

不同调酸剂对种植玉米红壤微生物群落的影响

杨玲, 张艺, 钟俊杰, 聂三安, 孙耿, 盛浩

引用本文:

杨玲, 张艺, 钟俊杰, 聂三安, 孙耿, 盛浩. 不同调酸剂对种植玉米红壤微生物群落的影响[J]. 农业环境科学学报, 2024, 43(3): 609–616.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11654/jaes.2023-0386>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

不同麦秸还田模式对稻田土壤微生物活性和微生物群落组成的影响

王宁, 罗佳琳, 赵亚慧, 李勇, 于建光

农业环境科学学报. 2020, 39(1): 125–133 <https://doi.org/10.11654/jaes.2019-0956>

铅对土细菌群落组成的影响研究

安凤秋, 吕家珑, 刁展, 李海红, 赵琪琪

农业环境科学学报. 2018, 37(2): 268–275 <https://doi.org/10.11654/jaes.2017-0960>

钝化材料对农田土壤Cd形态及微生物群落的影响

兰玉书, 袁林, 杨刚, 程蓉, 石楷岐, 高本汗

农业环境科学学报. 2020, 39(12): 2743–2751 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0637>

猪粪厌氧发酵消化液回流体系微生物群落结构特征与产气关系研究

孔德望, 张克强, 房芳, 高文萱, 梁军锋, 梁雨, 杜连柱

农业环境科学学报. 2018, 37(3): 559–566 <https://doi.org/10.11654/jaes.2017-1241>

生物炭原位添加对养殖池塘底泥中微生物群落结构的影响

赵汉胤, 陈潘毅, 唐欣哲, 陈以芹, 李娟英

农业环境科学学报. 2021, 40(12): 2770–2778 <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0434>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

杨玲, 张艺, 钟俊杰, 等. 不同调酸剂对种植玉米红壤微生物群落的影响[J]. 农业环境科学学报, 2024, 43(3): 609–616.

YANG L, ZHANG Y, ZHONG J J, et al. Effects of different acid modulators on the microbial communities in maize planting red soil[J].

Journal of Agro-Environment Science, 2024, 43(3): 609–616.



开放科学 OSID

不同调酸剂对种植玉米红壤微生物群落的影响

杨玲¹, 张艺¹, 钟俊杰¹, 聂三安^{1*}, 孙耿², 盛浩¹

(1. 湖南农业大学资源学院, 长沙 410128; 2. 湖南省土壤肥料研究所, 长沙 410125)

摘要:为研究红壤微生物丰度和群落组成对不同调酸剂的响应,分析影响碳/氮关键代谢过程微生物的变化,通过盆栽实验,设置不施肥(CK)、钙镁复合剂(L)、钙镁复合剂配施猪粪(ML)和钙镁复合剂配施秸秆(SL)4个处理,采用宏基因组测序技术,分析土壤细菌、真菌和古菌以及碳/氮代谢关键过程微生物。结果表明:L、ML和SL处理显著提高土壤pH值和交换性钙/镁,显著降低土壤交换性酸。调酸剂增加了细菌优势菌中的变形菌门相对丰度,降低了绿弯菌门和酸杆菌门相对丰度;降低了真菌优势菌中的毛霉门相对丰度;增加了古菌优势菌中的广古菌门和深古菌门的相对丰度,降低了奇古菌门的相对丰度。冗余分析结果显示,速效钾是影响土壤细菌和真菌群落结构的主要环境因子,土壤pH和有机碳是影响土壤真菌和古菌群落结构组成的关键因子。碳代谢过程的贡献度方面,变形菌门的贡献度在SL处理中最高,放线菌门和芽单胞菌门的贡献度在ML处理中最高。氮代谢过程中,各处理绿弯菌门对硝化作用的贡献率均超过80%。调酸降低了绿弯菌门和酸杆菌门在反硝化与硝酸盐异化还原过程中的贡献度,L与SL处理的变形菌门贡献度低于ML处理,而ML处理的放线菌门贡献度高于L与SL处理。单施钙镁复合剂、钙镁复合剂配施猪粪和钙镁复合剂配施秸秆均可缓解红壤酸性,改变土壤优势菌群,并有利于碳/氮积累。

关键词:红壤;调酸;宏基因组;微生物群落;碳/氮代谢过程

中图分类号:S154.3 文献标志码:A 文章编号:1672-2043(2024)03-0609-08 doi:10.11654/jaes.2023-0386

Effects of different acid modulators on the microbial communities in maize planting red soil

YANG Ling¹, ZHANG Yi¹, ZHONG Junjie¹, NIE San'an^{1*}, SUN Geng², SHENG Hao¹

(1. College of Resources, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China; 2. Hunan Soil and Fertilizer Institute, Changsha 410125, China)

Abstract: The aims of this study were to investigate the response of red soil microbial abundance and community composition to different acid regulators as well as the changes in microorganisms that affect key carbon/nitrogen metabolic processes. Four potted treatments were set up: no fertilization (CK), calcium / magnesium compound (L), L mixed with pig manure (ML), and L mixed with straw (SL). Metagenomic sequencing technology was used to analyze the soil microbes and key carbon/nitrogen metabolism process microorganisms. The results showed that the L, ML, and SL treatments significantly increased the soil pH and exchangeable calcium and magnesium, but significantly reduced the soil exchangeable acids. The acid regulators increased the bacterial relative abundance of Proteobacteria but decreased Chloroflexi and Acidobacteria while reducing the fungal relative abundance of Mucoromycota. The archaeal relative abundance of Euryarchaeota and Candidatus_Bathyarchaeota was increased, while Thaumarchaeota was decreased. The RDA analysis showed that available potassium is the main factor that affects the structure of soil bacterial and fungal communities, while soil pH and organic carbon are key factors that affect the composition of soil fungal and archaeal communities. In terms of the carbon metabolism process,

收稿日期:2023-05-16 录用日期:2023-08-15

作者简介:杨玲(1999—),女,贵州遵义人,硕士研究生,从事土壤微生物研究。E-mail:1984038902@qq.com

*通信作者:聂三安 E-mail:sanie@hunau.edu.cn

基金项目:国家自然科学基金项目(42177288,41907088);湖南省自然科学基金项目(2023JJ30307);国家自然科学基金联合项目(U19A2048)

Project supported: National Natural Science Foundation of China (42177288, 41907088); Natural Science Foundation of Hunan Province, China (2023JJ30307); Joint Regional Innovation and Development Fund(U19A2048)

Proteobacteria had the highest contribution in the SL treatment, while in the ML the highest contribution was attributed to Actinobacteria and Gemmatimonadetes. In the process of nitrogen metabolism, Chloroflexi contributed more than 80% toward nitrification. Acid regulation reduced the contribution of Chloroflexi and Acidobacteria in the process of denitrification and nitrate dissimilation reduction. The contribution of Proteobacteria to SL was lower than that to ML, while the contribution of Actinobacteria to ML was higher than that to L and SL. The application of L, ML, and SL may alleviate the acidity of red soil, change the dominant microbial community, and facilitate carbon/nitrogen accumulation.

Keywords: red soil; acid regulation; metagenome; microbial community; carbon/nitrogen metabolism

红壤在我国南方分布广泛,是重要的耕地资源,但酸性强、基础肥力低,限制了其土壤生产力^[1]。土壤微生物是反映土壤肥力的潜在因子,其生长和活性受土壤pH的影响。土壤pH是影响微生物代谢和群落组成的关键指标^[2],研究表明,土壤pH降低时,微生物活性受抑制,酶活性降低,土壤养分运转受限^[3-4]。同时,土壤养分含量与环境变化是微生物的重要限制因素,养分变化影响土壤微生物特性^[5],碳、氮是构成生物基本骨架和能量代谢的基本元素,其循环关系到生物生长和生态系统的稳定性,二者相互偶联与制约,微生物驱动的土壤碳、氮代谢是预测土壤质量动态变化的重要依据。细菌、真菌和古菌通过自身生长代谢参与土壤养分分解和转化,为养分循环和能量流动提供动力和保障^[6],在土壤碳氮循环过程中发挥重要作用。研究酸性红壤微生物群落组成及其碳、氮代谢关键微生物可为红壤改良提供理论依据。

近年来,针对红壤酸性改良开展了多项研究,改良常用措施有石灰、有机肥和有机无机肥配施等。石灰缓解土壤酸化,增加土壤有效养分含量,提高土壤细菌群落多样性指数^[7];有机肥(如动物粪便)可增强土壤缓冲性能,降低 Al^{3+} 活性,并提高土壤肥力和结构稳定性^[8];有机无机肥配施有效提高土壤肥力和养分有效性,改变细菌和真菌的群落结构^[9];利用氧化钙改善土壤酸性的研究较普遍^[10-11],氧化镁与氧化钙都属于碱性氧化物,两者共同添加可增加土壤中钙、镁离子的养分,同时两种阳离子可以与土壤中 H^+ 和 Al^{3+} 竞争吸附点位,提高土壤pH,改善土壤肥力^[12]。随着土壤微生物研究的深入,宏基因组测序技术可揭示土壤中全部存在的微生物遗传组成和群落功能,建立土壤微生物与环境之间的关系,宏基因组测序技术已经广泛应用于土壤微生物研究^[13-15]。

为探究红壤微生物群落对不同调酸剂的响应,本研究采用宏基因组学技术并结合生物信息学分析,探究不同调酸剂对红壤微生物群落的影响,深入分析碳氮代谢过程相关微生物,揭示调酸剂对碳氮代谢的潜

在影响,为红壤合理高效的调酸方案提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 土壤采集与试验设计

试验于2021年在湖南省土壤肥料研究所进行,试验土壤采自岳阳市岳阳县三合乡中心村,该地区属亚热带季风气候,全年平均气温20℃,年平均降水量1310mm,土壤类型为第四纪红色黏土发育的红壤。按S型布设采样点,采集表层0~20cm土壤,土样立即剔除砾石及植物根茎等杂物,自然风干后,过2mm筛,保存用于装盆。供试玉米品种为湘康玉7号,种植作物种子需提前催芽,试验采用内径35cm、高33cm塑料桶,桶底内放置尼龙网。本试验设置4个处理,分别为不施肥(CK)、施钙镁复合剂(L,0.04%氧化钙+0.0072%氧化镁)、钙镁复合剂配施猪粪(ML,2%猪粪+钙镁复合剂)和钙镁复合剂配施秸秆(SL,2%玉米秸秆+钙镁复合剂)。将供试土壤调至70%含水量,各调酸材料与土壤按比例混匀,每盆装土18kg,每个处理设3个重复,每盆播种2~3粒种子,出苗10d后间苗,每盆保留1株,定期浇蒸馏水,每两周将盆随机调换。待玉米收获后,去除地上部分,一部分土样风干粉碎后用于土壤基本理化性质测定,另一部分土样储存于-80℃下用于宏基因组测序。

1.2 样品测定与DNA提取

理化性质测定采用常规方法^[16]。土壤pH采用电位法,水土比为2.5:1(V/m);土壤有机碳采用重铬酸钾-浓硫酸氧化法;土壤全氮采用半微量凯氏定氮法;土壤有效磷采用碳酸氢钠浸提法;土壤速效钾采用醋酸铵浸提火焰光度法;交换性钙/镁采用醋酸铵交换原子吸收光度法;交换性酸采用氯化钾交换法。使用NEXTFLEX™ Rapid DNA-Seq Kit试剂盒(美国)对新鲜土壤提取DNA,使用NanoDrop 2000检测DNA纯度,使用TBS-380检测DNA浓度。通过Covaris M220将DNA打断为约400bp的片段,建库试剂盒使用NEXTFLEX Rapid DNA-SEQ Kit(美国)。通过美

吉生物技术有限公司(上海)PE150策略,在 Illumina HiSeq X-ten 平台(美国 Illumina)进行宏基因组测序。

1.3 宏基因组测序与数据处理

使用软件 fastp 去除质量剪切后长度小于 50 bp、平均质量低于 20 以及含 N 碱基的 reads,保留高质量 reads;其次使用 Megahit 软件对优化序列进行组装;再次使用 Prodigal 对拼接结果中的 contigs 进行 ORF 预测。选择核酸长度≥100 bp 的基因,将其翻译为氨基酸序列。用 CD-HIT 软件进行聚类构建非冗余基因集。使用 SOAPaligner 软件^[17]分别将每个样品的高质量 reads 与非冗余基因集进行比对,统计对应样品中的基因丰度信息。使用 DIAMOND 将非冗余基因集与 NR 数据库进行比对,获得物种注释结果,物种对应的基因丰度总和用于计算该物种的丰度^[18]。使用 DIAMOND 将非冗余基因集序列与 KEGG PATHWAY 的基因数据库进行比对,根据 Pathway 代谢通路对应的基因丰度总和计算碳/氮代谢对应类别的物种丰度。

使用 Microsoft Excel 2016 软件对数据进行统计分析;利用 SPSS 26.0 软件对不同调酸剂处理进行单因素方差分析,运用 Duncan 法进行显著性检验;采用 R 语言的 ggplot2 包绘制微生物群落相对丰度圈图和碳氮代谢微生物贡献度柱形图;使用软件 Canoco 5.0 进行土壤微生物群落结构与土壤理化性状的冗余分析。

2 结果与分析

2.1 红壤基本理化性质

不同调酸剂显著提升了土壤 pH 并改变了红壤养分含量(表 1)。总体上,与 CK 相比:各处理显著提高了土壤 pH、交换性钙和交换性镁含量($P<0.05$),显著降低交换性酸含量($P<0.05$);土壤有机碳和速效钾含量均有所提高。不同处理之间,L 处理的土壤 pH 最低(5.85),显著低于 ML 处理(6.14)与 SL 处理(5.92);

ML 处理的土壤 pH、速效磷、交换性钙和交换性镁含量显著高于 L 处理和 SL 处理($P<0.05$);SL 处理的土壤有机碳和速效钾含量显著高于 L 处理和 ML 处理($P<0.05$);土壤全氮含量在 3 个处理之间无显著差异。

2.2 红壤微生物群落结构

2.2.1 土壤微生物丰度

对土壤微生物进行物种注释,发现不同调酸剂对细菌、真菌和古菌丰度的影响不同(表 2)。各处理微生物以细菌为主,占 99.25%~99.71%,真菌占 0.04%~0.45%,古菌占 0.25%~0.53%。总体上,细菌在 L 处理中丰度最高,真菌在 SL 处理中丰度最高,古菌在 CK 处理中丰度最高。L 处理的细菌和古菌丰度高于 ML 处理与 SL 处理,SL 处理的真菌丰度高于 L 处理和 ML 处理。

表 2 不同调酸剂处理下土壤微生物丰度(Reads)

Table 2 Soil microbial abundance of different acid regulators (Reads)

处理 Treatment	细菌 Bacteria	真菌 Fungi	古菌 Archaea
CK	7 461 470	12 358	39 564
L	10 317 286	13 232	34 824
ML	7 667 954	3 454	18 966
SL	5 202 870	23 794	15 334

2.2.2 土壤微生物群落组成

土壤细菌、真菌和古菌受不同调酸剂的响应不同,所占比例见图 1,相对丰度>1%的微生物视为优势菌。土壤细菌群落(图 1a)相对丰度前 4 的优势菌门有变形菌门(Proteobacteria, 22.64%~45.18%)、放线菌门(Actinobacteria, 17.95%~28.08%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 8.70%~22.44%)和酸杆菌门(Acidobacteria, 10.86%~17.66%)。与 CK 处理相比:3 个处理主要提高了变形菌门的相对丰度,降低了绿弯菌门和酸杆菌门的相对丰度。ML 处理和 SL 处理相对于 L 处理

表 1 不同调酸剂下土壤理化性质

Table 1 Soil physical and chemical properties under different acid regulating agents

处理 Treatment	pH	有机碳 SOC/(g·kg ⁻¹)	全氮 Total N/(g·kg ⁻¹)	有效磷 Available P/(mg·kg ⁻¹)	速效钾 Available K/(mg·kg ⁻¹)	交换性钙 Exchangeable calcium/(cmol·kg ⁻¹)	交换性镁 Exchangeable magnesium/(cmol·kg ⁻¹)	交换性酸 Exchangeable acid/(cmol·kg ⁻¹)
CK	5.38±0.00d	3.85±0.15c	0.76±0.01a	0.30±0.08b	99.00±7.64c	1.76±0.06c	1.30±0.02c	1.32±0.07a
L	5.85±0.01c	4.10±0.06c	0.75±0.04a	0.20±0.06b	127.33±6.67bc	2.37±0.02b	1.47±0.04b	0.20±0.03b
ML	6.14±0.01a	5.44±0.08b	0.90±0.08a	2.59±0.61a	155.67±3.33b	2.91±0.03a	1.68±0.01a	0.05±<0.01c
SL	5.92±<0.01b	6.57±0.22a	0.89±0.03a	0.20±0.03b	374.00±20.82a	2.43±0.04b	1.47±0.01b	0.08±0.02bc

注:不同字母表示处理之间在 $P<0.05$ 水平具有显著性差异。
Note: Different letters in a column showed significant differences at $P<0.05$ level.

增加了酸杆菌门的相对丰度,降低了绿弯菌门的相对丰度,ML处理的放线菌门和绿弯菌门相对丰度高于SL处理,而变形菌门和酸杆菌门的相对丰度低于SL处理。土壤真菌群落(图1b)相对丰度前3的优势菌门有子囊菌门(Ascomycota, 20.18%~88.86%)、毛霉菌门(Mucoromycota, 8.58%~47.26%)和担子菌门(Basidiomycota, 1.41%~35.68%)。整体上,与CK处理相比,3个处理均降低了毛霉菌门的相对丰度,L处理降低了子囊菌门的相对丰度,增加了担子菌门的相对丰度,ML处理和SL处理提高了子囊菌门的相对丰度,降低了担子菌门的相对丰度。调酸处理之间,ML和SL处理的子囊菌门相对丰度高于L处理,毛霉菌门和担子菌门相对丰度低于L处理,SL处理相对于ML处理提高了子囊菌门的相对丰度,降低了毛霉菌门与担子菌门的相对丰度。土壤古菌群落(图1c)相对丰度前5的优势菌门是奇古菌门(Thaumarchaeota, 39.77%~68.34%)、广古菌门(Euryarchaeota, 16.38%~27.03%)、深古菌门(Candidatus_Bathyarchaeota, 4.56%~6.91%)、Candidatus_Woeseearchaeota菌门(1.34%~14.23%)和泉古菌门(Crenarchaeota, 1.67%~2.25%)。与CK处理对比:3个处理分别提高了广古菌门、深古菌门和Candidatus_Woeseearchaeota菌门的相对丰度,降低了奇古菌门的相对丰度。ML与SL处理的奇古菌门和深古菌门的相对丰度高于L处理,广古菌门和Candidatus_Woeseearchaeota菌门的相对丰度低于L处理。SL处理的奇古菌门和Candidatus_Woeseearchaeota菌门的相对丰度高于ML处理,而广古菌门和深古菌门的相对丰度低于ML处理。

2.3 土壤理化性质与微生物群落组成的关系

采用冗余分析(RDA)研究土壤理化性质对门水平上细菌、真菌和古菌群落结构的影响(图2)。速效钾($P=0.008$)、有效磷($P=0.014$)、全氮($P=0.006$)和交换性镁($P=0.026$)是影响土壤细菌群落结构的主要因素(图2a),分别解释细菌结构变异的35.8%、25.9%、13.0%和2.9%,其中放线菌门、绿弯菌门和酸杆菌门与有效磷呈显著正相关,与速效钾、全氮和交换性镁呈显著负相关。速效钾($P=0.004$)、交换性镁($P=0.002$)、有机碳($P=0.022$)、土壤pH($P=0.028$)和全氮($P=0.042$)是影响真菌群落结构的主要因素(图2b),分别解释真菌结构变异的81.4%、11.0%、3.0%、1.8%和0.8%,子囊菌门与速效钾、有机碳、全氮和土壤pH呈显著正相关,毛霉菌门和担子菌门与速效钾、有机碳、全氮、pH和交换性镁呈显著负相关。从图2c分析

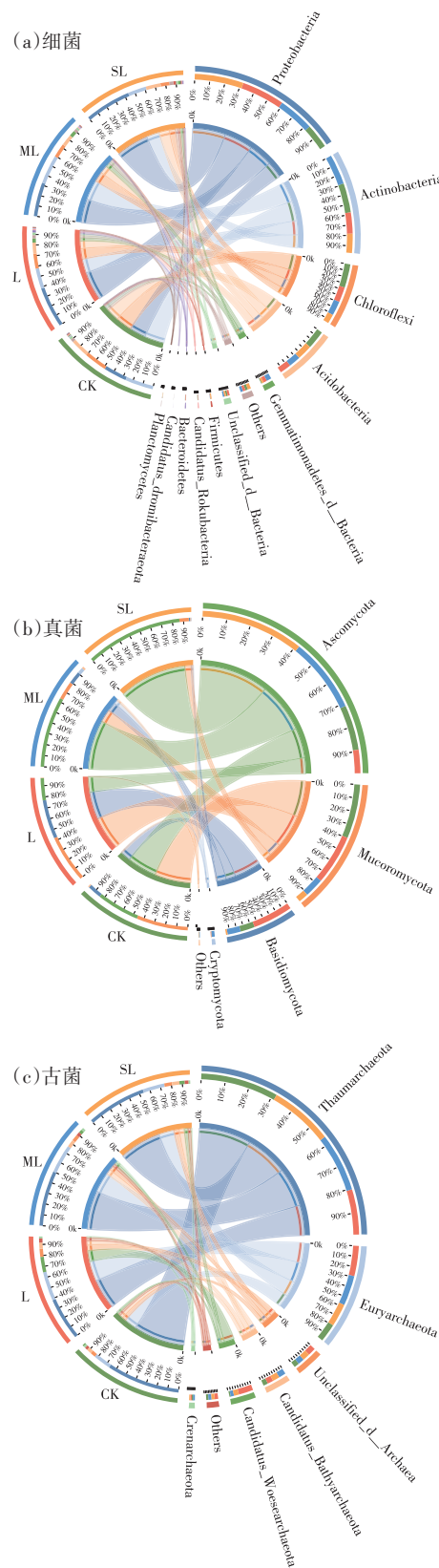


图1 不同调酸剂处理土壤细菌、真菌和古菌的群落组成(门水平)

Figure 1 Community composition of soil bacteria, fungi, and archaea treated with different acid regulators(phylum level)

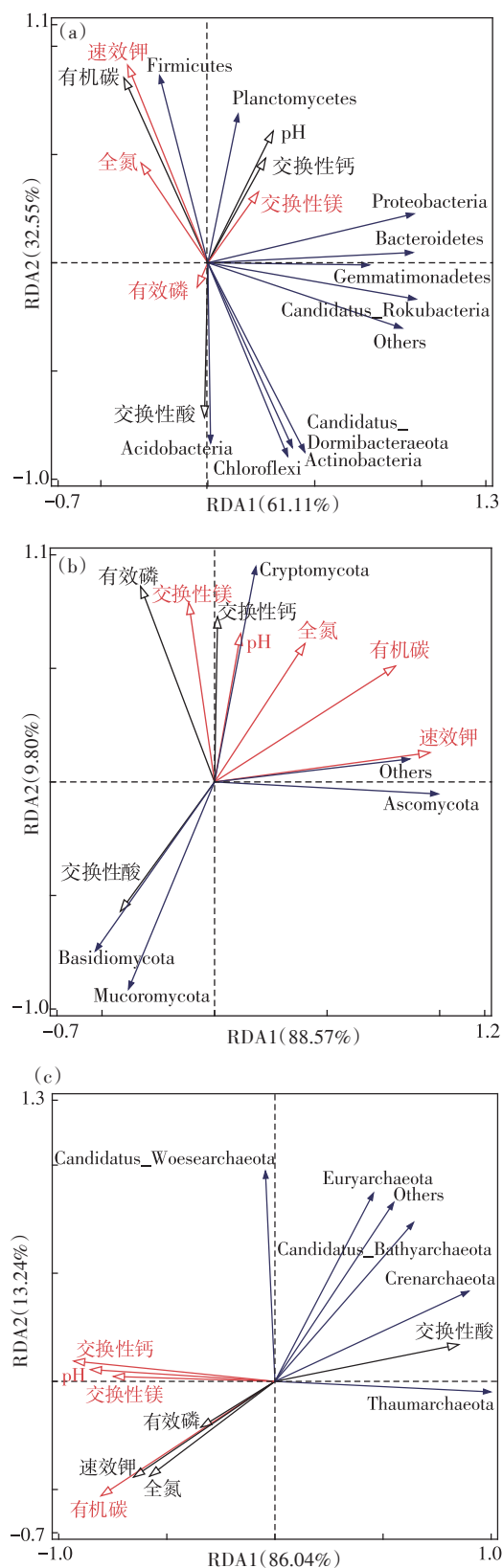


图2 不同调酸剂处理的土壤微生物门水平群落与理化性状的冗余分析

Figure 2 Redundancy analysis of soil microbial communities and physicochemical properties at the level of different acid regulators

可知,土壤pH、有机碳、交换性镁和交换性钙是影响土壤古菌群落结构的主要因素,分别解释古菌群落结构变异的74.6%、14.7%、7.4%和1.2%,其中Candidatus Woeseearchaeota菌门与土壤pH、交换性钙和交换性镁呈显著正相关,奇古菌门、广古菌门、深古菌门和泉古菌门与土壤pH、交换性钙和交换性镁呈显著负相关。以上结果表明,交换性镁是影响红壤微生物群落结构变化的主要影响因子。

2.4 碳代谢过程微生物

从图3可知,通过分析不同调酸剂处理土壤微生物(门水平)对碳代谢途径的贡献率,发现变形菌门(23.49%~47.20%)、放线菌门(19.22%~28.20%)、绿弯菌门(8.89%~24.26%)、酸杆菌门(8.64%~14.08%)和芽单胞菌门(1.09%~6.35%)是对碳代谢过程贡献度较大的前5种菌门。与CK处理相比,3个处理增加了变形菌门和芽单胞菌门对碳代谢过程的贡献度,但减少了绿弯菌门和酸杆菌门的贡献度。变形菌门(47.20%)和酸杆菌门(11.89%)在SL处理中对碳代谢贡献度最高,放线菌门(28.20%)和芽单胞菌门(6.35%)在ML处理中的贡献度最高(6.35%),绿弯菌门在L处理中的贡献度高于ML处理和SL处理。

2.5 氮代谢过程微生物

从图4可知,通过氮代谢门水平微生物的功能贡献度分析显示,在微生物驱动的氮代谢过程中,发现硝化过程、反硝化过程与硝酸盐异化还原过程受调酸剂影响较大。反硝化过程中变形菌门(44.58%~55.88%)、放线菌门(13.80%~20.88%)、绿弯菌门(2.35%~5.90%)、酸杆菌门(2.51%~11.32%)和芽单胞菌门(1.12%~11.32%)的贡献度较大。与CK处理相比,3个处理增加了变形菌门和芽单胞菌门对反硝化作用的贡献度,降低了绿弯菌门和酸杆菌门的贡献度。L处理的变形菌门和绿弯菌门的贡献度高于ML和SL处理,ML处理的放线菌门和芽单胞菌门的贡献度高于L和SL处理,SL处理的酸杆菌门的贡献度最高。硝酸盐异化还原过程中贡献度前3的菌门是变形菌门(40.79%~56.83%)、放线菌门(16.93%~38.28%)和酸杆菌门(5.51%~14.35%)。与CK处理相比,3个处理增加了变形菌门对硝酸盐异化还原作用的贡献度,降低了酸杆菌门的贡献度。SL处理中变形菌门(56.83%)和酸杆菌门(9.45%)的贡献度高于L和ML处理,ML处理中放线菌门的贡献度最高(38.28%)。硝化过程中变形菌门只存在于L处理和ML处理中,贡献度分别为3.86%和8.43%,绿弯菌门

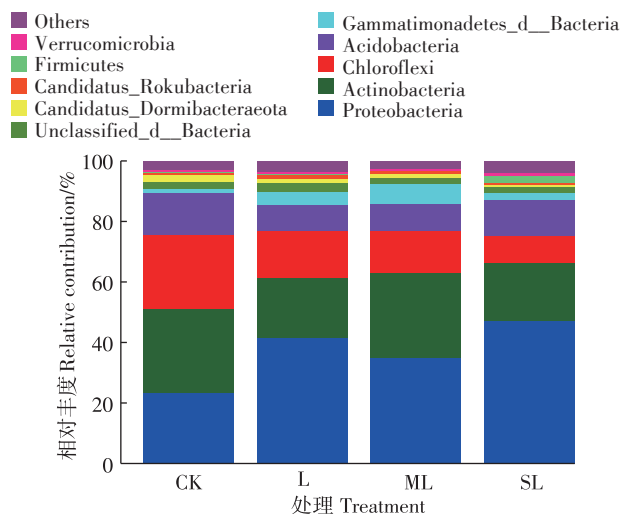


图3 不同调酸剂处理微生物对碳代谢过程贡献度的影响

Figure 3 Effects of different acid regulating agents on the contribution of microorganisms to carbon metabolism process

(84.27%~97.06%)对硝化作用贡献度占比最高,SL处理中绿弯菌门对反硝化作用的贡献度(97.06%)高于CK处理(94.58%)和ML处理(85.84%)。

3 讨论

3.1 不同调酸剂对红壤微生物群落组成的影响

不同调酸剂影响种植玉米红壤中细菌、真菌和古菌群落(图1)。与CK相比,3个处理增加了变形菌门的相对丰度,降低了绿弯菌门和酸杆菌门的相对丰度(图1a),分析其与土壤pH变化有关。本试验中,单施钙镁复合剂、钙镁复合剂配施有机肥/秸秆显著提高土壤pH,而土壤pH可通过影响土壤养分含量的利用率改变土壤微生物群落结构^[19-20]。酸杆菌门属于嗜酸性细菌,酸性土壤环境利于其生长繁殖^[21],随着土壤pH的增加,其相对丰度逐渐降低。此外,有研究表明变形菌门的相对丰度会随着酸杆菌门的减少而增

加,随着土壤pH的提高而增多^[22]。与钙镁复合剂配施粪肥处理相比,配施秸秆可提高变形菌门和酸杆菌门的相对丰度,降低放线菌门和绿弯菌门的相对丰度。变形菌门作为富营养菌群,可在高有机质水平土壤环境中迅速繁殖,而放线菌门和绿弯菌门对贫瘠营养环境适应性强,属于耐胁迫能力较强的微生物,适宜在低养分环境中生长繁殖^[22-23]。本试验中,钙镁复合剂配施秸秆的处理提高了有机碳和速效钾含量,更适合富营养菌(变形菌门)的生长,相比之下,单施钙镁复合剂更利于耐胁迫菌群(绿弯菌门和酸杆菌门)的生长繁殖。

真菌群落中子囊菌门、毛霉菌门和担子菌门为主要菌群(图1b)。子囊菌门与担子菌门多为腐生菌,子囊菌门可分解土壤中难降解有机质以促进土壤养分循环,比担子菌门的物种进化速度高^[24],而担子菌门更适合于低营养环境^[25]。本试验钙镁复合剂配施粪肥/秸秆相对于单施钙镁复合剂提高了子囊菌门的相对丰度,降低了担子菌门的相对丰度,子囊菌门与全氮、有机碳和pH呈显著正相关,而担子菌门与以上理化因子呈显著负相关。配施粪肥/秸秆为子囊菌门生长发育提供了适宜的生存环境,有利于促进利用植物残体降解的菌群快速生长繁殖,相较于子囊菌门,担子菌门更能适应贫瘠环境^[25],担子菌门相对丰度的降低可能与共生后土壤营养环境变化有关。

与细菌和真菌相比,土壤古菌的耐胁迫能力更强,对生存环境底物要求更严格^[26]。土壤古菌群落与土壤pH、交换性钙/镁呈显著负相关,这可能与古菌的强耐受性和低养分含量的生长环境有关^[27]。本试验调酸处理提高了广古菌门的相对丰度,降低了奇古菌门的相对丰度(图1c)。王宁等^[28]发现秸秆施用下稻田土壤中的奇古菌门相对丰度会显著降低,奇古菌

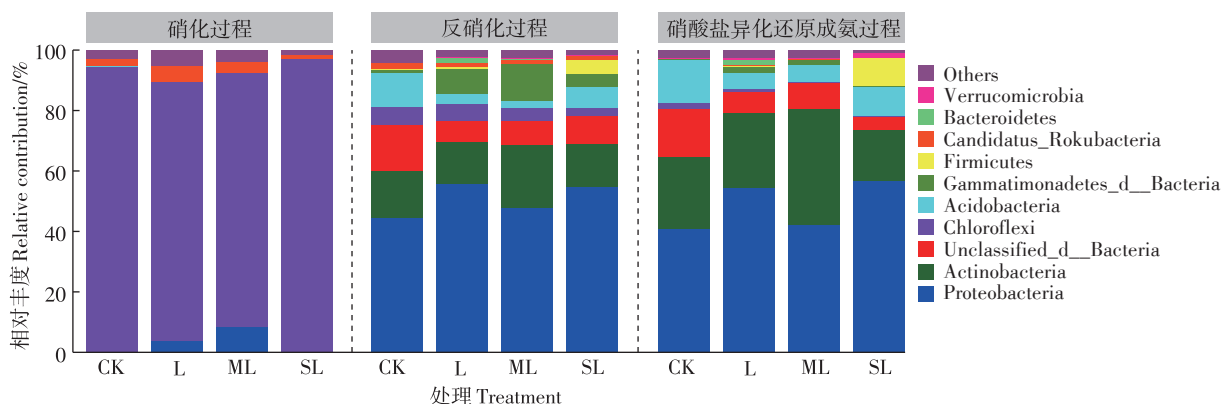


图4 不同调酸剂处理微生物对氮代谢过程贡献度的影响

Figure 4 Effects of different acid regulating agents on the contribution of microorganisms to nitrogen metabolism process

门是典型的氨氧化古菌,秸秆的高C/N会抑制奇古菌门的生长。有研究提出奇古菌门在氨氧化过程中起着重要作用^[29]。施有机肥促进铵态氮向硝态氮的转化,高C/N的有机物料可使硝态氮更多地转化为微生物量氮储存起来^[30]。本研究从侧面验证了有机肥(或有机物料)配施可通过影响奇古菌门而对土壤氮循环起到调节作用。

3.2 不同调酸剂对碳/氮代谢过程微生物的影响

本试验发现变形菌门、放线菌门、绿弯菌门、酸杆菌门和芽单胞菌门对土壤碳氮代谢过程贡献度较高,是影响土壤碳氮代谢的重要菌群(图3、图4)。与CK相比,3个处理增加了变形菌门对碳代谢过程与反硝化和硝酸盐异化还原过程的贡献度,但降低了绿弯菌门和酸杆菌门对其的贡献度。变形菌门、绿弯菌门和酸杆菌门在碳源、氮素代谢中发挥重要作用^[31],是促进反硝化的重要菌群^[32]。钙镁复合剂配施有机肥/秸秆处理显著提高有机碳含量,增加红壤全氮含量,变形菌门是一种富营养型的革兰氏阴性菌,与碳的利用性有关且对碳源较敏感^[33]。有机肥与秸秆的施入增加了碳/氮源,同时增加了植物残渣碳转为活性有机碳的数量^[34],变形菌门易于利用分解的有机碳生长繁殖。单施钙镁复合剂、钙镁复合剂配施有机肥与钙镁复合剂配施秸秆显著提升了红壤pH,并增加了有机碳含量,其中酸杆菌门不仅可以调节土壤pH,同时还能参与腐殖质分解的碳循环过程,适合在有机碳含量低的酸性土壤中生存繁殖^[32],本试验调酸剂显著提高土壤pH,增加土壤有机碳含量,使酸杆菌门的相对丰度降低。反硝化和硝酸盐异化还原过程中绿弯菌门和酸杆菌门的贡献度相对较低。氨氧化微生物的生长与底物铵的有效性密切相关^[35],秸秆还田可降低土壤硝酸盐含量^[36],减少硝化/反硝化作用底物,影响微生物数量。绿弯菌门对硝化过程的相对丰度贡献度最大,可能与其生理特性有关。绿弯菌门能促进NO₂氧化,加快NO₃形成^[37],对外界恶劣生长环境的耐受性强^[38],其在钙镁复合剂配施秸秆中的贡献度高于钙镁复合剂配施有机肥,秸秆本身C/N较高,其分解土壤中的氮素,导致配施秸秆处理中全氮含量低于配施有机肥。张静等^[39]对红壤稻田土壤的研究也表明酸化土壤中绿弯菌门的相对丰度最高。调酸处理能缓解土壤酸化,提高土壤中有机碳和全氮含量,为硝化细菌提供底物和能源,促进其生长繁殖从而提高土壤中反硝化微生物数量^[40]。绿弯菌门在酸性红壤中通过改善碳/氮循环来促进自身的生长繁殖,成为硝化过程最丰富

的菌群。

4 结论

(1)调酸剂显著提高了土壤pH和交换性盐基离子,变形菌门、放线菌门、绿弯菌门和酸杆菌门是酸性红壤细菌群落的主要优势菌门,子囊菌门、毛霉菌门和担子菌门是真菌群落的主要优势菌门,奇古菌门是古菌群落的优势菌门。

(2)钙镁复合剂配施有机肥/秸秆可增加适合生长于富营养环境的微生物菌类,降低适合贫瘠环境的微生物菌群数量。驱动土壤真菌和古菌群落结构变化的主要土壤环境因素有土壤pH和有机碳。

(3)调酸剂直接或间接改变了碳/氮底物与代谢关键过程相关的微生物贡献度,贡献度最高的微生物菌群主要有变形菌门、放线菌门、绿弯菌门和酸杆菌门。

参考文献:

- [1] LIU J, LIU M, WU M, et al. Soil pH rather than nutrients drive changes in microbial community following long-term fertilization in acidic Ultisols of southern China[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2018, 18: 1853–1864.
- [2] MA X, LIU M, LI Z. Changes in microbial properties and community composition in acid soils receiving wastewater from concentrated animal farming operations[J]. *Applied Soil Ecology*, 2015, 90: 11–17.
- [3] DU Y, HAN H, WANG Y, et al. Plant functional groups regulate soil respiration responses to nitrogen addition and mowing over a decade[J]. *Functional Ecology*, 2018, 32(4): 1117–1127.
- [4] 丁雪丽, 韩晓增, 乔云发, 等. 农田土壤有机碳固存的主要影响因子及其稳定机制[J]. *土壤通报*, 2012, 43(3): 737–744. DING X L, HAN X Z, QIAO Y F, et al. Sequestration of organic carbon in cultivated soils: main factors and their stabilization mechanisms[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2012, 43(3): 737–744.
- [5] CHEN X, LI Z, LIU M, et al. Microbial community and functional diversity associated with different aggregate fractions of a paddy soil fertilized with organic manure and/or NPK fertilizer for 20 years[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2015, 15: 292–301.
- [6] MILTNER A, BOMBACH P, SCHMIDT-BRÜCKEN B, et al. SOM genesis: microbial biomass as a significant source[J]. *Biogeochemistry*, 2012, 111: 41–55.
- [7] LIANG J, YU X, CAO Y, et al. Effect of quicklime on microbial community in strong acidic soil[J]. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 2021, 21(3): 1771–1781.
- [8] TANG Y, ZHANG H, SCHRODER J L, et al. Animal manure reduces aluminum toxicity in an acid soil[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2007, 71(6): 1699–1707.
- [9] WU X, ZHANG T, ZHAO J, et al. Variation of soil bacterial and fungal communities from fluvo-aquic soil under chemical fertilizer reduction combined with organic materials in North China Plain[J]. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 2021, 21: 349–363.

- [10] CORDOVA S, NEAMAN A, GONZÁLEZ I, et al. The effect of lime and compost amendments on the potential for the revegetation of metal-polluted, acidic soils[J]. *Geoderma*, 2011, 166(1):135-144.
- [11] LI Z, WANG Y, LIU Y, et al. Long-term effects of liming on health and growth of a Masson pine stand damaged by soil acidification in Chongqing, China[J]. *PLoS One*, 2014, 9(4):e94230.
- [12] LAWRENCE G B, DAVID M B, SHORTLE W C. A new mechanism for calcium loss in forest-floor soils[J]. *Nature*, 1995, 378 (6553): 162-165.
- [13] GUPTA R D, SHARMA R. Metagenomics for environmental and industrial microbiology[J]. *Sci Cult*, 2011, 77(1/2):27-31.
- [14] NUCCIO E E, STARR E, KARAOZ U, et al. Niche differentiation is spatially and temporally regulated in the rhizosphere[J]. *The ISME Journal*, 2020, 14(4):999-1014.
- [15] YAN X, LUO X, ZHAO M. Metagenomic analysis of microbial community in uranium-contaminated soil[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2016, 100:299-310.
- [16] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京:中国农业出版社, 2000:146-190. LU R K. The analysis method of soil agricultural chemistry[M]. Beijing: Chinese Agricultural Science and Technology Press, 2000:146-190.
- [17] LI R, YU C, LI Y, et al. Soap2: an improved ultrafast tool for short read alignment[J]. *Bioinformatics*, 2009, 25(15):1966-1967.
- [18] BUCHFINK B, XIE C, HUSON DH. Fast and sensitive protein alignment using DIAMOND[J]. *Nature Methods*, 2015, 12:59-60.
- [19] ROUSK J, BROOKES P C, BÅÅTH E. Contrasting soil pH effects on fungal and bacterial growth suggest functional redundancy in carbon mineralization[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(6):1589-1596.
- [20] ZHALNINA K, DIAS R, DE QUADROS P D, et al. Soil pH determines microbial diversity and composition in the park grass experiment[J]. *Microbial Ecology*, 2015, 69:395-406.
- [21] ZHANG C, LIU G, XUE S, et al. Soil bacterial community dynamics reflect changes in plant community and soil properties during the secondary succession of abandoned farmland in the Loess Plateau[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 97:40-49.
- [22] ZHOU J, GUAN D, ZHOU B, et al. Influence of 34-years of fertilization on bacterial communities in an intensively cultivated black soil in northeast China[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, 90:42-51.
- [23] HUANG Q, WANG J, WANG C, et al. The 19-years inorganic fertilization increased bacterial diversity and altered bacterial community composition and potential functions in a paddy soil[J]. *Applied Soil Ecology*, 2019, 144:60-67.
- [24] BEIMFORDE C, FELDBERG K, NYLINDER S, et al. Estimating the Phanerozoic history of the Ascomycota lineages: combining fossil and molecular data[J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2014, 78:386-398.
- [25] HE M Q, ZHAO R L, LIU D M, et al. Species diversity of Basidiomycota[J]. *Fungal Diversity*, 2022, 114(1):281-325.
- [26] ALLER J Y, KEMP P F. Are archaea inherently less diverse than bacteria in the same environments? [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2008, 65(1):74-87.
- [27] KEMNITZ D, KOLB S, CONRAD R. High abundance of *Crenarchaeota* in a temperate acidic forest soil[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2007, 60(3):442-448.
- [28] 王宁, 赵亚慧, 艾玉春, 等. 稻田土壤古菌群落组成对秸秆还田的响应[J]. 农业环境科学学报, 2019, 38(2):374-382. WANG N, ZHAO Y H, AI Y C, et al. Responses of archaeal community composition in paddy soils to straw return[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2019, 38(2):374-382.
- [29] 杨亚东, 宋润科, 赵杰, 等. 长期不同施肥制度对水稻土氨氧化微生物数量和群落结构的影响[J]. 应用生态学报, 2018, 29(11):3829-3837. YANG Y D, SONG R K, ZHAO J, et al. Effects of long-term different fertilization regimes on the abundance and community structure of ammonia oxidizers in paddy soils[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2018, 29(11):3829-3837.
- [30] ARP D J, STEIN L Y. Metabolism of inorganic N compounds by ammonia-oxidizing bacteria[J]. *Critical Reviews in Biochemistry and Molecular Biology*, 2003, 38(6):471-495.
- [31] HOU L, ZHOU Q, WU Q, et al. Spatiotemporal changes in bacterial community and microbial activity in a full-scale drinking water treatment plant[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 625:449-459.
- [32] CHEN D, WANG H, YANG K, et al. Performance and microbial communities in a combined bioelectrochemical and sulfur autotrophic denitrification system at low temperature[J]. *Chemosphere*, 2018, 193:337-342.
- [33] LIU J, SUI Y, YU Z, et al. High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of northeast China[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 70:113-122.
- [34] WHALEN J K, GUL S, POIRIER V, et al. Transforming plant carbon into soil carbon: process-level controls on carbon sequestration[J]. *Canadian Journal of Plant Science*, 2014, 94(6):1065-1073.
- [35] OUYANG Y, NORTON J M, STARK J M, et al. Ammonia-oxidizing bacteria are more responsive than archaea to nitrogen source in an agricultural soil[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 96:4-15.
- [36] 姜慧敏. 氮肥管理模式对设施菜地氮素残留与利用的影响[D]. 北京:中国农业科学院, 2012. JIANG H M. Effects of nitrogen fertilizer management model on nitrogen residue and utilization in greenhouse vegetable soil[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2012.
- [37] SOROKIN D Y, VEJMEJKOVA D, LÜCKER S, et al. *Nitrolancea holandica* gen. nov., sp. nov., a chemolithoautotrophic nitrite-oxidizing bacterium isolated from a bioreactor belonging to the phylum Chloroflexi[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2014, 64(Pt_6):1859-1865.
- [38] EPELDE L, LANZEN A, BLANCO F, et al. Adaptation of soil microbial community structure and function to chronic metal contamination at an abandoned Pb-Zn mine[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2015, 91(1):1-11.
- [39] 张静, 李会琳, 王岚, 等. 土地利用方式改变以及长期施肥处理对酸性土壤微生物群落结构的影响[J]. 四川环境, 2017, 36(6):36-44. ZHANG J, LI H L, WANG L, et al. The impact of land use change and long-term fertilization on the microbial communities in acidic soils[J]. *Sichuan Environment*, 2017, 36(6):36-44.
- [40] XIAO Z, RASMANN S, YUE L, et al. The effect of biochar amendment on N-cycling genes in soils: a meta-analysis[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 696:133984.