

种植水稻对盐渍化土壤理化性质和 细菌多样性的影响

李明^{1,2}, 张俊华³

(1.宁夏大学葡萄酒与园艺学院, 宁夏银川 750021;

2.宁夏葡萄与葡萄酒研究院, 宁夏银川 750021; 3.宁夏大学生态环境学院, 宁夏银川 750021)

摘要: [目的] 分析黄河水灌溉水稻种植对宁夏平罗盐渍化土壤理化性质与微生物多样性的影响, 为宁夏盐渍化土壤生态修复提供科学依据。[方法] 以平罗县不同水稻种植年限(1, 5, 10, 16 a)淹水期(7月)和排干期(10月)稻田土壤样品为研究对象, 利用 Illumina HiSeq 高通量测序技术分析 2 个时期不同水稻种植年限盐渍化的土壤理化性质和细菌多样性。[结果] 土壤含水量、电导率、有机碳、全氮、可溶性有机碳随种稻年限增加而显著增加。电导率、有机碳、全氮在种稻 5 a 土壤中显著增加。pH 值、硝态氮、可溶性有机氮随种稻年限增加而显著降低。排干期种稻 16 a 土壤 pH 值最低(较种稻 1 a 土壤显著降低 2.66%), 其微生物生物量碳、氮分别较种稻 1 a 土壤高 36.28% 和 36.59%。种稻年限对土壤细菌群落多样性和结构有显著的影响。Chao1 指数在淹水期种稻 16 a 显著高于种稻 1 a 43.99%。在淹水条件下, 与种稻 1 a 相比, 种稻 10 a 土壤中芽单胞菌门和螺旋体门丰度增加了 27.46% 和 150.00%; 种稻 5 a 时放线菌门、厚壁菌门、蓝藻细菌相对丰度下降了 44.50%, 66.23%, 87.50%。在排干期, 与种稻 1 a 相比, 种稻 5 a 土壤纤维杆菌门和螺旋体门相对丰度分别增加了 287.50% 和 314.29%; 种稻 10 a 土壤绿弯菌门和绿菌门相对丰度分别增加了 46.35% 和 370.97%; 种稻 5 a 土壤放线菌门、硝化螺旋菌门、装甲菌门相对丰度分别下降了 48.10%, 55.34%, 65.85%。与种稻 1 a 相比, 淹水期种稻 5 a 的土壤伪鱼腥藻科和丛毛单胞菌科相对丰度分别下降了 96.89% 和 56.60%, 淹水期种稻 10 a 土壤暖蝇菌科和脱硫杆菌科相对丰度分别增加了 64.86% 和 305.26%。土壤电导率、全氮、硝态氮、铵态氮、可溶性有机碳、可溶性有机氮是影响盐渍化稻田土壤细菌群落结构的关键环境因子。[结论] 随着种稻年限的增长土壤细菌群落和理化性质发生显著变化, 土壤生境呈改善趋势。

关键词: 细菌多样性; 种稻年限; 盐渍化土壤; 淹水期; 排干期

文献标识码: A

文章编号: 1000-288X(2025)04-0094-11

中图分类号: S154.3

文献参数: 李明, 张俊华. 种植水稻对盐渍化土壤理化性质和细菌多样性的影响[J]. 水土保持通报, 2025, 45(4): 94-104. Li Ming, Zhang Junhua. Effects of rice cultivation on physical and chemical properties, and bacterial diversity of salinized soils [J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 2025, 45(4): 94-104. DOI: 10.13961/j.cnki.stbctb.2025.04.028; CSTR: 32312.14.stbctb.2025.04.028.

Effects of rice cultivation on physical and chemical properties, and bacterial diversity of salinized soils

Li Ming^{1,2}, Zhang Junhua³

(1.School of Wine and Horticulture, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia 750021,

China; 2.Institute of Grape and Wine, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia 750021, China;

3.School of Ecology and Environment, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia 750021, China)

Abstract: [Objective] The impacts of Yellow River irrigation on physicochemical properties and microbial diversity of saline-alkali soils at Pingluo County, Ningxia Hui Autonomous Region were investigated, in order to provide scientific support for ecological remediation of saline-alkali soils in the region. [Methods] Soil samples from paddy fields at Pingluo County, with different rice planting years (1, 5, 10, and 16 years) during the

收稿日期: 2025-03-20

修回日期: 2025-05-12

采用日期: 2025-05-13

资助项目: 宁夏回族自治区重点研发计划项目“贺兰山东麓产区差异化土壤指标构建与特异性关键要素研究”(2024BBF01003-3); 国家重点研发项目“黄河上游河套平原节水控盐产能提升技术模式与应用”(2021YFD1900600); 宁夏科技创新领军人才计划项目(2022GKLRXLX02)

第一作者: 李明(1980—), 女(汉族), 宁夏回族自治区中卫市人, 博士, 副研究员, 主要从事土壤微生物生态学研究。Email: lm_y096@126.com。

通信作者: 张俊华(1977—), 女(汉族), 宁夏回族自治区中卫市人, 博士, 研究员, 主要从事土壤学研究。Email: zhangjunhua728@163.com。

flooding period (July) and the draining period (October) were analyzed to characterize soil physicochemical properties and bacterial diversity in the salinization of different rice planting years in the two periods by using Illumina Hiseq high throughput sequencing technology. [Results] Soil moisture content, electrical conductivity, soil organic carbon content and total nitrogen content increased significantly with increasing years of rice cultivation. Electrical conductivity, soil organic carbon and total nitrogen increased significantly after 5 years of rice cultivation. The pH value, nitrate nitrogen content and soluble organic nitrogen content decreased significantly with an increasing number of rice cultivation years. The lowest soil pH value after 16 years of rice cultivation in the drainage was 2.66% lower than that in the soil after one year of rice cultivation. The microbial biomass carbon and nitrogen were significantly higher in the soil with rice cultivation for the 16-years paddy soil in the drainage than in the 1-year paddy soil with rice cultivation by 36.28% and 36.59% respectively. Years of rice cultivation had a significant effect on bacterial community diversity and structure. The Chao1 index was 43.99% higher in the soil with rice planted for 16 years during the submerged period than in the soil with rice cultivation for one year. During the submerged period, the relative abundance of Gemmatimonadetes and Spirochaetes increased by 27.46% and 150.00% respectively, in the 10-year paddy soil. The relative abundances of Actinobacteria, Firmicutes and Cyanobacteria significantly decreased by 44.50%, 66.23% and 87.50% respectively, in the 5-year paddy soil. During the drainage period, the relative abundances of Fibrobacteres and Spirochaetes increased by 287.50% and 314.29% respectively, in the 5-year paddy soil. The relative abundances of Chloroflexi and Chlorobi increased by 46.35% and 370.97% respectively, in the 10-year paddy soil. The relative abundances of Actinobacteria, Nitrospirae and Armatimonadetes significantly decreased by 48.10%, 55.34% and 65.85% respectively, in the 5-year paddy soil. At the genus level, the relative abundances of Pseudanabaenaceae and Comamonadaceae decreased significantly by 96.89% and 56.60% respectively, in the 5-year cultivated soil during the submerged period. The relative abundances of Caldilineaceae and Desulfobulbaceae significantly increased by 64.86% and 305.26% respectively, in the 10-year cultivation soil during the submerged period. Redundancy and Pearson correlation analyses showed that soil conductivity, total nitrogen, nitrate nitrogen, ammonium nitrogen, dissolved organic carbon and dissolved organic nitrogen were the key environmental factors affecting bacterial community structure in saline paddy soil. [Conclusion] Significant changes in the soil bacterial communities and physicochemical properties were observed with an increase in the number of rice cultivation years, and the soil habitat showed an improving trend.

Keywords: bacterial diversity; cultivation period; saline paddy soil; submerge; drainage

宁夏回族自治区处于半干旱区,年蒸发量大而降水量少。因此,宁夏引黄灌区近 $2.33 \times 10^4 \text{ hm}^2$ 耕地存在盐渍化问题^[1]。盐渍化土壤中,作物受到根区盐分累积的影响导致生长状况不良。种植水稻是改良盐渍化土壤的有效方法之一。可溶性盐分在生长季节因灌溉而大量浸出。以往研究表明,长期种稻或稻麦轮作都可以显著改善土壤理化性质^[2-3]。随着水稻种植年限的延长,土壤pH值逐渐由碱性降至中性,而土壤有机碳(SOC)含量和磷吸收能力均增加^[4]。此外,与普通耕地相比,水稻种植减少了可溶性有机碳(DOC)向下层土壤的淋溶,有利于表层SOC的积累^[5]。

盐分胁迫、pH值和耕作模式能直接或间接影响土壤微生物多样性,主要是由于土壤透气性、湿度、养分、有机质含量和根系分泌物的变化而导致的^[6]。在中国东部,水稻种植历史悠久,土壤阳离子交换量

(CEC)、pH值和养分含量显著影响细菌群落的变化^[7]。尽管这些研究加深了对土壤理化性质与微生物群落组成之间关系的理解,但关于盐渍化土壤长期种稻条件下土壤理化性质如何影响微生物群落特征的认识仍然有限。越来越多的证据表明,土壤微生物对环境扰动和土地利用高度敏感,最终也可能会影响它们的生态系统服务功能^[8]。

种植水稻通常需要3~4个月的周期性淹水和排水,导致水从饱和状态急剧转变为非饱和状态^[9]。淹水状况不同造成了随时间变化的不同土壤环境,从而导致微生物群落组成不同^[10]。宁夏的盐渍化水稻田通常在6—9月初灌溉黄河水,处于淹水状态,10月收获期稻田处于排干状态。水稻生长期淹水、收获前排干,这种特有的水分管理模式显著影响土壤微生物生物量、活性和硝化速率^[11]。同时,淹水或排干引起的土壤中氧气含量的显著差异会影响土壤微生物

物群落结构,进而影响土壤养分循环^[12]。

本研究采用时间序列方法研究2个不同时期(淹水期和排干期)以及不同种稻年限土壤理化性质、细菌丰度、多样性和群落组成的变化,分析不同种植年限的土壤盐渍化程度、微生物多样性及二者的关系,揭示盐渍化条件下稻田土壤微生物群落结构的变化,从而挖掘出可能改善土壤盐渍化的有益菌种资源,为后续进行盐渍化土壤生态修复提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于宁夏石嘴山市平罗县(38°47′01″N, 106°19′14″E)。该区域海拔1 091~1 102 m,属于温带大陆性气候,年平均气温为8.5℃,年平均蒸发量1 875~2 000 mm,年平均降水量150~205 mm。土壤类型为龟裂碱土(FAO分类),含黏粒250~450 g/kg,粉粒0~450 g/kg,砂粒100~550 g/kg。

土壤有机质含量为5.97 g/kg,全氮0.23 g/kg,碱解氮142.5 mg/g,全磷1.5 g/kg,有效磷88.40 mg/kg和有效钾212.94 mg/kg,透水性低。土壤电导率(EC)为0.34~2.96 dS/m,土壤pH值8.86~10.40。本研究选择的采样点在未被黄河水灌溉之前均为未开垦的盐碱地(荒漠草原)。

1.2 土壤样品采集

本研究选择了3个试验地点,在每个地点选择4个种植年限(从荒漠草原开垦后的1,5,10,16 a连续种植水稻)。所有采样点都位于同一个地区,且都在宁夏农垦集团的统一技术指导下耕作,不同种稻年限水稻地管理模式一致。所有种植年限的水稻均单一栽培。各试验点农药和水肥管理措施一致。采样地施用复合肥处理:N(225 kg/hm²),P₂O₅(180 kg/hm²),K₂O(75 kg/hm²)。

试验地面积约为100 hm²。在每个地点,选择4个地块(每个地块10 m×12 m,相距约20 m),代表水稻种植1,5,10,16 a。2023年夏季(淹水期,7月7日,抽穗期)和秋季(排干期,10月10日,水稻收获后)采集土壤样本,主要采集非根际土壤。每个地块的9个单独点采集表层土壤(0—20 cm);相同地块内相同土层土壤混合为1个样品。共获得48个复合样品。新鲜土样分成两部分,并立即运送到实验室。一部分在-20℃下冷冻,用于DNA提取和分子生物学分析,另一部分风干,用于土壤理化性质分析。

1.3 土壤理化性质测定

采用电位法测定土壤pH值和EC;采用烘干法测定土壤含水量;SOC和TN浓度分别用重铬酸钾氧化—油浴加热法和半微量凯氏定氮法测定;土壤熏

蒸前后浸提液通过Multi N/C® 3 100总有机碳/总氮分析仪测定DOC(可溶性有机碳)和DON(可溶性有机氮);采用流动分析仪测定土壤铵态氮(NH₄⁺-N)和硝态氮(NO₃⁻-N)含量^[13]。

1.4 微生物生物量测定

采用氯仿(CHCl₃)熏蒸提取法测定微生物生物量碳(MBC)和微生物生物量氮(MBN)^[14]。

1.5 DNA提取和16S rRNA基因测序

使用MoBio Ultraclean™土壤DNA分离试剂盒(MoBio,美国加利福尼亚州卡尔斯巴德)从0.50 g土壤样本中分离出DNA。使用Nanodrop ND-1 000紫外—可见光分光光度计(NanoDrop Technologies,美国特拉华州威尔明顿)通过光度法测量DNA的浓度和纯度。DNA浓度范围约为5~20 ng μl⁻¹。

细菌16S rRNA(V4-V5区域)使用引物515 F(5′-GTG CCA GCM GCC GCG G-3′)和907 R(5′-CCG TCA ATT CMT TTR AGT TT-3′)进行扩增。反向引物上特异性的6-bp条形码序列用于识别不同的土壤DNA样本。PCR扩增在50 μl反应体系中完成,该体系包含25 μl的2 X GoTaq Green Master Mix(Promega, Madison, WI, USA),10 μl的10倍稀释DNA模板以及每种引物1.5 μl(10 μm)。PCR扩增体系包括:在95℃下初始变性5 min;95℃变性30 s,50℃退火45 s,72℃延伸40 s,共35个循环;最后在72℃下延伸5 min。PCR扩增产物在2%琼脂糖凝胶上检查,长度为400~450 bp的样本被纯化以供进一步分析。纯化的扩增产物以等物质的量浓度混合,使用MiSeq Reagent Kit V3构建文库。由Novogene(北京,中国)在Illumina MiSeq PE300平台(Illumina, San Diego, CA, USA)上进行测序。测序报告中Illumina序列数据存入NCBI序列读取档案(SRA)数据库(登录号SRP146 301)。

1.6 序列分析

使用FLASH(v. 1.2.7)将原始DNA片段的双端读取结果合并,然后根据每个样品的条形码进行组装。低质量或模糊的读取被删除。使用UPARSE来识别和去除潜在的嵌合序列,并将纯序列以97%的相似性分离到不同的操作分类单元(OTU)中。使用RDP分类器对每个代表性序列的OTU进行分类信息注释。然后,使用QIIME软件从OTUs数据中确定α多样性指标(即香农指数和Chao1多样性指数)。为了在门水平上测试OTUs的系统发育关系,使用Python最近邻比对空间终止(PyNAST, Version 1.2)对所有标签进行比对^[15-16]。

1.7 实时荧光定量PCR分析

qPCR检测均在Light Cycler Roche 480仪器

(Roche Molecular Systems)上进行,使用 SYBR Premix Ex Taq II (TaKaRa)、每种引物 200 μ M 和 2 μ l 模板 DNA 溶液。如上所述,使用通用引物估算细菌种群丰度。从正确插入的靶基因克隆中分离出用作定量分析标准的质粒 DNA。使用 QIAprep Spin miniprep 试剂盒(Qiagen, Hilden, Germany)提取标准 DNA,并如上所述测量浓度。使用 ddH₂O 稀释标准模板 DNA (10:1~10:8)。细菌 16 S rRNA 基因的 PCR 扩增使用以下条件:在 95 $^{\circ}$ C 下初始变性 2 min;95 $^{\circ}$ C 15 s,55 $^{\circ}$ C 30 s,72 $^{\circ}$ C 45 s,80 $^{\circ}$ C 20 s,共 40 个循环,最后在 72 $^{\circ}$ C 下延伸 60 s,然后进行溶解曲线循环。在 80 $^{\circ}$ C 下测量荧光强度。

1.8 数据分析

采用单因素方差分析(ANOVA)检验稻作年限、淹水状态对土壤理化性质和微生物群落结构的影响。通过单因素方差分析确定样本之间的差异(方差分析),对不同年限之间样品差异进行单因素方差分析,通过 Duncan 检测在 $\alpha=0.05$ 水平上进行多重检

验。使用最小显著差异和 Dunnett 的 T3 检验来检验方差的同质性。使用 R 语言绘制热图分析细菌优势科水平群落的相对丰度(>0.001)。采用 Canoco 5 软件通过典范效应分析(CCA)细菌 OTU 组成与土壤理化性质的相关性。基于 OTU 组成,采用 Pearson 相关系数法以评估细菌优势群落相对丰度与土壤理化性质之间的相关性。

2 结果与分析

2.1 土壤理化和微生物学性质

土壤理化性质测定结果(表 1)表明,淹水期土壤 SM, EC, SOC, TN 随着种稻年限增加而显著增加($p<0.05$)。其中,种稻 10 a SM 最高,较种稻 1 a 增加了 19.09%;EC 在种稻 5 a 增加最高,较种稻 1 a 增加了 202.05%;种稻 5 a 的土壤 SOC 和 TN 最高,分别高于种稻 1 a 土壤的 26.26% 和 20.00%。NO₃-N 随着种稻年限增加而显著降低($p<0.05$)。NO₃-N 在种稻 5 a 最低,低于种稻 1 a 79.62%。

表 1 淹水期和排水期不同水稻种植年限盐渍化水稻土壤理化性质
Table 1 Physicochemical properties of saline paddy soils with different times of rice cultivation sampled at submerge and drainage periods

指标	淹水期				排干期			
	1	5	10	16	1	5	10	16
含水量(SM)/%	27.56±0.02 ^b	31.86±0.01 ^a	32.82±0.03 ^a	31.20±0.02 ^{ab}	16.64±0.01 ^c	27.25±0.03 ^A	20.48±0.00 ^B	23.92±0.02 ^{AB}
pH 值	7.82±0.11 ^a	7.96±0.15 ^a	7.97±0.12 ^a	7.79±0.07 ^a	7.90±0.18 ^A	7.88±0.06 ^{AB}	8.02±0.01 ^A	7.69±0.09 ^B
电导率(EC)/(μ S·cm ⁻¹)	325.33±3.18 ^d	982.66±11.57 ^a	472.00±8.02 ^c	905.00±4.04 ^b	359.66±9.70 ^B	1020.33±28.85 ^A	483.33±2.60 ^B	975.00±8.66 ^A
有机碳(SOC)/(g·kg ⁻¹)	13.67±0.30 ^c	17.26±0.59 ^a	15.35±0.42 ^b	14.23±0.08 ^{bc}	12.52±0.12 ^C	14.69±0.20 ^A	14.11±0.08 ^B	13.80±0.12 ^B
全氮(TN)/(g·kg ⁻¹)	0.40±0.01 ^c	0.48±0.02 ^a	0.43±0.01 ^{bc}	0.44±0.01 ^{ab}	0.35±0.00 ^B	0.42±0.01 ^A	0.33±0.01 ^{BC}	0.33±0.01 ^C
铵态氮(NH ₄ ⁺ -N)/(mg·kg ⁻¹)	3.28±0.95 ^a	2.81±0.48 ^a	2.87±0.67 ^a	2.57±0.80 ^a	5.35±0.58 ^{AB}	6.15±0.29 ^A	4.89±0.32 ^B	5.99±0.92 ^{AB}
硝态氮(NO ₃ ⁻ -N)/(mg·kg ⁻¹)	1.57±0.39 ^a	0.32±0.00 ^b	1.22±0.09 ^{ab}	0.41±0.09 ^b	3.09±0.09 ^A	0.50±0.09 ^C	3.38±0.19 ^A	1.15±0.42 ^B
可溶性有机碳(DOC)/(mg·kg ⁻¹)	30.47±1.31 ^b	56.75±1.91 ^b	84.62±7.52 ^a	52.51±2.50 ^b	84.14±13.85 ^a	235.11±10.02 ^c	53.72±2.57 ^a	85.20±1.10 ^b
可溶性有机氮(DON)/(mg·kg ⁻¹)	8.64±2.08 ^c	8.14±2.44 ^a	10.34±1.91 ^a	8.41±0.28 ^c	19.08±0.98 ^c	17.28±0.14 ^c	7.20±0.18 ^b	7.51±0.55 ^b
微生物量碳(MBC)/(mg·kg ⁻¹)	265.49±4.96 ^a	332.95±1.46 ^a	322.59±27.80 ^a	395.73±0.97 ^a	416.61±10.79 ^b	554.97±1.40 ^a	463.57±22.06 ^b	567.77±12.72 ^a
微生物量氮(MBN)/(mg·kg ⁻¹)	52.38±2.70 ^a	54.90±0.11 ^a	59.45±0.97 ^a	52.45±4.49 ^a	60.40±3.29 ^b	60.06±2.85 ^b	72.53±3.95 ^a	82.50±0.68 ^b

注:表中小写字母表示淹水期 4 个种稻年限间差异显著性,大写字母表示排干期间 4 个种稻年限间差异显著性。同一行中不同小写字母表示差异显著($p<0.05$)。下同。

排干期土壤湿度显著低于淹水期(表 1)。种稻 5 a 的土壤 SM, EC, SOC, TN, DOC 随着种稻年限增加而显著增加($p<0.05$),比种稻 1 a 分别增加了 63.76%, 183.69%, 17.33%, 20.00%, 179.43%;种稻 16 a 的 MBC 和 MBN 显著增加,比种稻 1 a 分别增加了 36.28% 和 36.59%。土壤 pH 和 DON 随着种稻年限增加而显著降低($p<0.05$)。种稻 16 a 土壤 pH 相对于种稻 1 a 显著降低了 2.66%;种稻 10 a DON 比种稻 1 a 显著降低了 62.26%。

2.2 土壤细菌群落多样性

序列读数的数量范围在 19 481~76 821 之间,样本间差异显著($p<0.05$)。种稻年限对 Chao1 指数的影响显著(表 2)。淹水期,种稻 16 a Chao1 指数显著高于种稻 1 a 43.99% ($p<0.05$)。种稻年限影响 Shannon 指数(Shannon)差异不显著。淹水期和排干期,随着种稻年限增加 Shannon 指数下降。

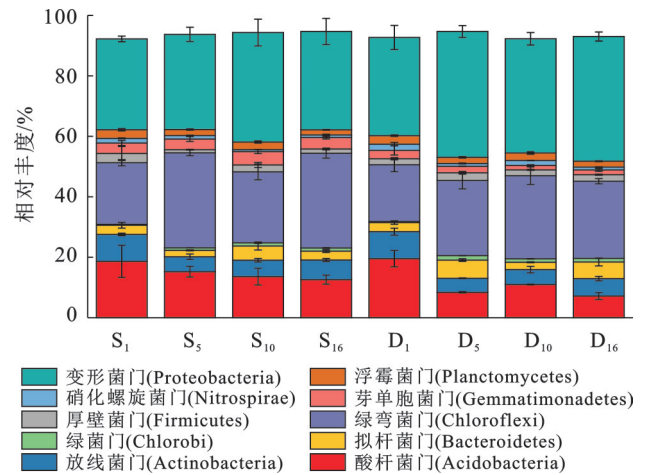
2.3 土壤细菌门水平群落组成

研究表明,变形菌门(Proteobacteria)、绿弯

菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteria)占有细菌序列的69.00%~78.00%,是该区域土壤中的三大优势群落(图1,表3)。其中,变形菌门普遍占细菌群落的最高比例(30.04%~42.26%)。淹水期绿弯菌门在种稻5 a较种稻1 a增加了54.42%,芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)在种稻10 a增加了27.46%,绿菌门(Chlorobi)在种稻16 a增加了225.00%,螺旋体门(Spirochaetes)在种稻10 a增加了150.00%。酸杆菌门在种稻16 a显著下降了32.94%、放线菌门(Actinobacteria)在种稻5 a显著下降了44.50%,厚壁菌门(Firmicutes)在种稻5 a显著下降了66.23%,蓝藻细菌(Cyanobacteria)在种稻5 a显著下降了87.50%,硝化螺旋菌门(Nitrospirae)在种稻10 a下降了57.24%,疣微菌门(Verrucomicrobia)在种稻16 a下降了43.18%。

排干期,土壤变形菌门在种稻16 a增加了30.07%,绿弯菌门在种稻10 a增加了46.35%,绿菌门在种稻10 a增加了370.97%,纤维杆菌门(Fibrobacteres)在种稻5 a增加了287.50%,螺旋体属在种稻5 a增加了314.29%($p < 0.05$)。酸杆菌门在种稻10 a显著下降了63.18%,放线菌门在种稻5 a显

著下降了48.10%,浮霉菌门在种稻16 a显著下降了30.36%,硝化螺旋菌门在种稻5 a下降了55.34%,装甲菌门(Armatimonadetes)在种稻5 a下降了65.85%($p < 0.05$)。



注: S₁为淹水期种稻1 a; S₅为淹水期种稻5 a; S₁₀为淹水期种稻10 a; S₁₆为淹水期种稻16 a; D₁为排干期种稻1 a; D₅为排干期种稻5 a; D₁₀为排干期种稻10 a; D₁₆为排干期种稻16 a,下同。

图1 不同种植年限盐渍化稻田土壤细菌群落的相对丰度

Fig.1 Relative abundance of bacterial phyla of saline addy soils with different times of rice cultivation

表2 淹水期和排干期不同水稻年限盐渍化稻田土壤细菌丰富度和多样性指数
Table 2 Illumina 16 S rRNA gene sequencing of saline paddy soils with different times of rice cultivation sampled during submerge and drainage

时期	种稻年限/a	测序数量	OTUs	Chao1 指数	Shannon 指数
淹水期	1	54 512	8 117 ± 1 494 ^b	20 591 ± 3 529 ^b	10.20 ± 0.05 ^a
	5	68 515	10 294 ± 691 ^a	28 364 ± 1 443 ^{ab}	10.05 ± 0.04 ^a
	10	72 684	10 171 ± 185 ^a	26 957 ± 1 281 ^{ab}	10.09 ± 0.17 ^a
	16	76 821	10 978 ± 895 ^a	29 650 ± 1 728 ^a	10.10 ± 0.12 ^a
排干期	1	19 481	7 893 ± 3 215 ^a	18 451 ± 3 924 ^a	10.49 ± 0.08 ^a
	5	27 590	4 866 ± 166 ^a	14 322 ± 424 ^a	10.35 ± 0.02 ^a
	10	33 277	5 935 ± 477 ^a	16 761 ± 1 342 ^a	10.35 ± 0.04 ^a
	16	30 341	5 151 ± 200 ^a	14 844 ± 762 ^a	10.30 ± 0.04 ^a

注:表中同列不同小写字母表示差异显著($p < 0.05$)。下同。

2.4 土壤细菌纲水平和科水平群落组成

表4表明,优势的 α -、 β -、 γ -、 δ -、 ϵ -变形菌门(Proteobacteria)在不同种稻年限间差异显著($p < 0.05$)。淹水期, γ -变形菌门(Gammaproteobacteria)在种稻10 a显著增加了80.33%。排干期,种稻5 a δ -变形菌门(Deltaproteo bacteria)和 γ -变形菌门(Gammaproteo bacteria)分别显著增加了48.51%和47.82%;种稻16 a ϵ -变形菌门(Epsilonproteo bacteria)显著增加了1 450.00%。 α -变形菌门(Alphaproteo bacteria)在种稻10 a显著减少了34.25%。

研究结果表明,伪鱼腥藻科(Pseudanabaenaceae)相对丰度在淹水期种稻5 a的土壤中下降了96.89%

(图2,表5)。0.319-6 A21相对丰度在2个季节(淹水期和排干期)的稻田土壤中随着种稻年限增加而显著降低,淹水期在种稻10 a土壤中下降了81.54%,排干期在种稻16 a土壤中下降了86.96%。Ignavibacteriaceae相对丰度随着种稻年限的增加而显著增加,在淹水期种稻16 a显著增加了295.45%,排干期增加了309.09%($p < 0.05$);暖蝇菌科(Caldilineaceae)相对丰度在淹水期种稻10 a土壤中显著增加了64.86%,10月种稻5 a土壤中显著增加了141.03%。丛毛单胞菌科(Comamonadaceae)随着种稻年限增加而下降,淹水期在种稻5 a土壤中显著下降了56.60%。脱硫杆菌科(Desulfobulbaceae)随着

种稻年限增加而增加(淹水期和排干期),在种稻10 a 壤中显著增加了633.33%。Desulfobulbaceae相对丰度在排干期种稻5 a的土壤中显著增加了242.17%。土壤中显著增加了305.26%。排干期在种稻16 a土

表3 不同种稻年限0—20 cm土壤淹水期(S)和排水期(D)优势细菌门水平相对丰度
Table 3 Relative abundance of dominant bacterial phyla in paddy soils of different rice cultivation years at 0—20 cm soil depth during submerge (S) and drainage (D) 单位: %

项目	土壤样品优势细菌门水平相对丰度							
	S ₁	S ₅	S ₁₀	S ₁₆	D ₁	D ₅	D ₁₀	D ₁₆
变形菌门(Proteobacteria)	30.04±0.66 ^a	31.49±1.67 ^a	36.21±3.12 ^a	32.53±3.06 ^a	32.49±2.82 ^B	41.62±1.39 ^A	37.77±1.46 ^A	42.26±1.06 ^A
绿弯菌门(Chloroflexi)	20.36±0.72 ^b	31.44±0.69 ^a	23.47±1.83 ^b	31.35±1.15 ^a	18.79±1.62 ^B	24.87±1.96 ^{AB}	27.50±2.06 ^A	25.51±0.61 ^A
酸杆菌门(Acidobacteria)	18.64±3.76 ^a	15.22±1.24 ^a	13.59±1.95 ^a	12.58±1.07 ^a	19.53±1.91 ^A	8.41±0.17 ^{BC}	10.97±0.11 ^B	7.19±0.80 ^C
放线菌门(Actinobacteria)	8.90±0.31 ^a	4.94±0.65 ^c	5.43±0.41 ^{bc}	6.50±0.36 ^b	8.94±0.81 ^A	4.64±0.09 ^B	4.94±0.75 ^B	5.74±0.53 ^B
拟杆菌门(Bacteroidetes)	3.05±0.68 ^{ab}	2.12±0.12 ^b	4.70±0.95 ^a	2.95±0.32 ^{ab}	3.02±0.40 ^B	6.02±0.31 ^A	2.44±0.11 ^B	5.51±0.92 ^A
芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)	3.46±0.58 ^a	3.52±0.57 ^a	4.41±0.47 ^a	3.76±0.33 ^a	2.77±1.09 ^A	2.15±0.04 ^A	1.48±0.18 ^A	1.57±0.33 ^A
厚壁菌门(Firmicutes)	3.05±1.65 ^a	1.03±0.09 ^a	2.30±0.59 ^a	1.41±0.21 ^a	1.99±0.25 ^A	2.55±0.31 ^A	1.92±0.11 ^A	2.14±0.14 ^A
浮霉菌门(Planctomycetes)	2.86±0.28 ^a	2.00±0.16 ^{ab}	2.53±0.27 ^{ab}	1.68±0.10 ^b	2.80±0.19 ^A	2.05±0.18 ^{AB}	2.51±0.30 ^{AB}	1.95±0.11 ^B
蓝藻细菌(Cyanobacteria)	2.40±2.07 ^a	0.30±0.05 ^a	1.16±0.81 ^a	0.32±0.09 ^a	0.18±0.02 ^A	0.32±0.05 ^A	0.60±0.35 ^A	1.09±0.81 ^A
泉古菌(Crenarchaeota)	1.54±0.10 ^a	1.74±0.09 ^a	0.74±0.23 ^b	0.81±0.17 ^b	2.46±0.24 ^A	0.65±0.15 ^{BC}	2.51±1.18 ^B	1.45±0.48 ^C
硝化螺旋菌门(Nitrospirae)	1.52±0.11 ^a	1.13±0.12 ^{ab}	0.65±0.04 ^c	0.89±0.16 ^{bc}	2.06±0.40 ^A	0.92±0.12 ^{AB}	1.61±0.05 ^{AB}	0.95±0.06 ^B
疣微菌门(Verrucomicrobia)	0.44±0.08 ^a	0.37±0.05 ^a	0.29±0.02 ^a	0.25±0.03 ^a	0.63±0.02 ^A	0.38±0.01 ^A	0.67±0.05 ^A	0.52±0.17 ^A
装甲菌门(Armatimonadetes)	0.33±0.07 ^a	0.26±0.02 ^a	0.22±0.03 ^a	0.22±0.02 ^a	0.41±0.03 ^A	0.14±0.03 ^C	0.26±0.02 ^B	0.15±0.03 ^C
绿菌门(Chlorobi)	0.32±0.04 ^b	0.83±0.02 ^a	1.03±0.14 ^a	1.04±0.09 ^a	0.31±0.06 ^C	1.46±0.04 ^A	1.13±0.06 ^B	1.20±0.06 ^B
WS3	0.26±0.05 ^a	0.32±0.07 ^a	0.23±0.01 ^a	0.24±0.03 ^a	0.39±0.16 ^A	0.23±0.03 ^A	0.33±0.03 ^A	0.21±0.03 ^A
纤维杆菌门(Fibrobacteres)	0.04±0.01 ^a	0.02±0.01 ^a	0.05±0.01 ^a	0.04±0.02 ^a	0.08±0.03 ^B	0.31±0.05 ^A	0.12±0.00 ^B	0.27±0.08 ^A
螺旋体门(Spirochaetes)	0.04±0.02 ^c	0.05±0.01 ^{bc}	0.10±0.01 ^a	0.08±0.01 ^{ab}	0.07±0.02 ^B	0.29±0.10 ^A	0.13±0.02 ^{AB}	0.21±0.04 ^{AB}
GN04	0.01±0.00 ^b	0.06±0.02 ^a	0.02±0.01 ^{ab}	0.03±0.02 ^{ab}	0.03±0.03 ^C	0.06±0.01 ^{BC}	0.13±0.00 ^A	0.10±0.03 ^{AB}
其他	2.22±0.21 ^b	2.74±0.17 ^{ab}	2.44±0.23 ^{ab}	2.96±0.23 ^a	2.56±0.08 ^A	2.44±0.12 ^A	2.49±0.11 ^A	2.54±0.04 ^A

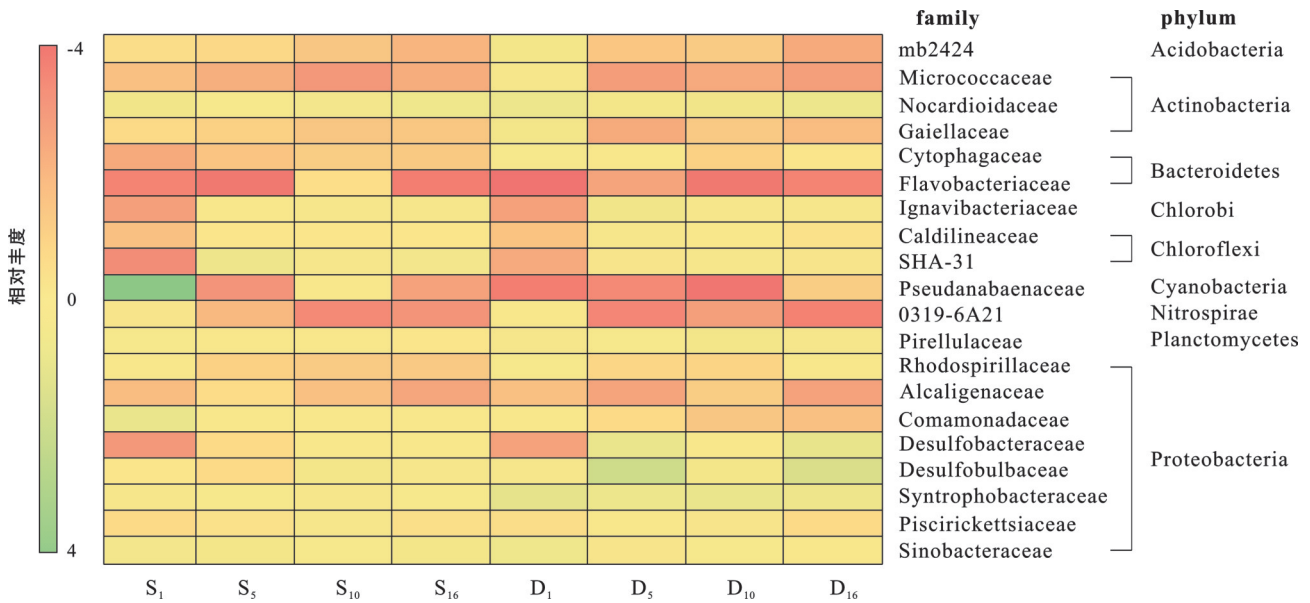
表4 淹水期和排干期不同种稻年限土壤中优势细菌纲水平的相对丰度
Table 4 Relative abundance of dominant bacterial classes in saline paddy soils with different years of rice cultivation sampled during submerge and drainage 单位: %

季节	纲	不同种稻年限土壤中优势细菌纲水平的相对丰度			
		1 a	5 a	10 a	16 a
淹水期	β-变形菌门	12.42±1.27 ^a	15.34±0.49 ^a	14.35±2.73 ^a	14.26±2.16 ^a
	α-变形菌门	7.03±1.42 ^a	4.73±0.49 ^a	6.93±0.46 ^a	4.91±0.45 ^a
	δ-变形菌门	6.29±0.33 ^a	6.60±0.32 ^a	7.17±0.61 ^a	7.92±0.52 ^a
	γ-变形菌门	4.22±0.16 ^b	4.68±0.52 ^{ab}	7.61±0.01 ^a	5.29±0.90 ^{ab}
	ε-变形菌门	0.01±0.00 ^a	0.01±0.01 ^a	0.02±0.61 ^a	0.01±0.00 ^a
	其他	0.06±0.01 ^a	0.12±0.00 ^a	0.11±0.01 ^a	0.13±0.03 ^a
排干期间	β-变形菌门	12.42±2.27 ^a	14.93±0.43 ^a	16.72±0.11 ^a	15.18±1.52 ^a
	α-变形菌门	7.24±0.32 ^a	5.56±0.37 ^{bc}	4.76±0.17 ^c	6.13±0.30 ^b
	δ-变形菌门	8.41±0.74 ^c	12.49±0.54 ^a	10.23±0.70 ^{bc}	12.17±0.19 ^{ab}
	γ-变形菌门	4.30±0.23 ^b	8.24±1.27 ^a	5.83±0.70 ^{ab}	7.28±0.99 ^{ab}
	ε-变形菌门	0.02±0.01 ^b	0.19±0.06 ^{ab}	0.03±0.00 ^b	0.31±0.07 ^a
	其他	0.09±0.00 ^a	0.20±0.00 ^a	0.19±0.00 ^a	0.17±0.00 ^a

2.5 细菌16S rRNA基因拷贝数

不同种稻年限土壤中细菌16S rRNA基因拷贝数为 $3.20 \times 10^9 \sim 8.30 \times 10^9$ 拷贝数/g干土之间,方差

分析显示16S rRNA基因拷贝数在不同种稻年限处理没有显著差异。其中排干期土壤中的细菌16S rRNA基因拷贝数显著高于淹水期(图3)。



注：①门(phylum): Acidobacteria为酸杆菌门; Actinobacteria为放线菌门; Bacteroidetes为拟杆菌门; Chlorobi为绿菌门; chloroflexi为绿弯菌门; Cyanobacteria为蓝藻细菌; Nitrospirae为硝化螺旋菌门; Planctomycetes为浮霉菌门; Proteobacteria为变形菌门。②科(family): Micrococcaceae为微球菌科; Nocardioideaceae为类诺卡氏菌科; Cytophagaceae为噬纤维细菌科; Flavobacteriaceae为黄杆菌科; Caldilineaceae为暖蝇菌科; Pseudanabaenaceae为伪鱼腥藻科; Rhodospirillaceae为红螺菌科; Alcaligenaceae为产碱菌科; Comamonadaceae为丛毛单胞菌科; Desulfobacteraceae为脱硫杆菌科; syntrophobacteraceae为互营杆菌科; Piscirickettsiaceae为鱼立克次体科; Sinobacteraceae为华杆菌科; Chitinophagaceae为噬几丁质菌科。

图2 不同种稻年限盐渍化稻田土中优势细菌科水平的相对丰度热图及聚类分析

Fig.2 Heatmap and cluster analysis of relative abundance of dominant bacterial families in salinized paddy soils under different cultivation years

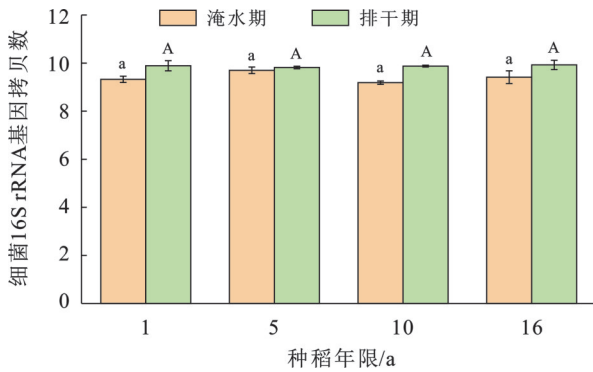


图3 淹水期和排干期不同种稻年限盐渍化水稻土壤 16 S rRNA 基因拷贝数

Fig.3 Copies number of 16 S rRNA gene in saline paddy soils with different cultivation years during submerge and drainage

2.6 细菌群落组成的影响因子

为了更好地了解土壤细菌多样性和群落结构的主要驱动因素,采用典范效应分析法(CCA)分析了土壤理化性质与微生物群落组成之间的关系(图4)。CCA的前两个轴解释了种稻土壤中细菌群落组成总变化的51.70%。EC($F=5.48, p=0.000$)是影响最显著的因素,其次是TN($F=6.66, p=0.000$), $\text{NO}_3\text{-N}$ ($F=3.74, p=0.005$), DOC ($F=3.83, p=0.009$)和DON($F=3.33, p=0.003$)

本研究 Pearson 相关性分析结果表明,酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、装甲菌

门(Armatimonadetes)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)、浮霉菌门(Planctomycetes)的相对丰度与土壤中的EC值呈显著负相关(表6)。同时,绿菌门(Chlorobi)、绿弯菌门(Chloroflexi)、纤维杆菌门(Fibrobacteres)、螺旋体属(Spirochaete)与土壤中的EC值呈显著正相关。变形菌门(Proteobacteria)与土壤中的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和DOC呈正相关。酸杆菌门(Acidobacteria)的相对丰度与EC, $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和DOC呈显著负相关。

3 讨论

3.1 盐渍化土壤理化性质对种稻年限和季节性淹水的响应

水稻种植增加了盐渍化水稻土壤中的有机碳。土壤有机碳的增加是由于水稻(如根残体或根系分泌物)和微生物的输入以及水稻土壤中有机物分解速度缓慢造成的^[15],水稻土壤经常处于淹水状态。在本研究中,淹水期的土壤有机碳明显高于排干期,这是由于在厌氧条件下土壤有机质分解速率较低^[16]。本研究中SOC随种稻年限增加而增加,可能与土壤中根系生物量密切相关,同时,种稻后每年都会施用有机肥,也增加了土壤有机质含量。与淹水期相比,排干期种稻16a土壤pH值的总体下降可能是由于早期淹水条件下积累的有机物分解,提

高了土壤溶液中的质子浓度,从而引起土壤 pH 值下降。此外,在本研究中发现,排干期土壤电导率值略高于淹水期。随着土壤含水量的降低,可溶性离子(如 Na^+ , Ca_2^+ , NH_4^+ , Cl^- 和 SO_4^{2-})浓度增加。因此,在水稻地排干过程中,土壤溶液中的离子浓度会增加。

此外,随着水稻种植期的延长,土壤电导率值的增加可归因于微咸灌溉水的盐分输入^[4]。盐度较低的黄河灌溉用水受到严格控制,因此在干旱时期,当地沟渠中的咸水常被用于灌溉,从而增加了土壤含盐量。

表 5 淹水期和排干期不同种稻年限土壤中优势菌科水平的相对丰度

Table 5 Relative abundance of dominant bacterial families in salinized paddy soils under different cultivation years

门	科	土壤中优势菌科水平的相对丰度/%							
		S ₁	S ₅	S ₁₀	S ₁₆	D ₁	D ₅	D ₁₀	D ₁₆
酸杆菌门(Acidobacteria)	mb2424 ^b	0.54±0.01 ^a	0.50±0.02 ^a	0.40±0.10 ^a	0.32±0.05 ^a	1.25±0.52^a	0.40±0.04^b	0.44±0.08^b	0.27±0.03^b
	微球菌科(Micrococcaceae)	0.38±0.02 ^a	0.30±0.06 ^a	0.18±0.09 ^a	0.28±0.08 ^a	0.87±0.10^a	0.21±0.04^b	0.27±0.00^b	0.22±0.02^b
	类诺卡氏菌科(Nocardioideaceae)	1.27±0.70 ^a	1.01±0.80 ^a	1.05±0.06 ^a	1.45±0.20 ^a	1.55±0.09 ^a	1.16±0.08 ^a	1.28±0.03 ^a	1.52±0.06 ^a
放线菌门(Actinobacteria)	Gaiellaceae	0.51±0.09 ^a	0.46±0.10 ^a	0.41±0.06 ^a	0.41±0.03 ^a	1.14±0.02^a	0.28±0.03^b	0.42±0.04^b	0.36±0.08^b
拟杆菌门(Bacteroidetes)	噬纤维细菌科(Cytophagaceae)	0.27±0.09 ^a	0.40±0.08 ^a	0.45±0.09 ^a	0.43±0.01 ^a	0.99±0.01 ^a	0.69±0.02 ^a	0.46±0.05 ^a	0.60±0.00 ^a
	黄杆菌科(Flavobacteriaceae)	0.10±0.09 ^a	0.06±0.01 ^a	0.54±0.01 ^a	0.07±0.00 ^a	0.04±0.0 ^a	0.24±0.02 ^a	0.06±0.00 ^a	0.10±0.01 ^a
绿菌门(Chlorobi)	Ignavibacteriaceae	0.22±0.01^b	0.69±0.02^{ab}	0.86±0.03^a	0.87±0.08^a	0.22±0.03^b	1.27±0.04^a	0.90±0.07^{ab}	0.91±0.04^{ab}
绿弯菌门(Chloroflexi)	暖蝇菌科(Caldilineaceae)	0.37±0.03^b	0.59±0.03^{ab}	0.61±0.04^a	0.60±0.04^a	0.39±0.01^b	0.94±0.02^a	0.66±0.04^{ab}	0.56±0.03^{ab}
	SHA-31	0.14±0.01^b	1.39±0.09^a	0.78±0.05^b	1.05±0.05^{ab}	0.26±0.01^b	0.71±0.06^{ab}	0.79±0.04^a	0.71±0.09^{ab}
蓝藻细菌(Cyanobacteria)	伪鱼腥藻科(Pseudanabaenaceae)	5.46±0.03^a	0.17±0.02^b	0.75±0.01^b	0.24±0.04^b	0.08±0.01 ^a	0.12±0.00 ^a	0.05±0.04 ^a	0.44±0.06 ^a
硝化螺旋菌(Nitrospirae)	0319-6A21	0.65±0.02^a	0.34±0.03^b	0.12±0.02^c	0.17±0.03^c	0.69±0.01^a	0.10±0.02^b	0.22±0.01^{ab}	0.09±0.00^b
浮霉菌门(Planctomycetes)	Pirellulaceae	0.98±0.02 ^a	0.73±0.01 ^a	0.75±0.02 ^a	0.60±0.04 ^a	0.95±0.01 ^a	1.00±0.07 ^a	1.23±0.08 ^a	0.90±0.09 ^a
	红螺菌科(Rhodospirillaceae)	0.68±0.02 ^a	0.47±0.03 ^a	0.44±0.01 ^a	0.42±0.05 ^a	0.99±0.01 ^a	0.50±0.03 ^a	0.49±0.04 ^a	0.75±0.06 ^a
	产碱杆菌科(Alcaligenaceae)	0.35±0.10 ^a	0.52±0.09 ^a	0.37±0.07 ^a	0.25±0.09 ^a	0.37±0.01 ^a	0.24±0.01 ^a	0.44±0.05 ^a	0.23±0.04 ^a
	丛毛单胞菌科(Comamonadaceae)	1.59±0.04^a	0.65±0.03^b	0.76±0.05^{ab}	0.70±0.06^b	0.76±0.04 ^a	0.52±0.03 ^a	0.41±0.01 ^a	0.38±0.02 ^a
	脱硫杆菌(Desulfobulbaceae)	0.19±0.01^b	0.51±0.03^{ab}	0.77±0.01^a	0.75±0.04^a	0.24±0.01^b	1.64±0.09^a	0.73±0.04^b	1.76±0.05^a
	Desulfobulbaceae	0.58±0.03 ^a	0.52±0.01 ^a	1.18±0.09 ^a	0.79±0.04 ^a	0.83±0.00^c	2.84±0.04^a	1.18±0.02^b	2.37±0.13^a
	互营杆菌科(Syntrophobacteraceae)	0.95±0.01 ^a	1.01±0.04 ^a	0.81±0.05 ^a	0.99±0.06 ^a	1.92±0.03 ^a	1.54±0.04 ^a	1.63±0.05 ^a	1.46±0.07 ^a
	鱼立克次体科(Piscirickettsiaceae)	0.52±0.02 ^a	0.57±0.03 ^a	0.93±0.04 ^a	0.55±0.05 ^a	0.54±0.04 ^a	0.81±0.03 ^a	0.63±0.01 ^a	0.52±0.00 ^a
	华杆菌科(Sinobacteraceae)	1.12±0.05 ^a	1.15±0.07 ^a	1.00±0.09 ^a	1.13±0.50 ^a	1.41±0.02 ^a	0.71±0.04 ^a	0.97±0.04 ^a	0.70±0.06 ^a

注:粗体表示相对丰度的变化达到显著水平($p < 0.05$)。

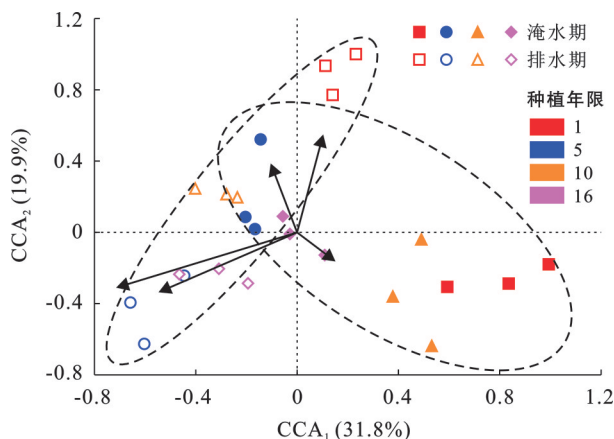


图 4 不同水稻种植年限下盐渍化水稻土壤细菌群落组成与环境变量的典范效应分析

Fig.4 Ordination plots from canonical correspondence analysis (CCA) testing drivers of bacterial community composition and environment variables of saline paddy soils with different rice cultivation years

3.2 盐渍化土壤微生物生物量对种稻年限和淹水状态的响应

在本研究的 4 个年限中,7 月(淹水期)和 10 月(排干期)的微生物生物量均显著增加。水分对微生物生物量的影响主要源于淹水/排干转换引起的水分剧烈波动。土壤湿度变化既能直接影响微生物活性,也能通过调节植物物候变化导致的基质可利用性改变而间接起作用^[17]。此外,10 月稻田土壤处于排干期,采集土壤样品时期与水稻收获期一致。收获后,水稻凋落物(如根、茎秆、稻粒洒落物等)可导致微生物生物量增加^[18]。本研究中,10 月在种稻 16 a 的土壤中微生物量碳、氮含量最高。研究结果表明,连续种稻显著提升了土壤微生物生物量,而较高的微生物量碳氮水平通常指示土壤肥力提升。微生物量氮在种稻 16 a 显著增加,说明有机质的不断累积为微生物提供了充足的能源物质,而微生物可固持有有机质中的矿质氮,进而增加土壤微生物量氮^[19]。本

研究的相关性分析显示,土壤有机碳和全氮与微生物量碳、氮之间不存在相同的变化趋势,没有显著的相关性。Xu Xiaofeng 等^[20]对陆地生态系统研究也未发现微生物碳、氮和土壤碳、氮具有相关关系,支持了本研究的结论。

微生物量碳、氮产生这种变化的原因可能与微生物群落结构的改变有关,Mooshammer M 等^[21]通过整合分析微生物对其资源的适应机制后提出微生物可以通过调整群落结构以非稳态的方式使其生物量组成适应其资源。

表 6 优势细菌门相对丰度与土壤理化性质 Pearson 相关性分析
Table 6 Pearson correlation coefficient for relationships between relative abundance of dominant bacterial phyla and soil properties

优势细菌门	土壤含水量(SM)	pH 值	电导率值 (EC)	土壤有机碳(SOC)	全氮 (TN)	铵态氮 (NH ₄ ⁺ -N)	硝态氮 (NO ₃ ⁻ -N)	可溶性有机碳(DOC)	可溶性有机氮(DON)
酸杆菌门(Acidobacteria)	-0.06	0.18	-0.59**	-0.17	0.17	-0.42*	0.29	-0.44*	0.19
放线菌门(Actinobacteria)	-0.34	-0.21	-0.58**	-0.61**	-0.23	-0.11	0.36	-0.38	0.18
装甲菌门(Armatimonadetes)	-0.32	0.14	-0.66**	-0.31	-0.10	-0.22	0.54**	-0.47*	0.21
绿菌门(Chlorobi)	0.23	-0.04	0.67**	0.28	0.05	0.32	-0.37	0.54**	-0.13
绿弯菌门(Chloroflexi)	0.41*	-0.02	0.62**	0.54**	0.44*	-0.30	-0.46	-0.10	-0.44*
纤维杆菌门(Fibrobacteres)	-0.24	-0.25	0.43*	-0.18	-0.39	0.79**	-0.12	0.66**	0.24
GN04	-0.34	0.03	0.27	0.04	-0.54**	0.49*	0.27	0.08	-0.31
芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)	0.55**	0.28	-0.16	0.27	0.62**	-0.68**	-0.31	-0.24	-0.01
硝化螺旋菌门(Nitrospirae)	-0.67**	0.32	-0.54**	-0.44*	-0.42*	0.18	0.69**	-0.27	0.30
浮霉菌门(Planctomycetes)	-0.38	0.43*	-0.75**	-0.29	-0.28	0.03	0.57**	-0.22	0.23
变形菌门(Proteobacteria)	-0.14	-0.18	0.36	-0.03	-0.36	0.55**	-0.03	0.57**	0.02
螺旋体门(Spirochaetes)	-0.07	-0.27	0.47*	-0.05	-0.25	0.63**	-0.14	0.67**	0.20
疣微菌门(Verrucomicrobia)	-0.71**	0.09	-0.32	-0.42*	-0.70**	0.59**	0.64**	-0.09	0.13

注:**和*分别表示在 $p < 0.01$ 和 $p < 0.05$ 水平差异显著。

10月排干期,土壤处于有氧状态,稻田土壤中细菌 16 S rRNA 基因拷贝数显著高于7月的淹水状态,这可能是由于水分排干条件下土壤养分的释放,同时土壤中氧气含量增加均有利于更多好氧微生物的生长繁殖^[22]。土壤水分也是影响微生物活性的重要因素,淹水期通过控制空气中 O₂ 扩散而间接影响好氧微生物的活性。排干期,土壤富含混有作物残茬和/或根系分泌物的养分和易分解的化合物^[23]。

3.3 细菌群落多样性的变化对种稻年限和淹水状态的响应

稻田淹水状态的变化对细菌多样性 Shannon 指数有显著影响。本研究发现,淹水期的细菌多样性较低,可能是因为一年中稻田土壤在这个季节的含水量最高。高含水量限制了气体交换并降低了氧气的可利用性,导致厌氧环境中的细菌数量明显低于排水状态^[24]。土壤有机碳与 Shannon 指数呈显著负相关。Shannon 指数与 NH₄⁺-N 和 NO₃⁻-N 呈显著正相关。因此,土壤微生物群落多样性可能受到土壤养分可利用性的影响。淹水期,α多样性物种丰富度指数 Chao1 受种稻年限的显著影响。Chao1 指数证实,与淹水期的其他3个种稻年限相比,与种稻1a的土壤相比种稻16a细菌群落多样性、总有机碳、全氮、可溶性有机碳、微生物量碳、氮都显著增加,这与土

壤细菌的多样性的变化趋势一致,进一步说明细菌群落的多样性和丰富度会受到作物长时间种植导致的化学性质变化的影响^[24]。

3.4 细菌群落组成和丰度对种稻年限和淹水状态的响应

排干期土壤变形菌门的相对丰度随着种稻年限的增加而增加。变形菌门的变化主要归因于β-变形菌门、γ-变形菌门相对丰度的增加。β-变形菌门通常被认为是共营养土壤细菌,生长迅速,更偏好营养丰富条件^[25]。因此,随着种稻年限的增加,β-变形菌门的丰度增加可能是由于促进β-变形菌门生长的营养底物供应普遍增加引起的。γ-变形菌门的增加主要归因于鱼立克次体科和 *Lysobacter* 的显著增加,它们通常被称为嗜盐微生物,因此此类微生物类群更耐受盐渍化环境。

与其他种稻年限相比,淹水期种稻5a土壤中绿弯菌门的相对丰度更高。排干期绿弯菌门在种稻5a和10a土壤中相对丰度较其他年限更为丰富(种稻5a和10a之间没有显著差异)。这可归因于绿弯菌门的相对丰度与土壤有机碳之间的正相关关系。淹水期,种稻5a的土壤有机碳和全氮均为最高,而排干期种稻5a和10a的有机碳和全氮也较其他年限更高。大多数绿弯菌门群落都是严格的

厌氧菌,将糖和多糖发酵成有机酸和氢气^[25]。因此,绿弯菌门可以显著促进稻田土壤缺氧区的有机碳分解。与种稻年限更长的处理相比,种稻1a的土壤中酸杆菌门的相对丰度更高。酸杆菌门被认为是贫营养类群,适宜于营养不良、生长缓慢的条件。因此,在耕作时间较长的土壤中沉积了更多不稳定的有机基质。种稻年限延长引起土壤养分的增加,从而引起酸杆菌门的相对丰度显降低。

3.5 影响水稻土壤细菌群落组成的土壤环境因素

在本研究中,土壤EC是影响土壤细菌群落结构和分布的主要因素。淹水和排干两种状态下会导致土壤盐度发生变化^[26],本研究发现,10月土壤的EC值略高于7月。不同盐分水平下土壤微生物群落结构的变化可能是细菌适应盐分胁迫的一种策略^[27]。有研究表明,盐渍化土壤微生物群落比非盐渍化土壤微生物群落更能适应高盐浓度^[28]。因此,如果土壤盐分变化,微生物群落组成也会发生系统性变化。然而,关于土壤盐分与微生物耐盐性之间关系的实证研究很少,还需要进一步研究。

土壤铵态氮浓度也是细菌群落结构的重要驱动因素。 NH_4^+ -N和DOC与变形杆菌呈显著正相关,绿弯菌门的相对丰度与土壤中的SOC含量呈显著正相关。由于土壤微生物通常受到碳限制,肥料和植物残体中外源碳的逐渐积累可以促进土壤微生物的生长和活性^[28]。本研究结果与之前的研究一致,这些研究表明土壤养分与酸杆菌门丰度之间存在显著负相关^[29]。综上所述,土壤碳和养分有效性是决定淹水状态和种稻年限对土壤细菌群落结构影响的重要因素。

4 结论

随着种稻年限增加,土壤含水量、电导率、有机碳、全氮、可溶性有机碳、MBC、MBN显著增大。连续种稻引起Chao1指数显著增加。在门水平,变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门是研究区土壤中的三大优势菌门。同时,连续种稻引起芽单胞菌、螺旋体属、纤维杆菌门、螺旋体属、硝化螺旋菌门、装甲菌门等相对丰度显著增加;放线菌门、硝化螺旋菌门、装甲菌门、厚壁菌门、蓝藻细菌等相对丰度显著下降。在科水平,连续种稻引起伪鱼腥藻科、丛毛单胞菌科相对丰度显著下降;暖蝇菌科、脱硫杆菌科、Ignavibacteriace、脱硫杆菌科相对丰度显著增加。土壤电导率、全氮、硝态氮、铵态氮、可溶性有机碳、可溶性有机氮是影响盐渍化稻田土壤细菌群落结构的关键环境因子。

参考文献(References)

- [1] 吴霞,王长军,樊丽琴,等.基于多光谱遥感的盐渍化评价指数对宁夏银北灌区土壤盐度预测的适用性分析[J].国土资源遥感,2021,33(2):124-133.
Wu Xia, Wang Changjun, Fan Liqin, et al. An applicability analysis of salinization evaluation index based on multispectral remote sensing to soil salinity prediction in Yinbei irrigation area of Ningxia [J]. Remote Sensing for Land & Resources, 2021,33(2):124-133.
- [2] Chen Liumei, Zhang Ganlin, Effland W R. Soil characteristic response times and pedogenic thresholds during the 1000-year evolution of a paddy soil chronosequence [J]. Soil Science Society of America Journal, 2011,75(5):1807-1820.
- [3] Liang Yongchao, Yang Yanfang, Yang Chaoguang, et al. Soil enzymatic activity and growth of rice and barley as influenced by organic manure in an anthropogenic soil [J]. Geoderma, 2003,115(1/2):149-160.
- [4] Zou Ping, Fu Jianrong, Cao Zhihong. Chronosequence of paddy soils and phosphorus sorption-desorption properties [J]. Journal of Soils and Sediments, 2011,11(2):249-259.
- [5] Kölbl A, Schad P, Jahn R, et al. Accelerated soil formation due to paddy management on marshlands (Zhejiang Province, China) [J]. Geoderma, 2014,228:67-89.
- [6] Carvalhais L C, Dennis P G, Fedoseyenko D, et al. Root exudation of sugars, amino acids, and organic acids by maize as affected by nitrogen, phosphorus, potassium, and iron deficiency [J]. Journal of Plant Nutrition and Soil Science, 2011,174(1):3-11.
- [7] Ding Longjun, Su Jianqiang, Li Hu, et al. Bacterial succession along a long-term chronosequence of paddy soil in the Yangtze River delta, China [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2017,104:59-67.
- [8] Yuan Bingcheng, Li Zizhen, Liu Hua, et al. Microbial biomass and activity in salt affected soils under arid conditions [J]. Applied Soil Ecology, 2007,35(2):319-328.
- [9] Mohanty S, Swain C K, Sethi S K, et al. Crop establishment and nitrogen management affect greenhouse gas emission and biological activity in tropical rice production [J]. Ecological Engineering, 2017,104:80-98.
- [10] Dong Wenyi, Zhang Xinyu, Dai Xiaoqin, et al. Changes in soil microbial community composition in response to fertilization of paddy soils in subtropical China [J]. Applied Soil Ecology, 2014,84:140-147.
- [11] Wu J, Brookes P C. The proportional mineralisation of microbial biomass and organic matter caused by air-drying and rewetting of a grassland soil [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2005,37(3):507-515.
- [12] Schimel J, Balser T C, Wallenstein M. Microbial stress-response physiology and its implications for eco-

- system function [J]. *Ecology*, 2007, 88(6):1386-1394.
- [13] 代泽成, 刘月秀, 党宁, 等. 长期氮水添加对温带草原土壤化学性质和微生物学特性的短期遗留效应[J]. *应用生态学报*, 2023, 34(7):1834-1844.
Dai Zecheng, Liu Yuexiu, Dang Ning, et al. Short-term legacy effects of long-term nitrogen and water addition on soil chemical properties and microbial characteristics in a temperate grassland [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2023, 34(7):1834-1844.
- [14] Brookes P C, Landman A, Pruden G, et al. Chloroform fumigation and the release of soil nitrogen: A rapid direct extraction method to measure microbial biomass nitrogen in soil [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1985, 17(6):837-842.
- [15] Bannert A, Kleineidam K, Wissing L, et al. Changes in diversity and functional gene abundances of microbial communities involved in nitrogen fixation, nitrification, and denitrification in a tidal wetland versus paddy soils cultivated for different time periods [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2011, 77(17):6109-6116.
- [16] Zhang Chao, Li Jing, Wang Jie, et al. Decreased temporary turnover of bacterial communities along soil depth gradient during a 35-year grazing exclusion period in a semiarid grassland [J]. *Geoderma*, 2019, 351:49-58.
- [17] Chen Hao, Zhao Xiaorong, Chen Xuejiao, et al. Seasonal changes of soil microbial C, N, P and associated nutrient dynamics in a semiarid grassland of north China [J]. *Applied Soil Ecology*, 2018, 128:89-97.
- [18] Liu Manqiang, Hu Feng, Chen Xiaoyun, et al. Organic amendments with reduced chemical fertilizer promote soil microbial development and nutrient availability in a subtropical paddy field: The influence of quantity, type and application time of organic amendments [J]. *Applied Soil Ecology*, 2009, 42(2):166-175.
- [19] 孙凤霞, 张伟华, 徐明岗, 等. 长期施肥对红壤微生物生物量碳氮和微生物碳源利用的影响[J]. *应用生态学报*, 2010, 21(11):2792-2798.
Sun Fengxia, Zhang Weihua, Xu Minggang, et al. Effects of long-term fertilization on microbial biomass carbon and nitrogen and on carbon source utilization of microbes in a red soil [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2010, 21(11):2792-2798.
- [20] Xu Xiaofeng, Thornton P E, Post W M. A global analysis of soil microbial biomass carbon, nitrogen and phosphorus in terrestrial ecosystems [J]. *Global Ecology and Biogeography*, 2013, 22(6):737-749.
- [21] Mooshammer M, Wanek W, Zechmeister-Boltenstern S, et al. Stoichiometric imbalances between terrestrial decomposer communities and their resources: Mechanisms and implications of microbial adaptations to their resources [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2014, 5:22.
- [22] 陈睿, 廖雯萍, 凌波, 等. 不同水稻种植模式下淹水及排干期土壤性质和微生物的变化[J]. *农业环境科学学报*, 2024, 43(6):1326-1337.
Chen Rui, Liao Wenping, Ling Bo, et al. Changes in soil properties and bacterial community during flooding and drainage periods under different rice planting modes [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2024, 43(6):1326-1337.
- [23] Su J, Hu C, Yan X, et al. Expression of barley SUSIBA2 transcription factor yields high-starch low-methane rice [J]. *Nature*, 2015, 523(7562):602-606.
- [24] 郭佳伟, 郭皓, 郑杰, 等. 枸杞园土壤化学性质及微生物群落特征对种植年限的响应[J]. *应用生态学报*, 2024, 35(12):3453-3460.
Wu Jiawei, Guo Hao, Zheng Jie, et al. Response of soil chemical properties and microbial community characteristics in *Lycium barbarum* orchard to planting years [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2024, 35(12):3453-3460.
- [25] Brenner D J, Krieg N R, Staley J T, et al. *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology (Vol.2): the Proteobacteria, Part B: the Gammaproteobacteria* [M]. New York: Springer, 2005:1106-1106.
- [26] Rath K M, Maheshwari A, Rousk J. The impact of salinity on the microbial response to drying and rewetting in soil [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, 108:17-26.
- [27] Morrissey E M, Berrier D J, Neubauer S C, et al. Using microbial communities and extracellular enzymes to link soil organic matter characteristics to greenhouse gas production in a tidal freshwater wetland [J]. *Biogeochemistry*, 2014, 117(2):473-490.
- [28] Blagodatskaya E, Kuzyakov Y. Mechanisms of real and apparent priming effects and their dependence on soil microbial biomass and community structure: Critical review [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2008, 45(2):115-131.
- [29] DeAngelis K M, Pold G, Topçuoğlu B D, et al. Long-term forest soil warming alters microbial communities in temperate forest soils [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2015, 6:104.