

# 覆盖条件下旱作春玉米农田土壤细菌群落结构分析

丁柳屹<sup>1</sup>, 王森<sup>1,2</sup>, 付鑫<sup>1</sup>

1. 西北大学 城市与环境学院, 西安 710127

2. 陕西省地表过程与环境承载力重点实验室, 西安 710127

**摘要:** 秸秆和地膜覆盖会改变农田土壤碳氮循环等理化条件, 而覆盖对参与碳氮循环的土壤微生物的影响还鲜有报道。本研究通过高通量测序, 分析了黄土高原旱作玉米农田无覆盖、秸秆覆盖、地膜覆盖下土壤细菌群落组成, 探讨了细菌介导的碳氮循环对覆盖的响应。结果表明秸秆覆盖增加了土壤细菌群落丰富度和多样性, 且显著增加了分解纤维素的细菌(纤维弧菌属 *Cellvibrio*)及介导固氮(根瘤菌属 *Rhizomicrobium*、*Chryseolinea*)和硝化过程的细菌(亚硝化螺菌属 *Nitrosospira*)丰度( $p<0.05$ ) ; 地膜覆盖增加了土壤细菌丰富度, 但降低了细菌多样性, 且显著增加了介导土壤硝化作用的硝化螺菌属 *Nitrospira* 的丰度( $p<0.05$ )。本结果为土壤中微生物介导的碳氮循环研究提供了理论依据。

**关键词:** 旱作农田; 秸秆覆盖; 地膜覆盖; 细菌; 碳氮循环

## Soil bacterial community structure in a dryland spring maize field with mulching

DING Liuyi<sup>1</sup>, WANG Sen<sup>1,2</sup>, FU Xin<sup>1</sup>

1. College of Urban and Environmental Sciences, Northwest University, Xi'an 710127, China

2. Shaanxi Key Laboratory of Earth Surface System and Environmental Carrying Capacity, Northwest University, Xi'an 710127, China

**Abstract: Background, aim, and scope** Straw and plastic film mulching will change the physical and chemical conditions such as carbon and nitrogen cycling in farmland soils, and few studies focused on the effects of covering soil microbes involved in carbon and nitrogen cycling. Consequently, in this paper we analyzed the bacterial community composition under different ways of mulching, and aimed at the microbial-mediated carbon and nitrogen cycling. **Materials and methods** In this study, the high-throughput sequencing technology was used to analyze the soil bacterial community composition in no mulching (CK), straw mulching (SM) and plastic film mulching (PM) spring maize in a dryland spring maize farmland on the Loess Plateau in China. **Results** The results showed that straw mulching increased the abundance and diversity of soil bacterial communities, and significantly increased the abundance of cellulolytic bacteria (*Cellvibrio*)

收稿日期: 2019-01-31; 录用日期: 2019-03-30; 网络出版: 2019-04-05

**Received Date:** 2019-01-31; **Accepted Date:** 2019-03-30; **Online first:** 2019-04-05

**基金项目:** 国家自然科学基金项目(41303073); 陕西省青年科技新星计划项目(2016KJXX-83); 陕西省自然科学基础研究计划青年人才项目(2015JQ4101); 陕西省教育厅科学项目(14JK1731)

**Foundation Item:** National Natural Science Foundation of China (41303073); Shaanxi Province Youth Science and Technology New Star Plan (2016KJXX-83); Natural Science Basic Research Plan in Shaanxi Province (Young Talent Project) (2015JQ4101); Scientific Research Project of Shaanxi Provincial Department of Education (14JK1731)

**通信作者:** 王森, E-mail: wangsen@nwu.edu.cn

**Corresponding Author:** WANG Sen, E-mail: wangsen@nwu.edu.cn

**引用格式:** 丁柳屹, 王森, 付鑫. 覆盖条件下旱作春玉米农田土壤细菌群落结构分析 [J]. 地球环境学报, 10(6): 590–600.

**Citation:** Ding L Y, Wang S, Fu X. 2019. Soil bacterial community structure in a dryland spring maize field with mulching [J]. Journal of Earth Environment, 10(6): 590–600.

and the bacteria with nitrogen fixation (*Rhizomicrobium*, *Chryseolinea*) and nitrification (*Nitrosospira*) ( $p<0.05$ ). Plastic mulching increased soil bacteria abundance but decreased soil bacteria diversity, and the plastic mulching significantly increased the abundance of *Nitrospira* with nitrification ( $p<0.05$ ). **Discussion** Mulching significantly increased carbon and nitrogen cycling-related microbes (*Cellvibrio*, *Rhizomicrobium*, *Chryseolinea*, *Nitrosospira*, and *Nitrospira*), and a positive correlation was found between soil total organic carbon, total nitrogen, potential mineralizable nitrogen and these microbes using redundancy analysis ( $p<0.05$ ), supporting the hypothesis that these microbes may play a major role in soil carbon and nitrogen cycling under straw and plastic mulching on the Loess Plateau. **Conclusions** Mulching increased the abundance of soil bacteria, and affected the soil carbon and nitrogen. *Cellvibrio*, *Rhizomicrobium*, *Chryseolinea*, *Nitrosospira*, and *Nitrospira* may contribute greatly to soil carbon and nitrogen cycling under straw and plastic mulching in a dryland spring maize farmland. **Recommendations and perspectives** This result provides useful information for better studying the microbial-mediated carbon and nitrogen cycling in soil.

**Key words:** dryland field; straw mulching; plastic film mulching; bacterial community; carbon and nitrogen cycling

土壤微生物参与了土壤物理化学过程, 尤其在营养物质转化、土壤碳氮循环等方面起着重要作用(胡亚林等, 2006), 微生物通过改变群落组成、降解不稳定碳来维持土壤中的碳储存、加强养分循环以促进植物养分利用效率三种反馈机制来调节土壤碳动态(Zhou et al, 2012); 氮循环的四个过程(固氮、氨化、硝化、反硝化)也可以由微生物介导(贺纪正和张丽梅, 2013)。而另一方面微生物生物量、活性和多样性也会对土壤条件的变化作出快速响应, 不同的覆盖方式通过改变土壤环境性状而对微生物产生一定影响。伍玉鹏等(2014)的研究认为秸秆直接还田可以通过改善土壤通气状况和有机质积累等来增加土壤微生物如固氮菌、纤维素分解菌等的数量。Shen et al (2016)的研究则表明地膜覆盖可改善半干旱地区土壤微生物生物量和微生物功能多样性的微生态环境。

秸秆和地膜覆盖可以有效蓄水抑蒸保墒, 增加土壤有机质, 提高作物产量和水分利用效率(Shen et al, 2016; Chen et al, 2017), 因此成为旱地农业一项重要的管理措施。土壤有机质是衡量土壤质量的重要指标, 氮素也是陆地生态系统中的重要元素(刘毅等, 2007), 不同覆盖方式对土壤碳氮循环的影响不尽相同。秸秆覆盖后被土壤微生物分解, 进入土壤增加了土壤中有机碳的含量, 且固碳能力随着秸秆覆盖量的增加而增加(李成芳等, 2011)。秸秆覆盖后土壤有机质的增加又为微生物提供了生长所需的营养物质, 促进微生物对有机氮的矿化, 进而秸秆覆盖较无覆盖提高

了净氮矿化量(石冰洁和李世清, 2018)。有研究认为地膜覆盖对土壤有机碳的含量影响不显著(Liu et al, 2014), 但也有研究认为地膜覆盖对土壤有机碳含量的影响与是否施用有机肥及土壤有机碳含量背景值有关(李世朋等, 2009)。Hai et al (2015)研究表明地膜覆盖通过提高半干旱地区土壤水分和温度, 增加了土壤氮的矿化速率。

近年来关于覆盖处理对农作物土壤温度、水分、团聚体及土壤碳氮组分的影响已有大量报道(Li et al, 2015; Saglam et al, 2017), 而关于长期覆盖处理对土壤微生物, 尤其是与碳氮循环相关的微生物群落结构多样性的影响的研究却较少。本文通过 Illumina MiSeq 平台进行 16S rRNA 测序, 分析了无覆盖处理、秸秆覆盖处理、地膜覆盖处理条件下玉米土壤细菌群落组成与结构, 重点探讨了三种处理方式对与碳氮循环相关的土壤细菌群落结构的影响, 以期为旱地农田农业活动的开展以及碳减排相关政策的制定提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

该试验在中国科学院黄土高原农业生态试验站( $107^{\circ}44'E$ ,  $35^{\circ}12'N$ )进行, 实验站位于陕西省长武县十里铺。该地区属温带半干旱半湿润性季风气候, 海拔 1200 m, 年日照时数 2330 h, 年平均气温 9.2 ℃, 降水主要集中在夏季, 多年平均降水量为 584.1 mm。种植土壤为黑垆土, 粘壤质, 土质疏松, pH 为 8.4, 有机碳含量为  $9.05\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ , 土壤总氮含量为  $1.1\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。

## 1.2 实验设计与样品采集

春玉米覆盖定位试验包括地膜覆盖（PM）、秸秆覆盖（SM）和不覆盖对照（CK）三个处理，每个处理都包括三个重复区域，不同区域间距 0.5 m，组距 1 m，总共有 9 个小区。地膜覆盖处理于播种前将可降解地膜覆盖于地表，秸秆覆盖处理是在玉米出苗后将秸秆覆盖于地表，并且在玉米收获后将二者除去，其中，秸秆覆盖的覆盖量是 9000 kg·hm<sup>-2</sup>。试验前该区域未种植任何作物，且在 9 月玉米收获后不再种植任何作物。该地不进行灌溉，通过自然降雨使作物生长。本试验所用的玉米品种为先玉 335，于 2009 年 4 月份开始进行初次播种，每年 9 月中旬收获，试验至本研究 2015 年 9 月玉米收获时共进行 7 年。玉米收获后，每个小区采用 S 形 5 点采样法，采集 0—10 cm 玉米根际土，小心地摇动玉米根部以去除松散粘附的土壤，并使用无菌刷仔细收集剩余附着在玉米根部的土壤。所有的土壤样品均置于便携式冰箱后迅速带回实验室，-80℃保存。

## 1.3 测定指标及方法

取部分土样风干后去除植物残体和石块，过 2 mm 筛用于测定铵态氮（NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N）、硝态氮（NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N）、潜在可矿化氮（PNM），微生物量氮（MBN），微生物量碳（MBC）的含量；过 0.15 mm 筛后用于测定总氮（STN）、土壤有机碳（SOC）的含量。

其中 SOC 和 STN 用 10% 的盐酸脱无机碳后采用 EA3000 元素分析仪测定（Aziz, 2013）。NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N 和 NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N 含量用 KCl 溶液浸提后采用 Cleverchem380（DeChem-Tech）全自动间断化学分析仪测定（付鑫, 2016）。PNM 采用密闭培养法测定（Jenkinson and Powlson, 1976），用蒸馏水将 10 g 风干土样调节至田间持水量的 50%，放于培养箱中培养 10 d，用 50 mL 2 mol·L<sup>-1</sup> 的 KCl 溶液浸提 1 h，用全自动间断化学分析仪测定 NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N 和 NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N 含量，PNM 含量为培养前后 NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N、NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N 之和的差值。MBN 采用氯仿熏蒸培养法

（Sainju, 2007）测定，先将 10 g 土壤复湿培养 10 d，在真空干燥器中氯仿熏蒸 24 h，再培养 10 d，然后用与测定 PNM 相同的浸提方法测定 MBN。MBC 同样用氯仿熏蒸培养法（Sainju, 2007）测定，将复湿土壤、水和稀 NaOH 放在一起培养 10 d，用 BaCl<sub>2</sub> 和 HCl 滴定后计算氯仿熏

蒸前后土壤释放的 CO<sub>2</sub> 的量，MBC 含量为熏蒸前后土壤释放 CO<sub>2</sub> 的量之差除以因子 0.41。

## 1.4 DNA 提取及 PCR 扩增

取不同覆盖方式下土壤样品，使用 TIANamp Soil DNA Kit 107（TIANGEN BIOTECH Inc., Beijing, China）按照说明提取细胞总 DNA，提取产物采用 1% 琼脂糖凝胶电泳进行检测基因组 DNA 的纯度和质量，用引物 B341F（5' -CCTACGGNGGCWGCAG-3'）和 B785RA（5' -GACTACHVGGGTATCTAATCC-3'）扩增细菌 16S rRNA 基因的 V3-V4 高变区，PCR 扩增程序如下：95℃预变性 3 min, 95℃变性 30 s, 退火（55℃, 30 s），延伸（72℃, 30 s），最后在 72℃延伸 5 min。经纯化检测后的样品送至北京源泉宜科公司利用 Illumina MiSeq 2000 平台进行测序。

## 1.5 数据处理

测序后的序列处理后进行数据过滤，使用 Mothur（Schloss et al, 2009）去除平均质量得分 ≤20 的序列，去除含 N 的序列，去除同聚体过长（>10 bp）的序列；去除引物错配过多（≥4 bp）的序列，并去除引物序列；去除过短（≤200 bp）和过长（≥500 bp）的序列嵌合体序列；使用 UCHIME 以（Edgar, 2013）Gold 数据集作为参比，去除嵌合体最终得到高质量序列。使用 USEARCH（Edgar, 2013）根据序列相似度将序列聚类为操作分类单元（OTU），相似度阈值为 97%。使用 RDP 分类器（Wang et al, 2007）以 SILVA 数据库（Pruesse et al, 2007）为参比，对序列进行系统分类，分类基于 Bergey's taxonomy，共分为六级，依次为界、门、纲、目、科、属。使用 mothur 计算 Alpha 多样性指数。

采用 SPSS 20.0 软件对数据进行单因素（ANOVA）方差分析。采用 CANOCO 4.5 对物种信息及环境因子进行冗余（RDA）分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同覆盖方式对春玉米土壤理化性质的影响

SM 较 CK 处理根际土壤中的 STN 增加了 10.7%（ $p < 0.05$ ），PNM 增加了 14.6%（ $p < 0.05$ ），MBN 增加了 18.1%（ $p < 0.05$ ），NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N 增加了 43.4%（ $p < 0.05$ ），SOC 增加了 12.3%（ $p < 0.05$ ），MBC 增加了 24.3%（ $p < 0.05$ ），而对 NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N 无显著影响（ $p > 0.05$ ）（表 1）。PM 较 CK 根际

土壤中的  $\text{NO}_3^-$ -N 增加了 141.1% ( $p<0.05$ ) , MBC 降低了 10.1% ( $p<0.05$ ) , STN、PNM、

MBN、SOC、 $\text{NH}_4^+$ -N 等则无显著变化 ( $p>0.05$ ) (表 1)。

表 1 不同覆盖方式下玉米田土壤理化性质指标

Tab.1 Physical and chemical properties of the maize soil under different mulching treatments

处理 Treatment	总氮 STN/(g·kg <sup>-1</sup> )	潜在矿化氮 PNM/(mg·kg <sup>-1</sup> )	微生物量氮 MBN/(mg·kg <sup>-1</sup> )	硝态氮 $\text{NO}_3^-$ -N/(mg·kg <sup>-1</sup> )	铵态氮 $\text{NH}_4^+$ -N/(mg·kg <sup>-1</sup> )	土壤有机碳 SOC/(g·kg <sup>-1</sup> )	微生物量碳 MBC/(mg·kg <sup>-1</sup> )
CK	1.22±0.04b	40.06±2.11b	36.60±2.07b	10.64±2.10c	8.26±0.07a	12.38±0.50b	327.33±21.03b
SM	1.35±0.07a	45.90±1.98a	43.21±3.16a	15.26±2.25b	8.00±0.34a	13.90±0.46a	407.00±15.39a
PM	1.21±0.01b	40.91±2.24b	36.97±0.09b	25.66±2.34a	8.40±0.50a	11.71±0.26b	294.33±22.03c

CK: 无覆盖; SM: 稻秆覆盖; PM: 地膜覆盖。表中的值为平均值±SD, 同一列字母不同表明不同处理间的差异在  $p<0.05$  水平显著。下同。  
CK: no mulching; SM: straw mulching; PM: plastic film mulching. The values in the table are mean±standard deviation, numbers followed by different letters within a column are significantly different at  $p<0.05$  by the different treatments.

## 2.2 不同覆盖方式下春玉米土壤细菌群落组成

通过 16S rRNA 测序, CK 得到 47387 条有效序列数和 2701 个 OTU, SM 得到 42173 条有效序列数和 2755 个 OTU, PM 得到 33844 条有效序列数和 2599 个 OTU (表 2)。CK 与 SM 共有的 OTU 为 2494 个, CK 与 PM 共有的 OTU 为 2284 个, SM 与 PM 共有的 OTU 为 2323 个, CK 中特有的 OTU 有 96 个, SM 中特有的 OTU 有 111 个, PM 中特有的 OTU 有 165 个, 它们共同包含的 OTU 数为 2173 个 (图 1)。

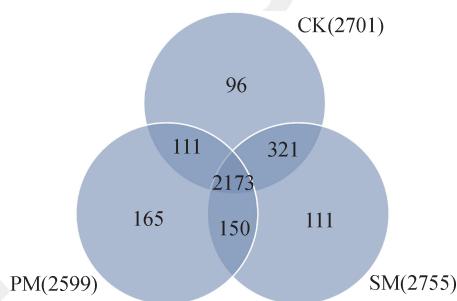


图 1 不同覆盖方式土壤中细菌 OTU 分布 Venn 图  
Fig.1 Venn diagram showing the number of OTU for soil bacterial under different mulching treatments

在不同覆盖方式下的根际土壤中共检测到 25 个门, 51 个纲, 85 个目, 130 个科, 160 个属。其中变形菌门 Proteobacteria 和浮霉菌门 Planctomycetes 丰度最高, 其次是酸杆菌门 Acidobacteria, 这三种门类在三种覆盖方式下均约占 60%, 且在 CK 中含量最多 ( $p>0.05$ ), 此外放线菌门 Actinobacteria、芽单胞菌门 Gemmatimonadetes、拟杆菌门 Bacteroidetes、疣微菌门 Verrucomicrobia 和蓝细菌门 Cyanobacteria 等门类也较为丰富 (图 2a)。在所检测到的 160 个

属中, 芽单胞菌属 *Gemmatimonas*、鞘脂单胞菌属 *Sphingomonas*、*Gaiella*、*Haliangium* 和布拉氏杆菌属 *Blastocatella* 等属于优势菌属 (图 2b), 其中鞘脂单胞菌属在 SM 和 PM 中均显著减少 ( $p<0.05$ ), SM 显著降低了 *Gaiella* 的含量 ( $p<0.05$ ), 同时增加了 *Haliangium* 的含量 ( $p<0.05$ ) ; PM 显著显著增加了芽单胞菌属的丰度 ( $p<0.05$ ), 同时降低了布拉氏杆菌属的丰度 ( $p<0.05$ )。

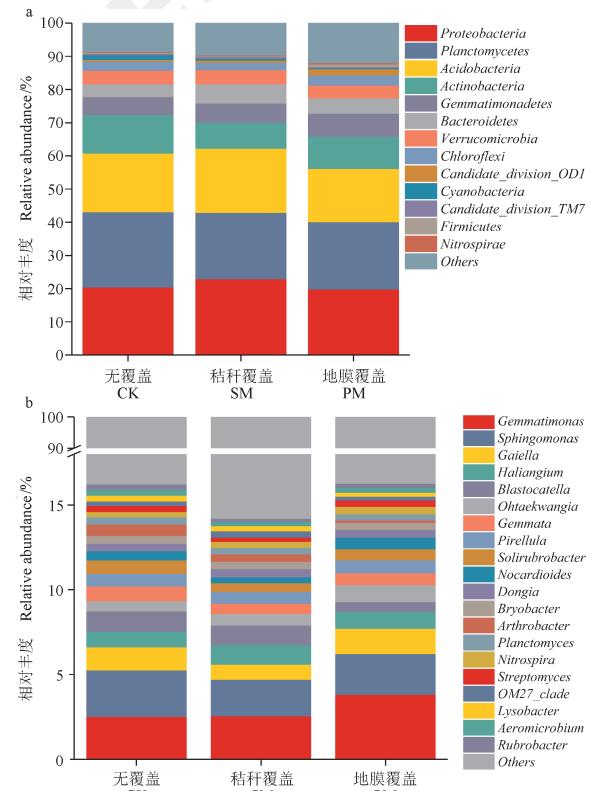


图 2 不同覆盖方式土壤中细菌门 (a) 和属 (b) 类所占比例  
Fig.2 Percent distribution of soil bacterial phyla (a) and genera (b) under different mulching treatments

### 2.3 不同覆盖方式下玉米土壤细菌群落多样性分析

CK、SM、PM 土壤中所检测到的细菌测序深度指数 coverage 分别为 0.9920、0.9894、0.9855 (表 2)，说明各处理的细菌物种信息基本得到了充分的体现。Chao1 指数和 ACE 指数是用不同方法估计群落中含有 OTU 数目的指数，Chao1 方法和 ACE 方法得出的丰富度均为 SM>PM>CK ( $p>0.05$ ) (表 2)，表明秸秆覆盖与地膜覆盖

均增加了土壤中细菌的丰富度。Shannon 指数和 Simpson 指数用以估算微生物多样性，Shannon 指数值越大群落多样性越高，Simpson 指数反映优势种在群落中的地位和作用，数值越大群落多样性越低。Shannon 指数为 SM>CK>PM ( $p>0.05$ )，Simpson 指数为 PM>CK>SM ( $p>0.05$ ) (表 2)，表明秸秆覆盖下细菌多样性最高，无覆盖处理的群落多样性次之，地膜覆盖下微生物多样性最低。

表 2 不同覆盖方式下土壤细菌指数

Tab.2 Diversity indices of soil bacterial community under different mulching treatments

样品 Sample	有效序列数 Number of sequence	OTUs	chao	ACE	覆盖率 Coverage	香农指数 Shannon	辛普森指数 Simpson
无覆盖 CK	47387	2701	2865.792	2837.188	0.9920	6.85067	0.00268
秸秆覆盖 SM	42173	2755	2992.237	2963.340	0.9894	6.86245	0.00257
地膜覆盖 PM	33844	2599	2943.685	2914.984	0.9855	6.80751	0.00300

### 2.4 土壤碳氮循环相关细菌对不同覆盖方式的响应

#### 2.4.1 土壤碳循环相关细菌对不同覆盖方式的响应

碳循环主要包括碳固定、碳降解和甲烷代谢三个过程 (刘洋荧等, 2017)。已报道的固碳菌有硫杆菌属 *Thiobacillus*、红假单胞菌属 *Rhodopseudomonas*、斯塔普氏菌属 *Stappia* 和念珠藻属 *Nostoc* 等 (刘洋荧等, 2017; 张艳敏等, 2018)，本研究仅在 CK 中检测到固碳菌：蓝细菌门 Cyanobacteria 中的念珠藻属 *Nostoc* (表 3)。具有碳降解功能的细菌有纤维弧菌属 *Cellvibrio*、假单胞菌属 *Pseudomonas*、链霉菌属 *Streptomyces*、芽孢杆菌属 *Bacillus*、分枝杆菌属 *Mycobacterium*、

节杆菌属 *Arthrobacter*、无色杆菌属 *Achromobacter* 和诺卡氏菌属 *Nocardia* 等 (Jain et al, 1994; Jang and Chen, 2003; Ehrt and Schnappinger, 2007; Gardner et al, 2014) (表 3)。SM 中的纤维弧菌属显著增加 ( $p<0.05$ )，链霉菌属和节杆菌属显著减少 ( $p<0.05$ )；PM 中的纤维弧菌属和节杆菌属均显著减少 ( $p<0.05$ )。总的来说，PM 中与有机碳分解相关的细菌丰度低于 CK ( $p<0.05$ )。CK 与 SM 处理下土壤中检出的甲烷氧化菌为甲基杆菌属 *Methylobacterium* (表 3)，丰度相似 ( $p>0.05$ )，而 PM 中未检出。此外，本研究中未检测到产甲烷菌。

表 3 不同覆盖方式下春玉米土壤碳循环相关细菌丰度

Tab.3 Abundance of carbon cycling-related bacterium under different mulching treatments

作用 Function	细菌属类 Bacterium	细菌丰度 Abundance/%			
		无覆盖	CK	秸秆覆盖	SM
<b>碳循环 Carbon cycling</b>					
有机碳分解 Decomposition of organics	纤维弧菌属 <i>Cellvibrio</i>	0.036±0.009b	0.074±0.013a	0.006±0.004c	
	诺卡氏菌属 <i>Nocardia</i>	0.013±0.005a	0.014±0.006a	0.012±0.006a	
	链霉菌属 <i>Streptomyces</i>	0.352±0.027a	0.244±0.024b	0.369±0.033a	
	芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i>	0.224±0.021a	0.173±0.020a	0.293±0.029a	
	假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i>	0.027±0.008a	0.045±0.010a	0.027±0.009a	
	分枝杆菌属 <i>Mycobacterium</i>	0.219±0.021a	0.183±0.021a	0.127±0.019a	
	节杆菌属 <i>Arthrobacter</i>	0.658±0.037a	0.434±0.032b	0.148±0.021c	
	无色杆菌属 <i>Achromobacter</i>	0.008±0.004a	0.005±0.004a	0.006±0.004a	
碳固定 CO <sub>2</sub> fixation	念珠藻属 <i>Nostoc</i>	0.025±0.007a	0b	0b	
甲烷氧化 Methanotroph	甲基杆菌属 <i>Methylobacterium</i>	0.002±0.002a	0.002±0.002a	0b	

表中的值为平均值 ±SE，同一行字母不同表明不同处理间的差异在  $p<0.05$  水平显著。

The values in the table are mean±standard error, numbers followed by different letters within a row are significantly different at  $p<0.05$  by the different treatments.

#### 2.4.2 土壤氮循环相关细菌对不同覆盖方式的响应

氮循环主要包括微生物介导下的固氮、氨化、硝化、反硝化等循环过程(贺纪正和张丽梅, 2013)。本研究所检测到的固氮细菌主要有根瘤菌属 *Rhizomicrobium*、无色杆菌属 *Achromobacter* 及 *Chryseolinea*(表4), 且 SM 中根瘤菌属和 *Chryseolinea* 的丰度显著高于 CK 和 PM( $p<0.05$ )。参与氨化作用的细菌主要有浮霉菌目的浮霉状菌属 *Planctomyces* 和小梨形菌属 *Pirellula*, 以及亚硝化螺菌属 *Nitrosospira*(沈菊培, 2008)(表4), 其中浮霉状菌属和小梨形菌属在不同处理下无显

著差异( $p>0.05$ ), SM 土壤中的亚硝化螺菌属则较 CK 显著增加( $p<0.05$ ); 参与亚硝酸氧化的细菌主要有硝化螺菌属 *Nitrospira*(表4), 且 PM 显著高于 CK ( $p<0.05$ ); 另外, 本研究所检测出的假诺卡氏菌属 *Pseudonocardia* 可直接将氨硝化为硝酸盐, 在三种处理下无显著变化( $p>0.05$ )(表4)。参与反硝化作用的细菌有芽孢杆菌属 *Bacillus*、假单胞菌属 *Pseudomonas* 和黄杆菌属 *Flavisolibacter*(表4), 其中 PM 降低了黄杆菌属的丰度( $p<0.05$ ), 其余菌属在不同覆盖方式中的丰度无显著性差异( $p>0.05$ )(表4)。

表4 不同覆盖方式下春玉米土壤氮循环相关细菌丰度  
Tab.4 Abundance of nitrogen cycling-related bacterium under different mulching treatments

作用 Function	细菌属类 Bacterium	细菌丰度 Abundance/%			
		无覆盖	CK	秸秆覆盖 SM	地膜覆盖 PM
氮循环 Nitrogen cycling					
氮固定 Nitrogen fixation	根瘤菌属 <i>Rhizomicrobium</i>	0.120±0.016b	0.263±0.025a	0.168±0.022b	
	无色杆菌属 <i>Achromobacter</i>	0.008±0.004a	0.005±0.003a	0.006±0.004a	
	<i>Chryseolinea</i>	0.122±0.016b	0.315±0.027a	0.100±0.017b	
硝化作用 Nitrofication					
	亚硝化螺菌属 <i>Nitrosospira</i>	0.084±0.013a	0.145±0.019a	0.127±0.019a	
	硝化螺菌属 <i>Nitrospira</i>	0.317±0.026b	0.344±0.029b	0.437±0.036a	
	浮霉状菌属 <i>Planctomyces</i>	0.428±0.030a	0.384±0.030a	0.355±0.032a	
	小梨形菌属 <i>Pirellula</i>	0.736±0.039a	0.685±0.040a	0.756±0.047a	
	假诺卡氏菌属 <i>Pseudonocardia</i>	0.074±0.013a	0.031±0.009a	0.059±0.013a	
反硝化作用 Denitrofication					
	芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i>	0.224±0.021a	0.173±0.020a	0.293±0.029a	
	假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i>	0.027±0.008a	0.045±0.010a	0.027±0.009a	
	黄杆菌属 <i>Flavisolibacter</i>	0.221±0.022a	0.206±0.022a	0.083±0.016b	

表中的值为平均值±SE, 同一行字母不同表明不同处理间的差异在  $p<0.05$  水平显著。

The values in the table are mean±standard error, numbers followed by different letters within a row are significantly different at  $p<0.05$  by the different treatments.

#### 2.5 不同覆盖方式下土壤细菌群落结构与土壤碳氮组分的关系

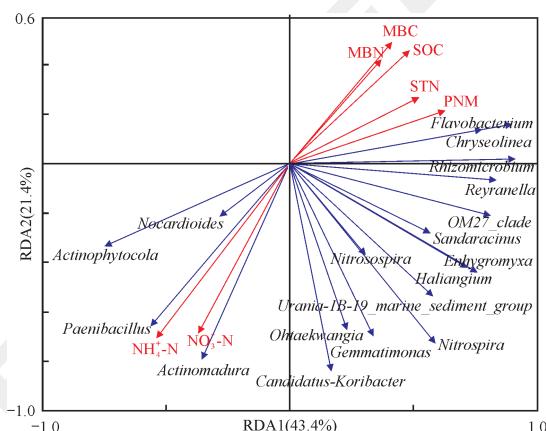
SM 较 CK 显著增加( $p<0.05$ )且丰度大于 0.1% 的细菌主要有 *Haliangium*、*OM27\_clade*、*Chryseolinea*、根瘤菌属、*Urania-1B-19\_marine\_sediment\_group*、*Sandaracinus*、亚硝化螺菌属、*Enhygromyxa*、黄杆菌属, 对秸秆覆盖后显著增加的细菌与土壤碳氮组分含量(MBC、MBN、SOC、STN、PNM、 $\text{NO}_3^-$ -N、 $\text{NH}_4^+$ -N)进行 RDA 分析(图3), 结果表明黄杆菌属、*Chryseolinea*、根瘤菌属与土壤中 MBC、MBN、

SOC、STN 及 PNM 的含量均呈正相关, 而与  $\text{NO}_3^-$ -N 及  $\text{NH}_4^+$ -N 呈负相关, 亚硝化螺菌属与  $\text{NO}_3^-$ -N 呈正相关。地膜覆盖下显著增加( $p<0.05$ )且丰度大于 0.1% 的细菌主要有 *Gemmimonas*、*Ohtaekwangia*、类诺卡氏菌属 *Nocardioides*、硝化螺菌属、*Paenibacillus*、*Reyranella*、*Actinophytocola*、黄杆菌属、*Actinomadura*、*Candidatus\_Koribacter*。通过 RDA 分析发现 *Reyranella* 与 STN、SOC、PNM、MBC 及 MBN 含量呈正相关, 而与  $\text{NO}_3^-$ -N 和  $\text{NH}_4^+$ -N 呈负相关; 硝化螺菌属与  $\text{NO}_3^-$ -N 呈正相关。

### 3 讨论

#### 3.1 不同覆盖方式对玉米土壤细菌的影响

土壤微生物通过影响土壤的物理、化学和生物特性及其动力学来调节土壤 (Zelles, 1999)，因而可以反映土壤的质量变化 (Rousk et al, 2013)。本研究表明秸秆覆盖与地膜覆盖均增加了土壤中的细菌群落丰富度，这可能是由于覆盖措施下土壤温度、水分以及理化性质的改善，另一方面秸秆的自身降解也有利于土壤中有机质的积累，从而增加细菌含量 (伍玉鹏等, 2014)。秸秆覆盖处理提高了土壤中细菌的多样性，而地膜覆盖则降低了土壤细菌的多样性，这可能是由于长期地膜覆盖会导致土壤养分关系失衡，土壤酸化，酶活性降低等 (白雪等, 2018)，对细菌种群数量、活性及生物量积累均会产生严重的抑制作用，最终引起细菌种群的大幅度下降，这与郭子武 (郭子武等, 2013) 等人关于地膜覆盖对雷竹林土壤微生物的影响的研究结论基本一致。



STN: 总氮；PNM: 潜在矿化氮；MBN: 微生物量氮；MBC: 微生物量碳；SOC: 土壤有机碳；NO<sub>3</sub>-N: 硝态氮；NH<sub>4</sub>-N: 铵态氮。  
STN: soil total nitrogen; PNM: potential mineralizable nitrogen; MBN: microbial biomass nitrogen; MBC: microbial biomass carbon; SOC: soil total organic carbon; NO<sub>3</sub>-N: nitrate nitrogen; NH<sub>4</sub>-N: ammonia nitrogen.

图 3 不同覆盖方式显著增加(丰度>0.1%)细菌与土壤因子的冗余(RDA)分析

Fig.3 Redundancy analysis between significantly increased bacterium (abundance >0.1%) and soil factors under different mulching treatments

在丰度较高的门及属中，酸杆菌门有降解植物残体或多聚体、参与铁循环、光合作用、参与单碳化合物代谢等作用 (Pankratov et al, 2012;

王光华等, 2016)；放线菌具有分解有机物、产生各种酶和维生素的功能，且部分放线菌门对固定大气中的氮有一定作用 (尤健, 2013)；蓝细菌门具有固定 CO<sub>2</sub> 的作用 (倪雪姣等, 2014)。丰度较高的鞘脂单胞菌属具有耐受极端贫营养条件、利用各种简单分子、降解复杂有机物的能力 (胡杰等, 2007)。

#### 3.2 不同覆盖方式下细菌介导的土壤碳氮循环

##### 3.2.1 不同覆盖方式下细菌介导的土壤碳循环

秸秆覆盖一方面增加了土壤有机质的输入，另外其稳温保水的效果有利于土壤有机质的积累，有机质的输入远大于其他处理 (伍玉鹏等, 2014)，本研究发现秸秆覆盖土壤中的有机碳含量也显著高于无覆盖 ( $p<0.05$ )。本研究中主要检测到了纤维弧菌属、假单胞菌属、链霉菌属、芽孢杆菌属、分枝杆菌属、节杆菌属、无色杆菌属和诺卡氏菌属等介导土壤碳降解的细菌，其中能够分解纤维素的主要有纤维弧菌属 (Gardner et al, 2014)，能够分解淀粉的主要有诺卡氏菌属、芽孢杆菌属、假单胞菌属，能够分解脂质物质的主要有假单胞菌属、分枝杆菌属、无色杆菌属 (Ehrt and Schnappinger, 2007)，链霉菌属主要可以降解木质素 (Jang and Chen, 2003)，节杆菌属能够分解芳香化合物 (Jain et al, 1994)。秸秆覆盖下土壤中分解纤维素的纤维弧菌属显著增加 ( $p<0.05$ )，可能是由于玉米秸秆腐败后产生的有机质主要为纤维素 (刘淑霞, 2008)。地膜覆盖下土壤的有机碳含量及所检测到的介导碳降解的细菌丰度与无覆盖相比均无明显变化 ( $p>0.05$ )，原因可能是地膜覆盖阻碍了土壤与空气的交换，从而减缓土壤有机质的转化 (张彤勋等, 2018)。

农田中 CH<sub>4</sub> 的排放是土壤 CH<sub>4</sub> 产生、再氧化以及传输三个过程共同作用的结果 (孙万龙等, 2014)，因此受产甲烷菌、甲烷氧化菌的含量和活性以及排放通道是否通畅的影响。Wu et al (2013) 及 Chen et al (2017) 研究均认为秸秆覆盖可以增加甲烷氧化菌的量，土壤吸收 CH<sub>4</sub> 的能力增强，Ma et al (2008) 的研究也认为秸秆覆盖将很大程度地减少稻田 CH<sub>4</sub> 的排放。本研究仅在秸秆覆盖和无覆盖下检测到介导甲烷氧化的甲基杆菌属，且在秸秆覆盖下无显著变化 ( $p>0.05$ )。可能是因为秸秆覆盖后的土壤温度等性质未发生

明显变化, 而地膜覆盖下较低的气态氧利用率降低了甲基物质氧化甲烷的能力 (Li et al, 2014), 使得甲烷氧化菌减少 (Nan et al, 2016), 这与 Cuello et al (2015) 的研究结果类似。

### 3.2.2 不同覆盖方式下细菌介导的土壤氮循环

氮循环在生态系统中的过程比任何其他地球元素循环都要复杂, 主要包括微生物介导下的固氮、氨化、硝化、反硝化等循环过程 (贺纪正和张丽梅, 2013)。硝化作用是微生物在好氧条件下将铵态氮氧化为亚硝态氮再氧化为硝态氮的过程, 包括氨氧化和亚硝酸氧化两个过程 (贺纪正等, 2012), 氨氧化过程主要由氨氧化细菌 (AOB) 和氨氧化古菌 (AOA) 共同催化完成 (贺纪正等, 2012)。反硝化作用是通过反硝化微生物的作用将硝酸盐还原为  $N_2O$  和  $N_2$  的过程 (Philippot and Hallin, 2005)。

土壤中总氮含量是衡量土壤质量、反映土壤供氮能力的指标 (Sainju et al, 2007), 且与固氮微生物相关 (Juraeva et al, 2006), 稻秆覆盖提高了土壤的固氮能力 (卜玉山等, 2010; 谢驾阳等, 2010)。本研究中稻秆覆盖显著增加了土壤中总氮的含量 ( $p<0.05$ ) 以及固氮细菌 (根瘤菌属与 *Chryseolinea*) 的丰度 ( $p<0.05$ ), 且通过 RDA 分析发现这两种细菌含量与土壤总氮呈正相关, 说明根瘤菌属与 *Chryseolinea* 在固氮过程中起到一定作用。有研究认为地膜覆盖使得作物生长迅速, 植株的根分泌物多于不覆膜, 从而可增加土壤的固氮活性 (李桂芳等, 1995), 而本研究中检测到地膜覆盖下的土壤中介导固氮作用的细菌略有增加, 但不显著 ( $p>0.05$ )。

稻秆腐解产生的有机碳及频繁的干湿交替均有利于土壤有机氮的矿化 (石冰洁和李世清, 2018), 地膜覆盖改善了土壤水分和温度条件, 增加了土壤呼吸强度, 从而使土壤有机质矿化速率加快, 有机氮库下降, 最终导致表层土壤中的硝态氮大量积累 (张彤勋等, 2018)。本研究中稻秆覆盖与地膜覆盖也均增加了土壤中硝态氮的含量 ( $p<0.05$ ), 稻秆覆盖显著增加了亚硝化螺菌属的含量 ( $p<0.05$ ), 地膜覆盖显著增加了硝化螺菌属的含量 ( $p<0.05$ ), 且通过 RDA 分析发现亚硝化螺菌属与硝化螺菌属均与硝态氮含量成正相关, 其在硝化作用中发挥一定的作用。

反硝化过程复杂, 参与反硝化作用的微生物

种类繁多, 有些微生物可能同时含有多种功能基因 (贺纪正和张丽梅, 2013)。本研究在稻秆覆盖及地膜覆盖下检测到的反硝化细菌总量与无覆盖无显著差异, 这可能是由于反硝化微生物的多样性和群落结构是由多种因素共同作用的结果 (贺纪正和张丽梅, 2013), 也有可能本研究中已检测到的细菌中含有其他未被确定的具有反硝化作用的细菌。

## 4 结论

通过对不同覆盖方式下旱作玉米土壤性质及细菌群落结构的分析发现, 稻秆覆盖通过改善土壤性质, 增加了土壤细菌的群落丰富度和多样性, 而地膜覆盖虽然增加了土壤中细菌丰富度, 却降低了细菌多样性。与无覆盖相比, 稻秆覆盖显著增加了土壤有机碳的含量以及土壤中分解纤维素的纤维弧菌属的丰度 ( $p<0.05$ ), 同时增加了具有固氮功能的根瘤菌属、*Chryseolinea* 及具有硝化作用的亚硝化螺菌属的丰度 ( $p<0.05$ ), 这些细菌可能在稻秆覆盖土壤的碳氮循环中起到一定作用。地膜覆盖对土壤有机碳及分解有机碳的细菌丰度无显著影响, 且未检测到甲烷氧化菌; 地膜覆盖显著增加了土壤硝态氮的含量以及具有硝化作用的硝化螺菌属的丰度 ( $p<0.05$ ), 增强了土壤的硝化能力。

## 参考文献

- 白 雪, 周怀平, 解文艳, 等. 2018. 不同类型地膜覆盖对玉米农田土壤酶活性的影响 [J]. 农业资源与环境学报, 35(4): 381–388. [Bai X, Zhou H P, Xie W Y, et al. 2018. Effects of different plastic film mulching on soil enzyme activity in maize farmland [J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 35(4): 381–388.]
- 卜玉山, 邵海林, 王建程, 等. 2010. 稻秆与地膜覆盖春玉米和春小麦耕层土壤碳氮动态 [J]. 中国生态农业学报, 18(2): 322–326. [Bu Y S, Shao H L, Wang J C, et al. 2010. Dynamics of soil carbon and nitrogen in plowed layer of spring corn and spring wheat fields mulched with straw and plastic film [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 18(2): 322–326.]
- 付 鑫, 王 俊, 刘全全, 等. 2016. 稻秆和地膜覆盖对旱作玉米田土壤团聚体及有机碳的影响 [J]. 土壤通报, 47(2): 405–413. [Fu X, Wang J, Liu Q Q, et al. 2016. Effect of straw and plastic film mulching on aggregate]

- size distribution and organic carbon contents in a rainfed corn field [J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 47(2): 405–413.]
- 郭子武, 俞文仙, 陈双林, 等. 2013. 林地覆盖对雷竹林土壤微生物特征及其与土壤养分制约性关系的影响 [J]. 生态学报, 33(18): 5623–5630. [Guo Z W, Yu W X, Chen S L, et al. 2013. Influence of mulching management on soil microbe and its relationship with soil nutrient in *Phyllostachys praecox* stand [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 33(18): 5623–5630.]
- 贺纪正, 沈菊培, 张丽梅. 2012. 土壤硝化作用的新机理——氨氧化古菌在酸性土壤氨氧化中的主导作用 [J]. 科学观察, 7(6): 58–60. [He J Z, Shen J P, Zhang L M. 2012. A new mechanism of soil nitrification—the leading role of ammonia-oxidizing archaea in ammonia oxidation of acid soil [J]. *Science Focus*, 7(6): 58–60.]
- 贺纪正, 张丽梅. 2013. 土壤氮素转化的关键微生物过程及机制 [J]. 微生物学通报, 40(1): 98–108. [He J Z, Zhang L M. 2013. Key processes and microbial mechanisms of soil nitrogen transformation [J]. *Microbiology China*, 40(1): 98–108.]
- 胡杰, 何晓红, 李大平, 等. 2007. 鞘氨醇单胞菌研究进展 [J]. 应用与环境生物学报, 13(3): 431–437. [Hu J, He X H, Li D P, et al. 2007. Progress in research of *Sphingomonas* [J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 13(3): 431–437.]
- 胡亚林, 汪思龙, 颜绍馗. 2006. 影响土壤微生物活性与群落结构因素研究进展 [J]. 土壤通报, 37(1): 170–176. [Hu Y L, Wang S L, Yan S K. 2006. Research advances on the factors influencing the activity and community structure of soil microorganism [J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 37(1): 170–176.]
- 李成芳, 寇志奎, 张枝盛, 等. 2011. 稻秆还田对免耕稻田温室气体排放及土壤有机碳固定的影响 [J]. 农业环境科学学报, 30(11): 2362–2367. [Li C F, Kou Z K, Zhang Z S, et al. 2011. Effects of rape residue mulch on greenhouse gas emissions and carbon sequestration from no-tillage rice fields [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 30(11): 2362–2367.]
- 李桂芳, 王义甫, 陈源. 1995. 套种玉米覆膜对土壤微生物活性及作物产量的影响 [J]. 生态学杂志, 14(5): 8–14. [Li G F, Wang Y F, Chen Y. 1995. Effect of interplanted spring wheat and corn mulching on soil microorganism activity and crop yield [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 14(5): 8–14.]
- 李世朋, 蔡祖聪, 杨浩, 等. 2009. 长期定位施肥与地膜覆盖对土壤肥力和生物学性质的影响 [J]. 生态学报, 29(5): 2489–2498. [Li S P, Cai Z C, Yang H, et al. 2009. Effects of long-term fertilization and plastic film covering on some soil fertility and microbial properties [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 29(5): 2489–2498.]
- 刘淑霞, 王鸿斌, 赵兰坡, 等. 2008. 几种纤维素分解菌在有机质转化中的作用 [J]. 农业环境科学学报, 27(3): 991–996. [Liu S X, Wang H B, Zhao L P, et al. 2008. Effect of several cellulose-decomposing microorganisms on soil organic matter transformation [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 27(3): 991–996.]
- 刘洋荧, 王尚, 厉舒祯, 等. 2017. 基于功能基因的微生物碳循环分子生态学研究进展 [J]. 微生物学通报, 44(7): 1676–1689. [Liu Y Y, Wang S, Li S Z, et al. 2017. Advances in molecular ecology on microbial functional genes of carbon cycle [J]. *Microbiology China*, 44(7): 1676–1689.]
- 刘毅, 李世清, 李生秀. 2007. 黄土高原不同类型土壤团聚体中氮库分布的研究 [J]. 中国农业科学, 40(2): 304–313. [Liu Y, Li S Q, Li S X. 2007. Distribution of nitrogen pools in different sizes of loess plateau soil aggregates [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 40(2): 304–313.]
- 倪雪姣, 齐兴娥, 顾燕玲, 等. 2014. 天山乌鲁木齐河源一号冰川表面粉尘蓝细菌群落结构及其系统发育 [J]. 微生物学报, 54(11): 1256–1266. [Ni X J, Qi X E, Gu Y L, et al. 2014. Community structure and phylogenetic analysis of cyanobacteria in cryoconite from surface of the Glacier No. 1 in the Tianshan Mountains [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 54(11): 1256–1266.]
- 沈菊培. 2008. 不同施肥处理下土壤氨氧化微生物丰度和群落多样性研究 [D]. 北京: 中国科学院. [Shen J P. 2008. Abundance and composition of soil ammonia-oxidizing bacteria and ammonia oxidizing archaea communities under different fertilization practices [D]. Beijing: Chinese Academy of Sciences.]
- 石冰洁, 李世清. 2018. 地表覆盖对旱作玉米农田土壤氮素矿化的影响 [J]. 干旱地区农业研究, 36(4): 1–6, 14. [Shi B J, Li S Q. 2018. Effect of surface mulching on soil nitrogen mineralization in dry farmland [J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 36(4): 1–6, 14.]

- 孙万龙, 孙志高, 孙文广, 等. 2014. 黄河口潮滩湿地土壤 CH<sub>4</sub> 氧化潜力及其对有机物输入的响应 [J]. 草业学报, 23(1): 104–112. [Sun W L, Sun Z G, Sun W G, et al. 2014. The methane oxidation potential of soils in tidal marshes of the Yellow River Estuary and its responses to import of organic matter [J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 23(1): 104–112.]
- 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等. 2016. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展 [J]. 生物技术通报, 32(2): 14–20. [Wang G H, Liu J J, Yu Z H, et al. 2016. Research progress of Acidobacteria ecology in soils [J]. *Biotechnology Bulletin*, 32(2): 14–20.]
- 伍玉鹏, 彭其安, Muhammad Shaaban, 等. 2014. 稻秆还田对土壤微生物影响的研究进展 [J]. 中国农学通报, 30(29): 175–183. [Wu Y P, Peng Q A, Shaaban M, et al. 2014. Research progress of effect of straw returning on soil microorganism [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 30(29): 175–183.]
- 谢驾阳, 王朝辉, 李生秀. 2010. 地表覆草和覆膜对西北旱地土壤有机碳氮和生物活性的影响 [J]. 生态学报, 30(24): 6781–6786. [Xie J Y, Wang Z H, Li S X. 2010. Effects of straw and plastic-film mulching on soil micro-bioactivity and organic carbon and nitrogen in northwest dryland areas of China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 30(24): 6781–6786.]
- 尤健. 2013. 放牧方式对羊草草地土壤理化性质及放线菌遗传多样性的影响 [D]. 长春: 东北师范大学. [You J. 2013. Effects of grazing on the soil physical and chemical properties and genetic diversity of soil actinomycetes of *Leymus chinensis* steppe [D]. Changchun: Northeast Normal University.]
- 张彤勋, 皮小敏, 孙本华, 等. 2018. 稻秆与地膜覆盖对旱作壤土碳氮组分的影响 [J]. 西北农业学报, 27(8): 1225–1233. [Zhang T X, Pi X M, Sun B H, et al. 2018. Effects of straw and plastic film mulching on carbon and nitrogen components in Lou soil of dryland [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*, 27(8): 1225–1233.]
- 张艳敏, 吴耿, 蒋宏忱. 2018. 热泉中驱动碳循环的微生物研究进展 [J]. 地球科学, 43(S1): 31–41. [Zhang Y M, Wu G, Jiang H C. 2018. Research progress on microorganisms driving carbon cycle in hot spring [J]. *Earth Science*, 43(S1): 31–41.]
- Aziz I, Mahmood T, Islam K R. 2013. Effect of long term no-till and conventional tillage practices on soil quality [J]. *Soil and Tillage Research*, 131: 28–35.
- Chen H X, Liu J J, Zhang A, et al. 2017. Effects of straw and plastic film mulching on greenhouse gas emissions in Loess Plateau, China: a field study of 2 consecutive wheat-maize rotation cycles [J]. *Science of the Total Environment*, 579: 814–824.
- Cuello J P, Hwang H Y, Gutierrez J, et al. 2015. Impact of plastic film mulching on increasing greenhouse gas emissions in temperate upland soil during maize cultivation [J]. *Applied Soil Ecology*, 91: 48–57.
- Edgar R C. 2013. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads [J]. *Nature Methods*, 10(10): 996–998.
- Ehrt S, Schnappinger D. 2007. Mycobacterium tuberculosis virulence: lipids inside and out [J]. *Nature Medicine*, 13(3): 284–285.
- Gardner J G, Crouch L, Labourel A, et al. 2014. Systems biology defines the biological significance of redox-active proteins during cellulose degradation in an aerobic bacterium [J]. *Molecular Microbiology*, 94(5): 1121–1133.
- Hai L, Li X G, Liu X E, et al. 2015. Plastic mulch stimulates nitrogen mineralization in urea-amended soils in a semiarid environment [J]. *Agronomy Journal*, 107(3): 921–930.
- Jain R K, Dreisbach J H, Spain J C. 1994. Biodegradation of p-nitrophenol via 1, 2, 4-benzenetriol by an *Arthrobacter* sp. [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 60(8): 3030–3032.
- Jang H D, Chen K S. 2003. Production and characterization of thermostable cellulases from *Streptomyces* transformant T3-1 [J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 19(3): 263–268.
- Jenkinson D S, Powlson D S. 1976. The effects of biocidal treatments on metabolism in soil—I. Fumigation with chloroform [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 8(3): 167–177.
- Juraeva D, George E, Davranov K, et al. 2006. Detection and quantification of the *nifH* gene in shoot and root of cucumber plants [J]. *Canadian Journal of Microbiology*, 52(8): 731–739.
- Li Z G, Tian C Y, Zhang R H, et al. 2015. Plastic mulching with drip irrigation increases soil carbon stocks of arid soils in arid areas of northwestern China [J]. *Catena*, 133: 1–8.

- 179–185.
- Li Z, Zhang R, Wang X, et al. 2014. Effects of plastic film mulching with drip irrigation on N<sub>2</sub>O and CH<sub>4</sub> emissions from cotton fields in arid land [J]. *The Journal of Agricultural Science*, 152(4): 534–542.
- Liu X E, Li X G, Hai L, et al. 2014. Film-mulched ridge-furrow management increases maize productivity and sustains soil organic carbon in a dryland cropping system [J]. *Soil Science Society of America Journal*, 78(4): 1434–1441.
- Ma J, Xu H, Yagi K, et al. 2008. Methane emission from paddy soils as affected by wheat straw returning mode [J]. *Plant and Soil*, 313(1/2): 167–174.
- Nan W G, Yue S C, Huang H Z, et al. 2016. Effects of plastic film mulching on soil greenhouse gases (CO<sub>2</sub>, CH<sub>4</sub> and N<sub>2</sub>O) concentration within soil profiles in maize fields on the Loess Plateau, China [J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 15(2): 451–464.
- Pankratov T A, Kirsanova L A, Kaparullina E N, et al. 2012. *Telmatobacter 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]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 62(2): 430–437.
- Philippot L, Hallin S. 2005. Finding the missing link between diversity and activity using denitrifying bacteria as a model functional community [J]. *Current Opinion in Microbiology*, 8(3): 234–239.
- Pruesse E, Quast C, Knittel K, et al. 2007. SILVA: a comprehensive online resource for quality checked and aligned ribosomal RNA sequence data compatible with ARB [J]. *Nucleic Acids Research*, 35(21): 7188–7196.
- Rousk J, Smith A R, Jones D L. 2013. Investigating the long-term legacy of drought and warming on the soil microbial community across five European shrubland ecosystems [J]. *Global Change Biology*, 19(12): 3872–3884.
- Saglam M, Sintim H Y, Bary A I, et al. 2017. Modeling the effect of biodegradable paper and plastic mulch on soil moisture dynamics [J]. *Agricultural Water Management*, 193: 240–250.
- Sainju U M, Lenssen A, Caesar-Thonhat T, et al. 2007. Dryland plant biomass and soil carbon and nitrogen fractions on transient land as influenced by tillage and crop rotation [J]. *Soil and Tillage Research*, 93(2): 452–461.
- Schloss P D, Westcott S L, Ryabin T, et al. 2009. Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 75(23): 7537–7541.
- Shen Y F, Chen Y Y, Li S Q. 2016. Microbial functional diversity, biomass and activity as affected by soil surface mulching in a semiarid farmland [J]. *PLoS ONE*, 11(7): e0159144. DOI: 10.1371/journal.pone.0159144.
- Wang Q, Garrity G M, Tiedje J M, et al. 2007. Naïve Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 73(16): 5261–5267.
- Wu F P, Jia Z K, Wang S G, et al. 2013. Contrasting effects of wheat straw and its biochar on greenhouse gas emissions and enzyme activities in a Chernozemic soil [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 49(5): 555–565.
- Zelles L. 1999. Fatty acid patterns of phospholipids and lipopolysaccharides in the characterisation of microbial communities in soil: a review [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 29(2): 111–129.
- Zhou J Z, Xue K, Xie J P, et al. 2012. Microbial mediation of carbon-cycle feedbacks to climate warming [J]. *Nature Climate Change*, 2(2): 106–110.