

杨雄伟, 邓明军, 卢昌友, 等. 施氮量对烟草根际土壤微生物群落及功能的影响[J]. 江苏农业学报, 2026, 42(5): 952-962.  
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2026.05.009

## 施氮量对烟草根际土壤微生物群落及功能的影响

杨雄伟<sup>1</sup>, 邓明军<sup>2</sup>, 卢昌友<sup>3</sup>, 黄晓霞<sup>1</sup>, 卢燕回<sup>2</sup>, 陈钰栋<sup>2</sup>, 孔菲<sup>2</sup>

(1.西南林业大学园林园艺学院, 云南 昆明 650224; 2.中国烟草总公司广西壮族自治区公司, 广西 南宁 530022; 3.广西壮族自治区烟草公司河池市公司, 广西 河池 547000)

**摘要:** 本研究旨在探究不同施氮量对广西壮族自治区河池烟草种植区烟草根际土壤微生物群落结构和功能的影响, 为烤烟生产中氮肥的合理施用提供科学参考。以当地常规施氮量(135 kg/hm<sup>2</sup>)为对照(CK), 同时设置4个施氮量处理, 分别是: 105 kg/hm<sup>2</sup>(N1)、120 kg/hm<sup>2</sup>(N2)、150 kg/hm<sup>2</sup>(N3)、165 kg/hm<sup>2</sup>(N4), 采用 ITS 和 16S rRNA 高通量测序技术, 比较烟草植株根际土壤理化性质及微生物群落对不同施氮量的响应。结果表明, 随着施氮量增加, 土壤 pH 降低, 有机碳(SOC)含量、全氮(TN)含量、全磷(TP)含量、有效磷(AVP)含量、硝态氮(NO<sub>3</sub>-N)含量、铵态氮(NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N)含量呈逐渐上升趋势。与 CK 相比, N2 处理下烟草根际土壤优势细菌绿弯菌门细菌、芽单胞菌属细菌、鞘氨醇单胞菌属细菌、小单胞菌属细菌、*Candidatus\_Solibacter* 细菌的相对丰度均上升, 优势真菌子囊菌门真菌、担子菌门真菌、青霉菌属真菌、暗梗单孢霉属真菌、原隐球菌属真菌、绿核菌属真菌的相对丰度均上升; 随施氮量增加, 土壤细菌群落多样性指数均呈先增加后降低的趋势, 在 N2 处理时最大, N4 处理时最小; 土壤真菌群落多样性指数均表现为逐渐降低的趋势, 在 N1 处理时最大, N4 处理时最小; 真菌功能预测结果表明, 与 CK 相比, N2 处理中未分类的腐生真菌、外生菌根真菌、真菌寄生菌-未分类的腐生菌、麦角菌科内生菌-植物病原菌相对丰度增加, 植物病原体-土壤腐生菌-木质腐生菌相对丰度降低; 细菌功能预测结果表明, 类群组成和相对丰度变化不显著; Mantel 检验结果表明, pH、全磷(TP)含量、硝态氮(NO<sub>3</sub>-N)含量是影响土壤细菌群落的关键因素, 有机碳(SOC)含量是影响土壤真菌群落的关键因素。综上所述, 120 kg/hm<sup>2</sup>施氮量有利于当地烟草根际土壤养分循环、土壤微生物环境的稳定及土壤健康, 对于广西烟草种植区的施肥管理有一定的指导意义。

**关键词:** 烟草; 施氮量; 根际土壤; 微生物群落

中图分类号: TS41<sup>+</sup>4 文献标识码: A 文章编号: 1000-4440(2026)05-0952-11

## Effects of nitrogen application rates on microbial community and function in tobacco rhizosphere soil

YANG Xiongwei<sup>1</sup>, DENG Mingjun<sup>2</sup>, LU Changyou<sup>3</sup>, HUANG Xiaoxia<sup>1</sup>, LU Yanhui<sup>2</sup>, CHEN Yudong<sup>2</sup>, KONG Fei<sup>2</sup>

(1. College of Landscape Architecture and Horticulture, Southwest Forestry University, Kunming 650224, China; 2. Guangxi Zhuang Autonomous Region Company, China National Tobacco Corporation, Nanning 530022, China; 3. Hechi Tobacco Company of Guangxi Zhuang Autonomous Region Tobacco Company, Hechi 547000, China)

收稿日期: 2025-06-25

基金项目: 中国烟草总公司广西壮族自治区公司科技计划项目(202345000024075); 云南省高层次人才“青年拔尖人才”项目(YNWR-QNBJ-2020-222)

作者简介: 杨雄伟(1997-), 男, 云南曲靖人, 硕士研究生, 主要从事植物生理及土壤生态研究。(E-mail)492348507@qq.com

通讯作者: 孔菲, (E-mail)75345134@qq.com

**Abstract:** This study aimed to investigate the effects of varying nitrogen application rates on the structure and function of microbial communities in rhizosphere soil of tobacco in Hechi tobacco planting area of Guangxi Zhuang Autonomous Region, providing a scientific reference for rational application of nitrogen fertilizer in flue-

cured tobacco production. The local conventional nitrogen application rate ( $135 \text{ kg/hm}^2$ ) was used as a control (CK). Four nitrogen treatments were established: reduced nitrogen treatments N1 ( $105 \text{ kg/hm}^2$ ) and N2 ( $120 \text{ kg/hm}^2$ ), and increased nitrogen treatments N3 ( $150 \text{ kg/hm}^2$ ) and N4 ( $165 \text{ kg/hm}^2$ ). High-throughput sequencing techniques, including ITS and *16S rRNA*, were employed to compare the responses of the rhizosphere soil physicochemical properties and microbial communities of tobacco to different nitrogen application rates. The results indicated that with the increase of nitrogen application rate, soil pH decreased, while the contents of soil organic carbon (SOC), total nitrogen (TN), total phosphorus (TP), available phosphorus (AVP), nitrate nitrogen ( $\text{NO}_3^- \text{-N}$ ), and ammonium nitrogen ( $\text{NH}_4^+ \text{-N}$ ) increased. Compared with CK, the relative abundances of dominant bacteria, such as *Chloroflexi*, *Gemmatimonas*, *Sphingomonas*, *Micromonospora*, and *Candidatus\_Solibacter* in the N2 treatment increased. The relative abundances of dominant fungi, including Ascomycota, Basidiomycota, *Penicillium*, *Cloridium*, *Saitozyma*, and *Ustilaginoidea* also increased. Additionally, the diversity index of soil bacterial communities showed a trend of initially increasing and then decreasing with increasing nitrogen application rates, reaching the maximum under N2 treatment and the minimum under N4 treatment. In contrast, the diversity index of soil fungal communities gradually decreased, reaching the maximum under N1 treatment and the minimum under N4 treatment. The results of fungal function prediction showed that compared with CK, in the N2 treatment, the relative abundances of undefined saprotrophic fungi, ectomycorrhizal fungi, fungal parasites-undefined saprotrophs, and Clavicipitaceae endophytes-plant pathogens increased, while the relative abundance of plant pathogens-soil saprotrophs-wood saprotrophs decreased. The results of bacterial function prediction revealed that the taxonomic composition and relative abundance did not change significantly. The Mantel test results indicated that pH, total phosphorus (TP) content, and nitrate nitrogen ( $\text{NO}_3^- \text{-N}$ ) content were key factors affecting the soil bacterial community, while soil organic carbon (SOC) content was a key factor affecting the soil fungal community. In conclusion, a nitrogen application rate of  $120 \text{ kg/hm}^2$  is beneficial to nutrient cycling, the stability of the soil microbial environment, and soil health in the tobacco rhizosphere, providing useful guidance for fertilization management in the tobacco-growing regions of Guangxi.

**Key words:** tobacco; nitrogen application rate; rhizosphere soil; microbial community

烟草(*Nicotiana tabacum* L.)是中国重要的经济作物,其品质与土壤健康状况密切相关<sup>[1]</sup>。氮素作为对烟叶产量和质量影响较大的营养元素,其施用量是优质烟叶形成的关键<sup>[2-3]</sup>;集约化种植中氮肥的过量施用可能破坏微生物群落平衡,进而威胁土壤的可持续生产力。此外,合理施氮有利于烟草植株早生快发,促使体内碳氮代谢平衡,提高烟叶产量与质量<sup>[4]</sup>;施氮量不足会影响烟草植株形态和根系发育<sup>[5]</sup>;施氮量过大则易导致烟草生育后期贪青晚熟,叶片肥厚、易碎等问题<sup>[6]</sup>。土壤微生物作为土壤能量和养分循环的“源”和“库”,其对环境变化十分敏感,同时驱动着农业生态系统的关键功能,并对土壤肥力、作物生产力及抗逆性起决定性作用<sup>[7]</sup>。然而,烟农过于追求烟叶产量,长期不当施肥导致种植烟草的土壤退化,烟叶品质下降及病害发生等问题日益加剧。当前种植烟草的土壤中氮肥用量与微生物的响应机制尚不明确。

有研究表明,适宜的施氮量可改善土壤理化性质,有利于各种微生物的生长,并通过调节氮素供应直接影响烟草植株的生长发育及烟叶品

质<sup>[2,8]</sup>。Gu等<sup>[9]</sup>对川黄檗幼苗的研究发现,适当的施氮量可通过增强其根际土壤养分循环,有效调节土壤微生物群落丰度和代谢功能。Li等<sup>[10]</sup>的研究结果表明,施肥管理和根际效应可共同塑造特定的土壤微生物群落,其中养分有效性与根系分泌物的调控作用更为显著。尽管已有大量研究结果证实氮添加对微生物群落会产生显著影响,但烟草特有的生物碱可能通过改变根际微环境调节微生物响应。周喜新等<sup>[11]</sup>在烟草根系分泌物中筛选出生物碱、萜类、胺类和有机酸等11种潜在的化感物质,其中某些化感物质可通过抑制氮循环,降低土壤中营养物质的含量。此外,化感物质与植物根际微生物群落之间的相互作用可显著影响土壤微生物群落的结构和功能<sup>[12]</sup>。目前,关于不同施氮量对烟草根际土壤微生物群落影响及其驱动因素的研究相对较少。因此,探究施氮量与烟草种植区土壤微生物群落及其功能之间的关系,对于改善土壤质量、提高烟叶品质具有重要意义。

广西壮族自治区河池市适宜的气候条件和丰富的土地资源,满足优质烟草生长需求,属于烟草适宜

种植区和潜力发展区。本研究结合河池市烟草种植区实际生产情况,以优选烤烟品种云烟 116 为试验材料,依托烤烟-水稻轮作模式的田块进行试验,以当地常规施氮量为对照,探究不同施氮量下烟草根际土壤理化性质和微生物群落的变化规律,阐明不同氮素施用量对土壤理化性质及微生物群落的调控机制,旨在为广西烟草高产高效栽培、土壤改良及氮肥增效技术体系构建提供实践指导与理论支撑。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料与试验地概况

供试烤烟品种为云烟 116,于 2024 年 1 月 10 日采用漂浮育苗的方法培育,2024 年 3 月 31 日(烟草幼苗 4 叶期)选取长势一致的健康烟草幼苗进行移栽。试验地位于广西壮族自治区河池市南丹县六寨镇(107°25'E,25°16'N),该区域为烟叶种植适宜区和潜力发展区,属中亚热带气候区。烟草生长季节月平均温度 20.0~22.5 °C,总积温 4 100~4 800 °C,总日照时数 690~830 h,总降水量 1 100~1 200 mm。试验地为烟-稻轮作区,地势平坦、肥力均匀,土壤类型为淹育型水稻土,基本理化性质为 pH 6.27,有机碳含量 23.04 g/kg,有效磷含量 17.16 mg/kg,速效钾含量 170.75 mg/kg,水解性氮含量 132.71 mg/kg。

### 1.2 试验设计

以河池市常规施氮量(135 kg/hm<sup>2</sup>)为对照(CK),设置 4 个梯度施氮量,分别是 105 kg/hm<sup>2</sup>(N1)、120 kg/hm<sup>2</sup>(N2)、150 kg/hm<sup>2</sup>(N3)、165 kg/hm<sup>2</sup>(N4)。采用随机区组设计,每个处理 3 次重复,每个小区种植 90 株烟草(共 3 行),行距 1.20 m,株距 0.50 m。有机肥(N 含量:P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>含量:K<sub>2</sub>O 含量=1:1:3)全部用作基肥,纯氮用量(包括基肥和追肥)按试验设计进行;基肥与追肥比例为 5:5,在烟草破膜掏苗阶段,将追肥作为提苗肥兑水后浇施。各处理间除施氮量不同外,其他管理按当地优质烟叶生产管理进行。

### 1.3 试验取样

于 2024 年 7 月烤烟成熟期,每个小区随机取 15 株烤烟根际土样混匀为 1 个重复,每个处理 3 次重复,共 15 份土样。将烟株完整取出抖落松散土壤,收集根系附近土壤装入无菌聚丙烯袋后置于冰盒带回实验室,立即过 2 mm 孔径筛网,去除土壤中

的细根碎石等杂质。每个土壤样本分为 3 部分:其中一部分在实验室自然风干,以测定土壤 pH、有机碳(SOC)含量、全氮(TN)含量、有效磷(AVP)含量、全磷(TP)含量等理化性质;一部分储存于-20 °C 冰箱用于测定土壤硝态氮(NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N)含量和铵态氮(NO<sub>4</sub><sup>+</sup>-N)含量;一部分储存在-80 °C 冰箱用于分析土壤细菌和真菌群落结构。

### 1.4 土壤样品测定

土壤理化性质的测定参照《土壤农化分析》<sup>[13]</sup>进行。pH 值使用 pH 计测定;全氮(TN)含量和有机碳(SOC)含量使用元素分析仪(德国 Elementar 公司产品)测定;全磷(TP)含量采用钼锑抗比色法测定;有效磷(AVP)含量采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法测定;铵态氮(NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N)含量采用氯化钾浸提-靛酚蓝比色法测定;硝态氮(NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N)含量采用氯化钾浸提-酚二磺酸比色法测定。

使用 CTAB 法提取土壤样品(各样本土壤用量为 0.5 g)总 DNA,并对提取的 DNA 进行纯度和浓度评估,DNA 的纯度和浓度利用 2% 琼脂糖凝胶电泳进行检测,将提取的一定量土壤样本 DNA 用无菌水稀释至 1 ng/μL,以稀释后的基因组 DNA 为模板,使用带 Barcode 的特异引物(Phusion<sup>®</sup> High-Fidelity PCR Master Mix with GC Buffer 试剂为美国 NewEngland Biolabs 公司产品)和高效高保真酶进行 PCR 扩增,以确保扩增准确性和效率。引物对应区域进行 PCR 扩增:16S rRNA 基因 V3~V4 区,引物序列为正向引物(F):5'-CCTAYGGGRBGCASCAG-3',反向引物(R):5'-GGACTACNNGGTATCTAAT-3';真菌多样性鉴定靶向 ITS1 区,引物对为 ITS1-5F(F:5'-GGAAGTAAAGTCGTAACAAGG-3')/ITS1-1736R(R:5'-GCT-GCGTTCCTCATCGATGC-3'),PCR 产物通过 2% 琼脂糖凝胶电泳进行检测,检测合格的 PCR 产物立即进行纯化。文库构建完成后,通过 Qubit 和 qPCR 进行双重定量评估,并于测序平台上进行双端 250 bp 高通量测序。

### 1.5 数据分析

烟草根际土壤各项基础数据的整理采用 Excel 2019 软件。土壤微生物群落分析采用 QIIME 2 软件和 R 软件。16S rRNA 基因序列参考数据库为 SILVA 138.1,ITS 的标注数据库为 UNITE v8.2。在 97% 的同源阈值下,对相同的操作分类单元(OTU)进行聚类。不同施氮处理土壤之间的差异性运用

SPSS 26.0 软件中的单因素方差分析 (One-way ANOVA) 进行评估, 并采用 Duncan's 进行多重比较 ( $\alpha=0.05$ )。曼特尔 (Mantel) 检验使用 R 软件中的 vegan 包计算微生物群落与理化性质之间的相关性, 结果通过 ggcor 包结合 ChiPlot (<https://www.chiplot.online/>) 进行可视化。应用 PICRUSt2 软件和 FUN-Guild 软件分别对细菌和真菌群落进行功能预测。用 Origin 2018 软件和 R 软件绘图。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同施氮量对土壤理化性质的影响

由表 1 可知, 随着施氮量的增加, 土壤中有有机碳 (SOC) 含量、全氮 (TN) 含量、全磷 (TP) 含量、有效磷 (AVP) 含量、硝态氮 ( $\text{NO}_3^-$ -N) 含量、铵态氮

( $\text{NH}_4^+$ -N) 含量呈逐渐上升趋势, pH、碳氮比呈逐渐下降趋势。其中, 与 CK 相比, N1 处理 pH 值显著增加了 3.58% ( $P<0.05$ ), N4 处理 pH 值显著降低了 3.41% ( $P<0.05$ ); N1 处理 SOC 含量显著降低了 3.71% ( $P<0.05$ ), N3 处理、N4 处理 SOC 含量分别显著增加了 3.81%、3.96% ( $P<0.05$ ); N1 处理 TN 含量显著降低了 12.82% ( $P<0.05$ ); N1 处理 TP 含量显著降低 2.25% ( $P<0.05$ ), N3 处理、N4 处理 TP 含量分别显著增加了 2.25% 和 5.62% ( $P<0.05$ ); N1 处理 AVP 含量显著下降 23.82% ( $P<0.05$ ); N4 处理  $\text{NO}_3^-$ -N 含量显著增加了 23.04% ( $P<0.05$ ), N1 处理  $\text{NO}_3^-$ -N 含量则显著下降了 6.18% ( $P<0.05$ ); N4 处理  $\text{NH}_4^+$ -N 含量显著增加了 83.82% ( $P<0.05$ )。

表 1 不同施氮量对土壤理化性质的影响

Table 1 Effects of different nitrogen application rates on soil physicochemical properties

处理	pH	有机碳含量 (g/kg)	全氮含量 (g/kg)	全磷含量 (g/kg)	有效磷含量 (mg/kg)	硝态氮含量 (mg/kg)	铵态氮含量 (mg/kg)	碳氮比
CK	5.58±0.02bc	19.94±0.19b	2.34±0.05ab	0.89±0c	21.62±2.86a	11.98±0.10b	5.87±0.17b	8.54±0.16ab
N1	5.78±0a	19.20±0.02c	2.04±0.06c	0.87±0.01d	16.47±0b	11.24±0.17c	4.85±0.27b	9.43±0.25a
N2	5.65±0.02b	19.55±0.08bc	2.20±0.01bc	0.88±0cd	20.47±0.55ab	11.82±0b	5.42±0.33b	8.90±0.04ab
N3	5.54±0.02c	20.70±0.13a	2.41±0.10ab	0.91±0.01b	22.29±0.39a	12.18±0.11b	6.82±0.13b	8.63±0.43ab
N4	5.39±0.04d	20.73±0.25a	2.52±0.09a	0.94±0a	22.67±0.18a	14.74±0.28a	10.79±2.24a	8.25±0.32b

所有数据均为平均值±标准差。同列数据后不同小写字母表示处理间差异显著 ( $P<0.05$ )。

### 2.2 根际土壤微生物群落结构的变化

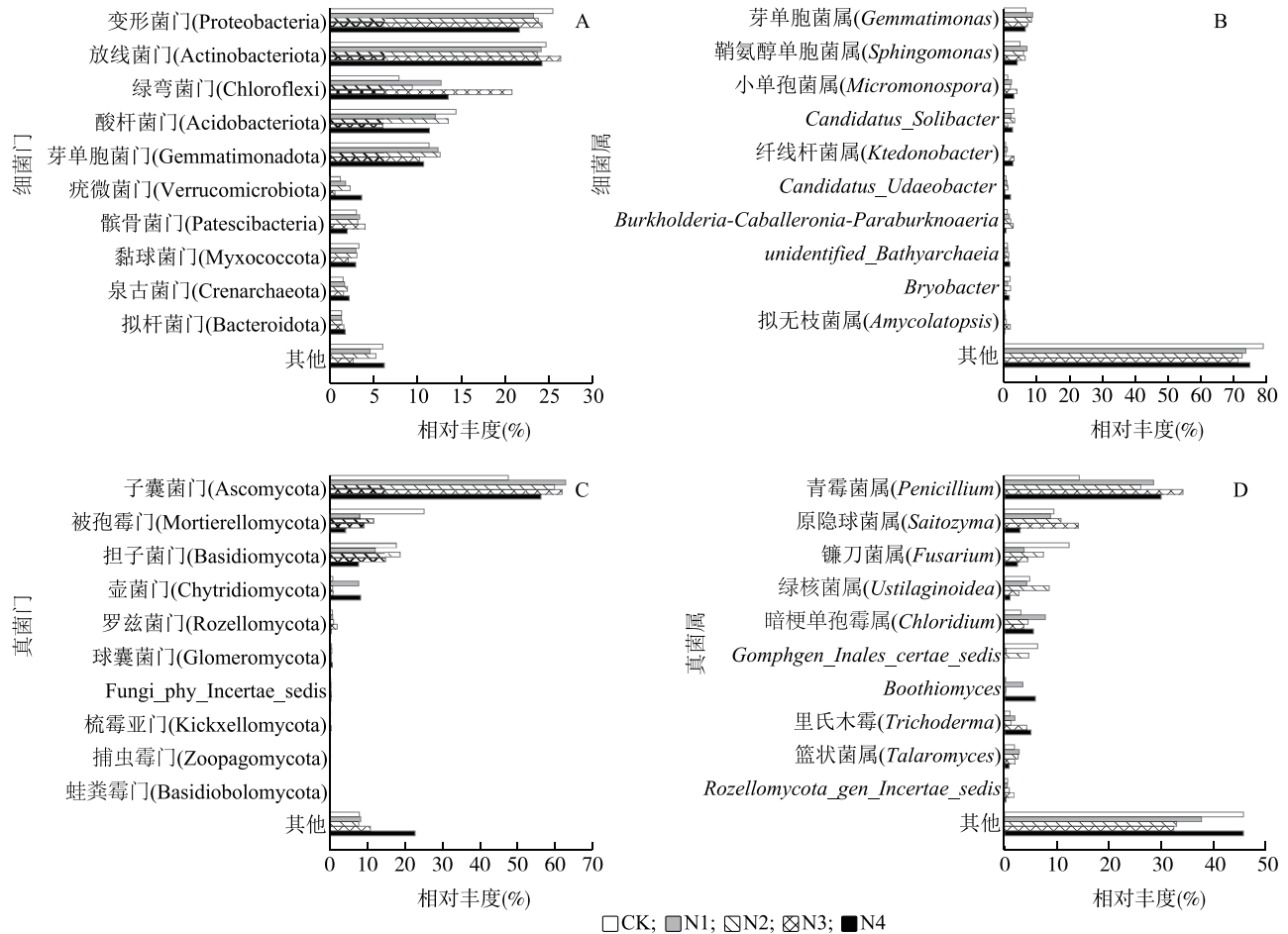
从图 1A 可见, 在不同施氮量处理下, 烟草根际土壤中细菌主要优势门为变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteriota)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、酸杆菌门 (Acidobacteriota)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadota), 相对丰度为 6.01%~26.38%。其中, 与 CK 相比, N1 处理、N2 处理、N3 处理、N4 处理的根际土壤中变形菌门细菌和酸杆菌门细菌相对丰度均出现下降; N1 处理、N2 处理、N4 处理的根际土壤中放线菌门细菌相对丰度下降, 而 N3 处理则出现上升; N1 处理、N2 处理、N3 处理、N4 处理的根际土壤中绿弯菌门细菌相对丰度出现不同程度上升; N1 处理、N2 处理的根际土壤中芽单胞菌门细菌相对丰度有所提升, 而 N3 处理、N4 处理则有所下降。从图 1B 可见, 不同施氮处理下根际土壤中细菌主要优势菌属为芽单胞菌属 (Gemmatimonas)、鞘氨醇单胞菌属 (Sphingomonas)、小单胞菌属 (Micromonospora)、Candidatus\_Solibacter, 相对丰度

为 1.08%~8.72%。其中, 与 CK 相比, N1 处理、N2 处理、N3 处理的根际土壤中芽单胞菌属细菌和鞘氨醇单胞菌属细菌相对丰度上升, 而 N4 处理下降; N1 处理、N2 处理、N3 处理、N4 处理的根际土壤中小单胞菌属细菌相对丰度均有所上升; N2 处理的根际土壤中 Candidatus\_Solibacter 细菌相对丰度上升, N1 处理、N3 处理、N4 处理出现不同程度下降。

从图 1C 可见, 不同施氮量处理下烟草根际土壤中真菌主要优势门为子囊菌门 (Ascomycota)、被孢霉门 (Mortierellomycota)、担子菌门 (Basidiomycota), 相对丰度为 4.15%~62.85%。其中, 与 CK 相比, N1 处理、N2 处理、N3 处理、N4 处理的根际土壤中子囊菌门真菌相对丰度均出现不同程度上升, 而被孢霉门真菌相对丰度均出现不同程度下降; N1 处理、N3 处理、N4 处理的根际土壤中担子菌门真菌相对丰度下降, 而 N2 处理的根际土壤中担子菌门真菌相对丰度上升。从图 1D 可见, 不同施氮量处理下烟草根际土壤中真菌主要优势属为青霉菌属

(*Penicillium*)、原隐球菌属(*Saitozyma*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、绿核菌属(*Ustilaginoidea*)、暗梗单孢霉属(*Chloridium*)，相对丰度为 1.06%~34.17%。其中，与 CK 相比，N1 处理、N2 处理、N3 处理、N4 处理的根际土壤中青霉菌属真菌和暗梗单孢霉属(*Chloridium*)真菌相对丰度均出现不同程度上升；N1 处理、N4 处理的根际土壤中原隐球菌属真菌相对丰度

下降，而 N2 处理、N3 处理的根际土壤中原隐球菌属真菌相对丰度上升；N1 处理、N2 处理、N3 处理、N4 处理的根际土壤中镰刀菌属真菌相对丰度均出现了下降；N1 处理、N3 处理、N4 处理的根际土壤中绿核菌属真菌相对丰度均出现不同程度下降，而 N2 处理的根际土壤中该菌属真菌相对丰度明显上升。



A:烟草根际土壤中基于门水平的细菌相对丰度;B:烟草根际土壤中基于属水平的细菌相对丰度;C:烟草根际土壤中基于门水平的真菌相对丰度;D:烟草根际土壤中基于属水平的真菌相对丰度。CK:对照,施氮量 135 kg/hm<sup>2</sup>;N1:施氮量 105 kg/hm<sup>2</sup>;N2:施氮量 120 kg/hm<sup>2</sup>;N3:施氮量 150 kg/hm<sup>2</sup>;N4:施氮量 165 kg/hm<sup>2</sup>。

图 1 不同施氮量处理烟草根际土壤细菌和真菌在门和属水平的相对丰度

Fig.1 Relative abundance of bacteria and fungi at phylum and genus levels in tobacco rhizosphere soil under different nitrogen application rates

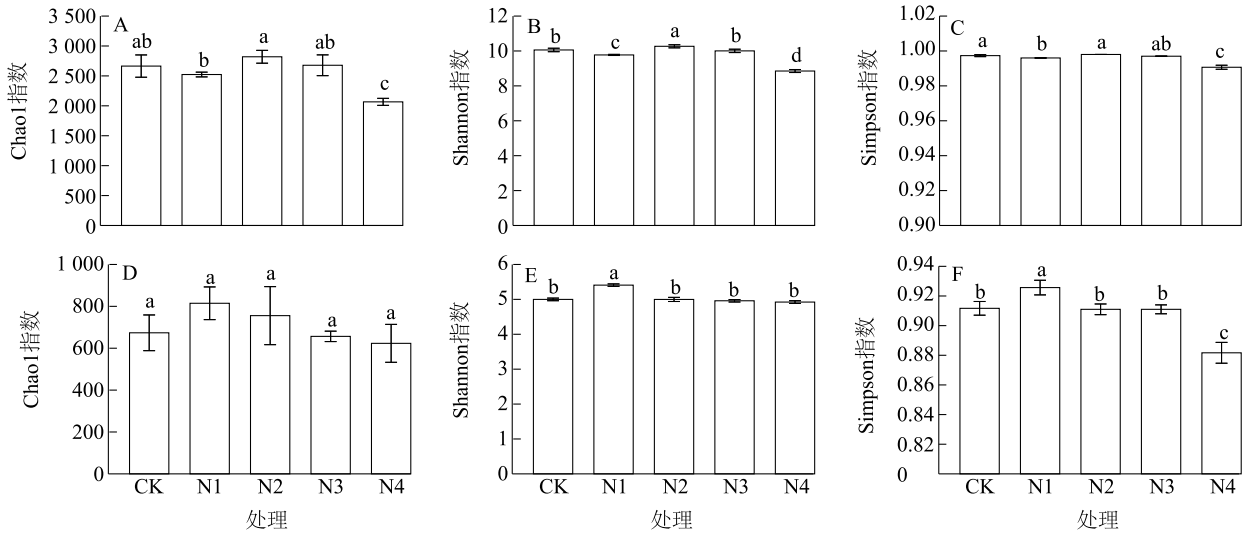
### 2.3 根际土壤微生物群落多样性的变化特征

从图 2 可知,随着施氮量的增加,土壤细菌群落 Chao1 指数、Shannon 指数、Simpson 指数均表现出先上升后下降的趋势,N2 处理的根际土壤细菌群落多样性指数最大,N4 最小。其中,与 CK 相比,N4 处

理根际土壤细菌群落 Chao1 指数显著降低 ( $P < 0.05$ );N1 处理、N4 处理 Shannon 指数、Simpson 指数均表现为显著降低 ( $P < 0.05$ )。随着施氮量的增加,根际土壤真菌群落 Chao1 指数、Shannon 指数、Simpson 指数均表现出逐渐下降的趋势,N1 处理的

根际土壤真菌群落多样性指数最大,N4 处理最小。其中,N1 处理 Shannon 指数和 Simpson 指数显著高

于其他处理 ( $P < 0.05$ ); 在 CK 和各施氮量处理间 Chao1 指数均无显著差异 ( $P > 0.05$ )。



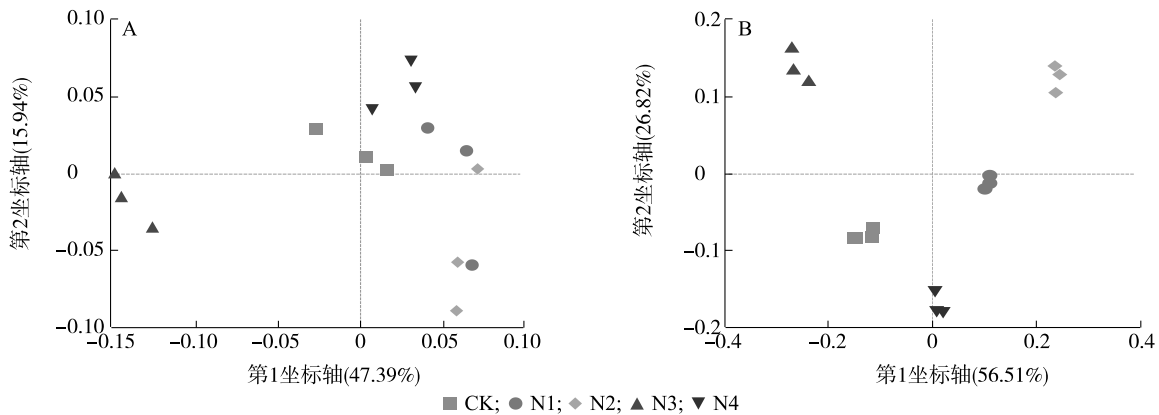
A、B、C:根际土壤细菌群落 Chao1 指数、Shannon 指数、Simpson 指数;D、E、F:根际土壤真菌群落 Chao1 指数、Shannon 指数、Simpson 指数。CK、N1、N2、N3、N4 见图 1 注。图柱上不同小写字母表示处理间差异达显著水平 ( $P < 0.05$ )。

图 2 不同施氮量对烟草根际土壤细菌群落和真菌群落多样性的影响

Fig.2 Effects of different nitrogen application rates on the diversity of bacterial and fungal communities in tobacco rhizosphere soil

如图 3 所示,基于 Bray-Curits 距离的主坐标分析(PCoA)结果表明,土壤细菌群落 CK、N1 处理、N2 处理、N4 处理间距离较近,群落结构较为相似;

而 N3 处理与其他处理间群落结构差异较大。土壤真菌群落各处理间距离较远,表明施用氮肥显著改变了土壤真菌群落的结构。



A:不同施氮量处理下烟草根际土壤细菌群落的主坐标分析;B:不同施氮量处理下烟草根际土壤真菌群落的主坐标分析。CK、N1、N2、N3、N4 见图 1 注。

图 3 不同施氮量处理下烟草根际土壤细菌群落和真菌群落的主坐标分析 (PCoA)

Fig.3 Principal coordinate analysis (PCoA) of bacterial and fungal communities in tobacco rhizosphere soil under different nitrogen application rates

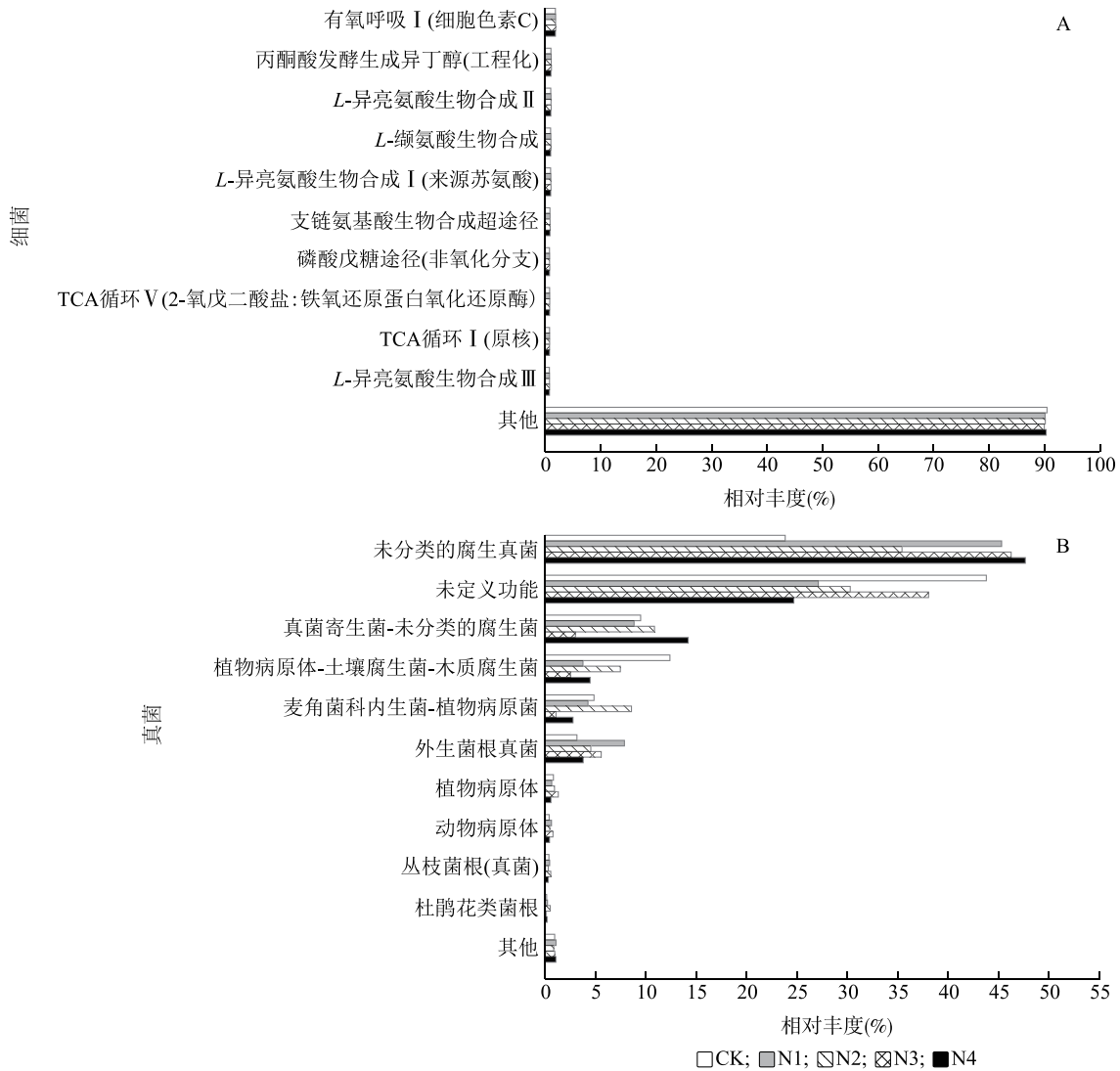
### 2.4 根际土壤微生物群落功能预测结果

从图 4A 可见,不同施氮量处理下烟草根际土壤中细菌群落的功能预测类群组成和相对丰度变

化不显著。从图 4B 可见,不同施氮量改变了根际土壤真菌群落生态功能,一共包括 9 类,主要以未分类的腐生真菌 (39.68%)、真菌寄生菌-未分类

的腐生菌(9.26%)、植物病原体-土壤腐生菌-木质腐生菌(6.10%)、麦角菌科内生菌-植物病原菌(4.29%)、外生菌根真菌(4.97%)为主,其中与CK相比,N1处理、N2处理、N3处理、N4处理的根际土壤真菌群落中未分类的腐生真菌、外生菌根真菌相对丰度均出现上升,植物病原体-土壤腐生

菌-木质腐生菌相对丰度均下降;N2处理、N4处理的根际土壤真菌群落中真菌寄生菌-未分类的腐生菌相对丰度上升,N1处理、N3处理其相对丰度出现下降;N2处理的根际土壤真菌群落中麦角菌科内生菌-植物病原菌相对丰度增加,N1处理、N3处理、N4处理其相对丰度不同程度下降。



A:不同施氮量处理下烟草根际土壤细菌功能;B:不同施氮量处理下烟草根际土壤真菌功能。CK、N1、N2、N3、N4 见图 1 注。

图 4 不同施氮量处理下烟草根际土壤细菌、真菌功能预测

Fig.4 Functional prediction of bacterial and fungal communities in tobacco rhizosphere soil under different nitrogen application rates

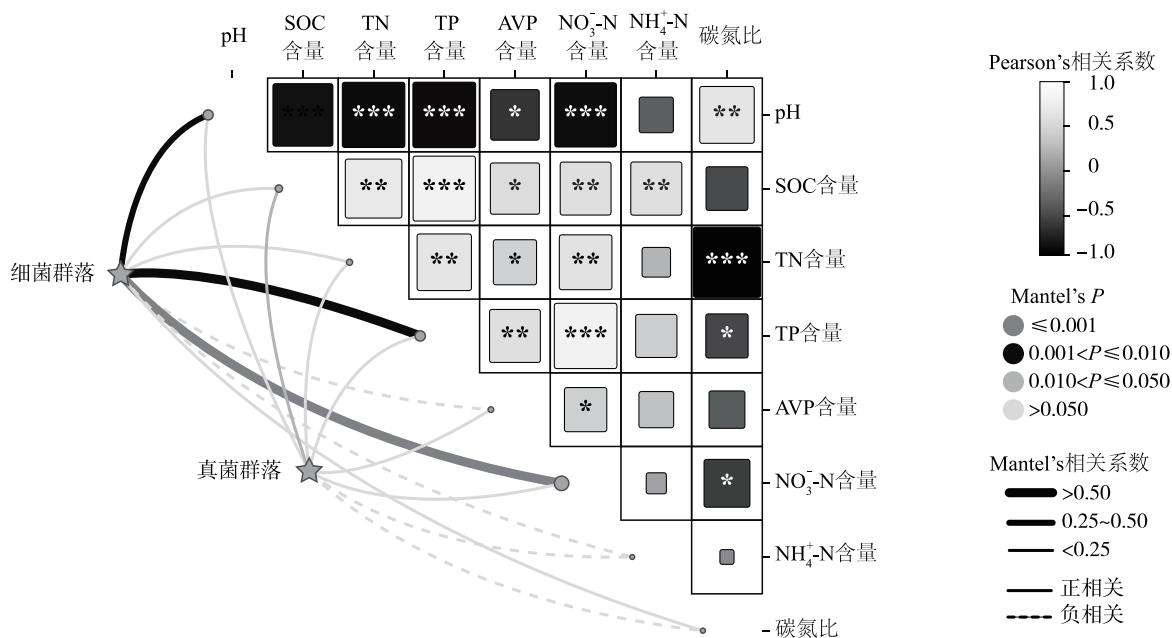
### 2.5 根际土壤理化因子与根际微生物群落的相关性分析

如图 5 所示,pH 与碳氮比呈极显著负相关( $P < 0.010$ ),与 SOC 含量、TN 含量、TP 含量、 $\text{NO}_3^-$ -N 含量呈极显著负相关( $P < 0.001$ );SOC 含量与 TN 含量、

TP 含量、AVP 含量、 $\text{NO}_3^-$ -N 含量、 $\text{NH}_4^+$ -N 含量显著正相关或极显著正相关( $P < 0.050$ 、 $P < 0.010$ 、 $P < 0.001$ ); TN 含量与 TP 含量、AVP 含量、 $\text{NO}_3^-$ -N 含量呈显著正相关或极显著正相关( $P < 0.050$ 、 $P < 0.010$ ),与碳氮比呈极显著负相关( $P < 0.001$ );TP 含量与 AVP 含量呈

显著正相关( $P < 0.050$ ),与 $\text{NO}_3^-$ -N含量呈极显著正相关( $P < 0.001$ ),与碳氮比呈显著负相关( $P < 0.050$ ); AVP含量与 $\text{NO}_3^-$ -N含量呈显著正相关( $P < 0.050$ );  $\text{NO}_3^-$ -N含量与碳氮比呈显著负相关( $P < 0.050$ )。根际

土壤细菌群落与pH、TP含量、 $\text{NO}_3^-$ -N含量呈显著正相关(Mantel's  $P$  处于 $0.001 \sim 0.010$ );根际土壤真菌群落与SOC含量呈显著正相关(Mantel's  $P$  处于 $0.010 \sim 0.050$ )。



SOC:有机碳;TN:全氮;TP:全磷;AVP:有效磷; $\text{NO}_3^-$ -N:硝态氮; $\text{NH}_4^+$ -N:铵态氮。 $P$ 表示Mantel检验结果的统计学显著性水平。黑线表示极显著相关,灰线表示显著相关,浅灰线表示无显著相关。实线表示正相关的Mantel's相关系数值,点线表示负相关的Mantel's相关系数值,相关系数越接近1或-1,说明两个矩阵之间的相关性越强。\*表示在0.050水平上显著( $P < 0.050$ ),\*\*表示在0.010水平上显著( $P < 0.010$ ),\*\*\*表示在0.001水平上显著( $P < 0.001$ )。

图5 烟草根际土壤微生物群落的影响因素

Fig.5 Factors influencing microbial communities in tobacco rhizosphere soil

### 3 讨论

#### 3.1 施氮量对烟草根际土壤理化性质的影响

科学的氮肥管理对维持土壤健康和生态平衡具有重要作用,可助力保持土壤肥力、调节土壤pH、促进土壤微生物活性等<sup>[14-18]</sup>。本研究中,随着施氮量的增加,土壤pH值降低, $\text{NH}_4^+$ -N含量和 $\text{NO}_3^-$ -N含量提升,这与前人的研究结果<sup>[9,19]</sup>一致。其机制可能在于:低氮输入会刺激烟草对氮素的吸收与生长;而高氮水平下,土壤中碱阳离子耗损加剧,同时释放更多 $\text{H}^+$ ,既推动了根际土壤酸化,也促进了有效氮(如 $\text{NH}_4^+$ -N和 $\text{NO}_3^-$ -N)的累积<sup>[20]</sup>。此外,相较于烟草种植前,本试验土壤pH均显著降低,这一方面与烟草根系分泌的柠檬酸、苹果酸等有机酸有关,这类物质可与土壤中的氢氧根离子结合,提升土壤溶液 $\text{H}^+$ 浓

度,进而降低pH;另一方面,烟草优先吸收铵态氮等阳离子的特性会导致土壤中阴离子相对富集,引发盐基离子亏缺,最终产生盐基酸度<sup>[21]</sup>。需要注意的是,过高的 $\text{NO}_3^-$ -N易随水分下渗淋溶至土壤深层,甚至进入地下水,造成养分流失<sup>[22]</sup>。而广西烟草种植区降雨较充沛,土壤中 $\text{NO}_3^-$ -N更易随雨水冲刷大量流失,这一养分损耗风险值得重点关注。

氮素的输入可刺激植株地上部分和地下部分生物量的增加<sup>[23]</sup>;同时,氮素还能缓解微生物的养分限制,提升其生长效率和残体产量,增强残体与矿物(特别是铁铝氧化物)的结合<sup>[24]</sup>,这一过程有利于土壤有机碳的转化与积累,这可能是本研究随施氮量增加有机碳含量上升的原因。Sun等<sup>[25]</sup>对水稻根际土壤的研究也发现,氮添加后根系生物量的碳输入主导了矿物结合态有机碳的增加,进而提升了土

壤有机碳含量。但相较种植烟草前,土壤有机碳含量显著下降,这可能是因为烟草生长周期相对较短,且在生长过程中对土壤养分的吸收和利用较为集中,与一些多年生的自然植被相比,其根系分泌物的量相对较少,导致输入土壤的有机碳总量有限<sup>[26]</sup>。此外,种植烟草后土壤中有效磷含量增加,这可能与氮肥的施用有关。

### 3.2 施氮量对烟草根际土壤微生物群落及多样性的影响

与对照(CK)相比,N1~N4 施氮处理下烟草根际土壤中绿弯菌门细菌的相对丰度均上升,而变形菌门、酸杆菌门细菌的相对丰度均呈下降趋势。已有研究结果<sup>[27]</sup>表明,变形菌门细菌偏好氮素丰富的环境;酸杆菌门细菌不仅具备贫营养环境的适应能力,还拥有分解难降解有机物的功能;绿弯菌门细菌则更倾向于在营养充足的环境中存活。这种微生物群落结构的差异,可能是根际微生物长期适应当地施氮条件,针对不同氮素供给水平形成的特异性应对策略。Liu 等<sup>[28]</sup>的研究结果表明,氮、磷输入引起的土壤特征变化影响了土壤微生物的活动,并导致微生物获取资源策略发生变化。不同类型的微生物对氮素的响应不同,适宜的施氮量会使一些微生物类群相对丰度发生变化,从而改变优势菌群。本研究发现,与 CK 相比,N2 处理下烟草根际土壤中 4 种优势菌属(芽单胞菌属、鞘氨醇单胞菌属、小单胞菌属、*Candidatus\_Solibacter*)细菌的相对丰度均呈上升趋势,而这些优势菌属在 N1 处理和 N3 处理下相对丰度则存在不同程度的波动。值得注意的是,高氮处理(N4)下,芽单胞菌属、鞘氨醇单胞菌属、*Candidatus\_Solibacter* 细菌的相对丰度低于 N1~N3 处理,这表明过量施氮可能降低土壤微环境的异质性<sup>[29]</sup>,进而抑制部分对氮素敏感的优势细菌类群的生长。

本研究发现,各处理烟草根际土壤中真菌主要优势菌门为子囊菌门、被孢霉门、担子菌门,与前人的研究结果<sup>[30-31]</sup>一致。与 CK 相比,N1~N4 处理均提高了子囊菌门、青霉菌属、暗梗单孢霉属等有益菌群的相对丰度,降低有害菌群镰刀菌属真菌的相对丰度。这可能是由于不同施氮量打破了真菌群落对当地常规施氮环境的长期适应,增加了有益微生物群落,降低烟草土传病害的风险,进而改善了土壤微生态平衡。与 CK 相比,N2 处理烟草根际土壤中担子菌门、原隐球菌属、绿核菌属真菌相对丰度分别提

高了 5.72%、14.38%、77.02%,这表明适当降低施氮量有利于真菌特定功能类群的富集。

本研究发现,随着施氮量增加,N1~N4 处理的土壤细菌群落多样性(Chao1 指数、Shannon 指数、Simpson 指数)呈先升后降趋势,其中 N2 处理的多样性指数最高,N4 处理最低;N1~N4 处理的土壤真菌群落多样性呈持续下降趋势,N4 处理的真菌多样性指数也是最低,且施氮显著改变了土壤微生物群落结构。这一现象的潜在机制可能包括两方面:一是过量施氮会打破土壤原有养分平衡,重构养分循环过程,降低微生物群落稳定性,最终表现为细菌多样性先升后降、真菌多样性持续下降及群落结构的显著分化<sup>[32]</sup>,这与孙煜佳等<sup>[29]</sup>的研究结论一致,即高氮处理对土壤细菌群落多样性的抑制作用显著强于中低氮处理;其二,氮素输入量增加会促进土壤硝化作用,且植物对铵态氮的吸收增强会导致根际 H<sup>+</sup> 释放量增加,进而促进土壤中铝离子活化,这类离子可能对植物和微生物产生毒害作用,最终导致群落多样性下降<sup>[23]</sup>。值得注意的是,低氮处理(N1)对土壤真菌群落多样性具有促进作用,推测原因可能是低氮量处理更有利于真菌与植物根系形成共生关系(如丛枝菌根真菌),而这种共生关系的建立与维持可提升真菌群落多样性<sup>[33]</sup>。Sun 等<sup>[33]</sup>在玉米根际土壤的研究中也证实,低水平氮输入能提高丛枝菌根真菌多样性,高水平氮输入则显著降低其孢子密度、侵染率、生物量及物种丰富度,而中等氮水平可兼顾丛枝菌根真菌多样性与植物生长需求。

综上,与 CK 相比,中等施氮处理(N2)更有利于维持烟草根际土壤微生物群落结构的稳定性并提升其多样性,这对广西烟草种植区土壤生态系统的碳循环与养分循环具有重要意义。

### 3.3 施氮量对微生物群落的影响

本研究通过 Mantel 检验发现,土壤 pH、TP 含量、NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N 含量是影响细菌群落结构与组成的关键环境因子,而 SOC 含量是显著调控真菌群落的核心因素,这一结果与 Wang 等<sup>[34]</sup>、Rousk 等<sup>[35]</sup>的研究结论一致。已有研究结果证实,细菌对土壤环境变化的响应更为敏感<sup>[36]</sup>。本研究中,不同施氮量通过改变土壤 pH 值、养分含量(如 TP 含量、NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N 含量)等关键因子,直接影响细菌的生长、繁殖及代谢过程,进而驱动细菌群落组成与结构发生改变。相比之下,真菌具有较长的生命周期和较低的群落周转率,对土壤环境变

化的适应性相对更强<sup>[37]</sup>,这与本研究中真菌群落仅受 SOC 含量显著影响的结果相吻合。此外,Wang 等<sup>[38]</sup>研究指出,真菌群落的构建过程主要受植物根系特征调控,而非土壤养分因子,根系分泌物可作为真菌生长所需的碳源与能量来源,同时还能通过化学信号调控真菌的生长繁殖。基于此,本研究推测,在不同施氮水平下,真菌可能通过与植物根系或其他微生物建立相互作用(如共生、协同代谢),从而适应土壤环境的变化。

## 4 结论

本研究系统探究了不同施氮量对云烟 116 根际土壤理化性质、微生物群落结构及其功能特征的影响。结果表明,随着施氮量增加,土壤 pH 值降低,而土壤养分含量呈逐步上升趋势;与当地常规施氮量处理(135 kg/hm<sup>2</sup>,CK)相比,适当减施氮肥至 120 kg/hm<sup>2</sup>(N2 处理)可显著提升根际土壤细菌群落多样性,同时促进有益微生物类群富集,抑制有害微生物群落繁殖,而过量增施氮肥至 165 kg/hm<sup>2</sup>(N4 处理)则导致土壤微生物群落多样性下降,优势微生物类群的富集效应减弱。综上所述,在当地常规施氮量基础上适当减施氮肥,更有利于优化烟草根际土壤养分循环效率、维持土壤微生物环境稳定性及提升土壤健康水平。本研究结果为广西壮族自治区河池种植烟草地区的科学施肥管理提供了理论依据与实践指导。

### 参考文献:

- [1] 田震,张灿,孙晋浩,等.酒糟有机肥施用对植烟土壤养分和真菌群落结构的影响[J].土壤,2024,56(3):533-539.
- [2] 邢云霞,刘世亮,刘芳,等.施氮量对豫中烟区植烟土壤无机氮含量和氮素吸收的调控[J].水土保持学报,2015,29(5):266-272.
- [3] 邢云霞,刘世亮,朱金峰,等.施氮调控豫中烟区烤烟品质及经济效益研究[J].干旱地区农业研究,2017,35(6):201-208.
- [4] 王红丽,杨惠娟,苏菲,等.氮用量对烤烟成熟期叶片碳氮代谢及蒴类代谢相关基因表达的影响[J].中国烟草学报,2014,20(5):116-120.
- [5] 周健飞,武云杰,薛刚,等.南阳烟区施氮量对烤烟品种 GS 同工酶及氮代谢指标的影响[J].中国农业科技导报,2018,20(11):44-53.
- [6] 曹加园,蔡宪杰,邓涛,等.宣威烟区 3 个烤烟品种适宜施氮量研究[J].中国农学通报,2023,39(18):43-51.
- [7] HARTMANN M, SIX J. Soil structure and microbiome functions in agroecosystems[J]. Nature Reviews Earth & Environment, 2023, 4:4-18.
- [8] 葛生珍,罗力,牛静,等.不同施氮量对土壤理化性质及微生物的影响[J].中国农学通报,2013,29(36):167-171.
- [9] GU Y Z, CHEN X L, SHEN Y, et al. The response of nutrient cycle, microbial community abundance and metabolic function to nitrogen fertilizer in rhizosphere soil of *Phellodendron chinense* Schneid seedlings[J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 14:1302775.
- [10] LI R C, REN C Y, WU L K, et al. Fertilizing-induced alterations of microbial functional profiles in soil nitrogen cycling closely associate with crop yield[J]. Environmental Research, 2023, 231:116194.
- [11] 周喜新,袁世林,杨柳,等.连作烟草根系分泌物鉴定及潜在化感物质的筛选研究[J].中国农业科技导报,2024,26(7):136-146.
- [12] SCHANDRY N, BECKER C. Allelopathic plants: models for studying plant-interkingdom interactions[J]. Trends in Plant Science, 2020, 25(2):176-185.
- [13] 鲍士旦.土壤农化分析[M].3版.北京:中国农业出版社,2000.
- [14] 王政,韩家宝,农尚健,等.施氮量对烤烟根际土壤理化性质及细菌群落的影响[J].南方农业学报,2025,56(4):1089-1100.
- [15] 刘春铄,方晶,刘蕊,等.不同施氮水平对栽培人参皂苷含量及根际土壤的影响[J].江苏农业科学,2025,53(7):160-171.
- [16] 杨铭,王红军,贾利元.轮耕方式与生物炭还田对土壤碳氮组分及小麦产量的影响[J].江苏农业科学,2024,52(17):246-252.
- [17] 李宏城,高正峰,李先伟,等.有机肥替代氮肥对烟草青枯病发生及土壤微生物群落的影响[J].江苏农业科学,2024,52(18):261-269.
- [18] 刘东明,郭宇轩,童晨晓,等.烟秆炭基肥对植烟土壤氮组分及微生物群落结构的影响[J].南方农业学报,2024,55(4):932-941.
- [19] XU A X, LI L L, XIE J H, et al. Changes in ammonia-oxidizing *Archaea* and bacterial communities and soil nitrogen dynamics in response to long-term nitrogen fertilization[J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2022, 19(5):2732.
- [20] TIAN D S, NIU S L. A global analysis of soil acidification caused by nitrogen addition[J]. Environmental Research Letters, 2015, 10(2):24019.
- [21] 查宇璇,冉茂,周鑫斌.烟田土壤酸化原因及调控技术研究进展[J].土壤,2022,54(2):211-218.
- [22] LI K X, LIN H M, HAN M, et al. Soil metagenomics reveals the effect of nitrogen on soil microbial communities and nitrogen-cycle functional genes in the rhizosphere of *Panax ginseng*[J]. Frontiers in Plant Science, 2024, 15:1411073.
- [23] YANG Y, CHEN X L, LIU L X, et al. Nitrogen fertilization weakens the linkage between soil carbon and microbial diversity: a global meta-

- analysis[J]. *Global Change Biology*,2022,28(21):6446-6461.
- [24] LING J, DUNGAIT J A J, DELGADO-BAQUERIZO M, et al. Soil organic carbon thresholds control fertilizer effects on carbon accrual in croplands worldwide [J]. *Nature Communications*, 2025,16(1):3009.
- [25] SUN T, MAO X L, HAN K F, et al. Nitrogen addition increased soil particulate organic carbon via plant carbon input whereas reduced mineral-associated organic carbon through attenuating mineral protection in agroecosystem [J]. *Science of the Total Environment*,2023,899:165705.
- [26] 雷燕萍. 烟稻轮作区不同耕作方式土壤微生物多样性的研究 [D]. 南京:南京农业大学,2016.
- [27] 张小莉,李宙文,罗夏燕,等. 配施微生物菌剂对烤烟根际土壤微生物群落多样性的影响[J]. *西南农业学报*,2025,38(4):1-15.
- [28] LIU M H, GAN B P, LI Q, et al. Effects of nitrogen and phosphorus addition on soil extracellular enzyme activity and stoichiometry in Chinese fir (*Cunninghamia lanceolata*) forests [J]. *Frontiers in Plant Science*,2022,13:834184.
- [29] 孙煜佳,陆梅,赵旭燕,等. 纳帕海高寒退化草甸土壤细菌群落结构对氮添加的响应[J]. *生态环境学报*,2025,34(2):233-246.
- [30] 胡骞予,赵娅红,吕怡颖,等. 生物炭不同施用量对烟草根际土壤真菌群落结构的影响[J]. *西南农业学报*,2023,36(10):2254-2260.
- [31] 李正风,钟莉,朱杰,等. 云南烟草根际土壤真菌群落演替特征[J]. *西南农业学报*,2020,33(7):1545-1553.
- [32] 刘红梅,张海芳,皇甫超河,等. 长期氮添加对贝加尔针茅草原土壤微生物群落多样性的影响[J]. *农业环境科学学报*,2017,36(4):709-717.
- [33] SUN J N, ZHAO J, HUO J S, et al. The balance between arbuscular mycorrhizal fungal diversity and plant growth benefits from optimizing nitrogen inputs in agroecosystems [J]. *Applied Soil Ecology*,2023,187:104834.
- [34] WANG X D, FENG J G, AO G, 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.
- [35] ROUSK J, BÅÅTH E, BROOKES P C, et al. Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil [J]. *The ISME Journal*,2010,4(10):1340-1351.
- [36] HUANG R L, CROWTHER T W, SUI Y Y, et al. High stability and metabolic capacity of bacterial community promote the rapid reduction of easily decomposing carbon in soil [J]. *Communications Biology*,2021,4(1):1376.
- [37] WU C X, YAN B S, WEI F R, et al. Long-term application of nitrogen and phosphorus fertilizers changes the process of community construction by affecting keystone species of crop rhizosphere microorganisms [J]. *Science of the Total Environment*, 2023, 897: 165239.
- [38] WANG J, LIAO L R, WANG G L, et al. N-induced root exudates mediate the rhizosphere fungal assembly and affect species coexistence [J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 804: 150148.

(责任编辑:黄克玲)