



秸秆与水分耦合对稻田微生物群落组成的影响

甘国渝, 刘本福, 陈高航, 冯繁文, 李继福

引用本文:

甘国渝, 刘本福, 陈高航, 等. 秸秆与水分耦合对稻田微生物群落组成的影响[J]. 热带亚热带植物学报, 2025, 33(5): 523–532.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11926/jtsb.4918>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

武夷山常绿阔叶林土壤微生物多样性的季节动态

Seasonal Dynamics in Soil Microorganisms Diversity of Evergreen Broad-leaved Forest in Wuyi Mountains, Southeastern China
热带亚热带植物学报. 2017, 25(2): 115–126 <https://doi.org/10.11926/jtsb.3656>

基于宏基因组的茉莉花内生细菌多样性分析

Analysis of Endophytes Diversity in *Jasminum sambac* (L.) Ait by Metagenomic Technology
热带亚热带植物学报. 2018, 26(6): 633–643 <https://doi.org/10.11926/jtsb.3925>

巨桉连栽对土壤微生物生物量和数量的影响

热带亚热带植物学报. 2020, 28(1): 35–43 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4081>

人为干扰对栲树次生林群落物种多样性和土壤理化性质的影响

Effect of Human Disturbance on Species Diversity and Soil Physiochemical Properties of *Castanopsis fargesii* Secondary Forest
热带亚热带植物学报. 2018, 26(4): 355–362 <https://doi.org/10.11926/jtsb.3843>

外来入侵植物薇甘菊的2种化感物质对土壤氮循环的影响

Effects of Two Allelochemicals in Alien Invasive Plant *Mikania micrantha* on Soil Nitrogen Cycling
热带亚热带植物学报. 2020, 28(3): 292–300 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4150>

向下翻页，浏览PDF全文

秸秆与水分耦合对稻田微生物群落组成的影响

甘国渝¹, 刘本福¹, 陈高航¹, 冯繁文¹, 李继福^{2*}

(1. 湖北省烟草公司恩施州公司, 湖北 恩施 445000; 2. 长江大学农学院, 湖北 荆州 434000)

摘要: 为深入了解不同水分和秸秆添加对稻田土壤微生物磷循环功能基因群落组成、结构和多样性的影响, 以江汉平原典型水稻土为研究对象, 设置模拟旱地、旱地添加秸秆、水田和水田添加秸秆 4 个处理, 在 25 °C 下恒温培养 30 d, 采用 Illumina Miseq 高通量测序技术分析土壤细菌、真菌的群落组成和多样性及优势菌群对土壤水分和秸秆添加变化的响应。结果表明, 模拟旱地中细菌群落丰富度和多样性高于水田; 而模拟水田中真菌群落丰富度和多样性高于旱地; 添加秸秆有助于提升土壤 *phoD* 基因群落丰富度, 而水分对其丰富度影响较弱。冗余分析表明水分对土壤细菌群落结构影响较大; 而秸秆添加对土壤真菌群落结构影响较大。土壤细菌和真菌门分类水平上不受水分和秸秆添加量的影响, 各处理土壤细菌群落中优势菌是变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Acidobacteria) (相对丰度>15.0%); 真菌群落中优势菌是子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota) (相对丰度>5.0%)。因此, 土壤水分和秸秆添加对稻田土壤磷循环微生物群落组成和结构有着重要影响。

关键词: 水田; 旱地; 秸秆; 土壤磷; 微生物

doi: 10.11926/jtsb.4918

CSTR:32235.14.jtsb.4918

Effects of Coupling of Straw and Water on Microbial Community Composition in Paddy Field

GAN Guoyu¹, LIU Benfu¹, CHEN Gaohang¹, FENG Fanwen¹, LI Jifu^{2*}

(1. Enshi Prefecture Company of Hubei Provincial Tobacco Corporation, Enshi 445000, Hubei, China; 2. College of Agriculture, Yangtze University, Jingzhou 434000, Hubei, China)

Abstract: To deeply understand the effects of different moisture and straw addition on the composition, structure and diversity of soil microbial phosphorus cycling functional gene communities in paddy fields, typical paddy soil in Jiangnan Plain was selected as the research object. Four treatments were set up including simulated dry land, dry land with straw addition, paddy field and paddy field with straw addition. The samples were incubated at a constant temperature of 25 °C for 30 days. The community composition and diversity of soil bacteria and fungi and the responses of dominant bacterial groups to changes in soil moisture and straw addition were analyzed by using Illumina Miseq high-throughput sequencing technology. The results showed that the richness and diversity of bacterial communities in simulated dry land were higher than those in paddy fields; while the richness and diversity of fungal communities in simulated paddy fields were higher than those in dry land. Straw addition was conducive to increasing the richness of soil *phoD* gene communities, while moisture had a relatively weak effect on its richness. Redundancy analysis indicated that moisture had a greater impact on the structure of soil bacterial communities; while straw addition had a greater impact on the structure of soil fungal communities. At the phylum level, soil bacteria and fungi were not affected by moisture and straw addition. The dominant bacteria in

收稿日期: 2024-03-24

接受日期: 2024-07-29

基金项目: 农业农村部作物需水与调控重点实验室项目(ZWS202302); 农业农村部农作物种植补贴项目(J2022015)资助

This work was supported by the Project for Key Laboratory Project of Crop Water Demand and Regulation of the Ministry of Agriculture and Rural Affairs (Grant No. ZWS202302), and the Project for Crop Planting Subsidy of the Ministry of Agriculture and Rural Affairs (Grant No. J2022015).

作者简介: 甘国渝(1997 年生), 男, 助理农艺师, 主要从事烟草叶生产工作。E-mail: 1819771673@qq.com

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: jifuli@yangtzeu.edu.cn

the soil bacterial communities of each treatment were Proteobacteria and Acidobacteria (relative abundance > 15.0%); the dominant fungi in the soil fungal communities were Ascomycota and Basidiomycota (relative abundance > 5.0%). Therefore, soil moisture and straw addition have significant effects on the composition and structure of soil phosphorus cycling microbial communities in paddy fields.

Key words: Paddy soil; Upland; Straw; Soil phosphorus; Microorganism

土壤养分与水分密不可分, 不同的土壤水分影响土壤中养分的转化速率和移动速率以及土壤微生物活性等, 从而改变植物对养分的吸收利用和积累, 最终改变养分分配^[1]。秸秆还田可通过归还养分和减少土壤吸附来增加土壤养分有效性, 降低土壤容重和改善土壤结构, 培肥土壤, 促进作物增产; 还可通过增加土壤有机碳的直接输入实现固碳、维持土壤有机质平衡, 促进土壤养分循环^[2]。而土壤微生物对于维持土壤系统的稳定性和可持续性具有重要的作用, 土壤环境与微生物群落间的相互影响与适应在很大程度上体现了土壤的地力水平^[3]。土壤微生物多样性是评价土壤质量变化的重要指标之一^[4], 能迅速地响应水肥管理、种植模式以及土地利用方式带来的变化^[5]。因此, 研究不同水分条件和秸秆添加对土壤微生物群落组成及多样性具有十分重要的意义。

近年来许多研究开始关注土壤水分条件变化对陆地生态系统功能和微生物群落结构造成的影响^[6]。Ochoa-Hueso 等^[7]在对南美洲和澳洲草地生态系统的研究表明, 干旱显著改变了土壤中细菌和真菌的群落结构, 并选择出一系列具有较强耐旱能力的微生物。Bapiri 等^[8]分别利用 ³H 标记的亮氨酸和 ¹⁴C 标记的醋酸来研究重复干湿交替事件对细菌和真菌生长的影响, 结果表明, 细菌生长受到干湿交替的影响而降低, 真菌则不受影响。同时, *phoD* 基因是编码细菌 ALP 的 3 个同源基因(*phoA*, *phoD*, *phoX*)之一^[9], 在陆地生态系统中普遍存在, 土壤总磷(TP)和 *phoD* 基因相关土壤解磷细菌群落组成是速效磷(AP)的主要影响因素, 研究该基因相关的细菌群落可以更好地了解旱地土壤解磷细菌状况。此外, 水分状况也可影响土壤微生物群落结构或活性。牛佳等^[10]研究表明淹水条件下微生物 PLFAs 总量和各菌群 PLFAs 含量显著高于无淹水土壤。秸秆还田对土壤微生物的影响也成为研究热点。相关研究^[11]指出, 玉米秸秆还田后, 土壤微生物对碳源的利用能力提高, 微生物群落多样性及均匀度增加; 水稻秸秆还田后, 土壤中碳源种类产生变化, 细

菌优势种群及相应丰度改变^[12]。刘定辉等^[13]研究表明, 小麦秸秆长期还田后土壤微生物数量的增加主要因为细菌数量的增加, 且收获期土壤细菌数量高于分蘖期。但 Lou 等^[14]研究表明, 秸秆覆盖减小了土壤温度的季节性变化, 使土壤微生物生物量和活性的季节性变化特征减弱。目前, 有关水分状况、秸秆还田对土壤微生物群落变化的单独研究较多, 但针对水分状况和秸秆还田二者同时对土壤微生物影响研究较为缺乏。因此, 本研究选取江汉平原典型的水稻土为研究对象, 开展不同水分状况和秸秆添加室内恒温培养试验, 利用高通量测序技术对土壤细菌和真菌群落进行多样性和群落组成分析, 探究土壤环境与微生物群落间产生的变化, 以期为水分和秸秆添加对土壤微生物群落组成及多样性的影响提供理论基础。

1 材料和方法

1.1 供试材料

土壤采样区位于长江大学教学科研试验基地, 属江汉平原腹地(30°21' N、112°09' E, 海拔 32 m), 东部季风农业气候大区、北亚热带农业气候带、长江中下游农业气候区, 年均温 16.5 °C, 年均降水量约 1 095 mm, 年均日照时间 1 718 h。地下水位较浅, 约 3 m, 该区农作物主要为冬小麦(*Triticum aestivum*)、水稻(*Oryza sativa*)、玉米(*Zea mays*)和油菜(*Brassica napus*)等。于 2021 年 7 月, 水稻收获期, 利用五点取样法采集稻田土壤(20 cm 深表层土壤), 风干后制样备用。试验前 0~20 cm 耕层土壤基本理化性质为: pH 值 7.72、总氮 3.31 g/kg、总磷 0.79 g/kg、总钾 6.13 g/kg、有机质 25.61 g/kg、碱解氮 136.7 mg/kg、有效磷 15.33 mg/kg、速效钾 35.58 mg/kg。

秸秆取自长江大学教学科研试验基地, 于 2021 年 7 月, 水稻收获期, 人工采集水稻秸秆, 取回实验室烘箱烘干, 高速粉碎机粉碎备用。水稻秸秆碳含量 403.1 g/kg、氮含量 3.64 g/kg、磷含量 0.9 g/kg、碳氮比为 110.7。

1.2 试验设计

本研究通过室内培养试验进行, 土壤设置旱地(D)、旱地添加秸秆(DS)、水田(W)和水田添加秸秆(WS)4个处理, 每个处理均设置3个重复。

每个处理取200 g土壤样品装入250 mL的聚乙烯塑料广口瓶中, 旱地处理保持40%的质量饱和含水率, 水田处理保持淹水2 cm高度, 其中秸秆处理土壤均加入4 g水稻秸秆粉末。在设定的25℃恒温培养箱下遮光培养30 d。每3 d利用称量法对各处理进行补水, 以保持恒定的土壤含水率。

1.3 样品测试

取样时, 将每个处理土壤混匀, 然后采集1.5 g土壤, 用Omega Soil DNA Kit试剂盒(Omega生物技术公司, 美国)提取土壤样品总DNA, 分别使用1.2%琼脂糖凝胶电泳和NanoDrop 2000分光光度计检测DNA长度和完整性(5 V/cm, 20 min)、浓度和纯度^[15]。土壤细菌16S rDNA V4区扩增采用正向引物515F (5'-GTGYCAGCMGCCGCGGTAA-3')和反向引物806R (5'-GGACTACNVGGGTWTCTAAT-3'), 真菌ITS扩增采用正向引物ITS5 (5'-GGAAGTAA-AAGTCGTAACAAGG-3')和反向引物ITS2 (5'-GCT-GCGTTCTTCATCGATGC-3')^[16], *phoD*扩增采用引物ALPS-F730 (5'-CAGTGGGACGACCACGAGGT-3')和ALPS-R1101 (5'-GAGGCCGATCGGCATGTCG-3')^[17]。16S和ITS扩增分别使用High-Fidelity DNA聚合酶和25 μL反应体系。PCR扩增程序为: 98℃预变性2 min, 细菌和真菌分别循环27、35次, 循环体系包括98℃变性15 s, 55℃退火30 s, 72℃延伸30 s; 72℃延伸5 min后10℃停止, 保存^[18]。

扩增结束后将PCR产物回收并经过纯化、检测、定量等步骤, 使用Illumina Novaseq测序平台(PE250)进行文库构建、测序, 细菌和真菌微生物多样性由

武汉百易汇能生物科技有限公司完成(测定项目包含物种组成分析、 α -、 β -多样性分析、物种差异分析和标志物种等)。

1.4 数据处理

高通量测序结果经质量初筛后按照index和barcode信息进行文库和样本划分, 并去除barcode序列, 进行序列去噪和聚类。对不同处理土壤物种分类学水平的具体组成进行展示, 使用Krona软件进行群落分类学组成的交互展示^[19-20]。利用QIIME2软件, 使用未抽平的ASV表计算土壤微生物Chao1指数和Species指数^[21]表征群落物种丰富度, 以Shannon指数和Simpson指数^[22]表征群落物种的多样性。试验数据采用MS Excel、Origin 2021b软件计算和处理, Adobe Illustrator软件进行图片修饰和编辑, LSD法检验以 $P<0.05$ 表示显著差异。采用Canoco5.0软件进行环境因子对土壤磷组分的冗余分析。

2 结果和分析

2.1 对土壤细菌、真菌和 *phoD* α -多样性的影响

绘制稀疏曲线确定数据抽平分析过程中样本 α -多样性变化趋势。由图1可见, 4组不同处理土壤样品的稀疏曲线最终在抽平深度达到50 000后均趋于平坦, 表明 α -多样性接近饱和。 α -多样性指数与ASV数据抽平深度有关, 表明测序结果已足够反映当前样本所包含的多样性, 继续增加已无法检测到大量的尚未发现的新ASV。

不同水分和秸秆添加处理显著影响细菌、真菌和*phoD*群落的丰富度, 而对细菌、真菌和*phoD*的多样性无明显影响(表1)。细菌群落在D处理下Chao1指数、Species指数、Simpson指数和Shannon指数

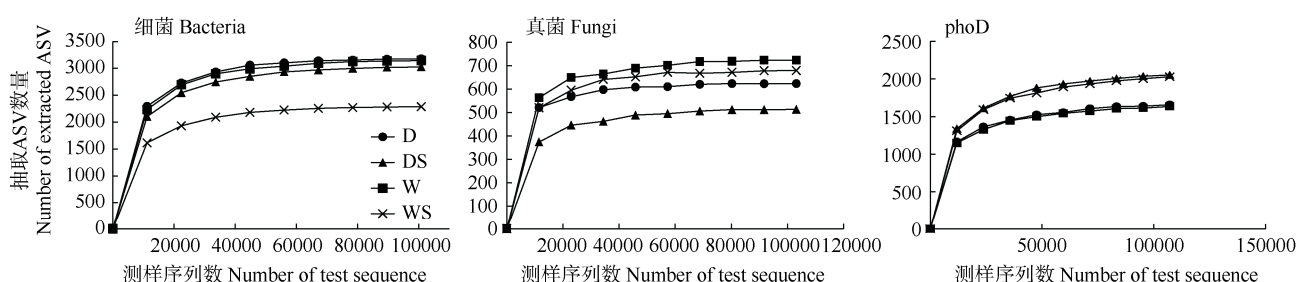


图1 不同处理下土壤细菌、真菌和 *phoD* 稀疏曲线。D: 旱地; DS: 旱地添加秸秆; W: 水田; WS: 水田添加秸秆。下同

Fig. 1 Sparse curves of soil bacteria, fungi, and *phoD* under different treatments. D: Dry land; DS: Dry land+straw; W: Paddy soil; WS: Paddy soil+straw. The same below

最高, 分别为 3 186、3 176、0.998 2 和 10.30; D 处理下细菌群落丰富度和多样性高于 W, 而二者添加秸秆处理后细菌群落丰富度和多样性呈下降趋势。真菌群落在 W 处理下 Chao1 指数和 Species 指数最高, 分别为 724 和 722; 在 WS 处理下 Simpson 指数和 Shannon 指数最高, 分别为 0.967 7 和 6.46; 添加秸秆处理后,

DS、WS 的丰富度指数呈下降趋势, 而多样性指数呈上升趋势。phoD 群落在 WS 处理下 Chao1 指数最高, 为 2 107; 在 DS 处理下 Species 指数最高, 为 2 052; 在 D 处理下 Simpson 指数和 Shannon 指数最高, 分别为 0.991 8 和 8.53; 添加秸秆处理后, DS、WS 丰富度指数呈上升趋势, 多样性指数变化不明显。

表 1 不同处理土壤细菌、真菌和 phoD 的群落结构 Alpha 多样性

Table 1 Alpha diversity of community structure of soil bacteria, fungi, and phoD under different treatments

类群 Taxon	处理 Treatment	丰富度指数 Richness index		多样性指数 Diversity index		覆盖度 Coverage
		Chao1	Species	Simpson	Shannon	
细菌 Bacteria	D	3 186.00a	3 176.00a	1.00a	10.30a	1.00a
	DS	3 038.00b	3 027.00b	1.00a	10.09a	1.00a
	W	316.00a	3 147.00a	1.00a	10.13a	1.00a
	WS	2 288.00c	2 286.00c	0.98a	8.67b	1.00a
真菌 Fungus	D	623.00c	623.00c	0.91a	5.71b	1.00a
	DS	513.00d	513.00d	0.93a	5.37b	1.00a
	W	724.00a	722.00a	0.94a	6.27a	1.00a
	WS	679.00b	679.00b	0.97a	6.46a	1.00a
phoD	D	1 706.00b	1 659.00b	0.99a	8.53a	1.00a
	DS	2 090.00a	2 052.00a	0.99a	8.50a	1.00a
	W	1 676.00c	1 630.00b	0.99a	8.43a	1.00a
	WS	2 107.00a	2 030.00a	0.99a	8.44a	1.00a

同列数据后不同字母表示差异显著($P<0.05$)。

Data followed different letters indicate significant differences at 0.05 level.

2.2 对土壤细菌、真菌和 phoD 物种差异的影响

PCoA 主成分分析可将土壤微生物群落多样性差异反映在二维坐标图上, 横轴 1 和竖轴 2 可以解释差异贡献率。由图 2 可见, 不同水分和秸秆添加处理对土壤微生物差异有不同影响。对细菌群落而言, 第 1 主成分(PCoA1)和第 2 主成分(PCoA2)分别解释差异的 59.8%和 28.1%, 合计 87.9%; 其中, 处理间的距离较远, 表明不同水分和秸秆添加处理使得细菌群落组成发生较大变化。对于真菌群落而言, 第 1 主成分和第 2 主成分分别解释差异的 50.1%和 27.8%, 合计贡献率 77.9%; 添加秸秆处理对真

菌的影响大于添加水分处理。对于 phoD 群落而言, 第 1 主成分和第 2 主成分分别解释差异的 49.1%和 30.6%, 合计贡献率 79.7%; 添加秸秆处理对 phoD 群落影响大于添加水分处理。

由图 3 可见, 土壤样本中细菌 ASV 共计 7 350 个, 其中 D、DS、W 和 WS 4 个处理分别包含 3 169、3 012、3 123 和 2 280 个 ASV; 4 个处理独有的 ASV 和比例分别为 1 294 (40.8%)、1 341 (44.5%)、1 295 (41.5%)和 1 099 (48.2%)。土壤样本中真菌 ASV 共计 1 781 个, 其中 D、DS、W 和 WS 处理分别包含 619、501、669 和 713 个 ASV; 4 个处理独有的 ASV

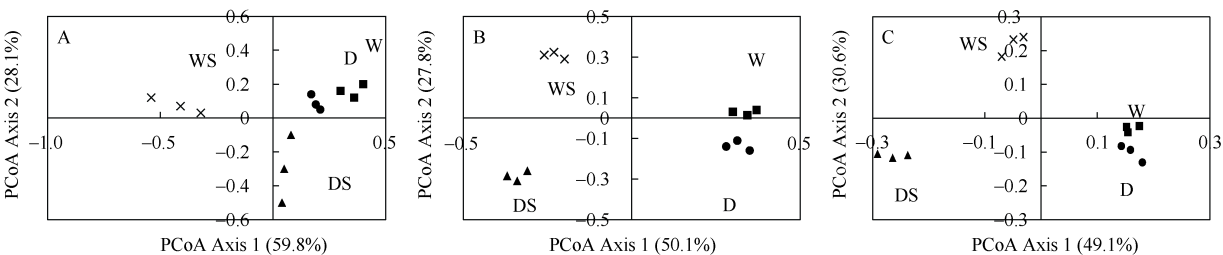


图 2 不同处理细菌(A)、真菌(B)和 phoD (C)群落 PCoA 主坐标分析

Fig. 2 Principal coordinate analysis of PCoA communities of bacteria (A), fungi (B), and phoD (C) under different treatments

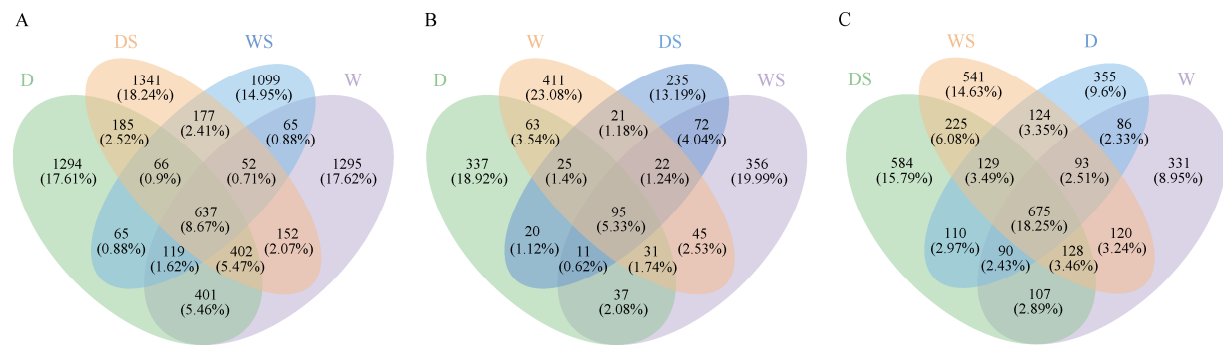


图 3 细菌(A)、真菌(B)和 phoD (C)基于 ASV 分类方法的韦恩图

Fig. 3 Venn diagram of bacteria (A), fungi (B), and phoD (C) based on ASV classification method

和比例分别为 337 (54.4%)、235 (46.9%)、356 (53.2%) 和 411 (57.6%)。土壤样本中 phoD ASV 共计 3 698 个, 其中 D、DS、W 和 WS 处理分别包含 355、584、331 和 541 个 ASV; 4 个处理独有的 ASV 和比例分别为 1 662 (21.4%)、2 048 (28.5%)、1 630 (20.3%) 和 2 035 (26.7%)。

2.3 对土壤细菌、真菌和 phoD 物种组成的影响

由图 4 可见, 从门水平看, D、DS 和 W 处理土壤细菌中, Proteobacteria、Acidobacteria 和 Actinobacteria 的相对丰度最高, 属优势菌群, 平均占比分

别为 33.9%、16.7%和 14.9%; 而 WS 处理土壤细菌门中, Proteobacteria、Acidobacteria 和 Bacteroidetes 的相对丰度最高, 属优势菌群, 占比分别为 59.3%、14.3%和 8.1%。D、DS、W 和 WS 处理土壤真菌中, Ascomycota、Basidiomycota 和 Glomeromycota 的相对丰度最高, 属优势菌群, 平均分别占 83.7%、10.4%和 7.5%。D、DS、W 和 WS 处理土壤 phoD 中, Proteobacteria、Actinobacteria 和 Firmicutes 的相对丰度最高, 属优势菌群, 平均分别占 78.9%、21.5%和 12.4%。

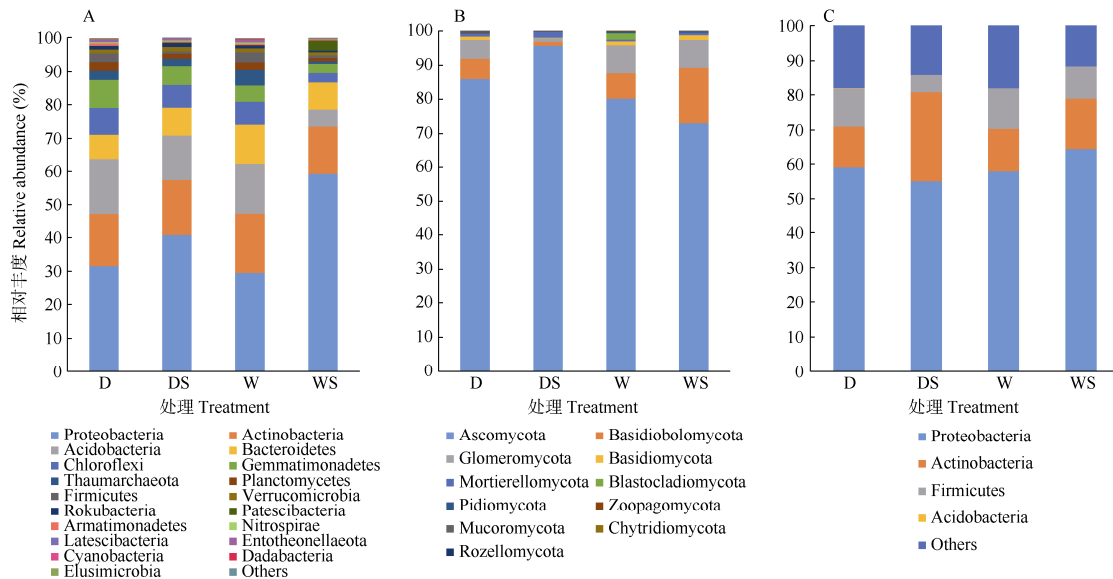


图 4 细菌(A)、真菌(B)和 phoD (C)门水平上的相对丰度

Fig. 4 Relative abundance of bacteria (A), fungi (B), and phoD (C) at the phylum level

由图 5 可见, 从属分类水平看, D 处理土壤细菌中, *Sphingomonas*、Subgroup 和 RB41 的相对丰度最高, 属优势菌群, 分别占 6.6%、6.1%和 4.5%; DS 处理土壤细菌中, *Sphingomonas*、Subgroup 和 *Lysobacter*

的相对丰度最高, 属优势菌群, 分别占 9.9%、5.1%和 4.3%; W 处理土壤细菌中, *Sphingomonas*、Subgroup 和 *Flavisolibacter* 的相对丰度最高, 属优势菌群, 分别占 8.21%、6.2%和 5.3%; 而 WS 处理土壤细菌中,

Sphingomonas、*Acinetobacter* 和 *Brevundimonas* 的相对丰度最高, 属优势菌群, 分别占 8.1%、21.5% 和 4.1%。D 处理土壤真菌中, *Botryotrichum*、*Fusarium* 和 *Sordariomycetes* 的相对丰度最高, 属优势菌群, 分别占 39.5%、7.5% 和 7.9%; DS 处理土壤真菌中, *Botryotrichum*、*Chaetomium* 和 *Mycosphaerella* 的相对丰度最高, 属优势菌群, 分别占 17.3%、31.4% 和 7.3%; W 处理土壤真菌中, *Botryotrichum*、*Coniochaeta* 和 *Curvularia* 的相对丰度最高, 属优势菌群, 分别占 30.2%、7.7% 和 8.1%; 而 WS 处理土壤真菌中, *Botryotrichum*、*Coniochaeta* 和 *Aspergillus* 的相对丰度最高,

属优势菌群, 分别占 16.9%、16.4% 和 11.9%。D 处理土壤 phoD 中, *Luteitalea*、*Phenylobacterium* 和 *Sinorhizobium* 的相对丰度最高, 属优势菌群, 分别占 3.3%、2.5% 和 2.3%; DS 处理土壤 phoD 中, *Streptomyces*、*Sinorhizobium* 和 *Xanthomonas* 的相对丰度最高, 属优势菌群, 分别占 7.5%、3.3% 和 2.8%; W 处理土壤 phoD 中, *Sinorhizobium*、*Luteitalea* 和 *Phenylobacterium* 的相对丰度最高, 属优势菌群, 分别占 3.5%、3.1% 和 2.3%; 而 WS 处理土壤 phoD 中, *Cupriavidus*、*Sinorhizobium* 和 *Luteitalea* 的相对丰度最高, 属优势菌群, 分别占 6.7%、4.8% 和 2.5%。

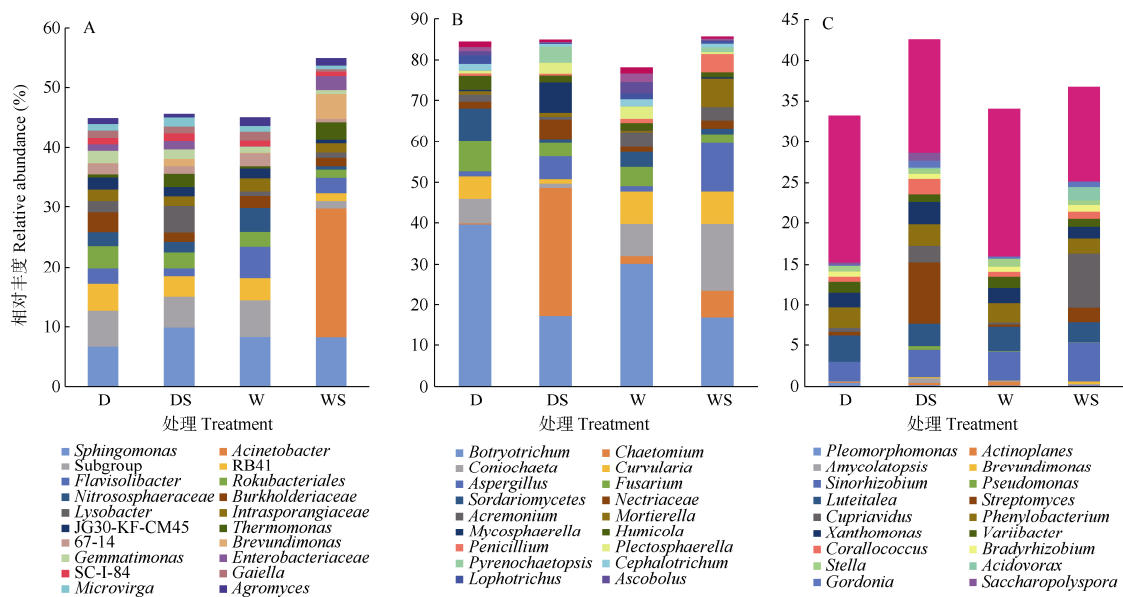


图 5 细菌(A)、真菌(B)和 phoD (C)属水平上的相对丰度

Fig. 5 Relative abundance of bacteria (A), fungi (B), and phoD (C) at the genus level

热图分析可在属分类水平上将不同相对丰度的 ASV 聚类, 并根据颜色深浅反映不同处理的菌群物种差异。由图 6 可见, 不同水分和秸秆添加处理显著影响细菌、真菌和 phoD 群落的丰富度。细菌中 D、DS、W 和 WS 处理土壤优势属数量分别达到 5、9、4 和 5 个; 真菌中优势属数量分别达到 13、7、10 和 7 个; phoD 中优势属数量分别达到 2、8、2 和 6 个。

2.4 不同处理与土壤微生物群落结构冗余分析

冗余分析图可直观地反映不同水分和秸秆添加处理对土壤微生物群落结构的解释程度, 影响因素之间的夹角代表各因素之间的相关性大小, 其中锐角表示 2 个因素正相关, 直角表示不相关, 钝角表示负相关; 而射线的长短代表环境因子对研究对象的解释度高低, 射线越长, 解释度越高, 反之越

低。由图 7 可见, D、DS 和 W 处理对土壤细菌群落结构影响较大, 而 WS 处理影响较小。W 和 WS 处理对土壤真菌群落结构影响较大, 而 D 和 DS 处理影响较小。D 处理对土壤 phoD 群落 Simpson 和 Shannon 指数影响较大; DS 处理对土壤 phoD 群落 Chao1 和 Shannon 指数影响较大; WS 处理对土壤 phoD 群落 Chao1 指数影响较大; 而 W 处理对土壤 phoD 群落结构影响较小。

3 讨论和结论

3.1 水分和秸秆对土壤微生物丰富度和多样性的影响

微生物是土壤的重要组成部分, 在土壤有机碳氮矿化和矿质元素地球化学循环中起着重要作用,

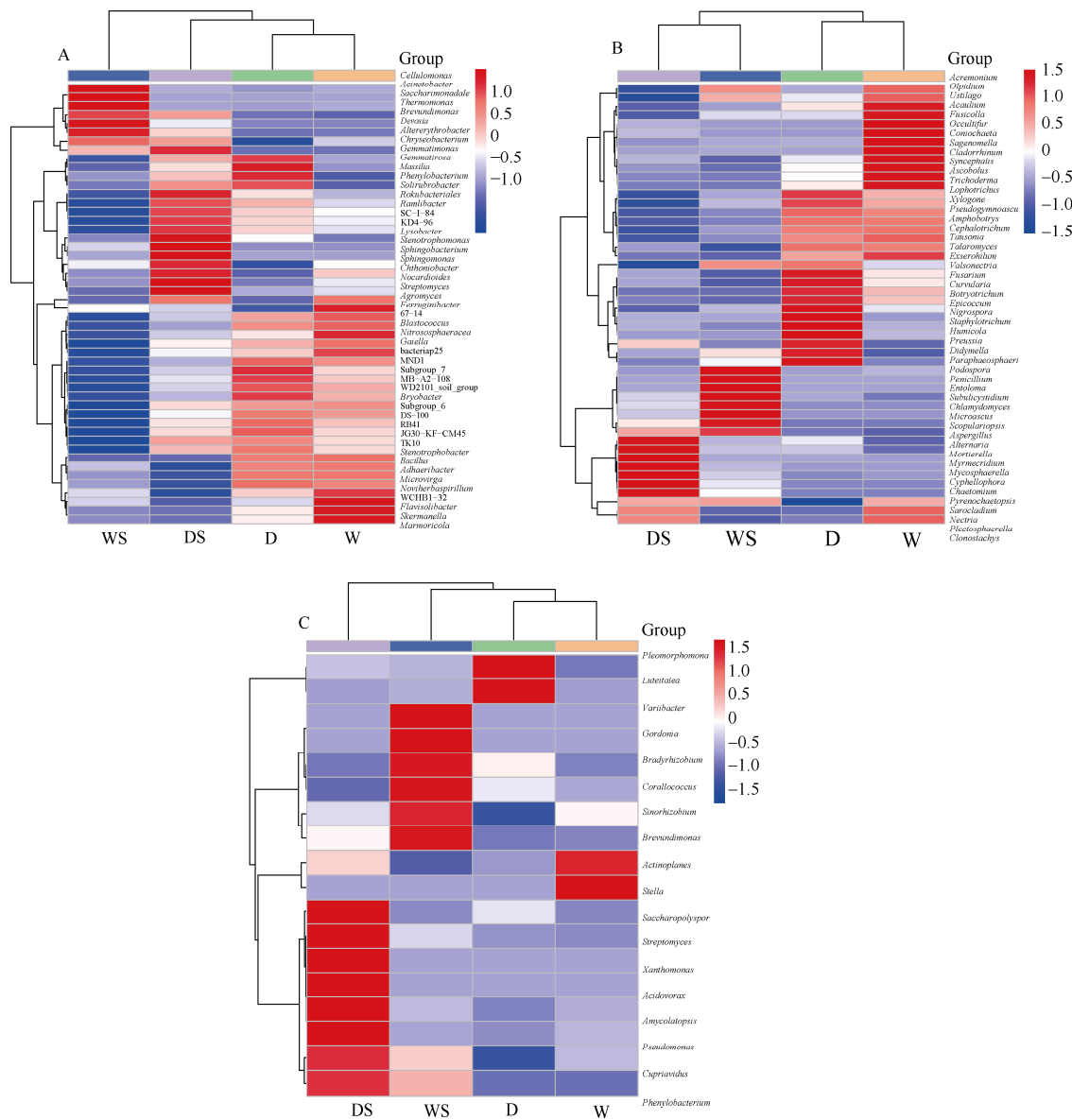


图 6 优势细菌(A)、真菌(B)和 phoD (C)属水平的热图

Fig. 6 Thermal map of dominant bacterial (A), fungi (B), and phoD (C) at the genus level

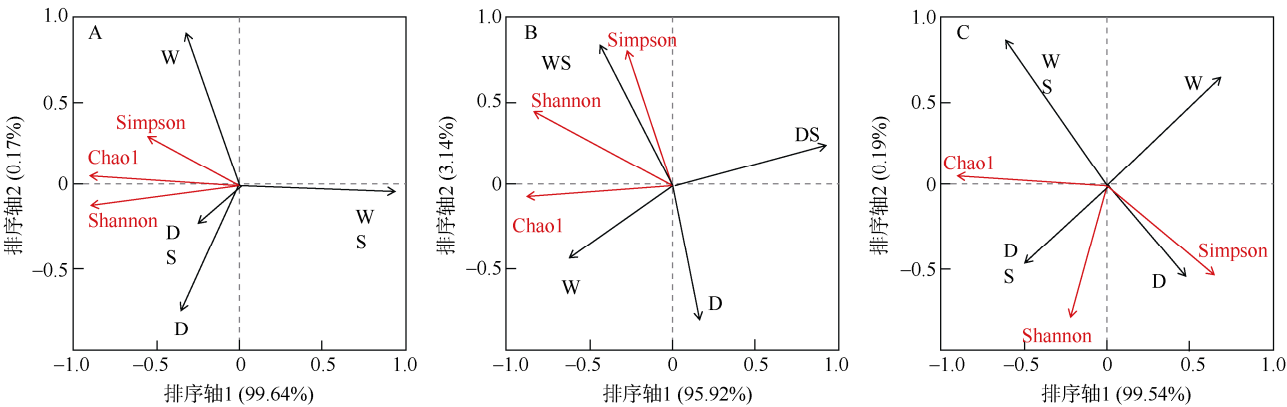


图 7 处理与细菌(A)、真菌(B)和 phoD (C)群落结构冗余分析

Fig. 7 Redundancy analysis of bacterial (A), fungi (B), and phoD (C) community structure under different treatments

是衡量土壤质量的重要生物指标^[23]。土壤水分一方面可以直接控制微生物生命活动,另一方面可以通过控制可溶性有机质的有效性和可移动性,影响土壤微生物用于呼吸的底物和能量物质^[24];而秸秆可在微生物协助下归还于土壤,通过改变土壤微环境,从而显著影响土壤微生物^[25]。不同土壤水分含量和秸秆添加会造成土壤养分含量和微生物群落结构及多样性差异^[1-2]。本研究通过高通量测序对旱地、旱地添加秸秆、水田和水田添加秸秆 4 个处理土壤细菌和真菌群落进行分析,结果表明细菌和真菌群落的丰富度指数随着土壤水分增加和秸秆添加反而呈下降趋势;不同处理中细菌和真菌群落多样性指数差异均不显著。Preece 等^[26]研究表明,由于不同微生物的响应差异,使土壤在恢复适宜的水分条件后微生物群落的多样性可能增加或减少;杜社妮等^[27]研究土壤水分对土壤微生物数量的影响指出,土壤水分处于高水不变时土壤细菌数量会逐渐减少,这与本研究相一致,即土壤淹水会降低微生物群落的丰富度。杨倩等^[28]研究表明,施加秸秆生物炭和秸秆直接添加均可显著提高大豆不同生育期内根际土壤微生物群落功能多样性。这与本研究中添加秸秆处理后,细菌和真菌群落丰富度指数随着秸秆添加而呈现下降趋势不一致,这可能是培养时间较短,土壤中秸秆还未完全腐解有关。

3.2 水分和秸秆对土壤微生物群落组成的影响

目前,水分和秸秆量处理对土壤微生物群落组成影响的研究较多,结果也不一致。本研究表明,不同水分和秸秆添加处理使得细菌和真菌群落组成变化较大,4 种不同处理中细菌和真菌共有物种分别仅占 8.7%和 5.3%。崔慧珍等^[29]研究表明,秸秆还田后土壤中细菌、真菌磷脂脂肪酸含量均增加,真菌磷脂脂肪酸含量的增加幅度大于细菌。但本研究结果表明,D、DS、W 和 WS 处理土壤细菌群落中优势菌门是 Proteobacteria、Acidobacteria;真菌群落中优势菌门是 Ascomycota、Basidiomycota,这说明短时间内(本研究土壤培养周期为 1 个月)优势细菌门种类不受土壤水分和添加秸秆的影响。从不同处理间优势菌门相对丰度来看,细菌优势菌门相对丰度变化表现为 WS>DS>D>W;真菌表现为 DS>D>WS>W。这与孙鹏等^[30]的结论相似。因此,这也证实了秸秆还田处理对提升土壤细菌和真菌群落相对丰度起着积极作用。

3.3 水分和秸秆对土壤 *phoD* 群落的影响

本研究表明,*phoD* 群落丰富度指数随着土壤水分增加和秸秆添加呈上升趋势,且差异显著;这与董亮等^[31]的研究结果一致。不同水分和秸秆添加处理使得 *phoD* 群落组成变化较大,4 种处理中 *phoD* 共有物种分别仅占 18.3%。D、DS、W 和 WS 处理土壤 *phoD* 群落中优势菌门是 Proteobacteria、Acidobacteria。从不同处理间优势菌门相对丰度来看,*phoD* 优势菌门相对丰度变化表现为 DS>WS>D>W。可见,增加适宜水分和添加秸秆处理能显著提高 *phoD* 群落相对丰度,这与郭振威等^[32]指出秸秆还田可显著改善土壤性质,增加微生物相对丰度的结论相符。前期研究^[33]表明,增加适宜的水分对于激活土壤磷素有着积极的影响,其原因可能是含 *phoD* 基因细菌群落对有机磷矿化的调控作用^[34],进而有助于提高土壤速效磷含量。此外,苏卫华等^[35]研究表明,含 *phoD* 基因微生物群落的优势类群大多参与氮循环,表明土壤中的氮、磷循环密切相关。本研究中涉及了秸秆添加处理,秸秆不仅提高土壤碳库容量,而且还可促进土壤氮循环^[36]。本试验只涉及水分和秸秆对土壤微生物群落及多样性研究,后期将继续展开对含 *phoD* 基因微生物群落与土壤中氮、磷循环间的微生物调控研究,以期探究土壤以碳促磷提供一定理论支持。

本研究表明,旱地中细菌群落丰富度和多样性高于水田,水田中真菌群落丰富度和多样性高于旱地;而土壤细菌和真菌优势菌门种类不受土壤水分和秸秆添加量的影响;同时,旱地中参与有机磷矿化过程的含功能基因 *phoD* 细菌群落丰富度高于水田,且添加秸秆有助于提升土壤 *phoD* 群落丰富度和多样性。可见,一定的水分和秸秆添加可改变土壤微生物群落组成,且秸秆添加对提升土壤 *phoD* 细菌群落丰富度起着积极作用,这对于探究土壤磷循环具有一定指导意义。

参考文献

- [1] LU J Y, DUAN B H, YANG M, et al. Research progress in nitrogen and phosphorus resorption from senesced leaves and the influence of ontogenetic and environmental factors [J]. Acta Pratacul Sin, 2018, 27(4): 178–188. [陆姣云, 段兵红, 杨梅, 等. 植物叶片氮磷养分重吸收规律及其调控机制研究进展 [J]. 草业学报, 2018, 27(4): 178–188. doi: 10.11686/cyxb2017223.]
- [2] SONG D L, HOU S P, WANG X B, et al. Nutrient resource quantity of

- crop straw and its potential of substituting [J]. *J Plant Nutr Fert*, 2018, 24(1): 1–21. [宋大利, 侯胜鹏, 王秀斌, 等. 中国秸秆养分资源数量及替代化肥潜力 [J]. *植物营养与肥料学报*, 2018, 24(1): 1–21. doi: 10.11674/zwyf.17348.]
- [3] XU H Q, XIAO R L, ZOU D S, et al. Effects of long-term fertilization on functional diversity of soil microbial community of the tea plantation [J]. *Acta Ecol Sin*, 2007, 27(8): 3355–3361. [徐华勤, 肖润林, 邹冬生, 等. 长期施肥对茶园土壤微生物群落功能多样性的影响 [J]. *生态学报*, 2007, 27(8): 3355–3361. doi: 10.3321/j.issn:1000-0933.2007.08.031.]
- [4] LUO X Q, HAO X H, CHEN T, et al. Effects of long-term different fertilization on microbial community functional diversity in paddy soil [J]. *Acta Ecol Sin*, 2009, 29(2): 740–748. [罗希茜, 郝晓晖, 陈涛, 等. 长期不同施肥对稻田土壤微生物群落功能多样性的影响 [J]. *生态学报*, 2009, 29(2): 740–748. doi: 10.3321/j.issn:1000-0933.2009.02.024.]
- [5] ZHANG C G, GAO Y, ZHANG L M, et al. Effects of water management on soil enzyme activities and microbial community structure in wheat fields with organic fertilizer application [J]. *J Irrig Drain*, 2018, 37(2): 38–44. [张传更, 高阳, 张立明, 等. 水分管理措施对施用有机肥麦田土壤酶活性和微生物群落结构的影响 [J]. *灌溉排水学报*, 2018, 37(2): 38–44. doi: 10.13522/j.cnki.gggs.2017.0221.]
- [6] ZHU Y Z, LI Y Y, HAN J G, et al. Effects of changes in water status on soil microbes and their response mechanism: A review [J]. *Chin J Appl Ecol*, 2019, 30(12): 4323–4332. [朱义族, 李雅颖, 韩继刚, 等. 水分条件变化对土壤微生物的影响及其响应机制研究进展 [J]. *应用生态学报*, 2019, 30(12): 4323–4332. doi: 10.13287/j.1001-9332.201912.031.]
- [7] OCHOA-HUESO R, COLLINS S L, DELGADO-BAQUERIZO M, et al. Drought consistently alters the composition of soil fungal and bacterial communities in grasslands from two continents [J]. *Glob Change Biol*, 2018, 24(7): 2818–2827. doi: 10.1111/gcb.14113.
- [8] BAPIRI A, BÅÅTH E, ROUSK J. Drying-rewetting cycles affect fungal and bacterial growth differently in an arable soil [J]. *Microb Ecol*, 2010, 60(2): 419–428. doi: 10.1007/s00248-010-9723-5.
- [9] TAN H, BARRET, MOOIJ M J, et al. Long-term phosphorus fertilization increased the diversity of the total bacterial community and the *phoD* phosphorus mineraliser group in pasture soils [J]. *Biol Fertil Soils*, 2013, 49(6): 661–672. doi: 10.1007/s00374-012-0755-5.
- [10] NIU J, ZHOU X Q, JIANG N, et al. Characteristics of soil microbial communities under dry and wet condition in Zoige alpine wetland [J]. *Acta Ecol Sin*, 2011, 31(2): 474–482. [牛佳, 周小奇, 蒋娜, 等. 若尔盖高寒湿地干湿土壤条件下微生物群落结构特征 [J]. *生态学报*, 2011, 31(2): 474–482.]
- [11] MENG C R, BAI R X, YANG P H, et al. Effects of straw returning on maize production and soil microorganism under drip irrigation in arid regions [J]. *Xinjiang Agric Sci*, 2018, 55(12): 2251–2260. [孟超然, 白如霄, 杨鹏辉, 等. 秸秆还田对干旱区滴灌玉米生产及土壤微生物的影响 [J]. *新疆农业科学*, 2018, 55(12): 2251–2260. doi: 10.6048/j.issn.1001-4330.2018.12.012.]
- [12] 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]. *Eur J Soil Biol*, 2020, 100: 103215. doi: 10.1016/j.ejsobi.2020.103215.
- [13] LIU D H, SHU L, CHEN Q, et al. Effects of straw mulching and little- or zero-tillage on microbial diversity and biomass C and N of alluvial soil in Chengdu plain, China [J]. *Chin J Appl Environ Biol*, 2011, 17(2): 158–161. [刘定辉, 舒丽, 陈强, 等. 秸秆还田少免耕对冲积土微生物多样性及微生物碳氮的影响 [J]. *应用与环境生物学报*, 2011, 17(2): 158–161. doi: 10.3724/SP.J.1145.2011.00158.]
- [14] LOU Y L, LIANG W J, XU M G, et al. Straw coverage alleviates seasonal variability of the topsoil microbial biomass and activity [J]. *CATENA*, 2011, 86(2): 117–120. doi: 10.1016/j.catena.2011.03.006.
- [15] MANIRAKIZA E, ZIADI N, HAMEL C, et al. Soil microbial community dynamics after co-application of biochar and paper mill biosolids [J]. *Appl Soil Ecol*, 2021, 165: 103960. doi: 10.1016/j.apsoil.2021.103960.
- [16] CUI Y X, BING H J, FANG L C, et al. Diversity patterns of the rhizosphere and bulk soil microbial communities along an altitudinal gradient in an alpine ecosystem of the eastern Xizang Plateau [J]. *Geoderma*, 2019, 338: 118–127. doi: 10.1016/j.geoderma.2018.11.047.
- [17] SAKURAI M, WASAKI J, TOMIZAWA Y, et al. Analysis of bacterial communities on alkaline phosphatase genes in soil supplied with organic matter [J]. *Soil Sci Plant Nutr*, 2008, 54(1): 62–71. doi: 10.1111/j.1747-0765.2007.00210.x.
- [18] YAN T T, XUE J H, ZHOU Z D, et al. Biochar-based fertilizer amendments improve the soil microbial community structure in a karst mountainous area [J]. *Sci Total Environ*, 2021, 794: 148757. doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.148757.
- [19] ZHANG J, ZHANG B G, LIU Y, et al. Distinct large-scale biogeographic patterns of fungal communities in bulk soil and soybean rhizosphere in China [J]. *Sci Total Environ*, 2018, 644: 791–800. doi: 10.1016/j.scitotenv.2018.07.016.
- [20] TANG Y J, LIU J P, CHU G L, et al. Study on community structure of fungi in rhizosphere soil under different varieties of pecan [J]. *J Henan Agric Univ*, 2022, 56(4): 622–633. [汤玉洁, 刘俊萍, 储国林, 等. 不同薄壳山核桃品种的根际土壤真菌群落结构研究 [J]. *河南农业大学学报*, 2022, 56(4): 622–633. doi: 10.16445/j.cnki.1000-2340.2022.0303.001.]
- [21] YANG Y Y, ZHOU Y, SHI Z, et al. Interactive effects of elevation and

- land use on soil bacterial communities in the Xizang Plateau [J]. *Pedosphere*, 2020, 30(6): 817–831. doi: 10.1016/S1002-0160(19)60836-2.
- [22] GU M Y, XU W L, MA K, et al. Soil microbial ecological evaluation of walnut with different planting years based on principal component-cluster analysis [J]. *Xinjiang Agric Sci*, 2022, 59(2): 474–484. [顾美英, 徐万里, 马凯, 等. 基于主成分-聚类分析评价不同定植年限核桃土壤微生物生态 [J]. *新疆农业科学*, 2022, 59(2): 474–484. doi: 10.6048/j.issn.1001-4330.2022.02.026.]
- [23] GAN G Y, CHEN F W, ZOU J L, et al. Effects of long-term different nutrient deficiency on the composition and diversity of soil microbial community in winter oilseed rape [J]. *Soil Fert Sci China*, 2022(4): 37–46. [甘国渝, 陈佛文, 邹家龙, 等. 长期不同养分缺乏对冬油菜土壤微生物群落组成及多样性的影响 [J]. *中国土壤与肥料*, 2022(4): 37–46. doi: 10.11838/sfsc.1673-6257.21007.]
- [24] EVANS S E, WALLENSTEIN M D. Soil microbial community response to drying and rewetting stress: Does historical precipitation regime matter? [J]. *Biogeochemistry*, 2012, 109(1/2/3): 101–116. doi: 10.1007/s10533-011-9638-3.
- [25] ROGERS B F, TATE III R L. Temporal analysis of the soil microbial community along a toposequence in Pineland soils [J]. *Soil Biol Biochem*, 2001, 33(10): 1389–1401. doi: 10.1016/S0038-0717(01)00044-X.
- [26] PREECE C, VERBRUGGEN E, LIU L, et al. Effects of past and current drought on the composition and diversity of soil microbial communities [J]. *Soil Biol Biochem*, 2019, 131: 28–39. doi: 10.1016/j.soilbio.2018.12.022.
- [27] DU S N, LIANG Y L, XU F L, et al. Effect of soil moisture on yield of cucumber and soil microbe in greenhouse [J]. *Agric Res Arid Areas*, 2005, 23(3): 49–53. [杜社妮, 梁银丽, 徐福利, 等. 日光温室不同水分条件下盆栽黄瓜产量和土壤微生物数量 [J]. *干旱地区农业研究*, 2005, 23(3): 49–53. doi: 10.3321/j.issn:1000-7601.2005.03.011.]
- [28] YANG Q, LI D K, WANG Y B, et al. Effect of different utilization of residue on soybean growth and soil microbial activity [J]. *J SW Univ Natl (Nat Sci)*, 2016, 42(6): 591–597. [杨倩, 李登科, 王永斌, 等. 秸秆生物炭及秸秆对大豆生长及土壤微生物活性的影响 [J]. *西南民族大学学报(自然科学版)*, 2016, 42(6): 591–597. doi: 10.11920/xnm dzk.2016.06.001.]
- [29] CUI H Z, AN Y Y, LI G W, et al. Effects of maize straw returning on soil microbial community composition [J]. *J Agric Sci*, 2021, 42(2): 10–17. [崔慧珍, 安媛媛, 李光文, 等. 玉米秸秆还田对土壤微生物群落组成的影响 [J]. *农业科学研究*, 2021, 42(2): 10–17. doi: 10.3969/j.issn.1673-0747.2022.04.005.]
- [30] SUN P, LIU M Y, WANG B B. Effects of fresh harvested banana foliage on the soil microbial community structures [J]. *J Trop Biol*, 2021, 12(1): 57–62. [孙鹏, 刘满意, 王蓓蓓. 香蕉秸秆不同还田模式对土壤微生物群落的影响 [J]. *热带生物学报*, 2021, 12(1): 57–62. doi: 10.15886/j.cnki.rdswwb.2021.01.008.]
- [31] DONG L, TIAN S Z, WANG X J, et al. Effect of straw turnover on soil nutrients and soil microbial population [J]. *Chin Agric Sci Bull*, 2017, 33(11): 77–80. [董亮, 田慎重, 王学君, 等. 秸秆还田对土壤养分及土壤微生物数量的影响 [J]. *中国农学通报*, 2017, 33(11): 77–80. doi: 10.11924/j.issn.1000-6850.casb16050039.]
- [32] GUO Z W, LI Y S, CHEN M N, et al. Effects of long-term straw returning and organic fertilizer application on the soil chemical properties and microbial quantity of continuous cropping cotton field [J]. *J China Agric Univ*, 2022, 27(11): 177–186. [郭振威, 李永山, 陈梦妮, 等. 长期秸秆还田和施用有机肥对连作棉田土壤化学性质及微生物数量的影响 [J]. *中国农业大学学报*, 2022, 27(11): 177–186. doi: 10.11841/j.issn.1007-4333.2022.11.15.]
- [33] GAN G Y, CHEN X, ZHU H, et al. Hydrothermal effects on phosphorus bioavailability in different soils [J]. *J Irrig Drain*, 2022, 41(4): 58–66. [甘国渝, 陈曦, 朱海, 等. 水热耦合对不同土地利用类型土壤磷生物有效性的影响 [J]. *灌溉排水学报*, 2022, 41(4): 58–66. doi: 10.13522/j.cnki.ggbs.2021520.]
- [34] TAN H, BARRET M, MOOIJ M J, et al. Long-term phosphorus fertilisation increased the diversity of the total bacterial community and the phoD phosphorus mineraliser group in pasture soils [J]. *Biol Fertil Soils*, 2013, 49(6): 661–672.
- [35] SU W H, LI H M, ZHANG C Y, et al. Phosphorus gradient fertilization and rhizosphere effect co-determine phoD-harboring bacterial network complexity and stability [J]. *Acta Microbiol Sin*, 2023, 63(7): 2776–2790. [苏卫华, 李昊明, 张春燕, 等. 供磷水平和根际效应协同影响含碱性磷酸酶基因细菌群落的网络复杂性和稳定性 [J]. *微生物学报*, 2023, 63(7): 2776–2790. doi: 10.13343/j.cnki.wsxb.20220805.]
- [36] LU F, WANG X K, HAN B, et al. Soil carbon sequestrations by nitrogen fertilizer application, straw return and no-tillage in China's cropland [J]. *Glob Change Biol*, 2009, 15(2): 281–305. doi: 10.1111/j.1365-2486.2008.01743.x.