

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*

谭雪^{1,2}, 董智^{1,2}, 张丽苗^{1,2}, 袁中勋^{1,2}, 李昌晓^{1,2}

(1. 西南大学 生命科学学院 三峡库区生态环境教育部重点实验室 三峡库区植物生态与资源重点实验室, 重庆 400715;
2. 西南山地生态循环农业国家级培育基地, 重庆 400715)

摘要:为探究三峡库区消落带3种人工种植植物狗牙根(*Cynodon dactylon*)、牛鞭草(*Hemarthria altissima*)和旱柳(*Salix matsudana*)土壤理化性质、酶活性及细菌群落的季节变化特征,在2020年春、夏、秋季于重庆市忠县汝溪河流域3种植物的栽植地共采集了27个混合土壤样本并进行了有关指标的分析。结果显示:1)3种植物土壤有机质、铵态氮、硝态氮的质量分数等指标在不同季节间存在差异;除牛鞭草土壤中的蔗糖酶以外,其余土壤样本的酶活性均在春季最高。2)各土壤样本中细菌在门、纲层次上的相对丰度都存在一定的季节差异;除Simpson指数以外,牛鞭草、旱柳土壤细菌各项 α 多样性指数均在夏季最低。3)通过冗余分析可知,影响3种植物土壤细菌群落结构的土壤理化因子主要有pH和硝态氮、全氮的质量分数。上述研究结果揭示了消落带人工修复植物土壤细菌群落的季节变化规律,为三峡库区消落带的植被修复提供了一定的理论依据。

关键词:土壤理化性质;土壤酶活性;土壤细菌多样性;高通量测序;三峡库区消落带;季节动态

中图分类号:Q14

文献标志码:A

文章编号:1672-6693(2023)04-0059-11

三峡水库从2003年开始蓄水,由于它的水位调度方式为“冬蓄夏排”,因此在三峡库区形成了一段特殊的水陆交错地带——消落带^[1]。库区消落带是改善水质、控制洪水和缓解水土流失的关键区域^[2-3],但反季节的水淹方式使消落带面临着生物生境丧失、生物多样性下降、环境污染等问题^[4-5];而且消落带环境条件复杂、土壤养分流失严重,具有较高的环境异质性与生态脆弱性^[6]。

库区消落带特殊的水文节律变化方式使库区土壤环境也存在着一定的动态变化,其中主要是土壤理化性质、土壤酶活性等方面发生的变化^[7-8]。土壤是植物生长与发育的基础,河岸带土壤具有特殊的质地、结构及养分特征^[9];而季节变化引起的温度、水分等因素的变化也会进一步对消落带土壤养分、土壤酶活性等产生重要的影响。土壤养分与土壤酶密切相关。土壤酶是土壤的重要组成部分,且控制着土壤中物质循环与能量流动。土壤酶活性水平也反映了土壤养分转化速率及有效性,是土壤肥力及退化状况的重要表征^[10-11]。土壤酶活性、土壤养分与土壤微生物密切相关。土壤微生物作为土壤生态系统中的重要组成部分,在物质循环、能量流动、有机质分解及土壤的形成与熟化过程中发挥着重要的作用^[12]。土壤细菌占土壤微生物总量的70%以上,种类繁多,包括固氮菌、解磷菌等功能菌群^[13]。土壤细菌在土壤元素循环、土壤肥力保持、植物生长发育等方面发挥着重要的作用^[14]。细菌群落结构的变化可用来反映土壤状况及它的变化趋势,对土壤生态功能及环境治理效果具有重要的指示意义^[15]。

目前,有关消落带植物土壤的研究主要集中在土壤营养元素含量^[16]、微生物生物量^[17]、有机酸代谢^[18]等方面,对土壤微生物特别是土壤细菌的季节动态变化等方面研究较少,因此,本研究以三峡库区消落带狗牙根(*Cynodon dactylon*)、牛鞭草(*Hemarthria altissima*)、旱柳(*Salix matsudana*)等3种人工种植植物土壤作为

* 收稿日期:2022-03-08 修回日期:2022-03-23 网络出版时间:2023-08-14T11:58

资助项目:重庆市科技兴林项目(2021-9);西南大学生命科学学院科学基金项目(No. 20212005406201);宁夏自治区重点研发计划项目(No. 2020BFG03006);中央林业改革发展资金科技推广示范项目(渝林科推 2020-2);国家自然科学基金面上项目(No. 31960038)

第一作者简介:谭雪,女,研究方向为环境生态学,E-mail:t12345x@swu.edu.cn;通信作者:李昌晓,男,教授,博士生导师,E-mail:lichangx@swu.edu.cn

网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/50.1165.N.20230814.0908.002

研究对象,探讨 3 种人工种植植物土壤理化性质、酶活性及细菌群落是否存在季节性变化,以及哪些环境因子对 3 种植物土壤中的细菌群落造成了影响,为深入探究三峡库区消落带人工修复植物土壤细菌变化规律和进一步开展消落带植被恢复工作奠定理论基础。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于三峡库区腹心地带重庆市忠县汝溪河流域(东经 $107^{\circ}32'$ ~ $108^{\circ}14'$ 、北纬 $30^{\circ}03'$ ~ $30^{\circ}35'$), 河流水位变动方式与三峡大坝水位调度方式一致。区域气候为亚热带东南季风气候,全年平均气温 18.2°C ,年平均降雨量为 $1\ 200\ \text{mm}$,季节分明,雨量充沛。研究区土壤主要为石灰性紫色土,土壤熟化程度较低,水土流失、土层侵蚀等现象较为严重。研究团队于 2012 年 3—4 月在研究区消落带构建植被修复示范基地,基地面积为 $13.3\ \text{hm}^2$,基地内的土壤质地、肥力状况等基本一致。基地内栽植有大量的牛鞭草、狗牙根等多年生草本植物以及旱柳等木本植物。实验所选岸坡样地坡度平均值为 26° ,岸坡光照辐射强度大致相同,土壤雨热条件基本一致,植被覆盖率为 100%。实验样地经过连续 8 a 的淹水周期,目前样地内植物生长状况良好。

1.2 土壤采样方法

采样时间根据样地的水位变动情况及植物生长状况确定为 2020 年的 5、7、9 月,分别代表春、夏、秋季,其中 5 月植物开始恢复生长,7 月为植物生长旺盛期,而 9 月则为消落带淹水前期。由于在冬季消落带处于水淹状况,故无法完成土壤取样。实验材料为狗牙根、牛鞭草、旱柳等 3 种人工种植植物土壤,这 3 种植物经历 8 a 水淹后,依然保持良好的生长状态。为了确保样地不受到消落带上部可能的人为干扰以及下部的水文干扰带来的影响,采样地海拔确定为 $160\sim 175\ \text{m}$,且这一海拔区间内 3 种植物的纯度及覆盖度较高。正式取样时,在上述区域中间地带划定“S”形取样带,在样带内划定 3 个 $1\ \text{m}\times 1\ \text{m}$ 取样样方,每个样方间距 $10\ \text{m}$ 以上。在草本植物土壤采样时,每个样方内按梅花形设置 5 个 $15\ \text{cm}\times 15\ \text{cm}$ 的重复取样点,在去除表层地被物后,采集 $0\sim 20\ \text{cm}$ 土层的原状土壤样品,然后将同一样方内的土壤混合。在木本植物土壤采样时,首先清除树木四周的石子与凋落物,然后用平铲沿东、南、西、北等 4 个方向分别挖掘 4 个 $20\ \text{cm}\times 20\ \text{cm}\times 20\ \text{cm}$ 的土芯剖面,接着分离土芯,用四分法收集收集土壤,并将同一样方内的土壤混合。混合后的土样立即运回实验室进行后续指标的测定,3 个季节内共采集到土壤混合样本 27 个。

1.3 土壤理化性质和土壤酶活性的测定

将土壤样本分为 3 份,其中一份在自然风干之后研磨过筛用于土壤理化性质测定,另一份在 4°C 条件下保存用于土壤酶活性测定,还有一份在 -80°C 条件下保存用于土壤细菌总 DNA 提取。土壤含水量采用烘干法测定,土壤容重采用环刀法测定,土壤的温度及氧化还原电位采用氧化还原电位计测定,土壤 pH 采用电极电位法测定,土壤全碳、全氮的质量分数测定采用 Vario EL 元素分析仪(德国 Elementar 公司生产),土壤有机质质量分数测定采用水合热重铬酸钾-硫酸-比色法^[19],土壤全磷、速效磷的质量分数测定采用钼锑抗比色法,土壤全钾、速效钾的质量分数测定采用电感耦合等离子体发射光谱法^[20],土壤硝态氮、铵态氮的质量分数采用 CleverChem 全自动间断化学分析仪(德国 DeChem-Tech, GmbH 公司生产)测定。土壤酶活性的测定参考关松荫^[21]的方法,其中:蔗糖酶活性采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定,脲酶活性采用苯酚钠比色法测定,磷酸酶活性采用磷酸苯二钠比色法测定。

1.4 基于高通量测序的细菌群落结构分析

用 DNeasy®PowerSoil®Kit(QIAGEN)试剂盒对土壤样品总 DNA 进行提取,利用琼脂糖($w(\text{琼脂糖})=1.2\%$)凝胶电泳检测提取到的土壤细菌 DNA。利用细菌 16S V4-V5 区域进行 PCR 扩增,引物序列为 515F($5'-\text{GTGCCAGCMGCCGCGG}-3'$)和 907R($5'-\text{CCGTCAATTCMTTTRAGTTT}-3'$),每个样品进行 3 次重复扩增,然后混合同一样品扩增产物;PCR 产物经切胶纯化、Qubit 定量之后,等摩尔混合,建立测序文库,采用 illuminahisecq 进行测序。使用 QIIME 对测序获得的高质量序列按 97% 的序列相似度进行 OTU 聚类,基于 RDP 数据库对 OTU 代表序列进行物种注释。

1.5 数据处理

实验数据用“平均值±标准误”表示。采用 SPSS 18.0 软件对不同季节、不同植物类型下土壤理化性质、酶活性及细菌群落组成进行单因素方差分析,其中多重比较采用 Duncan 法;当 $p<0.05$ 时,统计结果具有统计学

意义。用 Canoco5 软件对土壤细菌群落组成与土壤理化性质、酶活性之间的关系进行冗余分析。作图采用 Origin2019 软件来完成。

2 结果

2.1 土壤理化性质的季节变化

表 1 显示:不同季节 3 种植物土壤含水量在 16%~20%之间且均在夏季最低,但不同季节 3 种植物土壤含水量差异不具有统计学意义;3 种植物土壤温度在夏季最高而在秋季最低,且数据差异具有统计学意义($p < 0.05$);与秋季相比,夏季狗牙根土壤氧化还原电位更高,且与秋季的狗牙根土壤氧化还原电位具有统计学意义上的差异($p < 0.05$)。

表 1 不同季节 3 种植物土壤物理特征

Tab. 1 The soil physical properties of the three plants in different seasons

物种	季节	含水量/%	容重/(g·cm ⁻³)	温度/°C	氧化还原电位/mV
狗牙根	春季	18.72±0.76 ^{Aa}	1.37±0.06 ^{Aa}	23.57±0.52 ^{Ab}	307.67±1.67 ^{Aab}
	夏季	17.24±0.15 ^{Aa}	1.39±0.05 ^{Aa}	27.60±0.32 ^{Aa}	338.00±24.01 ^{Aa}
	秋季	18.52±1.45 ^{Aa}	1.50±0.06 ^{Aa}	23.90±0.29 ^{Ab}	277.67±14.71 ^{Ab}
牛鞭草	春季	17.92±0.76 ^{Aa}	1.38±0.07 ^{Aa}	22.17±0.28 ^{Ac}	344.00±20.88 ^{Aa}
	夏季	16.44±2.99 ^{Aa}	1.35±0.17 ^{Aa}	27.23±0.19 ^{Aa}	315.00±10.91 ^{Aa}
	秋季	19.19±1.93 ^{Aa}	1.30±0.09 ^{Aa}	23.70±0.06 ^{Ab}	309.33±9.87 ^{Aa}
旱柳	春季	17.39±1.33 ^{Aa}	1.39±0.08 ^{Aa}	23.03±0.44 ^{Ab}	358.00±12.70 ^{Aa}
	夏季	17.92±2.70 ^{Aa}	1.43±0.04 ^{Aa}	27.63±0.18 ^{Aa}	325.33±20.85 ^{Aa}
	秋季	18.31±1.34 ^{Aa}	1.49±0.05 ^{Aa}	24.13±0.35 ^{Ab}	323.67±8.82 ^{Aa}

注:不同大写字母表示同一季节不同植物土壤某一指标数据的差异具有统计学意义($p < 0.05$),不同小写字母表示不同季节同一植物土壤指标数据的差异具有统计学意义($p < 0.05$),下同。

由表 2 可知,3 种植物土壤 pH 均在秋季最高且在夏季最低,但不同季节 3 种植物土壤 pH 差异无统计学意义;春季狗牙根、牛鞭草土壤有机质质量分数均比秋季时更高,且数据差异具有统计学意义($p < 0.05$);3 种植物土壤铵态氮质量分数在春季最高而在夏季最低,且春季狗牙根、牛鞭草土壤铵态氮和硝态氮的质量分数均比夏季时更高,数据差异具有统计学意义($p < 0.05$)。

不同植物土壤化学性质也存在一定的差异:在春季,与旱柳土壤相比,狗牙根土壤全磷、有机质的质量分数以及牛鞭草土壤速效磷质量分数均更高,且与旱柳土壤相应指标数据间的差异具有统计学意义($p < 0.05$);在夏季,旱柳土壤全碳、全氮及有机质的质量分数均高于狗牙根土壤的这 3 个指标,数据差异均具有统计学意义($p < 0.05$);在秋季,与牛鞭草土壤相比,狗牙根土壤硝态氮质量分数更高而全钾质量分数更低,且有关数据差异均具有统计学意义($p < 0.05$) (表 2)。

2.2 土壤酶活性的季节变化

从图 1 可知:狗牙根、旱柳土壤蔗糖酶活性均表现出随季节变化逐渐降低的趋势,且春季狗牙根、旱柳土壤蔗糖酶活性比秋季时更高,且数据差异具有统计学意义($p < 0.05$);狗牙根、牛鞭草土壤脲酶活性在春季最高在夏季最低,但不同季节狗牙根、牛鞭草土壤脲酶活性不具有统计学意义上的差异,而春季的旱柳土壤脲酶活性比夏、秋季时更高,数据差异具有统计学意义($p < 0.05$);3 种植物土壤磷酸酶活性在春季最高在秋季最低,且春季牛鞭草、旱柳土壤磷酸酶活性比在秋季时更高,数据差异具有统计学意义($p < 0.05$)。

2.3 土壤细菌群落组成及 α 多样性的季节变化

图 2a 显示,变形菌门(Proteobacteria)是所有土壤样品中细菌的最优势门,平均相对丰度超过了 40%。牛鞭草土壤中秋季时的放线菌门(Actinobacteria)及芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)相对丰度以及夏季时的硝化螺旋菌门(Nitrospirae)相对丰度均大于在春季时,数据差异具有统计学意义($p < 0.05$)。不同季节旱柳土壤中各细菌门相对丰度存在较大差异,其中夏季时的变形菌门、酸杆菌门(Acidobacteria)和硝化螺旋菌门相对丰度均大

于在秋季时,数据差异具有统计学意义($p < 0.05$);而放线菌门相对丰度在秋季时大于在夏季时,数据差异具有统计学意义($p < 0.05$)。从图 2b 可知,土壤样品中优势菌纲主要有 α -变形杆菌纲(Alphaproteobacteria)、 β -变形杆菌纲(Betaproteobacteria)、酸杆菌纲(Acidobacteria)、 δ -变形杆菌纲(Deltaproteobacteria)和 γ -变形杆菌纲(Gammaproteobacteria),它们的相对丰度总和平均值约 51.29%;旱柳土壤中 γ -变形杆菌纲的相对丰度在夏季时小于在春季时,数据差异具有统计学意义($p < 0.05$)。

表 2 不同季节 3 种植物土壤化学性质

Tab. 2 The soil chemical properties of the three plants in different seasons

物种	季节	pH	全碳质量分数/ ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$)	全氮质量分数/ ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$)	全磷质量分数/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	全钾质量分数/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)
狗牙根	春季	7.02±0.08 ^{Aa}	7.23±0.77 ^{Aa}	1.1±0.12 ^{Aa}	1.31±0.01 ^{Aa}	23.75±0.25 ^{Aa}
	夏季	7.11±0.11 ^{Aa}	5.07±0.41 ^{Ba}	0.87±0.07 ^{Ba}	1.38±0.04 ^{Aa}	23.65±0.24 ^{Aa}
	秋季	7.17±0.03 ^{Aa}	4.00±0.78 ^{Aa}	0.77±0.15 ^{Aa}	1.14±0.13 ^{Aa}	23.52±0.38 ^{Ba}
牛鞭草	春季	7.10±0.04 ^{Aa}	7.33±1.28 ^{Aa}	0.97±0.09 ^{Aa}	1.26±0.03 ^{Ab}	24.43±0.46 ^{Aa}
	夏季	6.96±0.13 ^{Aa}	6.97±0.26 ^{Aa}	1.17±0.03 ^{Aa}	1.37±0.05 ^{Aab}	24.28±0.51 ^{Aa}
	秋季	7.17±0.07 ^{Aa}	6.03±0.90 ^{Aa}	1.03±0.09 ^{Aa}	1.41±0.03 ^{Aa}	25.18±0.12 ^{Aa}
旱柳	春季	7.33±0.14 ^{Aa}	6.03±0.49 ^{Aa}	0.9±0.06 ^{Ab}	0.56±0.05 ^{Bb}	19.98±0.07 ^{Ab}
	夏季	7.11±0.13 ^{Aa}	6.5±0.38 ^{Aa}	1.13±0.07 ^{Aa}	0.94±0.24 ^{Aab}	21.71±1.38 ^{Aab}
	秋季	7.55±0.16 ^{Aa}	6.3±0.15 ^{Aa}	1.03±0.04 ^{Aab}	1.40±0.02 ^{Aa}	24.42±0.51 ^{ABa}

物种	季节	有机质质量分数/ ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$)	铵态氮质量分数/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	硝态氮质量分数/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	速效磷质量分数/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	速效钾质量分数/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)
狗牙根	春季	14.27±2.53 ^{Aa}	14.16±0.82 ^{Aa}	1.77±0.28 ^{Aa}	9.82±2.14 ^{Aa}	20.51±2.32 ^{ABa}
	夏季	6.92±0.48 ^{Bb}	8.97±0.80 ^{Ab}	0.42±0.19 ^{Ab}	4.87±0.45 ^{Aa}	15.53±3.08 ^{ABb}
	秋季	4.67±0.60 ^{Ab}	10.64±0.46 ^{Ab}	1.17±0.0A7 ^{Aa}	7.96±1.85 ^{Aa}	10.87±0.79 ^{Ab}
牛鞭草	春季	12.65±0.78 ^{ABa}	15.27±1.87 ^{Aa}	1.38±0.15 ^{Aa}	9.60±3.56 ^{Aa}	23.48±3.68 ^{Aa}
	夏季	7.17±0.37 ^{ABb}	9.17±1.15 ^{Ab}	0.45±0.16 ^{Ab}	6.99±1.59 ^{Aa}	15.73±2.02 ^{Aa}
	秋季	8.67±1.35 ^{Ab}	9.84±1.32 ^{Ab}	0.83±0.16 ^{Bab}	6.44±0.73 ^{Aa}	17.61±2.15 ^{Aa}
旱柳	春季	8.13±0.69 ^{Ba}	10.72±1.09 ^{Aa}	1.33±0.09 ^{Aa}	3.66±0.57 ^{Aa}	12.89±0.90 ^{Ba}
	夏季	8.79±0.61 ^{Aa}	8.40±0.19 ^{Aa}	0.93±0.73 ^{Aa}	4.93±0.97 ^{Aa}	14.27±1.99 ^{Aa}
	秋季	8.94±1.03 ^{Aa}	10.11±0.60 ^{Aa}	0.88±0.12 ^{ABa}	6.39±1.35 ^{Aa}	12.13±1.70 ^{Aa}

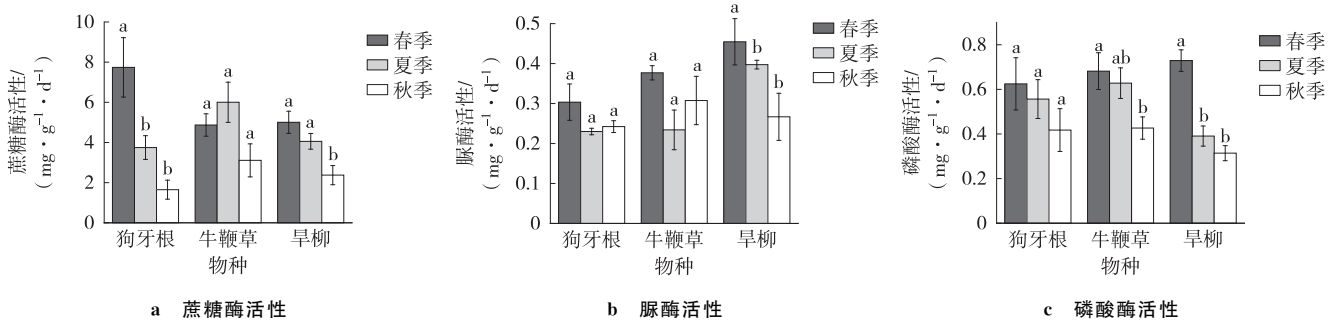
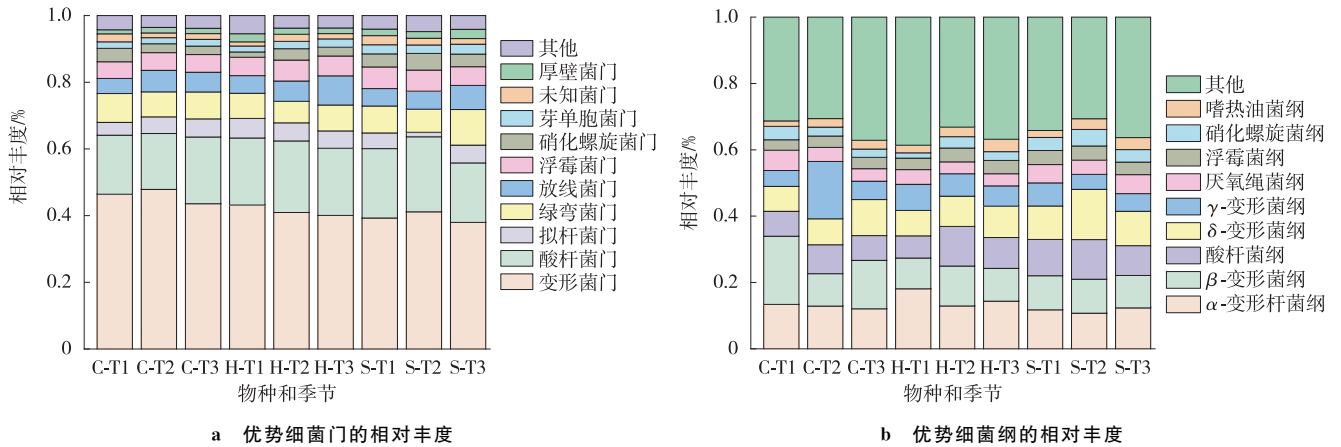


图 1 不同季节 3 种植物土壤酶活性

Fig. 1 The soil enzyme activities of the three plants in different seasons

土壤细菌群落组成在不同物种之间也存在一定差异:春季硝化螺旋杆菌门在旱柳土壤中的相对丰度比在牛鞭草土壤中更大,数据差异具有统计学意义($p < 0.05$);硝化螺旋杆菌门在夏季旱柳土壤中的相对丰度也比在狗牙

根、牛鞭草土壤中更大,数据差异具有统计学意义($p < 0.05$);春季拟杆菌门(Bacteroidetes)在牛鞭草土壤中的相对丰度比在狗牙根土壤中更大,数据差异具有统计学意义($p < 0.05$);拟杆菌门在夏季牛鞭草土壤中的相对丰度也比在早柳土壤中更大,数据差异具有统计学意义($p < 0.05$)(图 2a)。



注:C、H 和 S 分别表示狗牙根、牛鞭草和早柳,T1、T2 和 T3 分别表示春季、夏季和秋季。

图 2 不同季节 3 种植物土壤样品中优势细菌门和优势细菌纲的相对丰度

Fig. 2 Relative abundance of dominant phylum and dominant class in soil samples of the three plants in different seasons

3 种植物土壤细菌 α 多样性均存在一定的季节变化,除 Simpson 指数以外,牛鞭草、早柳各 α 多样性指数值均在夏季最低,其中:春季早柳土壤细菌的 Chao1 指数、Shannon 指数和 PD-whole-tree 指数均大于在夏季时,数据差异具有统计学意义($p < 0.05$);春季狗牙根土壤细菌的 Observed-Otus 指数、Chao1 指数和 PD-whole-tree 指数高于在夏、秋季时,但各季节间的数据差异无统计学意义(图 3)。

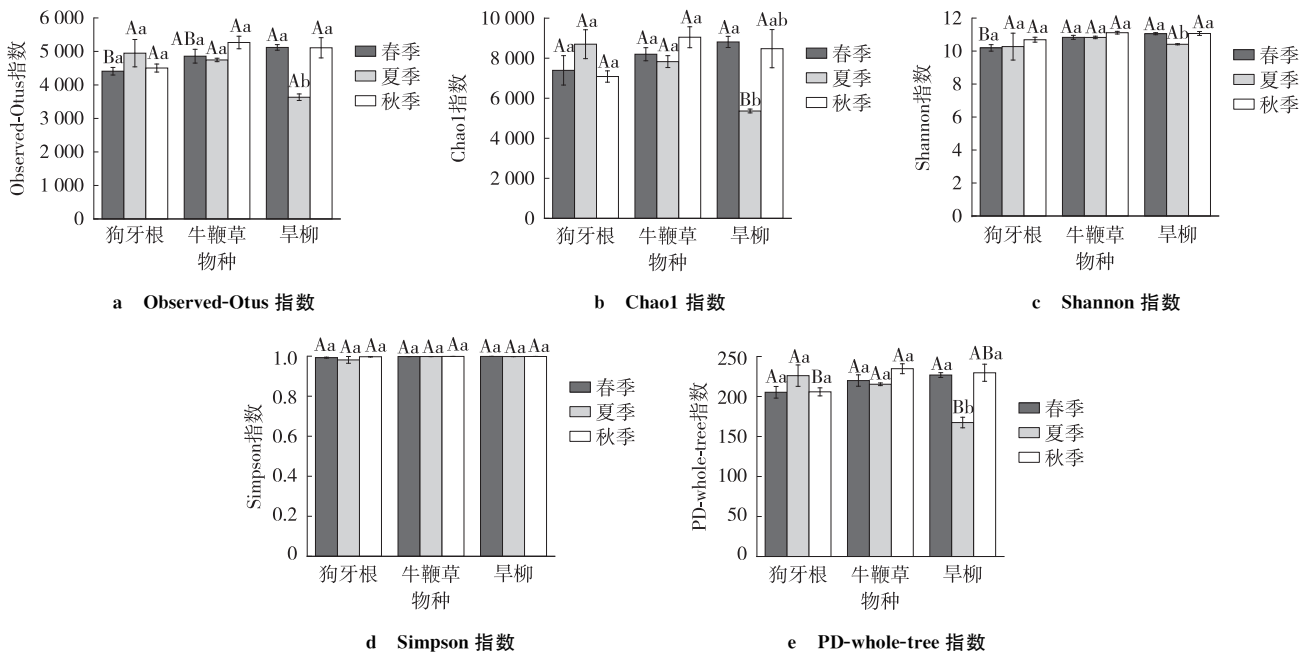


图 3 3 种植物不同季节土壤细菌 α 多样性指数

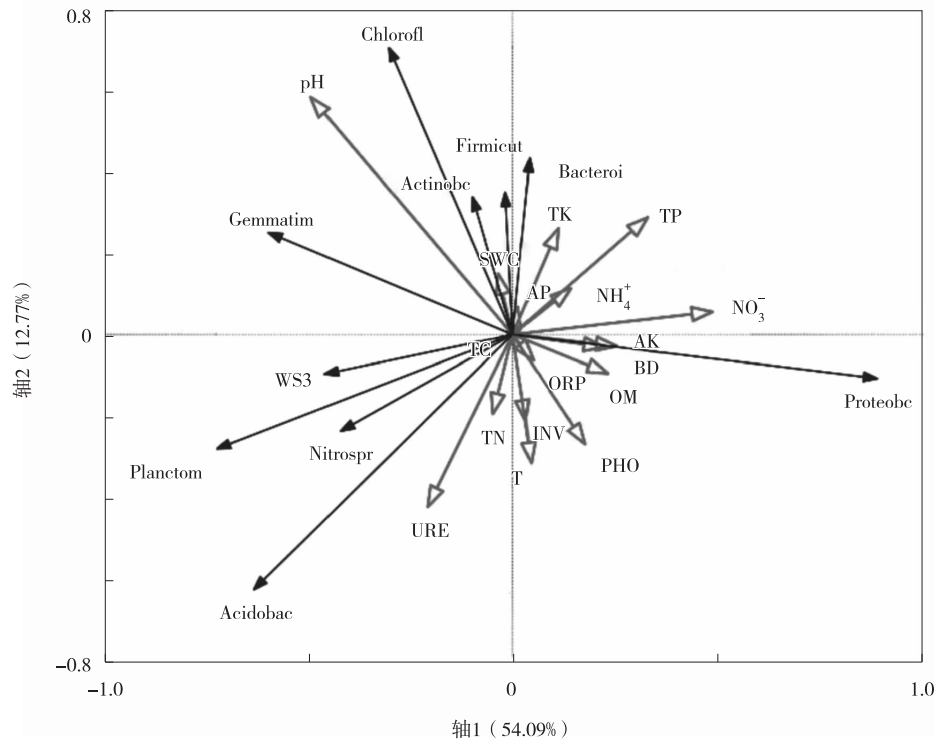
Fig. 3 The α -diversity indices of bacterial communities in different seasons

图 3 还显示,不同植物土壤细菌 α 多样性指数也存在一定差异。在春季,早柳土壤细菌的 Observed-Otus 指数和 Shannon 指数均比狗牙根土壤细菌的这两个指数更高,数据差异具有统计学意义($p < 0.05$);在夏季,狗牙根、牛鞭草土壤细菌 Chao1 指数和 PD-whole-tree 指数均比早柳土壤细菌的这两个指数更高,数据差异具有统计学意义($p < 0.05$);在秋季,与狗牙根土壤细菌相比牛鞭草土壤细菌的 PD-whole-tree 指数更高,数据差异具有统

计学意义($p < 0.05$)。

2.4 土壤细菌群落与土壤理化性质、土壤酶活性的关系

图 4 展示了 3 种植物土壤理化性质、土壤酶活性与土壤主要细菌门类的关系。冗余分析结果表明,3 种植物土壤中 66.86% 的细菌群落变化是由土壤理化性质引起的,其中图 4 中的轴 1 解释了 54.09%,而轴 2 进一步解释了 12.77%。土壤 pH 以及土壤硝态氮、全氮的质量分数对土壤细菌结构存在具有统计学意义的影响($p < 0.05$)。土壤厚壁菌门(Firmicutes)、放线菌门、绿弯菌门(Chloroflexi)细菌的相对丰度与土壤 pH、土壤含水量以及土壤全磷、速效磷的质量分数呈正相关关系,与土壤有机质质量分数、土壤氧化还原电位等呈负相关关系。



注:SWC:土壤含水量;BD:土壤容重;T:土壤温度;ORP:土壤氧化还原电位;pH:土壤 pH;TC:土壤全碳质量分数;TN:土壤全氮质量分数;TP:土壤全磷质量分数;TK:土壤全钾质量分数;OM:土壤有机质质量分数;NH₄⁺:土壤铵态氮质量分数;NO₃⁻:土壤硝态氮质量分数;AP:土壤速效磷质量分数;AK:土壤速效钾质量分数;Proteobc:变形菌门;Acidobac:酸杆菌门;Bacteroi:拟杆菌门;Chlorofl:绿弯菌门;Actinobc:放线菌门;Planctom:浮霉菌门;Nitrospr:硝化螺旋菌门;Firmicut:厚壁菌门;Gemmatim:芽单胞菌门;WS3:未知菌门;URE:土壤脲酶活性;PHO:土壤磷酸酶活性;INV:土壤蔗糖酶活性。

图 4 环境因素对土壤细菌群落结构特征影响的冗余分析

Fig. 4 Redundancy analysis of dominant bacterial phylum and soil environmental factors

3 讨论与结论

3.1 土壤理化性质、酶活性的季节变化特征

由季节变化所引起的温度、水分等环境因子的改变能使土壤养分及土壤酶发生变化,由此也影响到土壤细菌群落^[22-23]。因此,研究 3 种人工修复植物土壤理化性质、酶活性的时间变化特征对解释土壤细菌的动态变化规律具有重要意义。总体而言,春季 3 种植物土壤 pH 均大于在秋季时,这与税伟等人^[24]研究结果一致,即水淹后植物恢复生长过程中土壤 pH 逐渐升高。狗牙根、牛鞭草土壤有机质质量分数在春季最高,其中原因可能是:春季草本植物刚从水淹环境中恢复生长,土壤微生物活动较弱,对有机质的消耗较少;而秋季土壤温度、水分等环境条件适宜,微生物活动频繁,对土壤有机质的消耗较大,故土壤有机质质量分数在秋季最低。有研究表明,在长期水淹情况下,土壤铵态氮质量分数较高,而土壤硝态氮在缺氧环境中被还原,因而在土壤中的质量分数降

低^[25]。夏季降水较多,植物根部土壤长时间处于水淹缺氧状态,故本研究中夏季各植物土壤硝态氮质量分数最低;同时长时间的降雨会对消落带土壤进行冲刷,也会导致土壤铵态氮质量分数降低。此外,不同季节各植物之间土壤养分也存在一定差异。春季草本植物狗牙根、牛鞭草土壤中有有机质、全磷、速效磷的质量分数与木本植物旱柳土壤相比均更高,进一步说明了草本植物在退水初期生理活动较弱,植物对土壤氮、磷等元素的利用效率较低;而夏季上述情况则正好相反,木本植物旱柳土壤中碳、氮等元素的质量分数高,说明旱柳对土壤碳、氮元素的利用程度较2种草本植物而言更低。这一结果也表明了三峡库区消落带不同类型植物在土壤养分利用上的差异性。

土壤蔗糖酶、脲酶、磷酸酶分别与碳、氮、磷在土壤中的转化有关^[26-29]。在本研究中,除牛鞭草土壤中蔗糖酶以外,3种植物土壤酶活性总体表现为在春季最高,这与吴沿友等人^[30]的研究结果相似。春季气候适宜,植被开始恢复生长,春季较高的土壤酶活性也说明了各适生植物在植被恢复生长初期碳氮磷等元素转化速率及转化能力较高,从而有利于植物快速恢复生长。

3.2 土壤细菌群落及 α 多样性季节变化特征

在本研究中,春、夏、秋等3个季节里3种植物土壤细菌的优势门类中均包含变形菌门、酸杆菌门,这与前人的研究结果一致^[31-33]。变形菌门中的部分细菌能分解有机质并产生甲烷、氨气等物质^[34],同时该门类下属的 α -变形杆菌纲、 β -变形杆菌纲、 δ -变形杆菌纲细菌能提高土壤固氮能力,对土壤中碳氮循环有重要作用^[35],而春季旱柳土壤中 γ -变形杆菌纲细菌较高的相对丰度有利于土壤反硝化反应的进行^[36],对消落带土壤中氮素去除意义重大。酸杆菌门为寡营养细菌,适合生存在较低的pH环境下^[37];本研究中旱柳土壤中酸杆菌门细菌的相对丰度在夏季最高也与相对较低的土壤pH有关。放线菌门细菌为好氧细菌^[38],而本研究中春季牛鞭草、旱柳土壤中放线菌门相对丰度明显低于在秋季时,这与春季退水初期土壤含氧量较低有关;此外秋季良好的环境条件能产生更多的纤维素、木质素等物质,而研究表明放线菌门与这类物质的分解有关^[39]。硝化螺旋菌门中的硝化螺旋菌属(*Nitrospira*)细菌可将亚硝酸盐氧化为硝酸盐^[40],本研究中该类细菌在夏季土壤中较高的相对丰度也说明了夏季土壤中存在较为活跃的氮代谢过程;同时春、夏季硝化螺旋菌门细菌相对丰度均在旱柳土壤最高,这也与旱柳生长地海拔较高有关:因为其他2种草本植物生长地海拔较低且草本植物根系更为发达,对夏季降水的截留能力更强,这就进一步造成了土壤中的缺氧环境,故其中硝化螺旋菌门细菌相对丰度较在木本植物旱柳土壤中更低。本研究还发现,牛鞭草土壤中拟杆菌门在春、夏季也有较高的相对丰度,而拟杆菌门包括了一些参与土壤中如蛋白质、脂质等有机物质的转化的细菌^[41],因此该结果说明了牛鞭草土壤中与碳代谢相关的微生物活动较强。此外,不同植被凋落物和根系分泌物的差异也会改变土壤细菌的组成^[42],进而对植物生长起着不同的作用。

本研究结果显示,3种植物土壤细菌 α 多样性指数在不同季节间存在一定差异,除狗牙根外其余2种植物土壤细菌 α 多样性指数总体表现为在夏季最低。这与夏季取样时消落带温度高、降水频繁有关,因为高温及缺氧的土壤环境都会限制土壤微生物的生长^[43]。春季旱柳土壤细菌 α 多样性指数比狗牙根土壤细菌 α 多样性指数更高可能与木本植物生长位置海拔较高有关:高海拔处退水时间相对更早,因此取样时旱柳已经进行了一段时间的恢复生长,故土壤细菌多样性较高。在夏季,2种草本植物土壤细菌 α 多样性指数均高于旱柳土壤细菌 α 多样性指数,这与草本植物发达的根系有关,而植物根系能产生如糖类、氨基酸、有机酸等根系分泌物,进而为微生物的生长提供各种能源物质^[44]。

3.3 土壤细菌群落与土壤理化因子的关系

大量研究表明,土壤细菌群落与土壤理化性质等密切相关^[45-46]。冗余分析结果表明,本研究中影响研究区3种植物土壤细菌群落结构的土壤理化因子主要有pH和硝态氮、全氮的质量分数等,这与前人的研究结果相似^[47-48],说明土壤细菌群落与氮等营养元素密切相关。绿弯菌门细菌是一类光合细菌,能以CO₂为底物产生能量,在有机质较低的环境中分布较多^[49],这与图4中绿弯菌门与土壤有机质质量分数呈负相关的结果一致。同时放线菌门、厚壁菌门细菌与土壤全磷、速效磷的质量分数等呈正相关关系,说明这两类细菌与磷的矿化作用有关^[50]。此外,本研究中土壤pH对细菌群落结构影响最大,这与Fierer等人^[51]的研究结果一致,该研究对土壤细菌群落及生物多样性的环境因子进行了大陆尺度的描述,表明pH能够解释土壤细菌群落在不同生态系统类型下的多样性和丰富度的差异性。同时,土壤pH也是影响植物及微生物生长的重要条件,微生物对pH变化很敏感,极小的pH的变化也会对微生物群落产生较为明显的影响^[52]。

总而言之,本研究发现三峡库区消落带3种人工种植植物狗牙根、牛鞭草和旱柳土壤理化性质、酶活性及细

菌多样性均存在一定季节性差异,其中:土壤理化性质的时间异质性主要在土壤有机质、铵态氮、硝态氮的质量分数等指标上体现出来;除牛鞭草土壤蔗糖酶以外,其余土壤样本中酶活性均在春季最高。土壤细菌群落 α 多样性在不同植物之间季节变化趋势不同,狗牙根土壤细菌 Observed-Otus、Chao1 和 PD-whole-tree 指数在春季最高;除 Simpson 指数以外,牛鞭草、早柳土壤细菌各 α 多样性指数均在夏季最低。冗余分析结果表明,影响三峡库区消落带 3 种人工修复植物土壤细菌群落结构的土壤理化因子主要有 pH 和硝态氮、全氮的质量分数。上述结果揭示了三峡库区消落带人工修复植物土壤细菌群落的季节变化规律,为消落带植被修复提供了一定的理论依据。

参考文献:

- [1] 王业春,雷波,张晟. 三峡库区消落带不同水位高程植被和土壤特征差异[J]. 湖泊科学,2012,24(2):206-212.
WANG Y C, LEI B, ZHANG S. Differences in vegetation and soil characteristics at different water-level altitudes in the drawdown areas of Three Gorges Reservoir Area[J]. Journal of Lake Sciences,2012,24(2):206-212.
- [2] CLERICI N, PARACCHINI M L, MAES J. Land-cover change dynamics and insights into ecosystem services in European stream riparian zones[J]. Ecohydrology Hydrobiology,2014,14(2):107-120.
- [3] 白宝伟,王海洋,李先源,等. 三峡库区淹没区与自然消落区现存植被的比较[J]. 西南农业大学学报(自然科学版),2005,27(5):119-122.
BAI B W, WANG H Y, LI X Y, et al. A comparative study of the plant community of the future water-level fluctuating zone and the natural water-level-fluctuating zone in the Three Gorges Reservoir[J]. Journal of Southwest Agricultural University (Natural Science),2005,27(5):119-122.
- [4] 郭燕,杨邵,沈雅飞,等. 三峡水库消落带现存植物自然分布特征与群落物种多样性研究[J]. 生态学报,2019,39(12):4255-4265.
GUO Y, YANG S, SHEN Y F, et al. Study on the natural distribution characteristics and community species diversity of existing plants in the Three Gorges Reservoir[J]. Acta Ecologica Sinica,2019,39(12):4255-4265.
- [5] 童笑笑,陈春娣,吴胜军,等. 三峡库区澎溪河消落带植物群落分布格局及生境影响[J]. 生态学报,2018,38(2):571-580.
TONG X X, CHEN C D, WU S J, et al. Spatial distribution pattern of plant community and habitat impact analysis of the drawdown zone of Pengxi River in the Three Gorges Reservoir[J]. Acta Ecologica Sinica,2018,38(2):571-580.
- [6] 彭月,王健力,魏虹. 三峡库区重庆段不同土壤类型土壤侵蚀景观异质性分析[J]. 水土保持研究,2009,16(5):7-12.
PENG Y, WANG J L, WEI H. Research on the soil erosion landscape heterogeneity of different soil types in Three Gorges Reservoir (Chongqing)[J]. Research of Soil and Water Conservation,2009,16(5):7-12.
- [7] 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.
GUO Y, CHENG R M, XIAO W F, et al. Inter-annual variation of soil chemical properties in the water-level-fluctuation zone of the Three Gorges Reservoir[J]. Scientia Silvae Sinicae,2019,55(4):22-30.
- [8] 李丽娟,谢婷婷,张松林,等. 三峡库区消落带 4 种适生植物根际与非根际土壤养分与酶活性特征研究[J]. 生态学报,2020,40(21):7611-7620.
LI L J, XIE T T, ZHANG S L, et al. Characteristics of nutrient content and enzyme activity in the rhizosphere and bulk soils of four suitable plant species in the hydro-fluctuation zone of the Three Gorges Reservoir[J]. Acta Ecologica Sinica,2020,40(21):7611-7620.
- [9] KRUMHOLZ L A, LAMBERT R G, LISTON C R, et al. Degradation of riparian leaves and the recycling of nutrients in a stream ecosystem[J]. KWRRI Research Reports. 1972,138:(1-36).
- [10] PRIETO L H, BERTILLER M B, CARRERA A L, et al. Soil enzyme and microbial activities in a grazing ecosystem of Patagonian Monte, Argentina[J]. Geoderma,2011,162(3/4):281-287.
- [11] 朱铭裁. 土壤酶动力学及热力学[M]. 北京:科学出版社,2011.
ZHU M Z. Dynamics and thermodynamics of soil enzymes[M]. Beijing:Science Press,2011.
- [12] 姜培坤,徐秋芳,俞益武. 土壤微生物量碳作为林地土壤肥力指标[J]. 浙江林学院学报,2002,19(1):17-19.
JIANG P K, XU Q F, YU Y W. Microbial biomass carbon as an indicator for evaluation of soil fertility[J]. Journal of Zhejiang Forestry College,2002,19(1):17-19.
- [13] 杨成德,龙瑞军,陈秀蓉,等. 土壤微生物功能群及其研究进展[J]. 土壤通报,2008,39(2):421-425.
YANG C D, LONG R J, CHEN X R, et al. Advanced research in soil microbial functional groups[J]. Chinese Journal of Soil

- Science,2008,39(2):421-425.
- [14] KENNEDY A C. Bacterial diversity in agroecosystems[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 1999, 74(1/2/3):65-76.
- [15] STEFANOWICZ A M, NKLINSKA M, KAPUSTA P, et al. Pine forest and grassland differently influence the response of soil microbial communities to metal contamination[J]. Science of the Total Environment, 2010, 408(24):6134-6141.
- [16] 任庆水, 马朋, 李昌晓, 等. 三峡库区消落带落羽杉(*Taxodium distichum*)与柳树(*Salix matsudana*)人工植被对土壤营养元素含量的影响[J]. 生态学报, 2016, 36(20):6431-6444.
- REN Q S, MA P, LI C X, et al. Effects of *Taxodium distichum* and *Salix matsudana* on the contents of nutrient elements in the hydro-fluctuation belt of the Three Gorges Reservoir Area[J]. Acta Ecologica Sinica, 2016, 36(20):6431-6444.
- [17] 杨文航, 任庆水, 李昌晓, 等. 三峡库区消落带落羽杉与立柳林土壤微生物生物量碳氮磷动态变化[J]. 生态学报, 2019, 39(5):1496-1506.
- YANG W H, REN Q S, LI C X, et al. Dynamic changes in soil microbial biomass carbon, nitrogen and phosphorus of *Taxodium distichum* and *Salix matsudana* plantation in the hydro-fluctuation belt of the Three Gorges Reservoir Region[J]. Acta Ecologica Sinica, 2019, 39(5):1496-1506.
- [18] 王婷, 魏虹, 周翠, 等. 落羽杉根系有机酸与 NSC 代谢对三峡消落带水位变化的响应[J]. 生态学报, 2018, 38(9):3004-3013.
- WANG T, WEI H, ZHOU C, et al. Responses of root organic acids and nonstructural carbohydrates of *Taxodium distichum* to water-level changes in the hydro-fluctuation belt of the Three Gorges Reservoir[J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, 38(9):3004-3013.
- [19] 杨贵明. 土壤有机质的光度法测定[J]. 土壤肥料, 1987(1):43-44.
- YANG G M. Determination of soil organic matter by spectrophotometry [J]. Soil and Fertilizer, 1987(1):43-44.
- [20] SPOHN M, WIDDIG M. Turnover of carbon and phosphorus in the microbial biomass depending on phosphorus availability [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2017, 113:53-59.
- [21] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京:农业出版社, 1986:274-281.
- GUAN S Y. Soil enzymes and their research methods[M]. Beijing: Agriculture Press, 1986:274-281.
- [22] THOMS C, GLEIXNER G. Seasonal differences in tree species' influence on soil microbial communities[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2013, 66:239-248.
- [23] 宋贤冲, 覃其云, 王会利, 等. 广西马尾松林地土壤微生物数量与理化性质的季节动态变化[J]. 广西林业科学, 2016, 45(4):377-380.
- SONG X C, QIN Q Y, WANG H L, et al. Seasonal dynamic change of soil microbial population and physicochemical properties in stands of *Pinus massoniana*, Guangxi[J]. Guangxi Forestry Science, 2016, 45(4):377-380.
- [24] 税伟, 白剑平, 简小枚, 等. 若尔盖沙化草地恢复过程中土壤特性及水源涵养功能[J]. 生态学报, 2017, 37(1):277-285.
- SHUI W, BAI J P, JIAN X M, et al. Changes in water conservation and soil physicochemical properties during the recovery of desertified grassland in Zoigê[J]. China. Acta Ecologica Sinica, 2017, 37(1):277-285.
- [25] 常超, 谢宗强, 熊高明, 等. 三峡水库蓄水对消落带土壤理化性质的影响[J]. 自然资源学报, 2011, 26(7):1236-1244.
- CHANG C, XIE Z Q, XIONG G M, et al. The effect of flooding on soil physical and chemical properties of riparian zone in the Three Gorges Reservoir[J]. Journal of Natural Resources, 2011, 26(7):1236-1244.
- [26] KOTROCZÓ Z, VERES Z, FEKETE I, et al. Soil enzyme activity in response to long-term organic matter manipulation[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 70:237-243.
- [27] 刘建新. 不同农田土壤酶活性与土壤养分相关关系研究[J]. 土壤通报, 2004, 35(4):523-525.
- LIU J X. Correlative research on the activity of enzyme and soil nutrient in the different types of farmland[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2004, 35(4):523-525.
- [28] DAS S, GANGULY D, MUKHERJEE A, et al. Soil urease activity of sundarban mangrove ecosystem, India[J]. Advances in Microbiology, 2017, 7(8):617-632.
- [29] 张艾明, 刘云超, 李晓兰, 等. 水肥耦合对紫花苜蓿土壤磷酸酶活性的影响[J]. 生态学杂志, 2016, 35(11):2896-2902.
- ZHANG A M, LIU Y C, LI X L, et al. Coupling effect of water and fertilizer on phosphatase activities of alfalfa soil[J]. Chinese Journal of Ecology, 2016, 35(11):2896-2902.
- [30] 吴沿友, 廖群, 朱咏莉, 等. 泉州湾河口湿地土壤脲酶和磷酸酶活性研究[J]. 地球与环境, 2009, 37(4):355-359.
- WU Y Y, LIAO Q, ZHU Y L, et al. Soil urease and phosphatase activities at Quanzhou Bay estuarine wetland[J]. Earth and Environment, 2009, 37(4):355-359.
- [31] CHEN Y, JIANG Y M, HUANG H Y, et al. Long-term and high-concentration heavy-metal contamination strongly influences

- the microbiome and functional genes in Yellow River sediments[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 637/638: 1400-1412.
- [32] FENG W, ZHANG Y Q, LAI Z R, et al. Soil bacterial and eukaryotic co-occurrence networks across a desert climate gradient in northern China[J]. *Land Degradation & Development*, 2021, 32(5): 1938-1950.
- [33] DELGADO-BAQUERIZO M, OLIVERIO A M, BREWER T E, et al. A global atlas of the dominant bacteria found in soil[J]. *Science*, 2018, 359(6373): 320-325.
- [34] LÜ X F, YU J B, FU Y Q, et al. A meta-analysis of the bacterial and archaeal diversity observed in wetland soils[J]. *The Scientific World Journal*, 2014, 2014: 437684.
- [35] CHEN J, RUI Y C, ZHOU X, et al. Determinants of the biodiversity patterns of ammonia-oxidizing archaea community in two contrasting forest stands[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2016, 16(3): 878-888.
- [36] SOROKIN D Y, TOUROVA T P, BRAKER G, et al. *Thiohalomonas denitrificans* gen. nov., sp. nov. and *Thiohalomonas nitratireducens* sp. nov., novel obligately chemolithoautotrophic, moderately halophilic, thiodenitrifying Gammaproteobacteria from hypersaline habitats[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2007, 57(7): 1582-1589.
- [37] KARST J, GASTER J, WILEY E, et al. Stress differentially causes roots of tree seedlings to exude carbon[J]. *Tree Physiology*, 2017, 37(2): 154-164.
- [38] 马文文, 姚拓, 靳鹏, 等. 荒漠草原 2 种植物群落土壤微生物及土壤酶特征[J]. *中国沙漠*, 2014, 34(1): 176-183.
MA W W, YAO T, JIN P, et al. Characteristics of microorganisms and enzyme activity under two plant communities in desert steppe[J]. *Journal of Desert Research*, 2014, 34(1): 176-183.
- [39] KANOKRATANA P, UENGWETWANIT T, RATTANACHOMSRI U, et al. Insights into the phylogeny and metabolic potential of a primary tropical peat swamp forest microbial community by metagenomic analysis[J]. *Microbial Ecology*, 2011, 61(3): 518-528.
- [40] EHRICH S, BEHRENS D, LEBEDEVA E, et al. A new obligately chemolithoautotrophic, nitrite-oxidizing bacterium, *Nitrospira moscoviensis* sp. nov. and its phylogenetic relationship[J]. *Archives of Microbiology*, 1995, 164(1): 16-23.
- [41] MICHAUD L, Lo GIUDICE A, TROUSSELLIER M, et al. Phylogenetic characterization of the heterotrophic bacterial communities inhabiting a marine recirculating aquaculture system[J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2009, 107(6): 1935-1946.
- [42] SOMERS E, VANDERLEVDEN J, SRINIVASAN M. Rhizosphere bacterial signalling: a love parade beneath our feet[J]. *Critical Reviews in Microbiology*, 2004, 30(4): 205-240.
- [43] ZHANG X W, JI Z, SHAO Y T, et al. Seasonal variations of soil bacterial communities in Suaeda wetland of Shuangtaizi River estuary, Northeast China[J]. *Journal of Environmental Science*, 2020(11): 45-53.
- [44] 陈龙池, 廖利平, 汪思龙, 等. 根系分泌物生态学研究[J]. *生态学杂志*, 2002, 21(6): 57-62.
CHEN L C, LIAO L P, WANG S L, et al. A Review for Research of Root Exudates Ecology[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2002, 21(6): 57-62.
- [45] LIU H Y, CHENG J N, JIN H, et al. Characterization of rhizosphere and endophytic microbial communities associated with *Stipa purpurea* and their correlation with soil environmental factors[J]. *Plants*, 2022, 11(3): 363.
- [46] MEZITI A, TSEMENTZI D, KORMAS K A, et al. Anthropogenic effects on bacterial diversity and function along a river-to-estuary gradient in Northwest Greece revealed by metagenomics[J]. *Environmental Microbiology*, 2016, 18(12): 4640-4652.
- [47] 戴雅婷, 闫志坚, 解继红, 等. 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[J]. *土壤学报*, 2017, 54(3): 735-748.
DAI Y T, YAN Z J, XIE J H, et al. Soil bacteria diversity in rhizosphere under two types of vegetation restoration based on high throughput sequencing[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2017, 54(3): 735-748.
- [48] 席军强, 杨自辉, 郭树江, 等. 不同类型白刺沙丘土壤理化性状与微生物相关性研究[J]. *草业学报*, 2015, 24(6): 64-74.
XI J Q, YANG Z H, GUO S J, et al. The correlation between soil physical and chemical properties and soil microbes in different types of *Nitraria* dune[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2015, 24(6): 64-74.
- [49] KLATT C G, LIU Z F, LUDWIG M, et al. Temporal metatranscriptomic patterning in phototrophic Chloroflexi inhabiting a microbial mat in a geothermal spring[J]. *ISME Journal*, 2013, 7(9): 1775-1789.
- [50] 姚槐应, 黄昌勇. 土壤微生物生态学及其实验技术[M]. 北京: 科学出版社, 2006: 80-83.
WEI H Y, HUANG C Y. Soil microbial ecology and its experimental techniques[M]. Beijing: Science Press, 2006: 80-83.
- [51] FIERER N, JACKSON R B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities[J]. *Proceedings of the National*

Academy Sciences of the United States of America, 2006, 103(3): 626-631.

[52] 唐琨, 朱伟文, 周文新, 等. 土壤 pH 对植物生长发育影响的研究进展[J]. 作物研究, 2013, 27(2): 207-212.

TANG K, ZHU W W, ZHOU W X, et al. Research progress on effects of soil pH on plant growth and development[J]. Crop Research, 2013, 27(2): 207-212.

Resources, Environment and Ecology in Three Gorges Area

Seasonal Dynamics of Soil Physicochemical Properties, Enzyme Activity and Bacterial Diversity of Three Re-Vegetation Species in the Riparian Zone of the Three Gorges Reservoir Area

TAN Xue^{1,2}, DONG Zhi^{1,2}, ZHANG Limiao^{1,2}, YUAN Zhongxun^{1,2}, LI Changxiao^{1,2}

(1. Key Laboratory of Plant Ecology and Resources Research in Three Gorges Reservoir Region, Key Laboratory of Eco-environment in Three Gorges Reservoir Region (Ministry of Education), School of Life Sciences, Southwest University, Chongqing 400715; 2. State Cultivation Base of Eco-agriculture for Southwest Mountainous Land, Chongqing 400715, China)

Abstract: To investigate the seasonal dynamics of soil physicochemical, enzyme activities and bacterial communities of three re-vegetation species, a total of 27 mixed soil samples from three re-vegetation species (*Cynodon dactylon*, *Hemarthria altissima*, and *Salix matsudana*) were collected in spring, summer and autumn, and their physicochemical and enzyme activities were analyzed. Meanwhile, the seasonal changes of soil bacterial communities were explored by high-throughput sequencing of bacterial 16S rRNA genes. The results showed that: 1) The mass fraction of soil OM (organic matter), NH_4^+ (ammonium nitrogen), NO_3^- (nitrate nitrogen) were different in different seasons; and the activities of three kinds of soil enzymes showed a certain seasonal change, the activities of soil enzyme were highest in spring except the sucrase in the *H. altissima*. 2) There were seasonal differences in the relative abundance of soil samples at phyla and class levels. The seasonal variation trend of α diversity of soil bacterial community was different among different plants. The diversity of *H. altissima* and *S. matsudana* had the lowest values in summer except for Simpson index. 3) The RDA test implied that soil pH, the mass fraction of NO_3^- and TN (total nitrogen) were the key factors structuring the microbial community. The soil physicochemical, enzyme activities and bacterial communities were different in different seasons, meanwhile soil pH and the mass fraction of NO_3^- and TN had significant effects on bacterial community structure. These findings could help people better understand how soil microbes change after restoring vegetation in the Three Gorges Reservoir Area.

Keywords: soil physicochemical properties; soil enzyme activity; soil bacterial diversity; high-throughput sequencing; Three Gorges Reservoir Area; seasonal dynamics

(责任编辑 方 兴)