

B418 对连作小油菜产量及根际土壤氮循环基因和 *cbbL* 固碳基因的影响

王贻莲¹, 扈进冬¹, 黄鼎立², 徐维生³, 杨合同¹, 李纪顺^{1*}, 何春雨⁴

(1. 齐鲁工业大学(山东省科学院)生态研究所 黄河流域轻工有机污染物低碳处置与资源化利用协同创新中心, 山东 济南 250103; 2. 威海益丰农业科技有限公司, 山东 威海 264200; 3. 山东省沂水县诸葛镇林业站, 山东 临沂 276422; 4. 甘肃中医药大学药学院, 甘肃 兰州 730000)

摘要:为探究越南伯克霍尔德氏菌 B418 缓解连作障碍土壤对小油菜生产的限制作用,采用盆栽试验,研究了外源添加 B418 对连作小油菜的出苗、存活及其根际土壤氮循环相关功能基因和固碳基因的影响,并探讨功能基因与产量的相关性,以期对连作蔬菜增产提供科学依据。结果表明:次生盐渍化轻度障碍土壤Ⅰ(pH 4.3, 电导率 1 361 $\mu\text{S}/\text{cm}$)和次生盐渍化重度障碍土壤Ⅱ(pH 4.6, 电导率 2 200 $\mu\text{S}/\text{cm}$)中,B418 处理均能提高小油菜出苗率、存活率并增加产量,促使根际土壤固碳基因(*cbbL*)的绝对丰度增加。土壤Ⅰ中,B418 处理固氮酶 *nifH* 和氨单加氧酶 *amoA* 基因丰度提高,氧化亚氮还原酶 *nosZ* 基因丰度降低;土壤Ⅱ中,B418 处理 *nifH* 基因丰度提高,*amoA*、亚硝酸盐还原酶基因 *nirK*、*nirS* 和 *nosZ* 基因丰度降低,且处理间差异显著,表明外源添加 B418 可抑制连作小油菜土壤根际硝化作用和反硝化作用。相关性分析结果显示,产量与 *cbbL* 和 *nifH* 基因丰度呈正相关,与 *nirK* 基因丰度呈负相关,与 *amoA*、*nirS* 和 *nosZ* 基因丰度呈显著负相关;*amoA* 与 *nosZ* 基因丰度呈极显著正相关,表明连作小油菜产量的提高与根际微生物的固碳、氮能力及抑制硝化作用和反硝化作用密切相关。

关键词:越南伯克霍尔德氏菌 B418; 连作障碍; 小油菜; 氮循环相关基因; 固碳基因丰度

中图分类号:S636.9

文献标志码:A

文章编号:1002-4026(2026)05-0037-08

开放科学(资源服务)标志码(OSID):



Effects of B418 on the yield of continuously cropped rape (*Brassica chinensis* L.) and on the nitrogen-cycling and carbon-fixation gene *cbbL* in rhizosphere soils

WANG Yilian¹, HU Jindong¹, HUANG Dingli², XU Weisheng³, YANG Hetong¹, LI Jishun^{1*}, HE Chunyu⁴

(1. Collaborative Innovation Center of Yellow River Basin for Low-Carbon Disposal and Resource Utilization of Organic Pollutants in Light Industry, Ecology Institute of Shandong Academy of Sciences, Qilu University of Technology (Shandong Academy of Sciences), Jinan 250103, China; 2. Weihai Yifeng Agricultural Science and Technology Co., Ltd., Weihai 264200, China; 3. Forestry Station of Zhuge Town, Yishui County, Shandong Province, Linyi 276422, China; 4. College of Pharmacy, Gansu University of Chinese Medicine, Lanzhou 730000, China)

收稿日期:2025-07-21 修回日期:2025-11-03

基金项目:齐鲁工业大学(山东省科学院)科教产融合试点工程重大创新类项目(2025ZDZX18);齐鲁工业大学(山东省科学院)产学研协同创新基金项目(2020-CXY11);威海市政府-山东省科学院产学研协同创新基金项目(2020GC05)

作者简介:王贻莲(1978—),女,硕士,副研究员,研究方向为设施蔬菜田退化土壤的生物修复。E-mail:yilianwang@163.com,Tel:13573791095

* 通信作者,李纪顺(1971—),男,应用研究员,研究方向为农田退化土壤的修复。E-mail:sdyewu2@163.com

Abstract : To clarify how B418 alleviates the limitations imposed by continuous-cropping obstacle soils on rape production, a plot experiment was conducted to investigate the effects of exogenously applied B418 on the emergence, survival, and yield of rape, as well as on nitrogen transformation-related genes and carbon-fixation genes in the rhizosphere soil of continuously cropped rape (*Brassica chinensis* L.). Correlations between functional gene abundance and yield were also analyzed to provide a scientific basis for increasing the yield of continuously cropped vegetables. The results showed that in mildly secondary salinized obstacle soil I (pH 4.3, EC 1 361 μ S/cm) and severely secondary salinized obstacle soil II (pH 4.6, EC 2 200 μ S/cm), B418 significantly increased the emergence rate, survival rate, and yield of rape and increased the absolute abundance of the carbon-fixation gene *cbbL* in rhizosphere soil. In soil I, B418 treatment increased the abundance of the nitrogenase gene *nifH* and the ammonia monooxygenase gene *amoA*, but decreased the abundance of the nitrous oxide reductase gene *nosZ*. In soil II, B418 treatment increased the abundance of *nifH* while decreasing the abundance of *amoA*, the nitrite reductase genes *nirK* and *nirS*, and *nosZ*, with significant differences between treatments. These results indicate that exogenously added B418 can inhibit rhizosphere nitrification and denitrification in continuously cropped rape. Correlation analysis showed that yield was positively correlated with the abundance of *cbbL* and *nifH*, negatively correlated with *nirK*, and significantly negatively correlated with the abundance of *amoA*, *nirS*, and *nosZ*. The abundance of *amoA* was extremely significantly positively correlated with that of *nosZ*, indicating that yield improvement in continuously cropped rape is closely related to rhizosphere microbial carbon-fixation and nitrogen-cycling capacities, as well as to the inhibition of nitrification and denitrification.

Key words : *Burkholderia vietnamiensis* B418; continuous cropping obstacles; *Brassica chinensis* L.; nitrogen-cycling genes; carbon-fixation gene abundance

近年来,为提高蔬菜产量,在设施蔬菜生产过程中普遍存在连作和盲目偏施、滥施肥料的现象。长期过量施肥使养分在土壤中累积,引起土壤次生盐渍化和酸化,导致土壤碳、氮循环能力降低。在土壤生态系统中,微生物几乎驱动着土壤中所有的养分转化过程^[1],碳、氮循环也是碳元素和氮元素在相关微生物功能基因调控下的转化过程,因土壤养分及性状不同而发生变化,探讨调控碳、氮循环的功能基因与连作蔬菜产量间的耦合关系,将为克服土壤连作障碍,促进蔬菜增产提供科学依据。

土壤碳、氮循环被认为是保障土壤肥力和生产力的关键所在。微生物是参与碳、氮循环过程的重要驱动因素,主要通过功能基因来编码各过程中的关键酶,进而调控土壤碳、氮循环过程^[2-3]。土壤固氮作用过程中的固氮酶(*nifH*)、硝化作用过程中的氨单加氧酶(*amoA*)及反硝化作用过程中对应的亚硝酸盐还原基因*nirK*、*nirS*和编码氧化亚氮还原酶的*nosZ*基因被广泛用作功能标志基因来研究氮循环过程^[4-6]。而1,5-二磷酸核酮糖羧化酶 RubisCO I 型的大亚基的编码基因 *cbbL* 常被作为固碳标记物来检测环境中的固碳微生物群落,*cbbL* 基因丰度越高,表示微生物固碳潜力越大^[7-8]。

目前,对碳、氮循环相关微生物研究较广泛,有关功能基因对氮素形态调控、固碳潜力以及影响土壤碳、氮素循环过程的研究较多^[9-14],主要集中在碳、氮添加对土壤碳素、氮素转化功能基因丰度的影响,而对于外源微生物添加对土壤碳素、氮素转化功能基因丰度影响的研究甚少。

B418 是越南伯克霍尔德氏菌(*Burkholderia vietnamiensis*),是从大麦根际土壤中分离获得的多功能菌株,具有固氮、解磷、解钾、促进植物生长及防治真菌和线虫病害的作用,已作为生物农药和生物肥料推广应用于农业生产上^[15]。前期田间试验显示,B418 菌剂可缓解因氮肥过剩导致的土壤盐渍化及酸化对小油菜生产的限制,增产率在 30% 以上。基于此,该研究采用盆栽试验,研究了外源添加多功能菌 B418 对连作小油菜根际土壤氮循环相关功能基因和固碳基因(*cbbL*)的影响,并探讨它们与产量之间的相关性,以期为有益微生物修复小油菜连作障碍机制研究奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试 B418 是越南伯克霍尔德氏菌(*Burkholderia vietnamiensis*),为山东省科学院生态研究所保存菌株。

供试小油菜品种为“黑叶五月慢青菜”,系上海常丰种苗有限公司产品。

供试连作土壤于 2022 年 5 月采自威海益丰农业科技有限公司 16 号棚,棚内位置不同,土壤次生盐渍化情况不同,分别取连作障碍较轻的土壤 I (pH 4.3,电导率 1 361 $\mu\text{S}/\text{cm}$) 和连作障碍较重的土壤 II (pH 4.6,电导率 2 200 $\mu\text{S}/\text{cm}$) 进行试验。其中土壤养分情况详见表 1。

表 1 连作障碍土壤养分情况

Table 1 Nutrient status of continuous-cropping obstacle soils

土壤类型	$w(\text{N})/(\text{g} \cdot \text{kg}^{-1})$	$w(\text{P})/(\text{g} \cdot \text{kg}^{-1})$	$w(\text{K})/(\text{g} \cdot \text{kg}^{-1})$	$w(\text{有机质})/(\text{g} \cdot \text{kg}^{-1})$	$w(\text{有机碳})/(\text{g} \cdot \text{kg}^{-1})$	$w(\text{碱解氮})/(\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1})$	$w(\text{有效磷})/(\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1})$	$w(\text{速效钾})/(\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1})$
土壤 I	0.85	0.60	22.2	14.70	8.5	237	70.4	143
土壤 II	0.80	0.58	21.5	15.1	8.8	261	56.8	160

1.2 试验方法

盆栽试验在山东省科学院生态研究所温室内进行,2022 年 9 月 30 日播种,11 月 14 日收获,生长期为 45 d。试验用盆规格为口径 7.5 cm、底径 5 cm、高 9 cm,每盆装土 200 g,种小油菜种子 10 粒。试验设连作障碍土壤 I、连作障碍土壤 I +B418、连作障碍土壤 II、连作障碍土壤II+B418 共 4 个处理,每处理 6 个重复。添加 B418 处理,在种植时将菌体浓度为 8×10^9 cfu/mL 发酵液加水稀释至 8×10^8 cfu/mL 浇入盆中,每盆浇 10 mL。2022 年 11 月 14 日进行产量测定,并取根际土(根表 1 mm 内的土壤)置于-80 $^{\circ}\text{C}$ 冷冻保存,备以土壤微生物总 DNA 提取。

1.3 项目测定

1.3.1 产量测定

每处理均全部剪取植株地上部,去除不健康叶片,以净菜(进超市标准)产量为准。

1.3.2 土壤微生物总 DNA 提取

采用 Qiagen 公司(德国)Power Soil DNA Isolation Kit 试剂盒提取。每个样品称取 0.25 g 土壤,按试剂盒方法和步骤进行土壤总 DNA 提取。提取的 DNA 用 1% 琼脂糖凝胶电泳,基因组 DNA 浓度和纯度用 NanoDrop2000 光谱仪(美国 Thermo Scientific)测定。

1.3.3 实时荧光定量 PCR 分析

选取根际土壤中固氮酶(*nifH*)基因、氨单加氧酶(*amoA*)基因、亚硝酸盐还原酶(*nirK*、*nirS*)基因和氧化亚氮还原酶(*nosZ*)基因、固碳细菌 *cbbL* 基因进行定量分析,在 CFX96 型荧光定量 PCR 仪(Bio-Rad, Laboratories Inc., Hercules, CA, USA)进行荧光定量 PCR 分析。荧光定量 PCR 的反应体系、扩增程序及熔解曲线程序见文献[16-20],每个样品 3 次重复。分别以含有氨氧化细菌 *amoA* 基因、亚硝酸盐还原酶(*nirK*、*nirS*)基因、一氧化二氮还原酶(*nosZ*)基因和固碳细菌 *cbbL* 基因的重组 PMD18-T 载体作为标准质粒,采用稀释溶液(1:10)制作标准曲线,然后根据标准曲线计算基因丰度。

1.4 数据分析

采用 SPSS 23.0 进行数据分析,不同处理间小油菜产量以及氨氧化细菌 *amoA* 基因、亚硝酸盐还原酶(*nirK*、*nirS*)、氧化亚氮还原酶 *nosZ* 基因拷贝数采用 Duncan 新复极差法进行多重比较($P < 0.05$),并对不同处理间小油菜产量与功能基因丰度进行相关性分析(Pearson, Two-tailed)。采用 GraphPad 对根际土壤微生物基因丰度进行分析并作图。

2 结果与分析

2.1 添加 B418 对连作小油菜出苗、存活及产量的影响

B418 对小油菜出苗、存活及产量的影响详见表 2。由表 2 可知,B418 处理能提高小油菜在连作土壤中

的出苗率、存活率和净菜产量。在连作障碍较轻的土壤 I (pH 4.3,电导率 1 361 $\mu\text{S}/\text{cm}$) 中,添加 B418,小油菜出苗率和存活率分别较对照提高 8.57%和 5.88%,增产率为 26.35%,处理间差异不显著;小油菜在连作障碍重的土壤 II (pH 4.6,电导率 2 200 $\mu\text{S}/\text{cm}$) 中,出苗率为 60%,存活率为 23.33%;用 B418 处理后,小油菜出苗率为 100%,存活率为 33.33%,增产率为 251.43%,处理间差异显著。表明 B418 在连作障碍重的土壤 II 中保苗增产效果优于连作障碍较轻的土壤 I。

表 2 B418 对小油菜出苗、存活及产量的影响

Table 2 Effects of B418 on emergence, survival, and yield of rape

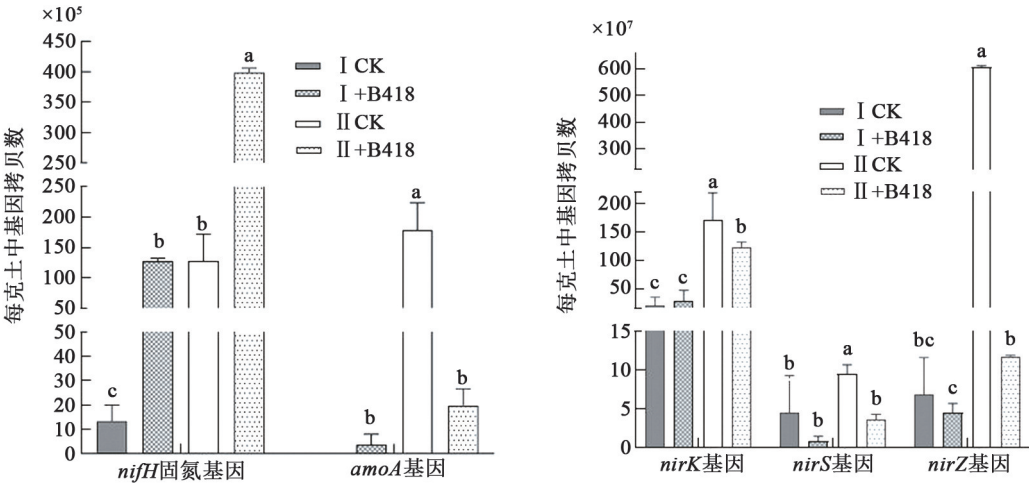
土壤处理	出苗率/%	存活率/%	净菜重/(g·盆 ⁻¹)	增产率/%
土壤 I	87.50±9.57 ^a	85.00±2.45 ^a	5.20±1.15 ^{ab}	—
土壤 I +B418	95.00±5.77 ^a	90.00±8.17 ^a	6.57±1.18 ^a	26.35
土壤 II	60.00±2.65 ^b	23.33±5.77 ^b	1.75±0.95 ^b	—
土壤 II +B418	100.00±0.00 ^a	33.33±5.77 ^b	6.15±2.66 ^a	251.43

注:同列数据不同的小写字母上标分别表示不同处理间差异显著($P<0.05$)。

2.2 添加 B418 对小油菜根际土壤氮循环功能基因的影响

小油菜根际土壤氮循环相关基因的 qPCR 检测结果详见图 1。由图 1 可知,连作障碍较轻的土壤 I 中,添加 B418 处理后,在小油菜收获时,每克根际土壤中 *nifH* 基因拷贝数为 1.28×10^7 ,是对照的 9.51 倍;*amoA* 基因拷贝数为 3.62×10^5 ,对照 *amoA* 基因拷贝数为 0;*nirK* 基因拷贝数是 2.88×10^8 ,是对照的 1.4 倍;*nirS* 基因拷贝数是 7.80×10^6 ,是对照的 0.17 倍;*nosZ* 基因拷贝数是 4.44×10^7 ,是对照的 0.65 倍。表明 B418 在连作障碍较轻的土壤 I 中,能够提高固氮酶 *nifH* 基因丰度,增强氨单加氧酶(*amoA*) 基因丰度,降低氧化亚氮还原酶 *nosZ* 基因丰度。

在连作障碍较重的土壤 II 中,添加 B418 处理后,在小油菜收获时,每克根际土壤中 *nifH* 基因拷贝数为 3.99×10^7 ,是对照的 3.12 倍;*amoA* 基因拷贝数为 1.98×10^6 ,是对照的 0.11 倍;*nirK* 基因拷贝数是 1.24×10^9 ,是对照的 0.66 倍;*nirS* 基因拷贝数是 3.59×10^7 ,是对照的 0.38 倍;*nosZ* 基因拷贝数是 1.17×10^8 ,是对照的 0.019 倍。表明 B418 在连作障碍较重的土壤 II 中,能够提高固氮酶 *nifH* 基因丰度,降低氨单加氧酶(*amoA*),亚硝酸还原酶(*nirK*、*nirS*) 和氧化亚氮还原酶 *nosZ* 基因丰度,且处理间差异显著。表明外源添加 B418,可抑制连作小油菜土壤根际硝化作用和反硝化作用。



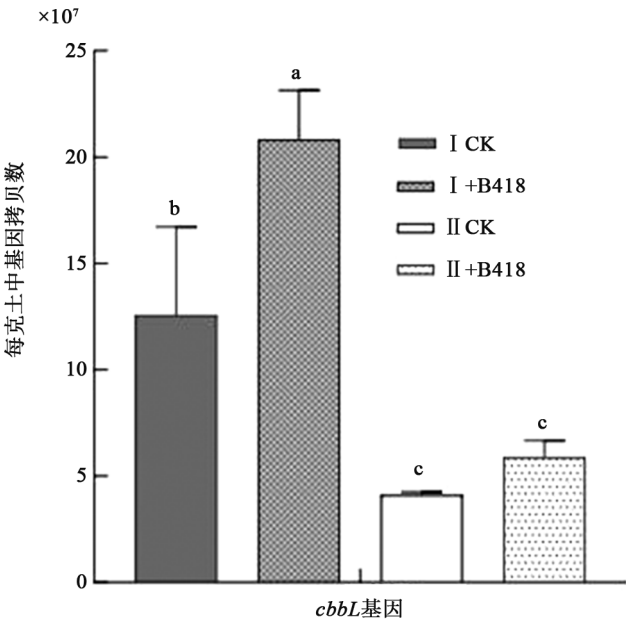
注:不同的小写字母分别表示不同处理间差异显著($P<0.05$)。

图 1 B418 对小油菜根际土壤 *nifH*、*amoA*、*nirK*、*nirS* 和 *nosZ* 基因丰度的影响

Fig.1 Effects of B418 on the abundance of *nifH*, *amoA*, *nirK*, *nirS*, and *nosZ* genes in rape rhizosphere soils

2.3 添加 B418 对小油菜根际土壤固碳细菌 *cbbL* 基因的影响

小油菜根际土壤固碳细菌 *cbbL* 基因的 qPCR 检测结果详见图 2。由图 2 可知,连作障碍较轻的土壤 I 中,添加 B418 处理后,在小油菜收获时,根际土壤中 *cbbL* 基因拷贝数为 2.08×10^8 ,是对照的 1.66 倍。在连作障碍较重的土壤 II 中,添加 B418 处理后,在小油菜收获时,根际土壤中 *cbbL* 基因拷贝数为 5.87×10^7 ,是对照的 1.43 倍,表明 B418 在连作障碍土壤中,能够提高固碳细菌 *cbbL* 基因丰度。



注:不同的小写字母上标分别表示不同处理间差异显著 ($P<0.05$)。

图 2 B418 对小油菜根际土壤 *cbbL* 基因丰度的影响

Fig.2 Effects of B418 on the abundance of the *cbbL* gene in rape rhizosphere soils

2.4 小油菜产量与功能基因丰度的相关性分析

对收获期小油菜产量与功能基因丰度进行相关性分析,结果详见表 3。由表 3 可知,连作小油菜产量与 *cbbL* 和 *nifH* 基因丰度呈正相关,与 *amoA*、*nirS*、*nirK*、*nosZ* 基因丰度呈负相关,且产量与 *amoA*、*nirS* 和 *nosZ* 基因丰度负相关性显著。另外,*amoA* 基因丰度与 *nosZ* 基因丰度呈极显著正相关,与 *nirS*、*nirK* 基因丰度呈正相关。

表 3 功能基因丰度与产量的相关性分析结果

Table 3 Results of correlation analysis between functional gene abundance and yield

基因	<i>nifH</i>	<i>amoA</i>	<i>nirK</i>	<i>nirS</i>	<i>nosZ</i>	<i>cbbL</i>	产量
<i>nifH</i>	1	-0.060	0.44	-0.15	-0.15	-0.27	0.28
<i>amoA</i>		1	0.86	0.90	0.996 **	-0.37	-0.95 *
<i>nirK</i>			1	0.78	0.82	-0.57	-0.74
<i>nirS</i>				1	0.90	-0.69	-0.97 *
<i>nosZ</i>					1	-0.34	-0.97 *
<i>cbbL</i>						1	0.48
产量							1

注: * 代表 $P<0.05$,相关性显著; ** 代表 $P<0.01$,相关性极显著。

3 讨论与结论

本文研究了外源添加 B418 对连作小油菜出苗、存活、产量及其根际土壤固氮(*nifH*)、氨氧化(*amoA*)、反硝化(*nirK*、*nirS* 和 *nosZ*) 和固碳(*cbbL*) 基因丰度的影响,探究氮转化功能基因、细菌固碳基因(*cbbL*) 丰度与产量的关系,为作物在因氮肥过剩导致的连作障碍土壤环境中的增产机制提供依据。

3.1 B418 添加对小油菜产量的影响

该研究中,外源添加 B418 后,与对照相比,小油菜的出苗率、存活率和产量均提高,增产率分别为 26.35% 和 251.43%。高晓红等^[21] 2024 年报道土壤微生物的种类和数量对作物的产量和健康有直接影响,作物连作会导致土壤微生物失衡。本研究中,添加 B418 后,因其具有固氮、解磷、解钾等功能,对连作小油菜的营养吸收有促进作用,提高小油菜的抗逆性,进而提高其产量;另外,B418 具有产胞外多糖的能力,随着这种胞外多糖的加入,植物根际土壤结构会发生变化,同时会引起土壤微生物的群落结构和功能的变化^[22],继而引起相关功能基因丰度的变化,从而来调节土壤中氮素形态及含量的变化,以此改善连作土壤的生产力,提高小油菜产量。

3.2 B418 添加对小油菜根际土壤固氮、氨氧化和反硝化基因丰度的影响

该研究中,外源添加 B418 后,小油菜根际土壤中 *nifH* 基因丰度显著增加,表明 B418 能增强根际固氮作用;而硝化作用过程中的氨氧化(*amoA*) 和反硝化作用过程中的(*nirK*、*nirS*、*nosZ*) 基因丰度变化因土壤连作障碍程度不同,表现不同。在连作障碍较轻的土壤 I (pH 4.3,电导率 1 361 $\mu\text{S}/\text{cm}$) 中,添加 B418, *amoA* 和 *nirK* 基因丰度提高, *nirS* 和 *nosZ* 基因丰度降低;在连作障碍重的土壤 II (pH4.6,EC 2 200 $\mu\text{S}/\text{cm}$) 中,添加 B418,氨单加氧酶 *amoA* 基因、亚硝酸盐还原基因(*nirK*、*nirS*) 和氧化亚氮还原酶 *nosZ* 基因丰度均显著降低。

Arth 等^[23] 报道,水稻根际是硝化—反硝化耦合作用发生的主要区域,硝化作用是反硝化作用的主要底物供给来源。理论上,土壤环境硝化作用降低,反硝化作用也会随之降低。该研究在连作障碍较重的土壤 II 中的研究结果与之相符。即在连作障碍较重的土壤 II 中,B418 能促使小油菜根际土壤的 *nifH* 固氮基因丰度提高,促使硝化作用过程中的氨氧化 *amoA* 基因丰度和反硝化作用过程中的(*nirK*、*nirS*、*nosZ*) 基因丰度降低。

nirK 或 *nirS* 编码的亚硝酸盐还原酶催化由亚硝酸盐还原成 NO 的过程,是土壤中气态氮损失和 N_2O 排放的重要途径^[8]。不同的生态系统 *nirK* 和 *nirS* 基因的相对丰度不同,一些农田生态系统中,*nirS* 基因丰度显著高于 *nirK* 基因丰度^[24-25],然而,该研究中 *nirK* 基因绝对丰度显著高于 *nirS* 基因绝对丰度,说明该研究连作障碍土壤中,*nirK* 型细菌是亚硝酸盐还原过程的主要驱动者,添加 B418,*nirK* 和 *nirS* 的基因绝对丰度之比响应值加大。这与宋延静等^[26] 报道 *nirK* 型反硝化细菌在对不同环境梯度的响应中表现出了更为强大的生境选择相符。

另外,添加 B418 处理, *nirK* 与 *nirS* 基因丰度之和与 *nosZ* 基因丰度之比有所提高,理论上会降低 N_2O 排放,但是否会减少温室效应,有待进一步验证。

3.3 B418 添加对根际土壤固碳细菌(*cbbL*) 基因丰度的影响

研究发现固碳微生物广泛存在于多种生态环境中,目前主要利用分子生物学技术对固碳微生物的丰度、群落组成及多样性进行分析,功能基因丰度越高微生物固碳潜力也越大^[6]。该研究中,添加 B418 后,连作小油菜根际土壤固碳细菌(*cbbL*) 基因丰度提高,表明 B418 促使根际微生物固碳潜力增强。

通常,土壤有机质含量与有机碳含量正相关,有机碳水平与固碳细菌丰度正相关^[18,27],该研究中固碳细菌 *cbbL* 基因丰度与小油菜产量呈正相关,但相关性不显著,可能是因该研究中连作土壤有机质含量为 14.7~15.1 g/kg(依照第二次土壤普查养分分类标准属于中水平),故有机碳含量属于非限制因子有关。

3.4 氮转化功能基因、细菌固碳基因(*cbbL*) 丰度与产量的关系

固氮微生物和固碳微生物对于作物产量提升均具有重要作用^[14,28]。功能基因丰度与产量的相关性分

析结果显示,根际固氮 *nifH* 基因丰度和固碳基因(*cbbL*)丰度均与小油菜产量呈正相关,但相关性不显著,可能与试验土壤中的营养元素含量有关。本研究中的连作土壤为氮肥过剩导致的土壤盐渍化及酸化土壤,氮、碳素含量均属于非限制因子。

硝化作用过程中的氨单加氧酶(*amoA*)及反硝化作用过程中对应的亚硝酸盐还原基因 *nirK*、*nirS* 和编码氧化亚氮还原酶的 *nosZ* 基因丰度均与小油菜产量呈负相关,且与 *amoA*、*nirS* 和 *nosZ* 基因丰度负相关性显著,表明在氮肥过剩导致的连作土壤中,小油菜产量的提高与微生物抑制土壤根际硝化作用和反硝化作用密切相关。

参考文献:

- [1]王程,李玉双,侯永侠,等.生物炭对土壤中温室气体排放的影响及其机理研究进展[J].北方园艺,2023(8):127-132. DOI:10.11937/bfy.20222814.
- [2]刘爽,姚佳妮,张钧杰,等.荒漠豆科灌丛根际土壤氨氧化和反硝化微生物功能基因丰度及群落多样性特征[J].草业学报,2024,33(5):115-127. DOI:10.11686/cyxb2023239.
- [3]郭辉,连延浩,赵志博,等.大豆和玉米茬口对冬小麦根际土壤细菌群落结构和功能的影响[J].河南农业科学,2024,53(7):79-89. DOI:10.15933/j.cnki.1004-3268.2024.07.009.
- [4]Hu Hangwei, Chen Deli, He Jizheng. Microbial regulation of terrestrial nitrous oxide formation: Understanding the biological pathways for prediction of emission rates[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2015, 39(5): 729-749. DOI:10.1093/femsre/fuv021.
- [5]Cui Yongxing, Zhang Yanle, Duan Chengjiao, et al. Ecoenzymatic stoichiometry reveals microbial phosphorus limitation decreases the nitrogen cycling potential of soils in semi-arid agricultural ecosystems[J]. Soil and Tillage Research, 2020, 197: 104463. DOI:10.1016/j.still.2019.104463.
- [6]Che Rongxiao, Qin Jinling, Tahmasbian I, et al. Litter amendment rather than phosphorus can dramatically change inorganic nitrogen pools in a degraded grassland soil by affecting nitrogen-cycling microbes[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, 120: 145-152. DOI:10.1016/j.soilbio.2018.02.006.
- [7]刘洋荧,王尚,厉舒祯,等.基于功能基因的微生物碳循环分子生态学研究进展[J].微生物学通报,2017,44(7):1676-1689. DOI:10.13344/j.microbiol.china.160941.
- [8]袁红朝,秦红灵,刘守龙,等.固碳微生物分子生态学研究[J].中国农业科学,2011,44(14):2951-2958. DOI:10.3864/j.issn.0578-1752.2011.14.012.
- [9]肖红,刘玉玲,刘忠宽,等.氮磷添加对草甸草原土壤氮磷转化功能基因丰度的影响[J].生态学报,2023,43(1):313-326. DOI:10.5846/stxb202112093495.
- [10]唐存柳,靳泽文,姚光伟,等.生物质炭-沼液联合施用对调控氮循环功能基因促进氮素增效的影响[J].环境化学,2023,42(8):2843-2852. DOI:10.7524/j.issn.0254-6108.2022030601.
- [11]虞璐.生物质炭对酸化土壤的改良效应及其对土壤硝化作用的影响[D].杭州:浙江大学,2019.
- [12]刘发波,马笑,张芬,等.硝化抑制剂对我国蔬菜生产产量、氮肥利用率和氧化亚氮减排效应的影响:Meta分析[J].环境科学,2022,43(11):5140-5148. DOI:10.13227/j.hjks.202112046.
- [13]童帅.水稻、小麦内生固氮菌固氮酶 *nifH* 基因多样性及其活性研究[D].北京:中国农业科学院,2020.
- [14]郝紫玉,邵亚旭,刘涛,等.东北农田黑土固碳微生物研究进展[J].微生物学通报,2024,51(6):1873-1886. DOI:10.13344/j.microbiol.china.230923.
- [15]刘敏敏,吴远征,扈进冬,等.越南伯克霍尔德氏菌 B418 的红色荧光蛋白标记及功能稳定性[J].山东科学,2023,36(1):51-57. DOI:10.3976/j.issn.1002-4026.2023.01.007.
- [16]Wei Yanli, Yang Han, Hu Jindong, et al. *Trichoderma harzianum* inoculation promotes sweet sorghum growth in the saline soil by modulating rhizosphere available nutrients and bacterial community[J]. Frontiers in Plant Science, 2023, 14: 1258131. DOI:10.3389/fpls.2023.1258131.

- [17]董成, 陈智勇, 谢迎新, 等. 生物炭连续施用对农田土壤氮转化微生物及 N_2O 排放的影响[J]. 中国农业科学, 2020, 53(19): 4024-4034. DOI:10.3864/j.issn.0578-1752.2020.19.015.
- [18]刘茗, 曹林桦, 刘彩霞, 等. 亚热带 4 种典型森林植被土壤固碳细菌群落结构及数量特征[J]. 土壤学报, 2021, 58(4): 1028-1039. DOI:10.11766/trxb202005110021.
- [19]储成, 吴赵越, 黄欠如, 等. 有机质提升对酸性红壤氮循环功能基因及功能微生物的影响[J]. 环境科学, 2020, 41(5): 2468-2475. DOI:10.13227/j.hjlx.201911013.
- [20]刘领, 马宜林, 悦飞雪, 等. 生物炭对褐土旱地玉米季氮转化功能基因、丛枝菌根真菌及 N_2O 释放的影响[J]. 生态学报, 2021, 41(7): 2803-2815. DOI:10.5846/stxb202006041438.
- [21]高晓红, 刘洪波, 赵志鑫, 等. 土壤微生物种类和数量与农作物产量和健康之间的关系[J]. 数字农业与智能农机, 2024(1): 51-53. DOI:10.3969/j.issn.2097-065X.2024.01.017.
- [22]魏宏宇, 李怡, 彭帅英, 等. 胞外多糖促进胁迫条件下农作物生长的研究与展望[J]. 江苏农业学报, 2022, 38(4): 1123-1134. DOI:10.3969/j.issn.1000-4440.2022.04.032.
- [23]Arth I, Frenzel P, Conrad R. Denitrification coupled to nitrification in the rhizosphere of rice[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1998, 30(4): 509-515. DOI:10.1016/S0038-0717(97)00143-0.
- [24]Yang Yadong, Hu Yuegao, Wang Zhimin, et al. Variations of the nirS-, nirK-, and nosZ-denitrifying bacterial communities in a northern Chinese soil as affected by different long-term irrigation regimes[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2018, 25(14): 14057-14067. DOI:10.1007/s11356-018-1548-7.
- [25]Yin Chang, Fan Fenliang, Song Alin, et al. Denitrification potential under different fertilization regimes is closely coupled with changes in the denitrifying community in a black soil[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2015, 99(13): 5719-5729. DOI:10.1007/s00253-015-6461-0.
- [26]宋延静, 马兰, 李俊林, 等. 山东省盐渍化地区芦苇根际反硝化细菌群落结构研究[J]. 山东农业科学, 2021, 53(12): 137-142. DOI:10.14083/j.issn.1001-4942.2021.12.022.
- [27]Tabita F R. Molecular and cellular regulation of autotrophic carbon dioxide fixation in microorganisms[J]. Microbiological Reviews, 1988, 52(2): 155-189. DOI:10.1128/mr.52.2.155-189.1988.
- [28]张爽, 刘涛, 郝紫玉, 等. 东北黑土区农田土壤固氮微生物特征研究进展[J]. 水土保持学报, 2025, 39(6): 13-26. DOI:10.13870/j.cnki.stbxb.2025.06.015.

