

覆膜处理对蒜头根际土壤细菌群落的影响

杨艺帅, 李清昊, 张政兵, 陈越华, 杨平, 杨学宇, 谭琳

引用本文:

杨艺帅, 李清昊, 张政兵, 陈越华, 杨平, 杨学宇, 谭琳. 覆膜处理对头根际土壤细菌群落的影响[J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(11): 2519–2530.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11654/jaes.2023-0020>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

张掖绿洲农田地膜残留量分布特征及影响因素

杜泽玉, 孙多鑫, 杨荣, 苏永中

农业环境科学学报. 2020, 39(12): 2789–2797 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0690>

山东省花生种植区耕层土壤残膜赋存特征

王学霞, 宋宁宁, 薛颖昊, 王甲辰, 梁丽娜, 李梦佳, 刘淑丽, 刘东生

农业环境科学学报. 2021, 40(8): 1729–1737 <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0059>

地膜厚度对作物产量与土壤环境的影响

张丹, 王洪媛, 胡万里, 杨虎德, 徐钰, 马兴旺, 赵沛义, 刘宏斌

农业环境科学学报. 2017, 36(2): 293–301 <https://doi.org/10.11654/jaes.2016-1008>

地膜降解特征对土壤水热效应和玉米产量的影响

唐文雪, 马忠明

农业环境科学学报. 2018, 37(1): 114–123 <https://doi.org/10.11654/jaes.2017-0500>

单壁碳纳米管对紫花苜蓿根际土壤中PAHs降解及微生物群落的影响

王慧敏, 陈莉荣, 任文杰, 郑春丽, 黄怡雯, 滕应, 张铁军

农业环境科学学报. 2021, 40(12): 2647–2659 <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0332>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

杨艺帅, 李清昊, 张政兵, 等. 覆膜处理对蒜头根际土壤细菌群落的影响[J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(11): 2519–2530.

YANG Y S, LI Q H, ZHANG Z B, et al. Effects of plastic film mulching on the rhizosphere soil bacterial community of *Allium chinense*[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2023, 42(11): 2519–2530.

覆膜处理对蒜头根际土壤细菌群落的影响

杨艺帅¹, 李清昊¹, 张政兵², 陈越华², 杨平³, 杨学宇⁴, 谭琳^{1*}

(1. 湖南农业大学植物保护学院, 长沙 410128; 2. 湖南省植保植检站, 长沙 410006; 3. 津市市农业农村局, 湖南 常德 415400; 4. 湖南农业大学园艺学院, 长沙 410128)

摘要:为探究覆膜措施对津市蒜头产量及根际土壤细菌群落多样性、结构、生态功能、物种之间网络互作的影响,本研究采集了未覆膜、覆普通地膜、覆蓝色地膜3个处理下的蒜头根际土壤,利用高通量测序技术和生物信息学的相关方法进行研究。结果表明:覆膜措施提高了蒜头产量,其中未覆膜处理产量为29 766.7 kg·hm⁻²,普通地膜处理产量为31 466.7 kg·hm⁻²,增产5.7%,蓝色地膜处理产量为39 966.7 kg·hm⁻²,增产34.3%。覆膜处理显著改变了细菌群落结构,并显著降低了细菌群落多样性。此外,蒜头根际土壤细菌群落对不同地膜处理的响应不同,在门和属水平上均存在一定差异。网络分析结果表明,未覆膜处理具有124个模块,普通地膜和蓝色地膜处理的根际细菌分子生态网络分别具有77个和80个模块。覆膜措施使蒜头根际细菌分子生态网络的模块数降低,这可能会导致细菌群落生态功能多样性降低。覆膜措施还导致根际细菌关键物种改变。基于功能预测,相较于未覆膜处理,覆盖蓝色地膜显著提高了尿素分解功能($P<0.05$),而普通地膜处理相对于蓝色地膜处理能显著提升好氧氨氧化与硝化作用($P<0.05$)。研究表明,蓝色地膜处理更有利于蒜头的增产,覆膜措施改变了蒜头根际细菌群落结构、关键物种及物种互作关系。此外,尚不能忽视覆膜措施对农田土壤细菌生态环境的潜在风险。

关键词:地膜;蒜头;高通量测序;根际细菌;分子生态网络;功能预测

中图分类号:S633.9 文献标志码:A 文章编号:1672-2043(2023)11-2519-12 doi:10.11654/jaes.2023-0020

Effects of plastic film mulching on the rhizosphere soil bacterial community of *Allium chinense*

YANG Yishuai¹, LI Qinghao¹, ZHANG Zhengbing², CHEN Yuehua², YANG Ping³, YANG Xueyu⁴, TAN Lin^{1*}

(1. College of Plant Protection, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China; 2. Plant Protection and Quarantine Station of Hunan Province, Changsha 410006, China; 3. Jinshi City Agricultural and Rural Bureau, Changde 415400, China; 4. College of Horticulture, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China)

Abstract: In order to explore the influence of plastic mulch treatment on the yield, community diversity, structural composition, bacterial species interactions, and microecological function of rhizosphere bacteria, an experiment was conducted at an *Allium chinense* field in Jinshi City, Hunan Province. The rhizosphere soils of *Allium chinense* under different plastic mulch treatments (control group, normal plastic mulch treatment, and blue plastic mulch treatment) were collected; 16S high-throughput sequencing and bioinformatics approach were then used to extract bacteria from the corresponding soil samples. The results showed that plastic mulch film treatment promoted the production of *Allium chinense*, with the corresponding rhizosphere exhibiting that bacterial structure had been reshaped and a lower bacterial diversity than those of the control soil. The yield of the control group was 29 766.7 kg·hm⁻²; the yield of the normal mulch treatment was 31 466.7 kg·hm⁻², exhibiting an 5.7% yield increase; and the yield of the blue plastic mulch treatment was 39 966.7 kg·

收稿日期:2023-01-12 录用日期:2023-05-26

作者简介:杨艺帅(1999—),男,湖南永州人,硕士研究生,从事经济作物病虫害研究。E-mail:519414001@qq.com

*通信作者:谭琳 E-mail:hqltanlin@163.com

基金项目:津市市农业农村局科技项目(2020kjc-js142);湖南省重点研发计划项目(2022NK2051);湖南省科技创新重大项目(2021NK1020)

Project supported: Science and Technology Project of Agriculture and Rural Bureau of Jinshi City(2020kjc-js142); Key Research and Development Program of Hunan Province, China(2022NK2051); Major Scientific and Technological Innovation Projects in Hunan Province, China(2021NK1020)

hm⁻², exhibiting a corresponding yield increase of 34.3%. The bacterial community composition of the *Allium chinense* rhizosphere soil possessed differences at the phylum and genus levels. Network analysis showed that the control, normal plastic film mulch, and blue plastic film mulch groups had 124, 77, and 80 modules, respectively. The results of this network analysis indicated that the network within plastic film mulched soil contained fewer functionally interrelated microbial modules than the control soil, which may lead to a corresponding decrease in the ecological functions of the bacterial community. Plastic film mulching reduced the number of overall keystone species. In addition, blue plastic film mulching significantly increased the function of ureolysis; further, normal transparent plastic film mulching significantly increased the function of aerobic ammonia oxidation and nitrification compared with those of the other groups ($P < 0.05$). This study demonstrated that blue plastic mulch film treatment is more beneficial to yield promotion and plastic mulch film treatment significantly altered the core species, bacterial community structure, and bacterial interactions within the rhizosphere soil of *Allium chinense*. Nonetheless, the potential risk of plastic mulch film treatment to the ecological environment of the bacteria within the soil should not be ignored.

Keywords: plastic mulch film; *Allium chinense*; high-throughput sequencing; rhizosphere bacteria; molecular ecological network; function prediction

蒜头 (*Allium chinense* G. Don) 是百合科葱属的多年生宿根草本植物, 富含维生素、氨基酸及多种药理成分, 是国家卫生部认定的药食兼用食品^[1], 在我国南方广泛种植^[2-3]。在农业生产中, 通过覆盖地膜或塑料薄膜来防治病虫害已经成为一种常规手段^[4]。通过覆膜措施, 可以有效提高地温, 降低田间空气湿度, 从而达到抑制杂草生长、灭杀地下害虫、减缓作物病害发生的目的^[5-8]。针对蒜头作物, 前人已提出采用农膜覆盖结合高温曝晒的方式杀灭田中的线虫与地下害虫^[9], 但不同地膜对蒜头产量及其根际细菌群落与生态功能的影响仍未可知。

土壤微生物是土壤分解系统的主导者, 参与了有机质分解与合成、养分固定与释放等约 90% 的土壤反应过程^[10-12], 与土壤生态系统的养分循环及能量流动密切相关^[13]。因此, 其群落结构与多样性的改变会对土壤微生态环境产生显著影响^[14]。此外, 土壤微生物可以帮助植物获取生长所需要的营养元素, 提升植物抗逆性, 从而促进其健康生长^[15]。根际是土壤微生物最活跃的栖息地之一^[16], 是实现植物根系与土壤间物质、能量转化的界面^[17-18]。根际微生物与作物健康、产量及病虫害抗性等相关^[19]。细菌是土壤中最丰富多样的微生物类群^[20], 因而研究覆膜对蒜头根际细菌群落组成和多样性的影响对于合理利用物理措施防治蒜头病害、保障蒜头生产安全和促进蒜头稳定增产具有重要意义。

近年来, 通过高通量测序技术和构建分子生态网络来研究土壤微生物的多样性、群落结构得到研究者的关注^[21]。分子生态网络能够深入探索土壤微生物种间的相互作用, 评估由微生物群落结构变化引起的生态系统功能演变^[22], 进一步了解微生物种间交互多

样性和生态系统的稳定性^[23]。尽管宋健等^[24]探讨了覆膜对韭菜根际微生物群落的影响, 但从分子生态网络角度来考虑作物根际微生物对覆膜的响应仍有待进一步研究。

本研究以蒜头根际细菌群落为研究对象, 采用高通量测序与分子生态网络方法研究其群落结构对覆膜处理的响应, 旨在探讨不同覆膜处理对蒜头根际细菌群落及其结构特征的影响, 从而揭示根际细菌群落对覆膜的响应规律, 为作物根际微生态调控技术的研发提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验设计与样品采集

试验地选在湖南省常德市津市市白衣镇红光村 (29°24' N, 111°52' E), 该地平均海拔 44 m, 年均温 17.6 °C, 最冷月 (1 月) 平均气温为 6 °C, 最热月 (7 月) 平均气温为 28.5 °C, 年降雨量为 1 249 mm, 供试土壤为壤土, 肥力中等, 前作为蒜头。

2021 年 9 月 15 日完成整地。2021 年 9 月 16 日完成覆膜处理, 选用 0.06 mm 厚蓝色地膜 (Blue plastic mulch, BPM) 与 0.06 mm 厚普通地膜 (Normal plastic mulch, NPM) 对地块进行覆盖。其中普通地膜产自山东省郓城一鸣塑业有限公司, 材质为聚乙烯, 宽幅为 2 m; 蓝色地膜产自江苏省宿迁恒华塑料制品有限公司, 材质为聚乙烯, 宽幅为 2 m。试验设 3 个重复, 3 个处理共 9 个小区, 每个小区面积为 30 m²。不覆膜地块作为对照 (CK)。覆膜 14 d 后 (2021 年 10 月 1 日) 完成蒜头种植。

于 2022 年 6 月 1 日蒜头成熟期进行土壤样品采集并测产, 采用五点取样法, 每处理设置 5 个采样点,

每采样点随机选取10株蒜头,去除表层土后,将蒜头植株连同周围的土体取出,抖掉根系外围土,取根表的土壤,剔除碎石和根系等杂质。为避免土样单一,将5株蒜头根际土并为一袋。每处理各取10份样品,共计30份样品。样品置于干冰保温箱中带回实验室后,于-80℃冰箱中保存。相同方法采集土样,用于土壤理化性质检测。

1.2 DNA提取和扩增子测序

参考Feng等^[25]的方法提取样品DNA。将纯化后的DNA作为模板,利用目标基因引物515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')扩增细菌16S rDNA序列的V4区。参考Tan等^[26]的方法进行PCR产物纯化、定量和均一化并形成测序文库,质检合格后委托广东美格基因科技有限公司进行Illumina高通量测序。

1.3 数据预处理

将所有原始数据以FASTQ格式上传到Galaxy分析平台(<http://mem.rcees.ac.cn:8080>)进行分析^[25]。使用Trim Primer将正反引物去除。通过FLASH^[27]程序对成对末端序列进行拼接。通过Btrim^[28]程序去除低质量区域后,保留290~310 bp范围内的序列作为目的序列。通过UPARSE方法去除嵌合体并将相似性为97%的序列进行OTU归类^[29],生成原始的OTU表,并对原始OTU表进行重抽,使得每个样品序列数相同,用重抽后的OTU表进行统计分析。

1.4 生态和统计分析

通过RDP分类数据库对OTU进行注释。通过对Resample OTU表中观察到的物种数量进行计数得到rarefaction指数。基于OTU聚类统计结果,进行了包括Chao1指数、Shannon指数、Inverse Simpson指数、Observed Richness指数在内的 α 多样性指数计算分析。计算样本间的Jaccard距离后再进行非度量多维尺度(NMDS)分析。为了验证不同覆膜处理蒜头根际细菌群落之间群落结构是否有显著差异,通过相似

性分析(ANOSIM)、多响应置换过程分析(MRPP)和置换多元方差分析(PERMANOVA)3种方法进行不相似性检验(Dissimilarity test)。使用FAPROTAX数据库对不同覆膜处理下的细菌群落行使的功能进行预测。将Resample OTU表上传到INAP分析平台上(<http://mem.rcees.ac.cn:8081>)进行分析^[30]。基于Spearman相关性构建分子生态网络,基于随机矩阵理论确定优化相关阈值,利用Gephi绘制网络图。通过计算节点模块内连通度(Z_i)和模块间连通度(P_i),可将网络节点划分为4类,包括外围节点($Z_i \leq 2.5$ 且 $P_i \leq 0.62$)、连接节点($Z_i < 2.5$ 且 $P_i > 0.62$)、模块中心点($Z_i > 2.5$ 且 $P_i < 0.62$)及网络中心点($Z_i > 2.5$ 且 $P_i > 0.62$)^[31]。同时,基于Greedy modularity optimization方法构建其随机网络^[32],用于确认经验网络的合理性。

2 结果与分析

2.1 不同覆膜处理的土壤理化性质及作物产量

由表1可知,各处理下,蓝色地膜处理使得蒜头根际土壤速效钾含量显著高于未覆膜处理,但与普通地膜处理差异不显著,其他理化性质各处理间均无显著差异。该试验面积下,未覆膜处理蒜头总产量为267.9 kg,折合每公顷产量为29 766.7 kg;普通地膜处理下蒜头产量为283.2 kg,折合每公顷产量为31 466.7 kg,相比于对照增产5.7%;蓝色地膜处理下蒜头产量为359.7 kg,折合每公顷产量为39 966.7 kg,相比于对照增产34.3%。

2.2 不同覆膜处理的蒜头根际土壤细菌 α 多样性分析

通过高通量测序,本试验从30个样本中获得4 921 483个有效序列,并从这些序列中识别出9 662个OTU。由图1稀释曲线可知,随着序列数的不断增加,曲线趋于平缓,OTU数逐渐达到平台期,说明测序深度已经基本满足下游分析需求。从图1韦恩图可知,所有处理下共有OTU 3 589个,占全部OTU的37.1%。此外,对照处理独有OTU数量最多,为2 458

表1 不同覆膜处理的蒜头根际土壤理化性质

Table 1 Physicochemical properties of rhizosphere soil of *Allium chinense* with different plastic mulch treatments

处理 Treatment	pH	有效磷 Available phosphorous/ (mg·kg ⁻¹)	速效钾 Rapidly available potassium/(mg·kg ⁻¹)	缓效钾 Slow-release potassium/(mg·kg ⁻¹)	有机质 Organic matter/ (g·kg ⁻¹)	全氮 Total nitrogen/%	碱解氮 Alkaline hydrolysis nitrogen/(mg·kg ⁻¹)
CK	6.2±0.2a	8.31±6.47a	96.2±34.1b	278.3±80.9a	21.7±5.9a	0.20±0.03a	124.4±19.1a
NPM	6.3±0.1a	11.39±9.12a	119.3±36.2ab	220.6±67.4a	23.8±7.6a	0.17±0.04a	144.4±23.7a
BPM	6.4±0.2a	12.51±8.17a	134.1±28.7a	251.6±51.7a	22.8±5.8a	0.16±0.05a	141.0±26.6a

注:不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。

Note: Different lowercase letters indicate significant differences among treatments ($P<0.05$).

个,占全部 OTU 的 25.4%,而蓝色地膜处理与普通地膜处理独有的 OTU 个数相近,说明覆膜措施减少了蒜头根际土壤细菌群落物种数。同时,如图 2 所示,依据 Shannon、Pielou evenness、Inverse Simpson 和 Chao1 指数,覆膜处理的蒜头根际细菌群落 α 多样性显著低于对照处理 ($P<0.05$),而不同地膜处理之间多样性没有显著差异。以上所有结果说明覆膜处理减少了土壤细菌群落多样性,但不同覆膜处理之间差异不显著。

2.3 不同覆膜处理对蒜头根际细菌群落结构和组分的影响

为了研究不同覆膜处理对蒜头根际土壤细菌群落结构的影响,通过基于 Jaccard 距离的非度量多维尺度分析对蒜头根际细菌群落进行分析,并进行不相似检验分析验证。如图 3 所示,普通地膜处理、蓝色地膜处理与未覆膜处理细菌群落之间的 Jaccard 距离存在明显的空间分布。覆膜与未覆膜根际细菌群落结构分布呈现明显分离,说明蒜头根际土壤细菌群落结构对覆膜处理具有显著响应,且对不同地膜覆盖处理响应不同。此外,基于 Jaccard 距离矩阵的不相似检验结果表明(表 2),对照与覆膜处理差异极显著 ($P<0.01$),两覆膜处理之间也存在显著差异 ($P<0.01$),说明不同覆膜处理对蒜头根际土壤细菌群落结构存在显著影响。

如图 4 所示,在所有蒜头根际土壤样本中,共得到 32 门,其中优势菌门($>1\%$)为酸杆菌门(Acidobacteria, 12.43%~46.65%)、变形菌门(Proteobacteria, 13.21%~37.50%)、放线菌门(Actinobacteria, 5.94%~

17.14%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 3.47%~13.56%)、拟杆菌门(Bacteroidetes, 0.56%~16.44%)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes, 1.12%~8.95%)、厚壁菌门(Firmicutes, 0.91%~7.40%)、Candidatus Saccharibacteria (0.32%~4.19%)、疣微菌门(Verrucomicrobia, 0.24%~2.76%)。

同时,本研究结果显示,覆膜处理中芽单胞菌门相对丰度(NPM: 2.52%; BPM: 3.27%)显著低于 ($P<0.05$)未覆膜处理(4.81%);覆膜处理厚壁菌门丰度高于未覆膜处理,且蓝色地膜处理(4.77%)与未覆膜处理(1.70%)差异显著 ($P<0.05$);覆膜处理疣微菌门丰度低于未覆膜处理,且蓝色地膜处理(0.87%)与未覆膜处理(1.83%)差异显著 ($P<0.05$)。此外,普通地膜处理中酸杆菌门丰度(33.31%)显著高于 ($P<0.05$)蓝色地膜处理(23.73%);普通地膜处理 Candidatus Saccharibacteria 的丰度(0.82%)显著低于蓝色地膜处理(1.77%)与对照(1.70%)。以上结果表明,蒜头根际土壤细菌菌门对不同覆膜措施的响应存在一定差异。

不同处理经过高通量测序共得到 600 个属,其中细菌优势菌属包括 Gp2 (1.43%~22.61%)、鞘氨醇单胞菌属(Sphingomonas, 1.23%~8.75%)、苔藓杆菌属(Bryobacter, 1.47%~6.02%)、纤线杆菌属(Ktedonobacter, 0.70%~5.11%)、Gemmatirosa (0.94%~5.18%)、马赛菌属(Massilia, 0.26%~13.41%)、黏液杆菌属(Mucilaginibacter, 0.12%~10.17%)、Gp1 (0.72%~5.02%)、Candidatus Solibacter (0.32%~4.85%)、Saccharibacteria genera incertae sedis (0.32%~4.19%)、水单胞菌属(Dyella, 0.19%~4.87%)、Candidatus Korib-

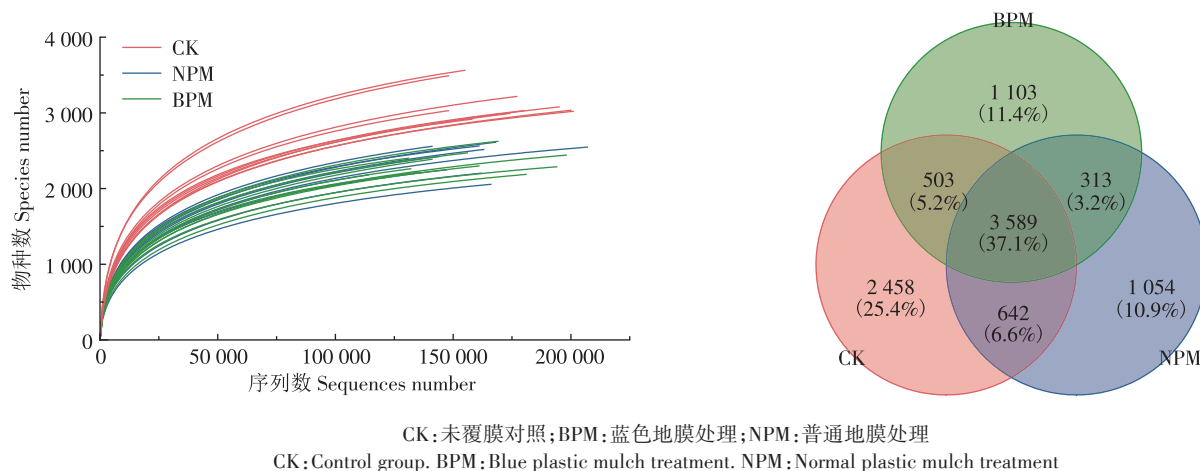


图1 不同覆膜处理的蒜头土壤细菌 OTUs 稀释曲线和韦恩图

Figure 1 Rarefaction curves and Venn diagram of OTUs bacterial OTUs in rhizosphere soil of *Allium chinense* with different plastic mulch treatments

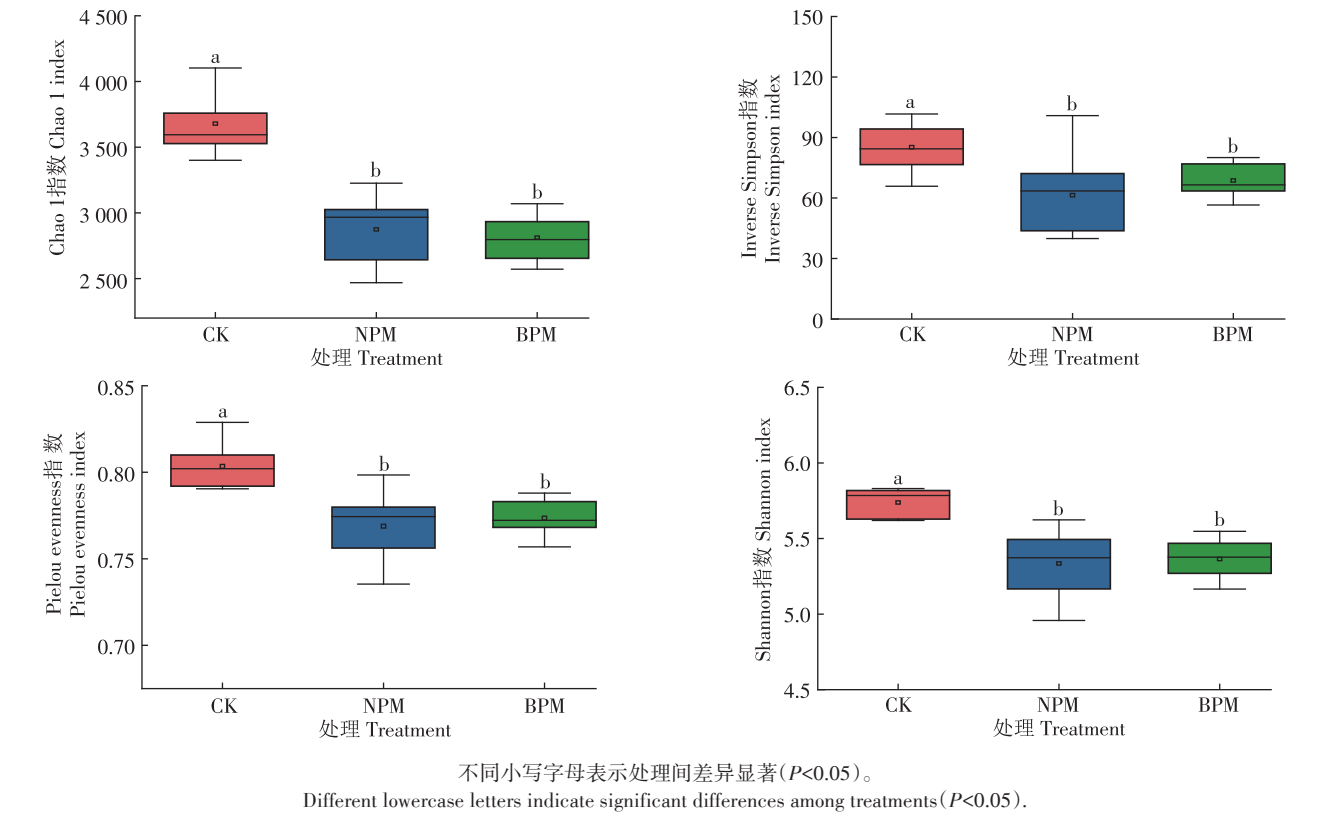


图2 不同覆膜处理的蒜头根际土壤细菌群落α多样性分析

Figure 2 α diversity analysis for bacterial community in rhizosphere soil of *Allium chinense* with different plastic mulch treatments

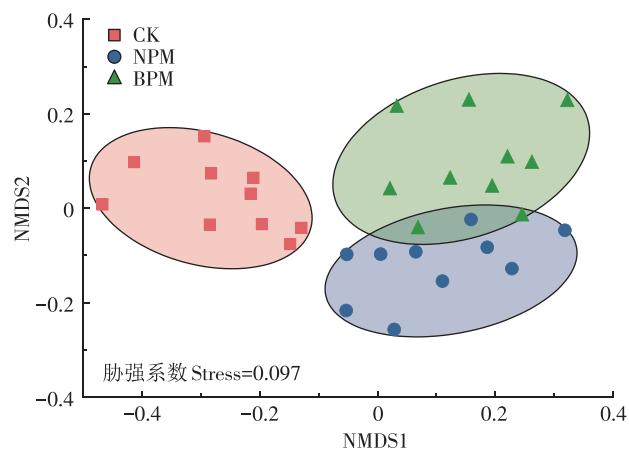


图3 不同覆膜处理的蒜头根际土壤细菌群落基于 Jaccard 距离的非度量多维尺度分析

Figure 3 NMDS analysis for bacterial community in rhizosphere soil of *Allium chinense* with different plastic mulch treatments base on Jaccard distance

表2 不同覆膜处理的蒜头根际土壤细菌群落基于 Jaccard 距离的不相似检验

Table 2 Dissimilarity test based on Jaccard distance for bacterial community in rhizosphere soil of *Allium chinense* with different plastic mulch treatments

整体比较 Global test		两两比较 Pairwise composition		
		CK	NPM	BPM
MRPP	0.526 0	CK	0.001	0.001
		NPM	0.522 5	0.002
		BPM	0.525 9	0.529 8
ANOSIM	0.717 1	CK	0.001	0.001
		NPM	0.808 6	0.002
		BPM	0.930 8	0.382 2
PERMANOVA	3.122 5	CK	0.001	0.001
		NPM	3.620 5	0.001
		BPM	3.987 7	1.785 8

注:右侧三角区域为显著性 P 值。
Note: The right triangle is a significant P value.

acter (0.36%~2.52%)、地杆菌属 (*Subdivision3 genera incertae sedis*, 0.23%~2.53%)、*Actinocrinis* (0.25%~3.42%)、*Paraburkholderia* (0.09%~8.81%)、酸微菌属 (*Acidiferrimicrobium*, 0.49%~1.64%)、红色杆菌属

(*Solirubrobacter*, 0.39%~1.70%)。

覆膜处理中 *Candidatus Solibacter* 属丰度 (NPM: 1.87%; BPM: 1.22%) 显著低于 ($P<0.05$) 未覆膜处理。普通地膜处理鞘氨醇单胞菌属、*Gemmatirosa* 属的相

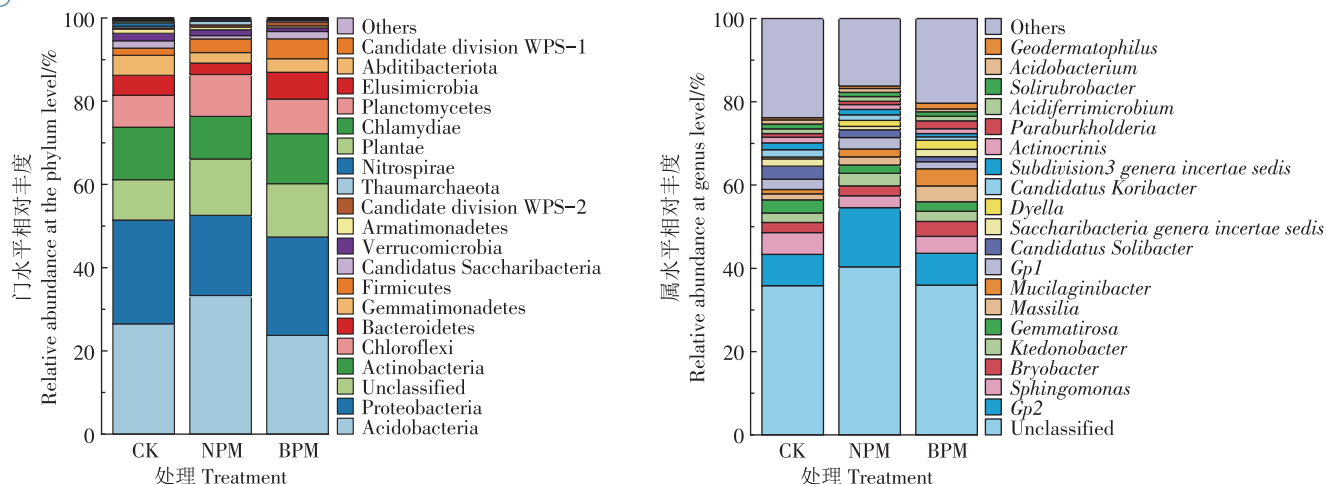


图4 不同覆膜处理的蒜头根际土壤细菌群落组成成分丰度比例

Figure 4 Percentage of community abundance for bacterial community composition in rhizosphere soil of *Allium chinense* with different plastic mulch treatments

对丰度显著低于($P<0.05$)未覆膜处理;普通地膜处理 *Gp2* 属的丰度(14.24%)显著高于($P<0.05$)其他处理, *Saccharibacteria genera incertae sedis* 属的相对丰度(0.816%)显著低于($P<0.05$)其他处理;蓝色地膜处理中黏液杆菌属、水单胞菌属的丰度显著高于未覆膜处理,地杆菌属的丰度显著低于未覆膜处理。蓝色地膜处理苔藓杆菌属的相对丰度(3.58%)显著高于其他处理, *Candidatus Koribacter* 属的相对丰度(0.83%)显著低于其他处理。以上结果表明,覆膜措施改变了蒜头根际土壤细菌群落的组成,且不同覆膜处理间的群落组成存在差异。

2.4 不同覆膜处理的蒜头根际土壤细菌分子生态网络分析

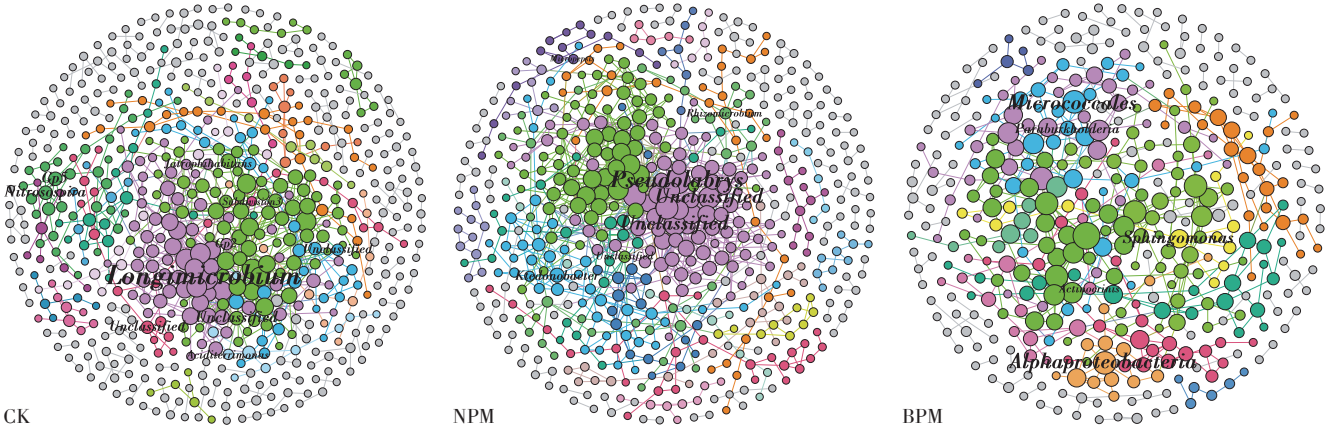
为了揭示蒜头根际细菌物种之间网络互作对覆膜处理的响应,试验借助 INAP 分析平台^[30]构建了分子生态网络(图5)。如表3所示,试验使用相似的阈值(0.9、0.91、0.88)来构建网络,且网络拓扑结构属性表明,其 R^2 符合幂定律,属于无尺度网络。同时,所有经验网络平均聚集系数均显著大于随机网络,说明构建的网络具有小世界特征^[31]。平均连通度用于表明网络的复杂程度,普通地膜处理平均连通度高于未覆膜处理,蓝色地膜处理平均连通度较低,说明普通地膜覆盖提升了网络复杂程度,蓝色地膜降低了网络复杂程度。平均聚集系数用于表示群落聚类程度,普通地膜处理平均聚集系数高于蓝色地膜处理与对照,说明普通地膜处理下细菌群落聚类程度最高。平均路径长度代表 OTU 之间的距离,两种覆膜处理平均

路径长度均高于未覆膜处理,说明未覆膜处理能更快地将外界环境的改变传递到整个网络。值得注意的是,较未覆膜处理,两种覆膜处理均使得蒜头根际土壤细菌群落的网络模块数降低,表明覆膜处理将会导致生态功能下降^[33]。以上结果说明,蒜头根际土壤细菌群落分子生态网络拓扑特征对不同覆膜处理响应均有差异。

在分子生态网络当中,节点的拓扑结构可以用来确认关键物种,网络枢纽中的节点为该网络的关键物种,落在连接节点和模块中心的节点则在模块间和模块内起重要作用^[31-32]。试验结果(图6)显示,不同覆膜处理蒜头根际细菌的分子生态网络中的大部分节点属于外围节点,且均为无节点充当网络中心点。在对照网络中,有3个节点属于模块中心点,6个节点属于连接节点;在普通地膜处理网络中,有2个节点属于模块中心点,7个节点属于连接节点;在蓝色地膜处理网络中,有3个节点属于模块中心点,2个节点属于连接节点。对所有网络中起重要作用的节点进行注释,不覆膜根际土壤中主要的关键物种为亚硝化球菌属、小单孢菌科(*Micromonosporaceae*)等;覆普通地膜根际土壤中主要的关键物种为纤线杆菌属、芽单胞菌科(*Gemmatimonadaceae*)等;覆蓝色地膜根际土壤中主要的关键物种为鞘氨醇单胞菌属、加勒比群岛副伯克霍尔德氏菌(*Paraburkholderia*)等。

2.5 不同覆膜处理的蒜头根际土壤细菌群落功能预测

采用 FAPROTAX 进行细菌的功能预测,共注释得到49个功能类群,其中核心功能(丰度>1%)分别



该图每个节点代表一个 OTU,节点的大小和其连接数成正比。以不同的颜色区分不同的模块,小于 5 节点连接的模块中的节点为灰色。
Each node represents an OTU, and the size of nodes is proportional to the number of connections. Different modules are distinguished by different colors.
The gray nodes are in the modules containing no more than 5 nodes.

图 5 不同覆膜处理的蒜头根际土壤细菌分子生态网络图

Figure 5 Molecular Ecological Network for bacterial community in rhizosphere soil of *Allium chinense* with different plastic mulch treatments

为化能异养(Chemoheterotrophy, 36.97%)、好氧化能异养(Aerobic-chemoheterotrophy, 36.49%)、尿素分解(Ureolysis, 6.29%)、硝化作用(Nitrification, 3.80%)、好氧氨氧化(Aerobic-ammonia-oxidation, 2.52%)、锰氧化(Manganese-oxidation, 2.21%)、亚硝酸盐氧化(Aerobic-nitrite-oxidation, 1.28%)、硝酸盐还原(Nitrate-reduction, 1.26%)、胞内寄生菌(Intracellular-parasites, 1.05%)。如图 7 所示,覆盖蓝色地膜处理蒜头根际细菌的尿素分解功能丰度显著高于对照处理($P<0.05$)。普通地膜处理相对于蓝色地膜处理具有较高的好氧氨氧化与硝化作用功能丰度($P<0.05$)。这些结果说明覆膜处理可以显著改变蒜头根际土壤

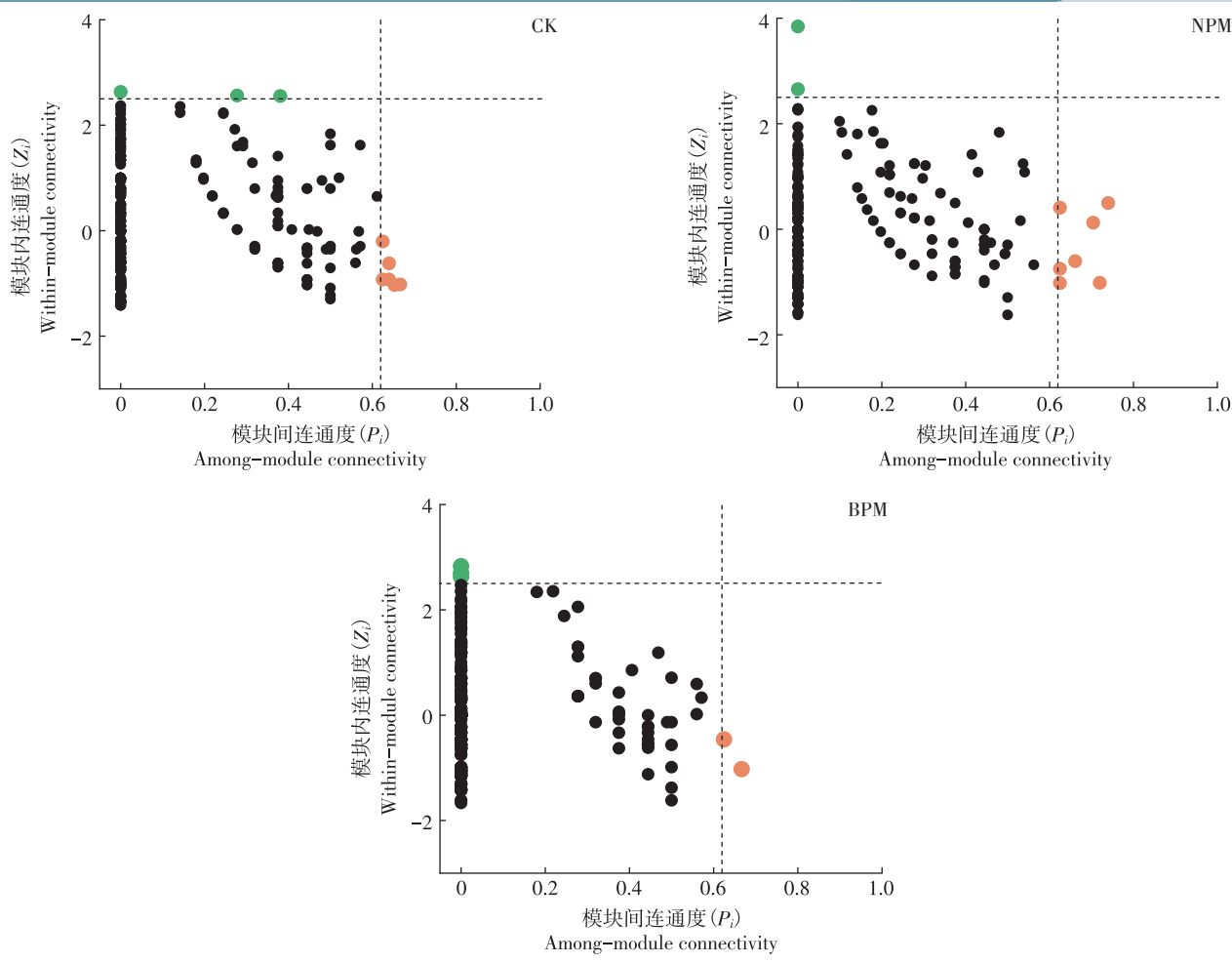
细菌功能,且不同覆膜处理影响不同。

3 讨论

覆膜处理可以通过调节田间地温、保持土壤水分、防止养分流失、改变微生物活性等各种作用,共同对土壤环境和作物形成综合效应^[34],从而在提高作物产量上发挥重要作用^[35]。地膜处理促进作物产量增加,这与本文两个覆膜处理下蒜头产量均提高的结果一致。而不同颜色的地膜应用于作物时,其对植物生长与作物产量的影响与地膜颜色和作物种类相关,且作用效果差异明显^[36]。张婷等^[37]发现,无色透明地膜能提高草莓株高和冠幅,红膜和绿膜则利于草莓的品

表 3 不同覆膜处理的蒜头根际土壤细菌群落分子生态网络及随机网络拓扑属性

Table 3 Characteristic parameters of the molecular ecological network and random network for bacterial community in rhizosphere soil of <i>Allium chinense</i> with different plastic mulch treatments				
项目 Item	拓扑属性 Characteristic parameter	CK	NPM	BPM
经验网络 Empirical network	总节点数 Total nodes	636	582	423
	总连接数 Total links	874	1 125	517
	R^2	0.975	0.930	0.989
	模块数 No. of modules	124	77	80
	平均连通度 Average degree(avgK)	2.748	3.866	2.444
	平均聚集系数 Average clustering coefficient (avgCC)	0.195	0.214	0.184
随机网络 Random network	平均路径长度 Average path distance(GD)	6.746	7.169	8.539
	地理距离 Harmonic geodesic distance	5.032	5.229	6.229
	平均聚集系数 Average clustering coefficient (avgCC)	0.002±0.002	0.008±0.003	0.002±0.002
	平均路径长度 Average path distance(GD)	5.327±0.076	4.259±0.047	5.925±0.122
	地理距离 Harmonic geodesic distance	4.775±0.053	3.864±0.032	5.179±0.094



绿色圆点表示该节点属于模块中心点,橙色圆点表示该节点属于连接节点。
The green dot indicates that the node belongs to module hubs, and the orange dot indicates that the node belongs to connectors.

图6 不同覆膜处理的蒜头根际土壤细菌群落网络中物种的拓扑角色

Figure 6 Topological roles for OTUs of bacterial community in rhizosphere soil of *Allium chinense* with different plastic mulch treatments

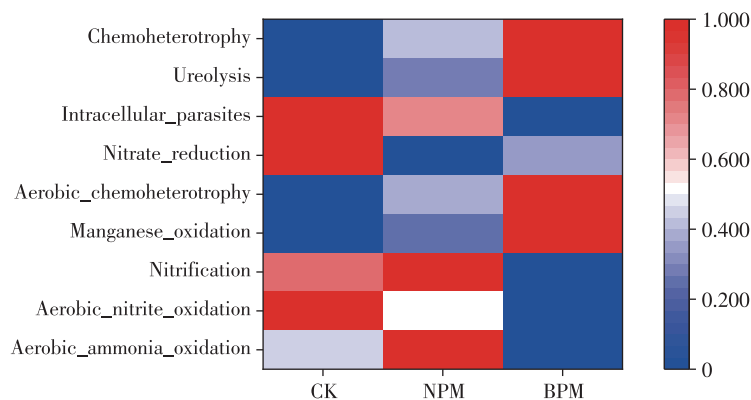


图7 不同覆膜处理的蒜头根际土壤细菌功能预测分析

Figure 7 Functional predictive analysis of bacterial community in rhizosphere soil of *Allium chinense* with different plastic mulch treatments

质;邓仁菊等^[38]通过对甘薯覆膜发现,黑色、银色地膜增产效应明显高于白膜。本研究发现,蓝色地膜覆盖对藠头的增产效果远大于普通透明地膜,而这一结果与李玉娥等^[39]蓝色地膜下花椰菜产量高于普通地膜的结论相同。

藠头作为鳞茎类蔬菜,根际微生态是其高效生产中重要的一环^[40],解析藠头根际微生态对覆膜处理的响应规律具有重要的现实意义。本研究表明,覆膜处理会降低根际细菌的丰富度,并导致 β 多样性存在差异,该结果与Li等^[41]的研究结果相吻合,Li等通过实验发现,覆膜措施对玉米地土壤细菌丰富度具有显著的负面影响并导致 β 多样性差异显著。宋健等^[42]通过研究覆膜前后韭菜根际微生物的变化发现,覆膜措施不改变根际细菌的多样性指数,但显著改变其细菌群落结构组成。而Farmer等^[43]则发现在长期覆膜状态下,土壤微生物丰富度得到提高。覆膜措施对土壤微生物 α 多样性造成了不同的影响,这可能是由地膜参数^[44]、栽培作物^[45]等因素不同导致的。尽管前人结果表明覆膜措施对微生物 α 多样性带来的影响并不一致,但均认为会造成 β 多样性的差异^[41-43]。众多学者进一步对覆膜措施如何改变微生物群落结构进行了研究。Huang等^[46]认为覆膜处理可以通过改变农田水热条件从而对微生物群落结构产生影响;于亚军等^[47]则认为地膜颜色显著影响了土壤微生物群落结构,而结合李玉娥等^[39]蓝色地膜的保温效果优于普通地膜的研究结果,笔者推测,本文中细菌群落结构的变化可能来源于地膜颜色的不同导致水热条件的差异。

土壤微生物作为地球上最多样化和最丰富的生物集群^[48],在驱动土壤养分循环、介导植物营养等多个方面发挥着重要的生态作用^[49]。本研究发现,覆膜处理显著改变了藠头根际细菌相对丰度,覆膜条件下的优势菌群为酸杆菌门、变形菌门、放线菌门。其中酸杆菌门是土壤微生物的重要成员,在土壤物质循环和生态环境构建过程中扮演重要的角色^[50]。变形菌门是土壤细菌中重要的门类^[51],可以促进氮肥利用^[52]。放线菌门则能产生多种生物活性物质和抗生素^[53],有益于作物健康。

从细菌群落的生态功能来说,分子生态网络的参数可以反映土壤细菌群落与其生态功能之间的关系^[54]。在分子生态网络中,出现在同一模块内的微生物可能存在相似的生态功能^[55],Wang等^[56]和Gu等^[57]的研究表明模块数多的土壤具有更多的生态功能。本试验结果中,较未覆膜处理而言,普通地膜和蓝色

地膜处理均使得藠头根际细菌分子生态网络的模块数降低,这可能会导致细菌群落生态功能多样性降低。尽管本研究结果表明在单个植物生长周期下,覆膜措施将促进藠头产量的增加,但由于细菌群落生态功能多样性的降低,长期采用覆膜种植可能不利于土壤微生态系统抵御外界风险。

通过分子生态网络的拓扑结构可以辨别群落中的关键物种^[58],关键物种的变化会导致微生物群落结构和功能的变化^[59]。在未覆膜根际土壤细菌中,亚硝化球菌属是关键物种,该菌属可能是土壤硝化作用的重要驱动者^[60],这可能是该处理下亚硝酸盐氧化和硝酸盐还原功能较强的原因。在普通地膜处理中,核心菌属纤维杆菌属是绿弯菌门模式属,该门营养型丰富,能够利用各种元素,推动元素耦合^[61];而芽单胞菌在物质化学转化过程中发挥作用^[62],对植物生长发育及增加抗性有益^[63]。蓝色地膜处理下的关键物种为鞘氨醇单胞菌属、副伯克霍尔德氏菌属等。鞘氨醇单胞菌属具有高代谢能力和多种功能,能在土壤中大量富集^[64]。副伯克霍尔德氏菌具有溶磷功能^[65],对植物生长具有重要意义。

就细菌自身功能而言,蓝色地膜覆盖措施下细菌尿素分解功能较强,尿素在脲酶的作用下分解为铵^[66],其活性的高低反映了土壤氮素循环的快慢^[67]。普通地膜处理中,好氧氨氧化与硝化作用较强。好氧氨氧化是硝化作用的限速步骤,能够调控硝化作用,在氮素生物地球化学循环中起到重要作用^[68-69]。普通地膜处理下的细菌群落兼备硝化作用与好氧氨氧化功能,为植物提供可利用氮源的同时,又使得土壤中的氮素不至于过度流失,有利于植物持续健康生长^[69-70]。

4 结论

(1)覆膜处理促进藠头产量的增加,且蓝色地膜处理下藠头增产幅度高于普通地膜处理。

(2)覆膜处理显著降低了藠头根际细菌群落的 α 多样性,改变了细菌群落的 β 多样性。

(3)从分子生态网络模块数来看,覆膜措施削弱了细菌群落的生态功能。尽管覆膜措施能够促进作物产量的增加,但长期覆膜的潜在生态风险仍需慎重对待。

参考文献:

- [1] 周向荣,夏延斌,周跃斌,等.藠头的主要功能成分及其作用的研究进展[J].食品与机械,2006(3):73-75. ZHOU X R, XIA Y B,

- ZHOU Y B, et al. Investigation progress on main functional components and effects of *Allium chinense* G. Don[J]. *Food & Machinery*, 2006 (3):73-75.
- [2] 夏桂珍. 出口甜酸蒜头的腌制与加工[J]. 中国调味品, 1996(11): 25. XIA G Z. Pickling and processing of exported sweet - sour *Allium chinense* G. Don[J]. *China Condiment*, 1996(11):25.
- [3] 何运智, 冯健雄, 熊慧薇. 蒜头加工方法的现状与展望[J]. 江西农业学报, 2007, 19(12):91-92. HE Y Z, FENG J X, XIONG H W. Status and prospects of processing method for Chinese onion[J]. *Acta Agriculturae Jiangxi*, 2007, 19(12):91-92.
- [4] 胡志娥, 肖谋良, 王双, 等. 地膜覆盖对农田土壤养分和生态酶计量学特征的影响[J]. 环境科学, 2022, 43(3):1649-1656. HU Z E, XIAO M L, WANG S, et al. Effects of plastic mulch film on soil nutrients and ecological enzyme stoichiometry in farmland[J]. *Environmental Science*, 2022, 43(3):1649-1656.
- [5] GAO S D, SOSNOSKIE L M, CABRERA J A, et al. Fumigation efficacy and emission reduction using low-permeability film in orchard soil fumigation[J]. *Pest Management Science*, 2016, 72(2):306-314.
- [6] STEVENS M C, FREEMAN J H, DITTMAR P J. Impact of totally impermeable film on the efficacy of 1, 3-dichloropropene and chloropicrin mixtures for the control of nutsedge[J]. *Weed Technology*, 2016, 30(4):910-918.
- [7] 孙佳莹, 王晓旭, 张崎峰, 等. 玉米北方炭疽病发生危害调查及施肥覆膜措施对病害发生的影响[J]. 植物保护学报, 2020, 47(3):592-600. SUN J Y, WANG X X, ZHANG Q F, et al. Occurrence of maize eyespot and control effect of fertilizer and film application against the disease[J]. *Journal of Plant Protection*, 2020, 47(3):592-600.
- [8] 胡静荣, 史彩华, 张友军, 等. 西瓜苗期根蛆发生特点及防控建议[J]. 中国蔬菜, 2020(5):95-98. HU J R, SHI C H, ZHANG Y J, et al. Occurrence characteristics and prevention and control suggestions of watermelon root maggots at seedling stage[J]. *China Vegetables*, 2020(5):95-98.
- [9] 万怡华. 蒜头“烂莖”的原因分析与防治对策[J]. 现代园艺, 2008(9):38. WAN Y H. Cause analysis and prevention countermeasures of “rotten stump” of Chinese onion[J]. *Contemporary Horticulture*, 2008(9):38.
- [10] 贺纪正, 陆雅海, 傅伯杰. 土壤微生物学前沿[M]. 北京:科学出版社, 2019. HE J Z, LU Y H, FU B J. *Frontier of soil microbiology*[M]. Beijing:Science Press, 2019.
- [11] 孔滨, 孙波, 郑宪清, 等. 水热条件和施肥对黑土中微生物群落代谢特征的影响[J]. 土壤学报, 2009, 46(1):100-106. KONG B, SUN B, ZHENG X Q, et al. Effect of hydrothermal conditions and fertilization on metabolic characteristics of microbial community in a black soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2009, 46(1):100-106.
- [12] SCHLOTTER M, DILLY O, MUNCH J. Indicators for evaluating soil quality[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2003, 98(1/2/3):255-262.
- [13] 李明智, 张宇, 梅荣武, 等. Biolog ECO分析活性污泥微生物功能多样性特征[J]. 环境科学与技术, 2016, 39(6):55-58. LI M Z, ZHANG Y, MEI R W, et al. Analysis of microbial community functional diversity of activated sludge by Biolog ECO method[J]. *Environmental Science & Technology*, 2016, 39(6):55-58.
- [14] 韦应莉, 曹文侠, 李建宏, 等. 不同放牧与围封高寒灌丛草地土壤微生物群落结构 PLFA 分析[J]. 生态学报, 2018, 38(13):4897-4908. WEI Y L, CAO W X, LI J H, et al. Phospholipid fatty acid (PLFA) analysis of soil microbial community structure with different intensities of grazing and fencing in alpine shrubland[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(13):4897-4908.
- [15] 周倩, 黄安诚. 植物根系化合物调控微生物菌群研究进展[J]. 植物生理学报, 2020, 56(11):2288-2295. ZHOU Q, HUANG A C. Recent progress on modulation of microbiota by plant root metabolites[J]. *Plant Physiology Journal*, 2020, 56(11):2288-2295.
- [16] SOKOL N W, SLESSAREY E, MARSCHMANN G L, et al. Life and death in the soil microbiome: how ecological processes influence biogeochemistry[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2022, 20:415-430.
- [17] MENDES R, GARBEVA P, RAAIJMAKERS J M. The rhizosphere microbiome: significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms[J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2013, 37(5):634-663.
- [18] ZHANG B G, ZHANG J, LIU Y, et al. Co-occurrence patterns of soybean rhizosphere microbiome at a continental scale[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2018, 118:178-186.
- [19] BERENDSEN R L, PIETERSE C M, BAKKER P A. The rhizosphere microbiome and plant health[J]. *Trends in Plant Science*, 2012, 17(8):478-486.
- [20] DENNIS P G, NEWSHAM K K, RUSHTON S P, et al. Warming constrains bacterial community responses to nutrient inputs in a southern, but not northern, maritime antarctic soil[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 57:248-255.
- [21] 王宇姝, 盛海彦, 罗莎莎, 等. 环青海湖4种生境土壤中原核微生物群落结构及分子网络特征[J]. 生态环境学报, 2021, 30(7):1393-1403. WANG Y S, SHENG H Y, LUO S S, et al. Characteristics of prokaryotic microbial community structure and molecular ecological network in four habitat soils around Lake Qinghai[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2021, 30(7):1393-1403.
- [22] 石文莉, 蒋如东, 马天海, 等. 太湖不同营养水平湖区沉积环境微生物分子生态网络特征及其环境响应分析[J]. 南京大学学报(自然科学), 2018, 54(5):1045-1056. SHI W L, JIANG R D, MA T H, et al. Molecular ecological network analysis of sedimental microbial community and its response to environmental factors in different trophic status areas of Taihu Lake[J]. *Journal of Nanjing University (Natural Science)*, 2018, 54(5):1045-1056.
- [23] LAYEGHIFARD M, HWANG D M, GUTTMAN D S. Disentangling interactions in the microbiome: a network perspective[J]. *Trends in Microbiology*, 2017, 25(3):217-228.
- [24] 宋健, 曹伟平, 陈丹, 等. 日晒高温覆膜对韭菜生长及根际土壤微生物多样性的影响[J]. 中国生物防治学报, 2018, 34(5):670-675. SONG J, CAO W P, CHEN D, et al. Effect of solarization high temperature film mulching on Chinese chive growth and soil microbial functional diversity[J]. *Chinese Journal of Biological Control*, 2018, 34(5):670-675.
- [25] FENG K, ZHANG Z J, CAI W W, et al. Biodiversity and species com-

- petition regulate the resilience of microbial biofilm community[J]. *Molecular Ecology*, 2017, 26:6170–6182.
- [26] TAN L, GU S S, LI S, et al. Responses of microbial communities and interaction networks to different management practices in tea plantation soils[J]. *Sustainability*, 2019, 11(16):4428.
- [27] MAGOC T, SALZBERG S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. *Bioinformatics*, 2011, 27: 2957–2963.
- [28] KONG Y. Btrim: a fast, lightweight adapter and quality trimming program for next-generation sequencing technologies[J]. *Genomics*, 2011, 98:152–153.
- [29] EDGAR R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. *Nature Methods*, 2013, 10:996.
- [30] FENG K, PENG X, ZHANG Z, et al. iNAP: an integrated network analysis pipeline for microbiome studies[J]. *IMeta*, 2022, 1:e13.
- [31] DENG Y, JIANG Y H, YANG Y F, et al. Molecular ecological network analyses[J]. *BMC Bioinformatics*, 2012, 13(1):113.
- [32] NEWMAN M E J. Fast algorithm for detecting community structure in networks[J]. *Physical Review E*, 2004, 69(6):066133.
- [33] 汪涵. 酸性矿山废水长期灌溉稻田土壤中微生物群落结构时空变化特征及其响应机制[D]. 广州: 华南理工大学, 2019: 90–91. WANG H. Characteristics of microbial community spatial and temporal change in paddy soil under long-term acid mine drainage irrigation and its response mechanism[D]. Guangzhou: South China University of Technology, 2019: 90–91.
- [34] 蒋锐, 郭升, 马德帝. 旱地雨养农业覆膜体系及其土壤生态环境效应[J]. 中国生态农业学报, 2018, 26(3):317–328. JIANG R, GUO S, MA D D. Review of plastic film mulching system and its impact on soil ecological environment in China's rainfed drylands[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2018, 26(3):317–328.
- [35] LUO X, GUO Y, WANG R, et al. Carbon footprint of a winter wheat–summer maize cropping system under straw and plastic film mulching in the Loess Plateau of China[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 794:1–9.
- [36] 卢正友, 王照, 鲁敏, 等. 刺梨园覆盖不同颜色地膜的效果分析[J]. 中国农业气象, 2022, 43(12):991–1001. LU Z Y, WANG Z, LU M, et al. Analysis of effectiveness on coving with different color plastic film in *Rosa roxburghii* orchard[J]. *Chinese Journal of Agrometeorology*, 2022, 43(12):991–1001.
- [37] 张婷, 李刚波, 赵林. 不同颜色地膜覆盖对草莓生长和果实品质的影响[J]. 湖南农业科学, 2020, 12:14–16. ZHANG T, LI G B, ZHAO L. Effects of different color plastic film mulching on strawberry growth and fruit quality[J]. *Hunan Agricultural Sciences*, 2020, 12:14–16.
- [38] 邓仁菊, 尹旺, 张皓, 等. 5种地膜覆盖对甘薯产量及品质的影响[J]. 江苏农业科学, 2021, 49(4):51–54. DENG R J, YIN W, ZHANG H, et al. Effects of five kinds of plastic film mulching on yield and quality of sweet potato[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2021, 49(4):51–54.
- [39] 李玉娥, 马义成, 许丽芸, 等. 不同颜色地膜对花椰菜生长及产量的影响初报[J]. 农业科技与信息, 2016(13):62–64. LI Y E, MA Y C, XU L Y, et al. Effect of different color film on growth and yield of cauliflower[J]. *Agricultural Science–Technology and Information*, 2016(13):62–64.
- [40] 李隆, 左元梅, 刘永秀, 等. 根际微生态系统理论在我国农业高产高效中的作用: 间套种作物种间的根际微生态效应的发现及应用前景[J]. 中国农业科技导报, 1999(4):34–40. LI L, ZUO Y M, LIU Y X, et al. The role of rhizosphere microecology theory in high yield and high efficiency of agriculture: the finding of the rhizosphere microecology effect in intercropping system and the perspective of its application[J]. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 1999(4):34–40.
- [41] LI Y Z, HU Y C, SONG D P, et al. The effects of straw incorporation with plastic film mulch on soil properties and bacterial community structure on the loess plateau[J]. *European Journal of Soil Science*, 2021, 72(2):979–994.
- [42] 宋健, 张海剑, 刘莉, 等. 高通量测序分析高温覆膜对韭菜根际微生物多样性的影响[J]. 中国生物防治学报, 2020, 36(6):938–945. SONG J, ZHANG H J, LIU L, et al. Effect of high temperature film mulching on soil microbial functional diversity by high throughput sequencing[J]. *Chinese Journal of Biological Control*, 2020, 36(6):938–945.
- [43] FARMER J, ZHANG B, JIN X X, et al. Long-term effect of plastic film mulching and fertilization on bacterial communities in a brown soil revealed by high throughput sequencing[J]. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 2017, 63:230–241.
- [44] 李凯, 罗世武, 王湛, 等. 地膜覆盖对旱区谷子根际土壤微生物特性及产量的影响[J]. 山西农业大学学报(自然科学版), 2022, 42(5):1–8. LI K, LUO S W, WANG Z, et al. Effects of different plastic film mulching on the microbial characteristics of rhizosphere soil and yield of millet in arid area[J]. *Journal of Shanxi Agricultural University (Natural Science Edition)*, 2022, 42(5):1–8.
- [45] 林雁冰, 薛泉宏, 颜霞. 覆膜条件下小麦和玉米根系化感作用对土壤微生物的影响[J]. 西北农业学报, 2010, 19(1):92–95. LIN Y B, XUE Q H, YAN X. Effects of allelopathy of maize and wheat root on soil microorganism under the plastic film mulching condition[J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2010, 19(1):92–95.
- [46] HUANG F Y, LIU Z H, MOU H Y, et al. Effects of different long-term farmland mulching practices on the loessial soil fungal community in a semiarid region of China[J]. *Applied Soil Ecology*, 2019, 137:111–121.
- [47] 于亚军, 张浩, 张子豪, 等. 渭北旱塬不同覆膜农田土壤微生物群落和酶活性的差异[J]. 农业环境科学学报, 2020, 39(11):2578–2586. YU Y J, ZHANG H, ZHANG Z H, et al. Effects of different plastic film mulching treatments on soil microbial communities and enzyme activities in the Weibei drylands of the Loess Plateau[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2020, 39(11):2578–2586.
- [48] BARDGETT R D, PUTTEN W H. Belowground biodiversity and ecosystem functioning[J]. *Nature*, 2014, 515(7528):505–511.
- [49] XUE P P, MINASNY B, MCBRATNEY A M B, et al. Land-use affects soil microbial co-occurrence networks and their putative functions[J]. *Applied Soil Ecology*, 2022, 169:104184.

- [50] 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等. 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 G H, LIU J J, YU Z H, et al. Research progress of *Acidobacteria* ecology in soils[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2016, 32(2): 14–20.
- [51] LV X F, YU J B, FU Y Q, et al. A meta-analysis of the bacterial and archaeal diversity observed in wetland soils[J]. *Scientific World Journal*, 2014, 2014: 437684.
- [52] 周妍, 王丽娜, 张美珍, 等. 盐碱土加沙后接种溶磷菌对绿豆根际土壤细菌多样性的影响[J]. 山东农业科学, 2022, 54(6): 73–81. ZHOU Y, WANG L N, ZHANG M Z, et al. Effects of inoculating phosphorus-solubilizing bacteria on bacterial diversity of mung bean rhizosphere soil mixed with sands in saline alkaline soil[J]. *Shandong Agricultural Sciences*, 2022, 54(6): 73–81.
- [53] KUYPERS M M M, MARCHANT H K, KARTAL B. The microbial nitrogen-cycling network[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2018, 16(5): 263–276.
- [54] HAHN A S, KONWAR K M, LOUCA S, et al. The information science of microbial ecology[J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2016, 31: 209–216.
- [55] WILLIAMS R J, HOWE A, HOFMOCKEL K S. Demonstrating microbial co-occurrence pattern analyses within and between ecosystems[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2014, 5: 358.
- [56] WANG J C, SONG Y, MA T F, et al. Impacts of inorganic and organic fertilization treatments on bacterial and fungal communities in a paddy soil[J]. *Applied Soil Ecology*, 2017, 112: 42–50.
- [57] GU S S, HU Q L, CHENG Y Q, et al. Application of organic fertilizer improves microbial community diversity and alters microbial network structure in tea (*Camellia sinensis*) plantation soils[J]. *Soil and Tillage Research*, 2019, 195: 104356.
- [58] 马泊泊, 黄瑞林, 张娜, 等. 秸秆生物炭对根际土壤细菌-真菌群落分子生态网络的影响[J]. 土壤学报, 2019, 56(4): 964–974. MA B B, HUANG R L, ZHANG N, et al. Effect of straw-derived biochar on molecular ecological network between bacterial and fungal communities in rhizosphere soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2019, 56(4): 964–974.
- [59] 胡志娥, 肖谋良, 丁济娜, 等. 长期覆膜条件下农田土壤微生物群落的响应特征[J]. 环境科学, 2022, 43(10): 4745–4754. HU Z E, XIAO M L, DING J N, et al. Response characteristics of soil microbial community under long-term film mulching[J]. *Environmental Science*, 2022, 43(10): 4745–4754.
- [60] 李文兴, 郑曼曼, 王超, 等. 亚硝化球菌属(*Nitrososphaera*)可能是酸性土壤硝化作用的重要驱动者[J]. 土壤, 2021, 53(1): 13–20. LI W X, ZHENG M M, WANG C, et al. *Nitrososphaera* may be a major driver of nitrification in acidic soils[J]. *Soils*, 2021, 53(1): 13–20.
- [61] 鲜文东, 张潇潼, 李文均. 绿弯菌的研究现状及展望[J]. 微生物学报, 2020, 60(9): 1801–1820. XIAN W D, ZHANG X T, LI W J. Research status and prospect on bacterial phylum *Chloroflexi*[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2020, 60(9): 1801–1820.
- [62] 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 J Y, ZHOU J R, WU J, 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.
- [63] 祝蕾, 严辉, 刘培, 等. 药用植物根际微生物对其品质形成的影响及其作用机制的研究进展[J]. 中草药, 2021, 52(13): 4064–4073. ZHU L, YAN H, LIU P, et al. Research progress on effects of rhizosphere microorganisms on quality formation of medicinal plants and their interaction mechanisms[J]. *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 2021, 52(13): 4064–4073.
- [64] 刘奎, 葛壮, 徐英德, 等. 不同耕作方式下黑土微生物群落对干湿交替的响应[J]. 土壤学报, 2020, 57(1): 206–216. LIU K, GE Z, XU Y D, et al. Responses of soil microbial community to drying-wetting alternation relative to tillage mode[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2020, 57(1): 206–216.
- [65] 吕俊, 潘洪祥, 于存. 马尾松根际溶磷细菌 *Paraburkholderia* sp. 的筛选、鉴定及溶磷特性研究[J]. 生物技术通报, 2020, 36(9): 147–156. LÜ J, PAN H X, YU C. Screening, identification and phosphate-solubilizing characteristics of phosphate-solubilizing *Paraburkholderia* sp. from *Pinus massoniana* rhizosphere soil[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2020, 36(9): 147–156.
- [66] 刘遵奇, 孟军, 陈温福. 玉米秸秆生物炭对尿素分解的影响[J]. 农业环境科学学报, 2015, 34(6): 1142–1148. LIU Z Q, MENG J, CHEN W F. Effect of corn stalk biochar on urea hydrolysis[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2015, 34(6): 1142–1148.
- [67] 聂兆君, 秦世玉, 刘红恩, 等. 氮锌配施对冬小麦产量及土壤氮素转化相关酶活性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, 26(3): 431–441. NIE Z J, QIN S Y, LIU H E, et al. Effects of combined application of nitrogen and zinc on winter wheat yield and soil enzyme activities related to nitrogen transformation[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2020, 26(3): 431–441.
- [68] 邹温馨, 苏卫华, 陈远学, 等. 长期施氮对酸性紫色土氨氧化微生物群落及其硝化作用的影响[J]. 中国农业科学, 2022, 55(3): 529–542. ZOU W X, SU W H, CHEN Y X, et al. Effects of long-term nitrogen application on ammonia oxidizer communities for nitrification in acid purple soil[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2022, 55(3): 529–542.
- [69] BEECKMAN T, BEECKMAN F, MOTTE H. Nitrification in agricultural soils: impact, actors and mitigation[J]. *Current Opinion in Biotechnology*, 2018, 50: 166–173.
- [70] LOUCA S, POLZ M F, MAZEL F, et al. Function and functional redundancy in microbial systems[J]. *Nature Ecology & Evolution*, 2018, 2(6): 936–943.