



噪音环境对黄土边坡微生物群落的影响

李明凯, 赵丽萍, 李学珍, 杭鑫余, 田丽娇, 陈莉*

西北民族大学 生命科学与工程学院, 甘肃 兰州 730106

李明凯, 赵丽萍, 李学珍, 杭鑫余, 田丽娇, 陈莉. 噪音环境对黄土边坡微生物群落的影响[J]. 微生物学报, 2024, 64(11): 4219-4233.

LI Mingkai, ZHAO Liping, LI Xuezheng, HANG Xinyu, TIAN Lijiao, CHEN Li. Noise affects microbial communities on loess slopes[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2024, 64(11): 4219-4233.

摘要: 【目的】探讨不同噪音下黄土边坡土壤微生物在温度和时间影响下的变化。【方法】通过测定土壤磷酸盐含量变化, 确定噪音分贝在 70、90、110 dB, 温度在-5、15、35 °C, 噪音时间在 2、4、6 h 的条件下, 土壤微生物群落的变化。随后对土壤微生物进行宏基因组学测序。【结果】门水平上, 放线菌门(*Actinobacteria*)、毛霉菌门(*Mucoromycota*)、热变形菌门(*Thermoproteota*)和黏球菌门(*Myxococcota*)组间存在显著差异($P<0.05$)。属水平上, 节杆菌属(*Arthrobacter*)、根孢囊霉属(*Rhizopogon*)、假节杆菌属(*Pseudarthrobacter*)、马杜拉放线菌属(*Actinomyces*)、考克氏菌属(*Kocuria*)、红色杆形菌属(*Rubrobacter*)和棒杆菌属(*Corynebacterium*)组间存在显著差异($P<0.05$)。种水平上, *Rhizopogon irregularis*、*Actinomyces* sp. WMMB 499、热带红色杆形菌(*Rubrobacter tropicus*)、*Arthrobacter* sp. PGP41、*Arthrobacter* sp. 24S4 2 和 *Arthrobacter crystallopoietes* 组间存在显著差异($P<0.05$)。【结论】不同噪音环境对门、属、种分类水平下的土壤微生物均具有显著影响。

关键词: 黄土边坡; 土壤微生物; 噪音; 温度; 宏基因组

资助项目: 甘肃省重点研发计划(22YF7FA172)

This work was supported by the Key Research and Development Program of Gansu Province (22YF7FA172).

*Corresponding author. E-mail: CZ2019@xbmu.edu.cn

Received: 2024-04-27; Accepted: 2024-08-08; Published online: 2024-08-09

Noise affects microbial communities on loess slopes

LI Mingkai, ZHAO Liping, LI Xuezheng, HANG Xinyu, TIAN Lijiao, CHEN Li*

Life Science and Engineering College, Northwest Minzu University, Lanzhou 730106, Gansu, China

Abstract: [Objective] To investigate the changes of microbial communities on loess slopes with different noise conditions under the influences of temperature and time. [Methods] Based on the changes in soil phosphate content, the noise was determined at 70, 90, and 110 dB. The microbial communities presented variations along the temperature gradients of -5 , 15 , and 35 °C and the noise duration of 2, 4, and 6 h. Subsequently, metagenomic sequencing was carried out for the soil microbial communities. [Results] At the phylum level, *Actinobacteria*, *Mucoromycota*, *Thermoproteota*, and *Myxococcota* showed differences in the relative abundance among groups ($P < 0.05$). At the genus level, *Arthrobacter*, *Rhizophagus*, *Pseudarthrobacter*, *Actinomadura*, *Kocuria*, *Rubrobacter*, and *Corynebacterium* demonstrated different relative abundance among groups ($P < 0.05$). At the species level, there were significant differences in the relative abundance of *Rhizophagus irregularis*, *Actinomadura* sp. WMMB 499, *Rubrobacter tropicus*, *Arthrobacter* sp. PGP41, *Arthrobacter* sp. 24S4 2, and *Arthrobacter crystallopoietes* among groups ($P < 0.05$). [Conclusion] Different noise environments have significant effects on the relative abundance of soil microorganisms at the phylum, genus, and species levels.

Keywords: loess slopes; soil microorganisms; noise; temperature; metagenome

黄土边坡(loess slopes)是由黄土或沙土等非岩性土壤构成的坡体,具有岩石条件差、土质松散、蓄水量低、含盐量高和有机质含量低的特点,这导致了黄土边坡脆弱的生态环境^[1-2]。土壤微生物是黄土边坡生态系统的重要组成部分,在物质转换、能量流动以及稳定生态系统等方面发挥着重要作用^[3]。相比于林地和草地边坡,黄土边坡土壤微生物群落更为脆弱,易受外界环境的影响^[4-5]。黄土边坡多分布于干旱或半干旱地区,这些地区的极端温度和低降雨量,使黄土边坡土壤微生物群落的多样性和稳定性显著降低^[6]。黄土边坡的非岩性土壤易发生土壤侵蚀,土壤中的有机质和养分流失进一步减少了土壤微生物生物量和群落数量^[7]。当前对黄土边坡土壤微生物影响的研究主要集中

于土壤水分^[8]、放牧方式^[9]、耕作模式^[10]和灌溉策略^[11]等方面,而噪音及噪音环境等对土壤微生物影响的研究相对较少。

噪音环境中的噪音分贝和作用时间是影响微生物群落丰富度的主要因素,不同噪音分贝和作用时间对不同生境微生物影响各异。如高跃等^[12]研究表明,杂交鲟在受到 48 h 和 145 dB 的噪音刺激后,体内鼠杆状菌科(*Muribaculaceae*)的相对丰度降低;断奶仔猪在受到 3 d 和 85 dB 的噪音刺激后,肠道内链球菌属(*Streptococcus*)和罗斯拜瑞氏菌属(*Roseburia*)的相对丰度增加^[13];犊牛在受到 28 d、每天 4 h、65 dB 的噪音刺激后,粪便中厚壁菌门(*Firmicutes*)和放线菌门(*Actinomycetota*)的相对丰度减少^[14]。相同噪音分贝和不同作用时间对微生物的影响也不同,

如 Zhang 等^[15]研究表明,小鼠在受到 3 h、100 dB 的噪声刺激后,粪便中厚壁菌门(*Firmicutes*)的相对丰度增加,而拟杆菌门(*Bacteroidetes*)的相对丰度减少;Cui 等^[16]研究表明,小鼠在受到 24 h、100 dB 的噪音刺激后,盲肠中变形菌门(*Pseudomonadota*)和放线菌门(*Actinomycetota*)的相对丰度显著减少;陶俊先^[17]研究表明,小鼠在受到 7 d、100 dB 噪音刺激后,粪便中的普雷沃氏菌属(*Prevotella*)的相对丰度增多,而乳酸菌属(*Lactobacillus*)的相对丰度减少。噪音通过促进或抑制某些微生物的生长,使微生物群落发生改变^[15]。上述研究主要是噪音对动物肠道或粪便中微生物的影响,而噪音对土壤微生物的影响尚未见报道。

温度变化是微生物生长和代谢的决定性因素,也是土壤环境变化的主要驱动力^[18-19]。不同微生物对温度敏感性不同,导致温度变化对某些微生物的生存能力产生影响,使土壤微生物群落结构和功能发生改变^[20]。土壤温度上升提高了微生物的代谢速率和土壤酶活性,促进有机质分解,增加土壤微生物的生长和繁殖速率^[21]。温度升高也可能导致自养微生物的数量超过异养微生物,增加有效碳的竞争,使微生物生物量下降^[22]。另一方面,土壤温度下降会减慢微生物的代谢速率和生长速度。许多微生物在低温条件下进入休眠状态,代谢活动减弱,影响其活性^[23-24]。研究表明,低温环境有利于细菌生长不利于真菌生长,主要原因是低温降低了真菌细胞膜的流动性和酶活性,限制其在寒冷环境中的生长,降低真菌群落多样性和丰富度^[25]。温度升高或降低不仅能直接影响微生物的丰富度和群落结构,还能通过微生物间的相互关系间接影响土壤生态系统。然而关于噪音环境下温度变化对黄土边坡微生物群落的影响,尚未见报道。

1 材料与方法

1.1 样品采集区

采样点位于甘肃省榆中县夏官营镇西北民族大学附近的 101 省道旁,距离道路约 1 km 处自然未开垦沟壑边坡,其地理坐标为 104.17°E, 35.94°N。噪音水平为 25–35 dB,海拔高度约为 1 700 m,降水主要集中在 7–9 月,年平均降水量为 351 mm,年平均气温为 9.1 °C,该地区的土壤类型为黄土,土壤表层(0–20 cm)平均容重为 1.33 g/cm³,土壤持水量为 22.9%,pH 值为 8.3^[26]。经实地调查发现,主要植被类型为碱蓬草、冷蒿、甘青针茅、茵陈蒿、丝路蓟等。

1.2 样品采集

资料显示,土壤微生物主要活动在土壤表层(0–20 cm)处。为了采集受到较少干扰的微生物样本,利用五点取样法取每点样地的(10–20 cm)处土壤,并充分混匀。将土壤样品带回实验室,过 20 目筛除去土壤中的植物残留组织。将处理后的样品分成 3 份,一份置于–80 °C 冰箱留存备用;一份按照正交试验设计分成 10 组进行噪音处理,并进行宏基因组学测序(深圳微科盟科技有限公司,原始数据保藏号: SAMN41884200, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/biosample/41884200>);一份进行土壤理化及相关性测定。

1.3 土壤相关理化性质的测定

采用总磷酸盐检测试剂盒(北京索莱宝科技有限公司)测定土壤样品总磷酸盐含量。采用恒重法测定土壤水分;采用电位法(水土比为 2.5:1)测定土壤 pH;采用便携式温度计测定土壤温度。经测定土壤水分分为 23.3%;pH 值为 8.2;土壤温度为 23.3 °C。

1.4 噪音环境的正交试验设计

根据世界卫生组织(World Health Organization, WHO)的标准,噪音是指超过 55 dB 不规则的声

波信号。因此本研究设置了 60、70、80、90、110、120 dB 的噪音水平处理土壤样品, 试验装置如图 1 所示。将土壤样品置于 23 °C 的试验装置中处理 4 h 后, 测定土壤磷酸盐的含量变化, 取磷酸盐含量变化显著的噪音分贝。固定噪音分贝和温度不变, 改变噪音时间为 0、1、2、3、4、5、6、7、8 h, 测定土壤磷酸盐含量变化, 选取磷酸盐含量变化显著的时间范围。固定噪音分贝和噪音时间, 改变温度为 -10、-5、5、15、25、35、40 °C, 测定土壤磷酸盐含量变化, 取磷酸盐含量变化显著的温度梯度。根据 3 个因素的最佳试验水平, 进行正交试验设计。

1.5 土壤样本的宏基因组学测序

采用十六烷基三甲基溴化铵法(hexadecyltrimethyl ammonium bromide, CTAB)提取土壤样本基因组 DNA。利用 Agilent 5400 (Agilent Technologies 公司)检测 DNA 浓度、完整性以及纯度。使用 NEBNext® Ultra™ II DNA Library Prep Kit for Illumina (New England Biolabs 公司)构建 DNA 文库。DNA 样品检测合格后, 使用超声波破碎仪将样品碎片化至 350 bp 大小, 再经末端修复、加 A 尾、加测序接头、片段筛选、

PCR 扩增和纯化步骤完成整个文库制备工作。然后进一步 PCR 扩增, PCR 产物通过 AMPure XP (Beverly 公司)进行纯化, 再用 Agilent 5400 (Agilent Technologies 公司)评估文库质量, 最后通过 qPCR 对文库浓度进行定量。根据有效文库浓度及目标数据量, 将符合条件的文库在 Illumina NovaSeq 6000 平台采用 PE150 策略进行测序。

1.6 土壤样本的物种注释及分类水平分析

测序完成后, 运用 Diamond 软件将非冗余蛋白比对到 NCBI NR 蛋白数据库, 比对结果再用 BASTA 软件分析得到非冗余蛋白的物种注释信息。同时使用 Kraken2 和深圳微科盟生物技术有限公司微生物核酸数据库(筛选 RefSeq 全基因组数据库中属于细菌、真菌、古菌、病毒序列)比对计算样本中所含有物种的序列数, 再用 Bracken 软件对样本中门、属、种等分类水平微生物的实际丰度进行统计。

1.7 数据处理及显著性差异分析

使用 Excel 2019, $L_9 3^3$ 正交表进行正交试验设计并作图; 采用微科盟生科云在线网站(<https://www.bioincloud.tech>)进行显著性差异分析。

2 结果与分析

2.1 不同噪音分贝、时间和温度处理下土壤微生物群落的变化

在微生物学研究中, 当处理样品的其他条件保持不变时, 磷酸盐含量变化能够反映微生物的活动状态, 通过监测磷酸盐含量的变化可以推测微生物群落的变化^[27-28]。如图 2 所示, 经噪音处理后, 同一土壤样品磷酸盐含量发生变化, 表明该土壤中的微生物群落发生改变。固定温度为 23 °C、噪音时间为 4 h, 设置不同噪音分贝处理土壤样品, 测定磷酸盐含量。如图 2A

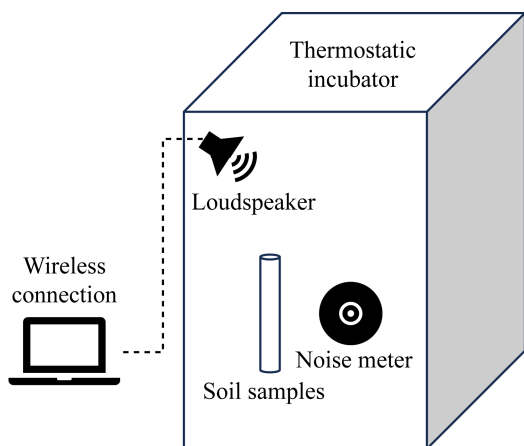


图 1 噪音处理装置示意图

Figure 1 Schematic diagram of noise treatment device.

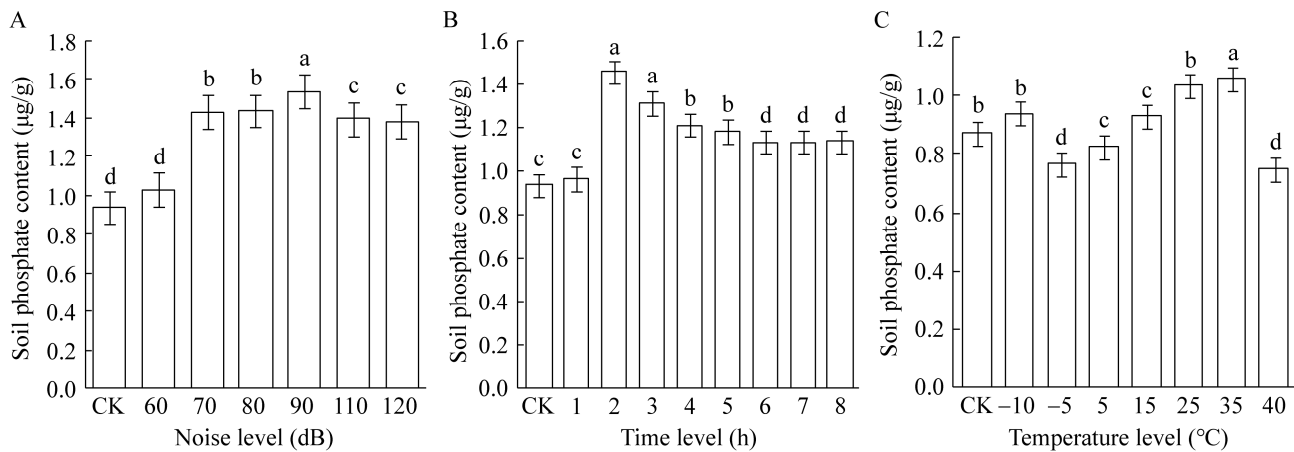


图 2 不同噪音分贝、温度和噪音时间下土壤磷酸盐的含量变化 A: 23 °C, 不同噪音分贝处理 4 h 土壤总磷酸盐含量变化. B: 90 dB、23 °C 不同噪音时间土壤总磷酸盐含量变化. C: 90 dB 处理时间 4 h, 不同温度土壤总磷酸盐含量变化, 无相同小写字母表示组间差异显著($P < 0.05$)

Figure 2 Changes of soil phosphate content under different noise, temperature and noise time. A: Changes of soil total phosphate content under different noise for 4 h at 23 °C. B: Changes of soil total phosphate content under different time at 90 dB and 23 °C. C: Changes of soil total phosphate content under different temperatures at 4 h at 90 dB treatment time. The absence of the same lowercase letter indicates significant differences among groups ($P < 0.05$).

所示, 不同噪音分贝处理下磷酸盐的含量均有变化, 以 70、90 和 110 dB 下磷酸盐含量与对照组差异最为显著。固定噪音分贝为 90 dB 温度为 23 °C, 对同一样品进行不同时间噪音处理, 测定磷酸盐含量。如图 2B 所示, 磷酸盐含量呈现出抛物线型的变化趋势, 噪音时间为 2、4 和 6 h 下磷酸盐含量与对照组差异显著。最后, 固定噪音分贝为 90 dB 噪音时间为 4 h, 对同一样品进行不同温度处理, 测定磷酸盐含量。如图 2C 所示, 温度在 -5、15 和 35 °C 下磷酸盐含量与对照组差异显著。

根据磷酸盐含量变化, 选取了 3 个噪音分贝水平(70、90 和 110 dB); 3 个噪音时间水平(2、4 和 6 h); 3 个温度水平(-5、15 和 35 °C), 进行正交试验设计, 如表 1 所示。

2.2 噪音环境下黄土边坡土壤微生物统计

如图 3 所示, 噪音处理后, 黄土边坡土壤微

表 1 噪音分贝、温度和噪音时间在 3 水平下的正交试验设计

Table 1 An orthogonal experimental design was employed to investigate the effects of noise, temperature and noise time at three levels

Groups	Noise level (dB)	Time level (h)	Temperature level (°C)
CK	0	0	23
A	70	2	-5
F	70	6	15
H	70	4	35
B	90	4	-5
D	90	2	15
I	90	6	35
C	110	6	-5
E	110	4	15
G	110	2	35

生物中细菌(Bacteria)占 97% (32 635 508 个)、古菌(Archaea)占 2% (781 182 个)、真菌(Fungi)占 1% (267 932 个)和其余 DNA 病毒占不足 0.01%。

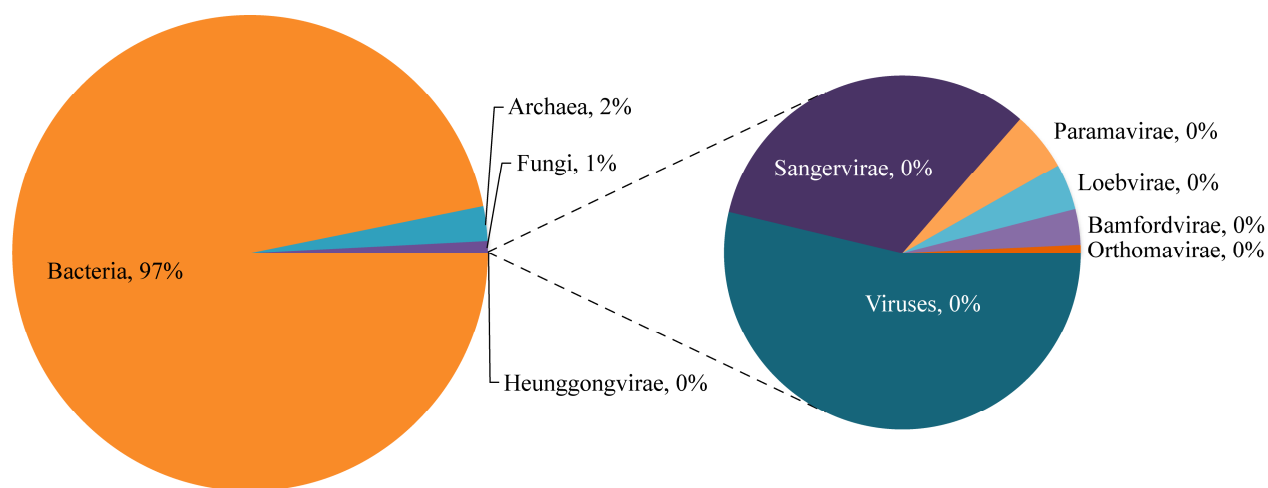


图3 西北民族大学榆中校区黄土边坡物种占比 图中数值 0%表示物种整体占比不足 0.01%

Figure 3 Percentage of loess slope on the Yuzhong Campus of Northwest Minzu University. In the figure, 0% indicates that the overall proportion of the species is less than 0.01%.

2.3 不同噪音环境对黄土边坡微生物群落的影响

2.3.1 不同噪音环境对门水平黄土边坡微生物群落的影响

如图4所示,经A-I组的正交试验设计后,针对门分类水平上数量大于1%的微生物群落组成情况展开分析。结果表明,放线菌门(*Actinobacteria*)、假单胞菌门(*Pseudomonadota*)、热变形菌门(*Thermoproteota*)、芽孢杆菌门(*Bacillota*)和酸杆菌门(*Acidobacteriota*)等11门是土壤中主要微生物类群,约占土壤中所有微生物的70%–80%。从整体上看,不同噪音环境处理下各组土壤微生物群落的优势类群虽然未发生变化,但其相对丰度差异很大。从CK组到I组,放线菌门(*Actinobacteria*)变化范围为47.79%–43.39%;假单胞菌门(*Pseudomonadota*)为22.59%–16.89%;热变形菌门(*Thermoproteota*)为2.07%–1.47%;芽孢杆菌门(*Bacillota*)为1.44%–1.17%;酸杆菌门(*Acidobacteriota*)为0.77%–0.38%;毛霉菌门(*Mucoromycota*)为0.77%–0.38%;浮霉状菌门(*Planctomycetota*)为

0.41%–0.34%;亚硝化球菌门(*Nitrososphaerota*)为0.24%–0.19%;黏球菌门(*Myxococcota*)为0.31%–0.18%;子囊菌门(*Ascomycota*)为0.29%–0.11%;疣微菌门(*Verrucomicrobiota*)为0.15%–0.11%。

如图5所示,对上述11门菌群数量进行显著性差异分析,仅有放线菌门(*Actinobacteria*)、热变形菌门(*Thermoproteota*)、毛霉菌门(*Mucoromycota*)和黏球菌门(*Myxococcota*)菌群数量组间存在显著性差异。具体来说,放线菌门F组(45.37%; 70 dB、15 °C、6 h)显著高于C组(44.0%; 110 dB、–5 °C、6 h),表明放线菌门受温度和噪音的影响较为显著,当温度超过15 °C和噪音超过90 dB后,放线菌门的数量会显著增多;热变形菌门F组(2.07%; 70 dB、15 °C、6 h)显著高于A组(1.47%; 70 dB、–5 °C、2 h),表明热变形菌门受温度影响最为显著,当温度高于15 °C时菌群数量显著增加,而当温度为35 °C时则显著下降;毛霉菌门C组(0.73%; 110 dB、–5 °C、6 h)显著高于I组(0.38%; 90 dB、35 °C、6 h),表明毛霉菌门受温度和噪音分贝

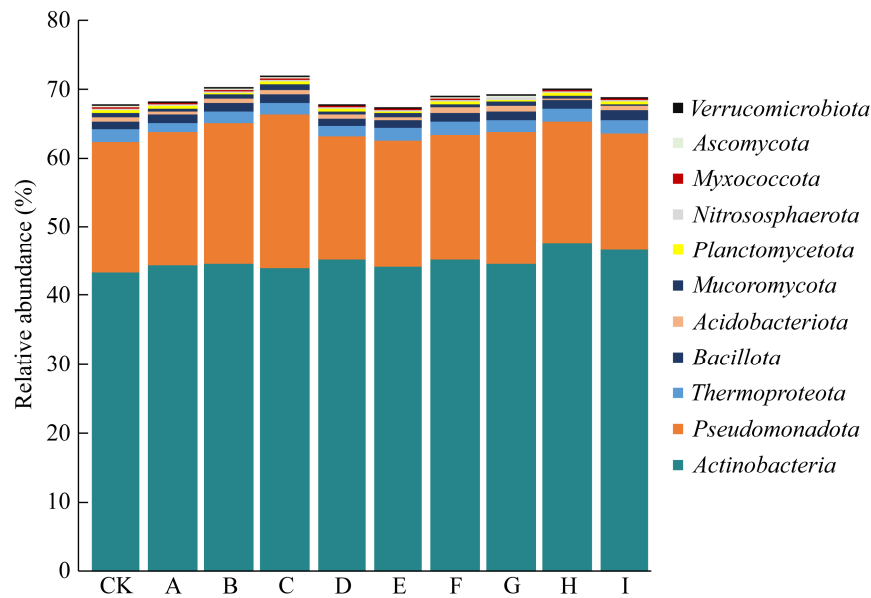


图 4 正交试验设计下土壤微生物门水平分布图 CK: 无噪音、23 °C; A: 70 dB、-5 °C、2 h; B: 90 dB、-5 °C、4 h; C: 110 dB、-5 °C、6 h; D: 90 dB、15 °C、2 h; E: 110 dB、15 °C、4 h; F: 70 dB、15 °C、6 h; G: 110 dB、35 °C、2 h; H: 70 dB、35 °C、4 h; I: 90 dB、35 °C、6 h

Figure 4 Distribution of soil microbial phylum levels under the orthogonal experimental design. CK: No noise, 23 °C; A: 70 dB, -5 °C, 2 h; B: 90 dB, -5 °C, 4 h; C: 110 dB, -5 °C, 6 h; D: 90 dB, 15 °C, 2 h; E: 110 dB, 15 °C, 4 h; F: 70 dB, 15 °C, 6 h; G: 110 dB, 35 °C, 2 h; H: 70 dB, 35 °C, 4 h; I: 90 dB, 35 °C, 6 h.

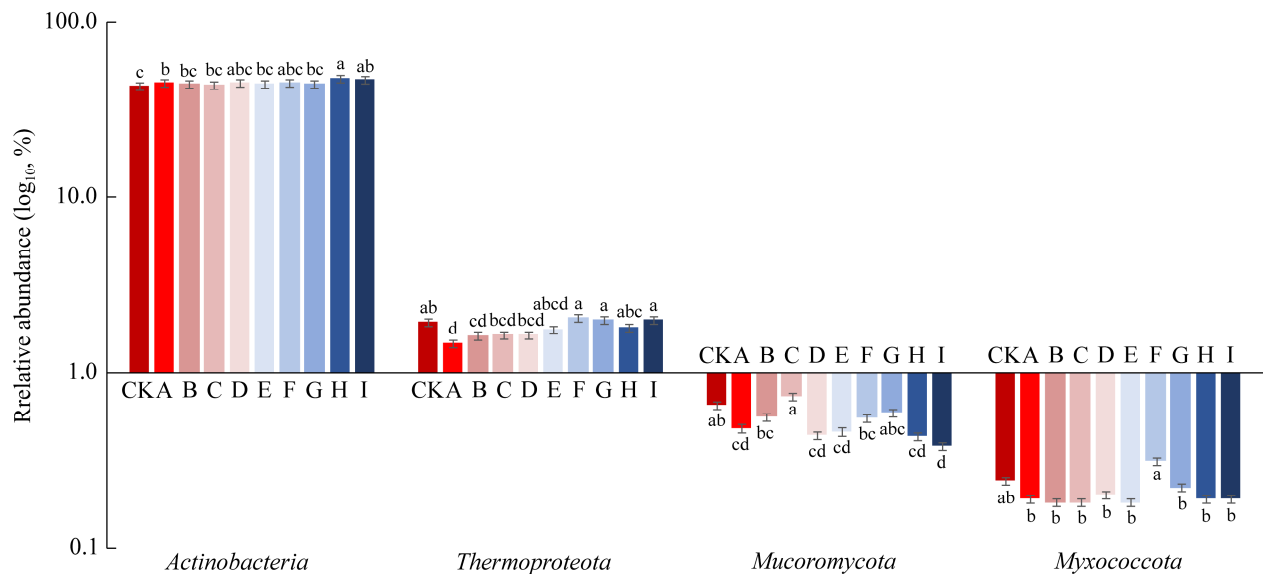


图 5 门水平上受噪音分贝、温度和噪音时间影响显著的微生物 不同小写字母表示组间差异显著 ($P<0.05$). 下同

Figure 5 Microorganisms significantly affected by noise, temperature and noise time at the phylum level. Different lowercase letters indicate significant differences among groups ($P<0.05$). The same as below.

的影响较为显著,随着温度的上升和噪音分贝的下降,毛霉菌门的数量显著下降,当噪音分贝达到 70 dB 时毛霉菌门的数量达到最低;黏球菌门 F 组(0.31%; 70 dB、15 °C、6 h)显著高于 E 组(0.18%; 110 dB、15 °C、4 h),黏球菌门与毛霉菌门相似都与噪音分贝有关,但黏球菌门数量随着噪音分贝的下降而增加,对噪音时间敏感程度较低,噪音分贝越大菌群数量越低,在 70 dB 时黏球菌门的数量达到最大值。

2.3.2 不同噪音环境对属水平黄土边坡微生物群落的影响

如图 6 所示,基于上述在不同噪音环境下微生物门分类水平的分析,对属分类水平微生物进行分析。以上 4 门在属分类水平上共检测到 226 属。其中,放线菌门数量最多有 185 属,占整体 81.9%;其次是黏球菌门 22 属,占 9.7%;毛霉菌门 17 属,占 7.5%;热变形菌门 2 属,占整体不足 1.0%。

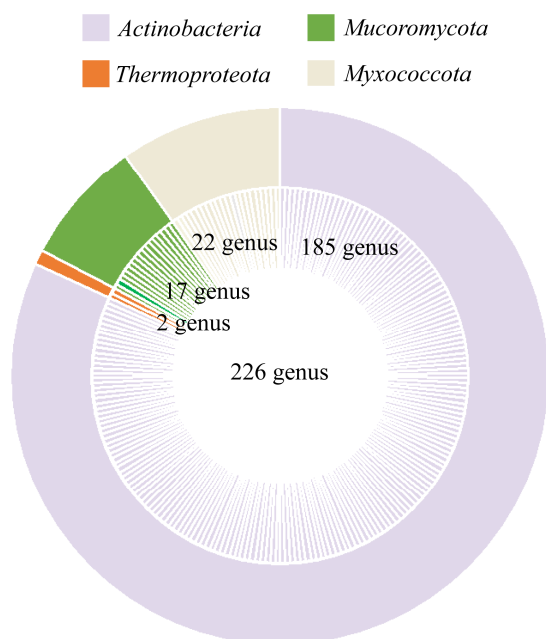


图 6 226 属在门水平分布圆环图

Figure 6 Circle diagram of the distribution of 226 genera at the phylum level.

如图 7 所示,通过对 4 门的属水平分析,存在显著性差异的菌属主要是放线菌门 6 属,毛霉菌门 1 属。具体来说,节杆菌属(*Arthrobacter*) H 组(1.32%; 70 dB、35 °C、4 h)显著高于 F 组(1.15%; 70 dB、15 °C、6 h),表明节杆菌属受温度影响最为显著,当温度降低时节杆菌群数量会显著减少,说明节杆菌属有一定的耐热性;根孢囊霉属(*Rhizophagus*) C 组(0.69%; 110 dB、-5 °C、6 h)显著高于 F 组(0.52%; 70 dB、15 °C、6 h),表明根孢囊霉属受噪音分贝和温度的影响最为显著,根孢囊霉属在噪音分贝为 110 dB 时数量最高并且随着噪音分贝的上升有增加的趋势。在相同噪音分贝下,根孢囊霉属在-5 °C 时数量最高,说明其具有一定耐寒性;假节杆菌属(*Pseudarthrobacter*) I 组(0.32%; 90 dB、35 °C、6 h)显著高于 B 组(0.19%; 90 dB、-5 °C、4 h),表明假节杆菌属受温度和噪音时间的影响较大,其数量随着温度的上升和噪音时间的延长而增加,在温度为 35 °C 时和噪音时间为 6 h 数量最高;马杜拉放线菌属(*Actinomadura*) B 组(0.35%; 90 dB、-5 °C、4 h)显著高于 E 组(0.16%; 110 dB、15 °C、4 h),表明马杜拉放线菌属受噪音分贝和温度的影响较大,随着噪音分贝和温度的上升有下降的趋势,在 90 dB 达到最大值。温度与噪音分贝对马杜拉放线菌属的影响相近,在相同噪音分贝下 15 °C 时数量最高;考克氏菌属(*Kocuria*) F 组(0.05%; 70 dB、15 °C、6 h)显著高于 B 组(0.03%; 90 dB、-5 °C、4 h),表明考克氏菌属受噪音分贝和温度影响较大,随着噪音分贝的下降而增加,噪音分贝在 70 dB 数量最高。温度对考克氏菌属的影响与噪音分贝相反,随着温度上升有增加的趋势在 15 °C 时最高;红色杆形菌属(*Rubrobacter*) F 组(0.05%; 70 dB、15 °C、6 h)显著高于 A 组(0.04%; 70 dB、

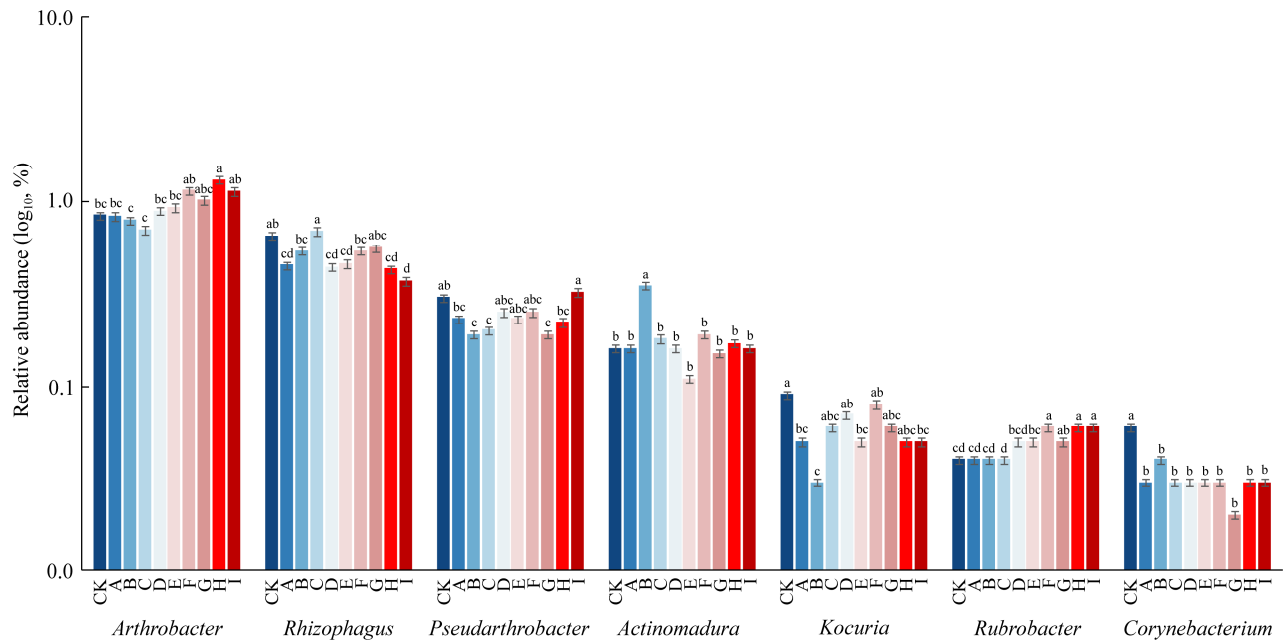


图 7 属水平上受噪音分贝、温度和噪音时间影响显著的微生物(%)

Figure 7 Microorganisms significantly affected by noise, temperature and noise time at the genus level (%).

−5 °C、2 h), 表明其数量受温度和噪音时间的影响较大, 随着温度下降而减少, 在 35 °C 时红色杆菌属的数量最高, 并且随着噪音时间的延长数量也增加; 棒杆菌属(*Corynebacterium*) 对照组(0.06%; 无噪音, 23 °C)显著高于各组, 说明在噪音环境的刺激下棒杆菌属的生长和繁殖可能会受到抑制。

2.3.3 不同噪音环境对种水平黄土边坡微生物群落的影响

如图 8 所示, 根据上述在不同噪音环境的土壤微生物属分类水平的分析, 对种水平微生物进行分析。以上 7 属在种分类水平上共检测到 131 种。其中, 节杆菌属数量最多有 67 种, 占整体 51.1%; 其次是棒杆菌属有 38 种, 占 29.0%; 马杜拉放线菌属有 9 种, 占 6.9%; 考克氏菌属有 6 种, 占 4.6%; 其余 3 菌属占整体不足 10.0%。

如表 2 所示, 对上述 2 门 7 属的种水平微生物进行显著性差异分析发现, *Rhizophagus*

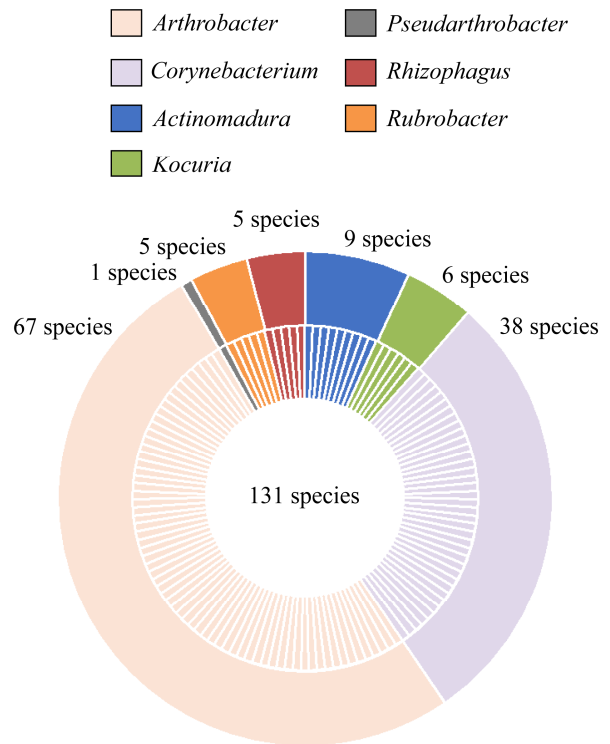


图 8 131 种在属水平分布圆环图

Figure 8 Circle diagram of the distribution of 131 species at the genus level.

表 2 种水平上受噪音分贝、温度和噪音时间影响显著的微生物

Table 2 Microorganisms significantly affected by noise, temperature and noise time at the species level (%)

Groups	<i>Rhizophagus irregularis</i>	<i>Arthrobacter crystallopoietes</i>	<i>Arthrobacter</i> sp. PGP41	<i>Rubrobacter tropicus</i>	<i>Actinomadura</i> sp. WMMB 499	<i>Arthrobacter</i> sp. 24S4 2
CK	0.65ab	0.17c	0.10c	0.04d	0.02b	0.02ab
A	0.45cd	0.19c	0.10c	0.04cd	0.02ab	0.01c
B	0.54bc	0.15c	0.08c	0.04cd	0.02b	0.01bc
C	0.69a	0.16c	0.08c	0.03d	0.01b	0.01bc
D	0.44cd	0.19c	0.10bc	0.04cd	0.03a	0.01abc
E	0.46cd	0.19c	0.11abc	0.04bc	0.01b	0.01abc
F	0.54bc	0.29a	0.14ab	0.05a	0.02b	0.02ab
G	0.56abc	0.21bc	0.11abc	0.05ab	0.04a	0.02ab
H	0.42cd	0.26ab	0.11abc	0.05ab	0.03ab	0.02a
I	0.37d	0.27ab	0.14a	0.05a	0.01b	0.02a

不同小写字母表示在 $P<0.05$ 的水平上存在显著差异

Different lowercase letters indicate significant differences ($P<0.05$).

irregularis、*Arthrobacter crystallopoietes*、*Arthrobacter* sp. PGP41、热带红色杆形菌(*Rubrobacter tropicus*)、*Actinomadura* sp. WMMB 499 和 *Arthrobacter* sp. 24S4 2 的菌群数量组间存在显著性差异。具体来说, *Rhizophagus irregularis* C 组(0.69%; 110 dB、-5 °C、6 h)显著高于 I 组(0.37%; 90 dB、35 °C、6 h), 表明 *Rhizophagus irregularis* 受温度和噪音分贝的影响较为显著, 其数量随着温度的下降而增加, 在-5 °C达到最大值, 表明 *Rhizophagus irregularis* 具有一定的耐寒性。同时, 噪音分贝也对 *Rhizophagus irregularis* 数量产生了一定影响, 噪音分贝为 90 dB 时数量最低; *Arthrobacter crystallopoietes* I 组(0.27%; 90 dB、35 °C、6 h)显著高于 B 组(0.15%; 90 dB、-5 °C、4 h), 表明 *Arthrobacter crystallopoietes* 受到温度和噪音时间的影响最为显著, 其数量随着温度的上升而增加, 在 35 °C时数量达到最大值, 在-5 °C时数量最低, 并且随着噪音时间的延长而增加; *Arthrobacter* sp. PGP41 I 组(0.14%; 90 dB、35 °C、6 h)显著高于 C 组(0.16%; 110 dB、-5 °C、6 h), 表明 *Arthrobacter* sp. PGP41 受到噪音分贝和温度的

影响较大, 其数量随着噪音分贝的下降和温度的上升而增加, 在 90 dB 下 *Arthrobacter* sp. PGP41 数量最高并与各组存在显著差异, 相同噪音分贝下温度越高 *Arthrobacter* sp. PGP41 数量越高, 温度升高至 35 °C时数量达到最大值; *Arthrobacter* sp. 24S4 2 在 I 组(0.02%; 90 dB、35 °C、6 h)显著高于 C 组(0.01%; 110 dB、-5 °C、6 h), 其数量随着噪音分贝的增加和温度的下降有减少的趋势, 在 90 dB 下数量最高。节杆菌的最适生长温度一般为 29 °C以上, 从 9 个不同的处理来看, 3 个节杆菌种在 35 °C时数量均较高; 热带红色杆形菌(*Rubrobacter tropicus*) I 组(0.05%; 90 dB、35 °C、6 h)显著高于 C 组(0.03%; 110 dB、-5 °C、6 h), 表明热带红色杆形菌(*Rubrobacter tropicus*)受到温度和噪音分贝的影响较大, 其数量随着温度的上升而增加, 在 35 °C时数量最高。然而噪音分贝对热带红色杆形菌(*Rubrobacter tropicus*)的影响与温度相反, 随着噪音分贝的升高热带红色杆形菌(*Rubrobacter tropicus*)数量有下降的趋势, 在 110 dB 时数量最低; *Actinomadura* sp. WMMB 499 G 组(0.04%; 110 dB、35 °C、2 h)显著高于 C 组(0.01%; 110 dB、

-5 °C、6 h), *Actinomadura* sp. WMMB 499 与热带红色杆形菌(*Rubrobacter tropicus*)性质相似, 受到温度的影响较大, 其数量随着温度的上升而增加, 在 35 °C 下达到最大值。

3 讨论

土壤微生物是黄土边坡生态系统的重要组成部分^[29]。土壤微生物通过与植物共生、分解有机物和抵抗逆境等方式对黄土边坡植物群落和土壤结构产生重要影响^[30]。然而, 土壤微生物群落易受人为或环境因素的干扰, 从而降低黄土边坡生态系统的稳定性^[31-32]。微生物数量是反映土壤微生物活动的重要指标, 本研究发现噪音环境对土壤微生物数量有显著影响。

门水平上, 放线菌门(*Actinobacteria*)数量随温度上升而增加, 与吴霞等^[33]研究一致。放线菌门是盐碱土壤中一种常见的耐高温菌群, 在高温下能大量繁殖。同时也是分解土壤有机质的主要菌群, 其含量高低常常作为评价土壤质量的标准^[34]。热变形菌门(*Thermoproteota*)属于原核生物, 是古细菌的一种, 最早在海洋中被发现, 后来在盐碱土壤和淡水环境均有发现, 是碳循环的主要贡献者之一^[35]。热变形菌门与放线菌门相似, 是一类耐热性细菌, 热变形菌门生长温度最高可达 113 °C^[36]。毛霉菌门(*Mucoromycota*)是一种腐生性真菌, 其分泌的纤维素酶和蛋白酶活性很高, 具有较高的分解能力可以降解土壤中难降解物质^[37]。本研究结果表明毛霉菌门数量随温度上升而减少, 刘闪等^[38]研究表明毛霉菌门数量随温度上升而增加, 与本研究结果不一致。可能的原因是刘闪等提取的毛霉菌门来源于水体, 而本研究的毛霉菌门来源于土壤, 会导致毛霉菌门对不同的生长环境表现出差异, 从而影响其数量变化趋势。黏球菌门(*Myxococcota*)是地球上分布最广泛的细

菌, 在海洋、淡水、土壤和沙漠等环境中均有发现, 是多种环境中的优势菌群^[39]。目前土壤中的黏球菌被证实具有溶菌、降解纤维素以及参与土壤中氮循环等功能^[40-41]。

属水平上, 节杆菌属(*Arthrobacter*)是一组多样化的细菌属, 已知的节杆菌属可以转化多种有机碳底物, 包括芳烃和各种碳水化合物, 是土壤碳循环的主要参与者^[42]。马杜拉放线菌属(*Actinomadura*)是土壤中常见的细菌, 主要功能是分解腐殖质、纤维素和动植物残骸, 是增强土壤养分循环的关键菌群^[43]。此外马杜拉放线菌属还能通过分泌植物激素和抗菌剂与植物共生^[44]。假节杆菌属(*Pseudarthrobacter*)是一组革兰氏阳性内生细菌, 存在于土壤、水和极端栖息地等自然环境中, 主要功能是参与植物根际吡啶乙酸的分泌、固氮和磷的溶解等过程^[45]。根孢囊霉属(*Rhizophagus*)具有抗盐碱、抗高温和抗干旱等多种抗逆性, 可适应黄土边坡干旱贫瘠的生态环境, 有利于黄土边坡的防护^[46]。红色杆形菌属(*Rubrobacter*)具有高度的嗜热性, 最高生长温度可达 60 °C^[47]。目前关于考克氏菌属(*Kocuria*)和棒杆菌属(*Corynebacterium*)的研究相对较少, 具体生长条件及其功能特性有待进一步地分离鉴定和功能预测。

种水平上, *Rhizophagus irregularis* 是广泛存在的土壤真菌, 通过调节植物体内渗透压与植物共生^[48]。本研究中 *Rhizophagus irregularis* 的数量在-5 °C 的条件下最高, 在 35 °C 的条件下最低, 并随着温度的升高而减少, 与花顶等^[49]研究一致。低温胁迫可以显著增强 *Rhizophagus irregularis* 的活性和繁殖能力; *Arthrobacter* sp. 24S4 2 是土壤中参与固氮的一类微生物, 主要功能是将土壤中的硝酸盐转化为氨^[50]。*Arthrobacter* sp. PGP41 是一种与环境修复有关的细菌, 在土壤中具有固氮和溶解磷酸盐的能力, 并能提高

重金属胁迫下幼苗根系的生长能力^[51]。*Arthrobacter crystallopoietes* 和热带红色杆形菌(*Rubrobacter tropicus*)菌群与节杆菌属类群相似,均具有耐高温的特性,与李娟等^[52]研究一致。节杆菌属是一类耐高温菌群,最适生长温度可达 35 °C。目前关于 *Actinomadura* sp. WMMB 499 的研究相对较少,具体功能待进一步分离验证。上述试验结果表明,一些菌群在噪音环境下存在显著性差异,可作为下一步主要研究的微生物类群。

4 结论

在 9 个不同的噪音环境下处理,门水平:放线菌门(*Actinobacteria*)、毛霉菌门(*Mucoromycota*)、热变形菌门(*Thermoproteota*)和黏球菌门(*Myxococcota*)组间存在显著差异($P<0.05$)。属水平:节杆菌属(*Arthrobacter*)、根孢囊霉属(*Rhizophagus*)、假节杆菌属(*Pseudarthrobacter*)、马杜拉放线菌属(*Actinomadura*)、考克氏菌属(*Kocuria*)、红色杆形菌属(*Rubrobacter*)和棒杆菌属(*Corynebacterium*)组间存在显著差异($P<0.05$);种水平:*Rhizophagus irregularis*、*Actinomadura* sp. WMMB 499、热带红色杆形菌(*Rubrobacter tropicus*)、*Arthrobacter* sp. PGP41、*Arthrobacter* sp. 24S4 2 和 *Arthrobacter crystallopoietes* 组间存在显著差异($P<0.05$)。今后可对上述菌群开展进一步地分离和培养工作,以探究黄土边坡不同噪音环境下土壤微生物的功能及其抗逆性,为开发黄土边坡土壤微生物资源提供科学依据。

参考文献

- [1] 贾路, 于坤霞, 徐国策, 任宗萍, 高海东, 李占斌, 李鹏. 基于耦合协调度的黄土高原地区 NDVI 与降水关系的变异诊断[J]. 生态学报, 2021, 41(18): 7357-7366.
JIA L, YU KX, XU GC, REN ZP, GAO HD, LI ZB, LI P. Diagnosis of the relationship between NDVI and precipitation based on the coupling coordination degree[J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, 41(18): 7357-7366 (in Chinese).
- [2] 牛娟. 黄土高原地区新型城镇化与资源环境协调发展研究[D]. 临汾: 山西师范大学硕士学位论文, 2019.
NIU J. Study on the coordinated development of new urbanization and resources and environment in Loess Plateau[D]. Linfen: Master's Thesis of Shanxi Normal University, 2019 (in Chinese).
- [3] 逢梦璇, 刘红文, 韩旭, 张梦亭, 刘萍, 高燕, 张森, 张士秀, 梁爱珍. 典型黑土带玉米农田土壤微生物群落地理分布及驱动因素[J]. 土壤与作物, 2024, 13(1): 1-12.
PANG MX, LIU HW, HAN X, ZHANG MT, LIU P, GAO Y, ZHANG M, ZHANG SX, LIANG AZ. Geographical distribution of soil microbial community and driving factors in corn farmland of typical black soil belt[J]. Soils and Crops, 2024, 13(1): 1-12 (in Chinese).
- [4] ZENG QC, DONG YH, AN SS. Bacterial community responses to soils along a latitudinal and vegetation gradient on the Loess Plateau, China[J]. PLoS One, 2016, 11(4): e0152894.
- [5] WANG J, FU BJ, LU N, ZHANG L. Seasonal variation in water uptake patterns of three plant species based on stable isotopes in the semi-arid Loess Plateau[J]. Science of the Total Environment, 2017, 609: 27-37.
- [6] GUO YQ, CHEN XT, WU YY, ZHANG L, CHENG JM, WEI GH, LIN YB. Natural revegetation of a semiarid habitat alters taxonomic and functional diversity of soil microbial communities[J]. Science of the Total Environment, 2018, 635: 598-606.
- [7] ZHANG RH, RONG L, ZHANG LL. Soil nutrient variability mediates the effects of erosion on soil microbial communities: results from a modified topsoil removal method in an agricultural field in Yunnan plateau, China[J]. Environmental Science and Pollution Research International, 2022, 29(3): 3659-3671.
- [8] 梁香寒, 张克斌, 乔厦. 半干旱黄土区柠条林土壤水分和养分与群落多样性关系[J]. 生态环境学报, 2019, 28(9): 1748-1756.
LIANG XH, ZHANG KB, QIAO X. Relationship between soil moisture and nutrients and plant diversity of *Caragana microphylla* community in semi-arid loess region[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2019, 28(9): 1748-1756 (in Chinese).
- [9] 乔羽. 放牧对黄土丘陵区退耕地生物结皮分布格局及物种多样性的影响[D]. 杨凌: 西北农林科技大学

- 硕士学位论文, 2022.
- QIAO Y. Effects of grazing on distribution pattern and species diversity of biological crusts in abandoned farmland in Loess Hilly Region[D]. Yangling: Master's Thesis of Northwest A&F University, 2022 (in Chinese).
- [10] 张琦, 王淑兰, 王浩, 刘朋召, 王旭敏, 张元红, 李昊昱, 王瑞, 王小利, 李军. 深松与免耕频次对黄土旱塬春玉米田土壤团聚体与土壤碳库的影响[J]. 中国农业科学, 2020, 53(14): 2840-2851.
- ZHANG Q, WANG SL, WANG H, LIU PZ, WANG XM, ZHANG YH, LI HY, WANG R, WANG XL, LI J. Effects of subsoiling and No-tillage frequencies on soil aggregates and carbon pools in the Loess Plateau[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(14): 2840-2851 (in Chinese).
- [11] 郑邦玉. 精准滴灌对渭北旱地苹果产量品质、水分利用及果园土壤养分的影响[D]. 杨凌: 西北农林科技大学硕士学位论文, 2023.
- ZHENG BY. Effects of precision drip irrigation on apple yield, quality, water use and orchard soil nutrients in Weibei dryland[D]. Yangling: Master's Thesis of Northwest A&F University, 2023 (in Chinese).
- [12] 高跃, 刘春华, 姜泽建, 郑跃平, 徐嘉楠, 范厚勇, 王有基, 胡梦红. 水下噪音对杂交鲟行为及肠道微生物的影响[J]. 水生生物学报, 2023, 47(6): 931-939.
- GAO Y, LIU CH, JIANG ZJ, ZHENG YP, XU JN, FAN HY, WANG YJ, HU MH. underwater noise on the behavior and gut microbial composition of hybrid sturgeon[J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2023, 47(6): 931-939 (in Chinese).
- [13] 丁素素. 音乐刺激对断奶仔猪积极情绪的行为响应和肠道健康的影响[D]. 哈尔滨: 东北农业大学硕士学位论文, 2023.
- DING SS. Effects of music stimulation on positive emotional behavioral response and intestinal health of weaned piglets[D]. Harbin: Master's Thesis of Northeast Agricultural University, 2023 (in Chinese).
- [14] 马迪. 不同乐器演奏的乐曲对犊牛生长性能、血液生化指标、行为及粪便菌群的影响[D]. 洛阳: 河南科技大学硕士学位论文, 2022.
- MA D. Effects of music played by different musical instruments on growth performance, blood biochemical indexes, behavior and fecal flora of calves[D]. Luoyang: Master's Thesis of Henan University of Science and Technology, 2022 (in Chinese).
- [15] ZHANG ZY, WU YQ, ZHOU SZ, FU PC, YAN H. Effects of music and white noise exposure on the gut microbiota, oxidative stress, and immune-related gene expression of mice[J]. *Microorganisms*, 2023, 11(9): 2272.
- [16] CUI B, GAI ZH, SHE XJ, WANG R, ZHUGE X. Effects of chronic noise on glucose metabolism and gut microbiota-host inflammatory homeostasis in rats[J]. *Scientific Reports*, 2016, 6: 36693.
- [17] 陶俊先. 噪音对小鼠情绪相关行为和肠道菌群结构改变的研究[D]. 泉州: 华侨大学硕士学位论文, 2023.
- TAO JX. Effects of noise on emotion-related behavior and intestinal flora structure in mice[D]. Quanzhou: Master's Thesis of Huaqiao University, 2023 (in Chinese).
- [18] 李怡佳, 马俊伟, 李玉倩, 沈心怡, 夏星辉. 土壤微生物群落对全球气候变化响应的研究进展[J]. 微生物学通报, 2023, 50(4): 1700-1719.
- LI YJ, MA JW, LI YQ, SHEN XY, XIA XH. Responses of soil microbial community to global climate change: a review[J]. *Microbiology China*, 2023, 50(4): 1700-1719 (in Chinese).
- [19] 高思齐, 宋艳宇, 宋长春, 马秀艳, 蒋磊. 增温和外源碳输入对泥炭地土壤碳氮循环关键微生物功能基因丰度的影响[J]. 生态学报, 2020, 40(13): 4617-4627.
- GAO SQ, SONG YY, SONG CC, MA XY, JIANG L. Effects of warming and exogenous carbon input on the abundance of key microbial functional genes of carbon-nitrogen cycle in peatland soil[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, 40(13): 4617-4627 (in Chinese).
- [20] RATKOWSKY DA, OLLEY J, McMECKIN TA, BALL A. Relationship between temperature and growth rate of bacterial cultures[J]. *Journal of Bacteriology*, 1982, 149(1): 1-5.
- [21] ZUCCARINI P, ASENSIO D, OGAYA R, SARDANS J, PEÑUELAS J. Effects of seasonal and decadal warming on soil enzymatic activity in a P-deficient Mediterranean shrubland[J]. *Global Change Biology*, 2020, 26(6): 3698-3714.
- [22] LIU Y, ZHANG H, XIONG MH, LI F, LI LQ, WANG GL, PAN GX. Abundance and composition response of wheat field soil bacterial and fungal communities to elevated CO₂ and increased air temperature[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2017, 53(1): 3-8.
- [23] RIZVI A, AHMED B, KHAN MS, UMAR S, LEE J. Psychrophilic bacterial phosphate-biofertilizers: a

- novel extremophile for sustainable crop production under cold environment[J]. *Microorganisms*, 2021, 9(12): 2451.
- [24] SUYAL DC, YADAV AN, EL ENSHASY HA, SONI R. Editorial: exploration of cold-adapted microorganisms for sustainable development[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1191673.
- [25] WANG XM, YAN BG, FAN B, SHI LT, LIU GC. Temperature and soil microorganisms interact to affect *Dodonaea viscosa* growth on mountainsides[J]. *Plant Ecology*, 2018, 219(7): 759-774.
- [26] 卢建男. 兰州地区湿陷性黄土边坡生态恢复技术研究[D]. 兰州: 兰州大学硕士学位论文, 2017.
- LU JN. Study on ecological restoration technology of collapsible loess slope in Lanzhou area[D]. Lanzhou: Master's Thesis of Lanzhou University, 2017 (in Chinese).
- [27] HUANG WL, HUANG WW, LI HF, LEI ZF, ZHANG ZY, TAY JH, LEE DJ. Species and distribution of inorganic and organic phosphorus in enhanced phosphorus removal aerobic granular sludge[J]. *Bioresource Technology*, 2015, 193: 549-552.
- [28] 程伟. 土壤有效磷含量对土壤微生物量及代谢活性的影响[D]. 长春: 吉林农业大学硕士学位论文, 2013.
- CHENG W. Effects of soil available phosphorus content on soil microbial biomass and metabolic activity[D]. Changchun: Master's Thesis of Jilin Agricultural University, 2013 (in Chinese).
- [29] 斯林林, 徐静, 曹凯, 张贤, 王建红. 绿肥种植对红壤旱地生土细菌群落结构的影响[J]. *浙江农业学报*, 2023, 35(8): 1864-1875.
- SI LL, XU J, CAO K, ZHANG X, WANG JH. Response of bacterial community to planting cover crops in virgin upland red soil[J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2023, 35(8): 1864-1875 (in Chinese).
- [30] 庞志强, 余迪求. 干旱胁迫下的植物根系-微生物互作体系及其应用[J]. *植物生理学报*, 2020, 56(2): 109-126.
- PANG ZQ, YU DQ. Plant root system-microbial interaction system under drought stress and its application[J]. *China Industrial Economics*, 2020, 56(2): 109-126 (in Chinese).
- [31] 阿瓦古丽·图尔荪, 张新强, 贡丰泽, 朱彦斌, 张磊, 杜文娟, 马正海. 乌鲁木齐市河马泉新区土壤微生物多样性及其影响因素分析[J]. *中国环境科学*, 2023, 43(S1): 277-287.
- Tursun Awagul, ZHANG XQ, YUN FZ, ZHU YB, ZHANG L, DU WJ, MA ZH. Analysis of soil microbial diversity and influencing factors in Hemaquan New District in Urumqi[J]. *China environmental Science*, 2023, 43(S1): 277-287 (in Chinese).
- [32] YANG Y, LI T, WANG YQ, CHENG H, CHANG SX, LIANG C, AN SS. Negative effects of multiple global change factors on soil microbial diversity[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, 156: 108229.
- [33] 吴霞, 蔡进军, 王长军, 李维倩, 陈刚, 白阳阳. 宁夏黄土丘陵区农田土壤细菌海拔分布特征[J]. *环境科学*, 2024, 45(6): 3605-3613.
- WU X, CAI JJ, WANG CJ, LI WQ, CHEN G, BAI YY. Altitude distribution characteristics of farmland soil bacteria in Loess Hilly Region of Ningxia[J]. *Environmental Science*, 2024, 45(6): 3605-3613 (in Chinese).
- [34] 张语馨, 孙约兵, 张仁甫, 王超, 贾宏涛. 汞污染对土壤有机碳稳定性和固碳功能微生物群落的影响[J]. *环境科学*, 2024. <https://doi.org/10.13227/j.hjlx.202401013>.
- ZHANG YX, SUN YB, ZHANG RF, WANG C, JIA HT. Effects of mercury pollution on soil organic carbon stability and carbon-fixing microbial communities[J]. *Environmental Science*, 2024. <https://doi.org/10.13227/j.hjlx.202401013> (in Chinese).
- [35] BARNS SM, DELWICHE CF, PALMER JD, PACE NR. Perspectives on archaeal diversity, thermophily and monophyly from environmental rRNA sequences[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1996, 93(17): 9188-9193.
- [36] MIYAZAKI U, SANARI M, TAME A, KITAJIMA M, OKAMOTO A, SAWAYAMA S, MIYAZAKI J, KEN TK, NAKAGAWA S. *Pyrofolis japonicus* gen. nov. sp. nov., a novel member of the family *Pyrodictiaceae* isolated from the Iheya North hydrothermal field[J]. *Extremophiles*, 2023, 27(3): 28.
- [37] KONG YL, KUZYAKOV Y, RUAN Y, ZHANG JW, WANG TT, WANG M, GUO SW, SHEN QR, LING N. DNA stable-isotope probing delineates carbon flows from rice residues into soil microbial communities depending on fertilization[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2020, 86(7): e02151-19.
- [38] 刘闪, 曹星星, 吴攀, 廖路, 廖家豪. 酸性矿山废水影响下水库真菌群落特征与环境因子研究[J]. *环境科学与技术*, 2021, 44(2): 1-8.
- LIU S, CAO XX, WU P, LIAO L, LIAO JH. Study on characteristics of reservoir fungal community and

- environmental factors under the influence of acid mine drainage[J]. *Environmental Science & Technology*, 2021, 44(2): 1-8 (in Chinese).
- [39] 杜欣然, 王晶晶, 冉柒, 李越中. 黏细菌资源及其系统分类[J]. *微生物学通报*, 2023, 50(7): 3104-3121.
- DU XR, WANG JJ, RAN Q, LI YZ. Resources and taxonomy of myxobacteria: a review[J]. *Microbiology China*, 2023, 50(7): 3104-3121 (in Chinese).
- [40] GARCIA R, MUIIER R. The Prokaryotes[M]. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2014: 247-279.
- [41] THIERY S, KAIMER C. The predation strategy of *Myxococcus xanthus*[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 11: 2.
- [42] GUSHGARI-DOYLE S, LUI LM, NIELSEN TN, WU XQ, MALANA RG, HENDRICKSON AJ, CARION H, POOLE FL 2nd, ADAMS MWW, ARKIN AP, CHAKRABORTY R. Genotype to ecotype in niche environments: adaptation of *Arthrobacter* to carbon availability and environmental conditions[J]. *ISME Communications*, 2022, 2(1): 32.
- [43] GUNJAL A, BHAGAT DS. Diversity of actinomycetes in western ghats[M]//*Microbial Diversity in Hotspots*. Amsterdam: Elsevier, 2022: 117-133.
- [44] MITRA D, MONDAL R, KHOSHURU B, SENAPATI A, RADHA TK, MAHAKUR B, UNİYAL N, MYO EM, BOUTAJ H, SIERRA BEG, PANNEERSELVAM P, GANESHAMURTHY AN, ELKOVIĆ SA, VASIĆ T, RANI A, DUTTA S, DAS MOHAPATRA PK. Actinobacteria-enhanced plant growth, nutrient acquisition, and crop protection: advances in soil, plant, and microbial multifactorial interactions[J]. *Pedosphere*, 2022, 32(1): 149-170.
- [45] TSHISHONGA K, SEREPA-DLAMINI MH. Draft genome sequence of *Pseudarthrobacter phenanthrenivorans* strain MHSD1, a bacterial endophyte isolated from the medicinal plant *Pellaea calomelanos*[J]. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 2020, 16: 1176934320913257.
- [46] ROIKO M, MAY M, RELICH RF. Characterization of *Pontibacter altruii*, sp. nov., isolated from a human blood culture[J]. *New Microbes and New Infections*, 2017, 19: 71-77.
- [47] KOUŘILOVÁ X, SCHWARZEROVÁ J, PERNICOVÁ I, SEDLÁŘ K, MRÁZOVÁ K, KRZYŽÁNEK V, NEBESÁŘOVÁ J, OBRUČA S. The first insight into polyhydroxyalkanoates accumulation in multi-extremophilic *Rubrobacter xylanophilus* and *Rubrobacter spartanus*[J]. *Microorganisms*, 2021, 9(5): 909.
- [48] 于萌, 张永帅, 付伟, 吴照祥, 谢伟, 张莘, 郝志鹏, 陈保冬. 保水剂和丛枝菌根真菌异形根孢囊霉对紫花苜蓿生长与抗旱性的影响[J]. *菌物学报*, 2019, 38(11): 1976-1991.
- YU M, ZHANG YS, FU W, WU ZX, XIE W, ZHANG X, HAO ZP, CHEN BD. Effects of arbuscular mycorrhizal fungi *Rhizophagus irregularis* and super absorbent polymers on growth and drought tolerance of *Medicago sativa*[J]. *Mycosystema*, 2019, 38(11): 1976-1991 (in Chinese).
- [49] 花顶, 徐洪文, 杨阳, 朱先灿. 低温胁迫下丛枝菌根对玉米根部渗透调节物质含量的影响[J]. *黑龙江畜牧兽医*, 2016(9): 140-142.
- HUA D, XU HW, YANG Y, ZHU XC. Effect of arbuscular mycorrhizal fungi on the contents of osmoregulation substance of maize roots under low temperature stress[J]. *Heilongjiang Animal Science and Veterinary Medicine*, 2016(9): 140-142 (in Chinese).
- [50] LIU YX, ZHANG YM, HUANG YD, NIU JJ, HUANG J, PENG XY, PENG F. Spatial and temporal conversion of nitrogen using *Arthrobacter* sp. 24S4-2, a strain obtained from *Antarctica*[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1040201.
- [51] XU XH, XU M, ZHAO QM, XIA Y, CHEN C, SHEN ZG. Complete genome sequence of Cd(II)-resistant *Arthrobacter* sp. PGP41, a plant growth-promoting bacterium with potential in microbe-assisted phytoremediation[J]. *Current Microbiology*, 2018, 75(9): 1231-1239.
- [52] 李娟, Constantine Uwaremwe, 冷艳, 张晓华, 李师翁, 陈熙明. 节杆菌属细菌处理有机物和重金属污染物的研究进展[J]. *环境科学与技术*, 2017, 40(10): 89-97.
- LI J, UWAREMWE C, LENG Y, ZHANG XH, LI SW, CHEN XM. Progress on the study of biodegradation of organic pollutants and adsorption of heavy metals with *Arthrobacter* strains[J]. *Environmental Science & Technology*, 2017, 40(10): 89-97 (in Chinese).