

水分亏缺对膜下滴灌向日葵根际微环境的影响

池翌男, 李为萍*, 张家鹏, 赵 莎, 吴怡萱, 王佳爽
(内蒙古农业大学 水利与土木建筑工程学院, 呼和浩特 010018)

摘 要: 【目的】探究水分亏缺对向日葵根际土壤微生物多样性、群落结构及代谢功能的影响。【方法】基于膜下滴灌田间试验, 在向日葵播种前灌溉畦灌压盐水 $900\text{ m}^3/\text{hm}^2$, 生育期内实施膜下滴灌处理。以当地向日葵膜下滴灌灌水水平W1(现蕾期灌水 $450\text{ m}^3/\text{hm}^2$, 生殖生长期灌水 $450\text{ m}^3/\text{hm}^2$)为对照, 设置现蕾期轻、重度水分亏缺处理: W2(现蕾期灌水 $300\text{ m}^3/\text{hm}^2$, 生殖生长期灌水 $450\text{ m}^3/\text{hm}^2$)、W3(现蕾期灌水 $150\text{ m}^3/\text{hm}^2$, 生殖生长期灌水 $450\text{ m}^3/\text{hm}^2$), 生殖生长期轻、重度水分亏缺处理: W4(现蕾期灌水 $450\text{ m}^3/\text{hm}^2$, 生殖生长期灌水 $225\text{ m}^3/\text{hm}^2$)、W5(现蕾期灌水 $450\text{ m}^3/\text{hm}^2$, 生殖生长期不灌水)。采用Illumina高通量测序技术分析根际土壤微生物群落结构、功能及多样性, 并分析土壤理化性质与微生物群落结构及功能对水分亏缺的响应。【结果】与W1处理相比, W2、W3处理显著提高了现蕾期根际土壤电导率(EC)、铵态氮(NH_4^+-N)量和温度(T), 降低了成熟期根际土壤含水率(SWC)、EC和pH值。W2处理提高了成熟期根际土壤细菌、真菌的丰富度指数(*Chao1*)、均匀度指数(*Pielou*)和多样性指数(*Shannon*)。在4个水分亏缺处理中, W2处理下的变形菌门相对丰度相比W1处理显著降低了7.66%, W3处理下的绿弯菌门、子囊菌门相对丰度较W1处理分别提高了32.19%、5.25%。W4、W5处理提高了放线菌门、酸杆菌门、被孢霉门的相对丰度。细菌群落与土壤理化性质之间的相关性高于真菌群落, 细菌群落与 NH_4^+-N 量、硝态氮(NO_3^--N)量呈正相关, 与SWC、pH值呈负相关。生物合成是根际土壤细菌和真菌的优势代谢功能。SWC是影响细菌优势代谢功能的主要因素, EC、 NH_4^+-N 、 NO_3^--N 量对细菌优势代谢功能具有积极影响。【结论】现蕾期水分亏缺相比生殖生长期水分亏缺更有利于改善根际土壤微环境, 现蕾期轻度水分亏缺提高了根际土壤微生物群落结构、多样性及代谢功能, 是适宜向日葵根际微生物生长的水分处理。

关键词: 膜下滴灌; 水分亏缺; 微生物群落结构; 代谢功能; 高通量测序技术

中图分类号: S154; S153

文献标志码: A

doi: 10.13522/j.cnki.gggs.2023476

OSID: 

池翌男, 李为萍, 张家鹏, 等. 水分亏缺对膜下滴灌向日葵根际微环境的影响[J]. 灌溉排水学报, 2023, 42(12): 53-62.
CHI Zhaonan, LI Weiping, ZHANG Jiapeng, et al. Effect of Water Deficiency on the Rhizosphere Microenvironment of Sunflower under Film Drip Irrigation[J]. Journal of Irrigation and Drainage, 2023, 42(12): 53-62.

0 引言

【研究意义】内蒙古自治区属温带大陆性季风气候, 降水量有限且时空分布不均, 需大力发展节水型农业。同时, 内蒙古自治区也是我国北方重要的生态安全屏障, 在发展节水农业的同时需维护生态系统的多样性和稳定性。膜下滴灌技术具有保温、保墒、提质增产等优点, 在农业生产中已被广泛应用。因此, 研究膜下滴灌条件下适宜的水分亏缺策略对土壤微环境的影响, 对提高水资源利用效率及耕地质量具有重大意义。

【研究进展】国内外学者对膜下滴灌相关领域开展了深入研究, 主要涉及水分调控对土壤水、热、盐

运移变化规律^[1-3]及节水控盐对作物产量和品质的影响^[4-6]。膜下滴灌会促进土壤微生物的活性及养分循环^[7-8], 通过土壤理化性质改变土壤微生物的群落多样性^[9-10]。而根际是土壤与微生物相互作用的场所^[11], 根际土壤微生物是土壤养分循环的推动者, 对资源分配起着重要作用, 微生物丰度变化可以预测微生物群落对土壤环境的响应^[12], 特定的微生物群落功能可改善土壤微环境^[13]。水氮调控也会影响根际土壤酶活性以及微生物数量^[9,14]。【切入点】然而, 在膜下滴灌条件下, 水分亏缺对作物根际微环境的影响研究还鲜见报道。因此, 探究水分亏缺对根际土壤微生物群落多样性及代谢功能的影响, 对于预测土壤微环境各组成要素间的作用机理至关重要。【拟解决的关键问题】鉴于此, 本研究基于膜下滴灌田间试验, 探究水分亏缺对向日葵根际土壤微生物多样性、群落结构及代谢功能的影响, 为建立科学的向日葵膜下滴灌灌溉制度, 促进耕地质量保护提供科学依据。

收稿日期: 2023-10-13

修回日期: 2023-11-14

基金项目: 内蒙古农业大学学科交叉基金项目(BR231504); 国家自然科学基金项目(52069022)

作者简介: 池翌男(1997-), 男, 硕士研究生, 主要从事灌溉排水原理与管理决策研究。E-mail: chizhaonan111@163.com

通信作者: 李为萍(1978-), 女, 教授, 主要从事农业水土资源利用与水土环境调控研究。E-mail: l-wp@imau.edu.cn

©《灌溉排水学报》编辑部, 开放获取 CC BY-NC-ND 协议

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验于2021年5—9月在内蒙古农业大学海流图科技园区农业水土工程试验基地（111°2'30"E，40°41'30"N）开展，试验期平均气温为19.6℃，降水量为184.2 mm。0~20 cm土层的土壤质地为砂质壤土，平均体积质量为1.73 g/cm³，田间持水率为22.6%，平均全盐量为1.62 g/kg，pH值为8.61。0~20 cm土层的土壤有机质量为15.02 g/kg，全氮量为9.89 mg/kg，水解性氮量为63.47 mg/kg，速效磷量为43.56 mg/kg，速效钾量为216.50 mg/kg，生育期内地下水位埋深介于3~5 m。

1.2 试验设计

供试作物为食用向日葵（HZ2399），在播种前（5月中旬）对试验田进行畦灌压盐处理（灌水定额900 m³/hm²），向日葵生育期内采用膜下滴灌，使用内镶贴片式滴灌带，标称直径25 mm，滴头间距0.3 m，滴头流量2 L/h。以当地灌水水平W1（现蕾期灌水450

m³/hm²，生殖生长期灌水450 m³/hm²）为对照，设置现蕾期轻、重度水分亏缺处理：W2（现蕾期灌水300 m³/hm²，生殖生长期灌水450 m³/hm²）、W3（现蕾期灌水150 m³/hm²，生殖生长期灌水450 m³/hm²），生殖生长期轻、重度水分亏缺处理：W4（现蕾期灌水450 m³/hm²，生殖生长期灌水225 m³/hm²）、W5（现蕾期灌水450 m³/hm²，生殖生长期不灌水），具体试验设计见表1。各处理施氮量相同，底肥施用磷酸二胺（含氮量18%），播种时随播种机施入，施用量为300 kg/hm²。在现蕾期进行追肥处理，将尿素（含氮量46%）随灌水施入，施用量为300 kg/hm²。试验小区规格为10 m×16 m，小区四周砌筑水泥挡板，以防止水、氮、盐的交互影响。向日葵于2021年6月1日播种，每个小区铺设6膜，每膜种植2行，行距50 cm，株距50 cm，种植密度21 000 株/hm²，各小区种植密度一致。试验采用完全随机区组设计，每个处理设置3个重复，共计15个小区。其它田间管理措施与当地种植传统方式保持一致。

表1 试验设计

Table 1 Experimental design

处理	灌水定额/(m ³ hm ⁻²)							灌溉次数	灌溉定额 /(m ³ hm ⁻²)
	春汇水	现蕾期		开花期		灌浆期			
W1	900	225	225	112.5	112.5	112.5	112.5	7	1 800
W2	900	150	150	112.5	112.5	112.5	112.5	7	1 650
W3	900	75	75	112.5	112.5	112.5	112.5	7	1 500
W4	900	225	225	112.5	112.5	0	0	7	1 575
W5	900	225	225	0	0	0	0	7	1 350

1.3 样品采集和测定

灌水后分别于向日葵关键生育期（现蕾期：播种后55 d；开花期：播种后65 d；灌浆期：播种后80 d；成熟期：播种后105 d）使用土钻取0~20 cm土层的根系附着土壤，每个小区重复3次。相同小区样品混合均匀分为2份，一部分采用烘干法测定根际土壤SWC，一部分在室内自然风干后过2 mm筛，测定土壤理化指标。用电导率仪（DDS-307A，上海雷磁）和pH计（梅特勒-托利多仪器，上海）测定土水质量比为1:5的土壤浸提液EC及pH值，土壤NO₃⁻-N量和NH₄⁺-N量采用紫外可见分光光度计测定；采用土壤温度记录仪（YM-01）对0~20 cm土层的土壤温度进行定位监测，土壤有效T按每个生育期测定的土壤温度和生育期天数计算。

1.4 土壤微生物DNA提取、扩增和测序

在成熟期使用根钻取0~20 cm植株根系，将根系附着的土壤装入无菌自封袋，每个试验田取3点混合为1份样品，并置于-80℃条件下保存，用于微生物测定。采用OMEGA Soil DNA Kit（D5635-02）试剂盒提取土壤核酸（DNA）。基于0.8%琼脂糖凝胶电泳

对抽提完成的DNA进行分子大小判断，利用Nanodrop对DNA进行定量分析。

使用引物序列338F（ACTCCTACGGGAGGCAGCA）和806R（GGACTACHVGGGTWTCTAAT）扩增细菌16S rRNA基因。使用引物ITS5（GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG）和ITS2（GCTGCGTTCTTCATCGATGC）扩增真菌ITS1基因。采用NEB Q5 DNA高保真聚合酶进行配置，在PCR仪上于98℃条件下预变5 min，使模板DNA充分变性，然后进行扩增循环。扩增结果进行2%琼脂糖凝胶电泳处理，切取目的片段，用Axygen凝胶回收试剂盒回收目的片段。基于Illumina NovaSeq平台，利用NovaSeq 6 000 SP Reagent Kit进行2×250 bp的双端测序。

1.5 测序数据质量控制与生物信息学分析

针对16S rRNA基因序列聚类分析得到的ASV信息，使用PICRUSt 2.0软件进行功能预测，通过MetaCyc数据库注释细菌、真菌代谢通路。采用Canoco 5.0软件对微生物代谢功能与土壤理化因子进行冗余分析（RDA）。

1.6 统计学分析和数据处理

使用Excel 2016进行数据整理并绘制微生物群落结构、多样性柱状图，采用SPSS 25.0进行相关分析和方差分析，用Origin 2021绘制根际土壤微生物相关性热图。基于R 4.2软件进行NMDS分析、Mantel test相关性分析。

2 结果与分析

2.1 水分亏缺对向日葵根际土壤理化性质的影响

不同处理下的向日葵根际土壤理化性质见表2。W2处理下的现蕾期根际土壤 EC 、 NH_4^+-N 量分别相比W1处理显著提高了12.00%、12.29%。W3处理下的现蕾期根际土壤 SWC 和 $NO_3^- -N$ 量分别相比W1处理显著降低了39.81%和22.92%； T 、 NH_4^+-N 量分别较W1处理显著提高了12.54%、19.30%。W2处理下的成熟期

土壤 SWC 、 EC 、 pH 值分别较W1处理降低了22.98%、8.06%、2.84%， NH_4^+-N 、 $NO_3^- -N$ 量分别较W1处理提高了10.32%、4.92%。现蕾期水分亏缺条件下的根际土壤 EC 、 NH_4^+-N 、 $NO_3^- -N$ 量从现蕾期至成熟期呈不断降低的趋势。

W4处理下的灌浆期根际土壤 SWC 、 $NO_3^- -N$ 量较W1处理显著降低26.09%、30.10%。W5处理下的开花期根际土壤 SWC 相比W1处理显著降低21.15%， EC 、 NH_4^+-N 量分别较W1处理显著提高17.19%、14.63%，成熟期土壤 SWC 、 pH 值分别较W1处理降低53.92%、1.42%； EC 、 NH_4^+-N 、 $NO_3^- -N$ 量分别较W1处理提高27.42%、36.27%、24.41%。生殖生长期水分亏缺条件下的根际土壤 T 、 NH_4^+-N 、 $NO_3^- -N$ 量从现蕾期至成熟期呈降低趋势。

表2 不同处理根际土壤理化性质

Table 2 Physicochemical properties of rhizosphere soil under different treatments

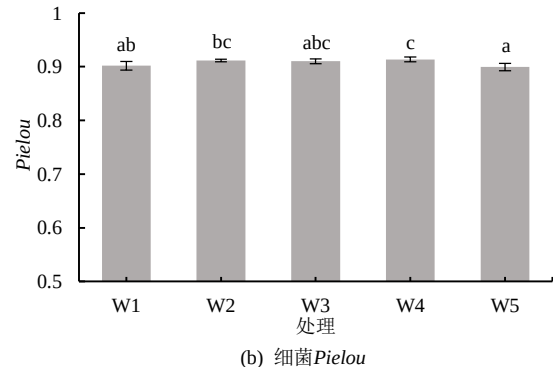
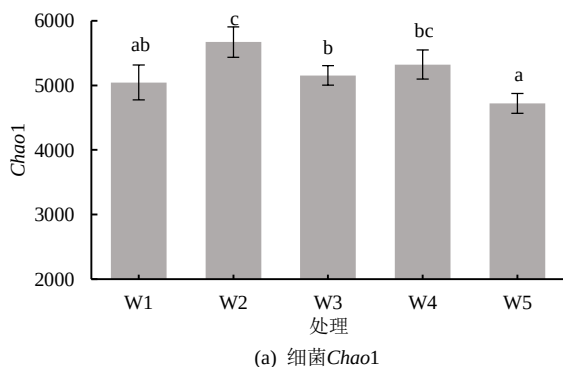
生育期	处理	SWC/%	$T/^{\circ}C$	$EC/(mS\ cm^{-1})$	pH值	$NH_4^+-N/(mg\ kg^{-1})$	$NO_3^- -N/(mg\ kg^{-1})$
现蕾期	W1	17.03 $\pm$ 1.73bc	22.97 $\pm$ 0.84a	0.75 $\pm$ 0.04a	8.69 $\pm$ 0.10b	21.24 $\pm$ 0.60b	26.27 $\pm$ 0.89c
	W2	17.47 $\pm$ 0.38c	23.72 $\pm$ 0.91a	0.84 $\pm$ 0.05b	8.49 $\pm$ 0.06ab	23.85 $\pm$ 0.65c	27.51 $\pm$ 0.53c
	W3	10.25 $\pm$ 0.59a	25.85 $\pm$ 0.93b	0.82 $\pm$ 0.03ab	8.29 $\pm$ 0.10a	25.34 $\pm$ 0.51d	20.25 $\pm$ 1.62a
	W4	17.64 $\pm$ 0.71c	22.85 $\pm$ 0.65a	0.75 $\pm$ 0.01a	8.43 $\pm$ 0.17a	19.58 $\pm$ 0.05a	22.73 $\pm$ 1.70b
	W5	15.57 $\pm$ 2.97b	22.68 $\pm$ 0.85a	0.77 $\pm$ 0.05ab	8.40 $\pm$ 0.07a	20.52 $\pm$ 0.12b	25.32 $\pm$ 0.86c
开花期	W1	14.78 $\pm$ 0.64b	20.99 $\pm$ 0.86ab	0.64 $\pm$ 0.04a	8.52 $\pm$ 0.20ab	15.86 $\pm$ 0.44a	21.99 $\pm$ 0.76c
	W2	14.93 $\pm$ 1.56b	21.33 $\pm$ 1.06ab	0.67 $\pm$ 0.01a	8.60 $\pm$ 0.09b	16.57 $\pm$ 0.23b	19.39 $\pm$ 0.58ab
	W3	13.67 $\pm$ 0.95ab	20.25 $\pm$ 1.55a	0.66 $\pm$ 0.03a	8.48 $\pm$ 0.03ab	18.88 $\pm$ 0.24d	18.12 $\pm$ 1.53a
	W4	13.58 $\pm$ 1.21ab	20.05 $\pm$ 0.93a	0.65 $\pm$ 0.03a	8.35 $\pm$ 0.12a	16.36 $\pm$ 0.38ab	20.35 $\pm$ 1.11bc
	W5	11.66 $\pm$ 0.16a	22.88 $\pm$ 0.95b	0.75 $\pm$ 0.04b	8.36 $\pm$ 0.04a	18.18 $\pm$ 0.33c	20.87 $\pm$ 0.52bc
灌浆期	W1	16.90 $\pm$ 0.54b	19.85 $\pm$ 0.20a	0.61 $\pm$ 0.02ab	8.47 $\pm$ 0.05b	13.48 $\pm$ 0.13a	19.27 $\pm$ 1.25c
	W2	17.27 $\pm$ 1.27b	20.33 $\pm$ 0.22ab	0.55 $\pm$ 0.05a	8.42 $\pm$ 0.08ab	14.90 $\pm$ 0.88b	15.81 $\pm$ 0.95b
	W3	13.18 $\pm$ 2.39a	20.07 $\pm$ 0.57a	0.55 $\pm$ 0.01a	8.31 $\pm$ 0.13ab	15.04 $\pm$ 0.46b	13.06 $\pm$ 0.93a
	W4	12.49 $\pm$ 1.27a	21.08 $\pm$ 0.62bc	0.58 $\pm$ 0.02a	8.32 $\pm$ 0.02ab	15.57 $\pm$ 0.59b	13.47 $\pm$ 0.59a
	W5	11.46 $\pm$ 1.74a	21.56 $\pm$ 0.14c	0.68 $\pm$ 0.07b	8.29 $\pm$ 0.07a	17.87 $\pm$ 0.55c	14.98 $\pm$ 1.31ab
成熟期	W1	17.71 $\pm$ 0.65c	18.36 $\pm$ 0.55b	0.62 $\pm$ 0.09a	8.46 $\pm$ 0.05b	10.56 $\pm$ 0.15a	9.75 $\pm$ 0.58ab
	W2	13.64 $\pm$ 2.59bc	18.43 $\pm$ 1.26b	0.57 $\pm$ 0.02a	8.43 $\pm$ 0.05b	11.65 $\pm$ 0.26b	10.23 $\pm$ 0.47b
	W3	15.51 $\pm$ 2.14c	16.75 $\pm$ 0.44a	0.57 $\pm$ 0.04a	8.35 $\pm$ 0.11ab	11.37 $\pm$ 0.47b	9.50 $\pm$ 0.33ab
	W4	9.86 $\pm$ 2.80ab	18.34 $\pm$ 0.39b	0.76 $\pm$ 0.02b	8.22 $\pm$ 0.06a	13.62 $\pm$ 0.28c	8.82 $\pm$ 0.34a
	W5	8.16 $\pm$ 1.81a	18.11 $\pm$ 0.62b	0.79 $\pm$ 0.09b	8.34 $\pm$ 0.11ab	14.39 $\pm$ 0.36d	12.13 $\pm$ 0.95c

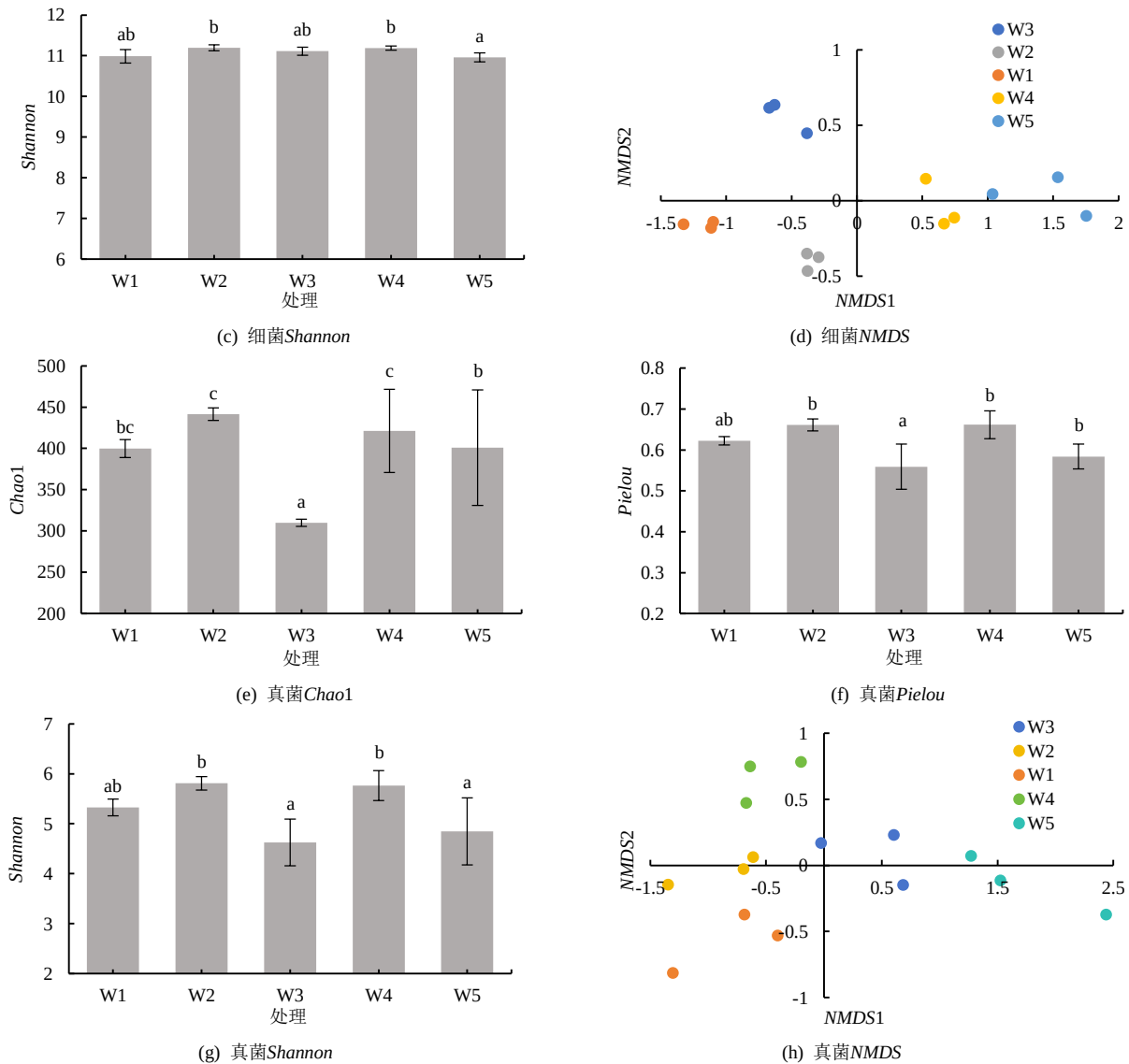
注 表中数据为平均值 $\pm$ 标准差，不同小写字母表示同一生殖生长期不同处理间差异显著（ $P<0.05$ ），下同。

2.2 水分亏缺对向日葵根际土壤微生物群落多样性的影响

不同处理下的向日葵成熟期根际土壤微生物Alpha多样性分析见图1（图1（a）—图1（c），图1（e）—图1（g））。W2处理下的根际土壤细菌 $Chao1$ 、

$Pielou$ 、 $Shannon$ 分别相比W1处理提高12.41%、1.05%、1.91%。基于Jaccard距离算法的Beta多样性分析结果（图1（d）、图1（h））表明，土壤细菌、真菌群落的空间分布存在彼此分离现象，表明水分亏缺处理下根际土壤微生物群落组成存在显著差异。





注 图1 (a) —图1 (d) 为细菌多样性, 图1 (e) —图1 (h) 为真菌多样性。

图1 不同处理根际土壤微生物多样性

Fig.1 Rhizosphere soil microbial diversity under different treatments

根际土壤细菌门水平群落组成及相对丰度见图2 (a)。优势菌门主要包括放线菌门、变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门。W2处理下的变形菌门相对丰度较W1处理显著降低了7.66%, W3处理下的绿弯菌门相对丰度较W1处理显著提高了32.19%。W4处理下的酸杆菌门相对丰度较W1处理提高17.58%, W5处理下的放线菌门相对丰度较W1处理显著增加了41.60%。细菌属水平群落组成如图2 (c) 所示, W3处理下的变形菌门属水平群落MND1相对丰度较W1处理降低了11.26%。W4处理较W1处理提高了绿弯菌门属水平群落KD4-96、Gitt-GS-136、A4b、SBR1031、JG30-KF-CM45 相对丰度。W5处理下的放线菌门属水平群落67-14、MB-A2-108相对丰度较W1处理分别显著提高53.13%、503.53%。

根际土壤真菌门水平群落组成如图2 (b) 所示, 优势菌门为子囊菌门。W3处理下的子囊菌门相对丰

度相比W1处理显著提高5.25%。W4处理下的被孢霉门相对丰度较W1处理显著提高118.80%。真菌属水平群落如图2 (d) 所示, W3处理较W1处理提高了子囊菌门属水平群落Alternaria、Lophotrichus、Fusarium、Plectosphaerella、Mycosphaerella、Lectera、Nectria 的相对丰度, W2、W4处理下的被孢霉门属水平群落Mortierella相对丰度较W1处理分别增加63.32%、118.42%。

2.3 水分亏缺条件下向日葵根际土壤微生物代谢功能的预测分析

不同处理根际土壤细菌优势门水平群落结构的代谢功能预测分析结果见表3。4个水分亏缺处理均相比W1处理提高了放线菌门、绿弯菌门、酸杆菌门参与的代谢功能丰度 (RC), 但降低了变形菌门参与的代谢功能丰度。生物合成是门水平群落参与的优势代谢功能, W2处理下的变形菌门参与的生物合成成功

能丰度较W1处理降低5.40%，W3、W4、W5处理下 分别较W1处理提高40.05%、25.26%、59.82%。
绿弯菌门、酸杆菌门、放线菌门参与的生物合成功能

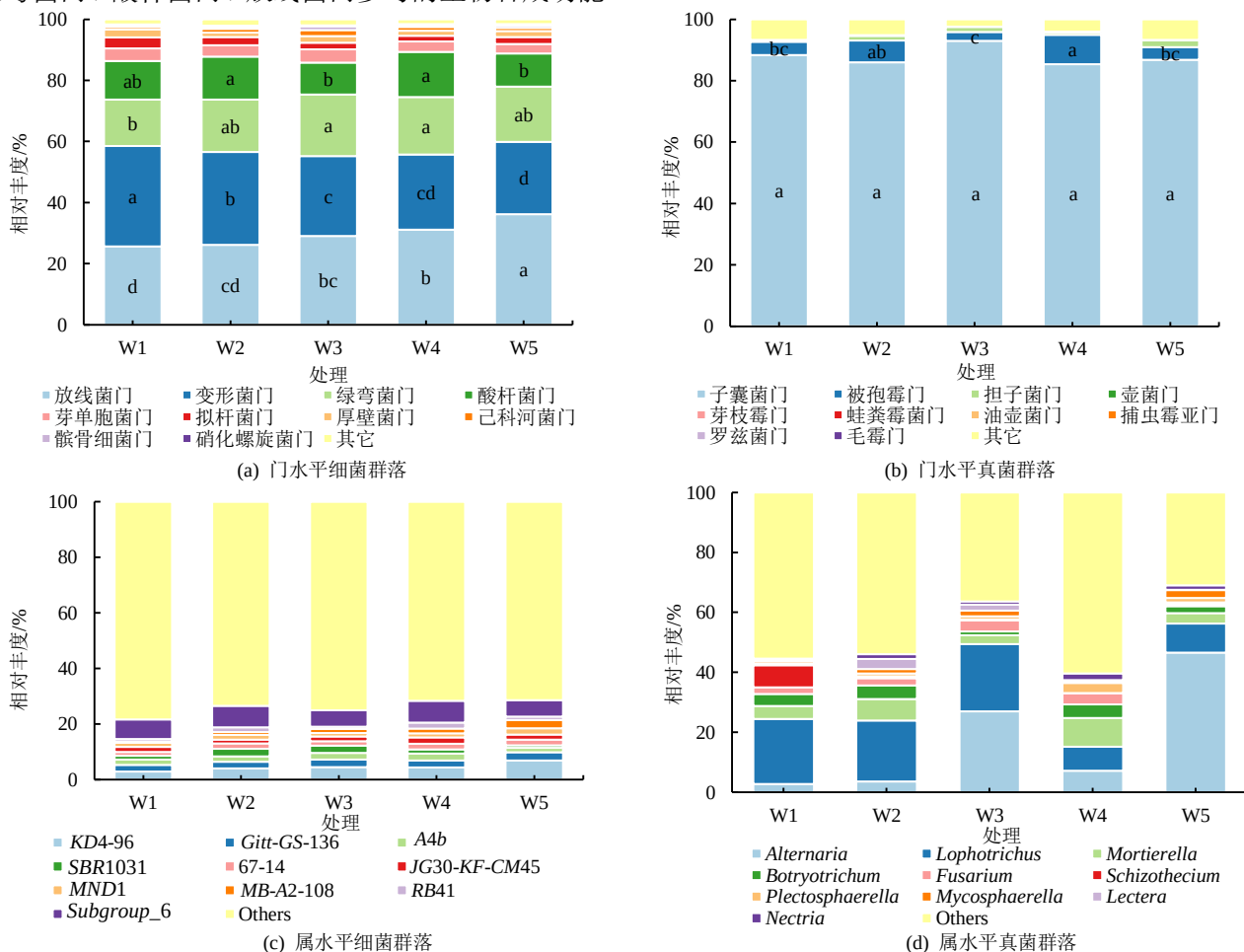


图2 不同处理根际土壤微生物门、属水平群落相对丰度

Fig.2 Relative abundance of microbial phylum and genus levels in rhizosphere soil under different treatments

表3 不同处理下的根际土壤细菌优势代谢功能丰度

Table 3 Abundance of dominant metabolic functions of rhizosphere soil bacteria under different treatments

门水平群落	处理	生物合成/RC	降解、利用、同化/RC	前体代谢产物和能量的产生/RC	代谢簇/RC
放线菌门	W1	21 724.31±752.88a	1 352.37±15.47a	5 247.72±36.97a	666.51±27.49a
	W2	24 045.57±612.41ab	1 379.25±6.33ab	5 431.86±84.59a	730.95±1.50b
	W3	25 421.00±1 099.31bc	1 426.70±46.87b	5 896.14±60.88b	810.63±7.04c
	W4	28 153.61±222.80c	1 685.63±12.20c	6 389.57±45.39c	856.91±17.93d
	W5	34 720.72±793.73d	1 890.01±35.43d	7 726.25±301.12d	981.30±8.39e
变形菌门	W1	29 444.18±478.05e	1 457.83±27.97d	5 611.26±160.50d	719.70±6.91e
	W2	27 855.19±235.15d	1 377.97±24.43c	5 433.88±93.51d	657.05±4.39d
	W3	23 936.24±442.42c	1 229.92±6.52b	4 674.63±141.79c	577.82±10.09c
	W4	22 895.20±534.45b	1 263.61±33.38b	4 441.32±80.58b	543.25±6.67b
	W5	21 057.70±576.44a	1 162.94±34.29a	4 187.31±78.80a	515.80±5.73a
绿弯菌门	W1	9 556.00±15.49a	458.08±1.94a	1 939.39±20.14a	173.36±21.62a
	W2	11 376.56±45.56b	542.61±4.18b	2 346.21±10.36c	226.11±3.07b
	W3	13 383.03±521.56d	623.12±1.51c	2 653.46±52.03e	258.81±2.52c
	W4	11 878.93±107.56c	609.32±7.90c	2 433.11±17.97d	237.58±5.20bc
	W5	11 317.50±18.64b	541.56±27.19b	2 235.16±42.71b	218.95±5.07b
酸杆菌门	W1	11 281.19±317.67a	872.38±5.24c	2 158.88±19.85b	350.68±2.11b
	W2	13 527.22±92.63b	977.98±2.27d	2 449.22±45.03c	407.45±8.61c
	W3	11 046.82±1 314.43a	806.03±1.60a	1 881.57±4.76a	303.85±3.21a
	W4	14 130.51±76.98b	1 059.14±16.87e	2 543.29±159.24c	424.73±5.87d
	W5	10 311.37±94.13a	843.57±5.18b	1 894.03±58.50a	313.74±9.47a

由表4可知, 根际土壤真菌优势群落参与的代谢功能结果表明, 生物合成、前体代谢产物和能量产生为优势代谢功能。W3处理下的子囊菌门参与的优势代谢功能较W1处理分别提高6.58%、5.32%, W4处理下的被孢霉门参与的优势代谢功能较W1处理分别提高113.07%、109.92%。

表4 不同处理下的根际土壤真菌优势代谢功能丰度

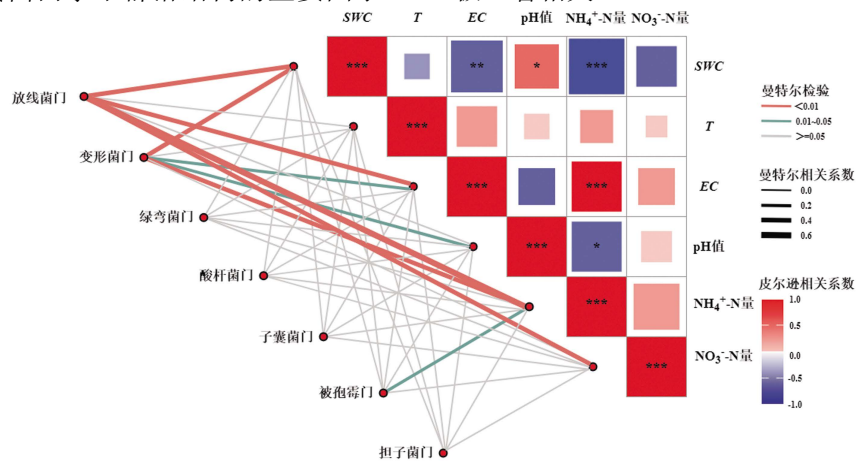
Table 4 Abundance of dominant metabolic functions of rhizosphere soil fungi under different treatments

门水平群落	处理	生物合成/RC	降解、利用、同化/RC	前体代谢产物和能量的产生/RC	代谢簇/RC	甘氨酸途径/RC
子囊菌门	W1	20 472.10±253.92b	5 050.03±39.06a	13 475.93±47.31b	2 442.08±20.14b	704.68±2.26b
	W2	20 040.35±17.45b	4 948.10±17.34a	13 371.20±11.49b	2 444.53±31.79b	664.80±39.18a
	W3	21 819.01±421.70c	5 412.64±77.53b	14 192.34±140.58c	2 579.63±89.22c	753.64±23.85c
	W4	18 578.06±767.37a	4 744.18±333.76a	12 642.35±203.50a	2 341.77±47.96a	647.76±21.09ab
	W5	20 635.24±151.82b	4 851.47±34.90a	13 675.32±227.00b	2 438.58±21.12ab	695.00±2.00b
被孢霉门	W1	823.67±16.58c	216.62±5.86b	612.91±10.84b	115.04±18.99b	35.82±3.67b
	W2	1 337.37±10.33d	358.20±17.47c	1 056.72±47.34c	176.61±6.37c	50.93±4.27c
	W3	556.54±16.10a	144.69±2.29a	390.03±11.57a	80.34±4.12a	17.18±1.85a
	W4	1 755.01±25.13e	471.03±22.25d	1 286.65±14.73d	240.50±31.10d	64.22±1.49d
	W5	775.03±11.59b	218.91±7.34b	570.98±25.96b	102.59±10.11ab	30.46±0.81b
担子菌门	W1	105.07±1.58a	24.10±0.98a	92.68±10.49a	13.12±0.81a	4.20±1.82a
	W2	286.65±5.65c	78.04±3.23c	211.47±2.76b	43.62±3.94c	8.79±1.29b
	W3	297.17±3.32d	70.47±4.63c	214.00±5.10b	35.80±1.29b	11.56±0.53c
	W4	146.56±1.42b	38.95±1.18b	117.18±6.44a	18.53±0.63a	5.28±0.20a
	W5	416.64±3.70e	107.08±8.57d	338.38±52.43c	55.76±5.75d	16.35±1.67d

2.4 根际土壤理化性质与微生物群落结构及代谢功能之间的相关性分析

细菌、真菌相对丰度距离矩阵 (Bray-Curtis) 与土壤理化性质的距离矩阵之间的Mantel test相关性检验见图3。根际土壤SWC、EC、pH值、 NH_4^+ -N、 NO_3^- -N量是影响细菌、真菌门水平群落结构的主要因子。

SWC与放线菌门、变形菌门呈极显著相关 ($P<0.01$)；EC与放线菌门、变形菌门呈显著相关 ($P<0.05$)；pH值与变形菌门呈显著相关 ($P<0.05$)； NH_4^+ -N量与放线菌门、变形菌门呈极显著相关 ($P<0.01$)，与被孢霉门呈显著相关 ($P<0.05$)； NO_3^- -N量与放线菌门呈极显著相关 ($P<0.01$)。



注 **表示在 $P<0.01$ 水平上相关性极显著；*表示在 $P<0.05$ 水平上相关性显著；***表示在 $P<0.001$ 水平上相关性极显著，下同。

图3 根际土壤理化性质与细菌、真菌优势门水平群落结构之间的相关性

Fig.3 Correlation between the physicochemical properties of rhizosphere soil and the community structure at the level of bacterial and fungal dominant phylum

根际土壤细菌属水平群落结构与土壤理化性质的相关性分析结果见表5。根际土壤SWC、EC、pH值、 NH_4^+ -N、 NO_3^- -N量是影响细菌属水平群落结构的主要因子。SWC与KD4-96、MB-A2-108、67-14、RB41呈显著负相关；EC与KD4-96、MB-A2-108呈显著正相关，与SBR1031呈显著负相关 ($P<0.05$)；pH值与

KD4-96、A4b、MB-A2-108、67-14呈显著负相关 ($P<0.05$)； NH_4^+ -N量与KD4-96、MB-A2-108、RB41、67-14、MND1呈显著正相关 ($P<0.05$)； NO_3^- -N量与A4b呈极显著负相关 ($P<0.01$)，与MND1呈显著正相关 ($P<0.05$)。

根际土壤真菌属水平群落结构土壤理化性质之

间的相关性见表6。根际土壤SWC、EC、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 量是影响属水平真菌群落的主要因子。SWC呈极显著负相关 ($P<0.01$)，与*Alternaria*、*Nectria*与*Lophotrichu*呈极显著正相关 ($P<0.01$)；*T*与呈显著正相关 ($P<0.05$)； $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 量与*Fusarium*呈*Mortierella*呈显著正相关 ($P<0.05$)；EC与*Lophotrichu*呈极显著负相关 ($P<0.01$)。

表5 根际土壤细菌属水平群落结构与土壤理化性质之间的相关性

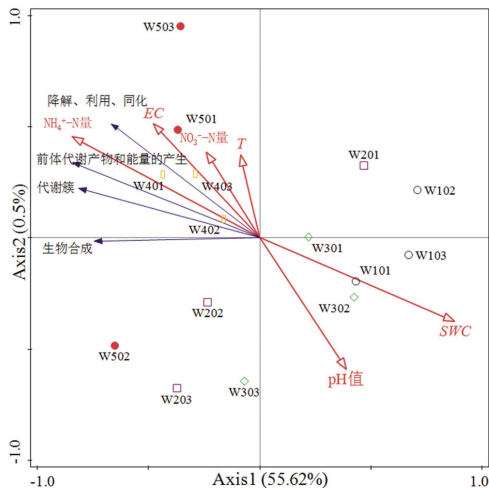
门水平群落	酸杆菌门	绿弯菌门	绿弯菌门	绿弯菌门	绿弯菌门	绿弯菌门	放线菌门	放线菌门	放线菌门	变形菌门
属水平群落	Subgroup_6	KD4-96	Gitt-GS-136	A4b	SBR1031	JG30-KF-CM45	MB-A2-108	RB41	67-14	MND1
SWC	0.082	-0.857**	-0.379	-0.164	0.425	-0.236	-0.821**	-0.571*	-0.721**	-0.471
T	0.313	-0.029	-0.163	0.016	-0.316	0.227	-0.041	0.350	0.021	0.416
EC	0.036	0.525*	0.277	-0.104	-0.695**	0.388	0.595*	0.416	0.340	0.495
pH值	0.075	-0.523*	-0.244	-0.530*	0.138	-0.396	-0.637*	-0.464	-0.530*	0.075
$\text{NH}_4^+\text{-N}$ 量	-0.036	0.814**	0.407	-0.036	-0.446	0.225	0.775**	0.550*	0.657**	0.550*
$\text{NO}_3^-\text{-N}$ 量	-0.145	0.259	0.239	-0.742**	-0.399	-0.466	0.211	-0.206	0.084	0.627*

表6 根际土壤真菌属水平群落结构与土壤理化性质之间的相关性

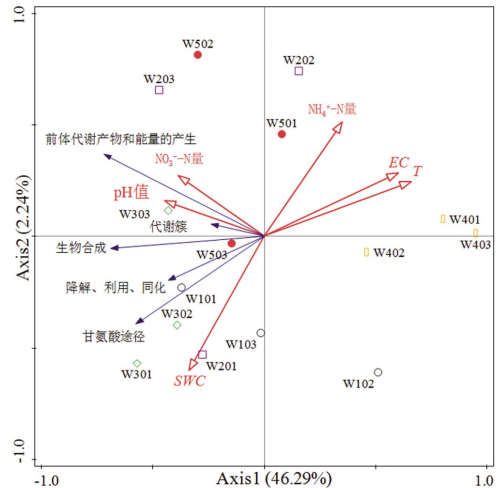
门水平群落	子囊菌门	子囊菌门	子囊菌门	子囊菌门	子囊菌门	子囊菌门	子囊菌门	子囊菌门	子囊菌门	被孢霉菌门
属水平群落	<i>Alternaria</i>	<i>Lophotrichus</i>	<i>Botryotrichum</i>	<i>Fusarium</i>	<i>Schizothecium</i>	<i>Plectosphaerella</i>	<i>Mycosphaerella</i>	<i>Lectera</i>	<i>Nectria</i>	<i>Mortierella</i>
SWC	-0.468	0.714**	0.050	0.275	0.307	-0.225	0.218	0.121	-0.479	-0.214
T	-0.223	-0.209	0.483	-0.231	-0.263	-0.223	-0.021	-0.020	-0.127	0.540*
EC	0.159	-0.515*	0.368	-0.204	-0.273	0.046	-0.252	-0.213	0.390	0.382
pH值	-0.346	0.478	-0.023	-0.313	0.457	-0.098	0.281	0.077	-0.192	-0.159
$\text{NH}_4^+\text{-N}$ 量	0.521*	-0.736**	-0.089	-0.289	-0.311	0.146	-0.214	-0.121	0.571*	0.121
$\text{NO}_3^-\text{-N}$ 量	0.170	0.050	-0.105	-0.763**	0.406	-0.429	-0.048	-0.441	-0.068	-0.239

根际土壤理化性质与优势菌门参与的代谢功能之间的RDA见图4。由图4 (a) 可知，根际土壤细菌功能与EC、T、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 量呈正相关，与SWC、pH值呈负相关。SWC是影响细菌代谢功能的主要因子

($P<0.05$)。由图4 (b) 所示，土壤真菌代谢功能与SWC、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 量、pH值呈正相关，与EC、T、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 量呈负相关。



(a) 细菌



(b) 真菌

注 W101~W103: 正常灌水; W201~W203: 现蕾期轻度水分亏缺; W301~W303: 现蕾期重度水分亏缺; W401~W403: 生殖生长期轻度水分亏缺; W501~W503: 生殖生长期重度水分亏缺。图4 (a): SWC: $F=9.8$, $P=0.01$; pH值: $F=0.3$, $P=0.552$; $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 量: $F=0.5$, $P=0.502$; $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 量: $F=0.5$, $P=0.468$; EC: $F=1.3$, $P=0.298$; T: $F=0.1$, $P=0.888$ 。图4 (b): SWC: $F=0.4$, $P=0.628$; pH值: $F=2.2$, $P=0.15$; $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 量: $F=1.3$, $P=0.272$; $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 量: $F=0.1$, $P=0.062$; EC: $F=1.4$, $P=0.222$; T: $F=3.4$, $P=0.062$ 。

图4 土壤理化性质与门水平群落结构的代谢功能冗余分析

Fig.4 Redundancy analysis of soil physicochemical properties and metabolic functions in phylum level community structure

3 讨论

膜下滴灌条件下,土壤水分、盐分和养分状况会直接受到水分亏缺的影响。研究表明,水分亏缺会导致土壤盐分的淋洗作用减弱,从而使土壤 EC 提高,此外氮素的淋失会增加土壤 NH_4^+-N 量^[15]。Huang等^[16]研究发现,受作物吸水能力的影响, NH_4^+-N 主要富集在表层土壤,而 NO_3^--N 很难被土壤颗粒吸收,易随降雨或灌溉淋失到深层土壤。本研究中,现蕾期水分亏缺会降低成熟期的土壤 EC ,并且土壤 NH_4^+-N 量高于 NO_3^--N 量,这导致 H^+ 量上升,从而降低了土壤 pH 值。同时,生殖生长期水分亏缺会提高土壤 EC 与 NH_4^+-N 、 NO_3^--N 量。因此,现蕾期水分亏缺处理更有利于改善根际土壤理化性质,并对土壤微生物产生间接影响。

土壤微生物多样性是评价土壤生态功能稳定性的重要指标,多样性指数的提高预示着根际土壤微生物的群落结构及抗胁迫能力的增长^[17]。研究表明,土壤 SWC 、 pH 值、养分水平与土壤微生物多样性密切相关^[18]。本研究中,现蕾期轻度水分亏缺处理降低了 SWC 、 pH 值并提高了土壤 NH_4^+-N 量,进而提高向日葵成熟期根际土壤Alpha多样性指数,这是因为适宜的水分亏缺改善了根际土壤通气状况。现蕾期水分亏缺处理提高了绿弯菌门、子囊菌门的相对丰度,降低了变形菌门的相对丰度。绿弯菌门属于光能营养型微生物^[19],是盐碱土壤中的优势菌群。变形菌门是富营养型细菌,对水分胁迫的耐受性较弱^[20], SWC 的降低会减小微生物丰度、减弱微生物活性。 $W2$ 处理下的变形菌门相对丰度降幅最小,表明 $W2$ 处理对土壤微生物的影响最小。土壤真菌当中的子囊菌门适宜在透气性好的土壤环境中生存^[21],可降解向日葵成熟期掉落在土壤中的枯叶,分解的腐殖质会改善土壤结构。本研究通过相关性分析证明了水分亏缺对细菌群落的影响大于真菌。根际土壤细菌的属水平群落结构与 EC 、 NH_4^+-N 、 NO_3^--N 量呈正相关,与 SWC 、 pH 值呈负相关,这与张仲富等^[22]和张江伟等^[23]研究结果相似,但与丁文沙等^[24]研究结果存在差异。代谢功能的丰度体现了土壤生态与微生物的关系^[17],对优势菌门参与的代谢功能进行分析,可直观了解土壤微环境中主要菌群发挥的作用并预测土壤环境中菌群的生物化学循环过程^[11]。 SWC 是影响细菌代谢功能的主要因子,且细菌代谢功能与根际土壤 EC 、 T 、 NH_4^+-N 、 NO_3^--N 量呈正相关,与土壤 pH 值呈负相关,表明根际土壤理化环境的改变会引起土壤细菌多样性的增加和群落结构的变化,这与Liang等^[25]研究结果相似。本研究在膜下滴灌条件下实施水分亏缺处理,生物合成过程是向日葵根际土壤细菌、真菌参与丰度最高的

代谢功能。生物合成通过核苷酸与氨基酸等有机化合物合成大分子,以促进土壤微生物活性,影响土壤微生物数量^[26],起到生物降解以及减小土壤 EC 和 pH 值的作用,从而改变土壤理化性状。

4 结论

1) 向日葵现蕾期水分亏缺相比生殖生长期水分亏缺更有利于改善根际土壤理化性质。

2) 向日葵现蕾期轻度水分亏缺可以增加根际土壤细菌、真菌多样性,并降低变形菌门的群落相对丰度。根际土壤 SWC 、 EC 、 pH 值、 NH_4^+-N 、 NO_3^--N 量是影响细菌群落组成的重要因素,相较于真菌群落,细菌群落与土壤理化因子的相关性更为显著。

3) 生物合成是根际土壤中细菌和真菌的优势代谢功能, SWC 是决定细菌代谢功能的关键因子,土壤 EC 、 NH_4^+-N 、 NO_3^--N 量对细菌代谢功能具有积极影响。

(作者声明本文无实际或潜在利益冲突)

参考文献:

- [1] WANG Ruoshui, KANG Yaohu, WAN Shuqin, et al. Influence of different amounts of irrigation water on salt leaching and cotton growth under drip irrigation in an arid and saline area[J]. Agricultural Water Management, 2012, 110: 109-117.
- [2] 孙贯芳, 屈忠义, 杜斌, 等. 不同灌溉制度下河套灌区玉米膜下滴灌水热盐运移规律[J]. 农业工程学报, 2017, 33(12): 144-152.
SUN Guanfang, QU Zhongyi, DU Bin, et al. Water-heat-salt effects of mulched drip irrigation maize with different irrigation scheduling in Hetao Irrigation District[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2017, 33(12): 144-152.
- [3] 杨宏羽, 李欣, 王波, 等. 膜下滴灌油菜土壤水热高效利用及高产效应[J]. 农业工程学报, 2016, 32(8): 82-88.
YANG Hongyu, LI Xin, WANG Bo, et al. Effect of drip irrigation under plastic film mulching on soil water-heat utilization and high yield of oil sunflower[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2016, 32(8): 82-88.
- [4] PATRA S K, PODDAR R, PRAMANIK S, et al. Growth, yield, water productivity and economics of okra (*Abelmoschus esculentus* L.) in response to gravity drip irrigation under mulch and without-mulch conditions[J]. Scientia Horticulturae, 2023, 321: 112-127.
- [5] 李为萍, 史海滨, 李仙岳, 等. 水氮交互对油用向日葵粗脂肪及脂肪酸组分的影响[J]. 中国油料作物学报, 2015, 37(6): 838-845.
LI Weiping, SHI Haibin, LI Xianyu, et al. Oil sunflower crude fat and fatty acid composition under water and nitrogen coupling[J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2015, 37(6): 838-845.
- [6] 赵莎, 李为萍, 冯梁, 等. 水氮调控对暗管农田土壤脱盐效果及向日葵产量品质的影响[J]. 水土保持学报, 2023, 37(5): 275-282.
ZHAO Sha, LI Weiping, FENG Liang, et al. Effects of water and nitrogen regulation on soil desalination and sunflower yield and quality in subsurface farmland[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2023, 37(5): 275-282.
- [7] 陈锡时, 郭树凡, 汪景宽, 等. 地膜覆盖栽培对土壤微生物种群和生物活性的影响[J]. 应用生态学报, 1998, 9(4): 435-439.
CHEN Xishi, GUO Shufan, WANG Jingkuan, et al. Effect of mulching cultivation with plastic film on soil microbial population and biological

- activity[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 1998, 9(4): 435-439.
- [8] 张志丹, 姜海超, 李桥, 等. 膜下滴灌黑钙土微生物生物量碳及溶解性有机碳特性研究[J]. 水土保持学报, 2013, 27(6): 226-230, 248.
- ZHANG Zhidan, JIANG Haichao, LI Qiao, et al. Research on characteristics of microbial biomass carbon and dissolved organic carbon of chernozem in drip irrigation under film mulched[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2013, 27(6): 226-230, 248.
- [9] REN Chengjie, ZHANG Wei, ZHONG ZeKun, et al. Differential responses of soil microbial biomass, diversity, and compositions to altitudinal gradients depend on plant and soil characteristics[J]. Science of the Total Environment, 2018, 610/611: 750-758.
- [10] 李娜, 王宝荣, 安韶山, 等. 黄土高原草地土壤细菌群落结构对于降水变化的响应[J]. 环境科学, 2020, 41(9): 4 284-4 293.
- LI Na, WANG Baorong, AN Shaoshan, et al. Response of soil bacterial community structure to precipitation change in grassland of Loess Plateau[J]. Environmental Science, 2020, 41(9): 4 284-4 293.
- [11] 徐国伟, 陆大克, 孙会忠, 等. 干湿交替灌溉与施氮耦合对水稻根际环境的影响[J]. 农业工程学报, 2017, 33(4): 186-194.
- XU Guowei, LU Dake, SUN Huizhong, et al. Effect of alternative wetting and drying irrigation and nitrogen coupling on rhizosphere environment of rice[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2017, 33(4): 186-194.
- [12] BURKE C, STEINBERG P, RUSCH D, et al. Bacterial community assembly based on functional genes rather than species[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2011, 108(34): 14 288-14 293.
- [13] NAZARIES L, TOTTEY W, ROBINSON L, et al. Shifts in the microbial community structure explain the response of soil respiration to land-use change but not to climate warming[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2015, 89: 123-134.
- [14] OUYANG Zan, TIAN Juncang, YAN Xinfang, et al. Effects of different concentrations of dissolved oxygen on the growth, photosynthesis, yield and quality of greenhouse tomatoes and changes in soil microorganisms[J]. Agricultural Water Management, 2021, 245: 106 579.
- [15] LI Haixiao, LU Xueqiang, XU Yan, et al. How close is artificial biochar aging to natural biochar aging in fields? A meta-analysis[J]. Geoderma, 2019, 352: 96-103.
- [16] HUANG S N, WANG F, ELLIOTT E M, et al. Multiyear measurements on $\Delta^{17}\text{O}$ of stream nitrate indicate high nitrate production in a temperate forest[J]. Environmental Science & Technology, 2020, 54(7): 4 231-4 239.
- [17] 李媛媛, 徐婷婷, 艾喆, 等. 不同海拔鬼箭锦鸡儿根际和非根际土壤细菌群落多样性及PICRUSt功能预测[J]. 环境科学, 2023, 44(4): 2 304-2 314.
- LI Yuanyuan, XU Tingting, AI Zhe, et al. Diversity and predictive functional of *caragana jubata* bacterial community in rhizosphere and non-rhizosphere soil at different altitudes[J]. Environmental Science, 2023, 44(4): 2 304-2 314.
- [18] 刘月, 杨树青, 张万锋, 等. 微咸水灌溉下微生物菌肥对盐渍土理化性质和细菌群落的影响[J]. 环境科学, 2023, 44(8): 4 585-4 598.
- LIU Yue, YANG Shuqing, ZHANG Wanfeng, et al. Effects of microbial fertilizer on physicochemical properties and bacterial communities of saline soil under brackish water irrigation[J]. Environmental Science, 2023, 44(8): 4 585-4 598.
- [19] O'DONNELL A G, SEASMAN M, MACRAE A, et al. Plants and fertilisers as drivers of change in microbial community structure and function in soils[J]. Plant and Soil, 2001, 232: 135-145.
- [20] 汪堃, 南丽丽, 师尚礼, 等. 干旱胁迫对不同根型苜蓿根系生长及根际土壤细菌的影响[J]. 生态学报, 2021, 41(19): 7 735-7 742.
- WANG Kun, NAN Lili, SHI Shangli, et al. Influence of root growth and bacterial community in the rhizosphere of different root types of alfalfa under drought stress[J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, 41(19): 7 735-7 742.
- [21] DE BOER W, FOLMAN L B, SUMMERBELL R C, et al. Living in a fungal world: Impact of fungi on soil bacterial niche development[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2005, 29(4): 795-811.
- [22] 张仲富, 喻庆国, 王行, 等. 植物群落和土壤理化性质对碧塔海湿地土壤细菌群落的影响[J]. 应用生态学报, 2021, 32(6): 2 199-2 208.
- ZHANG Zhongfu, YU Qingguo, WANG Hang, et al. Effects of plant community and soil properties on soil bacterial community in Bitahai Wetland, Southwest China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2021, 32(6): 2 199-2 208.
- [23] 张江伟, 薛佳欣, 李慧, 等. 小麦根际微生物群落结构和多样性对水分胁迫的响应[J]. 灌溉排水学报, 2022, 41(10): 41-50.
- ZHANG Jiangwei, XUE Jiaxin, LI Hui, et al. Effect of water stress on microbial community and diversity in the rhizosphere of winter wheat[J]. Journal of Irrigation and Drainage, 2022, 41(10): 41-50.
- [24] 丁文沙, 魏志超, 孟李群, 等. 生物炭对杉木人工林土壤细菌多样性的影响[J]. 森林与环境学报, 2019, 39(6): 584-592.
- DING Wensha, WEI Zhichao, MENG Liqun, et al. Effects of biochar on soil bacterial diversity in Chinese fir plantations[J]. Journal of Forest and Environment, 2019, 39(6): 584-592.
- [25] LIANG Y T, XIAO X, NUCCIO E E, et al. Differentiation strategies of soil rare and abundant microbial taxa in response to changing climatic regimes[J]. Environmental Microbiology, 2020, 22(4): 1 327-1 340.
- [26] CHOI H, JIN J Y, CHOI S, et al. An ABCG/WBC-type ABC transporter is essential for transport of sporopollenin precursors for exine formation in developing pollen[J]. The Plant Journal, 2011, 65(2): 181-193.

Effect of Water Deficiency on the Rhizosphere Microenvironment of Sunflower under Film Drip Irrigation

CHI Zhaonan, LI Weiping*, ZHANG Jiapeng, ZHAO Sha, WU Yixuan, WANG Jiashuang

(College of Water Conservancy and Civil Engineering, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot 010018, China)

Abstract: 【Objective】 This field experiment of drip irrigation under sunflower film was carried out in the Hailiutu Science and Technology Park of Inner Mongolia Agricultural University, in order to explore the effects of water deficit on the microbial diversity, community structure and metabolic function of sunflower rhizosphere soil. **【Method】** Sunflower was irrigated with $900 \text{ m}^3/\text{hm}^2$ of saline before planting, and drip irrigation under film was used throughout the growth period. The control treatment, W1($450 \text{ m}^3/\text{hm}^2$ in the squaring stage and $450 \text{ m}^3/\text{hm}^2$

during the reproductive growth stage), involved sunflowers under mulch drip irrigation with a water deficit. Two water deficit treatments were implemented during the squaring stage: W2 (300 m³/hm² irrigation during the squaring stage, 450 m³/hm² irrigation during the reproductive growth stage), W3 (150 m³/hm² irrigation during the squaring stage, 450 m³/hm² irrigation during the reproductive growth stage). During the reproductive growth period, mild and severe water deficits were treated using two strategies: W4 (450 m³/hm² irrigation during the squaring stage, and 225 m³/hm² irrigation during the reproductive growth period), and W5 (450 m³/hm² irrigation during squaring stage, with no irrigation during the reproductive growth period). The Illumina high-throughput sequencing technology was utilized to analyze the structure, function, and diversity of the soil microbial community in the rhizosphere. Additionally, the study examined the impact of water deficit on soil physicochemical properties, as well as on the structure and function of the microbial community. **【Result】** At the squaring stage, W2 and W3 treatments significantly increased the electrical conductivity (*EC*), ammonium nitrogen (NH₄⁺-N) content, and temperature (*T*) of rhizosphere soil compared to W1. Moreover, this water deficit also decreased the soil water content (*SWC*), *EC* and pH value of the mature rhizosphere soil. At the mature stage, W2 treatment boosted the richness index (Chao1), evenness index (Pielou), and diversity index (Shannon) of rhizosphere soil bacteria and fungi. In the four water deficit treatments, the relative abundance of Proteobacteria under W2 treatment was significantly reduced by 7.66% compared with W1. The relative abundance of Chloroflexi and Ascomycota increased significantly by 32.19% and 5.25%, respectively, under W3 treatment compared to W1. The application of W4 and W5 treatments led to an increase in the relative abundance of Actinomycetes, Acidobacterium, and Mortierella. The correlation between bacterial community and soil physicochemical properties was stronger than that of the fungal community. Bacteria showed a positive correlation with *EC*, ammonium nitrogen, and nitrate nitrogen in the rhizosphere soil. On the other hand, bacteria had a negative correlation with soil moisture content (*SWC*) and pH value. Biosynthesis is the dominant metabolic function of bacteria and fungi in rhizosphere soils. The main factor affecting dominant metabolic function of bacteria is *SWC*. In addition, *EC*, ammonium nitrogen, and nitrate nitrogen will have a positive impact on dominant metabolic function of bacteria. **【Conclusion】** In summary, The water deficit at the squaring stage improved the physicochemical properties of rhizosphere soil compared with the water deficit in the reproductive growth stage. Additionally, the mild water deficit at the squaring stage improved the structure, diversity, and metabolic function of the rhizosphere soil microbial community, thereby making it a suitable water treatment for the growth of rhizosphere microorganisms.

Key words: drip irrigation under film; water deficiency; microbial community; metabolic function; high-throughput sequencing

责任编辑: 韩 洋