

刘东海, 梁思威, 张智, 等. 秸秆还田配施氮肥对冬油菜根际土壤微生物群落的影响[J]. 江苏农业学报, 2025, 41(10): 1962-1972.
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2025.10.010

秸秆还田配施氮肥对冬油菜根际土壤微生物群落的影响

刘东海¹, 梁思威², 张智¹, 肖卓熙¹, 乔艳¹, 任健¹, 赵书军¹, 胡诚¹
(1.湖北省农业科学院植保土肥研究所,湖北 武汉 430064; 2.酵母功能湖北省重点实验室,湖北 宜昌 430000)

摘要: 为探究施肥与秸秆还田对冬油菜根际土壤养分、产量及微生物群落特征的影响,本研究设置4个处理,分别为不施用秸秆和氮肥(CK)、施用秸秆处理(T1)、施用氮肥处理(T2)、同时施用秸秆和氮肥处理(T3)。利用Illumina高通量测序技术对细菌16S rRNA基因和真菌ITS区域进行测序,系统分析冬油菜根际土壤细菌与真菌群落的 α 多样性、群落结构及其与环境因子的关系,并同步测定土壤理化性质与冬油菜产量。研究表明,T3处理油菜产量和土壤真菌群落丰度显著高于CK、T1处理、T2处理($P < 0.05$)。T3处理土壤富集了暗球腔菌属(*Phaeosphaeria*)和枝孢菌属(*Cladosporium*)真菌群落,这2个菌属的真菌大多为病原微生物,可能会造成油菜病害发生。环境因子与微生物群落的网络分析结果表明,土壤碱解氮含量、全氮含量、有机碳含量和有效磷含量这4个环境因子与细菌和真菌群落相对丰度具有较高的关联度。土壤碱解氮含量与节杆菌属(*Arthrobacter*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)细菌群落相对丰度呈显著正相关($P < 0.05$),这些菌属细菌可能参与了作物氮素转化过程。本研究结果为秸秆资源合理利用、改善土壤质量和提高作物产量提供了理论依据。

关键词: 秸秆还田; 微生物群落结构; 冬油菜; 环境因子

中图分类号: S565.4 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2025)10-1962-11

Effects of straw returning combined with nitrogen fertilizer application on the rhizosphere soil microbial community of winter rapeseed

LIU Donghai¹, LIANG Siwei², ZHANG Zhi¹, XIAO Zhuoxi¹, QIAO Yan¹, REN Jian¹, ZHAO Shujun¹, HU Cheng¹

(1. Institute of Plant Protection and Soil Fertilizer, Hubei Academy of Agricultural Sciences, Wuhan 430064, China; 2. The Hubei Provincial Key Laboratory of Yeast Function, Yichang 430000, China)

Abstract: To investigate the effects of fertilization and straw returning on rhizosphere soil nutrients, yield, and microbial community characteristics of winter rapeseed, this study set up four treatments, namely: no straw application and no nitrogen fertilizer application (CK), straw application treatment (T1), nitrogen fertilizer application treatment (T2), and combined application of straw and nitrogen fertilizer treatment (T3). Using Illumina high-throughput sequencing technology, the bacterial 16S rRNA gene and fungal ITS region were sequenced. A systematic analysis was conducted on the α -diversity and community structure of bacterial and fungal communities in winter rapeseed rhizosphere soil, as well as their

relationships with environmental factors. Meanwhile, soil physicochemical properties and winter rapeseed yield were determined synchronously. The results showed that the rapeseed yield and soil fungal community abundance in the T3 treatment were significantly higher than those in the CK, T1, and T2 treatments ($P < 0.05$). The T3 treatment led to the enrichment of fungal communities such as *Phaeosphaeria* and *Cladosporium* in the soil. Most fungi of these

收稿日期: 2025-05-25

基金项目: 国家农业科技项目(20221805); 湖北省科技重大专项(2023BBA003); 国家重点研发计划项目(2024YFD1-900100)

作者简介: 刘东海(1984-), 男, 河北邯郸人, 硕士, 副研究员, 主要研究土壤肥料与高效施肥。(E-mail) 396520042@qq.com

通讯作者: 胡诚, (E-mail) huchenghxz@163.com

two genera are pathogenic microorganisms, which may cause rapeseed diseases. Network analysis of environmental factors and microbial communities revealed that four environmental factors (soil alkali-hydrolyzable nitrogen content, total nitrogen content, organic carbon content, and available phosphorus content) exhibited stronger associations with the relative abundance of both bacterial and fungal communities. The soil alkali-hydrolyzable nitrogen content was significantly positively correlated with the relative abundances of bacteria of the genera *Arthrobacter* and *Flavobacterium* ($P < 0.05$). Bacteria of these genera may be involved in the crop nitrogen transformation process. The findings of this study provide a theoretical basis for the rational utilization of straw resources, improvement of soil quality, and increase of crop yield.

Key words: straw return; microbial community structure; winter rapeseed; environmental factors

作物秸秆是重要的可再生资源,具有来源广泛、产量大等特点^[1],其组分富含碳、氮、磷、钾及多种微量元素,同时含有木质素和纤维素类等有机成分^[2]。秸秆还田不仅有助于土壤有机质积累和养分富集,还能改善土壤物理结构^[3]。在西南地区水稻-油菜轮作模式下,秸秆还田可增强土壤微生物固氮能力,降低土壤氮素流失风险,从而提高作物产量^[4]。在长江流域水稻-油菜轮作模式下,秸秆还田增加了油菜、水稻的磷积累量,提高了磷素利用率和农学效率^[5-6]。

秸秆还田对土壤微生物多样性、群落组成和多样性的影响较为复杂,受到秸秆施用量和施氮量等因素的调控^[7-8]。水稻-油菜轮作模式下,秸秆还田配施化肥可以改变土壤微生物群落结构,其中土壤全磷含量和速效磷含量主要影响土壤细菌群落,而土壤有机质含量、碱解氮含量和 pH 值主要影响真菌群落^[6]。彭彩娟^[9]发现,水稻-油菜轮作模式下,秸秆还田显著影响油菜根际土壤微生物群落结构和微生物多样性。李仪^[10]发现,油菜成熟期,秸秆还田处理土壤微生物多样性指数显著高于秸秆不还田处理。也有研究者认为,长期秸秆还田对土壤微生物多样性的影响并不明显^[11-12]。因此,仍需进一步分析土壤微生物多样性如何响应秸秆和氮肥配施,以及哪些因素影响土壤微生物多样性。

本研究拟以冬油菜为供试作物,探究在水稻-油菜轮作模式下秸秆还田对根际土壤理化性质、细菌与真菌多样性及群落组成的影响,以期揭示土壤养分与微生物群落之间的互作关系,为秸秆资源合理利用,改善土壤质量和提高作物产量提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于湖北省武穴市大法寺镇(北纬 29°

54'17",东经 115°30'19"),属亚热带季风气候,年平均气温 16.8℃,年平均降水量 1 409 mm,年日照时数 1 900 h。土壤类型为黄棕壤,其基本理化性质如下:有机质含量 30.8 g/kg, pH 5.5, 碱解氮含量 177.0 mg/kg,有效磷含量 24.9 mg/kg,速效钾含量 104.7 mg/kg。

1.2 试验设计

采用冬油菜-水稻轮作模式。2019 年 10 月开始试验,油菜于 2019 年 9 月上旬育苗,10 月中旬移栽,次年 5 月收获。各小区单独收获并测定产量,并换算成在标准含水量下的重量。油菜秸秆粉碎后全量还田。试验共设 4 个处理,分别为不施用秸秆和氮肥对照(CK),施用秸秆处理(T1),施用氮肥处理(T2),同时施用秸秆和氮肥处理(T3)。小区面积 20 m²,采用随机区组排列。

冬油菜肥料施用量为纯 N 180 kg/hm², P₂O₅ 90 kg/hm², K₂O 120 kg/hm²,磷肥和钾肥均作基肥一次性施用。所用氮肥为尿素(含 N 量 46%),磷肥为过磷酸钙(P₂O₅ 含量 12%),钾肥为氯化钾(K₂O 含量 60%)。氮肥按基肥 50%、苗肥 20%、蕾薹肥 30%的比例分次施用;水稻季,氮肥按基肥 50%、分蘖肥 30%、孕穗肥 20%的比例分次施用。油菜移栽前 2 d,水稻秸秆粉碎、称重后与基肥一起翻压还田,秸秆施用量如表 1 所示。油菜秸秆中碳、氮含量分别为 41.2%和 0.81%,水稻秸秆中碳、氮含量分别为 36.4%和 0.93%。各处理其他田间管理措施一致。供试水稻品种为黄华占,水稻于每年 6 月中旬移栽,密度为 1 hm² 240 000 株。供试油菜品种为大地 199,密度为 1 hm² 135 000 株。

1.3 样品采样与测定

1.3.1 土壤样品采集及指标测定 于 2023 年 4 月冬油菜盛花期,按五点采样法采集土壤样品。将松散的土壤从根系剥离,收集与根系紧密附着的土壤。将各土壤样品混合后装入无菌袋密封,置于便携式

冰箱中带回实验室。土壤样品分为两部分,一部分土壤样品风干、研磨后过直径为 0.25 mm 网筛,用于测定土壤全氮含量、碱解氮含量、有效磷含量、速效钾含量、pH 值和有机碳含量,测定方法参照《土壤农化分析》^[13] 中的方法测定;另一部分土壤样品保存于-80 °C 冰箱,用于分析土壤微生物多样性。

表 1 施肥设计

Table 1 Fertilization design

处理	水稻季 (kg/hm ²)		油菜季 (kg/hm ²)	
	氮肥	油菜秸秆	氮肥	水稻秸秆
CK	0	0	0	0
T1	0	6 000	0	7 500
T2	180	0	180	0
T3	180	6 000	180	7 500

CK:不施用秸秆和氮肥;T1:施用秸秆;T2:施用氮肥;T3:同时施用秸秆和氮肥。

1.3.2 土壤微生物多样性分析 采用引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTAC NNGGTATCTAAT-3') 扩增细菌 *16S rDNA* V3~V4 可变区。采用引物 *ITS1F* (5'-CT-TGGTCATTTAGAGG AAGTAA-3') 和 *ITS2R* (5'-GCT-GCGTTCTICATCGA TGC-3') 扩增真菌 *ITS* 区域。使用 ABI Real-Time 7500 系统配合 SYBR Green 荧光染料进行定量 PCR 分析。定量 PCR 分析通过 ABI Real-Time 7500 System 配合 SYBR Green 荧光染料完成克隆扩增。利用 QIAprep Spin Miniprep Kit (Qiagen 公司产品) 制备质粒 DNA 作为标准品,以标准曲线决定系数 (R^2) 不低于 0.99 作为质量控制标准,所有 DNA 样本均设 3 次生物学重复。测序工作由上海美吉生物医药科技有限公司在 Illumina MiSeq PE250 平台上完成。

表 2 不同处理的土壤理化性质及冬油菜产量

Table 2 Soil physicochemical properties and winter rapeseed yield under different treatments

处理	pH	有机碳含量 (g/kg)	全氮含量 (g/kg)	碱解氮含量 (mg/kg)	有效磷含量 (mg/kg)	有效钾含量 (mg/kg)	冬油菜产量 (kg/hm ²)
CK	6.08±0.13a	14.12±2.12b	1.64±0.07b	109.89±5.75b	26.77±5.76ab	140.56±22.92b	308.05±112.28c
T1	6.07±0.08a	17.92±2.02a	1.78±0.15ab	136.08±12.51a	32.34±5.07a	223.02±39.50a	404.17±141.26c
T2	6.02±0.10a	14.49±0.73b	1.73±0.04ab	132.32±4.93a	19.70±1.85b	78.18±16.08c	1 757.05±167.00b
T3	6.03±0.10a	17.21±1.19ab	1.89±0.14a	145.85±15.20a	20.99±1.49b	89.71±10.16c	2 217.17±76.70a

CK:不施用秸秆和氮肥;T1:施用秸秆;T2:施用氮肥;T3:同时施用秸秆和氮肥。同一列数据后不同小写字母表示差异显著 ($P<0.05$)。

2.2 不同处理对冬油菜根际土壤微生物的影响

2.2.1 不同处理对冬油菜根际土壤微生物多样性

1.4 数据处理

去除引物和接头序列,过滤掉低置信度碱基,拼接有效序列,剔除长度<160 bp 的序列和嵌合体。基于 97% 相似性标准,基于 *16S rRNA* 和 *ITS* 序列划分可操作分类单元 (OTU),利用 UCLUST 工具进行聚类分析,选取 OTU 中丰度最高的序列作为代表。基于 Greengenes 数据库 (细菌 *16S rRNA*) 和 SILVA 数据库 (真菌 *ITS*) 进行物种注释。

1.5 统计分析

利用 Excel 2019 整理数据,利用 IBM SPSS Statistics 20 软件进行单因素方差分析,采用 LSD 法检验差异显著性 ($\alpha=0.05$)。利用 OriginPro 2024b 软件作图。在 R 4.0.5 环境中利用 vegan 包完成冗余分析 (RDA)。利用 LEfSe 算法分析差异微生物类群,设定线性判别值 (LDA) > 3.0 为显著差异标准。基于 Networkx (v1.11) 平台计算 Spearman 相关系数,构建微生物共现网络,筛选条件: $|r|>0.5$, $P<0.05$ 。通过 Gephi 软件进行网络可视化与拓扑参数分析。

2 结果与分析

2.1 不同处理对冬油菜根际土壤理化性质及冬油菜产量的影响

如表 2 所示,T1 处理土壤有机碳含量 (SOC) 显著高于 CK 和 T2 处理 ($P<0.05$)。T3 处理土壤全氮含量 (TN) 显著高于 CK ($P<0.05$)。T1 处理、T2 处理和 T3 处理土壤碱解氮含量 (AN) 显著高于 CK ($P<0.05$)。T1 处理土壤有效磷含量 (AP) 显著高于 T2 处理和 T3 处理 ($P<0.05$)。T1 处理土壤有效钾含量 (AK) 显著高于 CK、T2 处理和 T3 处理 ($P<0.05$)。T3 处理冬油菜产量显著高于 CK、T1 处理、T2 处理 ($P<0.05$)。

和相对丰度的影响 如表 3 所示,CK、T1 处理、T2 处理和 T3 处理土壤细菌群落 Chao1 指数、香农指数

均无显著差异 ($P>0.05$)。CK、T1 处理、T2 处理和 T3 处理土壤真菌群落 Chao1 指数无显著差异 ($P>$

0.05)。T3 处理土壤真菌群落香农指数显著低于 CK ($P<0.05$)。

表 3 不同处理土壤细菌和真菌群落多样性

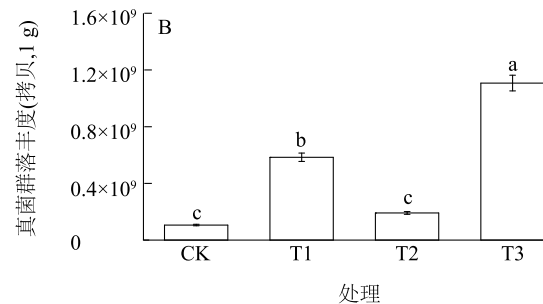
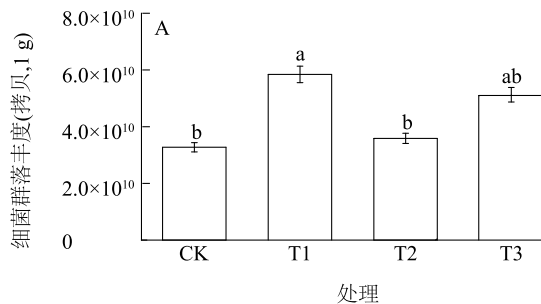
Table 3 The diversity of bacterial and fungal communities in soils under different treatments

处理	细菌群落		真菌群落	
	Chao1 指数	香农指数	Chao1 指数	香农指数
CK	4 012.45±374.69a	7.03±0.17a	534.65±142.63a	4.35±0.16a
T1	4 007.25±349.81a	6.72±0.28a	659.45±67.72a	4.03±0.51ab
T2	4 104.28±165.96a	6.96±0.08a	592.20±138.49a	3.96±0.42ab
T3	3 919.01±288.57a	6.67±0.38a	579.44±75.30a	3.26±0.75b

CK: 不施用秸秆和氮肥; T1: 施用秸秆; T2: 施用氮肥; T3: 同时施用秸秆和氮肥。同一列数据后不同小写字母表示差异显著 ($P<0.05$)。

由图 1 可见, T1 处理土壤细菌群落丰度显著高于 CK、T2 处理 ($P<0.05$)。T3 处理土壤真菌群

落丰度显著高于 CK、T1 处理、T2 处理 ($P<0.05$)。



CK: 不施用秸秆和氮肥; T1: 施用秸秆; T2: 施用氮肥; T3: 同时施用秸秆和氮肥。图注上不同小写字母表示差异显著 ($P<0.05$)。

图 1 不同处理土壤细菌和真菌群落丰度

Fig.1 The abundance of bacterial and fungal communities in soils under different treatments

2.2.2 不同处理对冬油菜根际土壤微生物群落结构的影响 如图 2 所示, 细菌门水平上, 排名前 7 的优势菌门依次为变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteriota)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、酸杆菌门 (Acidobacteriota)、厚壁菌门 (Firmicutes)、拟杆菌门 (Bacteroidota) 和黏球菌门 (Myxococcota)。T1 处理和 T3 处理土壤变形菌门和放线菌门细菌群落相对丰度显著高于 CK ($P<0.05$)。T1 处理和 T3 处理土壤变形菌门和放线菌门细菌群落相对丰度显著高于 T2 处理 ($P<0.05$)。表明秸秆还田有助于提升土壤中变形菌门和放线菌门细菌群落的相对丰度。细菌属水平上, T1 处理和 T3 处理土壤鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 细菌群落相对丰度显著高于 CK ($P<0.05$)。

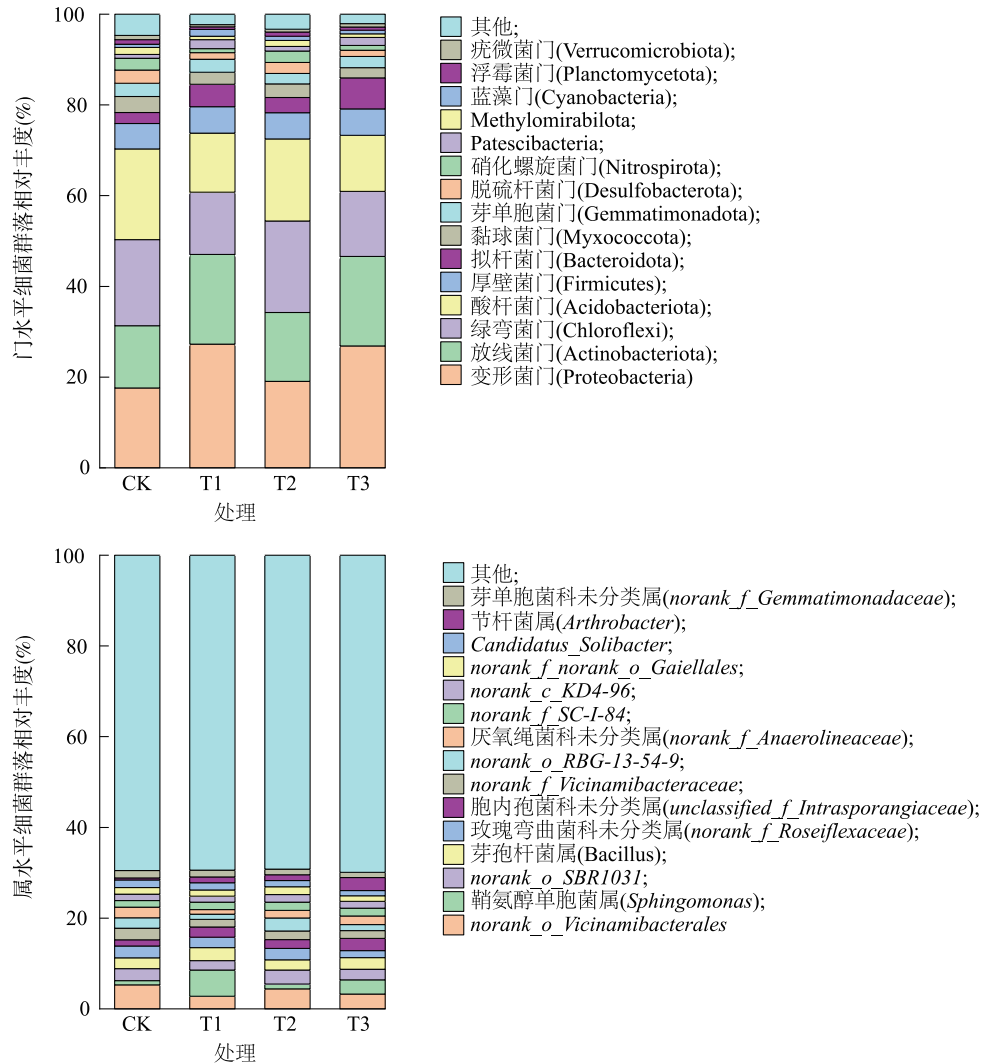
如图 3 所示, 真菌门水平上, 优势菌门为子囊菌门 (Ascomycota)、担子菌门 (Basidiomycota) 和被孢霉门 (Mortierellomycota)。T3 处理土壤子囊菌门真菌群落相对丰度显著高于 CK ($P<0.05$)。就被孢

霉门而言, T1 处理和 T2 处理土壤被孢霉门真菌群落相对丰度与 CK 相比无显著差异 ($P>0.05$), 但 T3 处理土壤被孢霉门真菌群落相对丰度显著低于 CK ($P<0.05$)。真菌属水平上, T1 处理、T2 处理和 T3 处理土壤链格孢属 (*Alternaria*) 真菌群落相对丰度均显著高于 CK ($P<0.05$); T1 处理和 T2 处理土壤被孢霉属 (*Mortierella*) 真菌群落相对丰度显著高于 CK ($P<0.05$), T3 处理土壤被孢霉属 (*Mortierella*) 真菌群落显著低于 CK ($P<0.05$)。此外, T1 处理和 T3 处理土壤赤壳属 (*Cosmospora*)、镰刀菌属 (*Fusarium*) 和假裸囊菌属 (*Pseudeurotium*) 真菌群落相对丰度显著高于 CK 和 T2 处理 ($P<0.05$)。

如图 4 所示, T1 处理土壤富集放线菌门的枝孢囊菌属 (*Virgisporangium*)、变形菌门的微枝形杆菌属 (*Microvirga*)、固醇杆菌属 (*Steroidobacter*) 和鞘氨醇单胞菌科未分类属 (*unclassified-f-Sphingomonadaceae*) 细菌群落。CK 土壤富集的菌属为变形菌门的脱硫橄榄

状菌属 (*Desulfobacca*)、*GOUTA6*、铁氧化菌属 (*Sideroxydans*) 和热脱硫弧菌纲未分类属 (*norank_c_Thermodesulfovibrionia*)。T2 处理土壤富集厚壁菌门的脱硫杆菌目 (*Desulfitobacteriales*) 细菌群落。T3 处理土

壤富集拟杆菌门的 *Pontibacter* 属, 噬纤维菌科 (*Cytophagaceae*), 放线菌门的土壤红细菌属 (*Solirubrobacter*)、*Leifsonia*、*Galbitalea* 以及变形菌门的 *Methylobacterium*-*Methylorubrum* 细菌群落。



CK: 不施用秸秆和氮肥; T1: 施用秸秆; T2: 施用氮肥; T3: 同时施用秸秆和氮肥。

图 2 不同处理土壤细菌群落组成

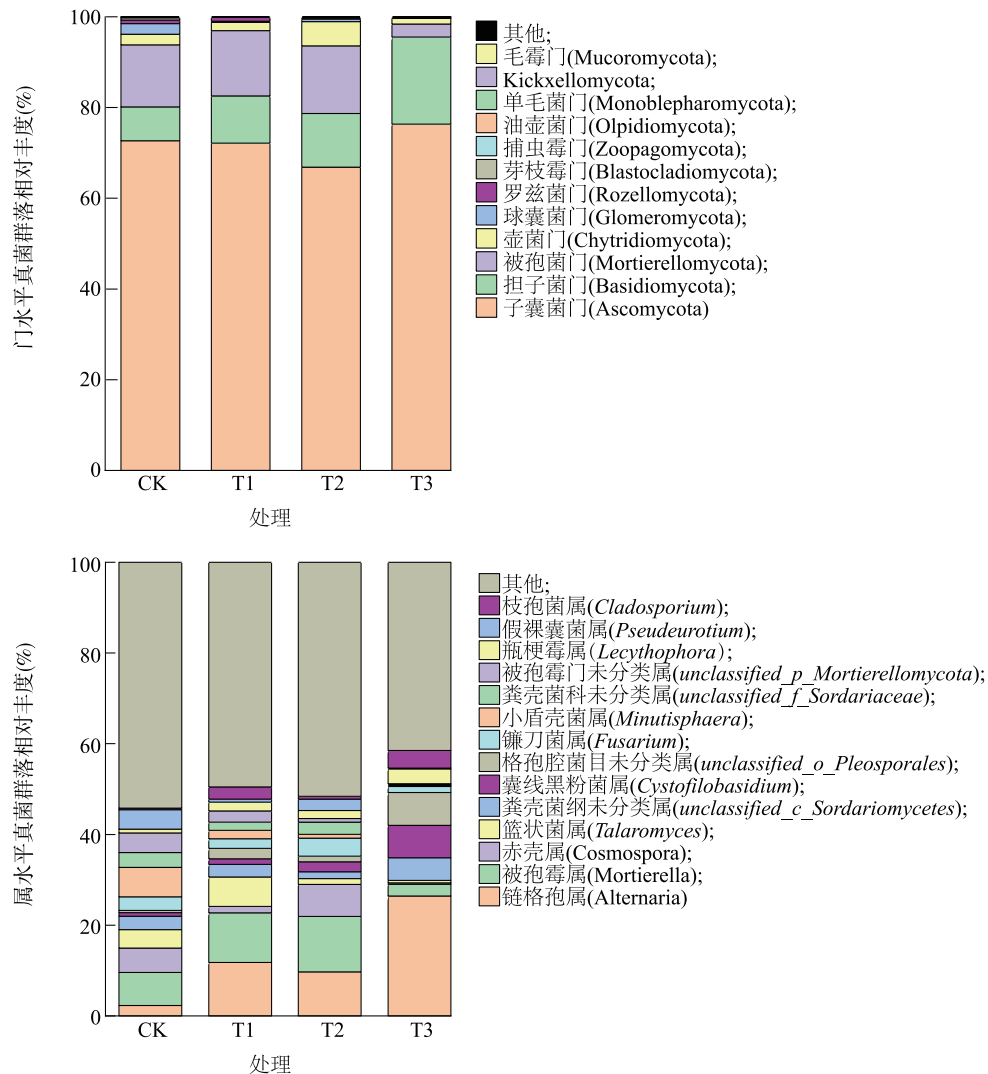
Fig.2 The composition of bacterial communities in soils under different treatments

T1 处理土壤富集了子囊菌门的柄孢壳属 (*Zopfiella*)、弯孢属 (*Curvularia*) 和假白僵菌属 (*Gibellulopsis*) 真菌群落。CK 土壤富集子囊菌门的假裸囊菌属 (*Pseudeurotium*) 和副枝孢属 (*Paracremonium*)、壶菌门的 *Betamyces*、担子菌门的马勃科 (*Lycoperdaceae*) 真菌群落。T2 处理土壤富集子囊菌门的 *Westerdykella* 属、赤壳属 (*Cosmospora*) 和担子菌门的小灰蘑属 (*Coprinellus*)、灵芝属 (*Ganoderma*) 以及灵

芝科 (*Ganodermataceae*) 真菌群落。T3 处理土壤富集了子囊菌门暗球腔菌属 (*Phaeosphaeria*)、枝孢菌属 (*Cladosporium*)、假平脐疣孢属 (*Pseudopithomyces*) 和担子菌门的丝孢酵母属 (*Filobasidium*) 真菌群落。

2.2.3 土壤细菌、真菌群落与环境因子的关联分析

如图 5 所示, 主成分 1 对细菌群落变异的贡献率为 60.81%, 主成分 2 对细菌群落变异的贡献率为 3.46%, 累计解释 64.27% 的细菌群落总变异度。土



CK: 不施用秸秆和氮肥; T1: 施用秸秆; T2: 施用氮肥; T3: 同时施用秸秆和氮肥。

图3 不同处理土壤真菌群落组成

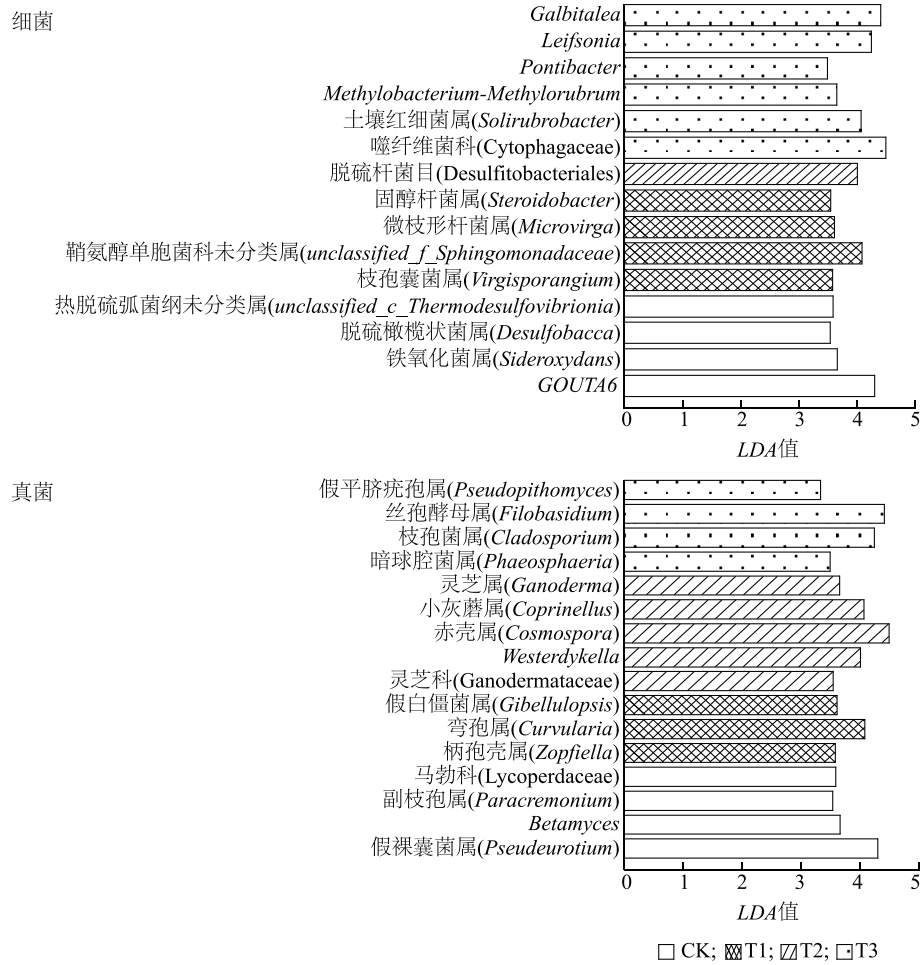
Fig.3 The composition of fungal communities in soils under different treatments

壤 pH 与酸杆菌门 (Acidobacteriota)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、黏球菌门 (Myxococcota) 细菌群落相对丰度呈正相关, 与变形菌门 (Proteobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidota)、放线菌门 (Actinobacteriota) 和厚壁菌门 (Firmicutes) 细菌群落相对丰度呈负相关。

主成分 1 对真菌群落变异的贡献率达 43.37%, 主成分 2 对真菌群落变异的贡献率为 17.80%, 累计解释 61.17% 的真菌群落总变异度。AN、TN、SOC、pH 值与子囊菌门 (Ascomycota)、担子菌门 (Basidiomycota) 真菌群落相对丰度呈正相关, 而与被孢霉菌门 (Mortierellomycota)、壶菌门 (Chytridiomycota)、球囊菌门 (Glomeromycota) 和罗兹菌门 (Rozelemycota) 真

菌群落相对丰度呈负相关。

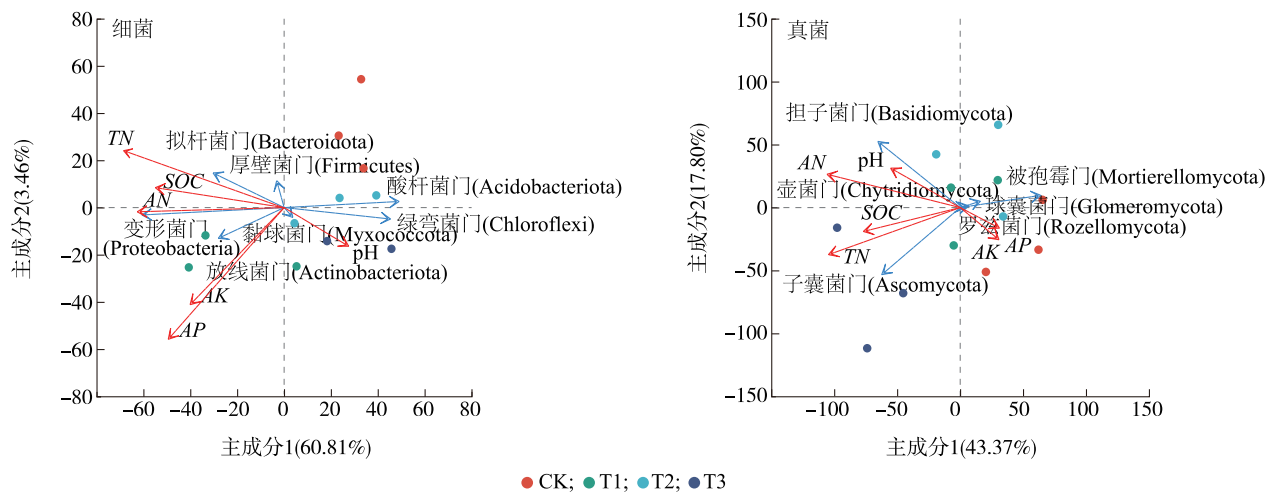
2.2.5 环境因子与微生物群落网络分析 如图 6 所示, AN、TN、SOC 与类诺卡氏菌属 (*Nocardioideis*) 细菌群落相对丰度呈显著正相关 ($P < 0.05$), 与厌氧黏杆菌属 (*Anaeromyxobacter*) 细菌群落相对丰度呈极显著负相关 ($P < 0.01$)。进一步分析发现, AN 与节杆菌属 (*Arthrobacter*)、大理石雕菌属 (*Marmoricola*)、黄杆菌属 (*Flavobacterium*) 细菌群落相对丰度呈显著正相关 ($P < 0.05$)。AP 与鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*)、芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*)、分枝杆菌属 (*Mycobacterium*) 细菌群落相对丰度呈显著正相关 ($P < 0.05$)。



CK:不施用秸秆和氮肥;T1:施用秸秆;T2:施用氮肥;T3:同时施用秸秆和氮肥。LDA 值:线性判别分析值。

图 4 细菌和真菌群落 LefSe 分析

Fig.4 LefSe analysis of bacterial and fungal communities

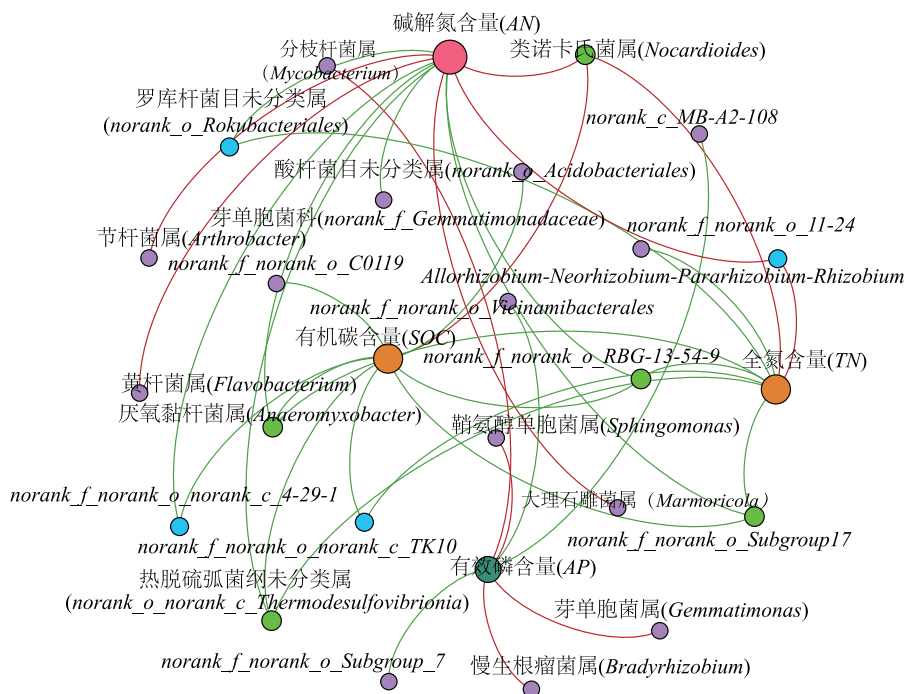


CK:不施用秸秆和氮肥;T1:施用秸秆;T2:施用氮肥;T3:同时施用秸秆和氮肥。AN:碱解氮含量;TN:全氮含量;SOC:土壤有机碳含量;AP:有效磷含量;AK:有效钾含量。

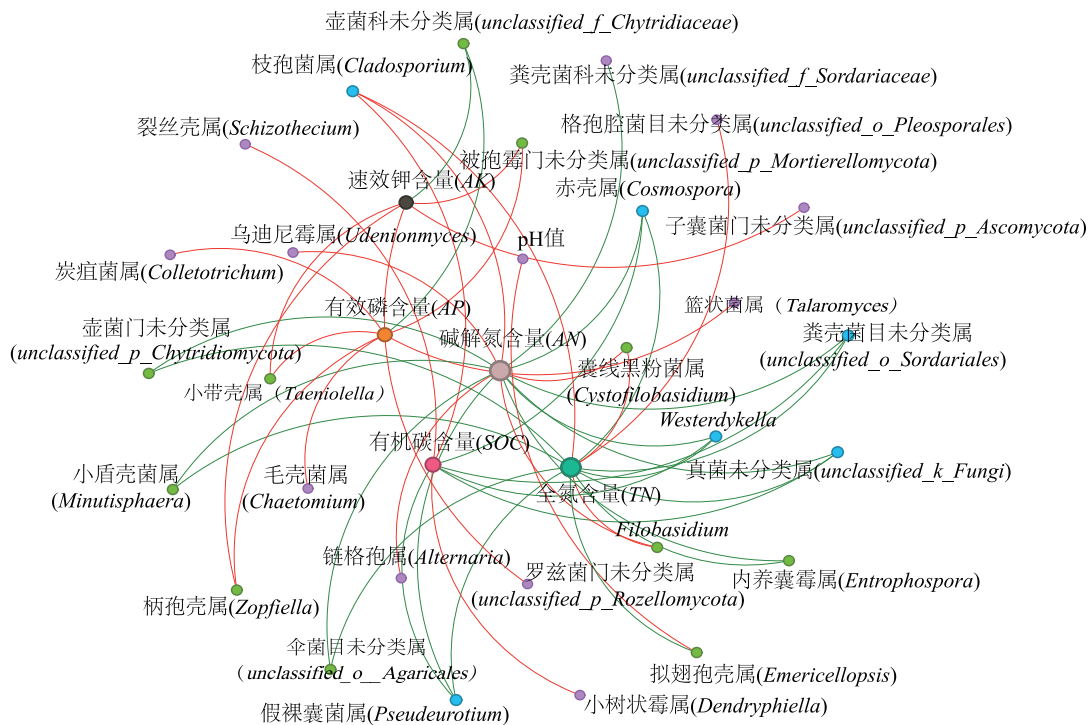
图 5 土壤细菌、真菌群落与环境因子的关联分析结果

Fig.5 Correlation analysis between soil bacterial and fungal communities and environmental factors

细菌



真菌



红色连线表示节点间显著正相关 ($P < 0.05$), 绿色连线表示节点间显著负相关 ($P < 0.05$)。

图 6 细菌、真菌群落与环境因子网络

Fig.6 Network of bacterial and fungal communities and environmental factors

AN、TN 与囊线黑粉菌属 (*Cystofilobasidium*)、枝孢菌属 (*Cladosporium*)、*Filobasidium* 真菌群落相对

丰度呈显著正相关 ($P < 0.05$), 与赤壳属 (*Cosmospora*)、小盾壳菌属 (*Minutisphaera*)、假裸囊菌属

(*Pseudeurotium*)、*Westerdykella*、内养囊霉属(*Entrophospora*)真菌群落相对丰度呈显著负相关($P < 0.05$)。SOC、TN 与枝孢菌属(*Cladosporium*)真菌群落相对丰度呈显著正相关($P < 0.05$)，与赤壳属(*Cosmospora*)、假裸囊菌属(*Pseudeurotium*)、*Westerdykella* 真菌群落相对丰度呈显著负相关($P < 0.05$)。AP、AK 与真菌柄孢壳属(*Zopfiella*)、小带壳属(*Taeniolella*)真菌群落相对丰度呈显著正相关($P < 0.05$)。pH 值与拟翅孢壳属(*Emericellopsis*)真菌群落相对丰度呈显著正相关($P < 0.05$)，TN 与拟翅孢壳属(*Emericellopsis*)真菌群落相对丰度呈显著负相

关($P < 0.05$)。

基于网络分析中的度、度中心性、接近中心性与中介中心性等拓扑参数,可评估环境因子在微生物群落网络中的相对重要性。各项指标数值越高,表明该因子在网络中处于越核心的位置,对微生物群落结构的影响也越大。如表 4 所示,在细菌群落网络中,各环境因子的影响程度由大到小依次为:AN>TN>SOC>AP>AK \approx pH 值。在真菌群落网络中,各环境因子的影响程度由大到小依次为:AN \approx TN>SOC \approx AP \approx AK>pH 值。

表 4 细菌、真菌群落与环境因子网络参数

Table 4 Network parameters of bacterial and fungal communities and environmental factors

节点名称	细菌群落与环境因子网络参数				真菌群落与环境因子网络参数			
	度	度中心性	接近中心性	中介中心性	度	度中心性	接近中心性	中介中心性
AN	12	0.461 5	0.445 1	0.244 3	15	0.454 5	0.419 0	0.188 4
TN	9	0.346 2	0.366 5	0.110 8	14	0.424 2	0.419 0	0.186 6
SOC	9	0.346 2	0.366 5	0.140 2	8	0.242 4	0.299 3	0.087 1
AP	7	0.269 2	0.269 2	0.064 6	7	0.212 1	0.202 0	0.051 1
AK					6	0.181 8	0.178 3	0.037 9
pH 值					1	0.030 3	0.195 6	0

AN: 碱解氮含量; TN: 全氮含量; SOC: 土壤有机碳含量; AP: 有效磷含量; AK: 有效钾含量。

3 讨论与结论

3.1 秸秆还田对土壤理化性质的影响

T1 处理冬油菜产量与 CK 相比无显著差异($P > 0.05$),可能因为单一秸秆还田不能满足作物生长对养分的需求,导致作物产量没有显著增加^[14]。此外,秸秆还田还会造成土壤碳氮比失衡,土壤微生物与作物竞争氮素,进而抑制作物生长^[15]。陈仕高等^[16]认为,秸秆还田能够显著提高土壤速效钾和有效磷含量。本研究中,T3 处理冬油菜产量显著高于 T1 处理,土壤有效磷和速效钾含量显著低于 T1 处理。这是因为冬油菜生长需要吸收大量氮、磷、钾养分,导致土壤中磷、钾含量降低^[17]。基于同位素示踪研究,Thomsen^[18]发现,每 1 g 秸秆可固持土壤氮素 1.0~3.2 mg,表明化肥氮与秸秆碳的协同施用可作为提升土壤氮素利用效率的有效策略。

3.2 秸秆还田对土壤细菌和真菌群落的影响

在水稻-油菜轮作系统中,秸秆还田对根际土壤

微生物群落的影响存在差异。彭彩娟^[9]的研究结果表明,秸秆还田可显著改变油菜根际土壤微生物群落组成。并且细菌香农指数与土壤 pH 值、秸秆还田年限和秸秆还田量呈显著相关^[19]。

CK 土壤富集脱硫橄榄状菌属(*Desulfobacca*)细菌群落和假裸囊菌属(*Pseudeurotium*)真菌群落。脱硫橄榄状菌属(*Desulfobacca*)细菌是一种专性厌氧菌,在水稻土中主要参与固氮和乙酸降解^[20],其相对丰度与土壤硝酸盐含量呈正相关^[21];有机肥的添加会抑制假裸囊菌属(*Pseudeurotium*)真菌的生长^[22]。T1 处理土壤富集鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)细菌群落和子囊菌门的柄孢壳属(*Zopfiella*)真菌群落。鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)细菌可作为植物病原真菌的拮抗菌^[23]。柄孢壳属(*Zopfiella*)真菌可通过分泌次生代谢产物抑制植物病原真菌活性,有助于构建生物防治屏障^[24-25]。T2 处理土壤富集子囊菌门的 *Westerdykella* 真菌群落,*Westerdykella* 真菌具有合成碳水化合物化合物的能力^[26],其丰度与土壤呼吸强度呈负相关^[27],表明单施化肥

可能造成土壤紧实度增加,抑制土壤呼吸作用^[28]。T3处理土壤富集噬纤维菌科(Cytophagaceae)细菌群落及暗球腔菌属(*Phaeosphaeria*)和枝孢菌属(*Cladosporium*)真菌群落。噬纤维菌科(Cytophagaceae)细菌能够降解多糖^[29]。大多数暗球腔菌属(*Phaeosphaeria*)和枝孢菌属(*Cladosporium*)真菌为病原微生物,表明无机肥可能会造成致病真菌的生长^[30-32]。

AN、TN和SOC与厌氧粘杆菌属(*Anaeromyxobacter*)细菌群落相对丰度呈极显著负相关($P < 0.01$),可能因为施肥提高了土壤中AN、TN、SOC含量,进而抑制了厌氧黏杆菌属(*Anaeromyxobacter*)细菌参与的氮循环过程^[33]。AN与类诺卡氏菌属(*Nocardioideae*)、节杆菌属(*Arthrobacter*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)细菌相对丰度呈显著正相关($P < 0.05$)。郑玉冲等^[34]发现,类诺卡氏菌属(*Nocardioideae*)、节杆菌属(*Arthrobacter*)和黄杆菌属(*Flavobacterium*)细菌相对丰度与小麦地上部氮含量呈显著正相关($P < 0.05$),表明这些菌属细菌可能参与了作物氮素转化过程。AP与鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)和分枝杆菌属(*Mycobacterium*)细菌群落相对丰度呈显著正相关($P < 0.05$),其中鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)和芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)细菌均为溶磷菌^[35-37]。

参考文献:

- [1] 毕于运,高春雨,王红彦,等. 我国农作物秸秆离田多元化利用现状与策略[J]. 中国农业资源与区划,2019,40(9):1-11.
- [2] 柴如山,安之冬,马超,等. 我国主要粮食作物秸秆钾养分资源量及还田替代钾肥潜力[J]. 植物营养与肥料学报,2020,26(2):201-211.
- [3] COSMIN S, LUNGULEASA A. The importance of the physical and energetic properties of straw briquettes[J]. Journal of Coastal Zone Management, 2020, 23(5):11.
- [4] 张丹,付斌,胡万里,等. 秸秆还田提高水稻-油菜轮作土壤固氮能力及作物产量[J]. 农业工程学报,2017,33(9):133-140.
- [5] 王昆昆,廖世鹏,任涛,等. 连续秸秆还田对油菜水稻轮作土壤磷素有效性及作物磷素利用效率的影响[J]. 中国农业科学,2020,53(1):94-104.
- [6] 靳玉婷,刘运峰,胡宏祥,等. 持续性秸秆还田配施化肥对油菜-水稻轮作周年氮磷径流损失的影响[J]. 中国农业科学,2021,54(9):1937-1951.
- [7] CUI J W, YANG B G, ZHANG M L, et al. Investigating the effects of organic amendments on soil microbial composition and its linkage to soil organic carbon: a global meta-analysis[J]. Science of the Total Environment, 2023, 894:164899.
- [8] WANG X D, FENG J G, AO G K L, et al. Globally nitrogen addition alters soil microbial community structure, but has minor effects on soil microbial diversity and richness[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2023, 179:108982.
- [9] 彭彩娟. 水稻秸秆还田对水稻-油菜轮作系统中油菜根际微生物群落结构的影响[D]. 武汉:华中农业大学,2015.
- [10] 李仪. 长江中下游地区冬油菜田农药减施技术效果评价及其对土壤微生物多样性的影响[D]. 武汉:华中农业大学,2021.
- [11] 李红宇,王志君,范名宇,等. 秸秆连续还田对苏打盐碱水稻土养分及真菌群落的影响[J]. 干旱地区农业研究,2021,39(2):15-23.
- [12] YE G P, LIN Y X, LUO J F, et al. Responses of soil fungal diversity and community composition to long-term fertilization: field experiment in an acidic Ultisol and literature synthesis[J]. Applied Soil Ecology, 2020, 145:103305.
- [13] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京:中国农业出版社,2000.
- [14] LIMON-ORTEGA A, SAYRE K D, FRANCIS C A. Wheat and maize yields in response to straw management and nitrogen under a bed planting system[J]. Agronomyjournal, 2000, 92(2):295-302.
- [15] 侯亚红,王磊,付小花,等. 土壤碳收支对秸秆与秸秆生物炭还田的响应及其机制[J]. 环境科学,2015,36(7):2655-2661.
- [16] 陈仕高,李克阳,田文华,等. 水稻秸秆还田替代化肥对油菜产量及耕地质量的影响[J]. 南方农业,2019,13(增刊1):73-75.
- [17] SZCZEPANIAK W. A mineral profile of winter oilseed rape in critical stages of growth-nitrogen[J]. Journal of Elementology, 2014, 19(3):759-777.
- [18] THOMSEN I K. Turnover of ¹⁵N-straw and nh₄no₃ in a sandy loam soil: effects of straw disposal and n fertilization[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1993, 25(11):1561-1566.
- [19] ZHANG M M, DANG P F, HAEGEMAN B, et al. The effects of straw return on soil bacterial diversity and functional profiles: a meta-analysis[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2024, 195:109484.
- [20] 李晨华,张彩霞,唐立松,等. 长期施肥土壤微生物群落的剖面变化及其与土壤性质的关系[J]. 微生物学报,2014,54(3):319-329.
- [21] DONG Y F, ZHA J J, ZHANG Q, et al. Interplay between denitrifying and sulfate-reducing bacterial communities under acid mine drainage stress[J]. Journal of Environmental Chemical Engineering, 2024, 12(5):113663.
- [22] 吴宪,王蕊,胡荷,等. 潮土细菌及真菌群落对化肥减量配施有机肥和秸秆的响应[J]. 环境科学,2020,41(10):4669-4681.
- [23] WHITE D C, SUTTON S D, RINGELBERG D B. The genus

- Sphingomonas: physiology and ecology[J]. *Current Opinion in Biotechnology*, 1996, 7(3):301-306.
- [24] 马 垒, 赵文慧, 郭志彬, 等. 长期不同磷肥施用量对砂姜黑土真菌多样性、群落组成和种间关系的影响[J]. *生态学报*, 2019, 39(11):4158-4167.
- [25] HUANG X Q, LIU L L, WEN T, et al. Illumina MiSeq investigations on the changes of microbial community in the *Fusarium oxysporum* f.sp. *cubense* infected soil during and after reductive soil disinfection[J]. *Microbiological Research*, 2015, 181:33-42.
- [26] XU D, LUO M H, LIU F L, et al. Cytochalasan and tyrosine-derived alkaloids from the marine sediment-derived fungus *Westerdykella dispersa* and their bioactivities [J]. *Scientific Reports*, 2017, 7(1):11956.
- [27] LIU Y R, DELGADO-BAQUERIZO M, YANG Z M, et al. Microbial taxonomic and functional attributes consistently predict soil CO₂ emissions across contrasting croplands[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 702:13485.
- [28] 赵亚丽, 薛志伟, 郭海斌, 等. 耕作方式与秸秆还田对土壤呼吸的影响及机理[J]. *农业工程学报*, 2014, 30(19):155-165.
- [29] ESTENDORFER J, STEMPFHUBER B, HAURY P, et al. The influence of land use intensity on the plant-associated microbiome of *Dactylis glomerata* L.[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2017, 8:930.
- [30] SHOEMAKER R A, BABCOCK C E. *Phaeosphaeria*[J]. *Canadian Journal of Botany*, 1989, 67:1500-1599.
- [31] 刘 婷, 温 慧, 满都拉, 等. 应用噬菌体控制假单胞菌的研究进展[J]. *中国抗生素杂志*, 2019, 44(6):661-666.
- [32] HU X J, LIU J J, WEI D, et al. Effects of over 30-year of different fertilization regimes on fungal community compositions in the black soils of northeast China[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2017, 248:113-122.
- [33] ONLEY J R, AHSAN S, SANFORD R A, et al. Denitrification by *Anaeromyxobacter dehalogenans*, a common soil bacterium lacking the nitrite reductase genes *nirS* and *nirK*[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2018, 84(4):e01985-17.
- [34] 郑玉冲, 张琳琦, 刘彬彬. 不同小麦品种根区微生物特征及对土壤氮素水平的响应[J]. *中国生态农业学报(中英文)*, 2023, 31(11):1708-1720.
- [35] ASAF S, KHAN A L, KHAN M A, et al. Complete genome sequencing and analysis of endophytic *Sphingomonas* sp. LK11 and its potential in plant growth[J]. *3 Biotechnology*, 2018, 8:389.
- [36] 王昆昆. 秸秆还田提高稻油轮作体系土壤微生物磷循环及磷素利用的机制[D]. 武汉:华中农业大学, 2023.
- [37] ZHANG L, SHI N, FAN J Q, et al. Arbuscular mycorrhizal fungi stimulate organic phosphate mobilization associated with changing bacterial community structure under field conditions[J]. *Environmental Microbiology*, 2018, 20(7):2639-2651.

(责任编辑:成纾寒)