



青海不同区域农田作物土壤细菌多样性及群落结构分析

马学兰^{1,2,3}, 周连玉^{1,2,3*}, 孙文娟³, 王龙瑞³, 刘钰³, 马云³

- 1 高原科学与可持续发展研究院, 青海 西宁 810008
- 2 青海省青藏高原药用动植物资源重点实验室, 青海 西宁 810008
- 3 青海师范大学生命科学学院, 青海 西宁 810008

马学兰, 周连玉, 孙文娟, 王龙瑞, 刘钰, 马云. 青海不同区域农田作物土壤细菌多样性及群落结构分析[J]. 微生物学报, 2024, 64(4): 1142-1161.

MA Xuelan, ZHOU Lianyu, SUN Wenjuan, WANG Longrui, LIU Yu, MA Yun. Comparison of soil bacterial diversity and community structure in different regions of Qinghai Province[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2024, 64(4): 1142-1161.

摘要:【目的】探讨青海省农田土壤细菌多样性及群落结构组成。【方法】采用高通量测序技术分析都兰县、互助县、共和县和大通县种植小麦、油菜、青稞土壤细菌群落结构组成及多样性差异,并解析其与土壤理化特性的关系。【结果】4个地区的土壤 pH、水分、有机质、Chao1 指数、Shannon 指数、线性判别分析效应大小(linear discriminant analysis effect size, LEfSe)组间差异这些指标中部分指标存在极显著差异性($P < 0.01$),而3种作物的这些指标无显著差异($P > 0.05$)。主成分分析(principal component analysis, PCA)显示,不同区域细菌群落组成差异性较大,3种作物农田土壤细菌群落、物种组成相似度较高。4个地区共有3127个可操作性分类单元(operational taxonomic units, OTUs),3种作物农田土壤细菌共有 OTUs 为3694个;细菌物种隶属于36门93纲192目276科450属423种;4个地区或3种作物土壤具有相似的优势门、属、种,但相对丰度不同。水分、pH、有机质与Chao1、Shannon存在显著相关性,pH、有机质与未分类种、unclassified RB41、unclassified *Sphingomonas*具有显著正相关或负相关。Chao1、Shannon与unclassified *Sphingomonas*显著负相关,与unclassified RB41、unclassified *Vicinamibacteraceae*显著正相关。【结论】区域差异对土壤的理化性质、细菌群落结构和多样性具有显著影响,相较于作物而言其影响更加明显。

关键词: 农田土壤; 细菌多样性; 群落结构; 理化性质

资助项目: 国家自然科学基金(32260345); 青海省科技计划(2022-ZJ-740)

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (32260345) and the Science and Technology Program of Qinghai Province (2022-ZJ-740).

*Corresponding author. E-mail: 2025060@qhnu.edu.cn

Received: 2023-10-18; Accepted: 2024-01-24; Published online: 2024-02-02

Comparison of soil bacterial diversity and community structure in different regions of Qinghai Province

MA Xuelan^{1,2,3}, ZHOU Lianyu^{1,2,3*}, SUN Wenjuan³, WANG Longrui³, LIU Yu³, MA Yun³

1 Academy of Plateau Science and Sustainability, Xining 810008, Qinghai, China

2 Key Laboratory of Medicinal Plant and Animal Resources of the Qinghai-Xizang Plateau in Qinghai Province, Xining 810008, Qinghai, China

3 School of Life Sciences, Qinghai Normal University, Xining 810008, Qinghai, China

Abstract: [Objective] To investigate the diversity and community structure of soil bacteria in the farmlands in Qinghai Province. **[Methods]** High-throughput sequencing was employed to analyze the bacterial community structure and diversity in the soil samples of farmlands growing wheat, oilseed rape, and highland barley in Dulan, Huzhu, Gonghe, and Datong counties. Furthermore, the relationship between bacterial community structure and soil physicochemical properties was analyzed. **[Results]** The pH, moisture, and organic matter of soil, as well as the Chao1 and Shannon indexes and linear discriminant analysis effect size (LEfSe) of soil bacteria, showed significant differences in some of these indexes ($P < 0.01$) but no significant differences among the three crops ($P > 0.05$). The results of principal component analysis (PCA) showed that the bacterial community structure was different among different regions but highly similar in the farmlands of the three crops. A total of 3 127 operational taxonomic units (OTUs) and 3 694 OTUs were common in the four regions and in the farmlands of the three crops, respectively. The OTUs of soil bacteria were identified as 423 species, 450 genera, 276 families, 192 orders, 93 classes of 36 phyla. The four regions or three crops had similar dominant phyla, genera, and species, while these taxa differed in relative abundance. Soil moisture, pH, and organic matter were significantly correlated with Chao1 and Shannon indexes. Soil pH and organic matter had significantly positive or negative correlations with unclassified species, unclassified RB41, and unclassified *Sphingomonas*. Chao1 and Shannon indexes had significantly negative correlations with unclassified *Sphingomonas* but positive correlations with unclassified RB41 and unclassified *Vicinamibacteraceae*. **[Conclusion]** Regional differences had significant effects on soil physicochemical properties, bacterial community structure and diversity, which were more obvious than those of crop differences.

Keywords: farmland soil; bacterial diversity; community structure; physicochemical properties

在农田生态系统中存在细菌、真菌、古菌等多种微生物，微生物的新陈代谢活动决定着土壤物质和能量交换^[1-2]，是衡量土壤健康、肥力的重要指标之一^[3-4]。土壤细菌对促进植物生长^[5]、提高植物重金属耐受性^[6]与耐旱性^[7]、修复土壤农药污染^[8]以及分解转化土壤有机质^[9]

等具有重要作用。细菌作为土壤微生物中数量最大、种类最多的一类类群，研究其群落结构、功能及与植被的关系有利于土壤生态系统稳定性的维持。对美国厄巴纳、哥伦比亚、奥罗拉、伊萨卡和兰辛 5 个地区农田土壤细菌多样性指数分析发现，哥伦比亚地区操作分类单元

(operational taxonomic units, OTUs)最丰富, 厄巴纳地区土壤与纽约州奥罗拉、伊萨卡和兰辛土壤 α 多样性无显著差异; 但主坐标分析 (principal co-ordinates analysis, PCoA) 发现, 奥罗拉、伊萨卡、兰辛地区土壤在地图上距离较近, 而厄巴纳、哥伦比亚两地区分布较远^[10]。同一地区种植的 3 个玉米品种土壤中细菌群落的 Shannon、Simpson、Richness 和 Chao1 指数无显著差异^[11]。研究者通过高通量测序分析中国 19 个省采集的 21 个玉米田土壤共获得了 5 318 个操作分类单元, 其中变形菌门(43.1%)、放线菌门(24.4%)、酸杆菌门(10.7%)、绿弯菌门(6.0%)和芽单胞菌门(5.5%)为优势菌门; 在纲水平上, 主要为 β -变形菌纲、 α -变形菌纲、 γ -变形菌纲、 δ -变形菌纲和放线菌纲^[12]。3 个玉米品种土壤的优势门有变形菌门和放线菌门, 属水平上的细菌群落组成在玉米品种之间存在差异^[11]。由此可见, 不同区域或作物影响着土壤中细菌群落组成; 此外, 农田管理制度(土地利用扰动、耕作方式、施肥、农药或除草剂应用)、气候、土壤理化性质(pH、质地、水分和温度)和植被等因素会导致微生物群落组成的变化^[13-19]。

土壤细菌种群易受到环境因子的影响。通过皮尔逊相关性分析发现, 不同地域 21 个玉米田硝化螺旋菌属、斯克尔曼氏菌属与土壤 pH 呈正相关, 侏儒囊菌属(*Nannocystis*)与速效氮呈正相关, 发仙菌属(*Pilimelia*)、*Nononomuraea*、*Rubbellimicroium*、中华根瘤菌属与年平均降水量呈负相关, 气氨微菌与年平均气温呈负相关 ($P < 0.05$)^[12]。3 个玉米品种土壤样品相关性分析表明, 4 个细菌群落多样性指标(Shannon、Simpson、Richness、Chao1)与水分、全氮含量呈显著负相关^[11]。由此可见, 这些理化因子或气候指标与细菌群落组成之间存在密切的联系。高寒区不同地域农作物土壤细菌群落结构

研究较少, 而青海地处高原, 气候变化具有明显的高原特色, 在高寒环境下农田土壤中可能蕴含着独特的细菌类群。

青海省位于我国西北部, 青藏高原的东北隅, 地处 31°9′–39°19′N, 89°35′–103°04′E, 南北宽约 800 km, 东西长约 1 200 km, 总面积约 72.23 万 km², 境内地势西高东低, 日照时间长, 空气稀薄, 大部分地区海拔 3 300–5 000 m。共设有 7 个市辖区, 分为 2 个地级市(西宁市、海东市)、6 个自治州(海北藏族自治州、海南藏族自治州、海西蒙古族藏族自治州、黄南藏族自治州、果洛藏族自治州和玉树藏族自治州), 种植的农作物主要有小麦、青稞、油菜。本研究通过从西宁市大通县、海东市互助县、海南藏族自治州共和县和海西蒙古族藏族自治州都兰县 4 地采集种植小麦、青稞、油菜作物的土壤样品, 分析土壤理化性质、细菌群落多样性, 尝试解析青海不同区域以及作物农田土壤微生物群落结构特征, 并揭示其与土壤环境因子的关系, 为高寒地区农田生态系统分子研究以及农田生态稳定功能提供依据。

1 材料与方 法

1.1 研究区概况

土壤样品采集于青海省都兰县(DL)、互助县(HZ)、共和县(GH)及大通县(DT) 4 地种植小麦(*Triticum aestivum* L., Ta)、油菜(*Brassica napus* L., Bn)、青稞(*Hordeum vulgare* L. var. *nudum* Hook. f, Hv)作物的田间土壤, 分别位于青海省海西蒙古族藏族自治州、海东市、海南藏族自治州、西宁市, 耕作制度为一年一熟制, 作物收获后人工翻耕冬灌休闲, 至翌年春季再行播种。采集区县(市)降水量主要集中在每年的 6–8 月。都兰县平均高温为 27 °C, 平均低温 16 °C, 降水量为 179.1 mm; 互助县平均高温为

28 °C, 平均低温为 16 °C, 降水量为 350–650 mm; 共和县平均高温为 23 °C, 平均低温为 10 °C, 降水量为 250–420 mm^[20]; 大通县平均高温为 24 °C, 平均低温为 10 °C, 降水量为 450–800 mm (气温查询于 <https://www.tianqi.com>)。青稞耐寒性强, 生长期短, 高产早熟, 采集过程中发现

青稞作物种植较少, 为了保证土壤性质一致, 减少土壤性质差异性, 选取同一村庄 3 种作物土壤, 因此在都兰县 3 种作物共选取 4 个样点, 互助县选取 5 个样点, 共和县选取 3 个样点, 大通县选取 1 个样点, 共获得 39 个样品土壤。各样地基本信息见表 1。

表 1 各样地基本信息

Table 1 Basic information of various types

Soil	Village	East longitude (E)	North latitude (N)	Altitude (m)	Crop	Plant area (m ²)	Soil types
都兰县 DL							
DLBn1	西滩河上村 Xitanheshang	98°03'40.64"	36°21'18.46"	3 124	Rape	4 920	棕钙土 Brown pedocals ^[21]
DLTa1	西滩河上村 Xitanheshang	98°03'49.15"	36°21'18.27"	3 124	Wheat	4 472	棕钙土 Brown pedocals ^[21]
DLHv1	西滩河上村 Xitanheshang	98°03'40.64"	36°21'18.46"	3 124	Barley	3 904	棕钙土 Brown pedocals ^[21]
DLBn2	上庄村 Shangzhuang	98°05'56.83"	36°16'41.07"	3 221	Rape	3 810	棕钙土 Brown pedocals ^[21]
DLTa2	上庄村 Shangzhuang	98°05'54.27"	36°16'40.03"	3 223	Wheat	2 288	棕钙土 Brown pedocals ^[21]
DLHv2	上庄村 Shangzhuang	98°05'54.27"	36°16'40.03"	3 223	Barley	4 497	棕钙土 Brown pedocals ^[21]
DLBn3	上西台村 Shangxitai	98°06'33.27"	36°14'12.07"	3 262	Rape	4 719	棕钙土 Brown pedocals ^[21]
DLTa3	上西台村 Shangxitai	98°06'34.39"	36°14'11.29"	3 261	Wheat	7 617	棕钙土 Brown pedocals ^[21]
DLHv3	上西台村 Shangxitai	98°06'35.96"	36°14'11.33"	3 260	Barley	3 363	棕钙土 Brown pedocals ^[21]
DLBn4	中庄村 Zhongzhuang	98°05'35.96"	36°02'18.36"	3 100	Rape	2 510	棕钙土 Brown pedocals ^[21]
DLTa4	中庄村 Zhongzhuang	98°05'18.28"	36°02'20.72"	3 097	Wheat	3 196	棕钙土 Brown pedocals ^[21]
DLHv4	中庄村 Zhongzhuang	98°05'15.14"	36°02'18.36"	3 100	Barley	2 136	棕钙土 Brown pedocals ^[21]
互助县 HZ							
HZBn1	西山根村 Xishangen	101°55'06.31"	37°00'31.38"	2 891	Rape	532	暗栗钙土 Dark castanozems ^[22]
HZTa1	西山根村 Xishangen	101°55'08.79"	37°00'29.21"	2 890	Wheat	973	暗栗钙土 Dark castanozems ^[22]
HZHv1	西山根村 Xishangen	101°55'05.94"	37°00'30.98"	2 888	Barley	818	暗栗钙土 Dark castanozems ^[22]
HZBn2	峡口村 Xiakou	101°56'59.42"	37°01'45.13"	3 010	Rape	1 935	暗栗钙土 Dark castanozems ^[22]

(待续)

(续表 1)

Soil	Village	East longitude (E)	North latitude (N)	Altitude (m)	Crop	Plant area (m ²)	Soil types
HZTa2	峡口村 Xiakou	101°57'33.06"	37°02'21.37"	3 054	Wheat	812	暗栗钙土 Dark castanozems ^[22]
HZHv2	峡口村 Xiakou	101°57'33.06"	37°02'21.34"	3 055	Barley	693	暗栗钙土 Dark castanozems ^[22]
HZBn3	东沟村 Donggou	101°55'24.11"	37°01'43.38"	2 997	Rape	3 851	暗栗钙土 Dark castanozems ^[22]
HZTa3	东沟村 Donggou	101°55'15.24"	37°01'49.82"	2 988	Wheat	2 175	暗栗钙土 Dark castanozems ^[22]
HZHv3	东沟村 Donggou	101°55'23.83"	37°01'43.15"	2 996	Barley	1 615	暗栗钙土 Dark castanozems ^[22]
HZBn4	张家庄 Zhangjiazhuang	101°53'11.21"	37°01'06.21"	2 864	Rape	709	暗栗钙土 Dark castanozems ^[22]
HZTa4	张家庄 Zhangjiazhuang	101°53'11.71"	37°01'06.45"	2 866	Wheat	1 212	暗栗钙土 Dark castanozems ^[22]
HZHv4	张家庄 Zhangjiazhuang	101°53'11.17"	37°01'06.21"	2 865	Barley	1 294	暗栗钙土 Dark castanozems ^[22]
HZBn5	大桦林 Dahualin	102°06'13.55"	36°58'10.86"	3 016	Rape	650	暗栗钙土 Dark castanozems ^[22]
HZTa5	大桦林 Dahualin	102°06'06.15"	36°57'51.95"	3 018	Wheat	1 079	暗栗钙土 Dark castanozems ^[22]
HZHv5	大桦林 Dahualin	102°06'08.23"	36°57'51.71"	3 017	Barley	618	暗栗钙土 Dark castanozems ^[22]
共和县 GH							
GHBn1	乙浪堂村 Yilangtang	100°41'20.87"	36°20'44.34"	3 057	Rape	695	棕钙土 Brown pedocals ^[23]
GHTa1	乙浪堂村 Yilangtang	100°41'20.87"	36°20'44.34"	3 057	Wheat	600	棕钙土 Brown pedocals ^[23]
GHHv1	乙浪堂村 Yilangtang	100°41'20.87"	36°20'44.34"	3 057	Barley	143	棕钙土 Brown pedocals ^[23]
GHBn2	沟后村 Gouhou	100°35'02.17"	36°23'21.32"	3 205	Rape	1 348	棕钙土 Brown pedocals ^[23]
GHTa2	沟后村 Gouhou	100°35'02.22"	36°23'21.33"	3 206	Wheat	466	棕钙土 Brown pedocals ^[23]
GHHv2	沟后村 Gouhou	100°35'02.21"	36°23'16.54"	3 200	Barley	841	棕钙土 Brown pedocals ^[23]
GHBn3	塔拉村 Tala	99°57'52.20"	36°11'23.13"	3 058	Rape	4 010	棕钙土 Brown pedocals ^[23]
GHTa3	塔拉村 Tala	99°58'48.16"	36°11'58.66"	3 043	Wheat	14 342	棕钙土 Brown pedocals ^[23]
GHHv3	塔拉村 Tala	99°57'52.11"	36°11'23.21"	3 061	Barley	4 085	棕钙土 Brown pedocals ^[23]
大通县 DT							
DTBn1	格达村 Geda	101°39'22.24"	37°03'08.69"	2 695	Rape	797	栗钙土 Castanozems ^[22]
DTTa1	格达村 Geda	101°39'22.20"	37°03'08.68"	2 694	Wheat	673	栗钙土 Castanozems ^[22]
DTHv1	格达村 Geda	101°39'27.12"	37°03'11.36"	2 709	Barley	86	栗钙土 Castanozems ^[22]

1.2 土样采集

土样采集于 2022 年 7 月中旬, 用不锈钢土钻采样器以“S”型采取 5 个点, 采取 5–20 cm 非根际土壤, 后将 5 点土样充分混匀。将土样分为 2 份, 一份放于无菌管中, 带回实验室后保存于 $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 的冰箱中, 用于做 Illumina 高通量测序; 另一份放于密封袋内, 用于土壤理化性质的测定。

1.3 土壤理化性质分析

土壤 pH、水分、有机质测定分别采用酸度计电位法、烘干称重法、重铬酸钾氧化-外加加热法^[24-25]。

1.4 总 DNA 提取、PCR 扩增

土壤总 DNA 使用 HiPure Soil DNA Kit (Azenta 公司)按照说明手册的操作步骤进行提取。使用苏州金唯智生物科技有限公司设计的 PCR 引物(5'-CCTACGRRBGCASCAGKVRVGAAT-3', 5'-GGACTACNVGGGTWTCTAATCC-3')^[26] 扩增原核生物 16S rRNA 基因 V3、V4 的 2 个高度可变区。PCR 扩增体系: TransStart Buffer 2.5 μL , dNTPs 2 μL , 2 \times Primers 各 1 μL , TransStart Taq DNA Polymerase (2.5 U/ μL) 0.5 μL , DNA 模板 20 ng, ddH₂O 补足至 25 μL 。PCR 反应条件: 94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 5 s, 57 $^{\circ}\text{C}$ 退火 90 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 s, 进行 24 个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min。

1.5 文库构建、高通量测序

使用 Qubit® dsDNA HS Assay Kit (苏州金唯智生物科技有限公司)检测 DNA 浓度。检测合格后按 Illumina MiSeq/NovaSeq (Illumina)仪器使用说明书进行 PE250/FE300 双端测序。总 DNA 提取、PCR 扩增及文库构建、高通量测序由安升达公司完成。

1.6 生物信息学分析

测序平台下机的数据, 经过质量过滤, 去除嵌合体序列, 得到最终 OTU, 得到的 OTU 利

用 QIIME 软件对样品的有效序列进行 OTUs 聚类(相似度 97%以上), 使用 RDP classifier 贝叶斯算法对 97%相似水平的 OTU 代表序列进行分类学分析, 比对数据库为 Silva 138 16S rRNA database, 获得门、属、种各水平下的分类单元, 用 QIIME (1.9.1)计算 α 、 β 多样性指数, 使用线性判别分析效应大小(linear discriminant analysis effect size, LEfSe)软件分析比较各组之间在菌种组成上有显著差异的物种。

1.7 数据处理

土壤理化性质数据采用 SPSS 26 进行皮尔逊相关性、单因素方差分析($P<0.05$), Origin 2021 进行绘图。

2 结果与分析

2.1 不同地区、作物农田土壤 pH、水分、有机质的变化

由图 1A、1C 发现, 农田土壤 pH、水分在部分地区间具有极显著差异($P<0.01$), 共和土壤 pH 显著高于都兰、互助、大通地区 3.26%–6.22%; 互助土壤水分比都兰、共和土壤分别高 50.00%、63.64%, 达到显著性差异。小麦、油菜、青稞土壤 pH、水分均无显著差异性($P>0.05$) (图 1B、1D); 小麦、油菜、青稞土壤中 pH 值范围分别为 7.87–8.78、7.56–8.71、8.61–8.95, 土壤水分变化依次为 6.84%–23.32%、4.67%–22.32%、3.80%–20.60%。

不同地区、作物农田土壤有机质的变化情况如图 2A、2B 所示, 互助县土壤有机质显著高于其他地区($P<0.01$), 分别比都兰、共和、大通土壤有机质高 129.06%、86.61%、40.79% (图 2A); 小麦、油菜、青稞土壤中有机质含量分别为 8.10–37.56、2.17–44.93、10.62–44.22 g/kg, 这 3 种作物之间有机质含量差异不显著($P>0.05$) (图 2B)。

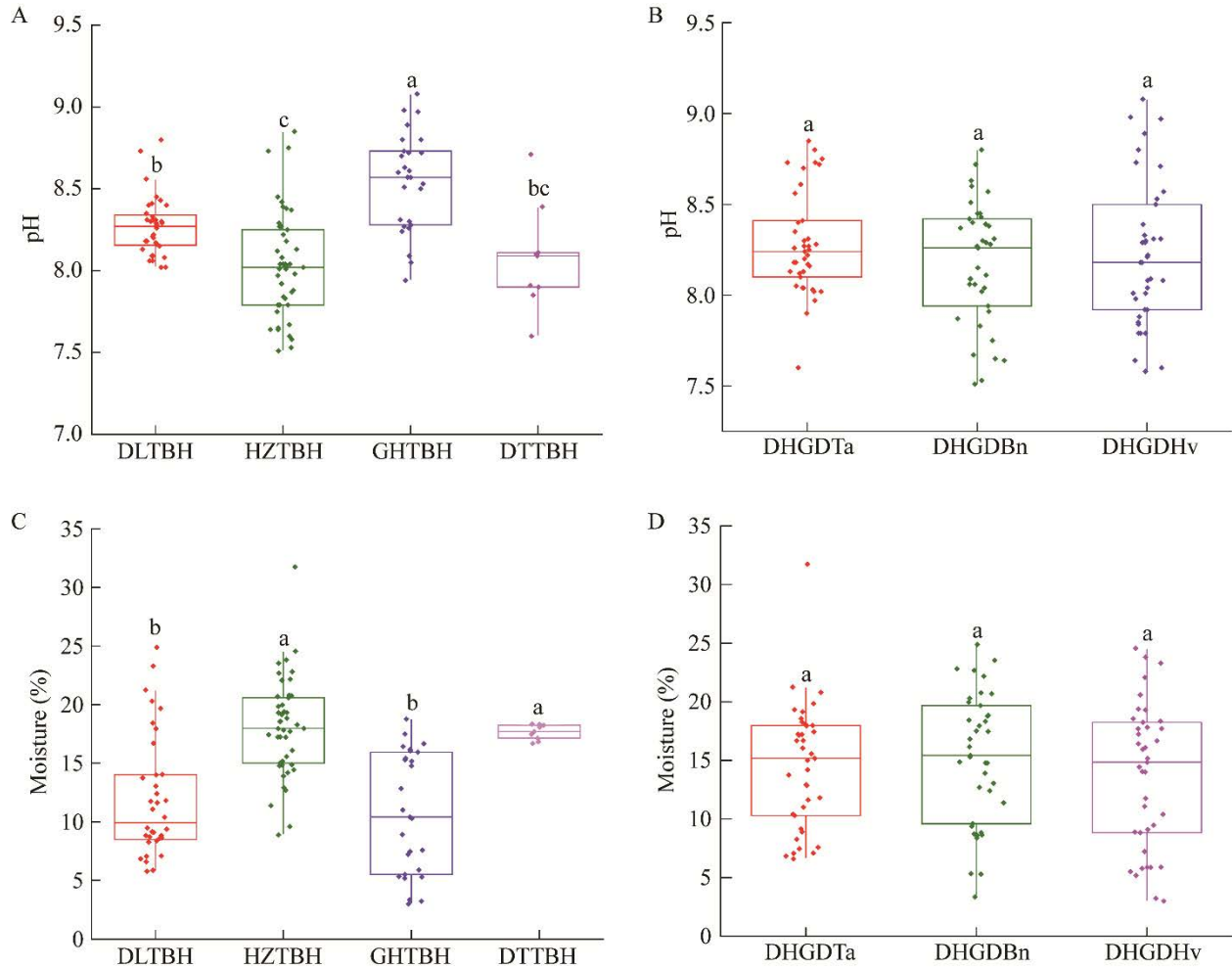


图 1 不同区域、作物农田土壤 pH、水分含量的变化 A、B: 不同地区、作物农田土壤 pH. C、D: 不同地区、作物农田土壤水分. DLTBH、HZTBH、GHTBH、DTTBH: 都兰县、互助县、共和县、大通县 4 个地区农田土壤; DHGDTa、DHGDBn、DHGDHv: 小麦、油菜、青稞 3 种作物农田土壤; a、b、c: 不同区域、作物间显著性($P < 0.05$)

Figure 1 Changes in soil pH and moisture content in different regions and crop fields. A, B: Soil pH in different regions and crops. C, D: Soil moisture in different regions and crops. DLTBH, HZTBH, GHTBH, DTTBH: Farmland soils in four areas of Dulan, Huzhu, Gonghe, Datong counties; DHGDTa, DHGDBn, DHGDHv: Soils of three crops, wheat, rape and barley; a, b, c: Significance between different regions and crops ($P < 0.05$).

2.2 不同地区、作物农田土壤细菌 α 多样性 (Chao1 指数和 Shannon 指数) 分析

由图 3A、3C 可知, 互助县农田中细菌 Chao1 指数和 Shannon 指数与其他 3 个地区具有显著性差异($P < 0.05$), 且互助地区土壤细菌

Chao1 指数和 Shannon 指数高于其他地区(都兰、共和、大通) 5.21%–7.87%和 3.40%–4.28%, 达到显著水平($P < 0.05$)。3 种作物之间细菌 Chao1 指数和 Shannon 指数并无显著性差异($P > 0.05$) (图 3B、3D)。

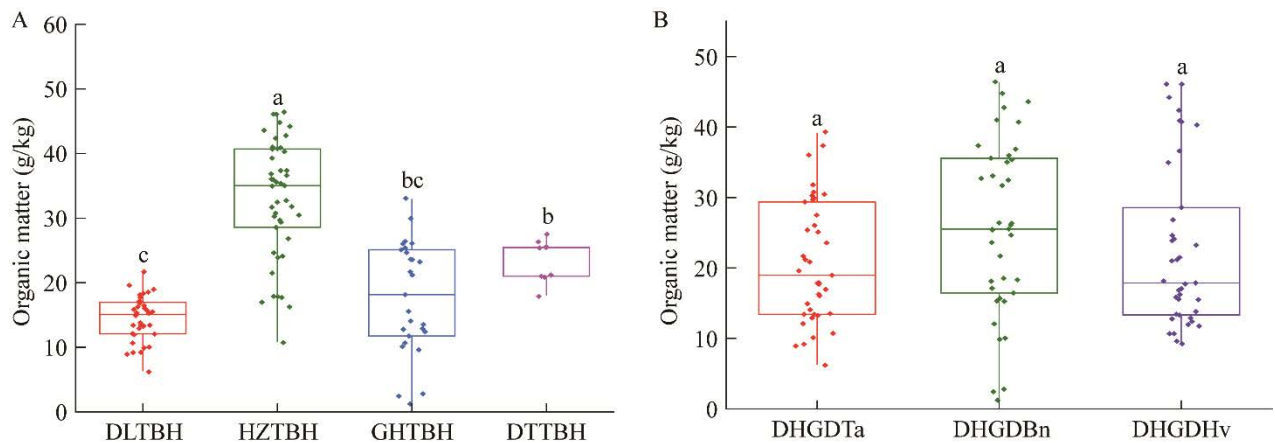


图 2 不同区域(A)、作物(B)农田土壤有机质含量的变化 DLTBH、HZTBH、GHTBH 和 DTTBH: 都兰县、互助县、共和县和大通县 4 个地区农田土壤; DHGDTa、DHGDBn、DHGDHv: 小麦、油菜、青稞 3 种作物农田土壤; a、b、c: 不同区域、作物间显著性($P < 0.05$)

Figure 2 Changes of soil organic matter content in different regions (A) and crops (B). A, B: Soil organic matter content in different regions and crops. DLTBH, HZTBH, GHTBH, DTTBH: Farmland soils in four areas of Dulan, Huzhu, Gonghe, Datong counties; DHGDTa, DHGDBn, DHGDHv: Soils of three crops, wheat, rape and barley; a, b, c: Significance between different regions and crops ($P < 0.05$).

2.3 不同地区、作物农田土壤细菌 β 多样性

对青海 4 地区 3 种作物农田土壤细菌的 OTUs 数量矩阵进行主成分分析 (principal component analysis, PCA), 由图 4A、4B 可知, 4 个地区间样本重叠性较少, 尤其都兰距离其他 3 地较远; 而 3 种作物样本间距离较近。

2.4 不同地区、作物农田土壤细菌群落组成分析

2.4.1 不同地区、作物农田土壤细菌 OTU 数目分析

由 OTU 聚类分析(图 5A)可知, 4 个地区共有 3 127 个 OTUs, 其中都兰县、互助县、共和县及大通县特有 OTUs 分别为 58、54、4 和 3 个。3 种不同作物农田土壤细菌共有 OTUs 为 3 694 个, 其中小麦、油菜、青稞地中特有 OTUs 分别为 4、15、8 个(图 5B)。

2.4.2 不同地区、作物农田土壤细菌分类水平下物种分布

门水平共检测到 36 个细菌门, 由图 6A 发现,

4 个地域间的农田土壤细菌平均相对丰度超过 1% 的门共 9 个, 包括变形菌门(26.79%–33.46%)、酸杆菌门(21.52%–31.20%)、拟杆菌门(15.58%–20.57%)、芽单胞菌门(5.62%–7.48%)、放线菌门(4.04%–6.36%)、绿弯菌门(3.84%–4.69%)、硝化菌门(1.18%–2.13%)、黏菌门(1.50%–1.90%)和疣微菌门(1.28%–1.47%)。其中变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门为 4 个地区的优势菌门, 变形菌门在都兰县土壤中相对丰度最大, 在共和县中最少; 酸杆菌门则在互助县土壤中最多, 在都兰县最少; 拟杆菌门则在大通县土壤中最多, 在互助县最少。由图 6B 可知, 小麦、油菜、青稞土壤中优势菌门同地域间细菌门, 变形菌门、酸杆菌门和拟杆菌门在 3 种作物土壤占比丰度分别为 29.25%–30.12%、27.08%–27.95%、16.72%–17.87%, 其中变形菌门在油菜土壤中分布最多, 小麦土壤中最少; 拟杆菌门在青稞中最多, 油菜中最少; 酸杆菌门在油菜中最多, 青稞中最少。

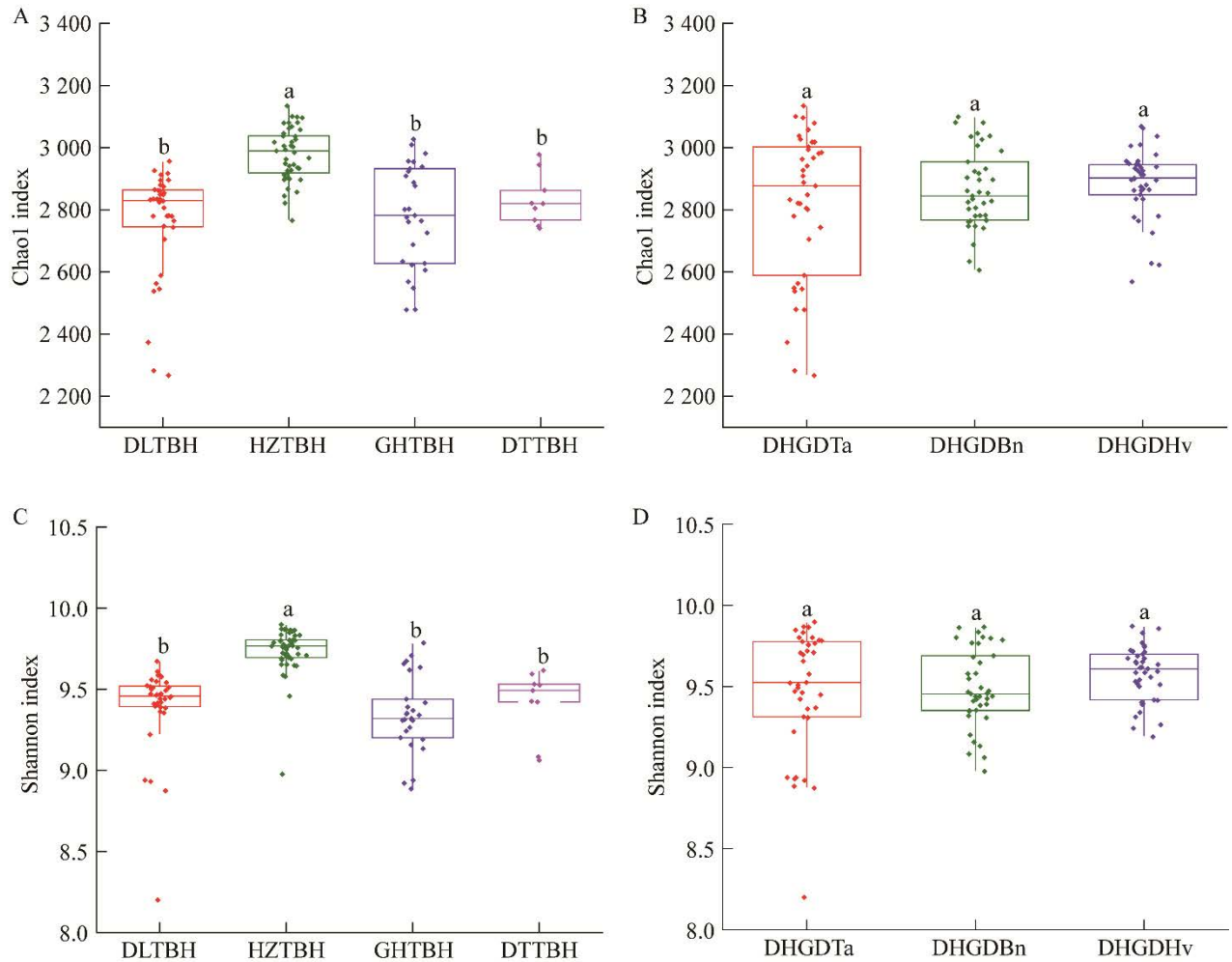


图 3 不同区域、作物农田土壤细菌 **Chao1** 指数、**Shannon** 指数分析 A、B: 不同地区、作物农田土壤 **Chao1** 指数. C、D: 不同地区、作物农田土壤 **Shannon** 指数. DLTBH、HZTBH、GHTBH 和 DTTBH: 都兰县、互助县、共和县和大通县 4 个地区农田土壤; DHGDTa、DHGDBn、DHGDHv: 小麦、油菜、青稞 3 种作物农田土壤; a、b、c: 不同区域、作物间显著性($P < 0.05$)

Figure 3 Analysis of **Chao1** index and **Shannon** index of soil bacteria in different regions and crops. A, B: Soil **Chao1** index in different regions and crops. C, D: Soil **Shannon** index in different regions and crops. DLTBH, HZTBH, GHTBH, DTTBH: Farmland soils in four areas of Dulan, Huzhu, Gonghe, Datong counties; DHGDTa, DHGDBn, DHGDHv: Soils of three crops, wheat, rape and barley; a, b, c: Significance between different regions and crops ($P < 0.05$).

从属水平上共检测出 450 个细菌属, 图 7A 可知, 不同区域间细菌丰度大于 1% 的细菌种类分别有 21、19、18 和 19 种, 其中互助县优势菌为未分类属(8.58%)、RB41 (8.09%)、*Vicinamibacteraceae* (4.49%), 其他 3 个地区优

势菌均为未分类属、RB41、鞘氨醇单胞菌属, 相对丰度分别为 4.34%–7.68%、6.33%–8.81%、4.80%–7.56%。未分类的细菌属相对丰度在 4 个地区均最大。由图 7B 分析可知, 3 种作物土壤细菌丰度超过 1% 的细菌属类群分别有 18、19、

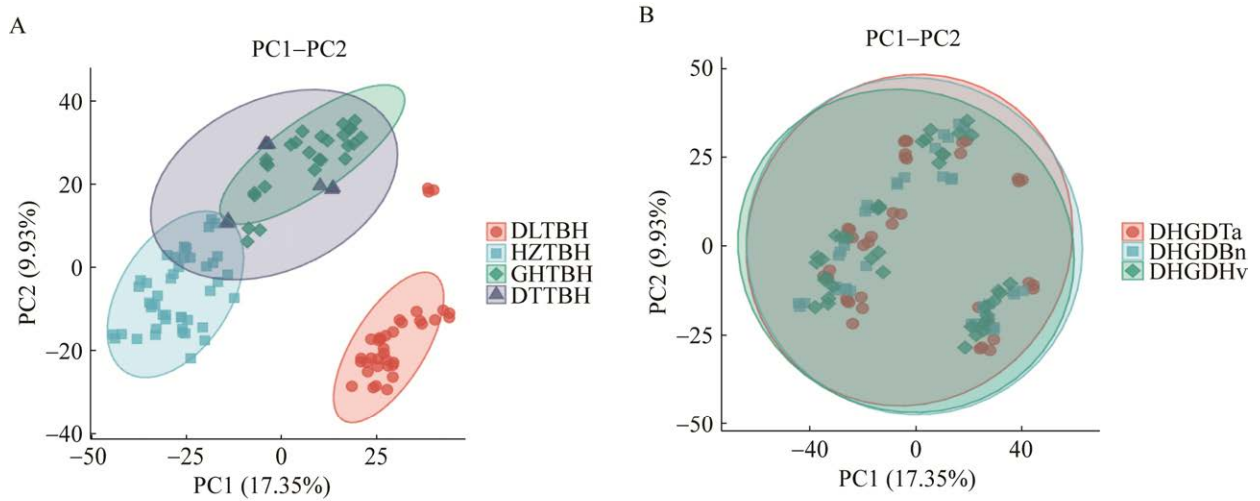


图 4 不同区域(A)、作物(B)农田土壤细菌多样性(PCA)分析 DLTBH、HZTBH、GHTBH、DTTBH: 都兰县、互助县、共和县、大通县 4 个地区农田土壤; DHGDTa、DHGDBn、DHGDHv: 小麦、油菜、青稞 3 种作物农田土壤

Figure 4 Analysis of soil bacterial diversity (PCA) in different regions (A) and crops (B). DLTBH, HZTBH, GHTBH, DTTBH: Farmland soils in four areas of Dulan, Huzhu, Gonghe, Datong counties; DHGDTa, DHGDBn, DHGDHv: Soils of three crops, wheat, rape and barley.

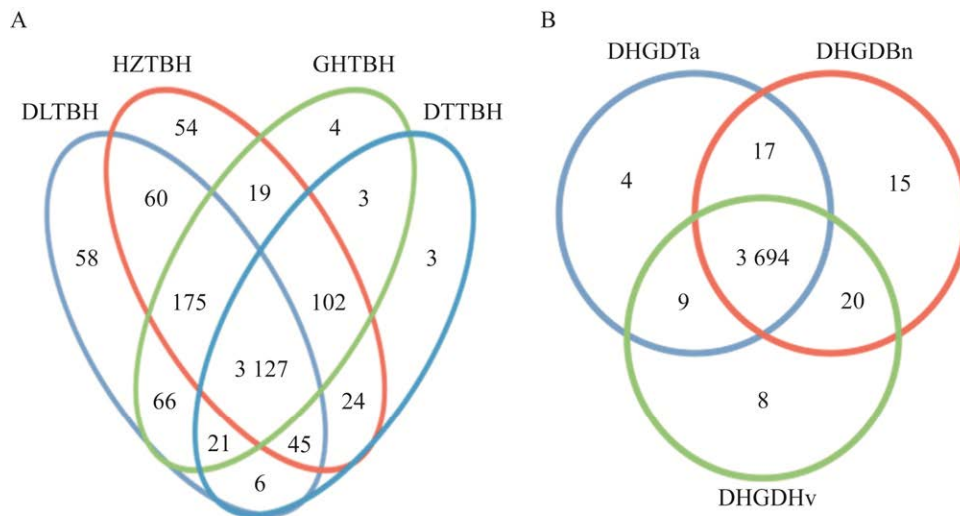


图 5 不同区域(A)、作物(B)土壤细菌共有和特有的 OTUs DLTBH、HZTBH、GHTBH 和 DTTBH: 都兰县、互助县、共和县和大通县 4 个地区农田土壤; DHGDTa、DHGDBn、DHGDHv: 小麦、油菜、青稞 3 种作物农田土壤

Figure 5 OTUs common and endemic to soil bacteria in different regions (A) and crops (B). DLTBH, HZTBH, GHTBH, DTTBH: Farmland soils in four areas of Dulan, Huzhu, Gonghe, Datong counties; DHGDTa, DHGDBn, DHGDHv: Soils of three crops, wheat, rape and barley.

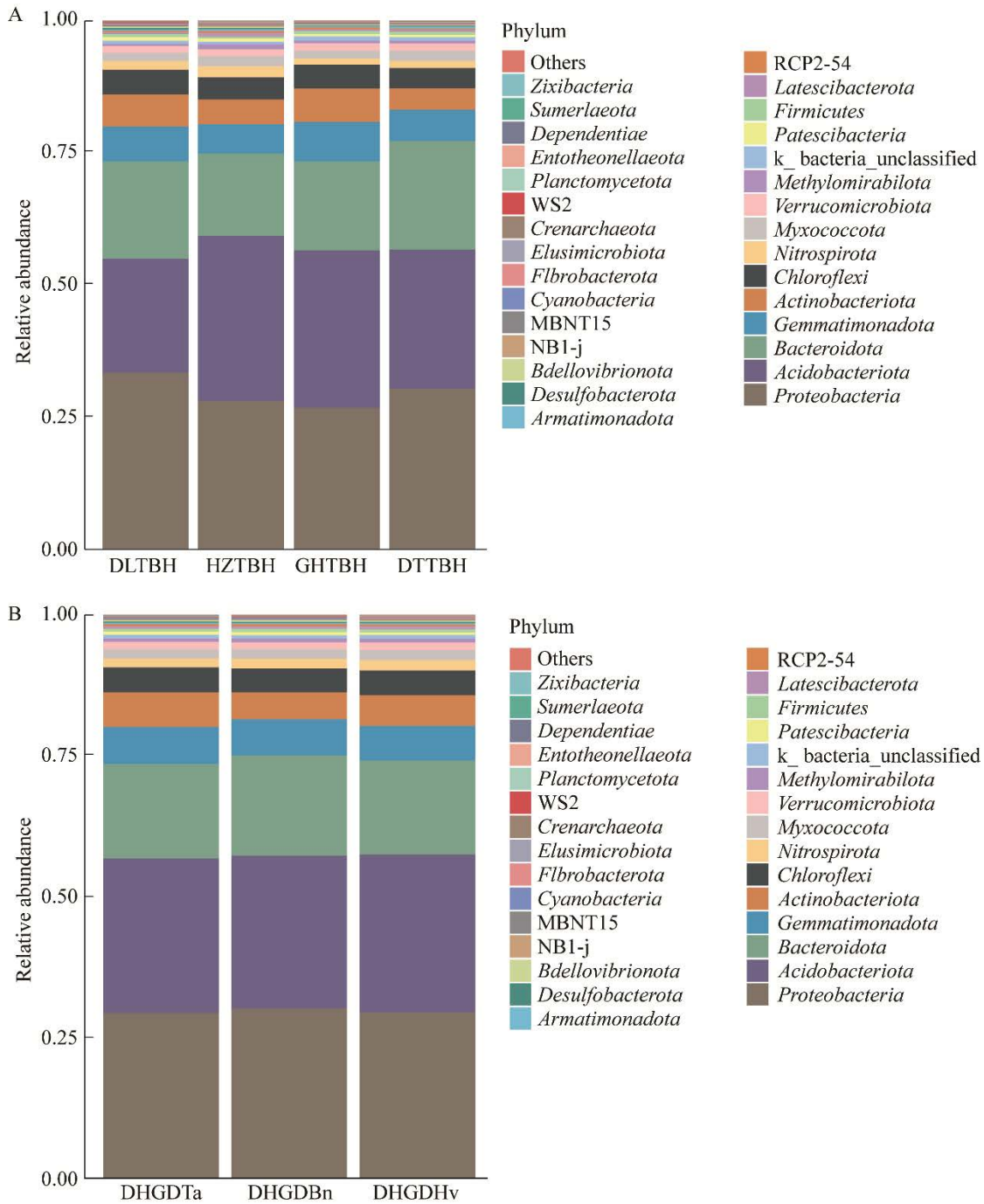


图 6 不同区域(A)、作物(B)农田土壤门水平细菌群落组成 DLTBH、HZTBH、GHTBH 和 DTTBH: 都兰县、互助县、共和县和大通县 4 个地区农田土壤; DHGDTa、DHGDBn、DHGDHv 分别表示小麦、油菜、青稞 3 种作物农田土壤

Figure 6 Composition of the soil bacterial community at the phylum level in different regions (A) and crops (B). DLTBH, HZTBH, GHTBH, DTTBH: Farmland soils in four areas of Dulan, Huzhu, Gonghe, Datong counties; DHGDTa, DHGDBn, DHGDHv: Soils of three crops, wheat, rape and barley.

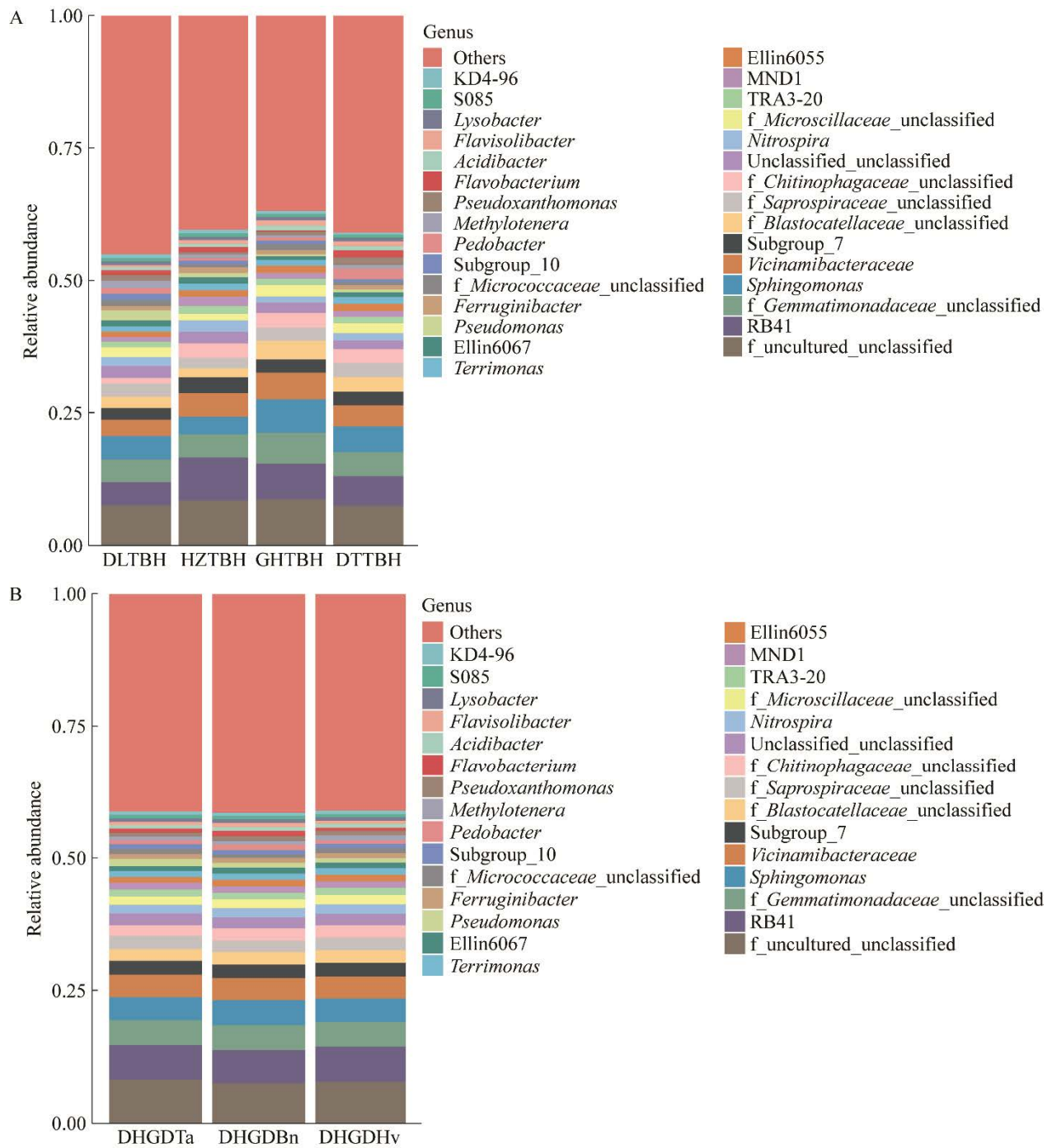


图 7 不同区域(A)、作物(B)农田土壤属水平细菌群落组成 DLTBH、HZTBH、GHTBH 和 DTTBH: 都兰县、互助县、共和县和大通县 4 个地区农田土壤; DHGDTa、DHGDBn 和 DHGDHv: 小麦、油菜和青稞 3 种作物农田土壤

Figure 7 Composition of the soil bacterial community at the genus level in different regions (A) and crops (B). DLTBH, HZTBH, GHTBH, DTTBH: Farmland soils in four areas of Dulan, Huzhu, Gonghe, Datong counties; DHGDTa, DHGDBn, DHGDHv: Soils of three crops, wheat, rape and barley.

17个,在各作物中细菌丰度前3的分别为未分类属、RB41、unclassified *Gemmatimonadaceae*, 相对丰度依次为7.98%–8.62%、6.16%–6.60%、4.33%–4.69%,其中在3种作物中分布最多的均为未分类细菌。

如图8A、8B所示,分析发现从种水平上,土壤中共检测出423个细菌类型。4个区域相对丰度超过1%的细菌种类分别有13、14、13、15个。未培养未分类细菌相对丰度为26.37%–33.52%, unclassified RB41相对丰度为4.22%–7.69%,其中未分类细菌相对丰度在共和县最大,都兰县最小; unclassified RB41在互助县最大,都兰县最小。3种作物中细菌丰度大于1%的类群均为13个,小麦、油菜、青稞地中优势菌与地区细菌种类相同,其中未培养未分类细菌丰度为28.63%–29.78%, unclassified RB41相对丰度为5.92%–6.32%。

2.5 不同地区、作物农田土壤细菌群落组成差异显著性分析

由LEfSe进化分支图(图9)所知,4个地区47个细菌分类群在统计学上有显著差异,其中都兰县作物土壤中共富集了10个分类群,共2纲3目3科2属。互助县土壤中共有11个分类群相对丰度较高,分别为2纲(硝化螺旋菌纲和*Blastocatellia*)、3目(硝化螺旋菌目、*Pyrinomonadales*和伯克霍尔德里氏菌目)、4科(硝化螺旋菌科、亚硝化单胞菌科、栖火山单胞菌科和萨特氏菌科)、2属(RB41和硝化螺旋菌属)。共和县土壤中共富集了15个分类群,共4纲4目5科2属。大通县中相对丰度较高的细菌共有1纲4目3科3属,共11个细菌分类群。比较3种作物农田土壤细菌发现,其细菌分类群在统计学上无显著差异。

2.6 不同地区、作物农田土壤细菌多样性、细菌种类与环境因子间相关性分析

选择分类水平总丰度前4的种,评估农田

土壤细菌与环境变量之间的相关性。由表2发现,水分与pH、有机质、Chao1指数和未分类种存在极显著正或负相关性($P<0.01$); pH与有机质、unclassified species、unclassified *Sphingomonas*、unclassified RB41存在极显著正或负相关性($P<0.01$),与Chao1指数、Shannon指数存在显著负相关性($P<0.05$); 有机质除与unclassified species、unclassified *Sphingomonas*存在显著负相关性外,与Chao1指数、Shannon指数、unclassified RB41存在极显著正相关性($P<0.01$),相关系数分别为0.541、0.526、0.578。Chao1指数与Shannon、unclassified RB41、unclassified *Vicinamibacteraceae*存在显著正相关性,与unclassified species、unclassified *Sphingomonas*存在显著负相关性; Shannon指数与unclassified RB41、unclassified *Sphingomonas*相关系数分别为0.463、-0.632,达到极显著水平($P<0.01$)。

3 讨论

多样性指数、优势度指数和均匀度指数等3个常用指数通常被用来反映土壤微生物群落的多样性,可以揭示土壤微生物种群组成的差别。研究发现,微生物具有种-面积关系、距离-衰减关系以及广域种-稀有种的分化等时空演变规律^[27]。4个区域中互助地区土壤细菌Chao1和Shannon指数均显著高于都兰、共和、大通地区。研究发现山东、山西、辽宁、江西和福建5个地区的农田土壤细菌Chao1指数、Shannon指数范围分别为1 524–2 596、9.19–10.44;江西地区农田土壤中Chao1指数显著低于其他地区,而Shannon指数则是福建地区农田土壤显著低于辽宁、山西地区^[28]。这些结果说明细菌多样性地理分布存在差异性。3个玉米品种土壤中细菌多样性指数(Shannon、Simpson、Richness和Chao1)无显著差异^[11],该

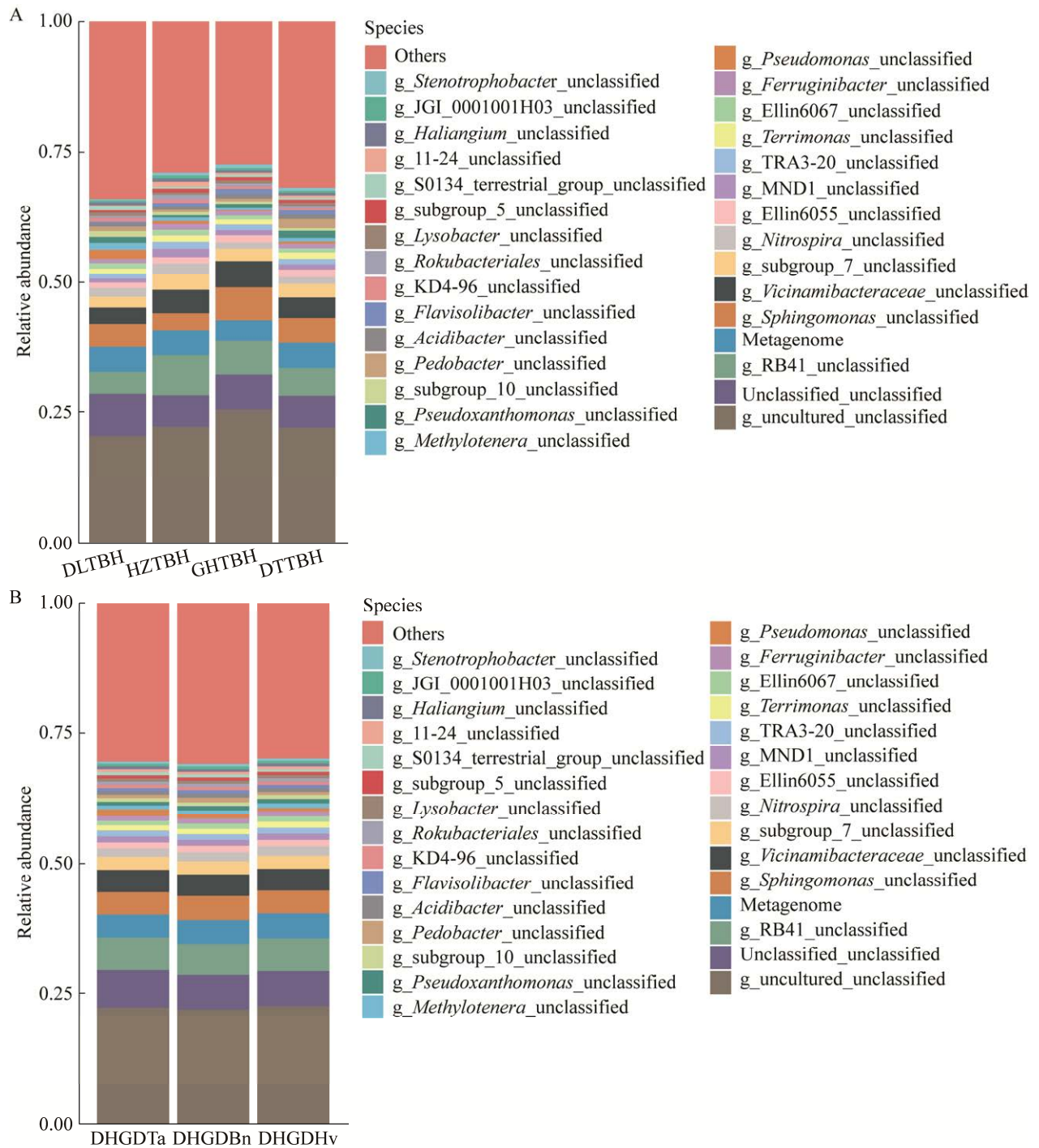


图 8 不同区域(A)、作物(B)农田土壤种水平细菌群落组成 DLTBH、HZTBH、GHTBH 和 DTTBH: 都兰县、互助县、共和县和大通县 4 个地区农田土壤; DHGDTa、DHGDBn、DHGDHv: 小麦、油菜、青稞 3 种作物农田土壤

Figure 8 Composition of the soil bacterial community at the species level in different regions (A) and crops (B). DLTBH, HZTBH, GHTBH, DTTBH: Farmland soils in four areas of Dulan, Huzhu, Gonghe, Datong counties; DHGDTa, DHGDBn, DHGDHv: Soils of three crops, wheat, rape and barley.

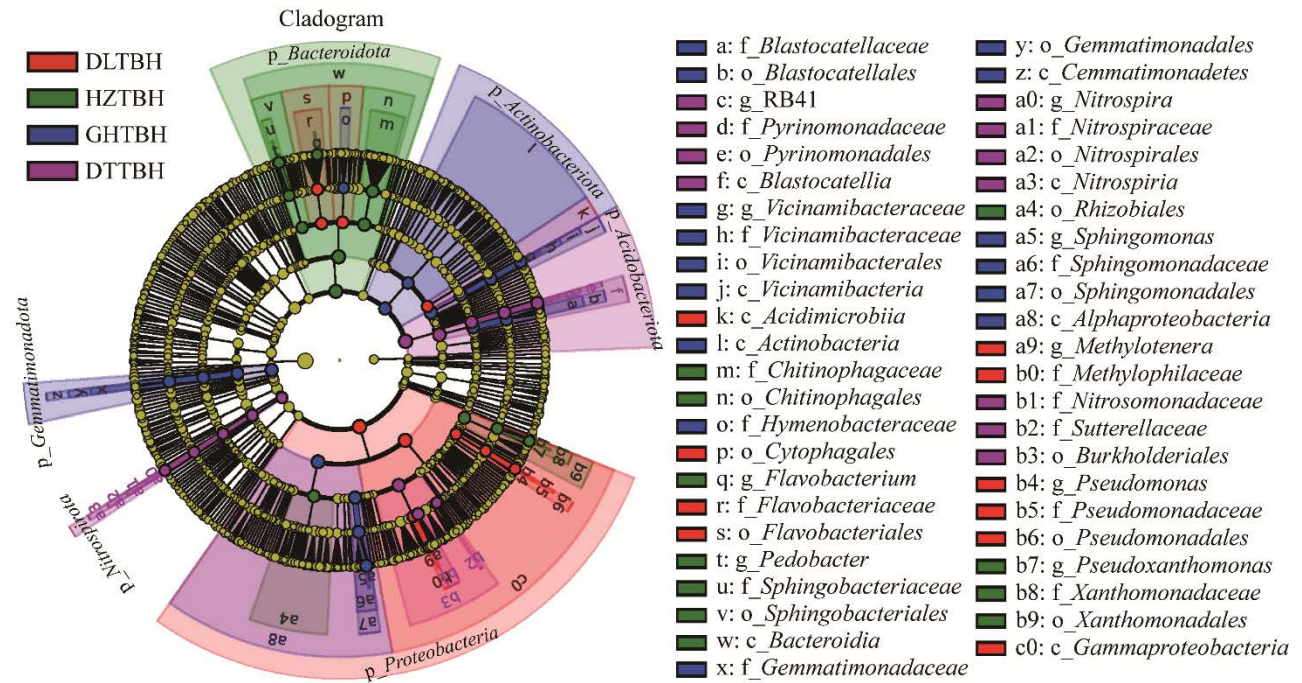


图9 不同区域农田土壤细菌群落组成差异显著性分析 DLTBH、HZTBH、GHTBH 和 DTTBH 分别表示都兰县、互助县、共和县和大通县 4 个地区农田土壤群落组成

Figure 9 Significance analysis of soil bacterial community composition differences in different regions. DLTBH, HZTBH, GHTBH, DTTBH: Farmland soils in four areas of Dulan, Huzhu, Gonghe, Datong counties.

结果与本研究结果类似。此外，本研究也发现微生物多样性指数地域间差别要明显高于作物间，其原因可能是海拔、气候、理化性质(土壤质地、土壤养分、含水量和酸碱度)等因素起到关键作用，而植物类型或根系分泌物对土壤细菌多样性产生较小的影响^[29]。研究发现土壤有机质、含水量、pH 会影响土壤微生物多样性及群落组成^[30]。本研究中互助县农田土壤水分、有机质含量高于其他地区，且互助县细菌 Chao1 指数和 Shannon 指数也显著高于其他地区，某些细菌丰度也在互助县土壤中最大，可能是受到含水量等因素影响。

地理距离和环境变化通常会引起微生物群落组成^[31]及丰度发生变化。Liu 等^[32]对种植玉米、大豆、小麦的 26 个不同地区土壤细菌进行

研究发现，优势菌门为酸杆菌门、放线菌门、变形菌门、拟杆菌门、绿弯菌门、芽单胞菌门和浮霉菌门。测定小麦土壤发现变形菌门、放线菌门和酸杆菌门在土壤中占主导地位^[33]。3 个高粱品种土壤中优势细菌属为新根瘤菌属、马赛菌属、泛菌属、*Dugnella* 和鞘氨醇单胞菌属，且这些优势属分别来自变形菌门、拟杆菌门、酸性菌门、放线菌门和厚壁菌门^[34]。本研究中变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门是 3 种作物及 4 个区域土壤细菌中的优势类群，但相对丰度不同，在门水平上优势细菌门与 Fan 等^[33]、Zhao 等^[34]研究结果类似，其他生态系统也证实这几类细菌门也分布较多。变形菌门与碳的利用有关^[35-36]，目前已在草莓、拟南芥、玉米和枸杞等土壤中发现富集分布，能够适应多种植物根

表 2 农田土壤细菌多样性指数、种水平细菌种类与环境因子间相关性分析
Table 2 Correlation analysis of agricultural soil bacterial diversity index, species level bacterial species and environmental factors

	Moisture	pH	Organic matter	Chao1	Shannon	Unclassified species	Unclassified RB41	Unclassified <i>Sphingomonas</i>	Unclassified <i>Vicinamibacteraceae</i>
Moisture	1								
pH	-0.431**	1							
Organic matter	0.563**	-0.652**	1						
Chao1	0.514**	-0.331*	0.541**	1					
Shannon	0.349*	-0.335*	0.526**	0.851**	1				
Unclassified species	-0.418**	0.494**	-0.320*	-0.344*	-0.260	1			
Unclassified RB41	0.282	-0.420**	0.578**	0.451**	0.463**	0.058	1		
Unclassified <i>Sphingomonas</i>	-0.275	0.409**	-0.361*	-0.449**	-0.632**	0.518**	-0.213	1	
Unclassified <i>Vicinamibacteraceae</i>	0.118	0.014	0.350*	0.421**	0.346*	0.327*	0.687**	0.099	1

*: 不同地区、作物农田土壤细菌多样性、细菌种类与环境因子之间相关性达显著性水平 ($P < 0.05$); **: 相关性达极显著水平 ($P < 0.01$)

*: There was significant correlation between soil bacterial diversity, bacterial species and environmental factors in different regions and crops ($P < 0.05$); **: The correlation of extremely significant level ($P < 0.01$).

际微环境^[37]；酸杆菌能够降解复杂的木质素和纤维素从而为土壤提供养分，与土壤酸碱性密切相关^[38-40]。属水平上，3种作物及4个地区农田土壤中优势细菌属分别为未分类属、RB41、unclassified *Gemmatimonadaceae*，但相对丰度不同，这些优势属与 Zhao 等^[34]发现的属不同，可能是由于地理格局(气候、海拔等)造成的区域差异性。其中 RB41 在土壤的碳循环以及贫瘠土壤的物质代谢中均发挥重要作用^[41]。青海农田土壤中存在多种未知细菌类群，其原因可能是独特地理位置与气候条件，也可能是对该地区的研究较少，今后可进一步挖掘青海地区微生物资源。

Hou 等^[42]研究发现地理距离和环境因素(pH、地理距离、年平均气温、海拔、有效磷和有效钾)对水稻土中丰富的(酸杆菌、绿弯菌门)和稀有(未分类细菌、浮霉菌门)的亚群落有不同影响。对吉林省 206 个采样点不同作物(玉米、水稻、大豆、人参、花生、苹果梨或向日葵)土壤进行相关性分析发现，土壤 pH 与有机碳、速效氮、速效磷呈极显著负相关($P < 0.01$)，与细菌 OTUs 数量和土壤细菌 α 多样性指数(Simpson、Shannon、Chao1 和 Ace 指数)呈显著正相关($P < 0.05$)；土壤养分含量(有机碳、速效氮、磷和钾)与土壤微生物群落组成(OTUs 和 α 多样性指数)呈负相关^[43]。对 3 个玉米品种土壤进行相关性分析发现，Shannon、Simpson、Richness 和 Chao1 指数与水分、全氮含量呈显著负相关^[11]。此外，不同区域海拔高度的变化会引起温度、气候等环境因子的剧烈变化^[44-45]。本研究中农田土壤理化因子(pH、水分、有机质)对部分土壤微生物多样性指数(Ace、Chao1、Shannon)及种水平细菌(未分类种、unclassified RB41、unclassified *Sphingomonas*)存在显著的相关性。由此可见，一定区域土壤微生物群落结构及多样性受多因素综合影响^[46]。

4 结论

青海 4 个地区 3 种作物土壤中物种分类显示细菌种类隶属于 36 门 93 纲 192 目 276 科 450 属 423 种。不同区域土壤理化性质、细菌多样性及细菌分类群差异更显著，而不同作物土壤差异不显著。皮尔逊相关性分析发现，部分土壤细菌多样性指数、种水平细菌种类丰度与土壤的理化性质间存在显著相关关系。今后可进一步采用高通量技术分析土壤真菌、固碳细菌多样性，测定土壤其他理化性质(如硝态氮、铵态氮、全磷和全硫等)以及土壤酶活性(蔗糖酶、脲酶、磷酸酶和过氧化氢酶等)，以揭示青海不同区域农田土壤微生物多样性、群落结构组成以及分离培养未知菌，开发青海微生物资源。

参考文献

- [1] 贾鹏丽, 冯海艳, 李森. 东北黑土区不同土地利用方式下农田土壤微生物多样性[J]. 农业工程学报, 2020, 36(20): 171-178.
JIA PL, FENG HY, LI M. Soil microbial diversity of black soil under different land use patterns in northeast China[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2020, 36(20): 171-178 (in Chinese).
- [2] CHANG F, JIA FG, LV R, LI Y, WANG Y, JIA QG, ZHEN LS. Soil bacterial communities reflect changes in soil properties during the tillage years of newly created farmland on the Loess Plateau[J]. Applied Soil Ecology, 2021, 161: 103853.
- [3] 金章利, 刘高鹏, 周明涛, 许文年. 山地草地土壤微生物群落对土壤养分的指示作用[J]. 西南农业学报, 2019, 32(11): 2638-2645.
JIN ZL, LIU GP, ZHOU MT, XU WN. Indicative function of soil microbial community on soil nutrients in Karst Mountain grassland[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2019, 32(11): 2638-2645 (in Chinese).
- [4] 孔亚丽, 秦华, 朱春权, 田文昊, 朱晓芳, 虞轶俊, 张均华. 土壤微生物影响土壤健康的作用机制研究进展[J]. 土壤学报, 2023: 1-19.
KONG YL, QIN H, ZHU CQ, TIAN WH, ZHU XF,

- YU YJ, ZHANG JH. Research progress on the mechanism by which soil microorganisms affect soil health[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2023: 1-19 (in Chinese).
- [5] ADOMAKO MO, ROILOA S, YU FH. Potential roles of soil microorganisms in regulating the effect of soil nutrient heterogeneity on plant performance[J]. *Microorganisms*, 2022, 10(12): 2399.
- [6] MAO YB, TAN HF, WANG MM, JIANG TH, WEI HW, XU WP, JIANG Q, BAO H, DING YF, WANG FJ, ZHU C. Research progress of soil microorganisms in response to heavy metals in rice[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2022, 70(28): 8513-8522.
- [7] CHANDRA P, WUNNAVA A, VERMA P, CHANDRA A, SHARMA RK. Strategies to mitigate the adverse effect of drought stress on crop plants—influences of soil bacteria: a review[J]. *Pedosphere*, 2021, 31(3): 496-509.
- [8] RANDIKA JLPC, BANDARA PKGSS, SOYSA HSM, RUWANDEEPIKA HAD, GUNATILAKE SK. Bioremediation of pesticide-contaminated soil: a review on indispensable role of soil bacteria[J]. *Journal of Agricultural Sciences-Sri Lanka*, 2022, 17(1): 19-43.
- [9] 王竹, 刘扬, 王芳, 王义成. 黑河上游不同植被类型土壤细菌群落多样性、功能及季节动态[J]. *环境科学*, 2023, 44(11): 6339-6353.
- WANG Z, LIU Y, WANG F, WANG YC. Effects of vegetation types and seasonal dynamics on the diversity and function of soil bacterial communities in the upper reaches of the Heihe River[J]. *Environmental Science*, 2023, 44(11): 6339-6353 (in Chinese).
- [10] PEIFFER JA, SPOR A, KOREN O, JIN Z, TRINGE SG, DANGL JL, BUCKLER ES, LEY RE. Diversity and heritability of the maize rhizosphere microbiome under field conditions[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2013, 110(16): 6548-6553.
- [11] KONG X, HAN ZF, TAI X, JIN DC, AI S, ZHENG XX, BAI ZH. Maize (*Zea mays* L. sp.) varieties significantly influence bacterial and fungal community in bulk soil, rhizosphere soil and phyllosphere[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2020, 96(3): f1aa020.
- [12] TAN WJ, WANG JM, BAI WQ, QI JJ, CHEN WM. Soil bacterial diversity correlates with precipitation and soil pH in long-term maize cropping systems[J]. *Scientific Reports*, 2020, 10: 6012.
- [13] LABOUYRIE M, BALLABIO C, ROMERO F, PANAGOS P, JONES A, SCHMID MW, MIKRYUKOV V, DULYA O, TEDERSOO L, BAHRAM M, LUGATO E, VABDER HEIJDEN MGA, ORGIAZZI A. Patterns in soil microbial diversity across Europe[J]. *Nature Communications*, 2023, 14: 3311.
- [14] SCHLATTER DC, YIN CT, HULBERT S, PAULITZ TC. Core rhizosphere microbiomes of dryland wheat are influenced by location and land use history[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2020, 86(5): e0213519.
- [15] WAKELIN SA, MACDONALD LM, ROGERS SL, GREGG AL, BOLGER TP, BALDOCK JA. Habitat selective factors influencing the structural composition and functional capacity of microbial communities in agricultural soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40(3): 803-813.
- [16] ZHENG Q, HU YT, ZHANG SS, NOLL L, BÖCKLE T, DIETRICH M, HERBOLD CW, EICHORST SA, WOEBKEN D, RICHTER A, WANER W. Soil multifunctionality is affected by the soil environment and by microbial community composition and diversity[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 136: 107521.
- [17] 王倩倩, 陆嘉惠, 张洁, 徐影, 徐可, 张迦得, 刘登奎. 不同分布区胀果甘草原生境土壤微生物群落结构特征及其影响因素[J]. *生态学报*, 2022, 42(23): 9780-9795.
- WANG QQ, LU JH, ZHANG J, XU Y, XU K, ZHANG JD, LIU DK. Soil microbial community structure and its influencing factors in original habitat of *Glycyrrhiza inflata* in different distribution areas[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, 42(23): 9780-9795 (in Chinese).
- [18] LIU C, DING NF, FU QL, BROOKES PC, XU JM, GUO B, LIN YC, LI H, LI NY. The influence of soil properties on the size and structure of bacterial and fungal communities along a paddy soil chronosequence[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2016, 76: 9-18.
- [19] MAGUIRE VG, BORDENAVE CD, NIEVA AS, LLAMES ME, COLAVOLPE MB, GÁRRIZ A, RUIZ OA. Soil bacterial and fungal community structure of a rice monoculture and rice-pasture rotation systems[J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, 151: 103535.
- [20] 刘海涛. 青海湖湖盆区(共和)沙漠化与气候变化关联度研究[D]. 南京: 南京信息工程大学硕士学位论文

- 文, 2017.
- LIU HT. Study on correlation between desertification and climate change in Qinghai Lake Basin (Gonghe)[D]. Nanjing: Master's Thesis of Nanjing University of Information Science & Technology, 2017 (in Chinese).
- [21] 沈骁. 青海省都兰县绿洲农业生态地球化学评价[D]. 长春: 吉林大学硕士学位论文, 2018.
- SHEN X. Ecological geochemistry evaluation of oasis agriculture in Dulan county, Qinghai Province[D]. Changchun: Master's Thesis of Jilin University, 2018 (in Chinese).
- [22] 张亚丽. 青藏高原东部农田土壤质量与土壤碳库研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学博士学位论文, 2018.
- ZHANG YL. Study on farmland soil quality and soil carbon pool in eastern Qinghai-Xizang Plateau[D]. Yangling: Doctoral Dissertation of Northwest A&F University, 2018 (in Chinese).
- [23] 涂一健, 周贤群. 青海共和盆地土壤类型及其分布特点[J]. 土壤学报, 1982, 19(4): 375-382.
- TU YJ, ZHOU XQ. Soil types and their distribution characteristics in Gonghe Basin of Qinghai Province[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 1982, 19(4): 375-382 (in Chinese).
- [24] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 第3版. 北京: 中国农业出版社, 2000: 30-107.
- BAO SD. Soil and Agricultural Chemistry Analysis[M]. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2000: 30-107 (in Chinese).
- [25] 李晓萍, 梁哲军, 杨志国, 杨淑巧, 武林琳, 王华, 裴蕾. 土壤有机质测定方法的改进与探索[J]. 现代农业科技, 2021(20): 155-157.
- LI XP, LIANG ZJ, YANG ZG, YANG SQ, WU LL, WANG H, PEI L. Improvement and exploration of soil organic matter determination method[J]. *Modern Agricultural Science and Technology*, 2021(20): 155-157 (in Chinese).
- [26] 康捷, 章淑艳, 韩韬, 孙志梅. 麻山药不同生长时期根际土壤微生物多样性及群落结构特征[J]. 生物技术通报, 2019, 35(9): 99-106.
- KANG J, ZHANG SY, HAN T, SUN ZM. Microbial diversity and community structure characteristics of yam rhizosphere soil at different development periods[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2019, 35(9): 99-106 (in Chinese).
- [27] 贺纪正, 王军涛. 土壤微生物群落构建理论与时空演变特征[J]. 生态学报, 2015, 35(20): 6575-6583.
- HE JZ, WANG JT. Mechanisms of community organization and spatiotemporal patterns of soil microbial communities[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, 35(20): 6575-6583 (in Chinese).
- [28] LIU J, GUL WAZIR Z, HOU GQ, WANG GZ, RONG FX, XU YZ, LIU K, LI MY, LIU AJ, LIU HL. The dependent correlation between soil multifunctionality and bacterial community across different farmland soils[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1144823.
- [29] 高雪峰, 韩国栋. 短花针茅根系分泌物对荒漠草原土壤细菌群落及土壤养分的影响[J]. 中国草地学报, 2021, 43(6): 76-84.
- GAO XF, HAN GD. Effects of *Stipa breviflora* root exudates on soil bacterial community and soil nutrients in desert steppe[J]. *Chinese Journal of Grassland*, 2021, 43(6): 76-84 (in Chinese).
- [30] 张青, 王辰, 孙宗湜, 李思瑶, 梁运江. 土壤微生物生物量及多样性影响因素研究进展[J]. 北方园艺, 2022(8): 116-121.
- ZHANG Q, WANG C, SUN ZS, LI SY, LIANG YJ. Research progress on influencing factors of soil microbial biomass and diversity[J]. *Northern Horticulture*, 2022(8): 116-121 (in Chinese).
- [31] NIU JC, TANG HZ, LIU Q, CHENG F, ZHANG LN, SANG LL, HUANG YF, SHEN CY, GAO BB, NIU ZB. Determinants of soil bacterial diversity in a black soil region in a large-scale area[J]. *Land*, 2022, 11(5): 731.
- [32] LIU JJ, SUI YY, YU ZH, SHI Y, CHU HY, JIN J, LIU XB, WANG GH. High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of northeast China[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 70: 113-122.
- [33] FAN KK, CARDONA C, LI YT, SHI Y, XIANG XJ, SHEN CC, WANG HF, GILBERT JA, CHU HY. Rhizosphere-associated bacterial network structure and spatial distribution differ significantly from bulk soil in wheat crop fields[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, 113: 275-284.
- [34] ZHAO L, LU JJ, JIANG L, WANG XY, WU FY, LUO ZB, YANG L, WANG XY. Assembly, diversity and coexistence of bacteria communities in various rhizocompartment niches in *Sorghum* cultivars[J]. *Rhizosphere*, 2023, 27: 100779.
- [35] 高雪峰, 韩国栋, 张国刚. 短花针茅荒漠草原土壤微生物群落组成及结构[J]. 生态学报, 2017, 37(15): 5129-5136.
- GAO XF, HAN GD, ZHANG GG. Soil microbial

- community structure and composition of *Stipa breviflora* on the desert steppe[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, 37(15): 5129-5136 (in Chinese).
- [36] FIERER N, BRADFORD MA, JACKSON RB. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. *Ecology*, 2007, 88(6): 1354-1364.
- [37] 赵帆, 赵密珍, 王钰, 关玲, 庞夫花. 基于高通量测序研究草莓根际微生物群落结构和多样性[J]. *土壤*, 2019, 51(1): 51-60.
ZHAO F, ZHAO MZ, WANG Y, GUAN L, PANG FH. Microbial community structures and diversities in strawberry rhizosphere soils based on high-throughput sequencing[J]. *Soils*, 2019, 51(1): 51-60 (in Chinese).
- [38] PANKRATOV TA, IVANOVA AO, DEDYSH SN, LIESACK W. Bacterial populations and environmental factors controlling cellulose degradation in an acidic *Sphagnum* peat[J]. *Environmental Microbiology*, 2011, 13(7): 1800-1814.
- [39] 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 王新珍, 金剑, 刘晓冰. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展[J]. *生物技术通报*, 2016, 32(2): 14-20.
WANG GH, LIU JJ, YU ZH, WANG XZ, JIN J, LIU XB. Research progress of acidobacteria ecology in soils[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2016, 32(2): 14-20 (in Chinese).
- [40] 杜宇佳, 高广磊, 陈丽华, 丁国栋, 张英, 曹红雨. 呼伦贝尔沙区土壤细菌群落结构与功能预测[J]. *中国环境科学*, 2019, 39(11): 4840-4848.
DU YJ, GAO GL, CHEN LH, DING GD, ZHANG Y, CAO HY. Soil bacteria community structure and function prediction in the Hulun Buir Sandy Area[J]. *China Environmental Science*, 2019, 39(11): 4840-4848 (in Chinese).
- [41] STONE BW, LI JH, KOCH BJ, BLAZEWICZ SJ, DIJKSTRA P, HAYER M, HOFMOCKEL KS, LIU XJ A, MAU RL, MORRISSEY EM, PETT-RIDGE J, SCHWARTZ E, HUNGATE BA. Nutrients cause consolidation of soil carbon flux to small proportion of bacterial community[J]. *Nature Communications*, 2021, 12: 3381.
- [42] HOU JY, WU LH, LIU WX, GE YY, MU TT, ZHOU T, LI Z, ZHOU JW, SUN X, LUO YM, CHRISTIE P. Biogeography and diversity patterns of abundant and rare bacterial communities in rice paddy soils across China[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 730: 139116.
- [43] WANG CY, ZHOU X, GUO D, ZHAO JH, YAN L, FENG GZ, GAO Q, YU H, ZHAO LP. Soil pH is the primary factor driving the distribution and function of microorganisms in farmland soils in northeastern China[J]. *Annals of Microbiology*, 2019, 69(13): 1461-1473.
- [44] 孟苗婧, 郭晓平, 张金池, 赵友朋, 吴家森, 叶立新, 瞿承伟, 刘胜龙. 海拔变化对凤阳山针阔混交林地土壤微生物群落的影响[J]. *生态学报*, 2018, 38(19): 7057-7065.
MENG MJ, GUO XP, ZHANG JC, ZHAO YP, WU JS, YE LX, QU CW, LIU SL. Effects of altitude on soil microbial community in Fengyang Mountain coniferous and broad-leaved forest[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(19): 7057-7065 (in Chinese).
- [45] 吴则焰, 林文雄, 陈志芳, 方长旬, 张志兴, 吴林坤, 周明明, 陈婷. 中亚热带森林土壤微生物群落多样性随海拔梯度的变化[J]. *植物生态学报*, 2013, 37(5): 397-406.
WU ZY, LIN WX, CHEN ZF, FANG CX, ZHANG ZX, WU LK, ZHOU MM, CHEN T. Variations of soil microbial community diversity along an elevational gradient in mid-subtropical forest[J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2013, 37(5): 397-406 (in Chinese).
- [46] 马进鹏, 庞丹波, 陈林, 万红云, 陈高路, 李学斌. 贺兰山东坡不同海拔典型植被带土壤微生物磷酸脂脂肪酸分析[J]. *生态学报*, 2022, 42(12): 5045-5058.
MA JP, PANG DB, CHEN L, WAN HY, CHEN GL, LI XB. Phospholipid fatty acid analysis of soil microbes in typical vegetation types at different elevation on the east slope of Helan Mountain[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, 42(12): 5045-5058 (in Chinese).