



宁夏引黄灌区稻蟹共作对土壤微生物群落结构及理化因子的影响

徐程¹, 倪成¹, 邱小琮^{2*}, 王凯¹, 袁金龙³

1 宁夏大学 土木与水利工程学院, 宁夏 银川 750021

2 宁夏大学 生命科学学院, 宁夏 银川 750021

3 湖北汽车工业学院, 湖北 十堰 442002

徐程, 倪成, 邱小琮, 王凯, 袁金龙. 宁夏引黄灌区稻蟹共作对土壤微生物群落结构及理化因子的影响[J]. 微生物学报, 2024, 64(12): 4817-4832.

XU Cheng, NI Cheng, QIU Xiacong, WANG Kai, YUAN Jinlong. Rice-crab co-culture influences microbial community structure and physicochemical indicators of soil in the Yellow River irrigation area of Ningxia[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2024, 64(12): 4817-4832.

摘要:【目的】探究宁夏引黄灌区稻蟹共作对土壤理化指标和微生物群落结构的影响,旨在为西北引黄灌溉地区推广稻蟹养殖提供一定的理论依据。【方法】基于土壤理化指标测定和16S rRNA基因扩增子高通量测序技术,对单一水稻种植(CK)与环沟引入蟹形成的稻蟹共作(EG)土壤理化指标和微生物群落结构进行分析。【结果】在理化指标上,4–8月EG显著提高了土壤pH、总氮和有机质含量,降低全盐含量。总氮、有效磷和有机质含量在6月和7月EG明显高于CK。在微生物群落结构特征上:EG可以明显改变土壤中细菌群落的物种多样性与丰度,其中4月和8月可以提高细菌群落的物种多样性与丰度。与CK相比,EG在4–8月门水平相对丰度排名前20的细菌累积相对丰度都高于CK,CK和EG在4–8月的最优菌门均为变形菌门(*Proteobacteria*)。在属水平上,EG提高了土壤细菌中假单胞菌属(*Pseudomonas*)的相对丰度,同时也会降低硫杆菌属(*Thiobacillus*)和鬃毛甲烷菌属(*Methanosaeta*)的相对丰度。通过比较细菌群落结构发现,引入蟹后的EG对细菌群落结构组成的影响远大于采样月的影响。相关性分析表明,TN是影响土壤细菌相对丰度的主要因子,且具有显著性差异($P < 0.05$)。【结论】与传统水稻单作(CK)相比,采样稻蟹共作(EG)增强了土壤肥力,提高了土壤中变形菌门和假单胞菌属的相对丰度,有助于提高土壤的

资助项目:国家重点研发计划(2021YFD1900603-03);宁夏高等学校一流学科建设(水利工程)项目(NXYLXK2021A03)
This work was supported by the National Key Research and Development Program of China (2021YFD1900603-03) and the Ningxia Higher Education First Class Discipline Construction (Water Conservancy Engineering) Project (NXYLXK2021A03).

*Corresponding author. E-mail: qiu_xc@nxu.edu.cn

Received: 2024-06-30; Accepted: 2024-09-04; Published online: 2024-09-06

肥力和营养循环效率，以及清洁土壤和水体中的污染物。

关键词：稻蟹共作；理化因子；群落结构；丰度

Rice-crab co-culture influences microbial community structure and physicochemical indicators of soil in the Yellow River irrigation area of Ningxia

XU Cheng¹, NI Cheng¹, QIU Xiaocong^{2*}, WANG Kai¹, YUAN Jinlong³

1 School of Civil and Hydraulic Engineering, Ningxia University, Yinchuan 750021, Ningxia, China

2 School of Life Sciences, Ningxia University, Yinchuan 750021, Ningxia, China

3 Hubei University of Automotive Technology, Shiyuan 442002, Hubei, China

Abstract: [Objective] To explore the effects of rice-crab co-culture on physicochemical indicators and microbial community structure of soil in the Yellow River irrigation area of Ningxia and thus provide a theoretical basis for promoting rice-crab farming in the Yellow River irrigation area in northwest China. [Methods] The physicochemical indicators of soil were measured, and high-throughput sequencing of 16S rRNA gene amplicons was employed to reveal the microbial community structure in the fields with only rice planting (CK) and rice-crab co-culture (EG) by introduction of crabs into the ditches around rice plots. [Results] EG had higher soil pH, total nitrogen (TN), and soil organic matter (SOM) and lower total salt content than CK from April to August. The TN, available phosphorus (AP), and SOM in EG were significantly higher than those in CK in June and July. In terms of microbial community structure characteristics, EG significantly altered the bacterial community structure in soil, increasing the bacterial diversity and abundance in April, and August. EG had higher cumulative relative abundance of the top 20 bacterial phyla than CK from April to August. The dominant phylum of both CK and EG from April to August was *Proteobacteria*. At the genus level, EG increased the relative abundance of *Pseudomonas* and decreased the relative abundance of *Thiobacillus* and *Methanosaeta*. The comparison showed that EG had stronger effect on the bacterial community structure than the sampling month. Correlation analysis shows that TN is the main factor affecting the relative abundance of soil bacteria, and it is significant ($P < 0.05$). [Conclusion] Compared with traditional rice monoculture (CK), sampling rice crab intercropping (EG) enhances soil fertility, increases the relative abundance of *Proteobacteria* and *Pseudomonas* in the soil, and helps improve soil fertility and nutrient cycling efficiency, as well as clean up pollutants in soil and water bodies.

Keywords: rice-crab co-culture; physicochemical factors; community structure; abundance

21 世纪初, 稻蟹共作在我国湖北、湖南、江西等长江中下游地区得到推广^[1], 之后又形成了稻蟹、稻鸭、稻鳖等多种养殖模式。其中, 稻蟹共作是一种在稻田的台田种水稻, 环沟养蟹的复合型模式。该模式在保证水稻产量及产出优质蟹的基础上, 能够实现促进经济、提升品质、改善环境的功能^[2-3]。

在稻蟹共作的土壤生态系统中, 细菌对改善土壤理化指标、调节土壤环境、物质循环等方面起着重要作用^[4-6], 因此细菌常被视为主要研究对象^[7]。目前稻蟹共作的研究主要集中在稻蟹共作对理化指标及其对浮游植物的影响。如黄明蔚等^[8]研究表明, 相较于常规稻田, 养蟹稻田可增加稻田水体中的氮素浓度。张怡彬等^[9]指出该模式可有效降低稻田系统 N_2O 和 CH_4 排放。顾芸等^[10]对稻蟹共作研究表明, 灌溉鱼塘尾水稻蟹田的浮游植物群落结构更加完善与稳定。关于稻蟹共作对土壤微生物群落结构及理化因子的研究, 刘金雨等^[11]指出稻蟹共作能够在一定程度上改变稻田的土壤细菌群落结构, 增加土壤细菌的丰富度和多样性; 陈奇等^[12]研究发现稻蟹共作模式能够增加土壤细菌的丰富度和多样性的同时还提高了水稻和河蟹的产量。目前关于稻蟹共作模式对微生物群落结构的研究较少, 且主要集中在我国东北及沿海地区。因此开展西北引黄灌区稻蟹共作对土壤理化指标及微生物群落结构的研究存在一定必要性。

宁夏引黄灌区是传统水稻种植与水产养殖基地, 素有“塞上江南鱼米之乡”之称。本研究选取宁夏贺兰县光明村水稻种植基地, 基于土壤理化指标测定和 16S rRNA 基因扩增子高通量测序技术, 采用相关性分析及非度量多维排列(non-metric multidimensional scaling, NMDS)等方法对单一水稻种植(CK)与环沟引入蟹形成的稻蟹共作(EG)土壤理化指标和微生物群落结

构差异分析, 以期探明稻蟹共作模式对台田土壤理化指标及微生物群落结构的影响, 为西北引黄灌溉地区推广稻蟹养殖提供一定的理论依据。

1 材料与方 法

1.1 实验设计

试验基地位于宁夏贺兰县(38°26′–38°48′N, 105°53′–106°36′E)。稻蟹共作田的四周, 沿着边缘, 均开挖出一条深约 1.8 m, 宽 2 m 的圆形凹槽, 以便在稻田水太浅时为螃蟹提供庇护。环沟和田面连接处设有 20–30 cm 高的田埂, 以降低农药对蟹的影响, 田埂上挖开有豁口, 便于蟹进田和水体交换。稻田种植水稻为秋优 88, 养殖对象为江苏金源江蟹。水稻于 2022 年 5 月完成播种, 6 月 1 日投放江蟹, 水稻播种量为 262.5 kg/hm², 蟹的投放量为 225 kg/hm²。水稻直播后施加水稻专用复合肥施可丰 17-18-19, 在水稻种植初期的施加量为 525 kg/hm²。在 4–8 月整个实验周期保证播种前的整地、后期的施肥量和灌溉用水都按统一的标准实施, 保证 CK 与 EG 土壤翻耕深度、每亩施肥量和灌溉水量相同。

选取 A、B 和 C 三块稻蟹共作稻田(EG)和传统单一水稻种植的 D、E 和 F 三块稻田(CK)为研究对象。在每块试验田中央等间距分别选取 4 个采样点, 对每个采样点表层土壤进行采集(0–20 cm), 采样点布置见图 1。对每个稻田各 4 个样品进行等量混合形成新的实验样品, 对应编号为 A、B 和 C, 以及编号 D、E 和 F。

1.2 样品采集

土壤样品采集工作在 2022 年 4–8 月进行, 土壤样品检测理化指标 2 种, 营养元素指标 5 种, 共检测指标 7 种, 分别为 pH、全盐(total salt, TDS)、全氮(total nitrogen, TN)、全磷(total phosphorus, TP)、全钾(total potassium, TK)、有效磷(effective phosphorus, AP)和有机质(organic matter, SOM)。

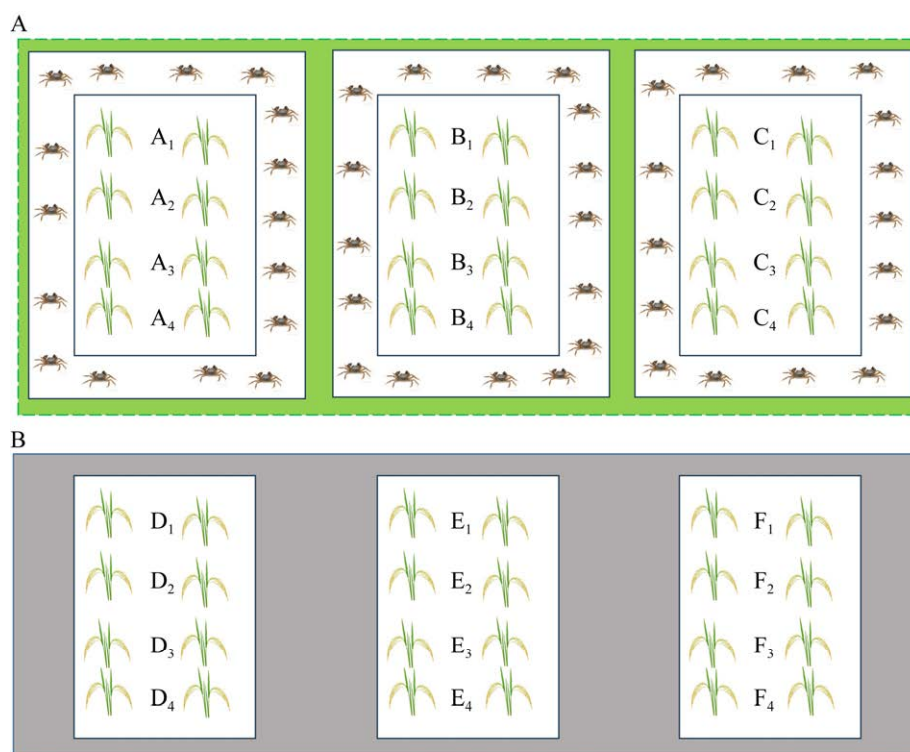


图 1 试验田采样点布置

Figure 1 Layout of sampling points in the experimental field. A: Rice crab intercropping (EG). B: Single rice cultivation (CK). A_n , B_n , C_n , D_n , E_n , and F_n are sampling point numbers.

1.3 DNA 提取与高通量测序

对用于细菌分析的土壤样品进行 16S rRNA 基因扩增子测序^[13-14], 对变异区域进行 PCR 扩增, 并对高变区进行测序分析和菌种鉴定^[15]. 构建小片段文库, 基于 Illumina NovaSeq 测序平台对该文库进行双末端测序, 经过 Reads 拼接过滤, 操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU)聚类, 进行物种注释。

1.4 数据分析与制图

使用 Excel 2021 和 SPSS 27.0 对理化指标数据和土壤微生物丰度数据统计整理, 采用单因素 ANOVA 检验方法进行显著性分析。利用 Mothur 软件计算细菌群落 Chao1 指数和 Shannon 指数分析群落 α 多样性。利用 Origin 2022 绘制雷达图、柱状图和柱形堆积图。采用 Bray-Curtis

距离分析群落多样性, 使用 R 语言 vegan 包和 ANOSIM 包进行细菌群落结构组成的 ANOSIM 分析, 运用非度量多维尺度分析(NMDS)基于 OTUs 水平研究细菌群落组成的相似性或差异性, R 语言绘制 NMDS 分析图^[16]。使用 CANOCO 5.0 进行冗余分析(redundancy analysis, RDA)得出冗余分析图^[17]。利用 Origin 2022 添加 heat map APP 包绘制物种与土壤理化因子关联热图。

2 结果与分析

2.1 土壤物理化学性质

对 CK 和 EG 种养模式的 7 组土壤理化指标进行了测定, 结果表明 EG 土壤 pH 明显高于 CK (图 2), 4-8 月 pH 值分别升高了 0.39、0.25、0.66、0.59 和 0.58, 特别是在 6 月 pH 升高了

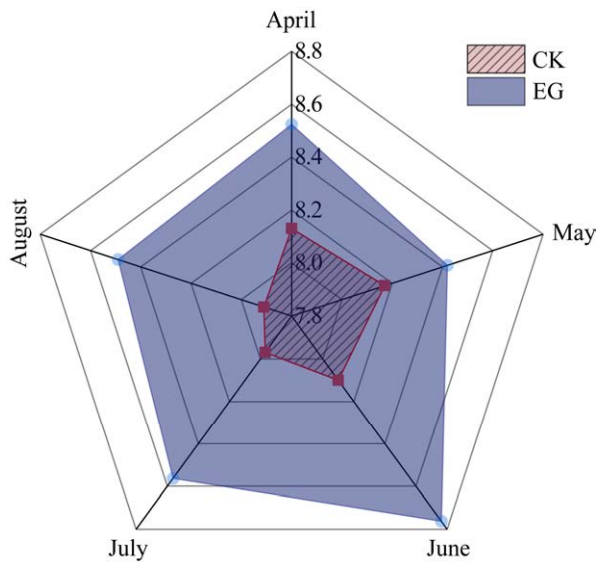


图 2 不同月份土壤 pH 的变化特征

Figure 2 The variation characteristics of soil pH in different months.

8.1%; 通过对 EG 与 CK 不同月土壤全盐、全氮、全磷、全钾、有效磷和有机质的比较(图 3), EG 土壤全盐含量在 4-8 月处于下降趋势, 而 CK 先降低后升高, 且 CK 全盐含量始终高于 EG; 全氮和有机质含量在 4-8 月 EG 都高于 CK; 而 CK 与 EG 全钾含量除 7 月外, 其他月差异不大; 总氮、有效磷和有机质含量在 6 月和 7 月 EG 明显高于 CK。

对 CK 和 EG 理化因子进行显著性分析(图 4), 结果表明 EG 理化因子间的显著性和相关系数较 CK 发生显著变化。pH 与 TDS 由 CK 的显著性变为 EG 的不显著, 但 SOM 与 AP 和 TP 由不显著变为显著, 同时与 CK 相比, EG 中 SOM 与 TDS、TN、TP、AP 和 TK 的正负相关性发生改变。在 EG 中 SOM 与其他理化因子显著性得到提高, 且相关系数绝对值也增大。总体上与 CK 相比, EG 改变了理化因子之间的正负相关性及相关性系数, 同时显著性 CK 仅有 1 个, 而 EG 有 2 个。

2.2 土壤细菌群落的多样性分析

Chao1、Faith_pd、Observed 和 Shannon 指数是反映微生物群落丰富度和多样性的重要指标。6 块试验田不同月土壤细菌的 Chao1、Faith_pd、Observed 和 Shannon 指数见图 5, CK 与 EG 不同月的 Chao1、Faith_pd、Observed 和 Shannon 指数见表 1。根据图 5 中 Chao1、Faith_pd、Observed 和 Shannon 指数随时间的变化规律表明: 4 月 CK 和 EG 物种多样性与丰度高于其他 4 个月, 在 5 月 EG 物种多样性与丰度最低。由表 1 可知, CK 与 EG 的 Chao1、Faith_pd、Observed 和 Shannon 指数在 4-8 月份存在一定差异, 6 月 CK 与 EG 对应的 4 个 α 多样性指数差异不大, 5 月 CK 与 EG 对应的 4 个多样性指数差异最大, 且 EG 的 α 多样性指数远小于 CK, 从而导致 5 月 CK 的物种多样性指数远高于 EG。通过 CK 与 EG 在 4-8 月物种多样性指数变化表明稻田环沟引入蟹后可以明显改变土壤中细菌群落的物种多样性与丰度, 其中 4 月和 8 月可以提高细菌群落的物种多样性与丰度, 5 月降低细菌群落的物种多样性, 而 6 月对细菌群落的物种多样性与丰度的影响不明显。

2.3 细菌群落结构组成

2.3.1 门水平分类下土壤细菌群落结构组成

在门水平下, 将试验田 CK 和 EG 在 4-8 月相对丰度排名前 20 的土壤细菌绘制柱形图(图 6A)。细菌群落主要由变形菌门 (*Proteobacteria*, 96.64%-23.19%)、拟杆菌门 (*Bacteroidetes*, 19.85%-0.35%)、脱硫杆菌门 (*Desulfobacterota*, 17.48%-0.01%)、放线菌门 (*Actinomycetota*, 10.99%-0.79%)、绿屈挠菌门 (*Chloroflexi*, 10.84%-0.21%)、厚壁菌门 (*Firmicutes*, 8.75%-0.65%)、出芽单胞菌门 (*Gemmatimonadota*, 7.17%-0.81%)、酸杆菌门 (*Acidobacteria*, 5.02%-0.32%)、蓝菌门 (*Cyanobacteria*, 4.35%-0.01%)

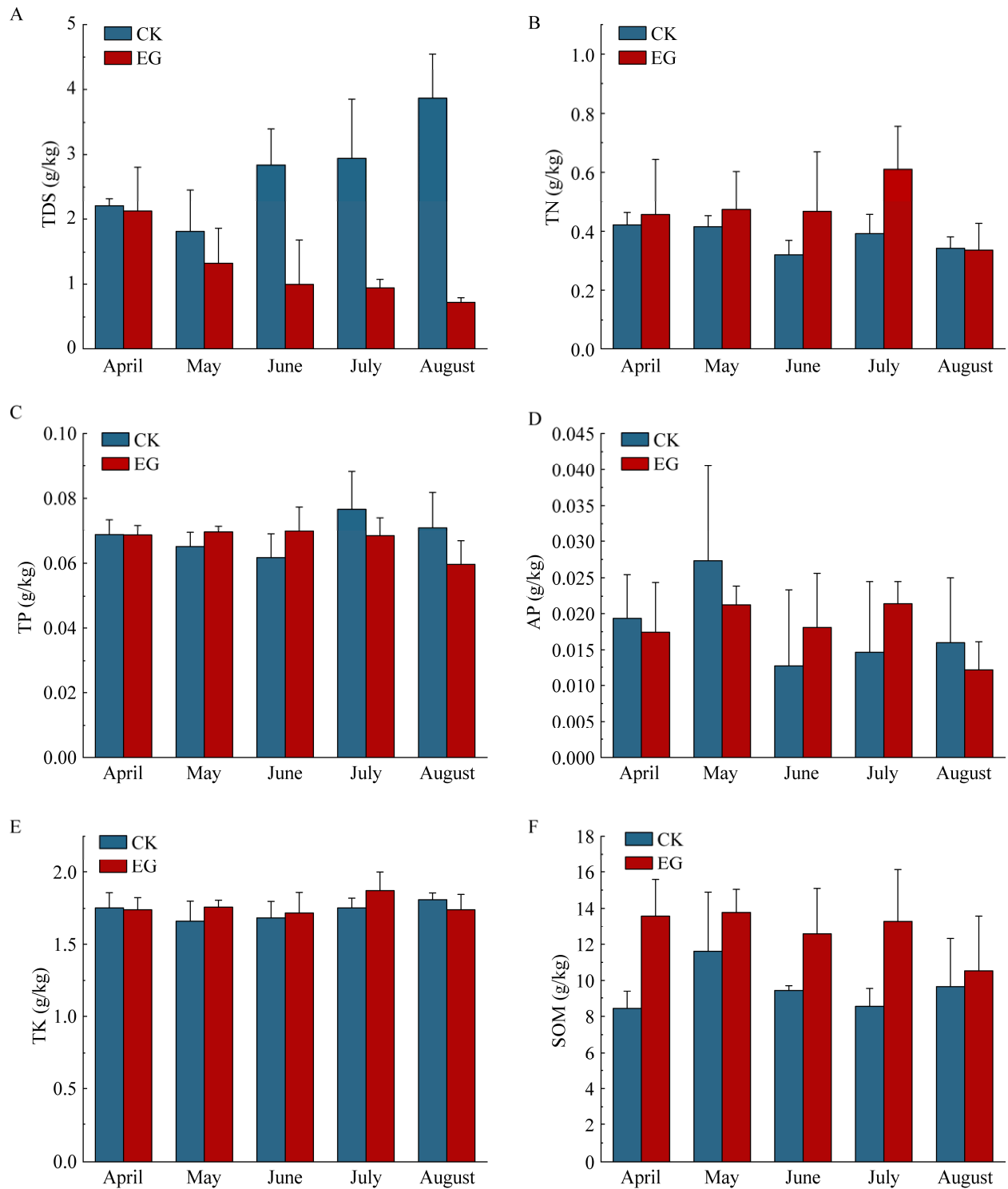


图 3 不同月份 CK 和 EG 组土壤 6 种理化指标的变化特征

Figure 3 The variation characteristics of six physical and chemical indicators in soil of CK and EG groups in different months. A: Total salt content. B: Total nitrogen content. C: Total phosphorus content. D: Effective phosphorus content. E: Total potassium content. F: Organic matter content.

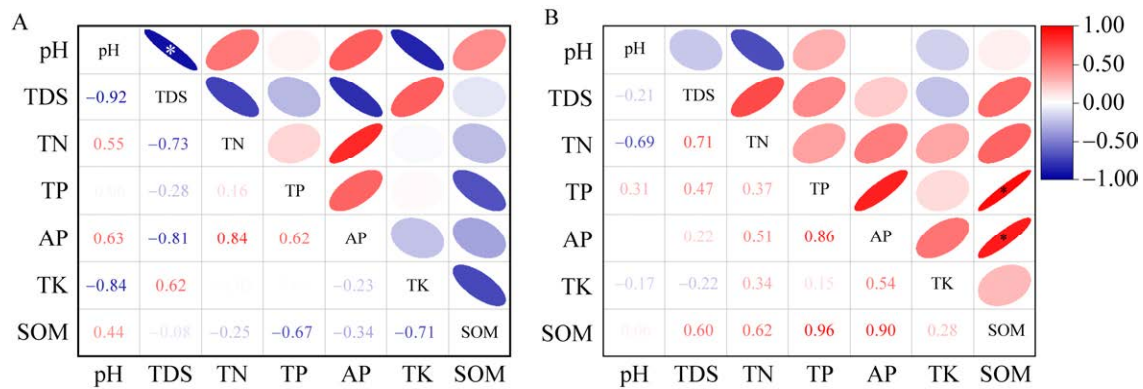


图 4 土壤理化因子相关性分析

Figure 4 Correlation analysis of soil physicochemical factors. A: CK group physical and chemical index correlation heatmap. B: Correlation heatmap of EG group physical and chemical indicators. * represents the significant level of interaction effects between different physicochemical factors ($* P < 0.05$). TDS: Total salt; TN: Total nitrogen; TP: Total phosphorus; AP: Effective phosphorus; TK: Total potassium; SOM: Organic matter.

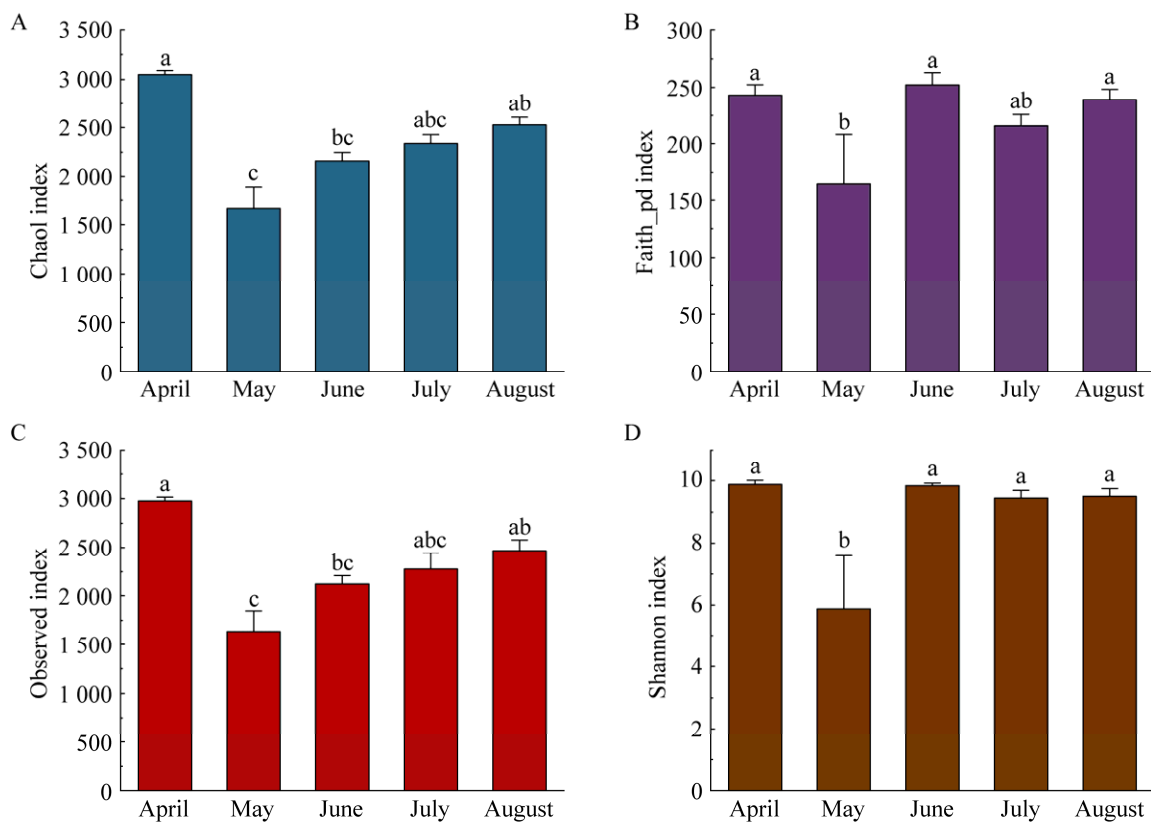
图 5 不同月份试验田土壤细菌群落 α 多样性指数

Figure 5 Soil bacterial communities in experimental fields in different months alpha diversity index. A: Chaol index. B: Faith_pd index. C: Observed index. D: Shannon index. Different letters represent significant differences at the $P < 0.05$ level. The error bar represents the standard error of the corresponding index for different months.

表 1 不同月份试验田土壤细菌群落 α 多样性指数

月	Chao1 index		Faith_pd index		Observed index		Shannon index	
	CK	EG	CK	EG	CK	EG	CK	EG
April	2 985.58±47.44b	3 114.06±46.39ab	241.39±13.20c	244.78±16.10c	2 925.67±55.74b	3 022.67±52.10a	10.00±0.17d	9.73±0.23d
May	2 819.66±211.05a	506.33±48.21b	260.71±10.39bc	69.13±6.93c	2 766.33±202.53a	504.33±47.16b	9.72±0.26c	2.03±0.05c
June	2 161.26±112.55a	2 153.77±164.07a	245.80±13.91b	258.56±18.73b	2 128.67±109.21a	2 119.00±160.63a	9.75±0.14b	9.93±0.04b
July	2 439.55±358.40a	2 229.13±89.39a	225.58±15.77b	206.10±12.62b	2 375.00±346.41a	2 178.67±86.80a	9.53±0.42b	9.35±0.34b
August	2 289.89±58.66b	2 765.31±90.17a	219.75±3.54c	258.78±5.40c	2 240.67±54.83b	2 696.00±84.36a	9.50±0.20d	9.51±0.51d

Different lowercase letters represent significant differences at the $P<0.05$ level.

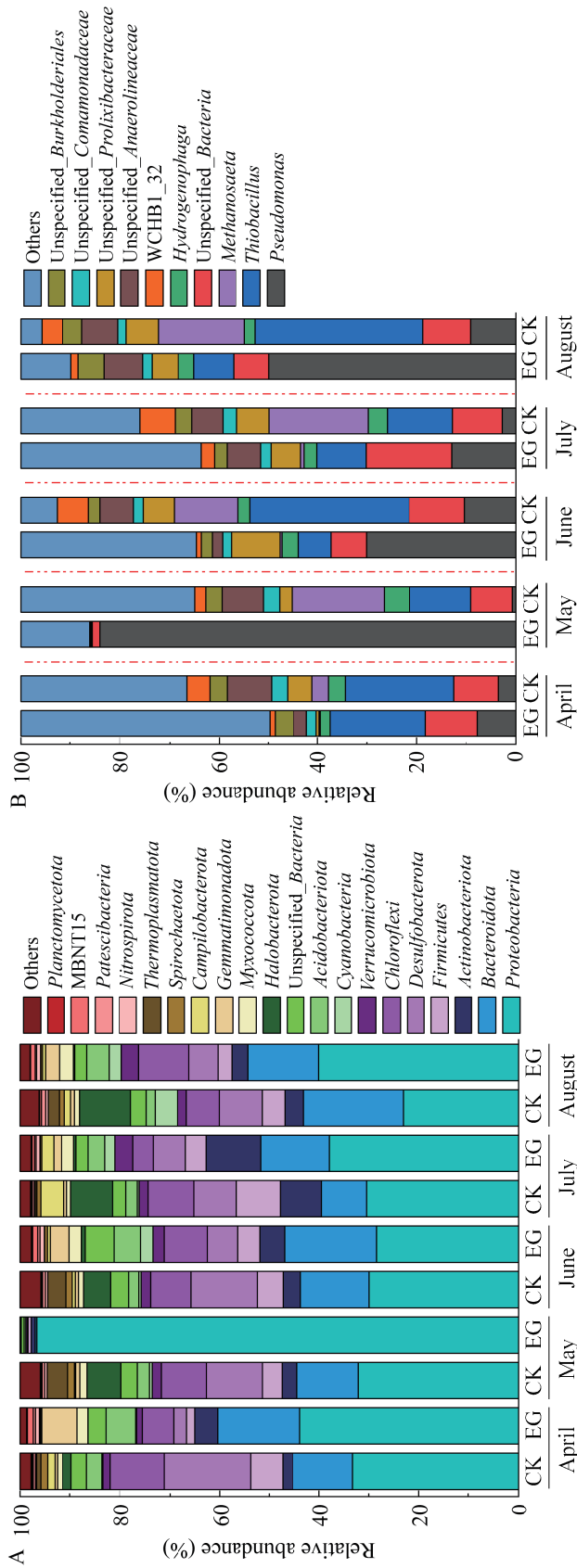


图 6 不同月份土壤细菌群落相对丰度

Figure 6 Relative abundance of soil bacterial communities in different months. A: The top 10 phyla in terms of relative abundance at the phylum level. B: Top 10 bacterial genera with relative abundance at the genus level.

和疣微菌门(*Verrucomicrobiota*, 3.49%–0.02%)、等构成。其中最优势菌门为变形菌门, 较优势菌门为拟杆菌门和脱硫杆菌门。

CK 与 EG 的优势菌门具有显著的差异。CK 在 4–8 月优势菌门为变形菌门、拟杆菌门、脱硫杆菌门和绿弯菌门, 其中变形菌门相对丰度处于绝对优势, 但在 4–8 月变形菌门的相对丰度呈现下降趋势。EG 在 4–8 月变形菌门相对丰度处于绝对优势, 在 5 月其相对丰度最高(96.64%), 绿弯菌门在 4–8 月其相对丰度呈现增加趋势(除 5 月外)。与 CK 相比, 引入蟹后的 EG 在 4–8 月相对丰度排名前 20 的细菌累积相对丰度都高于 CK, 说明引入蟹后能明显改变稻田土壤微生物群落结构和物种丰度。

对相对丰度前 10 的细菌进行相关性分析, 研究表明变形菌门与其菌门呈现负相关关系, 与拟杆菌门、脱硫杆菌门和厚壁菌门的相关系数分别为-0.608、-0.541 和-0.602, 且呈现显著性差异($P<0.05$)。除变形菌门外, 拟杆菌门与其他菌门呈现正相关关系, 与疣微菌门、蓝细菌门和酸杆菌门的相关系数分别为 0.385、0.422 和 0.417, 都呈现显著性差异($P<0.05$)。

2.3.2 属水平分类下土壤细菌群落结构组成

在属水平下, 将试验田 EG 与 CK 在 4–8 月相对丰度排名前 10 的土壤细菌绘制柱形图(图 6B)。试验田土壤细菌群落相对丰度前 10 的细菌属分别为 *Pseudomonas* (84.11%–2.69%)、*Thiobacillus* (33.18%–0.31%)、*Methanosaeta* (20.12%–0.14%)、*Unspecified_Bacteria* (17.18%–1.55%)、*Unspecified_Prolixibacteraceae* (9.87%–0.02%)、*Unspecified_Anaerolineaceae* (9.06%–0.07%)、*WCHB1_32* (7.02%–0.07%)、*Hydrogenophaga* (5.21%–0.25%)、*Sphingomonadaceae* (5.19%–0.05%)、*Unspecified_Burkholderiales* (5.06%–0.05%) 和 *Unspecified_Comamonadaceae* (3.28%–0.01%)。CK 与 EG 土

壤细菌群落结构存在一定的相关性也有各自特征。4–8 月 EG 中 *Pseudomonas* 相对丰度始终高于 CK, 且 EG 中 *Pseudomonas* 相对丰度一直处于较高水平, 特别在 5–7 月。CK 中相对丰度较高的菌属为 *Thiobacillus*、*Unspecified_Bacteria*、*Methanosaeta* 和 *WCHB1_32* 菌属。在 4–8 月 EG 中 *Thiobacillus* 的相对丰度都低于 CK。通过 CK 与 EG 属水平排名前 10 的菌属相对丰度对比表明, 引入蟹后会提高 EG 土壤细菌中 *Pseudomonas* 菌属的相对丰度, 同时也会降低 *Thiobacillus* 和 *Methanosaeta* 菌属的相对丰度。

2.4 细菌群落结构比较

利用基于 Bray-Curtis 距离的 NMDS 方法评估不同种养模式及不同月土壤细菌群落的相似性, 结果见图 7。Stress<0.2 表明图形具有较好的表现意义, $R>0$ 表示分组有效, $P<0.05$ 为显著性差异, 椭圆是质心周围的 95% 置信区间。由图 8 可知, ANOSIM 统计检验显示, CK 与 EG 土壤细菌群落的组成存在显著差异 (Stress=0.080<0.2, P -value=0.001, $R=0.706$), 同时 CK 和 EG 土壤细菌群落与不同采样月有显著差异 (Stress=0.080<0.2, P -value=0.014, $R=0.176$)。结果表明引入蟹后对细菌群落结构组成的影响远大于采样月的影响。

2.5 不同种养模式下土壤微生物群落结构与理化因子的相关性

采用冗余分析(RDA)对试验田土壤理化因子和土壤细菌门水平主要物种进行关联分析。通过计算方差膨胀因子系数 VIF 值, 表明 7 个理化因子膨胀系数均小于 5。在门水平上将理化因子与土壤排名前 10 的优势细菌群落进行 RDA 分析(图 8A)。环境因子的长度表征对土壤细菌的影响, 长度越长, 相关性越高, 影响越大; 当环境因子与菌门的夹角为余弦值时, 余弦绝对值越大, 则影响程度越高, 值为正表示

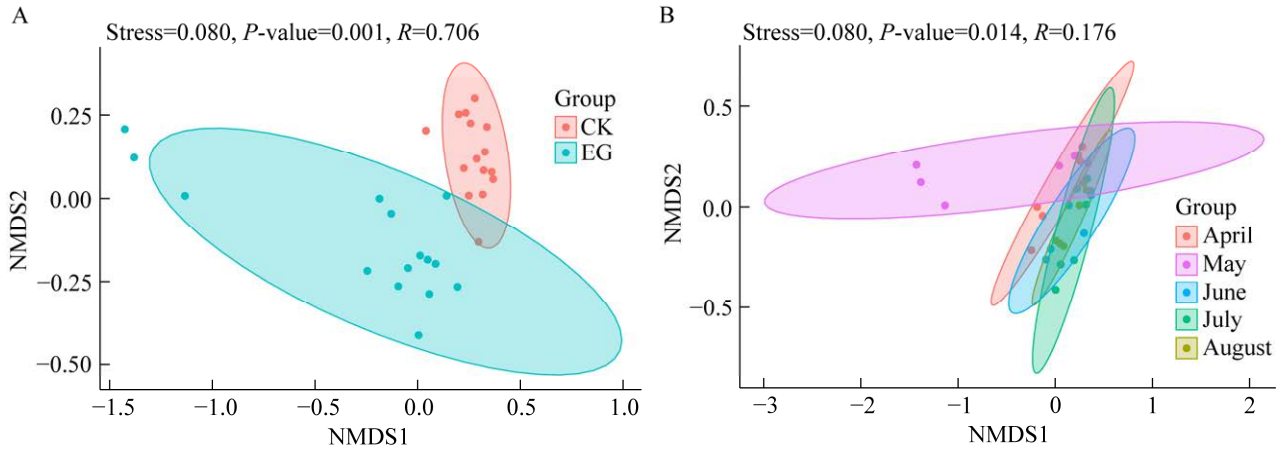


图 7 土壤细菌群落结构在不同区域和不同月份的非度量多维尺度分析(NMDS)与 ANOSIM 分析

Figure 7 Non metric multidimensional scale analysis (NMDS) and ANOSIM analysis of soil bacterial community structure in different regions and months. A: Different regions. B: Different months. Stress<0.2 indicates that it can accurately represent the degree of difference in NMDS analysis; $R>0$ indicates that the grouping is valid; $P\text{-value}<0.05$ indicates a significant difference; The ellipse has a 95% confidence interval around the center point.

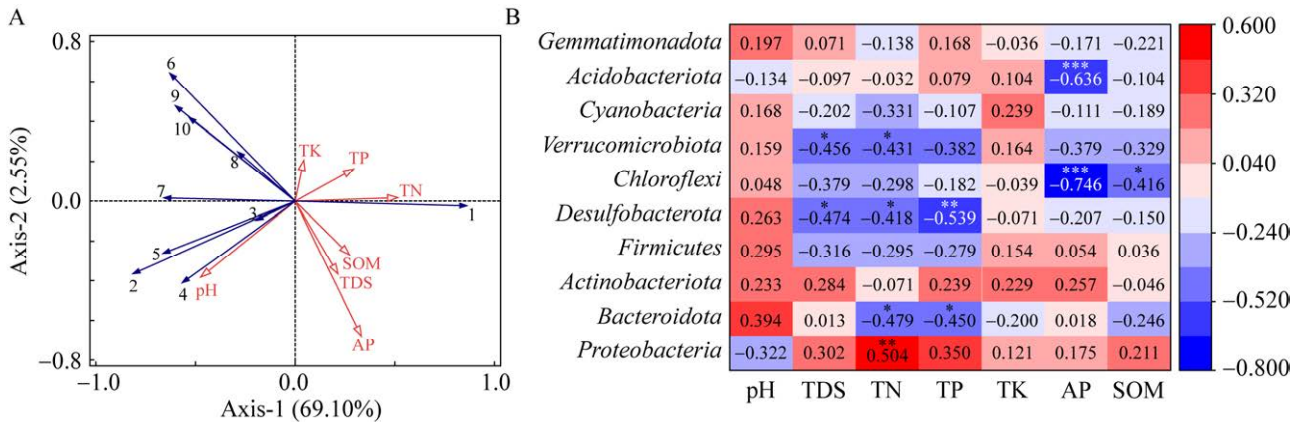


图 8 理化因子与土壤微生物群落组成(门水平)相关分析 A: RDA 分析. B: 相关性热图.

Figure 8 Correlation analysis between physical and chemical factors and soil microbial community composition (phylum level). A: RDA analysis. 1: *Proteobacteria*; 2: *Bacteroidota*; 3: *Actinobacteriota*; 4: *Firmicutes*; 5: *Desulfobacterota*; 6: *Chloroflexi*; 7: *Verrucomicrobiota*; 8: *Cyanobacteria*; 9: *Acidobacteriota*; 10: *Gemmatimonadota*. B: Correlation analysis heatmap. TDS: Total salt; TN: Total nitrogen; TP: Total phosphorus; AP: Effective phosphorus; TK: Total potassium; SOM: Organic matter. *: $P<0.05$; **: $P<0.01$; ***: $P<0.001$.

正相关, 为负表示负相关; 若正交, 则不相关。蒙特卡洛检验结果表明, TN 是影响土壤细菌群落结构变化的关键因子。

对土壤细菌群落中相对丰度排前 10 的优

势菌门与土壤理化因子进行 Spearman 相关性分析(图 8B), 结果表明所选 7 个理化因子中 TDS、TN、TP、AP 和 SOM 与相对丰度前 10 的菌门具有显著性差异, 其中 AP 与放线菌门和绿屈

挠菌门呈现极显著负相关关系($P < 0.001$), 相关系数分别为 -0.636 和 -0.746 。TN 主要影响变形菌门、拟杆菌门、脱硫杆菌门和疣微菌门, 且与它们都呈负相关关系。pH 和 TK 与相对丰度前 10 的优势菌门均无显著性差异, 与细菌主要呈正相关关系, 且与优势菌门的相关性系数 $r < 0.4$ 。

3 讨论

3.1 稻蟹共作对土壤理化因子的影响

目前对于稻蟹共作主要采用对比实验来分析研究目标^[11,18-20]。本研究在保证单一水稻种植(CK)与稻蟹共作(EG) 2 种模式的稻田单位灌溉水量、施肥量、水稻播种量及稻田耕作翻土深度都统一的条件下, 对 CK 与 EG 土壤中 7 组理化指标在 4-8 月含量变化表明: 引入蟹后 EG 中土壤 pH 升高以及 SOM 含量增加, 同时降低了全盐的含量, 其原因是蟹从环沟进入稻田中活动, 如取食、排泄、打洞等, 对土壤环境产生了影响。这些活动促进了土壤中的微生物活动, 可能改变了土壤的酸碱平衡, 从而导致 pH 值升高。蟹的这些活动有助于增加土壤中的氧气含量, 促进了好氧微生物的活动, 这些过程可能有助于提高土壤的 pH 值^[21]。此外, 稻蟹共作模式中, 养殖过程中施用的生石灰消毒措施也是导致土壤 pH 升高的一个重要原因^[22]。SOM 含量增加以及全盐含量降低的主要原因可能是蟹类在土壤中活动时, 改善土壤的结构, 增强土壤的通透性和水分保持能力、加速有机物的分解和循环, 使得有机物质更容易分解和降解, 并有利于有机质的稳定性和长期积累。蟹类的排泄物和死亡体可以成为有机物的来源, 这些有机物质经过微生物的分解作用, 最终形成更为稳定的土壤有机质, 提高土壤的有机质含量^[23]。同时蟹类的引入会增加土壤中的生物多样性,

包括微生物和其他土壤生物。这些微生物通过分解有机物质, 加速了有机质的转化和积累过程。增强土壤的通透性和水分保持能力, 有利于降低盐分的浓度, 减少盐分在土壤中的积累。以及蟹类在土壤中的排泄物和死亡体可以作为有机物质的来源, 经过分解后提供植物所需的营养元素, 促进植物的生长, 减少土壤中的盐分积累。EG 中 TN 含量升高的主要原因可能是蟹类在土壤中活动时摄食有机物和植物残体, 经过消化作用后, 排泄出含氮的有机物质和氨氮。这些有机物和氨氮可以被土壤微生物吸收和利用, 最终转化为土壤中的无机氮, 如硝酸盐和铵盐, 从而增加了土壤的总氮含量^[24]。同时水稻作为主要作物吸收土壤中的氮素, 而蟹类的活动促进了土壤中氮素的供应和循环, 有助于提高土壤中的氮素含量。水稻的根系分泌物和残体也提供了土壤中氮素的补充来源, 促进了氮循环的正常运转。此外, 引入蟹增加了土壤中的微生物生物量和多样性, 特别是氮循环相关的微生物, 如硝化细菌和还原细菌等, 这些微生物通过氧化还原反应, 促进了氮的转化和固定, 进一步提高了土壤的总氮含量。

3.2 稻蟹共作对土壤微生物多样性及群落结构的影响

土壤细菌群落多样性受季节变化影响^[25], 也受地理位置的影响^[26-28], 温度、湿度、总氮、总磷、有机质等因素均能够显著地影响细菌的群落结构^[29-30]。细菌作为稻田土壤生态系统的重要组成部分, 当采用稻蟹共作后, 其敏感性会迅速地响应^[31]。赖政等^[20]研究表明, 采用新型无环沟的稻蟹共作模式, 土壤细菌中的酸杆菌门(*Acidobacteria*)和绿屈挠菌门(*Chloroflexi*)相对丰度显著升高, 同时对土壤微生物多样性和微生物群落结构影响较明显。王蓉等^[32]研究表明影响土壤微生物数量、物种多样性和群落

结构变化主要受土壤理化因子中硝态氮、铵态氮、pH 含量的影响。

本研究对土壤细菌群落的多样性、结构组成和结构比较,根据 Chao1、Faith_pd、Observed 和 Shannon 指数表明,试验田在不同月之间群落多样性及丰富程度差异性显著。4 月和 8 月细菌群落多样性最高,6 月和 7 月次之,5 月最低。CK 与 EG 在 4–8 月物种多样性指数变化表明,稻田环沟引入蟹后可以明显改变土壤中细菌群落的物种多样性与丰度,其中 4 月和 8 月可以提高细菌群落的物种多样性与丰度,5 月降低细菌群落的物种多样性,而 6 月对细菌群落的物种多样性与丰度的影响不明显。对 CK 和 EG 在 4–8 月门水平及属水平群落结构组成分析发现:在门水平上 EG 在 4–8 月变形菌门相对丰度处于绝对优势,在 5 月其相对丰度最高(96.64%),其主要原因可能是相较于其他菌门,变形菌门相对耐高温,而其他菌门暴露下阳光下大量死亡,从而导致变形菌门相对丰度剧增。绿屈挠菌门在 4–8 月其相对丰度呈现增加趋势(除 5 月外)。与 CK 相比,引入蟹后的 EG 在 4–8 月相对丰度排名前 20 的细菌累积相对丰度都高于 CK,说明引入蟹后能明显改变稻田土壤微生物群落结构和物种丰度。在属水平上,CK 与 EG 属水平排名前 10 的菌属相对丰度对比,表明引入蟹后会提高 EG 土壤细菌中 *Pseudomonas* 菌属的相对丰度,同时也会降低 *Thiobacillus* 和 *Methanosaeta* 菌属的相对丰度。

引入蟹后 EG 土壤中变形菌门相对丰度和 *Pseudomonas* 菌属的相对丰度明显高于 CK。变形菌门具有较强的有机物降解能力,能够分解复杂的有机物质^[33],将其转化为更简单的化合物,有助于提高土壤的肥力和营养循环效率。同时变形菌可以参与有机物和重金属的降解过程,有助于减少土壤和地下水的污染程度。

Pseudomonas 菌属中的一些菌株具有生物防治潜力,能够对抗多种植物病原菌和土壤病害菌,有助于提高农作物的健康和产量。同时 *Pseudomonas* 菌属可以降解重金属和有机化合物,清洁土壤和水体中的污染物。

3.3 稻蟹共作下土壤微生物群落结构与理化因子的相关性

本研究表明变形菌门(*Proteobacteria*)是土壤微生物群落相对丰度最高的菌门,其他研究也表明稻田土壤中变形菌门也具有较高的相对丰度^[34]。研究表明,当土壤中变形菌门相对丰度增加到一定比例有利于土壤肥力的保持,同时还能间接促进植物生长^[35]。RDA 分析表明稻田土壤中相对丰度排名前 10 的细菌群落中, TN 对变形菌门(*Proteobacteria*)相对丰度影响最大,且呈正相关关系^[36]。其原因可能是变形菌与 TN 含量存在相互促进作用,当土壤 TN 含量升高时变形菌也随之增加,从而起到有固氮能力^[37]。拟杆菌门(*Bacteroidetes*)相对丰度主要受 TN 和 TP 含量的影响,且与它们呈显著性关系^[38]。其原因可能是土壤中拟杆菌门的相对丰度通常与土壤的有机质含量密切相关,而有机质的分解释放出的氮和磷则可促进拟杆菌门的生长。脱硫杆菌门(*Desulfobacterota*)相对丰度主要受 TDS、TN 和 TP 含量的影响,与 TDS、TN 和 TP 呈负相关关系,且 TP 对其影响最大。疣微菌门(*Verrucomicrobiota*)相对丰度主要受 TDS 和 TN 含量的影响。AP 主要影响蓝菌门(*Cyanobacteria*)和酸杆菌门(*Acidobacteria*)的相对丰度。SOM 主要影响蓝菌门(*Cyanobacteria*)的相对丰度。pH 和 TK 与相对丰度前 10 的菌门无显著性关系,且它们与这些菌门主要呈现正相关关系。变形菌门除与 pH 呈负相关外,与其他理化因子都呈现正相关关系; SOM 仅与变形菌门呈正相关关系,与其他菌门主要呈负相关关系。

4 结论

本研究通过对比宁夏引黄灌区传统水稻单一种植模式(CK)与稻蟹共作模式(EG) 4-8 月土壤理化指标及微生物群落结构的变化, 揭示了稻蟹共作土壤微生物群落结构特征及影响因素。研究表明, 在理化指标上, 稻蟹共作种养模式提升了整个种养周期内土壤 pH、TN 和 SOM 含量, 具有改善土壤环境、提高稻田土壤肥力的作用。在微生物群落结构特征上, 稻蟹共作下, 提升了变形菌门和假单胞菌属的相对丰度, 有助于提高土壤的肥力和营养循环效率, 提高农作物的产量, 清洁土壤和水体中的污染物。TN 是影响细菌相对丰度的主要理化因子, pH 和 TK 与门水平相对丰度排名前 10 的门均无显著性关系。

作者贡献声明

徐程: 设计论文框架、起草论文、撰写文章、修订论文; 倪成: 整理数据、收集文献; 邱小琮: 提出研究选题、设计研究方案、获取研究经费; 王凯: 整理数据、收集文献; 袁金龙: 收集文献、论文格式调整。

参考文献

- [1] 任妮, 戴红君, 张铮铮, 陆学文. 我国克氏原螯虾产业调查分析与发展对策建议[J]. 江苏农业科学, 2021, 49(19): 241-246.
REN N, DAI HJ, ZHANG CC, LU XW. Investigation and analysis of China's crayfish industry and suggestions for development[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2021, 49(19): 241-246 (in Chinese).
- [2] 曹凑贵, 蔡明历. 稻田种养生态农业模式与技术[M]. 北京: 科学出版社, 2017.
CAO CG, CAI ML. *Ecological Agriculture Model and Technology of Paddy Planting and Raising*[M]. Beijing: Science Press, 2017 (in Chinese).
- [3] 蔡晨, 李谷, 朱建强, 彭亮, 李继福, 吴启侠. 稻虾轮作模式下江汉平原土壤理化性状特征研究[J]. 土壤学报, 2019, 56(1): 217-226.
CAI C, LI G, ZHU JQ, PENG L, LI JF, WU QX. Effects of rice-crawfish rotation on soil physicochemical properties in Jianghan Plain[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2019, 56(1): 217-226 (in Chinese).
- [4] EDWARDS J, JOHNSON C, SANTOS-MEDELLÍN C, LURIE E, PODISHETTY NK, BHATNAGAR S, EISEN JA, SUNDARESAN V. Structure, variation, and assembly of the root-associated microbiomes of rice[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015, 112(8): E911-E920.
- [5] LI FB, FENG JF, ZHOU XY, XU CC, HAISSAM JIJAKLI M, ZHANG WJ, FANG FP. Impact of rice-fish/shrimp co-culture on the N₂O emission and NH₃ volatilization in intensive aquaculture ponds[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 655: 284-291.
- [6] LIANG B, YANG XY, MURPHY DV, HE XH, ZHOU JB. Fate of ¹⁵N-labeled fertilizer in soils under dryland agriculture after 19 years of different fertilizations[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2013, 49(8): 977-986.
- [7] BASHIR MA, WANG HY, SUN WT, ZHAI LM, ZHANG XS, WANG N, REHIM A, RAZA QUA, LIU HB. The implementation of rice-crab co-culture system to ensure cleaner rice and farm production[J]. *Journal of Cleaner Production*, 2021, 316: 128284.
- [8] 黄明蔚, 刘敏, 陆敏, 侯立军, 欧冬妮, 林啸. 稻麦轮作农田系统中氮素渗漏流失的研究[J]. 环境科学学报, 2007, 27(4): 629-636.
HUANG MW, LIU M, LU M, HOU LJ, OU DN, LIN X. Study on the nitrogen leaching in the paddy-wheat rotation agroecosystem[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2007, 27(4): 629-636 (in Chinese).
- [9] 张怡彬, 徐洋, 王洪媛, 王绍蓬, 翟丽梅, 刘宏斌. 稻蟹共生系统温室气体排放特征及其影响因素[J]. 农业资源与环境学报, 2022, 39(5): 931-939.
ZHANG YB, XU Y, WANG HY, WANG SP, ZHAI LM, LIU HB. Greenhouse gas emission characteristics and influencing factors of rice-crab symbiosis system[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2022, 39(5): 931-939 (in Chinese).
- [10] 顾芸, 李奎, 陈立婧, 沈玺钦, 石伟, 管卫兵. 宁夏稻蟹共生耦合系统浮游植物的群落结构[J]. 上海海洋大学学报, 2022, 31(2): 411-420.
GU Y, LI K, CHEN LJ, SHEN XQ, SHI W, GUAN

- WB. Phytoplankton community structure of rice-crab culture of integrated system in Ningxia[J]. *Journal of Shanghai Ocean University*, 2022, 31(2): 411-420 (in Chinese).
- [11] 刘金雨, 张瑞, 罗亮, 王世会, 郭坤, 白庆利, 徐伟, 赵志刚. 不同稻蟹共作模式下寒区稻田土壤微生物的高通量测序研究[J]. *水产学杂志*, 2023, 36(5): 118-124, 130.
LIU JY, ZHANG R, LUO L, WANG SH, GUO K, BAI QL, XU W, ZHAO ZG. High-throughput sequencing of soil microorganisms in paddy fields under different rice crab co-cropping models in cold region[J]. *Chinese Journal of Fisheries*, 2023, 36(5): 118-124, 130 (in Chinese).
- [12] 陈奇, 王妹, 蔡新华. ETS 微生物菌肥对养蟹稻田水环境及稻蟹产量的影响[J]. *渔业现代化*, 2017, 44(2): 20-24.
CHEN Q, WANG M, CAI XH. Effects of ETS microbial fertilizer on water environment and total yield of rice-crab fields[J]. *Fishery Modernization*, 2017, 44(2): 20-24 (in Chinese).
- [13] ZHAO RZ, ZHANG WJ, ZHAO ZF, QIU XC. Determinants and assembly mechanism of bacterial community structure in Ningxia section of the Yellow River[J]. *Microorganisms*, 2023, 11(2): 496.
- [14] 刘晶晶, 李金花, 季燕, 靳三玲, 王旭, 刁兆岩, 关潇. 辉河湿地河岸带土壤微生物群落组成与土壤理化关系[J]. *草地学报*, 2023, 31(5): 1393-1405.
LIU JJ, LI JH, JI Y, JIN SL, WANG X, DIAO ZY, GUAN X. Relationship between soil microbial community composition and soil physicochemical properties in riparian zone of Huihe wetland[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2023, 31(5): 1393-1405 (in Chinese).
- [15] 田爽, 吴双, 李欣, 廖国燕, 杜云婷, 陈光. 基于 16S rDNA 高通量测序探讨肠道菌群对疟原虫感染小鼠的保护性作用[J]. *中国人兽共患病学报*, 2023, 39(2): 99-106.
TIAN S, WU S, LI X, LIAO GY, DU YT, CHEN G. Investigation of protective research of gut microbiome on *Plasmodium* infection mice by 16S rDNA high-throughput sequencing[J]. *Chinese Journal of Zoonoses*, 2023, 39(2): 99-106 (in Chinese).
- [16] 何中声, 谷新光, 江蓝, 徐道炜, 刘金福, 李文周, 陈文伟. 戴云山南坡不同海拔森林土壤优势细菌群落特征及影响因素[J]. *北京林业大学学报*, 2022, 44(7): 107-116.
HE ZS, GU XG, JIANG L, XU DW, LIU JF, LI WZ, CHEN WW. Characteristics and its influencing factors of forest soil dominant bacterial community in different elevations on the southern slope of Daiyun Mountain, Fujian Province of Eastern China[J]. *Journal of Beijing Forestry University*, 2022, 44(7): 107-116 (in Chinese).
- [17] 王东伟, 陈永进, 周彦锋, 张敏莹, 俞振飞. 淮河流域种质资源保护区浮游植物功能群演替特征及其驱动因子[J]. *生态学杂志*, 2023, 42(11): 2646-2654.
WANG DW, CHEN YJ, ZHOU YF, ZHANG MY, YU ZF. Succession characteristics and driving factors of phytoplankton functional groups in the germplasm resources reserve of middle reaches of Huaihe River[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2023, 42(11): 2646-2654 (in Chinese).
- [18] 朱秀秀, 彭成林, 倡国涵, 沙爱华, 袁家富, 赵书军, 徐大兵. 稻虾共作模式对稻田土壤细菌群落结构与多样性的影响[J]. *土壤通报*, 2021, 52(5): 1121-1128.
ZHU XX, PENG CL, SI GH, SHA AH, YUAN JF, ZHAO SJ, XU DB. Effect of rice-crayfish integrated system on soil bacterial community structure and diversity in paddy field[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2021, 52(5): 1121-1128 (in Chinese).
- [19] 徐涛, 刘方平, 倪才英, 谢亨旺, 苏甜, 梁举, 李娜, 田威. 稻蟹共生体系中不同施肥类型对水稻产量和品质的影响[J]. *江苏农业科学*, 2021, 49(14): 61-65.
XU T, LIU FP, NI CY, XIE HW, SU T, LIANG J, LI N, TIAN W. Effect of different culture densities on rice yield and quality in co-cultivation of rice and turtle[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2021, 49(14): 61-65 (in Chinese).
- [20] 赖政, 肖力婷, 赖胜, 杨慧林, 倪才英, 阳文静, 简敏菲. 稻虾种养新模式对稻田土壤肥力和微生物群落结构的影响[J]. *土壤学报*, 2023, 60(6): 1788-1798.
LAI Z, XIAO LT, LAI S, YANG HL, NI CY, YANG WJ, JIAN MF. Effects of a new rice-shrimp farming model on soil fertility and microbial community structure in paddy field[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2023, 60(6): 1788-1798 (in Chinese).
- [21] 罗衡, 赵良杰, 李丰, 郭海松, 沈竑, 刘其根. 养殖蟹的引入对稻田土壤细菌群落结构的影响[J]. *水产学报*, 2018, 42(5): 720-732.
LUO H, ZHAO LJ, LI F, GUO HS, SHEN H, LIU QG. Effects of the introduction of cultured turtle on soil bacterial community structure in paddy field[J]. *Journal of Fisheries of China*, 2018, 42(5): 720-732 (in Chinese).

- [22] 胡敏, 向永生, 鲁剑巍. 石灰用量对酸性土壤 pH 值及有效养分含量的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2017(4): 72-77.
HU M, XIANG YS, LU JW. Effects of lime application rates on soil pH and available nutrient content in acidic soils[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2017(4): 72-77 (in Chinese).
- [23] 郝柳柳, 代梨梨, 彭亮, 陈思媛, 陶玲, 李谷, 张辉. 稻虾种养系统水稻根际土壤活性有机碳、微生物群落结构及其相互关系[J]. 浙江农业学报, 2023, 35(12): 2901-2913.
HAO LL, DAI LL, PENG L, CHEN SY, TAO L, LI G, ZHANG H. Active organic carbon, microbial community structure and their relationship in rice rhizosphere soil of rice-crayfish co-culture systems[J]. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2023, 35(12): 2901-2913 (in Chinese).
- [24] 徐瑞蔓, 李茜, 孙宇, 陈迪, 赵洪颜, 袁旭峰, 朴仁哲. 食用菌菌糠堆肥发酵特性及腐熟进程[J]. 中国农业大学学报, 2022, 27(3): 181-193.
XU RM, LI X, SUN Y, CHEN D, ZHAO HY, YUAN XF, PIAO RZ. Fermentation characteristics and decay process of edible fungi and bran composting[J]. Journal of China Agricultural University, 2022, 27(3): 181-193 (in Chinese).
- [25] 牛漾聃, 袁瑞强. 调水和季节变化对河流沉积物古菌群落的影响[J]. 中国环境科学, 2020, 40(3): 1294-1304.
NIU YD, YUAN RQ. Effects of water diversion and seasonal change on Archaea community in river sediments[J]. China Environmental Science, 2020, 40(3): 1294-1304 (in Chinese).
- [26] 李雨桐, 杨杉, 张艺, 范例, 刘坤, 张晟. 不同地区土壤古菌群落对重金属污染的响应[J]. 环境科学, 2021, 42(9): 4481-4488.
LI YT, YANG S, ZHANG Y, FAN L, LIU K, ZHANG S. Response of soil archaeal community to heavy metal pollution in different typical regions[J]. Environmental Science, 2021, 42(9): 4481-4488 (in Chinese).
- [27] 殷婷婷, 温洪宇, 袁振亚, 王秀颖, 王国振. 青海湖与中国内陆盐湖古菌群落组成的比较[J]. 微生物学报, 2017, 57(10): 1471-1480.
YIN TT, WEN HY, YUAN ZY, WANG XY, WANG GZ. Comparison of archaeal community composition between Qinghai Lake and other salt lakes in China[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2017, 57(10): 1471-1480 (in Chinese).
- [28] 陈文轩, 李茜, 王珍, 孙兆军. 中国农田土壤重金属空间分布特征及污染评价[J]. 环境科学, 2020, 41(6): 2822-2833.
CHEN WX, LI Q, WANG Z, SUN ZJ. Spatial distribution characteristics and pollution evaluation of heavy metals in arable land soil of China[J]. Environmental Science, 2020, 41(6): 2822-2833 (in Chinese).
- [29] ZHU HZ, ZHANG ZF, ZHOU N, JIANG CY, WANG BJ, CAI L, LIU SJ. Diversity, distribution and co-occurrence patterns of bacterial communities in a Karst cave system[J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10: 1726.
- [30] GU YF, WANG YY, LU SE, XIANG QJ, YU XM, ZHAO K, ZOU LK, CHEN Q, TU SH, ZHANG XP. Long-term fertilization structures bacterial and archaeal communities along soil depth gradient in a paddy soil[J]. Frontiers in Microbiology, 2017, 8: 1516.
- [31] 赵翔刚, 罗衡, 刘其根, 赵良杰, 蔡林荣, 戴亮亮, 张真. 稻田养殖沙塘鳢对稻田水体及底泥微生物群落结构及多样性的影响[J]. 淡水渔业, 2017, 47(4): 8-14.
ZHAO XG, LUO H, LIU QG, ZHAO LJ, CAI LR, DAI LL, ZHANG Z. Influence of the cultured *Odontobutis obscurus* to the microbial community structure and diversity in rice-fish system[J]. Freshwater Fisheries, 2017, 47(4): 8-14 (in Chinese).
- [32] 王蓉, 朱杰, 金涛, 刘章勇. 稻虾共作模式下稻田土壤氨氧化微生物丰度和群落结构的特征[J]. 植物营养与肥料学报, 2019, 25(11): 1887-1899.
WANG R, ZHU J, JIN T, LIU ZY. Characteristics of ammonia oxidation microbial abundance and community structure in paddy soils of rice-crayfish symbiosis farming system[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2019, 25(11): 1887-1899 (in Chinese).
- [33] 谭华, 靳旭妹, 蔡明明, 陈慧敏, 陈嘉轩, 龙明秀. 生草对关中地区有机猕猴桃园土壤理化性质及细菌群落的影响[J]. 草地学报, 2024, 32(3): 667-676.
TAN H, JIN XM, CAI MM, CHEN HM, CHEN JX, LONG MX. Effects of cover crops on soil physical and chemical properties and bacterial communities in organic kiwifruit orchards in Guanzhong area of China[J]. Acta Agrestia Sinica, 2024, 32(3): 667-676 (in Chinese).

- [34] 徐可, 陆嘉惠, 李新, 张迦得, 罗加粉, 郑雪荣. 不同盐渍化生境野生乌拉尔甘草土壤细菌群落结构及功能预测分析[J]. 微生物学报, 2024, 64(5): 1550-1566.
XU K, LU JH, LI X, ZHANG JD, LUO JF, ZHENG XR. Composition and functions of soil bacterial communities of wild *Glycyrrhiza uralensis* Fisch. in habitats with different degrees of salinization[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2024, 64(5): 1550-1566 (in Chinese).
- [35] CHAUDHRY V, REHMAN A, MISHRA A, CHAUHAN PS, NAUTIYAL CS. Changes in bacterial community structure of agricultural land due to long-term organic and chemical amendments[J]. *Microbial Ecology*, 2012, 64(2): 450-460.
- [36] 赵立君, 刘云根, 王妍, 赵蓉, 任伟, 徐鸣洲. 典型高原湖滨带底泥细菌群落结构及多样性特征[J]. 微生物学通报, 2020, 47(2): 401-410.
ZHAO LJ, LIU YG, WANG Y, ZHAO R, REN W, XU MZ. Bacterial community structure and diversity of sediments in a typical plateau lakeshore[J]. *Microbiology China*, 2020, 47(2): 401-410 (in Chinese).
- [37] 王鹏, 陈波, 张华. 基于高通量测序的鄱阳湖典型湿地土壤细菌群落特征分析[J]. 生态学报, 2017, 37(5): 1650-1658.
WANG P, CHEN B, ZHANG H. High throughput sequencing analysis of bacterial communities in soils of a typical Poyang Lake wetland[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, 37(5): 1650-1658 (in Chinese).
- [38] 杜蕾, 李畅游, 李文宝, 史小红, 杨旭, 刘晶晶. 夏季达里诺尔湖浮游细菌群落表、底层结构特征及其关键驱动因子[J]. 生态科学, 2021, 40(6): 13-20.
DU L, LI CY, LI WB, SHI XH, YANG X, LIU JJ. Surface and bottom characteristics of bacterioplankton community in summer Dali-nor Lake and its key driving factors[J]. *Ecological Science*, 2021, 40(6): 13-20 (in Chinese).