

目次

中国省域差异化碳达峰评价方法与应用	刘润璞, 彭栓, 陈玉烁, 陈民, 张楠, Nihed Benani, 吕连宏, 阳平坚 (1233)
全生命周期视角下中国建筑碳排放空间关联网络演化及影响因素分析	任晓松, 李昭睿 (1243)
京津冀地区城市三生空间碳代谢效率特征及演进模式	田超, 程琳琳, 邵盈钊 (1254)
太原市“十四五”规划大气污染防治政策的 CO ₂ 协同效益评估	肖婷玉, 束赕, 李慧, 王涵, 李俊宏, 严沁, 张文杰, 姜华 (1265)
湖南省工业领域碳减排与空气质量改善协同	李楠, 刘弯弯, 朱书涵, 邢晓雯, 汤克勤, 王松伟, 白露 (1274)
“双碳”背景下河南省电力行业中长期控煤降碳路径	张静, 杨萌, 张伟, 曹东, 赵静, 李勃, 薛英岚, 蒋洪强 (1285)
郑州市公交车队电动化减排降碳环境效益	邹超, 汪亚男, 吴琳, 何敬, 倪经纬, 毛洪钧 (1293)
长江中游城市群城市化对 PM _{2.5} 浓度的多尺度驱动机制	张政, 周廷刚, 周志衡, 昌悦 (1304)
天山北坡城市群 PM _{2.5} 浓度时空分布特征及影响因素分析	王相男, 张喆, 刘方青 (1315)
天津市 PM _{2.5} 碳组分空间差异性来源解析	武甫亮, 吴建会, 戴启立, 肖致美, 冯银厂 (1328)
贵阳市花溪城区大气 PM _{2.5} 中碳质气溶胶的变化特征及来源解析	桂佳群, 杨员, 王显钦, 李云武, 闫广轩, 徐鹏 (1337)
新乡市大气 PM _{2.5} 中水溶性离子的污染特征、来源解析及气象影响分析	刘恒嘉, 李岚清, 李焕莉, 任言, 许梦源, 贾梦珂, 刘恒志, 杨莹, 宋天颂, 洪启航 (1349)
2017~2018 年冬季菏泽大气 PM _{2.5} 中金属元素特征及健康风险评估	杜虹萱, 任丽红, 赵明升, 韩慧霞, 徐义生 (1361)
北京市臭氧污染跳变型特征及影响因素分析	潘锦秀, 安欣欣, 刘保献, 李云婷, 李倩, 孙峰, 张章, 邱启鸿, 陈阳 (1371)
南京夏季大气臭氧光化学特征与敏感性分析	罗丽彤, 章炎麟, 林煜棋, Ahsan Mozaffar, 曹梦瑶 (1382)
苏州市初夏臭氧污染成因及年际变化	吴也正, 张鑫, 顾钧, 缪青, 魏恒, 熊宇, 杨倩, 吴斌, 沈文渊, 马强 (1392)
长江中游典型湖泊沉积物重金属分布特征、生态风险评估及溯源	卢洪斌, 卢少勇, 李响, 张森霖, 黄张根 (1402)
基于 PCA-APCS-MLR 模型的乌梁素海表层沉积物重金属时空分布及来源解析	崔志谋, 史小红, 赵胜男, 卢俊平, 张昊, 刘莹慧, 郭鑫, 王彦隽 (1415)
重庆市长寿湖水表层水体重金属时空分布及风险评价	张瑞溪, 刘娅君, 罗泳楠, 李杰芹, 李彩霞, 李佳佳, 张成 (1428)
长江流域微塑料污染特征及生态风险评估	李思琼, 王华, 储林佑, 曾一川, 闫雨婷 (1439)
宜昌市东山运河微塑料污染评估及年排放量估算	丁爽, 李卫明, 张续同, 刘子健, 高雅坤, 李映成, 王芳炜 (1448)
汜水河(荥阳段)入河排污口水体微塑料赋存特征及风险评估	赵长民, 和兵, 李和通, 张瑞琪, 李银月, 张发文, 桂新, 马丽 (1457)
宁夏入黄排水沟中药物和个人护理品的污染特征与生态风险评价	高礼, 李凌云, 郑兰香, 吴海娟, 陶红, 刘邓超 (1468)
浙南瓯江流域水体抗生素污染特征及风险评价	钟奕昕, 李立湘, 吴鑫, 周施阳, 姚飞延, 董好刚 (1480)
鄱阳湖沉积物中多环芳烃的时空分布及源解析	马妍, 孙晨, 毕茹乐, 张波涛, 刘艳, 邵鹏, 刘统, 王圣瑞, 钟文军 (1492)
杭州湾南岸 20 a 水质净化功能变化及预测	王珊珊, 曹公平, 徐明伟, 黄君宝, 曾剑 (1502)
不同缓冲区的土地利用方式对地表水水质的影响:以海河流域天津段为例	代孟均, 张兵, 杜倩倩, 孙季琰, 田蕾, 王义东 (1512)
长江流域安庆段浅层地下水水化学特征及控制因素	刘海, 宋阳, 李迎春, 魏伟, 赵国红, 王旭东, 黄健敏 (1525)
富营养化湖泊藻华降解产生的溶解性有机质动态变化及其环境效应	张瑾, 陈明滢, 郝智能, 钟寰, 何欢, 雷沛杰 (1539)
紫外光活化亚硫酸盐降解水中卡马西平	林涛, 苑宇杰 (1553)
再生水消毒副产物的检测、生成与控制	廖雨枫, 王正, 潘旸, 李爱民 (1561)
3 种人工湿地基质材料对氨氮的吸附特性	何强, 陈博文, 杨雨静, 周全, 刘彦君, 王志刚, 程呈 (1577)
基于改进遥感生态指数的青藏公路那(曲)安(多)段生态环境评估及驱动机制分析	傅楷翔, 贾国栋, 余新晓, 王旭 (1586)
基于 AWRSEI 的岱海流域生态环境质量时空演变及驱动因子分析	赵嘉丽, 李兴, 孙冰 (1598)
定量评估气候变化对长江中下游地区植被 GPP _{GS} 变化的影响	徐勇, 盘钰春, 邹滨, 郑志成, 郭振东 (1615)
基于 Meta 分析的煤矿区植被恢复对土壤有机碳储量的影响	李健明, 康雨欣, 蒋福祯, 宋明丹, 祁凯斌, 卢素锦, 李正鹏 (1629)
连续周年轮作休耕对土壤团聚体稳定性及有机碳的影响	鲁泽让, 李永梅, 杨春怀, 夏梓泰, 程伟威, 王自林, 赵吉霞, 范茂攀 (1644)
4 种改良剂对酸性紫色土肥力及活性有机碳组分的影响	丁馨茹, 严宁珍, 王子芳, 李志琦, 黄容, 王洋, 代文才, 高明 (1655)
不同植茶年限土壤氮素组分变化及其与环境因子关系	邵奇, 吴涛, 解雪峰, 徐梓晴, 李文琦, 蒋国俊, 张建珍, 徐飞 (1665)
黄河下游典型湿地土壤养分及其生态化学计量特征	王传盈, 王凯月, 王浩然, 张梦迪, 周云凯 (1674)
覆膜年限和有机肥施用对花生田耕层土壤微塑料赋存特征的影响	宋宁宁, 李梦佳, 王学霞, 刘君, 王芳丽, 宗海英, 黄小丽, 王斌, 梁丽娜 (1684)
秸秆还田和添加生物炭对热带地区稻菜轮作体系中淹水后土壤温室气体排放的影响	胡天怡, 车佳玥, 胡煜杰, 陈琦琦, 张冬明, 雷菲, 曾建华, 汤水荣, 伍延正, 孟磊 (1692)
耕作深度调控秸秆还田对农田土壤呼吸的影响	陈曦, 张彦军, 邹俊亮, 李天姿, 于媛, 李晶 (1702)
基于遥感时-空-谱特征及随机森林模型的土壤重金属空间分布预测	王泽强, 张冬有, 徐夕博, 王兆鹏, 杨东宇, 宋晓宁 (1713)
黄河流域农田土壤重金属污染特征及其优先控制源分析	李军, 李旭, 李开明, 焦亮, 台喜生, 臧飞, 曹素珍 (1724)
广西贺州市典型矿区周边耕层土壤 Cd 通量特征	杨烨宇, 李程, 杨忠芳, 张起钻, 邹胜章, 宋淑娥, 蔡贺清 (1739)
基于信息扩散模型的沔东地区土壤重金属潜在生态风险评估	杨楠楠, 韩玲, 刘明 (1749)
湘西地区土壤重金属污染溯源分析及环境质量评价	肖凯琦, 徐宏根, 甘杰, 戴亮亮, 李毅, 李凯, 许青阳, 张俊, 邓世民, 李颖 (1760)
典型行业再利用土壤重金属含量分布、来源解析及生态风险评估	沈城, 王文娟, 沙晨燕, 谢雨晴, 王敏, 吴健 (1769)
省级尺度土壤 As 迁移转化与水稻安全种植区划:以贵州省为例	董心月, 吴勇, 周子寒, 王佛鹏, 张云霞, 宋波 (1781)
谷壳灰硅肥改善土壤质量降低水稻镉砷累积的效应	易轩轲, 欧阳坤, 辜娇峰, 李倩, 游萍, 周航, 廖柏寒 (1793)
EDDS 对土壤铜镉有效性及蓖麻吸收转运的影响	刘文英, 吴刚, 胡红青 (1803)
叶面调理剂对复合污染农田小麦籽粒 Cd、As 和 Pb 累积的阻控效应	肖冰, 王秋实, 高培培, 赵全利, 杨威, 王钊, 刘文菊, 薛培英 (1812)
民勤绿洲退耕地土壤微生物群落结构与功能多样性特征	李常乐, 张富, 王理德, 赵赫然, 赵学成, 张恒平 (1821)
宏基因组揭示紫色土中邻苯二甲酸酯去除的微生物学机制	李雨桐, 余海, 刘坤, 柏宏成, 汪军, 朱正杰 (1830)
养鸡场空气微生物污染及工人呼吸暴露风险	白渔樵, 孙兴滨, 仇天雷, 郭雅杰, 高敏, 王旭明 (1840)
玛瑙河多环境介质和铜锈环螺体内微塑料的赋存特征	高雅坤, 李卫明, 张续同, 刘子健, 李映成, 丁爽, 王芳炜, 刘流 (1849)
不同官能团微塑料对斑马鱼胚胎菌群和代谢功能的胁迫效应	闫振华, 张燕, 包旭辉, 朱培元, 陈玉芳 (1859)

民勤绿洲退耕地土壤微生物群落结构与功能多样性特征

李常乐¹, 张富¹, 王理德^{1,2,3*}, 赵赫然^{2,3}, 赵学成⁴, 张恒平⁴

(1. 甘肃农业大学林学院, 兰州 730070; 2. 甘肃省治沙研究所, 兰州 730070; 3. 甘肃河西走廊森林生态系统国家定位观测研究站, 武威 733000; 4. 甘肃祁连山国家级自然保护区管护中心哈溪自然保护站, 天祝 733206)

摘要: 为明确退耕阶段对土壤微生物群落结构和功能的影响, 选取3个不同退耕阶段的荒漠绿洲区土壤为研究对象, 通过宏基因组测序技术来研究不同阶段退耕地中土壤微生物群落的结构和功能多样性特征。结果表明, 3个阶段退耕地土壤中放线菌门(Actinobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)和芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)的相对丰度存在显著差异, 为优势菌门。与退耕前期相比, 退耕修复后期增加了群体感应、卟啉与叶绿素代谢、泛酸盐和辅酶A生物合成以及苯乙烯降解的功能基因比例, 且相对丰度存在显著差异($P < 0.05$), 表明不同退耕阶段改变了土壤微生物群落营养循环与能量代谢的功能潜力。RDA结果表明电导率(EC)、速效钾(AK)和全氮(TN)对土壤微生物功能组成具有显著影响, 其中EC对微生物功能组成的影响最大。不同退耕阶段对土壤微生物群落结构和功能组成多样性具有显著影响, 在民勤绿洲退耕地生态修复中, 微生物群落结构和功能组成对不同阶段的土壤修复敏感性可综合相关指标进行考虑。

关键词: 民勤绿洲; 退耕地; 宏基因组测序; 功能多样性; 群落结构

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2024)03-1821-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.202305174

Soil Microbial Community Structure and Functional Diversity Character of Abandoned Farmland in Minqin Oasis

LI Chang-le¹, ZHANG Fu¹, WANG Li-de^{1,2,3*}, ZHAO He-ran^{2,3}, ZHAO Xue-cheng⁴, ZHANG Heng-ping⁴

(1. College of Forestry, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China; 2. Gansu Desert Control Research Institute, Lanzhou 730070, China; 3. Gansu Hexi Corridor Forest Ecosystem National Research Station, Wuwei 733000, China; 4. Haxi Station of Gansu Qilian Mountain National Nature Conservation Area Management and Protection Center, Tianzhu 733206, China)

Abstract: To clarify the impact of the structure and function of soil microbial communities in the stage of abandoned farmland, three different stages of land abandoned in desert oasis areas were selected as the research objects. We used metagenomic sequencing technology to research soil microbial community structure and functional diversity characteristics of different stages of abandoned farmland. The results showed that there were significant differences in the relative abundance of the dominant phyla Actinobacteria, Proteobacteria, and Gemmatimonadetes in the soil of the three stages of returning farmland. Compared with that in the early stage of abandoned farmland, the later stage of abandoned farmland restoration increased the gene proportion involved in Quorum sensing, porphyrin and chlorophyll metabolism, pantothenate and CoA biosynthesis, and styrene degradation, and there was a significant difference in relative abundance ($P < 0.05$), which indicated that different stages of abandoned farmland had changed the functional potential of the nutrient cycle and energy metabolism in soil microbial communities. The RDA results showed that EC, AK, and TN had a significant impact on the functional composition of soil microbes, and soil EC had the greatest impact on microbial functional composition. The results showed that different stages of abandoned farmland had a significant impact on the soil microbial community structure and functional composition. In the ecological restoration of abandoned farmland in Minqin Oasis, the sensitivity of microbial community structure and functional composition to soil restoration at different stages should be considered using comprehensive relevant indicators.

Key words: Minqin Oasis; abandoned farmland; macrogenomic sequencing; functional diversity; community structure

退耕区是绿洲农业中不再实施耕作措施的这部分土地所占的区域(空间与面积)。主要是由于水土流失严重、粮食产量低而不稳、风沙危害严重、盐渍化程度高或者水资源缺乏等原因, 不宜作为耕地, 从而退出耕种的坡耕地、沙化地或者其他耕地^[1]。

石羊河流域中下游地区, 曾经是水草丰美的大片绿洲^[2]。但随着上游农业生产对水资源需求增加^[3], 造成下游的民勤绿洲区地表来水量急剧下降^[4]。然而下游地区对地下水资源进行大规模开采, 导致地下水位下降、植被死亡和土地大面积弃耕撂荒^[5], 使之成为新的沙尘源。然而在环境因素较为恶

劣的条件下, 荒漠土壤中仍然储藏着丰富的微生物资源^[6], 土壤微生物在维持生态平衡中起着至关重要的作用, 已被视为土壤环境的敏感指标^[7,8]。因此, 加强对民勤绿洲边缘退耕地土壤微生物群落结构和功能的研究, 对于退耕地修复和保护具有十分重要的意义。

收稿日期: 2023-05-18; 修订日期: 2023-06-20

基金项目: 国家自然科学基金项目(31760709); 甘肃省重点研发计划项目(21YF5FA038); 甘肃省自然科学基金项目(21JR7RA732); 甘肃省教育厅优秀研究生“创新之星”项目(2022CXZX-674)

作者简介: 李常乐(1995-), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤微生物多样性, E-mail: 519814078@qq.com

* 通信作者, E-mail: wldzy69@163.net

土壤微生物是土壤生态系统的核心,在控制与修复土壤污染^[9]、维持土壤养分平衡^[10]以及促进土壤生物地球化学循环^[11]等过程中发挥着重要作用。以往对荒漠土壤微生物的研究主要关注的是微生物群落结构分布特征及其影响因素,有研究发现变形菌门、放线菌门、拟杆菌门(Bacteroides)和厚壁菌门(Firmicutes)为荒漠土壤中的优势细菌类群^[12],王礼霄等^[13]研究表明,土壤细菌群落的多样性随自然恢复年限延长显著增加,同时群落结构也发生了显著变化;微生物的群落结构和活性变化导致土壤营养成分发生了变化^[14]。土壤微生物不仅能够通过产生代谢产物促进植物生长,还可以通过诱导作用使植物发挥拮抗作用抑制病原微生物的生长,使土壤生态系统维持动态平衡^[15],有研究发现哈茨木霉(*Trichoderma harzianum*)可以通过真菌寄生有效抑制马铃薯黑胥病^[16]。土壤微生物作为生物地球化学循环,尤其是碳氮循环过程的重要驱动者,在温室气体排放、调节气候变化方面发挥着重要作用^[17]。由于其微生物群落有高度的功能冗余,无法准确预测微生物的功能特征^[18],而功能基因能更好地预测微生物群落对生境变化的响应^[19]。宏基因组测序的进展极大地提高了描述环境宏基因组的能力^[20],其直接从土壤样品中提取总DNA^[21],与扩增子测序相比较,不仅能够更加全面、真实和精确地反映微生物群落的结构变化,还能提供微生物功能信息,进一步提高对微生物群落及其在环境中功能的认识^[22,23],因此利用宏基因组测序评估微生物功能基因多样性的变化可以更好地阐明绿洲区不同阶段退耕地的修复和保护机制。

目前全球土地退化和沙漠化正在加剧,本文以民勤绿洲不同阶段退耕地为研究对象,借助宏基因组学测序技术,来探究不同阶段退耕地土壤微生物的群落结构和功能多样性特征,研究结果将有助于民勤绿洲退耕地修复管理和保护。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

选择甘肃省民勤县境内不同阶段的退耕地作为采样点。该地区平均海拔1 305 m,多年的平均气温在7.4℃左右,极端最低气温为-28.8℃,极端最高气温为38.1℃;年总辐射量为6 000 MJ·m⁻²,年日照时数为2 832.1 h,光照充足、气候干旱、降雨稀少、蒸发强烈且昼夜温差大,属于典型的温带大陆性干旱气候;年均降水量约113 mm,年均降雨量的72%主要集中在7~9月;年均蒸发量约2 644 mm;年平均风速2.3 m·s⁻¹,沙尘暴日数26.8 d。土壤盐碱化程度高。

主要的草本植物有碱蓬(*Suaeda glauca*)、骆驼蒿(*Peganum nigellastrum*)、骆驼蓬(*Peganum harmala*)、盐生草(*Halogeton arachnoideus*)、藜(*Chenopodium album*)、虎尾草(*Chloris virgata*)和田旋花(*Convolvulus arvensis*)等;主要的灌木植物有黑果枸杞(*Lycium ruthenicum*)、白刺盐爪爪(*Kalidium foliatum*)、小果白刺(*Nitraria sibirica*)和红砂(*Reaumuria soongoria*)等。

1.2 样地设置与样品采集

走访调查农户并查阅民勤绿洲边缘各乡镇土地使用记录,选择试验区土壤没有因自然因素(如地震等)而导致地形的变迁,或因人为因素(如建砖厂等)而引起的土壤物质再分配的地段,在保证样地沙土母质基本相同的情况下,将退耕前期(退耕0~2 a)、中期(退耕4~13 a)和后期(退耕20~40 a)退耕地作为试验样地。

在各个样地采用环刀法取样,按S形取样法选择有代表性的5个1 m×1 m的样地作为固定样点,各采集点之间相距约70 m,在每个固定样点按0~20 cm的深度采集土样,并做3次重复,将土壤样品混合均匀后装入无菌袋中用于土壤理化性质的测定;采集与此相配套的土壤微生物区系分析样品保存在冰箱中带回实验室,提取DNA后送样至上海美吉生物医药科技有限公司进行宏基因组的测定。

1.3 微生物DNA提取与宏基因组测序

利用E. Z. N. A.®试剂盒进行微生物DNA抽提,按照试剂盒说明进行具体操作。完成DNA抽提后,检测DNA浓度和纯度,利用1%琼脂糖凝胶电泳检测DNA完整性。取一定量检测合格的DNA样品送往上海美吉生物医药技术有限公司 Illumina HiSeq 4000平台(Illumina Inc., San Diego, CA, USA)上进行末端配对测序。使用软件fastp(<https://github.com/OpenGene/fastp>)剪切序列3'端和5'端的adapter序列,去除质量剪切后长度小于50 bp、质量平均值低于20以及含N碱基的reads,保留高质量的pair-end reads和single-end reads用于宏基因组分析。使用MEGAHIT(<https://github.com/vouten/megahit>)组装具有不同测序深度的序列。选择长度≥300 bp的Contigs作为最终组装结果,并用于下一步的基因预测和注释。使用MetaGene(<http://metagene.cb.k.u-tokyo.ac.jp/>)对contigs中的开放阅读框(ORFs)进行预测。选取核酸长度≥100 bp的基因,并将其翻译成氨基酸序列,得到每个样本的基因预测结果统计表。使用CD-HIT对所有样本的预测基因序列进行聚类分析(相似度≥95%,覆盖度≥90%),每个类别中最长序列为代表序列,构建非冗余基因集。使用SOAPaligner(<http://soap.genomics.org.cn/>)将每个经过质检reads映射到非冗

余基因集(相似度 $\geq 95\%$),并计算相应样本中基因的丰度信息.使用BLASTP(<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)将非冗余基因集与NCBI-NR、KEGG数据库比对,获得物种、功能注释信息,然后使用物种或功能类别对应的基因丰度总和计算该物种分类和功能的丰度(BLAST比对参数设置期望值 e -value为 $1e^{-5}$).

1.4 土壤理化性质测定

土壤pH值利用pH测定仪测定,土壤有机质利用重铬酸钾-硫酸外加热法测定,电导率利用电导率仪测定,全氮利用凯氏蒸馏法测定,速效钾利用原子吸收分光光度法测定.

1.5 数据处理

采用SPSS 19.0软件对理化性质进行差异显著性检验和相关性分析,采用Excel 2016软件绘图;用

STAMP软件比较不同退耕阶段土壤微生物功能基因相对丰度的差异;采用R语言vegan包中rda对土壤理化性质与微生物功能群落组成进行冗余分析(RDA).

2 结果与分析

2.1 不同阶段退耕地土壤理化特性的差异

在退耕前期、中期和后期的3个样地采集土壤样品,土壤理化性质如表1所示.所有土壤样品pH值较高,呈碱性,pH值在8.00~8.09之间;土壤有机质含量整体上表现为随退耕时间变长呈递减趋势;土壤电导率的值从退耕前期、中期到后期表现为剧增的趋势,退耕前期和后期差异显著;土壤全氮含量变化不大,而速效钾含量也呈现剧增的现象,退耕前期和后期差异显著.

表1 不同阶段退耕地土壤理化性质¹⁾

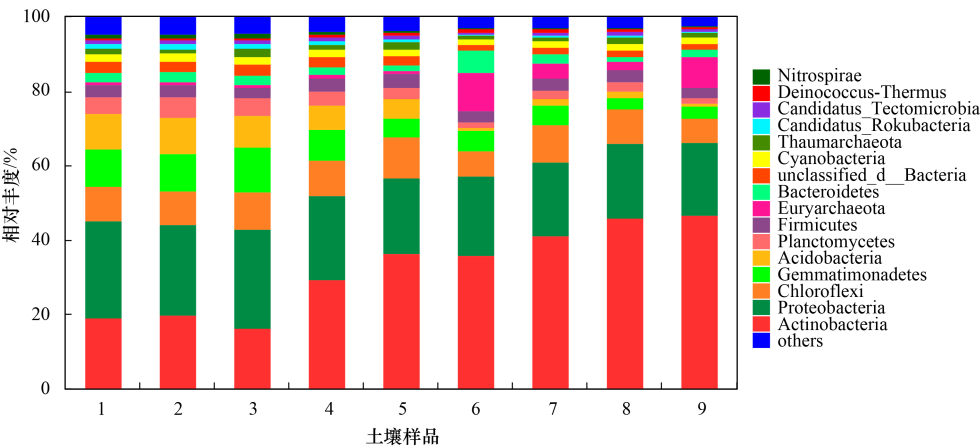
Table 1 Soil physical and chemical properties of abandoned farmland at different stages					
退耕阶段	pH	EC/ $\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$	$\omega(\text{OM})/\%$	$\omega(\text{TN})/\%$	$\omega(\text{AK})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$
前期(ES)	8.08 $\pm$ 0.05a	815.56 $\pm$ 140.84b	1.26 $\pm$ 0.04a	0.03 $\pm$ 0.00a	176.22 $\pm$ 18.14b
中期(MS)	8.09 $\pm$ 0.08a	2 129.11 $\pm$ 831.19b	0.94 $\pm$ 0.05b	0.02 $\pm$ 0.00b	264.53 $\pm$ 41.67ab
后期(LS)	8.00 $\pm$ 0.07a	4 476.67 $\pm$ 379.84a	0.95 $\pm$ 0.07b	0.02 $\pm$ 0.00b	310.21 $\pm$ 31.02a

1) 同列不同小写字母表示在0.05水平差异显著;pH:酸碱度(potential hydrogen),OM:有机质(organic matter),EC:电导率(electrical conductivity),TN:全氮(total nitrogen),AK:速效钾(available K)

2.2 不同阶段退耕地土壤微生物群落组成特征

门水平上退耕地土壤微生物群落结构如图1,其中只展示相对丰度 $>2\%$ 的优势门类群,低于2%的合并为others.在退耕前期、中期和后期的土壤中分别发现了9、5和6个优势菌门.虽然3个阶段土壤中的优势菌门基本相同,但不同阶段退耕地的各

个优势菌门的相对丰度有显著差异.例如,放线菌门和变形菌门在退耕前、中和后期的丰度分别为18.38%和25.79%、33.93%和21.39%及44.61%和19.93%.本研究结果表明放线菌门与退耕阶段呈显著正相关,而变形菌门与退耕阶段呈显著负相关(图2).



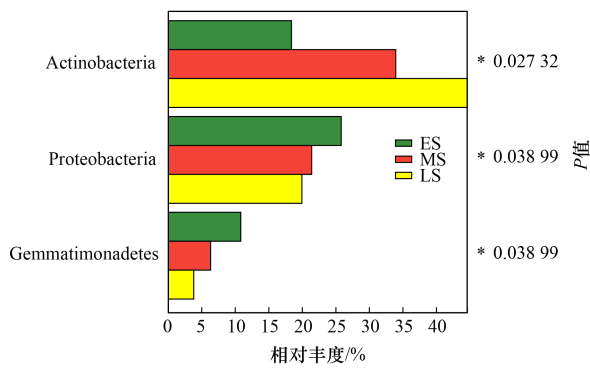
1~3为退耕前期土壤,4~6为退耕中期土壤,7~9为退耕后期土壤

图1 不同阶段退耕地土壤微生物在门分类水平上的群落结构

Fig. 1 Community structure of soil microorganisms in different stages of farmland conversion at phylum level

属水平上退耕地土壤微生物群落结构如图3,其中只展示相对丰度 $>1\%$ 的优势属类群,低于1%的合并为others.在退耕前期、中期和后期的土壤

中分别发现了7、6和8个优势菌,不同阶段退耕地土壤相对丰度占比前3的微生物属存在显著差异(图4).



*表示在 0.05 水平上差异显著

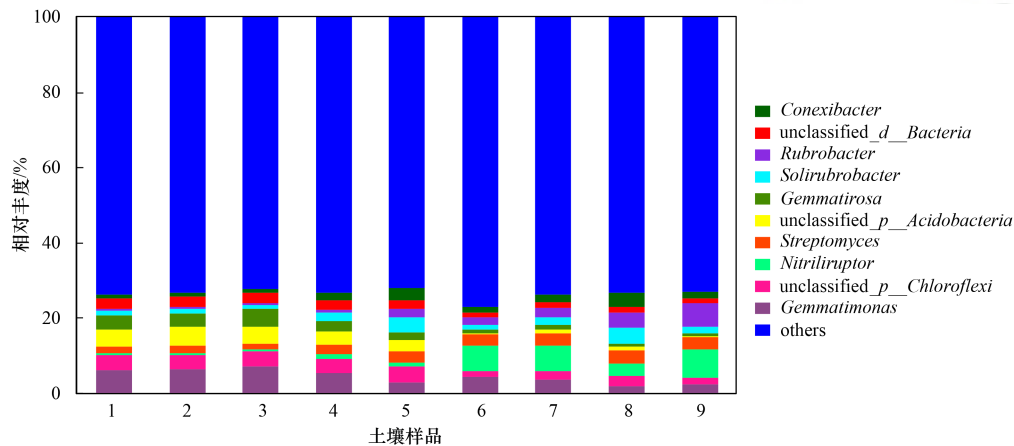
图 2 不同阶段退耕地土壤微生物在门分类水平上相对丰度前 3 的物种差异显著性分析

Fig. 2 Analysis of the significance of species differences among the top three relative abundance of soil microorganisms in different stages of farmland conversion at the phylum level

2.3 不同阶段退耕地土壤微生物群落功能特征

基于 KEGG 数据库,对不同阶段退耕地土壤中获

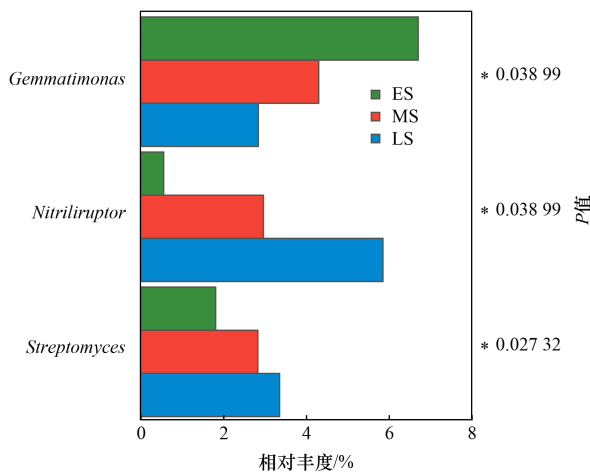
得的非冗余基因集进行了基因功能预测,共有 129 735 322 条 reads 可以对应到相应的功能注释结果中. 属于代谢 (metabolism) 类别的 reads 有 93 513 940 条,属于遗传信息处理 (genetic information processing) 类别的有 12 462 910 条,属于环境信息处理 (environmental information processing) 类别的有 8 305 020 条,属于细胞过程 (cellular processes) 类别的有 7 176 786 条,属于人类疾病 (human diseases) 类别的有 5 009 738 条,属于生物系统 (organismal systems) 类别的有 3 266 928 条. 在 level 1 水平上 (图 5),其中新陈代谢在所有处理中相对丰度最高,前、中和后期分别达到了 55.09%、55.40% 和 55.41%,为土壤微生物的主要功能. 新陈代谢和环境信息处理功能随着退耕阶段的推移,其丰度逐渐增加;人类疾病和生物系统功能随着退耕阶段的推移,其丰度逐渐减少.



1~3 为退耕前期土壤,4~6 为退耕中期土壤,7~9 为退耕后期土壤

图 3 不同阶段退耕地土壤微生物在属分类水平上的群落结构

Fig. 3 Community structure of soil microorganisms in different stages of farmland conversion at genus level



*表示在 0.05 水平上差异显著

图 4 不同阶段退耕地土壤微生物在属分类水平上相对丰度前 3 的物种差异显著性分析

Fig. 4 Analysis of the significance of species differences among the top three relative abundance of soil microorganisms in different stages of farmland conversion at the genus level

在 KEGG level 3 水平比较发现 (图 6), 3 个退耕阶

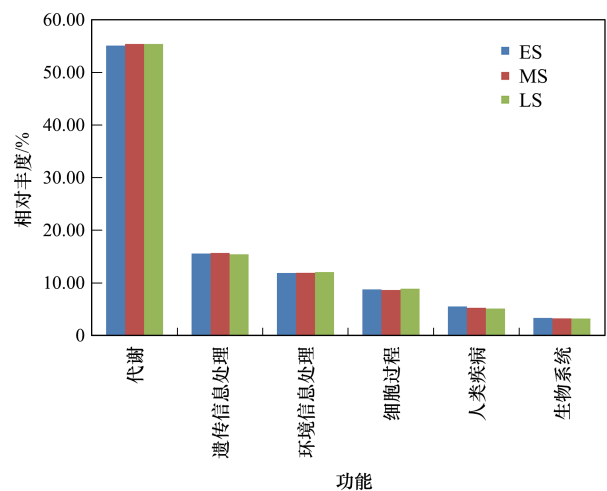


图 5 土壤微生物群落在 KEGG level 1 数据库下功能组成相对丰度柱状图

Fig. 5 Histogram of relative abundance of functional composition of soil microbial communities under KEGG level 1 database

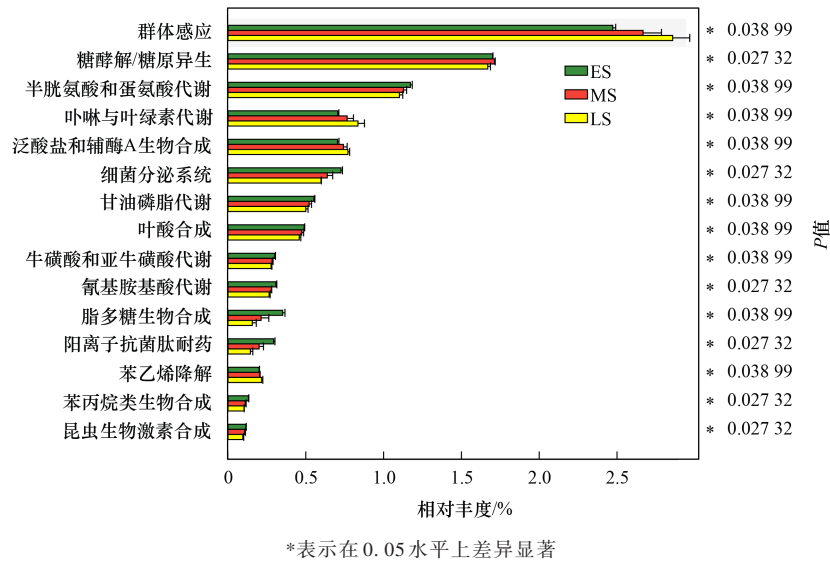


图6 不同阶段退耕地土壤功能基因(KEGG level 3)相对丰度的STAMP分析

Fig. 6 STAMP analysis of the relative abundance of functional gene at KEGG level 3 obtained under in different stages of abandoned farmland

段土壤中注释到最多的KEGG功能分类都是群体感应(quorum sensing),其次是糖酵解/糖原异生(glycolysis/gluconeogenesis)以及半胱氨酸和蛋氨酸代谢(cysteine and methionine metabolism)。不同退耕阶段土壤中的微生物功能代谢差异显著,群体感应(quorum sensing)、卟啉与叶绿素代谢(porphyrin and chlorophyll metabolism)、泛酸盐和辅酶A生物合成(pantothenate and CoA biosynthesis)以及苯乙烯降解(styrene degradation)随着退耕阶段的推移,其相对丰度逐渐升高;半胱氨酸和蛋氨酸代谢(cysteine and methionine metabolism)、细菌分泌系统(bacterial secretion system)、甘油磷脂代谢(glycerophospholipid metabolism)、叶酸合成(folate biosynthesis)、牛磺酸和亚牛磺酸代谢(taurine and hypotaurine metabolism)、氰基氨基酸代谢(cyanoamino acid metabolism)、脂多糖生物合成(lipopolysaccharide biosynthesis)、阳离子抗菌肽耐药[cationic antimicrobial peptide (CAMP) resistance]、苯丙烷类生物合成(phenylpropanoid biosynthesis)以及昆虫激素生物合成(insect hormone biosynthesis)随着退耕阶段的推移,其相对丰度逐渐降低。

2.4 土壤微生物功能组成与土壤理化因子的相关性分析

不同阶段退耕地土壤微生物功能组成之间的重叠情况采用Venn图呈现(图7),然而发现所有的样本共有的微生物功能群落有376种,占有微生物功能群落的94.95%。在退耕前期和中期土壤中有8种微生物功能群落共享,功能群落的相似性为2.02%,在退耕后期和退耕中期土壤中有6种微生物功能群落共享,功能群落的相似性为1.52%,而在退

耕前期土壤中仅有2种微生物功能群落和后期土壤共享,功能群落的相似性明显降低,仅为0.51%,这个结果说明土壤微生物功能组成随退耕时间有显著变化。

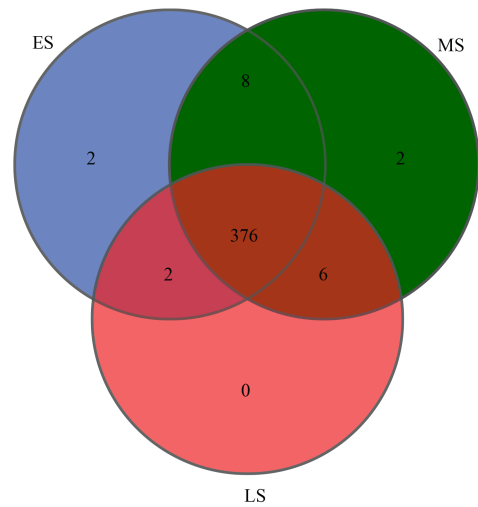


图7 不同阶段退耕地土壤微生物功能分类水平维恩图

Fig. 7 Venn map of soil microbial function classification levels in different stages of returned farmland

RDA分析结果表明EC、AK和TN对土壤微生物群落功能组成具有显著影响($P<0.05$,图8),第一和第二排序轴分别解释了59.79%和16.10%的微生物功能组成,说明本研究选取的土壤理化因子具有一定的代表性。从3个阶段退耕地土壤样地在图8中的分布可知,退耕前期和后期土壤样地分布的距离较远,说明退耕前期和退耕后期土壤微生物功能组成差异显著,与Venn图的结果一致。土壤理化因子对微生物功能组成的相关性分析表明,EC、TN和AK与土壤微生物功能组成都具有显著的相关性(表2),且

土壤 EC 与微生物功能组成的相关性最大 ($R^2=0.8955, P=0.003$).

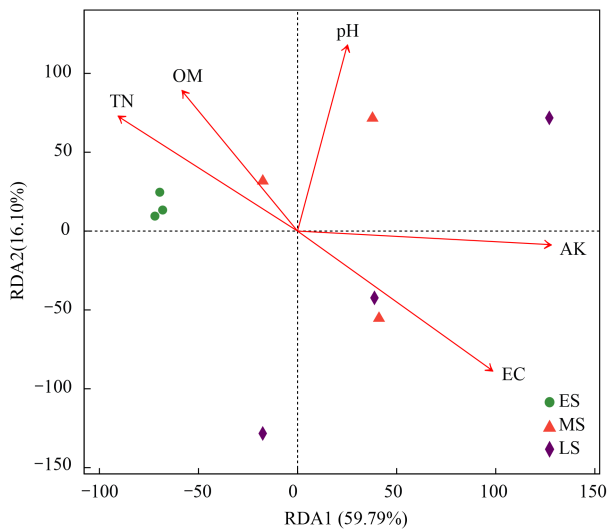


图8 不同阶段退耕地土壤微生物功能组成与土壤理化性质的冗余分析

Fig. 8 RDA between soil microbial functional composition and soil physicochemical properties in different stages of farmland conversion

表2 土壤理化性质与微生物群落功能组成的相关性

Table 2 Correlation between soil physical and chemical properties and microbial community functional composition

变量	R^2	P
pH	0.600 5	0.058
OM	0.576 7	0.093
EC	0.895 5	0.003
TN	0.682 8	0.035
AK	0.705 7	0.03

3 讨论

本研究中,不同阶段退耕地的土壤中都有放线菌门、变形菌门、芽单胞菌门和绿弯菌门(Chloroflexi)等优势微生物,而且优势微生物菌门的相对丰度排序并没有较大的差异;本研究发现,放线菌门与退耕阶段呈显著正相关,而变形菌门与退耕阶段呈显著负相关,可见放线菌门作用于土壤肥力的形成和提高^[24,25],表明在不同退耕阶段,优势菌门的相对丰度发生了变化.放线菌门在所有土壤中的占比都是最多的,其次是变形菌门和绿弯菌门,这与前人的研究结果是相同^[26,27].刘洋等^[28]对黄土高原不同植被类型下土壤细菌群落特征的研究发现,碱性土壤中的主要优势菌门为放线菌门,本研究发现放线菌门在民勤绿洲边缘退耕地中丰度达34%,这是由于荒漠地区土壤含水量极低且太阳辐射强度大,造成土壤盐碱化严重、营养物质含量少且植被覆盖度低,而放线菌具备孢子生殖、多个UV修复机制和竞争优势的次级代谢合成能力,产生的孢子能够抵抗

外界不利的环境条件,使其成为优势菌群^[29,30];另外,放线菌门属于革兰氏阳性细菌,被认为是世界上最大的菌门^[31],保持着较高的物种丰富度和功能多样性,能够对木质素和纤维素进行分解^[32],进而为土壤微生物的生长提供更多的营养物质,该试验区土壤呈碱性,而放线菌门喜欢微碱性环境^[33],这为放线菌门的生长提供了良好环境,使其在民勤绿洲退耕地分布较广.本研究中芽单胞菌门相对丰度含量较高,赵娇等^[34]研究发现,黄河三角洲盐生植物根际土壤中芽单胞菌门相对丰度较高,说明芽单胞菌门具有嗜盐或耐盐的特征.前人研究发现绿弯菌门具有耐贫瘠与抗旱性强的特点^[35],本研究中绿弯菌门相对丰度也较高,体现出其具有光能自养的特点,通过3-羟基丙酸途径固定 CO_2 产生能量.在属水平,芽单胞菌属在所有土壤样品中相对丰度最高,为4.62%,芽单胞菌属是芽单胞菌门唯一正式命名的属,其作用与多磷酸盐积累有关^[36];其次是腈基降解菌属(*Nitriliruptor*),相对丰度为3.13%.不论是在门水平还是属水平不同退耕阶段对土壤微生物群落组成有显著差异,表明这些微生物类群在民勤绿洲退耕地土壤生态系统中发挥着重要作用,在维持生态系统稳定中占据重要的地位.

由于微生物群落内部存在高度的功能冗余,因此群落结构并不一定决定了微生物群落的功能^[37],应同时进行微生物分类学和功能分析,以便更好地理解土壤微生物这个“黑匣子”^[38].本研究通过与KEGG数据库进行比对,将功能基因进行分类注释,来确定微生物群落组成差异是否会影响微生物群落水平的功能变化.分析结果表明:微生物群落的总体功能代谢特征的差异显著,说明微生物群落的功能多样性对不同阶段的土壤修复敏感.这与前人的研究结果不同,Delmont等^[39]研究发现,季节和土层深度对草地土壤微生物的功能影响不显著,微生物的总体功能相对保守.通过与KEGG level 1数据库做比对发现,新陈代谢是荒漠土壤微生物的主要功能,在3个不同退耕阶段丰度最高,分别达到了55.09%、55.40%和55.41%,说明代谢是民勤绿洲退耕地土壤微生物在土壤中主要的活动过程.Chen等^[40]研究发现微生物功能基因的丰度是影响呼吸、硝化和反硝化等土壤过程速率的主导因素;Xiang等^[41]研究发现碳氮磷硫功能基因丰度与微生物多样性存在显著正相关关系,表明功能基因丰度的高低在一定程度上可暗示其微生物群落结构的复杂性^[42].相较于退耕前期,退耕后期新陈代谢的功能丰度提高了0.32%,说明退耕时间的长短可以影响土壤微生物的代谢能力,而土壤微生物代谢能力的提高有利于植物对土

壤养分的吸收利用. 新陈代谢功能丰度的增加可能使植物多样性增加,产生了较多的腐殖质,其在腐殖化过程中需要大量的化合物参与,而化合物分解则需要微生物释放能量进行代谢^[43],因此导致其丰度增加,这也表明土壤微生物对逆境胁迫与干扰的适应性.

土壤特性是塑造土壤微生物群落的最重要因素之一^[44],有研究表明土壤理化性质对土壤微生物群落的形成具有较大影响^[45,46],土壤为微生物群落的生长繁殖提供微环境,其理化性质又间接地影响土壤微生物群落结构的组成和功能^[47,48],特别是盐分的改变会成为影响微生物群落结构和功能多样性的主要因素^[49,50],而本研究对民勤绿洲边缘退耕地土壤理化性质进行测定分析可知,民勤绿洲边缘退耕地随退耕时间增加呈现土壤含盐量剧增现象,增幅高达448.91%,而土壤养分含量处于较低或极低水平,从而对荒漠生态系统造成影响. 本研究中RDA分析表明,EC是土壤微生物群落功能结构的重要影响因子,表明较高的含盐量是荒漠地区重要的限制因素,这与Yang等^[51]的研究结论一致.

不同阶段退耕地土壤微生物群落结构和功能多样性变化较大,土壤理化性质在塑造微生物群落方面发挥着重要作用,而盐渍环境中的微生物有着特殊的结构、生理机制以及特殊的代谢产物,利用耐盐碱微生物修复盐碱土壤已经成为生物改良盐碱地的重要手段,土壤耐盐碱微生物在土壤中数量庞大、种类丰富并且适应能力强^[52],一方面促进植物生长发育,另一方面可以提高盐碱地土壤肥力、进一步缓解土壤盐碱危害^[53],在退耕地生态修复中可以进一步考虑从土壤中分离筛选出耐盐碱的菌株,然后对其进行鉴别与功能性评价分析,从而为改良民勤绿洲退耕地提供微生物资源和理论基础.

4 结论

(1)不同阶段退耕地土壤微生物群落结构存在明显的变化,放线菌门、变形菌门和芽单胞菌门等优势菌门的相对丰度存在显著差异.

(2)退耕过程中土壤微生物群落功能组成和丰度有明显变化,退耕后期群体感应、吡啶与叶绿素代谢、泛酸盐和辅酶A生物合成和苯乙烯降解的基因相对丰度显著高于退耕前期.

(3)不同阶段退耕地土壤微生物功能结构存在显著差异. 通过冗余分析发现,EC、AK和TN对土壤微生物功能组成具有显著影响,其中土壤EC对微生物功能组成的影响最大.

参考文献:

- [1] 王理德,姚拓,王方琳,等. 石羊河下游退耕地土壤微生物变化及土壤酶活性[J]. 生态学报, 2016, **36**(15): 4769-4779.
Wang L D, Yao T, Wang F L, *et al.* Soil microbial and soil enzyme activity in a discontinued farmland by the Lower Shiyang River[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, **36**(15): 4769-4779.
- [2] 宋达成,吴昊,王理德,等. 民勤退耕区次生草地土壤微生物及土壤酶活性变化特征[J]. 中国草地学报, 2021, **43**(6): 85-93.
Song D C, Wu H, Wang L D, *et al.* Characteristics of soil microbe and soil enzymatic activity on secondary grassland of abandoned land with different restoration years in Minqin[J]. *Chinese Journal of Grassland*, 2021, **43**(6): 85-93.
- [3] 柴成武,王理德,尉秋实,等. 民勤青土湖区不同年限退耕地土壤水分和养分变化[J]. 水土保持研究, 2020, **27**(5): 101-105.
Chai C W, Wang L D, Wei Q S, *et al.* Soil moisture and nutrient changes in different years of abandoned farmlands in Qingtu district[J]. *Research of Soil and Water Conservation*, 2020, **27**(5): 101-105.
- [4] 杨朋朋. 民勤绿洲地带理化性质及盐渍化研究[D]. 兰州: 兰州大学, 2018.
- [5] Xue J, Gu D W, Lei J Q, *et al.* Oasification: An unable evasive process in fighting against desertification for the sustainable development of arid and semiarid regions of China[J]. *CATENA*, 2019, **179**: 197-209.
- [6] 汪顺义,冯浩杰,王克英,等. 盐碱地土壤微生物生态特性研究进展[J]. 土壤通报, 2019, **50**(1): 233-239.
Wang S Y, Feng H J, Wang K Y, *et al.* Advances of soil microbial ecological characteristics in saline-alkali soil[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2019, **50**(1): 233-239.
- [7] 段鹏,张永超,王金贵,等. 青藏高原高寒湿地退化过程中土壤微生物群落功能多样性特征[J]. 草地学报, 2020, **28**(3): 759-767.
Duan P, Zhang Y C, Wang J G, *et al.* Functional diversity of soil microbial communities during degradation of alpine wetlands in Qinghai-Tibet Plateau[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2020, **28**(3): 759-767.
- [8] 王理德,田青,郭春秀,等. 不同退耕年限干旱绿洲植被群落及灰棕漠土特性变化[J]. 土壤学报, 2021, **58**(6): 1436-1447.
Wang L D, Tian Q, Guo C X, *et al.* Variation of Oasis vegetation communities and properties of grey brown desert soil relative to History of "Grain for Green" in arid regions[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2021, **58**(6): 1436-1447.
- [9] 郭军康,董明芳,丁永祯,等. 根际促生菌影响植物吸收和转运重金属的研究进展[J]. 生态环境学报, 2015, **24**(7): 1228-1234.
Guo J K, Dong M F, Ding Y Z, *et al.* Effects of plant growth promoting rhizobacteria on plants heavy metal uptake and transport: A review [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2015, **24**(7): 1228-1234.
- [10] Van Der Heijden M G A, Bardgett R D, Van Straalen N M. The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems[J]. *Ecology Letters*, 2008, **11**(3): 296-310.
- [11] 王朱碧,王尚,刘洋炎,等. 宏基因组技术在氮循环功能微生物分子检测研究中的应用[J]. 生物技术通报, 2018, **34**(1): 1-14.
Wang Z J, Wang S, Liu Y Y, *et al.* The applications of

- metagenomics in the detection of environmental microbes involving in nitrogen cycle[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2018, **34**(1): 1-14.
- [12] 李婷, 张威, 刘光琇, 等. 荒漠土壤微生物群落结构特征研究进展[J]. *中国沙漠*, 2018, **38**(2): 329-338.
- Li T, Zhang W, Liu G X, *et al.* Advances in the study of microbial ecology in desert soil[J]. *Journal of Desert Research*, 2018, **38**(2): 329-338.
- [13] 王礼霄, 刘晋仙, 柴宝峰. 华北亚高山土壤细菌群落及氮循环对退耕还草的响应[J]. *生态环境学报*, 2022, **31**(8): 1537-1546.
- Wang L X, Liu J X, Chai B F. Response of soil bacterial community and nitrogen cycle during the natural recovery of abandoned farmland in subalpine of the North China[J]. *Ecology and Environment Sciences*, 2022, **31**(8): 1537-1546.
- [14] Lange M, Habekost M, Eisenhauer N, *et al.* Biotic and abiotic properties mediating plant diversity effects on soil microbial communities in an experimental grassland[J]. *PLoS One*, 2014, **9**(5), doi: 10.1371/journal.pone.0096182.
- [15] 曲云柯. 盐碱农田土壤酶活性和微生物代谢多样性对碳组分变化的综合作用研究[D]. 长春: 吉林大学, 2022.
- Qu Y K. Comprehensive effects of soil enzyme activity and microbial metabolic diversity on carbon fractions variation in saline-alkali farmland[D]. Changchun: Jilin University, 2022.
- [16] Abdul Rauf C, Naz F, Ahmad I, *et al.* Management of black scurf of potato with effective microbes (EM), biological potassium fertilizer (BPF) and *Trichoderma harzianum* [J]. *International Journal of Agriculture and Biology*, 2015, **17**(3): 601-606.
- [17] 付伟, 武慧, 赵爱花, 等. 陆地生态系统氮沉降的生态效应: 研究进展与展望[J]. *植物生态学报*, 2020, **44**(5): 475-493.
- Fu W, Wu H, Zhao A H, *et al.* Ecological impacts of nitrogen deposition on terrestrial ecosystems: Research progresses and prospects[J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2020, **44**(5): 475-493.
- [18] Fierer N, Leff J W, Adams B J, *et al.* Cross-biome metagenomic analyses of soil microbial communities and their functional attributes[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2012, **109**(52): 21390-21395.
- [19] Burke C, Steinberg P, Rusch D, *et al.* Bacterial community assembly based on functional genes rather than species [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2011, **108**(34): 14288-14293.
- [20] 罗正明, 刘晋仙, 胡砚秋, 等. 五台山不同退化程度亚高山草甸土壤微生物群落分类与功能多样性特征[J]. *环境科学*, 2023, **44**(5): 2918-2927.
- Luo Z M, Liu J X, Hu Y Q, *et al.* Taxonomic and functional diversity of soil microbial communities in subalpine meadow with different degradation degrees in Mount Wutai [J]. *Environmental Science*, 2023, **44**(5): 2918-2927.
- [21] 吴波, 冯凯, 职晓阳, 等. 环境微生物组多样性及功能研究进展[J]. *中山大学学报(自然科学版)*, 2017, **56**(5): 1-11.
- Wu B, Feng K, Zhi X Y, *et al.* Progresses in environmental microbiome diversity and function research [J]. *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Sunyatseni*, 2017, **56**(5): 1-11.
- [22] 邓晔, 冯凯, 魏子艳, 等. 宏基因组学在环境工程领域的应用及研究进展[J]. *环境工程学报*, 2016, **10**(7): 3373-3382.
- Deng Y, Feng K, Wei Z Y, *et al.* Recent studies and applications of metagenomics in environmental engineering[J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2016, **10**(7): 3373-3382.
- [23] 马海霞, 张丽丽, 孙晓萌, 等. 基于宏组学方法认识微生物群落及其功能[J]. *微生物学通报*, 2015, **42**(5): 902-912.
- Ma H X, Zhang L L, Sun X M, *et al.* Understanding microbial communities and their functions by meta-omics approaches [J]. *Microbiology China*, 2015, **42**(5): 902-912.
- [24] 杨斌, 薛泉宏, 陈占全, 等. 青海沙珠玉人工植被系统土壤放线菌生态分布及拮抗性[J]. *应用生态学报*, 2008, **19**(8): 1694-1701.
- Yang B, Duan Q H, Chen Z Q, *et al.* Ecological distribution and antimicrobial effects of soil actinomycetes in artificial vegetation systems in Shazhuyu of Qinghai, China [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2008, **19**(8): 1694-1701.
- [25] Quaiser A, Ochsenreiter T, Lanz C, *et al.* Acidobacteria form a coherent but highly diverse group within the bacterial domain: evidence from environmental genomics [J]. *Molecular Microbiology*, 2003, **50**(2): 563-575.
- [26] 魏鹏, 安沙舟, 董乙强, 等. 基于高通量测序的准噶尔盆地荒漠土壤细菌多样性及群落结构特征[J]. *草业学报*, 2020, **29**(5): 182-190.
- Wei P, An S Z, Dong Y Q, *et al.* A high-throughput sequencing evaluation of bacterial diversity and community structure of the desert soil in the Junggar Basin [J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2020, **29**(5): 182-190.
- [27] Bachar A, Al-Ashhab A, Soares M I M, *et al.* Soil microbial abundance and diversity along a low precipitation gradient [J]. *Microbial Ecology*, 2010, **60**(2): 453-461.
- [28] 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): 3928-3938.
- [29] 李善家, 王福祥, 从文倩, 等. 河西走廊荒漠土壤微生物群落结构及环境响应[J]. *土壤学报*, 2022, **59**(6): 1718-1728.
- Li S J, Wang F X, Cong W Q, *et al.* Microbial community structure and environmental response of desert soil in Hexi Corridor [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2022, **59**(6): 1718-1728.
- [30] 任敏. 塔里木盆地微生物群落结构及其在碳氮元素循环中的作用[D]. 武汉: 华中农业大学, 2018.
- Ren M. Microbial communities in the Tarim Basin soil: Diversity and their roles in carbon and nitrogen cycle[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2018.
- [31] Spain A M, Krumholz L R, Elshahed M S. Abundance, composition, diversity and novelty of soil *Proteobacteria* [J]. *The ISME Journal*, 2009, **3**(8): 992-1000.
- [32] 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.
- [33] 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.
- [34] 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.

- [35] 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.
- [36] 胡杰, 何晓红, 李大平, 等. 鞘氨醇单胞菌研究进展[J]. *应用与环境生物学报*, 2007, **13**(3): 431-437.
Hu J, He X H, Li D P, *et al.* Progress in research of *Sphingomonas* [J]. *Chinese Journal of Applied & Environmental Biology*, 2007, **13**(3): 431-437.
- [37] Frossard A, Gerull L, Mutz M, *et al.* Disconnect of microbial structure and function: enzyme activities and bacterial communities in nascent stream corridors[J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(3): 680-691.
- [38] 王智慧, 蒋先军. 紫色土中微生物群落结构及功能特征对土壤 pH 的差异响应[J]. *环境科学*, 2022, **43**(7): 3876-3883.
Wang Z H, Jiang X J. Contrasting responses of the microbial community structure and functional traits to soil pH in purple soils [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(7): 3876-3883.
- [39] Delmont T O, Prestat E, Keegan K P, *et al.* Structure, fluctuation and magnitude of a natural grassland soil metagenome [J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(9): 1677-1687.
- [40] Chen Q L, Ding J, Li C Y, *et al.* Microbial functional attributes, rather than taxonomic attributes, drive top soil respiration, nitrification and denitrification processes[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **734**, doi: 10.1016/j.scitotenv. 2020.139479.
- [41] Xiang Q, Chen Q L, Zhu D, *et al.* Microbial functional traits in phyllosphere are more sensitive to anthropogenic disturbance than in soil[J]. *Environmental Pollution*, 2020, **265**, doi: 10.1016/j.envpol.2020.114954.
- [42] 张洁洁, Priemé A, 陈显轲, 等. 基于 QMEC 分析的青藏高原不同类型冰川前缘地土壤微生物功能潜力[J]. *环境科学*, 2023, **44**(1): 512-519.
Zhang J J, Priemé A, Chen X K, *et al.* QMEC-based analysis of the soil microbial functional potentials across different Tibetan Plateau glacier forelands [J]. *Environmental Science*, 2023, **44**(1): 512-519.
- [43] Toledo M, Gutiérrez M C, Siles J A, *et al.* Chemometric analysis and NIR spectroscopy to evaluate odorous impact during the composting of different raw materials [J]. *Journal of Cleaner Production*, 2017, **167**: 154-162.
- [44] 杜雄峰, 厉舒祯, 冯凯, 等. 农牧交错带草地土壤剖面微生物总量、多样性和互作网络的垂直分布特征[J]. *微生物学通报*, 2020, **47**(9): 2789-2806.
Du X F, Li S Z, Feng K, *et al.* Vertical distribution features of microbial quantity, diversity and interactions along soil profiles in an agropasture grassland[J]. *Microbiology China*, 2020, **47**(9): 2789-2806.
- [45] Che R X, Wang Y F, Li K X, *et al.* Degraded patch formation significantly changed microbial community composition in alpinemeadow soils [J]. *Soil and Tillage Research*, 2019, **195**, doi: 10.1016/j.still.2019.104426.
- [46] Yu Y, Zheng L, Zhou Y J, *et al.* Changes in soil microbial community structure and function following degradation in a temperate grassland[J]. *Journal of Plant Ecology*, 2021, **14**(3): 384-397.
- [47] 刘坤和, 薛玉琴, 竹兰萍, 等. 嘉陵江滨岸带不同土地利用类型对土壤细菌群落多样性的影响[J]. *环境科学*, 2022, **43**(3): 1620-1629.
Liu K H, Xue Y Q, Zhu L P, *et al.* Effect of different land use types on the diversity of soil bacterial community in the coastal zone of Jialing River[J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(3): 1620-1629.
- [48] 陈珊. 施肥对高寒草甸土壤微生物群落组成与结构及碳矿化的影响[D]. 兰州: 兰州大学, 2020.
Chen S. Effects of fertilization on soil microbial community composition and structure and carbon mineralization in alpine meadows[D]. Lanzhou: Lanzhou University, 2020.
- [49] 石万里, 王辉, 马维伟. 沙区植被恢复对土壤微生物量及活性的影响[J]. *中国沙漠*, 2017, **37**(3): 507-513.
Shi W L, Wang H, Ma W W. Effects of vegetation restoration on soil microbial biomass and activity in desert area [J]. *Journal of Desert Research*, 2017, **37**(3): 507-513.
- [50] 张红霞, 张舒雅, 张玉涛, 等. 山药根际土壤微生物 16S rRNA 多样性及影响因素[J]. *土壤学报*, 2019, **56**(5): 1235-1246.
Zhang H X, Zhang S Y, Zhang Y T, *et al.* Genetic 16S rRNA diversity of soil microbes in rhizosphere of Chinese yam and its influencing factors [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2019, **56**(5): 1235-1246.
- [51] Yang H, Hu J X, Long X H, *et al.* Salinity altered root distribution and increased diversity of bacterial communities in the rhizosphere soil of Jerusalem artichoke [J]. *Scientific Reports*, 2016, **6**(1), doi: 10.1038/srep20687.
- [52] 鲁凯珩, 金杰人, 肖明. 微生物肥料在盐碱土壤中的应用展望[J]. *微生物学通报*, 2019, **46**(7): 1695-1705.
Lu K H, Jin J R, Xiao M. Prospect of microbial fertilizer in saline soil[J]. *Microbiology China*, 2019, **46**(7): 1695-1705.
- [53] 于建, 宋以玲, 丁方军, 等. 复合微生物肥料对盐胁迫下番茄生理特性的影响[J]. *土壤通报*, 2020, **51**(2): 372-380.
Yu J, Song Y L, Ding F J, *et al.* Effects of compound microbial fertilizers on physiological characteristics of tomato under salt stress [J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2020, **51**(2): 372-380.

CONTENTS

Research on the Evaluation Method and Application of Provincial Differentiated Carbon Peaking in China	LIU Run-pu, PENG Shuan, CHEN Yu-shuo, <i>et al.</i> (1233)
Evolution and Influencing Factors of Spatial Correlation Network of Construction Carbon Emission in China from the Perspective of Whole Life Cycle	REN Xiao-song, LI Zhao-rui (1243)
Efficiency Characteristics and Evolution Patterns of Urban Carbon Metabolism of Production-Living-Ecological Space in Beijing-Tianjin-Hebei Region	TIAN Chao, CHENG Lin-lin, SHAO Ying-chao (1254)
Assessment of CO ₂ Co-benefits of Air Pollution Control Policies in Taiyuan's 14th Five-Year Plan	XIAO Ting-yu, SHU Yun, LI hui, <i>et al.</i> (1265)
Coordinated Control of Carbon Emission Reduction and Air Quality Improvement in the Industrial Sector in Hunan Province	LI Nan, LIU Wan-wan, ZHU Shu-han, <i>et al.</i> (1274)
Coal Control and Carbon Reduction Path in Henan Province's Power Industry Under the Carbon Peak and Neutralization Target: A Medium- and Long-term Study	ZHANG Jing, YANG Meng, ZHANG Wei, <i>et al.</i> (1285)
Environmental Benefits of Pollution and Carbon Reduction by Bus Fleet Electrification in Zhengzhou	ZOU Chao, WANG Ya-nan, WU Lin, <i>et al.</i> (1293)
Multi-scale Driving Mechanism of Urbanization on PM _{2.5} Concentration in Urban Agglomeration in the Middle Reaches of the Yangtze River	ZHANG Zheng, ZHOU Ting-gang, ZHOU Zhi-heng, <i>et al.</i> (1304)
Analysis of Spatio-temporal Distribution Characteristics and Influencing Factors of PM _{2.5} Concentration in Urban Agglomerations on the Northern Slope of Tianshan Mountains	WANG Xiang-nan, ZHANG Zhe, LIU Fang-qing (1315)
Spatial Variability and Source Apportionment of PM _{2.5} Carbon Components in Tianjin	WU Fu-liang, WU Jian-hui, DAI Qi-li, <i>et al.</i> (1328)
Characteristics and Source Analysis of Carbonaceous Aerosols in PM _{2.5} in Huaxi District, Guiyang	GUI Jia-qun, YANG Yuan, WANG Xian-qin, <i>et al.</i> (1337)
Pollution Characteristics, Source Apportionment, and Meteorological Response of Water-soluble Ions in PM _{2.5} in Xinxiang, North China	LIU Huan-jia, LI Lan-qing, LI Huan-li, <i>et al.</i> (1349)
Characterization of Metal Elements in Atmospheric PM _{2.5} and Health Risk Assessment in Heze in Winter from 2017 to 2018	DU Hong-xuan, REN Li-hong, ZHAO Ming-sheng, <i>et al.</i> (1361)
Analysis of the Jumping Characteristics and Influencing Factors of Ozone Pollution in Beijing	PAN Jin-xin, AN Xin-xin, LIU Bao-xian, <i>et al.</i> (1371)
Analysis of Photochemical Characteristics and Sensitivity of Atmospheric Ozone in Nanjing in Summer	LUO Li-tong, ZHANG Yan-lin, LIN Yu-qi, <i>et al.</i> (1382)
Ozone Pollution in Suzhou During Early Summertime: Formation Mechanism and Interannual Variation	WU Ye-zheng, ZHANG Xin, GU Jun, <i>et al.</i> (1392)
Distribution Characteristics, Ecological Risk Assessment, and Source Tracing of Heavy Metals in the Sediments of Typical Lakes in the Middle Reaches of the Yangtze River	LU Hong-bin, LU Shao-yong, LI Xiang, <i>et al.</i> (1402)
Spatiotemporal Distribution and Source Analysis of Heavy Metals in Surface Sediments in Lake Ulansuhai Based on PCA-APCS-MLR Model	CUI Zhi-mou, SHI Xiao-hong, ZHAO Sheng-nan, <i>et al.</i> (1415)
Spatial and Temporal Distribution and Risk Assessment of Heavy Metals in Surface Water of Changshou Lake Reservoir, Chongqing	ZHANG Rui-xi, LIU Ya-jun, LUO Yong-nan, <i>et al.</i> (1428)
Pollution Characteristics and Ecological Risk Assessment of Microplastics in the Yangtze River Basin	LI Si-qiong, WANG Hua, CHU Lin-you, <i>et al.</i> (1439)
Assessment of Microplastic Pollution and Estimation of Annual Emission Volume in the Dongshan Canal of Yichang City	DING Shuang, LI Wei-ming, ZHANG Xu-tong, <i>et al.</i> (1448)
Occurrence Characteristic and Risk Assessment of Microplastics in Sishui River (Xingyang Section)	ZHAO Chang-min, HE Bing, LI He-tong, <i>et al.</i> (1457)
Contamination Characteristics and Ecological Risk Assessment of Pharmaceuticals and Personal Care Products in Drains Flowing into the Yellow River of Ningxia	GAO Li, LI Ling-yun, ZHENG Lan-xiang, <i>et al.</i> (1468)
Characteristics and Risk Assessment of Antibiotic Contamination in Oujiang River Basin in Southern Zhejiang Province	ZHONG Yi-xin, LI Li-xiang, WU Xin, <i>et al.</i> (1480)
Spatial-temporal Distribution and Source Analysis of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in the Sediments of Poyang Lake	MA Yan, SUN Chen, BI Jia-le, <i>et al.</i> (1492)
Change and Prediction of Water Purification Function in the South Bank of Hangzhou Bay in the Past 20 Years	WANG Shan-shan, CAO Gong-ping, XU Ming-wei, <i>et al.</i> (1502)
Effects of Land Use Types on Water Quality at Different Buffer Scales: Tianjin Section of the Haihe River Basin as an Example	DAI Meng-jun, ZHANG Bing, DU Qian-qian, <i>et al.</i> (1512)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Shallow Groundwater in Anqing Section of the Yangtze River Basin	LIU Hai, SONG Yang, LI Ying-chun, <i>et al.</i> (1525)
Dynamic Changes of Dissolved Organic Matter Derived from Algal Decomposition and the Environmental Effects in Eutrophic Lakes	ZHANG Jin, CHEN Ming-ying, HAO Zhi-neng, <i>et al.</i> (1539)
Degradation of Carbamazepine in Water by UV-activated Sulfite Process	LIN Tao, YUAN Yu-jie (1553)
Detection, Generation, and Control of Disinfection By-products of Reclaimed Water	LIAO Yu-feng, WANG Zheng, PAN Yang, <i>et al.</i> (1561)
Absorption of Ammonium by Three Substrates Materials in Constructed Wetland System	HE Qiang, CHEN Bo-wen, YANG Yu-jing, <i>et al.</i> (1577)
Ecological Environment Assessment and Driving Mechanism Analysis of Nagqu and Amdo Sections of Qinghai-Xizang Highway Based on Improved Remote Sensing Ecological Index	FU Kai-xiang, JIA Guo-dong, YU Xin-xiao, <i>et al.</i> (1586)
Spatial-temporal Evolution and Driving Factors Analysis of Ecological Environment Quality in Daihai Basin based on AWRSEI	ZHAO Jia-li, LI Xing, SUN Bing (1598)
Quantitative Assessment of the Impact of Climate Change on the Growing Season of Vegetation Gross Primary Productivity in the Middle and Lower Reaches of the Yangtze River	XU Yong, PAN Yu-chun, ZOU Bin, <i>et al.</i> (1615)
Effect of Vegetation Restoration on Soil Organic Carbon Storage in Coal Mining Areas Based on Meta-analysis	LI Jian-ming, KANG Yu-xin, JIANG Fu-zhen, <i>et al.</i> (1629)
Effects of Continuous Annual Crop Rotation and Fallow on Soil Aggregate Stability and Organic Carbon	LU Ze-rang, LI Yong-mei, YANG Chun-huai, <i>et al.</i> (1644)
Effects of Four Amendments on Fertility and Labile Organic Carbon Fractions of Acid Purple Soil	DING Xin-ru, YAN Ning-zhen, WANG Zi-fang, <i>et al.</i> (1655)
Changes in Soil Nitrogen Components and Their Relationship with Environmental Factors with Different Tea Plantation Ages	SHAO Qi, WU Tao, XIE Xue-feng, <i>et al.</i> (1665)
Nutrients and Ecological Stoichiometry Characteristics of Typical Wetland Soils in the Lower Yellow River	WANG Chuan-ying, WANG Kai-yue, WANG Hao-ran, <i>et al.</i> (1674)
Effect of Film Mulching Age and Organic Fertilizer Application on the Distribution Characteristics of Microplastics in the Soil of a Peanut Field	SONG Ning-ning, LI Meng-jia, WANG Xue-xia, <i>et al.</i> (1684)
Effects of Straw Returning and Biochar Addition on Greenhouse Gas Emissions from High Nitrate Nitrogen Soil After Flooding in Rice-vegetable Rotation System in Tropical China	HU Tian-yi, CHE Jia-yue, HU Yu-jie, <i>et al.</i> (1692)
Tillage Depth Regulation and the Effect of Straw Return on Soil Respiration in Farmland	CHEN Xi, ZHANG Yan-jun, ZOU Jun-lie, <i>et al.</i> (1702)
Distribution Prediction of Soil Heavy Metals Based on Remote Sensing Temporal-Spatial-Spectral Features and Random Forest Model	WANG Ze-qiang, ZHANG Dong-you, XU Xi-bo, <i>et al.</i> (1713)
Characteristics and Identification Priority Source of Heavy Metals Pollution in Farmland Soils in the Yellow River Basin	LI Jun, LI Xu, LI Kai-ming, <i>et al.</i> (1724)
Characteristics of Cd Flux in Topsoil Around Typical Mining Area in Hezhou, Guangxi	YANG Ye-yu, LI Cheng, YANG Zhong-fang, <i>et al.</i> (1739)
Potential Ecological Risk Assessment of Soil Heavy Metals in Fengdong New District Based on Information Diffusion Model	YANG Nan-nan, HAN Ling, LIU Ming (1749)
Traceability Analysis and Environmental Quality Assessment of Soil Heavy Metal Pollution in West Hunan Province	XIAO Kai-qi, XU Hong-gen, GAN Jie, <i>et al.</i> (1760)
Distribution Characteristics, Source Analysis and Ecological Risk Assessment of Heavy Metals in the Typical Industry Reclaimed Soil	SHEN Cheng, WANG Wen-juan, SHA Chen-yan, <i>et al.</i> (1769)
Provincial-scale Soil As Migration and Transformation and Rice Safe Planting Zoning: A Case Study of Guizhou Province	DONG Xin-yue, WU Yong, ZHOU Zi-han, <i>et al.</i> (1781)
Effect of Silica Fertilizer(Husk Ash) to Improve Soil Quality and Reduce Cd and As Accumulation in Rice	YI Xuan-tao, OUYANG Kun, GU Jiao-feng, <i>et al.</i> (1793)
Effect of EDDS Application on Soil Cu/Cd Availability and Uptake/transport by Castor	LIU Wen-ying, WU Gang, HU Hong-qing (1803)
Blocking Effects of Foliar Conditioners on Cadmium, Arsenic, and Lead Accumulation in Wheat Grain in Compound-contaminated Farmland	XIAO Bing, WANG Qiu-shi, GAO Pei-pe, <i>et al.</i> (1812)
Soil Microbial Community Structure and Functional Diversity Character of Abandoned Farmland in Minqin Oasis	LI Chang-le, ZHANG Fu, WANG Li-de, <i>et al.</i> (1821)
Microbial Mechanisms of Removal of Phthalic Acid Esters in Purple Soils Revealed Using Metagenomic Analysis	LI Yu-tong, YU Hai, LIU Kun, <i>et al.</i> (1830)
Air Microbial Contamination and Risk of Respiratory Exposure of Workers in Chicken Farms	BAI Yu-qiao, SUN Xing-bin, QIU Tian-lei, <i>et al.</i> (1840)
Occurrence Characteristics of Microplastics in Multi-environmental Media and <i>Bellamyia aeruginosa</i> of Manao River	GAO Ya-kun, LI Wei-ming, ZHANG Xu-tong, <i>et al.</i> (1849)
Biological Effect of Microplastics with Different Functional Groups on the Bacterial Communities and Metabolic Functions of Zebrafish (<i>Danio rerio</i>) Embryos	YAN Zhen-hua, ZHANG Yan, BAO Xu-hui, <i>et al.</i> (1859)