

doi:10.11937/bfyy.20173901

秸秆还田条件下水稻-蔬菜轮作对 土壤细菌群落的影响

赵牧秋, 周娜娜, 杜前进, 黎明, 史云峰

(海南热带海洋学院 生命科学与生态学院, 海南 三亚 572022)

摘要:为了探明海南地区秸秆还田条件下水稻-蔬菜轮作对土壤细菌群落的影响,通过设置水稻-水稻(SS)、水稻-青瓜(SQ)和水稻-黄秋葵(SH)3个处理,经持续2年的田间试验,采用Illumina平台HiSeq高通量测序技术测定并比较了土壤细菌群落的差异,分析了其与土壤理化性质的关系。结果表明:1)测序共获得347 544条读数,平均长度436 bp,计16 094个OTUs。SS处理土壤含有的OTUs最多,分别较SQ和SH处理高出7.8%和9.4%。2)3个处理土壤细菌丰富度无显著($P < 0.05$)差异,水稻-青瓜轮作(SQ)会降低土壤细菌多样性,提高细菌优势度。3)水稻-蔬菜轮作使厚壁菌门(Firmicutes)和芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)的相对丰度升高,绿弯菌门(Chloroflexi)和酸杆菌门(Acidobacteria)的相对丰度降低;增加了放线菌纲(Actinobacteria)、芽孢杆菌纲(Bacilli)、芽单胞菌纲(Gemmatimonadetes)、 γ -变形菌纲(Gammaproteobacteria)和热微菌纲(Thermomicrobia)的相对丰度,降低了酸杆菌纲(Acidobacteria)、 β -变形菌纲(Betaproteobacteria)和纤线杆菌纲(Ktedonobacteria)的相对丰度。4)变形菌门和放线菌门的相对丰度与土壤电导率(EC)和有效磷含量(AP)正相关,与C/N负相关;绿弯菌门和酸杆菌门的相对丰度与土壤pH、C/N正相关,与土壤有机质(OM)和碱解氮(AHN)含量负相关。

关键词:细菌群落;高通量测序;土壤;秸秆还田;轮作

中图分类号:S 154.3 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2018)14-0109-09

土壤微生物通过参与土壤中生物化学过程,推动着土壤养分循环和能量转移。同时微生物也是农田生态系统营养元素的活性库和土壤酶的主

要源^[1]。细菌是土壤微生物中分布最广泛、种类和数量最丰富,同时也是最为活跃的类群,农田生态系统中几乎所有类型的生化过程均有其介入,因此,土壤细菌对维持农田生态系统健康具有至关重要的作用^[2]。土壤细菌群落的结构很大程度上决定着土壤的生物学活性,并对土壤因子的变化做出敏感响应,因此常被认定为土壤生态系统变化的预警指标^[3]。

秸秆还田在提升农田土壤肥力、改善土壤团聚体结构和提高土壤酶活性等方面具有显著效果,经大量研究证实是提高农田土壤肥力行之有效的措施之一^[4]。秸秆介入农田土壤后,不仅为微生物的繁殖提供了碳源,还改变了其生存环境,由此导致土壤微生物数量、结构和活性发生一系

第一作者简介:赵牧秋(1983-),女,辽宁沈阳人,博士,教授,研究方向为农业生态学。E-mail: zhaomuqiu@sina.com.

责任作者:史云峰(1981-),男,博士,教授,研究方向为土壤与植物营养学。E-mail: shiyunfeng8189@sina.com.

基金项目:海南耕地改良关键技术与示范专项及其配套资助项目(HNGDgl201501,2015PT28);三亚市农业科技创新资助项目(2014NK25);海南省自然科学基金资助项目(20153109)。

收稿日期:2018-02-28

列变化^[5]。FANG等^[6]研究表明,不同耕作措施下秸秆还田均可显著提高土壤细菌数量,优化土壤微生物群落结构。长期作物连作土壤中,秸秆还田能提高微生物生理类群(氨化细菌、好气性固氮菌、硝化细菌)数量而降低土壤真菌数量^[7]。Biolog碳源利用分析表明秸秆还田能显著提高土壤微生物活性和功能多样性^[8]。邬奇峰等^[9]研究表明,秸秆还田显著提高了土壤中总PLFA、细菌、真菌、放线菌等含量以及微生物群落Shannon指数。水稻秸秆还田在一定程度上增强了土壤微生物的代谢活性,提高了微生物的丰富度指数、优势度指数和McIntosh指数^[10]。

轮作是同一地块不同茬次有顺序轮换种植不同种类作物的种植模式,因其能够维持地力、改善土壤环境、提升土壤微生物数量和酶活性,尤其对减轻连作障碍具有积极作用,故而也是一种值得提倡的农业管理方式^[11]。洪珊等^[12]应用PCR-DGGE研究表明,香蕉-茄子轮作显著改变了土壤细菌群落结构,增加了细菌丰度、稳定性和多样性。张立成等^[13]采用Biolog ECO技术研究表明水稻-油菜轮作提高了土壤微生物对碳源的利用能力和丰富度指数。杨尚东等^[14]则证明番茄轮作不仅能维持较高的土壤细菌多样性,还有利于促生土壤细菌种属。

海南地区由于地理和气候的优势,素有“天然温室”之称,反季节蔬菜生产为其赢得了全国人民冬季“菜篮子”的美誉。海南的劳动人民在长期生产实践中已形成非常稳定的春夏种植水稻-秋冬栽培蔬菜的水旱轮作模式,同时为了培肥地力也养成了水稻秸秆还田的耕作习惯。水稻生长期较长且需肥量少,蔬菜生长速度快且需肥量大,二者的养分需求和对土壤生态环境的影响存在明显差异。为了揭示秸秆还田条件下水稻-蔬菜轮作土壤细菌群落结构及其与土壤环境间的响应关系,该研究拟采用Illumina平台HiSeq高通量测序技术,对秸秆还田条件下水稻-蔬菜轮作土壤细菌进行16S rRNA测序,结合聚类分析、冗余分析(RDA)研究土壤细菌的群落结构组成、多样性以及与土壤环境因子间的相关关系,以期为海南地区反季节蔬菜生产过程中的地力保育和土壤生态环境保护提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于海南省三亚市天涯区妙林田洋(东经18°18'19",北纬109°27'51")。该地区属热带海洋性季风气候,年平均气温25.4℃;年均降雨量1279~1625 mm,集中于4—10月;全年日照时数平均为2518.2 h,长夏无冬、阳光充足,适合发展热带农业。地势平坦且肥力均匀、灌溉设施完备。土壤为砖红壤水稻土,基础肥力为:pH 4.75,电导率(EC)193.5 dS·m⁻¹,有机质(OM)含量19.21 g·kg⁻¹,C/N为10.6,碱解氮(AHN)含量109.4 mg·kg⁻¹,有效磷(AP)含量46.3 mg·kg⁻¹。

1.2 试验材料

供试水稻(*Oryza sativa*)品种为“红香优33”,青瓜(*Cucumis sativus*)品种为“绿剑”,黄秋葵(*Abelmoschus esculentus*)品种为“台湾五福”。

1.3 试验方法

种植制度为春水稻-秋蔬菜轮作,水稻于每年2月种植,7月收获;蔬菜于每年9月种植,翌年1月结束。试验于2015年春季开始,完成2次轮作循环,于2017年1月结束。试验共设3个处理:水稻-水稻连作(SS)、水稻-青瓜轮作(SQ)和水稻-黄秋葵轮作(SH)。试验采用随机区组设计,3次重复,小区面积50 m²。

每年于水稻收获后进行秸秆留高茬还田,即水稻收获时将秸秆留下较长一部分,采用机械翻耕入土,秸秆还田量为2500 kg·hm⁻²;瓜菜季残余枝蔓不参与还田。肥料用量参照当地种植习惯,SS处理每茬施用尿素75 kg·hm⁻²、复合肥(15-15-15)60 kg·hm⁻²;水稻-蔬菜轮作处理水稻季施肥与SS处理相同,蔬菜季施用商品有机肥7500 kg·hm⁻²(基肥)、尿素750 kg·hm⁻²(基肥、追肥合计)、复合肥1200 kg·hm⁻²(基肥、追肥合计)。

2017年1月待所有蔬菜采摘完毕后,每小区取耕层0~20 cm土壤样品(“S”形取样法)2份,一份放入灭菌袋中贮存于-80℃环境供分子生物学检测,另一份用于测定土壤基本理化性质。

1.4 项目测定

1.4.1 土壤基本理化性质测定

土壤基本理化性质参照鲍士旦^[15]提供的分析方法开展。

1.4.2 土壤微生物总 DNA 的提取

应用 MOBIO 公司的 DNA 提取试剂盒 (PowerSoil® DNA Isolation Kit) 按操作规程提取土壤微生物基因组 DNA。所提取的土壤总 DNA 的浓度及纯度采用核酸定量仪 (NanoDrop 2000) 测定。

1.4.3 高通量测序

纯化后 DNA 应用 Illumina 平台的 MiSeq (上海美吉生物医药科技有限公司) 进行测序。按指定测序区域, 使用带有 Barcode 的特异引物。PCR 采用 TransGen AP221-02; TransStart Fast-pfu DNA Polymerase, 20 μ L 反应体系; PCR 仪采用 ABI GeneAmp® 9700, PCR 产物采用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测; 采用 AXYGEN 公司的 AxyPrep DNA 胶回收试剂盒切胶回收 PCR 产物, Tris-HCl 洗脱; 2% 琼脂糖凝胶电泳测定。PCR 扩增引物为 338F (5'-ACTCCTACGGGAG-GCAGCAG) 和 806R (5'-GGACTACHVGGGT-

WTCTAAT), 扩增细菌 16S rDNA V3~V4 区^[16]。

1.5 数据分析

高通量测序数据应用 I-Sanger 生物信息分析云平台 (<http://www.i-sanger.com>) 进行交互分析; 其它数据采用 Excel 2003、SPSS 16.0 软件进行统计和分析, 采用 LSD 法进行显著性检验。

2 结果与分析

2.1 不同轮作处理土壤的基本理化性质

2 个完整的水稻-蔬菜轮作周期结束后, 各处理土壤的基本理化性质如表 1 所示。结果表明, 与试验初期比较, 3 个处理土壤 pH 均有不同程度升高, 其中水稻连作的 SS 处理升高最多, 为 0.53 个单位, 水稻-蔬菜轮作的 SQ 和 SH 处理则分别升高 0.43、0.29 个单位, 这充分说明秸秆还田能有效降低土壤的酸化速率。试验结束时, SQ 和 SH 处理的 EC、OM 和 AP 含量均显著 ($P < 0.05$) 高于 SS 处理, 这可能由 SQ 和 SH 处理蔬菜季施用有机肥和复合肥所引起。SH 处理土壤的 C/N 与试验初期基本持平, SS 处理有所升高, 而 SQ 处理有所降低。

表 1 不同处理土壤的基本理化性质

Table 1 Basic physical and chemical properties of soil in different treatments

处理 Treatment	pH	EC 值 EC value /(dS · m ⁻¹)	有机质含量(OM) Organic matter content /(g · kg ⁻¹)	碳/氮 C/N	碱解氮含量(AHN) Alkaline hydrolysis N content/(mg · kg ⁻¹)	有效磷含量(AP) Available P content /(mg · kg ⁻¹)
SS	5.28±0.09b	138.7±13.0a	19.40±0.14a	11.5±1.1b	115.1±8.6a	50.2±3.9a
SQ	5.18±0.13ab	244.3±8.7c	21.74±0.61b	9.6±0.5a	138.8±11.1a	69.9±4.5b
SH	5.04±0.07a	197.3±14.3b	22.44±0.55b	10.2±0.4ab	135.2±15.2a	62.4±3.3b

注: 同列不同字母表示达到差异显著水平 ($P < 0.05$), 下同。

Note: Different letters within the same column mean significant difference level ($P < 0.05$), the same below.

2.2 不同轮作处理土壤样品细菌的测序取样深度及测序结果

稀释曲线能够反映土壤样品序列的取样深度, 通常用来评价测序量是否足以覆盖所有微生物类群^[17]。如图 1 所示, 在相似度 97% 的水平上, 3 个处理的稀释曲线均未达到完全平缓, 说明随着取样深度的进一步增加, 可能还会有新的物种被发现。但因其序列数均已远超过 10 000 (达到 30 000), 可以满足分析要求, 说明该研究取样合理。

通过对各处理土壤样本细菌 16S rDNA 的 V3~V4 区测序, 过滤掉样本原始序列中低质量的序列后, 9 个土样共获得 347 544 条有效序列读数, 平均每个样品的序列数为 38 616 条, 序列的平均长度为 436 bp。在 97% 相似度水平下共聚类得到 16 094 个 OTUs, 平均每个样品 1 788 个。由表 2 可知, SQ 处理土壤的有效序列数最多, 其次为 SS 处理, SH 处理最少。SS 处理土壤含有的 OTUs 最多, 分别较 SQ 和 SH 处理高出 7.8% 和 9.4%。

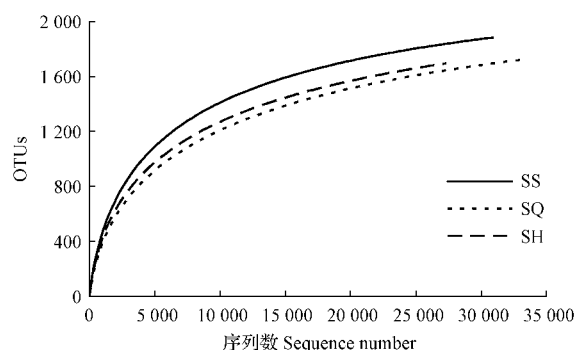


图1 不同处理土壤样品细菌的稀释曲线
(相似度 97%)

Fig. 1 Rarefaction curves of soil bacteria in different treatments (97% sequence identity)

2.3 不同轮作处理土壤细菌多样性和丰富度分析

土壤微生物群落多样性可用 Shannon 指数反映,通常该指数值越大,土壤微生物群落多样性越高;Simpson 指数可反映土壤微生物群落的优势度,其值越大表明群落优势度越高而多样性越低;ACE 指数和 Chao 指数则主要用于衡量微生物群落的丰富度^[18]。由表 2 可知,SS 和 SH 处理的 Shannon 指数和 Simpson 指数无差异($P < 0.05$),且均与 SQ 处理存在显著性差异($P < 0.05$),说明与水稻连作和水稻-黄秋葵轮作相比,水稻-青瓜轮作会降低土壤细菌群落的多样性,提高其优势度。3 个处理的 ACE 指数和 Chao 指数均未达到统计学上的显著性差异($P < 0.05$)水平,表明不同处理对土壤细菌群落的丰富度无影响。

表 2 不同处理土壤细菌序列数、OTUs 数、多样性指数和丰富度指数

Table 2 Reads and OTUs numbers, and diversity and richness indexes of soil bacteria in different treatments

处理 Treatment	序列读数 Reads	OTUs	Shannon 指数 Shannon diversity index	Simpson 指数 Simpson diversity index	ACE 指数 ACE index	Chao 指数 Chao index
SS	38 473±2 035a	1 888±25b	6.24±0.09b	0.006 5±0.001 1a	2 130±30a	2 147±61a
SQ	40 539±3 717a	1 751±108a	5.75±0.17a	0.012 8±0.002 2b	2 052±96a	2 063±103a
SH	36 836±6 808a	1 726±35a	6.02±0.08b	0.007 9±0.000 9a	2 032±37a	2 074±35a

2.4 不同轮作处理土壤细菌类群分析

在门分类水平上,3 个处理土壤细菌共分布于 26 个细菌门,其中在某一处理中含量大于 1% 的细菌优势门有 11 个(图 2)。变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)共 6 个细菌门的相对丰度较大,在各处理

中均超过 2%,其相对丰度之和占各处理土壤细菌总量的 93.8%~95.3%。疣微菌门(Verrucomicrobia)、浮霉菌门(Planctomycetes)、Saccharibacteria、硝化螺菌门(Nitrospirae)和拟杆菌门(Bacteroidetes)在各处理土壤中的含量相对较低(<2%)。变形菌门在 SS 和 SQ 处理土壤中的含量均为最高,而在 SH 处理中则较放线菌门低约 10%,说明黄秋葵的种植降低了土壤中变形菌

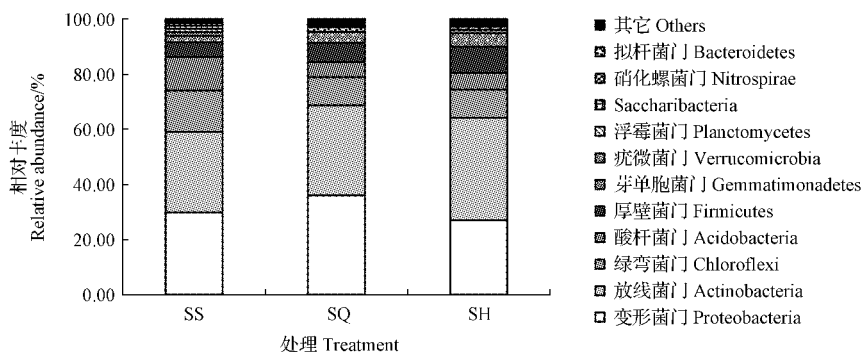


图2 不同处理土壤门分类水平的细菌群落比较

Fig. 2 Comparison of soil bacteria group on phylum level in different treatments

门的相对丰度而提升了放线菌门的丰度。水稻-蔬菜轮作使绿弯菌门、酸杆菌门、疣微菌门、浮霉菌门和 Saccharibacteria 的相对丰度呈较大程度降低,而使厚壁菌门、芽单胞菌门和拟杆菌门的相对丰度升高。

SS、SQ 和 SH 处理土壤分别含细菌 62、63、56 纲。如图 3 所示,放线菌纲(Actinobacteria)、 α -变形菌纲(Alphaproteobacteria)、酸杆菌纲(Acidobacteria)、 β -变形菌纲(Betaproteobacteria)、纤线杆菌纲(Ktedonobacteria)、芽孢杆菌纲(Bacilli)、TK10、 δ -变形菌纲(Deltaproteobacteria)、芽单胞菌纲(Gemmatimonadetes)、 γ -变形菌纲(Gammaproteobacteria)和热微菌纲(Thermo-

microbia)的相对丰度在 3 种土壤中均超过 1%,其相对丰度之和占土壤细菌总量的 87.1%~92.5%。绿弯菌纲(Chloroflexia)、KD4-96、Spartobacteria、norank-p-Saccharibacteria、浮霉菌纲(Planctomycetacia)、硝化螺旋菌纲(Nitrospira)和鞘脂杆菌纲(Sphingobacteriia)的细菌在各处理土壤中的相对丰度较低。水稻-蔬菜轮作增加了放线菌纲、芽孢杆菌纲、芽单胞菌纲、 γ -变形菌纲和热微菌纲的相对丰度,降低了酸杆菌纲、 β -变形菌纲、纤线杆菌纲和 TK10 的相对丰度。 α -变形菌纲丰度以 SQ 处理最高,SS 处理次之,SH 处理其丰度最低; δ -变形菌纲丰度则以 SH 处理最高,SS 处理次之,SQ 处理最低。

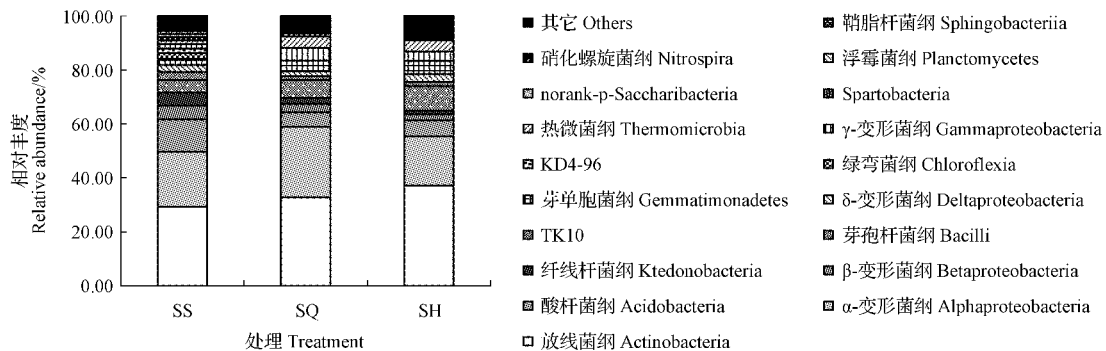


图 3 不同处理土壤纲分类水平的细菌群落比较

Fig. 3 Comparison of soil bacteria group on class level in different treatments

通过 Venn 图分析了 3 个处理土壤细菌共有属的数量及特有属的分布情况。由图 4 可知,SS、SQ 和 SH 处理土壤含有细菌属的数量分别

为 433、438 和 451 个,说明与水稻连作比较,水稻-蔬菜轮作能够提高土壤细菌属的数量。3 个处理均有分布的细菌属有 392 个;SH 处理独有

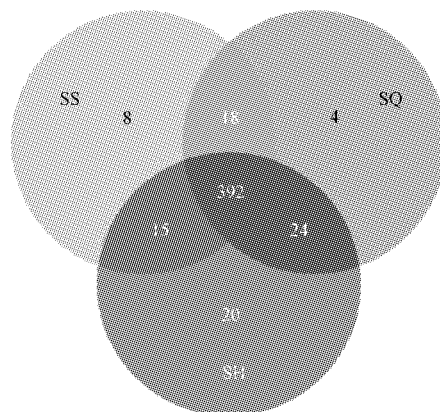


图 4 不同处理土壤样品细菌属 Venn 图

Fig. 4 Venn diagram of soil bacteria genera in different treatments

的细菌属数最多,为 20 个;SS 处理独有的细菌属数为 8 个;SQ 处理独有的细菌属数最少,仅 4 个。

分层聚类图可用颜色的深浅变化较为直观地将数据大小表示出来,并通过颜色的相似度和梯度来反映数据的相似性和差异大小^[19]。用相对丰度前 30 的细菌属构建分层聚类图,图 5 表明,3 个处理的土壤样品较为明显地分为 2 类,SQ 和 SH 处理土壤细菌群落结构较为接近,可聚为一

支;SS 处理为另一支。由此可见,秸秆还田条件下,与水稻连作比较,水稻-蔬菜轮作可对属水平上的土壤细菌群落结构产生显著的影响。图 5 中灰度较大的部分代表相对丰度较高的菌属,很明显,鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、链霉菌属(*Streptomyces*)等细菌在 3 个处理土壤中相对丰度较高。

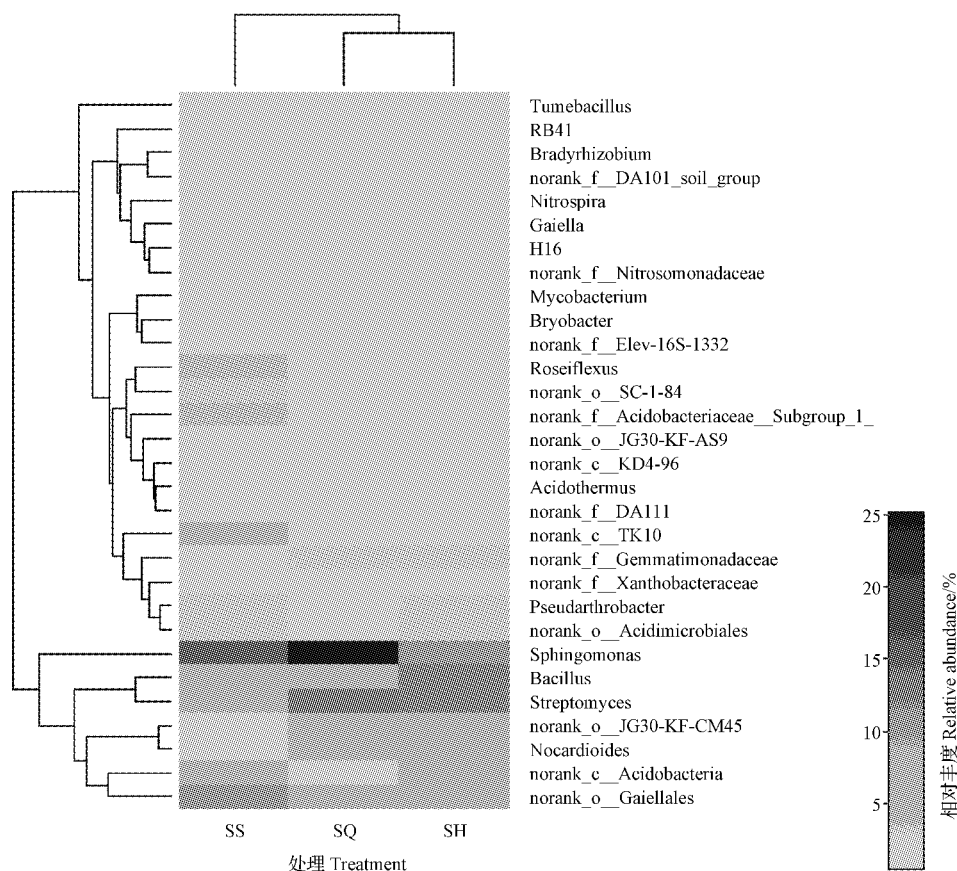


图 5 不同处理土壤细菌属水平聚类分析

Fig. 5 Hierarchical clustering analysis of soil bacteria on genus level in different treatments

2.5 不同轮作处理土壤细菌冗余分析(RDA)

为检测土壤理化性质与土壤细菌群落变化的对应关系,引入了冗余分析(RDA)。RDA 是生态数量学中的一种直接梯度排序方法,可以用于解释变量和多个响应变量之间的相互关系^[20]。不同处理土壤细菌(门水平)的相对丰度与土壤基本理化性质之间 RDA 分析的结果见图 6。可见,RDA1 轴解释了所有信息的 59.92%,RDA2 轴可解释 20.15%,2 个轴的合计解释度为

80.07%。在 RDA1 轴的正方向上,EC 和 AP 的贡献较大,而 C/N 对 RDA1 轴负方向的贡献最大;OM 和 pH 则分别对 RDA2 轴的正、负方向贡献较大。SS 处理位于第三象限,SH 处理主要集中于第二象限,而 SQ 处理则分布于 RDA1 轴的正方向,说明 3 个处理不同重复之间的变异性较小而处理之间的土壤细菌则存在差异,也表明秸秆还田条件下水稻茬后种植不同作物对土壤环境因子和细菌分布存在一定的影响。RDA 分析还

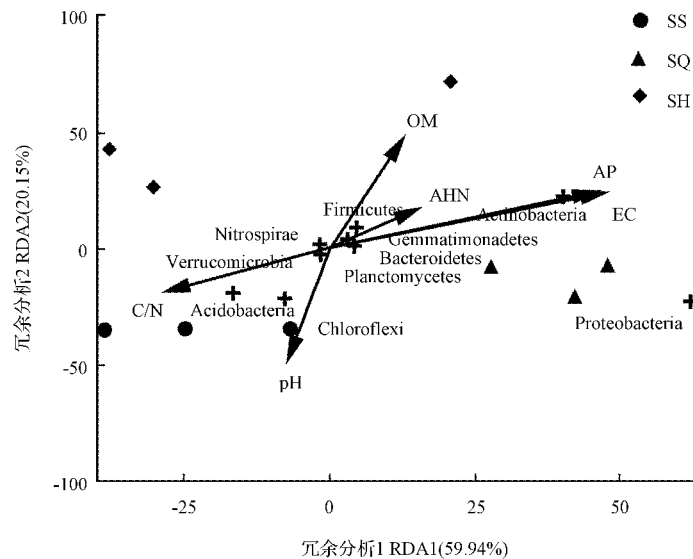


图 6 不同处理土壤细菌(门水平)与土壤因子冗余分析(RDA)

Fig. 6 Redundancy analysis (RDA) of bacteria (phylum level) with soil factors in different treatments

表明,在土壤的基本理化性质中,EC、AP、OM 和 AHN 均指向第一象限,正的相关性较强;pH 和 C/N 则指向第三象限,与前一组理化性质呈负相关。在土壤中丰度具有绝对优势的变形菌门和放线菌门与环境因子中的 EC 和 AP 正相关,而与 C/N 负相关;绿弯菌门和酸杆菌门则与 pH、C/N 具有正相关关系,而与 OM 和 AHN 负相关。

3 讨论与结论

在聚类分析时,SQ 和 SH 处理土壤由于细菌群落结构较为接近可聚为一支,SS 处理则为另一支;而 RDA 则将 3 个处理几乎归为 3 个不同象限;在门、纲和属不同水平的分析均表明 3 个处理细菌分类存在差异,可见与水稻-水稻连作(SS 处理)比较,水稻-青瓜轮作(SQ 处理)和水稻-黄秋葵轮作(SH 处理)会导致土壤细菌群落产生一定的变化。

海南地区秸秆还田条件下水稻后茬作物的种类对土壤细菌群落存在影响可能来源于 3 个方面:其一,不同轮作方式的田间管理存在差异。SS 处理为水稻连作,秸秆还田量是另外 2 个处理(SQ 和 SH)的 2 倍。秸秆还田不仅能增加土壤有机质含量,为微生物繁殖提供丰富碳源,还能提供多种土壤细菌生长所需的营养成分,诸如糖类、

蛋白质、维生素和多酚等^[21],因此尽管 SS 处理始终未施用有机肥,其土壤样本 OTUs、细菌多样性、丰富度等参数均不低于水稻-蔬菜轮作处理。但由于投入品的种类和数量存在差异,土壤中细菌的种类和丰度则有显著不同(图 2~4)。其二,不同作物的根系分泌物对土壤微生物的影响有所不同。根系分泌物是作物与土壤微生物相互作用的媒介,其数量和种类对微生物的生长、代谢、数量和活性均会产生影响^[22]。该研究结果表明,与 SS 和 SH 处理比较,SQ 处理的细菌多样性降低而优势度提高,这可能与黄瓜分泌物的选择性有较大关系^[23]。另外,不同轮作模式导致土壤环境的不同也可能会影响土壤微生物群落。大量研究均已明确土壤环境对微生物群落具有显著影响^[24],该研究通过 RDA 分析也发现土壤理化性质之间及土壤理化性质与细菌之间均存在复杂的相关关系。通常土壤 pH、OM 及速效养分含量的升高和 EC 的降低有利于增加土壤微生物的丰度和多样性^[24-25],C/N 的升高则可能限制农田土壤微生物的增殖^[26]。SS 处理大量秸秆的还田处理,降低土壤酸化速率的同时,也升高了 C/N 比;SQ 和 SH 处理大量施用有机和无机肥料,在增加土壤 OM 和有效养分、改善土壤 C/N 的同时,也降低了土壤 pH,均可能不同程度改变土壤细菌

群落的丰度、多样性和均匀性。

研究表明,土壤中微生物类群尤其是优势细菌类群通常相似且相对稳定^[27],短期施肥或耕作模式的改变对土壤细菌的影响通常不会特别剧烈。尽管所用土壤和栽培作物均不相同,该研究各处理土壤优势菌门与王伏伟等^[18]和郭魏等^[28]的研究基本相同,再次说明了上述结论的正确性。变形菌门是细菌中最大的一个门类,也是环境适应性较强的细菌门类之一,其丰度与土壤固氮作用息息相关^[29],该研究中在 SQ 处理的相对丰度远远高出另外 2 个处理,可能与不同作物对氮营养的需求不同有关。放线菌能够促进动植物残体的腐烂速率,因此在秸秆还田后的腐解和腐殖化过程中具有重要作用;另一个重要作用是与自然界的氮素循环关系密切^[30]。该研究 SQ 和 SH 处理放线菌门相对丰度均高于 SS 处理,可能与水稻-蔬菜轮作土壤氮营养含量丰富有关。酸杆菌门在自然界分布广泛,主要为嗜酸菌,但该研究在 pH 较低的 SQ 和 SH 处理土壤中的丰度却低于 pH 较高的 SS 处理,说明其分布除受 pH 影响外,也受其它耕作条件和土壤因子的影响。在纲水平上,放线菌纲、 α -变形菌纲和酸杆菌纲细菌丰度在不同土壤中均占绝对优势,水稻-蔬菜轮作增加了放线菌纲相对丰度,降低了酸杆菌纲相对丰度,均与不同轮作模式导致的碳、氮供给及土壤 pH 的变化关系密切。

参考文献

- [1] 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.
- [2] 杨尚东,李荣坦,谭宏伟,等.长期单施化肥和有机无机配合条件下红壤蔗区土壤生物学性状及细菌多样性差异[J].植物营养与肥料学报,2016,22(4):1024-1030.
- [3] 唐玉妹,魏朝富,颜廷梅,等.土壤质量生物学指标研究进展[J].土壤,2007,39(2):157-163.
- [4] WANG J Z, WANG X J, XU M G, et al. Crop yield and soil organic matter after long-term straw return to soil in China[J]. Nutrient Cycling in Agroecosystems, 2015, 102(3): 371-381.
- [5] FU Q L, LIU C, DING N F, et al. Soil microbial communities and enzyme activities in a reclaimed coastal soil chronosequence under rice-barley cropping[J]. Journal of Soils and Sediments, 2012, 12(7): 1134-1144.
- [6] FANG S Z, LI H Y, XIE B D. Decomposition and nutrient release of four potential mulching materials for poplar plantations on upland sites[J]. Agro forestry Systems, 2008, 74(1): 27-35.
- [7] 于寒,梁烜赫,张玉秋,等.不同秸秆还田方式对玉米根际土壤微生物及酶活性的影响[J].农业资源与环境学报,2015,32(3):305-311.
- [8] 顾美英,唐光木,葛春辉,等.不同秸秆还田方式对和田风沙土土壤微生物多样性的影响[J].中国生态农业学报,2016,24(4):489-498.
- [9] 郭奇峰,陆扣萍,毛霞丽,等.长期不同施肥对农田土壤养分与微生物群落结构的影响[J].中国农学通报,2015,31(5):150-156.
- [10] LU H H, WU W X, CHEN Y X, et al. Decomposition of Bt transgenic rice residues and response of soil microbial community in rapeseed rice cropping system[J]. Plant and Soil, 2010, 336: 279-290.
- [11] WANG B B, LI R, RUAN Y Z, et al. Pineapple-banana rotation reduced the amount of *Fusarium oxysporum* more than maize-banana rotation mainly through modulating fungal communities[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2015, 86: 77-86.
- [12] 洪珊,剧虹伶,阮云泽,等.茄子与香蕉轮作配施生物有机肥对连作蕉园土壤微生物区系的影响[J].中国生态农业学报,2017,25(1):78-85.
- [13] 张立成,邵继海,林毅青,等.稻-稻-油菜轮作对土壤微生物活性和多样性的影响[J].生态环境学报,2017,26(2):204-210.
- [14] 杨尚东,李荣坦,吴俊,等.番茄连作与轮作土壤生物学特性及细菌群落结构的比较[J].生态环境学报,2016,25(1):76-83.
- [15] 鲍士旦.土壤农化分析[M].3版.北京:中国农业出版社,1999.
- [16] XU N, TAN G, WANG H, et al. Effect of biochar additions to soil on nitrogen leaching, microbial biomass and bacterial community structure[J]. European Journal of Soil Biology, 2016, 74: 1-8.
- [17] 杨菁,周国英,田媛媛,等.降香黄檀不同混交林土壤细菌多样性差异分析[J].生态学报,2015,35(24):8117-8127.
- [18] 王伏伟,王晓波,李金才,等.施肥及秸秆还田对砂姜黑土细菌群落的影响[J].中国生态农业学报,2015,23(10):1302-1311.
- [19] 王佩雯,朱金峰,陈征,等.高通量测序技术下连作植烟土壤细菌群落与土壤环境因子的耦合分析[J].农业生物技术学报,2016,24(11):1754-1763.
- [20] 邓利廷,佟天奇,葛菁萍.不同果园土壤微生物分布与生态因子的冗余分析[J].中国农学通报,2017,33(9):41-47.
- [21] 张晓晓,安美君,吴凤芝.不同生态条件对西瓜根际土壤微生物群落结构的影响[J].北方园艺,2017(3):101-108.
- [22] 张东艳,赵建,杨水平,等.川明参轮作对烟地土壤微生物群落结构的影响[J].中国中药杂志,2016,41(24):4556-4563.
- [23] 冯帅,刘小利,吴小丽,等.不同水分条件对玉米根际微生物群落的影响[J].作物杂志,2017(1):127-134.
- [24] 何志刚,娄春荣,王秀娟,等.氮钾配施对设施番茄土壤微生物群落及土壤养分和盐分的影响[J].北方园艺,2017(9):148-153.

- [25] 罗倩,黄宝灵,唐治喜,等.新疆盐渍土 3 种植被类型土壤微生物碳源利用[J].应用与环境生物学报,2013,19(1):96-104.
- [26] 刘洋,曾全超,黄懿梅.基于 454 高通量测序的黄土高原不同乔木林土壤细菌群落特征[J].中国环境科学,2016,36(11):3487-3494.
- [27] 隋心,张荣涛,钟海秀,等.利用高通量测序对三江平原小叶章湿地土壤细菌多样性的研究[J].土壤,2015,47(5):919-925.
- [28] 郭魏,齐学斌,李平,等.不同施氮水平下再生水灌溉对土壤细菌群落结构影响研究[J].环境科学学报,2017,37(1):280-287.
- [29] LIU J J, SUI Y Y, YU Z H, et al. High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of northeast China[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 70: 113-122.
- [30] LAUBER C L, STRICKLAND M S, BRADFORD M A, et al. The influence of soil properties on the structure of bacterial and fungal communities across land-use types[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2008, 40(9): 2407-2415.

Effect of Rice-vegetable Rotation on Soil Bacterial Community Under Straw Returning

ZHAO Muqiu, ZHOU Nana, DU Qianjin, LI Ming, SHI Yunfeng

(College of Life Science and Ecology, Hainan Tropical Ocean University, Sanya, Hainan 572022)

Abstract: In order to investigate the influence of rice-vegetable rotation on soil bacterial community under straw returning in Hainan area, a field experiment was set including three treatments (rice-rice SS, rice-cucumber SQ and rice-okra SH) and lasted for two years. The differences of soil bacterial communities were determined by high-throughput sequencing method on Illumina HiSeq platform, and the relationship between soil bacterial communities and physical-chemical properties was analysed. The results showed that, 1) 347 544 reads of 16 094 OTUs were generated under all the treatments with an average length of 436 bp. The soil of SS treatment contained the most OTUs, which were 7.8% and 9.4% more than that of SQ and SH treatments, respectively. 2) There was no significant difference ($P < 0.05$) in soil bacterial richness among three treatments. Rice-cucumber rotation (SQ) reduced the bacterial diversity of soil but increased the bacterial dominance. 3) Rice-vegetable rotation increased the relative abundance of Firmicutes and Gemmatimonadetes, but decreased the relative abundance of Chloroflexi and Acidobacteria on phylum level, and increased the relative abundance of Actinobacteria, Bacilli, Gemmatimonadetes, Gammaproteobacteria and Thermomicrobia, decreased the relative abundance of Acidobacteria, Betaproteobacteria and Ktedonobacteria on class level. 4) The relative abundance of Proteobacteria and Actinobacteria was positively correlated with soil electrical conductivity (EC) and available phosphorus content (AP), but negatively correlated with soil C/N. While the relative abundance of Chloroflexi and Acidobacteria was positively correlated with soil pH and C/N, but negatively correlated with soil organic matter (OM) and alkali hydrolyzable nitrogen (AHN) content.

Keywords: bacterial community; high-throughput sequencing; soil; straw returning; rotation