

DOI: 10.20103/j.stxb.202505161194

朱海琴, 谢苹, 李政, 高卓凡, 张金龙, 贾宝杰, 曹书龙. 基于海拔和季度双重视角下三峡库区消落带微生物群落分布特征. 生态学报, 2026, 46(4): 1872-1880.

Zhu H Q, Xie P, Li Z, Gao Z F, Zhang J L, Jia B J, Cao S L. Characteristics of microbial community distribution in the Three Gorges Reservoir area under dual perspectives of elevation and season. Acta Ecologica Sinica, 2026, 46(4): 1872-1880.

基于海拔和季度双重视角下三峡库区消落带微生物群落分布特征

朱海琴^{1,2}, 谢 苹^{1,2}, 李 政^{1,2,*}, 高卓凡¹, 张金龙^{1,2}, 贾宝杰^{1,2}, 曹书龙³

1 长江水利委员会长江科学院, 武汉 430010

2 武汉长江科创科技发展有限公司, 武汉 430010

3 长江勘测规划设计研究有限责任公司, 武汉 430010

摘要:为探究三峡库区消落带周期性涨落对土壤微生物群落结构的影响,以库区近坝段龙潭坪和兰陵溪消落带为对象,分别于春、夏、秋采集 160m 以下、160—170m 以及 170m 以上三个高程区间表层土样,并运用磷脂脂肪酸(PLFAs)分析微生物群落结构。结果表明,消落带微生物群落以细菌为优势种,占比 73.5%,各类群分布受海拔和季节显著影响。微生物生物量与细菌丰度随海拔升高呈现“单峰”分布格局,中等水淹程度下的 160—170m 高程区间微生物生物量最高,并分别高于 160m 以下和 170m 以上区间 24.5% 和 22.5%,160—170m 高程区间的细菌丰度则分别高于其他两个区间 8.7% 和 3.2%。季节上,微生物生物量和细菌丰度随时间变化也呈现“单峰”格局,并在夏季达到最高,真菌和放线菌丰度秋季最高。双因素分析结果显示,季节对微生物群落的影响比海拔更为显著,在每个地区对微生物类群均有影响,季节和海拔对真菌具有显著的交互作用。真菌更能适应于 pH 较高的龙潭坪地区,放线菌丰度在不同地区 and 不同高程没有差异。通过冗余分析(RDA)发现,两个主成分轴对微生物群落解释量为 42.85%,影响微生物群落结构的环境因子主要有土壤有机碳(SOC, 33.8%)、总氮(TN, 1.1%)、pH(8.2%),SOC 和 pH 是微生物群落结构的关键驱动因子,其中,pH 主导了龙潭坪微生物群落变化,SOC 主导了 pH 较低的兰陵溪微生物群落变化。微生物生物量与细菌丰度之间存在正相关关系,且均与环境因子 SOC、TN、pH 正相关,真菌丰度分别与细菌和放线菌存在负相关关系。揭示了消落带水位及季节变化对微生物群落的影响规律,为三峡库区消落带的生态保护与修复提供重要的理论依据。

关键词:三峡水库;消落带;细菌;微生物群落

Characteristics of microbial community distribution in the Three Gorges Reservoir area under dual perspectives of elevation and season

ZHU Haiqin^{1,2}, XIE Ping^{1,2}, LI Zheng^{1,2,*}, GAO Zhuofan¹, ZHANG Jinlong^{1,2}, JIA Baojie^{1,2}, CAO Shulong³

1 Changjiang River Scientific Research Institute, Changjiang Water Resources Commission, Wuhan 430010, China

2 Wuhan Changjiang Kechuang Technology Development Co., Ltd., Wuhan 430010, China

3 Changjiang Institute of Survey, Planning, Design and Research, Wuhan 430010, China

Abstract: To investigate the impact of periodic fluctuations in the water level fluctuation zone on soil microbial community structure in the Three Gorges Reservoir, this study focuses on the water level fluctuation zones of Longtanping and Lanlingxi near the dam. Soil samples were collected from three elevation intervals: under 160m, between 160—170m, and above

基金项目:国家重点研发计划项目(2022YFE0117000);中央级公益性科研院所基本科研业务费(CKSF20241025/TG8);湖北省重点研发计划项目(2023EHA007);南水北调中线水源有限责任公司科研项目(CKSK2025332/TG8)

收稿日期:2025-05-16; 网络出版日期:2025-11-13

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: lizhenghenu@163.com

170m during spring, summer, and autumn. The microbial community structure was analyzed using phospholipid fatty acids (PLFAs). The results indicated that microbial community distribution was significantly influenced by elevation and season, with the bacterial abundance accounts for 73.5%. Microbial mass and bacterial abundance showed a “unimodal” distribution pattern with the increase of altitude, the microbial biomass in the 160—170m elevation interval was 24.5% and 22.5% higher than that in the intervals below 160m and above 170m, respectively, while the bacterial abundance was 8.7% and 3.2% higher than that in the other two intervals, respectively. Seasonally, the changes in microbial biomass and bacterial abundance over time also showed a “unimodal” distribution pattern, and reached the highest in summer, and the abundance of fungi and actinomycetes was the highest in autumn. The results of the two-way analysis showed that elevation has a significant effect on various microbial groups, but the influence of season on the microbial community is more pronounced. In each region, both season and elevation affected microbial groups, and there was a significant interaction effect of season and elevation on fungi. Fungi were more adapted to the Longtanping area, which had a higher pH, while there was no significant difference in the abundance of actinomycetes across different regions and elevations. Redundancy analysis (RDA) indicated that the two principal components explained 42.85% of the microbial community, with the environmental factors affecting the microbial community structure being mainly soil organic carbon (SOC, 33.8%), total soil nitrogen (TN, 1.1%), and pH (8.2%). SOC and pH are key driving factors for the microbial community structure, with pH primarily driving changes in the microbial community in Longtanping area, and SOC mainly influencing the microbial community in the lower pH region of Lanlingxi. Correlation analysis between soil physicochemical factors and biological groups indicated a positive correlation between microbial biomass and bacterial abundance, both of which were positively correlated with the environmental factors SOC, TN, and pH, whereas fungal abundance was negatively correlated with bacteria and actinomycetes, respectively. This study reveals the impact patterns of fluctuating water levels and seasonal changes on microbial communities, providing an important theoretical basis for the ecological protection and restoration of the fluctuating zone in the Three Gorges Reservoir.

Key Words: Three Gorges Reservoir; water level fluctuation zone; bacteria; microbial community

三峡大坝蓄水后,因水库调度使得库区两岸形成落差 30m 的特殊水位频繁变动区域—消落带^[1]。该区域作为陆地与水生生态系统的过渡地带,具有独特且重要的生态功能,在河岸稳定、生物多样性保护、径流调节、污染物截留以及环境气候调节等方面发挥着关键作用,是维护区域生态平衡、净化水质、提供生物栖息地的重要领域^[2-4]。然而,受周期性涨落的水力冲刷和重力侵蚀,消落带土壤理化性质发生改变,进而对土壤微生物群落结构和种群分布产生较大影响^[5]。土壤微生物作为生态系统重要组分,参与土壤中物质循环、能量转化、底物分解等关键生态过程,对土壤肥力、植物生长和生态系统稳定性有着至关重要的作用^[6]。研究三峡库区消落带土壤微生物群落分布,尤其是探究沿不同水淹梯度是否呈现一定的时间变化规律,这将有助于深入理解各微生物类群对季节性淹没的环境适应性,以及水淹胁迫下土壤理化性质变化对微生物群落结构的影响机理。

消落带不同季节变化不仅会影响土壤温度变化,还会使得反季节涨落的水淹胁迫下营养物质、有机碎屑、沉积物、污染物的重新分配,间接改变微生物生境的初级生产力水平和物质供给。而不同海拔的消落带不仅水淹时间不同,还会通过土壤理化性质对植物物种组成、丰富度、优势类群数量产生影响^[7-8],甚至不同植被类型对微生物群落的影响大于季节性水位波动^[9]。并且不同季节下,同一海拔消落带水淹胁迫程度和水淹时长差异较大,显著影响着微生物底物分解速率和群落分布特征。然而目前的研究主要为单独分析不同高程^[3,6,10]或季节^[11]对微生物群落影响的实验。三峡水库消落带水文变化条件下微生物的季节动态特征方面研究较少^[10]。这将限制两种交互作用下的消落带微生物动态的准确分析和判断。因此,本文从海拔(高程)和季节双重视角,探究特殊的反季节水位变动情形下,三峡水库消落带微生物群落分布及变化规律,以期揭示

消落带水位调控及时间更替与微生物群落间的生态学关系和影响机制,为三峡库区消落带的生态保护与植被修复提供科学的理论支撑^[6]。

1 研究区概况与研究方法

1.1 研究区域概况

本研究选取三峡水库近坝段的龙潭坪和兰陵溪消落带作为研究地点,分别位于湖北省宜昌市夷陵区太平溪镇龙潭坪村(111°0'18"E,30°52'12"N)和秭归县兰陵溪村(110°55'26"E,30°52'17"N)。研究区属亚热带季风气候,多年平均降水量 1200—1400mm,多年平均气温在 15—18℃ 之间。消落带不同海拔的植被分布各具特点,160m 以下主要分布有狗牙根、狗尾草、苍耳等草本植物;160—170m 区域分布着桑树、中华蚊母、苍耳、狗尾草等灌草植物;170m 以上则以马尾松、栓皮栎、杉木等林地为主,林下植被兼具灌草。两处消落带土壤类型均以黄棕壤土、黄壤土为主^[12],不同高程区间土壤理化性质见表 1。

表 1 不同高程区间土壤理化性质

Table 1 Physical and chemical properties of soil at different elevation intervals

指标 Index	地区 Area	<160m	160—170m	>170m 以上
SOC/(g/kg)	兰陵溪	12.6	14.4	12.8
	龙潭坪	13.9	17.2	14.2
TN/(g/kg)	兰陵溪	1.1	1.3	1.1
	龙潭坪	1.2	1.5	1.3
pH	兰陵溪	7.1	7.2	7.1
	龙潭坪	7.6	7.8	7.7

TN:土壤总氮 Total soil nitrogen;SOC:土壤总有机碳 Soil organic carbon

1.2 数据测定

本研究于 2022 年 5 月(春季)、7 月(夏季)、9 月(秋季)采集 160m 以下、160—170m、170m 以上不同海拔高度样地内 0—20cm 深度土样(春、夏、秋),鉴于土壤微生物具有高度区域异质性,每个高程区间随机取 3 份土壤混匀为一个土样,并最终形成每个高程区间的 4 个土样重复。当天带回实验室,除去动植物残体,过 2mm 筛,一份风干后储存在 4℃ 保温箱用于测定土壤有机碳(TOC)、总氮(TN)、pH 等土壤理化性质,另一份用无菌自封袋保存于-80℃ 冰箱测定 PLFAs。

微生物群落调查使用磷脂脂肪酸(PLFAs)分析方法^[13],该方法主要基于磷脂是生物细胞膜重要组成且磷脂含量稳定^[14],样品利用气相色谱仪(Agilent 7890A)和全自动菌种微生物鉴定系统定量反应各标记物百分比及总生物量。不同菌群的 PLFAs 特征图不同,可标记不同微生物群体^[14-15]。其中,真菌标记性脂肪酸主要涉及 18:2 ω 6、18:1 ω 9c 等,细菌丰度标记性脂肪酸主要涉及 i15:0, a15:0, 15:0, i16:0, i16:1 ω 9, 16:1 ω 7t, i17:0, a17:0, 17:0, 18:1 ω 7 和 cy19:0 等^[16],放线菌标记性脂肪酸主要涉及 10Me17:0、10Me18:0 等^[17]。通过将所有菌群 PLFAs 生物标记物的绝对含量之和为微生物生物量,此次标记方法可统计 90% 以上微生物类群,其余部分主要为原生动物(20:2 ω 6, 20:3 ω 6, 20:4 ω 6)等。

1.3 数据处理与统计分析

采用 SPSS 22.0 的单因素方差法单独分析不同地区、高程和季节数据组间的差异($P < 0.05$),采用双因素方差法分析高程和季节及其交互影响下微生物群落分布,并进行指标间相关性检验。使用 Canoco 5 进行冗余分析,并判断群落组成变化的关键驱动因子,使用 Excel 和 Origin 9.0 制表制图。

2 结果

2.1 微生物群落不同海拔分布特征

土壤微生物群落双因素结果显示海拔对各微生物类群有显著影响(表 2),尤其是龙潭坪地区和细菌丰

度。季节对微生物的影响比海拔更为明显,在每个地区对微生物生物量、细菌丰度、真菌丰度、放线菌丰度等影响均为显著。另外,兰陵溪($P<0.05$)和龙潭坪($P<0.001$)地区均发现季节和海拔对真菌具有显著的交互作用,龙潭坪地区季节和海拔对放线菌具有显著的交互作用($P<0.01$)。

表 2 海拔和季节对微生物群落分布的双因素方差分析

Table 2 Two-way analysis of variance on microbial community distribution by altitude and season

指标 Index	地区 Area	海拔 Elevation		季节 Season		海拔×季节 Elevation×Season	
		F	P	F	P	F	P
微生物生物量 Microbial biomass/(nmol/g)	兰陵溪	0.72	ns	43.61	***	1.23	ns
	龙潭坪	2.88	*	3.38	*	1.08	ns
细菌 Bacteria/%	兰陵溪	14.46	***	129.04	***	1.50	ns
	龙潭坪	11.83	***	14.98	***	0.69	ns
真菌 Fungi/%	兰陵溪	2.85	ns	5.48	**	3.05	*
	龙潭坪	23.46	***	17.91	***	38.28	***
放线菌 Actinobacteria/%	兰陵溪	0.34	ns	95.35	***	0.83	ns
	龙潭坪	2.88	*	24.92	***	4.58	**

* 代表显著性水平: *** $P<0.001$, ** $P<0.01$, * $P<0.05$, ns 不显著

土壤微生物群落测定结果显示各微生物类群分布存在明显的空间异质性(表 3)。综合考虑以及单独对龙潭坪和兰陵溪两处消落带分析,发现土壤微生物生物量均在 160—170m 区间最高(2.40nmol/g),并分别高于 160m 以下和 170m 以上高程区间 24.5%和 22.5%,其他两个区间之间没有差异。综合两地区以及单独对龙潭坪分析,160—170m 区间细菌丰度均最高,且 160m 以下和 170m 以上区间没有差异性,其中两地区平均值显示 160—170m 区间细菌丰度分别高于其他两个区间 8.7%和 3.2%,龙潭坪细菌丰度分别高于其他两个区间 10.5%和 4.6%。兰陵溪细菌则呈现 160m 以下(69.20%)最低,其他两个区间之间差异性不显著的趋势。综合两个区域以及单独对龙潭坪分析发现,170m 以上区间的真菌丰度显著高于 160m 以下和 160—170m 区间,兰陵溪三个高程之间没有差异。龙潭坪细菌($P<0.01$)和真菌($P<0.05$)丰度均高于兰陵溪,放线菌则相反($P<0.001$),放线菌丰度在不同地区以及不同高程均不存在显著性差异。

表 3 不同高程区间微生物群落分布

Table 3 Variation values of microbial communities in different elevation intervals

指标 Index	地区 Area	<160m 以下	160—170m	>170m 以上
微生物生物量 Microbial biomass/(nmol/g)	平均地区	1.93±0.13a	2.40±0.07b	1.96±0.19a
	兰陵溪	1.74±0.24a	2.03±0.16b	1.93±0.17a
	龙潭坪	2.12±0.24a	2.77±0.06b	2.00±0.35a
细菌 Bacteria/%	平均地区	70.23±0.99a	76.35±0.58b	73.97±0.59a
	兰陵溪	69.20±0.62a	73.94±1.34b	72.64±0.44b
	龙潭坪	71.25±1.73a	78.77±0.43b	75.31±0.82a
真菌 Fungi/%	平均地区	12.67±0.60b	11.54±0.74b	9.81±0.34a
	兰陵溪	11.91±1.24a	9.37±1.20a	9.71±0.84a
	龙潭坪	13.43±0.22b	13.71±0.44b	9.91±0.37a
放线菌 Actinobacteria/%	平均地区	6.73±0.71a	6.47±0.39a	6.10±0.25a
	兰陵溪	10.39±1.04ab	10.66±0.77a	9.75±0.56a
	龙潭坪	3.06±0.42a	2.28±0.11a	2.45±0.13a

表中数值为“平均值±标准误”,同行不同小写字母代表不同高程显著差异($P<0.05$)

2.2 微生物群落不同季节分布特征

土壤中微生物群落季节变化结果显示,各微生物类群分布存在明显的时间异质性(图 1)。对整个库区以及单独分析两地区,均发现微生物生物量随时间变化呈现“单峰”分布格局,夏季达到峰值,秋季次之,春季最低,最大值出现在兰陵溪地区,为 3.1nmol/g。综合考虑两处消落带以及兰陵溪,细菌丰度呈现春季处于最低

水平,在夏季达到峰值,秋季呈下降趋势(图2)。细菌丰度最大值出现在夏季的龙潭坪地区,达80.0%,但其春季和秋季均处于最低水平。综合考虑两处消落带以及兰陵溪,真菌、放线菌丰度在秋季显著大于春季和夏季,龙潭坪消落带真菌季节差异不显著。另外,兰陵溪($P<0.05$)和龙潭坪($P<0.001$)最小值均出现在春季170m以上高程区间(7.17%和1.08%),但最大值分别出现在春季的160m以下区间(14.27%)和160—170m区间(14.76%)。龙潭坪放线菌夏季较低于其他两个季节,最小值出现在170m以上高程区间(1.08%)。

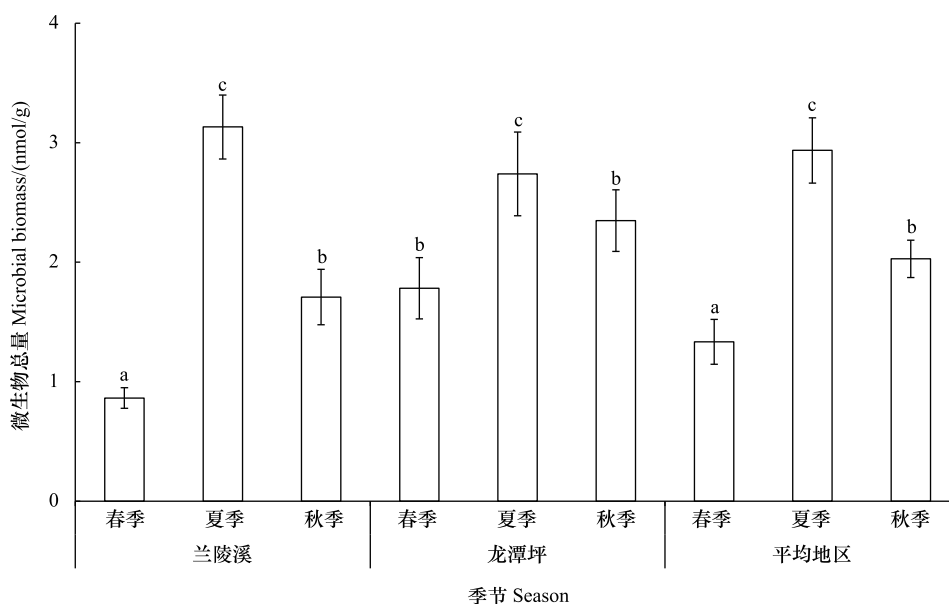


图1 不同消落带微生物生物量季节变化

Fig.1 Seasonal variation of total microbial biomass in different drawdown zones

不同小写字母代表同一地区不同季节显著差异($P<0.05$)

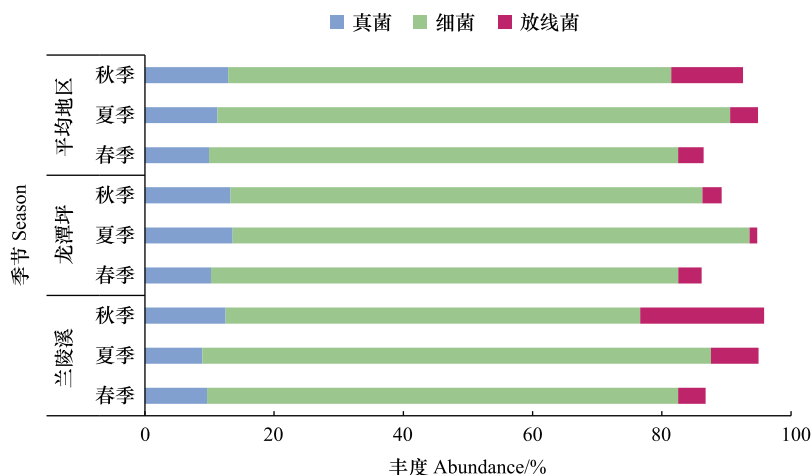


图2 不同季节真菌、细菌以及放线菌丰度

Fig.2 Abundance of fungi, bacteria, and actinobacteria in different seasons

相关性分析结果显示,微生物生物量与细菌丰度之间存在正相关关系(图3),且均与环境因子SOC、TN、pH正相关,真菌丰度分别与细菌和放线菌存在负相关关系。根据冗余分析(RDA)结果,两个主成分轴对的微生物群落解释量为42.85%,环境因子解释率分别为SOC(33.8%)、TN(1.1%)、pH(8.2%),SOC和pH是微生物群落结构的关键驱动因子,多元逐步结果进一步证实细菌主导了消落带微生物群落的变化。

兰陵溪及龙潭坪消落带的微生物不同类群之间的相关性结果显示,两地区的微生物生物量、细菌丰度、放

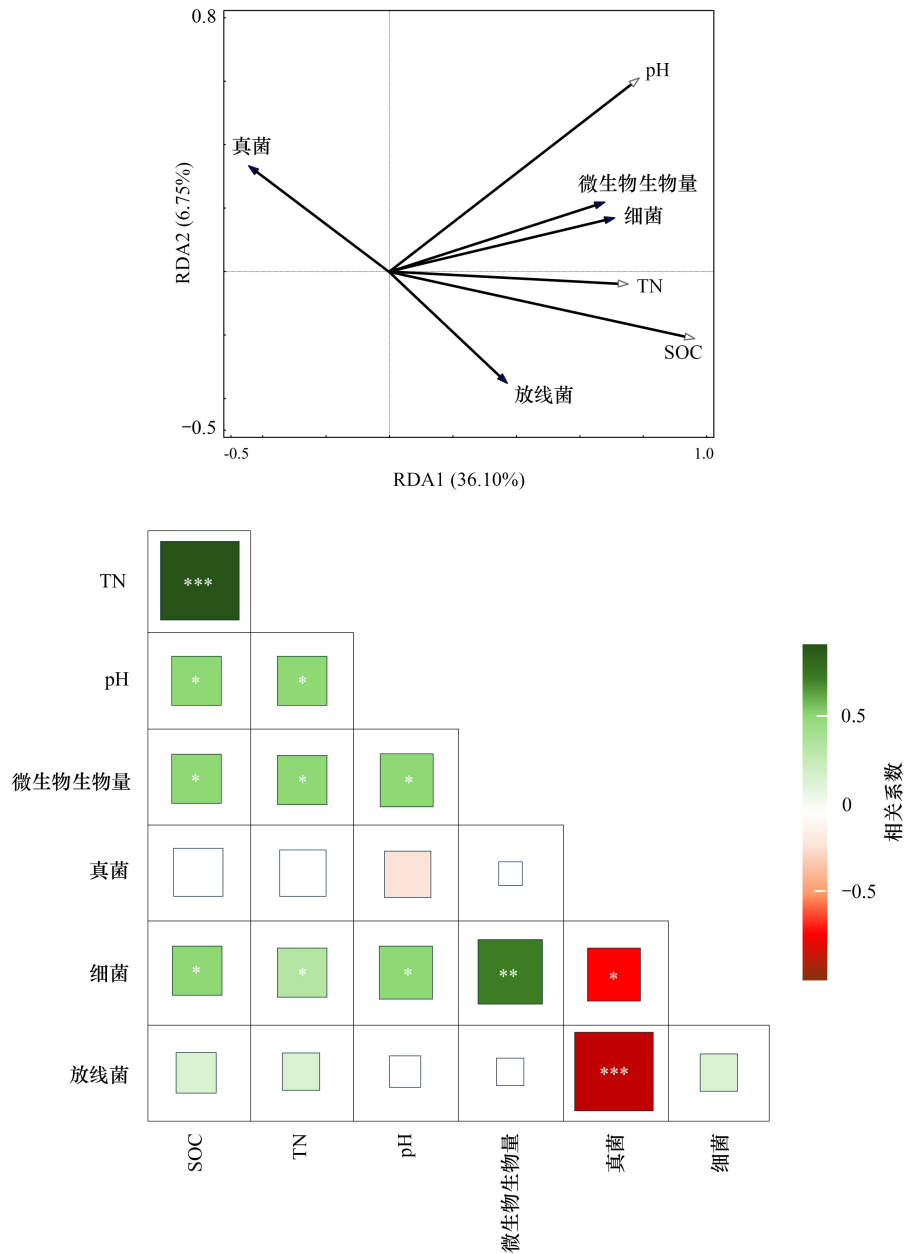


图 3 三峡库区消落带微生物群落的相关性热图及冗余分析(RDA)图

Fig.3 Correlation heat map of microbial communities in the fluctuating zone and redundancy analysis(RDA)

相关性热图中红色表示负相关关系,蓝色表示正相关关系;SOC:土壤有机碳;TN:总氮

线菌丰度之间均存在正相关关系,并与真菌丰度存在负相关关系(图 4)。对兰陵溪单独分析,两个主成分轴对微生物群落解释量为 38.75%,环境因子解释率分别为 SOC(25.3%)、TN(13.5%)、pH(0.3%)。对龙潭坪单独分析,两个主成分轴对微生物群落解释量为 59.52%,环境因子解释率分别为 SOC(8.8%)、TN(0.4%)、pH(50.3%)。

3 讨论

3.1 微生物群落海拔分布

本文发现微生物生物量以及细菌丰度均在中等水淹下最高,并且两者均与 SOC、TN 显著相关,这可能是因为中等海拔梯度下,土壤干湿交替频率适中,通气性和湿度更为均衡,更有助于淹没期有机碳储存,致使

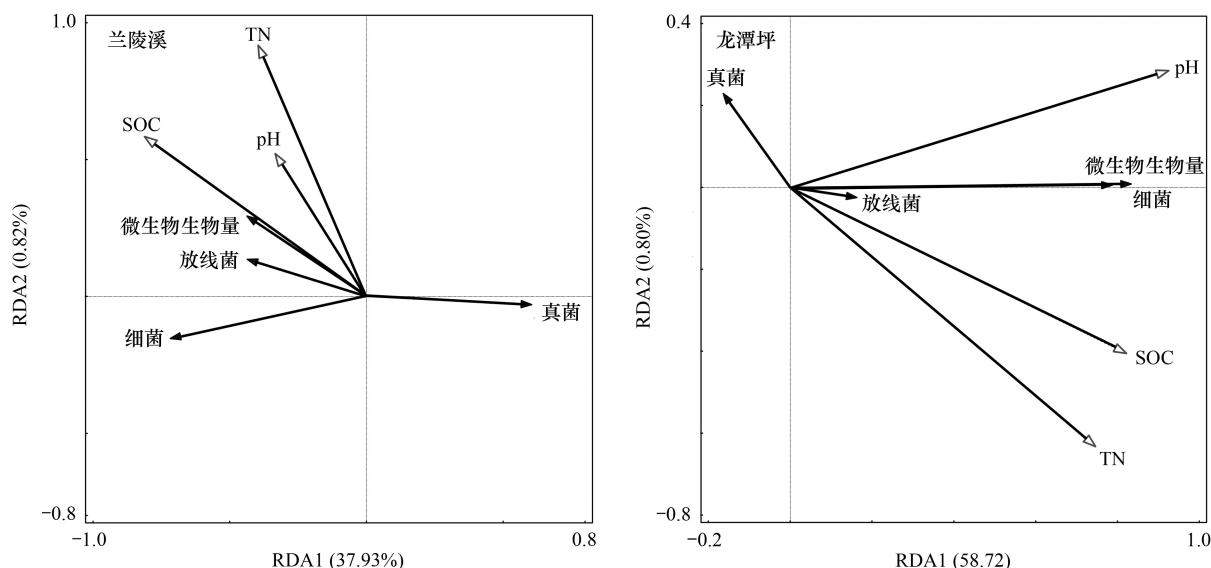


图4 兰陵溪及龙潭坪微生物群落冗余分析

Fig.4 Redundancy analysis of microbial communities in Lanlingxi and Longtanping

SOC 和 TN 较高,有利于细菌等微生物生长繁殖。高海拔的 170m 以上区间土壤受到降雨径流侵蚀影响,其表层细颗粒被水流冲刷至中、下部区域^[12, 18],致使中海拔区间的 SOC 以及氮磷含量达到最高^[6],而长期重度水淹侵蚀下 160m 以下区间土壤侵蚀严重,微生物生物量甚至出现最低的情况^[6, 18]。并且其他研究也发现,中等水淹使得土壤呼吸最为强烈^[12]、物种丰富度^[19-20]及植被生长高度最高^[10]。这与杨文航等人研究同样发现中等程度水淹下土壤微生物生物量高于其他两个区间的结论一致^[21]。同时群落中占优势地位的细菌^[6],更偏好土壤相对湿润(160—170m 高程)的环境进行繁殖和生长,土壤水分和干旱胁迫对其影响明显^[9, 22]。因此中等程度水淹更有利于三峡库区消落带微生物群落生存。

真菌并未出现与微生物生物量及细菌丰度一致的结果,而是在水淹中、重度区差异不明显,并均高于水淹程度较低的区域。这种现象一方面是由于真菌相对细菌占比较低,另一方面是因为真菌对水分变化的敏感度并没有细菌高^[22]。此外,周兰芳等人认为,水淹胁迫的提高可以使苍耳等植物根际真菌群落重新组装,从而提高真菌丰度^[23],并高于 170m 以上区间。本研究发现真菌更能适应于 pH 较高的龙潭坪地区,并且 pH 主导了龙潭坪微生物群落变化,这与真菌(尤其是丛枝菌根真菌)具有较高的环境耐受性有关^[24],而 SOC 主导了 pH 较低的兰陵溪微生物群落变化,其真菌丰度在三个高程之间没有差异,表明 pH 会刺激真菌对水淹胁迫的敏感度。

本研究发现放线菌丰度在不同高程没有显著性差异,然而秦宇等人研究认为不同微生物菌群在不同水淹区的丰度值存在显著差异^[25],并且放线菌与土壤水淹梯度呈正相关性^[6],放线菌丰度随水淹程度的增加呈上升趋势^[26-27],因此水淹对放线菌的影响需要进一步探究。

3.2 微生物群落季节分布

土壤微生物生物量及细菌丰度均在夏季最高,春季最低,这主要是因为夏季水温高,细菌等微生物能够快速利用消落带周期性营养输入(如淹没期沉积物中的有机物),以及植被快速生长所分泌的根系分泌物,土壤酶活性随着气温升高而提高^[28],大多细菌在相对夏季较高的温度下(如 35℃ 以上)会表现出较高的生长速率^[26]。此外,春季土壤刚刚暴露,温度较低,植物生长速度缓慢,根系周转率低,有机质尚未充分分解,对微生物活性和土壤养分循环具有一定限制作用^[29]。另外,龙潭坪地区细菌丰度在秋季仍保持较高水平,并与春季丰度相同,这可能是由于地处阳坡的龙潭坪在秋季接受地面温度时间较长,并适宜于微生物活动(尤其是优势物种细菌)^[30],并且 9 月受蓄水影响植被发生更替,部分不耐淹物种死亡,耐淹(如狗牙根等)或能迅速萌

发生(如苍耳等)的物种在水淹胁迫下形成优势群落,根系活动增强并继续快速分解底物,另一项研究也表明消落带土壤呼吸在9月仍可以保持较高水平^[12]。

有研究认为消落带放线菌在春季相对丰度低于秋季^[31]。本研究发现兰陵溪真菌、放线菌均在秋季丰度最高,并结合细菌丰度夏季最高的现象,有力地证明了其微生物群落时间生态位分布规律^[32]。一方面,夏季土壤有机物相对充足,细菌丰度增加并占据主导位置,引起放线菌、真菌等类群竞争排斥。另一方面是秋季真菌和放线菌可以充分分解和利用一个生长季所储存的丰富纤维素和木质素^[33]。此外,与兰陵溪不同的是,龙潭坪真菌季节差异不显著,可能是由于两者土壤性质的差异引起的温度敏感真菌的种类和相对丰度变化^[34],并且龙潭坪的碱性土壤会引起耐碱真菌相对丰度增加。

4 结论

本研究从空间和时间上分析三峡库区消落带微生物群落结构分布及变化规律,发现水淹胁迫通过 SOC 和 pH 驱动土壤微生物群落分布,兰陵溪和龙潭坪消落带微生物生物量和细菌丰度均在中等程度水淹下达到最高,并且 pH 刺激真菌对水淹胁迫的敏感度,从而提高中重度水淹区种群丰度。微生物生物量和细菌丰度均在夏季最高,这与夏季高温高湿环境下更有利于植被生长旺盛和微生物活动强烈有关。本文为三峡库区微生物群落结构分析以及消落带植被修复提供了重要的科学理论依据。

参考文献(References):

- [1] 李彦杰,蒋梦芸,杨俊年,刘仁华,钟彦,王晶.不同修复植被类型的三峡库区消落带土壤细菌群落分析.水土保持研究,2022,29(2):112-117,124.
- [2] 张瑜,岳航宇,孙玥,崔斌.消落带生态修复及侵蚀防护研究现状.中国水土保持,2025,(6):13-17,21.
- [3] 王恺丽,李潜,李林洋,葛乐,陈鹏,袁晓良,张小全,李志国,刘毅.淹水对丹江口库区新增消落区土壤养分的影响.生态学杂志,2024,43(7):2118-2126.
- [4] 张俊杰.干湿交替过程中消落带土壤溶解性有机质对 Cd 迁移转化影响[D].宜昌:三峡大学,2024.
- [5] Bao Y H, He X B, Wen A B, Gao P, Tang Q, Yan D C, Long Y. Dynamic changes of soil erosion in a typical disturbance zone of China's Three Gorges Reservoir. *Catena*, 2018, 169: 128-139.
- [6] 向瀚宇.三峡库区重庄河消落带沿水淹梯度土壤微生物群落结构和代谢多样性特征[D].宜昌:三峡大学,2020.
- [7] 刘新,迟申燕,江和龙,田琳奇.鄱阳湖水位季节性波动过程中消落带土壤细菌群落的变化特征.环境科学,1-16. doi: 10.13227/j.hjlx.202412199.
- [8] 程莅登,袁兴中,孙阔,唐婷,袁嘉.三峡库区消落带植物群落及其功能性状对水淹强度的响应.生态学报,2024,44(11):4795-4807.
- [9] 梅渝,黄平,王鹏,朱凯.水位波动和植被恢复对三峡水库消落带土壤原核微生物群落结构的交互影响.环境科学,2024,45(5):2715-2726.
- [10] 马骅.水位变化影响下消落带土壤动物群落的多样性特征[D].重庆:重庆三峡学院,2024.
- [11] 谭雪,董智,张丽苗,袁中勋,李昌晓.三峡库区消落带3种人工种植植物土壤理化性质、酶活性及细菌多样性季节变化特征.重庆师范大学学报(自然科学版),2023,40(4):59-69.
- [12] 李政,曹书龙,朱海琴,谢莘,贾宝杰.水位变化下三峡水库近坝段消落区 CO₂ 排放研究.长江科学院院报,1-5. doi: 10.11988/ckyyb.20241094.
- [13] 曾江涛,韩诗慧,何彧,彭铮,徐江兵,刘蕾,马闻聪,邓琦.复水后历史干旱对亚热带常绿阔叶林土壤微生物及其胞外酶活性的遗留效应.生态学报,2025,45(17):1-16.
- [14] 杨漫,徐国良,舒灿伟,莫凌梓,杨现坤,邓光蔓,吴智健,李璐璐,凌雨楠,李俐宽,许子杰.红砂岭退化土壤改良措施对土壤微生物多样性及群落结构的影响.中国土壤与肥料,2024,(9):37-46. doi: 10.11838/sfsc.1673-6257.23662.
- [15] Fan L J, Xue Y W, Wu D H, Xu M C, Li A D, Zhang B X, Mo J M, Zheng M H. Long-term nitrogen and phosphorus addition have stronger negative effects on microbial residual carbon in subsoils than topsoils in subtropical forests. *Global Change Biology*, 2024, 30(2): e17210.
- [16] 向君,樊利华,张楠楠,吴淑兰,郭敏,周星梅,王彦杰.施磷对干旱胁迫下箭竹根际土壤养分及微生物群落的影响.生态学报,2021,41(23):9422-9431.
- [17] Wang D Y, Felice M L, Scow K M. Impacts and interactions of biochar and biosolids on agricultural soil microbial communities during dry and wet-dry cycles. *Applied Soil Ecology*, 2020, 152: 103570.

- [18] 张帅. 干湿交替对土壤有机碳分解的影响[D]. 重庆: 重庆三峡学院, 2020.
- [19] 李秋宏, 王小国, 刘祥龙. 蓄水对三峡库区消落带土壤和植被的影响研究进展. 水生生态学杂志, 2024, 1-11. doi: 10.15928/j.1674-3075.202303240079.
- [20] Chen S Q, Zhang G H, Luo Y F, Zhou H, Wang K W, Wang C S. Soil erodibility indicators as affected by water level fluctuations in the Three Gorges Reservoir area, China. *Catena*, 2021, 207: 105692.
- [21] 杨文航, 秦红, 任庆水, 贺燕燕, 李晓雪, 李昌晓. 三峡库区消落带重建植被下土壤微生物生物量碳氮含量特征. 生态学报, 2017, 37(23): 7947-7955.
- [22] 刘欣. 水情驱动下鄱阳湖湿地植物分解对土壤碳库的影响及土壤细菌的响应[D]. 南昌: 南昌大学, 2021.
- [23] 周兰芳, 吴胜军, 马茂华, 邹航, 黄金夏, 杨军. 三峡水库消落区苍耳根际微生物群落结构解析. 微生物学报, 2025, 65(2): 582-596.
- [24] 李佳齐, 王晓慧, 何鑫, 宋福强. 丛枝菌根真菌提高植物耐酸碱能力及改善土壤 pH 应用潜力. 中国农学通报, 2023, 39(34): 123-129.
- [25] 秦宇, 郑望, 张曦, 蒋成勇. 三峡库区中段水体微生物群落结构与环境因子相关性研究. 长江流域资源与环境, 2021, 30(5): 1184-1193.
- [26] 陈美萍. 三峡水库消落区土壤微生物多样性和功能的分布格局及影响因素研究[D]. 昆明: 云南大学, 2023.
- [27] 刘啸林, 闫鑫宇, 刘珂彤, 刘银占, 赵灿灿, 韩士杰, 王松廷, 刘梦舟. 草地生态系统微生物群落对季节性水淹的响应. 河南师范大学学报(自然科学版), 2021, 49(6): 47-54.
- [28] 李娜, 程楠, 马春灵, 韩雅茹, 陆晖, 宋丽华. 气温升高与干旱互作对灵武长枣根区土壤酶活性及微生物功能多样性的影响. 安徽农业大学学报, 2023, 50(2): 326-334.
- [29] 潘海伟, 郝龙飞, 秦富仓, 李赵毅, 张盛晰, 许吉康, 吴帅. 砒砂岩区油松人工林土壤微生物群落结构及代谢特征的季节动态变化规律. 干旱区资源与环境, 2023, 37(10): 168-174.
- [30] Keller P S, Marcé R, Obrador B, Koschorreck M. Global carbon budget of reservoirs is overturned by the quantification of drawdown areas. *Nature Geoscience*, 2021, 14(6): 402-408.
- [31] 谭雪, 董智, 张丽苗, 袁中勋, 李昌晓. 三峡库区消落带草本植物根际细菌群落季节变化特征及功能预测. 生态学报, 2023, 43(23): 9699-9709.
- [32] Wang C Q, Kuzyakov Y. Mechanisms and implications of bacterial-fungal competition for soil resources. *The ISME Journal*, 2024, 18(1): doi:10.1093/ismejo/wrae073.
- [33] Duran K, Kohlstedt M, van Erven G, Klostermann C E, America A H P, Bakx E, Baars J J P, Gorissen A, de Visser R, de Vries R P, Wittmann C, Comans R N J, Kuyper T W, Kabel M A. From ^{13}C -lignin to ^{13}C -Mycelium; *Agaricus bisporus* uses polymeric lignin as a carbon source. *Science Advances*, 2024, 10(16): 13. doi: 10.1126/sciadv.adl3419.
- [34] 董炜灵, 尹华群, 刘学端, 宋阿琳, 范分良. 土壤性质对真菌温度敏感性的影响. 中国土壤与肥料, 2018, (2): 127-134.