

目次

中国城市碳排放强度的时空演变、动态跃迁及收敛趋势	杨清可, 王磊, 朱高立, 李颖, 范业婷, 王雅竹 (1869)
交通运输业碳排放效率时空演变及趋势预测	郑琰, 蒋雪梅, 肖玉杰 (1879)
基于扩展STIRPAT模型LMDI分解的碳排放脱钩因素	张江艳 (1888)
基于LEAP模型的工业园区碳达峰路径:以南京某国家级开发区为例	李慧鹏, 李荔, 殷茵, 何文大, 宿杰, 赵秋月 (1898)
高校碳排放核算与分析:以北京A高校为例	曹睿, 封莉, 张立秋 (1907)
北京市制造业减排降碳协同效应分析和驱动因素	俞珊, 韩玉花, 牟洁, 张双, 张增杰 (1917)
碳排放权交易价格与全要素生产率:来自中国的证据	吴雪萍 (1926)
中国城市PM _{2.5} 和PM ₁₀ 时空分布特征和影响因素分析	李江苏, 段良苏, 张天娇 (1938)
2017~2021年苏皖鲁豫交界区域PM _{2.5} 和O ₃ 时空变化特征及影响因素	陈伟, 徐学哲, 刘文清 (1950)
疫情管控期西安PM _{2.5} 和O ₃ 污染特征及成因分析	原晓红, 张强, 李琦, 谢文豪, 刘跃廷, 樊亭亭, 姜旭朋 (1963)
苏南五市秋冬季PM _{2.5} 化学组成特征和空间差异	冯蔚, 丁峰, 尚玥, 谢鸣捷 (1975)
湖北咸宁细颗粒物PM _{2.5} 来源	罗怡, 朱宽广, 陈璞琰, 田军, 谢旻, 战杨志豪, 赵润琪 (1983)
邢台氨减排对京津冀PM _{2.5} 改善的溢出效益	边泽君, 闻超玉, 郎建奎, 范晓茜, 夏祥晨, 周颖 (1994)
聊城市冬季PM _{2.5} 载带金属元素污染特征、风险评价及来源分析	张敬巧, 朱瑶, 曹婷, 燕丽, 王淑兰, 刘铮 (2003)
高原城市拉萨典型VOCs排放源成分谱特征	郭淑政, 叶春翔, 林伟立, 陈熠, 曾立民, 尹晴晴, 刘雪莉 (2011)
北京市工业园区VOCs污染特征及健康风险评估案例:高新技术产业的环境影响	王洁, 姚震, 王敏燕, 陈速敏, 龙腾, 王海林, 李红, 郭秀锐, 郝江虹, 聂磊 (2019)
高温极端天气影响下的成都平原一次典型臭氧污染过程分析	雷丽娟, 张懿, 罗伊娜, 张潇, 冯森 (2028)
水环境中抗病毒药物的存在、行为与风险	葛林科, 李璇艳, 曹胜凯, 郑金帅, 张蓬, 朱超, 马宏瑞 (2039)
黄河小浪底水库地表水中重金属的时空变化与概率健康风险	王亮, 邓雪娇, 王潇磊, 李明, 刘奕尧, 姜亚敏, 涂响, 张坤峰 (2054)
藏东多曲河流域总富集水化学特征及控制因素	李敬杰, 连晟, 王明国, 张智印, 张涛 (2067)
西北内陆区降水稳定同位素时空分布特征及其水汽来源	张炎炎, 辛存林, 郭小燕, 张博, 陈宁, 史延飞 (2080)
基于水化学和氢氧同位素的泰安城区岩溶地下水补给来源及演化过程	孟令华 (2096)
丹江流域山区地表水-地下水水化学特征及其影响因素	张子燕, 伏永朋, 王宁涛, 谭建民, 刘亚磊 (2107)
金塔盆地鸳鸯池灌区地下水水化学特征及控制因素	王晓燕, 韩双宝, 张梦南, 尹德超, 吴玺, 安永会 (2118)
德阳市平原区浅层地下水水化学特征与健康风险评价	刘楠, 陈盟, 高东东, 吴勇, 王橹橹 (2129)
典型城市河网沉积物微塑料时空分布特征	许万璐, 范一凡, 钱新 (2142)
抚仙湖流域尺度氮排放清单构建及关键源解析	王延杰, 梁启斌, 王艳霞, 侯磊, 陈奇伯, 王伟, 李晓琳, 高俊淑 (2150)
过氧化钙/海泡石海藻酸钠缓释凝胶复合材料的制备及其对内源磷的控制性能	曲思彤, 单苏洁, 王崇铭, 吴玲予, 李大鹏, 黄勇 (2160)
矿物超细颗粒的形成机制、结构特征及其环境行为和效应	刘振海, 张展华, 袁语欣, 朱盼盼, 陈威, 张勇 (2171)
生物炭固定化菌复合材料在环境修复中的应用研究进展	孙淑玉, 黄梦鑫, 孔强, 张焕新, 刘继伟 (2185)
微塑料对沸石吸附水体氨氮的影响及其机制	练建军, 谢诗婷, 吴培, 孟冠华, 陈波 (2195)
紫外老化作用对纳米生物炭吸附环丙沙星的影响机制	马锋锋, 薛之一, 赵保卫 (2203)
土地利用影响下永定河流域浮游植物群落与环境因子响应	郭善嵩, 胡恩, 丁一桐, 张嘉渭, 孙长顺, 卢悦, 潘保柱 (2211)
鄱阳湖湿地细菌群落多样性和可培养细菌功能基因丰度	喻江, 王淳, 龙永, 刘贵花, 李春杰, 范国权, 于镇华 (2223)
典农河沉积物细菌群落结构特征及其与重金属的关系	刘双羽, 蒙俊杰, 邱小琮, 周瑞娟, 李霖 (2233)
污水处理厂尾水排放对受纳河流细菌和真菌微生物群落的影响	郭有顺, 余仲, 郝文彬, 孟凡刚 (2246)
宏基因组学分析深度处理阶段污水中细菌的赋存特征及其功能	胡健双, 王燕, 周政, 汪雅琴, 王秉政, 李激 (2259)
大别山区生境质量时空特征及自然-人为因素驱动机制	郑亚平, 张俊华, 田惠文, 朱航成, 刘舒, 丁亚鹏 (2268)
基于连续小波变换、SHAP和XGBoost的土壤有机质含量高光谱反演	叶森, 朱琳, 刘旭东, 黄勇, 陈蓓蓓, 李欢 (2280)
秸秆还田、覆膜和施氮对旱地麦田土壤质量的影响	叶子壮, 王松燕, 陆潇, 史多鹏, 吕慎强, 李嘉, 杨泽宇, 王林科 (2292)
长期施用有机肥对土壤微塑料赋存及迁移特征的影响	王长远, 马啸驰, 郭德杰, 刘新红, 马艳, 罗佳 (2304)
土壤盐分变化对N ₂ O排放影响:基于Meta分析	黄艺华, 余冬立, 史祯琦, 胡磊, 潘永春 (2313)
基于土地利用/覆被动态变化的粤港澳大湾区碳储量评价与预测	郑慧玲, 郑辉峰 (2321)
基于InVEST模型的伏牛山地区生态系统碳储量时空变化模拟	张哲, 时振钦, 朱文博, 孙梓欣, 赵体侠, 邓文萍, 刘志强 (2332)
防护林建设过程中土壤微生物养分限制与有机碳组分之间的关系	徐凤璟, 黄懿梅, 黄倩, 申继凯 (2342)
长期秸秆还田褐土有机碳矿化特征及其驱动力	赵宇航, 殷浩凯, 胡雪纯, 解文艳, 刘志平, 周怀平, 杨振兴 (2353)
冬绿肥覆盖对土壤团聚体及有机碳和AMF多样性的影响	鲁泽让, 陈佳钰, 李智贤, 李永梅, 罗志章, 杨锐, 田明洋, 赵吉霞, 范茂攀 (2363)
辽河流域氮素时空分布及其对土地利用和降雨的响应	周波, 李晓光, 童思陈, 吕旭波, 郭朝臣, 雷坤 (2373)
高强度农业种植区不同景观池塘氧化亚氮排放特征	张欣悦, 肖启涛, 谢晖, 刘臻婧, 邱银国, 罗菊花, 徐向华, 段洪涛 (2385)
生物炭与不同类型氮肥配施对菜地土壤反硝化细菌群落的影响	柳晓婉, 刘杏认, 高尚洁, 李贵春 (2394)
太岳山不同林龄人工油松林土壤微生物特征	马义淑, 曹亚鑫, 牛敏, 张明昱, 程曼, 文永莉 (2406)
基于稀疏样点的土壤重金属含量模拟方法	张佳琦, 潘瑜春, 高世臣, 赵亚楠, 景胜强, 周艳兵, 邹允兵 (2417)
基于特定源-风险评估模型的兰州黄河风情线绿地土壤重金属污染优先控制源分析	李军, 李旭, 李开明, 焦亮, 台喜生, 臧飞, 陈伟, 脱新颖 (2428)
西南不同类型紫色土pH变化、重金属累积与潜在生态风险评估	张海琳, 张雨, 王顶, 谢军, 张跃强, 张宇亭, 王洁, 石孝均 (2440)
重庆某铁矿区周边耕地土壤重金属污染评价及来源解析	廖泽源, 李杰芹, 沈智杰, 李彩霞, 罗程钟, 梅楠, 张成, 王定勇 (2450)
金属矿区周边农田土壤与农作物重金属健康风险评估	魏洪斌, 罗明, 向奎, 查理思 (2461)
赤泥基纳米零价铁对多金属污染土壤修复效果	刘龙宇, 杨世利, 赵黄诗雨, 常凯威, 余江 (2473)
施锌对碱性土壤-小麦幼苗体系累积镉的影响	张瑶, 王天齐, 牛硕, 杨阳, 陈卫平 (2479)

太岳山不同林龄人工油松林土壤微生物特征

马义淑¹, 曹亚鑫¹, 牛敏², 张明罡¹, 程曼^{1*}, 文永莉^{1*}

(1. 山西大学黄土高原研究所, 太原 030031; 2. 欣生环保科技有限公司, 太原 030045)

摘要: 油松(*Pinus tabulaeformis* Carr.)具有保土保肥和改善水土流失的作用, 是黄土高原地区植被恢复中广泛使用的树种. 为了探究土壤微生物多样性和群落结构对人工油松林演替的响应及其环境因子驱动机制, 以太岳山脉潘家山 10、20 和 30 a 人工油松林土壤为研究对象, 基于野外采样、室内理化分析和高通量测序等手段, 分析不同林龄表层和亚表层土壤微生物群落结构、多样性及其与土壤理化性质之间的关系. 结果表明: ①30 a 的人工油松林演替显著改变了土壤养分状况. SOM、TN、NH₄⁺-N、NO₃⁻-N、AP 和 AK 均随演替的进行显著升高; TP 和 TK 含量随演替年限逐渐降低. ②不同林龄油松林土壤真菌的优势门为子囊菌门、担子菌门和被孢菌门, 细菌的优势门为放线菌门、变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门和芽单胞菌门. ③油松林土壤微生物中细菌占绝对优势, 真菌和细菌拷贝数随林龄增加均显著增加, 30 a 油松林土壤真菌拷贝数和细菌拷贝数分别是 10 a 油松林的 6.61 倍和 2.55 倍. ④随着林龄增加, 土壤真菌多样性显著下降. 属水平上, 子囊菌门中青霉菌属相对丰度大幅下降, 达 21.07%, 担子菌门中红菇属相对丰度增加了 14.2%; 细菌多样性和群落结构总体变化较小, 属水平上变形菌门中慢生根瘤菌属在演替过程仅增加 3.03%. ⑤油松林演替过程中, 土壤细菌和真菌生物量、红菇属相对丰度与 SOM 和 TN 显著正相关, 真菌多样性、青霉菌属相对丰度与土壤 TP 含量显著正相关. 综上, 油松演替过程中, 土壤微生物量、多样性及群落结构的变化受土壤养分的共同驱动. 研究结果可为区域植被恢复的生态效益评价提供基础数据和理论参考.

关键词: 太岳山; 人工油松林; 次生演替; 土壤微生物群落; 微生物多样性

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2024)04-2406-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.202304206

Investigation of Soil Microbial Characteristics During Stand Development in *Pinus tabulaeformis* Forest in Taiyue Mountain

MA Yi-shu¹, CAO Ya-xin¹, NIU Min², ZHANG Ming-gang¹, CHENG Man^{1*}, WEN Yong-li^{1*}

(1. Institute of Loess Plateau, Shanxi University, Taiyuan 030031, China; 2. Hinxin Environmental Protection Technology Shanxi Co., Ltd., Taiyuan 030045, China)

Abstract: *Pinus tabulaeformis*, commonly known as Chinese pine, plays a significant role in soil and water conservation as well as mitigating soil erosion. It is widely utilized as a tree species for vegetation restoration in the Loess Plateau Region. In order to investigate the response of soil microbial diversity and community structure to *P. tabulaeformis* forest succession and its driving mechanisms by environmental factors, we studied *P. tabulaeformis* plantations that were 10, 20, and 30 years old in the Taiyue Mountain, Shanxi Province. Field sampling, indoor physicochemical analysis, and high-throughput sequencing were combined to analyze the relationship between soil microbial community structure, diversity, and soil physicochemical properties in the surface and subsurface soil layers across different forest ages. The results showed that: ① The 30-year succession of *P. tabulaeformis* forest significantly altered soil nutrient contents. The soil organic matter (SOM), total nitrogen (TN), ammonium nitrogen (NH₄⁺-N), and nitrate nitrogen (NO₃⁻-N) in the 30-year-old *P. tabulaeformis* forest were significantly higher than those in the 10-year and 20-year-old forests, whereas the concentrations of total phosphorus (TP) and total potassium (TK) decreased gradually with the growth of *P. tabulaeformis* stands. In addition, the SOM and nutrient concentrations in the topsoil were higher than those in the subsoil. ② The dominant phyla of soil fungi in different-aged *P. tabulaeformis* forests were Ascomycota, Basidiomycota, and Mortierellomycota, and the dominant phyla of soil bacteria were Actinobacteria, Proteobacteria, Acidobacteria, Chloroflexi, and Gemmatimonadetes. ③ Bacteria dominated the soil microbial community in the soil of *P. tabulaeformis* forests, and the copy numbers of fungi and bacteria both significantly increased with the age of the forest stands. The copy numbers of fungi and bacteria in the 30-year-old *P. tabulaeformis* forest were 6.61 times and 2.55 times higher, respectively, than those in the 10-year-old *P. tabulaeformis* forest. ④ The diversity of soil fungi decreased significantly with increasing forest age. At the genus level, the relative abundance of *Penicillium* in the phylum Ascomycota decreased significantly by 21.07%, whereas the relative abundance of *Russula* in the phylum Basidiomycota increased significantly by 14.2%. Bacterial diversity and community structure showed relatively minor changes. At the genus level, the relative abundance of *Bradyrhizobium* in the phylum Proteobacteria slightly increased by 3.03% during the succession process. ⑤ During the succession of *P. tabulaeformis* forests, the soil bacterial and fungal biomass and the relative abundance of *Russula* were significantly positively correlated with SOM and TN, respectively, and the fungal diversity and relative abundance of *Penicillium* were significantly positively correlated with TP. In summary, changes in soil microbial abundance, diversity, and community structure during the succession of *P. tabulaeformis* were collectively driven by soil nutrient concentrations. These results can provide fundamental data and theoretical references for the ecological benefit evaluation of regional vegetation restoration.

Key words: Taiyue Mountain; *Pinus tabulaeformis* plantation; secondary succession; soil microbial community; microbial diversity

土壤微生物在土壤元素生物地球化学循环中发挥重要作用^[1]. 微生物群落结构及其多样性可反映土壤的受扰动情况, 能够有效表征土壤环境变化趋势^[2], 被认为是评判土壤质量的重要指标. 真菌大多数在土壤中与植物根系形成共生作用^[3], 细菌群落演变与土壤中碳、氮和磷等元素有着密切联系^[4]. 不

同种类的微生物在凋落物分解、营养物质的吸收和释放及土壤碳氮循环过程中作用效果存在差异^[5,6].

收稿日期: 2023-04-24; 修订日期: 2023-07-04

基金项目: 山西黎霍高速公路科技项目; 山西省自然科学基金项目(202203021211317)

作者简介: 马义淑(2000-), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为植被恢复与土壤生态过程, E-mail: mayishu0407@163.com

* 通信作者, E-mail: chengman@sxu.edu.cn; ylwen@sxu.edu.cn

土壤微生物群落结构和多样性对森林生态系统林型、林龄等变化能够迅速响应，在森林演替过程中发挥着重要的作用^[7]。

营造人工林是植被恢复的重要措施，油松具有深根性、抗贫瘠性和抗风的作用，一定种植密度下，油松林有较强的保育水土和改善森林土壤性质的能力，能够有效促进土壤团聚体的产生，减少土壤肥力流失^[8]，是黄土高原地区植被恢复中广泛使用的树种。人工油松林在演替过程中，林龄增加会改变林分结构、林下物种组成以及林内微气候等条件^[9]。有研究表明，土壤受到根系生长差异的影响，养分积累呈现差异性，幼龄林主要以分解表面枯落物为主积累有机养分；而中龄林根系逐渐发达，转化有机物能力增强，使得有机质积累效果显著，保水保肥能力显著提升，在森林生态系统物质循环中起着至关重要的作用^[10]。土壤理化性质的改变会进一步影响土壤微生物群落结构和组成^[11]。前期对于人工油松林演替的研究，多集中于林分结构和林下植物、理化特征、土壤微生物量、群落结构以及酶活性等^[12,13]。对于油松演替过程中土壤微生物特征的研究多以细菌为主，真菌较少^[14,15]。研究方法上多采用PCR-DGGE和PLFA等方法^[16]，由于技术的限制还不能精准地反映土壤微生物组成。采用反应灵敏度较高的高通量测序手段，系统地阐述土壤真菌、细菌生物量、多样性和群落组成对人工油松林演替的响应及其环境因子驱动机制，目前还鲜见报道。

基于此，本文以太岳山脉潘家山为研究区域，以不同林龄人工油松林土壤为研究对象，采用理化分析、荧光定量PCR和高通量测序技术相结合的手

段，系统研究太岳山人工油松林演替过程中土壤真菌和细菌总量、多样性以及群落结构的变化及其环境驱动机制。土壤微生物与土壤碳库周转及养分循环密切相关^[17,18]，有效驱动着森林生态系统的稳定和可持续发展^[19]，研究结果可为区域植被恢复的生态效益评价提供基础数据和理论参考。

1 材料与方法

1.1 研究区概况与样品采集

研究区位于山西省长治市沁源县潘家山(112°28'36"E, 36°34'44"N)，隶属太岳山脉，海拔1 463 m，属于温带大陆性季风气候，年均温8.7℃，土壤为中性偏弱碱性黄褐土。该地区存在大量的天然和人造油松林，是我国面积较广、生长较好且具有代表意义的油松分布区^[20]。选取潘家山人工种植林龄为10、20和30 a的油松林土壤，3个林龄样地坡向分别为东南、西北和正南，坡度均在65°~70°之间，各样地之间距离不超过1 000 m，于2022年9月进行采样。每个样地随机设置20 m×20 m的样方，在样方内进行植被调查(见表1)和土壤样品采集。10 a油松林土壤由于土层较浅只取0~20 cm，20 a和30 a林龄的土层按深度划分为0~20 cm和20~40 cm，分别编号为10a-20、20a-20、20a-40、30a-20和30a-40；每个处理均采用随机取样法，选择10个采样点混合作为一个样品，所取样品为非根际土壤。将所取土壤样品分为两部分，一部分装入无菌袋密封后，放入装有干冰的泡沫箱寄出进行高通量测序及荧光定量PCR检测。另一部分土壤样品在实验室将枯枝和细根等杂质去除后过2 mm筛，自然风干后用于土壤理化性质分析。

表1 油松林样地基本特征
Table 1 Characteristics of selected sampling plots of *Pinus tabuliformis* forests

林龄 /a	坡度 /(°)	坡向	总郁闭 度/%	油松树高 /m	油松胸径 /cm	灌木	草本
10	68	东南	60	5.5~10.5	12~31	女贞(<i>Ligustrum lucidum</i> Ait.)和忍冬(<i>Lonicera japonica</i> Thunb.)	披针叶藁草(<i>Carex lanceolata</i> Boott)和小苦荬[<i>Ixeridium dentatum</i> (Thunb.) Tzvel.]
20	65	西北	70	8~15	36~90	土庄绣线菊(<i>Spiraea pubescens</i> Turcz.)、女贞、桦叶荚蒾(<i>Viburnum betulifolium</i> Batal.)和黄刺玫(<i>Rosa xanthina</i> Lindl.)	野艾蒿(<i>Artemisia lavandulifolia</i> Candolle)、披针叶藁草、牛尾蒿(<i>Artemisia dubia</i> Wall. ex Bess.)和糙叶黄芪(<i>Astragalus scaberimus</i> Bunge)
30	70	正南	90	10~21	41~128	土庄绣线菊、女贞、黄刺玫和忍冬	披针叶藁草、苦参(<i>Sophora flavescens</i> Alt.)和糙叶黄芪

1.2 土壤理化性质分析

土壤有机质(soil organic matter, SOM)使用重铬酸钾容量法测定；全氮(total nitrogen, TN)使用凯氏定氮法测定；碱解氮(alkali hydrolyzable nitrogen, AHN)用碱解扩散法测定；铵态氮(ammonium nitrogen, NH₄⁺-N)和硝态氮(nitrate nitrogen, NO₃⁻-N)

使用硫酸钾溶液浸提后，采用流动分析仪测定；全磷(total phosphorus, TP)和有效磷(available phosphorus, AP)分别采用硫酸-高氯酸消煮法和碳酸氢钠法进行测定；全钾(total potassium, TK)使用氢氧化钠熔融-火焰光度法测定；速效钾(available potassium, AK)采用醋酸铵-火焰光度法进行测定^[21]。

1.3 微生物高通量测序及荧光定量 PCR 检测

依照土壤 DNA 提取试剂盒 (Omega, cat: M5635-02) 说明书要求提取土壤基因组 DNA 并制备标准品, 采用 Nanodrop (Thermo, USA) 对 DNA 进行定量, 1.2% 琼脂糖凝胶电泳检测完整 DNA。

荧光定量 PCR 检测: 真菌 ITS1 区使用 ITS5F (5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3') 和 ITS1R (5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3') 进行扩增; 细菌则使用 16S338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3') 和 16S806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 对 V3-V4 区进行扩增 (型号: EDC-810 型); PCR 反应体系为: 10 μ L 2 $\times$ SYBR real-time PCR premixture 试剂 (预混 DNA 聚合酶、dNTP、特殊稳定剂、优化的反应缓冲液、BSA 和 SYBR Green I), 10 μ mol $\cdot$ L⁻¹ 的 PCR 特异引物 F (ITS5F 和 16S338F) 和 PCR 特异引物 R (ITS1R 和 16S806R) 各 0.4 μ L, 95 $^{\circ}$ C 预变性反应 5 min 后 95 $^{\circ}$ C 变性 15 s, 60 $^{\circ}$ C 退火 30 s, 40 个循环周期。扩增结果用 2% 琼脂糖凝胶在电泳仪 (Mini Pro 300V Power Supply, major science USA) 中检测。使用实时荧光定量 PCR 仪 (LightCycler480I.384, Roche) 进行荧光定量检测。

微生物高通量测序: 采用 Illumina MiSeq 高通量测序平台对土壤真菌和细菌群落 DNA 片段进行双端 (Paired-end) 测序, 使用 QIIME2 (2019.4) Qiime cutadapt trim-paired 功能去除未匹配引物的序列, 通过 Qiime dada2 denoise-paired 调用 DADA2^[22] 进行质控、去噪、拼接以及去嵌合体。去噪后使用 Qiime feature-table rarefy 功能进行最低样本序列量的 95% 抽平, 合并 ASVs (amplicon sequence variants) 特征序列表格, 去除 singletons ASVs 后, 对序列长度分布进行统计。测序工作委托上海派森诺生物科技股份有限公司进行。

1.4 数据处理及分析

土壤理化性质数据使用 DPS (data processing system 7.5) 进行方差分析 (analysis of variance, ANOVA) 并比较检验各组数据的最小显著性差异 (least significant difference, LSD 法) (显著性 $P < 0.05$)。

使用 QIIME2 (2019.4) 中 classify-sklearn 算法和 Naive Bayes 分类器进行门水平和属水平的分类学组成分析, 真菌选用 UNITE 数据库 (Release 8.0, <https://unite.ut.ee/>), 细菌选用 GreenGenes 数据库 (Release 13.8, <http://greengenes.secondgenome.com/>), Origin 2021 进行绘图。Alpha 多样性使用 QIIME2 (2019.4) 进行分析, 使用 Origin 2021 绘制箱线图。基于 Bray-Curtis 距离^[23]对抽平后的真菌和细菌 ASV 进行主坐标分析 (principal coordinates analysis PCoA), 使用 R 语言的 ape 包完成, 并借助 R 语言 vegan 包 envfit 函数进行环境拟合分析 (environmental fitting analysis, envfit)。基于 spearman 算法对微生物数据和理化性质进行相关性分析 (显著性 $P < 0.05$), 使用 Origin 2021 中 CorrelationPlot 插件进行关联热图的绘制。

2 结果与分析

2.1 不同林龄油松林土壤理化性质

如表 2 所示, 演替 30 a 的油松林表层 ω (SOM) 最高, 达到 32.56 g $\cdot$ kg⁻¹, 20 a 林龄油松林土壤 SOM 含量显著低于 10 a。表层 (0~20 cm) 土壤 SOM 显著高于亚表层 (20~40 cm)。土壤 TN、AHN、NH₄⁺-N、NO₃⁻-N、AP 和 AK 均随演替的进行逐渐升高, 在油松演替 30 a 时含量最高, 且 TN、AHN、AP 和 AK 在表层土壤中含量的显著高于亚表层, NH₄⁺-N 和 NO₃⁻-N 在土层间含量无显著差异。土壤 TP 和 TK 含量与上述其他指标趋势相反, 在演替 30 a 处理中其含量显著低于 10 a 和 20 a。表层与亚表层的 TP 含量无显著差异; 演替 10 a 和 20 a 处理中 TK 无显著差异, 30 a 处理中表层显著高于亚表层。

2.2 不同林龄油松林土壤微生物群落结构

不同林龄油松林土壤微生物 qPCR 结果中, 真菌 ITS 引物扩增效率达到 95.29%, 细菌 16S 引物扩增效率达到 96.06%。真菌的标准曲线相关系数 $R^2 = 0.9996$, 曲线方程为 $y = -3.44x + 34.67$; 细菌标准曲线相关系数 $R^2 = 0.9959$, 曲线方程为 $y = -3.42x + 37.24$, 说明测序结果与标准品的相关性较强, 测序所得数据能够准确反映土壤真菌和细菌群落在

表 2 不同林龄油松林土壤基础理化性质¹⁾

Table 2 Physicochemical properties of soil in different ages of *Pinus tabulaeformis* forest

处理	ω (SOM) /g $\cdot$ kg ⁻¹	ω (TN) /g $\cdot$ kg ⁻¹	ω (TP) /g $\cdot$ kg ⁻¹	ω (TK) /g $\cdot$ kg ⁻¹	ω (AHN) /mg $\cdot$ kg ⁻¹	ω (NH ₄ ⁺ -N) /mg $\cdot$ kg ⁻¹	ω (NO ₃ ⁻ -N) /mg $\cdot$ kg ⁻¹	ω (AP) /mg $\cdot$ kg ⁻¹	ω (AK) /mg $\cdot$ kg ⁻¹
10a-20	14.90 $\pm$ 1.62b	1.41 $\pm$ 0.12bc	0.59 $\pm$ 0.03a	18.84 $\pm$ 0.13a	87.37 $\pm$ 6.02b	4.51 $\pm$ 0.26c	0.73 $\pm$ 0.02c	1.47 $\pm$ 0.15bc	36.52 $\pm$ 3.93b
20a-20	11.40 $\pm$ 2.03c	1.24 $\pm$ 0.02cd	0.64 $\pm$ 0.02a	19.16 $\pm$ 0.47a	75.56 $\pm$ 6.02b	4.72 $\pm$ 0.10c	0.95 $\pm$ 0.08b	1.79 $\pm$ 0.09b	47.63 $\pm$ 3.25a
20a-40	9.57 $\pm$ 0.94c	1.14 $\pm$ 0.08d	0.59 $\pm$ 0.03a	17.94 $\pm$ 0.86ab	43.68 $\pm$ 1.67c	6.19 $\pm$ 0.36b	0.93 $\pm$ 0.02b	1.35 $\pm$ 0.09c	32.49 $\pm$ 1.09b
30a-20	32.56 $\pm$ 1.19a	1.78 $\pm$ 0.12a	0.42 $\pm$ 0.02b	17.17 $\pm$ 1.02b	152.31 $\pm$ 10.43a	9.83 $\pm$ 0.62a	1.20 $\pm$ 0.06a	2.86 $\pm$ 0.09a	53.05 $\pm$ 1.80a
30a-40	15.45 $\pm$ 0.78b	1.51 $\pm$ 0.07b	0.40 $\pm$ 0.02b	15.41 $\pm$ 0.40c	74.38 $\pm$ 5.01b	8.99 $\pm$ 1.03a	1.21 $\pm$ 0.02a	1.79 $\pm$ 0.32b	22.90 $\pm$ 2.89c

1) 数据为均值 $\pm$ 标准差; 不同小写字母表示不同林龄及深度的显著性差异 ($P < 0.05$), 下同

不同林龄和深度下的变化.表3为不同林龄油松林土壤真菌(ITS)和细菌(16S)的拷贝数及其比值(ITS/16S).油松林演替至30 a时,土壤真菌ITS和细菌16S拷贝数达到最大.此外,表层土壤的ITS和16S拷贝数显著高于亚表层;其余林龄和土层之间无显著性差异.真菌/细菌随着林龄的增加在30 a时显著高于10 a,在各土层之间无显著性差异.

表3 不同林龄油松林土壤微生物拷贝数
Table 3 Microbial abundance of soil at different ages
of *Pinus tabuliformis* forest

分组	ITS/copies·g ⁻¹	16S/copies·g ⁻¹	ITS/16S
10a-20	(5.46±1.19)×10 ⁵ b	(4.76±1.96)×10 ⁶ b	0.13±0.05b
20a-20	(4.13±0.80)×10 ⁵ b	(2.22±0.83)×10 ⁶ b	0.21±0.09ab
20a-40	(4.27±1.57)×10 ⁵ b	(2.16±0.43)×10 ⁶ b	0.20±0.05ab
30a-20	(6.29±1.78)×10 ⁶ a	(2.14±0.99)×10 ⁷ a	0.32±0.08a
30a-40	(9.39±8.16)×10 ⁵ b	(2.87±1.19)×10 ⁶ b	0.32±0.18a

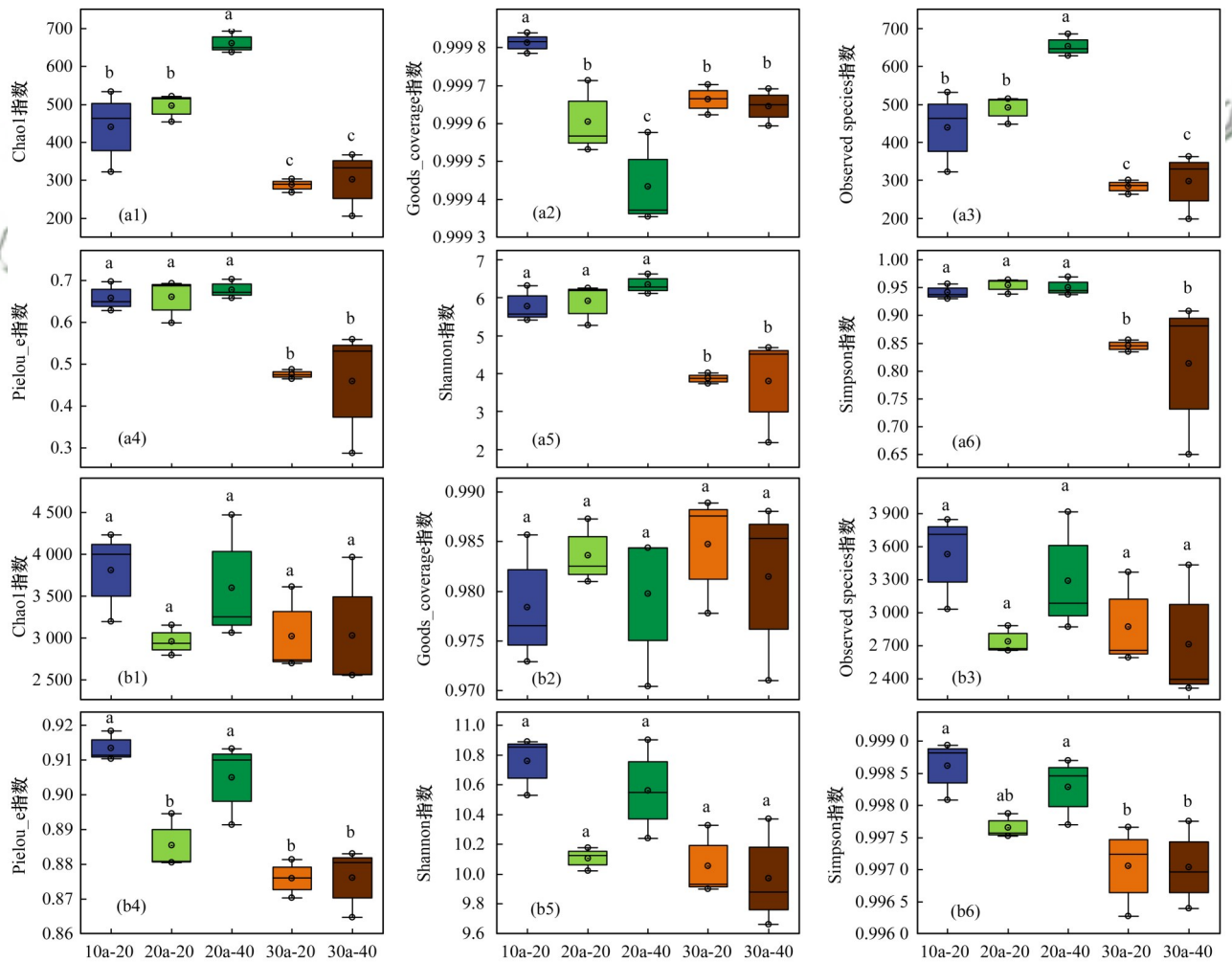
2.3 不同林龄油松林土壤微生物多样性

不同林龄油松林土壤细菌和真菌 Alpha 多样性指数分析表明 [图 1(a)], 土壤真菌群落丰富度

(Chao1 指数和 Observed species 指数)、多样性 (Shannon 指数和 Simpson 指数)、均匀度(Pielou_e 指数)和覆盖度(Goods_coverage 指数)均随着演替年限显著降低,除了20 a亚表层土壤真菌群落丰富度(Chao1 指数和 Observed species 指数)和覆盖度(Goods_coverage 指数)显著高于表层,其余林龄处理中土壤真菌群落 Alpha 多样性指数(Shannon 指数和 Simpson 指数)均在土层之间变化不显著.如图 1(b)所示,土壤细菌群落多样性(Simpson 指数)和均匀度(Pielou_e 指数)均随着油松林龄的增加显著降低,细菌群落多样性(Simpson 指数)在土层变化方面无显著差异,20 a 处理中亚表层细菌群落均匀度(Pielou_e 指数)显著高于表层;Chao1 指数、Observed species 指数、Shannon 指数和 Goods_coverage 指数在不同处理油松林土壤细菌群落中无显著性差异.

2.4 不同林龄油松林土壤微生物物种组成

油松林土壤真菌和细菌门水平物种组成相对丰度排名前10如图2所示.真菌门水平以子囊菌门



(a)真菌,(b)细菌;不同小写字母表示不同林龄及深度相应土壤微生物 Alpha 多样性指数存在显著性差异(P<0.05)

图1 不同林龄油松林土壤微生物 Alpha 多样性指数

Fig. 1 Alpha diversity index of soil microbial communities at different ages of *Pinus tabuliformis* forest

(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和被孢菌门(Mortierellomycota)为优势门(相对丰度>3%),合计占总真菌群落相对丰度的48.51%以上.如图2(a)所示,对3种优势门水平真菌分析发现,子囊菌门相对丰度在20a亚表层土壤中最高(80.9%),30a亚表层土壤中相对丰度最低(23.36%).担子菌门相对丰度随着演替由10a的15.17%增至30a的31.41%.在不同深度土壤中,20a林龄土壤中担子菌门相对丰度表层(2.4%)略高于深层(1.19%).被孢菌门相对丰度随着林龄增加而逐渐减小,相对丰度最高为10a表层的2.72%,最低为30a表层的0.33%.

如图2(b)所示,细菌门水平相对丰度排名前10的细菌合计占总细菌群落相对丰度的96.68%以上.放线菌门(Actinobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)、

酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)和芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)为细菌中优势菌门(相对丰度>3%).放线菌门相对丰度在10a油松土壤中最高,为41.02%,在30a表层中相对丰度最低,为24.58%.相反,随着油松林龄的增加,变形菌门相对丰度呈增加趋势;油松演替30a时表层土壤中变形菌门丰度最高,为39.78%.酸杆菌门相对丰度也随林龄增加逐渐增大,最高为30a表层的18%,最低为10a表层的14.15%.绿弯菌门和芽单胞菌门总体丰度低于前3个细菌门,绿弯菌门整体相对丰度随着林龄增加由7.99%降至3.8%;芽单胞菌门总体随着林龄增加相对丰度逐渐升高,由3.41%增至6.16%.其他类别菌门相对丰度占总细菌群落的2.11%~3.32%.

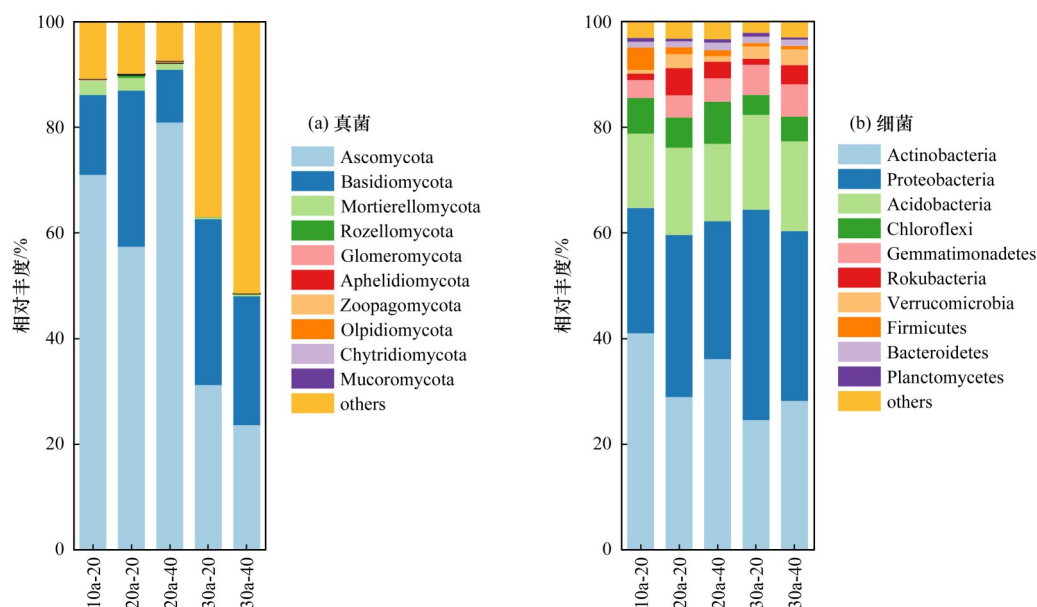


图2 不同林龄油松林土壤真菌和细菌门水平物种分类学组成

Fig. 2 Taxonomic composition of fungal and bacterial communities at the phylum level in soil at different ages of *Pinus tabuliformis* forest

在属水平上,对不同林龄及深度的油松林土壤进行真菌和细菌群落组成及相对丰度分析,取排名前20的菌群.图3(a)所示,所得属水平真菌群落合计占总属水平真菌群落35.05%以上,其他类别相对丰度占属水平真菌群落的35.35%~64.95%;在油松林龄10a的土壤中,篮状菌属(*Talaromyces*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、腐质霉属(*Humicola*)和*Solicoccozyma*相对丰度较高(相对丰度>3%),分别为11.54%、12.18%、9.54%和8.87%;20a林龄中,红菇属(*Russula*)和青霉菌属(*Penicillium*)相对丰度最高,分别为15.58%和21.71%,20a亚表层土壤真菌属水平相对丰度高于3%的真菌主要有红菇属、青霉菌属、*Cladophialophora*、*Knufia*、树粉孢属(*Oidiodendron*)和*Devriesia*;林龄30a时红菇属相对

丰度大幅上升,增加至29.78%,其余属水平真菌相对丰度均降低,最低下降至0.04%.

如图3(b)所示,属水平群落相对丰度前20的细菌占总细菌群落29.56%以上,其他类别相对丰度占属水平细菌群落的60.54%~70.44%.酸杆菌门Subgroup_6目下未定名属、*Rokubacteriales*、*RB41*、*67-14*、*MB-A2-108*纲未定名属、变形菌门慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、*KD4-96*、放线菌门红色杆菌属(*Rubrobacter*)和放线菌门土壤红杆菌属(*Solirubrobacter*)为优势细菌群落(相对丰度>3%);酸杆菌门Subgroup_6目下未定名属相对丰度随着油松演替由6.29%下降至2.82%,随土层加深相对丰度在20a和30a分别增加1.29%和0.32%;*Rokubacteriales*在20a表层相对丰度为5.13%,*MB-*

A2-108 纲未定名属在 20 a 亚表层土壤中相对丰度为 5.96%; *RB41* 和 67-14 相对丰度在林龄 10 a 时最高,

分别为 3.63% 和 4.46%, 随演替相对丰度分别下降 2.48% 和 2.61%.

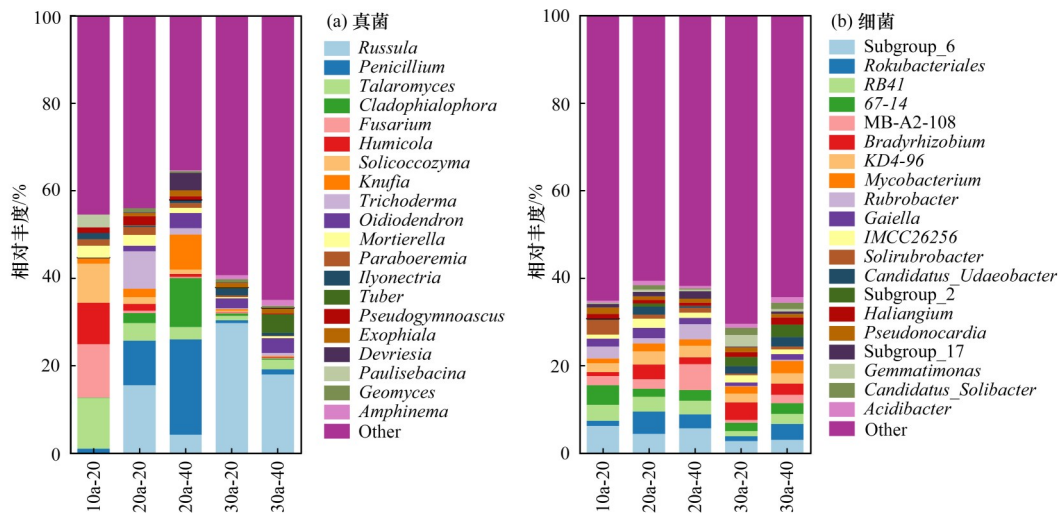


图3 不同林龄油松林土壤真菌和细菌属水平物种分类学组成

Fig. 3 Taxonomic composition of fungal and bacterial communities at the genus level in soil at different ages of *Pinus tabuliformis* forest

2.5 油松林土壤微生物与理化性质相关分析

2.5.1 土壤微生物群落结构、多样性与理化性质的相关性分析

针对油松林土壤真菌、细菌总量和理化性质进行相关分析(表4), 细菌总量与SOM、TN、AHN和AP呈显著正相关关系($P<0.05$). 真菌总量与SOM、TN和AHN呈显著正相关关系($P<0.05$). 真菌/细菌与 NO_3^- -N呈显著正相关关系($P<0.05$).

土壤真菌 Alpha 多样性指数中, Chaol 指数和 Observed species 指数与 TP 呈显著正相关关系, 与 TN、SOM、AHN、 NO_3^- -N 和 AP 呈显著负相关, 其中与 AP 的相关系数绝对值最大, 均为 -0.79; Shannon 指数、Simpson 指数和 Pielou_e 指数与 TP 和 TK 呈显著正相关关系, 与 TN、SOM、AHN、 NH_4^+ -N、 NO_3^- -N 和 AP 呈显著负相关关系, 其中 Shannon 指数、Simpson 指数和 Pielou_e 指数与 TP 相关系数分别为 0.69、0.79 和 0.72, 均高于与 TK 的相关系数; Goods_coverage 指数与 TN 和 AHN 呈显著正相关关系, 相关系数为 0.53 和 0.54, 与其余理化性质相关性并不显著. 土壤细菌 Alpha 多样性指数中, Shannon 指数与 NO_3^- -N 呈显著负相关, 相关系数为 -0.60; Simpson 指数与 TK 显著正相关, 与 NH_4^+ -N、 NO_3^- -N 和 AP 有显著负相关关系, 其中与 NO_3^- -N 的负相关系数为 -0.72; Pielou_e 指数和 TK 呈显著正相关关系, 相关系数为 0.56, 与 TN、 NH_4^+ -N、 NO_3^- -N 和 AP 有显著负相关关系, 与 NO_3^- -N 负相关程度最高, 为 -0.74.

2.5.2 土壤微生物属水平相对丰度与理化性质相关性分析

选取属水平相对丰度前 20 的土壤微生物与土壤

理化性质进行相关性分析. 如图 4(a) 所示, 属水平真菌微生物相对丰度与土壤理化性质分析中, 除块菌属 (*Tuber*) 和 *Amphinema* 与 TP 和 TK 呈显著负相关外, 其余大部分真菌与 TP 和 TK 呈显著正相关关系; TN、SOM、 NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N 与真菌属水平相关性类似, 其中青霉菌属、*Knufia*、木霉菌属 (*Trichoderma*)、*Paraboeremia* 和假裸囊菌属 (*Pseudogymnoascus*) 与 TN 和 SOM 均呈显著负相关关系, 红菇属、块菌属和 *Amphinema* 则与 TN 呈显著正相关; 在与 NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N 相关分析中, 除红菇属、块菌属、外瓶柄霉属 (*Exophiala*) 和 *Amphinema* 外, 其余真菌属均与 NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N 呈显著负相关.

如图 4(b) 所示, TP 和 TK 与细菌属水平相关性类似, 除与酸杆菌门 Subgroup_2 目下未定名属、赭黄嗜盐囊菌 (*Haliangium*) 和 *Candidatus_Solibacter* 呈显著负相关关系外, 与其余大部分属水平细菌呈显著正相关关系; TN 和 SOM 与酸杆菌门 Subgroup_6 目下未定名属、*RB41*、MB-A2-108 纲未定名属、红色杆菌属、土壤红杆菌属和酸杆菌门 Subgroup_17 目下未定名属呈显著负相关关系, 与酸杆菌门 Subgroup_2 目下未定名属、赭黄嗜盐囊菌、芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*) 和 *Candidatus_Solibacter* 呈显著正相关关系; NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N 除与酸杆菌门 Subgroup_6 目下未定名属、*RB41*、红色杆菌属、*Gaiella* 和土壤红杆菌属均呈显著负相关外, 与其他大部分属水平细菌呈显著正相关关系; AP 和 AK 与 NO_3^- -N 类似, 但不及 NO_3^- -N 与属水平细菌相关性显著.

表 4 不同林龄油松林土壤微生物群落结构、多样性与理化性质相关性分析¹⁾

Table 4 Correlation analysis of soil microbial community structure, diversity, and physicochemical properties at different ages of *Pinus tabulaeformis* forest

类别		TN	TP	TK	SOM	AHN	NH ₄ ⁺ -N	NO ₃ ⁻ -N	AP	AK
16S		0.68*	-0.48	-0.14	0.70*	0.61*	0.41	0.08	0.52*	0.32
ITS		0.57*	-0.43	-0.33	0.67*	0.65*	0.41	0.39	0.46	0.36
ITS/16S		0.29	-0.40	-0.37	0.32	0.30	0.44	0.71*	0.46	0.14
真菌	Chao1 指数	-0.75*	0.68*	0.43	-0.75*	-0.69*	-0.46	-0.53*	-0.79*	-0.16
	Observed_species 指数	-0.75*	0.68*	0.43	-0.75*	-0.69*	-0.46	-0.53*	-0.79*	-0.16
	Shannon 指数	-0.65*	0.69*	0.61*	-0.69*	-0.58*	-0.56*	-0.68*	-0.72*	-0.13
	Goods_coverage 指数	0.53*	-0.20	0.18	0.40	0.54*	-0.18	-0.27	0.16	0.01
	Simpson 指数	-0.67*	0.79*	0.69*	-0.74*	-0.56*	-0.60*	-0.65*	-0.60*	0.00
	Pielou_e 指数	-0.61*	0.72*	0.67*	-0.67*	-0.56*	-0.57*	-0.70*	-0.67*	-0.12
细菌	Chao1 指数	-0.40	0.28	0.42	-0.36	-0.08	-0.47	-0.45	-0.35	-0.06
	Observed_species 指数	-0.37	0.23	0.39	-0.33	-0.06	-0.43	-0.42	-0.33	-0.05
	Shannon 指数	-0.45	0.34	0.47	-0.39	-0.17	-0.50	-0.60*	-0.46	-0.13
	Simpson 指数	-0.50	0.46	0.52*	-0.41	-0.21	-0.62*	-0.72*	-0.54*	-0.18
	Goods_coverage 指数	0.41	-0.24	-0.24	0.43	0.24	0.37	0.27	0.35	0.17
	Pielou_e 指数	-0.52*	0.47	0.56*	-0.43	-0.25	-0.61*	-0.74*	-0.57*	-0.18

1) 数值为相关性系数, *表示显著性相关 ($P < 0.05$)

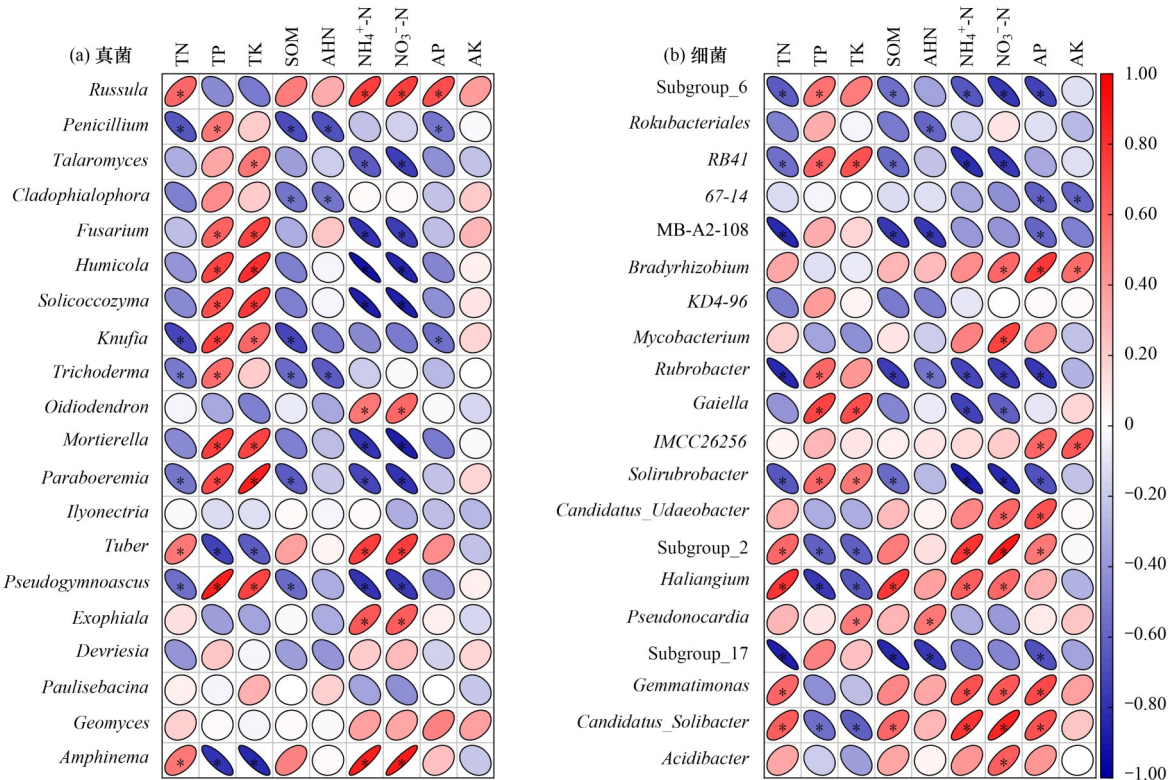


图 4 不同林龄油松林属水平土壤微生物与理化性质相关性分析

Fig. 4 Correlation analysis of soil microbial communities at the genus level and physicochemical properties at different ages of *Pinus tabulaeformis* forest

2.5.3 不同林龄油松林土壤微生物 PCoA-envfit 分析

基于 Bray-Curtis 距离对抽平后油松林土壤微生物 ASV 距离矩阵进行 PCoA 分析, 后与土壤理化因子进行 envfit 拟合, 如图 5(a) 所示, 两个坐标轴分别解释了不同林龄及土层土壤真菌 38.2% 和 22.1% 的

变异; 10 a 与 20 a 的土壤真菌群落结构在第一轴上表现为聚集效应, 与 TP 和 TK 呈正相关性. 30 a 土壤真菌群落与 10 a 和 20 a 分离, 与 TN、AHN、AP、SOM、NH₄⁺-N 和 NO₃⁻-N 显著正相关. 3 个演替年限的土壤真菌群落结构在第二坐标轴上均发生分离, 与土壤 AK 呈相关性. 另外, 同一年限不同土层真菌群

落结构呈现较强聚集效应。

如图 5(b)所示, 油松林不同林龄及深度土壤细菌菌群的分布及影响因子分析: 两个坐标轴分别解释了细菌微生物在不同林龄及深度中 28.7% 和 17.1% 的变异。与真菌不同, 不同演替年限中土壤细菌群落结构在两个坐标轴上均发生分离。在第一坐标轴, 10 a 和 20 a 土壤细菌群落结构与 TP 和 TK 呈

正相关, 30 a 土壤细菌群落结构与 TN、AHN、AP、SOM、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 显著正相关。此外, 演替 20 a 时, 不同土层土壤细菌第一坐标值出现较大分离。在第二坐标轴, 10 a 和 30 a 的土壤细菌则表现为聚集, 与 TN、AHN、SOM、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 AP 等均呈正相关。20 a 与 10 a 和 30 a 土壤细菌群落出现较大分离, 与 TP、TK 和 AK 呈正相关。

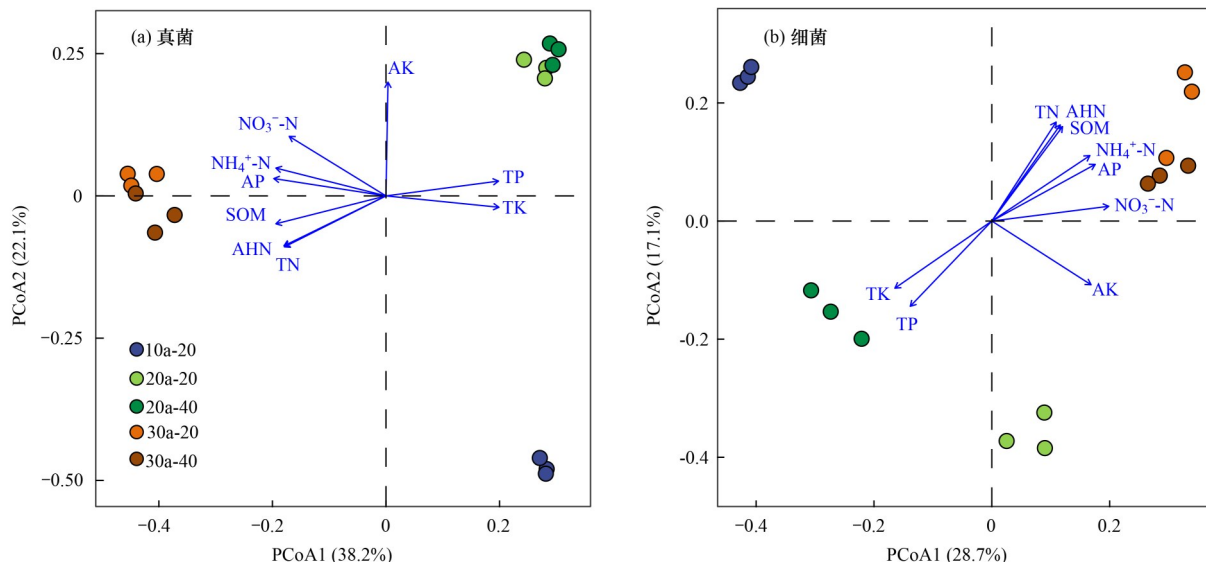


图 5 不同林龄油松林土壤微生物群落主坐标-环境拟合分析

Fig. 5 Principal coordinate analysis (PCoA) based on environmental variables of soil microbial communities at different ages of *Pinus tabulaeformis* forests

3 讨论

3.1 油松次生演替对土壤理化因子的影响

人工油松林在次生演替过程中, 土壤理化性质能够反映出养分变化的动向^[24]. 本研究表明, 油松林演替过程中, SOM、土壤氮素和速效磷钾与 TP 和 TK 呈现不同的变化方向. SOM 含量随林龄增加呈现先降低, 再升高趋势, 30 a 时土壤 SOM 含量大幅升高. 这与前人研究的结果一致^[25], 主要是由于演替初期的幼林生长迅速, 养分消耗量较大. 随着演替的进行, 林下植物生物量逐渐提高, 凋落物积累逐渐增多, 根系系统也发展迅速^[26], 致使有机物质输入大于消耗, SOM 在土壤中聚集. 类似地, 油松林演替过程中土壤 TN、AHN、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 的含量也是在 30 a 时最多. 演替 20 a 与 10 a 相比, 除 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量显著上升, 其他不同形态氮均无显著差异. 值得注意的是, 本研究中土壤 $\omega(\text{TN})$ 为 1.14~1.78 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 低于欧洲国家土壤 TN 水平 (2.09 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$), 氮素处于缺乏状态^[2]. 此外, 随着演替的进行, 土壤磷钾含量变化趋势与碳氮差异较大. TP 和 TK 均在演替 30 a 油松林土壤含量显著下降, 但演替 30 a 油松林土壤中 AP 和 AK 含量显著上升. 本研

究中 $\omega(\text{TP})$ 处于 0.40~0.64 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 远低于 0.8 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$; $\omega(\text{AP})$ 处于 1.35~2.86 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, 远低于 8 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, 属于严重缺磷土壤, K 含量相对丰富^[27]. 可见, 虽然 30 a 油松林土壤中 TP 含量较低, 适宜的土壤条件有助于磷从凋落物或土壤矿物中的释放, 导致 AP 含量上升, 供应植物生长. 因此, 油松林演替有助于缓解本地区植物的缺磷状况, 逐步解除磷限制. 对不同深度土壤理化性质的对比表明, 20 a 和 30 a 人工油松林土壤中, 表层土壤养分含量高于亚表层, 与前人研究的结果一致^[28,29]. 这可能主要因为表层土壤植物枯枝落叶分解物及根系分泌物较多, 碳和氮等养分输入较大.

3.2 油松林次生演替对土壤微生物总量及多样性的影响

本研究中, 不同演替年限油松林土壤细菌和真菌总量均在 30 a 时达到最大. 此外, 真菌/细菌可以用来描述土壤微生物群落结构的变化和评估群落结构的稳定性^[30,31]. 有研究表明, 真菌丰富度对于细菌群落组成产生抑制作用, 促使细菌所表征的群落随机性下降, 真菌所表征的群落稳定性增加^[32]. 本研究中真菌/细菌为 0.13~0.32, 说明本研究区土壤微生物中细菌占据绝对优势. 但是随着油松林的演替,

真菌/细菌显著升高,真菌在群落组成和相对丰度上都发生了明显的变化[表3、图2(a)和图3(a)].可见随着演替的进行,微生物群落结构逐渐趋于稳定.这可能与不同林龄土壤中微生物可利用的有机质基质不同相关.在较年幼的林地中,植物根系生长迅速,小分子的根系分泌物如有机酸和糖类相对较多^[33],这些物质更有利于细菌的繁殖^[34,35].随着演替的进行,存在更多的根部木质组织和凋落的枯枝落叶等以纤维素为主要成分的有机质物质^[36],真菌胞外酶降解这些物质并积极响应凋落物分解^[37],使得真菌生长迅速,真菌/细菌增大.相关分析表明,土壤TN、SOM和AHN与真菌总量显著正相关, NO_3^- -N含量与真菌/细菌显著正相关.可见,土壤有机质和氮是促进真菌总拷贝数增加的主要影响因子,本研究的结果与Jing等^[38]和Simonm等^[39]的研究相符.

与10a和20a油松林土壤相比,油松林土壤真菌Alpha多样性在30a时显著下降(图1).相关分析表明,真菌Alpha多样性与土壤TP和TK呈显著正相关.本研究区域土壤缺磷富钾,演替30a油松林土壤TP的限制导致了真菌多样性和丰富度的降低.这与Ren等^[40]研究的结果不一致,其结果表明次生演替150a左右的油松林土壤微生物多样性不受TP的影响;推测由于本研究中油松林次生演替林龄跨度较短(仅为30a),油松幼林受到生长基质理化性质的限制更强,而长时间演替的成熟林则存在更多的凋落物分解,因此造成演替早期和后期真菌群落受到理化因子影响的差异.与真菌相比,本研究区土壤细菌多样性对油松林次生演替不敏感.本研究表层土壤真菌和细菌拷贝数显著高于亚表层,这与Helgason等^[41]在土壤剖面微生物分布研究的结果相吻合.多数情况下,表层和亚表层土壤微生物多样性无显著差异,演替20a时,真菌Chao1指数和细菌Pielou_e指数均表现为亚表层高于表层.这可能是由于演替早期,油松生长迅速,细根的伸长区在亚表层产生大量根系分泌物,为土壤微生物提供丰富多样的碳源^[42],促进细菌和真菌多样性提高.

3.3 油松林次生演替对土壤微生物群落结构的影响及其养分驱动机制

植物凋落物与根系分泌物会影响SOM及土壤养分状况,进而对微生物群落结构产生影响.本研究中,门和属水平上,不同林龄及土层深度的油松林土壤真菌中,子囊菌门(红菇属)和担子菌门(青霉菌属)相对丰度较高;细菌则是放线菌门(红色杆菌属)、变形菌门(慢生根瘤菌属)和酸杆菌门(Subgroup_6目下未定名属)占优势.这与黄土高原地

区土壤微生物群落分布特征的研究结果相符^[43].

子囊菌门和担子菌门在土壤养分循环中能够有效降解难分解有机质^[44],有助于维持群落的稳定并通过降解枯落物中的纤维素维持自身营养,起着提升土壤肥力的作用,在森林生态系统中占据着主要优势^[45].其中红菇属和青霉菌属相对丰度较高,随演替变化相异;红菇属相对丰度随演替显著增加(由0.02%增至29.78%),而青霉菌属相对丰度急剧降低(由10.18%降至0.64%).这说明,红菇属真菌对TP限制反应较敏感,而青霉菌属不受其限制.TP如何影响红菇菌属和青霉菌属的相对丰度变化,有待于进一步研究.此外,变形菌门具有很强的固氮能力,对于凋落物分解具有很强的作用,在土壤营养累积方面可产生一定的影响^[46,47],本研究变形菌门中慢生根瘤菌属相对丰度随演替显著上升,与土壤氮素的积累显著相关.酸杆菌门对于贫瘠土壤有着很强的耐受性^[48],在针叶林演替中占据着较高丰度^[49],本研究中酸杆菌门相对丰度随着演替显著增加,证实了酸杆菌门在针叶林演替中起显著作用.属水平下细菌总体丰度较低,酸杆菌门中Subgroup_6目下未定名属丰度变化与土壤TP显著正相关,与土壤有机质和氮素呈负相关,其分类学特征和生态意义有待于进一步研究.

4 结论

(1)人工油松林演替有效改善了土壤养分状况.30a人工油松林土壤中SOM、TN、 NH_4^+ -N和 NO_3^- -N均显著高于10a和20a,而TP和TK含量随演替年限逐渐降低.

(2)不同林龄油松林土壤真菌的优势门为子囊菌门、担子菌门和被孢菌门,细菌的优势门为放线菌门、变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门和芽单胞菌门.

(3)油松林土壤微生物中细菌总量较真菌多,占绝对优势.真菌和细菌拷贝数均随林龄增加显著增加.演替30a的油松林土壤真菌和细菌拷贝数相较于10a的拷贝数,分别增长了6.61倍和2.55倍.

(4)随着林龄的增加,土壤真菌多样性显著下降.青霉菌属相对丰度大幅下降21.07%,而红菇属相对丰度增加14.2%;油松林土壤细菌多样性和群落结构总体变化较小,慢生根瘤菌属相对丰度随油松林演替增幅较小,仅增加3.03%.

(5)人工油松林在演替过程中,其土壤细菌和真菌生物量、红菇属相对丰度与SOM和TN呈显著正相关关系,土壤真菌多样性和青霉菌属相对丰度与TP呈显著正相关关系.

(6)综上,本研究区域整体处于磷限制状态.人

工油松林 30 a 演替过程中, 土壤碳氮逐渐积累, 而土壤总磷含量进一步降低, 共同导致了土壤微生物群落结构的改变. 其中, 真菌多样性和真菌中红菇属对土壤磷限制最为敏感. 本研究结果可为该区域植被恢复和土壤肥力保育提供科学参考.

参考文献:

- [1] Bouffaud M L, Kyselková M, Gouesnard B, *et al.* Is diversification history of maize influencing selection of soil bacteria by roots? [J]. *Molecular Ecology*, 2012, **21**(1): 195-206.
- [2] Yang D W, Zhang M K. Effects of land-use conversion from paddy field to orchard farm on soil microbial genetic diversity and community structure [J]. *European Journal of Soil Biology*, 2014, **64**: 30-39.
- [3] 王浩, 吴爱姣, 刘保兴, 等. 菌根真菌多样性与植物多样性的相互作用研究进展 [J]. *微生物学通报*, 2020, **47**(11): 3918-3932.
Wang H, Wu A J, Liu B X, *et al.* Interactions between mycorrhizal fungal diversity and plant diversity: a review [J]. *Microbiology China*, 2020, **47**(11): 3918-3932.
- [4] 毛晓雅, 刘晋仙, 贾彤, 等. 芦芽山华北落叶松林土壤剖面细菌群落分布格局 [J]. *环境科学*, 2023, **44**(6): 3376-3385.
Mao X Y, Liu J X, Jia T, *et al.* Distribution pattern of bacterial community in soil profile of *Larix principis-rupprechtii* forest in Luya Mountain [J]. *Environmental Science*, 2023, **44**(6): 3376-3385.
- [5] Schimel J. Microbial ecology: linking omics to biogeochemistry [J]. *Nature Microbiology*, 2016, **1**(2), doi: 10.1038/nmicrobiol.2015.28.
- [6] Bonanomi G, De Filippis F, Cesarano G, *et al.* Linking bacterial and eukaryotic microbiota to litter chemistry: Combining next generation sequencing with ¹³C CPMAS NMR spectroscopy [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **129**: 110-121.
- [7] 朱颖, 库永丽, 刘金良, 等. 黄土高原天然和人工油松林根际土壤解磷细菌群落特征及其功能 [J]. *应用生态学报*, 2021, **32**(9): 3097-3106.
Zhu Y, Ku Y L, Liu J L, *et al.* Community characteristics and functions of phosphate-solubilizing bacteria in rhizosphere soil of natural and planted *Pinus tabulaeformis* forests on the Loess Plateau, Northwest China [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2021, **32**(9): 3097-3106.
- [8] 兰道云, 毕华兴, 赵丹阳, 等. 晋西黄土区不同密度油松人工林保育土壤功能评价 [J]. *水土保持学报*, 2022, **36**(2): 189-196.
Lan D Y, Bi H X, Zhao D Y, *et al.* Evaluation on soil conservation function of *Pinus tabulaeformis* plantation with different densities in the Loess area of Western Shanxi province [J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2022, **36**(2): 189-196.
- [9] 党鹏. 黄土高原油松林土壤微生物及其对抚育间伐的响应 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2018.
Dang P. Soil microbial community dynamics following afforestation and its responses to thinning practice of *Pinus tabulaeformis* on the Loess Plateau [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2018.
- [10] 逯军峰. 不同林龄油松人工林凋落物及其对土壤理化性质的影响研究 [D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2007.
Lu J F. Litter and effect on soil physical and chemical properties in *Pinus tabulaeformis* plantation at different ages [D]. Lanzhou: Gansu Agricultural University, 2007.
- [11] Prescott C E, Grayson S J. Tree species influence on microbial communities in litter and soil: current knowledge and research needs [J]. *Forest Ecology and Management*, 2013, **309**: 19-27.
- [12] 刘亚栋, 王晓霞, 和璐璐, 等. 北京地区油松人工林不同演替类型空间结构对林下植被及土壤的影响 [J]. *生态学报*, 2023, **43**(5): 1959-1970.
Liu Y D, Wang X X, He L L, *et al.* Effects of spatial structure on understory vegetation and soil properties in *Pinus tabulaeformis* plantation of different succession types in Beijing [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2023, **43**(5): 1959-1970.
- [13] 张从明, 满孝武, 吴芳, 等. 北京西山油松 *Pinus tabulaeformis* 和樟子松 *P. varsylvestris. mongolica* 人工林土壤-林木连续体微生物群落比较 [J]. *菌物学报*, 2023, **42**(10): 2041-2062.
Zhang C M, Man X W, Wu F, *et al.* A comparison of soil-plant continuum microbial communities in plantations of *Pinus tabulaeformis* and *P. varsylvestris. mongolica* in West Mountain of Beijing [J]. *Mycosystema*, 2023, **42**(10): 2041-2062.
- [14] Bevivino A, Paganin P, Bacci G, *et al.* Soil Bacterial community response to differences in agricultural management along with seasonal changes in a Mediterranean region [J]. *PLoS One*, 2014, **9**(8), doi: 10.1371/journal.pone.0105515.
- [15] 刘晓华, 魏天兴. 高通量测序分析黄土高原退耕还林区土壤细菌群落特征 [J]. *环境科学*, 2021, **42**(9): 4489-4499.
Liu X H, Wei T X. High-throughput sequencing analysis of soil bacterial community in the grain for green project areas of the Loess Plateau [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(9): 4489-4499.
- [16] 胡娟娟, 郭雷, 刘国华. 黄土丘陵沟壑区不同植被恢复格局下土壤微生物群落结构 [J]. *生态学报*, 2014, **34**(11): 2986-2995.
Hu C J, Guo L, Liu G H. Soil microbial community structure under different vegetation restoration patterns in the Loess Hilly area [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2014, **34**(11): 2986-2995.
- [17] Liang C, Zhu X F. The soil microbial carbon pump as a new concept for terrestrial carbon sequestration [J]. *Science China Earth Sciences*, 2021, **64**(4): 545-558.
- [18] LeBlanc N, Kinkel L L, Kistler H C. Soil fungal communities respond to grassland plant community richness and soil edaphics [J]. *Microbial Ecology*, 2015, **70**(1): 188-195.
- [19] Zuo X A, Wang S K, Lv P, *et al.* Plant functional diversity enhances associations of soil fungal diversity with vegetation and soil in the restoration of semiarid sandy grassland [J]. *Ecology and Evolution*, 2016, **6**(1): 318-328.
- [20] 邵森. 山西太岳山针叶林土壤肥力随林龄和营林措施变化特征的研究 [D]. 北京: 北京林业大学, 2018.
Shao S. The study on the changes of soil fertility in coniferous forest with age and silvicultural measures of Shanxi Taiyue Mountain [D]. Beijing: Beijing Forestry University, 2018.
- [21] 鲍士旦. 土壤农化分析 [M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [22] Callahan B J, McMurdie P J, Rosen M J, *et al.* DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data [J]. *Nature Methods*, 2016, **13**(7): 581-583.
- [23] Bray J R, Curtis J T. An ordination of the upland forest communities of southern Wisconsin [J]. *Ecological Monographs*, 1957, **27**(4): 326-349.
- [24] 张海涛, 梁继业, 周正立, 等. 塔里木河中游荒漠河岸林土壤理化性质分布特征与植被关系 [J]. *水土保持研究*, 2016, **23**(2): 6-12.
Zhang H T, Liang J Y, Zhou Z L, *et al.* Relationship between distribution characteristics of soil physicochemical properties and vegetation in desert riparian forest in the middle reaches of the Tarim River [J]. *Research of Soil and Water Conservation*, 2016, **23**(2): 6-12.

- [25] 范媛媛, 李懿, 李启迪. 不同林龄油松土壤微生物、酶活性和养分特征[J]. 水土保持研究, 2019, **26**(6): 58-64.
Fan Y Y, Li Y, Li Q D. Microbe, enzymatic activity and nutrient contents of soils in different stand ages of *Pinus tabulaeformis* [J]. Research of Soil and Water Conservation, 2019, **26**(6): 58-64.
- [26] Wang G L, Liu F. The influence of gap creation on the regeneration of *Pinus tabulaeformis* planted forest and its role in the near-natural cultivation strategy for planted forest management [J]. Forest Ecology and Management, 2011, **262**(3): 413-423.
- [27] 王翔, 李晋川, 岳建英, 等. 安太堡露天矿复垦地不同人工植被恢复下的土壤酶活性和肥力比较[J]. 环境科学, 2013, **34**(9): 3601-3606.
Wang X, Li J C, Yue J Y, et al. Comparison of soil fertility among open-pit mine reclaimed lands in Antaibao regenerated with different vegetation types [J]. Environmental Science, 2013, **34**(9): 3601-3606.
- [28] De Araujo Pereira A P, De Andrade P A M, Bini D, et al. Shifts in the bacterial community composition along deep soil profiles in monospecific and mixed stands of *Eucalyptus grandis* and *Acacia mangium* [J]. PLoS One, 2017, **12**(7), doi: 10.1371/journal.pone.0180371.
- [29] Zhong Y Q W, Yan W M, Shangguan Z P. Impact of long-term N additions upon coupling between soil microbial community structure and activity, and nutrient-use efficiencies [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2015, **91**: 151-159.
- [30] Boyle S A, Yarwood R R, Bottomley P J, et al. Bacterial and fungal contributions to soil nitrogen cycling under Douglas fir and red alder at two sites in Oregon [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2008, **40**(2): 443-451.
- [31] Bardgett R D, Mealister E. The measurement of soil fungal: bacterial biomass ratios as an indicator of ecosystem self-regulation in temperate meadow grasslands [J]. Biology and Fertility of Soils, 1999, **29**(3): 282-290.
- [32] Jiào S, Chu H Y, Zhang B G, et al. Linking soil fungi to bacterial community assembly in arid ecosystems [J]. iMeta, 2022, **1**(1), doi: 10.1002/imt2.2.
- [33] Marschner P, Crowley D, Yang C H. Development of specific rhizosphere bacterial communities in relation to plant species, nutrition and soil type [J]. Plant and Soil, 2004, **261**(1/2): 199-208.
- [34] 苑亚茹, 韩晓增, 李禄军, 等. 低分子量根系分泌物对土壤微生物活性及团聚体稳定性的影响[J]. 水土保持学报, 2011, **25**(6): 96-99.
Wan Y R, Han X Z, Li L J, et al. Effects of soluble root exudates on microbial activity and aggregate stability of black soils [J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2011, **25**(6): 96-99.
- [35] Yin C T, Jones K L, Peterson D E, et al. Members of soil bacterial communities sensitive to tillage and crop rotation [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2010, **42**(12): 2111-2118.
- [36] Chaverri P, Vilchez B. Hypocrealean (Hypocreales, Ascomycota) fungal diversity in different stages of tropical forest succession in Costa Rica [J]. Biotropica, 2006, **38**(4): 531-543.
- [37] Schneider T, Keiblinger K M, Schmid E, et al. Who is who in litter decomposition? Metaproteomics reveals major microbial players and their biogeochemical functions [J]. The ISME Journal, 2012, **6**(9): 1749-1762.
- [38] Jing X, Chen X, Fang J Y, et al. Soil microbial carbon and nutrient constraints are driven more by climate and soil physicochemical properties than by nutrient addition in forest ecosystems [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, **141**, doi: 10.1016/j.soilbio.2019.107657.
- [39] Simonin M, Nunan N, Bloor J M G, et al. Short-term responses and resistance of soil microbial community structure to elevated CO₂ and N addition in grassland mesocosms [J]. FEMS Microbiology Letters, 2017, **364**(9), doi: 10.1093/femsle/fnx077.
- [40] Ren C J, Liu W C, Zhao F Z, et al. Soil bacterial and fungal diversity and compositions respond differently to forest development [J]. Catena, 2019, **181**, doi: 10.1016/j.catena.2019.104071.
- [41] Helgason B L, Korschuh H J, Bedard-Haughn A, et al. Microbial distribution in an eroded landscape: buried horizons support abundant and unique communities [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2014, **196**: 94-102.
- [42] 杜璨, 许晨阳, 王强, 等. 秦岭红桦林土壤细菌群落剖面分布特征及其影响因素[J]. 环境科学, 2017, **38**(7): 3010-3019.
Du C, Xu C Y, Wang Q, et al. Patterns of bacterial community through soil depth profiles and its influencing factors under *Betula albosinensis* Burkill in the Xinjiaoshan forest region of Qinling Mountains [J]. Environmental Science, 2017, **38**(7): 3010-3019.
- [43] 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.
- [44] 高日平, 段玉, 张君, 等. 长期施肥对农牧交错带旱地土壤微生物多样性及群落结构的影响[J]. 环境科学, 2023, **44**(2): 1063-1073.
Gao R P, Duan Y, Zhang J, et al. Effects of long-term fertilization on soil microbial diversity and community structure in the agro-pastoral ecotone [J]. Environmental Science, 2023, **44**(2): 1063-1073.
- [45] De Araújo A S F, Rocha S M B, Dos Santos V M, et al. Abundance of ammonia-oxidizing organisms across a gradient of preserved Brazilian Cerrado [J]. Tropical Ecology, 2017, **58**(3): 653-661.
- [46] Yang J K, Zhang J J, Yu H Y, et al. Community composition and cellulase activity of cellulolytic bacteria from forest soils planted with broad-leaved deciduous and evergreen trees [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2014, **98**(3): 1449-1458.
- [47] Hannula S E, Heinen R, Huberty M, et al. Persistence of plant-mediated microbial soil legacy effects in soil and inside roots [J]. Nature Communications, 2021, **12**(1), doi: 10.1038/s41467-021-25971-z.
- [48] Dedysh S N, Yilmaz P. Refining the taxonomic structure of the phylum *Acidobacteria* [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2018, **68**(12): 3796-3806.
- [49] 肖烨, 黄志刚, 李友凤, 等. 赤水河流域典型植被类型的土壤微生物群落结构与多样性[J]. 水土保持研究, 2022, **29**(6): 275-283.
Xiao Y, Huang Z G, Li Y F, et al. Soil microbial community structure and diversity of typical vegetation types in Chishui river basin [J]. Research of Soil and Water Conservation, 2022, **29**(6): 275-283.

CONTENTS

Spatio-temporal Evolution, Dynamic Transition, and Convergence Trend of Urban Carbon Emission Intensity in China	YANG Qing-ke, WANG Lei, ZHU Gao-li, <i>et al.</i> (1869)
Spatio-temporal Evolution and Trend Prediction of Transport Carbon Emission Efficiency	ZHENG Yan, JIANG Xue-mei, XIAO Yu-jie (1879)
Research on Carbon Emission Decoupling Factors Based on STIRPAT Model and LMDI Decomposition	ZHANG Jiang-yan (1888)
Carbon Peak Pathways of Industrial Parks Based on the LEAP Model: A Case Study of a National Development Zone in Nanjing	LI Hui-peng, LI Li, YIN Yin, <i>et al.</i> (1898)
Accounting and Analysis of Carbon Emissions in Universities: A Case Study of Beijing A University	CAO Rui, FENG Li, ZHANG Li-qiu (1907)
Synergy Effects and Driving Factors of Pollution and Carbon Emission Reduction in Manufacturing Industry in Beijing	YU Shan, HAN Yu-hua, MU Jie, <i>et al.</i> (1917)
Carbon Emissions Trading Prices and Total Factor Productivity: Evidence from China	WU Xue-ping (1926)
Analysis of Spatio-temporal Distribution Characteristics and Influencing Factors of PM _{2.5} and PM ₁₀ in Chinese Cities	LI Jiang-su, DUAN Liang-rong, ZHANG Tian-jiao (1938)
Spatial-temporal Characteristics and Influencing Factors of PM _{2.5} and Ozone in the Border Area of Jiangsu, Anhui, Shangdong, and Henan from 2017 to 2021	CHEN Wei, XU Xue-zhe, LIU Wen-qing (1950)
Analysis of the Characteristics and Causes of PM _{2.5} and O ₃ Pollution in Xi'an During the Epidemic Lockdown Period	YUAN Xiao-hong, ZHANG Qiang, LI Qi, <i>et al.</i> (1963)
PM _{2.5} Chemical Composition and Spatial Variability in the Five Cities of Southern Jiangsu During Fall and Winter	FENG Wei, DING Feng, SHANG Yue, <i>et al.</i> (1975)
Source Apportionment of Fine Particles in Xianning, Hubei	LUO Yi, ZHU Kuan-guang, CHEN Pu-long, <i>et al.</i> (1983)
Spillover Benefits of Ammonia Emission Reduction in Xingtai Area to the Improvement of Atmospheric PM _{2.5} Concentration in the Beijing-Tianjin-Hebei Region	BIAN Ze-jun, WEN Chao-yu, LANG Jian-lei, <i>et al.</i> (1994)
Characteristics, Risk Assessment, and Sources of the Polluted Metallic Elements in PM _{2.5} During Winter in Liaocheng City	ZHANG Jing-qiao, ZHU Yao, CAO Ting, <i>et al.</i> (2003)
Composition Characteristics of Typical VOCs Sources in the Highland City of Lhasa	GUO Shu-zheng, YE Chun-xiang, LIN Wei-li, <i>et al.</i> (2011)
VOCs Pollution Characteristics and Health Risk Assessment in Typical Industrial Parks in Beijing: Environmental Impact of High and New Technology Industries	WANG Jie, YAO Zhen, WANG Min-yan, <i>et al.</i> (2019)
Analysis of a Typical Ozone Pollution Process in the Chengdu Plain Under the Influence of High Temperature Extremes	LEI Li-juan, ZHANG Yi, LUO Yi-na, <i>et al.</i> (2028)
Presence, Behavior, and Risk of Antiviral Drugs in the Aqueous Environment	GE Lin-ke, LI Xuan-yan, CAO Sheng-kai, <i>et al.</i> (2039)
Spatio-temporal Variation and Probability Health Risk of Heavy Metals in Surface Water of Xiaolangdi Reservoir in the Yellow River	WANG Liang, DENG Xue-jiao, WANG Xiao-lei, <i>et al.</i> (2054)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Strontium Enrichment of the Duoqu River Basin in Eastern Xizang	LI Jing-jie, LIAN Sheng, WANG Ming-guo, <i>et al.</i> (2067)
Characteristics of Stable Isotopes in Precipitation and Its Moisture Sources in the Inland Regions of Northwest China	ZHANG Yan-yan, XIN Cun-lin, GUO Xiao-yan, <i>et al.</i> (2080)
Recharge Source and Evolution Process of Karst Groundwater in Tai'an Urban Area Based on Hydrochemistry and Hydrogen and Oxygen Isotopes	MENG Ling-hua (2096)
Hydrochemical Characteristics and Influencing Factors of Surface Water and Groundwater in the Mountainous Area of Danjiang River Basin	ZHANG Zi-yan, FU Yong-peng, WANG Ning-tao, <i>et al.</i> (2107)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Groundwater in Yuanyangchi Irrigation Area, Jinta Basin	WANG Xiao-yan, HAN Shuang-bao, ZHANG Meng-nan, <i>et al.</i> (2118)
Hydrochemical Characteristics and Health Risk Assessment of Shallow Groundwater in the Plain Zone of Deyang City	LIU Nan, CHEN Meng, GAO Dong-dong, <i>et al.</i> (2129)
Spatial and Temporal Distribution of Microplastics in the Sediments of Typical Urban River Network	XU Wan-lu, FAN Yi-fan, QIAN Xin (2142)
Construction of Nitrogen Emission Inventory at Sub-basin Scale and Analysis of Key Sources in Fuxian Lake Watershed	WANG Yan-jie, LIANG Qi-bin, WANG Yan-xia, <i>et al.</i> (2150)
Preparation of Lanthanum Crosslinked Calcium Peroxide/Sepiolite/Sodium Alginate Composite Hydrogels and Their Elimination Performance for Endogenous Phosphorus	QU Si-tong, SHAN Su-jie, WANG Chong-ming, <i>et al.</i> (2160)
Formation Mechanism, Structural Characteristics of Ultrafine Mineral Particles, and Their Environmental Effects	LIU Zhen-hai, ZHANG Zhan-hua, YUAN Yu-xin, <i>et al.</i> (2171)
Research Progress in Application of Biochar-immobilized Bacteria Composites in Environmental Remediation	SUN Shu-yu, HUANG Meng-xin, KONG Qiang, <i>et al.</i> (2185)
Effect of Microplastics on Ammonia Nitrogen Adsorption by Zeolite in Water and Its Mechanism	LIAN Jian-jun, XIE Shi-ting, WU Pei, <i>et al.</i> (2195)
Mechanism of Ultraviolet Aging Effect on the Adsorption of Ciprofloxacin by Nano-biochar	MA Feng-feng, XUE Zhi-yi, ZHAO Bao-wei (2203)
Response of Phytoplankton Communities and Environmental Factors Under the Influence of Land Use in the Wuding River Basin	GUO Shan-song, HU En, DING Yi-tong, <i>et al.</i> (2211)
Bacterial Community Diversity and Functional Gene Abundance of Culturable Bacteria in the Wetland of Poyang Lake	YU Jiang, WANG Chun, LONG Yong, <i>et al.</i> (2223)
Bacterial Community Structure and Its Relationship with Heavy Metals in Sediments of Diannong River	LIU Shuang-yu, MENG Jun-jie, QIU Xiao-cong, <i>et al.</i> (2233)
Impacts of Treated Wastewater on Bacterial and Fungal Microbial Communities in Receiving Rivers	GUO You-shun, YU Zhong, HAO Wen-bin, <i>et al.</i> (2246)
Metagenomics Reveals the Characteristics and Functions of Bacterial Community in the Advanced Wastewater Treatment Process	HU Jian-shuang, WANG Yan, ZHOU Zheng, <i>et al.</i> (2259)
Spatio-temporal Characteristics of Habitat Quality and Natural-human Driven Mechanism in Dabie Mountain Area	ZHENG Ya-ping, ZHANG Jun-hua, TIAN Hui-wen, <i>et al.</i> (2268)
Hyperspectral Inversion of Soil Organic Matter Content Based on Continuous Wavelet Transform, SHAP, and XGBoost	YE Miao, ZHU Lin, LIU Xu-dong, <i>et al.</i> (2280)
Effects of Straw Retention, Film Mulching, and Nitrogen Input on Soil Quality in Dryland Wheat Field	YE Zi-zhuang, WANG Song-yan, LU Xiong, <i>et al.</i> (2292)
Effects of Long-term Application of Organic Fertilizer on the Occurrence and Migration Characteristics of Soil Microplastics	WANG Chang-yuan, MA Xiao-chi, GUO De-jie, <i>et al.</i> (2304)
Effect of Different Soil Salinities on N ₂ O Emission: A Meta-analysis	HUANG Yi-hua, SHE Dong-li, SHI Zhen-qi, <i>et al.</i> (2313)
Assessment and Prediction of Carbon Storage Based on Land Use/Land Cover Dynamics in the Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area	ZHENG Hui-ling, ZHENG Hui-feng (2321)
Simulation of Temporal and Spatial Changes in Ecosystem Carbon Storage in Funiu Mountains Based on InVEST Model	ZHANG Zhe, SHI Zhen-qin, ZHU Wen-bo, <i>et al.</i> (2332)
Relationship Between Microbial Nutrient Limitation and Soil Organic Carbon Fraction During Shelterbelts Construction	XU Feng-jing, HUANG Yi-mei, HUANG Qian, <i>et al.</i> (2342)
Characteristics and Driving Forces of Organic Carbon Mineralization in Brown Soil with Long-term Straw Returning	ZHAO Yu-hang, YIN Hao-kai, HU Xue-chun, <i>et al.</i> (2353)
Effects of Winter Green Manure Mulching on Soil Aggregates, Organic Carbon, and AMF Diversity	LU Ze-rang, CHEN Jia-yu, LI Zhi-xian, <i>et al.</i> (2363)
Spatial and Temporal Distribution of Nitrogen in the Liaohe River Basin and Its Responses to Land Use and Rainfall	ZHOU Bo, LI Xiao-guang, TONG Si-chen, <i>et al.</i> (2373)
Nitrous Oxide Emissions from Ponds in Typical Agricultural Catchment with Intensive Agricultural Activity	ZHANG Xin-yue, XIAO Qi-tao, XIE Hui, <i>et al.</i> (2385)
Effects of Biochar Combined with Different Types of Nitrogen Fertilizers on Denitrification Bacteria Community in Vegetable Soil	LIU Xiao-wan, LIU Xing-ren, GAO Shang-jie, <i>et al.</i> (2394)
Investigation of Soil Microbial Characteristics During Stand Development in <i>Pinus tabulaeformis</i> Forest in Taiyue Mountain	MA Yi-shu, CAO Ya-xin, NIU Min, <i>et al.</i> (2406)
Simulation of Heavy Metal Content in Soil Based on Sparse Sample Sites	ZHANG Jia-qi, PAN Yu-chun, GAO Shi-chen, <i>et al.</i> (2417)
Identification Priority Source of Heavy Metal Pollution in Greenspace Soils Based on Source-specific Ecological and Human Health Risk Analysis in the Yellow River Custom Tourist Line of Lanzhou	LI Jun, LI Xu, LI Kai-ming, <i>et al.</i> (2428)
Heavy Metal Accumulation and Assessment of Potential Ecological Risk Caused by Soil pH Changes in Different Types of Purple Soils in Southwest China	ZHANG Hai-lin, ZHANG Yu, WANG Ding, <i>et al.</i> (2440)
Assessment and Source Analysis of Heavy Metal Pollution in Arable Land Around an Iron Ore Mining Area in Chongqing	LIAO Ze-yuan, LI Jie-qin, SHEN Zhi-jie, <i>et al.</i> (2450)
Health Risk Assessment of Heavy Metals in Farmland Soils and Crops Around Metal Mines	WEI Hong-bin, LUO Ming, XIANG Lei, <i>et al.</i> (2461)
Effect of Red Mud-based Nano Zero-valent Iron on Remediation of Polymetallic Contaminated Soil	LIU Long-yu, YANG Shi-li, ZHAO Huang-shi-yu, <i>et al.</i> (2474)
Effects of Zinc Application on Cadmium Accumulation in Alkaline Soil-Wheat Seeding Systems	ZHANG Yao, WANG Tian-qi, NIU Shuo, <i>et al.</i> (2480)