

DOI: 10.11766/trxb202303090096

刘明凤, 周桂香, 张佳宝, 张丛志, 薛载琦, 赵占辉. 长期秸秆掩埋配施氮肥对土壤细菌群落特征的影响[J]. 土壤学报, 2024, LIU Mingfeng, ZHOU Guixiang, ZHANG Jiabao, ZHANG Congzhi, XUE Zaiqi, ZHAO Zhanhui. Effects of Long-term Straw Burying and Nitrogen Fertilizer Application on Soil Bacterial Community Characteristics[J]. Acta Pedologica Sinica, 2024,

长期秸秆掩埋配施氮肥对土壤细菌群落特征的影响*

刘明凤^{1,2}, 周桂香^{1,2}, 张佳宝^{1,2†}, 张丛志^{1,2}, 薛载琦¹, 赵占辉³

(1. 中国科学院封丘农业生态试验站(中国科学院南京土壤研究所), 南京 210008; 2. 中国科学院大学, 北京 100049; 3. 河南城建学院测绘与城市空间信息学院, 河南平顶山 467036)

摘要: 为揭示典型潮土微生物群落及其生态网络对秸秆还田的响应机制, 选择长期小麦-玉米轮作下不同秸秆还田处理的试验地为对象, 应用高通量测序和生态网络等方法, 阐明秸秆掩埋配施不同氮肥后土壤细菌群落组成、细菌网络共存关系以及与土壤养分的关联。结果表明:(1)与秸秆移除且不施氮肥处理相比, 秸秆还田配合常规施肥处理显著降低土壤 pH, 提高了土壤 TN、SOC、AP、AK 和 NO₃⁻-N 含量 ($P < 0.05$)。秸秆掩埋配施氮肥有利于增加土壤养分含量。(2)不同秸秆还田方式和氮肥施用量处理的细菌 Alpha 多样性无显著差异, 而细菌群落结构差异显著。pH、SOC 和 TN 等因子驱动了细菌群落结构变异。酸杆菌门、变形菌门、拟杆菌门和绿弯菌门是潮土细菌群落的主要优势菌门。(3)共现网络分析得到 4 个主要的生态集群, 均与土壤养分有显著相关性。模块 1 中物种丰度与 SOC、TN、TP、NO₃⁻-N、AP 和 AK 呈极显著负相关 ($P < 0.001$), 与 pH 呈极显著正相关 ($P < 0.001$); 模块 2 和模块 3 中物种丰度与大部分养分含量呈正相关, 与 pH 呈负相关。综上所述, 秸秆还田配施氮肥可以通过调节细菌互作关系, 从而调控土壤肥力。研究结果可为秸秆的资源化利用和土壤施肥管理提供科学依据。

关键词: 秸秆还田; 土壤有机碳; 细菌群落; 网络分析

中图分类号: S154.1 文献标志码: A

Effects of Long-term Straw Burying and Nitrogen Fertilizer Application on Soil Bacterial Community Characteristics

LIU Mingfeng^{1,2}, ZHOU Guixiang^{1,2}, ZHANG Jiabao^{1,2†}, ZHANG Congzhi^{1,2}, XUE Zaiqi¹, ZHAO Zhanhui³

(1. Fengqiu Argo-Ecological National Experimental Station, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 3. School of Surveying and Urban Spatial Information, Henan University of Urban Construction, Pingdingshan, Henan 467036, China)

* 国家重点研发计划项目(2022YFD1500903, 2022YFD1500502)、安徽省水利水电勘测设计研究总院有限公司技术服务项目和现代农业产业技术体系专项资金(CARS-03-15, CARS-52)资助 Supported by the National Key R&D Program of China (Nos. 2022YFD1500903, 2022YFD1500502), the Technical Service Project of Anhui Provincial Water Resources and Hydropower Survey, Design and Research Institute Co., Ltd, and the Earmarked Fund for CARS (Nos. CARS-03-15, CARS-52)

† 通讯作者 Corresponding author, E-mail: jbzhang@issas.ac.cn

作者简介: 刘明凤(1998—), 女, 四川宜宾人, 硕士研究生, 主要从事秸秆还田土壤养分和微生物研究。E-mail: liumingfeng@issas.ac.cn

收稿日期: 2023-03-09; 收到修改稿日期: 2023-05-18; 网络首发日期(www.cnki.net):

Abstract: 【Objective】 In order to reveal the response mechanism of microbial community and ecological network to straw returning process in typical fluvo-aquic soil, we experimented with different straw-returning treatments under long-term wheat-maize rotation. 【Method】 The high-throughput sequencing and ecological network methods were utilized to analyze the soil bacterial community composition, bacterial network co-occurrence and their relationships with soil nutrient concentrations. 【Result】 The results indicated that compared to straw removal and no nitrogen fertilizer treatment, straw returning with conventional fertilization treatments significantly reduced soil pH, while increasing the content of TN, SOC, AP, AK and NO_3^- -N ($P < 0.05$). The treatments of straw burying with nitrogen fertilizers were beneficial for increasing soil nutrient content. Moreover, no significant difference in bacterial alpha diversity was observed between different straw-returning methods and different amounts of nitrogen fertilizers, but a significant difference was observed in bacterial community structure. Factors such as pH, SOC, and TN drove variations in bacterial community structure. Also, Acidobacteriota, Proteobacteria, Bacteroidota and Chloroflexi were the dominant phyla in the fluvo-aquic soil. Furthermore, co-occurrence network analysis revealed four main ecological clusters that were significantly correlated with soil nutrients. The abundances of taxa in module 1 were found to be inversely correlated with SOC, TN, TP, NO_3^- -N, AP and AK ($P < 0.001$), and positively correlated with pH ($P < 0.001$). Conversely, the abundances of taxa in module 2 and module 3 were significantly positively correlated with most nutrient content, and negatively related to pH. 【Conclusion】 Therefore, it can be concluded that straw burying combined with nitrogen fertilizers can improve soil nutrient by regulating microbial interactions. The findings of this study can provide a scientific basis for the efficient utilization of straw and the efficient management of soil fertilization.

Key words: Straw returning; Soil organic carbon; Bacterial community; Network analysis

我国秸秆产量居世界首位, 据统计, 每年产生 7~9 亿吨的秸秆^[1-2]。一直以来, 将秸秆归还土壤在农业生产中受到广泛应用, 秸秆可以持续为后续种植作物提供重要养分^[3]。秸秆还田一方面可以通过碳矿化过程向土壤提供不稳定态碳源和其他养分, 提升土壤肥力^[4], 减少化肥施用和环境污染; 另一方面可以直接影响微生物群落的组成与结构, 改变土壤核心物种, 提高微生物多样性和代谢活性, 进一步促进微生物对有机物料的转化^[5]。研究表明, 与不施肥和单施化肥相比, 增施秸秆等有机物料可以提高土壤微生物的抗干扰能力, 对微生物群落起到积极调控作用^[6]。因此研究秸秆还田对土壤养分和微生物群落的影响对实现农业生态系统的可持续发展至关重要。

土壤 C/N 是影响秸秆还田效果的重要因素。有研究表明, 仅秸秆还田会破坏土壤 C/N, 使土壤微生物和作物处于“氮饥饿”状态^[7]。秸秆还田配施适量氮肥, 能提高土壤氮含量, 降低耕层土壤 C/N, 缓解微生物与作物氮素竞争矛盾, 促进微生物生长活性和秸秆分解^[8]。相比于单施化肥, 秸秆还田配施化肥是一项可持续的农业措施, 可以缓解土壤酸化和质量下降问题, 提高微生物多样性, 促进与土壤碳、氮、磷循环相关的微生物生长^[9]。畜粪作为重要的有机肥, 与化肥相比, 其自身养分全面 (含 N、P、K 等), 且肥效期长^[10]。因此投入的氮肥种类, 添加方式和添加量都会影响秸秆在田间的分解过程。

细菌作为土壤中最具活性的因子, 占土壤微生物的 70%~90%, 在养分转化和秸秆分解中起着重要作用^[11]。土壤细菌种群间通过频繁的相互作用, 在土壤环境中共享养分和生态位, 形成了复杂的生态网络^[12]。目前对土壤细菌的研究多集中在其组成结构、多样性、功能分析以及与环境因子相关性上^[13]。而华北地区作为我国秸秆还田比例最高的粮食主产区^[14], 在长期不同秸秆还田方式和配施不同外源氮物料下, 从分子生态网络的角度探索其养分与细菌群落互作关系的研究较少。

基于此, 本研究依托中国科学院封丘农业生态试验平台, 采用 16S rRNA 高通量测序技

术分析秸秆移除、秸秆掩埋分别配施不同氮肥条件下细菌群落结构和组成特征,应用网络分析构建细菌群落之间的分子生态网络和生态模块,建立养分与细菌群落、网络特征之间的关联,旨在揭示华北地区不同秸秆还田方式和配施不同氮肥量对土壤养分、细菌种间互作关系和网络共现模式的影响,阐明秸秆行间掩埋配施不同比例的氮肥促进秸秆降解过程的微生物机制,为提升潮土地力和秸秆的资源化利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验设计

试验于 2011 年中国科学院封丘农业生态试验站内开展 (35°01'N, 114°32'E)。试验地气候类型为半干旱半湿润的暖温带季风气候,年平均气温 13.9℃,年平均降水量 615 mm,土壤类型为黄河冲积物潮土,种植模式为夏玉米-冬小麦轮作。设计 3 种秸秆还田方式,4 个不同有机肥鸡粪或无机氮肥施用量梯度(分别为总施氮量的 0%、8%、16%和 24%)与秸秆一同行间掩埋,共 12 个处理。具体为 T1: 秸秆移除+PK 肥; T2: 秸秆覆盖+PK 肥; T3: 秸秆移除+NPK 肥(100%无机氮肥); T4: 秸秆覆盖+NPK 肥(100%无机氮肥); T5: 秸秆掩埋+NPK 肥(100%无机氮肥); T6: 秸秆掩埋+8%有机氮+NPK 肥(92%无机氮肥); T7: 秸秆掩埋+16%有机氮+NPK 肥(84%无机氮肥); T8: 秸秆掩埋+24%有机氮+NPK 肥(76%无机氮肥); T9: 秸秆掩埋+8%无机氮+NPK 肥(92%无机氮肥); T10: 秸秆掩埋+16%无机氮+NPK 肥(84%无机氮肥); T11: 秸秆掩埋+24%无机氮+NPK 肥(76%无机氮肥); T12: 秸秆掩埋+促腐剂+NPK 肥(100%无机氮肥)。试验中施用的肥料包括氮肥(210 kg·hm⁻²),磷肥(P₂O₅ 157 kg·hm⁻²),钾肥(K₂O 105 kg·hm⁻²)。小区面积 40 m²(8 m×5 m),各小区四周使用 1 m 的深水泥隔离。供试土壤初始养分情况和各小区具体布置情况见文献[15]。

1.2 样品采集与分析

于 2022 年 6 月小麦成熟收获后,使用直径 5 cm 的土钻分别对各小区随机采集 5 个 0~20 cm 耕层土壤,混匀装入自封袋。所有样品置于保温箱,冰袋保鲜运回实验室。去除植物残体、石头等杂质后,过 2 mm 筛分装,一份保存于-80℃,用于 DNA 提取,另一份风干测定养分指标。土壤养分指标按照《土壤农业化学分析方法》^[16]进行测定。土壤 pH 使用 pH 计测定;土壤有机碳(SOC)采用重铬酸钾氧化-外加热法测定;全氮(TN)、全磷(TP)和全钾(TK)分别采用凯氏定氮法、硫酸-高氯酸消煮-钼锑抗比色法和氢氧化钠熔融-火焰光度法测定;硝态氮(NO₃⁻-N)和铵态氮(NH₄⁺-N)采用流动分析仪测定;有效磷(AP)采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法;速效钾(AK)采用乙酸铵提取-火焰光度法。

1.3 土壤微生物群落高通量测序

土壤总 DNA 采用 Fast DNA Spin Kit for Soil 试剂盒(MP Bio, USA)提取;使用序列 515F-907R 引物组扩增细菌 16S rRNA 基因的 V4~V5 区,于 Illumina MiSeq 平台进行高通量测序;使用 QIIME2 软件包生成 ASVs;通过 Sliva 数据库的 rdp classifier 方法对 ASVs 完成分类学注释(移除只有一条序列的 ASVs);以序列数最少的样品为标准重抽样;基于重抽样后数据完成后续分析。测序数据上传至 NCBI Sequence Read Archive 中,可通过序列号“PRJNA957048”获取。

1.4 数据分析

所有数据用 Excel 2019 整理,SPSS 27.0 对处理进行单因素方差分析,并采用 Duncan 方法进行显著性检验($P < 0.05$)。Chao1 指数和 Shannon 指数采用 R 4.2.2 的'microeco'包计算,用于表征细菌群落 Alpha 多样性。通过 R 4.2.2 计算处理间 Bray-Curtis 距离,并通过 PCA 分析可视化 Beta 多样性,以表征细菌群落结构差异及与养分指标的相关性。通过'vegan'包进

行 PERMANOVA 分析。利用 R 4.2.2 筛选相对丰度总和高于 0.5% 的物种，使用 ‘psych’ 包进行相关性矩阵分析，选择 Spearman 相关性系数 $r > |0.6|$ 且显著性 $P < 0.01$ 的数据进行网络构建，导入 Gephi 使用 Fruchterman Reingold 算法布局，并统计计算模块化系数，得到主要的四个模块绘制网络图，并在 R 4.2.2 中合并统计四个模块的主要微生物组成。同时使用 ‘microeco’ 包计算网络属性和网络模块，提取节点 Z_i 和 P_i 值，绘制 Z_i - P_i 图。采用 Pearson 相关性分析表征网络模块与环境因子的相关性。

2 结果

2.1 长期不同施肥处理对土壤养分的影响

经过长期不同施肥处理后，相比于秸秆移除且不施氮肥 (T1)，秸秆还田配施氮肥 (T4 和 T5) 显著降低土壤 pH，增加 SOC、TN、TP、AP、AK 和 NO_3^- -N 含量 (表 1)。秸秆移除且不施氮肥 (T1) 的 SOC 含量显著低于其他处理；与秸秆移除且不施氮肥 (T1) 相比，秸秆与 24% 有机氮肥混埋田间处理 (T8) 的增碳效果最优，显著提高了 42.06% SOC 含量；在秸秆掩埋配施不同含量的氮肥处理中，配施有机氮肥处理 (T6~T8) 的 SOC 含量高于无机氮肥处理 (T9~T11)。通过比较 TN 含量，发现仅进行秸秆还田处理是难以维持土壤 TN 含量的，还需有外源氮素输入才能累积土壤 TN；与不施氮肥处理 (T1 和 T2) 相比，秸秆掩埋配施氮肥处理能够更有效地促进土壤氮素累积。秸秆移除处理 (T1 和 T3) 的 NO_3^- -N 含量显著低于其他处理。

2.2 长期不同施肥处理对土壤细菌多样性和群落组成的影响

各处理中土壤细菌的 Alpha 多样性有波动，但未达显著水平 ($P > 0.05$, 表 2)，即不同秸秆还田方式和施氮方式对土壤细菌群落多样性无明显影响。基于 Bray-Curtis 距离矩阵的主成分分析 (PCA) 结果解释了细菌群落变异的 62.25%，PC1 解释了总变异的 48.39%，PC2 解释了总变异的 13.86% (图 1)。秸秆移除或不施氮肥处理 (T1、T2 和 T3) 在 PC1 上与其他处理的细菌结构明显分离。土壤养分因子 pH、SOC 和 TN、 NH_4^+ -N 等驱动了细菌群落结构变异。其中 pH 主要显著影响秸秆移除或不施氮肥处理 (T1、T2 和 T3) 的群落结构，SOC、TN 等因子主要驱动秸秆还田 (覆盖或掩埋) 并配施氮肥处理的群落结构变异。通过 PERMANOVA 进行差异显著性检验并使用 BH 方法校正 P 值，结果验证了秸秆移除或不施氮肥处理 (T1、T2 和 T3) 与其他处理之间差异均达到显著水平 ($P < 0.01$, 表 3)。

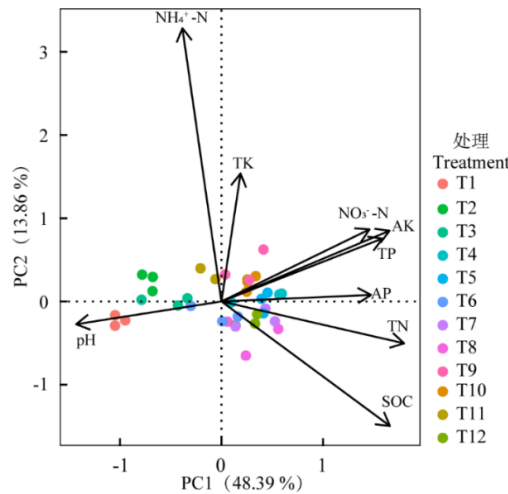


图 1 不同处理下土壤细菌群落 Beta 多样性

Fig. 1 Soil beta-diversity of bacteria community under different treatments

表 1 不同处理下土壤养分指标

Table 1 Nutrient concentrations of soil under different treatments

处理 Treatment	pH	土壤有机碳 SOC /(g·kg ⁻¹)	全氮 TN /(g·kg ⁻¹)	全磷 TP /(g·kg ⁻¹)	全钾 TK /(g·kg ⁻¹)	硝态氮 NO ₃ ⁻ -N /(mg·kg ⁻¹)	铵态氮 NH ₄ ⁺ -N /(mg·kg ⁻¹)	有效磷 AP /(mg·kg ⁻¹)	速效钾 AK /(mg·kg ⁻¹)
T1	8.03±0.06a	10.57±0.68e	0.48±0.03f	0.78±0.02c	14.54±0.28a	5.02±0.07g	4.88±0.31cd	8.54±0.42c	48.57±1.65f
T2	7.94±0.03ab	11.20±0.14de	0.57±0.01e	0.77±0.02c	14.91±0.09a	9.73±0.38ef	8.07±0.36a	9.09±0.57c	75.23±0.93de
T3	7.92±0.06ab	11.52±0.69de	0.56±0.03e	0.93±0.04ab	14.50±0.16a	6.34±0.41g	6.33±0.16b	19.90±3.35bc	61.90±3.45ef
T4	7.67±0.13c	13.53±0.16abc	0.71±0.01abc	0.96±0.03a	15.13±0.06a	17.86±1.09bc	5.42±0.09c	26.90±4.25ab	126.33±12.33a
T5	7.73±0.08bc	13.58±0.41abc	0.70±0.01abc	0.97±0.02a	14.91±0.43a	18.55±0.51b	5.22±0.02c	33.23±3.88ab	117.33±6.64ab
T6	7.83±0.04abc	13.60±0.73abc	0.65±0.02cd	0.86±0.02b	15.19±0.06a	16.07±0.72cd	4.82±0.38cd	20.83±1.10bc	86.67±4.16cd
T7	7.86±0.06abc	14.53±0.16ab	0.74±0.01ab	0.91±0.03ab	14.75±0.14a	24.54±1.40a	4.63±0.23cd	31.03±2.88ab	96.33±6.38bcd
T8	7.76±0.06bc	15.02±0.46a	0.75±0.03a	0.87±0.04b	13.89±1.08a	14.54±0.38d	4.86±0.20cd	36.17±4.74ab	88.43±11.40cd
T9	7.75±0.10bc	13.02±0.69bc	0.67±0.02bcd	0.96±0.03a	14.77±0.21a	22.68±0.08a	8.33±0.29a	31.87±5.22ab	100.23±7.78bcd
T10	7.86±0.04abc	13.31±0.21bc	0.68±0.04abcd	0.97±0.01a	14.96±0.17a	23.64±1.32a	6.67±0.18b	26.77±5.27ab	114.33±12.86ab
T11	7.83±0.04abc	12.42±0.50cd	0.62±0.01de	0.91±0.01ab	15.01±0.75a	11.71±0.23e	7.81±0.44a	39.50±12.66a	104.33±9.61abc
T12	7.79±0.03bc	14.57±0.40ab	0.69±0.03abc	0.99±0.02a	15.12±0.53a	9.17±0.67f	4.34±0.09d	27.33±3.04ab	106.67±4.06abc

注：表中数据为均值 (n=3)，同一列数据后不同小写字母表示差异达 5%显著水平。Note: Data shown as the mean of three samples (n=3), different lowercase letters after the same column of data indicated significant differences at the 5% level among different treatments.

表 2 不同处理下土壤细菌群落 Alpha 多样性

Table 2 Soil alpha-diversity of bacterial community under different treatments

处理 Treatment	Chao 1 指数 Chao 1 index	Shannon 指数 Shannon index	处理 Treatment	Chao 1 指数 Chao 1 index	Shannon 指数 Shannon index
T1	2 294±113a	7.05±0.04a	T7	2 280±98a	7.07±0.03a
T2	2 240±50a	7.07±0.01a	T8	2 551±135a	7.13±0.05a
T3	2 466±43a	7.13±0.04a	T9	2 122±131a	6.99±0.05a
T4	2 174±157a	7.01±0.08a	T10	2 076±157a	6.98±0.05a
T5	2 335±176a	7.06±0.07a	T11	2 444±195a	7.06±0.07a
T6	2 257±276a	7.02±0.10a	T12	2 279±64a	7.06±0.02a

注：表中数据为均值 ($n=3$)，同一列数据后不同字母表示差异达 5% 显著水平。Note: Data shown as the mean of three samples ($n=3$), different lowercase letters after the same column of data indicated significant differences at the 5% level among different treatments.

表 3 不同处理下土壤细菌群落的置换多元方差分析

Table 3 Permutational multivariate analysis of variance for soil bacterial community under different treatments

处理 Treatment	方差贡献 Variation (R^2)	显著性 P 值 P value	BH 校正后 P 值 P adjusted
T1/T2	0.390 451	0.1	0.1
T1/T3	0.420 972	0.1	0.1
T1/Others	0.153 409	0.001	0.004**
T2/T3	0.427 339	0.1	0.1
T2/Others	0.114 817	0.002	0.004**
T3/Others	0.069 082	0.002	0.004**

注：Others 表示 T4 ~ T12，**表示 $P < 0.01$ 。Note: Others indicated treatments of T4 ~ T12, **indicated $P < 0.01$.

细菌在门水平上的物种组成如图 2a 所示。第一优势菌门为酸杆菌门 (Acidobacteriota)，平均相对丰度 22.81%，秸秆覆盖不施氮肥处理 (T2) 显著 ($P < 0.05$) 高于其他组；第二优势菌门为变形菌门 (Proteobacteria)，平均相对丰度 19.64%，在秸秆移除且不施氮肥处理 (T1) 的丰度显著 ($P < 0.05$) 低于其他处理；第三优势菌门为拟杆菌门 (Bacteroidota)，平均相对丰度 14.02%，在秸秆覆盖条件下，施氮肥处理 (T4) 显著 ($P < 0.05$) 高于不施氮肥处理 (T2)；绿弯菌门 (Chloroflexi) 的平均相对丰度为 11.04%，在秸秆移除条件下，施氮肥处理 (T3) 显著 ($P < 0.05$) 高于不施氮肥处理 (T1)。其他优势菌门包括放线菌门 (Actinobacteriota)、浮霉菌门 (Planctomycetota)、疣微菌门 (Verrucomicrobiota)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadota)、黏菌门 (Myxococcota) 和 Methyloirabilota。

在科分类水平上 (图 2b)，丰度最高的科为 Vicinamibacteraceae、厌氧绳菌科 (Anaerolineaceae)、Pyrinomonadaceae、微颤蓝细菌科 (Microscillaceae) 和亚硝化单胞菌科 (Nitrosomonadaceae)。与秸秆移除处理 (T1 和 T3) 相比，秸秆还田处理均增加了 Vicinamibacteraceae 的相对丰度。而秸秆移除且不施氮肥 (T1) 的 Anaerolineaceae 和 Pyrinomonadaceae 的相对丰度显著高于其他处理。

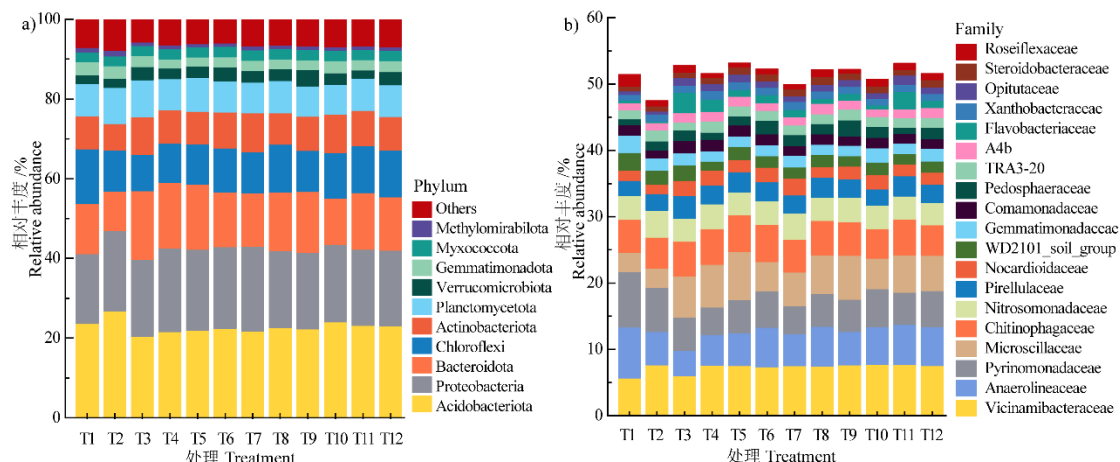
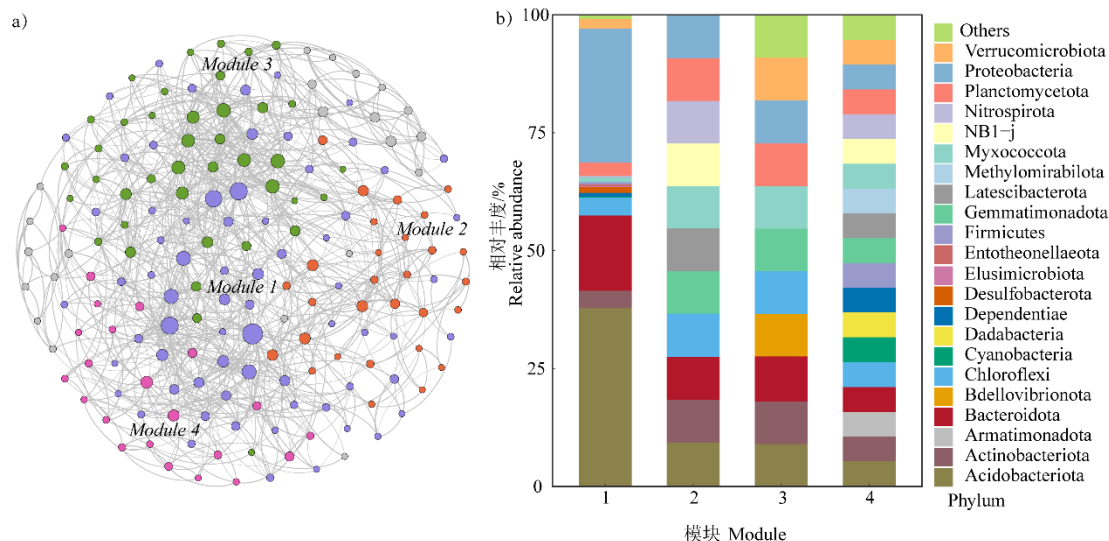


图2 不同处理下土壤细菌群落门水平组成和科水平组成

Fig. 2 Soil bacteria community composition at the phylum level and family level under different treatments

2.3 土壤细菌群落的共现网络

基于测序得到的细菌 ASVs, 保留相对丰度总和高于 0.5% 的 1 216 个 ASVs 创建共现网络, 得到 4 个主要的生态集群 (图 3)。网络的平均度 5.516, 平均聚类系数 0.643, 平均路径长度 4.566, 模块化系数 1.762。细菌网络中酸杆菌门和变形菌门是占据节点较多的类群。

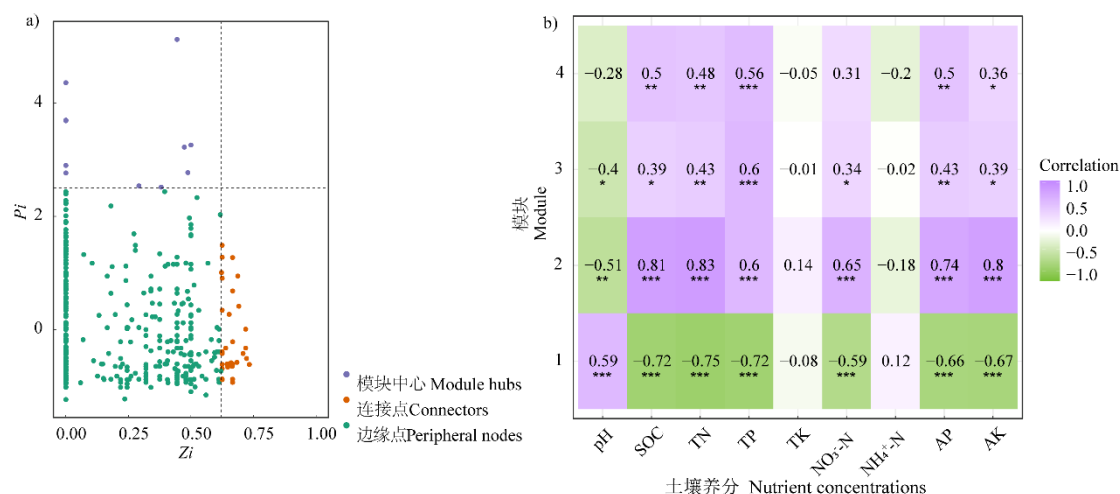


注: a) ASV 水平网络分析图, 节点颜色代表属于不同模块的 ASVs; b) 模块物种累计门水平丰度统计图。Note: a) the network analysis diagram at the ASV level; node colors indicated ASVs from different modules; b) cumulative abundance statistics of module species at the phylum level.

图3 土壤细菌分子生态网络

Fig. 3 Soil bacterial co-occurrence patterns

通过 Z_i-P_i 图 (图 4a) 可以发现网络大部分点均分布在模块边缘 (Peripheral nodes), 网络中心点包括 10 个模块中心点 (Module hubs, $Z_i > 2.5$ 且 $P_i < 0.62$), 包括拟杆菌门的 Microscillaceae 和酸杆菌门的 Vicinamibacteria 等, 28 个连接节点 (Connectors, $Z_i < 2.5$ 且 $P_i > 0.62$), 包括酸杆菌门的 Vicinamibacteraceae、变形菌门的 Xanthomonadaceae 和 Comamonadaceae、拟杆菌门的 Microscillaceae 和 Chitinophagaceae 等 (表 4)。这些关键节点物种在维持网络模块的稳定性上具有重要作用。



注: a) 为 Zi-Pi 图; b) 为模块累计丰度与土壤养分指标相关性分析; 色柱表示相关性, 绿色表示负相关, 紫色表示正相关, *表示 $P < 0.05$, **表示 $P < 0.01$, ***表示 $P < 0.001$ 。Note: a) was Zi-Pi plot; b) was correlation analysis between the cumulative abundance of modules and soil nutrient concentrations; The color column indicated correlation, green indicated negative correlation, and purple indicated positive correlation, *indicated $P < 0.05$, **indicated $P < 0.01$, ***indicated $P < 0.001$.

图4 模块物种节点分布及其与土壤养分指标相关性分析

Fig. 4 Module species node distribution and correlation analysis between module species and soil nutrient concentrations

采用 Pearson 相关性热图分析评估了共现网络中 4 个主要模块与土壤养分之间的关系。相关性分析结果 (图 4b) 表明, 模块 1 内物种丰度与 SOC、TN、TP、NO₃-N、AP 和 AK 呈极显著负相关 ($P < 0.001$), 与 pH 呈显著正相关 ($P < 0.001$); 模块 2 内物种丰度与 SOC、TN、TP、NO₃-N、AP 和 AK 呈极显著正相关 ($P < 0.001$), 与 pH 呈显著负相关 ($P < 0.01$); 模块 3 内物种丰度与 SOC ($P < 0.05$)、TN ($P < 0.01$)、TP ($P < 0.001$)、NO₃-N ($P < 0.05$)、AP ($P < 0.01$) 和 AK ($P < 0.05$) 呈显著正相关, 与 pH 呈显著负相关 ($P < 0.05$); 模块 4 物种丰度与 SOC ($P < 0.01$)、TN ($P < 0.01$)、TP ($P < 0.001$)、AP ($P < 0.01$) 和 AK ($P < 0.05$) 呈显著正相关。以上结果说明不同秸秆还田方式可以通过改变土壤养分含量改变细菌种群的互作关系, 促进特定种群生长, 从而进一步改变土壤养分循环过程。

3 讨论

本试验结果可以看出, 秸秆还田处理显著提高土壤 SOC、氮素、AP 和 AK 养分含量, 这与人 [17-18] 的研究结果基本一致, 秸秆中丰富的养分刺激微生物活性, 促进其分解有机物料并释放养分, 也可同化养分形成微生物量碳氮, 以微生物残体形式固存于土壤 [19]。秸秆掩埋配施适量氮肥处理对提高 SOC 含量效果更显著, 其原因可能是因为秸秆掩埋可以避免其分解过程中以 CO₂ 形态进入大气中 [20], 并且掩埋同时添加适量氮素, 调节体系 C/N 比, 提高微生物活性, 促进秸秆深层腐解, 因此有利于土壤 SOC 的累积 [21]。秸秆掩埋配施有机氮肥处理 SOC 含量高于无机氮肥处理, 其原因可能是无机氮肥为速效氮肥, 易挥发或淋溶, 难以可持续地为秸秆腐解过程提供氮素养分; 而有机氮肥中首先本身含有丰富的有机质, 直接补充土壤有机碳库, 并且其含有促腐微生物, 可以促进秸秆转化过程, 增加土壤 SOC 含量 [22]。本试验结果还表明, 秸秆掩埋配施氮肥处理能够更有效地提高土壤氮素、AP 和 AK 含量, 可能是因为秸秆本身可以补充土壤 NPK 养分, 且秸秆还田能够固定氮肥 [23], 秸秆降解过程中频繁的生物转化促进磷钾释放。已有研究 [24-25] 通过田间试验或室内培养试验验证了秸秆还田可以促进土壤有机态氮矿化, 加速氮循环, 提高氮素利用率, 并且秸秆转化过程中

产生的有机酸可以促进土壤磷的释放，从而减少化肥施用。

土壤中大量的细菌在土壤养分循环和秸秆腐解过程中起着关键作用^[26]，反之养分的变化会驱动特定的细菌群落形成^[27]。PCA 分析说明了在不同秸秆还田方式和施氮水平处理下，土壤养分的变化明显改变了细菌群落的结构。PERMANOVA 结果验证了秸秆还田且施氮肥处理与其他处理的细菌群落结构有显著差异。Fierer 等^[28]的研究结果表明施用氮肥对细菌多样性影响不大，显著影响细菌群落结构，促进富营养型细菌类群的相对丰度增加，降低贫营养型细菌丰度，这与本研究结果一致。酸杆菌门、变形菌门、拟杆菌门、绿弯菌门和放线菌门是 12 个处理土壤细菌群落的主要优势菌门。处理间优势菌群的相对丰度在存在一定差异。已有研究表明酸杆菌门的相对丰度随着 pH 的降低而增加^[29]。因此在不施氮肥条件下，秸秆覆盖处理的 pH 较低，其酸杆菌门相对丰度显著高于秸秆移除处理。变形菌门是富营养型细菌，适合生活在含碳量丰富的环境中且有利于土壤氮素转化过程^[30]。因此在施氮肥条件下，秸秆覆盖处理中变形菌门的相对丰度显著高于秸秆移除处理。在秸秆覆盖条件下，相比于不施氮处理，施氮处理中富营养型拟杆菌门相对丰度较高，其得益于较高的有机碳和氮素含量，这与前人的研究结果一致^[31]。

本研究发现，共现网络中的酸杆菌门和变形菌门占关键节点的 1/2 (图 3b)，说明酸杆菌门和变形菌门是维持细菌网络稳定性的关键类群。细菌网络模块与多个土壤养分指标呈显著相关性，尤其是模块 1 和模块 2 内的细菌群落。模块 1 中的菌群均与大部分土壤养分指标呈显著负相关，说明模块 1 中的物种适宜生长在养分含量较低的环境。土壤养分含量增加有利于富营养型细菌的生长，使其占据土壤中较多生态位，从而抑制了贫营养型细菌生长。网络模块 1 中相对丰度较高的酸杆菌门，以及关键物种 *Blastocatellia* (ASV215) 和丛毛单胞菌科 (Comamonadaceae, ASV632 和 ASV905) 已被证实偏好生长在营养较匮乏的环境中 (表 4)，其与 SOC 呈显著负相关关系，能够分解复杂的有机物料，在 SOC 含量不足或秸秆分解后期起着重要作用^[32-33]。在模块 2、3 和 4 中酸杆菌门相对丰度显著降低，其他种群丰度相对升高，因此三个模块与土壤养分指标的相关性关系发生了变化。模块 2、3 与 SOC、TN、TP、AP 和 AK 均呈现显著正相关关系，说明两模块中的关键物种在秸秆降解过程中起着积极作用，促进秸秆养分向土壤养分转化，在土壤养分循环方面发挥重要作用。比如模块 2 中的 ASV972 和模块 3 中的 ASV1097 归属于黄单胞菌科 (Xanthomonadaceae)，能通过分解木质素作为自身碳源生长^[34]；属于贫营养型酸杆菌门的 *Vicinamibacteria* 是模块 2、3、4 共有的关键种群，可能其生长有广泛的适应性并能够分解土壤中的复杂大分子有机物^[35]；模块 3 中特有的关键物种 ASV452 属于浮霉菌门；该菌门被证实包含大量的厌氧氨氧化菌，能够促进氮循环的氨氧化过程^[36]，从而影响土壤中 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量；拟杆菌门包含一些能够分泌磷酸酶和有机酸的菌属，可促进土壤难溶性磷的转化，提高磷有效性^[37]；属于酸杆菌门的 *Holophagae* (ASV851)、黏菌门 (*Myxococcota*, ASV692) 属于稀有类群，但其和 *Verrucomicrobiota* (ASV450) 是模块 2、3 和 4 中重要的连接节点，说明这些物种可以通过频繁参与土壤养分交换过程，在土壤养分循环过程发挥多重作用^[38]。因此，通过比较网络模块中关键物种差异，可以为土壤肥力定向培育提供参考，作为优化土壤培肥技术的生物依据^[39]。通过促进与养分含量呈正相关的关键物种生长，可改变土壤细菌群落结构和互作关系，进而影响土壤演替方向及改善土壤肥力。

表 4 网络模块关键物种

Table 4 Key species of network modules

ASV	Zi	Pi	物种作用 Taxa roles	模块 Module	门 Phylum	纲 Class	科 Family
ASV57	1.01	0.62	Connectors	1	Bacteroidota	Bacteroidia	Microscillaceae
ASV215	0.34	0.63	Connectors	1	Acidobacteriota	Blastocatellia	Pyrinomonadaceae

ASV349	0.01	0.72	Connectors	1	Bacteroidota	Bacteroidia	Microscillaceae
ASV369	2.90	0.00	Module hubs	1	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Sutterellaceae
ASV411	-0.33	0.72	Connectors	1	Chloroflexi	Anaerolineae	Anaerolineaceae
ASV428	-0.21	0.67	Connectors	1	Acidobacteriota	Acidobacteriae	PAUC26f
ASV479	-0.33	0.64	Connectors	1	Actinobacteriota	Actinobacteria	Microbacteriaceae
ASV632	5.12	0.44	Module hubs	1	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Comamonadaceae
ASV696	-0.88	0.63	Connectors	1	NA	NA	NA
ASV905	-0.88	0.63	Connectors	1	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Comamonadaceae
ASV1042	-0.66	0.65	Connectors	1	Bacteroidota	Bacteroidia	Chitinophagaceae
ASV1055	2.90	0.00	Module hubs	1	Dependentiae	Babeliae	Vermiphilaceae
ASV115	-0.62	0.63	Connectors	2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	TRA3-20
ASV151	1.28	0.63	Connectors	2	Acidobacteriota	Vicinamibacteria	uncultured
ASV226	1.49	0.63	Connectors	2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	PLTA13
ASV470	-0.62	0.67	Connectors	2	Bacteroidota	Bacteroidia	Chitinophagaceae
ASV805	-0.51	0.72	Connectors	2	Acidobacteriota	Vicinamibacteria	NA
ASV812	3.70	0.00	Module hubs	2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	SC-I-84
ASV851	-0.62	0.63	Connectors	2	Acidobacteriota	Holophagae	Subgroup_7
ASV937	-0.62	0.73	Connectors	2	Chloroflexi	Anaerolineae	Anaerolineaceae
ASV972	-0.93	0.67	Connectors	2	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadaceae
ASV6	4.36	0.00	Module hubs	3	Bacteroidota	Bacteroidia	Microscillaceae
ASV46	3.22	0.47	Module hubs	3	Bacteroidota	Bacteroidia	Microscillaceae
ASV172	2.54	0.29	Module hubs	3	Bacteroidota	Bacteroidia	Microscillaceae
ASV178	-0.88	0.67	Connectors	3	Myxococcota	Myxococcia	Myxococcaceae
ASV452	2.77	0.00	Module hubs	3	Planctomycetota	Phycisphaerae	WD2101_soil_group
ASV553	-0.65	0.67	Connectors	3	Fibrobacterota	Fibrobacteria	Fibrobacteraceae
ASV594	-0.42	0.71	Connectors	3	Latescibacterota	Latescibacterota	Latescibacterota
ASV1006	0.95	0.69	Connectors	3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	NA
ASV1097	-0.42	0.63	Connectors	3	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadaceae
ASV1180	-0.88	0.63	Connectors	3	Acidobacteriota	Vicinamibacteria	uncultured
ASV200	3.26	0.50	Module hubs	4	Acidobacteriota	Vicinamibacteria	uncultured
ASV450	-0.61	0.64	Connectors	4	Verrucomicrobiota	Verrucomicrobiae	Pedosphaeraeae
ASV617	3.69	0.00	Module hubs	4	Chloroflexi	Anaerolineae	uncultured
ASV692	-0.39	0.63	Connectors	4	Myxococcota	Polyangia	Blfdi19
ASV721	-0.61	0.66	Connectors	4	Actinobacteriota	Acidimicrobiia	uncultured
ASV744	-0.61	0.67	Connectors	4	Chloroflexi	JG30-KF-CM66	JG30-KF-CM66
ASV808	0.68	0.67	Connectors	4	Acidobacteriota	Vicinamibacteria	Vicinamibacteraceae

4 结论

长期秸秆掩埋配施适量氮肥 (T5~T12) 能够增加土壤养分含量, 提升土壤肥力, 并改变细菌群落结构。pH, SOC 和 TN 等养分指标是影响细菌群落结构的重要因素。网络分析得到 4 个主要的生态集群, 模块 2、3 和 4 中的 Verrucomicrobiota (ASV450)、黄单胞菌科 (Xanthomonadaceae, ASV972 和 ASV1097) 和丛毛单胞菌科 (Comamonadaceae, ASV632)

和 ASV905) 等物种可以参与养分转化过程。通过以上研究, 长期秸秆掩埋配施氮肥有利于华北地区农田土壤肥力的提升, 优化细菌群落结构, 促进土壤养分循环。

参考文献 (References)

- [1] Jiao L N, Li Z H, Yin C C. Research status of straw returning in improving soil fertility[J]. *Anhui Agricultural Science Bulletin*, 2014, 20(10): 54-56. [矫丽娜, 李志洪, 殷程程. 秸秆还田培肥土壤的研究现状[J]. *安徽农学通报*, 2014, 20(10): 54-56.]
- [2] Song D L, Hou S P, Wang X B, et al. Nutrient resource quantity of crop straw and its potential of substituting[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2018, 24(1): 1-21. [宋大利, 侯胜鹏, 王秀斌, 等. 中国秸秆养分资源数量及替代化肥潜力[J]. *植物营养与肥料学报*, 2018, 24(1): 1-21.]
- [3] Reicosky D. *Managing soil health for sustainable agriculture Volume 1: Fundamentals*[M]. 1st ed. London: Burleigh Dodds Science Publishing, 2018.
- [4] Fang Y Y, Nazaries L, Singh B K, et al. Microbial mechanisms of carbon priming effects revealed during the interaction of crop residue and nutrient inputs in contrasting soils[J]. *Global Change Biology*, 2018, 24(7): 2775-2790.
- [5] Lin Y X, Ye G P, Kuzyakov Y, et al. Long-term manure application increases soil organic matter and aggregation, and alters microbial community structure and keystone taxa[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2019, 134: 187-196.
- [6] Guo Z B, Wan S X, Hua K K, et al. Fertilization regime has a greater effect on soil microbial community structure than crop rotation and growth stage in an agroecosystem[J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, 149: 103510.
- [7] Wild B, Li J, Pihlblad J, et al. Decoupling of priming and microbial N mining during a short-term soil incubation[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2019, 129: 71-79.
- [8] Song J J, Xu X Y, Bai J Z, et al. Effects of straw returning and fertilizer application on soil nutrients and winter wheat yield[J]. *Environmental Science*, 2022, 43(9): 4839-4847. [宋佳杰, 徐郗阳, 白金泽, 等. 秸秆还田配施化肥对土壤养分及冬小麦产量的影响[J]. *环境科学*, 2022, 43(9): 4839-4847.]
- [9] Sun R B, Guo X S, Wang D Z, et al. The impact of long-term application of chemical fertilizers and straw returning on soil bacterial community[J]. *Microbiology China*, 2015, 42(10): 2049-2057. [孙瑞波, 郭熙盛, 王道中, 等. 长期施用化肥及秸秆还田对砂姜黑土细菌群落的影响[J]. *微生物学通报*, 2015, 42(10): 2049-2057.]
- [10] Zhu Y G, Gillings M, Simonet P, et al. Microbial mass movements[J]. *Science*, 2017, 357(6356): 1099-1100.
- [11] Xu R L, Wang J F, Zhang G L, et al. Changes of microbe and organic matter content in paddy soil applied with straw, manure and nitrogen fertilizer[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(13): 3584-3590. [许仁良, 王建峰, 张国良, 等. 秸秆、有机肥及氮肥配合使用对水稻土微生物和有机质含量的影响[J]. *生态学报*, 2010, 30(13): 3584-3590.]
- [12] Ma L, Li Y, Wei J L, et al. Effects of continuous chemical fertilizer application and straw returning on soil enzyme activity, bacterial community and co-occurrence patterns in a fluvo-aquic soil[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2022, 28(8): 1353-1363. [马垒, 李燕, 魏建林, 等. 连续施用化肥及秸秆还田对潮土酶活性、细菌群落和分子生态网络的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2022, 28(8): 1353-1363.]
- [13] Pan H, Chen M M, Feng H J, et al. Organic and inorganic fertilizers respectively drive bacterial and fungal community compositions in a fluvo-aquic soil in Northern China[J]. *Soil & Tillage Research*, 2020, 198: 104540.
- [14] Dong Y L, Li Z F, Wang R L, et al. Study on the problems and countermeasures of returning wheat and corn stalks into the soil in North China[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2018(1): 159-163. [董印丽, 李振峰, 王若伦, 等. 华北地区小麦、玉米两季秸秆还田存在问题及对策研究[J]. *中国土壤与肥料*, 2018(1): 159-163.]
- [15] Zhao J H, Zhang C Z, Zhang J B. Effect of straw returning via deep burial coupled with application of fertilizer as primer on soil nutrients and winter wheat yield[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2016, 53(2): 438-449. [赵金花, 张丛志, 张佳宝. 激发式秸秆深还对土壤养分和冬小麦产量的影响[J]. *土壤学报*, 2016, 53(2): 438-449.]
- [16] Lu R K. *Analytical methods for soil and agro-chemistry*[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000. [鲁如坤. *土壤农业化学分析方法*[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.]
- [17] Guo Z W, Li Y S, Chen M N, et al. Effects of long-term straw returning and organic fertilizer application on the soil chemical properties

- and microbial quantity of continuous cropping cotton field[J]. Journal of China Agricultural University, 2022, 27(11): 177-186. [郭振威, 李永山, 陈梦妮, 等. 长期秸秆还田和施用有机肥对连作棉田土壤化学性质及微生物数量的影响[J]. 中国农业大学学报, 2022, 27(11): 177-186.]
- [18] Luan L, Zheng J, Cheng M H, et al. Effects of different types of straw returning on bacterial diversity and community structure in dryland red soil[J]. Soils, 2021, 53(5): 991-997. [栾璐, 郑洁, 程梦华, 等. 不同秸秆还田方式对旱地红壤细菌多样性及群落结构的影响[J]. 土壤, 2021, 53(5): 991-997.]
- [19] Wang K K, Ren T, Yan J Y, et al. Straw returning mediates soil microbial biomass carbon and phosphorus turnover to enhance soil phosphorus availability in a rice-oilseed rape rotation with different soil phosphorus levels[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2022, 335: 107991.
- [20] Cui T T, Dou S, Yang Y N, et al. Effect of deep applied corn stalks on composition of soil humus and structure of humic acid[J]. Acta Pedologica Sinica, 2014, 51(4): 718-725. [崔婷婷, 窦森, 杨铁因, 等. 秸秆深还对土壤腐殖质组成和胡敏酸结构特征的影响[J]. 土壤学报, 2014, 51(4): 718-725.]
- [21] Jiao L N, Li Z H, Yin C C, et al. Effect of incorporation of crop straw on composition of soil organic matter and enzyme activity in black soil relative to depth and rate of the incorporation[J]. Acta Pedologica Sinica, 2015, 52(3): 665-672. [矫丽娜, 李志洪, 殷程程, 等. 高量秸秆不同深度还田对黑土有机质组成和酶活性的影响[J]. 土壤学报, 2015, 52(3): 665-672.]
- [22] Zhao Y L, Guo H B, Xue Z W, et al. Effects of tillage and straw returning on microorganism quantity, enzyme activities in soils and grain yield[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2015, 26(6): 1785-1792. [赵亚丽, 郭海斌, 薛志伟, 等. 耕作方式与秸秆还田对土壤微生物数量、酶活性及作物产量的影响[J]. 应用生态学报, 2015, 26(6): 1785-1792.]
- [23] Zhang J, Wen X X, Liao Y C, et al. Effects of different amount of maize straw returning on soil fertility and yield of winter wheat[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2010, 16(3): 612-619. [张静, 温晓霞, 廖允成, 等. 不同玉米秸秆还田量对土壤肥力及冬小麦产量的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2010, 16(3): 612-619.]
- [24] Wang X M, Liu X, Hao L Y, et al. Effects of straw returning in conjunction with different nitrogen fertilizer dosages on corn yield and soil properties[J]. Chinese Journal of Ecology, 2020, 39(2): 507-516. [王学敏, 刘兴, 郝丽英, 等. 秸秆还田结合氮肥减施对玉米产量和土壤性质的影响[J]. 生态学杂志, 2020, 39(2): 507-516.]
- [25] Zhang Y J, Chen C, Chen X, et al. Effects of wheat and rice straw returning on soil organic matter composition and content of different nitrogen forms in soil[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2015, 34(11): 2155-2161. [张雅洁, 陈晨, 陈曦, 等. 小麦-水稻秸秆还田对土壤有机质组成及不同形态氮含量的影响[J]. 农业环境科学学报, 2015, 34(11): 2155-2161.]
- [26] Zhang X, Zhou W, Ai C, et al. Effects of nitrogen management on soil enzyme activities and bacterial community structure in summer maize growing stages under straw incorporation[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2020, 26(2): 295-306. [张鑫, 周卫, 艾超, 等. 秸秆还田下氮肥运筹对夏玉米不同时期土壤酶活性及细菌群落结构的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, 26(2): 295-306.]
- [27] Ling N, Zhu C, Xue C, et al. Insight into how organic amendments can shape the soil microbiome in long-term field experiments as revealed by network analysis[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2016, 99: 137-149.
- [28] Fierer N, Lauber C L, Ramirez K S, et al. Comparative metagenomic, phylogenetic and physiological analyses of soil microbial communities across nitrogen gradients[J]. The ISME Journal, 2012, 6(5): 1007-1017.
- [29] Shen C C, Xiong J B, Zhang H Y, et al. Soil pH drives the spatial distribution of bacterial communities along elevation on Changbai Mountain[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2013, 57: 204-211.
- [30] Liu X Y, Shi Y, Kong L Y, et al. Long-term application of bio-compost increased soil microbial community diversity and altered its composition and network[J]. Microorganisms, 2022, 10(2): 462.
- [31] Wang J J, Ma Y, Di L, et al. Microbial community structure and abundance of iron oxidizing bacteria as a result of straw returning in paddy soil[J]. Journal of Yangzhou University: Agricultural and Life Science Edition, 2022, 43(1): 97-104. [王娟娟, 马云, 狄霖, 等. 秸秆还田及配施氮肥对土壤微生物群落结构及铁氧化菌丰度的影响[J]. 扬州大学学报: 农业与生命科学版, 2022, 43(1): 97-104.]
- [32] Wüst P K, Foessel B U, Geppert A, et al. *Brevitalea aridisoli*, *B. deliciosa* and *Arenimicrobium luteum*, three novel species of

- Acidobacteria* subdivision 4 (class *Blastocatellia*) isolated from savanna soil and description of the novel family *Pyrinomonadaceae*[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2016, 66(9): 3355-3366.
- [33] Fan J Y, Wang H Y, Wang Z M, et al. Landward differentiation characteristics of anoxygenic photosynthetic bacterial populations and their influencing factors in Xilin River Basin[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2022, 62(6): 2353-2371. [范敬阳, 王红越, 王泽铭, 等. 锡林河流域潜在不产氧光合细菌陆向分异特征及影响因素[J]. 微生物学报, 2022, 62(6): 2353-2371.]
- [34] Wu Y C, Ding Q M, Zhu Q H, et al. Contributions of ryegrass, lignin and rhamnolipid to polycyclic aromatic hydrocarbon dissipation in an arable soil[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2018, 118: 27-34.
- [35] Huber K J, Overmann J. *Vicinamibacteraceae* fam. nov., the first described family within the subdivision 6 *Acidobacteria*[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2018, 68(7): 2331-2334.
- [36] Jetten M S M, Wagner M, Fuerst J, et al. Microbiology and application of the anaerobic ammonium oxidation ('anammox') process[J]. Current Opinion in Biotechnology, 2001, 12(3): 283-288.
- [37] Fraser T D, Lynch D H, Bent E, et al. Soil bacterial *phoD* gene abundance and expression in response to applied phosphorus and long-term management[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2015, 88: 137-147.
- [38] Liu B, Arlotti D, Huyghebaert B, et al. Disentangling the impact of contrasting agricultural management practices on soil microbial communities—Importance of rare bacterial community members[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2022, 166: 108573.
- [39] Gao W, Wang L F, Jia Z J. Changes in community assembly of microbiomes in black soil under distinct scenarios of long-term field fertilization[J]. Journal of Ecology and Rural Environment, 2021, 37(11): 1437-1448. [高威, 王连峰, 贾仲君. 长期不同施肥模式对农田黑土微生物群落构建的影响[J]. 生态与农村环境学报, 2021, 37(11): 1437-1448.]

(责任编辑: 卢萍)