

不同氮效率品种小麦根际土壤酶活性和细菌群落的差异

宋晓^{1,2} 张珂珂¹ 岳克¹ 黄晨晨¹ 黄绍敏¹
孙建国³ 郭腾飞¹ 郭斗斗¹ 张水清¹ 裴敏楠¹

(¹河南省农业科学院植物营养与资源环境研究所, 450002, 河南郑州; ²河南省农业生态环境重点实验室, 450002, 河南郑州; ³濮阳市土壤肥料工作站, 457000, 河南濮阳)

摘要 为探明不同氮效率小麦品种的微生物学特性差异, 于2018-2020年开展大田试验, 研究0(N0)和165kg/hm²(N1)2个施氮水平处理下, 氮高效品种“许科168”和氮低效品种“郑品麦8号”的根系活力、根际土壤酶活性和微生物群落多样性的差异。结果表明, 随生育进程推进小麦根系活力表现为先增加后降低, 孕穗期根系活力最强。在孕穗期, 与郑品麦8号相比, 许科168的根系活力、 β -葡萄糖苷酶、亮氨酸氨基肽酶和多酚氧化酶活性在N0和N1处理下均增加。N0处理下, 许科168的细菌群落丰富度指数和多样性指数大部分显著高于郑品麦8号, N1处理下2个品种差异不显著。同一处理, 2个品种的优势门丰度也有一定差别, N0处理下, 许科168的酸杆菌门和奇古菌门均高于郑品麦8号; N1处理下, 许科168的酸杆菌门比郑品麦8号降低了37.23%, 奇古菌门则增加了13.30%; GP6属和亚硝基球藻属为优势属, 其中许科168的亚硝基球藻属在2种氮水平下均明显高于郑品麦8号。总之, 氮高效小麦品种许科168在N0和N1处理下均具有较高的根系活力和根际土壤酶活性; 在N0处理下具有较高的丰富度指数和多样性指数, 这都可能引起根际微环境的变化, 也可能因为栽培措施(施氮)不同而有所改变。本研究可以为当地适宜小麦品种筛选和适当施肥提供参考。

关键词 小麦; 氮效率; 根际; 酶活性; 细菌多样性; 微生物群落

土壤酶和土壤微生物是土壤中多种生化反应、物质循环和能量代谢的重要参与者, 在养分循环、有机质分解及污染物降解方面发挥关键作用, 可以表征土壤肥力和土壤健康状况^[1-2]。根际是植物、土壤、微生物及其生长环境的一个重要衔接平台, 是根系与土壤交界的微域^[3]。分析和比较不同作物的根际土壤酶活性及微生物群结构等微生态特性, 有利于从微生态学角度为作物低肥高效栽培提供理论依据。

小麦是我国重要的粮食作物之一, 小麦产业发展直接关系到我国粮食安全和社会稳定。近年来, 我国小麦连年增产, 但同时伴随着氮肥的过量施用及肥效下降, 从而影响生态环境的健康发展, 导致土壤酸化、温室效应及生物多样性丧失等一系列的生态环境问题^[4-5]。基于经济效益和生态环境保护的双重要求, 相关学者已就小麦“肥药双减”问题开展了不同角度的研究。张娟娟等^[6]通过不同氮效率小麦品种的氮素营养诊断研究发现, 不同品种的氮

吸收利用效率、根系活力及耐低氮胁迫能力不同。熊淑萍等^[7]研究分析不同基因型小麦根系吸收特性与地上部氮素利用的差异发现, 不同氮效率基因型小麦氮素吸收利用的生理机制。近年来, 粮食—土壤可持续生产力与植物根际微生物区系的关系逐渐被关注^[8-9]。董航宇^[10]从根际微生态角度研究了土壤微生物、土壤酶活性与粳稻高效利用氮的关系。杨珍等^[11]基于作物根际微域探究植物病害发生机理, 挖掘具有潜力的微生物资源; 相反, 通过根际微域中的土壤酶活性和微生物多样性也能体现出不同作物或者同一作物不同品种间的差异^[12-13]。目前关于小麦根际土壤微生态区系的研究多集中在氮素的吸收、利用及耕作方式方面^[7, 14], 关于不同氮效率小麦品种的根际微生物和土壤酶活性差异的研究较少。本研究在前期氮效率筛选试验的基础上, 选择氮效率有显著差异的2个基因型小麦品种, 综合分析不同氮效率小麦根系活力、根际土壤酶活性和微生物群落多样性的差异, 为小麦生产上

作者简介: 宋晓, 主要从事小麦栽培和土壤养分演变研究, E-mail: songxiao401@126.com

黄绍敏为通信作者, 主要从事作物栽培和土壤养分演变研究, E-mail: hsm503@sohu.com

基金项目: 河南省科技攻关项目(212102110051); 河南省农业科学院自主创新项目(2022ZC26); 国家青年科学基金(31801261)

收稿日期: 2022-02-11; 修回日期: 2022-07-27; 网络出版日期: 2023-05-29

的品种选择以及土壤生产力的维持提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验于 2018–2020 年度在河南省新乡市原阳县平原示范区河南现代农业研究开发基地（全国潮土肥力和肥料效益长期监测试验站，113.41°E，35.00°N）开展。该站地处黄淮海平原，处于热带向暖温带过度地带，属于大陆性季风气候，年均降水量 645mm，平均日照时数 12h，年均气温 14.4℃，无霜期 224d。供试土壤为潮土，土壤地力均匀，0~30cm 耕层土壤含有机质 14.39g/kg、碱解氮 82.6mg/kg、有效磷 14.7mg/kg、有效钾 89.9mg/kg、全氮 0.88g/kg。

1.2 试验设计

设置不施氮 0 kg/hm² (N0) 和正常施氮 165kg/hm² (N1) 2 个供氮水平；供试品种为氮高效小麦品种许科 168 和氮低效小麦品种郑品麦 8 号^[15]，小区随机排列，小区面积 54m² (6m×9m)，行距 20cm，重复 3 次。氮肥为尿素（含 N 46%），磷肥为磷酸二氢钙（含 P₂O₅ 12%）687.5kg/hm²，钾肥为硫酸钾（含 K₂O 57%）144.74kg/hm²。氮肥按基肥:追肥=5:5 施入，追肥于返青期开沟施入，磷肥和钾肥在播前作为基肥一次性施入，其他栽培管理措施同一般高产田。分别于 2018 年 10 月 12 日和 2019 年 10 月 14 日播种，播种量为 150kg/hm²，分别于 2019 年 6 月 1 日和 2020 年 6 月 3 日收获。

1.3 测定项目与方法

1.3.1 根系活力 分别于返青期、拔节期、孕穗期、灌浆期和成熟期采样后冲洗根部，取根尖处 5cm 的根系，采用改良 TTC 还原法测定根系活力^[16]。

1.3.2 根际土壤酶活性 于小麦孕穗期每个试验小区内随机选取 3 个点，将植株连根挖出，采用抖土法收集根际土（距离根系周围 0~5mm），于 4℃ 条件下保存并尽快带回实验室，过 2mm 筛后，除去根系残体，自然风干过 0.25mm 筛，鲜样保存在 -80℃ 冰箱，用于测定土壤细菌群落、β-葡萄糖苷酶（β-glucosidase, BG）、亮氨酸氨基肽酶（leucine aminopeptidase, LAP）和多酚氧化酶（POX）活性。

采用微孔板荧光分析法^[17]测定 BG 和 LAP 活性，测定原理是 BG 分解底物生成对硝基苯酚，后者在 400nm 有最大吸收峰；LAP 分解底物生成对硝基苯胺，后者在 405nm 有最大吸收峰；采用微孔

板比色法^[18]测定 POX 活性，测定原理是 POX 可催化底物生成有色产物，其显色物质在 460nm 处有最大吸收峰。3 种酶的底物见表 1。根据测定原理，使用酶标仪（Labsystems Multiskan, MS, 芬兰）在特定波长下读取吸光值，通过测定吸光值升高速率来计算各种土壤酶活性。所得结果统一单位为 nmol/(h·g)，即每小时每克鲜土分解相应底物产生特定产物的物质的量。

表 1 土壤酶及其底物
Table 1 Soil enzyme names and their substrates

土壤酶 Soil enzyme	底物 Substrate
BG	4-硝基苯基-β-D-吡喃葡萄糖苷
LAP	L-亮氨酸-4-硝基苯胺
POX	连苯三酚

1.3.3 微生物高通量测序 利用 Illumina MiSeq 平台（Illumina Inc., San Diego, CA, 美国）标准操作规程，对土壤微生物群落进行测序^[19-20]。PCR 扩增 16S rRNA 基因的 V3-V4 高变区，对于每个 DNA 样品，在 ABI GeneAmp 9700 PCR 系统（Applied Biosystems, Foster City, CA, 美国）上使用 TransStart Fastpfu DNA 聚合酶对 3 个重复进行独立的 PCR 扩增，使用 AxyPrep PCR 纯化试剂盒（Axygen Biosciences, Union City, CA, 美国）进行纯化，并使用 Illumina MiSeq 平台进行双末端测序。

1.4 数据处理

首先使用 QIIME（Quantitative Insights Into Microbial Ecology）（v1.2.1）对测序结果的原始数据进行拼接、过滤，并去除嵌合体。挑出序列长度大于 200bp、Barcode 和引物序列无错误碱基、平均质量得分 Q≥25 的高质量序列。采用 USEARCH 软件在 97% 的阈值下划分分类操作单元（OTU）。根据 Silva 数据库，比对 OTU 代表序列并进行分类。利用 Mothur 软件计算 Shannon、Simpson 多样性指数及 Chao、ACE 丰富度指数，用于评价细菌 α-多样性^[21]。

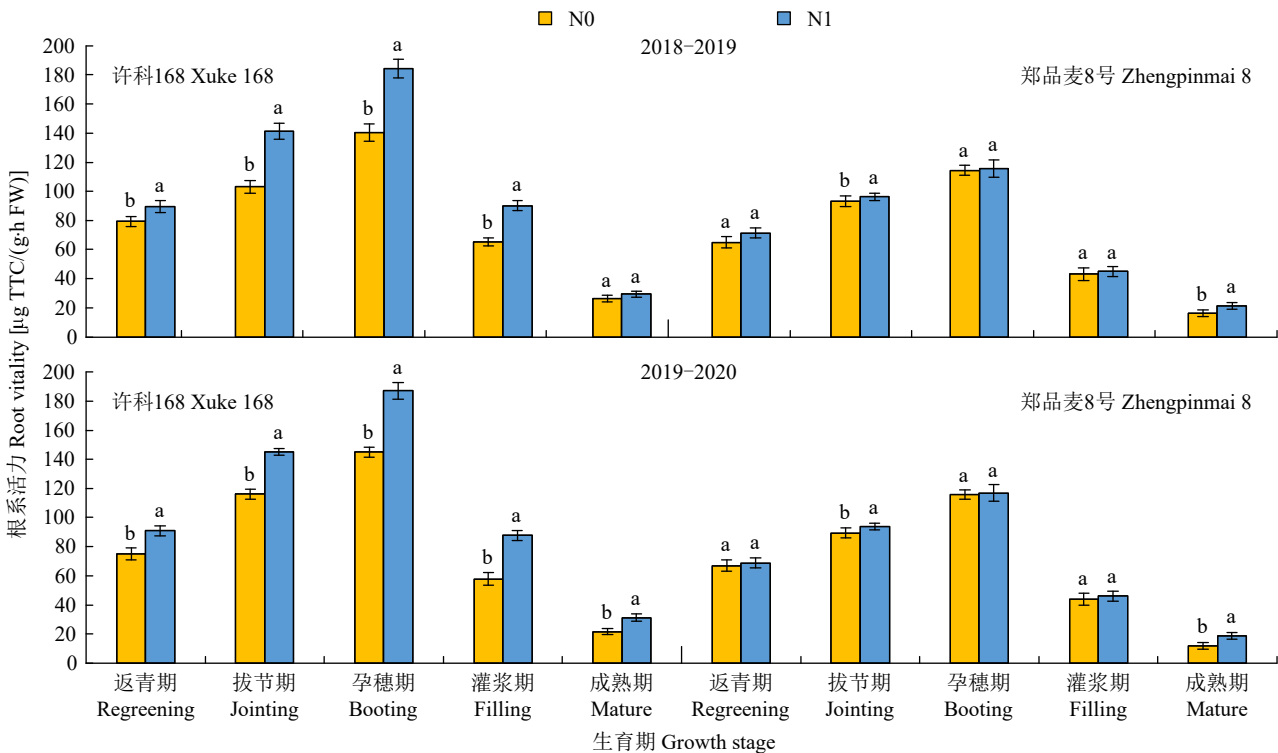
采用 Microsoft Excel 2010 和 SPSS 20.0 等软件完成统计分析。采用 OriginPro 8.1、Microsoft Excel 2010 与 Microsoft PowerPoint 2010 完成图表绘制。

2 结果与分析

2.1 不同氮效率小麦品种根系活力差异

图 1 显示，2 年的根系活力结果趋势一致，许

科 168 和郑品麦 8 号的根系活力均随着生育进程呈先增加后降低的趋势，孕穗期的根系活力最强。N0 和 N1 处理下，许科 168 的根系活力均高于郑品麦 8 号；与郑品麦 8 号相比，N0 处理下，2018–2019 年度返青期—成熟期许科 168 的根系活力平均增加 33.49%，2019–2020 年度平均增加 36.15%；N1 处理下，2018–2019 年度平均增加 53.59%，2019–2020 年度平均增加 60.66%。另外，增施氮肥提高了 2 个品种的根系活力，与 N0 处理相比，2018–2019 年度 N1 处理下许科 168 的根系活力平均增加了



不同小写字母表示处理间在 0.05 水平差异显著，下同
The different lowercase letters indicate the significant difference at 0.05 level between treatments, the same below

图 1 不同氮效率小麦品种根系活力的差异

Fig.1 Root vitalities difference of the wheat varieties with different nitrogen efficiency

26.06%，郑品麦 8 号平均增加了 9.91%。
2.2 不同氮效率小麦品种的根际土壤酶活性差异
孕穗期 2 个施氮处理下不同氮效率小麦品种的根际土壤酶活性如表 2 所示，许科 168 的根际土壤酶活性均高于郑品麦 8 号，其中 N0 处理下，BG、LAP 和 POX 活性平均增幅分别为 59.35%、34.43% 和 30.50%，且差异达显著水平；N1 处理下平均增幅分别为 9.31%、18.88%和 9.05%。

表 2 不同基因型小麦根际土壤酶活性的差异

Table 2 Differences of soil enzyme activities in the rhizosphere of different genotypes of wheat					nmol/(h·g)
年份 Year	处理 Treatment	品种 Variety	BG	LAP	POX
2018–2019	N0	许科 168	534.24±11.32a	43.15±2.13a	12.41±0.54a
		郑品麦 8 号	345.46±13.89b	28.62±3.02b	9.12±0.41b
	N1	许科 168	741.36±14.87a	49.12±4.51a	12.88±0.81a
		郑品麦 8 号	674.13±21.02a	43.24±3.08a	11.45±0.49a
2019–2020	N0	许科 168	548.00±11.84a	37.13±2.33a	12.49±0.50a
		郑品麦 8 号	333.56±14.81b	31.10±3.22b	9.96±0.37b
	N1	许科 168	763.72±15.93a	51.52±4.11a	13.14±0.93a
		郑品麦 8 号	702.77±19.00a	41.42±3.20a	12.41±0.61a

不同小写字母表示 0.05 水平显著差异，下同
The different lowercase letters indicate the significant difference at 0.05 level, the same below

2.3 不同氮效率小麦品种对根际土壤细菌α-多样性的影响

从不同氮处理下土壤细菌α-多样性特征（表 3）可以看出，N0 处理下，氮高效小麦品种许科 168 的

丰富度指数和多样性指数均高于氮低效小麦品种郑品麦 8 号，其中 Chao、ACE 和 Shannon 指数达到显著差异水平。N1 处理下，许科 168 和郑品麦 8 号的丰富度指数和多样性指数差异不显著。

表 3 不同氮效率小麦品种根际土壤细菌α-多样性特征						
Table 3 Characteristics of α-diversity of rhizosphere soil bacteria in wheat varieties with different nitrogen efficiency						
处理 Treatment	品种 Variety	丰富度指数 Enrichment index		多样性指数 Diversity index		
		Chao 指数 Chao index	ACE 指数 ACE index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	
N0	许科 168	4454.21±126.30a	4484.52±154.21a	6.89±0.02a	1.00±0.01a	
	郑品麦 8 号	4154.82±135.13b	4177.22±126.64b	6.10±0.02b	0.99±0.02a	
N1	许科 168	3885.83±102.43a	3738.39±137.63a	5.82±0.03a	0.98±0.03a	
	郑品麦 8 号	4013.31±123.20a	4177.19±135.41a	6.13±0.01a	0.99±0.02a	

2.4 不同氮效率小麦品种对根际土壤细菌群落结构的影响

对土壤细菌群落在门水平上进行分类，2 个处理共含有 28 个门，相对丰度大于 1% 的门有 11 个（图 2），其中酸杆菌门、放线菌门、拟杆菌门、变形菌门和奇古菌门为优势门，相对丰度为 84.36%~88.20%。与 N0 处理相比，N1 处理下氮高效小麦品种许科 168 的酸杆菌门和疣微菌门的相对丰度分别降低了 38.68% 和 28.16%，拟杆菌门、绿湾菌门和厚壁菌门相对丰度分别增加了 17.68%、

66.50% 和 59.68%；而氮低效小麦品种郑品麦 8 号的酸杆菌门、浮霉菌门和疣微菌门则增加了 62.36%、40.79% 和 50.18%，绿湾菌门降低了 32.84%。同一处理下，2 个品种优势门丰度也有差异，N0 处理下，许科 168 的酸杆菌门比郑品麦 8 号增加了 66.21%，奇古菌门降低了 11.74%，N1 处理下许科 168 的酸杆菌门比郑品麦 8 号降低了 37.23%，奇古菌门则增加了 13.30%，其他差异不明显。

进一步对比分析发现，2 个处理共含有 857 个属，其中 GP6 属和亚硝基球藻（*Nitrososphaera*）为优势属（图 3）。与氮低效品种郑品麦 8 号相比，N0 处理下，许科 168 根际土壤的亚硝基球藻显著

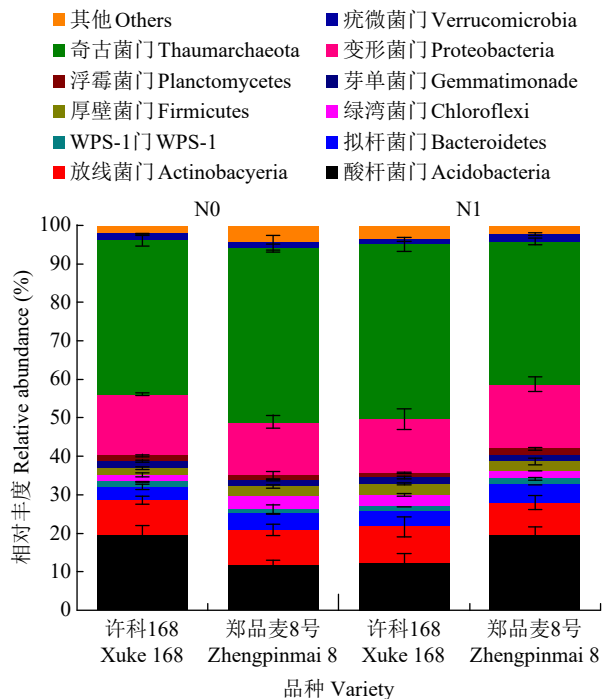


图 2 不同氮效率小麦品种的根际土壤细菌群落在门水平上的相对丰度

Fig.2 Relative abundance of rhizosphere soil bacterial communities at the phylum level in wheat varieties with different nitrogen efficiency

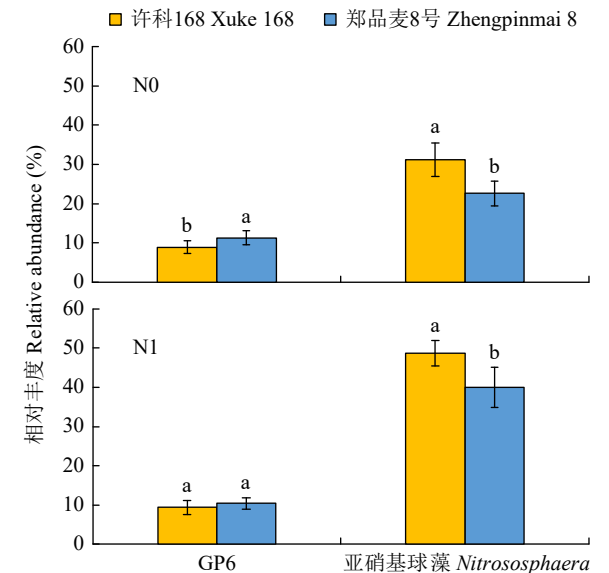


图 3 不同氮效率小麦品种的根际土壤优势细菌属的相对丰度

Fig.3 The relative abundance of rhizosphere soil predominant bacterial genera of wheat varieties with different nitrogen efficiency

增加了 38.06%，GP6 属显著降低了 21.33%；在 N1 处理下，许科 168 根际土壤亚硝基球藻属显著增加了 21.79%，GP6 属降低了 9.49%。

3 讨论

3.1 小麦根系活力特征

根系是植物的重要作用器官，具有固定和支撑植物的功能，影响植物对养分、水分和矿物质等的吸收，同时又是多种离子、有机酸和氨基酸等合成的重要场所^[22-23]。小麦属于须根系作物，根系活力的大小一定程度反映了根系新陈代谢活动的强弱^[12]。根系活力与作物的品种、土壤类型、肥水措施及自身基因遗传性状等密切相关^[24-25]；它反映了作物根系吸收、合成、呼吸和氧化能力等，客观体现了根系新陈代谢能力的强弱^[26-27]。熊淑萍等^[7]研究认为，氮高效基因型小麦根系具有较高的活力及根系代谢能力。本研究结果也证实了这一点，不论在低氮或高氮水平下，氮高效小麦品种许科 168 的根系活力均高于氮低效小麦品种郑品麦 8 号，低氮处理下差异显著。

3.2 根际土壤酶活性特征

土壤酶是由动物、植物和微生物产生的^[28-29]，它不仅是土壤中物质循环和能量转换的重要参与者，还是土壤进行一切生化反应的催化剂^[30]。土壤酶活性的高低可以代表土壤中物质代谢的旺盛程度，在一定程度上反映了作物对氮素的吸收利用与生长发育状况等，是表征土壤肥力的重要指标^[31-32]。本研究结果表明，施用氮肥提高了土壤酶活性，与 N0 处理相比，N1 处理下 BG、LAP 和 POX 活性平均增加 63.63%、32.35%和 13.41%，这可能是由于微生物通过同化利用这些施入的氮素能够促进自身的生长，导致产生的酶量和活性均显著增加^[33]。显然，氮肥施用与土壤酶之间存在着密不可分的关系。研究^[32]表明，同一氮素水平下不同氮效率品种对根际土壤酶活性的响应也有一定的影响。本试结果表明，2 种施氮处理下，与氮低效品种郑品麦 8 号相比，氮高效品种许科 168 的 BG、LAP 和 POX 活性均增加；N0 处理下增加幅度分别为 59.35%、34.43%和 30.50%，达到差异显著水平；N1 处理下增加幅度分别为 9.31%、18.88%和 9.05%。较高的土壤酶活性代表土壤的物质和能量转化都很旺盛，

从而促进了植株的良好生长^[34-35]，这也进一步证实了氮高效小麦品种在低氮胁迫条件下具有良好的适应能力^[7]。

3.3 根际土壤细菌群落结构多样性特征

土壤微生物是农田土壤生态系统中最活跃的重要成分之一，其种类丰富，数量繁多，在土壤有机质矿化分解及腐殖酸形成中扮演重要角色。微生物多样性和群落丰富度被视为衡量土壤肥力状况的重要指标^[36-37]，其与作物的种类有一定的相关性^[38-39]。在本研究中，基于高通量测序分析结果，不同氮肥处理间主要菌群种落基本相似，其主要差异表现在菌群丰度上；N0 处理下，不同氮效率小麦品种根际微生物的丰富度指数和多样性指数存在显著差异，N1 处理下差异不显著，其根本原因在于不同氮效率小麦品种的根系活力和根际土壤酶活性等差异影响了土壤细菌群落结构的分布。N0 处理下，许科 168 根际土壤酸杆菌门相对丰度明显高于郑品麦 8 号，N1 处理下表现相反。这可能是因为酸杆菌门属于贫营养型菌，生长速率缓慢，富集在养分含量较低环境中，而 N0 处理下氮高效品种许科 168 的根系与根际土壤的相互作用有利于根际微生物的生长，从而提高了根际土壤微生物的活性。同时，N0 处理下许科 168 根际土壤奇古菌门的相对丰度明显低于郑品麦 8 号，这可能与选择的生育时期及土壤环境有关^[40]，因为不同生育期不同氮效率小麦品种吸收土壤有效氮程度不同，影响了土壤氮库的平衡，不同程度地改变了土壤性质，从而影响了土壤微生物群落^[41]。

4 结论

不同氮效率小麦品种的根系活力存在一定差异，品种间的差异不仅存在于处理之间，也表现在同一处理下根际土壤酶活性及根际微生物区系上；尤其在低氮条件下，不同品种间根际土壤酶活性和根际微生物主要菌群丰度存在显著差异。因此，氮高效小麦品种能够增强土壤酶活性，提高细菌群落多样性并改善细菌群落组成。

参考文献

- [1] 吴林坤, 林向民, 林文雄. 根系分泌物介导下植物-土壤微生物互作关系研究进展与展望. 植物生态学报, 2014, 38(3): 298-310.
- [2] 李向岭, 纪朋涛, 周宝元, 等. 不同耐低氮玉米品种根系构型

- 与氮素利用对氮肥的响应. 河北农业大学学报, 2019, 42(6): 1-9.
- [3] 刘梅, 吴广俊, 路笃旭, 等. 不同年代玉米品种氮素利用效率与其根系特征的关系. 植物营养与肥料学报 2017, 23(1): 71-82.
- [4] Bodirsky B L, Popp A, Lotze-Campen H. Reactive nitrogen requirements to feed the world in 2050 and potential to mitigate nitrogen pollution. *Nature Communications*, 2014, 5: 38-58.
- [5] Hofmeier M, Roelcke M, Han Y. Nitrogen management in a rice-wheat system in the Taihu Region: Recommendations based on field experiments and surveys. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2015, 209: 60-73.
- [6] 张娟娟, 杜盼, 郭建彪, 等. 不同氮效率小麦品种临界氮浓度模型与营养诊断研究. 麦类作物学报, 2017, 37(11): 1480-1488.
- [7] 熊淑萍, 吴克远, 王小纯, 等. 不同氮效率基因型小麦根系吸收特性与氮素利用差异的分析. 中国农业科学, 2016, 49(12): 2267-2279.
- [8] 王丽芳, 张德健, 张婷婷. 耕作方式对燕麦田土壤微生物群落多样性的影响. 作物杂志, 2021(3): 57-64.
- [9] Qu Z, Li Y H, Xu W H. Different genotypes regulate the microbial community structure in the soybean rhizosphere. *Journal of Integrative Agriculture*, 2023, 22(2): 585-597.
- [10] 董航宇. 粳稻高效利用氮的根际微生态研究: 从土壤微生物到酶活性: 第十九届中国作物学会学术年会论文摘要集. 2020.
- [11] 杨珍, 戴传超, 王兴祥, 等. 作物土传真菌病害发生的根际微生物机制研究进展. 土壤学报, 2019, 56(1): 12-22.
- [12] 王香生, 连延浩, 郭辉, 等. 小麦红花间作系统根际微生物群落结构及功能分析. 中国生态农学报, 2023, 31(4): 516-529.
- [13] 黄炳林, 王孟雪, 金喜军, 等. 不同耕作处理对土壤微生物、酶活性及养分的影响. 作物杂志, 2019(6): 104-113.
- [14] 巩闪闪, 刘晓静, 张志勇, 等. 不同施肥措施对冬小麦农田土壤酶活性和氮转化的影响. 生态环境学报, 2020, 29(11): 2215-2222.
- [15] 宋晓, 张珂珂, 黄晨晨, 等. 基于主成分分析的氮高效小麦品种的筛选. 河南农业科学, 2020, 49(12): 10-16.
- [16] Qi R M, Li J, Lin Z A. Temperature effects on soil organic carbon, soil labile organic carbon fractions, and soil enzyme activities under long-term fertilization regimes. *Applied Soil Ecology*, 2016, 102: 36-45.
- [17] Burns R G, DeForest J L, Marxsen J. Soil enzymes in a changing environment: Current knowledge and future directions. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 58: 216-234.
- [18] Chen H, Li D J, Xiao K C. Soil microbial processes and resource limitation in karst and non-karst forests. *Functional Ecology*, 2018, 32: 1400-1409.
- [19] DeForest J L. The influence of time, storage temperature, and substrate age on potential soil enzyme activity in acidic forest soils using MUB-linked substrates and L-DOPA. *Soil Biology and Biochemistry*, 2009, 41(6): 1180-1186.
- [20] Ai C, Liang G, Sun J. Responses of extracellular enzyme activities and microbial community in both the rhizosphere and bulk soil to long-term fertilization practices in a fluvo-aquic soil. *Geoderma*, 2012, 173: 330-338.
- [21] 刘高远, 和爱玲, 杜君, 等. 玉米秸秆还田量对砂姜黑土酶活性、微生物生物量及细菌群落的影响. 农业资源与环境学报, 2022, 39(5): 1033-1040.
- [22] Kiba T, Kudo T, Kojima M. Hormonal control of nitrogen acquisition: roles of auxin abscisic acid, and cytokinin. *Journal of Experimental Botany*, 2013, 62(4): 1399-1409.
- [23] 王维, 吴景贵, 李蕴慧, 等. 有机物料对不同作物根系土壤腐殖质组成和结构的影响. 水土保持学报, 2017, 31(2): 215-220.
- [24] 康亮, 梁琼月, 姚一华, 等. 不同氮效率木薯品种根系形态、构型及氮吸收动力学特征. 植物营养与肥料学报, 2019, 25(11): 1920-1928.
- [25] 宋欣欣, 贺德先. 小麦生育后期主茎和分蘖次生根对籽粒产量和品质的影响. 麦类作物学报, 2011, 31(2): 281-285.
- [26] 宋海星, 王学立. 玉米根系活力及吸收面积的空间分布变化. 西北农业学报, 2005, 14(1): 137-141.
- [27] 刘小刚, 张富仓, 杨启良, 等. 玉米叶绿素、脯氨酸、根系活力对调亏灌溉和氮肥处理的响应. 华北农学报, 2009, 24(4): 106-111.
- [28] German D P, Weintraub M N, Stuart Grandy A, et al. Optimization of hydrolytic and oxidative enzyme methods for ecosystem studies. *Soil Biology and Biochemistry*, 43(7): 1387-1397.
- [29] 刘龙, 李志洪, 赵小军, 等. 种还分离玉米秸秆还田对土壤微生物量碳及酶活性的影响. 水土保持学报, 2017, 31(4): 259-263.
- [30] Böhme L, Langer U, Böhme F. Microbial biomass, enzyme activities and microbial community structure in two European long-term field experiments. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2005, 109: 141-152.
- [31] 王梅, 晏梓然, 赵子文, 等. 黄土高原植被演替过程中相对土壤酶活性的变化特征. 水土保持学报, 2021, 35(5): 181-187.
- [32] 关颂娜, 吴凤芝, 姜爽. 不同氮素水平对不同氮效率黄瓜生长及其根际土壤酶活性的影响. 作物杂志, 2013(1): 68-72.
- [33] Saiya-cork R, Stnsabaugh R L, Zak D R. The effects of long term nitrogen deposition on extracellular enzyme activity in an *Acer saccharum* forest soil. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, 34(9): 1309-1315.
- [34] Ullah S, Ai C, Hung S. The responses of extracellular enzyme activities and microbial community composition under nitrogen addition in an upland soil. *PLoS ONE*, 2019, 14(9): 1-19.
- [35] Sun H, Huang Q M, Su J. High effective expression of glutamine synthetase genes *GS1* and *GS2* in transgenic rice plants increase nitrogen-deficiency tolerance. *Journal of plant physiology Molecular Biology*, 2005, 31(5): 492-498.
- [36] 公锐华, 李静, 马军花, 等. 秸秆还田配施有机无机肥料对冬小麦土壤水氮变化及其微生物群落和活性影响. 生态学报, 2019, 39(6): 2203-2214.
- [37] 孙瑞波, 郭熙盛, 王道中. 长期施用化肥及秸秆还田对砂姜黑土细菌群落的影响. 生物学通报, 2015, 42(10): 2049-2057.
- [38] 邱洁, 徐丽丽, 钱叶, 等. 不同品种桑树根际土壤细菌群落及土壤理化性质的研究. 蚕业科学, 2017, 43(4): 568-576.
- [39] 农泽梅, 史国英, 曾泉, 等. 不同甘蔗品种根际土壤酶活性及微生物群落多样性分析. 热带作物学报, 2020, 41(4): 819-828.
- [40] Jin Y, Qu J J, Ren G M. Effects of transgenic *DREB* soybean Dongnong 50 on the diversity of soil ammonia-oxidizing bacteria. *Plant Protection*, 2013, 14(7): 988-992, 997.
- [41] 张慧, 袁红朝, 朱亦君, 等. 不同利用方式对红壤坡地微生物多样性和硝化势的影响. 生态学杂志, 2011, 30(6): 1169-1176.

Differences of Enzyme Activities and Bacterial Communities in Rhizosphere Soil of Wheat Varieties with Different Nitrogen Efficiency

Song Xiao^{1,2}, Zhang Keke¹, Yue Ke¹, Huang Chenchen¹, Huang Shaomin¹, Sun Jianguo³, Guo Tengfei¹, Guo Doudou¹, Zhang Shuiqing¹, Pei Minnan¹

(¹Institute of Plant Nutrient and Environmental Resources, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450002, Henan, China; ²Henan Provincial Key Laboratory of Agricultural Ecological Environment, Zhengzhou 450002, Henan, China; ³Puyang City Soil Fertilizer Station, Puyang 457000, Henan, China)

Abstract In order to explore the difference of wheat varieties with different nitrogen efficiency in microbial characteristics, a field experiment was set in 2018-2020 to study the differences in root activity, rhizosphere soil enzyme activities and microbial community diversity between 0 (N0) and 165kg/ha (N1) treatments of high nitrogen efficiency variety “Xuke 168” and low nitrogen efficiency variety “Zhengpinmai 8”. The results showed that the root vitalities first increased and then decreased with the advancement of growth process, and the root vigor at the booting stage was strongest. At the booting stage, compared with Zhengpinmai 8, the root activity, β -glucosidase, leucine aminopeptidase and polyphenol oxidase activities of Xuke 168 increased at N0 and N1 treatments. Under N0 treatment, the enrichment index and diversity index of bacteria of Xuke 168 were higher than those of Zhengpinmai 8, and the difference was not significant under N1 treatment. In the same treatment, the abundance of the dominant phyla of the two varieties was also different to a certain extent. Under the N0 treatment, the Acidobacteria and Thaumarchaeota of Xuke 168 were higher than those of Zhengpinmai 8; compared with Zhengpinmai 8, Acidobacteria of Xuke 168 decreased by 37.23% while the phylum Thaumarchaeota increased by 13.30%; the genus GP6 and *Nitrososphaera* were the dominant genera, and the *Nitrososphaera* Xuke 168 was significantly higher than that of Zhengpinmai 8 at two nitrogen levels. In conclusion, the nitrogen-efficient wheat variety Xuke 168 had higher root activity and rhizosphere soil enzyme activity at N0 and N1 treatments, and higher richness index and diversity index at N0 treatment. All of these may cause changes in the rhizosphere microenvironment, which may be changed due to different cultivation techniques (nitrogen application). Therefore, this study can provide reference for local selection of suitable wheat varieties and appropriate fertilization.

Key words Wheat; Nitrogen efficiency; Rhizosphere; Enzyme activity; Bacterial diversity; Microbial community