

DOI: 10.20103/j.stxb.202211063176

冉堃, 王泽锦, 李品. 典型城乡绿化树种土壤微生物组成和多样性的环境响应差异. 生态学报, 2023, 43(23): 9758-9769.

Ran K, Wang Z J, Li P. Response difference of bacterial and fungal structure and diversity in rhizosphere soil of typical urban tree along urban-rural environmental gradient. Acta Ecologica Sinica, 2023, 43(23): 9758-9769.

典型城乡绿化树种土壤微生物组成和多样性的环境响应差异

冉 堃, 王泽锦, 李 品*

森林培育与保护教育部重点实验室, 干旱半干旱地区森林培育及生态系统研究国家林草局重点实验室, 城市林业研究中心, 北京林业大学, 北京 100083

摘要: 城市化带来经济繁荣的同时引起了环境问题。城市树木作为城市生态环境的绿化景观的同时还具有缓解环境问题的功能。土壤环境作为城市树木的生长环境, 其健康状况直接影响到城市树木的生长状况, 而土壤微生物作为土壤生态系统中重要的生物群落, 在土壤环境中充当养分和储存的作用, 与城市树木共同维系城市生态功能。在土壤微生物中, 土壤表层的土壤细菌与真菌群落能对环境变化迅速反应, 因此可作为测定城市化等环境变化对于土壤生态系统的指标。为探究土壤细菌和真菌群落沿城乡环境梯度的响应差异, 沿北京市的城区-近郊-远郊梯度上共选取 7 个公园中的国槐林作为研究样地, 挖取其根际土壤用于土壤微生物测定, 进而探讨国槐根际土壤细菌与真菌群落在城市化影响下的群落组成与物种多样性的响应差异, 并找出影响其分布的环境因子。结果表明: (1) 土壤微生物的群落分布与组成会受到城市化的影响, 具体表现为土壤细菌与真菌群落在城乡环境梯度上均存在显著差异。其中土壤细菌群落共检测出 41 大类, 其中放线菌、 γ 变形菌、拟杆菌、粘球菌以及厚壁菌在城乡梯度上存在显著差异。而土壤真菌群落共检测出 16 大类, 其中担子菌与罗泽真菌在城乡梯度上存在显著差异。(2) 影响土壤微生物群落分布的环境因子包括土壤理化性质和气候因子两方面, 其中土壤细菌群落分布的环境因子包括土壤 pH、土壤有机碳、土壤全氮以及年均温, 而影响土壤真菌群落分布的环境因子包括土壤有机碳、土壤全氮、土壤全磷以及年降水。(3) 在城市化的影响区域中, 近郊是受城市化影响程度最大的区域, 其中土壤细菌群落在近郊区域的群落组成有一定重合度, 而土壤真菌群落在整个城乡梯度上均可完全分开。(4) 土壤细菌群落相比土壤真菌群落在城乡梯度上更容易受到环境因子的影响, 其环境敏感度较高。

关键词: 城乡梯度; 城市林; 细菌; 真菌; 土壤理化性质; 气候因子

Response difference of bacterial and fungal structure and diversity in rhizosphere soil of typical urban tree along urban-rural environmental gradient

RAN Kun, WANG Zejin, LI Pin*

The Key Laboratory for Silviculture and Conservation of Ministry of Education, Key Laboratory for Silviculture and Forest Ecosystem of State Forestry and Grassland Administration, Research Center for Urban Forestry, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China

Abstract: Urbanization brings economic prosperity while causing environmental problems, and as a greening landscape of the urban ecological environment, the urban trees also have the function of alleviating these problems. As the growth environment of urban trees, the health status of soil environment directly affects the growth status of urban trees, and soil microorganisms are important biological communities in soil ecosystems, which maintaining urban ecological functions together with urban trees. Among soil microorganisms, soil bacterial and fungal communities in the surface layer of soil can

基金项目: 国家自然科学基金项目 (32271673)

收稿日期: 2022-11-06; 网络出版日期: 2023-08-15

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: lipin@bjfu.edu.cn

react quickly to environmental changes, and they can therefore be used as indicators for measuring the impact of environmental changes. The purpose of this study was to explore the differences in response of soil bacterial and fungal communities along urban-rural environmental gradients, and a total of 7 *Styphnolobium japonicum* (L.) Schott trees in Beijing were selected as research samples, and then its rhizosphere soil were excavated for soil microbial determination so we can explore the differences in response to urbanization in community composition and species diversity of soil bacterial and fungal communities, and finally identify environmental factors that affect their distribution. The results showed that: (1) The distribution and composition of soil microbial communities will be affected by urbanization, specifically manifested by significant differences between soil bacterial and fungal communities in urban-rural environmental gradients, and a total of 41 categories of soil bacteria were detected, among which *Actinomycetes*, γ -*Proteobacteria*, *Bacteroides*, *Myxococcus*, and *Firmicutes* were significantly different in the urban-rural gradient, and a total of 16 categories of soil fungi were detected, among which *Basidiomycetes* and *Rozellomycota* were significantly different in the urban-rural gradient. (2) Environmental factors that affect the distribution of soil microbial communities include soil physicochemical properties and climatic factors, and environmental factors affecting the distribution of soil bacterial communities include soil pH, soil organic carbon, soil total nitrogen, and mean annual temperature, while environmental factors affecting the distribution of soil fungal communities include soil organic carbon, soil total nitrogen, soil total phosphorus, and mean annual precipitation. (3) Among areas affected by urbanization, the suburb is the area affected by urbanization mostly, and the composition of soil bacterial communities in the suburbs has a certain degree of overlap, while soil fungal communities can be completely separated across the entire urban-rural gradient. (4) The soil bacterial communities are more susceptible to environmental factors than soil fungal communities on the urban-rural gradient, and their environmental sensitivity is higher.

Key Words: urban-rural gradient; urban forest; bacteria; fungi; soil physicochemical properties; climatic factors

改革开放以来的城市化带来了经济上的蓬勃发展^[1],并引起了人口流动^[2],二者在环境变化、人口再分布以及区域发展的影响不容忽视。一方面,在城乡梯度的水平方向上形成了环境差异;另一方面,如“热岛效应”“土壤污染”“大气污染”等环境负荷问题也随之而来,此类问题会导致环境条件退化、生物多样性减少等严重的城市生态问题^[3]。城市森林作为城市生态系统中重要的组成成分,在缓解环境问题上有着关键作用^[4],而土壤环境作为城市森林生长的“摇篮”,通过研究土壤生态系统对环境变化的响应,能够探究出有益于城市森林生长发育的影响因素,进而为缓解城市化环境问题提供科学有效的理论依据。

土壤生态系统中微生物群落的转化速率是植物残体的 10 倍^[5],同时其生态生理特征对土壤养分、温度以及湿度的响应速度超过其它常规指标,如有机碳、全氮、全磷等^[6],因此普遍认为土壤微生物群落可以作为反映土壤环境变化的指标。土壤微生物群落在分类上可以分为原核土壤微生物与真核土壤微生物,前者包括细菌、古菌和放线菌等,而后者包括真菌、藻类和原生动物等^[7]。在土壤原核微生物中,土壤细菌是丰富度、多样性最高的一个类群^[8],它们结构简单且适应环境变化的能力较弱,因此一般通过改变自身的群体结构来适应新环境^[9]。目前国内外研究发现土壤细菌极易受到环境因子的影响^[10-14],但响应结果并不一致,以土壤 pH 值为例,Tian 等^[15]发现土壤 pH 与土壤细菌群落无显著相关关系,而周丽等^[16]发现土壤 pH 显著影响了研究区域中的土壤细菌种类。此外,气候因子如温度、湿度等^[17]和生长在土壤上的植物群落多样性以及植物种类^[18]也会对土壤细菌群落产生显著影响。

在土壤真核微生物中,土壤真菌作为另一重要的类群,在土壤养分的分解、转化及循环等方面起着重要作用^[19],同时还参与土壤有机质矿化过程^[20]。相比土壤细菌群落,真菌群落对于环境因子的适应力较强,因此能够在一定程度上增强土壤的抗盐碱能力与抗逆性,在维持土壤生态系统健康方面有着重要作用^[21],同时一些土壤真菌可以与树木根系形成良性共生关系,形成独特的群落结构与分布规律^[22]。国内外对于土壤真菌群落与环境因子的响应主要集中在土壤因子方面。与细菌群落相似,大部分土壤理化性质因子也会对真菌群

落产生影响,如王峰等^[23]发现土壤 pH、土壤有机质以及速效养分会对土壤真菌群落结构产生影响。但真菌群落在响应上与细菌群落存在差异,如 Han 等^[11]发现土壤细菌群落多样性随土壤可降解有机碳含量增加而减少,但土壤真菌群落表现为随土壤可降解有机碳含量增加而增加。

最近有研究结合植物群落多样性、植物种类、气候因子以及土壤理化性质因子对土壤微生物群落进行了综合分析,发现这四类因子对微生物存在交叉影响。Schlatter 等^[24]发现,不仅植物与土壤微生物之间存在相互作用,微生物之间也存在如竞争、拮抗等关系,且微生物之间的相互关系可以抑制多种植物病害,在 Liu 等^[25]的研究中也得出了相似的结论。对于气候因素, Sun 等^[14]认为目前过于注重气候因子对土壤细菌群落的影响而忽略了气候因子对其他环境因子的影响力;他们发现土壤细菌群落对于各类环境因子并不总是显著相关的,其中气温因子的解释率最低,仅占 1.6%—18%,而土壤理化性质因子占 4.2%—70.8%,植物因子占 7.8%—20.6%。

城市化发展导致了城乡环境差异与生态环境问题。城乡环境差异表现在城乡梯度上环境因子和植物具有显著的差异。土壤环境是城市生态环境中重要的部分,其中土壤微生物会对土壤环境的变化产生响应,因此成为生态领域的研究热点。土壤微生物主要受到气候因子、土壤因子和植物因子的影响,气候因子主要包括年均温与年降水量^[14];土壤因子主要包括土壤 pH 值^[26]、土壤有机碳^[27]、土壤全氮^[28]、土壤全磷^[24]以及土壤含水量^[29];植物因子主要包括植物种类以及植物多样性^[24]。在城乡梯度的研究中,认为从城区至远郊的建的空间梯度与通过建立时间梯度来研究环境变化的影响具有相似性,因此可以用空间替代时间的方法研究城市化对城市森林生态系统的影响^[30]。在研究土壤微生物上,以高通量测序技术中的操作分类单元(OTU)^[15]或扩增子序列变体(ASV)^[31]表为主要指标进行,此技术能从某个特定环境内的微生物群落进行全面的鉴定分析,进而精准挖掘出关键因子。

本研究选取国槐(*Styphnolobium japonicum* (L.) Schott)林作为研究对象,在北京市设立城区-近郊-远郊城乡梯度带,分析土壤细菌与真菌群落是否在城乡梯度上存在差异,探究影响土壤微生物群落变化的土壤和气候因子。该研究可为缓解土壤环境压力和建设可持续森林城市提供科学依据。本研究拟解决以下问题:(1)分析土壤细菌与真菌群落在城乡梯度上的响应差异;(2)探究出现响应差异的影响因素。

1 研究地区与研究方法

1.1 研究地区与研究方法

研究样地选取北京市景山公园万春亭为中心,并通过测定各样地距离此中心的直线距离,以此距离为参考选取了七块立地条件相似的森林公园为样地,具体样地信息如表 1 所示。在梯度设定方面参考了 Fang 等^[32]的设定规则,即将样地距离中心的直线距离在 0—20km 以内归为城区、20—40km 归为近郊、40km 以上归为远郊。七个样地整体属于温带大陆性季风气候,四季分明,温暖湿润,年平均气温介于 8.76—12.49℃,年降水量介于 479—595mm,海拔介于 53—673m,土壤类型以褐土、棕壤为主,土壤 pH 介于 6.85—8.50,土壤有机碳介于 1.32—4.64g/kg,土壤全氮介于 0.05—0.34g/kg,土壤全磷介于 0.05—0.17g/kg。

1.2 实验设计与野外采样

于 2021 年 7 月,在 7 个公园样地中选取胸径和树高接近的国槐(*Styphnolobium japonicum* (L.) Schott)林,用土钻法在 3 个 10m×10m 的样方中随机钻 4 钻土(10cm 钻),土壤深度为 0cm—10cm,4 钻土混合成 1 个样。去除石头、根系等杂物,过直径 2mm 土壤筛,并分为三份:一份保存于超低温冰箱中(−80℃),用于后续土壤细菌和真菌群落的扩增工作和高通量测序;一份保存于 4℃ 冰箱,用于测定土壤 pH;另一部分样品放于常温下通风晾干,随后使用工具将其碾碎,并使其通过 100 目土壤筛,以备进行土壤有机碳、全氮和全磷的测定。

1.3 土壤理化性质测定

土壤 pH(土液比 1:2.5)采用 pH 计测定;土壤有机碳(TOC)采用重铬酸钾容量-外加热法测定,全氮(TN)含量采用半微量凯氏定氮法测定,全磷(TP)采用 NaOH 熔融-钼锑抗比色法测定。其中年均温(MAT)与年降

水 (MAP) 数据来自于网站 (<http://worldclim.org>)^[33], 记录了从 1970 至 2020 年的年均温与年降水数值。

1.4 土壤微生物高通量测序

土壤微生物群落组成和多样性利用 MoBio PowerSoil DNA 提取试剂盒 (MoBio, 卡尔斯巴德, 加利福尼亚州, 美国) 提取 DNA, 用于提取的土壤总 DNA 的样品用量为 0.5g。对于土壤细菌群落, 使用 338F/806F 引物组来扩增 16S rRNA 基因 (338F, ACTCCTACGGGAGGCAGCAG, 806R, GGACTACN VGGGTWCTCTAAT), 每个样品重复扩增 3 次; 对于土壤真菌群落, 使用 ITS1F/ITS2R 引物对扩增 rRNA 基因 ITS1F 区 (ITS1F, CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA, ITS2R, GCTGCGTTCTTCATCGATGC)。所有的 PCR 反应均在 20 μ L 反应体系中进行, 包括 5 μ m 的正引物与反引物各 0.8 μ L、10 μ g 的模板 DNA 以及 20 μ L 的 H₂O。热循环是指首先在 95 $^{\circ}$ C 的温度下进行 30s 的循环, 之后以 55 $^{\circ}$ C 的退火温度进行 30s 的循环, 再在 72 $^{\circ}$ C 的温度进行 45s 的循环, 最后以 72 $^{\circ}$ C 进行 10min 的处理, 待温度达到 10 $^{\circ}$ C 后停止处理。数据已经以登记号 PRJNA893845 保存在国家生物技术信息中心 (NCBI) 序列阅读档案 (SRA) 中。

1.5 数据处理与分析

测序数据用 QIIME 分析平台进行分析。并在 97% 的相似度水平上进行了物种多样性和系统发育多样性 (PD) 分析。物种多样性主要使用操作分类单元 (简称 OTUs) 来描述。选择差异显著法 (HSD) 检验法分析国槐根际土壤细菌和真菌群落组成、物种多样性和系统发育多样性在不同城市化公园之间的差异, 采用 Pearson 相关系数对土壤细菌和真菌群落组成和多样性与土壤理化性质因子以及气候因子进行相关性分析, 使用非度量多维尺度分析 (NMDS) 分析来检测两个微生物群落的结构是否能够在城乡梯度上区分开。在 R i386 3.1.1 软件中利用 Vegan 包使用 Mantel 分析计算土壤细菌和真菌群落与土壤理化性质因子以及气候因子的相关性, 再使用决策曲线分析 (DCA) 决策曲线分析法对数据进行检测, 根据曲线结果选择冗余分析 (RDA) 或典范对应分析 (CCA) 方法分析土壤理化性质因子与气候因子对土壤细菌、真菌群落的解释力。

表 1 样地概括

Table 1 General status of sample plots

样地 Sites	城市化 Urbanization	地理位置 Position	直线距离 Linear distance/ km	年均温 Mean annual temperature/ $^{\circ}$ C	年降水 Mean annual precipitation/ mm	土壤 pH Soil acidity/ (g/kg)	土壤有机碳 Soil organic carbon/ (g/kg)	土壤全氮 Soil total nitrogen/ (g/kg)	土壤全磷 Soil total phosphorus/ (g/kg)
北京林业大学 (BFU) Beijing forestry university	城区	40 $^{\circ}$ 0'3"N 116 $^{\circ}$ 20'20"E	9.5	12.32	555	7.54 $\pm$ 0.05c	0.28 $\pm$ 0.03a	3.97 $\pm$ 0.47a	0.10 $\pm$ 0.02a
奥林匹克森林公园 (OP) Olympic forest park	城区	40 $^{\circ}$ 1'31"N 116 $^{\circ}$ 22'17"E	10.5	12.22	543	8.19 $\pm$ 0.01ab	0.12 $\pm$ 0.02bc	2.20 $\pm$ 0.13b	0.07 $\pm$ 0.01a
龙潭公园 (LP) Longtan park	城区	39 $^{\circ}$ 52'43"N 116 $^{\circ}$ 25'53"E	6.5	12.49	571	8.27 $\pm$ 0.05ab	0.12 $\pm$ 0.06bc	2.05 $\pm$ 0.49b	0.09 $\pm$ 0.02a
昌平南口公园 (NP) Nankou park	近郊	40 $^{\circ}$ 13'58"N 116 $^{\circ}$ 6'47"E	33.7	11.71	512	8.48 $\pm$ 0.02a	0.15 $\pm$ 0.02bc	2.20 $\pm$ 0.42b	0.08 $\pm$ 0.02a
鹫峰森林公园 (JP) Jiufeng forest park	近郊	40 $^{\circ}$ 3'48"N 116 $^{\circ}$ 5'40"E	30.4	11.36	532	7.49 $\pm$ 0.56c	0.12 $\pm$ 0.01bc	1.41 $\pm$ 0.08b	0.13 $\pm$ 0.05a
燕山公园 (YP) Yanshan park	近郊	39 $^{\circ}$ 43'32"N 115 $^{\circ}$ 57'5"E	39.7	12.41	595	7.85 $\pm$ 0.16bc	0.24 $\pm$ 0.09ab	3.70 $\pm$ 1.07a	0.11 $\pm$ 0.05a
八达岭森林公园 (BP) Badaling forest park	远郊	40 $^{\circ}$ 20'23"N, 116 $^{\circ}$ 0'12"E	56.5	8.76	479	8.09 $\pm$ 0.10abc	0.10 $\pm$ 0.02c	1.59 $\pm$ 0.28b	0.06 $\pm$ 0.01a

BFU: 北京林业大学 Beijing forestry university; OP: 奥林匹克森林公园 Olympic forest park; LP: 龙潭公园 Longtan park; NP: 昌平南口公园 Nankou park; JP: 鹫峰森林公园 Jiufeng forest park; YP: 燕山公园 Yanshan park; BP: 八达岭森林公园 Badaling forest park; 不同小写字母间表明差异显著

2 结果与分析

2.1 城乡梯度下土壤理化性质分布特征及其相关性

如表 1 所示, 土壤 pH、TOC 和 TN 在城乡梯度上存在显著差异。其中, 土壤 pH 在昌平南口公园 (NP) 点

最高, 鹫峰森林公园 (JP) 点最低。TOC 在城乡梯度上呈现城区>近郊>远郊的趋势, 具体表现为北京林业大学 (BFU)、燕山公园 (YP) 与八达岭森林公园 (BP) 三处样地的递减趋势; TN 在城乡梯度上呈现城区>近郊>远郊的趋势, 在近郊的 YP 有短暂的回升, 随后再次降低; TP 在城乡梯度上无显著差异。

2.2 城乡梯度下土壤细菌与真菌群落组成特征

如图 1 所示, 样地土壤细菌群落组成主要有 41 大类群, 其中放线菌 (*Actinobacteriota*) (28.46%)、 α 变形菌 (*Alphaproteobacteria*) (14.64%)、酸杆菌 (*Acidobacteriota*) (11.99%)、绿弯菌 (*Chloroflexi*) (7.16%)、 γ 变形菌 (*Gammaproteobacteria*) (6.04%) 等 5 大门类是主要的类群, 相对丰度均在 5% 以上, 占据了超过 85% 的总序列数。此外, 拟杆菌 (*Bacteroidota*) (2.37%)、粘球菌 (*Myxococcota*) (1.87%)、芽单胞菌 (*Gemmatimonadota*) (1.65%)、厚壁菌 (*Firmicutes*) (1.21%) 等 4 大门类相对丰度比较低, 占据了大约 7.10% 的总序列数, 另外还有 32 个稀有细菌门类被检测到。样地土壤真菌群落组成主要有 16 大类, 其中子囊菌 (*Ascomycota*) (70.16%)、未分类真菌 (*Fungi*) (9.33%)、担子菌 (*Basidiomycota*) (9.20%)、被孢霉菌 (*Mortierellomycota*) (6.48%) 等 4 大门类是主要的类群, 相对丰度均在 5% 以上, 占据了超过 85% 的总序列数。此外, 除罗泽真菌 (*Rozellomycota*) (3.68%) 门类的相对丰度在 1%—5% 之间, 其余 10 门类的相对丰度均在 1% 以下, 处于比较低的水平。

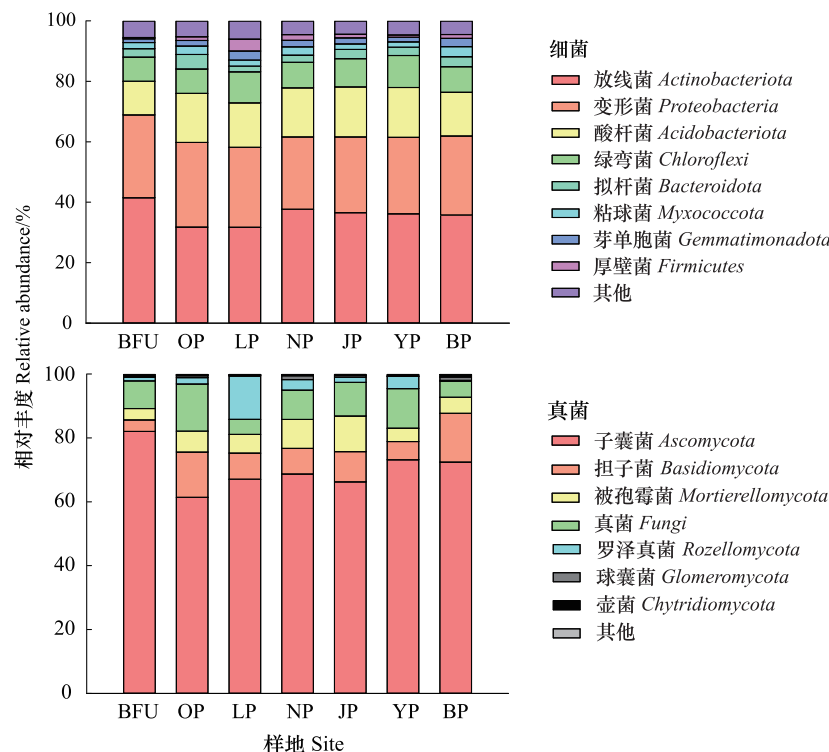


图 1 城乡梯度下各样地土壤细菌与真菌主要门类的相对丰度

Fig.1 Relative abundance of the dominant bacterial and fungal phyla in soils separated according to urbanization levels

BFU: 北京林业大学 Beijing forestry university; OP: 奥林匹克森林公园 Olympic forest park; LP: 龙潭公园 Longtan park; NP: 昌平南口公园 Nankou park; JP: 鹫峰森林公园 Jiufeng forest park; YP: 燕山公园 Yanshan park; BP: 八达岭森林公园 Badaling forest park

2.3 城乡梯度下土壤细菌与真菌群落主要门类相对丰度分布特征

如表 2 所示, 城乡梯度下十类土壤细菌主要门类的相对丰度共有五类存在显著差异, 分别是放线菌、 γ 变形菌、拟杆菌、粘球菌与厚壁菌。NMDS 分析结果表明 (图 2), 7 个样点的土壤细菌群落落在近郊样地不能完全分开, 而土壤真菌群落可以完全分开。

放线菌的相对丰度在城乡梯度上的趋势表现为随着距离中心的直线距离增加 (表 2), 相对丰度先降低后增加, 到达一定距离 (30km) 后回升到一定水平保持不变; γ 变形菌的相对丰度在城乡梯度上表现为城区>远

郊>近郊,在城区的奥林匹克森林公园(OP)与近郊的龙潭公园(YP)处出现显著差异;拟杆菌的相对丰度在城乡梯度上整体表现为城区<近郊<远郊,在城区的OP出现最高值,LP出现最低值。粘球菌的相对丰度在城乡梯度上近郊<城区<远郊,其主要差异出现在近郊的YP与远郊的BP中;厚壁菌的相对丰度在城乡梯度上表现为城区>近郊>远郊,在城区的LP出现最高值。

如表3所示,城乡梯度下五类土壤真菌主要门类的相对丰度共有三类存在差异性,分别是未分类真菌、担孢子菌与罗泽真菌。未分类真菌的相对丰度在城乡梯度上表现为近郊>城区>远郊,在城区中的OP与LP出现显著差异;担孢子菌的相对丰度在城乡梯度上整体表现为远郊>城区≈近郊,在距离中心最近的BFU与距离最远的BP产生了显著差异;罗泽真菌的相对丰度在城乡梯度上表现为城区>近郊>远郊,其中城区的LP显著高于其他样地。

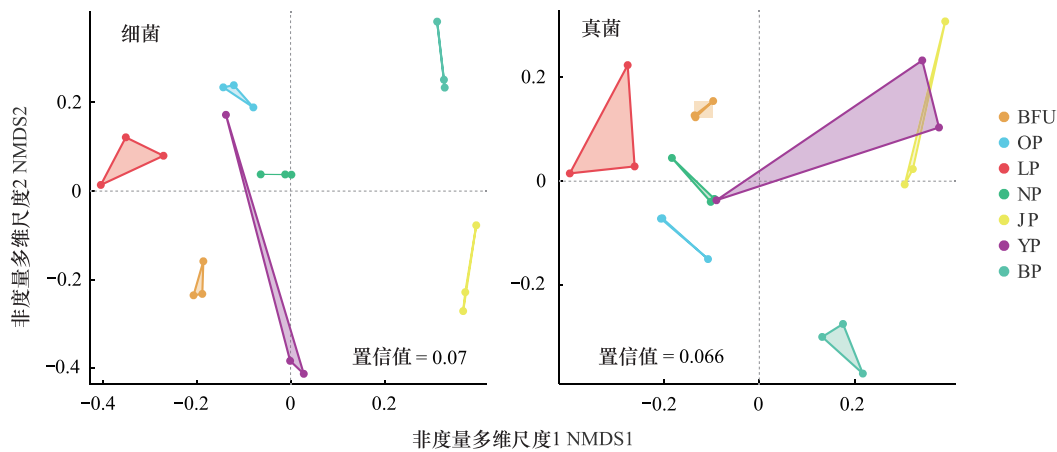


图2 土壤细菌、真菌群落的非度量多维尺度分析结果

Fig.2 Soil bacterial and fungal community distribution by Non-metric multi-dimensional scaling plots

表2 土壤细菌主要门类沿城乡梯度的相对丰度

Table 2 Relative abundance of the dominant bacterial phyla in soil separated according to urbanization levels

细菌 Bacteria	样地 Sites						
	北京林 业大学 Beijing forest university (BFU)	奥林匹克 森林公园 Olympic forest park (OP)	龙潭公园 Longtan park (LP)	昌平南 口公园 Nankou park (NP)	鹫峰森 林公园 Jiufeng park (JP)	燕山公园 Yanshan park (YP)	八达岭森 林公园 Badaling forest park (BP)
放线菌 <i>Actinobacteriota</i>	41.48±5.83a	31.77±2.65b	31.72±3.23b	36.55±0.98ab	37.67±2.18ab	36.17±3.14ab	35.75±3.98ab
变形菌 <i>Proteobacteria</i>	27.44±3.89a	28.03±0.56a	26.45±1.01a	25.08±2.79a	23.95±7.42a	25.32±4.58a	26.19±1.09a
α 变形菌 <i>Alphaproteobacteria</i>	19.89±2.57a	17.91±0.87a	19.00±0.49a	17.89±1.49a	16.92±4.98a	19.21±3.03a	18.37±1.41a
酸杆菌 <i>Acidobacteriota</i>	11.13±3.95a	16.21±1.27a	14.72±1.29a	16.53±3.49a	16.23±4.44a	16.50±2.08a	14.45±2.59a
绿弯菌 <i>Chloroflexi</i>	7.99±1.04a	8.09±0.57a	10.28±0.43a	9.34±0.70a	8.46±1.55a	10.56±3.38a	8.46±0.35a
γ 变形菌 <i>Gammaproteobacteria</i>	7.55±1.34ab	10.13±0.31a	7.46±0.86ab	7.19±1.30ab	7.02±2.44ab	6.10±1.82b	7.82±0.71ab
拟杆菌 <i>Bacteroidota</i>	2.79±0.67b	4.79±0.19a	1.86±0.25b	3.05±0.47ab	2.35±0.99b	2.74±1.05b	3.32±0.78ab
粘球菌 <i>Mycococcota</i>	2.03±0.46ab	2.80±0.05ab	1.99±0.27ab	1.83±0.21b	2.78±0.46ab	1.78±0.45b	3.34±1.07a
芽单胞菌 <i>Gemmatimonadota</i>	1.24±0.17a	1.82±0.54a	3.02±1.46a	2.03±0.35a	2.15±0.35a	1.54±0.45a	2.72±0.30a
厚壁菌 <i>Firmicutes</i>	0.43±0.14b	1.25±0.23b	3.94±1.08a	1.19±0.53b	1.87±0.63b	0.77±0.44b	1.28±0.41b

2.4 城乡梯度下土壤细菌与真菌群落多样性特征

如表4所示,细菌与真菌群落的OTUs在城乡梯度上均存在差异。对于土壤细菌群落,OTUs表现为远郊>近郊≈城区,具体表现为随着距离中心的距离达到一定数值(30km)后,距离越远,其OTUs数值越高;对于

土壤真菌群落,OTUs 在 7 个样地存在显著差异。细菌和真菌群落的 PD 与 Shannon 指数在城乡梯度上的变化趋势与 OTUs 的趋势相似。

表 3 土壤真菌主要门类沿城乡梯度的相对丰度

Table 3 Relative abundance of the dominant fungal phyla in soil separated according to urbanization levels

真菌 Fungi	样地 Sites						
	北京林 业大学 Beijing forest university (BFU)	奥林匹克 森林公园 Olympic forest park (OP)	龙潭公园 Longtan park (LP)	昌平南 口公园 Nankou park (NP)	鹫峰森 林公园 Jiufeng park (JP)	燕山公园 Yanshan park (YP)	八达岭森 林公园 Badaling forest park (BP)
子囊菌 <i>Ascomycota</i>	82.03±6.31a	61.41±6.50a	67.06±6.98a	68.70±8.38a	66.27±10.12a	73.17±13.04a	72.45±7.32a
未分类真菌 <i>Unclassified Fungi</i>	8.69±2.09ab	14.76±1.81a	4.70±1.07b	9.18±1.61ab	10.54±0.89ab	12.39±6.77ab	5.05±0.65b
担子菌 <i>Basidiomycota</i>	3.61±2.38c	14.16±2.39ab	8.20±1.91abc	8.02±2.95abc	9.44±3.99abc	5.71±5.01bc	15.25±1.83a
被孢霉菌 <i>Mortierellomycota</i>	3.55±0.42a	6.54±2.35a	5.85±1.06a	9.06±3.84a	11.16±6.29	4.14±4.26a	5.02±5.30a
罗泽真菌 <i>Rozellomycota</i>	1.13±1.57b	2.01±0.55b	13.62±3.60a	3.31±1.57b	1.66±1.10b	3.81±5.30b	0.23±0.19b

表 4 各样地土壤细菌、真菌群落物种多样性、系统发育多样性和香农指数

Table 4 Bacterial and fungal phylotype richness, phylogenetic diversity and Shannon index in the sampling sites

指数 Indexes	样地 Sites					
	细菌 OTU Bacterial operational Taxonomic Unit OTUs-B	细菌物种多样性 Bacterial phylogenetic diversity PD-B	细菌香农指数 Bacterial shannon index Shannon-B	真菌 OTU Fungal operational Taxonomic Unit OTUs-F	真菌物种多样性 Fungal phylogenetic diversity PD-F	真菌香农指数 Fungal shannon index Shannon-F
北京林业大学(BFU) Beijing forest university	1182±150b	118±8bc	7.069±0.133b	315±46d	24±5c	5.747±0.140c
奥林匹克森林公园(OP) Olympic forest park	1333±112ab	131±9abc	7.193±0.087a	522±42a	47±4a	6.256±0.083a
龙潭公园(LP) Longtan park	1093±103b	104±10c	6.994±0.096b	380±38bcd	34±5abc	5.938±0.097bc
昌平南口公园(NP) Nankou park	1105±65b	105±6c	7.071±0.075b	467±48ab	43±6a	6.217±0.031a
鹫峰森林公园(JP) Jiufeng park	1179±88b	112±8c	7.007±0.059b	501±16a	44±6a	6.142±0.100ab
燕山公园(YP) Yanshan park	1600±158a	164±27a	7.375±0.100a	345±39cd	28±6bc	6.104±0.100ab
八达岭森林公园(BP) Badaling forest park	1589±135a	151±13ab	7.369±0.087a	449±46abc	40±4ab	5.839±0.116c

OTU-B:细菌操作分类单元 Operational taxonomic unit bacteria;PD-B:细菌物种多样性 Phylogenetic diversity bacteria;Shannon-B:细菌香农指数 Shannon index bacteria;OTU-F:真菌操作分类单元 Operational taxonomic unit fungi;PD-F:真菌物种多样性 Phylogenetic diversity fungi;Shannon-F:真菌香农指数 Shannon index fungi

2.5 土壤细菌、真菌群落与环境因子的相关性及其响应关系

Mantel 分析结果表明(表 5),土壤因子(土壤 pH、TOC、TP 和 TN)和气候因子(MAT 和 MAP)对土壤细菌与真菌群落均产生显著影响。典范对应分析结果表明(图 3),TN 是土壤细菌与真菌群落最主要的影响因子。

土壤细菌和真菌群落主要门类的相对丰度、α 多样性与环境因子的相关性热图表明(图 4),放线菌与土壤 pH 显著相关;与 TOC 显著相关的有 α 变形菌、γ 变形菌、芽单胞菌、厚壁菌、子囊菌、担子菌、被孢霉菌以及真菌群落 α 指数;与 TN 显著相关的有放线菌、α 变形菌、γ 变形菌、芽单胞菌、厚壁菌、子囊菌、担子菌以及真菌群落 α 指数;与 TP 显著相关的有担子菌;与 MAT 显著相关的有 α 变形菌、γ 变形菌、拟杆菌、未分类真菌、真菌群落 α 指数;与 MAP 显著相关的有粘球菌、担子菌、罗泽真菌以及真菌群落 α 指数。

表 5 基于 Mantel 检验土壤细菌和真菌群落组成与土壤、气候因子的相关性

Table 5 The correlations among soil bacterial, fungal community composition and soil and climatic factors

变量 Variables	相关性指数 <i>r</i>	显著性 <i>P</i>	变量 Variables	相关性指数 <i>r</i>	显著性 <i>P</i>
细菌 Bacteria			真菌 Fungi		
土壤 pH (pH)	0.377 *	0.002	土壤 pH (pH)	0.319 *	0.004
土壤有机碳 (TOC)	0.422 *	0.003	土壤有机碳 (TOC)	0.363 *	0.003
土壤全磷 (TP)	0.333 *	0.007	土壤全磷 (TP)	0.356 *	0.001
土壤全氮 (TN)	0.249 *	0.041	土壤全氮 (TN)	0.201	0.051
年均温 (MAT)	0.419 *	0.003	年均温 (MAT)	0.611 *	0.001
年降水 (MAP)	0.303 *	0.009	年降水 (MAP)	0.387 *	0.001

pH:土壤酸碱度 Soil acidity;TOC:土壤有机碳 Soil organic carbon;TN:土壤全氮 Soil total nitrogen;TP:土壤全磷 Soil total phosphorus;MAT:年均温 Mean annual temperature; MAP:年降水 Mean annual precipitation; * 表明显著性 $P<0.05$

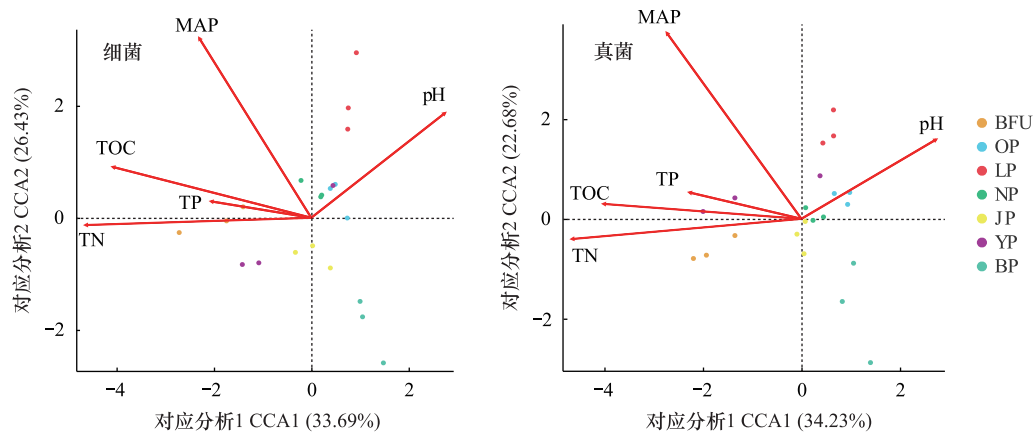


图 3 土壤细菌、真菌群落分布的冗余分析/典范对应分析结果

Fig.3 Redundancy Analysis and Canonical correspondence analysis of soil bacterial and fungal community distribution

pH:土壤酸碱度;TOC:土壤有机碳;TN:土壤全氮;TP:土壤全磷;MAT:年均温; MAP:年降水

3 讨论

3.1 城乡梯度下土壤细菌主要门类的分布特征

从土壤细菌主要门类的相对丰度来看,前五类主要门类分别是放线菌(*Actinobacteriota*) (28.46%)、 α 变形菌(*Alphaproteobacteria*) (14.64%)、酸杆菌(*Acidobacteriota*) (11.99%)、绿弯菌(*Chloroflexi*) (7.16%)、 γ 变形菌(*Gammaproteobacteria*) (6.04%)。这与前人研究相似^[15,18,28]。Tian 等^[15]发现土壤细菌的主要种类为变形菌与酸杆菌,Hou 等^[18]发现土壤细菌的主要种类为变形菌与绿弯菌。在这些土壤细菌主要门类中,放线菌、 γ 变形菌、拟杆菌、粘球菌与厚壁菌在城乡梯度上存在显著差异。

放线菌是一类具有重要生物活性的功能性微生物,其主要功能为产生种类繁杂和富含生物活性的次级代谢产物,能生成各种酶和有机酸等,有助于分解有机物和矿物质,同时具有良好的抗菌活性和耐盐碱作用^[34–35],因此能够改良土壤环境,在营养类型菌落中被认为属于富营养菌^[36]。本研究发现放线菌在城区 BFU、OP 以及 LP 样地存在显著差异,并且受到土壤 pH 和 TN 的显著影响。

变形菌被认为在抑制病原菌与胁迫耐受性方面起着关键作用^[37]。Cao 等^[38]表明变形菌对环境的适应力强,且变形菌属于富营养菌^[15]。 γ 变形菌作为变形菌门中的一类菌群,由于大量植物根基促生菌都属于 γ 变形菌,因此 γ 变形菌可以抵抗土壤病原体^[31]。本研究发现 γ 变形菌的相对丰度在城乡梯度上存在显著差异:在城区 OP 与近郊 YP 存在显著差异,且 OP 显著高于 YP,同时 OP 样地的土壤 pH 和养分指标也均高于 YP

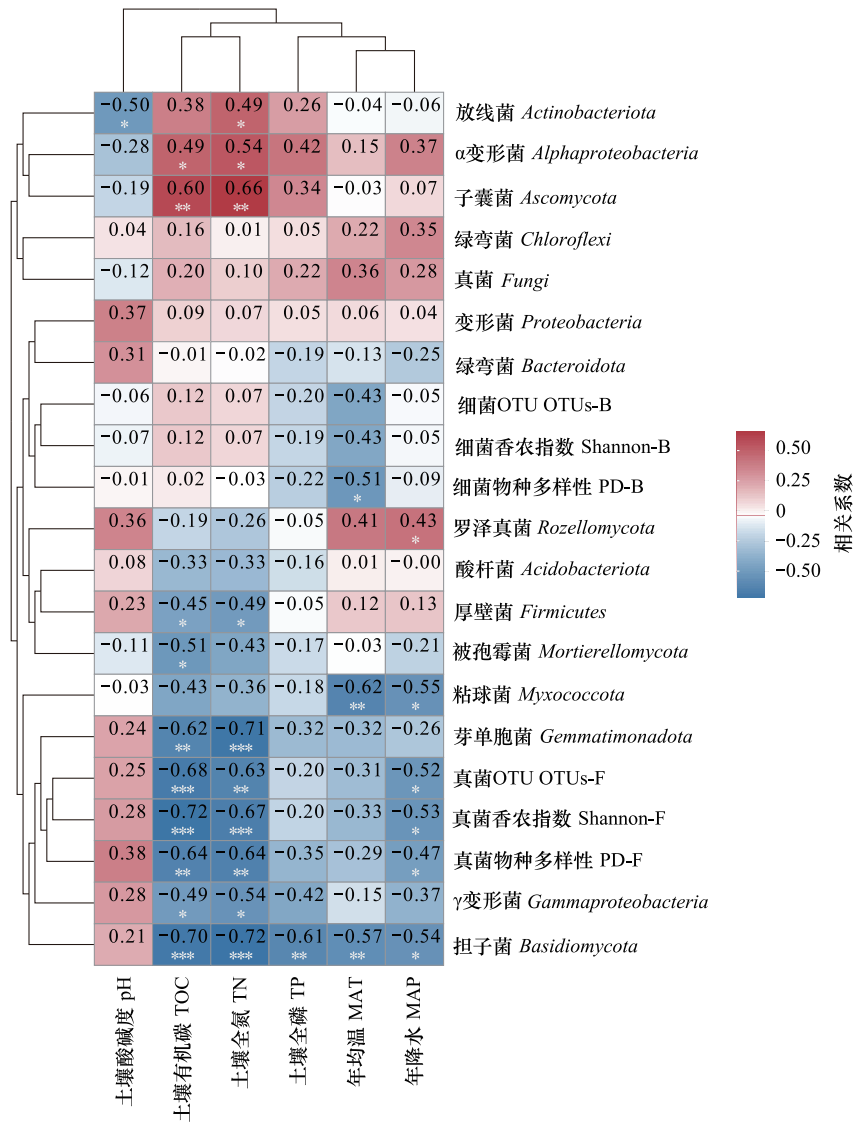


图4 土壤细菌、真菌群落主要门类相对丰度、 α 多样性与环境因子的相关性热图

Fig.4 The Correlation heat map of the dominant bacterial, fungal phyla, α diversity and climatic factors

pH:土壤酸碱度 Soil acidity;TOC:土壤有机碳 Soil organic carbon;TN:土壤全氮 Soil total nitrogen;TP:土壤全磷 Soil total phosphorus;MAT:年均温 Mean annual temperature; MAP:年降水 Mean annual precipitation;OTU-B:细菌操作分类单元 Operational taxonomic unit bacteria;PD-B:细菌物种多样性 Phylogenetic diversity bacteria;Shannon-B:细菌香农指数 Shannon index bacteria;OTU-F:真菌操作分类单元 Operational taxonomic unit fungi;PD-F:真菌物种多样性 Phylogenetic diversity fungi;Shannon-F:真菌香农指数 Shannon index fungi; * 表明显著性 $P<0.05$, ** 表明显著性 $P<0.01$, *** 表明显著性 $P<0.001$

样地,这与以往研究不一致^[18]。Hou 等^[18]发现变形菌与 TOC、TN、TP 均为显著正相关、与土壤 pH 呈负相关关系。本研究发现 γ 变形菌与 TOC 和 TN 呈显著负相关,这与变形菌的富营养性不符合。可能的解释为:一方面,由于变形菌的强适应力,使得相对低养分环境对于 γ 变形菌造成的环境胁迫力降低;另一方面,在公园管理措施上,OP 的人为管理水平高于 YP,即使在养分条件劣于 YP 的情况下,依然出现了 OP 高于 YP 的情况。

拟杆菌是土壤环境中养分周转与氮循环的重要菌类,同时参与纤维素的降解过程^[3]。在细菌特性上拟杆菌与变形菌相似,对于病原菌和环境胁迫有着良好耐受^[37]。在养分需求方面,拟杆菌也属于富营养菌^[15]。本研究发现拟杆菌与环境因子之间也无显著相关关系,这与 Hou 等^[18]发现拟杆菌与 TOC、TN 和 TP 存在显著

正相关而与土壤 pH 存在显著负相关的结论不一致。可能的原因与变形菌相似,即城乡间不同人为管理方式改变了环境因子对此类有着强环境适应力细菌的影响力。

粘球菌作为一类对土壤养分需求较高的菌群,在营养丰富的条件下会表现出掠夺性,推测它属于一类富营养菌。在表 2 中,粘球菌的相对丰度表现为远郊 BP 显著高于其他样地,尤其高于近郊的 NP 与 YP 样地。结合样地养分表现为 $BP \approx NP < YP$,而样地年降水表现为 $BP < NP < YP$,且粘球菌与 MAP 的关系为显著负相关性,因此判断粘球菌是一类偏好低降雨量的富营养菌群。

厚壁菌在土壤细菌群落中属于厌氧菌,可在物料降解中产生对病原微生物有毒的有机酸,有利于土壤健康,在养分充足的情况下会形成良性循环,因此认为此细菌属于富营养菌^[39]。同时,厚壁菌在营养相对贫乏的环境中也具有较高的丰度,因此厚壁菌同时具备较强的抗逆性^[40]。本研究发现厚壁菌与 TOC 和 TN 呈显著负相关,与土壤 pH 无显著关系,这与 Hou 等^[18]发现厚壁菌与土壤 pH 呈显著正相关的结论不一致。可能的解释为:本实验中 LP 的土壤 pH 仅低于 NP,之所以土壤 pH 未与厚壁菌的相对丰度呈显著相关,可能与因子的变动幅度过小有关,这在 Du 等^[12]中也出现了相似的结果。

本研究发现细菌群落 α 多样性指数受环境因子影响较小,并且土壤细菌群落在距离中心达到一定距离(30km)时,细菌群落多样性显著上升,这与刘柱等^[41]的研究结果相似,认为土壤细菌群落在特定区域的群落组成受到特定环境因子的调控,此特定环境因子可能与土壤容重^[42]、细菌之间的拮抗作用^[43]以及植物分泌物^[24]等因子有关。此外,土壤养分在土壤环境中存在多种形态,其不同菌落对于此类养分也有着不同的偏好^[28],可在之后的研究中着重考虑这方面。本研究发现七个样地的细菌群落大部分可在一定程度上完全分开,仅有近郊样地(YP、JP 以及 NP)有一定重合,表明近郊存在环境重合性,侧面反映出城市化导致环境变化对于细菌群落有着显著影响。另外,CCA 结果中横轴解释度为 33.69%,纵轴解释度为 26.43%,其中 TN 的线最长,表明 TN 是影响土壤细菌群落的关键因子。

3.2 城乡梯度下土壤真菌主要门类的分布特征

在土壤真菌主要门类的相对丰度中,前五类主要门类分别是子囊菌(*Ascomycota*)(70.16%)、未分类真菌(*Fungi*)(9.33%)、担子菌(*Basidiomycota*)(9.20%)、被孢霉菌(*Mortierellomycota*)(6.48%)与罗泽真菌(*Rozellomycota*)(3.68%)。这样的主要门类相对丰度与前人研究结论相似^[13,21,44]。在这些主要门类中,未分类真菌、担子菌与罗泽真菌在城乡梯度上存在显著差异。

子囊菌与担子菌作为典型的陆生型真菌,更适应土壤含水量较低及通气条件好的环境^[21],同时均属于腐生营养型菌,在植物纤维和木质素等难以降解的有机质方面承担主要分解角色。早期贫瘠土壤中的真菌群落一般以子囊菌为主,而在后期演替的土壤环境中则以担子菌为主^[45]。本研究发现子囊菌的相对丰度在城乡梯度上无显著差异,但以高占比占据了约 70%的真菌群落,推测子囊菌相比担子菌其环境耐受力更强。在城乡梯度上存在显著差异的担子菌相对丰度与 TOC、TN 以及 TP 均呈现极显著负相关,而无显著差异的子囊菌相对丰度与 TOC、TN 呈极显著正相关,同时土壤真菌群落 α 多样性指数也与 TOC、TN 呈极显著负相关,因此可推测出:(1)由于子囊菌属于营养型菌,因此与 TOC、TN 等土壤养分因子呈极显著正相关,若此时土壤环境养分充足,菌落对于养分的需求相对会降低,因而可确定此时的土壤环境属于贫瘠前期;(2)担子菌作为与子囊菌同类型的营养菌,其养分相关性与子囊菌相反,这是因为担子菌有着降解顽固有机质的功能^[45],因此会与 TOC 呈显著负相关,而 TN 的显著相关结果与前人研究成果相同^[21],结合子囊菌与 TOC 和 TN 的相关关系,表明 TOC 与 TN 是显著影响本研究中真菌群落结构分布差异的关键因子;(3)占比极高的子囊菌与 TOC 与 TN 呈极显著正相关,而真菌群落多样性与 TOC、TN 呈极显著负相关,表明占比较小的其余真菌与 TOC、TN 呈极显著负相关的偏向程度较大,因此可能有其他因子,如真菌与植物形成的共生关系^[22]以及植物凋落物影响^[21]等影响真菌群落,这些方面有待后续研究。在真菌群落 α 多样性指数中,OTUs 和 PD 指数均与 TOC、TN 呈极显著负相关关系,结合真菌群落在城乡梯度上表现为近郊>城区>远郊,同时 NMDS 结果表明每个样地的真菌群落均能完全分开,因此可推测城市化导致的环境差异对真菌群落的影响与细菌具有明显差异。

3.3 城乡梯度下土壤细菌、真菌群落分布特征对比

与真菌群落相比,细菌群落在城乡梯度上存在显著差异的菌落数量多于真菌群落;细菌群落与土壤 pH、TOC、TN 以及 MAT 有着显著相关性,而真菌群落与 TOC、TN、TP 以及 MAP 存在显著相关性;细菌群落 α 多样性指数在远郊处多样性显著上升,而真菌群落 α 多样性指数在近郊处多样性最高;细菌群落在近郊不能完全分开,而真菌群落可以完全分开。因此可推测出城乡梯度下的土壤细菌群落更容易受到环境因子的影响。

4 结论

(1) 土壤细菌群落与真菌群落在城乡梯度上存在显著差异;

(2) 土壤 pH、TOC、TN、TP、MAT 以及 MAP 对于土壤细菌与真菌群落均有显著影响。其中土壤细菌群落分布的环境因子包括土壤 pH、土壤有机碳、土壤全氮以及年均温,而影响土壤真菌群落分布的环境因子包括土壤有机碳、土壤全氮、土壤全磷以及年降水;

(3) 土壤细菌群落在城乡梯度上不能完全区分开,在近郊处出现群落组成重合,而土壤真菌群落可以完全区分开;

(4) 土壤细菌群落相比真菌群落更容易受到环境因子的影响。

参考文献 (References):

- [1] Lopez B E, Urban D, White P S. Testing the effects of four urbanization filters on forest plant taxonomic, functional, and phylogenetic diversity. *Ecological Applications: a Publication of the Ecological Society of America*, 2018, 28(8): 2197-2205.
- [2] 陆希刚, 张立. 区域差异和城乡梯度双重视角下的中国流动人口迁移空间模式. *城市规划学刊*, 2021(5): 66-73.
- [3] 杨洪炳, 肖以华, 许涵, 黄子峻, 李明, 郭晓敏, 游慧敏. 城乡梯度下不同林分类型土壤团聚体分布及其稳定性. *林业科学研究*, 2022, 35(3): 82-92.
- [4] Ning Z H, Chambers R, Abdollahi K. Modeling air pollutant removal, carbon storage, and CO₂ sequestration potential of urban forests in Scotlandville, Louisiana, USA. *IForest-Biogeosciences and Forestry*, 2016, 9(6): 860-867.
- [5] 崔雨萱. 封育对蒿类荒漠草地土壤有机碳及土壤细菌多样性的影响[D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2021.
- [6] Mooshammer M, Wanek W, Hämmerle I, Fuchslueger L, Hofhansl F, Knoltsch A, Schnecker J, Takriti M, Watzka M, Wild B, Keiblinger K M, Zechmeister-Boltenstern S, Richter A. Adjustment of microbial nitrogen use efficiency to carbon: nitrogen imbalances regulates soil nitrogen cycling. *Nature Communications*, 2014, 5(1): 1-7.
- [7] Martiny J B H, Bohannan B J M, Brown J H, Colwell R K, Fuhrman J A, Green J L, Horner-Devine M C, Kane M, Krumins J A, Kuske C R, Morin P J, Naeem S, Øvreås L, Reysenbach A L, Smith V H, Staley J T. Microbial biogeography: putting microorganisms on the map. *Nature Reviews Microbiology*, 2006, 4(2): 102-112.
- [8] 张小青. 荒漠植被土壤细菌群落结构与多样性研究[D]. 呼和浩特: 内蒙古大学, 2019.
- [9] 詹建立, 易霞. 微生物群落与土地荒漠化的相关性研究. *生物技术*, 2009, 19(3): 90-92.
- [10] Song Y, Li X N, Xu M, Jiao W, Bian Y R, Yang X L, Gu C G, Wang F, Jiang X. Does biochar induce similar successions of microbial community structures among different soils? *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology*, 2019, 103(4): 642-650.
- [11] Han Z M, Deng M W, Yuan A Q, Wang J H, Li H, Ma J C. Vertical variation of a black soil's properties in response to freeze-thaw cycles and its links to shift of microbial community structure. *Science of the Total Environment*, 2018, 625: 106-113.
- [12] Du H D, Wang S M, Nie W J, Song S J. Soil properties and bacterial community dynamics in a coal mining subsidence area: active versus passive revegetation. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 2021, 21(3): 2573-2585.
- [13] Li Y, Yang Y Q, Shen F, Tian D, Zeng Y M, Yang G, Zhang Y Z, Deng S H. Partitioning biochar properties to elucidate their contributions to bacterial and fungal community composition of purple soil. *Science of the Total Environment*, 2019, 648: 1333-1341.
- [14] Sun H Y, Wu Y H, Zhou J, Bing H J, Zhu H. Climate influences the alpine soil bacterial communities by regulating the vegetation and the soil properties along an altitudinal gradient in SW China. *CATENA*, 2020, 195: 104727.
- [15] Tian Q X, Jiang Q H, Huang L, Li D, Lin Q L, Tang Z Y, Liu F. Vertical distribution of soil bacterial communities in different forest types along an elevation gradient. *Microbial Ecology*, 2023, 85(2): 628-641.
- [16] 周丽, 王一, 李冬兵, 刘筱雪, 曾泽彬, 王洪江, 兰凤杰, 刘学锋. 不同种植模式对桑园土壤肥力和土壤细菌群落结构的影响. *南方农业学报*, 2022, 53(9): 2425-2434.
- [17] Luo Z B, Ma J, Chen F, Li X X, Hou H P, Zhang S L. Cracks reinforce the interactions among soil bacterial communities in the coal mining area of loess plateau, China. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2019, 16(24): 4892.
- [18] Hou X L, Han H, Tigabu M, Cai L P, Meng F R, Liu A Q, Ma X Q. Changes in soil physico-chemical properties following vegetation restoration mediate bacterial community composition and diversity in Changting, China. *Ecological Engineering*, 2019, 138: 171-179.

- [19] 戴雅婷, 闫志坚, 解继红, 吴洪新, 徐林波, 侯向阳, 高丽, 崔艳伟. 基于高通量测序的两种植被恢复类型根际土壤细菌多样性研究. 土壤学报, 2017, 54(3): 735-748.
- [20] 何越, 李春涛, 俞元春, 何黄盼, 陶晓. 亚热带森林土壤微生物生物量及群落功能特征的城乡梯度变化. 应用生态学报, 2021, 32(1): 93-102.
- [21] 徐慧芳, 万子维, 盛荣, 魏文学, 张文钊, 黄国勤. 不同耕作模式对稻田土壤真菌丰度及群落结构的影响. 华中农业大学学报, 2022, 41(6): 35-41.
- [22] 郭璞, 邢鹏杰, 宋佳, 吴玲玲, 李彬琦, 司滢汲, 李玉, 冀瑞卿. 蒙古栎根系与根区土壤真菌群落组成及与环境因子的关系. 菌物研究, 2022, 20(3): 173-182.
- [23] 王峰, 陈玉真, 吴志丹, 尤志明, 余文权, 俞晓敏, 杨贞标. 有机管理模式对茶园土壤真菌群落结构及功能的影响. 茶叶科学, 2022, 42(5): 672-688.
- [24] Schlatter D C, Bakker M G, Bradeen J M, Kinkel L L. Plant community richness and microbial interactions structure bacterial communities in soil. Ecology, 2015, 96(1): 134-142.
- [25] Liu Y N. Effects of various interference intensities on the soil bacterial communities diversity in the Sanjiang plain, northeast China. International Journal of Agriculture and Biology, 2018, 20(3): 695-700.
- [26] Shen C C, Xiong J B, Zhang H Y, Feng Y Z, Lin X G, Li X Y, Liang W J, Chu H Y. Soil pH drives the spatial distribution of bacterial communities along elevation on Changbai Mountain. Soil Biology and Biochemistry, 2013, 57: 204-211.
- [27] Li M, He P, Guo X L, Zhang X Y, Li L J. Fifteen-year no tillage of a Mollisol with residue retention indirectly affects topsoil bacterial community by altering soil properties. Soil and Tillage Research, 2021, 205: 104804.
- [28] Yang X Q, Wang Y, Sun L Y, Qi X N, Song F B, Zhu X C. Impact of maize - mushroom intercropping on the soil bacterial community composition in northeast China. Agronomy, 2020, 10(10): 1526.
- [29] Chen Y H, Dai Y, Wang Y L, Wu Z, Xie S G, Liu Y. Distribution of bacterial communities across plateau freshwater lake and upslope soils. Journal of Environmental Sciences, 2016, 43: 61-69.
- [30] Hutrya L R, Yoon B, Alberti M. Terrestrial carbon stocks across a gradient of urbanization: a study of the Seattle, WA region. Global Change Biology, 2011, 17(2): 783-797.
- [31] 赵雨鑫, 廖洪凯, 龙健, 李娟, 冉泰山, 杨国梅. 秸秆类型对强还原土壤细菌群落及多样性的影响. 农业环境科学学报, 2022, 41(12): 2629-2641.
- [32] Fang Y T, Yoh M, Koba K, Zhu W X, Takebayashi Y U, Xiao Y H, Lei C Y, Mo J M, Zhang W, Lu X K. Nitrogen deposition and forest nitrogen cycling along an urban-rural transect in Southern China. Global Change Biology, 2011, 17(2): 872-885.
- [33] Fick S E, Hijmans R J. WorldClim 2: new 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. International Journal of Climatology, 2017, 37(12): 4302-4315.
- [34] 刘晓梅, 苏文英, 纪伟, 梁长东, 任立凯. 施肥方式对设施番茄产量及土壤细菌多样性、群落结构的影响. 浙江农业科学, 2023, 64(1): 148-152.
- [35] Zhang X Y, Hu B X, Ren H J, Zhang J. Composition and functional diversity of microbial community across a mangrove-inhabited mudflat as revealed by 16S rDNA gene sequences. Science of the Total Environment, 2018, 633: 518-528.
- [36] 王参, Masoudi Abolfazl, 杨佳, 王敏, 吴昌昊, 刘敬泽, 于志军. 短时间尺度雄安新区旱柳根际土壤细菌群落特征分析. 生态学报, 2023, 43(2): 858-867.
- [37] 杜公福, 黄永, 黄大野等. 不同微生物菌剂对辣椒疫病防控效果及土壤细菌群落结构的影响. 热带作物学报, 2022-12-14[2023-03-29]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1019.S.20221122.1935.002.html>.
- [38] Cao C Y, Zhang Y, Qian W, Liang C P, Wang C M, Tao S. Land-use changes influence soil bacterial communities in a meadow grassland in Northeast China. Solid Earth, 2017, 8(5): 1119-1129.
- [39] Li Y L, Zeng C M, Long M J. Variation of soil nutrients and bacterial community diversity of different land utilization types in Yangtze River Basin, Chongqing Municipality. PeerJ, 2020, 8: e9386.
- [40] 陈雅倩, 罗静仪, 徐江兵等. 不同磷肥背景下糖原对红壤细菌群落结构的影响. 应用与环境生物学报, 2022-09-22[2023-03-29]. <https://doi.org/10.19675/j.cnki.1006-687x.2022.03041>.
- [41] 刘柱, 南镇武, 林松明等. 黄河下游谷子花生间作农田土壤细菌群落结构与功能预测. 环境科学, 2022-11-19[2023-03-29]. <https://doi.org/10.13227/j.hjks.202210089>.
- [42] 黄智豪, 高玉婷, 李政强, 余容, 杨晓燕. 反复计划火烧对滇西北云南松林土壤细菌群落的影响. 东北林业大学学报, 2022, 50(10): 90-95, 112.
- [43] 贾义平, 沈俊俊, 姚静, 刘威, 高静, 李翠玲, 樊祐卿. 麦秸秆配施沼液或化肥对梨产量及土壤细菌群落的影响. 中国沼气, 2022, 40(5): 38-43.
- [44] 张旭升, 郭鹏杰, 张瀛澜, 郭东罡, 张全喜. 不同植被恢复模式下矿区复垦土壤真菌群落组成及多样性. 菌物学报, 2022, 41(11): 1831-1844.
- [45] 王玖程, 王兴明, 董思奇等. 吉林省中部地区退耕还林对黑土土壤细菌和真菌群落结构的影响. 农业资源与环境学报, 2022-09-23[2023-03-29]. <https://doi.org/10.13254/j.jare.2022.0465>.