

吉林省 pH 梯度土壤中细菌群落的响应机制

卢佳文, 陆露, 马金才

(吉林大学 新能源与环境学院, 地下水资源与环境教育部重点实验室, 长春 130021)

摘要: 为揭示微生物群落对 pH 值的响应机制, 收集自然 pH 梯度土壤, 表征其理化特性, 解析其中细菌群落的结构与组成, 识别不同环境导致细菌群落结构组成不同的关键因素. 结果表明: 土壤 pH 值与变形杆菌门和酸杆菌门的相对丰度呈负相关 ($p < 0.01$), 与放线菌门的相对丰度呈正相关 ($p < 0.01$); 中性和弱碱性土壤细菌群落网络的节点和连接较多, 模块化程度较高, 而在弱酸性和强碱性土壤中, 细菌群落网络的连接较少, 相应的模块化程度较低; 细菌群落直接或间接受土壤理化性质的影响, 细菌群落分布主要由土壤 pH 值、电导率 (EC) 和水溶性有机碳 (WSOC) 含量决定, 其中土壤 pH 值是影响土壤中细菌群落的主要环境变量. 该研究结果揭示了 pH 值对土壤细菌群落的影响机制, 对深入理解土壤微生态具有重要意义, 为土地利用和土壤管理策略的设计提供了有用信息.

关键词: 土壤; 细菌群落; 高通量测序; pH 梯度; 结构方程模型; 共存网络

中图分类号: X53 **文献标志码:** A **文章编号:** 1671-5489(2026)02-0458-09

Response Mechanism of Bacterial Communities in pH Gradient Soil in Jilin Province

LU Jiawen, LU Lu, MA Jincan

(College of New Energy and Environment, Key Laboratory of Groundwater Resources and Environment,
Ministry of Education, Jilin University, Changchun 130021, China)

Abstract: In order to reveal the response mechanism of microbial communities to pH values, we collected natural pH gradient soil, characterized their physicochemical properties, analyzed the structure and composition of the bacterial communities, and identified key factors that caused differences of bacterial community structure and composition in different environments. The results show that soil pH value is negatively correlated with the relative abundance of *Proteobacteria* and *Acidobacteria* ($p < 0.01$), and positively correlated with the relative abundance of *Actinobacteria* ($p < 0.01$). There are many nodes and links of the bacterial community network in neutral and weakly alkaline soils with higher modularity. In weakly acidic and strongly alkaline soils, there are fewer links in the bacterial community network, resulting in a lower degree of modularity. The bacterial community is directly or indirectly influenced by soil physicochemical properties. The distribution of bacterial communities is mainly determined by soil pH value, electrical conductivity (EC), and water-soluble organic carbon (WSOC) content. Among them, soil pH value is the main environmental variable affecting bacterial communities in soils. The research results reveal the

收稿日期: 2025-02-24. 网络首发日期: 2025-04-30.

第一作者简介: 卢佳文(1999—), 女, 汉族, 硕士研究生, 从事土壤细菌群落的研究, E-mail: lujw22@mails.jlu.edu.cn. 通信作者简介: 马金才(1973—), 男, 汉族, 博士, 教授, 从事环境污染微生物修复的研究, E-mail: jincaima@jlu.edu.cn.

基金项目: 国家自然科学基金(批准号: 41571304).

网络首发地址: <https://link.cnki.net/urlid/22.1340.O.20250429.1809.903>.

mechanism by which pH value affects soil bacterial communities, which is of great significance for a deeper understanding of soil microecology, and provides useful information for the design of land use and soil management strategies.

Keywords: soil; bacterial community; high-throughput sequencing; pH gradient; structural equation model; coexistence network

微生物是土壤环境变化的主要驱动因素^[1-2], 是指示土壤功能最重要的生态特征^[3-4]. 无论是自然干扰(如植被和气候变化)还是人为活动(如农业耕作和废弃物污染)^[5], 土壤细菌对环境因素的变化非常敏感, 在土壤营养物质的生物地球化学循环中发挥关键作用^[2]. 因此, 有必要对土壤中的土著微生物群落进行表征, 以更好地理解它们在农业生态系统中的作用.

通过对全球 189 个土壤样点的 7 560 份土壤微生物群落结构和功能的研究表明, 温带土壤微生物群落的遗传多样性最高^[6-9]. 土壤细菌和真菌群落的变化与土地利用类型有关^[10], 但人们更多关注土壤微生物群落不同环境胁迫梯度(如盐度、海拔和温度)上的变化^[11-12].

黏土含量、土壤有机质、土壤母质和 pH 值都会影响土壤细菌群落结构和多样性^[13]. 黏土含量通常为细菌的代谢活动保留水分, 并且可能是土壤中细菌养分的来源^[14]. 土壤母质和有机质在为土壤细菌群落结构的发育提供基本营养方面也起关键作用^[15]. pH 值可通过改变微生物细胞膜电势直接影响细菌群落. Cho 等^[7]的梯度实验表明, pH 值每降低 1 个单位, 革兰氏阴性菌(如 *Proteobacteria*)的磷脂脂肪酸含量减少 20%~30%, 这可能与细胞膜脂质双层的质子化损伤相关. 由于土壤 pH 值影响了土壤中细菌群落结构发育必需养分的可用性, 因此被认为是组成土壤中细菌群落结构的主要因素^[16]. Xu 等^[11]对盐碱梯度的研究表明, 当 pH 值从 8.5 降至 7.0 时, 有效磷含量增加 3 倍, 导致拟杆菌门(*Bacteroidetes*)丰度提升 40%. 由于目前对沿 pH 梯度土壤微生物群落变化的研究较少^[17], 因此, 研究不同 pH 梯度下土壤细菌群落结构及组成有助于进一步揭示 pH 值对土壤微生物群落的影响机制.

目前, 吉林省西部土壤显著高于东部土壤的 pH 值, 最大和最小 pH 值之差可超过 3 个 pH 单位^[18], 可见吉林省西部到东部土壤存在一个明显的 pH 梯度, 为分析 pH 值对土壤中微生物群落的影响提供了较好的研究对象. 本文研究中国东北地区自然 pH 梯度土壤中细菌群落的组成和结构, 并确定塑造这些土壤中细菌群落的关键环境因子.

1 材料和方法

1.1 选址和土壤取样

土壤样品于 2017 年秋季从吉林省西部至东部采集, 包括白城市、松原市、长春市和吉林市的农田土壤, 具体地点如图 1 所示. 根据吉林省西部和东部之间土壤 pH 值的变化选择^[18], 经度区间为 123°41'04.25"至 127°54'21.42", 纬度区间为 43°33'24.55"至 45°12'45.23", 属温带大陆性季风气候, 东高西低, 西部和中部以平原为主, 东部以山地为主. 共采集农田土壤样品 30 个, 土壤样品由 3~5 个以 5 m 为间隔采集的若干独立土芯(0~20 cm 表层土壤)等比例混合而成. 去除植物残体、根和石块, 将土壤过筛(2 mm), 混合, 装袋, 4 °C 避光保存备用^[19]. 将一小部分土壤样品(约 200 g)风干进行土壤理化表征, 同时将一小部分混合良好的土壤样品(约 10 g)置于无菌离心管中, 并在 -80 °C 保存至提取土壤群落 DNA.

1.2 土壤理化性质测定

采用激光粒度分析仪(BT-9300SE 型, 上海倍迎电子科技有限公司)测定土壤质地(黏粒、粉粒和

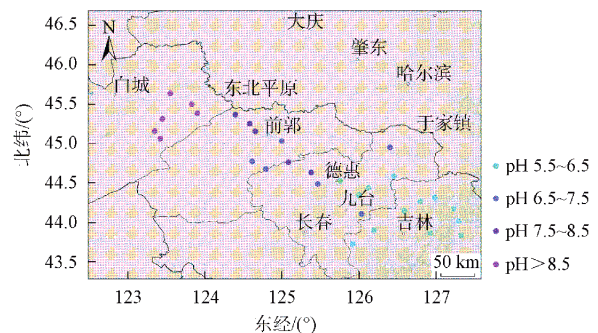


图 1 研究区域位置示意图

Fig. 1 Schematic diagram of location of research area

砂粒含量)。采用 pH 计(FE20 型,上海梅特勒-托利多仪器有限公司)和电导率仪(DDS-11A 型,上海雷磁新泾仪器有限公司)分别测定土壤 pH 值和电导率(EC);采用紫外-可见(UV-Vis)分光光度计(UV-1800 型,上海美谱达仪器有限公司)测定土壤中铵态氮($\text{NH}_4^+\text{-N}$)、硝态氮($\text{NO}_3^-\text{-N}$)和总溶解磷(TP);用双蒸水提取土壤样品中的水溶性有机碳(WSOC),并用总有机碳分析仪(TOC-VCPH 型,日本岛津公司)测定其含量^[17]。

常用酸碱度衡量土壤酸碱性的强弱,土壤酸碱度用 pH 值表示^[16]。为更好揭示 pH 值对土壤细菌群落组成的作用,根据文献[18]的分类方法将土壤按 pH 值分为弱酸性土壤($5.5 < \text{pH} < 6.5$)、中性土壤($6.5 < \text{pH} < 7.5$)、弱碱性土壤($7.5 < \text{pH} < 8.5$)和强碱性土壤($\text{pH} > 8.5$)4 组。

1.3 土壤细菌群落的 DNA 提取、PCR 扩增和测序

使用土壤 DNA 提取试剂盒(ZH001A 型,北京华越洋生物科技有限公司)提取土壤 DNA。在体积分数为 1%的琼脂糖凝胶上检测 DNA 质量,并通过荧光光度计测定 DNA 的浓度。在 25 μL 反应体系中进行 16S rDNA 扩增 PCR 反应,共 35 个循环(94 $^\circ\text{C}$ 初始变性 3 min, 94 $^\circ\text{C}$ 变性 30 s, 55 $^\circ\text{C}$ 退火 30 s, 72 $^\circ\text{C}$ 延伸 30 s),最后在 72 $^\circ\text{C}$ 延伸 10 min。使用正向引物(5-GGCAAGTCTGGTGCC)和反向引物(5-ACGGTATCTRATCRTC)。采用 AX 通过体积分数为 2%的琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 扩增产物,并对目标片段进行切胶回收,对 PCR 扩增回收产物进行荧光定量,在上海派森诺生物科技有限公司完成测序工作,使用 MiSeq 测序平台进行测序^[10]。原始测序数据以保藏号 PRJNA530627 存放于 NCBI BioProject 数据库。

1.4 测序数据处理

采用 QIIME 数据分析包进行 16S rRNA 数据分析^[20]。对连接序列进行质量过滤,用序列参考数据库(Greengenes, Release 13.8)进行比对去除嵌合序列。以 97%的序列一致性将序列分为最小分类操作单元(OTU)。利用多样性的 Shannon 指数^[21]和丰富度的 Chao1 指数^[22]计算 α 多样性指数。采用加权主坐标分析(PCoA)计算 β 多样性指数。

1.5 统计分析

使用 ArcGis10.6 对研究区域地理位置进行绘制,其他图形使用 OriginPro 9.0 绘制。使用 R 软件包进行线性回归分析和主成分分析(PCA)。结构方程模型(SEM)可对模拟细菌群落直接和间接观察到的(潜在)因子之间复杂关系进行建模^[23]。本文用 SEM 分析土壤变量和地理距离(经度)如何影响细菌群落的结构和组成。使用 Amos 17.0 软件包对该模型的稳健最大似然评估方法进行测试。采用 χ^2 值、 P 值、拟合优度指数和近似均方根误差(RMSEA)对 SEM 的拟合度进行评价^[24]。在排除所有不显著的参数后,获得拟合最佳和最简约模型。MENA(<http://ieg2.ou.edu/MENA>)基于测序数据对微生物网络进行建模和分析^[25],仅选择出现在所有样本中大于 90%的 OTU 进行网络建设。用 Spearman 相关系数(r)测量两个 OTU 之间的相关性,构建微生物网络的相同截止值为 0.80。最后,利用 Gephi 0.9.2 对网络进行可视化^[26]。

2 结果与分析

2.1 土壤样品的理化性质

土壤样品的理化性质列于表 1。由表 1 可见:土壤样品的 pH 值为 5.61~9.92, EC 为 0.04~8.57 mS/cm, $w(\text{NH}_4^+\text{-N})$ 为 0.55~40.79 mg/kg, $w(\text{NO}_3^-\text{-N})$ 为 0.12~240.02 mg/kg, $w(\text{TP})$ 为 2.05~36.10 mg/kg, $w(\text{WSOC})$ 为 26.65~2182.40 mg/kg, 黏土质量分数为 2.80%~21.07%; 取样区西部(T25~T30)土壤的 pH 值较高, pH 值随经度距离逐渐降低,中部(T14~T25)土壤的 pH 值下降,取样区东部(T1~T13)土壤的 pH 值较低。

土壤 pH 值与土壤其他理化性质的 Pearson 相关性结果列于表 2。由表 2 可见, pH 值与其他理化性质之间存在相关性: pH 值与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$, $\text{NO}_3^-\text{-N}$, WSOC 呈显著正相关($p < 0.01$), pH 值与 EC, AP, 黏土之间的相关性不明显。

表 1 土壤样品的理化性质

Table 1 Physicochemical properties of soil samples

样品	pH	EC/ (mS · cm ⁻¹)	w(NH ₄ ⁺ -N)/ (mg · kg ⁻¹)	w(NO ₃ ⁻ -N)/ (mg · kg ⁻¹)	w(TP)/ (mg · kg ⁻¹)	w(WSOC)/ (mg · kg ⁻¹)	w(黏土)/%
T1	5.61	0.72	1.21	6.80	6.30	94.15	4.21
T2	5.70	0.17	1.18	13.70	2.70	97.35	4.93
T3	5.75	0.04	2.15	5.86	8.90	190.75	5.37
T4	5.76	0.11	0.77	6.14	23.00	58.10	6.49
T5	5.82	0.06	1.41	5.08	3.05	26.65	6.82
T6	5.82	0.07	1.11	7.82	2.30	96.88	7.88
T7	6.30	0.17	2.59	28.90	30.00	203.75	8.33
T8	6.33	0.19	1.41	1.06	19.00	137.20	8.09
T9	6.38	0.21	1.21	5.23	5.03	98.55	5.01
T10	6.40	0.16	1.05	4.09	10.92	40.97	5.46
T11	6.41	0.08	1.65	6.31	9.42	108.38	7.76
T12	6.45	0.12	0.97	5.67	5.08	49.55	5.91
T13	6.49	0.09	2.13	11.04	14.76	109.54	8.65
T14	6.62	0.11	2.43	8.92	8.54	205.43	4.09
T15	6.81	1.20	1.21	0.12	17.00	171.83	6.03
T16	7.08	0.11	0.76	2.28	25.50	111.20	6.89
T17	7.28	0.17	1.46	6.11	5.75	162.45	6.98
T18	7.36	0.07	1.73	6.34	5.55	133.10	2.80
T19	7.43	0.08	2.82	8.92	3.15	158.50	2.88
T20	7.52	0.06	1.65	1.52	2.80	92.08	4.62
T21	7.55	0.16	1.25	5.43	2.05	201.50	5.39
T22	7.61	0.09	0.63	2.64	4.65	124.83	5.26
T23	7.72	0.62	3.33	16.71	26.05	231.03	6.98
T24	8.07	0.17	16.25	7.18	3.80	188.20	7.01
T25	9.26	8.57	0.55	240.02	8.08	658.13	6.50
T26	9.56	0.47	1.62	60.07	3.95	278.90	3.11
T27	9.67	0.99	10.92	65.58	18.05	855.98	21.07
T28	9.79	1.16	1.61	27.19	7.82	91.13	6.28
T29	9.80	0.81	17.31	0.70	8.41	454.15	6.54
T30	9.92	1.49	40.79	130.58	36.10	2 182.40	9.91

表 2 pH 值与土壤理化性质的 Pearson 相关性

Table 2 Pearson correlation between pH values and soil physicochemical properties

变量	EC	NH ₄ ⁺ -N	NO ₃ ⁻ -N	AP	WSOC	黏土
pH	0.397	0.53**	0.525**	0.105	0.578**	0.298

注: ** 表示显著相关性, $p < 0.01$.

2.2 分类群和系统发育型的分布

土壤中门和纲水平优势菌群的相对丰度如图 2 所示. 由图 2 可见: 所有土壤样品中的优势门(相对丰度大于 1%)是变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、芽单胞菌门、疣微菌门、拟杆菌门、厚壁菌门和硝化螺菌门, 这些门占总细菌序列的 97% 以上(图 2(A)); 浮游菌门、蓝藻门、糖杆菌门、晚杆菌门、奇异球菌-栖热菌门和装甲菌门数量较少, 但它们仍存在于大多数土壤中; 在纲水平上, 所有土壤样品中的优势群体是 α -变形菌纲、放线菌纲、酸杆菌纲 G6、嗜热菌纲、 β -变形菌纲、芽单胞菌纲、 γ -变形菌纲、KD4-96、酸微菌纲、 δ -变形菌纲、酸杆菌纲、变形菌纲和单杆菌纲(图 2(B)). 不同 pH 值土壤中主要门的相对丰度如图 3 所示. 由图 3(A)~(C)可见, 变形菌门和酸杆菌门的相对丰度随土壤 pH 值的升高而降低, 放线菌门的相对丰度呈相反趋势. 变形菌门的相对丰度在碱性土壤(pH > 7.5)

中低于酸性和中性土壤. 酸杆菌门的相对丰度发生显著变化, 使土壤变得更具碱性. 随着土壤 pH 值的升高, 放线菌门的相对丰度明显增加, 在强碱性土壤中发现更多的放线菌门. 由图 3(D)可见, 绿弯菌门的相对丰度在所有土壤样品中均保持不变.

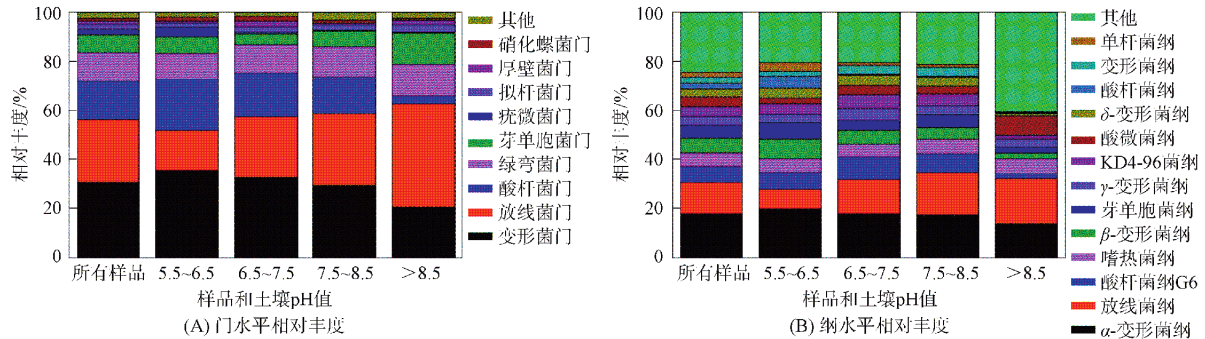


图 2 土壤中门(A)和纲(B)水平优势菌群的相对丰度

Fig. 2 Relative abundances of dominant bacterial groups at phylum (A) and class (B) levels in soil

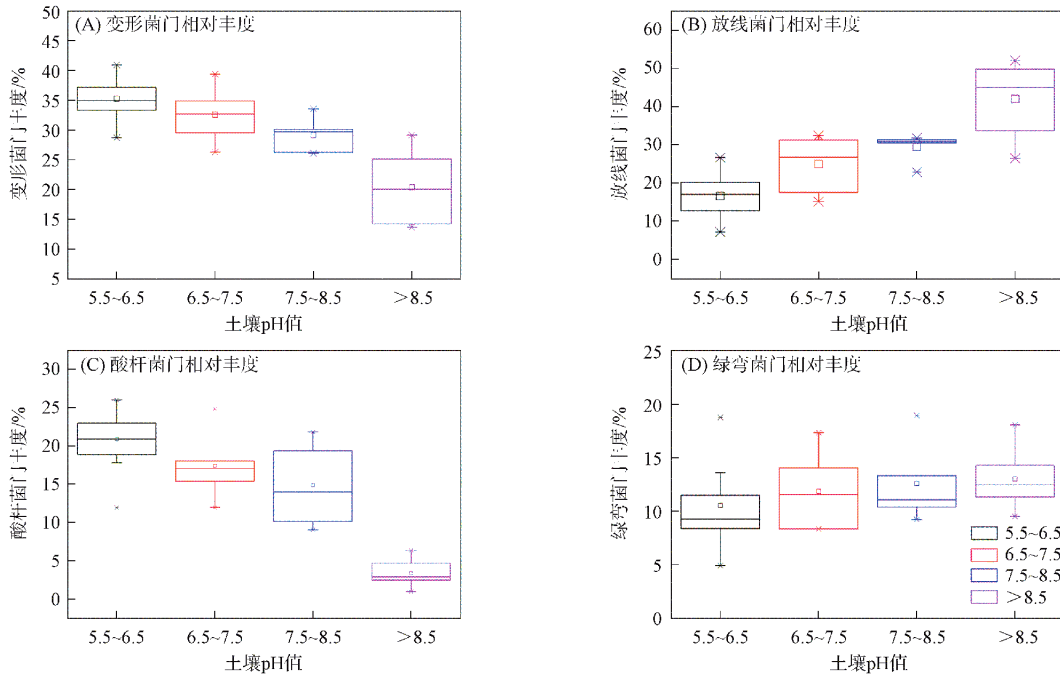


图 3 不同 pH 值土壤中主要门的相对丰度

Fig. 3 Relative abundances of major phyla in soils with different pH values

2.3 pH 值与土壤细菌群落多样性的关系

二元线性回归表明, 土壤 pH 值与细菌 α 多样性指数密切相关 ($p < 0.01$), 包括 Shannon 指数 (图 4(A)) 和 Chao1 指数 (图 4(B)). 此外, PCoA 结果的第一坐标 (图 5(A)) 和第二坐标 (图 5(B)) 所示的土壤细菌 β 多样性指数也与土壤 pH 值密切相关 ($p < 0.01$).

构建不同 pH 值土壤中细菌群落的共存网络, 考察细菌群落内不同物种之间的相互作用, 结果如图 6 所示. 节点根据模块化程度着色, 每个节点的大小与连接数量成正比. 由图 6 可见, 在中性土壤和弱碱性土壤细菌群落中的共存网络具有更多节点和连接, 且模块化程度较弱酸性土壤和强碱性土壤更高.

2.4 细菌群落与土壤性质和地理距离的关系

SEM 及环境因子对细菌群落的直接和间接作用如图 7 所示. 由图 7 可见: 经度主要通过对土壤特性的影响而间接影响细菌群落结构; 土壤的 pH 值与细菌群落有显著相关性; EC 对细菌群落有负面影响; WSOC 与细菌群落没有显著的直接关系.

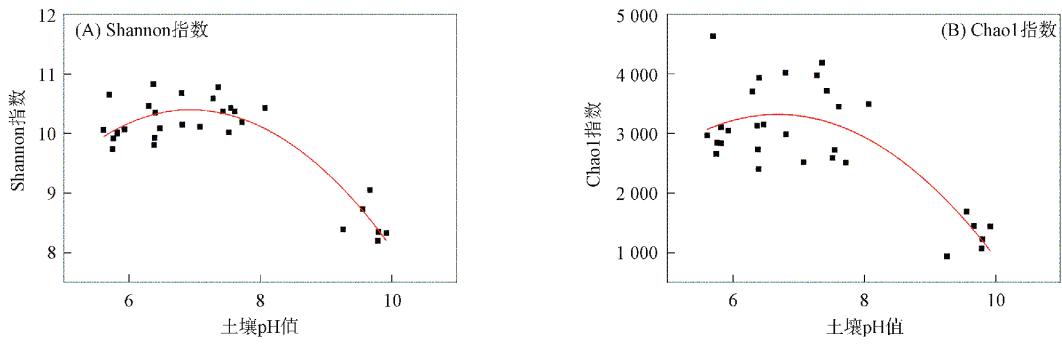


图 4 土壤细菌群落的 Shannon 指数(A)和 Chao1 指数(B)

Fig. 4 Shannon index (A) and Chao1 index (B) of soil bacterial communities

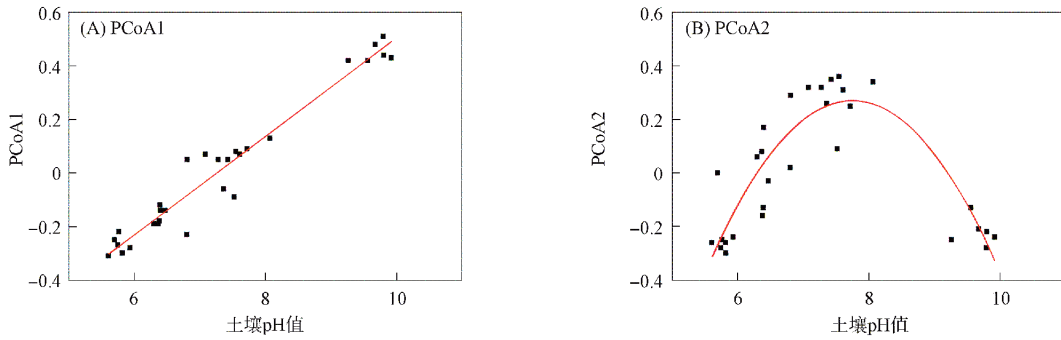


图 5 PCoA1(A)和 PCoA2(B)分析图

Fig. 5 Analysis chart of PCoA1 (A) and PCoA2 (B)

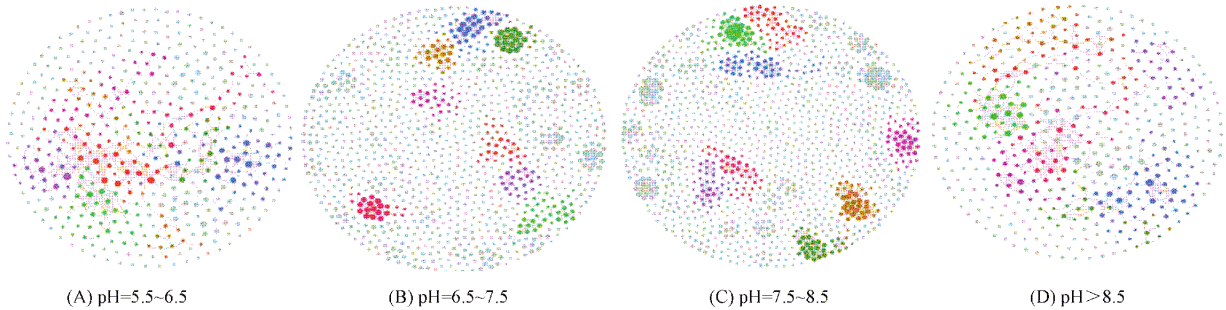
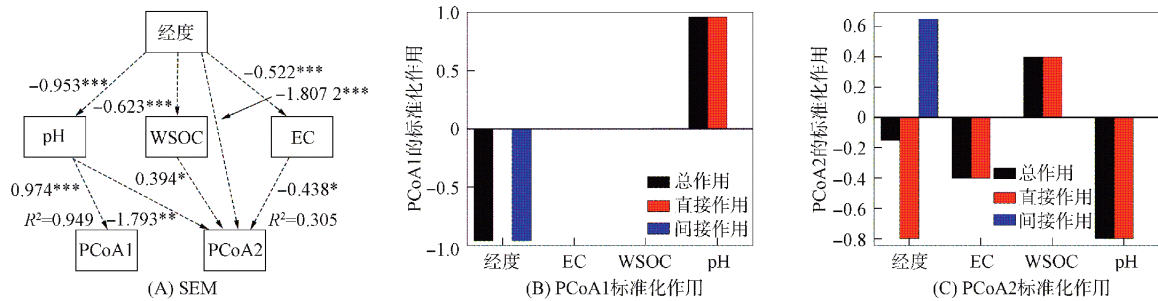


图 6 不同 pH 值土壤中细菌群落的共存网络

Fig. 6 Coexistence networks of bacterial communities in soils with different pH values



* , ** 和 *** 分别表示在 0.05, 0.01 和 0.001 处具有统计显著性.

图 7 SEM(A)及环境因子对细菌群落的直接和间接作用(B),(C)

Fig. 7 SEM (A) and direct and indirect effects of environmental factors on bacterial communities (B), (C)

3 讨 论

3.1 土壤理化性质

文献[27]分析了中国东北部黑土区的 26 个土壤样本, 研究表明, 中国东北部的土壤性质, 尤其是总有机碳发生了较大变化, 但 pH 值变化幅度较小, 仅为 2.01 个 pH 单位. 本文共收集了 30 个土壤样本, 发现吉林省东西部之间的土壤 pH 值 EC 以及 WSOC 发生了较大变化, 并且土壤 pH 值之间存在最高的正相关. 实验土壤之间的最大差异超过 4 个 pH 单位, pH 值和土壤其他理化性质之间存在显著相关性, pH 值可能通过改变土壤其他理化性质(如 NH_4^+-N , NO_3^--N 和 WSOC 的质量比)而改变土壤环境, 从而间接改变土壤细菌群落. 因此, 在研究前, 土壤理化性质先假设土壤 pH 值可能对改变土壤细菌群落的生物地理分布有更强的影响.

3.2 细菌群落组成

30 个土壤样本中的所有细菌群落主要由 9 个类群(变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、芽单胞菌门、疣微菌门、拟杆菌门、厚壁菌门和硝化螺菌门)组成. 本文观察到的优势菌门为变形菌门、放线菌门和酸杆菌门, 与文献[27]结果基本相符; 绿弯菌门的相对平均丰度约为 10%, 高于文献[16, 27]中该门的丰度. 文献[27]中的样本来自农业土壤, 本文样本来自非农业土壤, 表明农业措施可能改变土壤中的细菌群落组成. 农业土壤富含放线菌门, 其次是绿弯菌门、酸杆菌门、变形菌门和厚壁菌门, 森林土壤中绿弯菌门的丰度最高.

3.3 土壤 pH 值对细菌群落的影响

本文研究表明, pH 值是影响吉林省细菌群落结构的主要因子之一, pH 值也是细菌组成和多样性的最佳预测指标^[6, 9, 28-30]. 土壤 pH 值可能通过改变土壤其他理化特性(包括养分有效性、阳离子金属溶解度、有机碳特性、土壤水分状况和 EC)间接影响细菌群落结构, 这可能会对细菌群落结构产生更直接的影响. 土壤 pH 值也可能对土壤细菌类群产生直接胁迫, 对 pH 值变化更敏感的土壤微生物可能比对 pH 值变化更耐受的土壤微生物死亡更快, 从而改变群落结构. 土壤 pH 值是放线菌门群落变化的主要驱动因子^[31], 不同土壤中放线菌门和拟杆菌门的丰度与土壤 pH 值呈正相关. 在黑土^[32]和长白山土壤^[33]中 α -变形杆菌门的相对丰度与土壤 pH 值呈负相关, 在南北美洲土壤中的结果呈相反趋势^[6-7]. 此外, 本文观察到 γ -变形杆菌门、疣微菌门、拟杆菌门、厚壁菌门和硝化螺菌门等细菌群与土壤 pH 值呈正相关或负相关.

由图 6 可见, pH 值显著影响了细菌群落内部之间的相互作用. 网络中的正连接表示共同偏好的相似环境条件、交叉取食、生态位重叠或共同聚集, 负连接表示食物链中的竞争、生态位分配或捕食^[34-35]. 在弱酸性土壤和强碱性土壤中, 模块化程度较低, 可能的原因是非最佳 pH 值对土壤细菌产生了不利的压力, 降低了其多样性和丰富度以及细菌之间的联系^[29]. 除 pH 值外, 其他因子(如 EC 和 WSOC)也对细菌群落产生重大影响. 土壤盐分与土壤细菌群落的组成和结构密切相关. 在 WSOC 中, 尤其是其中的低分子部分, 很容易被微生物同化, 从而显著影响其存活和再生. 从地理位置上可解释大多数微生物群落结构的变化, 距离较长的土壤具有较少的相似性, 距离较远的取样土壤具有较少的共同物种^[36-37], 细菌群落结构也随地理距离的增加而变化^[32].

综上所述, 中国东北部吉林省细菌群落分布主要由土壤 pH 值、EC 和 WSOC 含量决定, 并且 pH 值大于其他因子的影响. pH 值以及其他环境因子不仅与 α -多样性和 β -多样性有关, 还与土壤细菌群落成员之间的联系有关. 可见, 土壤 pH 值是影响中国东北土壤中细菌群落的主要环境变量. 本文进一步揭示了 pH 值对土壤环境的影响机制, 对深入理解土壤微生态具有重要意义, 研究结果可为改善当地土地利用和土壤管理的策略设计提供有用的背景信息. 未来可进一步探究土壤理化性质对微生物功能基因表达的影响, 深入理解土壤微生物群落对环境因素的响应机制.

参 考 文 献

- [1] ZORZ J, WILLIS C, COMEAU A M, et al. Drivers of Regional Bacterial Community Structure and Diversity in

- the Northwest Atlantic Ocean [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 281-1-281-24.
- [2] KUANG S P, SU Y Q, WANG H H, et al. Soil Microbial Community Structure and Diversity around the Aging Oil Sludge in Yellow River Delta as Etermined by High-Throughput Sequencing [J]. *Archaea*, 2018, 2018: 7861805-1-7861805-10.
- [3] WANG X L, WANG Z K, JIANG P, et al. Bacterial Diversity and Community Structure in the Rhizosphere of Four Ferula Species [J]. *Scientific Reports*, 2018, 8: 5345-1-5345-10.
- [4] 靳一丹, 陆雅海. 大数据时代土壤微生物地理学的研究综述 [J]. *生态学报*, 2022, 42(13): 5152-5164. (JIN Y D, LU Y H. Advances and Perspectives of Soil Microbial Biogeography at Big Data Era [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, 42(13): 5152-5164.)
- [5] 陈敏, 秦华, 常健玮, 等. 基于文献计量分析的土壤微生物入侵研究现状及发展趋势 [J]. *土壤学报*, 2022, 59(6): 1492-1503. (CHEN M, QIN H, CHANG J W, et al. Research on Soil Microbial Invasion Based on Knowledge Graph Analysis and Its Development Trend [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2022, 59(6): 1492-1503.)
- [6] LAUBER C L, HAMADY M, KNIGHT R, et al. Pyrosequencing-Based Assessment of Soil pH as a Predictor of Soil Bacterial Community Structure at the Continental Scale [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(15): 5111-5120.
- [7] CHO S J, KIM M H, LEE Y O. Effect of pH on Soil Bacterial Diversity [J]. *Journal of Ecology and Environment*, 2016, 40(1): 75-83.
- [8] BAHRAM M, HILDEBRAND F, FORSLUND S K, et al. Structure and Function of the Global Topsoil Microbiome [J]. *Nature*, 2018, 560(7717): 233-237.
- [9] MAJ C, IBEKWE A M, YANG C H, et al. Bacterial Diversity and Composition in Major Fresh Produce Growing Soils Affected by Physiochemical Properties and Geographic Locations [J]. *Science of the Total Environment*, 2016, 563/564: 199-209.
- [10] MA J C, NERGUI S, HAN Z M, et al. The Variation of the Soil Bacterial and Fungal Community Is Linked to Land Use Types in Northeast China [J]. *Sustainability*, 2019, 11(12): 3286-1-3286-15.
- [11] XU J S, GAO W, ZHAO B Z, et al. Bacterial Community Composition and Assembly along a Natural Sodicty/Salinity Gradient in Surface and Subsurface Soils [J]. *Applied Soil Ecology*, 2021, 157: 103731-1-103731-12.
- [12] BERNARD J, WALL C B, COSTANTINI M S, et al. Plant Part and a Steep Environmental Gradient Predict Plant Microbial Composition in a Tropical Watershed [J]. *The International Society for Microbial Ecology Journal*, 2021, 15(4): 999-1009.
- [13] 刘坤和, 薛玉琴, 竹兰萍, 等. 嘉陵江滨岸带不同土地利用类型对土壤细菌群落多样性的影响 [J]. *环境科学*, 2021, 43(3): 1620-1629. (LIU K H, XUE Y Q, ZHU L P, et al. Effect of Different Land Use Types on the Diversity of Soil Bacterial Community in the Coastal Zone of Jialing River [J]. *Environmental Science*, 2021, 43(3): 1620-1629.)
- [14] NCIIZAH A D, WAKINDIKI I I C. Particulate Organic Matter, Soil Texture and Mineralogy Relations in Some Eastern Cape Ecotopes in South Africa [J]. *South African Journal of Plant and Soil*, 2012, 29(1): 39-46.
- [15] BAI R, WANG J T, DENG Y, et al. Microbial Community and Functional Structure Significantly Varied among Distinct Types of Paddy Soils but Responded Differently along Gradients of Soil Depth Layers [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8: 945-1-945-16.
- [16] 侯建伟, 邢存芳, 邓晓梅, 等. pH 对花椒根区土壤细菌群落结构的影响 [J]. *西北农林科技大学学报(自然科学版)*, 2020, 48(5): 115-122. (HOU J W, XING C F, DENG X M, et al. Effect of pH on Soil Bacterial Community Structure in Root Zone of Prickly Ash [J]. *Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition)*, 2020, 48(5): 115-122.)
- [17] 李慧儒. 大肠杆菌 O157 : H7 在吉林省 pH 梯度土壤中的存活及影响因素 [D]. 长春: 吉林大学, 2019. (LI H R. Survival of *Escherichia coli* O157 : H7 in Soils over a pH Gradient in Jilin Province and the Influencing Factors [D]. Changchun: Jilin University, 2019.)
- [18] 王寅, 张馨月, 高强, 等. 吉林省农田耕层土壤 pH 的时空变化特征 [J]. *土壤通报*, 2017, 48(2): 387-391. (WANG Y, ZHANG X Y, GAO Q, et al. Temporal and Spatial Variability of Soil pH in Cropland of Jilin [J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2017, 48(2): 387-391.)

- [19] MA J C, IBEKWE A M, CROWLEY D E, et al. Persistence of *Escherichia coli* O157 : H7 in Major Leafy Green Producing Soils [J]. *Environmental Science & Technology*, 2012, 46(21): 12154-12161.
- [20] CAPORASO J G, KUCZYNSKI J, STOMBAUGH J, et al. QIIME Allows Analysis of High-Throughput Community Sequencing Data [J]. *Nature Methods*, 2010, 7(5): 335-336.
- [21] SHANNON P, MARKIEL A, OZIER O, et al. Cytoscape: A Software Environment for Integrated Models of Biomolecular Interaction Networks [J]. *Genome Research*, 2003, 13(11): 2498-2504.
- [22] CHAO A, SHEN T J. Nonparametric Prediction in Species Sampling [J]. *Journal of Agricultural Biological and Environmental Statistics*, 2004, 9(3): 253-269.
- [23] GRACE J B, SCHOOLMASTER D R, Jr, GUNTENSPERGEN G R, et al. Guidelines for a Graph-Theoretic Implementation of Structural Equation Modeling [J]. *Ecosphere*, 2012, 3(8): 73-1-73-44.
- [24] JIANG Y J, QIAN H Y, WANG X Y, et al. Nematodes and Microbial Community Affect the Sizes and Turnover Rates of Organic Carbon Pools in Soil Aggregates [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, 119: 22-31.
- [25] DENG Y, JIANG Y H, YANG Y, et al. Molecular Ecological Network Analyses [J]. *BMC Bioinformatics*, 2012, 13: 113-1-113-20.
- [26] KAUFFMAN J, KITTAS A, BENNETT L, et al. DyCoNet: A Gephi Plugin for Community Detection in Dynamic Complex Networks [J]. *Plos One*, 2014, 9(7): e101357-1-e101357-8.
- [27] LIU J J, SUI Y Y, YU Z H, et al. High Throughput Sequencing Analysis of Biogeographical Distribution of Bacterial Communities in the Black Soils of Northeast China [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 70: 113-122.
- [28] 褚海燕, 冯毛毛, 柳旭, 等. 土壤微生物生物地理学: 国内进展与国际前沿 [J]. *土壤学报*, 2020, 57(3): 515-529. (CHU H Y, FENG M M, LIU X, et al. Soil Microbial Biogeography: Recent Advances in China and Research Frontiers in the World [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2020, 57(3): 515-529.)
- [29] NICOL G W, LEININGER S, SCHLEPER C, et al. The Influence of Soil pH on the Diversity, Abundance and Transcriptional Activity of Ammonia Oxidizing Archaea and Bacteria [J]. *Environmental Microbiology*, 2008, 10(11): 2966-2978.
- [30] ZHAO S, LIU J J, BANERJEE S, et al. Soil pH Is Equally Important as Salinity in Shaping Bacterial Communities in Saline Soils under Halophytic Vegetation [J]. *Scientific Reports*, 2018, 8: 4550-1-4550-11.
- [31] 赵璇. 中国北方主要草地类型土壤放线菌多样性和群落结构的比较研究 [D]. 长春: 东北师范大学, 2015. (ZHAO X. Comparison of Diversity and Structure of Soil Actinobacteria Communities across the Main Grasslands in Northern China [D]. Changchun: Northeast Normal University, 2015.)
- [32] LIU J J, SUI Y Y, YU Z H, et al. Diversity and Distribution Patterns of Acidobacterial Communities in the Black Soil Zone of Northeast China [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 95: 212-222.
- [33] SHEN C C, XIONG J B, ZHANG H Y, et al. Soil pH Drives the Spatial Distribution of Bacterial Communities along Elevation on Changbai Mountain [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 57: 204-211.
- [34] DENG Y, ZHANG P, QIN Y J, et al. Network Succession Reveals the Importance of Competition in Response to Emulsified Vegetable Oil Amendment for Uranium Bioremediation [J]. *Environmental Microbiology*, 2016, 18(1): 205-218.
- [35] 张君红, 王健宇, 孟泽昕, 等. 土壤微生物多样性通过共现网络复杂性表征高寒草甸生态系统多功能性 [J]. *生态学报*, 2022, 42(7): 2542-2558. (ZHANG J H, WANG J Y, MENG Z X, et al. Soil Microbial Richness Predicts Ecosystem Multifunctionality through Cooccurrence Network Complexity in Alpine Meadow [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, 42(7): 2542-2558.)
- [36] FULTHORPE R R, ROESCH L F W, RIVA A, et al. Distantly Sampled Soils Carry Few Species in Common [J]. *The ISME Journal*, 2008, 2(9): 901-910.
- [37] ROUSK J, BÅÅTH E, BROOKES P C, et al. Soil Bacterial and Fungal Communities across a pH Gradient in an Arable Soil [J]. *The ISME Journal*, 2010, 4(10): 1340-1351.

(责任编辑: 单 凝)