DOI: 10.20103/j.stxb.202502230377
徐程,董军林,邱小琮,韩增玉,魏泽宇, 杨涓.稻蟹共作土-水细菌群落结构特征及构建机制.生态学报,2026,46(2):861-875.
Xu C, Dong J L, Qiu X C, Han Z Y, Wei Z Y, Yang J.The investigation of soil-water bacterial communities′ structural traits and building processes in co-culture systems of rice and crab.Acta Ecologica Sinica,2026,46(2):861-875.

稻蟹共作土-水细菌群落结构特征及构建机制

徐 程[1],董军林[1],邱小琮[2,*],韩增玉[3],魏泽宇[1], 杨 涓[2]
1 宁夏大学土木与水利工程学院, 银川 750021
2 宁夏大学生命科学学院, 银川 750021
3 宁夏回族自治区生态环境监测中心, 银川 750000

摘要:稻蟹共作是一种结合水稻种植与河蟹养殖的生态农业模式,其细菌群落对生态系统功能和生产力具有重要作用。研究样品采集工作在 2022 年 4 月至 8 月进行,利用高通量测序技术进行测序并使用组学技术析稻田土壤和水体样本的细菌群落结构,并结合非度量多维尺度分析方法、β 多样性分解、群落生态学模型和冗余分析(RDA),探讨细菌群落的共存模式及其组装过程。结果表明,稻蟹共作土壤细菌群落的丰富度和多样性高于水体细菌;变形菌门(Proteobacteria)为土壤和水体相对丰度最高的菌门。细菌群落 β 多样性分解表明土壤和水体细菌群落均以周转过程为主导。基于中性模型(NCM)分析显示,水体细菌群落迁移依赖性较强,随机性过程增强。水体细菌群落 NCM 模型 R^2 值分别为 0.619、0.629 和 0.633,土壤群落 R^2 值分别为 0.638、0.569 和 0.424。RDA 分析表明,水体细菌相对丰度主要与水温、高锰酸盐指数、碱度、硝氮和电导率相关,土壤细菌丰度与有效磷、pH、全钾、氨氮和总磷相关。研究揭示了稻蟹共作系统中土水细菌群落的构建机制,为优化管理及其在西北地区推广提供一定科学依据。

关键词:稻蟹共作;细菌群落;中性模型;群落构建机制

The investigation of soil-water bacterial communities′ structural traits and building processes in co-culture systems of rice and crab

XU Cheng[1], DONG Junlin[1], QIU Xiaocong[2,*], HAN Zengyu[3], WEI Zeyu[1], YANG Juan[2]
1 *School of Civil and Hydraulic Engineering, Ningxia University, Yinchuan* 750021, *China*
2 *School of Life Science, Ningxia University, Yinchuan* 750021, *China*
3 *Ningxia Environment Monitoring Center, Yinchuan* 750000, *China*

Abstract: Bacterial communities are crucial to the productivity and ecosystem services of rice-crab co-culture, an ecological agricultural strategy that blends rice and crab farming. The study′s sample was gathered between April and August of 2022. The bacterial community structure in soil and water samples from the paddy field was examined tilizing omics approaches and high-throughput sequencing technologies. To investigate the bacterial communities′ coexistence patterns and assembly processes, a combination of non-metric multidimensional scaling (NMDS), β-diversity decomposition, community ecology models, and redundancy analysis (RDA) was employed. Proteobacteria were the most prevalent phylum in both soil and water, according to the results, which also demonstrated that the soil bacterial community was more diverse and rich than the water bacterial community. The bacterial communities′ β-diversity decomposition revealed that turnover mechanisms were predominant in both soil and water. Water bacterial communities showed a greater reliance on migration, with more noticeable stochastic processes, according to the neutral community model (NCM). The NCM model yielded R^2 values of

基金项目:国家重点研发计划项目(2021YFD1900603-03);宁夏高等学校一流学科建设(水利工程)项目(NXYLXK2021A03)
收稿日期:2025-02-23; **网络出版日期**:2025-10-14
* 通讯作者 Corresponding author.E-mail: qiu_xc@nxu.edu.cn

0.619, 0.629, and 0.633 for bacterial communities in water and 0.638, 0.569, and 0.424 for bacterial communities in soil. According to RDA analysis, the relative abundance of soil bacteria was correlated with available phosphorus (AP), Ph, total potassium (TK), ammonia nitrogen (NH_4^+-N), and total phosphorus (TP), whereas the relative abundance of water bacteria was primarily correlated with water temperature (WT), chemical oxygen demand (COD_{Mn}), alkalinity (ALK), nitrate nitrogen (NO_3-N), and electrical conductivity (EC). This work offers scientific proof for improving management and encouraging its adoption in the northwest by illuminating the principles behind the formation of soil and water bacterial populations in rice-crab co-culture systems.

Key Words: rice crab co-cultivation; bacterial community; neutral model; community building mechanism

稻蟹共作系统是一种集水稻种植与螃蟹养殖为一体的生态农业模式,在促进农田经济效益[1],同时有助于提升农业生态系统的稳定性和可持续性[2]。近年来,稻蟹共作模式在农田生态系统中受到广泛关注,研究表明这一模式不仅有效改善了土壤结构[3]、提升水质[4—5],还促进了微生物群落的多样性[6—8],形成了复杂的土-水生态系统。在这种系统中,微生物细菌群落作为生态系统功能的核心驱动力,其结构和共存模式直接影响到稻田的养分循环、病害控制及生态健康[9]。李伟晶等[10]研究表明,河蟹的引入改变了水-土界面细菌群落组成,降低了水中细菌网络复杂度与稳定性,提升了土壤细菌网络复杂度与稳定性。刘金雨等[11]研究表明:稻-蟹共作和稻-蟹/鳅共作能够在一定程度上改变寒区稻田的土壤细菌群落结构,增加土壤细菌的丰富度和多样性。因此,探究稻蟹共作土-水细菌群落的共存模式及其生态随机性,对于优化农业生产和生态系统管理具有重要意义[12—13]。

在稻蟹共作系统中,水稻和螃蟹的交互作用导致了土壤和水体环境的动态变化,形成了多维的生态位梯度。这种复杂的生态环境为多样化的细菌群落提供了栖息地和资源,同时也引入了显著的生态随机性[14—15]。随机性过程(中性过程)是驱动微生物群落构建的关键机制之一[16—17],其通过扩散限制、随机出生-死亡事件等中性过程不仅显著影响微生物群落的物种组成多样性[18—19],还在特定条件下促进了群落的功能多样化和稳定性[20]。尽管已有研究关注稻蟹共作系统中的微生物多样性,但对细菌群落的共存机制和随机性影响的系统研究仍较为匮乏。

本研究旨在揭示宁夏引黄灌区稻蟹共作土-水中土壤和水体微生物群落的共存模式及其生态随机性。通过分析水稻播种期(4 月底)、拔节孕穗期(6 月底)和灌浆成熟期(8 月底)土-水细菌群落结构特征,结合生态随机性理论,阐明稻蟹共作土-水中细菌群落的形成机制与稳定性。为稻蟹共作土-水系统的细菌生态研究提供一定的理论支持,以及稻蟹共作种养模式在西北地区推广提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 实验设计

试验基地位于宁夏贺兰县,稻田种植秋优 88 水稻,养殖江苏金源江蟹。水稻播种量为 262.5 kg/hm^2,蟹投放量为 225 kg/hm^2,种植初期施用水稻专用复合肥施可丰 17-18-19,施肥量为 525 kg/hm^2[21]。后期所有稻蟹田的施肥量和灌溉用水都按统一的定额实施,保证土壤每亩施肥量和灌溉水量相同。

1.2 样品采集

选取宁夏回族自治区引黄灌区贺兰县常信乡光明村稻蟹共作-精养鱼塘的 11 块稻蟹田为研究对象。土-水体系中水体和土壤样品采集工作在 2022 年 4 月至 8 月进行,在同一采样点位分别进行水体与土壤样品地采取,水体和土壤采样均采用 5 点采样法并将五份样品混合形成本试验田的一个样品。每个样点采集表层(0—5 cm)约 1 L 水样,置于灭菌聚丙烯瓶中。实验室中将样品均分,一份取 300 mL 通过经酒精灭菌的滤瓶,使用 0.22 μm 孔径聚碳酸酯滤膜过滤,滤膜转入 1.5 mL 灭菌离心管,存于-80℃,用于后续 16S rRNA 基因分

析[22]。土样用抓斗式采泥器采取 0—5 cm 的表层土壤样品,将样品充分混合后分成两份,1 份样品放入冻封管中-80℃冷冻保存细菌 16S rRNA 高通量测序,1 份经自然风干后粉碎过 100 目筛,用于测定理化指标。水体理化指标和营养元素指标共检测 16 种,分别为:水温(WT)、pH 、溶解氧(DO)、叶绿素 a(Chl. a)、总磷(TP)、总氮(TN)、氨氮(NH_3-N)、硝氮(NO_3-N)、亚硝氮(NO_2-N)、碱度(ALK)、电导率(EC)、盐度(SAL)、总固体溶解物(TDS)、高锰酸盐指数(COD_{Mn})和正磷酸盐(PO_4-P)。土壤理化指标和营养元素指标共检测 9 种: pH、TDS、TN、铵氮(NH_4^+-N)、NO_3-N、TP、有效磷(AP)、TK 和有机质(SOM)。土-水理化性质指标测定方法参考《稻渔复合系统土水环境营养元素运移研究》[23]。

1.3　DNA 提取与高通量测序技术分析

使用 NucleoSpin 96 soi(MACHEREY-NAGEL,Germany)提取样品 DNA[24]。338F(5′-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3′)和 806R(5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3′)作为引物集对 16S(V3+V4)区域进行 PCR 扩增[25]。扩增产物按等摩尔比混合,使用 Monarch DNA 凝胶提取试剂盒(new england biolabs,MA,USA)纯化,并用于高通量测序[26]。配对后的 reads 使用 FLASH(version 1.2.11)连接[27],合并后的 reads 使用 QIIME 1.9.1[28]处理。在用 Cutadapt(version 1.9.1)[29]检测和裁剪引物序列之前,用 Trimmomatic(version 0.33)[30]对原始序列进行去噪、排序和分离。将嵌合物 UCHIME(version 8.1)[31]过滤后,剩余序列用 USEARCH(version 10.0)[32]聚类成 OTUs(>97%序列相似度),OTUs 的阈值为所有序列计数[33]的 0.005%。使用 Silva 参考数据库[34]确定每个 OTU 代表性序列的分类特性。

1.4　数据分析与制图

使用 Excel 2021 和 SPSS 27.0 对理化指标数据和土壤微生物丰度数据统计整理,采用单因素 ANOVA 检验方法进行显著性分析。利用 Mothur(version 1.3.0)[35]计算 α 多样性。利用 Origin 2022 绘制柱形堆积图。使用 R 语言 vegan 包和 ANOSIM 包进行细菌群落结构组成的 ANOSIM 分析,采用 NMDS 基于 OTUs 水平研究细菌群落组成的相似性或差异性,R 语言绘制 NMDS 分析图[36],采用 betapart 包进行 beta 多样性分解[37]。通过 NCM 评估随机过程对土壤微生物群落构建过程的相对重要性[38]。使用 CANOCO 5.0 进行冗余分析(RDA)[39],以及基于冗余距离的冗余分析(RDA)rdacca.hp 包[40]进行土-水系统理化指标对细菌群落组成相对重要性分析。

2　结果与分析

2.1　物种多样性指数与物理化学性质

根据土-水系统中不同月份的 Chao1、Faith_pd、Shannon 和 Simpson 指数变化,绘制了 α 多样性指数(图 1)。在稻蟹共作土-水系统中,4、6、8 月份土壤细菌对应的 Chao1 指数、Faith_pd 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数的均值都高于水体细菌,同时水体的 Chao1 指数和 Faith_pd 指数标准差小于土壤细菌,但 Shannon 指数和 Simpson 指数的标准差大于土壤细菌。通过土-水系统中 Chao1 指数、Faith_pd 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数的差异表明:土壤中的细菌群落具有更高的物种丰富度、系统发育多样性、均匀度和总体多样性。这可能是由于土壤提供了更为稳定和多样的生态环境,包括更丰富的有机物、复杂的物理结构和更多的栖息空间,而水体的环境更为动态和易变,受到外界因素的影响较大,从而限制了其微生物群落的多样性和稳定性。

对稻蟹共作土-水中水体与土壤细菌的 α 多样性指数与理化因子进行 Mantel test 相关性分析(图 2),结果表明:水体 16 组理化指标中,DO 和 SAL 仅与 pH 和 TK 无显著性差异,与其他指标都存在显著性差异,TK 与其他指标不存在显著性差异,而其他指标间均存在一定的显著性差异。土壤 9 组理化指标中,TP 仅与 TK 和 NO_3-N 不存在显著性差异,而 NO_3-N 与其他指标均不存在显著性差异,其他指标间均存在一定的显著性差异。水体细菌的 Chao1 指数与 WT、DO、ALK、SAL、TDS、NO_3-N、NO_2-N 和 PO_4-P 均存在显著性差异;Faith_pd 指数与 WT、DO、ALK、SAL、NO_3-N 和 COD_{Mn}均存在显著性差异;Shannon 指数仅与 ALK 存在显著性差异,而

Simpson 指数与 16 组理化指标均不存在显著性差异。同时相关性分析表明 WT 与四组 α 多样性指数均呈现负相关，pH、ALK、SAL、EC 和 NO_3-N 与四组 α 多样性指数均呈现正相关，而其他理化指标与四组 α 多样性指数呈现正/负相关性。土壤细菌的 Chao1 指数与 pH、TDS、TN、NH_4^+-N、NO_3-N、TP 和 AP 存在显著性差异；Faith_pd 指数与 TN、NO_3-N 和 SOM 存在显著性差异；Shannon 指数与 pH、TN、NH_4^+-N、NO_3-N、TP 和 AP 存在显著性差异；Simpson 指数与 NH_4^+-N 和 AP 存在显著性差异。9 组理化指标中，pH、NO_3-N 和 TK 与四组 α 多样性指数均呈现负相关，pH、TDS、TN、NH_4^+-N、NO_3-N、TP 和 AP 与四组 α 多样性指数均呈现正相关，仅 SOM 与 Chao1 指数和 Faith_pd 指数呈现负相关性，与 Shannon 指数和 Simpson 指数呈现正相关性。

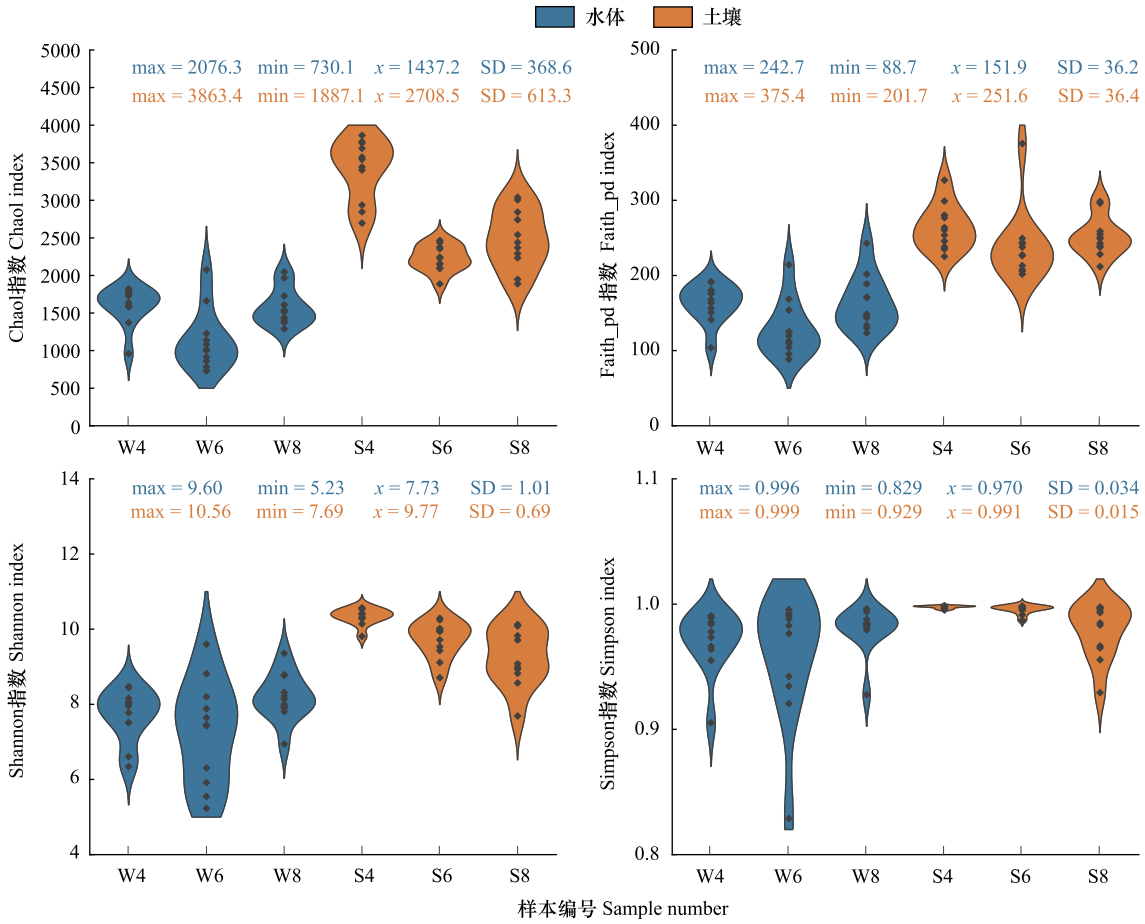

图 1 土-水不同月份细菌群落 α 多样性指数

Fig.1 Bacterial community α diversity index of the soil water system in different months

W：水体；S：土壤；4、6、8 表示对应月份

2.2 土-水细菌群落结构组成及结构特征

对稻蟹共作土-水中门水平细菌群落相对丰度前十菌门在不同月份丰度变化分析（图 3）。结果表明：水体中前十菌门相对丰度之和超过 95%，而土壤细菌中前十菌门相对丰度之和仅超过 80%。在土水系统中，水体与土壤细菌中相对丰度占比最高的菌门均为变形菌门（Proteobacteria），其中水体中相对丰度第二菌门为放线菌门（Actinobacteriota），而土壤中为拟杆菌门（Bacteroidetes）。水体中蓝细菌门（Cyanobacteria）和疣微菌门（Verrucomicrobiota）相对丰度高于土壤中细菌，而绿弯菌门（Chloroflexi）和脱硫杆菌门（Desulfobacterota）相对丰度占比低于土壤。总体上水体和土壤中相对丰度前十菌门在 4、6、8 月份的相对丰度占比存在差异，但总体上水体和土壤细菌中相对丰度前十菌门累积丰度占比变化较小，水体和土壤中相对丰度前十菌门占比分别在 97.1%—98.1%和 84.4%—87.3%。

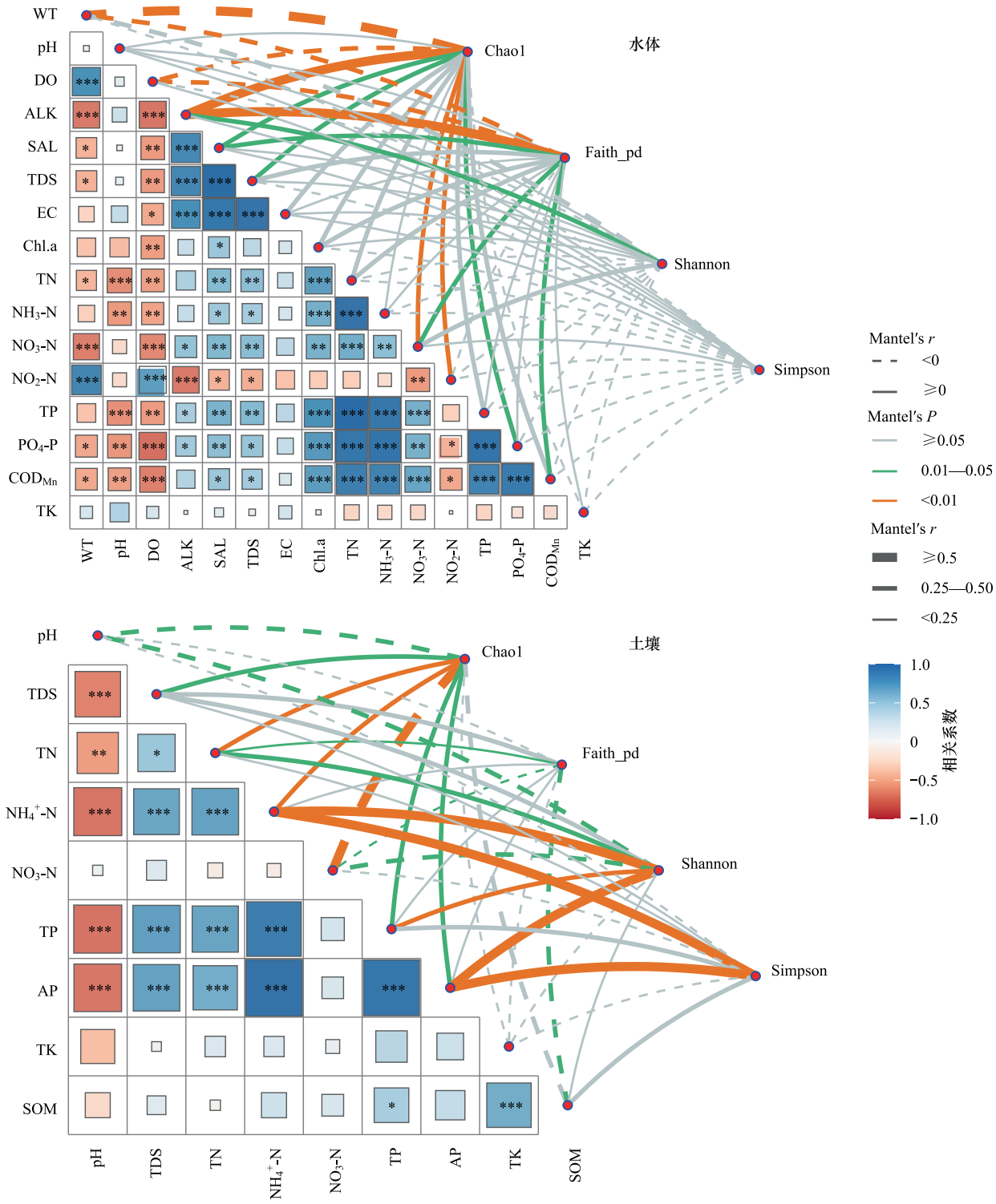

图 2　土-水细菌群落与理化因子的 Mantel test 分析

Fig.2　Mantel test analysis of bacterial community and physicochemical factors in soil-water system

WT:水温;DO:溶解氧;ALK:碱度;SAL:盐度;TDS:总固体溶解物;EC:电导率;Chl. a:叶绿素 a;TN:总氮;NH_3-N:氨氮;NO_3-N:硝氮;NO_2-N:亚硝氮;TP:总磷;PO_4-P:正磷酸盐;COD_{Mn}:高锰酸盐指数;TK:总钾;NH_4^+-N:铵氮;AP:有效磷;SOM:有机质

利用 NMDS 方法评估不同月份土-水系统细菌群落的相似性(图 3),由图 3 可知,ANOSIM 统计检验显示,水体细菌群落的组成存在有显著差异(应力值 $S=0.101<0.2$,显著性 $P=0.001$, ANOSIM 统计量 $R=0.951$)。由 NMDS 可知不同月份对细菌群落结构差异影响较大;土壤细菌群落的组成也存在有显著差异($S=0.182<0.2$,

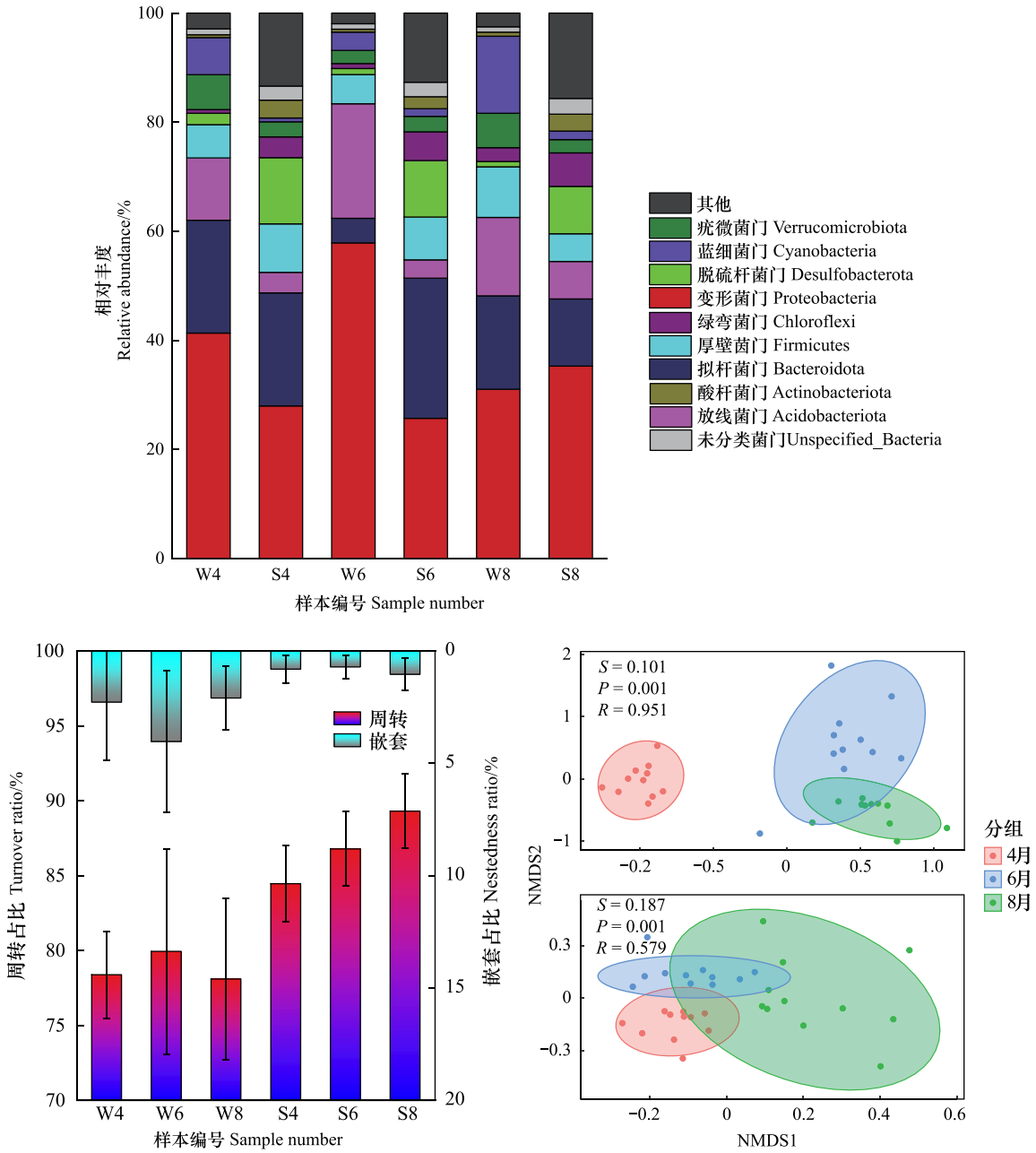

图 3 细菌群落结构与分布、细菌 β 多样性分解和土-水细菌群落结构的 NMDS 分析

Fig.3 NMDS analysis of bacterial community structure and distribution, decomposition of bacterial beta diversity, and soil-water bacterial community structure

S 为应力值、*P* 为显著性 *P* 值、*R* 为 ANOSIM 统计量 *R* 值

P=0.001,*R*=0.579)。通过水体与土壤细菌 OTU 的进行 NMDS 分析表明:水体细菌群落结构在 NMDS 分析中显示出较高的稳定性和拟合度(低 *S* 值和高 *R* 值),群落间的差异明显且易于区分;土壤细菌群落结构可能较为复杂或变异较大(较高的 *S* 值和较低的 *R* 值),这导致了其低维空间表示的失真较大,并且群落间的差异较难区分。

进一步通过 betapart 包将土-水中水体和土壤细菌群落 4、6、8 月份 β 多样性分解(图 3)。β 多样性值的大小反映菌群物种组成的差异,β 值越大,物种差异越大。由图 3 可知:土壤细菌群落的 β 值远大于水体细菌群落,土-水系统中周转占主导地位(>85%),土壤细菌群落的周转高于水体细菌群落,而水体细菌群落的嵌套高于土壤细菌群落。水体细菌群落中周转和嵌套值在 4、6、8 月都呈现先升高后降低,土壤细菌群落周转在

4、6、8 月份一直呈现上升趋势,嵌套则是先降低后升高,且水体细菌群落在 4、6、8 月份中周转和嵌套的标准差都高于土壤细菌群落,表明土壤细菌群落的周转和嵌套在数值上更稳定。

2.3　稻蟹共作土-水中微生物细菌群落生态随机性过程

稻蟹共作土-水中微生物群落生态随机性过程模拟(图 4),水体细菌群落 NCM 中性模型模拟的 4 月、6 月和 8 月的 R^2 值分别为 0.619、0.629 和 0.633,而 N_m值分别为 1175、1015 和 1233。这表明,尽管物种迁移速率(N_m值)存在季节性波动,群落结构的拟合度(R^2 值)在逐月有所上升。8 月的高 N_m值和相对较高的 R^2 值表明物种迁移频繁且更符合模型预测,群落结构也更加稳定和一致。而 6 月的低 N_m值可能表明该月物种迁移受到环境因素的限制,但群落结构仍保持较好的拟合度,暗示该时段群落可能具有较高的内在稳定性。整体来看,R^2 值的轻微上升与物种迁移的波动反映了环境变化和迁移模式对群落结构的影响。在土壤细菌群落 NCM 中性模型模拟中,4 月、6 月和 8 月的 R^2 值分别为 0.638、0.569 和 0.424,N_m值分别为 1880、1110 和 1121。

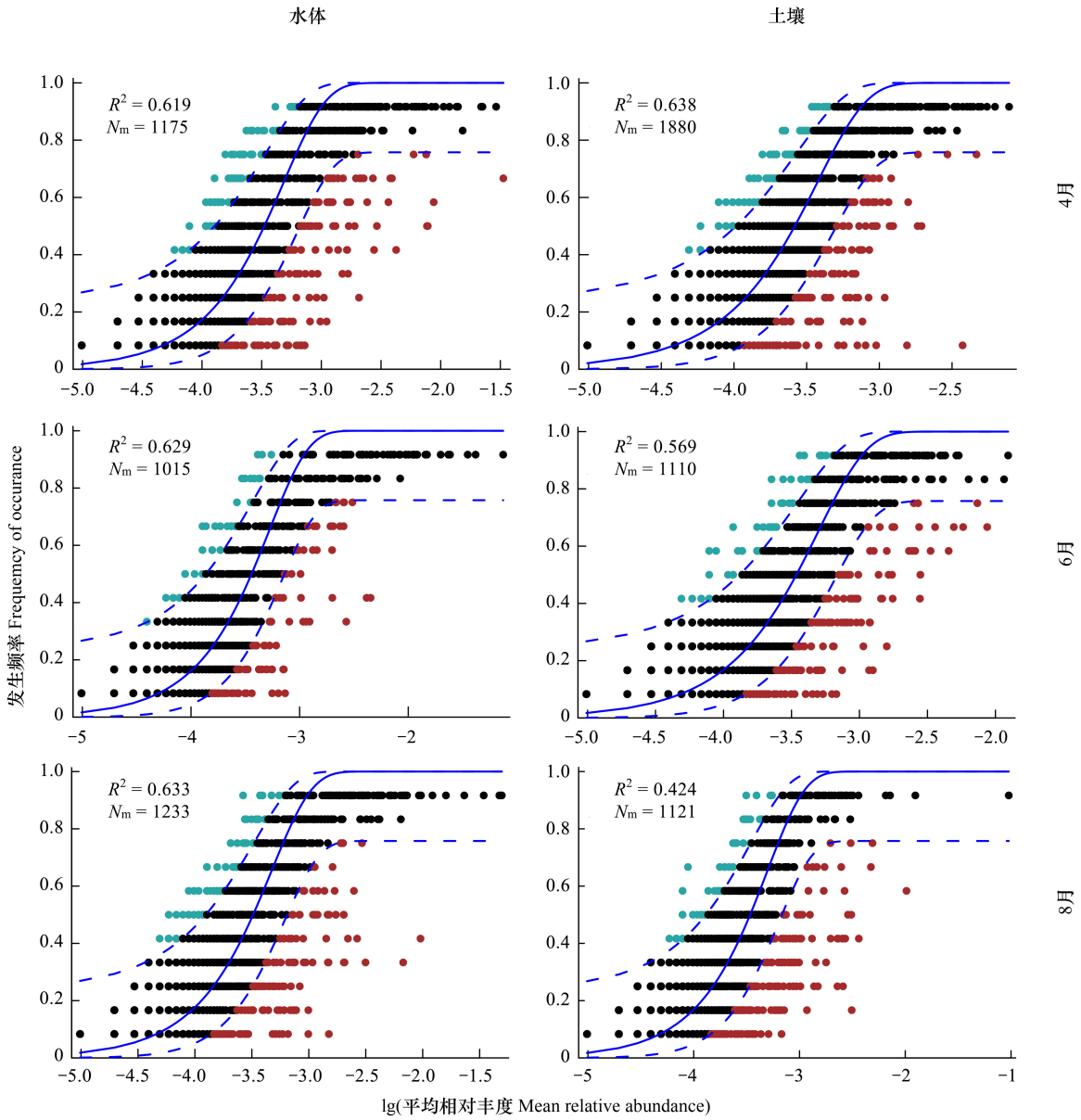

图 4　不同月份土-水中水体和土壤中性群落模型(NCM)评价的细菌群落的构建过程

Fig.4　The construction process of bacterial communities evaluated by soil-water bodies and soil neutral community models (NCM) in different months

Nm: 物种迁移速率

这表明,随着时间的推移,群落的动态逐渐偏离了中性模型的假设。4 月的较高 R^2 值和 N_m 值表明物种迁移较为频繁,群落结构较为简单,能够较好地符合 NCM 模型。然而,随着 6 月和 8 月的到来,物种迁移速率下降(N_m 值减少),且群落结构的复杂性增加(R^2 值下降),这可能反映了环境变化或物种间相互作用(如竞争和资源限制)的增强,导致群落不再仅通过迁移和随机过程来解释。因此,R^2 值的逐渐下降与 N_m 值的减少表明,群落的结构和动态变得更加复杂,模型的拟合度逐渐降低。

2.4 稻蟹共作土-水中细菌群落与水理化因子的相关关系

2.4.1 优势菌门与环境因子 RDA 分析

为了探究稻蟹共作土-水中水体优势菌门与水体环境因子的关系以及土壤中优势菌门与土壤环境因子间的关系,采用 RDA 分析(图 5)。RDA 分析表明:影响水体优势菌门前五因子依次为:WT、COD、ALK、NO_3-N 和 EC。其余变量(如电导率、硝酸盐氮、叶绿素 a 等)对群落的解释力较小,说明它们与群落结构的关联较弱。土壤细菌群落 RDA 分析表明:在 RDA 分析中,第一和第二坐标轴分别解释了 18.08%和 3.65%的变异,总共只解释了 21.73%的群落结构变异。这表明 RDA 模型中所包含的环境变量对群落变异的解释力较为有限。第一坐标轴虽为主轴,但仅解释 18.08%的变异,说明其代表的环境因素对群落结构的影响相对较弱。第二坐

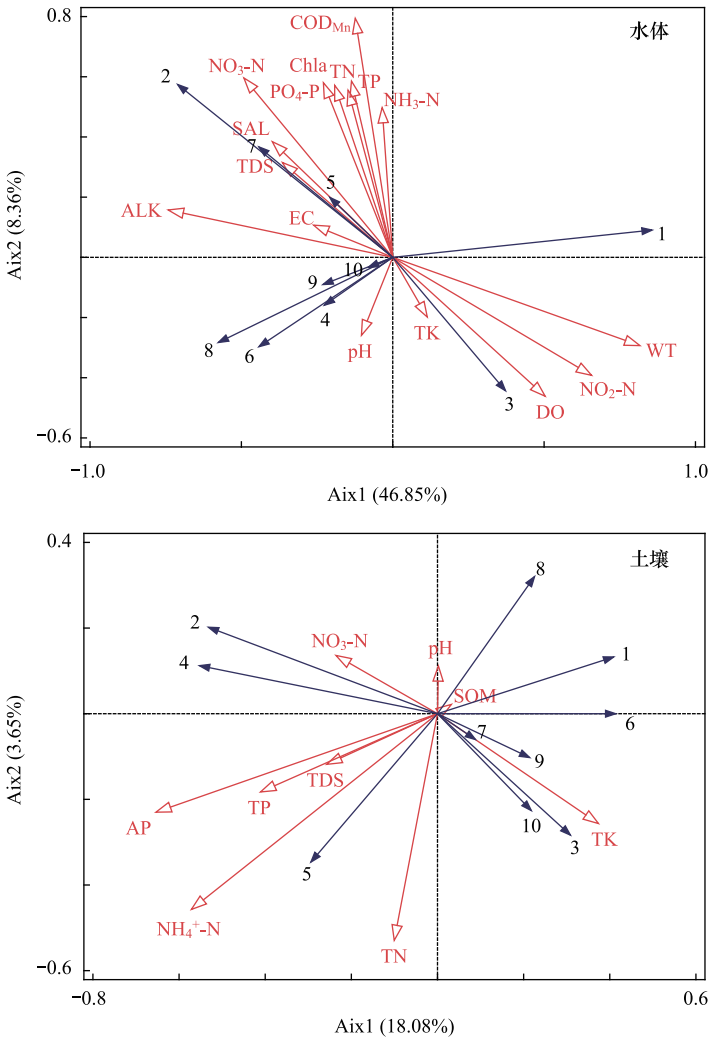

图 5 理化因子与土-水中细菌群落组成(门水平)RDA 分析

Fig.5 RDA analysis of physicochemical factors and soil-water bacterial community composition (phylum level)

1. 变形菌门 Proteobacteria;2. 拟杆菌门 Bacteroidota;3. 放线菌门 Actinobacteriota;4. 厚壁菌门 Firmicutes;5. 脱硫杆菌门 Desulfobacterota;6. 绿弯菌门 Chloroflexi;7. 疣微菌门 Verrucomicrobiota;8. 蓝细菌门 Cyanobacteria;9. 酸杆菌门 Acidobacteriota;10. 未分类菌门 Unspecified_Bacteria

标轴解释力仅为 3.65%,表明其捕捉的次要因素对群落结构的影响也较小。两个坐标轴的解释度较低,意味着群落结构可能受到多个复杂因素的共同影响,而单一或少数环境变量不足以充分解释群落的主要变异。其中影响土壤优势菌门前五因子依次为:AP、pH、TK、NH_4^+-N 和 TP。AP 对群落结构的变异解释度达到 8.6%,贡献比例为 30.2%,AP 可能是影响群落结构的主要环境因子,而 pH、TK 等变量对群落结构的解释力较弱,起到次要或辅助作用。

2.4.2　rdacca 单个解释变量的相对重要性分析

RDA 分析解释了单个因子对土-水细菌群落结构的解释度,但各因子间存在相互协同作用对土-水细菌群落结构的影响。为了进一步探明因子间相互作用的解释度以及单个因子与各因子相互作用的总解释度,根据 RDA 分析结果选取水体和土壤主要对菌门影响较大的五个因子(WT、COD、ALK、NO_3-N 和 EC 以及土壤环境因子 AP、pH、TK、NH_4^+-N 和 TP) 采用 rdacca 分析(图 6)。结果表明对应 5 个指标的相对重要性排序依次为

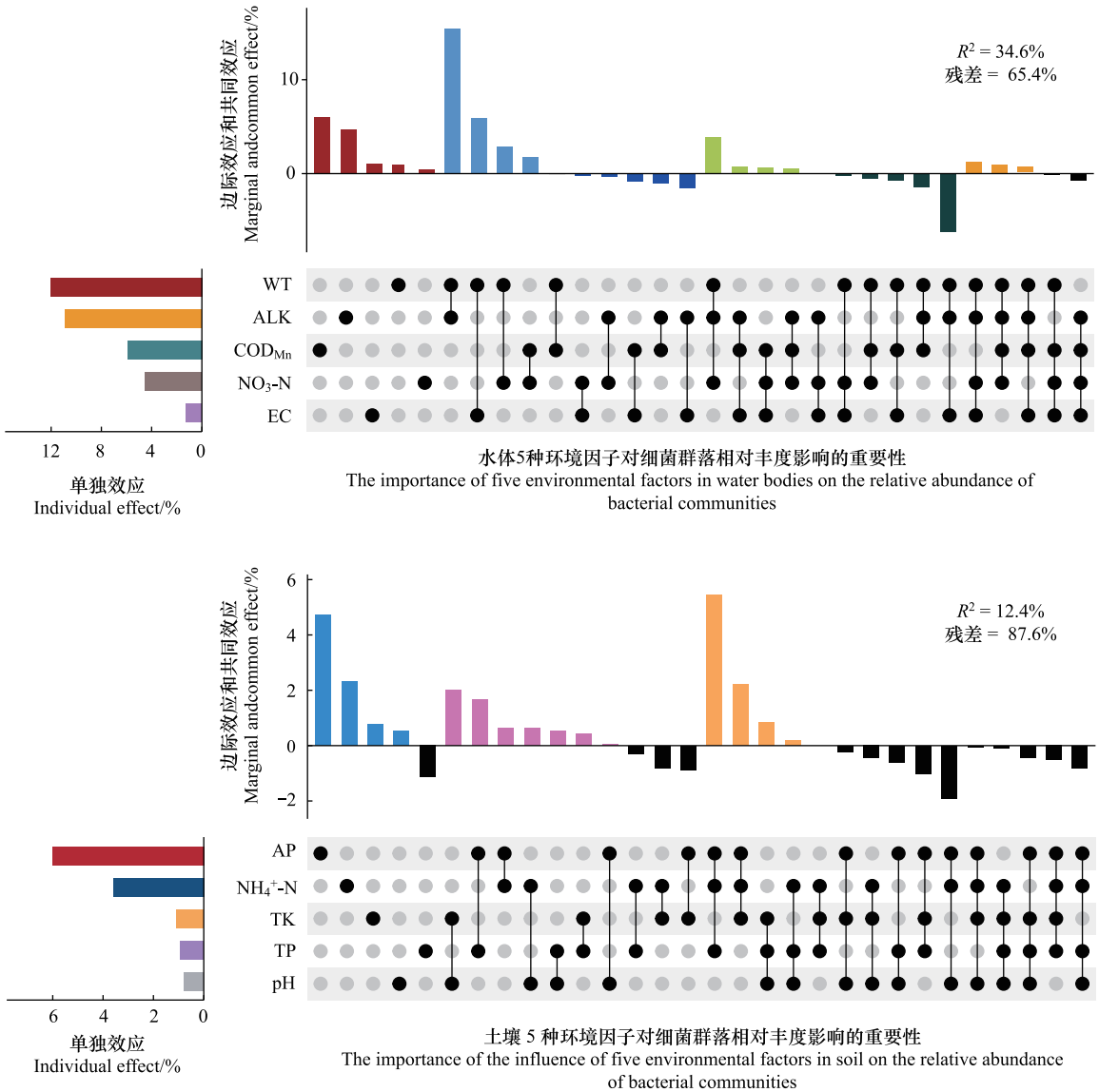

图 6　土-水中理化因子对细菌相对丰度影响的相对重要性

Fig.6　The relative importance of soil-water physicochemical factors on the relative abundance of bacteria

变差分解与层次分割分析结果通过 UpSet 图展示;右侧每行为一个理化因子,列中黑点表示边际效应,连线表示共同效应;上方柱状图显示各组分的变差解释百分比,左侧柱状图表示各因子的单独效应(来自层次分割),等于边际效应加共同效应的平均分配值

WT(12.05%)、ALK(10.9%)、COD(5.93%)、NO_3-N(4.51%)和 EC(1.25%)。指标间相互作用对细菌群落结构的影响表明:WT 和 ALK 共同对细菌群落结构解释度最大(15.48%)[22],其次分别为:WT、ALK 和 EC(-6.21%),WT 和 EC(5.89%)。基于 rdacca 分析表明所选 5 种理化因子可以解释 34.6%,WT 和 ALK 对细菌群落结构的影响较大。土壤 RDA 分析表明 5 个指标的相对重要性排序依次为 AP(6.02%)、NH_4^+-N(3.6%)、TK(1.09%)、TP(0.93%)和 pH(0.78%)。对应指标间相互作用对细菌群落结构的影响表明:AP、NH_4^+-N 和 TP 共同对细菌群落结构解释度最大(5.45%)[22],其次分别为:AP、NH_4^+-N 和 TK(2.21%),TK 和 pH(2.02%)。

3 讨论

3.1 细菌 α 多样性及环境因子分析

土壤细菌群落的 α 多样性指数(Chao1、Faith_pd、Shannon 和 Simpson)高于水体细菌群落,这可能与水体和土壤的生态环境、物理化学条件及微生物生长空间的不同有关。水体容易受到降雨、温度变化、气候季节性变化以及外部污染的影响,导致水质的时空变化,进而影响水体微生物群落结构[41]。这种波动限制了水体微生物群落的稳定性和多样性,尤其是在溶解氧和营养物质变化时,某些微生物可能面临不利生长条件,从而降低物种丰富度[42]。此外,水体经常受到外部干扰,如农业施肥、降雨和污染物等,这些因素可能导致水体富营养化,改变微生物群落结构,并降低群落的均匀性和多样性[43]。同时宋宇等[8]研究表明河蟹引入生物有机肥稻田后,增强了根际土壤碳水化合物酶活性和主要代谢通路活性,促进碳代谢及氮循环中的反硝化、硝酸盐还原和谷氨酸合成。土壤中丰富的有机物和养分能为细菌群落提供更多的营养和栖息空间,支持更高的物种丰富度[44]。土壤中的有机物质分解提供了持续的能量来源,有助于细菌群落的多样性和稳定性[45]。与水体相比,土壤中的有机物和养分供给较为稳定,外部干扰的影响较小,促进了微生物的生长和多样性。土壤的物理结构更为复杂,提供了更多微栖息地和屏障,有利于不同微生物种群的多样化和生物间的协同作用。土壤颗粒和孔隙为微生物提供了更多附着表面,有助于群落的形成和维持。在土壤中,细菌能够在有机质富集、低氧等不同微环境中生长,进一步促进了物种丰富度。

Mantel test 分析表明,DO 和 SAL 在与 pH 和 TK 之间没有显著相关性,但与其他理化指标有显著性。土壤的理化因子(如 pH、TP、TN、NH_4^+-N、SOM 等)与土壤细菌群落的 α 多样性显著相关,特别是 Chao1 指数与多项理化因子有显著性,如 pH、TDS、TN、NH_4^+-N、TP 和 AP。这表明土壤细菌群落的丰富度和系统发育多样性受到多种土壤理化因子的影响。土壤中的有机物质、氮磷营养源以及 pH 等影响了微生物的生长环境和物种形成,促进了群落多样性的提高[46]。然而,NO_3-N 和 TK 与 Chao1、Faith_pd、Shannon 和 Simpson 指数均无显著性[47],可能是稻田 NO_3-N 含量很低,而 TK 本身相对来说含量随时间变化不是很大,因此未能与群落多样性指数表现出显著性。

3.2 细菌群落组成及结构特征

在土壤和水体中,变形菌门(Proteobacteria)丰度均最高,这可能是因为变形菌门具有广泛的生态适应性,能够在不同的环境条件下生存[48]。水体中丰度第二高的菌门为放线菌门(Actinobacteriota),而土壤中则是拟杆菌门(Bacteroidetes)。放线菌门主要与分解有机物和病原微生物相关,在水体中可能因为其分解有机物和调节水质的能力而相对较为丰富[49]。拟杆菌门在土壤中较为丰富,通常参与有机物分解和土壤微生物群落的互作,因此在土壤中的丰度较高。水体中蓝细菌门和疣微菌门的丰度高于土壤,这与水体中蓝细菌广泛参与光合作用及其适应水体生态环境的能力有关。蓝细菌是水体中主要的初级生产者,能够进行光合作用,并通过固氮作用影响水体的营养循环[50]。疣微菌门在水体中的高丰度可能与其在水体中参与有机物分解、氮磷循环等过程有关,而土壤环境中则可能由于其他微生物的竞争和物理化学条件的差异,导致疣微菌门丰度较低。绿弯菌门和脱硫杆菌门在水体中的丰度低于土壤,这可能与两种环境中的物理化学条件及微生物生态功能的差异有关。有研究表明绿弯菌门在水位频繁变化的潮间带土壤含量较高[51—52]。而脱硫杆菌门在水体

中的低丰度可能与水体的硫还原环境及微生物群落结构的差异有关,土壤中由于硫循环活跃,脱硫杆菌门的丰度较高[53]。Zhu 等[54]对辽河引水区稻蟹共作细菌群落功能预测分析表明,稻蟹模式的水体和沉积物样本中甲烷营养功能增加,沉积物中氮固定和芳香族化合物降解功能也有所增强;相反,传统水稻单作模式水体中蓝藻(Cyanobacteria)丰度更高,需警惕其引发有害藻华的潜在风险。

水体细菌群落在 NMDS 图(图 3)中显示出较高的稳定性和拟合度(低 S 值和高 R 值),表明水体细菌群落的组成在不同月份之间存在显著差异,且各组之间的差异度较大。水体较易受到农业径流、污染物等外部因素的影响,这些因素可能导致水质变化,进而影响水体中的微生物群落结构[55]。季节性降水或施肥等农业活动可能导致水体中的营养物质波动,特别是在 6 月,这可能是水体中细菌群落差异最显著的时期[56]。对于土壤细菌群落(图 3),结果显示群落之间的差异较水体细菌群落不容易区分。这个现象可能是土壤中的物理、化学和生物因素比水体更加复杂且变化较慢。土壤的有机物含量、pH、温度、湿度等因素的变化较为缓慢[57—58],这使得土壤微生物群落可能在某些月份表现出较为平稳的变化。此外,土壤中存在更多的微生物栖息地和环境异质性,这可能使得土壤微生物群落的构成更加多样化和复杂,导致群落间的差异更难通过 NMDS 进行区分[59]。同时土壤中的细菌群落可能更为稳定,且随着时间的推移,土壤的物理化学性质和生物特征发生的变化较缓慢[58],这可能导致土壤细菌群落间的差异较难在短期内通过简单的 NMDS 分析来区分。

β 多样性源于两种生态现象:物种替换和丰富度差异,分别对应周转和嵌套性两个成分。周转指物种间的替换;嵌套性则基于群落间存在丰富度差异,且一个群落是另一个群落的子集,反映出物种的非随机丢失过程[60]。从图 3 的 β 多样性分解结果表明土壤细菌群落的 β 值高于水体细菌群落。这可能是土壤作为一个立体的生态系统,具有更多的微生物栖息空间和多样的生态位[61]。土壤环境通常具有更高的生态异质性,包括不同的物理结构以及微环境的多样性[62]。这些因素为不同细菌种群提供了更多的栖息空间和生态位,促进了群落内的物种替代和更替。由于土壤环境的复杂性,不同种类的微生物可以在多个不同的微环境中生长和繁殖,这促使群落内物种之间的更替更为频繁[63]。土壤细菌群落的周转占主导地位[64],反映出物种之间的动态变化和高频率的物种替代。

3.3　细菌群落构建机制

关于细菌群落构建机制,焦聪聪等[65]详细概述了湖泊细菌群落构建机制的主要分析方法;总结了富营养化对湖泊细菌群落构建机制的影响的最新研究进展。本研究选取中性群落模型进行分析。结果表明:水体细菌群落 4 月、6 月和 8 月较高的 R^2 值表示群落的结构更加符合中性模型,群落动态较为简单,可以通过迁移和随机过程来解释[66—67]。水体细菌群落的高 N_m 值表明物种迁移频繁,水体环境可能比较开放,细菌之间的空间分布较为均匀,且群落结构具有较高的稳定性。在 4 月、6 月和 8 月,水体细菌群落的 N_m 值表现出时间性波动,这表明不同月份环境条件的变化对物种迁移产生了显著影响。8 月的 N_m 值较高,可能是由于夏季水体的温度和营养物质相对稳定,有利于物种的迁移和扩散,从而导致较高的物种丰度和群落一致性。在土壤细菌群落中,R^2 值和 N_m 值的变化表明群落动态逐渐偏离中性模型的假设。表示土壤细菌群落在 4 月的物种迁移较为频繁,群落结构较为简单,能较好地符合 NCM 模型。这可能是因为在 4 月,土壤环境相对较为均匀,物种之间的迁移较为频繁,且群落受到的外部扰动较小,因此群落结构较为简单[66]。6 月和 8 月 R^2 值逐渐下降,表明群落的结构逐渐变得更加复杂,这可能是由于随着时间推移,土壤中的生态选择因素对群落结构的影响逐渐增强。特别是 6 月和 8 月,随着土壤环境的变化,物种间的相互作用变得更加重要,导致群落结构变得更加复杂[68],偏离了纯粹的随机模型。在土壤中,较低的 N_m 值表明物种迁移受限,可能是由于土壤物理结构复杂限制了物种的扩散和迁移[69]。此外,土壤中的物种可能面临更强烈的生态选择压力,如资源的限制、竞争或共生关系等,这使得土壤群落的结构更为复杂和稳定,而不再简单地依赖于迁移和随机过程[70]。水体细菌群落较高的 R^2 值和 N_m 值表明水体群落更加依赖于迁移过程,群落结构的随机性增强;Zeng 等[71]研究表明随机过程在调控太湖细菌群落组装中占主导地位。土壤细菌群落的 R^2 值逐渐下降,则表明土壤环境在不同月份可能经历了较大的变化,物种迁移和随机过程的影响逐渐减弱,更多的环境选择因素和物种间相互作用

成为主导力量,导致群落结构变得更加复杂和不规则。

3.4 环境因子对土-水细菌群落的驱动机制

RDA 分析表明,WT 是影响水体细菌群落结构的最主要因子。WT 解释了 32.1%的变异,贡献度达 48.8%,远高于其他因子。WT 直接影响微生物的代谢速率、酶活性和生长速度。WT 的升高通常加速微生物的代谢和繁殖,进而改变群落结构[72]。ALK 对水体细菌群落的影响较为显著,ALK 直接影响水体的 pH,进而影响水体中的微生物种类和活动。同时 COD_{Mn} 也是影响细菌相对丰度的重要环境因子,Tong 等[73]研究表明高锰酸盐指数(COD_{Mn})对水体细菌群落结构及蓝藻类群具有显著的影响。EC 和 NO_3-N 等因子对水体群落结构的解释力较小,表明它们与水体细菌群落的关系相对较弱。虽然这些变量可能会影响水体中的微生物生长,但它们的变化对群落结构的作用较为有限,可能需要与其他因子共同作用才能显现出更明显的影响[74]。土壤中 AP 对土壤细菌群落结构的影响最大,解释了 8.6%的变异,贡献比例为 30.2%。磷是土壤中关键的营养元素之一,能够直接影响土壤微生物的生长和代谢[75]。磷的富集往往会促进某些细菌种类的繁殖,改变群落的组成。pH 对土壤细菌群落的影响较为重要,解释了 6.2%的变异。土壤 pH 直接影响微生物的生长环境,不同 pH 条件下的微生物种群结构可能截然不同[76]。酸性或碱性土壤会对微生物的生长产生不同的选择性压力,因此 pH 对土壤细菌群落的多样性和组成有一定影响。其他变量对土壤群落的解释力较小,这些因子可能对土壤中微生物的生长有一定影响,但在特定的生态环境下,它们可能并不是决定性因素。

WT 与 ALK 的协同作用对细菌群落结构的解释度最大(15.48%),这表明水温和碱度的协同作用对水体细菌群落的结构起到了重要作用。水温和碱度共同决定了水体的基本物理化学特性,可能对微生物的生长环境起到协同影响[77]。WT 与 ALK 与 EC 的协同作用(-6.21%)表示水温、碱度和电导率三者的协同作用可能会对细菌群落产生复杂的影响[78]。电导率的加入可能对某些微生物群落产生抑制或促进作用,改变其结构。WT 与 EC 的协同作用(5.89%)表明,水温和电导率之间的协同作用也对群落结构有影响,可能是由于电导率与水中的矿物质含量有关,影响微生物的代谢。AP、NH_4^+-N 与 TP 的协同作用(5.45%)表明这些因子的联合效应对细菌群落结构具有较大的影响。磷和氮是微生物生长的关键营养素,这些因子可能通过促进某些微生物的繁殖来共同影响群落结构。AP、NH_4^+-N 和 TK 的协同作用(2.21%),TK 与 pH 的协同作用(2.02%)说明,土壤中多个营养因子的相互作用对群落结构有一定影响[79]。同时 RDA 分析表明理化因子间的协同作用对细菌群落结构的影响大于单因子的直接作用。

4 结论

(1)土壤细菌群落的丰富度及多样性高于水体细菌群落;土-水细菌群落的 α 多样性指数中仅水体 Simpson 指数与理化指标均不存在显著性差异;水体 WT 与四组 α 多样性指数均呈现负相关,pH、ALK、SAL、EC 和 NO_3-N 与四组 α 多样性指数均呈现正相关,土壤理化指标中,pH、NO_3-N 和 TK 与四组 α 多样性指数均呈现负相关,pH、TDS、TN、NH_4^+-N、NO_3-N、TP 和 AP 与四组 α 多样性指数均呈现正相关。

(2)在土-水细菌群落结构中变形菌门(Proteobacteria)都占据了细菌群落的主要地位,细菌中相对丰度前十菌门的丰度和较稳定,水体和土壤中相对丰度前十菌门占比分别在 97.1%—98.1%和 84.4%—87.3%;土壤细菌群落的物种组成差异比水体更大,且存在更为复杂的群落结构变化,整个土-水系统中周转都占主导地位。

(3)水体细菌群落更符合中性模型假设,4、6、8 月份群落的随机性逐步增强,非随机过程的作用减弱;土壤中物种迁移和随机过程的影响逐渐减弱。

(4)在稻蟹共作土-水环境中,水体细菌群落的结构变化主要受 WT、ALK、COD_{Mn} 和 NO_3-N 等的驱动,土壤细菌群落的结构变化主要受 AP、NH_4^+-N 影响,且这些因子间的协同作用显著影响群落结构。

参考文献(References):

[1] Bashir M A, Wang H Y, Sun W T, Zhai L M, Zhang X S, Wang N, Rehim A, Raza Q U A, Liu H B. The implementation of rice-crab co-culture

system to ensure cleaner rice and farm production. Journal of Cleaner Production, 2021, 316: 128284.
[2] 马亮, 董立强, 田春晖, 李跃东, 孙富余. 稻蟹生态种养产出量及经济效益试验研究. 中国农业资源与区划, 2020, 41(11): 38-48.
[3] Rochette P, van Bochove E, Prévost D, Angers D A, Cö té D, Bertrand N. Soil carbon and nitrogen dynamics following application of pig slurry for the 19th consecutive year II. nitrous oxide fluxes and mineral nitrogen. Soil Science Society of America Journal, 2000, 64(4): 1396-1403.
[4] 王昂, 王武, 马旭洲, 汪清, 于永清, 陈卫新. 养蟹稻田水环境部分因子变化研究. 湖北农业科学, 2011, 50(17): 3514-3519.
[5] 张云杰, 王昂, 马旭洲, 王武, 李岩. 稻蟹共作模式稻田水质水平变化初步研究. 广东农业科学, 2013, 40(14): 16-19.
[6] 赖政, 肖力婷, 赖胜, 杨慧林, 倪才英, 阳文静, 简敏菲. 稻虾种养新模式对稻田土壤肥力和微生物群落结构的影响. 土壤学报, 2023, 60(6): 1788-1798.
[7] 刘路广, 吴瑕, 关洪林, 潘少斌, 崔远来, 董苇, 杨小伟, 罗强. 虾稻共作灌溉定额确定方法研究. 农业工程学报, 2019, 35(15): 71-76.
[8] 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. 西北农业学报, 2023, 32(9): 1466-1475.
[9] 寇琪, 左研, 徐英德, 任凯璐, 张昀, 李嵩, 高晓丹. 原子力显微镜在土壤胶体研究中的应用进展. 土壤通报, 2022, 53(3): 718-727.
[10] 李伟晶, 王洪媛, 徐洋, 李浩, 翟丽梅, 刘宏斌. 稻蟹共生系统稻田水-土界面微生物群落结构特征. 中国农业科学, 2024, 57(18): 3551-3567.
[11] 刘金雨, 张瑞, 罗亮, 王世会, 郭坤, 白庆利, 徐伟, 赵志刚. 不同稻蟹共作模式下寒区稻田土壤微生物的高通量测序研究. 水产学杂志, 2023, 36(5): 118-124, 130.
[12] 陈永忠, 刘彩霞, 许彦明, 张震, 彭映赫, 陈隆升, 苏以荣, 王瑞, 唐炜. 生草栽培对油茶林土壤微生物群落结构和稳定性的影响. 林业科学, 2022, 58(11): 61-70.
[13] 王丹丹, 黄跃飞, 杨海娇. 青藏高原东北部湖泊细菌群落结构特征季节性差异及驱动机制. 湖泊科学, 2023, 35(1): 267-278.
[14] 陈羽彤, 张利敏, 王思琪, 周利军. 冻融季温带森林土壤真菌群落结构及功能类群对不同土壤有机碳输入的响应. 生态学报, 2024, 44(6): 2244-2255.
[15] Cheng X S, Wei Z C, Cao W B, Feng Q, Liu J C, Wu Y, Feng L Y, Wang D B, Luo J Y. Untangling the interplay of dissolved organic matters variation with microbial symbiotic network in sludge anaerobic fermentation triggered by various pretreatments. Water Research, 2024, 260: 121930.
[16] Sun Y Z, Li X F, Cao N, Duan C X, Ding C F, Huang Y, Wang J. Biodegradable microplastics enhance soil microbial network complexity and ecological stochasticity. Journal of Hazardous Materials, 2022, 439: 129610.
[17] Zhou Y J, Zhou S L. Role of microplastics in microbial community structure and functions in urban soils. Journal of Hazardous Materials, 2023, 459: 132141.
[18] 马静, 董文雪, 朱燕峰, 肖栋, 陈浮. 东部平原矿区复垦土壤微生物群落特征及其组装过程. 环境科学, 2022, 43(7): 3844-3853.
[19] 谭琳, 陈慈, 朱昆鹏, 韩诺, 王璐, 韩博平. 南亚热带河流底栖硅藻 β 多样性及其对空间距离与环境梯度的响应——基于广义非相似性模拟的分析. 生态学报, 2023, 43(10): 4176-4189.
[20] 李元, 杨海鑫, 喻其林, 郭东罡, 张全喜. 运城盐湖湿地土壤微生物多样性及其对重金属的响应. 环境科学, 2025, 46(5): 3296-3304.
[21] 徐程, 倪成, 邱小琮, 王凯, 袁金龙. 宁夏引黄灌区稻蟹共作对土壤微生物群落结构及理化因子的影响. 微生物学报, 2024, 64(12): 4817-4832.
[22] 王凯, 邱小琮, 尹娟, 董军林. 实施生态工程对宁夏第二排水沟水体水质及细菌群落结构的影响. 微生物学报, 2025, 65(6): 2590-2605.
[23] 周琼. 稻渔复合系统水土环境营养元素运移研究[D]. 银川: 宁夏大学, 2022.
[24] 蒙俊杰, 刘双羽, 邱小琮, 周瑞娟. 银川市典型湖泊沉积物细菌群落结构及其对重金属的响应关系. 环境科学, 2024, 45(5): 2727-2740.
[25] Chen Y, Wang J, Yang N, Wen Z Y, Sun X P, Chai Y R, Ma Z H. Wheat microbiome bacteria can reduce virulence of a plant pathogenic fungus by altering histone acetylation. Nature Communications, 2018, 9: 3429.
[26] Cui Y X, Bing H J, Fang L C, Wu Y H, Yu J L, Shen G T, Jiang M, Wang X, Zhang X C. Diversity patterns of the rhizosphere and bulk soil microbial communities along an altitudinal gradient in an alpine ecosystem of the eastern Tibetan Plateau. Geoderma, 2019, 338: 118-127.
[27] Magoč T, Salzberg S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies. Bioinformatics, 2011, 27(21): 2957-2963.
[28] Caporaso J G, Kuczynski J, Stombaugh J, Bittinger K, Bushman F D, Costello E K, Fierer N, Peña A G, Goodrich J K, Gordon J I, Huttley G A, Kelley S T, Knights D, Koenig J E, Ley R E, Lozupone C A, McDonald D, Muegge B D, Pirrung M, Reeder J, Sevinsky J R, Turnbaugh P J, Walters W A, Widmann J, Yatsunenko T, Zaneveld J, Knight R. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. Nature Methods, 2010, 7(5): 335-336.
[29] Martin M. Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. EMBnet Journal, 2011, 17(1): 10.
[30] Bolger A M, Lohse M, Usadel B. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. Bioinformatics, 2014, 30(15): 2114-2120.
[31] Edgar R C, Haas B J, Clemente J C, Quince C, Knight R. UCHIME improves sensitivity and speed of Chimera detection. Bioinformatics, 2011, 27(16): 2194-2200.

[32] Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads. Nature Methods, 2013, 10(10): 996-998.

[33] Bokulich N A, Subramanian S, Faith J J, Gevers D, Gordon J I, Knight R, Mills D A, Caporaso J G. Quality-filtering vastly improves diversity estimates from Illumina amplicon sequencing. Nature Methods, 2013, 10(1): 57-59.

[34] Quast C, Pruesse E, Yilmaz P, Gerken J, Schweer T, Yarza P, Peplies J, Glöckner F O. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. Nucleic Acids Research, 2013, 41(Database issue): D590-D596.

[35] Schloss P D, Westcott S L, Ryabin T, Hall J R, Hartmann M, Hollister E B, Lesniewski R A, Oakley B B, Parks D H, Robinson C J, Sahl J W, Stres B, Thallinger G G, Van Horn D J, Weber C F. Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities. Applied and Environmental Microbiology, 2009, 75(23): 7537-7541.

[36] 何中声, 谷新光, 江蓝, 徐道炜, 刘金福, 李文周, 陈文伟. 戴云山南坡不同海拔森林土壤优势细菌群落特征及影响因素. 北京林业大学学报, 2022, 44(7): 107-116.

[37] Mota F M M, Alves-Ferreira G, Talora D C, Heming N M. divraster: an R package to calculate taxonomic, functional and phylogenetic diversity from rasters. Ecography, 2023, 2023(12): e06905.

[38] Sloan W T, Lunn M, Woodcock S, Head I M, Nee S, Curtis T P. Quantifying the roles of immigration and chance in shaping prokaryote community structure. Environmental Microbiology, 2006, 8(4): 732-740.

[39] 王东伟, 陈永进, 周彦锋, 张敏莹, 俞振飞. 淮河中游种质资源保护区浮游植物功能群演替特征及其驱动因子. 生态学杂志, 2023, 42(11): 2646-2654.

[40] 刘尧, 于馨, 于洋, 胡文浩, 赖江山. R 程序包“rdacca.hp”在生态学数据分析中的应用: 案例与进展. 植物生态学报, 2023, 47(1): 134-144.

[41] 李雪, 刘述凤, 鄢雨朦, 张润洁, 王天杰, 付保荣. 复合芽孢杆菌对鲫鱼养殖水体水质及细菌群落结构的影响. 生态与农村环境学报, 2020, 36(4): 522-530.

[42] 吕萍, 李慧莉, 徐勇, 郑效旭, 黄振华, 王聪, 徐圣君, 庄绪亮. 营养物质对铜绿微囊藻生长和藻际细菌的影响. 环境科学, 2022, 43(10): 4502-4510.

[43] 刘伟, 刘昊洋, 马立山, 王佳伟, 谢银财, 张海岛, 薛小佳, 杨国丽, 李军. 清水河不同功能区水体微生物群落结构特征. 环境科学与技术, 2024, 47(7): 8-18.

[44] 郝操, 吴东辉, 莫凌梓, 徐国良. 越冬动物肠道微生物多样性及功能研究进展. 生物多样性, 2024, 32(3): 151-163.

[45] 田静, 步连燕, 陈文峰, 安德荣, 张应龙, 韦革宏, 王红雷. 毛乌素沙地人工林恢复对土壤剖面化学性质和细菌群落的影响. 土壤学报, 2023, 60(3): 881-892.

[46] 唐海明, 李超, 肖小平, 汤文光, 程凯凯, 潘孝晨, 汪柯. 有机肥氮投入比例对双季稻田根际土壤微生物生物量碳、氮和微生物熵的影响. 应用生态学报, 2019, 30(4): 1335-1343.

[47] 王桂君. 生物炭和有机肥对松嫩平原沙化土壤的改良效应及其机制研究[D]. 长春: 东北师范大学, 2018.

[48] 翟婉璐, 钟哲科, 高贵宾, 杨慧敏. 覆盖经营对雷竹林土壤细菌群落结构演变及多样性的影响. 林业科学, 2017, 53(9): 133-142.

[49] 邱卢露, 何紫薇, 田萱, 黄金艳, 李桂芬, 杨尚东, 何毅, 潘永鹏. 野生和栽培种西瓜根系内生微生物群落结构比较. 微生物学报, 2024, 64(10): 3869-3885.

[50] 杨文焕, 张明宇, 杨娅婷, 徐龙, 郭渊, 马杰, 李卫平. 冰封期不同类型湖泊细菌与蓝藻群落组成及共现网络分析. 湖泊科学, 2024, 36(5): 1366-1379.

[51] Lv X F, Yu J B, Fu Y Q, Ma B, Qu F Z, Ning K, Wu H F. A meta-analysis of the bacterial and archaeal diversity observed in wetland soils. The Scientific World Journal, 2014, 2014: 437684.

[52] Wang Y, Sheng H F, He Y, Wu J Y, Jiang Y X, Tam N F, Zhou H W. Comparison of the levels of bacterial diversity in freshwater, intertidal wetland, and marine sediments by using millions of illumina tags. Applied and Environmental Microbiology, 2012, 78(23): 8264-8271.

[53] 姚胜勋, 蒙江泉, 陆素芬, 黄常小. 龙江河近岸沉积物细菌群落结构特征及其影响因素. 微生物学通报, 2022, 49(7): 2470-2485.

[54] Zhu X C, Nie M, Sun N, Zhang Y Z, Sun M X, Li C L, Jiang Q, Wei H, Li Y D, Hu Q B, Zhao Y Y, Li X D. Comparative analysis of crab growth performance, enzyme activity, and microbiota between rice-crab coculture and pond farming systems. Frontiers in Veterinary Science, 2025, 12: 1571454.

[55] Ruiz-González C, Niño-García J P, del Giorgio P A. Terrestrial origin of bacterial communities in complex boreal freshwater networks. Ecology Letters, 2015, 18(11): 1198-1206.

[56] 孙义卓, 蔡姗姗, 陈雪丽, 王伟, 郭伟, 高中超, 刘媛媛, 刘慧莹, 孙海燕, 孙磊. 不同改良剂对黑土区大豆连作土壤养分平衡及细菌群落的影响. 干旱地区农业研究, 2024, 42(4): 127-135.

[57] 张立成, 李娟, 章明清, 姚建族. 长期轮作施肥对菜田土壤 pH 值的影响及灰色预测模型研究. 核农学报, 2023, 37(7): 1462-1469.

[58] 赵家臻, 王爱慧, 王会军. 中国地区土壤湿度记忆性及其与降水特征变化的关系. 大气科学, 2021, 45(4): 799-818.

[59] 戴美霞, 朱艺峰, 林霞, 毛硕乾. 象山港浮游动物 β 多样性及其成分变化的环境因子解释. 生态学报, 2017, 37(17): 5780-5789.
[60] Siles J A, Margesin R. Seasonal soil microbial responses are limited to changes in functionality at two Alpine forest sites differing in altitude and vegetation. Scientific Reports, 2017, 7: 2204.
[61] 李晓娜, 任春廷, 孙家伟, 曹锐, 曹雪松, 王震宇. 颗粒态新污染物的根际赋存. 中国科学: 技术科学, 2024, 54(10): 1904-1924.
[62] 夏佳慧, 王邵军, 罗双, 李瑞, 杨胜秋, 兰梦杰, 郭晓飞. 蚯蚓与丛枝菌根真菌接种对石漠化土壤碳组分积累与分配的影响. 应用生态学报, 2024, 35(8): 2176-2186.
[63] 祁慧鹍, 郑晓璇, 孙明明, 王金锋, 马迎飞, 朱冬, 王风贺, 蒋新, 叶茂. 土壤宏病毒组的研究方法与进展. 土壤学报, 2021, 58(3): 568-577.
[64] 褚海燕, 冯毛毛, 柳旭, 时玉, 杨腾, 高贵锋. 土壤微生物生物地理学: 国内进展与国际前沿. 土壤学报, 2020, 57(3): 515-529.
[65] 焦聪聪, 赵大勇, 曾巾. 湖泊细菌群落构建机制及其对富营养化的响应. 生态学报, 2024, 44(14): 5925-5944.
[66] 张静语, 玉罕为, 李燕, 刘鹏, 黄艳燕. 生物学视角下贝叶文献的研究进展. 复旦学报: 自然科学版, 2024, 63(5): 658-666.
[67] 刘嘉雯, 赵媛, 吴求生, 汪恒, 王小芳, 吴德彬, 袁权. 基于 16S rRNA 基因高通量测序的乌江流域梯级水库表层沉积物微生物群落分析. 地球与环境, 2024, 52(3): 267-276.
[68] Liu S, Huang J H, He W J, Zhang W, Yi K X, Zhang C Y, Pang H L, Huang D L, Zha J, Ye C. Impact of microplastics on lead-contaminated riverine sediments: Based on the enzyme activities, DOM fractions, and bacterial community structure. Journal of Hazardous Materials, 2023, 447: 130763.
[69] 林力涛, 刘煜杰, 冯文婷, 王玉刚, 张超, 马斌, 韩风, 王龙龙, 耿建阳, 李福杰. 土壤盐渍化对稀有和常见细菌群落结构和功能的影响. 环境科学研究, 2024, 37(10): 2126-2137.
[70] 张海芳, 刘红梅, 赵建宁, 李刚, 赖欣, 李洁, 王慧, 杨殿林. 模拟氮沉降和降雨变化对贝加尔针茅草原土壤细菌群落结构的影响. 生态学报, 2018, 38(1): 244-253.
[71] Zeng J, Lin Y Q, Zhao D Y, Huang R, Xu H M, Jiao C C. Seasonality overwhelms aquacultural activity in determining the composition and assembly of the bacterial community in Lake Taihu, China. Science of the Total Environment, 2019, 683: 427-435.
[72] Lv H, Yang M, Cheng Y, Li K, Huang T L, Wen G. Response of the algal-bacterial community to thermal stratification succession in a deep-water reservoir: Community structure, co-assembly patterns, and functional groups. Environmental Research, 2024, 261: 119688.
[73] Li T, Ling J, Jiang H, Yang M, Duan G Q, Hu Y T, Zhou H X, Wang H, Pan T S. Differences in environmental microbial community responses under rice-crab co-culture and crab monoculture models under cyanobacterial bloom. Frontiers in Microbiology, 2024, 15: 1327520.
[74] 丁聪聪, 朱旭炎, 赵兴青, 陆金, 周宇诚, 张欣怡, 王霄鹏. 金属硫化物矿山水系统中微生物群落组成及多样性. 环境科学, 2023, 44(8): 4334-4343.
[75] 聂秀青, 王冬, 周国英, 任立宁, 陈永哲, 杜岩功, 平才吉. 三江源地区高寒湿地土壤微生物群落特征. 土壤通报, 2023, 54(6): 1401-1408.
[76] 张东, 钞然, 万志强, 梁存柱, 杨劼, 包铁军, 高清竹. 不同放牧强度对典型草原土壤胞外酶活性的影响. 干旱区资源与环境, 2019, 33(9): 145-151.
[77] Duan C W, Li X L, Li C Y, Yang P N, Chai Y, Xu W Y. Positive effects of fungal β diversity on soil multifunctionality mediated by pH in the natural restoration succession stages of alpine meadow patches. Ecological Indicators, 2023, 148: 110122.
[78] 张浩, 丁森, 张远, 贾晓波, 孟伟, 郭彪. 西辽河流域鱼类生物完整性指数评价及与环境因子的关系. 湖泊科学, 2015, 27(5): 829-839.
[79] 陈昕, 李奇, 陈懂懂, 贺福全, 霍莉莉, 赵新全, 赵亮. 三江源国家公园不同草地土壤微生物功能基因的差异性分析. 生态环境学报, 2020, 29(3): 472-482.