



朱宏相, 曾月, 杨伟, 谢青芸, 吴建伟, 聂江文, 朱波, 刘章勇. 短期紫云英替代无机氮肥对再生稻田土壤硝化微生物群落结构的影响[J]. 中国农业大学学报, 2025, 30(12):265-279.

ZHU Hongxiang, ZENG Yue, YANG Wei, XIE Qingyun, WU Jianwei, NIE Jiangwen, ZHU Bo, LIU Zhangyong. Effects of short-term Chinese milk vetch replacing inorganic nitrogen fertilizer on the community structure of nitrifying microorganisms in ratoon paddy soil [J]. *Journal of China Agricultural University*, 2025, 30(12):265-279.

DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2025.12.22

短期紫云英替代无机氮肥对再生稻田土壤硝化微生物群落结构的影响

朱宏相^{1,2} 曾月³ 杨伟¹ 谢青芸¹ 吴建伟⁴ 聂江文^{1*} 朱波¹ 刘章勇¹

(1. 长江大学 农学院/湿地生态与农业利用教育部工程研究中心/涝渍灾害与湿地农业湖北省重点实验室, 湖北 荆州 434025;

2. 湖北省水稻产业技术研究院, 湖北 荆州 434200;

3. 荆州市气象局, 湖北 荆州 434020;

4. 宣恩县财政局晓关财政所, 湖北 恩施 445512)

摘要 为探讨不同比例紫云英替代无机氮肥对南方再生稻田土壤氨氧化细菌(AOA)和氨氧化古菌(AOB)群落结构的影响及驱动因子, 设置5个处理: 不施氮(CK)、100% 尿素(CF)、20% 紫云英+80% 尿素(MVCF1)、40% 紫云英+60% 尿素(MVCF2)、100% 紫云英(CMV), 测定土壤理化性质及微生物群落结构。结果表明: 不同时期所导致的土壤理化性质变化幅度(0.7%~279.7%)要高于不同紫云英还田处理的影响(1.4%~105.9%)。在绿肥腐解期, 与CF相比, MVCF2和CMV的铵态氮显著升高167.5%和79.3% ($P<0.05$)。同一时期MVCF2处理的AOA和AOB群落丰富度最高。主成分分析显示AOA和AOB群落结构在不同时期发生显著分离, 而同一时期不同紫云英处理间变化较小。冗余分析表明, 全氮、全碳和碳氮比是AOA群落结构的主要环境因子, 硝态氮则是AOB群落的主要驱动因子。此外, 与CF相比, 紫云英处理降低了氨氧化群落结构的复杂性(网络节点和边数量降低了57.0%~92.5%), 提高了群落结构的稳定性(模块化系数升高了2.48倍)。本研究为南方再生稻田绿肥管理提供了科学依据, 对粮食安全保障及水稻产业的环境友好型可持续发展具有重要意义。

关键词 再生稻; 绿肥; 氨氧化细菌; 氨氧化古菌; 共线性网络分析

中图分类号 S142;S551

文章编号 1007-4333(2025)12-0265-15

文献标志码 A

Effects of short-term Chinese milk vetch replacing inorganic nitrogen fertilizer on the community structure of nitrifying microorganisms in ratoon paddy soil

ZHU Hongxiang^{1,2}, ZENG Yue³, YANG Wei¹, XIE Qingyun¹, WU Jianwei⁴, NIE Jiangwen^{1*}, ZHU Bo¹, LIU Zhangyong¹

(1. Hubei Key Laboratory of Waterlogging Disaster and Agricultural Use of Wetland/Engineering Research Center of Ecology and Agricultural Use of Wetland, Ministry of Education, College of Agriculture, Yangtze University, Jingzhou 434025, China;

2. Hubei Rice Industry Technology Research Institute, Jingzhou 434200, China;

3. Jingzhou Meteorological Bureau, Jingzhou 434020, China;

4. Xiaoguan Finance Office, Xuanen County Finance Bureau, Enshi 445512, China)

收稿日期: 2025-06-03

基金项目: 国家自然科学基金项目青年科学基金项目(32401972); 湖北省教育厅科研计划青年项目(Q20231310); 湖北省自然科学基金项目(2024AFA078); 长江大学湿地生态与农业利用教育部工程研究中心开放基金项目(KF202309, KFK202404)

第一作者: 朱宏相(ORCID:0009-0003-2742-2721), 硕士研究生, E-mail: 2939654280@qq.com

通讯作者: 聂江文(ORCID:0000-0003-0881-0115), 讲师, 主要从事稻田农作制度研究, E-mail: 13437203646@163.com

Abstract In order to explore the effects of different proportions of Chinese milk vetch instead of inorganic nitrogen fertilizer on the community structure of ammonia-oxidizing bacteria (AOA) and ammonia-oxidizing archaea (AOB) in reclaimed paddy soil in southern China and their driving factors. In this study, five treatments were set up: No nitrogen (CK), 100% urea (CF), 20% Chinese milk vetch+80% urea (MVCF1), 40% Chinese milk vetch +60% urea (MVCF2), 100% Chinese milk vetch (CMV). The soil physical and chemical properties and microbial community structure were determined. The variation range of soil physical and chemical properties caused by different periods (0.7%-279.7%) was higher than that of different Chinese milk vetch returning treatments (1.4%-105.9%). During the decomposition period of green manure, compared with CF, the ammonium nitrogen of MVCF2 and CMV was significantly increased by 167.5% and 79.3% ($P<0.05$), respectively. During the same period, the AOA and AOB community richness of MVCF2 treatment was the highest. Principal component analysis showed that the community structure of AOA and AOB was significantly separated in different periods, while there was little change between different Asinicus treatments in the same period. Redundancy analysis showed that total nitrogen, total carbon and carbon-nitrogen ratio were the main environmental factors of AOA community structure, while nitrate nitrogen was the main driving factor of AOB community. In addition, compared with CF, Chinese milk vetch returning treatment reduced the complexity of ammonia-oxidizing community structure (the number of network nodes and edges decreased by (57.0%-92.5%)), and improved the stability of community structure (the modularity coefficient increased by 2.48 times). In summary, compared with fertilization, the effect of period changes on soil nitrifying microbial community structure is more significant. MVCF2 treatment can increase community richness, and Chinese milk vetch returning to the field helps to enhance the stability of nitrifying microbial community structure. This study provides scientific basis for the management of green manure in southern reclaimed rice fields, which is of great significance for food security and environmentally friendly sustainable development of the rice industry.

Keywords ratoon rice; green manure; ammonia oxidizing bacteria; ammonia oxidizing archaea; co-occurrence networks

土壤微生物是土壤的重要组成部分,在维持土壤肥力、品质和作物生产力方面发挥着不可或缺的作用^[1-2]。土壤中的氮素转化过程主要包括硝化与反硝化。硝化过程中,铵被氨氧化古菌(AOA)和氨氧化细菌(AOB)氧化为亚硝酸氮和硝氮,因此,这些微生物类群在农田生态系统的可持续发展中扮演着关键角色^[3]。过量施肥常导致土壤酸化、硝态氮淋失和肥料利用效率下降等问题,这与硝化微生物的活动密切相关^[4-5]。因此,研究土壤硝化微生物对农田施肥管理措施的响应,有助于提高肥料利用效率、减少温室气体排放,并促进农业生态发展。

绿肥作为优质有机肥源,能够通过翻压还田改善土壤结构、增强肥力、缓解土壤酸化、提高微生物活性与多样性,从而减少化肥依赖,提升产量^[6-7]。紫云英(*Astragalus sinicus* L.)是中国常见的冬季绿肥作物,研究表明,紫云英还田能够改善土壤理化性质,增加土壤微生物数量及多样性^[8-9]。例如,紫云英还田能增加土壤有机质含量,降低铵态氮浓度,并影响 AOA 和 AOB 的丰度^[10-11]。部分研究指出,紫云英还田改变了土壤的氮素状态,促进了 AOA 的群落结构变化,

但对 AOB 的影响较小^[10]。施氮肥对 AOA 和 AOB 的影响有所不同。氮肥施用通常显著改变 AOB 的群落结构,降低 AOB 的丰度,而对 AOA 的影响较小^[12-13]。AOB 偏好高氨氮环境,因此对化肥氮的响应较为敏感;而 AOA 对紫云英绿肥的响应更为显著,长期种植紫云英会提高 AOA 的多样性指数。AOA 偏好矿化氮,且其群落结构与土壤有机质和全氮含量密切相关^[14-15]。有相关研究表明, AOA 丰度随氮肥添加量的增加而显著下降,并形成了更加复杂的微生物网络结构,加剧了物种间的竞争^[16]。

不同紫云英还田量对于土壤硝化微生物的活性影响有所不同,随着紫云英还田量的升高,其腐解时间也会随之增长,导致土壤氧化还原电位(Eh)降低,低 Eh 环境会促进硝酸盐被还原为 N_2O 或 N_2 ,从而抑制硝化微生物的生长^[17-18]。同时水稻生长过程中 AOA 和 AOB 的丰度呈现出不同的趋势。具体来说,在水稻的不同生育期,如孕穗期、分蘖期和成熟期, AOA 和 AOB 的丰度依次降低^[19]。这可能与水稻根系的泌氧能力相关,随着水稻生长,氧化还原电位增高,促进了氨氧化微生物的生长^[20-21]。然而,在紫云

英的腐解期,紫云英分解过程中消耗大量水分,可能导致土壤缺氧,进而影响硝化微生物的生长^[22-23]。

目前,针对紫云英与氮肥减量配施对土壤硝化微生物群落的调控机制的研究仍较为有限,尤其是在紫云英腐解期的相关研究较少。该模式对土壤硝化微生物群落结构的影响,特别是在绿肥还田腐解期和水稻生育期,仍需进一步探索。再生稻作为一种新型的水稻栽培模式,近年来在长江中下游地区得到迅速发展。该模式与绿肥的应用相结合,不仅能提高土壤肥力,还能促进农业生产的绿色低碳发展。也有相关研究表明在再生稻田中,绿肥和化肥配施可以降低硝化微生物的丰度,减少亚硝酸盐积累,从而减少 N_2O 产生^[24-25]。目前针对紫云英与氮肥减量配施对土壤硝化微生物群落的影响鲜见报道。因此,本研究拟通过 3 年短期的田间定位试验,采用高通量测序技术,探究紫云英不同还田量对再生稻田土壤硝化微生物群落结构的动态影响及驱动因素,以期对稻田养分管理提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验于 2020—2022 年在湖北省荆州市长江大学农学院太湖农场试验基地($30^{\circ}6'N$, $111^{\circ}54'E$)开展。试验区地处江汉平原核心地带,属北亚热带湿润季风气候区,水热同期特征显著。年均气温 16.9°C ,年降水量 $1\ 100\text{ mm}$ 左右,年均日照时数 $1\ 800\text{ h}$,无霜期 251 d 。供试土壤为潜育型水稻土(粉质中壤),基础肥力指标: $\text{pH}\ 5.53$,有机质 16.80 g/kg ,全氮 1.59 g/kg , $\text{C/N}=8.26$ (全碳 13.13 g/kg),速效磷 5.17 mg/kg ,速效钾 129.59 mg/kg 。

1.2 试验设计

基于紫云英-再生稻轮作模式,采用随机区组试验设计,设置 5 个处理:1)不施氮(对照,CK),2)100% 尿素(CF),3)MVCF1(20% 紫云英+80% 尿素),4)MVCF2(40% 紫云英+60% 尿素),5)CMV(100% 紫云英),小区面积为 $1\text{ m}\times 1\text{ m}$ 的微区,每个处理 3 次重复。除 CK 外,其余施肥处理再生稻全生育期施氮总量为 300 kg/hm^2 (头季:再生季=6:4),头季氮肥按基肥:分蘖肥:孕穗肥=4:3:3 分施,再生季按催芽肥:穗肥=6:4 施用。紫云英(‘湘肥 3 号’)于盛花期收获,按实测含氮量 2.19%、含水率 85.6% 折算施用量,用于替代无机氮肥投入。其中

磷肥为过磷酸钙,钾肥为氯化钾,磷钾肥施用量为 $180\text{ P}_2\text{O}_5\text{ kg/hm}^2$ 和 $150\text{ K}_2\text{O kg/hm}^2$,均作基肥一次性施入。

1.3 样品采集及处理

分别于 2022 年紫云英还田 14 d 后(2022 年 4 月 26 日)和再生稻分蘖盛期(2022 年 6 月 15 日)采集 2 次样品。使用小型不锈钢土钻采样器利用五点取样法采集 5~20 cm 土样。剔除植物残渣和石砂等杂物后,均匀混合后储存于封口袋中,一部分土壤样本采用液氮速冻,冷藏于 -80°C 冰箱保存,用于微生物丰度和结构分析;一部分样本带回实验室后,冷藏于 4°C 冰箱,用于铵态氮、硝态氮及含水量测定;最后一部分样本经自然风干后过筛,用于可溶性有机碳(DOC)、全碳、全氮含量检测。

1.4 理化指标分析

土壤基础理化性状的测定参考《土壤农化分析》^[26]。土壤 pH 采用便携式土壤 pH 检测仪原位测定,土温采用土温计(TM902C 型)原位测定,铵态氮采用 KCl 浸提-靛酚蓝法测定,硝态氮采用双波长紫外法测定,全碳和全氮采用元素分析仪(Costech ECS 4010)测定,可溶性有机碳采用油溶重铬酸钾法测定,土壤含水量采用烘干法测定。

1.5 DNA 提取

DNA 采用 DNA 试剂盒(FastDNA Spin Kit for Soil, USA),从 -80°C 低温冷冻处理后的 0.35 g 土壤样品中提取。用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测总 DNA,提取 DNA 的浓度和纯度($A_{260/280}$)用 NanoDrop ND-1000 UVevis 分光光度计检测(ThermoScientific, Rockwood, TN, USA)。

1.6 高通量测序

DNA 提取之后使用 PCR 仪(ABI GeneAmp[®] 9700 型)进行 PCR 的扩增,PCR 扩增的引物同上。PCR 扩增采用 TransGen AP221-02(TransStart Fastpfu DNA Polymerase),以实现目的片段的快速扩增,保障扩增序列准确性。全部样本按照正式实验条件进行,每个样本 3 个重复,将同一样本的 PCR 产物混合后用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测,使用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒(AXYGEN 公司)切胶回收 PCR 产物,Tris-HCl 洗脱;2% 琼脂糖电泳检测。参照电泳初步定量结果,将 PCR 产物用 QuantiFluor[™]-ST 蓝色荧光定量系统(Promega 公司,美国)进行检测定量,之后按照每个样本的测序量

要求,进行相应比例的混合,使用NEXTFLEX Rapid DNA-Seq Kit进行建库。利用Illumina公司的Miseq PE300平台进行测序,测序工作委托上海美吉生物医药科技公司完成。基于最小测序深度原则(Minimum sample sequencing depth)进行稀疏曲线标准化(Rarefaction analysis),对各个样品进行抽平处理,采用基于属频数分布的Chao1估算法表征物种丰富度(Community richness),应用shannon群落nnon-Wiener index评估群落多样性(Community diversity)。

1.7 数据分析

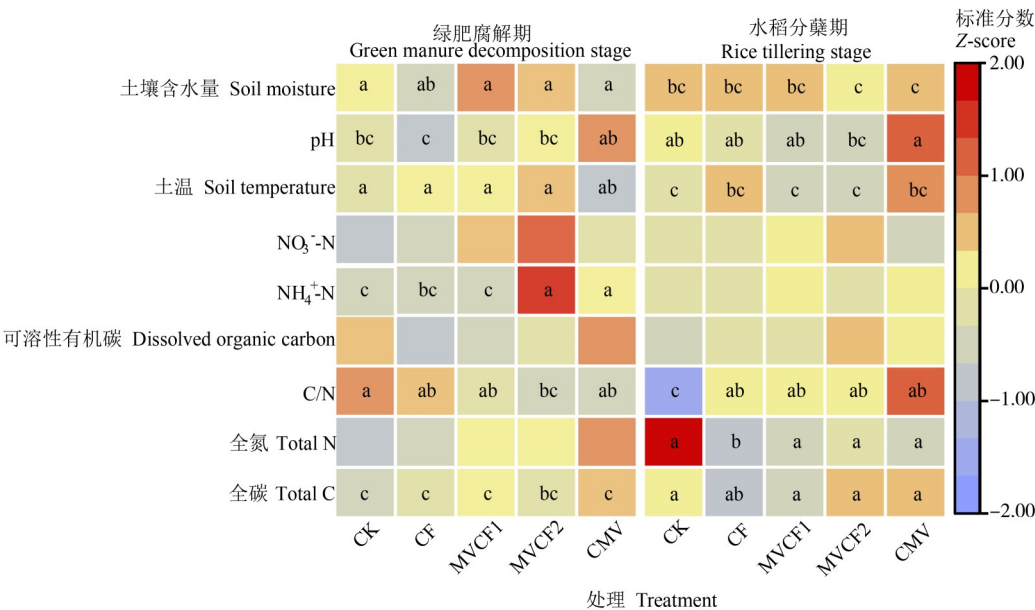
OTU聚类采用Uparse v7.0(97%相似度),物种注释基于RDP分类器。本研究数据用Excel 2019和SPSS 26.0进行保存和统计分析;方差分析比较采用LSD法,在 $P<0.05$ 的水平下检验差异显著性。利用Z-score标准化对土壤理化性质进行标准化处理^[27]。采用mothur软件(<http://www.mothur.org/wiki/Calculators>)计算Alpha多样性指数的Chao指数和Shannon指数,采用CANOCO进行基于欧式距离算法的主成分分析(PCA)并作图,并结合Adonis非参数检验分析微生物群落结构样本间是否差异显著,土壤理化因子和群落组成热图采用Origin 2019

作图。R语言中的“vegan”包用于冗余分析(RDA),利用R语言的“Hmisc”包和Gephi0.9.2进行共线性网络分析。其中网络中的节点代表群落中的物种,节点的大小代表节点与其周边环境(邻接的节点)的连通程度。边代表物种间的联系,平均连通度评估种间的物质信息传递效率,模块化评估群落结构稳定性^[28]。试验结果均以3次重复的平均值±标准误表示。

2 结果与分析

2.1 不同紫云英和氮肥配施对稻田土壤理化性质的影响

由图1可知,在绿肥腐解期,MVCF2处理的铵态氮浓度和土温最高,其中CF处理的pH最低;MVCF2和CMV处理的TC值均高于其他处理,但显著不差异;pH随着紫云英替代率的增加而增加,与CF相比,CMV处理的pH显著升高10.9% ($P<0.05$);MVCF2和CMV的铵态氮显著升高167.5%和79.3% ($P<0.05$)。水稻分蘖期,土壤TC随着紫云英替代率的增加而增加,但处理间显著不差异,其中施肥处理的C/N均显著高于CK ($P<0.05$);与CK相比,不同紫云英还田量处理下



CK,不施氮;CF,100% 尿素;MVCF1,20% 紫云英+80% 尿素;MVCF2,40% 紫云英+60% 尿素;CMV,100% 紫云英。不同的小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。下同。

CK, No nitrogen; CF, 100% urea; MVCF1, 20% Chinese milk vetch+80% urea; MVCF2, 40% Chinese milk vetch+60% urea; CMV, 100% Chinese milk vetch. Different lowercase letters indicated significant differences between treatments ($P<0.05$). The same below.

图1 不同紫云英和氮肥配施对土壤理化性质的影响

Fig. 1 Effects of different Chinese milk vetch and nitrogen fertilizer on soil physical and chemical properties

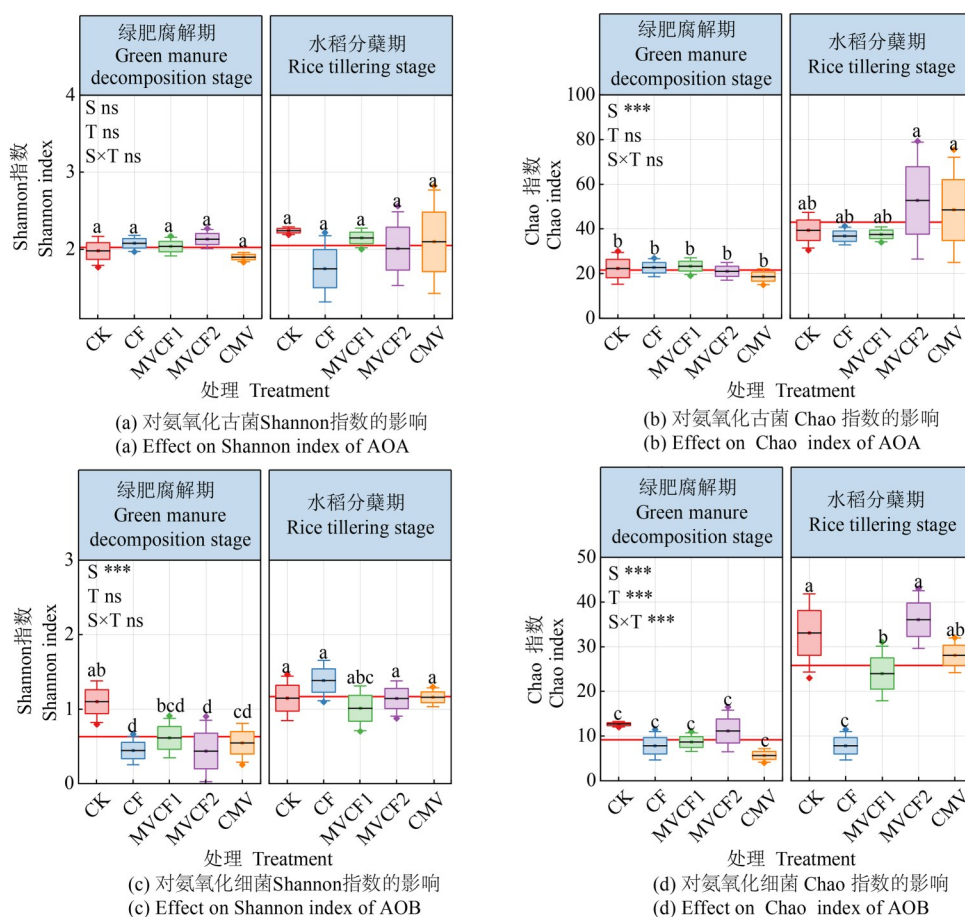
TN 和 C/N 分别显著降低 48.2%~56.1% 和增加 56.1%~92.2% ($P<0.05$), 而其他理化性状在这一时期无明显差异; 各处理土壤全碳、全氮和土壤 pH 高出绿肥腐解期 7.3%~279.7%, 但铵态氮、土温和土壤含水量比绿肥腐解期降低了 14.3%~61.0%; 除 CK 外, 其余各处理土壤硝态氮浓度均低于绿肥还田期。不同紫云英还田处理下土壤理化性质变化幅度为 1.4%~105.9%, 不同取样时期下土壤理化性质变化幅度为 0.7%~279.7%。综上, 不同紫云英还田处理对土壤理化性质的影响较小, 而时期变化对土壤理化性质的影响更为强烈。

2.2 不同紫云英和氮肥配施对 AOA 和 AOB 群落 α 多样性的影响

对于 AOA, 不同时期以及施肥处理对 Shannon

指数没有显著影响, 但不同时期群落的 Chao 指数存在显著差异 ($P<0.05$, 图 2(a) 和 2(b))。在分蘖期, AOA 群落的 Chao 指数高于绿肥还田期, 增加的百分比为 60.9%~159.8%, 其中 MVCF2 处理的 Chao 指数最高; 此外, 相同时期下不同紫云英还田处理间 AOA 群落的丰富度和多样性没有显著差异。

对于 AOB, 不同时期群落的 Chao 指数和 Shannon 指数均存在显著差异 ($P<0.05$), 分蘖期群落的 Chao 指数和 Shannon 指数都高于绿肥腐解期 (图 2(c) 和 2(d))。其中, 不同处理对分蘖期 AOB 群落的 Chao 指数有显著影响 ($P<0.05$), MVCF2 处理的 Chao 指数同样也是最高的。综上, 时期变化对 AOA 群落的丰富度、AOB 群落的多样性及丰富度存在显著影响 ($P<0.05$), 其中 AOB 群落多样性对时



S, 时期; T, 施肥处理; S×T, 时期与施肥处理的交互作用。***表示差异极显著 ($P<0.001$); ns 表示差异不显著 ($P>0.05$)。黑线代表平均值, 红线代表整个时期的平均值。

S, Period; T, Fertilization treatment; S×T, Interaction between period and fertilization treatment. *** indicates extremely significant difference ($P<0.001$); ns indicates no significant difference ($P>0.05$). The black line represents the average value, and the red line represents the average value of the whole period.

图 2 不同紫云英和氮肥配施对土壤中 AOA 和 AOB 群落 Alpha 多样性的影响

Fig. 2 Effects of different Chinese milk vetch and nitrogen fertilizer on the Alpha diversity of AOA and AOB communities in soil

期更为敏感,并且在紫云英还田比例为40%时,可优化AOA和AOB群落丰富度。

2.3 不同紫云英和氮肥配施对AOA和AOB群落组成的影响

AOA群落组成中 *norank_p_Thaumarchaeota*、*norank_d_Bacteria*、*unclassified_d_Unclassified*、*norank_p_Crenarchaeota* 为属水平上的4个主要类群,分别占比43.9%~59.7%、16.5%~32.0%、4.7%~14.6%和3.4%~28.0%(图3(a))。在分蘖期,AOA

各属水平的类群占比各处理间没有显著差异。在绿肥腐解期,紫云英还田处理的 *unclassified_d_Unclassified* 属的相对丰度相较于单施氮肥都有所降低,其中MVCF1处理降低的最多,下降了9.1%($P<0.05$)。MVCF1还田处理的 *unclassified_k_norank_d_Archaea* 属的相对丰度相较于不施氮肥处理增加了5.8%($P<0.05$)。就时期变化而言,紫云英还田绿肥腐解期各处理(除了MVCF1以外)的 *norank_p_Thaumarchaeota* 相对丰度均高于水稻分蘖期。

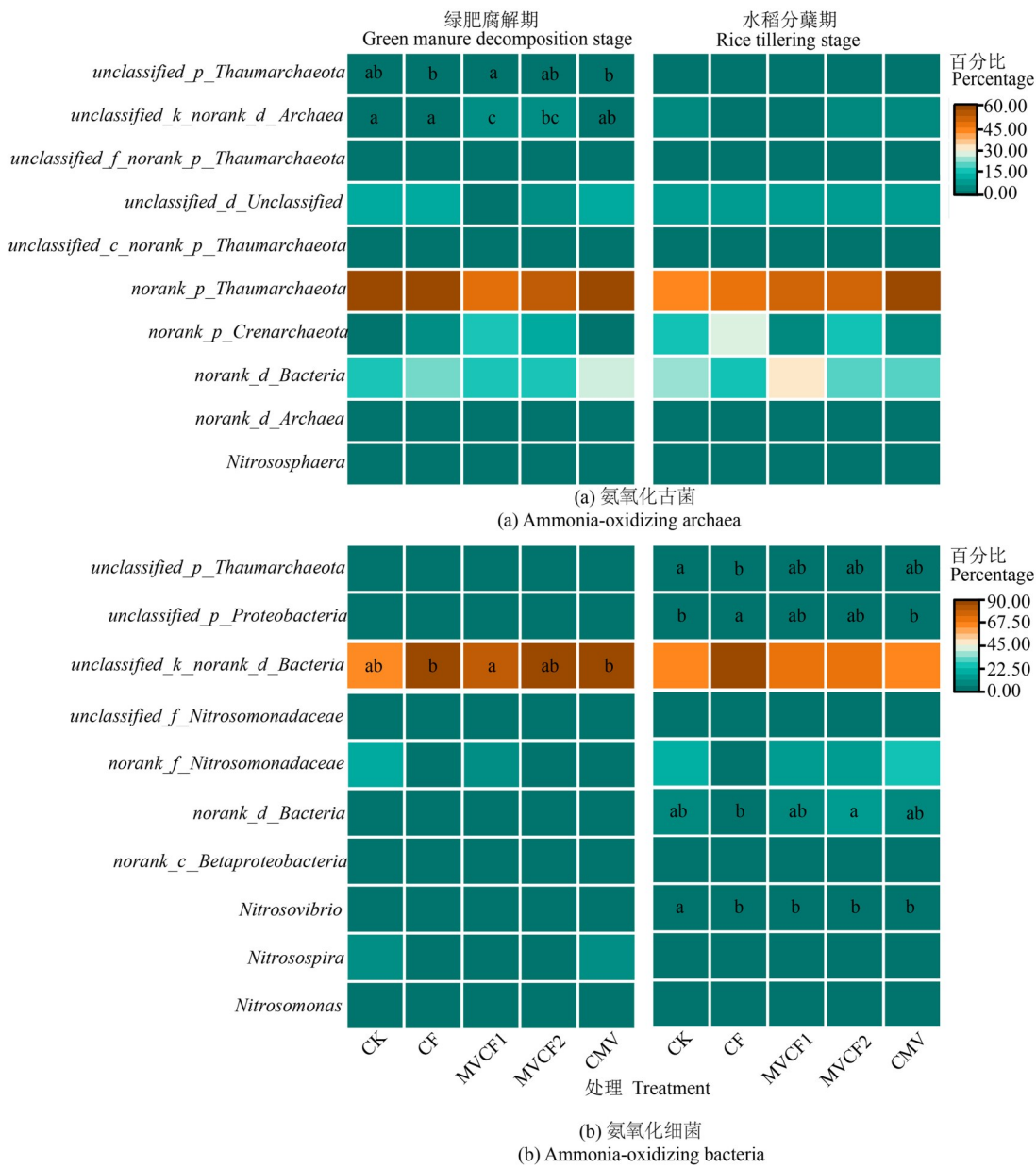


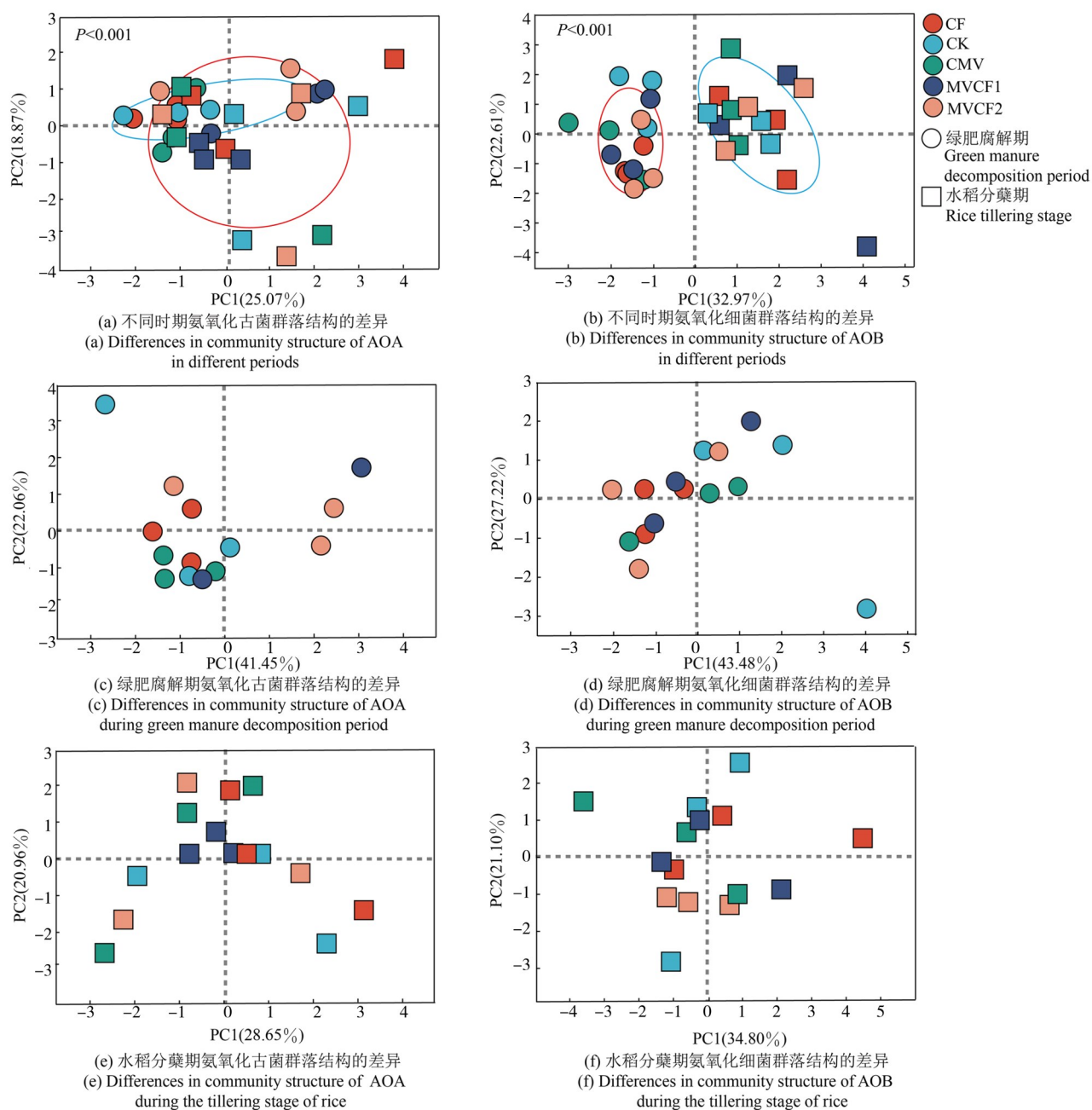
图3 不同紫云英和氮肥配施对AOA和AOB优势属水平群落相对丰度的影响

Fig. 3 Effects of combined application of different Chinese milk vetch and nitrogen fertilizer on the relative abundance of AOA and AOB dominant genus level communities

unclassified_k_norank_d_Bacteria、*norank_f_Nitrosomonadaceae*、*norank_d_Bacteria*、*Nitrospira* 为 AOB 属水平上 4 个主要的类群, 分别占比 63.8%~89.5%、0.9%~22.8%、0.6%~13.8%、0.3%~9.7% (图 3(b))。在分蘖期, 已分类的微生物中的 *Nitrosovibrio* 在各处理间存在显著差异 ($P < 0.05$)。其

中紫云英还田和施氮肥降低了 *Nitrosovibrio* 属相对丰度。可见, 不同紫云英还田处理与不施肥或施氮肥相比均能改变稻田土壤 AOA、AOB 群落结构, 且绿肥腐解期和水稻分蘖期 AOA、AOB 群落结构也存在差异。

两时期 AOA 群落结构存在极显著差异 (图 4(a), $P < 0.001$), 轴 1 和轴 2 解释了总变异的 43.9%, 绿肥



PC1 和 PC2 代表主成分分析中最重要的 2 个组分。

PC1 and PC2 represent the two most important components in principal component analysis.

图 4 不同紫云英和氮肥配施下 AOA 和 AOB 的主成分 (PCA) 分析

Fig. 4 Principal component analysis (PCA) of AOA and AOB under different combined application of Chinese milk vetch and nitrogen fertilizer

还田期的样本比分蘖期的样本更为集中。在腐解期,轴1和轴2解释了总变异的63.5%(图4(c)),其中CK和CF的群落结构彼此之间更为相似,而与紫云英替代氮肥的处理之间群落结构则差异较大。在分蘖期,轴1和轴2解释了总变异的49.6%(图4(e)),各处理间显著不差异(图5(c), $P=0.95$)。两时期AOB群落结构同样存在极显著差异(图4(b), $P<0.001$),轴1和轴2解释了总变异的55.6%,其绿肥腐解期的样本比分蘖期的样本更为集中。在腐解期,轴1和轴2解释了不同处理在腐解期总变异的70.7%(图4(d))。在分蘖期,轴1和轴2解释了分蘖期总变异的55.9%(图4(f)),各处理间没有显著差异(图5(d), $P=0.99$)。总之,相比于施肥,时期变化对于AOA和AOB群落结构的影响更大,腐解期不同紫云英还田处理间的群落结构较为稳定。

2.4 Alpha多样性、AOA和AOB群落相对丰度与土壤理化性质的关系

由图6可知, AOA群落的Chao指数与土壤TC、TN及pH呈显著正相关,与铵态氮、土温和土

壤含水量呈显著负相关($P<0.05$)。AOB群落的Chao指数与土壤的TC和TN呈显著正相关,与土温和土壤含水量呈显著负相关($P<0.05$);而AOB群落Shannon指数与TC和pH呈显著正相关,与铵态氮、土温和土壤含水量呈显著负相关($P<0.05$)。

在已分类属水平的微生物群落结构中, AOA群落结构组成中的属与土壤理化性质呈不同的相关关系,其中 *Nitrososphaera* 的相对丰度与土壤TC、DOC和pH呈显著负相关,但与土温显著正相关($P<0.05$)。而在AOB群落结构中, *Nitrosomonas* 的相对丰度与TC呈显著正相关,与土温和土壤含水量呈负相关($P<0.05$); *Nitrosovibrio* 的相对丰度与TN呈显著负相关($P<0.05$)。以上结果表明, AOA、AOB群落结构会受到土壤理化性质的不同影响,土温、土壤含水量及TC、TN对群落相对丰度的影响较大。

2.5 AOA和AOB群落结构与土壤性质关系的冗余分析

基于RDA分析,进一步揭示影响土壤群落结

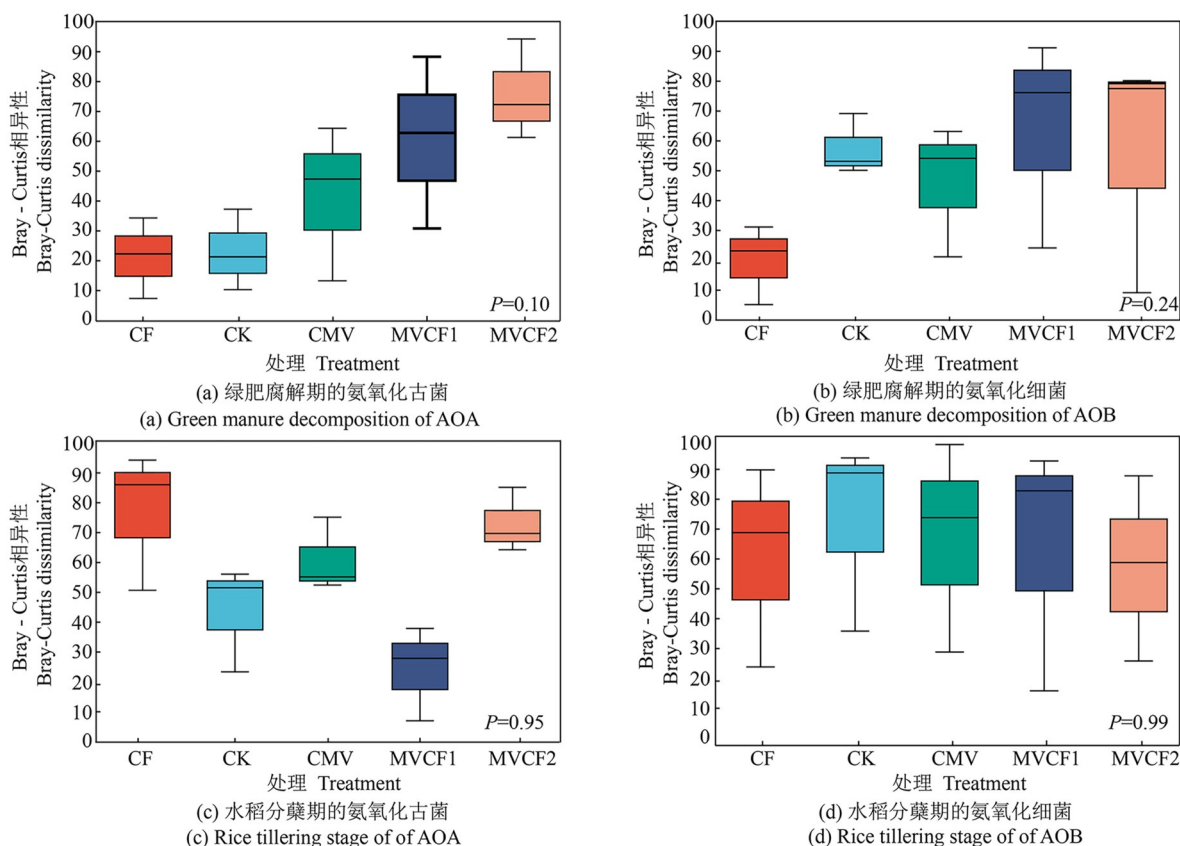
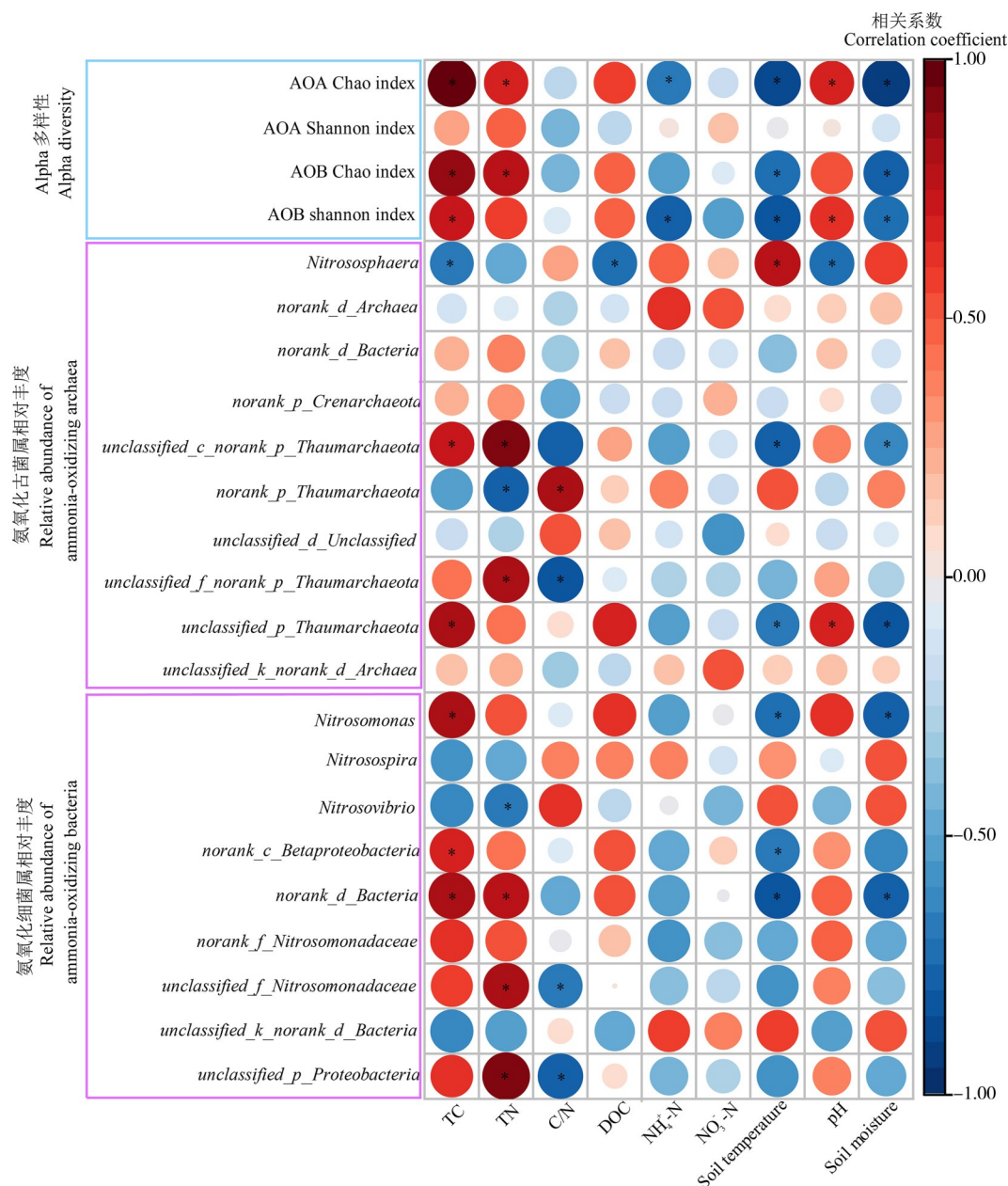


图5 不同紫云英和氮肥配施下AOA和AOB的ANOSIM分析

Fig. 5 ANOSIM analysis of AOA and AOB under different combined application of Chinese milk vetch and nitrogen fertilizer



*表示差异显著 ($P < 0.05$) ; TC, 全碳; TN, 全氮; DOC, 可溶性有机碳; $\text{NH}_4^+\text{-N}$, 铵态氮; $\text{NO}_3^-\text{-N}$, 硝态氮; Soil temperature, 土温; Soil moisture, 土壤含水量。下同。

* indicates significant difference ($P < 0.05$) ; TC, Total carbon; TN, Total nitrogen; DOC, Dissolved organic carbon; $\text{NH}_4^+\text{-N}$, Ammonium nitrogen; $\text{NO}_3^-\text{-N}$, Nitrate nitrogen; Soil temperature; Soil moisture. The same below.

图 6 AOA 和 AOB 群落相对丰度及 Alpha 多样性与环境因子的相关热图

Fig. 6 Correlation heat map of relative abundance and Alpha diversity of AOA and AOB communities with environmental factors

构的主要环境因子(图 7 和表 1)。AOA 群落在 2 个排序轴上的解释度分别为 30.29% 和 21.72%; Monte Carlo 检验表明, 土壤全碳 ($P=0.003$)、土壤全氮 ($P=0.003$)、碳氮比 ($P=0.038$) 是 AOA 群落结构产生显著变化的主要环境因子。AOB 群落在排序轴上的解释度分别为 31.47% 和 18.28%, 硝态

氮 ($P=0.046$) 是 AOB 群落产生显著变化的关键因子。

2.6 不同紫云英和氮肥配施对 AOA 和 AOB 共线性网络结构的影响

由图 8 和表 2 可知, AOA 群落网络的节点从大到小依次为 $\text{CMV} > \text{CF} > \text{CK} > \text{MVCF2} > \text{MVCF1}$, 边从

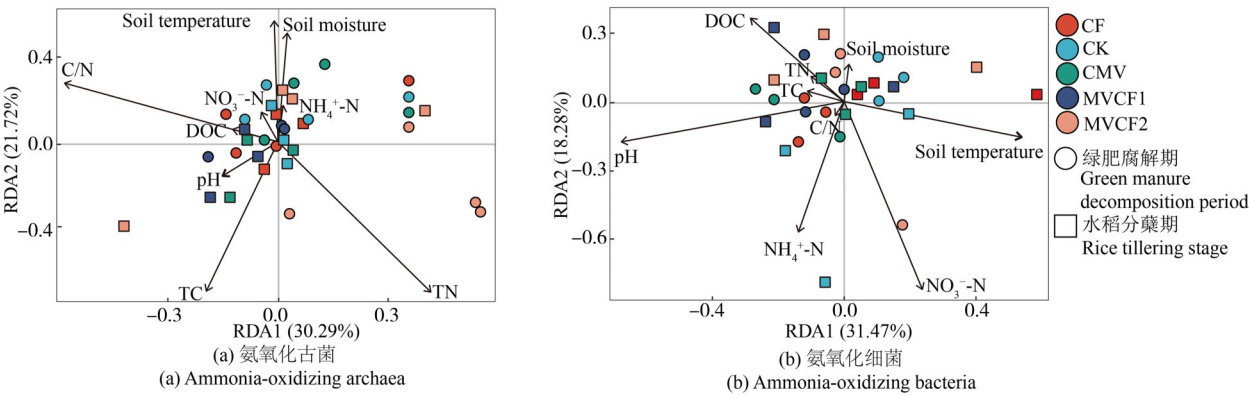


图7 AOA和AOB群落结构与土壤性质关系的冗余分析

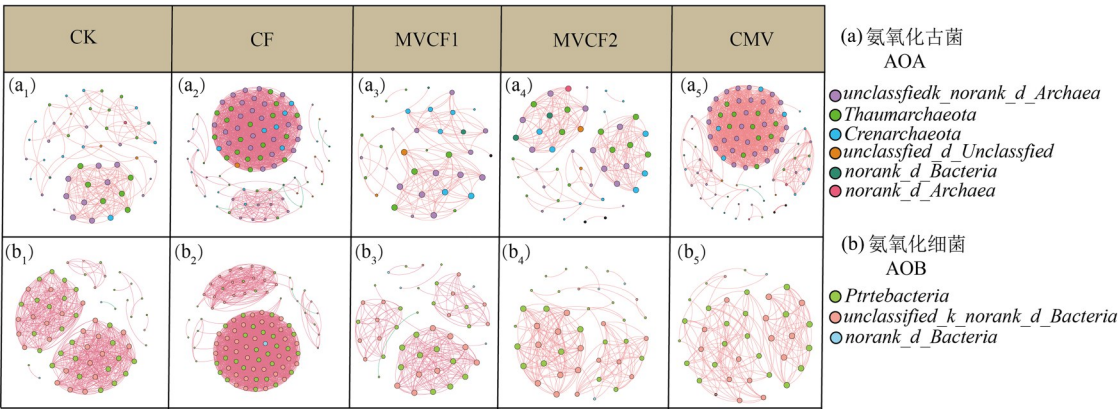
Fig. 7 Redundancy analysis of the relationship between AOA and AOB community structure and soil properties

表1 AOA和AOB群落结构的冗余分析参数

Table 1 Redundancy analysis parameters of AOA and AOB community structure

理化因子 Physical and chemical factor	氨氧化古菌 Ammonia-oxidizing archaea		氨氧化细菌 Ammonite-oxidizing bacteria	
	r^2	P	r^2	P
全氮 TC	0.252	0.003	0.007	0.964
全碳 TN	0.360	0.003	0.011	0.819
碳氮比 C/N	0.255	0.038	0.002	0.961
可溶性有机碳 DOC	0.012	0.807	0.109	0.154
铵态氮 $\text{NH}_4^+\text{-N}$	0.014	0.746	0.177	0.153
硝态氮 $\text{NO}_3^-\text{-N}$	0.011	0.812	0.387	0.046
土温 Soil temperature	0.154	0.106	0.141	0.121
pH	0.025	0.723	0.210	0.074
土壤含水量 Soil moisture	0.124	0.132	0.014	0.905

注： r^2 ：决定系数。
Note: r^2 : Coefficient of determination.



(a₁)~(a₅),不同处理下的氨氧化古菌共线性网络;(b₁)~(b₅),不同处理下的氨氧化细菌共线性网络。
(a₁)~(a₅), ammonia-oxidizing archaea collinearity network under different treatments; (b₁)~(b₅), ammonia-oxidizing bacteria collinearity network under different treatments.

图8 不同紫云英和氮肥配施对 AOA 和 AOB 的共线性网络结构的影响

Fig. 8 Effects of different Chinese milk vetch and nitrogen fertilization on the collinearity network structure of AOA and AOB

大到小依次为 $CMV > CF > MVCF2 > CK > MVCF1$, CMV 和 CF 处理节点、边和密度均高于其他处理。单一氮源输入(CF 、 CMV)的模块化系数更低,而混合氮

源输入($MVCF1$ 、 $MVCF2$)模块化系数更高,其中 $MVCF2$ 处理的模块化系数最高,表明该处理下 AOA 的群落结构最稳定。

表 2 不同紫云英和氮肥配施下共现网络的拓扑特征参数

Table 2 Topological characteristic parameters of co-occurrence network under different Chinese milk vetch and nitrogen fertilizer

特征参数 Characteristic parameter	氨氧化古菌网络 Ammonia-oxidizing archaea network					氨氧化细菌网络 Ammonia-oxidizing bacteria network				
	CK	CF	MVCF1	MVCF2	CMV	CK	CF	MVCF1	MVCF2	CMV
节点 Node	49	86	37	48	94	67	102	39	47	43
边 Edge	160	1 046	118	180	1 348	579	2 194	165	224	190
平均连通度 Average degree	6. 531	24. 326	6. 378	7. 498	28. 681	17. 284	43. 02	8. 462	9. 532	8. 837
密度 Density	0. 136	0. 286	0. 177	0. 160	0. 308	0. 262	0. 426	0. 223	0. 207	0. 210
模块化 Modularity	0. 548	0. 178	0. 589	0. 620	0. 169	0. 525	0. 198	0. 690	0. 565	0. 515

与 AOA 相比, AOB 群落对于氮肥的响应更加迅速,单施氮肥(CF)的平均连通度与网络密度均居首位,但模块化系数仅为 0. 198。紫云英还田处理同时也可以降低 AOB 群落的平均连通度与网络密度,但模块化系数更高,其中 $MVCF2$ 处理在降低平均连通度的同时,具有高于 CMV 和 $MVCF1$ 的模块化系数。总之,单施尿素会导致 AOA 和 AOB 群落结构的复杂性增加和稳定性减弱,而混合氮源的输入,例如 $MVCF1$ 和 $MVCF2$ 的紫云英还田处理可以降低 AOA 和 AOB 群落结构的复杂性,形成更加稳定的群落结构。其中 $MVCF2$ 处理下的群落稳定性最高,同时有较合适的物质传递效率。

3 讨 论

3.1 不同紫云英和氮肥配施对稻田理化性质的影响

本研究发现,在分蘖期各处理土壤全碳、全氮和土壤 pH 均高于绿肥还田期,这与严嘉慧等^[29]研究结果一致。可能是绿肥还田期的紫云英没有完全腐解,在水稻分蘖期随着紫云英的腐解程度提高,紫云英残体分解释放的盐基离子一定程度上缓解了土壤酸化,并且紫云英腐解及其根系的固氮作用为土壤提供外源碳氮供给,从而提升了土壤碳氮养分含量^[30]。

同时,在本研究中与水稻分蘖期 CF (全施氮肥)相比,不同紫云英替代均能提高土壤全碳含量,

这与马艳芹等^[31]研究结果一致。这主要是因为外源有机物料的添加激发了土壤微生物的活性,促进了土壤中碳的积累^[32]。本研究中两时期中 $MVCF2$ 的硝态氮明显高于其他处理,这与王利民等^[33]的研究结果一致,紫云英连年还田后水稻土硝态氮含量显著增加。

3.2 不同紫云英和氮肥配施对稻田硝化微生物群落多样性及组成的影响

本研究发现, AOA 群落的丰富度在分蘖期显著高于绿肥还田期,而 AOB 群落的丰富度和多样性在不同时期均存在显著差异。这可能与水稻分蘖期生长活跃、根系分泌物增加有关,同时随着紫云英腐解程度的提高,提高了土壤铵态氮的含量,从而促进土壤硝化微生物及优势菌落的生长^[34-35]。值得注意的是,在水稻分蘖期紫云英还田处理(尤其是 $MVCF2$)显著提高了 AOA 和 AOB 的丰富度。这主要是因为紫云英还田后,在腐解过程中会释放有机酸,从而降低土壤 pH 。而 AOB 在微酸性环境中更加活跃,同时紫云英还田改善了土壤团粒结构、增强通气性,为 AOB 群落创造良好的生存环境^[36]。

Beta 多样性是研究物种群落间相似性程度的指数。本研究中稻田土壤氨氧化微生物的群落结构($ANOSIM$ 结果有显著差异)受时期的影响较大,显著改变了 AOA 和 AOB 的结构组成。这主要是因为紫云英还田处理会较为缓慢地释放氮素,随着

紫云英的完全腐解、化肥的施入,从而影响氨氧化微生物的群落结构^[37]。而不同施肥处理间微生物群落结构并没有显著差异,这可能是由于本研究的紫云英还田只是一个短期效应,环境因子变化幅度小的原因。但连年的紫云英翻压还田会导致土壤有效氮有所增加,且化肥与翻压紫云英配合能显著提高微生物数量^[38]。而本次研究中所检测到的氨氧化微生物中未明确分类的相对丰度较高,可能是因为紫云英还田会促进有机氮和碳源的增加,从而促进一些新型功能微生物的富集^[39]。本研究根据已分类的氨氧化微生物的属水平相对丰度结果显示,AOA中亚硝化球菌属(*Nitrososphaera*)占比最高,AOB中亚硝化螺菌属(*Nitrosospira*)占比最高,与Zhang等^[40]研究一致。其中亚硝化球菌属(*Nitrososphaera*)可能是酸性土壤硝化作用的重要驱动者,在硝化活性中有重要的作用^[41]。

3.3 微生物群落结构与土壤理化性质的关系

本研究表明,在水稻分蘖期,AOB中*Nitrososphaera*属相对丰度随着替代率的升高而升高。这主要是因为随着紫云英替代率提高,土壤的 NH_4^+ 浓度增加,且有了稳定的碳源供给,为*Nitrososphaera*提供了充足底物^[42]。有相关研究表明,20%~40%化肥替代比能够提高土壤中的养分含量,优化土壤中的菌落类群,但单施绿肥会导致土壤养分供给不足,影响作物产量及土壤菌落相对丰度^[43]。这表明科学合理地利用紫云英替代无机氮肥对优化农田生态环境和土壤硝化群落结构有重要意义。

RDA冗余分析表明,全氮、碳氮比(C/N)和全碳是AOA群落结构的主要环境因子;而硝态氮是AOB群落结构的主要环境因子。这与紫云英还田下全氮及硝态氮含量等是导致土壤微生物群落结构和功能变化的核心影响因子的研究结果一致^[44]。同时,也有相关研究表明紫云英还田下土壤有机碳、全氮及硝态氮含量增加,是导致土壤微生物群落结构和功能变化的核心影响因子^[45]。

3.4 不同紫云英和氮肥配施对AOA和AOB共线性网络结构的影响

对氨氧化微生物群落内的共线性网络分析表明,与CF相比,紫云英还田提高了群落结构稳定性、降低了复杂性。这是因为施单一氮肥会使农田生态系统稳定性降低,同时会使土壤微生物种群结

构发生改变。这主要是因为紫云英还田可以显著增加土壤有机质含量,从而提供稳定的碳源,减少微生物之间的竞争压力,同时还可以促进土壤大团聚体形成,缓解环境扰动对AOA和AOB群落的冲击^[46]。其中氮肥施用量过多,会导致土壤团聚体稳定性下降,而有机肥替代化肥后可以提高土壤质量及结构的稳定性,且替代比例越高效果越好,因此紫云英还田可以提高硝化微生物群落的稳定性^[47]。同时紫云英和氮肥配施后,土壤中硝态氮含量显著上升,会导致AOB菌株(如适应高 NH_4^+ -N环境的*Nitrosomonas*)成为优势种,降低群落网络的复杂性^[48]。

4 结 论

相比于施肥管理,取样时期对AOA/AOB群落结构的影响更为强烈,紫云英还田让AOA/AOB群落更加集中。其中MVCF2处理可提高AOA/AOB群落丰富度。紫云英还田对AOB群落结构的影响强于AOA。冗余分析显示,全氮、碳氮比和全碳是AOA群落结构的主要环境因子;而硝态氮是AOB群落结构的主要环境因子。此外,单一氮源的输入会增加AOA和AOB群落结构的复杂性并降低群落稳定性,而混合氮源输入(如MVCF1和MVCF2)可降低群落结构复杂性。总之,采用紫云英替代还田不仅能改善土壤理化性质,还能在一定程度上促进硝化微生物群落的平衡与稳定,为稻田的施肥管理提供了宝贵的理论依据。

参考文献 References

- [1] Ling N, Zhu C, Xue C, Chen H, Duan Y H, Peng C, Guo S W, Shen Q R. Insight into how organic amendments can shape the soil microbiome in long-term field experiments as revealed by network analysis[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 99: 137-149
- [2] Zhou Q, Zhang P, Wang Z Q, Wang L X, Wang S B, Yang W T, Yang B J, Huang G Q. Winter crop rotation intensification to increase rice yield, soil carbon, and microbial diversity[J]. *Heliyon*, 2023, 9(1): e12903
- [3] Lin Z J, Wang X, Wu X, Liu D H, Yin Y L, Zhang Y, Xiao S, Xing B S. Nitrate reduced arsenic redox transformation and transfer in flooded paddy soil-rice system[J]. *Environmental Pollution*, 2018, 243: 1015-1025
- [4] Cui P Y, Fan F L, Yin C, Song A L, Huang P R, Tang Y J, Zhu P, Peng C, Li T Q, Wakelin S A, Liang Y C. Long-term organic and inorganic fertilization alters temperature sensitivity of potential N_2O emissions and associated microbes[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 93: 131-141
- [5] Li Y K, Zou N, Liang X J, Zhou X, Guo S H, Wang Y J, Qin X Y, Tian Y

- H, Lin J. Effects of nitrogen input on soil bacterial community structure and soil nitrogen cycling in the rhizosphere soil of *Lycium barbarum* L [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 1070817
- [6] 吴天翊, 顾钢, 张炳辉, 张宗平, 池国胜, 汪睿琪, 李彤, 陈瑞, 谢小芳. 烤烟-水稻-紫云英轮作对土壤理化性质及微生物群落的影响[J]. 福建农业学报, 2024, 39(8): 984-992
- Wu T Y, Gu G, Zhang B H, Zhang Z P, Chi G S, Wang R Q, Li T, Chen R, Xie X F. Physicochemical properties and microbial community of soil and crop yield under rice-tobacco-milk vetch rotation cropping [J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2024, 39(8): 984-992 (in Chinese)
- [7] Cherr C M, Scholberg J M S, McSorley R. Green manure approaches to crop production: A synthesis[J]. *Agronomy Journal*, 2006, 98(2): 302-319
- [8] Yoon K, Gutierrez J, Joo K. Considering winter cover crop selection as green manure to control methane emission during rice cultivation in paddy soil[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2012, 161: 130-136
- [9] 张济世, 刘春增, 郑春风, 张琳, 张香凝, 吕玉虎, 曹卫东, 张玉亭. 紫云英还田与化肥减量配施对稻田土壤细菌群落组成和功能的影响[J]. 环境科学, 2023, 44(5): 2936-2944
- Zhang J S, Liu C Z, Zheng C F, Zhang L, Zhang X N, Lü Y H, Cao W D, Zhang Y T. Effects of Chinese milk vetch returning incorporated with chemical fertilizer reduction on the composition and function of soil bacterial communities in paddy fields[J]. *Environmental Science*, 2023, 44(5): 2936-2944 (in Chinese)
- [10] Gao S J, Cao W D, Zou C Q, Gao J S, Huang J, Bai J S, Zeng N H, Shimizu K Y, Wright A, Dou F G. Ammonia-oxidizing Archaea are more sensitive than ammonia-oxidizing bacteria to long-term application of green manure in red paddy soil [J]. *Applied Soil Ecology*, 2018, 124: 185-193
- [11] Norman J S, Lin L, Barrett J E. Paired carbon and nitrogen metabolism by ammonia-oxidizing bacteria and Archaea in temperate forest soils [J]. *Ecosphere*, 2015, 6(10): art176
- [12] Yang K N, Luo S W, Hu L G, Chen B B, Xie Z, Ma B B, Ma W B, Du G Z, Ma X J, Le Roux X. Responses of soil ammonia-oxidizing bacteria and Archaea diversity to N, P and NP fertilization: Relationships with soil environmental variables and plant community diversity[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2020, 145: 107795
- [13] Guo J J, Ling N, Chen H, Zhu C, Kong Y L, Wang M, Shen Q R, Guo S W. Distinct drivers of activity, abundance, diversity and composition of ammonia-oxidizers: Evidence from a long-term field experiment[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, 115: 403-414
- [14] 高嵩涓. 冬绿肥—水稻模式下的土壤微生物特征及硝化作用调控机制[D]. 北京: 中国农业大学, 2018
- Gao S J. Characteristics of soil microorganisms and regulation mechanism of nitrification under winter green manure-rice model[D]. Beijing: China Agricultural University, 2018 (in Chinese)
- [15] Zhou Z F, Wang M X, Liu W L, Li Z L, Luo F, Xie D T. A comparative study of ammonia-oxidizing Archaea and bacteria in acidic and alkaline purple soils[J]. *Annals of Microbiology*, 2016, 66(2): 615-623
- [16] Chen Y N, Li Y, Qiu T Y, He H R, Liu J, Duan C J, Cui Y X, Huang M, Wu C Y, Fang L C. High nitrogen fertilizer input enhanced the microbial network complexity in the paddy soil[J]. *Soil Ecology Letters*, 2023, 6(2): 230205
- [17] 王海涛. 典型土壤硝化反硝化过程及微生物群落结构研究: 以红树林湿地和城市绿地为例[D]. 厦门: 厦门大学, 2017
- Wang H T. Study on nitrification and denitrification process and microbial community structure in typical soils: mangrove wetland and urban greenspace [D]. Xiamen: Xiamen University, 2017 (in Chinese)
- [18] 万水霞, 唐杉, 王允青, 朱宏斌, 郭照盛. 紫云英还田量对稻田土壤微生物数量及活度的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2013(4): 39-42
- Wan S X, Tang S, Wang Y Q, Zhu H B, Guo X S. Effect of returning quantity of *Astragalus sinicus* to soil on quantity and activity of microbial in paddy soil[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2013(4): 39-42 (in Chinese)
- [19] 孙鲁沅, 刘佳, 冯蒙蒙, 刘晗, 马停停, 陈晓芬, 林永新. 紫云英还田对红壤水稻土氨氧化微生物功能基因丰度的影响[J]. 土壤学报, 2025, 62(3): 857-869
- Sun L Y, Liu J, Feng M M, Liu H, Ma T T, Chen X F, Lin Y X. Effects of Chinese milk vetch incorporation on the gene abundance of ammonia-oxidizing microorganisms in red paddy soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2025, 62(3): 857-869 (in Chinese)
- [20] 孙梅, 聂三安, 龙泽东, 李超, 王华, 肖小平, 罗尊长, 孙耿. 水稻土厌氧氨氧化对不同耕作方式与秸秆还田的响应[J]. 土壤学报, 2022, 59(6): 1695-1703
- Sun M, Nie S A, Long Z D, Li C, Wang H, Xiao X P, Luo Z C, Sun G. Response of paddy soil anammox bacteria to rice straw returning and different tillage practices[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2022, 59(6): 1695-1703 (in Chinese)
- [21] 韩燕云, 吴永红, 李丹, 俞元春. 微生物介导的稻田水土界面温室气体排放及其农事减排措施研究进展[J]. 环境科学研究, 2023, 36(12): 2369-2381
- Han Y Y, Wu Y H, Li D, Yu Y C. Advancements in research on microbe-mediated greenhouse gas emissions at the rice paddy soil-water interface and agricultural mitigation strategies[J]. *Research of Environmental Sciences*, 2023, 36(12): 2369-2381 (in Chinese)
- [22] 胡启良, 杨滨娟, 刘宁, 黄国勤. 绿肥混播下不同施氮量对水稻产量、土壤碳氮和微生物群落的影响[J]. 华中农业大学学报, 2022, 41(6): 16-26
- Hu Q L, Yang B J, Liu N, Huang G Q. Effects of application rates of nitrogen on rice yield, carbon and nitrogen, microbial community in soil under mixed sowing of green manure[J]. *Journal of Huazhong Agricultural University*, 2022, 41(6): 16-26 (in Chinese)
- [23] 张鹏. 不同冬种模式对双季稻田土壤理化性状及微生物多样性的影响[D]. 南昌: 江西农业大学, 2020
- Zhang P. Effects of different winter planting patterns on soil physical and chemical properties and microbial diversity in double cropping rice fields[D]. Nanchang: Jiangxi Agricultural University, 2020 (in Chinese)
- [24] 杨伟. 紫云英还田替代氮肥对稻田温室气体排放和氮素利用效率的影响[D]. 荆州: 长江大学, 2023
- Yang W. Effects of returning Chinese milk vetch to field instead of nitrogen fertilizer on greenhouse gas emission and nitrogen use efficiency in rice fields [D]. Jingzhou: Yangtze University, 2023 (in Chinese)
- [25] Liu R, Chang D N, Zhou G P, Liang H, Zhang J D, Chai Q, Cao W D. Green manuring combined with zeolite reduced nitrous oxide emissions in maize field by targeting microbial nitrogen transformations[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 950: 175382
- [26] 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 (in Chinese)
- [27] Wagg C, Bender S F, Widmer F, van der Heijden M G A. Soil biodiversity and soil community composition determine ecosystem multifunctionality[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2014, 111(14): 5266-527
- [28] Wen X, Yang S Z, Liebner S. Evaluation and update of cutoff values for methanotrophic pmoA gene sequences[J]. *Archives of Microbiology*, 2016, 198(7): 629-636
- [29] 严嘉慧, 周岐海, 蒋云伟, 陈济宇, 李强, 李忠义. 长期不同施肥措施下岩溶水稻土可培养细菌群落变化及其主要影响因素[J]. 微生物学通报, 2020, 47(9): 2833-2847
- Yan J H, Zhou Q H, Jiang Y W, Chen J Y, Li Q, Li Z Y. Variation of cultivable bacterial community structure and themain influencing factors in karst paddy soil under differentfertilization regimes[J]. *Microbiology China*, 2020, 47(9): 2833-2847 (in Chinese)
- [30] Qaswar M, Huang J, Ahmed W, Liu S J, Li D C, Zhang L, Liu L S, Xu Y M, Han T F, Du J X, Gao J S, Zhang H M. Substitution of inorganic nitrogen fertilizer with green manure (GM) increased yield stability by improving C input and nitrogen recovery efficiency in rice based cropping system[J]. *Agronomy*, 2019, 9(10): 609
- [31] 马艳芹, 黄国勤. 紫云英还田配施氮肥对稻田土壤碳库的影响[J]. 生态学杂志, 2019, 38(1): 129-135
- Ma Y Q, Huang G Q. Effects of combined application of Chinese milk vetch (*Astragalus sinicus* L.) and nitrogen fertilizer on paddy soil carbon pool[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2019, 38(1): 129-135 (in Chinese)
- [32] Liu X, Zhou F, Hu G Q, Shao S, He H B, Zhang W, Zhang X D, Li L J. Dynamic contribution of microbial residues to soil organic matter accumulation influenced by maize straw mulching[J]. *Geoderma*, 2019, 333: 35-42
- [33] 王利民, 黄东风, 何春梅, 刘彩玲, 李清华, 黄毅斌, 王飞. 紫云英还田对黄泥田土壤理化和微生物特性及水稻产量的影响[J]. 生态学报, 2023, 43(11): 4782-4797
- Wang L M, Huang D F, He C M, Liu C L, Li Q H, Huang Y B, Wang F. Impacts of the Chinese milk vetch (*Astragalus sinicus* L.) residue incorporation on soil physicochemical, microbial properties and rice yields in yellow-mud paddy field[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2023, 43(11): 4782-4797 (in Chinese)
- [34] 王欣丽, 朱飞, 姚静, 姜永见, 王芸, 任丽英. 长期施肥对酸性土壤氨氧化微生物群落的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2018, 24(2): 375-382
- Wang X L, Zhu F, Yao J, Jiang Y J, Wang Y, Ren L Y. Effect of long-term fertilization on community of ammonia oxidizers in acidic soil[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2018, 24(2): 375-382 (in Chinese)
- [35] 吴建伟. 紫云英还田对稻田土壤硝化和反硝化相关功能微生物群落结构的影响[D]. 荆州: 长江大学, 2023
- Wu J W. The effect of Chinese milk vetch incorporation on microbes microbial associated function microbes microbial community structure in rice field[D]. Jingzhou: Yangtze University, 2023 (in Chinese)
- [36] 章子含, 王赟, 高嵩涓, 曹卫东. 紫云英与稻秸还田对稻田土壤硝化潜势的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2021, 27(11): 1938-1948
- Zhang Z H, Wang Y, Gao S J, Cao W D. Effects of returning Chinese milk vetch and rice straw to the field on the nitrification potential of paddy soil[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2021, 27(11): 1938-1948 (in Chinese)
- [37] Gu B J, Ju X T, Chang J, Ge Y, Vitousek P M. Integrated reactive nitrogen budgets and future trends in China[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015, 112(28): 8792-8797
- [38] 颜志雷, 方宇, 陈济琛, 王飞, 何春梅, 林新坚. 连年翻压紫云英对稻田土壤养分和微生物学特性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2014, 20(5): 1151-1160
- Yan Z L, Fang Y, Chen J C, Wang F, He C M, Lin X J. Effect of turning over Chinese milk vetch (*Astragalus sinicus* L.) on soil nutrients and microbial properties in paddy fields[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizer*, 2014, 20(5): 1151-1160 (in Chinese)
- [39] 张济世, 张琳, 丁丽, 刘春增, 吕玉虎, 郑春风, 张成兰, 聂良鹏, 曹卫东, 张玉亭. 紫云英还田与化肥减量配施对土壤氮素供应和水稻生长的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2022, 28(10): 1793-1803
- Zhang J S, Zhang L, Ding L, Liu C Z, Lü Y H, Zheng C F, Zhang C L, Nie L P, Cao W D, Zhang Y T. Effects of Chinese milk vetch incorporation and chemical fertilizer reduction on soil nitrogen supply and rice growth[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2022, 28(10): 1793-1803 (in Chinese)
- [40] Zhang J X, Dai Y, Wang Y L, Wu Z, Xie S G, Liu Y. Distribution of ammonia-oxidizing Archaea and bacteria in plateau soils across different land use types[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, 99(16): 6899-6909
- [41] 李文兴, 郑曼曼, 王超, 沈仁芳. 亚硝化球菌属(*Nitrososphaera*)可能是酸性土壤硝化作用的重要驱动者[J]. 土壤, 2021, 53(1): 13-20
- Li W X, Zheng M M, Wang C, Shen R F. *Nitrososphaera* may be a major driver of nitrification in acidic soils[J]. *Soils*, 2021, 53(1): 13-20 (in Chinese)
- [42] 王慧, 唐杉, 王允青, 武际, 韩上, 李敏, 刘英, 程文龙, 曹卫东. 紫云英翻压对稻田土壤肥力和双季稻产量的影响[J]. 土壤通报, 2019, 50(6): 1384-1390
- Wang H, Tang S, Wang Y Q, Wu J, Han S, Li M, Liu Y, Cheng W L, Cao W D. Effects of the incorporation of Chinese milk vetch on soil fertility and double rice yield[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2019, 50(6): 1384-1390 (in Chinese)
- [43] 路静, 项兴佳, 康耘滔, 尹静, 袁丹丹, 刘佳. 绿肥替代不同比例化肥对红壤稻田土壤真菌群落的影响[J]. 微生物学报, 2025, 65(1): 323-336
- Lu J, Xiang X J, Kang Y T, Yin J, Yuan D D, Liu J. Replacement of chemical fertilizer with green manure at different proportions affects fungal community in the paddy field of Ultisol[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2025, 65(1): 323-336 (in Chinese)
- [44] 万水霞, 唐杉, 蒋光月, 李帆, 郭熙盛, 王允青, 曹卫东. 紫云英与化肥配施对土壤微生物特征和作物产量的影响[J]. 草业学报, 2016, 25(6): 109-117
- Wan S X, Tang S, Jiang G Y, Li F, Guo X S, Wang Y Q, Cao W D. Effects of Chinese milk vetch manure and fertilizer on soil microbial characteristics and yield of rice[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2016, 25(6): 109-117 (in Chinese)
- [45] 祝玲月, 王晓玥, 陈晏, 李清, 包兴国, 张久东, 车宗贤, 孙波. 微生物关键种影响植物残体还田条件下木质素酚浓度: 基于 30 年长期有机培肥试验[J]. 土壤, 2024, 56(1): 56-63

- Zhu L Y, Wang X Y, Chen Y, Bian Q, Bao X G, Zhang J D, Che Z X, Sun B. Microbial keystone species affect lignin phenol concentration under condition of amending plant residues: Based on 30 a long-term organic fertilizer cultivation experiment[J]. *Soils*, 2024, 56(1): 56-63 (in Chinese)
- [46] 谢坤, 陈雨露, 耿明建, 聂军, 鲁艳红, 廖育林, 黄丽. 长期紫云英还田与化肥配施对土壤团聚体中黏粒矿物组成的影响[J]. *矿物学报*, 2024, 44(1): 143-154
- Xie K, Chen Y L, Geng M J, Nie J, Lu Y H, Liao Y L, Huang L. Influences on compositions of clay minerals in soil aggregates by the long-term returning to the field of Chinese milk vetch and the combined application of chemical fertilizer[J]. *Acta Mineralogica Sinica*, 2024, 44(1): 143-154 (in Chinese)
- [47] 李锐, 陶瑞, 王丹, 褚贵新. 减氮配施有机肥对滴灌棉田土壤生物学性状与团聚体特性的影响[J]. *应用生态学报*, 2017, 28(10): 3297-3304
- Li R, Tao R, Wang D, Chu G X. Effect of mineral N fertilizer reduction and organic fertilizer substitution on soil biological properties and aggregate characteristics in drip-irrigated cotton field[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2017, 28(10): 3297-3304 (in Chinese)
- [48] 刘春增, 张琳, 丁丽, 张香凝, 郑春风, 张成兰, 吕玉虎, 曹卫东, 张济世, 张玉亭. 稻田土壤真菌群落结构与功能对化肥减量配施紫云英还田的响应[J]. *中国土壤与肥料*, 2023(9): 68-76
- Liu C Z, Zhang L, Ding L, Zhang X N, Zheng C F, Zhang C L, Lv Y H, Cao W D, Zhang J S, Zhang Y T. Response of fungal community structure and function to chemical fertilizer reduction incorporated with Chinese milk vetch returning in paddy soil[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2023 (9): 68-76 (in Chinese)

责任编辑: 董金波



第一作者简介: 朱宏相, 硕士研究生, 现就读于长江大学(2023至今)。本科期间获得国家励志奖学金, 以及“互联网+”创新大赛3等奖。在硕士期间曾获二等奖学金, 参与国家重点研发计划项目1项, 发表中文论文1篇。



通讯作者简介: 聂江文, 博士, 讲师, 硕士生导师。研究方向为: 生态高效种植制度构建与优化、农田生态系统固碳减排、农田碳氮循环及其微生物调控机制、植物-土壤-微生物相互作用。主持或参与国家自然科学基金青年项目、面上项目和国家重点研发计划等。在国内外学术期刊上发表论文40余篇, 发明专利3项, 制定地方标准1项。