

黄土高原草地土壤细菌群落结构对于降水变化的响应

李娜¹, 王宝荣^{2,3}, 安韶山^{1,3*}, 焦峰¹, 黄倩⁴

(1. 西北农林科技大学水土保持研究所, 黄土高原土壤侵蚀与旱地农业国家重点实验室, 杨凌 712100; 2. 中国科学院水利部水土保持与生态环境研究中心, 杨凌 712100; 3. 中国科学院大学, 北京 100049; 4. 西北农林科技大学资源环境学院, 杨凌 712100)

摘要: 微生物作为生态系统功能的主要参与者, 对降水变化引起的土壤水分变化的响应是科学评估气候变化对半干旱生态系统影响的一个非常重要的方面. 为研究降水变化对土壤微生物群落结构多样性的影响, 在黄土高原进行了为期 2 a 的原位模拟降雨变化实验, 设置了 5 种降水梯度, 即减少自然降雨的 80% 和 40%、自然降雨和增加自然降雨的 40% 和 80% (编号为 D80、D40、NP、I40 和 I80). 结果表明: ① 减雨或增雨 80% 处理中 C/N 较低, 而增雨 40% (I40) 时最大, 0~20 cm 土层的均值为 10.76; MBC/MBN 在减雨 80% (D80) 和增雨 80% (I80) 处理中随土层变化显著, D80 时最大值为 14.15. ② 黄土高原天然草地土壤中, 主要的优势菌门为放线菌门(Actinobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteria), 主要的优势菌纲为放线菌纲(Actinobacteria)、酸杆菌纲(Acidobacteria)、 α -变形杆菌纲(α -Proteobacteria)和热微菌纲(Thermomicrobia). ③ RDA 分析显示, 在降水处理条件下, 土壤溶解性有机碳、可溶性有机氮、电导率、pH 值的变化是影响该研究区土壤细菌分布的主要因素. 总之, 干旱或极端降水对黄土高原区土壤活性有机质含量和土壤细菌种群多样性及丰度影响显著.

关键词: 黄土高原; 降水变化; 土壤微生物; 群落结构; 高通量测序

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2020)09-4284-10 DOI: 10.13227/j.hjxk.201912175

Response of Soil Bacterial Community Structure to Precipitation Change in Grassland of Loess Plateau

LI Na¹, WANG Bao-rong^{2,3}, AN Shao-shan^{1,3*}, JIAO Feng¹, HUANG Qian⁴

(1. State Key Laboratory of Soil Erosion and Dryland Farming on the Loess Plateau, Institute of Soil and Water Conservation, Northwest A&F University, Yangling 712100, China; 2. State Key Laboratory of Soil Erosion and Dryland Farming on the Loess Plateau, Institute of Soil and Water Conservation, Chinese Academy of Science and Ministry of Water Resources, Yangling 712100, China; 3. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 4. College of Resources and Environment, Northwest A&F University, Yangling 712100, China)

Abstract: As the main participants of ecosystem functions, the response of microorganisms to variations in soil moisture caused by the changes in precipitation amounts should be quantified to evaluate the impact of climate change on semi-arid ecosystems. For this purpose, a two-year simulation of the changes in the rainfall patterns was conducted on the Loess Plateau, and five precipitation treatments (80% and 40% decrease in precipitation, D80, D40; natural precipitation, NP; 40% and 80% increase in precipitation, I40, I80) were set up. The results showed that: ① Compared with NP, the carbon-to-nitrogen ratio (C/N) was lower in DP80 or IP80, while it reached the maximum value in I40. The mean C/N value of the 0-20 cm soil layer was 10.76. The microbial biomass carbon to microbial biomass nitrogen ratio (MBC/MBN) varied significantly with the soil layer in the treatments of D80 and I80, and the maximum value was 14.15 in D80. ② In the grassland soil naturally growing on the Loess Plateau, at the phylum level, the dominant phyla were Actinobacteria, Proteobacteria, Chloroflexi, and Acidobacteria. At the class level, Actinobacteria, Acidobacteria, α -Proteobacteria, and Thermomicrobia were predominant. ③ RDA analysis showed that changes in soil dissolve organic carbon (DOC), dissolved organic nitrogen (DON), elemental carbon (EC), and pH values were the main factors affecting the distribution of soil bacteria under the five precipitation treatments in the study area. Overall, 80% increase or decrease in precipitation has a significant impact on soil active organic carbon content and bacterial abundance, especially D80. In conclusion, drought or extreme precipitation may considerably change the active organic matter content and bacterial community diversity and abundance in the soils of the Loess Plateau.

Key words: loess plateau; precipitation change; soil microorganisms; community structure; high throughput sequencing

降水量的改变是全球气候变化的重要结果, 该变化会影响陆地生态系统的生物地球化学循环等过程^[1]. 然而, 陆地生态过程对降水变化的响应机制尚不明确. 有报告指出 (IPCC), 未来对区域尺度上降水模式的预测存在不确定性, 而全球水循环的加剧将增加降水量的年际变化和极端降水事件的发生

频率^[2], 这一变化将极大地影响陆地生态系统的

收稿日期: 2019-12-23; 修订日期: 2020-03-14

基金项目: 国家自然科学基金项目(41671280); 国家重点研发计划项目(2016YFA0600801); 中国科学院国际伙伴计划项目(161461KYSB20170013)

作者简介: 李娜(1994~), 女, 硕士, 主要研究方向为土壤微生物、植被恢复和水土保持, E-mail: nali_912@163.com

* 通信作者, E-mail: shan@ms.iswc.ac.cn

碳、氮循环及植被净初级生产力^[3],从而直接或间接地影响土壤微生物群落。在水分有效性为限制因子的干旱半干旱地区,降水量的改变直接影响植被生长,对该地区土壤理化性质的影响更为明显,进而影响干旱生态系统中土壤微生物群落结构和功能^[4,5]。土壤微生物是有机质的主要分解者,参与土壤的整个生化过程,其群落结构对资源有效性的变化较为敏感^[6,7]。因此,了解降水变化对半干旱生态系统中土壤微生物群落的影响至关重要。

半干旱生态系统的降水量及土壤含水量变化较大,土壤水分有效性的变化导致养分有效性发生改变进而影响微生物活性^[8,9]。不同土壤微生物种群对环境变化的适应性差异导致土壤微生物群落结构的多样性及丰富度发生变化^[10]。目前,土壤微生物对降水变化的响应研究结果不一^[11-13]。Castro等^[14]的研究发现降水变化能改变土壤微生物的相对丰度。Evans等^[12]对农田土壤微生物的研究发现,不同的降雨处理中,细菌群落组成并无差异,但是在干燥再湿润脉冲的作用下,同一处理中的细菌群落组成变化显著。Zhou等^[15]的Meta-分析结果显示在干旱地区,微生物生物量对降雨量增加更敏感,而在湿润地区,减少降雨对微生物生物量影响显著;增雨可能增加细菌群落中变形菌门和拟杆菌门的丰度。然而,Na等^[16]的研究发现降水变化对荒漠生态系统细菌多样性没有显著影响。降水引起微生物群落的变化受区域差异影响较大^[17]。黄土高原地区气候干旱,降雨量少且集中,土壤中水分补给受到限制,降水是调节该地区水分和碳平衡的关键因素,对该地区土壤理化性质的影响更为明显^[18,19]。长期气候数据表明,黄土高原地区降水量的年际变异性随着极端降水事件的增多而增大^[20]。然而,黄土高原区土壤微生物群落对降水变化的响应尚不清楚。因此,了解黄土高原区土壤细菌群落结构对降水变化的响应过程,对于预测该地区土壤微生物如何应对未来气候变化至关重要。

为研究降水对土壤细菌群落结构的影响,本文通过模拟不同降水变化,分析了黄土高原半干旱区降水变化所引起的土壤理化性质及土壤微生物群落的变化情况,并利用高通量测序技术分析了不同的降水条件对土壤微生物多样性及群落结构的影响,以为深入研究全球气候变化对土壤的影响及土壤对气候的反馈作用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于陕西省安塞水土保持综合实验站

(东经 109°19'23",北纬 36°51'30")。海拔 1 068 ~ 1 309 m,温带大陆性半干旱季风气候,年平均气温 9.1℃,年平均降雨量 506.60 mm,降水集中在 7~9 月。土壤质地为壤土。植被类型属森林草原。研究区主要植被以狗尾草、草木樨状黄芪、沙打旺、盖伏地锦、甘草、青蒿、铁杆蒿、达乌里胡枝子、苦马豆和披针叶黄华为主。

2015 年春,在试验区平坦的天然草地上设置了 15 个 3 m × 3 m 的小区(5 个处理 × 3 个重复),每个小区之间设 1 m 的缓冲区。本实验旨在探究降水变化对土壤的影响,包括增雨处理和减雨处理。减雨处理采用有机玻璃冠层法(有机玻璃透光率 > 92%,V 型槽厚度 2 mm,与水平面夹角 20°)控制各小区的自然降水。每块有机玻璃的水平投影面积为 3 m × 0.10 m(图 1)。减雨 40%(D40)是指若干个有机玻璃板的总水平投影面积占小区总面积的 40%,即人为地减少自然降雨的 40%。同样地,减雨 80%(D80)指在自然降水的基础上人为减少 80%。各处理小区有机玻璃板数量的计算方法如下:

$$\text{减雨量} = \frac{3 \text{ m} \times 0.1 \text{ m} \times n}{3 \text{ m} \times 3 \text{ m}}$$

式中 m 表示单位米; n 表示有机玻璃板的数量。增雨处理是将对应的减雨处理中有机玻璃板承接的雨水通过 PVC 板导入集水桶,再均匀地洒到增雨处理的小区内(图 1)。5 个降水梯度处理: D80、D40、NP、I40 和 I80,分别表示在自然降水的基础上人为减少 80%、减少 40%、自然降水和在自然降水基础上人为增加 40% 及增加 80% 的降水。

2017 年 8 月,用直径为 1 cm 的土钻采集各处理下的样品,分为两个土层: 0~5 cm 和 5~20 cm。每个样地用 5 点法采样,并就地混匀,以减小非均质性引起的误差。已采集土样被分为三部分: 其中一部分自然风干,以测定土壤的基本理化性质; 部分表层(0~5 cm)土样保存于 -20℃ 冰箱中,进行微生物量测定; 另一部分表层鲜样用已灭菌的锡箔纸包裹后放入液氮罐带回,由美吉公司进行高通量测序。

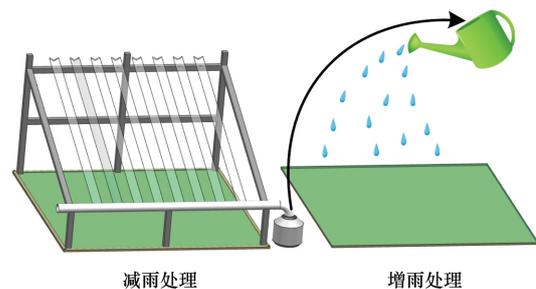


图 1 增雨与减雨装置

Fig. 1 Precipitation-decreasing device and precipitation-increasing device

1.2 土壤理化性质分析

土壤 pH 值采用德国赛多利斯公司出产的 PB-10 pH 计(土壤:水=1:2.5,质量浓度)进行分析.土壤电导率(EC)由中国般特公司出产的 ECscan40 电导率仪测定.采用重铬酸钾氧化法测定土壤有机质(SOC).土壤全氮(TN)测定采用硫酸混合催化剂消煮和凯氏定氮仪(2300,瑞典 FOSS 公司).采用氯仿熏蒸-K₂SO₄ 浸提法测定土壤微生物量碳(MBC)和微生物量氮(MBN).采用氯仿熏蒸-NaHCO₃ 浸提法测定土壤微生物量磷(MBP).土壤硝态氮(NO₃⁻-N)和铵态氮(NH₄⁺-N)测定采用 1 mol·L⁻¹ KCl 浸提,流动分析仪(AutAnalyel,美国 AAA 公司)测定.以上具体方法均参考文献[21].

1.3 DNA 提取、扩增和 Illumina MiSeq 高通量测序

DNA 提取、扩增和 Illumina MiSeq 高通量测序均由上海美吉生物公司(Omega Bio-tek, Inc, Doravilla, GA, USA)完成.从每个样本中提取的 DNA 序列作为扩增模板,PCR 使用 TransGen AP221-02: TransStart Fastpfu DNA 聚合酶.为确定不同降水处理下土壤细菌的群落组成和多样性,对 16S 及其 rRNA 进行扩增.利用 338F(5'-ACTCCTACGGG AGGCAGCAG-3')和 806R(5'-GGACTACHVGGGT WTCTAAT-3')引物扩增细菌 16S rRNA 基因的 V1-V3 高变区.全部样本按照正式实验条件进行,每个样本 3 个重复,将同一样本的 PCR 产物混合后用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测,使用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒切胶回收 PCR 产物,Tris_HCl 洗脱;用 2% 的琼脂糖电泳检测.

PCR 过程采用 TransStart FastPfu DNA 聚合酶,PCR 仪使用 ABI GeneAmp® 9700. 20 μL 的 PCR 反应体系:5 × FastPfu 缓冲液,4 μL; 2.5 mmol·L⁻¹ 核苷酸,2 μL; 正向引物(5 μmol·L⁻¹) 0.8 μL; 反向引物(5 μmol·L⁻¹) 0.8 μL; 0.4 μL FastPfu 聚合酶; 模板 DNA, 10 ng; 再添加 ddH₂O 至 20 μL. PCR 反应步骤及条件:95℃ 变性 30 s,使 DNA 双螺旋氢键断裂,形成单链 DNA 作为反应模板; 55℃ 退火 30 s,引物与模板的互补区域结合形成模板-引物复合物; 72℃ 延伸 45 s,以引物为固定起点,在 DNA 聚合酶作用下合成新的 DNA 链.以上三步作为一个循环重复进行,共循环 35 次. PCR 产物经 QuantiFluor™-ST 蓝色荧光体系进行定量,再根据每个样本的测序量进行混合,最后构建 MiSeq 文库并进行排序.

原始序列在 QIIME 软件中进行裁剪、合并及分配(v1.8.0, <http://www.qiime.org/>). 去除低质量序列(长度 < 150 bp). 高质量序列以 97% 的相似性

聚类成操作分类单元(OTUs). 在 QIIME 中计算 OTUs 数、α 多样性指数、Chao1 指数、Shannon 和 Simpson 指数. 同时用 ANOSIM 分析方法分析处理间的差异.

1.4 数据分析

采用 SPSS 23.0 进行方差分析(ANOVA),确定不同处理间土壤理化指标、微生物生物量、土壤细菌群落多样性指数的显著性($P < 0.05$ 的显著性水平). 所有柱状图及柱形堆积图均由 Origin 2018 绘制. 利用冗余分析(RDA)比较土壤理化指标与微生物群落组成的相关性.

2 结果与分析

2.1 不同增减雨梯度下土壤基本理化性质的变化

如表 1,不同增减雨处理下的土壤基本理化性质变化显著. 样地土壤偏碱性,pH 值在 8.01 ~ 8.74 之间变动. 与自然降水处理(NP)相比,0 ~ 5 cm 土层减雨处理中有机碳(SOC)、可溶性碳(DOC)和全氮(TN)含量对增加,D40 处理中相对减小,铵态氮(NH₄⁺-N)和微生物量氮(MBN)在 D80 中相对减小,D40 中相对增加; 增雨处理中 SOC、DOC、MBC、TN 和 MBN 含量相对增加,而 NO₃⁻-N 和 DON 含量相对减小. 5 ~ 20 cm 土层减雨处理中 SOC、DOC、MBC、TN、NH₄⁺-N、NO₃⁻-N 和 DON 含量对于自然降水处理相对增加; 增雨处理中 DOC、MBC、TN 和 NO₃⁻-N 含量比自然降水处理中相对增加, SOC、NH₄⁺-N 和 DON 含量在 I80 处理中相对减小. C/N 在 I40 中最大,为 10.32(0 ~ 5 cm)和 11.20(5 ~ 20 cm). 增雨 40% 或减雨 40% 时, TN 含量随土层变化显著. 减雨 80% 时, TN、DON 和 NO₃⁻-N 含量显著高于其他降水处理; MBC、MBN 和 MBP 含量在该条件下随土层变化显著. D80 处理表层土中 MBC/MBN 达到最大值,为 14.15,是自然降水处理下的 1.85 倍,并随着土层深度增加,比值显著减小,说明干旱条件对微生物群落组成及丰度在不同深度的土壤中影响显著; 而表层土中的 SOC、TN 含量与自然降雨相比分别增加了 1.75 g·kg⁻¹ 和 0.23 g·kg⁻¹; 5 ~ 20 cm 土层中, SOC、TN 含量与 NP 相比分别增加了 2.87 g·kg⁻¹ 和 0.31 g·kg⁻¹,说明干旱的土壤条件有利于 SOC 和 TN 在深层土中富集.

2.2 不同降雨梯度下表层土壤微生物多样性及丰富度的变化

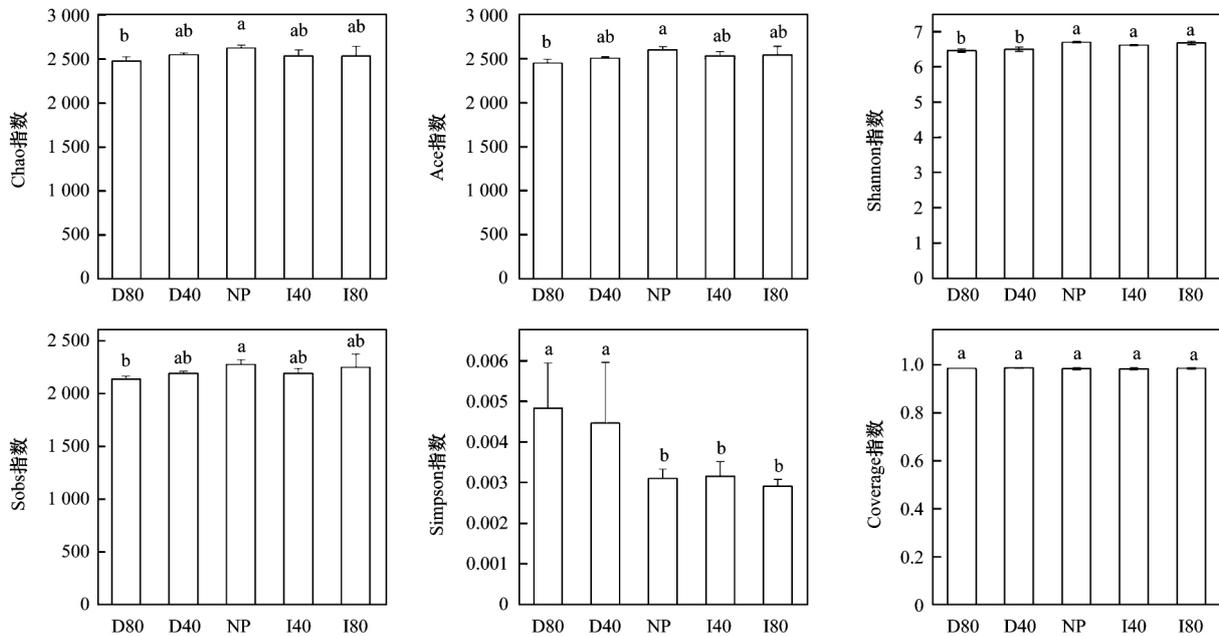
降水变化处理下土壤微生物多样性、丰富度的变化如图 2. 随着不同的增减雨梯度变化,自然降雨处理中 Chao、Ace 及 Sobs 指数显著高于其他处理,说明在不受外界干扰的天然草地中,降雨量对土壤

表 1 不同的降雨梯度及土层深度条件下 土壤理化性质的平均值及标准差¹⁾

Table 1 Mean and standard deviation of soil physical and chemical properties under different precipitation gradients and soil depth conditions

项目	D80		D40		NP		I40		I80	
	0~5 cm	5~20 cm	0~5 cm	5~20 cm	0~5 cm	5~20 cm	0~5 cm	5~20 cm	0~5 cm	5~20 cm
TN/g·kg ⁻¹	0.62±0.18Aa	0.63±0.18Aa	0.44±0.00Ab	0.37±0.02Bb	0.39±0.04Ab	0.32±0.04Ab	0.44±0.05Ab	0.33±0.02Ab	0.52±0.06Aab	0.37±0.04Ab
SOC/g·kg ⁻¹	5.73±1.57Aa	6.23±0.07Aa	4.16±0.73Ab	3.77±0.60Ab	3.98±0.60Ab	3.36±0.48Abc	4.55±0.37Aab	3.64±0.06Bb	5.20±1.07Aab	2.69±0.17Bc
C/N	9.16±0.58Aa	9.96±2.78Aab	9.39±1.78Aa	10.28±1.00Aab	10.12±0.79Aa	10.34±0.23Aab	10.32±1.60Aa	11.20±0.86Aa	9.89±1.09Aa	7.42±1.33Ab
pH	8.04±0.09Ac	8.01±0.07Ac	8.59±0.02Aa	8.57±0.10Aa	8.74±0.04Aa	8.72±0.04Aa	8.41±0.09Bb	8.60±0.06Aa	8.19±0.05Ac	8.26±0.08Ab
EC/S·cm ⁻¹	2.78±0.64Aa	2.94±43.03Aa	1.11±0.19Ab	1.33±1.51Abc	0.86±0.13Ab	1.02±12.12Ac	1.02±0.62Ab	1.08±0.84Ac	1.25±0.33Ab	1.58±0.08Ab
NO ₃ ⁻ -N/mg·kg ⁻¹	20.01±8.35Aa	25.81±3.09Aa	1.13±0.15Ab	1.34±0.39Ab	2.40±0.92Ab	1.33±0.46Bb	4.34±0.68Ab	2.31±0.49Bb	2.23±0.24Ab	1.20±0.15Bb
NH ₄ ⁺ -N/mg·kg ⁻¹	1.70±0.69Ab	1.42±0.57Abc	3.75±1.14Aa	2.84±0.36Aa	2.03±0.69Ab	1.31±0.47Ac	2.27±0.28Aab	2.19±0.48Aab	1.34±0.11Ab	1.24±0.10Ac
DOC/mg·kg ⁻¹	94.08±29.13Aa	62.82±27.52Aa	50.79±4.79Ab	34.56±4.38Ba	37.60±3.06Ab	33.54±3.09Ba	49.46±3.82Ab	36.59±5.38Ba	49.43±6.00Ab	39.67±9.42Aa
DON/mg·kg ⁻¹	41.58±13.95Aa	50.24±9.65Aa	10.17±1.37Ab	8.31±1.36Ab	10.76±1.32Ab	7.71±1.87Bb	9.78±0.67Ab	7.89±2.66Ab	8.13±0.84Ab	6.60±3.43Ab
DOP/mg·kg ⁻¹	4.20±1.65Ab	3.04±1.38Ab	7.26±0.83Aa	7.13±1.05Aa	1.85±0.70Acd	1.30±0.25Bbc	3.06±0.88Abc	2.76±1.12Abc	1.36±0.25Ad	0.98±0.20Bc
MBC/mg·kg ⁻¹	72.16±17.93Aab	32.11±10.74Ba	36.11±10.45Ab	32.01±11.81Aa	48.62±6.15Aab	17.39±4.37Ba	65.76±10.98Aab	27.95±5.55Ba	82.40±2.22Aa	33.26±0.71Ba
MBN/mg·kg ⁻¹	4.71±1.55Bb	13.74±1.69Aa	10.40±3.52Aa	6.45±1.50Bab	8.10±2.33Aab	7.11±2.26Aab	8.42±2.70Aab	4.25±0.58Bb	11.64±2.67Aa	9.49±1.06Aab
MBC/MBN	14.15±0.91Aa	4.20±0.84Bab	2.93±0.21Ac	5.00±1.55Aab	7.63±0.64Abc	3.08±1.56Ab	9.08±3.40Ab	5.58±1.50Aa	6.99±1.06Abc	3.50±0.07Bab
MBP/mg·kg ⁻¹	3.81±1.26Aa	1.14±0.31Ba	3.32±1.09Aa	2.54±0.60Aa	1.85±0.38Aa	0.30±0.10Ba	4.21±0.89Aa	3.19±0.81Aa	4.15±1.26Aa	0.64±0.24Ba

1) 不同大写字母表示相同的降雨处理条件下不同土层深度之间的差异 ($P < 0.05$), 不同小写字母表示不同降水处理之间的差异显著 ($P < 0.05$)



不同小写字母表示不同降水处理之间的差异显著 ($P < 0.05$) 横轴表示 5 种降水处理 纵轴表示微生物多样性指数

图 2 不同降雨梯度下土壤微生物多样性及丰富度

Fig. 2 Soil microbial diversity and abundance in different precipitation gradients

微生物群落的丰富度有明显影响,其中减雨 80% 处理中影响最为显著. Chao 指数范围介于 2 626 (NP) ~ 2 478 (D80) 之间,自然降雨处理样地中细菌种类最多, D80 处理样地中细菌种类最少. Shannon 指数范围介于 6.73 ~ 6.41 之间,由大到小依次为 NP > I80 > I40 > D40 > D80, Shannon 值越大,说明群落多样性越高. 结果表明在自然恢复草地中,增雨或减雨对土壤微生物群落多样性及均匀度都有影响,与自然降雨处理相比,增雨对草地微生物群落多样性的影响不显著,减雨对微生物群落多样性的影响显著 ($P < 0.05$).

2.3 不同水分梯度下表层土壤细菌的群落组成

高通量测序检测到黄土高原天然草地表层土 (0~5 cm) 中的微生物有 32 门, 74 纲, 148 目, 267 科, 466 属; 其中门 (phylum) 和纲 (class) 水平的细菌群落结构如图 3 所示. 如图 3 (a), 黄土高原天然草地土壤细菌主要以放线菌门 (Actinobacteria)、变形菌门 (Proteobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi) 和酸杆菌门 (Acidobacteria) 为主. 纲分类统计如图 3 (b), 黄土高原天然草地中, 土壤细菌纲类群多以放线菌纲 (Actinobacteria)、酸杆菌纲 (Acidobacteria)、 α -变形杆菌纲 (α -Proteobacteria) 和热微菌纲

(Thermomicrobia) 为主。

各处理优势细菌门的相对丰度如图 3(c), 减雨处理中放线菌的相对丰度显著高于其他处理, 相对丰度变化范围为: 41.31% ~ 35.08%, D80 > D40 > NP > I40 > I80. 变形菌门(Proteobacteria) 相对丰度变化范围为: 21.85% ~ 19.79%, I80 > D40 > I40 > D80 > NP. 增雨或减雨处理对酸杆菌门(Acidobacteria) 和绿弯菌门(Chloroflexi) 相对丰度的影响相似, 两者皆为 I40 处理下相对丰度最大, D40 处理下相对丰度最小; 酸杆菌门(Acidobacteria) 相对丰度变化范围为: 16.02% ~ 11.91%, I40 > I80 > NP > D80 > D40; 绿弯菌门(Chloroflexi) 相对丰度变化范围为: 16.32% ~ 14.16%, I40 > NP > I80 > D80 > D40.

各处理优势细菌纲的相对丰度如图 3(d), 放线菌纲(Actinobacteria) 的相对丰度在 D80 处理中显著高于其他处理, 增雨或减雨处理都能提高放线菌纲

的相对丰度; 酸杆菌纲(Acidobacteria) 的相对丰度变化范围为: 16.02% ~ 11.92%, 同样地在 I40 时最大, D40 时最小. α -变形杆菌纲(α -Proteobacteria) 相对丰度变化范围为: 15.23% ~ 11.93%, I80 > D80 > D40 > NP > I40. 热微菌纲(Thermomicrobia) 相对丰度在不同处理间的变化分别为: D80(4.39%) > I80(4.32%) > NP(4.03%) > I40(3.65%) > D40(3.64%), 极端降水处理中(D80, I80) 的相对丰度显著高于一般增减雨处理.

增减雨处理中各优势属的丰度变化如表 2. 减雨处理中芽球菌属(*Blastococcus*)、诺卡氏菌属(*Nocardia*)、假诺卡氏菌属(*Pseudonocardia*)、分支杆菌属(*Mycobacterium*) 和热微菌属(*Thermomicrobia*) 的相对丰度显著高于自然降雨处理; 增雨处理中分支杆菌属(*Mycobacterium*)、亚硝化单胞菌属(*Nitrosomonas*) 和类固醇杆菌属(*Steroidobacter*) 的相对丰度显著高于自然降雨处理.

表 2 黄土高原天然草地不同降水处理中土壤细菌优势属相对丰度¹⁾ /%

Table 2 Relative abundance of soil bacteria in natural grassland of Loess Plateau under different precipitation treatments /%

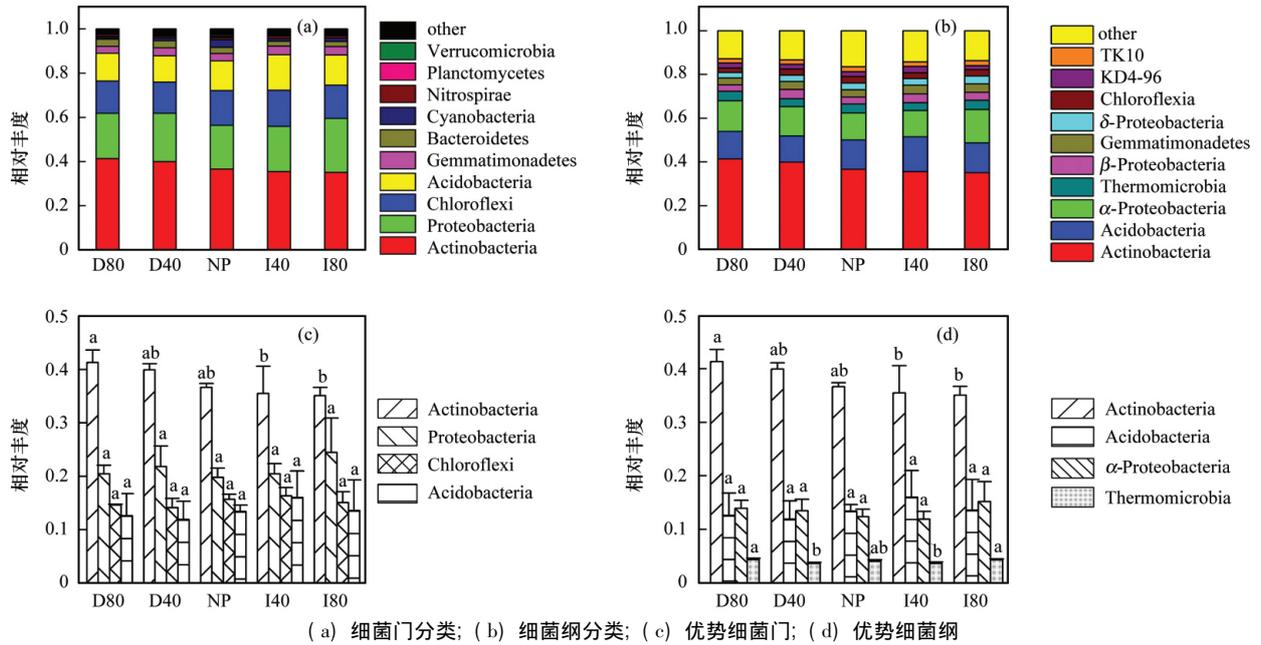
优势菌属	D80	D40	NP	I40	I80
放线菌门 Actinobacteria					
微球菌属 <i>Micrococcaceae</i>	4.20 ± 1.14a	3.78 ± 2.01ab	2.82 ± 0.44ab	2.42 ± 0.86b	1.70 ± 0.40b
芽球菌属 <i>Blastococcus</i>	3.20 ± 0.51a	2.41 ± 0.40b	2.19 ± 0.19bc	1.63 ± 0.04c	2.31 ± 0.24b
酸微菌属 <i>Acidimicrobiales</i>	2.98 ± 0.76a	3.75 ± 0.55a	3.14 ± 0.28a	3.17 ± 0.64a	3.37 ± 0.44a
诺卡氏菌属 <i>Nocardia</i>	2.55 ± 0.27a	2.87 ± 0.46b	1.52 ± 0.21b	1.85 ± 0.09b	1.31 ± 0.21b
放线菌属 <i>Actinobacteria</i>	2.30 ± 0.52a	2.39 ± 0.89a	2.90 ± 0.25a	3.04 ± 0.17a	2.62 ± 0.43a
红色杆菌属 <i>Rubrobacter</i>	2.29 ± 0.63a	1.31 ± 0.14b	1.74 ± 0.31ab	1.30 ± 0.45b	1.59 ± 0.24ab
小单胞菌属 <i>Micromonosporaceae</i>	1.04 ± 0.14a	1.01 ± 0.28a	1.29 ± 0.35a	0.90 ± 0.25a	1.09 ± 0.31a
链霉菌属 <i>Streptomyces</i>	0.88 ± 0.14a	1.00 ± 0.12a	0.87 ± 0.14a	0.94 ± 0.16a	0.97 ± 0.19a
假诺卡氏菌属 <i>Pseudonocardia</i>	0.78 ± 0.19a	0.57 ± 0.01abc	0.53 ± 0.14bc	0.39 ± 0.05c	0.63 ± 0.11ab
分枝杆菌属 <i>Mycobacterium</i>	0.64 ± 0.04ab	0.79 ± 0.08a	0.57 ± 0.09b	0.83 ± 0.15a	0.74 ± 0.11ab
伦茨氏菌属 <i>Lentzea</i>	0.62 ± 0.06b	1.11 ± 0.15ab	0.81 ± 0.43ab	1.20 ± 0.32a	0.81 ± 0.24ab
变形菌门 Proteobacteria					
鞘氨醇单胞菌属 <i>Sphingomonas</i>	1.29 ± 0.12a	1.28 ± 0.10a	1.02 ± 0.08a	1.26 ± 0.20a	1.28 ± 0.30a
亚硝化单胞菌属 <i>Nitrosomonas</i>	0.62 ± 0.11c	1.39 ± 0.46ab	0.96 ± 0.16bc	1.81 ± 0.38a	1.13 ± 0.42bc
类固醇杆菌属 <i>Steroidobacter</i>	0.52 ± 0.14ab	0.52 ± 0.11ab	0.44 ± 0.06b	0.72 ± 0.03a	0.79 ± 0.25a
酸杆菌门 Acidobacteria					
酸杆菌属 <i>Acidobacteria</i>	4.90 ± 0.82a	6.22 ± 2.79a	6.18 ± 0.70a	8.97 ± 3.75a	7.41 ± 2.41a
绿弯菌门 Chloroflexi					
热微菌属 <i>Thermomicrobia</i>	4.00 ± 0.23a	3.39 ± 0.25b	3.77 ± 0.34ab	3.47 ± 0.27b	4.06 ± 0.22a

1) 不同小写字母表示不同降水处理之间的差异显著 ($P < 0.05$)

2.4 不同降水梯度下土壤微生物多样性与土壤理化性质的相关关系

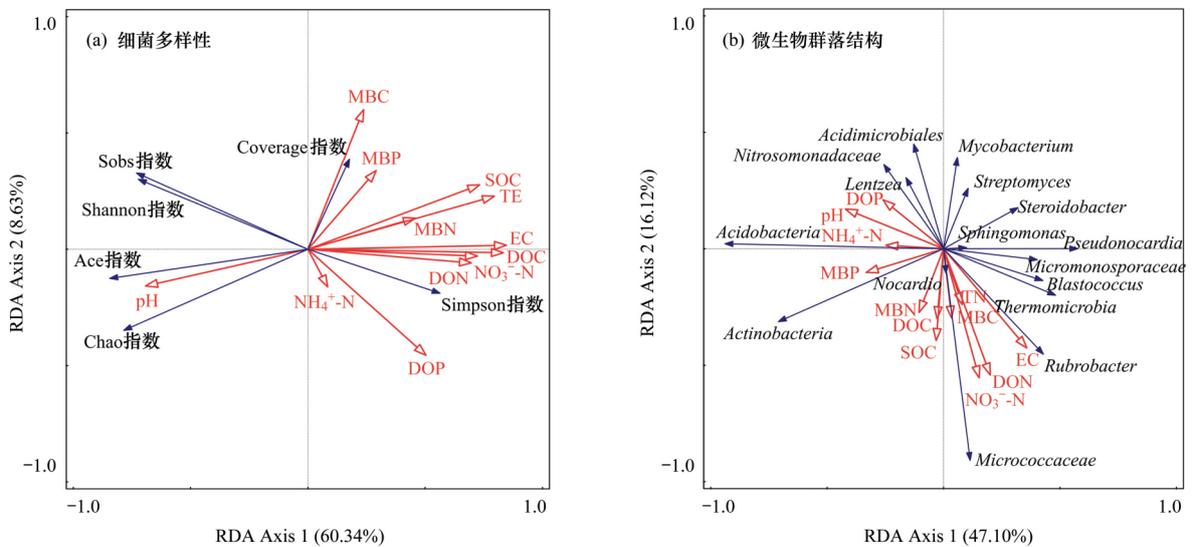
为了探讨土壤环境对细菌多样性及群落结构的影响, 本文将土壤理化性质与细菌多样性指数关系及群落分布进行冗余分析, 分析结果如图 4 和表 3 所示. pH、电导率(EC)、可溶性碳(DOC)、可溶性磷(DOP)、可溶性氮(DON)和全氮(TN)的射线较长, 表明其对细菌多样性及其群落结构影响较大, 而铵态氮(NH_4^+ -N)的射线较短, 说明其对细菌群落组成影

响较小. 如图 4(a) pH 与细菌群落丰富度指数 Chao、Ace 正相关, SOC、TN 与 Chao、Ace 指数负相关; 硝态氮(NO_3^- -N)、DON、DOC、DOP 和 NH_4^+ -N 与群落多样性 Simpson 指数正相关. 图 4(b) 中基于属水平下土壤细菌群落分布与环境因子的 RDA 分析结果显示, TN、DON、 NO_3^- -N、MBC 和 EC 与 *Micrococcaceae* 和 *Rubrobacter* 正相关, 与 *Acidimicrobiales*、*Nitrosomonadaceae* 和 *Lentzea* 负相关. 可见, 不同的土壤细菌对环境因子的敏感程度不同.



(a) 细菌门分类; (b) 细菌纲分类; (c) 优势细菌门; (d) 优势细菌纲
图 3 不同降水处理下土壤细菌分类学水平的相对丰富度统计分析

Fig. 3 Statistical analysis of relative abundance at the bacterial taxonomy levels of different precipitation gradients



SOC: 有机质, DOC: 可溶性碳, DON: 可溶性氮, DOP: 可溶性磷, TN: 全氮, $\text{NH}_4^+\text{-N}$: 铵态氮, $\text{NO}_3^-\text{-N}$: 硝态氮, MBC: 微生物量碳, MBN: 微生物量氮, MBP: 微生物量磷, EC: 电导率; 蓝色箭头表示土壤微生物多样性 (a) 和属水平下土壤细菌种群分布 (b) 红色箭头表示环境因子

图 4 土壤细菌多样性与土壤理化性质的 RDA 分析

Fig. 4 Results of RDA on the relationship between bacterial diversity and soil properties

表 3 经冗余分析确定土壤性质对细菌多样性及群落结构的影响

Table 3 Influence of soil properties on bacterial diversity and community structure determined using redundancy analysis

多样性指数			群落结构		
项目	解释率 / %	P	项目	解释率 / %	P
EC	43.20	0.01	EC	10.60	0.20
DOP	9.10	0.13	DOC	25.90	0.02
DON	7.40	0.16	$\text{NO}_3^-\text{-N}$	11.90	0.05
SOC	3.30	0.44	SOC	5.90	0.27
MBP	1.90	0.62	pH	6.00	0.24
$\text{NH}_4^+\text{-N}$	2.10	0.64	MBP	7.60	0.13
TN	3.20	0.50	TN	3.10	0.63
MBC	0.70	0.82	MBN	3.10	0.57
DOC	0.70	0.85	MBC	2.70	0.67
$\text{NO}_3^-\text{-N}$	0.40	0.93	DON	4.20	0.50
pH	0.20	0.97	$\text{NH}_4^+\text{-N}$	1.30	0.87
MBN	0.30	0.97	DOP	3.10	0.72

3 讨论

3.1 降水变化对土壤理化性质的影响

黄土高原区植被的生长发育所需水分补给主要来自大气降水^[22]。增加或减少一定程度的自然降水,直接引起土壤水分含量的改变。本研究中,减雨或增加40%的自然降水处理中土壤有机质含量高于NP处理(表1),而C/N在I40时最大。这些结果表明自然降水条件有利于有机质的分解,可能由于自然降水处理的土壤水分条件能够促进微生物活性,当降水量超过或小于自然降水的40%后,有机质分解速率降低,在土壤中逐渐累积。Na等^[16]的研究结果指出,在减雨30%的土壤环境下有利于微生物的生命活动,与本研究相似。高通量测序检测出变形菌门亚硝化单胞菌属在D40处理中的相对丰度是NP处理的1.45倍且显著高于减雨处理(表2),其具有氧化氨、能利用还原态无机氮化合物的特征^[23],且减雨处理中由于土壤水分长期缺失,表土层蒸发量大,氧气含量充足,为硝化细菌亚硝化单胞菌属的活动提供条件而不利于反硝化作用进行^[24],因此减雨处理中氮素含量较高。梁东丽等^[25]的研究结果表明不同的土壤水分处理对 NH_4^+ -N的影响不明显,而水分含量较低的土壤中 NO_3^- -N累积,与本研究结果相似。

D80处理表层土中,MBN含量是NP处理小区的58.15%,而MBC含量变化不显著,因此在D80处理的小区内,MBC/MBN比率显著高于其他处理(表1)。这些结果表明持续干旱能对土壤氮素的代谢产生较大的影响,而不会消耗土壤中的微生物量。Manzoni等^[26]的研究发现干燥限制了土壤中供微生物生长所需基质的扩散,因此,一些活性微生物会通过休眠的方式避免干旱对其生长的影响。土壤可溶性有机碳(DOC)作为土壤活性有机碳的重要组成部分,具有不稳定、易氧化、易矿化、能对外界环境变化做出敏感反应的特点^[27]。本研究中,增雨或减雨处理中DOC含量显著高于自然降雨处理,D80处理0~5cm土层中达到最大值 $94.08 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ (表1)。因为在干旱的土壤环境中,微生物分解速率降低,微生物细胞裂解死亡,微生物代谢产物积累,直接导致土壤溶液中DOC浓度升高。Lundquist等^[28]在干湿交替土壤DOC含量变化的研究中指出,干旱期间微生物对DOC的利用效率减弱。1999年有学者利用荧光法研究了风干土中可溶性有机质(DOM)增加的可能原因:①土壤风干导致可溶性有机物中的腐殖质含量略微增加;②DOC浓度的增加来源于微生物细胞的裂解^[29]。与本研究D80处理下DOC浓

度高于NP处理的结果一致。Wang等^[30]的研究表明在干旱半干旱地区,水分与光降解的相互作用能加速枯落物分解,从而增加了土壤中DOC含量,影响生态系统的碳平衡。总之,降水变化不仅影响着土壤中的DOC,也直接决定着土壤MBC;过高或过低的水分均不利于微生物的生长,进而影响土壤中有机碳含量。

3.2 降水变化对土壤微生物群落结构及其多样性的影响

陆地生态系统中微生物群落对不同降水变化的响应不同^[31]。土壤微生物能够促进有机质的分解和养分转化,参与土壤中C、N和P等营养元素的循环和能量流动,其活性和数量影响着土壤生态系统的结构稳定性^[32]。土壤水分变化引起的其他理化指标的改变导致土壤中氧化还原条件发生变化,从而影响土壤微生物酶活性及群落结构和功能^[33]。本研究中连续2a不同降水处理对土壤微生物多样性产生影响。由于降雨量减少导致土壤溶质的运移扩散速率降低,减少土壤碎屑物中碳氮的进入;地面净初级生产力也随之减少,从而抑制微生物的生长,进一步导致微生物生物量下降^[34]。Zeglin等^[35]指出干旱持续时间延长导致微生物生理或养分受限。也有研究发现在半干旱温带草原地区,土壤水分有效性能更好地响应气候变化且对土壤呼吸、微生物呼吸、微生物生物量影响较明显^[36]。

本研究结果显示0~5cm土层中,土壤细菌群落对降水变化的响应主要表现为多样性的变化,主要菌群丰度在增雨与减雨处理中差异较大,是由于细菌在不同土壤环境中生理差异造成的,也是对随土壤水分而变化的因素(如土壤pH值、养分有效性)的不同响应^[37]。减雨处理中放线菌(Actinobacteria)的相对丰度显著高于增雨处理;I40处理中酸杆菌(Acidobacteria)和绿弯菌(Chloroflexi)的相对丰度较自然降雨处理高;增雨或减雨处理下变形菌(Proteobacteria)的相对丰度均高于自然降雨处理(图3)。放线菌门下不同优势属在不同处理中的丰度差异较大(表2);这些优势菌属均为革兰氏阳性菌,微球菌属为化能异养菌,专性好氧,最适pH值为6.4~8.2,在含有5%的NaCl中都能生长;放线菌属不抗酸不运动,有机化能营养,厌氧到兼性好氧菌;诺卡氏菌专性好氧,抗酸耐热,80℃存活数小时;分枝杆菌属专性好氧,能氧化碳氢化合物;大量链霉菌属生长于干燥的土壤中,相比于其他土壤细菌,链霉菌的需水量较低^[23,37]。以上优势菌多数为好氧菌,减雨处理中土壤水分含量较少,蒸发量大,土壤空气中氧气含量较高,有利于放线菌生长,

因此, 减雨处理中放线菌的相对丰度较高. 有研究发现, 放线菌能够适应任何极端环境(如干旱、贫瘠和营养不良等), 主要由其多样性所决定^[38], 这与本研究一致. 还有学者发现有机碳对绿弯菌门影响显著, 含量越高, 绿弯菌门的相对丰度越低^[39]. Ward 等^[40]对酸杆菌门的 3 个具有 16S rRNA 序列相似性的基因组(荚膜酸杆菌株、Ellin345 菌株、Ellin6076 菌株)的研究中发现, 酸杆菌纤维合成基因和大量新型高分子排泄蛋白的存在证明其具有一定的耐旱性. Barnard 等^[41]的研究发现酸杆菌数量随着干旱的增加而减少, 再次湿润之后其数量又会迅速增加, 因为酸杆菌胞外多糖的产生及补偿溶质的累积使其具有适应干旱环境和重新润湿后仍存活的能力^[40, 42], 与本研究结果一致. Youssef 等^[43]对细菌不同的门进行排序分析比较细菌群落多样性, 研究指出由于环境条件的差异, 细菌具有较大的生态系统多样性; Sheik 等^[44]通过中度干旱的长期原位升温实验发现, 升温处理和土壤水分含量对细菌种群大小和多样性影响较大. 本研究 RDA 分析表明 EC、DOC、SOC 和 pH 值是影响细菌多样性的主要因素; DOP、EC 和 DON 为影响细菌群落组成的主要因素(图 4). 目前, 土壤理化性质对微生物多样性的影响不同学者得出不同的结论^[45, 46]. 黄土高原土壤微生物群落多样性及优势菌属对降水变化的响应还有待深入研究.

4 结论

(1) 与自然降雨处理相比, 表层土(0~5 cm) 减雨处理中碳组分(SOC、DOC、MBC) 含量、氮素含量相对增加, 氮素含量在 D80 处理中显著高于其他降水处理; 增雨处理中碳组分含量增加, 氮素含量在 I80 处理中相对减少. 减雨或增雨 80(I80) 处理中 C/N 较低, 而增雨 40(I40) 时最大. 0~20 cm 土层的均值为 10.76; MBC/MBN 在减雨 80(D80) 和增雨 80(I80) 处理中随土层变化显著.

(2) 黄土高原天然草地表层土中, 降水变化对优势菌丰度影响显著, 优势菌属对降水变化的响应不同; 与自然降雨相比, 减雨 80 有利于放线菌生长, 增雨 40 时酸杆菌丰度较高, 增雨或减雨处理中变形菌丰度高于自然降水处理. 放线菌比变形菌、酸杆菌更耐旱, 适应性更强.

(3) 干旱或极端降水对黄土高原区土壤活性有机质含量和土壤细菌种群多样性及丰度影响显著.

致谢: 感谢高涵、姚宏佳和杨娥女等在采样和实验方面提供帮助, 美吉公司帮助测定土样.

参考文献:

- [1] Sun S, Zhao H, Xing F, et al. Response of soil microbial community structure to increased precipitation and nitrogen addition in a semiarid meadow steppe [J]. *European Journal of Soil Science*, 2017, **68**(4): 524-536.
- [2] 侯威, 朱晓金, 姜彤. IPCC 第五次评估报告对跨区域影响的新认识 [J]. *气候变化研究进展*, 2014, **10**(3): 191-196. Hou W, Zhu X J, Tong J. Updated understanding of the ipcc fifth assessment report on cross-regional aspects of climate change [J]. *Progressus Inquisitiones De Mutatione Climatis*, 2014, **10**(3): 191-196.
- [3] Gao J Q, Duan M Y, Zhang X Y, et al. Effects of frequency and intensity of drying-rewetting cycles on *Hydrocotyle vulgaris* growth and greenhouse gas emissions from wetland microcosms [J]. *CATENA*, 2018, **164**: 44-49.
- [4] Li Y, Nie C, Liu Y H, et al. Soil microbial community composition closely associates with specific enzyme activities and soil carbon chemistry in a long-term nitrogen fertilized grassland [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **654**: 264-274.
- [5] Li G, Kim S, Park M, et al. Short-term effects of experimental warming and precipitation manipulation on soil microbial biomass C and N, community substrate utilization patterns and community composition [J]. *Pedosphere*, 2017, **27**(4): 714-724.
- [6] 程功, 刘廷玺, 王冠丽, 等. 降雨和凋落物对人工杨树林土壤温室气体通量的影响 [J]. *农业环境科学学报*, 2019, **38**(6): 1398-1407. Cheng G, Liu T X, Wang G L, et al. Effects of rainfall and litter on soil greenhouse gas fluxes in artificial poplar forests [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2019, **38**(6): 1398-1407.
- [7] 张彦军, 郭胜利. 环境因子对土壤微生物呼吸及其温度敏感性变化特征的影响 [J]. *环境科学*, 2019, **40**(3): 1446-1456. Zhang Y J, Guo S L. Effect of environmental factors on variation characteristics of soil microbial respiration and its temperature sensitivity [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(3): 1446-1456.
- [8] Schuerings J, Jentsch A, Hammerl V, et al. Recurrent winter warming pulses enhance nitrogen cycling and soil biotic activity in temperate heathland and grassland mesocosms [J]. *Biogeosciences Discussions*, 2014, **11**(6): 7797-7822.
- [9] Wang S, Wang X B, Han X G, et al. Higher precipitation strengthens the microbial interactions in semi-arid grassland soils [J]. *Global Ecology and Biogeography*, 2018, **27**(5): 570-580.
- [10] 刘远, 张辉, 熊明华, 等. 气候变化对土壤微生物多样性及其功能的影响 [J]. *中国环境科学*, 2016, **36**(12): 3793-3799. Liu Y, Zhang H, Xiong M H, et al. Effect of climate change on soil microbial diversity and function [J]. *China Environmental Science*, 2016, **36**(12): 3793-3799.
- [11] Xi N X, Bloor J M G. Interactive effects of precipitation and nitrogen spatial pattern on carbon use and functional diversity in soil microbial communities [J]. *Applied Soil Ecology*, 2016, **100**: 207-210.
- [12] Evans S E, Wallenstein M D. Soil microbial community response to drying and rewetting stress: does historical precipitation regime matter? [J]. *Biogeochemistry*, 2012, **109**(1-3): 101-116.
- [13] Zhao C C, Miao Y, Yu C D, et al. Soil microbial community composition and respiration along an experimental precipitation gradient in a semiarid steppe [J]. *Scientific Reports*, 2016, **6**:

- 24317.
- [14] Castro H F, Classen A T, Austin E E, *et al.* Soil microbial community responses to multiple experimental climate change drivers[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, **76**(4): 999-1007.
- [15] Zhou Z H, Wang C K, Luo Y Q. Response of soil microbial communities to altered precipitation: a global synthesis [J]. *Global Ecology and Biogeography*, 2018, **27**(9): 1121-1136.
- [16] Na X F, Yu H L, Wang P, *et al.* Vegetation biomass and soil moisture coregulate bacterial community succession under altered precipitation regimes in a desert steppe in northwestern China [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **136**: 107520.
- [17] Barnard R L, Osborne C A, Firestone M K. Changing precipitation pattern alters soil microbial community response to wet-up under a Mediterranean-type climate [J]. *Isme Journal*, 2015, **9**(4): 946-957.
- [18] 贺云龙, 齐玉春, 彭琴, 等. 外源碳和氮输入对降水变化下土壤呼吸的短期影响 [J]. *环境科学*, 2018, **39**(4): 1934-1942.
He Y L, Qi Y C, Peng Q, *et al.* Effects of short-term exogenous nitrogen and carbon input on soil respiration under changing precipitation pattern [J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(4): 1934-1942.
- [19] 徐兴奎, 陈红, 张凤. 中国西北地区地表植被覆盖特征的时空变化及影响因子分析 [J]. *环境科学*, 2007, **28**(1): 41-47.
Xu X K, Chen H, Zhang F. Temporal and spatial change of vegetation cover in the northwest of China and factors analysis influencing on vegetations variation [J]. *Environmental Science*, 2007, **28**(1): 41-47.
- [20] Peng S Z, Gang C C, Cao Y, *et al.* Assessment of climate change trends over the Loess Plateau in China from 1901 to 2100 [J]. *International Journal of Climatology*, 2018, **38**(5): 2250-2264.
- [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] 张彬, 朱建军, 刘华民, 等. 极端降水和极端干旱事件对草原生态系统的影响 [J]. *植物生态学报*, 2014, **38**(9): 1008-1018.
Zhang B, Zhu J J, Liu H M, *et al.* Effects of extreme rainfall and drought events on grassland ecosystems [J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2014, **38**(9): 1008-1018.
- [23] 马迪根 M T, 马丁克 J M. *Brook 微生物生物学* [M]. 李明春, 杨文博, 译. 北京: 科学出版社, 2006. 485-573.
- [24] 梁东丽, 同延安, Ove E, 等. 黄土性土壤剖面中 N₂O 排放的研究初报 [J]. *土壤学报*, 2002, **39**(6): 802-809.
Liang D L, Tong Y A, Ove E, *et al.* In-situ measurement of N₂O emissions from profile of loess soil [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2002, **39**(6): 802-809.
- [25] 梁东丽, 方日尧, 李生秀, 等. 硝、铵态氮肥对旱地土壤氧化亚氮排放的影响 [J]. *干旱地区农业研究*, 2007, **25**(1): 67-72.
Liang D L, Fang R Y, Li S X, *et al.* Effects of nitrogen types on N₂O emissions of dry-land soil [J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2007, **25**(1): 67-72.
- [26] Manzoni S, Schaeffer S M, Katul G, *et al.* A theoretical analysis of microbial eco-physiological and diffusion limitations to carbon cycling in drying soils [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **73**: 69-83.
- [27] 丘清燕, 梁国华, 黄德卫, 等. 森林土壤可溶性有机碳研究进展 [J]. *西南林业大学学报*, 2013, **33**(1): 86-96.
Qiu Q Y, Liang G H, Huang D W, *et al.* Advances in studies on soluble organic carbon in forest soils [J]. *Journal of Southwest Forestry College*, 2013, **33**(1): 86-96.
- [28] Lundquist E J, Jackson L E, Scow K M. Wet-dry cycles affect dissolved organic carbon in two California agricultural soils [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1999, **31**(7): 1031-1038.
- [29] Zsolnay A, Baigar E, Jimenez M, *et al.* Differentiating with fluorescence spectroscopy the sources of dissolved organic matter in soils subjected to drying [J]. *Chemosphere*, 1999, **38**(1): 45-50.
- [30] Wang J, Liu L L, Wang X, *et al.* High night-time humidity and dissolved organic carbon content support rapid decomposition of standing litter in a semi-arid landscape [J]. *Functional Ecology*, 2017, **31**(8): 1659-1668.
- [31] Nielsen U N, Ball B A. Impacts of altered precipitation regimes on soil communities and biogeochemistry in arid and semi-arid ecosystems [J]. *Global Change Biology*, 2015, **21**(4): 1407-1421.
- [32] Soares M, Rousk J. Microbial growth and carbon use efficiency in soil: Links to fungal-bacterial dominance, SOC-quality and stoichiometry [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **131**: 195-205.
- [33] Vanegas J, Landazabal G, Melgarejo L M, *et al.* Structural and functional characterization of the microbial communities associated with the upland and irrigated rice rhizospheres in a neotropical Colombian savannah [J]. *European Journal of Soil Biology*, 2013, **55**: 1-8.
- [34] Ren C J, Zhao F Z, Shi Z, *et al.* Differential responses of soil microbial biomass and carbon-degrading enzyme activities to altered precipitation [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, **115**: 1-10.
- [35] Zeglin L H, Bottomley P J, Jumpponen A, *et al.* Altered precipitation regime affects the function and composition of soil microbial communities on multiple time scales [J]. *Ecology*, 2013, **94**(10): 2334-2345.
- [36] Hu G Z, Wan Z Q, Chen Y L, *et al.* Ecological responses of stipa steppe in Inner Mongolia to experimentally increased temperature and precipitation 5: Synthesis and implications [J]. *The Rangeland Journal*, 2018, **40**(2): 167-170.
- [37] 布坎南 R E, 吉本斯 N E. *伯杰氏细菌鉴定手册* [M]. (第八版). 北京: 科学出版社, 1984. 622-1207.
- [38] Mickan B S, Abbott L K, Fan J W, *et al.* Application of compost and clay under water-stressed conditions influences functional diversity of rhizosphere bacteria [J]. *Biology And Fertility of Soils*, 2018, **54**(5): 55-70.
- [39] 李聪. 不同林型对林下土壤理化性质与土壤细菌多样性的影响 [D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2013.
- [40] Ward N L, Challacombe J F, Janssen P H, *et al.* Three genomes from the phylum *Acidobacteria* provide insight into the lifestyles of these microorganisms in soils [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, **75**(7): 2046-2056.
- [41] Barnard R L, Osborne C A, Firestone M K. Responses of soil bacterial and fungal communities to extreme desiccation and rewetting [J]. *The ISME Journal*, 2013, **7**(11): 2229-2241.
- [42] Schimel J, Balsler T C, Wallenstein M. Microbial stress-response physiology and its implications for ecosystem function [J]. *Ecology*, 2007, **88**(6): 1386-1394.
- [43] Youssef N H, Elshahed M S. Diversity rankings among bacterial lineages in soil [J]. *The ISME Journal*, 2009, **3**(3): 305-313.
- [44] Sheik C S, Beasley W H, Elshahed M S, *et al.* Effect of

- warming and drought on grassland microbial communities [J].
The ISME Journal , 2011 , 5(10) : 1692-1700.
- [45] 孙良杰, 齐玉春, 董云社, 等. 全球变化对草地土壤微生物群落多样性的影响研究进展 [J]. 地理科学进展, 2012, 31 (12) : 1715-1723.
Sun L J , Qi Y C , Dong Y S , *et al.* Research progresses on the effects of global change on microbial community diversity of grassland soils [J]. Progress in Geography , 2012 , 31 (12) : 1715-1723.
- [46] 刘洋, 曾全超, 黄懿梅. 基于 454 高通量测序的黄土高原不同乔木林土壤细菌群落特征 [J]. 中国环境科学, 2016, 36 (11) : 3487-3494.
Liu Y , Zeng Q C , Huang Y M. Soil microbial communities by 454prosequencing under different arbor forests on the loess plateau [J]. China Environmental Science , 2016 , 36 (11) : 3487-3494.

《环境科学》再获“百种中国杰出学术期刊”称号

2019 年 11 月 19 日, 中国科技论文统计结果发布会在北京举行, 会议公布了“百种中国杰出学术期刊”获奖名单. 《环境科学》连续 18 次荣获“百种中国杰出学术期刊”称号. “百种中国杰出学术期刊”是根据中国科技学术期刊综合评价指标体系进行评定. 该体系利用总被引频次、影响因子、基金论文比、他引总引比等多个文献计量学指标进行统计分析, 对期刊分学科进行评比, 其评价结果客观公正, 为我国科技界公认, 并具有广泛影响.