

网络出版时间:2019-11-04 15:57 DOI:10.13207/j.cnki.jnwfufu.2020.05.014
网络出版地址:http://kns.cnki.net/kcms/detail/61.1390.s.20191101.0929.028.html

pH 对花椒根区土壤细菌群落结构的影响

侯建伟^a, 邢存芳^b, 邓晓梅^b, 陈芬^a

(铜仁学院 a 农林工程与规划学院, b 人事处, 贵州 铜仁 554300)

【摘要】【目的】研究不同 pH 花椒园土壤细菌群落结构及其与土壤化学性质的关系, 为提高土壤质量及促进花椒生长提供依据。【方法】在 300 hm² 花椒园中, 分别采集低 pH 区(pH≤5.5)、中 pH 区(5.5<pH<6.5)、高 pH 区(pH≥6.5)的花椒根区土样, 利用高通量测序(Illumina HiSeq)技术, 分析花椒根区土壤细菌群落的变化, 并对细菌群落结构及其与土壤理化性质进行了冗余分析和相关性分析。【结果】细菌 16S rRNA 基因拷贝数(y)与土壤 pH(x)具有很好的拟合关系, 拟合曲线为 $y=0.0983x+2.997$, $R^2=0.8329$ 。高 pH 区土壤细菌门水平上优势细菌菌群的丰富度和多样性较高, 且与 pH 和 C/N 具有很强的正相关性。放线菌门(Actinobacteria)、蓝藻菌门(Cyanobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)是花椒根区土壤细菌群落的 3 大优势菌门, 占有菌门的 63.1%~75.2%。冗余分析结果显示, 土壤 pH、C/N、碱解 N、有效 P 和速效 K 总共解释了 83.3% 的群落变化, 成为了花椒根区土壤细菌群落变化的主控环境因子, 影响由大到小依次为 pH>C/N>碱解 N>有效 P>速效 K。相关性分析表明, 花椒根区土壤 pH 与拟杆菌门(Bacteroidetes)相对丰度呈显著负相关关系, 与放线菌门(Actinobacteria)、蓝藻菌门(Cyanobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、变形菌门(Proteobacteria)和芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)相对丰度呈显著或极显著正相关关系; 土壤 C/N 与放线菌门(Actinobacteria)、蓝藻菌门(Cyanobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、拟杆菌门(Bacteroidetes)和厚壁菌门(Firmicutes)相对丰度呈显著或极显著正相关关系; 土壤碱解 N 与放线菌门(Actinobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi)相对丰度呈显著正相关关系; 土壤速效 K 与变形菌门(Proteobacteria)相对丰度呈显著正相关关系; 土壤有效 P 与蓝藻菌门(Cyanobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)相对丰度呈显著正相关关系。【结论】土壤 pH、C/N、碱解 N、有效 P 和速效 K 对细菌群落结构变化的影响较大, 土壤 pH 改变了花椒根区土壤细菌的群落构成和多样性, 是决定花椒根区土壤细菌群落多样性的首要因子。

【关键词】 花椒; 土壤 pH; 细菌群落; 土壤化学性质; 高通量测序

【中图分类号】 S154.3

【文献标志码】 A

【文章编号】 1671-9387(2020)05-0115-08

Effect of pH on soil bacterial community structure in root zone of prickly ash

HOU Jianwei^a, XING Cunfang^b, DENG Xiaomei^b, CHEN Fen^a

(a College of Agroforestry Engineering and Planning, b Personnel Department, Tongren University, Tongren, Guizhou 554300, China)

Abstract: 【Objective】 This study investigated the structure of bacterial community and its relationship with soil chemical properties in prickly ash orchard with different pH to provide basis for improving soil quality and promoting growth of prickly ash. 【Method】 Soil samples were collected from root zone of prickly ash in low pH zone (pH≤5.5), middle pH zone (5.5<pH<6.5) and high pH zone (pH≥6.5) in the 300 hm² prickly ash garden. High-throughput sequencing (Illumina HiSeq) technology was used to analyze the changes of soil bacterial community, and redundancy analyses and correlation analysis were conducted between bacterial community structure and soil physical and chemical properties. 【Result】 The gene copy

【收稿日期】 2019-04-08

【基金项目】 铜仁学院博士科研启动基金项目(trxyDH1702); 铜仁学院 2018 年产业扶贫专项资金科研项目(FP201804)

【作者简介】 侯建伟(1986-), 男, 内蒙古通辽人, 博士, 主要从事土壤肥力与植物营养研究。E-mail: hjiw19860627@126.com

numbers of bacterial 16S rRNA (y) had a good fitting relationship with soil pH (x), and the fitting curve was $y=0.0983x+2.997$ with R^2 of 0.8329. The richness and diversity of dominant bacteria flora at phylum level were relatively high in the high pH root area of prickly ash, and it had a strong positive correlation with pH and C/N. Actinobacteria, Cyanobacteria and Firmicutes were the three dominant bacteria in the soil of prickly ash root area, occupying 63.1%—75.2% of all phyla. Redundancy analyses showed that soil pH, C/N ratio, available N, available P and available K were main environmental factors on soil bacterial community structure, totally explaining 83.3% of the community changes. The influences of the factors were in the order of soil pH > C/N > available N > available P > available K. The correlation analysis showed that soil pH in the root area of prickly ash had negative correlation with relative abundance of Bacteroidetes, but had significant or extremely significant positive correlation with relative abundance of Cyanobacteria, Cyanobacteria, Firmicutes, Proteobacteria and Gemmatimonadetes. Soil C/N had significant or extremely significant positive correlation with relative abundance of Actinobacteria, Cyanobacteria, Chloroflexi, Bacteroidetes and Firmicutes. Soil available N was significantly positively correlated with relative abundance of Actinobacteria and Chloroflexi, soil available K was significantly positively with relative abundance of Proteobacteria, while soil available P was positively correlated with relative abundance of Cyanobacteria and Firmicutes. 【Conclusion】 Soil pH, C/N, available N, available P and available K had great impacts on the changes of bacterial community structure. As the primary factor, soil pH changed the community composition and diversity of soil bacteria in the root zone of prickly ash.

Key words: prickly ash; soil pH; bacterial community; soil physiochemical characteristics; high-throughput sequencing

花椒 (*Zanthoxylum bungeanum* maxim.) 是芸香科 (Rutaceae) 花椒属 (*Zanthoxylum*) 落叶小乔木或灌木, 原产中国, 耐旱、喜光、根浅、嗜石灰性土壤。因其具有独特的食用、药用价值和生态功能^[1], 作为贵州退耕还林和农业供给侧结构性改革的优势树种之一, 广泛栽植分布于 38 个县级地区, 栽植面积 (1.89×10^4 hm²) 和年产量 (9.2×10^3 t) 分别占全国的 2.29% 和 2.24%。土壤 pH 对花椒的生长发育和营养吸收有重要的影响, 过酸或过碱的土壤环境都不利于其生长。当土壤 pH 值为 6.5~8.0 时, 花椒可以正常生长发育, 其中 pH 值为 7.0~7.5 的土壤最适宜花椒生长^[2]。由于地理环境因素的影响, 贵州土壤大多呈酸性, 加之化肥的长期施用导致土壤酸化, 造成土壤质量和肥力下降。土壤微生物能够促进土壤有机质的分解以及土壤养分的转化, 对维持土壤质量和健康有十分重要的作用^[3]。其中, 细菌在微生物数量中占有绝对优势, 可决定土壤微生物总量的分布和有机物的分解与转化^[4]。开展花椒根区不同 pH 土壤的细菌群落差异和细菌群落结构特征、组成及引起细菌群落变化的主控环境因子分析, 有利于进一步认识不同土壤 pH 影响下花椒根区土壤细菌群落结构的发展演化规律。王娅蕾等^[5]在不同类型土壤上培育花椒苗时发现, 中性或

微酸性沙质壤土上的花椒出苗率显著高于沙质土、黏重土壤和盐碱度偏高的土壤。另外花椒喜钙, 在石灰性土壤和石灰岩山地上生长较好^[6]。以酸性土壤 (pH 值为 4.66~5.60) 为介质, 李育鹏等^[7]采用盆栽试验、杨振超等^[8]利用温室大棚试验、孟赐福等^[9]通过 15 年的大田定位试验均表明, 酸性土壤降酸后能够显著促进植物根系的生长, 增加其干物质的积累和产量形成。曾薇等^[10]研究指出, pH 值可影响土壤微生物的群落结构及其优势菌种类群, 当 pH 值为 4.0 时, 变形菌门为优势菌种; 当 pH 值提高到 10.0 时, 厚壁菌门转为优势菌种。李虹等^[11]对热带土壤微生物区系与土壤 pH 的相关关系进行了研究, 结果证明酸碱度是影响土壤微生物群落的重要因素, 提高热带酸性土壤 pH (pH=6~7) 能够显著增加细菌和放线菌的多样性。低 pH 不利于土壤细菌和放线菌的生长发育, 而有利于真菌的生长^[12]。可知 pH 是影响花椒生长和微生物群落组成的重要因素之一, 而土壤微生物对土壤肥力具有重要的指示作用。目前对施用肥料及改良剂农田土壤微生物的影响及其与 pH 关系的研究较多, 尚未见关于不同 pH 背景下花椒根区土壤细菌群落结构特征和组成的报道, 关于花椒根区土壤细菌群落变化的主控环境因子还不十分清楚。为了助推贵州精

准扶贫项目的实施,提高花椒的产量和品质进而增加椒农的收入,本研究依托栽植 2 年的花椒园,采集低、中、高 pH 花椒根区土样,测定其化学性质,通过高通量测序(Illumina HiSeq)技术,分析土壤细菌群落结构特征和组成,揭示土壤细菌菌群与环境因子的相关关系和主控因子,以期为提高花椒园土壤质量以及促进花椒的生长提供理论依据。

1 材料与方 法

1.1 试验地概况

试验地点选取贵州省德江县共和镇 2018 年新建花椒园,合计约 300 hm²,栽植密度为 1.5 m×2 m,土壤类型均为黄壤,pH 值为 4.5~7.0,前茬作物为玉米。该地属中亚热带季风性湿润气候,全年平均气温 13~17℃;无霜期 295 d;年均日照时数 1 045 h,其中夏半年(4—9 月)735 h,冬半年(10 月—次年 3 月)310 h。

1.2 试验方案及方法

1.2.1 土样采集 按 pH≤5.5、5.5<pH<6.5 和 pH≥6.5,选择 3 个不同土壤 pH 的花椒园作为试验地点,分别记作低 pH 区、中 pH 区和高 pH 区,其地理位置信息见表 1。

表 1 土样采集地点所在花椒园的地理位置

Table 1 Geographical locations of prickly ash garden of soil sample collection

采样地点 Sampling position	海拔/m Elevation	东经 East longitude	北纬 Northern latitude
低 pH 区 Low pH area	553.5	108°13'13"	28°12'54"
中 pH 区 Middle pH area	605.5	108°12'58"	28°12'50"
高 pH 区 High pH area	374.3	108°13'32"	28°11'37"

于 2019-02-10 在每个样地选取长势相近的花椒树为试验对象,0~5 cm 土层的土壤随同杂草及

表 2 花椒根区不同 pH 土壤化学性质分析

Table 2 Analysis of soil chemical properties of prickly ash root zone with different pH values

采样地点 Sampling position	pH	全 C / (g·kg ⁻¹) Total C	全 N/ (g·kg ⁻¹) Total N	全 P/ (g·kg ⁻¹) Total P	全 K/ (g·kg ⁻¹) Total K	碱解 N/ (mg·kg ⁻¹) Available N	有效 P/ (mg·kg ⁻¹) Available P	速效 K/ (mg·kg ⁻¹) Available K
低 pH 区 Low pH area	4.98±0.25 c	9.70±0.86 b	1.48±0.56 a	0.60±0.02 b	11.92±0.87 b	53.43±5.33 c	1.07±0.02 c	90.22±8.19 c
中 pH 区 Middle pH area	5.80±0.31 b	10.13±0.98 ab	1.30±0.08 b	0.57±0.06 b	12.23±1.11 b	62.22±4.87 b	1.63±0.15 b	96.41±5.73 b
高 pH 区 High pH area	6.71±0.30 a	10.33±1.15 a	1.26±0.11 b	0.68±0.05 a	12.74±0.73 a	68.51±5.01 a	1.79±0.23 a	108.66±10.32 a

注:样本数为 30 个。同列数据后标不同小写字母表示处理间差异显著(P<0.05)。下表同。

Note: The number of sample is 30. Different small letters mean significant difference at P<0.05 level among treatments. The same below.

凋落物于取样前刮除,利用土钻在花椒树两侧对称采集距其主干 10,20 和 30 cm 位点的 5~20 cm 土层土壤样品,每株共采集 6 个位点(采样前用 pH 400 土壤原位 pH 计(Agripheno,美国)测试采样点 pH),将所采集土样混匀,即为该植株的 1 个样品,连续采集 10 株花椒的根区土样,即为该处理的 10 次重复。土壤样品储存于保鲜自封袋中,一部分于一 80℃ 冰箱保存,用于土壤微生物群落分析;另一部分于室温下风干研磨,分别过孔径 2 和 0.15 mm 筛,用于土壤化学性质的测定。

1.2.2 测定项目与方法 参照《土壤农化分析》^[13]的方法,全 N 含量采用凯氏定氮法测定,全 P 含量采用钼锑抗比色法测定,全 K 含量采用火焰光度法测定,全 C 含量采用重铬酸钾外加热法测定,碱解 N 含量采用碱解扩散法测定,有效 P 含量采用分光光度计法测定,速效 K 含量采用火焰光度法测定,pH 采用复合电极电位法测定,C/N 用全 C 与全 N 含量比值计算。

参照王佩雯等^[14]的方法,采用高通量测序法(Illumina HiSeq)测定细菌 16s rRNA 基因拷贝数、群落组成、OTU 数量、Reads 数、丰富度指数(ACE 和 Chao1)、多样性指数(Simpson 和 Shannon)以及相对丰度。

1.3 数据处理与分析

利用 SAS 9.0 对试验数据处理进行方差分析(ANOVA)和相关性分析(CORR),用 Excel 2007 计算数据置信区间、绘制图表,使用 CANOCO 4.5 软件对土壤化学性质参数与细菌群落多样性进行冗余分析(RDA)。

2 结果与分析

2.1 花椒根区不同 pH 土壤的化学性质

花椒根区不同 pH 土壤的化学性质结果见表 2。

由表 2 可知,土壤 pH 变化显著影响花椒根区土壤的养分元素含量。对土壤全量元素含量而言,

全 C 含量由高到低依次为高 pH 区 > 中 pH 区 > 低 pH 区, 而全 N 含量反之; 全 P 和全 K 含量均在高 pH 区达到最大值, 分别为 0.68 和 12.74 g/kg, 显著高于中 pH 区和低 pH 区。对土壤有效元素含量而言, 碱解 N、有效 P 和速效 K 含量由高到低依次均表现为高 pH 区 > 中 pH 区 > 低 pH 区, 3 个处理间差异均达显著水平 ($P < 0.05$)。

2.2 花椒根区不同 pH 土壤细菌 16S rRNA 基因拷贝数

由图 1 可见, 花椒根区不同 pH 土壤细菌的 16S

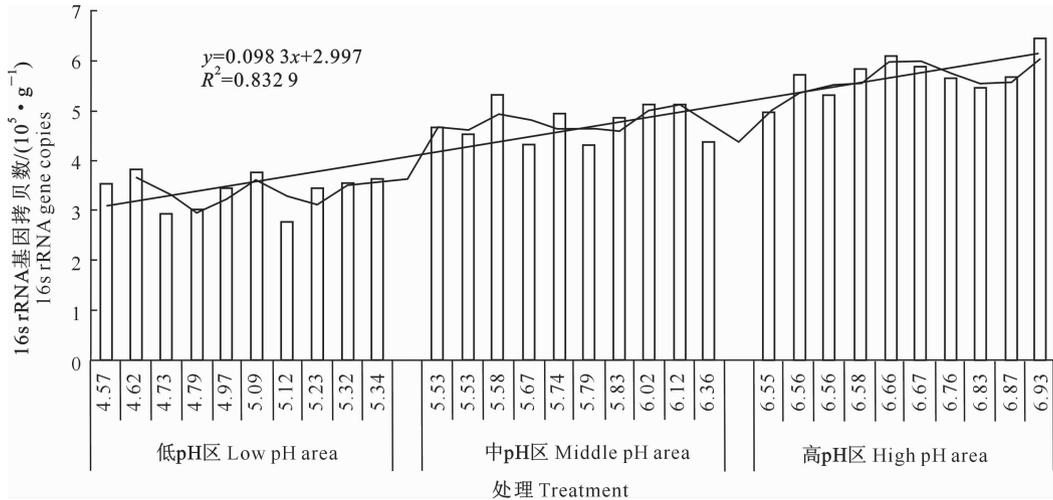


图 1 花椒根区土壤细菌 16S rRNA 基因拷贝数与土壤 pH 的关系

Fig. 1 Relationship between 16S rRNA gene copy number of soil bacteria and soil pH in root zone of prickly ash

2.3 花椒根区不同 pH 土壤的细菌多样性

97% 相似性的序列可视为一个 OTU, 在研究区花椒根区 3 个 pH 处理土壤中, 通过对其细菌群落分析, 共获得有效序列 598 974 条, 覆盖率达 95.2%, 达到了解释土壤细菌多样性的要求。由表 3 可知, 3 个 pH 处理土壤的 OTU 数为 2 752 ~ 3 689。高 pH 根区土壤细菌 16S rRNA 基因的 OTU 数显著高于中 pH 区和低 pH 区, 增幅分别为

rRNA 基因拷贝数为 $2.78 \times 10^5 \sim 6.45 \times 10^5 \text{ g}^{-1}$ 。其中, 高 pH 区土壤细菌 16S rRNA 基因拷贝数最多, 平均值为 $5.71 \times 10^5 \text{ g}^{-1}$; 其次是中 pH 区, 平均值为 $4.76 \times 10^5 \text{ g}^{-1}$; 低 pH 区最少, 平均值为 $3.39 \times 10^5 \text{ g}^{-1}$ 。土壤 pH(x) 与细菌 16S rRNA 基因拷贝数(y) 的拟合曲线为: $y = 0.0983x + 2.997$, $R^2 = 0.8329$ 。说明花椒根区土壤细菌 16S rRNA 基因拷贝数与土壤 pH 具有很好的相关性, 且随着土壤 pH 的增加而增大。

25.1% 和 34.0%; 中 pH 与低 pH 根区土壤 16S rRNA 基因的 OTU 数差异未达显著水平。

不同 pH 根区土壤细菌的丰富度指数和多样性指数(表 3)表明, pH 能够影响细菌群落的丰富度和多样性, 但其影响程度因 pH 的大小而差异显著, 其中高 pH 根区土壤的 Chao1、ACE、Shannon 和 Simpson 4 个指数均最高, 较低 pH 根区土壤分别提高了 21.4%、6.3%、45.6% 和 7.4%。

表 3 花椒根区不同 pH 土壤细菌 16S rRNA 基因的 OTU 数、Reads 数、丰富度和多样性指数

Table 3 OTU number, Reads number, richness and diversity index of 16S rRNA genes of soil bacteria with different pH values in the root zone of prickly ash

处理 Treatment	OTU 数 Number of OTUs	Reads 数 Number of Reads	丰富度 Richness		多样性 Diversity	
			Chao1	ACE	Shannon	Simpson
低 pH 区 Low pH area	2 752 ± 163 b	52 391 ± 2 782 a	2 187 ± 174 c	2 533 ± 166 a	6.03 ± 0.74 c	0.903 4 ± 0.061 a
中 pH 区 Middle pH area	2 948 ± 198 b	55 036 ± 2 911 a	2 334 ± 209 b	2 628 ± 155 a	7.33 ± 0.52 b	0.956 3 ± 0.077 a
高 pH 区 High pH area	3 689 ± 221 a	56 105 ± 3 127 a	2 655 ± 180 a	2 693 ± 213 a	8.78 ± 0.76 a	0.970 1 ± 0.056 a

对花椒根区不同 pH 土壤细菌群落多样性与土壤化学性质进行冗余分析, 结果如图 2 所示。由图 2 可见, pH 与土壤细菌群落的多样性指数(Simpson

和 Shannon) 和丰度指数(ACE 和 Chao1) 均呈现较强的正相关关系, 且土壤 C/N 与 ACE 和 Chao1 相关性也较好, 说明土壤 pH 和 C/N 是改变土壤细菌

群落多样性和丰富度的主控因子。速效 K 与土壤细菌群落丰富度指数和多样性指数均呈负相关关系,说明单一的速效 K 含量的增加不利于土壤细菌菌群的生长。5 个理化因子对细菌群落变化的影响顺序依次为 pH>C/N>AN>AP>AK,5 个因子总共解释了 83.34% 的群落变化,因此土壤 pH、C/N、碱解 N、有效 P 和速效 K 是改变花椒园土壤细菌群落结构的主控环境因子。

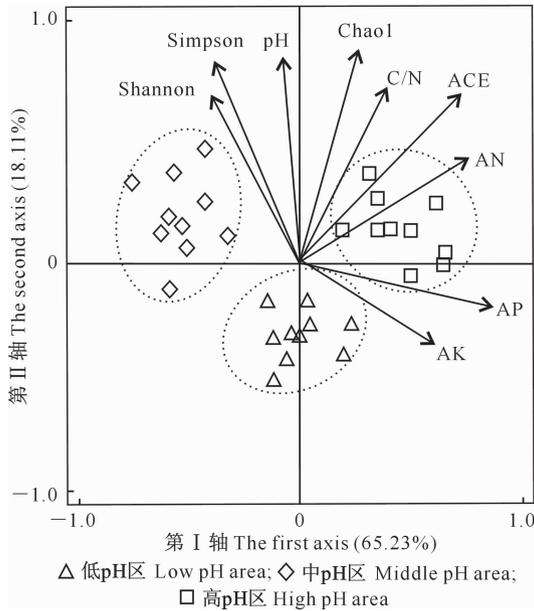


图 2 花椒根区不同 pH 土壤化学性质与细菌群落多样性的冗余分析

Fig. 2 Redundancy analyses (RDA) of correlations between soil parameters and bacterial community

diversity in the root zone of prickly ash with different pH

2.4 花椒根区不同 pH 土壤的细菌群落组成

图 3 显示,花椒根区不同 pH 土壤细菌群落的相对丰度前 10 的菌门占细菌群落组成的 83.9%~98.7%。其中放线菌门(Actinobacteria)相对丰度最高,占有菌门的 33.3%~39.0%,平均为 35.9%;其次为蓝藻菌门(Cyanobacteria),占 16.4%~20.1%,平均为 18.5%;随后依次为厚壁菌门(Firmicutes, 13.4%~16.1%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 10.5%~11.7%)、变形菌门(Proteobacteria, 5.3%~8.7%)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes, 1.1%~2.3%)、泉古菌门(Crenarchaeota, 0.7%~2.0%)、酸杆菌门(Acidobacteria, 1.2%~1.6%)、装甲菌门(Armatimonadetes, 1.0%~1.1%)和拟杆菌门(Bacteroidetes, 0.2%~

0.4%)。低 pH 花椒根区土壤装甲菌门和拟杆菌门的相对丰度均高于中 pH 区和高 pH 区;中 pH 花椒根区土壤酸杆菌门的相对丰度高于低、高 pH 区;高 pH 花椒根区土壤放线菌门、蓝藻菌门、厚壁菌门、变形菌门、芽单胞菌门和泉古菌门的相对丰度均较高。说明在 10 个优势菌门中,低 pH 有益于增加相对丰度较低的菌门丰度(装甲菌门和拟杆菌门);而高 pH 提高了整体优势菌门的相对丰度,最终 10 个优势菌门相对丰度之和表现为高 pH 区(98.7%)>中 pH 区(92.6%)>低 pH 区(83.9%)。

进一步分析可知,花椒根区土壤 pH 由低到高,其放线菌门、蓝藻菌门和厚壁菌门、绿弯菌门和变形菌门相对丰度的变幅为 10.9%~22.7%,而其余菌门相对丰度的变幅为 13.9%~85.1%。说明相对丰度较低的细菌群落对土壤 pH 更为敏感。

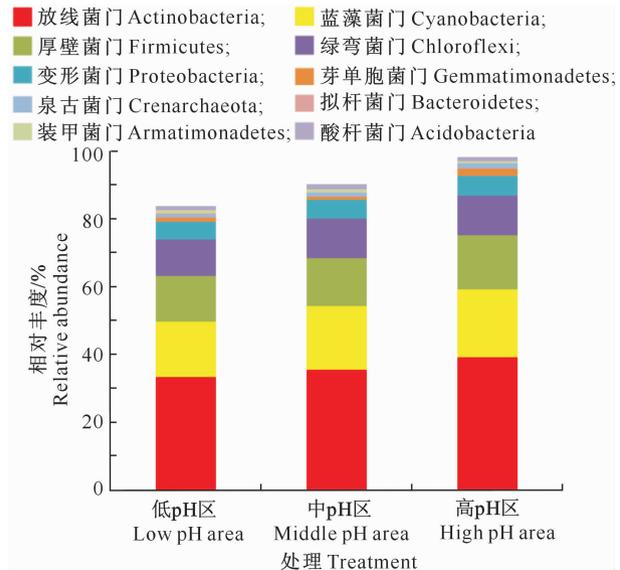


图 3 花椒根区不同 pH 土壤细菌相对丰度居于前 10 的菌门

Fig. 3 Relative abundance of top 10 phylum in the root zone of prickly ash with different pH

对花椒根区不同 pH 土壤中的优势细菌群落(门水平)相对丰度与土壤化学性质进行相关性分析,结果见表 4。表 4 表明,花椒根区土壤 pH 与拟杆菌门(Bacteroidetes)相对丰度呈显著负相关关系($r = -0.458$),与放线菌门(Actinobacteria)、蓝藻菌门(Cyanobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、变形菌门(Proteobacteria)和芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)呈显著或极显著正相关关系。土壤 C/N 与放线菌门(Actinobacteria)、蓝藻菌门(Cyanobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、拟杆菌门(Bacteroidetes)和厚壁菌门(Firmicutes)相对丰度呈显著

或极显著正相关关系(r 分别为 0.646, 0.515, 0.628, 0.463 和 0.590)。碱解 N 与放线菌门(Actinobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi)相对丰度呈显著正相关关系(r 分别为 0.523 和 0.455)。速效 K 与变形菌门(Proteobacteria)相对丰度呈显著正相关关系($r=0.638$)。有效 P 与蓝藻菌门(Cyanobac-

teria)和厚壁菌门(Firmicutes)相对丰度呈显著正相关关系(r 分别为 0.412 和 0.475)。说明土壤 pH 是影响优势细菌菌群生长的重要因素,土壤 C/N 对相对丰度较高的优势细菌菌群具有显著影响,而碱解 N、速效 K 和有效 P 对细菌群落的影响具有差异性。

表 4 花椒根区不同 pH 土壤优势细菌菌群(门水平)相对丰度与土壤化学性质的相关性

Table 4 Correlation analysis between relative abundance of advantage bacterial community (at phylum level) and soil chemical parameters in the root zone of prickly ash with different pH

菌群 Phylum	pH	C/N	碱解 N Available N	速效 K Available K	有效 P Available P
放线菌门 Actinobacteria	0.615*	0.646*	0.523*	0.305	-0.496
蓝藻菌门 Cyanobacteria	0.473*	0.515*	0.316	0.229	0.412*
厚壁菌门 Firmicutes	0.504*	0.590**	0.217	0.156	0.475*
绿弯菌门 Chloroflexi	0.545	0.628*	0.455*	0.374	-0.300
变形菌门 Proteobacteria	0.497**	0.317	0.267	0.638*	0.224
芽单胞菌门 Gemmatimonadetes	0.539*	0.409	0.377	0.442	-0.305
泉古菌门 Crenarchaeota	0.121	0.321	0.264	0.159	0.447
拟杆菌门 Bacteroidetes	-0.458*	0.463*	0.440	0.466	0.154
装甲菌门 Armatimonadetes	-0.213	0.317	0.197	0.275	-0.136
酸杆菌门 Acidobacteria	0.342	0.415	0.158	0.236	-0.424

注:样本数为 30 个。* 表示显著相关($P<0.05$), ** 表示极显著相关($P<0.01$)。

Note: The number of sample is 30. * means significant correlation at $P<0.05$, ** means significant correlation at $P<0.01$.

3 讨论与结论

本研究结果表明,土壤 pH 显著影响花椒根区土壤细菌 16S rRNA 基因拷贝数,高 pH 花椒根区土壤细菌 16S rRNA 基因拷贝数较中、低 pH 根区土壤分别增加了 20.0% 和 68.4%,这可能与细菌喜中性或微碱性土壤环境有关^[12]。通过对土壤 pH 与细菌 16S rRNA 基因拷贝数拟合曲线的分析发现,二者拟合度较高且具有较强的正相关性,因此花椒根区土壤细菌 16S rRNA 基因拷贝数的增加可能受土壤 pH 驱动。以往研究认为,提高田园土壤^[15]、温带土壤^[16]和塿土^[17]的 pH 可以显著增加细菌 16S rRNA 基因拷贝数;Dempster 等^[18]认为,澳大利亚典型灰色土中添加桉树枝生物质炭(碱性物料)能够提高土壤 pH,但却使土壤细菌 16S rRNA 基因拷贝数降低;前人发现,酸性黄壤中添加玉米、水稻和油菜秸秆生物质炭均可不同程度地增加细菌 16S rRNA 基因拷贝数。因此,土壤 pH 是影响细菌 16S rRNA 基因拷贝数的主控环境因子^[19]。

变形菌门(Proteobacteria)是反硝化细菌的组分,此菌门丰度的提高可能会导致氮素发生反硝化作用几率变大,引起氮素损失。Pauli 等^[20]研究指出,土壤反硝化作用的最适 pH 是 6~8。本研究中,

土壤 pH 由 4.57 提升到 6.93 时,变形菌门的相对丰度增加了 4.8%~10.9%,其中 pH 为 6.93(高 pH 区)时的相对丰度最大(5.6%),低 pH 和中 pH 区变形菌门的相对丰度较小且大小相当(5.1%~5.3%)。说明土壤 pH 还是影响土壤反硝化细菌的重要环境因子,酸性条件有利于抑制土壤反硝化作用,固持并减少土壤氮素损失^[21-22]。

土壤 pH 变化显著影响了细菌群落的丰富度和多样性。本研究中,pH 由 4.57 升高到 6.93 时,细菌群落的 ACE、Chao1、Shannon 和 Simpson 4 个指数增加了 6.3%~45.6%,土壤 pH 和 C/N 对细菌群落多样性指数和丰富度指数的影响较为显著。刘佳等^[23]以 pH 5.70 的旱地红壤为研究对象,探索长期不同施肥处理对细菌群落的影响,试验结果表明,长期施用氮肥使土壤 pH 降低了 1.68,细菌群落的 4 个多样性指数降低了 21.4%~49.4%;而化肥配施有机肥处理土壤 pH 上升了 0.29,且上述 4 个多样性指数显著高于未施肥处理和单施化肥处理。说明土壤 pH 是决定细菌多样性的重要因素,增施有机肥是提高土壤 pH 和细菌群落多样性的有效措施。

综上所述,本研究表明,花椒根区不同 pH 土壤的细菌群落结构和多样性具有明显差异。提高花椒根区土壤 pH 能够增加细菌群落的相对丰度和多样

性,土壤 pH、C/N、碱解 N、有效 P 和速效 K 是改变花椒根区土壤细菌群落结构变化的重要环境因子,其中土壤 pH 是决定细菌群落多样性的首要影响因素。

[参考文献]

- [1] 胡芳名,谭晓风,刘惠民. 中国主要经济树种栽培与利用 [M]. 北京:中国林业出版社,2005.
Hu F M, Tan X F, Liu H M. Cultivation and utilization of main economic tree species in China [M]. Beijing: China Forestry Press, 2005.
- [2] 狄彩霞,王正银. 影响花椒产量和品质的因素 [J]. 中国农学通报, 2004(3):179-181, 189.
Di C X, Wang Z Y. Factors affecting the yield and quality of Chinese prickly ash [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2004(3):179-181, 189.
- [3] Tryon E H. Effect of charcoal on certain physic, chemical, and biological properties of forest soils [J]. Ecological Monographs, 1998, 18(3):81-115.
- [4] Zimmerman A R. Abiotic and microbial oxidation of laboratory-produced biochar [J]. Environmental Science & Technology, 2010, 44(5):1295-1301.
- [5] 王娅蕾,杨小艳,石晓峰. 花椒育苗技术要点 [J]. 农民致富之友, 2016(16):130.
Wang Y L, Yang X Y, Shi X F. Key points of pepper seedling technology [J]. Friends of the Rich Farmers, 2016(16):130.
- [6] Feng S J. Genetic relationships of Chinese prickly ash as revealed by ISSR markers [J]. Biologia, 2015, 70(1):45-51.
- [7] 李育鹏,胡海燕,李兆君. 土壤调理剂对红壤 pH 值及空心菜产量和品质的影响 [J]. 中国土壤与肥料, 2014(6):21-26.
Li Y P, Hu H Y, Li Z J. Effect of soil conditioner on pH value of red soil and yield and quality of water spinach [J]. China Soil and Fertilizer, 2014(6):21-26.
- [8] 杨振超,陈双臣,邹志荣. 土壤调理剂对温室西葫芦产量和品质的影响 [J]. 中国农学通报, 2005(2):164-166.
Yang Z C, Chen S C, Zou Z R. Effects of soil conditioner on yield and quality of zucchini in greenhouse [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2005(2):164-166.
- [9] 孟赐福,水建国,吴益伟,等. 红壤旱地施用石灰对土壤酸度、油菜产量和肥料利用率的长期影响 [J]. 中国油料作物学报, 1999, 21(2):45-48.
Meng C F, Shui J G, Wu Y W, et al. Long-term effects of lime application on soil acidity, rape yield and fertilizer utilization in upland red soil [J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 1999, 21(2):45-48.
- [10] 曾薇,郭京京,纪兆华,等. pH 值对剩余污泥微氧水解酸化溶出物及微生物群落结构的影响 [J]. 应用基础与工程科学学报, 2018, 26(3):471-482.
Zeng W, Guo J J, Ji Z H, et al. The effect of pH value on the structure of microflora and microflora of residual sludge [J]. Journal of Basic Science and Engineering, 2018, 26(3):471-482.
- [11] 李虹,李汀贤,赵凤亮,等. 香蕉枯萎病发生区域土壤改良:间作对热带土壤微生物区系和 pH 相关关系的影响 [J]. 园艺与种苗, 2017(9):21-27.
Li H, Li T X, Zhao F L, et al. Oil improvements in banana in *Fusarium wilt* incidence areas: spatial variations and correlation of microbial flora and pH variables in tropical red soil [J]. Horticulture & Seed, 2017(9):21-27.
- [12] 景宇鹏,李跃进,年佳乐,等. 土默川平原不同盐渍化程度土壤微生物生态特征研究 [J]. 生态环境学报, 2013, 22(7):1153-1159.
Jing Y P, Li Y J, Nian J L, et al. Study on ecological characteristics of microbes under different soil salinization degrees in Tumochuan plain [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2013, 22(7):1153-1159.
- [13] 鲍士旦. 土壤农化分析 [M]. 北京:中国农业科技出版社, 2000.
Bao S D. The method of analysis for soil agro-chemistry [M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000.
- [14] 王佩雯,朱金峰,陈征,等. 高通量测序技术下连作植烟土壤细菌群落与土壤环境因子的耦合分析 [J]. 农业生物技术学报, 2016, 24(11):1754-1763.
Wang P W, Zhu J F, Chen Z, et al. Coupling analysis based on high throughput sequencing technology of soil bacterial community and soil environmental factors in continuous cropping tobacco soil [J]. Journal of Agricultural Biotechnology, 2016, 24(11):1754-1763.
- [15] 陈伟,周波,束怀瑞. 生物炭和有机肥处理对平邑甜茶根系和土壤微生物群落功能多样性的影响 [J]. 中国农业科学, 2013, 46(18):3850-3856.
Chen W, Zhou B, Shu H R. Effects of organic fertilizer and biochar on root system and microbial functional diversity of *Malus hupehensis* Rehd [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2013, 46(18):3850-3856.
- [16] Kolb S E, Fermanich K J, Dornbush M E. Effect of charcoal quantity on microbial biomass and activity in temperate soils [J]. Soil Science Society of America Journal, 2009, 73(4):1173-1181.
- [17] 陈心想,耿增超,王森,等. 施用生物炭后土壤微生物及酶活性变化特征 [J]. 农业环境科学学报, 2014, 33(4):751-758.
Chen X X, Geng Z C, Wang S, et al. Effects of biochar amendment on microbial biomass and enzyme activities in loess soil [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2014, 33(4):751-758.
- [18] Dempster D N, Gleeson D B, Solaiman Z M, et al. Decreased soil microbial biomass and nitrogen mineralisation with eucalyptus biochar addition to a coarse textured soil [J]. Plant and Soil, 2012, 354(1/2):311-324.
- [19] 侯建伟,邢存芳,卢志宏,等. 不同秸秆生物炭对贵州黄壤细菌群落的影响 [J]. 中国农业科学, 2018, 51(23):4485-4495.

- Hou J W, Xing C F, Lu Z H, et al. Effects of different straw biochar on bacterial communities in yellow soil of Guizhou Province [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2018, 51(23): 4485-4495.
- [20] Pauli E A, Clark F E. *Soil microbiology and biochemistry* [M]. San Diego, California: Academic Press, 1989.
- [21] Blackmer A M, Bremner J M. Inhibitory effect of nitrate on reduction of N_2O to N_2 by soil microorganisms [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1978, 10: 187-191.
- [22] Kiese R, Papen H, Zumbusch E, et al. Nitrification activity in tropical rain forest soils of the Coastal Low-lands and Atherton Tablelands, Queensland, Australia [J]. *Plant Nutr Soil Sci*, 2002, 165: 682-685.
- [23] 刘 佳, 陈晓芬, 刘 明, 等. 长期施肥对旱地红壤细菌群落的影响[J/OL]. *土壤学报*, 1-12 [2019-03-19]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/32.1119.P.20190226.1030.004.html>. Liu J, Chen X F, Liu M, et al. Effects of long-term fertilization on bacterial community in upland red soil [J/OL]. *Acta Pedologica Sinica*, 1-12 [2019-03-19]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/32.1119.P.20190226.1030.004.html>.

(上接第 114 页)

- [22] 佟 帆. 长期施肥下黑土氮素组分含量及 N_2O 排放特征 [D]. 南昌: 江西农业大学, 2011.
Tong F. The feature of nitrogen component content and emission of N_2O on the black soil under long-term fertilization [D]. Nanchang: Jiangxi Agricultural University, 2011.
- [23] Akiyama H, Tsuruta H. Effect of chemical fertilizer form on N_2O , NO and NO_2 fluxes from Andisol field [J]. *Nutrient Cycling in Agroecosystems*, 2002, 63(2/3): 219-230.
- [24] Cuello J P, Hwang H Y, Gutierrez J, et al. Impact of plastic film mulching on increasing greenhouse gas emissions in temperate upland soil during maize cultivation [J]. *Appl Soil Ecology*, 2015, 91: 48-57.
- [25] 王 蕊, 王百群, 王 昊, 等. 长期施用氮磷肥对土壤钾素的影响 [J]. *水土保持研究*, 2017(4): 58-63.
Wang R, Wang B Q, Wang H, et al. Effects of long-term application of nitrogen and phosphorus fertilizers on potassium of Lou soil [J]. *Research of Soil and Water Conservation*, 2017(4): 58-63.
- [26] 张 敏, 孙宝利, 宋阿琳, 等. 微生物多样性对土壤氮磷钾转化、酶活性及油菜生长的影响 [J]. *生态学报*, 2016, 36(18): 5856-5864.
Zhang M, Sun B L, Song A L, et al. Effects of soil microbial diversity on soil NPK transformation, enzyme activities, and canola growth [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, 36(18): 5856-5864.