

王籽懿, 韩 伟, 金鸿飏, 等. 高寒黑土区不同轮作模式对马铃薯根际土壤细菌群落结构与功能的影响[J]. 江苏农业学报, 2025, 41(2): 286-295.

doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2025.02.009

高寒黑土区不同轮作模式对马铃薯根际土壤细菌群落结构与功能的影响

王籽懿¹, 韩 伟², 金鸿飏³, 黄修梅¹, 李 明¹

(1. 内蒙古农业大学, 内蒙古 呼和浩特 010019; 2. 雪川农业集团股份有限公司, 河北 张家口 075000; 3. 呼伦贝尔市农牧科学研究所, 内蒙古 呼伦贝尔 021000)

摘要: 为明确不同轮作模式对马铃薯根际土壤细菌群落的影响, 本研究以马铃薯-小麦-甜菜-马铃薯(A处理)、马铃薯-水飞蓟-小麦-马铃薯(B处理)、小麦-甜菜-小麦-马铃薯(C处理)、油菜-小麦-甜菜-马铃薯(D处理)、小麦-油菜-大麦-马铃薯(E处理)和油菜-小麦-马铃薯-马铃薯(CK, 对照)6种植模式为研究对象, 采用细菌16S区的高通量测序技术, 对比分析当地6种植模式对马铃薯根际土壤细菌群落结构和功能的影响。结果表明, 6种植模式的土壤样本共获得36420个扩增子序列变异(ASV), 划分为45门、119纲、298目、451科、790属和357种。不同轮作模式马铃薯根际土壤主要优势菌群同为变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门、芽单胞菌门、放线菌门、浮霉菌门、疣微菌门、绿弯菌门、黏球菌门、酸杆菌门, 但主要优势菌群的相对丰度在不同轮作模式中存在差异。与CK相比, 轮作明显提高了细菌中酸杆菌门和芽单胞菌门细菌的相对丰度, 而放线菌门细菌相对丰度明显降低, 溶杆菌属细菌以及与碳、氮相关的功能菌相对丰度升高。组间群落差异分析(LEfSe)结果表明, 在细菌群落中共鉴定出38个差异物种。通过基因功能预测发现, 一级功能中新陈代谢的相对丰度最大(62.04%~62.46%), 相对丰度大于1.0%的二级功能代谢通路有19类, 其中碳水化合物代谢的相对丰度最高(12.93%~13.29%)。综上所述, 轮作改变了土壤细菌群落结构, 提高了土壤细菌中的优势功能菌, 其中以小麦-甜菜-小麦-马铃薯轮作模式效果最好, 更适宜高寒黑土区马铃薯产业的可持续发展。

关键词: 高寒黑土区; 轮作模式; 马铃薯; 根际土壤; 细菌群落结构; 细菌群落功能

中图分类号: S154.3; S532 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2025)02-0286-10

Effects of different crop rotation modes on the structure and function of bacterial communities in potato rhizosphere soil in high-altitude black soil areas

WANG Ziyi¹, HAN Wei², JIN Hongbiao³, HUANG Xiumei¹, LI Ming¹

(1. Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot 010019, China; 2. Xuechuan Agricultural Group Co., Ltd., Zhangjiakou 075000, China; 3. Hulunbuir Institute of Agriculture and Animal Husbandry, Hulunbuir 021000, China)

收稿日期: 2024-04-22

基金项目: 内蒙古自治区重点研发和成果转化计划项目(2022YFDZ-0010); 河北省科技计划结转项目(21326320D); 内蒙古自治区农牧厅基层农业推广体系改革与建设补充及重大农业技术协同推广资金项目

作者简介: 王籽懿(1996-), 女, 河北张家口人, 硕士研究生, 主要研究方向为作物栽培。(E-mail) 1754899519@qq.com

通讯作者: 黄修梅, (E-mail) huangxm0404@126.com

Abstract: To clarify the effects of different rotation patterns on bacterial communities in potato rhizosphere soil, six planting patterns of potato-wheat-sugar beet-potato (A treatment), potato-milk thistle-wheat-potato (B treatment), wheat-sugar beet-wheat-potato (C treatment), oilseed rape-wheat-sugar beet-potato (D treatment), wheat-oilseed rape-barley-potato (E treatment) and oilseed rape-

wheat-potato-potato (CK, control) were studied. The high-throughput sequencing technology of bacterial 16S region was used to compare and analyze the effects of six local planting patterns on the structure and function of bacterial communities in potato rhizosphere soil. The results showed that a total of 36 420 amplicon sequence variations (ASVs) were obtained from the soil samples under the six rotation patterns, which were divided into 45 phyla, 119 classes, 298 orders, 451 families, 790 genera and 357 species. The dominant bacteria in potato rhizosphere soil under different rotation modes were Proteobacteria, Acidobacteria, Bacteroidetes, Gemmatimonadota, Actinobacteria, Planctomycetota, Verrucomicrobiota, Chloroflexi, Myxococcota and Patescibacteria. However, the relative abundance of the dominant bacteria was different under different rotation patterns. Compared with CK, rotation significantly increased the relative abundance of Acidobacteria and Gemmatimonadota, while the relative abundance of Actinobacteria decreased significantly. In addition, the relative abundance of *Lysobacter* and functional bacteria related to carbon and nitrogen increased. The results of inter-group community difference analysis (LEfSe) showed that 38 differential species in the bacterial community were identified. Through gene function prediction, it was found that the relative abundance of metabolism in primary function was the highest (62.04%–62.46%). There were 19 categories of secondary functional metabolic pathways with relative abundance greater than 1.0%, among which carbohydrate metabolism had the highest relative abundance (12.93%–13.29%). In summary, rotation changed the soil bacterial community structure and increased the dominant functional bacteria in soil bacteria. In this study, the rotation mode of wheat-sugar beet-wheat-potato had the best effect, which was more suitable for the sustainable development of potato industry in high-altitude black soil areas.

Key words: high-altitude black soil areas; rotation pattern; potato; rhizosphere soil; bacterial community structure; bacterial community function

土壤微生物被誉为农田生态系统的“传感器”,参与土壤中复杂的生物地球化学过程,推动有机质分解和养分循环,维持农田生态系统的功能和健康^[1]。细菌占土壤微生物总数的70%~90%^[2],数量极其庞大,研究其群落结构和功能变化能够揭示土壤生态系统功能的演变^[3]。

轮作换茬对土壤微生物有较大影响,科学合理的轮作可以提高作物产量、抑制土传病害发生^[4-5],使微生物群落由真菌型向细菌型转变,更有利于提高土壤肥力^[6]。不适宜的种植方式则会造成土壤中有益菌群数量减少、群落结构失衡^[7]。不同前茬作物会产生不同类型的根系分泌物,从而形成群落组成、丰度和多样性存在显著差异的细菌群落^[8];同时田间管理、土壤类型和地域对微生物群落的组成与多样性也有重要影响^[9-10]。近年来,对农田土壤细菌的研究以土地利用^[11-12]、轮作系统^[13-15]、耕作方式^[7]、秸秆还田^[16]、肥料组合^[17]为主,调查不同作物茬口对马铃薯根际土壤细菌群落结构功能的影响比较少见,尤其是在海拔较高的高寒黑土区。

本研究以高寒黑土区大兴安岭西麓为研究区,该区域具备独特的气象条件,大田种植主要作物有小麦、甜菜、油菜、水飞蓟、大麦和马铃薯,土壤以黑

钙土和草甸土为主,马铃薯作为当地优势作物,通常与另外几种作物轮作。研究高寒黑土区不同轮作模式对土壤细菌群落结构的影响,对于加强黑土地保护、维持土壤结构的稳定性,推进“粮食安全”战略实施以及“质量兴农”战略落实具有重要意义。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于内蒙古自治区呼伦贝尔市海拉尔区哈克镇下辖社区谢尔塔拉农牧场,地理坐标49°25'N, 119°57'E,属寒温带大陆性季风气候,无霜期90~100 d,年平均气温-2.1℃左右,年有效积温2 100℃,昼夜温差大,年均降雨量300 mm左右,降水集中在7-9月。

1.2 试验设计

受无霜期限制,当地大面积种植的作物主要有小麦、甜菜、油菜、水飞蓟、大麦和马铃薯。大田试验于2020-2023年进行,共设6个处理,试验设计见表1。2023年6个处理的马铃薯播种日期均为5月,收获日期为9月,株距25 cm,行距90 cm,播种量1 hm² 59 250株,施肥量、耕作措施、田间管理遵从当地种植习惯。每个处理重复3次,随机区组排列,小区面积为2 m×1 m。

表 1 本研究的试验设计

Table 1 The experimental design of this study

处理	2020 年	2021 年	2022 年	2023 年
马铃薯-小麦-甜菜-马铃薯(A)	马铃薯	小麦	甜菜	马铃薯
马铃薯-水飞蓟-小麦-马铃薯(B)	马铃薯	水飞蓟	小麦	马铃薯
小麦-甜菜-小麦-马铃薯(C)	小麦	甜菜	小麦	马铃薯
油菜-小麦-甜菜-马铃薯(D)	油菜	小麦	甜菜	马铃薯
小麦-油菜-大麦-马铃薯(E)	小麦	油菜	大麦	马铃薯
油菜-小麦-马铃薯-马铃薯(CK)	油菜	小麦	马铃薯	马铃薯

1.3 土壤样品采集

在 2023 年 9 月马铃薯收获时,采集 0~20 cm 土层的根际土壤,采用五点法将每个小区对角线的交点作为中心,在对角线上选取等距的 4 个点进行取样,垂直挖出马铃薯后,将马铃薯根部携带出的土壤抖落、混匀、装袋后带回实验室,保存在-80 ℃冰箱中用于细菌群落的测定。

1.4 土壤 DNA 提取和高通量测序

将保存在-80 ℃冰箱中的土壤样品取出,使用 Covaris M220 仪器进行土壤样品 DNA 的提取,利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测提取基因组 DNA。采用 16S rDNA 基因中的 V3~V4 区段进行测序分析,以 341 F (5'-CCTAYGGGRBGCASCAG-3') 和 806 R (5'-GGACTACNNGGTATCTAAT-3') 进行 PCR 扩增,扩增产物采用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测。采用 NovaSeq 6000 平台测序得到 2×250 bp 的

paired-end 数据,通过拼接得到较长序列,从而进行 16S 分析。

1.5 数据处理

使用 QIIME2 2021 等软件对原始数据进行拼接和去嵌合体等步骤,以 100% 相似度聚类,使用 DADA2 质量控制后产生的每个去重的序列称为 ASV。基于 ASV 的丰度及注释信息,对每个样本在不同分类水平上序列的比例进行统计,使用 Perl 语言 Circos 软件绘制不同分类水平物种圈图。土壤微生物群落丰度图使用 R 语言对组间进行 T-test 分析,再使用 ggplot2 程序包绘制差异物种箱线图。采用 LEfSe 统计分析方法进行物种组成和群落结构差异显著性检验。使用 R 语言 Tax4Fun 程序包基于最小 16S rDNA 序列相似度的最近邻居法对样本进行功能预测。

2 结果与分析

2.1 不同轮作模式对土壤细菌群落多样性的影响

2.1.1 土壤细菌 16S rRNA 测序 18 个土壤样本的有效序列共计 344 749 条。经过优化筛选和相似性分析,基于 100% 的相似性水平,最终获得了 36 420 个扩增子序列变异(ASV),划分为 45 门(Phylum)、119 纲(Class)、298 目(Order)、451 科(Family)、790 属(Genus)和 357 种(Species)(表 2)。其中,各轮作处理的门、纲、目、科及 ASV 均高于 CK 处理。

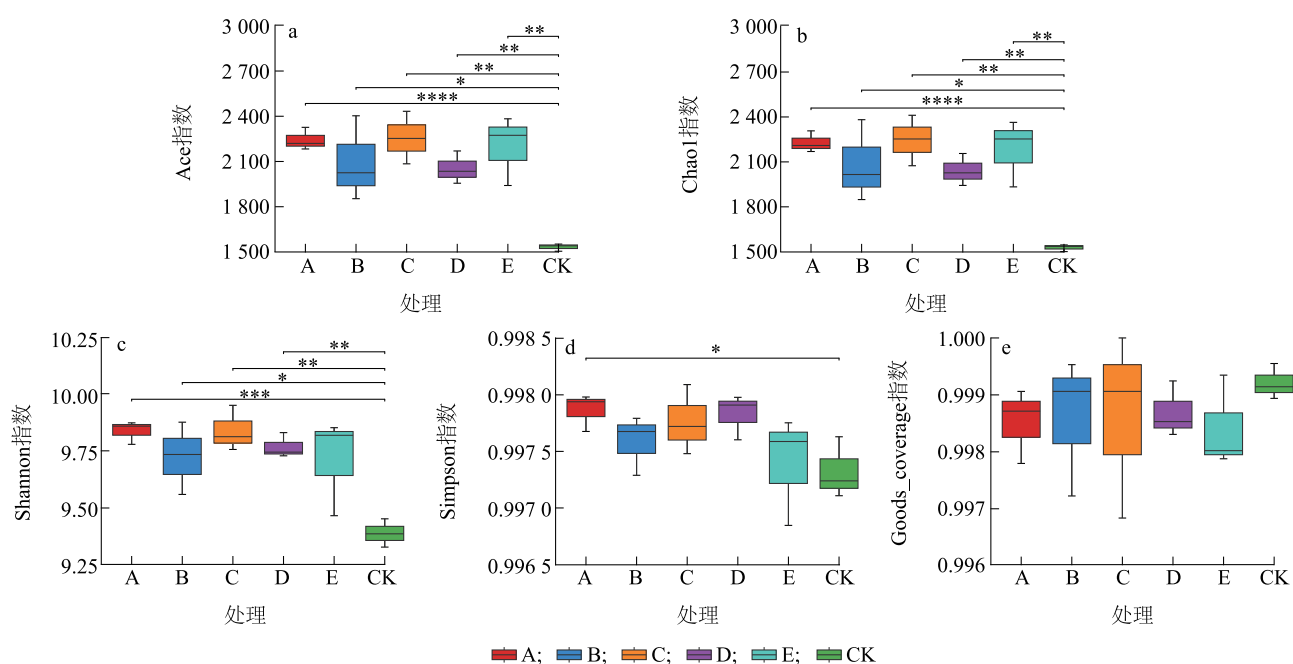
表 2 不同轮作模式土壤样本信息与细菌类别

Table 2 Soil sample information and bacterial categories under different rotation patterns

处理	有效序列(条)	门	纲	目	科	属	种	ASV(个)
马铃薯-小麦-甜菜-马铃薯(A)	56 316	35	92	191	256	339	55	6 612
马铃薯-水飞蓟-小麦-马铃薯(B)	56 962	36	92	196	265	371	62	6 467
小麦-甜菜-小麦-马铃薯(C)	57 529	35	90	191	263	343	52	6 047
油菜-小麦-甜菜-马铃薯(D)	56 518	34	91	195	257	352	49	6 151
小麦-油菜-大麦-马铃薯(E)	57 429	36	95	199	275	365	55	6 642
油菜-小麦-马铃薯-马铃薯(CK)	59 995	29	72	166	252	398	91	4 501

2.1.2 土壤细菌群落 α 多样性 不同轮作土壤细菌群落 α 多样性指数分析结果如图 1 所示,CK 土壤细菌群落的 Ace 指数(图 1a)和 Chao1 指数(图 1b)与 B 处理存在显著差异($P<0.050$),与 C、D、E 处理之间存在极显著差异($P<0.010$),同时与 A 处理存在极显

著差异($P<0.001$)。Shannon 指数(图 1c)中 CK 与 C、D 处理呈极显著差异($P<0.010$),与 B 处理存在显著差异($P<0.050$),与 A 处理存在极显著差异($P<0.001$)。Simpson 指数(图 1d)CK 与 A 处理差异显著($P<0.050$),与其余处理差异不显著。



a、b、c、d、e 分别代表各处理土壤细菌群落的 Ace 指数、Chao1 指数、Shannon 指数、Simpson 指数、goods_coverage 指数; A、B、C、D、E 分别代表马铃薯-小麦-甜菜-马铃薯处理、马铃薯-水飞蓟-小麦-马铃薯处理、小麦-甜菜-小麦-马铃薯处理、油菜-小麦-甜菜-马铃薯处理、小麦-油菜-大豆-马铃薯处理, CK 为对照; * 表示处理间差异达显著水平 ($P < 0.050$), ** 表示处理间差异达极显著水平 ($P < 0.010$), *** 表示处理间差异达极显著水平 ($P < 0.001$)。

图1 不同轮作模式土壤细菌群落 α 多样性

Fig.1 The α diversity of soil bacterial communities under different crop rotation modes

2.2 不同轮作模式土壤细菌群落结构特征

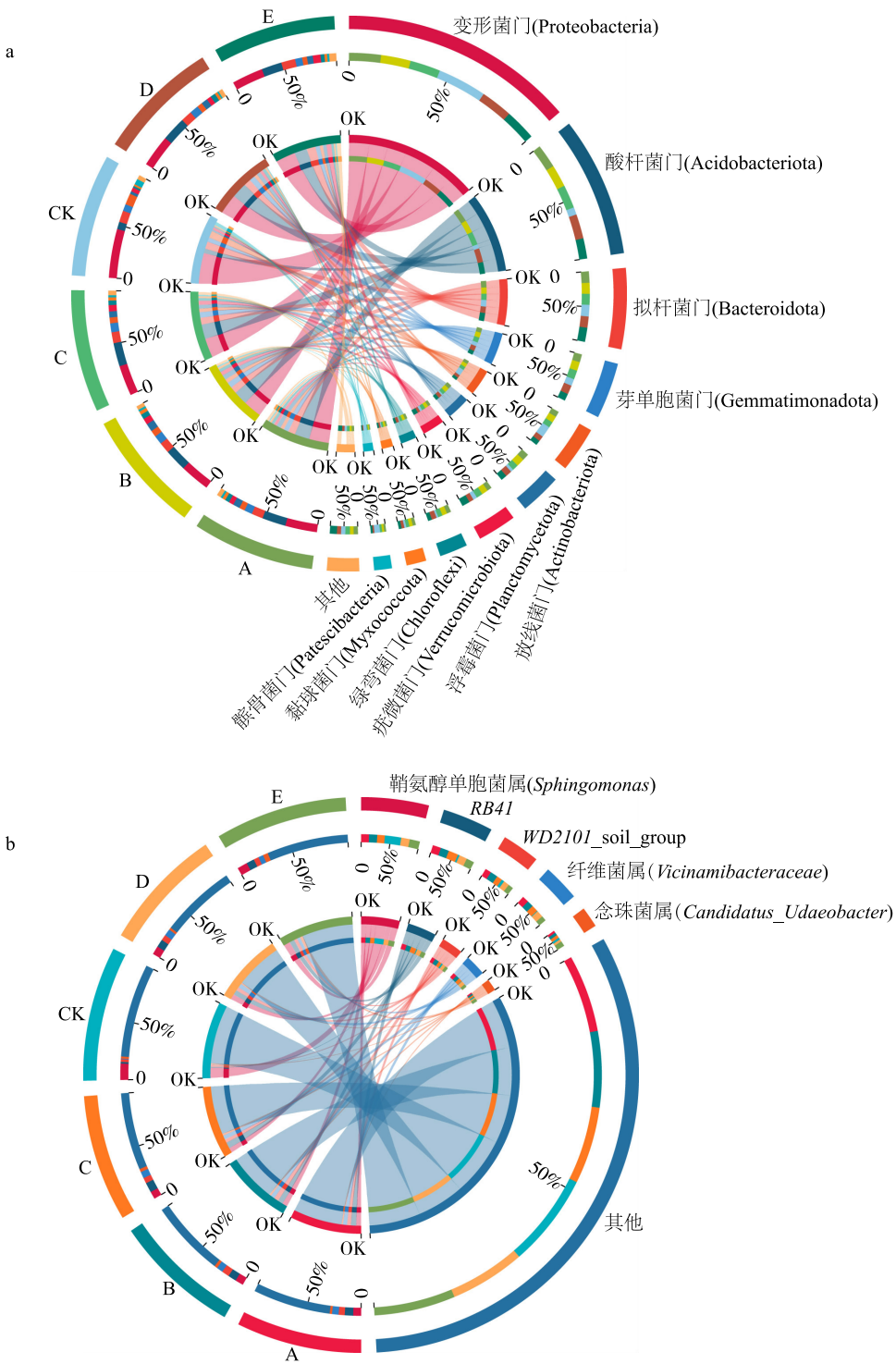
2.2.1 土壤细菌群落结构组成 不同轮作模式下,土壤细菌群落在门级别的组成以及主要优势菌门(相对丰度大于1%)保持相似(图2)。如图2a所示,共检测出45个细菌门,其中优势菌门分别为变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、拟杆菌门(Bacteroidota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、放线菌门(Actinobacteriota)、浮霉菌门(Planctomycetota)、疣微菌门(Verrucomicrobiota)、绿弯菌门(Chloroflexi)、黏球菌门(Myxococcota)、骸骨菌门(Patescibacteria),总相对丰度为98.02%~98.74%,未被分类细菌占1.26%~1.98%。其中,B处理和CK优势菌门增加了厚壁菌门(Firmicutes)。与CK相比,轮作提高了酸杆菌门、芽单胞菌门、浮霉菌门、疣微菌门、绿弯菌门和黏球菌门细菌的相对丰度,放线菌门细菌相对丰度明显降低。

土壤细菌属水平上群落组成及主要优势菌属(相对丰度>1%)相似。如图2b所示,共检测出790个细菌属,排名前5的优势菌属分别为鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、RB41、WD2101_soil_group、纤维菌属(*Vicinamibacteraceae*)、念珠菌属(*Candidatus_Udae-*

obacter),其中 *Vicinamibacteraceae* 仅在轮作处理中达到优势菌属。与CK相比,轮作提高了RB41、WD2101_soil_group和 *Vicinamibacteraceae* 属细菌的相对丰度,降低了鞘氨醇单胞菌属细菌的相对丰度。

2.2.2 土壤细菌群落结构差异 对不同轮作处理的土壤微生物群落进行PCoA分析,结果(图3)发现,PC1和PC2对土壤细菌群落结构的解释度分别为6.41%和6.20%,5个轮作处理和CK聚集在一起,并沿PC2轴与CK明显分离。非参数检验方法(Anosim)分析揭示了不同处理之间土壤细菌群落组成存在显著差异(Adonis $R^2 = 0.299$, $P = 0.001$)。综上所述可知,轮作对土壤细菌群落 β 多样性有明显影响。

2.2.3 土壤细菌群落组成差异 线性判别分析(LDA)代表了一种用于探索和阐释高维生物的标识,以效应量大小4.0为阈值,如图4所示,在细菌群落中鉴定了38个差异物种,其中B处理有6个生物标志物,C处理有9个生物标志物,D处理有5个生物标志物,E处理有3个生物标志物,CK有15个生物标志物,而在A处理中没有发现细菌的差异物种。



a: 门水平土壤细菌群落组成; b: 属水平土壤细菌群落组成。A、B、C、D、E、CK 见图 1 注。

图 2 不同轮作模式的门、属水平土壤细菌群落组成

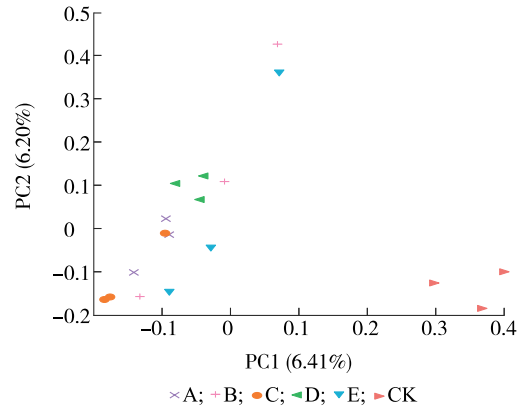
Fig.2 Composition of soil bacterial communities at the phylum and genus levels under different crop rotation modes

2.3 不同轮作模式对土壤细菌群落的功能预测

对不同轮作模式土壤细菌群落进行功能预测

(图 5),发现轮作处理共得到 6 类 KEGG 一级功能代谢通路。由图 5a 可见,一级功能代谢通路由高到

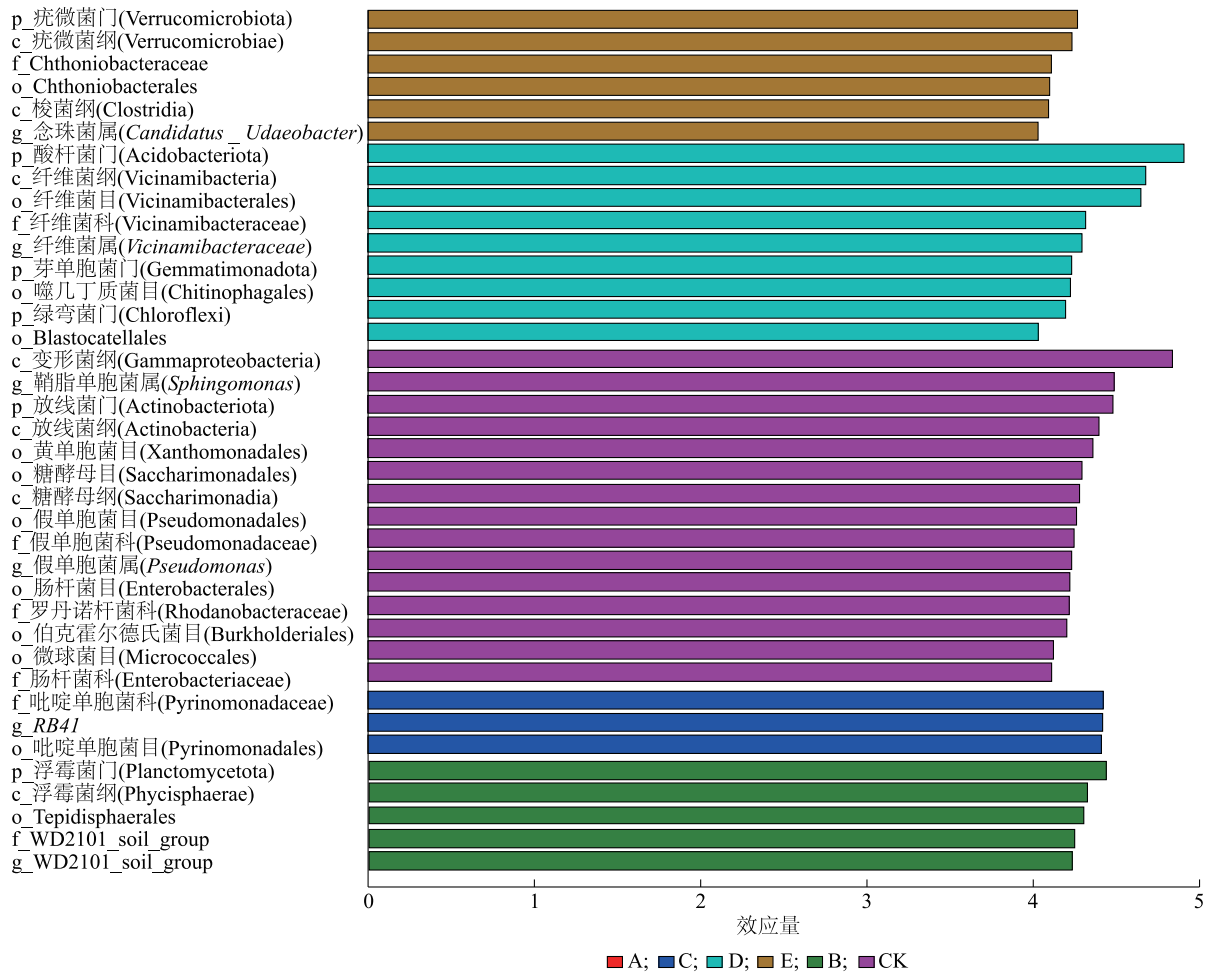
低依次为:新陈代谢(62.04%~62.46%)、环境信息处理(17.46%~17.82%)、遗传信息处理(11.78%~12.03%)、细胞过程(4.59%~5.09%)、人类疾病(2.13%~2.18%)、有机系统(1.15%~1.22%)。如图5b所示,在42类KEGG二级功能代谢通路中相对丰度大于1.0%的通路包含19类,其中碳水化合物代谢的相对丰度最高(12.93%~13.29%),相对丰度大于5.0%的二级功能代谢通路包含氨基酸代谢、碳水化合物代谢、能量代谢、膜传输、辅助因子和维生素代谢、核苷酸代谢。



A、B、C、D、E、CK 见图1注。

图3 不同轮作模式土壤细菌群落的PCoA分析结果

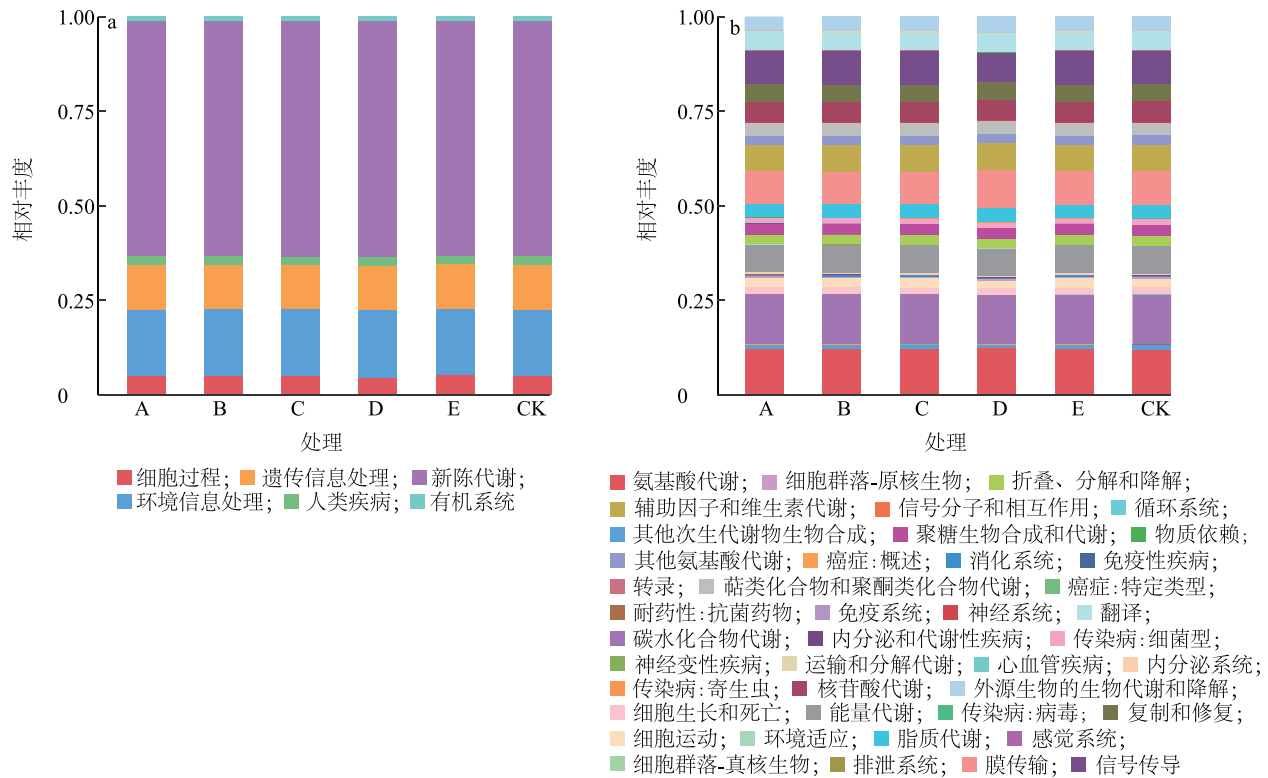
Fig.3 PCoA analysis of soil bacterial communities under different rotation patterns



A、B、C、D、E、CK 见图1注。

图4 土壤细菌群落的组间群落差异分析(LEfSe)差异分析结果

Fig.4 Inter-group community difference analysis (LEfSe) difference analysis results of soil bacterial communities



a:KEGG 一级功能代谢通路,b:KEGG 二级功能代谢通路。A、B、C、D、E、CK 见图 1 注。

图 5 不同轮作模式的土壤细菌群落一级功能代谢通路和二级功能代谢通路相对丰度

Fig.5 Relative abundance of primary and secondary functional metabolic pathways in soil bacterial communities under different crop rotation modes

3 讨论

3.1 不同轮作模式对土壤细菌群落多样性的影响

土壤微生物群落对农业系统生物多样性具有重要作用^[18-19]。微生物群落的 Alpha 多样性可通过多个指数反映,Ace 指数和 Chao1 指数主要体现微生物群落的丰度,Shannon 指数和 Simpson 指数可同时体现微生物群落的丰度和均匀度^[20]。前人研究结果表明,土壤微生物多样性对土壤健康至关重要^[21-22],微生物多样性越高,生态环境越稳定。Yao 等^[23]研究发现,与连作相比,大棚黄瓜轮作土壤中微生物的多样性更高。本研究中轮作处理的土壤细菌丰度较 CK 更高,可能是因为轮作种植模式下麦类、水飞蓟和甜菜等的秸秆还田增加了土壤中有机质的含量,改善了土壤的理化性质,进而维持或提高了土壤中微生物的多样性^[14,17]。轮作处理的土壤细菌群落更加复杂多样,可能是因为当地传统的轮作模式与免耕相结合,减少了人为因素对土壤的机

械破碎和扰动,减缓了土壤的氧化速率,土壤中有机质氧化分解放缓^[12-14],导致土壤中细菌群落相对单一。虽然近些年在国家的倡导下,“减肥增效”方案进一步落实,当地土壤环境得到改善,土壤微生物的繁殖加快^[15],但是连作方式下种植马铃薯的耕作整地比轮作方式下更频繁,土壤结构可能变得不稳定,失去原本稳定的团聚结构,导致土壤环境发生变化,水分和气体的渗透性能下降,根系生长受到限制,土壤质地变得坚硬,养分的供应和保持能力也受到影响,土壤环境的变化,使得某些细菌群落的生存条件受到不利影响,从而降低了土壤细菌的多样性^[14,16]。

3.2 不同轮作模式对农田土壤细菌群落结构的影响

土壤微生物群落数量巨大^[24],是土壤的活性组分,对土壤环境的变化敏感^[25],受作物类型、栽培模式、耕作措施等因素的影响^[26]。土壤中微生物物种越均匀、多样性指数越高,抑制病原菌的能力就越强^[27]。生态平衡的维护是多方面的,其中土壤细菌

群落的多样性及其结构的相对稳定对维护生态平衡作用较大^[28];细菌作为土壤中微生物生命活动最主要的参与者,其稳定性与土壤肥力成正比,在维护土壤生态平衡中至关重要^[29-30]。杜洋洋等^[30]和肖新等^[31]在研究中发现,不同作物轮作处理土壤中细菌数量高于连作处理;马学兰等^[32]研究发现,不同的生态系统中细菌的种类组成和相对丰度存在差异。本研究6个处理虽然位于同一地块中,但种植的作物的不同,使根系微环境产生变化,形成了多样的微生物群落,说明即使在相同土壤环境中,不同作物也具有不同的根系微环境和微生物群落结构。本研究结果表明,不同前茬作物土壤细菌群落在门水平上组成相似,但相对丰度各异,排名前10的细菌门分别是:变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、拟杆菌门(Bacteroidota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、放线菌门(Actinobacteriota)、浮霉菌门(Planctomycetota)、疣微菌门(Verrucomicrobiota)、绿弯菌门(Chloroflexi)、黏球菌门(Myxococcota)、骸骨菌门(Patescibacteria),总相对丰度为98.02%~98.74%,未被分类的细菌占1.26%~1.98%。由此可见,不同的前茬作物可以形成不同的土壤生态环境,从而影响一部分微生物的生长和繁殖,经过不断更替,适应新环境的微生物被保留下来,虽然细菌的群落结构发生了小范围的改变,但总体来看其组成依然较为相近,细菌丰度却表现出各自独特的物种特征。

变形菌门、放线菌门等是华北平原、东北黑土地和黄土高原土壤环境中最常见的细菌类群,其中变形菌门作为嗜营养型细菌,其生命活动可以促进土壤团聚体的形成,改善土壤结构;而酸杆菌门细菌作为嗜酸菌,在特定土壤环境中发挥重要作用^[33]。Shen等^[34]研究指出,芽单胞菌门在土壤中的相对丰度增加会使其生物防治作用增强,从而降低香蕉枯萎病的发生率。本研究结果与前人相似,在不同处理中变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门、芽单胞菌门和放线菌门占比较高。与CK相比,5种轮作模式均提高了酸杆菌门、芽单胞菌门、浮霉菌门、疣微菌门、绿弯菌门和黏球菌门细菌的相对丰度;降低了放线菌门细菌的相对丰度。Liu等^[35]研究发现,马铃薯连作会导致酸杆菌门和硝化螺旋菌属细菌相对丰度下降。纳小凡等^[36]研究结果表明,与轮作相比,枸杞连作会增加根际土壤中变形菌门细菌相对丰度。尽

管土壤中硝化刺菌门(Nitrospinae)细菌相对丰度较低,但其在参与氮循环、调节土壤微生物群落结构、调节有机质分解以及维持土壤生态系统功能等方面有重要作用。

鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)细菌是一种新型微生物资源,具有较强的降解土壤中芳香族污染物的能力^[37]。溶杆菌(*Lysobacter*)是一类生防细菌,能够抑制多种植物病原真菌、革兰氏阳性细菌以及线虫^[38]。鞘脂菌属(*Sphingobium*)细菌具有降解多种多环芳烃(PAHs)和分解木质素的能力。本研究结果表明,轮作较连作提高了马铃薯根际土壤中溶杆菌的相对丰度,降低了鞘氨醇单胞菌属和芽单胞菌属细菌的相对丰度。同时,轮作处理下与碳、氮相关的功能细菌鞘脂菌属细菌和砂单胞菌(*Arenimonas*)的相对丰度均有提高。综上所述,与碳、氮相关的功能菌对马铃薯产量的提高起重要作用,其中马铃薯-水飞蓟-小麦-马铃薯、小麦-甜菜-小麦-马铃薯、小麦-油菜-大麦-马铃薯3种轮作模式更有利于维持土壤生态系统功能。

3.3 不同轮作模式对农田土壤细菌群落功能的影响

细菌通过分解复杂的有机物质,将其转化为可被吸收的养分形态,参与土壤有机质分解与矿化过程^[39],对土壤健康和农田生产具有积极影响。生态系统的稳定性能够通过利用土壤细菌功能代谢通路维系,其中新陈代谢、环境信息处理和遗传信息处理受人为影响较小^[40-41]。本研究发现,在不同的轮作模式土壤中细菌群落结构和功能代谢通路均会发生改变,这直接反映了不同轮作模式土壤中细菌的种类组成、相对丰度及多样性的变化^[42]。本研究结果表明,各处理一级功能代谢通路中新陈代谢通路最高,环境信息处理和遗传信息处理次之,这与张拓等^[40]的研究结果一致。二级功能代谢通路中,与氨基酸、碳水化合物和能量代谢相关的细菌类群是参与新陈代谢活动最频繁的,参与膜运输的菌群负责环境信息处理。这与Xia等^[41]研究结果基本一致,说明土壤中细菌的丰富度与氮、磷的转化和迁移存在正相关关系^[40,43],具体而言,细菌在土壤生态系统中参与了氮和磷的循环过程,例如氮固定、脱氮作用、矿物质磷的溶解等。因此,通过增加土壤细菌的丰富度,可以促进氮和磷的有效转化和迁移,从而对土壤营养循环和生态系统功能的维持具有积极影响。

4 结 论

本研究采用高通量测序技术研究了高寒黑土区不同轮作模式下土壤细菌群落结构特征。结果表明,与连作(CK)相比,轮作处理提高了土壤中细菌的丰富度指数,酸杆菌门细菌的相对丰度明显升高,而放线菌门细菌相对丰度明显降低;土壤细菌中生防菌溶杆菌相对丰度升高,与碳、氮相关的功能菌鞘脂菌属和砂单胞菌属细菌相对丰度升高,其中小麦-甜菜-小麦-马铃薯轮作模式最高。功能预测发现,不同轮作处理土壤中细菌具有一级功能代谢通路 6 类,二级功能代谢通路(相对丰度 $>1.0\%$) 19 类。在高寒黑土区不同轮作模式均可增加土壤细菌的种类数量、细菌总数目,增强土壤细菌相对丰度和代谢功能。本研究的 6 种轮作模式中小麦-甜菜-小麦-马铃薯轮作模式可以更好地维持土壤的肥沃度和马铃薯生产的可持续性。

参考文献:

- [1] 孔晨晨,张世文,王维瑞,等. 不同连作年限设施农用地土壤有机碳与细菌群落功能特征[J]. 农业机械学报,2024,55(2):326-337.
- [2] 王 静,程昱润,肖国举,等. 宁夏银北不同草田轮作模式对细菌群落组成特征的影响[J]. 农业机械学报,2021,52(7):283-292.
- [3] 顾美英,徐万里,马 凯,等. 不同定植年限核桃园土壤细菌群落多样性及碳代谢功能特征[J]. 生态学杂志,2021,40(7):2045-2056.
- [4] XUAN D T, GUONG V T, ROSLING A, et al. Different crop rotation systems as drivers of change in soil bacterial community structure and yield of rice, *Oryza sativa*[J]. Biology and Fertility of Soils, 2012, 48(2):217-225.
- [5] PETERS R D, STURZ A V, CARTER M R, et al. Developing disease-suppressive soils through crop rotation and tillage management practices[J]. Soil and Tillage Research, 2003, 72(2):181-192.
- [6] 李戌清,张 雅,田忠玲,等. 茄子连作与轮作土壤养分、酶活性及微生物群落结构差异分析[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版),2017,43(5):561-569.
- [7] 李文娇,杨殿林,赵建宁,等. 长期连作和轮作对农田土壤生物学特性的影响研究进展[J]. 中国农学通报,2015,31(3):173-178.
- [8] MARSCHNER P, CROWLEY D, YANG C H. Development of specific rhizosphere bacterial communities in relation to plant species, nutrition and soil type[J]. Plant and Soil, 2004, 261(1):199-208.
- [9] ZHAO J, ZHANG R F, XUE C, et al. Pyrosequencing reveals contrasting soil bacterial diversity and community structure of two main winter wheat cropping systems in China[J]. Microbial Ecology, 2014, 67(2):443-453.
- [10] SUN B, DONG Z X, ZHANG X X, et al. Rice to vegetables: short-versus long-term impact of land-use change on the indigenous soil microbial community[J]. Microbial Ecology, 2011, 62(2):474-485.
- [11] 宋丹丹. 东北黑土区不同土地利用方式对土壤细菌群落结构的影响[D]. 哈尔滨:哈尔滨师范大学,2023.
- [12] 陈孟立,曾全超,黄懿梅,等. 黄土丘陵区退耕还林还草对土壤细菌群落结构的影响[J]. 环境科学,2018,39(4):1824-1832.
- [13] CUI J W, SONG D L, DAI X L, et al. Effects of long-term cropping regimes on SOC stability, soil microbial community and enzyme activities in the Mollisol region of Northeast China[J]. Applied Soil Ecology, 2021, 164:103941.
- [14] 南丽丽,谭杰辉,郭全恩. 黄土高原半干旱区轮作休耕模式对土壤真菌的影响[J]. 生态学报,2020,40(23):8582-8592.
- [15] CHAMBERLAIN L A, WHITMAN T, ANÉ J M, et al. Corn-soybean rotation, tillage, and foliar fungicides: Impacts on yield and soil fungi[J]. Field Crops Research, 2021, 262:108030.
- [16] 邓超超,李玲玲,谢军红,等. 耕作措施对陇中旱农区土壤细菌群落的影响[J]. 土壤学报,2019,56(1):207-216.
- [17] 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.
- [18] GONG X W, LIU C J, LI J, et al. Responses of rhizosphere soil properties, enzyme activities and microbial diversity to intercropping patterns on the Loess Plateau of China[J]. Soil and Tillage Research, 2019, 195:104355.
- [19] VAN DER HEIJDEN M G A, BARDGETT R D, VAN STRAALLEN N M. The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems[J]. Ecology Letters, 2008, 11(3):296-310.
- [20] 张向前,杨文飞,徐云姬. 中国主要耕作方式对旱地土壤结构及养分和微生态环境影响的研究综述[J]. 生态环境学报, 2019, 28(12):2464-2472.
- [21] VENKATESWARLU B, SRINIVASARAO C. Soil Microbial Diversity and the Impact of Agricultural Practices[J]. Indian Journal of Dryland Agricultural Research and Development, 2004, 19(2):97-105.
- [22] CHAER G, FERNANDES M, MYROLD D, et al. Comparative resistance and resilience of soil microbial communities and enzyme activities in adjacent native forest and agricultural soils[J]. Microbial Ecology, 2009, 58(2):414-424.
- [23] YAO H Y, JIAO X D, WU F Z. Effects of continuous cucumber cropping and alternative rotations under protected cultivation on soil microbial community diversity[J]. Plant and Soil, 2006, 284(1):195-203.

- [24] FIERER N, JACKSON R B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2006, 103(3): 626-631.
- [25] 任 益, 刘鸿雁, 吴龙华, 等. 黔西北土壤重金属高区晚疫病马铃薯根际土壤真菌群落特征[J]. 生态学杂志, 2023, 42(9): 2148-2155.
- [26] NAYYAR A, HAMEL C, LAFOND G, et al. Soil microbial quality associated with yield reduction in continuous-pea[J]. Applied Soil Ecology, 2009, 43(1): 115-121.
- [27] 张瑞福, 沈其荣. 抑病型土壤的微生物区系特征及调控[J]. 南京农业大学学报, 2012, 35(5): 125-132.
- [28] WEN X Y, DUBINSKY E, WU Y, et al. Wheat, maize and sunflower cropping systems selectively influence bacteria community structure and diversity in their and succeeding crop's rhizosphere[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2016, 15(8): 1892-1902.
- [29] 谭雪莲, 郭天文, 刘高远. 马铃薯连作土壤微生物特性与土传病原菌的相互关系[J]. 灌溉排水学报, 2016, 35(8): 30-35.
- [30] 杜洋洋, 包媛媛, 刘项宇, 等. 荞麦轮作对云南栽培马铃薯根际土壤酶活和微生物的影响[J]. 中国农业科技导报, 2024, 26(5): 192-200.
- [31] 肖 新, 朱 伟, 杜 超, 等. 轮作与施肥对滁菊连作土壤微生物特性的影响[J]. 应用生态学报, 2015, 26(6): 1779-1784.
- [32] 马学兰, 周连玉, 孙文娟, 等. 青海不同区域农田作物土壤细菌多样性及群落结构分析[J]. 微生物学报, 2024, 64(4): 1142-1161.
- [33] FIERER N, LAUBER C L, RAMIREZ K S, et al. Comparative metagenomic, phylogenetic and physiological analyses of soil microbial communities across nitrogen gradients[J]. The ISME Journal, 2012, 6(5): 1007-1017.
- [34] SHEN Z Z, ZHONG S T, WANG Y G, et al. Induced soil microbial suppression of banana *Fusarium* wilt disease using compost and biofertilizers to improve yield and quality[J]. European Journal of Soil Biology, 2013, 57: 1-8.
- [35] LIU X, ZHANG J L, GU T Y, et al. Microbial community diversities and taxa abundances in soils along a seven-year gradient of potato monoculture using high throughput pyrosequencing approach[J]. PLoS One, 2014, 9(1): e86610.
- [36] 纳小凡, 郑国旗, 邢正操, 等. 连作对再植枸杞根际细菌群落多样性和群落结构的影响[J]. 土壤学报, 2017, 54(5): 1280-1292.
- [37] BARANIECKI C A, AISLABIE J, FOGHT J M. Characterization of *Sphingomonas* sp. Ant 17, an aromatic hydrocarbon-degrading bacterium isolated from Antarctic soil[J]. Microbial Ecology, 2002, 43(1): 44-54.
- [38] 王 娜, 武坤毅, 崔浪军, 等. 溶杆菌属细菌鉴定及生防机制概况[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2015, 43(5): 174-182, 191.
- [39] 孙建平, 刘雅辉, 左永梅, 等. 盐碱地根际土壤细菌群落结构及其功能[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2020, 28(10): 1618-1629.
- [40] 张 拓, 徐 飞, 怀宝东, 等. 松花江下游沿江湿地土地利用变化对土壤细菌群落多样性的影响[J]. 环境科学, 2020, 41(9): 4273-4283.
- [41] XIA Q, LIU X L, GAO Z Q, et al. Responses of rhizosphere soil bacteria to 2-year tillage rotation treatments during fallow period in semiarid southeastern Loess Plateau[J]. Peer J, 2020, 8: e8853.
- [42] 杜宇佳, 高广磊, 陈丽华, 等. 呼伦贝尔沙区土壤细菌群落结构与功能预测[J]. 中国环境科学, 2019, 39(11): 4840-4848.
- [43] 刘平静, 肖 杰, 孙本华, 等. 长期不同施肥措施下土壤细菌群落结构变化及其主要影响因素[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, 26(2): 307-315.

(责任编辑:黄克玲)