



任一菲,王学瑛,王驰,等.皖南烟区土壤养分与根际微生物群落的互作关系及其功能响应[J].江西农业大学学报,2026,48(4):1079–1089.

Ren Y F,Wang X Y,Wang C,et al.Interactions between soil nutrients and rhizosphere microbial communities in the tobacco-growing areas of southern Anhui and their functional responses[J].Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis,2026,48(4):1079–1089.

皖南烟区土壤养分与根际微生物群落的 互作关系及其功能响应

任一菲¹,王学瑛²,王 驰³,沈 毅³,单佳康¹,
任天宝¹,殷全玉¹,戴志渊^{3*},薛 琳^{3*}

(1.河南农业大学 烟草学院/河南省生物炭研究工程技术中心,河南 郑州 450002;2.安徽皖南烟叶有限责任公司,安徽 宣城 242000;3.上海烟草集团有限责任公司,上海 200082)

摘要:【目的】探究皖南主要植烟区土壤微生物群落与功能特征,解析其与环境因子之间的关系。【方法】选取城区、黄渡、南陵和芜湖4个皖南典型烟区为研究区域,测定土壤pH、有机碳、全氮、全磷、速效磷、全钾、碱解氮、速效钾等理化性质;基于16S rRNA高通量测序技术分析土壤细菌群落 α 多样性、 β 多样性及群落组成;结合微生物共现网络分析揭示微生物互作关系,通过FAPROTAX功能预测解析微生物生态功能;运用Mantel检验和冗余分析(RDA)明确驱动微生物群落结构的关键环境因子。【结果】4个植烟区土壤pH均呈酸性(5.08~5.24)。南陵有机碳、全氮最高,芜湖全磷高而速效磷最低,黄渡全钾显著偏低。各烟区细菌群落 α 多样性无显著差异,群落组成与结构则差异明显;pH、有机碳和全氮是驱动群落结构分化的关键环境因子。Mantel与冗余分析显示,pH、有机碳和全氮是驱动微生物群落结构的关键环境因子。网络分析显示,芜湖烟区网络复杂度高,而南陵烟区最低,且各烟区微生物网络存在很大差异。FAPROTAX功能预测表明,土壤微生物主要参与碳、氮、硫等关键循环过程,南陵烟区显著富集与碳循环相关的功能类群,黄渡烟区富集与氮循环相关的功能类群,芜湖烟区富集硫相关类群。【结论】揭示了皖南主要烟区土壤微生物群落的分布、功能特征及其环境驱动机制,明确了pH、有机碳和全氮是塑造微生物群落结构的主要环境因子,不同烟区微生物通过调整群落互作模式和代谢功能以适应局域养分条件。研究结果可为区域土壤健康管理提供理论依据。

关键词:皖南植烟区;土壤养分;微生物群落;共现网络;功能预测;根际土壤;环境驱动因子

中图分类号:S572;S154.4 文献标志码:A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):

文章编号:1000-2286(2026)04-1079-11

CSTR:32399.14.aauj.2026087



Interactions between soil nutrients and rhizosphere microbial communities in the tobacco-growing areas of southern Anhui and their functional responses

Ren Yifei¹, Wang Xueying², Wang Chi³, Shen Yi³, Shan Jiakang¹,
Ren Tianbao¹, Yin Quanyu¹, Dai Zhiyuan^{3*}, Xue Lin^{3*}

收稿日期:2026-02-12 修回日期:2026-03-18 接受日期:2026-03-26

基金项目:国家重点研发计划项目(2021YFD1700900)

Project supported by the National Key R&D Program of China(2021YFD1700900)

作者简介:任一菲,硕士生,orcid.org/0009-0005-7628-3291,906819331@qq.com;*通信作者:戴志渊,高级工程师,主要从事烟草原料及信息化研究,orcid.org/0009-0002-3238-5139,daizy@sh.tobacco.com.cn;薛琳,高级农艺师,主要从事植烟土壤改良与烟叶生产管理研究,orcid.org/0009-0008-7381-8678,xuelin-xx@163.com。

©《江西农业大学学报》编辑部,开放获取CC BY-NC-ND协议

(1.Tobacco College of Henan Agricultural University/Henan Biochar Research Engineering Technology Center, Zhengzhou, 450002, China; 2.Anhui Wannan Leaf Tobacco Co., Ltd., Xuancheng, 242000, China; 3.Shanghai Tobacco Co., Ltd., Shanghai, 200082, China)

Abstract: [Objective] To investigate the structural and functional characteristics of soil microbial communities in major tobacco-growing regions of southern Anhui, and to analyze their relationships with environmental factors. [Method] Four typical tobacco-growing areas in southern Anhui, including urban areas, Huangdu, Nanling, and Wuhu, were elected as research subjects. Soil physicochemical properties such as pH, organic carbon, total nitrogen, total phosphorus, available phosphorus, total potassium, alkaline hydrolyzable nitrogen, and available potassium were measured. Based on high-throughput 16S rRNA sequencing technology, soil bacterial community α -diversity, β -diversity, and community composition were analyzed. Microbial co-occurrence network analysis was employed to reveal microbial interactions, and FAPROTAX functional prediction was used to analyze microbial ecological functions. Mantel test and redundancy analysis (RDA) were applied to identify key environmental factors driving microbial community structure. [Result] The results showed that the soil pH in all four tobacco-growing areas was acidic (5.08–5.24). Nanling had the highest levels of organic carbon and total nitrogen, while Wuhu exhibited the highest total phosphorus and the lowest available phosphorus, and Huangdu showed significantly lower total potassium. There were no significant differences in bacterial community α -diversity among the tobacco-growing areas, but significant differences were observed in community composition and structure. pH, organic carbon, and total nitrogen were identified as key environmental factors driving community structure differentiation. Mantel and RDA analyses revealed that pH, organic carbon, and total nitrogen were the key environmental factors driving microbial community structure. Network analysis indicated that the tobacco-growing area in Wuhu had the highest network complexity, while Nanling had the lowest, and significant differences existed among microbial networks across the tobacco-growing areas. FAPROTAX functional prediction indicated that soil microorganisms primarily participate in key cycling processes such as carbon, nitrogen, and sulfur. The Nanling tobacco-growing area showed significant enrichment of functional groups related to carbon cycling, while the Huangdu area was enriched with nitrogen cycling-related functional groups, and the Wuhu area exhibited sulfur-related functional groups. [Conclusion] This study reveals the distribution, functional characteristics, and environmental driving mechanisms of soil microbial communities in major tobacco-growing areas of southern Anhui. It clarified that pH, organic carbon, and total nitrogen are the primary environmental screening factors shaping microbial community structure. Microorganisms in different tobacco-growing areas adapt to local nutrient conditions by adjusting community interaction patterns and metabolic functions. The research findings provide a theoretical basis for regional soil health management.

Keywords: south Anhui tobacco planting area; soil nutrients; microbial communities; co-occurrence networks; functional prediction; rhizosphere soil; environmentally driving factors

【研究意义】烟草(*Nicotiana tabacum* L.)是我国重要的经济作物,在国民经济中占有重要地位^[1]。皖南地区作为安徽省主产烟区,主要分布于宣城、芜湖、黄山等地,属亚热带季风气候,以山地丘陵地形为主,其独特的生态环境是形成烟叶优良品质的基础^[2]。烟叶品质与产量受生长环境影响显著,其中土壤条件是决定烟叶内在化学成分和感官评吸质量的核心要素^[3]。因此,深入解析皖南烟区土壤生态特征及其与烟叶品质形成的关联机制,对区域烟草产业的可持续发展具有重要的理论价值和现实意义。【前人研究进展】土壤微生物作为农田生态系统中最活跃的组成部分,参与有机质分解、养分循环及病害抑制等关键生态过程,其群落结构差异可有效反映土壤健康状况^[4–5]。根际作为受植物根系活动强烈影响的微域环境,分布着大量功能微生物,这些微生物能够帮助植物吸收养分并增强抗逆性^[6–8]。已有研究表明,不同植烟区的土壤理化性质及微生物群落结构存在明显差异,并通过影响养分循环和根际微环境间

接调控烟草的生长发育及品质形成。刘艳霞等^[9]对贵州省典型植烟生态区域的研究发现,不同生态区根际土壤微生物群落多样性差异显著,且与土壤养分状况密切相关。然而,关于植烟区土壤理化性质如何驱动微生物群落组装、微生物互作关系如何响应环境变化等问题,仍缺乏系统的生态学解析。

【本研究切入点】皖南烟区成土母质复杂、施肥管理措施和种植制度多样,不同烟区间土壤养分状况存在明显空间异质性。然而,目前对该区域土壤微生物群落如何响应养分梯度变化、微生物种间互作网络如何随环境条件改变而调整,以及微生物生态功能在烟区间呈现何种分异规律,尚缺乏系统研究,相关机制尚不明确。【拟解决的关键问题】本研究以皖南城区、黄渡、南陵和芜湖4个典型烟区为研究对象,通过测定土壤理化性质,结合16S rRNA高通量测序技术及多种生态学分析方法,系统探究:(1)皖南不同植烟区土壤理化性质的分布特征;(2)细菌群落组成、多样性及共现网络结构的烟区间差异;(3)土壤关键环境因子对微生物群落结构和潜在生态功能的驱动机制。研究结果旨在为皖南烟区土壤健康管理和精准施肥提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验区域与供试材料

本研究在安徽省皖南主要烟区开展。该区域属亚热带湿润季风气候,植烟土壤类型为麻沙土、麻沙泥、粉沙土和水稻土。试验样品采集自区域内4个代表性产烟县(区)中的城区、黄渡、南陵、芜湖烟区所覆盖的种烟乡镇,所选样点基本覆盖了皖南主要烟区的主要植烟区。供试烟草品种为‘云烟87’,所有试验田块采用统一的栽培管理措施。于2024年4月上旬完成移栽,种植密度为16 500株/hm²。施肥方案为:基肥条施烟草专用复合肥[m(N):m(P₂O₅):m(K₂O)=10:10:20]600 kg/hm²、饼肥450 kg/hm²;移栽后7 d和25 d分别追施硝酸钾[m(N):m(K₂O)=13.5:44.5]75 kg/hm²和112.5 kg/hm²。其他田间管理如灌溉、打顶抹杈、病虫害防治等按照当地优质烟叶生产标准执行。

1.2 测定项目及方法

1.2.1 供试土壤与样品的采集

于2024年7月中旬烟草成熟期,在各研究区域代表性田块进行土壤样品采集,每个烟区选取具有代表性的15个样点。每个样点采用五点采样法,选取10株健康烟株,采集0~20 cm耕层根际土壤,混合均匀后构成1个样品。样品经2 mm筛网去除石砾及植物残体后,分为2份:一份于室温下自然风干后用于测定土壤理化性质;另一份储存在10 mL无菌离心管中,置于-80℃超低温冰箱中冷冻保存,用于后续土壤微生物总DNA提取与测序。

1.2.2 土壤理化性质测定

参考鲍士旦^[10]主编的《土壤农化分析》对土壤理化性质进行测定。土壤pH值采用电位法测定,水土比为2.5:1,使用pH计(Five Easy Plus-FE28, METTLER TOLEDO, United States)测定。土壤有机碳采用重铬酸钾外加热氧化法测定;土壤全氮采用凯氏定氮法测定;土壤全磷采用氢氧化钠熔融-钼锑抗分光光度法进行测定;土壤速效磷采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗分光光度法测定;土壤全钾含量采用氢氧化钠碱熔-火焰光度法测定。

1.2.3 DNA提取和微生物测序

使用EZNA®土壤试剂盒(Omega Bio-tek, Norcross, GA, US)提取土壤中的总DNA。使用NanoDrop One(Thermo Fisher Scientific, MA, USA)检测DNA的浓度和纯度。随后,使用引物338F(5'-ATCCTACGGGGGGCAGCAG-3')和806R(5'-GTACACHVGGGGTWTCTAAT-3')对V3-V4可变区进行PCR扩增。扩增产物经纯化与均一化后,在Illumina的Miseq PE 300平台进行测序。

使用QIIME 2软件^[11]处理下机得到的原始数据;利用DADA2算法对原始测序序列进行质量过滤、去噪和去嵌合体,以获得高精度的扩增子序列变体(ASV);使用SILVA(v.138)数据库对细菌进行物种分类注释。

1.3 数据分析

本试验所有数据均使用R语言(v 4.4.3)分析,使用vegan包^[12]进行α多样性(Shannon、Chao1指数)

计算、主坐标分析(PCoA)和 Adonis 检验;使用 SpiecEasi 包^[13]基于 SparCC 方法构建微生物共现网络(阈值: $|\text{rl}| > 0.6, P < 0.05$),并计算网络拓扑特征,在 Gephi(v 0.9.3)中可视化。采用 Poisot 等^[14]提出的方法,通过比较网络间共有节点(OTU/ASV)的连接关系来计算两两网络之间的相异性。使用 microeco 包^[15]进行冗余分析(RDA)和 Mantel 检验,以阐明环境变量对微生物多样性和显著变化高丰度菌群的影响。使用 FA-PROTAX 数据库进行微生物功能预测,结果经 Z-score 标准化后以热图展示。单因素方差分析(ANOVA)用于比较组间差异,显著性水平设为 $\alpha = 0.05$ 。

2 结果与分析

2.1 皖南主要植烟区土壤化学性质分析

皖南主要烟区土壤化学性质如表 1 所示,4 个烟区的土壤均呈酸性,且各烟区无显著差异。各烟区土壤养分含量表现出明显的空间异质性,全量养分差异特征显著:南陵烟区土壤有机碳、全氮含量均为最高,分别达 $(2.53 \pm 1.07)\%$ 、 $(0.16 \pm 0.05)\%$,其中有机碳含量较城区、芜湖、黄渡烟区分别高出 43.75%、25.24%、26.50%,全氮含量较黄渡烟区高出 23.07%;芜湖烟区全磷含量居首,为 $(1.53 \pm 0.49)\text{g/kg}$,显著高于南陵烟区(41.67%)和城区烟区(155.00%);黄渡烟区全钾含量显著偏低,仅为 $(1.01 \pm 0.15)\%$,明显低于其他 3 个烟区。速效养分的分布规律与全量养分存在一定关联且各有特征:南陵烟区碱解氮含量最高,为 $(128.56 \pm 15.32)\text{mg/kg}$,与全氮的分布特征相契合,说明该烟区土壤氮素有效性较好;速效磷含量以黄渡烟区最高 $(39.39 \pm 17.12)\text{mg/kg}$,芜湖烟区最低 $(17.94 \pm 7.20)\text{mg/kg}$,与全磷含量分布趋势相反,体现出芜湖烟区土壤磷素固定作用较强,有效磷供给能力偏低;速效钾含量城区烟区最高 $(112.35 \pm 12.47)\text{mg/kg}$,芜湖烟区最低 $(85.23 \pm 9.65)\text{mg/kg}$,黄渡烟区为 $(98.65 \pm 10.23)\text{mg/kg}$,整体与全钾含量的分布趋势基本一致。

表 1 皖南主要烟区土壤化学性质分析

Tab.1 Analysis of soil chemical properties in major tobacco-growing areas of southern Anhui

区域 Areas	pH	有机碳/% OC	全氮/% TN	全磷/ ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$) TP	速效磷/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$) AP	全钾/ ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$) TK	碱解氮/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$) AN	速效钾/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$) AK
城区烟区 Urban tobacco region	5.10 ± 0.45^a	1.76 ± 0.28^b	0.14 ± 0.03^{ab}	0.60 ± 0.17^c	29.84 ± 12.47^a	1.32 ± 0.47^a	115.23 ± 13.56^b	112.35 ± 12.47^a
黄渡烟区 Huangdu tobacco region	5.08 ± 0.35^a	2.00 ± 0.31^b	0.13 ± 0.01^b	1.26 ± 0.44^{ab}	39.39 ± 17.12^a	1.01 ± 0.15^b	108.65 ± 11.23^c	98.65 ± 10.23^b
南陵烟区 Nanling tobacco region	5.22 ± 0.51^a	2.53 ± 1.07^a	0.16 ± 0.05^a	1.08 ± 0.46^b	32.54 ± 13.85^a	1.46 ± 0.48^a	128.56 ± 15.32^a	105.89 ± 11.56^{ab}
芜湖烟区 Wuhu tobacco region	5.24 ± 0.38^a	2.02 ± 0.39^b	0.14 ± 0.03^{ab}	1.53 ± 0.49^a	17.94 ± 7.20^b	1.30 ± 0.31^a	118.98 ± 14.25^b	85.23 ± 9.65^c

数据为“平均值±标准差”。一列中不同字母表示存在显著差异(ANOVA 分析, Tukey HSD 检验; $P < 0.05$)。

Values are mean $\pm$ SD. Different lowercase letters within a column indicate significant differences at $P < 0.05$ by one-way ANOVA with Tukey's HSD test.

2.2 皖南主要植烟区土壤细菌群落组成

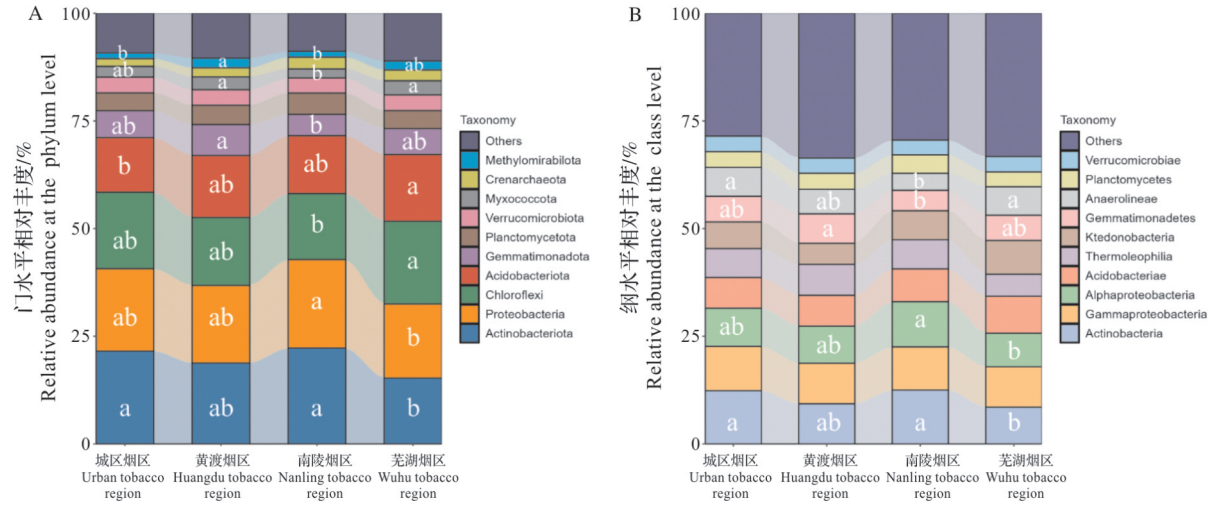
2.2.1 门水平群落组成

在门水平上,4 个烟区土壤细菌共检测到 32 个门,其中相对丰度大于 1% 的优势菌门有 10 个,累计相对丰度达 90% 以上(图 1A),主要为放线菌门(Actinobacteriota, 19.47%)、变形菌门(Proteobacteria, 18.72%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 17.02%)、酸杆菌门(Acidobacteriota, 14.00%)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota, 6.10%)等。不同烟区优势菌门的相对丰度存在显著差异:南陵烟区放线菌门和变形菌门相对丰度均为最高,分别达 22.56% 和 20.13%,而绿弯菌门、芽单胞菌门、黏细菌门(Myxococcota)和 Methylo-

mirabilota 的相对丰度最低,反映出该烟区高有机碳、高氮素的土壤环境更适合放线菌门和变形菌门细菌的生长繁殖;芜湖烟区绿弯菌门(20.35%)和酸杆菌门(16.89%)相对丰度最高,放线菌门和变形菌门相对丰度最低,这两类菌群对低磷、酸性环境的适应性较强;城区烟区放线菌门相对丰度(21.89%)仅次于南陵烟区,酸杆菌门和黏细菌门相对丰度最低;黄渡烟区芽单胞菌门、黏细菌门和 Methylomirabilota 的相对丰度最高,分别为 7.89%、3.56% 和 2.13%,与该烟区速效磷含量高、全钾含量低的土壤特征相关。

2.2.2 纲水平群落组成

在纲水平上,共检测到 68 个纲,相对丰度大于 1% 的优势纲有 10 个(图 1B),主要为放线菌纲(Actinobacteria, 10.68%)、 γ -变形菌纲(Gammaproteobacteria, 9.78%)、 α -变形菌纲(Alphaproteobacteria, 8.94%)、Acidobacteriae(7.63%)等,与门水平优势菌群的组成特征相呼应。纲水平群落组成的烟区间差异与门水平一致:放线菌纲和 α -变形菌纲在南陵烟区的相对丰度最高,分别为 12.35% 和 10.12%,在芜湖烟区最低;芽单胞菌纲(Gemmatimonadetes)在黄渡烟区相对丰度最高(6.89%),在南陵烟区最低(4.56%);厌氧绳菌纲(Anaerolineae)在城区和芜湖烟区相对丰度较高,均超过 6.00%,在南陵烟区最低(4.23%),表明该细菌群更适应低有机碳的土壤环境。



不同字母表示存在显著差异(ANOVA 分析, Tukey HSD 检验; $P < 0.05$)。

Different lowercase letters indicate significant differences at $P < 0.05$ by one-way ANOVA with Tukey's HSD test.

图 1 皖南主要烟区土壤微生物门水平(A)和纲水平(B)群落相对丰度分析

Fig.1 Analysis of relative abundance of soil microbial phylum(A) and class(B) communities in major tobacco-growing areas of southern Anhui

2.3 皖南主要植烟区土壤微生物多样性和群落结构分析

2.3.1 α 多样性特征

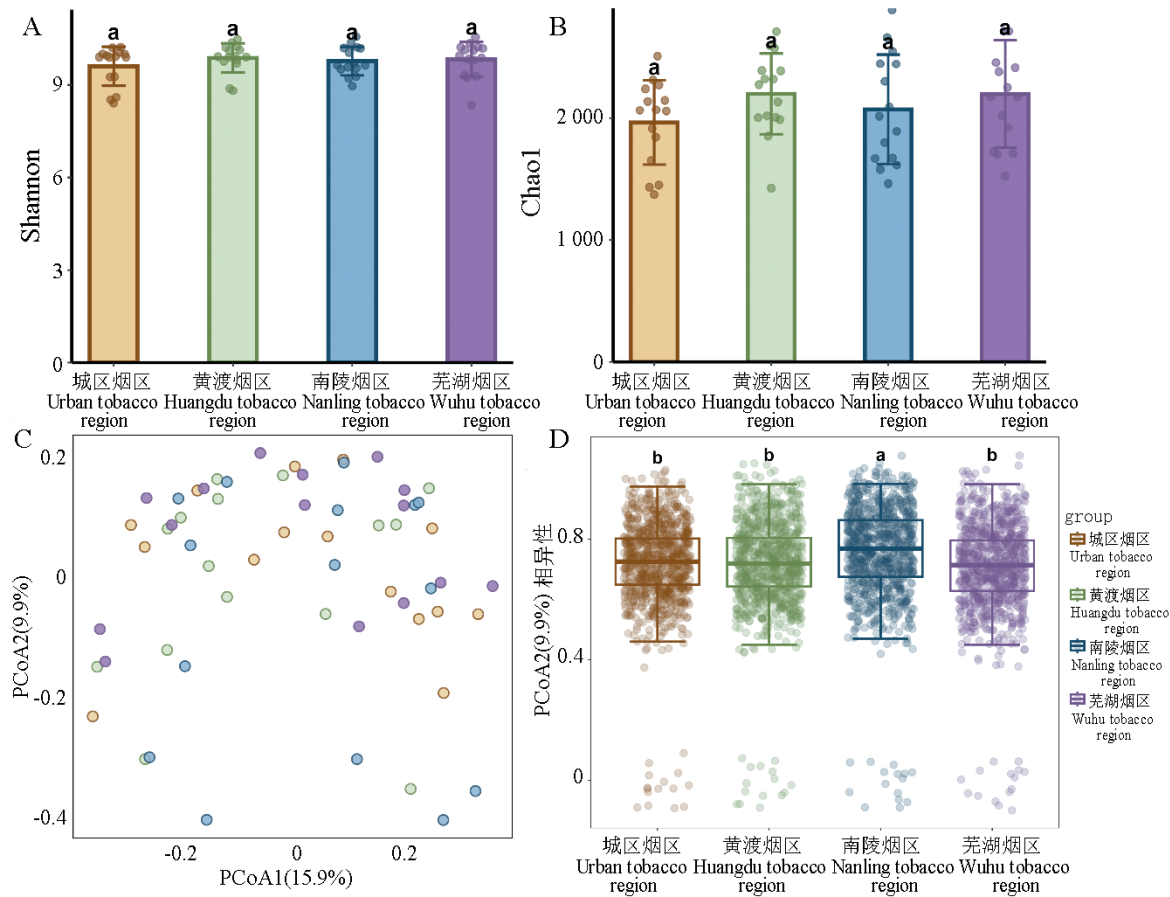
由图 2A、图 2B 可知,4 个烟区土壤细菌群落的 Shannon 指数和 Chao1 指数均无显著差异($P > 0.05$),其中 Shannon 指数在 6.8~7.2 之间波动,Chao1 指数为 1 800~2 000。结果表明,尽管各烟区土壤养分状况差异明显,但土壤细菌群落的整体丰富度和均匀度并未受此影响而产生显著分异。究其原因,皖南烟区全域土壤均呈酸性,相对稳定的酸碱环境为细菌生长繁殖提供了统一的基础条件,进而维持了群落整体多样性水平的一致性。

2.3.2 β 多样性特征

基于 Bray-Curtis 距离的 PCoA 分析结果(图 2C)显示,PCoA1 和 PCoA2 分别解释了 15.9% 和 12.6% 的群落变异,4 个烟区的土壤细菌群落样本呈现出明显的聚类特征,同一烟区的样本聚集在一起,不同烟区的样本则相互分离。Adonis 检验结果进一步证实,不同烟区间的土壤细菌群落结构存在显著差异($F = 1.43, P = 0.01$)。Bray-Curtis 相异性分析(图 2D)显示,南陵烟区与其他 3 个烟区的相异性均为最高,说明该烟区的细菌群落结构独特性最为显著,这一特征与南陵烟区有机碳、氮素含量显著高于其他烟区的土壤养分状况密切相关。

2.3.3 土壤理化性质与细菌群落结构的相关性分析

Mantel 检验结果(表 2)显示,不同土壤理化性质与细菌群落结构的相关性差异显著。其中,pH、有机碳和全氮均与细菌群落结构呈显著正相关($P<0.05$),且有机碳的相关系数最高($r=0.335$, $P=0.004$),这表明 pH、有机碳和全氮是驱动皖南烟区土壤细菌群落结构分化的关键环境因子;全磷与群落结构呈弱正相关($r=0.111$, $P=0.031$);而速效磷、全钾、碱解氮和速效钾与细菌群落结构的相关性均未达到显著水平($P>0.05$),反映出在本研究区域内,土壤全量养分对细菌群落结构的影响程度要大于速效养分。



不同字母表示存在显著差异(ANOVA 分析,Tukey HSD 检验; $P<0.05$)。
Different lowercase letters indicate significant differences at $P<0.05$ by one-way ANOVA with Tukey's HSD test.
图2 皖南主要烟区土壤微生物 α 多样性与 β 多样性分析

Fig.2 Analysis of α and β diversity of soil microorganisms in major tobacco-growing areas of southern Anhui

表 2 环境因子与细菌群落结构之间的 Mantel 分析

环境因子 Environmental factors	<i>r</i>	<i>P</i>
pH	0.210	0.011*
有机碳/% OC	0.335	0.004**
全氮/% TN	0.271	0.002**
全磷/(mg·kg ⁻¹) TP	0.111	0.031
速效磷/(mg·kg ⁻¹) AP	0.035	0.279
全钾/(mg·kg ⁻¹) TK	-0.012	0.54
碱解氮/(mg·kg ⁻¹) AN	0.089	0.085
速效钾/(mg·kg ⁻¹) AK	0.056	0.198

*表示 $P<0.05$, **表示 $P<0.01$ 。
* indicates $P<0.05$, ** indicates $P<0.01$.

2.4 皖南主要植烟区土壤细菌网络分析

皖南主要烟区以 4 个烟区土壤样品测序所得到的 ASV 为数据源,基于 SparCC 构建各植烟区的生态分子网络(图 3)。城区烟区节点数最多(148),而芜湖烟区展现出最高的网络复杂度,其边数量(1 255)和平均度(19.308)最高。此外,芜湖烟区具有最高的网络密度(0.150)和最短的平均路径长度(1.512),而南陵烟区网络直径最大(5.133)。模块化结果显示,黄渡烟区模块化程度最高(0.377),芜湖烟区最低(0.279)。值得注意的是,4 个烟区土壤微生物间的相互作用均为正相关(表 3)。为确定不同烟区微生物网络的差异,计算网络相异性指数(表 4)并进行比较分析。结果表明,尽管不同烟区微生物网络存在一定数量的共有 ASV,但其构建的共生网络整体上表现出差异。具体而言,与南陵烟区和芜湖烟区相比,城区烟区 VS 黄渡烟区有更大的差异(0.919 5)。城区烟区 VS 芜湖烟区的网络最为相似,相异性指数最低(0.844 1),共享的边最多(185 条)。相比之下,南陵烟区 VS 芜湖烟区微生物网络共享 ASV 数量最少(75 个),且各自独有边数量差异显著(706 条 VS 1 126 条),但其网络相异性(0.876 6)仍低于城区烟区 VS 黄渡烟区。这些结果共同表明,尽管各烟区微生物网络存在一定的共有 ASV,但其构建的微生物网络具有高度差异,反映出不同生态环境下微生物互作关系的异质性。

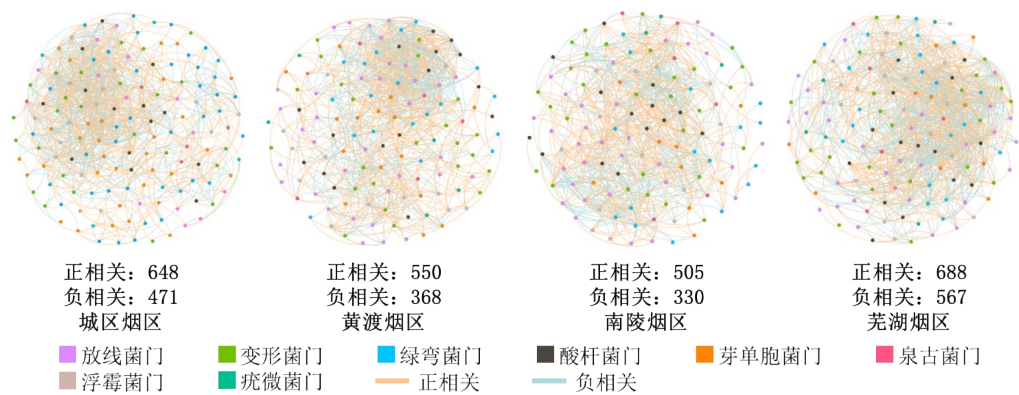


图 3 皖南主要烟区土壤微生物的共现网络分析

Fig.3 Co-occurrence network of soil microorganisms in tobacco fields from major southern Anhui tobacco region

表 3 微生物网络分析相关参数

Tab.3 Parameters of microbial interaction network

参数 Parameters	城区烟区	黄渡烟区	南陵烟区	芜湖烟区
节点数 Nodes	148	131	123	130
边数量 Edges	1 119	918	835	1 255
网络密度 Network density	0.103	0.108	0.111	0.150
平均度 Average degree	15.122	14.015	13.577	19.308
网络直径 Network diameter	3.926	4.003	5.133	4.048
平均路径长度 Average path length	1.728	1.700	1.737	1.512
聚类系数 Clustering coefficient	0.509	0.526	0.478	0.528
模块化 Modularity	0.331	0.377	0.352	0.279

2.5 皖南主要植烟土壤化学性质与细菌群落的 RDA 分析

为进一步明晰土壤环境因子对高丰度细菌类群的驱动作用,本研究针对烟区间显著变化的高丰度细菌类群,结合土壤理化性质开展冗余分析(RDA),结果如图 4 所示。该分析中 RDA1 轴可解释 66.15% 的群落变异,其变化主要与土壤 pH 相关;RDA2 轴的解释率为 20.91%,群落变异主要受土壤有机碳和全氮含量的驱动,两大轴系累计解释了近 87% 的群落变异,能较好地反映土壤理化性质与细菌类群分布之间的内在关联。从环境因子与菌群及多样性的关联来看,土壤 pH 整体与细菌多样性指数呈正相关关系,而土壤有机碳和全氮则与酸杆菌门、绿弯菌门等烟区间富集的优势菌群呈明显正相关,直观体现出不同土壤理化因子对细菌群落结构及多样性的差异化调控作用。

表 4 皖南主要烟区细菌网络的共享 ASV、独特边及网络相异性比较

Tab.4 Numbers of shared ASVs (or nodes) and unique edges (correlations) and their dissimilarity between different networks from major southern Anhui tobacco region

区域 Areas	共享 ASVs Shared ASVs	共享边 Shared edges	特有边 Unique edges	网络不相似性 Dissimilarity of networks
城区烟区 VS 黄渡烟区 Urban tobacco region VS Huangdu tobacco region	88	82	1037 836	0.919 5
城区烟区 VS 南陵烟区 Urban tobacco region VS Nanling tobacco region	82	107	1012 728	0.890 5
城区烟区 VS 芜湖烟区 Urban tobacco region VS Wuhu tobacco region	87	185	934 1070	0.844 1
黄渡烟区 VS 南陵烟区 Huangdu tobacco region VS Nanling tobacco region	84	107	811 728	0.877 9
黄渡烟区 VS 芜湖烟区 Huangdu tobacco region VS Wuhu tobacco region	83	125	793 1130	0.884 9
南陵烟区 VS 芜湖烟区 Nanling tobacco region VS Wuhu tobacco region	75	129	706 1126	0.876 6

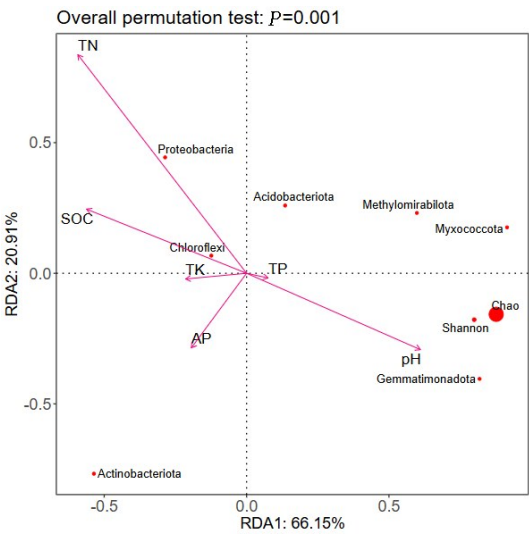


图 4 基于显著变化的高丰度细菌类群与土壤理化性质的冗余分析(RDA)

Fig.4 Redundancy analysis (RDA) ordination plot showing the relationship between significantly changed high-abundance bacterial taxa and soil physicochemical properties

2.6 皖南主要植烟土壤细菌群落 FAPROTAX 功能预测

基于 FAPROTAX 数据库的功能预测,聚类热图分析揭示了城区、南陵、黄渡和芜湖 4 个烟区土壤微生物群落的潜在功能,选取丰度前 20 的功能进行可视化展示(图 5)。皖南 4 个烟区土壤微生物群落主要

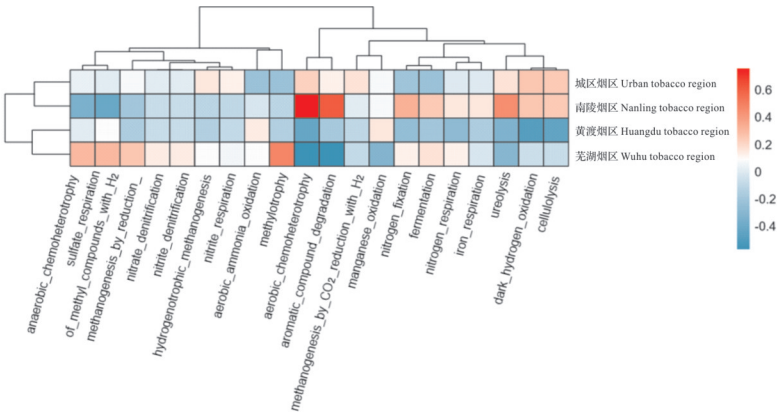


图 5 基于 FAPROTAX 预测的微生物功能相对丰度

Fig.5 Heatmap of the relative abundance of predicted microbial functions based on FAPROTAX

参与碳、氮、硫等关键循环过程,且功能谱在不同烟区表现出显著的生境特异性。具体而言,南陵烟区显著富集与碳循环相关的有氧化合物降解(aerobic_compound_degradation)和好氧化能异养(aerobic_chemo-heterotrophy)类群。黄渡烟区显著富集与氮循环相关的硝酸盐还原(nitrate reduction)和氮呼吸(nitrogen respiration)。芜湖烟区显著富集硫呼吸(sulfur respiration)和亚硫酸盐呼吸(sulfite respiration)。

3 讨论

3.1 施肥对植烟区土壤肥力的影响

本研究表明,不同施肥处理显著影响植烟土壤养分状况,其中有机无机配施较单施化肥能够不同程度提高土壤有机质、碱解氮、有效磷和速效钾含量,这与已有研究^[16]结果一致。张愉乐等^[17]发现,绿肥轮作配施缓释氮、钾肥可显著提高土壤速效钾、铵态氮和硝态氮含量,光叶紫花苕配施缓释氮肥处理下土壤速效钾和硝态氮含量分别提高8.3%和37.3%。长期定位试验证实,连续7年施用有机肥可使土壤质量指数较单施化肥提高11.9%~20.7%,土壤生态系统多功能性提升80.0%~106.7%^[18-20]。可见,有机培肥不仅直接补充土壤养分,还可通过改善理化性质间接提升养分有效性。研究发现,化肥减量配施有机肥处理下土壤pH较单施化肥有所提升,表明有机物料可缓解植烟土壤酸化。明润廷等^[23]基于Meta分析证实,施用改良剂对酸性土壤具有显著的降酸培肥效果。钟国兴等^[24-26]研究表明,化肥减量配施芝麻饼肥或腐殖酸肥可降低土壤容重,提高含水率和孔隙度,有机质含量较纯化肥减量处理增加35.34%~83.70%。魏康凯等^[27]指出,增施富硅土壤改良肥不仅能提高烤烟产量,还可补充土壤肥力、调节酸度。因此,有机无机肥配施是改善植烟土壤酸化、提升肥力的有效措施。

3.2 植烟区土壤养分与微生物群落的关系

土壤微生物群落组成与结构受土壤养分状况深刻影响,同时微生物又是驱动养分转化的关键动力。本研究相关性分析显示,土壤有机质、氮磷钾有效养分与细菌和真菌群落多样性指数显著相关,证实了养分对微生物群落的调控作用。沈嘉等^[28]研究显示,烤烟连作导致土壤有效磷、速效钾含量显著增加,但细菌群落Shannon指数降低,真菌群落多样性指数升高,有效磷对微生物群落有显著正向影响,表明养分累积并不一定带来微生物群落的正向响应。合理种植制度可通过调节养分优化微生物群落结构。Wang等^[29]研究表明,烤烟与苕蓝轮作较连作显著提高了土壤有机质、碱解氮、有效磷和速效钾含量,同时富集了有利于养分循环的细菌类群(MND1、Nitrospira、RB41)和真菌类群(Mortierella、Saitozyma),降低了病原真菌相对丰度。矣小鹏等^[30]研究发现,烟蒜轮作模式下磷素是限制性养分因子,增施磷肥可提高土壤pH,促进氮、钾和钙离子转化,进而调节微生物群落结构。烟-苕蓝轮作还显著提高了土壤脲酶和过氧化氢酶活性,其中脲酶活性较连作提高2.31倍^[25]。另有研究^[20]表明,长期有机培肥可使微生物多样性指数提高1.5%~7.0%,并通过改善土壤养分状况间接提升微生物群落功能。可见,维持土壤养分平衡是调控微生物群落结构、提升土壤健康的重要途径。

4 结论

本研究通过对皖南典型烟区根际土壤的系统分析,揭示了不同生境下的微生物群落特征及功能的分布规律。明确了皖南典型烟区土壤均呈酸性且养分分布存在显著空间异质性,各烟区土壤细菌群落 α 多样性无显著差异,而群落组成与结构表现出明显的烟区间分异特征,pH、有机碳和全氮是塑造该区域土壤细菌群落结构的核心环境因子。不同烟区微生物共现网络的结构与复杂度差异显著,微生物生态功能则呈现出明显的生境特异性,分别富集与碳、氮、硫循环相关的功能类群。研究揭示了皖南烟区土壤养分与根际微生物群落的互作机制,为该区域植烟土壤的健康管理、养分精准调控及烟叶优质生产提供了理论依据与实践参考。

致谢:上海烟草集团科技攻关项目(2024310000140804)同时对本研究给予了资助,谨致谢意!

参考文献 References:

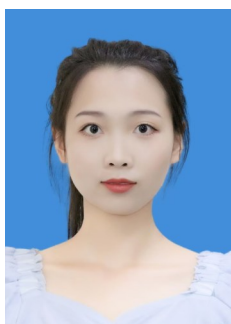
[1] 罗登山,王兵,乔学义.《全国烤烟烟叶香型风格区划》解析[J].中国烟草学报,2019,25(4):1-9.

Luo D S, Wang B, Qiao X Y. Explanation of national regionalization of leaves style of flue-cured tobacco[J]. Acta Tabacaria

- Sinica, 2019, 25(4): 1-9.
- [2] 王丽萍, 薛琳, 朱启法, 等. 皖南烟叶焦甜香风格特色形成的生态特点分析[J]. 安徽农学通报, 2015, 21(23): 37-39.
Wang L P, Xue L, Zhu Q F, et al. The ecological characteristics of the formation of burnt-sweet smelling distinctive flue-cured tobacco in southern Anhui[J]. Anhui Agricultural Science Bulletin, 2015, 21(23): 37-39.
- [3] 陆永恒. 生态条件对烟叶品质影响的研究进展[J]. 中国烟草科学, 2007, 28(3): 43-46.
Lu Y H. Research advance in effects of ecological conditions on tobacco leave quality[J]. Chinese Tobacco Science, 2007, 28(3): 43-46.
- [4] Bardgett R D, van der Putten W H. Belowground biodiversity and ecosystem functioning[J]. Nature, 2014, 515(7528): 505-511.
- [5] Martin H, Johan S. Soil structure and microbiome functions in agroecosystems[J]. Nature Reviews Earth & Environment, 2022, 4(1): 4-18.
- [6] Philippot L, Raaijmakers J M, Lemanceau P, et al. Going back to the roots: the microbial ecology of the rhizosphere[J]. Nature Reviews Microbiology, 2013, 11(11): 789-799.
- [7] 张瑞福. 根际微生物: 农业绿色发展中有作为的植物第二基因组[J]. 生物技术通报, 2020, 36(9): 1-2.
Zhang R F. Rhizosphere microbiome: the second plant genome with great potential in green agricultural development[J]. Biotechnology Bulletin, 2020, 36(9): 1-2.
- [8] Afridi M S, Kumar A, Javed M A, et al. Harnessing root exudates for plant microbiome engineering and stress resistance in plants[J]. Microbiological Research, 2024, 279: 127564.
- [9] 刘艳霞, 李想, 邹焱, 等. 贵州省典型植烟生态区域根际土壤微生物群落多样性[J]. 生态学报, 2018, 38(9): 3145-3154.
Liu Y X, Li X, Zou Y, et al. Investigation and analysis of microbial information in tobacco-planted soil from different ecological regions in the Guizhou Province[J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, 38(9): 3145-3154.
- [10] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000: 1-495.
Bao S D. Soil and Agricultural Chemistry Analysis[M]. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2000: 1-495.
- [11] Bolyen E, Rideout J R, Dillon M R, et al. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2[J]. Nature Biotechnology, 2019, 37(8): 852-857.
- [12] Dixon P. VEGAN, a package of R functions for community ecology[J]. Journal of Vegetation Science, 2003, 14(6): 927-930.
- [13] Kurtz Z D, Müller C L, Miraldi E R, et al. Sparse and compositionally robust inference of microbial ecological networks[J]. PLoS Computational Biology, 2015, 11(5): e1004226.
- [14] Poisot T, Canard E, Mouillot D, et al. The dissimilarity of species interaction networks[J]. Ecology Letters, 2012, 15(12): 1353-1361.
- [15] Liu C, Mansoldo F R P, Li H K, et al. A workflow for statistical analysis and visualization of microbiome omics data using the R microeco package[J]. Nature Protocols, 2025, 21(4): 1300-1324.
- [16] Burns K N, Kluepfel D A, Strauss S L, et al. Vineyard soil bacterial diversity and composition revealed by 16S rRNA genes: differentiation by geographic features[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2015, 91: 232-247.
- [17] 张愉乐, 葛环宇, 李冉, 等. 烤烟与绿肥轮作下配施减量缓释氮、钾肥的效应与机制[J]. 中国土壤与肥料, 2025(9): 101-110.
Zhang Y L, Ge H Y, Li R, et al. Effects and mechanisms of reduced slow-release nitrogen and potassium fertilizers application under tobacco-green manure rotation[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2025(9): 101-110.
- [18] Goldan E, Nedeff V, Sandu I, et al. The use of biochar and compost mixtures as potential organic fertilizers[J]. Revista De Chimie, 2019, 70(6): 2192-2197.
- [19] Santiago L S, Wright S J, Harms K E, et al. Tropical tree seedling growth responses to nitrogen, phosphorus and potassium addition[J]. Journal of Ecology, 2012, 100(2): 309-316.
- [20] Yang W, He B, Li J Y, et al. Enhancing soil health and tobacco productivity with different organic amendments: evidence from a 7-year field experiment[J]. Frontiers in Soil Science, 2025, 5: 1-14.
- [21] Fierer N. Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome[J]. Nature Reviews Microbiology, 2017, 15(10): 579-590.
- [22] Sun L, Xun W B, Huang T, et al. Alteration of the soil bacterial community during parent material maturation driven by different fertilization treatments[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2016, 96: 207-215.
- [23] 明润廷, 万方, 那立苹, 等. 改良剂施用下的土壤降酸培肥效果: 基于中国酸性土壤改良研究的Meta分析[J]. 土壤学报, 2025, 62(2): 400-410.
Ming R T, Wan F, Na L P, et al. Effects of amendment application on soil acidification amelioration and fertility improve-

- ment: a meta-analysis based on acidic soil improvement studies in China[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2025, 62(2): 400-410.
- [24] Zhou X, Tahvanainen T, Malard L, et al. Global analysis of soil bacterial genera and diversity in response to pH[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2024, 198: 1-12.
- [25] Greenblum S. Microbial adaptability in changing environments[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2024, 22(6): 327.
- [26] 钟国兴, 杨欣, 张少搏, 等. 化肥减量配施有机肥对植烟土壤及烤烟根系生长的影响[J]. *作物杂志*, 2025(6): 181-188.
- Zhong G X, Yang X, Zhang S B, et al. Effects of chemical fertilizer reduction combined with organic fertilizer application on tobacco-planting soil and flue-cured tobacco root growth[J]. *Crops*, 2025, 41(6): 181-188.
- [27] 魏康凯, 陈厚任, 张泽林, 等. 富硅土壤改良肥料对旺长期植烟土壤微生物群落结构影响[J]. *中国农学通报*, 2025, 41(23): 53-63.
- Wei K K, Chen H R, Zhang Z L, et al. Effects of silicon-rich soil amendment application on microbial community composition in tobacco-planting soil[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2025, 41(23): 53-63.
- [28] 沈嘉, 周初跃, 汪季涛, 等. 烤烟连作对根际土壤微生物群落多样性及网络结构的影响[J]. *土壤*, 2025, 57(5): 1053-1063.
- Shen J, Zhou C Y, Wang J T, et al. Effects of flue-cured tobacco continuous cropping on rhizosphere soil microbial community diversity and network structure[J]. *Soils*, 2025, 57(5): 1053-1063.
- [29] Wang Z Y, Guo X M, Zhang H F, et al. Rotation-driven changes in physicochemical properties modulate soil microbial diversity and community complexity in tobacco-woad soils.[J]. *Microbiology Spectrum*, 2025, 14(1): 1-15.
- [30] 奚小鹏, 何永宏, 施竹凤, 等. 烟蒜轮作植烟土壤微生物群落多样性对养分限制的响应特征[J]. *西南农业学报*, 2025, 38(3): 441-453.
- Yi X P, He Y H, Shi Z F, et al. Response characteristics of microbial community diversity to nutrient limitation in tobacco-garlic rotation soils[J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2025, 38(3): 441-453.

(责任编辑: 张前锋)



第一作者简介:任一菲, 硕士生, 研究方向为土壤改良与烟叶生产。研究生期间学业优异, 已连续两年获得学业奖学金。在科研实践中, 聚焦于农业废弃物资源化利用与土壤碳循环关键过程, 已完成两项具有前瞻性的综述性工作: 其一, 《我国烟叶生物质资源利用研究进展及高效利用潜力分析》系统梳理了烟秆、废弃烟叶等生物质的能源化、材料化与肥料化路径, 并构建了多维度潜力评估框架, 为烟草行业绿色转型提供了数据支撑; 其二, 《从微生物代谢到土壤碳储存: 碳利用效率(CUE)在农田固碳中的作用机制与管理启示》则深入解析了微生物碳利用效率对土壤有机碳库动态的调控机理, 结合田间管理措施, 提出了提升农田固碳效能的策略建议。除综述撰写外, 积极参与课题组田间试验与室内分析, 熟练掌握土壤酶活性测定、微生物群落高通量测序及碳通量监测等关键技术, 善于将理论模型与实践相结合, 致力于为烟区生态保育与可持续农业贡献科学方案。



通信作者简介:戴志渊, 高级工程师, 研究方向烟草原料及信息化, 在技术研究方面, 长期深耕烟草行业质量管理与工艺控制领域, 积极探索SPC(统计过程控制)技术在制丝质量控制中的应用, 相关成果发表于《烟草科技》; 随后将六西格玛方法引入制丝质量管理, 相关研究发表于《自动化仪表》。此外, 还运用SAS系统开展制丝参数优化分析, 并在能源管理方面提出“三分”能源管理法。在生产与土壤生态领域, 参与发表了长期烟稻轮作对烟田土壤微生物多样性和群落结构的影响、皖南烟草生长发育及品质对不同类型生物炭的响应等研究成果。同时, 在卷烟工业控制系统安全、干冰膨胀烟丝烟气处理等方面也拥有多项专利。从制丝质量管理到烟叶土壤生态, 从SPC技术到六西格玛方法, 围绕烟草产业链的关键环节开展研究与实践, 形成了覆盖生产、质量、生态等多维度的技术积累。



通信作者简介:薛琳, 高级农艺师, 研究方向为植烟土壤改良与烟叶生产管理。