



农业资源与环境学报

中文核心期刊
中国科技核心期刊

JOURNAL OF AGRICULTURAL RESOURCES AND ENVIRONMENT

欢迎投稿 <http://www.aed.org.cn>

龙脊稻作梯田土壤细菌群落结构和功能类群及影响因子分析

王晓彤, 靳振江, 周军波, 程跃扬, 袁武, 潘复静, 刘德深

引用本文:

王晓彤, 靳振江, 周军波, 等. 龙脊稻作梯田土壤细菌群落结构和功能类群及影响因子分析[J]. 农业资源与环境学报, 2021, 38(3): 365–376.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0413>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

施氮水平对稻-稻-紫云英稻田土壤细菌数量及群落结构的影响

周艳飞, 聂江文, 王幼娟, 刘章勇, 朱波

农业资源与环境学报. 2018, 35(6): 508–517 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2018.0021>

减肥条件下生物质炭施用对水稻田土壤细菌多样性的影响

陈重军, 凌学林, 邢龙, 冯健, 吴羽希, 范静, 孙远博, 廖方新

农业资源与环境学报. 2021, 38(3): 385–392 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0327>

连续降雨后太湖流域典型农田土地利用方式下土壤至入湖河流水体细菌群落的变化

张维国, 邸攀攀, 易能, 严少华, 高岩

农业资源与环境学报. 2018, 35(1): 48–57 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2017.0191>

硒对油菜根际土壤微生物的影响

程勤, 胡承孝, 明佳佳, 蔡苗苗, 刘康, 汤艳妮, 赵小虎

农业资源与环境学报. 2021, 38(1): 104–110 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0061>

不同植物种植对矿区复垦土壤微生物多样性的影响

张变华, 靳东升, 张强, 郇春花, 李建华, 籍晟煜

农业资源与环境学报. 2019, 36(3): 355–360 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2018.0304>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

王晓彤, 靳振江, 周军波, 等. 龙脊稻作梯田土壤细菌群落结构和功能类群及影响因子分析[J]. 农业资源与环境学报, 2021, 38(3): 365–376.

WANG Xiao-tong, JIN Zhen-jiang, ZHOU Jun-bo, et al. Community structure and functional groups of soil bacteria and their influencing factors in Longji rice terraces[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2021, 38(3): 365–376.



开放科学 OSID

龙脊稻作梯田土壤细菌群落结构和功能类群及影响因子分析

王晓彤¹, 靳振江^{1,2,3*}, 周军波¹, 程跃扬¹, 袁武¹, 潘复静^{1,2,3}, 刘德深^{1,2,3}

(1. 桂林理工大学环境科学与工程学院, 广西 桂林 541004; 2. 桂林理工大学岩溶地区水污染控制与用水安全保障协同创新中心, 广西 桂林 541004; 3. 桂林理工大学广西环境污染控制理论与技术重点实验室, 广西 桂林 541004)

摘要:为研究稻作梯田土壤细菌群落结构和功能类群特征,以龙脊稻作梯田为研究对象,在19个不同海拔高度的样地采集耕层土壤样品,采用16S rRNA高通量测序法对细菌群落结构进行分析,利用FAPROTAX功能预测软件对细菌的功能类群进行预测。结果表明,龙脊稻作梯田优势门为变形菌门和绿弯菌门,丰度分别为37.40%~63.28%和11.30%~40.78%;优势属为鞘氨醇单胞菌属和罗思河小杆菌属,丰度分别为7.13%~20.87%和2.34%~21.53%。土壤细菌优势OTUs聚类热图分析显示,与细菌丰度显著相关的环境因子为pH、碳氮比、海拔和碱解氮。共预测到51个功能类群,其中,反硝化类功能类群、硫呼吸类功能类群和烃降解类功能类群受以上几种环境因子影响显著。研究表明,龙脊稻作梯田土壤pH、碳氮比、海拔和碱解氮显著影响土壤细菌群落结构和功能类群。

关键词:稻作梯田;细菌群落;功能类群;pH;碳氮比

中图分类号:S154.3 文献标志码:A 文章编号:2095-6819(2021)03-0365-12 doi: 10.13254/j.jare.2020.0413

Community structure and functional groups of soil bacteria and their influencing factors in Longji rice terraces

WANG Xiao-tong¹, JIN Zhen-jiang^{1,2,3*}, ZHOU Jun-bo¹, CHENG Yue-yang¹, YUAN Wu¹, PAN Fu-jing^{1,2,3}, LIU De-shen^{1,2,3}

(1. College of Environmental Science and Engineering, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China; 2. Collaborative Innovation Center for Water Pollution Control and Water Safety in Karst Area, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China; 3. Guangxi Key Laboratory of Environmental Pollution Control Theory and Technology, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China)

Abstract: The study of soil bacterial community structure and functional groups in rice terraces can provide a theoretical basis for the sustainable management of terraces. Nineteen soil samples were collected at different altitudes in Longji rice terraces. Bacterial community structure was analyzed using 16S rRNA high-throughput sequencing, and its functional group was predicted using FAPROTAX functional prediction software. The results showed that the dominant phyla were Proteobacteria and Chloroflexi with 37.40%~63.28% and 11.30%~40.78% abundance, respectively. The dominant genera were *Sphingomonas* and *Rhodanobacter* with 7.13%~20.87% and 2.34%~21.53% abundance, respectively. Clustering heatmap of dominance operational taxonomic units (OTUs) showed that the environmental factors

收稿日期:2020-08-07 录用日期:2020-09-16

作者简介:王晓彤(1995—),女,河南灵宝人,硕士研究生,主要从事环境工程微生物学研究。E-mail: wxt95816@163.com

*通信作者:靳振江 E-mail: zhenjiangjin@163.com

基金项目:国家自然科学基金项目(41867008, 41361054);广西自然科学基金项目(2018GXNSFAA281247);桂林理工大学博士启动基金项目(GUTQDJJ2004041);广西科技计划项目(桂科 AD18126018)

Project supported: The National Natural Science Foundation of China (41867008, 41361054); The Natural Science Foundation of Guangxi, China (2018GXNSFAA281247); The Doctoral Fund Project of Guilin University of Technology (GUTQDJJ2004041); Guangxi Science and Technology Project (GuiKe AD18126018)

significantly related to bacterial abundance were pH, carbon-nitrogen ratio(C/N), alkali-hydrolyzed nitrogen(AN), and altitude. A total of 51 functional groups were predicted based on all the OTUs. Denitrification, sulfur respiration, and hydrocarbon degradation functional groups were significantly related to pH, C/N, AN, and altitude. The above results indicated that soil pH, C/N, AN, and altitude significantly affected soil bacterial community structure and functional groups in Longji rice terraces.

Keywords: rice terraces; bacterial community; functional group; pH; carbon-nitrogen ratio

梯田是沿等高线修筑的阶梯状农田,是人为开垦又与独特的自然气候和地理因素密切相关的山地耕作生态系统,其垂直特性是区别于其他农业土地利用方式的显著特征^[1]。与普通稻田相比,稻作梯田属于山坡耕地,梯田独特的构造能够增加地表水的下渗量,减缓水流对土壤的冲刷^[2],有效防止土壤侵蚀,梯田形式能够有效改善土壤养分状况,改善立地条件。梯田海拔高度的变化会导致土壤养分含量、温度、水分等也随之变化^[3-4],并且梯田的光能利用率普遍高于一般农耕地,有助于梯田土壤利用率,发挥梯田效益^[5]。我国的稻作梯田主要分布在南方亚热带和热带的丘陵和山地地区。在2018年第五次全球重要农业文化遗产国际论坛上,包括龙脊稻作梯田在内的4个南方山地稻作梯田被联合国粮农组织列入全球重要农业文化遗产名录^[6]。因此,探讨稻作梯田的维持机制有利于农业文化遗产的保护和稻作梯田管理的持续性。

土壤微生物是评价土壤质量和健康状况的重要指标之一,对土壤pH和养分等环境因子的变化十分敏感^[7]。在稻作梯田中,土壤微生物在梯田土壤的生物地球化学循环过程中具有重要的作用^[8]。目前,关于梯田土壤微生物方面的研究已有报道,梁勇等^[9]的研究发现,元阳梯田稻田土壤微生物数量总体上在低海拔(1 450~1 500 m)稻田较高,土壤自生固氮菌、放线菌、细菌和真菌、纤维分解菌的数量受季节的影响明显。王灿等^[9]发现,紫外线辐射能够显著降低水稻孕穗期、抽穗期和成熟期稻田土壤微生物量碳。这些研究表明,土壤微生物易受水稻生长的影响。另外,古梯田水稻土不同年代序列古菌丰度也有报道^[10]。而在休闲期,土壤的干扰较少,微生物相对稳定,但对休闲期细菌多样性还鲜有研究;而且,土壤细菌群落结构和功能类群受哪些重要土壤理化因子的影响尚不清楚。因此,选择休闲期的龙脊稻作梯田为研究对象,开展两个方面的研究:一是分析梯田土壤的微生物群落结构和优势功能类群特征;二是明晰梯田土壤中影响优势微生物群落和功能类群的重要环境因子,以期丰富稻作梯田基础理论,为稻作梯

田的管理提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

龙脊稻作梯田距今已有600多年的历史^[11],堪称世界梯田原乡,位于广西壮族自治区龙胜各族自治县龙脊镇平安村龙脊山,距桂林市约80 km。龙脊稻作梯田地处亚热带季风气候区,年平均气温18.1℃,极端最高温度39.5℃,极端最低温度-4.8℃,无霜期314 d,年降雨量1 500~2 400 mm,年均日照时数1 223 h,年均空气相对湿度82%。龙脊稻作梯田分布在海拔850~1 060 m之间,位于东经109°32′~110°14′、北纬25°35′~26°17′之间^[12]。龙脊稻作梯田高海拔、低气温,主要种植粳稻,为单季稻,产量一般为6 000~7 500 kg·hm⁻²。通常5月下旬开始灌水插秧,9月下旬到10月上旬成熟,收割后秸秆不还田。施肥以无机复合肥为主,插秧前施用无机复合肥作为基肥,用量为1 050~1 500 kg·hm⁻²,后期追肥视水稻生长状况而定。

1.2 供试土壤与样品采集

2016年3月27日和3月28日,在龙脊梯田景区沿梯田海拔(ALS)高度,大致按照10 m高度差进行采样(图1),共19个样地,参考《土壤农业化学分析方法》^[13]进行土壤样品采集。在每个样地中随机选取3个采样点,每个样点采取等量均匀的0~20 cm耕层土壤^[14],3个样点均匀混合为1个样本。样本带回实验室后,去除植物根系和石块等杂物,一部分研磨过2 mm筛,放入-80℃冰箱储存,用于后续细菌群落结构分析;另一部分在阴凉处自然风干后研磨,分别过0.85、0.25、0.15 mm筛后于阴凉处保存,用于测定土壤理化性质。

1.3 土壤理化指标及养分含量的测定

土壤理化性质的分析方法参照《土壤农业化学分析方法》^[13]进行,设样点平行组。土壤含水率(SWC)的测定采用烘干法;pH的测定采用无CO₂蒸馏水作浸提剂,按照土水1:2.5的比例浸提,用精密pH计(型号:IS128C)直接测定;土壤有效磷(AP)采用盐酸-氟

化铵法测定;土壤有机碳(SOC)采用浓硫酸-重铬酸钾外加加热法测定;碱解氮(AN)采用碱解扩散法测定;土壤总氮(TN)采用浓硫酸消煮-凯氏定氮法测定;土壤总磷(TP)采用碳酸钠熔融法测定。土壤理化性质见表 1。

1.4 高通量测序

用混合样进行微生物测序。使用环境样本 DNA 提取试剂盒(Power Soil, QIAGEN 公司)进行基因组 DNA 抽提后,使用 0.8% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA。按指定测序区域,合成带有 Barcode 的特异引物对样

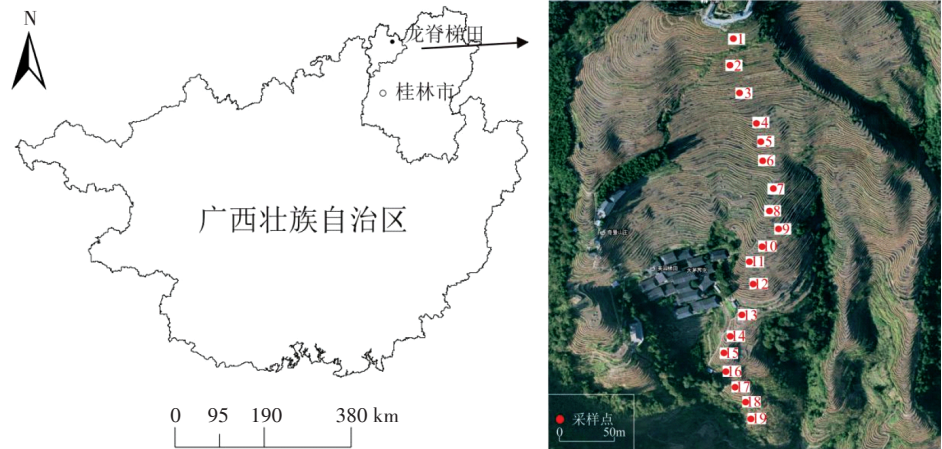


图 1 采样点示意图

Figure 1 Schematic diagram of sampling points

表 1 龙脊稻作梯田土壤的理化性质

Table 1 Physico-chemical properties of paddy soils in Longji rice terraces(0~20 cm)

样点 Sample	海拔 ALS/m	含水率 SWC/%	pH (H ₂ O)	有机碳 SOC/(g·kg ⁻¹)	全氮 TN/(g·kg ⁻¹)	碱解氮 AN/(mg·kg ⁻¹)	总磷 TP/(g·kg ⁻¹)	有效磷 AP/(mg·kg ⁻¹)	碳比氮 C/N
1	1 063	42.64±0.01	4.49±0.08	17.52±0.01	2.53±0.01	123.63±0.30	0.13±0.02	84.26±5.97	6.93±0.04
2	1 057	30.07±0.00	4.85±0.06	18.57±0.01	2.41±0.02	92.99±0.35	0.14±0.08	40.99±0.42	7.70±0.06
3	1 045	37.84±0.00	4.78±0.01	15.20±0.06	1.76±0.01	96.23±1.13	0.13±0.01	83.96±5.90	8.62±0.03
4	1 031	38.49±0.00	4.60±0.01	16.05±0.02	1.52±0.01	108.88±0.64	0.18±0.10	74.55±0.54	10.55±0.13
5	1 020	39.51±0.01	5.00±0.01	16.30±0.02	3.35±0.00	131.03±0.59	0.19±0.11	82.51±2.35	4.87±0.01
6	1 011	34.09±0.00	4.67±0.02	21.34±0.02	2.80±0.00	100.50±0.59	0.18±0.10	102.92±0.44	7.62±0.01
7	999	27.47±0.00	4.60±0.00	22.45±0.01	1.99±0.01	92.35±0.70	0.49±0.28	85.60±1.64	11.25±0.04
8	989	43.17±0.00	4.95±0.01	23.77±0.08	2.16±0.00	104.05±0.54	0.56±0.32	95.57±0.08	11.03±0.03
9	981	42.38±0.01	4.71±0.01	21.59±0.01	2.01±0.01	102.74±0.38	0.30±0.18	93.59±0.25	10.73±0.03
10	975	34.40±0.01	4.60±0.01	17.09±0.02	1.17±0.01	92.23±0.33	0.53±0.31	33.83±1.19	14.55±0.14
11	966	39.86±0.01	4.64±0.01	14.55±0.01	1.07±0.00	81.40±0.38	0.52±0.03	37.30±0.30	13.55±0.02
12	953	41.00±0.00	4.71±0.07	16.14±0.05	1.42±0.00	84.77±0.73	0.29±0.17	74.20±2.42	11.40±0.05
13	941	24.76±0.00	4.76±0.01	17.27±0.05	1.06±0.01	66.12±0.06	0.58±0.33	29.87±0.38	16.31±0.13
14	931	46.67±0.01	4.61±0.03	20.13±0.10	2.31±0.00	76.43±0.43	0.33±0.19	28.91±1.61	8.73±0.05
15	920	56.12±0.02	5.23±0.01	24.15±0.01	1.36±0.01	101.31±0.42	0.45±0.26	106.84±7.53	17.81±0.08
16	910	46.05±0.01	5.16±0.12	16.68±0.01	1.26±0.01	83.34±0.95	0.50±0.29	55.63±4.10	13.24±0.15
17	880	66.35±0.01	4.81±0.01	28.32±0.07	2.78±0.01	93.49±1.94	0.36±0.21	73.49±4.48	10.17±0.05
18	864	35.90±0.01	4.84±0.01	18.55±0.03	2.48±0.01	122.34±0.43	0.10±0.06	68.16±0.35	7.48±0.02
19	851	44.15±0.00	4.88±0.01	23.13±0.02	2.84±0.00	129.19±0.48	0.08±0.04	51.48±0.75	8.15±0.02
平均值 Average	—	40.58	4.78	19.41	2.00	99.11	0.32	68.61	10.66

注:表中数据为平均值±标准差,—表示无数据。
Notes:The data in the table are mean±SD,—indicates no data.

本的16S rRNA V4区域进行扩增^[15],引物序列为515F (5'-GTG YCA GCM GCC GCG GTA A-3')和806R (5'-GGA CTA CHV GGG TWT CTA AT-3')。每个样本进行3次重复,每个PCR反应终止于线性扩增期。PCR结束后,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OMEGA胶回收试剂盒切胶回收PCR产物,TE缓冲液洗脱回收目标DNA片段。测序由成都罗宁生物公司采用PE250测序方式在Illumina测序技术的分析平台上完成。双端测序得到的PE reads首先使用FLASH进行拼接,同时对序列质量进行控制,在去除低质量碱基及接头污染序列等操作过程后完成数据过滤,得到可供后续分析的高质量目标序列。在97%的相似水平上使用UPARSE算法(默认)进行OTUs(可操作分类单元)的聚类。挑选出OTUs的代表性序列。使用Uchime去除嵌合体。使用SILVA等数据库(默认)或Greengene进行物种分类信息的划分,同时去除注释为叶绿体、线粒体以及非细菌或古菌界的OTUs。 α -多样性可以反映细菌群落的丰度和多样性,通过Chao1指数和Ace指数来分析样品中细菌群落的丰富度,Shannon指数和Simpson指数来分析样品中细菌群落的多样性,Observed和Coverage指数来表示测序深度。

1.5 数据分析与统计

采用EXCEL 2010进行数据处理,使用FAPROTAX在线软件进行细菌功能预测,基于SILVA数据库构建细菌域全谱系的基因功能图谱,进行细菌功能分类预测。用SPSS 25.0进行Pearson相关性分析,使用OmicShare Tools进行主成分分析(PCoA)。用Origin

2017绘制优势细菌门和属的群落组成图。将数量占总OTUs数0.3%以上的OTUs界定为优势OTUs^[16],利用Rstudio和Tbtools绘制优势OTUs和细菌功能类群与环境因子的相关性热图。

2 结果与分析

2.1 龙脊稻作梯田稻田土壤细菌的多样性分析

本研究中,19个采样点共得到3 991个细菌OTUs,它们分属于细菌界的48门、112纲、239目、454科和792属。从图2龙脊稻作梯田稻田土壤细菌的 α -多样性可知,反映细菌群落丰富度的Chao1指数和Ace指数分别为1 183~1 984和1 295~2 173;反映细菌群落多样性的Shannon指数和Simpson指数分别为4.52~5.16和0.946~0.976之间;表示测序深度的Observed指数和Coverage指数分别为819~1 271和0.932~0.961。从表2土壤环境因子与土壤微生物 α -多样性之间的相关性可知,Simpson指数与ALS呈显著负相关($P<0.05$),而与土壤pH呈显著正相关($P<0.05$),说明土壤细菌多样性受到ALS和土壤pH的影响。

基于Bray-Curtis距离算法对不同样点土壤细菌群落组成进行主成分分析(PCoA),结果如图3所示,轴1和轴2的差异贡献值共为37.91%。从图3可以看出,样点18和19、样点16和17、样点13和14、样点8和9、样点3和4、样点6和7与样点1和2两两之间在海拔高度上比较接近,表明细菌 β -多样性样点在海拔高度上的分布以小集群分布为主。

2.2 龙脊稻作梯田土壤细菌群落结构分析

本研究把筛选到门和属水平的OTUs序列丰度

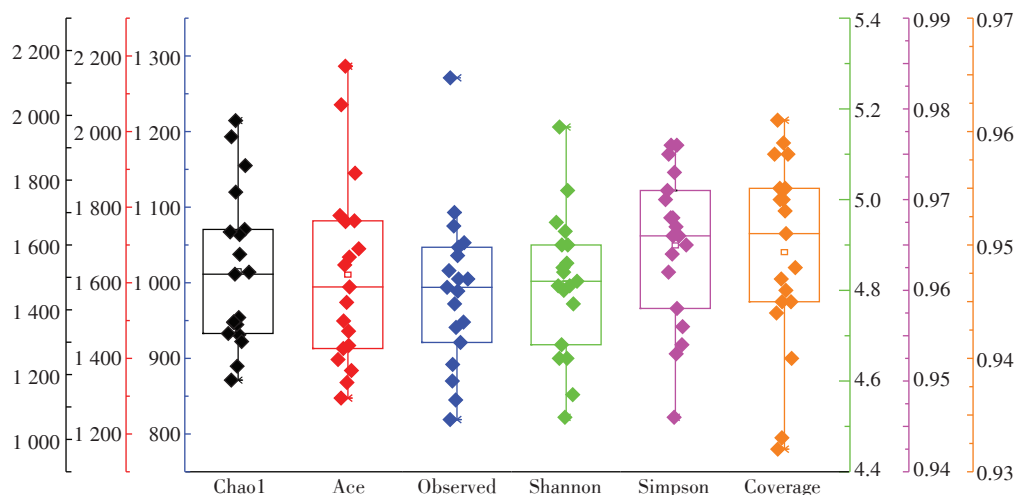


图2 龙脊稻作梯田土壤微生物 α -多样性指数

Figure 2 Soil microbial α -diversity index in Longji rice terraces

表 2 土壤微生物 α-多样性与环境因子之间的相关性(r)

Table 2 Correlation between soil microbial α-diversity and environmental factors(r)

指标 Index	ALS	SWC	pH	AP	SOC	AN	TN	TP	C/N
Observed	-0.078	0.061	-0.018	-0.093	0.032	0.022	-0.091	-0.010	0.001
Chao1	-0.043	0.089	-0.042	-0.022	0.221	0.195	0.111	-0.057	-0.117
Ace	-0.076	0.177	-0.022	0.078	0.359	0.183	0.166	-0.015	-0.107
Shannon	-0.291	0.105	0.371	-0.036	-0.046	-0.040	-0.339	0.114	0.293
Simpson	-0.494*	0.246	0.551*	0.090	0.048	0.139	-0.243	0.167	0.321
Coverage	0.077	-0.141	0.045	-0.053	-0.297	-0.207	-0.154	0.055	0.120

注 Note: * $P<0.05$ 。

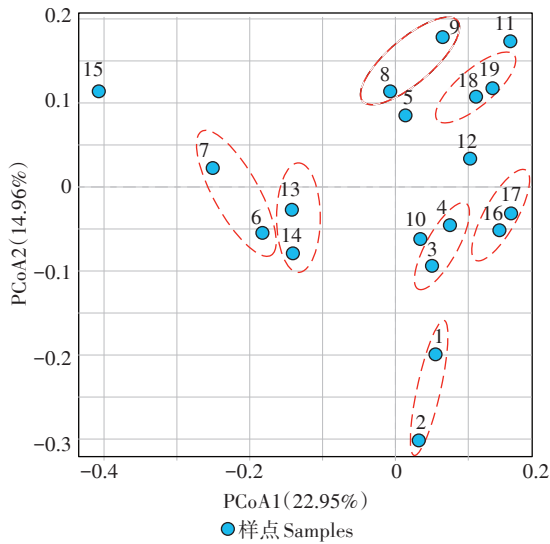


图 3 龙脊稻作梯田细菌 β-多样性基于 Bray-Curtis 距离算法的主成分分析

Figure 3 Principal component analysis of bacterial β-diversity in Longji rice terraces based on Bray-Curtis distance algorithm

占总 OTUs 丰度 0.3% 以上定义为优势门和优势属, Others 表示未分类的和 OTUs 序列丰度占总 OTUs 丰度 0.3% 以下的门和属。土壤细菌在门和属水平的组成及相对丰度如图 4 所示。

从图 4a 可以看出,在门水平上,龙脊稻作梯田共有变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、WD272 门、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、浮霉菌门(Planctomycetes)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)和疣微菌门(Verrucomicrobia)等 11 个优势门,它们的丰度分别为 49.22%、29.18%、5.32%、4.18%、3.76%、2.98%、1.61%、1.06%、0.71%、0.66% 和 0.40%,其 OTUs 丰度合计占细菌总 OTUs 的 99.08%。从图 4b 可以看出,在

属水平上,龙脊稻作梯田共有鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、罗思河小杆菌属(*Rhodanobacter*)、酸杆菌属(*Acidibacter*)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)和端瘤杆菌属(*Telmatobacter*)、青枯菌属(*Ralstonia*)、嗜酸栖热菌属(*Acidothermus*)、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、假双头斧形菌属(*Pseudolabrys*)、土壤芽孢杆菌属(*Solibacillus*)、芽孢八叠球菌属(*Sporosarcina*)、嗜冷芽孢杆菌属(*Psychrobacillus*)、链球菌属(*Streptococcus*)、陶厄氏菌属(*Thauera*)、*Rhizomicrobium* 属和假单胞菌属(*Pseudomonas*)等 16 个优势属,OTUs 丰度合计占细菌总 OTUs 的 33.98%。其中样点 5、11、16、17、18 和 19 的最优势属和次优势属分别为罗思河小杆菌属和鞘氨醇单胞菌属,丰度分别为 8.72%~21.53% 和 7.13%~10.27%;其余 13 个样点的最优势属和次优势属分别为鞘氨醇单胞菌属和罗思河小杆菌属,丰度分别为 8.70%~20.87% 和 2.34%~11.57%。

2.3 龙脊稻作梯田细菌群落与环境因子的相关分析

细菌优势 OTUs 与环境因子的相关性分析结果如图 5 所示, pH 与 OTU36(Rhodospirillales, 红螺菌目)等 4 个优势 OTUs 呈显著的正相关关系,与 OTU1(*Sphingomonas*, 鞘氨醇单胞菌属)和 OTU2(*Chloroflexi*, 绿弯菌门)呈显著负相关关系。ALS 与 OTU23(*Ktedonobacteria*, 纤线杆菌纲)等 3 个优势 OTUs 呈显著的正相关关系,与 OTU496(*Psychrobacillus*, 嗜冷芽孢杆菌属)和 OTU89(红螺菌目)呈显著负相关。

AN 与 OTU20(绿弯菌门)等 4 个优势 OTUs 呈显著正相关,与 OTU10(纤线杆菌纲)呈显著负相关; C/N 与 OTU9(*Gemmatimonadaceae*, 芽单胞菌科)等 5 个优势 OTUs 呈显著正相关,与 OTU4789(绿弯菌门)呈显著负相关。另外, AP 与 3 个优势 OTUs 呈显著正相关, SOC 和 TP 均与 1 个优势 OTUs 呈显著正相关。以上结果表明,影响龙脊稻作梯田土壤细菌群落丰度

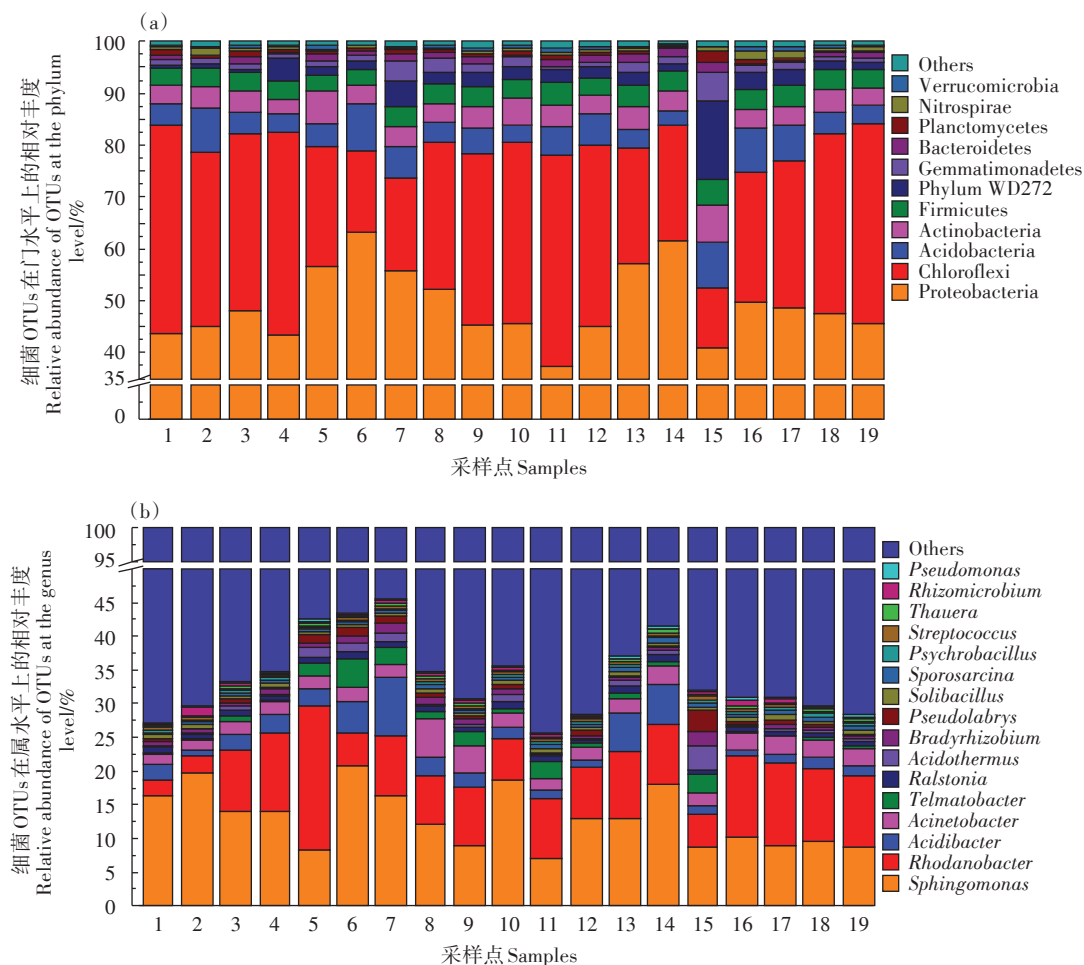


图4 龙脊稻作梯田细菌门(a)和属水平(b)的群落组成

Figure 4 Bacterial community composition at the level of phylum(a) and genus(b) in Longji rice terraces

的主要环境因子为pH、C/N、AN和ALS。

2.4 龙脊稻作梯田土壤细菌功能的预测

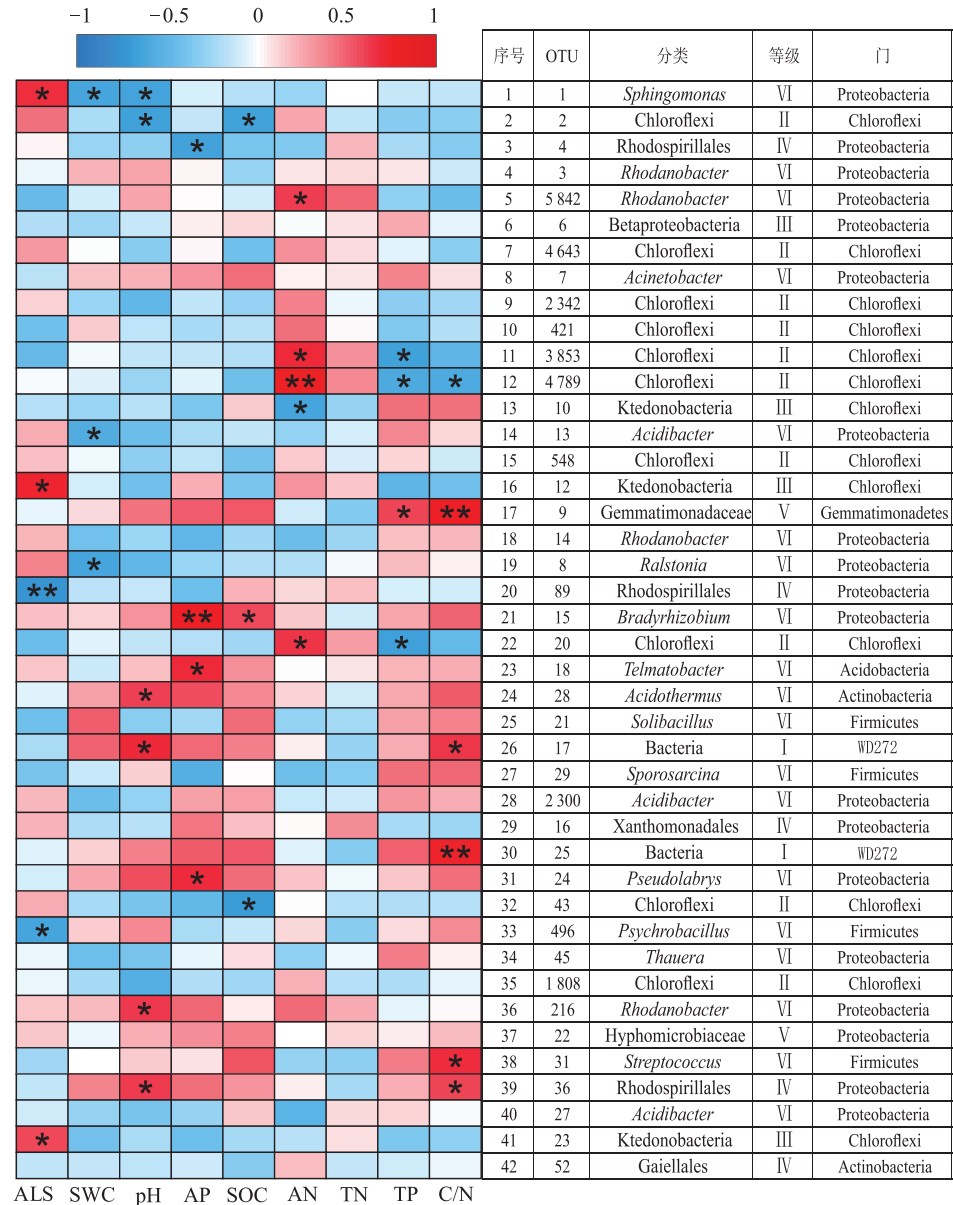
图6是龙脊稻作梯田土壤细菌功能菌与土壤理化因子的相关性热图,共获得51个功能类群,相对丰度占总OTUs相对丰度的70.36%。相关性分析结果显示,C/N与发酵类、碳氢化合物降解类、芳族烃降解类和脂肪族非甲烷烃降解类等4个功能类群丰度呈显著正相关,与好氧氨氧化菌功能类群丰度呈显著负相关;pH与暗氢氧化类和碳氢化合物降解类、捕食者或外来寄生虫类、芳族烃降解类和脂肪族非甲烷烃降解类等5个功能类群的丰度呈显著正相关;ALS与3类硫呼吸类功能细菌呈显著正相关,与胞内寄生类细菌呈显著负相关;AN与反硝化作用类、一氧化二氮反硝化作用类、硝酸盐反硝化类和亚硝酸盐反硝化类等4个功能类群丰度呈显著负相关($P<0.05$)。另外,TN与2个功能类细菌呈显著正相关,含水率、AP和TP分别与1个功能类细菌呈显著正相关。以上结果表明,

影响龙脊稻作梯田土壤细菌群落功能类群的主要环境因子为pH、C/N、ALS和AN。

3 讨论

3.1 龙脊稻作梯田细菌群落结构与土壤因子的关系

土壤微生物的群落组成及多样性是反映土壤微生物群落生态功能的重要指标^[16-18]。在本研究中,Simpson指数与ALS和pH分别呈显著负相关和显著正相关,说明海拔的降低和pH的提高均会增强土壤微生物的物种多样性和均匀度,从而增加土壤生态系统的稳定性。土壤微生物和土壤环境因子都是维持土壤生态系统稳定的重要组成部分^[19],微生物的丰富度和数量的增大都会使整个土壤生态系统的稳定性得到明显提升,也使其多样性十分明显^[20]。张媚等^[21]研究表明,山核桃园土壤pH值降低,土壤微生物的多样性也随之降低,土壤微生物优势菌群的群落结构改变,山核桃树体抗虫抗病能力减弱。相似的结果也出



I -界; II -门; III -纲; IV -目; V -科; VI -属。*表示 $P<0.05$; **表示 $P<0.01$ 。下同
I -Kingdom; II -Phylum; III -Class; IV -Order; V -Family; VI -Genus
* indicates $P<0.05$; ** indicates $P<0.01$. The same below

图5 龙脊稻作梯田细菌优势OTUs与环境因子的相关性

Figure 5 Correlation between bacterial OTUs for advantage and environmental factors of Longji rice terraces

现在茶园中,当茶园土壤pH低于6.0时,微生物的生长活性随之减弱^[22];反之,施用石灰将土壤pH从4.1提高至6.88,土壤中细菌和放线菌数量提高近百倍^[23],从而改善茶树长势。由此说明土壤微生物多样性与土壤生态系统稳定性之间息息相关。土壤pH会直接影响植物生长和生理代谢,从而影响其对土壤养分的吸收利用,在土壤能量流动和物质循环过程中又反过来影响土壤微生物的多样性^[21]。侯建伟等^[24]研

究发现,随着土壤pH的升高,细菌群落Simpson指数也随之增加,说明pH是决定细菌Simpson多样性指数的重要因素^[25]。在本研究中,受地质背景影响,龙脊稻作梯田土壤pH值呈酸性,梯田开垦时间早,耕作时间长,土壤受人干扰强烈^[8],不同样地之间肥料施用的种类、用量和时间差异较大,影响了细菌群落多样性。从这个意义上说,提高土壤pH可以提高土壤微生物多样性和均匀度,从而增强龙脊稻作梯田土

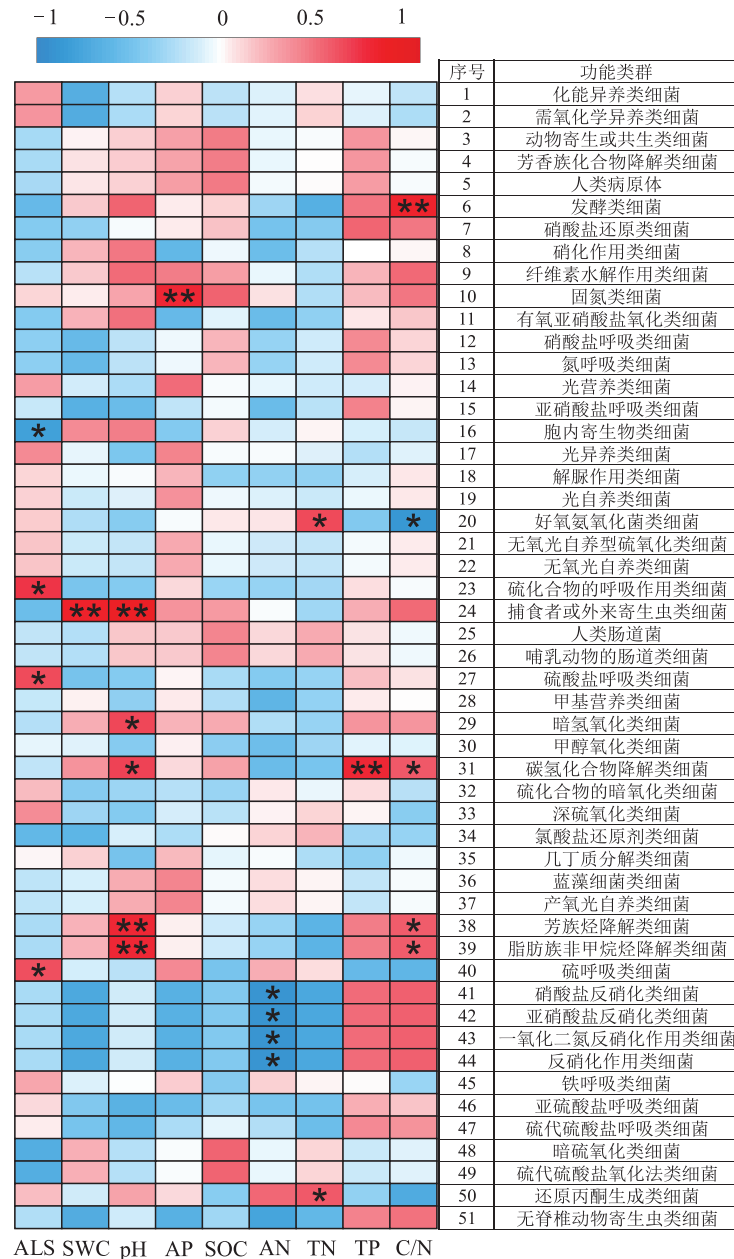


图6 龙脊稻作梯田土壤理化因子与细菌功能类群相关热图

Figure 6 Heatmap of soil physicochemical factors with bacterial functional group in Longji rice terraces

壤生态系统的稳定性。有研究表明,麦作耕地环境pH值从4.0升至8.3时,相应的细菌拷贝数也随之增加了约3倍,且细菌群落多样性也增加了1倍^[26-27]。茶园常用石灰调节酸性土壤pH,pH每升高1~2个单位,土壤细菌数量会增加10倍以上^[28]。细菌群落生长和pH值正相关,并且这种现象不会因土壤类型不同而变化^[29]。

在门水平上,变形菌门为最优势菌门。在三江平原湿地^[30]、松花江下游沿江湿地^[31]、秦岭中段北坡^[32]和青藏高原^[33]不同生境的土壤中,变形菌门也是细菌群

落的优势菌门,表明该门的细菌有较宽的生态位,对土壤环境有高度适应性。理鹏等^[34]研究表明,变形菌门细菌的代谢与碳氮循环密切相关,高丰度的变形菌门有利于土壤肥力的保持。在本研究中, β -变形菌、 δ -变形菌和 α -变形菌均属于变形菌门中的优势纲, β -变形菌可降解烃类芳香族类化合物,参与氮循环。 δ -变形菌在化能自养的代谢过程中通过还原硫酸盐升高生境的pH^[35]。 α -变形菌包含与植物进行共生作用的细菌(如根瘤菌属)^[36],表明这个门的细菌群落在水稻吸收利用土壤养分的过程中发挥着重要的作用。

图5相关性分析表明,土壤微生物群落组成和丰度受pH、ALS、AN和C/N这些驱动因子的敏感调节。有研究显示,土壤pH是影响土壤新陈代谢和细菌群落结构和多样性的重要因子^[37-39],能显著影响稻田中细菌的多样性和细菌类群的分布^[40]。本研究中,pH与细菌Simpson指数、门和属水平上的绿弯菌门、*Rhizomicrobium*属和假双头斧形菌属的丰度以及OTU36(变形菌门)、OTU28(放线菌门)等4个OTUs的丰度呈显著正相关($P<0.05$),表明pH显著影响了龙脊稻作梯田土壤细菌群落组成和丰度。龙脊梯田地处温暖湿润的亚热带地区,水分长期在岩石裂隙中移动,对碱土金属有较强的淋滤作用,促使土壤酸化,使pH降低;同时,淋滤作用促进土壤黏化,改变土壤物理性质,使土壤蓄水保水能力增强,经过长期耕作,形成水稻土^[41],为这些细菌创造了适宜生存的稳定条件。另外,海拔高度变化对优势物种具有一定的影响^[42],本研究中,ALS与优势属鞘氨醇单胞菌属、优势OTUs中OTU1(鞘氨醇单胞菌属)等3个OTUs的丰度呈显著正相关,说明海拔高度变化影响了龙脊稻作梯田的土壤细菌群落结构;AN与OTU20(绿弯菌门)等4个优势OTUs的丰度呈显著正相关。在本研究中,绿弯菌门为次优势菌门,这个门的细菌在广西的石灰土^[46]和太湖地区的黄泥土^[43]中均为优势菌门,是进行光合作用的自养微生物,具有固碳作用,因此可使土壤氮转化消耗减少,促进碱解氮含量提升^[44]。土壤C/N是土壤质量的重要反映,在本研究中,C/N与芽单胞菌门、厚壁菌门、浮霉菌门、链球菌属的细菌和OTU25等5个OTUs的丰度呈极显著正相关。研究表明,芽单胞菌主要进行碳氮的固定^[45],能够将各种糖分子转化为碳水化合物^[46],维持土壤中碳含量水平的稳定,同时土壤养分中的碳氮含量也显著影响芽单胞菌的丰度。表明稻作梯田较高的土壤有机碳水平和碳氮养分的相对平衡,为土壤细菌提供了充足的碳氮养分供应,促进微生物的生长,提高土壤微生物多样性^[47-48]。

3.2 龙脊稻作梯田细菌功能类群与土壤因子的关系

土壤细菌是土壤微生物中群落关系与功能最复杂多样的生物,土壤环境微小变化可使土壤细菌群落结构和功能发生显著变化,同时这种变化能够反作用于环境^[37]。反硝化过程会将 NO_3^- 还原成 N_2 ,不仅会造成氮损失,还会产生具有温室效应的中间产物 N_2O ^[49]。在本研究中,AN与反硝化功能类群的丰度呈显著负相关,C/N与反硝化功能类群的丰度呈正相

关,说明提高氮素的可利用性可以降低由反硝化造成的氮损失^[50],可能是由于细菌将获得的氮素快速合成为新陈代谢所需要的酶,提高自身的生存竞争力。属水平和优势OTUs中的罗思河小杆菌和慢生根瘤菌都可参与反硝化过程,前者能在低pH时进行反硝化作用,后者在稻田中对 N_2O 释放有贡献^[51],因此可通过适当提高土壤pH来抑制反硝化功能类群的丰度,减少温室气体的产生。另外,ALS与硫呼吸类细菌、硫酸盐呼吸类细菌和硫化物呼吸类细菌功能类群丰度呈显著正相关,这三类功能菌在OTUs水平上包括了属于硫酸盐还原菌类的脱硫弧菌属、脱硫杆菌属、互营杆菌属和硫还原菌属等。由于微生物在驱动硫化化合物的氧化还原过程中也与其他元素(碳、氮和磷等)循环耦合^[52],因此海拔可能和土壤碳氮磷等养分共同影响土壤细菌硫循环功能类群的丰度。

烃类物质在土壤中的积累,会改变土壤有机质的组成和结构^[53],而农药污染是烃类物质进入土壤的重要来源^[54]。在本研究中,环境因子C/N和pH均与烃类降解类功能菌显著正相关,表明土壤中C/N和pH升高能够提高烃类降解功能菌的丰度。微生物降解烃类物质效率高、对环境友好,是修复烃类污染的最佳选择^[53]。本研究中,烃类降解功能类群中的优势属鞘氨醇单胞菌属,对芳香族化合物具有极强的降解能力^[55-56]。罗思河小杆菌属对难降解的氯化芳族化合物(如林丹)和各种芳族化合物也具有潜在降解能力^[57-58]。假单胞菌属对农药、石油烃类都具有良好的降解效果^[53]。因此提高土壤有机碳的含量,可以提高C/N,为细菌提供更多的可利用碳源,提高烃类降解功能类群丰度,从而降低农药的残留。龙脊梯田土壤pH偏酸性,较低的pH不利于烃类降解功能菌类群丰度的提高,因此,通过改良土壤等方法提高土壤pH可以提高烃类降解功能菌类群的丰度和多样性,加快农药降解速率。

4 结论

(1)龙脊稻作梯田土壤细菌群落的优势门为变形菌门和绿弯菌门,优势属为鞘氨醇单胞菌属和罗思河小杆菌属,土壤pH、碳氮比、海拔和碱解氮是显著影响土壤细菌群落结构的环境因子。

(2)龙脊稻作梯田土壤细菌的功能类群有51个,受环境因子影响的主要功能类群为反硝化类、硫呼吸类和烃降解类功能类群,主要的环境因子为pH、碳氮比、海拔和碱解氮。

参考文献:

- [1] 文波龙, 任国, 张乃明. 云南元阳哈尼梯田土壤养分垂直变异特征研究[J]. 云南农业大学学报, 2009, 24(1): 78-81, 93. WEN Bo-long, REN Guo, ZHANG Nai-ming. Soil nutrient vertical variance of Hani terraced field in Yuanyang County of Yunnan Province[J]. *Journal of Yunnan Agricultural University*, 2009, 24(1): 78-81, 93.
- [2] 尉迟文思, 姚云峰, 李晓燕, 等. 我国梯田的类型及研究现状[J]. 北方农业学报, 2017, 45(1): 84-87. YUCHI Wen-si, YAO Yun-feng, LI Xiao-yan, et al. Research situation of Chinese terrace types[J]. *Journal of Northern Agriculture*, 2017, 45(1): 84-87.
- [3] 周焱, 徐宪根, 阮宏华, 等. 武夷山不同海拔高度土壤有机碳矿化速率的比较[J]. 生态学杂志, 2008, 27(11): 1901-1907. ZHOU Yan, XU Xian-gen, RUAN Hong-hua, et al. Mineralization rates of soil organic carbon along an elevation gradient in Wuyi Mountain of south-east China[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2008, 27(11): 1901-1907.
- [4] 唐国勇, 黄道友, 黄敏, 等. 红壤丘陵景观表层土壤有机碳空间变异特点及其影响因子[J]. 土壤学报, 2010, 47(4): 753-759. TANG Guo-yong, HUANG Dao-you, HUANG Min, et al. Spatial variations of organic carbon in surface soils in a hilly landscape of the red-earth region and their affecting factors[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2010, 47(4): 753-759.
- [5] 李益新, 张明杰, 刘广才, 等. 拜泉县梯田增产措施试验研究[J]. 东北水利水电, 2001, 19(3): 32-33. LI Yi-xin, ZHANG Ming-jie, LIU Guang-cai, et al. Experimental study on terraced field yield increasing measures in Baiquan County[J]. *Water Resources & Hydropower of Northeast China*, 2001, 19(3): 32-33.
- [6] 樊荣荣, 王玉洁, 吕昭君, 等. 元溪联合梯田稻作系统的田间综合管理技术与系统稳定性[J]. 亚热带农业研究, 2019, 15(4): 240-245. FAN Rong-rong, WANG Yu-jie, LÜ Zhao-jun, et al. Integrated field management technology and system stability of rice cropping system in Youxi Lianhe terrace[J]. *Subtropical Agriculture Research*, 2019, 15(4): 240-245.
- [7] 潘孝晨, 唐海明, 肖小平, 等. 不同土壤耕作方式下稻田土壤微生物多样性研究进展[J]. 中国农学通报, 2019, 35(23): 51-57. PAN Xiao-chen, TANG Hai-ming, XIAO Xiao-ping, et al. Paddy soil microbial diversity under tillage practices: Research progress[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2019, 35(23): 51-57.
- [8] 梁勇, 冯书华, 李博, 等. 元阳梯田核心区稻田土壤养分含量与微生物数量的时空变异特征[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2019, 34(3): 532-537. LIANG Yong, FENG Shu-hua, LI Bo, et al. Temporal and spatial variation characteristics of soil nutrient content and microorganism quantities of rice paddy in core zone of Yuanyang terrace[J]. *Journal of Yunnan Agricultural University (Natural Science)*, 2019, 34(3): 532-537.
- [9] 王灿, 李虹茹, 湛方栋, 等. UV-B辐射对元阳梯田稻田土壤活性有机碳含量与温室气体排放的影响[J]. 农业环境科学学报, 2018, 37(2): 383-391. WANG Can, LI Hong-ru, ZHAN Fang-dong, et al. Effects of enhanced UV-B radiation on the content of soil active organic carbon and greenhouse gas emission from a rice paddy in Yuanyang terraces[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2018, 37(2): 383-391.
- [10] Feng Y Z, Jan D, Guo Z Y, et al. Chronosequencing methanogenic archaea in ancient Longji rice terraces in China[J]. *Science Bulletin*, 2017, 62(12): 879-887.
- [11] 刘卉芳, 张学俭, 王昭艳, 等. 南方亚高山古梯田的水土保持机理及其保护措施研究[J]. 泥沙研究, 2017, 42(6): 35-39. LIU Hui-fang, ZHANG Xue-jian, WANG Zhao-yan, et al. Study on soil and water conservation mechanism and protection of ancient terraces of southern subalpine[J]. *Journal of Sediment Research*, 2017, 42(6): 35-39.
- [12] 邵晖, 黄晶, 左腾云. 桂林龙胜龙脊梯田整治水资源平衡分析[J]. 中国农学通报, 2011, 27(14): 227-232. SHAO Hui, HUANG Jing, ZUO Teng-yun. Analysis of balanced water supply and demand in the Longji terraced field regulation of Longsheng County, Guilin[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2011, 27(14): 227-232.
- [13] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 1999. LU Ru-kun. Soil argo-chemistry analysis science and methods[M]. Beijing: China Agricultural Technology Press, 1999.
- [14] 朱德峰, 林贤青, 曹卫星. 超高产水稻品种的根系分布特点[J]. 南京农业大学学报, 2000, 23(4): 5-8. ZHU De-feng, LIN Xian-qing, CAO Wei-xing. Characteristics of root distribution of super high yielding rice varieties[J]. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 2000, 23(4): 5-8.
- [15] 孙万龙, 陈苏铭, 刘雪华, 等. 不同土壤采样设计下土壤表层微生物 α 多样性的差异分析[J]. 微生物学通报, 2020, 47(6): 1699-1708. SUN Wan-long, CHEN Su-ming, LIU Xue-hua, et al. Effect of soil sampling designs on soil microbial alpha diversity[J]. *Microbiology China*, 2020, 47(6): 1699-1708.
- [16] 贾远航, 靳振江, 袁武, 等. 会仙岩溶湿地、稻田与旱地土壤细菌群落结构特征比较[J]. 环境科学, 2019, 40(7): 3313-3323. JIA Yuan-hang, JIN Zhen-jiang, YUAN Wu, et al. Comparison of soil bacterial community structure between paddy fields and dry land in the Huixian Karst wetland, China[J]. *Environmental Science*, 2019, 40(7): 3313-3323.
- [17] Monard C, Vandenkoornhuysen P, Le Bot B, et al. Relationship between bacterial diversity and function under biotic control: The soil pesticide degraders as a case study[J]. *The ISME Journal*, 2011, 5: 1048-1056.
- [18] 高东, 何霞红. 生物多样性与生态系统稳定性研究进展[J]. 生态学杂志, 2010, 29(12): 2507-2513. GAO Dong, HE Xia-hong. Research advances on biodiversity and ecosystem stability[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2010, 29(12): 2507-2513.
- [19] 李小方, 邓欢, 黄益宗, 等. 土壤生态系统稳定性研究进展[J]. 生态学报, 2009, 29(12): 6712-6722. LI Xiao-fang, DENG Huan, HUANG Yi-zong, et al. Resistance and resilience of soil ecosystem: A review[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2009, 29(12): 6712-6722.
- [20] 唐萱恩. 土壤生态系统的稳定性[J]. 生物化工, 2017, 3(5): 88-89. TANG Xuan-en. Stability of soil ecosystem[J]. *Biological Chemical Engineering*, 2017, 3(5): 88-89.
- [21] 张媚, 林马水, 曹秀秀, 等. 不同经营模式山核桃林地土壤pH值、养分与细菌多样性的差异[J]. 生物多样性, 2018, 26(6): 611-619. ZHANG Mei, LIN Ma-shui, CAO Xiu-xiu, et al. Difference in pH value

- and nutrient and bacterial diversity in the *Carya cathayensis* forest soil under different management models[J]. *Biodiversity Science*, 2018, 26(6):611-619.
- [22] 韩文炎,王皖蒙,郭赟,等.茶园土壤细菌丰度及其影响因子研究[J].茶叶科学,2013,33(2):147-154. HAN Wen-yan, WANG Wan-meng, GUO Yun, et al. Bacterial abundance of tea garden soils and its influencing factors[J]. *Journal of Tea Science*, 2013, 33(2):147-154.
- [23] 王世强,胡长玉,程东华,等.调节茶园土壤pH对其土著微生物区系及生理群的影响[J].土壤,2011,43(1):76-80. WANG Shi-qiang, HU Chang-yu, CHENG Dong-hua, et al. Effects of adjusting pH of tea plantation soil on indigenous microbial fauna and physiological group[J]. *Soils*, 2011, 43(1):76-80.
- [24] 侯建伟,邢存芳,邓晓梅,等. pH对花椒根区土壤细菌群落结构的影响[J].西北农林科技大学学报(自然科学版),2020,48(5):115-122. HOU Jian-wei, XING Cun-fang, DENG Xiao-mei, et al. Effect of pH on soil bacterial community structure in root zone of prickly ash[J]. *Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition)*, 2020, 48(5):115-112.
- [25] Shen C C, Xiong J B, Zhang H Y, et al. Soil pH drives the spatial distribution of bacterial communities along elevation on Changbai Mountain[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 57:204-211.
- [26] Rousk J, Bååth E, Brookes P C, et al. Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil[J]. *The ISME Journal*, 2010, 4(10):1340-1351.
- [27] 吴超,曲东,刘浩.初始pH值对碱性和酸性水稻土微生物铁还原过程的影响[J].生态学报,2014,34(4):933-942. WU Chao, QU Dong, LIU Hao. Effect of initial pH value on microbial Fe(III) reduction in alkaline and acidic paddy soils[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2014, 34(4):933-942.
- [28] 刘炳君,杨扬,李强,等.调查茶园土壤pH对土壤养分、酶活性及微生物数量的影响[J].安徽农业科学,2011,39(32):19822-19824. LIU Bing-jun, YANG Yang, LI Qiang, et al. Effects of adjusting pH of tea plantation soil on its soil nutrients, enzyme activity and microorganisms[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2011, 39(32):19822-19824.
- [29] Lauber C L, Hamady M, Knight R, et al. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(15):5111-5120.
- [30] 王娜,高婕,魏静,等.三江平原湿地开垦对土壤微生物群落结构的影响[J].环境科学,2019,40(5):2375-2381. WANG Na, GAO Jie, WEI Jing, et al. Effects of wetland reclamation on soil microbial community structure in the Sanjiang Plain[J]. *Environmental Science*, 2019, 40(5):2375-2381.
- [31] 张拓,徐飞,怀宝东,等.松花江下游沿江湿地土地利用变化对土壤细菌群落多样性的影响[J].环境科学,2020,41(9):4273-4283. ZHANG Tuo, XU Fei, HUAI Bao-dong, et al. Effects of land use changes on soil bacterial community diversity in the riparian wetland along the downstream of Songhua River[J]. *Environmental Science*, 2020, 41(9):4273-4283.
- [32] 贺婧,闫冰,李俊生,等.秦岭中段北坡不同海拔土壤中细菌群落的分布特征及区域差异比较[J].环境科学研究,2019,32(8):1374-1383. HE Jing, YAN Bing, LI Jun-sheng, et al. Altitude distribution patterns and regional differences of soil bacterial community in northern slopes in the middle Qinling Mountains[J]. *Research of Environmental Sciences*, 2019, 32(8):1374-1383.
- [33] 程亮,王信,郭青云.青藏高原不同生境土壤细菌群落结构特征及其与环境的关系[J].干旱地区农业研究,2019,37(1):18-26. CHENG Liang, WANG Xin, GUO Qing-yun. Relationship of soil bacterial community composition from different ecosystems on Qinghai-Tibet Plateau with environment factors[J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2019, 37(1):18-26.
- [34] 理鹏,吴建强,沙晨燕,等.粪肥和有机肥施用对稻田土壤微生物群落多样性影响[J].环境科学,2020,41(9):4262-4272. LI Peng, WU Jian-qiang, SHA Chen-yan, et al. Effects of manure and organic fertilizer application on soil microbial community diversity in paddy fields[J]. *Environmental Science*, 2020, 41(9):4262-4272.
- [35] 程丽芬,樊兰英,张欣,等.山西左云县采煤区人工湿地冬季沉积物细菌群落多样性[J].微生物学通报,2019,46(12):3181-3192. CHENG Li-fen, FAN Lan-ying, ZHANG Xin, et al. Diversity of microbial community in winter at constructed wetlands sediment around coal mining area at Zuoyun, Shanxi Province[J]. *Microbiology China*, 2019, 46(12):3181-3192.
- [36] 聂江文,王幼娟,吴邦魁,等.施氮对冬种紫云英不还田条件下稻田土壤微生物数量与结构的影响[J].生态学杂志,2018,37(12):3617-3624. NIE Jiang-wen, WANG You-juan, WU Bang-kui, et al. Effects of nitrogen application on the abundance and community of soil microbes in paddy field under the condition of no returning Chinese milk vetch[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2018, 37(12):3617-3624.
- [37] Cheng J M, Zhao M X, Cong J, et al. Soil pH exerts stronger impacts than vegetation type and plant diversity on soil bacterial community composition in subtropical broad-leaved forests[J]. *Plant and Soil*, 2020, 450:273-286.
- [38] Siles J A, Margesin R. Abundance and diversity of bacterial, archaeal, and fungal communities along an altitudinal gradient in alpine forest soils: What are the driving factors? [J]. *Microbial Ecology*, 2016, 72(1):207-220.
- [39] 姚兰,胡立煌,张焕朝,等.黄山土壤细菌群落和酶活性海拔分布特征[J].环境科学,2019,40(2):859-868. YAO Lan, HU Li-huang, ZHANG Huan-chao, et al. Elevational distribution characteristics of soil bacterial community and enzyme activities in mount Huangshan[J]. *Environmental Science*, 2019, 40(2):859-868.
- [40] 王晓洁,卑其成,刘钢,等.不同类型水稻土微生物群落结构特征及其影响因素[J].土壤学报,2021,58(3):767-776. WANG Xiao-jie, BEI Qi-cheng, LIU Gang, et al. Microbial abundance and community composition in different types of paddy soils in China and their affecting factors[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2021, 58(3):767-776.
- [41] 卢勇,余加红,唐晓云.神奇的龙脊梯田[J].国土资源科普与文化,2018(1):10-18. LU Yong, YU Jia-hong, TANG Xiao-yun. Magic Longji rice terraces[J]. *Culture and Science Popularization of Land*

- and Resources, 2018(1):10-18.
- [42] 刘怡萱, 曹鹏熙, 马红梅, 等. 青藏高原土壤微生物多样性及其影响因素研究进展[J]. 环境生态学, 2019, 1(6):1-7. LIU Yi-xuan, CAO Peng-xi, MA Hong-mei, et al. Research progress on soil microbial diversity and its influencing factors in Qinghai-Tibet Plateau[J]. *Environmental Ecology*, 2019, 1(6):1-7.
- [43] 王宁, 罗佳琳, 赵亚慧, 等. 不同麦秸还田模式对稻田土壤微生物活性和微生物群落组成的影响[J]. 农业环境科学学报, 2020, 39(1):125-133. WANG Ning, LUO Jia-lin, ZHAO Ya-hui, et al. Effects of different models of wheat straw return on paddy soil microbial activities and community compositions[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2020, 39(1):125-133.
- [44] 赵文慧, 马垒, 徐基胜, 等. 秸秆与木本泥炭短期施用对潮土有机质及微生物群落组成和功能的影响[J]. 土壤学报, 2020, 57(1):153-164. ZHAO Wen-hui, MA Lei, XU Ji-sheng, et al. Effect of application of straw and wood peat for a short period on soil organic matter and microbial community in composition and function in fluvo-aquic soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2020, 57(1):153-164.
- [45] 邓娇娇, 周永斌, 殷有, 等. 辽东山区典型人工针叶林土壤细菌群落多样性特征[J]. 生态学报, 2019, 39(3):997-1008. DENG Jiao-jiao, ZHOU Yong-bin, YIN You, et al. Soil bacterial community structure characteristics in coniferous forests of montane regions of eastern Liaoning Province, China[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, 39(3):997-1008.
- [46] 徐佳迎, 周金蓉, 吴杰, 等. 磺胺二甲嘧啶对稻田土壤微生物的中长期效应[J]. 农业环境科学学报, 2020, 39(8):1757-1766. XU Jia-ying, ZHOU Jin-rong, WU Jie, et al. Medium- and long-term effects of the veterinary antibiotic sulfadiazine on soil microorganisms in a rice field[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2020, 39(8):1757-1766.
- [47] 李占斌, 周波, 马田田, 等. 黄土丘陵区生态治理对土壤碳氮磷及其化学计量特征的影响[J]. 水土保持学报, 2017, 31(6):312-318. LI Zhan-bin, ZHOU Bo, MA Tian-tian, et al. Effects of ecological management on characteristics of soil carbon, nitrogen, phosphorus and their stoichiometry in loess hilly region, China[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2017, 31(6):312-318.
- [48] 李玮, 乔玉强, 陈欢, 等. 砂姜黑土秸秆还田配施氮肥的固碳效应分析[J]. 生态环境学报, 2014, 23(5):756-761. LI Wei, QIAO Yu-qiang, CHEN Huan, et al. Carbon storages lime concretion black soils as affected by straw incorporation and fertilization[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2014, 23(5):756-761.
- [49] Zhu G B, Wang S Y, Wang Y, et al. Anaerobic ammonia oxidation in a fertilized paddy soil[J]. *The ISME Journal*, 2011, 5(12):1905-1912.
- [50] 朱永官, 王晓辉, 杨小茹, 等. 农田土壤 N_2O 产生的关键微生物过程及减排措施[J]. 环境科学, 2014, 35(2):792-800. ZHU Yong-guan, WANG Xiao-hui, YANG Xiao-ru, et al. Key microbial processes in nitrous oxide emissions of agricultural soil and mitigation strategies[J]. *Environmental Science*, 2014, 35(2):792-800.
- [51] 刘时光, 王晓玲, 王元涛, 等. 稻田土壤氧化亚氮产生潜势、反硝化功能基因丰度和群落结构的垂向分布[J]. 环境科学学报, 2020, 40(3):1040-1050. LIU Shi-guang, WANG Xiao-ling, WANG Yuan-tao, et al. The potential of nitrous oxide, denitrification function gene abundance, and vertical distribution of community structure in paddy soil[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2020, 40(3):1040-1050.
- [52] 陈俊松, 杨渐, 蒋宏忱. 湖泊硫循环微生物研究进展[J]. 微生物学报, 2020, 60(6):1177-1191. CHEN Jun-song, YANG Jian, JIANG Hong-chen, et al. Research progress on microbes involved in lacustrine sulfur cycling[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2020, 60(6):1177-1191.
- [53] 蔡曼, 杨蕾蕾, 周宇光. 两株高效烃降解菌的筛选、鉴定及降解特性[J]. 中国农业大学学报, 2016, 21(6):68-74. CAI Man, YANG Lei-lei, ZHOU Yu-guang, et al. Isolation and degradation properties of two hydrocarbon-degrading pseudomonas strains[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2016, 21(6):68-74.
- [54] 杜慧. 农药污染对生态环境的影响及可持续治理对策[J]. 甘肃农业科技, 2010(11):24-28. DU Hui. Effects to eco-environment of pesticide pollution and its sustainable mangement strategies[J]. *Gansu Agricultural Science and Technology*, 2010(11):24-28.
- [55] 苟敏, 曲媛媛, 杨桦, 等. 鞘氨醇单胞菌:降解芳香化合物的新型微生物资源[J]. 应用与环境生物学报, 2008, 14(2):276-282. GOU Min, QU Yuan-yuan, YANG Hua, et al. *Sphingomonas* sp.: A novel microbial resource for biodegradation of aromatic compounds[J]. *Chinese Journal of Applied & Environmental Biology*, 2008, 14(2):276-282.
- [56] 王振兴, 陶敏, 方程, 等. 一株鞘氨醇单胞菌的分离鉴定及性质表征[J]. 大连工业大学学报, 2019, 38(6):403-407. WANG Zhen-xing, TAO Min, FANG Cheng, et al. Isolation, identification and characterization of a *Sphingomonas* sp. strain[J]. *Journal of Dalian Polytechnic University*, 2019, 38(6):403-407.
- [57] Nalin R, Simonet P, Vogel T M, et al. *Rhodanobacter lindaniclasticus* gen. Nov, sp. Nov, a lindane-degrading bacterium[J]. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 1999, 49(1):19-23.
- [58] Kanaly R A, Harayama S, Watanabe K. *Rhodanobacter* sp. strain BPC1 in a benzo[a]pyrene mineralizing bacterial consortium[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2002, 68(12):5826-5833.