

不同修复植被类型的三峡库区消落带土壤细菌群落分析

李彦杰¹, 蒋梦芸¹, 杨俊年², 刘仁华¹, 钟彦², 王晶¹

(1.重庆三峡学院 生物与食品工程学院, 重庆 404100; 2.重庆三峡学院 教师教育学院, 重庆 404100)

摘 要:为了探究三峡库区消落带不同修复植被对土壤细菌群落结构的影响,以纯草地(A₁)、纯林地(A₂)和覆草林地(A₃)3种不同样地土壤为研究对象,采用土壤理化因子检测及扩增子测序的研究方法,分析了不同修复植被对三峡库区消落带土壤细菌群落的影响。结果表明:不同样地的 pH 值、全氮(TN)和全磷(TP)含量无显著性差异,A₁和 A₃的土壤有机碳(SOC)含量之间无显著性差异,但均显著高于 A₂ ($p < 0.05$);相关分析显示样地土壤细菌群落 ACE 指数和 Shannon 指数与土壤 SOC 和 TN 含量显著正相关($p < 0.05$),Chao1 指数与土壤 SOC 含量显著正相关($p < 0.05$);不同样地土壤的细菌优势种群无明显区别;属水平上 6 个优势种群的相对丰度与土壤 SOC 和 TN 含量显著相关($p < 0.05$);冗余分析显示 SOC 是影响三峡库区消落带不同修复植被样地细菌群落的主要显著性因子($p < 0.05$)。由此可以得出,不同修复植被类型的消落带土壤的细菌优势种群无明显差异,土壤细菌群落结构主要受土壤 SOC 的影响。

关键词:三峡库区消落带; 植被; 土壤; 细菌群落

中图分类号:S154.38

文献标识码:A

文章编号:1005-3409(2022)02-0112-06

Analysis of Soil Bacterial Communities in Water Level Fluctuating Zone of Three Gorges Reservoir Area with Different Re-vegetation Types

LI Yanjie¹, JIANG Mengyun¹, YANG Junnian², LIU Renhua¹, ZHONG Yan², WANG Jing¹

(1.College of Biology and Food Engineering, Chongqing Three Gorges University, Chongqing 404100, China; 2.College of Teacher Education, Chongqing Three Gorges University, Chongqing 404100, China)

Abstract:In order to study the effect of different re-vegetation types on soil bacterial communities in the water level fluctuating zone of the Three Gorges Reservoir area, three different soil samples, including pure grassland (A₁), pure woodland (A₂) and covered woodland (A₃), were used for physical and chemical factor detection and 16S rRNA gene sequencing, and the effects of different re-vegetation types on soil bacterial communities in the fluctuating zone of the Three Gorges Reservoir area were analyzed. The results showed that there were no significant differences in the values of pH value, total nitrogen (TN) and total phosphorus (TP) between different types of soil samples; there was no significant difference between the contents of soil organic carbon (SOC) of A₁ and A₃, which was significantly higher than A₂ ($p < 0.05$). Correlation analysis showed that the ACE index and Shannon index of soil bacterial community were significantly positively related to soil SOC and TN content ($p < 0.05$), Chao1 index was significantly positively related to soil SOC content ($p < 0.05$). There was no significant difference in the dominant bacterial populations in different soils. The relative abundance of each of the six dominant populations of bacteria at genus level was significantly related to soil SOC and TN contents, respectively ($p < 0.05$). Redundancy analysis showed that SOC was the mainly dominant significant factor of soil bacterial community structure ($p < 0.05$). It is shown that there is no significant difference in the dominant populations of soil bacteria under different re-vegetation types in Water Level Fluctuating Zone, and the structure of soil bacterial community is mainly influenced by soil SOC.

Keywords:hydro-fluctuation belt in Three Gorges Reservoir area; vegetation; soil; bacterial community

收稿日期:2021-03-25

修回日期:2021-04-03

资助项目:重庆市教育委员会科学技术研究计划青年资助项目(KJQN201801207);重庆市自然科学基金(cstc2016jcyjA0026);重庆市人文社会科学重点研究基地三峡库区可持续发展研究中心开放基金(18sxxjyd08);“三峡水库生态环境保护 and 灾害防治”重庆市 2011 协同创新中心和重庆市渝东北特色生物资源开发利用工程技术研究中心资助项目

第一作者:李彦杰(1979—),男,陕西杨凌人,博士,副教授,主要从事三峡库区消落带治理研究。E-mail:37805572@qq.com

三峡大坝建成后,因水库调度引起的水库水位变动,使得库区两岸形成了垂直落差达 30 m 的周期性水淹—露出交替地带,即三峡库区消落带。水库水位变化破坏了消落带原有植被生态系统,进而引发了诸多生态环境问题,恢复和重建消落带生态系统是消落带治理的关键。

土壤细菌可促进地球养分循环,改良土壤结构,提高土壤有机质转化,进而促进植物生长,对维持植被-土壤生态系统的稳定具有重要作用^[1]。土壤细菌群落具有明显的时空特征,受土壤 pH 值、养分、质地、气候条件、人工措施、地理位置和植被类型等影响^[2-3]。土壤细菌群落结构受多种非生物胁迫因子的驱动,塑造后的新群落既作用于逆境下由细菌介导的土壤养分转化及利用过程,也通过和植物的物质交流等共同调节植物的抗逆性^[4-5],故分析重建后的细菌群落结构对揭示植物的抗逆机制具有重要意义。此外,土壤细菌群落结构多样性及功能对植物生存环境状况及植被-土壤系统的重建评价也具有一定的指示价值。目前,已有多个研究表明植被状况(有植被区和无植被区等)^[6-8]和水淹高程^[9-10]均会影响三峡库区消落带土壤细菌群落多样性,而不同类型的修复植被对土壤细菌群落的影响鲜见报道。本研究在重庆市万州区沱口“三峡水库消落区植被修复试验示范基地”内,分别选择纯草地、纯林地和覆草林地 3 种修复植被样地土壤为研究对象,探讨不同样地对土壤细菌群落结构的影响,以期为后续研究消落带土壤微生物如何影响植物的耐淹性提供基础。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区块位于重庆市万州区百安坝沱口片区长江边的“三峡水库消落区植被修复试验示范基地”(30.77°N,108.43°E)内,属三峡库区自然消落带。万州区位于四川盆地东缘,重庆市东北边缘,地处长江中上游结合部,属亚热带季风湿润气候,四季分明,日照充足,冬暖多雾,霜雪稀少,夏热多伏旱,雨量充沛;多年平均气温 17.7℃,极端最高气温 42℃,最低气温零下 3.7℃,平均年日照时数 1 484 h,多年平均降水 1 243 mm。示范基地在三峡大坝 175 m 蓄水前大部分为旱作缓坡耕地和梯田耕地。

1.2 试验设计及采样方法

示范基地为三峡库区自然消落带,每年随着三峡大坝的水位变化均经历周期性的水淹—露出的过程。示范基地有纯草地、纯人工林地、覆草人工林地和混交林等多种不同类型修复植被区。纯草地有原生区

和多年移栽区,分布于 145~175 m 水淹高程,优势种均为狗牙根(*Cynodon dactylon*),零星可见野古草(*Arundinella anomala*)、牛鞭草(*Hemarthria compressa*)和苍耳(*Xanthium sibiricum*)等。纯人工林地和覆草人工林地主要位于 165~175 m 高程,林木均为 2012 年来陆续种植的中山杉(*Taxodium 'Zhongshanshan'*),其中覆草林地草本优势种为狗牙根。经 9 个周期性水淹—露出试验,人工林和覆草林地的中山杉成活率超过 85%,2012 年移栽的纯草地和覆草人工林的狗牙根成活率接近 100%。2020 年 4 月选择示范基地 165~167 m 水淹高程(每年经历最大水淹深度为 10~12 m,水淹时间约为 200 d)地势平缓、露出水面的纯草地(A₁)、纯林地(A₂)和覆草林地(A₃)为研究对象,每个样地设置 3 个重复样带(5 m×10 m),各样带间隔 10 m,3 种样地共有 9 个样带。

样带内采取 5 点取样法,取 5 个样点表层 0—20 cm 土壤混合后作为该样点土样,树下土壤采样在以树体为原点的 50 cm 半径范围内完成。取样时首先去除土壤残枝、落叶和石砾等物,取样后低温保存并迅速带回实验室。一部分土样—80℃保存用于微生物多样性分析,剩余土样风干后用于土壤理化性质测定。

1.3 土壤理化性质测定

土壤 pH 值采用水浸提电位法,按土水比为 1:2.5 混匀,静置 30 min 后测定;土壤有机碳(soil organic carbon, SOC)采用重铬酸钾氧化-外加热法(NY/T1121.6—2006)测定;土壤全氮(total nitrogen, TN)采用凯氏法(HJ717—2014)测定;土壤全磷(total phosphorus, TP)采用 NaOH 碱熔-钼锑抗分光光度法(HJ632—2011)测定。

1.4 土壤 DNA 提取及 16S rDNA 测序

用 MN NucleoSpin 96 Soi 试剂盒(MACH-EREY-NAGEL, Germany)提取土壤 DNA,并用 1%琼脂糖凝胶电泳和 Synergy HTX 多功能微孔板检测仪(BioTek, USA)检测 DNA 的完整性和纯度。用 338F(5'-ACTCTACGGGAGGCAGCA-3')和 806R(5'-GGAC-TACHVGGGTWTCTAAT-3')引物扩增细菌 16S rDNA 的 V₃—V₄ 区。50 μl 扩增体系:100 ng 模板 DNA,1.5 μl 引物(10 μmol/L),25 μl 2×PCR buffer for KOD FX Neo (Toyobo, Japan),1.0 μl KOD FX Neo 高效 PCR 酶(1.0 U/μl)(Toyobo, Japan)和 10 μl dNTP(2 mmol/L)。扩增条件为:95℃预变性 5 min,95℃变性 40 s,55℃退火 40 s,72℃延伸 40 s,25 个循环,72℃延伸 7 min。PCR 产物经 1.8%的琼脂糖凝胶电泳检测后,切胶回收,送至北京百迈客生物科技有限公司用 Illumina HiSeq 2500 平台测序。

1.5 数据处理

原始测序数据经过滤、拼接、嵌合体去除和长度筛选后,在 97% 相似性水平作 OTUs 聚类;基于 RDP classifier 比对 Silva 16S rRNA 基因数据库对所有 OTUs 代表序列作物种注释;基于 Mothur v. 1.30 计算样品的 ACE 指数、Chao1 指数、辛普森指数和香浓指数。采用 Excel 2019 (Microsoft, USA) 作数据整理,统计分析采用 R 包,其中 Kruskal-Wallis 法用于评价样本间的微生物多样性指数的差异显著性($\alpha = 0.05$),单因素分析和 Turkey 法用于评价样本间理化因子的差异显著性($\alpha = 0.05$),斯皮尔曼相关系数 (Spearman correlation coefficient, ρ) 用于评价土壤理化因子与细菌多样性指数、优势菌属与土壤理化因子的相关性;采用 Canoco 5.0 (Microcomputer power, USA) 作冗余分析 (redundancy analysis, RDA)。

2 结果与分析

2.1 不同样地土壤理化性质

由表 1 可知,纯草地(A_1)、纯林地(A_2)和覆草林地(A_3)的土壤酸碱度均趋于中性,且三者间无显著性差异; A_1 和 A_3 的土壤有机碳(SOC)含量之间无显著性差异,但均显著高于 A_2 ($p < 0.05$);3 种样地的全氮(TN)和全磷(TP)含量之间无显著性差异。

表 1 不同样地土壤的理化性质

样本	pH 值	有机碳/ ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$)	全氮/ ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$)	全磷/ ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$)
A_1	7.43±0.43ns	17.89±1.05a	1.09±0.11ns	0.81±0.06ns
A_2	7.11±0.46ns	13.62±0.91b	0.89±0.08ns	0.76±0.08ns
A_3	6.91±0.37ns	16.25±1.43a	1.07±0.11ns	0.78±0.06ns

注:不同小写字母表示在 0.05 水平上存在显著性差异,ns 表示在 0.05 水平上无显著性差异,下同。

2.2 土壤细菌群落的 α 多样性

对测序原始数据预处理及 OTUs 聚类,结果显示, A_1 组共有 1 296 条 OTUs,其中特有 OTUs 数目为 217; A_2 共有 1 294 条 OTUs,其中特有 OTUs 数目为 12; A_3 共有 1 222 条 OTUs,其中特有 OTUs 数目为 38;三者共有 OTUs 数目为 852。基于 ACE 指数、Chao1 指数、辛普森指数和香浓指数评估 A_1 , A_2 和 A_3 的细菌群落丰富度和多样性,结果显示不同样地之间的细菌群落丰富度和多样性指数差异均不显著(表 2)。

表 2 不同样地土壤细菌的 α 多样性指数

样本	ACE 指数	Chao1 指数	辛普森指数	香浓指数
A_1	1388±103ns	1431±106ns	0.0044±0.0004ns	6.211±0.112ns
A_2	1282±47ns	1349±107ns	0.0045±0.0004ns	6.110±0.073ns
A_3	1347±58ns	1430±69ns	0.0048±0.0005ns	6.143±0.084ns

2.3 土壤理化因子与细菌群落多样性

相关性分析结果显示(表 3),土壤的 SOC 和 TN 含量均与细菌 ACE 丰富度指数和香浓多样性指数显著正相关($p < 0.05$),SOC 含量与 Chao1 指数显著正相关($p < 0.05$)。

表 3 土壤理化因子与细菌群落 α 多样性指数的相关性

指数	pH 值	有机碳	全氮	全磷
ACE 指数	0.500	0.783 *	0.728 *	-0.317
Chao1 指数	0.583	0.667 *	0.594	<0.001
辛普森指数	-0.234	-0.527	-0.403	0.477
香浓指数	0.300	0.767 *	0.678 *	-0.450

注: * 表示 $p < 0.05$,下同。

2.4 不同样地的细菌群落组成特征

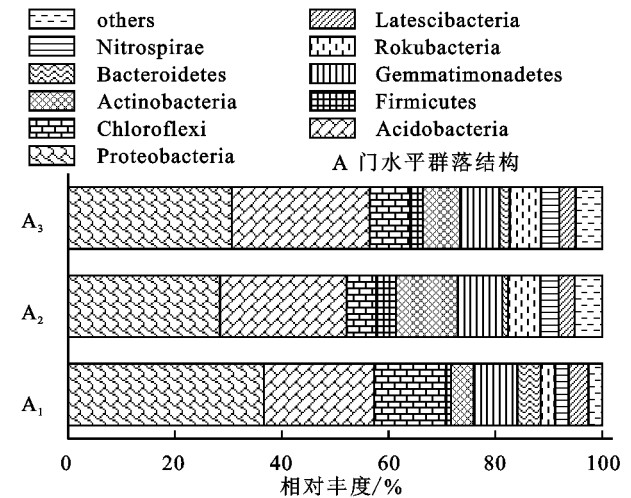
统计 A_1 , A_2 和 A_3 样地在门水平可注释的相对丰度排序前 10 的微生物优势种群依次为变形菌门 (Proteobacteria) (36.67%, 28.48%, 30.67%)、酸杆菌门 (Acidobacteria) (20.66%, 23.66%, 25.79%)、绿弯菌门 (Chloroflexi) (13.38%, 5.60%, 7.61%)、放线菌门 (Actinobacteria) (4.27%, 11.51%, 6.99%)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes) (8.21%, 8.42%, 7.33%)、Rokubacteria (2.69%, 6.04%, 5.91%)、拟杆菌门 (Bacteroidetes) (4.40%, 1.07%, 1.89%)、Latescibacteria (3.75%, 3.00%, 3.08%)、硝化螺旋菌门 (Nitrospirae) (2.47%, 3.46%, 3.40%) 和厚壁菌门 (Firmicutes) (0.95%, 3.65%, 2.39%) (图 1A)。3 种样地的变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、放线菌门和芽单胞菌门等种群相对丰度较高,其中变形菌门和酸杆菌门两者约占土壤细菌丰度的 52% 以上。

如图 1B 所示, A_1 , A_2 和 A_3 样地在纲水平上的主要优势种群依次为 γ -变形菌纲 (Gammaproteobacteria) (16.53%, 12.62%, 15.52%)、Subgroup_6 (12.28%, 6.87%, 11.57%)、 α -变形杆菌纲 (Alphaproteobacteria) (10.61%, 9.13%, 7.83%)、 δ -变形菌纲 (Deltaproteobacteria) (9.53%, 6.73%, 7.32%)、芽单胞菌纲 (Gemmatimonadetes) (7.55%, 8.30%, 7.04%)、NC10 (2.69%, 6.04%, 5.91%)、酸杆菌纲 (Acidobacteriia) (2.47%, 6.84%, 4.47%)、厌氧绳菌纲 (Anaerolineae) (8.58%, 1.69%, 2.83%)、拟杆菌纲 (Bacteroidia) (3.98%, 0.89%, 1.82%) 和芽孢杆菌纲 (Bacilli) (0.79%, 3.20%, 1.89%)。3 种样地的 γ -变形菌纲、 α -变形杆菌纲、 δ -变形菌纲和芽单胞菌纲等种群占比较高,其中变形菌门的 3 种变形菌纲种群占比为 30% 左右。

2.5 属水平细菌优势种群与土壤理化因子的相关性

在属水平, A_1 , A_2 和 A_3 的群落中平均相对丰度大于 1% 的可注释优势种群有 uncultured_bacterium

_c_Subgroup_6 (12.20%, 6.87%, 11.56%), uncultured_bacterium_f_Gemmatimonadaceae (7.25%, 7.79%, 6.54%), uncultured_bacterium_o_Rokubacteriales (2.56%, 6.01%, 5.83%), RB41 (0.58%, 5.36%, 4.44%), uncultured_bacterium_p_Latescibacteria (3.40%, 2.99%, 3.02%), 鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) (3.60%, 2.19%, 2.31%), MND1 (1.88%, 2.34%, 3.61%), 硫杆菌属 (*Thiobacillus*) (3.40%, 0.33%, 1.14%), uncultured_bacterium_f_Anaerolineaceae (3.30%, 0.54%, 1.02%), 芽胞杆菌



属 (*Bacillus*) (0.41%, 2.44%, 1.00%)。属水平的细菌优势种群(相对丰度大于 1%)与土壤理化因子的相关性分析结果显示(表 4),uncultured_bacterium_c_Subgroup_6, 硫杆菌属 (*Thiobacillus*) 和 uncultured_bacterium_f_Anaerolineaceae 等种群的相对丰度均与土壤 SOC 和 TN 含量显著正相关 ($p < 0.05$), RB41 和芽胞杆菌属 (*Bacillus*) 等种群的相对丰度均与土壤 SOC 和 TN 含量显著负相关 ($p < 0.05$), uncultured_bacterium_o_Rokubacteriales 种群的相对丰度与土壤 SOC 含量显著负相关 ($p < 0.05$)。

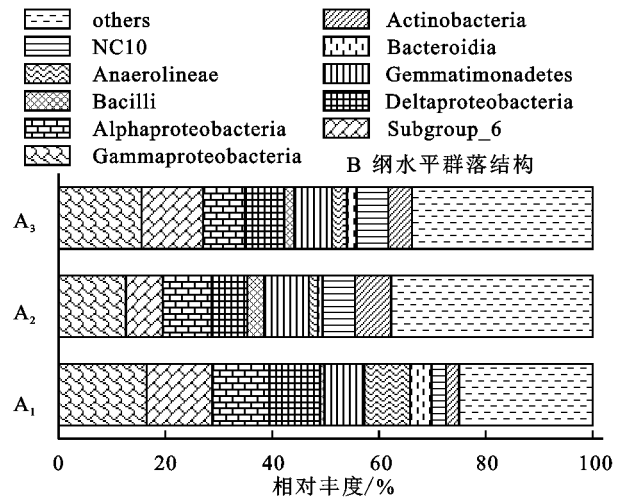


图 1 不同样地细菌群落结构

表 4 属水平细菌优势种群与理化因子的相关性

优势种群	pH 值	有机碳	全氮	全磷
uncultured_bacterium_c_Subgroup_6	0.350	0.833 *	0.728 *	0.267
uncultured_bacterium_f_Gemmatimonadaceae	0.450	-0.350	-0.402	0.067
uncultured_bacterium_o_Rokubacteriales	-0.200	-0.717 *	-0.628	-0.117
RB41	-0.200	-0.850 *	-0.753 *	-0.300
uncultured_bacterium_p_Latescibacteria	0.600	0.617	0.418	0.483
<i>Sphingomonas</i>	0.500	0.650	0.460	0.517
MND1	-0.350	-0.350	-0.201	-0.200
<i>Thiobacillus</i>	0.400	0.850 *	0.703 *	0.400
uncultured_bacterium_f_Anaerolineaceae	0.400	0.850 *	0.703 *	0.400
<i>Bacillus</i>	-0.200	-0.850 *	-0.753 *	-0.300

进一步采取 RDA 对土壤理化性质和目水平细菌群落优势种群(相对丰度 Top 10)进行限制性排序分析(图 2),RDA₁ 可解释总方差的 71.85%,RDA₂ 可解释总方差的 5.16%,两者累积可解释总方差的 77.01%。SOC, TN, pH 值和 TP 均与 RDA₁ 负相关。条件效应分析结果显示, SOC 是模型的显著性因子(pseudo- $F=10.8$, 校正 $p=0.032$), 其解释率为 60.7%, 即 SOC 是影响三峡库区消落带土壤细菌群落结构的主要显著性因子($p < 0.05$)。

3 讨论

3.1 消落带不同修复植被的土壤理化因子特征

与一般的陆生及水生系统不同的是,消落带土壤长期处于周期性的淹水—露出环境中,其土壤理化性质不但受土壤植被的影响,也受水文特征及人类活动等影响^[11-12]。已有研究表明,长期水淹生境下,消落带酸性或碱性土壤的 pH 值均逐渐趋于中性,本研究中消落带不同修复植被的土壤 pH 值间无显著性差

异,且均接近中性,其形成可能与消落带土壤被江水长期浸泡,以及露出时受雨水冲刷导致的有机质流失有关^[13-14]。土壤 SOC 储量不仅受气候、地形和土壤理化性质等自然因素和管理措施、土地利用方式等人为因素的影响,也受植被状况及其生物凋落物的影响^[15-16]。由于纯草地(A₁)和覆草林地(A₃)能提供更多植物凋落物,进而导致土壤 SOC 增加,故这两种样地的 SOC 含量均显著高于纯林地(A₂)($p < 0.05$),这与已有研究结果类似^[17-18]。土壤 TN 和 TP 含量与土质、风化淋溶程度、气候、人为活动和植物凋落物等有关^[19-20]。本研究中,3 种不同植被样地的 TN 和 TP 含量均较高,且无明显差别,这与部分研究结果不符^[21]。取样区域在三峡水库蓄水完成前为旱作梯田耕地,且蓄水后在 175 m 高程以上仍有成片坡菜地,这可能与人工添加的 N 和 P 元素迁移有关。

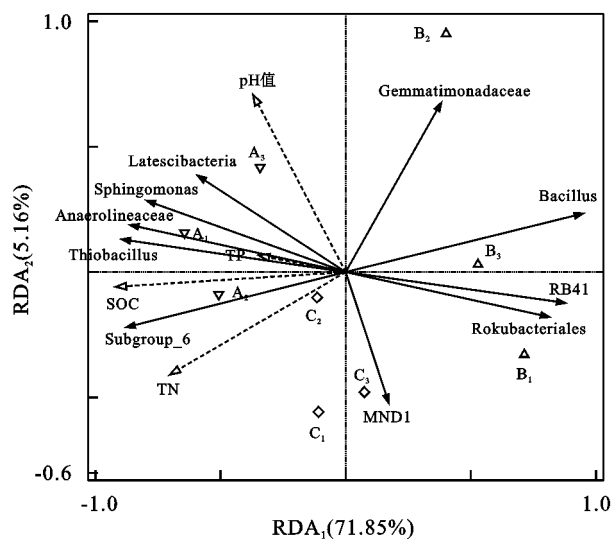


图 2 目水平土壤细菌优势种群与理化因子的 RDA 分析

3.2 消落带不同修复植被的土壤细菌群落特征

土壤细菌群落结构与植被类型、植物多样性关系密切。植物根系分泌物及凋落物为土壤细菌的生长提供了氨基酸和碳水化合物等重要营养和能源,同时植物通过根系呼吸作用影响土壤的气体组分、pH 值和氧化还原电位进而改善土壤微环境,共同促进土壤细菌生长及驱动细菌群落的演替。有研究显示针叶林、常绿阔叶林、针-阔混交林和竹林 4 种不同森林植被的土壤细菌群落显著不同,不同植被区土壤均有其特定优势种群^[22]。土壤理化性质也可单独或和植被等共同影响特定土壤环境下的细菌群落结构。研究表明,在亚热带森林生态系统早期演替过程中,土壤理化因子、植被类型及多样性可分别解释细菌群落总变异的 28%,12%,即两者共同影响土壤细菌群落结构^[23]。水淹作为一种非生物胁迫因子,其缺氧和低光环境可直接影响细菌的群落结构。此外,水淹环境

影响植被生长,进而影响土壤有机碳等营养组分循环和累积,也间接影响土壤细菌群落结构。有研究显示,水淹环境影响三峡库区消落带土壤细菌群落结构和多样性,其中水位变化是驱动消落带土壤细菌群落结构演替的重要因素^[24]。本研究选择相近水淹高程的消落带研究样地,其多年水位变化基本一致,结果显示 3 种修复植物样地的细菌群落丰富度和多样性无明显差异。SOC 显著影响属水平的细菌 Top10 优势种群($p < 0.05$),结合表 1 的土壤理化性质,推测相近高程下消落带的不同修复植被通过可提供给土壤的有机碳数量影响土壤细菌群落结构。

3 种样地的优势菌门均为变形菌门(Proteobacteria)和酸杆菌门(Acidobacteria),且其门、纲水平的 Top10 优势种群及相对丰度与多个相近环境中土壤细菌群落组成类似^[25]。已有研究表明,变形菌门主要由 γ -变形菌纲(Gammaproteobacteria)、 δ -变形菌纲(Deltaproteobacteria)和 α -变形菌纲(Alphaproteobacteria)等组成,相对丰度约占土壤细菌的 30%,其可参与土壤的有机物降解及 N 元素等养分循环过程^[26]。本研究中,变形菌门(Proteobacteria) γ -变形菌纲(Gammaproteobacteria)和 δ -变形菌纲(Deltaproteobacteria)的平均相对丰度在纯草地(A₁)和覆草林地(A₃)土壤较高, α -变形菌纲(Alphaproteobacteria)的平均相对丰度在 3 种样地基本一致,显示不同修复植被对消落带土壤的固氮种群无明显影响。酸杆菌门(Acidobacteria)具有嗜酸和寡营养等特点,其通过参与纤维素降解和金属元素循环等在土壤生态过程中起重要作用。从 A₁, A₂ 到 A₃ 样地,土壤的 pH 值呈下降趋势,酸杆菌门的相对丰度呈上升趋势,这与多个研究发现的土壤中酸杆菌的相对丰度与土壤 pH 值负相关的结论相符^[27]。绿弯菌门(Chloroflexi)厌氧绳菌纲(Anaerolineae)广泛分布于水生及湿地土壤中,其功能主要与土壤有机碳的降解有关^[28-29]。纯草地(A₁)和覆草林地(A₃)比纯林地(A₂)可提供更多植物残体,可促进与有机质降解的细菌种群增殖,故这两种样地的厌氧绳菌纲(Anaerolineae)相对丰度较高。

4 结论

(1) 相近水淹高程下,三峡库区消落带不同修复植被类型样地土壤 pH 值、TN 和 TP 含量无明显差别,其中经长期淹没—露出周期后不同样地土壤的 pH 值均接近中性。

(2) 相近水淹高程下,三峡库区消落带不同修复植被类型样地土壤的细菌群落丰富度和多样性无明显差异。3 种样地土壤的细菌群落优势种群基本一致,其中

变形菌门和酸杆菌门约占门水平土壤细菌丰度的 52% 以上, γ -变形菌纲、 α -变形杆菌纲、 δ -变形菌纲和芽单胞菌纲等约占纲水平土壤细菌丰度的 30% 左右。

(3) 消落带土壤细菌在属水平的多个优势种群与土壤 SOC 和 TN 显著相关($p < 0.05$),其中 SOC 是三峡库区消落带土壤细菌群落的主要影响因子($p < 0.05$),这可能与不同修复植被类型可提供的有机质数量有关。

参考文献:

- [1] Saleem M, Hu J, Jousset A. More than the sum of its parts: microbiome biodiversity as a driver of plant growth and soil health[J]. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 2019,50(1):145-168.
- [2] Xun W B, Huang T, Zhao J, et al. Environmental conditions rather than microbial inoculum composition determine the bacterial composition, microbial biomass and enzymatic activity of reconstructed soil microbial communities[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2015,90:10-18.
- [3] Mitter B, Brader G, Pfaffenbichler N, et al. Next generation microbiome applications for crop production-limitations and the need of knowledge-based solutions[J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2019,49:56-65.
- [4] 黄旭光,秦玲,黄丽丹,等.干旱胁迫及复水下朱槿生长及根际土壤微生物多样性的变化特征[J].*热带作物学*, 2020,41(2):401-408.
- [5] Hu B, Jin T, Xu H R, et al. NRT1.1 B is associated with root microbiota composition and nitrogen use in field-grown rice [J]. *Nature Biotechnology*, 2019, 37 (6):676-684.
- [6] Ma M, Du H X, Wang D Y, et al. Mercury methylation in the soils and sediments of Three Gorges Reservoir Region[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2018, 18 (3):1100-1109.
- [7] 秦红,李昌晓,任庆水.不同土地利用方式对三峡库区消落带土壤细菌和真菌多样性的影响[J].*生态学报*,2017, 37(10):3494-3504.
- [8] Ren Q S, Li C X, Yang W H, et al. Revegetation of the riparian zone of the Three Gorges Dam Reservoir leads to increased soil bacterial diversity[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2018,25(24):23748-23763.
- [9] Wang Y, Huang P, Ye F, et al. Nitrite-dependent anaerobic methane oxidizing bacteria along the water level fluctuation zone of the Three Gorges Reservoir[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2016,100(4):1977-1986.
- [10] 叶飞,吴胜军,姜毅,等.人类活动对三峡消落带土壤亚硝酸盐型甲烷厌氧氧化菌群落的影响[J].*环境科学*,2018,38(8):3266-3277.
- [11] Deng J J, Yin Y, Luo J Y, et al. Different revegetation types alter soil physical-chemical characteristics and fungal community in the Baishilazi Nature Reserve[J]. *PeerJ*, 2019,6,DOI:10.7717/peerj.6251.
- [12] Wang C, Fang F, Yuan Z Y, et al. Spatial variations of soil phosphorus forms and the risks of phosphorus release in the water-level fluctuation zone in a tributary of the Three Gorges Reservoir[J]. *Sci. Total Environ.*, 2020,699,DOI:10.1016/j.scitotenv.2019.134124.
- [13] 张金洋,王定勇,石孝洪.三峡水库消落区淹水后土壤性质变化的模拟研究[J].*水土保持学报*,2004,18(6): 120-123.
- [14] 郭燕,程瑞梅,肖文发,等.三峡库区消落带土壤化学性质年际变化特征[J].*林业科学*,2019,55(4):22-30.
- [15] Rajeswari R, Natarajan S, Latha M R, et al. Carbon sequestration in relation to soil morphological, physical and chemical properties: A review[J]. *International Journal of Chemical Studies*, 2020,8(4):2297-2303.
- [16] Wu J Q, Wang H Y, Li G, et al. Vegetation degradation impacts soil nutrients and enzyme activities in wet meadow on the Qinghai-Tibet Plateau [J]. *Scientific Reports*, 2020,10,DOI:10.1038/s41598-020-78182-9.
- [17] Zhang P, Scheu S, Li B, et al. Litter C transformations of invasive spartina alterniflora affected by litter type and soil source[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2020,56:369-379.
- [18] 刘仁,陈伏生,方向民,等.凋落物添加和移除对杉木人工林土壤水解酶活性及其化学计量比的影响[J].*生态学报*,2020,40(16):5739-5750.
- [19] Assefa F, Elias E, Soromessa T, et al. Effect of changes in land-use management practices on soil physico-chemical properties in kabe watershed, ethiopia [J]. *Air, Soil and Water Research*, 2020,13,DOI:10.1177/ 1178622120939587.
- [20] Yang Y, Gao B, Hao H, et al. Nitrogen and phosphorus in sediments in China: A national-scale assessment and review[J]. *Science of the Total Environment*, 2017,576:840-849.
- [21] 薛飞,龙翠玲,廖全兰,等.喀斯特森林凋落物对土壤养分及土壤酶的影响[J].*森林与环境学报*,2020,40(5): 449-458.
- [22] 王莹燕,王子芳,黄容,等.缙云山不同森林植被下土壤微生物群落结构特征研究[J].*土壤学报*,2019,56(5): 1210-1220.
- [23] 宿晓琳,李英滨,杨波,等.植物多样性对亚热带森林土壤微生物群落的影响[J].*生态学杂志*,2018,37(8): 2254-2261.
- [24] Yang F, Zhang D D, Wu J J, et al. Anti-seasonal submergence dominates the structure and composition of prokaryotic communities in the riparian zone of the Three Gorges Reservoir, China [J]. *Science of the Total Environment*, 2019,663:662-672.

- [3] Mamoglu A, Dengiz O. Evaluation of soil quality index to assess the influence of soil degradation and desertification process in sub-arid terrestrial ecosystem[J]. Rendiconti Lincei, 2019, 30(4): 723-734.
- [4] Senay Ulu Agir, Surmen Burak, Hamdi Guray Kutbay, et al. The effects of erosion and accretion on plant communities in coastal dunes in north of Turkey[J]. Rendiconti Lincei, 2017, 28(1): 203-224.
- [5] 余卫, 张莉, 王启兰. 青藏高原金露梅灌丛草甸土壤质量的微生物学特征[J]. 草地学报, 2016, 24(6): 1248-1253.
- [6] 张立欣, 段玉玺, 王博, 等. 库布齐沙漠不同人工固沙灌木林土壤微生物量与土壤养分特征[J]. 应用生态学报, 2017, 28(12): 3871-3880.
- [7] 罗雅曦, 刘任涛. 宁夏风沙区不同人工固沙灌丛林土壤质量评价[J]. 水土保持研究, 2019, 26(5): 60-67.
- [8] 封建民, 王涛, 齐善忠, 等. 黄河源区土地沙漠化的动态变化及成因分析: 以玛多县为例[J]. 水土保持学报, 2004, 18(3): 141-145.
- [9] 唐庄生, 安慧, 上官周平. 荒漠草原沙漠化对土壤养分与植被根冠比的影响[J]. 草地学报, 2015, 23(3): 463-468.
- [10] 李亚娟, 曹广民, 龙瑞军. 青海省海北州不同草地利用方式土壤基本理化性状研究[J]. 草地学报, 2012, 20(6): 1039-1043, 1050.
- [11] 池宏康, 周广胜, 许振柱, 等. 草地植被盖度的近距离遥感测定[J]. 草业学报, 2007, 16(2): 105-110.
- [12] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [13] 金慧芳, 史东梅, 陈正发, 等. 基于聚类及 PCA 分析的红壤坡耕地耕层土壤质量评价指标[J]. 农业工程学报, 2018, 34(7): 155-164.
- [14] 李鹏飞, 张兴昌, 郝明德, 等. 基于最小数据集的黄土高原矿区复垦土壤质量评价[J]. 农业工程学报, 2019, 35(16): 265-273.
- [15] Mastro R E, Chhonkar P K, Singh D, et al. Alternative soil quality indices for evaluating the effect of intensive cropping, fertilisation and manuring for 31 years in the semi-arid soils of India[J]. Environmental Monitoring and Assessment, 2008, 136: 419-435.
- [16] Rahmanipour F, Marzaioli R, Bahrami H A, et al. Assessment of soil quality indices in agricultural lands of Qazvin Province, Iran[J]. Ecological Indicators, 2014, 40: 19-26.
- [17] 王清奎, 汪思龙, 冯宗炜, 等. 土壤活性有机质及其与土壤质量的关系[J]. 生态学报, 2005, 25(3): 513-519.
- [18] 阎欣, 安慧. 宁夏荒漠草原沙漠化过程中土壤粒径分形特征[J]. 应用生态学报, 2017, 28(10): 3243-3250.
- [19] 刘艳, 宋同清, 蔡德所, 等. 喀斯特峰丛洼地不同土地利用方式土壤肥力特征[J]. 应用生态学报, 2014, 25(6): 1561-1568.
- [20] 王葆芳, 杨晓晖, 江泽平, 等. 不同地区土地沙漠化过程中土壤退化演变规律[J]. 水土保持学报, 2006, 20(3): 1-5, 9.
- [21] 蒋永梅, 姚拓, 李建宏, 等. 不同管理措施对高寒草甸土壤微生物量的影响研究[J]. 草业学报, 2016, 25(12): 35-43.
- [22] Ping L, Taolin Z, Xingxiang W, et al. Development of biological soil quality indicator system for subtropical China[J]. Soil and Tillage Research, 2013, 126: 112-118.
- [23] 魏孝荣, 邵明安. 黄土高原小流域土壤 pH、阳离子交换量和有机质分布特征[J]. 应用生态学报, 2009, 20(11): 2710-2715.
- [24] 刘世全, 蒲王琳, 张世熔, 等. 西藏土壤阳离子交换量的空间变化和影响因素研究[J]. 水土保持学报, 2004, 18(5): 1-5.
- [25] 张德罡, 祁连山区高寒草原土壤肥力特征及肥力因子间的关系(简报)[J]. 草业学报, 2002, 11(3): 76-79.
- [26] Campbell B D, Grime J P. A comparative study of plant responsiveness to the duration of episodes of mineral nutrient enrichment[J]. New Phytologist, 1989, 112(2): 261-267.

(上接第 117 页)

- [25] 解雪峰, 项琦, 吴涛, 等. 滨海湿地生态系统土壤微生物及其影响因素研究综述[J]. 生态学报, 2021, 41(1): 1-12.
- [26] Yang W, Jeelani N, Zhu Z H, et al. Alterations in soil bacterial community in relation to *Spartina alterniflora* Loisel. invasion chronosequence in the eastern Chinese coastal wetlands[J]. Applied Soil Ecology, 2019, 135: 38-43.
- [27] Liu J J, Sui Y Y, Yu Z H, et al. Diversity and distribution patterns of acidobacterial communities in the black soil zone of northeast China[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2016, 95: 212-222.
- [28] Wang C, Liu S Y, Zhang Y, et al. Bacterial communities and their predicted functions explain the sediment nitrogen changes along with submerged macrophyte restoration[J]. Microbial Ecology, 2018, 76(3): 625-636.
- [29] Zhu P, Wang Y P, Shi T T, et al. Intertidal zonation affects diversity and functional potentials of bacteria in surface sediments: a case study of the Golden Bay mangrove, China[J]. Applied Soil Ecology, 2018, 130: 159-168.