

图2 细菌群落主坐标分析图
Figure 2 Principal coordinate analysis of bacterial community

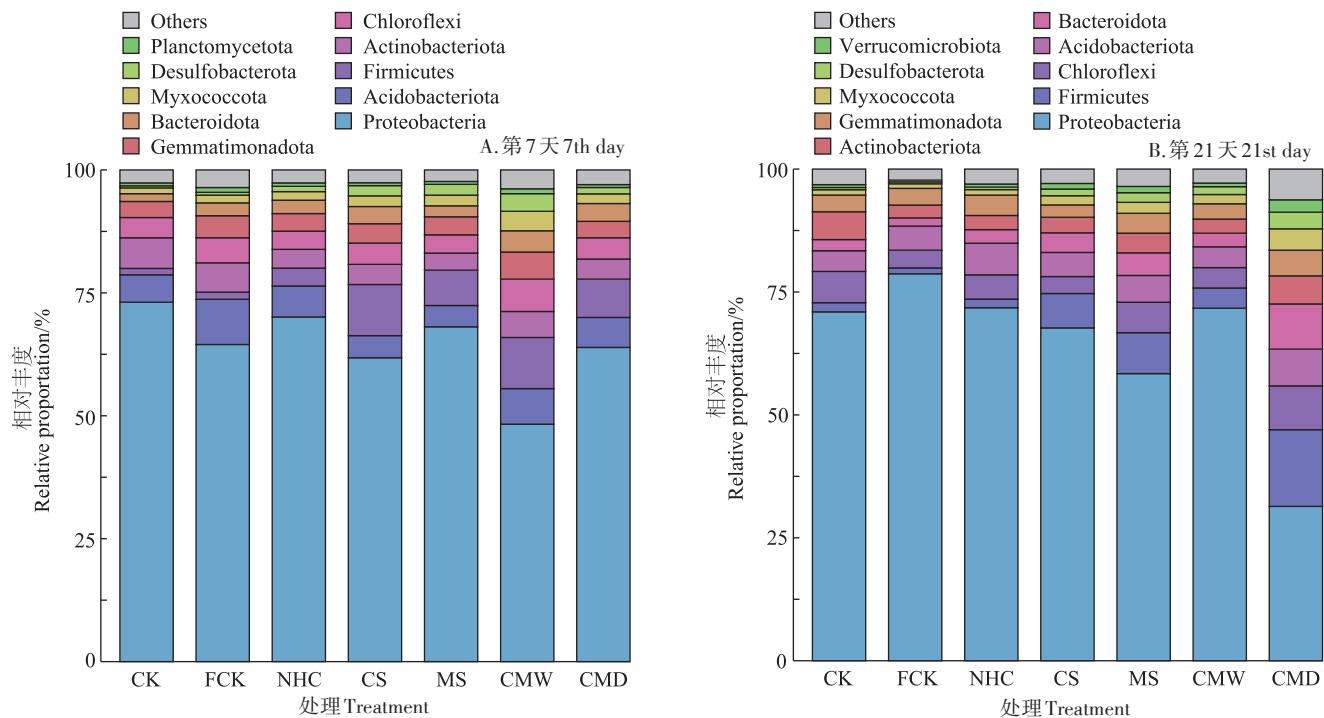


图3 不同处理优势细菌门相对丰度的变化

Figure 3 Changes in relative abundance of the dominant bacterial phyla in different treatments

假单胞菌属(*Pseudobacteroides*)的相对丰度增加并在第21天成为优势属。*UC-Gammaproteobacteria*为相对丰度最高的细菌属,培养结束时其相对丰度在各组间差异极显著($P<0.001$),可能由于CMW处理显著增加了*UC-Gammaproteobacteria*的相对丰度,而该属的相对丰度在CMD和MS处理显著低($P<0.05$)。从第7天到第21天,伯克氏菌目中未分类的属(*UC-Burkholderiales*)、丛毛单胞菌科中未分类的属(*UC-Coma-*

monadaceae)、*Anaeromyxobacter*和*Pseudobacteroides*在CMW组显著高逐渐演变成在CMD组显著高($P<0.05$)。与对照组相比,RSD处理均显著提高了土壤培养过程中*UC-Burkholderiales*、*Anaeromyxobacter*和*Pseudobacteroides*的相对丰度($P<0.05$)。

2.4 土壤理化性质和细菌群落多样性及丰度的相关性分析

对细菌群落多样性Shannon指数和Chao1,以及

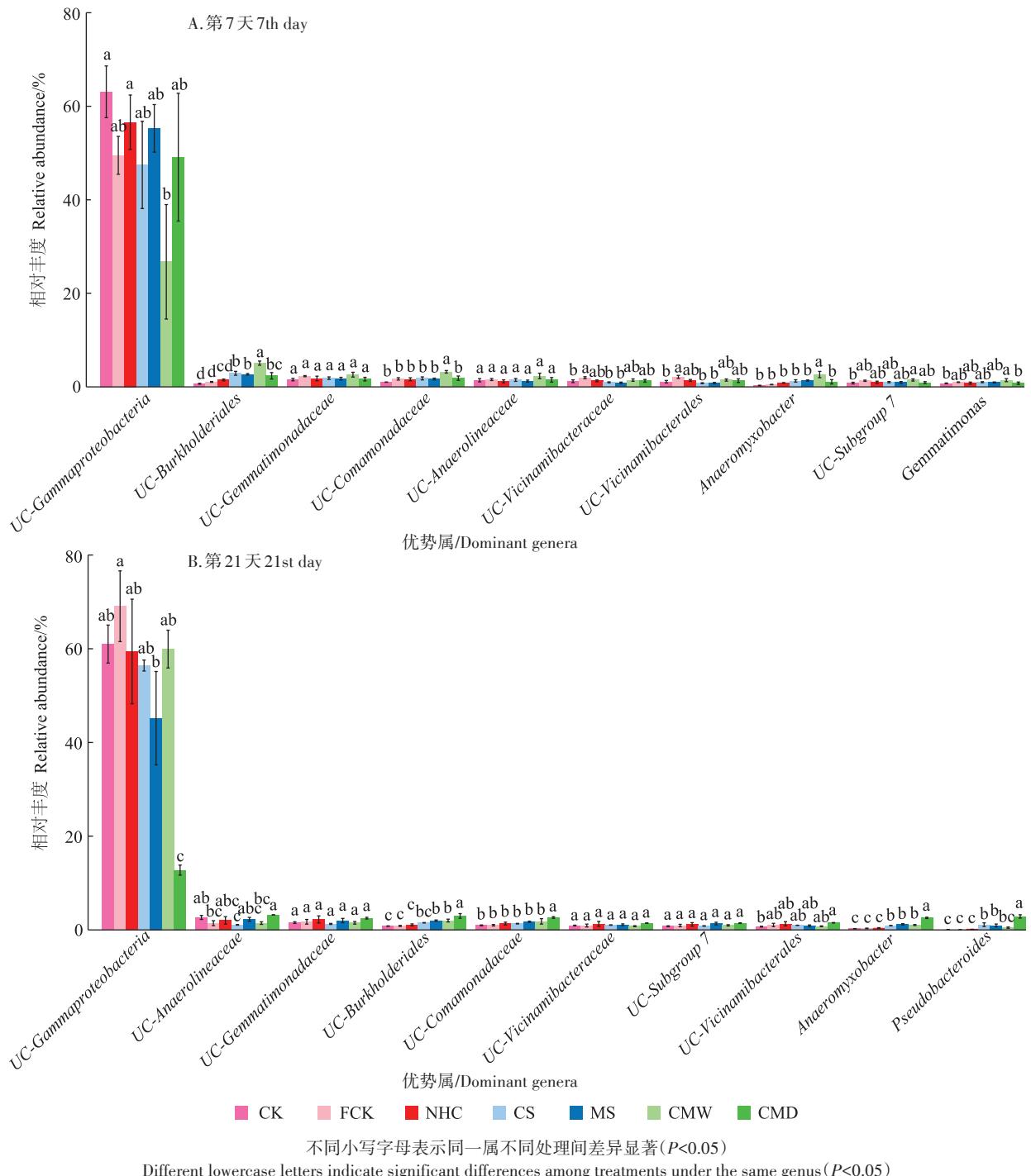


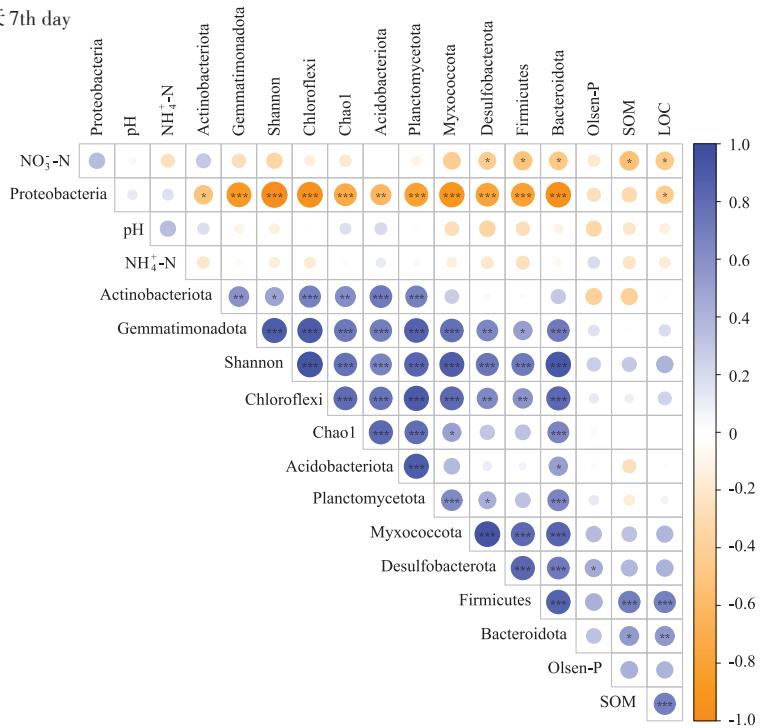
图4 不同处理优势细菌属相对丰度的变化

Figure 4 Changes in relative abundance of the dominant bacterial genera in different treatments

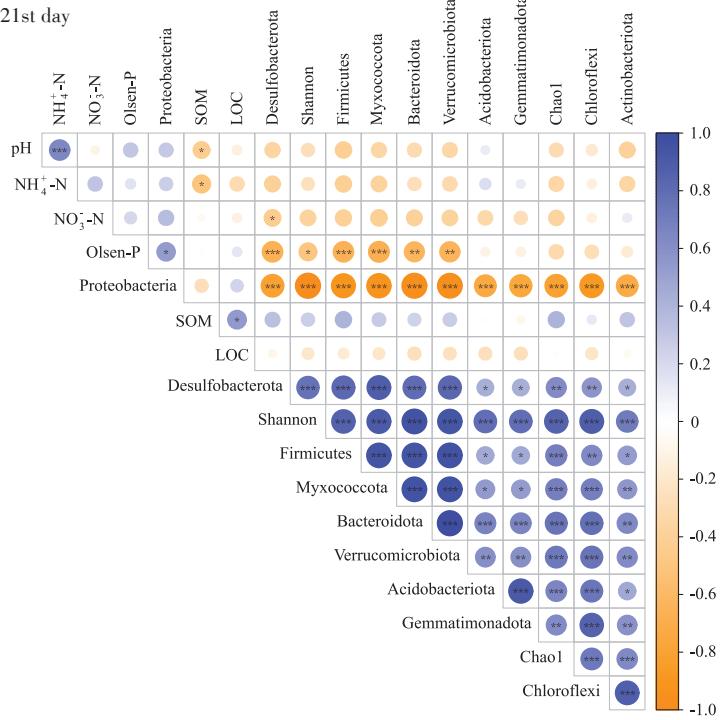
门水平上的相对丰度与理化性质进行了相关性分析,见图5。在第7天,土壤有机质(SOM)和活性有机碳(LOC)呈明显的正相关关系,且两者与Firmicutes和Bacteroidota的相对丰度呈现正相关。硝态氮含量与Firmicutes、Bacteroidota和Desulfobacterota的相对丰度呈负相关,而有效磷含量与Desulfobacterota的

相对丰度呈正相关(图5A)。在属水平上,Anaeromyxobacter的相对丰度与硝态氮含量显著正相关,同时也与土壤有机质和有效磷含量呈正相关性($P<0.05$,图6A)。在第21天,有效磷含量与Proteobacteria的相对丰度呈正相关,而与Shannon指数、Firmicutes、Bacteroidota、Myxococcota、Desulfobacterota

A. 第7天 7th day



B. 第21天 21st day



Pearson 相关性分析, 显著性水平标记为*, $P<0.05$; **, $P<0.01$; ***, $P<0.001$, 空白表示相关性不显著($P>0.05$)

Pearson correlation analysis. The significance level is marked as *, $P<0.05$; **, $P<0.01$; ***, $P<0.001$, blank indicates no significant correlation ($P>0.05$)

图 5 细菌门水平相对丰度与理化性质的相关性分析

Figure 5 Correlation analysis between relative abundance of phyla and physicochemical properties

和 Verrucomicrobiota 的相对丰度呈负相关(图 5B)。Mantel 检验表明三个典型菌属的相对丰度与 Olsen-P 含量存在显著相关性($P<0.05$)。其中 *Anaeromyxobacter*

的相对丰度与土壤 pH 和硝态氮含量显著相关, 而 *Pseudobacteroides* 作为新的优势菌属与土壤 pH 显著相关($P<0.05$, 图 6B)。

