

目次

基于机器学习的珠三角秋季臭氧浓度预测	陈镇, 刘润, 罗征, 薛鑫, 汪瑶, 赵志军 (1)
粤港澳大湾区大气PM _{2.5} 浓度的遥感估算模型	代园园, 龚绍琦, 张存杰, 闵爱莲, 王海君 (8)
典型输送通道城市冬季PM _{2.5} 污染与传输变化特征	代武俊, 周颖, 王晓琦, 齐鹏 (23)
郑州市夏季PM _{2.5} 中二次无机组分污染特征及其影响因素	和兵, 杨洁茹, 徐艺斐, 袁明浩, 翟诗婷, 赵长民, 王申博, 张瑞芹 (36)
重庆典型城区冬季碳质气溶胶的污染特征及来源解析	彭超, 李振亮, 向英, 王晓宸, 汪凌韬, 张晟, 翟崇治, 陈阳, 杨复沐, 翟天宇 (48)
2022年8月成渝两地臭氧污染差异影响因素分析	陈木兰, 李振亮, 彭超, 邓也, 宋丹林, 谭钦文 (61)
2020年“三连击”台风对我国东部地区O ₃ 污染的影响分析	花丛, 尤媛, 王峰, 张碧辉 (71)
北京城区夏季VOCs初始体积分数特征及来源解析	张博韬, 景宽, 王琴, 安欣欣, 鹿海峰, 王陈婧, 王友峰, 刘保献 (81)
机动车减排降碳综合评价体系综述	范朝阳, 佟惠, 梁晓宇, 彭剑飞 (93)
基于LEAP模型的长三角某市碳达峰情景	杨峰, 张贵驰, 孙佑, 谢放尖, 揣小伟, 孙瑞玲 (104)
广东省船舶二氧化碳排放驱动因素与减排潜力	翁淑娟, 刘颖颖, 唐凤, 沙青娥, 彭勃, 王辉嘉, 陈诚, 张雪驰, 李京洁, 陈豪琪, 郑君瑜, 宋献中 (115)
给水厂典型工艺碳排放特征与影响因素	张翔宇, 胡建坤, 马凯, 高欣慰, 魏月华, 韩宏大, 李克勋 (123)
中国饮用水中砷的分布特征及基于伤残调整寿命年的健康风险评估	窦殿程, 齐媛, 肖淑敏, 苏高新, 郭宇新 (131)
太湖水体和沉积物中有机磷酸酯的时空分布和风险评估	张成诺, 钟琴, 栾博文, 周涛, 顾帆, 李伟飞, 邹华 (140)
水产养殖环境中农兽药物的污染暴露水平及其风险影响评价	张楷文, 张海燕, 孔聪, 顾润润, 田良良, 杨光昕, 王媛, 陈凤, 沈晓盛 (151)
长江朱沱断面磷浓度与通量变化及来源解析	姜保峰, 谢卫民, 黄波, 刘旻璇 (159)
珠江河口地表水锰氧化物对磷的“载-卸”作用	李睿, 梁作兵, 伍祺瑞, 杨晨晨, 田帝, 高磊, 陈建耀 (173)
富春江水库浮游植物功能群变化的成因	张萍, 王炜, 朱梦圆, 国超旋, 邹伟, 许海, 朱广伟 (181)
合浦盆地西部地区地下水水化学特征及形成机制	陈雯, 吴亚, 张宏鑫, 刘怀庆 (194)
新疆车尔臣河流域绿洲带地下水咸化与污染主控因素	李军, 欧阳宏涛, 周金龙 (207)
京津冀地区生态系统健康时空演变及其影响因素	李魁明, 王婉燕, 姚罗兰 (218)
近30年辽河三角洲生态系统服务价值时空演变及影响因素分析	王耕, 张芙蓉 (228)
光伏电站建设对陆地生态环境的影响: 研究进展与展望	田政卿, 张勇, 刘向, 陈生云, 柳本立, 吴纪华 (239)
大兴安岭林草交错带植被NDVI时空演变及定量归因	石淞, 李文, 曲琛, 杨子仪 (248)
西南地区不同类型植被NPP时空演变及影响因素探究	徐勇, 郑志威, 孟禹弛, 盘钰春, 郭振东, 张炎 (262)
不同海拔梯度下极端气候事件对松花江流域植被NPP的影响	崔嵩, 贾朝阳, 郭亮, 付强, 刘东 (275)
基于InVEST与CA-Markov模型的昆明市碳储量时空演变与预测	帕茹克·吾斯曼江, 艾东, 方一舒, 张益宾, 李牧, 郝晋琨 (287)
基于PLUS-InVEST模型的酒泉市生态系统碳储量时空演变与预测	石晶, 石培基, 王梓洋, 程番苑 (300)
长江下游沿江平原土壤发育过程中碳库分配动态	胡丹阳, 张欢, 宿宝巍, 张娅璐, 王永宏, 纪佳辰, 杨洁, 高超 (314)
漓江流域喀斯特森林土壤有机碳空间分布格局及其驱动因子	申楷慧, 魏识广, 李林, 储小雪, 钟建军, 周景钢, 赵毅 (323)
不同土地利用方式对岩溶区土壤有机碳组分稳定性的影响	陈坚淇, 贾亚男, 贺秋芳, 江可, 陈畅, 叶凯 (335)
紫色土丘陵区坡地柑橘园土壤碳氮的空间分布特征	李子阳, 陈露, 赵鹏, 周明华, 郑静, 朱波 (343)
氮添加与凋落物处理对橡胶林砖红壤有机碳组分及酶活性的影响	薛欣欣, 任常琦, 罗雪华, 王文斌, 赵春梅, 张永发 (354)
重庆化肥投入驱动因素、减量潜力及环境效应分析	梁涛, 赵敬坤, 李红梅, 王妍, 曹中华, 张务帅, 王孝忠, 郭超仪, 石孝均, 陈新平 (364)
中国土壤中全氟和多氟烷基物质的分布、迁移及管控研究进展	刘浩然, 邢静怡, 任文杰 (376)
基于多源辅助变量和随机森林模型的耕地土壤重金属含量空间分布预测	解雪峰, 郭炜炜, 濮励杰, 缪源卿, 蒋国俊, 张建珍, 徐飞, 吴涛 (386)
基于源导向的农用地土壤重金属健康风险评估及优先控制因子分析	马杰, 葛森, 王胜蓝, 邓力, 孙静, 蒋月, 周林 (396)
铜陵某废弃硫铁矿矿区土壤重金属污染特征及来源解析	李如忠, 刘宇昊, 黄言欢, 吴鸿飞 (407)
天水市主城区公交站地表灰尘重金属来源解析及污染评价	李春艳, 王新民, 王海, 吕晓斌 (417)
基于大田试验的土壤-水稻镉对不同调理剂的响应	唐乐斌, 刘新彩, 宋波, 马丽钧, 黄凤艳 (429)
腐殖质活性组分对土壤镉有效性的调控效应与水稻安全临界阈值	胡秀芝, 宋毅, 王天雨, 蒋珍芬, 魏世强 (439)
生物炭与铁钙材料对镉砷复合污染农田土壤的修复	吴秋产, 吴骥子, 赵科理, 连斌, 袁峰, 孙洪, 田欣 (450)
人体微塑料污染特征及健康风险研究进展	马敏东, 赵洋尘, 朱龙, 王伟平, 康玉麟, 安立会 (459)
聚苯乙烯微塑料联合镉污染对土壤理化性质和生菜(<i>Lactuca sativa</i>)生理生态的影响	牛佳瑞, 邹勇军, 简敏菲, 黄楚红, 李金燕, 穆霞, 刘淑丽 (470)
转录组分析植物促生细菌缓解高粱微塑料和重金属复合污染胁迫机制	刘泳岐, 赵超禹, 任学敏, 李玉英, 张英君, 张浩, 韩辉, 陈兆进 (480)
微塑料对土壤中养分和镉淋失的影响	赵群芳, 褚龙威, 丁原红, 王发园 (489)
微塑料和非对土壤化学性质、酶活性及微生物群落的影响	刘沙沙, 秦建桥, 吴贤格 (496)
民勤荒漠绿洲过渡带人工梭梭林土壤细菌群落结构及功能预测	王安林, 马瑞, 马彦军, 吕彦勋 (508)
不同灌溉水盐度下土壤真菌群落对生物炭施用的响应	郑志玉, 郭晓雯, 闵伟 (520)
厨余垃圾有机肥对土壤微生物活性及功能的影响	刘美灵, 汪益民, 金文豪, 王永冉, 王嘉和, 柴一博, 彭丽媛, 秦华 (530)
土壤真菌群落结构对辣椒长期连作的响应特征	陈芬, 余高, 王谢丰, 李廷亮, 孙约兵 (543)
叶面喷施硅肥对再生水灌溉水稻叶际细菌群落结构及功能基因的影响	梁胜贤, 刘春成, 胡超, 崔二苹, 李中阳, 樊向阳, 崔丙健 (555)
昌黎县海域细菌群落和抗生素抗性基因分析	王秋水, 程波, 刘悦, 邓婕, 徐岩, 孙朝徽, 袁立艳, 左嘉, 司飞, 高丽娟 (567)
基于高通量定量PCR与高通量测序技术研究城市湿地公园抗生素抗性基因污染特征	黄福义, 周曙屹, 潘婷, 周昕原, 苏建强, 张炯 (576)
城区第四系沉积柱中抗生素的垂向分布特征及环境影响因素	刘可, 童蕾, 甘翠, 王逸文, 张嘉越, 何军 (584)
氢氧化钾改性玉米秸秆生物炭对水中土霉素的吸附特性及机制	刘总堂, 孙玉凤, 费正皓, 沙新龙, 温小菊, 钱彬彬, 陈建, 谷成刚 (594)
CO ₂ 气氛热解与硝酸改性的生物炭Pb ²⁺ 吸附性能对比	江豪, 陈瑞芝, 朱自洋, 王琳, 段文斌, 陈芳媛 (606)

民勤荒漠绿洲过渡带人工梭梭林土壤细菌群落结构及功能预测

王安林, 马瑞*, 马彦军, 吕彦勋

(甘肃农业大学林学院, 兰州 730070)

摘要: 通过探究人工梭梭林栽植对荒漠土壤细菌群落结构及功能的影响,为荒漠绿洲过渡带土壤微生物生态修复和土地质量改善提供数据参考。采用 Illumina 高通量测序技术和 PICRUSt2 功能预测分析方法,分析土壤细菌群落结构及功能,并用 Mantel test 和冗余分析(RDA)解释影响土壤细菌群落结构及功能的理化因子。结果表明:①梭梭林土壤细菌 OTU 数、Chao1 指数和 Shannon 指数均显著高于流动沙丘土壤,且 PCoA 分析和 Adonis 检验发现梭梭林与流动沙丘土壤细菌群落结构差异显著($P = 0.001$)。②所有样品共检测到细菌 34 门、89 纲、174 目、262 科和 432 属,变形菌门、放线菌门、蓝藻菌门和绿弯菌门占土壤细菌相对丰度的 76.05%,属于土壤优势细菌,其中梭梭林土壤放线菌门相对丰度极显著高于流动沙丘土壤($P < 0.01$)。③PICRUSt2 功能预测发现,梭梭林土壤细菌群落包括 6 类一级功能和 28 类二级功能,其中碳水化合物的代谢、氨基酸代谢、辅助因子和维生素的代谢相对丰度均大于 10%,是细菌主要代谢功能。④梭梭林的栽植显著改善土壤有机质等养分含量。土壤 pH、有机质、全氮和速效磷为影响细菌群落的主要理化因子,其中土壤有机质显著影响土壤细菌群落结构($P < 0.05$)及代谢功能($P < 0.05$)。综上,人工梭梭林有助于增加荒漠土壤微生物多样性,可提高土壤细菌代谢功能基因相对丰度,改善荒漠土壤微环境。

关键词: 土壤细菌; 群落结构; PICRUSt2 功能预测; 人工梭梭林; 荒漠绿洲过渡带

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2024)01-0508-12 DOI: 10.13227/j.hjxx.202302155

Prediction of Soil Bacterial Community Structure and Function in Minqin Desert-oasis Ecotone Artificial *Haloxylon ammodendron* Forest

WANG An-lin, MA Rui*, MA Yan-jun, LÜ Yan-xun

(College of Forestry, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China)

Abstract: Exploring the effects of artificial *Haloxylon ammodendron* forest planting on the structure and function of a desert soil bacterial community provides data reference for soil micro-ecological restoration and land quality improvement in desert oasis transition zones. Illumina high-throughput sequencing technology and PICRUSt2 functional prediction analysis were used to identify and analyze the structure and function of soil bacterial communities, and the Mantel correlation test and RDA analysis were used to explain the physicochemical factors affecting the structure and function of soil bacterial communities. The results showed that: ① the soil bacterial OTU number, Chao1 index, and Shannon index were significantly higher in the *H. ammodendron* forest than in the mobile dune soil, and the PCoA analysis and Adonis test showed significant differences in the soil bacterial community structure between *H. ammodendron* and mobile dune soil ($P = 0.001$). ② A total of 34 phyla, 89 classes, 174 orders, 262 families, and 432 genera of bacteria were detected in all samples, and the phyla Proteobacteria, Actinobacteria, Cyanobacteria, and Chloroflexi accounted for 76.05% of the relative abundance of soil bacteria, which belonged to the dominant soil bacteria, among which the relative abundance of Actinobacteria in *H. ammodendron* forest soil was extremely significantly higher than that in mobile dune soil ($P < 0.01$). ③ PICRUSt2 function prediction revealed that the soil bacterial community of *H. ammodendron* forest included six categories of primary functions and 28 categories of secondary functions, among which the metabolism of carbohydrates, metabolism of amino acids, and metabolism of cofactors and vitamins were all greater than 10% in relative abundance and were the main metabolic functions of *H. ammodendron* forest soil bacteria. ④ The planting of *H. ammodendron* forest significantly improved the nutrient content of soil organic matter and other nutrients. Soil pH, organic matter, total nitrogen, and fast-acting phosphorus were the main physicochemical factors affecting the bacterial community, with soil organic matter significantly affecting the soil bacterial community structure ($P < 0.05$) and metabolic function ($P < 0.05$). In conclusion, the artificial *H. ammodendron* forest helped to increase desert soil microbial diversity, increase the relative abundance of soil bacterial metabolic function genes, and improve the desert soil microenvironment.

Key words: soil bacteria; community structure; PICRUSt2 function prediction; artificial *Haloxylon ammodendron* forest; desert-oasis ecotone

土壤微生物驱动生物地球化学循环,参与土壤生态系统物质循环和能量流动,紧密联系地上和地下生态环境,是土壤生态系统的重要组成部分^[1,2]。细菌是土壤微生物中最活跃和最重要的组成部分,细菌群落组成和物种多样性是土壤生态功能的主要指标,其代谢功能是土壤生态过程的主要驱动力^[3]。土壤细菌对凋落物分解、有机质降解、腐殖质形成及土壤结构和质量的改善具有关键作用^[4],此外,土壤

细菌结构和功能对土壤环境和植被的变化具有高度敏感性,常被用来表征土壤生态功能稳定性^[5-7]。

民勤荒漠绿洲过渡带生态环境脆弱敏感,风沙

收稿日期: 2023-02-20; 修订日期: 2023-04-14

基金项目: 国家自然科学基金区域创新发展联合基金项目(U21A2001); 甘肃农业大学青年导师扶持基金项目(GAU-QDFC-2020-09)

作者简介: 王安林(1999~),男,硕士研究生,主要研究方向为荒漠土壤微生物群落结构及多样性, E-mail: 18394510179@163.com

* 通信作者, E-mail: mr031103@126.com

活动频繁,致使荒漠化防治成为该地区生态与经济可持续健康稳定发展的关键^[8]。梭梭(*Haloxylon ammodendron*)作为藜科梭梭属小乔木,因其耐干旱瘠薄,成为干旱荒漠区首选并广泛营造的防风固沙树种,目前民勤县人工梭梭种植面积已超过 4.35×10^4 hm²^[9]。当前,关于人工梭梭林的最新研究较多集中在光合特性及水盐胁迫^[10-12]、种子萌发和出苗对气候变化的响应^[13]、施氮添水^[14]、根系生物量和土壤养分积累^[15]、风沙效应^[16]、群落竞争及空间格局和再生^[17]等领域。近年来16S rRNA高通量测序技术在土壤微生物方面广泛应用^[18],陈峰等^[19]通过高通量测序技术发现乌拉特天然梭梭林土壤细菌多样性显著高于裸露沙地,且地表植被和土壤pH显著影响细菌多样性。另外梭梭的种植对沙漠生态系统中微生物群落空间异质性起到重要作用^[20]。亦有研究指出植被不仅影响土壤细菌群落结构及多样性,而且对土壤细菌功能组成具有重要作用^[21]。

PICRUSt2是基于系统发育与功能联系假设,预测宏基因组功能组成的新技术^[22],现已广泛应用于山、水、林、田、湖、草和沙等不同生态系统土壤微生物功能研究^[6,23-26]。探究荒漠植物土壤细菌群落结构和功能及其影响因素,对于深入理解植物适应干旱环境机制具有重要意义^[27],但目前营造人工梭梭林对土壤细菌群落结构和功能有何影响鲜见报道。鉴于此,本研究以同一时间尺度下,民勤荒漠绿洲过渡带人工梭梭林土壤为研究对象,采用16S rRNA高通量测序技术和PICRUSt2功能预测相结合的研究方法,分析人工梭梭林土壤细菌群落结构和微生物生态功能特征,并探究人工梭梭林土壤理化性质对土壤细菌群落结构和功能的影响,通过丰富完善梭梭林土壤细菌群落结构、功能与理化因子互馈作用相关研究,以期为人造梭梭林的可持续经营管理提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

本研究位于甘肃民勤荒漠绿洲过渡带老虎口防沙治沙示范区,地处巴丹吉林沙漠东南缘,东临腾格里沙漠(38°40'33" N, 103°04'26" E),平均海拔1 320 m,是河西走廊典型的荒漠绿洲过渡带之一。常年的干旱荒漠气候,导致降水分布不均,年均降水量为115.7 mm,蒸发量为2 483.5 mm,是降水量的21倍。风沙活动频繁且剧烈,盛行西北风,年平均风速为 $2.9 \text{ m} \cdot \text{s}^{-1}$,以风沙土为主。现有主要植被包括梭梭(*Haloxylon ammodendron*)、沙拐枣(*Calligonum mongolicum*)、白刺(*Nitraria tangutorum*)、油蒿

(*Artemisia ordosica*)、和红砂(*Reaumuria soongarica*)等^[28,29]。2008年开始,民勤县实施了历时3 a的老虎口防沙治沙项目,通过综合整治,完成压沙造林6 666.67 hm²和滩地造林3 066.68 hm²。经过长期治理,目前已基本形成防风固沙梭梭林带,治理区植被盖度达到36%以上。

1.2 实验样品采集与预处理

于2022年6~8月在民勤荒漠绿洲过渡带的老虎口防沙治沙示范区进行外业调查与土样采集。选取栽植年限均为15 a的人工梭梭林地土壤(soil of *Haloxylon ammodendron* forest, HS)为研究对象,沿林带走向每隔10 m随机设置一个标准样方(10 m × 10 m),实验组共计10个标准样方,调查样地人工梭梭林高度和盖度数量特征。每个标准样方内按照五点法均匀设置5个小样方(1 m × 1 m),并在5个小样方内随机用75%酒精消毒后的土钻和无菌铲采集0~20 cm土样混合为1份土样,采集10份土样。同理在每个实验组样方上风向附近(约100 m)流动沙丘土壤区域(soil of active sand dune, AS)设置10个(10 m × 10 m)样方作为对照组,并采集10份土样,共计20份土样,用于土壤微生物测定,其中每份土样取10 mL装入离心管并用液氮保存^[3]。其余土样风干过2 mm筛处理,用于土壤理化性质测定(表1)。土壤理化因子测定:土壤pH值测定采用电位法(水土比2.5:1),土壤有机质(SOM)采用重铬酸钾-硫酸容量法测定^[30],全氮(TN)、全磷(TP)、速效磷(AP)和速效钾(AK)各指标测定方法详见文献^[31]。

1.3 土壤细菌DNA提取、PCR扩增和测序

采用MagaBi土壤基因组DNA纯化试剂盒(MagaBio Soil Genomic DNA Purification Kit)提取土壤细菌总DNA,利用Thermo NanoDrop One检测DNA的纯度和浓度^[31]。使用带barcode的特异引物及TaKaRa Premix Taq[®] Version 2.0 (TaKaRa Biotechnology Co., Dalian, China)对细菌16S rDNA基因的V3-V4可变区进行PCR扩增(表2),引物为515F和806R(见表3)。

PCR反应条件为:94℃预变性5 min,随后94℃变性30 s,52℃退火30 s,72℃延伸30 s循环30次,最后72℃延伸10 min,将同一样本3次重复的PCR产物进行混合,并用2%琼脂糖凝胶电泳检测PCR产物^[32]。按照NEBNext[®] Ultra[™] II DNA Library Prep Kit for Illumina[®] (New England Biolabs, USA)标准流程进行文库操作。使用Illumina Nova 6000平台对构建的扩增子文库进行PE250测序,由广东美格基因科技有限公司提供技术支持^[3]。

1.4 数据处理与分析

使用Fastp (v0.14.1)软件分别对双端的

表 1 人工梭梭林数量特征及土壤采样点信息¹⁾

Table 1 Quantitative characteristics of artificial *Haloxylon ammodendron* forests and information on soil sampling sites

样地	经度	纬度	海拔/m	高度/cm	盖度/%	株行距/m
AS1	103°01'16" E	38°40'53" N	1 305.43			
HS1	103°03'17" E	38°40'47" N	1 298.74	175.85 ± 39.69	43.12	2 × 2
AS2	103°03'26" E	38°42'14" N	1 315.58			
HS2	103°03'25" E	38°42'13" N	1 311.47	176.73 ± 39.89	38.81	2 × 2
AS3	103°03'11" E	38°44'33" N	1 296.95			
HS3	103°04'16" E	38°43'15" N	1 304.26	188.60 ± 46.53	37.94	2 × 2
AS4	103°03'31" E	38°44'24" N	1 306.11			
HS4	103°04'42" E	38°44'33" N	1 312.56	192.13 ± 48.02	35.56	2 × 2
AS5	103°06'47" E	38°44'35" N	1 314.79			
HS5	103°08'14" E	38°44'19" N	1 335.25	196.95 ± 66.90	36.13	2 × 2
AS6	103°05'29" E	38°45'23" N	1 321.17			
HS6	103°08'12" E	38°45'11" N	1 318.44	152.80 ± 21.73	37.26	2 × 2
AS7	103°08'06" E	38°46'39" N	1 296.41			
HS7	103°09'54" E	38°46'45" N	1 302.35	163.15 ± 30.59	37.53	2 × 2
AS8	103°08'02" E	38°46'34" N	1 318.99			
HS8	103°09'13" E	38°47'38" N	1 320.57	193.55 ± 44.42	37.17	2 × 2
AS9	103°09'07" E	38°47'14" N	1 334.66			
HS9	103°10'22" E	38°47'09" N	1 317.82	184.88 ± 55.13	37.09	2 × 2
AS10	103°08'03" E	38°48'26" N	1 322.75			
HS10	103°09'37" E	38°49'34" N	1 337.08	161.98 ± 40.36	38.73	2 × 2
平均值				178.66 ± 43.33	37.93 ± 2.08	

1) AS1~ AS10:流动沙丘土壤;HS1~ HS10:人工梭梭林地土壤

表 2 PCR反应体系

Table 2 PCR reaction system

试剂名称	2x Premix Taq	Primer-F (10 μmol·L ⁻¹)	Primer-R (10 μmol·L ⁻¹)	DNA	无核酸酶水
用量	25 μL	1 μL	1 μL	50 ng	加入 50 μL

表 3 研究中使用的引物

Table 3 PCR primers used in this study

引物	序列	目标基因
515F	5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3'	16S rDNA
806R	5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'	

RawReads 数据进行滑窗质量剪裁(-W4-M20),同时,根据序列首尾两端的引物信息,利用 Cutadapt (V1.14-e0.2)软件去除引物,得到质控后的有效序列.用 Usearch(V10.0.240)软件 Uparse 算法对样品有效序列在 97% 相似水平下进行 OTU 聚类.选取 OTU 中出现频率最高的序列构建 OTU table,将代表性序列集合用 Greengenes 和 RDP 16S rDNA 物种注释数据库注释,得到 OTU 分类学信息并统计分析^[33].采用 QIIME (2020.11) 软件计算细菌 α 多样性指数(Chao1 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数),其中用 Chao1 指数表示土壤微生物群落丰富度,Shannon 指数反映土壤微生物群落多样性;基于 Bray-curtis 距离的主坐标 PCoA 分析人工梭梭林与流动沙丘土壤细菌群落的 Beta 多样性,并用置换多元方差分析(Adonis)来

检验细菌群落组间差异性^[34].用 PICRUST2 对比 KEGG 数据库信息获得样品功能基因相对丰度.并用 R(V 4.2)软件 vegan 包 Mantel 检验分析细菌群落结构差异和功能基因差异之间的相关关系.运用 R(V 4.2)软件 ggcrr 包 mantel test 相关性检验分析土壤主要细菌门与理化因子的相关性^[27].采用 Canoco 5.0 软件冗余分析(redundancy analysis, RDA)来探究影响土壤细菌属和功能基因的关键理化因子,并进行蒙特卡洛置换检验(monte carlo permutation test).采用 SPSS 26.0 软件对土壤理化因子和微生物数据进行统计分析,并用独立样本 t 检验分析显著性水平($P < 0.05$).

2 结果与分析

2.1 人工梭梭林土壤理化性质分析

研究区土壤理化性质如表 4 所示.2 组样地均为碱性土壤($pH \geq 8.22$),且 HS 样地 pH 值显著高于 AS ($P < 0.05$).人工梭梭林的栽植显著提高了土壤养分含量,除速效磷含量无显著差异之外,土壤有机质、全氮、全磷和速效钾等含量均显著提高($P < 0.05$).

表 4 人工梭梭林土壤理化性质¹⁾

Table 4 Physical and chemical properties of soil in artificial *Haloxylon ammodendron* forests

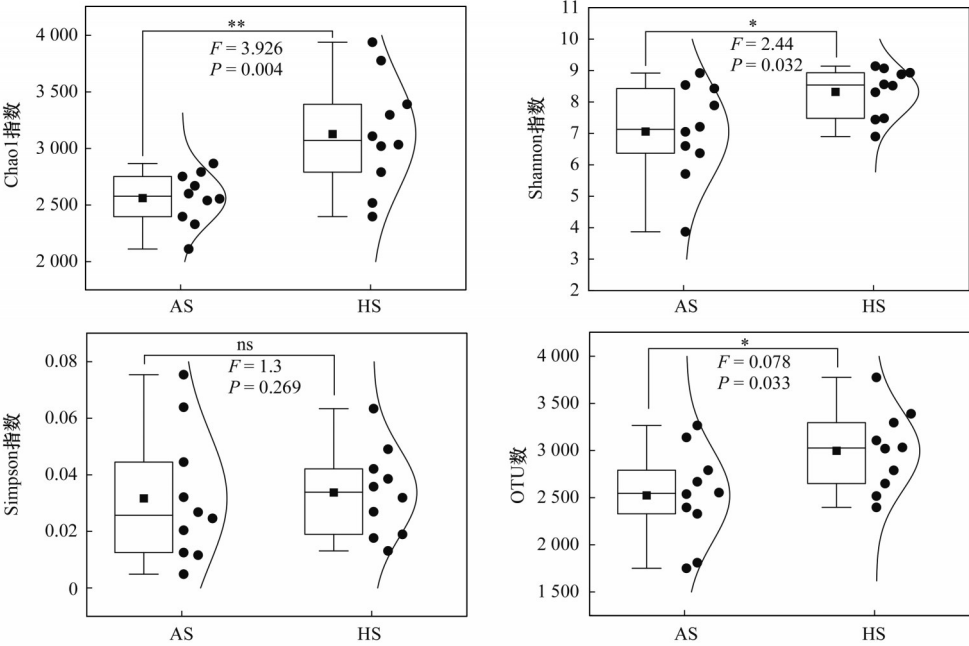
样地	pH	$\omega(\text{SOM})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{TN})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{TP})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{AP})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{AK})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$
AS	$8.22 \pm 0.16\text{b}$	$1.12 \pm 0.13\text{b}$	$0.08 \pm 0.02\text{b}$	$0.19 \pm 0.01\text{b}$	$1.26 \pm 0.05\text{a}$	$141.12 \pm 15.2\text{b}$
HS	$8.98 \pm 0.13\text{a}$	$1.63 \pm 0.19\text{a}$	$0.19 \pm 0.02\text{a}$	$0.26 \pm 0.02\text{a}$	$1.35 \pm 0.12\text{a}$	$183.9 \pm 11.38\text{a}$

1)pH:土壤pH,SOM:土壤有机质,TN:土壤全氮,TP:土壤全磷,AP:土壤速效磷,AK:土壤速效钾;同列不同小写字母表示差异显著 $P < 0.05$

2.2 人工梭梭林土壤细菌多样性分析

20个土壤样品按最小样本序列数17 715进行抽平,以大于97%相似性聚类得到OTU总数为55 919个.其中HS样地平均OTU数为2 998个,占OTU总数的53.6%;AS样地平均OTU数为2 524个,占OTU总数的46.3%.各样品测序覆盖度均达99.21%以上,

表明样品序列信息能充分反映研究区土壤细菌真实概况.如图1所示:HS样地中Chao1指数(丰富度指数)、Shannon指数(多样性指数)和OTU数分别为3 127.39、8.32和2 998,显著高于AS样地($P < 0.05$),Simpson指数在HS和AS样地之间未表现出显著差异.



AS:流动沙丘土壤,HS:人工梭梭林土壤;**: $P < 0.01$,*: $P < 0.05$,ns: $P > 0.05$

图1 人工梭梭林土壤细菌多样性指数

Fig. 1 Bacterial diversity index of soil in artificial *Haloxylon ammodendron* forest

在 β 多样性方面,基于Bray-Curtis距离算法的主坐标(PCoA)分析表明(图2),HS和AS样地土壤细菌群落空间分布存在彼此分离现象,主成分PC1轴和PC2轴分别解释31.46%和15.67%细菌群落结构差异.并采用Adonis检验发现,HS和AS样地细菌群落结构存在显著差异($R^2 = 0.259, P = 0.001$).

2.3 基于分类地位的人工梭梭林土壤细菌群落结构分析

2.3.1 门水平群落组成及相对丰度差异

HS和AS样地细菌群落组成相似,但相对丰度存在差异.所有土样共检测到细菌34门、89纲、174目、262科和432属.相对丰度 $\geq 1\%$ 的土壤细菌共8门, $< 1\%$ 的细菌占 $4.13\% \pm 1.55\%$,合并为其它(图3).变形菌门(Proteobacteria, $24.75\% \pm 6.7\%$)、放线菌门(Actinobacteria, $23.89\% \pm 11.49\%$)、蓝藻菌门

(Cyanobacteria, $17.10\% \pm 8.59\%$)和绿弯菌门(Chloroflexi, $10.31\% \pm 4.46\%$)占总细菌相对丰度的76.05%,属于土壤优势细菌.变形菌门在HS样地($25.95\% \pm 5.32\%$)中的相对丰度高于AS样地($23.55\% \pm 7.96\%$),但无显著差异;放线菌门在HS和AS样地中相对丰度分别为 $30.53\% \pm 9.14\%$ 和 $17.26\% \pm 9.86\%$,且HS极显著高于AS($P < 0.01$);蓝藻菌门相对丰度差异则与放线菌门相反,表现为AS样地显著高于HS样地($P < 0.05$);绿弯菌门在HS样地($12.07\% \pm 5.37\%$)中的相对丰度也高于AS样地($8.54\% \pm 2.51\%$).此外拟杆菌门(Bacteroidetes)、酸杆菌门(Acidobacteria)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)和厚壁菌门(Firmicutes)在所有土壤细菌中共占19.81%,是土壤主要细菌门,其中芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)在HS样地($5.03\% \pm$

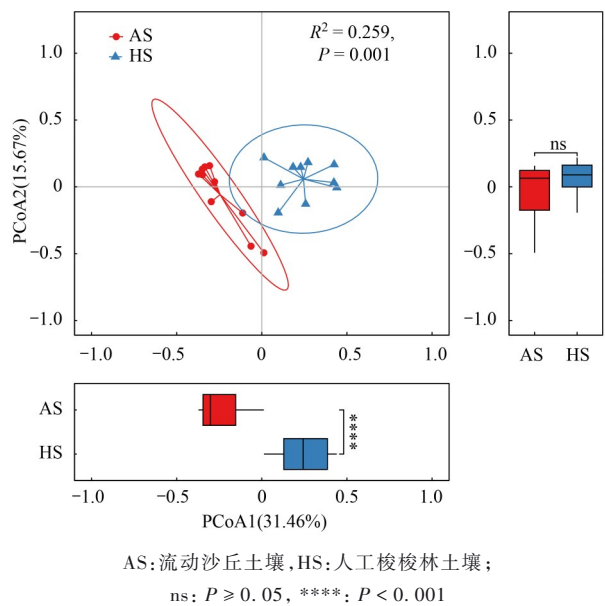


图2 人工梭梭林和流动沙丘土壤细菌群落结构PCoA分析

Fig. 2 PCoA analysis of soil bacterial community structure in artificial *Haloxylon ammodendron* forests and mobile sand dunes

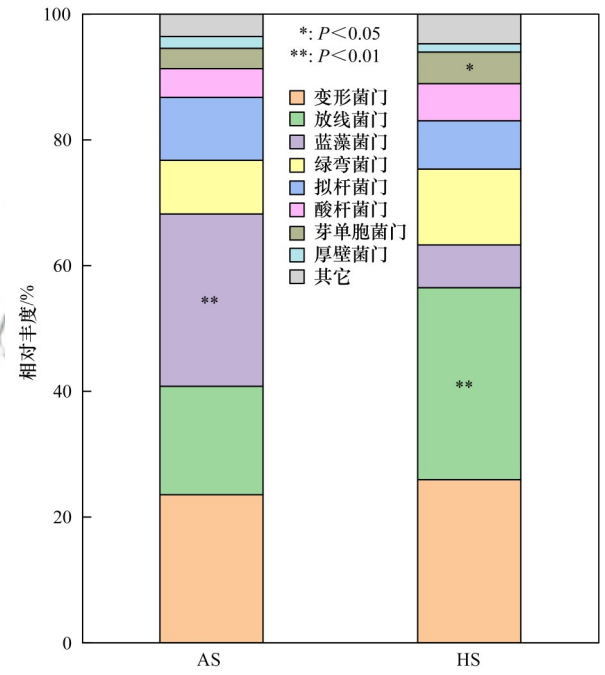


图3 土壤细菌门水平相对丰度及差异分析

Fig. 3 Relative abundance and variance analysis of soil bacterial phylum levels

1.65%)中的相对丰度显著高于AS样地($3.23\% \pm 1.92\%$)($P < 0.05$).

2.3.2 属水平群落组成及相对丰度差异

属分类水平细菌中的未定义菌属(Unassigned, 38.81%)和未培养菌属(uncultured, 9.29%)对研究细菌生态功能有一定阻碍^[35]. 此外在所有样品中平均相对丰度 $< 1\%$ 的细菌属合并为其它, $\geq 1\%$ 的已分类细菌属共9类(图4),这些菌属在HS和AS样地中相对丰度合计分别为20.9%和32.27%. 其中常丝藻菌

属(*Tychonema_CCAP_1459-11B*)、红杆菌属(*Rubrobacter*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)和微枝形杆菌属(*Microvirga*)在HS和AS中平均相对丰度均大于2.16%,假节杆菌属(*Pseudarthrobacter*)则只在HS样地中相对丰度大于2.0%. 常丝藻菌属在HS和AS样地中相对丰度分别为6.30%、17.96%,表明梭梭林栽植显著降低了土壤中常丝藻菌属相对丰度($P < 0.05$). 而红杆菌属、微枝形杆菌属、假节杆菌属和苔藓杆菌属则在HS样地中表现出更高的相对丰度,但与AS样地相比均无显著差异.

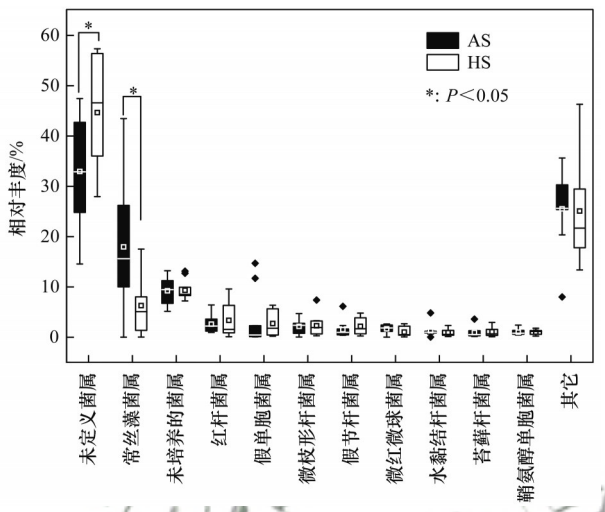


图4 土壤细菌属水平相对丰度及差异分析

Fig. 4 Relative abundance and variation analysis of soil bacterial genus levels

2.4 人工梭梭林土壤细菌功能预测

基于16S rRNA标记基因特征序列,采用PICRUST2对人工梭梭林土壤细菌OTU进行功能预测,获得各个样品的KEGG Orthology(KO)丰度并进行统计分析(表5). 所有样品共获得6类一级代谢功能,其中相对丰度大于1%的代谢功能依次为:新陈代谢(81.81%)、遗传信息处理(11.64%)、细胞过程(3.91%)和环境信息处理(2.05%). 在分布于6个代谢途径细菌群落中,共鉴定出28个二级代谢功能,其中相对丰度大于1%的代谢功能共17个,且碳水化合物代谢、氨基酸代谢及辅助因子和维生素的代谢为土壤细菌主要代谢功能. HS样地细菌中碳水化合物的代谢、氨基酸代谢、萜类和聚酮类化合物的代谢、复制和修复4种代谢功能相对丰度显著高于AS样地($P < 0.05$),而其他氨基酸的代谢和糖类的生物合成和代谢2种代谢功能相对丰度显著低于AS样地($P < 0.05$). 此外,其他代谢功能相对丰度在2组土壤细菌中无明显差异.

Pearson相关性分析表明(表6):人工梭梭林土壤细菌二级代谢功能基因相对丰度变化与变形菌门、

表5 人工梭梭林和流动沙丘土壤细菌功能基因相对丰度及差异

Table 5 Relative abundance and differences in the functional genes of soil bacteria in artificial *Haloxylon ammodendron* forests and mobile sand dunes

功能		相对丰度/%		t 检验	
一级功能	二级功能	AS	HS	P	
新陈代谢	碳水化合物代谢	13.26 ± 0.26	13.57 ± 0.26	0.016	< 0.05
	氨基酸代谢	13.02 ± 0.39	13.35 ± 0.26	0.040	< 0.05
	辅助因子和维生素的代谢	12.72 ± 1.05	12.05 ± 0.57	0.094	> 0.05
	萜类和聚酮类化合物的代谢	8.88 ± 0.58	9.38 ± 0.38	0.034	< 0.05
	其他氨基酸的代谢	8.07 ± 0.18	7.86 ± 0.15	0.013	< 0.05
	脂质代谢	6.65 ± 0.69	6.98 ± 0.36	0.195	> 0.05
	外来生物的生物降解和代谢	5.99 ± 0.49	6.30 ± 0.37	0.135	> 0.05
	能量代谢	6.07 ± 0.98	5.35 ± 0.51	0.053	> 0.05
	糖类的生物合成和代谢	2.96 ± 0.18	2.73 ± 0.22	0.020	< 0.05
	其他次级代谢物的生物合成	2.66 ± 0.10	2.64 ± 0.11	0.749	> 0.05
	核苷酸代谢	1.58 ± 0.02	1.57 ± 0.02	0.542	> 0.05
遗传信息处理	复制和修复	4.88 ± 0.09	4.97 ± 0.06	0.022	< 0.05
	折叠排序和降解	3.29 ± 0.17	3.24 ± 0.14	0.474	> 0.05
	翻译	2.60 ± 0.07	2.63 ± 0.12	0.481	> 0.05
细胞过程	细胞运动性	2.00 ± 0.23	2.07 ± 0.26	0.512	> 0.05
	细胞生长和死亡	1.42 ± 0.09	1.36 ± 0.05	0.085	> 0.05
环境信息处理	膜运输	1.62 ± 0.05	1.62 ± 0.08	0.874	> 0.05

放线菌门、蓝藻菌门、绿弯菌门和芽单胞菌门相对丰度变化呈显著相关($P < 0.05$),表明以上5种细菌类群对人工梭梭林土壤细菌代谢功能的发挥可能具有关键作用.

表6 人工梭梭林土壤细菌二级代谢功能相对丰度与主要细菌门相对丰度相关关系¹⁾

Table 6 Correlation between the relative abundance of secondary metabolic functions of soil bacteria and the relative abundance of major bacterial phyla in artificial *Haloxylon ammodendron* forest

代谢功能	变形菌门	放线菌门	蓝藻菌门	绿弯菌门	拟杆菌门	酸杆菌门	芽单胞菌门	厚壁菌门
碳水化合物代谢	0.480*	0.797**	-0.871**	0.737**	-0.175	0.325	0.764**	0.235
氨基酸代谢	0.620**	0.828**	-0.965*	0.625**	-0.059	0.411	0.790**	0.365
辅助因子和维生素的代谢	-0.850**	-0.674**	0.966**	-0.576**	-0.135	-0.304	-0.754**	-0.462*
萜类和聚酮类化合物的代谢	0.548*	0.835**	-0.931**	0.567**	-0.112	0.393	0.797**	0.437
其他氨基酸的代谢	-0.344	-0.762**	0.728**	-0.579**	0.250	-0.251	-0.600**	-0.190
脂质代谢	0.830**	0.707**	-0.964**	0.522*	0.101	0.300	0.764**	0.499*
外来生物的生物降解和代谢	0.767**	0.584**	-0.811**	0.501*	0.141	0.157	0.615**	0.289
能量代谢	-0.752**	-0.788**	0.995**	-0.579**	-0.028	-0.370	-0.801**	-0.451*
糖类的生物合成和代谢	-0.411	-0.780**	0.760**	-0.684**	0.321	-0.176	-0.685**	-0.252
其他次级代谢物的生物合成	0.488*	-0.144	-0.183	0.191	0.313	-0.011	-0.042	0.087
核苷酸代谢	-0.773**	-0.345	0.598**	-0.574**	0.027	0.122	-0.497*	-0.297
复制和修复	0.400	0.819**	-0.784**	0.245	-0.125	0.330	0.718**	0.449*
折叠排序和降解	-0.912**	-0.345	0.740**	-0.409	-0.360	-0.056	-0.550*	-0.405
翻译	-0.548*	0.279	0.093	-0.154	-0.473*	0.339	-0.057	-0.118
细胞运动性	0.917**	0.104	-0.570**	0.444	0.396	-0.167	0.436	0.434
细胞生长和死亡	-0.668**	-0.838**	0.965**	-0.501*	0.028	-0.287	-0.864**	-0.548*
膜运输	0.620**	-0.307	-0.088	0.413	0.259	-0.497*	0.078	0.204

1)* $P < 0.05$, ** $P < 0.01$

Mantel 检验表明(图5),人工梭梭林土壤细菌二级代谢功能基因组成的差异性与细菌群落结构差异性呈显著正相关,表明土壤细菌群落结构差异越大,其代谢功能基因组成差异也越大,即土壤细菌群落代谢功能基因组成的差异性随着群落结构差异性的增加而增加.

2.5 人工梭梭林土壤理化性质对细菌群落结构和代谢功能的影响

2.5.1 人工梭梭林土壤理化性质对主要细菌门的影响

为探究影响人工梭梭林土壤细菌群落结构的主要理化因子,采用研究区主要细菌门相对丰度距离

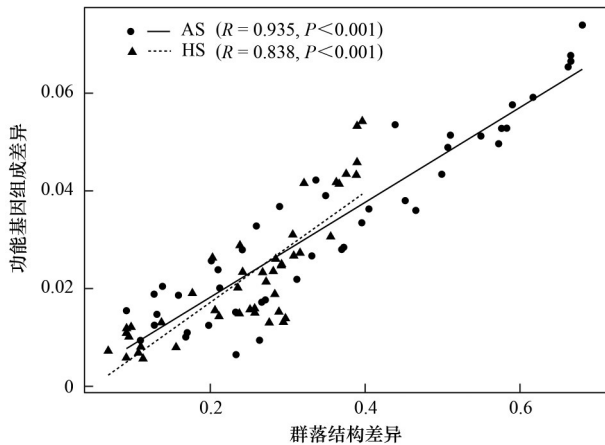


图5 人工梭梭林土壤细菌二级代谢功能基因组差异与细菌群落结构差异性的关系

Fig. 5 Relationship between differences in the genetic composition of the secondary metabolic functions of soil bacteria and the structural variability of bacterial communities in artificial *Haloxylon ammodendron* forest

矩阵(Bray-Curtis)与土壤理化参数的欧式距离矩阵进行 Mantel test 相关性检验(图6). 土壤 pH、有机质、全氮和速效磷为影响门水平细菌群落的主要理化因子. 如表7所示:土壤 pH 与放线菌门呈极显著正相

关($P < 0.01$),与蓝藻菌门和芽单胞菌门呈显著正相关($P < 0.05$);有机质含量与蓝藻菌门呈极显著正相关($P < 0.01$),与放线菌门和芽单胞菌门呈显著正相关($P < 0.05$);全氮含量与放线菌门和蓝藻菌门呈显著正相关($P < 0.05$);速效磷含量与绿弯菌门呈极显著正相关($P < 0.01$),与芽单胞菌门呈显著正相关($P < 0.05$).

2.5.2 人工梭梭林土壤理化性质对主要细菌属的影响

为进一步揭示影响人工梭梭林土壤细菌群落结构的主要环境因子,将研究区相对丰度 $\geq 1\%$ 的土壤细菌属进行趋势对应分析(DCA),排序轴最大值为 2.2,因此以土壤主要细菌属相对丰度为响应变量,土壤 pH、SOM、TN、TP、AP 和 AK 为解释变量进行冗余分析(RDA). 结果表明(表8),第1排序轴和第2排序轴解释率分别为 29.26% 和 2.55%,且主要由第1排序轴决定;第1、2轴与土壤理化因子的相关系数分别为 0.594 和 0.551,累计解释量达到 96.95%,表明前两轴能较好地反映土壤细菌群落结构与理化因子之间的关系.

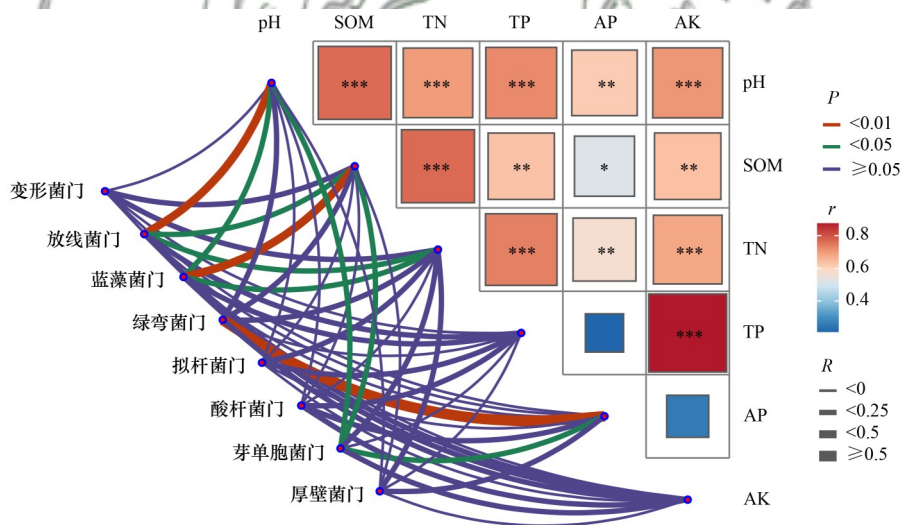


图6 主要细菌门与理化因子的 Mantel test 相关性分析

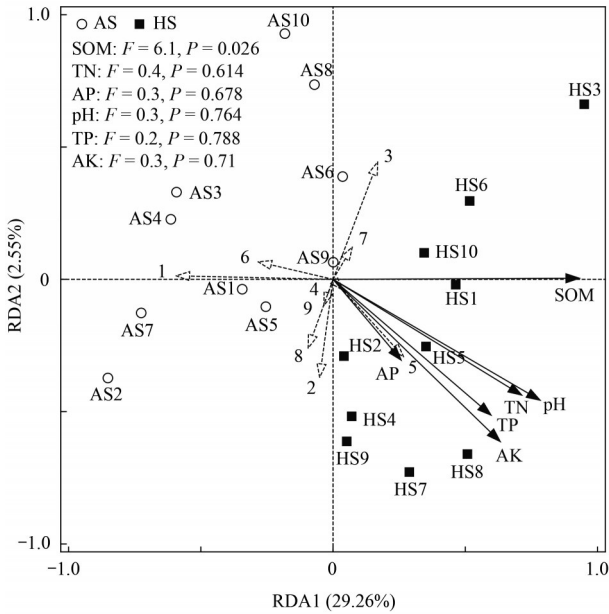
Fig. 6 Mantel test correlation analysis of major bacterial phyla with physicochemical factors

图7显示,常丝藻菌属(*Tychonema*_CCAP_1459-11B)和微红微球菌属(*Rubellimicrobium*)与土壤有机质(SOM)、土壤 pH、全氮、全磷、速效钾和速效磷呈负相关关系;红杆菌属(*Rubrobacter*)、水黏结杆菌属(*Adhaeribacter*)和假节杆菌属(*Pseudarthrobacter*)与土壤养分含量呈正相关关系;假单胞菌属(*Pseudomonas*)与土壤有机质呈正相关关系,与其余养分含量呈负相关关系. 蒙特卡洛检验表明,土壤有机质对细菌属群落结构具有显著影响($P < 0.05$),其

贡献率高达 77.5%.

2.5.3 人工梭梭林土壤理化性质对代谢功能相对丰度的影响

RDA 分析表明,土壤细菌碳水化合物的代谢和氨基酸代谢 2 种主要代谢功能与土壤理化性质呈正相关关系,辅助因子和维生素的代谢与土壤理化因子呈负相关关系(图8). 蒙特卡洛检验发现,土壤有机质(SOM)对细菌代谢功能具有显著影响($P < 0.05$),其贡献率高达 64.9%.



AS1~AS10:流动沙丘土壤,HS1~HS10:人工梭梭林土壤;实线实心箭头:理化因子(pH:土壤pH,SOM:土壤有机质,TN:土壤全氮,TP:土壤全磷,AP:土壤速效磷,AK:土壤速效钾);虚线空心箭头:土壤优势菌属(1:常丝藻菌属,2:红杆菌属,3:假单胞菌属,4:微枝形杆菌属,5:假节杆菌属,6:微根微球菌属,7:水黏结杆菌属,8:苔藓杆菌属,9:鞘氨醇单胞菌属)

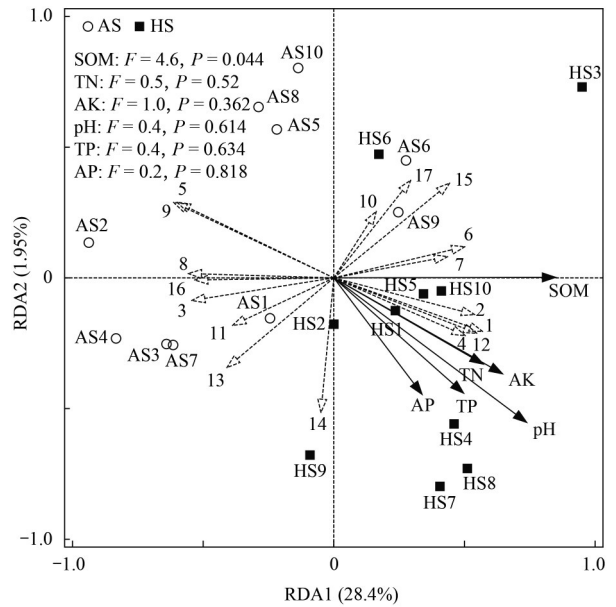
图7 土壤细菌属与理化因子的冗余分析(RDA)

Fig. 7 Redundancy analysis (RDA) of soil bacterial genera and physicochemical factors

3 讨论

3.1 人工梭梭林对土壤理化性质的影响

荒漠绿洲过渡带是荒漠生态系统和绿洲生态系统的交错地带,独特的地理环境使之成为荒漠化防治的敏感区和预警区^[8,29,36]. 人工固沙植被的栽植成



AS1~AS10:流动沙丘土壤,HS1~HS10:人工梭梭林土壤;实线实心箭头:理化因子(pH:土壤pH,SOM:土壤有机质,TN:土壤全氮,TP:土壤全磷,AP:土壤速效磷,AK:土壤速效钾);虚线空心箭头:土壤细菌功能,(1:碳水化合物代谢,2:氨基酸代谢,3:辅助因子和维生素的代谢,4:萜类和聚酮类化合物的代谢,5:其他氨基酸的代谢,6:脂质代谢,7:外来生物的生物降解和代谢,8:能量代谢,9:糖类的生物合成和代谢,10:其他次级代谢物的生物合成,11:核苷酸代谢,12:复制和修复,13:折叠排序和降解,14:翻译,15:细胞运动性,16:细胞生长和死亡,17:膜运输)

图8 土壤细菌代谢功能基因与理化因子的冗余分析(RDA)

Fig. 8 Redundancy analysis (RDA) of soil bacterial metabolic functional genes and physicochemical factors

为改善干旱荒漠区生态承载力的有效途径之一. 已有研究表明,人工固沙植被梭梭的建立对土壤物理结构、土壤养分含量、土壤肥力和土壤微生物数量等方面具有显著影响^[37-39]. 席军强等^[40]研究发现人

表7 细菌群落结构与主要理化因子 Mantel test 显著性检验¹⁾

Table 7 Bacterial community structure and main physicochemical factors Mantel test significance test

细菌	理化因子							
	pH		SOM		TN		AP	
	r	P	r	P	r	P	r	P
放线菌门	0.282	**	0.193	*	0.131	*	—	—
蓝藻菌门	0.226	*	0.319	**	0.174	*	—	—
绿弯菌门	—	—	—	—	—	—	0.614	**
芽单胞菌门	0.170	*	0.189	*	—	—	0.221	*

1)*: $P < 0.05$, **: $P < 0.01$, —: 表示无显著相关性

表8 土壤细菌属 RDA 排序特征值及解释量

Table 8 Characteristic values of RDA ranking of soil bacterial genera and the amount of explanation

项目	细菌群落与理化因子				代谢功能与理化因子			
	轴1	轴2	轴3	轴4	轴1	轴2	轴3	轴4
土壤细菌相对丰度特征值	0.292 6	0.025 5	0.005 2	0.003 6	0.284 0	0.019 5	0.007 6	0.002 7
土壤细菌累计解释量/%	29.26	31.81	32.33	32.69	28.40	30.36	31.12	31.39
土壤细菌与环境因子相关性	0.594	0.551	0.353	0.546	0.564 4	0.592 7	0.630 3	0.537 2
细菌与环境因子累计解释量/%	89.18	96.95	98.55	99.64	90.03	96.22	98.63	99.50
典范特征值			32.69				31.39	
总特征值			99.64				99.50	

工梭梭林的营造缓解了土壤碱化度,本研究区梭梭林地土壤 pH 值却高于流动沙丘,其原因可能是非灌溉条件下梭梭根系对盐分的积聚效应^[41]。此外本研究发现,人工梭梭林地土壤有机质和全氮含量均显著高于流动沙丘土壤,其原因可能是梭梭林截获和聚集了风沙流中的尘埃颗粒物及林地凋落物,为林地碳、氮储量起到积极的汇集作用。另外植物根系分泌物及微生物活动促进了土壤磷含量的增加^[19,40,42],这也与本研究的结果相一致。总之,梭梭不仅适应干旱瘠薄生境,而且其防风、固沙、积尘、凋落物分解及根系分泌物等生态功能使林地土壤理化性质显著改变^[43]。

3.2 人工梭梭林土壤细菌群落结构及多样性差异

荒漠土壤与植物群落间互馈关系紧密^[8]。一方面表现在固沙植被的栽植不但加快土壤的形成,而且其凋落物分解和根系分泌物为地表土壤微生物生长发育提供所需营养,使其土壤微生物群落结构和多样性显著改变,另一方面土壤微生物的分解作用又强烈影响土壤养分转化和地上植被生长^[44]。土壤细菌群落结构及多样性是反映土壤质量和生态功能稳定性的重要指标^[7]。多样性指数越高说明细菌群落组成越丰富,抵抗环境胁迫能力越强,土壤微生态功能就越稳定^[45]。本研究发现,人工梭梭林地土壤 Chao1 指数和 Shannon 指数均显著高于流动沙丘土壤(图 1),说明梭梭的生长过程有助于改善土壤细菌 α 多样性^[19]。且主坐标 PCoA 分析显示(图 2),梭梭林土壤细菌群落结构与流动沙丘土壤之间差异显著($P = 0.001$),这可能是由于梭梭根系分泌物与土壤细菌代谢活动频繁的互动,使林地土壤细菌 β 多样性产生差异^[44,46]。植被重建与恢复不仅改变土壤细菌多样性,而且显著影响土壤细菌群落结构^[47]。变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、蓝藻菌门(Cyanobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi)均为本研究区梭梭林和流动沙丘土壤优势细菌,这与沈聪等^[48]、Sun 等^[49]和王子寅等^[50]对干旱荒漠土壤优势细菌的研究结果相一致。有研究表明,变形菌门分布广,固氮能力较强,具有极大的可变形态和生理学特性,使其在生态位中有很大的竞争优势^[51]。另外,梭梭林土壤中放线菌门相对丰度显著高于流动沙丘土壤,其原因在于放线菌属于革兰氏阳性细菌,不仅抗旱性较强,而且参与复杂的有机质分解过程,梭梭林生长过程还具有明显的碳汇作用,为土壤放线菌门提供有利的繁殖生长条件^[52]。蓝藻菌门和绿弯菌门属于光能营养型微生物,主要参与微生物光合作用^[53],本研究位于干旱荒漠区,其光照资源丰富,为这两类细菌生长发育提供了充足的光能条件。罗达

等^[54]和 Urbanová 等^[55]研究发现土壤细菌群落结构主要受植被残根及凋落物分解产生的碳氮源含量影响。本研究中土壤细菌属在梭梭林和流动沙丘土壤中结构组成相似,但相对丰度有所差异,其中梭梭林地土壤常丝藻菌属相对丰度显著低于流动沙丘,这种细菌群落结构的趋异化可能与梭梭根系分泌物选择性地塑造适宜生境的土壤细菌类型有关^[3,56]。

3.3 人工梭梭林土壤细菌功能基因预测

土壤微生物通过代谢活动参与有机质分解和土壤养分转化^[57]。有研究指出,代谢功能是土壤细菌群落参与生物地球化学循环的主要功能^[6]。本研究中梭梭林土壤细菌代谢功能相对丰度达 80% 以上,亦为土壤细菌主要功能,如碳水化合物代谢与固氮、解磷等作用关系紧密,促进梭梭根系对氮、磷元素的吸收^[3,34];氨基酸代谢通过脱氨和转氨等作用实现氮素循环,并为细菌生存繁殖提供营养条件;部分代谢过程亦能通过产生抗生素、促生长激素和抑菌蛋白等来促进植物生长发育^[6],而梭梭林地土壤细菌这些代谢功能相对丰度显著高于流动沙丘土壤,说明梭梭的栽植能够促进土壤细菌代谢能力。

3.4 人工梭梭林土壤细菌群落及功能基因与理化因子的关系

土壤细菌群落结构受地表植被和土壤环境因子的显著影响^[58]。植被通过其凋落物及根系的分解分化来改变土壤理化性质,而土壤细菌群落与理化因子关系密切且相互影响^[46]。本研究发现,影响土壤群落结构主要的理化因子为 pH、有机质、全氮和速效磷,这也是我国多个典型荒漠化治理区研究的普遍认识^[6,48,49]。土壤 pH 值影响细菌细胞膜通透性和稳定性,另外 pH 值的改变也影响土壤营养物质分子的电离状态,已是全球范围内被公认影响土壤细菌群落的关键因子^[59]。RDA 分析也表明,土壤有机质是影响土壤细菌属水平群落结构和土壤细菌代谢功能最主要的理化因子,因为碳、氮是塑造土壤细菌群落结构最主要的能源物质,有利于细菌生长繁殖^[54,55]。

土壤细菌群落结构组成受土壤细菌代谢功能的显著影响^[60]。Pearson 相关性分析发现,人工梭梭林土壤细菌二级代谢功能基因相对丰度变化与变形菌门、放线菌门和绿弯菌门等相对丰度变化呈显著相关性,表明这些细菌类群和土壤细菌代谢功能之间关系紧密^[61],这与 de Scally 等^[62]研究的结果一致。Pold 等^[63]认为土壤微生物因其功能冗余性,致使群落功能不会随着微生物多样性和结构的变化而变化,但近期的研究发现,生境改变导致土壤细菌多样性的增加和群落结构的变化对维持群落功能稳定性具有关键作用^[60,61]。本研究 Mantel 检验也表明,人工梭

梭梭林土壤细菌二级代谢功能基因组组成的差异性与细菌群落结构的差异性呈显著正相关,说明土壤细菌群落结构与代谢功能之间可能存在潜在的耦合关系。但目前针对荒漠植被对土壤微生物群落结构及代谢功能基因内在联系及影响机制的研究甚少,因此结合宏基因组学和功能基因芯片技术系统解读人为驱动固沙植被如何塑造土壤微生物群落结构,并发挥其特定功能是后续研究的方向。

4 结论

民勤荒漠绿洲过渡带人工梭梭林土壤细菌主要优势门为变形菌门、放线菌门、蓝藻菌门和绿弯菌门。梭梭林土壤细菌 α 多样性显著高于流动沙丘,且 β 多样性差异也显著。碳水化合物的代谢、氨基酸代谢和辅助因子和维生素的代谢是梭梭林土壤细菌主要代谢功能,其功能基因相对丰度均显著高于流动沙丘土壤。土壤细菌二级代谢功能基因差异与群落结构差异呈显著正相关。研究区梭梭林土壤细菌群落结构主要受土壤pH、有机质、全氮和速效磷含量的影响,其中土壤有机质是影响细菌属水平结构和代谢功能最主要的理化因素。研究结果为深入理解人工梭梭林土壤细菌群落与理化因子之间的互馈关系,及进一步探索荒漠固沙植被改善土壤微生态功能提供理论支持。

参考文献:

- [1] 宋长青, 吴金水, 陆雅海, 等. 中国土壤微生物学研究10年回顾[J]. 地球科学进展, 2013, **28**(10): 1087-1105.
Song C Q, Wu J S, Lu Y H, et al. Advances of soil microbiology in the last decade in China[J]. Advances in Earth Science, 2013, **28**(10): 1087-1105.
- [2] Fierer N. Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome[J]. Nature Reviews Microbiology, 2017, **15**(10): 579-590.
- [3] 李媛媛, 徐婷婷, 艾喆, 等. 不同海拔拔箭锦鸡儿根际和非根际土壤细菌群落多样性及PICRUSt功能预测[J]. 环境科学, 2023, **44**(4): 2304-2314.
Li Y Y, Xu T T, Ai Z, et al. Diversity and predictive functional of *Caragana jubata* bacterial community in rhizosphere and non-rhizosphere soil at different elevations[J]. Environmental Science, 2023, **44**(4): 2304-2314.
- [4] Vuuyuru M, Sandhu H S, Erickson J E, et al. Soil chemical and biological fertility, microbial community structure and dynamics in successive and fallow sugarcane planting systems[J]. Agroecology and Sustainable Food Systems, 2020, **44**(6): 768-794.
- [5] 陆雅海, 傅声雷, 褚海燕, 等. 全球变化背景下的土壤生物学研究进展[J]. 中国科学基金, 2015, **29**(1): 19-24.
Lu Y H, Fu S L, Chu H Y, et al. Recent advances in global change and soil biology[J]. Bulletin of National Natural Science Foundation of China, 2015, **29**(1): 19-24.
- [6] 丁钰珮, 杜宇佳, 高广磊, 等. 呼伦贝尔沙地樟子松人工林土壤细菌群落结构与功能预测[J]. 生态学报, 2021, **41**(10): 4131-4139.
- [7] Ding Y P, Du Y J, Gao G L, et al. Soil bacterial community structure and functional prediction of *Pinus sylvestris* var. *mongolica* plantations in the Hulun Buir Sandy Land[J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, **41**(10): 4131-4139.
- [8] Cui Y X, Fang L C, Guo X B, et al. Responses of soil microbial communities to nutrient limitation in the desert-grassland ecological transition zone[J]. Science of the Total Environment, 2018, **642**: 45-55.
- [9] 王新源, 马立鹏, 程小云, 等. 不同治沙措施对荒漠绿洲过渡带植物群落与土壤因子的影响[J]. 生态学报, 2022, **42**(14): 5869-5883.
Wang X Y, Ma L P, Cheng X Y, et al. Effects of different sand control measures on plant communities and soil factors in the desert-oasis ecotone[J]. Acta Ecologica Sinica, 2022, **42**(14): 5869-5883.
- [10] 李雪宁, 徐先英, 郑桂恒, 等. 石羊河下游人工梭梭林健康评价体系构建及应用研究[J]. 干旱区研究, 2022, **39**(3): 872-882.
Li X N, Xu X Y, Zheng G H, et al. A health evaluation of a *Haloxylon ammodendron* plantation in the Shiyang River lower reaches[J]. Arid Zone Research, 2022, **39**(3): 872-882.
- [11] Hu D, Lv G H, Qie Y D, et al. Response of morphological characters and photosynthetic characteristics of *Haloxylon ammodendron* to water and salt stress[J]. Sustainability, 2021, **13**(1), doi: 10.3390/su13010388.
- [12] Cao Y H, Ren W, Gao H J, et al. HaASR2 from *Haloxylon ammodendron* confers drought and salt tolerance in plants[J]. Plant Science, 2023, **328**, doi: 10.1016/j.plantsci. 2022. 111572.
- [13] Zhou H, Zhao W Z, Zhang G F. Varying water utilization of *Haloxylon ammodendron* plantations in a desert-oasis ecotone[J]. Hydrological Processes, 2017, **31**(4): 825-835.
- [14] Zhu Y J, Jia Z Q, Wang G J, et al. Response of seed germination and seedling emergence of *Haloxylon ammodendron* to rain frequency and temperature change from four desert ecosystems, northwest China[J]. AoB PLANTS, 2023, **15**, doi: 10.1093/aobpla/plac048.
- [15] Cui X Q, Yue P, Gong Y M, et al. Impacts of water and nitrogen addition on nitrogen recovery in *Haloxylon ammodendron* dominated desert ecosystems [J]. Science of the Total Environment, 2017, **601-602**: 1280-1288.
- [16] Wang Z, Gu H B, Meng Q M, et al. Allocation patterns of root biomass and nutrient accumulation in *Haloxylon ammodendron* seedlings in southern Gurbantunggut Desert [J]. Rhizosphere, 2022, **24**, doi: 10.1016/j.rhisph. 2022. 100594.
- [17] 马全林, 尚雯, 王新友, 等. 风沙活动对人工梭梭(*Haloxylon ammodendron*)林土壤碳氮含量的影响[J]. 中国沙漠, 2022, **42**(1): 71-78.
Ma Q L, Shang W, Wang X Y, et al. Influence of sand blown activity on soil organic carbon and total nitrogen in artificial *Haloxylon ammodendron* plantations in arid desert regions [J]. Journal of Desert Research, 2022, **42**(1): 71-78.
- [18] Liu Y X, Zeng Y, Yang Y H, et al. Competition, spatial pattern, and regeneration of *Haloxylon ammodendron* and *Haloxylon persicum* communities in the Gurbantunggut Desert, Northwest China[J]. Journal of Arid Land, 2022, **14**(10): 1138-1158.
- [19] Callahan B J, Wong J, Heiner C, et al. High-throughput amplicon sequencing of the full-length 16S rRNA gene with single-nucleotide resolution[J]. Nucleic Acids Research, 2019, **47**(18), doi: 10.1093/nar/gkz569.

- [19] 陈峰, 张静, 韩二牛, 等. 乌拉特天然梭梭 (*Haloxylon ammodendron*) 林土壤微生物多样性及其与土壤性质的关系[J]. 中国沙漠, 2022, **42**(2): 207-214.
Chen F, Zhang J, Han E N, *et al.* Soil microbial diversity and its relationship with soil physicochemical properties in Urat natural *Haloxylon ammodendron* forest [J]. Journal of Desert Research, 2022, **42**(2): 207-214.
- [20] Cao Y F, Li Y, Li C H, *et al.* Relationship between presence of the desert shrub *Haloxylon ammodendron* and microbial communities in two soils with contrasting textures[J]. Applied Soil Ecology, 2016, **103**: 93-100.
- [21] Landesman W J, Nelson D M, Fitzpatrick M C. Soil properties and tree species drive β -diversity of soil bacterial communities[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, **76**: 201-209.
- [22] Douglas G M, Maffei V J, Zaneveld J R, *et al.* PICRUSt2 for prediction of metagenome functions [J]. Nature Biotechnology, 2020, **38**(6): 685-688.
- [23] 孙峰, 田伟, 张菲, 等. 丹江口库区库滨带植被土壤细菌群落多样性及 PICRUSt 功能预测分析[J]. 环境科学, 2019, **40**(1): 421-429.
Sun F, Tian W, Zhang F, *et al.* Composition and predictive functional analysis of rhizosphere bacterial communities in riparian buffer strips in the danjiangkou reservoir, China [J]. Environmental Science, 2019, **40**(1): 421-429.
- [24] Wang S L, Abalori T A, Wang W H, *et al.* Response of soil microbial compositional and functional heterogeneity to grazing exclusion in alpine shrub and meadows in the Qinghai - Tibet Plateau[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, **13**, doi: 10.3389/fmicb.2022.1038805.
- [25] 张菲, 田伟, 孙峰, 等. 丹江口库区表层浮游细菌群落组成与 PICRUSt 功能预测分析[J]. 环境科学, 2019, **40**(3): 1252-1260.
Zhang F, Tian W, Sun F, *et al.* Community structure and predictive functional analysis of surface water bacterioplankton in the Danjiangkou reservoir [J]. Environmental Science, 2019, **40**(3): 1252-1260.
- [26] 孙华方, 李希来, 金立群, 等. 黄河源区斑块化退化高寒草甸土壤细菌群落多样性变化[J]. 环境科学, 2022, **43**(9): 4662-4673.
Sun H F, Li X L, Jin L Q, *et al.* Changes in soil bacterial community diversity in degraded patches of alpine meadow in the source area of the Yellow River [J]. Environmental Science, 2022, **43**(9): 4662-4673.
- [27] 李媛媛, 徐婷婷, 艾喆, 等. 锦鸡儿属植物功能性状与根际土壤细菌群落结构的关系[J]. 草业学报, 2022, **31**(7): 38-49.
Li Y Y, Xu T T, Ai Z, *et al.* Relationship between plant functional traits and rhizosphere bacterial community structure of two *Caragana* species [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2022, **31**(7): 38-49.
- [28] 赵鹏, 徐先英, 屈建军, 等. 民勤绿洲荒漠过渡带人工梭梭群落与水土因子的关系[J]. 生态学报, 2017, **37**(5): 1496-1505.
Zhao P, Xu X Y, Qu J J, *et al.* Relationships between artificial *Haloxylon ammodendron* communities and soil-water factors in Minqin oasis-desert ecotone [J]. Acta Ecologica Sinica, 2017, **37**(5): 1496-1505.
- [29] 王新源, 陈翔舜, 丁乾平, 等. 不同荒漠化阶段植被生态特征对土壤环境因子的响应——以民勤荒漠绿洲过渡带为例[J]. 生态学报, 2018, **38**(5): 1569-1580.
Wang X Y, Chen X S, Ding Q P, *et al.* Vegetation and soil environmental factor characteristics, and their relationship at different desertification stages: a case study in the Minqin desert-oasis ecotone [J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, **38**(5): 1569-1580.
- [30] 罗跃, 卢秉林, 周国朋, 等. 河西绿洲灌区玉米间作绿肥根茬还田的氮肥减施效应[J]. 植物营养与肥料学报, 2021, **27**(12): 2125-2135.
Luo Y, Lu B L, Zhou G P, *et al.* Effects of returning the root of green manure on reducing N application in maize within their intercropping system in Hexi oasis irrigation area [J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2021, **27**(12): 2125-2135.
- [31] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [32] 曹鹏熙, 刘怡萱, 许国琪, 等. 冰川棘豆 (*Oxytropis glacialis*) 根系土壤细菌多样性特征[J]. 生态学报, 2020, **40**(14): 4954-4965.
Cao P X, Liu Y X, Xu G Q, *et al.* Bacterial diversity in the root system soil of *Oxytropis glacialis* [J]. Acta Ecologica Sinica, 2020, **40**(14): 4954-4965.
- [33] 丁新景, 黄雅丽, 敬如岩, 等. 基于高通量测序的黄河三角洲4种人工林土壤细菌结构及多样性研究[J]. 生态学报, 2018, **38**(16): 5857-5864.
Ding X J, Huang Y L, Jing R Y, *et al.* Bacterial structure and diversity of four plantations in the Yellow River Delta by high throughput sequencing [J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, **38**(16): 5857-5864.
- [34] 刘柱, 南镇武, 林松明, 等. 黄河下游谷子花生间作农田土壤细菌群落结构与功能预测[J]. 环境科学, 2023, **44**(8): 4575-4584.
Liu Z, Nan Z W, Lin S M, *et al.* Soil bacterial community structure and function prediction of millet/peanut intercropping farmland in the Lower Yellow River [J]. Environmental Science, 2023, **44**(8): 4575-4584.
- [35] 何玉实, 何彤慧, 冯艳琼, 等. 鄂尔多斯台地盐沼滩涂湿地土壤细菌群落结构及特征[J]. 生态学报, 2022, **42**(8): 3345-3355.
He Y S, He T H, Feng Y Q, *et al.* Characteristics and distribution of soil bacterial of salt marsh tidal wetland in Ordos Platform [J]. Acta Ecologica Sinica, 2022, **42**(8): 3345-3355.
- [36] 王涛. 干旱区绿洲化、荒漠化研究的进展与趋势[J]. 中国沙漠, 2009, **29**(1): 1-9.
Wang T. Review and prospect of research on oasisification and desertification in arid regions [J]. Journal of Desert Research, 2009, **29**(1): 1-9.
- [37] Zhou H, Zhao W Z, Yang Q Y. Root biomass distribution of planted *Haloxylon ammodendron* in a duplex soil in an oasis: desert boundary area [J]. Ecological Research, 2016, **31**(5): 673-681.
- [38] 曹艳峰, 李彦, 李晨华, 等. 荒漠灌木梭梭 (*Haloxylon ammodendron*) 周围土壤微生物的空间分布[J]. 生态学报, 2016, **36**(6): 1628-1635.
Cao Y F, Li Y, Li C H, *et al.* The spatial distribution of soil microbes around a desert shrub of *Haloxylon ammodendron* [J]. Acta Ecologica Sinica, 2016, **36**(6): 1628-1635.
- [39] Song C, Li C, Halik Ü, *et al.* Spatial distribution and structural characteristics for *Haloxylon ammodendron* plantation on the southwestern edge of the Gurbantünggüt Desert [J]. Forests, 2021, **12**(5), doi: 10.3390/f12050633.
- [40] 席军强, 杨自辉, 郭树江, 等. 人工梭梭林对沙地土壤理化性质和微生物的影响[J]. 草业学报, 2015, **24**(5): 44-52.
Xi J Q, Yang Z H, Guo S J, *et al.* Effects of *Haloxylon*

- ammodendron* planting on soil physico-chemical properties and soil microorganisms in sandy dunes [J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2015, **24**(5): 44-52.
- [41] 苏永中, 刘婷娜. 流动沙地建植人工固沙梭梭林的土壤演变过程[J]. *土壤学报*, 2020, **57**(1): 84-91.
- Su Y Z, Liu T N. Soil evolution processes following establishment of artificial sandy-fixing *Haloxylon ammodendron* forest [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2020, **57**(1): 84-91.
- [42] Su Y Z, Wang X F, Yang R, *et al.* Effects of sandy desertified land rehabilitation on soil carbon sequestration and aggregation in an arid region in China [J]. *Journal of Environmental Management*, 2010, **91**(11): 2109-2116.
- [43] 魏亚娟, 汪季, 党晓宏, 等. 干旱荒漠区人工梭梭林土壤碳氮磷密度与生态化学计量特征[J]. *水土保持学报*, 2022, **36**(3): 259-266.
- Wei Y J, Wang J, Dang X H, *et al.* Soil carbon, nitrogen and phosphorus densities and ecological stoichiometry characteristics of *Haloxylon ammodendron* plantations in arid desert area [J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2022, **36**(3): 259-266.
- [44] Chung Y A, Collins S L, Rudgers J A. Connecting plant-soil feedbacks to long-term stability in a desert grassland [J]. *Ecology*, 2019, **100**(8), doi: 10.1002/ecy.2756.
- [45] Yang D H, Tang L, Cui Y, *et al.* Saline-alkali stress reduces soil bacterial community diversity and soil enzyme activities [J]. *Ecotoxicology*, 2022, **31**(9): 1356-1368.
- [46] Falkowski P G, Fenchel T, Delong E F. The microbial engines that drive earth's biogeochemical cycles [J]. *Science*, 2008, **320**(5879): 1034-1039.
- [47] 陈孟立, 曾全超, 黄懿梅, 等. 黄土丘陵区退耕还林还草对土壤细菌群落结构的影响[J]. *环境科学*, 2018, **39**(4): 1824-1832.
- Chen M L, Zeng Q C, Huang Y M, *et al.* Effects of the farmland-to-forest/grassland conversion program on the soil bacterial community in the loess hilly region [J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(4): 1824-1832.
- [48] 沈聪, 刘爽, 苏建宇, 等. 半干旱荒漠区柠条根际细菌群落结构与功能[J]. *基因组学与应用生物学*, 2021, **40**(S4): 3508-3517.
- Shen C, Liu S, Su J Y, *et al.* Rhizosphere bacterial community structure and function of *Caragana korshinskii* in semiarid desert area [J]. *Genomics and Applied Biology*, 2021, **40**(S4): 3508-3517.
- [49] Sun Y, Shi Y L, Wang H, *et al.* Diversity of bacteria and the characteristics of actinobacteria community structure in Badain Jaran Desert and Tengger Desert of China [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, **9**, doi: 10.3389/fmicb.2018.01068.
- [50] 王子寅, 刘秉儒, 李子豪, 等. 荒漠草原柠条灌丛堆不同发育阶段土壤细菌群落结构特征[J]. *生物技术通报*, 2022, **38**(7): 205-214.
- Wang Z Y, Liu B R, Li Z H, *et al.* Characteristics of soil bacterial community structure in the different developmental stages of desert grassland *Caragana korshinskii* Kom. *Nebkhas* [J]. *Biotechnology Bulletin*, 2022, **38**(7): 205-214.
- [51] Stevenson A, Hallsworth J E. Water and temperature relations of soil Actinobacteria [J]. *Environmental Microbiology Reports*, 2014, **6**(6): 744-755.
- [52] Zheng J F, Chen J H, Pan G X, *et al.* A long-term hybrid poplar plantation on cropland reduces soil organic carbon mineralization and shifts microbial community abundance and composition [J]. *Applied Soil Ecology*, 2017, **111**: 94-104.
- [53] O'Donnell A G, Seasman M, Macrae A, *et al.* Plants and fertilisers as drivers of change in microbial community structure and function in soils [J]. *Plant and Soil*, 2001, **232**(1-2): 135-145.
- [54] 罗达, 史作民, 李东胜. 枯落物处理对格木林土壤碳氮转化和微生物群落结构的短期影响[J]. *应用生态学报*, 2018, **29**(7): 2259-2268.
- Luo D, Shi Z M, Li D S. Short-term effects of litter treatment on soil C and N transformation and microbial community structure in *Erythrophleum fordii* plantation [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2018, **29**(7): 2259-2268.
- [55] Urbanová M, Šnajdr J, Baldrian P. Composition of fungal and bacterial communities in forest litter and soil is largely determined by dominant trees [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, **84**: 53-64.
- [56] Jones R T, Robeson M S, Lauber C L, *et al.* A comprehensive survey of soil acidobacterial diversity using pyrosequencing and clone library analyses [J]. *The ISME Journal*, 2009, **3**(4): 442-453.
- [57] Ye Z C, Wang J, Li J, *et al.* Ecoenzymatic stoichiometry reflects the regulation of microbial carbon and nitrogen limitation on soil nitrogen cycling potential in arid agriculture ecosystems [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2022, **22**(4): 1228-1241.
- [58] Dong R Z, Wang X L, Wang Y L, *et al.* Differences in soil microbial communities with successional stage depend on vegetation coverage and soil substrates in alpine desert shrublands [J]. *Plant and Soil*, 2023, doi: 10.1007/s11104-022-05849-9.
- [59] Bárcenas-Moreno G, Bååth E, Rousk J. Functional implications of the pH-trait distribution of the microbial community in a re-inoculation experiment across a pH gradient [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, **93**: 69-78.
- [60] Liang Y T, Xiao X, Nuccio E E, *et al.* Differentiation strategies of soil rare and abundant microbial taxa in response to changing climatic regimes [J]. *Environmental Microbiology*, 2020, **22**(4): 1327-1340.
- [61] 林惠瑛, 周嘉聪, 曾泉鑫, 等. 武夷山黄山松林土壤细菌群落特征沿海拔梯度的分布模式[J]. *生态学杂志*, 2022, **41**(8): 1482-1492.
- Lin H Y, Zhou J C, Zeng Q X, *et al.* Distribution pattern of soil bacterial community characteristics in a *Pinus taiwanensis* forest along an elevational gradient of Wuyi Mountains [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2022, **41**(8): 1482-1492.
- [62] de Scally S Z, Makhalanyane T P, Frossard A, *et al.* Antarctic microbial communities are functionally redundant, adapted and resistant to short term temperature perturbations [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, **103**: 160-170.
- [63] Pold G, DeAngelis K M. Up against the wall: the effects of climate warming on soil microbial diversity and the potential for feedbacks to the carbon cycle [J]. *Diversity*, 2013, **5**(2): 409-425.

CONTENTS

Prediction of Autumn Ozone Concentration in the Pearl River Delta Based on Machine Learning	CHEN Zhen, LIU Run, LUO Zheng, <i>et al.</i> (1)
Remote Sensing Model for Estimating Atmospheric PM _{2.5} Concentration in the Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area	DAI Yuan-yuan, GONG Shao-qi, ZHANG Cun-jie, <i>et al.</i> (8)
Variation Characteristics of PM _{2.5} Pollution and Transport in Typical Transport Channel Cities in Winter	DAI Wu-jun, ZHOU Ying, WANG Xiao-qi, <i>et al.</i> (23)
Characteristics of Secondary Inorganic Ions in PM _{2.5} and Its Influencing Factors in Summer in Zhengzhou	HE Bing, YANG Jie-ru, XU Yi-fei, <i>et al.</i> (36)
Characteristics and Source Apportionment of Carbonaceous Aerosols in the Typical Urban Areas in Chongqing During Winter	PENG Chao, LI Zhen-liang, XIANG Ying, <i>et al.</i> (48)
Analysis of Influencing Factors of Ozone Pollution Difference Between Chengdu and Chongqing in August 2022	CHEN Mu-lan, LI Zhen-liang, PENG Chao, <i>et al.</i> (61)
Analysis of O ₃ Pollution Affected by a Succession of Three Landfall Typhoons in 2020 in Eastern China	HUA Cong, YOU Yuan, WANG Qian, <i>et al.</i> (71)
Characteristics and Source Apportionment of VOCs Initial Mixing Ratio in Beijing During Summer	ZHANG Bo-tao, JING Kuan, WANG Qin, <i>et al.</i> (81)
Review of Comprehensive Evaluation System of Vehicle Pollution and Carbon Synergistic Reduction	FAN Zhao-yang, TONG Hui, LIANG Xiao-yu, <i>et al.</i> (93)
Study of Peak Carbon Emission of a City in Yangtze River Delta Based on LEAP Model	YANG Feng, ZHANG Gui-chi, SUN Ji, <i>et al.</i> (104)
Driving Forces and Mitigation Potential of CO ₂ Emissions for Ship Transportation in Guangdong Province, China	WENG Shu-juan, LIU Ying-ying, TANG Feng, <i>et al.</i> (115)
Carbon Emission Characteristics and Influencing Factors of Typical Processes in Drinking Water Treatment Plant	ZHANG Xiang-yu, HU Jian-kun, MA Kai, <i>et al.</i> (123)
Distribution Characteristics of Arsenic in Drinking Water in China and Its Health Risk Based on Disability-adjusted Life Years	DOU Dian-cheng, QI Rong, XIAO Shu-min, <i>et al.</i> (131)
Spatiotemporal Occurrence of Organophosphate Esters in the Surface Water and Sediment of Taihu Lake and Relevant Risk Assessment	ZHANG Cheng-nuo, ZHONG Qin, LUAN Bo-wen, <i>et al.</i> (140)
Exposure Level and Risk Impact Assessment of Pesticides and Veterinary Drugs in Aquaculture Environment	ZHANG Kai-wen, ZHANG Hai-yan, KONG Cong, <i>et al.</i> (151)
Variation in Phosphorus Concentration and Flux at Zhutuo Section in the Yangtze River and Source Apportionment	LOU Bao-feng, XIE Wei-min, HUANG Bo, <i>et al.</i> (159)
“Load-Unload” Effect of Manganese Oxides on Phosphorus in Surface Water of the Pearl River Estuary	LI Rui, LIANG Zuo-bing, WU Qi-rui, <i>et al.</i> (173)
Factors Influencing the Variation in Phytoplankton Functional Groups in Fuchunjiang Reservoir	ZHANG Ping, WANG Wei, ZHU Meng-yuan, <i>et al.</i> (181)
Hydrochemical Characteristics and Formation Mechanism of Groundwater in the Western Region of Hepu Basin, Beihai City	CHEN Wen, WU Ya, ZHANG Hong-xin, <i>et al.</i> (194)
Controlling Factors of Groundwater Salinization and Pollution in the Oasis Zone of the Cherchen River Basin of Xinjiang	LI Jun, OUYANG Hong-tao, ZHOU Jin-long (207)
Spatial-temporal Evolution of Ecosystem Health and Its Influencing Factors in Beijing-Tianjin-Hebei Region	LI Kui-ming, WANG Xiao-yan, YAO Luo-lan (218)
Spatial and Temporal Evolution and Impact Factors Analysis of Ecosystem Service Value in the Liaohe River Delta over the Past 30 Years	WANG Geng, ZHANG Fu-rong (228)
Effects of Photovoltaic Power Station Construction on Terrestrial Environment: Retrospect and Prospect	TIAN Zheng-qing, ZHANG Yong, LIU Xiang, <i>et al.</i> (239)
Spatiotemporal Evolution and Quantitative Attribution Analysis of Vegetation NDVI in Greater Khingan Mountains Forest-Steppe Ecotone	SHI Song, LI Wen, QU Chen, <i>et al.</i> (248)
Spatio-temporal Variation in Net Primary Productivity of Different Vegetation Types and Its Influencing Factors Exploration in Southwest China	XU Yong, ZHENG Zhi-wei, MENG Yu-chi, <i>et al.</i> (262)
Impacts of Extreme Climate Events at Different Altitudinal Gradients on Vegetation NPP in Songhua River Basin	CUI Song, JIA Zhao-yang, GUO Liang, <i>et al.</i> (275)
Spatial and Temporal Evolution and Prediction of Carbon Storage in Kunming City Based on InVEST and CA-Markov Model	Paruke Wusimanjiang, AI Dong, FANG Yi-shu, <i>et al.</i> (287)
Spatial-Temporal Evolution and Prediction of Carbon Storage in Jiuquan City Ecosystem Based on PLUS-InVEST Model	SHI Jing, SHI Pei-ji, WANG Zi-yang, <i>et al.</i> (300)
Soil Carbon Pool Allocation Dynamics During Soil Development in the Lower Yangtze River Alluvial Plain	HU Dan-yang, ZHANG Huan, SU Bao-wei, <i>et al.</i> (314)
Spatial Distribution Patterns of Soil Organic Carbon in Karst Forests of the Lijiang River Basin and Its Driving Factors	SHEN Kai-hui, WEI Shi-guang, LI Lin, <i>et al.</i> (323)
Effect of Land Use on the Stability of Soil Organic Carbon in a Karst Region	CHEN Jian-qi, JIA Ya-nan, HE Qiu-fang, <i>et al.</i> (335)
Spatial Distribution Characteristics of Soil Carbon and Nitrogen in Citrus Orchards on the Slope of Purple Soil Hilly Area	LI Zi-yang, CHEN Lu, ZHAO Peng, <i>et al.</i> (343)
Effects of Experimental Nitrogen Deposition and Litter Manipulation on Soil Organic Components and Enzyme Activity of Latosol in Tropical Rubber Plantations	XUE Xin-xin, REN Chang-qi, LUO Xue-hua, <i>et al.</i> (354)
Analysis on Driving Factors, Reduction Potential, and Environmental Effect of Inorganic Fertilizer Input in Chongqing	LIANG Tao, ZHAO Jing-kun, LI Hong-mei, <i>et al.</i> (364)
Research Progress on Distribution, Transportation, and Control of Per- and Polyfluoroalkyl Substances in Chinese Soils	LIU Hao-ran, XING Jing-yi, REN Wen-jie (376)
Prediction of Spatial Distribution of Heavy Metals in Cultivated Soil Based on Multi-source Auxiliary Variables and Random Forest Model	XIE Xue-feng, GUO Wei-wei, PU Li-jie, <i>et al.</i> (386)
Health Risk Assessment and Priority Control Factors Analysis of Heavy Metals in Agricultural Soils Based on Source-oriented	MA Jie, GE Miao, WANG Sheng-lan, <i>et al.</i> (396)
Contamination Characteristics and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in an Abandoned Pyrite Mining Area of Tongling City, China	LI Ru-zhong, LIU Yu-hao, HUANG Yan-huan, <i>et al.</i> (407)
Source Appointment and Assessment of Heavy Metal Pollution in Surface Dust in the Main District Bus Stops of Tianshui City	LI Chun-yan, WANG Xin-min, WANG Hai, <i>et al.</i> (417)
Response of Cadmium in Soil-rice to Different Conditioners Based on Field Trials	TANG Le-bin, LIU Xin-cai, SONG Bo, <i>et al.</i> (429)
Regulation Effects of Humus Active Components on Soil Cadmium Availability and Critical Threshold for Rice Safety	HU Xiu-zhi, SONG Yi, WANG Tian-yu, <i>et al.</i> (439)
Using Biochar and Iron-calcium Material to Remediate Paddy Soil Contaminated by Cadmium and Arsenic	WU Qiu-chan, WU Ji-zi, ZHAO Ke-li, <i>et al.</i> (450)
Research Progress on Characteristics of Human Microplastic Pollution and Health Risks	MA Min-dong, ZHAO Yang-chen, ZHU Long, <i>et al.</i> (459)
Effects of Polystyrene Microplastics Combined with Cadmium Contamination on Soil Physicochemical Properties and Physiological Ecology of <i>Lactuca sativa</i>	NIU Jia-rui, ZOU Yong-jun, JIAN Min-fei, <i>et al.</i> (470)
Transcriptome Analysis of Plant Growth-promoting Bacteria Alleviating Microplastic and Heavy Metal Combined Pollution Stress in Sorghum	LIU Yong-qi, ZHAO Si-yu, REN Xue-min, <i>et al.</i> (480)
Effects of Microplastics on the Leaching of Nutrients and Cadmium from Soil	ZHAO Qun-fang, CHU Long-wei, DING Yuan-hong, <i>et al.</i> (489)
Effect of Microplastics and Phenanthrene on Soil Chemical Properties, Enzymatic Activities, and Microbial Communities	LIU Sha-sha, QIN Jian-qiao, WU Xian-ge (496)
Prediction of Soil Bacterial Community Structure and Function in Minqin Desert-oasis Ecotone Artificial <i>Haloxylon ammodendron</i> Forest	WANG An-lin, MA Rui, MA Yan-jun, <i>et al.</i> (508)
Response of Soil Fungal Community to Biochar Application Under Different Irrigation Water Salinity	ZHENG Zhi-yu, GUO Xiao-wen, MIN Wei (520)
Effects of Organic Fertilizer of Kitchen Waste on Soil Microbial Activity and Function	LIU Mei-ling, WANG Yi-min, JIN Wen-hao, <i>et al.</i> (530)
Response Characteristics of Soil Fungal Community Structure to Long-term Continuous Cropping of Pepper	CHEN Fen, YU Gao, WANG Xie-feng, <i>et al.</i> (543)
Effects of Foliar Application of Silicon Fertilizers on Phyllosphere Bacterial Community and Functional Genes of Paddy Irrigated with Reclaimed Water	LIANG Sheng-xian, LIU Chun-cheng, HU Chao, <i>et al.</i> (555)
Analysis of Bacterial Communities and Antibiotic Resistance Genes in the Aquaculture Area of Changli County	WANG Qiu-shui, CHENG Bo, LIU Yue, <i>et al.</i> (567)
High-throughput qPCR and Amplicon Sequencing as Complementary Methods for Profiling Antibiotic Resistance Genes in Urban Wetland Parks	HUANG Fu-yi, ZHOU Shu-yi-dan, PAN Ting, <i>et al.</i> (576)
Characteristics of Vertical Distribution and Environmental Factors of Antibiotics in Quaternary Sedimentary Column in Urban Areas	LIU Ke, TONG Lei, GAN Cui, <i>et al.</i> (584)
Adsorption Performance and Mechanism of Oxytetracycline in Water by KOH Modified Biochar Derived from Corn Straw	LIU Zong-tang, SUN Yu-feng, FEI Zheng-hao, <i>et al.</i> (594)
Comparison of Pb ²⁺ Adsorption Properties of Biochars Modified Through CO ₂ Atmosphere Pyrolysis and Nitric Acid	JIANG Hao, CHEN Rui-zhi, ZHU Zi-yang, <i>et al.</i> (606)