

新乡市获嘉县传统耕作区农田土壤微生物群落结构和多样性研究

张昆, 苏婷, 李书粉, 高武军, 邵云

(河南师范大学 生命科学学院, 河南 新乡 453007)

摘要:新乡地区是河南省重要的粮食产区,其农田土壤微生物的群落结构和多样性目前仍不清楚.以新乡市获嘉县长期免耕和传统耕作的农田土壤为材料,测定其土壤理化特征,并且采用高通量测序技术分析其土壤微生物的群落特征.结果显示,该区域农田土壤的基本理化性质为:含水量 9.37%~13.39%,pH 值 8.55~8.65,全氮和全磷质量分数分别为 0.91~0.96 mg/g 和 4.06~5.34 mg/g.土壤中优势细菌菌群为变形菌门(~30%)、浮霉菌门(~20%)、酸杆菌门(~16%)和放线菌门(~8%),优势真菌菌群为子囊菌门的粪壳菌纲(~50%)、散囊菌纲(3%~10%)和座囊菌纲(~10%).免耕处理的土壤微生物丰富度和多样性要高于常规耕作的土壤微生物,而且轮作处理的土壤微生物数量要高于同等条件下单一种植模式的对照处理.本研究有助于了解该地区不同种植模式下的土壤微生物群落结构,可为进一步改良土壤和防治土传病害提供理论依据.

关键词:新乡地区;农田土壤;土壤微生物群落

中图分类号:Q938.1

文献标志码:A

农田土壤微生物是农田土壤的重要组成部分,在维持生态系统结构与功能稳定过程中发挥着重要作用.近年来大量研究证明,由于耕作方法、作物种类和种植年限等的不同可以导致土壤微生物群落结构和多样性的不同,而土壤微生物的变化对作物病害尤其是土传病害影响较大,可以通过改善土壤微生态环境抑制病害的发生^[1-2].因此,从理论上阐明不同耕作方式以及不同作物与土壤之间的互动机制是构建新型种植模式、改善土壤质量和提升粮食产量的基础依据.

河南地区是我国粮食的主产区,其主要的种植方式采用小麦-玉米轮作制度.但是目前该区域农田负荷几乎达到极限,常规种植模式的更换难以持续提高粮食产量或长期保持粮食的高产水平.另外,对农田土壤微生物群落和多样性的研究,有助于探讨土壤微生物的种类和数量变化的生态学意义和潜在的生态风险,可以通过施肥、耕作和喷施农药等各种农业措施调整土壤微生物的种类及数量,提高土壤生态肥力,改善农田土壤生态系统的结构和功能,促进农田生态系统的良性循环,从而为农业生产和农田生态环境的科学管理提供依据.黄进勇等^[3]通过 PCR-DGGE 技术发现郑州市郊区农田的细菌群落随小麦的生长多样性逐渐增加,在收获期逐渐回落.但是受制于技术的限制,该研究并不能对稀有细菌群落进行分析.褚海燕等^[4]对我国小麦主产区华北平原麦田 250 个土壤样品分析后发现放线菌、酸杆菌和 α -变形菌是华北平原小麦土壤细菌群落中的优势菌门.这些研究有助于了解不同地区农田的细菌群落结构,但是对新乡地区农田土壤微生物种群构成的精细研究仍未见报道.

本研究以河南省新乡市(华北平原南部)为研究区域,利用高通量测序技术开展农田土壤微生物群落结构和多样性的研究,比较不同种植模式下土壤微生物种类的差异,为构建河南地区或者华北平原南部主要粮食作物新型种植模式与调控途径提供理论依据.

收稿日期:2017-10-10;**修回日期:**2018-10-01.

基金项目:国家重点研发计划粮食丰产增效科技创新重点专项(2016YFD0300203-3);河南师范大学博士科研启动经费(5101049170 167);河南师范大学青年科学基金(2015QK18);河南省高等学校重点科研项目(17A180028).

作者简介:张昆(1986-),男,河南汝州人,河南师范大学讲师,博士,研究方向为微生物分子遗传学与土壤微生物生态学.

通信作者:邵云,河南师范大学教授,博士,E-mail: shaoyun73@126.com.

1 材料与方法

1.1 土壤样品采集

土壤样品从河南省新乡市获嘉县照镜乡西彰仪村(N35°17'47.03",E113°39'46.71")采集,时间为2016年9月下旬,土壤类型属于轻质潮土。

本研究所用的农田取样小区的设置如下:一种是采用常规的耕作方式,种植模式为冬小麦-花生轮作(CT-P),以单种小麦作为对照(CT-N);另一种是采用免耕法,种植模式为冬小麦-夏玉米(NT-C),以单种小麦作为对照(NT-N).在垂直剖面上按照20 cm深度采集土壤样品,不同处理的样品每个样品取3个重复(每个重复样品取5个样点等量混合),每个样点在10 m×6 m的范围内取样,且取样点距离边界2 m以上.采集的样品分别装入无菌封口塑料袋中,用于土壤的理化性质测定和微生物基因组DNA的提取.采样结束后,所有样品放入隔热容器中,用冰盒运送至实验室于-20℃保存。

1.2 土壤含水量及氮磷含量测定

将土壤样品进行预处理后利用0.5 mm的筛子将杂质或者大的颗粒去除.样品含水量的测定方法:将土壤样品在105℃干燥24 h后,称量干燥前后的重量,烘干前后样品重量损失的差值与烘干前重量的百分比即为土壤样品的含水量。

样品pH值的测定方法:称取10 g风干土壤样品置于锥形瓶中,加入25 mL的超纯水,震荡5 min后放置20 min,即可将pH计插入锥形瓶中进行测量。

土壤全氮和磷的测定采用AA3连续流动分析仪(德国SEAL Analytical公司)测定^[5]。

1.3 土壤微生物种群结构高通量测序及数据分析

从样本中提取基因组DNA后,用带有barcode的特异引物扩增16S rDNA的V3+V4区和ITS rDNA的ITS2区.V3+V4区的引物序列为341F: CCTAYGGGRBGCASCAG, 806R: GGACTACNNGGG-TATCTAAT.ITS2区的扩增引物为F: GCATCGATGAAGAACGCAGC, R: ATATGTAGGAT-GAAGAACGYAGYRAA.然后进行PCR扩增,产物切胶回收,用QuantiFluor™荧光计进行定量.将纯化的扩增产物进行等量混合,连接测序接头,构建测序文库,利用HiSeq2500 PE250上机进行测序,由广州基迪奥生物科技有限公司完成。

根据PCR扩增引物序列,从下机数据(raw data)中过滤低质量数据得到Clean reads进行拼接.利用Mothur(v.1.34.0)软件包^[6]对Tags序列进行去冗余处理.然后利用rdp classifier^[7]工具根据分类数据库GreenGenes(version 20101006)^[8]对unique tag进行物种注释和OTU(Operating Taxonomic Unit)聚类,以97%的相似度为标准计算OTU数量.利用OTU数量计算每个样品的α多样性,包括Chao1值、ACE值、Shannon指数和Simpson指数^[9].最后,通过LEFse软件分析不同处理组之间的差异菌群,找出各组间特异的主要菌群。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质

经过测定,发现采样点地区的土壤理化性质如表1所示,不同实验小区的土壤含水量明显不同,其中免耕模式的NT-N和NT-C样品的土壤含水量分别为9.37%±0.00和13.39%±0.00,常规耕作模式下CT-N和CT-P的土壤含水量为11.77%±0.00和13.38%±0.00.另外,该地区的土壤pH值均为8.60左右,为弱碱性土壤,土壤的全氮和全磷质量分数平均值分别为0.94 mg/g和4.65 mg/g.根据结果可以得出,不同种植模式和耕作方式下的土壤样品pH、全氮和全磷含量差异较小,相比之下,免耕处理的土壤样品的全磷含量要高于常规耕作。

2.2 不同处理的土壤样品细菌和真菌群落丰富度和多样性的变化

测序结果如表2所示,4个样品的细菌OTUs总共有128 522条,最多的是NT-C3样品,有13 099条,最少的是CT-N2样品,有9 148条.真菌OTUs总共有9 238条,最多的是NT-N1样品,有898条,最少的是

CT-P3 样品,有 577 条.以上结果说明土壤中细菌的数量要远多于真菌的数量;而且 NT-N 组的细菌和真菌 OTU 数量高于 CT-N 组的细菌和真菌 OTU 数量.NT-C 组与 CT-P 对比后也表现出相同的情况,这些结果说明免耕处理的土壤样品微生物群落数量略高于常规耕作的土壤微生物样品,而且轮作处理(CT-P 和 NT-C)的土壤微生物数量要高于同等条件下单一种植模式的对照处理(CT-N 和 NT-N).

表 1 不同实验处理组的土壤理化性质

Tab.1 Soil physical and chemical properties of different experimental treatment groups

项目	CT-N	CT-P	NT-N	NT-C
含水量	11.77%±0.00	13.38%±0.00	9.37%±0.00	13.39%±0.00
pH	8.55±0.08	8.63±0.02	8.65±0.04	8.57±0.11
全氮质量分数/(mg·g ⁻¹)	0.95±0.05	0.92±0.00	0.96±0.03	0.91±0.03
全磷质量分数/(mg·g ⁻¹)	4.06±0.16	4.25±0.30	4.93±0.22	5.34±0.40

为了测定和分析不同处理的土壤样品间的微生物多样性,利用每个土壤样品的 OTUs 值计算 α 多样性指数,其中 Chao1 值和 ACE 值可以估算群落的丰富度,其指数越高,丰富度也越高;Shannon 指数以及 Simpson 指数可以反映群落的多样性,Shannon 指数越大,Simpson 指数越接近于 0,则表示该样品中的物种多样性越高.由表 2 可知,在群落丰富度方面,无论是细菌还是真菌的 Chao1 值和 ACE 值,NT-C 组显著高于 NT-N 组,CT-P 组显著高于 CT-N 组,而且 NT-N 组的 Chao1 值和 ACE 值略高于 CT-N 组.在多样性方面,这 4 组的细菌 Shannon 指数平均值分别为 7.93、7.84、8.01 和 8.02,Simpson 指数均在 0.001 0 左右;真菌 Shannon 指数和 Simpson 指数表现出与真菌 Chao1 值和 ACE 值相同的趋势.结合以上结果,可以发现轮作的土壤微生物丰富度和多样性高于单一作物种植模式,而且免耕对土壤微生物丰富度和多样性的影响高于常规耕作.

表 2 不同实验处理组的土壤细菌和真菌群落丰富度和多样性指数

Tab.2 Richness and diversity indexes of soil bacterial and fungal communities in different experimental treatment groups

样品	OTUs		Chao1 值		ACE 值		Shannon 指数		Simpson 指数	
	16S	ITS	16S	ITS	16S	ITS	16S	ITS	16S	ITS
CT-N1	10 832	761	26 539.69	1 691.40	33 548.96	3 099.67	7.95	3.44	0.001 1	0.086 2
CT-N2	9 148	737	20 464.02	1 800.48	25 563.78	3 048.32	7.93	3.74	0.001 0	0.048 2
CT-N3	9 444	810	21 151.96	1 757.57	26 543.16	2 943.97	7.92	3.90	0.001 1	0.038 3
CT-P1	13 050	838	36 197.57	2 266.99	51 593.29	4 652.67	8.04	4.10	0.001 1	0.031 3
CT-P2	9 293	654	28 222.53	1 584.08	39 476.68	2 603.86	7.69	3.90	0.001 2	0.033
CT-P3	9 869	577	29 328.73	1 479.17	38 508.65	2 525.87	7.80	3.76	0.001 0	0.053 3
NT-N1	10 186	898	21 733.57	2 039.08	27 076.01	3 331.47	8.07	4.05	0.000 8	0.050 5
NT-N2	10 099	806	22 342.27	2 015.78	28 560.74	3 779.78	8.03	3.93	0.000 9	0.051 3
NT-N3	10 289	729	23 941.87	1 712.58	30 214.85	2 919.41	7.95	3.88	0.001 1	0.037 8
NT-C1	10 178	837	28 675.70	1 837.25	40 671.32	3 192.23	7.80	3.86	0.001 4	0.059 3
NT-C2	13 035	813	37 855.79	2 485.34	50 974.26	6 184.12	8.02	4.25	0.001 0	0.025 8
NT-C3	13 099	778	30 709.03	2 027.88	42 803.58	3 712.97	8.22	4.26	0.000 8	0.024 4

2.3 不同耕作和种植模式下的土壤微生物群落门类组成

从门的分类水平看,该地区土壤样本中主要检测出细菌 9 个门,分别为变形菌门(Proteobacteria)、浮霉菌门(Planctomycetes)、酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)、疣微菌门(Verrucomicrobia)和绿弯菌门(Chloroflexi).其中,该农田土壤的优势细菌菌群是变形菌门(~30%)、浮霉菌门(~18%)、酸杆菌门(~14%)和放线菌门(~8%),这 4 种优势菌的含量均在 70%左右,并且在不同处理的样品之间没有明显的差异.其中以变形菌门的比例最高,若进一步分类的话, α -proteobacteria 的比例最高,约占变形菌门的 50%~

70%, β -proteobacteria, γ -proteobacteria 和 δ -proteobacteria 的比例则为 30%~50%。

从农田土壤中鉴定得到的主要真菌种类来自子囊菌门(Ascomycota),占真菌群落的 96%,为优势真菌菌群。相比之下,属于担子菌门(Basidiomycota)的真菌种类较少,比例约为 0.06%~11%。如果进一步区分的话,属于子囊菌门的粪壳菌纲(Sordariomycetes)的比例占总真菌数量的 50%以上。散囊菌纲(Eurotiomycetes)和座囊菌纲(Dothideomycetes)的比例分别为 3%~10%和 10%左右(图未显示)。银耳纲(Tremellomyces)、伞菌纲(Agaricomycetes)和锤舌菌纲(Leotiomyces)等其他菌群的含量相对较少。

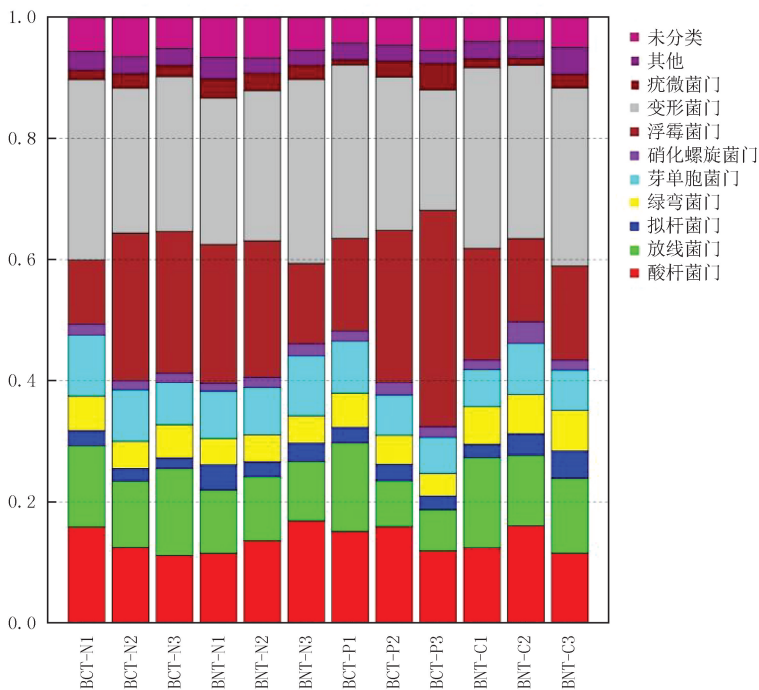


图 1 不同实验处理组的土壤细菌在门水平上的丰度分布

Fig.1 Abundance distribution of soil bacteria at phylum level in different experimental treatment groups

2.4 不同处理的土壤样品间差异微生物种类分析

为了寻找不同处理土壤样品之间的差异微生物菌群,利用 LEFse 软件进行分析。将 CT-N 和 NT-N 进行对比,根据 LDA 值的大小,选取显著差异的 7 个细菌类群,结果如图 2 所示,NT-N 组的优势细菌菌群有疣微菌科(Verrucomicrobiaceae),鞘脂单胞菌目(Sphingomonadales),噬纤维菌纲(cytophagales)等,CT-N 组的优势细菌菌群有放线菌门(Actinobacteria),热微菌目(Thermoleophilia),红色杆菌目(Rhodospirillales)等;此外,NT-N 组优势真菌菌群主要有 Colletotrichum, Plectosphaerellaceae, Hypocreomycetidae 等,CT-N 组的优势真菌有 Trichocomaceae, Eurotiales, Talaromyces 等(见表 3)。其他组比较后的优势菌群如表 3 所示(仅显示前 3 种)。

表 3 不同处理组的差异细菌和真菌种类

Tab.3 Different bacterial and fungal species in different treatment groups

组	样品	差异细菌种类	差异真菌种类
1	CT-N	Actinobacteria, Rhodospirillales, Thermoleophilia	Trichocomaceae, Eurotiales, Talaromyces
	NT-N	Verrucomicrobiales, Sphingomonadales, Cytophagales	Colletotrichum, Plectosphaerellaceae, Hypocreomycetidae
2	CT-N	Firmicutes, Acidobacteria, Chloroflexi	Zopfiella, Penicillium, Magnaportheaceae
	CT-P	Phycisphaerae, Xanthomonadales, Planctomycetes	Dothideomycetes, Mycoarthritis, Stigmina
3	NT-N	Gemmatimonadetes, Verrucomicrobiales, Burkholderiales	Zopfiella, Hypocreomycetidae,
	NT-C	Actinobacteria, Rhodospirillales, Chloroflexi	Eurotiomycetes, Trichocomaceae, Xylariales

3 讨论

不同耕作方式和种植模式对土壤微生物群落结构和多样性有重要的影响^[10]。本研究的结果表明,与单一种植方式相比,轮作处理更有利于维持土壤微生物的丰富度和多样性^[11-12]。此外,免耕处理后的土壤微生物多样性要高于常规种植的土壤微生物群落,这与先前研究结论一致。Lupwayi 等^[13]报告免耕土壤中的微生物

物多样性和生物量均高于传统耕作后的土壤,其原因是传统耕作会导致土壤团聚体的分裂和表层土壤中有机的消耗,而少耕或者免耕有利于形成大的团聚体,大团聚体中的微生物生物量比小团聚体高,因此有利于增加微生物多样性.其次,土壤类型、有机质组成、pH 与植被也能够影响土壤微生物群落结构^[14].本研究发现,新乡地区农田土壤的优势细菌菌群为变形菌门、浮霉菌门、酸杆菌门和放线菌门.刘俊杰等^[15]在东北平原的黑土农田中发现土壤细菌的主要类群为酸杆菌、放线菌和变形菌等.此外,李晨华等^[16]发现变形菌和放线菌在灰漠土农田表层土壤(0~20 cm)中相对丰度较高,其中 α -proteobacteria 在表层土中最为丰富,并且放线菌随土壤深度增加而减少,而变形菌的丰度则随土壤深度而增加.主要原因在于变形菌为偏好高 pH 的微生物,本研究取样的土壤 pH 均在 8.5 以上,因此有利于变形菌门细菌的生长.而放线菌偏好有氧环境,表层土壤能够与氧气充分接触,因此有利于放线菌的生长.

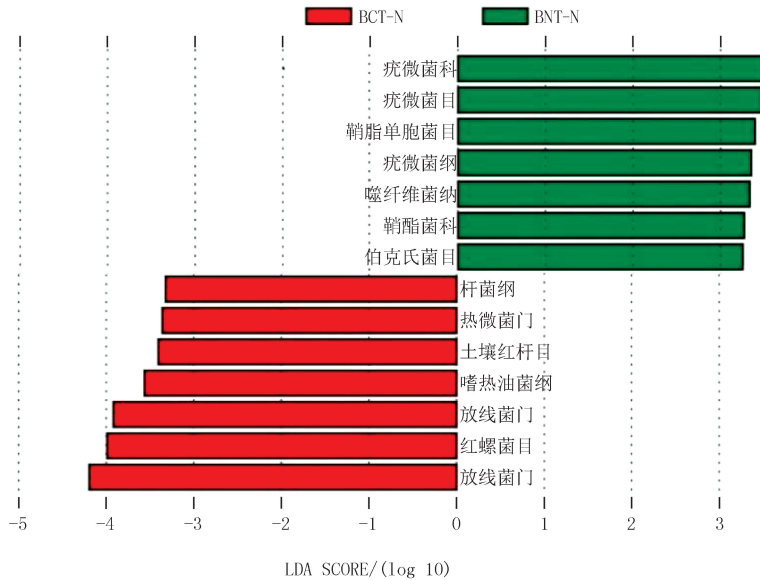


图2 CT-N和NT-N组细菌种类的LEFse差异分析图

Fig.2 Difference analysis of bacterial species in CT-N and NT-N groups using LEFse

已有研究发现,富营养细菌如 Proteobacteria 和 Bacteroidetes 的相对丰度随施氮量增加而上升,而寡营养细菌如酸杆菌却表现出下降的趋势^[17].刘俊杰等^[18]对我国东北旱地黑土农田细菌群落结构研究发现,酸杆菌门细菌相对丰度平均为 24.11%,为黑土农田中第二大细菌类群,仅次于变形菌门细菌(29.93%).黑土农田中酸杆菌相对丰度与土壤 pH 值没有显著的相关关系.在本研究中由于土壤含氮量和 pH 值较为接近,因此酸杆菌在不同的耕作方式和种植模式下并没有明显的差异.其次,刘俊杰等^[15,18]的研究结果还揭示黑土中的优势真菌菌群为子囊菌门、担子菌门和接合菌门,其比例为 12.38%~47.55%,2.91%~59.97%和 3.78%~9.08%,相比之下,本研究中土壤的优势真菌为子囊菌,与黑土中的土壤真菌种类的丰度差别较大.此外,本研究发现在各种类型的土壤样品中均存在致病性尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum*)的遗传信息,它是一类即可侵染植物又可在土壤内生存的兼性寄生真菌,可引起豆科、棉花和茄科等 100 多种植物的枯萎病,对农业生产造成极大的危害,因此应该利用多种手段对该真菌进行提前防治^[19-20].

参 考 文 献

- [1] 周桔,雷霆.土壤微生物多样性影响因素及研究方法的现状与展望[J].生物多样性,2007,15(3):306-311.
- [2] 张薇,魏海雷,高洪文,等.土壤微生物多样性及其环境影响因子研究进展[J].生态学杂志,2005,24(11):48-52.
- [3] 黄进勇,岳彩鹏,周伟.麦田土壤细菌群落 16S rDNA V3 片段 PCR 产物的 DGGE 分析[J].河南农业大学学报,2007,41(4):396-400.
- [4] 褚海燕,时玉,李云涛,等.我国华北平原麦田土壤微生物的空间分布规律[C].第八次全国土壤生物与生物化学学术研讨会暨第三次全国土壤健康学术研讨会论文摘要集,河源,2015.
- [5] 谢涛,郭小强.连续流动分析仪测定土壤中的氨氮[J].科技创新导报,2013(26):109-109.
- [6] Schloss P D, Westcott S L, Ryabin T, et al. Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for

- describing and comparing microbial communities[J]. *Appl Environ Microbiol*, 2009, 75(23): 7537-7541.
- [7] Wang Q, Garrity G M, Tiedje J M, et al. Nave Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy [J]. *Appl Environ Microbiol*, 2007, 73(16): 5261-5267.
- [8] Desantis T Z, Hugenholtz P, Larsen N, et al. Greengenes, a chimera-checked 16S rRNA gene database and workbench compatible with ARB[J]. *Appl Environ Microbiol*, 2006, 72(7): 5069-5072.
- [9] Paul F K, Josephine Y A. Bacterial diversity in aquatic and other environments: what 16S rDNA libraries can tell us[J]. *FEMS Microbiol Ecol*, 2010, 47(2): 161-177.
- [10] 樊晓刚, 金轲, 李兆君, 等. 不同施肥和耕作制度下土壤微生物多样性研究进展[J]. *植物营养与肥料学报*, 2010, 16(3): 744-751.
- [11] Feng Y, Motta A C, Reeves D W, et al. Soil microbial communities under conventional-till and no-till continuous cotton systems[J]. *Soil Biol Biochem*, 2003, 35(12): 1693-1703.
- [12] Venter Z S, Jacobs K, Hawkins H J. The impact of crop rotation on soil microbial diversity: A meta-analysis[J]. *Pedobiologia*, 2016, 59(4): 215-223.
- [13] Lupwayi N Z, Rice W A, Clayton G W. Soil microbial diversity and community structure under wheat as influenced by tillage and crop rotation[J]. *Soil Biol Biochem*, 1998, 30(13): 1733-1741.
- [14] Chu H, Fierer N, Lauber C L, et al. Soil bacterial diversity in the Arctic is not fundamentally different from that found in other biomes[J]. *Environ Microbiol*, 2010, 12(11): 2998-3006.
- [15] Liu J, Sui Y, Yu Z, et al. High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of northeast China[J]. *Soil Biol Biochem*, 2014, 70(2): 113-122.
- [16] 李晨华, 张彩霞, 唐立松, 等. 长期施肥土壤微生物群落的剖面变化及其与土壤性质的关系[J]. *微生物学报*, 2014, 54(3): 319-329.
- [17] Fierer N, Lauber C L, Ramirez K S, et al. Comparative metagenomic, phylogenetic and physiological analyses of soil microbial communities across nitrogen gradients[J]. *The ISME Journal*, 2012, 6(5): 1007-1017.
- [18] Liu J, Sui Y, Yu Z, et al. Soil carbon content drives the biogeographical distribution of fungal communities in the black soil zone of north-east China[J]. *Soil Biol Biochem*, 2015, 83: 29-39.
- [19] 叶旭红, 林先贵, 王一明. 尖孢镰刀菌致病相关因子及其分子生物学研究进展[J]. *应用与环境生物学报*, 2011, 17(5): 759-762.
- [20] 李志芳, 冯自力, 赵丽红, 等. 棉花主要真菌病害病原菌 ITS-RFLP 快速鉴定方法[J]. *中国棉花*, 2013, 40(12): 13-16.

Soil microbial community structure and diversity from farmland in traditional cultivation area of Huojia county, Xinxiang city

Zhang Kun, Su Ting, Li Shufen, Gao Wujun, Shao Yun

(College of Life Sciences, Henan Normal University, Xinxiang 453007, China)

Abstract: Xinxiang is an important grain producing area of Henan Province. However, the soil microbial community structure and diversity of this region still remain unclear. In this study, we collected the farmland soil samples under the long-term no tillage and conventional tillage methods in Huojia County, Xinxiang City. The soil physical and chemical characteristics were determined, and the community characteristics of soil microorganisms were analyzed by the high throughput sequencing technique. The results showed that the basic physical and chemical properties of the sampled soil were as follows: water content of 9.37%–13.39%, pH value of 8.55–8.65. Total nitrogen and total phosphorus content were 0.91–0.96 mg/g and 4.06–5.34 mg/g, respectively. The predominant bacteria groups in the soil were Proteobacteria (–30%), Planctomycetes (–20%), Acidobacteria (–16%) and Actinobacteria (–8%), and the predominant fungi species were Sordariomycetes (>50%), Eurotiomycetes (3%–10%) and Dothideomycetes (–10%). In addition, the microbial richness and diversity of soil samples under no tillage treatment were higher than those of conventional tillage. This study can contribute to understanding of the soil microbial community structure under different planting patterns, and provide a theoretical basis for further soil improvement and control of soil borne disease.

Keywords: Xinxiang district; farmland soil; soil microbial community