doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2025.12.066

不同鱼塘-稻蟹复合种养模式下稻田土壤细菌群落结构研究

徐　程[1]　王　凯[1]　邱小琮[2]　周　伟[3]　倪　成[1]　袁金龙[4]

(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.宁夏回族自治区水生态与大气环境质量监测评估重点实验室,银川 750000;4.湖北汽车工业学院,十堰 442002)

摘要:针对宁夏地区稻蟹种养水资源短缺和鱼塘养殖尾水处理难等问题,以传统黄河水灌溉稻田的稻蟹种养模式(CK)为对照,探究鱼塘-稻蟹复合种养模式(RS)与 CK 种养模式对稻田土壤环境因子以及细菌群落结构影响的异同,并揭示细菌群落结构的主要影响因子。基于 16S rRNA 高通量技术对 CK 模式与 RS 模式 4—8 月稻田土壤的细菌群落组成、结构差异性及其与土壤指标之间的关系进行分析。结果表明:鱼塘-稻蟹复合种养模式降低了稻田土壤 pH 值,提高了铵态氮和有效磷含量;改变了稻田土壤细菌物种丰富度。Chaol 和 Shannon 指数 4 月最高,5 月较低。4—8 月优势菌门为变形菌门、拟杆菌门、厚壁菌门,优势菌属均为假单胞菌属。鱼塘-稻蟹复合种养模式 4—8 月假单胞菌属累积相对丰度降低了 7.61 个百分点,硫杆菌属提高了 4.94 个百分点,*Unspecified_Bacteria* 菌属增加了 1.83 个百分点,其他菌属变化在 ±1 个百分点内。冗余分析表明全钾、铵态氮、总氮、有机质含量以及 pH 值对相对丰度排序前十的细菌菌门影响最大;全钾含量对前十菌门相对丰度的解释度最高(23.67%),且与变形菌门相对丰度呈正相关,与其他菌门均呈现负相关,硝态氮含量与相对丰度前十菌门主要呈正相关。鱼塘-稻蟹复合种养模式对改善土壤环境与结构、丰富细菌物种多样性和优化细菌群落结构效果明显。

关键词:鱼塘-稻蟹复合种养;细菌群落结构;丰度;冗余分析

中图分类号:S931.1　　**文献标识码**:A　　**文章编号**:1000-1298(2025)12-0717-10　　**OSID**:

Impact of Fishpond – Rice – Crab Integrated Co-culture Model on Structure of Soil Bacterial Community in Rice Fields

XU Cheng[1]　WANG Kai[1]　QIU Xiaocong[2]　ZHOU Wei[3]　NI Cheng[1]　YUAN Jinlong[4]

(1. *School of Civil and Hydraulic Engineering, Ningxia University, Yinchuan* 750021, *China*
2. *School of Life Science, Ningxia University, Yinchuan* 750021, *China*
3. *Key Laboratory of Water Ecology and Atmospheric Environment Quality Monitoring and Evaluation in Ningxia Hui Autonomous Region, Yinchuan* 750000, *China*
4. *Hubei University of Automotive Technology, Shiyan* 442002, *China*)

Abstract: In order to address the problems of tailwater treatment in fishpond aquaculture in the Ningxia region and the scarcity of water resources in rice – crab co-culture systems, the bacterial community structure and soil environmental factors of a fishpond – rice – crab integrated co-culture model (RS) were compared and contrasted with the traditional Yellow River-irrigated rice – crab co-culture model (CK) as control. The primary environmental factors influencing alterations in the organization of the bacterial population were also identified. The composition and structural variations of soil bacterial communities under both CK and RS models from April to August were examined, together with their associations with soil physicochemical markers, using 16S rRNA high-throughput sequencing techniques. The findings demonstrated that the RS model changed the species richness of soil bacteria while decreasing soil pH value and raising ammonium nitrogen and accessible phosphorus levels. The greatest Chao1 and Shannon diversity indices appeared in April, while the lowest appeared in May. Proteobacteria, Bacteroidota, and Firmicutes were the most prevalent bacterial phyla from April to August, with *Pseudomonas* being the

收稿日期:2024-09-30　修回日期:2024-10-18

基金项目:国家重点研发计划项目(2021YFD1900603-03)和宁夏高等学校一流学科建设(水利工程)项目(NXYLXK2021A03)

作者简介:徐程(1993—),男,博士生,主要从事流域水生态研究,E-mail:xucheng_19930817@163.com

通信作者:邱小琮(1971—),男,教授,博士生导师,主要从事水域生态学及水环境调控研究,E-mail:qiu_xc@nxu.edu.cn

most prevalent genus. The cumulative relative abundance of *Pseudomonas* was decreased by 7.61 percentage points, *Thiobacillus* was increased by 4.94 percentage points, and *Unspecified_Bacteria* was increased by 1.83 percentage points as compared with the CK model; changes in other taxa were within ±1 percentage point. Redundancy analysis showed that the most important variables influencing the top ten bacterial phyla were pH value, total nitrogen, ammonium nitrogen, total potassium, and organic matter concentration. Total potassium exhibited the highest explanatory power (23.67%) among them, exhibiting negative relationships with other phyla and positive correlations with Proteobacteria. In general, the top ten phyla showed a positive correlation with nitrate nitrogen concentration. As a result, the fishpond – rice – crab integrated co-culture paradigm optimized the makeup of the bacterial community, boosted bacterial species diversity, and greatly improved soil environmental conditions and structure.

Key words: fishpond – rice – crab integrated co-culture; bacterial community structure; abundance; redundancy analysis

0 引言

传统的鱼塘养殖模式水资源和物质能量不能充分利用,且存在水质恶化的风险[1],常采用定期换水来改善水质,造成受水区水体的环境负荷及水资源浪费。稻渔复合种养模式,通过内循环输-排水沟把池塘和稻田结合在一起,将池塘换排废水变为水田灌溉肥水,从而实现水资源的循环利用。研究表明稻渔共作模式能增加土壤中的氮、磷元素含量[2],促进土壤营养盐的释放与通透性[3]。同时稻渔共作复合模式能很好地净化养殖尾水中 NH_3-N 和 NO_2-N[4],对池塘富营养化控制效果显著[5-6]。

宁夏引黄灌区是传统水稻种植与水产养殖基地。近年来稻田养蟹发展迅速,对稻蟹共作模式的研究也较多[7-11]。土壤微生物是农田生态系统中最重要和最活跃的成分之一,是参与土壤养分循环、维持土壤肥力和促进作物生长的重要因子[12]。但目前对于宁夏地区稻蟹共作对土壤微生物群落结构影响的研究较少,特别是稻渔复合种养模式下土壤微生物的研究。

本文以传统黄河水灌溉稻田的稻蟹种养模式(CK)为对照,探究鱼塘-稻蟹复合种养模式(RS)与 CK 种养模式对土壤环境因子以及微生物群落结构影响的异同,采用冗余分析揭示影响细菌群落结构的主要土壤环境因子,旨在为 RS 种养模式的推广提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验设计

试验基地位于宁夏回族自治区银川市贺兰县光明渔村,水稻为秋优 88,蟹为江苏金源江蟹。稻蟹共作-精养鱼塘系统中有 3 块稻蟹田为 CK 模式,其他稻蟹田为 RS 模式。水稻于 2022 年 5 月完成播种,播种量为 262.5 kg/hm^2,6 月 1 日投放江蟹,投放量为 225 kg/hm^2。水稻直播后施加水稻专用复合肥施可丰 17-18-19,施加量为 525 kg/hm^2,后期保证 CK 与 RS 组灌水量、施肥量相同。

稻田土壤样品采集工作在 2022 年 4 月至 8 月底进行(4 月为本底值),用五点取样法,取 0~20 cm 的表层土壤并混合。检测指标为 pH 值、全盐(TDS)、有机质(SOM)、总氮(TN)、硝态氮(NO_3^-)、铵态氮(NH_4^+)、总磷(TP)、全钾(TK)、有效磷(AP)含量(质量比)。

1.2 16S rRNA 高通量测序

土壤样品进行 16S rRNA 扩增子测序[13],对变异区域进行 PCR 聚合酶链式反应扩增,对高变区进行测序分析和菌种鉴定[14]。构建小片段文库,基于 Illumina NovaSeq 测序平台对该文库进行双末端测序,经过 Reads 拼接过滤,OUT 操作分类单元聚类,进行物种注释。

1.3 数据分析与制图

应用 Mothur 软件计算细菌群落 Chao1 指数和 Shannon 指数分析群落 α 多样性。应用 Origin 2022 对门水平下土壤细菌群落结构绘制柱形堆积图、比例弦图以及属水平下的聚类热图和比例弦图。采用 Bray-Curtis 距离分析群落多样性,使用 R 语言 vegan 包和 ANOSIM 包进行细菌群落结构组成的 ANOSIM 分析,运用非度量多维尺度分析(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[15]。使用 CANOCO 5.0 进行冗余分析(RDA)[16]以及基于冗余距离的冗余分析(RDA) rdacca.hp 包[17]进行单个解释变量的相对重要性分析。利用 Origin 2022 添加 heat map APP 包绘制物种与土壤理化因子关联热图。

2 结果与分析

2.1 土壤环境因子特征

CK 与 RS 试验田土壤 4—8 月 9 个指标的测

定结果见图 1。两种不同灌溉模式下 9 个指标存在明显差异，CK 与 RS 组 4—8 月土壤 pH 值以及全盐、总磷、全钾、有机质、硝态氮含量在时间变化上呈现一定的规律性。总体上 RS 组土壤 pH 值以及有机质含量都低于 CK 组（除 8 月），且 RS 组在 4—8 月 pH 值和有机质含量的标准差都低于 CK，表明 RS 组数据更稳定；土壤总氮含量 CK 组与 RS 组在 4—8 月平均值相同，铵态氮和硝态氮含量 RS 组都高于 CK 组，分别提升 0.003、0.001 g/kg。总磷和全钾含量 CK 组与 RS 组在 4—8 月变化差异不明显，但有效磷含量在 4—8 月 RS 组较 CK 组提高 0.003 g/kg。

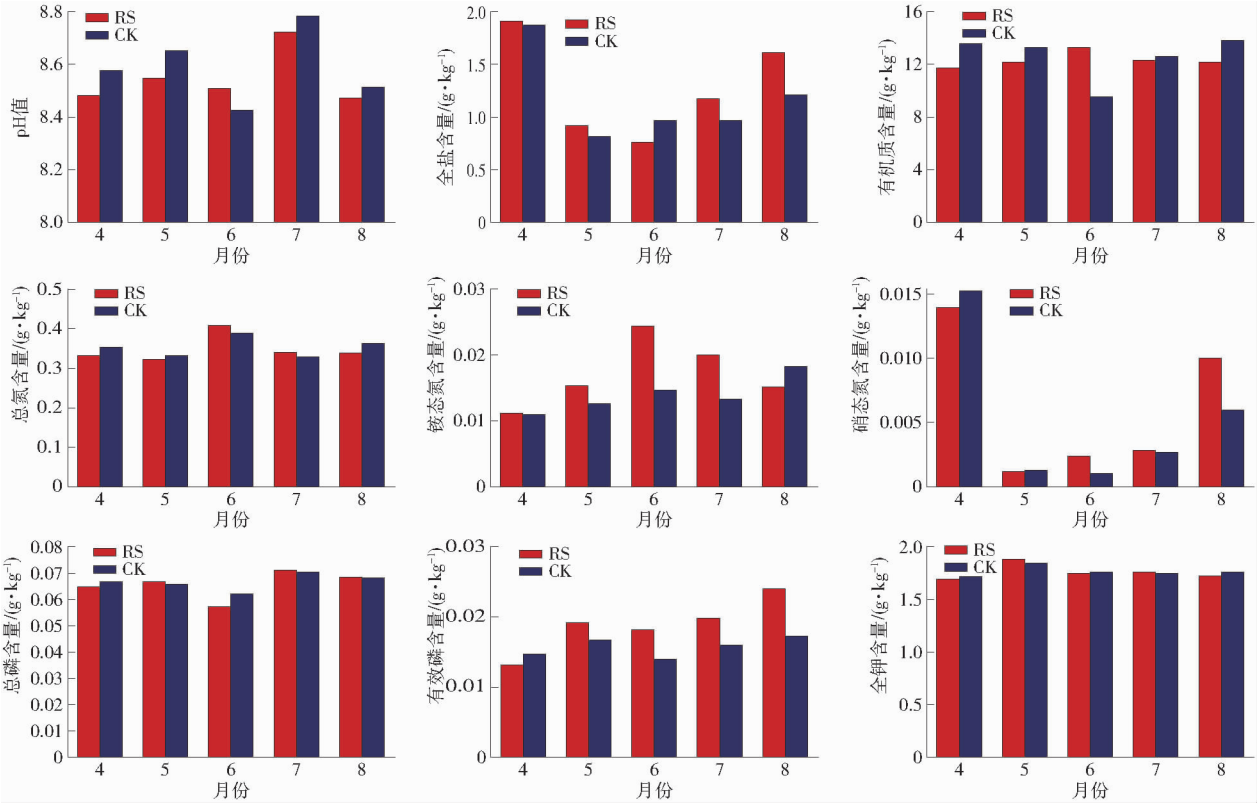


图 1　不同月份土壤中 9 个指标的变化特征

Fig. 1　Variation characteristics of nine soil indicators in different months

出现 CK 与 RS 组土壤相关指标变化的原因可能是鱼塘养殖尾水中通常含有较高浓度的氮及其他有机物质，会直接提升稻田土壤中氮和磷的含量，从而使得土壤肥力增加。尾水中的氨氮在稻田土壤中会进一步转化成硝态氮，从而进一步提升土壤中硝态氮的含量。鱼塘养殖尾水中含有较多的有机质和溶解性有机酸，导致土壤 pH 值降低。鱼塘尾水中富含有机质，这些有机物进入稻田后，经过微生物分解和矿化作用，氮和磷会以铵态氮、硝态氮和有效磷的形式释放出来，从而提升土壤中这些养分的含量。此外，鱼塘尾水通常含有较高浓度的溶解性磷，当这些尾水进入稻田土壤后，溶解态磷被吸附或与土壤矿物结合，使得有效磷含量增加。稻田中较高的有机质含量及其分解过程中产生的有机酸可以通过络合作用降低土壤对磷的固定能力，从而提升有效磷的含量。9 个指标的变化表明：鱼塘-稻蟹种养模式降低了土壤 pH 值，提高铵态氮、硝态氮和有效磷含量，改善土壤环境与结构效果明显。

2.2　细菌群落 α 多样性指数与结构组成

2.2.1　α 多样性指数

Chao1 和 Shannon 指数是反映微生物群落丰富度和多样性的重要指标，CK 与 RS 组不同月份土壤细菌的 Chao1 指数和 Shannon 指数见图 2（图中不同字母表示差异显著）。CK 与 RS 组的 Chao1 指数和 Shannon 指数差异不明显（除 5 月外），4 月 Chao1 指数和 Shannon 指数最高、5 月最低，说明 4 月物种多样性与丰度最高，5 月物种多样性与丰度最低。造成 5 月 CK 与 RS 组的 Chao1 指数和 Shannon 指数差值较大的原因可能是 RS 相比于 CK 组提供了土壤细菌适宜的 pH 值以及铵态氮和有效磷含量，更有利于细菌的生存。

2.2.2　门水平分类下土壤细菌群落结构组成

在门水平下，将 CK 与 RS 组 4—8 月相对丰度排名前十的土壤细菌绘制柱形图（图 3a），对排名前十细菌菌门进行相关性分析（图 3b），图 3b 中 A ~ J 分别为：Proteobacteria、Bacteroidota、

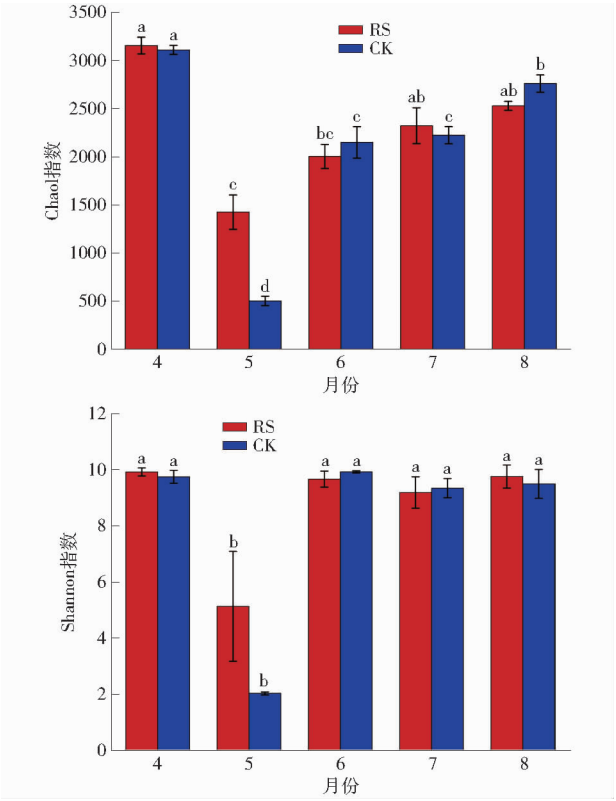


图 2 不同月份 CK 与 RS 土壤细菌群落 α 多样性指数

Fig. 2 Alpha diversity index of soil bacterial communities in CK and RS soils in different months

Actinobacteriota、Firmicutes、Desulfobacterota、Chloroflex、Verrucomicrobiota、Acidobacteriota、Unspecified_Bacteria 和 Gemmatimonadota。由图 3a 可知，采样点细菌相对丰度随月份变化较大，主要的优势菌门有变形菌门（Proteobacteria）、拟杆菌门（Bacteroidetes）、厚壁菌门（Firmicutes）、放线菌门（Actinobacteriota）、脱硫杆菌门（Desulfobacterota）等，前十菌门相对丰度占比超过 85%，其中 5 月超过 95%。CK 组与 RS 组细菌群落中相对丰度最大菌门均为变形菌门，4—8 月 CK 组与 RS 组的累积相对丰度分别为 53.83% 和 49.04%。其次为拟杆菌门和绿弯菌门，但 CK 组丰度排第四细菌为放线菌门，RS 组为厚壁菌门，在 CK 组中厚壁菌门相对丰度排在第九。在累积相对丰度前十菌群中 CK 与 RS 有 9 种相同菌群，CK 组不同菌群为粘菌门，RS 组为疣微菌门。在 4—8 月 CK 组与 RS 组细菌累积相对丰度变化最大的菌门为变形菌门（-4.79 个百分点），其次是厚壁菌门（2.39 个百分点）、拟杆菌门（1.39 个百分点），其他菌门累积相对丰度变化幅度都在 ±1 个百分点以内。由图 3b 可知，前十菌门间相关性及显著性表明变形菌门和拟杆菌门与其他菌门间显著性较强，且变形菌门与其他菌门呈负相关，拟杆菌门与其他菌门呈正相关，除变形菌门外，其他菌门间主要呈正相关。

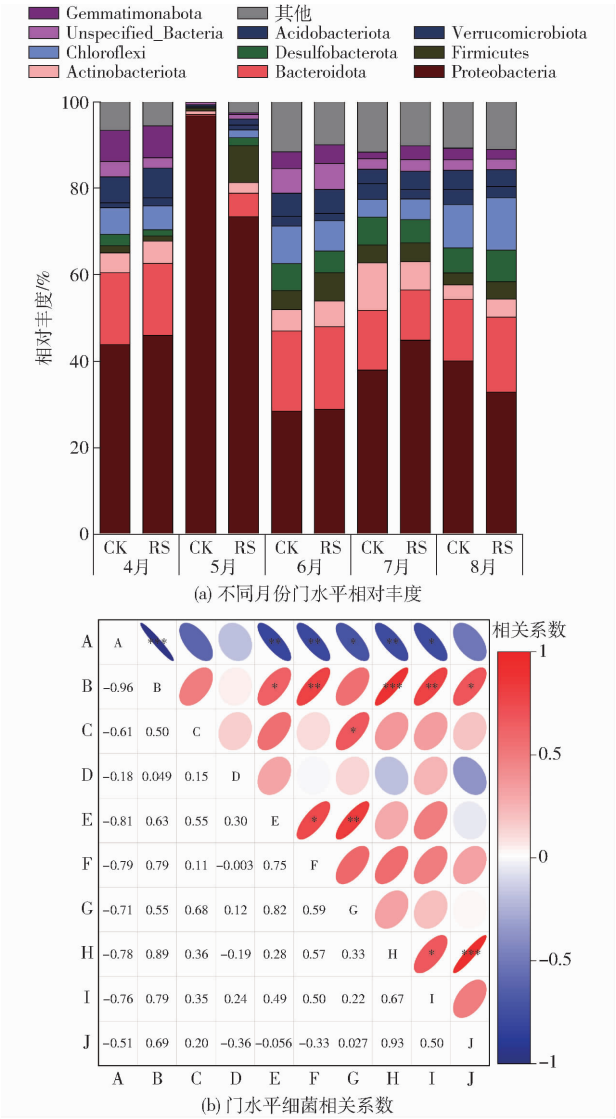
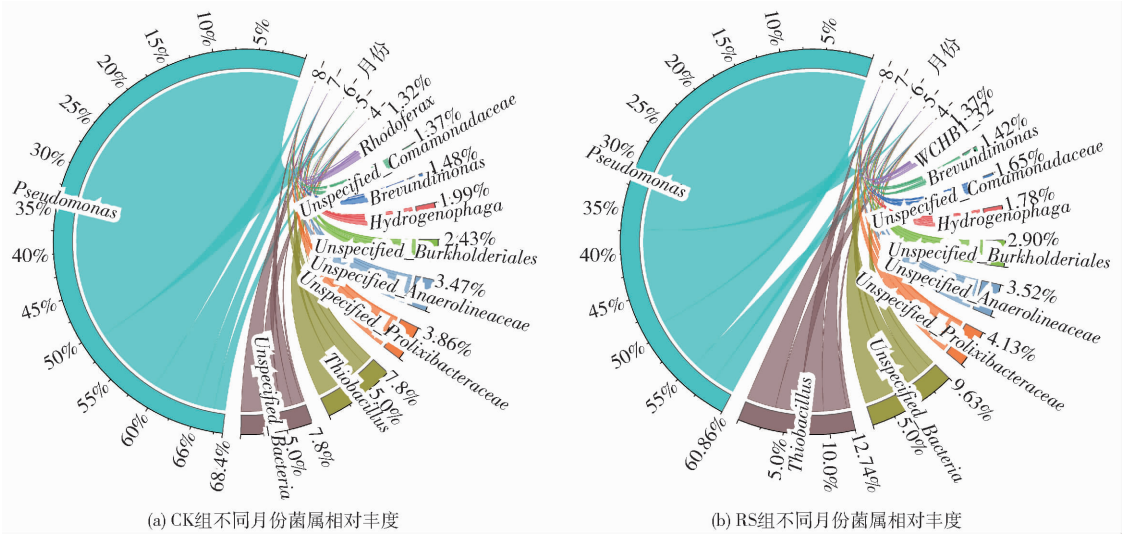


图 3 门分类水平下土壤细菌群落结构及相关系数

Fig. 3 Soil bacterial community structure and correlation coefficient at level of phylum classification

2.2.3 属水平分类下土壤细菌群落结构组成

在属水平下，将 CK 与 RS 组不同月份相对丰度排名前十细菌群落绘制比例弦图，如图 4 所示。CK 组与 RS 组细菌群落中相对丰度第一的菌属均为假单胞菌属（*Pseudomonas*），4—8 月 CK 与 RS 组的累积相对丰度分别为 68.47% 和 60.86%。丰度第二菌属 CK 组为 *Unspecified_Bacteria*，RS 组为硫杆菌属（*Thiobacillus*），第三 CK 组为硫杆菌属（*Thiobacillus*），RS 组为 *Unspecified_Bacteria*。在 CK 与 RS 组丰度排名前十菌属种有 9 种相同菌属，仅排名第十菌属 CK 组为 *Rhodoferax* 而 RS 组为 *WCHB*1_32。与 CK 组相比 RS 组最优菌属假单胞菌属（*Pseudomonas*）相对丰度明显降低，4—8 月累积相对丰度降低了 7.61 个百分点，同时 CK 组与 RS 组相对丰度变化较大的菌属为 *Unspecified_Bacteria* 和 *Thiobacillus* 菌，在优势菌属排序上两组发生变



(a) CK组不同月份菌属相对丰度　　(b) RS组不同月份菌属相对丰度

图 4　相对丰度排名前十细菌群落比例弦图

Fig. 4　Comparison of bacterial community structure in top ten relative abundance rankings

化，且 *Thiobacillus* 菌属在 RS 组累积相对丰度较 CK 组提高了 4.94 个百分点，*Unspecified_Bacteria* 菌属累积相对丰度 RS 组较 CK 组也有一定增加，最大增加了 1.83 个百分点，其他 8 种菌属累积相对丰度变化不大，最大变化不超过 ±1 个百分点。

2.2.4　细菌群落结构比较

利用基于 Bray－Curtis 距离的 NMDS 方法评估不同月份土壤细菌群落的相似性，结果见图 5。Stress 值小于 0.2 表明图形具有较好的表现意义，$R>0$ 表示分组有效，椭圆是质心周围的 95% 置信区间。由图 5 可知，ANOSIM 统计检验显示，对于 CK 组与 RS 组细菌群落差异性不显著，但所选实验田在不同月份有显著差异。不同月份对土壤细菌群落结构组成的影响大于不同的灌溉模式，其主要原因可能是气候变化、土壤湿度、温度和养分可用性等因素的季节性波动，季节的变化导致温度和降水量的变化，这直接影响细菌的生长和代谢活动。土壤湿度的变化，受降水和蒸发率的影响，能够显著影响细菌的生存环境与多样性。

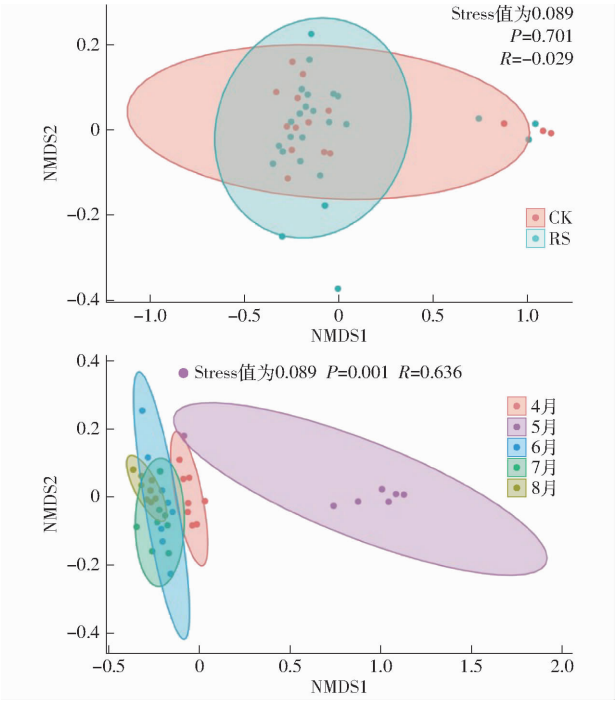


图 5　土壤细菌群落结构在不同区域和不同月份的 NMDS 分析

Fig. 5　NMDS analysis of soil bacterial community structure in different regions and months

2.3　土壤微生物群落结构与理化因子的相关性

2.3.1　RDA 和 Pearson 相关性分析

计算方差膨胀因子系数（VIF），结果表明 9 个指标 VIF 均小于 5（pH 值：1.813；TDS 含量：2.646；TN 含量：1.453；NH_4^+ 含量：1.338；NO_3^- 含量：3.224；TP 含量：1.690；AP 含量：1.411；TK 含量：1.534；SOM 含量：1.287），满足要求。经过 DCA 分析，获取物种分布的最大梯度长度为 0.52，因此进行 RDA 分析。对所选的 9 个指标与门水平下相对丰度前十的优势细菌群落结构进行 RDA 分析，结果如图 6 所示。影响细菌相对丰度的指标依次为 TK 含量、NH_4^+ 含量、TN 含量、pH 值、SOM 含量、TP 含量、NO_3^- 含量、AP 含量和 TDS 含量。

通过 RDA 和 Spearman 相关性分析（图 6），揭示了门水平下优势细菌群落与土壤理化因子的关系。变形菌门与 TK 含量显著正相关；拟杆菌门与 TDS、TN、NO_3^- 含量显著正相关，与 SOM 和 TK 含量显著负相关；放线菌门与 pH 值正相关、与 TK 含量负相关；厚壁菌门与 NH_4^+ 和 AP 含量显著正相关；脱硫杆菌门与 AP 含量正相关；绿弯菌门和酸杆菌门均与 pH 值负相关、与 NO_3^- 含量正相关；芽单胞菌门与 AP 含量负相关、与 TK 含量极显著负相关。

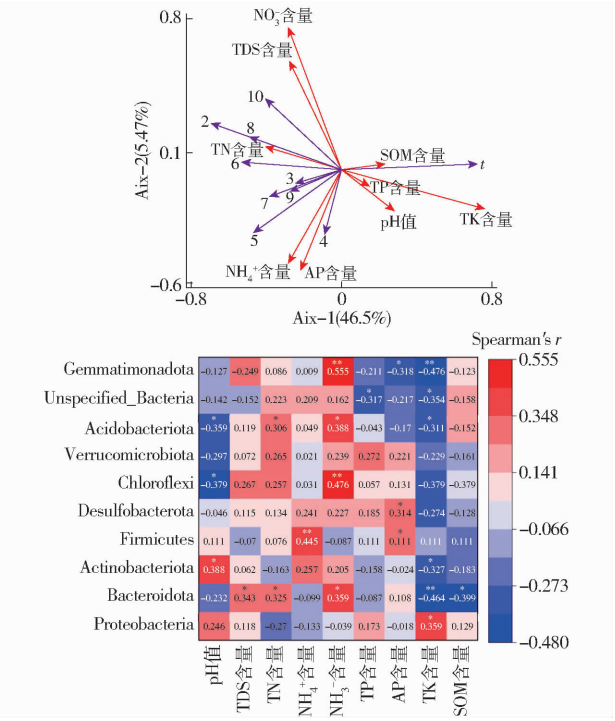


图 6 理化因子与土壤微生物群落组成(门水平)RDA 分析和相关性分析热图

Fig. 6 RDA analysis and correlation analysis heatmap of physical and chemical factors and soil microbial community composition (phylum level)

TK、NO_3^-、AP 含量以及 pH 值对前十优势菌门影响大,TK 含量与变形菌门正相关,且与其他菌门负相关,疣微菌门与 9 个指标关系不明显。

2.3.2 rdacca 单个解释变量的相对重要性分析

基于 RDA 分析结果选取解释度排名前五的指标 TK、NH_4^-、TN 含量以及 pH 值和 SOM 含量,采用 rdacca. hp 包进一步探究各指标及各指标间协同作用对相对丰度前十菌门细菌群落结构的解释度,如图 7 所示。图中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。5 个指标的相对重要性排序依次为 TK 含量(22.34%)、NH_4^+ 含量(3.29%)、TN 含量(2.11%)、pH 值(2.02%)和 SOM 含量(0.48%)。对应指标间相互作用对细菌群落结构的影响表明:TN 含量和 pH 值共同对细菌群落结构解释度最大(3.69%),TK 和 NH_4^+ 含量共同对细菌群落结构解释度最小(-2.8%)。RDA 分析表明所选 5 个指标可以解释 30.2%,且 TK 含量对细菌群落结构的影响最大。

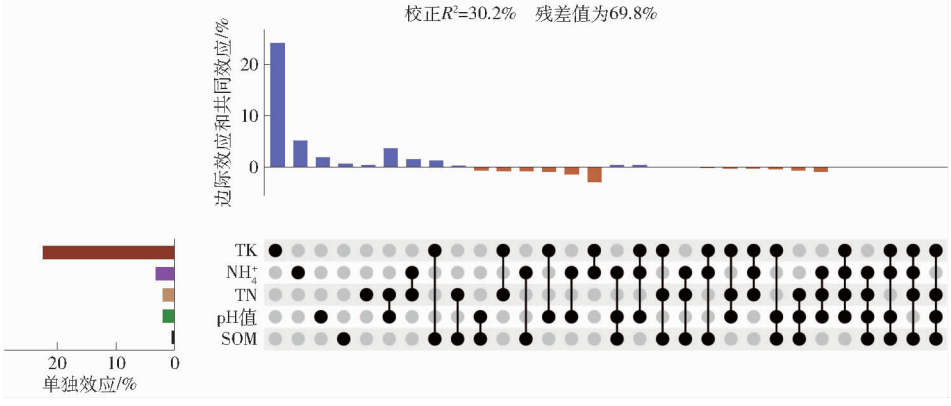


图 7 5 种理化因子对细菌物种多度影响的相对重要性

Fig. 7 Relative importance of five physicochemical factors on bacterial species abundance

3 讨论

3.1 不同种养模式对土壤环境因子的影响

不同种养模式对水稻生长影响巨大,经过对 4—8 月数据的分析研究,当采用不同灌溉方式时,硝态氮浓度明显减少,但铵态氮浓度却有所增加。其原因为硝态氮带负电荷,容易被植被吸收,而带正电荷的铵态氮主要附着在土壤颗粒上[18]。RS 组土壤 pH 值降低有助于水稻秧苗期生长[19],促进 $CaCO_3$ 和 $CaSO_4$ 溶解,提升土壤 Ca^{2+} 含量,缓解土壤盐碱化。RS 组 pH 值低于 CK 组的原因可能是 RS 组采用鱼塘内循环供水系统,养殖池塘水中有机质含量过高,缺氧导致氧化过程受抑制,有机质分解不充分,各种有机酸类逐渐增多导致水体 pH 值降低。RS 组全盐、铵态氮、硝态氮和有效磷含量高于 CK 组,这可能是残饵、鱼粪等经过分解产生大量氮磷元素随水循环系统进入稻田[20]。土壤中全盐、铵态氮、硝态氮和有效磷含量的升高对水稻生长具有积极影响,全盐含量升高能够提高土壤渗透压,增强水稻根系对水分的吸收能力,提高水分利用效率[21-22],促进植物的生长和提高抗逆性[23]。铵态氮、硝态氮能促进叶片的生长和分化,提高光合作用效率,促进根系的发育和土壤养分的吸收,增加产量[24],提升作物营养价值[25]。有效磷能促进根系的细根和根毛的

形成，提高水稻的养分吸收能力和利用效率[26]。基于此，本研究认为采用鱼塘-稻蟹复合种养模式对土壤的氮素供应能力和转化效率较高，短期内更有利于植物的吸收和利用，促进水稻生长。

3.2　不同种养模式对土壤微生物多样性及群落结构的影响

4 月土壤细菌物种多样性与丰度高于其他 4 个月份，5 月物种多样性与丰度最低。4 月和 5 月 RS 组的 Chao1 指数和 Shannon 指数都高于 CK 组。其主要原因可能是 5 月水稻播种前需进行土地翻耕，土壤微生物暴露于阳光下被杀灭，从而整体上 CK 与 RS 组物种多样性与丰度最低；而 RS 组物种多样性与丰度高于 CK 组的主要原因为 RS 组为鱼塘内循环供水，水体营养丰富[27]，且水体含有的微生物丰富度也高于 CK 组。

4—8 月 CK 和 RS 组土壤细菌群落中的优势菌门主要有变形菌门（Proteobacteria）、拟杆菌门（Bacteroidetes）、绿弯菌门（Chloroflexi）和放线菌门（Actinobacteriota）。变形菌门是一种嗜营养菌，可分解有机物和促进植物的生长发育[28]。文献[29－30]在河套灌区和宁夏盐碱地也检测出变形菌门、拟杆菌门和放线菌门为土壤优势菌门。文献[31]表明不同地区养殖系统微生物的优势菌门种类没有变化，但是会改变优势菌门和优势菌属的相对丰度。土壤中的微生物群落，如变形菌门（Proteobacteria）、拟杆菌门（Bacteroidetes）、绿弯菌门（Chloroflexi）和放线菌门（Actinobacteriota），对水稻的生长至关重要。这些微生物通过氮固定、分解有机物、改善土壤结构以及提高植物抗病能力，促进水稻的健康生长[32]。变形菌通过固定氮和产生植物生长调节物质，增强水稻的根系发展；拟杆菌则通过分解复杂有机物，提升土壤肥力[33]；绿弯菌促进土壤的碳循环[34]，有助于微环境调节；放线菌则通过分解难降解有机质和产生抗生素，增强水稻的抗病性[35]。这些微生物的相互作用不仅提升了水稻的生长潜力，还维持了土壤生态系统的健康。因此，合理管理这些微生物群落，对于实现可持续的水稻生产至关重要。与 CK 组相比，RS 组使 4—8 月变形菌门累积相对丰度降低 4.79 个百分点，可能导致氮固定能力下降，从而影响水稻的氮供应和生长调节。此外，厚壁菌门和拟杆菌门的丰度分别增加 2.39 个百分点和 1.39 个百分点，有助于提高土壤的有机质含量和营养循环，促进水稻的生长。土壤厚壁菌门在土壤生态系统中起着重要作用，通过固氮、有机物降解、抗逆性、生物防治和环境修复等多种途径，促进了土壤的肥力提升、植物生长。导致 RS 组厚壁菌门累积相对丰度明显升高的原因，可能是氨态氮含量是影响厚壁菌菌群结构和空间分布的重要因子[36－37]，RS 组铵态氮含量明显高于 CK 从而导致 RS 组与 CK 组厚壁菌门累积相对丰度存在明显差异。在属水平上，CK 组与 RS 组细菌群落中最优势菌属均为假单胞菌属（*Pseudomonas*），假单胞菌属对于不同生态环境有较强的适应能力，可附着在各种介质表面定植生长[38]，是水体、土壤中常见的菌属。4—8 月 CK 组与 RS 组假单胞菌属的相对丰度最高，分别为 68.47% 和 60.86%。排名第二优势菌属 CK 组为 *Unspecified_Bacteria*，RS 组为硫杆菌属（*Thiobacillus*）；硫杆菌属在 RS 组累积相对丰度较 CK 组提高了 4.94 个百分点。造成 CK 组与 RS 组细菌菌属差异的原因可能是，精养鱼塘内循环供水系统将池塘内的大量有机物质引入稻田为细菌生长补充丰富的碳源和氮源，激发了细菌的生长繁育[39]，同时硫杆菌属将硫化物氧化成单质硫或硫酸盐，或将硫代硫酸盐氧化为硫酸盐[40]，这也是 RS 组 pH 值较 CK 组低的原因之一。

3.3　不同水源稻蟹共作土壤细菌群落结构与理化因子的相关性

本研究表明 TK、NH_4^+、TN、SOM 含量以及 pH 值是影响土壤菌群结构的主要因子，马义淑等[33]、HUANG 等[41]、ALORI 等[42]和 ZENG 等[43]的研究也有相同结果。在土壤生态系统中，TK、NH_4^+、TN、SOM 含量以及 pH 值之间的相互作用显著影响微生物群落结构。钾作为细菌的必需营养元素，促进代谢活动，而铵态氮则是微生物生长的重要氮源，过量可能抑制某些细菌的活性。全氮的构成影响氮的可用性，增强微生物多样性。pH 值调节养分的溶解度，影响细菌生长，极端值可能导致毒性反应。土壤有机质为微生物提供丰富的碳源，并改善土壤物理性质，促进生态稳定。综合管理这些因子，有助于优化土壤健康和农业生产力。TK 含量对土壤细菌群落的结构和多样性产生影响，通过调节土壤 pH 值等环境因素，使得某些细菌群落优势度发生变化。同时也会抑制一些细菌繁殖，如拟杆菌门和放线菌等。铵根离子是植物吸收 N 的主要形式，硝酸根离子可以在根组织中被还原，当植物吸收大量硝酸根时则大部分被运至叶片中被还原。不同的土壤供氮水平及氮素的循环和转化能力可能会影响真菌的吸收及土壤微环境的变化，进而影响土壤真菌群落结构[44]，AP 含量对微生物的生长和代谢具有重要影响，微生物通常需要磷来合成 DNA、RNA、细胞膜和 ATP 等关键生物分子。微生物需要磷来合成生物大分子，如核酸和蛋白质，缺乏磷会限制微生物的生长

速率和代谢活性。同时磷的有效性影响着微生物对这些过程的参与和效率,进而影响整个生态系统的稳定性和功能。pH 值是影响所有微生物生长的主要因素[45],pH 值通过对微生物生物膜的电催化活性、微生物中酶的形成速率、酶的电离率、酶活性的影响从而影响细菌群落结构。

4 结论

(1)鱼塘-稻蟹复合种养模式提高了土壤全盐、铵态氮、硝态氮和有效磷含量,对改善土壤环境与结构效果明显。

(2)鱼塘-稻蟹复合种养模式在 4—8 月变形菌门累积相对丰度降低了 4.79 个百分点,厚壁菌门累积相对丰度增加了 2.39 个百分点、拟杆菌门累积相对丰度增加了 1.39 个百分点,其他菌门累积相对丰度变化幅度都在 ±1 个百分点以内。两种模式的优势菌属均为假单胞菌属,前十的优势菌属种类变化不大,但优势菌属累积相对丰度和排序上存在明显差异。4—8 月 CK 组与 RS 组的假单胞菌属相对丰度分别为 68.47% 和 60.86%。RS 组 4—8 月假单胞菌属的累积相对丰度较 CK 组降低了 7.61 个百分点,硫杆菌属累积相对丰度提高了 4.94 个百分点。采用 RS 模式对优化土壤细菌群落结构效果明显。

(3)土壤 TK 含量对相对丰度排序前十菌门的影响最大,其次分别为 NH_4^+ 含量、TN 含量、pH 值和 SOM 含量。TK 含量与变形菌门呈正相关,与其他菌门均呈现负相关,NO_3^- 含量与菌门主要呈现正相关,疣微菌门与 9 个土壤指标均无显著相关关系。

参 考 文 献

[1] CHITTOOR V V, SCHIRMER M. Water quality deterioration as a driver for river restoration: a review of case studies from Asia, Europe and North America[J]. Environmental Earth Sciences, 2015, 74(4): 3145 - 3158.

[2] 刘崇万, 朱晓华, 徐志华, 等. 江苏典型稻虾及稻蟹共作系统中除草剂残留非靶向动态筛查及污染特征[J]. 生态与农村环境学报, 2022, 38(7): 933 - 943.
LIU Chongwan, ZHU Xiaohua, XU Zhihua, et al. Dynamic non-target analysis and occurrence of herbicides residues in rice-crayfish and rice-crab co-culture systems in Jiangsu Province[J]. Journal of Ecology and Rural Environment, 2022, 38(7): 933 - 943. (in Chinese)

[3] CAI S, LV W, ZHU H, et al. Effect of nitrogen application rate on soil fungi community structure in a rice-fish mutualistic system[J]. Scientific Reports, 2019, 9(1): 16188.

[4] HU L, REN W, TANG J, et al. The productivity of traditional rice-fish co-culture can be increased without increasing nitrogen loss to the environment[J]. Agriculture Ecosystems & Environment, 2013, 177: 28 - 34.

[5] 管卫兵, 刘凯, 石伟, 等. 稻渔综合种养的科学范式[J]. 生态学报, 2020, 40(16): 5451 - 5464.
GUAN Weibing, LIU Kai, SHI Wei, et al. Scientific paradigm of integrated farming of rice and fish[J]. Acta Ecologica Sinica, 2020, 40(16): 5451 - 5464. (in Chinese)

[6] 李谷, 吴恢碧, 姚雁鸿, 等. 循环流水型池塘养鱼生态系统设计与构建[J]. 渔业现代化, 2006(4): 6 - 7, 19.
LI Gu, WANG Huibi, YAO Yanhong, et al. Design and construction of circulating water type pond fish culture ecosystem[J]. Fishery Modernization, 2006(4): 6 - 7, 19. (in Chinese)

[7] 李斌,张小晓,张朝阳,等.宁夏稻蟹综合种养技术效益分析[J].宁夏农林科技,2016, 57(12):35 - 36, 54.
LI Bin, ZHANG Xiaoxiao, ZHANG Chaoyang, et al. Ningxia integrated rice-crab farming technology benefits[J]. Journal of Ningxia Agriculture and Forestry Science and Technology, 2016, 57(12):35 - 36, 54. (in Chinese)

[8] 金满洋, 张朝阳, 刘瑾冰, 等. 青铜峡市稻田河蟹生态种养新技术试验总结[J]. 宁夏农林科技, 2010, 51(5): 4 - 6.
JIN Manyang, ZHANG Chaoyang, LIU Jinbing, et al. A summary of new techmiques for ecological breeding of paddy field crab in Qingtongxia City[J]. Ningxia Journal of Agriculture and Forestry Science and Technology, 2010, 51(5): 4 - 6. (in Chinese)

[9] 王昂, 戴丹超, 马旭洲, 等. 北方稻蟹共作对水体氨素淋溶损失的影响[J]. 浙江大学学报, 2019, 45(3): 332 - 342.
WANG Ang, DAI Danchao, MA Xuzhou, et al. Effects of rice-crab culture on nitrogen leaching in rice fields in the north of China[J]. Journal of Zhejiang University, 2019, 45(3): 332 - 342. (in Chinese)

[10] 杨玲霞, 许兴, 邱小琮, 等. 低洼盐碱地稻渔综合种养氮、磷收支研究[J]. 西南农业学报,2019, 32(10): 2337 - 2341.
YANG Lingxia, XU Xing, QIU Xiaocong, et al. Nitrogen and phosphorus receptive of rice-fishing integrated species in low-lying saline-alkali[J]. Journal of Southwest China Agricultural Sciences, 2019, 32(10): 2337 - 2341. (in Chinese)

[11] 曾宪磊, 陆诗敏, 刘兴国, 等,稻蟹复合模式不同区位浮游生物多样性分析[J]. 江苏农业科学, 2018, 46(12): 67 - 70.
ZENG Xianlei, LU Shimin, LIU Xingguo, et al. Diversity analysis of plankton of rice-crab complex mode at different locations[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2018, 46(12): 67 - 70. (in Chinese)

[12] 孔晨晨, 张世文, 王维瑞, 等. 不同连作年限设施农用地土壤有机碳与细菌群落功能特征[J]. 农业机械学报, 2024, 55(2): 326 - 337.

KONG Chenchen, ZHANG Shiwen, WANG Weirui, et al. Characteristics of soil organic carbon and bacterial communities functional in agricultural lands of facilities with different continuous cropping periods[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2024, 55(2): 326 – 337. (in Chinese)

[13] ZHAO R Z, ZHANG W J, ZHAO Z F, et al. Determinants and assembly mechanism of bacterial community structure in Ningxia section of the Yellow River[J]. Microorganisms, 2020, 29(2): 216 – 223.

[14] 张伟, 王敏, 郭逍宇. 典型城市河流上覆水和沉积物细菌群落分析[J]. 中国环境科学, 2023, 43(7): 3688 – 3695.
ZHANG Wei, WANG Min, GUO Xiaoyu, et al. Characteristic analysis of bacterial community in water and sediment in typical urban rivers[J]. China Environmental Science, 2023, 43(7): 3688 – 3695. (in Chinese)

[15] 何中声, 谷新光, 江蓝, 等. 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[J]. 北京林业大学学报, 2022, 44(7): 107 – 116.
HE Zhongsheng, GU Xinguang, JIANG Lan, et al. Characteristics and its influencing factors of forest soil dominant bacterial community in different elevations on the southern slope of Daiyun Mountain, Fujian Province of eastern China[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2022, 44(7): 107 – 116. (in Chinese)

[16] 王东伟,陈永进,周彦锋,等.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[J].生态学杂志, 2023, 42(11): 2646 – 2654.
WANG Dongwei, CHEN Yongjin, ZHOU Yanfeng, et al. Succession characteristics and driving factors of phytoplankton functional groups in the germplasm resources reserve of middle reaches of Huaihe River[J]. Chinese Journal of Ecology, 2023, 42(11): 2646 – 2654. (in Chinese)

[17] 刘尧, 于馨, 于洋, 等. R 程序包“rdacca. hp”在生态学数据分析中的应用：案例与进展[J]. 植物生态学报, 2023, 47(1): 134 – 144.
LIU Yao, YU Xin, YU Yang, et al. Application of “rdacca. hp” R package in ecological data analysis: case and progress [J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2023, 47(1): 134 – 144. (in Chinese)

[18] SHEN W, LONG Y, QIU Z, et al. Investigation of rice yields and critical N losses from paddy soil under different N fertilization rates with iron application[J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2022, 19: 8707.

[19] FLOWERS T J, COLMER T D. Salinity tolerance in halophytes[J]. New Phytologist, 2010, 179(4): 945 – 963.

[20] WAN N F, LI S X, LI T, et al. Ecological intensification of rice production through rice-fish co-culture[J]. Journal of Cleaner Production, 2019, 234: 1002 – 1012.

[21] LU P, BAINARD L D, MA B, et al. Bio-fertilizer and rotten straw amendments alter the rhizosphere bacterial community and increase oat productivity in a saline-alkaline environment[J]. Scientific Reports, 2020, 10: 19896.

[22] PENG Y Y, ZHANG H, LIAN J S, et al. Combined application of organic fertilizer with microbial ino culum improved aggregate formation and salt leaching in a secondary salinized soil[J]. Plants, 2023, 12: 2945.

[23] NAHER U A, BISWAS J C, MANIRUZZAMAN M, et al. Bio-organic fertilizer green technology to reduce synthetic N and P fertilizer for rice production[J]. Front Plant Science, 2021,12: 602052.

[24] 刘慧,焦岩,窦婉毓,等.减氮配施生物炭对土壤肥力和水稻产量的补偿效应与机制[J].农业机械学报, 2024, 55(9): 391 – 401, 469.
LIU Hui, JIAO Yan, DOU Wanyu, et al. Compensation effect and mechanism of nitrogen reduction combined with biochar application on soil fertility and rice yield[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2024, 55(9): 391 – 401, 469. (in Chinese)

[25] KUNDU M C, MANDAL B. Agricultural activities influence nitrate and fluoride contamination in drinking groundwater of an intensively cultivated district in India[J]. Water Air and Soil Pollution, 2009, 198(1 – 4): 243 – 252.

[26] 王瑗玲,赵庚星,王庆芳,等.丘陵区土地整理对土壤理化性状的影响[J]. 农业工程学报, 2011, 27(9): 311 – 315.
WANG Ailing, ZHAO Gengxing, WANG Qingfang, et al. Effects of land consolidation on soil physical and chemical characteristics of hilly region[J]. Transactions of the CSAE, 2011, 27(9): 311 – 315. (in Chinese)

[27] 杨耿介, 王文琳, 周玮. 我国池塘养殖面临的水质问题及对策[J]. 水产养殖, 2021, 42(8): 64 – 66.
YANG Gengjie, WANG Wenlin, ZHOU Wei, et al. Water quality problems and countermeasures of pond aquaculture in China [J]. Journal of Aquaculture, 2021, 42(8): 64 – 66. (in Chinese)

[28] 刘俊, 张世文, 宋桂芳, 等. 复垦土壤细菌群落结构及其与土壤肥力的关系[J]. 农业工程学报, 2021, 37(21): 124 – 133.
LIU Jun, ZHANG Shiwen, SONG Guifang, et al. Bacterial community structure of reclaimed soil and its relationship with soil fertility[J]. Transactions of the CSAE, 2021, 37(21): 124 – 133. (in Chinese)

[29] 李新, 焦燕, 代钢, 等. 内蒙古河套灌区不同盐碱程度的土壤细菌群落多样性[J]. 中国环境科学, 2016, 36(1): 249 – 260.
LI Xin, JIAO Yan, DAI Gang, et al. Soil bacterial community diversity under different degrees of saline-alkaline in the Hetao Area of Inner Mongolia[J]. China Environmental Science, 2016, 36(1): 249 – 260. (in Chinese)

[30] 李明, 马飞, 张俊华. 种稻年限对盐渍化土壤理化性质和细菌群落多样性的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2021, 39(4): 194 – 202.
LI Ming, MA Fei, ZHANG Junhua. Effects of rice planting years on physicochemical properties and bacterial community

structure in saline-alkali soil[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2021, 39(4): 194 – 202. (in Chinese)

[31] 贾丽娟, 王广军, 夏耘, 等. 不同地区稻虾综合种养系统的微生物群落结构分析[J]. 水产学报, 2023,47(6): 75 – 86.
JIA Lijun, WANG Guangjun, XIA Yun, et al. Analysis of microbial community structure in rice-shrimp integrated culture system of three different areas[J]. Journal of Fisheries of China, 2023, 47(6): 75 – 86. (in Chinese)

[32] 何金松,吴小红,王卫,等.不同水分管理对亚热带稻田土壤化学计量比和水稻产量的影响[J]. 生态学杂志,2025, 44(3): 920 – 929.
HE Jinsong, WU Xiaohong, WANG Wei, et al. Effects of different water managements on soil stoichiometric ratios and rice yield in subtropical rice fields[J]. Chinese Journal of Ecology, 2025, 44(3): 920 – 929. (in Chinese)

[33] 马义淑, 曹亚鑫, 牛敏, 等. 太岳山不同林龄人工油松林土壤微生物特征[J]. 环境科学, 2024, 45(4): 2406 – 2416.
MA Yishu, CAO Yaxin, NIU Min, et al. Investigation of soil microbial characteristics during stand development in *Pinus tabuliformis* forest in Taiyue Mountain[J]. Environmental Science, 2024, 45(4):2406 – 2416. (in Chinese)

[34] 张红雪, 朱巧莲, 郭力铭, 等. 烟秆生物质炭与化肥配施对植烟土壤有机碳组分及微生物的影响[J]. 土壤, 2022, 54(6): 1149 – 1156.
ZHANG Hongxue, ZHU Qiaolian, GUO Liming, et al. Effects of combined application of tobacco stem biochar and chemical fertilizers on organic carbon fractions and microorganism in tobacco-growing soil[J]. Soils, 2022, 54(6): 1149 – 1156. (in Chinese)

[35] 李品, 木勒德尔·吐尔汗拜, 田地, 等. 全球森林土壤微生物生物量碳氮磷化学计量的季节动态[J]. 植物生态学报, 2019, 43(6): 532 – 542.
LI Pin, Muledeer TUERHANBAI, TIAN Di, et al. Seasonal dynamics of soil microbial biomass carbon, nitrogen andphosphorus stoichiometry across global forest ecosystems[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2019, 43(6): 532 – 542. (in Chinese)

[36] GUO Y, WANG N, LI G, et al. Direct and indirect effects of penguin feces on microbiomes in Antarctic ornithogenic soils [J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 00552.

[37] LI J G, SHEN M C, HOU J F, et al. Effect of different levels of nitrogen on rhizosphere bacterial community structure in intensive monoculture of greenhouse lettuce[J]. Scientific Reports, 2016, 6(1): 25305.

[38] 张佳彬, 陈丽莹, 尤茜, 等. 水稻种子的细菌含量和群落结构及其影响因素分析[J]. 微生物学报, 2023, 63(11): 4232 – 4244.
ZHANG Jiabin, CHEN Liying, YOU Qian, et al. Bacterial abundance and community structure in rice seeds and their influencing factors[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2023, 63(11): 4232 – 4244. (in Chinese)

[39] 郑健, 殷李高, 朱传远, 等. 施用沼液对设施番茄生长与土壤生态环境的影响[J]. 农业机械学报, 2019, 50(10): 278 – 288.
ZHENG Jian, YIN Ligao, ZHU Chuanyuan, et al. Effects of digestate on tomato growth and soil ecological environment in greenhouse[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2019, 50(10): 278 – 288. (in Chinese)

[40] 杨远坤, 马甜, 谌书. 嗜酸菌好氧-厌氧耦合溶解浸出副产物研究[J]. 环境科学与技术, 2022, 45(12): 44 – 51.
YANG Yuankun, MA Tian, CHEN Shu. Removal of bio-leaching by-products using acidithiobacillus ferrooxidans based on coupled aerobic-anaerobic process[J]. Environmental Science & Technology, 2022, 4(12): 44 – 51. (in Chinese)

[41] HUANG P, ZHANG J B, ZHU A N, et al. Nitrate accumulation and leaching potential reduced by coupled water and nitrogen management in the Huang – Huai – Hai Plain[J]. Science of the Total Environment, 2018, 610/611: 1020 – 1028.

[42] ALORI E T, GLICK B R, BABALOLA O O, et al. Microbial phosphorus solubilization and its potential for use in sustainable agriculture[J]. Frontiers in Microbiology, 2017,8: 971.

[43] ZENG Q, AN S, LIU Y, et al. Biogeography and the driving factors affecting forest soil bacteria in an arid area[J]. Science of the Total Environment, 2019, 680: 124 – 131.

[44] TONG L H, ZHU L, LV Y H, et al. Response of organic carbon fractions and microbial community composition of soil aggregates to long-term fertilizations in an intensive greenhouse system[J]. Journal of Soils and Sediments, 2020, 20(2): 641 – 652.

[45] GHOSH A, GHOSH D M, SREEKRISHNAN T R. Recent advances in bioremediation of heavy metals and metal complex dyes: review[J]. Journal of Environmental Engineering, 2016, 142(9): 1 – 14.