育期 143.8 d,较对照早 3.0 d(表 3)。由于不同

试验点的含盐量不同,甚至相差较大,导致出现同一品种在不同试验点的生长量差异较大或同一品种在不同年度间的株高等相差较大的问题。

表 1 华丰稻 2 号选育过程

年份	地点	田间编号	世代	工作内容
2014 年夏	大丰	—	华丰稻 1 号 / 镇稻 21 号	
2014 年冬	海南	63	F ₁	种植 F ₁ ,混收
2015 年夏	大丰	51	F ₂	种植 F ₂ ,择优选择 28 株单株
2015 年冬	海南	363—390	F ₃	种植 F ₃ ,择优选择 21 株单株
2016—2018 年夏	大丰	—	F ₄ —F ₆	种植 F ₄ —F ₆ ,择优选择单株
2019 年夏	大丰	156—171	F ₇	株系种植,株系 163 表现突出
2020 年夏	大丰	—	华丰 20022	大区品比,多点试验,表现突出
2021—2023 年		—	华丰 20022	参加江苏省耐盐中粳稻联合体试验
2024 年			华丰稻 2 号	苏审稻 20240069

表 2 华丰稻 2 号的产量表现

年份	品种	产量	较 CK 增产 /%	增产点 /%
2021	华丰稻 2 号	561.0	6.2	77.8
	盐稻 12 号(CK)	528.5	—	—
2022	华丰稻 2 号	517.0	8.5	77.8
	盐稻 12 号(CK)	471.6	—	—
2023	华丰稻 2 号	536.8	7.0	100.0
	盐稻 12 号(CK)	501.6	—	—

表 3 华丰稻 2 号农艺性状指标

年份	品种	株高 / cm	全生育期 / d	较对照增 / d	有效穗数 / (万个/667 m ²)	总粒数 / (粒/穗)	结实率 / %	千粒质量 / g
2021	华丰稻 2 号	88.8	142.9	-3.7	20.9	136.6	91.8	25.0
	盐稻 12 号(CK)	93.4	146.6	—	21.1	131.9	88.6	25.0
2022	华丰稻 2 号	78.8	144.7	-2.3	19.8	154.5	86.1	22.3
	盐稻 12 号(CK)	86.3	147.0	—	20.0	132.2	83.1	23.3
2023	华丰稻 2 号	83.8	143.8	-3.0	20.3	145.5	89.0	23.7
	盐稻 12 号(CK)	89.8	146.8	—	20.6	132.1	85.9	24.2

3.2 米质优

华丰稻 2 号在 2021—2023 年参加江苏省耐盐中粳稻联合体试验期间均进行了稻米米质理化指标的检测,其中 2023 年的米质检测结果达到了农业行业 NY/T 593—2021《食用稻品种品质》标准 1 级,具体数据为:糙米率 84.3%,整精米率 72.9%,

长宽比 2.0,垩白粒率 8.0%,垩白度 0.9%,胶稠度 70 mm,直链淀粉质量分数 16.9%。

3.3 抗性较好

经江苏省农业科学院植物保护研究所鉴定:华丰稻 2 号穗颈瘟损失率最高级 5 级,稻瘟病综合指数 4.75,中感稻瘟病、白叶枯病和条纹叶枯病,高感

纹枯病。同时在 2020 年的多点种植鉴定和三年试验过程中,田间均未发现稻瘟病等病害自然发病现象,表现出较好的抗病性。

3.4 耐盐碱性较好

华丰稻 2 号在 2021—2023 年参加试验期间,连续三年由试验主持单位统一委托江苏沿海地区

农业科学研究所进行耐盐性鉴定。经鉴定:芽期至苗期耐盐性鉴定均为 5 级,分蘖期至成熟期鉴定均为 3 级,综合评价均为 5 级,耐盐性中等(表 4)。华丰稻 2 号属于耐盐碱性较好的中熟中粳稻新品种,适宜在江苏沿海滩涂地区种植。

表 4 耐盐性表现

年份	芽期至苗期鉴定结果(成苗率)		分蘖期至成熟期耐盐级别鉴定结果 (平均单株产量)		全生育期耐盐 鉴定结果
	耐盐指数 /%	耐盐级别 / 级	耐盐指数 /%	耐盐级别 / 级	耐盐级别 / 级
2021	59.80	5	24.46	3	5
2022	59.50	5	27.50	3	5

注:芽期至苗期、分蘖期至成熟期耐盐性评价标准:1 级,耐盐指数 0~20.0%,极强;3 级,耐盐指数 20.1%~40.0%,强;5 级,耐盐指数 40.1%~60.0%,中;7 级,耐盐指数 60.1%~80.0%,弱;9 级,耐盐指数 80.1%~100.0%,极弱。全生育期耐盐性评价:综合芽期至苗期和分蘖期至成熟期的耐盐指数和耐盐性等级,作为水稻品种的全生育期耐盐指数和耐盐等级。

4 华丰稻 2 号栽培技术要点

4.1 适期播种,培育壮秧

4.1.1 晒种。浸种前选晴天晒种 1~2 d,每天翻动 3~4 次,使其充分干燥,增强种子活力,达到提高发芽率和发芽势的目的。

4.1.2 浸种。浸种的目的是使稻谷均匀吸足发芽所需的水分,并且药剂浸种可以有效控制如恶苗病、干尖线虫病及条纹叶枯病等种传性病害。用 17%杀螟丹可湿性粉剂 1:4 000 倍加 25%氰烯菌酯悬浮剂 1:1 000 倍浸种 48 h,捞出洗净,再用清水浸泡 24 h,为保证浸种药剂浓度均匀,每天搅动 1~2 次。

4.1.3 播种。机插秧育苗采用定量播种,每盘播 125 g 湿种为宜。播种前需浇透底水,播种后用营养土或基质进行覆盖,覆土厚度以不露种为宜。

4.1.4 秧田管理。播完种盖好无纺布后,及时上大水,淹灌 24 h 后排水,并检查墒沟的通畅性。秧苗期如遇连续晴热高温天气需灌“跑马水”保湿。在秧苗 2.0 叶时揭掉无纺布,并施 7.5 kg/667 m² 尿素作为“断奶肥”,后期视苗情补施尿素或复合肥。移栽前一周,施 10 kg/667 m² 尿素作为“送嫁肥”。同时,在揭无纺布和移栽前 3 d,要分别使用药剂防治立枯病、稻瘟病和稻蓟马等病虫害各一次。

4.2 适时移栽,合理密植

4.2.1 整地。栽插田块经过耕翻、耙碎、上水泡田及耙平后,应达到田面平整,高低落差小于 5 cm 为宜,

田面细碎松软,寸水不漏泥。

4.2.2 移栽。华丰稻 2 号适宜在 6 月中下旬移栽,需根据种植方式严格控制秧龄与密度。人工栽插秧龄控制在 30~35 d,栽插 2 万穴/667 m²;机插秧秧龄控制在 18~20 d,栽插 1.8 万穴/667 m²,确保基本苗达到 6 万~8 万株/667 m²。行、株距分别以 25、12 cm 为宜,栽插深度以 2~3 cm 为宜,做到不窝根、不漂苗、不丢穴、穴准株匀。

4.3 平衡施肥,科学灌溉

4.3.1 基肥。基肥分两次施用,第一次结合耕翻整地施复合肥(N、P₂O₅、K₂O 的质量比为 22:8:10) 15 kg/667 m²;第二次在大田整平上水后使用,一般施复合肥(N、P₂O₅、K₂O 的质量比为 22:8:10) 10.0~12.5 kg/667 m²。

4.3.2 活棵返青肥。在移栽 5~7 d 后,一般施尿素(N 质量分数≥46.5%)10 kg/667 m²。

4.3.3 分蘖肥。分蘖肥分 2 次使用为宜,分别在移栽 15~20 d 和 20~25 d 后使用,一般每次施尿素(N 质量分数≥46.5%)10 kg/667 m²。

4.3.4 拔节孕穗肥。拔节孕穗肥既可以分促花肥和保花肥两次施用,也可以一次性施用,一般在拔节孕穗期总施复合肥(N、P₂O₅、K₂O 的质量比为 22:8:10)15 kg/667 m²。

4.3.5 水浆管理。栽插期:栽插时田间保持薄水层,以湿润为主,防止水层过深导致漂苗。有效分蘖期:栽插后及时上水,以浅水为主,加快返青活棵,促进

早发快长和分蘖。分蘖末期:对于生长过旺、达到计划茎蘖数的田块,及时排水晒田。晒田标准为田面出现细微裂缝、地面长出白根、叶片挺直且颜色褪淡,晒田结束后恢复常规水层。若分蘖尚未达到计划数量,则继续保持浅水层,以促进分蘖。抽穗扬花期:建立5~7 cm的深水层,以减少颖花退化,提高结实率。灌浆至蜡熟期:采用间歇灌溉,保持“干干湿湿、以湿为主”的水分状态,达到以水调气、以气养根、以根保叶的目的。黄熟初期可根据地块情况排水。低洼地适当提早排水,以便于机械收割;漏水田可适当推迟排水,防止后期缺水影响灌浆。

4.4 病虫害防治

4.4.1 病虫害的防治。稻瘟病防治:水稻移栽前3~5 d打好“送嫁药”,用75%三环唑30 g/667 m²,无人机喷雾,减轻大田前期发病压力;水稻拔节孕穗期,做好叶瘟监测,发现田间中心病株,用40%稻瘟灵乳油30~50 mL/667 m²,无人机喷雾;水稻破口期,用75%三环唑30 g/667 m²或40%硫环唑200 g/667 m²,无人机喷雾防治穗瘟。特别强调,在破口期防治稻瘟病如遇雨水天气,一定要及时补治。

稻飞虱防治:抽穗扬花期,用20%扑虱灵100 g/667 m²或10%吡虫啉10 g/667 m²,无人机喷雾,防止穿顶倒秆。

螟虫的防治:分蘖期和抽穗达5%时,用90%杀虫单可溶性粉剂40~50 g/667 m²或5%阿维氯虫苯甲酰胺50 mL/667 m²,无人机喷雾。

所有病虫害防治及用药均可参照当地植保部门的意见进行统防统治。

4.4.2 田间杂草的防治。移栽前封闭处理(土壤封闭):大田整好上水后,无人机喷雾,用30%苯苄甲草胺80 g/667 m²,施药后田间保持水层5~7 d,以形成封闭层,然后在移栽前排水。

移栽后茎叶处理(苗后除草):秧苗移栽活棵后,田间禾本科杂草长至3—4叶期时,用3%氯氟吡啶酯50 g/667 m²加丙草胺80 g/667 m²加噁唑酰氟(噁唑酰草胺16%、氰氟草酯24%)150 g/667 m²,以无人机喷雾及时除草,施药时确保田间没有积水,施药48 h后及时上水,保持水层3~4 d。

参考文献:

- [1] 郝栖贤,周坤能,云 鹏,等. 高产优质中粳糯稻新品种徽粳糯903的选育与应用[J]. 大麦与谷类科学,2025,42(5):61–65
- [2] 赵庆勇,张亚东,朱 镇,等. 优质高产多抗粳稻新品种南粳60的选育与特征特性[J]. 江苏农业科学,2022,50(7):84–86.
- [3] 刘 凯,唐红生,宛柏杰,等. 优质抗病高产中熟中粳稻新品种中科盐5号的选育及栽培技术[J]. 北方水稻,2021,51(2):44–45.
- [4] 孙明法,唐红生,严国红,等. 优质抗病高产迟熟中粳稻新品种盐稻12号的选育及栽培技术[J]. 江苏农业科学,2013,41(11):106–108.
- [5] 景德道,姚维成,钱华飞,等. 中粳稻镇稻21号的选育、特征特性及栽培技术[J]. 浙江农业科学,2018,59(3):451–453,455.

Breeding and High-yield Cultivation Techniques of New High-quality Rice Variety Huafengdao No.2 with Saline-alkali Tolerance

Gao Qing, Liu Mengying

(Jiangsu Dafeng Huafeng Seed Industry Co., Ltd., Yancheng 224145, China)

Abstract: Huafengdao No.2 (Huafengdao No.1/Zhendao No.21) is a new medium-maturing, medium-geng(*japonica*), salt-tolerant and alkali-tolerant rice variety developed by Jiangsu Dafeng Huafeng Seed Industry Co., Ltd., after multiple generations of selection. It has the advantages of early maturity, good stability in yield, and good resistance. In the three-year trials from 2021 to 2023, the average yield increase of Huafengdao No.2 exceeded 6%, demonstrating high and stable yield performance. In 2023, the rice quality was tested by the Food Quality Supervision and Inspection and Testing Center of the Ministry of Agriculture (Wuhan), and the chalkiness degree was only 0.9%, reaching Grade 1 of the Agricultural Industry Standard NY/T 593—2021 “Quality of Edible Rice Varieties”. It is moderately susceptible to rice blast, bacterial blight and stripe leaf blight, and highly susceptible to sheath blight. The comprehensive evaluation of saline-alkali tolerance is at level 5, making it suitable for cultivation in the coastal tidal flats of Jiangsu Province, which can effectively increase the utilization rate of tidal flat land. This paper systematically describes on the breeding process of Huafengdao No.2 and its high-yield and efficient cultivation techniques, aiming to provide technical support and reference for its future promotion and application.

Key Words: Medium-maturing medium-geng rice; Saline-alkali tolerance; Huafengdao No.2; Variety breeding; Cultivation techniques

欢迎订阅 2026 年《大麦与谷类科学》

《大麦与谷类科学》是《中国期刊全文数据库》《中文科技期刊数据库》《中国核心期刊(遴选)数据库》全文收录期刊、超星域出版平台全文收录期刊、《中国学术期刊综合评价数据库》统计源期刊、国家科技学术期刊开放平台全文收录期刊、原国家新闻出版广电总局首次认定 A 类学术期刊。江苏省一级期刊、2017 年度江苏省精品科技期刊, CACJ 中国应用型扩展期刊(2023、2025 版), OA 开放获取典范期刊(维普资讯)。

《大麦与谷类科学》由江苏省农业科学院主管、江苏沿海地区农业科学研究所主办, 是中国作物学会大麦专业委员会与江苏省农学会学术性期刊, 内容具有创新性、应用性、系统性、导向性, 主要报道大麦、小麦、水稻、玉米、高粱、谷子等谷类作物的研究动态和科研成果, 内设栏目有: 综述与报告(专家视点)、生理与生态、栽培与育种、土肥与植保、贮藏与加工、资源与环境、种业创新、现代大农业、乡村振兴、简讯与信息、人物介绍等。主要作者与读者为从事农业科研与农技推广的科技人员、农业企业经营管理人员、农业大中专院校师生等。

本刊为双月刊, 大 16 开本。国内外公开发行, 中国标准连续出版物号 CN32-1769/S、ISSN 1673-6486。国内每期定价 15.00 元, 全年 6 期共 90.00 元, 自办发行。

欢迎赐稿, 欢迎订阅。可随时直接与本编辑部联系。

电 话: 0515-88330625

电子信箱: damkx@163.com

邮局汇款: 《大麦与谷类科学》杂志编辑部

银行汇款: 江苏沿海地区农业科学研究所

账 号: 10-400901040004637

网 址: <http://dmkx.cbpt.cnki.net>

邮 编: 224002

地 址: 江苏省盐城市开放大道北路 9 号

开户行: 盐城市农行建中支行

用 途: 订阅费或编审费

《大麦与谷类科学》广告简则

广告范围: 农作物品种、农作物育种技术、种植技术、农药、化肥、农用激素、农业机械、农业图书资料、农业加工品及副产品等。

广告要求: 广告内容必须真实可信, 客户应对所宣传的产品质量负责, 符合《中华人民共和国广告法》要求。客户须附上《营业执照》和产品技术鉴定证书的复印件, 其中《营业执照》复印件必须加盖相应市场监管部门的专用红章。使用商标、标明获奖和获得专利的广告, 应提供注册商标、颁奖部门及专利局的证书复印件, 专利产品应注明专利号。经营肥料、农药、种子的广告, 须持有省级主管部门出具的合法有效证明。本刊对广告内容有提出质疑及与客户商榷的权限, 泄露国家机密的广告不予刊登。

广告收费: 本刊 2026 年每期封面封底暂不接受广告, 封二 4000 元, 封三 3000 元, 彩色整版插页 2000 元; 正文刊登广告插页, 整版 1000 元, 半版 500 元, 名片大小 250 元。本刊对连续刊登同一企业、单位及个人的广告在 2 次以上者, 酌情优惠。

广告贴士: 广告费须在广告刊出前一次付清, 否则不予刊登。广告刊出后, 按期寄送样刊 3 册。超过 3 册的, 可来函或致电提出, 本刊将酌情赠送。

联系电话: 0515-88330625

电子信箱: damkx@163.com

邮局汇款: 《大麦与谷类科学》杂志编辑部

银行汇款: 江苏沿海地区农业科学研究所

账 号: 10-400901040004637

网 址: <http://dmkx.cbpt.cnki.net>

邮 编: 224002

地 址: 江苏省盐城市开放大道北路 9 号

开户行: 盐城市农行建中支行

用 途: 协作费或技术服务费