

目次

基于机器学习方法研究气象及排放变化对长三角地区主要城市大气污染物的影响	付文星, 黄琳, 丁嘉豪, 秦墨梅, 于兴娜, 谢放尖, 胡建林 (5879)
不同行业减排对我国东部地区空气质量及大气温度的影响	龙籽谕, 朱佳, 李柯, 陈磊, 杜楠, 廖宏 (5889)
冬奥会期间京津冀及周边区域空气质量时空特征、气象影响和减排效果评估	侯露, 朱媛媛, 刘冰, 李健军 (5899)
中国印刷业 VOCs 排放趋势及未来减排潜力	梁小明, 吴彭珍, 陈来国, 刘明, 卢清, 朱李华, 孙西勃, 叶代启 (5915)
济南市典型行业 VOCs 排放特征及减排潜力分析	吴文璐, 单春艳, 赵菁林, 崔羽浓 (5924)
南京市溧水区大气挥发性有机物污染特征及来源解析	阮兆元, 燕鸥, 王体健, 王勤耕, 罗干, 文金科 (5933)
我国近 10 年城市生活垃圾处置单元温室气体排放时空变化及减排潜能分析	张昕雪, 高淑丹, 滕晓, 蒋旭彤, 陈纪宏, 高晨琦, 卞荣星, 孙英杰, 李卫华, 王亚楠, 王华伟 (5946)
中国重点城市大气污染与健康风险的时空分布特征	涂佩玥, 杨欢, 陈兰洲, 牛笑笑, 杨璐, 易嘉慧, 柯碧钦, 田雅, 叶志祥, 梅新, 洪松, 何超 (5954)
中国 PM ₁ 浓度时空特征及其与 AOD 的相关性分析(2014~2017 年)	袁丽梅, 马芳芳, 卞泽, 秦凯 (5964)
长株潭城市群 PM _{2.5} 中二次无机离子特征及生成机制	马杰利, 罗达通, 刘欣, 王蕾, 李幸, 刘湛, 沈健, 张俊丰, 李晟 (5975)
周口市 2022 年冬季重污染过程中细颗粒物污染特征及成因分析	马英歌, 杨露, 狄睿苗, 马南, 乔利平, 吴宇航, 周文鑫, 赵新华, 张越, 孙志华, 陈长虹, 陈学军, 楼晟荣, 黄成 (5986)
兰州市 PM _{2.5} 中多环芳烃的污染特征和来源解析	马可婧, 孙丽娟 (5997)
北京市门头沟区大气降尘污染特征及其化学组分特征与质量重构	王志焱, 姚琦, 吕富, 王雨薇, 王珊, 王铮, 胡月琪 (6007)
典型热带海滨城市臭氧污染特征与成因分析	韩淑艳, 张鑫, 谢荣富, 霍思思, 高利澳, 吴泓锦, 党娟, 徐文帅, 邢巧, 张庆竹, 王文兴 (6015)
珠江源块泽河流域地表水水化学特征及控制因素	陶兰初, 寸得欣, 涂春霖, 马一奇, 刘振南, 尹林虎, 和成忠, 庞龙, 张七道 (6025)
淮南煤矿区地表水和地下水水化学特征及控制因素	刘海, 康博, 管政亭, 宋阳, 柴义伦 (6038)
巴伊盆地平原区地下水水化学特征及污染源识别	姜凤, 周金龙, 周殷竹, 孙英, 韩双宝, 鲁涵 (6050)
滇池周边浅层地下水硝酸盐来源及转化过程识别	陈清飞, 陈安强, 崔荣阳, 叶远行, 闵金恒, 付斌, 闫辉, 张丹 (6062)
典型铅锌矿流域土壤重金属累积与分布的影响因素分析	潘泳兴, 陈盟, 王樯樯 (6071)
铅锌矿周边岩溶流域重金属污染及健康风险评价	廖红为, 蒋忠诚, 周宏, 覃小群, 黄奇波, 吴华英 (6085)
开封市主要河道沉积物重金属时空分布特征及生态风险评价	丁亚鹏, 卢希昊, 王晓婧, 武鲲鹏, 张浩杰, 李欢, 付贤志, 王洪涛 (6095)
霍邱县城湖泊沉积物重金属环境容量评价与预测	刘海, 魏伟, 宋阳, 潘杨 (6106)
基于宏条形码技术的白洋淀水华藻类识别及其驱动因子分析	陈婷, 杜珣, 陈义永, 郭道宇, 熊薇 (6116)
基于种群、功能群对比分析洞庭湖浮游植物群落驱动因素及水质评价	严广寒, 殷雪妍, 汪星, 黄民生, 黄代中, 王思瑞, 张韵宇 (6125)
南水北调东线山东境内调蓄湖库蓝藻种群分布特征及环境驱动因子	韦洁琳, 崔玉静, 李亦真, 张莎莎, 徐杭州, 庞一鸣, 裴海燕 (6137)
广东省药物活性化合物的污染特征及生态风险评价	罗嘉豪, 王煜凯, 原珂, 卢耀斌, 罗丽娟, 栾天罡 (6149)
紫外老化微塑料衍生 DOM 理化特性及其与磺胺嘧啶、铜的络合机制	王筱, 晏彩霞, 聂明华, 莫茜婷, 丁明军, 徐鳌雪, 邓思维 (6159)
共混塑料在海水中的光降解及海洋环境风险	张洪瑜, 高嘉蔚, 陈思宝, 林千惠, 葛安琪, 赵莎莎, 郑浩, 李锋民 (6172)
铁改型蓝藻生物炭的制备及对地表水中磷的协同吸附机制	韩杰, 黄鑫, 杨昆仑, 宋超凡, 缪恒锋 (6181)
基于改进输出系数模型的非点源污染评估及关键源区识别: 以北运河上游流域为例	李华林, 张守红, 于佩丹, 宋卓远, 谢晨新, 张建军 (6194)
农村黑臭水体沉积物细菌群落结构特征	任宏伟, 田彦芳, 路金霞, 石雅君, 王进, 岳正波, 刘晓玲 (6205)
气候变化背景下人类活动对承德坝区植被净初级生产力的影响	单振东, 刘顿, 骆汉, 刘建伟, 张丽梅, 魏宇航 (6215)
氮沉降对陆地生态系统土壤有机碳含量影响的 Meta 分析	杨灵芳, 孔东彦, 刁静文, 郭鹏 (6226)
生物炭施用 5 a 后对桂北桉树人工林土壤有机氮组分和活性氮的影响	曹杨, 沈育伊, 陈运霜, 王紫卉, 牟芝熠, 徐广平, 张德楠, 孙英杰, 毛馨月 (6235)
稻田微氧层和还原层土壤有机碳矿化对氮素添加的响应	毛婉琼, 夏银行, 马冲, 朱光旭, 王忠诚, 涂强, 陈香碧, 吴金水, 苏以荣 (6248)
保护性耕作对玉米田土壤中除草剂残留的影响	刘沅, 汪祖丞, 刘美华, 张天宇, 王健 (6257)
土壤中微塑料对陆生植物的毒性及其降解机制研究进展	刘微, 李宇欣, 荣飒爽, 汪晚晴, 王鑫鑫, 郭嘉朋, 韩冰, 王树涛 (6267)
南水北调丹江口库区土壤中微塑料分布特征及风险评估	王峰, 公玮, 刘哲, 朱重宁, 张润琴, 李志国, 刘毅 (6279)
北京市城市公园土壤铅累积特征、来源及健康风险	安江梅朵, 张瑞卿, 郭广慧, 王云涛 (6287)
锌冶炼废渣重金属在地块土壤中的垂向迁移特征及归趋	杨爱萍, 王小燕, 肖细元, 王倩如, 胡建华, 郭朝晖, 彭驰 (6297)
典型硫铁矿农区土壤-作物系统重金属生态风险及迁移富集特征	成晓梦, 赵辰, 吴超, 孙彬彬, 曾道明, 贺灵 (6309)
不同土壤-小麦体系中铅镉交互作用与转运特征	寇萌, 樊宇, 苏梦贤, 熊娟, 汪明霞, 谭文峰 (6319)
开花后小麦地上部镉、砷分布及其转运特征	王秋实, 华桂丽, 李翔宇, 冯柳旭, 唯康鑫, 耿丽平, 薛培英, 刘文菊 (6328)
黑河上游不同植被类型土壤细菌群落多样性、功能及季节动态	王竹, 刘扬, 王芳, 王义成 (6339)
典型煤炭产业园区土壤重金属污染对细菌群落结构的影响	郑丹凤, 刘娣, 苏超, 张红 (6354)
增氧模式对水稻根际微生物多样性和群落结构的影响	肖德顺, 徐春梅, 王丹英, 陈松, 褚光, 刘元辉 (6362)
紫色土硝化势和氨氧化微生物群落对化肥和有机肥配施生物炭的响应	李越, 王子芳, 贾丽娟, 谢军, 熊子怡, 高明 (6377)
连作对参根际土壤理化性质、微生物活性及群落特征的影响	杨阳, 李海亮, 马凯丽, 虞凡枫, 牛世全 (6387)
粪肥施用对抗生素在土壤上吸附的影响	罗珊, 胡锦昇, 唐翔宇, 耿春文, 程建华 (6399)
基于脱钩指数的工业园区碳排放与经济发展关系	陈四瑜, 刘晶茹, 孙光明 (6412)
近 5 年我国部分城市人群生活垃圾特性	王小波, 刘安琪, 钟慧琼, 赵增立 (6421)
《环境科学》征订启事(5963) 《环境科学》征稿简则(6193) 信息(5923, 6024, 6037)	

黑河上游不同植被类型土壤细菌群落多样性、功能及季节动态

王竹, 刘扬*, 王芳, 王义成

(中国水利水电科学研究院流域水循环模拟与调控国家重点实验室, 北京 100038)

摘要: 土壤微生物群落与植物群落间的作用机制是探究生物地球化学循环过程和维持植被生态系统稳定的关键。黑河上游植被的垂直分布特征明显, 选取垫状植被(CV)、灌丛草甸(HM)、森林草原(FS)、山地干草原(MS)和荒漠草原(DG)共5种典型植被样地, 运用高通量测序技术分析冬、夏季不同植被类型土壤细菌的群落结构和多样性, 基于FAPROTAX数据库进行群落功能预测, 运用冗余分析、结构方程模型探讨驱动土壤细菌群落的主要环境因子, 并揭示细菌群落变化的作用机制与季节差异。结果表明: ①不同植被类型和季节下土壤理化性质差异显著, 各指标随土壤深度的变化规律不同, 森林草原(FS)的土壤含水率和碳氮养分含量更高; ②细菌群落 α -多样性指数在季节间的差异($P < 0.05$)大于植被类型($P > 0.05$), 冬季群落丰度整体高于夏季, 物种多样性在冬季随海拔呈“倒U”型分布, 夏季呈“W”型分布; ③细菌群落结构和组成在门水平上无显著差异, 优势种群为酸杆菌门(Acidobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)和放线菌门(Actinobacteria), 但在属水平上随季节有明显不同; ④土壤细菌群落的功能随植被类型和季节变化较小, 均以化能异养、硝化和氨氧化作用为主; ⑤影响细菌群落的关键因子存在季节差异, 冬季为土壤温度(ST)、总有机碳(TOC)和pH, 夏季为土壤含水率(SWC)、碳氮比(C/N)和pH; ⑥土壤细菌群落受彼此关联的环境因子的协同作用, 土壤理化性质对细菌群落多样性和功能的影响较植被类型更直接, 改善土壤的碳、氮水平有助于提升细菌的物种和功能多样性。研究结果可为探索区域植被退化机制和维持高寒生态系统稳定提供参考。

关键词: 土壤细菌群落; 功能预测; 植被类型; 季节差异; 黑河上游

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)11-6339-15 DOI: 10.13227/j.hjxx.202210348

Effects of Vegetation Types and Seasonal Dynamics on the Diversity and Function of Soil Bacterial Communities in the Upper Reaches of the Heihe River

WANG Zhu, LIU Yang*, WANG Fang, WANG Yi-cheng

(State Key Laboratory of Simulation and Regulation of Water Cycle in River Basin, China Institute of Water Resources and Hydropower Research, Beijing 100038, China)

Abstract: The process of interaction between the plant and soil microbial communities holds the key to understanding the biogeochemical cycle and preserving the stability of vegetation ecosystems. Owing to this significance, the primary goal of this research was to give a starting point and reference methods to restore local vegetation. The vegetation distribution in the mountainous area of the upper reaches of the Heihe River Basin had notable vertical zonality, which was characterized by five typical vegetation types, including cushion vegetation(CV), herbage meadow(HM), forest steppe(FS), mountainous steppe(MS), and desert grassland(DG). The organization and diversity of soil bacterial communities in various vegetation types were examined using high-throughput sequencing techniques in both the winter and summer seasons. Sampling sites were chosen in each of the five common vegetation types in turn. Additionally, based on the FAPROTAX database, the predicted functions of microbial communities were evaluated for different vegetation types and seasons. The redundancy analysis and structural equation model were also used to investigate the primary environmental elements and uncover the mechanisms affecting the soil bacterial populations. The findings revealed that: ① the physical and chemical properties of soil differed significantly among vegetation types and seasons, and the property indices varied dissimilarly with depth. In particular, the soil water content(SWC) and nutrient content of total organic carbon(TOC) and total nitrogen(TN) were significantly higher in forest grassland(FS). ② The divergences of α -diversity indices among seasons ($P < 0.05$) were greater than that of vegetation types ($P > 0.05$). The Chao1 index measuring the abundance of the bacterial community was higher in winter. According to the Shannon index, the species of the bacterial community were dispersed in a “W” shape in the summer and a “hump” form in the winter with altitude. ③ The predominant phyla of the bacterial community, composed of Acidobacteria, Proteobacteria, and Actinobacteria, did not significantly differ from one another. However, the organization of the bacterial community presented a significant variation seasonally at the genus level. ④ The primary functions of the soil bacterial population, which largely consisted of chemoheterotrophy, nitrification, and aerobic ammonia oxidation, were not significantly different among vegetation types and seasons. ⑤ The key factors affecting soil bacterial communities at the genus level varied significantly among seasons, with soil temperature(ST), total organic carbon(TOC), and pH in winter and soil water content(SWC), carbon-nitrogen ratio(C/N), and pH in summer. ⑥ Synergized by interrelated environmental factors, soil physical and chemical features exerted a more direct impact on the diversity and functionality of bacterial communities compared with vegetation types, including significantly changing the abundance of *Acidobacteria* and *Bacteroidetes*, as well as the role of nitrification and ammonia oxidation. Hence, improving the carbon and nitrogen contents in soil nutrients would help to enhance the diversity and function of bacterial communities. The findings of this study provided a model for determining the mechanism of regional vegetation degradation and preserving the stability of alpine ecosystems in this area by revealing the seasonal distribution pattern of bacterial communities and the key biological processes beneath the typical vertical vegetation band in the upper reaches of the Heihe River.

Key words: soil bacterial community; function prediction; vegetation types; seasonal dynamics; the upper reaches of the Heihe River

收稿日期: 2022-10-28; 修订日期: 2023-01-14

基金项目: 国家重点研发计划项目(2018YFC0408103); 流域水循环模拟与调控国家重点实验室开放研究基金项目(2016TS01); 湖南省科技重大专项(2018SK1010); 水利部行业科技计划项目(126301001000160014-2)

作者简介: 王竹(1995~), 女, 博士研究生, 主要研究方向为高寒草地退化的生物机制, E-mail: wangzspace@163.com

* 通信作者, E-mail: liuyang@iwhr.com

土壤微生物对环境因子的响应极为敏感,在生物地球化学循环过程中扮演重要角色,往往被作为关键指示物种来反映土壤生态系统的稳定和演变^[1,2]. 土壤微生物与植被类型密切相关,两者间的相互作用是影响陆地生态系统结构和功能的重要因素. 其中,植被类型是决定微生物群落结构的重要因素^[3,4],不同植物的凋落物^[5]、根系分泌物^[6]会对微生物群落的种类、数量和分布产生影响,并影响着土壤微环境(如土壤温度^[7]、水分^[8]、pH^[9]和碳、氮、磷等养分含量^[10]),对土壤微生物群落产生选择塑造作用;同时土壤微生物群落可直接或间接驱动有机质分解与转化,作用于植物生长发育,进而影响植被群落的组成和结构^[11].

目前,土壤微生物群落的分布规律和驱动机制是微生物生态学研究的核心课题之一,细菌作为数量最大、种类最多的土壤微生物类群,探究其群落结构、功能及与植被的作用途径对维持土壤生态系统稳定具有重要意义^[12]. 不同学者在祁连山区开展了各植被类型下土壤细菌群落特征的相关研究^[13~15],但细菌群落多样性随植被类型的变化规律差异较大. Hu 等^[16]认为土壤细菌多样性与植物多样性高度相关,而 Djukic 等^[17]认为植被类型决定了地表凋落物的组成和土壤碳氮比,从而影响了微生物群落结构. 土壤微生物群落也随季节变化而波动,近些年不同时间尺度(小时^[18]、月和季^[19]、年内和年际^[20])下土壤细菌群落结构、功能对环境因子响应规律的研究表明,季节波动主要通过气温、降水等环境因子的周期变化影响土壤的理化性质和生化反应进程,导致土壤细菌群落的分布和结构发生变化^[21~23],但响应规律存在区域差异. 可见,区域内土壤微生物群落特征对不同植被类型和季节动态的响应规律如何,植被通过何种途径影响微生物群落,以及不同季节尺度上的影响机制是否有所差异,有待深入研究.

黑河上游位于青藏高原和蒙古高原的过渡地带,具有独特的天然植被带,生物多样性丰富,在维持水平衡和碳封存等方面发挥着重要作用^[24]. 近些年黑河上游植被发生了明显退化,表现为由草原向荒漠化草原演替^[25]. 目前,关于黑河上游不同植被类型的土壤细菌群落特征研究已有不少积累^[26~29],但研究对象往往是某一植被类型(如草甸)的不同群落组成^[30,31],或森林^[32]和草原^[33]等面积占优势的植被类型,尤其缺乏从机制层面阐释多种植被带下土壤细菌对环境因子和季节动态的响应机制. 基于此,本文以黑河上游的5种植被类型(垫状植被、灌丛草甸、森林草原、山地干草

原和荒漠草原)为研究对象,采用高通量测序技术、冗余分析和结构方程模型等方法,分析和探讨土壤细菌群落多样性和功能对植被类型和季节动态的响应机制,以期对祁连山区土壤细菌分布格局及植被修复提供参考.

1 研究区概况

研究区黑河上游地处祁连山区北部,介于37°30'~41°41'N, 98°00'~101°16'E. 海拔介于1 600~5 544 m,地势南高北低,气候高寒阴湿,全年平均气温1.5~2.0℃,年降水量250~500 mm. 区域四季不分明^[34],可被划分为冬春季(10月至次年4月)和夏秋季(5~9月)^[24]. 黑河上游西支水系黑河发源于八一冰川,东支八宝河发源于俄博滩东的锦阳岭,两支交汇于黄藏寺后折向北流至甘肃省莺落峡,流域面积约1.0万km²,是黑河流域的产流区.

黑河上游植被丰富,具有明显的垂直分布特征^[35]:海拔4 000~4 500 m的高山区分布着耐寒的垫状植被,如水母雪兔子(*Saussurea medusa*)、小丛红景天(*Rhodiola dumulosa*);海拔3 200~4 000 m的亚高山区分布着以杜鹃、柳灌丛为主的高山灌丛草甸;海拔2 800~3 200 m的中山区阴坡生长着青海云杉(*Picea crassiflora*),阳坡分布着祁连圆柏(*Juniperus przewalskii*),属森林草原带;海拔2 300~2 800 m的浅山区分布着西北针茅(*Stipa sareptana* var. *krylovii*)和芨芨草(*Achnatherum splendens*)等,属山地干草原带;海拔2 000~2 300 m分布着以早生的灌木和草本为优势种的荒漠草原带^[36].

2 材料与方法

2.1 样地设置

根据黑河上游植被的分布特点,沿海拔梯度由高到低依次选取垫状植被(cushion vegetation, CV)、灌丛草甸(herbage meadow, HM)、森林草原(forest steppe, FS)、山地干草原(mountainous steppe, MS)和荒漠草原(dessert grassland, DG)共5种典型植被类型的天然样地(乔木10 m×10 m,灌丛5 m×5 m,草本1 m×1 m),分别于2018年11月(冬季)和2019年7月(夏季)开展了植被调查与土壤采集工作,获取样方内植被的优势种组成、植被盖度等数据,结果见表1.

2.2 土壤样品采集与理化性质测定

去除表层枯落物后,用土钻(内径53 mm)以“S”形取样法分别采集所选5个天然样地内0~20、20~40和40~50 cm共3个深度的土样,重复3次,冬、夏季共获取90个土壤样本. 采集的土壤样品置

于便携式冰盒并尽快带回实验室进行分析,各土壤样品过 2 mm 筛后被分为两部分,一部分经自然风干后用于土壤理化性质(土壤容重、pH、有机质、总氮和全磷等)的测定,另一部分将 3 个深度的土样充分混合后经液氮在 -80℃ 保存,用于土壤微生物的测序。

表 1 黑河上游样地设置及植被调查

Table 1 Information of sampling sites in the upper reaches of the Heihe River						
植被类型	地理坐标	海拔/m	坡向	土壤类型	盖度/%	优势群落
垫状植被 (CV)	98°56'14"E 38°56'12"N	4 103	阴坡	寒漠土	冬季:10 夏季:30	唐古特红景天 (<i>Rhodiola algida</i>)、垫状点地梅 (<i>Androsace tapete</i>) 和珠芽蓼 (<i>Polygonum viviparum</i>) 等
灌丛草甸 (HM)	98°49'30"E 38°52'47"N	3 766	阳坡	草甸土	冬季:40 夏季:65	金露梅 (<i>Potentilla fruticosa</i>)、臭蒿 (<i>Artemisia hedinii</i>) 和披碱草 (<i>Elymus dahuricus</i>) 等
森林草原 (FS)	100°20'02"E 38°12'28"N	2 983	阴坡	黑毡土	冬季:60 夏季:85	青海云杉 (<i>Picea crassifolia</i>)、祁连圆柏 (<i>Sabina przewalskii</i>) 和银露梅 (<i>Potentilla glabra</i>) 等
山地干草原 (MS)	99°53'10"E 38°16'14"N	2 752	阴坡	冷钙土	冬季:55 夏季:67	高山柳 (<i>Salix cupularis</i>)、垂穗披碱草 (<i>Elymus nutans</i>) 和早熟禾 (<i>Poa annua</i>) 等
荒漠草原 (DG)	100°10'59"E 38°13'12"N	2263	阳坡	冷钙土	冬季:30 夏季:55	山杨 (<i>Populus davidiana</i>)、芨芨草 (<i>Achnatherum splendens</i>) 和白刺 (<i>Nitraria tangutorum</i>) 等

土壤理化性质的测定方法如下:土壤含水率、温度采用 WET 土壤三参数速测仪(英国 DELTA 公司)进行现场测定;其他土壤理化指标的测定参考《土壤调查实验室分析方法》^[37],土壤容重采用环刀法,土壤 pH 值(水土比 2.5:1)采用电位法测定,总氮含量采用半微量凯氏法,土壤全磷采用硫酸-高氯酸消煮-钼锑抗分光光度法,有机质含量采用低温加热重铬酸钾氧化-比色法。

2.3 土壤 DNA 提取与测序

利用各样点土壤样品提取微生物 DNA,以 30 ~ 50 ng DNA 为模板,利用 PCR 引物扩增 16S rRNA 的 V3-V4 区,其中上游引物为“CCTACGRRBGCASCA GKVRVGAAT”、下游引物为“CCTACGRRBGCASCA GKVVRVGAAT”。DNA 文库混合后,基于 Illumina MiSeq(Illumina, San Diego, CA, USA) PE300 平台进行双端测序,由 MiSeq Control Software(MCS)读取序列信息。经质量过滤后,使用 VSEARCH(1.9.6)在 97% 的相似度水平下将有效序列再进行聚类,获得操作分类单元(operational taxonomic units, OTUs),并与 Silva 132 数据库([https://www. arb-silva. de/](https://www.arb-silva.de/))比对,用 RDP classifier(ribosomal database program)贝叶斯算法对 OTU 的代表性序列进行物种分类学分析,并在不同物种分类水平下统计各样本的群落组成。此过程委托苏州金唯智生物科技有限公司(GENEWIZ, Inc.)完成。

2.4 数据处理与分析

利用 Excel 2013 分析土壤理化性质数据,计算土壤细菌群落多样性指数(丰富度指数:Chao1,多样性指数:Shannon,丰富度和均匀度指数:Simpson,测序深度:Good's coverage 指数)。在 IBM SPSS Statistics 22 软件中利用独立样本 *t* 检验和单因素方差分析(ANOVA)比较土壤理化因子、细菌群落多

样性和功能在不同植被类型和季节间的差异显著性。基于土壤细菌 OTU 的相对丰度图、特异性分析 Venn 图均在 R 3.6.3 软件中编译并绘制,土壤细菌群落特征与环境因子的 RDA 冗余分析在 Canoco 4.5 软件中进行。基于 FAPROTAX 数据库和在线分析平台([http://210. 22. 121. 250/CloudPlatform/ SoftPage/FAP](http://210.22.121.250/CloudPlatform/SoftPage/FAP))分析土壤细菌群落的功能。利用结构方程模型(structural equation model, SEM)构建研究区植被-土壤-微生物间的作用网络,利用极大似然估计进行模型拟合,具体步骤在 IBM SPSS Amos 25 软件中完成。

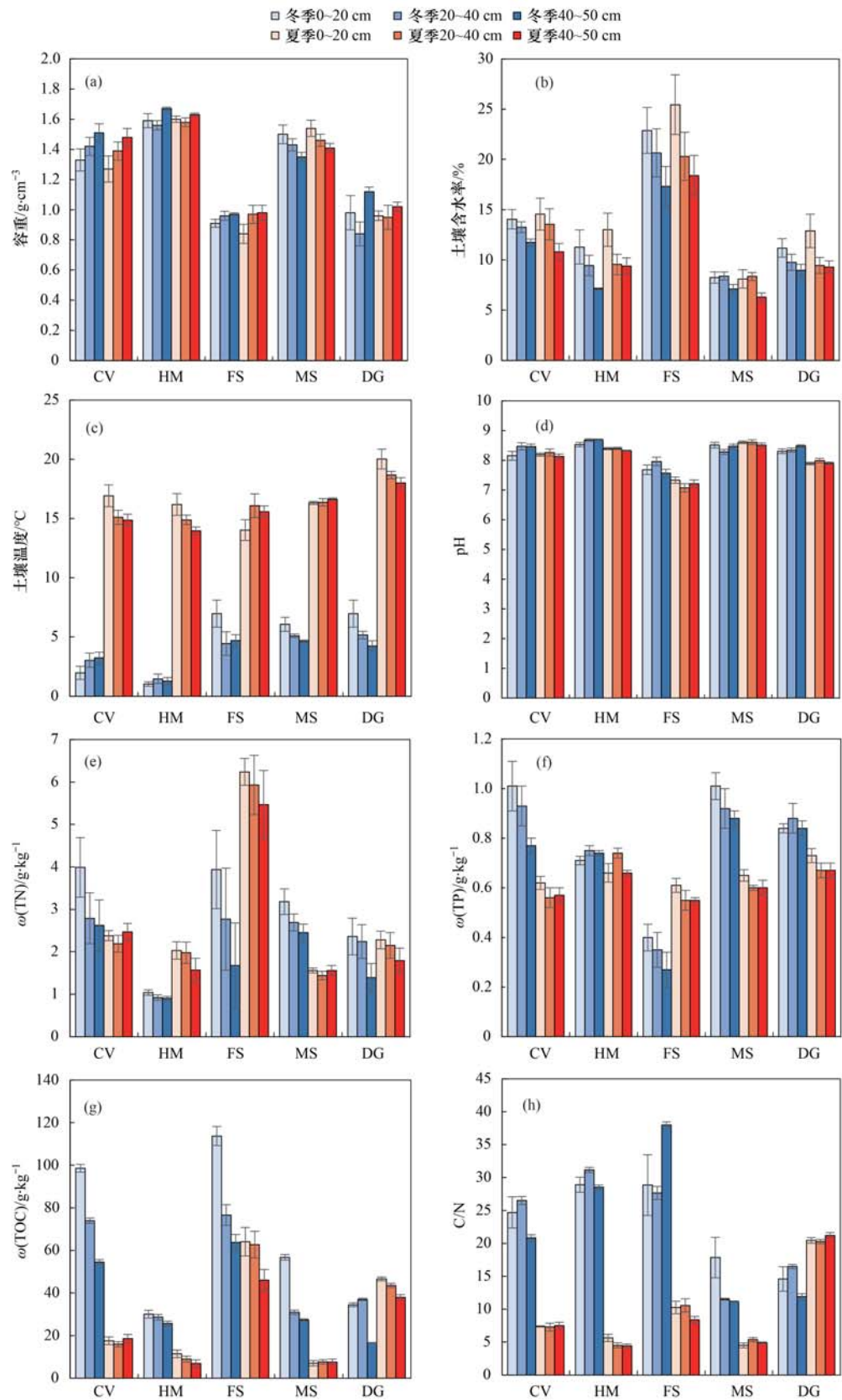
3 结果与分析

3.1 土壤环境因子的时空动态分析

土壤理化性质随时间(冬、夏季)和空间(植被类型、土壤深度)变化明显(图 1)。土壤容重和含水率在季节间差异较小($P > 0.05$),除山地干草原(MS)外土壤容重均随深度而增加;土壤含水率均随深度减少,夏季土壤含水率稍高于冬季,但差异不显著($P > 0.05$),森林草原(FS)的土壤含水率和容重显著不同于其他植被类型($P < 0.05$)。高海拔区植被类型的土壤温度更低,受冻土分布影响,冬季垫状植被(CV)和灌丛草甸(HM)的表层土温低于下层土壤,中、低海拔区则相反。研究区土壤 pH 值介于 7.07 ~ 8.69,呈中至弱碱性,土壤表层酸化的现象较为普遍。总氮、全磷和总有机碳含量在表层更高,夏季森林草原(FS)下总氮和总有机碳显著更高而全磷显著更低($P < 0.05$)。冬季全磷含量普遍高于夏季,夏季全磷随植被类型波动较小($P > 0.05$)而冬季差异显著。总有机碳(TOC)含量在不同植被类型间差异显著。碳氮比反映土壤氮素的矿化能力,冬季随海拔升高先增后减,夏季则逐渐减小。

土壤理化因子相关性分析显示,冬、夏季土壤总有机碳(TOC)均与土壤含水率、总氮(TN)呈显

著正相关($P < 0.001$),pH 与土壤含水率间存在显著负相关($P < 0.001$).



(a) ~ (h) 为柱高度表示采样点均值,误差棒表示标准误差;(i) 和(j) 分别为冬季和夏季理化指标间的 Pearson 相关性分析,圆圈大小和颜色表示相关性程度,* 表示 $P < 0.05$,** 表示 $P < 0.01$,*** 表示 $P < 0.001$

图1 采样点不同深度的土壤理化性质和相关性分析

Fig. 1 Soil physiochemical properties at different depths of sampling sites and analysis of Pearson correlation

荒漠草原(DG)分别为冬、夏季 OTU 总数最大和特有物种数也最大的植被类型.

多样性指数显示(表 2),土壤细菌的测序深度指数均达到 0.99 以上,说明样本中的土壤细菌基本可反映土壤中的真实情况. Chao1、

Shannon 和 Simpson 指数均显示细菌丰度、多样性和均匀度在季节上差异显著,冬季高于夏季($P < 0.05$),而植被类型间无明显差异. 其中冬季细菌多样性随海拔降低呈“倒 U”型分布,夏季随海拔呈“W”型分布.

表 2 土壤细菌多样性指数的季节性差异¹⁾

Table 2 Seasonal differences in soil bacterial diversity index

季节	样地编号	丰度指数 (Chao1)	多样性指数 (Shannon)	均匀度指数 (Simpson)	测序深度 (Good's coverage)
冬季	CV	1 017.04 ± 89.5Ab	5.53 ± 0.06Aa	0.991 8 ± 0.00Aa	0.993 1 ± 0.00Aa
	HM	1 167.98 ± 57.8Aa	5.69 ± 0.34Aa	0.991 2 ± 0.01Aa	0.992 4 ± 0.00Aa
	FS	1 150.48 ± 40.4Ab	5.87 ± 0.07Aa	0.994 5 ± 0.00Aa	0.992 3 ± 0.00Ab
	MS	1 157.22 ± 73.9Ab	5.78 ± 0.15Aa	0.993 2 ± 0.00Aa	0.992 4 ± 0.00Aa
	DG	1 077.55 ± 65.2Ab	5.74 ± 0.02Aa	0.993 2 ± 0.00Aa	0.993 2 ± 0.00Aa
夏季	CV	890.34 ± 19.0Ba	5.50 ± 0.05Ba	0.990 2 ± 0.00Ba	0.993 8 ± 0.00Aa
	HM	870.22 ± 45.7Ba	5.21 ± 0.16Ba	0.979 5 ± 0.00Ba	0.993 8 ± 0.00Aa
	FS	863.30 ± 40.5Ba	5.53 ± 0.01Ba	0.991 0 ± 0.00Ba	0.993 9 ± 0.00Aa
	MS	843.17 ± 39.1Ba	5.40 ± 0.12Ba	0.987 7 ± 0.00Ba	0.994 1 ± 0.00Aa
	DG	953.86 ± 9.9Ba	5.69 ± 0.08Ba	0.992 4 ± 0.00Ba	0.992 8 ± 0.00Ab

1) 数值为均值 ± 标准差; 同列不同大写字母和小写字母分别表示不同季节和不同植被类型之间的土壤细菌多样性指数在 Duncan 检测下存在显著差异($P < 0.05$)

3.3 土壤细菌群落的相对丰度分析

16S rRNA 高通量测序结果显示,冬季所有土壤样品共有 118 445 个有效序列, OTU 序列注释后, 99.92% 有效序列为细菌界, 0.08% 为古菌界, 0.03% 有效序列未被确定具体门类,共被划分为 31 门、88 纲、177 目、285 科和 465 属. 夏季土样中共有 95 595 个有效序列,其中 99.9% 被划分为细菌界, 0.1% 为古菌界, 0.04% 的有效序列未确定具体门类,可划分为 25 门、73 纲、146 目、185 科和 224 属. 冬、夏季土壤细菌门、纲和属水平的群落组成见图 3.

研究区各植被类型下土壤细菌相对丰度排名前 5 的优势门类[图 3(a)]均为酸杆菌门(Acidobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)和拟杆菌门(Bacteroidetes),分别占总有效序列的 31.3%、29.5%、14.8%、6.7% 和 6.5%. 细菌群落组成在季节间差异显著($P < 0.05$),优势门类的相对丰度在冬季整体高于夏季. 酸杆菌门和变形菌门作为研究区的优势菌,冬、夏季两者的相对丰度最大值分别位于森林草原(FS, 72.7%)和垫状植被(DG, 58.8%).

纲水平平均相对丰度大于 0.3% 的土壤细菌群落组成显示[图 3(b)],冬季和夏季的相对丰度排名前 2 的优势菌纲均为 α -变形菌(α -Proteobacteria)和出芽小链菌纲(Blastocatellia),相对丰度前 5 的优势菌纲还包括酸杆菌门_Subgroup_6、 γ -变形菌纲

(γ -Proteobacteria)和放线菌纲(Actinobacteria).

排名前 40 的优势菌属相对丰度热图显示[图 3(c)],细菌群落组成在季节上差异显著. 除未识别的细菌类群(相对丰度 67.8% ~ 78.5%)外, RB41 是冬、夏季土壤细菌群落的优势菌属,冬季的次优势菌属还包括为假节杆菌属(*Pseudarthrobacter*)、红色杆形菌属(*Rubrobacter*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)等,夏季包括鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、硝化螺旋菌属(*Nitrospira*)、IS-44_Proteobacteria 和假单胞菌属(*Pseudomonas*)等. 细菌群落组成在植被类型间的聚类显示,山地干草原(MS)与荒漠草原(DG)间的细菌群落相似性最高,冬季这两个植被类型中芽孢杆菌属(*Bacillus*)相对丰度高;森林草原(FS)和垫状植被(CV)中的优势菌属分别为土壤红色杆形菌属(*Solirubrobacter*)和 MND1_Proteobacteria;灌丛草甸(HM)与其他植被类型的差异最大,优势菌属为假节杆菌属(*Pseudarthrobacter*)、马赛菌属(*Massilia*)和黄色土源菌属(*Flavisolibacter*)等. 总体而言,土壤细菌的群落组成在季节间的差异大于植被类型间的差异. 随分类等级降低,纲和属水平的细菌群落组成在季节间的差异更加明显. 山地干草原(MS)和荒漠草原(DG)的细菌群落组成高度相似.

3.4 土壤细菌群落与环境因子的相关分析

冬、夏季土壤优势菌属的相对丰度与土壤理化因子的 Pearson 相关性分析表明(表 3),优势菌属 RB41 在冬季与土壤含水率呈负相关,夏季呈显著正

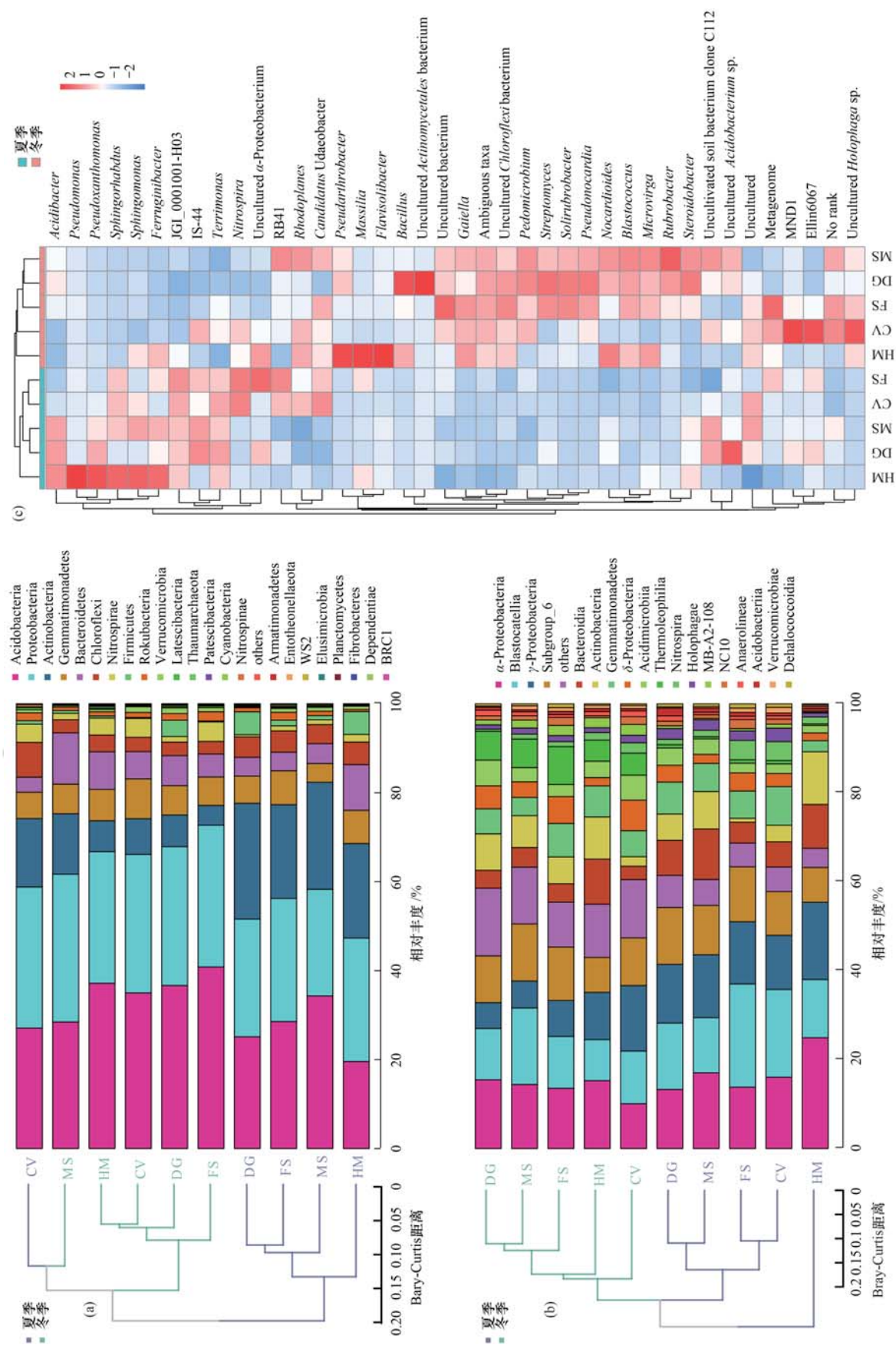


图 3 冬、夏季门、纲、属分类水平的细菌群落相对丰度
Fig. 3 Relative abundance of bacterial communities at phylum, order, and genus classification levels in different seasons

相关. 假节杆菌属 (*Pseudarthrobacter*) 在冬季与总氮显著负相关,这也印证了在冬季灌丛草甸 (HM) 下总氮含量较低、假节杆菌属 (*Pseudarthrobacter*) 丰度最高的结论 [图 3 (c)]. 夏季鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 的丰度与土壤容重显著正相关,与碳氮比呈显著负相关,表明在土壤容重较大的植被类型如灌丛草甸 (HM) 下,土壤的固氮作用可能更强,导致养分中氮的比例相对碳更高^[38].

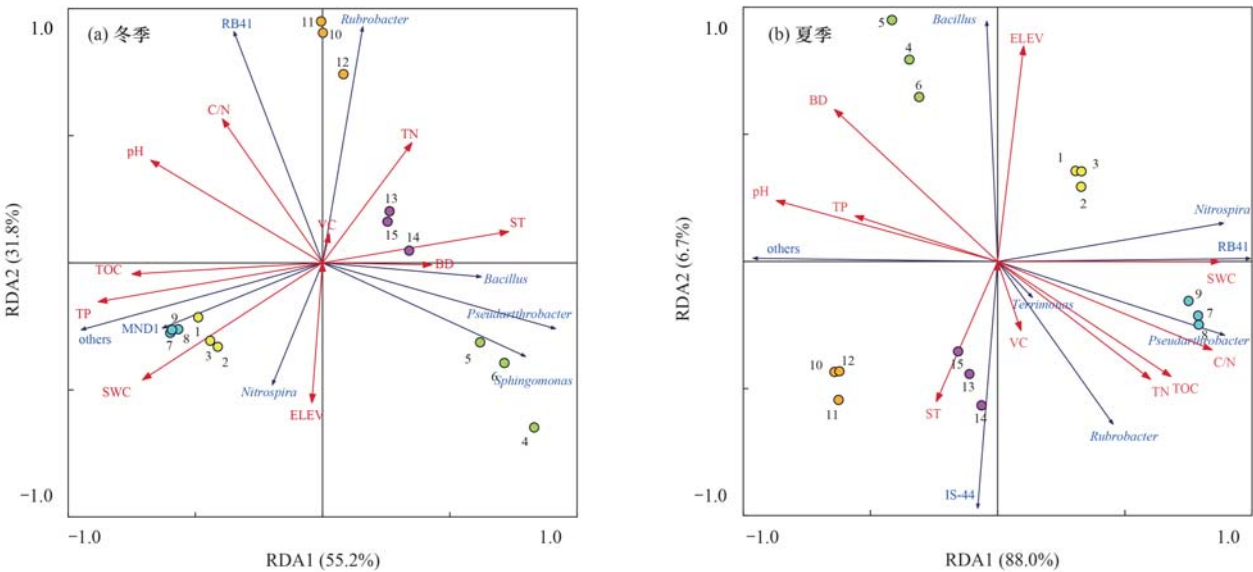
表 3 不同季节土壤细菌优势菌属相对丰度与土壤理化性质 Pearson 相关性分析¹⁾

Table 3 Pearson correlation analysis of soil bacterial relative abundance and soil physical and chemical properties in different seasons								
季节	优势菌属	容重 /kg·m ⁻³	土壤含水率 /%	土壤温度 /℃	pH	TN 含量 /g·kg ⁻¹	TP 含量 /g·kg ⁻¹	TOC 含量 /g·kg ⁻¹
冬季	others	0.511	-0.224	-0.899 *	0.555	-0.904 *	0.085	-0.441
	RB41	-0.096	-0.192	0.676	-0.135	0.758	0.323	0.189
	<i>Pseudarthrobacter</i>	0.498	-0.494	-0.607	0.626	-0.947 *	0.065	-0.860
	<i>Rubrobacter</i>	-0.201	-0.439	0.710	0.068	0.373	0.314	-0.325
	<i>Bacillus</i>	-0.353	-0.324	0.127	0.280	-0.464	0.114	-0.621
	<i>Sphingomonas</i>	0.293	-0.238	-0.500	0.368	-0.889 *	-0.228	-0.732
	MND1	0.126	0.257	-0.219	-0.096	0.380	0.223	0.685
	<i>Nitrospira</i>	0.670	0.067	-0.768	0.227	-0.175	0.147	0.302
夏季	others	0.513	-0.546	0.041	0.496	-0.532	0.862	-0.412
	RB41	-0.609	0.931 *	-0.324	-0.844	0.859	-0.704	0.645
	<i>Sphingomonas</i>	0.924 *	-0.573	-0.433	0.747	-0.529	0.424	-0.851
	<i>Nitrospira</i>	-0.310	0.800	-0.535	-0.600	0.744	-0.856	0.326
	IS-44	-0.623	-0.097	0.780	-0.197	-0.013	-0.003	0.484
	<i>Pseudomonas</i>	0.601	-0.194	-0.440	0.316	-0.223	0.561	-0.438
	<i>Terrimonas</i>	-0.345	-0.166	0.680	-0.020	-0.337	0.234	0.272
	MND1	-0.745	0.002	0.837	-0.317	0.035	0.011	0.618

1) * 表示显著性, $P < 0.05$; 黑体字表示相关性系数大于 0.8

优势菌属与不同深度土壤环境因子的 RDA 分析显示(图 4),冬季 RDA1 和 RDA2 对细菌群落影响程度的累计解释量为 87.0%,夏季累计解释量为 94.7%. 冬季土壤温度 (ST)、总有机碳 (TOC) 和全磷 (TP) 是影响整个土壤优势菌属群落的主要环境

因子. 土壤含水率、海拔和全磷 (TP) 为影响垫状植被 (CV) 和森林草原 (FS) 中优势菌属的环境因子; 海拔和容重为灌丛草甸 (HM) 的主要影响因子,总氮 (TN) 和土壤温度 (ST) 是山地干草原 (MS) 和荒漠草原 (DG) 的主要影响因子,植被盖度对土壤优势



ELEV:海拔; BD:土壤容重; SWC:土壤含水率; ST:土壤温度; TN:全氮; TP:全磷; TOC:总有机质; C/N:土壤碳氮比; 1~3、4~6、7~9、10~12 和 13~15 分别表示:垫状植被 (CV)、灌丛草甸 (HM)、森林草原 (FS)、山地干草原 (MS) 和荒漠草原 (DG) 下 0~20、20~40 和 40~50 cm 深度的土壤; 红线表示环境因子,蓝线表示优势菌属

图 4 不同季节土壤优势菌属相对丰度与环境因子 RDA 分析

Fig. 4 RDA analysis of environmental factors and relative abundance of soil bacteria at genus level

菌属的影响较小。

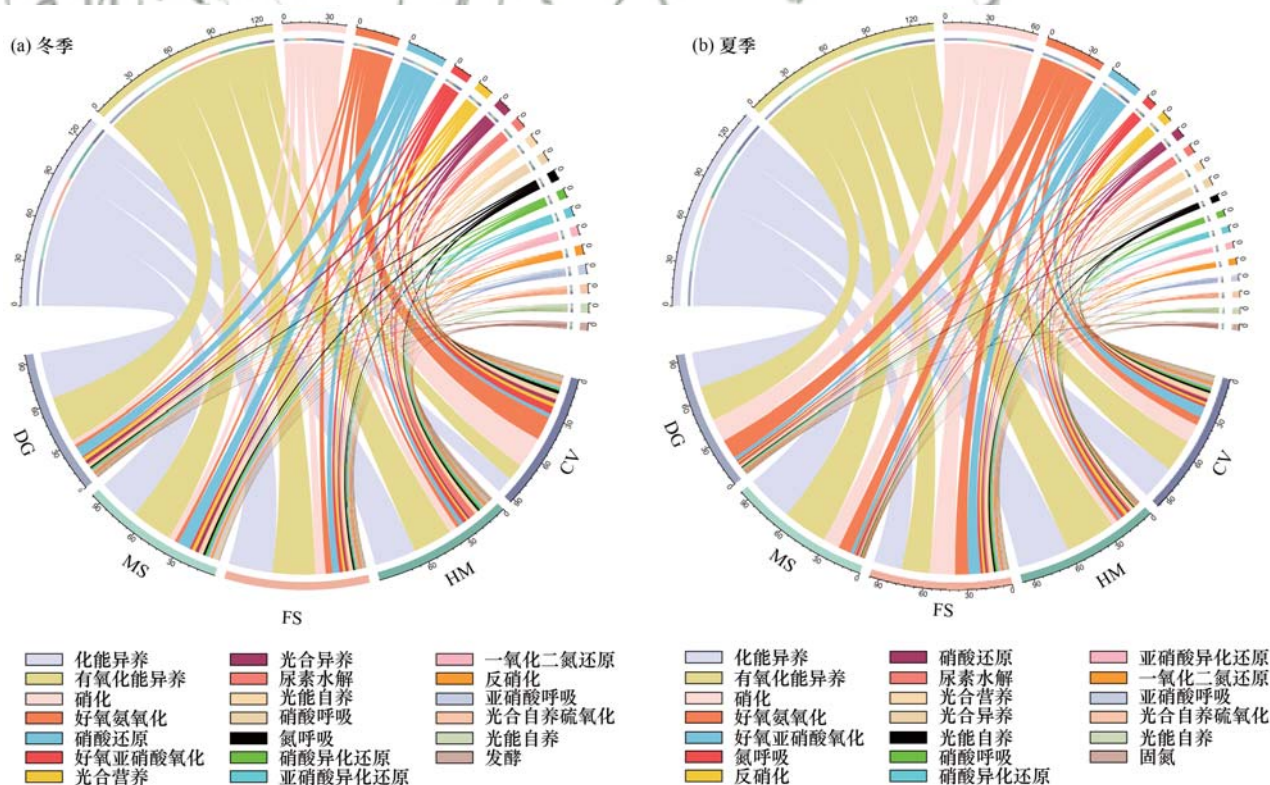
夏季土壤含水率(SWC)、碳氮比(C/N)和 pH 为土壤优势菌属的主要影响因子. 海拔和土壤含水率是垫状植被(CV)的主要影响因素, 与养分含量间的相关性不显著, 说明高海拔贫营养区的微生物主要受气候因素调控. 土壤容重是灌丛草甸(HM)的主要影响因子, 可能与容重改变了土壤通气性和水分有关. 土壤养分(TN、TOC 和 C/N)及土壤含水率是森林草原(FS)的主要影响因子. 土壤温度是山地干草原(MS)和荒漠草原(DG)的主要影响因子。

3.5 土壤细菌功能预测分析

根据 16S 序列的分类注释结果并基于 FAPROTAX 数据库对土壤细菌群落进行功能注释, 冬、夏季分别获得 58 种和 41 种功能分组, 占全部 OTU 的 52.6% 和 58.4%. 选取冬、夏季丰度前 20 的功能分组绘制和弦图(图 5), 结果表明土壤细菌群落功能随季节的差异较小, 主要为部分参与碳、氮循环的生化过程, 包括: 化能异养(含 chemoheterotrophy 和 aerobic chemoheterotrophy)、硝化作用(nitrification)、氨氧化作用(aerobic ammonia oxidation)、好氧亚硝酸氧化作用(aerobic nitrite oxidation)和硝酸还原作用(nitrate reduction)等, 相对丰度依次为 23.5% ~ 72.9%、3.3% ~ 21.8%、

2.3% ~ 16.9%、1.0% ~ 8.5% 和 0.8% ~ 9.1%. 其中, 发酵(fermentation)主要出现于冬季, 固氮(nitrogen fixation)主要出现于夏季。

不同植被类型下, 冬季化能异养作用功能细菌的相对丰度随海拔降低逐渐升高, 硝化作用和氨氧化作用细菌的丰度逐渐减少, 硝酸还原作用在中低海拔区的森林草原(FS)至荒漠草原(DG)丰度更高. 夏季化能异养作用细菌的丰度在中海拔森林草原(FS)下最小, 氨氧化作用在中低海拔区的植被下更高, 好氧亚硝酸氧化作用在垫状植被(CV)和森林草原(FS)下显著高于其他植被类型, 反硝化作用主要发生于中高海拔区的植被下, 这些过程均与氧气和温度随海拔的变化直接相关. 值得注意的是, 反硝化作用(denitrification)细菌的相对丰度由冬季的 1.0% ~ 1.6% 增至夏季的 0.7% ~ 2.7%, 氮呼吸作用(nitrogen respiration)细菌丰度也在夏季明显提升. 同时, 夏季氨氧化作用和硝化作用细菌的相对丰度明显升高, 尤其是中低海拔区的森林草原(FS)、山地干草原(MS)和荒漠草原(DG), 这一规律可能与氨氧化细菌和硝化细菌好氧、适中温的特点有关^[39,40], 使得土壤氮的矿化增加, 与本文森林草原(FS)和荒漠草原(DG)夏季总氮含量显著更高的规律一致, 可见参与氮素循环的功能细菌丰度



CV: 垫状植被, HM: 灌丛草甸, FS: 森林草原, MS: 山地干草原, DG: 荒漠草原

图 5 不同季节土壤细菌群落功能预测分析

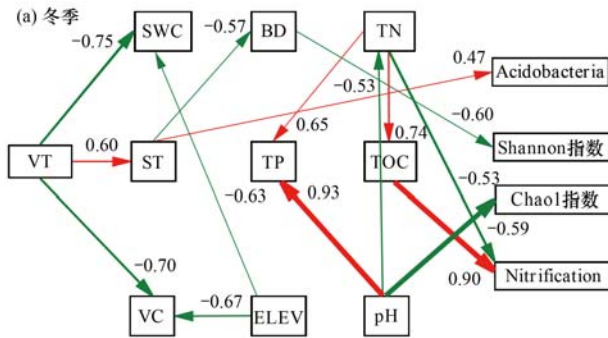
Fig. 5 Prediction and analysis of soil bacterial community functions in different seasons

在夏季有明显提升.

3.6 植被-土壤-微生物的互作机制

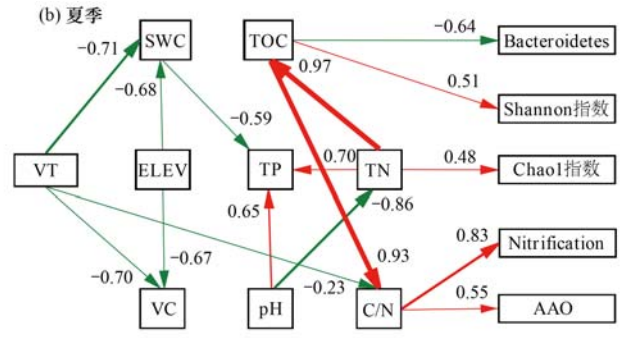
土壤环境的异质性大,影响土壤微生物的环境因子多且作用关系复杂.根据前述 RDA 分析中影响土壤细菌群落的主要环境因子,并利用冬、夏季土

壤理化数据构建植被类型和盖度、土壤环境因子、细菌优势菌门、多样性和优势功能丰度间的结构方程模型^[41],运用极大似然法对模型进行拟合,以分析黑河上游植物-土壤-微生物间的互作途径,结果见图 6.



$$\chi^2 = 131.625, df = 75, \chi^2/df = 1.755, P = 0.497, GFI = 0.792, RMSEA = 0.058$$

GFI(拟合优度指数) > 0.9 表示模型构建的适配度高; VT: 植被类型; VC: 植被盖度; ELEV: 海拔; SWC: 土壤含水率; ST: 土壤温度; BD: 土壤容重; TN: 总氮; TP: 全磷; TOC: 总有机碳; C/N: 碳氮比; Nitrification: 硝化作用; AAO: 氨氧化作用; Acidobacteria: 酸杆菌门; Bacteroidetes: 拟杆菌门; 红色箭头表示显著正影响 ($P < 0.001$), 绿色箭头表示显著负影响 ($P < 0.001$); 箭头粗细表示模型标准化路径系数的大小



$$\chi^2 = 219.184, df = 76, \chi^2/df = 2.884, P = 0.365, GFI = 0.830, RMSEA = 0.047$$

图 6 植被-土壤-微生物的结构方程模型 (SEM)

Fig. 6 Structural equation model (SEM) of vegetation, soil, and bacterial communities

结果表明,模型拟合 GFI 指数均接近 0.9,拟合度较佳.根据前述 RDA 分析(图 4),总有机碳 (TOC)、pH 和土壤温度 (ST) 是影响冬季细菌群落分布的主要因子,土壤温度显著影响了优势菌门酸杆菌的相对丰度,碳氮养分含量可以增加具有硝化功能的细菌丰度.作用关系中最主要的路径为“pH → 全磷”、“总氮 → 总有机碳 → 硝化作用”间的显著正相关 ($P < 0.001$) 和“pH → Chao1 指数”间的显著负相关 ($P < 0.001$),这也与前述的全磷 (TP) 受 pH 影响以及总氮 (TN) 受总有机碳 (TOC) 丰度影响的相关关系一致;其次,海拔变化和植被类型成为了影响植被盖度 (正相关)、土壤含水率 (正相关) 和土壤温度 (负相关) 的直接因素,从而对菌群产生间接作用[图 6(a)].夏季结果[图 6(b)]显示,植被类型主要影响着土壤含水率 (SWC) 和植被盖度,土壤养分中总有机碳 (TOC)、总氮 (TN) 及碳氮比 (C/N) 是土壤细菌群落多样性和功能的主要影响因子,其中“总氮 → 总有机碳 → 碳氮比 → 硝化作用、好氧氨氧化作用”的正相关关系是最主要的作用途径,这也与冬季的主要关系一致;同时总有机碳 (TOC) 对菌群的作用具有两面性,既可增大整个细菌群落的物种多样性,也可抑制拟杆菌门的相对丰度.相比冬季而言,夏季菌群的多样性和功能与土壤养分含量的相关性更强.

4 讨论

4.1 植被类型对土壤细菌群落的影响

不同植被类型主要通过植被种类、生长阶段和土壤理化性质的差异,直接或间接地影响细菌群落多样性^[42].本研究结果显示,不同植被类型下土壤细菌群落的 α -多样性差异较小,但土壤理化性质、细菌群落的结构和功能却有显著不同.越来越多的研究证明黑河上游乃至祁连山区土壤细菌门类的组成基本相同,主要为变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes) 等近 10 个类群^[31,43,44].不同区域的优势菌门随当地气候、水文、土壤和植被的差异而不同.酸杆菌门、变形菌门和放线菌门是本研究中相对丰度排名前三的优势菌门,与李海云的研究结果相近^[45],其中酸杆菌门的相对丰度随海拔升高“先增后减”,在中海拔区的森林草原 (FS) 达到最大,其丰度与总有机碳含量显著正相关, Saetre 等^[46]的研究也表明森林植被的微生物多样性与有机质含量紧密联系;变形菌门随植被类型的分布未表现出明显规律,这也说明不同优势菌门对环境因子的敏感程度不同,植被类型下特定的环境因子对细菌群落的结构具有选择作用;放线菌门的相对丰度在夏季随海拔降低而增加,垫状植

被下最小,这与朱平等^[13]研究的结果相反,这种差异可能是土壤理化性质的空间异质性造成的,放线菌喜含水率低、有机质丰富的弱碱性土壤,黑河上游荒漠草原(DG)在夏季土壤含水率较低,而托勒南山垫状植被的土壤含水率最小,土壤含水率的差异可能主导了放线菌门随植被地带性不同的分布。

土壤理化性质(图1)和细菌相关性热图[图3(c)]显示,森林草原(FS)与其他植被类型相比,土壤容重、pH显著更低,而土壤含水率和C、N全量养分显著更高。这主要是因为FS的优势植被为青海云杉,具有较高的初级生产能力,且植被群落是乔、灌、草的组合,凋落物数量多、组成丰富,增加了微生物群落的养分来源;其次青海云杉凋落物以难分解的木质纤维素为主^[47],本身难于分解,在阴湿的气候下也会减缓有机质的分解速率,导致腐殖质大量积累^[48],碳氮比也高于其他植被类型;另外,FS的土壤为黑毡土,草皮层薄而松软,乔木根系深且粗壮,生长和穿插过程增大了深层土壤的通气性^[49],涵蓄水分,为细菌群落维持较高的多样性提供了有利条件。垫状植被(CV)的地上生物量少,却能在冬、夏季维持较高的土壤总氮含量,可能与土壤中硝化螺菌属(*Nitrospira*)的较高丰度有关,该菌属主要参与硝化过程,增加了土壤中氮素的含量。森林草原(FS)的总氮含量在夏季最高,可能与该植被类型较高的土壤含水率有关,因为较高的土壤含水率可以提升硝化速率^[50],增加总硝化作用和净硝化作用^[51]。相反,灌丛草甸(HM)和山地干草原(MS)土壤的总氮含量偏低,王弘宇等^[52]研究发现碳氮比介于5~6时土壤能进行完全的反硝化过程,本研究只有夏季灌丛草甸(HM)和山地干草原(MS)的碳氮比介于此区间,因此能促进夏季脱氮过程从而导致土壤总氮含量偏低;同时,反硝化细菌为兼性厌氧菌,在水分多、pH偏高、有机质丰富且通气不畅的土壤中更能促进该生化反应过程进行^[53],导致土壤长期脱氮进而影响植被生长。聚类分析显示山地干草原(MS)和荒漠草原(DG)的细菌群落结构(属水平)在冬、夏季均有较高的相似性,一方面可能是两者在地理位置上接近,气候条件相似,RDA分析也显示主要环境驱动因子相近,从而导致微生物群落结构高度相似^[4];其次两种植被类型的土壤均为冷钙土,说明土壤类型也可能是影响微生物类群的重要因素^[54]。

4.2 季节动态对土壤细菌群落的影响

季节动态可反映水热条件的年内差异及其对植被物候、土壤性质的改变,多项研究显示祁连山区土壤细菌群落多样性、结构和功能在季节间存在显

著差异^[55,56],且地区规律有所不同。本研究显示土壤全磷、总有机碳等全量养分含量冬季(11月)高于夏季(7月),同时,细菌的OTU丰度也在冬季高于夏季,与卢虎等^[56]的结果相反。理论上讲,土壤细菌的最适温度约为28℃,出现夏季丰度高于冬季的可能性更大,而本研究规律相反,可能是由于黑河上游生长季的土壤日均最高温度仅20℃左右^[57],未达到细菌的最适温度,表明在研究区的冷生境中,土壤温度不是土壤细菌丰度的决定性因子。

季节差异通过温度和水分等环境因子的差异影响微生物活性,也能通过改变输入土壤养分的数量和成分影响微生物群落的多样性。Grishkan等^[58]研究认为相对于水分和温度,有机质含量对土壤微生物群落种类的影响更大。秋冬季节大量枯落物的富集增加了土壤微生物的碳源,为其正常生长和生命活动提供能量^[59],而夏季土壤养分主要被植物吸收利用,且食微生物动物(microbivore)对特定土壤细菌的取食增加^[60],可能导致了细菌物种多样性在冬季更高。也有研究显示全磷含量偏低会限制土壤微生物分解有机质^[61],影响特定微生物类群数量和分布^[62],黑河上游全磷含量在冬季相对更高,与有机碳含量呈负相关($P > 0.05$),说明冬季较高的全磷含量促进了土壤有机质的分解,可能有利于细菌多样性的维持。功能预测分析表明研究区细菌发挥的主要功能在不同植被间无显著差异,但有些功能多在特定季节发生,如夏季固氮和冬季发酵现象。固氮菌多喜水分高的中、碱性土壤^[63],而研究区冬季较低的土壤含水率可能抑制了固氮微生物发挥作用,限制了固氮作用。值得注意的是,土壤细菌群落随季节变化的特征在年际间可能不同,张俊忠等^[64]研究东祁连2005~2006年的5、7、9和11月土壤微生物特征,发现不同年份细菌数量峰值对应着不同的季节。土壤微生物分布受植被、环境因素的综合影响,需要对微生物群落开展长期观测以掌握其季节动态和周期规律。

4.3 植被-土壤-细菌群落的互作关系

结构方程模型显示,黑河上游土壤微生物群落并非受单一的环境因子调控,而受彼此关联的环境因子协同作用;冬、夏季驱动细菌群落变化的关键因子不同,植被-土壤-细菌群落间的作用机制也在改变。冬季结果表明[图6(a)],土壤容重、温度、pH和总有机碳可直接调控微生物群落的结构和功能,冬季较高的土壤温度可以促进酸杆菌门的相对丰度,酸杆菌门可显著影响土壤pH和总有机碳分解^[42],对微生物群落的多样性和硝化功能发挥更为有利。夏季结果显示[图6(b)],土壤总有机碳

(TOC)和总氮(TN)可直接调控细菌群落丰度和多样性,而较高的碳氮比(C/N)可直接影响细菌群落的功能,刺激硝化细菌和氨氧化细菌丰度增加,导致土壤氮素更多地由铵态氮转化为硝态氮,有利于植物的生长但氮素也更易流失^[65]。同时,土壤含水率(SWC)可通过影响土壤中磷的含量,提高生物对磷的有效吸收,进而影响细菌群落对碳、氮养分的分解。目前植被与土壤微生物间相互作用的机制尚未形成统一结论,但越来越多的研究证明植被类型是通过影响凋落物的质量、根系分泌物及光合产物分配模式,影响整个植物群落生态系统物质和能量转化过程,改变土壤表层小气候和养分循环过程,从而影响土壤微生物群落的多样性和功能^[45,66]。

值得关注的是,冬、夏季土壤全磷、总氮、总有机碳和pH四者间的作用关系十分稳定,均表现为总氮、pH对全磷的正影响,总氮对总有机碳的正影响以及pH对总氮的负影响,可能说明四者之间的相互作用对维持研究区细菌群落的多样性和功能具有重要意义。相关分析显示(表3),占细菌总数比例较大的未识别细菌类群(others)在冬季与土壤温度显著负相关($P < 0.05$),在夏季与全磷(TP)呈正相关($P > 0.05$),虽然研究区内全磷的含量随植被类型变化较其他养分因子更小,但其微小波动也会对土壤细菌数量产生较大限制^[67]。碳氮比也是影响微生物群落的重要因素^[68],理论上微生物分解有机质的适宜碳氮比为25:1,且与分解速率呈反比^[69],研究区冬季中、高海拔的灌丛草甸(HM)和森林草原(FS)均大于25,低海拔的山地干草原(MS)和荒漠草原(DG)则介于10~20,表明HM和FS的有机质分解较多,MS和DG的有机质分解受限。夏季碳氮比均低于25,说明夏季较高的土壤温度导致有机质分解速率加快,植被生长、雨水冲刷降低了土壤碳储量,土壤微生物分解有机质受碳源限制,限制了土壤微生物自身的生长繁殖,这也可能是研究区夏季细菌物种丰度更低的深层原因;而冬季低海拔区土壤碳、氮养分不足和可利用性低可能是区域植被退化的关键因素。

5 结论

黑河上游不同植被类型和季节动态下土壤微生物群落的多样性、组成和功能存在明显差异。酸杆菌门和变形菌门是区域主要的优势菌门,冬季细菌群落丰度高于夏季,森林草原(FS)植被下土壤含水率和养分含量更高,其细菌群落的多样性和均匀度大于其他植被类型。不同植被类型的细菌群落功能均以化能异养、硝化和氨氧化作用为主,但发酵和

固氮作用主要发生于特定季节。植被可以通过改变土壤理化性质而间接调控土壤细菌群落结构与功能,三者间的作用机制存在季节差异。冬季低海拔植被下较高的土壤温度有利于酸杆菌门的生长和繁殖,影响土壤pH、有机碳和硝化作用的发挥,从而影响植被的生长发育。夏季较高的土壤含水率可有效改变土壤养分含量,间接促进植物对土壤全磷(TP)的吸收,还可通过土壤中有机碳分解、土壤硝化和氨氧化等生化反应过程,促进土壤碳、氮元素的循环和转化,更有利于植物生长发育但也更易流失。随着研究区气候呈“暖湿化”趋势,提升区域土壤碳、氮、磷的可利用性和利用效率有助于提升土壤微生物群落的多样性和功能,更好地维持植被群落生态系统的稳定性。本文通过探讨不同植被类型和季节动态下黑河上游土壤细菌群落多样性和功能的差异,可为探索区域植被退化机制和维持高寒生态系统稳定提供参考。

参考文献:

- [1] Cao J J, Wang H R, Holden N M, *et al.* Soil properties and microbiome of annual and perennial cultivated grasslands on the Qinghai-Tibetan Plateau[J]. *Land Degradation & Development*, 2021, **32**(18): 5306-5321.
- [2] Bardgett R D. The biology of soil: a community and ecosystem approach[M]. New York: Oxford University Press, 2005.
- [3] 国辉, 毛志泉, 刘训理. 植物与微生物互作研究进展[J]. *中国农学通报*, 2011, **27**(9): 28-33.
Guo H, Mao Z Q, Liu X L. Research progress of interaction between plant and microorganism[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2011, **27**(9): 28-33.
- [4] Han D X, Wang N, Sun X, *et al.* Biogeographical distribution of bacterial communities in Changbai Mountain, Northeast China[J]. *MicrobiologyOpen*, 2018, **7**(2), doi: 10.1002/mbo3.529.
- [5] Bardgett R D, Bowman W D, Kaufmann R, *et al.* A temporal approach to linking aboveground and belowground ecology[J]. *Trends in Ecology & Evolution*, 2005, **20**(11): 634-641.
- [6] 吴林坤, 林向民, 林文雄. 根系分泌物介导下植物-土壤-微生物互作关系研究进展与展望[J]. *植物生态学报*, 2014, **38**(3): 298-310.
Wu L K, Lin X M, Lin W X. Advances and perspective in research on plant-soil-microbe interactions mediated by root exudates[J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2014, **38**(3): 298-310.
- [7] 张彦军, 郭胜利. 环境因子对土壤微生物呼吸及其温度敏感性变化特征的影响[J]. *环境科学*, 2019, **40**(3): 1446-1456.
Zhang Y J, Guo S L. Effect of environmental factors on variation characteristics of soil microbial respiration and its temperature sensitivity[J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(3): 1446-1456.
- [8] Schimel J P, Gulledge J M, Clein-Curley J S, *et al.* Moisture effects on microbial activity and community structure in decomposing birch litter in the Alaskan taiga[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1999, **31**(6): 831-838.
- [9] 梁国华, 吴建平, 熊鑫, 等. 鼎湖山不同演替阶段森林土壤

- pH 值和土壤微生物量碳氮对模拟酸雨的响应[J]. 生态环境学报, 2015, **24**(6): 911-918.
- Liang G H, Wu J P, Xiong X, *et al.* Responses of soil pH value and soil microbial biomass carbon and nitrogen to simulated acid rain in three successional subtropical forests at Dinghushan Nature Reserve[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2015, **24**(6): 911-918.
- [10] 张伟, 张宏. 青藏高原东缘红原地区三种不同草甸土壤活性碳特征[J]. 山地学报, 2008, **26**(2): 205-211.
- Zhang W, Zhang H. Spacial distribution characteristics of soil active organic carbon in three alpine meadows in eastern Qinghai-Tibetan Plateau [J]. *Journal of Mountain Science*, 2008, **26**(2): 205-211.
- [11] 林春英, 李希来, 张玉欣, 等. 黄河源区高寒沼泽湿地土壤微生物群落结构对不同退化的响应[J]. 环境科学, 2021, **42**(8): 3971-3984.
- Lin C Y, Li X L, Zhang Y X, *et al.* Responses of different degradation stages of alpine wetland on soil microbial community in the Yellow River source zone [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(8): 3971-3984.
- [12] 傅声雷. 土壤生物多样性的研究概况与发展趋势[J]. 生物多样性, 2007, **15**(2): 109-115.
- Fu S L. A review and perspective on soil biodiversity research [J]. *Biodiversity Science*, 2007, **15**(2): 109-115.
- [13] 朱平, 陈仁升, 宋耀选, 等. 祁连山中部 4 种典型植被类型土壤细菌群落结构差异[J]. 生态学报, 2017, **37**(10): 3505-3514.
- Zhu P, Chen R S, Song Y X, *et al.* Soil bacterial community composition and diversity of four representative vegetation types in the middle section of the Qilian Mountains, China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, **37**(10): 3505-3514.
- [14] Zhao W, Yin Y L, Li S X, *et al.* Soil microbial community varied with vegetation types on a small regional scale of the Qilian Mountains [J]. *Sustainability*, 2022, **14**(13), doi: 10.3390/su14137910.
- [15] Kang B T, Bowatte S, Hou F J. Soil microbial communities and their relationships to soil properties at different depths in an alpine meadow and desert grassland in the Qilian mountain range of China [J]. *Journal of Arid Environments*, 2021, **184**, doi: 10.1016/j.jaridenv.2020.104316.
- [16] Hu Y J, Veresoglou S D, Tedersoo L, *et al.* Contrasting latitudinal diversity and co-occurrence patterns of soil fungi and plants in forest ecosystems [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **131**, doi: 10.1016/j.soilbio.2019.01.001.
- [17] Djukic I, Zehetner F, Mentler A, *et al.* Microbial community composition and activity in different Alpine vegetation zones [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, **42**(2): 155-161.
- [18] Aminian M M, Hosseini H, Heydariyan A. Microbial communities and their characteristics in a soil amended by nanozeolite and some plant residues; short time in-situ incubation [J]. *Eurasian Journal of Soil Science*, 2018, **7**(1): 9-19.
- [19] 刘满强, 胡锋, 何园球, 等. 退化红壤不同植被恢复下土壤微生物量季节动态及其指示意义[J]. 土壤学报, 2003, **40**(6): 937-944.
- Liu M Q, Hu F, He Y Q, *et al.* Seasonal dynamics of soil microbial biomass and its significance to indicate soil quality under different vegetations restored on degraded red soils [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2003, **40**(6): 937-944.
- [20] 易桂田, 王晓丽, 刘占锋, 等. 亚热带地区不同人工林配置下土壤微生物量碳及微生物熵的年际动态[J]. 生态环境学报, 2018, **27**(2): 224-231.
- Yi G T, Wang X L, Liu Z F, *et al.* Interannual dynamics of soil microbial biomass carbon under different plantations in Subtropical China [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2018, **27**(2): 224-231.
- [21] Plassart P, Vincelas M A, Gangneux C, *et al.* Molecular and functional responses of soil microbial communities under grassland restoration [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2008, **127**(3-4): 286-293.
- [22] Liu J J, Sui Y Y, Yu Z H, *et al.* High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of northeast China [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **70**: 113-122.
- [23] 胡亚林, 汪思龙, 颜绍旭. 影响土壤微生物活性与群落结构因素研究进展[J]. 土壤通报, 2006, **37**(1): 170-176.
- Hu Y L, Wang S L, Yan S K. Research advances on the factors influencing the activity and community structure of soil microorganism [J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2006, **37**(1): 170-176.
- [24] 金博文, 康尔泗, 宋克超, 等. 黑河流域山区植被生态水文功能的研究[J]. 冰川冻土, 2003, **25**(5): 580-584.
- Jin B W, Kang E S, Song K C, *et al.* Eco-hydrological function of mountain vegetation in the Hei River Basin, Northwest China [J]. *Journal of Glaciology and Geocryology*, 2003, **25**(5): 580-584.
- [25] 杜自强, 王建, 李建龙, 等. 黑河中上游典型地区草地植被退化遥感动态监测[J]. 农业工程学报, 2010, **26**(4): 180-185.
- Du Z Q, Wang J, Li J L, *et al.* Remote sensing-based monitor dynamically grassland degradation in typical regions, middle and upper reaches of Heihe River Basin, Western China [J]. *Transactions of the CSAE*, 2010, **26**(4): 180-185.
- [26] 高海宁, 李彩霞, 孙小妹, 等. 黑河上游冰沟流域土壤养分与微生物空间异质性研究[J]. 草业学报, 2018, **27**(6): 23-33.
- Gao H N, Li C X, Sun X M, *et al.* Study of microorganism abundance and communities in response to soil factors in Binggou Valley, the upper reaches of Heihe [J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2018, **27**(6): 23-33.
- [27] 台喜生, 杨秀丽, 刘光琇, 等. 祁连山不同海拔氮磷循环细菌数量变化特征[J]. 冰川冻土, 2014, **36**(1): 214-221.
- Tai X S, Yang X L, Liu G X, *et al.* Variations of N-and P-cycling bacterial populations along with altitude in the Qilian Mountains [J]. *Journal of Glaciology and Geocryology*, 2014, **36**(1): 214-221.
- [28] Wang W J, Li J W, Ye Z Q, *et al.* Spatial factors and plant attributes influence soil fungal community distribution patterns in the lower reaches of the Heihe River Basin, Northwest China [J]. *Environmental Microbiology*, 2021, **23**(5): 2499-2508.
- [29] Wu M H, Chen S Y, Chen J W, *et al.* Reduced microbial stability in the active layer is associated with carbon loss under alpine permafrost degradation [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2021, **118**(25), doi: 10.1073/pnas.2025321118.
- [30] 王启兰, 曹广民, 王长庭. 高寒草甸不同植被土壤微生物数量及微生物生物量的特征[J]. 生态学杂志, 2007, **26**(7): 1002-1008.
- Wang Q L, Cao G M, Wang C T. Quantitative characters of soil microbes and microbial biomass under different vegetations in alpine meadow [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2007, **26**(7): 1002-1008.
- [31] 赵文, 尹亚丽, 李世雄, 等. 祁连山不同类型草地土壤细菌

- 群落特征研究[J]. 草业学报, 2021, **30**(12): 161-171.
- Zhao W, Yin Y L, Li S X, *et al.* The characteristics of bacterial communities in different vegetation types in the Qilian Mountains [J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2021, **30**(12): 161-171.
- [32] 向泽宇, 张莉, 张全发, 等. 青海不同林分类型土壤养分与微生物功能多样性[J]. 林业科学, 2014, **50**(4): 22-31.
- Xiang Z Y, Zhang L, Zhang Q F, *et al.* Soil nutrients and microbial functional diversity of different stand types in Qinghai Province[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2014, **50**(4): 22-31.
- [33] 王长庭, 龙瑞军, 王根绪, 等. 高寒草甸群落地表植被特征与土壤理化性状、土壤微生物之间的相关性研究[J]. 草业学报, 2010, **19**(6): 25-34.
- Wang C T, Long R J, Wang G X, *et al.* Relationship between plant communities, characters, soil physical and chemical properties, and soil microbiology in alpine meadows[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2010, **19**(6): 25-34.
- [34] 许莎莎, 孙国钧, 刘慧明, 等. 黑河河岸植被与环境因子间的相互作用[J]. 生态学报, 2011, **31**(9): 2421-2429.
- Xu S S, Sun G J, Liu H M, *et al.* The relationship between riparian vegetation and environmental factors in Heihe River Basin[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2011, **31**(9): 2421-2429.
- [35] 贾文雄, 赵珍, 姐佳星, 等. 祁连山不同植被类型的物候变化及其对气候的响应[J]. 生态学报, 2016, **36**(23): 7826-7840.
- Jia W X, Zhao Z, Zu J X, *et al.* Phenological variation in different vegetation types and their response to climate change in the Qilian Mountains, China, 1982-2014[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, **36**(23): 7826-7840.
- [36] 冯虎元, 潘建斌. 中国常见植物野外识别手册-祁连山册[M]. 北京: 商务印书馆, 2016.
- [37] 张甘霖, 龚子同. 土壤调查实验室分析方法[M]. 北京: 科学出版社, 2012.
- Zhang G L, Gong Z T. Soil survey laboratory methods [M]. Beijing: Science Press, 2012.
- [38] 胡杰, 何晓红, 李大平, 等. 鞘氨醇单胞菌研究进展[J]. 应用与环境生物学报, 2007, **13**(3): 431-437.
- Hu J, He X H, Li D P, *et al.* Progress in research of *Sphingomonas*[J]. *Chinese Journal of Applied & Environmental Biology*, 2007, **13**(3): 431-437.
- [39] 郝永俊, 吴松维, 吴伟祥, 等. 好氧氨氧化菌的种群生态学研究进展[J]. 生态学报, 2007, **27**(4): 1573-1582.
- Hao Y J, Wu S W, Wu W X, *et al.* Research progress on the microbial ecology of aerobic ammonia-oxidizing bacteria[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2007, **27**(4): 1573-1582.
- [40] 于少兰, 乔延路, 韩彦琼, 等. 好氧氨氧化微生物系统发育及生理生态学差异[J]. 微生物学通报, 2015, **42**(12): 2457-2465.
- Yu S L, Qiao Y L, Han Y Q, *et al.* Differences between ammonia-oxidizing microorganisms in phylogeny and physiological ecology[J]. *Microbiology China*, 2015, **42**(12): 2457-2465.
- [41] Fierer N. Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2017, **15**(10): 579-590.
- [42] Jiao S, Chen W M, Wang J L, *et al.* Soil microbiomes with distinct assemblies through vertical soil profiles drive the cycling of multiple nutrients in reforested ecosystems[J]. *Microbiome*, 2018, **6**(1), doi: 10.1186/s40168-018-0526-0.
- [43] Janssen P H. Identifying the dominant soil bacterial taxa in libraries of 16S rRNA and 16S rRNA genes[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, **72**(3): 1719-1728.
- [44] Philippot L, Andersson S G E, Battin T J, *et al.* The ecological coherence of high bacterial taxonomic ranks[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2010, **8**(7): 523-529.
- [45] 李海云. 祁连山高寒草地退化过程中“植被-土壤-微生物”互作关系[D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2019.
- Li H Y. The interaction of vegetation-soil-microbes in the degradation process of alpine grassland in Qilian Mountains of China[D]. Lanzhou: Gansu Agricultural University, 2019.
- [46] Saetre P, Bååth E. Spatial variation and patterns of soil microbial community structure in a mixed spruce-birch stand [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2000, **32**(7): 909-917.
- [47] 李娜, 赵传燕, 臧飞, 等. 祁连山青海云杉叶枯落物木质纤维素的降解动态[J]. 兰州大学学报(自然科学版), 2021, **57**(4): 483-490.
- Li N, Zhao C Y, Zang F, *et al.* Degradation dynamics of lignocellulose in the litterfall of *Picea crassifolia* in the Qilian Mountains [J]. *Journal of Lanzhou University (Natural Sciences)*, 2021, **57**(4): 483-490.
- [48] 冯德枫, 包维楷. 土壤碳氮磷化学计量比时空格局及影响因素研究进展[J]. 应用与环境生物学报, 2017, **23**(2): 400-408.
- Feng D F, Bao W K. Review of the temporal and spatial patterns of soil C:N:P stoichiometry and its driving factors[J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2017, **23**(2): 400-408.
- [49] 邢肖毅, 黄懿梅, 安韶山, 等. 黄土丘陵区不同植被土壤氮素转化微生物生理群特征及差异[J]. 生态学报, 2013, **33**(18): 5608-5614.
- Xing X Y, Huang Y M, An S S, *et al.* Characteristics of physiological groups of soil nitrogen-transforming microbes in different vegetation types in the Loess Gully region, China[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2013, **33**(18): 5608-5614.
- [50] Xie Z, Roux X L, Wang C P, *et al.* Identifying response groups of soil nitrifiers and denitrifiers to grazing and associated soil environmental drivers in Tibetan alpine meadows [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **77**: 89-99.
- [51] Wang G X, Liu G S, Li C J, *et al.* The variability of soil thermal and hydrological dynamics with vegetation cover in a permafrost region [J]. *Agricultural and Forest Meteorology*, 2012, **162-163**: 44-57.
- [52] 王弘宇, 马放, 苏俊峰, 等. 不同碳源和碳氮比对一株好氧反硝化细菌脱氮性能的影响[J]. 环境科学学报, 2007, **27**(6): 968-972.
- Wang H Y, Ma F, Su J F, *et al.* Influence of carbon source and C/N ratio on nitrogen removal of aerobic denitrifier [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2007, **27**(6): 968-972.
- [53] Wilcke W, Oelmann Y, Schmitt A, *et al.* Soil properties and tree growth along an altitudinal transect in Ecuadorian tropical montane forest[J]. *Journal of Plant Nutrition and Soil Science*, 2008, **171**(2): 220-230.
- [54] Berg G, Smalla K. Plant species and soil type cooperatively shape the structure and function of microbial communities in the rhizosphere[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2009, **68**(1): 1-13.
- [55] 刘洋, 张健, 闫帮国, 等. 青藏高原东缘高山森林-苔原交错带土壤微生物生物量碳、氮和可培养微生物数量的季节动态[J]. 植物生态学报, 2012, **36**(5): 382-392.
- Liu Y, Zhang J, Yan B G, *et al.* Seasonal dynamics in soil microbial biomass carbon and nitrogen and microbial quantity in a forest-alpine tundra ecotone, Eastern Qinghai-Tibetan Plateau, China[J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2012, **36**(5): 382-392.

- [56] 卢虎, 李显刚, 姚拓, 等. 高寒生态脆弱区“黑土滩”草地植被与土壤微生物数量特征研究[J]. 草业学报, 2014, **23**(5): 214-222.
Lu H, Li X G, Yao T, *et al.* Characteristics of vegetation and soil microorganisms of molehill grassland in an ecologically vulnerable alpine region[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2014, **23**(5): 214-222.
- [57] 吕明侠, 王一博, 刘国华. 黑河上游高山区浅层土壤水分变化及其影响因素[J]. 干旱区研究, 2020, **37**(4): 899-907.
LYU M X, Wang Y B, Liu G H. Changes in shallow soil moisture and its influencing factors in the alpine region of the Upper Heihe River[J]. *Arid Zone Research*, 2020, **37**(4): 899-907.
- [58] Grishkan I, Nevo E. Spatiotemporal dynamics of culturable microfungi in soil of Mount Hermon, Israel [J]. *Plant Biosystems-An International Journal Dealing with all Aspects of Plant Biology*, 2012, **146**(S1): 150-163.
- [59] Goyal S, Mishra M M, Hooda I S, *et al.* Organic matter-microbial biomass relationships in field experiments under tropical conditions: effects of inorganic fertilization and organic amendments[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1992, **24**(11): 1081-1084.
- [60] 付声雷, 张卫信, 邵元虎, 等. 土壤生态学——土壤食物网及其生态功能[M]. 北京: 科学出版社, 2019.
- [61] Jiang L, He Z S, Liu J F, *et al.* Elevation gradient altered soil C, N, and P stoichiometry of *Pinus taiwanensis* forest on Daiyun Mountain[J]. *Forests*, 2019, **10**(12), doi: 10.3390/f10121089.
- [62] 何中声, 王紫薇, 朱静, 等. 戴云山南坡不同海拔森林土壤微生物群落结构特征和影响因素[J]. 环境科学, 2022, **43**(5): 2802-2811.
He Z S, Wang Z W, Zhu J, *et al.* Forest soil microbial community structure characteristics and its influencing factors at different elevations on the southern slope of Daiyun Mountain[J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(5): 2802-2811.
- [63] 刁治民. 高寒草地的微生物氮素生理群区系研究[J]. 土壤, 1996, (1): 49-53.
- [64] 张俊忠, 陈秀蓉, 杨成德, 等. 东祁连山高寒草地土壤微生物三大类群的时空动态特征[J]. 水土保持学报, 2008, **22**(5): 167-171.
Zhang J Z, Chen X R, Yang C D, *et al.* Spatiotemporal and characteristic of the soil microbial of alpine grassland in Eastern Qilian Mountains[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2008, **22**(5): 167-171.
- [65] 曹翠玲, 李生秀. 氮素形态对作物生理特性及生长的影响[J]. 华中农业大学学报, 2004, **23**(5): 581-586.
Cao C L, Li S X. Effect of N form on crop physiological characteristics and growth[J]. *Journal of Huazhong Agricultural University*, 2004, **23**(5): 581-586.
- [66] Tschierko D, Hammesfahr U, Zeltner G, *et al.* Plant succession and rhizosphere microbial communities in a recently deglaciated alpine terrain[J]. *Basic and Applied Ecology*, 2005, **6**(4): 367-383.
- [67] Huang J S, Hu B, Qi K B, *et al.* Effects of phosphorus addition on soil microbial biomass and community composition in a subalpine spruce plantation[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2016, **72**: 35-41.
- [68] 薛晓娟, 李英年, 杜明远, 等. 祁连山东段南麓不同海拔土壤有机质及全氮的分布状况[J]. 冰川冻土, 2009, **31**(4): 642-649.
Xue X J, Li Y N, Du M Y, *et al.* Soil organic matter and total nitrogen changing with altitudes on the southern foot of Eastern Qilian Mountains[J]. *Journal of Glaciology and Geocryology*, 2009, **31**(4): 642-649.
- [69] 张友, 徐刚, 高丽, 等. 黄河三角洲新生湿地土壤碳氮磷分布及其生态化学计量学意义[J]. 地球与环境, 2016, **44**(6): 647-653.
Zhang Y, Xu G, Gao L, *et al.* Distribution characteristics of soil C, N and P in newly-formed wetlands of the Yellow River Delta, China and their stoichiometry implications[J]. *Earth and Environment*, 2016, **44**(6): 647-653.

CONTENTS

Elucidating the Impacts of Meteorology and Emission Changes on Concentrations of Major Air Pollutants in Major Cities in the Yangtze River Delta Region Using a Machine Learning De-weather Method	FU Wen-xing, HUANG Lin, DING Jia-hao, <i>et al.</i> (5879)
Impact of Emission Reduction in Different Sectors on Air Quality and Atmospheric Temperature in Eastern China	LONG Zi-yu, ZHU Jia, LI Ke, <i>et al.</i> (5889)
Analysis of Spatio-temporal Characteristics of Air Quality, Meteorological Impact, and Emission Reduction Effect During the Winter Olympics in Beijing-Tianjin-Hebei and Its Surrounding Areas	HOU Lu, ZHU Yuan-yuan, LIU Bing, <i>et al.</i> (5899)
Emission Trends and Reduction Potential of VOCs from Printing Industry in China	LIANG Xiao-ming, WU Peng-zhen, CHEN Lai-guo, <i>et al.</i> (5915)
Analysis of VOCs Emission Characteristics and Emission Reduction Potential of Typical Industries in Jinan, China	WU Wen-lu, SHAN Chun-yan, ZHAO Jing-lin, <i>et al.</i> (5924)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds in Lishui Area of Nanjing	RUAN Zhao-yuan, YAN Ou, WANG Ti-jian, <i>et al.</i> (5933)
Spatio-temporal Change in City-level Greenhouse Gas Emissions from Municipal Solid Waste Sector in China During the Last Decade and Its Potential Mitigation	ZHANG Ting-xue, GAO Shu-dan, TENG Xiao, <i>et al.</i> (5946)
Spatiotemporal Distribution Characteristics of Air Pollution and Health Risks in Key Cities of China	TU Pei-yue, YANG Huan, CHEN Lan-zhou, <i>et al.</i> (5954)
Spatial and Temporal Variations in PM ₁ Concentration and its Correlation with AOD in China from 2014 to 2017	YUAN Li-mei, MA Fang-fang, BIAN Ze, <i>et al.</i> (5964)
Characteristics and Generation Mechanism of Secondary Inorganic Ions in PM _{2.5} in Changsha-Zhuzhou-Xiangtan City Group	MA Jie-li, LUO Da-tong, LIU Xin, <i>et al.</i> (5975)
Characteristics and Cause of PM _{2.5} During Haze Pollution in Winter 2022 in Zhoukou, China	MA Ying-ge, YANG Lu, DI Rui-miao, <i>et al.</i> (5986)
Characterization and Source Apportionment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in PM _{2.5} in Lanzhou	MA Ke-jing, SUN Li-juan (5997)
Characteristics of Atmospheric Dust Fall Pollution and Its Chemical Composition and Mass Reconstruction in Mentougou District of Beijing	WANG Zhi-yao, YAO Qi, LÜ Fu, <i>et al.</i> (6007)
Ozone Pollution Characteristics and Formation Mechanism in a Typical Tropical Seaside City	HAN Shu-yan, ZHANG Xin, XIE Rong-fu, <i>et al.</i> (6015)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Surface Water in Kuaize River Basin at the Upper Pearl River	TAO Lan-chu, CUN De-xin, TU Chun-lin, <i>et al.</i> (6025)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Surface Water and Groundwater in Huainan Coal Mine Area	LIU Hai, KANG Bo, GUAN Zheng-ting, <i>et al.</i> (6038)
Hydrochemical Characteristics and Pollution Source Identification of Groundwater in Plain Area of Barkol-Yiwu Basin	JIANG Feng, ZHOU Jin-long, ZHOU Yin-zhu, <i>et al.</i> (6050)
Identification of Nitrate Source and Transformation Process in Shallow Groundwater Around Dianchi Lake	CHEN Qing-fei, CHEN An-qiang, CUI Rong-yang, <i>et al.</i> (6062)
Analysis of Influencing Factors on the Accumulation and Distribution of Heavy Metals in Soil of a Typical Lead-zinc Mine Watershed	PAN Yong-xing, CHEN Meng, WANG Xiao-tong (6071)
Heavy Metal Pollution and Health Risk Assessment in Karst Basin Around a Lead-Zinc Mine	LIAO Hong-wei, JIANG Zhong-cheng, ZHOU Hong, <i>et al.</i> (6085)
Spatial and Temporal Distribution Characteristics of Heavy Metals in Main Rivers Sediments and Ecological Risk Assessment in Kaifeng City	DING Ya-peng, LU Xi-hao, WANG Xiao-jing, <i>et al.</i> (6095)
Evaluation and Prediction of Environmental Capacities of Heavy Metals in the Surface Sediments of Lakes in Huoqiu County	LIU Hai, WEI Wei, SONG Yang, <i>et al.</i> (6106)
Metabarcoding Profiling of Phytoplankton Communities Associated with Algal Blooms and Determining Related Drivers in Baiyangdian Lake ...	CHEN Ting, DU Xun, CHEN Yi-yong, <i>et al.</i> (6116)
Driving Factors Analyze of Phytoplankton Community by Comparison of Population and Functional Groups and Water Quality Evaluation in Dongting Lake	YAN Guang-han, YIN Xue-yan, WANG Xing, <i>et al.</i> (6125)
Distribution Characteristics and Environmental Driving Factors of Cyanobacteria Community in Impounded Lakes and Reservoirs in Shandong on the East Route of South-to-North Water Diversion Project	WEI Jie-lin, CUI Yu-jing, LI Yi-zhen, <i>et al.</i> (6137)
Characteristics and Ecological Risk Assessment of Pharmaceutical Active Compounds in Guangdong Province	LUO Jia-hao, WANG Yu-kai, YUAN Ke, <i>et al.</i> (6149)
Characteristics of Microplastic-derived Dissolved Organic Matter(MPDOM) and the Complexation Between MPDOM and Sulfadiazine/Cu ²⁺	WANG Xiao, YAN Cai-xia, NIE Ming-hua, <i>et al.</i> (6159)
Photodegradation of Plastic Blends in Seawater and Its Risk to the Marine Environment	ZHANG Hong-yu, GAO Jia-wei, CHEN Si-bao, <i>et al.</i> (6172)
Preparation of Iron-improved Blue Algae Biochar and Its Co-adsorption Mechanism for Phosphorus in Surface Water	HAN Jie, HUANG Xin, YANG Kun-lun, <i>et al.</i> (6181)
Estimation and Critical Source Area Identification of Non-point Source Pollution Based on Improved Export Coefficient Models; A Case Study of the Upper Beiyun River Basin	LI Hua-lin, ZHANG Shou-hong, YU Pei-dan, <i>et al.</i> (6194)
Characteristics of Bacterial Community Structure in the Sediment of Rural Black and Odorous Water Bodies	REN Hong-wei, TIAN Yan-fang, LU Jin-xia, <i>et al.</i> (6205)
Impacts of Human Activities on the Net Primary Productivity of Vegetation in Chengde's Transitional Region from Plateau to Plain in the Context of Climate Change	SHAN Zhen-dong, LIU Dun, LUO Han, <i>et al.</i> (6215)
Meta-analysis on the Effects of Nitrogen Addition on Soil Organic Carbon Content in Terrestrial Ecosystems	YANG Ling-fang, KONG Dong-yan, DIAO Jing-wen, <i>et al.</i> (6226)
Effects of Biochar Application on Soil Organic Nitrogen Component and Active Nitrogen in <i>Eucalyptus</i> Plantations After Five Years in Northern Guangxi	CAO Yang, SHEN Yu-yi, CHEN Yun-shuang, <i>et al.</i> (6235)
Response of Organic Carbon Mineralization to Nitrogen Addition in Micro-aerobic and Anaerobic Layers of Paddy Soil	MAO Wan-qiong, XIA Yin-hang, MA Chong, <i>et al.</i> (6248)
Effects of Conservation Tillage on Herbicide Residues in Maize Field Soil	LIU Yuan, WANG Zu-cheng, LIU Mei-hua, <i>et al.</i> (6257)
Research Progress on Toxicity of Microplastics in Soil to Terrestrial Plants and Their Degradation Mechanism	LIU Wei, LI Yu-xin, RONG Sa-shuang, <i>et al.</i> (6267)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Microplastics in Soil in Danjiangkou Reservoir Area of South-to-North Water Diversion Project	WANG Feng, GONG Wei, LIU Zhe, <i>et al.</i> (6279)
Accumulation Characteristics, Sources, and Health Risks of Soil Lead of Urban Parks in Beijing	AN Jiang-mei-duo, ZHANG Rui-qing, GUO Guang-hui, <i>et al.</i> (6287)
Vertical Migration Characteristics and Fate of Heavy Metals from Zinc Smelting Slag in Soil Profile	YANG Ai-ping, WANG Xiao-yan, XIAO Xi-yuan, <i>et al.</i> (6297)
Ecological Risk Assessment and Migration and Accumulation Characteristics of Heavy Metals in Farmland Soil-crop System from Typical Pyrite Mining Area	CHENG Xiao-meng, ZHAO Chen, WU Chao, <i>et al.</i> (6309)
Interaction and Transport Characteristics of Lead and Cadmium in Different Soil-wheat Systems	KOU Meng, FAN Yu, SU Meng-xian, <i>et al.</i> (6319)
Distribution and Transport of Cadmium and Arsenic in Different Aboveground Parts of Wheat After Flowering	WANG Qiu-shi, HUA Gui-li, LI Xiang-yu, <i>et al.</i> (6328)
Effects of Vegetation Types and Seasonal Dynamics on the Diversity and Function of Soil Bacterial Communities in the Upper Reaches of the Heihe River	WANG Zhu, LIU Yang, WANG Fang, <i>et al.</i> (6339)
Ecological Responses of Soil Bacterial Communities to Heavy Metal Contamination Surrounding a Typical Coal-based Industrial Region	ZHENG Dan-feng, LIU Di, SU Chao, <i>et al.</i> (6354)
Effects of Aeration Methods on Microbial Diversity and Community Structure in Rice Rhizosphere	XIAO De-shun, XU Chun-mei, WANG Dan-ying, <i>et al.</i> (6362)
Response of Nitrification Potential and Ammonia Oxidation Microbial Community in Purple Soils to the Application of Biochar Combined with Chemical Fertilizer and Manure	LI Yue, WANG Zi-fang, JIA Li-juan, <i>et al.</i> (6377)
Effect of Continuous Cropping on the Physicochemical Properties, Microbial Activity, and Community Characteristics of the Rhizosphere Soil of <i>Codonopsis pilosula</i>	YANG Yang, LI Hai-liang, MA Kai-li, <i>et al.</i> (6387)
Effect of Manure Application on the Adsorption of Antibiotics to Soil	LUO Shan, HU Jin-sheng, TANG Xiang-yu, <i>et al.</i> (6399)
Relationship Between Carbon Emissions and Economic Development of Industrial Parks Based on Decoupling Index	CHEN Si-yu, LIU Jing-ru, SUN Guang-ming (6412)
Characteristics of Municipal Solid Waste in Some Urban Agglomeration in the Past Five Years	WANG Xiao-bo, LIU An-qi, ZHONG Hui-qiong, <i>et al.</i> (6421)