

DOI:10.13870/j.cnki.stbxb.2024.02.027

鲁连欣, 王克勤, 李珠宇, 等. 等高反坡台阶整地对不同耕作系统根土微生态的影响[J]. 水土保持学报, 2024, 38(2): 326-338.

LU Lianxin, WANG Keqin, LI Zhuyu, et al. Effects of contour reverse-slope terrace on the microecology of rhizosphere in different farming systems[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2024, 38(2): 326-338.

等高反坡台阶整地对不同耕作系统根土微生态的影响

鲁连欣¹, 王克勤¹, 李珠宇¹, 赵洋毅¹, 王帅兵²

(1. 西南林业大学生态与环境学院, 昆明 650224; 2. 玉溪师范学院化学生物与环境学院, 云南 玉溪 653100)

摘要: [目的] 为探究坡耕地等高反坡台阶整地对玉米连作和玉米—芸豆轮作系统根土微生态特征的影响。[方法] 以玉米—芸豆轮作为研究对象, 玉米连作为对照, 采用野外原位监测采样和室内试验分析相结合的方法, 通过 GC-MS 和高通量测序技术分析作物根系分泌物和土壤微生物群落组成、结构特征, 揭示坡耕地等高反坡台阶整地对玉米连作和玉米—芸豆轮作根系分泌物种类、含量和土壤微生物群落组成及多样性的影响。[结果] (1) 根系分泌物相对含量变化在 CRT 措施上更为突出, 在轮作模式中更为显著。(2) CRT2 处理提高土壤微生物群落数量、丰富度和多样性效果更显著。(3) 在根系分泌物与土壤微生物互作下, 根系分泌物、土壤微生物、土壤环境因子的两两相关性在 CRT2 处理下更显著。[结论] 坡耕地等高反坡台阶整地通过改变玉米连作和玉米—芸豆轮作的根系分泌物含量, 使作物根土微生态环境发生变化, 提高土壤微生物数量、多样性及丰富度, 且该措施与玉米—芸豆轮作结合的提升效果更佳, 对根土微生态的改善作用更显著。研究结果为坡耕地作物种植、耕作方式选择及改善土壤微环境和水土流失综合治理提供理论基础。

关键词: 玉豆轮作; 等高反坡阶; 根系分泌物; 土壤微生物

中图分类号: S157.4⁺2

文献标识码: A

文章编号: 1009-2242-(2024)02-0326-13

Effects of Contour Reverse-Slope Terrace on the Microecology of Rhizosphere in Different Farming Systems

LU Lianxin¹, WANG Keqin¹, LI Zhuyu¹, ZHAO Yangyi¹, WANG Shuaibing²

(1. College of Ecology and Environment, Southwest Forestry University, Kunming 650224, China;

2. College of Chemistry, Biology and Environment, Yuxi Normal University, Yuxi, Yunnan 653100, China)

Abstract: [Objective] To study the effect of contour reverse-slope terrace (CRT) on micro-ecological characteristics of rhizosphere soil in maize continuous cropping and maize-kidney bean rotation system. [Methods] With corn bean wheel as the study object and corn bean joint as the control, the crop root exudates and soil microbial community composition and structural characteristics of were analysed by GC-MS and high-throughput sequencing technology by combining field in-situ monitoring and sampling with laboratory analysis. To study the effects of CRT on the species and content of root exudates and the composition and diversity of soil microbial community in maize continuous cropping and maize-kidney bean rotation. [Results] (1) The relative content change of root exudates was more prominent in CRT measures and more significant in crop rotation mode. (2) CRT2 treatment had a more significant effect on improving the quantity, richness and diversity of soil microbial community. (3) Under the interaction between root exudates and soil microorganisms, the pair-based correlation between root exudates, soil microorganisms, and soil environmental factors was more significant under CRT2 treatment. [Conclusion] CRT changed the root soil microecological environment of crops by changing the root secretion content of maize continuous

收稿日期: 2023-08-30

修回日期: 2023-10-18

录用日期: 2023-11-21

网络首发日期 (www.cnki.net): 2024-02-01

资助项目: 国家重点研发计划专题项目 (2022YFF1302904-02); 云南省农业联合专项面上项目 (202101BD070001-075); 云南省基础研究计划面上项目 (202001AT070136); 云南省青年人才专项 (YNWR-QNBJ-2019-215); 云南省科技厅青年基金项目 (202101AU070008)

第一作者: 鲁连欣 (1998—), 女, 硕士研究生, 主要从事水土保持研究。E-mail: 823246597@qq.com

通信作者: 赵洋毅 (1980—), 男, 教授, 博士, 博士生导师, 主要从事农业水土资源保护、生态修复研究。E-mail: yyz301@foxmail.com

<http://stbxb.alljournal.com.cn>

cropping and maize-kidney bean rotation, and improved the number, diversity and richness of soil microorganisms. Moreover, the combination of this measure and corn-kidney bean rotation can improve the micro-ecology of root soil more significantly. The research results provide theoretical basis for crop planting, cultivation method selection, soil microenvironment improvement and soil erosion control.

Keywords: maize-kidney bean rotation; contour reverse-slope terrace; root exudates; soil microbial

Received: 2023-08-30

Revised: 2023-10-18

Accepted: 2023-11-21

Online(www.cnki.net): 2024-02-01

等高反坡阶措施可有效减少因复杂的地理条件和不合理的耕作管理方式造成的坡耕地土壤中氮、磷等养分的流失,且在保持土壤含水率、提升团聚体含量、改良土壤结构、提升地力和提高土壤酶活性、促进作物生长等方面作用同样显著^[1-6]。然而作物的长期连作导致连作障碍,使耕地土壤板结、质量降低,土壤养分含量下降,缩短土壤可持续利用周期^[7-8]。合理的轮作不仅能改善长期连作带来的负面影响,而且还能降低土壤微生物的活性,提高其对土壤养分的转化和利用效率,进而使作物产量增加、品质提升^[9-10]。研究^[3]发现,坡耕地等高反坡台阶整地能改变作物根系分泌物的相对含量,而根系分泌物作为植物与外界进行交流的物质,不仅能调节植物的代谢,还影响土壤微生物的种类和分布^[11],进而使根际微生物群落结构及多样性发生变化^[12]。根系分泌物与土壤微生物的互作构成植物—微生物的共生体,影响着植物的健康和生长,对土壤微生态系统有着重要作用^[13]。因此,探究坡耕地等高反坡台阶整地下耕作系统土壤微生态的变化对改善坡耕地土壤微环境、提高作物产量和水土保持具有重要意义。

关于根土微生态中,根系分泌物与土壤微生物互作的问题,一直是国内外学者关注的热点。相关研究^[14]报道,根系分泌物不仅能提高植物对养分的吸收,为土壤微生物提供碳、氮等营养物质,还能通过改变其分泌物种类及含量使植物适应外界环境的变化。同时,不同的根系分泌物吸引着各类微生物在根际富集,并形成具有不同功能的微生物群落^[8]。而不同微生物群落间的差异性影响着微生物与宿主植物之间的关系,这种关系很大程度上决定植物的健康与生长^[15]。SUN 等^[16]通过研究不同浓度根系分泌物对人参生长及土壤真菌群落组成和多样性的影响发现,低浓度的根系分泌物能促进人参的生长发育,高浓度的根系分泌物导致人参土壤真菌群落失衡,并降低植物的适应性;张建聰等^[17]通过设置不同磷浓度胁迫分析植物根系分泌物组分及含量证实,植物能通过调节根系分泌物种类及相对含量来适应环境的改变。反之表明,土壤环境是影响植物根系分泌物种类及含量的关键因素。

合理的轮作不仅能改良土壤理化性质、缓解连作障碍,还能提高土壤微生物群落丰富度和多样性,改善其群落结构^[18-21]。尤其在在我国南方耕地资源稀缺并以坡耕地为主的地区,合理的轮作有利于提升坡耕地土壤性质,增加土壤养分含量^[20]。同时,土壤微生物是土壤生态系统物质循环和能量传递过程不可缺少的一员,在与土壤—植物进行物质交换中起着关键作用^[22],轮作对其的影响可间接增加作物产量、提高土地和资源的利用效率^[23]。许多实践结果表明,作物与豆类轮作的效果较为突出,如孙倩等^[19]对谷子轮作大豆、籽粒苋和藜麦进行研究表明,其与大豆的轮作效果最佳;靳海洋等^[21]在冬小麦—夏玉米的轮作研究中,加入大豆替代玉米进行轮作发现,夏大豆茬口更利于土壤有益真菌的富集。而玉米不仅是世界上广泛种植的物种之一,也是我国主要的粮食作物,在农业生产上占据重要的地位。其作为表征农业环境中植物—微生物相互作用的模型,对评估植物和土壤对微生物群落组成有着重要的影响^[24-25]。目前对于等高反坡台阶整地的研究大量集中在保持水土、水源涵养等方面^[1,4,26]。如何在等高反坡台阶整地的基础上,确定有效的耕作方式?布设等高反坡台阶整地措施后进一步实施不同的水土保持耕作方式对作物根系分泌物含量和土壤微生物群落产生何种影响及响应?目前还鲜有报道。

假设坡耕地等高反坡台阶整地改变局部地形,导致土壤环境发生改变,进而使作物根系分泌物发生变化,同时,玉米—芸豆轮作增加作物多样性,使根系分泌物产生差异,进而影响土壤微生物群落组成及结构。在等高反坡台阶整地和轮作的作用下,根系分泌物与土壤微生物进行相互作用,作物系统根土微生态也随之发生改变。基于此,本研究以已布设有等高反坡台阶的坡耕地为基底,玉米—芸豆轮作为研究对象,玉米连作为对照,对 2 种耕作模式下根系分泌物种类及含量、土壤微生物群落组成和多样性进行研究,揭示实施等高反坡阶整地和轮作的结合对于作物根土微环境是否具有改善作用,旨在为坡耕地作物种植、改善土壤微环境 and 水土流失综合治理提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于云南昆明松华坝水源区迤者小流域(24°14′43″—25°12′48″N,102°48′37″—102°44′51″E),是该区域内农业小流域的典型。流域总面积 13.26 km²,总长 6.7 km,属于北亚热带和暖温带混合型气候,年平均气温 13.8 ℃,年平均降水量 785.1 mm,总体呈不规则纺锤形。该流域主要土壤类型为红壤,耕地面积约为 25%,其中坡耕地占比最大,林地面积约

占总面积的 66%,多为灌木林和疏林地。玉米、大豆、马铃薯等是该流域内主要的农作物。

1.2 样地布设与试验设计

1.2.1 样地布设 本试验样地为 4 块标准径流小区,每块小区的面积为 5 m×20 m,坡度为 15°,其中原状坡耕地、等高反坡阶样地各 2 块(图 1a)。沿等高线自上而下里切外垫修建出反坡为 5°,阶宽为 1.2 m 的等高反坡阶台面,相邻 2 条反坡阶间距为 7.5 m (图 1b)。

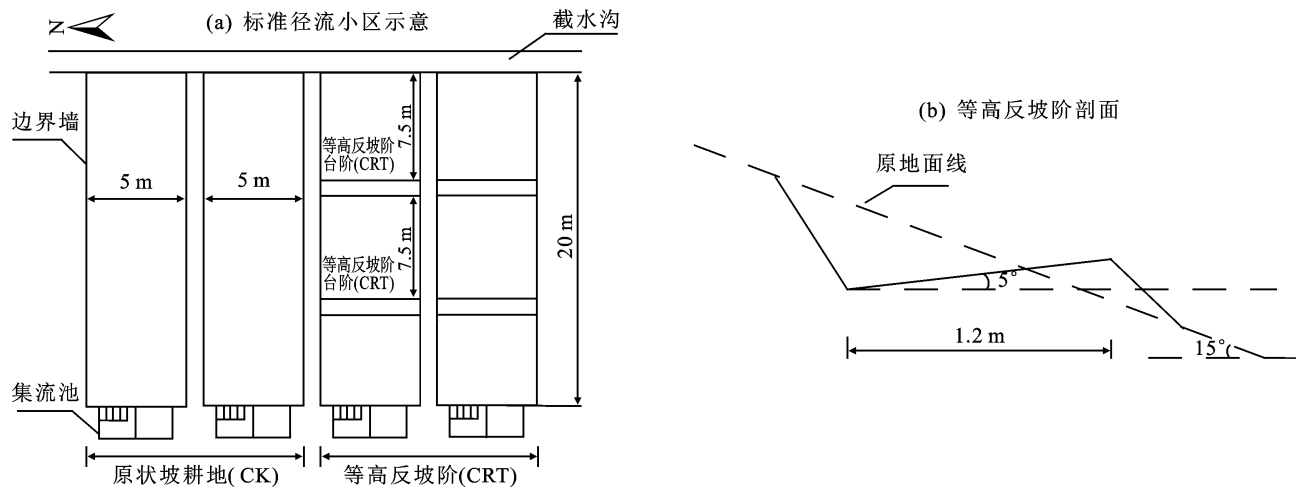


图 1 标准径流小区示意及等高反坡阶剖面

Fig. 1 Schematic of standard runoff plots and contour reverse-slope step profile

1.2.2 试验设计 本试验共 2 个处理,连作处理为种植玉米;原状坡耕地连作(CK1)和等高反坡阶坡耕地连作(CRT1);轮作处理为玉米—芸豆模式;原状坡耕地轮作(CK2)和等高反坡阶坡耕地轮作(CRT2)。所有处理施肥(施加 N 120 kg/hm²,P₂O₅ 120 kg/hm²,K₂O 144 kg/hm²,)及田间管理方式相同,每年雨季前对样地进行重新修整。玉米于 2011 年开始种植,一年一茬,共连作 11 茬,芸豆于 2022 年 5 月开始种植,冬季不进行作物种植。于作物成熟期(2022 年 8 月)进行样品采集,用 5 点采样法在原状坡耕地和等高反坡阶上、中、下坡位分别选取具有代

表性且长势均匀的 5 株作物,采用“抖土法”除去根部及其周围土壤,根系外围土壤作为非根际土,黏附在根表面的土壤作为根际土并用毛刷进行收集。将每个坡位的 1 株作物土壤混合成 1 个样品,除去杂质后用四分法收集,每个样地根际土与非根际土各 5 个重复,一部分装入铝盒内,用于土壤含水率的测定,一部分过 2 mm 筛装入 15 mL 离心管,存入干冰盒及时送往上海美吉生物医药科技有限公司进行土壤细菌、真菌的测定,另一部分运回实验室用于土壤理化性质测定(表 1)。除去土壤后的植株,及时用黑色塑料袋包裹根部,运回实验室进行根系分泌物培养收集。

表 1 样地基本情况

Table 1 Basic overview of sample plots in the study area

处理	pH	含水率/%	有机质/(g·kg ⁻¹)	全氮/(g·kg ⁻¹)	全磷/(g·kg ⁻¹)
CK(种植前)	5.92	17.49	11.00	0.98	0.43
CRT(种植前)	6.16	18.33	13.56	1.07	0.53
CK1	5.77±0.04Aa	17.57±0.29Aa	13.98±0.93Aa	1.02±0.05Aa	0.42±0.01Aa
CRT1	5.68±0.05Aa	18.69±0.34Aa	16.14±0.79Aa	1.14±0.04Aa	0.47±0.01Aa
CK2	4.60±0.04Bb	19.85±1.23Ba	15.55±0.79Ab	1.34±0.04Ba	0.53±0.03Ba
CRT2	4.78±0.05Ba	21.84±0.56Ba	22.66±1.03Ba	1.37±0.05Ba	0.59±0.02Ba

注:表中数据为平均值±标准误;不同大、小写字母分别表示同一指标在不同耕作模式相同措施间差异显著($p<0.05$)和相同耕作模式不同措施间差异显著($p<0.05$)。

1.3 指标测定与方法

1.3.1 根际微生物的测定 本研究通过高通量测序技术对不同时期不同部位土壤样本进行分析。在细菌 16S rRNA 基因的高变区(V3-V4)采用 338F 和 806R 引物进行 PCR 扩增,在真菌 ITS 基因区域选用 ITS1F 和 ITS2R 引物进行扩增。DNA 的提取质量采用 1%的琼脂糖凝胶电泳进行检测,其含量和纯度采用 NanoDrop2000 测定。将相同样本的 PCR 产物混合,然后用 2%琼脂糖凝胶对 PCR 产物进行回收,再用 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit (Axygen Biosciences, Union City, CA, USA)对其进行提纯,2%琼脂糖凝胶电泳检测,最后使用 Quantus™ Fluorometer (Promega, USA)对其进行定量分析。数据库的建立采用 NEXTFlex™ Rapid DNA-Seq Kit (Bioo Scientific, USA)。运用 fastp 软件对原始测序序列进行质量监控,并通过 FLASH 软件对其进行拼接。

对采集到的样本进行 OTU 聚类,并对其进行物种分类,由上海美吉生物医药科技有限公司对样本开展测序及物种注释工作。

1.3.2 根系分泌物的测定 用轻缓水流多次清洗作物根部,再用去离子水清洗 3 次后放入盛有根系分泌物收集液(H₃BO₃ 5 μmol/L, CaCl₂ 600 μmol/L, KCl 100 μmol/L, MgCl₂ 200 μmol/L, pH 5.6)的黑色容器中,使根部完全浸没,培养 4 h 后用 CH₂Cl₂ 进行萃取。将萃取后的根系分泌物收集液在 38 ℃、40 r/min 条件下蒸发浓缩,加入分析纯 CH₂Cl₂ 充分摇荡溶解,用注射器抽出过 0.45 μm 有机相滤膜,装入小棕瓶内,置于 4 ℃冰箱待测。使用气相色谱/质谱联用仪(GC-MS, 安捷伦 7890 B 型)测定。

1.3.3 土壤理化性质的测定 土壤 pH、含水率、有机质、全磷、全氮参考《土壤理化分析》^[27]测定。

1.4 数据处理与统计方法

基于 Sliva 16S rRNA 数据库(v 138),将序列相似度高于 97%的聚类成为 OTU,使用 Qiime2 中的 RDP Classifier 分类器对 OTU 进行物种分类学分析;利用美吉生物云平台进行物种群落组成及多样性等的分析;运用 Excel 软件处理数据,SPSS 25.0 对数据进行统计分析,Origin 2021 绘图。

2 结果与分析

2.1 等高反坡台阶整地下玉米连作和玉米-芸豆轮作的根系分泌物特征

为分析等高反坡台阶整地对连作和轮作根系分泌物的影响,对不同措施、耕作模式与根系分泌物含量进行了双因素方差分析(表 2)。结果显示,不同措施对根系分泌物含量无显著的影响,耕作模式对根系分泌物中酮类含量有极显著影响($p<0.01$),对苯酚

类含量有显著影响($p<0.05$),不同措施与耕作模式的交互作用对酸类和醛类有显著影响($p<0.05$)。虽然不同措施对根系分泌物含量的影响不是非常显著,但并不代表在连作、轮作模式下不同措施间没有显著性差异,因此,还需进行因素间的多重比较,耕作模式亦是如此,其结果标注见图 2。

表 2 不同措施、耕作模式与根系分泌物含量的方差分析
Table 2 Analysis of variance (ANOVA) between different measures, tillage patterns and root secretion content

耕作模式	根系分泌物	平方和	自由度	均方	F	p
不同措施	烃类	84.248	1	84.248	0.436	0.528
	酸类	27.903	1	27.903	2.199	0.176
	醇类	17.318	1	17.318	0.363	0.563
	醛类	14.156	1	14.156	3.795	0.087
	酯类	4.990	1	4.990	3.336	0.105
	酮类	1.935	1	1.935	4.906	0.058
	苯酚类	19.920	1	19.920	1.582	0.244
	其他类	17.803	1	17.803	1.854	0.210
	烃类	100.807	1	100.807	0.522	0.491
	酸类	6.490	1	6.490	0.511	0.495
耕作模式	醇类	139.601	1	139.601	2.930	0.125
	醛类	1.809	1	1.809	0.485	0.506
	酯类	2.788	1	2.788	1.864	0.209
	酮类	10.652	1	10.652	27.008	0.001
	苯酚类	89.192	1	89.192	7.083	0.029
	其他类	39.816	1	39.816	4.147	0.076
	烃类	6.969	1	6.969	0.036	0.854
	酸类	97.175	1	97.175	7.658	0.024
	醇类	27.688	1	27.688	0.581	0.468
	醛类	32.999	1	32.999	8.847	0.018
不同措施×耕作模式	酯类	0.429	1	0.429	0.287	0.607
	酮类	1.712	1	1.712	4.342	0.071
	苯酚类	18.368	1	18.368	1.459	0.262
	其他类	21.359	1	21.359	2.225	0.174

图 2 为等高反坡台阶整地下,玉米连作和玉米-芸豆轮作根系分泌物主要种类及其相对含量。由图 2 可知,不同措施和不同耕作模式下根系分泌物相对含量发生改变。轮作模式下,烃类、酸类、醛类、酯类、酮类、苯酚类及其他类的相对含量较连作高,分别增加 11.59%, 2.43%, 1.55%, 1.93%, 3.77%, 10.91%, 7.29%;而醇类的相对含量比连作低,减少 4.09%。不同措施下根系分泌物相对含量在轮作中变化较连作显著($p<0.05$),且酸类、醛类、苯酚类的相对含量在轮作中均表现为 CRT>CK。在 CRT 措施下,轮作与连作模式中酸类、醛类、酮类、苯酚类含量差异显著($p<0.05$);在 CK 措施下,2 种耕作模式中酮类、苯酚类含量差异显著($p<0.05$),而烃类、醇类、酯类的相对含量无显著差异。整体上,根系分泌物相对含

量变化在 CRT 措施上更为突出,在轮作模式中更为显著,其相对含量在种植模式上表现为轮作>连作。

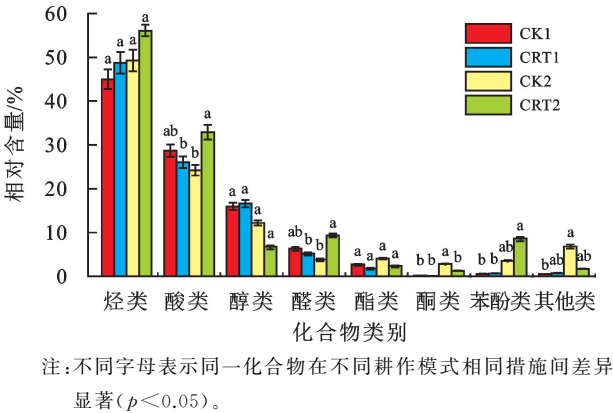


图 2 不同耕作模式下根系分泌物相对含量

Fig. 2 Relative content of root secretion under different tillage patterns

2.2 等高反坡台阶整地下玉米连作和玉米-芸豆轮作的土壤微生物特征

2.2.1 土壤微生物群落多样性 分析 OTU 分类水平上各样本的 Alpha 多样性指数,结果见表 3。各样本覆盖指数(coverage)均接近于 1,说明此次测序结果能代表序列样本中微生物的实际状况;同时基于 Sobs 指数构建的稀释曲线(图 3b)显示,曲线随着测

序数量的增加逐渐趋于平缓,表明测序数据量足够丰富,能够覆盖所有样本的微生物群落。

比较各样本微生物群落丰富度(Chao)、多样性(Shannon)、均匀度(Shannoneven)发现,CRT 措施的 Chao 指数值较 CK 高,CK2 和 CRT2 处理下细菌、真菌群落的 Chao 指数值均高于 CK1 和 CRT1。其中,在细菌群落下 CK1 与 CK2、CRT1 与 CRT2、CK2 与 CRT2 间的 Chao 指数存在显著差异($p<0.05$);在真菌群落中,CRT1 与 CRT2 间 Chao 指数差异显著($p<0.05$),且细菌、真菌群落的 Chao 指数均在 CRT2 处理达到最高。Shannon 指数能反映微生物群落的多样性,其数值越大则表示微生物群落多样性越高。由表 3 可知,Shannon 指数在不同措施中整体表现为 CRT>CK,在轮作处理下的数值较连作高,并在 CRT2 中达到最高值,且 2 种植植模式在细菌群落中比在真菌群落中差异显著($p<0.05$)。而 Shannoneven 指数表现为连作>轮作。说明与连作相比,在等高反坡阶措施下进行轮作更能提高土壤微生物群落的丰富度、多样性。而与真菌群落相比,细菌群落的多样性更易受轮作模式影响。但轮作模式土壤微生物群落均匀度较连作低,且在细菌群落中差异显著($p<0.05$)。

表 3 不同耕作模式下土壤微生物群落 Alpha 多样性

Table 3 Alpha diversity of soil microbial communities under different tillage patterns

菌种	处理	Coverage	Chao	Shannon	Shannoneven
细菌	CK1	0.99	1 039.21±57.73Aa	5.94±0.03Aa	0.93±0.0Aa
	CRT1	0.98	1 223.79±90.43Aa	6.09±0.03Aa	0.93±0.0Aa
	CK2	1.00	2 279.85±48.58Bb	6.46±0.05Ba	0.79±0.0Ba
	CRT2	1.00	2 797.83±48.98Ba	6.58±0.05Ba	0.79±0.0Ba
真菌	CK1	1.00	514.46±52.77Aa	4.28±0.12Aa	0.69±0.01Aa
	CRT1	1.00	524.14±17.53Aa	4.24±0.02Aa	0.68±0.0Aa
	CK2	1.00	782.51±19.04Aa	4.29±0.10Aa	0.66±0.01Ba
	CRT2	1.00	1 061.33±132.57Ba	4.53±0.07Aa	0.67±0.0Aa

注:表中数据为平均值±标准误;不同大、小写字母分别表示同一指数在不同耕作模式相同措施间差异显著($p<0.05$)和相同耕作模式不同措施间差异显著($p<0.05$)。

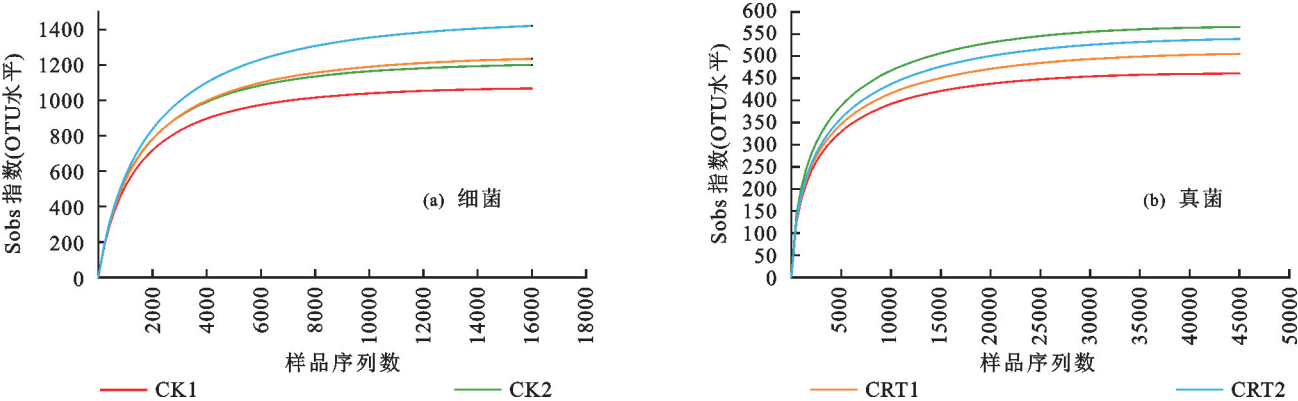


图 3 基于 Sobs 指数的群落稀释曲线

Fig. 3 Community dilution curves based on the Sobs index

2.2.2 土壤微生物群落组成特征 不同种植模式土壤微生物群落 OTU 分布情况(图 4a)表明,不同种植模式下微生物群落的 OTU 数量在措施上均表现为 CRT>CK。轮作模式下细菌、真菌群落的 OTU 总数量均高于连作,且分别增加 40.72%,20.69%。其

中,2 个群落各共有 OTU 数量均表现为轮作>连作,特有 OTU 数量则体现出轮作<连作。总体上,CK 和 CRT 相比、玉米连作和玉米—芸豆轮作相比,均为后者土壤微生物群落数量高于前者。

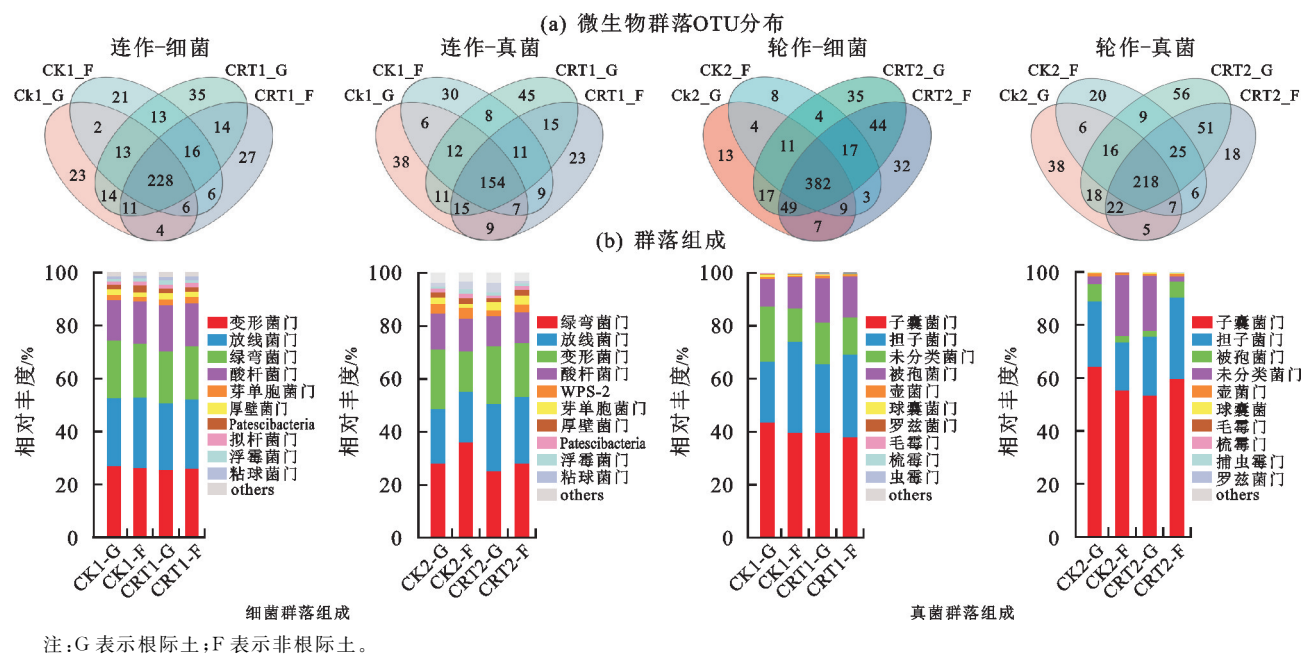


图 4 微生物群落 OTU 分布及群落组成

Fig. 4 Microbial community OTU distribution and community composition

在门水平上对各样本土壤微生物进行群落组成分析(图 4b),将物种相对丰富度<0.001 的归为 others。在细菌群落中,主要的优势物种为放线菌门(Actinobacteriota)、变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteriota)。在连作模式下并未发现 WPS-2 菌门,其相对丰度在轮作模式下占 12.95%,仅次于酸杆菌门。在真菌群落中,群落优势物种包括子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、被孢菌门(Mortierellomycota)、未分类真菌门(unclassified - k - Fungi)。对比真菌群落组成(图 4b)发现,连作模式中的球囊菌门(Glomeromycota)、罗兹菌门(Rozellomycota)、毛霉菌门(Mucoromycota)、Kickxellomycota 菌门并未出现在轮作相对丰度前 10 的物种中。虽然土壤微生物主要的优势物种并未改变,但其相对丰度发生变化。对比发现,CRT 措施提高连作中酸杆菌门、被孢菌门和轮作中放线菌门、变形菌门、担子菌门的相对丰度,增幅分别为 8.37%,44.60% 和 27.49%,12.08%,22.56%。轮作中放线菌门、变形菌门、酸杆菌门、担子菌门、被孢菌门、未分类菌门的相对丰度分别较连作降低 11.65%,23.39%,23.01%,10.10%,45.84%,84.28%,绿弯菌门和子囊菌门较连作分别增加 46.12%,56.42%。

此外,对不同措施、耕作模式与门水平下优势物种相对丰度进行方差分析(表 4)显示。

在不同措施和耕作模式的交互作用下,对酸杆菌门和被孢菌门的影响达到显著($p<0.05$),对放线菌门的影响达到极显著($p<0.01$)。耕作模式对优势物种的影响较不同措施显著,其中,耕作模式对变形菌门、绿弯菌门存在显著影响($p<0.05$),对放线菌门、酸杆菌门、子囊菌门、被孢菌门和未分类真菌门有极显著影响($p<0.01$),且子囊菌门的 p 值小于 0.001。而不同措施只对放线菌门有极显著影响($p<0.01$)。所以,还需要对不同耕作模式相同措施间、相同耕作模式不同措施间物种的相对丰度进行多重比较(图 5),分析其存在何种差异性。

从图 5 可以看出,细菌群落中放线菌门和变形菌门均在 CK1 和 CK2 间、CK2 和 CRT2 间差异显著($p<0.05$),绿弯菌门在 CK1 和 CK2 间存在显著差异($p<0.05$),酸杆菌门在 CK1 和 CK2 间、CRT1 和 CRT2 间差异显著($p<0.05$),其中绿弯菌门比其他菌门在轮作下的相对丰度较连作增加最为显著。子囊菌门和未分类菌门均在 CK1 和 CK2 间、CRT1 和 CRT2 间存在显著差异($p<0.05$);担子菌门在不同处理间无显著差异,而被孢菌门在 CK1 和 CRT1 间、CRT1 和 CRT2 间差异显著($p<0.05$)。

表 4 不同措施、耕作模式与门水平下优势微生物相对丰度的方差分析

Table 4 Variance scores of relative abundance of dominant microorganisms under different measures, cropping patterns and gate levels

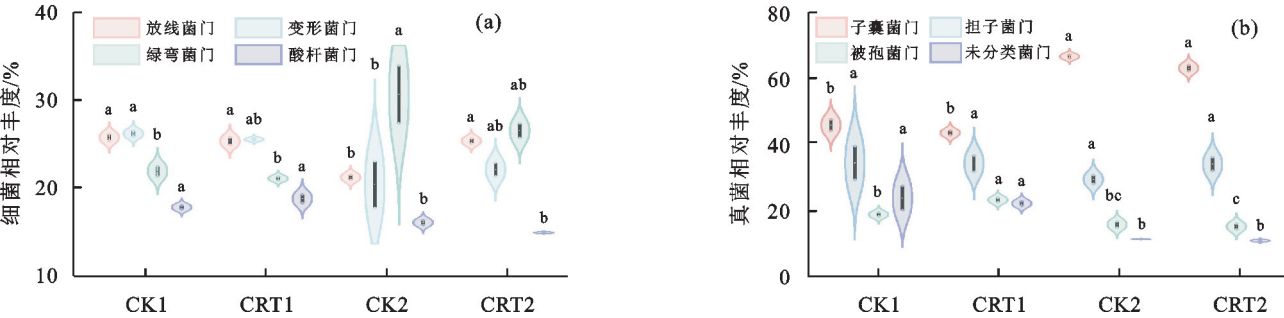
方差来源	平方和	自由度	均方	F	P	
不同措施	放线菌门	12.301	1	12.301	26.595	0.007
	变形菌门	1.008	1	1.008	0.145	0.723
	绿弯菌门	21.945	1	21.945	2.065	0.224
	酸杆菌门	0.025	1	0.025	0.073	0.800
	子囊菌门	21.813	1	21.813	7.094	0.056
	担子菌门	12.525	1	12.525	0.509	0.515
	被孢菌门	9.267	1	9.267	5.728	0.075
	未分类菌门	2.797	1	2.797	0.313	0.606
耕作模式	放线菌门	18.120	1	18.120	39.177	0.003
	变形菌门	75.399	1	75.399	10.849	0.030
	绿弯菌门	177.944	1	177.944	16.745	0.015
	酸杆菌门	27.714	1	27.714	80.049	0.001
	子囊菌门	1031.261	1	1031.261	335.395	0
	担子菌门	16.675	1	16.675	0.678	0.457
	被孢菌门	78.063	1	78.063	48.253	0.002
	未分类菌门	356.579	1	356.579	39.925	0.003
不同措施 × 耕作模式	放线菌门	18.422	1	18.422	39.830	0.003
	变形菌门	4.993	1	4.993	0.718	0.444
	绿弯菌门	9.746	1	9.746	0.917	0.392
	酸杆菌门	3.990	1	3.990	11.526	0.027
	子囊菌门	0.839	1	0.839	0.273	0.629
	担子菌门	14.661	1	14.661	0.596	0.483
	被孢菌门	15.877	1	15.877	9.814	0.035
	未分类菌门	0.878	1	0.878	0.098	0.770

2.3 根系分泌物与土壤微生物的关联分析

2.3.1 根系分泌物与土壤微生物的相关性 通过对相对丰度前 10 的门水平物种与根系分泌物含量的相关性分析(图 6)可知,在不同措施和耕作模式的作用下,根系分泌物与微生物的相关性均有差异。整体结果显示,根系分泌物与微生物的相关性在 CRT 措施和玉米—芸豆轮作的作用下更为显著。相同种植模式不同措施结果显示,CRT 措施下二者的相关性较

CK 显著;不同种植模式相同措施结果显示,二者的相关性在轮作模式下更为显著。CK1 处理中,醇类与土壤微生物的相关性最显著,且与细菌群落中酸杆菌门和拟杆菌门、真菌群落中担子菌门、被孢菌门、罗兹菌门等呈显著正相关($p<0.05$)。CRT1 处理结果显示,醇类与细菌群落整体呈负相关,且与 Patesci-bacteria 菌门和黏球菌门呈显著负相关($p<0.05$),但与真菌群落整体呈正相关,与子囊菌门、被孢菌门、球囊菌门、梳霉门呈显著正相关($p<0.05$)。与 CK1 处理相比,醇类与微生物的相关性在 CK2 处理中不显著,但酸类和酮类与微生物显著相关,且这 2 类物质与真菌群落的相关性更显著。CRT2 处理中,除醛类和酮类外,其余物质均与部分微生物间存在显著相关,当中烃类、酸类、酯类与微生物的相关性更突出。

2.3.2 土壤环境因子与根系分泌物及土壤微生物的相关性 土壤环境因子、根系分泌物和土壤微生物群落之间存在相互制约关系^[11],通过相关性分析等高反坡台阶整地下土壤环境因子与根系分泌物及土壤微生物的关系。从图 7a 可以看出,土壤环境因子与根系分泌物的相关性在轮作模式下更为显著。CK1 处理中苯酚类和其他类分别与全氮、含水率和 pH 呈显著负相关($p<0.05$)。通过对比发现,CK1 和 CK2 处理对应的土壤环境因子与根系分泌物种类的正负相关性呈相反现象。在 CRT1 处理中,酸类与全磷($r=-1.000$)呈极显著负相关($p<0.01$),酯类与 pH($r=-0.999$)呈显著负相关($p<0.05$),苯酚类与 pH($r=0.667$)呈正相关;在 CRT2 中,酯类与 pH($r=0.999$)呈显著正相关($p<0.05$),苯酚类与 pH($r=-0.999$)呈显著负相关($p<0.05$),说明轮作改变土壤环境因子与根系分泌物的相关性趋势。同时,在 CRT2 处理中酮类分别与全氮和有机质呈显著负相关($p<0.05$),而酮类在 CK1 处理中与二者的相关性并未达到显著,说明轮作能增加指标间的相关性程度。



注:不同大、小写字母分别表示同一物种在不同种植模式相同措施间差异显著($p<0.05$)和相同种植模式不同措施间差异显著($p<0.05$)。

图 5 微生物群落优势物种相对丰度

Fig. 5 Relative abundance of dominant species in microbial communities

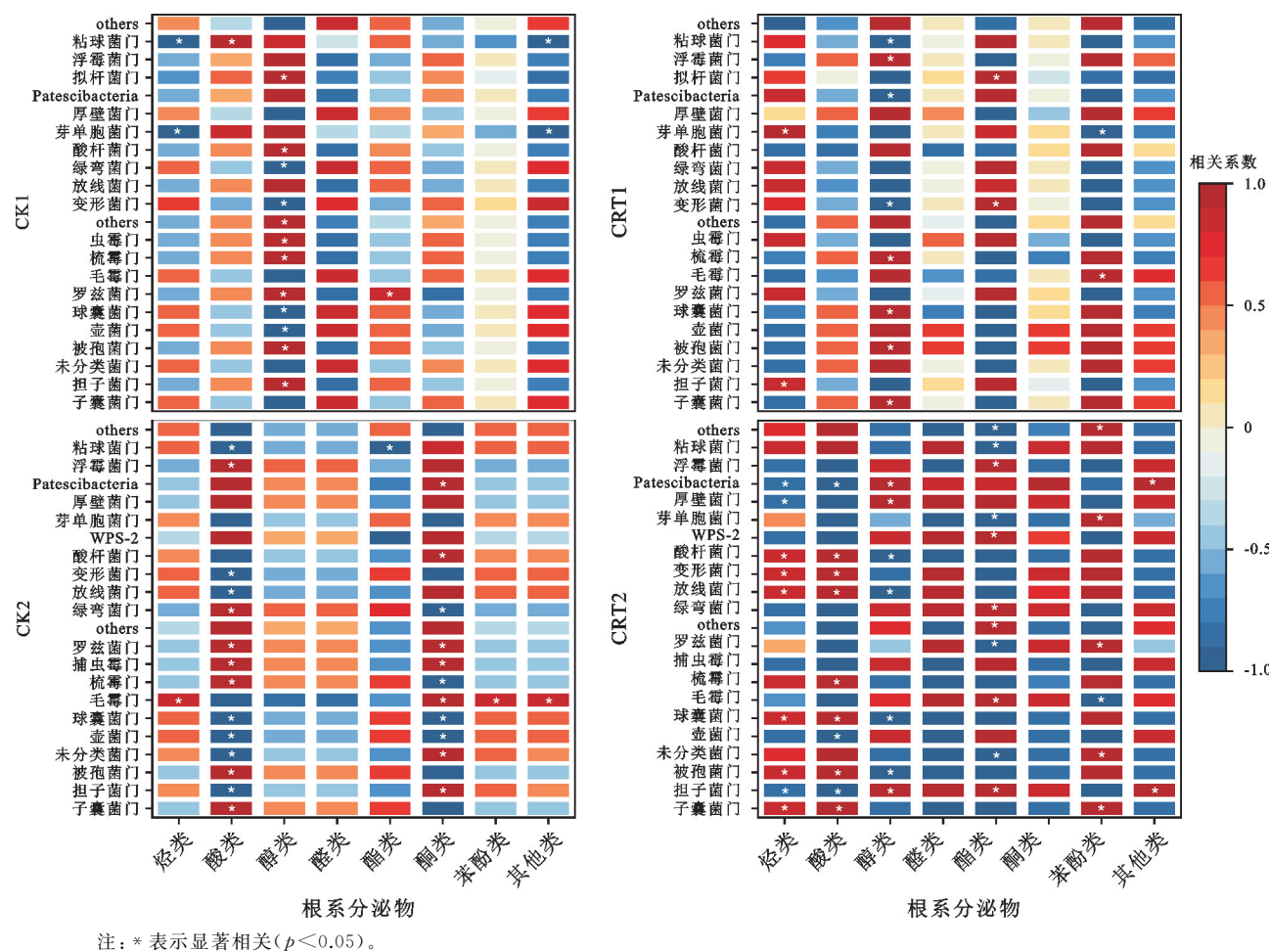


图 6 根系分泌物与微生物相关热图

Fig. 6 Heat map of root exudates in relation to microorganisms

由土壤环境因子与微生物的相关性分析结果(图 7b)可知,在细菌群落中,连作处理芽单胞菌门和厚壁菌门分别与有机质、全氮呈显著正相关($p < 0.05$)。轮作处理厚壁菌门分别与根系分泌物和全氮呈极显著负相关($p < 0.01$),结合图 6 分析,厚壁菌门与根系分泌物中的烃类、酸类、苯酚类存在负相关关系,且与烃类存在显著负相关($p < 0.05$);WPS-2 菌门和绿弯菌门与有机质呈显著负相关($p < 0.05$),而芽单胞菌门与有机质呈显著正相关($p < 0.05$),说明轮作处理细菌群落受土壤环境因子影响更大。在真菌群落中,连作处理根系分泌物对微生物的影响较轮作大,其中连作处理下虫霉门和梳霉门与根系分泌物达到极显著正相关($p < 0.01$);被孢菌门在连作处理中与环境因子的相关性较轮作高,分别与根系分泌物、含水率、有机质、全磷呈显著正相关($p < 0.05$);轮作处理中捕虫霉门分别与根系分泌物、有机质呈显著负相关($p < 0.05$),与 pH 呈极其显著负相关($p < 0.001$)。说明真菌群落在连作处理下更易受土壤环境因子影响。综上,根系分泌物、土壤有机质和全氮对微生物群落影响较其他因子大。

3 讨论

3.1 等高反坡台阶整地对玉米连作和玉米—芸豆轮作根系分泌物的影响

根系分泌物不仅充当着植物根系与外界交流的信号,还能改变土壤性质、促进养分的吸收和转化,从而利于植物的生长^[28]。不同耕作模式能改变根系分泌物含量和种类^[29],WANG 等^[30]将壳聚糖包衣复合肥与棉花—玉米—小麦轮作结合发现,除酸类物质外,其他根系分泌物在棉花连作中有所增加,在复合肥与连作结合、轮作和复合肥与轮作结合中有所减少;康益晨等^[29]研究发现,轮作蚕豆可降低化感物质酯类的相对含量,并使根系分泌物成分种类增加。而本研究结果与前人研究不同,整体上与玉米连作相比,玉米—芸豆轮作增加根系分泌物含量,其中含量增加的类别包括烃类、酸类、醛类、酯类、酮类、苯酚类及其他类。

究其差异原因,首先可能是整地类型不同,CRT 措施通过改变坡面的局部地形,提高土壤含水率、有机质、全氮及全磷的含量。同时潜在提高样地中杂草与作物对养分的竞争,而作物为提高自身竞争力,通过分泌烃类、酸类、酯类、苯酚类等具有化感作用的物

质^[17],以抑制杂草的生长。其次可能是施肥的种类不同,虽然都是复合肥,但是壳聚糖包衣复合肥是具有良好抗菌性能的一种改良剂,能通过螯合、络合、氧化还原、吸附功能减少根系分泌物^[30],而普通氮磷钾复合肥不具备以上功能。最后,可能是轮作作物不同,植物的独特性决定其根系分泌物存在一定差异,豆类植物具有固氮作用,且其残体大量沉积在土壤中使得土壤有机质含量增加^[29]。本研究中,只有 pH

和有机质含量在 CK2 与 CRT2 间存在显著差异($p<0.05$),且有机质增幅最大,达 45.72%,除 pH 外,其余养分含量均表现为玉米—芸豆轮作高于玉米连作。这说明,轮作芸豆能提高土壤养分含量,但由于豆类喜酸的特性,通过根系分泌更多的酸类物质来调节和营造更适合自身生长的根际环境^[31]。综上,在 CRT 和轮作的双重作用下,土壤养分及根系分泌物相对含量整体显著提高。

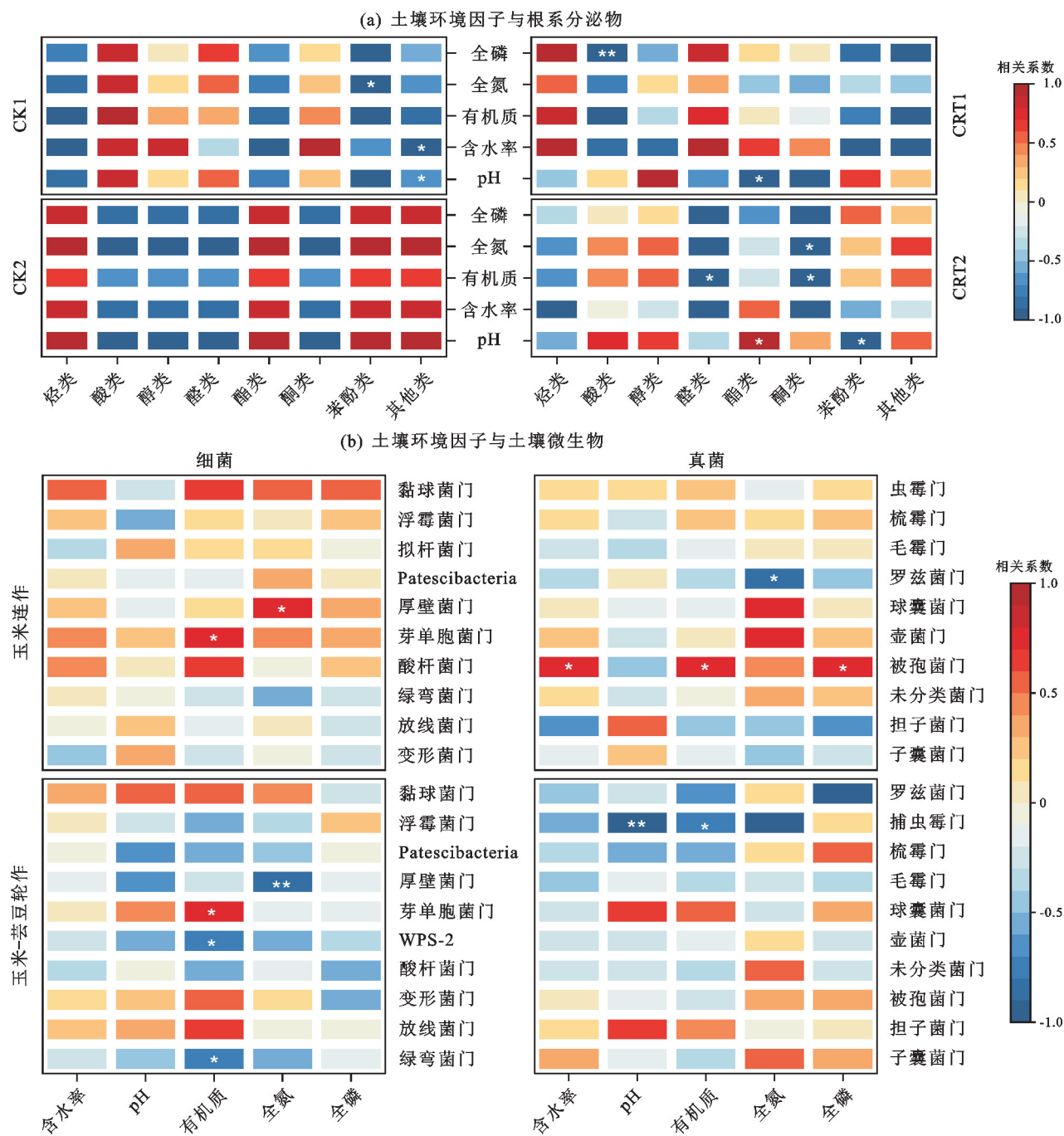


图 7 土壤环境因子与根系分泌物及土壤微生物相关热图

Fig. 7 Heat map of soil environmental factors related to root exudates and soil microorganisms

3.2 等高反坡台阶整地对玉米连作和玉米—芸豆轮作土壤微生物的影响

根际微生物在生态系统物质循环和能量传递中有着不可替代的作用,并调节着土壤微生态系统和植物的生长^[32]。BOURCERET 等^[11]通过对玉米根系微生物组的研究发现,根际微生物群落受土壤管理方式和作物生长阶段变化影响。CRT 措施提高土壤微生物群落的丰富度和多样性,这是因为 CRT 措施通过改变坡耕地的局部地形,进一步改变土壤的管理方式,使土壤中有机质、氮、磷等含量增加,而土壤养分是驱动根际微生物群落组成的主要因子^[33],显著影响着土壤微生物的多样性^[34]。本研究发现,轮作土壤微生物群落丰富度和多样性较连作高,其中轮作土壤细菌微生物群落丰富度是连作的 2 倍。轮作可增加作物种类,从而提高根际土壤微生物的多样性和丰富度,有效改善群落结构,并提升土壤肥力^[9-10,19,29]。有研究^[35-36]表明,在酸性条件下发现过 WPS-2 菌门,并作为主要优势物种存在。而在本研究中,轮作的 pH 低于连作,但土壤有机质高于连作,同时只在轮作模式下发现 WPS-2 菌门,其相对丰度为 12.95%,仅次于酸杆菌门。这可能是因为轮作模式的酸性土壤环境更适合 WPS-2 菌门生存;且 HOLLAND-MORITZ 等^[37]通过对与苔藓物种有关的新细菌谱系研究发现,WPS-2 作为无氧光养型菌门,不仅能通过 RuBisCo(光合固氮酶)进行碳固定,还能通过乙醛酸分流并利用宿主植物光呼吸的副产品。所以 WPS-2 菌门为轮作中土壤养分含量的增加起到一定的作用。

此外,本研究中连作与轮作处理土壤微生物群落主要优势物种相同,但其相对丰度存在显著差异,尤其是轮作细菌群落中的绿弯菌门和真菌群落中的子囊菌门相对丰度的增加。放线菌门、变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门是土壤中主要的细菌门类^[38],其中绿弯菌门作为分布最广的优势细菌门,在 C、N、S 等生源元素的循环中起着重要的参与作用,其可通过 3-HP 固定 CO₂^[39],吸收并同化不同来源的有机酸物质,这对环境污染有着缓解作用^[40]。子囊菌门作为真菌群落的优势门类之一,不仅参与各类腐殖质的形成和分解,还具有氨化和硝化作用,特别是对酸性环境下有机质的转化起着重要作用^[41]。所以对于本研究中检测出的土壤微生物,其对 CRT 措施下玉米连作和玉米—芸豆轮作系统有影响或相关的功能有待进一步深入研究。

3.3 根系分泌物与土壤微生物互作对根土微生态变化的响应

根系分泌物不仅是植物—土壤—微生物系统中

传递信息的载体,还是根土微生态构成的关键因素^[42],并驱动着土壤微生物的组成与分布^[43]。在植物—土壤—微生物的微生态系统中,植物可以通过调节根系分泌物的种类和数量影响微生物的生长,并为微生物提供营养物质来源。而微生物通过自身的作用,如分解作用、呼吸作用等,转化和固定土壤中有机碳、氮,由此增加土壤养分、改善土壤环境,间接提高作物根系对土壤养分的吸收利用和转化,从而促进作物的生长发育,进而使根系分泌物发生改变^[44]。本研究发现,CRT 措施与玉米—芸豆轮作结合,比单纯的实施 CRT 措施和与玉米连作结合更能提高土壤微生物群落数量、多样性和丰富度。而且根系分泌物与微生物和土壤环境因子在 CRT2 处理中的相关性最为显著,且 CRT2 处理的土壤养分含量最高,这是因为 CRT 措施显著的保持水土效益,使根际土壤养分汇集^[4-5],为微生物的营养来源提供保障,让微生物能更好地在根际进行物质交换,弥补代谢缺陷^[22];同时轮作增加部分根系分泌物的相对含量,而微生物的趋化感应使其向根系分泌物含量高的区域聚集^[45],从而进行大量繁殖,使其丰富度和多样性增加^[39,46-47]。此外,本研究发现,轮作 pH 较连作有所下降。分析其原因,是因为随着连作年限的增加,连作障碍愈发严重,导致土壤酸化,pH 逐渐下降^[48],连作障碍难以在短时间内得到缓解。且豆科作物与其他作物进行耕作时,可通过释放有机酸和质子酸化土壤,使土壤中难溶性物质得以活化,以促进其他作物对养分的吸收利用^[14],同时也能调整土壤环境以达到适合豆类生长的酸性条件^[49]。但有趣的是,CRT2 的土壤 pH 较 CK2 有提高趋势。说明在等高反坡台阶整地与轮作的双重作用下,由连作障碍导致的土壤酸化有改善的趋势,而适宜芸豆生长的酸性范围在此基础上,有待进一步深入研究。综上,等高反坡台阶整地与玉米—芸豆轮作结合提高土壤养分和根系分泌物的相对含量,以及根际土壤微生物的相对丰度和多样性;同时,根系分泌物与土壤微生物的互作对根土微生态和植物的化感作用、连作障碍等具有调节作用。

4 结论

(1)等高反坡台阶整地改变根系分泌物的相对含量,有效提高烃类和轮作模式下酸类的含量;增加土壤微生物的丰富度和多样性,以及群落 OTU 数量和物种相对丰度。

(2)在该措施下,玉米连作和玉米—芸豆轮作均改变根系分泌物的含量和土壤微生物群落组成,并增加微生物群落数量、丰富度及多样性,但玉米—芸豆轮作的提升效果比玉米连作更加显著。

综上,等高反坡台阶整地与玉米—芸豆轮作结合更能改变根系分泌物相对含量,有效提高土壤微生物数量、丰富度及多样性,二者的交互作用对作物根土微环境改善起到一定的影响。

参考文献:

- [1] 王帅兵,王克勤,宋娅丽,等.不同时间尺度反坡台阶红壤坡耕地土壤水分动态变化规律[J].农业工程学报,2019,35(8):195-205.
WANG S B, WANG K Q, SONG Y L, et al. Dynamic variation of soil moisture at different temporal scales in red soil sloping farmland under reverse-slope terrace[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2019, 35(8): 195-205.
- [2] 焦银龙,周娟.坡耕地土壤溅蚀影响因子浅析及管理对策建议[J].四川农业科技,2022(8):88-90.
JIAO Y L, ZHOU J. Analysis on influencing factors of soil splashing erosion on sloping farmland and suggestions on management countermeasures[J]. Sichuan Agricultural Science and Technology, 2022(8): 88-90.
- [3] 刘晓微,王克勤,赵洋毅,等.等高反坡阶措施下玉米苗期根系分泌物特征及其对根际土壤酶活性的响应[J].四川农业大学学报,2021,39(4):477-485.
LIU X W, WANG K Q, ZHAO Y Y, et al. Characteristics of maize root exudates at seedling stage and their response to rhizosphere soil enzyme activities under contour reverse-slope terrace[J]. Journal of Sichuan Agricultural University, 2021, 39(4): 477-485.
- [4] 王帅兵,王克勤,宋娅丽,等.等高反坡阶对昆明市松华坝水源区坡耕地氮、磷流失的影响[J].水土保持学报,2017,31(6):39-45.
WANG S B, WANG K Q, SONG Y L, et al. Effects of contour reverse-slope terrace on nitrogen and phosphorus loss in sloping farmland in the water resource area of Songhua Dam in Kunming city[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2017, 31(6): 39-45.
- [5] 王震,王克勤,赵洋毅,等.人工干预对山坡退化林地植物群落与土壤因子的影响:以松华坝水源区迤迤小流域为例[J].中国水土保持科学,2019,17(2):103-111.
WANG Z, WANG K Q, ZHAO Y Y, et al. Relation between plant community and soil factors of degraded woodland in hillslope: A case study of the Yizhe Watershed in the water resource area of Songhua Dam[J]. Science of Soil and Water Conservation, 2019, 17(2): 103-111.
- [6] 张洋,王克勤,赵洋毅,等.等高反坡阶对玉米生长及光合特性的影响[J].水土保持通报,2020,40(6):71-77.
ZHANG Y, WANG K Q, ZHAO Y Y, et al. Effects of contour reverse-slope terrace on growth and photosynthetic characteristics of maize[J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 2020, 40(6): 71-77.
- [7] 贾志红,易建华,苏以荣,等.烟区轮作与连作土壤细菌群落多样性比较[J].生态环境学报,2010,19(7):1578-1585.
- [8] JIA Z H, YI J H, SU Y R, et al. Diversity comparison of soil bacteria communities in rotation and continuous flue-cured tobacco cropping[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2010, 19(7): 1578-1585.
- [9] LI H D, KANG Z L, HUA J, et al. Root exudate sesquiterpenoids from the invasive weed *Ambrosia trifida* regulate rhizospheric Proteobacteria[J]. The Science of the Total Environment, 2022, 834: e155263.
- [10] 王根全,郝晓芬,郭二虎,等.连作与轮作谷子根际土壤真菌群落分布特征[J].中国生态农业学报(中英文),2023,31(5):677-689.
WANG G Q, HAO X F, GUO E H, et al. Distribution characteristics of the soil fungi community in the rhizosphere of foxtail millet under different planting patterns[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2023, 31(5): 677-689.
- [11] 李冉,李精华,林生威,等.稻豆轮作对土壤理化性质及微生物群落的影响[J].热带生物学报,2024,15(2):1-8.
LI R, LI J H, LIN S W, et al. Effects of rice-soybean-rice rotation on soil physicochemical properties and microbial community[J]. Journal of Tropical Biology, 2024, 15(2): 1-8.
- [12] BOURCERET A, GUAN R, DORAU K, et al. Maize field study reveals covaried microbiota and metabolic changes in roots over plant growth[J]. mBio, 2022, 13(2): e0258421.
- [13] 刘泽琴,刘宁,李淑娟,等.紫云英与油菜间作模式下根系分泌物对土壤微生物的影响[J].华中农业大学学报,2023,42(4):177-184.
LIU Z Q, LIU N, LI S J, et al. Effects of root exudates on soil microorganisms under intercropping pattern of Chinese milkvetch and rapeseed[J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2023, 42(4): 177-184.
- [14] SHAPOSHNIKOV A I, BELIMOV A A, AZAROVA T S, et al. The relationship between the composition of root exudates and the efficiency of interaction of wheat plants with microorganisms[J]. Applied Biochemistry and Microbiology, 2023, 59(3): 330-343.
- [15] 吴林坤,林向民,林文雄.根系分泌物介导下植物-土壤-微生物互作关系研究进展与展望[J].植物生态学报,2014,38(3):298-310.
WU L K, LIN X M, LIN W X. Advances and perspective in research on plant-soil-microbe interactions mediated by root exudates[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2014, 38(3): 298-310.
- [16] OLANREWAJU O S, AYANGBENRO A S, GLICK B R, et al. Plant health: Feedback effect of root exudates-rhizobiome interactions[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2019, 103(3): 1155-1166.
- [17] SUN J, YANG J, ZHAO S Y, et al. Root exudates in-

- fluence rhizosphere fungi and thereby synergistically regulate *Panax ginseng* yield and quality[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: e1194224.
- [17] 张建聪, 王克勤, 赵洋毅, 等. 磷胁迫对高原湿地植物伞莎草根系分泌物的影响[J]. *环境科学与技术*, 2019, 42(2): 17-24.
- ZHANG J C, WANG K Q, ZHAO Y Y, et al. Effects of phosphorus stress on root exudates of umbrella sedge in plateau wetland plants[J]. *Environmental Science and Technology*, 2019, 42(2): 17-24.
- [18] 覃潇敏, 蒋娟娟, 韦巧云, 等. 轮作与生物有机肥对菠萝连作土壤微生物特性的影响[J]. *中国土壤与肥料*, 2023: 1-10. Doi: 10.11838/sfsc.1673-6257.22700.
- QIN X M, JIANG J J, WEI Q Y, et al. Effects of rotation and bio-organic fertilizer on soil microbial characteristics of pineapple under continuous cropping[J/OL]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2023: 1-10. Doi: 10.11838/sfsc.1673-6257.22700.
- [19] 孙倩, 吴宏亮, 陈阜, 等. 不同轮作模式下作物根际土壤养分及真菌群落组成特征[J]. *环境科学*, 2020, 41(10): 4682-4689.
- SUN Q, WU H L, CHEN F, et al. Characteristics of soil nutrients and fungal community composition in crop rhizosphere under different rotation patterns[J]. *Environmental Science*, 2020, 41(10): 4682-4689.
- [20] 鲁泽让, 李永梅, 杨春怀, 等. 连续周年轮作休耕对土壤团聚体稳定性及有机碳的影响[J]. *环境科学*, 2023: 1-15. Doi: 10.13227/j.hjks.202304166.
- LU Z R, LI Y M, YANG C H, et al. Effects of continuous annual crop rotation and fallow on soil aggregate stability and organic carbon[J]. *Environmental Science*, 2023: 1-15. Doi: 10.13227/j.hjks.202304166.
- [21] 靳海洋, 岳俊芹, 闫雅倩, 等. 小麦与不同作物多样化轮作对土壤真菌群落的影响[J]. *环境科学*, 2022, 43(6): 3338-3347.
- JIN H Y, YUE J Q, YAN Y Q, et al. Response of soil fungal communities in diversified rotations of wheat and different crops[J]. *Environmental Science*, 2022, 43(6): 3338-3347.
- [22] 邵秋雨, 董醇波, 韩燕峰, 等. 植物根际微生物组的研究进展[J]. *植物营养与肥料学报*, 2021, 27(1): 144-152.
- SHAO Q Y, DONG C B, HAN Y F, et al. Research progress in the rhizosphere microbiome of plants[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2021, 27(1): 144-152.
- [23] 刘玉华, 张立峰. 不同种植方式土地利用效率的定量评价[J]. *中国农业科学*, 2006, 39(1): 57-60.
- LIU Y H, ZHANG L F. Quantitative evaluation of land use efficiency under different cropping patterns[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2006, 39(1): 57-60.
- [24] WALTERS W A, JIN Z, YOUNGBLUT N, et al. Large-scale replicated field study of maize rhizosphere identifies heritable microbes[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2018, 115(28): 7368-7373.
- [25] WAGNER M R, ROBERTS J H, BALINT-KURTI P, et al. Heterosis of leaf and rhizosphere microbiomes in field-grown maize[J]. *The New Phytologist*, 2020, 228(3): 1055-1069.
- [26] 陈雪, 宋娅丽, 王克勤, 等. 等高反坡措施对滇中红壤坡耕地土壤贮水量的影响[J]. *水土保持研究*, 2019, 26(6): 92-99.
- CHEN X, SONG Y L, WANG K Q. Effect of contour reverse-slope terrace measures on soil water storage in sloping farmland of red soil in central Yunnan Province[J]. *Research of Soil and Water Conservation*, 2019, 26(6): 92-99.
- [27] 中国科学院南京土壤研究所. 土壤理化分析[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1978.
- Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences. *Soil physicochemical analysis* [M]. Shanghai: Shanghai Scientific and Technical Publishers, 1978.
- [28] ZHANG W, MASON G A. Modulating the rhizosphere microbiome by altering the cocktail of root secretions[J]. *Plant Physiology*, 2022, 188(1): 12-13.
- [29] 康益晨, 杨昕宇, 张俊莲, 等. 覆膜垄播及轮作蚕豆对马铃薯连作田根系分泌物及化感效应的影响[J]. *西北农业学报*, 2020, 29(8): 1148-1158.
- KANG Y C, YANG X Y, ZHANG J L, et al. Effects of ridge-sowing with plastic film mulching and rotation of broad bean on root exudates and allelopathic effects in field of continuous cropping potato[J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2020, 29(8): 1148-1158.
- [30] WANG J G, TIAN T, WANG H J, et al. Chitosan-coated compound fertilizer application and crop rotation alleviate continuous cotton cropping obstacles by modulating root exudates[J]. *Rhizosphere*, 2022, 23: e100581.
- [31] 莫思琪, 曹旖旎, 谭倩. 根系分泌物在重金属污染土壤生态修复中的作用机制研究进展[J]. *生态学杂志*, 2022, 41(2): 382-392.
- MO S Q, CAO Y N, TAN Q. Research progress on root exudates and their effects on ecological remediation of heavy metal contaminated soil[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2022, 41(2): 382-392.
- [32] ZHOU M, LI X R, LIU X S, et al. Effects of antimony on rice growth and its existing forms in rice under arbuscular mycorrhizal fungi environment[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: e814323.
- [33] 李雪, 王静, 张静, 等. 林龄和林分密度对华北落叶松人工林土壤养分和细菌群落的影响[J]. *中南林业科技大学学报*, 2022, 42(10): 83-92.
- LI X, WANG J, ZHANG J, et al. Effects of stand age and stand density on the soil nutrient and bacterial community of *Larix principis-rupprechtii* plantation[J].

- Journal of Central South University of Forestry and Technology, 2022, 42(10): 83-92.
- [34] LI Y, SONG D P, LIANG S H, et al. Effect of no-tillage on soil bacterial and fungal community diversity: A meta-analysis [J]. Soil and Tillage Research, 2020, 204: e104721.
- [35] TREXLER R, SOLOMON C, BRISLAWN C J, et al. Assessing impacts of unconventional natural gas extraction on microbial communities in headwater stream ecosystems in Northwestern Pennsylvania [J]. Frontiers in Microbiology, 2014, 5: e522.
- [36] GRASBY S E, RICHARDS B C, SHARP C E, et al. The Paint Pots, Kootenay National Park, Canada: A natural acid spring analogue for Mars [J]. Canadian Journal of Earth Sciences, 2013, 50(1): 94-108.
- [37] HOLLAND-MORITZ H, STUART J, LEWIS L R, et al. Novel bacterial lineages associated with boreal moss species [J]. Environmental Microbiology, 2018, 20(7): 2625-2638.
- [38] LIU H, JIANG S, OU J T, et al. Investigation of soil microbiota reveals variable dominant species at different land areas in China [J]. Biotechnology and Biotechnological Equipment, 2022, 36(1): 245-255.
- [39] SHIH P M, WARD L M, FISCHER W W. Evolution of the 3-hydroxypropionate bicycle and recent transfer of anoxygenic photosynthesis into the *Chloroflexi* [J]. Proceedings of the National Academy of Science, 2017, 114(40): 10749-10754.
- [40] 鲜文东, 张潇瞳, 李文均. 绿弯菌的研究现状及展望 [J]. 微生物学报, 2020, 60(9): 1801-1820.
- XIAN W D, ZHANG X T, LI W J. Research status and prospect on bacterial *Phylum Chloroflexi* [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2020, 60(9): 1801-1820.
- [41] SHI Y, DELGADO-BAQUERIZO M, LI Y T, et al. Abundance of kinless hubs within soil microbial networks are associated with high functional potential in agricultural ecosystems [J]. Environment International, 2020, 142: e105869.
- (上接第 12 页)
- [90] 梁建生, 曹显祖, 徐生, 等. 水稻籽粒库强与其淀粉积累之间关系的研究 [J]. 作物学报, 1994, 20(6): 685-691.
- LIANG J S, CAO X Z, XU S, et al. Studies on the relationship between the grain sink strength and its starch accumulation in rice (*O. sativa*) [J]. Acta Agronomica Sinica, 1994, 20(6): 685-691.
- [91] NEALES T F, INCOLL L D. The control of leaf photosynthesis rate by the level of assimilate concentration in the leaf: A review of the hypothesis [J]. The Botanical Review, 1968, 34(2): 107-125.
- [92] 陈候鸣, 陈跃, 王盾, 等. 核酮糖-1,5-二磷酸羧化酶/加氧酶活化酶在植物抗逆性中的作用 [J]. 植物生理学报, 2016, 52(11): 1637-1648.
- CHEN H M, CHEN Y, WANG D, et al. The role of ribulose-1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase activase in resistance of plant to abiotic stresses [J]. Plant Physiology Journal, 2016, 52(11): 1637-1648.
- [93] MALONEY V J, PARK J Y, UNDA F, et al. Sucrose phosphate synthase and sucrose phosphate phosphatase interact in planta and promote plant growth and biomass accumulation [J]. Journal of Experimental Botany, 2015, 66(14): 4383-4394.
- [42] 蔡莹, 于晓菲. 植物根系分泌物的生态效应研究 [J]. 环境生态学, 2022, 4(9): 9-16.
- CAI Y, YU X F. Study on the ecological effects of plant root exudates [J]. Environmental Ecology, 2022, 4(9): 9-16.
- [43] ZHALNINA K, LOUIE K B, HAO Z, et al. Dynamic root exudate chemistry and microbial substrate preferences drive patterns in rhizosphere microbial community assembly [J]. Nature Microbiology, 2018, 3: 470-480.
- [44] BEZUGLOVA O S, GOROVTSOV A V, POLIENKO E A, et al. Effect of humic preparation on winter wheat productivity and rhizosphere microbial community under herbicide-induced stress [J]. Journal of Soils and Sediments, 2019, 19(6): 2665-2675.
- [45] MOMMER L, KIRKEGAARD J, VAN RUIJVEN J. Root-root interactions: Towards a rhizosphere framework [J]. Trends in Plant Science, 2016, 21(3): 209-217.
- [46] KARST J, WASYLIW J, BIRCH J D, et al. Long-term nitrogen addition does not sustain host tree stem radial growth but doubles the abundance of high-biomass ectomycorrhizal fungi [J]. Global Change Biology, 2021, 27(17): 4125-4138.
- [47] 谢奎忠. 连作马铃薯根系分泌物介导的枯萎病发生机制及根际互作 [D]. 甘肃: 甘肃农业大学, 2021.
- XIE K Z. Mechanism of fusarium wilt and rhizosphere interaction mediated by root exudates in continuous cropping potato [D]. Gansu: Gansu Agricultural University, 2021.
- [48] YAO J, WU C Y, FAN L J, et al. Effects of the long-term continuous cropping of Yongfeng yam on the bacterial community and function in the rhizospheric soil [J]. Microorganisms, 2023, 11(2): e274.
- [49] 于崧, 杨贺麟, 朱雪天, 等. 盐碱胁迫对芸豆根系分泌物组分及含量的影响 [J]. 北方园艺, 2021(17): 90-96.
- YU S, YANG H L, ZHU X T, et al. Effects of saline-alkali stress on components and contents of root exudates of *Phaseolus vulgaris* L. [J]. Northern Horticulture, 2021(17): 90-96.