碳效应研究

鄂尔多斯高原不同降水区坝地土壤细菌群落对碳稳定性的影响

谢美婧[1], 张铁钢[2,3], 徐国策[1], 李占斌[1], 陈 新[1], 方 康[1], 王晓妮[1]

(1.西安理工大学 旱区水工程生态环境全国重点实验室, 陕西 西安 710048; 2.中国水利水电科学研究院 内蒙古阴山北麓草原生态水文国家野外科学观测研究站, 北京 100038; 3.水利部牧区水利科学研究所, 内蒙古 呼和浩特 010020)

摘 要: [目的]探讨不同降水量下坝地沉积土壤细菌群落对有机碳稳定性的调控作用,为阐明坝地系统碳汇功能的形成机制提供理论依据。[方法]以鄂尔多斯高原两个不同降水量区(250～300 mm和350～400 mm)的坝地沉积土壤为研究对象,测定其理化性质和活性有机碳组分,利用高通量测序分析细菌群落结构特征,对比分析坝地土壤细菌群落对微生物量碳(MBC)/有机碳(SOC)及可溶性有机碳(DOC)/有机碳(SOC)的影响。[结果]350～400 mm降水区坝地土壤的总氮(TN)、含水率、黏粒和SOC含量均分别显著高于250～300 mm降水区100.00%,102.43%,110.33%和52.16%($p<0.05$),而砂粒与pH值分别显著下降了25.53%,7.34%($p<0.01$);250～300 mm降水区,坝地土壤中放线菌门(10.74%～37.16%)和酸杆菌门所占比例较高(13.05%～18.61%),且绿弯菌门与芽单胞菌门相对丰度合计达到16.33%;350～400 mm降水区,坝地土壤中变形菌门显著富集(24.62%～56.57%),埃希氏菌-志贺氏菌属(15.79%～25.28%)和假单胞菌属(3.35%～8.28%)明显增加,群落优势集中度显著增强。[结论]250～300 mm降水区坝地土壤以K-策略菌(放线菌门)为主,通过增强碳分解降低碳稳定性;而350～400 mm降水区坝地土壤细菌群落向r-策略菌(变形菌门)转变,卡尔文循环等固碳功能增强,从而降低DOC/SOC与MBC/SOC比值。

关键词: 降水区; 淤地坝; 细菌群落结构; 碳循环; 鄂尔多斯高原

文献标识码: A **文章编号:** 1000-288X(2026)05-0201-14 **中图分类号:** S154.3

文献参数: 谢美婧, 张铁钢, 徐国策, 等.鄂尔多斯高原不同降水区坝地土壤细菌群落对碳稳定性的影响[J].水土保持通报,2026,46(5):201-214. Xie Meijing, Zhang Tiegang, Xu Guoce, et al. Impact of soil bacterial communities on carbon stability in check dams across different precipitation zones of Ordos Plateau [J]. Bulletin of Soil and Water Conservation,2026,46(5):201-214.

DOI:10.13961/j.cnki.stbctb.2026.05.009 **CSTR:32312.14.stbctb.2026.05.009**

Impact of soil bacterial communities on carbon stability in check dams across different precipitation zones of Ordos Plateau

Xie Meijing[1], Zhang Tiegang[2,3], Xu Guoce[1], Li Zhanbin[1], Chen Xin[1], Fang Kang[1], Wang Xiaoni[1]

(1.*State Key Laboratory of Water Engineering Ecology and Environment in Arid Area, Xi'an University of Technology, Xi'an, Shaanxi* 710048, *China*; 2.*Grassland Eco-hydrology National Observation and Research Station on the Northern Slopes of Yinshan Mountains, China Institute of Water Resources and Hydropower Research, Beijing* 100038, *China*; 3.*Institute of Pastoral Water Conservancy Science, Ministry of Water Resources, Hohhot, Inner Mongolia* 010020, *China*)

Abstract: [Objective] The regulatory role of bacterial communities in check-dam sediment soils on organic carbon stability under different precipitation levels was investigated in order to provide a theoretical basis for elucidating the formation mechanism of carbon sink functions in check-dam systems. [Methods] Check-dam

收稿日期:2025-12-23 **修回日期:**2026-03-17 **采用日期:**2026-03-17

资助项目:国家重点研发计划项目"流域植被-梯田-淤地坝级联的侵蚀能量阻控与水沙调控技术"(2022YFF1300803),"风水复合侵蚀产沙过程的能量机制"(2022YFF1300801);中国水利水电科学研究院基本科研业务费(SE110145B0032025);内蒙古自治区水利科技专项(202601010402A)

第一作者:谢美婧(2001—),女(汉族),河北省张家口市人,硕士研究生,研究方向为水土保持。Email:552484331@qq.com。

通信作者:徐国策(1985—),男(汉族),河南省洛阳市人,博士,教授,博士生导师,主要从事水土流失与非点源污染模拟与调控的研究。Email:xuguoce_x@163.com。

sediment soils from two precipitation zones (250—300 mm and 350—400 mm) on the Ordos Plateau were selected as the study objects, and their physicochemical properties and labile organic carbon fractions were determined. High-throughput sequencing was employed to analyze the characteristics of bacterial community structure. Furthermore, the effects of bacterial communities on the ratios of microbial biomass carbon to soil organic carbon (MBC/SOC) and dissolved organic carbon to soil organic carbon (DOC/SOC) were comparatively analyzed. [Results] The contents of total nitrogen (TN), moisture, clay, and SOC in check-dam soils from the 350—400 mm precipitation zone were significantly higher than those in the 250—300 mm zone by 100.00%, 102.43%, 110.33% and 52.16%, respectively ($p<0.05$). In contrast, sand content and pH value decreased significantly by 25.53% and 7.34%, respectively ($p<0.01$). In the 250—300 mm precipitation zone, Actinomycetota (10.74%—37.16%) and Acidobacteria (13.05%—18.61%) accounted for relatively high proportions in check-dam soils, while the combined relative abundance of Chloroflexi and Gemmatimonadetes reached 16.33%. In the 350—400 mm precipitation zone, Proteobacteria (24.62%—56.57%) were significantly enriched. Moreover, the relative abundances of *Escherichia-Shigella* (15.79%—25.28%) and *Pseudomonas* (3.35%—8.28%) increased markedly, resulting in a significantly higher dominance of the bacterial community. [Conclusion] In the 250—300 mm precipitation zone, check-dam soils are dominated by K-strategist bacteria (Actinobacteria), reducing carbon stability by enhancing carbon decomposition. In contrast, bacterial communities in the 350—400 mm precipitation zone shift toward r-strategist taxa (Proteobacteria). Meanwhile, carbon fixation pathways such as the Calvin cycle are strengthened, thereby decreasing the DOC/SOC and MBC/SOC ratios.

Keywords: precipitation zone; check dam; bacterial community structure; carbon cycling; Ordos Plateau

土壤作为陆地生态系统的核心组成部分,是全球最大的活跃有机碳库,其碳储量微小波动即可显著影响大气CO_2浓度,进而调控全球气候变化进程[1]。土壤有机碳(SOC)的稳定性,即其抵抗微生物分解与矿化的能力,是决定土壤碳库固碳效率与持久性的关键属性。近年来研究日益表明,土壤微生物,尤其是占主导地位的细菌群落,并非简单的"分解者",而是通过其复杂的群落结构、多样化的代谢功能及与环境因子的互作,主导着SOC的转化、稳定与流失过程[2]。细菌通过分泌胞外酶分解不同化学结构的有机质,将部分碳同化为自身生物量(微生物残体碳),并通过形成矿物-有机质复合体等途径,直接参与稳定态碳库的构建[3];同时,其呼吸作用也是土壤碳以CO_2形式返回大气的主要途径。因此,解析细菌群落特征与SOC稳定性间的内在联系,已成为生态学和土壤生物地球化学领域的前沿科学问题,这对于准确预测陆地碳循环对全球变化的响应至关重要。有机碳(SOC)在土壤中的长期稳定是影响碳循环的主要因素,这使得不同环境条件下土壤有机碳的稳定性研究得到广泛关注。土壤活性有机碳在有机碳库中的比例较小,但是可以更好地反映SOC的动态变化。可溶性有机碳(DOC)和微生物量碳(MBC)是活性有机碳的重要组成部分,其中MBC控制着有机碳的固存和分解,而DOC是微生物重要的底物来源,直接影响碳循环的速率[4],对土壤有机碳的周转具有重要意义。DOC/SOC,MBC/SOC亦可用于评估土壤有机碳的稳定性[5]。其中较高的DOC/SOC反映了SOC易损失[6],较高的MBC/SOC意味着土壤有机碳活性增强、稳定性降低[7]。水分是限制生态系统生产力与生物地球化学循环的首要因子[8]。鄂尔多斯高原对降水变化高度敏感,而现阶段坝地碳循环相关研究大多侧重碳储量、物理保护等非生物调控机制,忽略了起核心作用的生物驱动过程。降水条件可改变坝地沉积环境,进而影响细菌群落结构与功能,最终作用于有机碳稳定性,但这条微生物介导的"响应—反馈"完整链条机制目前仍不清楚。系统解析该作用过程,是揭示区域尺度坝地碳汇功能空间异质性的关键。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

鄂尔多斯高原位于黄河"几"字弯,是中国重要的水土流失区之一,面积为8.70×10^4 km^2,地理范围为北纬37°35′24″—40°51′40″,东经106°42′40″—111°27′20″[8]。年均气温6.2 ℃,年均降水量为348.3 mm,且高度集中于6—9月,降水季节分配不均[9]。高原东半部主要为平原与丘陵,属季风气候,干湿交替且季节分明;而西半部以高原为主,此地为干旱气候[10]。植被类型主要有沙生植被(以油蒿为代表)和盐生植被,地带性植被主要为暖温带本氏针

茅草原。土壤类型东部为栗钙土、西部为棕钙土[11]。鄂尔多斯高原降水具有由东向西递减的分布格局。基于国家青藏高原科学数据中心[12]降水数据,并结合研究区域的实际条件及样本数量需求,本文选取鄂尔多斯高原两个降水区(250~300 mm,350~400 mm)下的淤地坝沉积土壤作为研究对象。

1.2　样品采集与处理

1.2.1　样品采集

在 250~300 mm 降水区(QH,QS,QP)与 350~400 mm 降水区(GH,GS,GP)共选择 6 座淤地坝坝地,采集其沉积土壤样品(图 1)。采样时间为 2024 年 12 月。在各坝地挖取 1.5 m(长)×1 m(宽)×1 m(深)沉积土壤剖面,根据土壤颜色、颗粒大小等因素划分淤积旋回。在各坝地布设 3 个独立的垂直剖面,使用无菌采样铲在其同一旋回层分别采集 500 g 新鲜沉积物。随后将来自同一旋回层的 3 份样品置于无菌聚乙烯托盘中充分混合,制成 1 份 500 g 的代表性混合样品。本研究按照自地表向剖面底部的顺序依次进行数字编号(1, 2, 3…),以表征沉积物的垂直剖面信息。采集样品时全程佩戴无菌手套。本次采样共采集 74 份沉积样品,土壤样本被分为两份子样本:一份装入无菌冷冻管中,迅速投入现场携带的液氮罐内冷冻,随后转运至实验室,保存于−80 ℃超低温冰箱,以备后续 DNA/RNA 提取及高通量测序等微生物分析;另一份装入洁净聚乙烯自封袋中,带回室内避光、通风处自然风干,以测定土壤理化指标。鉴于采样工作自表层向下进行,而研究区最新连续降雨资料难以在短期内完整获取,本文依据沉积深度对淤地坝沉积层进行统一划分。通过将相同沉积深度范围内的淤积层作为同一分析单元进行归类,以保证不同样点之间的可比性与分析一致性(表 1—2)。

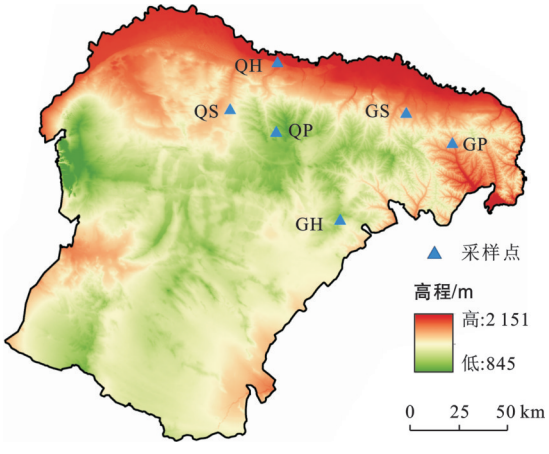


图 1　鄂尔多斯高原地形及样点分布
Fig.1　Terrain and distribution of sampling sites in Ordos Plateau

表 1　250~300 mm 降水区淤地坝沉积层深度划分
Table 1　Sediment depth classification of check dams in 250~300 mm precipitation zone

沉积深度/cm	QH采样点		QP采样点		QS采样点	
	编号	沉积厚度/cm	编号	沉积厚度/cm	编号	沉积厚度/cm
0—20	QH_1	4.0	QP_1	3.0	QS_1	12.5
	QH_2	6.0	QP_2	3.0	QS_2	8.5
	QH_3	4.0	QP_3	9.5		
	QH_4	5.5				
20—40	QH_5	5.5	QP_4	16.0	QS_3	4.0
	QH_6	6.5			QS_4	7.0
	QH_7	5.5			QS_5	9.0
40—100	QH_8	6.5	QP_5	21.6	QS_6	3.0
	QH_9	9.0			QS_7	11.0
	QH_{10}	7.0			QS_8	4.0
	QH_{11}	6.0	QP_6	22.5	QS_9	6.0
	QH_{12}	4.5	QP_7	20.0	QS_{10}	2.0
	QH_{13}	12.0			QS_{11}	9.0
	QH_{14}	8.0			QS_{12}	29.0
	QH_{15}	16.0			QS_{13}	10.0

表 2　350~400 mm 降水区淤地坝沉积层深度划分
Table 2　Sediment depth classification of check dams in 350~400 mm precipitation zone

沉积深度/cm	GH采样点		GP采样点		GS采样点	
	编号	沉积厚度/cm	编号	沉积厚度/cm	编号	沉积厚度/cm
0—20	GH_1	3.5	GP_1	6.0	GS_1	7.5
	GH_2	6.0	GP_2	4.5	GS_2	4.5
			GP_3	7.5	GS_3	8.0
20—40	GH_3	15.5	GP_4	5.6	GS_4	5.8
	GH_4	9.0	GP_5	8.1	GS_5	4.2
	GH_5	8.0			GS_6	5.7
					GS_7	3.3
40—100	GH_6	8.5	GP_6	13.1	GS_8	5.0
	GH_7	3.0	GP_7	5.8	GS_9	9.5
	GH_8	4.5	GP_8	6.3	GS_{10}	5.5
	GH_9	11.0	GP_9	20.0	GS_{11}	6.5
	GH_{10}	7.0	GP_{10}	31.5	GS_{12}	5.8
	GH_{11}	11.0			GS_{13}	8.5
	GH_{12}	5.0			GS_{14}	7.5
	GH_{13}	8.0			GS_{15}	6.0
					GS_{16}	7.0

1.2.2　样品处理与分析

土壤样品采集后运回实验室,将土壤中的杂物剔除之后,进行阴干并过 2 mm 的筛,之后采用马尔文激光粒度仪(Mastersizer 3000,英国)进行土壤粒径分析。总氮(TN)采用全自动凯氏定氮仪

(Automatic Kjeldahl Nitrogen Analyzer, HGK-55)进行测定;总磷(TP)采用全自动间断化学分析仪(ADA, SmartChem 200, 意大利)测定[13];pH值采用便携式土壤测速仪(JL-32, 中国)测定[14];土壤含水率采用烘干法测定[15]。

土壤有机碳(SOC)采用浓硫酸-重铬酸钾外加热法测定;土壤微生物量碳(MBC)采用氯仿熏蒸-K_2SO_4提取法[7]进行,熏蒸与未熏蒸土壤提取液含碳量之差除以转换系数即为微生物量碳的值;DOC采用TOC仪(TOC-Vcph, 日本岛津)测定,称鲜土30.00 g,水土比为2∶1,25 ℃下恒温振荡器中振荡30 min(250次/min)后,离心10 min(7 000 r/min),上清液用0.45 μm滤膜抽滤,滤液用有机碳分析仪直接测定[16]。

1.2.3 细菌多样性指标计算

H'(Shannon)指数同时考虑物种丰富度(种类数量)和均匀度(个体分布),因此,选择Shannon指数来表征群落的多样性。其计算公式为

$$P_i = N_i / N \tag{1}$$

$$H' = -\sum_{i=1}^{s} P_i \ln(P_i) \tag{2}$$

式中:P_i表示第i个分类单元中个体所占的比例;N_i为种i的个体数;N为群落中全部物种的总个体数。

1.2.4 细菌群落测定方法

淤地坝土壤细菌群落的DNA采用CTAB方法进行提取[17],之后利用1%琼脂糖凝胶电泳检测DNA的纯度和浓度,取适量的样品于离心管中,使用无菌水稀释样品至1 ng/μl。用CCTAYGGGRBGCASCAG和GGACTACNNGGGTATCTAAT引物对Ⅴ3+Ⅴ4可变区进行PCR扩增。之后进行PCR的纯化,对目的条带使用Universal DNA(TianGen, China)纯化回收试剂盒进行回收。使用NEB Next® Ultra DNA Library Prep Kit建库试剂盒进行文库构建,将构建好的文库使用安捷伦5400进行检测和Q-PCR定量;待文库合格后,使用Illumina测序平台进行上机测序。以上测定工作均由深圳微科盟科技集团有限公司完成[18]。

1.3 数据处理与分析

采用ArcGIS 10.2进行研究区绘制。利用Excel 2021与SPSS 25.0对测序原始数据进行处理,计算Alpha多样性指数,并分析微生物群落组成与代谢功能等信息。独立样本t检验、单因素ANOVA检验、Tukey HSD事后检验、Pearson相关分析与显著性检验均在SPSS 25.0软件中完成,图形绘制使用OriginPro 2021与R语言软件完成。基于R语言构建偏最小二乘回归(PLS-PM)模型。

2 结果与分析

2.1 不同降水区坝地沉积土壤理化性质

250~300 mm降水区坝地沉积剖面土壤的理化性质及碳组分分布特征如表3和图2—3所示。随着沉积深度的增加,坝地土壤的pH值和DOC含量整体呈显著升高趋势($p<0.05$)。颗粒组成方面,坝地沉积土壤的颗粒组成呈现出明显的水力分选特征:黏粒主要集中于0—20 cm层,其比例最高达19.3%;而在20—40 cm层中,砂粒含量达到最大值(64.4%),这与坝地沉积过程中粗颗粒优先沉降的规律一致。含水率随沉积深度变化呈现“先降低后升高”的趋势。此外,DOC/SOC在20—40 cm层显著升高,增幅达60%,指示该层位可能为坝地沉积体系中微生物活动较为活跃的沉积层。350~400 mm降水区坝地沉积土壤的理化性质及碳组分垂向分布特征结果显示,随着沉积深度的增加,TP、黏粒含量和含水率具有显著差异($p<0.05$)。此外,SOC含量整体随沉积深度增加而呈下降趋势,符合坝地表层有机质输入较多、底层相对贫瘠的典型特征。而砂粒含量则持续升高,体现了坝地沉积过程中长期的水力分选效应;含水率的变化趋势与黏粒含量一致,均随深度逐渐降低,反映了坝地土壤质地与持水能力的紧密关联[19]。DOC/SOC和MBC/SOC整体数值较低,且在剖面上的变化幅度较小,表明该降水区的坝地沉积体系以稳定态有机碳库为主导,生物活动性较低。

针对每个降水区,均对该区域内3个坝地的所有土壤样品进行平均值计算(图4—5),相比250~300 mm降水区,在350~400 mm降水区,坝地砂粒含量与pH值显著降低了25.53%,7.34%($p<0.01$)。相反的,350~400 mm降水区坝地土壤的TN、含水率、黏粒与SOC含量分别显著增加了100.00%,102.43%,110.33%,52.16%($p<0.05$)。除此之外,坝地土壤的MBC含量与MBC/SOC,DOC/SOC的比值在250~300 mm降水区均高于350~400 mm降水区,表明降水增加显著改善了坝地沉积环境的养分与水分条件。

2.2 不同降水区坝地土壤细菌群落组成及多样性

针对坝地沉积剖面中250~300 mm降水区的细菌群落分析表明(图6),其组成相对均衡,体现了坝地贫瘠沉积环境对微生物的长期选择压力。在坝地沉积土壤中,放线菌门(Actinomycetota)和酸杆菌门(Acidobacteriota)比例较高,分布范围分别是10.74%~37.16%和13.05%~18.61%,变形菌门的相对丰度处于16.58%~36.02%。此外,绿弯菌门

(Chloroflexota)和芽单胞菌门(Gemmatimonadota)合计比例为16.33%。350～400 mm降水区坝地微生物群落在门水平上发生显著变化(图7):变形菌门(Proteobacteria)在坝地沉积环境中显著富集,其相对丰度升高至24.62%～56.57%,成为优势类群;而放线菌门和酸杆菌门明显降低,分别降至4.65%～28.89%和5.02%～22.31%。表明较高水分条件下,坝地以快速生长和资源响应能力较强的类群更具竞争优势。

表3　不同降水区的坝地土壤理化性质

Table 3　Physicochemical properties of check-dam soils across different precipitation zones

降水/mm	深度/cm	采样点	含水率/%	pH值	砂粒/%	粉粒/%	黏粒/%	SOC/(g·kg^{-1})
250～300	0—20	QH	3.94^{b}	7.67^{a}	67.82^{a}	23.75^{b}	8.44^{b}	2.37^{a}
		QP	17.58^{a}	7.14^{b}	23.68^{b}	36.71^{a}	39.61^{a}	5.45^{a}
		QS	8.75^{ab}	6.96^{b}	63.71^{a}	26.37^{ab}	9.93^{b}	6.18^{a}
	20—40	QH	6.44^{b}	7.65^{a}	68.70^{a}	22.49^{b}	8.81^{b}	2.17^{b}
		QP	7.62	7.33	71.66	20.66	7.68	2.24
		QS	11.83^{a}	7.01^{b}	52.84^{b}	32.02^{a}	15.14^{a}	7.77^{a}
	40—100	QH	7.11^{b}	7.75^{a}	58.65^{a}	23.45^{b}	17.91^{a}	2.72^{a}
		QP	5.39^{a}	7.60^{a}	74.05^{c}	19.51^{b}	6.43^{a}	6.75^{b}
		QS	24.56^{a}	7.56^{a}	43.74^{b}	39.38^{a}	16.89^{a}	4.32^{ab}
350～400	0—20	GH	19.90^{a}	7.00^{a}	34.49^{a}	28.72^{a}	36.80^{a}	6.84^{a}
		GP	31.03^{a}	6.79^{a}	28.69^{a}	32.21^{a}	39.09^{a}	7.28^{a}
		GS	35.15^{a}	7.16^{a}	18.04^{a}	28.46^{a}	53.50^{a}	5.76^{a}
	20—40	GH	5.58^{b}	7.12^{a}	66.34^{a}	18.66^{a}	14.99^{b}	6.15^{a}
		GP	29.79^{a}	6.88^{c}	23.48^{b}	34.36^{a}	42.15^{a}	7.66^{a}
		GS	37.88^{a}	7.01^{b}	17.59^{a}	28.08^{a}	54.32^{a}	5.80^{a}
	40—100	GH	5.86^{b}	6.92^{a}	77.34^{a}	12.14^{b}	10.52^{b}	4.97^{a}
		GP	27.88^{a}	6.93^{a}	49.85^{ab}	26.64^{a}	23.50^{b}	7.02^{a}
		GS	35.22^{a}	6.85^{a}	23.69^{b}	26.61^{a}	49.70^{a}	6.86^{a}

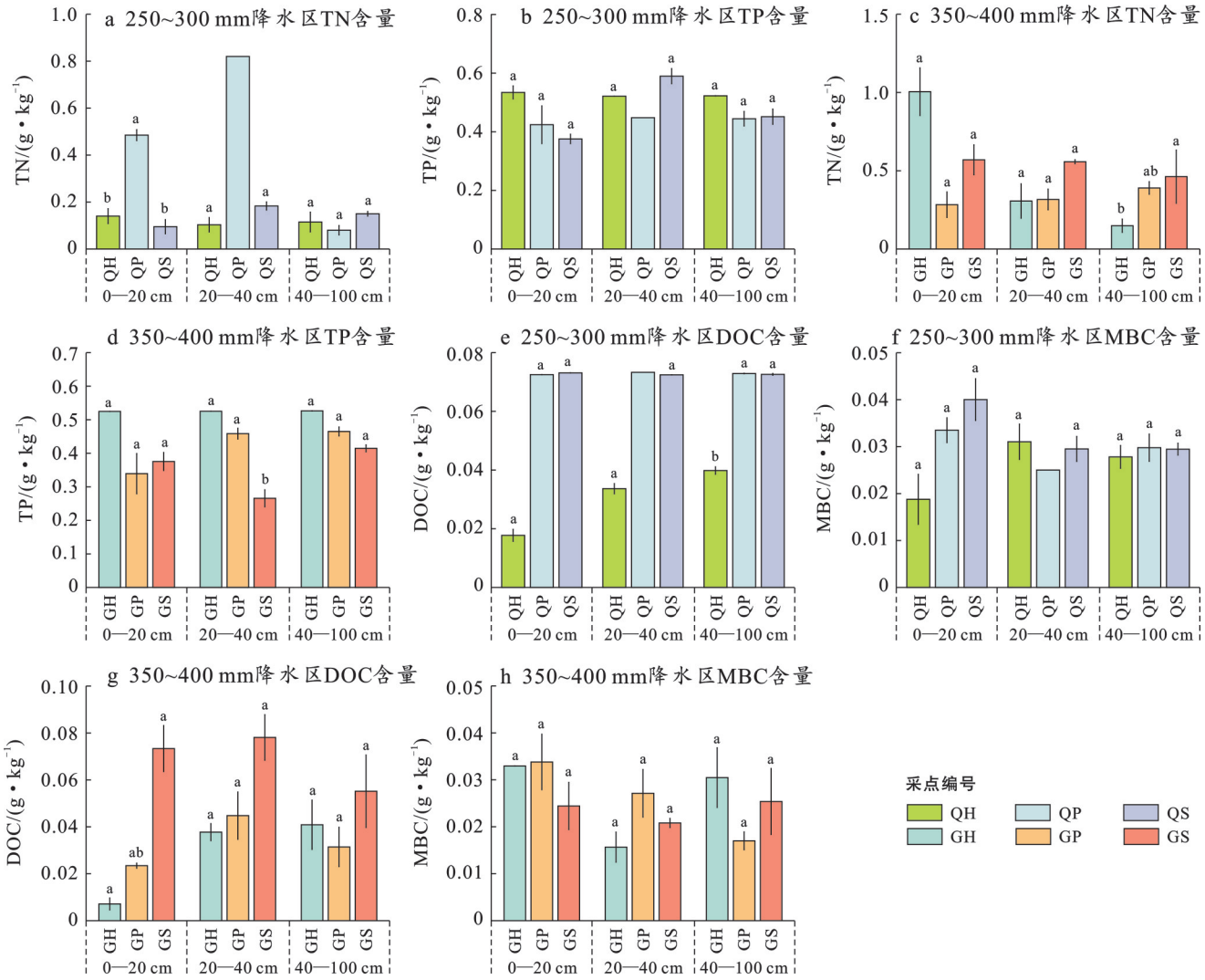
注:不同小写字母代表不同采样点之间的差异显著。下同。

坝地沉积环境的特殊性体现在两个降水区存在已鉴别的共有菌属上(图8—9),包括埃希氏菌属-志贺氏菌属(*Shigella*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、MND1,拟杆菌属(*Bacteroides*)及盖拉氏菌属(*Gaiella*)。其中,350～400 mm降水区坝地土壤以快速生长型菌群(如假单胞菌属、鞘氨醇单胞菌属)占优势,这些菌群能快速利用坝地沉积物中的可利用碳源;而250～300 mm降水区坝地土壤中K策略耐贫瘠菌(如MND1)比例更高,体现了坝地贫瘠环境下微生物的生存策略转变。其中250～300 mm降水区坝地土壤的MND1与埃希氏菌-志贺氏菌属的相对丰度范围分别是2.89%～4.76%和2.36%～13.15%,而假单胞菌属(*Pseudomonas*)的相对丰度普遍较低(相对丰度低于1.50%),相比之下350～400 mm降水区坝地土壤中假单胞菌属的相对丰度明显上升,为3.35%～8.28%。250～300 mm降水区特有菌属包括嗜酸微菌属(*Acidimicrobium*)、假节杆菌属(*Pseudarthrobacter*)、Ellin6067及芽单胞菌属(*Gemmatimonas*);350～400 mm降水区坝地特有菌属包括短杆菌属(*Brevibacterium*)、链球菌属(*Streptococcus*)、IS_44及冷球菌属(*Cryobacterium*)。

此外,坝地微生物多样性在不同降水区的细菌多样性指数分布情况如图10所示,250～300 mm降水区坝地的平均值(9.77)高于300～400 mm降水区(8.24),不同降水区的Shannon指数具有显著差异($p<0.001$),表明较低水分条件可能促进了坝地微生物的功能冗余和生态位分化。

2.3　不同降水区坝地沉积土壤微生物代谢通路

基于MetaCyc数据库对坝地沉积土壤碳稳定相关代谢通路的探讨结果显示,两个降水区的坝地微生物群落主要的3种碳代谢相关通路为坝地碳固定与转化相关的碳代谢(carbon metabolism)、反映坝地有机质分解状态的碳分解(carbon decomposition),以及指示坝地厌氧微环境特征的甲烷代谢(methane metabolism)。结合KEGG官网数据库,查得相对应的酶编码基因,对坝地碳稳定具有影响的代谢通路以及具有显著差异的相关酶编码基因详见表4。



注:不同小写字母代表不同采样点之间的差异显著。下同。

图 2 不同降水区坝地土壤养分及碳组分特征

Fig.2 Characteristics of soil nutrients and carbon fractions in check-dam soils across different precipitation zones

本研究通过对比不同降水条件下坝地微生物群落关键酶的相对丰度差异(表 5),揭示了坝地环境中微生物碳代谢功能的显著分异。相比 250~300 mm 降水区的坝地环境,在 350~400 mm 降水区的坝地沉积土壤中,与坝地碳同化能力密切相关的卡尔文循环的关键酶相对丰度显著升高:果糖-二磷酸醛缩酶(EC:4.1.2.13)、磷酸果糖激酶(EC:2.7.1.19),分别增加了 3.64×10^{4},7.80×10^{3}($p<0.001$)。同时,与坝地有机碳合成与转化相关的糖异生途径的核心酶也呈现相同趋势。结果表明,在较高水分条件的坝地环境中,微生物群落倾向于采取与坝地碳汇功能密切相关的碳固定与合成代谢的主导策略。这为解释坝地作为重要碳汇的微生物机制提供了基因水平证据。

2.4 不同降水区坝地土壤微生物群落对碳稳定性影响

本研究采用 PLS-PM 模型分析不同降水区下坝地土壤中细菌群落对碳稳定性的影响(图 11)。模型基于以下假设:降水条件会直接改变坝地土壤的理化特性,进而影响坝地沉积土壤中微生物群落的组成和多样性,并通过调控微生物代谢活动最终作用于坝地碳的稳定性。利用 SPSS 软件剔除变量间共线性,以生态学理论为指导、模型拟合优度为准则,筛选出各降水区下坝地环境中的关键土壤理化因子组合。

PLS-PM 模型在 250~300 mm 降水区和 350~400 mm 降水区坝地沉积环境的拟合度(Goodness of fit,Godfit)分别为 0.52 和 0.57,表明该模型适配于不同降水区下坝地沉积土壤细菌影响因素的研究。在 250~300 mm 降水区的坝地沉积环境中,细菌群落组成显著抑制细菌多样性(路径系数=−0.52,$p<0.01$),但同时强烈正向驱动碳氢化合物降解功能(路径系数=0.91,$p<0.001$);多样性亦与碳氢化合物呈

显著正相关(路径系数=0.89,$p<0.001$)。碳氢化合物代谢进一步显著提升DOC/SOC(路径系数=0.45,$p<0.01$)以及MBC/SOC(路径系数=0.35,$p<0.05$)。在350~400 mm半湿润区,土壤理化因子对坝地土壤细菌群落组成具有极显著影响(路径系数=0.58,$p<0.001$),其中坝地沉积物黏粒的荷载力最高(0.87),是最关键的控制因子。土壤细菌群落组成与多样性呈显著正相关(路径系数=0.78,$p<0.001$)。

此环境下,碳代谢路径呈现合成与降解双路径协同调控格局,体现了较高水分条件下微生物代谢功能的复杂性与高效性。

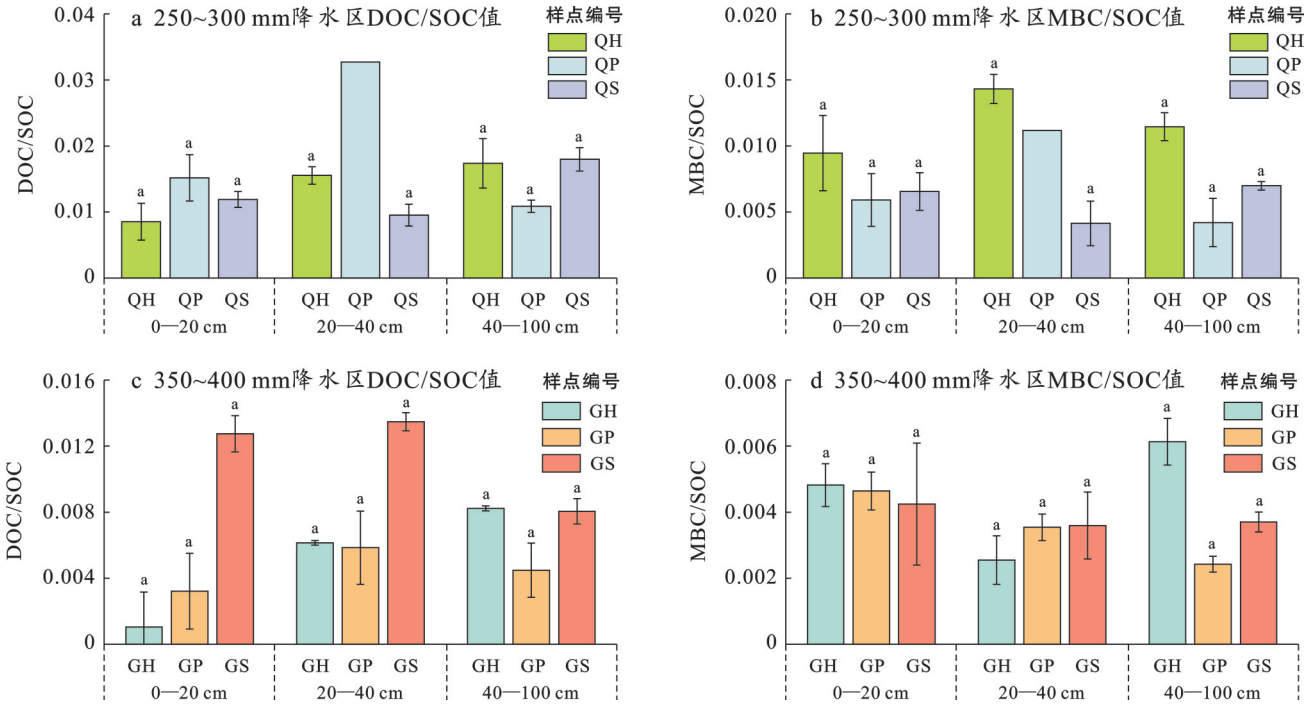
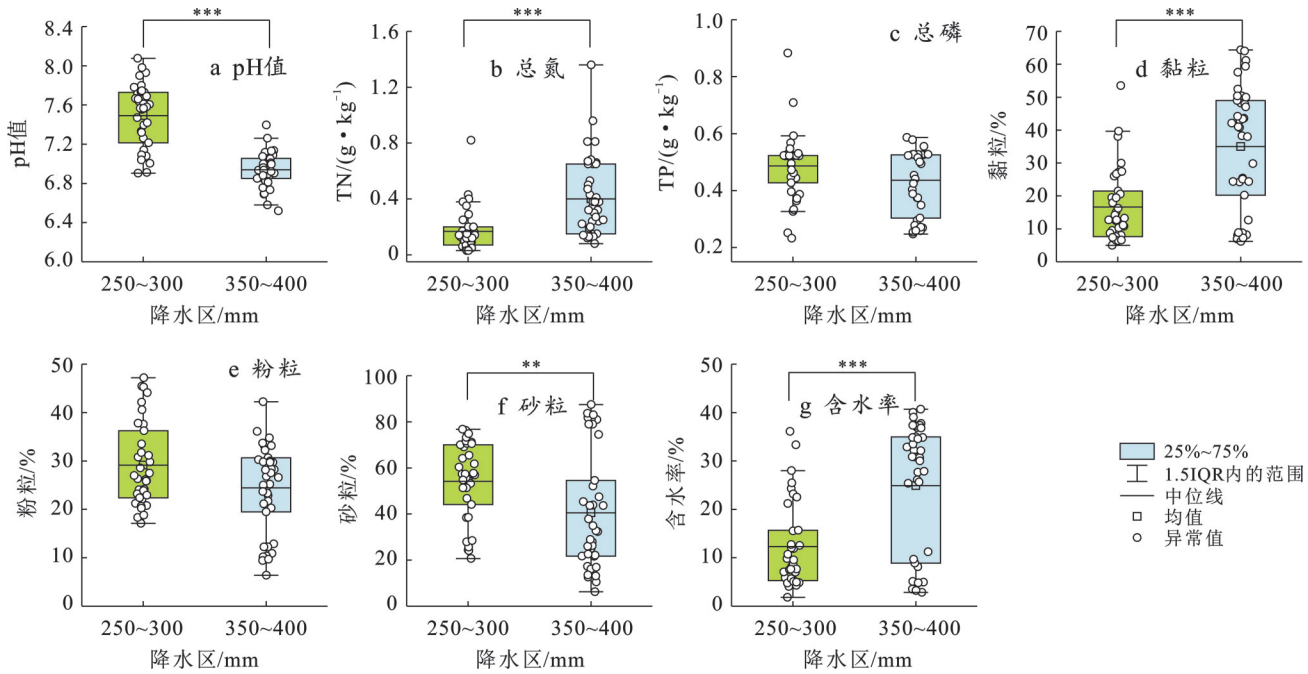


图3　不同降水区坝地土壤的碳组分特征

Fig.3　Characteristics of carbon fractions in check-dam soils across different precipitation zones



注:**,***分别表示不同降水区间在$p<0.01$,$p<0.001$水平的显著差异。下同。

图4　不同降水区的坝地土壤理化性质

Fig.4　Physical and chemical properties of check-dam soils across different precipitation zones

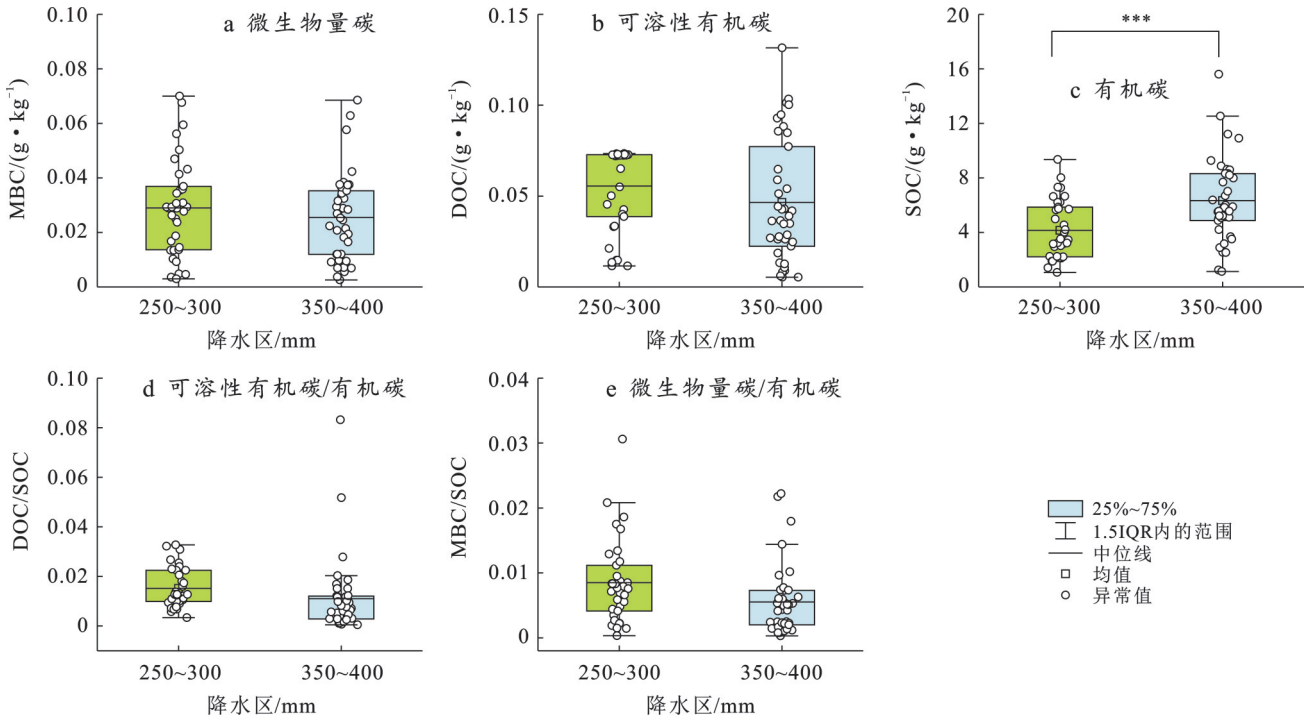


图 5 不同降水区坝地土壤的碳组分

Fig.5 Carbon fractions of check-dam soils across different precipitation zones

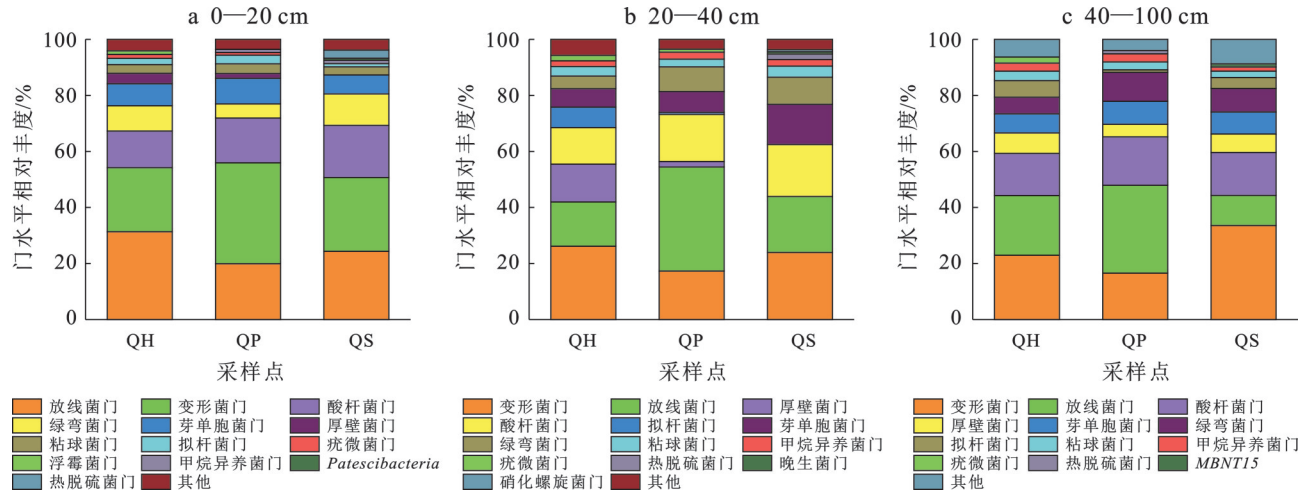


图 6 250~300 mm 降水区细菌群落门水平相对丰度图

Fig.6 Relative abundance of bacterial communities at phylum level in 250—300 mm precipitation zone

3 讨 论

3.1 降水对土壤理化性质与细菌群落的影响

阚尚等[20]研究了黄土高原淤地坝沉积物中细颗粒组分对微生物群落的关键调控作用。本研究在人工坝地系统中验证了这一规律,并进一步揭示了其内在的“物理-生物”协同机制,坝地沉积环境通过“水动力分选-物理吸附”过程富集细颗粒与养分,为微生物代谢功能提供了特定的基质条件。具体而言:与250~300 mm降水区相比,350~400 mm降水区坝地沉积土壤中的TN,SOC和黏粒含量均显著提升,而砂粒含量显著下降。这表明较高降水区的坝地环境塑造了更湿润且细粒化的沉积环境。黏粒的增加提升了比表面积与吸附位点,增强了对有机质和养分的物理吸附,促进了SOC与TN的富集[21]。同时,水分是坝地微生物过程的关键限制因子[22]。一方面,促进溶解性有机质的迁移输入,增加底物可利用性[23];另一方面强化了黏粒胶体的团聚与絮凝效应,促进有机质-矿物复合体的形成,提升碳的保护程度。水分驱动的理化环境变化(如氧化还原条件)进而重塑了微生物群落。本研究结果发现,降水增多导致的土壤水分含量较高对土壤微生物多样性具有明显抑制作用。

350～400 mm降水区相比250～300 mm降水区的香农指数显著降低了15.67%,这与较高水分环境对微生物多样性的抑制作用一致[23]。此外,环境筛选驱动了微生物生活史策略的显著分异。基于“营养生态位”模型[24],本研究观察到降水梯度诱导了典型的r/K策略分异:在350～400 mm的降水区的坝地沉积土壤中细菌群落的变形菌门(r-策略菌)的相对丰度显著高于250～300 mm降水区(p<0.01),符合高资源环境下r-策略菌快速增殖的生态理论。已有研究[25]表明,放线菌门的富集可能与碳循环效率有关。本研究中,250～300 mm降水区的放线菌门(K-策略菌)与绿弯菌门的相对丰度均显著高于350～400 mm降水区(p<0.001),这与孙欣等[26]的研究结果一致。绿弯菌门的相对丰度的增加的原因可能与其可以通过合成代谢途径为细菌群落提供碳源物质有关[27];而放线菌具有对木质素和纤维素进行分解的能力,可以为坝地土壤中微生物的生长提供更多的营养物质,因此在干旱程度较高的250～300 mm降水区中相对丰度显著增加。

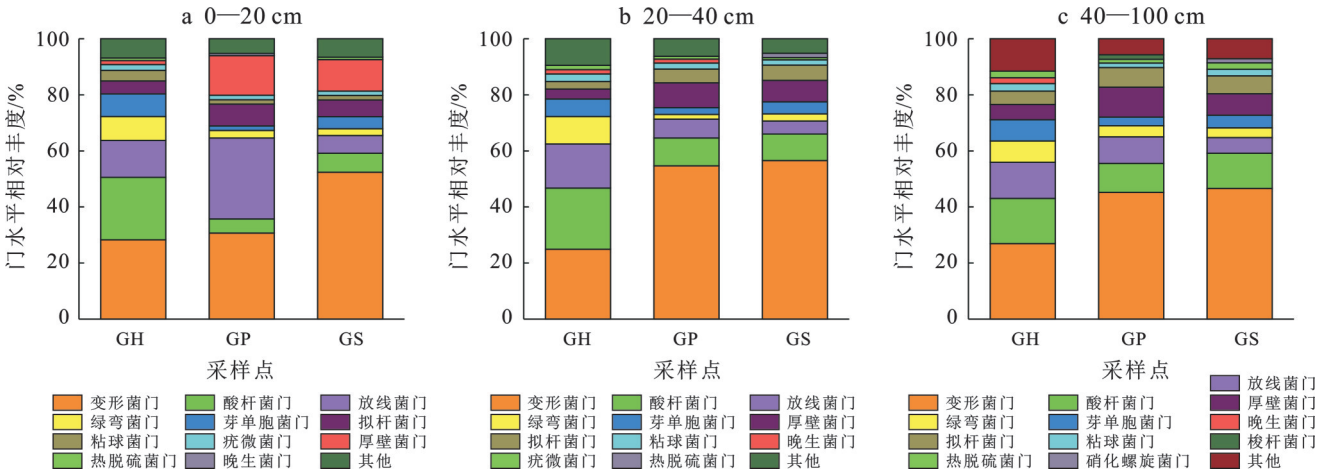


图 7　350~400 mm 降水区细菌群落门水平相对丰度图

Fig.7　Relative abundance of bacterial communities at phylum level in 350—400 mm precipitation zone

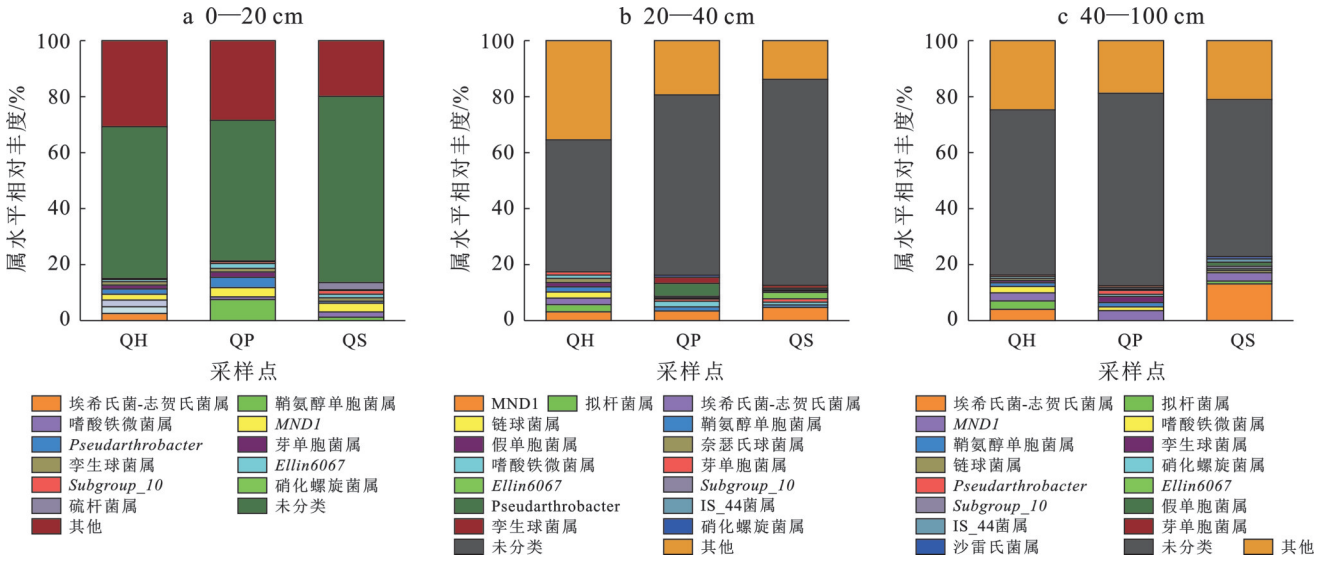


图 8　250~300 mm 降水区细菌群落属水平相对丰度图

Fig.8　Relative abundance of bacterial communities at genus level in 250—300 mm precipitation zone

3.2　细菌群落结构及其碳代谢功能对碳稳定性的调控机制

已有研究[28]表明在干旱胁迫下,由K-策略菌主导的群落更倾向于利用顽固性碳源,从而促进难降解有机碳的矿化过程。

相应的,本研究结果显示在250～300 mm降水区的坝地环境中DOC/SOC与MBC/SOC的平均值,分别比350～400 mm降水区增高了26.67%,25.00%。在350～400 mm降水区的坝地形成了以变形菌门(r-策略菌)为核心的细菌群落,且卡尔文循环与糖异生途径的关键酶(如果糖-二磷酸醛缩酶等)的相对丰度相较于250～300 mm降水区显著

上调($p<0.001$)。

依据“微生物碳泵”和“矿物碳泵”理论[29],增强的固碳代谢促进了微生物衍生物质的生成,这些产物经迭代转化形成稳定的矿物结合态有机碳。

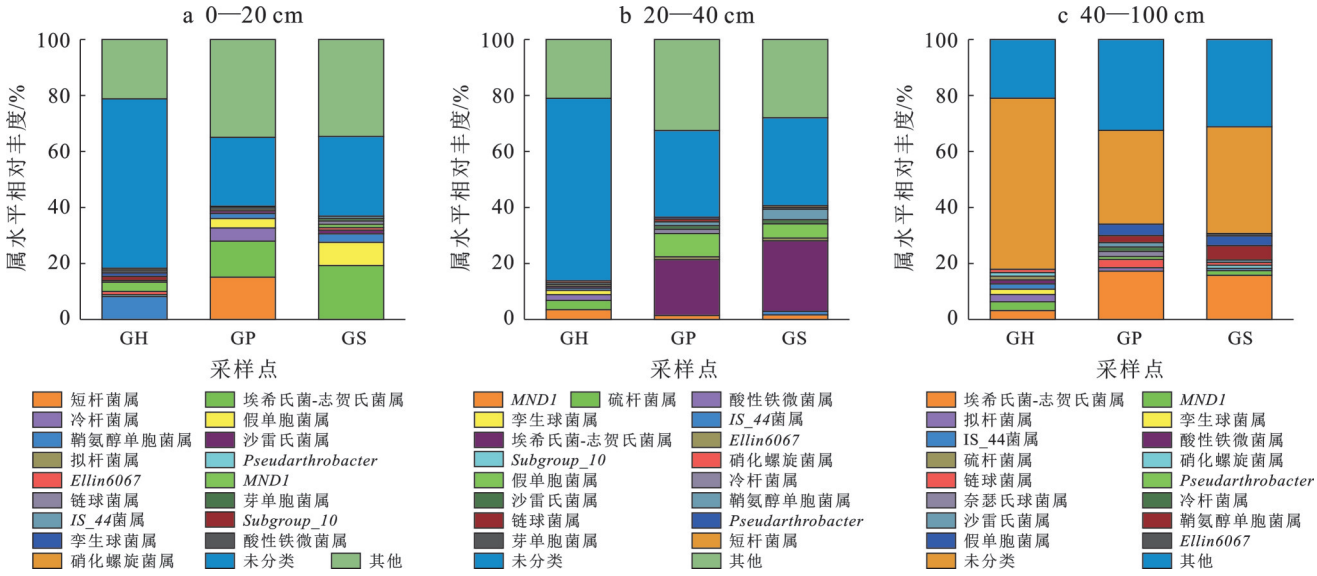


图 9 350~400 mm 降水区细菌群落属水平相对丰度图

Fig.9 Relative abundance of bacterial communities at genus level in 350—400 mm precipitation zone

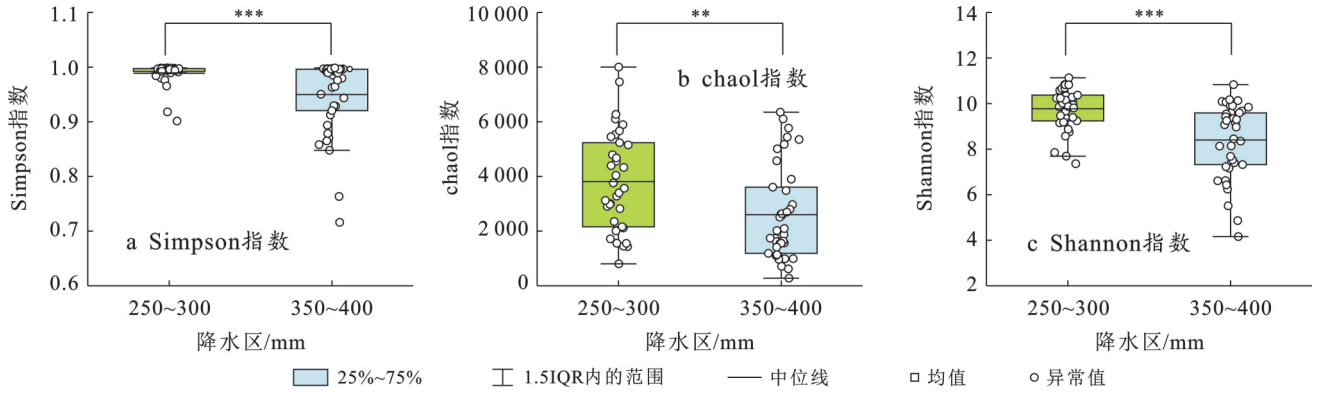


图 10 不同降水区细菌群落多样性

Fig.10 Bacterial community diversity across different precipitation zones

表 4 基于 MetaCyc 数据库的代谢通路

Table 4 Metabolic pathways based on MetaCyc database

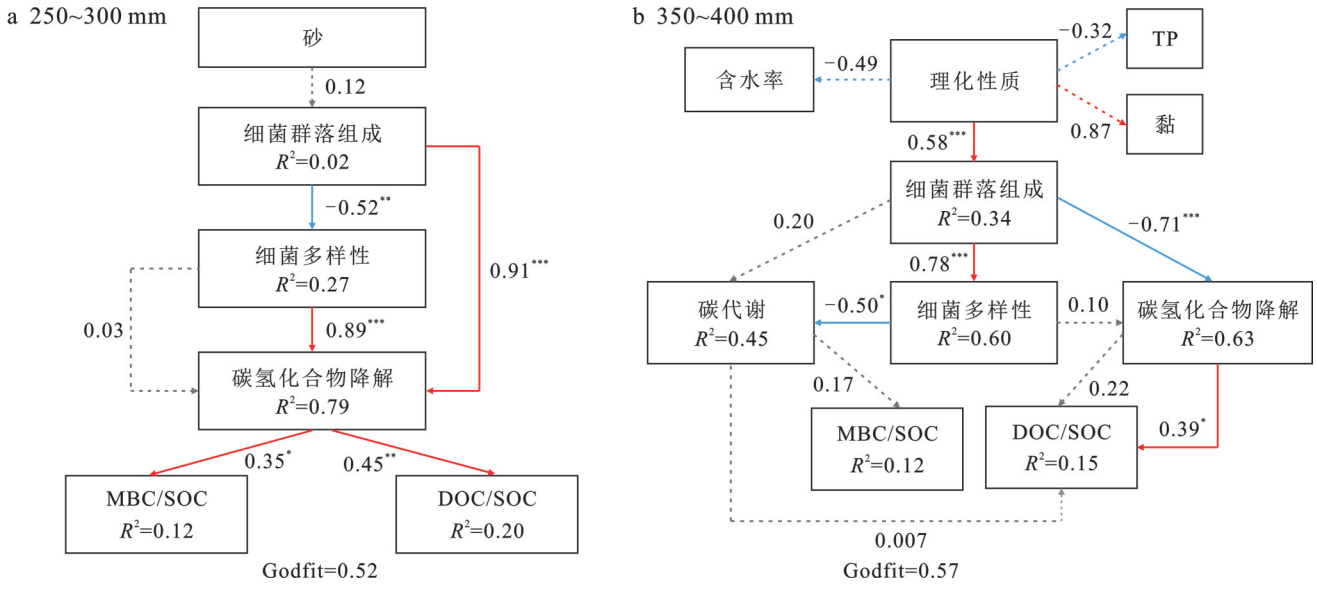
分 类	英文名称	中文名称
碳代谢	CALVIN-PWY	卡尔文循环
	GLUCONEO-PWY	糖异生途径
	GLYCOLYSIS	糖酵解途径
	GLYCOLYSIS-E-D	糖酵解
	ANAEROFRUCAT-PWY	厌氧果糖降解途径
	PWY-5484	糖原降解Ⅱ途径
碳分解	GALLATE-DEGRADATION-Ⅰ-PWY	没食子酸酯降解Ⅰ途径
	METHYLGALLATE-DEGRADATION-PWY	甲基没食子酸酯降解途径
	CENTFERM-PWY	同型乳酸发酵途径
	PWY-6572	乙酰辅酶A发酵至丁酸酯途径
甲烷代谢	METH-ACETATE-PWY	乙酸产甲烷途径
	METHANOGENESIS-PWY	产甲烷作用

表 5　碳代谢通路以及相关酶相对丰度

Table 5　Relative abundance of carbon metabolic pathways and related enzymes

代谢通路	酶编号	中文名称	显著性	相对丰度/10^4	
				250～300 mm	350～400 mm
CALVIN-PWY	EC:3.1.3.11	果糖-1,6－二磷酸酶	**	4.554	6.395
	EC:4.1.2.13	果糖-二磷酸醛缩酶	***	5.730	9.371
	EC:5.3.1.1	磷酸丙糖异构酶	**	4.471	5.759
	EC:2.7.2.3	磷酸甘油酸激酶	**	4.392	5.649
	EC:2.7.1.19	磷酸果糖激酶	***	0.655	1.431
	EC:5.3.1.6	磷酸核糖异构酶	**	5.169	7.342
	EC:2.2.1.1	转酮酶	**	7.779	11.024
	EC:5.1.3.1	差向异构酶	**	4.476	5.748
GLUCONEO-PWY	EC:1.1.1.37	苹果酸脱氢酶	*	3.899	4.733
	EC:4.1.1.49	磷酸烯醇式丙酮酸羧激酶	***	1.319	2.650
	EC:1.1.1.40	苹果酸酶	***	1.979	3.587
	EC:4.2.1.11	烯醇化酶	**	4.419	5.723
	EC:2.7.2.3	磷酸甘油酸激酶	**	4.392	5.649
	EC:1.2.1.12	甘油醛-3-磷酸脱氢酶	***	5.080	7.585
	EC:5.3.1.1	磷酸丙糖异构酶	**	4.471	5.759
	EC:4.1.2.13	果糖-二磷酸醛缩酶	***	5.730	9.371
	EC:3.1.3.11	果糖-1,6-二磷酸酶	**	4.554	6.395
	EC:5.3.1.9	葡萄糖-6-磷酸异构酶	*	5.174	6.300
PWY-6572	EC:4.2.2.5	果胶裂解酶	**	0.021	0.020
	EC:4.2.2.20		**	0.025	0.031
	EC:4.2.2.21		**	0.025	0.031
	EC:4.2.2.20		**	0.025	0.031

注:*,**,***分别表示 $p<0.05$,$p<0.01$,$p<0.001$ 水平关键酶在不同降水区之间的显著差异。



注:其中蓝色代表负相关,红色代表正相关,灰色代表不显著。

图 11　不同降水区细菌群落组成对碳稳定性影响的 PLS-PM 模型

Fig.11　PLS-PM model of effects of bacterial community composition on carbon stability across different precipitation zones

依据联合国干旱分区标准(UNEP,1997;FAO,2010),本研究中的250～300 mm区域属于典型干旱生态系统,微生物长期处于水分胁迫状态;350～400 mm区域属于半干旱区,形成相对富水的坝地沉积环境。降水量增加显著提升了微生物群落中自养固碳相关代谢通路丰度(如卡尔文循环),提高了生态系统的碳固定潜力。相反,干旱则促使群落依赖异养分解,导致碳稳定性在不同降水区呈显著差异[30]。PLS-PM模型进一步验证了这一机制,在250～300 mm降水区,与DOC/SOC,MBC/SOC具有显著相关的代谢通路是碳氢化合物降解通路。本研究结果与Li Yi等[31]关于K-策略菌主导区倾向碳固存的结论存在差异,可能源于水分背景不同,本研究区处于干旱-半干旱过渡带,水分改善主要起激发效应,微生物优先分解复杂有机质以获取能量。而在350～400 mm降水区,微生物群落结构向富养型r-策略菌(如变形菌门)倾斜。卡尔文循环与糖异生途径关键酶的相对丰度上调,从酶水平上支撑了"碳固定增强"的推论,与Fierer N等[28]关于降雨调控固碳细菌群落的结构来影响固碳潜力的研究一致。本研究揭示了细菌群落结构与代谢功能在不同水分条件下对碳稳定性的差异化调控机制,干旱背景下优先分解代谢,碳稳定性降低;水分改善后固碳代谢增强,促进碳固存。该结果为理解降水格局变化对坝地碳循环的影响提供了微生物生态学证据,也为预测坝地碳汇功能对气候变化的响应提供了理论依据。

4 结 论

(1) 与250～300 mm降水区坝地土壤相比,350～400 mm降水区坝地土壤的TN、含水率、黏粒和SOC含量显著提升($p<0.05$),而砂粒、pH值则显著下降($p<0.01$)。粉粒的含量无显著差异($p>0.05$)。这说明降水增多有助于土壤中细颗粒和养分的滞留,增强坝地持肥能力,促进坝地土壤肥力。

(2) 350～400 mm降水区坝地土壤以快速生长型细菌群落为主,而250～300 mm降水区坝地土壤中的细菌群落则以耐贫瘠、慢生型类群占优势,群落结构组成相对均衡。坝地内滞水与高含水环境有利于富集具有高代谢活性的r-策略菌,而干旱条件下的坝地则更有利于形成适应干湿交替的K-策略菌。

(3) 在250～300 mm的坝地土壤中,以放线菌门为代表的K-策略菌成为主导。它通过强化碳分解通路降低碳稳定性。在350～400 mm的降水区的坝地土壤中,以变形菌门为代表的r-策略菌被富集,其具有的卡尔文循环等固碳代谢功能有效促进土壤碳稳定性。不同降水条件显著改变了坝地微生物的碳代谢功能,较高降水有利于微生物介导的碳截留,从而提升坝地系统的碳汇与肥力维持潜力。

参考文献(References)

[1] 朱义族,李雅颖,韩继刚,等.水分条件变化对土壤微生物的影响及其响应机制研究进展[J].应用生态学报,2019,30(12):4323-4332.
Zhu Yizu, Li Yaying, Han Jigang, et al. Effects of changes in water status on soil microbes and their response mechanism: A review [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2019,30(12):4323-4332.

[2] 宋文婕,梁誉正,陶贞,等.微生物介导的土壤有机碳动态研究进展[J].地球科学进展,2023,38(12):1213-1223.
Song Wenjie, Liang Yuzheng, Tao Zhen, et al. Advances on soil organic carbon dynamics mediated by microorganisms [J]. Advances in Earth Science, 2023, 38(12):1213-1223.

[3] 郑发辉,饶德军,杨衍辉,等.森林土壤碳库与微生物群落的关系[J].南方林业科学,2024,52(2):70-74.
Zheng Fahui, Rao Dejun, Yang Yanhui, et al. The forest soil carbon pool and the relationship to microbial community [J]. South China Forestry Science, 2024, 52(2):70-74.

[4] 唐志伟,翁颖,朱夏童,等.秸秆还田下中国农田土壤微生物生物量碳变化及其影响因素的Meta分析[J].生态环境学报,2023,32(9):1552-1562.
Tang Zhiwei, Weng Ying, Zhu Xiatong, et al. Meta-analysis of soil microbial mass carbon and its influencing factors in farmland in China under straw return [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2023,32(9):1552-1562.

[5] 师立鹏,谷会岩,王秀伟.典型黑土区不同树种退耕还林地土壤活性有机碳差异及其影响因素[J].生态学报,2025,45(1):103-111.
Shi Lipeng, Gu Huiyan, Wang Xiuwei. Vertical variation patterns of soil labile organic carbon under the different tree species for the grain for green project in typical black soil region [J]. Acta Ecologica Sinica, 2025, 45(1):103-111.

[6] 杨玉盛,郭剑芬,陈光水,等.森林生态系统DOM的来源、特性及流动[J].生态学报,2003,23(3):547-558.
Yang Yusheng, Guo Jianfen, Chen Guangshui, et al. Origin, property and flux of dissolved organic matter in forest ecosystems [J]. Acta Ecologica Sinica, 2003, 23(3):547-558.

[7] 张蛟,崔士友,陈澎军,等.沿海滩涂水稻种植对土壤微生物量碳和水溶性有机碳的影响[J].江苏农业科学,2022,50(17):222-228.
Zhang Jiao, Cui Shiyou, Chen Pengjun, et al. Effects of

rice cultivation in coastal beach reclamation areas on soil microbial biomass carbon and water-soluble organic carbon [J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2022,50(17):222-228.

[8] Li Na, Wang Baorong, Huang Yimei, et al. Response of cbbL-harboring microorganisms to precipitation changes in a naturally-restored grassland [J]. Science of the Total Environment, 2022,838:156191.

[9] 李俊达,丁一秀,刘涛,等.鄂尔多斯高原地区的黏细菌资源及其拮抗致病疫霉活性[J].微生物学通报,2024,51(3):815-831.
Li Junda, Ding Yixiu, Liu Tao, et al. Myxobacterium resources in Ordos Plateau: Distribution and antagonistic activity against *Phytophthora infestans* [J]. Microbiology China, 2024,51(3):815-831.

[10] 张晓云,张兵,郭跃,等.2000—2020年鄂尔多斯生长季植被覆盖对气候变化和人类活动的响应[J].生态学报,2026,46(4):2120-2134.
Zhang Xiaoyun, Zhang Bing, Guo Yue, et al. Response of vegetation cover to climate change and human activities during the growing season in Ordos from 2000 to 2020 [J]. Acta Ecologica Sinica, 2026, 46(4): 2120-2134.

[11] 张新时.毛乌素沙地的生态背景及其草地建设的原则与优化模式[J].植物生态学报,1994,18(1):1-16.
Zhang Xinshi. Principles and optimal models for development of Maowusu sandy grassland [J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 1994,18(1):1-16.

[12] 彭守璋.中国 1 km 逐月潜在蒸散发数据集(1901—2024)[DS/OL].(2025-07-02)[2025-12-23].国家青藏高原科学数据中心, https://doi.org/10.11866/db.loess.2021.001.
Peng Shouzhang. 1 km monthly potential evapotranspiration dataset for China (1901—2024) [DS/OL]. (2025-07-02) [2025-12-23]. National Xizangan Plateau/Third Pole Environment Data Center, https://doi.org/10.11866/db.loess.2021.001.

[13] 方康,徐国策,李鹏,等.大理河沉积物微生物碳源利用特征及其影响因素[J].生态学报,2023,43(13):5571-5580.
Fang Kang, Xu Guoce, Li Peng, et al. Characteristics and influencing factors of microbial carbon source utilization in Dali River sediments [J]. Acta Ecologica Sinica, 2023,43(13):5571-5580.

[14] 陈新,徐国策,李清顺,等.大理河消落带土壤微生物群落功能多样性[J].水土保持研究,2023,30(5):193-200.
Chen Xin, Xu Guoce, Li Qingshun, et al. Functional diversity of soil microbial communities in the water-level-fluctuating zone of Dali River [J]. Research of Soil and Water Conservation, 2023,30(5):193-200.

[15] 曹鼎峰,施斌,严珺凡,等.基于C-DTS的土壤含水率分布式测定方法研究[J].岩土工程学报,2014,36(5):910-915.
Cao Dingfeng, Shi Bin, Yan Junfan, et al. Distributed method for measuring moisture content of soils based on C-DTS [J]. Chinese Journal of Geotechnical Engineering, 2014,36(5):910-915.

[16] 肖烨,黄志刚,武海涛,等.三江平原不同湿地类型土壤活性有机碳组分及含量差异[J].生态学报,2015,35(23):7625-7633.
Xiao Ye, Huang Zhigang, Wu Haitao, et al. Compositions and contents of active organic carbon in different wetland soils in Sanjiang Plain, northeast China [J]. Acta Ecologica Sinica, 2015,35(23):7625-7633.

[17] Kachiprath B, Jayanath G, Solomon S, et al. CTAB influenced differential elution of metagenomic DNA from saltpan and marine sediments [J]. 3 Biotech, 2018,8(1):44.

[18] 张蒙蒙,徐国策,张铁钢,等.放牧强度对荒漠草原土壤微生物群落特征的影响[J].水土保持学报,2024,38(3):306-313.
Zhang Mengmeng, Xu Guoce, Zhang Tiegang, et al. Effects of grazing intensity on soil microbial community characteristics in desert steppe [J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2024,38(3):306-313.

[19] 王云强,张兴昌,韩凤朋.黄土高原淤地坝土壤性质剖面变化规律及其功能探讨[J].环境科学,2008,29(4):1020-1026.
Wang Yunqiang, Zhang Xingchang, Han Fengpeng. Profile variability of soil properties in check dam on the Loess Plateau and its functions [J]. Environmental Science, 2008,29(4):1020-1026.

[20] 阚尚,李福春,田智宇,等.陕西靖边花豹湾聚湫坝地土壤微生物群落结构特征及其影响因子[J].土壤,2016,48(2):291-297.
Kan Shang, Li Fuchun, Tian Zhiyu, et al. Characteristics and influencing factors of soil microbial community structure of Huabaowan landslide reservoir in Jingbian, Shaanxi [J]. Soils, 2016,48(2):291-297.

[21] 白永会,查轩,吴伟成,等.植被恢复花岗岩红壤土壤颗粒组成及土壤养分储量特征[J].水土保持研究,2024,31(3):179-186.
Bai Yonghui, Zha Xuan, Wu Weicheng, et al. Characteristics of soil particle composition and soil nutrient storage in vegetated granite red soil [J]. Research of Soil and Water Conservation, 2024,31(3):179-186.

[22] 王震,刘颖,杨明义,等.坝地剖面泥沙有机碳分解特征及其影响因素[J].应用生态学报,2022,33(10):2635-2643.

Wang Zhen, Liu Ying, Yang Mingyi, et al. Characteristics and factors influencing organic carbon decomposition in sediment in check dams [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2022,33(10):2635-2643.

[23] Gordon H, Haygarth P M, Bardgett R D. Drying and rewetting effects on soil microbial community composition and nutrient leaching [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2008,40(2):302-311.

[24] 中央民族大学学报,K策略和r策略简介[J].中央民族大学学报(自然科学版),2019,28(3):20.
Joural of Minzu Oniversity of China. Brief introduction of K strategy and r strategy [J]. Journal of Minzu University of China (Natural Sciences Edition), 2019, 28(3):20.

[25] 李娜,王宝荣,安韶山,等.黄土高原草地土壤细菌群落结构对于降水变化的响应[J].环境科学,2020,41(9):4284-4293.
Li Na, Wang Baorong, An Shaoshan, et al. Response of soil bacterial community structure to precipitation change in grassland of Loess Plateau [J]. Environmental Science, 2020,41(9):4284-4293.

[26] 孙欣.半干旱草原微生物物种组成和功能基因对降水变化的响应[D].北京:清华大学,2015.
Sun Xin. Responses of microbial community taxonomic composition and functional genes to precipitation changes in semi-arid grasslands [D]. Beijing: Tsinghua University, 2015.

[27] 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.

[28] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological classification of soil bacteria [J]. Ecology, 2007, 88(6):1354-1364.

[29] 郭强,韩子琛,夏允,等.土壤微生物固碳机理及其影响因素研究进展[J].植物生态学报,2024,48(11):1406-1421.
Guo Qiang, Han Zichen, Xia Yun, et al. Study advances on the mechanism of soil microbial carbon fixation and associated influencing factors [J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2024,48(11):1406-1421.

[30] Sun Kai, Yang Rong, Liu Jiliang, et al. Precipitation changes reshape desert soil microbial community assembly and potential functions [J]. Environmental Research, 2025,270:120958.

[31] Li Yi, Liang Xiaodan, Yang Nan, et al. Moisture-driven microbial regime shifts mediate nutrient dynamics in reservoir riparian zones [J]. Water Research, 2025, 287:124309.

(上接第88页)

[29] 袁在翔,关庆伟,李俊杰,等.不同植被恢复模式对紫金山森林土壤理化性质的影响[J].东北林业大学学报,2022,50(1):52-57.
Yuan Zaixiang, Guan Qingwei, Li Junjie, et al. Effect of various vegetation restoration types on soil physiochemical properties [J]. Journal of Northeast Forestry University, 2022,50(1):52-57.

[30] 宋泽海,田沛.土壤微生物在土壤改良与修复中的作用概述[J].草业科学,2024,41(11):2622-2636.
Song Zehai, Tian Pei. A review of soil microorganism functions in soil improvement and remediation [J]. Pratacultural Science, 2024,41(11):2622-2636.

[31] 武海雯,杨秀艳,王计平,等.沙枣改善盐碱土壤养分的研究进展[J].生态学杂志,2019,38(11):3527-3534.
Wu Haiwen, Yang Xiuyan, Wang Jiping, et al. A review on the improvement of salt-affected soil nutrients by *Elaeagnus angustifolia* L. [J]. Chinese Journal of Ecology, 2019,38(11):3527-3534.

[32] 陈伯洲,胡建华,吴威,等.白龙江流域不同植被类型修复模式下土壤理化性质与边坡稳定性[J].山地学报,2024,42(2):260-277.
Chen Bozhou, Hu Jianhua, Wu Wei, et al. Physicochemical properties of soil under restorationof different vegetation types and resulting slope stabilityin the Bailong River basin, China [J]. Mountain Research, 2024, 42(2):260-277.

[33] 毕银丽,李向磊,彭苏萍,等.露天矿区植物多样性与土壤养分空间变异性特征[J].煤炭科学技术,2020,48(12):205-213.
Bi Yinli, Li Xianglei, Peng Suping, et al. Characteristics of spatial variability of plant diversity and soil nutrientsopen-pit mining area [J]. Coal Science and Technology, 2020, 48(12):205-213.

[34] Feng Ling, Yu Lifei, Wang Yang, et al. The effects of the functional redundancy and functional diversity on the community stability in different stages of the plant communities restoration in Karst vegetation[J]. Ecology and Environment, 2022,31(4):670-678.

[35] 王洪丹,王金满,曹银贵,等.黄土区露天煤矿排土场土壤与地形因子对植被恢复的影响[J].生态学报,2016,36(16):5098-5108.
Wang Hongdan, Wang Jinman, Cao Yingui, et al. Effect of soil and topography on vegetation restoration in an opencast coal mine dump in a loess area [J]. Acta Ecologica Sinica, 2016, 36(16):5098-5108.