

DOI: 10.12357/cjea.20240502

CSTR: 32371.14.cjea.20240502

陆玉荣, 夏杨, 黄立鑫, 张楠, 林曼曼, 李传明, 韩光杰, 刘琴, 徐健. 苏云·稻纵颖与化学农药施用下稻田土壤微生物数量和代谢功能多样性的差异[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2025, 33(6): 1061–1070

LU Y R, XIA Y, HUANG L X, ZHANG N, LIN M M, LI C M, HAN G J, LIU Q, XU J. Differences in soil microbial abundance and metabolic functional diversity under application of CnmeGV·Bt and chemical pesticides in paddy fields[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2025, 33(6): 1061–1070

苏云·稻纵颖与化学农药施用下稻田土壤微生物数量和代谢功能多样性的差异*

陆玉荣, 夏 杨, 黄立鑫, 张 楠, 林曼曼, 李传明**, 韩光杰, 刘 琴,
徐 健**

(江苏里下河地区农业科学研究所/国家农业微生物扬州观测试验站 扬州 225009)

摘 要: 为了明确长期使用微生物杀虫剂和化学农药对水稻田土壤微生物种群数量和代谢功能多样性的影响, 本文采用分离培养技术和 Biolog 微平板法相结合对长期施用微生物农药苏云·稻纵颖 (CnmeGV·Bt) 和化学杀虫剂的稻田土壤微生物数量、代谢功能活性及碳源利用类型多样性等进行研究。结果表明: 与常规化学杀虫剂相比较, 施用 CnmeGV·Bt 后土壤中细菌、真菌、放线菌数量均显著增加, 分别为化学杀虫剂处理的 1.86 倍、1.75 倍和 1.34 倍。进一步筛选发现真菌中木霉菌数量高于化学杀虫剂处理, 差异显著。细菌中芽孢杆菌、溶磷功能菌、解钾功能菌数量与化学杀虫剂处理无显著差异。不同处理后土壤微生物群落平均颜色变化率 (AWCD 值) 随时间变化趋势基本一致, 开始的 48 h AWCD 变化很小, 48~144 h 快速升高。CnmeGV·Bt 处理后 AWCD 值在 48~192 h 均显著高于化学杀虫剂处理。CnmeGV·Bt 处理后土壤微生物群落 Shannon 多样性指数之间无显著变化, Simpson 指数和 Invsimpson 指数显著提高。CnmeGV·Bt 处理后土壤微生物对多种类型碳源的利用发生变化。对 7 种糖类、2 种氨基酸类、6 种己糖酸类、7 种羧酸、酯和脂肪酸类的利用强度显著高于化学杀虫剂处理。对 4 种糖类、3 种羧酸、酯和脂肪酸类的利用强度显著低于化学杀虫剂处理。主成分分析表明, 与 CnmeGV·Bt 处理相关的碳源主要是葡萄糖醛酰胺、粘液酸、果胶、L-鼠李糖、β-甲酰-D-葡萄糖苷等, 与化学杀虫剂处理相关的碳源主要是龙胆二糖、L-岩藻糖、D-苹果酸等。研究结果说明稻田应用微生物杀虫剂替代化学杀虫剂能够促进土壤微生物数量及其代谢功能, 对于 Bt 类生物农药应用的环境行为及生态效应评价具有重要意义。

关键词: 苏云杆杆菌; 稻纵卷叶螟颗粒体病毒; 土壤微生物; Biolog 微平板; 代谢功能多样性

中图分类号: S476

Differences in soil microbial abundance and metabolic functional diversity under application of CnmeGV·Bt and chemical pesticides in paddy fields*

* 国家自然科学基金项目 (32372539)、江苏省农业科技自主创新资金项目 [CX(23)3004]、扬州市社会发展项目 (YZ2024064)、扬州市重点实验室项目 (YZ2023244) 和国家农业基础性长期性观测项目 (NAES069AM04, NAES-EE-041) 资助

** 通信作者: 李传明, 主要从事昆虫-微生物互动与微生物资源开发利用等方面研究, E-mail: liming0595@163.com; 徐健, 主要从事农业微生物资源开发利用等方面研究, E-mail: bio-xj@163.com

陆玉荣, 主要从事农业微生物资源开发利用等方面研究。E-mail: lyrwf@163.com

收稿日期: 2024-08-19 接受日期: 2025-03-13

* This study was supported by the National Natural Science Foundation of China (32372539), Jiangsu Agricultural Science and Technology Innovation Fund [CX(23)3004], Yangzhou Social Development Program (YZ2024064), the Key Laboratory Project of Yangzhou City (YZ2023244), and the National Agricultural Basic Long-Term Scientific and Technological Work of China (NAES069AM04, NAES-EE-041).

** Corresponding authors: LI Chuanming, E-mail: liming0595@163.com; XU Jian, E-mail: bio-xj@163.com

Received Aug. 19, 2024; accepted Mar. 13, 2025

LU Yurong, XIA Yang, HUANG Lixin, ZHANG Nan, LIN Manman, LI Chuanming^{**}, HAN Guangjie, LIU Qin, XU Jian^{**}

(Jiangsu Lixiahe Institute of Agricultural Sciences / National Experimental Station of Yangzhou for Agricultural Microbiology, Yangzhou 225009, China)

Abstract: To elucidate the long-term impact of microbial insecticides on the population abundance and metabolic functional diversity of soil microorganisms in rice paddies, we employed a combination of isolation culture techniques and the Biolog microplate method to conduct comparative studies on the diversity of soil microorganisms with long-term application of microbial insecticide CnmeGV·Bt and chemical insecticides, and to analyze microbial population dynamics, metabolic functional activity, and carbon source utilization diversity. The results indicated that, compared to application of conventional chemical insecticides, application of CnmeGV·Bt significantly increased the populations of bacteria, fungi, and actinomycetes by 1.86, 1.75, and 1.34 times, respectively. Further analysis revealed that the abundance of *Trichoderma* spp. of fungi was significantly higher under CnmeGV·Bt treatment than under chemical insecticidal treatment, whereas the populations of *Bacillus* spp., phosphate and potassium solubilizing bacteria, showed no significant differences. The average well color development (AWCD) values of soil microbial communities exhibited similar trends over time across treatments, with minimal changes in the first 48 h, followed by a rapid increase between 48 and 144 h. Notably, AWCD values were significantly higher in the CnmeGV·Bt-treated soil from 48 to 192 h than those in the chemical insecticidal treatment. The Shannon diversity index of soil microbial communities showed no significant differences between treatments, whereas the Simpson and inverse Simpson indices were significantly elevated under CnmeGV·Bt treatment. Compared with chemical insecticidal application, the microbial utilization of various carbon sources shifted following CnmeGV·Bt application, with significantly higher utilization intensities observed for seven carbohydrates, two amino acids, six hexose acids, seven carboxylic acids, esters, and fatty acids. Conversely, four carbohydrates, three carboxylic acids, esters, and fatty acids were less intensively utilized. Principal component analysis identified specific carbon sources associated with CnmeGV·Bt treatment, including glucuronamide, mucic acid, pectin, L-rhamnose, and β -methyl-D-glucoside, whereas chemical insecticidal treatment was linked to gentiobiose, L-fucose, and D-malic acid. These findings demonstrate that replacing chemical insecticides with microbial insecticides in rice paddies can enhance the soil microbial abundance and metabolic function. The results provide critical insights into the environmental behavior and ecological effects of Bt-based biopesticides.

Keywords: *Bacillus thuringiensis*; *Cnaphalocrocis medinalis* granulovirus; soil microorganisms; Biolog microplate; metabolic functional diversity

土壤微生物在生物地球化学循环中发挥着重要作用,与作物生长、养分循环和土壤生产力可持续性密切相关^[1-3]。土壤微生物资源的有效利用是提高土壤肥力、实现农业可持续发展的重要途径^[4-5]。土壤中大量微生物形成复杂的群落,其生态功能与群落组成和多样性有关^[6-7],而群落组成又受环境、植被及农业措施影响^[8-12]。农药对土壤微生物的影响已成为不少国家评价农药生态安全的一个重要指标。已有许多研究表明使用化学杀菌剂、除草剂显著影响土壤微生物群落数量和功能多样性^[13-16]。但目前关于害虫防治措施对土壤微生物的影响研究还很少,明确不同防治措施下土壤微生物群落变化动态对提高害虫管理水平具有重要意义。

长期以来,施用化学农药是防治农作物病虫害的主要方法,但也导致对非靶标生物的杀伤,生物多样性丧失,同时造成严重的农药残留和面源污染^[17-18]。近年来有研究表明化学杀虫剂能够显著影响土壤微生物群落。新烟碱类杀虫剂呋虫胺使用后土壤细菌群落 α -多样性和 β -多样性均显著变化^[19]。

噻虫嗪处理后土壤细菌群落多样性显著减少,细菌共生网络的复杂性明显下降^[20]。高效氯氟氰菊酯、毒死蜱处理后稻田土壤细菌数量和多样性总体下降^[21]。生物农药的活性成分是生物活体或生物代谢产物,其进入田间同样会对土壤微生物群落产生影响。枯草芽孢杆菌、哈茨木霉菌可提高土壤微生物物种丰度^[22]。苦参碱引起苹果 (*Malus hupehensis*) 园土壤细菌和真菌数量显著减少,细菌/真菌比值增加 30.6%, Shannon 多样性指数和 Margalef 丰富度指数显著降低^[23]。小白菜 (*Brassica rapa*) 施用白僵菌后,土壤中放线菌和细菌数量显著增加^[24]。但目前比较生物农药和化学农药对整体微生物功能和多样性影响的研究还很少。

苏云金杆菌 (*Bacillus thuringiensis*, Bt) 是当前生产上应用最广泛的细菌杀虫剂,其对土壤微生物的影响引起广泛关注。基于转 Bt 基因棉花 (*Gossypium* spp.) 和玉米 (*Zea mays*) 的研究表明,根系分泌 Bt 蛋白转移到土壤中后对土壤细菌相对丰度及群落结构产生显著影响^[25-26]。田间喷施 Bt 杀虫剂后土壤微

生物生物量和多样性发生变化,但不同类型土壤变化趋势并不一致。喷施 Bt 后菜地土壤微生物多样性指数显著上升,但松林土壤微生物多样性指数则显著下降或不变^[27]。也有研究显示 Bt 处理后土壤中细菌和真菌数量和种类丰富程度降低^[28],表明不能对生物农药特别是 Bt 杀虫剂对地下微生物的影响一概而论。生物农药苏云·稻纵螟 (CnmeGV·Bt) 为 Bt 与稻纵卷叶螟颗粒体病毒 CnmeGV 复配产品,前期研究表明其田间防治水稻纵卷叶螟优于 Bt^[29]。复合型 Bt 菌剂的研制和应用具有重要意义,但菌剂施用后造成的生态环境影响也亟须加以研究^[30],特别是与常规化学防治措施相比对土壤微生物种群功能的影响还鲜见报道。本研究基于室外大田控制试验,采用平板分离培养结合 Biolog 微平板技术,对施用 CnmeGV·Bt 和化学杀虫剂水稻田土壤微生物数量和功能多样性的变化进行研究。旨在探讨生物和化学杀虫剂对整体微生物多样性影响的差异,为合理评价生物农药对田间生态的影响提供依据。

1 材料和方法

1.1 试验区概况

试验地位于国家农业微生物扬州观测试验站长期观测基地内,观测基地位于江苏省扬州市广陵区湾头镇 (32.42°N, 119.53°E)。属亚热带季风性湿润气候向温带季风气候的过渡区。日照充足,雨量丰沛,盛行风向随季节有明显变化。年平均气温为 15.05℃。全年无霜期平均 220 d,年平均日照 2 140 h,年平均降水量 961~1 048 mm。实验地为壤土,土壤基本性质如下: pH 5.80,有机质含量 26.22 g·kg⁻¹,全氮含量 1.43 g·kg⁻¹,有效磷含量 25.20 mg·kg⁻¹,速效钾含量 135.58 mg·kg⁻¹。

1.2 试验设计

试验地为连续 10 年以上水稻 (*Oryza sativa*)-小麦 (*Triticum aestivum*) 轮作田,前期种植品种及管理措施完全一致。自 2019 年开始于水稻种植期设置微生物杀虫剂和常规化学杀虫剂 2 个处理: 1) 微生物杀虫剂处理为 CnmeGV·Bt,按推荐剂量 750 g·hm⁻²,于 8 月 10 日左右水稻孕穗期防治 1 次。2) 化学杀虫剂处理分别于 8 月 10 日孕穗期、25 日始穗前 7 d 左右各防治 1 次;孕穗期防治药剂为 10% 四氯虫酰胺 300 g·hm⁻²,始穗前防治药剂为 20% 甲维·茚虫威 180 g·hm⁻²。两处理其他耕作措施及药剂使用均一致。每处理设 5 个重复小区,每个小区 50 m²,小区随机区组排列,周围设保护行。分别在施药前和施药后 7 d 和 22 d (第 2 次化学杀虫剂施药后 7 d) 采用随机

取样方法,每处理小区调查 5 点,每点 5 丛,调查水稻总叶数、卷叶数、残留虫量,计算杀虫效果和保叶效果。

$$\text{杀虫效果} = (\text{施药前虫口数} - \text{施药后虫口数}) / \text{施药前虫口数} \times 100\% \quad (1)$$

$$\text{保叶效果} = [1 - (\text{施药后卷叶数} - \text{施药前卷叶数}) / \text{施药前卷叶数}] \times 100\% \quad (2)$$

药后 15 d 和 30 d 继续调查微生物杀虫剂处理区稻纵卷叶螟未感染病毒幼虫数、感染病毒幼虫数,计算田间自然感染率。

$$\text{田间自然感染率} = \text{感染病毒幼虫数} / (\text{未感染病毒幼虫数} + \text{感染病毒幼虫数}) \times 100\% \quad (3)$$

2022 年 10 月 29 日在水稻收获后翻耕前进行田间土壤取样。取样方法参考国家农用微生物数据中心农业微生物监测规范。在每小区的四角和中间布设 5 个 1 m×1 m 的取样方,每取样方随机取 3 个点土样,每小区取 15 个点土样混匀。取样深度为 0~30 cm。样品剔除植物碎屑后过 2 mm 筛,分别装入无菌袋内,带回实验室放入冰箱内 4℃ 保存。

1.3 试验材料

CnmeGV·Bt 可湿性粉剂 (农药登记证号 PD-20184031) 有效成分含量为 16 000 IU·mg⁻¹ 苏云金杆菌、10 万 OB·mg⁻¹ 稻纵卷叶螟颗粒体病毒,由扬州绿源生物化工有限公司生产提供; 10% 四氯虫酰胺 (农药登记证号 PD20171751) 沈阳科创化学用品有限公司生产,购自网络经销商; 20% 甲维·茚虫威 (农药登记证号 PD20152278) 山东中信化学有限公司生产,购自网络经销商。种植水稻品种为‘南粳 9108’,由江苏金土地种业有限公司提供。

1.4 土壤微生物培养及数量测定

10 g 土壤样品置入装有 90 mL 无菌水的三角瓶中,振荡 20 min,制成土壤悬液,采用 10 倍稀释法配置浓度梯度 10⁻²、10⁻³、10⁻⁴ (真菌), 10⁻⁴、10⁻⁵、10⁻⁶ (细菌、放线菌) 土壤悬液。另取 10 g 土壤平行样测定土壤含水量。

真菌采用马丁氏培养基、细菌采用牛肉膏蛋白胨 (NA) 培养基、放线菌采用 TSA 和 ISP2 培养基分别培养。对于芽孢杆菌,首先将土样置于超净工作台中干燥,便于芽孢形成。按上述方法配置土壤悬液后放置到 80℃ 水浴锅中煮 10 min,以杀死其他细菌。采用 NA 培养基涂板培养。木霉菌采用木霉选择性培养基培养,溶磷菌分别采用 PKO 无机磷和蒙

金娜有机磷固体培养基培养, 溶钾菌采用解钾筛选(钾长石粉)培养基培养。上述所有培养基配方及配制方法均参考国家农用微生物数据中心农业微生物监测规范。

分别取对应浓度的土壤稀释液 100 μL , 涂布于相应的培养基上。每个梯度重复 3 次, 30 $^{\circ}\text{C}$ 培养, 真菌 3~5 d, 细菌 1~2 d, 放线菌 4~7 d, 观察并记录菌落数量。依据公式计算土壤微生物量。

$$\text{土壤微生物量} = \frac{\text{平均菌落数} \times \text{稀释倍数}}{1 - \text{土壤含水量}} \quad (4)$$

1.5 土壤微生物群落功能测定

利用 Biolog 微平板培养技术分析土壤微生物对碳源利用的差异。将 10.0 g 过 2 mm 筛的新鲜土壤样品加入高压灭菌过的 150 mL 三角瓶中, 加入 100 mL 0.85% 无菌氯化钠溶液, 封口, 25 $^{\circ}\text{C}$ 条件下, 180 $\text{r} \cdot \text{min}^{-1}$ 震荡 30 min, 静置 2 min, 在超净工作台吸取上清液 4 mL 定容 40 mL (0.85% 氯化钠), 再次吸取 4 mL 定容 40 mL (0.85% 氯化钠), 得到 10^{-3} 土悬液。吸取 150 μL 溶液于生态板, 25 $^{\circ}\text{C}$ 培养, 24 h 测定 1 次生态板的吸光度 (波长 590 及 750 nm), 连续测定 10 d。

平均颜色变化率 (AWCD) 反映了微生物群落的整体代谢活动, 可用于计算多种多样性指数。使用培养 96 h 测量的数据用于计算香农多样性指数 (Shannon index, H)、辛普森多样性指数 (Simpson index, D)、逆辛普森多样性指数 (Invsimpson index, $\text{inv}D$), 评估微生物的丰富度、优势度和群落物种均匀度。

$$\text{AWCD} = \sum \frac{C_i - R}{31} \quad (5)$$

$$H = - \sum [P_i (\ln P_i)] \quad (6)$$

$$D = \sum \frac{n_i (n_i - 1)}{N (N - 1)} \quad (7)$$

$$\text{inv}D = 1 - \sum P_i^2 \quad (8)$$

式中: C_i 为第 i 碳孔在波长 590 nm 的吸光度值; R 为对照孔在波长 590 nm 的吸光度值; P_i 为第 i 孔在波长 590 nm 的吸光度值除以 n 个孔在波长 590 nm 的平均吸光度值; n_i 为第 i 孔在波长 590 nm 的相对吸光度值 ($C_i - R$); N 为 n 个孔在波长 590 nm 的吸光度值之和。

1.6 数据处理

通过 Microsoft Excel 2019 软件对试验数据统计处理; 数据利用 Graphpad Prism 8.0 软件进行单因素方差分析; 利用 Origin 2021 软件进行主成分分析, 采用相似性百分比 (SIMPER) 分析计算碳源对处理与对照间的差异贡献率并作图。

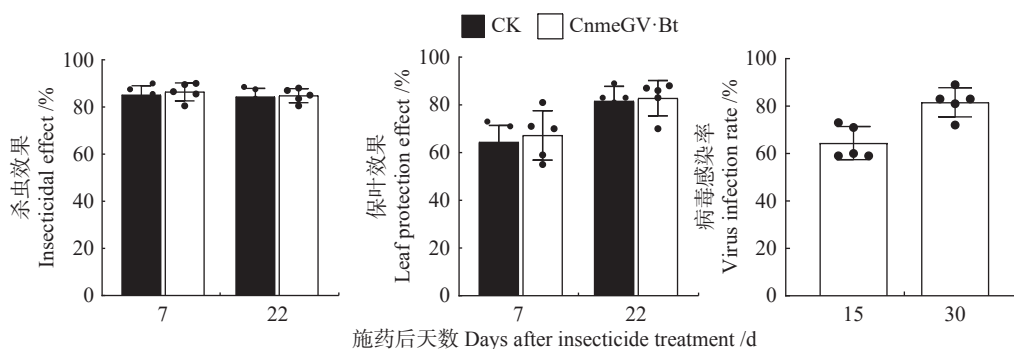
2 结果与分析

2.1 CnmeGV·Bt 对稻纵卷叶螟田间防治效果

CnmeGV·Bt 对稻纵卷叶螟幼虫具有较好的杀虫效果。施药后 7 d 防治效果为 80.5%~90.0%, 施药后 22 d 防治效果仍达 80.0%~88.0%, 单次 CnmeGV·Bt 施药处理与两次常规化学杀虫剂处理无显著差异 (图 1)。CnmeGV·Bt 施用后对水稻的保叶效果与化学杀虫剂处理同样无显著差异, 施药后 7 d 和 22 d 保叶效果分别为 67.2% 和 82.8%。田间应用 CnmeGV·Bt 对稻纵卷叶螟有较好的持效作用, 药后 15 d 幼虫病毒感染率为 64.4%, 药后 30 d 感染率提高到 81.6%。

2.2 CnmeGV·Bt 对稻田土壤微生物数量的影响

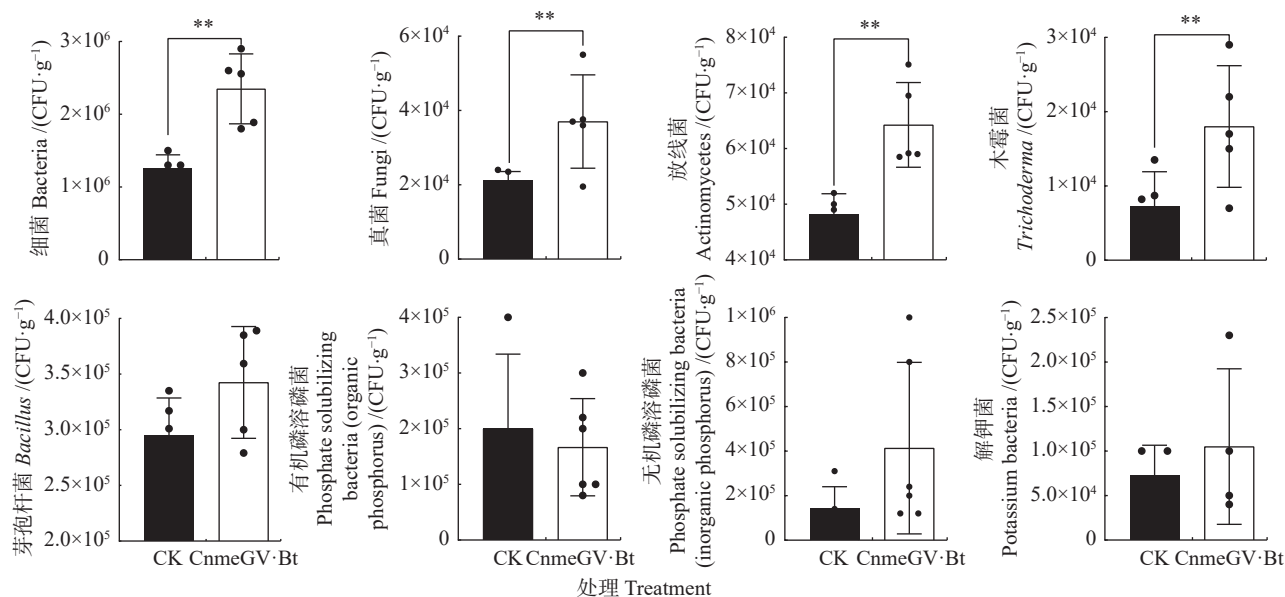
施用 CnmeGV·Bt 后稻田土壤微生物数量如图 2 所示。CnmeGV·Bt 处理土壤中细菌、真菌、放线菌



CK: 化学杀虫剂; CnmeGV·Bt: 苏云·稻纵卷。CK: chemical pesticides; CnmeGV·Bt: *Cnaphalocrocis medinalis* granulovirus and *Bacillus thuringiensis*.

图 1 不同杀虫剂处理对稻纵卷叶螟的田间防治效果

Fig. 1 Effects of different insecticide treatments on field control of rice leaf folder [*Cnaphalocrocis medinalis* Guenée (Lepidoptera: Pyralidae)]



CK: 化学杀虫剂; CnmeGV·Bt: 苏云·稻纵螟。**表示处理间经 *t* 测验差异达显著水平 ($P < 0.05$)。CK: chemical pesticides; CnmeGV·Bt: *Cnaphalocrocis medinalis* granulovirus and *Bacillus thuringiensis*. ** indicates significant differences between two treatments according to *t*-test ($P < 0.05$).

图2 不同杀虫剂处理稻田土壤微生物数量

Fig. 2 Effects of different insecticide treatments on the amount of soil microorganisms

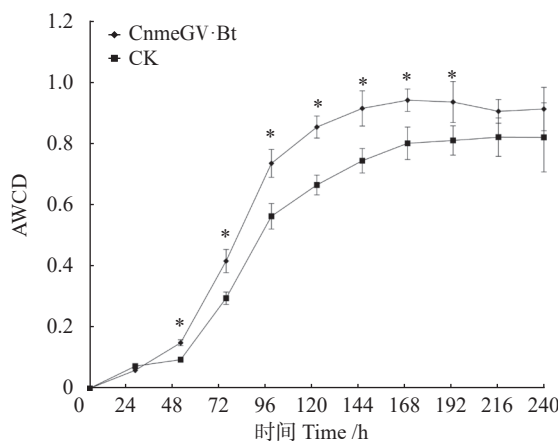
数量均显著增加 ($P < 0.05$), 分别为化学杀虫剂处理的 1.86、1.75 和 1.34 倍。进一步筛选发现 CnmeGV·Bt 处理土壤真菌中木霉菌 (*Trichoderma*) 数量高于化学杀虫剂处理, 差异显著 ($P < 0.05$); 细菌中芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 数量与化学杀虫剂处理无显著差异。CnmeGV·Bt 处理下水稻土壤溶磷、解钾功能菌数量与化学杀虫剂处理无显著差异。

2.3 CnmeGV·Bt 对稻田土壤微生物代谢活性的影响

平均颜色变化率 (AWCD) 表征微生物群落碳源利用率, 是土壤微生物群落利用单一碳源能力的一个重要指标, 反映了土壤微生物活性、群落生理功能多样性^[31]。不同处理土壤微生物群落 AWCD 值随时间变化趋势基本一致 (图3), 开始的 48 h AWCD 变化很小, 碳源基本未被利用; 48~144 h 快速升高, 碳源被大幅利用; 144 h 后 AWCD 趋于稳定, 碳源完全利用。两处理间 AWCD 值在 24 h 时无显著差异; CnmeGV·Bt 处理后 AWCD 值在 48~192 h 均显著高于化学杀虫剂处理 ($P < 0.05$); 216~240 h 两处理间差异不显著。

2.4 CnmeGV·Bt 对稻田土壤微生物群落功能多样性指数的影响

采用 Biolog 微平板培养数据计算土壤微生物群落对碳源的利用, 根据多样性指数公式分别计算 Shannon 指数、Simpson 指数和 Invsimpson 指数 (图4)。与化学杀虫剂处理相比, CnmeGV·Bt 处理土壤微生物



CK: 化学杀虫剂; CnmeGV·Bt: 苏云·稻纵螟。*表示处理间 *t* 测验差异达显著水平 ($P < 0.05$)。CK: chemical pesticides; CnmeGV·Bt: *Cnaphalocrocis medinalis* granulovirus and *Bacillus thuringiensis*. * indicates significant differences between two treatments according to *t*-test ($P < 0.05$).

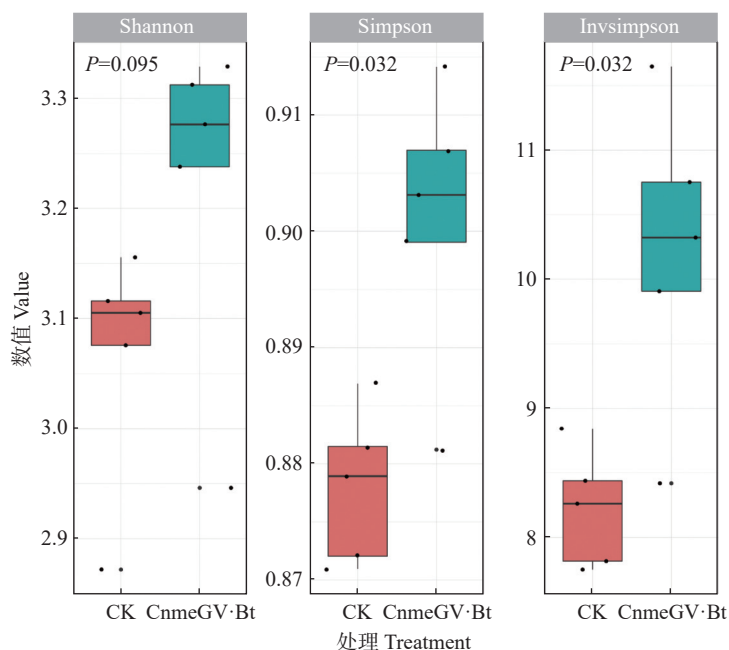
图3 不同杀虫剂处理土壤微生物培育过程中的平均颜色变化率 (AWCD)

Fig. 3 Variations in average well color development (AWCD) during the cultivation of soil microorganisms under different insecticide treatments

物群落 Shannon 多样性指数无显著变化, Simpson 指数和 Invsimpson 指数显著提高 ($P < 0.05$)。

2.5 土壤微生物对不同类型碳源的利用率及差异

为了更清楚地描述 CnmeGV·Bt 处理后土壤微生物的碳源利用特征, 选用培育 72 h 的吸光度数据对土壤微生物群落单一碳源的利用程度进行比较分析,



CK: 化学杀虫剂; CnmeGV·Bt: 苏云·稻纵螟; Shannon: 香农多样性指数; Simpson: 辛普森多样性指数; Invsimpson: 逆辛普森指数; $P<0.05$ 表示处理间经 t 测验差异达显著水平。CK: chemical pesticides; CnmeGV·Bt: *Cnaphalocrocis medinalis* granulovirus and *Bacillus thuringiensis*; Shannon: Shannon-Wiener diversity index; Simpson: Simpson's diversity index; Invsimpson: inverse-Simpson index. $P<0.05$ indicates significant differences between two treatments according to t -test.

图 4 不同杀虫剂处理下土壤微生物 Shannon 指数、Simpson 指数和 Invsimpson 指数的比较

Fig. 4 Comparative analyses of soil microbial Shannon index, Simpson index, and Invsimpson index under different insecticide treatments

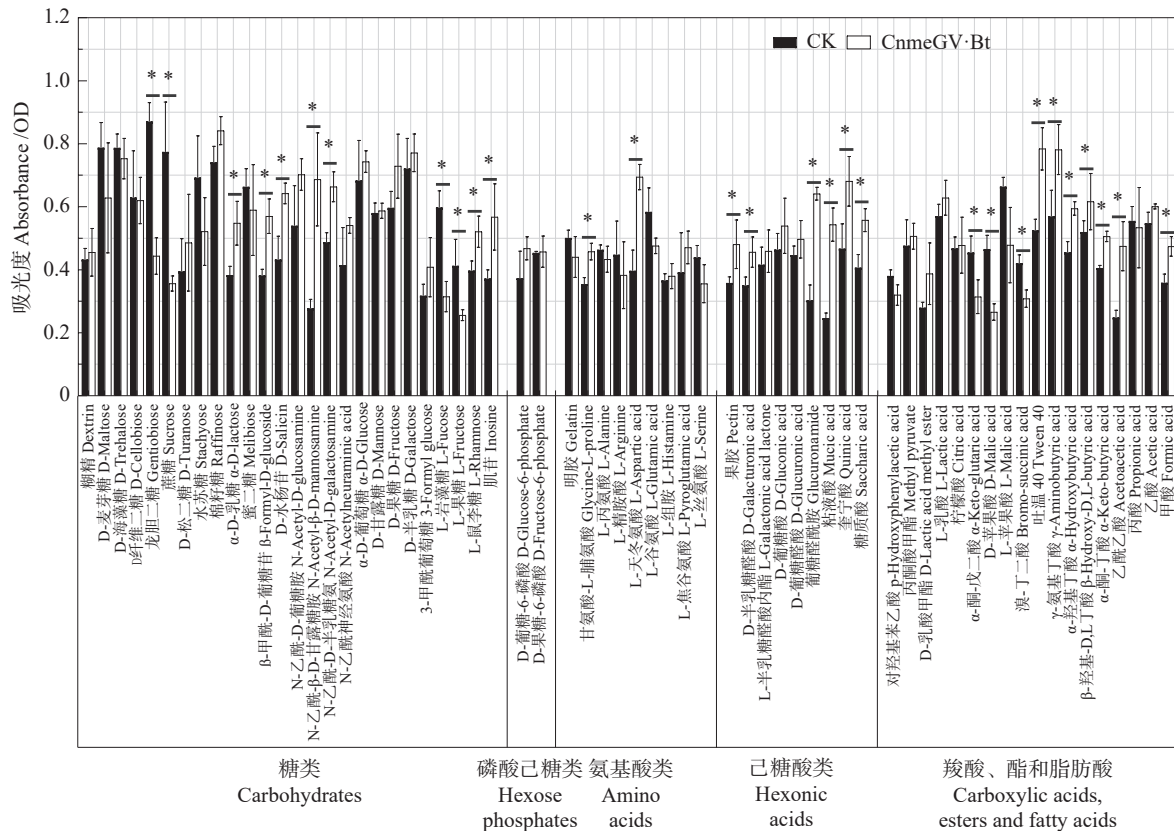
结果如图 5 所示。CnmeGV·Bt 处理后土壤微生物对多种类型碳源的利用发生变化。对 7 种糖类 (α -D-乳糖、 β -甲酰-D-葡萄糖、D-水杨苷、N-乙酰- β -D-甘露糖胺、N-乙酰-D-半乳糖氨、L-鼠李糖和肌苷), 2 种氨基酸类 (甘氨酸-L-脯氨酸、L-天冬氨酸), 6 种己糖酸类 (果胶、D-半乳糖醛酸、葡萄糖醛酰胺、粘液酸、奎宁酸、糖质酸), 7 种羧酸、酯和脂肪酸类 (吐温 40、 γ -氨基丁酸、 α -羟基丁酸、 β -羟基-D, L-丁酸、 α -酮-丁酸、乙酰乙酸、甲酸) 的利用强度显著高于化学杀虫剂处理 ($P<0.05$)。对 4 种糖类 (龙胆二糖、蔗糖、L-岩藻糖、L-果糖), 3 种羧酸、酯和脂肪酸类 (α -酮-戊二酸、D-苹果酸、L-苹果酸、溴-丁二酸) 的利用强度显著低于化学杀虫剂处理 ($P<0.05$)。

对不同处理下碳源的 AWCD 值做主成分分析, 结果如图 6 所示。对数据提取 2 个主成分, PC1 能够解释变量方差的 51.02%, PC2 能够解释变量方差的 21.45%。两种处理土壤微生物对碳源利用模式不同, CnmeGV·Bt 处理位于 PC1 的正方向, 化学杀虫剂处理位于 PC1 的负方向上。与 CnmeGV·Bt 处理相关的碳源主要是葡萄糖醛酰胺、粘液酸、果胶、L-鼠李糖、 β -甲酰-D-葡萄糖 (F6、F7、F1、C8、B4) 等。与化学杀虫剂处理相关的碳源主要是龙胆二糖、L-

岩藻糖、D-苹果酸 (A6、C6、G7) 等。

3 讨论

土壤微生物直接或间接参与了土壤养分循环和作物营养获取过程, 不仅能够反映土壤的健康状况, 还能影响农作物的生长和产量^[32-33]。微生物对环境变化高度敏感, 种群数量、群落结构及功能受气候、植物、土壤类型等的影响而变化^[34]。Bt 是目前应用最广泛的微生物杀虫剂, 但速效性差、持效期短的问题也长期制约其进一步推广应用。与常规 Bt 制剂相比, CnmeGV·Bt 对稻纵卷叶螟具有杀虫速度快、持效期长的优点^[29]。本研究发现, 长期施用生物农药 CnmeGV·Bt 可显著提高土壤中可培养微生物数量, 细菌、真菌、放线菌数量均显著增加, 这与人研究结果不完全一致。Bt 菌剂处理后的 45 d 内, 棉花根际土壤细菌数量仅在第 6 天时显著高于清水对照, 其他时间无差异^[30]。本研究中微生物数量的增加可能是由于 CnmeGV·Bt 替代减少了化学杀虫剂的使用。化学杀虫剂的施用对土壤微生物会产生不利的影响, 如吡虫啉、毒死蜱能够抑制土壤微生物数量或活性^[35], 减少化学农药条件下, 稻田土壤细菌群落多样性与丰度均显著提高^[36]。此外, 本研究还发现



CK: 化学杀虫剂; CnmeGV·Bt: 苏云·稻纵颖。*表示处理间经 *t* 测验差异达显著水平 ($P < 0.05$)。CK: chemical pesticides; CnmeGV·Bt: *Cnaphalocrocis medinalis* granulovirus and *Bacillus thuringiensis*; * indicates significant differences between two treatments according to the *t*-test ($P < 0.05$).

图5 不同杀虫剂处理下土壤微生物群落对不同类碳源的利用

Fig. 5 Utilization of different types of carbon sources by soil microbial communities under different insecticide treatments

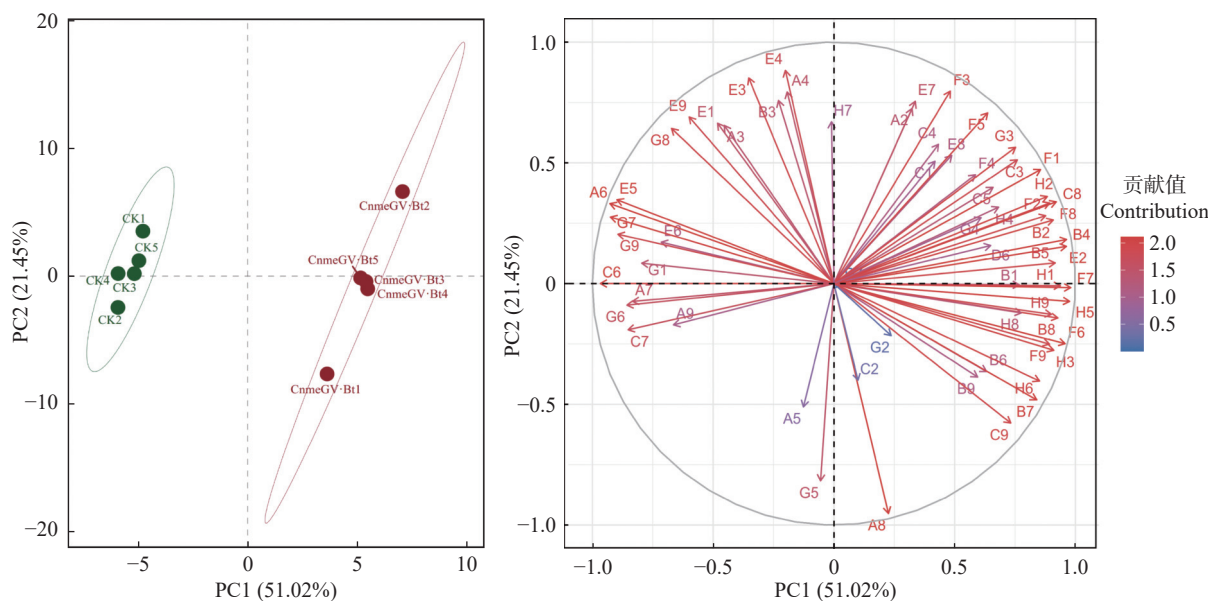
与施用化学杀虫剂处理相比,施用 CnmeGV·Bt 对土壤中芽孢杆菌及溶磷、解钾功能菌数量无显著影响。也有研究表明 Bt 在自然环境中与其他芽孢杆菌及磷细菌、钾细菌间无明显拮抗关系^[37],施用 Bt 对辣椒 (*Capsicum annuum*) 叶际细菌和真菌生物量也没有显著影响^[38]。

本研究利用 Biolog 微平板法分析发现,施用 CnmeGV·Bt 和化学杀虫剂处理土壤微生物碳源代谢活性变化趋势基本一致,随培养时间延长 AWCD 值呈“S”形逐渐提高。但 CnmeGV·Bt 处理提高了土壤微生物对碳源底物的利用能力,刺激了土壤微生物的碳代谢活性,培养的大部分时间 CnmeGV·Bt 处理根际土壤的 AWCD 值均高于化学杀虫剂处理,与微生物数量表现一致。这可能是因为土壤微生物 AWCD 值与土壤中细菌、放线菌以及土壤微生物总数显著正相关^[39]。代谢功能多样性指数可表征微生物群落碳代谢功能的丰富度、优势度和均一性^[40]。本研究中 CnmeGV·Bt 处理后土壤微生物群落代谢功能 Simpson 指数显著提高,表明 CnmeGV·Bt 导致土壤中微生物群落结构发生变化,引起对碳源底物代

谢能力强的物种增多。对不同碳源类型利用的差异也反映出 CnmeGV·Bt 导致土壤中微生物群落结构发生变化,对己糖酸类和糖类碳源的利用上存在明显差异。受限于分离鉴定技术,目前无论采用传统分离培养还是 16S rRNA 扩增子或宏基因组等高通量测序分析手段来分析微生物群落组成都具有一定的局限性^[41-42]。且微生物群落功能与组成多样性之间的相关性也并不是很明显^[43]。因此,对群落的功能多样性进行分析对于了解整个群落的生态功能更有意义^[44],弥补了传统培养法、生物标记法和分子生物学方法无法获得的有关微生物群落总体活性和代谢功能信息的不足^[45]。CnmeGV·Bt 通过何种方式影响土壤中微生物群落还不明确,一些研究表明 Bt 可以通过产生细菌素、几丁质酶的方式影响特定细菌或真菌^[46],深入探究 Bt 及其复合菌剂在根际土壤中的环境行为及生态效应具有重要意义。

4 结论

本研究解析了长期施用 CnmeGV·Bt 和化学杀虫剂导致水稻根际土壤内微生物数量及代谢功能多样



CK: 化学杀虫剂; CnmeGV·Bt: 苏云·稻纵螟。A2: 糊精; A3: D-麦芽糖; A4: D-海藻糖; A5: D-纤维二糖; A6: 龙胆二糖; A7: 蔗糖; A8: D-松二糖; A9: 水苏糖; B1: 棉籽糖; B2: α -D-乳糖; B3: 蜜二糖; B4: β -甲酰-D-葡萄糖苷; B5: D-水杨苷; B6: N-乙酰-D-葡萄糖胺; B7: N-乙酰-D-甘露糖胺; B8: N-乙酰-D-半乳糖胺; B9: N-乙酰神经氨酸; C1: α -D-葡萄糖; C2: D-甘露糖; C3: D-果糖; C4: D-半乳糖; C5: 3-甲酰葡萄糖; C6: L-岩藻糖; C7: L-果糖; C8: L-鼠李糖; C9: 肌苷; D6: D-葡萄糖-6-磷酸; D7: D-果糖-6-磷酸; E1: 明胶; E2: 甘氨酸-L-脯氨酸; E3: L-丙氨酸; E4: L-精氨酸; E5: L-天冬氨酸; E6: L-谷氨酸; E7: L-组氨酸; E8: L-焦谷氨酸; E9: L-丝氨酸; F1: 果胶; F2: D-半乳糖醛酸; F3: L-半乳糖醛酸内酯; F4: D-葡萄糖酸; F5: D-葡萄糖醛酸; F6: 葡萄糖醛酰胺; F7: 粘液酸; F8: 奎宁酸; F9: 糖质酸; G1: 对羟基苯乙酸; G2: 丙酮酸甲酯; G3: D-乳酸甲酯; G4: L-乳酸; G5: 柠檬酸; G6: α -酮-戊二酸; G7: D-苹果酸; G8: L-苹果酸; G9: 溴-丁二酸; H1: 吐温 40; H2: γ -氨基丁酸; H3: α -羟基丁酸; H4: β -羟基-D, L 丁酸; H5: α -酮-丁酸; H6: 乙酰乙酸; H7: 丙酸; H8: 乙酸; H9: 甲酸。CK: chemical pesticides; CnmeGV·Bt: *Cnaphalocrocis medinalis* granulovirus and *Bacillus thuringiensis*. A2: dextrin; A3: D-maltose; A4: D-trehalose; A5: D-cellobiose; A6: gentiobiose; A7: sucrose; A8: D-turanose; A9: stachyose; B1: raffinose; B2: α -D-lactose; B3: melibiose; B4: β -formyl-D-glucoside; B5: D-salicin; B6: N-acetyl-D-glucosamine; B7: N-acetyl- β -D-mannosamine; B8: N-acetyl-D-galactosamine; B9: N-acetylneuraminic acid; C1: α -D-glucose; C2: D-mannose; C3: D-fructose; C4: D-galactose; C5: 3-formyl glucose; C6: L-fucose; C7: L-fructose; C8: L-rhamnose; C9: inosine; D6: D-glucose-6-phosphate; D7: D-fructose-6-phosphate; E1: gelatin; E2: glycine-L-proline; E3: L-alanine; E4: L-arginine; E5: L-aspartic acid; E6: L-glutamic acid; E7: L-histamine; E8: L-pyrogutamic acid; E9: L-serine; F1: pectin; F2: D-galacturonic acid; F3: L-galactonic acid lactone; F4: D-gluconic acid; F5: D-glucuronic acid; F6: glucuronamide; F7: mucic acid; F8: quinic acid; F9: saccharic acid; G1: p-hydroxyphenylacetic acid; G2: methyl pyruvate; G3: D-lactic acid methyl ester; G4: L-lactic acid; G5: citric acid; G6: α -keto-glutaric acid; G7: D-malic acid; G8: L-malic acid; G9: bromo-succinic acid; H1: tween 40; H2: γ -aminobutyric acid; H3: α -hydroxybutyric acid; H4: β -hydroxy-D, L-butyric acid; H5: α -keto-butyric acid; H6: acetoacetic acid; H7: propionic acid; H8: acetic acid; H9: formic acid.

图 6 不同杀虫剂处理土壤微生物对碳源利用的主成分分析

Fig. 6 Principal component analyses of carbon sources utilization by soil microbial communities under different insecticide treatments

性差异。结果表明,与施用化学杀虫剂相比,施用 CnmeGV·Bt 可显著提高土壤中可培养细菌、真菌、放线菌数量,其中木霉菌数量显著增多,对芽孢杆菌及具有溶磷、解钾功能菌无影响。CnmeGV·Bt 处理显著提高土壤微生物平均颜色代谢率(AWCD),土壤微生物代谢功能 Simpson 指数和 InvSimpson 指数显著高于化学杀虫剂,对 7 种糖类,2 种氨基酸类,6 种己糖酸类,7 种羧酸、酯和脂肪酸类的利用强度均有不同程度的提高。主成分分析显示了 CnmeGV·Bt 和化学杀虫剂处理土壤微生物群落碳源代谢多样性差异主要体现在对己糖酸类和糖类碳源的利用上。总之,长期施用 CnmeGV·Bt 对稻田微生物群落功能性具有显著的改善作用,为 Bt 类微生物农药的推广

应用提供重要的理论依据。

参考文献 References

- [1] 宋长青, 吴金水, 陆雅海, 等. 中国土壤微生物学研究 10 年回顾[J]. 地球科学进展, 2013, 28(10): 1087-1105
SONG C Q, WU J S, LU Y H, et al. Advances of soil microbiology in the last decade in China[J]. *Advances in Earth Science*, 2013, 28(10): 1087-1105
- [2] BÖRJESSON G, MENICETTI L, KIRCHMANN H, et al. Soil microbial community structure affected by 53 years of nitrogen fertilisation and different organic amendments[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2012, 48(3): 245-257
- [3] WAGG C, HAUTIER Y, PELLKOFER S, et al. Diversity and asynchrony in soil microbial communities stabilizes ecosystem functioning[J]. *eLife*, 2021, 10: e62813
- [4] TORSVIK V, ØVERÅS L. Microbial diversity and function in

- soil: from genes to ecosystems[J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2002, 5(3): 240–245
- [5] DINCÁ L C, GRENNI P, ONET C, et al. Fertilization and soil microbial community: A review[J]. *Applied Sciences*, 2022, 12(3): 1198
- [6] DELGADO-BAQUERIZO M, MAESTRE F T, REICH P B, et al. Microbial diversity drives multifunctionality in terrestrial ecosystems[J]. *Nature Communications*, 2016, 7: 10541
- [7] LOCEY K J, LENNON J T. Scaling laws predict global microbial diversity[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2016, 113(21): 5970–5975
- [8] 钟文辉, 蔡祖聪. 土壤管理措施及环境因素对土壤微生物多样性影响研究进展[J]. *生物多样性*, 2004, 12(4): 456–465
- ZHONG W H, CAI Z C. Effect of soil management practices and environmental factors on soil microbial diversity: A review[J]. *Chinese Biodiversity*, 2004, 12(4): 456–465
- [9] 闫冰, 齐月, 付刚, 等. 莠去津对野生植物群落下土壤微生物功能多样性的影响[J]. *环境科学研究*, 2017, 30(8): 1246–1254
- YAN B, QI Y, FU G, et al. Effects of atrazine on soil microbial functional diversity of wild weed communities[J]. *Research of Environmental Sciences*, 2017, 30(8): 1246–1254
- [10] 闫冰, 肖能文, 齐月, 等. 北京城市发展对土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. *环境科学研究*, 2016, 29(9): 1325–1335
- YAN B, XIAO N W, QI Y, et al. Effects of urban development on soil microbial functional diversity in Beijing[J]. *Research of Environmental Sciences*, 2016, 29(9): 1325–1335
- [11] 李琳, 向丹, 武亚芬, 等. 长期不同施肥方式对日光温室番茄土壤养分和微生物群落结构的影响[J]. *应用生态学报*, 2022, 33(2): 415–422
- LI L, XIANG D, WU Y F, et al. Effects of long-term different fertilization patterns on soil nutrients and microbial community structure of tomato in a solar greenhouse[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2022, 33(2): 415–422
- [12] 霍灿灿, 朱栗琼, 招礼军, 等. 三种罗汉松根际土壤微生物群落功能多样性[J]. *热带农业科学*, 2023, 43(2): 1–7
- HUO C C, ZHU L Q, ZHAO L J, et al. Functional diversity of rhizosphere soil microbial communities of three species of *Pinus koraiensis*[J]. *Chinese Journal of Tropical Agriculture*, 2023, 43(2): 1–7
- [13] 杨永华, 姚健, 华晓梅. 农药污染对土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. *微生物学杂志*, 2000, 20(2): 23–25, 47
- YANG Y H, YAO J, HUA X M. Effect of pesticide pollution against functional microbial diversity in soil[J]. *Journal of Microbiology*, 2000, 20(2): 23–25, 47
- [14] 于建奎, 宋国春, 万鲁长, 等. 乙草胺对土壤微生物的影响研究[J]. *环境污染治理技术与设备*, 2000(5): 61–65
- YU J L, SONG G C, WAN L C, et al. Study on the effects of acetochlor on soil microbe[J]. *Techniques and Equipment for Environmental Pollution Control*, 2000(5): 61–65
- [15] 陈哲, 黄静, 赵佳, 等. 杀菌剂和肥料对连作草莓根际土壤微生物多样性的影响[J]. *山西农业科学*, 2019, 47(8): 1380–1385, 1433
- CHEN Z, HUANG J, ZHAO J, et al. Effects of fenaminosulf and fertilizer on strawberry rhizosphere soil microbial diversity under replant conditions[J]. *Journal of Shanxi Agricultural Sciences*, 2019, 47(8): 1380–1385, 1433
- [16] 万海英, 李林, 覃章辉, 等. 杀菌剂及生防菌对白菜根肿病和土壤微生物的影响[J]. *北方园艺*, 2023(3): 8–15
- WAN H Y, LI L, QIN Z H, et al. Effects of fungicides and biocontrol bacteria on Chinese cabbage clubroot and soil microorganisms[J]. *Northern Horticulture*, 2023(3): 8–15
- [17] CASIDA J E, DURKIN K A. Pesticide chemical research in toxicology: lessons from nature[J]. *Chemical Research in Toxicology*, 2017, 30(1): 94–104
- [18] TUDI M, RUAN H D, WANG L, et al. Agriculture development, pesticide application and its impact on the environment[J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2021, 18(3): 1112
- [19] 赵炎. 新烟碱型农药对土壤微生物和跳虫的影响[D]. 杭州: 浙江大学, 2018
- ZHAO Y. Effects of neonicotinoids on soil microorganisms and collembola[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2018
- [20] ZHANG H P, ZHANG Z H, SONG J J, et al. Reduced bacterial network complexity in agricultural soils after application of the neonicotinoid insecticide thiamethoxam[J]. *Environmental Pollution*, 2021, 274: 116540
- [21] ONWONA-KWAKYE M, PLANTS-PARIS K, KEITA K, et al. Pesticides decrease bacterial diversity and abundance of irrigated rice fields[J]. *Microorganisms*, 2020, 8(3): 318
- [22] 石磊. 生物药剂随水滴施对棉花黄萎病及土壤微生态的影响[D]. 石河子: 石河子大学, 2017
- SHI L. Effects of biological agent chamigation on cotton verticillium wilt and soil microecology under drip irrigation conditions[D]. Shihezi: Shihezi University, 2017
- [23] 王柯, 王艳芳, 陈学森, 等. 苦参碱对老龄苹果园土盆栽平邑甜茶和土壤微生物的影响[J]. *园艺学报*, 2019, 46(7): 1379–1387
- WANG K, WANG Y F, CHEN X S, et al. Effects of matrine on old apple orchard soil potted *Malus hupehensis* and soil microorganisms[J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2019, 46(7): 1379–1387
- [24] 田莹, 孙伟娜, 林志伟, 等. 白僵菌几丁质培养液对小白菜抗逆酶及土壤微生物的影响[J]. *黑龙江农业科学*, 2018(1): 63–65
- TIAN Y, SUN W N, LIN Z W, et al. Effects of the chitin medium with *Beauveria bassiana* on anti reverse enzyme of Chinese cabbage and soil microorganism[J]. *Heilongjiang Agricultural Sciences*, 2018(1): 63–65
- [25] FANG M, KREMER R J, MOTAVALLI P P, et al. Bacterial diversity in rhizospheres of nontransgenic and transgenic corn[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, 71(7): 4132–4136
- [26] 王甜甜, 闫冰, 陈彦君, 等. 不同生育期转基因抗虫棉根际土壤细菌群落特征[J]. *环境科学研究*, 2021, 34(7): 1728–1736
- WANG T T, YAN B, CHEN Y J, et al. Characteristics of bacterial community of rhizosphere soil of transgenic insect-resistant cotton at different growth stages[J]. *Research of Environmental Sciences*, 2021, 34(7): 1728–1736
- [27] 陈梦扬, 魏健, 葛高波, 等. 喷施 Bt 杀虫剂对土壤微生物生物

- 量和多样性的影响[J]. *浙江农林大学学报*, 2013, 30(5): 662–668
- CHEN M Y, WEI J, GE G B, et al. Soil microbial biomass and biotic diversity with Bt insecticide[J]. *Journal of Zhejiang A & F University*, 2013, 30(5): 662–668
- [28] WANG J J, ZHANG X M, LIU H W. Impact of Bt applications on soil microbial communities[J]. *Molecular Soil Biology*, 2024, 15(4): 183–192
- [29] 刘琴, 徐健, 王艳, 等. CmGV 与 Bt 对稻纵卷叶螟幼虫的协同作用研究[J]. *扬州大学学报(农业与生命科学版)*, 2013, 34(4): 89–93
- LIU Q, XU J, WANG Y, et al. Synergism of CmGV and *Bacillus thuringiensis* against larvae of *Cnaphalocrocis medinalis* Guénée[J]. *Journal of Yangzhou University (Agricultural and Life Science Edition)*, 2013, 34(4): 89–93
- [30] 韩美哲, 王小显, 刘常宏, 等. 苏云金芽孢杆菌菌剂对棉花根际土壤细菌数量及多样性的影响[J]. *中国生态农业学报*, 2013, 21(10): 1277–1283
- HAN M Z, WANG X X, LIU C H, et al. Effects of *Bacillus thuringiensis* agent on bacterial population and diversity in cotton rhizosphere soil[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2013, 21(10): 1277–1283
- [31] 吴则焰, 林文雄, 陈志芳, 等. 中亚热带森林土壤微生物群落多样性随海拔梯度的变化[J]. *植物生态学报*, 2013, 37(5): 397–406
- WU Z Y, LIN W X, CHEN Z F, et al. Variations of soil microbial community diversity along an elevational gradient in mid-subtropical forest[J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2013, 37(5): 397–406
- [32] ŞAHİN F, ÇAKMAKÇI R, KANTAR F. Sugar beet and barley yields in relation to inoculation with N_2 -fixing and phosphate solubilizing bacteria[J]. *Plant and Soil*, 2004, 265(1): 123–129
- [33] RYU C M, HU C H, LOCY R D, et al. Study of mechanisms for plant growth promotion elicited by rhizobacteria in *Arabidopsis thaliana*[J]. *Plant and Soil*, 2005, 268(1): 285–292
- [34] 徐新涛, 任歌, 刘延, 等. 环境异质性影响土壤微生物群落的研究进展[J]. *生态科学*, 2023, 42(5): 247–256
- XU X T, REN G, LIU Y, et al. Advances in the effects of environmental heterogeneity on soil microbial communities[J]. *Ecological Science*, 2023, 42(5): 247–256
- [35] 郑祥洲, 丁洪, 雷俊杰, 等. 杀虫剂对土壤温室气体排放的影响[J]. *生态环境学报*, 2014, 23(2): 267–270
- ZHENG X Z, DING H, LEI J J, et al. Effects of insecticides on greenhouse gas emission in soil[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2014, 23(2): 267–270
- [36] 夏芊蔚, 陈浩, 姚宇阔, 等. “优标”水稻体系对稻田土壤环境的影响[J]. *中国农业科学*, 2022, 55(17): 3343–3354
- XIA Q W, CHEN H, YAO Y T, et al. Effects of ‘good quality standard’ rice system on soil environment of paddy field[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2022, 55(17): 3343–3354
- [37] 冯书亮, 王容燕, 曹伟平, 等. 苏云金杆菌与其他芽孢杆菌在土壤中消长动态的关系[J]. *农业环境科学学报*, 2005, 24(5): 877–880
- FENG S L, WANG R Y, CAO W P, et al. Dynamics of *Bacillus thuringiensis* and other *Bacillus* in soil[J]. *Journal of Agro-Environmental Science*, 2005, 24(5): 877–880
- [38] ZHANG B G, BAI Z H, HOEFEL D, et al. Assessing the impact of the biological control agent *Bacillus thuringiensis* on the indigenous microbial community within the pepper plant phyllosphere[J]. *FEMS Microbiology Letters*, 2008, 284(1): 102–108
- [39] 李慧, 李雪梦, 姚庆智, 等. 基于 Biolog-ECO 方法的两种不同草原中 5 种不同植物根际土壤微生物群落特征[J]. *微生物学报*, 2020, 47(9): 2947–2958
- LI H, LI X M, YAO Q Z, et al. Biolog-ECO analysis of rhizosphere soil microbial community characteristics of five different plants in two different grasslands[J]. *Microbiology China*, 2020, 47(9): 2947–2958
- [40] 陈瑞蕊, 俞冰倩, 张建伟, 等. 基于 BIOLOG 的微生物群落代谢[M/OL]//刘永金, 褚海燕, 白洋. 微生物组实验手册. 2021 (2021-11-09): e2003577. <https://cn.bio-protocol.org/bio101/mpb>
- CHEN R R, YU B Q, ZHANG J W, et al. Analysis of microbial community carbon metabolism function based on BIOLOG [M/OL]//LIU Y J, CHU H Y, BAI Y. Microbiome Protocols eBook. 2021(2021-11-09): e2003577. <https://cn.bio-protocol.org/bio101/mpb>
- [41] JOVEL J, PATTERSON J, WANG W W, et al. Characterization of the gut microbiome using 16S or shotgun metagenomics[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, 7: 459
- [42] SHAH N, TANG H X, DOAK T G, et al. Comparing bacterial communities inferred from 16S rRNA gene sequencing and shotgun metagenomics[J]. *Pacific Symposium on Biocomputing*, 2011: 165–176
- [43] GARLAND J L, MILLS A L. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community-level sole-carbon-source utilization[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1991, 57(8): 2351–2359
- [44] 张红, 吕永龙, 辛晓云, 等. 杀虫剂类 POPs 对土壤中微生物群落多样性的影响[J]. *生态学报*, 2005, 25(4): 937–942
- ZHANG H, LYU Y L, XIN X Y, et al. Effects of organochlorine pesticides on soil microbial community functional diversity[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2005, 25(4): 937–942
- [45] 吴红萍, 刘季, 刘磊, 等. 海南鹦哥岭不同海拔热带山地雨林土壤微生物群落多样性差异[J]. *微生物前沿*, 2023, 12(4): 130–146
- WU H P, LIU J, LIU L, et al. Soil microbial community diversity under different altitudes in the tropical mountain rainforests of Yinggeling National Nature Reserve in Hainan Island[J]. *Advances in Microbiology*, 2023, 12(4): 130–146
- [46] BELOUSOVA M E, MALOVICHKO Y V, SHIKOV A E, et al. Dissecting the environmental consequences of *Bacillus thuringiensis* application for natural ecosystems[J]. *Toxins*, 2021, 13(5): 355