

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第38卷 第7期

Vol.38 No.7

2017

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

基于船载走航气溶胶质谱技术的海洋气溶胶研究	颜金培, 陈立奇, 林奇, 赵淑惠, 李磊, 朱大勇 (2629)
利用 MODIS C6 数据分析中国西北地区气溶胶光学厚度时空变化特征	赵仕伟, 高晓清 (2637)
秋冬季节华北背景地区 PM ₁ 污染特征及来源	张周祥, 张养梅, 张小曳, 王亚强, 沈小静, 孙俊英, 周怀刚 (2647)
杭州市 PM _{2.5} 中水溶性离子的污染特征及其消光贡献	吴丹, 蔺少龙, 杨焕强, 杜荣光, 夏俊荣, 齐冰, 刘刚, 李凤英, 杨孟, 盖鑫磊 (2656)
青岛不同强度霾天气溶胶中二次无机离子的生成及粒径分布	谢丹丹, 祁建华, 张瑞峰 (2667)
西安市重污染与清洁天 PM _{2.5} 组分及其活性氧物质对比	王莹, 韩永明, 何世恒, 张婷, 刘随心, 曹军骥 (2679)
黄山 PM ₁₀ 中二元羧酸类化合物的季节变化特征及其来源	孟静静, 侯战方, 张二勋, 董杰, 刘晓迪, 邢继钊, 刘加珍 (2688)
泉州市大气 PM _{2.5} 铜系元素组成特征及来源解析	张云峰, 于瑞莲, 胡恭任, 孙境蔚, 许文质, 张棕巍 (2698)
西北石化区周围毒害类空气污染物污染特征及健康风险评价	许亚宣, 李小敏, 于华通, 董林艳, 赵玉婷, 姚懿函, 邹广迅, 张新民 (2707)
G20 峰会期间宜兴市大气 VOCs 特征及来源分析	张璘, 张祥志, 秦玮, 茅晶晶, 秦艳红, 谢卫平, 史文科, 陈文泰 (2718)
四川省 2005 ~ 2014 年农业源氨排放清单及分布特征	冯小琼, 陈军辉, 姜涛, 钱骏, 叶宏 (2728)
长三角地区典型城市非道路移动机械大气污染物排放清单	鲁君, 黄成, 胡馨遥, 杨强, 井宝莉, 夏阳, 卢滨, 唐伟, 楼晨荣, 陶士康, 李莉 (2738)
我国城市饮用水中 N-亚硝基二甲胺的健康风险评估及水质标准制定	张秋秋, 潘申龄, 张昱, 杨敏, 安伟 (2747)
地下水污染风险评价中污染源荷载量化方法的对比分析	赵鹏, 何江涛, 王曼丽, 崔亚丰 (2754)
胶州湾表层海水中的正构烷烃及其来源解析	张倩, 宋金明, 彭全材, 李学刚, 袁华茂, 李宁, 段雨琴, 曲宝晓, 王启栋 (2763)
桂江流域夏季水-气界面 CO ₂ 脱气的空间变化及其影响因素	张陶, 李建鸿, 蒲俊兵, 吴飞红, 李丽, 袁道先 (2773)
都柳江水系沉积物锑等重金属空间分布特征及生态风险	宁增平, 肖青相, 蓝小龙, 刘意章, 肖唐付, 赵彦龙, 吴世良 (2784)
太湖表层水体及沉积物中双酚 A 类似物的分布特征及潜在风险	陈政宏, 郭敏, 徐怀洲, 刘丹, 程杰, 李江, 张圣虎, 石利利 (2793)
洱海沉积物水提取态有机氮特征及与其他来源溶解性有机氮的差异	李文章, 张莉, 王圣瑞, 肖尚斌, 钱伟斌, 席银, 许可宸, 史玲珑 (2801)
阿哈水库沉积物-水界面磷、铁、硫高分辨率空间分布特征	孙清清, 陈敬安, 王敬富, 杨海全, 计永雪, 兰晨, 王箫 (2810)
北京市水环境中精神活性物质污染特征	张艳, 张婷婷, 陈卫平, 郭昌胜, 花镇东, 张远, 徐建 (2819)
降雨特征及污染物赋存类型对路面径流污染排放的影响	陈莹, 王昭, 吴亚刚, 赵剑强, 杨文娟 (2828)
CaO ₂ 不同投加方式对黑臭河道底泥内源磷释放抑制作用	徐焱, 李大鹏, 韩菲尔, 宋小君, 李鑫, 周婧, 黄勇 (2836)
坡耕地薄层紫色土-岩石系统中氮磷的迁移特征	鲜青松, 唐翔宇, 朱波 (2843)
微生物强化组合浮床净化微盐碱水体的效果	陈友媛, 吴亚东, 孙萍, 吴丹 (2850)
氧化镁基生物炭高效去除水体中磷的特性	王彬斌, 林景东, 万顺利, 何锋 (2859)
Pd/Fe ⁰ 双金属复合催化纤维降解水中痕量亚硝基二甲胺	张环, 傅敏, 魏俊富, 王一冰, 安慧颖, 沈书怡 (2868)
针铁矿、磁铁矿和石膏对 2,4-二氯苯酚厌氧降解的影响	孔殿超, 周跃飞, 陈天虎, 王进, 李碧 (2875)
污水再生过程中消毒副产物前体物转化规律	韩慧慧, 缪恒峰, 张雅晶, 陆敏峰, 黄振兴, 阮文权 (2883)
微生物燃料电池改性阳极处理 PTA 废水	孙靖云, 范梦婕, 陈英文, 祝社民, 沈树宝 (2893)
水稻秸秆浸泡液对蓝藻和绿藻生长选择性抑制作用	苏文, 陈洁, 张胜鹏, 孔繁翔 (2901)
沼液 SBR 处理出水养殖螺旋藻	蔡小波, 郁强强, 刘锐, 赵远, 陈吕军 (2910)
K ⁺ 强化高盐环境下厌氧氨氧化脱氮效能	吴国栋, 于德爽, 李津, 周同, 王晓静 (2917)
包埋氨氧化细菌短程硝化的高效稳定运行	于濛雨, 刘毅, 田玉斌, 石欢, 徐富, 杨宏 (2925)
ANAMMOX 的快速启动及 EPS 在 ANAMMOX 颗粒污泥中的空间分布	李惠娟, 彭聪聪, 陈国燕, 姚倩, 卓杨, 王彬斌 (2931)
厌氧氨氧化污泥中氨氧化的潜在电子受体	李祥, 林兴, 王凡, 袁砚, 黄勇, 袁怡, 毕贞, 刘忻, 杨朋兵 (2941)
基于厌氧氨氧化的含氮废气原位处理	林兴, 王凡, 袁砚, 李祥, 黄勇, 袁澄伟 (2947)
基于污泥资源化利用的粗放型绿色屋顶生长基质的组成	沈庆然, 李田, 曹熠, 潘奥 (2953)
罗红霉素短期冲击对活性污泥中氨氧化微生物丰度和多样性的影响	高景峰, 孙丽欣, 樊晓燕, 潘凯玲, 李定昌 (2961)
不同盐度下活性污泥中微生物群落变化规律及其处理模拟染料废水	周贵忠, 许硕, 姚倩, 银钗 (2972)
CO ₂ -咸水-砂岩相互作用过程中微生物群落结构动态变化特征	王博强, 李晨阳, 卢伟, 樊昊, 张冬至, 汪治, 吕聪, 沈福东 (2978)
油菜/玉米轮作农田土壤呼吸和异养呼吸对秸秆与生物炭还田的响应	田冬, 高明, 黄容, 吕盛, 徐畅 (2988)
模拟气候升温对湿地土壤微生物群落及磷素形态的影响	腾昌运, 沈建国, 王忠, 王行, 李鸿毅, 张志剑 (3000)
秦岭红桦林土壤细菌群落剖面分布特征及其影响因素	杜璨, 许晨阳, 王强, 张帆, 马武功, 和文祥, 侯琳, 耿增超 (3010)
微生物对汞矿区农田土壤汞甲基化的影响	贾钦, 朱雪梅, 王琪, 傅海辉, 郝亚琼, 何洁, 杨子良 (3020)
施用海泡石对铅、镉在土壤-水稻系统中迁移与再分配的影响	方至萍, 廖敏, 张楠, 吕婷, 黄小斌 (3028)
BS + CTMAB 复配修饰在黄棕壤吸附苯酚上的应用	刘伟, 孟昭福, 任爽, 李文斌 (3036)
1999 年与 2014 年贡嘎山峨眉冷杉枝和叶中常见重金属的生物富集特征对比	李芬, 王训, 罗辑, 袁巍, 喻子恒, 商立海 (3045)
铅锌尾矿污染区 3 种菊科植物体内重金属的亚细胞分布和化学形态特征	朱光旭, 肖化云, 郭庆军, 张忠义, 杨曦, 孔静 (3054)
膨润土调质对污泥堆肥的脱毒及重金属钝化和雌酮消除作用	周莉娜, 蔡函臻, 李荣华, 王美净, 赵军超, 王权, 张增强 (3061)
餐厨垃圾与秸秆混合中温和高温厌氧消化对比	郭香麟, 左剑恶, 史绪川, 王凯军, 李静 (3070)
我国村镇生活垃圾可燃组分基本特征及其时空差异	晏卓逸, 岳波, 高红, 李志龙, 黄启飞, 聂小琴, 汪群慧 (3078)
甲烷催化还原 NO _x 中 Co 基/分子筛催化剂的助剂和载体优化	潘华, 建艳飞, 陈宁娜, 刘红霞, 何焱, 贺亚飞 (3085)
《环境科学》征稿简则 (2737) 《环境科学》征订启事 (2809) 信息 (2867, 2971, 3027)	

秦岭红桦林土壤细菌群落剖面分布特征及其影响因素

杜璨¹, 许晨阳¹, 王强¹, 张帆², 马武功², 和文祥¹, 侯琳³, 耿增超^{1*}

(1. 西北农林科技大学资源环境学院, 农业部西北植物营养与农业环境重点实验室, 杨凌 712100; 2. 陕西省宝鸡市辛家山林业局, 宝鸡 721700; 3. 西北农林科技大学林学院, 杨凌 712100)

摘要: 研究秦岭辛家山林区红桦林细菌群落在土壤剖面上的分布状况, 对评估土壤细菌在森林生态系统土壤肥力调节、碳氮循环等作用至关重要。采用 Illumina MiSeq 高通量测序技术对土壤细菌 16S rDNA V3 ~ V4 可变区进行测序, 结合相关生物信息学分析, 初步探讨了红桦林 0 ~ 10、10 ~ 20、20 ~ 40 和 40 ~ 60 cm 这 4 个土壤层细菌群落丰富度、多样性指数和细菌群落组成及丰度变化。结果表明, 在红桦林土壤剖面上, OTUs、Chao1 指数、Shannon 指数均在 0 ~ 10 cm 处达到最大值, 分别为 1 688、2 314、8.66, 土层间差异不显著。4 个土壤层的优势菌门均为酸杆菌门(Acidobacteria)、变形菌门(Proteobacteria), 主要的优势菌属为 *Gp4*、*Gp6* 和 *Gp16*。优势菌门的相对丰度在土层间并不相同, 0 ~ 10 cm 土壤层具有较高的变形菌门(Proteobacteria), 其相对丰度为 23.62%, 而 40 ~ 60 cm 具有较高的酸杆菌门(Acidobacteria), 相对丰度为 62.88%。酸杆菌门(Acidobacteria)与全氮、土壤有机碳、C/N、可溶性有机碳显著相关, 变形菌门(Proteobacteria)与土壤含水量、土壤有机碳、可溶性有机碳显著相关。经 RDA 分析证明, 影响秦岭红桦林土壤剖面细菌群落分布的主要土壤因素是可溶性有机碳。这些研究结果表明在秦岭红桦林土壤 4 个土层均有较高的细菌多样性, 为进一步认识森林土壤细菌多样性奠定了理论基础, 在研究森林生态系统土壤剖面养分循环过程时应予以考虑。

关键词: 红桦林; 高通量测序; 土壤细菌; 土壤层; 土壤因素

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2017)07-3010-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.201611002

Patterns of Bacterial Community Through Soil Depth Profiles and Its Influencing Factors Under *Betula albosinensis* Burkill in the Xinjiashan Forest Region of Qinling Mountains

DU Can¹, XU Chen-yang¹, WANG Qiang¹, ZHANG Fan², MA Wu-gong², HE Wen-xiang¹, HOU Lin³, GENG Zeng-chao^{1*}

(1. Key Laboratory of Plant Nutrition and Agri-environment in Northwest China, Ministry of Agriculture, College of Natural Resources and Environment, Northwest A&F University, Yangling 712100, China; 2. Forestry Bureau of Xinjiashan, Baoji 721700, China; 3. College of Forestry, Northwest A&F University, Yangling 712100, China)

Abstract: In this study, vertical changes in bacterial α -diversity and community composition were investigated at four soil depths (0-10, 10-20, 20-40 and 40-60 cm) in *Betula albosinensis* Burkill forest of Qinling Mountains by sequencing of the 16S rDNA regions using Illumina MiSeq high-throughput technology. The results showed that the decreases of OTUs, Chao1 and Shannon were numerical but not significant, and the highest values of 1 688, 2 314 and 8.66 were obtained in 0-10 cm, respectively. At the phylum level, Acidobacteria and Proteobacteria were the most dominant bacteria in four soil layers. At the genus level, *Gp4*, *Gp6* and *Gp16* were the most dominant bacteria. The relative abundance of Acidobacteria in 40-60 cm soil depth (62.88%) was higher than those in other soil depths. Proteobacteria in 0-10 cm (23.62%) was more abundant than that in 40-60 cm. The relative abundance of Acidobacteria was significantly correlated with the total N, soil organic carbon, C/N, and soil dissolved organic carbon. Soil water content, soil organic matter and soil dissolved organic carbon were the key factors affecting soil Proteobacteria. RDA sequencing results showed that soil dissolved organic carbon was the key factor contributing to the bacteria community abundance. The results demonstrated that there are plenty of bacterial distribution in all four soil layers, which provides a fundamental basis for vertical soil bacterial community diversity, and possesses very important research value in biogeochemical cycling.

Key words: *Betula albosinensis* Burkill forest; Illumina MiSeq high-throughput sequencing; soil bacteria; soil depth; soil factors

森林生态系统中植被和土壤大约含有 1 240 Pg 的碳(C), 土壤中的碳约占其中的三分之二, 在全球碳循环过程中起着重要的作用^[1]。土壤中的碳主要来源于根系及枯落物的分解、光合产物经根系在土壤中的分配等^[2], 在这些过程中均有微生物的参

与, 因此土壤微生物是土壤生态系统生物地球化学

收稿日期: 2016-11-01; 修订日期: 2017-01-19

基金项目: 国家林业公益性行业科研专项(201304307)

作者简介: 杜璨(1989~), 女, 博士, 主要研究方向为土壤微生物生态, E-mail: ducan616@163.com

* 通信作者, E-mail: gengzengchao@126.com

过程的重要组成部分^[3]。在土壤微生物中,细菌的种类和数量最多^[4],其在土壤肥力调节、土壤结构形成、植物生长发育等方面起着极其重要的作用^[5,6]。因此针对土壤细菌群落多样性的研究具有重要的意义。

土壤微生物作为生态系统中养分转化的主要驱动因子,在一定程度上可以反映土壤剖面养分状态。O'Brien 等^[7]和 Lindahl 等^[8]对寒带和温带森林土壤的研究表明,土壤表层主要以营腐生生长的真菌为主,深层土壤以菌根真菌为主。也有研究发现深层土壤存在着大量微生物,Fierer 等^[9]的研究表明,即使在深 2 m 的土壤中微生物总生物量也达到了表层土壤(<25 cm)的 35%。尽管对秦岭森林土壤微生物群落的研究已经有许多,但是这些研究多集中在表层土壤(<25 cm)^[10,11],针对深层土壤中的微生物群落组成的研究较少,其研究结论并不能系统说明不同土层间微生物群落组成特征^[12,13]。因此研究秦岭土壤微生物在土壤剖面上的分布规律,有助于了解土壤剖面养分转化过程。

此外,在过去很长一段时间,对土壤微生物的研究方法多采用传统的平板培养法、Biolog 微平板法、磷脂脂肪酸分析(PLFA)技术、限制性片段长度多态性聚合酶链反应(PCR-RFLP)等技术^[11,14,15]。这些方法仅能测定土壤中部分细菌,因此低估了土壤中细菌的数量与种类^[16]。随着分子生物学的快速发展,高通量测序技术(也被称为第二代测序技术)的发展,为人们认识土壤微生物多样性提供了新的契机。采用 Illumina 高通量测序仪进行土壤细菌群落的研究,使得简单、快速、准确、全面地获取土壤细菌信息成为可能,目前已经被广泛用于土壤微生物多样性研究。

红桦生长稳定、抗病虫害、枝繁叶茂、根系发达,能在特别瘠薄的土壤上生长,常常被作为荒地造林和森林更新的树种,在维持秦岭辛家山林区生态平衡和生态系统恢复重建中有重要意义^[17]。关于秦岭红桦林的研究主要集中在群落稳定性、土壤养分等方面^[17,18],但对红桦林土壤细菌群落组成的研究鲜有报道,因此本文选取秦岭辛家山红桦林的土壤为研究对象,采用 MiSeq 高通量测序方法,对其土壤剖面细菌群落结构进行分析,通过揭示该区域土壤细菌多样性、群落结构及相对丰度在土壤剖面的变化规律,填补红桦林土壤细菌群落研究的空白,期为森林生态系统土壤剖面养分循环提供微生物生态学方面的理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于陕西省宝鸡市西南部的秦岭辛家山通天河国家森林公园(34°10'~34°20'N,106°28'~106°38'E)。辛家山林区位于秦岭西部南坡,秦岭主梁南侧嘉陵江上游,境内属暖温带半湿润山地气候区,由于山地高差悬殊,气候垂直变化明显,小气候差异大,年平均气温 7.6℃,年平均降雨量 900 mm,多集中于 7、8、9 这 3 个月。地势西北高、东南低,最高海拔 2 738.7 m,最低海拔 1 580 m,土壤类型以暗棕壤为主^[19]。该区域森林覆盖率 96.8%,林区资源丰富,乔木主要有云杉(*Picea asperata*)、冷杉(*Abies fabri*)、油松(*Pinus tabulaeformis*)、红桦(*Betula albosinensis* Burkill)、锐齿栎(*Quercus aliena* var. *acuteserrata*)、辽东桦(*Betula schmidtii* Regel)、华山松(*Pinus armandii* Franch)、漆树(*Toxicodendron vernicifluum*)、山杨(*Populus davidiana*)、鹅耳枥(*Carpinus turczaninowii*)等;灌木主要有悬钩子(*Rubus corchorifolius*)、栓翅卫矛(*Euonymus phellomanes* Loes)等;草本主要有龙芽草(*Agrimonia pilosa* Ldb.)、异叶败酱(*Patrinia heterophylla* Bunge)、艾蒿(*Artemisia argyi* Levl.)、茜草(*Rubia cordifolia* Linn.)、披针叶苔草(*Carex lanceolata* Boott)等^[20,21]。

1.2 土壤样品的采集与处理

2015 年 7 月在红桦纯林(林下无灌木)进行土壤样品采集,根据样地环境条件,确定 3 个样地,每个样地大小为 20 m×20 m,样地基本情况见表 1。在各个样地内随机设置 3 个 1 m×1 m 的采样方,并用直径 5 cm 的土钻在每一个样方内四角和中心位置选取 5 个采样点,除去地表凋落物后,每个采样点按照 0~10 cm(BA1)、10~20 cm(BA2)、20~40 cm(BA3)和 40~60 cm(BA4)分层进行采样,同时采集土样装入铝盒中测定土壤含水量。最后,将每个样方内各采样点的土样去除根和石头后按层混合均匀,作为分析样品带回实验室,共计 12 份土样。土样带回实验室后分成 3 份,一份新鲜样,过 2 mm 钢筛后立即贮藏于-80℃的冰箱内,用来提取土壤 DNA;一份存储于 4℃冰箱中,用于测定土壤可溶性碳;另一份置于通风、阴凉、干燥的室内风干,以四分法取样磨细并通过孔径为 2 mm、0.25 mm 的筛,测定土壤的基本性质(土壤有机碳、全氮、土壤 pH)。

表 1 样地基本概况

Table 1 Basic status of sampling plots

样地	林分类型	林分起源	林龄/a	经度(E)	纬度(N)	海拔/m	坡向	土壤类型	草本类型
1	红桦纯林	天然次生林	25	106°33'26.0"	34°14'51.0"	2 226	南坡	暗棕壤	披针叶苔草、龙牙草、 天门冬、茜草
2	红桦纯林	天然次生林	25	106°33'23.0"	34°14'49.0"	2 225	南坡	暗棕壤	
3	红桦纯林	天然次生林	25	106°33'22.0"	34°14'48.0"	2 240	南坡	暗棕壤	

1.3 样品理化指标的测定

土壤各项理化指标的测定均采用常规方法,3个样地土样分别进行指标测定,每个土样3次平行.其中,土壤 pH 采用电位法(水:土=2.5:1)测定^[22];土壤水分含量测定采用(105±2)℃烘箱烘干法;土壤有机碳含量采用重铬酸钾氧化外加加热法测定^[23];土壤全氮含量采用半微量凯氏法测定^[24];土壤可溶性碳含量测定采用 K₂SO₄ 浸提法^[25].

1.4 DNA 提取、PCR 扩增和 16S rDNA 测序

本研究对3个样地土壤分别提取 DNA 进行扩增,再进行高通量测序.土壤细菌 DNA 提取用的是 PowerSoil® DNA Isolation Kit(美国 MoBio 公司)试剂盒.利用 Thermo NanoDrop 2000 紫外微量分光光度计和 1% 琼脂糖凝胶电泳进行总 DNA 质检,检验合格后存储于-80℃条件下直到使用.扩增细菌 16S rRNA 基因的 V3~V4 区,使用的通用引物为正向引物 341F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')

和反向引物 806(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3').在通用引物的 5'端和 3'端加上适合 MiSeq PE300 测序的 Barcode 序列,完成特异性引物的设计.每个样品所采用的 Barcode 序列见表 2. PCR 反应条件如下:预变性 95℃ 3 min;98℃ 10 s,72℃ 20 s,94℃ 20 s,65℃ 10 s,72℃ 10 s,12 个循环;94℃ 20 s,58℃ 30 s,72℃ 30 s,72℃ 150 s,11 个循环. PCR 反应体系 40 μL:含正向和反向引物各 1 μL,10 ng 的 DNA 模板,20 μL 的 PCR 系统酶共混物(Roche Applied Sciences, Indianapolis, IN, USA),并补充无菌水使最终的反应体积为 40 μL.采用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物,并用 AxyPrep DNA 凝胶回收试剂盒(AXYGEN 公司)切胶回收 PCR 产物.回收后,利用 Thermo NanoDrop 2000 紫外微量分光光度计和 2% 琼脂糖凝胶电泳进行文库质检.16S rDNA 序列的高通量测序通过上海锐翌生物科技有限公司 Illumina MiSeq PE300 进行上机测序.

表 2 Barcode 信息表

Table 2 Information table of Barcode

样地	土层/cm	Barcode 1	Barcode 2
样地 1	0~10	5'-CACCTTACCTTAGACTGG-3'	5'-GTTACGTGGTTGGATA-3'
	10~20	5'-CACCTTACCTTAGACTGG-3'	5'-TACCGCCTCGGAGATA-3'
	20~40	5'-CACCTTACCTTAGACTGG-3'	5'-CGTAAGATGCCTGATA-3'
	40~60	5'-CACCTTACCTTAGACTGG-3'	5'-TACCGGCTTGCAACTCA-3'
样地 2	0~10	5'-CACCTTACCTTAGACTGG-3'	5'-ATCTAGTGGCAAACTCA-3'
	10~20	5'-CACCTTACCTTAGACTGG-3'	5'-CCAGGGACTTCTACTCA-3'
	20~40	5'-CACCTTACCTTAGACTGG-3'	5'-CACCTTACCTTATTCTCT-3'
	40~60	5'-CACCTTACCTTAGACTGG-3'	5'-ATAGTTAGGGCTTTCTCT-3'
样地 3	0~10	5'-CACCTTACCTTAGACTGG-3'	5'-GCACTTCATTTCCTCTCT-3'
	10~20	5'-CACCTTACCTTAGACTGG-3'	5'-TTAACTGGAAGCCACTTCT-3'
	20~40	5'-CACCTTACCTTAGACTGG-3'	5'-CGCGGTTACTAACACTTCT-3'
	40~60	5'-ATAGTTAGGGCTGAGTGG-3'	5'-CCTAACTACGG-3'

1.5 生物信息学分析

通过 Illumina 平台进行 Paired-End 测序,Paired End Reads 通过 Reads 之间的 Overlap 关系拼接成长 Reads,并对拼接后的 Reads 进行质控,得到 Clean Reads.用 Usearch 进行 OTU 聚类的操作,Usearch 聚类时,先将 singletons 过滤掉,将 Reads 按照丰度从大到小排序,通过 97% 相似度的标准聚类,对聚类后的序列进行嵌合体过滤后,得到 OTU

(operational taxonomic units),每个 OTU 被认为可代表一个物种^[26].对每个样品的 Reads 进行随机抽平处理,并提取对应的 OTU 序列.然后使用 Qiime 软件,做 Alpha 多样性指数的稀释曲线,根据稀释曲线选择合理的抽平参数,利用 Qiime 软件对得到的抽平后的 OTU 进行分析,首先从 OTU 中分别提取一条 Read 作为代表序列码,使用 RDP 方法^[27],将该代表序列与 16S 数据库比对,从而对每个 OTU 进行

物种分类. 归类后,根据每个 OTU 中序列的条数,从而得到 OTU 丰度表,最后根据该 OTU 丰度表进行后续分析.

1.6 数据处理

1.6.1 基本数据处理

采用 Microsoft Excel 2013 和 SPSS 20.0 进行数据处理,应用单因素方差分析法(One-Way ANOVA)分析不同样地间各指标的差异显著性,各个指标之间采用 Pearson 相关系数法进行相关性分析. 土壤因子与细菌种群分布特征之间的关系利用 Canoco 5.0 进行冗余分析(RDA)研究土壤性质对细菌分布特征的影响.

1.6.2 多样性指数分析

本文采用 Alpha 多样性指数对细菌群落进行多样性分析. ①Chao1:是用 Chao1 算法估计群落中含 OTUs 数目的指数,Chao1 在生态学中常用来估计物种总数. ②Shannon:用来估算样品中微生物的多样性指数之一. 它与 Simpson 多样性指数均为常用的反映 Alpha 多样性的指数. Shannon 值越大,说明群落多样性越高. ③Simpson:用来估算样品中微生物的多样性指数之一,在生态学中常用来定量地描述

一个区域的生物多样性. Simpson 指数值越大,说明群落多样性越低.

2 结果与分析

2.1 土壤剖面理化性质分析

由表 3 可知,土壤有机碳含量、全氮含量、有机碳/全氮、可溶性有机碳含量均随土层的加深而减小. 样地 1、3 中土壤 pH 值随土层的加深先升高再降低,在 20 ~ 40 cm 处达到最大值,样地 2 土壤 pH 随土层的加深而升高. 样地 1 中土壤含水量随土层的加深先降低再升高,0 ~ 10 cm 与 10 ~ 20 cm、20 ~ 40 cm 及 40 ~ 60 cm 差异显著($P < 0.05$),3 个样地土壤含水量均在 0 ~ 10 cm 处为最大值. 3 个样地中各土层的平均值存在差异,土壤 pH 介于 6.11 ~ 6.42 之间,在 0 ~ 40 cm 随土层深度的增加而显著升高($P < 0.05$),而在 20 ~ 40 cm 与 40 ~ 60 cm 差异并不显著($P > 0.05$). 土壤平均含水率介于 30.27% ~ 35.90% 之间,随土层深度的增加而显著降低($P < 0.05$). 0 ~ 10 cm 土层的有机碳含量为 $67.44 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,较 10 ~ 20 cm、20 ~ 40 cm 及 40 ~ 60 cm 分别增加 15.88%、53.17% 及 107.38%,土层间差异

表 3 土壤剖面的理化性质¹⁾

Table 3 Physico-chemical characteristics of the analyzed soil depth samples

指标	土层/cm	样地			平均值
		1	2	3	
pH	0 ~ 10	6.27 ± 0.03d	6.14 ± 0.03b	5.92 ± 0.03c	6.11 ± 0.18c
	10 ~ 20	6.44 ± 0.02c	6.29 ± 0.02ab	6.01 ± 0.02b	6.25 ± 0.22b
	20 ~ 40	6.78 ± 0.07a	6.26 ± 0.09a	6.21 ± 0.02a	6.42 ± 0.32a
	40 ~ 60	6.61 ± 0.01b	6.35 ± 0.02a	6.23 ± 0.03a	6.40 ± 0.19a
含水量/%	0 ~ 10	35.39 ± 0.72a	35.52 ± 0.70a	36.79 ± 0.33b	35.90 ± 0.77a
	10 ~ 20	30.11 ± 0.56b	32.40 ± 0.34bc	41.95 ± 0.85a	34.82 ± 6.28a
	20 ~ 40	29.41 ± 1.14b	33.87 ± 1.59ab	36.86 ± 0.90b	33.38 ± 3.75a
	40 ~ 60	29.74 ± 0.44b	30.93 ± 0.85c	30.15 ± 0.93c	30.28 ± 0.60a
有机碳/ $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	0 ~ 10	68.55 ± 0.28a	63.63 ± 0.20a	70.14 ± 0.29a	67.44 ± 3.39a
	10 ~ 20	62.90 ± 0.12b	41.74 ± 0.27b	69.95 ± 0.22a	58.20 ± 14.68b
	20 ~ 40	49.02 ± 0.38c	25.73 ± 0.24c	57.35 ± 0.42b	44.03 ± 16.39c
	40 ~ 60	30.18 ± 0.53d	32.87 ± 0.51a	33.85 ± 0.08c	32.52 ± 6.13d
全氮/ $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	0 ~ 10	5.51 ± 0.07a	4.76 ± 0.03c	5.38 ± 0.18a	5.22 ± 0.40a
	10 ~ 20	4.14 ± 0.10b	5.58 ± 0.12a	5.57 ± 0.36a	5.10 ± 0.18a
	20 ~ 40	2.73 ± 0.02c	5.20 ± 0.21b	4.58 ± 0.15b	4.17 ± 1.29b
	40 ~ 60	2.54 ± 0.10c	3.36 ± 0.08d	3.61 ± 0.03c	3.17 ± 0.56c
碳氮比	0 ~ 10	14.41 ± 0.14a	11.83 ± 0.37ab	12.98 ± 0.1a	13.07 ± 1.29a
	10 ~ 20	11.28 ± 0.26b	12.58 ± 0.85a	11.31 ± 0.31b	11.72 ± 0.74b
	20 ~ 40	11.05 ± 0.42b	10.70 ± 0.31bc	10.40 ± 0.23c	10.72 ± 0.33c
	40 ~ 60	10.47 ± 0.28c	10.21 ± 0.05c	10.24 ± 0.05c	10.31 ± 0.14c
可溶性碳/ $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	0 ~ 10	350.23 ± 2.14a	344.87 ± 3.97a	366.65 ± 5.46a	355.66 ± 9.52a
	10 ~ 20	307.53 ± 13.67b	220.17 ± 2.72b	330.35 ± 5.93b	286.02 ± 58.16ab
	20 ~ 40	262.45 ± 3.54c	205.93 ± 1.69c	257.47 ± 3.53c	242.28 ± 30.72bc
	40 ~ 60	187.65 ± 1.30d	164.55 ± 3.23d	189.95 ± 12.71d	179.38 ± 16.54c

1) 小写字母表示不同土层在 0.05 水平下差异显著

显著($P < 0.05$). 土壤全氮含量的变化规律与有机碳一致,0 ~ 10 cm 土层含量较 40 ~ 60 cm 高 $2.05 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 0 ~ 10 cm 与 10 ~ 20 cm 差异不显著($P > 0.05$). 土壤剖面的 C/N 在 10.26 ~ 12.92 之间,土层间呈现显著性差异($P < 0.05$). 土壤可溶性有机碳含量随土层的加深而降低,0 ~ 10 cm 与 20 ~ 40 cm、40 ~ 60 cm 差异显著($P < 0.05$),10 ~ 20 cm 与 40 ~ 60 cm 差异显著($P < 0.05$).

2.2 高通量测序结果和 Alpha 多样性分析

由表 4 可知,红桦林 4 个土层平均获得 58 524 条 clear reads 和 1 493 个 OTUs. OTUs 数量的范围为 1 668 ~ 1 354,土层间差异不显著($P > 0.05$). 土壤细菌物种累积曲线在开始阶段表现为急剧上升趋势,随着样本量的加大曲线很快趋于平缓,说明试验分析土壤细菌样本量充足,可以进行数据分析(图 1).

由表 4 可知,在 97% 分类水平下,不同处理土壤 Chao1 指数、Shannon 指数有所不同,但差异均不

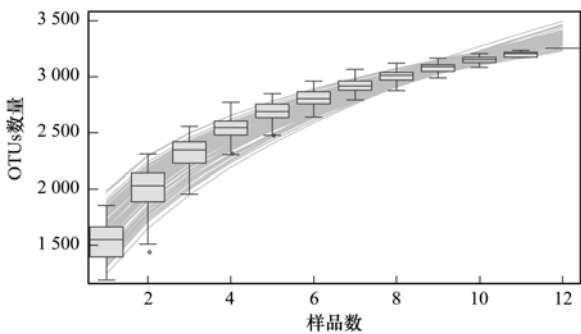


图 1 土壤细菌物种累积曲线

Fig. 1 Species accumulation curves of soil bacteria

显著. 3 个样地中,Chao1 指数在 0 ~ 10 cm 处达到最大值,在 40 ~ 60 cm 处达到最小值. Shannon 指数的最大值均在 0 ~ 10 cm,样地 1 的最小值在 40 ~ 60 cm,而样地 2、样地 3 的最小值在 20 ~ 40 cm 处. Chao 指数平均值随着土层深度的增加而减小,在 20 ~ 40 cm 达到最大值. Shannon 指数平均值的大小表现为 0 ~ 10 cm > 10 ~ 20 cm > 20 ~ 40 cm > 40 ~ 60 cm. 4 个土层 Simpson 指数的均值相同.

表 4 不同处理土壤细菌多样性指数¹⁾
Table 4 Soil bacterial diversity indexes in different treatments

指标	土层/cm	样地			平均值
		1	2	3	
读数	0 ~ 10	56 473	59 251	55 463	57 062 ± 1 962a
	10 ~ 20	57 945	60 364	55 890	58 066 ± 2 239a
	20 ~ 40	61 369	59 043	61 573	60 662 ± 1 406a
	40 ~ 60	56 530	56 894	61 493	58 306 ± 2 766a
OTU	0 ~ 10	1 853	1 786	1 366	1 668 ± 264a
	10 ~ 20	1 765	1 634	1 549	1 649 ± 109a
	20 ~ 40	1 661	1 558	683	1 301 ± 537a
	40 ~ 60	1 485	1 392	1 185	1 354 ± 154a
Chao 指数	0 ~ 10	2 426	2 363	2 236	2 341 ± 97a
	10 ~ 20	2 047	2 288	2 215	2 183 ± 124a
	20 ~ 40	2 114	2 080	1 704	1 966 ± 228ab
	40 ~ 60	1 896	852	1 444	1 397 ± 524ab
Shannon 指数	0 ~ 10	8.69	8.64	8.14	8.49 ± 0.30a
	10 ~ 20	8.66	8.04	8.58	8.43 ± 0.34a
	20 ~ 40	8.38	8.03	7.74	8.05 ± 0.32a
	40 ~ 60	8.05	8.08	7.78	7.97 ± 0.17a
Simpson 指数	0 ~ 10	0.99	0.99	0.99	0.99 a
	10 ~ 20	0.99	0.99	0.99	0.99a
	20 ~ 40	0.99	0.99	0.99	0.99 a
	40 ~ 60	0.99	0.99	0.99	0.99 a

1) 同一列不同小写字母在 0.05 水平下差异显著

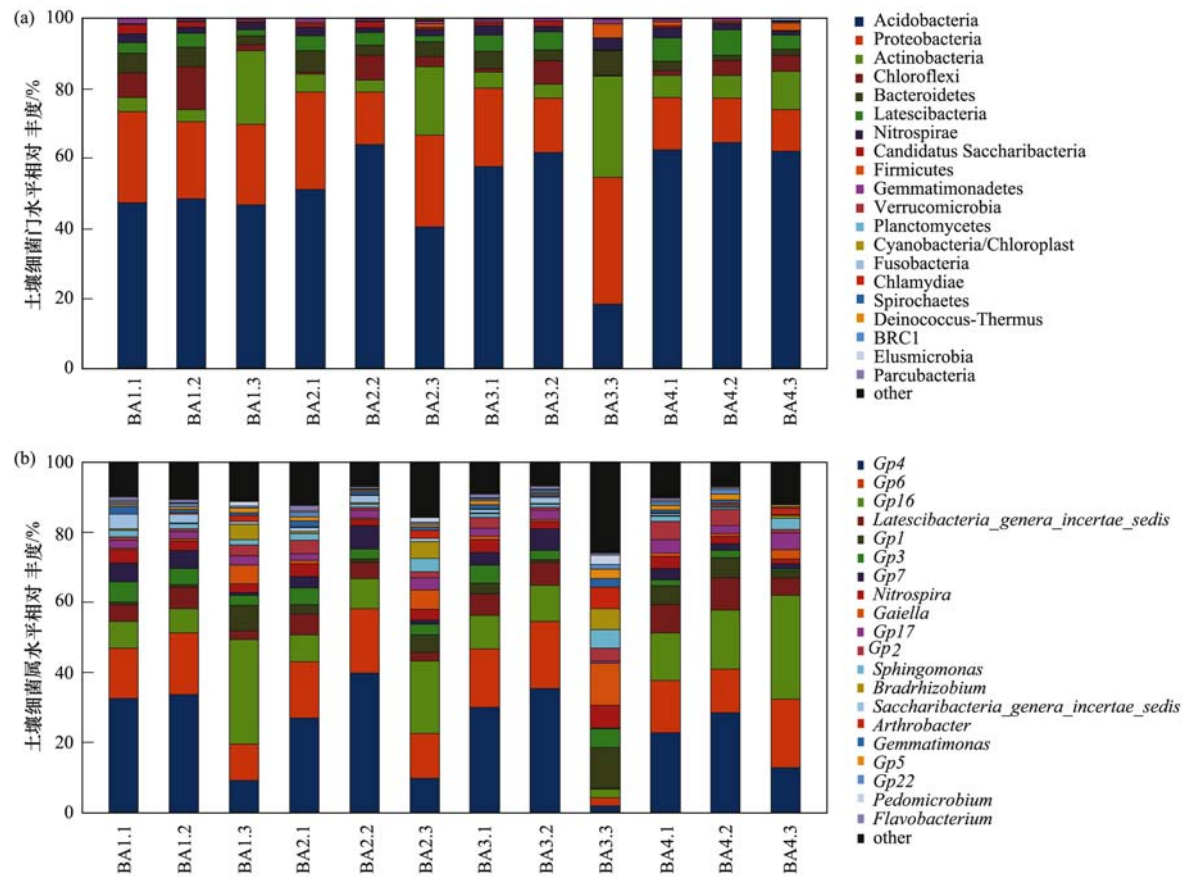
2.3 Alpha 多样性指数与土壤理化性质的相关性分析

由表 5 可知,Chao1 与土壤 C/N ($R = 0.695$; $P < 0.05$)、土壤可溶性有机碳 ($R = 0.598$; $P < 0.05$) 呈显著正相关. 与土壤全氮、有机碳、含水量、土壤 pH 未见显著性相关($P > 0.05$). Shannon 指数与土壤 C/N 呈显著相关关系($P < 0.05$),相关系数为

0.692. Simpson 指数与土壤理化性质各项指标均未呈现显著相关关系($P > 0.05$).

2.4 不同土层土壤微生物群落结构特征

由图 2(a) 可知,在门分类水平上,相对丰度最大的 3 个门所占比例总和达到 70% 以上,分别是酸杆菌门 (Acidobacteria)、变形菌门 (Proteobacteria) 和放线菌门 (Actinobacteria). 酸杆菌门



图中 BA1、BA2、BA3 和 BA4 分别代表 0 ~ 10、10 ~ 20、20 ~ 40、40 ~ 60 cm 土壤层,每个土层 3 个重复

图 2 门和属分类水平下的细菌群落相对丰度

Fig. 2 Relative abundance of bacterial communities at phylum level and genus level

表 5 Alpha 多样性指数与 pH 值、含水率、有机碳、全氮、C/N、可溶性有机碳分析¹⁾

Table 5 Correlation coefficient between Alpha diversity and pH, soil water content(SWC), soil organic carbon(SOC) content total nitrogen(TN), C/N, dissolved organic carbon(DOC) in different soil layers

	Chao 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
pH	-0.168	-0.092	0.079
SWC	0.397	0.196	0.282
SOC	0.507	0.244	0.253
TN	0.551	0.362	0.225
C/N	0.695 *	0.692 *	0.296
DOC	0.664 *	0.443	0.372

1) * 表示在 0.05 水平上显著相关

(Acidobacteria) 的相对丰度在 40 ~ 60 cm 达到最大值 62.88%, 较 0 ~ 10 cm、10 ~ 20 cm 和 20 ~ 40 cm 土层分别增加 32.49%, 21.39% 和 37.26%。而变形菌门(Proteobacteria) 的相对丰度则随着土层深度的增加而减少, 0 ~ 10 cm 较 40 ~ 60 cm 高 79.08%。放线菌门(Actinobacteria) 变化范围为 7.86% ~ 12.58%。其次是拟杆菌门(Bacteroidetes)、绿弯菌

门(Chloroflexi)、Latescibacteria、硝化螺旋菌门(Nitrospirae), 其变化范围分别为 2.01% ~ 5.08%、2.62% ~ 6.95%、2.91% ~ 6.07%、1.89 ~ 2.64%。

由图 2(b) 可知, 在属分类水平上, 在 4 个土层中 Gp4、Gp6、Gp16 均为主导细菌属, 相对丰度总和达到 40% 以上。Gp4 平均值的变化范围为 21.26% ~ 25.44%, 在 10 ~ 20 cm 达到最大值, 40 ~ 60 cm 处达到最小值。Gp6 的变化范围为 14.13% (20 ~ 40 cm) ~ 15.81% (10 ~ 20 cm)。Gp16 相对丰度的大小顺序为: 40 ~ 60 cm > 0 ~ 10 cm > 10 ~ 20 cm > 20 ~ 40 cm。相对丰度较小的细菌属为 Latescibacteria_genera_incertae_sedis、Gp3、Gp7, 变化范围分别为 4.30% ~ 7.45%、1.53% ~ 4.34%、2.20% ~ 3.73%, 以及 Nitrospira (硝化螺旋属)、Gp17、Gp2、Gp7、Gp1 等。

2.5 土壤理化性质对细菌群落的影响

为了解环境因子与细菌群落的关系, 对细菌属和每个样地环境因子进行相关分析(表 6)。结果表明: 酸杆菌门(Acidobacteria) 的相对丰度与全氮呈显著负相关($P < 0.05$), 与土壤有机碳、C/N、可溶

性有机碳呈极显著负相关($P < 0.01$)。变形菌门(Proteobacteria)与土壤含水量呈显著相关($P < 0.05$),与土壤有机碳、可溶性有机碳呈极显著相关($P < 0.01$)。放线菌门(Actinobacteria)与土壤有机碳、可溶性有机碳呈极显著正相关($P < 0.01$)。拟杆菌门(Bacteroidetes)与土壤含水量呈显著正相关($P < 0.05$)。绿弯菌门(Chloroflexi)与土壤有机碳、可溶性有机碳呈显著正相关($P < 0.05$)。硝化螺旋菌门(Nitrospirae)与土壤 pH 呈显著正相关($P < 0.05$)与全氮呈显著负相关($P < 0.05$),与土壤含水量、土壤有机碳、可溶性有机碳呈极显著负相关($P < 0.01$)。

为了解环境因子造成的样品的聚类和分离情况,在属水平上对细菌群落进行冗余分析(RDA)(图3)。从图中可以看出,4个土壤层细菌群落分布

存在差异,0~10 cm和10~20 cm土层主要位于第一、二象限,20~40 cm和40~60 cm土层主要位于三、四象限。土壤 pH与0~10 cm和10~20 cm土层细菌群落呈负相关,但和20~40 cm、40~60 cm土壤层细菌群落正相关。而土壤含水量、有机碳、全氮、C/N、可溶性有机碳与0~10 cm和10~20 cm土层呈正相关,但和20~40 cm、40~60 cm土壤层细菌群落负相关。土壤可溶性碳含量($F = 4.4$, $P = 0.003$)是影响细菌群落组成的主要因素,解释率为30.5%,其次是C/N($F = 4.2$, $P = 0.012$)、土壤 pH($F = 3.0$, $P = 0.023$),解释率分别为22.2%、13.0%(表7)。土壤 pH、含水量、有机碳含量、全氮、C/N比、可溶性有机碳共同解释了76%的细菌群落组成变化。土壤因素的影响顺序为:可溶性碳 > C/N > pH > 土壤全氮 > 有机碳 > 土壤含水量。

表6 土壤基本性质与土壤细菌相对丰度的相关性¹⁾

Table 6 Correlation between soil properties and the relative abundance of soil bacteria at the phylum level

细菌	pH	SWC	SOC	TN	C/N	DOC
Acidobacteria	0.313	-0.395	-0.749**	-0.621*	-0.862**	-0.762**
Proteobacteria	0.517	0.704*	0.893**	-0.517	-0.536	0.745**
Actinobacteria	-0.186	0.518	0.740**	0.306	0.232	0.821**
Bacteroidetes	-0.529	0.605*	0.392	0.233	-0.142	0.480
Chloroflexi	0.073	0.297	0.586*	0.187	0.206	0.672*
Latescibacteria	-0.291	0.150	-0.015	0.405	0.344	-0.049
Nitrospirae	0.598*	-0.736**	-0.718**	-0.625*	-0.341	-0.863**
Candidatus Saccharibacteria	0.427	0.002	0.185	-0.310	-0.115	0.303
Firmicutes	-0.039	0.107	0.229	0.518	0.777**	0.282
Gemmatimonadetes	-0.078	0.163	-0.067	-0.167	-0.484	0.068

1) *表示在0.05水平上显著相关,**表示在0.01水平上显著相关

表7 土壤细菌与土壤理化性质的相互关系¹⁾

Table 7 Interactions between soil properties and soil bacteria

项目	解释率/%	F	P
可溶性碳	30.5	4.4	0.003**
C/N	22.2	4.2	0.012*
pH	13.0	3.0	0.023
全氮	5.1	1.2	0.343
有机碳	3.6	0.8	0.575
含水量	1.7	0.3	0.853

1) *表示在0.05水平上显著相关,**表示在0.01水平上显著相关

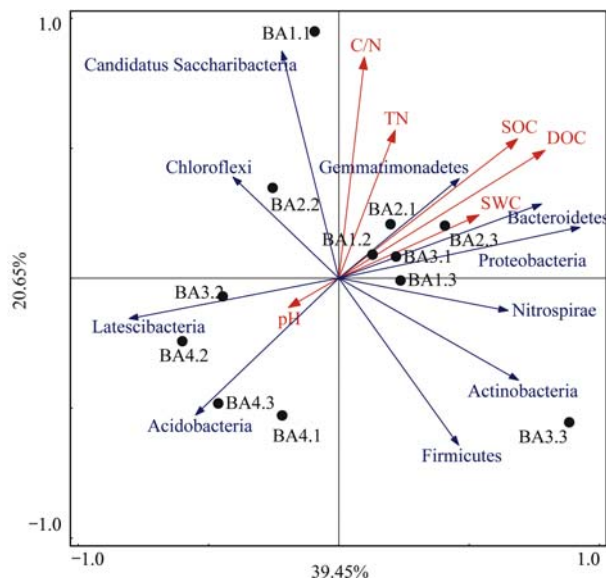
3 讨论

3.1 土壤细菌多样性在土壤剖面的分布特征

土壤微生物群落是土壤生态功能的基础,它通过参与土壤有机质分解和矿化等过程影响土壤养分循环,调节和指示土壤功能^[28]。例如:酸杆菌门(Acidobacteria)能够降解复杂的木质素^[29]与纤维素^[30]为土壤提供养分。在森林生态系统中,由于凋

落物的分解,养分转化及在土壤中的迁移,导致了土壤养分在土壤剖面上存在差异,造成土壤细菌多样性也存在某种程度上的差别。本研究中0~10 cm土层土壤有机碳含量、全氮含量、可溶性碳含量显著高于其他3个土层,而细菌多样性也高于其他3个土层,这与Voříšková等^[31]的研究结果一致。一方面,土壤表层养分来源广泛,这是导致其具有较高微生物多样性先决条件;另一方面,表层土壤养分含量高,为微生物提供了充足的能源^[32]。

本研究中红桦林土壤剖面上细菌多样性没有随土层的加深而显著性减少,这与Agnelli等^[33]研究结果不同。导致这一结果的原因可能有两点:一方面,红桦林根系发达,深层土壤中根际为细菌提供了良好的生存环境,根系分泌物和根系凋落物为细菌生长提供了碳源^[34],从而丰富了深层土壤细菌群落^[35];另一方面,红桦林土壤剖面具有较高的可溶性有机碳含量。由表3可知,40~60 cm土层可溶



图中 SOC、TN、SWC 和 DOC 分别代表土壤有机碳、土壤全氮、土壤含水量和可溶性有机碳; BA1、BA2、BA3、BA4 分别代表 0 ~ 10、10 ~ 20、20 ~ 40、40 ~ 60 cm 土壤层, 每个土层 3 个重复

图 3 基于土壤细菌群落分布和土壤环境因子的冗余分析

Fig. 3 Redundancy analysis (RDA) used to explore the relationships between bacterial communities at the phylum level and selected soil properties

性有机碳含量为 $179.38 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 这与黄土高原森林土壤及三江平原湿地 0 ~ 10 cm 土层相近^[36,37]。可溶性有机碳是土壤有机物中较为活跃的组分, 容易被土壤微生物氧化分解, 对微生物有较高活性的碳素, 是土壤微生物活动的能源。

3.2 土壤细菌群落结构及相对丰度

本研究中酸杆菌门是优势菌门, 所占比例范围为 45.80% ~ 62.88%, 与柳春林等^[38]和 Peralta 等^[39]研究结果一致。Lauber 等^[40]的研究发现在酸性土壤中, 酸杆菌门 (Acidobacteria) 和变形菌门 (Proteobacteria) 等是主要细菌类群。Rousk 等^[41]证明土壤 pH 是影响土壤细菌群落组成的主要影响因素。据以上分析, 本研究揭示的秦岭红桦林土壤中酸杆菌门 (Acidobacteria) 占绝对优势的现象与土壤 pH 值呈酸性 (6.1 ~ 6.42) 有关。本研究中, 0 ~ 10 cm 土层变形菌门 (Proteobacteria) 相对丰度高于 40 ~ 60 cm 土层, 酸杆菌 (Acidobacteria) 相对丰度低于 40 ~ 60 cm 土层, 导致这种变化的原因是不同土层养分含量的差异^[42~44]。变形菌门 (Proteobacteria) 相对丰度与土壤有机碳含量、可溶性有机碳呈正相关, 说明变形菌门 (Proteobacteria) 具有嗜营养的特点, 这与 McCaig 等^[45]和 Fazi 等^[46]研究一致。López-Mondéjar 等^[32]对温带落叶林土壤细菌的研究发现, 在有机碳含量较高的土层, 变形菌门

(Proteobacteria) 具有较高的相对丰度。本研究证明酸杆菌门 (Acidobacteria) 具有寡营养的特点。苏婷婷等^[47]研究生物有机肥与磷肥配施对细菌群落的影响, 结果表明增加土壤养分酸杆菌门 (Acidobacteria) 相对丰度并没有显著性改变。Dion^[48]证明酸杆菌门 (Acidobacteria) 可以生长在土壤养分贫瘠的环境中。经 RDA 分析证明了秦岭红桦林土壤剖面上可溶性有机碳含量是影响细菌群落分布的主要因素。在属分类水平上, 大多数的细菌属与其他学者的研究结果一致^[49]。

土壤环境、植物多样性是形成森林土壤微生物群落结构的主要因素^[50]。Nacke 等^[51]在德国的研究表明, 土壤细菌群落的结构在很大程度上是受树种的影响。因此林分类型也可能是影响森林土壤微生物群落组成的因素之一。本研究仅选取红桦纯林土壤进行细菌群落分析, 不同林型中细菌群落结构组成是否相同? 影响因素是否一致? 土壤细菌多样性与植物多样性的关系怎样? 这些问题有待于进一步地研究。

4 结论

(1) 高通量测序技术测序结果能够更加全面地反映土壤样品细菌群落的组成及结构, 细菌多样性的大小顺序为: 0 ~ 10 cm > 10 ~ 20 cm > 20 ~ 40 cm > 40 ~ 60 cm。细菌多样性与可溶性有机碳呈显著正相关。

(2) 4 个土壤层中的优势细菌门为酸杆菌门 (Acidobacteria)、变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria), 主要的优势细菌属为 *Gp4*、*Gp6*、*Gp16*。其相对丰度在土壤层之间具有差别。

(3) 细菌群落受多种土壤环境因子的影响, 本研究中可溶性有机碳是影响秦岭红桦林土壤剖面细菌分布的主要因素。

参考文献:

- [1] Dixon R K, Solomon A M, Brown S, et al. Carbon pools and flux of global forest ecosystems [J]. Science, 1994, **263** (5144): 185-190.
- [2] Höglberg M N, Briones M J I, Keel S G, et al. Quantification of effects of season and nitrogen supply on tree below-ground carbon transfer to ectomycorrhizal fungi and other soil organisms in a boreal pine forest [J]. New Phytologist, 2010, **187** (2): 485-493.
- [3] Roesch L F W, Fulthorpe R R, Riva A, et al. Pyrosequencing enumerates and contrasts soil microbial diversity [J]. The ISME Journal, 2007, **1** (4): 283-290.
- [4] Calla T M M. Introduction to Soil Microbiology, Second Edition by Martin Alexander. John Wiley & Sons, Inc., 605 Third A

- venue, New York, NY 10016. 1977. 467p. MYM18.95 [J]. Journal of Environmental Quality, 1978, **7**(1): 158.
- [5] Kennedy A C. Bacterial diversity in agroecosystems [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 1999, **74**(1-3): 65-76.
- [6] He Z L, Van Nostrand J D, Deng Y, *et al.* Development and applications of functional gene microarrays in the analysis of the functional diversity, composition, and structure of microbial communities [J]. Frontiers of Environmental Science & Engineering in China, 2011, **5**(1): 1-20.
- [7] O'Brien H E, Parrent J L, Jackson J A, *et al.* Fungal community analysis by large-scale sequencing of environmental samples[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2005, **71**(9): 5544-5550.
- [8] Lindahl B D, Ihrmark K, Boberg J, *et al.* Spatial separation of litter decomposition and mycorrhizal nitrogen uptake in a boreal forest[J]. New Phytologist, 2007, **173**(3): 611-620.
- [9] Fierer N, Schimel J P, Holden P A. Variations in microbial community composition through two soil depth profiles[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2003, **35**(1): 167-176.
- [10] Li H, Ye D D, Wang X G, *et al.* Soil bacterial communities of different natural forest types in Northeast China[J]. Plant and Soil, 2014, **383**(1-2): 203-216.
- [11] Cheng F, Wei X, Hou L, *et al.* Soil fungal communities of montane natural secondary forest types in China[J]. Journal of Microbiology, 2015, **53**(6): 379-389.
- [12] Blume E, Bischoff M, Reichert J M, *et al.* Surface and subsurface microbial biomass, community structure and metabolic activity as a function of soil depth and season[J]. Applied Soil Ecology, 2002, **20**(3): 171-181.
- [13] Fritze H, Pietikäinen J, Pennanen T. Distribution of microbial biomass and phospholipid fatty acids in Podzol profiles under coniferous forest [J]. European Journal of Soil Science, 2000, **51**(4): 565-573.
- [14] Ding X F, Wu C D, Huang J, *et al.* Interphase microbial community characteristics in the fermentation cellar of Chinese Luzhou-flavor liquor determined by PLFA and DGGE profiles [J]. Food Research International, 2015, **72**: 16-24.
- [15] Xu Z Y, Tang M, Chen H, *et al.* Microbial community structure in the rhizosphere of *Sophora viciifolia* grown at a lead and zinc mine of northwest China[J]. Science of the Total Environment, 2012, **435-436**: 453-464.
- [16] Osborn A M, Moore E R B, Timmis K N. An evaluation of terminal-restriction fragment length polymorphism (T-RFLP) analysis for the study of microbial community structure and dynamics [J]. Environmental Microbiology, 2000, **2**(1): 39-50.
- [17] 郭垚鑫. 秦岭山地红桦林群落的稳定性及其维持机制研究 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2013.
- [18] 唐朋辉, 党坤良, 王连贺, 等. 秦岭南坡红桦林土壤有机碳密度影响因素[J]. 生态学报, 2016, **36**(4): 1030-1039.
- Tang P H, Dang K L, Wang L H, *et al.* Factors affecting soil organic carbon density in *Betula albo-sinensis* forests on the Southern Slope of the Qinling Mountains [J]. Acta Ecologica Sinica, 2016, **36**(4): 1030-1039.
- [19] 耿荣, 耿增超, 黄建, 等. 秦岭辛家山林区锐齿栎外生菌根真菌多样性[J]. 菌物学报, 2016, **35**(7): 833-847.
- Geng R, Geng Z C, Huang J, *et al.* Diversity of ectomycorrhizal fungi associated with *Quercus aliena* in Xinjiashan forest region of Qinling Mountains[J]. Mycosystema, 2016, **35**(7): 833-847.
- [20] 王棣, 耿增超, 余雕, 等. 秦岭典型林分土壤有机碳储量及碳氮垂直分布[J]. 生态学报, 2015, **35**(16): 5421-5429.
- Wang D, Geng Z C, She D, *et al.* Soil organic carbon storage and vertical distribution of carbon and nitrogen across different forest types in the Qinling Mountains[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, **35**(16): 5421-5429.
- [21] 耿荣, 耿增超, 黄建, 等. 秦岭辛家山林区云杉外生菌根真菌多样性[J]. 微生物学报, 2015, **55**(7): 905-915.
- Geng R, Geng Z, Huang J, *et al.* Diversity of ectomycorrhizal fungi associated with *Picea asperata* in Xin Jiashan Forest of Qinling Mountains [J]. Acta microbiologica Sinica, 2015, **55**(7): 905-915.
- [22] Thomas G W. Soil pH and soil acidity [A]. In: Sparks D L (Ed.). Methods of Soil Analysis. Part 3. Chemical Methods-SSSA Book Series No. 5 [M]. Madison, WI: Soil Science Society of America and American Society of Agronomy, 1996.
- [23] Walkley A. An examination of methods for determining organic carbon and nitrogen in soils. (With one text-figure.) [J]. The Journal of Agricultural Science, 1935, **25**(4): 598-609.
- [24] Bremner J M, Mulvaney C S. Nitrogen-total [A]. In: Page A L, Miller R H, Keeney D R (Eds.). Methods of Soil Analysis. Part 2. Chemical and Microbiological Properties [M]. Madison, WI: Soil Science Society of America and American Society of Agronomy, 1982.
- [25] Jones D L, Willett V B. Experimental evaluation of methods to quantify dissolved organic nitrogen (DON) and dissolved organic carbon (DOC) in soil [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, **38**(5): 991-999.
- [26] Edgar R C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST [J]. Bioinformatics, 2010, **26**(19): 2460-2461.
- [27] Maidak B L, Olsen G J, Larsen N, *et al.* The RDP (Ribosomal Database Project) [J]. Nucleic Acids Research, 1997, **25**(1): 109-110.
- [28] Romaniuk R, Giuffrè L, Costantini A, *et al.* Assessment of soil microbial diversity measurements as indicators of soil functioning in organic and conventional horticulture systems [J]. Ecological Indicators, 2011, **11**(5): 1345-1353.
- [29] Lynd L R, Weimer P J, van Zyl W H, *et al.* Microbial cellulose utilization: fundamentals and biotechnology [J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 2002, **66**(3): 506-577.
- [30] Pankratov T A, Ivanova A O, Dedys S N, *et al.* Bacterial populations and environmental factors controlling cellulose degradation in an acidic *Sphagnum peat* [J]. Environmental Microbiology, 2011, **13**(7): 1800-1814.
- [31] Voříšková J, Brabcová V, Cajthaml T, *et al.* Seasonal dynamics of fungal communities in a temperate oak forest soil [J]. New Phytologist, 2014, **201**(1): 269-278.
- [32] López-Mondéjar R, Voříšková J, Větrovský T, *et al.* The bacterial community inhabiting temperate deciduous forests is vertically stratified and undergoes seasonal dynamics [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2015, **87**: 43-50.
- [33] Agnelli A, Ascher J, Corti G, *et al.* Distribution of microbial communities in a forest soil profile investigated by microbial biomass, soil respiration and DGGE of total and extracellular

- DNA[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2004, **36**(5): 859-868.
- [34] Clemmensen K E, Bahr A, Ovaskainen O, *et al.* Roots and associated fungi drive long-term carbon sequestration in boreal forest[J]. *Science*, 2013, **339**(6127): 1615-1618.
- [35] Uroz S, Buée M, Murat C, *et al.* Pyrosequencing reveals a contrasted bacterial diversity between oak rhizosphere and surrounding soil [J]. *Environmental Microbiology Reports*, 2010, **2**(2): 281-288.
- [36] 董扬红, 曾全超, 李娅芸, 等. 黄土高原不同植被类型土壤活性有机碳组分分布特征[J]. *草地学报*, 2015, **23**(2): 277-284.
- Dong Y H, Zeng Q C, Li Y Y, *et al.* The characteristics of soil active organic carbon composition under different vegetation types on the Loess Plateau[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2015, **23**(2): 277-284.
- [37] Mavi M S, Marschner P, Chittleborough D J, *et al.* Salinity and sodicity affect soil respiration and dissolved organic matter dynamics differentially in soils varying in texture [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2012, **45**: 8-13.
- [38] 柳春林, 左伟英, 赵增阳, 等. 鼎湖山不同演替阶段森林土壤细菌多样性[J]. *微生物学报*, 2012, **52**(12): 1489-1496.
- Liu C L, Zuo W Y, Zhao Z Y, *et al.* Bacterial diversity of different successional stage forest soils in Dinghushan[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2012, **52**(12): 1489-1496.
- [39] Peralta R M, Ahn C, Gillevet P M. Characterization of soil bacterial community structure and physicochemical properties in created and natural wetlands [J]. *Science of the Total Environment*, 2013, **443**: 725-732.
- [40] Lauber C L, Hamady M, Knight R, *et al.* Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, **75**(15): 5111-5120.
- [41] Rousk J, Bååth E, Brookes P C, *et al.* Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil [J]. *The ISME Journal*, 2010, **4**(10): 1340-1351.
- [42] Tiquia S M, Lloyd J, Herms D A, *et al.* Effects of mulching and fertilization on soil nutrients, microbial activity and rhizosphere bacterial community structure determined by analysis of TRFLPs of PCR-amplified 16S rRNA genes [J]. *Applied Soil Ecology*, 2002, **21**(1): 31-48.
- [43] Costello E K, Schmidt S K. Microbial diversity in alpine tundra wet meadow soil: novel Chloroflexi from a cold, water-saturated environment [J]. *Environmental Microbiology*, 2006, **8**(8): 1471-1486.
- [44] Lauber C L, Strickland M S, Bradford M A, *et al.* The influence of soil properties on the structure of bacterial and fungal communities across land-use types [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, **40**(9): 2407-2415.
- [45] McCaig A E, Glover L A, Prosser J I. Molecular analysis of bacterial community structure and diversity in unimproved and improved upland grass pastures[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1999, **65**(4): 1721-1730.
- [46] Fazi S, Amalfitano S, Pernthaler J, *et al.* Bacterial communities associated with benthic organic matter in headwater stream microhabitats[J]. *Environmental Microbiology*, 2005, **7**(10): 1633-1440.
- [47] 苏婷婷, 周鑫斌, 张跃强, 等. 生物有机肥和磷肥配施对新整理黄壤烟田细菌群落组成的影响[J]. *烟草科技*, 2016, **49**(5): 8-15.
- Su T T, Zhou X B, Zhang Y Q, *et al.* Effects of combining traditional fertilizers with biological organic manure and phosphorus fertilizer on bacterial community in tobacco fields of yellow soil type after soil consolidation[J]. *Tobacco Science & Technology*, 2016, **49**(5): 8-15.
- [48] Dion P. Extreme views on prokaryote evolution[A]. In: Dion P, Nautiyal C S (Eds.). *Microbiology of Extreme Soils*. Berlin Heidelberg: Springer, 2008: 45-70.
- [49] Naether A, Foesel B U, Naegele V, *et al.* Environmental factors affect acidobacterial communities below the subgroup level in grassland and forest soils [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2012, **78**(20): 7398-7406.
- [50] Zhang Y G, Cong J, Lu H, *et al.* An integrated study to analyze soil microbial community structure and metabolic potential in two forest types[J]. *PLoS One*, 2014, **9**(4): e93773.
- [51] Nacke H, Thürmer A, Wollherr A, *et al.* Pyrosequencing-based assessment of bacterial community structure along different management types in German forest and grassland soils[J]. *PLoS One*, 2011, **6**(2): e17000.

CONTENTS

Marine Aerosol Using On-board Aerosol Mass Spectrometry	YAN Jin-pei, CHEN Li-qi, LIN Qi, <i>et al.</i> (2629)
Analysis of Spatio-temporal Distribution and Variation Characteristics of Aerosol Optical Depth over the Northwest of China by MODIS C6 Product	ZHAO Shi-wei, GAO Xiao-qing (2637)
Sources and Characteristics of Regional Background PM ₁ in North China During the Autumn and Winter Polluted Period ...	ZHANG Zhou-xiang, ZHANG Yang-mei, ZHANG Xiao-ye, <i>et al.</i> (2647)
Pollution Characteristics and Light Extinction Contribution of Water-soluble Ions of PM _{2.5} in Hangzhou	WU Dan, LIN Shao-long, YANG Huan-qiang, <i>et al.</i> (2656)
Formation and Size Distribution of the Secondary Aerosol Inorganic Ions in Different Intensity of Haze in Qingdao, China	XIE Dan-dan, QI Jian-hua, ZHANG Rui-feng (2667)
Comparison of Characteristics and Reactive Oxidative Species of PM _{2.5} in Xi'an, China During Haze and Clean Days	WANG Kun, HAN Yong-ming, Ho Steven Sai Hang, <i>et al.</i> (2679)
Seasonal Variation and Sources of Dicarboxylic Acids and Related Compounds in PM ₁₀ from Mt. Huangshan	MENG Jing-jing, HOU Zhan-fang, ZHANG Er-xun, <i>et al.</i> (2688)
Composition Characteristics and Sources Apportionment of Lanthanoid in PM _{2.5} of Quanzhou	ZHANG Yun-feng, YU Rui-lian, HU Gong-ren, <i>et al.</i> (2698)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Hazardous Air Pollutants in the Surroundings of Three Petrochemical Industries in Northwest China	XU Ya-xuan, LI Xiao-min, YU Hua-tong, <i>et al.</i> (2707)
VOCs Characteristics and Sources Apportionment in Yixing City During the G20 Summit	ZHANG Lin, ZHANG Xiang-zhi, QIN Wei, <i>et al.</i> (2718)
Agricultural Ammonia Emission Inventory and Its Spatial Distribution in Sichuan Province from 2005 to 2014	FENG Xiao-qiong, CHEN Jun-hui, JIANG Tao, <i>et al.</i> (2728)
Air Pollutant Emission Inventory of Non-road Machineries in Typical Cities in Eastern China	LU Jun, HUANG Cheng, HU Qing-yao, <i>et al.</i> (2738)
Estimation of Health Risk and Enaction of Safety Standards of <i>N</i> -nitrosodimethylamine (NDMA) in Drinking Waters in China	ZHANG Qiu-qiu, PAN Shen-ling, ZHANG Yu, <i>et al.</i> (2747)
Comparison and Analysis of the Quantitative Methods for Pollutant Sources Load in Groundwater Contamination Risk Assessment	ZHAO Peng, HE Jiang-tao, WANG Man-li, <i>et al.</i> (2754)
Distribution and Sources of <i>n</i> -alkanes in Surface Seawater of Jiaozhou Bay	ZHANG Qian, SONG Jin-ming, PENG Quan-cai, <i>et al.</i> (2763)
Spatial Variations of CO ₂ Degassing Across Water-air Interface and Its Impact Factors in Summer in Guijiang River, China	ZHANG Tao, LI Jian-hong, PU Jun-bing, <i>et al.</i> (2773)
Spatial Distribution Characteristics and Potential Ecological Risk of Antimony and Selected Heavy Metals in Sediments of Duliujiang River	NING Zeng-ping, XIAO Qing-xiang, LAN Xiao-long, <i>et al.</i> (2784)
Distribution Characteristics and Potential Risk of Bisphenol Analogues in Surface Water and Sediments of Lake Taihu	CHEN Mei-hong, GUO Min, XU Huai-zhou, <i>et al.</i> (2793)
Characteristics of Water Extractable Organic Nitrogen from Erhai Lake Sediment and Its Differences with Other Sources	LI Wen-zhang, ZHANG Li, WANG Sheng-rui, <i>et al.</i> (2801)
High-resolution Distribution Characteristics of Phosphorous, Iron and Sulfur Across the Sediment-Water Interface of Aha Reservoir ...	SUN Qing-qing, CHEN Jing-an, WANG Jing-fu, <i>et al.</i> (2810)
Distribution Characteristics of Drugs of Abuse and Their Metabolites in Aqueous Environment of Beijing, China	ZHANG Yan, ZHANG Ting-ting, CHEN Wei-ping, <i>et al.</i> (2819)
Impacts of Rainfall Characteristics and Occurrence of Pollutant on Effluent Characteristics of Road Runoff Pollution	CHEN Ying, WANG Zhao, WU Ya-gang, <i>et al.</i> (2828)
Inhibition of Internal Phosphorus Release in the Black-Odor Channel Under Different Adding Methods of CaO ₂	XU Yao, LI Da-peng, HAN Fei-er, <i>et al.</i> (2836)
Transport of Nitrogen and Phosphorus from Sloping Farmland with Thin Purple Soil Overlying Rocks	XIAN Qing-song, TANG Xiang-yu, ZHU Bo (2843)
Purification of Slightly Salt-alkaline Water Bodies by Microorganism Enhanced Combined Floating Bed	CHEN You-yuan, WU Ya-dong, SUN Ping, <i>et al.</i> (2850)
MgO-Biochar for the Adsorption of Phosphate in Water	WANG Bin-bin, LIN Jing-dong, WAN Shun-li, <i>et al.</i> (2859)
Degradation of <i>N</i> -nitrosodimethylamine by Palladium/ Iron Bimetallic Composite Catalytic Fiber	ZHANG Huan, FU Min, WEI Jun-fu, <i>et al.</i> (2868)
Effects of Goethite, Magnetite and Gypsum on the Anaerobic Degradation of 2,4-Dichlorophenol	KONG Dian-chao, ZHOU Yue-fei, CHEN Tian-hu, <i>et al.</i> (2875)
Transformation of Disinfection Byproduct Precursors During the Wastewater Regeneration Processes	HAN Hui-hui, MIAO Heng-feng, ZHANG Ya-jing, <i>et al.</i> (2883)
Treatment of PTA Wastewater by Modified Anode Microbial Fuel Cell	SUN Jing-yun, FAN Meng-jie, CHEN Ying-wen, <i>et al.</i> (2893)
Selective Inhibition of Rice Straw Extract on Growth of Cyanobacteria and Chlorophyta	SU Wen, CHEN Jie, ZHANG Sheng-peng, <i>et al.</i> (2901)
Cultivation of <i>Spirulina platensis</i> in Digested Piggery Wastewater Pretreated by SBR with Operating Conditions Optimization	CAI Xiao-bo, YU Qiang-qiang, LIU Rui, <i>et al.</i> (2910)
Nitrogen Removal Performance of ANAMMOX Process with K ⁺ Addition in Saline Surroundings	WU Guo-dong, YU De-shuang, LI Jin, <i>et al.</i> (2917)
Efficient and Stable Operation of Shortcut Nitrification by Entrapping Ammonia Oxidizing Bacteria	YU Meng-yu, LIU Yi, TIAN Yu-bin, <i>et al.</i> (2925)
Fast Start-up of ANAMMOX and the Spatial Distribution of EPS in ANAMMOX Granules	LI Hui-juan, PENG Dang-cong, CHEN Guo-yan, <i>et al.</i> (2931)
Ammonia Oxidation with Potential Electron Acceptor in ANAMMOX Sludge	LI Xiang, LIN Xing, WANG Fan, <i>et al.</i> (2941)
Ammoniac Waste Gas in-situ Treatment Based on ANAMMOX Process	LIN Xing, WANG Fan, YUAN Yan, <i>et al.</i> (2947)
Extensive Green Roof Substrate Composition Based on Sludge Recycling	SHEN Qing-ran, LI Tian, CAO Yi, <i>et al.</i> (2953)
Short-term Effect of Roxithromycin on Abundance and Diversity of Ammonia-Oxidizing Microorganisms in Activated Sludge	GAO Jing-feng, SUN Li-xin, FAN Xiao-yan, <i>et al.</i> (2961)
Influence of Salinity on Microbial Community in Activated Sludge and Its Application in Simulated Dye Wastewater Treatment	ZHOU Gui-zhong, XU Shuo, YAO Qian, <i>et al.</i> (2972)
Shift of Microbial Communities During the CO ₂ -Brine-Sandstone Interaction Process	WANG Bo-qiang, LI Chen-yang, LU Wei, <i>et al.</i> (2978)
Response of Soil Respiration and Heterotrophic Respiration to Returning of Straw and Biochar in Rape-Maize Rotation Systems	TIAN Dong, GAO Ming, HUANG Rong, <i>et al.</i> (2988)
Effect of Simulated Climate Warming on Microbial Community and Phosphorus Forms in Wetland Soils	TENG Chang-yun, SHEN Jian-guo, WANG Zhong, <i>et al.</i> (3000)
Patterns of Bacterial Community Through Soil Depth Profiles and Its Influencing Factors Under <i>Betula albosinensis</i> Burkill in the Xinjiashan Forest Region of Qinling Mountains	DU Can, XU Chen-yang, WANG Qiang, <i>et al.</i> (3010)
Effects of Microbial Activities on Mercury Methylation in Farmland near Mercury Mining Area	JIA Qin, ZHU Xue-mei, WANG Qi, <i>et al.</i> (3020)
Effect of Sepiolite Application on the Migration and Redistribution of Pb and Cd in Soil Rice System in Soil with Pb and Cd Combined Contamination	FANG Zhi-ping, LIAO Min, ZHANG Nan, <i>et al.</i> (3028)
Application of Amphoteric-Cationic Combined Modification on Phenol Adsorption of Yellow Brown Soil	LIU Wei, MENG Zhao-fu, REN Shuang, <i>et al.</i> (3036)
Bioaccumulation of Heavy Metals in Twigs and Leaves of <i>Abies fabri</i> at Mount Gongga in China; A Comparison Study Between 1999 and 2014	LI Fen, WANG Xun, LUO Ji, <i>et al.</i> (3045)
Subcellular Distribution and Chemical Forms of Heavy Metals in Three Types of Compositae Plants from Lead-Zinc Tailings Area	ZHU Guang-xu, XIAO Hua-yun, GUO Qing-jun, <i>et al.</i> (3054)
Effects of Bentonite Amendment on Detoxification, Heavy Metal Passivation and Estrone Elimination of Sewage Sludge Compost	ZHOU Li-na, CAI Han-zhen, LI Rong-hua, <i>et al.</i> (3061)
Mesophilic and Thermophilic Anaerobic Co-Digestion of Food Waste and Straw	GUO Xiang-lin, ZUO Jian-e, SHI Xu-chuan, <i>et al.</i> (3070)
Basic Features of Combustible Rural Garbage Component and Its Spatial-temporal Difference in China	YAN Zhuo-yi, YUE Bo, GAO Hong, <i>et al.</i> (3078)
Optimization of Promoter and Support for Co-based/zeolites Catalysts in Catalytic Reduction of NO _x by CH ₄	PAN Hua, JIAN Yan-fei, CHEN Ning-na, <i>et al.</i> (3085)