

李建华,王秋香,冼耀强,等. 广东省典型地貌高产水田耕作层与犁底层土壤微生物群落特征[J]. 江苏农业科学,2022,50(24):189-197.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.24.029

广东省典型地貌高产水田耕作层与犁底层土壤微生物群落特征

李建华¹, 王秋香¹, 冼耀强², 贾宇航², 李珊珊², 陈平², 张晖²

(1. 广东省土地开发整治中心, 广东广州 510635; 2. 仲恺农业工程学院, 广东广州 510225)

摘要:为研究广东省不同地貌高产水田土壤微生物群落特征,以及更好推进垦造水田建设工作。以广东省南雄市、清远市清城区、英德市、惠州市博罗县和惠东区的高产水田耕作层和犁底层土壤为研究对象,函括了山地丘陵区、平原区、丘陵台地区和丘陵地区。比较高产水田土壤有机质含量,利用高通量测序分析土壤中细菌的群落组成、多样性及差异性物种。结果表明:(1)耕作层的有机质含量总体上高于犁底层,其中英德市高产水田耕作层有机质含量均高于 24 g/kg,其次是惠东区,平均有机质含量为 20 g/kg;(2)15 块高产水田微生物相对丰度较高的属主要包括拟杆菌属(*Bacteroides*)、粪杆菌属(*Faecalibacterium*)、JG30-KF-AS9、毛螺菌属(*Lachnospira*)、Muribaculaceae、罗斯氏菌属(*Roseburia*)、亚硝化杆菌属(*Candidatus_Nitrosotalea*)、乳杆菌属(*Lactobacillus*)、巨单胞菌属(*Megamonas*);(3)惠东区和博罗县高水田耕作层和犁底层的香农(Shannon)指数、辛普森(Simpson)指数高于另外 3 个地区高产水田。清城区高产水田耕作层的多样性指数最低,惠东区、南雄市的耕作层与清城区的耕作层差异性较大,博罗县的耕作层与南雄市的耕作层微生物相似性较高,博罗县的犁底层与惠东区的 HD1L 和 HD2L 相似性高,但与 HD3L 差异性较大。垦造水田的日后建设应以高产水田作为参考,包括综合模式种植的考虑,并在有机质含量和 pH 值方面调整,以有利于基于旱地为背景下改造而成的水田土壤中微生物健康群落构建。

关键词:水田;微生物;高通量测序;多样性;耕作层;犁底层

中图分类号:S154.1 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2022)24-0189-09

土壤是作物的生长基础,水稻更是全球最主要的粮食作物之一,世界 50% 以上的人口以稻米为主食。我国作为世界上最大的水稻生产国,2020 年全国水稻种植面积 3 007.6 万 hm^2 ,总产量 21 186 万 $\text{t}^{[1]}$ 。一直以来工业化、城镇化和农业现代化的发展使得用地出现了供求不平衡的现象,如何保护现有耕地、守住耕地红线,成为维护我国粮食安全的战略举措。广东省地形复杂,主要的地形包括平原、山地、丘陵、台地,面积占比分别为 33.7%、24.9%、21.7%、14.2%^[2-3]。进行垦造水田时利用的地块类型有非水田的旱地、非耕地中的园地、坑塘水面和水浇地。设计和施工包括了土地的平整、灌溉与排水建设、田间道路修建、农田防护与生态环境保护工程和土壤改良工程^[4]。水稻田较一般农田的

明显区别是其有耕作层和犁底层的土层结构,后者是由耕作时使用的犁底对土壤的物理性压力进而形成的坚硬土层^[5],其也与长期大水温灌及降水造成的黏粒沉降的集聚作用有关^[6-7]。目前,垦造水田在“旱改水”中构建犁底层时往往通过重型机械碾压土层而成^[8]。犁底层的容重则高达 2.0 g/cm^3 ,紧实的犁底层限制了土壤养分的有效性和作物根系生长^[9]。

在过去 20 年中,土壤生物多样性及其生态系统功能越来越受到关注。地下生物多样性占地球总生物多样性的 95%,但只有 5% 的生物被分类^[10]。土壤微生物对物质循环发挥的作用包括有机化合物的降解、土壤养分转化和循环^[11]。土壤中微生物从过去的培养基培养、定量分析,到现在的基于 rRNA 和 rDNA 分析揭示了部分土壤微生物多样性。微生物生态学的前沿工作将在进化和功能信息分子系统复合分析中展开^[12]。土壤微生物的群落结构直接与作物的生长存在直接或间接的关系,研究发现,生态集群的特性,其优势物种丰度、群落多样性等与作物产量显著相关^[13-14]。高产水田的质量

收稿日期:2021-12-28

基金项目:广东省自然资源厅科技项目(编号:GDZRZYKJ2021003)。

作者简介:李建华(1979—),男,山东东明人,博士,高级工程师,从事土地利用调查评价、规划和整治研究。E-mail:pomao@tom.com。

通信作者:张晖,博士,助理研究员,从事生态修复及森林培育研究。E-mail:zhanghui@zhku.edu.cn。

除体现在土壤容重、有机质含量、pH 值外,土壤中微生物群落结构及多样性均可反映高产水田的土体特征,可为垦造水田向高产水田建设作参考。本试验以广东省 5 个地区 4 种地貌高产水田的土壤为研究对象,分析水田土壤耕作层与犁底层细菌微生物群落的特征,以期为日后高产水田的建设提供参考。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

本试验研究区域包括广东省南雄市、清远市清城区、英德市、惠州市博罗县和惠东区。具体的高产水田及地貌信息见表 1。取样点分布见图 1。

表 1 高产水田地理信息

| 地貌 | 高产水田 | 位置 | 耕作层代号 | 耕作层组代号 | 犁底层代号 | 犁底层组代号 |
|-------|---------------|--------|-------|--------|-------|--------|
| 山地丘陵区 | 英德高产水田 1(YD1) | 大站镇联丰村 | YD1G | YDG | YD1L | YDL |
| | 英德高产水田 2(YD2) | 大站镇联丰村 | YD2G | YDG | YD2L | YDL |
| | 英德高产水田 3(YD3) | 望埠镇桥新村 | YD3G | YDG | YD3L | YDL |
| | 南雄高产水田 1(SG1) | 古市镇古市村 | SG1G | SGG | SG1L | SGL |
| | 南雄高产水田 2(SG2) | 古市镇古市村 | SG2G | SGG | SG2L | SGL |
| | 南雄高产水田 3(SG3) | 古市镇古市村 | SG3G | SGG | SG3L | SGL |
| 平原区 | 博罗高产水田 1(BL1) | 石坝镇蓝新村 | BL1G | BLG | BL1L | BLL |
| | 博罗高产水田 2(BL2) | 石坝镇蓝新村 | BL2G | BLG | BL2L | BLL |
| | 博罗高产水田 3(BL3) | 石坝镇流洞村 | BL3G | BLG | BL3L | BLL |
| 丘陵台地区 | 惠东高产水田 1(HD1) | 梁化镇星湖村 | HD1G | HDG | HD1L | HDL |
| | 惠东高产水田 2(HD2) | 梁化镇星湖村 | HD2G | HDG | HD2L | HDL |
| | 惠东高产水田 3(HD3) | 梁化镇星湖村 | HD3G | HDG | HD3L | HDL |
| 丘陵地区 | 清城高产水田 1(QC1) | 龙塘镇安丰村 | QC1G | QCG | QC1L | QCL |
| | 清城高产水田 2(QC2) | 龙塘镇安丰村 | QC2G | QCG | QC2L | QCL |
| | 清城高产水田 3(QC3) | 龙塘镇安丰村 | QC3G | QCG | QC3L | QCL |

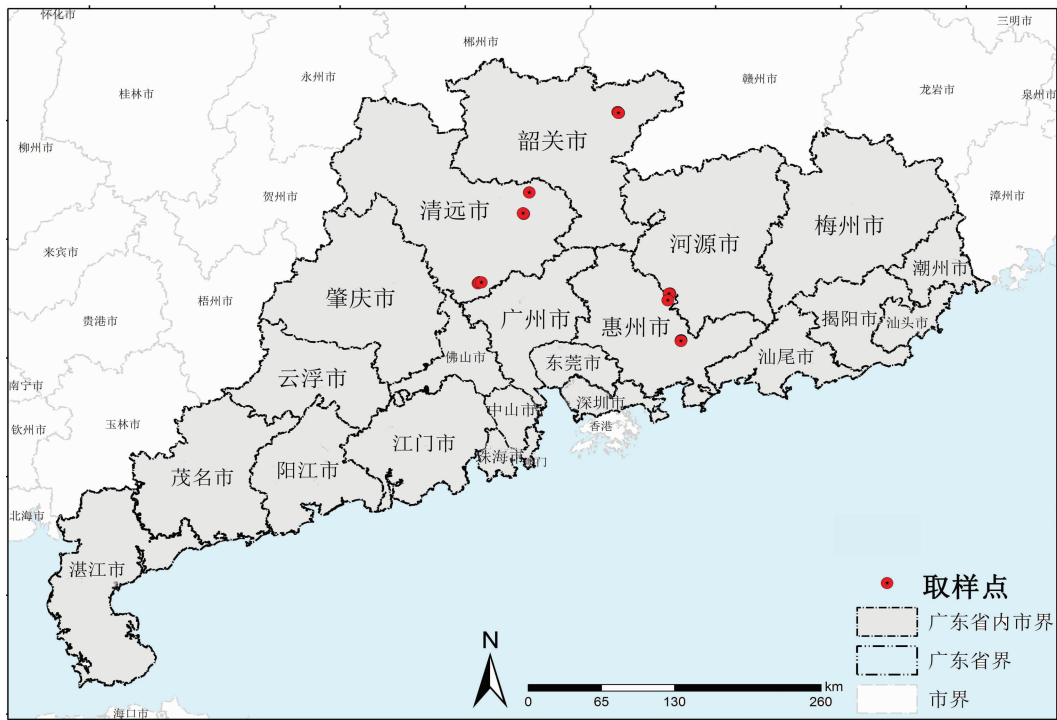


图1 高产水田样点分布

1.2 土壤样品采集

样品采集时间为 2020 年 12 月 11 日至 2021 年

1 月 18 日,在每块高产水田里挖取 1 个深 50 ~ 60 cm 的剖面,分析其剖面构型,确定耕作层与犁底

层位置,于剖面旁边进行耕作层与犁底层原状土取样,每层各取 3 个环刀。采用梅花五点采样法于所调查的高产水田内进行耕作层与犁底层散土取样,样品混合均匀备用。

1.3 主要试剂与仪器

荧光定量基因扩增仪(德国耶拿分析仪器股份公司);Nano Drop 超微量分光光度计(赛默飞世尔科技公司);Illumina MiSeq 高通量测序由广州艾基生物技术有限公司完成。

1.4 土壤有机质含量的测定

土壤有机质含量采用重铬酸钾容量法测定。

1.5 土壤 DNA 提取

取 0.5 g 土壤,使用美国 MP 生物医疗公司的 Fast DNA[®] SPINKit for Soils 试剂盒提取 DNA,使用 Nano Drop 测定 DNA 的浓度和纯度。

1.6 细菌 16S rRNA 基因高通量测序

采用十六烷基三甲基溴化铵(CTAB)法对样品的基因组 DNA 进行提取,用琼脂糖凝胶电泳定量检测 DNA。以稀释后的基因组 DNA 为模板,根据测序区域的选择,使用特异引物 515F (5′-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3′)、806R (5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3′)对 16S rRNA 基因的 V3~V4 高变区片段进行聚合酶链式反应(PCR)扩增。PCR 反应体系:2×Phusion Master Mix 15 μL,正、反向引物(2 μmol/L)各 3 μL,基因组 DNA (1 ng/μL) 7 μL,ddH₂O 2 μL。PCR 反应条件:98 ℃ 1 min;

98 ℃ 10 s,50 ℃ 30 s,72 ℃ 30 s,30 个循环;72 ℃ 5 min。根据 PCR 产物浓度进行等量混样,充分混匀后纯化 PCR 产物。利用 MiSeq/Hiseq 平台对 16S rDNA 的 1 个或多个高变区进行双末端 (paired-end) 测序。

1.7 高通量测序数据分析

测序的原始数据使用 QIIME 2.0 和 USEARCH 流程进行分析,序列经拼接、过滤和质控后,操作分类单元 (operational taxonomic unit, 简称 OTU) 在 97% 相似性水平划分,细菌序列通过与数据库 SILVA (Release138, <http://www.arb-silva.de>) 比对确定系统学分类,得到每个样品的 OTUs 和基本分析结果,同时各个分类水平上进行组成结构统计和多样性分析。

1.8 统计分析

试验数据采用 SPSS 23、Sigmaplot 14.0、WPS、R-Studio 软件进行整理、分析及作图。

2 结果与分析

2.1 高产水田有机质含量

对 15 块高产水田的有机质进行检测,结果(图 2)表明,除个别水田如 QC1、QC3、SG1 和 SG3 外,其他高产水田耕作层土壤的有机质含量明显高于犁底层, YD1、YD2、HD2、BL3 的耕作层有机质含量分别为 28.20、24.08、24.08、29.58 g/kg,其含量分别为犁底层的 3.4、3.3、2.1、2.0 倍。

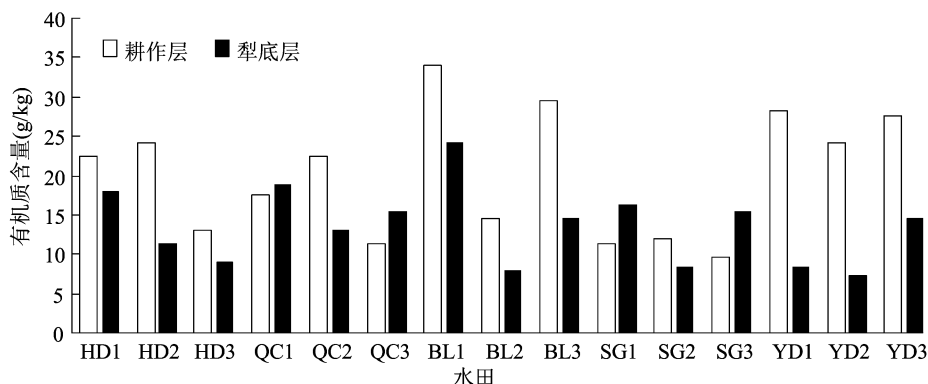


图2 高产水田有机质含量

2.2 微生物群落分析

30 个样品一共获得 17 030 614 条序列,经质量控制,单个样品的序列数在 13 万~237 万条,其中获得序列数较低的 7 个样品分别为 HD3L、HD1L、SG1G、QC3L、HD2L、SG3L、BL3G,序列数范围在 13 万~41 万条,HD1G 的序列数最高,为 237 万条,其

次则是 SG2G、HD3G、QC1L,分别为 78 万、76 万、73 万条。同一水田的 HD3G 获得的序列数是其犁底层 HD3L 的 7.6 倍,并且从总体结果来看同一水田耕作层获得的序列数要高于犁底层。通过对抽平后的扩增子序列变体 (ASV) 数量进行统计,结果(图 3)表明,ASV 数量最多的是 HD1G,为 9 565 个,HD1L

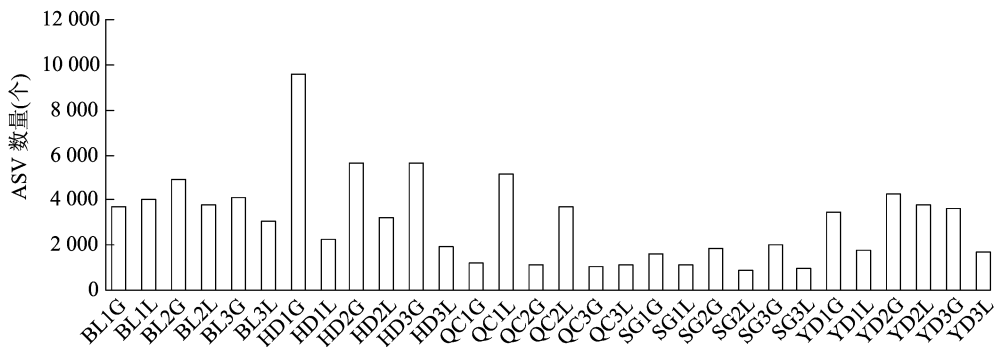


图3 各样品的 ASV 数量

只有 2 290 个, ASV 数量较低的为 SG2L、SG3L。ASV 数量在耕作层和犁底层的表现趋势与获得序列数表现一致。

2.3 不同微生物分类水平下物种数

通过对抽平后的 ASV 进行分析,统计得到样品的物种注释结果中门、纲、目、科、属、种 6 个分类水平各自含有的分类单元的数量(图 4),总体上耕作层土壤微生物归类单元在各水平上要高于犁底层,

其中 HD1G 共涉及 473 科 732 属 308 种,是所调查的水田样品中最多的,而 HD2G、HD3G 分别有 426 科 644 属 257 种、403 科 612 属 252 种。说明该地区高产水田土壤微生物种类高于另外 3 个地区。而在犁底层中,SG2L、SG3L 分别只有 163 科 237 属 75 种、193 科 275 属 95 种,是所调查土壤样品中含有微生物种水平下最低的。

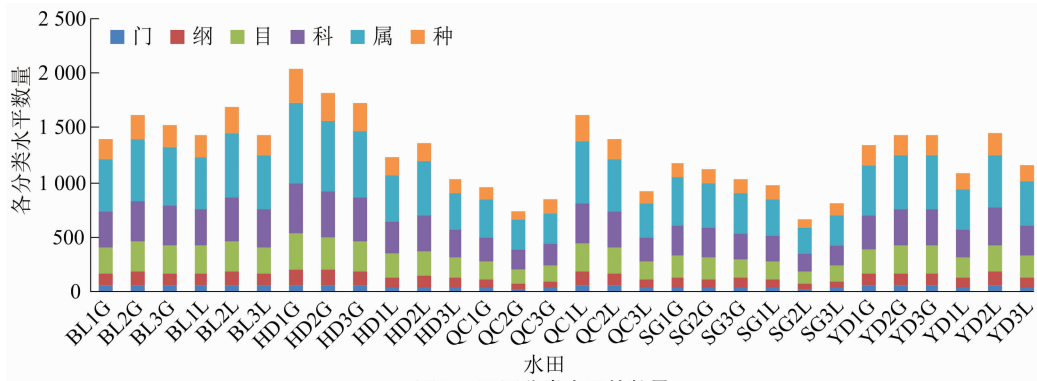


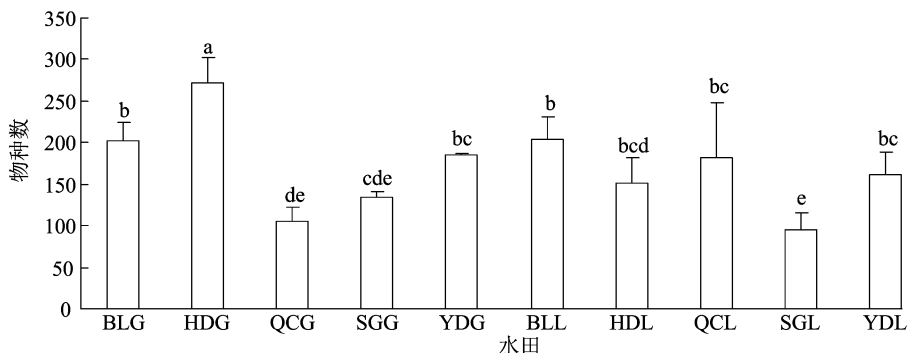
图4 不同分类水平的数量

以地方为单元进行统计,在属水平下各土层表现如下:BLG 有 525 属、HDG 有 663 属、QCG 有 303 属、SGG 有 398 属、YDG 有 486 属、BLL 有 524 属、HDL 有 422 属、QCL 有 454 属、SGL 有 283 属、YDL 有 418 属。SGL 共鉴定出 283 属,明显低于 SGG 的 398 属;HDG 与 HDL 相差 241 属;BLL 与 BLG 的属数相近;但 QCG 则比 QCL 要少 151 属。

在种水平上,SGL 鉴定出了 95 种,SGG 为 134 种;最高的为 HDG,有 272 种,同一地方的 HDL 为 151 种。对各地样品的物种数进行方差比较(图 5)可知,BLG 与 BLL、SGG 与 SGL、YDG 与 YDL 之间的差异性不显著,而 HDG 与 HDL 的种数量差异显著。从地区上比较可知,HDG 和 BLG 要显著高于 QCG、SGG、BLL 要显著高于 SGL,但与另外 3 个地区的犁底层差异不显著。

2.4 各样品在属水平下的相对丰度比较

在属水平下,相对丰度排前 10 名的属包括拟杆菌属(*Bacteroides*)、粪杆菌属(*Faecalibacterium*)、JG30 - KF - AS9、毛螺菌属(*Lachnospira*)、Muribaculaceae 科中确定属、罗斯氏菌属(*Roseburia*)、Candidatus_ *Nitrosotalea*、乳杆菌属(*Lactobacillus*)、巨单胞菌属(*Megamonas*)、毛螺菌科未确定属(图 6)。从样地来看,BL、HD、QC 和 SG 高产水田相对丰度最高的为拟杆菌属,并且 QC1G、QC2G、QC3G、QC3L、SG1G、SG1L 的拟杆菌属相对丰度分别达到 25.24%、22.64%、29.01%、24.39%、30.36%、26.10%。但是 YD1G、YD2G、YD3G 相对丰度最高的则是 JG30 - KF - AS9,分别达到 18.27%、15.11% 和 22.33%,而其犁底层中 JG30 - KF - AS9 的相对丰度分别为 0.24%、0.59%、0.04%。



柱上不同小写字母表示在 0.05 水平上差异显著, 图 7、图 8 同

图5 高产水田耕作层与犁底层土壤微生物种水平分析

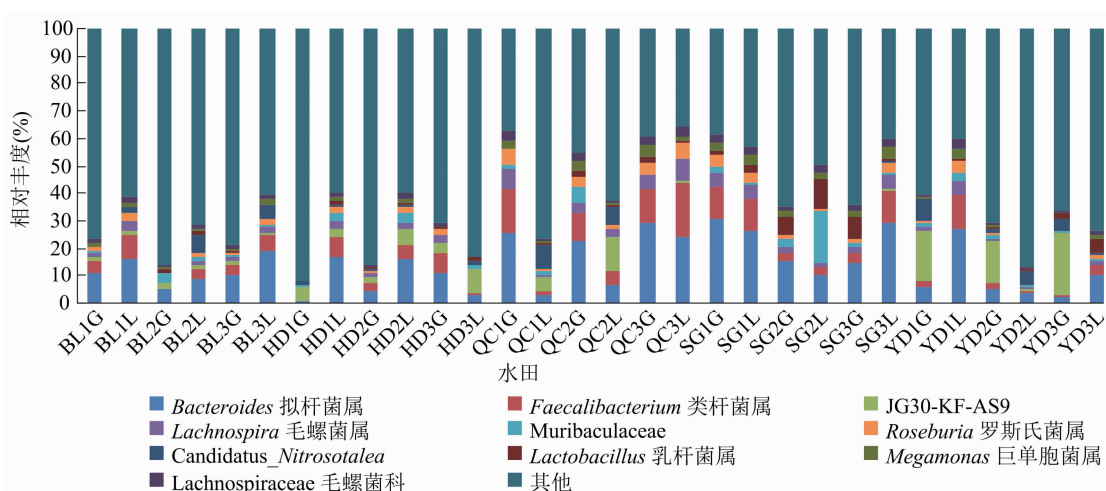


图6 高产水田土壤属水平前 10 相对丰度比较结果

2.5 土壤微生物 α 多样性指数

由图 7、图 8 可知,在 α 多样性指数方面,QCG 的香农 (Shannon) 指数和辛普森 (Simpson) 指数要明显低于其他高产水田土壤多样性,其值分别为 6.80 和 0.977,但同样地中 QCL 的 Shannon 指数和

Simpson 指数分别为 8.43 和 0.977,后者远高于前者。HDG 和 BLG 的 Shannon 指数、Simpson 指数在所检测的 15 块高产水田耕作层和犁底层中处于高位,分别为 10.58、10.13 和 0.995、0.996。

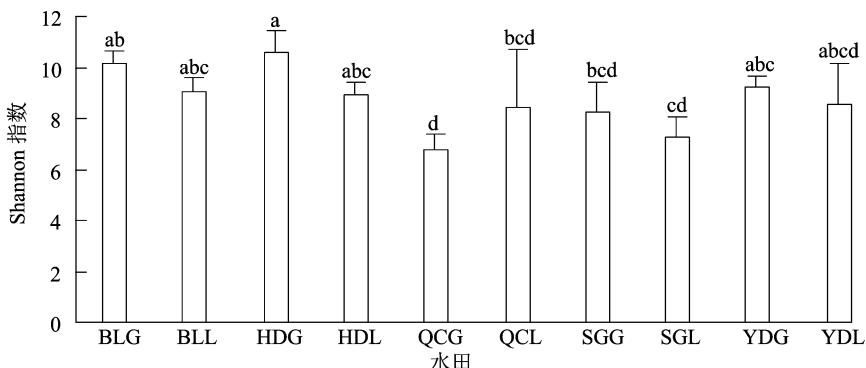


图7 高产水田土壤 Shannon 指数

2.6 层次聚类分析

β 多样性聚类分析中多采用层次聚类 (hierarchical clustering) 的分析方法,以等级树的形式展示样品间的相似度,通过聚类树的分枝长度衡

量聚类效果的好坏。与排序分析相同,聚类分析可以采用任何距离评价样品之间的相似度。

由图 9 可知,HD、SG 的耕作层与 QC 的耕作层差异性较大,YD 的耕作层与 QC1L、QC2L 的相似性

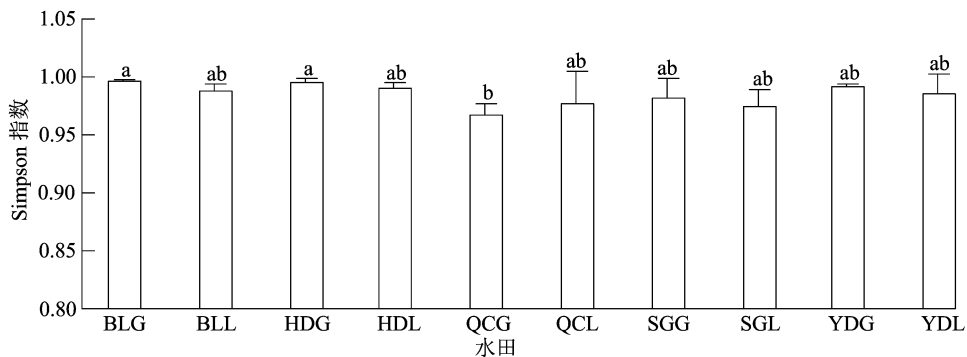
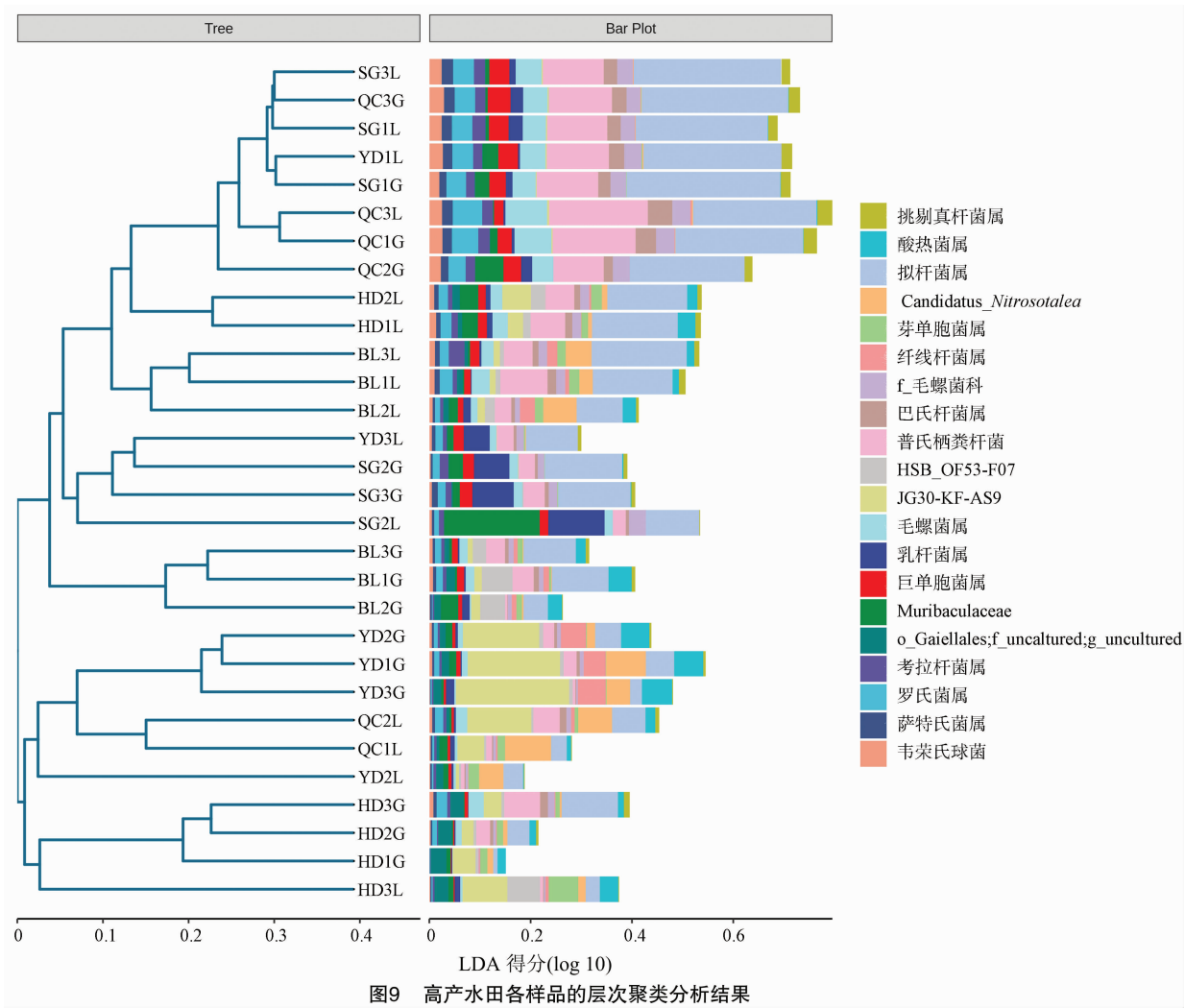


图8 高产水田土壤 Simpson 指数



较大,BL 的耕作层与 SG 的耕作层相似性较高,BL 的犁底层与 HD1L、HD2L 的相似性高,但与 HD3L 差异性较大。

2.7 UPGMA 样品层次聚类

基于非加权组平均法 (unweighted pair - group method with arithmetic mean, UPGMA) 对样品进行层次聚类结果见图 10。从图 10 可以看出,HDG 与

YDG 的 3 个样地的耕作层重复性高,其与 QC1L、QC2L、HD3L、YD2L 可初步分为一类;而 BL3 个样地的耕作层和犁底层的重复性高,但从图中可见之间具有一定的差异性,SGG 中的 SG2G、SG3G 相似性较高,但与 SG1G 的相似性低。同时,可见 QC 中的耕作层相似性高,但犁底层中 QC3L 与 QC1L、QC2L 差异性明显。

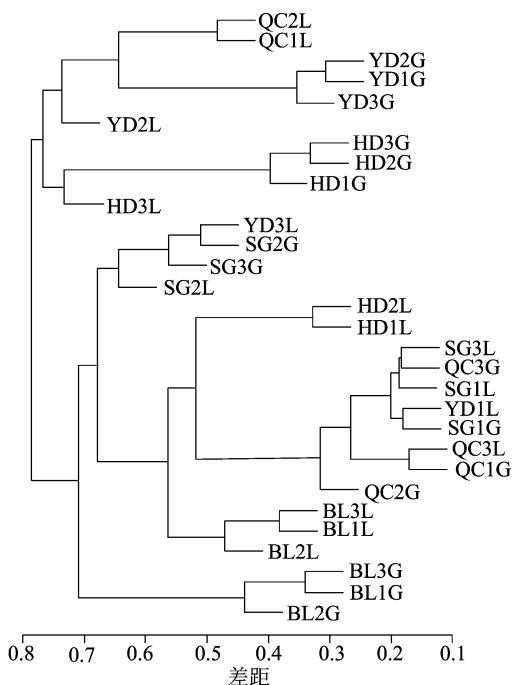


图10 UPGMA 样品层次聚类结果

2.8 LEfSe 物种差异分析

由图 11 可知,通过对不同地区高产水田耕作层与犁底层土壤微生物的 LEfSe 物种差异进行分析,不同地区高产水田有其差异物种,可作为标志微生物类群。YDG 的差异物种有绿弯菌门 (*Chloroflexi*)、纤线杆菌纲 (*Ktedonobacteria*) 的纤线杆菌目 (*Ktedonobacterales*)、JG30_KF_AS9、放线菌纲 (*Actinobacteria*)、热酸菌科 (*Acidothermaceae*) 的热酸菌属 (*Acidothermus*)、弗兰克氏菌目;SGG 的差异物种是乳杆菌目 (*Lactobacillales*);SGL 的差异物种是拟杆菌门 (*Bacteroidota*) 的拟杆菌目 (*Bacteroidales*)、普雷沃氏菌科 (*Prevotellaceae*);BLG 的差异物种是纤线杆菌科 (*Ktedonobacteraceae*)、HSB_OF53_F07、醋酸古菌属 (*Bathyarchaeia*)、酸杆菌纲 (*Acidobacteriae*);QCG 的差异物种是厚壁菌门 (*Firmicutes*)、巨单胞菌属和月形单胞菌科;HDG 的差异物种是酸杆菌门 (*Acidobacteriota*)、厌氧绳菌科 (*Anaerolineaceae*) 的厌氧绳菌属 (*Anaerolinea*)、土壤红杆菌科 (*Solirubrobacteraceae*)、康奈斯氏杆菌属 (*Conexibacter*)、嗜热油菌纲 (*Thermoleophila*)、全噬菌纲 (*Holophagae*)、黏球菌门 (*Myxococcota*)、SC_I_84、SBR1031;而 BLL 的差异物种是古细菌 (*Archaea*)、*Nitrososphaeria*、*Methylomirabilota*、罗库菌目 (*Rokubacteriales*)。从分析结果可知,YDG 和

HDG 拥用较多的差异性物种,而 YDL、HDL 未分析出有显著的差异性物种。

3 结论与讨论

土壤微生物群落在作物系统养分循环、植物健康调节和抵御病原物过程中起着关键作用^[15]。近年来的研究也表明,微生物多样性对自然生态系统中土壤-植物养分循环、降解和作物产量起着正面的促进作用^[16-17]。

贾宇航对广东省水稻田土壤进行研究发现,在 2013 年时 Ap1 层土壤有机质含量范围为 9.80 ~ 35.20 g/kg,低于在 1980 年时调查的有机质含量 (10.00 ~ 57.00 g/kg)^[18]。本研究调查的 15 块高产水田,耕作层的有机质含量总体上高于犁底层,其中英德市高产水田耕作层有机质含量均高于 24 g/kg,其次是惠东区的高产水田 HD1G 和 HD2G 有机质含量也比较高,高于 20 g/kg。有机质含量的高低与土壤鉴定出的微生物不同水平下的数量呈正相关关系,惠东区 HD1G 共鉴定出 473 科 732 属 308 种,是所调查的水田样品中最多的,HD2G 和 HD3G 分别有 426 科 644 属 257 种和 403 科 612 属 252 种。清城区的耕作层与犁底层的有机质含量分别为 17.08、15.82 g/kg,清城区耕作层土壤微生物不同水平下鉴定的种数是 5 个地区中最低的,并且其比犁底层鉴定的种数还要低。

高产水田相对丰度较高的主要包括拟杆菌属、粪杆菌属、JG30-KF-AS9、毛螺菌科 (*Lachnospiraceae*) 毛螺菌属、*Muribaculaceae*、罗斯氏菌属、亚硝化杆菌属、乳杆菌属、巨单胞菌属。博罗、惠东、清城和南雄等地区高产水田中相对丰度最高的为拟杆菌属,英德市高产水田中相对丰度最高的则是 JG30-KF-AS9。狄霖等对江苏省镇江市的水稻土样品分析发现,硝化螺旋菌属 (*Nitrospira*)、厌氧黏细菌属 (*Anaeromyxobacter*)、地杆菌属 (*Geobacter*)、厌氧绳菌属、红游动菌属 (*Rhodoplanes*) 等为主要的细菌种类^[19]。这反映不同省份之间水稻田土壤微生物群落存在一定的差异性,这种差异性可能与环境、施肥方式、农药应用等有关^[20-22]。

广东省内不同地区高产水田由于不同地貌显现出差异性物种,如以山地丘陵区代表的英德市和南雄市,其高产水田的差异性物种也不一样,英德市有绿弯菌门、纤线杆菌目、热酸菌属,南雄市有乳杆菌目、拟杆菌目和普雷沃氏菌科;平原区代表的

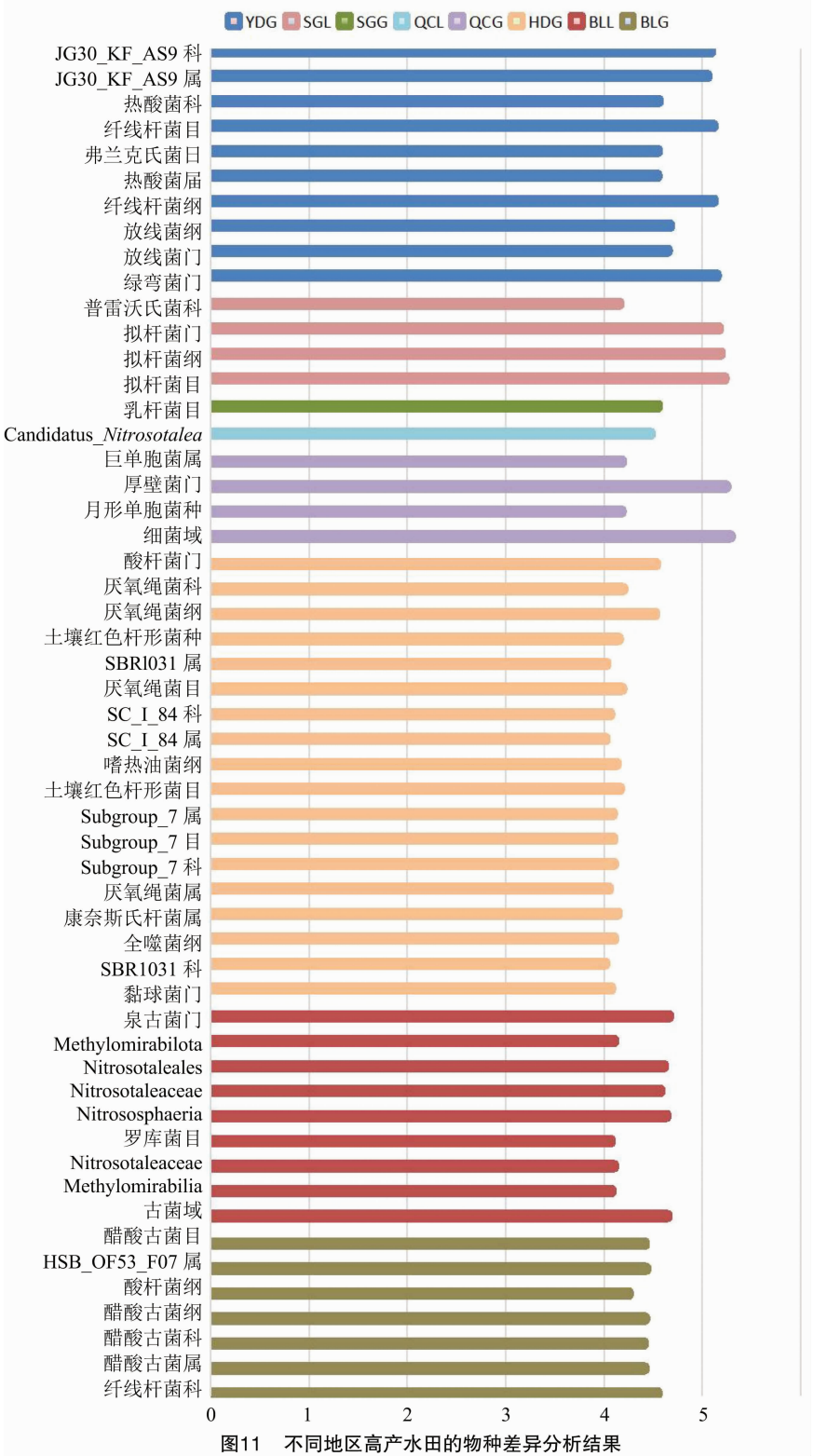


图11 不同地区高产水田的物种差异分析结果

博罗县高产水田的差异物种有纤线杆菌科、HSB_OF53_F07、醋酸古菌属、酸杆菌纲、Methyloirabilota、罗库菌目；丘陵地区的清城区高产水田的差异物种有厚壁菌门、巨单胞菌属和月形单胞菌科；丘陵台地区的惠东区高产水田 HDG 的差

异物种是酸杆菌门、厌氧绳菌属、土壤红杆菌科、康奈斯氏杆菌属等。

清城区高产水田耕作层的 Shannon 指数和 Simpson 指数要明显低于其他高产水田土壤多样性，惠东区和博罗县高产水田耕作层和犁底层的

Shannon 指数、Simpson 指数高于另外 3 个地区的高产水田。惠东区、南雄市的耕作层与清城区的耕作层差异性较大,英德市的耕作层与清城区的 QC1L 和 QC2L 相似性较大,博罗县的耕作层与南雄市的耕作层微生物相似性较高,博罗县的犁底层与惠东区的 HD1L 和 HD2L 的相似性高,但与 HD3L 差异性较大。水稻田微生物的来源其中一个就是微生物通过灌溉水的输入,并且会直接影响到水稻田微生物的群落变化。

同时,须要考虑不同种植模式对土壤微生物群落结构有明显的影。国内外稻-鱼^[23]、稻-鸭^[24]、稻-虾、稻-蟹等主要稻田综合种养模式均显示对农田土壤理化性质、土壤动物、土壤微生物和农田生态系统服务功能等方面有积极影响,包括显著提高了土壤微生物氮含量及土壤酶活性以及微生物群落多样性。目前垦造水田主要通过旱改水,涉及到表土清理、表土堆放回填、防渗层客土输入。客土的来源部分是从山体挖运而来,其微生物的原生环境与水田环境有很大差异。水田微生物多样性提高,除从垦造水田工程建设和水稻种植模式进行改进外,也要结合使用有机肥和种植绿肥以调整有机质含量和 pH 值^[25-26]。在保住 1.2 亿 hm^2 红线的基础上,基于垦造水田工程的基础上进行提质增效,以储备优质的土地资源。

参考文献:

- [1] 张田勘. 水稻与全球变暖[J]. 百科知识,2021(28):32-33.
- [2] 黄宁生. 广东省耕地面积变化的宏观驱动机制研究[J]. 地球科学,1999,24(4):359-362.
- [3] 胡智毅,范亚南. 基于 GIS 的广东省“旱改水”项目新增水田适宜性评价方法研究[J]. 安徽农业科学,2018,46(12):193-198.
- [4] 李振宇,黄 姚. 广东省垦造水田关键技术探讨[J]. 低碳世界,2019,9(7):355-356.
- [5] Håkansson I, Voorhees W B, Riley H. Vehicle and wheel factors influencing soil compaction and crop response in different traffic regimes[J]. Soil and Tillage Research,1988,11(3/4):239-282.
- [6] Mosaddeghi M R, Mahboubi A A, Safadoust A. Short-term effects of tillage and manure on some soil physical properties and maize root growth in a sandy loam soil in western Iran[J]. Soil and Tillage Research,2009,104(1):173-179.
- [7] Ji B, Zhao Y J, Mu X, et al. Effects of tillage on soil physical properties and root growth of maize in loam and clay in central China[J]. Plant, Soil and Environment,2013,59(7):295-302.
- [8] 陈家立,董国祥,姚 俊,等. 垦造水田工程中犁底层构筑试验的

- 研究[J]. 广东水利水电,2019(1):51-54.
- [9] 翟 振,李玉义,逢焕成,等. 黄淮海北部农田犁底层现状及其特征[J]. 中国农业科学,2016,49(12):2322-2332.
- [10] Menta C, Leoni A, Bardini M, et al. Nematode and microarthropod communities: comparative use of soil quality bioindicators in covered dump and natural soils[J]. Environmental Bioindicators,2008,3(1):35-46.
- [11] Nannipieri P, Ascher J, Ceccherini M T, et al. Microbial diversity and soil functions[J]. European Journal of Soil Science,2017,68:1-26.
- [12] Torsvik V, Øvreås L. Microbial diversity and function in soil: from genes to ecosystems[J]. Current Opinion in Microbiology,2002,5(3):240-245.
- [13] Fan K K, Delgado-Baquerizo M, Zhu Y G, et al. Crop production correlates with soil multitrophic communities at the large spatial scale[J]. Soil Biology and Biochemistry,2020,151:108047.
- [14] Fan K K, Delgado-Baquerizo M, Guo X S, et al. Biodiversity of key-stone phylotypes determines crop production in a 4-decade fertilization experiment[J]. The ISME Journal,2021,15(2):550-561.
- [15] Kou X C, Su T Q, Ma N N, et al. Soil micro-food web interactions and rhizosphere priming effect[J]. Plant and Soil,2018,432(1):129-142.
- [16] Jing X, Sanders N J, Shi Y, et al. The links between ecosystem multifunctionality and above- and belowground biodiversity are mediated by climate[J]. Nature Communications,2015,6:8159.
- [17] Delgado-Baquerizo M, Maestre F T, Reich P B, et al. Microbial diversity drives multifunctionality in terrestrial ecosystems[J]. Nature Communications,2016,7:10541.
- [18] 贾宇航. 广东省水稻田土壤典型理化性质时空变异研究[D]. 广州:仲恺农业工程学院,2020.
- [19] 狄 霖,刘玲玲,钟志仁,等. 水稻田铁氧化菌的丰度及微生物群落结构组成[J]. 江苏农业科学,2019,47(10):296-300.
- [20] 袁红朝,吴 昊,葛体达,等. 长期施肥对稻田土壤细菌、古菌多样性和群落结构的影响[J]. 应用生态学报,2015,26(6):1807-1813.
- [21] 罗 青,宋亚娜,郑伟文. PCR-DGGE 法研究福建省稻田土壤微生物地区多态性[J]. 中国生态农业学报,2008,16(3):669-674.
- [22] 张雯雯,徐 军,董丰收,等. 苡噻磺隆对水稻田土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 农业环境科学学报,2014,33(9):1749-1754.
- [23] 湛金吾,顾泽谋,湛洪光,等. 从江侗乡稻-鱼-鸭复合系统的土壤微生物种类[J]. 贵州农业科学,2015,43(2):84-89.
- [24] 李成芳,曹凑贵,汪金平,等. 稻鸭稻鱼共作生态系统 N 素平衡的研究[J]. 农业环境科学学报,2008,27(4):1326-1334.
- [25] 陈伟文. 水田垦造中土壤有机质的提升及 pH 值调整方法[J]. 智能城市,2021,7(15):115-116.
- [26] 吴耀龙,张 池,陈旭飞. 水田垦造中土壤有机质的提升及 pH 调整研究[J]. 国土资源科技管理,2020,37(4):37-45.