



青海干旱盐碱地区不同生境土壤微生物多样性分析

张涪泽^{1,2,3},王雪韧^{1,4},杜萌¹,哈金强¹,王启¹,沈迎芳^{1,2,3},杨鑫光^{1,2,3}

(1.青海民族大学生态环境与资源学院,西宁 810007; 2.国家民委青藏高原资源化学与生态环境保护重点实验室,西宁 810007;
3.青海省特色经济植物高值化利用重点实验室,西宁 810007; 4.内蒙古农业大学资源与环境学院,呼和浩特 010018)

摘要 为研究不同生境土壤微生物群落多样性及其与土壤理化性质的关系,采集青海海西格尔木周边耕作土壤、非耕作土壤、荒漠土壤及盐碱土壤,测定其理化性质,利用 Illumina-MiSeq 平台进行 16S 扩增子测序,分析不同类型土壤微生物群落组成和多样性,研究土壤菌群与土壤理化性质的对应关系,为干旱盐碱条件下植物抗逆生长提供理论数据。结果表明:4 种土壤的微生物群落多样性为耕作土>盐碱土>非耕作土>荒漠土。细菌优势类群(门、属)的组成及丰度在不同地区间存在差异。其中,耕作土壤的优势微生物为变形菌门、拟杆菌门、放线菌门、芽孢杆菌门;非耕作土壤的芽孢杆菌门丰度相对于耕作土壤降低,而拟杆菌门和放线菌门的丰度则较高。荒漠土壤和盐碱土壤内的优势微生物为变形菌门、拟杆菌门、放线菌门和厚壁菌门,厚壁菌门在盐碱土壤中的丰度高于荒漠土壤,放线菌门则相反。鞘脂单胞菌属是耕作土壤的最优势属,盐单胞菌属为非耕作土壤、荒漠土壤和盐碱土的最优势属。理化因子与土壤微生物群落相关性分析显示,电导率、水溶性盐含量与土壤微生物群落呈极显著正相关,有机碳含量和微生物群落多样性不具有显著相关性。表明电导率和水溶性盐含量是影响柴达木干旱盐碱土壤微生物群落多样性的主要因子。

关键词 土壤微生物;群落;多样性;理化性质

土壤是一种复杂生态系统^[1],影响土壤生态系统多样性的因素有很多,如土壤营养^[2]、水分含量、土壤 pH^[3-4]、温度^[5] 等非生物因素和植被覆盖度、动物、土壤微生物等生物因素,其中土壤微生物是影响土壤生态系统的关键因素之一。土壤微生物的生长、代谢直接影响土壤理化性质和植物生长状况^[6]。土壤微生物群落多样性存在地区性差异,在不同生境下,土壤微生物群落多样性也不一致。

微生物在土壤有机质分解和土壤环境改善方面具有重要的作用。邵微等^[7] 研究发现,随着微生物群落多样性增加,土壤生态系统稳定性及其应对环境恶化的缓冲能力有明显提高。土壤中存在数量庞大且种群复杂的微生物^[8-9],在调节土壤理化性质中发挥了重要作用。研究表明,植物生长与其根际微生物多样性密切相关^[10]。微生物能够分解土壤有机质以方便植物吸收利用,微

生物自身分泌物还能影响植物根系发育,间接影响植物吸收土壤内营养物质^[11],提高植物对所处环境的适应性,降低环境中胁迫因子对植物的危害^[12-13]。植物根系分泌物也会进入土壤,成为土壤微生物的碳源和能源。因此,土壤微生物与植物间存在协同进化关系^[14]。

柴达木盆地位于中国西北干旱地区,土壤荒漠化、盐碱化现象常见。干旱、盐碱等因素对本地区生物多样性具有明显的影响。现阶段对柴达木盆地不同生境的土壤理化性质及土壤微生物群落组成和多样性研究较少,对土壤微生物群落结构和植物多样性的影响仍不清楚。本文拟对柴达木地区不同生境土壤中微生物群落多样性展开分析,通过 16S 测序,分析不同生境土壤的微生物多样性和群落结构,了解土壤微生物群落多样性特征^[15],结合土壤理化性质,研究土壤微生物群落多样性与土壤类型的关系,重点关注干旱盐碱地

收稿日期:2023-06-12 修回日期:2023-09-27

基金项目:2023 年中央科研创新平台建设—青海省林业草原生态系统功能维护及可持续开发利用科研创新团队(30160101141);青海省大学生创新创业训练计划项目(S202210748028);青海民族大学校级规划项目(2021XJXS22)。

第一作者:张涪泽,男,硕士,副教授,主要从事高原生物抗逆生物学研究。E-mail:zxz1904@126.com

通信作者:沈迎芳,女,博士,副教授,主要从事逆境植物生物学研究。E-mail:syfn@126.com

杨鑫光,男,博士,副教授,主要从事生态修复研究。E-mail:yangxg618@163.com

区耕作对土壤微生物的影响,以了解该地区农业生产对土壤微生物多样性的影响,为本地区作物增产增收提供基础数据。

1 材料与amp;方法

1.1 材料

土壤样品于 2021 年 2 月采自青海省格尔木市(36°41'70"N,95°08'07"E,海拔 2 780 m)。采集耕地内距枸杞(*Lycium barbarum*)植株 1 m 的土壤作为耕作土(CS);耕地周边距离 500 m 的土壤作为非耕作土(NCS);耕地周边荒漠作为荒漠土(DS);耕地周边盐碱滩地土壤作为盐碱土(SS)。取样前将土壤表面的石头、固体盐壳等移除。利用多点采样法进行土壤收集,取距离地面 10~15 cm 处土壤。对于每种类型的土样,于 1 m 边长正方形的顶点处及中心采集 5 份质量相当的土样混合成一个有代表性的土样。每种类型土壤采取 5 份样品,共 20 份土壤样品,分别为 CS1~5,NCS1~5,DS1~5 和 SS1~5。土壤采集后立即密封处理,并且在冷藏(冰袋)条件下送回实验室。置于液氮内保存,用于土壤微生物的 DNA 提取。

1.2 方法

1.2.1 土壤理化性质分析 土壤电导率(EC)及水溶性盐含量(WSS)采用电导率仪(DDSJ-319L)测定;土壤 pH 采用笔式 pH 计(PHB-10)测定。

1.2.2 土壤有机碳(TOC)测定 称取干燥土样 0.5 g 于聚四氟乙烯坩埚中,加入 5 mL 重铬酸钾标准溶液,后加入 5 mL 浓硫酸混匀,在 200 °C 的加热板上加热 10 min,待冷却后将样品转入锥形瓶中。以邻菲罗啉作为指示剂,用 FeSO_4 溶液进行滴定。

1.2.3 DNA 测序及数据处理 准确称取 0.1 g 土样,按 MoBio 强力土壤微生物 DNA 提取试剂盒(MagPure Soil DNA LQ Kit)说明书分别提取各样地土样总 DNA。利用 Illumina-MiSeq 平台进行 16S 扩增子测序。使用 Trimmomatic(version 0.35)^[16] 软件扫描 raw data,剔除质量较低序列;使用 Flash(version 1.2.11)^[17] 软件开展序列拼接,得到完整的 paired end 序列。使用 QIIME 中的 split-libraries(version 1.8.0)^[18] 软件筛选,得到 clean tags。用 UCHIME(version 2.4.2)^[19] 软件去除 clean tags 的嵌合体,得到

valid tags。对 16S 序列划分操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU),划定阈值为 97%。使用 Vsearch(version 2.4.2)^[20] 软件和 RDP classifier Naive Bayesian 分类算法^[21] 对 valid tags 进行 OTU 分类,在不同分类界元上统计不同土壤的细菌群落组成。基于物种分类分析,绘制物种分类条形图及物种丰度热图。对微生物多样性进行 Alpha 多样性分析和 Beta 多样性分析。16S 序列经重取样统一测序深度(16S 为 60 000 条)后,对 Shannon 指数、Simpson 指数进行计算。以 OTU 丰富度对序列数作图,进行稀释分析。采用主坐标分析(PcoA)法分析微生物群落间的相似性。

1.3 数据分析

用 Excel 2016 整理数据,用 SPSS 21.0 计算数据,均以“平均值±标准误”的形式表示。采用 Duncan's 法进行多重比较,以 $P < 0.05$ 为差异显著, $P < 0.01$ 为差异极显著。用配对 t 检验比较土壤间细菌群落多样性的差异性;用典范对应分析(CCA)检验微生物多样性与土壤理化性质间的关系。

2 结果与分析

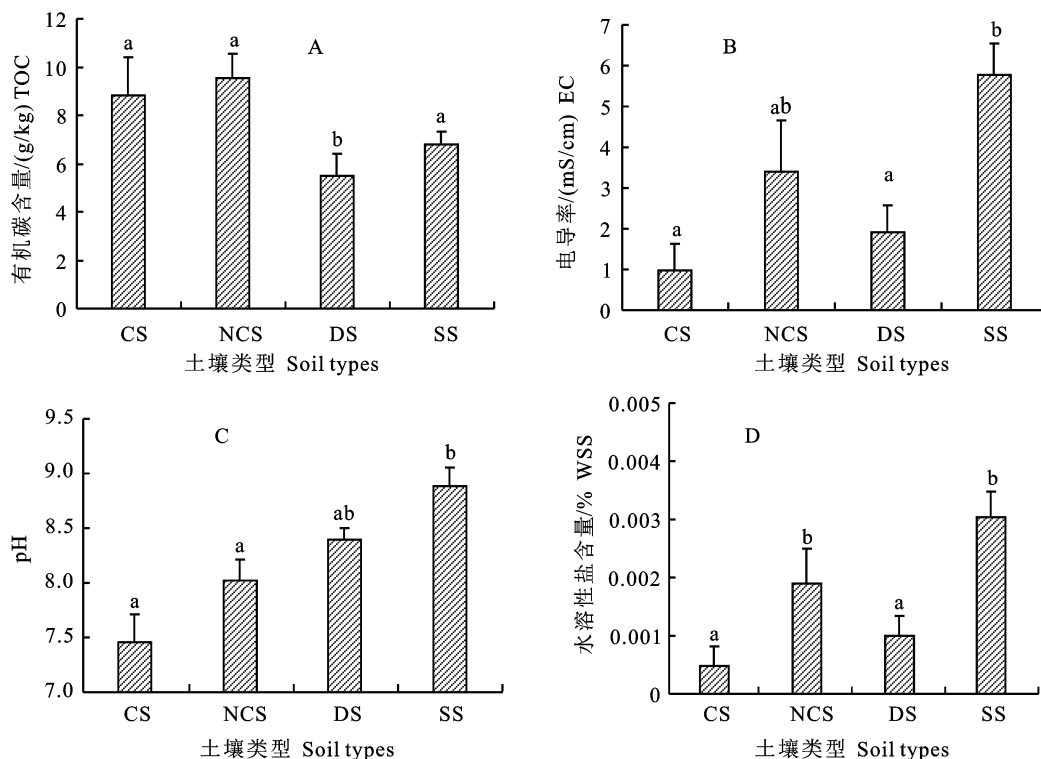
2.1 土壤理化性质

理化性质测定结果表明,DS 组 TOC 含量最低,与 CS 组、NCS 组、SS 组差异显著($P < 0.05$);对 EC 分析发现,CS 组电导率最低,SS 组最高,差异极显著($P < 0.01$)(图 1-B);SS 组平均 pH 大于其余组,且 SS 与 CS、NCS 之间存在显著差异($P < 0.05$)(图 1-C);CS 组水溶性盐含量最低,且与 NCS、SS 组差异显著(图 1-D),推测是由于植物生长及耕作过程影响土壤内离子含量,从而影响土壤电导率,水溶性盐含量与土壤电导率密切相关。

2.2 土壤微生物多样性及群落结构

2.2.1 16S 测序 测序结果显示,样品测序覆盖度在 0.99,表明测序结果能较真实反映土壤内微生物群落结构组成(图 2)。

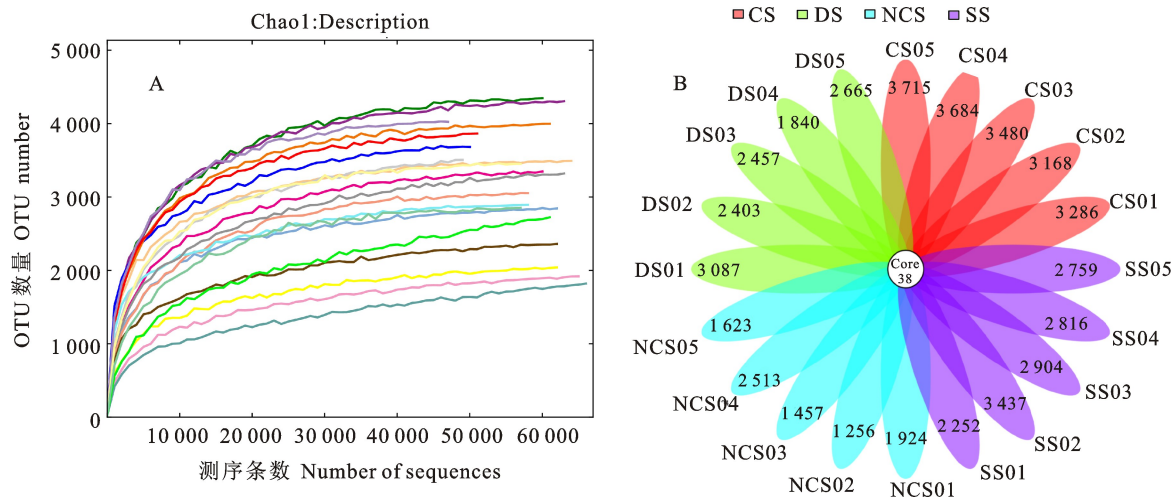
2.2.2 微生物群落多样性 不同土壤的细菌群落多样性和丰度差异显著(图 3),细菌群落多样性为 $\text{CS} > \text{SS} > \text{NCS} > \text{DS}$ 。其中,CS 组细菌群落多样性和丰度均显著高于 NCS 组;SS 组细菌群落的多样性和丰度均显著高于 DS 组。



A. 有机碳含量分析;B. 土壤电导率分析;C. 土壤 pH 分析;D. 土壤水溶性盐含量分析。图中不同小写字母代表差异显著($P < 0.05$)
 A. Organic carbon content analysis;B. Soil conductivity analysis;C. Soil pH analysis;D. Soil water-soluble salt content analysis. Different lowercase letters indicate significant differences($P < 0.05$)

图 1 不同土壤类型理化性质分析

Fig. 1 Analysis of physical and chemical properties of different soil types



A. 土壤样品细菌群落的稀释曲线; B. OUT 数目花瓣图

A. Rarefaction curves of soil microbial communities;B. Violin plot of the inter-group comparison of the OTU diversity index

图 2 土壤样品测序数据

Fig. 2 Sequencing results of soil samples

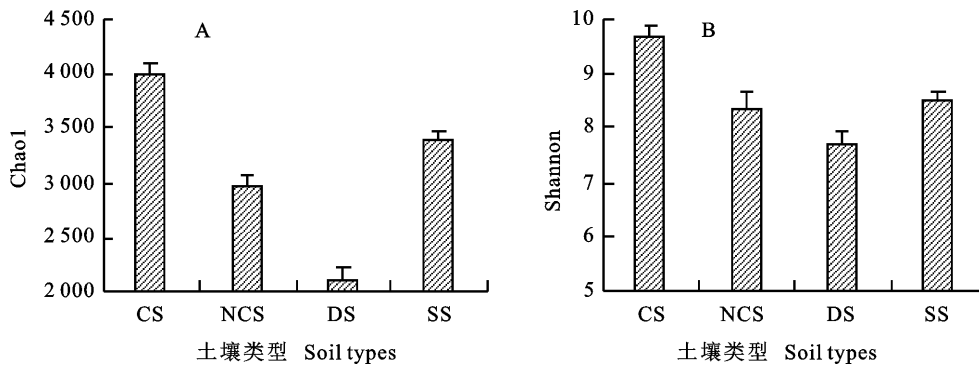
2.2.3 土壤微生物群落组成 由图 4 可知,CS 组细菌群落中,优势类群依次是变形菌门(Proteobacteria) (36.55% ~ 52.10%)、拟杆菌门

(Bacteroidetes) (15.25% ~ 24.39%)、放线菌门(Actinobacteria) (11.07% ~ 19.37%)、芽孢单菌门(Gemmatimonadetes) (4.28% ~ 13.62%);

NCS 组细菌群落中,优势类群分别是变形菌门(36.31%~52.73%)、拟杆菌门(17.26%~34.74%)、放线菌门(18.66%~34.35%);DS 组细菌群落中优势类群分别为变形菌门(21.80%~30.65%)、拟杆菌门(18.11%~60.84%)、放线菌门(7.39%~46.37%)、厚壁菌门(Firmicutes)(2.42%~11.31%);SS 组细菌群落中,优势类群分别为变形菌门(25.90%~56.95%)、拟杆菌门(19.61%~52.00%)、厚壁菌门(13.31%~26.33%)、放线菌门(2.36%~17.63%)。

从属水平上看,鞘脂单胞菌属(*Sphin-*

gomonas)、*Pseudarthrobacter*、*Salinimicrobium* 是 CS 组土壤细菌群落的优势属(丰度>1%),其中鞘脂单胞菌属的丰度最高(4.55%~7.81%);盐单胞菌属(*Halomonas*)、海杆菌属(*Marinobacter*)、*bacterium_YC_LK_LKJ35* 是 NCS 组土壤细菌群落的优势属(丰度>1%);盐单胞菌属、*Salinimicrobium*、*Gillisia* 为 DS 组土壤细菌群落的优势属(丰度>1%)(图 5),盐单胞菌属、海杆菌属、*Gillisia* 以及 *Marinimicrobium* 为 SS 组土壤细菌群落的优势属(丰度>1%)(图 6)。



A. 群落丰富度分析;B. 群落多样性分析

A. Comparison of the diversity of soil bacterial communities;B. Comparison of the richness of soil bacterial communities

图 3 不同类型土壤细菌群落的多样性和丰富度比较

Fig. 3 Comparison of diversity and richness of soil bacterial communities

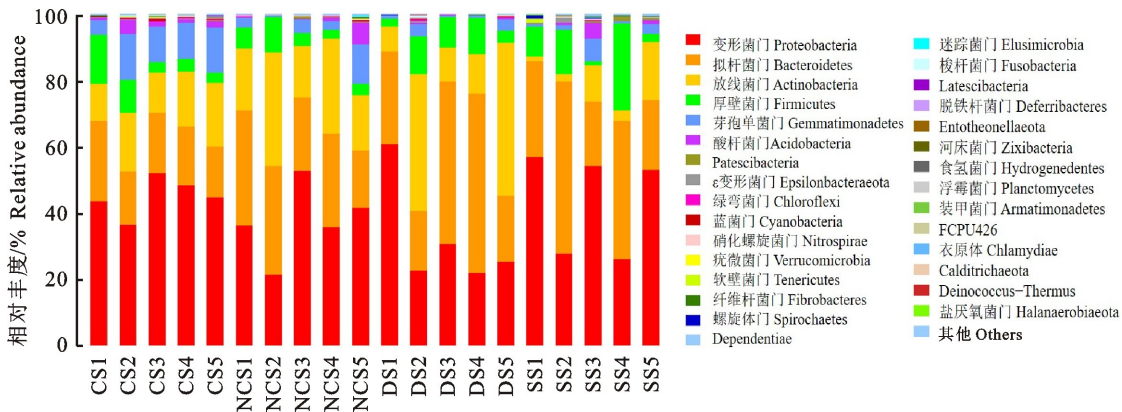


图 4 土壤细菌门水平群落组成

Fig. 4 Horizontal community composition of soil microflora

2.3 土壤细菌群落多样性分析

土壤理化性质与土壤微生物群落多样性密切相关。相似性分析(ANOSIM)结果表明,CS 组、NCS 组、DS 组以及 SS 组间微生物群落多样性具有极显著差异($P < 0.01$)。NCS 组的拟杆菌门和放线菌门的丰度明显高于 CS 组,但两者变形菌门的丰度无显著差异,相比较而言,NCS 组芽孢

单菌门的丰度降低。在属水平上,CS 组的优势属种类和 NCS 组优势属具有较大差异。NCS 组的优势属,例如盐单胞菌属、海杆菌属、*bactrium_YC_LK_LKJ35* 等在 CS 组中丰度较低,差异显著($P < 0.05$),而 NCS 组非优势属的鞘脂单胞菌属、*Pseudarthrobacter*、*Salinimicrobium* 在 CS 组中富集成为优势属。盐单胞菌属在 DS 组和 SS

组中丰度均较高。SS 组的优势属,例如 *Marinimicrobium*、海杆菌属、拟杆菌属等在 DS 组中丰度显著较低,而 SS 组中的非优势菌属 *Salinimi-*

crobium、*Gillisia*、*Paieronia* 等在 DS 组中富集成为优势属(图 6)。

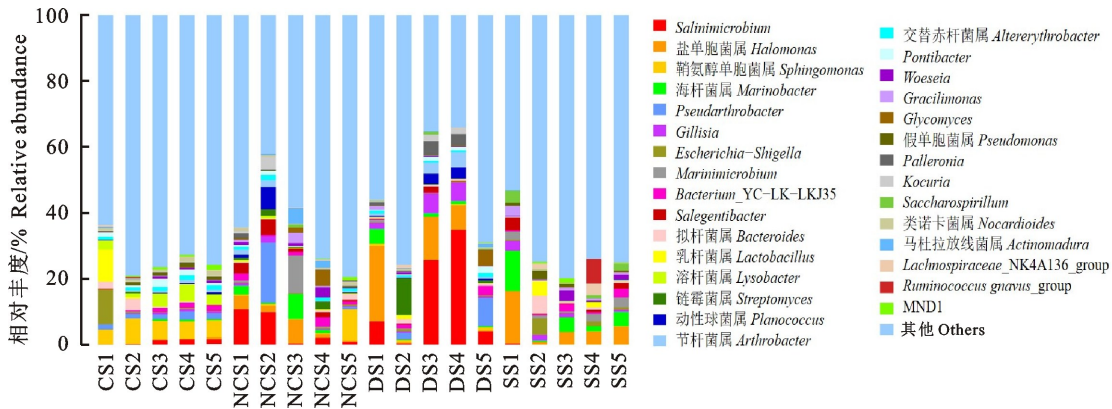


图 5 土壤细菌属水平群落组成

Fig. 5 Horizontal community composition of soil microorganisms

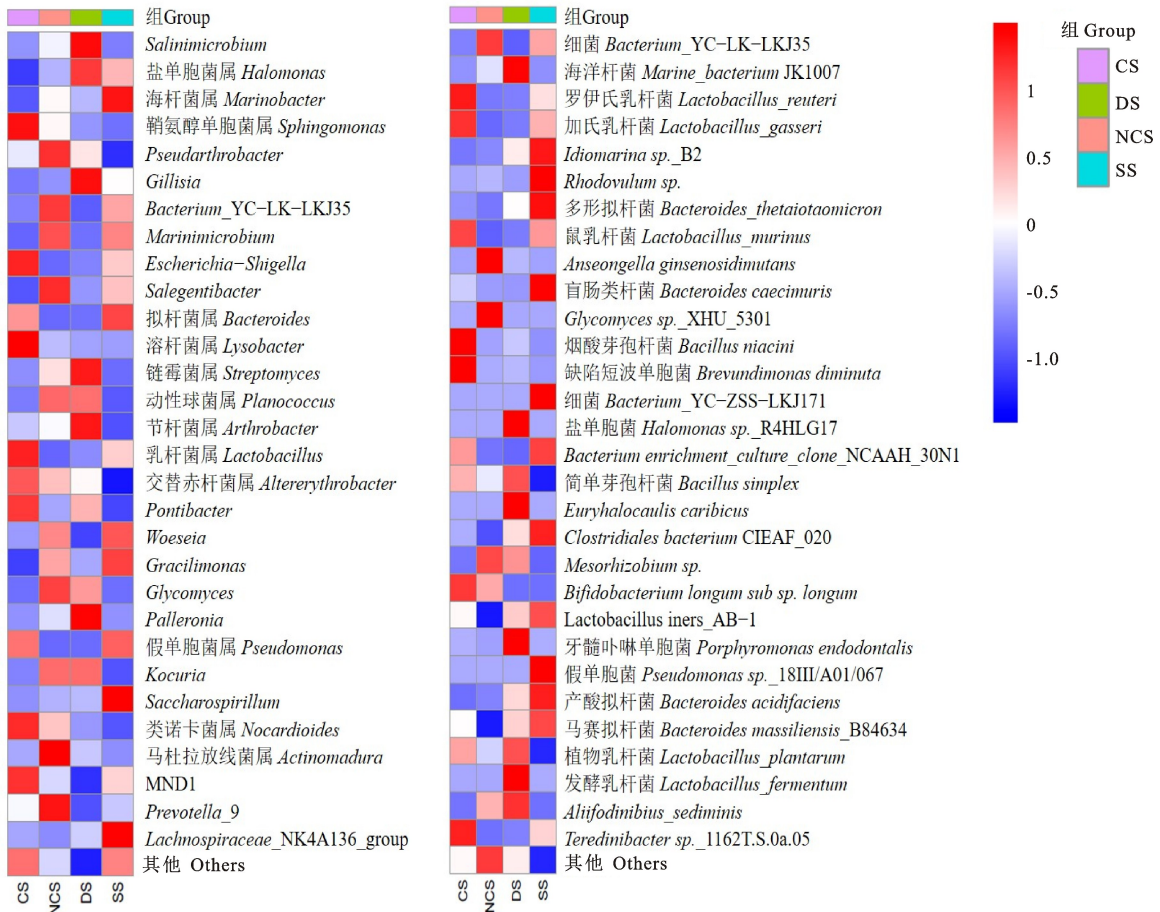


图 6 土壤细菌群落种水平及属水平分布热图

Fig. 6 Heatmap of soil bacterial communities at species and genus levels

2.4 Alpha 多样性分析

利用 Chao 1 指数、Shannon 指数及 Simpson 指数对 4 种土样进行 Alpha 多样性分析。结果表

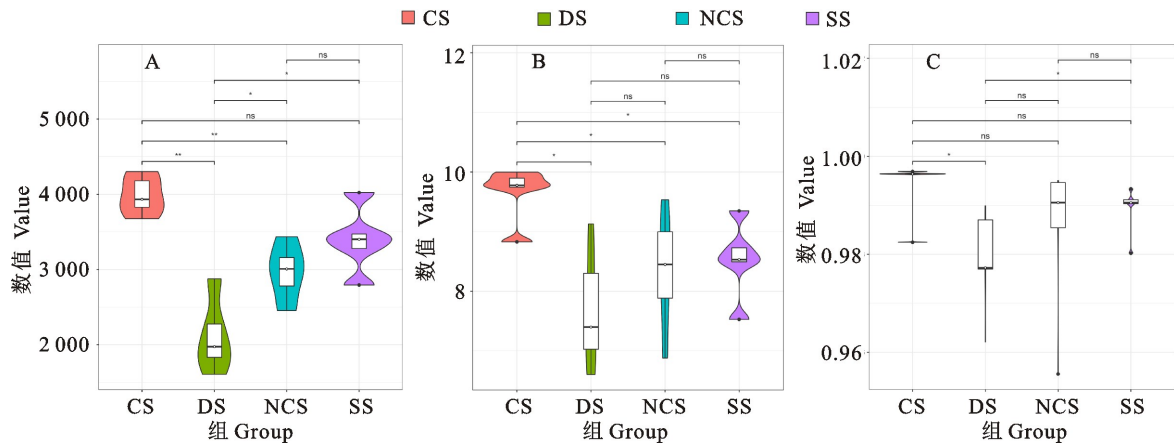
明,CS 组的 Chao 1 指数均值为 3 983.6,NCS 组的 Chao 1 指数均值为 2 966.7;DS 组的 Chao 1 指数最小,其均值为 2 133.0;SS 组的 Chao 1 指

数均值为 3 393.9。通过 Wilcoxon 检验计算发现, CS 组与 NCS 组和 DS 组存在极显著差异 ($P < 0.01$), 但与 SS 组差异不显著 ($P > 0.05$); DS 组与 NCS 组和 SS 组存在显著差异 ($P < 0.05$); NCS 组与 SS 组差异不显著 ($P > 0.05$)。CS 组、NCS 组、DS 组、SS 组的 Shannon 指数依次为 9.82、8.477、7.34、8.51, Simpson 指数依次为 1.00、0.98、0.98、0.99, 表明 CS 组土样中的微生物丰富度较高, 且均匀性较好。对 Shannon 指数的 Wilcoxon 检验计算发现, CS 组与其余三组存在显著性差异 ($P < 0.05$), 其余组间差异不显著; 对

Simpson 指数的 Wilcoxon 检验计算发现, 仅 CS 组与 DS 组、SS 组与 DS 组存在显著差异 ($P < 0.05$), 其余组间无显著差异(图 7)。

2.5 Beta 多样性分析

对土壤样品组间细菌群落微生物 Beta 多样性进行聚类分析发现, 4 种土壤样品间, 同组样本细菌群落聚类; 利用 4 种土壤样本的 OTU 丰度信息计算 Bray Cruits, 对不同土壤样本的细菌群落结构差异进行主坐标分析(PCoA), 发现不同土壤样本间细菌群落结构具较好的分离特征(图 8)。

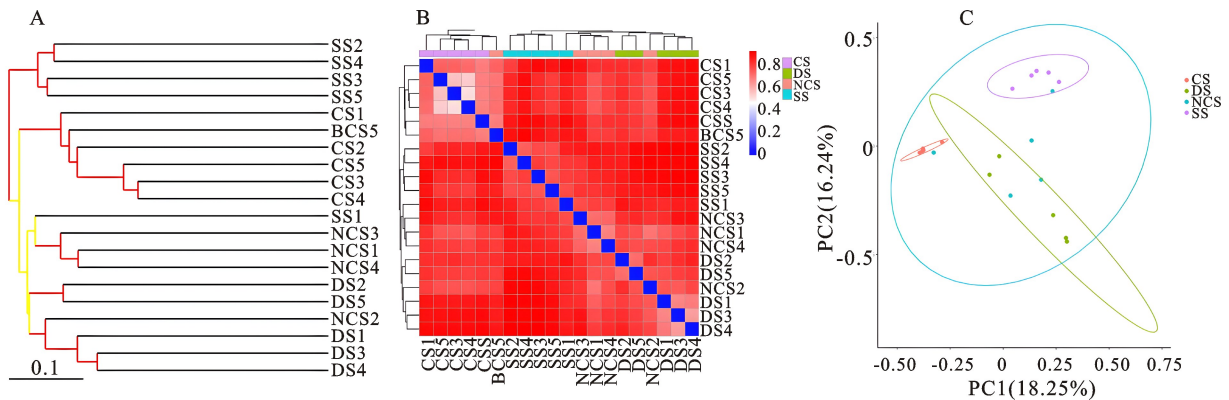


A. Chao 1 指数组间多重比较; B. Shannon 指数组间多重比较; C. Simpson 指数组间多重比较。* 和 ** 分别表示在 0.05 和 0.01 水平的差异显著性, ns 表示无显著差异

A. Chao 1 index multiple comparison of violin plots among groups; B. Shannon index multiple comparison of violin plots among groups; C. Simpson index multiple comparison of violin plots among groups. * and ** represent significant difference at $P < 0.05$ and $P < 0.01$, respectively, ns means no significant difference between groups

图 7 土样细菌群落 Alpha 多样性分析

Fig. 7 Alpha diversity analysis of microbial communities in soil samples



A. 聚类分析; B. 热图分析; C. PCoA 主成分分析

A. Cluster analysis; B. Heatmap analysis; C. Sample principal component analysis based on PCoA

图 8 不同土壤样品 Beta 多样性分析

Fig. 8 Beta diversity analysis of different soil samples

2.6 微生物群落多样性与土壤理化性质的关系

相关性分析结果表明, TOC 含量与 EC 和

pH 均呈现极显著负相关 ($P < 0.01$), TOC 含量与细菌群落多样性呈负相关, 但并不显著。EC

与 pH 呈显著正相关($P < 0.05$), EC 与细菌群落多样性极显著正相关($P < 0.01$)。土壤 pH 与土壤内细菌群落多样性呈正相关,但不显著。水溶性盐含量与土壤细菌群落多样性呈极显著正相关($P < 0.01$)。多样性分析结果表明,EC 和水溶性盐是影响土壤内微生物群落多样性的主要因子。

CCA 分析结果表明, TOC 与 EC、pH 和 WWS 含量呈负相关,后三者呈正相关。与土壤

微生物相关性分析表明,有机碳含量与 *Sphingomonas* 菌属呈正相关,电导率、pH 和水溶性盐含量与盐单胞菌属 (*Halomonas*)、海杆菌属 (*Marinobacter*)、*Marinimicrobium* 菌属呈正相关。4 种土壤与 *Lactobacillus* 菌属、*Escherichia-Shigella* 菌属、*Streptomyces* 菌属、*Salinimicrobium* 菌属、*Pseudarthrobacter* 菌属呈负相关(图 9)。

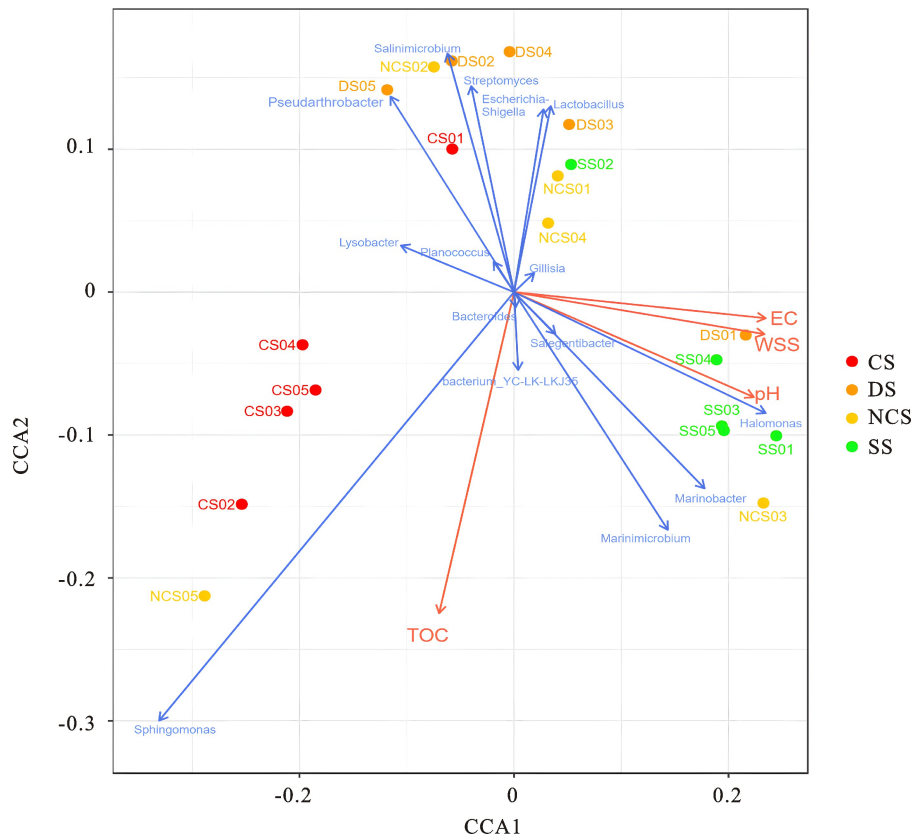


图 9 土壤微生物群落组成与理化因子的 CCA 分析

Fig. 9 CCA analysis of relationship between microbial community composition and soil types

3 讨论

近年来,随着土壤微生物研究的增多,土壤微生物功能被不断发掘。李艳玲^[22]研究了根际微生物对作物生长及其调节因子的影响,发现有多种化合物与植物及微生物的生长代谢密切关联;卢玉秋^[23]分析了根际微生物对作物生长及其调节因子的影响,发现微生物群落结构的改变会影响玉米和水稻的生长,还会调节玉米和水稻根内生生长调节因子的种类和浓度。还有研究发现,土壤微生物能够促进植物激素合成,增强植物对矿质元素的吸收^[18,24],提高植物抵抗生物和非生物胁迫的能力^[19,25]。

土壤微生物总量、活性及有益微生物数量是判断土壤活跃度的重要数据。本研究发现,柴达木盆地干旱盐碱环境下,不同类型土壤中细菌丰富度均高于其他微生物,与崔纪超等^[26]、陈菲菲等^[27]的研究结果相一致,与土壤中微生物以细菌为主的结论一致^[28]。本研究结果表明,耕作土壤内的微生物群落组成与包括荒漠土及盐碱土在内的非耕作土壤微生物群落之间存在明显差异。耕作土壤的优势属,如鞘脂单胞菌属和 *Escherichia-Shigella*、溶杆菌属 (*Lysobacter*)、乳酸菌属 (*Lactobacillus*)、MND1 等菌属在非耕作土壤、荒漠土及盐碱土中丰度较低;非耕作土壤内含量较高的菌属如 *bacterium_YC_LK_LKJ35*、

Pseudarthrobacter、需盐杆菌属 (*Salegentibacter*)、马杜拉放线菌属 (*Actinomadura*)、*Prevotella-9* 等在耕作土壤、荒漠土壤以及盐碱土内较低;荒漠土的优势属如 *Salinimicrobium* 在耕作土壤内丰度较高,在非耕作土壤以及盐碱土壤内丰度则较低;盐碱土壤中的优势属,例如 *Marinimicrobium*、海杆菌属、拟杆菌属等在荒漠土壤中的丰度较低,而盐碱土壤非优势菌属的 *Salinimicrobium*、*Gillisia*、*Paiieronia* 等在荒漠土壤中却富集成为优势属。对 4 种土壤内物种属水平比较发现,荒漠土和盐碱土内的嗜盐碱微生物如盐单胞菌属、*Salinimicrobium*、*Thiohalobacter* 等含量远高于耕作土和非耕作土,非耕作土中的盐单胞菌属、*Salinimicrobium* 等菌属含量也略高于耕作土,表明非耕作土、荒漠土、盐碱土的微生物群落结构与含盐量较低的耕作土有明显差异,可能会影响植物生长。4 种不同类型土壤中的最优菌门均为变形菌门,这与李丹等^[29]和刘欣等^[30]的研究结果一致。变形菌门是目前已知的在自然界中最为普遍的菌门,在干旱盐碱生境土壤中丰度最高,可能是因为变形菌门适应能力更强^[31]。土壤中的变形菌门和放线菌门主要与碳利用有关,参与土壤内有机质的转化以及土壤结构形成,本研究结果能进一步佐证该结果^[32]。另外,耕作土壤中含有具生物固氮作用的芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、红杆菌属 (*Rhodospirillum*) 等,这些微生物与植物释放植物激素相关^[33],在土壤源植物病原菌的生物防治方面发挥重要作用^[34]。

微生物群落多样性在不同土壤类型间的差异与土壤理化性质密切相关^[35]。本研究结果表明,4 种不同类型土壤中,变形菌门和拟杆菌门是丰度最高的两个门,而厚壁菌门在荒漠土壤及盐碱土壤中丰度较高,在耕作土壤和非耕作土壤内丰度较低。造成不同类型土壤内细菌群落差异的主要原因有两点:一方面是因为 4 种类型土壤 TOC 含量、pH 和电导率具有显著差异,利于某些特定的细菌类群增殖从而导致丰度的提高;另一方面,从土壤类型来看,由于枸杞生长代谢会改变耕作土的理化性质,使其微生物群落组成发生改变^[36]。而盐碱土由于盐碱程度高,富集了较多的嗜盐微生物,导致土壤微生物多样性与其他类型土壤差异较大^[37]。本试验结果也表明,含盐量较低的耕作土壤和非耕作土壤内微生物群落的相似度高于荒漠土和盐碱土;相关性分析结果表明水

溶盐含量对土壤内细菌群落多样性具有重要的影响。有研究表明盐胁迫能够显著降低土壤内细菌群落的多样性^[38],说明在柴达木盆地,土壤盐碱程度是影响微生物群落多样性的主要因子,但其作用效果还会受到植物根际效应的影响^[39]。也有研究认为土壤内氮含量(TON)是影响土壤微生物群落结构的重要因素之一^[40],但本研究并未对 TON 含量进行测量,其对于土壤微生物群落的影响有待进一步研究。

4 结论

柴达木盆地干旱盐碱地区土壤中微生物群落多样性最高的是耕作土。耕作土壤的优势微生物为变形菌门、拟杆菌门、放线菌门、芽孢单菌门;非耕作土壤中拟杆菌门和放线菌门的丰度相对较高;荒漠土壤和盐碱土壤中优势微生物为变形菌门、拟杆菌门、放线菌门和厚壁菌门,厚壁菌门在盐碱土壤中的丰度相对高于荒漠土壤,而放线菌门则相反。鞘脂单胞菌属是耕作土壤的最优势属,盐单胞菌属为非耕作土壤、荒漠土壤和盐碱土壤的最优势属。理化因子与土壤微生物群落相关性分析显示,电导率、水溶性盐含量与土壤微生物群落呈显著正相关($P < 0.01$),有机碳含量和微生物群落多样性呈负相关,但不显著。表明电导率和水溶性盐含量是影响土壤内微生物群落多样性的主要因子。

参考文献 Reference:

- [1] RAMIREZ K S, CRAINE J M, FIERER N. Consistent effects of nitrogen amendments on soil microbial communities and processes across biomes[J]. *Global Change Biology*, 2012, 18: 1918-1927.
- [2] 陈源. 中国小陇山国家级自然保护区珍稀濒危植物红豆杉(*Taxus chinensis* (Pilg.) Rehd)林土壤微生物生态学[D]. 兰州:西北师范大学, 2008.
- [3] BROCKETT B FT, PRESCOTT C E, GRAYSTON S J. Soil moisture is the major factor influencing microbial community structure and enzyme activities across seven biogeoclimatic zones in western Canada[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2012, 44: 9-20.
- [4] 刘方春, 邢尚军, 马海林, 等. 持续干旱对樱桃根际土壤细菌数量及结构多样性影响[J]. *生态学报*, 2014, 34(3): 642-649.
- [5] MATEOS-RIVERA A, YDE J C, WILSON B, et al. The effect of temperature change on the microbial diversity and community structure along the chronosequence of the subarctic glacier forefield of Styggedalsbreen (Norway)[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2016, 92: fnw038.
- [6] 张燕燕, 曲来叶, 陈利顶, 等. 黄土丘陵沟壑区不同植被类型土壤微生物特性[J]. *应用生态学报*, 2010, 21(1): 165-173.

- [7] 邵 微,于会丽,张培基,等. 不同落叶果树根际微生物群落代谢与组成的差异性研究[J]. 果树学报, 2020, 37(9): 1371-1383.
- [8] VENTOSA A, MELLADO E, SANCHEZ-PORRO C, *et al.* Halophilic and halotolerant micro-organisms from soils microbiology of extreme soils[J]. *Springer Berlin Heidelberg*, 2008:87-115.
- [9] HOLLISTER E B, ENGLEDDOW A S, HAMMETT A J, *et al.* Shifts in microbial community structure along an ecological gradient of hypersaline soils and sediments[J]. *The International Society for Microbial Ecology Journal*, 2010, 4:829-838.
- [10] ZHANG H, TANG M, CHEN H, *et al.* Effects of a dark-septate endophytic isolate LBF-2 on the medicinal plant *Lycium barbarum* L.[J]. *The Journal of Microbiology*, 2012, 50:91-96.
- [11] ASCHEHOUG E T, METLEN K L, CALLAWAY R M, *et al.* Fungal endophytes directly increase the competitive effects of an invasive forb[J]. *Ecology*, 2012, 93(1):3-8.
- [12] BHATTACHARYYA P N, JHA D K. Plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR): emergence in agriculture [J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2012, 28(4):1327-1350.
- [13] BHARTI N, BARNAWAL D, MAJI D, *et al.* Halotolerant PGPRs prevent major shifts in indigenous microbial community structure under salinity stress[J]. *Microbiology Ecology*, 2015, 70(1):196-208.
- [14] SHI SH J, NUCCIO E, HERMAN D J, *et al.* Successional trajectories of rhizosphere bacterial communities over consecutive seasons[J]. *mBio*, 2015, 6(4):e00746-15.
- [15] 王 雪, 接伟光, 蔡柏岩. 不同生境黄粟 AM 真菌菌群结构分析[J]. 林业科学, 2012, 48(9):99-107.
- [16] BOLGER A M, LOHSE M, USADEL B. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data[J]. *Bioinformatics*, 2014, 30(15):2114-2120.
- [17] MAGOC T, SALZBERG S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. *Bioinformatics*, 2011, 27(21):2957-2963.
- [18] CAPORASO J G, KUCZYNSKI J, STOMBAUTH J, *et al.* QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. *Nature Methods*, 2010, 7(5):335-336.
- [19] EDGAR R C, HAAS B J, CLEMENTE J C, *et al.* UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection [J]. *Bioinformatics*, 2011, 27(16):2194-2200.
- [20] ROGNES T, FLOURI T, NICHOLS B, *et al.* VSEARCH: a versatile open source tool for metagenomics[J]. *PeerJ*, 2016, 4:e2584.
- [21] WANG Q, GARRITY G M, TIEDJE J M, *et al.* Naive Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, 73(16):5261-5267.
- [22] 李艳玲. 根际微生物群落对挥发性有机物和作物生长的影响[D]. 北京:中国农业科学院, 2019.
- [23] 卢玉秋. 微生物群落对作物生长及植物激素的影响[D]. 北京:中国农业科学院, 2019.
- [24] KUCZYNSKI J, LAUBER C L, WALTERS W A, *et al.* Experimental and analytical tools for studying the human microbiome[J]. *Nature Reviews Genetics*, 2012, 13(1):47-58.
- [25] MCDONALD D, PRICE M N, GOODRICH J, *et al.* An improved greengenes taxonomy with explicit ranks for ecological and evolutionary analyses of bacteria and archaea [J]. *The International Society for Microbial Ecology Journal Journal*, 2012, 6(3):610-618.
- [26] 崔纪超, 武小霞, 林 怡, 等. 甘薯根际土壤微生物群落结构及多样性分析[J]. 西南农业学报, 2022, 35(9):2086-2095.
- [27] 陈菲菲, 丛 欣, 向极轩, 等. 应用 Illumina MiSeq 高通量测序技术分析藜叶碎米芥根际土壤微生物多样性[J]. 湖北农业科学, 2020, 59(17):58-62, 96.
- [28] YANG S, XING S, LIU C, *et al.* Effects of root pruning on the vegetative growth and fruit quality of Zhanhuadongzao trees[J]. *Horticultural Science*, 2010, 37(1):14-21.
- [29] 李 丹, 靳鲲鹏, 李小霞, 等. 基于高通量测序技术的玉米不同生育时期土壤细菌多样性变化[J]. 山西农业科学, 2019, 47(9):1569-1572.
- [30] 刘 欣, 李志英, 刘瑞瑞, 等. 大豆不同生育期根际土壤细菌群落结构的变化[J]. 广西植物, 2018, 38(10):1363-1370.
- [31] SPAIN A M, KRUMHOLZ L R, ELSHAHED M S. Abundance, composition, diversity and novelty of soil Proteobacteria[J]. *The International Society for Microbial Ecology Journal Journal*, 2009, 3(8):992-1000.
- [32] FIERER N, BRADFORD M A, JACKSON R B. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. *Ecology*, 2007, 88(6):1354-1364.
- [33] PALANIYANDI S A, DAMODHARAN K, YANG S H, *et al.* *Streptomyces* sp. strain PGPA39 alleviates salt stress and promotes growth of 'Micro Tom' tomato plants [J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2014, 117(3):766-773.
- [34] BJELIC D, IGNJATOV M, MARINKOVIC J, *et al.* Anti-fungal activity of indigenous *Bacillus* spp. isolated from soil[J]. *Zbornik Matice Srpske Za Prirodne Nauke*, 2017(133):261-269.
- [35] 张玉芳, 李希来, 高志香, 等. 不同施肥组合对木里矿区人工植被和土壤微生物特征的影响[J]. 西北农业学报, 2022, 31(6):741-754.
- [36] KOWALCHUK G A, BUMA D S, BOER W D, *et al.* Effects of above-ground plant species composition and diversity on the diversity of soil-borne microorganisms[J]. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 2002, 81(1/4):509.
- [37] 李 岩, 杨晓东, 秦 璐, 等. 两种盐生植物根际土壤细菌多样性和群落结构[J]. 生态学报, 2018, 38(9):3118-3131.
- [38] DEEPIKA S, KOTHAMASI D. Soil moisture—a regulator of arbuscular mycorrhizal fungal community assembly and symbiotic phosphorus uptake[J]. *Mycorrhiza*, 2015, 25:67-75.
- [39] BORRUSO L, BACCI G, MENGONI A, *et al.* Rhizosphere effect and salinity competing to shape microbial communities in *Phragmites australis* (Cav.) Trin. ex-Steud[J]. *FEMS Microbiology Letters*, 2014, 359(2):193-200.
- [40] 李 岩, 何学敏, 杨晓东, 等. 不同生境黑果枸杞根际与非根际土壤微生物群落多样性[J]. 生态学报, 2018, 38(17):5983-5995.

Analysis of Soil Microbial Diversity in Different Habitats in an Arid, Saline-alkali Area of Qinghai Province

ZHANG Xuze^{1,2,3}, WANG Xueren^{1,4}, DU Meng¹, HA Jinqiang¹,
WANG Qi¹, SHEN Yingfang^{1,2,3} and YANG Xinguang^{1,2,3}

(1. College of Eco-Environment and Resources, Qinghai Minzu University, Xining 810007, China; 2. Key Laboratory of Resource Chemistry and Eco-environmental Protection in Tibetan Plateau of State Ethnic Affairs Commission, Qinghai Nationalities University, Xining 810007, China; 3. Qinghai Provincial Key Laboratory of High-value Utilization of Characteristic Economic Plants, Xining 810007, China; 4. Inner Mongola Agricultural University College of Resources and Environmental Sciences, Hohhot 010018, China)

Abstract To explore the relationship between soil microbial community diversity and soil physical and chemical properties across different habitats, samples were collected from cultivated soil, non-cultivated soil, desert soil, and saline-alkali soil. The physical and chemical properties of these soil samples were measured. For the analysis of microbial community composition and diversity, the Illumina MiSeq platform was used for 16S amplicon sequencing. The relationship between soil flora and soil physical and chemical properties was also analyzed. The results showed that the order of microbial community diversity was cultivated soil > saline-alkali soil > non-cultivated soil > desert soil. The composition and abundance of the dominant bacterial groups (phyla and genera) varied among the different regions. The dominant bacteria in the cultivated soils were Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria, and Blastomonas. The abundance of Bacillus monophyta in non-cultivated soil was lower than that in cultivated soil, whereas the abundances of Bacteroidetes and Actinobacteria were higher. The dominant bacterial phyla in desert and saline soils were Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria, and Firmicutes. The abundance of Firmicutes was higher in saline soil than in desert soil, whereas the opposite was true for the abundance of Actinobacteria. *Sphingomonas* was the most dominant genus in cultivated soils, whereas *Halomonas* was the most dominant genus in non-cultivated, desert, and saline soils. The correlation analysis between physical and chemical factors and soil microbial community showed that electrical conductivity and water-soluble salt content were significantly positively correlated with microbial community diversity ($P < 0.01$), whereas organic carbon content was not significantly correlated with bacterial community diversity. These results indicate that electrical conductivity and water-soluble salt content are the main factors affecting soil microbial community diversity.

Key words Soil microbe; Community; Diversity; Physical and chemical properties

Received 2023-06-12

Returned 2023-09-27

Foundation item Scientific Research and Innovation Platform Construction Project, Central Funds in 2023-Scientific Research and Innovation Teams of Forestry and Grassland Ecosystem Function Maintenance and Sustainable Development and Utilization in Qinghai Province (No. 30160101141); Innovation and Entrepreneurship Project for College Students of Qinghai Province (No. S202210748028); the Project of Qinghai Minzu University (No. 2021XJXS22).

First author ZHANG Xuze, male, master, associate professor. Research area: resource microorganism. E-mail: zxz1904@126.com

Corresponding author SHEN Yingfang, female, Ph. D, associate professor. Research area: plant osmotic stress biology. E-mail: syfnc@126.com

YANG Xinguang, male, Ph. D, associate professor. Research area: ecological remediation. E-mail: yangxg618@163.com

(责任编辑:顾玉兰 Responsible editor: GU Yulan)