



农业资源与环境学报

CSCD 核心期刊
中文核心期刊
中国科技核心期刊

JOURNAL OF AGRICULTURAL RESOURCES AND ENVIRONMENT

欢迎投稿 <http://www.aed.org.cn>

不同秸秆还田方式对烟稻轮作土壤细菌群落多样性和结构的影响

房体磊, 李小龙, 刘高峰, 谢海斌, 仇波, 刘智奇, 焦加国, 张仕祥, 于建光, 黄德荣

引用本文:

房体磊, 李小龙, 刘高峰, 谢海斌, 仇波, 刘智奇, 焦加国, 张仕祥, 于建光, 黄德荣. 不同秸秆还田方式对烟稻轮作土壤细菌群落多样性和结构的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2024, 41(2): 482–492.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.13254/j.jare.2023.0206>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

施氮水平对稻-稻-紫云英稻田土壤细菌数量及群落结构的影响

周艳飞, 聂江文, 王幼娟, 刘章勇, 朱波

农业资源与环境学报. 2018, 35(6): 508–517 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2018.0021>

减肥条件下生物质炭施用对水稻田土壤细菌多样性的影响

陈重军, 凌学林, 邢龙, 冯健, 吴羽希, 范静, 孙远博, 廖方新

农业资源与环境学报. 2021, 38(3): 385–392 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0327>

硒对油菜根际土壤微生物的影响

程勤, 胡承孝, 明佳佳, 蔡苗苗, 刘康, 汤艳妮, 赵小虎

农业资源与环境学报. 2021, 38(1): 104–110 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0061>

龙脊稻作梯田土壤细菌群落结构和功能类群及影响因子分析

王晓彤, 靳振江, 周军波, 程跃扬, 袁武, 潘复静, 刘德深

农业资源与环境学报. 2021, 38(3): 365–376 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0413>

秸秆还田与氮肥管理对稻田杂草群落和水稻产量的影响

陈浩, 张秀英, 吴玉红, 李厚华, 郝兴顺, 王艳龙, 王薇, 张春辉

农业资源与环境学报. 2018, 35(6): 500–507 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2018.0074>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

房体磊, 李小龙, 刘高峰, 等. 不同秸秆还田方式对烟稻轮作土壤细菌群落多样性和结构的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2024, 41(2): 482–492.

FANG T L, LI X L, LIU G F, et al. Effects of different straw return modes on bacterial diversity and community structure in tobacco–rice rotation soil[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2024, 41(2): 482–492.



开放科学 OSID

不同秸秆还田方式对烟稻轮作土壤细菌群落多样性和结构的影响

房体磊^{1,2}, 李小龙³, 刘高峰³, 谢海斌³, 仇波⁴, 刘智奇⁴, 焦加国¹, 张仕祥⁵, 于建光^{1,2*}, 黄德荣^{3*}

(1. 南京农业大学资源与环境科学学院, 南京 210095; 2. 江苏省农业科学院农业资源与环境研究所, 南京 210014; 3. 福建省南平市烟草公司邵武分公司, 福建 邵武 354000; 4. 陕西中烟工业有限责任公司宝鸡卷烟厂, 陕西 宝鸡 721000; 5. 中国烟草总公司郑州烟草研究院, 郑州 450001)

摘要:为探究不同秸秆(烟秆和稻秸)还田方式下烟稻轮作土壤细菌多样性和群落组成的变化特征及其影响因子,设置对照(CK)、改良剂(BP)、烟秆/稻秸直接还田(S0)、烟秆/稻秸–牛粪堆腐物还田(S1)、烟秆/稻秸–菜籽饼堆腐物还田(S2)以及还田物与改良剂配施(S0BP、S1BP、S2BP)处理进行烟草–水稻轮作盆栽试验,采用16S rRNA高通量测序技术对土壤细菌群落结构组成进行分析。结果表明:秸秆直接还田与秸秆还田配施改良剂还田能有效改善土壤理化性质;秸秆还田配施改良剂显著提高了细菌群落丰度,S1BP处理的细菌群落丰度最高;各处理对土壤细菌群落多样性指数没有显著影响。土壤中优势菌门是变形菌门(Proteobacteria, 16.42%~26.01%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 15.62%~20.46%)、酸杆菌门(Acidobacteriota, 8.71%~15.86%)、放线菌门(Actinobacteriota, 7.08%~11.47%)和厚壁菌门(Firmicutes, 7.29%~11.74%)。秸秆还田显著提高了变形菌门(Proteobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidota)的相对丰度;与秸秆还田相比,秸秆还田配施改良剂显著提高了拟杆菌门(Bacteroidota)和脱硫杆菌门(Desulfobacterota)的相对丰度,显著降低了酸杆菌门(Acidobacteriota)和放线菌门(Actinobacteriota)的相对丰度。进一步的冗余分析和聚类热图分析表明,土壤pH、最小持水量、孔隙度、速效钾含量、溶解性有机碳含量、微生物生物量碳含量与脱硫杆菌门(Desulfobacterota)、变形菌门(Proteobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidota)相对丰度呈正相关关系,与硝化螺旋杆菌门(Nitrospirota)、放线菌门(Actinobacteriota)、酸杆菌门(Acidobacteriota)和装甲菌门(Armatimonadota)相对丰度呈负相关关系,是影响土壤细菌群落结构的主要环境因子。研究表明,烟草和水稻秸秆直接还田及其与改良剂配施还田均可改善土壤理化性质,并有利于提高土壤细菌群落的丰度。

关键词: 秸秆还田; 烟稻轮作; 土壤细菌; 群落结构

中图分类号: S154.3

文献标志码: A

文章编号: 2095-6819(2024)02-0482-11

doi: 10.13254/j.jare.2023.0206

Effects of different straw return modes on bacterial diversity and community structure in tobacco–rice rotation soil

FANG Tilei^{1,2}, LI Xiaolong³, LIU Gaofeng³, XIE Haibin³, QIU Bo⁴, LIU Zhiqi⁴, JIAO Jiaguo¹, ZHANG Shixiang⁵, YU Jianguang^{1,2*}, HUANG Derong^{3*}

(1. College of Resources and Environment, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China; 2. Institute of Agricultural Resources and Environment, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China; 3. Shaowu Branch of Nanping Tobacco Company, Shaowu 354000, China; 4. Baoji Cigarette Factor of China Tobacco Shaanxi Industrial Corporation, Baoji 721000, China; 5. Zhengzhou Tobacco Research Institute of China Tobacco Corporation, Zhengzhou 450001, China)

收稿日期: 2023-04-05 录用日期: 2023-05-24

作者简介: 房体磊(1997—),男,山东济宁人,硕士,主要研究方向为土壤改良与土壤生态学。E-mail: fangtilei97@163.com

*通信作者: 于建光 E-mail: yujg@jaas.ac.cn; 黄德荣 E-mail: cc101@qq.com

基金项目: 福建省烟草公司南平市公司科技项目(NYK2022-02-03)

Project supported: Technology Project of Fujian Tobacco Company Nanping Company(NYK2022-02-03)

<http://www.aed.org.cn>

Abstract: To explore the changes of soil bacterial diversity and community composition in tobacco-rice rotation soil under different straw return methods, control (CK), amendment (BP), undisturbed straw return (S0), straw-cow manure compost return (S1), straw-rape seed cake compost return (S2), and these combined with amendment (S0BP, S1BP, S2BP) conditions were set up in a tobacco-rice rotation pot experiment. The composition of the soil bacterial community was analyzed using 16S rRNA high-throughput sequencing technology. The results of the experiment showed that direct straw return and straw return with amendment can effectively improve soil physical and chemical properties. Straw return combined with amendments significantly increased bacterial community abundance. The S1BP treatment resulted in the highest bacterial community abundance. Each treatment had no significant effect on the soil bacterial community diversity index. Proteobacteria (16.42%–26.01%), Chloroflexi (15.62%–20.46%), Acidobacteriota (8.71%–15.86%), Actinobacteriota (7.08%–11.47%) and Firmicutes (7.29%–11.74%) were the predominant phyla of soil bacterial communities. However, straw return significantly increased the relative abundances of Proteobacteria and Bacteroidota. Compared with straw return, the straw return with amendment treatments significantly increased the relative abundances of Bacteroidota and Desulfobacterota but markedly decreased the abundances of Acidobacteriota and Actinobacteriota. Furthermore, soil pH, minimum water holding capacity, soil porosity, available potassium, dissolved organic carbon, and microbial biomass carbon content were the main factors affecting bacterial community structure, which had a positive correlation with Desulfobacterota, Proteobacteria, and Bacteroidota but a negative correlation with Nitrospirota, Actinobacteriota, Acidobacteriota, and Armatimonadota. In summary, returning tobacco and rice straw directly or in combination with amendments can improve soil physicochemical properties and increase the abundance of soil bacterial communities.

Keywords: straw return; tobacco-rice rotation; soil bacteria; community structure

福建是我国烟草三大优质产区之一,植烟面积约20万 hm^2 ,自20世纪80年代起,该地区主要实行烟稻轮作种植体系^[1]。由于复种指数高,化肥过量施用,引起土壤板结和酸化等问题,限制了烟草产量和质量的提升^[2]。烟稻轮作产生大量秸秆,目前相当一部分秸秆尤其是烟草秸秆没有还田,造成资源浪费和环境污染。秸秆还田被认为是实现农业用养结合的有效管理措施,作物秸秆中富含有机质和大量营养元素,通过秸秆还田可增加土壤有机质含量、改善土壤结构、提高土壤微生物群落活性等^[3-4]。

土壤微生物是土壤中最活跃的部分,其群落结构和多样性是判断土壤质量的重要依据^[5]。秸秆还田增加了土壤微生物生长繁殖所需要的碳源和氮源,包括大量易被利用的活性碳、氮组分^[6-7];同时秸秆分解后的残体在土壤中产生孔隙,为微生物生活提供空间、氧气和水分等必要条件^[8-9]。土壤细菌是微生物群落的重要组成部分,在土壤微生物中含量最高、丰富度最大,秸秆还田会导致土壤细菌群落结构及多样性发生显著变化^[10],提高土壤细菌群落的成熟度,能够一定程度上缓解由于长期过量施用化肥导致的细菌多样性降低的问题^[11]。土壤微生物多样性与pH等环境因子之间存在极强的相关性,环境因素对土壤微生物之间的相互作用产生影响,有利于土壤真菌或细菌驱动土壤养分循环^[12-13]。

已有的研究多关注单季作物秸秆还田对当季土壤性质和细菌群落结构组成的影响,而秸秆还田后的

残体并不能在当季完全分解,必然会对下一季土壤产生影响,将烟稻轮作系统作为整体进行研究显得尤为重要。本研究采用16S rRNA高通量测序技术对土壤细菌群落进行分析,探讨烟稻轮作体系中,烟草和水稻秸秆不同还田方式及其与改良剂配施对土壤细菌群落结构的影响,以及环境因子与细菌群落之间的关系,揭示土壤细菌群落对秸秆还田引起的生境变化的适应与演变。

1 材料与方法

1.1 试验材料

1.1.1 供试土壤

试验土壤采自福建省邵武市长期烟稻轮作农田,土壤质地为粉壤土(美国农业部制),其中砂粒($>0.05\sim 2\text{ mm}$)、粉粒($>0.002\sim 0.05\text{ mm}$)和黏粒($\leq 0.002\text{ mm}$)含量分别为45.16%、52.31%和2.53%。其土壤基础理化性质为:pH值5.42,EC值 $434.1\text{ }\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$,有机碳 $17.63\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,全氮 $1.56\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,有效磷 $51.10\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$,速效钾 $365.93\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。

1.1.2 供试材料

(1)供试土壤改良剂:膨润土(Bentonite, B)为钙基质,细度100~200目;聚丙烯酰胺(Polyacrylamide, PAM)选用阴离子型,颗粒型。

(2)供试秸秆:水稻和烟草秸秆取自福建省邵武市烟稻轮作农田,秸秆堆腐物在江苏省农业科学院温室大棚内经高温过程制备。原状秸秆记作S0,秸秆

与牛粪的堆腐物记作S1, 秸秆与菜籽饼的堆腐物记作S2, 其养分含量见表1。

1.2 试验设计

试验共设置8个处理, 每个处理设3次重复, 具体见表2。试验于2021年3月开始, 至2021年12月结束, 试验地位于江苏省农业科学院温室大棚(32.03°N, 118.87°E)。

试验选用大小一致PVC材质盆钵, 每盆钵装风干土4 kg, 将秸秆和改良剂与土壤混合均匀装盆。2021年3月种植烟草, 烟草品种为“K326”, 每个盆钵中移栽一棵烟草幼苗, 7月烟草收获后种植水稻, 水稻品种为“南粳9108”, 每个盆钵中移栽三株水稻秧苗。各处理肥料施用量相同, 烟草季肥料用量为N 0.06 g·kg⁻¹、P₂O₅ 0.06 g·kg⁻¹、K₂O 0.15 g·kg⁻¹, 其中全部的磷肥、2/3的氮肥和3/5的钾肥用作基肥, 剩余用作追肥; 水稻季肥料用量为N 0.15 g·kg⁻¹、P₂O₅ 0.1 g·kg⁻¹、K₂O 0.15 g·kg⁻¹, 其中全部的磷肥和钾肥用作基肥, 氮肥按照基肥、蘖肥和穗肥4:3:3的比例分配施用。氮肥采用尿素, 磷肥采用过磷酸钙, 钾肥采用硫酸钾。

表1 供试有机物料养分含量

Table 1 Nutrient content of the tested organic materials

有机物料 Organic material		有机碳 SOC/ (mg·g ⁻¹)	全氮 TN/ (mg·g ⁻¹)	全磷 TP/ (mg·g ⁻¹)	全钾 TK/ (mg·g ⁻¹)	C/N
水稻秸秆 Rice straw	S0	375.64	7.98	1.63	51.74	47.07
	S1	172.84	7.73	5.90	54.72	22.36
	S2	347.19	18.85	3.98	59.11	18.42
烟草秸秆 Tobacco straw	S0	369.22	7.81	1.90	20.16	47.28
	S1	159.32	8.03	2.90	30.77	19.84
	S2	333.37	14.55	3.38	60.71	22.91

表2 试验处理

Table 2 Experimental treatments

处理 Treatment	烟草季 Tobacco season	水稻季 Rice season
CK	不添加任何物料	不添加任何物料
BP	1%的膨润土和0.1%聚丙烯酰胺	1%的膨润土和0.1%聚丙烯酰胺
S0	1%的水稻秸秆	1%的烟草秸秆
S1	1%的稻秸牛粪堆腐物	1%的烟秆牛粪堆腐物
S2	1%的稻秸菜籽饼堆腐物	1%的烟秆菜籽饼堆腐物
S0BP	1%的水稻秸秆与BP配施	1%的烟草秸秆与BP配施
S1BP	1%的稻秸牛粪堆腐物与BP配施	1%的烟秆牛粪堆腐物与BP配施
S2BP	1%的稻秸菜籽饼堆腐物与BP配施	1%的烟秆菜籽饼堆腐物与BP配施

1.3 土样采集

水稻收获后对土壤进行破坏性采样, 去除土样中的植物残体, 将土壤混合均匀, 一部分新鲜土壤样品于-80℃冰箱保存, 用于细菌高通量测定, 一部分样品经风干处理, 用于土壤理化指标测定。

1.4 测定指标及方法

1.4.1 土壤基础理化性质

土壤理化性质均采用常规方法^[14]。土壤有机碳(SOC)含量采用重铬酸钾外加热法测定; 全氮(TN)含量采用半微量凯氏法测定; 有效磷(AP)含量采用NaHCO₃溶液浸提-钼锑抗比色法测定; 速效钾(AK)含量采用1 mol·L⁻¹的NH₄OAc溶液浸提-火焰光度计法测定; 溶解性有机碳(DOC)含量采用超纯水浸提-TOC仪测定。土壤pH值以2.5:1的水土比, 采用电位法测定。土壤容重(BD)、持水量(WHC)、孔隙度(SP)测定参照《森林土壤水分-物理性质的测定》(LY/T 1215—1999)。水稳性团聚体平均质量直径(MWD)通过将团聚体按照2、0.25 mm和0.053 mm进行分级后再将各级团聚体平均直径与质量分数相乘累加计算获得; 土壤微生物生物量碳(MBC)含量采用氯仿熏蒸-K₂SO₄浸提法测定。

1.4.2 土壤细菌16S rRNA高通量测序

根据FastDNA® Spin Kit for Soil 试剂盒说明书提取土壤中DNA, 利用细菌通用引物515F/907R(5'-GTGCCAGCMGCCGCGG-3', 5'-CCGTC AATTCMTT-TRAGTTT-3')扩增细菌的16S rRNA的V4~V5区。PCR仪为ABI GeneAmp® 9700型, 使用2%的琼脂糖凝胶电泳检测PCR产物, 在Miseq测序平台采用PE300的双端测序策略对混合后的PCR产物进行测序, 测序由上海美吉生物医药科技有限公司完成。获得的原始测序序列使用Fastp和Flash软件进行质控和拼接; 利用Usearch软件, 使用UPARSE算法在97%相似度进行操作分类单元(Operational Taxonomic Units, OTU)聚类并剔除嵌合体, 采用RDP分类器对OTU进行物种注释。为降低由测序深度差异所导致的数据分析偏差, 对样品序列条数进行抽平处理, 每个样品抽平后的序列数为45 525条。

1.5 数据处理

土壤基础理化数据利用Microsoft Excel 2016、SPSS 25.0软件进行统计分析, 单因素方差分析(One-way ANOVA)采用Duncan检验法(P<0.05)进行多处理间均值的显著性分析。

根据抽平后的OTU, 利用Mothur软件计算Alpha

多样性指数,并进行指数组间差异性检验分析;利用 QIIME 软件对 Beta 多样性指数进行计算,基于 Bray_Curtis 计算距离矩阵,使用主成分(PCA)分析进行结果可视化展示,使用 ANOSIM 分析检验组间差异显著性;利用 STAMP 软件分析组间物种丰度差异,进行土壤细菌门水平上的物种丰度变化的差异分析,使用 FDR 进行多重检验校正;基于线性模型进行多元直接梯度分析(冗余 RDA),以反映土壤细菌群落与环境因子之间的关系;利用 STAMP 进行样本层级聚类分析及 Heatmap 的构建。

2 结果与分析

2.1 不同处理下土壤理化性状

由表 3 可知,施用膨润土、聚丙烯酰胺(BP)和秸秆还田(S0、S1 和 S2)处理提高了土壤总孔隙度、最小持水量,降低了土壤容重,其中 BP、S0 和 S1 处理提高了土壤团聚体稳定性(平均质量直径, MWD)。与秸秆还田处理相比,秸秆还田配施改良剂(S0BP、S1BP、S2BP)处理提高了土壤总孔隙度、最小持水量,降低了土壤容重,其中 S2BP 处理提高了土壤团聚体稳定性(MWD)。综合来看,S0 和 S0BP 处理对土壤物理结构的改善效果较好。

不同处理下土壤养分含量如表 4 所示。秸秆还田(S0、S1、S2)处理提高了土壤有机碳、全氮、溶解性有机碳和微生物生物量碳含量,并显著提高了土壤 pH 值和速效钾含量。与秸秆还田处理相比,秸秆还田配施改良剂处理显著提高了土壤 pH 值和溶解性有机碳含量,其中 S1BP 处理显著提高了土壤有效磷和微生物生物量碳含量,S2BP 处理显著提高了土壤有效磷含量。

2.2 不同处理下土壤细菌群落 Alpha 多样性

不同处理下土壤细菌群落 Alpha 多样性指数如

表 3 不同处理下土壤物理性质

Table 3 Physical properties of soil under different treatments

处理 Treatment	容重 BD/(g·cm ⁻³)	最小持水量 WHC/(g·kg ⁻¹)	总孔隙度 SP/%	平均质量直径 MWD/mm
CK	1.09±0.01a	365.19±14.12c	51.09±1.83c	1.03±0.07a
BP	1.03±<0.01b	427.59±7.28a	55.30±0.68b	1.06±0.12a
S0	1.01±0.01bc	406.47±8.82ab	56.02±0.82ab	1.12±0.10a
S1	1.07±0.01a	376.59±12.24bc	51.73±0.67c	1.07±0.05a
S2	1.00±0.02bcd	408.92±12.60ab	55.82±1.54ab	0.96±<0.01a
S0BP	0.93±0.02e	435.77±24.48a	57.97±1.27a	1.12±0.14a
S1BP	0.98±0.02d	442.91±42.84a	56.40±1.81ab	1.06±0.14a
S2BP	0.98±0.02cd	440.62±32.49a	56.74±1.45ab	1.08±0.09a

注:同列不同小写字母表示处理间差异显著(P<0.05)。下同。
Notes: Different lowercase letters in a column indicate significant differences among treatments at P<0.05. The same below.

表 5 所示。Chao 指数反映细菌群落的丰度,其数值越大表示细菌群落丰度越高。与 CK 处理相比,BP 处理显著提高了 Chao 指数,表明 BP 处理提高了土壤细菌的群落丰度。秸秆还田处理均提高了 Chao 指数,其中 S1 处理显著高于 CK 处理,且显著高于 S0 和 S2 处理,表明 S1 处理显著提高了土壤细菌的群落丰度,S0 和 S2 处理对土壤细菌群落丰度的影响不显著。与秸秆还田相比,秸秆还田配施改良剂处理均提高了 Chao 指数,其中 S0BP 和 S2BP 处理分别显著高于 S0 和 S2 处理,秸秆还田配施改良剂的三个处理间没有显著差异。这表明秸秆还田与改良剂配施相较于秸秆还田提高了土壤细菌的群落丰度。

Shannon 指数和 Simpson 指数反映细菌群落的多样性,Shannon 指数越大、Simpson 指数越小表示细菌群落的多样性越高。与 CK 处理相比,BP 处理提高了 Shannon 指数。秸秆还田处理与 CK 处理间差异均未达到显著水平,表明秸秆还田处理并未显著影响土壤细菌群落的多样性。三个处理中,S0 处理的 Shannon

表 4 不同秸秆还田处理下土壤养分含量

Table 4 Soil nutrient content under different straw returning treatments

处理	pH	SOC/(g·kg ⁻¹)	TN/(g·kg ⁻¹)	AP/(mg·kg ⁻¹)	AK/(mg·kg ⁻¹)	DOC/(mg·kg ⁻¹)	MBC/(μg·g ⁻¹)
CK	6.15±0.02e	21.24±0.67c	1.54±0.05c	29.09±3.73b	63.39±2.55d	39.53±2.67c	499.22±36.18b
BP	7.08±0.03c	21.83±0.12bc	1.58±0.05c	27.35±1.43b	126.84±3.65d	72.74±3.50b	521.09±48.48ab
S0	6.49±0.11d	23.32±0.80a	1.72±0.01a	28.50±0.76b	321.05±55.30c	59.23±4.58bc	546.79±54.41ab
S1	7.21±0.03b	22.25±0.80abc	1.59±0.06bc	29.63±2.54b	318.24±13.76c	73.11±5.96b	507.26±21.49b
S2	6.45±0.05d	22.56±0.57ab	1.71±0.04a	30.60±1.10b	395.68±10.78c	64.46±2.41bc	511.81±18.38b
S0BP	7.25±0.06b	23.29±0.79a	1.70±0.06a	28.10±2.62b	501.33±34.62b	106.83±6.78a	541.48±42.66ab
S1BP	7.79±0.08a	22.06±0.17abc	1.61±0.03bc	34.92±2.01a	532.18±18.96b	115.09±22.07a	595.82±29.06a
S2BP	7.29±0.13b	21.87±0.90bc	1.67±0.04ab	35.43±3.71a	641.82±105.05a	136.03±38.21a	537.09±41.25ab

表5 不同处理下土壤细菌群落 Alpha 多样性指数

Table 5 Alpha diversity index of soil bacterial communities under different straw returning treatments

处理 Treatment	Chao 指数 Chao index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	覆盖度 Coverage/%
CK	4 033.13±56.47b	6.62±0.06a	0.004 04±0.000 48ab	0.980 3±0.000 6a
BP	4 476.41±75.26a	6.66±0.11a	0.004 18±0.000 99ab	0.976 9±0.000 2c
S0	4 161.08±94.61b	6.74±0.10a	0.003 17±0.000 44b	0.979 7±0.000 1a
S1	4 379.02±121.40a	6.68±0.03a	0.004 04±0.000 19ab	0.977 6±0.000 6ab
S2	4 055.38±91.65b	6.71±0.05a	0.003 32±0.000 08b	0.980 1±0.000 4a
S0BP	4 365.91±71.28a	6.69±0.04a	0.004 08±0.000 08ab	0.977 8±0.000 6b
S1BP	4 425.12±97.68a	6.73±0.06a	0.003 48±0.000 22b	0.977 4±0.000 3ab
S2BP	4 335.55±16.34a	6.64±0.05a	0.004 61±0.001 12a	0.978 1±0.000 2b

指数最高, Simpson 指数最低, 表明 S0 处理的细菌群落的多样性最高。与秸秆还田相比, 秸秆还田配施改良剂对 Shannon 指数和 Simpson 指数的影响不显著, 表明秸秆还田配施改良剂并未显著影响土壤细菌群落的多样性。三个处理中, S1BP 处理的 Shannon 指数最高, Simpson 指数最低, 表明 S1BP 处理的细菌群落的多样性最高。

2.3 土壤细菌群落 Beta 多样性

门水平上土壤细菌群落结构组成的 PCA 分析结果(图 1a)显示, PC1 轴和 PC2 轴累计解释变异度达到 43.86%, 表明施用改良剂(膨润土和聚丙烯酰胺)和秸秆还田以及秸秆还田配施改良剂处理均显著改变了土壤细菌群落门水平的结构组成。秸秆还田配施改良剂处理(S0BP、S1BP 和 S2BP)与秸秆还田处理(S0、S1 和 S2)相比, 进一步改变了土壤细菌群落门水平的结构组

成, 且各处理间存在显著差异。

属水平上土壤细菌群落结构组成的 PCA 分析结果(图 1b)显示, PC1 轴和 PC2 轴累计解释变异度达到 28.48%, BP 处理和秸秆还田(S0、S1 和 S2)处理均与 CK 处理明显分开, 表明其与 CK 处理土壤细菌群落属水平的结构组成差异明显。其中 S0 和 S2 处理间有重叠, 表明两个处理间有大部分细菌群落在属水平上相同, 结构组成相似。秸秆还田配施改良剂(S0BP、S1BP 和 S2BP)处理明显离散于秸秆还田(S0、S1 和 S2)处理, 表明秸秆还田配施改良剂的处理与秸秆还田处理间存在显著差异。相似地, S0BP 处理与 S2BP 处理间也有重叠, 表明两个处理间有大部分细菌群落在属水平上相同, 结构组成相似。

2.4 土壤细菌群落组成

不同处理的土壤细菌门水平相对丰度如图 2 所

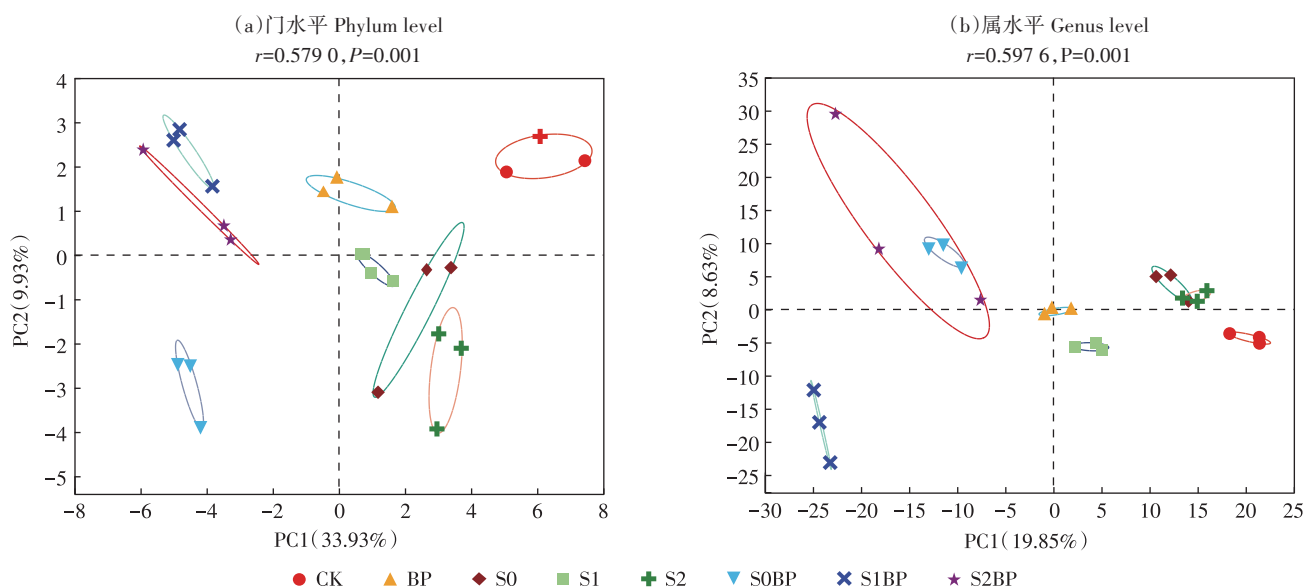


图1 不同处理下土壤细菌群落组成的主成分分析

Figure 1 Principal component analysis of the composition of the soil bacterial community under different treatments

示,平均相对丰度>5%的优势菌门为变形菌门(Proteobacteria, 16.42%~26.01%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 15.62%~20.46%)、酸杆菌门(Acidobacteriota, 8.71%~15.86%)、放线菌门(Actinobacteriota, 7.08%~11.47%)、厚壁菌门(Firmicutes, 7.29%~11.74%)、芽单胞杆菌门(Gemmatimonadota, 4.26%~6.34%)和浮霉菌门(Planctomycetota, 4.39%~5.27%),占全部土壤菌门的75.07%~85.44%。

土壤细菌门水平的组间差异显著性检验如图3所示,与CK处理相比,BP处理显著提高了土壤细菌变形菌门(Proteobacteria)、脱硫杆菌门(Desulfobacterota)和拟杆菌门(Bacteroidota)的相对丰度,显著降低了绿弯菌门(Chloroflexi)和放线菌门(Actinobacteriota)的相对丰度。秸秆还田处理(S0、S1和S2)均显著提高了土壤细菌变形菌门(Proteobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidota)的相对丰度,S1处理显著降低了放线菌门(Actinobacteriota)的相对丰度,S2处理显著降低了脱硫杆菌门(Desulfobacterota)的相对丰度。与秸秆还田相比,秸秆还田配施改良剂处理(S0BP、S1BP和S2BP)显著提高了土壤细菌拟杆菌门(Bacteroidota)和脱硫杆菌门(Desulfobacterota)的相对丰度,显著降低了酸杆菌门(Acidobacteriota)和放线菌门(Actinobacteriota)的相对丰度。

2.5 土壤细菌群落组成与土壤性质之间的相关性分析

门水平的土壤细菌相对丰度与土壤理化性质的冗余分析(RDA)结果(图4)表明,RDA1轴和RDA2轴的解釋度达62.72%。土壤最小持水量(田间持水量,WHC)、总孔隙度(SP)、容重(BD)、有机碳含量(SOC)、速效钾含量(AK)、微生物生物量碳含量(MBC)和pH值对土壤细菌群落门水平相对丰度和结构组成有显著影响。

图5为土壤理化性质与门水平相对丰度前15的

土壤细菌群落相关热图分析结果。土壤pH、最小持水量、孔隙度、速效钾和溶解性有机碳含量、微生物生物量碳含量与脱硫杆菌门(Desulfobacterota)、变形菌门(Proteobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidota)的相对丰度呈正相关关系,与硝化螺旋杆菌门(Nitrospirota)、放线菌门(Actinobacteriota)、酸杆菌门(Acidobacteriota)和装甲菌门(Armatimonadota)的相对丰度呈负相关关系。

3 讨论

3.1 土壤细菌群落的丰度与多样性

本研究中,各处理不同程度地提高了土壤细菌的丰度(Chao指数),对土壤细菌的多样性(Shannon指数、Simpson指数)没有显著影响(表5)。赵雪淞等^[15]研究肥料与膨润土配施对土壤微生物多样性影响的结果表明,与对照处理相比,配施处理的土壤细菌丰度增加了158%。杨立杰等^[16]对潮棕壤的研究结果表明,秸秆添加量为 $5\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 时配施化肥比单施化肥显著提升了土壤细菌丰度。土壤细菌的丰度和多样性受多种因素的共同影响,大量研究表明,土壤pH值是影响细菌群落多样性和组成的主导因素^[17-19],这与本研究结果一致,表明酸化对细菌驱动的土壤生态过程具有潜在的重大影响^[20]。另外,耕作方式、干湿交替、全球变暖也会影响土壤细菌群落结构组成^[13,21]。不仅如此,本研究还发现,土壤最小持水量(田间持水量)、总孔隙度、容重、有机碳含量、速效钾含量、微生物生物量碳含量显著影响细菌群落的多样性和丰度(图4)。Yang等^[21]的研究表明,土壤容重和有机碳含量影响了土壤细菌多样性,秸秆还田增加了土壤中大团聚体比例,降低土壤容重,提高孔隙度^[22-23],使得土壤能够保持更多水分,增强微生物活动^[8]。秸秆为微生物提供了额外的碳源,尤其增加了易被利用的不稳

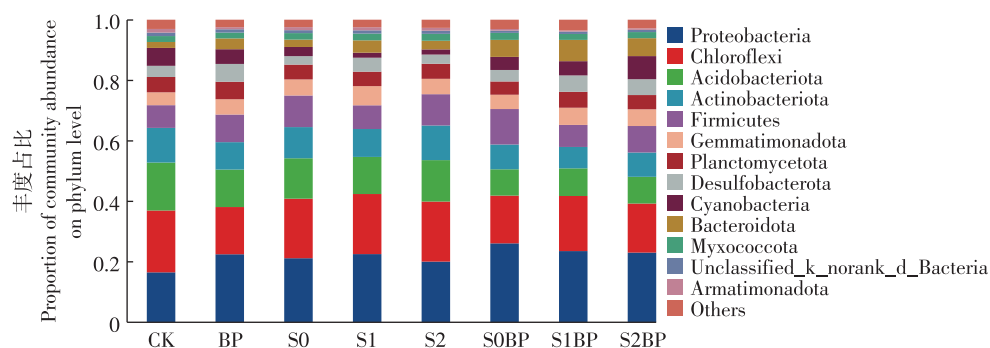


图2 不同处理下土壤细菌门水平群落组成

Figure 2 Community composition of soil bacterial phylum levels under different treatments

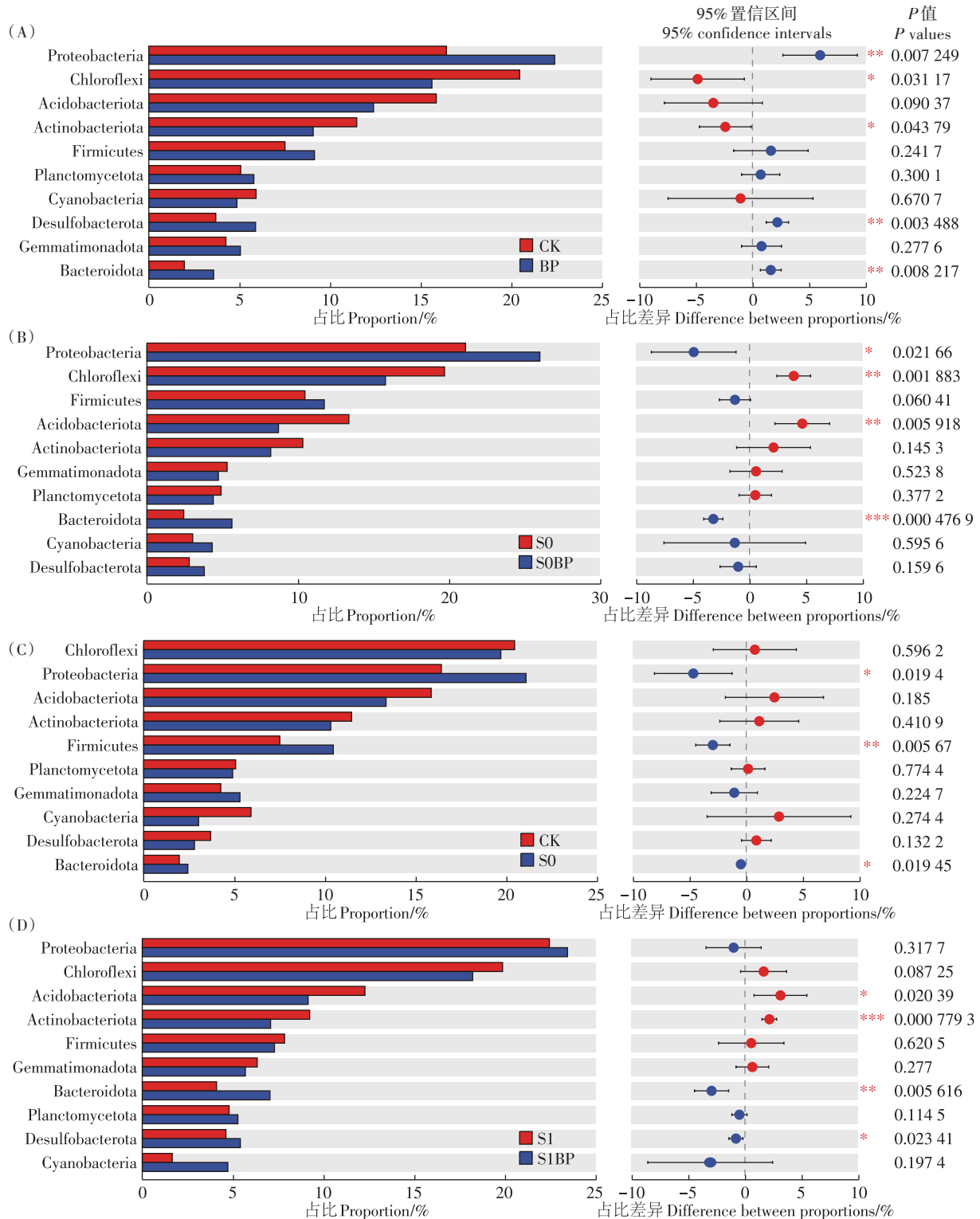
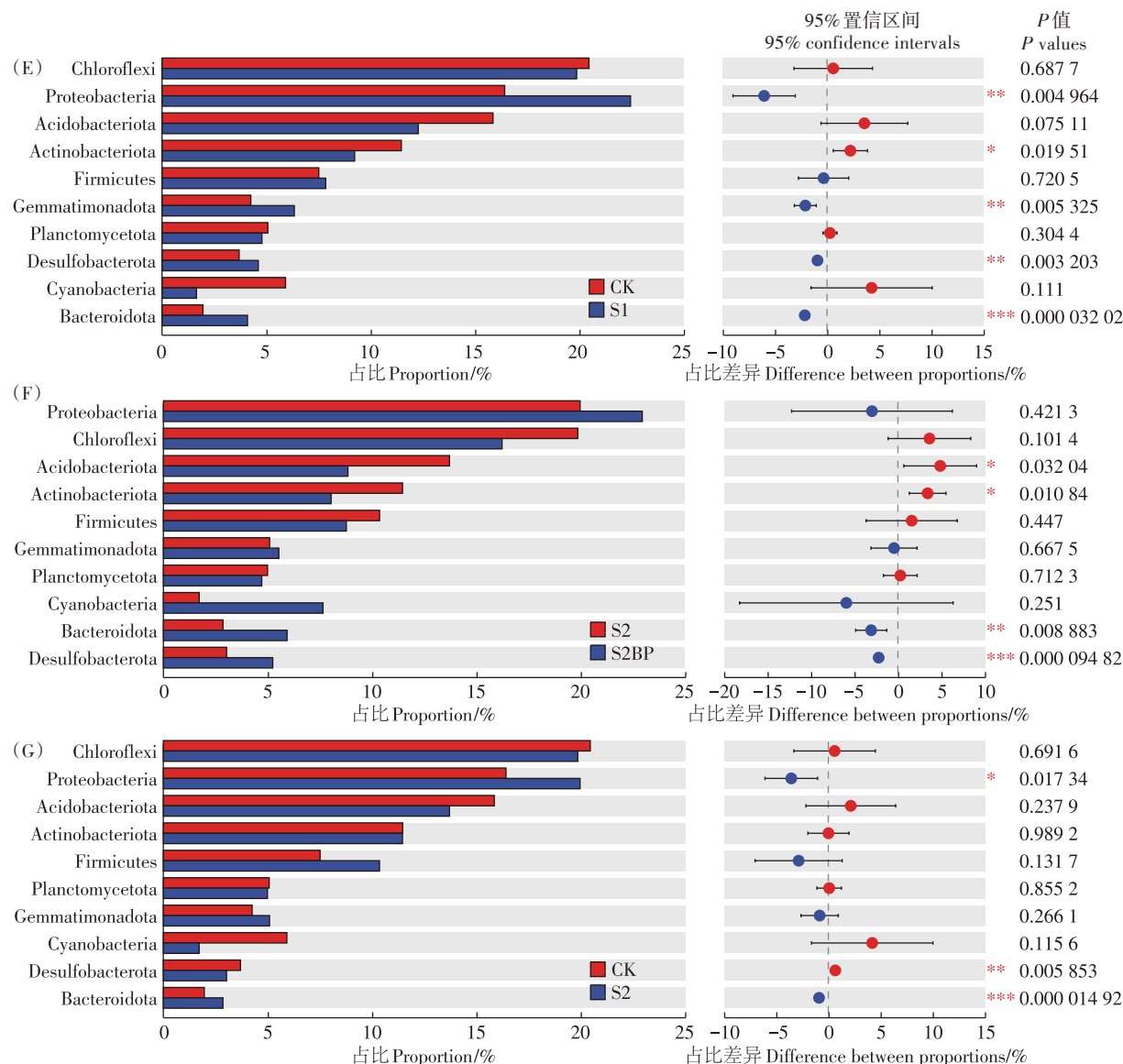


图3 土壤细菌门水平的组间差异显著性检验

Figure 3 Test for significance of differences between groups at the phylum level of soil bacterial

定的碳含量^[6-7],而且秸秆还田能刺激碳循环相关酶活性的提高,促进稳定的碳向不稳定碳的转化^[24]。Liu 等^[25]和 Wu 等^[26]的研究表明,土壤 pH、有效磷含量、速效钾含量影响微生物活动。Yang 等^[27]的研究表

明,秸秆还田降低了土壤水势,改变了微生物群落组成,与本研究结论一致,即秸秆还田通过为土壤细菌提供养分和生存空间提高其丰度。本研究还表明膨润土和聚丙烯酰胺主要通过改善土壤物理结构、



*表示 $P<0.05$; **表示 $P<0.01$; ***表示 $P<0.001$ 。下同。
* indicates $P<0.05$; ** indicates $P<0.01$; *** indicates $P<0.001$. The same below.

续图3 土壤细菌门水平上的组间差异显著性检验

Continued figure 3 Test for significance of differences between groups at the phylum level of soil bacterial

改变土壤水气环境、加速秸秆分解来提高土壤细菌群落丰度。

3.2 土壤细菌群落的组成结构

土壤细菌的变形菌门(Proteobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)已被证实为主导秸秆分解的细菌,秸秆还田使土壤细菌的变形菌门(Proteobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)的相对丰度增加^[28],与本研究结果一致(图3),与CK处理相比,秸秆还田处理显著提高了土壤细菌变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)的相对丰度。本试验所用土壤的C/N为11.28,对微生物生长的碳限制较小;三种还田处理

(S0、S1和S2)两季的秸秆C/N分别为47.07、47.28、22.36、19.84和18.42、22.91。相比之下,S0处理的秸秆还田后为土壤提供了更多的有机碳而不是有机氮,这更有利于促进土壤微生物的生长^[28]。细菌的变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)和厚壁菌门(Firmicutes)被认为是富营养类群,这类细菌在土壤养分(尤其是不稳定的SOC)充足时表现出较快的生长速度和更高的相对丰度^[13]。这与本研究结果并不完全一致,S0处理还田的秸秆提供了更多的有机碳,但S1处理的变形菌门(Proteobacteria)相对丰度相较于CK处理的增幅更大(图3),可能是因为S1处

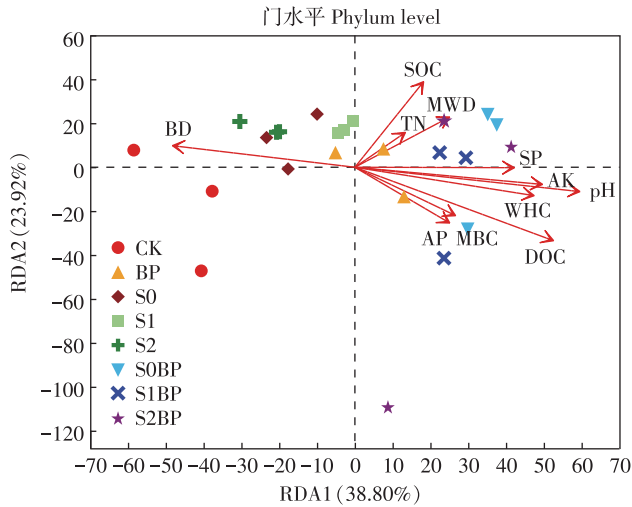


图4 土壤细菌群落组成与土壤性质的相关性冗余分析(RDA)
Figure 4 Redundancy analysis of the correlation between soil bacterial community composition and soil properties

理的秸秆在堆肥期间虽然降低了C/N,但产生了更多有利于细菌生长的不稳定有机碳,促进富营养类群细菌的生长,不利于寡营养类群细菌生长^[10]。王晓菲等^[29]的试验表明,绿肥等新鲜植物中含有较多的不稳定或易分解的有机碳,苜蓿翻压还田显著提高了厚壁菌门(Firmicutes)的相对丰度。酸杆菌门(Acidobacteriota)被认为是寡营养类群,这类细菌在土壤有机碳

不足时能分解利用稳定的有机碳,秸秆掺入土壤使变形菌门(Proteobacteria)等富营养类群的相对丰度增加,导致酸杆菌门(Acidobacteriota)等寡营养类群的相对丰度降低^[13,30]。这与本研究结果一致(图5),即土壤速效钾(AK)、有效磷(AP)和溶解性有机碳(DOC)含量与变形菌门(Proteobacteria)表现为正相关关系,与酸杆菌门(Acidobacteriota)表现为负相关关系。Sun等^[11]的研究表明,放线菌门(Actinobacteriota)在土壤养分充足时表现出较快的生长速度和较高的相对丰度,与本研究结果相反。本研究中,放线菌门(Actinobacteriota)与土壤养分表现为显著的负相关关系,可能是因为变形菌门(Proteobacteria)、脱硫杆菌门(Desulfobacterota)和拟杆菌门(Bacteroidota)生长较快,相对丰度较高,使得放线菌门(Actinobacteriota)表现出相对丰度较低的结果。由图3可以看出,秸秆还田配施改良剂的处理(S0BP、S1BP、S2BP)相较于秸秆还田处理(S0、S1、S2)均显著提高了细菌中富营养类群拟杆菌门(Bacteroidota)的相对丰度,显著降低了细菌中寡营养类群酸杆菌门(Acidobacteriota)的相对丰度,推测向土壤中添加膨润土和聚丙烯酰胺可能会促进还田秸秆的分解^[15,31-32]。

秸秆在土壤中的腐解是一个十分复杂的过程, Miao等^[33]的研究结果表明,真菌使用纤维素酶将纤维

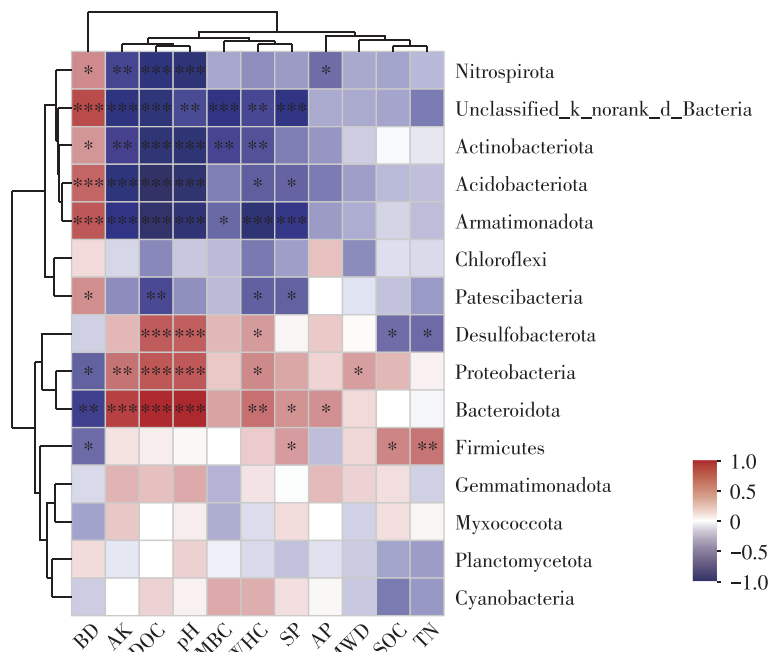


图5 土壤细菌群落门水平相对丰度与土壤理化性质的相关热图分析

Figure 5 Heat map analysis of the relative abundance of soil bacterial communities at the phylum level in relation to soil physicochemical properties

素分解成纤维素糊精或完全分解为单分子葡萄糖,这些单糖有利于细菌的生长。Fan等^[34]的研究结果表明,秸秆中的碳能够在还田前期被土壤细菌同化吸收,这些细菌主要属于放线菌门(Actinobacteriota)、厚壁菌门(Firmicutes)和变形杆菌门(Proteobacteria)。根据微生物的营养类群可以解释这种现象,秸秆还田初期土壤中养分充足,富营养类群较多的细菌活动强烈,表现出更高的相对丰度^[13,28,30]。秸秆还田使土壤中富营养类群细菌相对丰度增加,一方面原因是还田的秸秆中含有易被利用的营养物质,另一方面原因是土壤中的真菌将秸秆中的纤维素分解为单糖供给细菌生长。

4 结论

(1)盆栽试验表明,两季秸秆还田及施用改良剂改善了土壤的物理结构以及养分状况,提高了土壤肥力,改变了土壤细菌群落组成和相对丰度,对土壤细菌群落多样性没有显著影响。

(2)1%的烟秆/稻秸直接还田显著提高了厚壁菌门(Firmicutes)的相对丰度,1%的烟秆/稻秸与牛粪堆腐物配施还田显著提高了芽单胞杆菌(Gemmatimonadota)和脱硫杆菌门(Desulfobacterota)的相对丰度,显著降低了放线菌门(Actinobacteriota)的相对丰度。

(3)土壤养分含量和土壤物理性质的综合作用驱动土壤细菌群落结构的改变,土壤pH、最小持水量、孔隙度、速效钾和溶解性有机碳含量、微生物生物量碳含量与脱硫杆菌门(Desulfobacterota)、变形菌门(Proteobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidota)的相对丰度呈正相关关系,与硝化螺旋杆菌门(Nitrospirota)、放线菌门(Actinobacteriota)、酸杆菌门(Acidobacteriota)和装甲菌门(Armatimonadota)的相对丰度呈负相关关系。

参考文献:

- [1] 熊德中,蔡海洋,罗光,等.福建烟区土壤主要物理化学性状的研究[J].中国生态农业学报,2007,15(3):21-24. XIONG D Z, CAI H Y, LUO G, et al. Analysis of the physical and chemical characteristics of Fujian tobacco-growing soils[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2007, 15(3):21-24.
- [2] 李渊博,包晓容,穆童.烟草施肥方式研究进展[J].安徽农业科学,2020,48(4):20-23. LI Y B, BAO X R, MU T. Research progress of tobacco fertilization methods[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2020, 48(4):20-23.
- [3] YU C R, WANG X J, HU B, et al. Effects of wheat straw incorporation in cotton-wheat double cropping system on nutrient status and growth in cotton[J]. *Field Crops Research*, 2016, 197:39-51.
- [4] 杨会超,詹良,范才银,等.秸秆还田对土壤理化性状及烟叶品质的影响[J].湖南农业科学,2018(5):45-48. YANG H C, ZHAN L, FAN C Y, et al. Effects of straw returning on soil physical and chemical properties and quality of tobacco leaves[J]. *Hunan Agricultural Sciences*, 2018(5):45-48.
- [5] LUO G W, LI L, FRIMAN V-P, et al. Organic amendments increase crop yields by improving microbe-mediated soil functioning of agroecosystems: a meta-analysis[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, 124:105-115.
- [6] MAARASTAWI S A, FRINDTE K, BODELIER P L E, et al. Rice straw serves as additional carbon source for rhizosphere microorganisms and reduces root exudate consumption[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 135:235-238.
- [7] DING S, LI C B, DING X Y, et al. An exploration of manure derived N in soils using ¹⁵N after the application of biochar, straw and a mix of both[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 804:150239.
- [8] AZIZI-RAD M, GUGGENBERGER G, MA Y M, et al. Sensitivity of soil respiration rate with respect to temperature, moisture and oxygen under freezing and thawing[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2022, 165:108488.
- [9] MO F, ZHU Y, WANG Z Y, et al. Polyethylene film mulching enhances the microbial carbon-use efficiency, physical and chemical protection of straw-derived carbon in an Entisol of the Loess Plateau[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 792:148357.
- [10] 王娟娟,朱紫娟,钱晓晴,等.全年稻麦秸秆还田对稻田土壤细菌群落结构的影响[J].中国土壤与肥料,2021(4):57-65. WANG J J, ZHU Z J, QIAN X Q, et al. Effects of year-round rice-wheat straw return on soil bacterial community structure in paddy fields[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2021(4):57-65.
- [11] SUN L, XUN W B, HUANG T, et al. Alteration of the soil bacterial community during parent material maturation driven by different fertilization treatments[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 96:207-215.
- [12] BAHRAM M, HILDEBRAND F, FORSLUND S K, et al. Structure and function of the global topsoil microbiome[J]. *Nature*, 2018, 560(7717):233-237.
- [13] DONG W Y, LIU E K, YAN C R, et al. Impact of no tillage vs. conventional tillage on the soil bacterial community structure in a winter wheat cropping succession in northern China[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2017, 80:35-42.
- [14] 鲁如坤.土壤农业化学分析方法[M].三版.北京:中国农业科技出版社,2000:25-114. LU R K. Methods of agrochemical analysis of soil[M]. 3rd Edition. Beijing:China Agricultural Science and Technology Press, 2000:25-114.
- [15] 赵雪淞,杨晨曦,冯良山,等.膨润土与肥料配施对土壤生化特性和微生物数量的影响[J].中国土壤与肥料,2020(5):183-188. ZHAO X S, YANG C X, FENG L S, et al. Effects of the combination of bentonite and fertilizer on soil biochemical characteristics and microbial quantity[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2020(5):

- 183-188.
- [16] 杨立杰, 张丽莉, 李东坡, 等. 硝化抑制剂和秸秆对潮棕壤碳氮转化和微生物群落特征的短期影响[J]. 中国土壤与肥料, 2017(1): 86-91. YANG L J, ZHANG L L, LI D P, et al. Short-term effects of nitrification inhibitor and straw on aquatic brown soil carbon and nitrogen mineralization and microbial community structure[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2017(1): 86-91.
- [17] NIE Y X, WANG M C, ZHANG W, et al. Ammonium nitrogen content is a dominant predictor of bacterial community composition in an acidic forest soil with exogenous nitrogen enrichment[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 624: 407-415.
- [18] YANG C, LIU N, ZHANG Y J. Soil aggregates regulate the impact of soil bacterial and fungal communities on soil respiration[J]. *Geoderma*, 2019, 337: 444-452.
- [19] WU Y C, ZENG J, ZHU Q H, et al. pH is the primary determinant of the bacterial community structure in agricultural soils impacted by polycyclic aromatic hydrocarbon pollution[J]. *Scientific Reports*, 2017, 7(1): 40093.
- [20] PÉREZ-JARAMILLO J E, DE HOLLANDER M, RAMÍREZ C A, et al. Deciphering rhizosphere microbiome assembly of wild and modern common bean (*Phaseolus vulgaris*) in native and agricultural soils from Colombia[J]. *Microbiome*, 2019, 7(1): 114.
- [21] YANG Y, LI T, WANG Y Q, et al. Negative effects of multiple global change factors on soil microbial diversity[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, 156: 108229.
- [22] GAO L L, BECKER E, LIANG G P, et al. Effect of different tillage systems on aggregate structure and inner distribution of organic carbon[J]. *Geoderma*, 2017, 288: 97-104.
- [23] SARKER J R, SINGH B P, COWIE A L, et al. Carbon and nutrient mineralisation dynamics in aggregate-size classes from different tillage systems after input of canola and wheat residues[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, 116: 22-38.
- [24] BEI S K, LI X, KUYPER T W, et al. Nitrogen availability mediates the priming effect of soil organic matter by preferentially altering the straw carbon-assimilating microbial community[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 815: 152882.
- [25] LIU X Z, MA Y Y, MANEVSKI K, et al. Biochar and alternate wetting-drying cycles improving rhizosphere soil nutrients availability and tobacco growth by altering root growth strategy in Ferralsol and Anthrosol[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 806: 150503.
- [26] WU L P, MA H, ZHAO Q L, et al. Changes in soil bacterial community and enzyme activity under five years straw returning in paddy soil[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2020, 100: 103215.
- [27] YANG H S, FENG J X, ZHAI S L, et al. Long-term ditch-buried straw return alters soil water potential, temperature, and microbial communities in a rice-wheat rotation system[J]. *Soil and Tillage Research*, 2016, 163: 21-31.
- [28] ZHAO S C, QIU S J, XU X P, et al. Change in straw decomposition rate and soil microbial community composition after straw addition in different long-term fertilization soils[J]. *Applied Soil Ecology*, 2019, 138: 123-133.
- [29] 王晓菲, 罗珠珠, 张仁陟, 等. 黄土高原苜蓿-粮食作物轮作下土壤细菌群落特征和生态功能预测[J]. 应用生态学报, 2022, 33(4): 1109-1117. WANG X F, LUO Z Z, ZHANG R Z, et al. Soil bacterial community characteristics and ecological function prediction of alfalfa and crop rotation systems in the Loess Plateau, northwest China[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2022, 33(4): 1109-1117.
- [30] NAETHER A, FOESEL BÄRBEL U, NAEGELE V, et al. Environmental factors affect acidobacterial communities below the subgroup level in grassland and forest soils[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2012, 78(20): 7398-7406.
- [31] 赵旭, 樊军, 王茜, 等. 添加木本泥炭和膨润土对侵蚀退化黑土理化性质的影响[J]. 土壤学报, 2022, 59(4): 953-963. ZHAO X, FAN J, WANG X, et al. Effects of adding woody peat and bentonite on physical and chemical properties of eroded and degraded black soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2022, 59(4): 953-963.
- [32] 于亚莉, 史东梅, 蒋平. 不同土壤管理措施对坡耕地土壤氮磷养分流失的控制效应[J]. 水土保持学报, 2017, 31(1): 30-36. YU Y L, SHI D M, JIANG P, Effect of different soil management measures on controlling soil nitrogen and phosphorus loss from slop farmland[J]. *Journal of Soil and Water Conservation* 2017, 31(1): 30-36.
- [33] MIAO Y C, NIU Y H, LUO R Y, et al. Lower microbial carbon use efficiency reduces cellulose-derived carbon retention in soils amended with compost versus mineral fertilizers[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, 156: 108227.
- [34] FAN F L, YIN C, TANG Y J, et al. Probing potential microbial coupling of carbon and nitrogen cycling during decomposition of maize residue by ¹³C-DNA-SIP[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 70: 12-21.