

研究报告



模拟增温对青海湖鸟岛土壤微生物的影响

章妮^{1,2} 陈克龙^{*2,3} 王恒生⁴ 杨阳^{1,2}

1 青海师范大学生命科学学院 青海 西宁 810008

2 青海省自然地理与环境过程重点实验室 青海 西宁 810008

3 青海师范大学 青海 西宁 810008

4 合肥师范学院生命科学学院 安徽 合肥 230061

摘要:【背景】土壤微生物对其生存的微环境变化极为敏感,鸟岛作为湖滨湿地,对气候变化具有敏感性,但目前关于青海湖鸟岛的土壤微生物鲜有研究。【目的】探究气候变暖后青海湖鸟岛土壤微生物群落特征的变化。【方法】利用开顶箱模拟增温,通过高通量测序方法了解温度升高后土壤细菌及真菌的群落结构以及多样性的变化情况。【结果】温度的升高并未改变青海湖鸟岛土壤微生物的优势菌群,细菌优势菌群为变形菌门和酸杆菌门;真菌优势菌门为子囊菌门,优势菌纲为座囊菌纲。但增温改变了土壤微生物的群落结构,显著升高了拟杆菌门、蓝细菌门、*Patescibacteria* 及球囊菌纲的相对丰度,显著降低了锤舌菌纲的相对丰度。土壤微生物群落的多样性指数也发生了变化,温度上升后微生物的 ACE 指数及 Chao1 指数均降低,细菌的 Simpson 指数及真菌的 Shannon 指数降低。【结论】青海湖鸟岛土壤微生物对温度升高的响应明显,增温改变了土壤细菌拟杆菌门、蓝细菌门、*Patescibacteria* 的相对丰度及真菌的球囊菌纲、锤舌菌纲的相对丰度,降低了土壤微生物的多样性。

关键词: 增温, 鸟岛, 土壤微生物, 高通量测序

Effect of simulated warming on soil microorganism of bird island in Qinghai lake

ZHANG Ni^{1,2} CHEN Kelong^{*2,3} WANG Hengsheng⁴ YANG Yang^{1,2}

1 College of Life Sciences, Qinghai Normal University, Xining, Qinghai 810008, China

2 Qinghai Key Laboratory of Physical Geography and Environmental Processes, Xining, Qinghai 810008, China

3 Qinghai Normal University, Xining, Qinghai 810008, China

4 College of Life Sciences, Hefei Normal University, Hefei, Anhui 230061, China

Abstract: [Background] Soil microorganisms are very sensitive to the changes of the microenvironment

Foundation items: National Natural Science Foundation of China (41661023); Key Technologies Research and Development Program of China (2017YFC0403601); Project of Qinghai Provincial Department of Science and Technology (2017-ZJ-720, 2018-ZJ-T09)

***Corresponding author:** E-mail: ck17813@163.com

Received: 20-05-2020; **Accepted:** 14-08-2020; **Published online:** 30-09-2020

基金项目: 国家自然科学基金(41661023); 国家科技支撑计划(2017YFC0403601); 青海省科技厅项目(2017-ZJ-720, 2018-ZJ-T09)

***通信作者:** E-mail: ck17813@163.com

收稿日期: 2020-05-20; **接受日期:** 2020-08-14; **网络首发日期:** 2020-09-30

where they live. Bird island, as a lakeside wetland, is sensitive to climate change. However, there are few studies on soil microorganisms at bird island in Qinghai lake. **[Objective]** In order to explore the changes of soil microbial community characteristics in the bird island of Qinghai lake after climate warming. **[Methods]** Open-top chamber simulation was used to understand the community structure and diversity changes of soil bacteria and fungi after temperature rise through high-throughput sequencing method. **[Results]** The increase in temperature did not change the dominant microbial flora of soil microorganisms in bird island of Qinghai lake. The dominant bacterial flora was *Proteobacteria* and *Acidobacteria*; the dominant fungi were *Ascomycota*. Temperature increase changed the soil microbial community structure, significantly increased the relative abundance of *Bacteroidetes*, *Cyanobacteria*, *Patescibacteria* and *Cystobasidiomycetes*, and significantly reduced the relative abundance of *Leotiomycetes*. The diversity index of the soil microbial community has changed. After the temperature rises, the ACE index and Chao1 index of the microorganisms decrease, and the Simpson index of bacteria and Shannon index of fungi decrease. **[Conclusion]** Soil microorganisms respond significantly to temperature rise, and the community structure and diversity of microorganisms have changed since temperature rise.

Keywords: warming, bird island, soil microorganism, high-throughput sequencing

土壤微生物是土壤系统的重要组成部分,也是地球上物种及多样性极为丰富的一类生物,对有机质的形成分解、能量流动及物质循环都有着驱动作用,在湿地生态系统中也扮演着不可或缺的角色^[1-2]。青藏高原的湿地面积约占全国湿地的1/3^[3],张宪洲等的研究表明,青藏高原因其独特的地理位置造就了特有的生态环境,生态系统具有复杂多样性^[4],为土壤微生物的物种多样性提供了良好的环境。土壤微生物对温度变化较为敏感,对温度升高响应明显^[5],朱永官等也研究表明土壤微生物驱动了生态系统温室气体的排放,可能会促进地球增温^[6]。联合国政府间气候变化专门委员会(Intergovernmental Panel on Climate Change, IPCC)第5次报告指出,工业革命以来大量化学燃料的燃烧以及人类活动增加了温室气体的排放,导致了全球变暖,同时还表明,截至21世纪末,全球气温最高将上升4.3℃^[7]。气候变暖显著影响全球的生态系统和生物多样性^[8]。青藏高原作为平均海拔4000 m的高海拔地区,被誉为“世界屋脊”及“地球第三极”,是全球气候变化最明显的地区之一^[9]。吴芳营等的研究也表明,青藏高原对全球变暖的差异大于0.5℃,冬季尤为明显^[10]。青海湖位于青藏高原东北部,其气候变化具有一定的异质性^[11],对温度变化也有着极高的敏感性。

青海湖鸟岛位于青海湖西北角,土地类型为湖滨湿地,是我国以保护水禽为主的国家级自然保护区,包括蛋岛、鸟岛、海心岛等岛屿^[12]。湖滨湿地作为湿地生态系统结构与功能的核心部分^[13],在涵养水源、调节气候、保持生物多样性、维持生态平衡等方面都发挥重要作用^[14-15],因此,青海湖鸟岛生态系统机制的探究存在必要性。近年来,对青海湖鸟岛地区的研究都集中于植物群落的结构、多样性、演替及土壤酶活性等方面^[16-21],对青海湖鸟岛土壤微生物群落特征鲜有研究。目前已有的微生物群落对增温响应的研究表明,增温显著改变了土壤微生物群落结构,使细菌相对丰度增加、真菌相对丰度降低^[22-23]。本文旨在探究增温对青海湖鸟岛土壤微生物群落特征变化的影响,以期气候变暖下湖滨湿地生态系统的多样性保护提供参考依据,对进一步了解湿地生态系统的生境状况有着重要意义。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

鸟岛(36°57′–37°04′N, 99°44′–99°54′E)位于青海湖西北角,海拔3194–3226 m,地势以西北高、东南低,为湖滨湿地。该区为高原半干旱高寒气候区,年平均气温为-0.7℃,极端气温为最高28℃、

最低-31 °C。年均降水 322.7 mm, 6-8 月降水尤为集中, 且年蒸发量远高于年降水量。植被以直立黄芪 (*Astragalus adsurgens* Pall.)、甘青韭 (*Allium przewalskianum*)、赖草 (*Leymus secalinus*)、西伯利亚蓼 (*Polygonum sibiricum* Laxm.)、早熟禾 (*Poa annua* L.)、细叶苔草 (*Carex rigescens*) 为主。

1.2 样地与取样

采用开顶箱 (Open-Top Chamber, OTC) 在鸟岛样地 (50 m×50 m) 选取 4 m×4 m 小样方设置增温实验, 其上表面直径为 150 cm, 边长为 87 cm; 下表面直径为 208 cm, 边长为 122 cm; 增温幅度约为 1.2 °C。2019 年 8 月对增温圈 (NW) 以及自然区 (Nck) 土壤进行采集, 分别选取 3 个样方 (3 个重复) 采用 5 点取样法取样, 即每个样方取五钻土, 同层混匀后过 2 mm 筛, 置于 10 mL BP 管中, 液氮罐中保鲜, 用于土壤细菌及真菌的高通量测序。

1.3 主要试剂和仪器

PowerSoil DNA Isolation Kit, MoBio 公司; AxyPrep PCR 纯化试剂盒, Axygen 公司。PCR 仪, AB 公司; 测序仪, Illumina 公司。

1.4 研究方法

采用 PowerSoil DNA Isolation Kit 提取土壤总 DNA。用带 Barcode 序列的特异引物进行 PCR 扩增并使用 DNA 纯化试剂盒对其产物进行纯化^[24-25],

再利用 Illumina MiSeq 平台对扩增得到的 DNA 片段进行高通量测序。引物序列分别利用细菌的 16S rRNA 基因的 V3-V4 区的正向引物 (5'-CCTAYGGG RBGCASCAG-3')、反向引物 (5'-GGACTACNNGGG TATCTAAT-3') 以及真菌的 rDNA ITS 区正向引物 (5'-CTT GGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')、反向引物 (5'-GC TGCGTTCCTTCATCGATGC-3') 作为 PCR 扩增引物。

1.5 数据分析

Illumina 测序平台进行文库测序, UCLUST 基于 Silva (细菌) 和 UNITE (真菌) 以 97% 的相似度聚类得到操作分类单元 (Operational Taxonomic Unit, OTU) 数目以及韦恩图, 同时生成不同分类水平的物种丰度表。运用 Mothur 软件评估 α 多样性, 用 QIIME 软件分析 β 多样性。ANOVA 单因素分析在 SPSS 21.0 进行, 进行组间及组内数据的显著性检验, Excel 2018 绘制饼图。

2 结果与分析

2.1 鸟岛微生物 OTU 分布

UCLUST 软件^[26]对优化序列 (表 1) 进行聚类分析, 土壤细菌共 1 658 个 OTU, NW 与 Nck 的细菌群落 OTU 呈现一致性, 所有 OTU 均共有; 土壤真菌共 66 个 OTU, Nck 特有的 OTU 数为 2 个, 占总 OTU 数量的 3.03%。以上结果表明增温后土壤微生物的群落结构与原土壤中微生物群落结构差异不大。

表 1 土壤微生物测序质控结果

Table 1 Soil microbial sequencing quality control results

Sample name	Raw PE		Nochime		AvgLen		Q30		Effective (%)	
	Fungi	Bacteria	Fungi	Bacteria	Fungi	Bacteria	Fungi	Bacteria	Fungi	Bacteria
Nck1	128 366	120 728	89 837	84 692	246	416	97.43	93.87	69.99	70.15
Nck2	131 916	121 084	81 025	88 535	241	416	97.69	94.05	61.42	73.12
Nck3	135 952	137 140	95 312	96 897	247	416	97.48	94.2	70.11	70.66
NW1	129 597	127 719	77 204	89 998	257	417	97.32	94.1	59.57	70.47
NW2	129 790	124 344	82 497	88 995	253	417	97.16	93.8	63.56	71.57
NW3	121 396	127 738	64 795	91 523	254	417	97.14	94.39	53.37	71.65

注: Raw PE 表示原始的 PE reads; Nochime 是用于最终分析的 Tags 序列; AvgLen 为有效 Tags 的平均长度; Q30 为测序错误少于 0.1% 的碱基所占比例; Effective 为有效 Tags 与 Raw PE 数目的百分比

Note: Raw PE means original PE reads; Nochime is a sequence of Tags for final analysis; AvgLen is the average length of valid Tags; Q30 is the proportion of bases with less than 0.1% sequencing errors; Effective is the percentage of the number of valid Tags and Raw PE

2.2 鸟岛微生物群落 α 多样性

稀释性曲线^[27]是从样本中抽取一定数量的个体, 统计这些个体所代表的物种数目, 并以个体数与物种数来构建曲线, 用于验证测序数据量是否足以反映样品中的物种多样性, 并间接反映样品中物种的丰富程度。细菌稀释曲线(图 1A)及真菌稀释曲线(图 1B)显示, 随着样品数的增加, 曲线逐渐趋于平缓, 表明测序数量较为合理, 足以反映样品情况。

α 多样性反映了单个样品内部的物种多样性, 利用 Mothur 软件^[28]对样品的 α 多样性指数进行评估, 结果表明, 土壤微生物群落的 α 多样性均存在差异(表 2), 土壤微生物的丰富度指数(ACE 指数、Chao1 指数)表现为 Nck>NW, 细菌的 Simpson 指数表现为 Nck>NW, Shannon 指数为 Nck<NW; 真菌的 Simpson 指数则 Nck<NW, 但 Shannon 指数表现为 Nck>NW。增温处理对鸟岛土壤细菌及真菌菌群群落多样性并未产生统计学上的显著性影响, 表明鸟岛湖滨湿地土壤微生物对增温的响应并非主要体现在群落多样性这一特征上。

2.3 鸟岛微生物群落 β 多样性

利用主成分分析^[29](Principal Component Analysis, PCA)这一分析和简化数据集的技术, 通过分解方差将样品差异反映在二维坐标图上。土壤细菌及真菌群落的 PCA 分析表明, 土壤细菌(图 2A)的第一主成分及第二主成分累积贡献率为 61.63%, 土壤真菌(图 2B)的第一主成分、第二主成分贡献率分别为 65.09%、20.36%, 累积贡献率为 85.45%。不同分组的土壤微生物差异均较为明显, 相对而言, 组内的土壤真菌及细菌的差异小于组间的土壤微生物

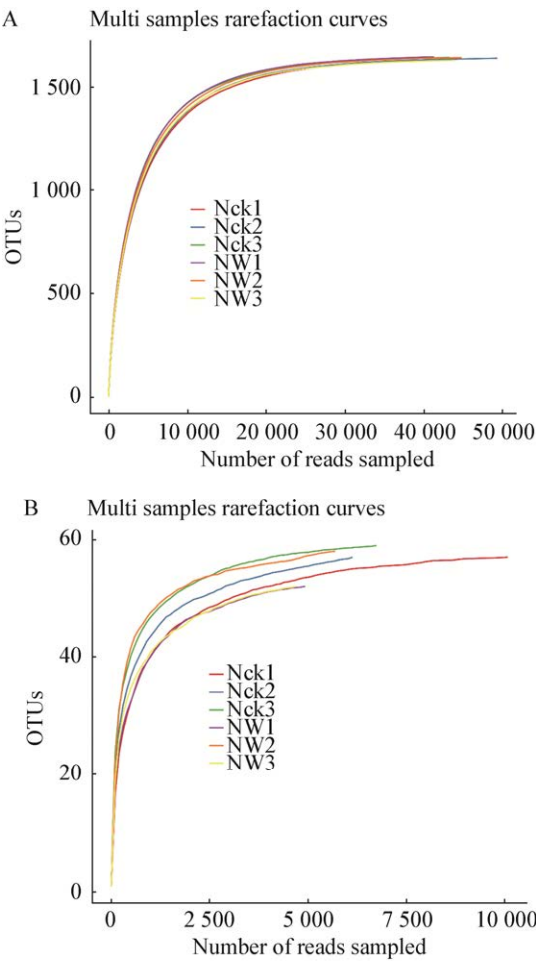


图 1 不同处理下土壤细菌(A)和真菌(B)稀释性曲线
Figure 1 Dilution curves of soil bacteria (A) and fungi (B) under different treatments

差异。样点分离表明, 除增温处理外可能存在土壤含水量、pH、电导率、有机质等土壤理化性质改变, 从而对土壤微生物产生了影响, 这有待进一步研究。

表 2 土壤微生物多样性指数
Table 2 Soil microbial diversity index

Sample	ACE index		Chao1 index		Simpson index		Shannon index	
	Bacteria	Fungi	Bacteria	Fungi	Bacteria	Fungi	Bacteria	Fungi
NW	1 647.82±9.03	56.59±3.54	1 649.73±10.62	56.25±4.58	0.004±0.0	0.205±0.03	6.418±0.05	2.303±0.07
Nck	1 648.85±4.50	59.93±1.31	1 652.36±8.60	61.67±5.20	0.005±0.0	0.170±0.07	6.362±0.11	2.454±0.41

注: 表中数据为均值±标准误差
Note: The data in the table are mean±standard error

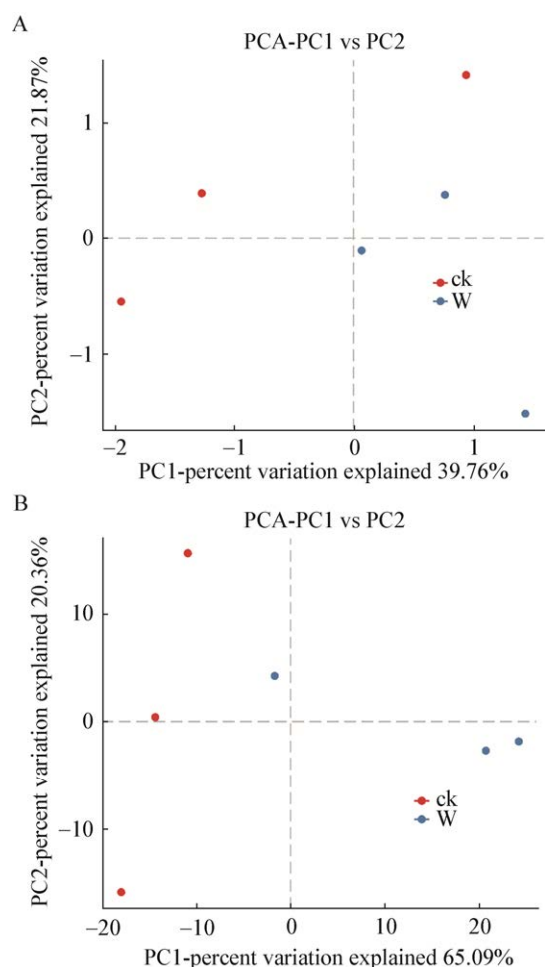


图2 土壤细菌(A)及真菌(B)群落 PCA 分析
Figure 2 PCA analysis of soil bacteria (A) and fungi (B) communities

2.4 鸟岛微生物群落结构组成

R 包绘制样品各分类学水平下的群落结构柱状图, 通过色块长度来表示物种所占的相对丰度比例。鸟岛微生物群落中真菌门水平(Phylum)组成较为单一, 仅有子囊菌门(*Ascomycota*)、担子菌门(*Basidiomycota*)、球囊菌门(*Glomeromycota*)以及未分类 OUT 4 大类, 相对丰度依次为 83.08%、9.08%、5.27%和 2.57%。对相对丰度大于 1%的细菌门水平菌群(图 3A)及真菌纲水平菌群(图 3B)进行具体物种分析, 细菌群落按菌群丰度由大到小依次为变形菌门(*Proteobacteria*, 50.32%)、酸杆菌门(*Acidobacteria*, 18.38%)、放线菌门(*Actinobacteria*,

10.34%)、芽单胞菌门(*Gemmatimonadetes*, 8.61%)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 6.33%)和绿弯菌门(*Chloroflexi*, 2.50%); 除未知菌群(Unknown, 6.36%)外, 真菌纲水平有 7 个相对丰度大于 1%的菌群, 以座囊菌纲(*Dothideomycetes*, 58.99%)的相对丰度最高, 其余 6 个菌群分别为伞菌纲(*Agaricomycetes*, 8.58%)、散囊菌纲(*Eurotiomycetes*, 7.46%)、粪壳菌纲(*Sordariomycetes*, 6.14%)、锤舌菌纲(*Leotiomyces*, 5.33%)、球囊菌纲(*Glomeromycetes*, 5.27%)和子囊菌纲(*Ascomycota*, 1.11%)。

鸟岛细菌群落优势菌群(图 4A)为 *Proteobacteria* 和 *Acidobacteria*, 其相对丰度占 68.70%, NW 中两优势菌群的相对丰度为 67.96%, Nck 中两优势菌群相对丰度为 69.44%, 即细菌群落优势菌群在 Nck 中丰度更大; 鸟岛真菌的群落以 *Dothideomycetes* 为优势菌群(图 4B), 相对丰度为 8.99%, NW 中该菌群相对丰度为 68.37%, Nck 中

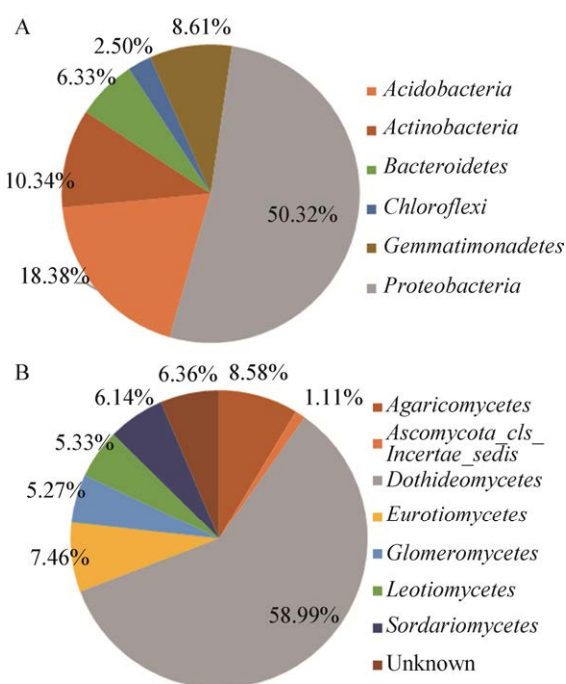


图3 土壤细菌门水平(A)及真菌纲水平(B)群落相对丰度比例
Figure 3 The relative abundance ratio of soil bacteriophyta (A) and fungi class (B)

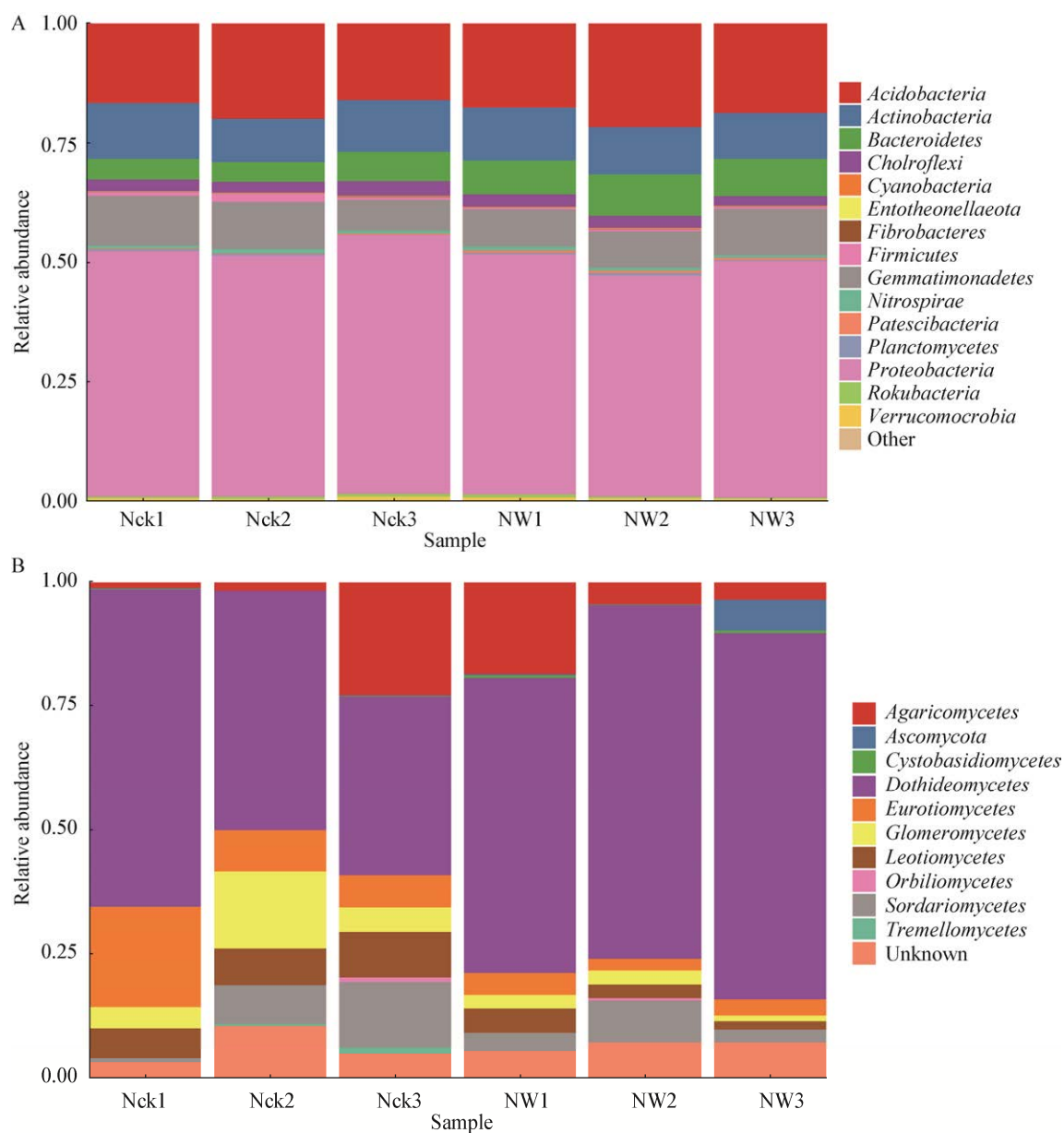


图 4 不同样品土壤细菌门(A)及真菌纲(B)主要群落相对丰度
Figure 4 Relative abundance of main communities of bacteriophyta (A) and fungi (B) in different soil samples

以 *Dothideomycetes* 和 *Eurotiomycetes* 为优势菌群, 相对丰度为 61.28%, 表明 NW 中的 *Dothideomycetes* 优势更为明显。

方差分析表明, Nck 与 NW 的细菌菌群在门水平上 *Bacteroidetes* ($P=0.019$)、*Cyanobacteria* ($P=0.027$)及 *Patescibacteria* ($P=0.005$)这 3 个菌群差异显著; Nck 与 NW 的真菌菌群在纲水平上

Cystobasidiomycetes ($P=0.030$)、*Leotiomycetes* ($P=0.031$)这 2 个菌群差异显著。

2.5 鸟岛微生物群落差异性分析

LEfSe 分析是一种用于发现高维生物标识和揭示基因组特征的软件, 能在组与组之间寻找具有统计学差异的 Biomarker^[30]。以土壤细菌和真菌的目水平进行 LEfSe 分析(图 5), NW 与 Nck 在细菌群

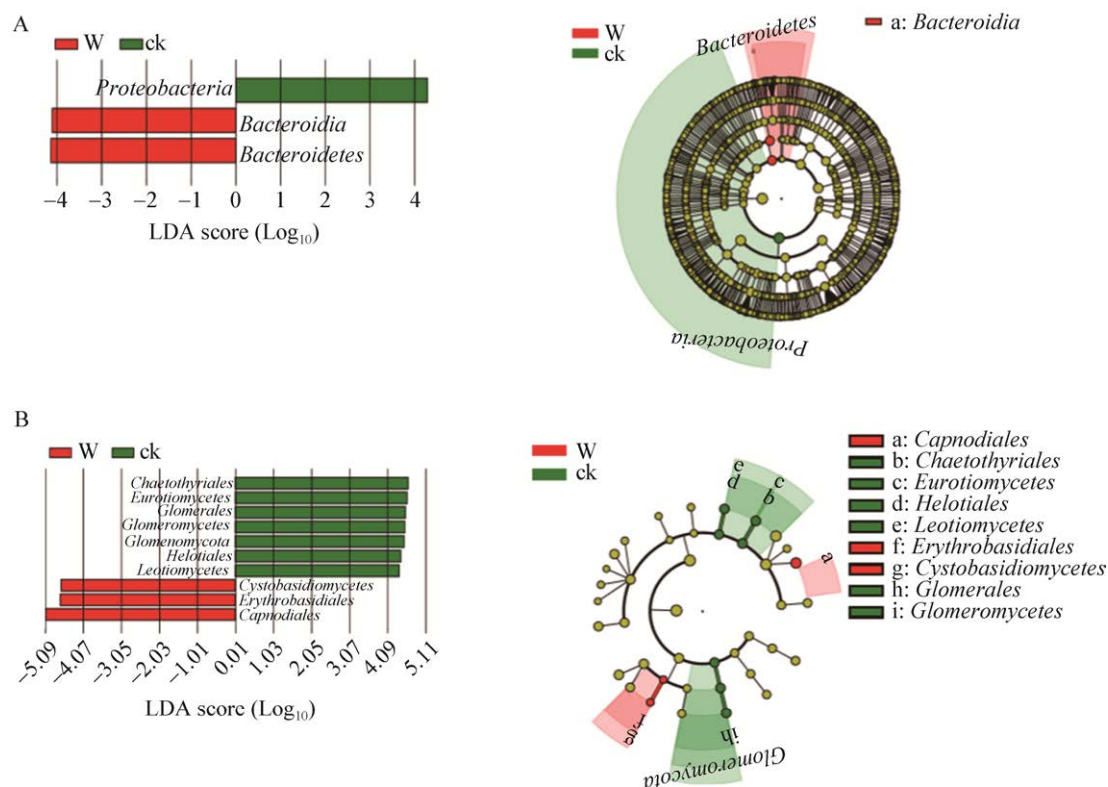


图 5 土壤细菌(A)及真菌(B)的 LefSe 分析

Figure 5 LefSe analysis of soil bacteria (A) and fungi (B)

落中存在 3 个差异菌群, Nck 中的差异菌群为 *Proteobacteria* (科), NW 有 2 个差异菌群, 即 *Bacteroidetes* (科)和 *Bacteroidia* (属); NW 与 Nck 的真菌群落差异较大, 存在 10 个差异菌群, 其中 Nck 7 个, NW 3 个, 分别为 *Glomeromycota* (科)、*Eurotiomycetes* (属)、*Leotiomyces* (属)、*Glomeromycetes* (属)、*Chaetothyriales* (种)、*Helotiales* (种)、*Glomerales* (种)以及 *Cystobasidiomycetes* (属)、*Capnodiales* (种)、*Erythrobasidiales* (种)。

3 讨论与结论

湿地土壤微生物中, 细菌群落的主要菌群有变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、绿弯菌门等, 真菌菌群的优势菌门为子囊菌门、担子菌门等^[31-36]。本研究中, 细菌群落以变形菌门和酸杆菌门为优势菌群, 真菌群落以子囊菌门为优势菌群, 与前人对湿地土壤微生物研究结果一致。ANOVA 显著性分析

表明, Nck 与 NW 细菌门水平下拟杆菌门、蓝细菌门、*Patescibacteria* 差异显著, 真菌纲水平下球囊菌纲及锤舌菌纲具有显著性差异。其中, 增温条件下锤舌菌纲的相对丰度显著下降, 其余菌群的相对丰度均增加。不同的微生物菌群由于结构和功能的差异可能导致对同一环境的适应能力各异。细菌菌群中, 已有研究表明, *Patescibacteria* 的细菌菌群具有超小细胞尺寸及简化的膜结构, 高度减少了代谢、应激、细胞活动等冗余功能^[37], 可能使得增温条件下更容易存活。真菌菌群的球囊菌纲属球囊菌门, 其聚合菌可构成陆生植物的丛枝菌根, 孔钰凤等的研究表明丛枝菌根真菌可以帮助植物抵抗高温胁迫^[38], 说明球囊菌纲真菌与温度升高可能存在正相关。锤舌菌纲相对丰度的显著性变化可能与其功能息息相关, 值得进一步探究。

微生物多样性水平与土壤质量有着密不可分的关系, 其群落多样性对土壤生态系统稳定性的维

持至关重要,起着决定性作用^[39-40]。本研究中, Nck 与 NW 的 α 多样性指数均存在差异, 增温处理下土壤细菌及真菌菌群的丰富度指数(ACE 指数、Chao1 指数)均下降; 细菌菌群的 Simpson 指数和真菌菌群的 Shannon 指数也下降, 可能是由于温度升高导致了部分微生物菌群相对丰度的降低甚至死亡, 从而使 α 多样性指数呈降低趋势。土壤微生物对环境增温胁迫的响应也表明了其对生存的微环境的敏感^[41]。岳洪伟对青藏高原高寒草甸土壤微生物响应增温降水的研究表明, 温度升高会降低土壤微生物的多样性指数^[42]。但高寒草甸与高寒湿地存在本质的区别, 尽管土壤微生物的多样性变化趋势相似, 具体机理仍需进行更为细致的分析。本研究中 LEfSe 分析表明, Nck 与 NW 存在 13 个差异种, 其中细菌菌群差异种为 3 个, Nck 中仅有 1 个; 真菌菌群差异种为 10 个, Nck 中为 7 个, 结果表明增温改变了部分重要的功能菌群, 而且真菌菌群对增温可能有着更高的敏感性。

本文采用 16S rRNA 基因的 V3-V4 区分析细菌群落特征, 原因在于其在基因组间具有足够的变异且组内异质性最小, 能作为细菌测序的理想靶点。已有研究表明, 在基于 16S rRNA 基因的微生物多样性研究中, 16S rRNA 基因的组内异质性会导致对聚集的 OTUs 数量的高估^[43-44]。同时, Sun 等的研究表明过高估计的程度在 V4-V5 区域最低^[45], 因而本文所用方法适用于细菌群落特征的测序过程。本研究揭示了温度上升条件下青海湖鸟岛土壤微生物群落响应环境发生的变化, 可为青海湖鸟岛生物多样性的保护提供参考依据, 为预测气候变暖下鸟岛湿地生态系统的变化提供参考, 同时为气候变暖后高寒地区湖滨湿地的生物多样性保护提供一定的理论依据。

REFERENCES

- [1] Hao WY. Encyclopedia of Chinese Agriculture: Soil Volume[M]. Beijing: China Agriculture Press, 1996: 385-400 (in Chinese)
郝文英. 中国农业百科全书: 土壤卷[M]. 北京: 中国农业出版社, 1996: 385-400
- [2] Veresoglou SD, Halley JM, Rillig MC. Extinction risk of soil biota[J]. Nature Communications, 2015, 6: 8862
- [3] Wei D, Ri X, Tarchen T, Dai DX, Wang YS, Wang YH. Revisiting the role of CH₄ emissions from alpine wetlands on the Tibetan Plateau: evidence from two *in situ* measurements at 4758 and 4320 m above sea level[J]. Journal of Geophysical Research: Biogeosciences, 2015, 120(9): 1741-1750
- [4] Zhang XZ, Yang YP, Piao SL, Bao WK, Wang SP, Wang GX, Sun H, Luo TX, Zhang YJ, Shi PL, et al. Ecological change on the Tibetan Plateau[J]. Chinese Science Bulletin, 2015, 60(32): 3048-3056 (in Chinese)
张宪洲, 杨永平, 朴世龙, 包维楷, 汪诗平, 王根绪, 孙航, 罗天祥, 张扬建, 石培礼, 等. 青藏高原生态变化[J]. 科学通报, 2015, 60(32): 3048-3056
- [5] Melillo JM, Steudler PA, Aber JD, Newkirk K, Lux H, Bowles FP, Catricala C, Magill A, Ahrens T, Morrisseau S. Soil warming and carbon-cycle feedbacks to the climate system[J]. Science, 2002, 298(5601): 2173-2176
- [6] Zhu YG, Shen RF, He JZ, Wang YF, Han XG, Jia ZJ. China soil microbiome initiative: progress and perspective[J]. Proceedings of the Chinese Academy of Sciences, 2017, 32(6): 554-565, 542 (in Chinese)
朱永官, 沈仁芳, 贺纪正, 王艳芬, 韩兴国, 贾仲君. 中国土壤微生物组: 进展与展望[J]. 中国科学院院刊, 2017, 32(6): 554-565, 542
- [7] IPCC. Climate Change 2013: the Physical Science Basis: Contribution of Working Group I to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change[M]. Cambridge: Cambridge University Press, 2013
- [8] Walther GR, Post E, Convey P, Menzel A, Parmesan C, Beebee TJC, Fromentin JM, Hoegh-Guldberg O, Bairlein F. Ecological responses to recent climate change[J]. Nature, 2002, 416(6879): 389-395
- [9] Zhang GQ. Changes in lakes on the Tibetan Plateau observed from satellite data and their responses to climate variations[J]. Progress in Geography, 2018, 37(2): 214-223 (in Chinese)
张国庆. 青藏高原湖泊变化遥感监测及其对气候变化的响应研究进展[J]. 地理科学进展, 2018, 37(2): 214-223
- [10] Wu FY, You QL, Xie WX, Zhang L. Temperature change on the Tibetan Plateau under the global warming of 1.5 °C and 2 °C[J]. Climate Change Research, 2019, 15(2): 130-139 (in Chinese)
吴芳营, 游庆龙, 谢文欣, 张玲. 全球变暖 1.5 °C 和 2 °C 阈值时青藏高原气温的变化特征[J]. 气候变化研究进展, 2019, 15(2): 130-139
- [11] Li L, Li XD, Xiao RX, Shen HY. The heterogeneity of climate change and its genesis in the Northeastern

- Qinghai-Tibet Plateau[J]. Journal of Natural Resources, 2019, 34(7): 1496-1505 (in Chinese)
- 李林, 李晓东, 校瑞香, 申红艳. 青藏高原东北部气候变化的异质性及其成因[J]. 自然资源学报, 2019, 34(7): 1496-1505
- [12] Zhao YL, Chen GC, Zhou GY, Peng M. Plant community diversity in the Bird Island around Qinghai lake[A]//Compilation of Abstract of Papers of the 70th Annual Meeting of Chinese Society of Botany (1933-2003)[C]. Chengdu: Chinese Society of Botany, 2003: 303 (in Chinese)
- 赵以莲, 陈桂琛, 周国英, 彭敏. 青海湖鸟岛沙地植物群落物种多样性[A]//中国植物学会七十周年年会论文摘要汇编(1933-2003)[C]. 成都: 中国植物学会, 2003: 303
- [13] Richardson DM, Holmes PM, Esler KJ, Galatowitsch SM, Stromberg JC, Kirkman SP, Pyšek P, Hobbs RJ. Riparian vegetation: degradation, alien plant invasions, and restoration prospects[J]. Diversity and Distributions, 2007, 13(1): 126-139
- [14] Gou QQ, Qu JJ, Wang GH, Xiao JH, Pang YJ. Progress of wetland researches in arid and semi-arid regions in China[J]. Arid Zone Research, 2015, 32(2): 213-220 (in Chinese)
- 侯倩倩, 屈建军, 王国华, 肖建华, 庞营军. 中国干旱半干旱地区湿地研究进展[J]. 干旱区研究, 2015, 32(2): 213-220
- [15] Hu MJ, Zou FF, Zou SQ. Ecological stoichiometry characteristics of the *Cyperus malaccensis* wetland soils in min river estuary along with a salinity gradient[J]. Urban Environment & Urban Ecology, 2014, 27(4): 17-21, 26 (in Chinese)
- 胡敏杰, 邹芳芳, 邹双全. 盐度梯度下闽江口短叶荇菜湿地土壤生态化学计量学特征[J]. 城市环境与城市生态, 2014, 27(4): 17-21, 26
- [16] Wang SZ, Chen GC, Bai YP, Zhou GY, Sun J. Interrelation between plant species diversity and soil environmental factors in bird island of Qinghai Lake[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2005, 16(1): 186-188 (in Chinese)
- 王顺忠, 陈桂琛, 柏玉平, 周国英, 孙菁. 青海湖鸟岛地区植物群落物种多样性与土壤环境因子的关系[J]. 应用生态学报, 2005, 16(1): 186-188
- [17] Wang SZ, Chen GC, Zhou GY, Han YJ, Sun J. Community characteristics of the grassland in the Bird Island of the Qinghai Lake[J]. Chinese Journal of Ecology, 2004, 23(3): 16-19 (in Chinese)
- 王顺忠, 陈桂琛, 周国英, 韩有吉, 孙菁. 青海湖鸟岛地区草地植物群落特征的研究[J]. 生态学报, 2004, 23(3): 16-19
- [18] Wang SZ, Chen GC, Sun J, Zhou GY, Zhang DH. Preliminary study on vegetation succession of saline land in the Bird Island around Qinghai Lake[A]//Compilation of Abstract Papers of the 70th Annual Meeting of Chinese Society of Botany (1933-2003)[C]. Chengdu: Chinese Society of Botany, 2003: 256 (in Chinese)
- 王顺忠, 陈桂琛, 孙菁, 周国英, 张德海. 青海湖鸟岛盐碱地植被演替的初步研究[A]//中国植物学会七十周年年会论文摘要汇编(1933-2003)[C]. 成都: 中国植物学会, 2003: 256
- [19] Chen J, Cao JJ, Jin Z, Shi WY, Zhang BC, Zhang SY. The influence of short-term experimental warming on alpine steppe of bird island, Qinghai Lake[J]. Journal of Arid Land Resources and Environment, 2014, 28(5): 127-133 (in Chinese)
- 陈骥, 曹军骥, 金钊, 时伟宇, 张宝成, 张思毅. 模拟增温对青海湖鸟岛高寒草原群落结构影响初步研究[J]. 干旱区资源与环境, 2014, 28(5): 127-133
- [20] Chen J, Cao JJ, Wei YL, Zhang BC, Zhu BW, Ma ZT. Primary study on the allocation pattern of grassland biomass under soil water gradient of Bird Island in Qinghai Lake[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2014, 32(3): 202-208 (in Chinese)
- 陈骥, 曹军骥, 魏永林, 张宝成, 朱宝文, 马宗泰. 青海湖鸟岛水分梯度下草地生物量分配格局初步研究[J]. 干旱地区农业研究, 2014, 32(3): 202-208
- [21] Chen YX, Geng YQ, Huang J, Cui XQ, Hou M. Differences of soil enzyme activities and their driving factors under different flooding conditions in the Bird Island area, Qinghai Lake[J]. Chinese Journal of Ecology, 2019, 38(3): 735-743 (in Chinese)
- 陈艳鑫, 耿玉清, 黄金, 崔雪晴, 侯盟. 青海湖鸟岛地区不同淹水条件下土壤酶活性的差异及其影响因素[J]. 生态学杂志, 2019, 38(3): 735-743
- [22] Zhao JQ, Wu JP, Zhang HL, Xiong X, Zhao MD, Chu GW, Meng Z, Zhou GY, Zhang DQ. Effects of warming on soil microbial communities of a subtropical monsoon evergreen broad-leaved forest in southern China[J]. Ecology and Environment Sciences, 2019, 28(5): 881-889 (in Chinese)
- 赵建琪, 吴建平, 张慧玲, 熊鑫, 赵梦頔, 褚国伟, 孟泽, 周国逸, 张德强. 增温对亚热带季风常绿阔叶林土壤微生物群落的影响[J]. 生态环境学报, 2019, 28(5): 881-889
- [23] Yang L, Chen YM, He RL, Deng CC, Liu JW, Liu Y. Responses of soil microbial community structure and function to simulated warming in alpine forest[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2016, 27(9): 2855-2863 (in Chinese)
- 杨林, 陈亚梅, 和润莲, 邓长春, 刘军伟, 刘洋. 高山森

- 林土壤微生物群落结构和功能对模拟增温的响应[J]. 应用生态学报, 2016, 27(9): 2855-2863
- [24] Deng JJ, Bai XJ, Zhou YB, Zhu WX, Yin Y. Variations of soil microbial communities accompanied by different vegetation restoration in an open-cut iron mining area[J]. Science of the Total Environment, 2020, 704: 135243
- [25] Chen L, Hu BX, Dai H, Zhang XY, Xia CA, Zhang J. Characterizing microbial diversity and community composition of groundwater in a salt-freshwater transition zone[J]. Science of the Total Environment, 2019, 678: 574-584
- [26] Wang Y, Sheng HF, He Y, Wu JY, Jiang YX, Tam NFY, Zhou HW. Comparison of the levels of bacterial diversity in freshwater, intertidal wetland, and marine sediments by using millions of illumina tags[J]. Applied and Environmental Microbiology 2012, 78(23): 8264-8271
- [27] Kõljalg U, Nilsson RH, Abarenkov K, Tedersoo L, Taylor AFS, Bahram M, Bates ST, Bruns TD, Bengtsson-Palme J, Callaghan TM, et al. Towards a unified paradigm for sequence-based identification of fungi[J]. Molecular Ecology, 2013, 22(21): 5271-5277
- [28] Schloss PD, Westcott SL, Ryabin T, Hall JR, Hartmann M, Hollister EB, Lesniewski RA, Oakley BB, Parks DH, Robinson CJ, et al. Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2009, 75(23): 7537-7541
- [29] Looft T, Johnson TA, Allen HK, Bayles DO, Alt DP, Stedtfeld RD, Sul WJ, Stedtfeld TM, Chai B, Cole JR, et al. In-feed antibiotic effects on the swine intestinal microbiome[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2012, 109(5): 1691-1696
- [30] Segata N, Izard J, Waldron L, Gevers D, Miropolsky L, Garrett WS, Huttenhower C. Metagenomic biomarker discovery and explanation[J]. Genome Biology, 2011, 12(6): R60
- [31] Li H, Chi ZF, Li JL, Wu HT, Yan BX. Bacterial community structure and function in soils from tidal freshwater wetlands in a Chinese delta: potential impacts of salinity and nutrient[J]. Science of the Total Environment, 2019, 696: 134029
- [32] Lu M, Ren YL, Wang SJ, Tian K, Sun XY, Peng SX. Contribution of soil variables to bacterial community composition following land use change in Napahai plateau wetlands[J]. Journal of Environmental Management, 2019, 246: 77-84
- [33] Song SS, Zhang C, Gao Y, Zhu XY, Wang RH, Wang MD, Zheng YL, Hou LJ, Liu M, Wu DM. Responses of wetland soil bacterial community and edaphic factors to two-year experimental warming and *Spartina alterniflora* invasion in Chongming Island[J]. Journal of Cleaner Production, 2020, 250: 119502
- [34] Yu SP, Shi CQ, Hu BZ, Ding JN, Meng B, Yang CX. Analysis of microbial community structure and diversity of saline soil in Gudahu Wetland[J]. Acta Ecologica Sinica, 2020, 40(11): 3764-3775 (in Chinese)
- 于少鹏, 史传奇, 胡宝忠, 丁俊男, 孟博, 杨春雪. 古大湖湿地盐碱土壤微生物群落结构及多样性分析[J]. 生态学报, 2020, 40(11): 3764-3775
- [35] Chen JW, Ge JW, Feng L, Zhou Y, Gan J, Li YF, Zhang ZQ. Methane flux characteristics and its relationship with soil microbial community composition of Dajiuhu peatland in Shennongjia[J]. Earth Science, 2020, 45(3): 1082-1092 (in Chinese)
- 湛佳伟, 葛继稳, 冯亮, 周颖, 甘娟, 李永福, 张志麒. 神农架大九湖泥炭湿地甲烷通量特征及其与土壤微生物群落组成的关系[J]. 地球科学, 2020, 45(3): 1082-1092
- [36] Jia YH, Jin ZJ, Yuan W, Cheng YY, Qiu JM, Liang JT, Pan FJ, Liu DS. Comparison of soil bacterial community structure between paddy fields and dry land in the Huixian Karst Wetland, China[J]. Environmental Science, 2019, 40(7): 3313-3323 (in Chinese)
- 贾远航, 靳振江, 袁武, 程跃扬, 邱江梅, 梁锦桃, 潘复静, 刘德深. 会仙岩溶湿地、稻田与旱地土壤细菌群落结构特征比较[J]. 环境科学, 2019, 40(7): 3313-3323
- [37] Tian R, Ning DL, He ZL, Zhang P, Spencer SJ, Gao SH, Shi WL, Wu LW, Zhang Y, Yang YF, et al. Small and mighty: adaptation of superphylum *Patescibacteria* to groundwater environment drives their genome simplicity[J]. Microbiome, 2020, 8: 51
- [38] Kong YF, Zhu XC, Zhang JF, Tian CJ. Responses of drought resistance from wild and cultivated soybeans to arbuscular mycorrhizal fungi inoculation[J]. Soils and Crops, 2017, 6(1): 25-31 (in Chinese)
- 孔钰凤, 朱先灿, 张建峰, 田春杰. 野生大豆与栽培大豆抗旱性对接丛枝菌根真菌的响应[J]. 土壤与作物, 2017, 6(1): 25-31
- [39] Zhang MJ, Chen LH, Zhang J, Yang WQ, Liu H, Li X, Zhang Y. Dynamics of microbial biomass carbon and nitrogen during foliar litter decomposition under artificial forest gap in *Pinus massoniana* plantation[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2016, 27(3): 672-680 (in Chinese)
- 张明锦, 陈良华, 张健, 杨万勤, 刘华, 李勋, 张艳. 马尾松人工林林窗内凋落叶微生物生物量碳和氮的动态变化[J]. 应用生态学报, 2016, 27(3): 672-680
- [40] Wang HB, Chen XT, Ding L, Qiu FY, Ye JH, Jia XL, Kong

XH, He HB. Effect of soil acidity on microbial diversity in rhizospheric soils of tea plants[J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2018, 39(3): 448-454 (in Chinese)

王海斌, 陈晓婷, 丁力, 邱丰艳, 叶江华, 贾小丽, 孔祥海, 何海斌. 土壤酸度对茶树根际土壤微生物群落多样性影响[J]. 热带作物学报, 2018, 39(3): 448-454

- [41] Long HF, Su WC, Xia C. Relationship between soil organic matter and number of microorganisms of different cropping patterns in desertification region[J]. Environmental Science & Technology, 2013, 36(10): 57-62 (in Chinese)

龙海飞, 苏维词, 夏春. 石漠化地区土壤有机质与微生物数量关系研究[J]. 环境科学与技术, 2013, 36(10): 57-62.

- [42] Yue HW. Responses of soil microbial community in Tibetan alpine grassland to warming and altered precipitation[D]. Beijing: Doctoral Dissertation of Tsinghua University, 2017

(in Chinese)

岳洪伟. 青藏高原高寒草甸土壤微生物对增温降水的响应机理[D]. 北京: 清华大学博士学位论文, 2017

- [43] Pei AY, Oberdorf WE, Nossa CW, Agarwal A, Chokshi P, Gerz EA, Jin ZD, Lee P, Yang LY, Poles M, et al. Diversity of 16S rRNA genes within individual prokaryotic genomes[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2010, 76(12): 3886-3897

- [44] Acinas SG, Marcelino LA, Klepac-Ceraj V, Polz MF. Divergence and redundancy of 16S rRNA sequences in genomes with multiple *rrn* operons[J]. Journal of Bacteriology, 2004, 186(9): 2629-2635

- [45] Sun DL, Jiang X, Wu QLL, Zhou NY. Intragenomic heterogeneity of 16S rRNA genes causes overestimation of prokaryotic diversity[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2013, 79(19): 5962-5969

2021 年中国微生物学会及各专业委员会学术活动计划表(3-1)

序号	活动名称	主办/协办单位	时间	人数	地点	联系方式
1	第四届姑苏医学论坛——脓毒症精准诊断与治疗等学术会议	中国微生物学会微生物毒素专业委员会	2021 年 1 月 22-24 日	120	江苏 苏州	吴瑶 13466596992
2	微生物肥料产业创新与绿色优品认定培训班	中国微生物学会农业微生物学专业委员会	2021 年 4-5 月	60	北京	马鸣超 Mamingchao@caas.cn
3	第八届全国微生物基因组学学术研讨会	中国微生物学会农业微生物学专业委员会	2021 年 4-5 月	200	湖北 武汉	孙明 m98sun@mail.hzau.edu.cn
4	微生物基因组培训班	中国微生物学会农业微生物学专业委员会	2021 年 4-5 月	100	武汉	孙明 m98sun@mail.hzau.edu.cn
5	第 12 届传染病防控基础研究与应用技术学术交流	中国微生物学会分析微生物学专业委员会	2021 年 6 月	1 000	待定	宋亚军 010-66948562
6	黄酒研讨会	中国微生物学会酿造分会	2021 年 5 月 10 日	30	北京	魏艳丽 15910408405
7	第九届地质微生物学学术研讨会	中国微生物学会地质微生物学专业委员会	2021 年 5 月 28-30 日	400	北京	李高远 15901174283
8	第一届世界病毒学会年会	中国微生物学会病毒学专业委员会	2021 年 6 月	2 000	线上	吴莹(中国地区) 15901455682
9	兽医微生物与生物制品学学术论坛	中国微生物学会	2021 年 6 月 18-20 日	300	河南 郑州	朱良全 丁家波 010-62103675
10	微生物与人类健康 2021	中国微生物学会医学微生物与免疫学专业委员会	2021 年 7 月 16-18 日	160	重庆	饶先才 15223315285
11	中国微生物学会第八届全国农业微生物研究及产业化研讨会暨第十七届全国杀虫微生物学学术研讨会	中国微生物学会农业微生物学专业委员会	2021 年 7 月	200	广东 广州	杨凯 yangkai@mail.sysu.edu.cn