

谭智勇,王喜英,赵辉,等.改良剂对酸性植烟土壤化学性质、细菌群落结构和丰度的影响[J].江苏农业科学,2023,51(16):240-246.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.16.032

改良剂对酸性植烟土壤化学性质、细菌群落结构和丰度的影响

谭智勇¹,王喜英¹,赵辉¹,刘杰²,艾永峰²,刘国权²

(1.铜仁学院,贵州铜仁 554300;2.贵州省烟草公司铜仁市公司,贵州铜仁 554300)

摘要:研究不同改良剂对酸性植烟土壤细菌群落结构和丰度的影响,从微生物角度为改良剂的筛选及推广应用提供科学依据。采用田间试验,应用荧光定量 PCR 和高通量测序技术,研究改良剂(T1,硅钙钾镁肥;T2,白云石粉;T3,硅钙钾镁肥+生物炭;T4,白云石粉+生物炭)处理下土壤细菌的丰度和群落结构的变化特征,并分析驱动土壤细菌群落结构变化的主要因素。结果表明,添加改良剂均显著提高了土壤 pH 值和细菌数量。T3 处理细菌丰度最高,分别比 CK、T1、T2、T4 处理提高了 61.29%、3.66%、17.89%、7.73%。施用改良剂显著增加了土壤细菌群落 α 多样性指数,以 T3 处理效果最明显。在门水平上,放线菌门、变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门为优势类群。其中,放线菌门、变形菌门、绿弯菌门的相对丰度在 T3 处理下显著高于对照。层次聚类和 PCoA 结果表明,不同改良剂处理的土壤细菌群落结构差异明显,其中 T3、T4 处理的群落结构相似,CK 与其他处理间群落结构差异较大。土壤 pH 值和有机碳、速效磷、硝态氮含量是驱动土壤细菌数量和群落结构变化的主要因素。综合分析,硅钙钾镁肥+生物炭混施处理在缓解植烟土壤酸化、提高土壤细菌数量和群落多样性、促进烟株生长发育等方面效果最好。

关键词:改良剂;植烟土壤;细菌;实时荧光定量 PCR;高通量测序

中图分类号:S156.2 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2023)16-0240-07

烤烟是我国重要的经济作物之一,其种植面积和产质量均位居世界第一,具有较高的经济价值。近年来,由于长期连作和过量使用化肥,导致土壤质量退化,表现为土壤酸化和生物多样性减少,烟叶产质量下降^[1-2]。土壤酸化已成为烟叶生产中一个不可忽视的问题,严重制约着烟草产业的可持续发展。因此,在酸化日益严重的烟区,研究和利用土壤改良剂已成为保障烤烟产量、质量和土壤生态安全的重要措施之一。微生物是土壤生态系统的重要组成部分,参与了土壤生态系统的许多关键过程,包括营养循环、有机质周转、土壤质量维持和毒素降解,可促进改善烟叶品质^[3]。微生物是评价土壤质量变化的重要预警指标之一^[4]。目前,施用石

灰是克服土壤酸化的常用措施之一。然而,长期或大量施用石灰会引起土壤板结和土壤养分失衡,导致烟叶产量、质量下降^[5]。因此,为缓解土壤酸化和提高烟田土壤质量,迫切需要筛选出安全可靠的土壤改良剂。生物炭结构稳定,具有较大的比表面积,可减少土壤养分流失;且生物炭营养丰富,可为微生物提供良好的环境条件,提高作物养分的利用效率^[6]。在烟叶生产中,生物炭被广泛用作土壤改良剂,在促进烤烟生长、改善微生物活性和抑制土传病害等方面起着重要作用^[3,7]。尚杰等研究表明,施用生物炭可改善土壤环境和提高土壤微生物的生物量^[8]。Gao 等研究发现,植烟土壤变形菌门和酸杆菌门的相对丰度随生物炭施用量的增加而增加^[6]。相关研究认为,硅钙钾镁肥作为碱性肥料,可有效缓解土壤酸化,提高土壤养分含量,促进烟草生长发育,也可克服石灰改良土壤存在的不足^[9]。白云石粉也具有改善土壤理化性质和提高烟叶产量、质量的作用。当前,在我国南方烟区普遍采用白云石粉作为酸性改良剂对土壤进行改良^[10]。刘春英研究发现,施用白云石粉增加了植烟土壤的细菌和真菌数量^[11]。

目前,生物炭、硅钙钾镁肥、白云石粉单独作为

收稿日期:2022-11-21

基金项目:贵州省烟草公司铜仁市公司科技项目(编号:2022-03);贵州省教育厅自然科学项目(编号:黔教合 KY 字[2019]175、黔教合 KY 字[2020]163);铜仁市科技局项目(编号:2021-77);铜仁学院硕士点及学科建设研究子项目(编号:trxyxwdxm-029)。

作者简介:谭智勇(1986—),男,湖南临澧人,博士,副教授,主要从事烟草科学与工程技术的研究。E-mail:328601771@qq.com。

通信作者:赵辉,博士,教授,主要从事土壤微生态及作物栽培研究。E-mail:yancao504@163.com。

改良剂对植烟土壤理化性质^[3,7]、酶活性^[12]、烟叶产量和质量^[10]的影响等方面的研究较多,然而关于生物炭分别与硅钙钾镁肥、白云石粉混施对植烟土壤微生物群落结构的影响未见报道。为此,本研究采用大田试验,应用荧光定量 PCR 和高通量测序技术,开展硅钙钾镁肥、白云石粉及与生物炭混施对植烟土壤细菌群落结构和丰度的影响,旨在为缓解植烟土壤酸化和改善土壤质量提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 供试土壤及材料

试验于 2021 年在贵州省江口县狮子口村进行,108°32′58″E,27°48′32″N,海拔 835 m。供试土壤为黄壤。土壤理化性质:pH 值 4.8,有机碳含量 27.57 g/kg,全氮含量 1.58 g/kg。供试改良剂:生物炭(有机碳含量为 75%,氮含量为 1.4%~1.7%,pH 值 10.1)、硅钙钾镁肥(SiO_2 含量 \geq 25%,CaO 含量 \geq 25%, K_2O 含量 \geq 20%,MgO 含量 \geq 12%,pH 值 8.5)、白云石粉(CaO 含量 \geq 31.86%,MgO 含量 \geq 22.02%,pH 值 8.8)。

1.2 试验设计

试验采用单因素随机试验设计,分别为:CK,不加改良剂和生物炭;T1,硅钙钾镁肥;T2,白云石粉;T3,硅钙钾镁肥+生物炭(水稻秸秆);T4,白云石粉+生物炭(水稻秸秆)。每个处理重复 3 次,行株距为 1.00 m \times 0.55 m,每个小区面积为 33 m²,四周设保护行 2 行。烟地施专用基肥 750 kg/hm²、专用追肥 225 kg/hm²,硅钙钾镁肥、白云石粉施用量均为 0.2 kg/m²,生物炭施用量为 0.45 kg/m²,均作为基肥条施,供试品种为云烟 87。2021 年 4 月 28 日移栽,田间管理措施按优质烟叶管理规程执行。

1.3 样品采集

2021 年 6 月 30 日进行根际土壤样品采集和烟株农艺性状调查。每个小区使用抖根法采集 5 株烟株根际的新鲜土壤样品,混合形成单一样品。土壤样品经过 2 mm 筛选后,用于土壤化学性质和细菌群落的分析。

1.4 测定方法

1.4.1 土壤化学指标测定 土壤 pH 值采用电位法测量,全氮含量测定采用凯氏定氮法,有机质含量测定采用重铬酸钾容量法,速效磷含量测定采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法,速效钾含量测定采用火焰光度法,铵态氮含量测定采用靛酚蓝比色

法,硝态氮含量测定采用酚二磺酸比色法^[13]。

1.4.2 土壤细菌 DNA 提取、荧光定量 PCR 及高通量测序 使用 DNA 提取试剂盒从 0.5 g 土壤样品中提取 DNA。采用 1% 琼脂糖凝胶电泳和核酸定量仪对 DNA 纯度和浓度进行检测。利用荧光定量 PCR 技术对细菌丰度进行分析,扩增引物为 338F (5′-ACTCCTACGGGAGGCAGCAC-3′)与 519R (5′-GGACTACNNGGTATCTAAT-3′)^[14]。每个 PCR 扩增样品重复 3 次,通过 Minipre Kit 获得样品质粒,根据样品质粒的标准曲线,计算基因拷贝数。

采用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物,扩增子在 Illumina MiSeq 平台进行测序。对原始数据进行质量控制,采用 Usearch 软件进行序列分析。具有 \geq 97%相似性的序列被分配到相同的操作分类单元(OTU)。同时对 OTU 代表序列进行分类注释。采用 QIIME 计算细菌的 Chao1 指数、ACE 指数、Shannon 指数、Simpson 指数。

1.5 数据分析

采用 SPSS 22.0 软件对土壤化学性质、微生物的 α 多样性和丰度进行单因素方差分析,使用 R 软件进行层次聚类、主成分分析和冗余分析(RDA)。

2 结果与讨论

2.1 改良剂对烟株农艺性状的影响

由表 1 可知,不同改良剂处理均提高了烟株的农艺性状。T1、T2、T3、T4 处理均显著提高了株高,分别比 CK 提高了 13.3%、12.5%、19.6%、16.2%。T3 处理的茎围、最大叶长、最大叶宽、叶片数最高,分别比 CK 提高了 16.2%、12.5%、13.2%、9.3%。T3、T4 处理对烟株农艺性状的促进作用优于 T1、T2 处理,说明硅钙钾镁肥、白云石粉与生物炭配施优于硅钙钾镁肥、白云石粉单施;其中,硅钙钾镁+生物炭处理对烟株农艺性状的促进效果更好。

2.2 改良剂对土壤化学性质的影响

由表 2 可知,T1、T2、T3、T4 处理的土壤 pH 值和有机碳、速效钾含量较 CK 均有所增加;其中,土壤 pH 值分别比 CK 提高了 14.4%、31.4%、24.3%、30.1%。T3、T4 处理的有机碳含量较高,分别为 18.84、18.34 g/kg,分别比 CK 显著提高了 17.8%、14.7%。全氮含量在各处理中差异不显著。各处理土壤速效磷含量为 71.04~90.09 mg/kg、硝态氮含量为 9.74~17.37 mg/kg,分别较 CK 降低了 2.7%~23.3%、44.2%~68.7%。综上,T3、T4 处理对改善

表 1 不同改良剂处理对烟株农艺性状的影响

处理	株高 (cm)	茎围 (cm)	最大叶长 (cm)	最大叶宽 (cm)	叶片数 (张)
CK	76.60 ± 11.10b	7.48 ± 1.32b	58.30 ± 2.11b	25.80 ± 0.83b	17.20 ± 0.84b
T1	86.80 ± 3.56a	8.30 ± 1.37ab	62.00 ± 4.42ab	27.20 ± 2.28ab	17.40 ± 0.56b
T2	86.20 ± 3.27a	8.28 ± 0.91ab	62.40 ± 3.78ab	26.20 ± 1.92b	17.60 ± 1.12b
T3	91.60 ± 1.82a	8.69 ± 0.60a	65.60 ± 3.65a	29.20 ± 0.89a	18.80 ± 1.03a
T4	89.00 ± 3.39a	8.57 ± 1.03a	64.20 ± 3.56a	27.80 ± 1.48ab	18.20 ± 0.84ab

注:表中数值为平均值 ± 标准差($n=3$),同列数据后不同小写字母表示差异显著($P<0.05$)。表 2、表 3 同。

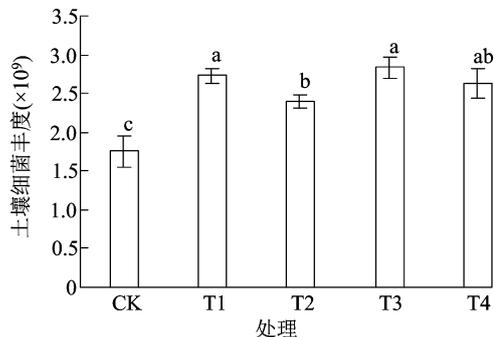
表 2 不同改良剂处理对土壤化学性质的影响

处理	pH 值	有机碳含量 (g/kg)	全氮含量 (g/kg)	速效磷含量 (mg/kg)	速效钾含量 (mg/kg)	铵态氮含量 (mg/kg)	硝态氮含量 (mg/kg)
CK	4.65 ± 0.14c	15.99 ± 0.21c	1.58 ± 0.09a	92.65 ± 3.41a	435.43 ± 25.58b	0.34 ± 0.05b	31.11 ± 1.98a
T1	5.32 ± 0.27b	16.61 ± 0.15bc	1.57 ± 0.04a	90.09 ± 9.35ab	478.37 ± 26.48ab	0.43 ± 0.04a	17.37 ± 1.94b
T2	6.11 ± 0.28a	17.21 ± 0.75abc	1.64 ± 0.07a	81.77 ± 3.29bc	497.70 ± 17.89a	0.34 ± 0.03b	14.01 ± 1.80c
T3	5.78 ± 0.55ab	18.84 ± 1.93a	1.63 ± 0.06a	71.04 ± 4.35d	471.10 ± 34.71ab	0.29 ± 0.05b	10.68 ± 1.11d
T4	6.05 ± 0.40a	18.34 ± 0.44ab	1.57 ± 0.05a	72.77 ± 4.98cd	438.83 ± 13.59b	0.35 ± 0.06b	9.74 ± 0.65d

土壤酸化和提高土壤肥力的效果较优。

2.3 改良剂对土壤细菌丰度的影响

如图 1 所示,不同处理土壤细菌 16Sr RNA 基因丰度为 $1.64 \times 10^9 \sim 2.94 \times 10^9$, T1、T2、T3、T4 处理后,细菌丰度显著增加,分别比 CK 提高了 56.0%、37.1%、61.7%、50.3%。T3 处理细菌丰度分别比 CK、T1、T2、T4 提高了 61.29%、3.66%、17.89%、7.73%。T1、T3 处理细菌丰度明显高于 T2、T4 处理。说明改良剂添加对土壤细菌数量有促进作用,其中硅钙钾镁肥和生物炭复配处理效果明显好于石灰及石灰生物炭配施处理。



柱上不同小写字母表示各处理在 0.05 水平上差异显著
图 1 不同改良剂处理对土壤细菌 16S rRNA 基因丰度的影响

如图 2 所示,土壤细菌 16S rRNA 基因丰度与土壤 pH 值、有机碳含量呈显著正相关($P<0.05$),与速效磷含量呈显著负相关($P<0.05$),与硝态氮含量呈极显著负相关($P<0.01$)。

2.4 改良剂对细菌群落 α 多样性指数的影响

利用 Illumina MiSeq 平台对土壤细菌测序进行分析(表 3)可知,所有处理的覆盖率均大于 0.97,说明测序能力能够真实反映土壤细菌群落特征。CK、T1、T2、T3、T4 处理下土壤细菌 OTU 数分别为 3 233.67、3 873.67、4 008.00、4 183.67、4 099.33 个,且 T1、T2、T3、T4 处理均显著高于 CK。由此可知,改良剂显著改变了烟田土壤细菌 OTU 水平上的物种组成。土壤细菌 α 多样性指数变化趋势大致相同,T3、T4 处理的 Chao1、ACE、Shannon、Simpson 指数显著较高,其次是 T2、T1 处理,CK 显著较低。说明添加白云石粉、硅钙钾镁肥、生物炭均可提高土壤细菌丰富度和多样性,其中以硅钙钾镁肥 + 生物炭的效果最明显。

由图 2 可知,Chao1、ACE、Shannon、Simpson 指数分别与土壤 pH 值、有机碳含量呈极显著正相关关系,与速效磷、硝态氮含量呈极显著负相关关系。

2.5 改良剂对细菌群落组成的影响

由图 3 可知,在门水平上,得到 9 个平均相对丰度 >1% 的类群(放线菌门、变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门、芽单胞菌门、厚壁菌门、拟杆菌门、蓝藻门和硝化螺旋菌门),其中放线菌门、变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门的相对丰度分别为 29.13% ~ 34.49%、17.88% ~ 24.74%、13.01% ~ 19.07%、

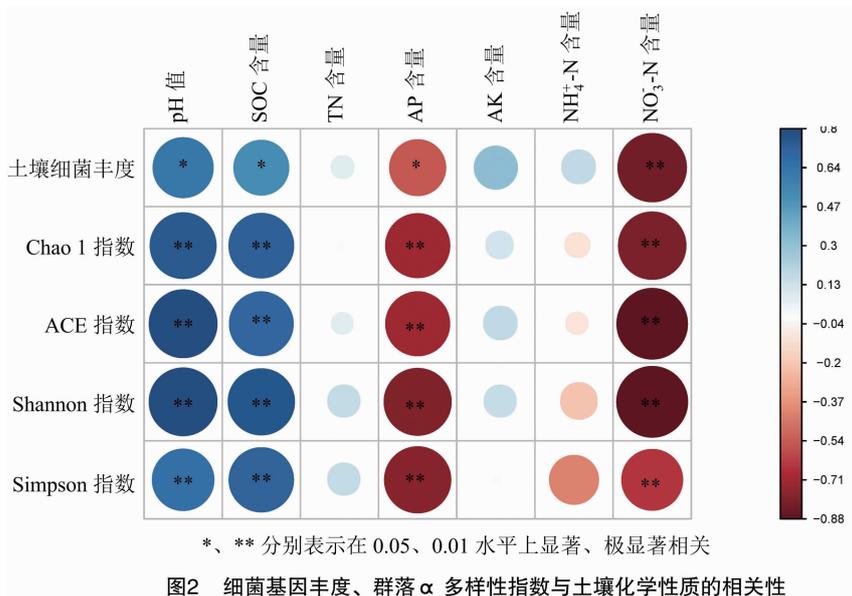
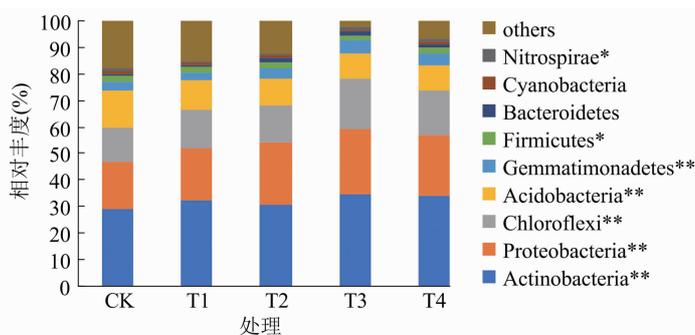


表 3 不同改良剂处理对细菌群落α多样性指数的影响

处理	操作分类单元数量(个)	Chao1 指数	ACE 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	覆盖率
CK	3 233.67 ± 137.00b	3 724.98 ± 162.18c	3 225.40 ± 154.04c	10.03 ± 1.09c	0.961 2 ± 0.03c	0.978 6 ± 0.000 1a
T1	3 873.67 ± 220.69a	4 376.63 ± 95.71b	3 885.23 ± 121.76b	10.34 ± 1.12b	0.976 1 ± 0.02b	0.975 0 ± 0.002 3ab
T2	4 008.00 ± 275.40a	4 494.69 ± 103.17b	4 013.47 ± 182.64ab	10.39 ± 1.08b	0.981 3 ± 0.02b	0.975 4 ± 0.004 0ab
T3	4 183.67 ± 136.03a	4 764.89 ± 94.30a	4 189.23 ± 25.85a	10.68 ± 1.11a	0.998 4 ± 0.03a	0.972 9 ± 0.001 4b
T4	4 099.33 ± 323.30a	4 602.13 ± 172.29ab	4 099.47 ± 135.86ab	10.56 ± 1.17ab	0.998 2 ± 0.05a	0.974 3 ± 0.004 1ab



Actinobacteria—放线菌门; Proteobacteria—变形菌门; Chloroflexi—绿弯菌门; Acidobacteria—酸杆菌门; Gemmatimonadetes—芽单胞菌门; Firmicutes—厚壁菌门; Bacteroidetes—拟杆菌门; Cyanobacteria—蓝藻门; Nitrospirae—硝化螺旋菌门。* 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$

9.64% ~ 13.58%, 占细菌总类群相对丰度的 73.61% ~ 87.95%, 为优势类群。其中放线菌门、变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门、芽单胞菌门在不同处理之间有极差异显著; 厚壁菌门和硝化螺旋菌门在不同处理之间差异显著。与 CK 相比, T3、T4 处理对芽单胞菌门的相对丰度有促进作用, 对厚壁菌门的相对丰度有抑制作用。

施入改良剂增加了放线菌门、变形菌门、绿弯菌门的相对丰度。T1、T3、T4 处理的放线菌门相对丰度分别比 CK 增加了 11.59%、18.40%、17.28%。变形菌门的相对丰度在 T2 (22.95%)、T3 (24.74%)、T4 (23.07%) 处理中显著高于 CK (17.88%)。绿弯菌门的相对丰度在 T3 处理中显著高于其他处理, 分别比 CK、T1、T2、T4 处理提高了

46.63%、33.20%、36.20%、16.44%。施入改良剂显著降低了酸杆菌门的相对丰度,T3、T4 处理降幅最大。结果表明,改良剂对土壤细菌群落组成有显著影响,其中以硅钙钾镁+生物炭和白云石粉+生物炭改良剂的影响最大。

2.6 土壤化学性质与微生物群落结构的关系

不同改良剂处理的土壤细菌群落结构差异明显,除 T4 处理外,其他处理的 3 次重复聚类在一起。其中,T2、T3、T4 处理聚类较近,CK 与其他处理距离较远(图 4-a)。主坐标分析(PCoA)进一步证实了这种差异。CK 与其他处理分布在不同的象限,并且与 T1、T2、T3、T4 处理相距较远,说明 CK 与其他

处理之间差异较大。T3、T4 处理在同一象限,且距离较近,说明两者土壤细菌群落结构相似度较高(图 4-b)。

对细菌群落结构与土壤理化性质进行冗余分析。RDA1、RDA2 分别解释了土壤细菌群落变异的 76.07%、2.55%,累积解释了总变异的 78.62%(图 5)。土壤 pH 值和有机碳、速效磷、硝态氮含量对土壤细菌群落结构有极显著影响(表 4)。

3 讨论与结论

施用改良剂通过调控 pH 值的变化,影响土壤有效养分的转化。土壤 pH 值过低可导致土壤养分

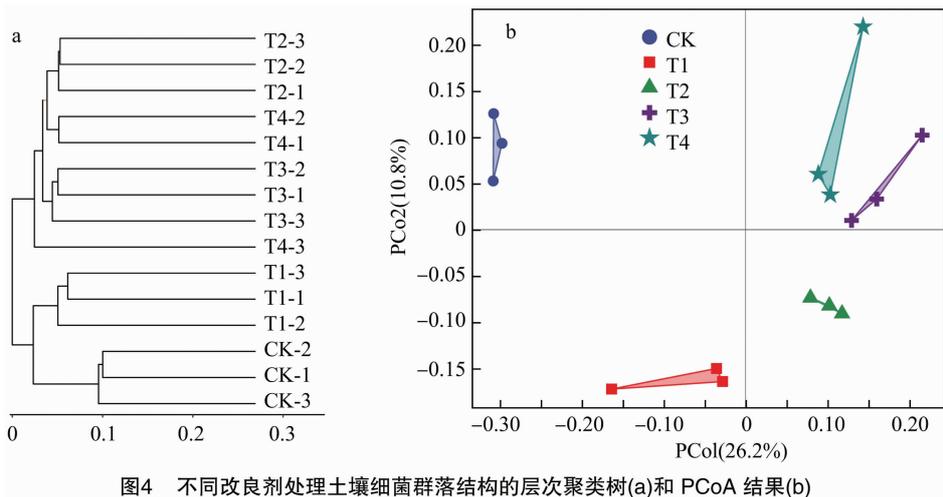


图4 不同改良剂处理土壤细菌群落结构的层次聚类树(a)和 PCoA 结果(b)

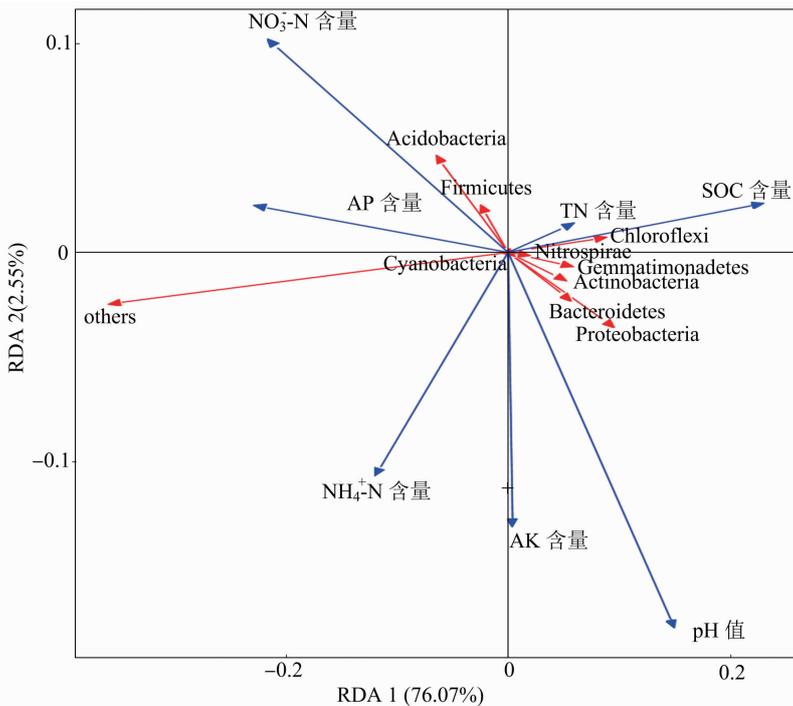


图5 土壤细菌群落 RDA 结果

表 4 土壤细菌群落结构与化学性质相关性的 P 值

化学性质	RDA1	RDA2	r^2	P
pH 值	0.756 89	-0.653 54	0.779 0	0.001 **
SOC 含量	0.995 22	-0.097 62	0.730 3	0.001 **
TN 含量	1.000 00	0.000 63	0.048 0	0.730
AP 含量	-0.972 94	-0.963 93	0.773 5	0.001 **
AK 含量	0.266 14	-0.491 38	0.179 8	0.326
NH_4^+ - N 含量	-0.870 95	0.428 53	0.257 9	0.169
NO_3^- - N 含量	0.993 70	-0.112 07	0.876 0	0.001 **

注: ** 表示极显著相关 ($P < 0.01$)。

流失加快和肥力下降,对烟株生长发育有抑制作用^[15]。相关研究认为,白云石粉、硅钙钾镁肥、生物炭单施均可提高酸性植烟土壤 pH 值^[15-19]。李昱等研究认为,施用白云石粉对提高植烟土壤 pH 值和改善烟叶品质效果显著^[18]。然而,姜超强等研究认为,白云石粉对提高土壤 pH 值效果不明显^[16]。本研究进一步证明,白云石粉对土壤 pH 值提高的效果优于硅钙钾镁肥。生物炭配施处理下土壤有机碳含量较高,提高了土壤碳含量。施用改良剂后,土壤速效磷、硝态氮的含量降低,其中白云石粉 + 生物炭和硅钙钾镁肥 + 生物炭配施处理显著低于对照,可能由于 T3、T4 处理烟株长势较好,吸收了较多的速效磷、硝态氮。

土壤微生物是土壤生态系统中最活跃的成分,对环境变化非常敏感^[20]。Shen 等研究认为,土壤酸化引起土壤环境恶化,抑制微生物活性,导致微生物总量下降^[21]。本研究中,施用改良剂均显著增加了土壤细菌数量,可能是由于土壤 pH 值升高,有利于微生物生长和繁殖^[22]。T3、T4 处理的土壤细菌数量较高,可能由于添加生物炭提高了土壤有机碳含量,为微生物生长提供了充足的碳源^[23]。高雪峰等研究认为,植物长势好,根系分泌物多,有利于促进细菌数量的增加^[24]。硅钙钾镁肥 + 生物炭处理烟株农艺性状(株高、茎围、叶长、叶宽、叶片数)均显著高于对照,烟株长势好,根系通过分泌较多的代谢物,可为微生物生长提供营养和能源。土壤微生物群落多样性是土壤生态特征的关键指标,一定程度上可以反映土壤的肥力^[25]。本研究中,土壤细菌群落丰富度和多样性指数均以 T3、T4 处理较高,可能与添加生物炭有关。Shen 等研究表明,生物炭富营养、多孔性和吸附性能,可为土壤微生物生长和繁殖提供良好的环境^[21]。施用生物炭后,土壤养分发生了改变,可影响土壤微生物群落组

成^[26]。其中,T3 处理下土壤微生物多样性指数略高于 T4 处理,可能由于硅钙钾镁肥与生物炭混施在改善土壤环境质量方面优于白云石粉和生物炭混施;由于硅钙钾镁肥可为烟草生长提供钾,有利于促进烟株生长和改善根系发育,根系分泌物增多,有利于微生物生长^[9]。土壤 pH 值是决定土壤细菌多样性的重要因素,本研究表明,土壤 pH 值与土壤细菌多样性有极显著相关性,与前人的研究结论^[27]一致。

土壤养分含量对调控微生物群落具有重要作用,是土壤微生物存活、物种组成、代谢的关键决定因素^[6,28]。土壤 pH 值通过影响土壤细菌生理代谢、微生物群落间竞争关系或抑制非适应性微生物生长,从而改变土壤细菌群落^[7,12]。放线菌门在动植物残体分解过程中起着重要作用,有利于土壤氮转化,可产生抗生素,减少病原微生物侵害^[27]。本研究中,放线菌门相对丰度为各处理中含量最丰富的细菌类群,平均相对丰度为 30% 左右。放线菌门相对丰度在对照中最低,说明施用改良剂对放线菌门相对丰度有促进作用,可提高土壤对病原菌的拮抗能力,有利于土壤质量改善。变形菌门具有嗜营养的特点,适宜生长在 pH 值和有机质含量较高的环境^[29]。变形菌门相对丰度在硅钙钾镁肥 + 生物炭、白云石粉 + 生物炭处理中最高,可能由于生物炭是一种高碳含量的碱性产品,施用后增加了土壤 pH 值和有机质含量^[30],有利于变形菌门生长。绿弯菌门与地上生物量呈显著正相关关系^[31]。绿弯菌门相对丰度在硅钙钾镁肥 + 生物炭中显著高于其他处理,可能与烟株长势较好有关,有利于绿弯菌门生长。酸杆菌门相对丰度在对照处理中显著高于其他处理,可能由于酸杆菌门是嗜酸性细菌,酸性土壤环境有利于酸杆菌门的代谢活动^[32]。同时,对照处理的土壤有机碳、速效钾等指标均低于其他处理,但酸杆菌门相对丰度增加。由此可知,酸杆菌门喜好营养贫乏的环境,属于贫营养型细菌^[27]。通过冗余分析探讨了土壤细菌群落与土壤理化性质之间的相关性,揭示了土壤微生物群落受特定土壤理化性质的影响。本研究结果表明,植烟土壤细菌群落与 pH 值和有机碳、速效磷、硝态氮含量有极显著相关性。施用改良剂后,植烟土壤酸化得到改善,土壤养分也随之发生变化,导致植烟土壤细菌群落结构受到严重影响。

施用改良剂可提高土壤 pH 值和有机碳、速效

钾含量,增加植烟土壤细菌数量、群落丰富度及多样性,促进烟株生长。其中,硅钙钾镁肥 + 生物炭混施处理对缓解土壤酸化和改善土壤微环境效果最优,在烤烟生产中具有较好的应用前景。

参考文献:

- [1] Niu J J, Chao J, Xiao Y H, et al. Insight into the effects of different cropping systems on soil bacterial community and tobacco bacterial wilt rate[J]. *Journal of Basic Microbiology*, 2017, 57(1): 3-11.
- [2] 孙延国, 闫慧峰, 石屹, 等. 海洋类土壤改良剂对土壤理化性状及烤烟生长和产量的影响[J]. *中国农业科技导报*, 2017, 19(3): 82-89.
- [3] Li C J, Ahmed W, Li D F, et al. Biochar suppresses bacterial wilt disease of flue-cured tobacco by improving soil health and functional diversity of rhizosphere microorganisms[J]. *Applied Soil Ecology*, 2022, 171: 104314.
- [4] Zheng M Y, Zhu P, Zheng J Y, et al. Effects of soil texture and nitrogen fertilisation on soil bacterial community structure and nitrogen uptake in flue-cured tobacco[J]. *Scientific Reports*, 2021, 11: 22643.
- [5] 李春英, 刘添毅, 刘奕平, 等. 酸性植烟土壤施用石灰的后效探讨[J]. *烟草科技*, 2001, 34(7): 38-41.
- [6] Gao L, Wang R, Shen G M, et al. Effects of biochar on nutrients and the microbial community structure of tobacco-planting soils[J]. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 2017, 17(4): 884-896.
- [7] Li X L, Yang C Q, Shen J P. Effect of soil conditioner on the microbial community in the rhizosphere soil of tobacco[J]. *Agricultural Science & Technology*, 2017, 18(5): 834-838.
- [8] 尚杰, 耿增超, 王月玲, 等. 施用生物炭对壤土微生物量碳、氮及酶活性的影响[J]. *中国农业科学*, 2016, 49(6): 1142-1151.
- [9] 马存金. 硅钙钾镁肥不同用量对酸性土壤 pH 值及烟草根系发育的影响[J]. *江苏农业科学*, 2020, 48(19): 83-86.
- [10] 张国, 朱启法, 郭熙盛, 等. 皖南烟区白云石粉对酸性植烟土壤的改良研究[J]. *土壤*, 2014, 46(3): 534-538.
- [11] 刘春英. 不同改良剂对植烟土壤肥力性状及烤烟产量和质量的影响[D]. 福州: 福建农林大学, 2004: 13-14.
- [12] Zhalnina K, Dias R, de Quadros P D, et al. Soil pH determines microbial diversity and composition in the park grass experiment[J]. *Microbial Ecology*, 2015, 69(2): 395-406.
- [13] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000: 25-114.
- [14] Zheng L G, Li Y, Shang W Q, et al. The inhibitory effect of cadmium and/or mercury on soil enzyme activity, basal respiration, and microbial community structure in coal mine-affected agricultural soil[J]. *Annals of Microbiology*, 2019, 69(8): 849-859.
- [15] 杜倩, 黄容, 李冰, 等. 生物炭还田对植烟土壤活性有机碳及酶活性的影响[J]. *核农学报*, 2021, 35(6): 1440-1450.
- [16] 姜超强, 董建江, 徐经年, 等. 改良剂对土壤酸碱度和烤烟生长及烟叶中重金属含量的影响[J]. *土壤*, 2015, 47(1): 171-176.
- [17] 邓小华, 何铭钰, 陈金, 等. 山地酸性土壤耕层重构的理化性状及酶活性动态变化[J]. *中国烟草科学*, 2021, 42(4): 17-23.
- [18] 李昱, 何春梅, 林新坚. 施用沸石、白云石对植烟土壤及烟叶品质的影响[J]. *烟草科技*, 2006, 39(4): 50-54.
- [19] 潘金华, 庄舜尧, 史学正, 等. 施用改良剂对皖南旱坡地土壤性状及烤烟产量和品质的综合效应[J]. *土壤*, 2016, 48(5): 978-983.
- [20] Cheng J Z, Li Y L, Gao W C, et al. Effects of biochar on Cd and Pb mobility and microbial community composition in a calcareous soil planted with tobacco[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2018, 54(3): 373-383.
- [21] Shen G H, Zhang S T, Liu X J, et al. Soil acidification amendments change the rhizosphere bacterial community of tobacco in a bacterial wilt affected field[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2018, 102(22): 9781-9791.
- [22] 刘若琪, 刘薇, 袁利, 等. 不同改良剂对植烟土壤微生物特征和酶活性的影响[J]. *四川农业大学学报*, 2020, 38(5): 520-527.
- [23] 邵慧芸, 张阿凤, 王旭东, 等. 两种生物炭对烤烟生长、根际土壤性质和微生物群落结构的影响[J]. *环境科学学报*, 2019, 39(2): 537-544.
- [24] 高雪峰, 韩国栋. 短花针茅根系分泌物对荒漠草原土壤细菌群落及土壤养分的影响[J]. *中国草地学报*, 2021, 43(6): 76-84.
- [25] Farrell M, Kuhn T K, MacDonald L M, et al. Microbial utilisation of biochar-derived carbon[J]. *Science of the Total Environment*, 2013, 465: 288-297.
- [26] 李致博. 土壤酸化对养分淋失、微生物多样性及柑橘生长的影响[D]. 福州: 福建农林大学, 2020: 31-36.
- [27] 曾希柏, 王亚男, 王玉忠, 等. 不同施肥模式对设施菜地细菌群落结构及丰度的影响[J]. *中国农业科学*, 2013, 46(1): 69-79.
- [28] 张伟彬. 秸秆还田配施生物菌肥对土壤微生物群落的影响[J]. *江苏农业科学*, 2022, 50(1): 201-206.
- [29] Zhang Y G, Cong J, Lu H, et al. An integrated study to analyze soil microbial community structure and metabolic potential in two forest types[J]. *PLoS One*, 2014, 9(4): e93773.
- [30] Shaaban M, van Zwieten L, Bashir S, et al. A concise review of biochar application to agricultural soils to improve soil conditions and fight pollution[J]. *Journal of Environmental Management*, 2018, 228: 429-440.
- [31] Podosokorskaya O A, Kadnikov V V, Gavrillov S N, et al. Characterization of *Melioribacter roseus* gen. nov., sp. nov., a novel facultatively anaerobic thermophilic cellulolytic bacterium from the class Ignavibacteria, and a proposal of a novel bacterial phylum Ignavibacteriae[J]. *Environmental Microbiology*, 2013, 15(6): 1759-1771.
- [32] Buée L, Reich M, Murat C, et al. 454 Pyrosequencing analyses of forest soils reveal an unexpectedly high fungal diversity[J]. *New Phytologist*, 2009, 184(2): 449-456.