



农业资源与环境学报

CSCD 核心期刊
中文核心期刊
中国科技核心期刊

JOURNAL OF AGRICULTURAL RESOURCES AND ENVIRONMENT

欢迎投稿 <http://www.aed.org.cn>

深松和秸秆还田对灌耕灰钙土土壤细菌多样性和群落结构的影响

温美娟, 杨思存, 王成宝, 霍琳

引用本文:

温美娟, 杨思存, 王成宝, 霍琳. 深松和秸秆还田对灌耕灰钙土土壤细菌多样性和群落结构的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2023, 40(2): 423–433.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.13254/j.jare.2022.0209>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

玉米秸秆还田量对砂姜黑土酶活性、微生物生物量及细菌群落的影响

刘高远, 和爱玲, 杜君, 杨占平, 潘秀燕, 许纪东, 郑念, 张玉亭

农业资源与环境学报. 2022, 39(5): 1033–1040 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2021.0527>

施氮量对番茄根际土壤细菌群落及氮转化功能的影响

杨祺, 李洁, 李刚, 吴梦莉, 赖欣, 居学海, 张贵龙

农业资源与环境学报. 2023, 40(2): 403–411 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2022.0207>

西北半干旱荒漠草原与耕地土壤可培养微生物多样性及分布特征比较

李彦林, 陈吉祥, 周永涛, 杨智, 王永刚, 张继义, 岳靓

农业资源与环境学报. 2016, 33(3): 244–252 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2015.0257>

硒对油菜根际土壤微生物的影响

程勤, 胡承孝, 明佳佳, 蔡苗苗, 刘康, 汤艳妮, 赵小虎

农业资源与环境学报. 2021, 38(1): 104–110 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0061>

减肥条件下生物质炭施用对水稻田土壤细菌多样性的影响

陈重军, 凌学林, 邢龙, 冯健, 吴羽希, 范静, 孙远博, 廖方新

农业资源与环境学报. 2021, 38(3): 385–392 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0327>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

温美娟, 杨思存, 王成宝, 等. 深松和秸秆还田对灌耕灰钙土土壤细菌多样性和群落结构的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2023, 40(2): 423–433.
WEN M J, YANG S C, WANG C B, et al. Effects of subsoiling and the return of straw on soil bacterial diversity and community structure in an irrigated sierozem farmland[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2023, 40(2): 423–433.

深松和秸秆还田对灌耕灰钙土土壤细菌多样性和群落结构的影响

温美娟, 杨思存*, 王成宝, 霍琳

(甘肃省农业科学院土壤肥料与节水农业研究所, 兰州 730070)

摘要:为探究深松和秸秆还田对土壤细菌多样性和群落结构的影响,于2015—2020年在甘肃引黄灌区灰钙土上开展田间试验,研究旋耕(RT)、深松(ST)和深松秸秆还田(STS)对0~20 cm土层土壤理化性状和细菌群落的影响。结果表明,与RT和ST相比,STS显著提高了土壤肥力、细菌OTU数目和 α 多样性,土壤细菌群落存在显著分异。土壤pH、有机碳(SOC)、土壤含水量(SWC)、阳离子交换量(CEC)、全氮(TN)、碱解氮(AHN)与细菌 α 多样性具有显著或极显著的相关性。土壤优势菌门为变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi),与RT和ST相比,STS处理变形菌门和拟杆菌门相对丰度显著增加2.72~10.40个百分点,酸杆菌门相对丰度显著降低6.98~11.10个百分点。优势菌属为芽孢杆菌属(*Bacillus*)、酸杆菌属(*Acidibacter*)、假节杆菌属(*Pseudarthrobacter*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、小梨菌属(*Pirell*),与RT和ST相比,STS处理下芽孢杆菌属、酸杆菌属、假节杆菌属、黄杆菌属相对丰度显著增加0.52~4.13个百分点。土壤pH、SWC及SOC、TN含量与拟杆菌门相对丰度呈显著正相关($P<0.05$),SOC、TN、AHN含量及CEC与芽孢杆菌属、酸杆菌属、假节杆菌属相对丰度呈显著正相关($P<0.05$)。冗余分析结果表明,土壤SOC、pH、SWC、CEC和速效钾(AK)是影响灰钙土土壤细菌群落变异的主要环境因素。PICRUSt功能预测结果表明,新陈代谢为灰钙土细菌群落主要的一级功能。综上,深松秸秆还田可提高灰钙土土壤肥力和细菌多样性,改善农田土壤微环境。

关键词:深松;秸秆还田;细菌多样性;细菌群落结构;冗余分析

中图分类号:S154.3

文献标志码:A

文章编号:2095-6819(2023)02-0423-11

doi: 10.13254/j.jare.2022.0209

Effects of subsoiling and the return of straw on soil bacterial diversity and community structure in an irrigated sierozem farmland

WEN Meijuan, YANG Sicun*, WANG Chengbao, HUO Lin

(Institute of Soil Fertilizer and Water-saving Agriculture, Gansu Academy of Agriculture Sciences, Lanzhou 730070, China)

Abstract: A field experiment was conducted to study the effect of 35 cm subsoiling with the return of maize straw (STS), 35 cm subsoiling (ST), and conventional rotary tillage (RT) on the soil properties, soil bacterial diversity, and the community structure at a depth of 0–20 cm on irrigated sierozem in the Gansu Yellow River irrigated area in 2015–2020. Results showed that, compared with RT and ST, STS could promote soil fertility, increase bacterial OTU numbers and the bacterial Alpha diversity. The distribution characteristics of the soil bacterial communities were significantly different. The soil pH, organic carbon (SOC), water content (SWC), cation exchange capacity (CEC), total nitrogen (TN), and alkali-hydrolyzable nitrogen (AHN) had significant or extremely significant correlations with bacterial α -diversity. Proteobacteria, Acidobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria and Chloroflexi were the dominant bacterial abundant in soil under different treatments at the phyla level, compared with ST and RT. STS could significantly increase the relative abundance of Proteobacteria and

收稿日期:2022-04-18 录用日期:2022-06-01

作者简介:温美娟(1988—),女,甘肃天水人,助理研究员,主要从事土壤耕作与土壤环境的研究。E-mail:wen_mj@126.com

*通信作者:杨思存 E-mail:yangsicun@sina.com

基金项目:甘肃省青年科技基金计划(21JR7RA724);农业部公益性行业(农业)科研专项(201503117);甘肃省农业科学院科技创新专项(2021GAAS40)

Project supported: Gansu Youth Science and Technology Fund Plan(21JR7RA724); Special Research Project of Public Welfare Industry (Agriculture) of the Ministry of Agriculture (201503117); The Special Science and Technology Innovation Project of Gansu Academy of Agricultural Sciences (2021GAAS40)

Acidobacteria by 2.72–10.40 percentage points, and reduce the relative abundance of Acidobacteria by 6.98–11.10 percentage points. *Bacillus*, *Acidibacter*, *Pseudarthrobacter*, *Flavobacterium*, and *Pirell* were the dominant bacterial abundant in soil under different treatments at the genus level, compared with ST and RT. STS could significantly increase the relative abundance of *Bacillus*, *Acidibacter*, *Pseudarthrobacter*, and *Flavobacterium* by 0.52–4.13 percentage points. There were significantly positive relations between pH, SWC, SOC, and TN with the relative abundance of Bacteroidetes. There were also significantly positive relations between the SOC, CEC, TN, and AHN with the relative abundance of *Bacillus*, *Acidibacter*, and *Pseudarthrobacter*. Redundancy analysis showed that the SOC, pH, SWC, CEC, and available potassium (AK) were the main environmental factors affecting the structure of the soil bacterial community. The PICRUST functional prediction results showed that the metabolism is the main primary function of the bacterial community in irrigated sierozem. In conclusion, subsoiling with the return of maize straw is the best measure to improve the soil fertility, bacterial diversity and improve the microenvironment of farmland.

Keywords: subsoiling; return of straw; bacterial diversity; bacterial community structure; redundancy analysis

土壤微生物是农业生态系统的重要组成部分,参与有机物质矿化和养分循环,能促进作物养分吸收利用,影响地上部植物生产力的高低^[1],与土壤肥力的演变以及营养元素的转化有密切关系^[2]。土壤微生物多样性和群落结构对外界环境的变化非常敏感,易受到土壤 pH 值和土壤养分等理化性质的影响^[3],可反映土壤质量和健康状况,是评价土壤质量和健康状况的重要指标之一。土壤耕作和秸秆还田是农业生产活动中重要的增产和培肥措施,能改变土壤微环境,影响土壤微生物群落结构和功能^[4–5]。探究耕作和秸秆还田措施下土壤微生物群落变化特征,对构建良好的微生态环境、提高土壤肥力具有重要意义。

耕作会扰乱土壤环境,直接伤害土壤微生物,影响土壤生态系统内土壤生物种群,改变优势种分布和群落多样性^[6]。微生物种群对不同耕作措施的响应程度不同,随耕作强度的降低,土壤微生物群落的丰富度和多样性增加^[7]。传统耕作如翻耕、旋耕的土壤扰动较大,破坏了土壤结构,影响了土壤水肥气热协调,降低了土壤有机质含量,导致微生物丰富度和多样性降低^[8]。以深松和作物残茬覆盖还田为主的保护性耕作措施耕作强度低,对土壤扰动小,相对于传统耕作,形成了不同的土壤微生物群落结构、多样性和丰富度^[9]。李彤等^[10]研究发现,在旱作区深松能影响土壤微生物群落丰富度和空间分布,郝雅星等^[11]研究发现,深松有利于提高表层土壤微生物丰富度,增加微生物数量,但也有研究指出深松会使耕层土壤更加紧实,改变原来稳定耕层结构和微环境,长期单一深松会加剧水分蒸发,影响植物根系生长和土壤养分周转,降低微生物丰富度和多样性^[12]。秸秆中富含丰富的有机碳及营养元素,在不同土壤类型和气候条件下,土壤微生物对秸秆还田的响应不同。短期秸秆还

田可提高表层土壤微生物量和微生物多样性^[13],增加低肥力区土壤生物多样性并提高土壤生态功能^[14],但在干旱区长期单一秸秆还田会加剧水分分布不均,降低秸秆腐解率,而秸秆还田配合深松能改善土壤团聚性状、降低土壤容重、增加土壤水分^[15],改变土壤微域环境,进而影响土壤微生物特征。

甘肃引黄灌区是甘肃省重要的商品粮生产基地,土壤以灰钙土为主,表现为薄、沙、黏,有机质含量低,且面临盐碱化导致的作物生长受阻和微生物活性下降等问题。土壤细菌占微生物总量的 70%~80%,其在有机循环利用和矿物元素分解中有不可或缺的作用^[16]。农作措施改变了土壤理化性状,影响了土壤细菌群落多样性和结构组成。然而,以往研究主要集中在不同耕作和秸秆还田方式对土壤物理性状^[15]、有机碳^[17]等的影响,而耕作和还田处理对土壤微生物学特性的影响,尤其是深松秸秆还田对土壤细菌多样性、群落结构的影响仍不清楚。因此,本研究应用 16S rRNA 基因测序技术从微生物角度研究耕作和秸秆还田对甘肃引黄灌区灌耕灰钙土土壤细菌多样性和群落结构的影响,为深松秸秆还田技术的应用推广以及农田生态系统多样性和土壤生产力的提高提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验于 2015—2020 年在甘肃省农业科学院白银沿黄灌区农业试验站实施,试验站地处甘肃省靖远县北滩镇景滩村(37°05′N, 104°40′E),位于旱地向荒地、牧地的过渡线以北,属黄土丘陵沟壑干旱区,海拔 1 645 m,年均降雨量 259 mm,年蒸发量 2 369 mm,年均气温 6.6℃,灌溉条件良好。试验地土壤类型为灰钙土,质地为中壤,成土母质为洪积黄土。2015 年试验实

施前耕层土壤(0~20 cm)基本理化性质:pH 8.5,有机质 $12.2 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,全氮 $0.85 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,碱解氮 $48.4 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,有效磷 $12.3 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,速效钾 $172 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,容重 $1.43 \text{ g} \cdot \text{cm}^{-3}$,土壤紧实度 1593 kPa 。

1.2 试验设计

试验于2015年10月实施,设旋耕(RT)、深松(ST)和深松秸秆还田(STS)处理,每个处理重复3次,共9个小区,小区面积 321.75 m^2 (宽9.9 m,长32.5 m),采用随机区组试验设计。耕作处理如下:①旋耕处理,玉米机械收获后除根茬外秸秆全部移除,采用东方红1GON-125型旋耕机旋耕整地,耕作深度15 cm;②深松处理,玉米机械收获后除根茬外秸秆全部移除,采用ISQ-340型全方位深松机深松,深度35 cm,间隔深松整地,宽度15 cm;③深松秸秆还田处理,玉米收获后秸秆全量翻耕(兰驼1LF翻转犁)入土,采ISQ-340型全方位深松机深松,深度35 cm,间隔深松整地,宽度15 cm。

试验田单作春玉米,采用当地生产栽培条件下已经成熟的灌溉施肥制度,氮肥用尿素(含N 46%),磷肥用磷二铵(含N 18%、 P_2O_5 46%),施肥量为氮肥(N) $375.0 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 、磷肥(P_2O_5) $150.0 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$,40%的氮肥和全部磷肥作为基肥,于播种前结合整地施入耕层,剩余60%氮肥于玉米拔节期结合灌水追施。试验地全年灌水5次,灌溉定额 $6750 \text{ m}^3 \cdot \text{hm}^{-2}$,灌水分配比例为出苗-拔节期13%、拔节-抽雄期22%、抽雄-乳熟期25%、乳熟-成熟期20%、冬灌期20%。

1.3 土壤样品的采集与分析

2020年玉米收获后每个小区采用梅花布点法采集0~20 cm耕层土壤样品,每个土样代表各小区5个采样点的混合样,共9个土样。剔除残枝、根系、杂草、石砾等杂物后过2 mm筛子,一部分装入无菌塑封袋-80℃保存,用于测定土壤细菌群落,一部分土壤样品风干用于测定土壤理化性质。土壤理化性状测定方法参照《土壤农化分析》标准方法^[18]:pH采用电位计法(水土比2.5:1)测定;土壤含水量(SWC)采用烘干法测定;阳离子交换量(CEC)采用氯化铵-醋酸铵浸提法测定;土壤有机碳(SOC)采用水合热重铬酸钾氧化法测定;碱解氮(AHN)采用碱解扩散法测定;有效磷(AP)采用碳酸氢钠提取-钼锑抗比色法测定;速效钾(AK)采用乙酸铵浸提-火焰光度法测定。

1.4 土壤DNA提取及测序数据分析

土壤DNA使用MoBio PowerSoil®DNA(MoBio Laboratories,美国)进行提取,提取过程参照说明书。使

用Nanodrop 2000分光光度计(Thermo Fisher Scientific,美国)测定各个重复土壤样品中基因组DNA的浓度和纯度。用1%琼脂糖凝胶电泳检测DNA质量,检测合格后,构建文库。采用引物338F(5'-ACTCC-TACGGGAGGCAGCA-3')和806R(5'-GGACTACH-VGGGTWTCTAAT-3')对细菌DNA的16S rRNA(具有条形码的480 bp)的V4~V5区段进行PCR扩增。PCR反应体系参见说明书。高通量测序文库的构建基于Illumina HiSeq测序平台。土壤微生物DNA的提取和土壤细菌测序委托南京集思慧远生物科技有限公司完成。测序完成后,对有效序列进行质控、拼接和去杂等处理,9个样品共得到550806(49352~72833)条高质量序列,平均长度415 bp,用于分析细菌群落。基于97%的相似水平,使用UPARSE软件对操作分类单元(Operational Taxonomic Unit, OTU)进行聚类^[19]。根据Silva数据库,对每个OTU抽平后进行物种注释和分类^[20]。基于OTUs聚类注释结果利用Mouthur软件计算Shannon指数、Simpson指数、ACE指数及Chao1指数,用于评价细菌 α 多样性。以上过程均委托南京集思慧远生物科技有限公司完成。

1.5 数据分析

使用Excel 2007软件进行数据整理,采用SPSS 11.5软件中的双因素方差分析法(Two-way ANOVA)对处理间各指标的平均值进行差异显著性检验(LSD法, $\alpha=0.05$);采用皮尔森(Pearson)相关性分析表征土壤理化性状与细菌 α 多样性及细菌群落结构的相关性;应用Origin 2021软件绘图;用PICRUST软件对生态样本中的微生物群落进行功能预测分析;用Cano-co 5.0软件对土壤理化性状和细菌群落进行冗余分析(Redundancy Analysis, RDA)。

2 结果与分析

2.1 不同耕作处理对土壤养分含量的影响

不同耕作和秸秆还田方式对0~20 cm土层土壤理化性状的影响如表1所示。STS较RT土壤含水量显著增加7.01%,但与ST差异不显著。pH变化范围为8.23~8.51,STS较RT土壤pH显著降低3.29%。阳离子交换量表现为STS>ST>RT,STS和RT处理差异达到显著水平($P<0.05$)。STS较RT、ST土壤有机碳显著增加26.98%、14.37%,全氮显著增加12.50%、16.33%,碱解氮显著增加43.78%、9.75%,有效磷显著增加4.46%、2.66%,速效钾显著增加21.07%和15.13%。此外,RT与ST土壤有机碳、全氮、有效磷和

表1 不同处理对土壤理化性质的影响

Table 1 Effects of different treatments on soil physicochemical properties

处理 Treatment	含水量 Soil water content/%	阳离子交换量 Cation exchange capacity/(cmol·kg ⁻¹)	pH	有机碳 Organic carbon/ (g·kg ⁻¹)	全氮 Total nitrogen/ (g·kg ⁻¹)	碱解氮 Alkali-hydrolyzable nitrogen/(mg·kg ⁻¹)	有效磷 Available phosphorus/ (mg·kg ⁻¹)	速效钾 Available potassium/ (mg·kg ⁻¹)
RT	17.27±3.03b	9.07±1.65b	8.51±0.26a	10.97±0.57b	1.52±0.10b	50.02±1.41c	13.67±0.12b	162.30±1.69b
ST	17.78±3.55ab	10.83±1.58a	8.44±0.10ab	12.18±0.34b	1.47±0.15b	65.53±4.80b	13.91±0.52b	170.67±4.69b
STS	18.48±2.98a	11.57±1.45a	8.23±0.15b	13.93±0.35a	1.71±0.10a	71.92±2.12a	14.28±0.44a	196.50±6.13a

注:RT:旋耕;ST:深松;STS:深松秸秆还田。同列不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。下同。

Note: RT: Rotary tillage; ST: Subsoil tillage; STS: Subsoil tillage with straw return. Different small letters in the same column mean significant difference at 0.05 level among treatments ($P<0.05$). The same below.

速效钾含量差异不显著,ST碱解氮含量较RT显著增加31.00%。

2.2 不同耕作处理土壤细菌 OTU 分布特征

通过对有效序列进行质控、拼接和优化,在97%的相似度下,得到了每个样品的 OTU 数,利用维恩(Venn)图可以展示多样品共有和各自特有 OTU 数,直观展示样品间 OTU 的重叠情况,如图1所示。9个样本共获得542个细菌 OTU,STS、ST和RT共有的 OTU 数为190个,占 OTU 总数的35.06%,特有的 OTU

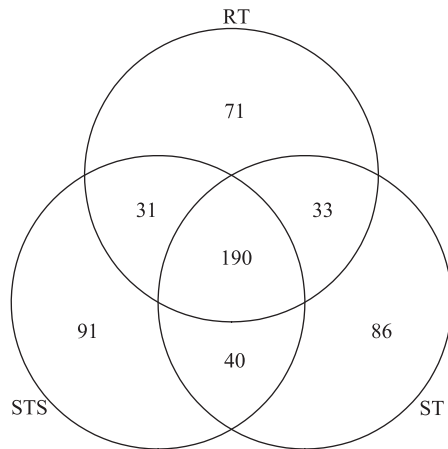
数分别为352、349和325个,分别占 OTU 总数的64.94%、64.39%和59.96%,RT和ST共有的 OTU 数为223个,ST和STS共有的 OTU 数为230个,RT和STS共有的 OTU 数为221个。上述结果表明,STS、ST和RT处理土壤细菌多样性存在差异且都有各自独有的 OTU。

2.3 不同耕作处理对土壤细菌群落 α 多样性的影响

土壤细菌 α 多样性结果(表2)表明,STS处理细菌丰富度 ACE 指数和 Chao1 指数显著高于 RT,ST和RT差异不显著,STS处理细菌多样性 Shannon 指数显著高于 RT和ST,RT和ST处理的 Simpson 指数显著高于 STS,RT和ST处理的 Simpson 指数差异不显著,说明添加秸秆可显著影响土壤细菌丰富度与多样性。文库覆盖率代表测序深度,从表2可看出各处理的文库覆盖率均在99%以上,说明样品中的序列绝大多数被测出。

2.4 土壤理化性质与土壤细菌 α 多样性的关系

由图2 Pearson 相关性分析结果可知,细菌丰富度 Chao1 指数与土壤 pH、CEC 显著负相关($P<0.05$),与 SWC 极显著正相关($P<0.01$),与 SOC 和 TN 显著正相关($P<0.05$);ACE 指数与 SWC、SOC、AHN 显著正相关($P<0.05$),与 CEC 显著负相关($P<0.05$)。细菌多样性 Shannon 指数与 CEC 显著负相关($P<0.05$),与 SOC 极显著正相关($P<0.01$),与 TN、AHN 显著正相关($P<0.05$),Simpson 指数与 SWC、SOC、TN、AHN 显著或极显著负相关,与 CEC 显著正相关。



Venn 图形之间交叠部分数字为两个组别之间共有的 OTU 数。
In the Venn plots the numbers in the overlapping areas of the circles
represent the number of OTUs repeated for several samples.

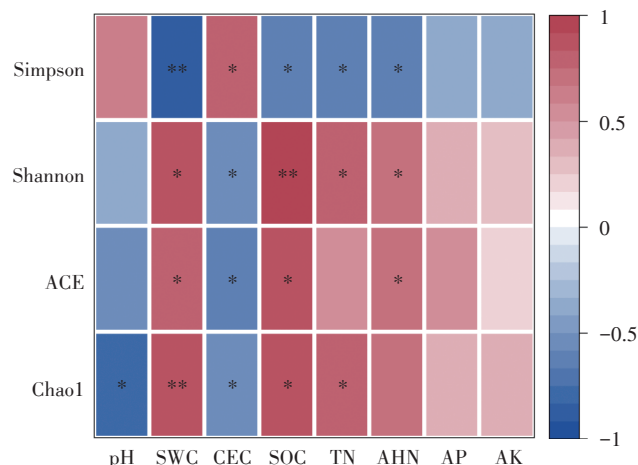
图1 不同处理土壤细菌 OTU 分布 Venn 图

Figure 1 OTU-Venn graph of bacterial community under
different treatment

表2 不同处理对细菌群落 α 多样性的影响

Table 2 Effects of different treatments on soil bacterial α-diversity

处理 Treatment	Chao1 指数 Chao1 index	ACE 指数 ACE index	香农指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index	文库覆盖率 Goods_coverage/%
RT	707±5.15b	1 039.07±16.82b	7.30±0.06c	0.985±0.001a	99.8±0.001a
ST	718±4.56ab	1 348.43±7.00b	7.66±0.16b	0.980±0.004a	99.8±0.001a
STS	723±4.52a	1 579.82±7.02a	7.844±0.07a	0.966±0.001b	99.8±0.001a



SOC:土壤有机碳;AHN:碱解氮;SWC:土壤含水量;TN:全氮;AP:有效磷;AK:速效钾;CEC:阳离子交换量;* $P<0.05$,** $P<0.01$ 。下同。
SOC: Soil organic carbon; AHN: Alkali-hydrolyzable nitrogen; SWC: Soil water content; TN: Total nitrogen; AP: Available phosphorus; AK: Available potassium. * $P<0.05$, ** $P<0.01$. The same below.

图2 土壤细菌 α 多样性与土壤理化性质的相关关系

Figure 2 Correlation relationship between bacterial diversity and soil physicochemical properties

2.5 不同耕作处理土壤细菌群落 β 多样性

在OTU水平对样本的细菌群落结构进行主成分分析(PCA),结果如图3a所示,PC1轴和PC2轴对本组成差异的贡献率分别为39.0%和13.7%。相同处理的土壤细菌群落聚集,不同处理细菌群落分布在不同象限,说明不同处理的细菌群落存在差异。从聚类分析结果(图3b)可看出,ST和RT处理聚为一类,说明RT和ST处理细菌群落结构较为相似,STS单独聚为一类,说明深松配合秸秆还田能改变土壤细菌群落结构。

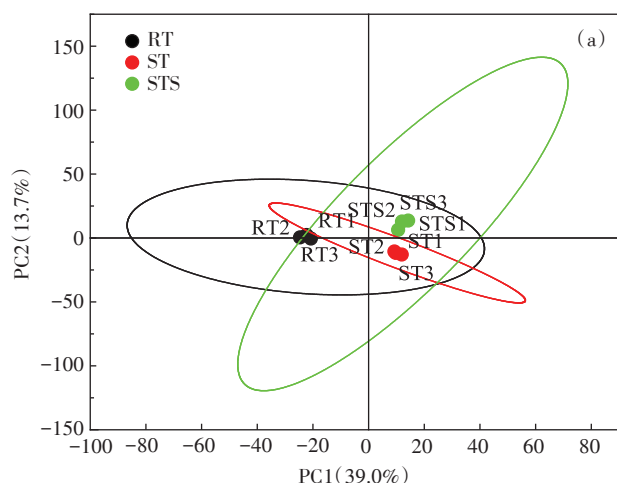


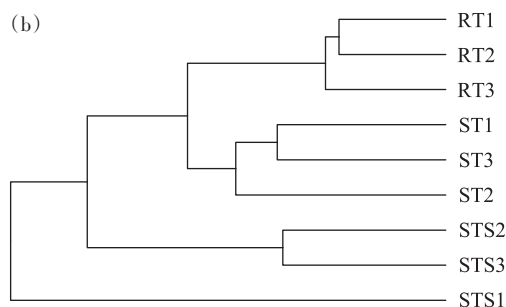
图3 土壤细菌群落结构主成分分析(a)和聚类分析(b)

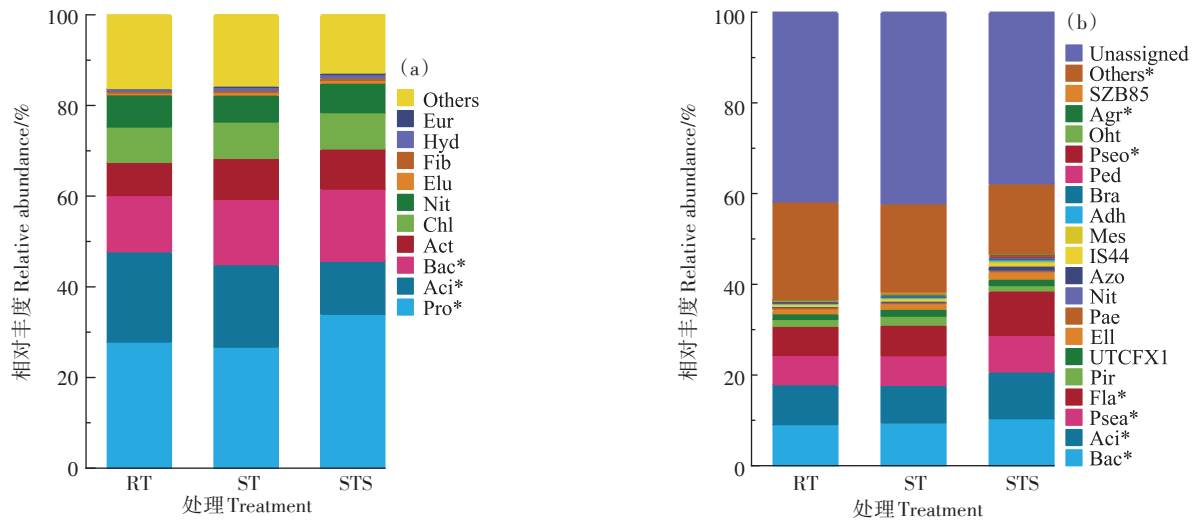
Figure 3 Principal component(a) and clustering(b) analysis of soil bacterial community structure

2.6 不同耕作处理对土壤细菌分类学群落组成的影响

土壤细菌群落OTUs在门水平分析结果如图4a所示,门水平的群落结构在各处理基本相似,相对丰度>5%的细菌门为优势菌门,包括变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi),相对丰度分别为29.33%(26.68%~32.06%)、15.71%(11.82%~19.59%)、14.07%(13.08%~15.07%)、8.37%(7.69%~9.05%)和6.80%(5.95%~7.02%)。硝化螺旋菌门(Nitrospirae)、壶菌门(Elusimicrobia)、纤维杆菌门(Fibrobacteres)、氢食菌门(Fibrobacteres)、广古菌门(Euryarchaeota)相对丰度在1%~5%。与RT和ST相比,STS处理下变形菌门和拟杆菌门相对丰度增加2.72~10.40个百分点,酸杆菌门相对丰度降低6.98~11.10个百分点,放线菌门、绿弯菌门各处理间差异不显著。

土壤细菌群落在属水平的分析结果如图4b所示,属水平的各处理群落结构也基本相似,相对丰度>1%的芽孢杆菌属(*Bacillus*)、酸杆菌属(*Acidibacter*)、假节杆菌属(*Pseudarthrobacter*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、小梨菌属(*Pirell*)为优势均属,相对丰度分别为9.63%(9.07%~10.38%)、9.12%(8.80%~10.29%)、7.07%(6.46%~8.11%)、7.59%(6.40%~9.76%)、1.99%(1.23%~2.76%)。与RT和ST相比,STS处理下芽孢杆菌属、酸杆菌属、假节杆菌属、黄杆菌属的相对丰度增加0.52~4.13个百分点,小梨菌属相对丰度在各处理间差异不显著。另外,相对丰度0.5%~1%的部分菌属,如假黄单胞菌属(*Pseudoxanthomonas*)、农杆菌属(*Agromyces*)在STS处理中显著





a: 门水平 Pro: 变形菌门 Proteobacteria; Aci: 酸杆菌门 Acidobacteria; Bac: 拟杆菌门 Bacteroidetes; Act: 放线菌门 Actinobacteria; Chl: 绿弯菌门 Chloroflexi; Nit: 硝化螺旋菌门 Nitrospirae; Elu: 壶菌门 Elusimicrobia; Fib: 纤维杆菌门 Fibrobacteres; Hyd: 氢食菌门 Hydrogenedentes; Eur: 广古菌门 Euryarchaeota; Others: 其他。

b: 属水平 Bac: 芽孢杆菌属 *Bacillus*; Aci: 酸杆菌属 *Acidibacter*; Psea: 假节杆菌属 *Pseudarthrobacter*; Fla: 黄杆菌属 *Flavobacterium*; Pir: 小梨菌属 *Pirellula*; UTCFX1: UTCFX1 属; Ell: *Ellin6067* 属; Pae: 多黏类芽孢杆菌属 *Paenibacillus*; Nit: 硝化螺旋菌属 *Nitrospira*; Azo: 固氮菌属 *Azoarcus*; IS44: IS-44 属; Mes: 中生根瘤菌属 *Mesorhizobium*; Adh: 黏附杆菌属 *Adhaeribacter*; Bra: 慢生根瘤菌属 *Bradyrhizobium*; Ped: 单胞杆菌属 *Pedobacter*; Pseo: 假黄单胞菌属 *Pseudoxanthomonas*; Oht: 粪肠球菌属 *Ohtaekwangia*; Agr: 农杆菌属 *Agromyces*; SZB85: SZB85 属; Others: 其他; Unassigned: 未分类; * $P < 0.05$. 下同 The same below.

图4 不同处理下土壤细菌在门水平(a)和属水平(b)的相对丰度

Figure 4 Relative abundance of bacterial community on phylum(a) and genus level(b)

高于RT和ST处理,增幅为0.11~0.15个百分点,RT处理粪肠球菌属(*Ohtaekwangia*)相对丰度较STS处理增加0.06个百分点。

2.7 土壤理化性状与细菌群落相对丰度的相关性

2.7.1 相关性热图分析

图5为细菌群落在门水平和属水平相对丰度的Pearson相关性热图。在门水平(图5a)上,拟杆菌门与土壤pH呈显著负相关,与AHN、SWC、SOC、TN显

著或极显著正相关;绿弯菌门与土壤pH极显著正相关;酸杆菌门与TN极显著负相关;纤维杆菌门与SOC极显著负相关,与AK极显著正相关;氢食菌门与SOC、AHN显著负相关,与AK显著正相关;广古菌门与SOC显著正相关。

在属水平(图5b)上,单胞杆菌属与土壤pH极显著正相关,与SOC显著负相关;酸杆菌属与SWC显著正相关;芽孢杆菌属与AHN显著正相关;假黄单胞菌

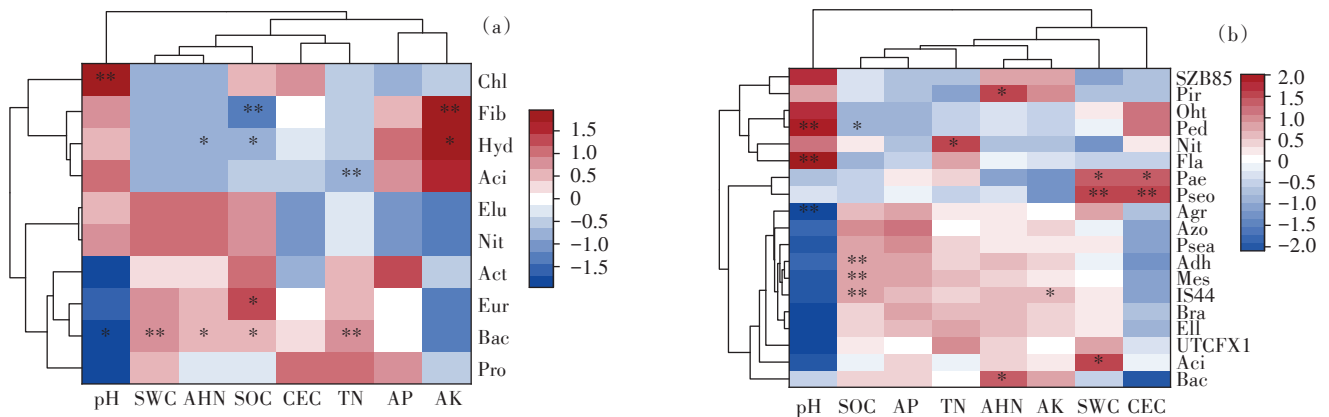


图5 土壤理化性状与细菌门水平(a)和属水平(b)相对丰度的相关性热图

Figure 5 Correlation heatmap between bacterial phylum(a), genus(b) relative abundance and soil physicochemical properties

属与SWC、CEC极显著正相关;中生根瘤菌属、黏附杆菌属与SOC极显著正相关;小梨菌属与AHN显著正相关;多黏类芽孢杆菌属与SWC、CEC显著正相关;农杆菌属与土壤pH极显著负相关;硝化螺旋菌属与TN显著正相关;IS-44属与SOC、AK显著或极显著正相关。

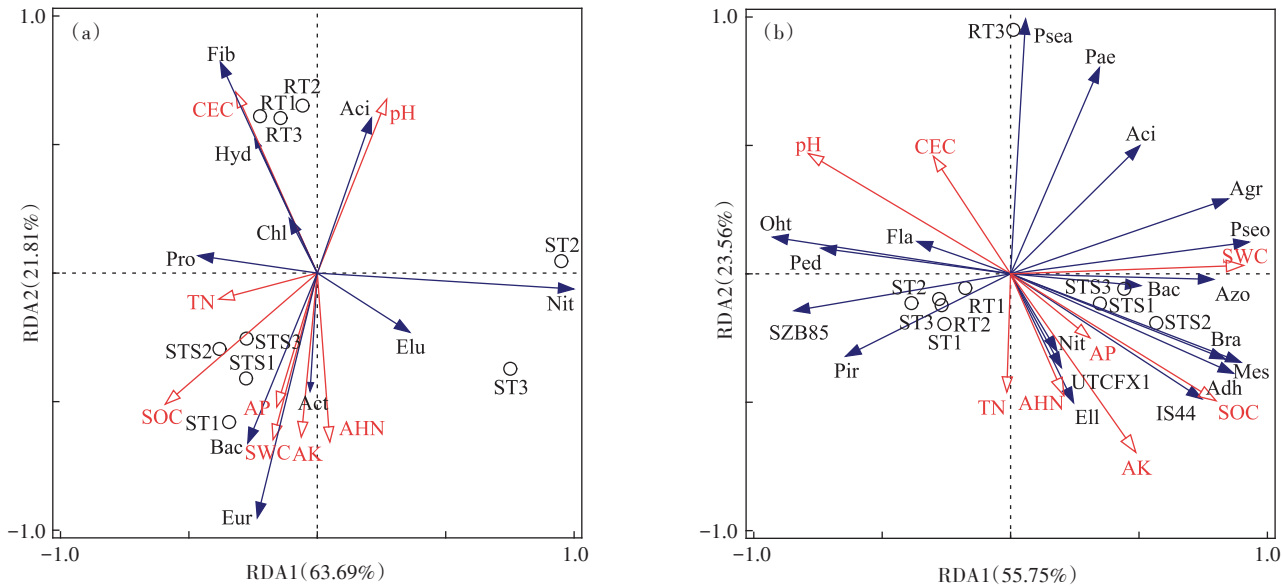
2.7.2 土壤理化性状与细菌群落相对丰度冗余分析

如图6冗余分析结果所示,在门水平(图6a)上,两个排序轴共同解释了细菌群落变异的85.50%。土壤环境因子SOC、CEC对细菌门水平群落影响达到极显著水平($P<0.01$),土壤pH、SWC对细菌门水平群落结构的影响达到显著水平($P<0.05$),TN、SWC、SOC、AP、AHN、AK主要影响了ST、STS处理细菌群落变

异,CEC、pH主要影响了RT处理细菌群落的变异。在属水平(图6b)上,两个排序轴共同解释了细菌群落变异的79.31%。土壤环境因子pH、SOC和SWC对细菌属水平群落影响达到极显著水平($P<0.01$),AK显著影响了细菌属水平群落($P<0.05$),pH、CEC主要驱动了RT和ST处理细菌群落结构变异,而TN、SWC、SOC、AP、AHN、AK是驱动STS处理细菌群落结构变异的主要因素。

2.8 土壤细菌PICRUST功能预测

土壤微生物具有广泛的生态生理特性,通过PICRUST预测(表3)发现,土壤细菌一级功能主要有新陈代谢、遗传信息处理、环境信息、细胞过程、有机系统和人类疾病6类,新陈代谢为主要功能,相对丰度



蓝色箭头代表物种,红色箭头表示环境影响因子,箭头的长短代表环境因子对物种群落影响程度的大小。
The blue arrows represent the species, while the red arrows represent the environmental impact factors; the length of the arrow represent the impact of environmental factors on the species data.

图6 土壤理化性状与细菌门水平(a)和属水平(b)相对丰度的冗余分析

Figure 6 Redundancy analysis between bacterial phylum(a), genus(b) relative abundance and soil physicochemical properties

表3 不同处理土壤细菌一级功能基因相对丰度(%)

Table 3 Relative abundance of primary functional genes of soil bacteria in different treatments(%)

一级功能 Level I function	RT	ST	STS
新陈代谢 Metabolism	49.77±0.06a	49.93±0.12a	49.93±0.56a
遗传信息处理 Genetic information processing	16.37±0.06a	16.33±0.11b	16.03±0.12b
环境信息 Environmental information processing	13.13±0.05b	13.30±0.17b	13.77±0.12a
细胞过程 Cellular processes	4.70±0.01a	4.60±0.10b	4.77±0.06a
人类疾病 Human diseases	1.00±0.01a	0.90±0.01a	0.97±0.01a
有机系统 Organic system	0.80±0.01a	0.80±0.01a	0.80±0.01a

注:同行不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。
Note: Different small letters in the same row meant significant difference at 0.05 level among treatments.

49.77%~49.93%,处理间差异不显著;遗传信息处理相对丰度在RT处理显著高于ST和STS处理;环境信息相对丰度在STS处理显著高于RT和ST处理,人类疾病、细胞过程、有机系统相对丰度在各处理间差异不显著。

3 讨论

3.1 不同耕作处理对土壤理化性状的影响

由于气候、地形、土壤类型和农田管理方式的不同,耕作措施对土壤养分积累和土壤肥力影响的效果不同。本研究表明,深松秸秆还田增加了土壤水分,这与周正萍等^[21]的研究结果一致。深松耕作较旋耕对土壤扰动程度更小,有利于形成良好的土壤结构,增加土壤的储水能力,而且秸秆覆盖减少了农田水分蒸发^[22],深松秸秆还田可增加土壤有机碳、土壤有效磷、速效钾、全氮及碱解氮含量,这与以往研究结果^[23-25]一致,主要原因一是秸秆还田可缓解深松引起的表层土壤紧实问题,促进秸秆与土壤充分接触,在土壤微生物作用下,激发土壤原有机质的矿化或分解^[26];二是深松秸秆还田改善了土壤温度和湿度,提高了土壤微生物活性,加速了秸秆腐解,促进了秸秆碳、氮养分的释放,提高了碳、氮养分的有效性,减少了养分的固定^[27]。但也有研究表明,深松、免耕等保护性耕作措施造成表层土壤紧实,影响气体和水分含量,改变微生物的微生境,降低土壤活性碳库和氮库含量,减少土壤中作物可利用养分含量^[28],这可能与区域气候因素有关。刘长江等^[29]的研究表明,深松对盐碱化旱地土壤有较好的改良效果,本研究也得出相似结论,深松秸秆还田降低土壤pH值,这与深松秸秆还田增加了表层有机质的累积和电解质浓度有关^[28]。本研究结果表明,深松秸秆还田增加了0~20 cm土层土壤阳离子交换量,Govaerts等^[30]研究认为耕作措施对0~15 cm土层阳离子交换量无显著影响,但耕作结合秸秆还田可显著增加0~5 cm土层阳离子交换量。

3.2 不同耕作处理对土壤细菌多样性的影响

田间管理改变了土壤生态过程,进而影响土壤微生物的生长环境和微生物多样性。土壤微生物多样性越高,土壤生态系统越稳定,土壤越健康^[31]。高洪军等^[32]研究发现,秸秆深翻还田和覆盖还田能改善表层和亚表层土壤微生物群落结构和多样性,李景等^[33]研究发现,小麦-花生轮作下,传统耕作的土壤细菌多样性指数低于免耕和深松覆盖,但也有研究指出^[34],长期深松会使表层土壤板结,减小了土壤孔隙

度,降低了土壤通气性和有机碳的可利用率,不利于土壤微生物多样性的增加。本研究结果表明,深松秸秆还田增加了土壤细菌丰富度和均匀度,可能是由于深松秸秆还田相对于旋耕对土壤扰动较小,为细菌群落的生存提供了适宜的土壤环境,作物秸秆为细菌生长提供了新鲜的碳源和氮源,C/N值增高,较高的土壤肥力促进了土壤细菌的繁殖,从而增加了细菌多样性。土壤微生物多样性与土壤环境因子密切相关。Wang等^[35]研究发现土壤水分和有机质是影响土壤细菌群落多样性变化的主要因素,本研究也发现,土壤水分、有机质、CEC都与土壤丰富度指数和多样性指数显著相关。基于OTUs丰度的细菌群落结构主成分分析表明,深松、旋耕与深松秸秆还田处理土壤细菌群落结构有明显的差异,根本原因是处理间土壤养分水平的差异使土壤细菌群落多样性发生改变。

3.3 不同耕作处理对土壤细菌群落结构的影响

本研究结果表明,土壤变形菌门、拟杆菌门、绿弯菌门、放线菌门和酸杆菌门为灰钙土细菌优势群落,对盐碱地土壤具有较强的环境适应性。深松和秸秆还田对土壤扰动小,使土壤碳氮养分有效性增大,为微生物的繁殖和生长提供了丰富的养分资源和水分条件,使得土壤变形菌门、拟杆菌门、绿弯菌门等富营养型细菌相对丰度显著增加,而酸杆菌门相对丰度显著降低,可能是因为酸杆菌门属于贫营养型细菌且对pH非常敏感,养分水平低的土壤环境更有利于其生存^[36]。在属分类水平,芽孢杆菌属、酸杆菌属、假节杆菌属、黄杆菌属、小梨菌属为优势菌属,这与王晓菲等^[37]在陇中黄绵土上的研究结果相似。深松秸秆还田增加了土壤芽孢杆菌属、假节杆菌属的相对丰度。这是因为深松秸秆还田土壤结构好、水肥利用率高,促进了土壤芽孢杆菌属、假节杆菌属的生长和繁殖,而芽孢杆菌属也可促进土壤有机质和脂类物质的分解,提高土壤肥力^[38]。与旋耕和深松相比,深松秸秆还田显著增加了土壤假黄单胞菌属、农杆菌属相对丰度,因为假黄单胞菌属、农杆菌属与土壤含水量呈正相关,因此土壤含水量的高低可能影响假黄单胞菌属、农杆菌属的相对丰度。Zhang等^[39]研究发现,干旱区土壤水分的有效性是影响细菌生长繁殖、植物残体分解和养分矿化的主要因子。本研究发现,引黄灌区盐碱地灰钙土土壤细菌主要功能是新陈代谢,这是因为土壤微生物主要是通过其代谢活动来参与土壤的物质循环与转化,调控生物体的代谢过程^[40],Ma等^[41]研究发现,免耕可改善土壤微生物群落的生态功能,

本研究发现深松秸秆还田较深松和旋耕处理显著提高了土壤环境信息的相对丰度,这可能与深松秸秆还田较高的土壤肥力和土壤细菌多样性有关。

3.4 土壤理化性状对土壤细菌群落的影响

细菌的生长繁殖和生物活性受到农作措施和土壤理化性状的显著影响,孙孟琪等^[42]研究了不同耕作和秸秆还田下黑钙土细菌群落变化,结果表明pH、有机质、有效氮是细菌群落结构变化的主要驱动因子,刘子涵等^[43]的研究表明,不同覆盖下壤土土壤细菌群落组成与土壤养分含量密切相关,其中酸杆菌门与硝态氮和有机质含量显著正相关,拟杆菌门与碱解氮、全氮、硝态氮显著正相关。本研究相关性分析表明,拟杆菌门、绿弯菌门及单胞杆菌属等相对丰度较高的细菌种群与土壤pH、含水量、有机碳、全氮、碱解氮等土壤养分显著正相关,表明较高的土壤养分含量会增加土壤中细菌群落的相对丰度,这是土壤肥力、土壤环境和土壤细菌群落协同作用的结果。但也有研究发现在砂质麦田,较高的土壤含水量和氮水平反而降低了拟杆菌门相对丰度^[44],这可能与土壤类型和作物类型等因素有关。Wang等^[35]的研究表明,不同耕作措施下土壤质地是造成不同细菌群落变化的主要因素,因为土壤质地显著影响土壤水分和养分状况,本研究得出土壤有机碳、pH、土壤含水量、阳离子交换量和速效钾是影响土壤细菌群落的主要环境因子,这可能与盐碱地灰钙土特殊的生境有关。因此,可通过增加土壤有机质、土壤含水量,调节土壤酸碱度来驱动土壤生物群落结构。盐碱土壤功能微生物群落与环境因子间的相互关系也是今后研究的重点。

4 结论

(1)深松秸秆还田能显著提高土壤肥力以及土壤细菌多样性和丰富度,土壤环境因子中的pH、有机碳、含水量、阳离子交换量、全氮、碱解氮显著影响细菌 α 多样性。

(2)不同耕作方式和秸秆还田方式下土壤优势细菌群落结构组成变化较小,与旋耕和深松相比,深松秸秆还田土壤优势菌变形菌门、拟杆菌门相对丰度增加2.72~10.40个百分点,酸杆菌门相对丰度降低6.98~11.10个百分点,芽孢杆菌属、酸杆菌属、假节杆菌属、黄杆菌属相对丰度增加0.52~4.13个百分点。

(3)土壤有机碳、pH、含水量、阳离子交换量和有效钾是影响盐碱地灰钙土土壤细菌群落的主要环境因子。

参考文献:

- [1] LIE X, LIU G B, LI P, et al. Ecological stoichiometry of plant-soil-enzyme interactions drives secondary plant succession in the abandoned grasslands of Loess Plateau, China[J]. *Catena*, 2021, 202:105302.
- [2] 栾璐,郑洁,程梦华,等.不同秸秆还田方式对旱地红壤细菌多样性及群落结构的影响[J]. *土壤*, 2021, 53(5):991-997. LUAN L, ZHENG J, CHENG M H, et al. Effects of different types of straw returning on bacterial diversity and community structure in dryland red soil[J]. *Soils*, 2021, 53(5):991-997.
- [3] 杨雅丽,马雪松,解宏图,等.保护性耕作对土壤微生物群落及其介导的碳循环功能的影响[J]. *应用生态学报*, 2021, 32(8):2675-2684. YANG Y L, MA X S, XIE H T, et al. Effects of conservation tillage on soil microbial community and the function of soil carbon cycling[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2021, 32(8):2675-2684.
- [4] LI T, SUN Z, HE C, et al. Changes in soil bacterial community structure and microbial function caused by straw retention in the North China Plain[J]. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 2020, 66:46-57.
- [5] 杨彦明,周伟,张博文,等.连续深松对黑土区玉米根际土壤细菌群落结构的影响[J]. *土壤与作物*, 2020, 9(4):367-379. YANG Y M, ZHOU Y, ZHANG B W, et al. Effects of continuous subsoiling on bacterial community structure in rhizosphere soil of maize in mollisols[J]. *Soils and Crops*, 2020, 9(4):367-379.
- [6] 李玉洁,王慧,赵建宁,等.耕作方式对农田土壤理化因子和生物学特性的影响[J]. *应用生态学报*, 2015, 26(3):939-948. LI Y J, WANG H, ZHAO J N, et al. Effects of tillage methods on soil physico-chemical properties and biological characteristics in farmland: A review[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2015, 26(3):939-948.
- [7] KULDIP G, AYYANADAR A, BIMAN K D. Tillage effects on soil microbial biomass in a rainfed agricultural system of northeast India[J]. *Soil and Tillage Research*, 2010, 109(2):68-74.
- [8] 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. DENG C C, LI L L, XIE J H, et al. Effects of tillage on soil bacterial community in the dryland farming area of central Gansu[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2019, 56(1):207-216.
- [9] XU J, HAN H F, NING T Y, et al. Long-term effects of tillage and straw management on soil organic carbon, crop yield, and yield stability in a wheat-maize system[J]. *Field Crops Research*, 2019, 233:33-40.
- [10] 李彤,王梓廷,刘露,等.保护性耕作对西北旱区土壤微生物空间分布及土壤理化性质的影响[J]. *中国农业科学*, 2017, 50(5):859-870. LI T, WANG Z T, LIU L, et al. Effect of conservation tillage practices on soil microbial spatial distribution and soil physico-chemical properties of the northwest dryland[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2017, 50(5):859-870.
- [11] 郝雅星,张立峰,韩凯虹,等.不同耕作方式下草甸栗钙土燕麦田土壤微生物特征[J]. *生态学报*, 2016, 36(5):1462-1470. HAO Y X, ZHANG L F, HAN K H, et al. Characteristics of microbes in loamy meadow chestnut soil planted with naked oats using different tillage methods[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, 36(5):1462-1470.

- [12] LIU X, PENG C, ZHANG W J, et al. Subsoiling tillage with straw incorporation improves soil microbial community characteristics in the whole cultivated layers: A one-year study[J]. *Soil & Tillage Research*, 2022, 215: 105188.
- [13] 郭梨锦, 曹凑贵, 张枝盛. 耕作方式和秸秆还田对稻田表层土壤微生物群落的短期影响[J]. 农业环境科学学报, 2013, 32(8): 1577-1584. GUO L J, CAO C G, ZHANG Z S. Short-term effects of tillage practices and wheat-straw returned to rice fields on topsoil microbial[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2013, 32(8): 1577-1584.
- [14] BENDER S F, WAGG C, VAN DER HEIJDEN M G A. An underground revolution: Biodiversity and soil ecological engineering for agricultural sustainability[J]. *Trends in Ecology & Evolution*, 2016, 31(6): 440-452.
- [15] 温美娟, 杨思存, 王成宝, 等. 深松和秸秆还田对甘肃引黄灌区土壤物理性状和玉米生产的影响[J]. 应用生态学报, 2019, 30(1): 224-232. WEN M J, YANG S C, WANG C B, et al. Effects of subsoiling and straw returning on soil physical properties and maize production in Yellow River irrigation area of Gansu[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2019, 30(1): 224-232.
- [16] 王岳坤, 洪葵. 红树林土壤细菌群落 16S rDNA V3 片段 PCR 产物的 DGGE 分析[J]. 微生物学报, 2005, 45(2): 201-204. WANG Y K, HONG K. Mangrove soil community analysis using DGGE of 16S rDNA V3 fragment polymerase chain reaction products[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2005, 45(2): 201-204.
- [17] 杨思存, 王成宝, 霍琳, 等. 不同耕作措施对甘肃引黄灌区耕地土壤有机碳的影响[J]. 农业工程学报, 2019, 35(2): 114-121. YANG S C, WANG C B, HUO L, et al. Effects of different tillage practices on soil organic carbon of cultivated land in Gansu Yellow River irrigation district[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2019, 35(2): 114-121.
- [18] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000. BAO S D. Soil agrochemical analysis[M]. 3rd Edition. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
- [19] QUAST C, PRUESSE E, YILMAZ P, et al. The SILVA ribosomal RNA gene database project: Improved data processing and web-based tools[J]. *Nucleic Acids Research*, 2013, 41(Database issue): D590-D596.
- [20] SCHLOSS P D, WESTCOTT S L, RYABINY T, et al. Introducing mothur: Open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(23): 7537-7541.
- [21] 周正萍, 田宝庚, 陈婉华, 等. 不同耕作方式与秸秆还田对土壤养分及小麦产量和品质的影响[J]. 作物杂志, 2021(3): 78-83. ZHOU Z P, TIAN B G, CHEN W H, et al. Effects of different tillage methods and straw returning on soil nutrients and wheat yield and quality[J]. *Crops*, 2021(3): 78-83.
- [22] 张洁, 姚宇卿, 金钊, 等. 保护性耕作对坡耕地土壤微生物量碳、氮的影响[J]. 水土保持学报, 2007, 21(4): 126-129. ZHANG J, YAO Y Q, JIN K, et al. Change of SMBC and SMBN under conservation tillage on sloping dryland[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2007, 21(4): 126-129.
- [23] 吕凯飞, 周锋, 安瞳昕, 等. 耕作深度及秸秆还田对耕层土壤理化性状的影响[J]. 西南农业学报, 2021, 34(7): 1503-1509. LÜ K F, ZHOU F, AN T X, et al. Effects of deep ploughing and straw returning on physical and chemical properties of cultivated soil[J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2021, 34(7): 1503-1509.
- [24] 梁海, 陈宝成, 韩惠芳, 等. 深松 35 cm 可改善潮棕壤理化性质并提高小麦和玉米产量[J]. 植物营养与肥料学报, 2019, 25(11): 1879-1886. LIANG H, CHEN B C, HAN H F, et al. Subsoiling 35 cm in depth improve soil physicochemical properties and increase grain yields of wheat and maize in aquic brown soil[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2019, 25(11): 1879-1886.
- [25] 赵金花, 陈林, 段衍, 等. 秸秆还田配合化肥减施对潮土作物产量及土壤肥力的影响[J/OL]. 土壤学报, 1-13. (2021-10-29)[2022-06-01]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/32.119.P.20211029.1330.004.html>. ZHAO J H, CHEN L, DUAN Y, et al. Effects of straw returning instead of chemical fertilizer on crop yield and soil fertility in fluvo-aquic soil[J/OL]. *Acta Pedologica Sinica*, 1-13. (2021-10-29)[2022-06-01]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/32.119.P.20211029.1330.004.html>.
- [26] 龙潜, 董士刚, 朱长伟, 等. 不同耕作模式对小麦-玉米轮作下潮土养分和作物产量的影响[J]. 水土保持学报, 2019, 33(4): 168-175. LONG Q, DONG S G, ZHU C W, et al. Effects of different tillage modes on soil nutrient and crop yield under wheat-maize rotations system in the fluvo-aquic[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2019, 33(4): 168-175.
- [27] 赵亚丽, 郭海斌, 薛志伟, 等. 耕作方式与秸秆还田对土壤微生物数量、酶活性及作物产量的影响[J]. 应用生态学报, 2015, 26(6): 1785-1792. ZHAO Y L, GUO H B, XUE Z W, et al. Effects of tillage and straw returning on microorganism quantity, enzyme activities in soils and grain yield[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2015, 26(6): 1785-1792.
- [28] NARESH R K, DWIVEDI A, GUPTA R K, et al. Influence of conservation agriculture practices on physical, chemical and biological properties of soil and soil organic carbon dynamics in the subtropical climatic conditions: A review[J]. *Journal of Pure and Applied Microbiology*, 2016, 10(2): 1061-1080.
- [29] 刘长江, 李取生, 李秀军. 深松对苏打盐碱化旱田改良与利用的影响[J]. 土壤, 2007, 39(2): 306-309. LIU C J, LI Q S, LI X J. Effect of deep tillage on amelioration and utilization of soda-alkaline upland fields[J]. *Soils*, 2007, 39(2): 306-309.
- [30] GOVAERTS B., SAYRE K D, LICHTER K, et al. Influence of permanent bed planting and residue management on physical and chemical soil quality in rain fed maize/wheat system[J]. *Plant Soil*, 2007, 291: 39-54.
- [31] WARDLE A, BARDGETT R D, KLIRONOMOS J N, et al. Ecological linkages between aboveground and belowground biota[J]. *Science*, 2004, 304(5677): 1629-1633.
- [32] 高洪军, 彭畅, 朱末, 等. 不同轮耕模式对黑土土壤微生物群落结构的影响[J]. 玉米科学, 2021, 29(5): 104-112. GAO H J, PENG C, ZHU M, et al. Effects of different rotational tillage patterns on soil

- microbial community structure[J]. *Journal of Maize Sciences*, 2021, 29(5): 104–112.
- [33] 李景, 吴会军, 武雪萍, 等. 长期不同耕作措施对土壤团聚体特征及微生物多样性的影响[J]. 应用生态学报, 2014, 25(8): 2341–2348. LI J, WU H J, WU X P, et al. Effects of long-term tillage measurements on soil aggregate characteristic and microbial diversity[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2014, 25(8): 2341–2348.
- [34] PHILIPPOT L, CUHEL J, SABY N P A, et al. Mapping field-scale spatial patterns of size and activity of the denitrifier community[J]. *Environ Microbiol*, 2009, 11(6): 1518–1526.
- [35] WANG Z T, LIU L, CHEN Q, et al. Conservation tillage increases soil bacterial diversity in the dryland of northern China[J]. *Agronomy for Sustainable Development*, 2016, 36: 28.
- [36] 吴希慧, 王蕊, 高长青, 等. 土地利用驱动的土壤性状变化影响微生物群落结构和功能[J]. 生态学报, 2021, 41(20): 7989–8002. WU X H, WANG R, GAO C Q, et al. Variations of soil properties effect on microbial community structure and functional structure under land uses[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2021, 41(20): 7989–8002.
- [37] 王晓菲, 罗珠珠, 张仁陟, 等. 黄土高原苜蓿-粮食作物轮作下土壤细菌群落特征和生态功能预测[J]. 应用生态学报, 2022, 33(4): 1109–1117. WANG X F, LUO Z Z, ZHANG R S, et al. Soil bacterial community characteristics and ecological function prediction of alfalfa and crop rotation systems in the Loess Plateau, northwest China [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2022, 33(4): 1109–1117.
- [38] LI Y, SCOTT X, TIAN L H, et al. Conservation agriculture practices increase soil microbial biomass carbon and nitrogen in agricultural soils: A global meta-analysis[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, 121: 50–58.
- [39] ZHANG H Y, SHI Y C, DONG YX, et al. Subsoiling and conversion to conservation tillage enriched nitrogen cycling bacterial communities in sandy soils under long-term maize monoculture[J]. *Soil & Tillage Research*, 2022, 215: 105197.
- [40] WU Z X, HAO Z P, SUN Y Q, et al. Comparison on the structure and function of the rhizosphere microbial community between healthy and root-rot *Panax notoginseng*[J]. *Applied Soil Ecology*, 2016, 107: 99–107.
- [41] MA A, ZHANG X, WU J, et al. Ascomycota members dominate fungal communities during straw residue decomposition in arable soil[J]. *PLoS ONE*, 2013, 8(6): e66146.
- [42] 孙孟琪, 刘浩然, 刘小丹, 等. 秸秆还田对半干旱区玉米农田土壤细菌群落结构的影响[J]. 东北师大学报(自然科学版), 2021, 53(1): 123–129. SUN M Q, LIU H R, LIU X D, et al. Effect of straw returning on soil bacterial community structure in semi-arid maize field[J]. *Journal of Northeast Normal University(Natural Science Edition)*, 2021, 53(1): 123–129.
- [43] 刘子涵, 黄方园, 黎景来, 等. 覆盖模式对旱作农田土壤微生物多样性及群落结构的影响[J]. 生态学报, 2021, 41(7): 2750–2760. LIU Z H, HUANG F Y, LI J L, et al. Effects of farmland mulching patterns on soil microbial diversity and community structure in dryland [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2021, 41(7): 2750–2760.
- [44] XU A, LI L, COULTER J A, et al. Long-term nitrogen fertilization impacts on soil bacteria, grain yield and nitrogen use efficiency of wheat in semiarid Loess Plateau, China[J]. *Agronomy*, 2020, 10(8): 1175.