土 壤 学 报
Acta Pedologica Sinica

DOI: 10.11766/trxb202405220207 **CSTR: 32215.14.trxb202405220207**

宋李霞，吴心瑶，宋稳锋，任可，刘帮艳，甄雨卓，刘铭，周玉玲，刘超计，王龙昌.“旱三熟”制下不同覆盖处理对玉米根际土壤微生物多样性及群落结构的影响[J]. 土壤学报，2025，

SONG Lixia, WU Xinyao, SONG Wenfeng, REN Ke, LIU Bangyan, ZHEN Yuzhuo, LIU Ming, ZHOU Yuling, LIU Chaoji, WANG Longchang. Effects of Different Mulching Treatments on Soil Microbial Diversity and Community Structure in Rhizosphere Soils of Maize Under the“Dryland Triple Intercropping”System[J]. Acta Pedologica Sinica, 2025,

“旱三熟”制下不同覆盖处理对玉米根际土壤微生物多样性及群落结构的影响*

宋李霞，吴心瑶，宋稳锋，任 可，刘帮艳，甄雨卓，刘 铭，周玉玲，刘超计，王龙昌†

（西南大学农学与生物科技学院，南方山地农业教育部工程研究中心，重庆 400715）

摘 要：为探究“旱三熟”种植模式下不同覆盖处理对玉米根际土壤微生物多样性及群落结构的影响，开展为期两年的随机区组田间试验，试验共设不覆盖（CK）、秸秆覆盖（S）、紫云英覆盖（M）、秸秆和紫云英协同覆盖（S+M）4 个处理。采用 Illumina MiSeq PE300 高通量技术对内部转录间隔区（ITS）rDNA 和 16S rRNA 基因测序，分析了覆盖后玉米花期土壤微生物特性的变化。研究结果表明：（1）M、S+M 处理减少了土壤细菌物种数和群落多样性，S、S+M 处理增加了土壤真菌物种数和群落多样性，M 处理减少土壤真菌物种数。覆盖处理（S、M、S+M）与无覆盖处理之间的土壤细菌组成和群落结构差异较大；不同处理间真菌群落互不交集，差异显著，群落组成不相似。（2）覆盖处理会减少特有的细菌物种，S、S+M 处理会增加各处理特有的真菌物种。与 CK 处理相比，覆盖处理增加了玉米根际土壤中变形菌门（Proteobacteria）、放线菌门（Actinobacteria）、担子菌门（Basidiomycota）的相对丰度，减少了酸杆菌门（Acidobacteria）、子囊菌门（Ascomycota）的相对丰度。（3）S+M 处理通过影响全磷、硝态氮进而影响细菌微生物群落结构，与可溶性有机碳、易氧化有机碳呈正相关；M、S+M 处理通过影响全氮、硝态氮来影响真菌微生物群落结构，与土壤含水率、有效磷、全氮、硝态氮呈正相关。与 CK 处理相比，覆盖处理能够改善土壤微生物多样性及群落结构，加速秸秆和紫云英在田间的腐解，促进玉米对土壤养分的吸收利用，积极作用于土壤生态平衡，其中秸秆和紫云英协同覆盖处理的效果最佳。因此，秸秆和紫云英协同覆盖处理是西南旱地保护性耕作的有效措施。

关键词：“旱三熟”制；秸秆覆盖；紫云英覆盖；微生物多样性；群落结构

中图分类号：S154.3 **文献标志码：**A

Effects of Different Mulching Treatments on Soil Microbial Diversity and Community Structure in Rhizosphere Soil of Maize Under the “Dryland Triple Intercropping” System

SONG Lixia, WU Xinyao, SONG Wenfeng, REN Ke, LIU Bangyan, ZHEN Yuzhuo, LIU Ming, ZHOU Yuling, LIU Chaoji, WANG Longchang†

*国家自然科学基金项目（31871583）资助 Supported by the National Natural Science Foundation of China (No. 31871583)

†作者简介：宋李霞（1997—），女，硕士研究生，主要从事作物栽培与农业生态研究。E-mail: songlixia@163.com。
通讯作者 Corresponding author，E-mail: wanglc2003@163.com

收稿日期：2024-05-22 ；收到修改稿日期：2025-02-14；网络首发日期（www.cnki.net）：202 – –

(*College of Agronomy and Biotechnology, Southwest University / Engineering Research Center of South Upland Agriculture，Ministry of Education, Chongqing* 400715, *China*)

Abstract:【Objective】This study aimed to investigate the effects of different mulching treatments on microbial diversity and community structure of maize rhizosphere soil under the planting mode of “dryland triple intercropping”.【Method】It was conducted a two-year randomized block group field experiment with four treatments: no mulching (control), straw mulching (S), milk vetch mulching (M), and combined mulching of straw and milk vetch (S+M). Sequencing of internal transcribed spacer region (ITS) rDNA and 16S rRNA genes using Illumina MiSeq PE300 high-throughput technology was used to analyze changes in microbial characteristics of maize soils at the flowering stage after mulching. 【Result】The main results were as follows: (1) The M and S+M treatments decreased the number of soil bacterial species and community diversity, the S and S+M treatments increased the number of soil fungal species and community diversity, while the M treatment decreased the number of soil fungal species. The differences in soil bacterial composition and community structure between the mulched treatments (S, M, S+M) and the no-mulch treatment were significant; fungal communities were not interspersed with each other, differed significantly, and did not have similar community composition between treatments. (2) Mulching treatments decreased endemic bacterial species whereas S and S+M treatments increased fungal species endemic to each treatment. Compared with the control treatment, the mulching treatment increased the relative abundance of Proteobacteria, Actinobacteria, and Basidiomycota in the dominant bacterial phyla of the rhizosphere soil of maize, and decreased the relative abundance of Acidobacteria and Ascomycota. (3) The S+M treatment affected the bacterial microbial community structure by influencing total phosphorus and nitrate nitrogen, which were positively correlated with dissolved organic carbon and readily oxidizable carbon, while the M and S+M treatments affected the fungal microbial community structure by influencing total nitrogen and nitrate nitrogen, which were positively correlated with soil water content, available phosphorus, total nitrogen and nitrate nitrogen.【Conclusion】Compared to the control treatment, the mulching treatments were able to improve soil microbial diversity and community structure, accelerate the decomposition of straw and milk vetch in the field to promote the absorption and utilization of soil nutrients by maize, and positively contribute to the soil ecological balance. Of all the treatments, the synergistic mulching treatment of straw and milk vetch was the most effective. Therefore, synergistic mulching treatment with straw and milk vetch is an effective measure for conservation tillage in the drylands of Southwest China.

Key words: "Dryland triple intercropping" system; Straw mulching; Vetch mulching; Microbial diversity; Community structure

西南丘陵地区以旱作农田为主，基于蚕豆/玉米/甘薯“旱三熟”种植模式下开展保护性耕作研究对于保护农田生态环境具有重要意义。多熟套种是西南地区较为常见的种植制度[1]。“旱三熟”制度是一种在旱作农田同一地块上，通过间、套、轮作一年种植三种作物的种植制度。一年三季作物虽然能够高效产出，但对土壤地力的消耗较大，且在玉米（*Zea mays* L.）大喇叭口前，田间杂草生长较快，直接喷施除草剂对土壤微生态影响较大，且无适合禾本科和豆科作物复合种植模式下的除草剂产品，需进行多次中耕除草。中国是秸秆产量大国，一年收获三季作物会大量增加秸秆的产出，焚烧秸秆会带来环境污染，丢弃秸秆则太过浪费[2]，这些秸秆该何去何从？秸秆还田能解决以上问题。秸秆覆盖是秸秆还田的一种，覆盖还田是在作物种植期间，直接将前茬植株残茬覆盖于土壤表面，能增加土壤养分，补充一部分消耗的地力，减少水土流失，改变表层土壤温湿度，从而改变农田小气候，抑制农田杂草，影响微生物活动[3]。土壤微生物是维持土壤健康的关键，不仅能参与有机质的分解、转化、养分循环和提升土壤质量等关键农业生态系统过程，还能促进植物生长[4]。近年来，国内外学者对土壤微生物特性开展了诸多研究，这些研究展现了秸秆分解时微生物多样性和群落的变化，秸秆还田不仅能够增加土壤微生物总量[5]，影响微生物驱动土壤有机碳形成和转化[6]，还能提高土壤微生物丰度，改变微生物群落多样性[7]。土壤微生物在秸秆分解中起着至关重要的作用，然而微生物分解秸秆时所需的氮量远高于分解过程中的秸秆供应能力[8]，所以秸秆分解时土壤很有可能缺氮，豆科绿肥还田能补充一部分氮量[9]。绿肥还田为土壤微生物提供了新鲜的有机物，改善土壤理化性状，提高土壤肥力，增加土壤微生物数量和群落功能多样性，增强土壤抵御土传病害的能力[10-12]。紫云英（*Astragalus sinicus* L.）是一种豆科绿肥作物，它是绿肥中改善土壤质量的

较好选择[10]。紫云英还田改变了细菌微生物群落组成[13]，对细菌酸杆菌门和真菌球囊菌门影响显著[14]。前人研究表明，秸秆和紫云英联合覆盖下增强了土壤碳汇功能，增加了土壤养分[15]，提高了分解纤维素和木质素真菌的丰度，真菌丰度和群落结构影响残基分解速率[16]。紫云英还田方式多为翻压，但研究紫云英覆盖还田尚较少。

不同的覆盖方式通过影响玉米土壤理化性质来影响土壤环境，进一步影响土壤微生物及玉米根系分泌物，最终改变土壤微生态。近年来，关于秸秆覆盖还田和紫云英翻压还田的研究逐渐增多，但多集中于单作模式，在“旱三熟”种植模式下研究较少。因此，本文主要研究“旱三熟”种植模式下不同覆盖处理如何影响土壤微生物多样性和群落结构，以及这些变化对作物生长和土壤健康的潜在影响，旨在为加速推进秸秆资源化和绿肥高效应用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验地位于重庆市北碚区西南大学教学实验农场，地处 29°51′N、106°27′E，海拔 244 m，属亚热带季风性湿润气候。年均太阳总辐射量 87 108 kJ·cm^{-2}，历年平均总日照时数 1 276.7 h，多年平均气温 18℃，≥10℃积温 5 979.5 ℃，夏季最高气温达 42℃左右，无霜期达 359 d，多年平均降水量 1 133.7 mm，年蒸发量 1 181.1 mm，伏旱发生频率达 93%。试验地土壤类型为旱地紫色土，试验前土壤基本理化性质为：土壤容重 1.38 g·cm^{-1}、全氮 1.19 g·kg^{-1}、碱解氮 38.23 mg·kg^{-1}、全磷 0.72 g·kg^{-1}、有效磷 62 mg·kg^{-1}、全钾 35.46 g·kg^{-1}、速效钾 155 mg·kg^{-1}、pH5.98、总有机碳 12.12 g·kg^{-1}，玉米生育期内气象情况如图 1 所示（美国坎贝尔公司 Campbell CR1000X 型数据采集器）。

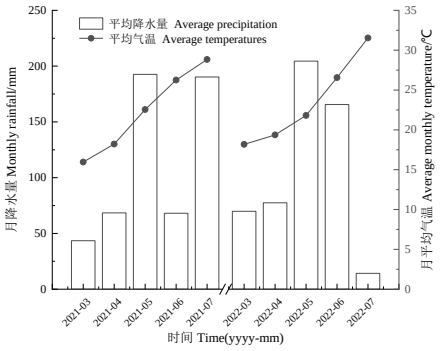


图 1 2021 年和 2022 年玉米生育期内试验小区气温和降水特征

Fig. 1 Temperature and precipitation characteristics of the test plots during the growth period of maize in 2021 and 2022

1.2 试验设计

以蚕豆/玉米/甘薯“旱三熟”套作种植模式下的玉米为研究对象开展大田试验。试验共设 4 个处理：对照（CK）、秸秆覆盖（S）、紫云英覆盖（M）、秸秆和紫云英协同覆盖（S+M），试验具体处理方法见表 1。

表 1 试验具体处理方法

Table 1 Experimental specific treatments

处理符号 Treatments symbol	处理 Treatment	操作方法 Operation method
CK	对照	无覆盖处理
S	秸秆覆盖	作物（蚕豆/玉米/甘薯）收获后，将作物秸秆切成 20 cm 左右长度并均匀覆盖在地表，每种秸秆覆盖量为 7 500 kg·hm^{-2}（干物质量）
M	紫云英覆盖	紫云英于盛花期收获并将紫云英绿肥切成 20 cm 左右长度均匀覆盖在地表，紫云英覆盖量 7 780 kg·hm^{-2}（干物质量）
S+M	秸秆覆盖+紫云英覆盖	秸秆覆盖量和覆盖方法同 S 处理，紫云英覆盖量和覆盖方法同 M 处理

试验小区采用随机区组排列，每个处理重复 3 次，共 12 小区，每个小区面积为 32 m^2（8 m×4 m）。每个小区均分成四厢，共八个条带，每个条带宽度为 1 m，长度为 4 m。每个小区有 4 个玉米种植条带，其中 3 个条带用于生育期取样，随机留 1 个条带用于玉米收获测产。玉米品种为先玉 1171，于 3 月下旬开始软盘育苗，4 月上旬玉米三叶期时移栽，栽培密度为每公顷 49 500 株，每条带种 2 行，每行 9 穴，穴距 20 cm，于当年 7 月下旬收获，玉米全生育期 115 d，共种植 2021 年和 2022 年两年。

玉米种植期间，采用少耕的耕作方式，在每年种植蚕豆前旋耕一次，玉米拔节期中耕培土一次，尽量减少对土壤的扰动，参考当地施肥情况，玉米在移栽后 7 d 左右施 560 kg·hm^{-2} 当地常施的复合肥料(N：P_2O_5：K_2O=15：15：15)，并在拔节期追施尿素 450 kg·hm^{-2}，其他田间管理措施同常规管理。蚕豆/玉米/甘薯“旱三熟”种植模式为在前一年 11 月上旬播种蚕豆和紫云英，蚕豆与紫云英条带相邻间作，紫云英于来年 4 月初盛花期收获后进行紫云英覆盖，再在曾经的紫云英条带上移栽玉米（4 月上旬），1 个月后收获蚕豆（5 月上旬），蚕豆收获后秸秆覆盖，再继续在蚕豆条带上种植甘薯（5 月下旬），玉米收获后秸秆覆盖（7 月下旬），甘薯收获后秸秆全地覆盖（10 月底），如图 2 所示。

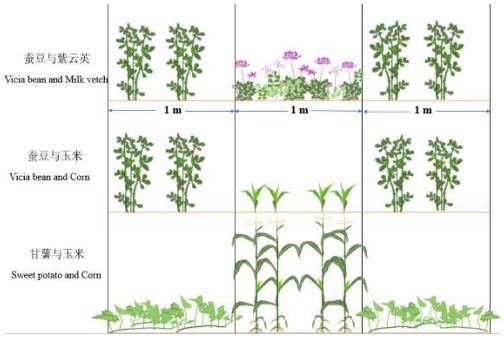


图 2 “旱三熟”种植模式图

Fig. 2 Diagram of “dryland triple intercropping”

1.3 样品采集与分析

在玉米花期用五点取样法取 5 穴玉米，选取能代表试验小区正常生育的健康玉米植株，采用锄头将整穴玉米完整挖出，田间挖掘约每穴 45 cm×45 cm，取土层为 0~20 cm，将土样混合均匀。采用抖根法将根际土壤抖落入样品袋中，鲜土低温保存，迅速带回实验室，拣去杂物过 2 mm 筛，将玉米根际土壤保存于 -80 ℃ 冰箱，用于后续土壤微生物多样性的测定。使用通用引物 338F(5’-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3’)和 806R(5’-GGACTAGHVGGGTWTCTAAT-3’)对 16S rRNA 基因 V3~V4 可变区进行 PCR 扩增，使用真菌内部转录间隔区（ITS）引物对 ITS1F(CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA)和 ITS2R(GCTGCGTTCTTCATCGATGC)对真菌 ITS 基因进行 PCR 扩增，利用 Illumina 公司的 Miseq PE300 平台进行高通量测序，由上海美吉生物医药科技有限公司完成。

1.4 数据处理

数据采用 Excel 2019 整理，采用 SPSS 26 软件进行方差分析和相关性分析，用邓肯（Duncan）多重比较法进行差异显著性检验，显著水平设为 0.05，采用 Origin 2019b 32Bit、Canoco 5.0 绘制图形。

2 结 果

2.1 不同覆盖对土壤微生物群落结构多样性的影响

2.1.1 不同覆盖下的土壤微生物α多样性指数　由表 2 可知，与 CK 处理相比，M 处理的土壤细菌 Ace 指数、Chao 1 指数、香农(Shannon)指数、Sobs 指数分别降低了 7.94%、7.87%、2.08%和 8.08%（P<0.05），S+M 处理的细菌 Ace、Chao 1、Sobs 指数分别降低了 7.14%、6.84%和 6.99%（P<0.05）。与 CK 处理相比，S 处理的土壤真菌 Shannon、Sobs 指数分别升高了 6.12%、9.00%，M 处理的土壤真菌 Ace、Chao 1、Sobs 指数分别降低了 10.98%、12.10%、9.95%，S+M 处理的土壤真菌 Sobs 指数升高了 8.13%。以上可知，α多样性指数受不同覆盖物的影响，M、S+M 处理减少了土壤细菌物种数和群落多样性，S、S+M 处理增加了土壤真菌物种数和群落多样性，M 处理减少土壤真菌物种数。

表 2 玉米土壤细菌和真菌群落多样性指数

Table 2 Diversity index of soil microbial bacterial and fungal communities of maize

微生物 Microorganisms	处理 Treatment	Ace 指数 Ace index	Chao 1 指数 Chao 1 index	香农指数 Shannon index	Sobs 指数 Sobs index	辛普森指数 Simpson index
细菌	CK	3 783.3±103.6a	3 778.87±118.21a	6.77±0.01a	3 018.67±51.03a	0.002 8±0.000 1a
Bacteria	S	3 701.17±49.64ab	3 657.08±52.81ab	6.76±0.06a	2 984.33±43.06a	0.002 9±0.000 4a
	M	3 482.8±138.26c	3 481.57±155.16b	6.63±0.08b	2 774.67±89.2b	0.003 4±0.000 5a
	S+M	3 513.1±105.09bc	3 520.46±119.33b	6.71±0.01ab	2 807.67±44.6b	0.002 8±0.000 1a
真菌	CK	1 070.56±46.07a	1 060.41±59.34a	4.58±0.14bc	877.33±42.16b	0.029 9±0.008 9ab
Fungus	S	1 117.85±17.78a	1 101.67±11.52a	4.86±0.12a	956.33±16.8a	0.021 3±0.002 6b
	M	952.96±33.89b	932.1±45.61b	4.45±0.19c	790±39.23c	0.040 3±0.012 3a
	S+M	1 146.7±71.32a	1 136±67.13a	4.78±0.1ab	948.67±35.16a	0.025 3±0.001 9ab

注：同列小写字母表示四个处理之间的差异（P＜0.05）。下同。Note: Lowercase letters in the same column indicate the difference between the four treatments (P< 0.05). The same as below.

2.1.2 不同覆盖下的土壤微生物β多样性　由图 3a 可知，玉米根际土壤细菌群落中，主坐标分析（PCoA）的 PCoA1 轴和 PCoA2 轴分别能解释 22.07%和 16.97%的群落组成差异，S、M、S+M 处理能分别与 CK 处理形成各自独立群落结构团体（R^2=0.460 9，P=0.001），S、M、S+M 处理均与 CK 处理距离较远，S+M 处理与 CK 处理之间的距离最远，说明覆盖处理（S、M、S+M）与无覆盖处理间土壤细菌组成及群落结构的差异较大。S、M 处理的团体之间有部分交集，说明这两个处理间细菌操作分类单元（OTU）组成的差异较小，它们的细菌群落结构部分相近。由图 3b 可知，玉米根际土壤真菌群落中，PCoA 分析的 PCoA1 轴和 PCoA2 轴分别能解释 25%和 18.05%的群落组成差异，S、M、S+M 处理能分别与 CK 处理形成各自独立群落结构团体（R^2=0.541 5，P=0.001），S、M、S+M 处理均与 CK 处理距离较远，不同处理间真菌群落互不交集，差异显著，群落组成也不相似。

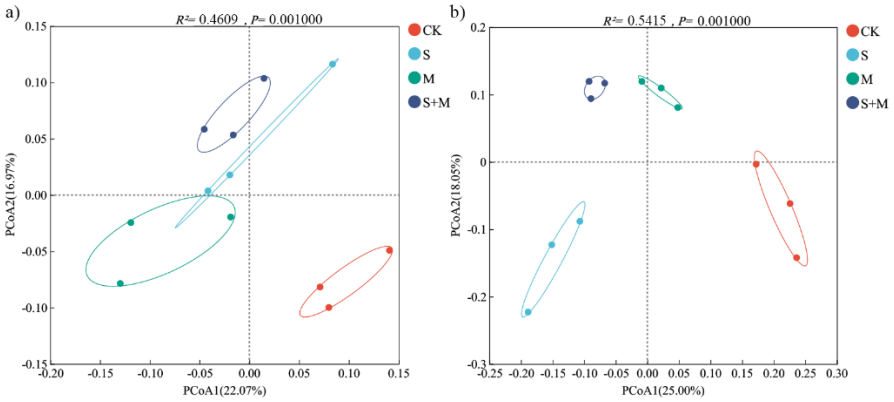


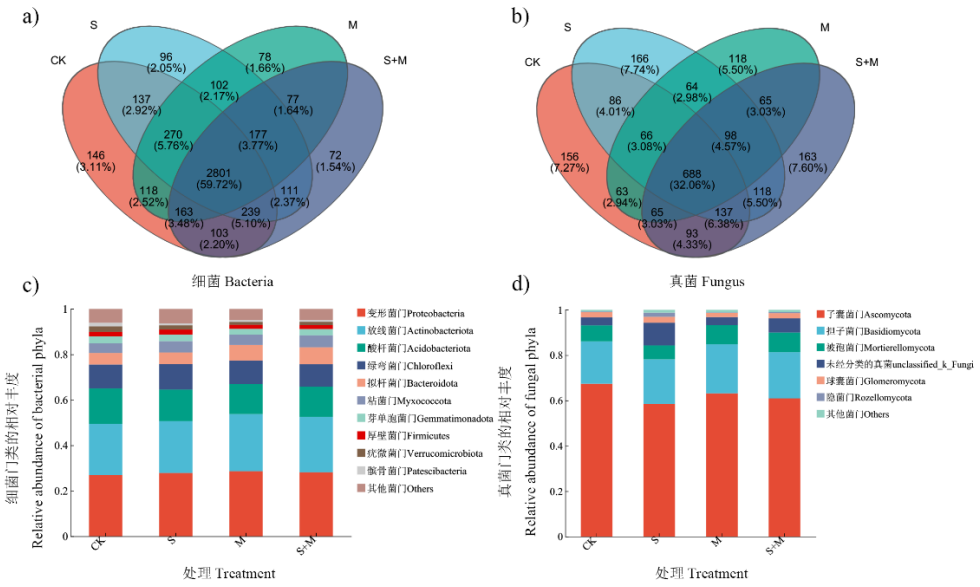
图 3 不同处理下玉米根际土壤细菌（a）、真菌（b）微生物群落主坐标分析（PCoA）（操作分类单元，OUT）

Fig. 3 Principal coordinate analysis (PCoA) of bacterial (a) and fungal (b) microbial communities in the rhizosphere soil of maize under different treatments (Operational taxonomic unitslevel, OTU)

2.2 不同覆盖对土壤细菌真菌群落的影响

2.2.1 物种韦恩（Venn）图　如图 4a 所示，玉米根际土壤中细菌 OTUs 共有数目为 2 801，占比 59.72%。不同处理间特有细菌物种数目表现为：CK>S>M>S+M。如图 4b 所示，玉米根际土壤中真菌 OTUs 共有 688 种，占比 32.06%。不同处理间特有真菌物种数目表现为：S>S+M>CK>M。总之，细菌共有 OTUs 数目大于真菌，与 CK 处理相比，覆盖处理会减少特有的细菌物种，S、S+M 处理会增加各处理特有的真菌物种。

2.2.2 不同处理下根际土壤细菌真菌群落组成和相对丰度　玉米根际土壤微生物群落结构层次明显，优势细菌门有变形菌门（Proteobacteria，CK：26.88%；S：27.89%；M：28.65%；S+M：28.15%）、放线菌门（Actinobacteria，CK：22.54%；S：22.74%；M：25.11%；S+M：24.39%）和酸杆菌门（Acidobacteria，CK：15.64%；S：13.88%；M：13.18%；S+M：13.34%），共占约 62.6%~69.39%（图 4c），覆盖处理均能增加变形菌门和放线菌门的相对丰度，减少酸杆菌门的相对丰度。除了优势细菌门之外，还有绿弯菌门（Chloroflexi，CK：10.48%；S：11.29%；M：10.44%；S+M：9.83%）、拟杆菌门（Bacteroidota）、Myxococcota、芽单胞菌门（Gemmatimonadetes）、厚壁菌门（Firmicutes）以及疣微菌门（Verrucomicrobia）、髌骨细菌门（Patescibacteria）也对土壤覆盖处理有一定程度的响应。玉米根际土壤的优势真菌门有子囊菌门（Ascomycota，CK：67.45%；S：58.47%；M：63.17%；S+M：60.96%）和担子菌门（Basidiomycota，CK：18.68%；S：19.72%；M：21.65%；S+M：20.38%），共占约 77.15%~89.09%（图 4d）。覆盖处理减少了子囊菌门的相对丰度，增加了担子菌门的相对丰度。除了优势真菌门之外，还有被孢菌门（Mortierellomycota）、未经分类的真菌（unclassified_k_Fungi）、球囊菌门（Glomeromycota）、隐真菌门（Rozellomycota）也对土壤覆盖处理有一定程度的响应。



注：a、b 两图中不同颜色代表不同处理，数字代表物种数，交叉区域代表共同拥有的物种。Note: Different colors in fig.a and fig. b represent different treatments, the number represents the number of species, and the cross area represents the common ownership of the species.

图 4 不同处理下玉米根际土壤细菌 OTUs 韦恩图（a）、真菌 OTUs 韦恩图（b）以及细菌群落组成和相对丰度（c）、真菌群落组成和相对丰度（d）

Fig. 4 Venn diagrams of bacterial OTUs (a) and fungal OTUs (b) as well as bacterial community composition and relative abundance (c) and fungal community composition and relative abundance (d) in the rhizosphere soil of maize under different treatments

2.3 不同处理下土壤环境因子对土壤微生物群落的影响

由表 3 可知，NO_3^--N、TP 分别在细菌冗余分析（RDA）中单独效应解释为 0.547 4、0.656 6，具有较高的解释度，均达到显著水平（P<0.05）；TN、NO_3-N 分别在真菌 RDA 分析中单独效应解释为 0.813 2、0.565 2，具有较高的解释度，分别达到极显著（P<0.001）和显著水平（P<0.05）。

表 3 土壤环境因子在冗余分析（RDA）模型中的单独效应

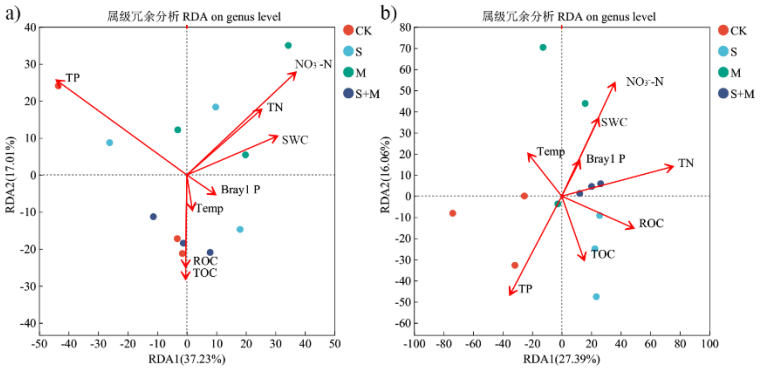
Table 3 Individual effects of soil environmental factors in the redundancy analysis (RDA) model

环境因子 Environmental factor	细菌 Bacteria		真菌 Fungus	
	R^2	P	R^2	P
SWC	0.257 3	0.253	0.264 4	0.247
Temp	0.023 2	0.906	0.117 1	0.562
TN	0.239 9	0.286	0.813 2	0.001
NO_3^--N	0.547 4	0.027	0.565 2	0.02
ROC	0.167 8	0.435	0.348 1	0.132
TP	0.656 6	0.013	0.461 8	0.08
Bray1 P	0.027 7	0.891	0.054 0	0.737
TOC	0.214 5	0.343	0.145 8	0.519

注： R^2：解释度，P：统计显著值，SWC：土壤含水率，Temp：温度，TN：全氮，NO_3^--N：硝态氮，ROC：易氧化有机碳，TP：全磷，Bray1 P：有效磷，TOC：总有机碳。下同。Note: R^2: degree of explanation, P: statistically significant value, SWC: soil water content, Temp: temperature, TN: total nitrogen, NO_3^--N: nitrate nitrogen, ROC: readily oxidizable organic carbon, TP: total phosphorus, Bray1 P: available phosphorus, and TOC: total organic carbon. The same as below.

采用冗余分析（RDA）进一步研究各处理细菌真菌微生物群落结构与土壤环境因子之间的关系。由

图 5a 图可得出，RDA1 轴和 RDA2 轴分别具有 37.23%和 17.01%的解释度，S+M 处理和 CK 处理与 ROC、TOC、Temp、Bray1 P 呈正相关关系；S、M 处理与 TN、NO_3^--N、TP、SWC 呈正相关；SWC 与 Bray1 P 有较好的正相关关系。由图 5b 可得出，RDA1 轴和 RDA2 轴分别具有 27.39%和 16.06%的解释度，CK 处理和 S 处理与 TP、ROC、TOC 呈正相关关系；M、S+M 处理与 SWC、Temp、TN、NO_3^--N、Bray1 P 呈正相关关系；TN 与 ROC 有较好的正相关关系。



注：通过方差膨胀因子（VIF）分析，筛选去除 VIF＞10 的环境因子。环境因子 pH、NH_4^+-N（铵态氮）、DOC（可溶性有机碳）的 VIF 大于 10，因此去除这些环境因子。Note: Environmental factors with VIF > 10 were screened and removed by variance inflation factor (VIF) analysis. The environmental factors pH, NH_4^+-N (ammonia nitrogen), and DOC (dissolved organic carbon) had VIF > 10, so these environmental factors were removed.

图 5 土壤细菌（a）和真菌（b）微生物群落结构与土壤环境因子的冗余分析(RDA)

Fig. 5 Redundancy analysis (RDA) of soil bacterial (a) and fungal (b) microbial community structure with soil environmental factors

3 讨 论

3.1 不同覆盖处理对土壤微生物多样性的影响

本研究中，α 多样性指数受到不同覆盖物的影响，S 处理土壤细菌 α 多样性无显著变化（表 2），说明该处理对细菌的均匀性起到的作用有限，前人研究结果也表明秸秆覆盖对土壤细菌香农和辛普森多样性指数无显著影响[17]；M、S+M 处理降低了土壤细菌群落丰富度和均匀度（表 2），前人研究表明在紫云英还田量为 45 $mg \cdot hm^{-2}$ 时稻田土壤细菌群落的 α 多样性降低[18]，这可能是因为覆盖绿肥改善了土壤环境因子，NO_3^--N、TP 在细菌 RDA 分析中达到显著水平（表 3）。

本研究中 S 处理增加了土壤真菌 Shannon、Sobs 指数（表 2），说明用秸秆进行覆盖能增加土壤真菌群落丰富度，有利于维持长期的土壤健康，同斯捷[19]研究却表明秸秆覆盖对于土壤真菌的 α 多样性削弱，可能是因为土壤真菌群落丰富度随着秸秆覆盖时间的推进呈现出动态变化，取样时间为蚕豆秸秆覆盖后 30 d，秸秆中的碳源和氮源向土壤持续输入，改变了土壤环境因子，进而改变土壤真菌多样性；而段袁慧真[20]的研究表明在秸秆覆盖 45 d 时提升了土壤真菌多样性及均匀度则证明了该观点，本研究中 M 处理减少土壤真菌物种丰富度和 OTU 数目（表 2），这与前人的研究不同，即 Zhang 等 [18]研究表明紫云英覆盖的真菌群落 α 多样性无显著变化，可能是与紫云英覆盖时间长短有关，分解过程中长时间覆盖下逐渐形成了更严密的厌氧环境[21]，遂导致真菌 α 多样性下降。本研究中，紫云英或秸秆的添加显著改变了细菌 β 多样性，不同处理间真菌 β 多样性差异显著（图 3），这与他人的研究结果[10-11]一致。其中 S+M 处理的细菌 β 多样性最大（图 3），可能是因为不同覆盖物对土壤细菌群落物种组成的影响也不尽相同，有累积作用。

3.2 不同覆盖处理对土壤微生物群落结构的影响

本研究中土壤细菌以变形菌门、放线菌门和酸杆菌门为主（图 4c），是农田土壤的常见类群，均能在纤维素、半纤维素和木质素降解过程中起关键作用[21-22]。变形菌门在农田土壤中多为δ、γ-变形菌门，放线菌门拥有在植物根表面定殖的能力以及在干旱胁迫下产生多种次级代谢产物的能力，促进植物生长[23]，这些细菌是紫云英与秸秆的分解者，利于土壤根区生态。本研究中覆盖处理使农田土壤异养细菌富集，加快了农田生物化学循环，变形菌门和放线菌门在覆盖处理下均增加（图 4c），覆盖处理使土壤碳源和氮源增加，这是由于变形菌作为一种嗜营养菌在富碳氮环境可刺激其快速增长[24]，放线菌已被发现广泛分布于干旱土壤中，本试验取样时期土壤较为干旱，故放线菌为优势菌门。在 M 处理下土壤细菌相对丰度增加的最多（图 4c），这与以前的研究结果[13]一致，变形菌门和放线菌门是与氮循环相关的细菌类群，紫云英还田提高土壤中细菌群的氮循环功能[25]。酸杆菌被认为可分解难降解的碳源，但有趣的是，本研究中覆盖处理反而使酸杆菌门丰富度降低，紫云英施入使酸杆菌门的相对丰度更低（图 4c），与前人研究的秸秆覆盖增加了酸杆菌门结论[26]不一致。酸杆菌中富含的碳水化合物活性酶(Cazyme)及其分泌的蛋白酶体，是高效生物质降解的关键，尤其是降解木质纤维素生物质[27]，可能是因为玉米花期覆盖处理使土壤增温效果强，增温使酸杆菌门的相对丰度降低 19%以上[28]，也可能是绿肥的施用刺激了其他类型微生物的大量繁殖，导致酸杆菌门丰富度降低。

本研究中土壤真菌以子囊菌门和担子菌门为主（图 4d），均为典型的腐生菌门，利于土壤环境且能分解有机物质[29]，供给植物营养，但也容易引起多种真菌病害，子囊菌引起根腐、茎腐、果（穗）腐和枝枯等[30]，担子菌会降解植物多糖及分解木质素[31]。本研究中覆盖紫云英或秸秆会降低子囊菌门的丰度（图 4d），可能是因为土壤营养水平较高会降低子囊菌属的相对丰度[32]，多数子囊菌在土壤生态系统反硝化过程中起重要作用，影响土壤碳的分解，覆盖处理中子囊菌门相对丰度较低反而不会令反硝化过程中产生较多的温室气体 N_2O，可能有利于生态圈平衡[33]。子囊菌门也是玉米病原型真菌，说明覆盖紫云英、秸秆覆盖会降低玉米病害的发生。本试验覆盖处理增加了担子菌门的丰度（图 4d），可能是因为子囊菌门与担子菌门之间存在竞争关系[29, 34]，表明覆盖处理为担子菌提供了良好的生存环境，有研究表明担子菌可与作物根系形成外生菌根，加速作物对水分和养分的吸收[35]。紫云英和秸秆中大量的纤维、半纤维素、木质素以及可溶性有机物均为细菌和真菌的食物来源，紫云英和秸秆的还田促进了土壤中与降解相关的细菌和真菌增殖，这些细菌和真菌微生物又加快了紫云英和秸秆的腐解进程，有利于绿肥和秸秆降解后土壤肥力和健康水平的提高。

3.3 土壤微生物群落与土壤环境因子之间的关系

作物、土壤和土壤微生物形成了一个生态系统，相互影响和制约。土壤微生物群落主要由土壤环境因子决定。本研究发现当覆盖紫云英或秸秆时，NO_3^--N、TP 为影响土壤细菌群落的关键环境因子，TN、NO_3^--N 为影响土壤真菌群落的关键环境因子（表 3），TN、NO_3^--N、TP、SWC 对 M 处理的土壤细菌微生物响应较强（图 5a），TN 对 S+M 处理的土壤真菌微生物响应最强（图 5b）。氮对土壤微生物影响较大，可能是因为紫云英通过根瘤菌固定根茎中的大气氮[9]，覆盖紫云英是向土壤增加了氮源及有机化合物的输入，调节了土壤酶活性，从而增加磷的可用性。正如前人的研究[36]，覆盖紫云英或秸秆可能改变土壤碳氮形式，有效增加土壤中不稳定的养分浓度，进而影响土壤微生物群落的结构和功能特征[37-38]。本研究中，S+M 处理下土壤细菌真菌与水分、温度均有相关关系（图 5），覆盖秸秆或紫云英通过影响土壤水分和温度来改变土壤微生物群落结构。

4 结 论

覆盖处理（S、M、S+M）能增加土壤真菌微生物物种丰富度，减少特有的细菌物种数目。与 CK 处理相比，S、S+M 处理能增加土壤真菌物种数和群落多样性，M 处理能减少土壤真菌物种数；覆盖处理增加了玉米根际土壤优势菌门中变形菌门（Proteobacteri）、放线菌门（Actinobacteria）、担子菌门

（Basidiomycota）的相对丰度，减少了酸杆菌门（Acidobacteria）、子囊菌门（Ascomycota）的相对丰度。综上，覆盖处理能有效改善土壤微生物多样性及群落结构，尤其是 S+M 处理表现最佳，放大了菌群结构的优势，在一定程度上加强了农田土壤健康和可持续发展的潜力。

参考文献（References）

[1] Zhang S, Wang L C, Zhang X Y, et al. Respiration of upland soil under conservation tillage in purple hilly regions and its influencing factors[J]. Acta Pedologica Sinica, 2014, 51(3): 520-530. [张赛，王龙昌，张晓雨，等. 紫色土丘陵区保护性耕作下旱地土壤呼吸及影响因素[J]. 土壤学报, 2014, 51(3): 520-530.]

[2] Li F Y, Wang J F. Estimation of carbon emission from burning and carbon sequestration from biochar producing using crop straw in China[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2013, 29(14): 1-7. [李飞跃，汪建飞. 中国粮食作物秸秆焚烧排碳量及转化生物炭固碳量的估算[J]. 农业工程学报, 2013, 29(14): 1-7.]

[3] Huang Z C, Chen J, Xiong Y, et al. Effects of conservation tillage on soil microbes and enzyme activity in rhizosphere of broad bean[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2018, 36(3): 79-85. [黄召存，陈娇，熊瑛，等. 保护性耕作对蚕豆根际土壤微生物数量和酶活性的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2018, 36(3): 79-85.]

[4] Fierer N. Embracing the unknown: Disentangling the complexities of the soil microbiome[J]. Nature Reviews Microbiology, 2017, 15(10): 579-590.

[5] Zhou Z J, Guo S, Chen K, et al. Long-term straw mulching affects rice and wheat yields, soil nitrogen fractions, and microbial community under a no-till system[J]. Acta Pedologica Sinica, 2022, 59(4): 1148-1159. [周子军，郭松，陈琨，等. 长期秸秆覆盖对免耕稻-麦产量、土壤氮组分及微生物群落的影响[J]. 土壤学报, 2022, 59(4): 1148-1159.]

[6]Lu M Y, Wang Z Q, Zhang K, et al. Effect of nitrogen and phosohorus addition after straw input on the microbial community structure and the accumulation of necromass in paddy soil[J/OL]. Acta Pedologica Sinica, 2025, DOI:10.11766/trxb202406220253.[2025-02-12].[卢孟雅，王智权，张昆，等. 氮磷对秸秆输入下稻田土壤微生物群落及其残体的影响[J/OL].土壤学报, 2025, DOI:10.11766/trxb202406220253. [2025-02-12]

[7]Chen P, Li S W, Cheng W, et al. Impacts of straw return on the community structure and functional[J/OL]. Acta Pedologica Sinica, 2025, DOI: 10.11766/trxb202406140054.[2024-12-25].[陈佩，李士伟，程宇，等. 秸秆还田对水稻土固氮微生物群落结构与功能活性的影响[J/OL].土壤学报,2025, DOI: 10.11766/trxb202406140054. [2024-12-25].]

[8] Zhao Y, Wang S, Zhang M, et al. Nitrogen application and rhizosphere effect exert opposite effects on key straw-decomposing microorganisms in straw-amended soil[J]. Microorganisms, 2024, 12(3): 574.

[9]Wang H Y, Zhong L, Liu J H, et al. Systematic analysis of the effects of different green manure crop rotations on soil nutrient dynamics and bacterial community structure in the Taihu Lake Region, Jiangsu[J].Agriculture, 2024,14(7): 1017.

[10] Dai Y S, Cheng X, Liu B Y, et al. Impacts of synergistic mulching of straw and milk vetch on soil nutrients, enzyme activities and wheat yield in upland of southwest China[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2021, 52(6): 1339-1347. [戴伊莎，成欣，刘帮艳，等. 秸秆和紫云英协同覆盖对西南旱地土壤养分、酶活性及小麦产量的影响[J]. 土壤通报, 2021, 52(6): 1339-1347.]

[11] Du W, Wang Z Q, He W X, et al. Effects of leguminous green manure on soil nutrients and their ecological stoichiometry characteristics in Weibei rainfed highland[J]. Acta Pedologica Sinica, 2017, 54(4): 999-1008. [杜威，王紫泉，和文祥，等. 豆科绿肥对渭北旱塬土壤养分及生态化学计量学特征影响[J]. 土壤学报, 2017, 54(4): 999-1008.]

[12] Xu X H, Che Z X, Zhao X, et al. Effects of long-term application of green manure on soil microorganisms in wheat maize intercropping[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2023, 41(1): 33-44. [许小虎，车宗贤，赵旭，等. 长期施用绿肥对小麦玉米间作土壤微生物的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2023, 41(1): 33-44.]

[13]Bian Q, Sun B, Li D M, et al. Impact of organic amendment on the bacterial community and rice yield in paddy soil [J]. Environmental Science, 2025, 46(1): 543-550. [卞清，孙波，李大明，等. 有机物料还田对稻田土壤细菌群落和水稻产量的影响[J]. 环境科学, 2025, 46(1): 543-550.]

[14] Xu J, Si L, Zhang X, et al. Various green manure-fertilizer combinations affect the soil microbial community and function in immature red soil[J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 14: 1255056.

[15] Wang L, Cui Y Z, Wu Y H, et al. Effects of rice stalks mulching combined with green manure (*Astragalus* smicus L.) incorporated into soil and reducing nitrogen fertilizer rate on rice yield and soil fertility[J]. Acta Agronomica Sinica, 2022, 48(4): 952-961. [王吕，崔月贞，吴玉红，等. 绿肥稻秆协同还田下氮肥减量的增产和培肥短期效应[J]. 作物学报, 2022, 48(4): 952-961.]

[16] Zhou G P, Gao S J, Chang D N, et al. Succession of fungal community and enzyme activity during the co-decomposition process of rice (*Oryza sativa* L.) straw and milk vetch (*Astragalus sinicus* L.)[J]. Waste Management, 2021, 134: 1-10.

[17] Liu G F, Bai Z J, Shah F, et al. Compositional and structural changes in soil microbial communities in response to straw mulching and plant revegetation in an abandoned artificial pasture in NorthEast China[J]. Global Ecology and Conservation, 2021, 31: e01871.

[18] Zhang J S, Zheng C F, Zhang L, et al. Effects of Chinese milk vetch returning on soil properties, microbial community, and rice yield in paddy soil[J]. Sustainability, 2022, 14(23): 16065.

[19] Tong S J. Spring maize in dryland efficiency and soil biological properties of effects of mulching on water and nitrogen use[D]. Yangling, Shaanxi: Northwest Agriculture and Forestry University, 2022. [同斯捷. 覆盖对旱地春玉米水氮利用效率及土壤生物性状的影响[D]. 陕西杨凌：西北农林科技大学, 2022.]

[20] Duan Y H Z. Effect of straw mulch on enzyme activity and microbial community of *Camellia oleifer*-cassia intercropping soil[D]. Changsha：Central South University of Forestry and Technology, 2023.[段袁慧真. 秸秆覆盖对油茶-决明子间作土壤酶活性及微生物群落的影响[D]. 长沙：中南林业科技大学, 2023.]

[21] Guo Y X, Chen Q J, Qin Y, et al. Succession of the microbial communities and function prediction during short-term peach sawdust-based composting[J]. Bioresource Technology, 2021, 332: 125079.

[22] Xu J. Isolation and identification of rice straw-biodegrading actinomycetes and its degradation mechanism[D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2011. [徐杰. 水稻秸秆降解放线菌的分离鉴定及其降解机理研究[D]. 哈尔滨：哈尔滨工业大学, 2011.]

[23] Ebrahimi-Zarandi M, Etesami H, Glick B R. Fostering plant resilience to drought with Actinobacteria: Unveiling perennial allies in drought stress tolerance[J]. Plant Stress, 2023, 10: 100242.

[24] Cheng Y H, Wang X Y, Lin X B, et al. Bacterial community structures and influential factors under straw mulching and vetiver grass hedgerows in sloping land of red soil[J]. Soils, 2021, 53(3): 522-528. [成艳红, 王馨悦, 林小兵, 等. 稻草覆盖和香根草篱措施下坡耕地红壤细菌群落结构特征及其影响因素[J]. 土壤, 2021, 53(3): 522-528.]

[25] Lv M, Wang Y, Chen X, et al. The moderate substitution of *Astragalus sinicus* returning for chemical fertilizer improves the N cycle function of key ecological bacterial clusters in soil[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 1067939.

[26] Li Y, Zhang X C, Yang N, et al. Long-term straw and plastic film mulching have divergent effects on maize rhizosphere enzyme activity and bacterial community structure[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2024, 364: 108894.

[27] Coluccia M, Besaury L. Acidobacteria members harbour an abundant and diverse carbohydrate-active enzymes (cazyme) and secreted proteasome repertoire, key factors for potential efficient biomass degradation[J]. Molecular Genetics and Genomics, 2023, 298(5): 1135-1154.

[28] Zhao J Y, Xie X, Jiang Y Y, et al. Effects of simulated warming on soil microbial community diversity and composition across diverse ecosystems[J]. Science of the Total Environment, 2024, 911: 168793.

[29] Ye G P, Lin Y X, Luo J F, et al. Responses of soil fungal diversity and community composition to long-term fertilization: Field experiment in an acidic Ultisol and literature synthesis[J]. Applied Soil Ecology, 2020, 145: 103305.

[30] Chen D M, Chen X M, Liang Y J, et al. Influence of cropping system on enzyme activities and fungal communities in soil[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2015, 24(2): 77-84. [陈丹梅, 陈晓明, 梁永江, 等. 种植模式对土壤酶活性和真菌群落的影响[J]. 草业学报, 2015, 24(2): 77-84.]

[31] Manici L M, Caputo F, de Sabata D, et al. The enzyme patterns of Ascomycota and Basidiomycota fungi reveal their different functions in soil[J]. Applied Soil Ecology, 2024, 196: 105323.

[32] Zhou J, Jiang X, Zhou B K, et al. Thirty four years of nitrogen fertilization decreases fungal diversity and alters fungal community composition in black soil in Northeast China[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2016, 95: 135-143.

[33] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. Ecology, 2007, 88(6): 1354-1364.

[34] Geng H T, Wang X D, Shi S B, et al. Effects of combined application of fungal residue and chemical fertilizer on soil microbial community composition and diversity in paddy soil[J]. Environmental Science, 2023, 44(4): 2338-2347. [耿和田, 王旭东, 石思博, 等. 菌渣与化肥配施对稻田土壤微生物群落组成及多样性的影响[J]. 环境科学, 2023, 44(4): 2338-2347.]

[35] Magill A H, Aber J D. Variation in soil net mineralization rates with dissolved organic carbon additions[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2000, 32(5): 597-601.

[36] Hu Y B, Jin J, Ding K, et al. Long-term cover cropping improved soil bacterial community and soil multifunctionality in a *Carya cathayensis* plantation[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2023, 347: 108372.

[37] Xie Z J X, He Y Q, Tu S X, et al. Chinese milk vetch improves plant growth, development and ^{15}N recovery in the rice-based rotation system of

South China[J].Scientific Reports, 2017,7: 3577.

[38] Zhu L Y, Wang X Y, Chen Y, et al. Microbial keystone species affect lignin phenol concentration under condition of amending plant residues-Based on 30 a long-term organic fertilizer cultivation experiment[J]. Soils, 2024, 56(1): 56-63.[祝玲月，王晓玥，陈晏，等. 微生物关键种影响植物残体还田条件下木质素酚浓度——基于 30 年长期有机培肥试验[J]. 土壤, 2024, 56(1): 56-63.]

（责任编辑：陈荣府）