

李濛池,马建华,黄修梅,等. 基于宏基因组测序分析耕作方式与秸秆还田对马铃薯根际土壤微生物群落的影响[J]. 江苏农业科学,2025,53(21):258-264.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2025.21.032

基于宏基因组测序分析耕作方式与秸秆还田对马铃薯根际土壤微生物群落的影响

李濛池¹, 马建华¹, 黄修梅¹, 张凤兰², 杨忠仁², 李明¹

(1. 内蒙古农业大学职业技术学院, 内蒙古包头 0141091; 2. 内蒙古农业大学园艺与植物保护学院, 内蒙古呼和浩特 010000)

摘要:为探讨马铃薯根际土壤在不同耕作方式与秸秆还田条件下土壤微生物群落的差异,设置旋耕+秸秆还田(RS)、深翻+秸秆还田(PS)、深松+秸秆还田(SS)、常规耕作(CK)4种耕作方式,利用 Illumina NovaSeq 测序平台对不同耕作方式与秸秆还田条件下的马铃薯根际土壤进行宏基因组测序,分析微生物群落的组成。结果表明,土壤中微生物以细菌为主,约占 90%,古菌约占 4%,真菌及其他约占 6%;非冗余基因数目以 SS 处理的基因数量最多;在门水平中,优势菌门包括变形菌门、放线菌门、黏球菌门、芽单胞菌门、酸杆菌门、拟杆菌门,其中变形菌门与放线菌门占比最高,PS 处理的变形菌门和放线菌门相对丰度分别为 55.88% 和 21.32%,均高于 CK;在属水平中,优势菌门包括鞘氨醇单胞菌属、链霉菌属、慢生根瘤菌属、罗河杆菌属、抗砷溶杆菌属、芽单胞菌属、假单胞菌属、伯克霍尔德菌属、贪噬菌属,其中鞘氨醇单胞菌属占比最高,RS 处理的鞘氨醇单胞菌属相对丰度为 8.42%,高于 CK。COG 和 CAZy 功能基因注释结果显示,不同耕作措施主要相关功能基因的相对丰度均高于 CK。KEGG 功能预测分析表明,与 CK 相比,不同耕作措施的土壤环境中更容易富集与代谢相关的微生物。综上,该研究结果为今后不同耕作方式对马铃薯根际土壤微生物的影响研究提供一定的理论依据。

关键词:宏基因组;马铃薯根际土壤;耕作方式;秸秆还田;土壤微生物群落

中图分类号:S532.061;S154.3 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2025)21-0258-07

Metagenomics(元基因组学/宏基因组学)^[1]是一种直接对微生物群体中所有基因组信息研究的方法。随着 Illumina MiSeq 和 Illumina NovaSeq 技术的进步,对土壤微生物群落结构、功能的研究也在不断深化。微生物参与了约 90% 的土壤生化过程^[2],微生物是土壤中不可缺少的重要角色^[3-4],动植物遗体的分解和转化与土壤中的微生物和养分循环有着紧密联系,这是确保土壤生态系统的稳定性和养分转化的关键因素^[5]。根际土壤微生物能够调控土壤营养物质的溶解、转移,并影响植株对养分的吸收利用,对植物生长具有非常重要的作用,真菌、细菌、放线菌等土壤微生物的群落反应直

接反映土壤生物活性水平^[6-7]。

东北黑土地作为全球四大黑土区之一,它在确保国家粮食供应安全上起到至关重要的作用,充当着“稳定器”和“压舱石”的角色^[8]。马铃薯(*Solanum tuberosum* L.)是东北黑土区主栽作物之一,是第四大粮食作物,目前在全球 157 个国家和地区广泛种植^[9]。在我国粮食安全生产以及脱贫攻坚战当中,马铃薯发挥着重要作用^[10]。土壤作为作物生长的基础,满足作物生长发育所需的营养物质。耕作方式是农业生产中的关键环节,因对土壤的扰动不同,成为影响土壤环境的主要因素。Nyamadzawo 等的研究表明,不同耕作措施造成的土壤扰动程度不同,所以土壤理化性质不同,并且对土壤微生物量也产生显著影响^[11]。深层耕作和秸秆还田均能提高土壤微生物量^[12-13],秸秆还田能够增加土壤微生物活性,促进有机物质分解和释放^[14]。了解高寒黑土区不同耕作措施对土壤微生物群落的影响,有利于进一步优化耕作模式、加强黑土地保护、满足“藏粮于地、藏粮于技”的国家战略需求,以期为高寒黑土区的可持续利用与发展提供理论依据。

收稿日期:2024-06-26

基金项目:内蒙古自治区科技计划项目(编号:2022YFDZ0010);内蒙古自治区科技重大专项(编号:2021ZD0005);内蒙古自治区农牧厅基层农技推广体系改革与建设补助及重大农业技术协同推广资金项目。

作者简介:李濛池(2000—),女,内蒙古赤峰人,硕士研究生,主要从事作物栽培研究。E-mail:2213558704@qq.com。

通信作者:黄修梅,博士,教授,主要从事作物栽培研究。E-mail:huangxm0404@126.com。

1 材料与方 法

1.1 试验区概况

试验地点位于内蒙古呼伦贝尔市牙克石市免渡河镇芸麦兴农场,是内蒙古自治区高纬度地区之一,地处大兴安岭中脊中段西坡,47°39′~50°52′N,120°28′~122°29′E 之间,属寒温带大陆性季风气候,平均气温 -2.9℃,昼夜温差大,年平均日照时数 2 378~2 720 h,土壤类型黑钙土,供试作物马铃薯,品种为费乌瑞它,0~20 cm 的土壤基础性质:有机质含量 38.6 g/kg,全氮含量 2.31 g/kg,全磷含量 0.65 g/kg,全钾含量 15.54 g/kg,碱解氮含量 181.54 mg/kg,有效磷含量 23.33 mg/kg,速效钾含量 170.08 mg/kg。

1.2 试验设计

本研究已连续实施不同耕作措施多年(2019—2022 年),采用大区设计、定位试验,试验共设 4 个处理(表 1)。于 2022 年 5 月初播种马铃薯,株距为 25 cm,行距为 90 cm,小区面积为 300 m²,施肥量:氮肥(N)300 kg/hm²、磷肥(P₂O₅)150 kg/hm²、钾肥(K₂O)150 kg/hm²,田间管理模式按农户常规耕作进行。

表 1 试验设计

处理	耕作措施	秸秆还田量
CK	常规耕作	人工移除秸秆
RS	旋耕+秸秆还田	小麦秸秆全量还田 4.5 t/hm ²
PS	深翻+秸秆还田	小麦秸秆全量还田 4.5 t/hm ²
SS	深松+秸秆还田	小麦秸秆全量还田 4.5 t/hm ²

1.3 土壤样品采集

于 2022 年 8 月底马铃薯成熟期,每个处理按照 5 点采样法进行取样,取样时带土挖出整株植物根系,不能伤害根系,轻抖去根系上较大的土块,首先使用无菌毛刷从根际区域收集约 1 mm 厚密着于根部的土壤样本,每 3 株植物取样合并为 1 组,混合均匀后放入 50 mL 的离心管中。然后,在 -80℃ 的环境下冷冻保存,随后送往南京集思慧远生物科技有限公司进行 DNA 的提取及宏基因组的测序分析。

1.4 土壤 DNA 提取

将保存在 -80℃ 环境中的土壤样品置于 Covaris M220 仪器中,进行土壤样品 DNA 的提取。完成基因组 DNA 抽提后,采用 1% 琼脂糖凝胶电泳来检测抽提基因组 DNA。片段化:约 300 bp,将合格的片段进行保存。

1.5 宏基因组测序分析

使用 fastp v0.20.0 对原始数据进行质控,参数设置为 -q5~n5,未知碱基数量 $N < 5$,过滤掉 reads 的 50% 长度的碱基质量值小于 5,去除接头序列;数据预处理时,若样品有宿主污染,要和宿主数据库比对,筛掉来源于宿主的 reads。使用 Bowtie2 v2.3.5.1 软件进行比对;使用 megahit v1.2.9 软件对每个样品单独进行组装,组装得到各样品的 contig;然后使用 Bowtie2 v2.3.5.1 软件将各样品的 clean data 分别比对至其 contig 上,获取未被利用上的 PE reads;混合组装为各样品未被利用上的 reads 合并后,使用 megahit v1.1.1-2-g02102e1 软件进行混合组装。

1.6 物种注释

使用 Kraken v2.1.2 软件,基于 k-mers 的精确对齐,对 Unigenes 进行物种分类,参数为默认参数。Unigenes 与数据库(细菌、真菌、古菌、病毒)序列比对,也与每个单独的数据库分别进行比对。根据物种注释结果和基因丰度表获得各个样品在门上的丰度信息及基因数目表。某个品种在某一样本中的比例是由标注到该物种的基因数量的总和所决定的;对于一项特定样本中的基因数量,这与那些在被标识为该物种内部但丰度并非零的基因数目是相等的;根据各个分类层次的占比,进行 Krona 分析、相对丰度分析、降维分析 PCA (R Package princomp)。

1.7 功能数据库注释

COG、CAZy 数据库,使用 BLASTALL v2.2.26 将 Unigenes 与功能数据库对比,使用 DIAMOND v2.0.6.144 将 Unigenes 与 KEGG 功能数据库比对进行功能分类和通路分析。根据比对结果信息,统计不一样功能的水平相对丰度(每个功能的相对丰度是基于对应功能层面基因的相对丰度总和)。

2 结果与分析

2.1 宏基因组测序与质量分析

本研究对 4 种耕作措施的土样进行宏基因组测序,获得 clean data 中 pair-end reads 数据量均值为 39 523 985.92,总碱基平均数为 12 188 680 200;Q30(碱基量 ≥ 30%)均值为 91.49%;GC 含量在 62.51%~62.8% 之间,均值为 62.69%;碱基识别的错误率为 0.001% < 0.1%,表明测序质量良好,适宜后期生物信息学分析(表 2)。

表 2 不同耕作方式与秸秆还田测序产出数据质量评估

样品	clean data 中 pair-end reads 总数 (对)	总碱基数 (个)	Q20 (%)	Q30 (%)	GC 含量 (%)
CK	40 329 295.67	12 098 788 700	96.72	91.41	62.71
RS	41 347 014	12 404 104 200	96.80	91.60	62.51
PS	37 192 465	12 483 677 200	96.70	91.36	62.80
SS	39 227 169	11 768 150 700	96.82	91.60	62.74

2.2 非冗余基因数目分析

Krona 注释结果显示,土样中微生物以细菌为主,约占 90%,古菌约占 4%,真菌及其他约占 6%。由图 1 可知,不同处理共获得基因数目 5 296 216 个,其中共有基因数为 4 562 739 个,占总基因数的 86.15%,PS、RS、SS 和 CK 各处理特有基因数分别为 175 500、188 784、204 172、165 021,分别占总基因数的 3.31%、3.57%、3.86%、3.12%,表现为 SS > RS > PS > CK,与 CK 相比,其余处理增加了微生物的数量,说明秸秆还田对微生物的数量具有促进作用。

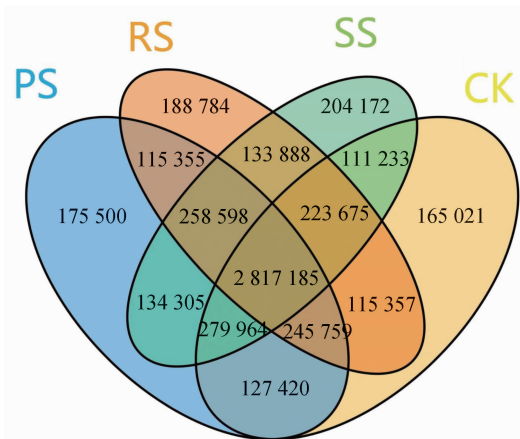


图 1 不同耕作方式与秸秆还田非冗余基因数目韦恩图

2.3 微生物门水平群落组成分析

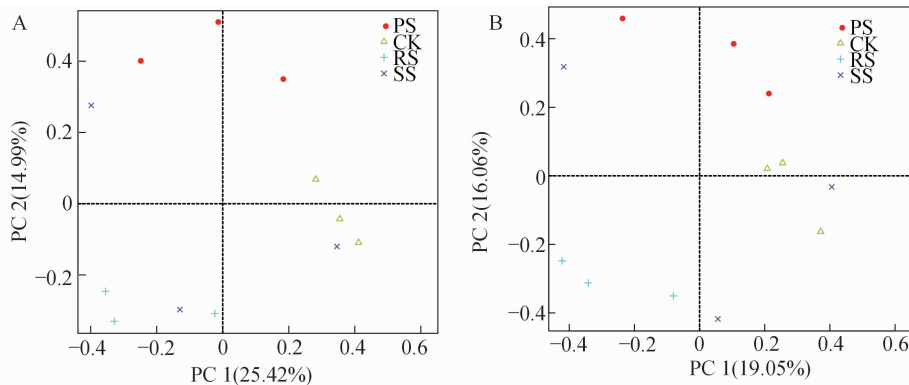
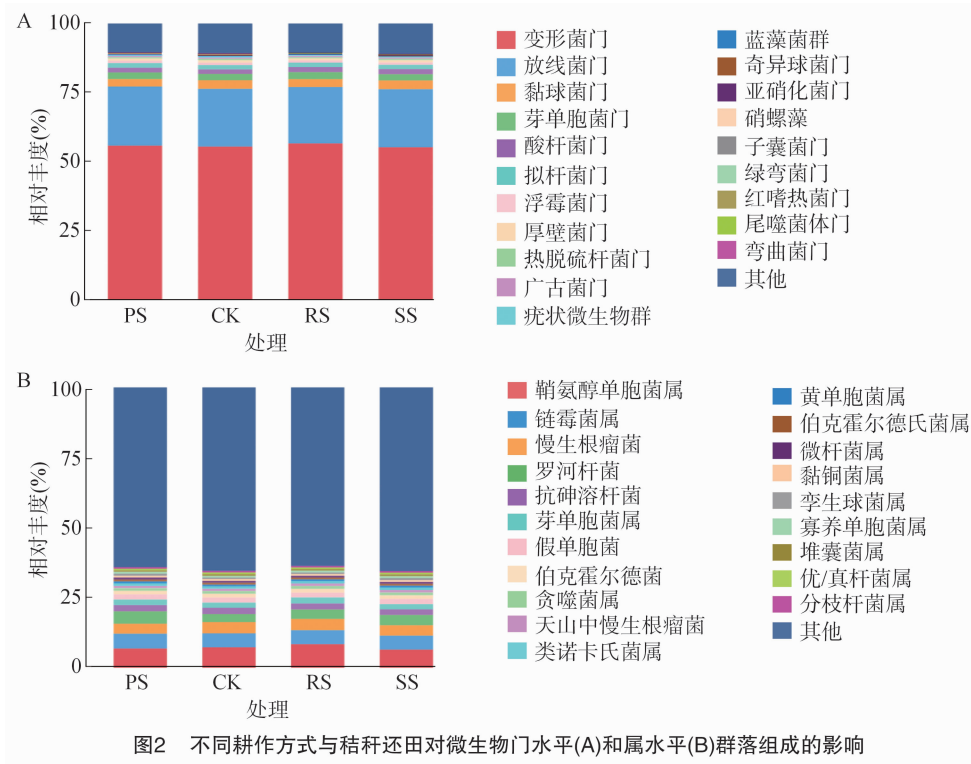
由图 2 - A 可知,不同耕作措施在微生物门水平上前 9 个主要菌群为变形菌门 (Pseudomonadota)、放线菌门 (Actinomycetota)、黏球菌门 (Myxococcota)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadota)、酸杆菌门 (Acidobacteriota)、拟杆菌门 (Bacteroidota)、浮霉菌门 (Planctomycetota)、厚壁菌门 (Bacillota)、热脱硫杆菌门 (Thermodesulfobacteriota)、其他 (Others)。将相对丰度 >1% 的微生物看作优势菌,4 个处理的优势菌相同,均为变形菌门、放线菌门、黏球菌门、芽单胞菌门、酸杆菌门、拟杆菌门,其中变形菌门和放线菌门

的相对丰度在所有处理中占比最大,分别为 55.28% ~ 56.68%、20.36% ~ 21.32%。在 6 个优势菌中,PS 处理中的变形菌门、放线菌门、芽单胞菌门、酸杆菌门、拟杆菌门相对丰度分别是 55.88%、21.32%、2.39%、1.73%、1.65%;RS 中的变形菌门、芽单胞菌门、酸杆菌门、拟杆菌门相对丰度分别是 55.68%、2.54%、1.83%、1.58%;SS 中的放线菌门、黏球菌门、酸杆菌门、拟杆菌门相对丰度分别是 20.97%、3.19%、1.85%、1.54%,以上各处理的优势菌相对丰度均高于 CK。在优势菌中,PS 处理中的黏球菌门相对丰度为 2.72%,RS 处理中的放线菌门、黏球菌门相对丰度为 20.36%、2.86%,SS 处理中的变形菌门、芽单胞菌门相对丰度为 55.28%、2.24%,以上各优势菌的相对丰度均低于 CK。

由图 2 - B 可知,不同耕作措施在微生物属水平上前 9 个主要菌群为鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、链霉菌属 (*Streptomyces*)、慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*)、罗河杆菌属 (*Rhodanobacter*)、抗砷溶杆菌属 (*Lysobacter*)、芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、伯克霍尔德菌属 (*Burkholderia*)、贪噬菌属 (*Variovorax*)。PS、SS、CK 共有 8 个优势属,分别为鞘氨醇单胞菌属、链霉菌属、慢生根瘤菌属、罗河杆菌属、抗砷溶杆菌属、芽单胞菌属、假单胞菌属、伯克霍尔德菌属;RS 处理有 9 个优势菌,在以上优势菌的基础上多了贪噬菌属。其中,RS 处理的鞘氨醇单胞菌属、慢生根瘤菌、芽单胞菌属、贪噬菌属相对丰度最高,分别为 8.42%、4.05%、2.11%、1.02%,均高于 CK;PS 处理的链霉菌属、罗河杆菌相对丰度最高,分别为 5.27%、4.42%,均高于 CK;SS 处理的假单胞菌、伯克霍尔德菌相对丰度最高,分别为 1.87%、1.34%,均高于 CK;抗砷溶杆菌在 CK 中最高,为 2.27%。

2.4 基于物种丰度降维分析

主成分分析 (PCA) 中样本间的距离越近,表明样本的物种组成差异越小,样本组成越相似^[15]。反之,如果样本间距离较远,则说明样本群落的分布具有较大的差别。由图 3 - A 可知,门水平第 1 主成分 (PC1) 和第 2 主成分 (PC2) 的解释量分别为 25.42% 和 14.99%,两者总贡献率为 40.41%,PS、CK、RS 处理内样本间距离近相似性高,SS 处理内样本间距离远。属水平 PC1 和 PC2 的解释量分别为 19.05% 和 16.06%,两者总贡献率为 35.11%,PS、



CK、RS 处理的样本间距离近相似性高,SS 处理的样本间距离远,与门水平处理相同,说明 SS 处理群落的分布具有较大的差别。

2.5 基于宏基因组土壤微生物功能注释

2.5.1 COG 功能注释 直系同源序列聚类(COG)将测序数据与 EggNOG 数据库进行比对^[16-17],共鉴定到 38 642 个 COG 功能单元(图 4),将基因功能分为 25 个大类。可以看出,不同耕作方式与秸秆还田处理的土壤微生物 COG 功能注释基因主要集中于新陈代谢、信息存储和处理、细胞信号传导等方面。注释结果中丰度排名第 1 位的是 E(氨基酸转运与代谢),其次是 C(能源生产和转换)、J(翻译、核糖体结构与生物发生)。根据功能注释结果发现,相

对丰度前 20 的基因功能中 PS 处理有 9 个基因功能相对丰度均高于 CK,主要包括 E、M、H、R、U、Q、D、S、N;RS 处理有 11 个基因功能的相对丰度均高于 CK,主要包括 J、L、M、I、K、H、R、F、U、D、N;SS 处理有 9 个基因功能的相对丰度均高于 CK,主要包括 L、O、M、H、V、Q、D、S、N;E 在 PS 处理中丰度最高,为 11.43%,C 在 CK 中丰度最高,为 11.04%,J 在 PS 处理中丰度最高,为 8.07%。

2.5.2 CAZy 功能注释 深入研究 CAZyme 对于理解微生物碳水化合物的代谢机制至关重要,因为碳水化合物活性酶(CAZyme)^[18]在地球上所有碳水化合物的合成、降解与修饰中扮演着重要角色。CAZy 数据库中六大类蛋白质家族分别为糖苷水解酶(GH)、

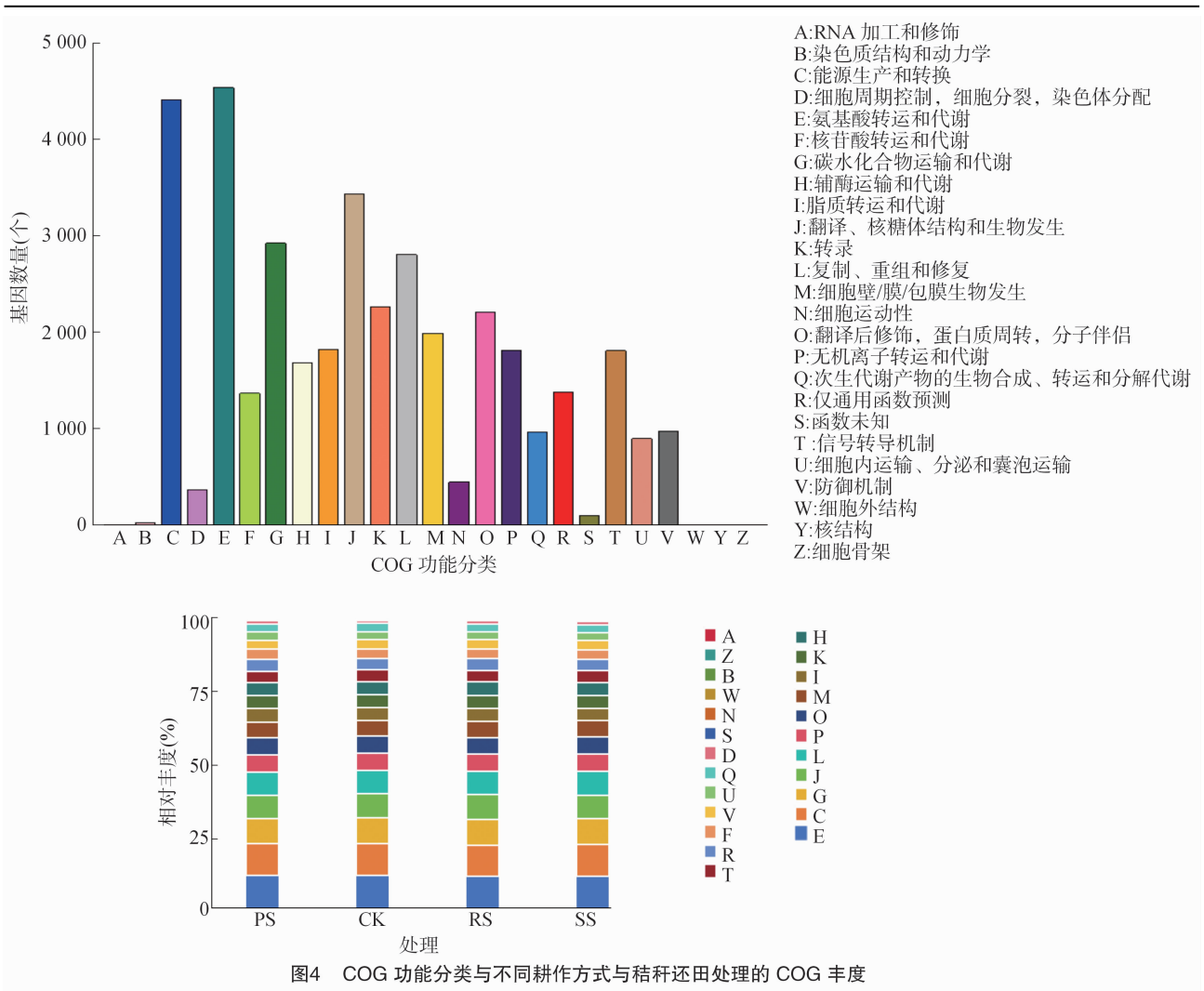


图4 COG 功能分类与不同耕作方式与秸秆还田处理的 COG 丰度

糖基转移酶(GT)、多糖裂解酶(PL)、碳水化合物酯酶(CE)、碳水化合物结合模块(CBM)和辅助活动模块(AA)共六大类蛋白质家族。由图5可知,不同耕作方式与秸秆还田检测到 CAZy 功能分类的基因数共 101 245 个,其中最多的是 GH,其次为 GT,在 GH 中与 CK 相比,RS 处理的占比最高,为 40.37%,

PS、SS 处理占比分别为 39.68%、39.83%,RS 处理较 CK 提高了 2.67 个百分点。在 GTs 中 CK 占比最高,为 28.80%,其次是 RS、PS、SS 处理,占比分别为 28.26%、28.12%、28.10%。

2.5.3 KEGG 功能注释 为深入了解不同耕作方式与秸秆还田在相同的土壤环境条件下微生物群

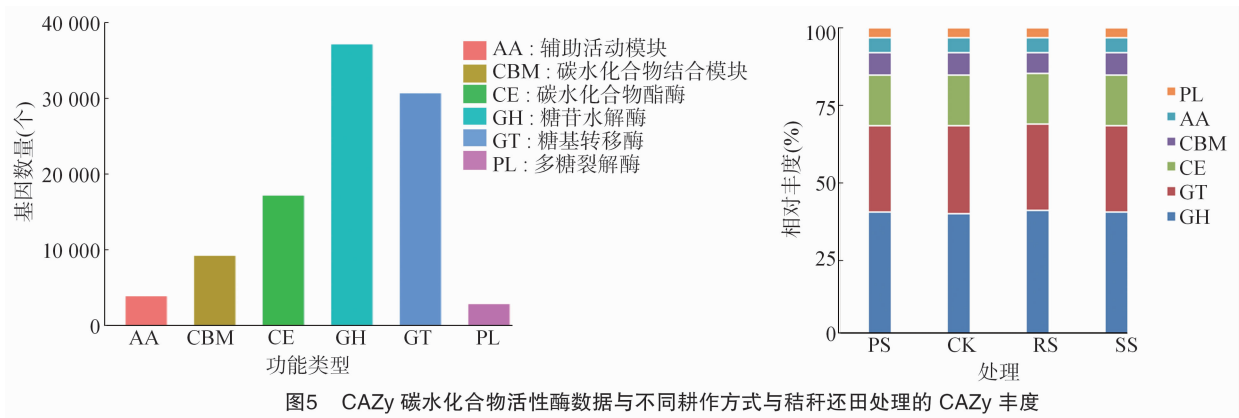


图5 CAZy 碳水化合物活性酶数据与不同耕作方式与秸秆还田处理的 CAZy 丰度

落在功能分布上的差异,运用京都基因和基因组百科全书(KEGG)数据库进行功能注释,KEGG 是基因组研究方面的公共数据库^[19]。在 PS、SS、RS 处理中,3 种耕作方式中富集微生物的功能有碳水化合物代谢(carbohydrate metabolism)、氨基酸代谢(amino acid metabolism)、信号转导(signal transduction)、膜运输(membrane transport)、脂质代

谢(lipid metabolism)、其他氨基酸代谢(metabolism of other amino acids);CK 中富集微生物的功能有核苷酸代谢(nucleotide metabolism)、辅因子和维生素的代谢(metabolism of cofactors and vitamins),说明 PS、SS、RS 耕作措施更容易富集与大多数代谢功能相关的微生物(图 6)。

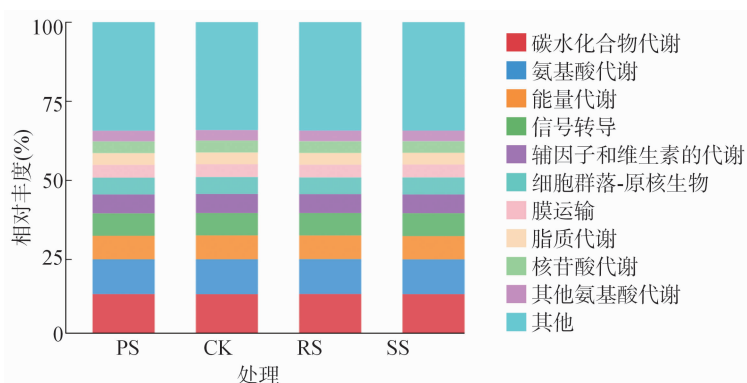


图6 不同耕作方式与秸秆还田 KEGG 功能注释在 level2 上的丰度百分比

3 讨论

3.1 不同耕作方式与秸秆还田对马铃薯根际土壤微生物群落丰度的影响

在高寒黑土区为更深入地认识不同耕作措施下马铃薯根际土壤微生物群落的变化情况,采用宏基因组测序方法,分析土壤微生物群落及功能。微生物群落与土壤环境之间有密切的互动关系,土壤环境的改变对微生物群落结构造成一定的影响,反过来微生物也通过生物过程对土壤进行反馈^[20]。Krona 注释得出,微生物中细菌占比最多。非冗余基因数目分析得出,SS、RS、PS 处理的基因数均高于 CK,其中 SS 处理基因数量最多。不同耕作方式 + 秸秆还田增加了微生物的数量,对微生物的数量具有促进作用。在土壤生态系统中,微生物的数量和所占比例被视为评估农田品质的关键指标之一^[21]。土壤中微生物的多样性及丰富程度能够反映土壤肥力水平与土壤微生物代谢功能^[22]。土壤微生物的相对丰度能够反映出微生物活性和土壤质量,不同耕作方式与秸秆还田处理的微生物群落在门水平上以变形菌门、放线菌门的相对丰度最高,并且以 PS 处理的占比最高。王宁等的研究表明,秸秆还田可以增加土壤中变形菌门的相对丰度^[23]。有研究指出,变形菌门可以加速植物生长发育^[24],在养分丰富的土壤中常见放线菌门的存在,同时变形

菌门与放线菌门两者存在相似性,例如能够分解有机物、抑制植物根际病原菌生长^[25]。SS、RS、PS 这 3 个处理中酸杆菌门、拟杆菌门均高于 CK。酸杆菌门拥有众多功能,包括分解植物的残留多聚物、参与铁的循环、具备光合作用以及参与单一碳水化合物的代谢过程^[26]。

在属水平上鞘氨醇单胞菌属、链霉菌属的相对丰度最高,在 RS 处理中丰度明显增加。鞘氨醇单胞菌在修复环境与农业发展方面有很高的实用价值,某些鞘氨醇单胞菌拥有使植物快速生长与增加植物抗逆性的功能,鞘氨醇单胞菌属是最重要的微生物资源之一^[27-28]。而链霉菌属是最高等的放线菌,含有发育较好的分枝菌丝。

3.2 不同耕作方式与秸秆还田对马铃薯根际土壤微生物功能注释的影响

不同耕作方式与秸秆还田处理的碳水化合物活性酶基因的六大蛋白功能模块[糖苷水解酶(GH)、糖基转移酶(GT)、多糖裂解酶(PL)、辅助氧化还原酶(AA)、碳水化合物结合模块(CBM)、碳水化合物酯酶(CE)]的相对丰度也有所不同。其中, GH 与 GT 占比最大。PS、SS 处理在 GH 中占比均高于 CK,其中 RS 占比最高,为 40.37%。GH 负责水解糖苷键,在寡糖、芳香基糖苷的合成、氨基酸和多肽的糖基化方面有重要影响^[29],而 GT 能够分解酸性多糖中糖苷键^[30]。同时 COG 功能注释结果表明,不同耕

作方式与秸秆还田,显著提高土壤氨基酸转运与代谢功能,并且氨基酸转运与代谢在 PS 处理中丰度最高,为 11.43%。KEGG 功能注释结果表明,碳水化合物代谢和氨基酸代谢占比最高。通过 KEGG 功能注释验证上述分析,结果与 COG 功能注释结果较一致。即碳水化合物、氨基酸代谢为主要功能。

4 结论

基于宏基因组测序得出,不同耕作方式与秸秆还田处理的微生物以细菌为主,非冗余基因数目以 SS 处理基因数量最多。与 CK 相比,不同处理在门、属水平上均有不同程度的提高,PS 处理在门水平上以变形菌门与放线菌门的相对丰度占比最高,RS 处理在属水平上鞘氨醇单胞菌属与链霉菌属相对丰度占比最高,功能注释结果表明,不同耕作方式与秸秆还田处理增强了根际土壤碳水化合物和氨基酸转运与代谢功能。

参考文献:

- [1] Chen K, Pachter L. Bioinformatics for whole - genome shotgun sequencing of microbial communities [J]. *PLoS Computational Biology*, 2005, 1 (2): 106 - 112.
- [2] Coleman D C, Crossley D A, Hendrix P F. *Fundamentals of soil ecology* [M]. London: Academic Press, 1996.
- [3] Konopka A, Oliver L, Turco J. The use of carbon substrate utilization patterns in environmental and ecological microbiology [J]. *Microbial Ecology*, 1998, 35 (2): 103 - 115.
- [4] Pankhurst C E, Ophel - Keller K, Doube B M, et al. Biodiversity of soil microbial communities in agricultural systems [J]. *Biodiversity and Conservation*, 1996, 5 (2): 197 - 209.
- [5] 曲云柯. 盐碱农田土壤酶活性和微生物代谢多样性对碳组分变化的综合作用研究 [D]. 长春: 吉林大学, 2022.
- [6] 孟品品, 刘 星, 邱慧珍, 等. 连作马铃薯根际土壤真菌种群结构及其生物效应 [J]. *应用生态学报*, 2012, 23 (11): 3079 - 3086.
- [7] 李 航, 董 涛, 王明元. 生物炭对香蕉苗根际土壤微生物群落与代谢活性的影响 [J]. *微生物学杂志*, 2016, 36 (1): 42 - 48.
- [8] 廖晓勇, 姚启星, 万小铭, 等. 黑土粮仓全域定制模式的理论基础与技术路径 [J]. *地理学报*, 2022, 77 (7): 1634 - 1649.
- [9] 郑子凡, 于佳乐, 聂虎帅, 等. 干旱胁迫对 18 个马铃薯品种生理特性的影响 [J]. *中国马铃薯*, 2023, 37 (4): 306 - 319.
- [10] 屈冬玉, 谢开云, 金黎平, 等. 中国马铃薯产业发展与食物安全 [J]. *中国农业科学*, 2005, 38 (2): 358 - 362.
- [11] Nyamadzawo G, Nyamangara J, Nyamugafata P, et al. Soil microbial biomass and mineralization of aggregate protected carbon in fallow - maize systems under conventional and no - tillage in Central Zimbabwe [J]. *Soil and Tillage Research*, 2009, 102 (1): 151 - 157.
- [12] 刘红杰, 刁向银, 刘朝科, 等. 深翻耕和连作对植烟土壤养分及其生物活性的影响 [J]. *福建农业学报*, 2011, 26 (2): 298 - 303.
- [13] 蔡晓布, 钱 成, 张 元, 等. 西藏中部地区退化土壤秸秆还田的微生物变化特征及其影响 [J]. *应用生态学报*, 2004, 15 (3): 463 - 468.
- [14] 吴其聪, 张丛志, 张佳宝, 等. 不同施肥及秸秆还田对潮土有机质及其组分的影响 [J]. *土壤*, 2015, 47 (6): 1034 - 1039.
- [15] Richards L E, Jolliffe I T. Principal component analysis [J]. *Journal of Marketing Research*, 1988, 24 (4): 410.
- [16] Tatusov R L, Fedorova N D, Jackson J D, et al. The COG database: an updated version includes eukaryotes [J]. *BMC Bioinformatics*, 2003, 4 (1): 41.
- [17] Jensen L J, Julien P, Kuhn M, et al. eggNOG: automated construction and annotation of orthologous groups of genes [J]. *Nucleic Acids Research*, 2008, 36: 250 - 254.
- [18] Lombard V, Ramulu H G, Drula E, et al. The carbohydrate - active enzymes database (CAZy) in 2013 [J]. *Nucleic acids research*, 2014, 42 (1): 490 - 495.
- [19] Kanehisa M, Goto S. KEGG: Kyoto encyclopedia of genes and genomes [J]. *Nucleic Acids Research*, 2000, 28 (1): 27 - 30.
- [20] 宋书会, 焦 静, 李普旺, 等. 热带典型有机物料对砖红壤理化性质及微生物群落结构的影响 [J]. *热带作物学报*, 2023, 44 (4): 834 - 845.
- [21] 周玉祥, 宋子岭, 孔 涛, 等. 不同秸秆生物炭对露天煤矿排土场土壤微生物数量和酶活性的影响 [J]. *环境化学*, 2017, 36 (1): 106 - 113.
- [22] 刘京京, 陈学文, 梁爱珍, 等. 微生物肥料及其对黑土旱田作物应用的效果 [J]. *土壤与作物*, 2023, 12 (2): 179 - 195.
- [23] 王 宁, 罗佳琳, 赵亚慧, 等. 不同麦秸还田模式对稻田土壤微生物活性和微生物群落组成的影响 [J]. *农业环境科学学报*, 2020, 39 (1): 125 - 133.
- [24] Mendes R, Garbeva P, Raaijmakers J M. The rhizosphere microbiome: significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms [J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2013, 37 (5): 634 - 663.
- [25] Yang Y, Wang N, Guo X Y, et al. Comparative analysis of bacterial community structure in the rhizosphere of maize by high - throughput pyrosequencing [J]. *PLoS One*, 2017, 12 (5): e0178425.
- [26] 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展 [J]. *生物技术通报*, 2016, 32 (2): 14 - 20.
- [27] 吕 博, 丁 亮, 过 聪, 等. 复合微生物肥对棉田土壤养分及根际细菌群落的影响 [J]. *作物杂志*, 2024 (4): 209 - 215.
- [28] 李俊逸, 刘福翠, 矣晓翠, 等. 马铃薯块茎蛾取食胁迫对马铃薯根际细菌群落结构与多样性的影响 [J]. *南方农业学报*, 2023, 54 (12): 3599 - 3609.
- [29] 夏亚男, 双 全. 基于宏基因组技术分析固态发酵枣酒酒醅的微生物多样性及关键风味基因 [J]. *食品科学*, 2022, 43 (2): 192 - 198.
- [30] 宋 宇, 王 鹏, 韦月平. 基于宏基因组测序的稻蟹共作稻田根际土壤微生物群落功能分析 [J]. *西北农业学报*, 2023, 32 (9): 1466 - 1475.