网络出版时间:2026-02-04 DOI:10.13207/j.jnwafu.2026.08.016

微生物菌剂对植烟土壤理化特性和细菌群落结构的影响

蔡民爵[1],黄瑞寅[2],张家升[2],岳益福[1],崔译文[1],王媛媛[1],
黄跃鹏[3],王维[1],杨天乐[2]

(1 华南农业大学 农学院,广东 广州 510642;2 广东中烟工业有限责任公司,广东 广州 510610;
3 广东烟草韶关市有限公司,广东 韶关 512000)

[摘 要] 【目的】探究芝麻饼肥配施不同微生物菌剂对植烟土壤理化特性和细菌群落结构的影响,为烟草生产中芝麻饼肥与微生物菌剂的配合施用提供参考。【方法】以施用清水为对照(CK),设置拜赖青霉菌(T1)、枯草芽孢杆菌(T2)、巨大芽孢杆菌(T3)、吲哚丁酸钾(T4)、复合型微生物菌剂(T5)处理,采用灌根方式,在旺长期采集0~20 cm土层土壤,测定土壤基本理化性质及脲酶、蔗糖酶、过氧化氢酶和酸性磷酸酶活性,同时采集根际土壤,利用高通量测序技术分析烤烟旺长期各处理土壤细菌群落结构的变化特征。【结果】与CK相比,T3、T5处理土壤有机质、全氮、全钾、碱解氮、有效磷含量均显著提高($P<0.05$),土壤物理特性明显改善;施用微生物菌剂处理(除T4处理)的土壤酶活性均有所增加。各微生物菌剂处理改变了植烟土壤细菌群落结构和Alpha多样性,其中T2、T5处理Alpha多样性指数提升幅度显著($P<0.05$);植烟土壤中细菌门类和属类相对丰度均有所改变,与CK相比,T1、T2、T3、T5处理降低了假单胞菌门、放线菌门的相对丰度,而增加了芽孢杆菌门、拟杆菌门的相对丰度,T4处理降低了放线菌门、拟杆菌门的相对丰度,而增加了假单胞菌门、芽孢杆菌门的相对丰度;施用微生物菌剂处理(除T1处理外)优势菌属主要有硝化螺旋菌属和*MND*1菌属。LEfSe分析显示,T1处理溶杆菌科、脱卤球菌纲、壤霉菌属显著富集,T2处理玫瑰弯菌科、酸杆菌纲显著富集,T3处理黄杆菌目、黄杆菌属显著富集,T4处理鞘氨醇单胞菌属、芽单胞菌门显著富集,T5处理黄色土源菌属、房间芽孢杆菌属显著富集。Beta多样性分析表明,T1、T2、T3、T4处理土壤细菌群落组成与CK、T5处理存在明显差异。功能类群分析显示,各微生物菌剂处理细菌功能与CK相比差异不显著。相关性分析表明,土壤有机质和有效磷含量是影响土壤酶活性以及细菌群落丰富度和多样性的主要环境因子。【结论】芝麻饼肥应用基础上配施微生物菌剂能明显改善植烟土壤理化特性,增强土壤酶活性,改善土壤细菌群落结构,其中以芝麻饼肥配施枯草芽孢杆菌(T2)或复合型微生物菌剂(T5)效果更佳。

[关键词] 微生物菌剂;芝麻饼肥;植烟土壤;土壤理化特性;细菌群落结构

[中图分类号] S144 [文献标志码] A [文章编号] 1671-9387(2026)08-0147-15

Effects of microbial agents on physicochemical properties and bacterial community structure of tobacco-planting soil

CAI Minjue[1],HUANG Ruiyin[2],ZHANG Jiasheng[2],YUE Yifu[1],CUI Yiwen[1],
WANG Yuanyuan[1],HUANG Yuepeng[3],WANG Wei[1],YANG Tianle[2]

(1 *College of Agriculture,South China Agricultural University,Guangzhou,Guangdong* 510642,*China*;

[收稿日期] 2025-06-22 [修回日期] 2025-08-01
[基金项目] 广东中烟工业有限责任公司科研项目(2024440000340013);广东省烟草专卖局科技计划资助项目(2023440000240044);广东省基础与应用基础研究省市联合基金项目(2022A1515110353)
[作者简介] 蔡民爵(2000—),男,广东湛江人,在读硕士,主要从事烟草栽培生理及品质调控研究。E-mail:2711006467@qq.com
[通信作者] 王媛媛(1993—),女,贵州六盘水人,副教授,博士,硕士生导师,主要从事烟草栽培生理及品质调控研究。
E-mail:wangyuanyuan@scau.edu.cn
杨天乐(1987—),男,广西柳州人,农艺师,主要从事烟叶调拨与管理研究。E-mail:124194416@qq.com

2 *China Tobacco Guangdong Industrial Co., Ltd.*, *Guangzhou*, *Guangdong* 510610, *China*;
3 *Guangdong Tobacco Shaoguan Co., Ltd.*, *Shaoguan*, *Guangdong* 512000, *China*)

Abstract: 【Objective】 This study aimed to investigate the effects of sesame cake fertilizer combined with different microbial agents on the physicochemical properties and bacterial community structure of tobacco-planting soil, thereby providing reference for their integrated application in tobacco production. 【Method】 Taking water application as the control (CK), treatments were set up as follows: *Penicillium bilaiae* (T1), *Bacillus subtilis* (T2), *Bacillus megaterium* (T3), potassium indole butyrate (T4), and a compound microbial agent (T5). All agents were applied via root irrigation. During the vigorous growth stage, soil samples from the 0—20 cm layer were collected to determine basic physicochemical properties and the activities of soil urease, sucrase, catalase, and acid phosphatase. Simultaneously, the rhizosphere soil was collected. High-throughput sequencing technology was used to analyze the changes in soil bacterial community structure in each treatment during the vigorous growth stage of flue-cured tobacco. 【Result】 Compared with CK, treatments T3 and T5 significantly increased the contents of soil organic matter, total nitrogen, total potassium, available nitrogen, and available phosphorus ($P<0.05$), and significantly improved soil physical properties. With the exception of T4, soil enzyme activities were increased in all treatments. Each microbial agent treatment altered the structure of soil bacterial community and Alpha diversity in tobacco-planting soil, with a significant increase in Alpha diversity index in T2 and T5 treatments ($P<0.05$). The relative abundance of bacterial phyla and genus in tobacco-planting soil were all changed. Compared with CK, treatments T1, T2, T3, and T5 decreased the relative abundance of Pseudomonadota and Actinomycetota, while increasing that of Bacillota and Bacteroidota. Conversely, T4 treatment decreased the relative abundance of Actinomycetota and Bacteroidota, while increasing that of Pseudomonadota and Bacillota. The dominant genera in treatments with microbial agents (except for the T1 treatment) were mainly *Nitrospira* and *MND*1. LEfSe analysis revealed significant enrichments of specific taxa across treatments: Lysobacteraceae, Dehalococcoidia, and *Agromyces* in T1 treatment; Roseiflexaceae and Acidobacteriae in T2 treatment; Flavobacteriales and *Flavobacterium* in T3 treatment; *Sphingomonas* and Gemmatimonadota in T4 treatment; and *Flavisolibacter* and *Domibacillus* in T5 treatment. Beta diversity analysis showed that the soil bacterial community composition of T1, T2, T3, and T4 treatments was significantly different from that of CK and T5 treatments. Functional group analysis showed no significant differences in the bacterial function between each microbial agent treatment and CK. Correlation analysis identified soil organic matter and available phosphorus content as the main environmental factors affecting soil enzyme activities as well as bacterial community richness and diversity. 【Conclusion】 The combined application of microbial inoculants and sesame cake fertilizer significantly improved soil physicochemical properties, enzyme activities, and bacterial community structure, with the treatments involving *Bacillus subtilis* (T2) or the compound microbial agent (T5) proving especially effective.

Key words: microbial agents; sesame cake fertilizer; tobacco-planting soil; soil physicochemical properties; bacterial community structure

土壤微生物是土壤生态系统中的重要组成部分,直接或间接参与土壤中的众多生化反应,对维持土壤生态平衡、推动土壤养分循环以及保障作物生长发育具有重要意义[1-2]。土壤微生物对于土壤微环境具有重要影响,直接参与土壤多种养分的转化和土壤理化性质的形成,对土壤养分循环利用和土壤微环境稳定性发挥着重要作用[3]。调节土壤微生物群落结构是提升土壤健康和作物产量品质的重要手段,其中有机肥和生物肥料的应用对土壤微生物群落结构和功能具有显著影响[4-5]。有机肥含大量有机质,能够有效增加土壤养分,调节微生物群落结构,增强土壤微生物代谢活动[6-7]。目前,微生物菌剂在土壤改良及优化土壤性能方面的作用日益凸显[8]。微生物菌剂不仅可以增加土壤微生物

的种群多样性，还能使其中的有益微生物与根际微生物协调共生，维持土壤生态群落稳定，平衡微生物种群[9-10]。施河丽等[11]研究发现，将微生物菌剂和黄腐酸联合施用，能显著提高烟草根际土壤中细菌种群的多样性。尽管目前已有较多研究关注有机肥或微生物菌剂单一应用对土壤微生物群落的影响[12-15]，但联合应用对植烟土壤微生物群落的研究相对较少。本课题组前期研究发现，施用芝麻饼肥可有效改善土壤理化性质，通过提高根系生长和香气前体物质的积累提高烟叶品质[16]。因此，本研究基于芝麻饼肥的应用，利用高通量测序技术，研究不同微生物菌剂配施对植烟土壤微生物及理化特性的影响，以期为烟草生产中芝麻饼肥与适宜微生物菌剂的配合使用提供参考。

1　材料与方法

1.1　试验地概况

试验于2024年在广东省韶关市黄坑镇（114°30′21″ E，25°14′44″ N）进行。供试烤烟品种为‘粤烟97’。试验田前茬作物为玉米，土壤类型为碱性紫色土，土壤pH值8.26，有机质含量17.12 g/kg，全氮含量0.64 g/kg，全磷含量1.24 g/kg，全钾含量16.96 g/kg，碱解氮含量63.83 mg/kg，有效磷含量6.08 mg/kg，速效钾含量181.48 mg/kg。

1.2　供试微生物菌剂

拜赖青霉菌（北海业盛旺生物科技有限公司）：有效活菌数≥1×10^9/g，含有拜赖青霉分生孢子、发酵代谢产物和固体发酵基质等；枯草芽孢杆菌（广西康绿生物科技有限公司）：有效活菌数≥4×10^{10}/g，含有枯草芽孢杆菌等；巨大芽孢杆菌（北海业盛旺生物科技有限公司）：有效活菌数≥1×10^{10}/g，含有巨大芽孢杆菌及其代谢产物、适宜载体等；吲哚丁酸钾（湖北清宇化工有限公司）：吲哚丁酸钾含量≥98%；复合型微生物菌剂（山西永济市华杰生物科技有限公司）：有效活菌数≥2×10^9/g，含有枯草芽孢杆菌、巨大芽孢杆菌和解淀粉芽孢杆菌，高活性矿源黄腐酸钾≥50%，腐殖酸≥60%，有机质≥65%，有机碳≥45%，氧化钾≥12%。

1.3　试验设计

试验共设置6个处理，分别为芝麻饼肥＋清水（CK）、芝麻饼肥＋3.0 kg/hm²拜赖青霉菌（T1）、芝麻饼肥＋1.5 kg/hm²枯草芽孢杆菌（T2）、芝麻饼肥＋7.5 kg/hm²巨大芽孢杆菌（T3）、芝麻饼肥＋7.5 kg/hm²吲哚丁酸钾（T4）和芝麻饼肥＋3.0 kg/hm²复合型微生物菌剂（T5）。每个处理设置3次重复，共18个小区，小区面积为39.6 m²（11 m×3.6 m）。供试烤烟品种为‘粤烟97’，种植密度为15 000株/hm²，行株距为120 cm×55 cm。微生物菌剂于移栽当天进行灌根，灌根质量浓度均为0.1 mg/L，将微生物菌剂溶于清水，每穴灌溶液500 mL，每隔15 d灌根1次，共灌根4次。采用漂浮育苗，2024年2月19日所有处理均施用750 kg/hm²芝麻饼肥（m（N）：m（P_2O_5）：m（K_2O）＝3.73：2.99：1.50，驻马店市康博汇鑫农业科技有限公司）和330.60 kg/hm²烟草专用复合肥（m（N）：m（P_2O_5）：m（K_2O）＝13：8：15，湖南金叶众望科技有限公司）作为基肥，并在当天进行膜下移栽。基肥追肥比例为5：5，基肥采用穴施，追肥采用淋施。2024年3月24日所有处理均施用288.45 kg/hm²烟草专用复合肥作为第1次追肥，2024年4月2日所有处理均施用55.95 kg/hm²烟草专用复合肥和139.35 kg/hm²硝酸钾（m（N）：m（P_2O_5）：m（K_2O）＝12：0：45，云南云叶化肥股份有限公司）作为第2次追肥，2024年4月12日所有处理均施用79.65 kg/hm²硝酸钾和205.05 kg/hm²农业用硫酸钾（m（N）：m（P_2O_5）：m（K_2O）＝0：0：52，国投新疆罗布泊钾盐有限责任公司）作为第3次追肥。田间管理按当地优质烟叶生产技术规范进行。

1.4　样品采集与处理

于旺长期（移栽后65 d）随机选取烟垄上2株烟苗正中位置，采集0～20 cm土壤，分为两份，一份自然风干后过筛（孔径0.18 mm），用于测定土壤基本理化性质，另一份在4 ℃保存，用于测定土壤酶活性。同时，每个小区选取长势一致的烟株3株，抖根法采集根际土壤，混合后作为一个样品，剔除植物体等杂质后装入无菌管并迅速用液氮速冻后，于－80 ℃保存待测，用于DNA高通量测序分析。

1.5　土壤理化指标测定

土壤基本理化性质参照《土壤农化分析》[17]的方法测定：pH值采用pH计法测量（水土质量比为2.5：1）；有机质含量采用重铬酸钾容量法测定；全氮含量采用全自动凯氏定氮仪Kjeltec™ 8400（FOSS，丹麦）测定；全磷含量采用$HClO_4$-H_2SO_4法测定；全钾含量采用氢氧化钠熔融法测定；碱解氮含量采用碱解扩散法测定；有效磷含量采用0.5 mol/L $NaHCO_3$浸提，钼锑抗比色法测定；速效钾含量采用1 mol/L NH_4OAc浸提，火焰光度法测定。

土壤体积质量采用环刀法测定;土壤含水率采用烘干法称重测定。各处理重复测定3次。

土壤脲酶、蔗糖酶、过氧化氢酶和酸性磷酸酶活性使用试剂盒(上海晶抗生物科技有限公司)测定。各处理重复测定3次。

1.6 高通量测序分析

根据E. Z. N. A.®soil DNA kit(Omega Biotek,Norcross,GA,U. S.)说明书进行微生物群落总基因组DNA抽提,1%琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组DNA质量,NanoDrop2000(美国Thermo Scientific公司)测定DNA浓度和纯度。使用携带Barcode序列的上游引物338F(5′-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3′)和下游引物806R(5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3′)[18]对16S rRNA基因V3－V4可变区进行PCR扩增,使用2%琼脂糖凝胶回收PCR产物,利用DNA凝胶回收纯化试剂盒(PCR Clean-Up Kit,中国逾华)进行回收产物纯化,并用Qubit 4.0(Thermo Fisher Scientific,USA)对回收产物进行检测定量,使用NEXTFLEX Rapid DNA-Seq Kit对纯化后的PCR产物进行建库,利用Illumina Nextseq2000平台进行测序(上海美吉生物医药科技有限公司)。使用fastp[19](https://github. com/OpenGene/fastp, version 0.19.6)软件对双端原始测序序列进行质控,用FLASH[20](http://www. cbcb. umd. edu/software/flash,version 1.2.11)软件进行拼接;基于默认参数,使用Qiime2流程[21]中的DADA2[22]插件对质控拼接之后的优化序列进行降噪处理,得到ASVs(扩增子序列变体,amplicon sequence variant)。基于Sliva 16S rRNA基因数据库(v138),使用Qiime2中的Naive bayes分类器对ASVs进行物种分类学分析。使用PICRUSt2[23](version 2.2.0)软件进行16S功能预测分析。

1.7 数据处理

采用Excel 2021、SPSS 26.0、Origin 2021软件进行数据处理和单因素方差分析,用Duncan新复极差法进行多重比较;在美吉生物云平台(https://cloud.majorbio.com)上进行土壤微生物数据分析。

2 结果与分析

2.1 芝麻饼肥配施不同微生物菌剂对植烟土壤理化性质的影响

2.1.1 植烟土壤养分和物理特性 由表1可知,芝麻饼肥配施不同微生物菌剂可有效提高植烟土壤有机质、全氮、全钾、碱解氮、有效磷、速效钾含量,并降低土壤体积质量,提高土壤含水率。与CK相比,T3和T5处理对土壤养分提升效果最显著,有机质含量分别显著提高了43.83%和61.66%,全钾含量分别显著提高了20.86%和26.44%,碱解氮含量分别显著提高了19.74%和32.89%,有效磷含量分别显著提高了23.59%和40.40%,速效钾含量分别显著提高了10.65%和12.60%。此外,T2和T5处理能有效改善土壤物理性状,与CK相比,T2和T5处理土壤体积质量分别降低了11.88%和8.91%,而含水率分别提高了40.91%和73.79%。

2.1.2 植烟土壤酶活性 由表2可知,芝麻饼肥配施微生物菌剂均能显著提高植烟土壤脲酶(除T4处理)、蔗糖酶、过氧化氢酶、酸性磷酸酶活性。与CK相比,T3和T5处理土壤脲酶活性分别显著提高了66.82%和64.67%,T2和T5处理土壤蔗糖酶活性分别显著提高了104.20%和107.87%,T1和T5处理土壤酸性磷酸酶活性分别显著提高了126.67%和120.0%,T2和T5处理土壤过氧化氢酶活性分别显著提高了66.11%和65.11%。

2.2 芝麻饼肥配施不同微生物菌剂对植烟土壤细菌群落的影响

2.2.1 植烟土壤细菌群落Alpha多样性 对18个土壤样本(6个处理×3次重复)进行测序,共得到18 371个ASV,归属于49门、136纲、311目、518科、1 079属和2 296种。对不同处理的土壤细菌群落ASV进行Alpha多样性分析,分别用Ace指数(丰富度指数)、Chao指数(丰富度指数)、Shannon指数(多样性指数)、Simpson指数(多样性指数)4个度量指标探究各处理内细菌群落结构特征,结果见表3。由表3可知,T2、T3和T5处理的Ace指数、Chao指数与CK相比均显著升高,其中T2处理增幅最大,分别显著提高了15.58%和14.96%。施用微生物菌剂处理的土壤细菌Shannon指数、Simpson指数相较于CK均有所提高,但仅T2处理Shannon指数的差异达到显著水平。

2.2.2 植烟土壤细菌群落组成 由图1可知,6组样品中注释到共有的细菌属455属,占属总数的42.17%,CK、T1、T2、T3、T4和T5处理的特有细菌属分别为50,33,56,39,45和31属,分别占属总数的4.63%,3.06%,5.19%,3.61%,4.17%和2.87%。

表 1　芝麻饼肥配施不同微生物菌剂对植烟土壤养分和物理特性的影响

Table 1　Effects of sesame cake fertilizer combined with different microbial agents on nutrients and physical properties of tobacco-planting soil

处理 Treatment	pH	有机质/(g·kg^{-1}) Organic matter	全氮/(g·kg^{-1}) Total nitrogen	全磷/(g·kg^{-1}) Total phosphorus	全钾/(g·kg^{-1}) Total potassium
CK	7.86±0.01 d	20.92±0.76 c	0.79±0.00 c	1.52±0.06 a	23.30±0.25 c
T1	7.96±0.02 c	29.52±0.76 b	0.84±0.00 c	1.17±0.03 c	22.36±0.66 c
T2	8.01±0.02 c	28.95±0.76 b	0.78±0.08 c	1.32±0.00 b	25.43±0.09 b
T3	8.17±0.02 b	30.09±0.50 b	0.87±0.00 bc	1.46±0.01 a	28.16±0.18 a
T4	8.31±0.02 a	27.80±1.03 b	0.94±0.00 ab	1.44±0.04 a	27.86±0.78 a
T5	8.12±0.02 b	33.82±1.03 a	0.98±0.00 a	1.22±0.01 c	29.46±1.23 a

处理 Treatment	碱解氮/(mg·kg^{-1}) Available nitrogen	有效磷/(mg·kg^{-1}) Available phosphorus	速效钾/(mg·kg^{-1}) Available potassium	土壤体积质量/(g·cm^{-3}) Soil volumetric quality	土壤含水率/% Soil moisture content
CK	88.67±2.33 d	7.08±0.13 c	188.19±2.00 c	1.01±0.01 a	13.81±1.37 c
T1	101.50±2.02 c	9.05±0.05 ab	198.34±5.15 bc	0.92±0.01 bc	15.60±1.56 bc
T2	103.83±2.33 bc	8.90±0.13 ab	186.51±0.70 c	0.89±0.01 c	19.46±0.54 b
T3	106.17±3.09 bc	8.75±0.10 b	208.24±1.40 ab	0.98±0.01 a	18.50±1.40 b
T4	110.83±3.09 ab	8.75±0.10 b	205.85±6.20 ab	0.98±0.01 a	18.48±1.04 b
T5	117.83±3.09 a	9.94±0.82 a	211.90±3.41 a	0.92±0.02 b	24.00±0.76 a

注:表中数据为平均值±标准差。同列数据后标不同小写字母表示不同处理间差异显著($P<0.05$)。下同。

Note: Data are mean±standard deviation. Different lowercase letters in the same column indicate significant differences among treatments ($P<0.05$). The same below.

表 2　芝麻饼肥配施不同微生物菌剂对植烟土壤酶活性的影响

Table 2　Effects of sesame cake fertilizer combined with different microbial agents on enzyme activity of tobacco-planting soil

处理 Treatment	脲酶活性/(μmol·min^{-1}·g^{-1}) Urease activity	蔗糖酶活性/(μmol·min^{-1}·g^{-1}) Sucrase activity	酸性磷酸酶活性/(μmol·min^{-1}·g^{-1}) ACP activity	过氧化氢酶活性/(μmol·min^{-1}·g^{-1}) CAT activity
CK	6.51±0.20 d	3.81±0.19 e	0.15±0.01 e	46.15±3.84 e
T1	7.68±0.05 c	6.84±0.08 c	0.34±0.01 a	54.21±1.12 d
T2	9.82±0.14 b	7.78±0.07 a	0.28±0.02 c	76.66±1.55 a
T3	10.86±0.16 a	6.58±0.10 d	0.31±0.01 b	57.97±1.24 c
T4	6.76±0.17 d	7.50±0.04 b	0.20±0.01 d	63.44±0.22 b
T5	10.72±0.09 a	7.92±0.01 a	0.33±0.01 a	76.20±0.45 a

表 3　各处理土壤细菌群落 Alpha 多样性指数

Table 3　Alpha diversity index of soil bacterial communities in each treatment

处理 Treatment	Ace 指数 Ace index	Chao 指数 Chao index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index
CK	2 210.46±38.18 c	2 204.84±35.86 c	6.94±0.12 b	0.001 8±0.000 0 a
T1	2 288.27±50.8 bc	2 280.49±51.25 bc	7.09±0.01 ab	0.002 1±0.000 1 a
T2	2 554.75±128.92 a	2 534.65±122.69 a	7.11±0.03 a	0.002 2±0.000 2 a
T3	2 487.15±62.62 ab	2 475.84±61.55 ab	7.08±0.01 ab	0.002 2±0.000 2 a
T4	2 279.08±11.53 bc	2 275.11±13.74 bc	6.97±0.02 ab	0.002 1±0.000 0 a
T5	2 509.38±85.61 ab	2 497.68±81.98 ab	7.10±0.01 ab	0.002 1±0.000 2 a

由图 2-A 可以看出,各处理土壤细菌群落中,假单胞菌门(Pseudomonadota,相对丰度 43.63%～48.97%)和放线菌门(Actinomycetota,相对丰度 15.00%～20.91%)为最丰富菌门,其次是芽孢杆菌门(Bacillota,相对丰度 8.17%～13.15%)、拟杆菌门(Bacteroidota,相对丰度 5.22%～12.15%)。与 CK 相比,T1、T2、T3 和 T5 处理降低了假单胞菌门、放线菌门的相对丰度,而增加了芽孢杆菌门、拟杆菌门的相对丰度;T4 处理降低了放线菌门、拟杆菌门的相对丰度,而增加了假单胞菌门、芽孢杆菌门的相对丰度。

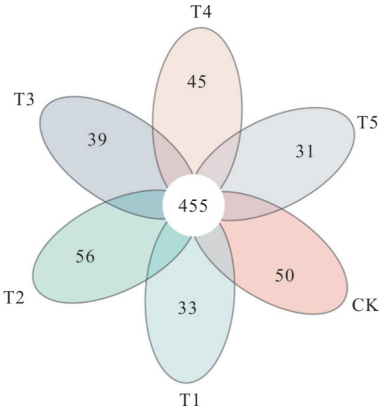


图1 各处理土壤中细菌属Venn图

Fig. 1 Venn diagram of soil bacterial genera under different treatments

在进行优势物种分析时,相对丰度超过1%即可作为优势物种。由图2-B可以看出,CK的优势菌属主要有鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*,相对丰度9.42%,下同)、微枝形杆菌属(*Microvirga*,3.72%)、溶杆菌属(*Lysobacter*,2.71%)等;T1处理的优势菌属与CK大体一致。相较于CK,T2处理的优势菌属主要有硝化螺旋菌属(*Nitrospira*,3.95%)、*MND*1菌属(3.46%)、红色杆菌属(*Rubrobacter*,3.01%)等,T3处理的优势菌属主要有硝化螺旋菌属(3.91%)、*MND*1菌属(2.61%),T4处理的优势菌属主要有鞘氨醇单胞菌属(11.31%)、硝化螺旋菌属(3.42%)、*MND*1菌属(2.92%),T5处理的优势菌属主要有微枝形杆菌属(5.56%)、硝化螺旋菌属(2.80%)、*MND*1菌属(2.69%)。由此可见,配施微生物菌剂可以增加土壤中优势细菌属的相对丰度。

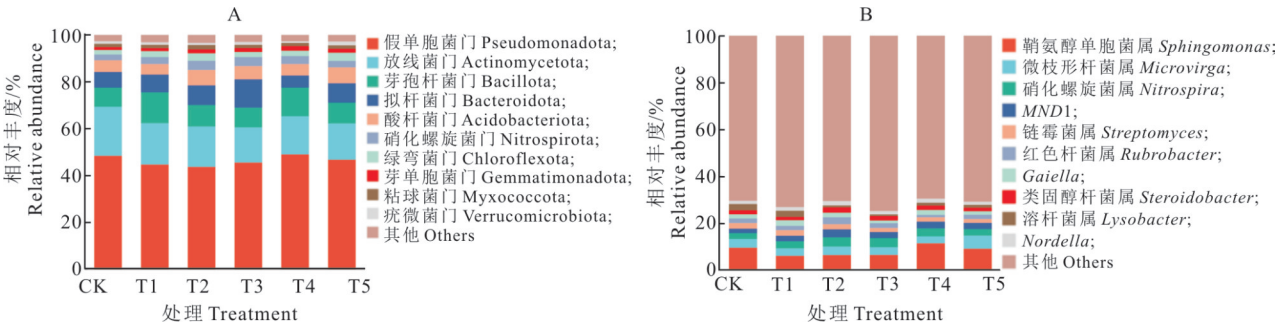


图2 各处理土壤中细菌在门(A)和属(B)水平上的相对丰度

Fig. 2 Relative abundance of soil bacteria at the phylum (A) and genus (B) levels across treatments

由图3可以看出,不同处理土壤优势细菌在属水平上的多样性和丰度差异较大,施用微生物菌剂处理的硝化螺旋菌属、*MND*1菌属均高于CK。其中,红色杆菌属、类固醇杆菌属(*Steroidobacter*)在T2处理中的占比高于其他处理,鞘氨醇单胞菌属在T4处理中的占比最高,微枝形杆菌属在T5处理中的占比高于其他处理。

选取相对丰度排名前20的细菌属进行分析,结果(图4)显示,与CK相比,配施不同微生物菌剂均提高了剑菌属(*Ensifer*)、*Peribacillus*、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、*Bryobacter*、微枝形杆菌属、*Ramlibacter*等菌属的相对丰度。

2.2.3 LEfSe多级物种差异判别分析 LEfSe是一种用于发现高维生物标识和揭示基因组特征的软件。LEfSe采用线性判别分析(LDA)估算每个组分(物种)丰度对差异效果影响的大小。从门水平到属水平,各个分类单位设定LDA阈值为2。由图5和6可知,CK处理放线菌门、溶杆菌目(Lysobacterales)显著富集,T1处理溶杆菌科(Lysobacteraceae)、脱卤球菌纲(Dehalococcoidia)、壤霉菌属(*Agromyces*)显著富集,T2处理玫瑰弯菌科(Roseiflexaceae)、酸杆菌纲(Acidobacteriae)显著富集,T3处理黄杆菌目(Flavobacteriales)、黄杆菌属显著富集,T4处理鞘氨醇单胞菌属、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)显著富集,T5处理黄色土源菌属(*Flavisolibacter*)、房间芽孢杆菌属(*Domibacillus*)显著富集。

2.2.4 植烟土壤细菌群落NMDS分析 基于Bray-Curtis距离对6个处理的土壤细菌群落组成进行非度量多维尺度分析(non-metric multidimensional scaling,NMDS)分析,结果见图7。由图7可以看出,T1、T2、T3、T4处理细菌群落组成均与CK、T5处理存在明显差异,且CK与T5处理的组成也有较大差异,说明施用微生物菌剂改变了土壤细菌群落组成;此外,T2和T3处理细菌群落组成较为相似,与T1、T4处理有明显差异,说明不同微生物菌剂的效果有所不同。

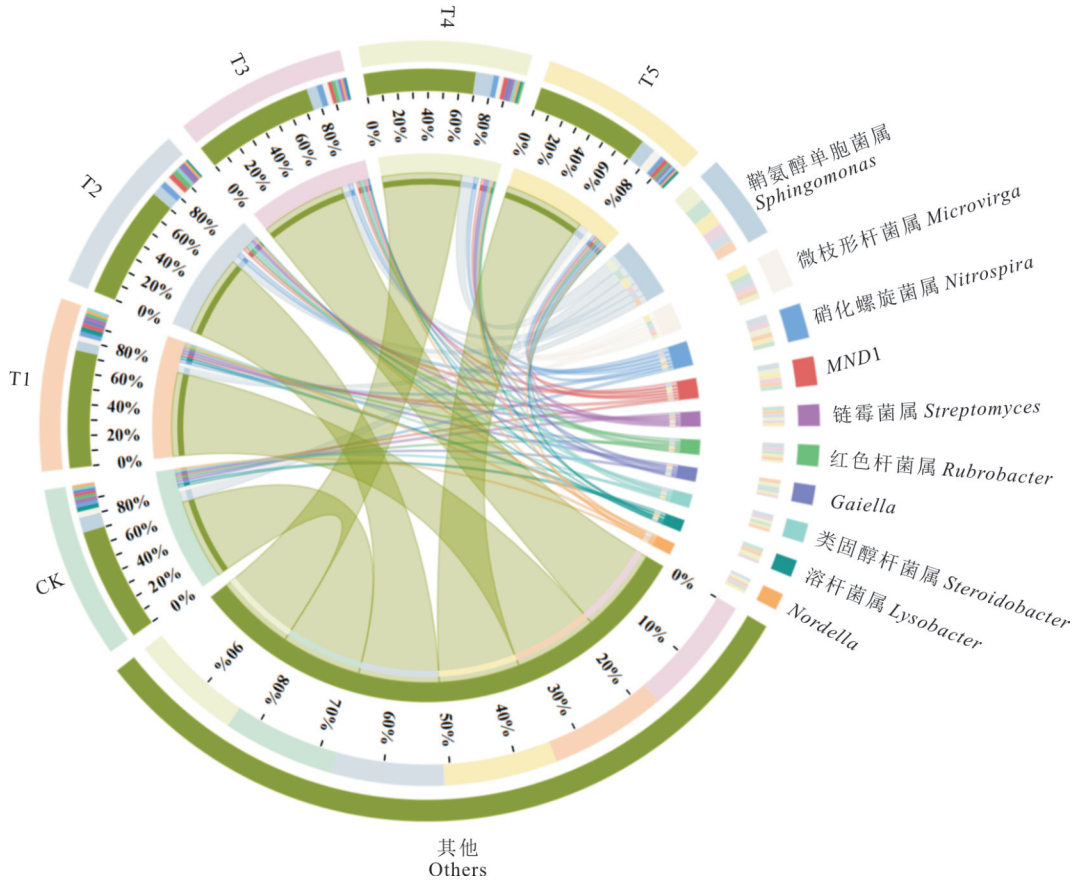


图 3　土壤细菌主要菌属在各处理中的占比

Fig. 3　Proportion of main soil bacteria genera across treatments

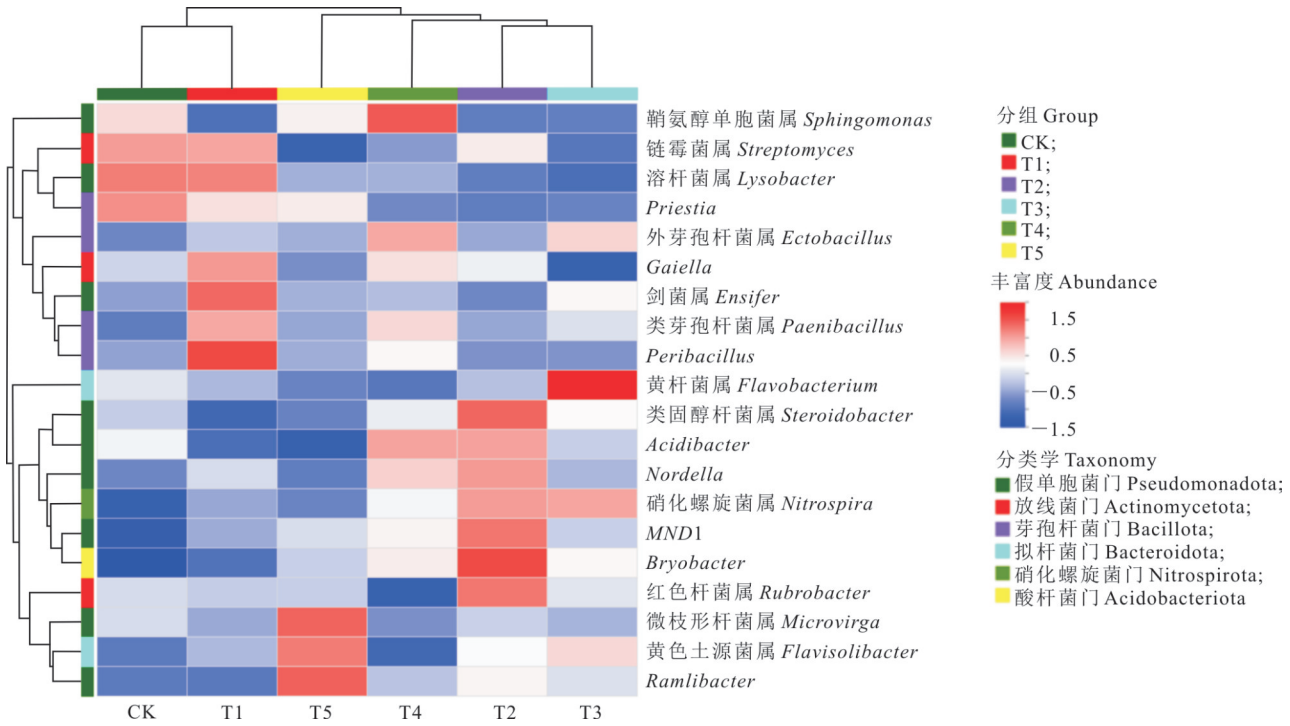
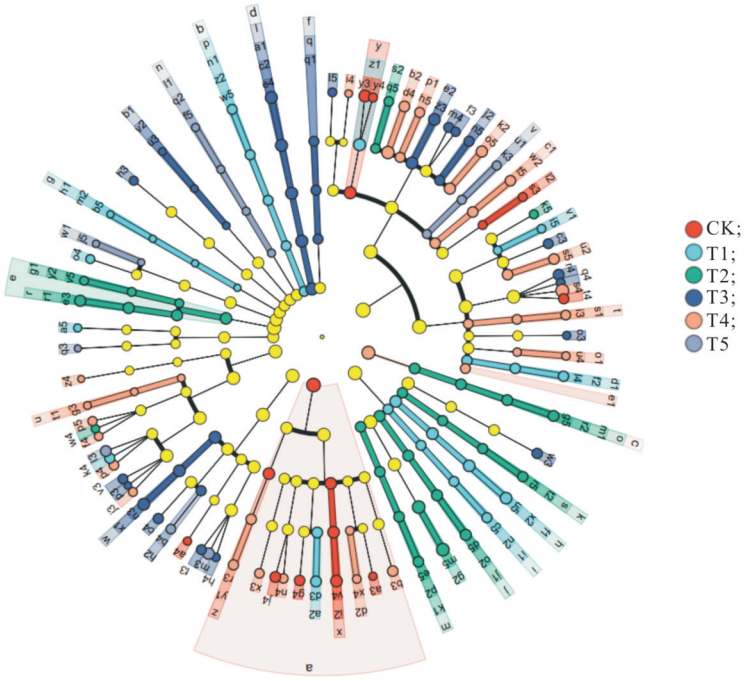


图 4　各处理土壤中细菌属水平分布热图

Fig. 4　Heat map of horizontal distribution of bacterial genera in soil across treatments



a: 放线菌门 Actinomycetota;
d: 硝化螺旋菌门 Nitrospirota;
g: c_Berkelbacteria;
j: c_JG30-KF-CM66;
m: c_OLB14;
p: c_norank_p_GAL15;
s: o_C0119;
v: o_Coxiellales;
y: 溶杆菌目 Lysobacterales;
b1: o_Oxyphotobacteria;
e1: 红螺旋菌目 Rhodospirillales;
h1: o_norank_c_Berkelbacteria;
k1: o_norank_c_OLB14;
n1: o_norank_p_GAL15;
q1: 噬菌弧菌科 Bacteriovoracaceae;
t1: 耐热碱芽孢杆菌科 Caldalkalibacillaceae;
w1: f_Eel-36e1D6;
z1: 溶杆菌科 Lysobacteraceae;
c2: 硝化螺旋菌科 Nitrospiraceae;
f2: f_Reyranellaceae;
i2: 链霉菌科 Streptomycetaceae;
l2: f_Woeseiaceae;
o2: f_norank_c_JG30-KF-CM66;
r2: f_norank_c_S0134_terrestrial_group;
u2: f_norank_o_Hyphomicrobiales;
x2: f_norank_o_S085;
a3: 珊瑚菌属 *Actinocorallia*;
d3: 壤霉菌属 *Agromyces*;
g3: 耐热碱芽孢杆菌属 *Caldakalibacillus*;
j3: g_*Compostibacillus*;
m3: 黄色土源菌属 *Flavisolibacter*;
p3: 纤细芽孢杆菌属 *Gracilibacillus*;
s3: g_*JTB255_marine_benthic_group*;
v3: g_*Litchfieldia*;
y3: 溶杆菌属 *Lysobacter*;
b4: g_*Nibrella*;
e4: 硝化螺旋菌属 *Nitrospira*;
h4: 拟根瘤菌属 *Parasegetibacter*;
k4: 耐冷芽孢杆菌属 *Psychrobacillus*;
n4: 糖单孢菌属 *Saccharomonospora*;
q4: g_*Sphingoaurantiacus*;
t4: 鞘氨醇盒菌属 *Sphingopyxis*;
w4: 高温放线菌属 *Thermoactinomyces*;
z4: g_UCG-012;
c5: g_norank_c_Gitt-GS-136;
f5: g_norank_c_Pla4_lineage;
i5: g_norank_f_D05-2;
l5: g_norank_f_Moraxellaceae;
o5: g_norank_f_TRA3-20;
r5: g_norank_o_C0119;
u5: g_norank_o_S085;

b: p_GAL15;
e: 酸杆菌纲 Acidobacteriae;
h: 脱卤球菌纲 Dehalococcoidia;
k: 纤线杆菌纲 Ktedonobacteria;
n: c_Pla4_lineage;
q: 噬菌弧菌目 Bacteriovoracales;
t: 小链杆菌目 Caedibacterales;
w: 黄杆菌目 Flavobacteriales;
z: o_Microtrichales;
c1: o_PLTA13;
f1: o_S085;
i1: o_norank_c_Gitt-GS-136;
l1: o_norank_c_Pla4_lineage;
o1: f_Azospirillales_;
r1: f_Bryobacteraceae;
u1: f_Coxiellaceae;
x1: 黄杆菌科 Flavobacteriaceae;
a2: 微杆菌科 Microbacteriaceae;
d2: f_Nocardiopsidaceae;
g2: 玫瑰弯菌科 Roseiflexaceae;
j2: f_Sutterellaceae;
m2: f_norank_c_Berkelbacteria;
p2: f_norank_c_OLB14;
s2: f_norank_o_Burkholderiales;
v2: f_norank_o_Oxyphotobacteria;
y2: f_norank_o_Subgroup_15;
b3: 气微菌属 *Aeromicrobium*;
e3: g_*Bryobacter*;
h3: g_*Candidatus_Entotheonella*;
k3: g_*Coxiella*;
n3: 黄杆菌属 *Flavobacterium*;
q3: g_*IMCC26134*;
t3: g_*Lacibacter*;
w3: g_*Litorilinea*;
z3: g_*Massilia*;
c4: g_*Nibribacter*;
f4: 嗜热新芽孢杆菌属 *Novibacillus*;
i4: g_*Pseudohongiella*;
l4: g_*Reyranella*;
o4: g_*Sandaracinus*;
r4: 鞘氨醇菌属 *Sphingobium*;
u4: g_*Stella*;
x4: g_*Thermobifida*;
a5: 疣微菌属 *Verrucomicrobium*;
d5: g_norank_c_JG30-KF-CM66;
g5: g_norank_c_S0134_terrestrial_group;
j5: g_norank_f_Eel-36e1D6;
m5: g_norank_f_Roseiflexaceae;
p5: g_norank_f_Thermoactinomycetaceae;
s5: g_norank_o_Hyphomicrobiales;
v5: g_norank_o_Subgroup_15;

c: 芽单胞菌门 Gemmatimonadota;
f: c_Bacteriovoracia;
i: c_Gitt-GS-136;
l: 硝化螺旋菌纲 Nitrospiria;
o: c_S0134_terrestrial_group;
r: o_Bryobacterales;
u: o_Caldalkalibacilales;
x: 北里孢菌目 Kitasatosporales;
a1: 硝化螺旋菌目 Nitrospirales;
d1: o_Reyranellales;
g1: o_Subgroup_15;
j1: o_norank_c_JG30-KF-CM66;
m1: o_norank_c_S0134_terrestrial_group;
p1: f_B1-7BS;
s1: f_Caedibacteraceae;
v1: f_D05-2;
y1: f_Iamiaceae;
b2: 亚硝化单胞菌科 Nitrosomonadaceae;
e2: 草酸杆菌科 Oxalobacteraceae;
h2: 螺状菌科 Spirosomataceae;
k2: f_TRA3-20;
n2: f_norank_c_Gitt-GS-136;
q2: f_norank_c_Pla4_lineage;
t2: f_norank_o_C0119;
w2: f_norank_o_PLTA13;
z2: f_norank_p_GAL15;
c3: 农杆菌属 *Agrobacterium*;
f3: g_*Caenimonas*;
i3: g_*Candidatus_Nucleicultrix*;
l3: 房间芽孢杆菌属 *Domibacillus*;
o3: g_*Geminicoccus*;
r3: g_*lamia*;
u3: g_*Leptolyngbya_EcFYyyy-00*;
x3: g_*Luedemannella*;
a4: 黏液杆菌属 *Mucilaginibacter*;
d4: 亚硝化螺菌属 *Nitrosospira*;
g4: 类节杆菌属 *Paenarthrobacter*;
j4: 假诺卡氏菌属 *Pseudonocardia*;
m4: 玫瑰色杆菌属 *Roseateles*;
p4: g_*Solibacillus*;
s4: 鞘氨醇单胞菌属 *Sphingomonas*;
v4: 链霉菌属 *Streptomyces*;
y4: 热单胞菌属 *Thermomonas*;
b5: g_norank_c_Berkelbacteria;
e5: g_norank_c_OLB14;
h5: g_norank_f_B1-7BS;
k5: g_norank_f_Hyphomicrobiales;
n5: g_norank_f_Sutterellaceae;
q5: g_norank_o_Burkholderiales;
t5: g_norank_o_PLTA13;
w5: g_norank_p_GAL15

图 5 细菌 LEfSe 多级物种层级树图

Fig. 5 LEfSe cladogram of bacterial species

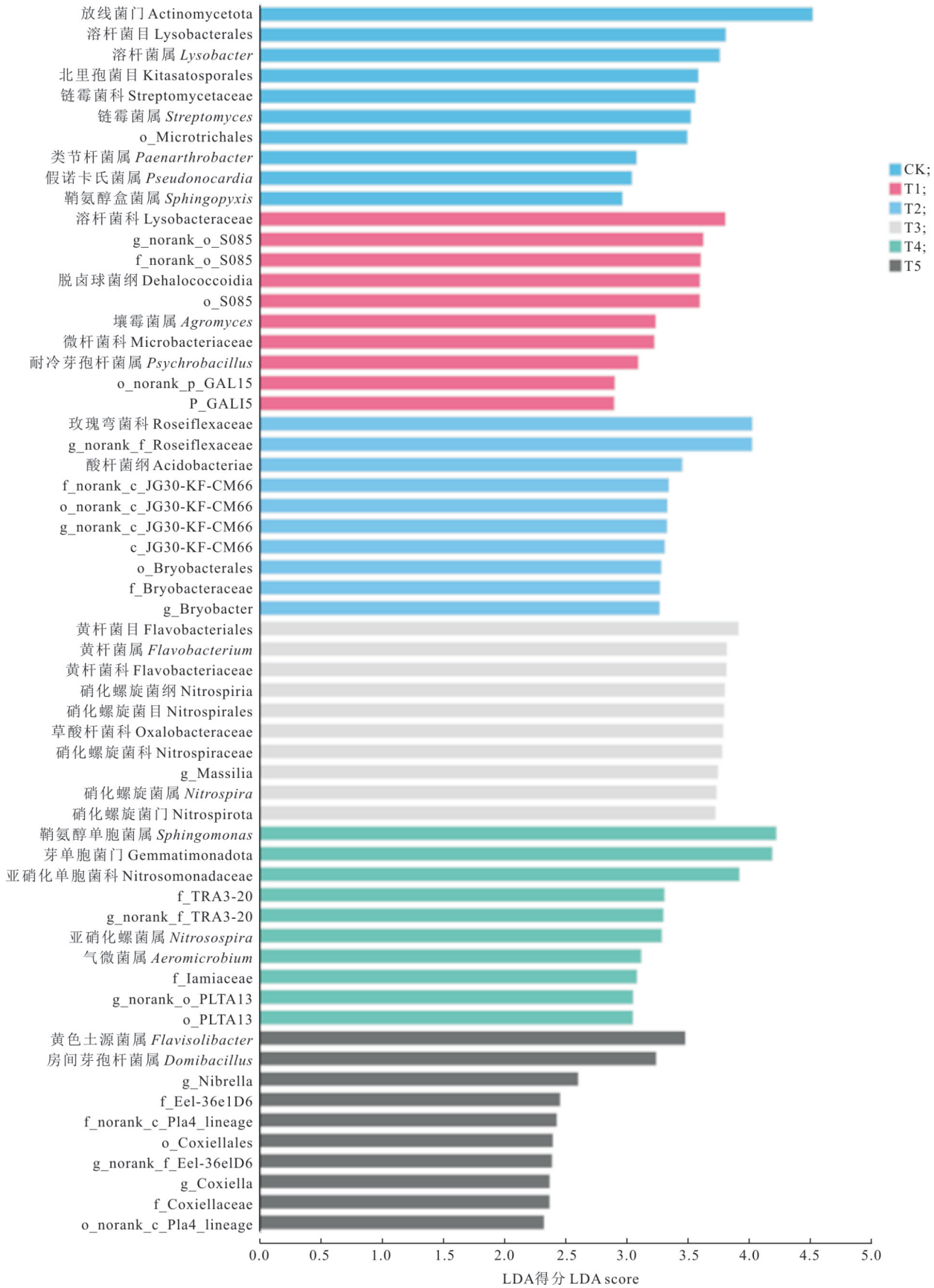


图 6　细菌 LEfSe 多级物种层级 LDA 判别结果

Fig. 6　LDA scores of bacterial species from LEfSe analysis

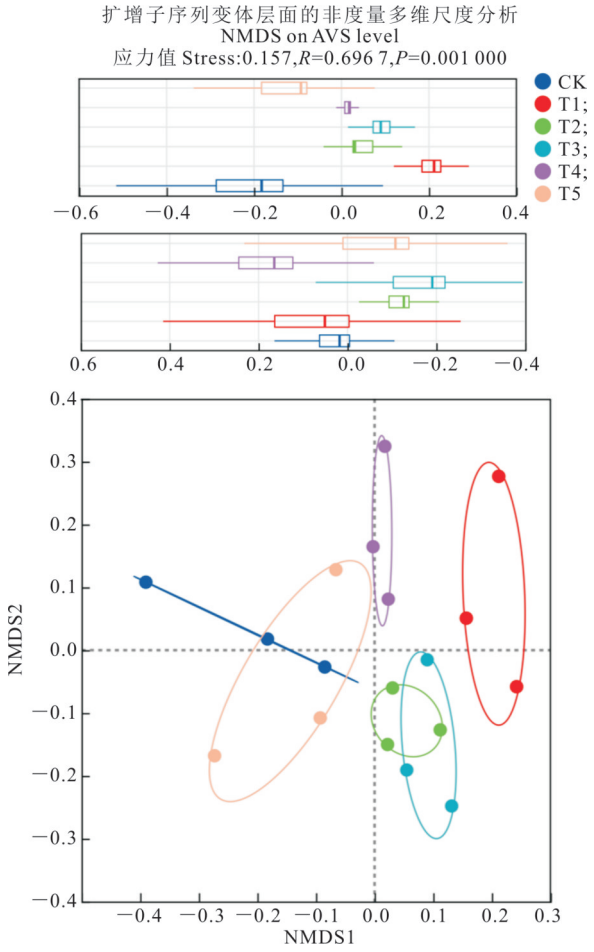


图 7 各处理土壤细菌 NMDS 分析

Fig. 7 NMDS analysis of soil bacterial communities across treatments

2.2.5 功能预测 通过PICRUSt2软件对细菌ASV信息进行功能预测,COG功能分析结果见图8。由图8可以看出,不同处理土壤相对丰度大于5%的功能基因包括翻译核糖体结构和生物发生(translation, ribosomal structure and biogenesis)、转录(transcription)、细胞壁/膜/包膜生物发生(cell wall/membrane/envelope biogenesis)、能量生产与转化(energy production and conversion)、碳水化合物的运输与代谢(carbohydrate transport and metabolism)、氨基酸转运与代谢(amino acid transport and metabolism)、无机物运输和代谢(inorganic ion transport and metabolism),各处理之间关于细菌功能的差别不明显。

2.3 土壤细菌群落组成与土壤理化性质和酶活性的相关分析

由表4可以看出,土壤理化性质显著影响了土壤酶活性和细菌群落组成。土壤脲酶、蔗糖酶、酸性磷酸酶、过氧化氢酶活性与有机质、碱解氮、有效磷含量呈显著或极显著正相关,土壤pH与蔗糖酶活性呈极显著正相关,土壤体积质量与脲酶、酸性磷酸酶、过氧化氢酶活性呈显著正相关,土壤含水率与蔗糖酶、过氧化氢酶活性呈极显著正相关,而土壤全磷含量与酸性磷酸酶活性呈极显著负相关;土壤有机质含量和脲酶、蔗糖酶、酸性磷酸酶活性与Ace指数、Chao指数、Shannon指数呈显著或极显著正相关,土壤有效磷含量、含水率、过氧化氢酶活性与Ace指数、Chao指数呈显著或极显著正相关,土壤有效磷含量与Simpson指数呈显著正相关,而土壤体积质量与Shannon指数呈显著负相关。

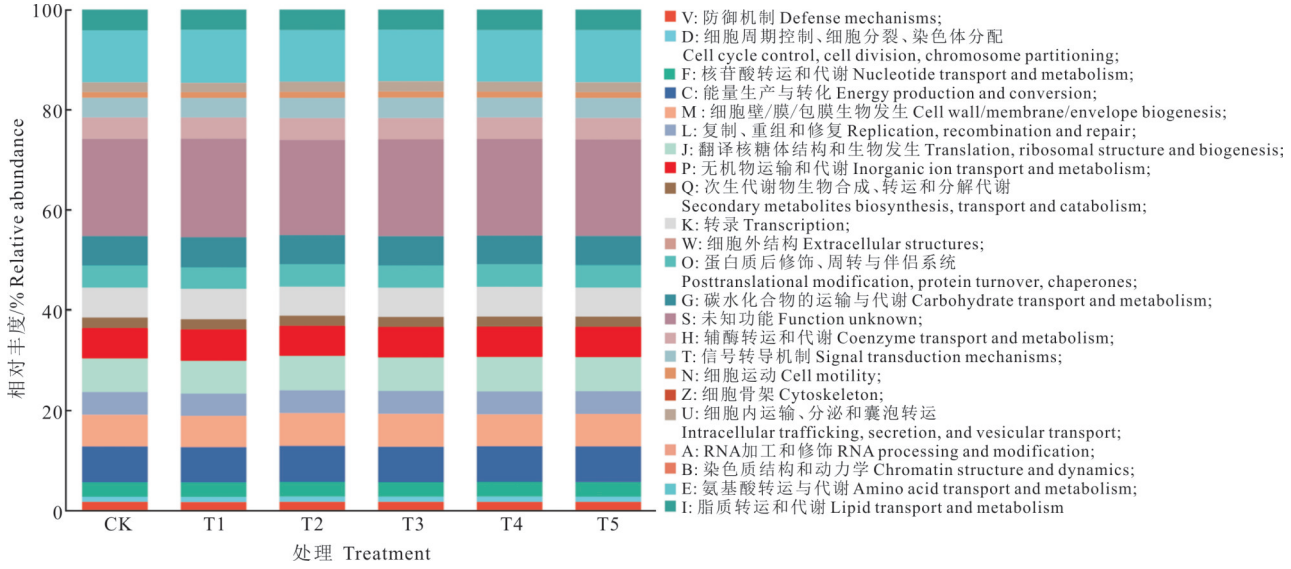


图 8 细菌COG功能丰度统计柱形图

Fig. 8 Bar chart of bacterial COG functional abundance

上述结果表明,土壤环境因子变化对土壤酶活性及土壤细菌群落的丰富度和多样性有一定影响,其中土壤有机质、碱解氮和有效磷是影响土壤酶活性的主要环境因子,土壤有机质和有效磷是影响土壤细菌群落丰富度和多样性的主要环境因子,土壤脲酶、蔗糖酶和酸性磷酸酶对土壤细菌群落丰富度和多样性也具有重要影响。

表 4　土壤理化性质和酶活性与微生物群落组成多样性的相关分析

Table 4　Correlation analysis of soil physicochemical properties and enzyme activities with microbial community composition and diversity

指标 Index	OM	TN	TP	TK	AN	AP	AK	SVQ	SMC
pH	0.44	0.66**	0.11	0.75**	0.67**	0.44	0.64**	0.13	0.51*
OM		0.46	−0.07**	0.55*	0.85**	0.74**	0.54*	−0.57*	0.68**
TN			−0.19	0.62**	0.59**	0.44	0.67**	0.10	0.59**
TP				0.09	−0.45	−0.61**	−0.17	0.75**	−0.35
TK					0.75**	0.42	0.70**	0.12	0.67**
AN						0.66**	0.61**	−0.34	0.70**
AP							0.44	−0.58*	0.62**
AK								0.14	0.51*
SVQ									−0.27

指标 Index	Ure	Suc	ACP	CAT	Ace 指数 Ace index	Chao 指数 Chao index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index
pH	0.21	0.61**	0.11	0.40	0.19	0.20	−0.01	0.34
OM	0.73**	0.84**	0.84**	0.67**	0.51*	0.51*	0.62**	0.39
TN	0.20	0.43	0.25	0.30	−0.09	−0.09	0.09	0.16
TP	−0.30	−0.57*	−0.77**	−0.42	−0.27	−0.26	−0.39	−0.18
TK	0.56*	0.52*	0.19	0.57*	0.44	0.45	0.11	0.16
AN	0.54*	0.80**	0.52*	0.70**	0.42	0.43	0.27	0.39
AP	0.55*	0.79**	0.74**	0.66**	0.57*	0.57*	0.41	0.50*
AK	0.35	0.40	0.37	0.20	0.21	0.23	0.10	0.10
SVQ	−0.42	−0.65**	−0.66**	−0.67**	−0.46	−0.45	−0.49*	−0.38
SMC	0.63**	0.67**	0.45	0.70**	0.49*	0.50*	0.33	0.16
Ure		0.53*	0.72**	0.62**	0.74**	0.74**	0.57*	0.31
Suc			0.67**	0.84**	0.52*	0.53*	0.50*	0.45
ACP				0.47	0.48*	0.48*	0.70**	0.38
CAT					0.66**	0.66**	0.34	0.30

注:OM. 有机质含量;TN. 全氮含量;TP. 全磷含量;TK. 全钾含量;AN. 碱解氮含量;AP. 有效磷含量;AK. 速效钾含量;SVQ. 土壤体积质量;SMC. 土壤含水率;Ure. 脲酶活性;Suc. 蔗糖酶活性;ACP. 酸性磷酸酶活性;CAT. 过氧化氢酶活性。*. $P<0.05$;**. $P<0.01$。

Note:OM. Organic matter content;TN. Total nitrogen content;TP. Total phosphorus content;TK. Total potassium content;AN. Available nitrogen content;AP. Available phosphorus content;AK. Available potassium content;SVQ. Soil volumetric quality;SMC. Soil moisture content;Ure. Urease activity;Suc. Sucrase activity;ACP. Acid phosphatase activity;CAT. Catalase activity. *. $P<0.05$;**. $P<0.01$.

3　讨　论

施用有机肥或微生物菌剂是改善植烟土壤质量和提升烟叶品质的重要手段[24-25]。本研究结果表明,芝麻饼肥配施不同微生物菌剂均有效提高了植烟土壤有机质、全氮、全钾、碱解氮、有效磷和速效钾含量及土壤含水率,同时降低了土壤体积质量。这可能是因为微生物菌剂中的有效菌分泌多糖等黏性物质,促进土壤团粒结构的形成,增加土壤的通气性、透水性和保水性[26],从而降低了土壤体积质量。此外,微生物菌剂还能分解土壤中的有机质,将其转化为植物可吸收的无机营养物质(如氮、磷、钾等),促进土壤中难溶性养分的溶解和释放,提高土壤的养分供应能力,最终改善植烟土壤的养分状况[27]。赵津聪等[28]研究也表明,微生物菌剂和有机肥配施能提高葡萄根际土壤的有机质、碱解氮、有效磷和速效钾含量。侯会静等[29]研究发现,功能性微生物进入土壤后可有效活化被固定的磷、钾等养分,从而提升土壤肥力。有机肥为微生物菌剂提供了良好的生长环境和碳源,促进了土壤中微生物数量的增加;而微生物数量的增多又加速了有机质的分解,并推动了土壤难溶性养分的转化

过程[30-31]。

土壤酶作为土壤生态系统中的关键生物催化剂,参与有机质分解和养分转化等重要过程,其活性水平能够反映土壤生物化学反应的强度和方向[32-33]。本研究发现,施用微生物菌剂(除T4处理)的土壤酶活性均显著提升,且土壤脲酶、蔗糖酶、酸性磷酸酶和过氧化氢酶的活性均与土壤有机质、碱解氮和有效磷含量呈显著或极显著正相关。这可能是由于微生物菌剂的施用促进了土壤和肥料中养分的释放,满足了土壤微生物对养分的需求,为土壤酶的分泌创造了有利条件,从而促进了土壤酶活性的提高[34]。土壤脲酶活性与土壤氮循环密切相关,是衡量土壤供氮能力的重要指标[35];蔗糖酶参与高分子有机物的分解,通过水解蔗糖生成葡萄糖和果糖,补充碳源和能量,可反映土壤的熟化程度和肥力水平[36];磷酸酶的活性直接影响土壤中有机磷的分解转化及其生物有效性,是评价土壤磷素营养状况的关键指标;过氧化氢酶则通过分解过氧化氢,减轻其对生物体的毒害作用,其活性与土壤有机质含量和微生物数量密切相关[37]。在本试验中,T5(复合型微生物菌剂)处理的土壤酶活性提升最显著,表明复合型微生物菌剂对植烟土壤的供氮能力及营养元素转化具有显著促进作用,这一结果与前人研究结果[25, 38-40]一致。

土壤微生物是土壤微生态的重要组成部分,对土壤的理化性质、养分循环和肥力水平产生重要影响,进而维持土壤质量并促进植物生长[12]。微生物菌剂的施用能够调节土壤微生物群落结构,尤其对土壤细菌群落产生显著影响[41]。本研究发现,芝麻饼肥与枯草芽孢杆菌(T2)配施时,土壤细菌的丰富度和多样性最高。赵诣等[42]研究也表明,枯草芽孢杆菌的配施能够显著提升土壤细菌群落的丰富度和多样性,并优化其结构。通过对不同处理土壤细菌群落分析发现,施用微生物菌剂后芽孢杆菌门的相对丰度有所增加,芽孢杆菌通过分解有机物质和固氮作用,参与土壤中的碳循环和氮循环,从而为土壤提供养分[43]。本研究发现,施用微生物菌剂处理(除T1处理外)的优势菌属均有硝化螺旋菌属和*MND*1菌属。研究发现硝化螺旋菌属通过促进土壤氮循环来促进植物的生长[44],*MND*1菌属通过改善土壤的养分循环过程间接促进植物生长[45]。本研究发现,T2、T4和T5处理优势菌属还有红色杆菌属、鞘氨醇单胞菌属和微枝形杆菌属。研究发现红色杆菌属和微枝形杆菌属表现出对高温和干旱环境的普遍适应性[46],鞘氨醇单胞菌属可以促进植物在干旱等胁迫条件下生长,提高植物抗逆性[47]。此外,施用微生物菌剂处理的剑菌属、围孢杆菌属、黄杆菌属、布氏杆菌属的相对丰度均有所提高,且不同微生物菌剂处理显著富集的优势细菌种类存在差异,这表明芝麻饼肥与微生物菌剂的配施可以改变植烟土壤的优势细菌种类,增强微生物群落的复杂性和稳定性,芝麻饼肥配施枯草芽孢杆菌(T2)、吲哚丁酸钾(T4)和复合型微生物菌剂(T5)可以增强烟株对干旱环境的适应性。从土壤细菌NMDS分析图可以看出,T1、T2、T3、T4处理细菌群落结构相对于CK和T5处理有明显差异,而T5处理与CK的组成也有较大区别,这说明芝麻饼肥与微生物菌剂的配施能够改变土壤细菌群落结构,且不同微生物菌剂对细菌群落结构的影响不尽相同,这一结果与前人研究结果[48-49]相一致。然而,芝麻饼肥配施微生物菌剂对植烟土壤细菌的功能类群影响不显著,推测功能类群的生态响应需要较长时间尺度的群落演替,短期试验可能不足以观察到显著的功能分化。

土壤有机质、碱解氮、有效磷和速效钾等关键养分指标是衡量土壤肥力水平的重要参数,对土壤微生物群落的构建和植物生长具有显著影响[50-51]。本研究中,土壤有机质和有效磷含量的变化显著影响土壤细菌群落的丰富度,而土壤有机质、碱解氮和有效磷含量与土壤酶活性也呈显著正相关,这表明土壤细菌群落的多样性与土壤养分,尤其是速效养分密切相关。此外,土壤的物理特性与细菌群落的丰富度和多样性也表现出显著相关性,这可能与芽孢杆菌门对土壤有机质的分解作用进而改变土壤物理特性有关。土壤酶活性与细菌群落结构的变化也呈现显著相关性,这可能是因为土壤酶活性的增强促进了有机碳的分解和养分的循环,从而为细菌提供了更丰富的底物和更适宜的生存环境,从而丰富了细菌群落[52]。

4 结 论

在施用芝麻饼肥基础上配施微生物菌剂可有效增加植烟土壤养分含量,改善土壤理化特性,提高土壤酶活性;土壤有机质、有效磷含量变化对土壤酶活性、细菌群落的影响较大。在芝麻饼肥应用基础上配施枯草芽孢杆菌(T2)、复合型微生物菌剂

（T5）效果最优，可以有效增加植烟土壤有机质、有效磷含量，提高土壤酶活性，促进土壤细菌群落的繁殖，其主要通过增加芽孢杆菌门、拟杆菌门相对丰度提高土壤细菌丰富度和多样性，使植烟土壤微生物群落结构更加复杂和稳定。

[参考文献]

[1] JIANG R，WANG M E，CHEN W P，et al. Changes in the integrated functional stability of microbial community under chemical stresses and the impacting factors in field soils[J]. Ecological Indicators，2020，110：105919.

[2] NANNIPIERI P，ASCHER J，CECCHERINI M T，et al. Microbial diversity and soil functions[J]. European Journal of Soil Science，2017，68(1)：12-16.

[3] 黄龙，包维楷，李芳兰，等. 土壤结构和植被对土壤微生物群落的影响[J]. 应用与环境生物学报，2021，27(6)：1725-1731.
HUANG L，BAO W K，LI F L，et al. Effects of soil structure and vegetation on soil microbial communities[J]. ChineseJournal of Applied and Environmental Biology，2021，27(6)：1725-1731.

[4] LIANG B，YANG X Y，HE X H，et al. Effects of 17-year fertilization on soil microbial biomass C and N and soluble organic C and N in loessial soil during maize growth[J]. Biology and Fertility of Soils，2010，47(2)：121-128.

[5] 马瑞萍，戴相林，刘国一，等. 施肥模式对青稞田土壤潜在固氮速率和自生固氮微生物群落结构的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文)，2021，29(10)：1692-1703.
MA R P，DAI X L，LIU G Y，et al. Effects of fertilizer patterns on the potential nitrogen fixation rate and community structure of a symbiotic diazotroph in highland barley fields on the Tibetan Plateau[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture，2021，29(10)：1692-1703.

[6] 费裕翀，刘丽，陈钢，等. 不同有机肥处理对紫色土油茶林土壤微生物碳源利用的影响[J]. 中国土壤与肥料，2020(5)：101-108.
FEI Y C，LIU L，CHEN G，et al. Effects of different organic fertilizer treatments on carbon source utilization of soil microbial communities of *Camellia oleifera* plantation in purple soil area[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China，2020(5)：101-108.

[7] 王源，朱毓蓉，欧阳铖人，等. 有机肥施用对植烟农田土壤肥力及烟叶质量的影响研究进展[J]. 土壤通报，2020，51(4)：1003-1009.
WANG Y，ZHU Y R，OUYANG C R，et al. A review of effect of organic fertilizer on soil fertility and quality of flue-cured tobacco[J]. Chinese Journal of Soil Science，2020，51(4)：1003-1009.

[8] ZHENG Y F，HAN X B，ZHAO D L，et al. Exploring biocontrol agents from microbial keystone taxa associated to suppressive soil：a new attempt for a biocontrol strategy[J]. Frontiers in Plant Science，2021，12：655673.

[9] 石磊，王军，陈云，等. 滴施生物菌剂对西红柿生长、品质及土壤理化性状的影响[J]. 西南农业学报，2020，33(3)：584-589.
SHI L，WANG J，CHEN Y，et al. Effect of biological agents application through drip irrigation on tomato growth，yield，quality and soil physico-chemical properties[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences，2020，33(3)：584-589.

[10] 陈文，刘晓，孙光闻，等. 生物有机肥和EM菌剂对菜园连作土壤微生物的影响[J]. 热带农业科学，2017，37(4)：57-62.
CHEN W，LIU X，SUN G W，et al. Effects of bio-organic fertilizer and EM microbial agent on microbes of continuous cropping soil in vegetables garden[J]. Chinese Journal of Tropical Agriculture，2017，37(4)：57-62.

[11] 施河丽，向必坤，左梅，等. 黄腐酸与微生物菌剂协同对烟草青枯病及根际土壤细菌群落的影响[J]. 烟草科技，2021，54(9)：1-10.
SHI H L，XIANG B K，ZUO M，et al. Synergistic effects of fulvic acid and microbial agents on tobacco bacterial wilt and bacterial community in rhizosphere soil[J]. Tobacco Science & Technology，2021，54(9)：1-10.

[12] 孙子隽，钟国兴，张少搏，等. 化肥减量配施有机肥对植烟土壤理化特性和微生物群落结构的影响[J]. 华北农学报，2024，39(3)：146-158.
SUN Z J，ZHONG G X，ZHANG S B，et al. Effects of fertilizer reduction combined with organic fertilizer on physicochemical properties and microbial community structure of tobacco-planting soil [J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica，2024，39(3)：146-158.

[13] 刘威，孔亚帅，马可，等. 不同施肥处理茶园土壤微生物群落结构及功能预测分析[J]. 中国土壤与肥料，2024(8)：92-101.
LIU W，KONG Y S，MA K，et al. Prediction and analysis of soil microbial community structure and function in tea garden under different fertilization treatments[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China，2024(8)：92-101.

[14] NIE M，YUE G，WANG L，et al. Short-term organic fertilizer substitution increases sorghum yield by improving soil physicochemical characteristics and regulating microbial community structure[J]. Front Plant Sci，2024，15：1492797.

[15] LIU T N，AN F J，SU Y Z. Compound microbial agents improve the soil properties，fertilizer utilization and bacterial community structure in a continuous cropping soil[J]. Soil Use and Management，2025，41(1)：e70023.

[16] 齐长悦，张玺，李大西，等. 芝麻、花生饼肥等量替代化肥对烤烟碳氮代谢及氮素利用率的影响[J]. 江苏农业科学，2025，53(12)：85-93.
QI C Y，ZHANG X，LI D X，et al. Effects of equal replacement of chemical fertilisers by sesame and peanut cake fertilisers on carbon and nitrogen metabolism and nitrogen utilisation of flue-cured tobacco[J]. Jiangsu Agricultural Sciences，2025，53(12)：85-93.

[17] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京：中国农业出版社，2000.
BAO S D. Soil and agricultural chemistry analysis[M]. 3rd ed.

Beijing:China Agriculture Press,2000.

[18] LIU C S,ZHAO D F,MA W J,et al. Denitrifying sulfide removal process on high-salinity wastewaters in the presence of *Halomonas* sp.[J]. Applied Microbiology and Biotechnology,2016,100(3):1421-1426.

[19] CHEN S F,ZHOU Y Q,CHEN Y R,et al. Fastp:an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor[J]. Bioinformatics,2018,34(17):i884-i890.

[20] MAGOČ T,SALZBERG S L. FLASH:fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. Bioinformatics,2011,27(21):2957-2963.

[21] BARBERÁN A,BATES S T,CASAMAYOR E O,et al. Using network analysis to explore co-occurrence patterns in soil microbial communities[J]. The ISME Journal,2012,6(2):343-351.

[22] EDGAR R C. UPARSE:highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. Nature Methods,2013,10(10):996-998.

[23] SEGATA N,IZARD J,WALDRON L,et al. Metagenomic biomarker discovery and explanation[J]. Genome Biology,2011,12(6):R60.

[24] 杨茜,张弘蒙,杨洁,等. 不同种类有机肥对植烟土壤生物学特性及烤烟产质量的影响[J]. 中国烟草科学,2023,44(1):8-14.
YANG X,ZHANG H M,YANG J,et al. Effects of different organic fertilizers on biological characteristics of tobacco growing soil,yield and quality of flue-cured tobacco[J]. Chinese Tobacco Science,2023,44(1):8-14.

[25] 张纪利,何敬浩,韦建玉,等. 微生物菌剂配施时期对根际土壤细菌多样性、酶活性及烤烟产量和品质的影响[J]. 作物杂志,2025(2):162-171.
ZHANG J L,HE J H,WEI J Y,et al. Effects of application period of microbial inoculants on rhizosphere soil bacterial diversity,enzyme activity and yield and quality of flue-cured tobacco[J]. Crops,2025(2):162-171.

[26] WANG N. Application of microbial agents in soil improvement of mine reclamation[J]. Advances in Environmental Protection,2020,10(4):528-532.

[27] LI J,ZHAO B Q,LI X Y,et al. Effects of long-term combined application of organic and mineral fertilizers on microbial biomass,soil enzyme activities and soil fertility[J]. Agricultural Sciences in China,2008,7(3):336-343.

[28] 赵津聪,撒晓梅,李明,等. 有机肥和微生物菌剂配施对'赤霞珠'葡萄根际土壤细菌群落多样性的影响[J]. 西北农业学报,2024,33(11):2134-2145.
ZHAO J C,SA X M,LI M,et al. Effect of organic fertilizer and microbial agent formulation on inter-root soil bacterial community diversity in 'Cabernet Sauvignon' grapes[J]. Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica,2024,33(11):2134-2145.

[29] 侯会静,韩正砥,杨雅琴,等. 生物有机肥的应用及其农田环境效应研究进展[J]. 中国农学通报,2019,35(14):82-88.
HOU H J,HAN Z D,YANG Y Q,et al. Bio-organic fertilizer:application and farmland environmental effects[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin,2019,35(14):82-88.

[30] 孙波,王晓玥,吕新华. 我国60年来土壤养分循环微生物机制的研究历程:基于文献计量学和大数据可视化分析[J]. 植物营养与肥料学报,2017,23(6):1590-1601.
SUN B,WANG X Y,LÜ X H. The historical venation in research on microbial mechanisms of soil nutrient cycling in the past 60 years:based on bibliometric analysis and big data visualization[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizer,2017,23(6):1590-1601.

[31] 张文学,王少先,刘增兵,等. 基于土壤肥力质量综合指数评价化肥与有机肥配施对红壤稻田肥力的提升作用[J]. 植物营养与肥料学报,2021,27(5):777-790.
ZHANG W X,WANG S X,LIU Z B,et al. Evaluating soil fertility improvement effects of chemical fertilizer combined with organic fertilizers in a red paddy soil using the soil fertility index[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers,2021,27(5):777-790.

[32] AMADOU A,SONG A L,TANG Z X,et al. The effects of organic and mineral fertilization on soil enzyme activities and bacterial community in the below- and above-ground parts of wheat[J]. Agronomy,2020,10(10):1452.

[33] LI F,ZANG S Y,LIU Y N,et al. Effect of freezing-thawing cycle on soil active organic carbon fractions and enzyme activities in the wetland of Sanjiang Plain,Northeast China[J]. Wetlands,2020,40(1):167-177.

[34] 耿丽平,李小磊,赵全利,等. 添加微生物菌剂对小麦产量及土壤生物学性状的影响[J]. 江苏农业科学,2017,45(5):50-54.
GENG L P,LI X L,ZHAO Q L,et al. Effects of adding microbial agents on wheat yield and soil biological characteristics[J]. Jiangsu Agricultural Sciences,2017,45(5):50-54.

[35] ZHONG X M,ZHOU X,LUO G W,et al. Soil mineral nitrogen,soil urease activity,nitrogen losses and nitrogen footprint under machine-planted rice with side-deep fertilization[J]. Plant and Soil,2024,494(1):185-202.

[36] 李亮,张佩佳,张翔,等. 不同饼肥配比对烟田土壤生物学特性及氮素转化的影响[J]. 土壤,2019,51(4):648-657.
LI L,ZHANG P J,ZHANG X,et al. Effects of different ratios of cake fertilizers on soil biological characteristics and nitrogen transformation in tobacco field[J]. Soils,2019,51(4):648-657.

[37] 田丽青. 华北土石山区退耕还林刺槐林地土壤生物学特性与微生物群落结构研究[D]. 郑州:河南农业大学,2014.
TIAN L Q. Studies on soil biological properties and microbial community structure of *Robinia pseudoacacia* for returning farmland to forests in North China[D]. Zhengzhou:Henan Agricultural University,2014.

[38] 王翼翔,孔涛,孙溥璠,等. 干旱胁迫条件下菌剂对土壤微生物性质和紫花苜蓿生理性质的影响[J]. 中国土壤与肥料,2023(8):104-111.
WANG Y X,KONG T,SUN P F,et al. Effects of microbial

agents on soil microbial properties and physiological properties of *Medicago sativa* L. under drought stress[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China，2023(8)：104-111.

[39] 高晶霞，张风宝，许旺旺，等. 连作辣椒土壤理化性状及土壤酶活性对微生物菌剂的响应[J]. 北方园艺，2025(1)：115-121.
GAO J X，ZHANG F B，XU W W，et al. Response of soil physicochemical properties and soil enzyme activity to microbial agents in continuous cropping peppers[J]. Northern Horticulture，2025(1)：115-121.

[40] 姜永雷，肖雨，邓小鹏，等. 微生物菌剂对烟草连作土壤理化性质及土壤胞外酶活性的影响[J]. 中国烟草学报，2022，28(4)：59-66.
JIANG Y L，XIAO Y，DENG X P，et al. Effects of microbial agents on physicochemical and extracellular enzyme activities of tobacco continuous cropping soil[J]. Acta Tabacaria Sinica，2022，28(4)：59-66.

[41] LI C，CHEN X L，JIA Z H，et al. Meta-analysis reveals the effects of microbial inoculants on the biomass and diversity of soil microbial communities[J]. Nature Ecology & Evolution，2024，8(7)：1270-1284.

[42] 赵诣，王振华，杨磊，等. 微藻配施枯草芽孢杆菌对烟田土壤化学性质和细菌群落的影响[J]. 江西农业大学学报，2024，46(1)：241-250.
ZHAO Y，WANG Z H，YANG L，et al. Effects of microalgae combined with *Bacillus subtilis* on soil chemical properties and bacterial communities in tobacco fields[J]. Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis，2024，46(1)：241-250.

[43] SORIANO-PEÑA E Y，LUNA-BULBARELA A，CRISTIANO，FAJARDO S A，et al. Modulation of the sporulation dynamics in the plant-probiotic *Bacillus velezensis* 83 via carbon and quorum-sensing metabolites[J]. Probiotics and Antimicrobial Proteins，2025：1-20.

[44] 马兰心，唐棋，辜娇峰，等. 酒石酸与农艺刈割联合辅助象草植物修复镉污染土壤的效应以及对土壤微生物群落的影响[J]. 环境科学研究，2024，37(2)：359-370.
MA L X，TANG Q，GU J F，et al. Tartaric acid and agronomic mowing to assist *Pennisetum purpureum* Schum. in cadmium-contaminated soil phytoremediation and its effect on soil microbial community[J]. Research of Environmental Sciences，2024，37(2)：359-370.

[45] 王香生，连延浩，郭辉，等. 小麦红花间作系统根际微生物群落结构及功能分析[J]. 中国生态农业学报(中英文)，2023，31(4)：516-529.
WANG X S，LIAN Y H，GUO H，et al. Effects of wheat/safflower intercropping on rhizosphere microbial community function and structure[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture，2023，31(4)：516-529.

[46] 李靖宇，杨瑞，段晓敏，等. 白茨滩地区不同生物土壤结皮类型对微生物群落结构和组成的影响[J]. 生态与农村环境学报，2023，39(1)：97-106.
LI J Y，YANG R，DUAN X M，et al. Effects of different biological soil crust types on microbial community structure and composition in Baijitan，China[J]. Journal of Ecology and Rural Environment，2023，39(1)：97-106.

[47] 吕博，丁亮，过聪，等. 复合微生物肥对棉田土壤养分及根际细菌群落的影响[J]. 作物杂志，2024(4)：209-215.
LÜ B，DING L，GUO C，et al. Effects of compound microbial fertilizer on soil nutrients and rhizosphere bacterial community in cotton field[J]. Crops，2024(4)：209-215.

[48] 杜公福，黄永，黄大野，等. 不同微生物菌剂对辣椒疫病防控效果及土壤细菌群落结构的影响[J]. 热带作物学报，2023，44(6)：1214-1223.
DU G F，HUANG Y，HUANG D Y，et al. Control efficacy of different microbial agent on pepper *Phytophthora blight* and effects on soil bacterial community[J]. Chinese Journal of Tropical Crops，2023，44(6)：1214-1223.

[49] 周璇，李玉明，丛聪，等. 外源腐解微生物的物种组合对土壤微生物群落结构及代谢活性的影响[J]. 中国生态农业学报，2018，26(7)：1056-1066.
ZHOU X，LI Y M，CONG C，et al. Effects of species-combined exogenous decomposing micro-organisms on soil microbial community structure and metabolic activity[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture，2018，26(7)：1056-1066.

[50] 李梦琪，邹文秀，韩晓增，等. 长期氮磷钾配施提升大豆产量、籽粒养分和异黄酮含量及土壤肥力[J]. 植物营养与肥料学报，2024，30(11)：2221-2229.
LI M Q，ZOU W X，HAN X Z，et al. Long-term balanced NPK fertilization increases soybean yield，grain nutrient and isoflavone contents and improves fertility of soybean fields[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers，2024，30(11)：2221-2229.

[51] 任春光，苏文文，潘丽珊，等. 基于高通量测序研究猕猴桃苗不同生育期根际真菌群落结构及多样性[J]. 土壤，2021，53(3)：545-554.
REN C G，SU W W，PAN L S，et al. Fungal community structures and diversities in rhizosphere soils in different growth stages of kiwifruit seedlings based on high-throughput sequencing[J]. Soils，2021，53(3)：545-554.

[52] 王雪莹，包新光，张峰，等. 荒漠植物红砂根际土壤细菌群落特征及土壤酶活性研究[J]. 草地学报，2024，32(12)：3764-3773.
WANG X Y，BAO X G，ZHANG F，et al. Characteristics of bacterial community and soil enzyme activity in rhizosphere soil of desert plant *Reaumuria soongorica*[J]. Acta Agrestia Sinica，2024，32(12)：3764-3773.

（责任编辑：屈李纯）