



徐莹莹,王宇先,杨慧莹,等.保护性耕作模式对黑钙土农田养分含量、细菌群落结构及多样性的影响[J].黑龙江农业科学,2024(5):19-26.

# 保护性耕作模式对黑钙土农田养分含量、细菌群落结构及多样性的影响

徐莹莹,王宇先,杨慧莹,高盼,张巩亮,王晨,刘玉涛,谭可菲

(黑龙江省农业科学院 齐齐哈尔分院,黑龙江 齐齐哈尔 161006)

**摘要:**为验证轮耕制度下的保护性耕作长期效应,并快速推广秸秆原位还田,基于土壤化学分析和 Illumina 高通量测序技术,比对了保护性与传统耕作模式下土壤养分指标和细菌群落组成的差异,探究保护性耕作模式对黑钙土农田养分含量和细菌群落结构及多样性的影响。结果表明,保护性耕作模式下的碱解氮、有效磷、速效钾和有机质含量较传统模式显著提高 17.75%、10.98%、7.62% 和 12.89%;细菌群落多样性和均匀度显著提高;保护性耕作模式优化了细菌群落结构,富集了具有促进氮素转化、提高作物抗旱、抗逆作用的变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、硝化螺菌门(Nitrospirae)、Rokubacteria 和浮霉菌门(Planctomycetes),以及在植物固氮和营养转化方面具有重要作用的慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、*Rhodanobacteria*、KD4-96、红色杆菌属(*Rubrobacter*)和中慢生根瘤菌属(*Mesorhizobium*),这些优势类群与环境因子和玉米产量显著正相关,可以提高土壤肥力,进而增产。

**关键词:**保护性耕作;黑钙土;土壤养分;细菌群落;玉米产量

黑钙土是“黑土区”的重要土壤类型之一,主要分布在松嫩平原西部<sup>[1]</sup>,该区域也是我国玉米主产区。然而,受土壤特性和农民常年旋耕的耕作习惯影响,农田耕层土壤微生物群落结构失调,功能多样性下降<sup>[2]</sup>,水、养分流失加剧,严重限制了玉米的稳产高产<sup>[3]</sup>。

保护性耕作是近年来提出的一种新型耕作方式,以少耕、免耕、秸秆覆盖、深松等措施代替传统裸地旋耕、翻耕,以此实现土壤生态与效益协调发展,为解决传统耕作带来的弊端开辟了新的途径<sup>[4]</sup>。尽管以免耕和秸秆覆盖为主的保护性耕作措施在土壤蓄水保墒和提质增碳方面效果显著<sup>[5-7]</sup>,但连年免耕会造成土壤板结,阻碍作物根系下扎,影响产量<sup>[8]</sup>。由此可见,长期采取单一的保护性措施并不能完全满足土壤质构的变化需求,因此,亟需构建更为适宜的轮耕模式。本研究基于长期定位试验构建的具有土壤保水、提质与促进玉米增产等优点的“两免一松”轮耕保护性耕作模式<sup>[9]</sup>,探究该模式对土壤细菌群落结构及多

样性的影响,从微观角度阐释土壤生态的差异性,以期验证轮耕制度下的保护性耕作长期效应,进而为快速推广秸秆原位还田提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

试验在黑龙江省农业科学院齐齐哈尔分院试验基地开展,该区属于松嫩平原西部半干旱区,年平均降雨量 400 mm,有效活动基温 2 900 °C。土壤类型为碳酸盐黑钙土,0~20 cm 基础肥力为有机质含量 23.91 g·kg<sup>-1</sup>,碱解氮 115.35 mg·kg<sup>-1</sup>,有效磷 27.46 mg·kg<sup>-1</sup>,速效钾 125.10 mg·kg<sup>-1</sup>。

### 1.2 方法

1.2.1 试验设计 试验设置“两免一松”轮耕保护性耕作模式(OPT):第一年秋季收获后至翌年春播前,免耕+秸秆覆于地表;第二年秋季收获后至翌年春播前,免耕+秸秆覆于地表,苗期深松;第三年秋季收获后深松+秸秆还田,使秸秆与土壤混拌于耕层。以传统耕作模式作对照(CK):收

收稿日期:2023-12-04

基金项目:黑龙江省省属科研院所科研业务费项目(CZKYF2022-1-C043);齐齐哈尔市科技计划创新激励项目(CNYGG-2023023)。

第一作者:徐莹莹(1989-),女,硕士,助理研究员,从事作物耕作栽培及农业微生物研究。E-mail: ghdetongzhuo@163.com。

获后将秸秆移除,翌年春季播种前旋耕灭茬。采用大区对比,不设重复,每个处理 0.33 hm<sup>2</sup>,秸秆还田量 9 000 kg·hm<sup>-2</sup>。播种时一次性施入长效控释肥(N 26%、P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> 10%、K<sub>2</sub>O 12%),种肥同施,施肥量 750 kg·hm<sup>-2</sup>。

1.2.2 测定项目及方法 土壤样品采集:于收获期采集耕层 0~20 cm 的土壤样品,以“S”形取样法取 5 点土样混合为 1 份样品,每个处理取 3 份样品,一部分装入灭菌管中保存于-80 ℃,用于细菌群落分析,一部分风干后磨细过筛,用于土壤化学指标的测定。

土壤化学指标测定:有机碳、碱解氮、有效磷和速效钾含量的测定方法参照《土壤农化分析》<sup>[10]</sup>。

土壤 DNA 提取及细菌群落测序分析:总 DNA 采用 OMEGA 试剂盒进行提取,方法参照说明书。DNA 浓度采用 NanoDrop NC2000 进行检测,0.8%琼脂糖凝胶电泳用于分子大小判断。采用引物对 338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3')和 806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')对细菌 DNA 的 16S rRNA V3~V4 区进行 PCR 扩增。高通量测序文库的构建和基于 Illumina NovaSeq 平台的测序由生物公司完成。使用 QIIME2 分析平台对测序数据进行分析,通过 DADA2 方法经过去引物,质量过滤,去噪拼接和去嵌合体等步骤

获得特征序列(ASV)。比对 Silva\_132 数据库,对于每个 ASV,使用 Naive Bayes 分类器进行物种注释。

玉米产量测定:每个处理取 3 个收获点,收取全部果穗,脱粒测产,并折合成 14%的标准水产量。

1.2.3 数据分析 采用 SPSS 19 软件对理化因子进行差异统计。根据 ASV 丰度表计算 Shannon、Simpson 和 Pielou-e 指数。采用主坐标分析(Principal Coordinates Analysis,PCoA)比较不同模式下的细菌群落组成差异。通过 LEfSe(LDA Effect Size)分析,寻找分组之间的差异物种,即标志性物种。利用冗余分析(RDA)和热图分析,阐释细菌群落与环境因子和产量之间的相关性。

2 结果与分析

2.1 不同耕作模式对土壤养分含量及玉米产量的影响

如表 1 所示,OPT 处理下的土壤碱解氮、有效磷、速效钾和有机质含量均显著高于 CK,较 CK 分别提高 17.75%、10.98%、7.62%和 12.89%,说明保护性耕作模式不仅能促进土壤速效养分的积累,对有机质的富集也起到正向作用。同时玉米产量结果表明,OPT 处理的玉米产量较 CK 显著提高 23.45%。

表 1 不同耕作模式对土壤养分含量和玉米产量的影响

处理	有机质/(g·kg <sup>-1</sup> )	碱解氮/(mg·kg <sup>-1</sup> )	有效磷/(mg·kg <sup>-1</sup> )	速效钾/(mg·kg <sup>-1</sup> )	产量/(kg·hm <sup>-2</sup> )
OPT	24.08±0.04 a	146.69±0.23 a	34.77±0.06 a	140.36±0.31 a	12015±280 a
CK	21.33±0.04 b	124.58±0.20 b	31.33±0.08 b	130.42±0.29 b	9733±275 b

注:不同小写字母表示处理间在 P<0.05 水平差异显著。

2.2 不同耕作模式对细菌群落多样性的影响

2.2.1 alpha 多样性 Shannon 和 Simpson 指数反映了生境内的物种多样性,Pielou-e 指数反映了物种均匀度。如图 1 所示,OPT 的 Shannon、Simpson 和 Pielou-e 指数显著高于 CK,说明保护性耕作模式下土壤细菌的多样性和均匀度更高,更有利于维持微生态环境的细菌多样性。

如图 2 所示,通过 ASV 韦恩图来进行土壤细菌群落分析,6 个样本共得到 20 935 个 ASV,OPT 和 CK 中的 ASV 数量分别为 11 764 和 11 362,共有的 ASV 数量为 2 191,特有 ASV 数量分别为 9 573 和 9 171,保护性耕作模式下特有细菌类群要多于 CK。

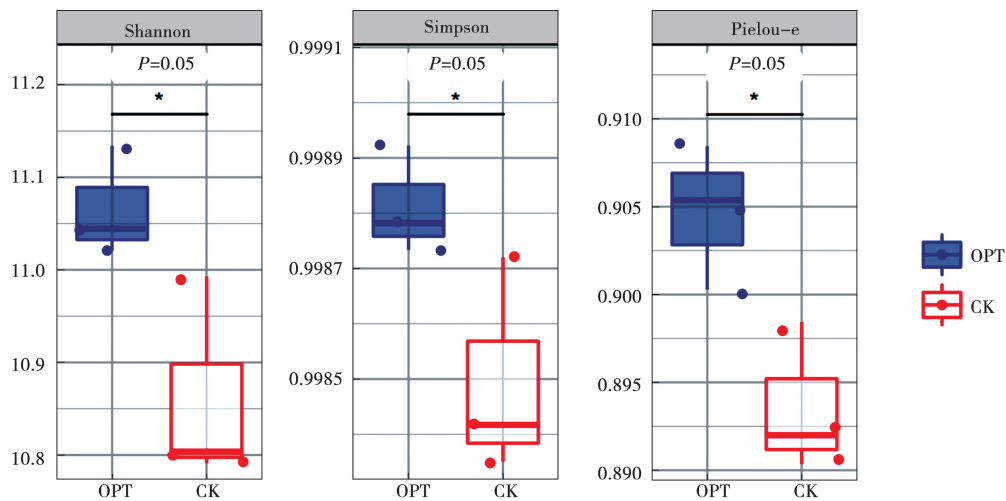


图 1 不同模式对土壤细菌 alpha 多样性的影响

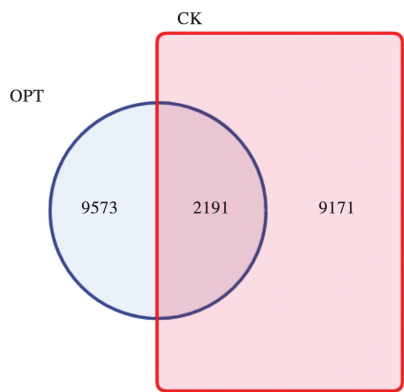


图 2 不同耕作模式对土壤细菌 ASV 数量的影响

2.2.2 beta 多样性 Beta 多样性聚焦于不同生境间多样性的比较,也就是样本间的差异。如图 3 所示,PC1 和 PC2 分别解释了数据差异性的 32.9%和19.9%,图中每个点代表一个样本,不同形状的点指示不同的分组,两点在坐标轴上的投影距离越近,表明这两个样本在相应维度中的群落组成越相似,反之差异性越大。OPT 和 CK 样品围绕 PC1 轴完全分开,且距离较远,说明保护性耕作和传统模式间的土壤细菌群落结构差异明显。

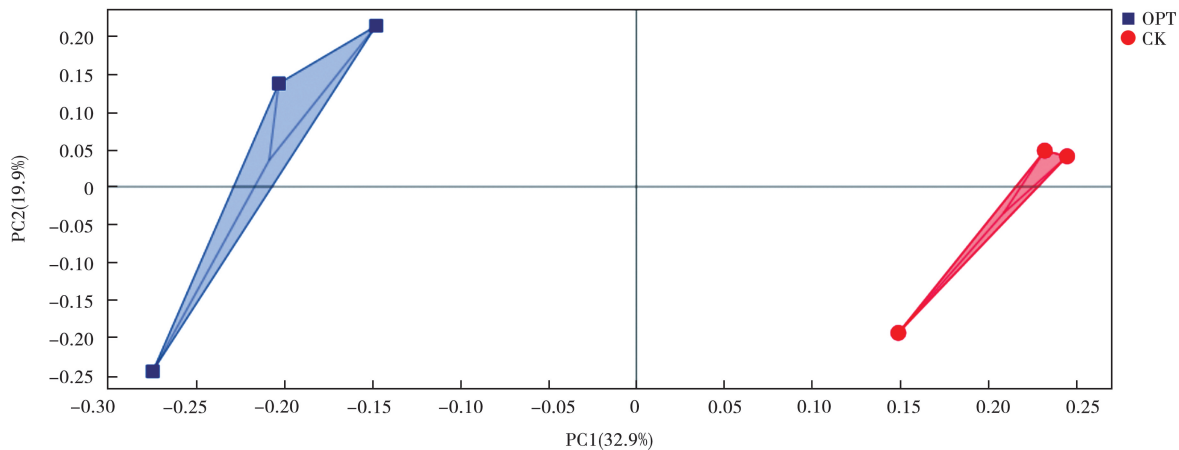


图 3 土壤细菌群落结构组成的 PCoA 分析

2.2.3 群落组成 如图 4 所示,门分类水平,相对丰度前 10 的细菌类群包括放线菌门(Actinobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、芽单胞菌门(Gemmati-  
monadetes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、硝化螺  
菌门(Nitrospirae)、厚壁菌门(Firmicutes)、  
(Rokubacteria)和浮霉菌门(Planctomycetes)。与 CK 相比,OPT 下的变形菌门、酸杆菌门、芽单

胞菌门、拟杆菌门、硝化螺菌门、Rokubacteria 和 10.68%、26.16%、13.55%、6.05%和 4.02%。  
浮霉菌门的相对丰度分别提高 27.18%、23.75%、

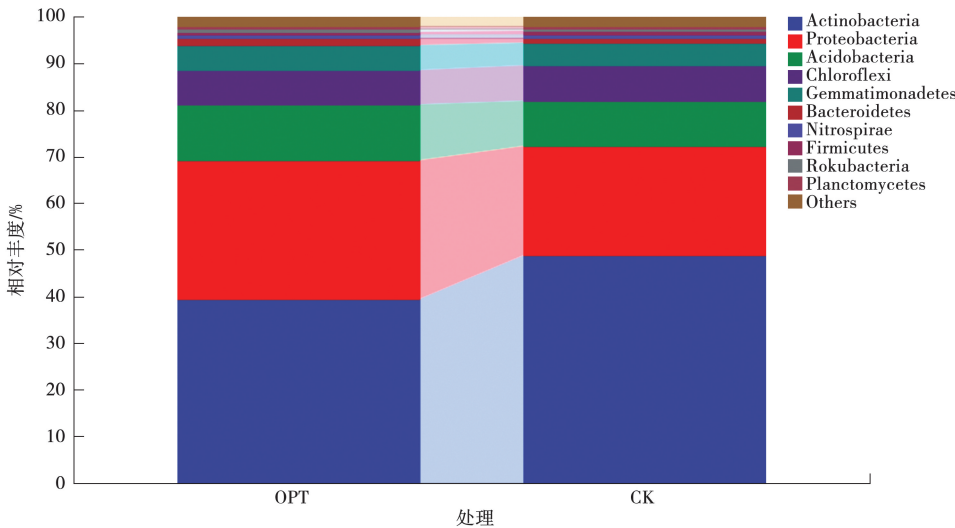


图 4 不同耕作模式对门分类水平下细菌群落相对丰度的影响

如图 5 所示,属分类水平下,相对丰度排前 10 位的细菌类群包括 Subgroup\_6、红色杆菌属 (*Rubrobacter*)、芽球菌属 (*Blastococcus*)、RB41、JG30-KF-CM45、67-14、KD4-96、鞘氨醇单胞菌

属 (*Sphingomonas*) 和 *Asanoa*。与 CK 相比, OPT 处理下的 Subgroup\_6、KD4-96 和鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 的相对丰度分别提高 10.41%、29.08%和 30.96%。

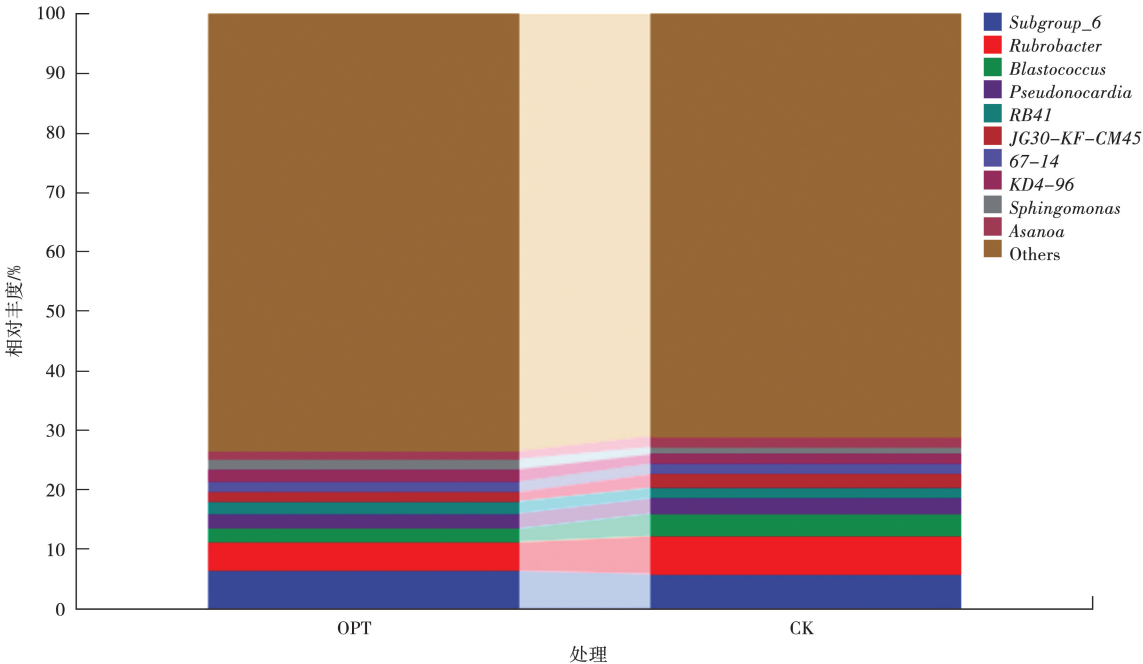


图 5 不同耕作模式对属分类水平下细菌群落相对丰度的影响

通过对不同模式下的土壤细菌群落进行差异分析(LDA 值设为 3),获得标志性物种。如图 6 所示,纵坐标为组间具有显著差异的分类单元,横坐标则以条形图直观地展示各分类单元的 LDA

分析对数得分值。分类单元按照得分值大小进行排序,以此描述它们在样本分组中的特异性。长度越长表明该分类单元的差异越显著,条形图的颜色指示了该分类单元所对应的丰度最高的样本



分组。OPT 与 CK 的差异性标志物在数量和种类上存在差别,OPT 和 CK 处理中分别具有 39 和 24 个分类,其中 OPT 处理中的属包括慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、*Rhodanobacteria*、KD4-96、红色杆菌属(*Rubrobacter*)、Subgroup\_17、*Haliangium*、

*MND1*、中慢生根瘤菌属(*Mesorhizobium*)、*IMCC26256*。CK 处理中的属包括芽球菌属(*Blastococcus*)、JG30-KF-CM45、*Skermanella*、类诺卡氏属(*Nocardioides*)、*Virgisprangium*、*Geodermatophilus*、*Aeromicrobium* 和 *Asanoa*。

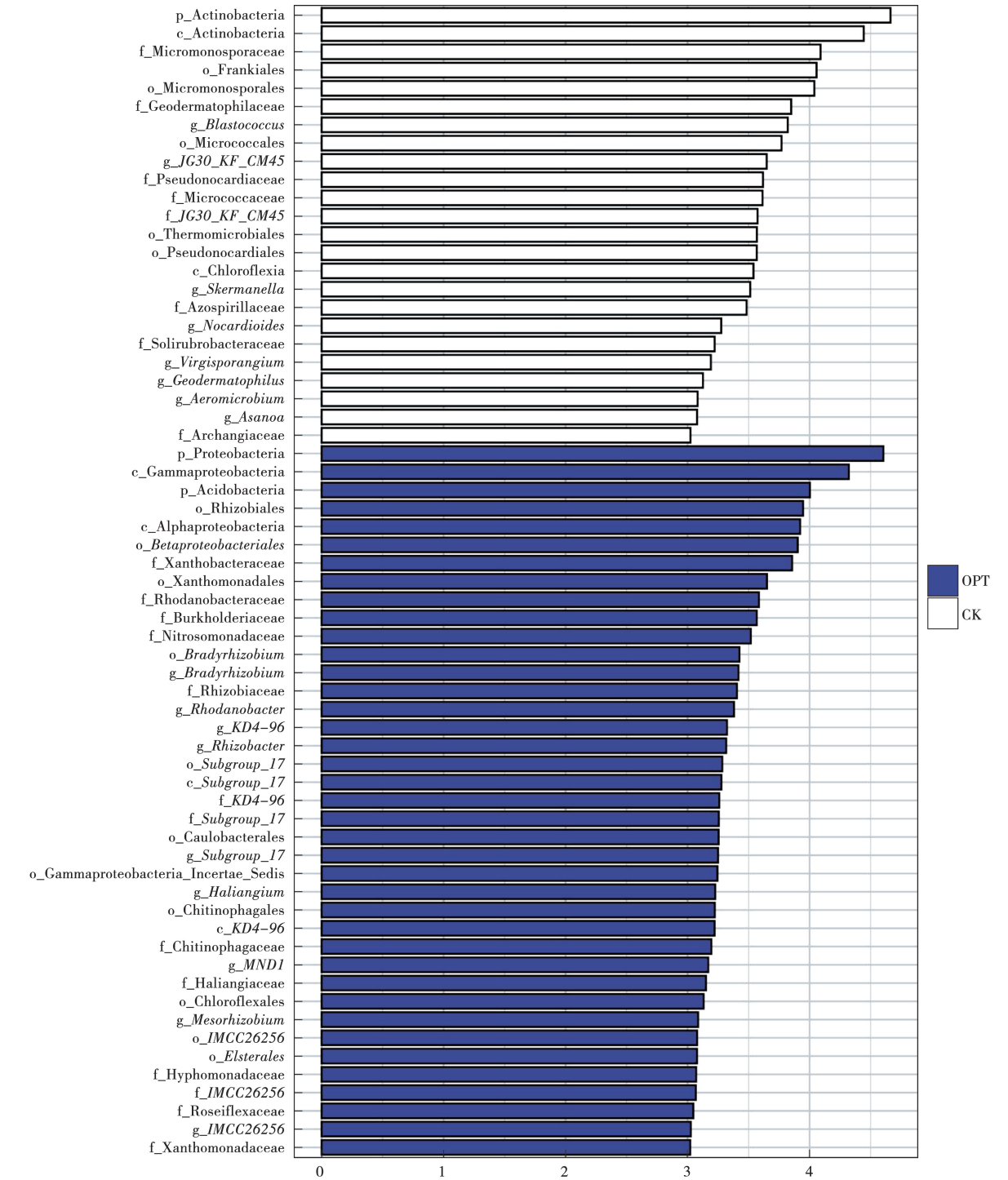


图 6 土壤细菌 LDA 值分析

2.3 土壤细菌群落与环境因子和产量的相关性分析

冗余分析(RDA)能够反映样本群落组成与环境因子之间的关系。如图 7 所示,轴 RDA1 和 RDA2 分别解释了样本细菌群落组成 95.11%和 3.38%的差异性。产量(Y)和速效养分碱解氮(AN)、有效磷(AP)、速效钾(AK)及有机质(SOC)间呈锐角,说明产量与土壤养分环境因子呈正相关性。OPT 与 CK 的样品在环境因子上的投影点间的距离较远,说明土壤养分环境因子对样本细菌群落结构组成具有较大影响。

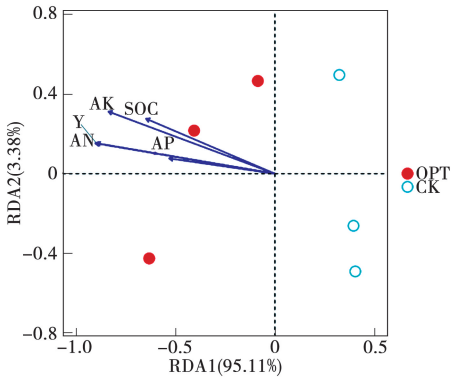


图 7 土壤细菌 LDA 值分析

为了进一步了解土壤细菌群落发生变化的主要影响因素及其对产量的影响,对排名前 10 的优势菌门和属与环境因子及产量进行皮尔逊(Pearson)相关性分析。如图 8 所示,放线菌门(Actinobacteria)与 AN、AK 和 Y 显著负相关;变形菌门(Proteobacteria)与 AN 和 Y 显著正相关;酸杆菌门(Acidobacteria)与 AN、AK、SOC 和 Y 显著正相关;芽球菌属(Blastococcus)与 AN、AK 和 Y 显著负相关;RB41 与 AP 显著正相关;JG30-KF-CM45 与 AN、AK 和 Y 显著负相关;KD4-96 与 AN、AK 和 Y 显著正相关。

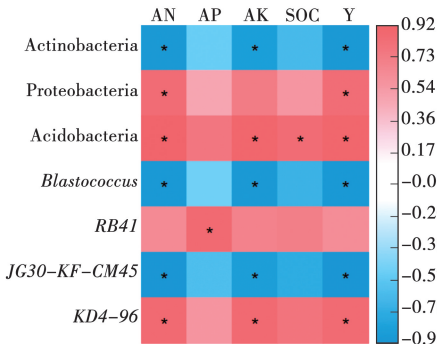


图 8 土壤细菌群落与土壤养分环境因子和玉米产量的关联热图

注: \* 表示显著相关( $P<0.05$ )。

3 讨论

3.1 保护性耕作模式对土壤养分含量的影响

保护性耕作能够固碳培肥,提高土壤微生物多样性,遏制“黑土层变薄”<sup>[11]</sup>。张旸等<sup>[12]</sup>认为,秸秆还田增加了土壤中 C、N、P、K 的积累量。本研究中,与 CK 相比,集秸秆覆盖还田、深松和免耕播种措施的保护性耕作模式提高了土壤碱解氮、有效磷、速效钾和有机质含量,这与吕凯飞等<sup>[13]</sup>研究结果相一致。郭书亚等<sup>[14]</sup>通过 3 年定位试验发现,连续免耕一段时间需要进行 1 次深松,深松结合秸秆覆盖还田有利于土壤碳的积累,本研究也得到了相同的结果。保护性耕作模式中的秸秆覆盖还田+免耕,通过减少土壤扰动并汇入外源碳,提高了土壤有机质含量,同时隔年深松打破犁底层,改良土壤结构,又加速了秸秆的腐解,提高了土壤养分含量。

3.2 保护性耕作模式对土壤细菌群落结构及多样性的影响

土壤细菌群落影响着养分循环,是反映土壤生态状况的重要指标之一<sup>[15]</sup>。本研究中,保护性耕作模式下的细菌群落多样性和均匀度显著高于 CK,这与张士秀等<sup>[16]</sup>研究结果相一致。从细菌群落结构组成来看,保护性耕作模式下的变形菌门、酸杆菌门、芽单胞菌门、拟杆菌门、硝化螺菌门、Rokubacteria 和浮霉菌门的相对丰度大于 CK,而这些细菌类群在促进氮素转化、提高作物抗旱、抗逆性等方面具有重要作用<sup>[17-21]</sup>;对植物生长有益,隶属于绿弯菌门的 KD4-96 代谢能力极强,具有芳香化合物降解功能的鞘氨醇单胞菌属(Sphingomonas)在保护性耕作模式下富集<sup>[22-23]</sup>。通过物种差异分析发现,保护性耕作和 CK 分别具有 39 和 24 个差异性物种,这可能是秸秆还田为细菌的定殖提供了更为充足的养分和能量<sup>[24]</sup>。此外,保护性耕作模式中的慢生根瘤菌属(Bradyrhizobium)、Rhodanobacteria、KD4-96、红色杆菌属(Rubrobacter)和中慢生根瘤菌属(Mesorhizobium)在植物固氮以及营养转化方面具有重要作用,这很有可能是导致保护性耕作模式土壤养分含量显著高于 CK 的主要原因<sup>[25-29]</sup>。

3.3 土壤细菌群落与环境因子和产量的相关性

土壤细菌群落与环境因子互作,进而间接影响作物产量<sup>[30-31]</sup>。一般认为,变形菌门为富营养类群,在养分含量更充足的条件下更易富集,本研究中,变形菌门与 AN 显著正相关,保护性耕作模式中秸秆还田为细菌活动提供了更多的营养物

质,因此变形菌门表现出更高的相对丰度<sup>[32]</sup>。酸杆菌门与AN、AK和SOC显著正相关。尽管酸杆菌门为寡营养型,但其具有纤维素降解功能和较强的抗逆性,因此秸秆丰富的环境促进了酸杆菌门的定殖<sup>[33]</sup>。同时,研究发现,酸杆菌门与土壤有机质呈正相关<sup>[34]</sup>,这与本研究结果相一致。在属水平上,芽球菌属(*Blastococcus*)与AN和AK显著负相关;*KD4-96*与AN、AK和Y显著正相关。王倩<sup>[35]</sup>研究认为,和免耕相比,芽球菌属(*Blastococcus*)的相对丰度在养分含量较低的常规耕作中反而更高,即芽球菌属(*Blastococcus*)可能与养分因子间存在负相关。Chen等<sup>[36]</sup>研究表明,*KD4-96*等有益菌的富集,能够降低氮素损失,提高氮磷利用效率和玉米产量。本研究也得到了相似的结果。

## 4 结论

与传统耕作模式相比,轮耕制的保护性耕作模式能够显著提高土壤速效养分和有机质含量;细菌群落的物种多样性和均匀度显著提高。从群落结构组成来看,保护性耕作模式下,参与氮素转化、提高作物抗旱、抗逆性的类群更为丰富,为玉米生长提供了更为适宜的微生态环境,进而促进玉米增产。综上所述,“两免一松”轮耕保护性耕作模式有利于优化土壤细菌群落,促进养分积累,提升地力,对于维持土壤生态的可持续发展具有积极效果。

## 参考文献:

[1] 韩晓增,邹文秀.东北黑土地保护利用研究足迹与科技研发展望[J].土壤学报,2021,58(6):1341-1358.

[2] 胡月华.土壤有机碳组分及微生物功能多样性对耕作方式与秸秆覆盖量的响应[J].江苏农业科学,2023,51(4):206-212.

[3] 秦海生.旋耕整地改进建议与措施[J].农业机械,2022(1):52-53.

[4] 隋鹏祥,罗洋,郑洪兵,等.长期耕作对农田黑土团聚体和有机碳稳定性的影响[J].应用生态学报,2023,34(7):1853-1861.

[5] 闫雷,董天浩,喇乐鹏,等.免耕和秸秆还田对东北黑土区土壤团聚体组成及有机碳含量的影响[J].农业工程学报,2020,36(22):181-188.

[6] 庞晔,袁建钰,闫丽娟,等.保护性耕作对黄土高原旱作麦田土壤氮矿化的影响[J].干旱区研究,2023,40(9):1446-1456.

[7] 李娜娜,李志强,黄学芳,等.不同耕作方式下秸秆还田对晋中玉米田水分时空分布及产量的影响[J].水土保持学报,2023,37(5):312-319.

[8] 李宇航,谷思玉,何婉莹,等.保护性耕作对黑土有机碳组分和玉米产量的影响[J].土壤通报,2023,54(2):336-345.

[9] 徐莹莹,王宇先,刘玉涛,等.黑龙江省不同生态区秸秆还田模式对土壤指标及玉米生长的影响[J].黑龙江农业科学,

2022(4):1-7.

[10] 鲍士旦.土壤农化分析[M].3版.北京:中国农业出版社,2000.

[11] 梁爱珍,张延,陈学文,等.东北黑土区保护性耕作的发展现状与成效研究[J].地理科学,2022,42(8):1325-1335.

[12] 张畅,高燕,张延,等.秸秆还田对东北黑土碳氮磷钾化学计量特征及玉米产量的影响[J].植物营养与肥料学报,2023,29(1):31-44.

[13] 吕凯飞,周锋,安瞳昕,等.耕作深度及秸秆还田对耕层土壤理化性状的影响[J].西南农业学报,2021,34(7):1503-1509.

[14] 郭书亚,尚赏,王坤,等.秸秆覆盖深松对夏玉米田土壤有机碳库的影响[J].作物杂志,2022(2):113-118.

[15] LI Y L, TREMBLAY J, BAINARD L D, et al. Long-term effects of nitrogen and phosphorus fertilization on soil microbial community structure and function under continuous wheat production[J]. Environmental Microbiology, 2020, 22(3):1066-1088.

[16] 张士秀,贾淑霞,常亮,等.保护性耕作改善东北农田黑土土壤生物多样性及其生态功能[J].地理科学,2022,42(8):1360-1369.

[17] 李磊,朱志明,王旭,等.秸秆还田对银北盐碱地土壤主要肥力指标及细菌群落多样性的影响[J].西北农业学报,2023,32(10):1603-1615.

[18] 林少颖,曾瑜,陈金梅,等.施用秸秆和生物炭的茉莉园土壤微生物量及细菌多样性的差异[J].环境科学学报,2023,43(8):383-395.

[19] 许伟佳,陈林,李敬王,等.秸秆还田配施不同激发剂对潮土有机碳和微生物群落的影响[J].江苏农业学报,2023,39(2):383-392.

[20] 隋鹏祥,康宏利,王峥宇,等.旋耕和秸秆还田方式对棕壤微生物群落特征的影响[J].生态学杂志,2023,42(9):2049-2060.

[21] 何亚玲,崔慧珍,王兵兵,等.玉米秸秆连续还田对土壤微生物群落组成的影响[J].农业科学研究,2022,43(4):27-35.

[22] 李瑞,张巡,杨阳,等.沼液替代化学氮肥对滨海稻田土壤有机氮和细菌群落的影响[J].植物营养与肥料学报,2022,28(8):1364-1375.

[23] 张云龙,郜春花,靳东升,等.矿区复垦土壤中鞘氨醇单胞菌促进秸秆腐解性能分析[J].山西农业科学,2022,50(1):67-77.

[24] 唐海明,肖小平,李超,等.冬季覆盖作物秸秆还田对双季稻田根际土壤微生物群落功能多样性的影响[J].生态学报,2018,38(18):6559-6569.

[25] 吴月,隋新华,戴良香,等.慢生根瘤菌及其与花生共生机制研究进展[J].中国农业科学,2022,55(8):1518-1528.

[26] HAN Z F, DONG J, SHEN Z Q, et al. Nitrogen removal of anaerobically digested swine wastewater by pilot-scale tidal flow constructed wetland based on *in situ* biological regeneration of zeolite[J]. Chemosphere, 2019, 217: 364-373.

[27] WANG Y H, DU L W, LIU H J, et al. Halosulfuron methyl did not have a significant effect on diversity and community of sugarcane rhizosphere microflora[J]. Journal of Hazardous Materials, 2020, 399: 123040.

[28] NORMAN J S, KING G M, FRIESEN M L. *Rubrobacter*

*spartanus* sp. nov., a moderately thermophilic oligotrophic bacterium isolated from volcanic soil [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2017, 67(9): 3597-3602.

[29] LARANJO M, ALEXANDRE A, OLIVEIRA S. Legume growth-promoting rhizobia: an overview on the *Mesorhizobium* genus[J]. Microbiological Research, 2014, 169(1): 2-17.

[30] 王友玲,邱慧珍,李孟婵,等. 不同通风方式下牛粪堆肥过程中微生物群落演替及其对环境因子的响应[J]. 环境科学学报,2023,43(8):189-201.

[31] 范秉元. 长期有机肥与无机肥配施对马铃薯-玉米田土壤养分、碳组分、微生物区系及作物产量的影响[J]. 江苏农业科学,2023,51(11):233-240.

[32] 赵海英,朱俊义,刘雪莲,等. 长白山白江河不同植被类型沼泽土壤细菌群落结构特征[J]. 东北林业大学学报, 2023,51(10):113-120.

[33] 毛煜民,王克勤,宋娅丽,等. 滇中亚高山森林土壤细菌多样性及群落结构对 N 沉降的响应[J]. 中南林业科技大学学报,2023,43(8):125-137.

[34] WANG H, WANG S L, WANG R, et al. Conservation tillage increased soil bacterial diversity and improved soil nutrient status on the Loess Plateau in China[J]. Archives of Agronomy and Soil Science, 2020, 66(11): 1509-1519.

[35] 王倩. 保护性耕作下土壤微生物群落组成及功能研究[D]. 北京:中国科学院大学,2021.

[36] CHEN L, LI K K, SHANG J Y, et al. Plant growth-promoting bacteria improve maize growth through reshaping the rhizobacterial community in low-nitrogen and low-phosphorus soil[J]. Biology and Fertility of Soils, 2021, 57 (8): 1075-1088.

# Effects of Conservation Tillage on Nutrient Content, Bacterial Community Structure and Diversity in Chernozem of Cropland

XU Yingying, WANG Yuxian, YANG Huiying, GAO Pan, ZHANG Gongliang, WANG Chen, LIU Yutao, TAN Kefei

(Qiqihar Branch, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Qiqihar 161006, China)

**Abstract:** In order to investigate the effects of conservation tillage on nutrient content, bacterial community structure and diversity in black calcareous soil farmland, based on soil chemical analysis and Illumina high-throughput sequencing technology, differences in soil nutrient indicators and bacterial community composition between conservation and traditional tillage modes were compared. The results showed that compared to the traditional mode, the alkaline nitrogen, available phosphorus, available potassium, and organic matter content under the protective tillage mode were significantly increased by 17.75%, 10.98%, 7.62% and 12.89%. The diversity and evenness of bacterial communities significantly improved. The conservation tillage model optimized the bacterial community structure, enriched Proteobacteria, Acidobacteria, Gemmatimonadetes, Bacteroidetes, Nitrospirae, Rokubacteria, and Planctomycetes that promotes nitrogen transformation, improve crop drought resistance, and stress resistance. And enriched *Bradyrhizobium*, *Rhodanobacteria*, *KD4-96*, *Rubrobacter* and *Mesorhizobium* which played important roles in plant nitrogen fixation and nutrient transformation. These dominant groups were significantly positively correlated with environmental factors and maize yield, thereby improving soil fertility and promoting yield increase.

**Keywords:** conservation tillage; black calcareous soil; soil nutrients; bacterial communities; maize yield

## 协办单位

- 黑龙江省作物学会
- 黑龙江省农业科学院水稻研究所
- 黑龙江省农业科学院克山分院
- 黑龙江省农业科学院黑河分院
- 黑龙江省农业科学院绥化分院
- 黑龙江省农业科学院佳木斯分院
- 黑龙江省农业科学院牡丹江分院