

广西天桃木土壤细菌群落多样性特征

陆炎松¹, 黄旭光¹, 杨思霞¹, 黄丽丹¹, 赵建文², 姜立甫¹

(1. 南宁市园林科研所, 广西 南宁 530011; 2. 南宁市绿化工程管理中心, 广西 南宁 530011)

摘要: 2020年6月, 以广西南宁市、崇左市扶绥县、百色市田阳县的原生天桃木 *Mangifera persiciformis* 为研究对象, 采用 PacBio 第三代高通量测序技术, 对天桃木土壤细菌群落多样性进行了研究, 并通过测定土壤化学性质, 分析天桃木土壤优势细菌群落与土壤化学因子的关系。结果表明: 在门水平上, 共存在 23 门细菌, 其中变形菌门 Proteobacteria 和酸杆菌门 Acidobacteriota 是 4 个样地土壤的优势菌门; 在属水平上, 共鉴定出 118 属细菌, 其中 *Vicinamibacter*、疣微菌属 *Pedospaera*、硝化螺旋菌属 *Nitrospira* 为 4 个样地土壤的优势菌属; 在种水平上, 共鉴定出 123 种细菌, 其中酸杆菌 *Vicinamibacter silvestris*、疣微菌 *Pedospaera parvula*、芽单胞菌 *Gemmatimonas* sp.、土生单胞菌 *Terrimonas* sp. 为 4 个样地土壤的优势菌种。冗余分析结果显示, 土壤 pH、速效 K 含量和有效 P 含量对细菌群落门水平和属水平组成影响较大, 土壤 pH、有效 P 含量、全 P 含量对细菌群落种水平组成影响较大。

关键词: 天桃木; 土壤; 高通量测序; 细菌群落结构; 广西

中图分类号: S154.3 文献标识码: A 文章编号: 1001-3776(2022)01-0016-08

Soil Bacterial Community Diversity under *Mangifera persiciformis* in Guangxi

LU Yan-song¹, HUANG Xu-guang¹, YANG Si-xia¹, HUANG Li-dan¹, ZHAO Jian-wen², JIANG Li-fu¹

(1. Nanning Gardening Science Institute of Guangxi, Nanning 530011, China; 2. Nanning Green Project Administration of Guangxi, Nanning 530011, China)

Abstract: In June 2020, 3 typical quadrats were established in 4 research areas in nature growing *Mangifera persiciformis* in Nanning, Chongzuo and Bose of Guangxi. Soil bacterial community under *Mangifera persiciformis* was determined by high-throughput sequencing technology, and the soil chemical properties were measured. The results showed that there were 23 phyla, of which Proteobacteria and Acidobacteriota was dominant in the four research areas. A total of 118 genera were identified, of which *Vicinamibacter*, *Pedospaera* and *Nitrospira* was dominant in the four areas. There were 123 species were identified, of which *Vicinamibacter silvestris*, *Pedospaera parvula*, *Gemmatimonas* sp. and *Terrimona* sp. were dominant. Redundancy analysis demonstrated that the available potassium, available phosphorus and pH had great influence on the composition of bacterial phylum and genus levels, and the total phosphorus, available phosphorus, and soil pH had great influence on the composition of species level.

Key words: *Mangifera persiciformis*; soil; high-throughput sequencing technology; bacterial community structure; Guangxi

植物生长离不开土壤, 土壤微生物作为土壤生态系统中十分重要的一部分, 在土壤养分转化循环、抗干扰能力、系统稳定性以及可持续利用中占据主导地位^[1]。根际作为连接土壤与植物的桥梁, 其所含微生物种类众多, 按对植物的作用可分为有益微生物和有害微生物^[2]。根际有益微生物通常通过产生激素类物质、促进植物

收稿日期: 2021-05-05; 修回日期: 2021-08-10

基金项目: 南宁市科技攻关项目 (No.20152056); 南宁市培养新世纪学术和技术带头人项目 (No.2018020)

作者简介: 陆炎松, 助理农艺师, 从事园林植物研究与应用工作; E-mail:295493459@qq.com。通信作者: 黄旭光, 高级工程师, 从事园林绿化科研工作; E-mail:29531557@qq.com。

养分吸收、诱导植株增强抗性等直接作用方式和抑制病原菌生长的间接作用方式促进植物生长^[3]。

天桃木 *Mangifera persiciformis* 为漆树科 Anacardiaceae 芒果属 *Mangifera* 常绿阔叶乔木^[4], 树形优美, 是优良的街道绿化树种, 作为南宁市市树, 被广泛应用在南宁市市政绿化工程中。但由于天桃木苗木从苗木基地移植至苗圃假植时成活率较低, 而且愈后不良率高, 造成除市政工程以外很少有住宅区、公园等种植天桃木^[5]。近年来, 国内外学者对于天桃木的研究主要集中在移植技术及水分利用效率等方面^[6-7], 而对于天桃木土壤微生物方面的研究还未见报道。本研究采用第三代高通量测序技术, 比较了不同地区原生天桃木土壤细菌群落的多样性和优势菌群, 并通过测定土壤化学性质, 探究土壤化学性质对天桃木土壤细菌群落多样性的影响, 为挖掘有益微生物功能促进天桃木复壮提供理论依据和技术支撑。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

广西南宁、崇左、百色等地为种植天桃木较多且适宜天桃木生长的区域, 本研究在以上地区共设置 4 个样地。研究区位于广西壮族自治区西南部, 地理坐标为 22.522° ~ 23.758° N, 106.796° ~ 108.663° E, 属亚热带季风气候, 夏季气温高、降雨多、日照时间长, 冬季日照时间短、天气干暖。年均温为 21.7 ~ 22.1℃, 年均降水量为 1 093 ~ 1 295 mm。研究区概况见表 1。

表 1 研究区概况
Table 1 Information of research areas

样地	地理坐标	海拔/m	平均林龄/a	平均胸径/cm	林下植被
A1 (南宁)	22°52'23"N,108°17'65"E	142	9	8.6	欧洲凤尾蕨 <i>Pteris cretica</i> 、毛蕨 <i>Cyclosorus interruptus</i> 、龙葵 <i>Solanum nigrum</i> 、马兜儿 <i>Zehneria japonica</i> 、海芋 <i>Alocasia odora</i> 、藿香蓟 <i>Ageratum conyzoides</i> 、野茼蒿 <i>Crassocephalum crepidioides</i>
A2 (南宁)	22°52'23"N,108°17'85"E	156	10	9.1	海芋、鬼针草 <i>Bidens pilosa</i> 、欧洲凤尾蕨、毛蕨、野茼蒿
B1(崇左扶绥)	22°74'58"N,108°00'41"E	96	150	72	牛膝 <i>Achyranthes bidentata</i> 、黄花棣 <i>Sida acuta</i> 、毛蕨、海芋、鬼针草、欧洲凤尾蕨
C1(百色田阳)	23°75'79"N,106°79'65"E	119	250	103	牛膝、铁线蕨 <i>Adiantum capillus-veneris</i> 、鬼针草、淡竹叶 <i>Lophatherum gracile</i> 、欧洲凤尾蕨、海芋

1.2 土壤样品采集与处理

2020 年 6 月, 分别在每个样地设置 3 个 20 m×20 m 典型样方, 先去除样方内的地表杂物, 然后以天桃木的主茎为中心在 50 ~ 80 cm 半径范围内取土。采用土钻法在每个样方内用“S”形采集 5 个点的 0 ~ 20 cm 土壤样品, 每个样地共采集 15 个土样, 挑去石块、根系等杂物, 将其混匀后用“四分法”取得 1 kg 的鲜土作为 1 个混合土样, 4 个样地共得到 4 个混合土样。将混合土样装入无菌自封袋中, 于冰盒中带回实验室。每份混合土样一部分自然风干后过 2 mm 筛, 供土壤理化性质测定使用; 另一部分鲜样置于 - 80℃ 冰箱保存, 供微生物测序分析使用。

1.3 测定方法

土壤理化性质测定: 土壤 pH 采用水土比例 1 : 2.5 玻璃电极法测定; 土壤有机碳(Soil organic carbon, SOC) 含量采用重铬酸钾-水合加热法测定; 土壤全 N (Total nitrogen, TN) 含量采用凯氏定氮法测定; 土壤全 P (Total phosphorous, TP) 含量采用钼锑抗比色法测定; 土壤碱解 N (Available nitrogen, AN) 含量采用碱解扩散法测定; 土壤有效 P (Available phosphorous, AP) 含量采用氟化铵—盐酸浸提, 钼锑抗比色, 紫外分光光度法测定; 土壤速效 K (Available potassium, AK) 含量采用中性乙酸铵溶液浸提, 火焰光度计法测定^[8]。

土壤 DNA 提取纯化: 采用 CTAB 方法提取样本总 DNA^[9]。用 Qubit2.0 检测 DNA 浓度, 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 完整性。DNA 样品浓度 > 10 ng·μL⁻¹, 样品纯度有明显条带; 琼脂糖凝胶电泳检测条带清晰, 无降解, 符合接下来的测序条件。

PCR 扩增及测序:细菌的 PCR 扩增及测序服务由北京擎科生物科技有限公司完成。扩增引物为 27F (16S-F): AGRGTTTGATYNTGGCTCAG 和 1492R (16S-R): TASGGHTACCTTGTTASGACTT。扩增条件设置: 95℃ 预变性 5 min, 95℃ 变性 30 s, 55℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 60 s, 30 个循环, 72℃ 延伸 7 min。提取样品总 DNA 后, 根据 16S 全长引物 27F 和 1492R, 合成带有 Barcode 的特异引物, 进行 PCR 扩增并对其产物进行纯化、定量和均一化, 形成测序文库 (SMRTBell), 对建好的文库先进行文库质检, 并对质检合格的文库用 PacBioSequel 平台进行测序。

1.4 物种注释与丰度计算

使用 Limav 1.7.0 软件, 通过 Barcode 对 CCS 进行识别, 得到 Barcode-CCS 序列数据; 对 Barcode-CCS 序列数据进行过滤, 得到有效序列; 使用 UCHIMEv 4.2 软件, 鉴定并去除嵌合体序列, 得到 Optimization-CCS 序列。使用 Usearch 软件对 Tags 在 97% 的相似度水平下进行聚类, 获得 OTU, 并基于 Silva (细菌) 分类学数据库对 OTU 进行分类学注释。使用 Mothur (Version V. 1.30) 软件计算 Chao 1 指数和 Simpson 指数等 Alpha 多样性指数。利用 QIIME 软件生成不同分类水平上的物种丰度表, 再利用 R 语言工具绘制成样品各分类学水平下的群落结构图。

1.5 数据分析

数据用 Excel 2010 进行处理, 用 DPS 9.01 进行单因素方差分析、多重比较分析 (LSD 法)。使用 Canoco 4.5 软件对土壤环境因子和细菌群落进行冗余分析 (Redundancy analysis, RDA)。

2 结果与分析

2.1 土壤化学性质分析

由表 2 可见, 4 个样地的土壤 pH 均呈弱酸性, A1、A2、B1 的土壤 pH 之间差异均不显著, 但其与 C1 之间均差异显著 ($P<0.05$)。B1、C1 的土壤 SOC、TN、AP 含量之间均差异不显著, 其土壤 SOC、TN 含量均显著高于 A1 和 A2 的 ($P<0.05$), 但土壤 AP 含量却显著低于 A1 和 A2 的 ($P<0.05$)。4 个样地的土壤 TP、AN 含量差异均达到显著水平 ($P<0.05$)。

表 2 不同样地土壤的化学性质
Table 2 Chemical properties of the soil at different research areas

样地	pH	SOC/(g·kg ⁻¹)	TN/(g·kg ⁻¹)	TP/(g·kg ⁻¹)	AN/(mg·kg ⁻¹)	AP/(mg·kg ⁻¹)	AK/(mg·kg ⁻¹)
A1	5.30±0.16b	11.80±1.14c	0.59±0.02c	0.28±0.03d	46.2±1.7d	40.7±1.6b	68.0±6c
A2	5.10±0.24b	14.31±1.63b	0.71±0.04b	0.43±0.02c	58.8±3.3c	53.7±3.0a	97.0±7b
B1	5.20±0.16b	20.52±0.49a	1.09±0.03a	0.48±0.01b	72.4±3.4b	3.2±0.3c	335.0±19a
C1	6.40±0.08a	20.10±0.73a	1.12±0.08a	0.98±0.05a	93.8±1.9a	5.4±0.5c	62.1±3c

注: 同列中不同小写字母表示处理间差异显著 ($P<0.05$), 相同小写字母表示处理间差异不显著。下同。

2.2 细菌多样性指数

通过高通量测序技术对土壤样品的微生物细菌部分进行测序, 共获得有效序列 27 017 条, 片段长度在 1 454 ~ 1 457 bp, 测序覆盖度在 97.90% ~ 99.13% 之间。基于其测序深度基本能够反映该区域所涵盖的细菌群落的结构以及种类等特性, 可以定量比较整个群落组成和多样性的相对差异。

不同样品的 Alpha 多样性指数, 如 Chao1 指数和 ACE 指数代表群落物种丰富度, 其数值越大, 说明菌群的丰度越高; Shannon 丰富度指数代表群落物种多样性, Simpson 优势度指数代表常见物种^[10]。研究结果表明 (表 3), Simpson 指数, A2 与 C1 之间差异不显著; ACE 指数, A1 与 A2、B1 之间差异不显著, 但均显著高于 C1 ($P<0.05$); Chao1 指数, A1、A2、B1 之间差异不显著, 但均显著高于 C1 ($P<0.05$); Shannon 指数, A1、A2、B1 之间差异不显著, 均与 C1 之间差异显著 ($P<0.05$)。这说明在 4 个样地中 C1 的细菌群落丰富度和多样性均为最低。在 4 个样地中, C1 的土壤 pH 值最高, 林龄最大, 这可能是导致细菌群落结构丰富度和多样性低的主要原因。

表 3 土壤微生物多样性指数 Table 3 Soil bacterial diversity index						
样地	OTU	ACE 指数	Chao1 指数	Simpson 指数	Shannon 指数	覆盖度
A1	495	528.044 7ab	530.013 7a	0.010 6a	5.499 9a	0.981 0a
A2	500	540.910 5a	542.702 7a	0.008 b	5.549 7a	0.979 5a
B1	458	507.520 3b	507.098 6a	0.006 4c	5.527 6a	0.975 2a
C1	363	454.356 3c	448.924 2b	0.008 4b	5.270 5b	0.946 4b

2.3 门水平上土壤细菌群落结构相对丰度分析

在门水平上, 4 个样地的土壤中共检测出 23 门细菌, 其中在 A1 样地土壤中有 21 门, 在 A2 样地土壤中有 21 门, 在 B1 样地土壤中有 20 门, 在 C1 样地土壤中有 21 门。由图 1 可知, 相对丰度排名前 10 位的依次为变形菌门 Proteobacteria、酸杆菌门 Acidobacteriota、疣微菌门 Verrucomicrobia、浮霉菌门 Planctomycetota、拟杆菌门 Bacteroidota、放线菌门 Actinobacteria、绿弯菌门 Chloroflexi、硝化螺旋菌门 Nitrospirae、芽单胞菌门 Gemmatimonadetes、Myxococcota。

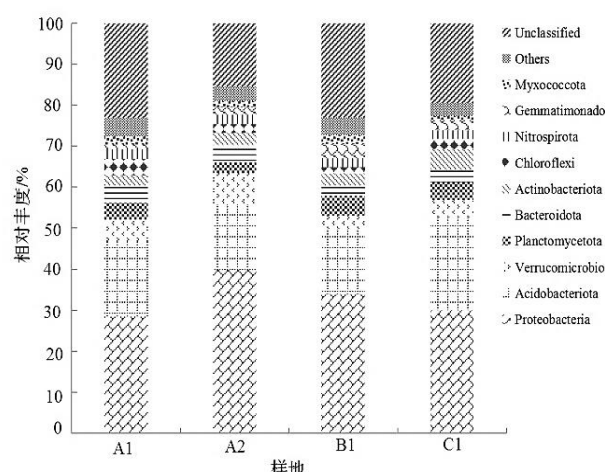


图 1 土壤细菌门水平相对丰度

Figure 1 Relative abundance of soil bacteria at the phylum level

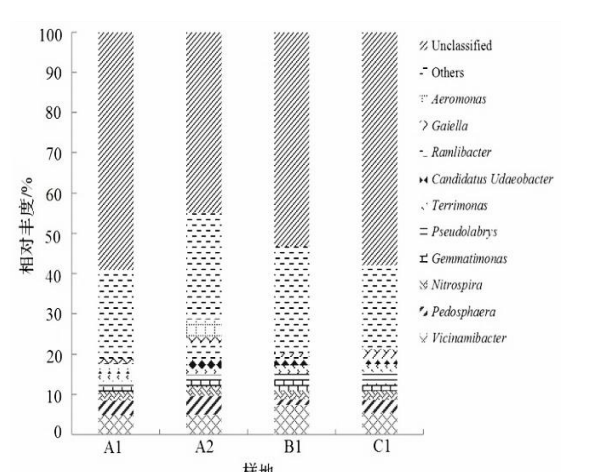


图 2 土壤细菌属水平相对丰度

Figure 2 Relative abundance of soil bacteria at the genus level

2.4 属水平上土壤细菌群落结构相对丰度分析

在属水平上, 4 个样地的土壤中共检测出 118 属细菌。其中在 A1 样地土壤中有 96 属, 在 A2 样地土壤中有 100 属, 在 B1 样地土壤中有 89 属, 在 C1 样地土壤中有 70 属。由图 2 可知, 相对丰度排名前 10 位的物种依次为 Vicinamibacter、疣微菌属 Pedosphaera、硝化螺旋菌属 Nitrospira、芽单胞菌属 Gemmatimonas、Pseudolabrys、土生单胞菌属 Terrimonas、Candidatus Udaeobacter、Ramlibacter、Gaiella、Aeromonas。其中 Vicinamibacter 在各样地中均具有绝对优势。

2.5 种水平上土壤细菌群落结构相对丰度分析

在种水平上, 4 个样地的土壤中共检测出 123 种细菌。其中在 A1 样地土壤中有 92 种, 在 A2 样地土壤中有 94 种, 在 B1 样地土壤中有 85 种, 在 C1 样地土壤中有 67 种。Vicinamibacter silvestris、疣微菌 Pedosphaera parvula、芽单胞菌 Gemmatimonas sp.、土生单胞菌

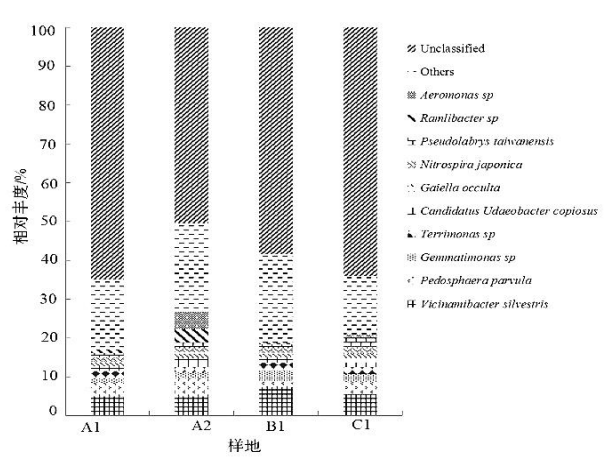


图 3 土壤细菌种水平相对丰度

Figure 3 Relative abundance of soil bacteria at the species level

Terrimonas sp.、*Candidatus Udaeobacter copiosus*、*Gaiella occulta*、硝化螺旋菌 *Nitrospira japonica*、*Pseudolabrys taiwanensis* 是不同样地天桃木根际土壤细菌的优势菌群。

2.6 优势细菌门、属、种相对丰度与土壤化学性质之间的相关性

对优势细菌门、优势细菌属和优势细菌种的相对丰度和土壤化学性质进行冗余分析(图4)。结果显示,轴 I 和轴 II 门、属、种的累计解释变异量分别达 78.62%、82.42% 和 79.85%。在门和属水平上,土壤 AP 含量、AK 含量、pH 对细菌群落组成影响较大。在种水平上,土壤 pH、AP 含量、TP 含量对细菌群落种水平组成影响较大。

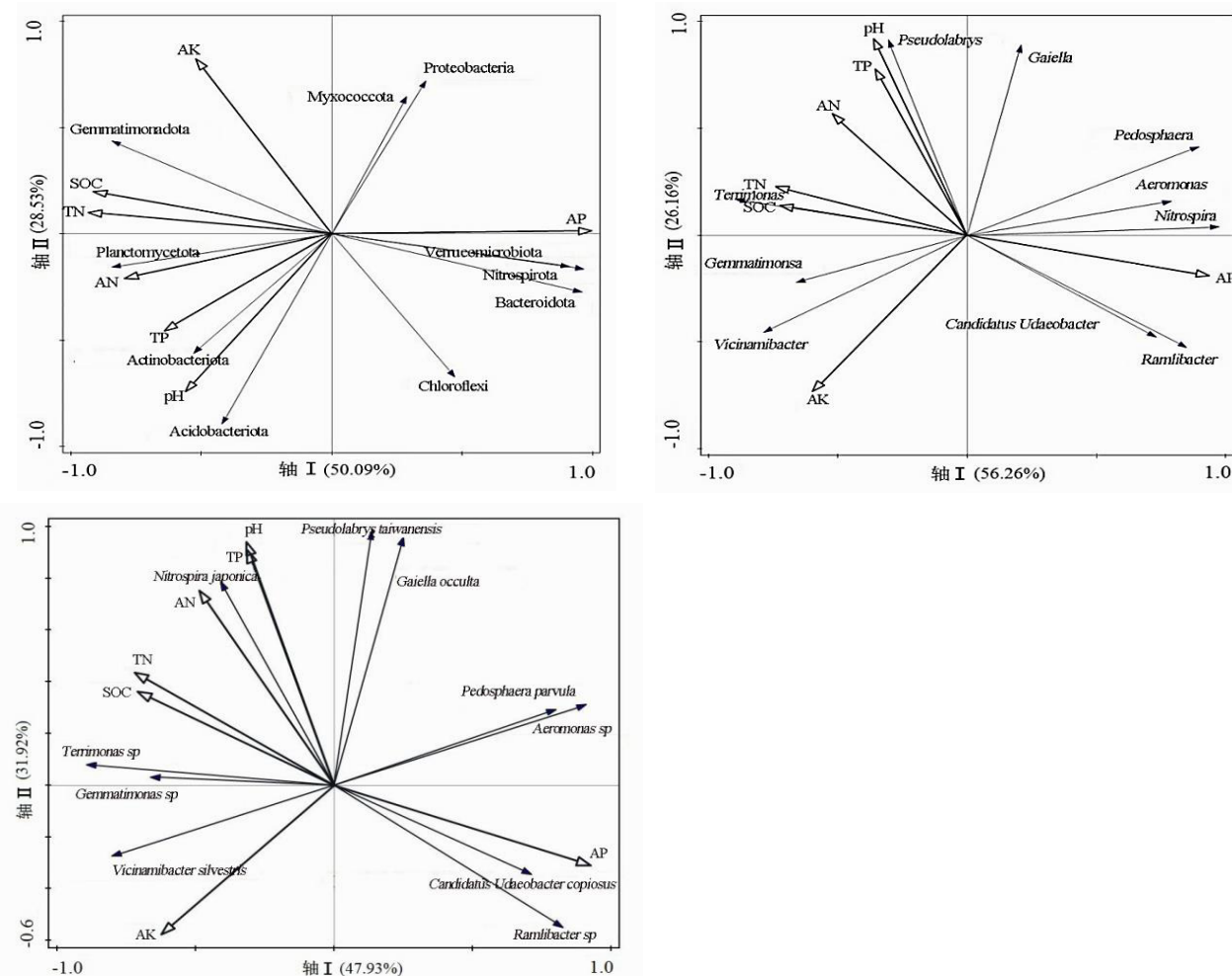


图4 土壤化学因子和优势细菌门、属、种相对丰度冗余度分析

Figure 4 Redundancy analysis on soil chemical properties and relative abundance of dominant bacterial phylum, genera and species

对优势细菌类群和土壤化学性质进行 Pearson 相关性分析(表4)。结果表明,在门水平上,酸杆菌门的相对丰度与土壤 pH 呈极显著正相关($P<0.01$);疣微菌门的相对丰度与土壤 AP 含量呈显著正相关($P<0.05$);拟杆菌门的相对丰度与土壤 SOC、TN 含量呈显著负相关($P<0.05$),与土壤 AP 含量呈极显著正相关($P<0.01$);放线菌门的相对丰度与土壤 pH、土壤 TP 含量呈极显著正相关($P<0.01$),与土壤 AN 含量呈显著正相关($P<0.05$);硝化螺旋菌门的相对丰度与土壤 AP 含量呈极显著正相关($P<0.01$);芽单胞菌门的相对丰度与土壤 SOC、TN 含量呈显著正相关($P<0.05$);Myxococcota 与土壤 TP 含量呈显著负相关($P<0.05$)。在属水平上,*Vicinamibacter* 的相对丰度与土壤 AK 含量呈显著正相关($P<0.05$);硝化螺旋菌属的相对丰度与土壤 AP 含量呈极显著正相关($P<0.01$);芽单胞菌属的相对丰度与土壤 SOC 含量呈显著正相关($P<0.05$);*Pseudolabrys* 的相对丰度与土壤 pH 呈极显著正相关($P<0.01$),与土壤 TP 含量呈显著正相关($P<0.05$)。在种水平上,*Vicinamibacter silvestris*

的相对丰度与土壤 AK 含量呈显著正相关 ($P<0.05$) ; 芽单胞菌的相对丰度与土壤 SOC 含量呈显著正相关 ($P<0.05$) ; 硝化螺旋菌的相对丰度与土壤 TP、AN 含量呈极显著正相关 ($P<0.01$) ; *Pseudolabrys taiwanensis* 的相对丰度与土壤 pH、土壤 TP 含量呈显著正相关 ($P<0.05$) 。

表 4 优势细菌类群与土壤化学因子相关性分析
Table 4 Correlation analysis between dominant bacteria groups and soil chemical properties

细菌类群	pH 值	SOC 含量	TN 含量	TP 含量	AN 含量	AP 含量	AK 含量
门	变形菌门	-0.53	-0.01	-0.09	-0.21	-0.12	0.42
	酸杆菌门	0.97**	0.29	0.38	0.80	0.64	-0.44
	疣微菌门	-0.34	-0.68	-0.70	-0.31	-0.47	0.92*
	浮霉菌门	0.37	0.59	0.62	0.29	0.42	-0.88
	拟杆菌门	-0.39	-0.95*	-0.95*	-0.55	-0.76	0.97**
	放线菌门	0.96**	0.58	0.65	0.98**	0.89*	-0.52
	绿弯菌门	-0.03	-0.77	-0.71	-0.41	-0.60	0.43
	硝化螺旋菌门	-0.36	-0.85	-0.85	-0.43	-0.63	0.97**
	芽单胞菌门	0.19	0.94*	0.91*	0.44	0.68	-0.85
	Myxococcota	-0.86	-0.33	-0.39	-0.88*	-0.72	0.19
属	<i>Vicinamibacter</i>	-0.11	0.76	0.71	0.10	0.31	-0.75
	疣微菌属	-0.09	-0.70	-0.69	-0.15	-0.38	0.86
	硝化螺旋菌属	-0.36	-0.85	-0.85	-0.43	-0.63	0.97**
	芽单胞菌属	0.07	0.90*	0.85	0.34	0.59	-0.79
	<i>Pseudolabrys</i>	0.99**	0.53	0.60	0.96*	0.85	-0.54
	土生单胞菌属	0.41	0.40	0.44	0.23	0.30	-0.76
	<i>Candidatus Udaeobacter</i>	-0.59	-0.28	-0.35	-0.35	-0.33	0.66
	<i>Ramlibacter</i>	-0.58	-0.56	-0.61	-0.45	-0.51	0.86
	<i>Gaiella</i>	0.86	0.32	0.38	0.88	0.72	-0.19
	<i>Aeromonas</i>	-0.40	-0.34	-0.39	-0.20	-0.26	0.72
种	<i>Vicinamibacter silvestris</i>	-0.11	0.76	0.71	0.10	0.38	-0.75
	疣微菌	-0.09	-0.70	-0.69	-0.15	-0.38	0.86
	芽单胞菌	0.07	0.90*	0.85	0.34	0.59	-0.79
	土生单胞菌	0.41	0.40	0.44	0.23	0.30	-0.76
	<i>Candidatus Udaeobacter copiosus</i>	-0.59	-0.28	-0.35	-0.35	-0.33	0.66
	<i>Gaiella occulta</i>	0.86	0.32	0.38	0.88	0.72	-0.19
	硝化螺旋菌	0.86	0.83	0.86	0.98**	0.99**	-0.72
	<i>Pseudolabrys taiwanensis</i>	0.95*	0.33	0.41	0.89*	0.73	-0.31
	<i>Ramlibacter</i> sp.	-0.57	-0.54	-0.59	-0.43	-0.49	0.85
	<i>Aeromonas</i> sp.	-0.40	-0.34	-0.39	-0.20	-0.26	0.72

注: *表示差异显著 ($P<0.05$) , **表示差异极显著 ($P<0.01$) 。

3 讨论

3.1 土壤化学性质对天桃木土壤细菌群落多样性的影响

不同土壤细菌类群的生存和繁衍需要不同的环境条件。冗余分析结果表明,土壤 pH、AP 含量和 AK 含量对细菌群落门水平及属水平影响较大,土壤 pH、AP 含量和 TP 含量对细菌群落种水平组成影响较大。土壤 pH 在土壤生物地球化学循环过程中起着重要作用,对土壤中理化反应都具有重要的调节作用,是影响细菌分布的重要因子^[11]。土壤中的 P 也是土壤细菌的重要营养来源, P 的多少影响土壤细菌在土壤中的生存和繁殖。安然等研究发现土壤 AP 含量变化会引起土壤细菌群落的变化^[12]。本研究中,土壤 pH、AP 含量对细菌群落门、属、种水平均影响较大,印证了这一说法。微生物分泌有机酸产生的溶磷作用,一方面与分泌的有机酸的种类和数量有关,另一方面与磷酸根结合的阳离子有关。如果微生物分泌的有机酸多,土壤中的 Ca-P 化合物也多,溶解释放的磷也相对较多^[13]。本试验中 A1、A2 样地土壤中的 TP 含量显著高于 B1、C1 样地, AP 含量却显著低于

B1、C1 样地,可能是由于 A1、A2 样地土壤中溶磷微生物分泌的有机酸较多,且 A1、A2 样地属同一地区,其土壤中可能含有较多的 Ca-P 化合物。

3.2 天桃木土壤样本高丰度微生物潜在功能探讨

在门水平上,变形菌门是 4 个样地土壤中的第一大优势菌群。变形菌门成员在生态环境中分布广泛。有研究表明,好氧甲烷氧化菌可分为 14 个属,包括研究较为深入的隶属于变形菌门 Alpha 和 Gamma 纲的细菌,以及属于疣微菌门的极端嗜热嗜酸甲烷氧化菌^[14]。甲烷氧化菌是自然界中唯一的甲烷生物汇,其氧化作用可消耗大气中至少 10% 的甲烷^[15]。本研究土样中鉴定的优势菌株 *Pseudolabrys taiwanensis* 隶属于 Alphaproteobacteria 纲,菌株 *Aeromonas* sp. 隶属于 Gammaproteobacteria 纲,其可能具备氧化甲烷的功能。酸杆菌门为 4 个样地的第二大优势菌群。酸杆菌门菌株最早由 Kishimoto 等^[16]在 1991 年分离自酸性矿山环境,并于 1995 年将酸杆菌划分为新的细菌类群^[17]。目前,基于 16S rRNA 基因序列将酸杆菌门细菌划分为 26 个亚群,即 Gp1 ~ 26^[18]。酸杆菌广泛分布在自然界中,在土壤中的数量约占细菌总量的 20% ~ 50%,与变形杆菌不相上下^[19]。酸杆菌门可培养菌株经研究发现,可以降解植物纤维素^[20]、参与铁循环^[21]及单碳化合物的代谢过程^[22]。但相对于自然环境中酸杆菌的多样性而言,可培养菌株依然很少且大部分属于 Gp1 亚群^[19]。本研究中的优势菌株 *Vicinamibacter silvestris* 属于 Gp6 亚群^[23],其是否具备其它可培养菌株的功能还有待研究。优势菌株硝化螺旋菌隶属于硝化螺旋菌属。硝化螺旋菌属细菌可以将土壤中的亚硝酸氧化成硝酸盐,而硝酸盐是土壤中作物易吸收的氮源形式,因此,土壤中硝化螺旋菌的增加可以间接地增加土壤氮肥力^[24]。放线菌作为一类具备生物防治潜力的微生物资源,其可以产生种类丰富的抗生素和其他生物活性代谢产物^[25]。目前应用较多的放线菌隶属于链霉菌属^[26],本研究中的优势菌株 *Gaiella occulta* 隶属于 *Gaiella* 属,最显著的特征是存在其他细菌中没有的 iso 内部支化脂肪酸^[27]。根际促生菌(Plant growth-promoting rhizobacteria, PGPR)是一类能高密度定殖在植物根际的微生物,兼有抑制植物病原菌、根际有害微生物,以及促进植物生长并增加作物产量的作用。相关研究表明, *Terrimonas* 属的 *T. aquatica*、*T. arctica*、*T. lutea* 等菌株具有促进根系发育、增加叶面积等改善植物农艺性状的功能^[28]。本研究中的优势菌株土生单胞菌 *Terrimonas* sp. 隶属 *Terrimonas* 属,其可能也具备促生功能。

马尾松 *Pinus massoniana*^[29]、香榧 *Torreya grandis* ‘Merrillii’^[30]、盐穗木 *Halostachys caspica*^[31] 根际土壤细菌群落组成主要是由变形菌门、酸杆菌门、放线菌门、疣微菌门、拟杆菌门、绿弯菌门、浮霉菌门等组成,与本研究结果相似,但在属水平上的细菌群落组成差异较大。以上树种根际土壤细菌微生物多样性分析均未在种水平上进行分析。本研究利用第三代高通量测序技术,可在种水平上对土壤细菌群落多样性进行分析,为天桃木根际土壤有益微生物的开发利用创造了条件。

广西不同地区天桃木土壤细菌优势门类群主要包括变形菌门、酸杆菌门,优势属类群主要包括 *Vicinamibacter*、疣微菌属,优势种类群主要包括酸杆菌、疣微菌。土壤 pH、有效 P 含量对不同水平的细菌群落组成均具有影响。

参考文献:

- [1] 纳小凡,郑国琦,彭励,等.不同种植年限宁夏枸杞根际微生物多样性变化[J].土壤学报,2016,53(1):241-250.
- [2] RAAIJMAKERS J M, PAULITZ T C, STEINBERG C, et al. The rhizo-sphere: a playground and battle eld for soilborne pathogens and benecial microorganisms[J]. Plant Soil, 2009, 321: 341-361.
- [3] 周文杰,吕德国,秦嗣军.植物与根际微生物相互作用关系研究进展[J].吉林农业大学学报,2016,38(3):253-260.
- [4] 广西壮族自治区中国科学院广西植物研究所.广西植物志·第三卷[M].广西:广西科学技术出版社,2011:443.
- [5] 冯廷星,李耀燕.提高扁桃假植成活率技术初探[J].现代园艺,2019,9:67-68.
- [6] 黄旭光,陆炎松,李金华,等.蒸腾抑制剂对扁桃水分利用效率及茎流速率的影响[J].西部林业科学,2019,48(6):66-71.
- [7] 陆炎松,黄旭光,罗恩波,等.不同生根剂对扁桃裸根苗的生根效果分析[J].林业与环境科学,2018,34(1):54-58.
- [8] 鲍士旦.土壤农化分析[M].北京:中国农业出版社,2000:30-107.
- [9] 刘璐,何寻阳,谢强,等.桂西北喀斯特常见豆科植物根瘤菌的遗传多样性[J].应用生态学报,2015,26(12):3663-3669.
- [10] 叶雯,李永春,喻卫武,等.不同种植年限香榧根际土壤微生物多样性[J].应用生态学报,2018,29(11):3783-3792.

- [11] YUAN Y L, SI G C, WANG J, et al. Bacterial community in alpine grasslands along an altitudinal gradient on the Tibetan Plateau[J]. FEMS Microbiol Ecol, 2014, 87 (1) : 121 – 132.
- [12] 安然, 马风云, 崔浩然, 等. 黄河三角洲刺槐臭椿混交林与纯林土壤细菌群落结构和多样性特征分析[J]. 生态学报, 2019, 39 (21) : 7960 – 7967.
- [13] 黄巧云, 林启美, 徐建明. 土壤生物化学[M]. 北京: 高等教育出版社, 2015: 279.
- [14] 负娟莉, 王艳芬, 张洪勋. 好氧甲烷氧化菌生态学研究进展[J]. 生态学报, 2013, 33 (21) : 6774 – 6785.
- [15] O'CONNOR F M, BOUCHER O, GEDNEY N, et al. Possible role of wetlands, permafrost, and methane hydrates in the methane cycle under future climate change: A review[J]. Rev Geophys, 2010, 48 (4) : RG4005.
- [16] KISHIMOTO N, KOSAKO Y, TANO T. Acidobacterium capsulatum gen. Nov., sp. Nov. An acidophilic chemoorganotrophic bacterium containing menaquinone from acidic mineral environment[J]. Cur Microbiol, 1991, 22: 1 – 7.
- [17] HIRAIISHI A, KISHIMOTO N, KOSAKO Y, et al. Phylogenetic position of the menaquinone-containing acidophilic chemo-organotroph Acidobacterium capsulatum[J]. FEMS Microbiol Let, 1995, 132: 91 – 94.
- [18] BARNES SM, CAIN EC, SOMMERVILLE L, et al. Acidobacteria phylum sequences in uranium-contaminated subsurface sediments greatly expand the known diversity within the phylum[J]. App Environ Microbiol, 2007, 73: 3113 – 3116.
- [19] JONES R T, ROBESON M S, LAUBER C L, et al. A comprehensive survey of soil Acidobacterial diversity using pyrosequencing and clone library analyses[J]. ISME J, 2009, 3 (4) : 442 – 453.
- [20] PANKRATOV T A, KIRSANOVA L A, KAPARULLINA E N, et al. Tel-matobacter bradus gen. Nov., sp. Nov., a cellulolytic facultative anaerobe from subdivision 1 of the Acidobacteria, and emended description of Acidobacterium capsulatum Kishimoto et al. 1991[J]. Int J Syst Evolut Microbiol, 2012, 62: 430 – 437.
- [21] LU S P, GISCHKAT S, REICHE M, et al. Ecophysiology of Fe-cycling bacteria in acidic sediments[J]. App Environ Microbiol, 2010, 76: 8174 – 8183.
- [22] RADAJEWSKI S, WEBSTER G, REAY D S, et al. Identification of active methylotroph populations in an acidic forest soil by stable-isotope probing[J]. Microbiology, 2002, 148: 2331 – 2342.
- [23] KATHARINA J H, ALICIA M G, GERHARD W, et al. The first representative of the globally widespread subdivision 6 Acidobacteria, *Vicinamibacter silvestris* gen. nov., sp. nov., isolated from subtropical savannah soil[J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2016, 66 (8) : 2971 – 2979.
- [24] WATSON S W, BOEK E, V A LOIS F W, et al. Nitrospira marina gen. Nov. Sp. Nov.: A chemolithotrophic nitrite-oxidizing bacterium[J]. Arch Microbiol, 1986, 144 (1) : 1 – 7.
- [25] GENILLOUD O. Actinomycetes: still a source of novel antibiotics[J]. Nat Prod Rep, 2017, 34 (10) : 1203 – 1232.
- [26] 习慧君, 臧睿, 刘闯, 等. 河南黄河湿地放线菌多样性及植物病害生防放线菌的筛选[J]. 微生物学报, 2019, 59 (4) : 642 – 656.
- [27] ALBUQUERQUE L, FRANÇA L, RAINEY FA, et al. Gaiella occulta gen. nov., sp. nov., a novel representative of a deep branching phylogenetic lineage within the class Actinobacteria and proposal of Gaiellaceae fam. nov. and Gaiellales ord. nov[J]. Syst App Microbiol, 2011, 34: 595 – 599.
- [28] 金桃, 冯强, 万景旺, 等. 五种根际促生菌在改善植物的农艺性状方面的应用: CN106472568B[P]. 2020 – 05 – 12.
- [29] 杨帆. 不同层次土壤中微生物群落对扰动和豆科植物生长的响应[D]. 咸阳: 西北农林科技大学, 2017.
- [30] 叶雯. 香榧根际土壤微生物多样性研究[D]. 杭州: 浙江农林大学, 2018.
- [31] 迪拉热·海米提, 樊永红, 王伟楠, 等. 盐穗木叶片及根际土壤微生物群落高通量分析[J]. 新疆农业科学, 2021, 58 (4) : 731 – 740.