

贵州省正安县茶园土壤细菌群落的敏感性分析

梁霞¹,李泽轩²,付盈盈¹,杨康²,樊爽¹,王星星²,唐晓玲¹

(1. 贵州省地矿局106地质大队,贵州 遵义 563000;

2. 中国地质大学(武汉)环境学院,湖北 武汉 430074)

[摘要]本研究主要对正安县某两处茶园的土壤和茶树样品检测,探究影响茶叶元素含量的原因。利用16S rRNA基因高通量测序技术,解析茶园土壤细菌群落结构,结合土壤理化性质探究影响茶园土壤细菌群落的主要环境因子。研究结果如下:1. SO_4^{2-} 是影响茶园土壤细菌群落的主要因素。茶园土壤细菌群落结构与 SO_4^{2-} 含量的冗余分析表明, SO_4^{2-} 对茶园土壤细菌群落组成具有显著影响($p < 0.05$)。2. 茶叶内重金属含量受细菌类群影响。茶树嫩叶更易受土壤细菌影响,假单胞菌属、热酸菌属、Subgroup_2、楸子岛杆菌属(*Chujaibacter*)和芽孢杆菌属等对嫩叶重金属含量影响显著。为茶叶品质检测提供新的评判依据,为通过 SO_4^{2-} 调整茶园土壤细菌群落结构,降低茶叶内重金属元素含量提供新的研究思路。

[关键词]土壤;茶树;微生物

[中图分类号]Q93;S506.1;S571.1 **[文献标识码]**A **[文章编号]**1000-5943(2024)01-092-09

茶是世界三大饮料之一,一定程度有益于人类的身体健康。近年来,贵州省正安县富硒(Se)茶产业快速发展。土壤是农作物生长的基础,其质量的优劣影响着—个地区农作物的生产能力,对该地区的农产品质量安全及生态安全至关重要(张德明等,2021)。土壤微生物作为土壤中最具活力的组成部分,参与了多种元素的价态转化,影响着茶树对元素的吸收。探究影响茶叶重金属含量的因素具有重要的现实意义,对茶叶安全生产有着重要的启示作用。

土壤微生物是生态系统不可或缺的基本组成部分。重金属耐性微生物在土壤重金属污染胁迫下在土壤中富集,可以通过自身的物理化学性质或代谢活动影响重金属的生物有效性(Abdu, et al. 2017)。然而微生物和重金属的相互作用非常复杂。

微生物在生长代谢过程中会产生大量蛋白

质、氨基酸、核酸和羧酸,部分微生物还可以分泌氰化物和低分子量有机酸等代谢产物,这些物质中含有大量可以整合重金属的阴离子络合集团,能够促进重金属从矿物中溶解释放,提高重金属的生物有效性(Reith et al. 2007, Rhine et al. 2005)。Faramarzi等发现假单胞菌在生长早期分泌大量HCN,可以促进重金属的溶解(Faramarzi et al. 2006)。化能自养型细菌能够将难溶矿石中的硫化物或碘化物氧化还原,获取生长所需能量的同时将矿物中的重金属释放出来。比如,铁氧化细菌在好氧条件下将黄铁矿中的 Fe^{2+} 氧化成 Fe^{3+} 以获取能量,使黄铁矿溶解(Belzile et al. 2004)。可以合理推测,通过调节土壤细菌群落结构,降低重金属活化微生物的丰度,将能够一定程度减少茶树对于土壤中重金属的吸收,进而降低茶叶内的重金属元素含量。

[收稿日期]2023-09-27 **[修回日期]**2024-01-04

[基金项目]贵州省地矿局科研基金,贵州正安地区白茶中硒的迁移富集过程与种植区优化研究(黔地矿科合[2020]10号)。

[作者简介]梁霞(1982—),女,高级工程师,工程硕士,主要从事实验测试和研究工作。

1 材料与方法

1.1 样品采集与保存

本研究于2022.5.21日采集了贵州省正安县

两处茶园共计11份表层土壤样品和11株茶树样品。具体采样信息见表1。

用五点取样法采集茶园土壤0~20 cm土层的样品,在实验室内将部分土壤样品自然风干,去除石块和植物根系后研磨过筛,以备后续检测。

表1 采样点样品类型信息表

Table 1 Information of sample types in the sampling site

编号	地点	经纬度	样品类型
1	茶园1	107.387 630 49°E, 28.586 848 71°N	表层土, 茶树
2	茶园1	107.386 207 58°E, 28.583 617 29°N	表层土, 茶树
3	茶园1	107.389 007 81°E, 28.586 773 34°N	表层土, 茶树
4	茶园1	107.384 539 25°E, 28.583 150 94°N	表层土, 茶树
5	茶园1	107.388 304 80°E, 28.587 079 06°N	表层土, 老叶, 嫩叶
6	茶园1	107.387 655 97°E, 28.587 384 52°N	表层土, 老叶, 嫩叶
7	茶园2	107.624 126 23°E, 28.555 029 47°N	表层土, 茶树
8	茶园2	107.624 485 64°E, 28.554 732 62°N	表层土, 茶树
9	茶园2	107.624 316 66°E, 28.554 890 47°N	表层土, 茶树
10	茶园2	107.624 096 72°E, 28.554 624 25°N	表层土, 茶树
11	茶园2	107.623 786 93°E, 28.554 838 64°N	表层土, 茶树

1.2 土壤样品测定分析

(1) 理化性质的测定

取1.0 g风干过100目筛后的土壤,加入2.5 mL超纯水,震荡30 min,静置后测量pH值;取6.0 g风干过筛后的土壤,加入30 mL超纯水,震荡静置后测量电导率(EC)。

另取6.0 g过200目筛后的土壤加入30 mL超纯水震荡5 min,4000 r/min离心30 min,使用0.22 μm滤膜过滤上清液,用离子色谱仪(IC)测定Cl⁻、NO₃⁻、SO₄²⁻的浓度。

(2) 总有机碳(TOC)的测定

①称取1.0 g过200目筛的土壤于离心管中,缓慢加入2.0 mol/L的盐酸并搅拌至无气泡产生,静置反应12 h其间每隔1~2 h搅拌一次,必要时添加适量盐酸,使无机碳充分溶解;

②反应完成后,将离心管7000 r/min下离心5 min,缓慢倾倒入上清液;

③再向离心管中加入50 mL超纯水,7000 r/min离心5 min,倾倒入上清液;

④重复步骤③4~5次,直至上清液pH值接近中性;

⑤将土壤在60℃烘干,研磨过200目筛,用总有机碳分析仪测定TOC含量。

(3) 各元素含量的测定

称取过200目筛的土壤0.5 g置于消解管中,加入5 mL硝酸手动摇匀盖上盖子,120℃保持30 min。打开盖子,加入2 mL高氯酸和3 mL氢氟酸,手动摇匀盖上盖子,150℃保持180 min。打开盖子,190℃保持120 min,彻底消解同时赶酸至样品呈果冻粘稠状。加入1:1王水2 mL,盖上盖子,120℃保持10 min。用超纯水定容至50 mL,静置8 h后取上清液,使用电感耦合等离子体发射光谱仪(ICP-OES)测定土壤中Se、As、Cd和Pb的含量。

1.3 16S rRNA 基因测序

取-80℃保存的土壤真空冷冻干燥后研磨,使用OMEGA土壤DNA试剂盒(Omega Bio-Tek, Norcross, GA, USA)提取土壤总基因组DNA样品。利用338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')引物扩增细菌16S rRNA的V3-V4可变区。获得的PCR产物由上海派森诺生物科技有限公司在Illumina Miseq平台进行高通量测序。

1.4 茶树样品的消解与测定

称取磨碎后的茶树各部位样品0.5 g,置于消解管中。加入10 mL硝酸过夜冷消解,防止加热时爆沸。次日,加入高氯酸2 mL在190℃下消解

完全,直至消解管内出现高氯酸白色烟雾产生。用超纯水定容至 50 mL,静置 8 h 后取上清液使用电感耦合等离子体发射光谱仪(ICP-OES)进行检测茶树各部位 Se、As、Cd 和 Pb 的含量。

2 结果分析

2.1 茶园土壤理化性质特征

对 2022 年采集的土壤样品进行 pH 值、EC 值、TOC 和阴离子含量的测定,结果如表 2 所示。可以看出两处茶园表层土 pH 值在 4-5 之间,适

宜茶树的种植。土壤 EC 值代表土壤溶液中可溶性盐的浓度,在一定程度上能够反映土壤的养分条件。茶园 1 土壤具有更高的 EC 值,说明茶园 1 土壤养分条件优于茶园 2。同时茶园 1 土壤的 NO₃⁻和 SO₄²⁻的含量比茶园 2 土壤更高,但茶园 1 土壤 TOC 和 Cl⁻含量更低。

2.2 茶园土壤各元素含量特征

本研究选取国内常用的富硒土壤标准 (>0.4 mg/kg)和 GB 15618—2018 中规定的 pH<5.5 的非水田类型土壤的重金属污染风险筛选值作为标准限值。

表 2 茶园表层土壤理化性质特征

Table 2 Physical and chemical properties characteristics of surface soil in the tea garden

采样地点	pH	EC(ms/cm)	TOC(%)	Cl ⁻ (mg/kg)	NO ₃ ⁻ (mg/kg)	SO ₄ ²⁻ (mg/kg)
茶园 1	4.66±0.44	0.111±0.10	1.05±0.39	27.08±2.46	56.10±82.46	190.85±161.94
茶园 2	5.00±0.14	0.048±0.01	2.00±0.39	30.71±5.13	18.33±4.60	65.75±17.77

注:表中数据为平均值±标准差

2022 年两处茶园表层土样品内 Se、As、Cd、Pb 4 种元素含量检测结果如表 3 所示。从表中可以看出两处茶园土壤中各元素含量不同,按其平均

值大小顺序为: Pb >As>Cd、Se。总体来看,本次采集的两处茶园所有表层土样品内重金属含量都低于对应的标准限值,土壤重金属污染风险小。

表 3 茶园表层土壤重金属元素含量

Table 3 Heavy metal content of surface soil in the tea garden

检测项目	茶园 1	茶园 2	标准限值
Se	范围(mg/kg)	n. d.	0.00~0.13
	平均值±标准差	n. a.	0.03±0.06
As	范围(mg/kg)	4.92~10.04	2.05~6.20
	平均值±标准差	6.81±1.89	5.11±1.72
Cd	范围(mg/kg)	0.00~0.03	n. d.
	平均值±标准差	0.01±0.01	n. a.
Pb	范围(mg/kg)	8.72~18.24	3.70~11.17
	平均值±标准差	12.16±3.40	8.26±2.79

注:n. d. 表示未检出;n. a. 表示未能计算

2.3 茶叶内各元素含量特征

2022 年茶树嫩叶、老叶样品中 4 种元素的平均含量结果如表 4 所示。其中两处茶园的茶叶 Se

含量均在富硒茶叶标准内,As、Cd 和 Pb 含量均低于标准限值,说明该批次茶叶样品均为富硒茶叶,且无 As、Cd 和 Pb 污染风险。

表 4 2022 年茶叶样品中各元素含量

Table 4 Content of each element of tea sample in 2022

元素	茶园 1		茶园 2		标准限值(mg/kg)
	嫩叶	老叶	嫩叶	老叶	
Se	0.66±0.54	1.11±0.92	0.43±0.26	1.23±0.44	0.2~4.0
As	0.08	0.35	n. d.	0.48	≤2.0
Cd	0.11±0.04	0.17±0.08	0.07±0.04	0.15±0.04	≤1.0
Pb	0.75±0.17	1.74±0.68	0.57±0.32	1.59±0.37	≤5.0

注:表中数据为平均值±标准差;n. d. 表示元素未检出;As 含量无标准差表示多个样品中仅有一个样品检测出元素含量。

3 讨论

3.1 SO_4^{2-} 对茶园土壤细菌群落的影响

本研究表明 SO_4^{2-} 含量在茶园土壤细菌群落的变化中起到重要作用。有研究表明, SO_4^{2-} 可以影响放线菌门内的异养类群, 是影响细菌群落的重要因素(Xu et al. 2018)。本研究中两处茶园不同 SO_4^{2-} 含量的土壤细菌群落 α 多样性指数如图 1 所示, 其中 Chao1 指数表征丰富度, Shannon 和 Simpson 指数表征多样性, Pielou's evenness 指数表征均匀度。将各点位的样品按土壤 SO_4^{2-} 含量分为 H (>200 mg/kg)、M (100 ~ 200 mg/kg) 和 L (<100 mg/kg) 三组。结果显示 SO_4^{2-} 含量对茶园土壤细菌群落 α 多样性影响很大, 随着 SO_4^{2-} 含量的增加, α 多样性指数全部呈现下降趋势。并且 L 组的 α 多样性指数显著高于 M 和 H 组 ($p < 0.01$), 而 M 组和 H 组的 α 多样性指数之间差异并不显著。

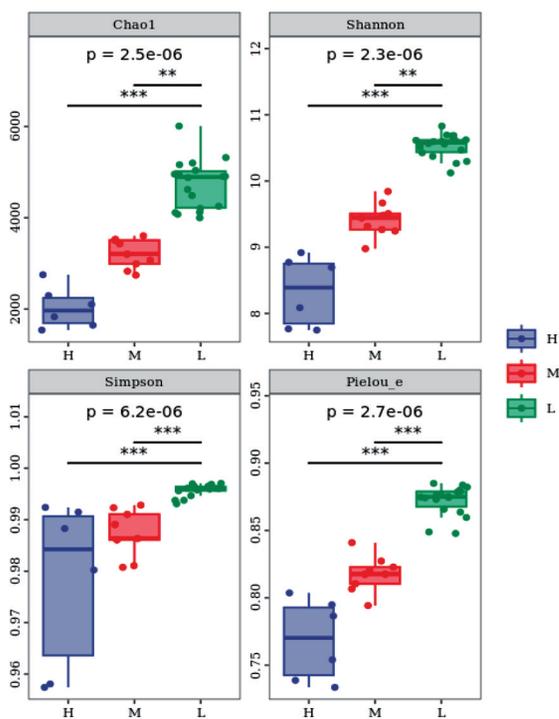


图 1 茶园土壤细菌群落 α 多样性指数

Fig. 1 α diversity index of soil bacterial community in the tea garden

土壤 SO_4^{2-} 含量对门水平细菌群落组成影响不大, H、M 和 L 组的群落组成相似(图 2 A)。其中变形菌门(*Proteobacteria*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteria*) 和绿弯菌门(*Chloroflexi*)

的相对丰度在土壤细菌中占据绝对优势, 占到了所有细菌总数的 84.38%~92.00%。随着 SO_4^{2-} 含量的增加, 酸杆菌门的相对丰度逐渐降低, 而放线菌门的相对丰度逐渐增加。不同 SO_4^{2-} 含量土壤中, 属水平细菌群落组成差异较为明显。茶园土壤细菌群落相对丰度前十五的属如图 3B 所示。H 组中相对丰度大于 5% 的属有假单胞菌属 (*Pseudomonas*, 12.25%)、楸子岛杆菌属 (*Chujaiibacter*, 7.52%)、热酸菌属 (*Acidothermus*, 7.13%); M 组中相对丰度大于 5% 的属有假单胞菌属 (12.25%) 和 *Subgroup_2* (5.10%); L 组中相对丰度大于 5% 的属有 *Subgroup_2* (6.03%) 和假单胞菌属 (5.72%)。随着土壤 SO_4^{2-} 含量的增加, 假单胞菌属和热酸菌属的相对丰度逐渐增加, *Subgroup_2* 的相对丰度逐渐降低。

对茶园土壤细菌群落中相对丰度大于 1% 的 9 个门与环境因子进行冗余分析 (RDA), 结果显示第一轴和第二轴对茶园土壤样品细菌群落变化的解释度分别达到 76.25% 和 12.61%, 两者共解释了 88.86% (图 3)。其中 SO_4^{2-} 对茶园土壤细菌群落组成具有显著影响 ($p < 0.05$), 对群落组成的解释度达到 41.1%。

对各样点土壤理化性质与细菌群落相对丰度前十的门和属进行 Spearman 相关性分析, 结果如图 3.4 所示。在门水平上, 放线菌门、拟杆菌门、厚壁菌门、疣微菌门和浮霉状菌门 (*Planctomycetes*) 与 pH 值、EC 值、TOC 和 SO_4^{2-} 含量呈显著相关性; 而重金属因子与细菌优势门无显著相关性 (图 4A)。在属水平上, 假单胞菌属、热酸菌属、卡氏伯克霍尔德菌属 (*Burkholderia - Caballeronia - Paraburkholderia*)、慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*) 与 pH 值、EC 值、TOC、 NO_3^- 和 SO_4^{2-} 含量呈现显著的相关性; 重金属因子与细菌优势属无显著相关性 (图 4B)。

对不同 SO_4^{2-} 含量的茶园土壤细菌群落进行 PCoA 分析, 结果如图 5A 所示。不同 SO_4^{2-} 含量茶园土壤的样品具有明显特异性, 群落组成按 SO_4^{2-} 含量分别聚类。三组样品之间差异明显, H 组和 L 组差异尤为明显。PCo1 解释了不同 SO_4^{2-} 含量土壤细菌群落结构差异的 33.7%, 而 PCo2 解释度为 13.4%。同样, 基于 ASVs 水平的非度量多维尺度分析 (NMDS) 结果 (图 5B) 显示三个群组之间差异较大 ($\text{Stress} < 0.2$)。

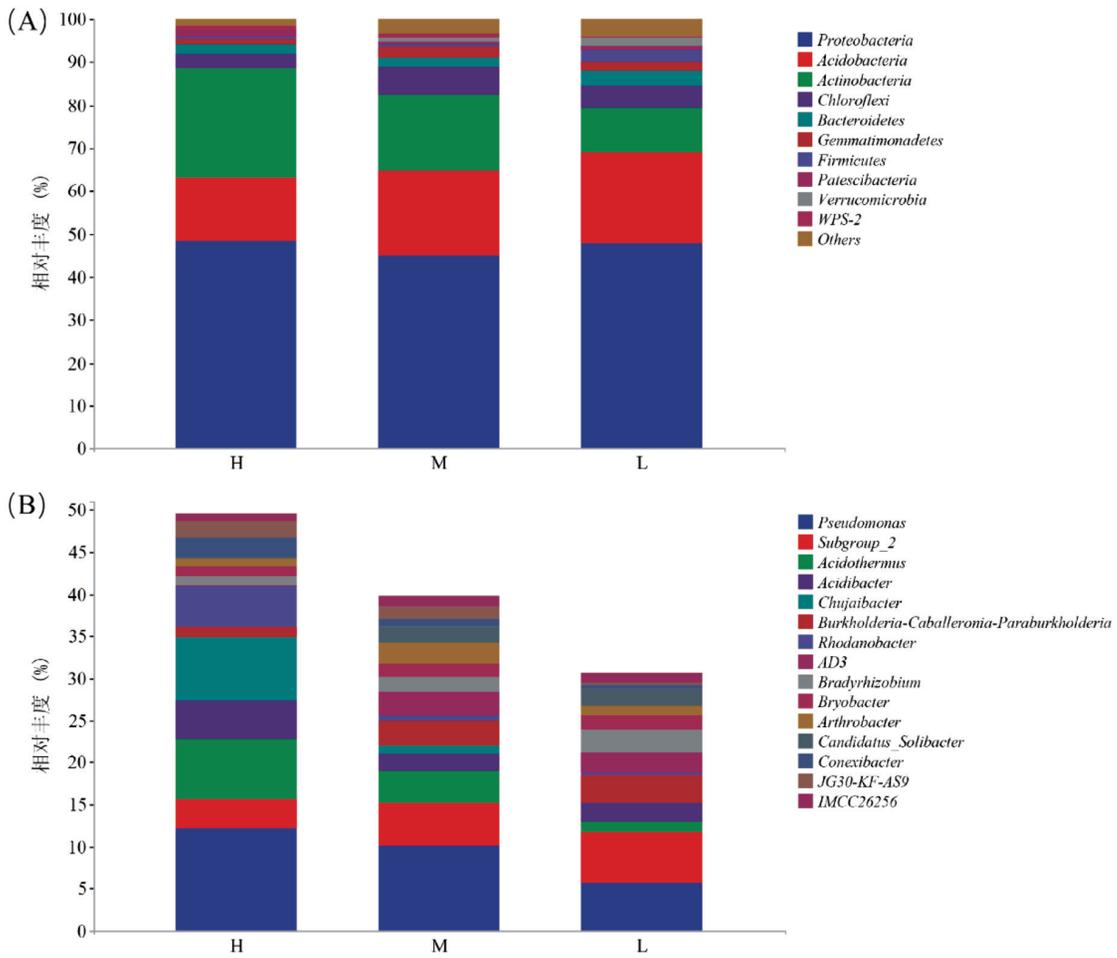


图2 茶园土壤细菌群落相对丰度前十的门的组成 (A) ;茶园土壤细菌群落相对丰度前五的属的组成 (B)

Fig. 2 Composition of the first abundance ten phylum of soil bacterial community in the tea garden (A), Composition of the first abundance fifteen phylum of soil bacterial community in the tea garden (B)

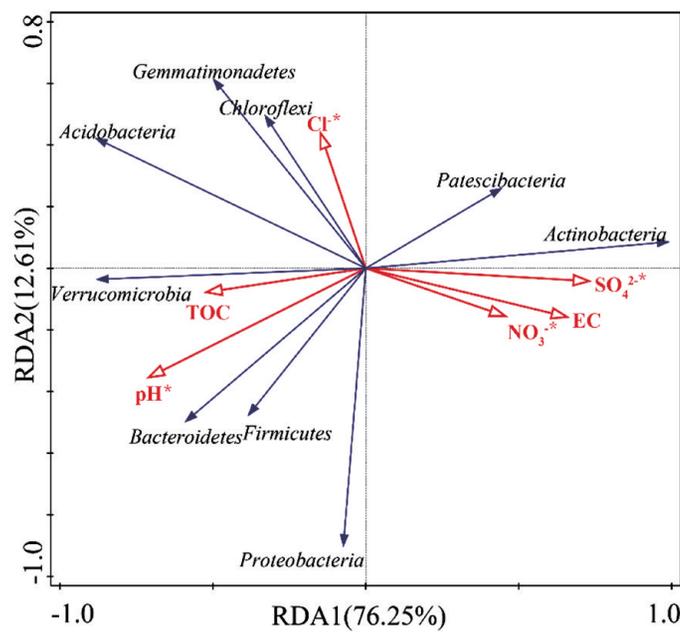


图3 茶园土壤细菌群落结构与环境因子之间的冗余分析 (RDA)

Fig. 3 Redundancy analysis(RDA)between soil bacterial community structure in the tea garden and environmental factors

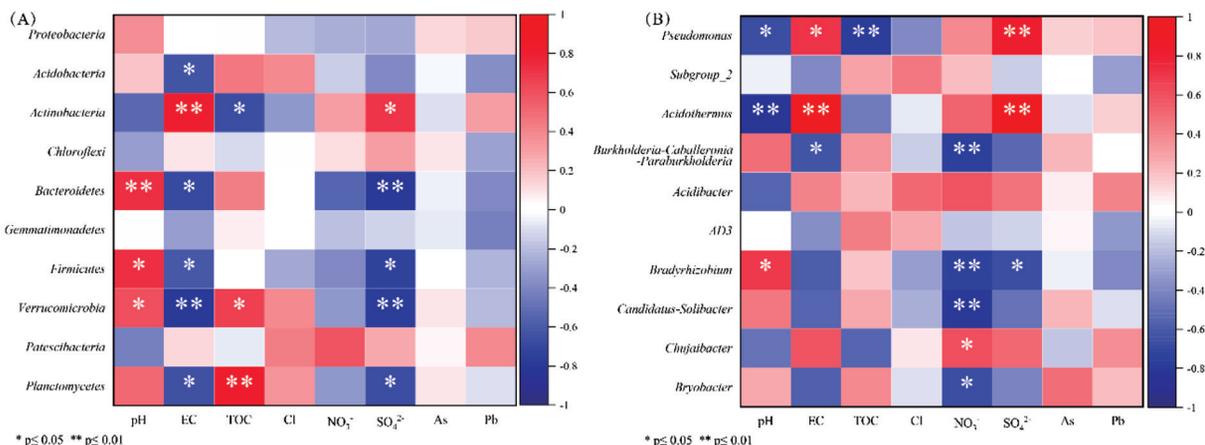


图 4 土壤理化性质与相对丰度前 10 的门的 Spearman 相关性热图 (A) ;
土壤理化性质与相对丰度前 10 的属的 Spearman 相关性热图 (B)

Fig. 4 Spearman correlation heat map of the first abundance ten phylum and soil physical and chemical property (A) ;
Spearman correlation heat map of the first abundance ten genus and soil physical and chemical property (B)

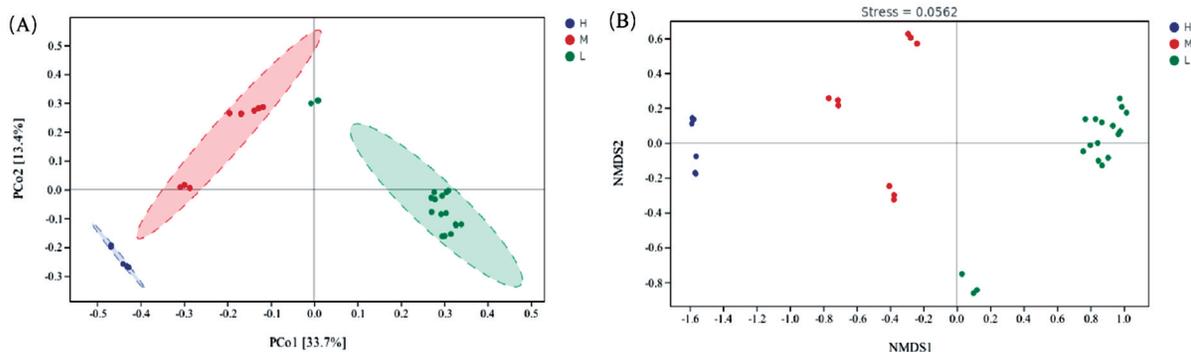


图 5 基于 Bray-Curtis 距离算法的土壤细菌群落 PCoA 分析图 (A) ;
基于 ASVs 水平的细菌群落 NMDS 分析 (B)

Fig. 5 PCoA analytical diagram of soil bacterial community based on Bray-Curtis distance algorithm (A) ;
NMDS analysis of bacterial community based on ASVs standard (B)

为了识别 SO_4^{2-} 作用下具有重要作用的土壤细菌群落的变化,对不同 SO_4^{2-} 含量的茶园土壤细菌群落组成进行 LEfSe 分析,寻找不同样本中的标志物种。使用 LDA 对数据降维,选择 LDA 值大于 4 的显著差异物种,并对选定的差异物种进行进化分支图展示 (图 6)。本研究运用 LEfSe 分析共获得 39 个标志物种,其中 H、M 和 L 组分别有 22、5 和 10 个。高硫酸盐土壤 (H) 的标志物种主要包括变形菌门和放线菌门中的一些物种,包括属于变形菌门的假单胞菌属、楸子岛杆菌属和罗河杆菌属 (*Rhodanobacter*) 等和属于放线菌门中的土壤红色杆形菌目 (*Solirubrobacterales*) 和热酸菌属等。中等硫酸盐土壤 (M) 的标志物种为绿弯菌门中的 AD3 类群。低硫酸盐土壤 (L) 的标志物种为厚壁菌门、酸杆菌门和 α 变形菌纲 (*Alphaproteobacteria*)、黏球菌目 (*Mycococcales*) 等。

本研究表明,茶园土壤细菌群落的 α 多样性随 SO_4^{2-} 含量的增加而降低。硝酸钾和硫酸铵等是农业生产中最常用的肥料,施加后会显著提高茶园土壤中的 NO_3^- 、 NH_4^+ 和 SO_4^{2-} 含量。茶园土壤细菌群落与土壤中碳、氮含量密切相关,有研究发现,随着硫肥用量的增加,土壤碱解氮的含量呈下降趋势 (董思奇 2021)。有研究表明,土质疏松、物理性能好、有效养分高的茶园土壤中微生物总量也较高 (邓欣等,2005)。

3.2 微生物对茶叶内重金属含量的影响

一些具有重金属耐性、抗性或对重金属产生特定响应的特异性微生物可以对植物内重金属积累产生重要影响。植物根际的特异性微生物可以提高可提取态重金属含量,增加重金属的生物有效

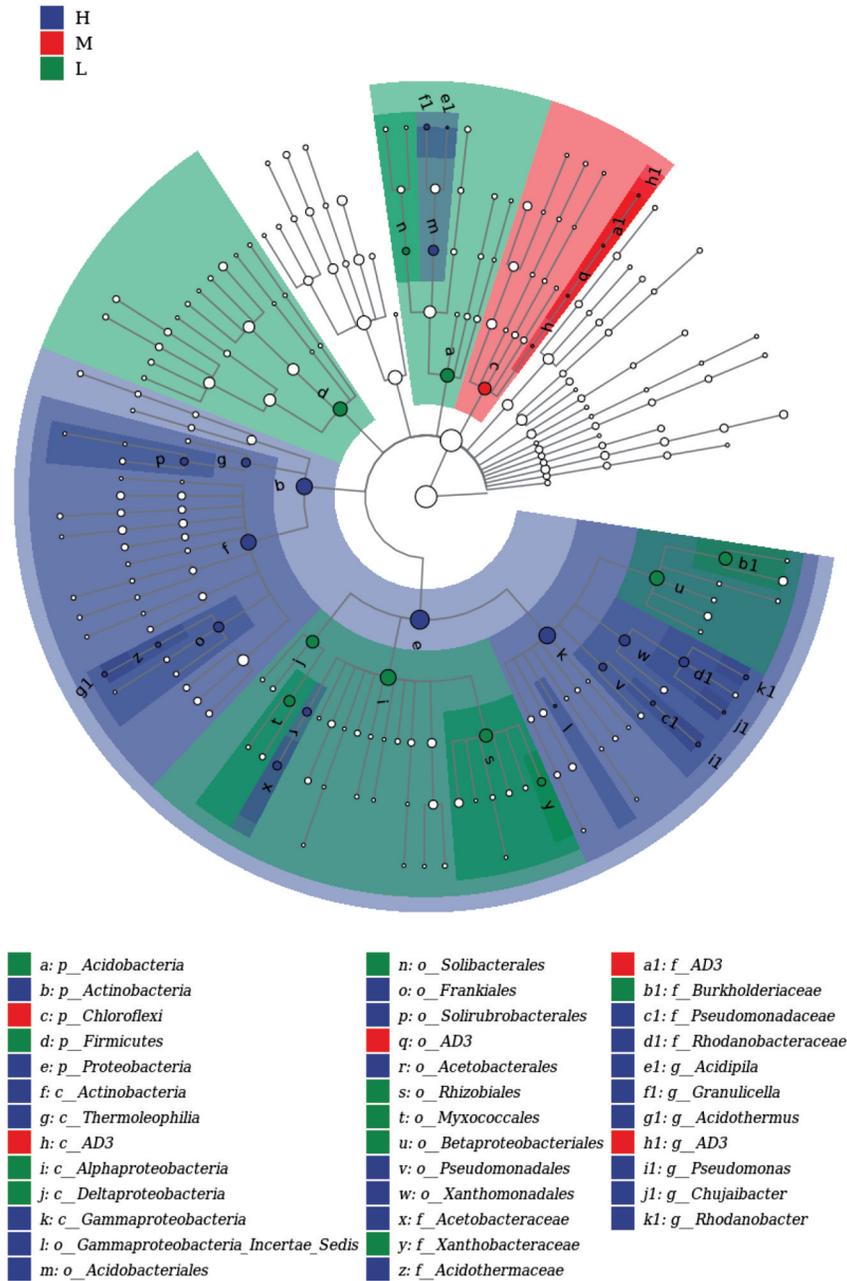


图6 茶园土壤细菌 LEfSe 分析进化分支图

Fig. 6 LEfSe analytical cladogram of tea garden soil bacteria

性(曾远等,2017)。有研究发现,从污染农田土壤分离出的芽孢杆菌和假单胞菌可以将可交换态 Pb 的含量提高 1.13 倍(Braud et al. 2006)。微生物还可以通过直接产生促进植物生长的有益物质,提高植物生物量,进而增加植物对土壤中重金属的吸收(Citterio et al. 2005)。特异性微生物可以增加非超富集植株对重金属的累积,如在特定微生物的诱导下,苜蓿生长状况更好,对 Pb 的吸收量增加 2.80 倍(López et al. 2005)。还有研究者从重金属污染的土壤中分离出具有 Cu 特异性

的菌株,这些菌株能够促进植物对 Cu 的吸收,使植物的地上部分 Cu 累积量增加 63%~125%。

本研究发现茶叶中重金属元素 Cd 和 Pb 与茶园土壤细菌类群有显著相关性,说明茶园土壤细菌中某些类群同样可以影响茶叶内元素的含量。假单胞菌属作为茶园土壤中相对丰度最高的属,与茶树嫩叶中 Cd 含量呈显著正相关。假单胞菌可以溶解重金属以氧化/还原过渡金属元素。在生物吸附方面,假单胞菌表面的鼠李糖脂作为生物表面活性剂,可以与 Zn、Pb 和 Cd 等重金属形成

络合物,导致复合重金属形态的形成(Fakhar et al. 2022)。此外,假单胞菌还可以通过金属硫蛋白固定有毒重金属。假单胞菌属可以被茶树从土壤中选择性富集,并在茶叶内成为优势类群,结合其重金属吸附能力,可能导致茶叶内 Cd 等重金属元素含量的升高。芽孢杆菌的细胞壁中具有磷壁酸和羧基等与肽聚糖层相关的潜在活性化学吸附位点,是一种优秀的生物吸附剂(Mosa et al. 2016)。同时,芽孢杆菌细胞壁中甲壳素的含量也很高,甲壳素同样是一种有效的生物吸附剂。一些芽孢杆菌物种,如枯草芽孢杆菌等,可以产生生物表面活性剂,与重金属形成络合物,降低重金

属的生物有效性(Fakhar et al. 2022)。芽孢杆菌属分布于土壤环境,同时也是农业中得到广泛应用的微生物类群。本研究对茶叶内元素含量和茶园土壤细菌群落相对丰度前十的属及芽孢杆菌属进行 Spearman 相关性分析,结果如图 7 所示。茶树嫩叶中的 Cd 含量与假单胞菌属、热酸菌属呈显著正相关,与慢生根瘤菌属和芽孢杆菌属呈显著负相关(图 7A)。老叶中的 Cd、Pb 含量与芽孢杆菌属呈显著负相关(图 7B)。可见,茶树嫩叶中元素含量更易受到土壤细菌的影响,假单胞菌属、椴子岛杆菌属和芽孢杆菌属等细菌类群对茶叶重金属富集的影响不可忽视。

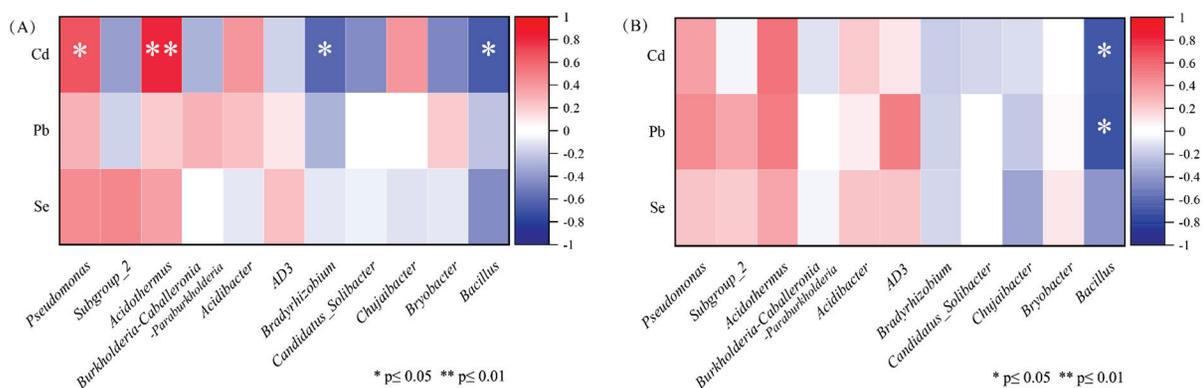


图 7 嫩叶元素含量与属水平细菌类群的 Spearman 相关性热图 (A); 老叶元素含量与属水平细菌类群的 Spearman 相关性热图 (B)

Fig. 7 Spearman correlation heat map of tender leaf element content and phylum level bacterial group (A); Spearman correlation heat map of old leaf element content and phylum level bacterial group (B)

在本研究中,芽孢杆菌属丰度较低,可能不会被茶树富集在体内,因此留存在土壤中的芽孢杆菌通过生物吸附作用降低重金属生物有效性,降低茶树从土壤中吸收重金属的量。Luo 等人对 5 种 Cd 超积累植物与根际微生物的互作进行研究后,发现 Cd 超积累植物根际共享一套核心微生物群落,且植物地上部分 Cd 积累量随核心微生物丰度的提高而增加(Luo et al. 2022)。可见,细菌类群对植物内重金属元素含量的影响广泛存在于自然界。

4 结论

(1) SO_4^{2-} 主导了目标茶园土壤细菌群落的变化。肥料的施加使 SO_4^{2-} 含量增加,降低茶园土壤细菌多样性,显著影响细菌群落结构。随着 SO_4^{2-} 含量的增加,酸杆菌门的相对丰度逐渐降低,而放线菌门的相对丰度逐渐增加。 SO_4^{2-} 含量对属水

平茶园土壤细菌群落组成影响较大,不同 SO_4^{2-} 含量的土壤属水平细菌群落组成差异明显。

(2) 假单胞菌属、椴子岛杆菌属和芽孢杆菌属等土壤细菌类群能够显著影响茶叶内重金属元素的含量,且嫩叶更易受到土壤细菌的影响。该结果为通过调控相关细菌类群丰度减少茶叶内重金属含量提供了理论依据。

[参考文献]

- 邓欣,谭济才,尹丽蓉,等. 2005. 不同茶园土壤微生物数量状况调查初报[J]. 茶叶通讯; 7-9.
- 曾远,罗立强. 2017. 土壤中特异性微生物与重金属相互作用机制与应用研究进展[J]. 岩矿测试, (36): 209-221.
- 董思奇. 2021. 硫肥施用对玉米田土壤养分及根际微生物的影响[D]. 吉林农业大学.
- 张德明,骆珊,彭成龙,等. 2021. 贵州省毕节市耕地土壤元素含量特征与质量评价[J]. 贵州地质, 38(04): 472-479.
- Abdu, N., Abdullahi, A. A. and Abdulkadir, A. 2017. Heavy metals and soil microbes [J]. Environmental Chemistry Letters 15 (1), 65-84.

- Belzile, N., Chen, Y.-W., Cai, M.-F., et al. 2004. A review on pyrrhotite oxidation[J]. *Journal of Geochemical Exploration* 84(2), 65–76.
- Braud, A., Jézéquel, K., Vieille, E., et al. 2006. Changes in Extractability of Cr and Pb in a Polycontaminated Soil After Bioaugmentation With Microbial Producers of Biosurfactants, Organic Acids and Siderophores[J]. *Water, Air, & Soil Pollution: Focus* 6(3), 261–279.
- Citterio, S., Prato, N., Fumagalli, P., et al. 2005. The arbuscular mycorrhizal fungus *Glomus mosseae* induces growth and metal accumulation changes in *Cannabis sativa* L[J]. *Chemosphere* 59(1), 21–29.
- Fakhar A, Gul B, Gurmani A R, et al. 2022. Heavy metal remediation and resistance mechanism of *Aeromonas*, *Bacillus*, and *Pseudomonas*: A review[J]. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 52): 1868–1914.
- Faramarzi, M. A., Brandl, H. 2006. Formation of water-soluble metal cyanide complexes from solid minerals by *Pseudomonas plecoglossicida*[J]. *FEMS microbiology letters* 259(1), 47–52.
- López M L, Peralta-Videa J R, Benitez T, et al. 2005. Enhancement of lead uptake by alfalfa (*Medicago sativa*) using EDTA and a plant growth promoter[J]. *Chemosphere*, 61): 595–598.
- Luo, J., Gu, S., Guo, X., et al. 2022. Core Microbiota in the Rhizosphere of Heavy Metal Accumulators and Its Contribution to Plant Performance [J]. *Environ Sci Technol* 56(18), 12975–12987.
- Mosa, K. A., Saadoun, I., Kumar, K., et al. 2016. Potential Biotechnological Strategies for the Cleanup of Heavy Metals and Metalloids [J]. *Front Plant Sci* 7, 303.
- Reith, F., Lengke, M. F., Falconer, D., et al. 2007. The geomicrobiology of gold[J]. *The ISME journal* 1(7), 567–84.
- Rhine, E. D., Garcia - Dominguez, E., Phelps, C. D., et al. 2005. Environmental Microbes Can Speciate and Cycle Arsenic. [J] *Environmental Science & Technology* 39(24), 9569–9573.
- Xu, Z., Woodhouse, J. N., Te, S. H., et al. 2018. Seasonal variation in the bacterial community composition of a large estuarine reservoir and response to cyanobacterial proliferation [J]. *Chemosphere* 202, 576–585.

Sensitivity Analysis of Soil Bacterial Community in the Tea Garden of Zheng' an County, Guizhou Province

LIANG Xia¹, LI Ze-xuan², FU Ying-ying¹, YANG Kang², FAN Shuang¹,
WANG Xing-xing², TANG Xiao-ling¹

(1. No. 106 Geological Party, Guizhou Bureau of Geology and Mineral Resources
Development, Zunyi 563000, Guizhou, China

2. School of Environmental Studies, China University of Geosciences (Wuhan), Huhan 430074, Hubei, China)

[Abstract] In this study, soil and tea tree samples from two tea gardens in Zheng' an County were examined to investigate the reasons affecting the elemental content of tea. The 16S rRNA gene high-throughput sequencing technology was utilized to analyze the structure of soil bacterial community in the tea plantations, and combined with the physical and chemical properties of the soil to investigate the main environmental factors affecting the soil bacterial community in the tea plantations. The results were as follows: 1. SO_4^{2-} was the main factor affecting the soil bacterial community in the tea plantation. Redundancy analysis of soil bacterial community structure and SO_4^{2-} content in tea plantations showed that SO_4^{2-} had a significant effect on the composition of soil bacterial communities in tea plantations ($p < 0.05$). 2. Heavy metal content within tea leaves was influenced by bacterial taxa. Young tea leaves were more susceptible to soil bacteria, *Pseudomonas* spp, *Thermoacidophilus* spp, Subgroup_2, Rowan Island *Bacillus* spp (Chujaibacter) and *Bacillus* spp. had a significant effect on the heavy metal content of young leaves. It provides a new judgment basis for tea quality testing and a new research idea to reduce the content of heavy metal elements in tea leaves by adjusting the structure of soil bacterial community in tea plantations through SO_4^{2-} .

[Key Words] Soil; Tea plants; Microorganism