

DOI: 10.12101/j.issn.1004-390X(n).202004060

施用有机肥对烤烟根际土壤细菌 群落多样性的影响*

刘 魁, 田阳阳, 王正旭, 杨继周, 李湘伟, 孙蒙猛, 严 杰, 赵文军**
[红塔烟草(集团)有限责任公司, 云南 玉溪 653100]

摘要:【目的】研究施用有机肥对烤烟根际土壤细菌群落多样性的影响, 为烟区土壤改良提供科学依据。【方法】设置单施化肥、增施烟草专用有机肥、生物有机肥和精制有机肥 4 个处理, 运用高通量测序技术对有机肥施用后烤烟根际土壤细菌群落结构组成、多样性及功能预测进行分析。【结果】增施有机肥后, 烤烟根际土壤细菌群落 Shannon 指数、Chao 1 指数及特有细菌菌种数量均有所提高, 表现为生物有机肥>精制有机肥>烟草专用有机肥。增施有机肥处理的烤烟根际土壤中变形菌门 (Proteobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes)、绿弯菌门 (Chloroflexi) 和浮霉菌门 (Planctomycetes) 等优势门及鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、黄色土源菌属 (*Flavisolibacter*)、*Bryobacter* 和芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*) 等优势属的相对丰度较单施化肥处理均有所增加, 但放线菌门 (Actinobacteria) 相对丰度降低。细菌群落功能预测结果表明: 增施有机肥有利于提高烤烟根际土壤中化能异养、几丁质分解、光养、光异养、硝化和发酵等功能性细菌群落的相对丰度。【结论】在施用化肥的基础上配施有机肥有利于提高烤烟根际土壤细菌群落多样性、丰富度及功能性细菌群落的相对丰度, 其中以施用烟草专用有机肥表现更为突出, 有利于提高土壤细菌群落多样性, 促进土壤碳氮代谢。

关键词: 有机肥; 烤烟; 细菌群落多样性; 高通量测序

中图分类号: S 154.38 文献标志码: A 文章编号: 1004-390X (2021) 06-0977-08

Effect of Organic Fertilizer Application on Bacterial Community Diversity in Rhizosphere Soil of Flue-cured Tobacco

LIU Kui, TIAN Yangyang, WANG Zhengxu, YANG Jizhou, LI Xiangwei,
SUN Mengmeng, YAN Jie, ZHAO Wenjun
[Hongta Tobacco (Group) Co., Ltd., Yuxi 653100, China]

Abstract: [Purpose] To provide scientific basis for the improvement of soil in tobacco area, the effect of organic fertilizer application on the diversity of bacterial community in rhizosphere soil of flue-cured tobacco was studied. [Method] Four treatments were set up: single application of chemical fertilizer, increasing application of special organic fertilizer for tobacco, application of bio-organic fertilizer and application of refined organic fertilizer. The high-throughput sequencing technology was used to analyze the composition, diversity and function prediction of bacterial community in flue-cured tobacco rhizosphere soil after application of organic fertilizer. [Result] The Shannon index,

收稿日期: 2020-04-28 修回日期: 2021-08-30 网络首发时间: 2021-11-19 16:56:59

*基金项目: 红塔烟草(集团)有限责任公司科技项目 (2019YL07)。

作者简介: 刘魁 (1985—), 男, 山东潍坊人, 硕士, 农艺师, 主要从事烟叶原料研究及管理。

E-mail: sdaokui@163.com

**通信作者 Corresponding author: 赵文军 (1984—), 男, 云南保山人, 硕士, 高级农艺师, 主要从事烟叶生产、技术推广及现代烟草农业基地单元建设与管理。E-mail: zhaowenjun19840207@163.com

网络首发地址: <https://kns.cnki.net/kcms/detail/53.1044.S.20211117.1656.006.html>



Chao 1 index and the population of special bacteria in flue-cured tobacco rhizosphere soil were increased by organic fertilizer application, which showed that bio-organic fertilizer > refined organic fertilizer > special organic fertilizer for tobacco. In the rhizosphere soil of flue-cured tobacco treated with organic fertilizer, the relative abundances of the dominant phylum such as Proteobacteria, Acidobacteria, Gemmatimonadetes, Chloroflexi, Planctomycetes and dominant genus such as *Sphingomonas*, *Flavisolibacter*, *Bryobacter* and *Gemmatimonas* increased compared with the treatment of single chemical fertilizer, but the relative abundances of Actinobacteria decreased. The prediction results of bacterial community function showed that the application of organic fertilizer increased the relative abundance of functional bacterial community in rhizosphere soil of flue-cured tobacco, such as chemoheterotrophy, chitinolysis, phototrophy, photoheterotrophy, nitrification and fermentation.

[**Conclusion**] Based on the application of chemical fertilizer, increasing the application of organic fertilizer can improve the diversity, richness and relative abundance of functional bacterial community in rhizosphere soil of flue-cured tobacco. Among them, the application of tobacco special organic fertilizer is more prominent, which is conducive to improve soil bacterial community diversity and promote soil carbon and nitrogen metabolism.

Keywords: organic fertilizer; flue-cured tobacco; bacterial community diversity; high-throughput sequencing

土壤细菌是土壤微生物区系的重要组成部分, 在土壤中参与有机质分解、腐殖质形成及养分循环过程, 是土壤物质转化的驱动力, 其多样性和丰富度是衡量土壤健康状况及肥力水平的生物指标之一^[1-2]。但目前烤烟生产上随着复种指数的增加及化肥的长期施用, 土壤环境发生了巨大变化, 有机质含量逐渐降低, 供肥能力逐渐减弱, 有益微生物减少, 限制了烟叶质量的提升^[3]。研究表明: 6 年定位施用化肥植烟土壤有机质含量较原始土壤下降 6.09%^[4]; 12 年定位施用化肥植烟土壤自生固氮菌和无机磷细菌数量分别较不施肥土壤降低 56.69% 和 41.30%^[5]; 16 年定位施用化肥植烟土壤有机质含量下降 20.56%, 真菌种群数量增加, 病原微生物相对占比增大^[6]。可见, 长期单施化肥不利于土壤的可持续利用和培肥土壤。改变施肥模式, 增加有机肥的施用可对土壤微生物产生重要影响^[7]。前人通过平板计数法、Biolog 法和高通量测序技术对植烟土壤微生物的研究表明: 施用有机肥较单施化肥可提高植烟土壤中的细菌多样性和丰富度^[8], 提高烤烟根际土壤细菌数量和微生物总量^[9], 增加土壤中氮素转化相关微生物数量^[10], 提高碳源利用能力^[11]。针对连作植烟土壤, 施用有机肥也可提高细菌多样性、丰度及进化距离指数, 促进细菌群落进

化^[12]。因此, 研究施用有机肥对土壤微生物变化的影响, 对科学施肥、改善烟区土壤状况及烟区的可持续发展具有重要意义。

不同种类的有机肥对土壤微生物的作用存在一定差异。赵文超^[13]对 6 种有机肥的研究表明: 不同有机肥处理土壤细菌种群结构相似度为 73.45%, 但不同处理间在信号转导、碳素循环及代谢等方面仍存在差异。施娴等^[14]对 4 种有机肥的研究表明: 施用有机肥可增加土壤微生物数量, 但不同有机肥处理间表现不同。因此, 本研究以玉溪烟区 3 种组分差异较大的常用商品有机肥为材料, 利用 IonS5™XL 高通量测序平台研究施用不同有机肥对烤烟根际土壤细菌群落多样性的影响, 并对其进行功能预测分析, 为烟区土壤改良修复及可持续发展提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况及试验材料

试验于 2018 年 4—9 月在云南省玉溪市峨山县塔甸镇瓦哨宗村 (N24.28°, E102.11°) 进行, 土壤类型为红壤, 前作为油菜, 土壤理化性质为: pH 6.5, 有机质含量 33.26 g/kg, 全氮含量 1.85 g/kg, 碱解氮含量 114.52 mg/kg, 有效磷含量 43.27 mg/kg, 速效钾含量 231.46 mg/kg。供试烤烟品种为 K326。

1.2 试验方法

试验共设置 4 个处理, (1) CK: 烟草专用复合肥 [m(N) : m(P) : m(K)=12 : 6 : 24] 600 kg/hm²; (2) T₁ 处理: CK+烟草专用有机肥 1.5 t/hm² (pH 6.3, 有机质含量 55.04%, 全氮含量 1.67%, C/N=19.12, 成分主要为菜籽粕、作物秸秆和腐殖酸等); (3) T₂ 处理: CK+生物有机肥 1.5 t/hm² (pH 7.1, 有机质含量 90.8%, 全氮含量 0.90%, C/N=58.52, 成分主要为腐殖酸和生物菌等); (4) T₃ 处理: CK+精制有机肥 1.5 t/hm² (pH 7.42, 有机质含量 89.71%, 全氮含量 2.96%, C/N=17.58, 成分主要为菜叶渣和油枯等)。各有机肥均为商品有机肥。试验采用完全随机区组设计, 3 次重复, 每个小区面积 55.56 m², 烤烟种植行株距为 120×50 cm, 2018 年 4 月 26 日开始移栽, 9 月 10 日采收结束。施肥方式为基肥: 30% 烟草专用复合肥加全部有机肥在烤烟移栽时拌塘施用; 追肥: 70% 复合肥在移栽后 30 d 内分 2 次追施。其他生产措施按照烤烟常规栽培技术操作。

1.3 土壤样品采集

根际土壤样品于烤烟移栽后 55 d 利用抖土法^[15]采集。每个小区按五点取样法采集土壤样品, 将各处理不同重复土壤样品混匀后进行四分法留取, 将得到的 4 个处理样本放入-80 ℃ 超低温冰箱冷冻保存, 待测。

1.4 测定方法

1.4.1 土壤微生物基因组 DNA 的提取

用 MO-BIO PowerSoil®DNA Isolation Kit 对各处理土壤样品微生物基因组 DNA 进行提取, 利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的纯度和含量, 用无菌水稀释至 1 ng/μL。

1.4.2 PCR 扩增及测序

将带标签序列的 16S rDNA V4 区特异引物 51-5F: 5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3'和 806R: 5'-GGACTACH VGGGTWTCTAAT-3'用 Phusion®

High-Fidelity PCR Master Mix with GC Buffer 进行 PCR, 将 PCR 产物用 2% 琼脂糖凝胶进行电泳检测, 使用 GeneJET 凝胶回收试剂盒回收 PCR 产物。构建好的文库经过 Qubit 定量和文库检测合格后, 使用 Thermofisher 公司的 Ion S5™XL 测序平台进行上机测序。该过程由北京诺禾致源科技股份有限公司完成。

1.4.3 数据处理

将截去标签序列和引物序列初步质控得到的原始序列通过 UCHIME 软件^[16]与物种注释数据库进行比对检测嵌合体序列, 并去除其中的嵌合体序列^[17], 得到最终的有效序列。利用 Uparse 软件^[18]以 97% 的一致性将所有样品的全部有效序列聚类成为 OTUs。用 Mothur 方法^[19]与 SILVA 的 SSUrRNA 数据库^[20]进行物种注释分析, 以样品中数据量最少的样本为标准, 对各样品数据均一化处理后进行后续数据分析。使用 Qiime V1.9.1 计算细菌群落 α 多样性指数和 unifracs 距离 (分析细菌群落 β 多样性), 并构建 UPGMA 样品聚类树。α 多样性指数中, Shannon 指数为菌群多样性指数, Chao 1 指数和 ACE 指数为菌群丰度指数, 指数值越大表示细菌群落多样性越高、种类越丰富。使用 R 软件 (Version 2.15.3) 绘制稀释曲线、PCA 图 (分析细菌群落 β 多样性) 和韦恩图。使用 FAPROTAX^[21]工具进行细菌群落功能预测。

2 结果与分析

2.1 测序质量

由表 1 可知: 4 个处理样本测序后经初步质控得到的原始序列数为 351 299 条, 去除嵌合体后得到的有效序列数为 340 351 条, 占原始序列数的 96.88%, 按 97% 一致性共聚类为 5 655 个 OTUs, 注释到 3 界 37 门 50 纲 114 目 211 科 500 属 (含未明确细菌)。由图 1 可知: 随着测序数量的不断增加, 细菌 OTUs 丰度的稀释曲线斜率逐

表 1 烤烟根际土壤样品测序结果
Tab. 1 Sequencing results of flue-cured tobacco rhizosphere soil samples

处理 treatment	原始序列数 raw reads	有效序列数 clean reads	有效序列占比/% percentage of clean reads	OTUs 数量 OTUs number	OTUs 包含的序列数 number of reads contained in OTUs
CK	82 529	80 229	97.21	3 394	71 491
T ₁	82 659	80 177	97.00	3 676	71 595
T ₂	83 298	80 117	96.18	3 882	69 998
T ₃	102 813	99 828	97.10	3 871	88 314

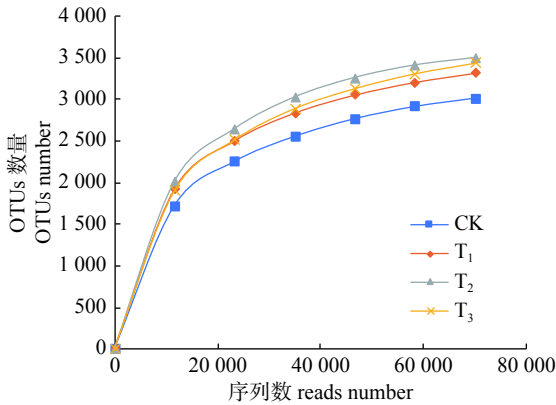


图 1 烤烟根际土壤细菌 OTUs 丰度稀释曲线

Fig. 1 Dilution curve of bacteria OTUs abundance in flue-cured tobacco rhizosphere soil

渐减小后趋于平坦，表明测序数据量合理，能够反映出不同处理烤烟根际土壤细菌群落结构组成，而更多的数据量只会产生少量新的物种。

2.2 细菌群落 α 多样性分析

由表 2 可知：测序深度指数样品文库覆盖率为 99.66%~99.81%，表明制备文库覆盖了烤烟根际土壤样品中 99.66% 以上的细菌类群，库存容量足够反映样品中细菌群落的真实组成。各处理细菌 Shannon 指数、Chao 1 指数和 ACE 指数排序均为 $T_2>T_3>T_1>CK$ ，表明增施有机肥均有利于提高烤烟根际土壤细菌群落多样性和丰富度。

表 2 施用有机肥对烤烟根际土壤细菌群落 α 多样性指数的影响

Tab. 2 Effects of organic fertilizer application on the α diversity index of bacterial community in rhizosphere soil of flue-cured tobacco

处理 treatment	Shannon 指数 Shannon index	Chao 1 指数 Chao 1 index	ACE 指数 ACE index	样品文库 覆盖率/% goods coverage
CK	8.97	2832.83	2882.28	99.69
T ₁	9.01	3095.52	3142.34	99.67
T ₂	9.36	3351.69	3400.04	99.81
T ₃	9.21	3235.45	3300.91	99.66

2.3 细菌 OTUs 分布

由图 2 可知：CK、T₁、T₂ 和 T₃ 处理烤烟根际土壤样本中共有的细菌 OTUs 数为 1 716，每个处理均有数量不等的其他样品没有出现的 OTUs，各处理按特有 OTUs 数量排序为 $T_2>T_3>T_1>CK$ 。可见，施用有机肥可提高烤烟根际土壤特有细菌菌种数量。

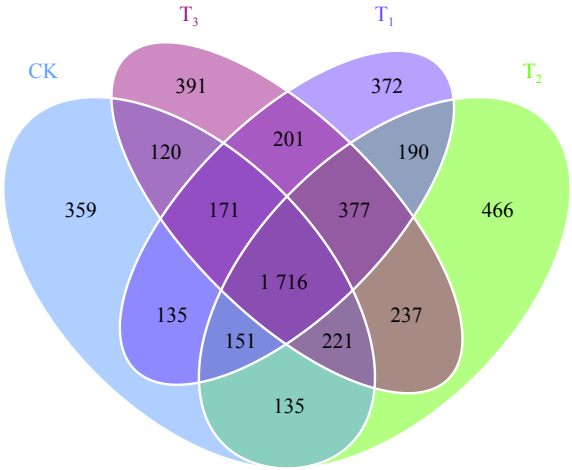


图 2 烤烟根际土壤细菌 OTUs 分布韦恩图

Fig. 2 Venn graph of bacteria OTUs distribution in rhizosphere soil of flue-cured tobacco

2.4 细菌群落结构组成及相对丰度

对不同处理根际土壤中优势细菌门相对丰度的分析(图 3)表明：各处理根际土壤中相对丰度排名前 10 的优势细菌门分别为：变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes)、未明确细菌、绿弯菌门 (Chloroflexi)、浮霉菌门 (Planctomycetes)、疣微菌门 (Verrucomicrobia) 和厚壁菌门 (Firmicutes)，总相对丰度达到 95.12%~96.46%。各有机肥处理变形菌门、酸杆菌门、芽单胞菌门、绿弯菌门和浮霉菌门相对丰度较 CK 均有所增加，但放线菌门的相对丰度有所下降，其中 T₁ 和 T₂ 处理酸杆菌门、绿弯菌门及浮霉菌门相对丰度均高于 T₃ 处理，T₃ 处理变形菌门相对更为丰富，芽单胞菌门相对丰度以 T₁ 处理最高。

对排名前 5 的优势细菌门中包含序列数最多的 OTUs 所代表的细菌属相对丰度进行对比分析。结果(表 3)表明：T₁、T₂ 与 T₃ 处理烤烟根际土壤中变形菌门鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、拟杆菌门黄色土源菌属 (*Flavisolibacter*)、酸杆菌门 *Bryobacter*、芽单胞菌门芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*) 的相对丰度较 CK 均有所增加，且以 T₁ 处理最高，但放线菌门未明确细菌属的相对丰度均低于 CK。

2.5 细菌群落 β 多样性分析

PCA 结果(图 4)表明：第 1 主成分 (PC1) 可以解释 47.15% 的细菌群落组成成分，第 2 主成

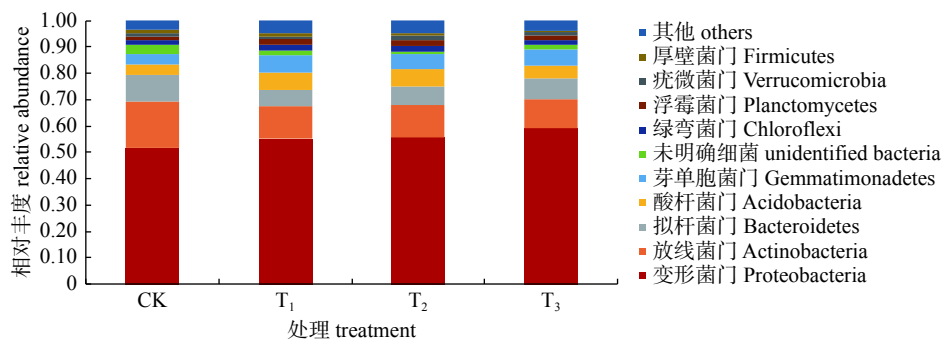


图 3 施用有机肥对烤烟根际土壤优势细菌门结构组成和相对丰度的影响

Fig. 3 Effects of organic fertilizer application on the composition and relative abundance of dominant bacterial community in rhizosphere soil of flue-cured tobacco at phylum level

表 3 施用有机肥对烤烟根际土壤优势细菌相对丰度的影响

Tab. 3 Effects of organic fertilizer application on the relative abundance of dominant bacteria in flue-cured tobacco rhizosphere soil %

处理 treatments	变形菌门 Proteobacteria 鞘氨醇单胞菌属 <i>Sphingomonas</i>	放线菌门 Actinobacteria 其他属 other genus	拟杆菌门 Bacteroidetes 黄色土源菌属 <i>Flavisolibacter</i>	酸杆菌门 Acidobacteria <i>Bryobacter</i>	芽单胞菌门 Gemmatimonadetes 芽单胞菌属 <i>Gemmatimonas</i>
CK	14.87	4.00	0.84	0.69	1.27
T ₁	20.60	2.35	1.38	0.92	2.30
T ₂	19.11	1.71	1.20	0.70	1.88
T ₃	20.39	1.53	1.30	0.82	2.13

分 (PC2) 可以解释 29.05% 的细菌群落组成成分, 合计解释度为 76.20%。施用有机肥处理位于第二和第三象限, 其中 T₁ 和 T₂ 处理处于第三象限, T₃ 处理处于第二象限, CK 处理处于第四象限。在第 1 主成分上, T₁、T₂ 和 T₃ 处理具有相似性, 且与 CK 有较大差异。表明施用不同有机

肥后细菌群落物种相对丰度较单施化肥均发生了明显变化。

由图 5 可知: 当 unifrac 距离为 0.025 时, 各处理烤烟根际土壤细菌群落在门水平上可聚为 2 类, 施用有机肥处理为 1 类, 单施化肥处理为 1 类; 当 unifrac 距离为 0.0375~0.0500 时可聚为 3 类, T₁ 和 T₂ 处理为 1 类, T₃ 处理与 CK 分别单独为 1 类。表明施用有机肥处理细菌群落组成及相对丰度与单施化肥处理均有明显差异, 其中 T₁ 与 T₂ 处理相似度较高。

2.6 细菌群落功能分析

根据 16S 序列分类注释结果, 利用 FAPROTAX 工具对细菌群落功能进行注释预测, 总共获得 56 个功能分组; 相对丰度排名前 10 的细菌群落功能分组信息及聚类结果见图 6。结果表明: 各有机肥处理烤烟根际土壤中化能异养、几丁质分解、光养、光异养、硝化和发酵等功能的细菌群落相对丰度均高于单施化肥处理, 而芳香化合物降解功能的细菌群落相对丰度低于单施化肥处理。T₁ 处理发酵和捕食性功能的细菌群落相对丰度高于其他处理; T₂ 处理硝酸盐还原功能的细菌群落相对丰度高于其他处理, 其硝化功能的细菌

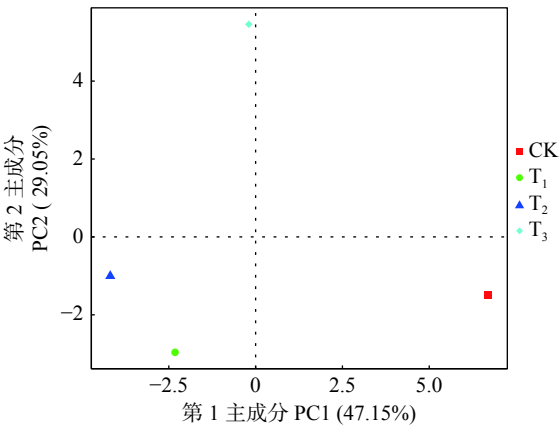


图 4 各处理烤烟根际土壤细菌群落在门水平上的 PCA 分析

Fig. 4 PCA analysis of bacterial community in rhizosphere soil of flue-cured tobacco under different treatments at phylum level

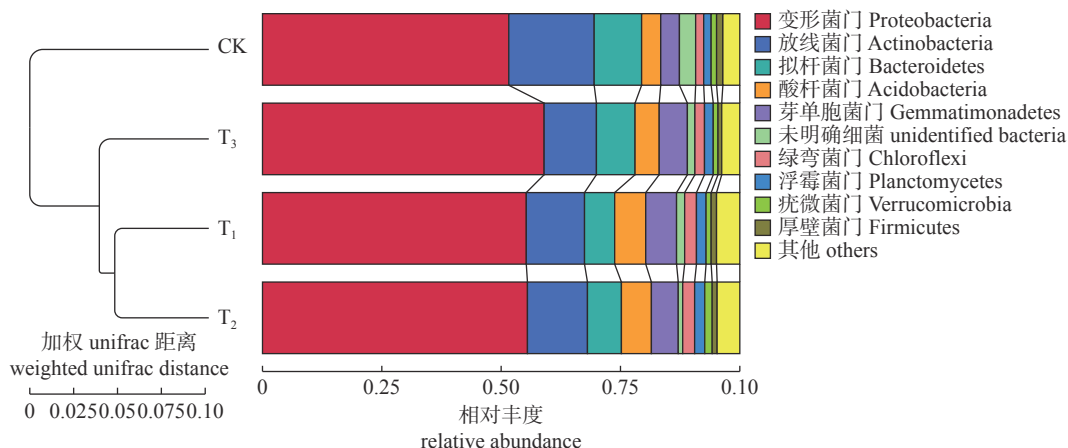
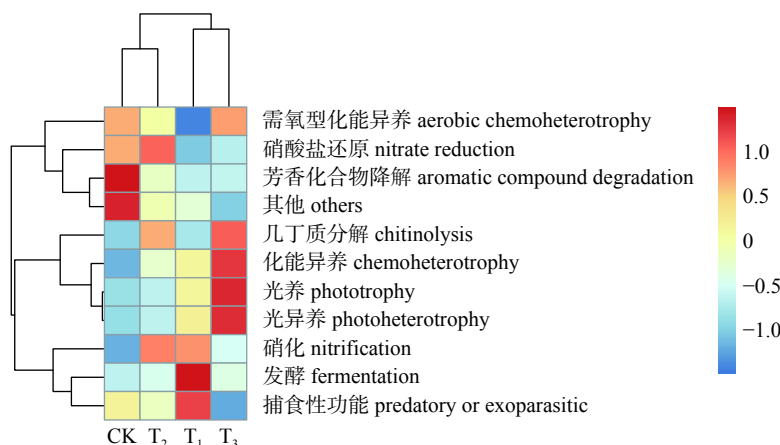


图 5 各处理烤烟根际土壤细菌群落在门水平上的 UPGMA 聚类分析

Fig. 5 UPGMA cluster analysis of bacterial community in rhizosphere soil of flue-cured tobacco under different treatments at phylum level



注：各行不同颜色代表功能细菌群落相对丰度，颜色越深代表相对丰度越大。

Note: The different colors represent the relative abundance of functional bacterial community; the darker the color, the greater the relative abundance.

图 6 基于 FAPROTAX 工具的细菌群落功能预测结果

Fig. 6 Prediction results of bacterial community function based on FAPROTAX

群落相对丰度 (1.07%) 与 T_1 处理 (1.04%) 水平相当且高于 CK 和 T_3 处理； T_3 处理化能异养、光养和光异养等功能的细菌群落相对丰度高于其他处理。

3 讨论

有机肥施用作为烤烟生产的重要措施之一，其种类、数量对土壤微生物群落结构及多样性均会产生一定的影响。刘昌等^[22]研究表明：有机肥和无机肥配施可以提高土壤细菌多样性指数；樊俊等^[23]研究发现：施用腐熟有机肥可提高土壤微生物 OTUs 总量及群落多样性和丰富度指数。本研究中，各有机肥处理根际土壤中细菌 OTUs 数

量、Shannon 指数和 Chao1 指数较单施化肥均有所增加，说明增施有机肥有利于提高烤烟根际土壤细菌群落多样性和丰富度，这与刘昌等^[22]及樊俊等^[23]的研究结果一致。其中，生物有机肥处理的细菌群落多样性和丰富度高于其他处理，可能有以下两方面的原因：一是生物有机肥的施入将细菌带入土壤中；二是高 C/N 有机肥为土壤提供了更多的有机碳含量，从而提高了土壤细菌对碳源的利用能力，促进细菌生长繁殖而增加其数量。王军等^[24]研究表明：施用 C/N 越高的有机肥导致土壤有机质和水溶性碳含量相应增加；焦晓光等^[25]研究表明：土壤微生物量碳、基础呼吸和细菌数量随土壤有机质含量的增加而增加。但是

过高的 C/N 容易导致微生物与作物竞争土壤中氮素^[26],因此在施用该生物有机肥时需适当调整氮肥用量。

高通量测序技术作为研究微生物多样性的分子生物学手段,可检测到更多低丰度的遗传信息,能更深层次地揭示微生物群落结构组成^[27]。本研究利用高通量测序技术对烤烟根际土壤优势细菌门、属的分析发现:各处理均以变形菌门相对丰度最高,这与陈泽斌等^[28]的研究结果一致。本研究发现:各增施有机肥处理根际土壤样品鞘氨醇单胞菌属、*Bryobacter* 及芽单胞菌属均有所增加,变形菌门中鞘氨醇单胞菌属对芳香化合物具有高代谢能力^[29],酸杆菌门 *Bryobacter* 具有促进土壤碳循环的作用^[30],芽单胞菌门芽单胞菌属具有降解复杂的大分子有机化合物的作用^[31],这说明施用有机肥有利于土壤中鞘氨醇单胞菌属、*Bryobacter* 及芽单胞菌属等碳循环功能细菌群落的富集。从 PCA 和 UPGMA 聚类结果也可看出:有机肥处理的根际土壤细菌群落组成及相对丰度在门水平上相似性较高,与单施化肥有较大差异。这可能是因为施用有机肥均可提高土壤中有机物质的含量,进而促进有机物降解功能细菌数量增加。各有机肥处理土壤样品中放线菌门相对丰度较单施化肥处理有所降低,这与刘昌等^[22]的研究结果一致,但与施河丽等^[32]的研究结果不一致,这可能是由于有机肥施用改变了土壤的 pH、氮素形态及养分含量,进而影响土壤放线菌数量的变化。有研究表明:放线菌是一类喜中性偏碱环境的微生物,且数量与土壤中氮素形态及养分含量密切相关^[33-34],但有机肥施用对放线菌的具体影响机制还有待进一步研究。

FAPROTAX 是 LOUCA 等^[21]为解析微生物群落功能于 2016 年创建的基于原核微生物分类的功能注释数据库。本研究发现:施用有机肥后,烤烟根际土壤中硝化功能的细菌群落相对丰度高于单施化肥处理,这与刘娟娟^[35]的研究结果一致;其中,烟草专用有机肥与生物有机肥处理硝化功能的细菌群落相对丰度高于其他处理,这可能是因为这 2 种有机肥原料中含有活性较高的矿物源腐殖酸。有研究表明:褐煤和风化煤等矿物源腐殖酸对土壤硝化作用具有明显的促进作用^[36]。此外,烟草专用有机肥处理土壤发酵功能的细菌群落相对丰度、生物有机肥处理硝酸盐还原功能

的细菌群落相对丰度以及精制有机肥处理化能异养、光养和光异养功能的细菌群落相对丰度均高于其他处理,表明烟草专用有机肥处理更有利于促进土壤碳氮代谢,生物有机肥处理更有利于促进氮代谢,精制有机肥处理更有利于促进碳代谢。基于 FAPROTAX 工具可以预测土壤中已知功能细菌群落的相对丰度,而土壤中还有大量细菌功能未知,今后有必要继续深入研究。

4 结论

本研究施用的生物有机肥、精制有机肥和烟草专用有机肥均有利于提高烤烟根际土壤细菌群落多样性及特有细菌菌种数量。在土壤细菌群落结构组成方面,烟草专用有机肥处理根际土壤细菌群落结构组成及相对丰度与生物有机肥处理相似,均表现为酸杆菌门、绿弯菌门及浮霉菌门更丰富,而精制有机肥处理以变形菌门更丰富;有机肥处理鞘氨醇单胞菌属、黄色土源菌属、*Bryobacter* 和芽单胞菌属等为主要优势细菌门的主要细菌属,且均以烟草专用有机肥处理更丰富。在土壤细菌功能性方面,施用有机肥均有利于提高根际土壤中化能异养、发酵、硝化、光养和光异养等功能性细菌群落的相对丰度,其中,施用烟草专用有机肥处理发酵功能的细菌群落相对更丰富,施用生物有机肥处理硝酸盐还原功能的细菌群落相对更丰富,施用精制有机肥处理化能异养及光养功能的细菌群落相对更丰富。整体而言,以施用烟草专用有机肥对烤烟根际土壤细菌群落多样性的影响更为突出,有利于提升土壤细菌群落多样性,促进土壤碳氮代谢。

[参考文献]

- [1] 叶协锋,张友杰,鲁喜梅,等. 土壤微生物与土壤营养关系研究进展[J]. 土壤通报, 2010, 41(1): 237. DOI: 10.19336/j.cnki.trtb.2010.01.048.
- [2] 王瑾,毕银丽,张延旭,等. 接种丛枝菌根对矿区扰动土壤微生物群落及酶活性的影响[J]. 南方农业学报, 2014, 45(8): 1417. DOI: 10.3969/j.issn.2095-1191.2014.8.1417.
- [3] 张璐,任天宝,阎海涛,等. 不同有机物料对烤烟根际土壤碳库、酶活性及根系活力的影响[J]. 中国烟草科学, 2018, 39(2): 39. DOI: 10.13496/j.issn.1007-5119.2018.02.006.
- [4] 夏志林,苟剑渝,彭玉龙,等. 长期施肥对植烟土壤与烤烟产质量的影响[J]. 贵州农业科学, 2017, 45(4): 63. DOI: 10.3969/j.issn.1001-3601.2017.04.016.

- [5] 杨宇虹, 晋艳, 黄建国, 等. 长期施肥对植烟土壤微生物的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2014, 20(5): 1186. DOI: [10.11674/zwyf.2014.0515](#).
- [6] 陈丹梅, 段玉琪, 杨宇虹, 等. 长期施肥对植烟土壤养分及微生物群落结构的影响[J]. 中国农业科学, 2014, 47(17): 3424. DOI: [10.3864/j.issn.0578-1752.2014.17.010](#).
- [7] 陈浩, 魏立本, 王亚麒, 等. 烤烟不同种植施肥模式对土壤养分、酶活性及细菌多样性的影响[J]. 南方农业学报, 2019, 50(5): 982. DOI: [10.3969/j.issn.2095-1191.2019.05.09](#).
- [8] 杨德廉, 李祥英, 马凤静, 等. 有机肥施用对烟田土壤细菌多态性的影响[J]. 中国烟草科学, 2018, 39(3): 31. DOI: [10.13496/j.issn.1007-5119.2018.03.005](#).
- [9] 张云伟, 徐智, 汤利, 等. 不同有机肥对烤烟根际土壤微生物的影响[J]. 应用生态学报, 2013, 24(9): 2551. DOI: [10.13287/j.1001-9332.2013.0504](#).
- [10] 丁梦娇, 黄莺, 易维洁, 等. 施用有机肥对植烟土壤氮素转化与功能微生物的影响[J]. 西南农业学报, 2016, 29(5): 1166. DOI: [10.16213/j.cnki.scjas.2016.05.031](#).
- [11] 武盼盼, 刘书武, 朱毅, 等. 不同施肥措施对酸性植烟土壤酶活性及微生物的影响[J]. 中国农学通报, 2017, 33(30): 103. DOI: [10.11924/j.issn.1000-6850.casb16100078](#).
- [12] 张艺洁, 邵惠芳, 张珂, 等. 基于高通量测序研究施肥对连作植烟土壤环境及微生物的影响[J]. 中国农业科技导报, 2018, 20(5): 16. DOI: [10.13304/j.nykjdb.2017.0348](#).
- [13] 赵文超. 有机肥施用对烟田土壤细菌多态性的影响[D]. 泰安: 山东农业大学, 2016.
- [14] 施娴, 刘艳红, 王田涛, 等. 有机肥与烟草专用肥配施对植烟土壤微生物和土壤酶活性的动态变化[J]. 土壤通报, 2017, 48(5): 1126. DOI: [10.19336/j.cnki.trtb.2017.05.15](#).
- [15] 苏宝玲, 韩士杰, 王建国. 根际微域研究中土样采集方法的研究进展[J]. 应用生态学报, 2000, 11(3): 477. DOI: [10.13287/j.1001-9332.2000.0118](#).
- [16] EDGAR R C, HAAS B J, CLEMENTE J C, et al. UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection[J]. Bioinformatics, 2011, 27(16): 2194. DOI: [10.1093/bioinformatics/btr381](#).
- [17] HAAS B J, GEVERS D, EARL A M, et al. Chimeric 16S rRNA sequence formation and detection in Sanger and 454-pyrosequenced PCR amplicons[J]. Genome Research, 2011, 21(3): 494. DOI: [10.1101/gr.112730.110](#).
- [18] EDGAR R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. Nature Methods, 2013, 10(10): 996. DOI: [10.1038/nmeth.2604](#).
- [19] WANG Q, GARRITY G M, TIEDJE J M, et al. Naïve Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2007, 73(16): 5261. DOI: [10.1128/aem.00062-07](#).
- [20] 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: D590. DOI: [10.1093/nar/gks1219](#).
- [21] LOUCA S, PARFREY L W, DOEBELI M. Decoupling function and taxonomy in the global ocean microbiome[J]. Science, 2016, 353(6305): 1272. DOI: [10.1126/science.aaf4507](#).
- [22] 刘昌, 黄莺, 陈雪, 等. 有机、无机肥配施比例对植烟土壤细菌组成及烤烟产质量的影响[J]. 河南农业科学, 2018, 47(6): 52. DOI: [10.15933/j.cnki.1004-3268.2018.06.010](#).
- [23] 樊俊, 谭军, 王瑞, 等. 秸秆还田和腐熟有机肥对植烟土壤养分、酶活性及微生物多样性的影响[J]. 烟草科技, 2019, 52(2): 12. DOI: [10.16135/j.issn1002-0861.2018.0255](#).
- [24] 王军, 丁效东, 张士荣, 等. 不同碳氮比有机肥对沙泥田烤烟根际土壤碳氮转化及酶活性的影响[J]. 生态环境学报, 2015, 24(8): 1280. DOI: [10.16258/j.cnki.1674-5906.2015.08.004](#).
- [25] 焦晓光, 高崇升, 隋跃宇, 等. 不同有机质含量农田土壤微生物生态特征[J]. 中国农业科学, 2011, 44(18): 3759. DOI: [10.3864/j.issn.0578-1752.2011.18.007](#).
- [26] 李雪利. 添加腐熟秸秆调节土壤碳氮比对烤烟碳氮代谢及品质影响的研究[D]. 郑州: 河南农业大学, 2011.
- [27] 王新珍, 王凤花, 孙瑞波, 等. 高通量测序技术在微生物分子生态学中的应用[J]. 中国生态农业学报, 2018, 26(10): 1593. DOI: [10.13930/j.cnki.cjea.180695](#).
- [28] 陈泽斌, 高熹, 王定斌, 等. 生物炭不同施用量对烟草根际土壤微生物多样性的影响[J]. 华北农学报, 2018, 33(1): 224. DOI: [10.7668/hbxb.2018.01.032](#).
- [29] 徐慧敏, 闫海, 马松, 等. 鞘氨醇单胞菌USTB-05对微囊藻毒素的生物降解[J]. 中国环境科学, 2014, 34(5): 1316.
- [30] 杜思瑶, 于淼, 刘芳华, 等. 设施种植模式对土壤细菌多样性及群落结构的影响[J]. 中国生态农业学报, 2017, 25(11): 1615. DOI: [10.13930/j.cnki.cjea.170291](#).
- [31] LI F, CHEN L, ZHANG J B, et al. Bacterial community structure after long-term organic and inorganic fertilization reveals important associations between soil nutrients and specific taxa involved in nutrient transformations[J]. Frontiers in Microbiology, 2017, 8: 187. DOI: [10.3389/fmicb.2017.00187](#).
- [32] 施河丽, 向必坤, 彭五星, 等. 有机无机肥料配施对植烟土壤养分及细菌群落结构的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2019(4): 58. DOI: [10.11838/sfsc.1673-6257.18352](#).
- [33] 毛宁, 贾海燕, 杨建霞, 等. 不同生态类型土壤养分与微生物数量相关关系研究[J]. 陇东学院学报, 2019, 30(5): 72. DOI: [10.3969/j.issn.1674-1730.2019.05.016](#).
- [34] 冯芬, 杨恬然, 陈萍, 等. 化能异养微生物呼吸与发酵比较[J]. 生物学杂志, 2016, 33(5): 83. DOI: [10.3969/j.issn.2095-1736.2016.05.083](#).
- [35] 刘娟娟. 环境条件对土壤微生物多样性和硝化作用的影响[D]. 南京: 南京师范大学, 2011.
- [36] 贺婧. 不同来源腐殖酸的组成和性质及对土壤生物学特性的影响研究[D]. 沈阳: 沈阳农业大学, 2003.

责任编辑: 何承刚