

污泥对土壤细菌群落组成和多样性的影响

黄 昆

柳州市污水处理有限责任公司, 广西 柳州

收稿日期: 2025年11月7日; 录用日期: 2025年12月10日; 发布日期: 2025年12月23日

摘 要

土壤细菌是土壤微生物群落的核心组成部分, 在维持土壤生态系统功能、促进养分循环和支撑植物健康等方面发挥着不可替代的作用。污泥对土壤细菌群落有重要影响。本研究比较污泥改良后的土壤中细菌群落的组成及其多样性的差异, 从菌群的角度分析污泥在土壤改良中的应用潜力。研究结果发现, 门水平上, 所有样品共注释到36个门的细菌。其中, 放线菌门(Actinobacteriota)的相对丰度最高($29.50\% \pm 3.37\%$), 其次为变形菌门(Proteobacteria) ($22.46\% \pm 6.82\%$)和酸杆菌门(Acidobacteriota) ($14.68\% \pm 4.53\%$), 再次为绿弯菌门(Chloroflexi) ($10.99\% \pm 4.27\%$)和厚壁菌门(Firmicutes) ($5.34\% \pm 0.97\%$)。污泥中放线菌门、厚壁菌门、髌骨细菌门(Patescibacteria)、WPS-2、黏细菌门(Myxococcota)的相对丰度有明显的组间差异, 表现为污泥土壤中放线菌门和黏细菌门的相对丰度高于对照样品, 但是厚壁菌门、髌骨细菌门和WPS-2的相对丰度显著低于对照样品。在科水平上, 所有样品共注释到440个科的细菌, 相对丰度排序前10位的科的相对丰度有明显的组间差异。污泥样品的多样性和丰富度明显高于对照样品 ($p < 0.05$), 表明污泥样品的细菌群落多样性水平较高。上述结果可能与污泥中的有机质的相对含量较高有关。

关键词

土壤细菌, 群落组成, 多样性, 污泥

Effect of Sewage Sludge on the Microbiota Community and Diversity of Soil

Kun Huang

Liuzhou Sewage Treatment Co., Ltd., Liuzhou Guangxi

Received: November 7, 2025; accepted: December 10, 2025; published: December 23, 2025

Abstract

Soil bacteria are a core component of the soil microbial community and play an irreplaceable role

文章引用: 黄昆. 污泥对土壤细菌群落组成和多样性的影响[J]. 环境保护前沿, 2025, 15(12): 1718-1726.
DOI: 10.12677/aep.2025.1512184

in maintaining soil ecosystem functions, promoting nutrient cycling, and supporting plant health. Sewage sludge has a significant impact on the soil bacterial community. This study compares the composition and diversity of bacterial communities in soil amended with sewage sludge and analyzes the potential of sludge application in soil improvement from a microbial perspective. The results showed that, at the phylum level, a total of 36 bacterial phyla were annotated across all samples. Among these, Actinobacteriota had the highest relative abundance ($29.50\% \pm 3.37\%$), followed by Proteobacteria ($22.46\% \pm 6.82\%$), Acidobacteriota ($14.68\% \pm 4.53\%$), Chloroflexi ($10.99\% \pm 4.27\%$), and Firmicutes ($5.34\% \pm 0.97\%$). Significant intergroup differences were observed in the relative abundances of Actinobacteriota, Firmicutes, Patescibacteria, WPS-2, and Myxococcota in the sludge-amended soil. Specifically, the relative abundances of Actinobacteriota and Myxococcota were higher in the sludge-amended soil than in the control samples, whereas the relative abundances of Firmicutes, Patescibacteria, and WPS-2 were significantly lower. At the family level, a total of 440 bacterial families were annotated across all samples, and the top 10 families with the highest relative abundances exhibited significant intergroup differences. The diversity and richness of the sludge-amended samples were significantly higher than those of the control samples ($p < 0.05$), indicating a higher level of bacterial community diversity in the sludge-amended soil. These findings may be attributed to the relatively higher content of organic matter in the sewage sludge.

Keywords

Soil Bacteria, Community Composition, Diversity, Sewage Sludge

Copyright © 2025 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

土壤细菌是土壤微生物群落的核心组成部分,在维持土壤生态系统功能、促进养分循环和支撑植物健康等方面发挥着不可替代的作用[1]。在不同生态系统和土地利用方式中,土壤细菌群落在门水平上表现出较高的保守性[2]。常见的优势菌门包括放线菌门、变形菌门、酸杆菌门、芽单胞菌门、拟杆菌门、浮霉菌门等[3]。土壤有机质含量对菌群的结构有重要影响[4][5]。在有机质含量较高的肥沃土壤中,通常拥有更高的细菌多样性,群落结构更稳定,功能菌群丰富,有助于土壤中各种生态过程(如养分循环、有机物分解)高效且协调运转;在有机质含量较低的贫瘠土壤中,细菌菌落的多样性降低,群落结构失衡,机会主义或耐受性菌群占主导,经常导致土壤生态系统功能衰退[6]-[8]。

污泥的主要成分包括水分、有机物、无机物和微生物等,污泥的成分会因其来源和处理方式的不同而有所差异[9][10]。例如,生活污水污泥通常含有较高的有机物和微生物,而工业废水污泥则可能含有较多的重金属和其他有害物质[11][12]。污泥可用于改善土壤肥力,在农业施肥和园林绿化上有重要的应用潜力[13][14]。污泥对土壤的细菌菌落结构和组成有重要影响[15][16]。污泥中的变形菌门,能快速利用简单的有机碳和营养物质,在污泥加入后其相对丰度往往会显著上升;而酸杆菌门和绿弯菌门等通常适应于低养分的稳定环境,污泥的加入可能会暂时降低它们的相对丰度,因为资源环境的突然改变使其竞争不过快速生长的富营养型细菌[17]。污泥中本身携带的微生物,包括一些放线菌门和厚壁菌门的细菌,可能增加降解复杂有机物(如烃类)的菌群[9][18]。本研究比较污泥改良后的耕地土壤中细菌群落的组成及其多样性的差异,从微生物的角度分析污泥在土壤改良中的应用潜力,为污泥绿色高效利用提供理论依据。

2. 材料与方法

2.1. 样品采集

研究地点位于广西柳州市柳北区沙塘镇(N109°25'41", E24°27'38"), 海拔高度为 112 m。该地为典型的亚热带季风气候, 年平均气温为 20.3℃~21.1℃, 年降雨量为 1387 mm~1955 mm; 根据降雨量, 全年可分为典型的旱季和雨季; 其中 4 月到 9 月为雨季, 期间的降水量占全年降雨量的 65%以上[19]。全年的降水和温度表现出雨热同期的典型特征。

试验所用土壤样品为丢荒废弃 1 年的有机种植蔬菜菜园土壤。该菜园利用市政污水处理公司排放污泥作为有机肥料来改良土壤, 供试的无害化污泥是由柳州市污水治理有限责任公司提供。2024 年 12 月, 随机采集 0~5 cm 深度的土壤样品 4 份, 将土壤放入无菌采样管中。同时在距离废弃菜园 20 m 的不使用污泥作为有机肥料的废弃菜地上采集对照样品 4 份, 每份样品采集 5~10 g。将收集到的土壤样品中的植物根系等剔除, 过 2 mm 土壤筛, 所获土壤样品存放于 50 mL 离心管, 存放至-80℃冰箱中备用。

2.2. 高通量测序

利用 E.Z.N.A.® Soil DNA Kit 试剂盒提取土壤菌群的 DNA 后, 采用通用引物(338F: 5'-ACTCCTACGGGAGGCGAGCAG-3'; 806R: 5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')对肠道菌群 16S rRNA 的 V3-V4 区进行 PCR 扩增(50 μL 体系)。在 Eppendorf 管中加入 5 μL 10 × PCR Buffer、1 μL dNTP、引物各 1 μL、1 μL Taq 酶、50 ng DNA, 混匀, 补充 ddH₂O 至 50 μL。PCR 扩增条件为: 95℃ 2 min; 95℃ 20 s, 50℃ 30 s, 72℃ 5 min, 30 个循环; 72℃ 10 min。使用 Quanti Fluor™-ST 蓝色荧光定量系统对 PCR 产物进行检测定量。根据荧光定量测定结果, 使用 NEXT FLEX Rapid DNA-Seq Kit 构建测序文库, 用 Illumina 公司的 Miseq PE 300 平台测序。高通量测序工作由上海美吉生物医药科技有限公司完成。

2.3. 数据处理与统计分析

获得原始序列后, 使用 Fastp 软件(<https://github.com/OpenGene/fastp>, version 0.19.6)对原始测序序列进行质控, 随后采用 Flash 软件拼接 PE reads。利用 QIIME 2 (<https://qiime2.org>)软件对拼接的序列进行优化, 去除错误和重复序列, 得到扩增子序列变体(Amplicon Sequence Variant, ASV)。把结果与 Silva138 数据库(<https://www.arb-silva.de/>)比对, 根据 ASV 序列聚类结果进行物种注释。根据 ASV 注释结果, 计算细菌群落物种组成及其相对丰度。不同分类阶元的相对丰度以平均值 ± 标准差表示。最后采用 mothur 软件(<http://www.mothur.org/wiki/Calculators>, version 1.30.2)分析样品的 α 多样性, 包括 Shannon 指数、Simpson 指数、Chao 指数和 ACE 指数。Shannon 和 Simpson 指数表示土壤细菌群落的物种多样性, Shannon 指数越大、Simpson 指数越小, 说明细菌群落的物种多样性越高。Chao 指数和 ACE 指数表示群落物种丰富度, 指数越高, 说明物种丰富度越高。

采用 Wilcoxon rank-sum test 方法比较不同样品分组土壤细菌群落的 α 多样性指数进行的均值差异。基于 Bray-curtis 距离算法, 采用主坐标分析(Principal Co-ordinates Analysis, PCoA)展示污泥和对照样品中土壤菌群群落结构差异, 并用置换多因素方差分析(Permutational MANOVA)获得细菌群落差异的解释度 R²。所有统计分析均为双尾检验, 显著性水平设为 0.05。分析在上海美吉生物医药科技有限公司云平台(<https://www.majorbio.com/>)上完成。

3. 研究结果

在门水平上, 所有样品共注释到 36 个门的细菌(图 1)。其中, 放线菌门(Actinobacteriota)的相对丰度最高(29.50% ± 3.37%), 其次为变形菌门(Proteobacteria) (22.46% ± 6.82%)和酸杆菌门(Acidobacteriota)

(14.68%±4.53%), 再次为绿弯菌门(*Chloroflexi*) (10.99%±4.27%)和厚壁菌门(*Firmicutes*) (5.34%±0.97%)。上述 5 个门类合计占总菌群的 82.95%(图 1)。然而, 不同样品的门水平组成有差异(图 2)。在相对丰度排名前 10 位的细菌门类中, 污泥中放线菌门、厚壁菌门、骺骨细菌门(*Patescibacteria*)、WPS-2、黏细菌门(*Myxococcota*)的相对丰度有明显的组间差异, 表现为污泥土壤中放线菌门和黏细菌门的相对丰度高于对照样品, 但是厚壁菌门、骺骨细菌门和 WPS-2 的相对丰度显著低于对照样品。

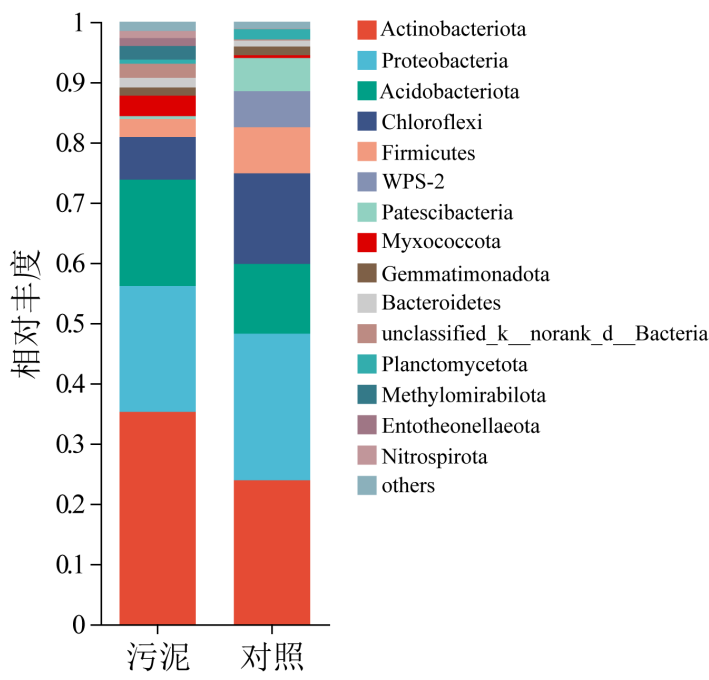


Figure 1. Relative abundance of microbiota from different soil samples at the phylum level
图 1. 不同样品中土壤菌群的相对丰度(门水平)

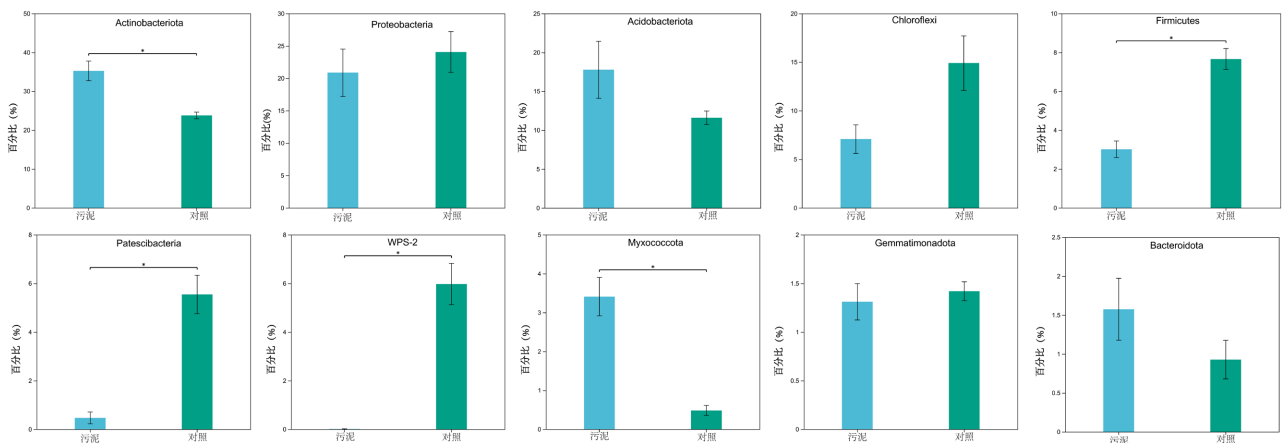


Figure 2. Comparisons for the relative abundance of microbiota from different soil samples at the phylum level
图 2. 不同样品中土壤菌群的相对丰度比较(门水平)

在科水平上, 所有样品共注释到 440 个科的细菌(图 3)。按相对丰度排序前 10 位的科分别是 *Sphingomonadaceae* (3.99%±1.33%)、*Vicinamibacteraceae* (3.31%±1.29%)、*norank_o__Vicinamibacterales* (3.19%±1.39%)、*Acidothermaceae* (3.19%±0.75%)、*norank_o__Gaiellales* (3.03%±1.98%)、*Bryobacteraceae*

($3.03\% \pm 0.40\%$)、norank_o_norank_c_norank_p_WPS-2 ($2.99\% \pm 0.89\%$)、Bacillaceae ($2.85\% \pm 0.46\%$)、JG30-KF-AS9 ($2.53\% \pm 1.23\%$)和 Solirubrobacteraceae ($2.31\% \pm 0.65\%$)。此外, 上述 10 个科的相对丰度有明显的组间差异(图 4)。

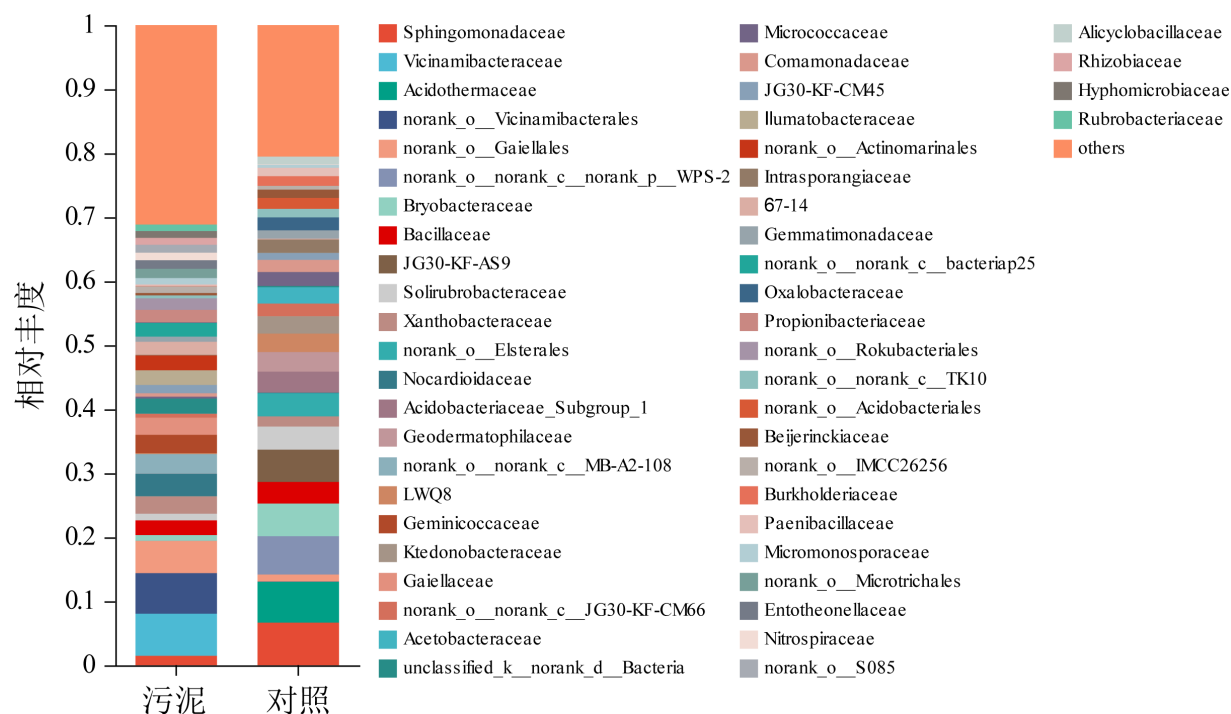


Figure 3. Relative abundance of microbiota from different soil samples at the family level

图 3. 不同样品中土壤菌群的相对丰度(科水平)

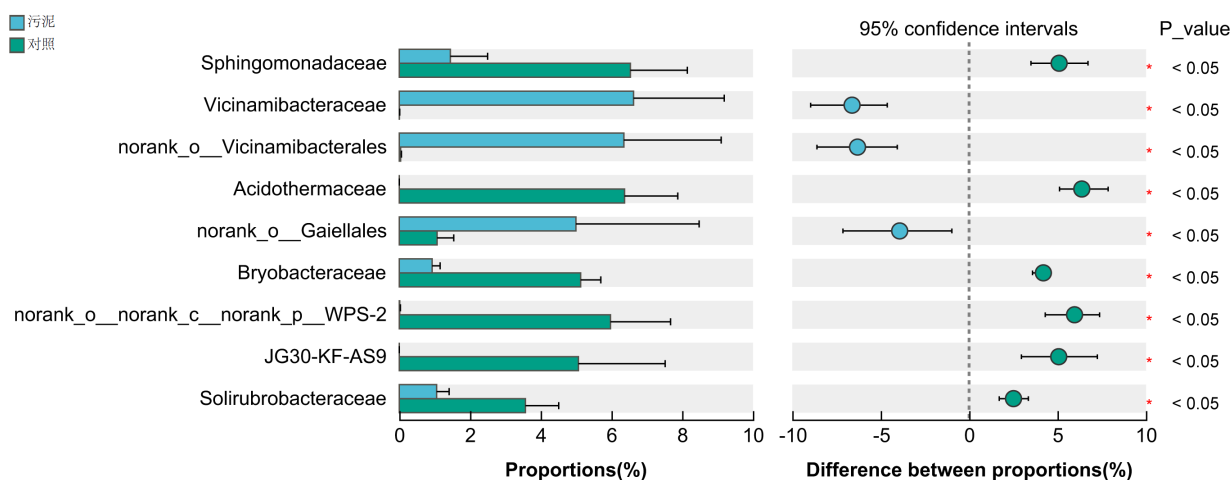


Figure 4. Comparisons for the relative abundance of microbiota from different soil samples at the family level

图 4. 不同样品中土壤菌群的相对丰度比较(科水平)

在 α 多样性方面, 污泥样品的多样性(Shannon 指数 Simpson 指数)和丰富度(Chao 指数和 ACE 指数)明显高于对照样品($p < 0.05$), 表明污泥样品的细菌群落多样性水平较高(图 5)。此外, β 多样性分析结果也表明, 污泥和对照样品中的细菌的结构有明显的组间差异(图 6)。

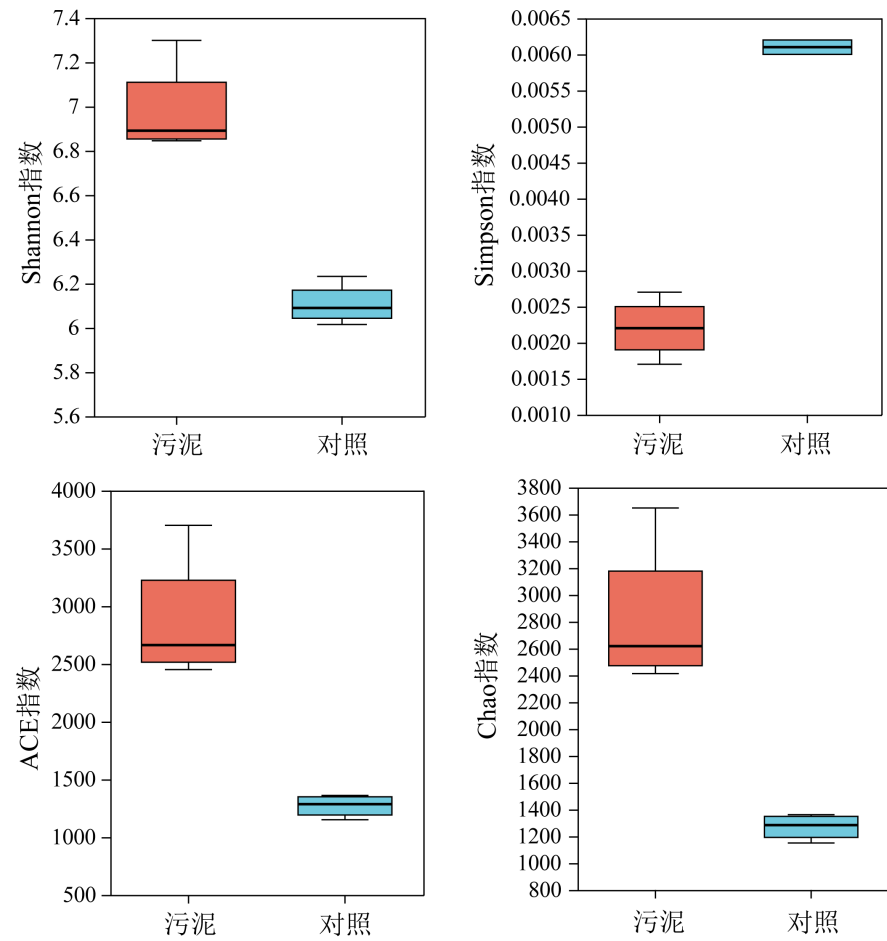


Figure 5. Comparisons for the alpha index of the microbiota from different soil samples
图 5. 不同样品中土壤菌群的 α 多样性比较

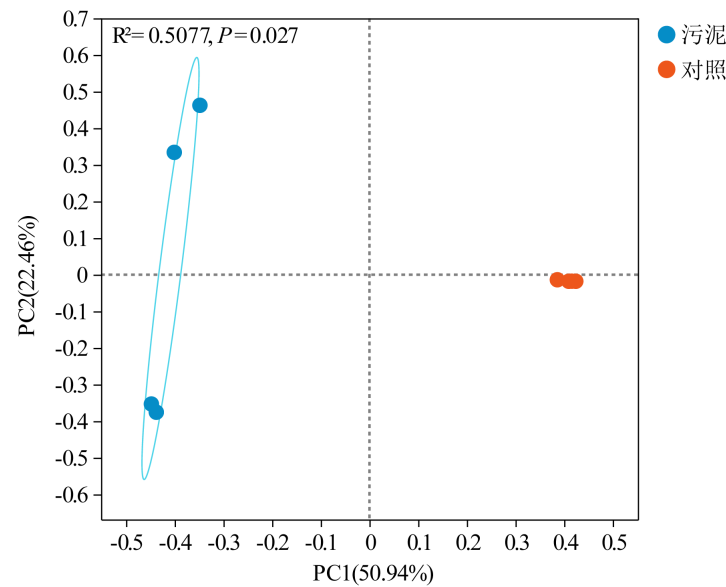


Figure 6. Differences in the community structure of microbiota from different soil samples, based on the Bray-curtis distance
图 6. 基于 Bray-curtis 距离的不同土壤细菌群落组成差异比较

4. 讨论

放线菌门和变形菌门在多种土壤类型中占主导地位,广泛分布于农田、森林和草原土壤中,参与碳、氮循环[1][2]。大多数研究结果相一致,本研究发现土壤中的细菌的主要细菌门类包括放线菌门、变形菌门和酸杆菌门等[20]。这些细菌种类普遍认为与土壤有机质分解并释放养分、提高土壤养分转化等功能有密切关系[2]。具体来说,放线菌门是细菌界的一个重要门类,广泛分布于自然环境土壤中,参与有机物分解(如纤维素降解)和物质循环[21]。变形菌门普遍认为可以参与土壤中碳、氮、磷等有效元素的循环,通过分解有机质和催化胞外酶活性,促进土壤养分的转化与释放[2]。酸杆菌门细菌具有降解纤维素、木质素等植物残体多聚物的能力,能加速土壤有机质的转化,推动碳循环,例如酸杆菌门可参与氮素的形态转化,从而大大提升了土壤中有效氮的利用效率[4]。然而,本研究发现污泥土壤中细菌门类的相对丰度与对照样品的门类相对丰度有区别,主要表现在污泥土壤中的放线菌门和黏细菌门的相对丰度高于对照样品。这可能与两个样品分组中的有机质的相对含量差异有关。一般来说,污泥土壤中的有机质含量高于普通土壤[12]。放线菌等细菌能很好地分解有机质,为细菌群落提供生存底物[21]。此外,污泥可能携带放线菌门细菌引入土壤,可能增加降解复杂有机物(如烃类)的菌群[16]。污泥可提供大量有机碳源,强烈刺激异养细菌的活性,加速土壤呼吸和有机质分解[22]。科水平上细菌相对丰度的差异也证实污泥中含有更多善于分解有机质的细菌类群。然而,污泥土壤中的厚壁菌门和赭骨细菌门的相对丰度显著低于对照样品,这可能与菌群对资源的竞争有关[23]。如前所述,放线菌门细菌在污泥土壤中的相对丰度高,可能对放线菌和赭骨细菌等形成抑制,导致其相对丰度降低。在对照样品中,由于没有很高的有机质,放线菌并没有形成优势群落,所有菌群对资源的竞争压力可能低于污泥土壤,因此导致污泥土壤中厚壁菌门和赭骨菌门的相对丰度低于对照土壤。

污泥对土壤菌群的多样性也有重要影响[24]。在 α 多样性方面,污泥加入土壤初期可能因初始胁迫而导致细菌的多样性降低[25]。适量施用经过处理的污泥可以通过增加资源异质性和创造新的生态位,提高土壤细菌群落的丰富度和多样性[26]。肥沃土壤中的 Shannon 指数、Simpson 指数、Chao 指数和 ACE 指数通常显著高于其他土壤,表明物种丰富度和均匀度都很好;贫瘠土壤中细菌群落多样性低,物种数量减少,少数几种细菌成为绝对主导,均匀度下降。原因可能在于肥沃土壤提供了多样化的微生境和丰富的资源,允许更多不同生态位的细菌共存,为土壤微生物提供丰富的碳源和氮源,从而显著增加微生物总量[23]。贫瘠土壤的恶劣条件(如养分匮乏)形成了强大的“环境筛选”压力,淘汰了大多数敏感物种[27]。 β 多样性分析结果也证实,本研究中污泥和对照样品的细菌群落结构有明显的差异,表明污泥对土壤细菌群落具有积极的促进作用。需要注意的是,过量施用或者施用污染严重的污泥可能会导致环境筛选压力过大,显著降低土壤中细菌的多样性,使群落变得单一化[28]。

5. 小结

(1) 土壤菌群以放线菌门、变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门和厚壁菌门为主。污泥中放线菌门和黏细菌门的相对丰度高于对照样品,但是厚壁菌门、赭骨细菌门和 WPS-2 的相对丰度显著低于对照样品。在科水平上,相对丰度排序前 10 位的科的相对丰度有明显的组间差异。

(2) 污泥样品的多样性和丰富度明显高于对照样品,表明污泥样品的细菌群落多样性水平较高。

参考文献

- [1] Frey-Klett, P., Burlinson, P., Deveau, A., Barret, M., Tarkka, M. and Sarniguet, A. (2011) Bacterial-Fungal Interactions: Hyphens between Agricultural, Clinical, Environmental, and Food Microbiologists. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 75, 583-609. <https://doi.org/10.1128/mmb.00020-11>

- [2] 刘鑫媛, 李玥, 魏子艳, 等. 土壤碳氮变化对细菌、真菌群落及其相互作用的影响[J]. 生物工程学报, 2025, 41(10): 3701-3718.
- [3] 李怡佳, 马俊伟, 李玉倩, 等. 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.
- [4] Fan, K., Delgado-Baquerizo, M., Guo, X., Wang, D., Zhu, Y. and Chu, H. (2020) Biodiversity of Key-Stone Phylotypes Determines Crop Production in a 4-Decade Fertilization Experiment. *The ISME Journal*, **15**, 550-561. <https://doi.org/10.1038/s41396-020-00796-8>
- [5] 王硕, 邢亚娟, 闫国永, 等. 施氮对阔叶红松林土壤微生物多样性和群落结构的影响[J]. 东北林业大学学报, 2023, 51(10): 106-112.
- [6] Chen, X., Lin, M., Wu, Z., Yu, L. and Guo, Q. (2025) Long-Term Tea Cultivation Degrades Soil Health: Insights from Microbial Structure and Function in Tea Gardens. *Soil Ecology Letters*, **7**, Article ID: 250347. <https://doi.org/10.1007/s42832-025-0347-6>
- [7] Wang, Y.-F., Chen, P., Wang, F.-H., Han, W., Qiao, M., Dong, W., *et al.* (2022) The Ecological Clusters of Soil Organisms Drive the Ecosystem Multifunctionality under Long-Term Fertilization. *Environment International*, **161**, Article ID: 107133. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2022.107133>
- [8] 马龙, 高伟, 栾好安, 等. 基于宏基因组学方法分析施肥模式对设施菜田土壤微生物群落的影响[J]. 植物营养与肥科学报, 2021, 27(3): 403-416.
- [9] 魏家乐, 林相君, 王静, 等. 生活污泥培肥土壤的可行性研究[J]. 四川农业大学学报, 2025, 43(3): 677-687.
- [10] 谢少镇, 郑晓彬, 徐春秀. 污水处理厂污泥成分的分析及探讨其利用[J]. 广州化工, 2006, 34(2): 54-57.
- [11] 陈同斌, 黄启飞, 高定, 等. 中国城市污泥的重金属含量及其变化趋势[J]. 环境科学学报, 2003, 23(5): 561-569.
- [12] 郭广慧, 杨军, 陈同斌, 等. 中国城市污泥的有机质和养分含量及其变化趋势[J]. 中国给水排水, 2009, 25(13): 128-129.
- [13] 白莉萍, 伏亚萍. 城市污泥应用于陆地生态系统研究进展[J]. 生态学报, 2009, 29(1): 416-426.
- [14] 沈仿, 温小萍, 卢灿, 等. 市政污泥处理与资源化利用研究进展[J]. 能源研究与管理, 2022(3): 36-41.
- [15] Wang, S., Adekunle, A., Tartakovsky, B. and Raghavan, V. (2021) Synthesizing Developments in the Usage of Solid Organic Matter in Microbial Fuel Cells: A Review. *Chemical Engineering Journal Advances*, **8**, Article ID: 100140. <https://doi.org/10.1016/j.cej.2021.100140>
- [16] 钟俏君, 韦柳江, 庄炜东, 等. 施用堆肥污泥对土壤细菌群落结构及朝天椒生长的影响[J]. 南宁师范大学学报(自然科学版), 2024, 41(1): 161-168.
- [17] 张雪, 乔雪姣, 苏佳, 等. 垃圾渗滤液处理厂活性污泥微生物种群结构和功能分析[J]. 北京大学学报(自然科学版), 2021(5): 927-937.
- [18] 潘婧冉, 高苏, 赵国柱, 等. 餐厨垃圾厌氧消化处理主要过程的微生物群落结构分析[J]. 微生物学通报, 2019, 46(11): 2886-2899.
- [19] 柳州市气象局. 单位概况[EB/OL]. http://gx.cma.gov.cn/lzs/zwgk_9776/jgszyzn_9784/dwgk_9785/201901/t20190129_123219.html, 2024-04-02.
- [20] Delgado-Baquerizo, M., Oliverio, A.M., Brewer, T.E., Benavent-González, A., Eldridge, D.J., Bardgett, R.D., *et al.* (2018) A Global Atlas of the Dominant Bacteria Found in Soil. *Science*, **359**, 320-325. <https://doi.org/10.1126/science.aap9516>
- [21] Hartmann, M. and Six, J. (2022) Soil Structure and Microbiome Functions in Agroecosystems. *Nature Reviews Earth & Environment*, **4**, 4-18. <https://doi.org/10.1038/s43017-022-00366-w>
- [22] 刘恋, 张建峰, 姜慧敏, 等. 无害化污泥施用对土壤有机质、微生物量碳和氮含量的影响[J]. 农业环境科学学报, 2014, 33(5): 978-984.
- [23] Cao, X., Liu, L., Ma, Q., Lu, R., Kong, H., Kong, Y., *et al.* (2024) Optimum Organic Fertilization Enhances Rice Productivity and Ecological Multifunctionality via Regulating Soil Microbial Diversity in a Double Rice Cropping System. *Field Crops Research*, **318**, Article ID: 109569. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2024.109569>
- [24] 张鑫, 党岩, 冯丽娟, 等. 施用城市污泥堆肥对土壤微生物群落结构变化的影响[J]. 环境工程学报, 2014(2): 716-722.
- [25] 李凤霞, 黄业芸, 王长军, 等. 玉米种植改变了引黄灌区盐渍化土壤细菌多样性与功能[J]. 中国生态农业学报, 2024, 32(6): 986-996.
- [26] Zhang, L., Peng, Y., Zhou, J., George, T.S. and Feng, G. (2020) Addition of Fructose to the Maize Rhizosphere Increases

- Phosphatase Activity by Changing Bacterial Community Structure. *Soil Biology and Biochemistry*, **142**, Article ID: 107724. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.107724>
- [27] 刘东海, 乔艳, 李双来, 等. 长期施肥对黄棕壤细菌多样性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2021, 27(5): 760-767.
- [28] Serwecińska, L., Font-Nájera, A., Strapagiel, D., Lach, J., Tołoczko, W., Bołdak, M., *et al.* (2024) Sewage Sludge Fertilization Affects Microbial Community Structure and Its Resistome in Agricultural Soils. *Scientific Reports*, **14**, Article No. 21034. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-71656-0>