

不同轮作模式对稻田土壤肥力和微生物群落结构的影响

赵峥, 朱元宏, 周德平, 褚长彬, 王庆峰, 吴淑杭

引用本文:

赵峥, 朱元宏, 周德平, 褚长彬, 王庆峰, 吴淑杭. 不同轮作模式对稻田土壤肥力和微生物群落结构的影响[J]. 农业环境科学学报, 2024, 43(4): 874–885.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11654/jaes.2023-0535>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

绿肥配施减量化肥对土壤固氮菌群落的影响

方宇, 王飞, 贾宪波, 林陈强, 张慧, 陈龙军, 陈济琛

农业环境科学学报. 2018, 37(9): 1933–1941 <https://doi.org/10.11654/jaes.2018-0509>

翻压紫云英条件下化肥配施生物炭基肥对水稻Cu吸收转运的影响

喻成龙, 汤建, 喻惟, 倪国荣, 谢志坚, 康丽春, 荣勤雷, 周春火

农业环境科学学报. 2019, 38(9): 2095–2102 <https://doi.org/10.11654/jaes.2019-0549>

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>

作物轮作对谷田土壤理化性质及谷子根际土壤细菌群落的影响

牛倩云, 韩彦莎, 徐丽霞, 张艾英, 仪慧兰, 郭二虎

农业环境科学学报. 2018, 37(12): 2802–2809 <https://doi.org/10.11654/jaes.2018-0128>

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>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

赵峥, 朱元宏, 周德平, 等. 不同轮作模式对稻田土壤肥力和微生物群落结构的影响[J]. 农业环境科学学报, 2024, 43(4): 874–885.

ZHAO Z, ZHU Y H, ZHOU D P, et al. Effects of different rotation patterns on soil fertility and microbial community composition in a paddy field system[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2024, 43(4): 874–885.



开放科学 OSID

不同轮作模式对稻田土壤肥力和微生物群落结构的影响

赵峥¹, 朱元宏², 周德平¹, 褚长彬¹, 王庆峰¹, 吴淑杭^{1*}

(1. 上海市农业科学院 生态环境保护研究所, 上海 201403; 2. 上海青浦现代农业园区, 上海 201715)

摘要:为了探索不同水稻轮作模式对稻田土壤微生物群落结构的影响, 以及与土壤养分供给的关系, 本研究采用高通量测序技术对3种不同轮作模式下(水稻-小麦轮作、水稻-紫云英轮作、水稻-休耕)土壤细菌和真菌的群落结构变化进行分析, 并进一步探讨了微生物群落结构与土壤养分含量之间的相互关系。结果表明: 水稻-紫云英轮作模式能够明显改善稻田土壤的综合肥力, 紫云英连续翻压还田后显著提高了土壤中总氮(TN)和有效氮(AN)的含量。土壤微生物群落结构方面, 不同种植模式对细菌群落结构的影响大于真菌。水稻-紫云英轮作模式中优势菌群如酸杆菌门(Acidobacteriota)和子囊菌门(Ascomycota)等的富集有助于促进土壤生态系统的养分循环与生态健康。不同种植模式条件下土壤养分的变化如TN、AN、总钾(TK)及速效钾(AK)等可能是导致土壤细菌和真菌群落结构发生变化的主要驱动因素。稻田土壤中细菌群落结构对于土壤养分变化的敏感性要高于真菌。综合来看, 水稻-紫云英轮作模式是更加适合水稻生态可持续栽培的种植模式, 能够明显改善稻田土壤的综合肥力和土壤微生态环境。

关键词: 水稻轮作; 紫云英; 土壤微生物; 群落结构; 土壤养分

中图分类号: S158 文献标志码: A 文章编号: 1672-2043(2024)04-0874-12 doi:10.11654/jaes.2023-0535

Effects of different rotation patterns on soil fertility and microbial community composition in a paddy field system

ZHAO Zheng¹, ZHU Yuanhong², ZHOU Deping¹, CHU Changbin¹, WANG Qingfeng¹, WU Shuhang^{1*}

(1. Eco-environmental Protection Research Institute, Shanghai Academy of Agricultural Sciences, Shanghai 201403, China; 2. Qingpu Modern Agricultural Development Co., LTD., Shanghai 201715, China)

Abstract: Rotation patterns play a significant role in the ecologically sustainable development of rice cultivation. To evaluate the effects of different rice rotation patterns on soil microbial community structure and its relationship with soil nutrient supply, high-throughput sequencing technology was used to analyze variations in soil bacterial and fungal community compositions under three different rice rotation patterns [rice-wheat rotation, rice-Chinese milk vetch (CMV) rotation, and rice-fallow rotation]. Then, the relationship of soil microbial variations with soil environmental factors was discussed. The results showed that the rice-CMV rotation system significantly improved the comprehensive fertility of paddy soil, and the contents of total nitrogen (TN) and available nitrogen (AN) in the soil were significantly increased after CMV was continuously rolled back into the field. Furthermore, the impacts of different rice rotation patterns on soil microbial community composition were greater for soil bacteria than soil fungi. In the rice-CMV rotation pattern, the enrichment of dominant bacteria such as Acidobacteriota and Ascomycota contributed to soil nutrient cycling and ecological health. Changes in soil nutrients such as TN, AN, total potassium (TK), and available potassium (AK) under different rotation patterns are supposed to be the main

收稿日期: 2023-07-05 录用日期: 2023-09-25

作者简介: 赵峥(1988—), 男, 云南大理人, 博士, 副研究员, 从事农田生态学研究。E-mail: zhaozheng21@foxmail.com

*通信作者: 吴淑杭 E-mail: wushuhang88@163.com

基金项目: 上海市科技人才计划项目(19YF1442900); 长三角数字干线青浦区科技发展基金项目(青科发2022-24); 上海市科技兴农项目(沪农科推字[2021]第1-4号)

Project supported: The Shanghai Sailing Program(19YF1442900); The Qingpu Science and Technology Development Fund Project of Yangtze River Delta Digital Trunk Line(Qingkefa 2022-24); Shanghai Science and Technology Agriculture Project(Hu Nong Ke Tuizi[2021] No.1-4)

driving factors for the changes in soil bacterial and fungal community structures. In addition, the results indicated that the bacterial community structure in paddy soil was more sensitive to variations in environmental factors than the fungal community structure. In summary, our results showed that the rice-CMV rotation pattern was better than rice-wheat and rice-fallow rotation patterns for sustainable ecological rice cultivation and can significantly improve soil comprehensive fertility, thus enhancing the health of soil microecology.

Keywords: rice rotation; Chinese milk vetch; soil microbial composition; community structure; soil nutrients

水稻(*Oryza sativa* L.)是我国种植的主要粮食作物之一,为解决我国粮食安全问题做出了重要贡献。近年来,我国水稻种植模式逐渐单一化,长年高强度的种植导致稻田耕作层变浅、有机质含量下降、土壤理化性质退化,严重制约了我国水稻栽培的生态可持续发展^[1]。冬季种植绿肥是稻田重要的有机肥源,通过绿肥翻压来培肥土壤和提高农作物产量是我国传统农业普遍采用的措施。冬季种植绿肥不仅能充分利用冬季水、热及土地资源生产出大量鲜草,同时在增加作物产量、提高土壤肥力、改善稻田土壤结构、防止水土流失、增加土壤微生物活性以及节能减排等方面均具有良好效果^[1-2]。紫云英(*Astragalus sinicus*)又名红花草、翹摇、草子等,是豆科黄芪属越年生草本植物,是我国南方稻区主要的冬种绿肥作物^[3]。紫云英可以通过生物固氮作用固定空气中的氮,其植株残体含氮量远高于其他作物秸秆,相关研究表明紫云英还田能够替代20%~60%的化学氮肥^[4-5]。紫云英还田后还能促进土壤有机质的矿化分解,在活化土壤养分、维持土壤肥力以及减少农田化肥用量方面发挥重要作用。

水稻-紫云英轮作是一种生态且高效的水稻种植模式,相关研究表明水稻-紫云英轮作可以减少稻季化肥用量、提高水稻产量、增加稻田土壤养分、改善稻田土壤的理化性状^[6-8]。鲁艳红等^[9]的研究表明紫云英翻压还田配施缓释肥能够替代40%的氮肥和20%的钾肥,在提高土壤养分和作物养分利用效率的同时保证水稻稳产高产。颜志雷等^[10]的研究表明紫云英翻压还田配施化肥与单施化肥相比能够显著提高土壤有机质、全氮和有效氮的含量。也有研究表明:紫云英翻压还田能够有效增加表层土壤的有机碳和可溶性有机碳的含量,从而促进土壤固碳^[11-13];水稻-紫云英轮作能够减少稻田土壤的温室气体排放^[14-15];紫云英翻压还田能通过减少土壤 N_2O 排放通量从而减少稻田的温室气体排放强度(GHGI)^[16]。

微生物是土壤生态系统的重要组成部分,参与土壤中多种物质循环过程,在作物生长和土壤生态健康

等方面具有十分重要的指示意义^[17]。土壤生物学特性易受施肥、耕作以及灌溉等农业措施的影响,能够快速反映土壤质量的变化,例如土壤酶活性、微生物生物量、微生物呼吸、微生物群落结构多样性等均是较好的土壤微生态评价指标^[18-19]。万水霞等^[20-21]的研究表明,紫云英配施化肥能够显著提高土壤微生物的数量和土壤酶活性,同时还能提高土壤的微生物量碳氮含量和土壤微生物熵,从而实现对土壤微生物群落结构组成的调节作用。倡国涵等^[22]的研究表明,长期种植绿肥能够提高农田土壤中细菌、真菌和放线菌的丰度以及土壤微生物量碳的含量。王利民等^[23]的研究则表明紫云英连年翻压还田能够促进慢生根瘤菌属、分枝杆菌属以及链霉菌属等在土壤中富集,形成独特的土壤微生物群落结构,加速土壤的碳水化合物和氨基酸等营养物质代谢,从而培肥土壤。

目前,国内外有关紫云英的研究主要聚焦于还田之后其对土壤养分、土壤结构、水稻产量、土壤酶活性以及土壤生物学特性的影响^[24-25],而对土壤微生物群落结构变化方面的研究报道不多,尤其是缺乏不同水稻种植模式之间的对比,土壤微生物群落结构变化与土壤养分供给之间的关系也不明确。因此,本实验以目前常见的3种水稻轮作模式为研究对象,采用高通量测序技术研究了上海郊区水稻-小麦轮作、水稻-紫云英轮作和水稻-休耕3种模式对土壤微生物(细菌和真菌)群落结构的影响,同时分析了土壤细菌和真菌群落结构变化与土壤养分之间的相互关系,以期高效水稻轮作模式的选择提供科学依据,这对于稻田土壤肥力的保持、水稻栽培的生态可持续发展以及保障国家粮食安全均具有重要意义。

1 材料与方法

1.1 实验地概况

实验地位于上海市青浦现代农业园区内,该园区是上海市率先启动的4家市级农业园区之一,始建于1999年,总规划面积17.07 km²,其中耕地面积占9.6 km²。目前,园区内水稻种植面积约430 hm²,水稻栽

培与生产一直是园区的工作重心。近年来园区在水稻新型种植模式的探索方面开展了大量的工作。不同水稻轮作模式的对比实验开始于2019年,施肥方案与田间管理参照当地习惯。该地区气候类型为典型的亚热带季风型气候,全年四季分明,日照充足,雨量充沛,年平均气温15℃,年平均降雨量1200 mm,全年无霜期约225 d。

1.2 实验设置

本实验设3种水稻种植模式,分别为:①水稻-小麦轮作(RW);②水稻-紫云英轮作(RV);③水稻-休耕(RF)。每种处理3次重复,共9个实验小区,随机区组设计。每个实验小区面积为100 m²(10 m×10 m),小区之间以田埂隔开,田埂覆膜以防止肥水串流。水稻采用移栽的方式种植,在每年的6月中下旬移栽,种植密度为12 cm×25 cm,栽培品种为“青香软粳”,各处理相同,10月底或11月初水稻成熟后收割。在水稻收割前进行小麦和紫云英种子撒播,小麦播种量为75 kg·hm⁻²,紫云英播种量为30 kg·hm⁻²。各处理施肥方案如表1所示,各处理稻季的施肥方案一致,冬季小麦按当地常规习惯施肥,紫云英和休耕处理不施肥。具体施肥量(按N计)为水稻240 kg·hm⁻²,小麦150 kg·hm⁻²。农药的使用根据田间实际情况每年2~4次,使用种类包括戊唑啉菌酯、三环唑、甲维虫威和吡蚜酮等,用于水稻纹枯病、稻瘟病、稻纵卷叶螟和稻飞虱的防治,其他田间农事管理参照青浦当地习惯。

1.3 土壤理化性状分析

实验时间为2019年11月至2021年12月,土壤样品分别在2019年11月和2021年12月各采集1次,用于分析实验前后土壤养分的变化。土壤样品的采集采用“S”型五点采样法,取样深度为0~20 cm,每次采

样每个小区采集5个点形成1个混合样,土壤样品带回实验室在室温下进行风干,然后磨碎过筛待测。土壤理化性质测定指标包括有机质(OM)、总氮(TN)、总磷(TP)、总钾(TK)、总有机碳(TOC)、碱解氮(AN)、有效磷(AP)、速效钾(AK)以及pH,测定方法均采用国标法。

1.4 土壤微生物总DNA提取与PCR扩增

实验过程中在2021年8月水稻季烤田期采集稻田土壤样品,用于土壤细菌和真菌群落结构特征的分析。土壤样品采集后用低温箱带回实验室,用于土壤微生物总DNA的提取。土壤微生物总DNA的抽提采用试剂盒进行(E.Z.N.A.[®] soil DNA kit, Omega Bio-tek),使用1%的琼脂糖凝胶电泳检测DNA的提取质量,使用NanoDrop2000测定DNA浓度和纯度。土壤微生物总DNA用目标基因引物进行PCR扩增(ABI GeneAmp[®] 9700)。本研究中扩增细菌(16s)所用引物序列为338F(ACTCCTACGGGAGGCAGCAG)和806R(GGACTACHVGGGTWTCTAAT),扩增真菌(ITS)所用引物序列为ITS1F(CTTGGTCATTTAGAG-GAAGTAA)和ITS2R(GCTGCGTTCTTCATCGATGC)。PCR扩增程序如下:95℃预变性3 min;95℃变性30 s、55℃退火30 s、72℃延伸30 s,27个循环;72℃稳定延伸10 min;最后在4℃保存。PCR反应体系为:5×TransStart FastPfu缓冲液4 μL,2.5 mmol·L⁻¹ dNTPs 2 μL,上游引物(5 μmol·L⁻¹) 0.8 μL,下游引物(5 μmol·L⁻¹) 0.8 μL,TransStart FastPfu DNA聚合酶0.4 μL,模板DNA 10 ng,补足至20 μL。每个样本3个重复。

1.5 土壤微生物高通量测序

扩增产物的高通量测序基于Illumina Miseq平台进行,将同一样本的PCR产物混合后使用2%琼脂糖凝胶回收PCR产物,利用AxyPrep DNA Gel Extraction Kit(Axygen Biosciences)进行回收产物纯化,2%琼脂糖凝胶电泳检测,并用Quantus[™] Fluorometer(Pro-mega)对回收产物进行检测定量。使用NEXTFLEX Rapid DNA-Seq Kit建库:①接头链接;②使用磁珠筛选去除接头自连片段;③利用PCR扩增进行文库模板的富集;④磁珠回收PCR产物得到最终的文库。随后利用Illumina公司的Miseq PE300/NovaSeq PE250平台进行测序,测序工作委托上海美吉生物医药科技有限公司完成。

1.6 测序数据分析

使用fastp软件对原始测序序列进行质控,使用

表1 不同水稻轮作模式施肥方案(kg·hm⁻²)

Table 1 Fertilization scheme of different rice rotation systems(kg·hm⁻²)

种植模式 Cultivation pattern	水稻 Rice			小麦 Wheat	
	基肥 1 Base	追肥 Topdressing	追肥 Topdressing	基肥 2 Base	追肥 Topdressing
	fertilizer 1	ssing	ssing	fertilizer 2	ssing
水稻-小麦(RW)	120	60	60	90	60
水稻-紫云英(RV)	120	60	60	0	0
水稻-休耕(RF)	120	60	60	0	0

注:稻季基肥1 N、P、K养分比例为28-6-6;麦季基肥2 N、P、K养分比例为15-15-15;追肥均为尿素(N 46%)。

Note: The N、P、K nutrient ratio of rice compound fertilizer 1 was 28-6-6; The N、P、K nutrient ratio of wheat compound fertilizer 2 was 15-15-15; Topdressing was urea(N 46%).

FLASH软件进行拼接:①过滤 reads 尾部质量值 20 以下的碱基,设置 50 bp 的窗口,如果窗口内的平均质量值低于 20,从窗口开始截去后端碱基,过滤质控后 50 bp 以下的 reads,去除含 N 碱基的 reads;②根据 PE reads 之间的 overlap 关系,将成对 reads 拼接(merge)成一条序列,最小 overlap 长度为 10 bp;③拼接序列的 overlap 区允许的最大错配比率为 0.2,筛选不符合序列;④根据序列首尾两端的 barcode 和引物区分样品,并调整序列方向,barcode 允许的错配数为 0,最大引物错配数为 2。使用 UPARSE 软件根据 97% 的相似度对序列进行 OTU 聚类并剔除嵌合体。利用 RDP classifier 对每条序列进行物种分类注释,细菌(16 s)和真菌(ITS)比对的数据库分别为 Silva 16S rRNA 数据库(v138)和 ITS_fungi(unite 8.0),设置比对阈值为 70%。

1.7 统计分析与图表绘制

显著性差异检验采用 SPSS 23 软件进行。同一处理实验前后的差异采用 *t* 检验在 0.05 水平进行;不同处理之间的差异检验采用单因素方差分析(One-way ANOVA)进行。土壤细菌和真菌群落结构组成

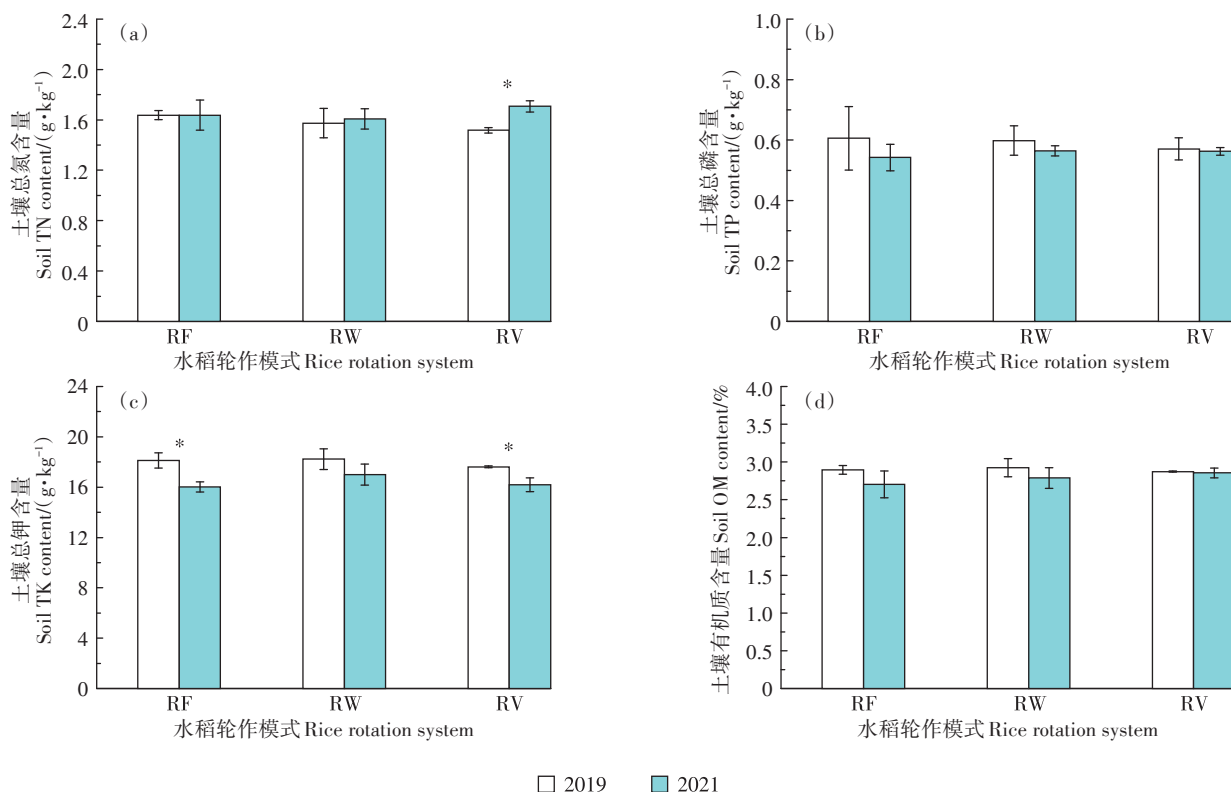
差异采用 NMDS(非度量多维尺度分析)和 PLS-DA(偏最小二乘法判别分析)进行分析;不同处理之间差异物种分析采用 Kruskal-Wallis 秩和检验(多组比较策略)进行比较;土壤微生物群落结构与土壤养分之间的相关性采用 Spearman 进行相关性分析。图表采用 OriginPro 9.0, R-3.3.1 和 python-2.7 绘制。

2 结果与分析

2.1 土壤肥力变化

本研究分析了不同水稻种植模式在实验前后(2019—2021年)的土壤养分变化,结果显示 RV 模式土壤 TN 含量显著提高,土壤 TK 含量则在 RF 和 RV 两种模式中显著降低(图 1)。RV 模式土壤 AN 含量也显著提高,与 TN 的变化规律一致,而 RW 模式土壤 AP 和 AK 含量均显著降低(图 2)。此外,比较实验结束后 3 种不同种植模式的土壤养分差异,结果显示(图 1、图 2)不同处理之间仅土壤 AN 含量存在显著差异,RV 模式显著高于其他两种模式。

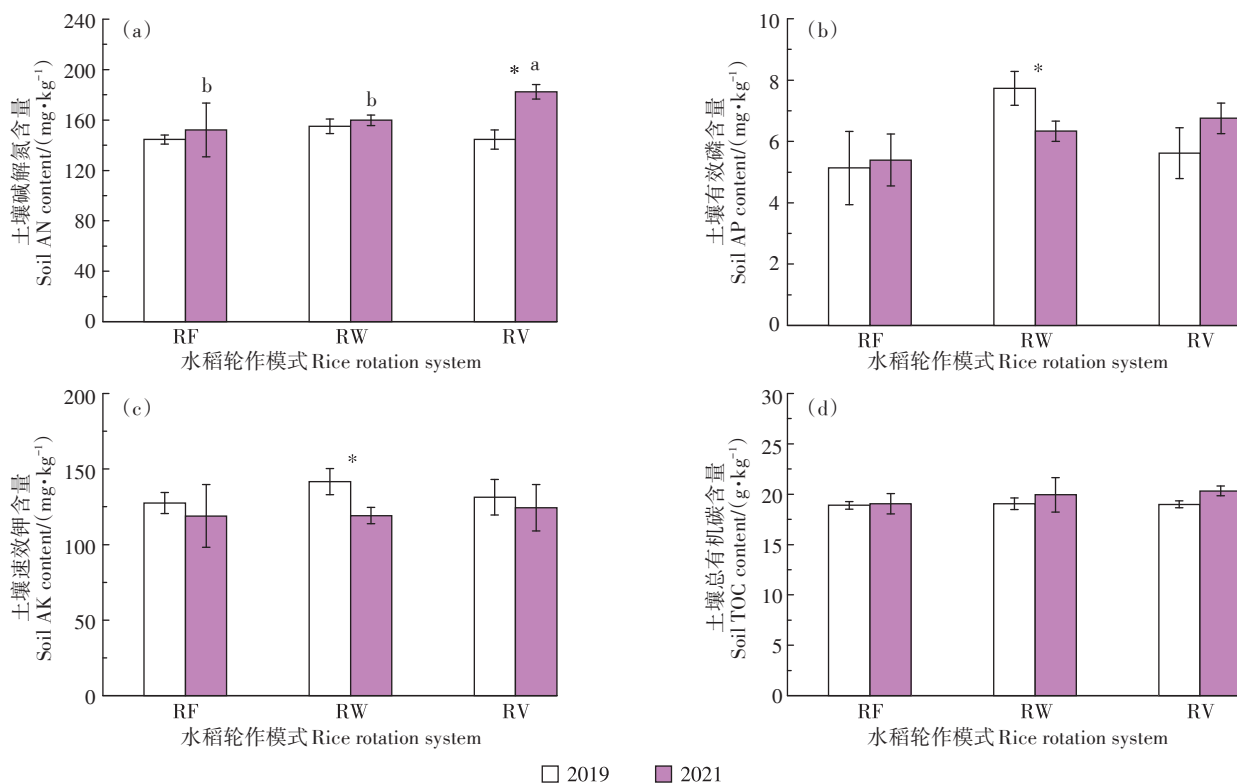
为了比较 3 种模式种植前后的综合肥力变化,选择 AN、AP、AK、OM、TOC 和 pH 共 6 个指标进行雷达



*表示 2019 和 2021 年之间在 $P < 0.05$ 水平具有显著性差异。下同。
* in the figure indicates a significant difference between 2019 and 2021 at the $P < 0.05$ level. The same below.

图 1 不同水稻轮作模式实验前后土壤总氮、总磷、总钾和有机质的含量变化

Figure 1 Soil TN, TP, TK and OM variations under different rice rotation patterns before and after the experiments



不同小写字母表示处理之间在 $P<0.05$ 水平具有显著性差异。
Different lowercase letters indicate significant differences among different treatments ($P<0.05$).

图2 不同水稻轮作模式实验前后土壤碱解氮、有效磷、速效钾和总有机碳的含量变化

Figure 2 Soil AN, AP, AK and TOC variations under different rice rotation patterns before and after the experiments

图分析(以RF模式的各项指标数值作为对照“1”对数据进行标准化处理)。结果显示(图3),在实验前RW模式的土壤养分背景值高于其他两种模式,尤其在AP含量上具有明显优势。在经过2 a不同模式的轮作后土壤综合肥力发生了明显变化,RV模式土壤综合肥力有了明显提高,尤其是AN和AP的含量。此外,3种模式在实验前OM和TOC含量较为接近,而实验后RW和RV两种模式已表现出一定优势。

2.2 土壤细菌和真菌的群落结构组成

基于测序数据分析了不同水稻轮作模式土壤细菌和真菌在门水平的群落结构组成。由图4分析可知,土壤细菌丰度前5的菌门为Chloroflexi(绿弯菌门,23.49%~27.21%)、Acidobacteriota(酸杆菌门,17.09%~20.56%)、Proteobacteria(变形菌门,13.35%~15.71%)、Actinobacteriota(放线菌门,10.61%~11.19%)和Myxococcota(粘球菌门,3.87%~4.83%)。不同轮作模式之间土壤细菌门水平的群落结构组成有明显差异,与RW模式相比,RF和RV模式中绿弯菌门的丰度出现了明显降低,RV模式则在酸杆菌门的丰度上具有明显优势,而RF模式则在变形菌门上具有丰

度优势。土壤真菌丰度(图5)前5的菌门为Ascomycota(子囊菌门,52.97%~68.39%)、unclassified_k_Fungi(未鉴定菌门,14.71%~25.00%)、Basidiomycota(担子菌门,7.74%~11.11%)、Mortierellomycota(被孢霉菌门,2.04%~6.22%)和 Rozellomycota(2.28%~2.83%)。稻田土壤中真菌群落以子囊菌门为主,其丰度占真菌总丰度的50%以上,其中RV模式最高。RF模式在被孢霉菌门上具有丰度优势,而RW模式则在担子菌门上具有丰度优势。

2.3 群落结构组成相似性分析

采用NMDS和PLS-DA方法在OTU水平对不同水稻轮作模式土壤细菌和真菌群落结构组成的相似性和差异性进行分析。结果显示(图6),不同轮作模式土壤细菌的群落结构组成在NMDS1和NMDS2方向上均未能完全区分,但已经表现出较好的排序(stress<0.1)。土壤真菌的群落结构同样表现出较好的排序(stress<0.1),且RF模式在NMDS1方向已经和RV模式完全区分开,说明二者之间具有明显的组间差异性。在PLS-DA分析中,不同稻田轮作模式土壤细菌和真菌的群落结构组成均表现出了较好的组内

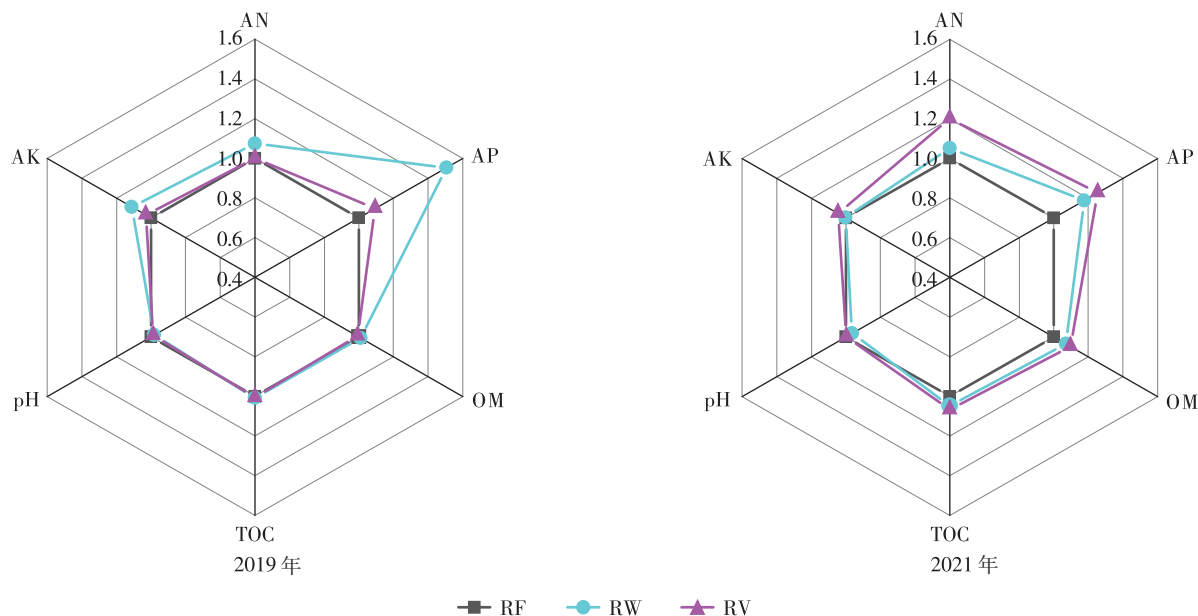


图3 不同水稻轮作模式土壤综合肥力变化

Figure 3 Soil total fertility variations under different rice rotation patterns

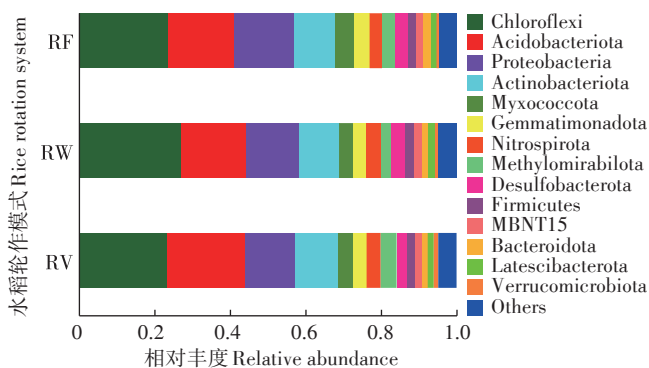


图4 土壤细菌门水平的群落结构组成

Figure 4 Soil bacterial community composition at phylum level

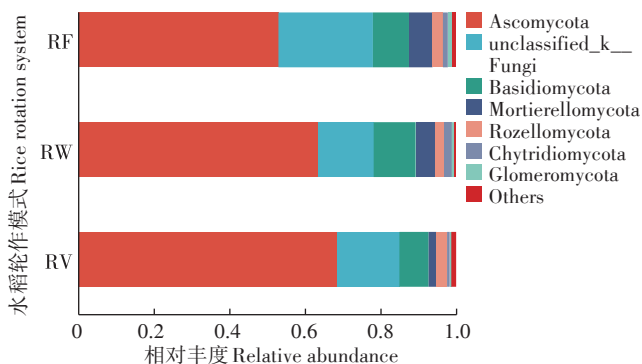


图5 土壤真菌门水平的群落结构组成

Figure 5 Soil fungi community composition at phylum level

结构组成差异和28.78%真菌的群落结构组成差异,这说明不同轮作模式对土壤细菌和真菌的群落结构组成均产生了明显影响。

2.4 物种差异分析

采用Kruskal-Wallis秩和检验多组比较策略对处理之间具有显著性差异的物种进行分析。结果表明不同轮作模式之间土壤细菌丰度前30的菌属中有12个菌属存在显著性差异(图7,仅显示具有显著性差异的菌属),其中有6个菌属在RV模式中具有丰度优势,如*Conexibacter*和*Opiritutus*等,有4个菌属在RF模式中具有丰度优势,如*Solirubrobacter*和*Niastella*等,而仅有2个菌属在RW模式中具有丰度优势,分别为*Azotobacter*和*Alkaliphilus*。土壤真菌中则仅有3个菌属在处理之间存在显著性差异(图8),其中有2个菌属在RW模式中具有丰度优势,分别为*Scolecobasidium*和*Sporormiaceae*,有1个菌属在RF模式中具有丰度优势,为*Collariella*。结果表明不同水稻轮作模式对属水平土壤细菌和真菌的群落丰度产生了显著影响。

2.5 土壤微生物与土壤养分的相关性

采用Spearman相关性分析研究了土壤微生物群落结构组成与土壤养分之间的相互关系。结果显示(图9),土壤细菌门水平的群落结构组成与土壤pH和土壤N、P、K含量具有显著相关性,而与土壤OM和TOC的含量无关。土壤AK含量是影响土壤细菌群

相似性和组间差异性,不同处理之间能够明显进行区分,COMP1和COMP2共同解释了28.36%细菌的群落

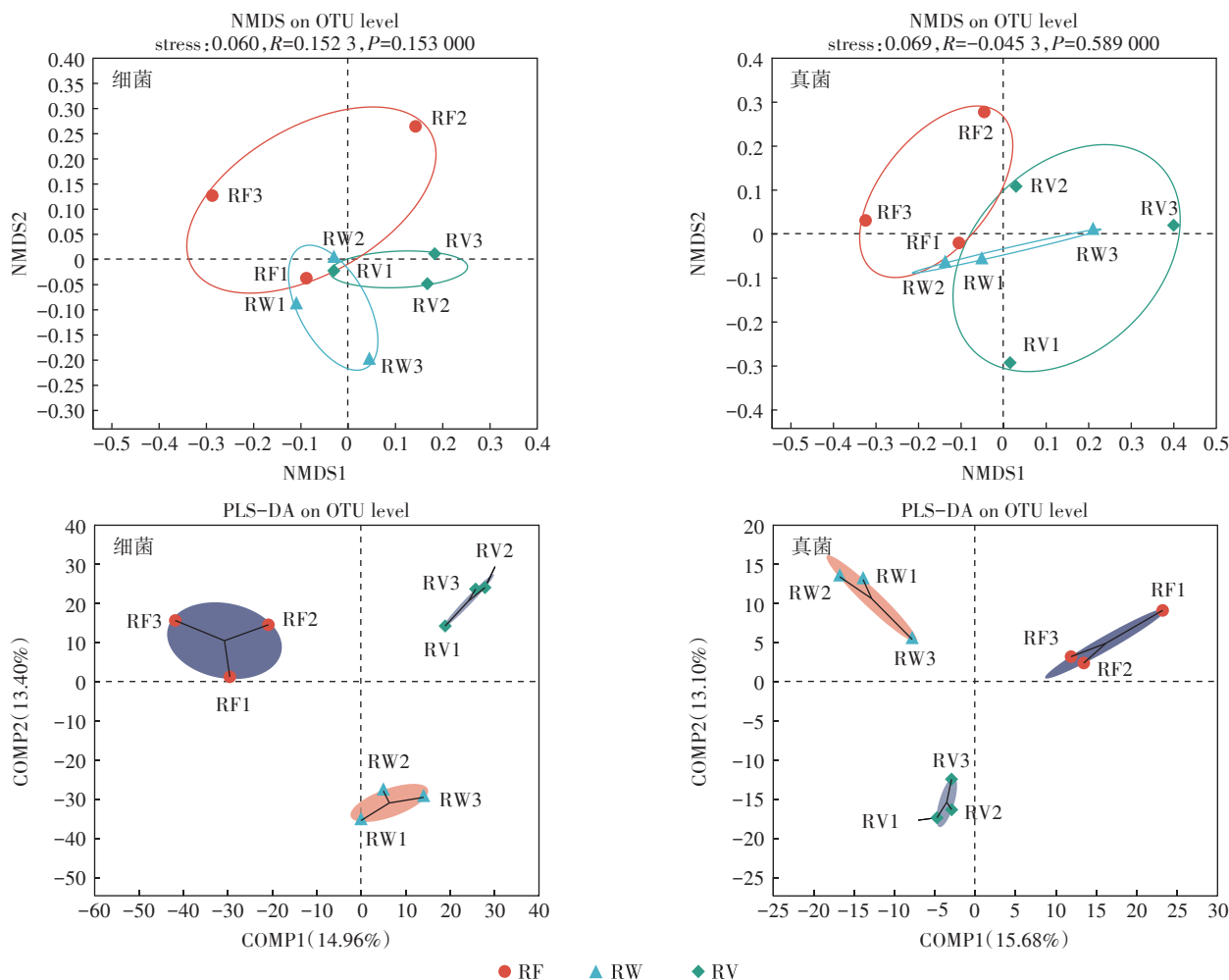


图6 基于NMDS和PLS-DA的土壤细菌和真菌群落结构组成相似性分析

Figure 6 Similarity analysis of soil bacterial and fungal community composition based on NMDS and PLS-DA methods

落结构组成的主要因素,与4个细菌种群具有显著相关性。值得注意的是Planctomycetota(浮霉菌门)与土壤TK含量表现出极显著的负相关性,但却与土壤AK含量表现出显著的正相关性;而Gemmatimonadota(芽单胞菌门)则与土壤TN和AN含量表现出一致的显著负相关性。土壤养分对土壤真菌群落结构组成的影响则弱于土壤细菌,仅有4个真菌种群与土壤养分具有显著相关性,且均为正相关关系(图10)。其中,土壤AN含量与Basidiobolomycota(蛙粪霉菌门)和Zoopagomycota菌门具有显著正相关关系,是影响土壤真菌群落结构组成的主要因素。

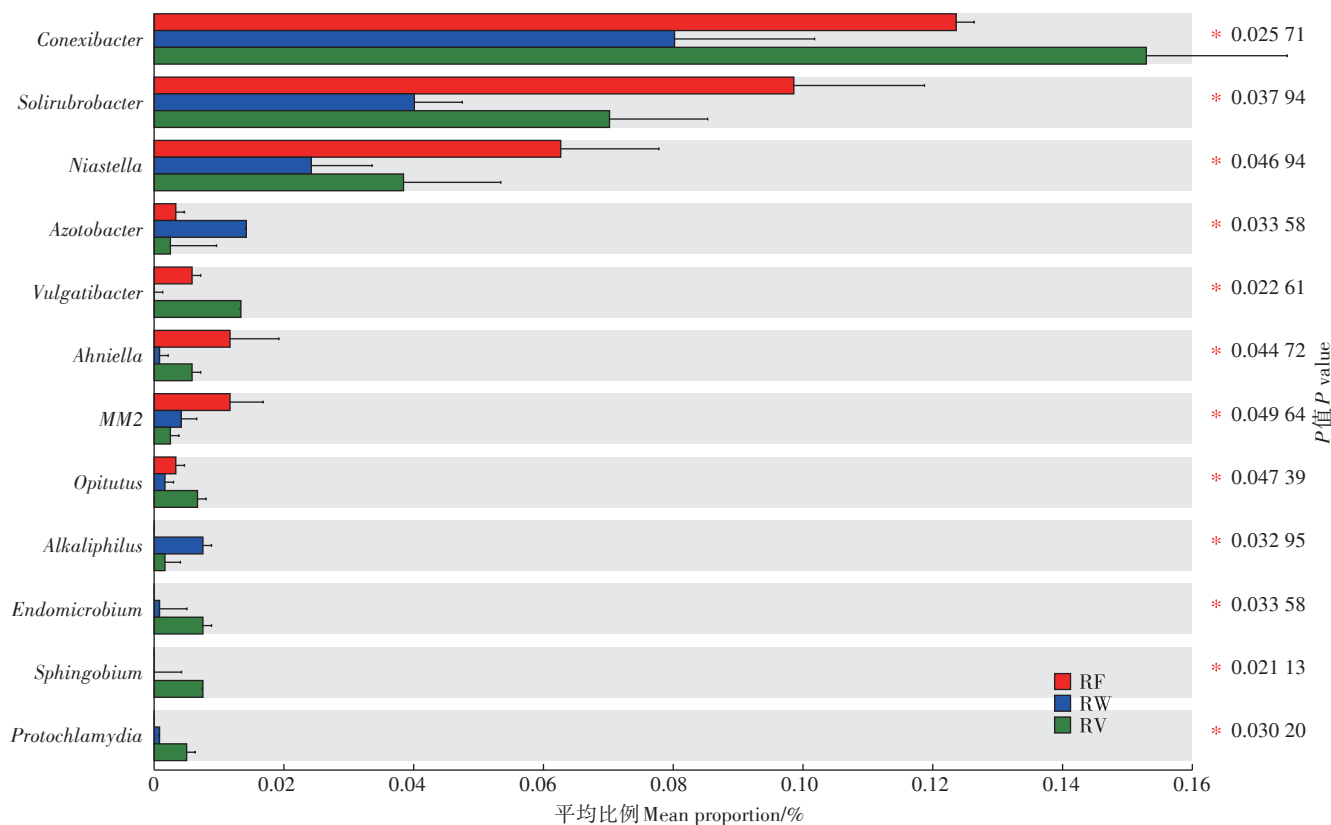
3 讨论

3.1 不同轮作模式对稻田土壤肥力的影响

近年来,不同轮作作物的种植对稻田生态系统的影响已经成为国内外研究的热点问题之一。诸多研

究表明,合适的覆盖作物翻压还田能够有效提高稻田土壤的肥力。唐海明等^[26]的研究表明不同冬季覆盖作物秸秆还田有利于提高稻田不同层次土壤有机碳的储量,其中以紫云英翻压还田的效果最好。周国朋等^[27]的研究表明种植紫云英能有效促进稻田土壤OM的积累,同时配施化肥还能有效提高土壤碳库的活性。而在本实验中水稻-紫云英轮作模式显示土壤OM和TOC含量已经有提高的趋势,但与其他两种模式相比并未达到显著差异水平,这可能与紫云英种植时间还比较短有关。土壤OM和TOC的提高是一个长期的过程,在本实验中,RW和RV两种模式均表现出土壤OM和TOC升高的趋势,冬季作物秸秆还田的长期坚持有利于土壤肥力的保持。

杨滨娟等^[28]的研究表明连续8 a紫云英翻压还田与冬闲和油菜、黑麦草翻压还田相比土壤AN含量提高了6.59%~35.35%,同时水稻产量与冬闲处理相比



图中红色*表示处理间在 $P<0.05$ 水平具有显著性差异。下同。

The red * in the figure indicates that there is a significant difference between treatments at the $P<0.05$ level. The same below.

图7 土壤细菌属水平物种差异分析

Figure 7 Species difference analysis of soil bacteria at genus level

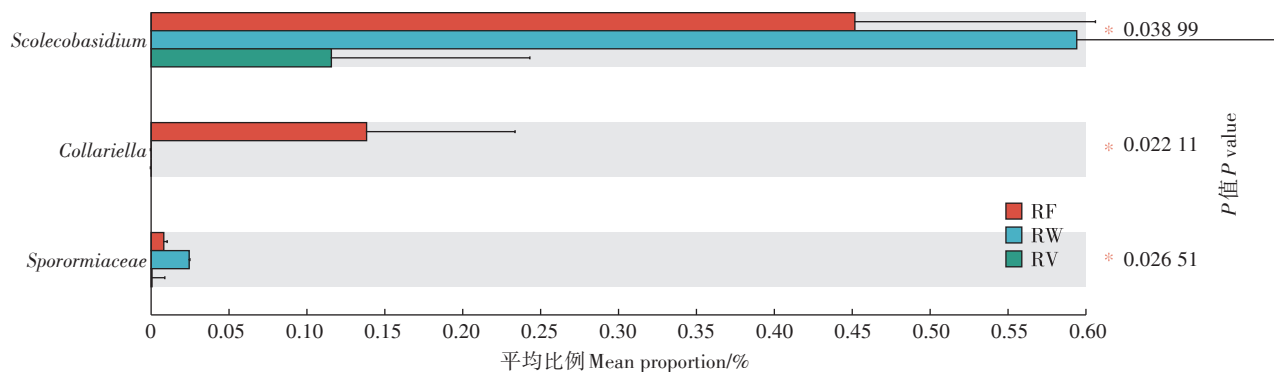
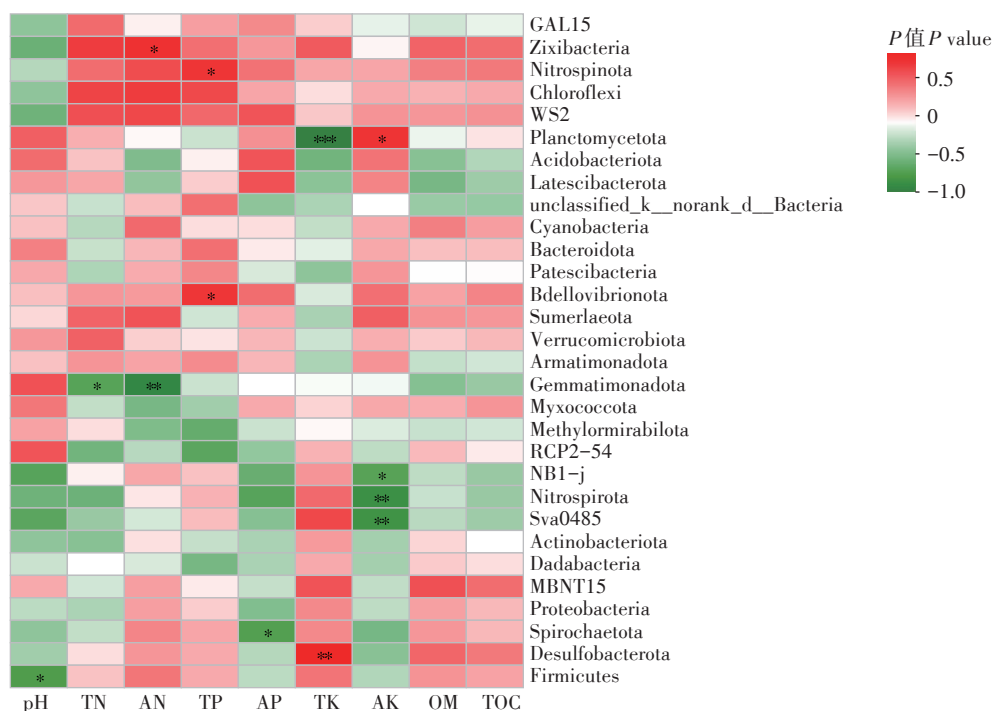


图8 土壤真菌属水平物种差异分析

Figure 8 Species difference analysis of soil fungal at genus level

也提高了10.48%。龙莉等^[29]的研究也表明紫云英翻压还田能有效提高稻田土壤AN含量,且增幅优于油菜和黑麦草还田。王飞等^[7]和胡安永等^[30]的研究则指出紫云英翻压还田与其他冬种作物或冬闲相比,能够有效提高稻田土壤生产力,在减少化肥用量25%~40%的条件下保持水稻稳产。本实验与前人的研究结果一致,水稻-紫云英轮作模式显著提高了土壤TN

和AN的含量,与实验前相比分别提高了12.50%和26.16%;同时,土壤AP和TOC含量也比实验前分别提高了20.23%和7.06%。经过2a的实验,不同种植模式之间的土壤AN含量也产生了显著性差异,其中RV模式明显高于其他两种模式;同时,雷达图分析也显示RV模式的综合肥力比其他两种模式有了明显提高,这表明紫云英翻压还田确实能够改善稻田土



P 值若小于0.05则表示二者具有显著相关性,*表示 $0.01 < P \leq 0.05$,**表示 $0.001 < P \leq 0.01$,***表示 $P \leq 0.001$ 。下同。
If the P value is less than 0.05, it means that the two have a significant correlation, * means $0.01 < P \leq 0.05$, ** means $0.001 < P \leq 0.01$, *** means $P \leq 0.001$. The same below.

图9 土壤细菌群落与土壤养分含量的相关性

Figure 9 Correlation between soil bacterial communities and soil nutrients contents

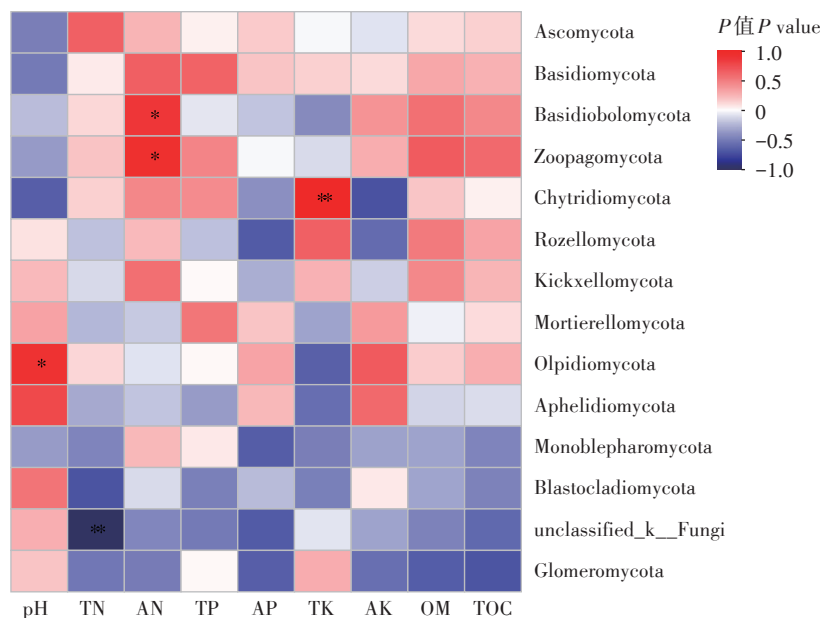


图10 土壤真菌群落与土壤养分含量的相关性

Figure 10 Correlation between soil fungal communities and soil nutrients contents

壤肥力,尤其是在提高土壤氮素供给能力方面具有明显效果,与传统稻麦轮作和冬季休耕相比,可能是更加适合于水稻栽培生态可持续发展的种植模式。

3.2 不同轮作模式对稻田土壤细菌和真菌群落结构的影响

在农田生态系统中,土壤微生物是物质循环和能

量流动的重要参与者,在土壤碳氮循环和养分迁移转化等过程中扮演着重要角色。秸秆还田或绿肥翻压等农业措施对土壤碳氮环境的改变可能是引起土壤微生物群落结构变化的主要原因^[31]。相关研究表明紫云英翻压还田显著提高了土壤中微生物量碳氮含量和土壤酶活力,从而调节土壤微生物群落结构、促进土壤微生物生长^[10,20]。唐海明等^[18]和王利民等^[23]的研究表明紫云英等绿肥作物还田能够促进土壤碳水化合物和氨基酸代谢,从而提高了稻田土壤微生物对碳源的利用能力。在本实验中,紫云英翻压还田显著提高了土壤有效养分的含量,而土壤有效养分含量又与土壤微生物群落结构的变化有着密切关系。结合前人研究结果可以看出,紫云英翻压还田对稻田土壤微生物群落结构的影响可能是通过对土壤碳氮环境的改变以及碳氮代谢的促进来实现。然而,遗憾的是本实验并未对土壤碳氮代谢相关的指标进行测定,为清楚地阐明紫云英还田条件下土壤微生物群落结构变化的机制,应将更多与土壤生物学性状、碳氮代谢等相关指标纳入到未来的研究范围中。

土壤微生物种群丰度的变化不仅影响着微生物的群落结构,同时也影响着土壤的功能。在本实验中,水稻-紫云英轮作模式在酸杆菌门和子囊菌门上具有明显的丰度优势。酸杆菌门在土壤中参与多个重要的物质循环过程,例如可降解植物残体、参与碳代谢与光合作用等^[32],其丰度的提高有利于促进土壤的物质与养分循环。而子囊菌门中多数类群为腐生菌,是农田生态系统中碳氮循环的重要驱动力,在土壤稳定性、植物生物物质分解等过程中发挥着重要作用,紫云英植物残体的腐解为这一微生物类群提供了良好的生存环境^[33]。此外,一些属水平的微生物种群也在水稻-紫云英轮作模式中富集,例如 *Conexibacter*、*Opitutus* 和 *Sphingobium* 等,这些优势菌属的富集有利于土壤的养分循环与生态健康。据报道,*Conexibacter* 能够将硝酸盐还原成亚硝酸盐,在农田土壤系统的氮循环过程中发挥重要作用,同时 *Conexibacter* 还可以增强土壤微生物群落的稳定性^[34]。杨胜香等^[35]的研究则表明土壤添加碳氮磷源改良剂后土壤中 *Opitutus* 和 *Sphingomonas* 等菌属的丰度得到了提升。而田程等^[36]的研究表明土壤中 *Opitutus* 和 *Sphingomonas* 等菌属的丰度与西瓜枯萎病的发病率呈负相关关系。

3.3 土壤细菌和真菌群落结构变化与土壤养分含量的相互关系

本实验相关性分析表明土壤 N、P、K 含量是影

响土壤细菌群落结构变化的主要因素,这与前人的研究结果一致。颜志雷等^[10]的研究表明在紫云英还田条件下土壤细菌的数量与土壤 AN、AP 以及 AK 含量呈显著正相关关系。王利民等^[23]的研究则认为紫云英还田条件下土壤有机碳、TN 和硝态氮含量是影响土壤微生物群落结构和功能变化的核心因素。值得注意的是在本实验中土壤 pH 仅与 1 个细菌种群和 1 个真菌种群具有显著相关性,而诸多研究表明土壤 pH 是影响土壤微生物群落结构变化的关键因素^[37],这可能与 3 种植模式的执行年限较短有关,土壤 pH 在不同种植模式之间还没有产生明显差异,因此并未对土壤微生物群落结构产生显著影响。

综上所述,本实验中不同水稻种植模式主要是通过影响土壤的养分含量从而对土壤细菌和真菌的群落结构产生影响,土壤 pH 以及土壤 OM 和 TOC 含量等土壤因子并不是影响土壤微生物群落结构变化的主要因素。由此可见,对于水稻栽培的生态可持续发展,冬季作物的种植与管理至关重要。因此,在水稻种植模式的选择过程中,应结合当地的土壤养分状况与施肥习惯选择合适的冬季作物,从本实验结果来看,水稻-紫云英轮作是一种较为合理的选择。

4 结论

(1)不同种植模式对稻田土壤养分有明显影响,水稻-紫云英轮作模式能够有效改善稻田土壤的综合肥力,尤其显著提高了土壤总氮和碱解氮的含量,同时对有效磷和总有机碳也有一定改善效果。

(2)不同轮作模式改变了稻田土壤细菌和真菌的群落结构组成,一些微生物种群在水稻-紫云英轮作模式中的富集,如 *Conexibacter* 属、*Opitutus* 属以及 *Sphingobium* 属等,有助于促进土壤的养分循环和生态健康。

(3)土壤养分含量的变化是影响不同水稻轮作模式土壤细菌和真菌群落结构组成的主要因素,且对细菌群落结构组成的影响要高于真菌。

(4)水稻-紫云英轮作能够明显改善稻田土壤的综合肥力和微生物群落结构,是更加适合水稻长期栽培的种植模式。

参考文献:

- [1] 杨滨娟, 黄国勤. 稻田冬种绿肥生态环境效应的研究进展[J]. 生态科学, 2016, 35(5): 214-219. YANG B J, HUANG G Q. The research progress of winter green manure on ecological environment effects in paddy field[J]. *Ecological Science*, 2016, 35(5): 214-219.

- [2] 胡启良, 杨滨娟, 刘宁, 等. 绿肥混播下不同施氮量对水稻产量、土壤碳氮和微生物群落的影响[J]. 华中农业大学学报, 2022, 41(6): 16–26. HU Q L, YANG B J, LIU N, et al. Effects of application rates of nitrogen on rice yield, carbon and nitrogen, microbial community in soil under mixed sowing of green manure[J]. *Journal of Huazhong Agricultural University*, 2022, 41(6): 16–26.
- [3] 李忠义, 唐红琴, 何铁光, 等. 绿肥作物紫云英研究进展[J]. 热带农业科学, 2016, 36(11): 27–32. LI Z Y, TANG H Q, HE T G, et al. Research progress of Chinese milk vetch (*Astragalus sinicus*) [J]. *Chinese Journal of Tropical Agriculture*, 2016, 36(11): 27–32.
- [4] 林新坚, 曹卫东, 吴一群, 等. 紫云英研究进展[J]. 草业科学, 2011, 28(1): 135–140. LIN X J, CAO W D, WU Y Q, et al. Advance in *Astragalus sinicus* research[J]. *Pratacultural Science*, 2011, 28(1): 135–140.
- [5] 周兴, 李再明, 谢坚, 等. 紫云英利用后减施化肥对水稻产量和产值及土壤碳氮含量的影响[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2014, 40(3): 225–230. ZHOU X, LI Z M, XIE J, et al. Effect of reducing chemical fertilizer on rice yield, output value, content of soil carbon and nitrogen after utilizing the milk vetch[J]. *Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences)*, 2014, 40(3): 225–230.
- [6] 张颖睿, 杨滨娟, 黄国勤. 紫云英翻压量与不同施氮量对水稻生长和氮素吸收利用的影响[J]. 生态学杂志, 2018, 37(2): 430–437. ZHANG Y R, YANG B J, HUANG G Q. Effects of Chinese milk vetch as a green manure and nitrogen fertilization on rice growth and nitrogen absorption and utilization of rice[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2018, 37(2): 430–437.
- [7] 王飞, 林诚, 林新坚, 等. 连续翻压紫云英对福建单季稻产量与化肥氮素吸收、分配及残留的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2014, 20(4): 896–904. WANG F, LIN C, LIN X J, et al. Effects of continuous turnover of *Astragalus sinicus* on rice yield and N absorption, distribution and residue in single-cropping rice regions of Fujian Province[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizer*, 2014, 20(4): 896–904.
- [8] ZHOU X, LU Y H, LIAO Y L, et al. Substitution of chemical fertilizer by Chinese milk vetch improves the sustainability of yield and accumulation of soil organic carbon in a double-rice cropping system[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2019, 18(10): 2381–2392.
- [9] 鲁艳红, 廖育林, 聂军, 等. 紫云英与尿素或控释尿素配施对双季稻产量及氮钾利用率的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2017, 23(2): 360–368. LU Y H, LIAO Y L, NIE J, et al. Effect of different incorporation of Chinese milk vetch coupled with urea or controlled release urea on yield and nitrogen and potassium nutrient use efficiency in double-cropping rice system[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2017, 23(2): 360–368.
- [10] 颜志雷, 方宇, 陈济琛, 等. 连年翻压紫云英对稻田土壤养分和微生物学特性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2014, 20(5): 1151–1160. YAN Z L, FANG Y, CHEN J C, et al. Effect of turning over Chinese milk vetch (*Astragalus sinicus* L.) on soil nutrients and microbial properties in paddy fields[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2014, 20(5): 1151–1160.
- [11] 刘春增, 常单娜, 李本银, 等. 种植翻压紫云英配施化肥对稻田土壤活性有机碳氮的影响[J]. 土壤学报, 2017, 54(3): 657–669. LIU C Z, CHANG D N, LI B Y, et al. Effects of planting and incorporation of Chinese milk vetch coupled with application of chemical fertilizer on active organic carbon and nitrogen in paddy soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2017, 54(3): 657–669.
- [12] 魏夏新, 熊俊芬, 李涛, 等. 有机物料还田对双季稻田土壤有机碳及其活性组分的影响[J]. 应用生态学报, 2020, 31(7): 2373–2380. WEI X X, XIONG J F, LI T, et al. Effects of different organic amendments on soil organic carbon and its labile fractions in the paddy soil of a double rice cropping system[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2020, 31(7): 2373–2380.
- [13] LI T, GAO J, BAI L, et al. Influence of green manure and rice straw management on soil organic carbon, enzyme activities, and rice yield in red paddy soil[J]. *Soil and Tillage Research*, 2019, 195: 104428.
- [14] 常单娜, 刘春增, 李本银, 等. 翻压紫云英对稻田土壤还原物质变化特征及温室气体排放的影响[J]. 草业学报, 2018, 27(12): 133–144. CHANG D N, LIU C Z, LI B Y, et al. Effects of incorporating Chinese milk vetch on redox material characteristics and greenhouse gas emissions in paddy soil[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2018, 27(12): 133–144.
- [15] YANG W, YAO L, ZHU M, et al. Replacing urea-N with Chinese milk vetch (*Astragalus sinicus* L.) mitigates CH₄ and N₂O emissions in rice paddy[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2022, 336: 108033.
- [16] 聂江文, 王幼娟, 吴邦魁, 等. 紫云英还田对早稻直播稻田温室气体排放的影响[J]. 农业环境科学学报, 2018, 37(10): 2334–2341. NIE J W, WANG Y J, WU B K, et al. Effect of Chinese milk vetch incorporation on greenhouse gas emissions from early-rice direct-seeding paddy fields[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2018, 37(10): 2334–2341.
- [17] ZHOU Q, ZHANG P, WANG Z, et al. Winter crop rotation intensification to increase rice yield, soil carbon, and microbial diversity[J]. *Helicon*, 2023, 9(1): e12903.
- [18] 唐海明, 肖小平, 李超, 等. 冬季覆盖作物秸秆还田对双季稻田根际土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学报, 2018, 38(18): 6559–6569. TANG H M, XIAO X P, LI C, et al. Effects of recycling straw of different winter covering crops on rhizospheric microbial community functional diversity in a double-cropped paddy field[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(18): 6559–6569.
- [19] GAO S, CAO W, ZHOU G, et al. Rees bacterial communities in paddy soils changed by milk vetch as green manure: a study conducted across six provinces in south China[J]. *Pedosphere*, 2021, 31(4): 521–530.
- [20] 万水霞, 唐杉, 蒋光月, 等. 紫云英与化肥配施对土壤微生物特征和作物产量的影响[J]. 草业学报, 2016, 25(6): 109–117. WAN S X, TANG S, JIANG G Y, et al. Effects of Chinese milk vetch manure and fertilizer on soil microbial characteristics and yield of rice[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2016, 25(6): 109–117.
- [21] 万水霞, 朱宏斌, 唐杉, 等. 紫云英与化肥配施对安徽沿江双季稻区土壤生物学特性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2015, 21(2): 387–395. WAN S X, ZHU H B, TANG S, et al. Effects of *Astragalus sinicus* manure and fertilizer combined application on biological prop-

- erties of soil in Anhui double cropping rice areas along the Yangtze River[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2015, 21(2):387-395.
- [22] 吕国涵, 赵书军, 王瑞, 等. 连年翻压绿肥对植烟土壤物理及生物性状的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2014, 20(4):905-912. SI G H, ZHAO S J, WANG R, et al. Effects of consecutive overturning of green manure on soil physical and biological characteristics in tobacco-planting fields[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2014, 20(4):905-912.
- [23] 王利民, 黄东风, 何春梅, 等. 紫云英还田对黄泥田土壤理化和微生物特性及水稻产量的影响[J]. *生态学报*, 2023, 43(11):4782-4797. WANG L M, HUANG D F, HE C M, et al. Impacts of the Chinese milk vetch (*Astragalus sinicus* L.) residue incorporation on soil physicochemical, microbial properties and rice yields in yellow-mud paddy field[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2023, 43(11):4782-4797.
- [24] CHEN J R, QIN W J, CHEN X F, et al. Application of Chinese milk vetch affects rice yield and soil productivity in a subtropical double-rice cropping system[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2020, 19(8):2116-2126.
- [25] WANG L, HE C, HUANG D et al. Co-incorporation of Chinese milk vetch (*Astragalus sinicus* L.) and chemical fertilizer alters microbial functional genes supporting short-time scale positive nitrogen priming effects in paddy soils[J]. *Pedosphere*, 2023.
- [26] 唐海明, 程凯凯, 肖小平, 等. 不同冬季覆盖作物对双季稻田土壤有机碳的影响[J]. *应用生态学报*, 2017, 28(2):465-473. TANG H M, CHENG K K, XIAO X P, et al. Effects of different winter cover crops on soil organic carbon in a double cropping rice paddy field[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2017, 28(2):465-473.
- [27] 周国朋, 曹卫东, 白金顺, 等. 多年紫云英-双季稻下不同施肥水平对两类水稻土有机质及可溶性有机质的影响[J]. *中国农业科学*, 2016, 49(21):4096-4106. ZHOU G P, CAO W D, BAI J S, et al. Effects of different fertilization levels on soil organic matter and dissolved organic matter in two paddy soils after multi-years' rotation of Chinese milk vetch and double-cropping rice[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2016, 49(21):4096-4106.
- [28] 杨滨娟, 黄国勤, 王超, 等. 稻田冬种绿肥对水稻产量和土壤肥力的影响[J]. *中国生态农业学报*, 2013, 21(10):1209-1216. YANG B J, HUANG G Q, WANG C, et al. Effects of winter green manure cultivation on rice yield and soil fertility in paddy field[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2013, 21(10):1209-1216.
- [29] 龙莉, 杨旭初, 熊斌, 等. 冬作物秸秆还田对双季稻产量和土壤肥力的影响[J]. *作物研究*, 2019, 33(2):104-109. LONG L, YANG X C, XIONG B, et al. Effect of winter crops straw returning on yield and soil fertility in a double cropping rice paddy[J]. *Crop Research*, 2019, 33(2):104-109.
- [30] 胡安永, 孙星, 刘勤, 等. 太湖地区不同轮作方式对稻田氨挥发和水稻产量的影响[J]. *水土保持学报*, 2013, 27(6):275-279. HU A Y, SUN X, LIU Q, et al. Influence of different rotations on ammonia volatilization and rice yields of paddy fields in Taihu Lake region[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2013, 27(6):275-279.
- [31] BOWLES T M, ACOSTA-MARTÍNEZ V, CALDERÓN F et al. Soil enzyme activities, microbial communities, and carbon and nitrogen availability in organic agroecosystems across an intensively-managed agricultural landscape[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 68:252-262.
- [32] 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展[J]. *生物技术通报*, 2016, 32(2):14-20. WANG G H, LIU J J, YU Z H, et al. Research progress of Acidobacteria ecology in soils[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2016, 32(2):14-20.
- [33] CHALLACOMBE J F, HESSE C N, BRAMER L M et al. Genomes and secretomes of Ascomycota fungi reveal diverse functions in plant biomass decomposition and pathogenesis[J]. *BMC Genomics*, 2019, 20(1):976.
- [34] CHEN X, WANG J, YOU Y et al. When nanoparticle and microbes meet: the effect of multi-walled carbon nanotubes on microbial community and nutrient cycling in hyperaccumulator system[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, 423:126947.
- [35] 杨胜香, 李凤梅, 彭禧柱, 等. 不同碳氮磷源改良剂对铅锌尾矿废弃地土壤微生物群落结构的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2019, 38(6):1256-1264. YANG S X, LI F M, PENG X Z, et al. Effects of amendments with different C/N/P ratios on the microbial community structure in Pb-Zn mine tailings[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2019, 38(6):1256-1264.
- [36] 田程, 邱婷, 朱菲莹, 等. 氧化钙对西瓜枯萎病及根际细菌群落的调控[J]. *湖南农业大学学报(自然科学版)*, 2018, 44(6):620-624. TIAN C, QIU T, ZHU F Y, et al. Calcium oxide regulation of fusarium wilt and rhizosphere bacterial community[J]. *Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences)*, 2018, 44(6):620-624.
- [37] 方宇, 王飞, 贾宪波, 等. 绿肥配施减量化肥对土壤固氮菌群落的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2018, 37(9):1933-1941. FANG Y, WANG F, JIA X B, et al. Effect of green manure and reduced chemical fertilizer load on the community of soil nitrogen-fixing bacteria[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2018, 37(9):1933-1941.