



基于宏基因组茉莉花植株土壤细菌多样性研究

陈梅春¹ 朱育菁^{1*} 刘波^{1*} 王阶平¹ 刘晓港² 杨文靖²

1 福建省农业科学院 农业生物资源研究所, 福州 350003; 2 福州大学 生物科学与工程学院, 福州 350001

*通讯作者, fzliubo@163.com; zyjingfz@163.com

摘要 土壤微生物多样性是反映土壤质量的重要指标, 本研究利用 16S rRNA 高通量测序技术对茉莉花(*Jasminum sambac* Ait)植株土壤细菌组成进行测定, 分析不同月份的细菌群落结构差异, 探究细菌多样性与土壤理化性质关系。研究表明, 茉莉花植株土壤中细菌多样性丰富, 包括 41 个门、98 个纲、225 个目、427 个科和 799 个属, 其中变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、放线菌门(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)和厚壁菌门(Firmicutes)是土壤样品中细菌物种丰度较高的 6 个门类。五个月份土壤中变形菌门均是丰度最高(22.0%~28.4%)的门类, 酸杆菌门在 6 月份土壤中的丰度最低(11.7%), 表明该月份土壤质量最好。10 月份土壤样本细菌多样性指数 Shannon 指数最高(6.9264)、Simpson 指数最小(0.002901), 表明该月份土壤细菌群落多样性最高, 说明低温有利于提高土壤微生物多样性。聚类分析和主成分分析结果表明, 7、8 和 9 月份三月份土壤的细菌群落构成相似度高, 而 6 月或 10 月与其他月份群落构成差异大。冗余分析和热图分析结果表明, 土壤 pH 值、有机质、总氮、碱解氮、总磷、速效磷、总钾和速效钾对微生物群落组成有显著影响, 其中土壤 pH 值、总磷和速效钾为最主要的影响因子; 而且, 厚壁菌门、放线菌门和绿弯菌门与土壤 pH 值、有机质、总氮、碱解氮、总磷和总钾呈正相关。本研究结果将为茉莉花的花期田间管理和土壤生态平衡保持提供理论参考。

关键词 茉莉花, 土壤细菌, 多样性, 土壤理化性质

中图分类号 S181 **文献标识码** A

Diversity Research of the Soil Bacteria of *Jasminum sambac* Ait Based on Metagenome

CHEN Mei-Chun¹ ZHU Yu-Jing^{1*} LIU Bo^{1*} WANG Jie-Ping¹ LIU Xiao-Gang² YANG Wen-Jing²

1 Agricultural Bioresources Research Institute, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou 350003, China; 2. College of Biological Science and Engineering, Fuzhou University, Fuzhou 350001, China

* Corresponding author, fzliubo@163.com; zyjingfz@163.com

Abstract The soil microbial diversity has been characterized as an important soil quality indicator. In this study, the soil bacterial community constitution of *Jasminum sambac* Ait was analyzed by the high throughput sequencing (Illumina Miseq) of the 16S rRNA V3-V4 hypervariable region, to investigate differences of the soil bacterial community structure among different months during the jasmine flower season and the relatedness between community structure of bacteria and soil physico-chemical properties. The results indicated that the soil bacterial diversity of *J. sambac* was very rich, including 41 phyla, 98 classes, 225 orders, 427 families and 799 genera. The 6 phyla with high abundance were Proteobacteria, Acidobacteria, Chloroflexi, Actinobacteria, Bacteroidetes and Firmicutes. The most abundant phylum in each month was Proteobacteria

基金项目: 福建省农业科学院英才计划项目(No. YC2015-11)、福建省自然科学基金(No. 2017J01050)、中国科协青年人才托举工程第三届项目(2017-2019 年度)(No. 2017QNRC001)和福建省农业科学院科技创新团队项目(No. STIT2017-1-11)

收稿日期: 2018-01-19 接受日期: 2018-04-12

(22.0%~28.4%). The abundance of the phylum Acidobacteria was the lowest (11.7%) in June, suggesting the best soil quality in this month. The Shannon index and Simpson index were the maximum (6.9264) and the minimum (0.002901) in October, respectively, which reflecting the highest bacterial diversity. These results demonstrated that the low temperature was beneficial to increase the soil bacterial diversity. The results of clustering and principal component analysis showed that the bacterial community structure of the soil samples in July, August and September possessed the highest similarity, while those of the soil sample in June and October exhibited obviously difference. Heatmap and redundancy analysis indicated that soil bacterial diversity were significantly influenced by soil properties including the soil pH, organic matter, total and alkali hydrolyzable nitrogen, total and available phosphorus, total and available potassium. Among them, pH, total phosphorus and available potassium were the three most important environmental factors. Moreover, there were positive correlations between the three main bacterial phyla (Firmicutes, Actinobacteria and Chloroflexi) and the six soil environmental factors, including pH, organic matter, total nitrogen, available nitrogen, total phosphorus and total potassium. This work provides useful informations for field management of *J. sambac* during flower season and soil conservancy ecological balance.

Keywords *Jasminum sambac* Ait, Soil bacteria, Diversity, Soil physic-chemical properties

土壤微生物包括细菌、真菌、放线菌以及各种藻类(石红霄, 于健龙, 2012)。土壤微生物是土壤中重要而活跃的部分,参与有机质分解转化、腐殖质形成、养分转化与循环等过程,对土壤肥力、植物养分吸收、植物生长发育、植株健康、作物产量等具有明显的影响,并且在一定程度上能够抑制植物土传病害(Gomez et al., 2006)。土壤微生物组成和分布影响着植物的生长,其群落结构和多样性在一定程度上反映了土壤的质量(陈承利等, 2006)。

气候条件、植物群落类型、有机污染物、重金属等均对土壤微生物种群组成和分布有影响,夏北成等(1998)研究发现土壤微生物群落多样性与覆盖在土壤上的植物群落多样性呈正相关;郑雪芳等(2010)研究表明高海拔处的茶树根系土壤微生物种类最多,分布数量最大;Kimura 和 Asakawa (2006)研究表明水稻根际土壤微生物中革兰氏阳性菌多于革兰氏阴性菌。植物类型不同,其土壤微生物群落结构不同, Han 等(2007)对大豆(*Glycine max*)、人工草地、人工灌丛、天然灌丛、玉米(*Zea mays* Linn)等植物根际微生物群落进行研究,发现大豆根际土壤微生物多样性高于其他植物。茉莉花(*Jasminum sambac* Ait)是花茶和香精重要原料之一,其花、叶亦具有显著药用价值(孟祥静等, 2009)。土壤是茉莉花生长发育、营养吸收的重要场所,含有大量腐殖质的微酸性砂质土壤最适合茉莉花的生长发育(汪旭明等, 2015)。研究表明,作物微生物种群结构影响作物的产量,微生物种群结

构失衡是导致作物减产的主要原因之一。然而,关于茉莉花(*Jasminum sambac* Ait)植株土壤微生物多样性研究还未见报道,探究茉莉花与土壤微生物多样性的内在联系,对于改善土壤质地、提高茉莉花产量具有重要意义,相关研究未见报道。

研究土壤微生物群落结构的方法有传统微生物培养法、生物标记法、BIOLLOG 鉴定系统和分子生物学法等(Amann et al., 1995; Torsvik, Øvreås, 2002; 文倩等, 2008; 张海涵等, 2007; 徐华勤等, 2007)。其中,采用分子生物学方法能够有效避免微生物群落结构多样性信息丢失,真实可靠地反映微生物原始组成情况,广泛应用于土壤微生物群落组成和种群变化方面的研究(夏围围, 贾仲君, 2014; Xia et al., 2011)。本研究通过 16S rRNA 高通量测序技术,获得不同月份的茉莉花植株土壤细菌信息,通过现代生物信息学手段,探究季节气候对茉莉花植株土壤微生物群落的影响,为茉莉花种植、生态系统平衡保持提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

样本采集地点:福建省福州福清市黄石村鑫康茉莉花基地;茉莉花花期为6~10月,样本采集时间:2016年6、7、8、9和10月中旬;各月份采集的样品编号分别为6M、7M、8M、9M和10M;采样方法:五点取样法采集花期茉莉花植株周围表层0~10 cm

土壤样品(土壤类型:土壤酸性较高 pH 5.6~6.7)。茉莉花大田种植管理:2月份茉莉花枝条修剪后施用复合肥 22.5 g/m²;两个月后茉莉花结小花蕾时施肥 15.0 g/m²;7月份茉莉花开花高峰期采摘结束后施肥 7.5 g/m²。

仪器与试剂,PCR仪:ABI GeneAmp 9700型。

1.2 方法

1.2.1 土壤理化性质测定

土壤有机质的测定按照 NY/T 1121.6-2006 方法;土壤总氮测定按照 NY/T 53-1987 方法(半微量开氏法);土壤总磷按照 NY/Y88-1988 方法测定;土壤总钾按照 NY/T 87-1988 方法测定;土壤 pH 值按照 NY/T 1121.2-2006 方法测定;采用碱解扩散法测定碱解氮含量;采用碳酸氢钠浸提钼锑比色法测定速效磷含量;采用乙酸胺浸提火焰光度计法测定速效钾含量(鲍士旦, 2000)。

1.2.2 土壤样品细菌宏基因组测序

土壤样品 16S rDNA 测序文库的构建,利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组 DNA。采用引物 338F 和 806R 对各样本的总 DNA 进行 PCR 扩增,引物序列:

338F:5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3');

806R:5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'。

PCR 实验采用 TransGen AP221-02: TransStart Fastpfu DNA 聚合酶,反应体系(20 μL):5×FastPfu Buffer 4 μL、dNTPs (2.5 mol/L) 2 μL、上、下游引物 (5 μmol/L)各 0.8 μL、FastPfu 聚合酶 0.4 μL、牛血清白蛋白(albumin from bovine serum, BSA) 0.2 μL 和 DNA 模板 (10 ng/μL) 10 ng,去离子水补足体积。PCR 程序:95℃ 预变性 3 min;95℃ 变性 30 s,55℃ 退火 30 s,72℃ 延伸 45 s,进行 27 个循环;最后 72℃ 延伸 10 min。每个样本 3 个重复,将同一样本的 PCR 产物混合后用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测,使用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒(AXYGEN 公司,美国)切胶回收 PCR 产物,Tris_HCl 洗脱;2% 琼脂糖电泳检测。用 QuantiFluor™-ST 蓝色荧光定量系统(Promega 公司,美国)进行检测定量。利用 TruSeq™ DNA Sample Prep Kit 构建 PE 文库,使用 Illumina Miseq 平台进行测序。

1.2.3 物种注释与评估

采用 FLASH 和 Trimmomatic 对原始数据进行

拼接、过滤得到有效序列,并校正序列方向。可操作分类单元(operational taxonomic units, OTU) 根据 97% 的序列相似性阈值进行划分。利用 Usearch (vsesion 7.0, <http://drive5.com/uparse/>) 平台完成基于 97% 序列相似性的样品群落丰富度和多样分析,包括 Simpson(辛普森多样性指数)、Coverage (Good's 物种覆盖度)、Chao(物种丰富度 Chao1 指数)和 Shannon(香农多样性指数)等指数;通过 Qiime 平台平台,采用 RDP Classifier(version 2.2)贝叶斯算法对 97% 相似水平的 OTU 代表序列进行分类学分析,鉴定 OTU 代表性序列的细菌分类地位 (70% 置信水平)。

1.2.4 茉莉花植株土壤细菌物种组成与分析

Venn 图:反映组间各样品之间的共有及特有 OTU 数,采用 VennDiagram 软件生成;不同分类学水平上物种群落组成与丰度:基于 tax_summary_a 文件夹中的数据表。Heatmap 图:根据物种或样本间丰度的相似性进行聚类,并将结果呈现在群落 heatmap 图上,可使高丰度和低丰度的物种分块聚集,通过颜色变化与相似程度来反映不同分组(或样本)在各分类水平上群落组成的相似性和差异性。采用 R 语言 vegan 包计算而成。图中纵向和横向分别代表不同月份土壤样本和不同菌科聚类情况。一个颜色代表一个样本的一个菌科的丰度,颜色越蓝表明丰度越低,反之,颜色越红代表丰度越高,通过区域颜色的深浅变化可以直观反映出不同月份样品间细菌群落结构的相似性和差异性。

1.2.5 茉莉花植株土壤细菌物种主成分分析

利用 Qiime 软件,通过非加权组平均法(unweighted pair-group method with arithmetic mean, UPGMA)算法进行主成分分析(principal component analysis, PCA),分析不同样本的细菌群落构成差异。

1.2.6 茉莉花植株土壤细菌群落与环境因子的冗余分析

分析不同月份土壤细菌受环境因子影响的程度,同时分析丰度前 6 的细菌门分析土壤细菌门与土壤环境因子(pH、有机质、总磷、速效磷、总氮、碱解氮、总钾、速效钾)关系。冗余分析(redundancy analysis, RDA)是基于线性模型分析,研究土壤理化性质、土壤样本、菌群三者间的关系。样本点的

空间距离代表样本间的距离,样本点到环境因子向量的投影距离代表样本受环境因子影响的程度。样本点向环境因子做垂线,投影点在箭头方向上,表明环境因子与样本之间是正相关的关系;反之,负相关。物种与环境因子之间的夹角代表物种与环境因子间的正、负相关关系(锐角:正相关;钝角:负相关;直角:无相关性)。在RDA图内,环境因子用红色箭头表示,细菌门用蓝色箭头表示,月份用绿色圆点表示。

相关性 heatmap 图比较微生物分类与环境变量,评估微生物分类与环境变量之间的相关性,基本输出是一个距离矩阵,表示群落中每个微生物与每个环境因子变量之间的相关系数,分类水平为总丰度前 50 的物种。

2 结果与分析

2.1 土壤的理化性质

不同月份土壤的部分理化性质见表 1,土壤 pH 为 5.77~6.23,表明茉莉花植株土壤为微酸性土壤。各月份土壤主要营养成分含量表现为:有机质含量范围 29.78~32.94 g/kg,月份变化为 8 月>7 月>6 月>9 月>10 月;总氮含量范围 0.158 8%~0.170

4%,月份变化为 8 月>6 月>7 月>9 月>10 月;碱解氮含量范围 0.133~0.173 g/kg,月份变化为 7 月>6 月>8 月>9 月>10 月;总磷含量范围 0.084 6%~0.092 4%,月份变化为 7 月>6 月、9 月>8 月>10 月;速效磷含量范围 0.067~0.109 g/kg,月份变化 9 月>7 月>8 月>6 月>10 月;总钾含量范围 0.798%~0.864%,月份变化为 6 月>9 月>7 月>8 月>10 月,速效钾含量范围 0.148~0.373 g/kg,月份变化为 8 月>7 月>9 月>6 月>10 月。其中 10 月份的各成分含量均最低,各月份土壤的有机质、总氮、总磷、速效磷、总钾含量无显著差异。

2.2 茉莉花植株土壤细菌宏基因测序

茉莉花植株土壤共有 25 个样本,每个样本所测得的序列数目不一致,利用 Usearch 平台进行样本抽平,每个样品保留 50 342 条序列,构建一个新的、数量均衡的样品序列库。在此基础上,择 97% 相似度的 OTU,采用对序列进行随机抽样的方法,以抽取到的序列数与其对应的 OTU 数目,构建稀释曲线(图 1)。从图 1 中可以看出,每个样本的 OTU 的数量均随着测序深度增加而增加,而后趋于平稳,说明测序数据量合理。虽然样品稀释性曲线没有完全平坦,但更多的数据量只会产生少量新

表 1 不同月份茉莉花植株土壤理化性质

Table 1 The physico-chemical properties of soil with *Jasminum sambac* Ait

项目 Project	6 月 June	7 月 July	8 月 August	9 月 September	10 月 October
pH	6.09±0.14 ^{ab}	6.23±0.36 ^a	5.77±0.12 ^b	5.78±0.28 ^b	5.80±0.27 ^b
有机质/(g·kg ⁻¹) Organic matter	32.44±8.26 ^a	32.76±5.79 ^a	32.94±9.40 ^a	31.46±4.49 ^a	29.78±3.60 ^a
总氮/% Total nitrogen	0.1674±0.0324 ^a	0.1670±0.0330 ^a	0.1704±0.0393 ^a	0.1632±0.02118 ^a	0.1588±0.02170 ^a
碱解氮/(g·kg ⁻¹) Alkali hydrolyzable nitrogen	0.155±0.023 ^{ab}	0.173±0.034 ^a	0.153±0.029 ^{ab}	0.135±0.0114 ^b	0.133±0.015 ^b
总磷/% Total phosphorus	0.0898±0.0127 ^a	0.0924±0.0147 ^a	0.0872±0.0122 ^a	0.0898±0.0083 ^a	0.0846±0.0090 ^a
速效磷/(g·kg ⁻¹) Available phosphorus	0.080±0.019 ^a	0.087±0.048 ^a	0.083±0.03 ^a	0.109±0.044 ^a	0.067±0.02 ^a
总钾/% Total potassium	0.864±0.020 ^a	0.848±0.067 ^a	0.824±0.025 ^a	0.860±0.069 ^a	0.798±0.097 ^a
速效钾/(g·kg ⁻¹) Available potassium	0.201±0.044 ^b	0.261±0.057 ^{ab}	0.373±0.207 ^a	0.226±0.084 ^{ab}	0.148±0.064 ^b

同行不同小写字母表示差异显著($P<0.05$)

Different lowercase letters in same line show significant difference ($P<0.05$).

的OTU,却使得成本更高。因而,本实验样本的取样深度及测序数据量合理,能够较好地反映茉莉花植株土壤细菌菌群情况。

2.3 茉莉花植株土壤细菌物种组成

统计样本中共有和独有的细菌物种 OTU 数目并作 Venn 图(图 2)。6、7、8、9、10 月样品中细菌物种 OTU 分别为 5 358、5 461、5 298、5 260 和 5 327;细菌物种 OTU 总数为 6 268,包含 41 个门、98 个纲、225 个目、427 个科和 799 个属,其中月份共有的 OTU 有 4 011,占比 64.0%。

不同月份的土壤细菌物种数量存在差异,如表 2 所示。在门水平,6 月份和 10 月份细菌物种数量多于其他月份;在纲水平,10 月份细菌物种数量最多,8 月份最少;在目、科、属水平,6 月份土壤中细菌物种种类最多。上述结果表明,在目、科、属水平

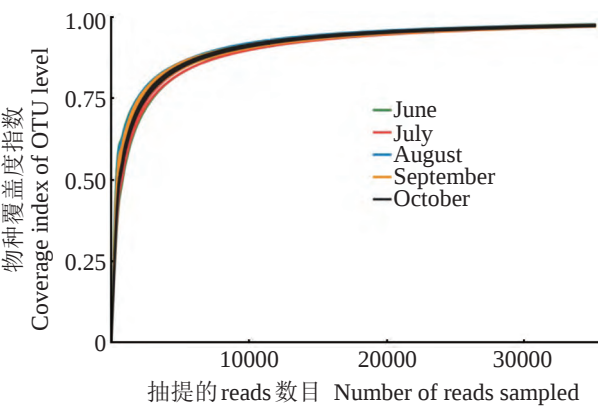


图 1 茉莉花植株土壤细菌 16S rRNA 相似水平为 97% 的稀释性曲线

Figure 1 The rarefaction curves of the soil bacteria of *Jasminum sambac* (L.) Ait with 97% similar by 16S rRNA comparison

表 2 不同分类阶元细菌物种(OTU)数量

Table 2 The number of bacterial communities (OTU) at different levels

月份 Month	细菌物种/(OTU) Bacterial community				
	门 Phylum	纲 Class	目 Order	科 Family	属 Genus
6 月 June	40	92	208	398	733
7 月 July	38	90	200	383	692
8 月 August	38	87	200	383	697
9 月 September	38	91	205	377	698
10 月 October	40	95	207	384	684

上,6 月份土壤中微生物种类最为丰富。

2.4 茉莉花植株土壤细菌物种丰度(%)月份分布

不同月份土壤样本中的主要细菌物种丰度(%)如表 3 所示,在门水平上,6~10 月份土壤样品中前 3 个含量最高的细菌物种丰度(%)为变形菌门(*Proteobacteria*, 丰度总和=132.23)、酸杆菌门(*Acidobacteria*, 86.28)和绿弯菌门(*Chloroflexi*, 70.73),这些均是农田土壤中常见的门类(陈月星等, 2015)。10 月份土壤中变形菌门和酸杆菌门含量最高,是含量最低月份(6 月份)的 1.3 和 1.7 倍;6 月份土壤中绿弯菌门含量最高,是含量最低月份(9 月份)的 1.6 倍;6 月份土壤中放线菌门(*Actinobacteria*)含量最高,是含量最低月份(9 月份)的 1.4 倍;6~10 月份土壤中硝化螺旋菌门(*Nitrospirae*)含量随着月份的变化而增加。

在纲水平上,6~10 月份土壤样品中前 3 个含量

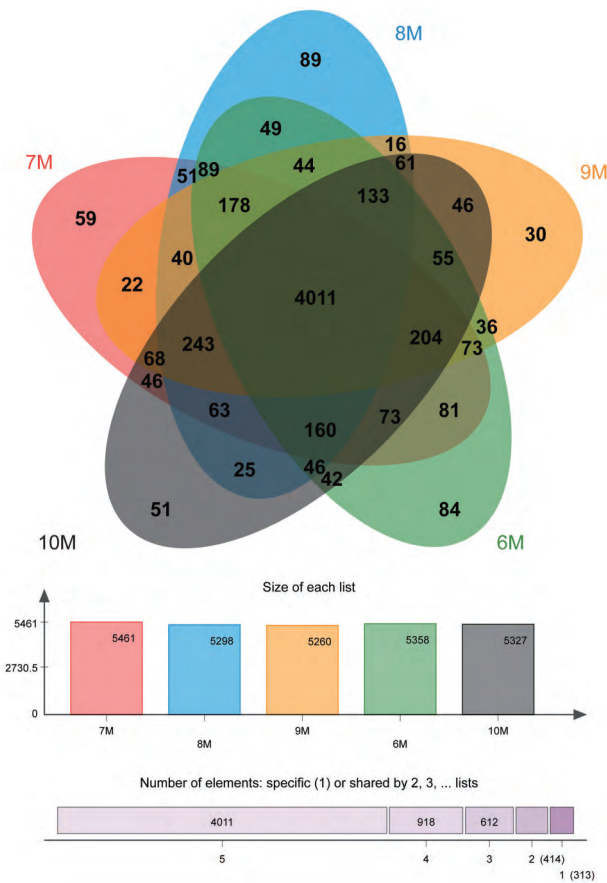


图 2 茉莉花植株土壤细菌物种 (OTUs) 组成的 Venn 分析

Figure 2 Venn analysis of the soil bacteria (OTUs) of *Jasminum sambac* Ait

表 3 茉莉花植株土壤不同分类阶元细菌物种丰度(%)月份分布
Table 3 Taxonomic compositions of bacterial communities at different levels

分类阶元 Taxonomic category	学名 Scientific name	细菌丰度/% Bacterial abundance					总和 Total
		June	July	August	September	October	
门 Phylum	变形菌门 Proteobacteria	22.04	27.38	28.20	26.22	28.39	132.23
	酸杆菌门 Acidobacteria	11.70	18.36	17.59	19.23	19.40	86.28
	绿弯菌门 Chloroflexi	18.22	13.17	12.62	11.49	15.23	70.73
	放线菌门 Actinobacteria	16.44	13.27	13.27	12.11	11.41	66.50
	拟杆菌门 Bacteroidetes	6.35	7.36	6.96	8.07	6.65	35.39
	厚壁菌门 Firmicutes	10.32	4.70	6.64	7.62	1.99	31.27
	芽单胞菌门 Gemmatimonadetes	2.01	2.34	2.99	2.40	3.05	12.79
	硝化螺旋菌门 Nitrospirae	-	1.84	1.99	2.04	3.29	9.16
纲 Class	酸杆菌纲 Acidobacteria	11.70	18.36	17.59	19.23	19.40	86.28
	放线菌纲 Actinobacteria	16.44	13.27	13.27	12.11	11.41	66.50
	α -变形菌纲 Alphaproteobacteria	8.59	10.56	11.35	9.12	10.23	49.85
	β -变形菌纲 Betaproteobacteria	7.26	8.86	9.08	9.61	9.49	44.30
	芽胞杆菌纲 Bacilli	9.46	4.43	6.31	7.35	1.70	29.25
	鞘脂杆菌纲 Sphingobacteria	2.89	4.61	4.39	4.13	4.21	20.23
	δ -变形菌纲 Deltaproteobacteria	3.42	3.73	3.82	3.69	5.14	19.80
	γ -变形菌纲 Gammaproteobacteria	2.66	4.16	3.90	3.71	3.42	17.85
目 Order	芽胞杆菌目 Bacillales	9.39	4.41	6.28	7.33	1.68	29.09
	甲基杆菌目 Rhizobiales	3.21	5.35	6.22	5.08	5.89	25.75
	微球菌目 Micrococcales	5.13	5.08	4.61	5.29	2.82	22.93
	伯克氏菌目 Burkholderiales	5.09	3.97	3.92	5.19	2.96	21.13
	鞘脂杆菌目 Sphingobacteriales	2.89	4.61	4.39	4.13	4.21	20.23
	黄单胞菌目 Xanthomonadales	1.88	3.23	2.91	2.37	2.55	12.94
	芽单胞菌目 Gemmatimonadetes	1.83	2.26	2.91	2.36	2.99	12.35
	芽胞杆菌科 Bacillaceae	6.26	3.17	4.63	4.91	-	18.97
科 Family	噬几丁质菌科 Chitinophagaceae	2.02	3.37	3.14	2.92	2.99	14.44
	微球菌科 Micrococcaceae	2.52	3.42	3.36	4.20	-	13.50
	芽单胞菌科 Gemmatimonadaceae	1.83	2.26	2.91	2.36	2.99	12.35
	黄杆菌科 Flavobacteriaceae	2.57	1.97	-	3.39	1.88	9.81
	黄色杆菌科 Xanthobacteraceae	-	2.04	2.49	1.95	2.31	8.79
	鞘酯菌科 Sphingomonadaceae	2.22	2.30	2.02	1.69	-	8.23
	草酸杆菌科 Oxalobacteraceae	2.83	1.24	1.51	2.46	-	8.04
	芽胞杆菌属 <i>Bacillus</i>	5.83	3.05	4.49	4.78	-	18.15
属 Genus	节杆菌属 <i>Arthrobacter</i>	2.50	3.41	3.33	4.18	-	13.42
	硝化螺菌属 <i>Nitrospira</i>	1.74	-	1.99	2.04	3.29	9.06
	黄杆菌属 <i>Flavobacterium</i>	2.53	1.95	-	3.38	-	7.86
	马赛立菌属 <i>Massilia</i>	2.62	1.13	1.39	2.38	-	7.52
	鞘氨醇单胞菌属 <i>Sphingomonas</i>	1.93	2.12	-	-	-	4.05
	<i>Bryobacter</i>	-	-	-	1.70	2.01	3.71

最高的细菌物种丰度(%)为酸杆菌纲(Acidobacteria, 丰度总和=86.28)、放线菌纲(Actinobacteria, 66.50)和 α -变形菌纲(Alphaproteobacteria, 49.85)。10月份土壤中酸杆菌纲含量最高,是含量最低月份(8月份)的1.7倍;6月份土壤中放线菌纲含量最高,是含量最低月份(10月份)的1.4倍;8月份土壤中 α -

变形菌纲含量最高的,是含量最低月份(6月份)的1.3倍;6月份土壤中芽胞杆菌纲(Bacilli)含量最高,是含量最低月份(10月份)的5.6倍;

在目水平上,6~10月份土壤样品中前3个含量最高的细菌物种丰度(%)为芽胞杆菌目(Bacillales, 丰度总和=29.09)、甲基杆菌目(Rhizobiales, 25.75)和微球菌目(Micrococcales, 22.93)。6月份土壤中芽胞杆菌目(Bacillales)含量最高,是含量最低月份(10月份)的5.6;8月份土壤中甲基杆菌目(Rhizobiales)含量最高,是含量最低月份(6月份)的1.9倍;9月份土壤中伯克氏菌目(Burkholderiales)和微球菌目(Micrococcales)含量最高,是含量最低月份(10月份)的1.8和1.9倍。

在科水平上,6~10月份土壤样品中前3个含量最高的细菌物种丰度(%)为芽胞杆菌科(Bacillaceae, 丰度总和=18.97)、噬几丁质菌科(Chitinophagaceae, 14.44)和微球菌科(Micrococcaceae, reads=13.50)。10月份土壤中未检出芽胞杆菌科、微球菌科、鞘酯菌科(Sphingomonadaceae)和草酸杆菌科(Oxalobacteraceae),其中芽胞杆菌科和草酸杆菌科在6月份土壤样本中含量最高。10月份土壤中检出亚硝化单胞菌科(Nitrosomonadaceae),该类菌科未在其他四个月份中被检出。

在属水平,6~10月份土壤样品中前3个含量最高的细菌物种丰度(%)为芽胞杆菌属(*Bacillus*, 丰度总和=18.15)、节杆菌属(*Arthrobacter*, 13.42)和硝化螺菌属(*Nitrospira*, 9.06),但10月份土壤中未检出芽胞杆菌属和节杆菌属细菌;6月份土壤细菌中芽胞杆菌属含量最高,而节杆菌属含量最低;鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)仅在6和7月份土壤中检出,而*Bryobacter*仅在9和10月份土壤中被检出。

2.5 茉莉花植株土壤细菌物种(OTU)多样性指数

茉莉花植株土壤25个样本共获得1 555 668有

效短序列(reads),经过均一化、数据标准化后,在97%的相似性水平上共划分出81576个OUT。对各样本在simpson指数、Shannon指数、Chao I指数以及Good's指数等各个指数类型下的多样性指数数值进行分析,获得样品内物种的丰富度、覆盖度和多样性等信息(张伟等, 2013; 庄伟伟等, 2017),结果如表4所示。稀释后的物种丰富度指数:Chao I 介于4 038.3和4 307.2之间。物种丰富度Chao I 指数是OTU数目的1倍左右,表明本研究的细菌多样性测序深度达到了丰富度估计值的80%左右。Shannon指数介于6.66和6.93之间。所有样品中的Chao I 指数、simpson指数和 Shannon指数无显著差异($P>0.05$),说明不同月份的茉莉花植株土壤细菌具有相似的细菌多样性水平。所有样品的Good's物种覆盖度在97%以上,有较高的文库覆盖度,表明生境中的大部分细菌物种信息都能被本研究捕捉到。

香农指数(Shannon)指数评价不同土壤的微生物群落多样性,反映了样方细菌数量和分布均匀度,数值越大,说明群落多样性越高,数量越大,分布越均匀(Susanne et al., 2006)。本研究中6~10月份的Shannon指数数据差异不显著,其中10月土壤的Shannon指数最高,表明了10月份的土壤微生物群落多样性最高。优势度指数(Simpson)反映细菌群落的集中程度,数值越大,种类在月份的分布越集中,优势群落越明显(刘波等, 2016),本研究中6-10月份土壤样品的Simpson指数各月份数据差异不显著,其中10月份的Simpson指数最小,说明10月份土壤微生物多样性最高,分布最为均匀。

2.6 茉莉花植株土壤细菌物种主成分分析

以检测到的所有属水平的细菌物种为指标,构建数据矩阵,进行主成分分析,结果如图3所示。PCA分析前三个主成分贡献率分别为64.44%、

表4 不同月份茉莉花植株土壤样品之间的细菌物种(OTU)多样性指数

Table 4 The diversity analysis of bacteria from the soil of *Jasminum sambac*

月份	序列数	细菌物种数	香农多样性指数	辛普森多样性指数	丰富度指数	物种覆盖度
Month	Sequence	Observed OTU	Shannon index	Simpson index	Chao I	Coverage
June	64144 ^{ab}	3294 ^{ab}	6.7625 ^a	0.006900 ^a	4110.5 ^a	0.97339 ^a
July	62408 ^{ab}	3386.0 ^a	6.8864 ^a	0.004304 ^a	4307.2 ^a	0.97182 ^a
August	66259 ^a	3127.8 ^b	6.6852 ^a	0.007032 ^a	4038.3 ^a	0.97322 ^a
September	55334 ^b	3215.8 ^{ab}	6.6604 ^a	0.006387 ^a	4136 ^a	0.97228 ^a
October	62988 ^{ab}	3291.6 ^{ab}	6.9264 ^a	0.002901 ^a	4214.6 ^a	0.97256 ^a

25.19%和7.40%，累计贡献率达到97.03%，说明前3个主成分能够代表检测的所有物质理化指标的大部分信息，符合主成分分析的要求。PCA结果显示，在属水平上7~9三个月的土壤细菌群落构成相近，可以聚为一类，6月或10月与其他月份的细菌群落构成差异比较大，单独聚为一类。与6月或10月不同，7、8、9月份为茉莉花的盛花期，均具有高温、高湿度的气候条件，因此，该结果表明气候条件显著影响土壤细菌群落构成。

2.7 茉莉花植株土壤细菌物种丰度聚类分析

图4为不同月份的茉莉花植株土壤中不同菌科所含序列丰度的heatmap图，在科水平上，土壤中细菌根据丰度高低共聚成4个大簇，丰度高低次序为：第Ⅰ簇>第Ⅱ簇>第Ⅳ簇>第Ⅲ簇(图4)。第Ⅰ簇包含了高丰度细菌，主要种类为芽胞杆菌科(Bacillaceae)和Micrococcaceae，这两个科在10月份土壤样本中丰度最低(浅粉~浅绿色)，而在其他月份中的丰度高(区域呈红色~深红色)。

第Ⅱ簇包含了中丰度细菌，不同月份的优势菌群明显不同，如Flavobacteriaceae在9月份土壤中丰度高(红色)，而在其他月份中低(粉色)；黄单胞菌科(Xanthomonadaceae)和亚硝化单胞菌科(Nitrosomonadaceae)在6月份土壤中丰度极低(呈浅绿色~绿色)在其他月份中丰度较高(呈粉红~红色)；草酸杆菌科(Oxalobacteraceae)在6月和9月份土壤中丰度高(呈粉红色)，但在其他月份中丰度低(白色~浅绿色)。

第Ⅲ簇包含了微丰度细菌，7、8和9月土壤中

优势菌群均存在一定程度的交叠，区域颜色相近，表明它们的群落结构相似性高，而6月份和10月份的区域颜色变化明显不同，说明它们的群落结构差异明显。

第Ⅳ簇包含了低丰度细菌，其中Intrasporangiaceae和类芽胞杆菌科(Paenibacillaceae)在6月份土壤细菌丰度很高(粉红色)，而在其他月份土壤中丰度很低(白色~绿色)；伯克氏菌科(Burkholderiaceae)在9月份土壤中丰度很高(粉红色)，其他月份中丰度低(浅绿色~绿色)；丛毛单胞菌科(Comamonadaceae)在7月份土壤中的丰度(白色)高于其他月份(浅绿色)。

根据细菌群落丰度组成，五个月份的土壤细菌物种丰度(%)可以聚成三类，6月为一类、10月为一类、7、8和9三月份为一类，其中7月和8月的土壤样本细菌物种丰度(%)结构相似度很高。

2.8 茉莉花植株土壤细菌群落结构与环境因子的关联性分析

对茉莉花植株土壤细菌门水平上的细菌群落结构与土壤理化性质的关联性进行了RDA分析(图5)。结果表明，1)厚壁菌门(Firmicutes)、放线菌门(Actinobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi)与有机质、总磷、总氮、总钾、碱解氮和pH的含量呈正相关，与速效钾含量呈负相关；2)厚壁菌门与速效磷含量呈正相关，放线菌门和绿弯菌门与速效磷含量呈负相关；3)拟杆菌门(Bacteroidetes)、酸杆菌门(Acidobacteria)和变形菌门(Proteobacteria)与有机质、总磷、总氮、总钾、碱解氮和pH的含量呈负相

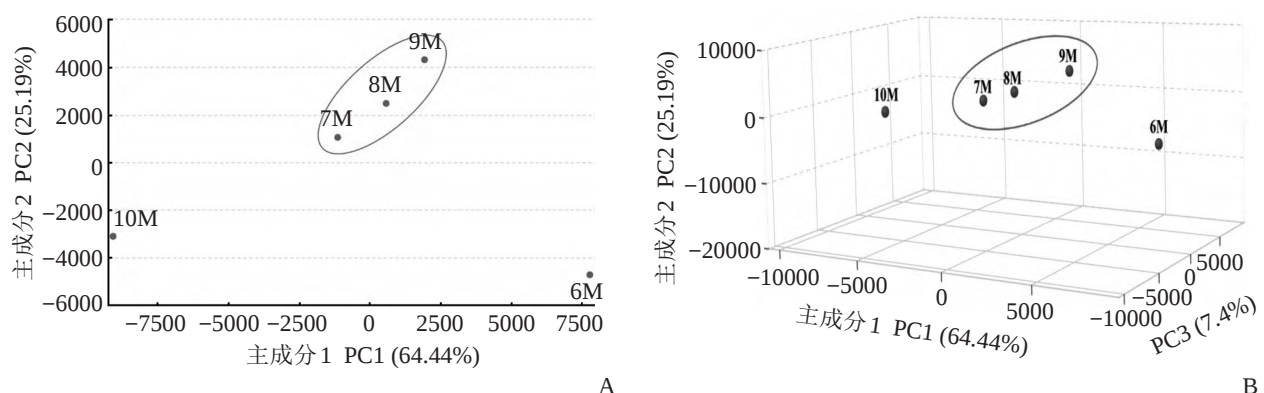


图3 茉莉花植株土壤细菌种类(OTUs)在属水平的PCA分析

Figure 3 PCA analysis of the soil bacteria of *Jasminum sambac* Ait

A. 二维; B. 三维

A. Two-dimensional. B. Three-dimensional

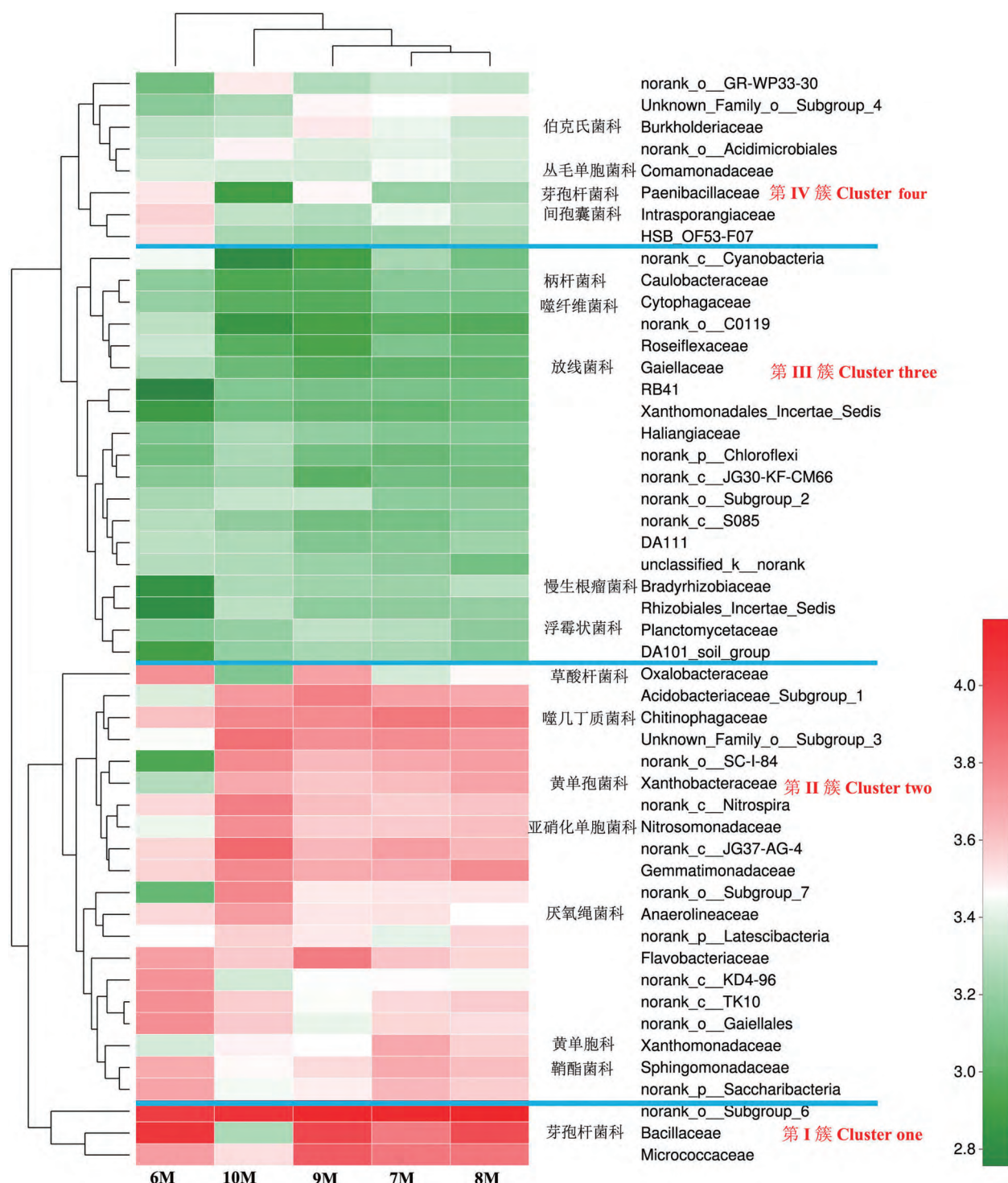


图 4 不同月份茉莉花植株土壤在科水平的细菌丰度(%)heatmap图(相似水平 97%)

Figure 4 Heatmap of bacterial communities from the root soil of *Jasminum sambac* (L.) Ait.

一个颜色代表一个样本的一个菌科的丰度,颜色越蓝表明丰度越低,反之,颜色越红代表丰度越高

A color represents the abundance of a bacteria in the sample. The dark blue means the low abundant, the dark red means the high abundant

关,与速效钾和速效磷含量呈正相关。

不同月份土壤样本与环境因子相关性分析表明,(1)6月份土壤样本到环境因子,有机质、总磷、

总氮、总钾、碱解氮和pH的向量的投影点在箭头方向上,而其他四个月份到这六个环境因子向量的投影点均不在箭头方向上(反方向),表明6月份土壤

样本与该六个环境因子呈正相关,而其他月份土壤样本与该六个环境因子为负相关;(2)6月份土壤样本到环境因子,速效钾和速效磷的向量投影点在箭头反方向上,其他月份样本到这2个环境因子的向量投影点在箭头方向上,说明6月份土壤样本与速效钾和速效磷因子呈负相关,而其他月份样本与这2个环境因子呈正相关。

应用Heatmap分析茉莉花植株根系土壤中主要细菌群落结构与土壤环境因子的关联性(图6)。结果表明,Saccharibacteria和厚壁菌门(Firmicutes)与总磷、总氮、碱解氮和有机质呈显著正相关,与总钾、速效钾含量和pH无显著相关性,这两个门的含量随着总磷、总氮、碱解氮和有机质含量增加而增加;拟杆菌门(Bacteroidetes)、Hydrogenedentes和Aerophobetes与pH值呈显著正相关,pH值越大,含量越高;硝化螺旋菌门(Nitrospirae)与速效磷呈显著负相关,该门的含量随着速效磷含量的增加而降低;Saccharibacteria与总磷、速效磷、总氮、碱解氮和有机质呈显著正相关,螺旋菌门(Spirochaetae)、Microgenomates与有机质、全氮含量呈显著正相关;Latescibacteria与总磷、总氮、碱解氮和有机质呈显著负相关,与速效磷、速效钾、总钾含量和pH值无显著相关,该门的含量随着总磷、总氮、碱解氮和有机质含量的增加而降低。

3 讨论

土壤微生物多样性是表征土壤质量的重要生物学指标,其微生物群落组成与活性受土壤理化性质、土壤类型(特别是有机质)、季节变化、植被类型、土地利用方式以及植株生长和健康情况等多种

因素影响(Han et al., 2007; 郑雪芳等, 2010)。植被类型是影响土壤微生物群落结构的重要因素,Arab等(2001)研究表明不同抗性的小麦(*Triticum aestivum*)品种根际土壤微生物群落结构不同,其中Bohouth-6品种小麦根际土壤所含革兰氏阴性细菌(*Pseudomonas*)明显高于Salamouni品种;李小容等(2014)研究发现,不同林龄木麻黄林地的土壤具有特有的微生物,幼龄林特有一种放线菌,中龄林特有无花果沙雷氏菌、成熟林特有3种菌(蜡样芽胞杆菌,蔬菜芽胞杆菌,苏云金芽胞杆菌);李巍等(2017)研究发现武夷山常绿阔叶林土壤中细菌门包括酸杆菌门、放线菌门、绿弯菌门和蓝藻门等23门206属细菌;张俊华等(2017)研究表明枸杞土壤群落主要由变形菌门、放线菌门、拟杆菌门和绿弯菌门等组成。本研究中茉莉花种植园土壤中共检测到包括变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、放线菌门和拟杆菌门等41门细菌,结果进一步证实了植物类型对土壤微生物群落组成的重要影响。基于宏基因组茉莉花植株土壤细菌多样性的研究未见报道。

一般土壤样本中变形菌门或酸杆菌门的含量最为丰富,李巍等(2017)报道了武夷山常绿阔叶林土壤细菌门中的酸杆菌门含量最为丰富;Singh等(2013)研究表明我国云南哀牢山常绿阔叶林土壤中细菌含量最丰富的是酸杆菌门;Zhang等(2014)研究表明湖北神农架落叶阔叶林土壤中含量最丰富的类群是变形菌门;刘兴等(2015)研究发现贵州喀斯特不同植被土壤中最丰富的细菌类群是变形菌门;张俊华等(2017)研究表明枸杞(*Lycium barbarum*)土壤群落中变形菌门是含量最丰富的种群。本研究中茉莉花植株根系土壤中变形菌门含量最

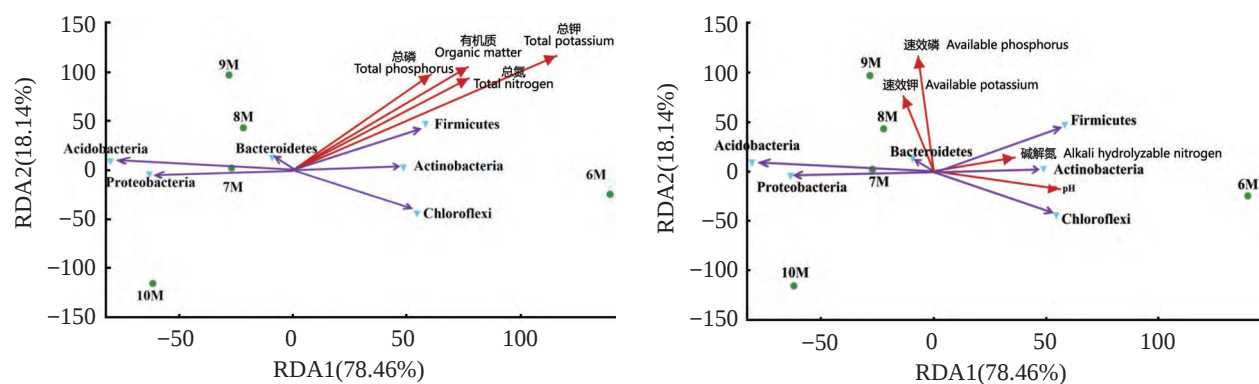


图5 不同月份茉莉花植株土壤在门水平细菌群落结构与土壤理化性质的关联性分析

Figure 5 Redundancy analysis of the relatedness between community structure of bacteria and soil physico-chemical properties

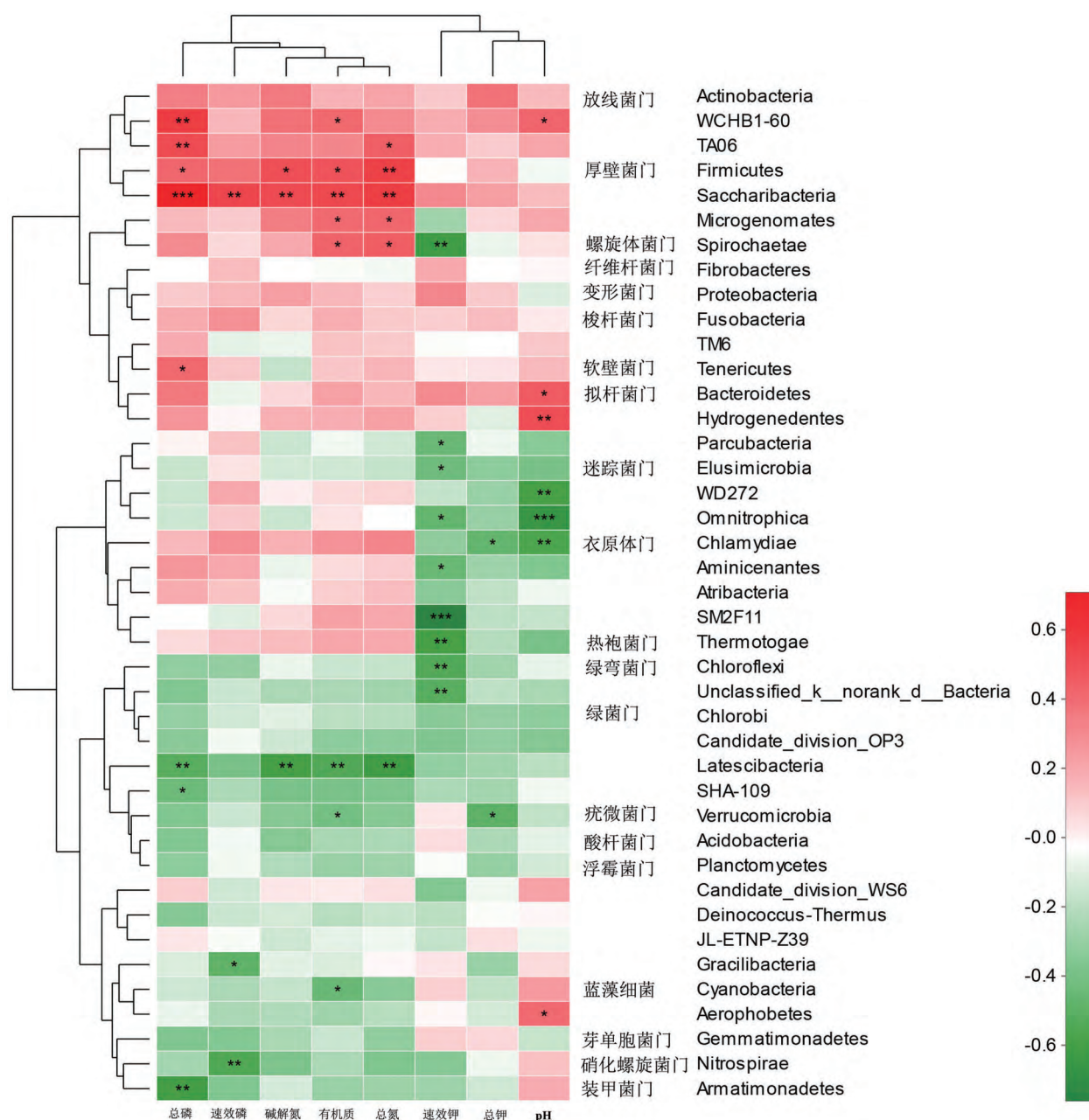


图 6 热图分析主要的细菌 OTUs 与环境因子相关性

Figure 6 Heatmap correlation between dominant OTUs of bacteria and soil physico-chemical properties

*: $0.01 < P \leq 0.05$; **: $0.001 < P \leq 0.01$; ***: $P \leq 0.001$

红色部分表示正相关,绿色部分表示负相关

Red means the positive correlation; Green indicates negative correlation

为丰富,其次为酸杆菌门,这说明了这说明茉莉花植株根系土壤又具有一般土壤微生物群落组成的共性。已有研究表明,酸杆菌门是可以作为较贫瘠土壤环境的指标(李晨华等, 2014),其丰度越低,土壤质量越高。本研究中不同月份土壤的酸杆菌门丰度高低顺序为:10月>9月>7月>8月>6月,说明6月份土壤质量高于其他月份。

气候环境对作物根系土壤的微生物群落组成有显著影响,董志新等(2012)研究发现中亚热带气候条件下土壤微生物功能多样性、均匀度以及条带数、群落多样性和优势度均显著高于暖温带气候条件下的土壤,说明温度的增加和丰富的降雨可能有助于提高微生物功能和遗传的多样性;汪峰等(2014)利用主成分分析法探究三种不同气候

带下潮土的土壤活性微生物的群落特征,结果表明气候条件的变化在短期内改变了土壤微生物的群落结构,冷温带和暖温带样品位于PC1正轴,而中亚热带样品位于负轴。张俊华等(2017)研究季节对宁夏枸杞土壤细菌群落结构的影响时,发现秋季3个树龄亚表层土壤微生物结构与春季和夏季差异最大,不同季节幼龄土壤微生物与其他2个树龄间差异也较大。李巍等(2017)研究表明春季和冬季的细菌群落组成最为接近,而夏季与其他3个季节的差异最大。本研究中7、8和9月份的微生物群落在主成分和聚类分析中聚成一类,这是由于气候环境较为一致,因而微生物群落组成也较为一致;10月份的土壤微生物群落多样性最高,而10月份的气温在五个月份中是最低的,说明土壤微生物对环境温度变化是很敏感的,低温有利于提高土壤微生物多样性,与Singh等(2013)报道的气候温度对土壤微生物群落组成影响结果不一致。

土壤的理化性质在很大程度上决定了其细菌群落结构,Nacke等(2011)的研究表明土壤pH对德国土壤细菌的多样性和群落组成均有很大影响;李巍等(2017)研究发现土壤pH、有效钾、有效碳和总氮等对武夷山常绿阔叶林土壤的微生物群落组成均有很大的影响;何容等(2009)研究发现土壤中有效碳含量和土壤湿度是调控亚热带武夷山森林土壤微生物量季节变异的重要生态因子,而土壤温度、土壤有机碳、土壤全氮、凋落物输入量等影响并不显著;陈丽燕等(2017)研究表明土壤pH值、有机质含量、碱解氮含量、速效磷含量和水稳性团聚体含量是影响豫中烟区土壤细菌群落特征的重要因子。本研究进行了不同月份茉莉花植株土壤样本的细菌菌门组成与土壤理化性质相关性分析,发现该土壤细菌群落受土壤pH值、有机质、总氮、碱解氮、总磷、速效磷、总钾和速效钾影响,主要的细菌门,如厚壁菌门受总磷、总氮、碱解氮和有机质含量显著影响,呈正相关;拟杆菌门受pH值显著影响,呈正相关;硝化螺旋菌门受速效磷含量显著影响,呈负相关;研究还发现,土壤理化因子中的pH值、总磷和速效钾含量对微生物菌门有极显著影响,研究结果与Rousk等(2010)、Nacke等(2011)、陈丽燕等(2017)和李巍等(2017)等报道较为一致。

4 结论

本研究采用16S rRNA高通量测序技术从5个月份的茉莉花植株土壤中检测到包括41个门、98个纲、225个目、427个科和799个属细菌。变形菌门是茉莉花植株土壤中丰度最高的门类,不同月份土壤细菌群落存在一定的差异,其中7、8和9月份三月份土壤的细菌群落构成相似度高,而6月或10月与其他月份群落构成差异大。土壤细菌群落多样性与环境温度有关,低温有利于提高土壤微生物多样性。土壤理化因子,pH值、有机质、总氮、碱解氮、总磷、速效磷、总钾和速效钾对土壤细菌群落有显著影响,其中pH值、总磷和速效钾是影响土壤细菌门群落的最重要环境因子,可见,在茉莉花植株种植过程中,应稳定土壤pH并适时中耕松土,控制氮、磷、钾肥料的使用,以保持适宜比例的土壤微生物群落结构,进而保障茉莉花植株土壤生态系统的可持续发展。本研究结果将为茉莉花茉莉花的花期田间管理及土壤生态平衡保持提供理论参考。

参考文献

- 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000: 56-58, 81-83, 106-108. (Bao S D. Soil Agro-chemical Analysis[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2000: 56-58, 81-83, 106-108.)
- 陈承利, 廖敏, 曾路生. 2006. 污染土壤微生物群落结构多样性及功能多样性测定方法[J]. 生态学报, 26(10): 3404-3412. (Chen C L, Liao M, Zeng L S. 2006. Methods to measure the microbial community structure and functional diversity in polluted soils[J]. Acta Ecologica Sinica, 26(10): 3404-3412.)
- 陈丽燕, 戴华鑫, 陈江华, 等. 2017. 豫中烟区土壤微生物特性及其与土壤理化性质的关系[J]. 烟草科技, 50(5): 1-9. (Chen L Y, Dai H X, Chen J H, et al. 2017. Microbial characteristics and their relationships with physicochemical properties of soils in central Henan tobacco growing areas[J]. Tobacco Science & Technology, 50(5): 1-9.)
- 陈月星, 温晓霞, 孙瑜琳, 等. 2015. 地表覆盖对渭北旱作苹果园土壤细菌群落结构及多样性的影响[J]. 微生物学报, 55(7): 892-904. (Chen Y X, Wen X X, Sun Y L, et al. 2015. Effect of ground mulch managements on soil bacterial community structure and diversity in the non-irrigated apple orchard in Weibei Loess Plateau[J]. Acta Microbiologica Sinica, 55(7): 892-904.)

- 董志新, 孙波, 殷士学, 等. 2012. 气候条件和作物对黑土和潮土固氮微生物群落多样性的影响[J]. 土壤学报, 49(1): 130-138. (Dong Z X, Sun B, Yin S X, et al. 2012. Impacts of climate and cropping on community diversity of diazotrophs in pachic udic argiboroll and fluventic ustochrept[J]. Acta Pedologica Sinica, 49(1): 130-138.)
- 何容, 王国兵, 汪家社, 等. 2009. 武夷山不同海拔植被土壤微生物量的季节动态及主要影响因子[J]. 生态学杂志, 28(3): 394-399. (He R, Wang G B, Wang J S, et al. 2009. Seasonal dynamics and influencing factors of soil microbial biomass in different elevation vegetation in Wuyi Mountain[J]. Chinese Journal of Ecology, 28(3): 394-399.)
- 李晨华, 张彩霞, 唐立松, 等. 2014. 长期施肥土壤微生物群落的剖面变化及其与土壤性质的关系[J]. 微生物学报, 54(3): 319-329. (Li C H, Zhang C X, Tang L S, et al. 2014. Effect of long-term fertilizing regime on soil microbial diversity and soil property[J]. 54(3): 319-329.)
- 李巍, 刘洋, 罗钦, 等. 2017. 武夷山常绿阔叶林土壤微生物多样性的季节动态[J]. 热带亚热带植物学报, 25(2): 115-126. (Li W, Liu Y, Luo Q, et al. 2017. Seasonal Dynamics in Soil Microorganisms Diversity of Evergreen Broadleaved Forest in Wuyi Mountains, Southeastern China[J]. Journal of Tropical and Subtropical Botany, 25(2): 115-126.)
- 李小容, 韦金玉, 陈云等. 2014. 海南岛不同林龄的木麻黄林地土壤微生物的功能多样性[J]. 植物生态学报, 38(6): 608-618. (Li X R, Wei J Y, Chen Y, et al. 2014. Functional diversity of soil microorganisms in *Casuarina equisetifolia* woodlands of different stand ages in Hainan Island[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 38(6): 608-618.)
- 刘波, 王阶平, 陈倩倩, 等. 2016. 养猪发酵床微生物宏基因组基本分析方法[J]. 福建农业学报, 31(6): 630-648. (Liu B, Wang J P, Chen Q Q, et al. 2016. Metagenomic analysis of microbial community in a microbial fermentation-bed for pig raising[J]. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 31(6): 630-648.)
- 刘兴, 王世杰, 刘秀明, 等. 2015. 贵州喀斯特地区土壤细菌群落结构特征及变化[J]. 地球与环境, 43(5): 490-497. (Liu X, Wang S J, Liu X M, et al. 2015. Structure and Variation of Soil Bacterial Community in Karst Region of Guizhou Province[J]. Earth and Environment, 43(5): 490-497.)
- 孟祥静, 何丽斯, 夏冰, 等. 2009. 我国茉莉的研究现状及展望[J]. 安徽农业科学, 37(21): 9946-9998. (Meng X J, He L S, Xia B, et al. 2009. Present situation and prospect of research on *Jasminum sambac* in China[J]. Journal of Anhui Agricultural Science, 37(21): 9946-9998.)
- 石红霄, 于健龙. 2012. 青藏高原不同植被类型土壤微生物数量及影响因子[J]. 土壤通报, 43(1): 47-51. (Shi H X, Yu J L. 2012. Quantity of microbes in the different vegetation types on the Qinghai-Tibetan plateau, 43(1): 47-51.)
- 汪峰, 蒋瑞霖, 李昌明, 等. 2014. 不同气候条件下潮土微生物群落的变化[J]. 土壤, 46(2): 290-296. (Wang F, Jiang Y W, Li C M, et al. 2014. Changes of soil microbial communities in chao soil under different climate conditions[J]. Soils, 46(2): 290-296.)
- 汪旭明, 曾冬萍, 闵庆文, 等. 2015. 福州茉莉花种植园土壤化学计量比及其对碳排放潜力的影响[J]. 中国水土保持科学, 13(1): 118-126. (Wang X M, Zeng D P, Min Q W, et al. 2015. Soil stoichiometric ratio and its effect on carbon release potential of *Jasminum sambac* plantations in Fuzhou[J]. Science of Soil and Water Conservation, 13(1): 118-126.)
- 文倩, 林启美, 赵小蓉, 等. 2008. 北方农牧交错带林地、耕地和草地土壤微生物群落结构特征的 PLFAs 分析[J]. 土壤学报, 45(2): 321-327. (Wen Q, Lin Q M, Zhao X R, et al. 2008. PLFAs analysis of soil microbial community structure characteristics in forestland, farmland and grassland in the farming-pastoral interlocked areas in North China[J]. Acta Pedologica Sinica, 45(2): 321-327.)
- 夏北成, Zhou Jizhong, Tiedje J M. 1998. 植被对土壤微生物群落结构的影响[J]. 应用生态学报, 9(3): 296-300. (Xia B C, Zhou J Z, Tiedje J M. 1998. Effect of vegetation on structure of soil microbial community[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 9(3): 296-300.)
- 夏围国, 贾仲君. 2014. 高通量测序和 DGGE 分析土壤微生物群落的技术评价[J]. 微生物学报, 54(12): 1489-1499. (Xia W W, Jia Z J. 2014. Comparative analysis of soil microbial communities by pyrosequencing and DGGE[J]. Acta Microbiologica Sinica, 54(12): 1489-1499.)
- 徐华勤, 肖润林, 邹冬生, 等. 2007. 长期施肥对茶园土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学报, 27(8): 3355-3361. (Xu H Q, Xiao R L, Zhou D S, et al. 2007. Effects of long-term fertilization on functional diversity of soil microbial community of the tea plantation[J]. Acta Ecologica Sinica, 27(8): 3355-3361.)
- 张海涵, 唐明, 陈辉, 等. 2007. 不同生态条件下油松 (*Pinus tabulaeformis*) 菌根根际土壤微生物群落[J]. 生态学报, 27(12): 5463-5470. (Zhang H H, Tang M, Chen H, et al.

2007. Microbial communities in *Pinus tabulaeformis* mycorrhizosphere under different ecological conditions[J]. Acta Ecologica Sinica, 27(12): 5463-5470.)
- 张俊华, 张翼, 李明. 2017. 药用植物宁夏枸杞 (*Lycium barbarum* L.) 土壤细菌群落演替特征. 植物营养与肥料学报, 23(3): 686-695. (Zhang J H, Zhang Y, Li M. 2017. Evolution characteristics of bacteria in soil of medical plant (*Lycium barbarum* L.)[J]. Plant Nutrition and Fertilizer Science, 23(3): 686-695.)
- 张伟, 朱艳蕾, 朱晓莹, 等. 2013. 新疆贫营养环境微生物数量及多样性. 应用与环境生物学报, 19(2): 370-374. (Zhang W, Zhu Y L, Zhu X Y, et al. 2013. Microbial community diversity and quantity of Xinjiang oligotrophic environment [J]. Chinese Journal of Applied & Environmental Biology, 19(02): 370-374.)
- 郑雪芳, 苏远科, 刘波, 等. 2010. 不同海拔茶树根系土壤微生物群落多样性分析[J]. 中国生态农业学报, 18(4): 866-871. (Zheng X F, Su Y K, Liu B, et al. 2010. Microbial community diversity in tea root zone soils at different elevations[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 18 (4): 866-871.)
- 庄伟伟, 郑李娟, 曾献春. 2017. 骆驼瘤胃内降解含氮杂环化合物细菌的多样性[J]. 微生物学报, 57(5): 748-757. (Zhuang W W, Zheng L J, Zeng X C. 2017. Diversity of camel rumen bacteria degrading nitrogen heterocyclic compounds[J]. Acta Microbiologica Sinica, 57(5): 748-757.)
- Amann R L, Ludwig W, Schleiffer K H. 1995. Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation[J]. Microbiological Reviews, 59(1): 143-169.
- Arab H G D E, Vlich V, Sikora R A. 2001. The use of phospholipids fatty acids (PLFA) in the determination of rhizosphere specific microbial communities of two wheat cultivars[J]. Plant & Soil, 228: 291-297.
- Gomez E, Ferreras L, Toresani S. 2006. Soil bacterial functional diversity as influenced by organic amendment application[J]. Bioresource Technology, 97(13): 1484-1489.
- Han X M, Wang R Q, Liu J, et al. 2007. Effects of vegetation types on soil microbial community composition and catabolic diversity assessed by polyphasic methods in North China[J]. Journal of Environmental Sciences, 19: 1228-1234.
- Kimura M, Asakawa S. 2006. Comparison of community structures of microbiota at main habitats in rice field ecosystems based on phospholipid fatty acid analysis[J]. Biology and Fertility of Soils, 43: 20-29.
- Nacke H, Thurmer A, Wollherr A, et al. 2011. Pyrosequencing-based assessment of bacterial community structure along different management types in German forest and grassland soils[J]. PLoS One, 6(2): e17000.
- Rousk J, Bååth E, Brookes P C, et al. 2010. Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil [J]. The ISME Journal, 4(10): 1340-1351.
- Singh D, Shi J L, Adams J M. 2013. Bacterial diversity in the mountains of south-west China: Climate dominates over soil parameters[J]. J Microbiol, 51(4): 439-471.
- Susanne K, Veronica A M, Husein A. 2006. Microbial community composition and enzyme activities in a sandy loam soil after fumigation with methyl bromide or alternative biocides[J]. Soil Biology & Biochemistry, 38: 1243-1254.
- Torsvik V, Øvreås I. 2002. Microbial diversity and function in soil: From genes to ecosystems[J]. Current Opinion in Microbiology, 5: 240-245.
- Xia L C, Steele J A, Cram J A, et al. 2011. Extended local similarity analysis (eLSA) of microbial community and other time series data with replicates[J]. BMC Systems Biology, 5(S2): S15.
- Zhang Y G, Gong J, Lu H, et al. 2014. An integrated study to analyze soil microbial community structure and metabolic potential in two forest types [J]. PLoS One, 9(4): e93773.

(责任编辑 任立刚)