

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

南京北郊大气降水中水溶性无机氮和有机氮沉降特征

张佳颖, 于兴娜, 张毓秀, 丁铖, 侯思宇



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年7月

第43卷 第7期

Vol.43 No.7

目次

两种模式下中国未来发电行业发展情景及其环境效益分析 刘春景, 吕建斌, 赵汶畅, 徐卿, 金玉佳(3375)

基于 LEAP 模型的兰州市道路交通温室气体与污染物协同减排情景模拟 庞可, 张芊, 马彩云, 祝禄祺, 陈恒葵, 孔祥如, 潘峰, 杨宏(3386)

基于半级别的城市空气质量预报评估方法探讨 王晓彦, 朱莉莉, 许荣, 高愈霄, 朱媛媛, 汪巍, 刘冰(3396)

厦门港大气 PM_{2.5} 中重金属污染特征及健康风险评价 肖思晗, 蔡美君, 李香, 黄屋, 王坚, 朱清墩, 吴水平(3404)

南京北郊大气降水中水溶性无机氮和有机氮沉降特征 张佳颖, 于兴娜, 张毓秀, 丁敏, 侯思宇(3416)

晋中盆地主要城市冬季 PM_{2.5} 传输特征分析 王小兰, 王雁, 闫世明, 岳江, 郭伟, 郝振荣(3423)

鄂尔多斯市夏秋季黑碳气溶胶时间演变特征及其来源解析 孔祥晨, 张连霞, 张彩云, 王红磊, 许晶, 郑佳锋(3439)

济源冬季 VOCs 污染特征、来源和 SOAP 王芳, 李利霞, 王红果, 赵宗生, 张建平, 张栋(3451)

长株潭城区 8 月 VOCs 污染特征及来源分析 罗达通, 张青梅, 刘湛, 尤翔宇, 黄杰, 宋云飞, 张敬巧(3463)

2019 年 7 月石家庄市 O₃ 生成敏感性 & 控制策略解析 朱家贤, 王晓琦, 欧盛菊, 张新宇(3473)

华北平原 AOD 时空演化与影响因素 郭霖, 孟飞, 马明亮(3483)

基于地基太阳光度计观测的长安区气溶胶光学特性变化及其与颗粒物浓度的关系 郑玉蓉, 王旭红, 崔思颖, 冯子豪, 张秀, 刘康(3494)

基于长时序“地-星”数据的京津冀大气污染时空分布及演变特征 王耀庭, 殷振平, 郑祚芳, 李炬, 李青春, 孟春雷, 李威(3508)

近十年洪泽湖富营养化状态变化趋势及原因分析 陈天宇, 刘常清, 史小丽, 李云, 范子武, 贾本有, 廖轶鹏(3523)

高原湖泊周边浅层地下水: 磷素时空分布及驱动因素 杨恒, 李桂芳, 叶远行, 陈清飞, 崔荣阳, 张丹, 陈安强(3532)

三峡水库不同支流库湾蓄水区溶解氧分层特性及差异性 纪道斌, 方娇, 龙良红, 杨正健, 赵星星, 杨霞, 郭亚丽(3543)

典型喀斯特城市湖库溶解性有机质成分特征及来源解析 倪茂飞, 周慧, 马永梅, 苏印, 王晓丹, 王志康(3552)

骆马湖表层水和沉积物中全氟化合物赋存特征、来源及健康风险评估 黄家浩, 吴玮, 黄天寅, 陈书琴, 项颂, 庞燕(3562)

千岛湖浮游植物群落结构的垂向分布特征及其影响因素 王吉毅, 霍翟, 国超旋, 朱广伟, 龚志军, 范亚文, 王建军(3575)

泗河水系沉积物磷的存在形态及其空间分布特征 张子涵, 张鑫茹, 贾传兴, 甘延东, 王世亮(3587)

降雨径流过程中土地利用优化配置对磷流失的影响 周豪, 陈方鑫, 罗义峰, 龙翼, 周继, 王小燕, 李丹丹, 陈晓燕(3597)

典型生物滞留设施重金属累积分布特征与风险评价 储杨阳, 杨龙, 周媛, 王喜龙, 王嗣禹, 张敏(3608)

筑坝蓄水对不同水深浮游微生物群落结构和种间互作模式的影响 王洵, 张佳佳, 袁秋生, 胡斌, 刘胜(3623)

天津独流减河流域不同等级河流沉积物细菌区系及功能辨识 刘嘉元, 丰玥, 杨雪纯, 张彦, 李德生, 刘福德(3635)

地表水悬浮态多环芳烃时空变化特征及主要输入源响应机制 彭珂醒, 李瑞飞, 周亦辰, 卓泽铭, 张晋, 李梅, 李雪(3645)

北京市通州区河流中微塑料组成的空间分布及潜在来源解析 门聪, 李颀, 左剑恶, 邢薇, 刘梦瑶, 魏凡钦, 胡嘉敏, 谢珍雯, 邢鑫, 沈杨贵(3656)

微塑料对鲫鱼生长、肝脏损伤和肠道微生物组成的影响 胡嘉敏, 左剑恶, 李金波, 张艳艳, 艾翔, 龚大惠, 张继文, 孙丁明(3664)

不同类型脱水药剂对底泥固化效果和理化性质的影响 任俊, 殷鹏, 王威振, 唐婉莹, 尹洪斌, 朱丽娟(3672)

微纳米粒径生物炭的结构特征及其对 Cd²⁺ 吸附机制 马文艳, 裴刚刚, 高歌, 孙约兵(3682)

不同生物炭对磷的吸附特征及其影响因素 连神海, 张树楠, 刘锋, 邢宏霖, 吴金水(3692)

Mg-La-Fe/沸石复合材料的制备及其处理低浓度含磷废水的性能 印学杰, 宋小宝, 丁陈蔓, 冯彦房, 杨祺, 何世颖, 薛利红(3699)

一体式部分亚硝化-厌氧氨氧化工艺污泥膨胀发生和恢复过程中微生物群落演替及 PICRUS2 功能预测分析 李亚男, 闫冰, 郑蕊, 姚丽, 隋倩雯, 魏源送(3708)

丝状菌膨胀污泥好氧颗粒化稳定性及微生物多样性 高春娣, 杨箫阳, 欧家丽, 韩颖璐, 程丽阳, 彭永臻(3718)

2000~2020 年长江流域植被 NDVI 动态变化及影响因素探测 徐勇, 郑志威, 郭振东, 窦世卿, 黄雯婷(3730)

近 40 年来福建省水稻土有效磷富集效应及潜在生态风险评估 陈中星, 邱龙霞, 陈瀚闾, 范协裕, 毋亭, 沈金泉, 邢世和, 张黎明(3741)

土地利用变化对西南喀斯特土壤团聚体组成、稳定性以及 C、N、P 化学计量特征的影响 何宇, 盛茂银, 王轲, 王霖娇(3752)

长江经济带矿山土壤重金属污染及健康风险评价 张浙, 卢然, 伍思扬, 贾智彬, 王宁(3763)

煤矸石堆积区周边土壤重金属污染特征与植物毒性 尚誉, 桑楠(3773)

燃煤工业区不同土地利用类型土壤汞含量污染评价 李强, 姚万程, 赵龙, 张朝, 张恩月, 苏迎庆, 刘庚(3781)

广州市南沙区第四区剖面镉富集特征及生物有效性 王芳婷, 包科, 黄长生, 赵信文, 顾涛, 曾敏(3789)

黔西北山区耕地重金属健康风险评价及环境基准 徐梦琪, 杨文毅, 杨利玉, 陈勇林, 景灏楠, 吴攀(3799)

土壤重金属生物可利用性影响因素及模型预测 张加文, 田彪, 罗晶晶, 吴凡, 张聪, 刘征涛, 王晓南(3811)

添加有机物料对豫中烟田土壤呼吸的影响 鲁琪飞, 叶协锋, 韩金, 潘昊东, 张明杰, 王晶, 杨佳豪, 姚鹏伟, 李雪利(3825)

不同稻作系统土壤的 CH₄ 产生潜力与产生途径 沈皖豫, 黄琼, 马静, 张广斌, 徐华(3835)

东部平原矿区复垦土壤微生物群落特征及其组装过程 马静, 董文雪, 朱燕峰, 肖栋, 陈浮(3844)

同质环境下不同锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落结构差异及其影响因素 李媛媛, 徐婷婷, 艾喆, 魏庐璐, 马飞(3854)

岩溶与非岩溶区水稻土团聚体细菌群落结构和功能类群比较 肖筱怡, 靳振江, 冷蒙, 李雪松, 熊丽媛(3865)

紫色土中微生物群落结构及功能特征对土壤 pH 的差异化响应 王智慧, 蒋先军(3876)

有机物料还田对稻田土壤 DOM 碳源代谢能力的影响 肖怡, 李峥, 黄容, 汤奥涵, 李冰, 王昌全(3884)

《环境科学》征订启事(3403) 《环境科学》征稿简则(3462) 信息(3493, 3655, 3834)

同质环境下不同锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落结构差异及其影响因素

李媛媛^{1,2,3}, 徐婷婷⁴, 艾喆³, 魏庐潞¹, 马飞^{1,2*}

(1. 宁夏大学生态环境学院, 银川 750021; 2. 宁夏大学西北土地退化与生态恢复国家重点实验室培育基地, 银川 750021; 3. 宁夏大学地理科学与规划学院, 银川 750021; 4. 宁夏大学生命科学学院, 银川 750021)

摘要: 采用高通量测序技术分析同质环境下小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿根际土壤细菌多样性及群落结构, 以期探讨驱动锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落结构构建的关键因子。结果表明, 土壤样品中共检测到细菌 42 门 55 纲 123 目 244 科 558 属, 优势菌门为变形菌门(Proteobacteria)、蓝藻门(Cyanobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、厚壁菌门(Firmicutes)和酸杆菌门(Acidobacteria)(相对丰度 > 1%), 优势属为苯基杆菌属(*Phenylobacterium*)、剑菌属(*Ensifer*)和鞘氨醇菌属(*Chitinophaga*)。双因素方差分析表明, 物种间差异显著影响土壤细菌香农指数和辛普森指数($P < 0.05$), 种源和物种交互作用对土壤细菌的物种数、Chao1 指数、香农指数和辛普森指数均影响显著($P < 0.05$)。主坐标分析表明, 3 种锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落结构差异显著($P < 0.05$), 且聚类分析显示来自不同种源地的中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿根际土壤细菌群落结构组成不同。通过冗余分析发现, 种源地的降水量和海拔是影响 3 种锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落结构变化的关键因子。综上所述, 3 种锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落多样性在种间与种内存在显著差异, 且种源地气候因子是影响土壤细菌群落结构变化的关键因子, 研究结果可为深入理解不同锦鸡儿属植物的环境适应策略和生态修复提供理论依据。

关键词: 锦鸡儿; 同质环境; 土壤细菌; 群落结构; 种源地气候

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)07-3854-11 DOI: 10.13227/j.hjkk.202109132

Differences in Bacterial Community Structure in Rhizosphere Soil of Three *Caragana* Species and Its Driving Factors in a Common Garden Experiment

LI Yuan-yuan^{1,2,3}, XU Ting-ting⁴, AI Zhe³, WEI Lu-lu¹, MA Fei^{1,2*}

(1. School of Ecology and Environment, Ningxia University, Yinchuan 750021, China; 2. Breeding Base for State Key Laboratory of Land Degradation and Ecological Restoration in Northwest China, Ningxia University, Yinchuan 750021, China; 3. School of Geography and Planning, Ningxia University, Yinchuan 750021, China; 4. School of Life Science, Ningxia University, Yinchuan 750021, China)

Abstract: The soil bacterial diversity and community structures in rhizosphere soil of *Caragana microphylla*, *Caragana liouana*, and *Caragana roborovskyi* in a common garden experiment were measured using the high-throughput sequencing technique, with the aim of investigating the factors driving the variation in the bacterial community structure. The results indicated that 42 phyla, 55 classes, 123 orders, 244 families, and 558 genera were obtained from the rhizosphere soil. The dominant phyla in all sample sites were Proteobacteria, Cyanobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes, and Acidobacteria (relative abundance > 1%). At the genus level, *Phenylobacterium*, *Ensifer*, and *Chitinophaga* were dominant. Two-way analysis of variance showed that species had a significant effect on the Shannon index and Simpson index of rhizosphere soil bacteria of the three *Caragana* species, whereas the Chao1 index, Shannon index, and Simpson index were significantly affected by the interaction of provenances and species. There was a significant difference among the three species in the composition of bacterial communities, and the cluster analysis indicated that the composition of the soil bacterial community significantly differed among provenances in *C. liouana* and *C. roborovskyi*. Based on the redundancy analysis, mean annual precipitation and altitude were the dominant factors influencing the rhizosphere soil bacterial community structure. Overall, the present results indicated that there were intraspecific and interspecific differences in the diversity and community structures of rhizosphere soil bacteria, and the bacterial community structure was mainly affected by the provenance climate. These results provide a theoretical basis for understanding the adaptation strategies and ecological restoration of the three *Caragana* species.

Key words: *Caragana*; common garden; soil bacteria; community diversity; provenance climate

地理分布广泛的植物, 由于长期生长在异质环境条件下, 其形态和生理特征为了适应当地的环境会发生变异, 形成特定的地理种源^[1]。有研究表明, 植物性状的变异受遗传和环境共同作用, 同质园试验将不同地理种群移栽至同质环境下, 剔除环境因素的影响, 已成为检验遗传因素对植物性状变异的重要手段^[2]。Ayre 等^[3]的研究发现, 将不同种源植物移栽到相同环境下, 叶功能性状受到种源地环境影响存在差异。安海龙等^[4]研究不同种源黄柳

(*Salix gordejewii*) 叶功能性状指出, 种源地气候是影响植物叶功能性状变异的关键因子。王楚楚等^[5]的研究指出, 引种期同质园翅荚木(*Zenia insignis*) 叶功能性状受种源地温度和湿度的影响。以上研究结果表明遗传因素会对不同种源植物性状的适应机制

收稿日期: 2021-09-14; 修订日期: 2021-12-01

基金项目: 国家自然科学基金项目(31860142, 31760056)

作者简介: 李媛媛(1996~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤微生物与植被恢复, E-mail: 1873952369@qq.com

* 通信作者, E-mail: mafci05@163.com

及策略产生影响,然而,关于影响植物土壤微生物群落结构变化因子的研究却鲜见报道。

土壤微生物是土壤生态系统中最具有生命活力的组成部分,参与碳、氮循环及有机质分解和养分转化等过程,在维持土壤生态功能中发挥着重要作用^[6]。根际微生物是连接植物和土壤的纽带,对植物的生长、资源分配和化学组成至关重要。现已发现,根际土壤微生物群落多样性受地理距离、气候条件、土壤属性和植物功能性状的影响^[7-10]。如 Wang 等^[8]研究干旱和半干旱生态系统时发现,年降水量在维护土壤微生物网络结构和拓扑方面发挥着重要作用,丁新景等^[9]的研究指出土壤碱解氮、有效磷和速效钾含量是影响根际土壤细菌群落多样性的主要因子, Delgado-Baquerizo 等^[10]的研究发现在区域大尺度上,植被属性与土壤微生物群落多样性密切相关。土壤细菌群落多样性对环境变化十分敏感,同质园能够最大程度地降低气候和立地条件差异的影响,在局部适应性研究中发挥着重要作用^[11],但目前关于同质园的研究多集中在植物叶性状差异及其影响机制,对不同种源植物根际土壤细菌群落多样性及其与环境因子的相关性研究较缺乏。

锦鸡儿属(*Caragana*)隶属豆科,多生长在沙质土壤、固定和半固定沙地或黄土丘坡上,主要分布在我国东北、华北及西北等草原和干旱荒漠区。植物根系发达,有根瘤,具有固氮、耐旱的特性,对荒漠地区植被恢复具有重要意义。目前关于锦鸡儿属植物的研究主要集中在形态结构生理生态、抗旱相关基因和遗传多样性的研究^[12-14]。有关土壤微生物的报道中,Na 等^[7]研究了不同环境梯度下锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落多样性,发现土壤 pH 是驱

动土壤细菌多样性的重要因子,且不同生境下鬼箭锦鸡儿(*Caragana jubata*)和荒漠锦鸡儿(*Caragana roborovskiyi*)根际土壤细菌群落组成存在差异^[15],但是对于该属植物不同种源在同质园环境下,植物根际土壤细菌群落多样性及其影响因素还缺乏研究。因此,本研究以小叶锦鸡儿(*Caragana microphylla*)、中间锦鸡儿(*Caragana liouana*)和荒漠锦鸡儿为研究对象,通过同质园种植试验,以期解决以下 2 个问题:①同质环境下锦鸡儿属植物根际土壤细菌多样性和群落结构是否存在种内与种间差异?②同质环境下锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落结构构建的主导因素是什么?本研究结果将有助于理解锦鸡儿属植物对不同环境响应和适应机制,并为相关部门选择适宜的锦鸡儿属植物引种栽培及开展优良种源的培育提供理论指导与决策参考。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

研究区位于宁夏银川植物园(38°25'12"N, 106°10'12"E),该区域位于半荒漠地区,气候类型属于中温带半干旱大陆性气候,海拔1 130 m,年降水量为 180~220 mm,年均温 8.7℃,无霜期为 165~170 d,日照充足,昼夜温差大。

本试验材料为同质园 1.5 年生小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿,种子分别采自 9 个不同地理和气候特征的种源地(表 1)。3 种锦鸡儿不同种源地种子于 2018 年 12 月在培养间内育苗(室温 25℃),土壤为沙土和珍珠岩 1:1 混合土。于 2019 年 4 月移栽至同质园试验地,样地为 1 m×1 m 的小区,每个小区栽种 9 株,每个种源地幼苗栽种 3 个小区作为重复,株行距为 0.3 m×0.3 m。

表 1 小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿不同种源地理和气候因子信息

Table 1 Geographical and climatic information of different sampling sites collecting seeds of *C. microphylla*, *C. liouana*, and *C. roborovskiyi*

种源	代码	样点编号 ¹⁾	经度(E)/(°)	纬度(N)/(°)	海拔/m	年均温/℃	年降水量/mm
内蒙翁牛特旗	WQ	CM1	119.15	42.98	626	6.23	326.76
内蒙科左中旗	KQ	CM2	121.88	44.03	1 178	6.68	331.43
内蒙化德县	DH	CM3	114.33	42.07	1 419	2.51	325.42
内蒙伊金霍洛旗	YQ	CL1	110.28	39.33	1 285	7.34	382.46
陕西神木县	SM	CL2	110.15	39.21	1 257	7.19	379.92
鄂托克前旗	EQ	CL3	107.67	38.85	1 344	7.42	225.23
甘肃民乐县	ML	CR1	100.69	38.48	2 295	1.71	190.10
甘肃永登县	YD	CR2	103.15	36.88	2 314	5.38	303.75
甘肃张掖市	ZY	CR3	101.36	38.58	2 032	3.92	158.89

1) CM: 小叶锦鸡儿, *C. microphylla*, CL: 中间锦鸡儿, *C. liouana*, CR: 荒漠锦鸡儿, *C. roborovskiyi*, 下同

1.2 土壤样本采集与分析

于 2020 年 8 月,在同质园内采集小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿根际土壤样本共计 27 个。

在每个小区,选择 3 株植株,挖取植株根,用无菌剪刀快速剪下直径小于 2 mm 的根,抖去浮土,转至 5 mL 无菌离心管中,每个小区内所取得的根混合成 1

个样本,置于液氮、备用^[5].向盛有新鲜3种锦鸡儿根样的离心管内加入2.5 mL 无菌0.9% NaCl 溶液,4℃下,12 000 g 离心10 min,弃去上清液,收集离心管底部根际土壤,此步重复3次^[7].同时,在采集根样的植株附近10 cm处,利用土钻采集表层(0~20 cm)土壤样品,并将每个小区内所取得的3份土壤样品均匀混合成1个样本,即每个采样点3个重复,共计27个土样,土样风干后过筛,用于测定土壤理化性质.

土壤理化性质测定参照文献^[16]的方法,测定指标包括土壤pH、电导率(EC)、土壤有机碳(SOC)、全氮(TN)和全磷(TP).

1.3 种源地地理和气候因子获取

采集种子过程中利用便携式GPS仪(eTrex Venture, Garmin, 美国)记录各采样点的经度、纬度和海拔,并根据经纬度信息在IWMI(International Water Management Institute)在线气候服务平台(<http://wcatlas.iwmi.org/Default.asp>)获取各采样点年均温和年降水量,具体种源地地理和气候信息见表1.

1.4 土壤细菌DNA提取、PCR扩增和测序

采用CTAB改进方法对土壤样本基因组DNA进行提取,DNA浓度和纯度的检测使用琼脂糖凝胶,取适量的样品于离心管中,使用无菌水稀释样本至 $1\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$.以稀释后的基因组DNA为模板,扩增细菌16S rDNA V4区段,引物为515F(5'-GTGCCA GCMGCCGCGTAA-3')和806R(5'-GGACTACHV GGGTWTCTAAT-3').利用Phusion® High-Fidelity PCR Master Mix with GC Buffer(New England Biolabs公司)和高效高保真酶进行PCR,PCR扩增反应体系和条件参照文献^[17],PCR产物使用2%浓度的琼脂糖凝胶进行电泳检测.由北京诺禾致源科技股份有限公司进行后续样品建库和上机测序.

1.5 数据分析

所测得原始序列截去Barcode序列和引物序列

后,经FLASH拼接获得原始Tags数据.使用QIIME(v.1.9.1)软件对原始序列进行质量过滤,得到高质量数据,并将Tag序列与物种注释数据库进行比对检测嵌合体序列,去除嵌合体序列,得到最终有效数据.利用UPARSE(v.7.0.1001)软件对序列数据在97%的相似度水平进行聚类,采用Mothur方法和比对SILVA13.2(<http://www.arb-silva.de/>)的SSU rRNA数据库进行物种注释分析.使用QIIME(v.1.9.1)计算基本分类单元数、物种数、Chao1指数、Shannon指数和Simpson指数.利用SPSS 22.0进行单因素方差和双因素方差分析细菌多样性指数及土壤细菌优势菌群相对丰度差异;采用Pearson相关系数对多样性指数与生态因子进行相关性分析.运用R(v.3.4.3)软件绘制土壤细菌群落OTUs的韦恩图和花瓣图、土壤细菌优势门相对丰度图和属水平土壤细菌群落结构热图;利用Vegan包进行土壤细菌群落结构的主坐标分析(principal coordinate analysis, PCoA);采用相似性分析(analysis of similarities, ANOSIM)表征3种锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落结构的差异性;使用UPGMA法对同种锦鸡儿不同种源优势细菌门进行聚类分析.利用Canoco5.0进行冗余分析(redundancy analysis, RDA)和蒙特卡罗检验分析环境因子对土壤细菌群落结构的影响.

2 结果与分析

2.1 样地土壤理化指标分析

由表2可知,小叶锦鸡儿土壤pH变化范围为9.12~9.19,电导率为 $101.62\sim 128.93\ \mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$, $\omega(\text{SOC})$ 为 $4.94\sim 6.24\ \text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, $\omega(\text{TN})$ 为 $0.41\sim 0.54\ \text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 $\omega(\text{TP})$ 为 $0.34\sim 0.37\ \text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$.中间锦鸡儿土壤pH变化范围为9.15~9.20,电导率为 $91.70\sim 102.03\ \mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$, $\omega(\text{SOC})$ 为 $4.61\sim 6.21\ \text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, $\omega(\text{TN})$ 为 $0.36\sim 0.49\ \text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 $\omega(\text{TP})$ 为 $0.34\sim 0.38\ \text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$.荒漠锦鸡儿土壤pH变化范围

表2 同质环境下小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿土壤理化性质¹⁾

Table 2 Soil physicochemical properties of *C. microphylla*, *C. liouana*, and *C. roborovskiyi* in a common garden

样点编号	pH	EC/ $\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$	$\omega(\text{SOC})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{TN})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{TP})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$
CM1	9.12±0.00	128.93±5.26	6.24±0.33	0.54±0.03	0.37±0.00
CM2	9.19±0.00	113.93±6.21	4.94±0.75	0.41±0.04	0.34±0.01
CM3	9.19±0.01	101.62±3.64	5.25±0.28	0.41±0.02	0.35±0.00
CL1	9.20±0.01	91.80±6.65	4.73±0.17	0.37±0.02	0.34±0.00
CL2	9.15±0.04	91.70±1.76	4.61±0.95	0.36±0.07	0.35±0.03
CL3	9.18±0.13	102.03±7.07	6.21±0.48	0.49±0.02	0.38±0.01
CR1	9.09±0.72	138.92±20.28	6.23±0.30	0.48±0.02	0.38±0.02
CR2	9.10±0.24	120.75±2.58	5.62±0.24	0.35±0.10	0.37±0.01
CR3	9.15±0.51	111.25±7.05	4.29±0.55	0.40±0.04	0.37±0.04

1)数据为平均值±标准误差

为 9.09 ~ 9.15, 电导率为 111.25 ~ 138.92 $\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$, $\omega(\text{SOC})$ 为 4.29 ~ 6.23 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, $\omega(\text{TN})$ 为 0.35 ~ 0.48 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 $\omega(\text{TP})$ 为 0.37 ~ 0.38 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$. 中间锦鸡儿土壤电导率显著低于小叶锦鸡儿和荒漠锦鸡儿, 其他土壤理化性质均无显著性差异.

2.2 不同锦鸡儿属植物土壤细菌 DNA 测序分析

通过 Illumina HiSeq 高通量测序, 共得到有效序列 2 385 742 条, 质控过滤和去除嵌合体后得到 1 791 237 条优质序列, 序列平均长度 411 bp 左右. 全部样品测得的总 OTU 数目为 5 204 个, 其中, 3 种锦鸡儿共有的 OTU 数目为 3 134 个, 约占总数的 60.2%. 3 种锦鸡儿根际土壤中特异 OTU 分布数目为: 荒漠锦鸡儿 > 小叶锦鸡儿 > 中间锦鸡儿, 即荒漠锦鸡儿根际土壤中独有的 OTU 数目最多, 为 766 个, 中间锦鸡儿最少, 为 545 个, 分别占全部 OTU 数

目的 14.7% 和 10.5% [图 1(a)].

花瓣图显示了同种锦鸡儿属植物不同种源地特异和共有 OTU 数目的差异. 由图 1(b) 可知, 3 种锦鸡儿不同种源根际土壤细菌群落共有的 OTU 数目为 1 295 个. 小叶锦鸡儿不同种源地中特异 OTU 数量为: $\text{CM2} > \text{CM3} > \text{CM1}$, 中间锦鸡儿不同种源地中特有 OTU 数量为: $\text{CL3} > \text{CL2} > \text{CL1}$, 荒漠锦鸡儿不同种源地中特有 OTU 数量为: $\text{CR3} > \text{CR2} > \text{CR1}$.

2.3 不同锦鸡儿属植物土壤细菌群落多样性

由表 3 可知, 物种间差异显著影响根际土壤细菌香农指数和辛普森指数, 且种源和物种的交互作用对根际土壤细菌多样性具有显著性影响, 表明不同锦鸡儿属植物根际土壤细菌多样性存在显著差异. 此外, 在同种锦鸡儿属植物不同种源地发现, 中间锦鸡儿种源地 CL3 土壤细菌多样性显著高于种源地 CL1 和种源地 CL2.

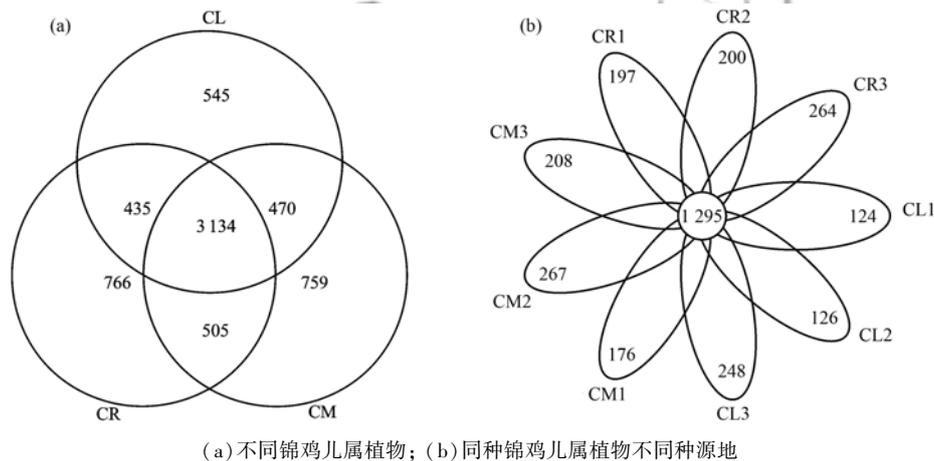


图 1 小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿根际土壤细菌 OTU 比较

Fig. 1 Comparison of bacteria OTU in rhizosphere soil of *C. microphylla*, *C. liouana*, and *C. roborovskyi*

表 3 小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿根际土壤细菌多样性指数¹⁾

Table 3 Soil bacterial diversity indexes in rhizosphere of *C. microphylla*, *C. liouana*, and *C. roborovskyi*

样点编号	物种数	Chao1 指数	香农指数	辛普森指数
CM1	1 947.67 ± 90.93	2 234.60 ± 109.66	6.56 ± 0.35	0.91 ± 0.02
CM2	2 154.33 ± 11.46	2 426.93 ± 14.48	7.23 ± 0.10	0.95 ± 0.00
CM3	1 915.67 ± 232.27	2 195.36 ± 239.37	6.50 ± 0.62	0.92 ± 0.03
CL1	1 709.00 ± 74.90b	1 981.17 ± 68.29b	5.68 ± 0.18b	0.83 ± 0.02b
CL2	1 784.67 ± 48.91b	2 080.79 ± 48.75b	5.70 ± 0.23b	0.83 ± 0.02b
CL3	2 193.67 ± 19.22a	2 498.39 ± 16.42a	7.05 ± 0.16a	0.94 ± 0.00a
CR1	1 970.00 ± 109.92	2 293.75 ± 110.95	6.20 ± 0.26	0.88 ± 0.02
CR2	1 899.00 ± 65.58	2 181.33 ± 67.65	6.12 ± 0.17	0.87 ± 0.01
CR3	1 986.67 ± 105.62	2 254.14 ± 86.77	6.04 ± 0.38	0.88 ± 0.04
种源	1.69	1.44	1.14	2.38
物种	0.83	0.66	4.19*	7.15**
种源 × 物种	3.14*	3.45*	3.55*	3.46*

1) 数据为平均值 ± 标准误差; 同列不同小写字母表示同种锦鸡儿属植物不同种源间差异显著 ($P < 0.05$); * 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$

基于 UniFrace 距离算法, 采用 PCoA 分析小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿根际土壤细菌群落结构差异. 如图 2 所示, 在 OTU 水平上, PC1 轴和

PC2 轴对结果的解释度分别为 56.23% 和 17.15%, 结合 ANOSIM 组间差异检验 ($R = 0.269$, $P = 0.001$), 表明 3 种锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落

结构组成差异显著. 其中, 小叶锦鸡儿与荒漠锦鸡儿存在极显著性差异, 中间锦鸡儿与小叶锦鸡儿和荒漠锦鸡儿差异显著.

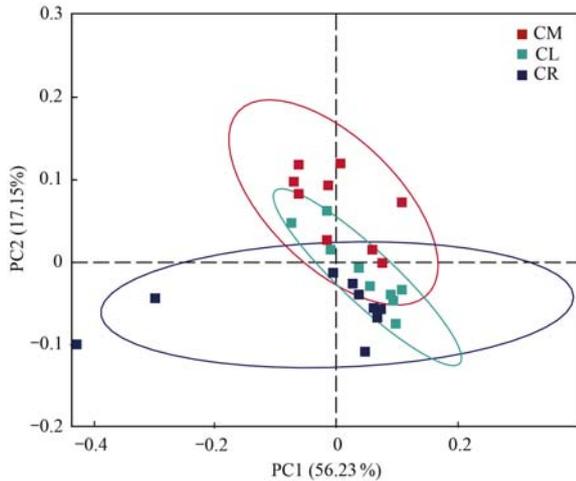
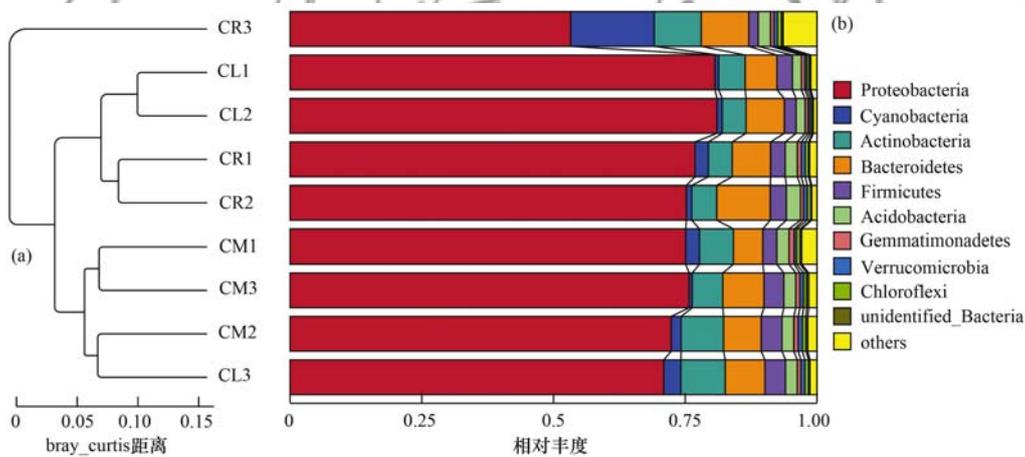


图2 小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿根际土壤细菌群落结构的主坐标分析 (PCoA)

Fig. 2 Principal coordinate analysis (PCoA) of soil bacterial community composition in rhizosphere of *C. microphylla*, *C. liouana*, and *C. roborovskyi*

2.4 不同锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落组成及优势物种差异

所有样品共检测到细菌 42 门 55 纲 123 目 244 科 558 属. 在门水平上, 小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿根际土壤中相对丰度排名前十的优势细菌门分别为变形菌门 (Proteobacteria)、蓝藻门 (Cyanobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、厚壁菌门 (Firmicutes)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes)、疣微菌门 (Verrucomicrobia)、绿弯菌门 (Chloroflexi) 以及未分类的细菌门 (unidentified_Bacteria), 以上细菌的相对丰度占各样品总序列数的 93.59% ~ 99.33% [图 3(b)]. 由表 4 可知, 不同锦鸡儿属植物根际土壤细菌优势门存在显著差异, 其中, 小叶锦鸡儿土壤中芽单胞菌门相对丰度显著高于中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿. 中间锦鸡儿土壤中变形菌门相对丰度显著高于荒漠锦鸡儿. 荒漠锦鸡儿土壤中拟杆菌门相对丰度显著高于小叶锦鸡儿, 绿弯菌门相对丰度显著高于中间锦鸡儿.



(a) UPGMA 聚类树结构; (b) 各样本在门水平上的物种相对丰度分布

图3 门水平上小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿根际土壤细菌优势群落分布与聚类分析

Fig. 3 Distribution of dominant bacterial communities at the phylum level and UPGMA analysis in rhizosphere soil of *C. microphylla*, *C. liouana*, and *C. roborovskyi*

在属水平上, 3 种锦鸡儿根际土壤中细菌相对丰度大于 0.1% 的共 73 个, 主要以苯基杆菌属 (*Phenyllobacterium*)、剑菌属 (*Ensifer*)、鞘氨醇菌属 (*Chitinophaga*)、链霉菌属 (*Streptomyces*)、类固醇杆菌属 (*Steroidobacter*)、贪噬菌属 (*Variovorax*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、新鞘脂菌属 (*Novosphingobium*) 和 *Dongia* 为主要类群 (图 4). 由表 4 可知, 3 种锦鸡儿根际土壤中优势属相对丰度存在差异. 其中, 苯基杆菌属、*Dongia* 和德沃斯氏菌属 (*Devosia*) 相对丰度在小叶锦鸡儿土壤中显著高于中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿. 荒漠锦鸡儿

土壤中新根瘤菌属 (*Neorhizobium*) 和农研丝杆菌属 (*Niastella*) 相对丰度显著高于小叶锦鸡儿, 而呋草酯降解菌属 (*Sphingopyxis*)、酸杆菌属 (*Acidibacter*)、贪噬菌属、新鞘脂菌属和假诺卡氏菌属 (*Pseudonocardia*) 相对丰度显著低于小叶锦鸡儿和中间锦鸡儿. 此外, 类固醇杆菌属和假黄色单胞菌属 (*Pseudoxanthomonas*) 在 3 种锦鸡儿之间存在显著差异.

利用 Bray-Curtis 距离, 采用 UPGMA 法对 3 种锦鸡儿不同种源优势细菌门进行聚类分析. 如图 3 (a) 所示, 3 种锦鸡儿不同种源优势细菌门明显聚

为 3 类, 除小叶锦鸡儿不同种源优势门聚为一类, 其他 2 种锦鸡儿不同种源优势门均存在差异. 中间锦鸡儿种源地 CL1 和 CL2 土壤中变形菌门相对丰度显著高于种源地 CL3, 而放线菌门和厚壁菌门相对

丰度显著低于种源地 CL3. 荒漠锦鸡儿种源地 CR3 土壤中蓝藻门相对丰度显著高于种源地 CR1 和种源地 CR2, 而变形菌门和厚壁菌门相对丰度显著低于其他 2 个种源地.

表 4 小叶锦鸡儿, 中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿根际土壤中优势菌群相对丰度差异¹⁾

Table 4 Differences in relative abundances of bacterial phyla and genera in rhizosphere soil of *C. microphylla*, *C. liouana*, and *C. roborovskiyi*

门	属	相对丰度/%		
		CM	CL	CR
Proteobacteria		0.744 ± 0.015ab	0.775 ± 0.019a	0.685 ± 0.047b
	<i>Sphingomonas</i>	0.021 ± 0.000	0.022 ± 0.000	0.021 ± 0.000
	<i>Lysobacter</i>	0.015 ± 0.000	0.015 ± 0.000	0.012 ± 0.001
	<i>Neorhizobium</i>	0.011 ± 0.001b	0.013 ± 0.001ab	0.015 ± 0.001a
	<i>Ensifer</i>	0.054 ± 0.003	0.055 ± 0.003	0.068 ± 0.007
	<i>Mesorhizobium</i>	0.004 ± 0.000	0.006 ± 0.001	0.005 ± 0.001
	<i>Pseudomonas</i>	0.002 ± 0.000	0.008 ± 0.004	0.004 ± 0.001
	<i>Steroidobacter</i>	0.036 ± 0.003a	0.025 ± 0.000b	0.018 ± 0.001c
	<i>Pseudoxanthomonas</i>	0.009 ± 0.001c	0.011 ± 0.000b	0.016 ± 0.003a
	<i>Sphingopyxis</i>	0.008 ± 0.001a	0.006 ± 0.001a	0.002 ± 0.000b
	<i>Acidibacter</i>	0.005 ± 0.001a	0.004 ± 0.000ab	0.003 ± 0.000b
	<i>Phenylobacterium</i>	0.063 ± 0.014a	0.025 ± 0.003b	0.013 ± 0.003b
	<i>Dongia</i>	0.022 ± 0.002a	0.015 ± 0.001b	0.012 ± 0.001b
	<i>Variovorax</i>	0.025 ± 0.003a	0.020 ± 0.001a	0.013 ± 0.001b
	<i>Novosphingobium</i>	0.020 ± 0.002a	0.019 ± 0.003a	0.010 ± 0.001b
	<i>Devosia</i>	0.016 ± 0.001a	0.013 ± 0.000b	0.011 ± 0.000b
	<i>Pseudoxanthomonas</i>	0.009 ± 0.001b	0.011 ± 0.000ab	0.016 ± 0.003a
	<i>Ralstonia</i>	0.001 ± 0.001	0.001 ± 0.001	0.001 ± 0.001
Cyanobacteria		0.017 ± 0.004	0.016 ± 0.005	0.065 ± 0.032
		0.068 ± 0.007	0.060 ± 0.007	0.061 ± 0.013
	<i>Pseudonocardia</i>	0.004 ± 0.001a	0.003 ± 0.000ab	0.002 ± 0.000b
	<i>Agromyces</i>	0.006 ± 0.001	0.006 ± 0.001	0.004 ± 0.001
	<i>Ralstonia</i>	0.001 ± 0.001	0.001 ± 0.001	0.001 ± 0.001
Actinobacteria	<i>Isoptericola</i>	0.001 ± 0.000	0.002 ± 0.001	0.001 ± 0.000
	<i>Glycomyces</i>	0.004 ± 0.001	0.002 ± 0.000	0.004 ± 0.002
	<i>Nocardioides</i>	0.003 ± 0.000	0.002 ± 0.000	0.002 ± 0.001
	<i>Lechevalieria</i>	0.002 ± 0.000	0.002 ± 0.000	0.003 ± 0.001
	<i>Streptomyces</i>	0.011 ± 0.001	0.012 ± 0.002	0.014 ± 0.006
Bacteroidetes	<i>Niastella</i>	0.068 ± 0.005b	0.070 ± 0.003ab	0.088 ± 0.010a
	<i>Chitinophaga</i>	0.005 ± 0.000b	0.008 ± 0.000a	0.010 ± 0.001a
		0.031 ± 0.006	0.020 ± 0.001	0.031 ± 0.009
		0.035 ± 0.005	0.030 ± 0.005	0.025 ± 0.004
	<i>Enterococcus</i>	0.003 ± 0.002	0.003 ± 0.002	0.001 ± 0.000
Firmicutes	<i>Bacillus</i>	0.008 ± 0.002	0.006 ± 0.002	0.004 ± 0.000
	<i>Paenibacillus</i>	0.005 ± 0.001a	0.004 ± 0.001ab	0.003 ± 0.000b
	<i>Blautia</i>	0.000 ± 0.000	0.001 ± 0.001	0.002 ± 0.001
Acidobacteria		0.023 ± 0.003	0.019 ± 0.001	0.024 ± 0.002
Gemmatimonadetes		0.009 ± 0.000a	0.006 ± 0.000b	0.007 ± 0.000b
Verrucomicrobia		0.006 ± 0.001	0.005 ± 0.001	0.007 ± 0.001
Chloroflexi		0.006 ± 0.001ab	0.005 ± 0.001b	0.007 ± 0.001a
Unidentified_Bacteria		0.004 ± 0.000	0.003 ± 0.001	0.002 ± 0.001

1) 数据为平均值 ± 标准误差; 同行不同小写字母表示不同锦鸡儿属植物间差异显著 ($P < 0.05$)

由属水平热图分析可知(图 4), 链霉菌属 (*Streptomyces*)、列契瓦尼而氏菌属 (*Lechevalieria*)、类诺卡氏菌属 (*Nocardioides*)、壤霉菌属 (*Agromyces*)、假诺卡氏菌属、假单胞菌属和中慢生根瘤菌属 (*Mesorhizobium*) 相对丰度在中间锦鸡儿种源地 CL3 根际土壤中显著高于种

源地 CL1 和种源地 CL2. 荒漠锦鸡儿种源地 CR3 根际土壤中链霉菌属、列契瓦尼而氏菌属、类诺卡氏菌属、糖霉菌属 (*Glycomyces*) 和未分类蓝藻门 (*unidentified_Cyanobacteria*) 相对丰度显著高于种源地 CR1 和种源地 CR2, 而剑菌属、新根瘤菌属、溶杆菌属 (*Lysobacter*) 和鞘氨醇单胞菌属

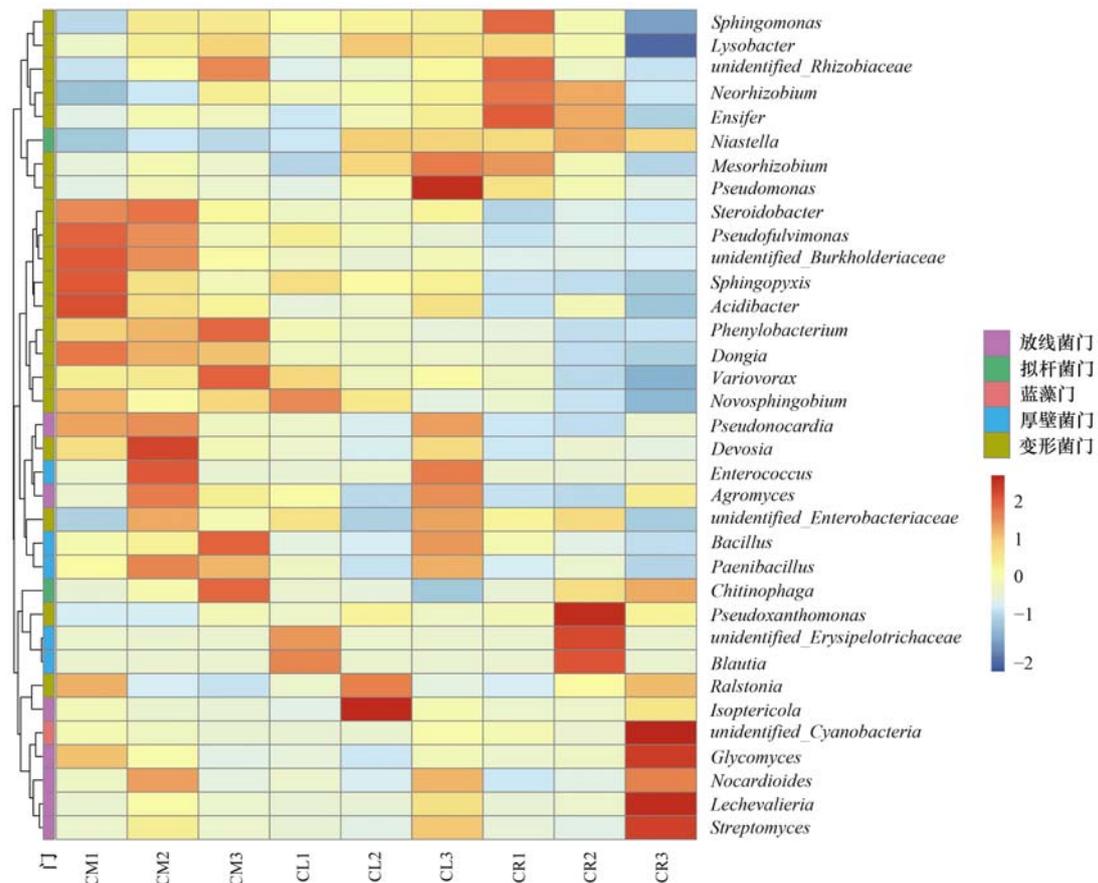


图 4 属水平上小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿细菌群落结构热图

Fig. 4 Heat map of bacterial community structures of *C. microphylla*, *C. liouana*, and *C. roborovskyi* at genus level

(*Sphingomonas*) 相对丰度显著低于其他 2 个种源地.

2.5 不同锦鸡儿属植物土壤细菌多样性和群落结构与生态因子的关系

由表 5 可知, 年降水量与土壤细菌物种数和 Chao1 指数显著负相关. 种源地海拔、年均温与香农指数和辛普森指数无显著相关性, 且同质园土壤理化性质与土壤细菌多样性指数也无显著相关性, 表明年

降水量对根际土壤细菌多样性具有重要影响.

由冗余分析(RDA)排序可知(图 5), RDA 第一轴与年降水量正相关, 第二轴与海拔呈正相关, 表明种源地年降水量和海拔是影响根际土壤细菌群落结构的关键因素. 蒙特卡罗检验结果显示(表 6), 年降水量 ($F = 4.5, P = 0.02$) 和海拔 ($F = 3.9, P = 0.032$) 是影响 3 种锦鸡儿根际土壤细菌群落结构变化的关键因子.

表 5 小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿根际土壤细菌 α 多样性指数与生态因子的相关系数¹⁾

Table 5 Correlation coefficients between bacterial α diversity indexes and ecological factors in rhizosphere soil of *C. microphylla*, *C. liouana*, and *C. roborovskyi*

指标	pH	SOC	TN	TP	EC	ALT	MAP	MAT
物种数	0.079	0.182	0.167	-0.002	0.129	0.007	-0.399 *	-0.039
Chao1 指数	0.127	0.185	0.193	-0.006	0.085	0.020	-0.441 *	-0.066
香农指数	0.066	0.202	0.210	0.003	0.180	-0.234	-0.139	0.065
辛普森指数	-0.017	0.218	0.265	0.109	0.256	-0.211	-0.227	-0.065

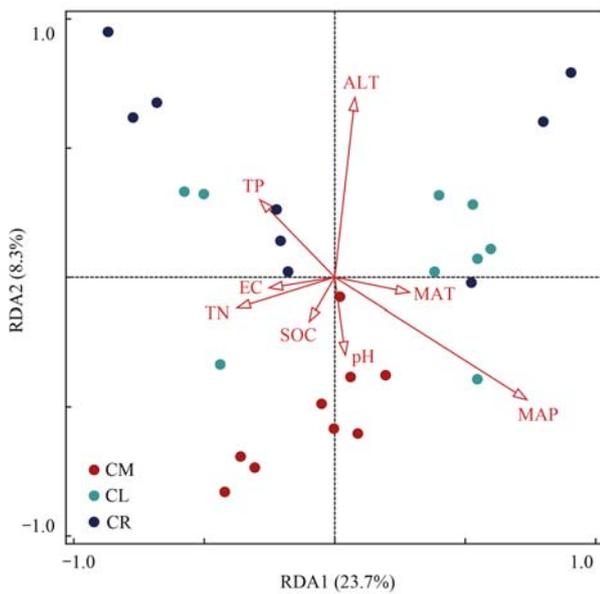
1) ALT: 海拔, MAP: 年降水量, MAT: 年均温, 下同; * 表示 $P < 0.05$

表 6 生态因子对小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿根际土壤细菌群落结构的影响¹⁾

Table 6 Effects of ecological factors on composition of bacterial community in rhizosphere soil of *C. microphylla*, *C. liouana*, and *C. roborovskyi*

指标	MAP	ALT	MAT	SOC	TN	TP	pH	EC
解释度/%	15.1	11.8	2.8	1.3	1.3	1.4	0.6	1.1
贡献率/%	42.8	33.3	7.9	3.8	3.6	3.9	1.7	3.1
F	4.5	3.9	0.9	0.4	0.4	0.4	0.2	0.3
P	0.02	0.03	0.41	0.67	0.69	0.66	0.89	0.76

1) $P < 0.05$, 表示该指标对土壤细菌群落结构影响显著



ALT:海拔, MAP:年降水量, MAT:年均温

图5 小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿根际土壤细菌群落结构与生态因子的冗余分析

Fig. 5 Redundancy analysis of bacterial community composition and ecological factors in rhizosphere soil of *C. microphylla*, *C. liouana*, and *C. roborovskii*

3 讨论

3.1 不同锦鸡儿属植物根际土壤细菌多样性和群落结构差异

已有研究表明, 植被类型的差异会影响凋落物的数量和根系分泌物的种类^[18-20], 改变植物根际周围土壤有机碳和养分含量情况, 造成根际土壤微生物多样性的变化. 刘洋等^[21]研究黄土高原草原植被与森林植被土壤细菌时发现, 不同植被类型下土壤细菌多样性存在差异, 戴雅婷等^[22]对库布齐沙地不同植被恢复类型根际土壤细菌多样性分析, 认为油蒿 (*Artemisia ordosica*) 土壤细菌多样性高于中间锦鸡儿. 与此类似, 本研究中物种与土壤细菌多样性指数显著相关 (表 3), 表明不同锦鸡儿属植物根际土壤细菌多样性存在显著差异, 这之前关于同质环境下叶片性状变异的研究结果一致^[3-5], 锦鸡儿属植物根际土壤细菌多样性在一定程度上受到遗传因素 (种源地的环境因素) 影响. 此外, 研究发现同种锦鸡儿属植物不同种源地根际土壤中, 中间锦鸡儿种源地 CL3 土壤细菌多样性显著高于其他 2 个种源地, 原因是不同种源地年均温和年降水存在差异.

同质环境下, 小叶锦鸡儿、中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿根际土壤细菌群落结构存在显著差异 (图 2), 表现为在各水平上组成相似, 但物种相对丰度因植物种类而存在差异. 变形菌门、蓝藻门和放线菌门是研究区三大优势菌群 (图 3), 这与其他荒漠

植物研究结果相似^[23]. 本研究中蓝藻门为次优势菌门, 这是因为蓝藻门是一种自养型细菌, 具有固氮、固碳的功能, 且对土壤盐胁迫具有一定的适应性^[24], 因此, 这类细菌能在养分贫瘠、高盐环境中定殖生长. 放线菌门属于革兰氏阳性细菌, 能够分解木质素和纤维素^[25], 进而为土壤微生物的生长提供更多养分. 干旱半干旱地区土壤偏碱性, 而放线菌门喜欢微碱性环境^[23], 这使其在该地区分布较广. 赵娇等^[26]研究黄河三角洲盐生植物根际土壤细菌时发现, 芽单胞菌门在人工种植的轻度耐盐植物玉米和棉花中相对丰度较高, 说明芽单胞菌门具有耐盐或嗜盐的特点, 本研究中小叶锦鸡儿根际土壤中芽单胞菌门相对丰度含量较高. 有研究表明拟杆菌门和绿弯菌门具有耐贫瘠和抗旱性的特点^[27], 本研究中荒漠锦鸡儿土壤中拟杆菌门和绿弯菌门相对丰度较高. 同种植物不同种源地间差异结果显示, 中间锦鸡儿种源地 CL3 根际土壤中放线菌门和厚壁菌门相对丰度显著高于种源地 CL1 和种源地 CL2, 原因是种源地 CL3 年降水量较低, 而放线菌门和厚壁菌在干旱环境和碱性土壤中能够正常生长. 荒漠锦鸡儿种源地 CR3 年均温和年降水量显著低于其他 2 个种源地, 造成该地区气候干旱且土壤养分贫瘠, 而蓝藻门对极端环境适应性强, 这使其在种源地 CR3 土壤中具有较高的相对丰度.

在属水平, 苯基杆菌属在根际土壤中相对丰度最高, 其次是剑菌属、鞘氨醇菌属、类固醇菌属和贪噬菌属 (表 4 和图 4). 这些细菌具有固氮、解磷和利于有机质矿化的作用^[28,29]. 其中, 类固醇杆菌属和假黄色单胞菌属在 3 种植物土壤中差异显著, 张宏媛等^[29]研究类固醇杆菌属时发现, 其相对丰度含量与土壤有机质相关, 表明土壤养分可能是导致类固醇杆菌属在 3 种锦鸡儿土壤中产生差异的原因. 小叶锦鸡儿土壤中苯基杆菌属、*Dongia* 和德沃斯氏菌属相对丰度较高, 这些细菌具有固氮能力^[30], 能够为小叶锦鸡儿的定殖生长提供营养物质. 荒漠锦鸡儿土壤中根瘤菌属和农研丝杆菌属相对丰度显著高于小叶锦鸡儿. 根瘤菌属不仅可以与宿主形成共生体系, 进行生物固氮, 而且能通过降低土壤 pH, 提高难溶性磷的有效性, 保证植物在低磷土壤中正常生长^[31]. 同种植物不同种源中间锦鸡儿种源地 CL3 土壤中一些有益菌的相对丰度显著高于种源地 CL1 和种源地 CL2, 如对植物病原菌产生拮抗作用的链霉菌属和类诺卡氏菌属^[32], 具有耐盐碱性的假单胞菌属和与固氮有关的中慢生根瘤菌属^[33]. 同时, 荒漠锦鸡儿种源地 CR3 根际土壤中链霉菌属, 列契瓦尼而氏菌属, 类诺卡氏菌属, 糖霉

菌属和未分类蓝藻门相对丰度也显著高于种源地 CR1 和种源地 CR2。

3.2 同质环境下锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落结构构建的驱动因素

有研究发现,土壤细菌多样性受降水、土壤 pH 及土壤养分含量等因子的调控^[34~36],其种类和数量的改变反映了植物对环境变化的响应和适应. 本试验将不同来源的 3 种锦鸡儿属植物栽培在相同的环境中,发现种源和物种的交互作用对根际土壤细菌多样性具有显著性影响(表 3),说明根际土壤细菌多样性变化受种源地环境和遗传因素共同作用. 钱秋平等^[37]通过对比研究 4 个大豆品种不同基因型对根际土壤微生物群落的影响,发现其中两个品种对土壤微生物群落多样性变化的影响差异明显. 颜朗等^[38]的研究认为基因型对微生物群落的影响与不同品种根系分泌物有关,且根系分泌物对根际土壤微生物的数量和组成发挥着重要作用. 干旱半干旱生态系统的降水量变化较大,土壤水分有效性的变化会直接影响土壤微生物细胞的生长和活性^[39],同时也可能引起地上植被生长状况以及土壤理化性质发生改变,导致微生物生长环境发生变化,影响土壤微生物多样性^[8]. 有研究发现,水分变化会改变土壤微生物的物质循环和能量流动,且适宜的水分条件有利于土壤微生物量和微生物活性的增加^[40]. 本研究中,年降水量与细菌物种数、Chao1 指数呈显著负相关,表明对于干旱环境的适应性可能是决定土壤微生物生物量对降水改变的独特响应.

本研究中,种源地年降水量和海拔是驱动 3 种锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落结构变化的关键因子(表 6),原因是海拔梯度的变化,会引起气候因子的改变^[41],植物为适应环境其功能性状会随之发生变化,进而影响根际土壤细菌群落结构变化. 安海龙等^[4]通过研究来自 6 个种源地的黄柳,发现种源地气候是解释种源差异对植物叶功能性状的重要影响因素,Robson 等^[42]的研究指出不同种源植物在适应相同环境条件时,植物会产生基因变异,这也会导致其功能性状产生差异. 植物功能性状与土壤过程和生态系统功能联系密切,能够表征生态环境的变化. 已有研究表明,植物功能性状与土壤微生物群落多样性具有显著相关性^[43],如 Wang 等^[44]的研究指出叶片碳氮比含量可以直接影响土壤细菌群落结构变化,Delgado-Baquerizo 等^[10]研究温带草原土壤微生物时发现,叶片氮含量和比叶面积是调节土壤细菌群落结构构建的重要因子. 此外,本研究中,同质园土壤理化性质与根际土壤细菌群落结构和多样性间无显著相关性,这与 Stefanowicz 等^[45]的研究结果一

致,表明根际土壤细菌群落多样性可能受到其他土壤性质或凋落物特征的影响.

4 结 论

同质环境条件下,3 种锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落多样性在种间和种内存在显著差异. 不同锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落结构组成种间差异结果表明,小叶锦鸡儿土壤中芽单胞菌门相对丰度较高;中间锦鸡儿土壤中变形菌门相对丰度显著高于荒漠锦鸡儿;荒漠锦鸡儿土壤中拟杆菌门相对丰度显著高于小叶锦鸡儿,绿弯菌门相对丰度显著高于中间锦鸡儿. 在属水平,小叶锦鸡儿土壤中分布较多具有固氮能力的细菌属;荒漠锦鸡儿土壤中根瘤菌属和农研丝杆菌属相对丰度显著高于小叶锦鸡儿. 同种植物不同种源地土壤细菌群落多样性比较显示,中间锦鸡儿不同种源地土壤细菌多样性存在显著差异,且中间锦鸡儿和荒漠锦鸡儿不同种源地土壤细菌群落结构组成不同. 冗余分析结果表明,3 种锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落结构变化与种源地气候密切相关.

参考文献:

- [1] 季子敬,全先奎,王传宽. 兴安落叶松针叶解剖结构变化及其光合能力对气候变化的适应性[J]. 生态学报, 2013, **33**(21): 6967-6974.
Ji Z J, Quan X K, Wang C K. Variations in leaf anatomy of *Larix gmelinii* reflect adaptation of its photosynthetic capacity to climate changes[J]. Acta Ecologica Sinica, 2013, **33**(21): 6967-6974.
- [2] 李爱民,吕敏丽,周春鸣. 同质园栽培下的湖南鱼腥草居群叶表型性状多样性分析[J]. 植物科学学报, 2018, **36**(1): 73-85.
Li A M, Lü M L, Zhou C M. Phenotypic diversity analysis of leaf traits in cultivated *Houttuynia cordata* Thunb. populations from Hunan Province[J]. Plant Science Journal, 2018, **36**(1): 73-85.
- [3] Ayre D J, O'Brien E. Does provenance matter? Fitness is not determined by genetic distance or the scale of pollen dispersal in *Grevillea sphacelata* (proteaceae)[J]. Botanical Journal of the Linnean Society, 2013, **173**(2): 290-302.
- [4] 安海龙,谢乾瑾,刘超,等. 水分胁迫和种源对黄柳叶功能性状的影响[J]. 林业科学, 2015, **51**(10): 75-84.
An H L, Xie Q J, Liu C, et al. Effects of water stress and provenance on leaf functional traits of *Salix gordejewii* [J]. Scientia Silvae Sinicae, 2015, **51**(10): 75-84.
- [5] 王楚楚,钟全林,程栋梁,等. 引种期同质园翅荚木主要叶功能性状与种源地环境关系[J]. 生态学报, 2019, **39**(13): 4892-4899.
Wang C C, Zhong Q L, Cheng D L, et al. Relationship between the leaf functional traits of *Zenia insignis* and the provenance environments in common gardens during the introduction period [J]. Acta Ecologica Sinica, 2019, **39**(13): 4892-4899.
- [6] Jacobsen C S, Hjelmsø M H. Agricultural soils, pesticides and microbial diversity[J]. Current Opinion in Biotechnology, 2014, **27**: 15-20.

- [7] Na X F, Xu T T, Li M, *et al.* Variations of bacterial community diversity within the rhizosphere of three phylogenetically related perennial shrub plant species across environmental gradients[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, **9**, doi: 10.3389/fmicb.2018.00709.
- [8] Wang S, Wang X B, Han X G, *et al.* Higher precipitation strengthens the microbial interactions in semi-arid grassland soils [J]. *Global Ecology and Biogeography*, 2018, **27**(5): 570-580.
- [9] 丁新景, 敬如岩, 黄雅丽, 等. 基于高通量测序的 4 种不同树种人工林根际土壤细菌结构及多样性[J]. *林业科学*, 2018, **54**(1): 81-89.
Ding X J, Jing R Y, Huang Y L, *et al.* Bacterial structure and diversity of rhizosphere soil of four tree species in Yellow River Delta based on high-throughput sequencing[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2018, **54**(1): 81-89.
- [10] Delgado-Baquerizo M, Fry E L, Eldridge D J, *et al.* Plant attributes explain the distribution of soil microbial communities in two contrasting regions of the globe[J]. *New Phytologist*, 2018, **219**(2): 574-587.
- [11] De Villedenreuil P, Gaggiotti O E, Mouterde M, *et al.* Common garden experiments in the genomic era: new perspectives and opportunities[J]. *Heredity*, 2016, **116**(3): 249-254.
- [12] Li Q X, Wang Y S, Zhu Y J, *et al.* Effects of soil improvement of *Caragana intermedia* plantations in alpine sandy land on Tibet Plateau[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2014, **34**(2): 123-128.
- [13] 龚容, 徐霞, 田晓宇, 等. 三种锦鸡儿属植物水力结构特征及其干旱适应策略[J]. *生态学报*, 2018, **38**(14): 4984-4993.
Gong R, Xu X, Tian X Y, *et al.* Hydraulic architecture characteristics and drought adaptation strategies for three *Caragana* genus species[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, **38**(14): 4984-4993.
- [14] 盛红梅, 陈拓, 安黎哲, 等. 锦鸡儿属植物的遗传多样性及其种间关系[J]. *中国沙漠*, 2005, **25**(5): 697-701.
Sheng H M, Chen T, An L Z, *et al.* Genetic diversity and relationships among species of *Caragana* Fabr[J]. *Journal of Desert Research*, 2005, **25**(5): 697-701.
- [15] Na X F, Xu T T, Li M, *et al.* Bacterial diversity in the rhizosphere of two phylogenetically closely related plant species across environmental gradients [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2017, **17**(1): 122-132.
- [16] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [17] 包明, 何红霞, 马小龙, 等. 化学氮肥与绿肥对麦田土壤细菌多样性和功能的影响[J]. *土壤学报*, 2018, **55**(3): 734-743.
Bao M, He H X, Ma X L, *et al.* Effects of chemical nitrogen fertilizer and green manure on diversity and functions of soil bacteria in wheat field[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2018, **55**(3): 734-743.
- [18] 张平究, 潘根兴. 不同植被群落喀斯特土壤养分及生物化学性质特征[J]. *水土保持学报*, 2012, **26**(1): 77-80, 84.
Zhang P J, Pan G X. Characteristics of soil nutrients and biochemical properties under different vegetation communities in Karst area[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2012, **26**(1): 77-80, 84.
- [19] 王露莹, 孙慧珍, 杨雪. 松花江下游滨岸带典型植被根际土壤细菌群落结构与功能多样性[J]. *环境科学*, 2022, **43**(4): 2182-2191.
Wang L Y, Sun H Z, Yang X. Structure and functional diversity of bacterial community in rhizosphere soil of typical vegetation in the riparian zone along the downstream of Songhua River[J]. *Environment Science*, 2022, **43**(4): 2182-2191.
- [20] 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.
- [21] 刘洋, 黄懿梅, 曾全超. 黄土高原不同植被类型下土壤细菌群落特征研究[J]. *环境科学*, 2016, **37**(10): 3931-3938.
Liu Y, Huang Y M, Zeng Q C. Soil bacterial communities under different vegetation types in the Loess Plateau[J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(10): 3931-3938.
- [22] 戴雅婷, 闫志坚, 解继红, 等. 基于高通量测序的两种植被恢复类型根际土壤细菌多样性研究[J]. *土壤学报*, 2017, **54**(3): 735-748.
Dai Y T, Yan Z J, Xie J H, *et al.* Soil bacteria diversity in rhizosphere under two types of vegetation restoration based on high throughput sequencing[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2017, **54**(3): 735-748.
- [23] 王文晓, 李小伟, 黄文广, 等. 蒙古沙冬青根际土壤细菌群落组成及多样性与生态因子相关性研究[J]. *生态学报*, 2020, **40**(23): 8660-8671.
Wang W X, Li X W, Huang W G, *et al.* Correlations between the composition and diversity of bacterial communities and ecological factors in the rhizosphere of *Ammopiptanthus mongolicus*[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, **40**(23): 8660-8671.
- [24] Patzelt D J, Hodač L, Friedl T, *et al.* Biodiversity of soil cyanobacteria in the hyper-arid Atacama desert, Chile [J]. *Journal of Phycology*, 2014, **50**(4): 698-710.
- [25] Piao Z, Yang L Z, Zhao L P, *et al.* Actinobacterial community structure in soils receiving long-term organic and inorganic amendments [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2008, **74**(2): 526-530.
- [26] 赵娇, 谢慧君, 张建. 黄河三角洲盐碱土根际微环境的微生物多样性及理化性质分析[J]. *环境科学*, 2020, **41**(3): 1449-1455.
Zhao J, Xie H J, Zhang J. Microbial diversity and physicochemical properties of rhizosphere microenvironment in saline-alkali soils of the Yellow River Delta[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(3): 1449-1455.
- [27] Klatt C G, Liu Z F, Ludwig M, *et al.* Temporal metatranscriptomic patterning in phototrophic Chloroflexi inhabiting a microbial mat in a geothermal spring[J]. *The ISME Journal*, 2013, **7**(9): 1775-1789.
- [28] 纳小凡, 郑国旗, 邢正操, 等. 连作对再植枸杞根际细菌群落多样性和群落结构的影响[J]. *土壤学报*, 2017, **54**(5): 1280-1292.
Na X F, Zheng G Q, Xing Z C, *et al.* Effects of monocropping on diversity and structure of the bacterial community in rhizosphere of replanted *Lycium barbarum* L. [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2017, **54**(5): 1280-1292.
- [29] 张宏媛, 卢闯, 逢焕成, 等. 亚表层培肥结合覆膜提高干旱区盐碱地土壤肥力及优势菌群丰度的机理[J]. *植物营养与肥料学报*, 2019, **25**(9): 1461-1472.
Zhang H Y, Lu C, Pang H C, *et al.* Mechanism of subsurface organic amendment combined with plastic mulching increasing soil fertility and microflora in an arid saline soil[J]. *Journal of*

- Plant Nutrition and Fertilizers, 2019, **25**(9): 1461-1472.
- [30] 汪其同, 朱婉芮, 刘梦玲, 等. 基于高通量测序的杨树人工林根际和非根际细菌群落结构比较[J]. 应用与环境生物学报, 2015, **21**(5): 967-973.
Wang Q T, Zhu W R, Liu M L, *et al.* Comparison on bacterial community of rhizosphere and bulk soil of poplar plantation based on pyrosequencing [J]. Chinese Journal of Applied & Environmental Biology, 2015, **21**(5): 967-973.
- [31] 刘卢生, 王永雄, 郭蕾, 等. 苜蓿根瘤菌对不同形态磷利用效率的研究[J]. 草业学报, 2015, **24**(7): 60-67.
Liu L S, Yu Y X, Guo L, *et al.* Utilization of different forms of phosphorus by *Sinorhizobium meliloti* [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2015, **24**(7): 60-67.
- [32] 马欣, 罗珠珠, 张耀全, 等. 黄土高原雨养区不同种植年限紫花苜蓿土壤细菌群落特征与生态功能预测[J]. 草业学报, 2021, **30**(3): 54-67.
Ma X, Luo Z Z, Zhang Y Q, *et al.* Distribution characteristics and ecological function predictions of soil bacterial communities in rainfed alfalfa fields on the Loess Plateau [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2021, **30**(3): 54-67.
- [33] 李新, 焦燕, 代钢, 等. 内蒙古河套灌区不同盐碱程度的土壤细菌群落多样性[J]. 中国环境科学, 2016, **36**(1): 249-260.
Li X, Jiao Y, Dai G, *et al.* Soil bacterial community diversity under different degrees of saline-alkaline in the Hetao Area of Inner Mongolia [J]. China Environmental Science, 2016, **36**(1): 249-260.
- [34] 李娜, 王宝荣, 安韶山, 等. 黄土高原草地土壤细菌群落结构对于降水变化的响应[J]. 环境科学, 2020, **41**(9): 4284-4293.
Li N, Wang B R, An S S, *et al.* Response of soil bacterial community structure to precipitation change in grassland of loess plateau [J]. Environmental Science, 2020, **41**(9): 4284-4293.
- [35] 王娜, 高婕, 魏静, 等. 三江平原湿地开垦对土壤微生物群落结构的影响[J]. 环境科学, 2019, **40**(5): 2375-2381.
Wang N, Gao J, Wei J, *et al.* Effects of wetland reclamation on soil microbial community structure in the Sanjiang plain [J]. Environmental Science, 2019, **40**(5): 2375-2381.
- [36] 张瑞海, 宋振, 付卫东, 等. 植被恢复对刺萼龙葵根际土壤细菌群落结构与功能的影响[J]. 环境科学, 2021, **42**(1): 433-442.
Zhang R H, Song Z, Fu W D, *et al.* Effects of vegetation restoration on the structure and function of the rhizosphere soil bacterial community of *Solanum rostratum* [J]. Environmental Science, 2021, **42**(1): 433-442.
- [37] 钱秋平, 杨统一, 程林润, 等. 不同大豆品种对根际土壤微生物群落影响的差异[J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 2010, **34**(5): 1-6.
Qian Q P, Yang T Y, Cheng L R, *et al.* Differential responses of rhizosphere microbial communities to the planting of different soybean varieties [J]. Journal of Nanjing Forestry University (Natural Science Edition), 2010, **34**(5): 1-6.
- [38] 颜朗, 张义正, 方志荣, 等. 不同马铃薯基因型对根际细菌群落结构的影响[J]. 四川大学学报(自然科学版), 2020, **57**(2): 383-390.
Yan L, Zhang Y Z, Fang Z R, *et al.* Effects of potato genotype on rhizosphere bacterial community structure [J]. Journal of Sichuan University (Natural Science Edition), 2020, **57**(2): 383-390.
- [39] Chen M M, Zhu Y G, Su Y H, *et al.* Effects of soil moisture and plant interactions on the soil microbial community structure [J]. European Journal of Soil Biology, 2007, **43**(1): 31-38.
- [40] Rietz D N, Haynes R J. Effects of irrigation-induced salinity and sodicity on soil microbial activity [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2003, **35**(6): 845-854.
- [41] 姚兰, 胡立煌, 张焕朝, 等. 黄山土壤细菌群落和酶活性海拔分布特征[J]. 环境科学, 2019, **40**(2): 859-868.
Yao L, Hu L H, Zhang H C, *et al.* Elevational distribution characteristics of soil bacterial community and enzyme activities in Mount Huangshan [J]. Environmental Science, 2019, **40**(2): 859-868.
- [42] Robson T M, Rasztovits E, Aphalo P J, *et al.* Flushing phenology and fitness of European beech (*Fagus sylvatica* L.) provenances from a trial in La Rioja, Spain, segregate according to their climate of origin [J]. Agricultural and Forest Meteorology, 2013, **180**, doi: 10.1016/j.agrformet.2013.05.008.
- [43] 赵兴鸽, 张世挺, 牛克昌. 高寒草甸植物群落功能属性与土壤细菌多样性关系[J]. 中国科学: 生命科学, 2020, **50**(1): 70-80.
Zhao X G, Zhang S T, Niu K C. Association of soil bacterial diversity with plant community functional attributes in alpine meadows [J]. Scientia Sinica Vitae, 2020, **50**(1): 70-80.
- [44] Wang J M, Wang Y, He N P, *et al.* Plant functional traits regulate soil bacterial diversity across temperate deserts [J]. Science of the Total Environment, 2020, **715**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.136976.
- [45] Stefanowicz A M, Rozek K, Stanek M, *et al.* Moderate effects of tree species identity on soil microbial communities and soil chemical properties in a common garden experiment [J]. Forest Ecology and Management, 2021, **482**, doi: 10.1016/j.foreco.2020.118799.

CONTENTS

Development Scenarios and Environmental Benefits Analysis of Future Power Generation Industry Under Two Modes in China	LIU Chun-jing, LÜ Jian-yi, ZHAO Wen-chang, <i>et al.</i>	(3375)
Forecasting of Emission Co-reduction of Greenhouse Gases and Pollutants for the Road Transport Sector in Lanzhou Based on the LEAP Model
.....	PANG Ke, ZHANG Qian, MA Cai-yun, <i>et al.</i>	(3386)
Discussion of Air Quality Forecasting Evaluation for Cities Based on Half-level Method	WANG Xiao-yan, ZHU Li-li, XU Rong, <i>et al.</i>	(3396)
Characterization and Health Risk Assessment of Heavy Metals in PM _{2.5} in Xiamen Port	XIAO Si-han, CAI Mei-jun, LI Xiang, <i>et al.</i>	(3404)
Deposition Characteristics of Water-soluble Inorganic Nitrogen and Organic Nitrogen in Atmospheric Precipitation in the Northern Suburbs of Nanjing
.....	ZHANG Jia-ying, YU Xing-na, ZHANG Yu-xiu, <i>et al.</i>	(3416)
Analysis of PM _{2.5} Transmission Characteristics in Main Cities of Jinzhong Basin in Winter	WANG Xiao-lan, WANG Yan, YAN Shi-ming, <i>et al.</i>	(3423)
Temporal Evolution and Source Apportionment of Black Carbon Aerosol in Ordos During Summer and Autumn 2019	KONG Xiang-chen, ZHANG Lian-xia, ZHANG Cai-yun, <i>et al.</i>	(3439)
Characteristics, Sources, and SOAP of VOCs During Winter in Jiyuan	WANG Fang, LI Li-xia, WANG Hong-guo, <i>et al.</i>	(3451)
Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds in August in the Chang-Zhu-Tan Urban Area	LUO Da-tong, ZHANG Qing-mei, LIU Zhan, <i>et al.</i>	(3463)
Ozone Sensitivity Analysis and Control Strategy in Shijiazhuang City in July 2019	ZHU Jia-xian, WANG Xiao-qi, OU Sheng-ju, <i>et al.</i>	(3473)
Spatiotemporal Variation and Influencing Factors of AOD in the North China Plain	GUO Lin, MENG Fei, MA Ming-liang	(3483)
Aerosol Optical Characteristics with Ground-based Measurements via Sun Photometer and Its Relationship with PM Particle Concentration in Chang'an
.....	ZHENG Yu-rong, WANG Xu-hong, CUI Si-ying, <i>et al.</i>	(3494)
Spatio-temporal Distribution and Evolution Characteristics of Air Pollution in Beijing-Tianjin-Hebei Region Based on Long-term "Ground-Satellite" Data
.....	WANG Yao-ting, YIN Zhen-ping, ZHENG Zuo-fang, <i>et al.</i>	(3508)
Ten-year Trend Analysis of Eutrophication Status and the Related Causes in Lake Hongze	CHEN Tian-yu, LIU Chang-qing, SHI Xiao-li, <i>et al.</i>	(3523)
Shallow Groundwater Around Plateau Lakes: Spatiotemporal Distribution of Phosphorus and Its Driving Factors	YANG Heng, LI Gui-fang, YE Yuan-hang, <i>et al.</i>	(3532)
Characteristics and Differences of Dissolved Oxygen Stratification in Different Tributaries of Three Gorges Reservoir During Impoundment Period
.....	Ji Dao-bin, FANG Jiao, LONG Liang-hong, <i>et al.</i>	(3543)
Dissolved Organic Matter Component and Source Characteristics of the Metropolitan Lakes and Reservoirs in a Typical Karst Region	NI Mao-fei, ZHOU Hui, MA Yong-mei, <i>et al.</i>	(3552)
Characteristics, Sources, and Risk Assessment of Perfluoroalkyl Substances in Surface Water and Sediment of Luoma Lake	HUANG Jia-hao, WU Wei, HUANG Tian-yin, <i>et al.</i>	(3562)
Vertical Distribution Characteristics and Influencing Factors of Phytoplankton Community Structure in Qiandao Lake	WANG Ji-yi, HUO Di, GUO Chao-xuan, <i>et al.</i>	(3575)
Chemical Forms and Spatial Distribution of Phosphorus in the Sediment of Sihe River	ZHANG Zi-han, ZHANG Xin-ru, JIA Chuan-xing, <i>et al.</i>	(3587)
Influence of Optimal Land Use Allocation on Phosphorus Loss in the Process of Rainfall and Runoff	ZHOU Hao, CHEN Fang-xin, LUO Yi-feng, <i>et al.</i>	(3597)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Accumulated Heavy Metals in Bioretention Systems	CHU Yang-yang, YANG Long, ZHOU Yuan, <i>et al.</i>	(3608)
Effects of Damming and Impoundment on Planktonic Microbial Community Structure and Interspecific Interaction Patterns in Different Water Depths
.....	WANG Xun, ZHANG Jia-jia, YUAN Qiu-sheng, <i>et al.</i>	(3623)
Identification of Bacterial Flora and Metabolic Function of Sediments in Different Channels of Duliujian River Basin, Tianjin	LIU Jia-yuan, FENG Yue, YANG Xue-chun, <i>et al.</i>	(3635)
Spatiotemporal Distribution and Source Apportionment of Suspended Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Surface Water	PENG Ke-xing, LI Rui-fei, ZHOU Yi-chen, <i>et al.</i>	(3645)
Spatial Variation and Potential Sources of Microplastics in Rivers in Tongzhou District, Beijing	MEN Cong, LI Di, ZUO Jian-e, <i>et al.</i>	(3656)
Effects of Microplastic Exposure on Crucian Growth, Liver Damage, and Gut Microbiome Composition	HU Jia-min, ZUO Jian-e, LI Jin-bo, <i>et al.</i>	(3664)
Influence of Different Types of Dewatering Agents on the Solidification Effect and Physical and Chemical Properties of Sediment	REN Jun, YIN Peng, WANG Wei-zhen, <i>et al.</i>	(3672)
Structural Characteristics of Micro-nano Particle Size Biochar and Its Adsorption Mechanism for Cd ²⁺	MA Wen-yan, PEI Peng-gang, GAO Ge, <i>et al.</i>	(3682)
Phosphorus Adsorption Characteristics of Different Biochar Types and Its Influencing Factors	LIAN Shen-hai, ZHANG Shu-nan, LIU Feng, <i>et al.</i>	(3692)
Development of Zeolite Loaded Mg-La-Fe Ternary (hydr)oxides for Treatment of Low Concentration Phosphate Wastewater	YIN Xue-jie, SONG Xiao-bao, DING Chen-man, <i>et al.</i>	(3699)
Succession and PICRUSt2-based Predicted Functional Analysis of Microbial Communities During the Sludge Bulking Occurrence and Restoration in One-stage Combined Partial Nitrification and ANAMMOX Process	LI Ya-nan, YAN Bing, ZHENG Rui, <i>et al.</i>	(3708)
Aerobic Granulation Stability and Microbial Diversity of Filamentous Bulking Sludge	GAO Chun-di, YANG Xiao-yang, OU Jia-li, <i>et al.</i>	(3718)
Dynamic Variation in Vegetation Cover and Its Influencing Factor Detection in the Yangtze River Basin from 2000 to 2020	XU Yong, ZHENG Zhi-wei, GUO Zhen-dong, <i>et al.</i>	(3730)
Enrichment and Ecological Risk Assessment of Available Phosphorus in Paddy Soil of Fujian Province Over Past 40 years	CHEN Zhong-xing, QIU Long-xia, CHEN Han-yue, <i>et al.</i>	(3741)
Effects of Land Use Change on Constitution, Stability, and C, N, P Stoichiometric Characteristics of Soil Aggregates in Southwest China Karst
.....	HE Yu, SHENG Mao-yin, WANG Ke, <i>et al.</i>	(3752)
Heavy Metal Pollution and Health Risk Assessment of Mine Soil in Yangtze River Economic Belt	ZHANG Zhe, LU Ran, WU Si-yang, <i>et al.</i>	(3763)
Pollution Characteristics and Phytotoxicity of Heavy Metals in the Soil Around Coal Gangue Accumulation Area	SHANG Yu, SANG Nan	(3773)
Evaluation of Mercury Pollution in Soil of Different Land Use Types in Coal-fired Industrial Area	LI Qiang, YAO Wan-cheng, ZHAO Long, <i>et al.</i>	(3781)
Cadmium Enrichment and Bioavailability of Quaternary Profiles in Nansha District, Guangzhou, China	WANG Fang-ting, BAO Ke, HUANG Chang-sheng, <i>et al.</i>	(3789)
Health Risk Assessment and Environmental Benchmark of Heavy Metals in Cultivated Land in Mountainous Area of Northwest Guizhou Province
.....	XU Meng-qi, YANG Wen-tao, YANG Li-yu, <i>et al.</i>	(3799)
Effect Factors and Model Prediction of Soil Heavy Metal Bioaccessibility	ZHANG Jia-wen, TIAN Biao, LUO Jing-jing, <i>et al.</i>	(3811)
Effect of Organic Material Amendments on Soil Respiration in Tobacco Fields of Central Henan	LU Qi-fei, YE Xie-feng, HAN Jin, <i>et al.</i>	(3825)
Methane Production Potential and Methanogenic Pathways in Paddy Soils Under Different Rice-based Cropping Systems	SHEN Wan-yu, HUANG Qiong, MA Jing, <i>et al.</i>	(3835)
Characteristics and Assembly Process of Reclaimed Soil Microbial Communities in Eastern Plain Mining Areas	MA Jing, DONG Wen-xue, ZHU Yan-feng, <i>et al.</i>	(3844)
Differences in Bacterial Community Structure in Rhizosphere Soil of Three <i>Caragana</i> Species and Its Driving Factors in a Common Garden Experiment
.....	LI Yuan-yuan, XU Ting-ting, AI Zhe, <i>et al.</i>	(3854)
Comparison of Bacterial Community Structure and Functional Groups of Paddy Soil Aggregates Between Karst and Non-karst Areas	XIAO Xiao-yi, JIN Zhen-jiang, LENG Meng, <i>et al.</i>	(3865)
Contrasting Responses of the Microbial Community Structure and Functional Traits to Soil pH in Purple Soils	WANG Zhi-hui, JIANG Xian-jun	(3876)
Effects of Agricultural Organic Waste Incorporation on the Metabolic Capacity of Microbial Carbon Sources of Dissolved Organic Matter in Paddy Soil
.....	XIAO Yi, LI Zheng, HUANG Rong, <i>et al.</i>	(3884)