

王娟娟, 胡珈玮, 狄霖, 等. 秸秆还田与氮肥运筹对水稻不同生育期土壤细菌群落结构的影响[J]. 江苏农业学报, 2021, 37(6): 1460-1470.

doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2021.06.013

## 秸秆还田与氮肥运筹对水稻不同生育期土壤细菌群落结构的影响

王娟娟<sup>1</sup>, 胡珈玮<sup>1</sup>, 狄霖<sup>2</sup>, 刘玲玲<sup>1</sup>, 王桂良<sup>1</sup>, 钱晓晴<sup>1,3</sup>, 张振华<sup>3,4</sup>

(1.扬州大学环境科学与工程学院, 江苏 扬州 225127; 2.镇江市农业农村局, 江苏 镇江 212009; 3.扬州大学土壤健康研究所, 江苏 扬州 225127; 4.江苏省农业科学院农业资源与环境研究所, 江苏 南京 210014)

**摘要:** 秸秆还田是当前资源循环利用的重要方式。氮肥运筹对于秸秆还田效率及土壤细菌群落结构的影响较大。本研究采用盆栽试验的方法, 探究秸秆还田和不同氮肥运筹条件下水稻主要生育期的土壤细菌群落结构变化。试验设置了常规施氮(T1)、秸秆还田+氮肥后移(T2)、秸秆还田+常规施氮(T3)、秸秆还田+氮肥前移(T4)4个处理, 分别测定了水稻苗期、分蘖期、成熟期土壤部分理化性质及细菌群落组成, 并于成熟期测产。结果表明, 各处理中优势细菌包括 Chloroflexi、Proteobacteria、Acidobacteria、Firmicutes、Actinobacteria, 总占比>78%, Chloroflexi 在水稻苗期和成熟期占比最高, 而 Proteobacteria 在水稻分蘖期最多。秸秆还田+氮肥后移处理提高了水稻苗期土壤细菌的丰富度, 但对其均匀度影响较小。在水稻分蘖期和成熟期, 秸秆还田与否及氮肥运筹对土壤细菌多样性影响较小。秸秆还田提高了水稻产量, 以秸秆还田+氮肥前移处理的增产效果最大, 且该处理增加了水稻分蘖期土壤硝态氮、速效磷含量。在水稻成熟期, 土壤中与产量呈显著正相关的细菌群落包括 Acidobacteria 和 Gemmatimonadetes 等。综上所述, 秸秆还田并增加氮肥基施比例可以增加水稻产量, 并对改善水稻生长后期土壤细菌群落结构产生积极作用。

**关键词:** 秸秆还田; 氮肥; 土壤; 细菌群落结构; 水稻

**中图分类号:** S154.3; S511 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2021)06-1460-11

## Effects of straw returning and nitrogen management on soil microbial community structure at different rice growth stages

WANG Juan-juan<sup>1</sup>, HU Jia-wei<sup>1</sup>, DI Lin<sup>2</sup>, LIU Ling-ling<sup>1</sup>, WANG Gui-liang<sup>1</sup>, QIAN Xiao-qing<sup>1,3</sup>, ZHANG Zhen-hua<sup>3,4</sup>

(1.College of Environmental Science and Engineering, Yangzhou University, Yangzhou 225127, China; 2.Zhenjiang Agricultural and Rural Bureau, Zhenjiang 212009, China; 3.Institute of Soil Health, Yangzhou University, Yangzhou 225127, China; 4.Institute of Agricultural Resources and Environment, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China)

**Abstract:** Straw returning is an important way of resource recycling. Nitrogen (N) application has great influence on

straw returning efficiency and soil bacterial community structure. In this study, a pot experiment was conducted to explore the changes of soil bacterial community structure at different rice growth stages under the treatments of straw returning combined with N management. There were four treatments in the experiment, including conventional N fertilization (T1), straw returning with postponed N fertilization (T2), straw returning with conventional N ferti-

收稿日期: 2021-08-24

基金项目: 国家自然科学基金青年科学基金项目(41701093); 中国博士后基金项目(2017M611928); 国家重点研发计划课题项目(2017YFD0200107)

作者简介: 王娟娟(1979-), 女, 江苏泗洪人, 博士, 副教授, 主要从事环境微生物学研究。(E-mail) wangjuanjuan@yzu.edu.cn

通讯作者: 张振华, (E-mail) zhenhuaz70@hotmail.com

zation (T3) and straw returning with moved forward N fertilization (T4). Soil physiochemical properties and bacterial community composition were determined at seedling, tillering and mature stage, and yield was measured at harvest stage. The results showed that the dominant bacteria phyla in all treatments were Chloroflexi, Proteobacteria, Acidobacteria, Firmicutes and Actinobacteria (together accounted for over 78% of the total sequences). Chloroflexi represented the most dominant phylum at seedling and mature stages, while Proteobacteria was the most abundant phylum at tillering stage. Straw returning with postponed N fertilization increased the richness of soil bacteria, but had little influence on bacterial evenness at seedling stage. Straw returning and nitrogen management had little influence on soil bacterial diversity at tillering and maturity stages of rice. Straw returning increased rice yield, and the highest yield was obtained in the treatment of straw returning with moved forward N fertilization (T4). Moreover, the contents of soil available phosphorus (P) and nitrate nitrogen were increased at tillering stage of rice in T4 treatment. The relative abundance of bacterial communities, including Acidobacteria and Gemmatinomatetes was positively correlated with the yield at ripen stage. In conclusion, straw returning combined with moved forward N fertilization can increase rice yield and improve soil microbial community structure at late growth stage.

**Key words:** straw returning; nitrogen fertilization; soil; bacterial community structure; rice

农作物秸秆是农业生产过程中主要的副产品,数量巨大,中国是农业大国,秸秆资源也非常丰富,但传统的不合理利用方式不仅会导致资源严重浪费,还会造成严重的环境问题。秸秆中富含有机质、氮、磷、钾以及多种中、微量元素,能较好地平衡土壤有机碳与土壤养分结构,因而被广泛用于可持续农业生产中<sup>[1]</sup>,秸秆还田利用已成为当前研究的热点<sup>[2]</sup>。秸秆腐解后可有效提高土壤养分,同时也可以改善土壤结构和土壤水热状况<sup>[3]</sup>。土壤性质的改变则会进一步影响土壤中微生物群落结构以及相关功能的表达。

土壤微生物是农田系统重要的组成部分,对调控土壤中各类养分循环、土壤团粒结构形成、土壤碳库动态变化以及作物产量形成等均有深刻影响<sup>[4-6]</sup>。秸秆还田可能通过直接提供养分或间接改变土壤理化性质而影响土壤细菌组成,而土壤微生物则决定着秸秆腐解过程,并进一步影响土壤养分和植物生长。大量研究结果表明,秸秆还田后土壤微生物组成及功能均有一定变化<sup>[5,7-8]</sup>。例如,秸秆还田引起的土壤 pH 变化,可能对土壤细菌群落改变起到关键作用<sup>[9]</sup>。然而,土壤细菌群落结构、代谢以及活动对秸秆还田的反馈影响因秸秆、土壤类型、作物品种、轮作方式、肥料运筹等不同而异<sup>[10-11]</sup>,如在土壤有机碳充足的条件下,大部分细菌的生长可能受秸秆的影响较小<sup>[12]</sup>。此外,秸秆还田对土壤不同营养型细菌群落丰度的影响也有差异<sup>[13]</sup>。

秸秆还田对水稻产量的影响受还田量、耕作方式、水稻品种及肥料运筹等多方面因素影响<sup>[14]</sup>。不合理的秸秆施用不仅不会提高水稻产量,还可能带

来负面效应<sup>[15]</sup>。过多的秸秆施用可能会影响作物根系生长,降低土壤养分,如氮素水平,甚至可能引起杂草、病虫害<sup>[16]</sup>,其主要原因在于秸秆施用后土壤的碳氮比并不一定能满足水稻植株和土壤微生物对该类营养的需要<sup>[17]</sup>。秸秆还田带来的大量有机碳促进土壤微生物繁殖,而要求更多的氮源,导致土壤微生物与植物的争氮现象<sup>[18]</sup>,尤其是秸秆刚腐解时需要消耗大量的氮营养,因此,秸秆还田时通常会配合施用一定量的氮肥,用以减轻微生物固持无机氮对水稻生长的不良影响<sup>[19]</sup>。有研究结果表明,秸秆还田配施氮肥可以有效改善土壤生态环境,从而增加作物产量<sup>[20]</sup>。

水稻氮肥施用包括基肥和追肥,氮肥的运筹方式对水稻生长及肥料利用效率至关重要,同时,施肥方式也影响到农业生产效率<sup>[21-22]</sup>。有研究发现,氮肥的合理运筹可直接决定秸秆和氮肥的利用率,以及作物产量、品质<sup>[23]</sup>。氮肥对土壤细菌群落结构组成、优势细菌群落相对丰度的影响甚至要大于秸秆的作用<sup>[24]</sup>。秸秆还田条件下,氮肥的不同运筹方式对土壤细菌群落结构的影响较为复杂。本研究拟探究秸秆还田配合氮肥不同运筹方式对水稻产量以及不同水稻生育时期土壤细菌群落组成的影响,明确秸秆还田条件下氮肥运筹是否在一定程度上通过影响土壤微生物而最终影响水稻产量,以期为水稻生产中秸秆还田与否以及氮肥合理运筹方式的选择提供科学依据和技术支撑。

## 1 材料与方法

### 1.1 土壤采集

盆栽试验所用土壤采自江苏省镇江市丹徒区荣

炳镇(31°53'36.70"N, 119°24'2.81"E), 该区域长期用作镇江市农业农村局现代农业(稻麦)科技综合示范项目。土壤为潴育型水稻土, 质地为黏质壤土, 试验所用土样取自稻麦轮作的小麦成熟期。采集 0~20 cm 耕层土壤, 随机选择 10 个样点, 样点间距

离不少于 5 m, 每点取长、宽、高分别为 40 cm、40 cm、20 cm 的土块, 破碎混匀, 自然风干后过孔径 30 mm 筛, 以用于盆栽试验。另从上述混合土样中随机取 20 点, 每点约 50 g 土, 磨碎过 20 目筛和 100 目筛, 测定土壤的基本理化性质(表 1)。

表 1 供试土壤的基本理化性质

Table 1 Basic physical and chemical properties of the tested soil

pH	有机质含量 (g/kg)	全氮含量 (g/kg)	硝态氮含量 (mg/kg)	铵态氮含量 (mg/kg)	碱解氮含量 (mg/kg)	速效磷含量 (mg/kg)	速效钾含量 (mg/kg)
6.03	28.90	1.67	30.10	20.30	116.40	29.10	138.50

## 1.2 试验设计

秸秆还田盆栽试验于 2019 年 6 月在扬州大学环境科学与工程学院的试验大棚中进行。试验共设 4 个处理: T1 处理, 常规施氮(基肥、穗肥、粒肥的尿素施用量分别为 1 盆 0.87 g、1.01 g、1.01 g); T2 处理, 秸秆还田+氮肥后移(秸秆的施用量为 1 kg 土壤 2 g 秸秆, 基肥、穗肥、粒肥的尿素施用量分别为 1 盆 0 g、1.45 g、1.45 g); T3 处理, 秸秆还田+常规施氮(秸秆的施用量为 1 kg 土壤 2 g 秸秆, 基肥、穗肥、粒肥的尿素施用量分别为 1 盆 0.87 g、1.01 g、1.01 g); T4 处理, 秸秆还田+氮肥前移(秸秆的施用量为 1 kg 土壤 2 g 秸秆, 基肥、穗肥、粒肥的尿素施用量分别为 1 盆 1.45 g、0.73 g、0.73 g)。秸秆为小麦秸秆, 其总 C、N、P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>、K<sub>2</sub>O 含量分别为 460.00 g/kg、3.17 g/kg、0.38 g/kg 和 14.60 g/kg。

盆栽使用圆柱形塑料钵, 直径为 20 cm, 高度为 30 cm。每钵用土总量为 10 kg。装盆前, 按各处理方案将风干过筛后的土壤与不同用量的秸秆及氮肥(尿素)混匀。除此之外, 每盆施用的其他营养元素肥料包括磷肥 0.39 g(P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>)、钾肥 0.52 g(K<sub>2</sub>O)、硫酸镁 1.30 g、硫酸锌 0.13 g、硫酸锰 0.13 g、氯化钙 1.30 g、三氯化铁 0.67 g、硼酸 0.07 g、钼酸铵 0.01 g。采用逐步扩大法将上述成分与土壤混均后装入塑料钵中, 淹水平衡 3 d 后移栽水稻幼苗。水稻品种为南粳 9108, 选择长势一致的三叶期水稻幼苗移栽至各处理土壤中, 每盆 3 穴, 每穴 4 株。每个处理 3 盆, 随机摆放, 且每隔 21 d 调整一次盆钵位置。水稻生长期视蒸发情况及时补充水分, 观测水稻生长情况, 并于收获期测定产量。

分别于水稻苗期(移栽后 7 d)、分蘖期(移栽后 30 d)及成熟期(移栽后 112 d)采集土壤样品, 用于分

析测定。采样选用直径为 1.5 cm 的自制土钻采集各处理表层(0~20.0 cm)土壤样品, 每盆随机取 3 个样点的土壤样品进行混匀。混匀后的土壤样品分成 2 份, 一份自然风干用于测定样品理化性质, 另一份于 -80 °C 冰箱中冷冻用于土壤微生物高通量测序分析。

## 1.3 土壤养分测定

不同处理下水稻苗期、分蘖期、成熟期的土壤样品理化性质测定参照文献[25]的方法。其中, 土壤电导率和 pH 采用纯水浸提法(水: 土为 5: 1, 体积质量比)测定; 土壤速效磷含量采用钼蓝比色分光光度法(0.5 mol/L NaHCO<sub>3</sub> 浸提)测定; 土壤速效钾含量采用火焰光度法(NH<sub>4</sub>OAc 浸提)测定; 土壤有机质含量采用重铬酸钾外加热法测定; 土壤全氮含量采用半微量开氏法测定; 土壤铵态氮、硝态氮含量分别采用 KCl 浸提靛酚蓝比色法、紫外分光光度法测定; 土壤碱解氮含量采用扩散法测定。

## 1.4 细菌多样性测定与数据分析

不同处理土壤样品的细菌 DNA 提取使用 PowerSoil DNA 提取试剂盒(Qiagen 公司产品)操作, 详细步骤参照说明书。所用引物为通用引物 338F(5'-ACTCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'), 扩增细菌 16S rRNA 基因的 V3~V4 区域。所得 PCR 扩增产物的回收、纯化采用 AxyPrepDNA Gel Extraction 试剂盒(Axygen 公司产品)进行, 并用 QuantiFluor™-ST 试剂盒(Promega 公司产品)依据公司提供的标准程序对纯化的 PCR 产物进行定量, 最后于 Illumina MiSeq 平台进行高通量测序, 测序工作由上海美吉生物医药科技有限公司完成。

高通量数据的生物信息学分析在上海美吉生物医药科技有限公司提供的生物云平台(<http://www.i-san->

ger.com)上进行。根据 97% 的序列相似度,将测定结果中有效序列聚类为不同的分类操作单元(OTUs)。采用 RDP classifier 贝叶斯算法对 97% 相似水平的 OTU 代表序列进行分类,参照细菌 16S rRNA 对比库 Silva (<http://www.arb-silva.de>) 对各 OTU 进行物种注释,并获得各样本的细菌分类学信息,以及不同分类水平上的群落物种组成。按照各样品细菌物种注释及丰富度绘制群落柱状图,并计算细菌多样性指数。采用 Student's *t* 检验方法比较各土壤样品的细菌群落多样性及物种相对丰度的差异。采用冗余分析(RDA)对主要环境因子和样品群落组成之间的相关性进行分析。最后采用相关性 Heatmap 图分析各土壤样品中不同物种与环境变量以及产量各因素之间的关系。

### 1.5 统计分析

土壤理化性质和水稻产量等的统计分析采用 SPSS 26 软件的单因素方差(ANOVA)分析,差异性比较采用最小显著性差异(LSD)法。

表 2 不同处理下土壤的理化性质和水稻产量

Table 2 Soil physical and chemical properties and rice yield under different treatments

指标	生育期	T1	T2	T3	T4
pH	苗期	6.18±0.04a	6.20±0.01a	6.15±0.03ab	6.13±0.02bc
	分蘖期	6.44±0a	6.28±0.01b	6.24±0.02b	6.24±0.05b
	成熟期	6.35±0a	6.32±0.01a	6.29±0.01a	6.38±0.05a
电导率(mS/cm)	苗期	0.24±0.03a	0.24±0.03a	0.25±0.03a	0.25±0.02a
	分蘖期	0.20±0.01a	0.19±0a	0.20±0.02a	0.22±0.02a
	成熟期	0.15±0.01a	0.15±0.01a	0.15±0a	0.17±0a
硝态氮含量(mg/kg)	苗期	162.00±14.40a	101.10±6.70b	120.80±13.60b	168.60±22.40a
	分蘖期	59.40±3.40b	57.20±10.60c	129.00±11.90a	147.70±24.90a
	成熟期	17.70±3.90a	12.10±3.50a	12.60±2.00a	15.10±0.70a
铵态氮含量(mg/kg)	苗期	66.10±7.00a	26.40±3.30b	55.30±10.50a	61.60±14.20a
	分蘖期	78.00±8.60a	37.30±3.40c	47.50±7.60bc	50.70±6.60b
	成熟期	12.10±1.40a	13.30±1.30a	18.90±6.70a	14.00±3.30a
速效钾含量(mg/kg)	苗期	212.10±15.30a	213.40±12.60a	221.40±23.90a	207.80±12.50a
	分蘖期	187.80±9.10a	180.20±2.50a	181.00±7.70a	180.20±6.70a
	成熟期	112.70±5.20a	111.90±4.40a	99.20±13.20a	96.70±9.10a
速效磷含量(mg/kg)	苗期	35.70±1.30a	36.60±0.40a	32.30±1.80b	37.40±1.50a
	分蘖期	29.90±0.70b	30.40±0.20ab	31.20±1.30ab	35.00±4.80a
	成熟期	29.10±1.40a	28.50±1.60a	28.40±2.90a	26.80±1.80a
有机质含量(g/kg)	苗期	15.80±0.32a	16.20±0.21a	15.60±0.33a	15.70±0.55a
	分蘖期	15.84±0.18a	15.55±0.23a	15.69±0.76a	15.65±0.45a
	成熟期	15.62±0.42a	15.14±0.29a	15.37±0.71a	15.42±0.62a
产量(g, 1 盆)		35.50±4.00b	42.30±6.70ab	54.20±10.10a	58.40±15.10a

同行数据后不同小写字母表示不同处理间差异显著( $P<0.05$ )。T1 处理: 常规施氮(基肥、穗肥、粒肥)的尿素施用量分别为 1 盆 0.87 g、1.01 g、1.01 g; T2 处理: 秸秆还田+氮肥后移(秸秆的施用量为 1 kg 土壤 2 g 秸秆, 基肥、穗肥、粒肥)的尿素施用量分别为 1 盆 0 g、1.45 g、1.45 g; T3 处理: 秸秆还田+常规施氮(秸秆的施用量为 1 kg 土壤 2 g 秸秆, 基肥、穗肥、粒肥)的尿素施用量分别为 1 盆 0.87 g、1.01 g、1.01 g; T4 处理: 秸秆还田+氮肥前移(秸秆的施用量为 1 kg 土壤 2 g 秸秆, 基肥、穗肥、粒肥)的尿素施用量为 1 盆 1.45 g、0.73 g、0.73 g。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同处理下水稻不同生育期的土壤性质及水稻产量

土壤基本理化性质和水稻产量的分析结果(表 2)显示,土壤 pH 在苗期以 T4 处理为最低,在分蘖期,秸秆还田 3 个处理(T2、T3、T4)的 pH 均显著低于常规施氮(T1)处理,秸秆还田配合基施氮肥处理(T3、T4 处理)则使土壤 pH 进一步下降。秸秆还田+氮肥前移(T4)处理下,水稻苗期、分蘖期的土壤硝态氮含量和速效磷含量在 4 个处理中均最高。在水稻分蘖期, T4 处理下的土壤硝态氮含量显著高于 T1 处理、T2 处理。此外,各处理间土壤速效钾含量和有机质含量的差异未达到显著水平。在水稻成熟期,各处理的土壤养分含量之间差异不显著。秸秆还田总体上增加了水稻产量, T3、T4 处理下水稻产量分别为 1 盆 54.2 g 和 58.4 g,均显著高于 T1 处理(1 盆 35.5 g)。

## 2.2 不同处理下土壤细菌群落动态变化

**2.2.1 细菌多样性** 本试验共采集水稻苗期、分蘖期、成熟期不同处理的盆栽土壤样品 36 个,高通量测序获得通过质量控制的优质 16S rRNA 基因序列 1 361 200 个,平均每个土壤样品获得约 37 811 个优质序列,其平均长度为 463 个碱基对。按 97% 的相似度对序列进行聚类分析,共获得 4 435 个 OTU。Chao 指数表示一个样品中物种的丰富度,而 Shannon 指数则表示物种的均匀度。对各土壤样品的细

菌多样性进行计算,结果(表 3)显示,水稻苗期 T2 处理的土壤细菌丰富度显著高于 T1 处理和 T3 处理,分别增加了 8.3% 和 4.6%。然而在分蘖期和成熟期,各处理土样的细菌丰富度之间差异均不显著。土壤细菌均匀度的分析结果表明,在水稻苗期,秸秆还田处理的细菌 Shannon 指数与 T1 处理相比均有所增加;在水稻分蘖期,秸秆还田处理的细菌 Shannon 指数与 T1 处理相比均有所下降,但各处理之间的差异没有达到显著水平。

表 3 不同处理间土壤细菌多样性指数差异

Table 3 Soil bacterial diversity in different treatments

处理	Chao 指数			Shannon 指数		
	苗期	分蘖期	成熟期	苗期	分蘖期	成熟期
T1	2 995.90±140.00b	3 215.70±123.70a	3 083.60±197.80a	6.52±0.17a	6.65±0.15a	6.54±0.20a
T2	3 245.40±31.30a	3 232.40±50.10a	3 199.70±145.30a	6.59±0.14a	6.37±0.11a	6.40±0.11a
T3	3 102.80±70.80b	3 219.30±100.80a	3 014.30±195.60a	6.57±0.12a	6.56±0.15a	6.24±0.26a
T4	3 179.30±68.10ab	3 182.70±120.40a	3 262.20±230.10a	6.59±0.15a	6.45±0.25a	6.66±0.15a

T1~T4 处理见表 2 注。同列数据后不同小写字母表示不同处理间差异显著 ( $P<0.05$ )。

**2.2.2 细菌群落组成及变化** 对所获得的 OTU 进行分类,共得到细菌种类 49 个门,124 个纲,233 个目,404 个科,735 个属。图 1 显示,相对丰度(即序列占比)较高的优势细菌门有 Chloroflexi (22.5%)、Proteobacteria (22.1%)、Acidobacteria (17.8%)、Firmicutes (9.4%) 和 Actinobacteria (6.5%)。其中,在水稻生长苗期、成熟期,平均丰度最高的为 Chloroflexi;在分蘖期,土壤中细菌则以 Proteobacteria 最多。

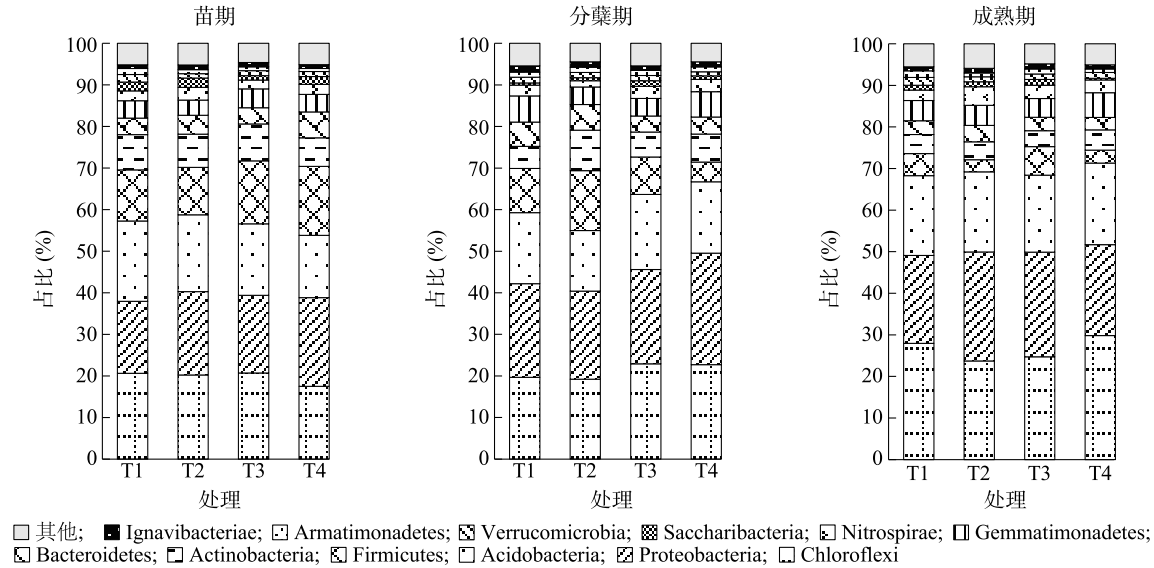
同一生育期不同处理下土壤细菌群落的组间差异显著性测定结果(图 1)表明,在水稻苗期,T4 处理下土壤中 Bacteroidetes 的相对丰度显著高于其他处理 ( $P<0.05$ ),而 T3 处理下 Saccharibacteria 的相对丰度则显著低于其他处理 ( $P<0.001$ )。在水稻分蘖期,T2 处理下 Firmicutes 和 Actinobacteria 的相对丰度分别显著高于 T4 处理和 T1 处理。在水稻成熟期,T1 处理下 Armatimonadetes 的相对丰度显著高于其他处理 ( $P<0.001$ ),T2 处理下 Nitrospirae 的相对丰度显著高于 T1 处理。

秸秆还田后同一处理下土壤细菌门水平的组成在水稻苗期、分蘖期、成熟期有较大变化。其中,T2 处理下土壤中 Nitrospirae 的相对丰度在分蘖期低于苗期、成熟期 ( $P<0.05$ );T2 处理下土壤中 Saccharibacteria 的相对丰度在分蘖期低于苗期、成熟期 ( $P<$

0.01)。T3 处理下土壤中 Firmicutes、Actinobacteria 的相对丰度在苗期显著高于分蘖期和成熟期 ( $P<0.05$ )。T4 处理下水稻苗期土壤中 Chloroflexi 的相对丰度显著低于成熟期 ( $P<0.05$ ),而水稻苗期土壤中 Firmicutes 的相对丰度则显著高于其他 2 个生育时期 ( $P<0.05$ )。T1 处理下土壤细菌在门水平上水稻不同生育期间没有显著变化。

在属水平上,所有处理中相对丰度最高的 5 个优势细菌属为 norank\_c\_\_SBR2076、norank\_c\_\_Acidobacteria、norank\_o\_\_Subgroup\_7、Anaeromyxobacter 和 norank\_f\_\_Anaerolineaceae(图 2)。总体而言,属于 Chloroflexi 的未分类的 norank\_c\_\_SBR2076 在水稻不同生育期的平均占比均为最高,占 5.4%~8.0%,其他细菌属的相对丰度随水稻生育期变化而波动较大。在水稻苗期,T2 处理下 norank\_p\_\_Saccharibacteria 的相对丰度高于 T3 处理 ( $P<0.001$ ),其他处理各细菌属相对丰度差异不显著(图 2A)。在水稻分蘖期,T4 处理下 Bryobacter 的相对丰度高于 T2 处理 ( $P<0.05$ ),其他处理各细菌属相对丰度差异均不显著(图 2B)。在水稻成熟期,T1 处理下 norank\_f\_\_Anaerolineaceae 的相对丰度高于 T2、T3、T4 处理 ( $P<0.001$ ),而 Nitrospira、Bryobacter 和 norank\_f\_\_Acidobacteriaceae\_\_Subgroup\_1 这 3 个细菌属的相对丰度则低于 T2、

T3、T4 处理( $P<0.05$ ) (图 2C)。



T1~T4 处理见表 2 注。

图 1 不同处理下水稻不同生育期土壤细菌门水平上的群落组成

Fig.1 Bacterial community composition at the phylum level at different growth stages of rice under different treatments

### 2.3 不同处理下土壤中细菌群落组成与环境因子的相关性

冗余分析结果(图 3)表明,总体而言,在水稻苗期、分蘖期和成熟期,秸秆还田处理的土壤细菌群落结构与秸秆不还田处理差异均较小。氮肥调控对各土壤样品的细菌群落组成有一些影响,具体表现为,在水稻苗期,T2 处理(秸秆还田+氮肥后移)与其他处理土壤微生物群落结构能区分开来;在水稻分蘖期,T2 处理与 T4 处理,即秸秆还田+氮肥后移处理与秸秆还田+氮肥前移处理土壤微生物群落结构之间可以区分。秸秆不还田处理的土壤微生物群落结构在水稻成熟期相对于苗期更集中一些。在水稻苗期,土壤铵态氮含量对细菌群落组成影响显著( $P<0.05$ ),影响最大的处理为 T1 和 T4;在水稻分蘖期,土壤电导率对土壤细菌群落组成的影响达到显著水平( $P<0.05$ ),影响最大的是 T3 处理;在水稻成熟期,土壤铵态氮含量对细菌群落组成的影响达到显著水平( $P<0.05$ ),其他土壤理化因子则对细菌群落组成没有显著影响。

各处理下土壤细菌类群相对丰度与环境因子之间的相关性可采用 Spearman 秩相关来进行分析,表 4 只列举了与环境因子显著相关的细菌门或细菌属。表 4 显示,土壤中有 2 大类细菌群容易受到环

境因子影响,Actinobacteria、Firmicutes、Saccharibacteria 与速效磷含量、速效钾含量、土壤电导率、硝态氮含量均呈显著正相关,与 pH 均呈极显著负相关;而 Nitrospirae、Chloroflexi 和 Latescibacteria 则与速效钾含量、土壤电导率和铵态氮含量均呈显著负相关。土壤有机质含量与细菌门水平上各细菌类群之间没有显著相关性。

各土壤细菌属相对丰度与环境因子的相关性分析结果(表 4)表明,相对丰度排名前 15 的细菌属中只有 norank\_c\_\_SBR2076、norank\_f\_\_Anaerolineaceae、Nitrospira、Pseudarthrobacter、Massilia 等受环境因子影响显著。其中,Pseudarthrobacter 的相对丰度与各环境因子主要呈正相关,而其他则主要为负相关。

### 2.4 水稻产量及其构成因素与各细菌类群的关系

对水稻成熟期各处理下土壤不同细菌门相对丰度与产量及其构成因素的相关性进行分析,表 5 只列出具有显著相关性的细菌类群,Acidobacteria、Chloroflexi、Gemmatimonadetes 的相对丰度与水稻每穗粒数呈显著正相关,Acidobacteria 和 Gemmatimonadetes 的相对丰度与产量呈正相关,而 Nitrospirae 的相对丰度则与千粒质量呈显著正相关。在属水平上,相对丰度与每穗粒数呈正相关的细菌属最多,包



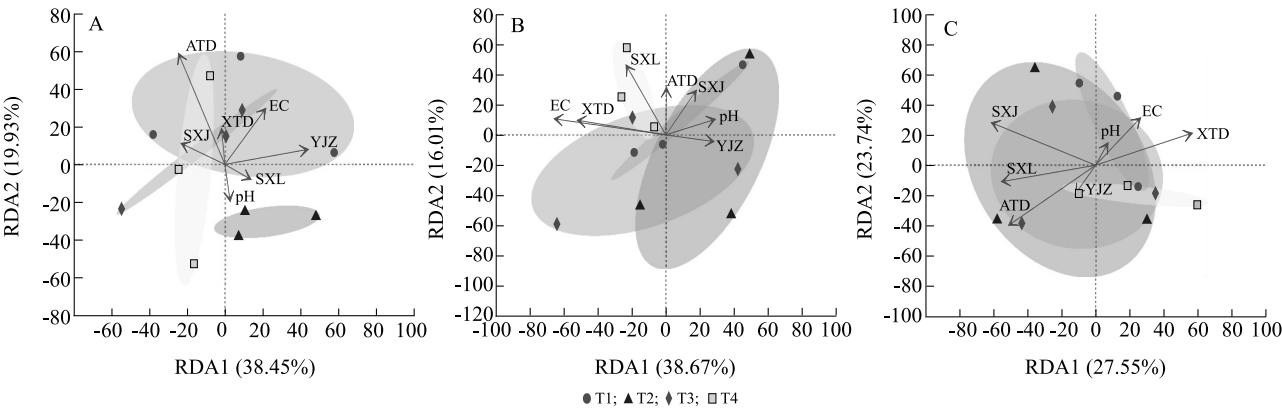
A: 苗期; B: 分蘖期; C: 成熟期。T1~T4 处理见表 2 注。

图 2 不同处理下水稻不同生育期土壤细菌属水平上的相对丰度

Fig.2 Relative abundance of soil bacterial genera at different growth stages of rice under different treatments

括 *Gemmatimonas*、*norank\_c\_Acidobacteria* 和 4 个未知属 (*norank\_c\_SBR2076*、*norank\_o\_Subgroup\_7*、*norank\_c\_KD4-96* 和 *norank\_o\_SC-I-84*)。水稻产量与 *Gemmatimonas*、*norank\_c\_Acidobacteria*、*norank\_c\_SBR2076* 和 *norank\_o\_Subgroup\_7* 的相对丰度呈正相关。其中, 主要细菌属 *norank\_c\_SBR2076*、*norank\_c\_Acidobacteria* 和 *norank\_o\_Subgroup\_7* 的相对丰度均与水稻产量及每穗粒数呈显著正相关。

*c\_SBR2076* 和 *nonrank\_o\_Subgroup\_7* 的相对丰度呈正相关。其中, 主要细菌属 *norank\_c\_SBR2076*、*norank\_c\_Acidobacteria* 和 *nonrank\_o\_Subgroup\_7* 的相对丰度均与水稻产量及每穗粒数呈显著正相关。



A: 苗期; B: 分蘖期; C: 成熟期。T1~T4 处理见表 2 注。ATD: 铵态氮含量; XTD: 硝态氮含量; SXL: 速效磷含量; SXJ: 速效钾含量; YJZ: 有机质含量; pH: 土壤 pH; EC: 土壤电导率。

图 3 环境因子与不同处理土壤细菌群落结构的冗余分析  
Fig.3 Redundancy analysis (RDA) of environmental factors and soil bacterial community structure under different treatments

表 4 土壤优势细菌类群与环境因子的相关性分析结果

Table 4 Correlation analysis between dominant bacterial groups and environmental factors

细菌类群		相关系数					
		pH	土壤电导率	速效磷含量	速效钾含量	铵态氮含量	硝态氮含量
细菌门	Chloroflexi		-0.44 **	-0.42 *	-0.58 ***	-0.52 **	-0.44 *
	Proteobacteria		-0.45 **		-0.37 *		
	Acidobacteria				-0.34 *	-0.40 *	
	Firmicutes	-0.46 **	0.48 **	0.41 *	0.63 **	0.51 **	0.42 *
	Actinobacteria	-0.54 ***	0.57 ***	0.52 **	0.62 ***	0.39 *	0.55 ***
	Gemmatimonadetes			-0.36 *			
	Bacteroidetes			0.37 *	0.42 *	0.38 *	
	Nitrospirae		-0.34 *		-0.41 *	-0.43 **	-0.37 *
	Saccharibacteria	-0.55 ***	0.47 **	0.69 ***	0.52 **		0.34 **
	Latescibacteria		-0.38 *	-0.48 **	-0.52 **	-0.41 *	-0.42 **
细菌属	norank_c_SBR2076		-0.44 **	-0.38 *	-0.63 ***	-0.60 ***	-0.40 *
	norank_c_Acidobacteria				-0.35 *		
	norank_f_Anaerolineaceae	0.44 **	-0.56 ***	-0.51 **	-0.67 ***	-0.59 ***	-0.60 ***
	norank_c_KD4-96			-0.34 *			
	Candidatus_Solibacter					-0.37 *	
	Nitrospira		-0.34 *		-0.41 *	-0.43 **	-0.37 *
	Pseudarthrobacter	-0.67 ***	0.59 ***	0.57 ***	0.57 **		0.51 **
	Massilia					-0.51 **	

\* 表示在 0.05 水平显著相关; \*\* 表示在 0.01 水平显著相关; \*\*\* 表示在 0.001 水平显著相关。

3 讨论

秸秆还田是提高土壤养分、减少资源浪费最有效的途径之一。有研究结果表明,秸秆还田能增加土壤有机质含量,并且在一定程度上提高土壤中有效养分(如氮、磷、钾等)的含量<sup>[26-27]</sup>。本研究中,秸秆还田对苗期、分蘖期、成熟期土壤养分含量的影响比较复杂。就氮素而言,秸秆还田配合常规施氮

(T3)处理下土壤硝态氮含量在苗期显著低于常规施氮(T1)处理,在分蘖期显著高于 T1 处理,成熟期则差异不显著,这可能与水稻生长对有效养分的吸收利用有关。此外,秸秆还田还可能引起土壤中氮的反硝化损失<sup>[28]</sup>。在秸秆还田配合不同氮肥运筹的几个处理中,氮肥前移处理提高了水稻苗期和分蘖期的土壤硝态氮含量,表明增加氮肥基施有利于水稻生育早期土壤养分的供应和积累。与常规施氮

处理相比,秸秆还田配施氮肥处理降低了水稻分蘖期的土壤 pH。前人研究发现秸秆分解过程可能产

生大量有机酸和酰胺态氮或铵态氮,进入土壤后发生硝化作用释放氢离子,导致土壤酸化<sup>[28-29]</sup>。

表 5 土壤优势细菌类群相对丰度与水稻产量构成因素的相关性分析

Table 5 Correlation analysis between the relative abundanc of dominant bacterial groups and rice yield components

细菌类群		相关系数			
		每盆穗数	每穗粒数	千粒质量	产量
细菌门	Chloroflexi		0.64 *		
	Acidobacteria		0.70 *		0.64 *
	Gemmatimonadetes		0.76 **		0.61 *
	Nitrospirae			0.60 *	
细菌属	norank_c__SBR2076	0.62 *	0.60 *		0.59 *
	norank_c__Acidobacteria		0.60 *		0.58 *
	norank_o__Subgroup_7		0.83 ***	0.72 **	0.79 **
	<i>Nitrospira</i>			0.60 *	
	norank_c__KD4-96		0.61 *		
	<i>Gemmatimonas</i>		0.80 **		0.60 *
	norank_f__Acidobacteriaceae__Subgroup_1_			0.69 *	
	<i>Anaerolinea</i>			-0.62 *	
	norank_o__SC-I-84		0.62 *		

\* 表示在 0.05 水平显著相关; \*\* 表示在 0.01 水平显著相关; \*\*\* 表示在 0.001 水平显著相关。

土壤微生物多样性对维持土壤肥力与生态系统平衡起着重要作用,但秸秆还田处理对不同土壤微生物的影响各异。Yan 等<sup>[30]</sup>发现,秸秆还田可以提高土壤细菌丰富度,但对其均匀度没有影响。同样,本试验中水稻苗期各秸秆还田处理的土壤细菌丰富度与 T1 处理相比有所提高,秸秆还田+氮肥后移处理的细菌丰富度最高,这可能与初期的秸秆投入导致一些异养的细菌大量生长有关,而氮肥添加可能更有利于优势菌的生长,这种差异在其他生育期有所降低。Zhao 等<sup>[29]</sup>研究发现,秸秆还田降低了土壤细菌 OTU、丰度和均匀度,可能是因为土壤细菌群落受土壤原来的基本理化性质影响更大。秸秆还田+氮肥前移处理的细菌丰富度和均匀度在成熟期均高于其他处理,在一定程度上说明氮肥前移可能更有利于水稻生长后期土壤细菌多样性的提高。

秸秆还田后,土壤主要细菌类群组成有所变化,并且在水稻不同生育期表现不同。在所有处理中,Chloroflexi、Proteobacteria、Acidobacteria、Firmicutes 和 Actinobacteria 为主要优势菌门。其中,Chloroflexi、Proteobacteria 和 Firmicutes 均为典型的富营养细菌类群,而 Acidobacteria 则为贫营养细菌类群。秸秆腐解需要各种细菌类群的参与,Chloroflexi、Proteobacteria 和 Firmicutes 等直接参与秸秆的降解,而放线菌和真

菌等则利用降解产物,在后期生长更快<sup>[27]</sup>。

比较各处理间细菌群落组成的差异,在苗期,T4 处理下 Bacteroidetes 的相对丰度显著高于其他处理,表明秸秆还田+氮肥前移处理可以提高该细菌门的相对丰度。拟杆菌门是农田利用的一个重要生物学指标<sup>[31]</sup>,前人研究发现肥沃农田的拟杆菌门相对丰度要高于贫瘠草地,且该细菌门的相对丰度与土壤 pH 呈正相关<sup>[30,32]</sup>。本试验同样证明了在养分供应充足的条件下 Bacteroidetes 的相对丰度较高,但与前人不同的是,其丰度并不受 pH 影响。在水稻分蘖期,秸秆还田+氮肥后移处理的 Firmicutes 和 Actinobacteria 相对丰度均高于常规施氮处理和秸秆还田+氮肥前移处理。厚壁菌门被认为与有机碳降解关系较大<sup>[33]</sup>,可能 T2 处理的氮肥后移减缓了秸秆降解速率,到了分蘖期仍有大量可利用于碳源,而 T4 处理的秸秆因氮肥前移而秸秆在较短时间内得到较充分的降解,因此在水稻分蘖期厚壁菌门相对丰度较其他细菌群落低,这与前人研究结果相近<sup>[34]</sup>。此外,Firmicutes 和 Actinobacteria 的相对丰度均与土壤 pH 呈负相关,这也能进一步解释两者在 T2 处理中相对丰度远高于 T1 处理。在水稻成熟期,T2 处理下 Nitrospirae 的相对丰度显著高于 T1 处理。硝化螺旋菌门的活动与土壤氮素相关,有研

究发现秸秆还田处理会增加硝化螺旋菌门的相对丰度<sup>[35]</sup>,同时配合氮肥后移可能使得该细菌门的细菌在水稻生长后期更加活跃。而在本研究秸秆还田条件下,氮肥运筹对于硝化螺旋菌门的影响较小。

秸秆还田后,各处理下水稻不同生育期的土壤细菌群落组成均有一定变化,而不加秸秆的常规施氮处理下土壤细菌群落组成在整个生育期比较稳定,可见秸秆还田对土壤微生物还有季节性的影响,这与 Liu 等<sup>[27]</sup>提出的秸秆降低过程通常伴随着土壤细菌组成的季节性变化的结论相一致。冗余分析结果表明,土壤理化因子对细菌群落分布的影响在不同生育期表现不同,主要是铵态氮含量和土壤电导率这 2 个因子,铵态氮含量在苗期、成熟期均与细菌群落组成显著相关。有研究结果表明,土壤微生物群落受氮肥影响较大,且因环境条件而异<sup>[36]</sup>。尿素的添加会改变土壤中铵态氮含量,而水稻土壤中与氮循环有关的微生物往往占优势地位<sup>[37]</sup>,一些相关细菌则很容易受到影响<sup>[38]</sup>,从而进一步影响细菌群落组成。土壤电导率受秸秆分解产生的一些有机酸等化合物影响<sup>[39]</sup>,对水稻分蘖期的细菌群落组成有显著影响。

有研究结果表明,秸秆还田可以改善土壤养分、水稻产量和品质<sup>[6]</sup>。水稻成熟期,土壤中 *Acidobacteria* 和 *Gemmatimonadetes* 与产量呈显著正相关;*Chloroflexi*、*Acidobacteria*、*Gemmatimonadetes* 与每穗粒数呈正显著或极显著相关,*Nitrospirae* 与千粒质量呈显著正相关。

## 4 结论

秸秆还田且氮肥后移处理提高了水稻苗期土壤细菌的丰富度,但对其均匀度影响较小。秸秆还田与否以及氮肥运筹对水稻分蘖期、成熟期土壤细菌丰富度和均匀度影响较小;水稻各生育期,对细菌群落结构组成有显著影响的土壤理化因子不同,苗期、成熟期以铵态氮影响最大,而分蘖期以土壤电导率的影响最为显著。相对丰度(即序列占比)较高的优势细菌门有 *Chloroflexi*、*Proteobacteria*、*Acidobacteria*、*Firmicutes* 和 *Actinobacteria*。其中,在水稻生长苗期、成熟期,平均丰度最高的为 *Chloroflexi*;在分蘖期,土壤中细菌则以 *Proteobacteria* 最多;*Chloroflexi* 的未分类属 *norank\_c\_\_SBR2076* 在水稻苗期、分蘖期、成熟期的相对丰度均最高。秸秆还田增加了水稻产量,各处理中以 T4 处理的增产效果最大。相对

丰度与水稻产量显著正相关的细菌包括 *Acidobacteria* 和 *Gemmatimonadetes*,与千粒质量正相关的为 *Nitrospirae*,*norank\_o\_Subgroup\_7* 的相对丰度与水稻千粒质量、每穗粒数、产量均呈显著正相关。因此,秸秆还田并增加氮肥基施比例可以明显增加水稻产量,并对改善水稻生长后期土壤细菌群落结构产生有益的影响。

## 参考文献:

- [1] ZHAO S C, LI K J, ZHOU W, et al. Changes in soil microbial community, enzyme activities and organic matter fractions under long-term straw return in north-central China [J]. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2016, 216: 82-88.
- [2] SU Y, KWONG R W M, TANG W L, et al. Straw return enhances the risks of metals in soil? [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2021, 207: 111201.
- [3] YANG H S, ZHAI S L, LI Y F, et al. Waterlogging reduction and wheat yield increase through long-term ditch-buried straw return in a rice-wheat rotation system [J]. *Field Crops Research*, 2017, 209: 189-197.
- [4] 王青霞,李美霖,陈喜靖,等. 秸秆还田下氮肥运筹对水稻各生育期土壤微生物群落结构的影响[J]. *应用生态学报*, 2020, 31(3): 935-944.
- [5] HARRIS J. Soil microbial communities and restoration ecology: facilitators or followers? [J]. *Science*, 2009, 325: 573-574.
- [6] CHEN Z, WANG H, LIU X, et al. Changes in soil microbial community and organic carbon fractions under short-term straw return in a rice-wheat cropping system [J]. *Soil and Tillage Research*, 2017, 165: 121-127.
- [7] DING L J, SU J Q, SUN G X, et al. Increased microbial functional diversity under long-term organic and integrated fertilization in a paddy soil [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2018, 102(4): 1969-1982.
- [8] BEI S K, ZHANG Y L, Li T T, et al. Response of the soil microbial community to different fertilizer inputs in a wheat-maize rotation on a calcareous soil [J]. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2018, 260: 58-69.
- [9] WANG N, YU J G, ZHAO Y H, et al. Straw enhanced CO<sub>2</sub> and CH<sub>4</sub> but decreased N<sub>2</sub>O emissions from flooded paddy soils: changes in microbial community compositions [J]. *Atmospheric Environment*, 2017, 174: 171-179.
- [10] YANG H S, MENG Y, FENG J X, et al. Direct and indirect effects of long-term ditch-buried straw return on soil bacterial community in a rice-wheat rotation system [J]. *Land Degradation & Development*, 2019, 31: 851-867.
- [11] ZENG X N, SONG Q L, YU S, et al. Effects of fertilization and straw incorporation on bacterial communities in black soil, north-eastern China [J]. *Applied Ecology and Environmental Research*,

- 2020, 18(6): 7535-7550.
- [12] ZHU J, PENG H, JI X H, et al. Effects of reduced inorganic fertilization and rice straw recovery on soil enzyme activities and bacterial community in double-rice paddy soils [J]. *European Journal of Soil Biology*, 2019, 94: 103116.
- [13] 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.
- [14] 王子阳. 秸秆还田与氮肥运筹对双季稻产量、品质与土壤养分的影响 [D]. 扬州: 扬州大学, 2021
- [15] HUANG S, ZENG Y J, WU J F, et al. Effect of crop residue retention on rice yield in China: a meta-analysis [J]. *Field Crops Research*, 2013, 154: 188-194.
- [16] SU Y, YU M, XI H, et al. Soil microbial community shifts with long-term of different straw return in wheat-corn rotation system [J]. *Scientific Reports*, 2020, 10(1): 6360.
- [17] LI T, GAO J S, BAI L Y, 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 & Tillage Research*, 2019, 195: 104428.
- [18] 孔丽丽, 侯云鹏, 尹彩侠, 等. 秸秆还田下寒地水稻实现高产高氮肥利用率的氮肥运筹模式 [J]. *植物营养与肥料学报*, 2021, 27(7): 1282-1293.
- [19] 何虎, 吴建富, 曾研华, 等. 稻草全量还田下氮肥运筹对双季晚稻产量及其氮素吸收利用的影响 [J]. *植物营养与肥料学报*, 2014, 20(4): 811-820.
- [20] 侯贤清, 吴鹏年, 王艳丽, 等. 秸秆还田配施氮肥对土壤水肥状况和玉米产量的影响 [J]. *应用生态学报*, 2018, 29(6): 1928-1934.
- [21] 邹露阳, 陈震, 段福义, 等. 喷灌水肥与种植密度互作对水氮利用效率和冬小麦产量的影响 [J]. *排灌机械工程学报*, 2020, 38(6): 632-636.
- [22] 李晶晶, 臧文静, 黎耀军, 等. 喷灌施氮管理对春玉米产量及水氮利用的影响 [J]. *排灌机械工程学报*, 2020, 38(12): 1277-1283.
- [23] 严奉君, 孙永健, 马均, 等. 不同土壤肥力条件下麦秆还田与氮肥运筹对杂交稻氮素利用、产量及米质的影响 [J]. *中国水稻科学*, 2015, 29(1): 56-64.
- [24] SUN R B, ZHANG X X, GUO X S, et al. Bacterial diversity in soils subjected to long-term chemical fertilization can be more stably maintained with the addition of livestock manure than wheat straw [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, 88: 9-18.
- [25] 鲍士旦. 土壤农化分析 [M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000: 30, 44, 50, 53, 56, 81, 106, 185.
- [26] LIU C, LU M, CUI J, et al. Effects of straw carbon input on carbon dynamics in agricultural soils: a meta-analysis [J]. *Global Change Biology*, 2014, 20(5): 1366-1381.
- [27] LIU L, DING M J, ZHOU L K, et al. Effects of different rice straw on soil microbial community structure [J]. *Agronomy Journal*, 2021, 113(2): 794-805.
- [28] HU X J, LIU J J, WEI D, et al. Soil bacterial communities under different long-term fertilization regimes in three locations across Northeast China [J]. *Pedosphere*, 2018, 28(5): 751-763.
- [29] 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.
- [30] YAN S S, SONG J M, FAN J S, et al. Changes in soil organic carbon fractions and microbial community under rice straw return in Northeast China [J]. *Global Ecology and Conservation*, 2020, 22: e00962.
- [31] WOLINSKA A, KUZNIAR A, ZIELENKIEWICZ U, et al. Bacteroidetes as a sensitive biological indicator of agricultural soil usage revealed by a culture-independent approach [J]. *Applied Soil Ecology*, 2017, 119: 128-137.
- [32] LAUBER C L, HAMADY M, KNIGHT R, et al. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(15): 5111-5120.
- [33] BONANOMI G, FILIPPIS F D, CESARANO G, et al. Organic farming induces changes in soil microbiota that affect agro-ecosystem functions [J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2016, 103: 327-336.
- [34] GUO H H, NASIR M, LV J L, et al. Understanding the variation of microbial community in heavy metals contaminated soil using high throughput sequencing [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2017, 144: 300-306.
- [35] 刘骁蓓. 秸秆还田方式与施肥对水稻土壤微生物学特性的影响 [D]. 成都: 四川农业大学, 2013.
- [36] CHU H, LIN X, FUJII T, et al. Soil microbial biomass, dehydrogenase activity, bacterial community structure in response to long-term fertilizer management [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2007, 39: 2971-2976.
- [37] LIGI T, TRUU M, TRUU J, et al. Effects of soil chemical characteristics and water regime on denitrification genes (nirS, nirK, and nosZ) abundances in a created riverine wetland complex [J]. *Ecological Engineering*, 2014, 72: 47-55.
- [38] WANG N, DING L J, XU H J, et al. Variability in responses of bacterial communities and nitrogen oxide emission to urea fertilization among various flooded paddy soils [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2015, 91(3): 1-11.
- [39] SU Y, YU M, XI H, et al. Soil microbial community shifts with long-term of different straw return in wheat-corn rotation system [J]. *Scientific Reports*, 2020, 10(1): 6360.

(责任编辑: 王妮)