

DOI: 10.13907/j.cnki.nykxyj.2026.03.001

宁夏不同子产区‘赤霞珠’葡萄园土壤酶活性及细菌生物多样性

王孟妍¹, 张璇¹, 谭皓月², 孙悦^{2,3}

(1. 宁夏大学 食品科学与工程学院, 宁夏 银川 750021; 2. 宁夏大学 葡萄酒与园艺学院, 宁夏 银川 750021;

3. 葡萄与葡萄酒教育部工程研究中心 宁夏 银川 750021)

摘要:以宁夏银川(YC)、贺兰(HL)、永宁(YN)、红寺堡(HSP)、青铜峡(QTX)和石嘴山(SZS)6个子产区‘赤霞珠’葡萄园土壤为研究对象,采用宏基因组测序对细菌群落多样性进行研究,综合分析土壤理化性质、酶活性与细菌群落多样性的相关性。结果表明:不同子产区土壤的有机质含量和蔗糖酶活性差异显著,土壤pH,全氮、碱解氮、全磷、速效磷含量,以及脲酶、过氧化氢酶和碱性磷酸酶的活性在不同子产区表现出不同程度的差异性。不同子产区葡萄园土壤细菌 α 多样性差异显著,说明各个葡萄园均形成了独特的细菌种群特征。假单胞菌门(Pseudomonadota)是HL、YN、HSP和QTX产区葡萄园土壤相对丰度最高的菌门,放线菌门(Actinomycetota)是YC和SZS相对丰度最高的菌门;鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)是HL、YN、HSP和QTX最丰富的菌属,类诺卡氏菌属(*Nocardioide*)是YC和SZS最丰富的属。除pH和速效磷含量外,土壤细菌群落与有机质、全氮、碱解氮、全磷含量,脲酶、蔗糖酶、过氧化氢酶和碱性磷酸酶活性显著相关($P < 0.05$)。在YN产区,脲酶活性对细菌群落的调控作用更为明显;而对于SZS和YC产区,土壤理化性质与酶活性对其细菌群落的影响显著,而对其他产区的土壤细菌无显著影响。研究结果为宁夏产区葡萄健康栽培及土壤微生态改良奠定了理论基础。

关键词:宁夏;葡萄园;土壤;细菌;‘赤霞珠’葡萄

中图分类号:S154.36

文献标志码:A

葡萄园土壤微生物群落可以通过塑造葡萄根系微环境影响葡萄理化特性,并随着葡萄果实进入葡萄酒发酵过程影响葡萄酒的质量与风味^[1]。葡萄园土壤微生物群落多样性受葡萄品种、地理位置、葡萄园管理和气候环境等因素影响^[2-5]。Valerio等^[2]研究表明,根据葡萄园土壤微生物群落能够准确地预测葡萄的地理来源和品种。研究葡萄园土壤微生物群落多样性和组成,能更好地理解微生物与葡萄酒风土之间的关系,进而解析土壤微生物群落组成影响葡萄园生态系统功能的机制^[6]。

细菌是土壤中最丰富的微生物类群,在驱动土

壤养分循环、改善土壤微生态环境中发挥着重要作用^[7]。Taylor等^[8]在新西兰数百公里的地理尺度上研究发现,地理环境是葡萄园及葡萄酒发酵体系中微生物群落遗传分化的关键驱动因素。Vingiani等^[9]在意大利产区的研究也表明,土壤特性与葡萄组分共同塑造了‘西拉’葡萄独特的风土特征,且葡萄酒中主要酚类物质的组成与特定土壤性质显著相关。宁夏贺兰山东麓葡萄酒产区地理位置和气候环境独特,微生物资源丰富,科研人员对该产区土壤微生物多样性的研究取得了一些成果。例如,有研究发现宁夏不同子产区葡萄园中土壤微生物

收稿日期:2026-01-06

基金项目:国家自然科学基金项目(32360592);宁夏自然科学基金项目(2025AAC030144)

作者简介:王孟妍(2001—),硕士研究生,主要从事食品科学研究。

通信作者:孙悦,教授,博士,主要从事酿酒微生物研究,电子邮箱:yuesun@nxu.edu.cn。

引用格式:王孟妍,张璇,谭皓月,等.宁夏不同子产区‘赤霞珠’葡萄园土壤酶活性及细菌生物多样性[J].农业科学研究(中英文),2026,47(3):1-11.

Citation: Wang Mengyan, Zhang Xuan, Tan Haoyue, et al. Soil enzyme activities and bacterial diversity in ‘Cabernet Sauvignon’ vineyards across different subregions of Ningxia[J]. Journal of Agricultural Sciences, 2026, 47(3): 1-11.

群落和土壤养分之间存在产区差异^[10]。沈甜等^[11]研究发现,灌水量变化直接影响‘赤霞珠’根际土壤细菌和真菌的多样性,孙豪杰等^[12]研究表明,施肥对贺兰山东麓酿酒葡萄园土壤细菌多样性的影响显著,并且微生物肥料能够不同程度地提高土壤养分含量、降低土壤pH和全盐含量,增加土壤细菌群落多样性。然而,葡萄园土壤理化性质与土壤微生物群落结构间的相关性仍有待深入研究。

本研究以宁夏银川、贺兰、永宁、红寺堡、青铜峡和石嘴山6个不同子产区‘赤霞珠’葡萄园土壤为研究对象,利用宏基因组学技术对不同子产区根际土壤细菌群落动态进行分析,结合各子产区土壤理化性质和酶活性,系统分析细菌群落多样性差异及其与土壤理化性质和酶活性的相关性,为宁夏产区葡萄健康栽培及葡萄园土壤微生态改良奠定理论基础。

1 材料与方法

1.1 材料

于2023年10月(葡萄收获季节)采集土壤样品,采集地点为宁夏贺兰山东麓6个不同子产区:银川(YC, 38°37'N、106°01'E),贺兰(HL, 38°41'N、106°04'E),永宁(YN, 38°15'N、106°02'E),红寺堡(HSP, 38°17'N、106°05'E),青铜峡(QTX, 38°06'N、105°53'E)和石嘴山(SZS, 38°59'N、106°17'E)‘赤霞珠’葡萄园。

1.2 方法

1.2.1 样品采集 在各‘赤霞珠’葡萄园样地内,按照“S”形布点方式设置18个采样点^[13]。于每个采样点在葡萄植株基部周围采集0~20 cm表层土壤样品,每个葡萄园共获得18份土壤样品。将同一采样点的18份土壤样品混匀,以确保每个地块的土壤样本具有代表性,随即装入无菌袋中,置于冰上低温运送至实验室备用。所有土壤样品均分为3份:一份自然风干2 d,依次过1.00、0.25 mm筛网,之后用于土壤理化性质分析;一份用于土壤酶活性测定;另一份用于宏基因组测序分析。

1.2.2 土壤理化指标 pH:称取自然风干并过筛后的土壤样品5 g,加入25 mL蒸馏水,混匀后在振荡器上振荡5 min,静置平衡后,利用pH计测定其上清液pH;有机质(soil organic matter, SOM)质量分数($w, g \cdot kg^{-1}$):采用重铬酸钾容量法测定;全氮

(total nitrogen, TN)质量分数($w, g \cdot kg^{-1}$):采用凯氏定氮法测定;碱解氮(alkali-dissolved nitrogen, AN)质量分数($w, mg \cdot kg^{-1}$):采用碱解扩散法测定;全磷(total phosphorus, TP)质量分数($w, g \cdot kg^{-1}$):采用钼锑抗比色法测定;速效磷(available phosphorus, AP)质量分数($w, mg \cdot kg^{-1}$):采用钼锑抗比色法测定。土壤有机质、全氮、碱解氮、全磷、速效磷质量分数的具体测定方法参照文献[14]。

1.2.3 土壤酶活性测定 使用生工(上海)生物工程股份有限公司试剂盒,测定土壤中的脲酶(soil urease, S-UE)、蔗糖酶(soil sucrase, S-SC)、过氧化氢酶(soil catalase, S-CAT)、碱性磷酸酶(soil alkaline phosphatase, S-ALP)的活性,参照说明书进行操作。

1.2.4 DNA提取、文库构建与宏基因组测序 土壤DNA的提取采用E. Z. N. A. 土壤DNA试剂盒(Omega, M5635-02, 美国)提取不同子产区土壤中总群落基因组DNA,参照说明书进行操作,使用Qubit 4.0(Thermo, 美国)测量DNA的浓度。制备插入片段长度为500 bp左右的文库,初始DNA总量约为500 ng。使用Elution Buffer将DNA稀释到130 μ L,装入0.5 mL的Covaris DNA破碎管中。使用Covaris仪器,按照S220操作参数进行片段化。使用Hieff NGS™ DNA Selection Beads将破碎后的DNA片段浓缩回收。将纯化的DNA进行末端修复、接入接头,并进行片段选择。随后使用2 $\times$ Super Canace® II High-Fidelity Mix, Primer Mix (p5/p7)和接入接头的DNA进行PCR扩增。最后,PCR产物被纯化(Hieff NGS™ DNA Selection Beads),并在Qubit®4.0荧光计上评估文库的质量。随后对文库进行定量和混合。在NovaSeq 6000型测序仪(美国Illumina公司)上对文库进行双端测序。利用Bowtie 2将各样本Clean reads比对至非冗余基因集,结合SAMtools统计比对reads数,并基于基因长度进行标准化计算,获得各样本基因丰度表。采用metaWRAP分析流程,基于序列四核苷酸频率与丰度变化模式进行Binning分箱,获得宏基因组组装基因组(MAGs);利用CheckM评估MAGs的完整度与污染度,筛选高质量单菌基因组。使用DIAMOND软件将非冗余基因集与NCBI NR数据库进行比对(E -value $<10^{-5}$),在界、门、纲、目、科、属、种水平完成物种分类注释,统计各分类水平物

种相对丰度。土壤细菌宏基因组测序过程委托生工(上海)生物工程股份有限公司完成。

1.3 数据处理

将宁夏不同子产区土壤理化性质和酶活性数据,利用SPSS 21.0软件进行单因素方差分析(one-way analysis of variance, one-way ANOVA),并通过邓肯法(Duncan)进行事后多重比较, $P<0.05$ 为差异具有统计学意义。数据整理采用Excel 2019软件完成,微生物群落组成图通过该软件绘制。土壤微生物群落分析都是在R语言中完成。在 α 多样性分析中,采用R语言“vegan”包(v.2.5-6)计算Shannon、Simpson及Pielou指数,并利用邓肯法进行组间多重比较。利用非度量多维标度(non-metric multidimensional scaling, NMDS)分析 β 多样性,采用ANOSIM分析(R语言“vegan”包中anosim函数)检验不同组间差异的显著性。通过线性判别分析效应量(linear discriminant analysis effect size, LEfSe)进行差异物种分析。通过冗余分析(redundancy analysis, RDA)明确土壤指标与微生物群落之间的关联关系。聚类热图采用R语言“pheatmap”包(v1.0.12)构建;土壤理化特性与细菌多样性之间的相关性采用Spearman相关性分析进行评估。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质和酶活性

不同子产区葡萄园土壤理化性质和酶活性如

表1所示。不同子产区间土壤 w (有机质)和蔗糖酶活性的差异具有统计学意义,其他理化性质和酶活性在不同子产区间表现出不同程度的差异性。SZS子产区土壤 w (有机质)为 $(13.94\pm0.32)\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, w (碱解氮)为 $(8.17\pm0.23)\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, w (全磷)为 $(0.65\pm0.00)\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,蔗糖酶活性为 $(16.71\pm0.03)\text{ mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$,过氧化氢酶活性为 $(7.94\pm0.00)\text{ mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$,均显著高于其他子产区,而脲酶活性为 $(0.30\pm0.07)\text{ mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$,碱性磷酸酶活性为 $(0.18\pm0.00)\text{ mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$,在所有子产区中最低;YC子产区土壤pH为 (6.76 ± 0.04) ,过氧化氢酶活性为 $(2.23\pm0.18)\text{ mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$,显著低于其他子产区,而 w (全氮)为 $(1.03\pm0.01)\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,碱性磷酸酶活性为 $(0.84\pm0.02)\text{ mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$,显著高于其他子产区;HSP子产区土壤pH为 (8.61 ± 0.12) ,脲酶活性为 $(2.10\pm0.09)\text{ mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$,高于其他子产区,而 w (速效磷)为 $(4.80\pm1.02)\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$,蔗糖酶活性为 $(1.83\pm0.02)\text{ mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$,低于其他子产区;QTX子产区土壤 w (速效磷)为 $(17.28\pm0.96)\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$,高于其他子产区,而 w (有机质)为 $(0.44\pm0.08)\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, w (全磷)为 $(0.21\pm0.01)\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,显著低于其他子产区,4种酶活性处于中等水平;YN子产区 w (全氮)及 w (碱解氮)在所有子产区中最低;HL子产区土壤的理化性质和酶活性均处于中等水平。

表1 不同子产区葡萄园土壤理化性质和酶活性

Tab. 1 Physicochemical properties and enzyme activities of vineyard soils from different subregions

土壤指标	pH	w (有机质)/ ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	w (全氮)/ ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	w (碱解氮)/ ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	w (全磷)/ ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	w (速效磷)/ ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	脲酶活性/ ($\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$)	蔗糖酶活性/ ($\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$)	过氧化氢酶活性/ ($\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$)	碱性磷酸酶活性/ ($\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$)
YC	$6.76\pm0.04\text{c}$	$8.28\pm0.04\text{b}$	$1.03\pm0.01\text{a}$	$5.83\pm0.47\text{b}$	$0.50\pm0.01\text{c}$	$12.83\pm1.27\text{a}$	$0.42\pm0.02\text{b}$	$8.52\pm0.17\text{c}$	$2.23\pm0.18\text{e}$	$0.84\pm0.02\text{a}$
YN	$8.44\pm0.08\text{ab}$	$3.82\pm0.00\text{c}$	$0.28\pm0.00\text{c}$	$2.33\pm0.23\text{c}$	$0.42\pm0.02\text{d}$	$8.19\pm2.19\text{b}$	$0.47\pm0.06\text{b}$	$13.47\pm0.08\text{b}$	$5.39\pm0.42\text{b}$	$0.24\pm0.01\text{c}$
HL	$8.29\pm0.19\text{ab}$	$2.90\pm0.05\text{d}$	$0.36\pm0.03\text{b}$	$5.13\pm0.23\text{b}$	$0.44\pm0.02\text{d}$	$7.66\pm1.27\text{b}$	$1.94\pm0.14\text{a}$	$5.38\pm0.25\text{d}$	$3.41\pm0.82\text{de}$	$0.65\pm0.01\text{b}$
HSP	$8.61\pm0.12\text{a}$	$1.36\pm0.17\text{e}$	$0.38\pm0.00\text{b}$	$3.27\pm0.84\text{c}$	$0.58\pm0.03\text{b}$	$4.80\pm1.02\text{b}$	$2.10\pm0.09\text{a}$	$1.83\pm0.02\text{f}$	$4.81\pm0.44\text{bc}$	$0.58\pm0.02\text{b}$
QTX	$8.38\pm0.02\text{ab}$	$0.44\pm0.08\text{f}$	$0.31\pm0.01\text{c}$	$2.57\pm0.47\text{c}$	$0.21\pm0.01\text{e}$	$17.28\pm0.96\text{a}$	$1.69\pm0.37\text{a}$	$2.86\pm0.07\text{e}$	$3.98\pm0.20\text{cd}$	$0.75\pm0.07\text{a}$
SZS	$8.22\pm0.01\text{b}$	$13.94\pm0.32\text{a}$	$1.00\pm0.01\text{a}$	$8.17\pm0.23\text{a}$	$0.65\pm0.00\text{a}$	$15.55\pm1.28\text{a}$	$0.30\pm0.07\text{b}$	$16.71\pm0.03\text{a}$	$7.94\pm0.00\text{a}$	$0.18\pm0.00\text{c}$

注:数据为平均值±标准差;同列不同小写字母表示不同产区间的差异具有统计学意义($P<0.05$)。

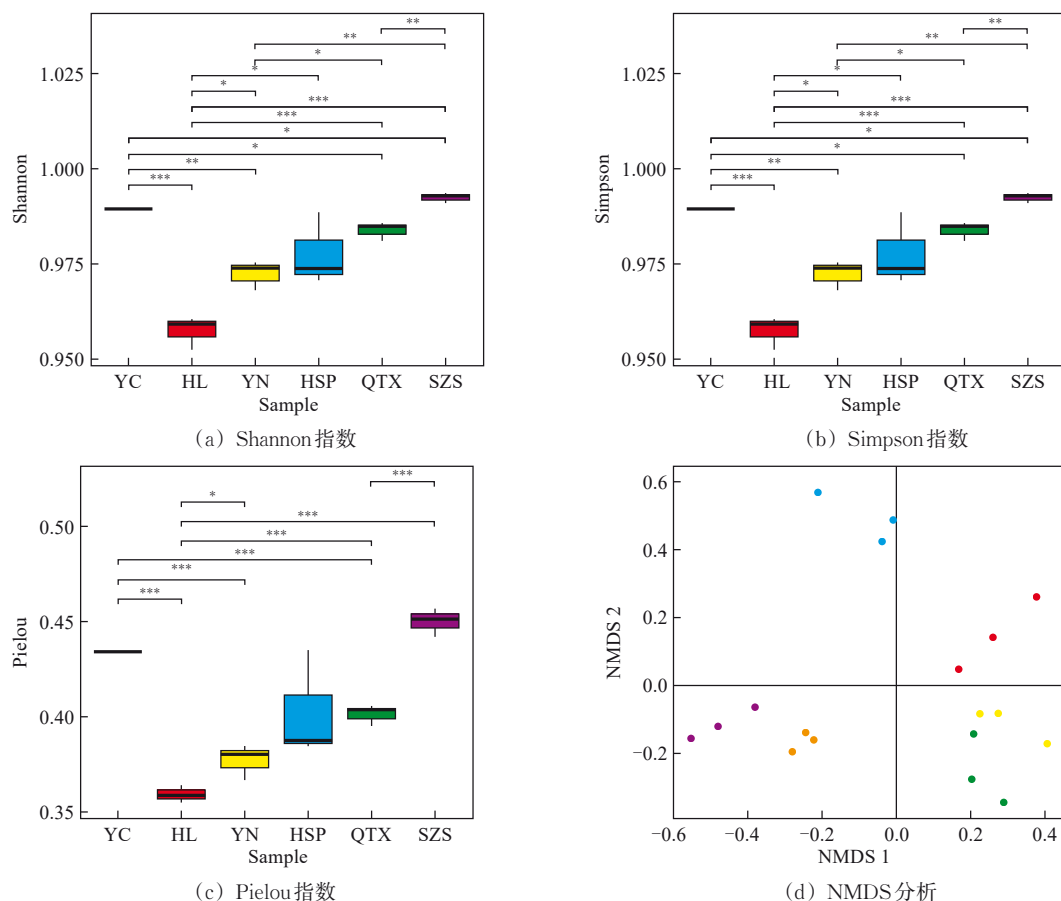
2.2 土壤中细菌群落多样性分析

不同子产区葡萄园土壤细菌 α 多样性和 β 多样性如图1所示。 α 多样性包括Shannon、Simpson和Pielou指数,能够反映样品中物种多样性的程度,反

映微生物群落的丰富度和均匀度。本研究中,6个子产区土壤细菌 α 多样性(图1a—图1c)存在差异。Shannon多样性指数在HL最低,并且显著低于YC、QTX和SZS。Simpson和Pielou多样性指数由高到

低依次为SZS、YC、QTX、HSP、YN、HL。 β 多样性反映了不同子产区之间物种组成的差异,对不同子产区葡萄园土壤细菌进行NMDS分析,不同葡萄园土壤细菌的平均stress值均小于0.2(图1d),表明排序结果能较好地代表实际情况。由ANOSIM结果

可知,不同子产区葡萄园土壤细菌群落组成的差异具有统计学意义。总之,不同子产区葡萄园土壤细菌群落组成存在差异,每个子产区葡萄园都有其独特的细菌多样性。



注: —YC; —HL; —YN; —HSP; —QTX; —SZS; —YC; —HL; —YN; —HSP; —QTX; —SZS; *代表差异具有统计学意义($P < 0.05$); **代表差异具有高度统计学意义($P < 0.01$); ***代表差异具有极高的统计学意义($P < 0.001$)。

图1 宁夏不同产区葡萄园土壤细菌群落 α 和 β 多样性

Fig. 1 α -diversity and β -diversity of soil bacterial communities in different subregions of Ningxia

对不同子产区葡萄园土壤细菌的差异从门和属分类水平进行分析,结果表明不同子产区葡萄园土壤优势细菌种类相同,但占比差异较大(图2)。不同子产区葡萄园土壤细菌在门水平上相对丰度 $> 1\%$ 的优势细菌群落组成如图2a所示,门水平上的优势细菌为假单胞菌门(Pseudomonadota)、放线菌门(Actinomycetota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、拟杆菌门(Bacteroidota)、酸杆菌门(Acidobacteriota)等。不同子产区葡萄园土壤中各细菌的相对丰度不同,HL、YN、HSP和QTX的葡萄园土壤细菌相对丰度最高的是假单胞菌门,而YC和SZS的葡萄园土壤细菌相对丰度最高的是放线菌

门。同时,QTX的拟杆菌门和HL的酸杆菌门相对丰度较其他产区葡萄园土壤的相对丰度高。在属水平上,不同子产区葡萄园土壤细菌群落也存在显著差异(图2b)。丰度较高的细菌有鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、类诺卡氏菌属(*Nocardioide*)、类固醇杆菌属(*Steroidobacter*)、溶杆菌属(*Lyso-bacter*)、拟杆菌属(*Pontibacter*)和鞘氨醇胞菌属(*Sphingosinicella*)。鞘脂单胞菌属是HL、YN、HSP和QTX葡萄园土壤细菌中最丰富的属,而类诺卡氏菌属是YC和SZS葡萄园中土壤细菌最丰富的属。

通过LEfSe分析不同子产区土壤中差异关键菌

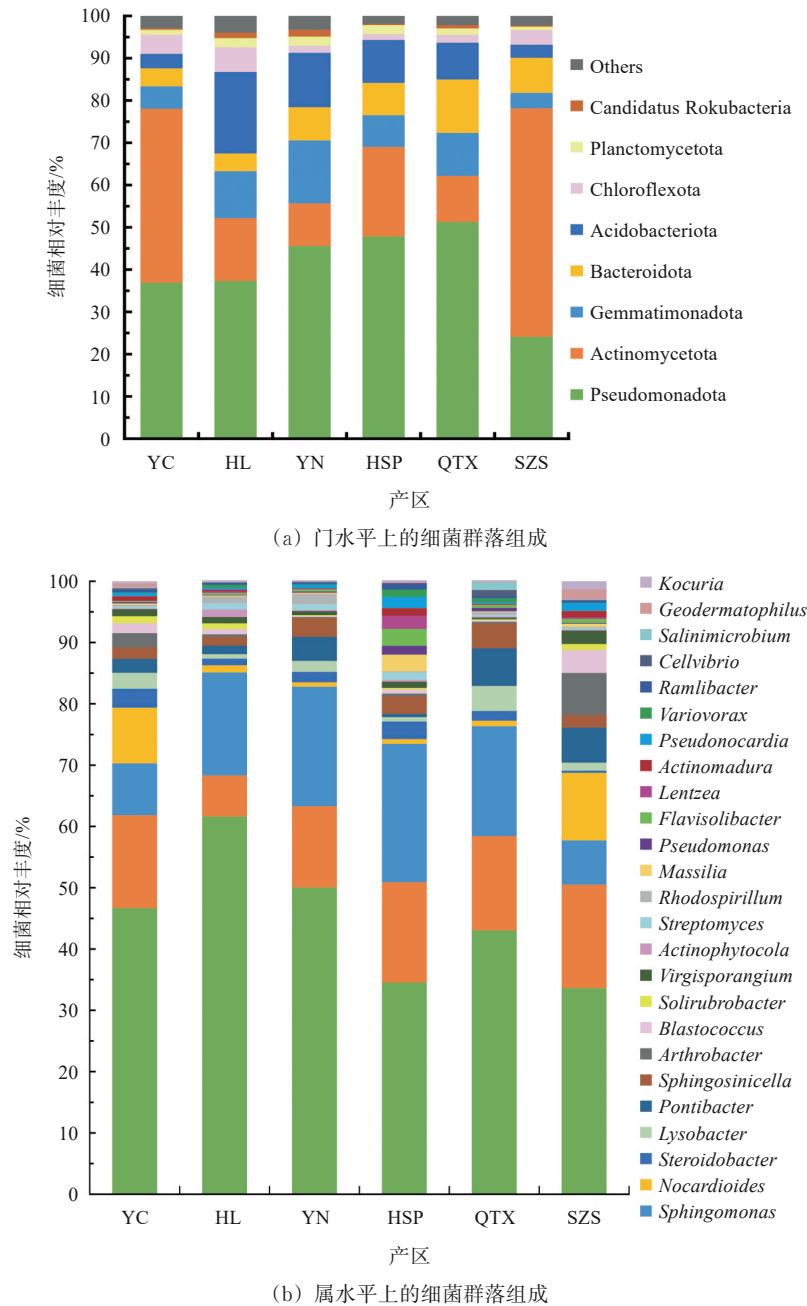


图2 宁夏不同子产区葡萄园土壤细菌群落组成

Fig. 2 Bacterial community composition of vineyard soils from different subregions of Ningxia

种,由LDA得分(图3a)可以看出每个子产区显著富集的物种及其重要程度,由物种分类学分支图(图3b)可以看出各子产区土壤样本中显著富集的标志物种的分类学层次分布。如图3a所示,不同子产区土壤细菌群落从门水平上开始出现差异物种,共18个菌群丰度的差异具有统计学意义,在HL、YN、HSP、QTX和SZS产区中分别筛选出了2、1、3、4和8个差异菌群,而YC产区不存在差异细菌菌群。Actinomycetota和Actinomycetes对SZS子产区差异菌群的贡献度较大。

2.3 土壤细菌群落与环境因子的相关性分析

利用冗余分析(RDA)揭示土壤指标对细菌群落组成的影响(图4),细菌在第一轴和第二轴累积解释度为52.79%,表明细菌群落结构受土壤理化性质的影响很大。S-UE对YN葡萄园土壤细菌群落的影响较大,土壤理化性质和酶活性对SZS和YC细菌群落的影响相似,而对其他产区的细菌群落无显著影响。TN所代表的箭头长度最长,说明TN对SZS和YC细菌群落的影响最大,其次是AN和SOM。TP和AP所代表的箭头分别与SZS和YC

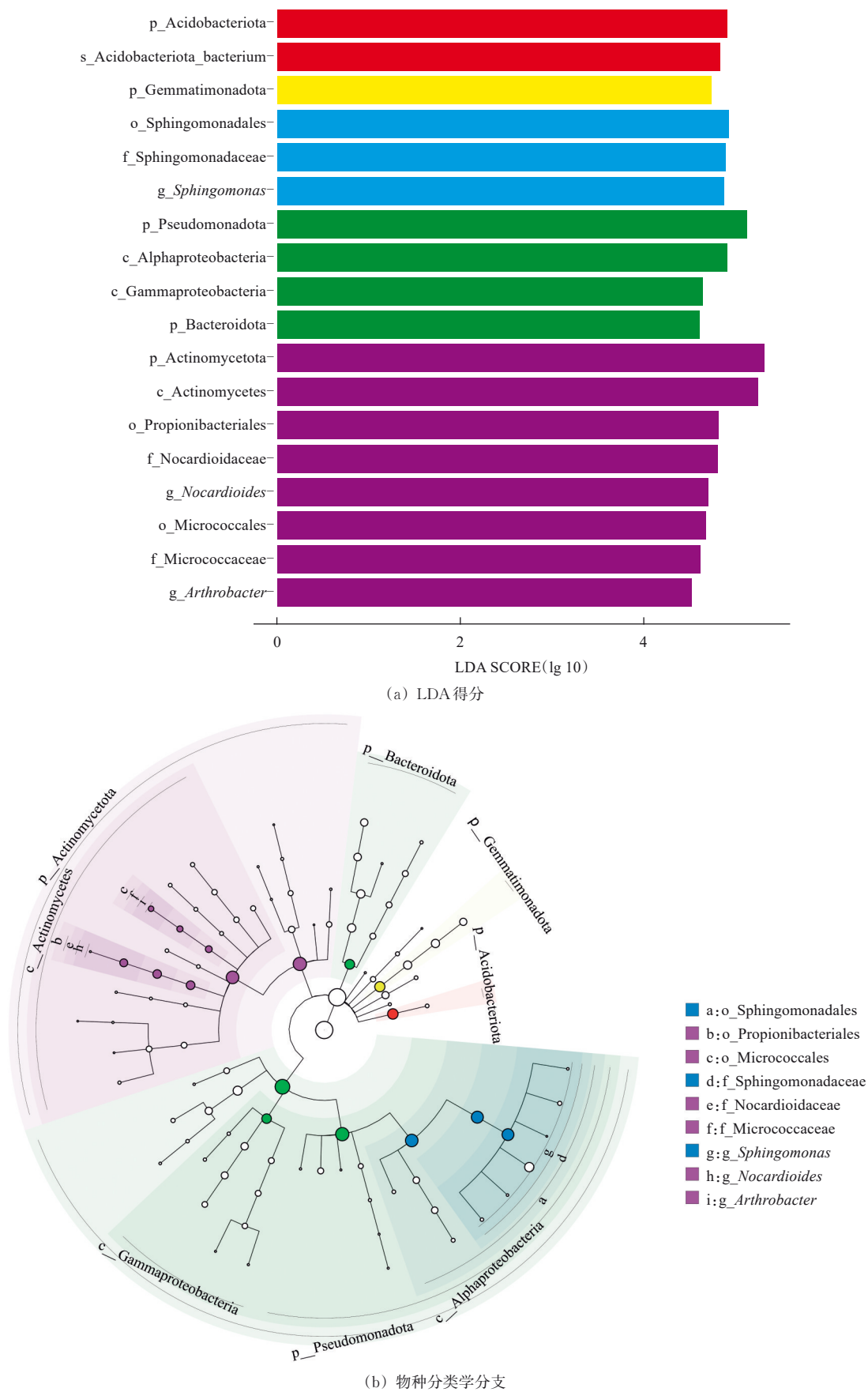
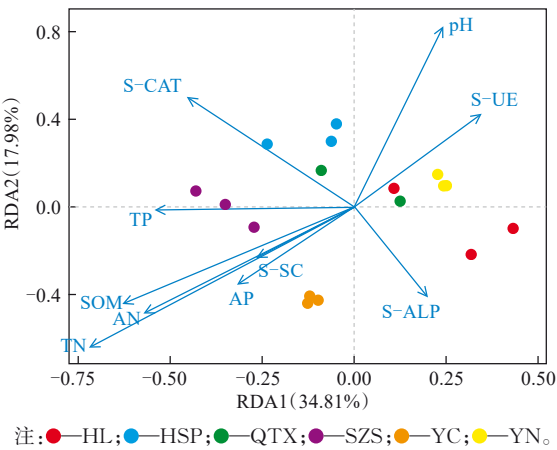


图 3 宁夏不同子产区葡萄园土壤细菌差异菌群

Fig. 3 Differentially abundant bacterial taxa in vineyard soils from different subregions of Ningxia

细菌群落夹角的余弦值最大,且为正值,而S-UE和pH表现出相反的结果,表明TP和AP分别与SZS和YC细菌群落具有显著正相关性,S-UE和pH分别与SZS和YC的细菌群落具有显著负相关性。



注:●—HL;●—HSP;●—QTX;●—SZS;●—YC;●—YN。
图 4 土壤理化因子与细菌群落之间的 RDA 分析
Fig. 4 RDA analysis of soil physicochemical factors and bacterial communities

不同子产区葡萄园土壤相对丰度大于1%的优势细菌(门水平和属水平)分别列于表2和表3,共包含9个菌门和25个菌属。对不同子产区土壤相对丰度大于1%的优势细菌(门水平和属水平)和土壤

环境因子进行相关性分析(图5)。结果表明,共有4个门和20个属的细菌与土壤环境因子显著相关。pH与绿弯菌门(*Chloroflexota*)、类诺卡氏菌属(*Nocardioide*s)和土壤红杆菌属(*Solirubrobacter*)显著负相关,但与鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)显著正相关。TN和AN与芽单胞菌门(*Gemmatimonadota*)显著负相关,与放线菌门(*Actinomycetota*)、节杆菌属(*Arthrobacter*)、芽球菌属(*Blastococcus*)、土壤红杆菌属(*Solirubrobacter*)、链霉菌属(*Streptomyces*)、地嗜皮菌属(*Geodermatophilus*)和考克氏菌(*Kocuria*)显著正相关。不同子产区土壤AP、TP与优势细菌间的相关性差异较大,AP与放线菌属(*Actinophytocola*)显著负相关,但与变棕溶杆菌(*Lysobacter*)、海洋杆菌属(*Pontibacter*)、纤维弧菌属(*Cellvibrio*)和盐坑微菌属(*Salinimicrobium*)显著正相关;TP与红螺菌属(*Rhodospirillum*)显著负相关,与放线菌门(*Actinomycetota*)、节杆菌属(*Arthrobacter*)、链霉菌属(*Streptomyces*)、马赛菌属(*Massilia*)和马杜拉放线菌属(*Actinomadura*)显著正相关。S-CAT和S-SC与优势细菌呈显著负相关,S-ALP与土壤中优势细菌不存在显著相关性。

表 2 不同子产区葡萄园土壤细菌门水平相对丰度
Tab. 2 Relative abundances of bacterial phyla in vineyards from different sub-regions

	%					
门	YC	HL	YN	HSP	QTX	SZS
Pseudomonadota	36.916 617 500	37.305 339 720	45.570 155 700	47.828 168 530	51.287 273 220	24.127 526 950
Actinomycetota	41.128 111 180	14.847 961 200	10.089 669 410	21.196 039 940	10.866 884 130	54.023 338 510
Gemmatimonadota	5.303 838 849	11.111 223 450	14.904 126 780	7.494 379 489	10.161 898 850	3.647 034 605
Bacteroidota	4.264 620 771	4.199 085 866	7.837 564 687	7.645 335 717	12.650 180 300	8.304 744 607
Acidobacteriota	3.414 492 882	19.288 163 280	12.867 786 420	10.152 672 180	8.686 644 816	3.075 382 013
Chloroflexota	4.504 053 973	5.834 216 202	1.672 788 517	1.391 076 572	1.848 425 222	3.474 155 230
Planctomycetota	1.201 294 015	2.176 510 172	2.171 703 266	2.115 236 391	1.554 863 112	0.799 413 274
Candidatus Rokubacteria	0.345 853 837	1.300 152 185	1.624 775 406	0.266 798 546	0.795 845 760	0.274 667 682
Ignavibacteriae	2.921 116 985	3.937 347 915	3.261 429 819	1.910 292 629	2.147 984 591	2.273 737 127

表 3 不同子产区葡萄园土壤细菌属水平相对丰度
Tab. 3 Relative abundance of bacterial communities at Genus level in vineyards of different subregions

	%					
属	YC	HL	YN	HSP	QTX	SZS
<i>Sphingomonas</i>	8.455 682 998	16.793 124 380	19.484 371 490	22.570 498 800	17.929 126 020	7.204 283 540
<i>Nocardioide</i> s	9.101 019 073	1.174 253 365	0.719 892 613	0.771 887 370	0.900 686 058	11.040 289 460
<i>Steroidobacter</i>	3.073 420 985	1.083 605 628	1.706 276 717	2.859 633 903	1.583 637 028	0.338 376 905

续表

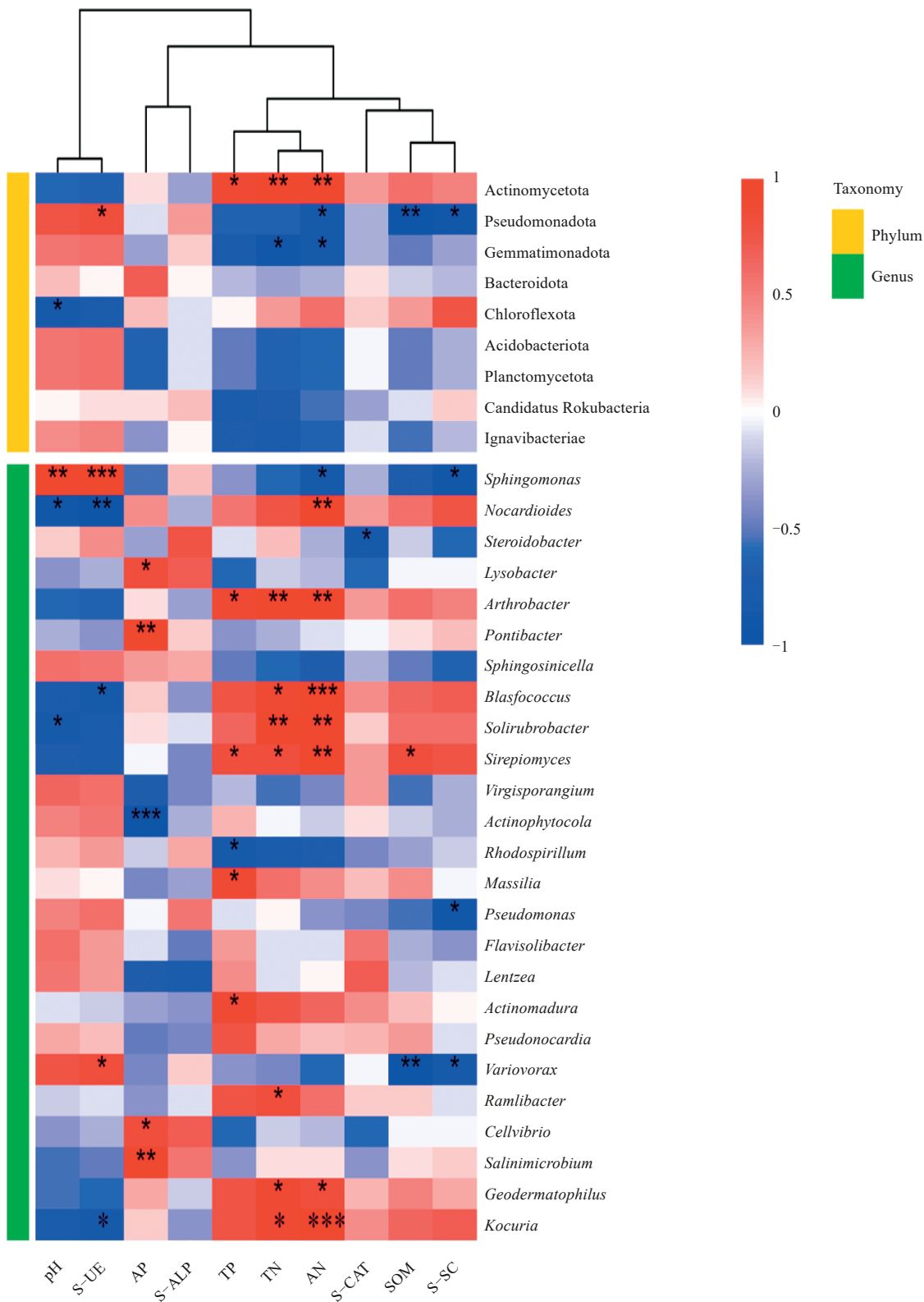
属	YC	HL	YN	HSP	QTX	SZS
<i>Lysobacter</i>	2.613 569 393	0.738 360 768	1.793 546 752	0.731 665 585	4.089 450 995	1.311 372 878
<i>Pontibacter</i>	2.272 671 768	1.411 989 268	3.922 180 835	0.508 345 556	6.142 303 668	5.721 115 282
<i>Sphingosinicella</i>	1.858 062 484	1.397 177 296	3.093 926 036	2.884 689 476	4.038 066 866	2.049 319 221
<i>Arthrobacter</i>	2.322 870 606	0.419 298 028	0.129 367 005	0.431 630 805	0.294 881 926	6.849 683 991
<i>Blastococcus</i>	1.632 658 610	0.855 658 083	0.172 025 795	0.673 551 513	0.234 516 826	3.764 240 798
<i>Solirubrobacter</i>	1.142 633 057	0.934 647 722	0.152 943 257	0.267 048 519	0.166 847 952	0.982 145 120
<i>Streptomyces</i>	1.137 265 733	1.025 372 218	0.640 986 176	1.000 729 729	0.274 317 595	2.177 253 540
<i>Virgisporangium</i>	0.130 687 304	1.233 908 301	0.195 982 376	0.286 328 393	0.177 569 479	0.176 694 707
<i>Actinophytocola</i>	0.293 972 683	1.042 238 160	0.942 018 787	1.229 702 793	0.262 720 666	0.288 556 854
<i>Rhodospirillum</i>	0.290 519 518	1.064 267 804	1.661 889 436	0.172 606 555	0.442 660 982	0.147 137 319
<i>Massilia</i>	0.230 652 148	0.164 247 177	0.207 363 914	2.737 000 137	0.147 571 022	0.492 986 195
<i>Pseudomonas</i>	0.193 787 857	0.091 466 978	0.187 342 893	1.426 608 895	0.535 665 727	0.117 060 689
<i>Flavisolibacter</i>	0.182 274 093	0.322 478 556	0.344 437 404	2.757 324 686	0.482 094 317	0.700 996 531
<i>Lentzea</i>	0.062 526 541	0.274 770 128	0.095 143 119	2.174 065 349	0.073 059 393	0.221 511 236
<i>Actinomadura</i>	0.732 568 599	0.284 857 231	0.094 558 094	1.228 879 018	0.114 159 223	1.057 152 050
<i>Pseudonocardia</i>	0.539 316 838	0.313 932 707	0.584 370 860	1.829 633 589	0.235 584 880	1.288 342 812
<i>Variovorax</i>	0.083 173 404	0.487 404 796	0.103 994 976	1.216 510 418	0.705 459 791	0.072 921 002
<i>Ramlibacter</i>	0.402 679 614	0.357 291 185	0.256 979 910	1.023 828 910	0.297 218 913	0.373 649 326
<i>Cellvibrio</i>	0.265 290 686	0.001 586 902	0.078 907 777	0.000 806 013	1.021 996 590	0.024 649 437
<i>Salinimicrobium</i>	0.135 776 295	0.017 511 587	0.045 233 993	0.000 525 618	1.287 242 945	0.091 122 129
<i>Geodermatophilus</i>	0.628 385 235	0.080 844 797	0.055 505 789	0.246 133 447	0.090 990 243	1.673 890 862
<i>Kocuria</i>	0.383 735 649	0.103 761 720	0.019 897 056	0.059 886 731	0.049 949 730	1.321 616 966

3 讨论与结论

研究葡萄园土壤细菌多样性是进行土壤微生物生态改良,阐释葡萄酒风土内涵的重要基础。本研究通过宏基因组测序技术系统分析宁夏YC、HL、YN、HSP、QTX、SZS共6个子产区‘赤霞珠’葡萄园土壤细菌群落的多样性,并揭示土壤理化及酶活性等指标与细菌群落的相关性。

放线菌门、拟杆菌门、浮霉菌门、芽单胞菌门和酸杆菌门在葡萄浆果、葡萄叶片、葡萄园土壤等环境中广泛分布^[2-15]。本研究中不同子产区葡萄园土壤样品中优势细菌门为假单胞菌门、放线菌门和芽单胞菌门等,这一结果与前人研究结果相符^[8, 16],共同支持了葡萄园土壤核心微生物群落在门水平上相对稳定的观点。进一步对各子产区葡萄园土壤细菌的相对丰度进行深入分析后发现,优势菌群的分布格局受地理位置差异的影响显著:放线菌门在YC与SZS产区占据主导地位,而假单胞菌门在其余4个产区的丰度更高,这一现象很可能与各产区

特有的环境条件密切相关。放线菌门对于干燥及贫营养环境具有较强的适应性,尤其在有机质含量较高、pH呈中性的土壤中丰度通常最高^[17]。本研究中,YC与SZS产区土壤有机质含量显著高于其他产区,为放线菌门的富集提供了适宜的生境条件。假单胞菌门具备固氮等功能,土壤氮素水平的提升可显著促进其生长繁殖^[18],据此推测,其他4个产区假单胞菌门更为丰富,可能与该区域较高的土壤全氮含量密切相关。已有研究表明,土壤微生物群落结构易受土壤理化性质、葡萄园管理措施及地理空间距离等多重因素的综合影响^[19-21]。即便地理位置相近,土壤条件的细微差异也足以塑造出独特的产区风格^[22]。本研究得到了类似的结果:不同子产区地理跨度较大,由此形成了差异化的土壤环境特征,最终导致各产区葡萄园土壤细菌多样性呈现显著差异。Burns等^[19]、Liang等^[20]的研究也证实,不同葡萄园间土壤细菌群落多样性存在显著分异,其核心驱动因素正是土壤理化性质与酶活性的区域性差异。



注: *代表差异具有统计学意义($P<0.05$); **代表差异具有高度统计学意义($P<0.01$); ***代表差异具有极高的统计学意义($P<0.001$)。

图 5 土壤环境因子与细菌群落的相关性

Fig. 5 Correlations between soil environmental factors and bacterial communities

本研究中土壤有机质含量和蔗糖酶活性在不同子产区表现出显著差异,土壤pH,全氮、碱解氮、全磷及速效磷的含量,以及脲酶、过氧化氢酶和碱性磷酸酶的活性在不同子产区表现出不同程度的差异性,这些因素也影响了细菌群落多样性及优势菌群。值得注意的是,即便YC产区与其他产区存

在土壤理化差异,其微生物群落却未呈现显著分化。这可能是高氮供给塑造了竞争性极强的土壤环境,使优势微生物类群凭借竞争优势快速占据资源,降低了群落均匀度,表现出稳定的微生物结构^[23]。本研究发现,除pH和速效磷含量外,土壤细菌群落与有机质、全氮、碱解氮、全磷含量,脲酶、蔗糖酶、过氧化氢酶和碱性磷酸酶活性存在显著相关性($P<0.05$)。脲酶对YN细菌群落的影响较大,土壤理化性质和酶活性对SZS和YC细菌群落的影响相似,而对其他产区的细菌群落无显著影响。这一发现与孙豪杰等^[12]在贺兰山东麓的研究结论相符,其研究同样证实碱解氮、有机质含量和pH是影响土壤细菌群落结构的关键驱动因子。此外,王伟等^[24]在新疆产区的研究也表明pH是影响细菌群落的关键因子,这与本研究中YC产区因独特酸性土壤导致放线菌门富集的现象相一致,YC产区土壤中有机质含量等其他核心理化因子处于稳定水平,这些因子与pH协同作用,抵消了pH单一因子对细菌群落整体结构的主导影响,仅凸显了pH对放线菌门的富集作用。本研究受采样周期所限,未能系统评估不同年份及气候波动对微生物群落结构的影响,未来研究可结合多年份采样和微生物功能分析,深入解析气候差异与微生物群落的互作机制。总之,本研究揭示了宁夏贺兰山东麓葡萄酒产区土壤细菌的地理分布差异,为理解“微生物风土”提供了有力支撑,也为利用本土微生物资源促进葡萄健康栽培及土壤微生态改良奠定了理论基础。

参考文献:

- [1] Griggs R G, Steenwerth K L, Mills D A, et al. Sources and assembly of microbial communities in vineyards as a functional component of winegrowing[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, 12: 673810.
- [2] Valerio M, Anna S, Lorenzo G, et al. Geographical and cultivar features differentiate grape microbiota in northern Italy and Spain vineyards[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 946.
- [3] 赵峥,褚长彬,周德平,等.葡萄废果酵素肥对葡萄园土壤细菌多样性的影响[J]. *果树学报*, 2020, 37(8): 1207-1217.
- [4] 张二豪,赵润东,禄亚洲,等.藏东南产区葡萄和根际土壤细菌群落多样性[J]. *食品与发酵工业*, 2021, 47(14): 100-106.
- [5] 杨偲洪,赵欣茹,张军翔,等.葡萄园土壤有机覆盖条件下土壤微生物群落与土壤代谢研究进展[J]. *中国农学通报*, 2026, 42(4): 146-155.
- [6] 薛蓓,于佳俊,杨帆,等.基于高通量测序技术的宁夏贺兰山东麓产区酿酒葡萄微生物多样性的研究[J]. *食品与发酵工业*, 2022, 48(14): 75-83.
- [7] Finn D, Kopittke P M, Dennis P G, et al. Microbial energy and matter transformation in agricultural soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, 111: 176-192.
- [8] Taylor M W, Tsai P, Anfang N, et al. Pyrosequencing reveals regional differences in fruit-associated fungal communities[J]. *Environmental Microbiology*, 2014, 16(9): 2848-2858.
- [9] Vingiani S, Capozzi F, Gambuti A, et al. Elemental profile and enological characteristics of *Vitis vinifera* L. cv. Aglianico grapes from a quality wine terroir in southern Italy: relationship with soil composition and chemical properties[J]. *Food Chemistry*, 2025, 492: 145433.
- [10] 陈晓娟,李明.宁夏酿酒葡萄不同子产区土壤细菌群落特征对比及其影响因子分析[J]. *江苏农业科学*, 2023, 51(2): 236-242.
- [11] 沈甜,牛锐敏,黄小晶,等.灌水量对‘赤霞珠’酿酒葡萄根际土壤微生物多样性的影响[J]. *经济林研究*, 2021, 39(4): 116-125.
- [12] 孙豪杰,王静,程昱润,等.施肥对贺兰山东麓酿酒葡萄园土壤细菌多样性的影响[J]. *中国土壤与肥料*, 2024, (6): 45-55.
- [13] Sui X, Zhang X N, Li M S, et al. Influence of different vegetation types on soil physicochemical parameters and fungal communities[J]. *Microorganisms*, 2022, 10(4): 829-829.
- [14] 鲍士旦.土壤农化分析[M].3版.北京:中国农业出版社,2000.
- [15] Yang H, Wang Z, Zhang Z, et al. Diversity of ‘Cabernet Sauvignon’ grape epidermis and environmental bacteria in wineries from different sub-regions of the eastern foothills of Helan Mountain, Ningxia[J]. *Foods*, 2024, 13(2): 252.
- [16] 王晓雯,洪振瀚,刘安瑞,等.基于荧光定量PCR和高通量测序技术的葡萄园土壤细菌群落结构多样性分析[J]. *酿酒科技*, 2016(11): 28-33.
- [17] 李明,范瑾,操敏,等.不同质地土壤‘赤霞珠’葡萄根际微生物群落多样性及葡萄品质的特征分析[J]. *中国农业大学学报*, 2026, 31(3): 118-135.
- [18] 赵亚雪.外源对羟基苯甲酸对葡萄根际土壤氮含量及相关代谢微生物的影响[D].沈阳:沈阳农业大学,2019.

- [19] Burns K N, Bokulich N A, Cantu D, et al. Vineyard soil bacterial diversity and composition revealed by 16S rRNA genes: differentiation by vineyard management [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 103: 337-348.
- [20] Liang H B, Wang X W, Yan J W, et al. Characterizing the intra-vineyard variation of soil bacterial and fungal communities[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10:1239.
- [21] Sun Y, Zhang X, Zhang F, et al. Impact of biodynamic and organic vineyard management on the microorganism community and aroma characteristics of cabernet sauvignon wine[J]. *Journal of Cleaner Production*, 2024, 467: 142929.
- [22] 彭婧,任小彤,韩晓,等. 贺兰山东麓产区不同地块对酿酒葡萄果实香气物质的影响[J]. *食品科学*, 2022, 43(22):291-300.
- [23] Wang H Y, DONG J X, MA G Z, et al. Soil microbial diversity and physicochemical properties: key drivers of yield and quality in wine terroir[J]. *Rhizosphere*, 2025, 35: 101144.
- [24] 王伟,布丽根·加冷别克,胡晓东,等. 基于高通量测序技术的酿酒葡萄产区土壤微生物多样性[J]. *新疆农业科学*, 2020, 57(5):859-868.

Soil enzyme activities and bacterial diversity in ‘Cabernet Sauvignon’ vineyards across different subregions of Ningxia

Wang Mengyan¹, Zhang Xuan¹, Tan Haoyue², Sun Yue^{2,3}

(1.School of Food Science and Engineering, Ningxia University, Yinchuan 750021, China;

2. School of Enology and Horticulture, Ningxia University, Yinchuan 750021, China;

3. Engineering Research Center of Grape and Wine, Ministry of Education, Yinchuan 750021, China)

Abstract: Vineyard soils were collected from ‘Cabernet Sauvignon’ vineyards in six subregions of Ningxia: Yinchuan (YC), Helan (HL), Yongning (YN), Hongsibao (HSP), Qingtongxia (QTX), and Shizuishan (SZS). Metagenomic sequencing was used to investigate bacterial community diversity, and the relationships among soil physicochemical properties, enzyme activities, and bacterial community diversity were comprehensively analyzed. The results showed significant differences in soil organic matter content and invertase activity among the subregions. Soil pH, total nitrogen, alkali-hydrolyzable nitrogen, total phosphorus, and available phosphorus contents, as well as urease, catalase, and alkaline phosphatase activities, also differed to varying degrees among the subregions. Soil bacterial α -diversity differed significantly among the subregions, indicating that each vineyard had developed a distinct bacterial community profile. Pseudomonadota was the most abundant bacterial phylum in the vineyard soils of HL, YN, HSP, and QTX, whereas Actinomycetota was the most abundant phylum in those of YC and SZS. At the genus level, Sphingomonas was the most abundant genus in HL, YN, HSP, and QTX, whereas Nocardioideae was the most abundant genus in YC and SZS. Except for soil pH and available phosphorus content, the bacterial communities were significantly correlated with soil organic matter, total nitrogen, alkali-hydrolyzable nitrogen, and total phosphorus contents and with urease, invertase, catalase, and alkaline phosphatase activities ($P < 0.05$). In YN, urease activity had a particularly pronounced effect on the bacterial community. In SZS and YC, soil physicochemical properties and enzyme activities significantly affected the bacterial communities, whereas no significant effects were observed in the other subregions. These findings provide a theoretical foundation for the healthy cultivation of grapevines and the improvement of soil microecology in Ningxia vineyards.

Keywords: Ningxia; vineyard; soil; bacteria; ‘Cabernet Sauvignon’ grape

(责任编辑 魏 乐)