

DOI: 10.11766/trxb202007110387

李敏, 陈利顶, 杨小茹, 赵方凯, 孙龙, 许申来, 杨磊. 城乡复合生态系统土壤微生物群落特征及功能差异: 研究进展与展望[J]. 土壤学报, 2021, 58 (6): 1368–1380.

LI Min, CHEN Liding, YANG Xiaoru, ZHAO Fangkai, SUN Long, XU Shenlai, YANG Lei. Community Characteristic and Functional Variability of Soil Microbes in Urban-rural Complex Ecosystem[J]. Acta Pedologica Sinica, 2021, 58 (6): 1368–1380.

## 城乡复合生态系统土壤微生物群落特征及功能差异: 研究进展与展望\*

李 敏<sup>1,2</sup>, 陈利顶<sup>1,2</sup>, 杨小茹<sup>3</sup>, 赵方凯<sup>1, 2</sup>, 孙 龙<sup>1</sup>, 许申来<sup>4</sup>,  
杨 磊<sup>1, 2†</sup>

(1. 中国科学院生态环境研究中心城市与区域生态国家重点实验室, 北京 100085; 2. 中国科学院大学, 北京 100049; 3. 中国科学院城市环境研究所, 福建厦门 361021; 4. 长江生态环保集团有限公司, 武汉 440000)

**摘 要:** 土壤微生物在陆地生态系统多个过程中发挥着重要作用, 而城市化过程使得城市及其周边地区土地利用发生剧烈变化, 形成了异质性环境梯度, 直接或间接地影响了土壤微生物群落的组成和功能, 进而影响了其承载的生态系统服务。本文综述了城乡复合生态系统不同景观单元土壤微生物群落的组成特征、主要影响因素及其功能差异, 发现城市化对土地利用的改变驱动了土壤微生物群落的组成、结构和功能差异, 土地利用、土壤污染物、植被覆盖、土壤性质等因素共同影响土壤微生物群落, 并且在不同景观中影响土壤微生物的主导因素有所不同。进一步探讨了土壤微生物的生态服务功能, 并分析了不同景观中土壤微生物功能存在的差异性。今后需进一步解析社会—经济—自然复合生态系统格局特征对土壤微生物的影响, 揭示城乡复合生态系统不同功能区土壤微生物对土壤生态服务的产生和维持机制, 明确变化环境下土壤微生物对土壤安全和人类健康的维持机制, 以提升土壤生态服务功能、维护城乡土壤安全和人居环境健康。

**关键词:** 城市化; 土壤微生物; 土地利用; 功能差异; 土壤安全

**中图分类号:** S154.3      **文献标志码:** A

## Community Characteristic and Functional Variability of Soil Microbes in Urban-rural Complex Ecosystem

LI Min<sup>1,2</sup>, CHEN Liding<sup>1,2</sup>, YANG Xiaoru<sup>3</sup>, ZHAO Fangkai<sup>1,2</sup>, SUN Long<sup>1</sup>, XU Shenlai<sup>4</sup>, YANG Lei<sup>1, 2†</sup>

(1. State Key Laboratory of Urban and Regional Ecology, Research Center for Eco-environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 3. Institute of Urban Environment, Chinese Academy of Sciences, Xiamen, Fujian 361021, China; 4. Yangtze Ecology and Environment Co. Ltd, Wuhan 440000, China)

\* 中国科学院青年创新促进会项目(2018057)和国家自然科学基金项目(41571130064, 41871194)资助 Supported by the Youth Innovation Promotion Association, Chinese Academy of Sciences (No. 2018057) and the National Natural Science Foundation of China (Nos. 41571130064, 41871194)

† 通讯作者 Corresponding author, E-mail: leiyang@rcees.ac.cn

作者简介: 李 敏 (1995—), 女, 山东济南人, 主要从事景观格局与生态过程研究。E-mail: minli\_st@rcees.ac.cn

收稿日期: 2020-07-11; 收到修改稿日期: 2020-10-05; 网络首发日期 (www.cnki.net): 2020-11-27

**Abstract:** Soil microbes play an important role in a number of processes of the terrestrial ecosystem. Rapid urbanization brings about drastic changes in land use in urban and rural areas, thus forming a heterogenous environmental gradient, and directly and/or indirectly affecting compositions and functions of soil microbial communities and further on their ecosystem services. In the present review, composition characteristics of the soil microbial community varying with the landscape unit in the complex ecosystem and their main affecting factors, and functional variation of the soil microbial community along an urbanization gradient were summarized. An environmental gradient from urban to rural areas was found as a result of rapid urbanization causing variation of composition and functions of the soil microbial community. Land use, soil pollutants, vegetation cover, soil properties and some others were the main environmental factors jointly affecting soil microbial communities. However, the leading factors affecting soil microbial communities vary with the landscape. Then ecological service functions of soil microbes were discussed and their variation with the landscape analyzed. It is, therefore, essential to analyze further in detail effects of the social-economic-natural complex ecosystem, varying in characteristic and pattern, on soil microbial communities, to explore mechanisms of the generation and maintenance of ecological services that soil microbes in different functional zones of urban-rural complex ecosystem render to the soil, and to specify mechanism of soil microbes maintaining soil security and human health in a varying environment, so as to improve ecological service functions of the soil and maintain urban and rural soil security and health of the living environment.

**Key words:** Urbanization; Soil microbes; Land use; Functional variation; Soil security

城市化改变了城市周边的土地利用方式和社会、经济功能，使自然/农业生态系统逐步向城市生态系统转变，并形成城市—城郊—农业/自然生态系统的环境梯度，构成了社会、经济和环境要素复杂联系的城乡复合生态系统。城市化在给城乡居民带来诸多福祉的同时，也带来了一系列生态环境问题，如耕地锐减、土地退化、土壤污染、生物多样性降低等<sup>[1-3]</sup>。土壤是城乡复合生态系统的重要组成部分，为城乡居民提供食物供给、污染物净化、水源涵养等多种生态服务，城市化对土壤及其环境的改变必将影响土壤生态服务的供给与维持。土壤微生物是土壤中最为活跃的部分，参与多个关键生态服务的形成，在驱动地表生物地球化学循环中发挥着重要作用<sup>[4]</sup>。土壤微生物主导了多个土壤过程：如固碳、固氮和有机质分解等<sup>[5-7]</sup>，土壤根际微生物与植物根际土的相互作用主导着地上和地下生态过程的耦合<sup>[8]</sup>，并且微生物在土壤污染物降解过程中也发挥了重要作用<sup>[9]</sup>。

明确土壤微生物在城乡复合生态系统的组成特征及其功能差异，对维护土壤安全、提升土壤生态服务具有重要科学意义。土壤微生物对环境的变化非常敏感，不同生态系统中土壤微生物群落组成存在较大差异。例如，Wu 等<sup>[10]</sup>通过 16S rRNA 高通量测序和克隆文库技术分析发现，土壤微生物的多样性和群落组成是由土地利用方式决定的。Zhao

等<sup>[11]</sup>通过比较天然森林、公园、农田、街道绿地和路边树林土壤微生物生物量和功能多样性，发现不同土地利用方式通过影响土壤理化性质，尤其是养分有效性和重金属含量，对土壤微生物的生物量和群落功能多样性产生间接影响。并且，也有研究表明土地利用历史也会对土壤微生物群落的结构、功能及多样性产生影响<sup>[12-13]</sup>。人类主导景观通过土地利用方式的变化，改变了土壤结构、组成和生物地球化学循环过程，从而塑造了不同的土壤微生物群落<sup>[14-15]</sup>，进一步又影响了其在土壤生态服务产生和维持中的作用。随着城市化进程的加快和土地利用方式的改变，城市化驱动的土壤微生物群落组成和功能的差异正逐渐引起关注。各国学者从不同土地利用土壤微生物群落的组成、结构、多样性、生态功能及其影响因素等方面开展了研究<sup>[16-18]</sup>。土壤环境及其变化受自然、社会和经济因素的多重驱动，但目前多数研究集中在单一土地利用类型的微生物群落多样性和生态系统功能，快速城市化及人类活动所形成的城乡环境梯度对土壤微生物群落组成和功能的影响还亟待展开。基于此，本文综述了城市化影响下不同土地利用/景观中土壤微生物群落的组成特征、功能差异及关键影响因素，并对今后的研究进行了展望，以期城市化过程中可持续性人地关系的建立、土壤安全和生态系统服务的提升提供参考。

# 1 城乡环境梯度不同景观中土壤微生物群落特征

土壤微生物群落的组成、丰度、多样性等与土壤环境密切相关,城市化过程中土壤环境的改变使得土壤微生物的组成和分布受到人类活动的剧烈影响<sup>[19]</sup>。明确城乡环境不同景观中土壤微生物群落特征是探讨土壤微生物生态功能对城市化响应的基础。

## 1.1 城乡环境梯度土壤微生物群落特征的空间差异

就生物量而言,自然区域中(如森林、草地等)土壤微生物的生物量最高,城市和城郊土壤微生物生物量相对较低。例如,研究发现北京市从城市到自然区域,土壤微生物的生物量逐渐增加<sup>[20]</sup>;在厦门市的一项研究发现自然区域土壤古菌和细菌的生

物量仍为最高,但城市土壤细菌的生物量略高于城郊<sup>[21]</sup>;也有研究表明城市和城郊地区的土壤微生物生物量并没有明显差异<sup>[22]</sup>。就多样性而言,城市和城郊地区土壤微生物多样性通常明显高于自然/农业区域。城市和城郊地区受人类活动影响大,土壤环境的变化必然会使土壤微生物的多样性发生改变。例如,Tan 等<sup>[23]</sup>研究东莞城乡环境梯度下土壤微生物群落多样性发现,土壤中细菌群落多样性在城市中最高,其次为城郊,自然区域最低。杨元根等<sup>[24]</sup>对阿伯丁市土壤微生物群落研究发现,城市土壤中重金属元素的积累可能会使以糖类为碳源的微生物种类减少,而利用其他碳源的微生物种类可能会增多。总体而言,城乡环境梯度下大体存在土壤微生物的生物量在自然区域中最高,城郊和城市较低,土壤微生物的多样性在城市和城郊中较高,而自然区域中较低的规律(表1)。

表 1 城乡环境梯度土壤微生物生物量和多样性的差异

Table 1 Soil microbial biomass and diversity varying along the urban-rural environmental gradient

研究区域 Location	参数 Parameter	类别 Category	城市 Urban	城郊 Peri-urban	乡村/自然 Rural/Nature	参考文献 References
土壤微生物生物量 Soil microbial biomass						
厦门	绝对丰度	古菌 16 S rRNA ( $10^9$ )	0.50	0.66	1.29	[21]
	$/(\text{copies}\cdot\text{g}^{-1}\text{ dry soil})$	细菌 16 S rRNA ( $10^{10}$ )	1.34	1.30	3.37	
北京	微生物生物量碳 $/(\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1})$	—	294.24	375.15	—	[25]
珠江三角洲	微生物生物量碳 $/(\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1})$	—	375	587.5	600	[26]
南昌	微生物生物量碳 $/(\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1})$	—	200	375	425	[27]
北京	微生物生物量碳 $/(\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1})$	—	12.6	25	275	[20]
土壤微生物多样性 Soil microbial diversity						
东莞	Shannon 多样性指数	细菌	9.8	8.4	8.1	[23]
		真菌	5.5	3.5	5.0	
Leuven (比利时)	Fisher 多样性指数	真菌	2.51	3.67	2.46	[28]
北京	Shannon 多样性指数	—	3.08	3.03	—	[25]
北京	系统发育指数	细菌	587.5	554.2	575	[29]
Helsinki (芬兰)	预测多样性指数	细菌	60.85	—	44.2	[30]
Lahti (瑞典)	Predicted diversity indices	真菌	34.45	—	16	

## 1.2 城乡环境典型景观中土壤微生物群落特征

**1.2.1 城市绿地** 城市绿地主要包括公园、绿化带、居民区绿地等，是城市土壤覆盖的主要区域，为城市居民提供气候调节、污染物净化、水源涵养、景观美学等生态服务。城市绿地土壤的组成、结构和理化性质受人类活动干扰最为强烈<sup>[31]</sup>，导致城市绿地土壤微生物群落组成与自然土壤存在显著差异。由于城市土壤环境中重金属等污染物的累积以及城市土壤多为客土<sup>[32]</sup>，使得微生物呈现活性高但不稳定的特征<sup>[33]</sup>，并且城市绿地中土壤微生物群落相互作用网络较为松散，发挥核心作用的微生物类群较少<sup>[18]</sup>。例如，Wang 等<sup>[34]</sup>对芝加哥不同类型城市绿地（公园、街道和住宅区绿地）中土壤微生物研究，发现绿地类型和人口密度导致了土壤微生物群落组成的显著差异，认为城市人口结构和土地利用变化是影响土壤微生物群落的重要因素。Hui 等<sup>[30]</sup>比较了芬兰 41 个公园中土壤微生物群落的特征，发现城市绿地中土壤微生物仍然遵循自然环境中典型的植物—微生物组合模式，并且公园的年龄决定了土壤微生物群落的组成。Zhao 等<sup>[11]</sup>在北京研究发现城市绿地土壤微生物的生物量较低，并与 Yang 等<sup>[35]</sup>的研究均证实重金属积累是城市土壤微生物生物量偏低的主要因素。还有学者研究发现绿色屋顶中微生物生物量以及细菌与真菌的比例明显低于公园，这可能是绿色屋顶土层浅薄、长期暴露于太阳辐射等极端土壤条件导致的<sup>[36]</sup>。

**1.2.2 城郊建设和工业用地** 城郊处于城市和农业/自然生态系统的交界地带，这使得城郊地区的景观多样性、复杂性及破碎化程度均高于城市、农业和自然区域<sup>[37]</sup>，多样、复杂的景观使得城郊土壤中的微生物群落组成更加复杂。城市、城郊甚至乡村地区的土壤都容易受到重金属、有机污染物等的威胁，影响土壤微生物的组成和多样性，尤其在城郊建设和工矿用地，这一现象更为明显。Silva-Castro 等<sup>[38]</sup>在研究被柴油污染的土壤修复过程中发现了以石油作为碳源的特异性微生物群落，以适应被石油污染的土壤。也有研究发现当土壤长期暴露于六氯环己烷（俗称六六六）污染中时，土壤中嗜甲烷细菌具有较高的丰富度<sup>[39]</sup>。土壤受到重金属污染时，不仅微生物群落组成受到显著影响，土壤微生物相互作用网络也会受到影响，但不同微生物对重金属的响应不同，有些微生物甚至会更加活跃<sup>[40]</sup>。重金

属污染不仅会直接影响土壤微生物群落及其代谢结构，还会通过微生物群落进一步对土壤功能产生影响<sup>[41]</sup>。公路工程建设也对土壤微生物造成一定程度的干扰。例如，路域土壤与林区相比，土壤微生物的种属多样性和功能菌的数量都有所减少<sup>[42]</sup>，旅游道路建设会导致真菌物种数、孢子密度和多样性指数下降，对真菌群落产生了负面影响<sup>[43]</sup>。

**1.2.3 农田** 土壤微生物在农田土壤肥力形成和植物养分吸收转化过程中发挥着重要作用<sup>[44]</sup>。随着城市的发展和人口的聚集，农田作物生产和食品供给的需求增加，为提高土壤生产力，施肥等大量农业耕作措施被应用于农田土壤中，进而影响了土壤微生物群落。研究发现，在长期施用化肥的农田中，土壤微生物的生物量会明显下降<sup>[45-46]</sup>。时鹏等<sup>[47]</sup>研究了玉米连作和施肥对农田土壤微生物功能多样性的影响，发现玉米连作不施肥的微生物多样性低于撂荒处理，非玉米连作则提高了土壤微生物优势度指数。长期施用氮、磷、钾等专性肥料，只会促进与这些营养元素循环有关的微生物的生长和代谢，而其他微生物的生长代谢过程则会受到阻碍，从而降低土壤微生物多样性；另一方面，大量研究也表明施用化肥会导致土壤酸化，影响土壤 pH，从而导致土壤微生物多样性下降<sup>[46, 48-50]</sup>。长期施用化肥还会导致土壤微生物之间的相互联系被削弱，降低群落网络在节点数、连通性、网络密度和聚类系数等方面的复杂性，土壤微生物群落变得不稳定<sup>[51]</sup>。相比而言，秸秆还田、平衡施肥等耕作方式能够增加土壤有机质含量，增强土壤中离子交换能力，在提高作物产量的同时增加土壤微生物的功能性状，使得土壤微生物群落的相互作用网络更加稳定<sup>[52]</sup>。

**1.2.4 自然区域** 自然区域土壤中微生物组成丰富，与地下生态过程紧密相关，在生物地球化学循环中起着重要作用。在群落组成上，以森林为例，森林土壤微生物组成主要包括细菌、真菌、放线菌三大类群，其中细菌数量最多，其次为放线菌，真菌数量最少<sup>[53]</sup>。自然区域土壤微生物在垂直剖面上有明显的分布规律，随着土壤深度的增加，土壤微生物的生物量和多样性表现为下降趋势<sup>[54]</sup>。自然区域土壤微生物群落多样性和组成受地上植被覆盖影响显著，地上植物群落的多样性与土壤微生物群落多样性成正比，植物的凋落物、根际分泌物等均会影响土壤微生物，一方面凋落物和植物根际分泌物

会直接对土壤微生物产生影响，另一方面植物通过改变土壤的性质和营养状况来改变土壤微生物的生存环境<sup>[55-56]</sup>。通过研究我国北方温带草原土壤微生物群落组成发现，温带草原土壤微生物群落组成在草原类型间存在明显差异，土壤性质、地上植被量以及植被类型等都对其有影响<sup>[57]</sup>。马红梅等<sup>[58]</sup>发现草地中土壤微生物数量也存在细菌最多，放线菌其次，真菌数量最少的规律，并且不同草地利用对土壤微生物的数量和微生物量碳的影响不同。Zhao 等<sup>[59]</sup>对中国南方 4 个常绿阔叶林中土壤微生物群落的组成、多样性和碳/氮循环基因的综合研究发现，土壤中的氮和磷不仅对微生物群落多样性和组成有显著影响，而且对功能基因相互作用也有显著影响。

## 2 城乡环境中土壤微生物群落的主要影响因素

影响土壤微生物群落的因素较多，主要包括环

境因素，如土壤性质（土壤质地、有机碳、水分、养分、pH、温度等）、植被覆盖、污染物等，以及群落内部因素对土壤微生物的影响。土壤微生物群落及其动态是由多种因素共同作用的结果<sup>[60]</sup>，并且在不同的景观中其关键影响因素有所不同（图 1）。

### 2.1 城市

土壤翻动、压实及封闭等城市建设活动会显著改变土壤性质，使土壤孔隙度减小、容重增大、酸碱度改变、水分和养分含量降低，从而对土壤微生物的组成、群落结构和多样性造成影响<sup>[61]</sup>。城市土壤中重金属和有机污染物的积累，以及生活废弃物和废水中的污染物直接或间接进入土壤<sup>[62]</sup>，也极大影响了土壤微生物群落。Wang 等<sup>[34]</sup>对城市绿地土壤微生物群落研究发现土壤湿度与土壤微生物多样性显著相关，还发现土壤砂粒含量与微生物多样性呈正相关，这可能是由于粗糙的土壤会创造更多孤立的水膜，为微生物提供适宜的生境。Singh 等<sup>[63]</sup>在美国新泽西州研究了城市土壤中微生物群落对重金

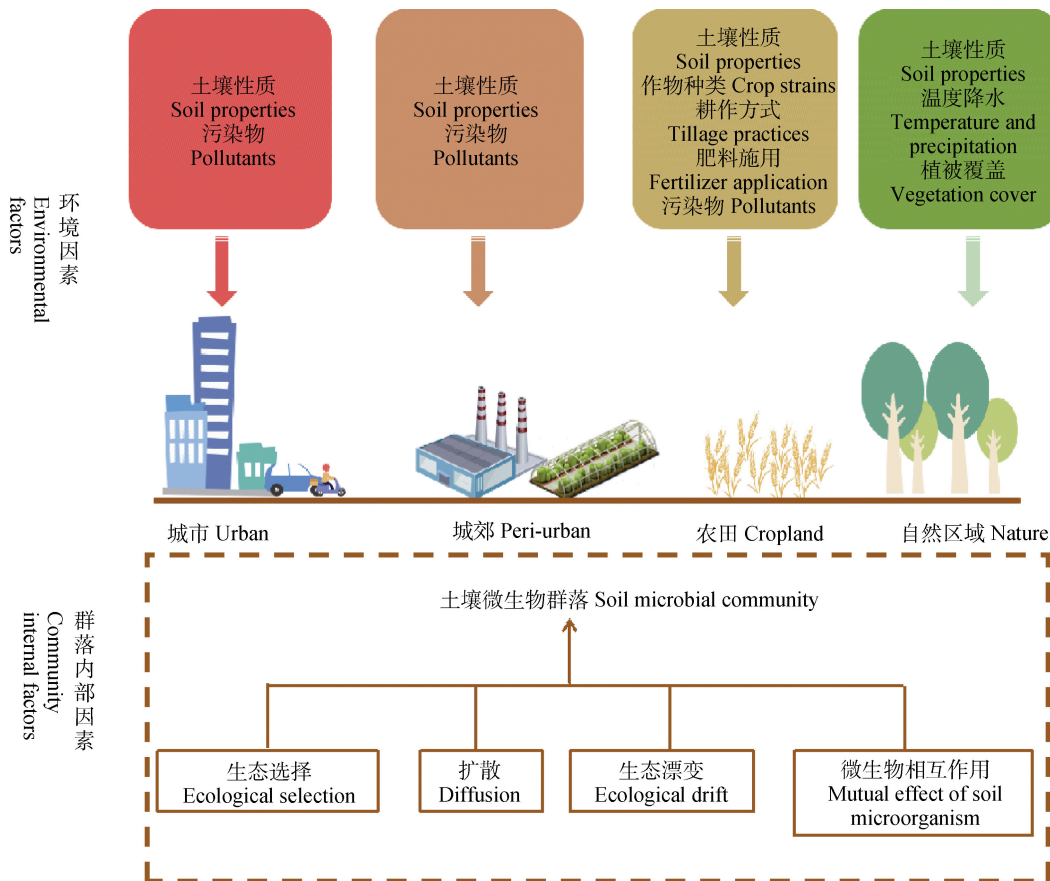


图 1 影响土壤微生物群落组成的主要因素  
Fig. 1 Main factors affecting soil microbial communities

属污染的响应，结果表明重金属污染对细菌群落有显著影响。有研究发现，城市中的多环芳烃污染能够改变土壤变形菌门、放线菌门和拟杆菌门的群落组成和相对丰度，这些门与人类免疫功能和慢性疾病有关，环境中其群落组成发生的重大变化可能会潜在地影响人类健康<sup>[64]</sup>。

## 2.2 城郊

城郊地区各种土地利用类型交织混合，直接面临来自城市扩张和人类活动的压力，使城郊土壤环境极为复杂，影响土壤微生物的因素也更为广泛和多样。一方面，城郊地区频繁的建设工程、筑路以及施肥等活动，导致部分地区土壤质量下降，土壤性质发生巨大改变，进而影响土壤微生物群落。另一方面，城郊地区承接来自城市的污染物，如垃圾填埋、污水处理等，以及自身的工业生产活动，多重因素的叠加导致城郊土壤的污染问题尤为严重<sup>[65-66]</sup>，污染物进入土壤极大的改变了土壤微生物群落的组成、结构和多样性<sup>[67]</sup>。Tischer 等<sup>[68]</sup>研究发现城郊土壤微生物群落随着土地利用类型的变化发生相应梯度的变化，土壤 pH、含碳量、C:N 是影响微生物群落变化的主要因素。Wu 等<sup>[10]</sup>在研究电子废物回收厂周围土壤微生物群落时，通过冗余分析发现可利用磷含量、土壤湿度和金属汞是影响土壤微生物群落的主要因素。

## 2.3 农田

农田中作物种类、轮作连作、肥料施用等都会改变农田土壤性质和土壤肥力，是影响土壤微生物群落的主要因素<sup>[50]</sup>。针对不同施肥以及耕作方式对土壤微生物的生物量、酶活性以及多样性影响的研究发现，多种肥料的配施能提高土壤微生物的代谢活性和多样性，秸秆还田和添加生物炭等措施对土壤微生物群落稳定性和多样性的维持有积极的影响<sup>[69-70]</sup>。Wang 等<sup>[71]</sup>通过比较不同的施肥方式探究施肥与土壤微生物群落之间的关系，结果表明施肥土壤中细菌群落的变化更受氮肥和有机肥施用的驱动，而非磷肥的施用。但另一方面，有机肥施用、污水灌溉等会导致农田土壤中重金属、有机污染物、抗生素和抗性基因的污染，对土壤微生物的生长和代谢产生不良影响<sup>[72]</sup>。有研究探讨了盐胁迫对长期污水灌溉田间土壤细菌群落和 Cd 有效性的影响，结果表明土壤盐渍化胁迫导致土壤镉有效性增加，并改变土壤中主要

的微生物类群<sup>[73]</sup>。

## 2.4 自然区域

自然区域中，土壤属性、降水和温度是较大尺度下土壤微生物群落组成的主要驱动因素<sup>[74-75]</sup>。植被覆盖也是影响土壤微生物群落结构的重要因素<sup>[76]</sup>，植被对土壤微生物群落结构的影响主要有两个方面：一是凋落物和植物根际分泌物会直接对土壤微生物群落产生影响，二是植物通过改变土壤的结构和营养状况来改变土壤微生物的生存环境<sup>[77]</sup>。如 Wu 等<sup>[78]</sup>对温带针叶林和草原土壤进行分析发现，森林土壤中微生物之间的相互作用较草地土壤更为显著，认为地表植被环境是土壤微生物群落差异的主要原因。此外还有研究认为土壤有机碳是影响自然生境中土壤微生物群落结构的主要因素<sup>[79]</sup>，在土壤有机质含量高的地区，土壤微生物群落依靠有机质分解获得更多的能量<sup>[80]</sup>。

在城乡复合生态系统中，各种环境因素直接或间接的作用于土壤微生物群落，经过环境的过滤作用，群落内部因素也会使土壤微生物不断的进行群落构建、演替和变化。此外，土壤微生物由于自身适应性的差异而进行生态选择，选择最适宜其自身生存的环境；微生物的扩散能力也是一项重要影响因素，例如由于细菌个体较小、适应性较强，其扩散能力大于真菌<sup>[81]</sup>；生态漂变在构建微生物群落结构上发挥着重要的作用<sup>[82]</sup>；同时微生物与微生物之间复杂的相互作用，如共生、捕食和竞争等会对土壤微生物群落的组成产生影响，土壤微生物依靠各种复杂的关系共同维持群落的稳定性<sup>[83]</sup>。

# 3 土壤微生物在城乡复合生态系统不同景观中的功能差异

## 3.1 控制与修复土壤污染

城市化推进过程中人类社会、经济活动的增加会导致大量重金属、多环芳烃、抗生素、微塑料等污染物大量进入土壤环境，土壤面临着质量下降、污染加重、生态服务功能降低的挑战<sup>[37]</sup>。土壤微生物在控制与修复土壤污染上发挥着尤为重要的作用。

城市绿地和城郊地区土壤重金属污染相对较为严重，但土壤微生物群落中存在一些特异性微生物，这些微生物通常具有高浓度重金属耐受性，能对土

壤中的重金属进行吸附转化<sup>[84]</sup>。土壤微生物在重金属吸附、积累和转化中的微观作用机理非常复杂,且具有代谢多样性。总体而言,土壤微生物产生配体与重金属离子结合,随后通过离子交换、螯合、扩散等过程进入微生物细胞内,对重金属进行吸附;被微生物吸收进入体内的重金属通过与细胞质内带电功能团的结合、被细胞壁吸附、参与微生物的代谢等方式进行积累;微生物对重金属的转化则主要是通过微生物体内的代谢过程进行的,包括氧化、还原、甲基化等<sup>[85]</sup>。大多数微生物对土壤中重金属的作用是和植物相耦合的,通过植物—微生物共同对受污染的土壤进行修复<sup>[86]</sup>。

在农田中,有机肥的施用使得大量抗生素进入到土壤中<sup>[87]</sup>,会对土壤中的植物、动物、微生物产生直接或间接的毒害作用,并且诱导抗生素抗性基因的产生<sup>[88]</sup>。抗生素与土壤微生物之间的互作效应,一方面体现在抗生素对于土壤微生物的毒害作用,导致土壤微生物数量减少、多样性降低、生物活性和功能受到损害,群落结构遭到破坏;同时土壤微生物也会产生抗性基因来抵抗土壤中抗生素的胁迫<sup>[89]</sup>。另一方面,微生物产生的一些代谢物和酶也可以通过改变抗生素的化学性质进行降解<sup>[90]</sup>,从而缓解土壤中抗生素污染。

### 3.2 调节土壤生态平衡,提升土壤肥力

农业土壤可持续利用主要取决于土壤过程和植物生长之间的平衡。土壤微生物以群落的方式创造出复杂的相互作用网络,在维持土壤的稳定性和可持续性上发挥着关键作用<sup>[91]</sup>。但自毒物质的积累、病原菌滋生、耕作方式不当、集约化利用等会导致养分失衡和土壤退化,打破土壤生态系统原有的平衡状态<sup>[92]</sup>。例如,长期施用化肥会导致植物和土壤微生物的多样性下降,并且土壤微生物网络结构复杂性也会降低,打破土壤生态系统的稳定性,减少土壤生态系统服务<sup>[51]</sup>。土壤微生物不仅可以产生多种代谢产物促进植物的生长,而且能够诱导植物产生抗病性,通过拮抗或竞争作用抑制病原微生物的生长,从而有效调节整个土壤生态系统的平衡<sup>[91]</sup>。如 *Trichoderma harzianum* 可以通过真菌寄生有效抑制马铃薯黑腐病<sup>[93]</sup>,还有研究表明利用微生物接种代替部分化肥的使用可以有效提高土壤肥力,保持土壤稳定<sup>[94]</sup>。

### 3.3 促进物质循环,调节气候变化

土壤微生物在自然生态系统扮演着最基本的角色—分解者,土壤微生物在有机物矿化过程中起着决定性作用,地球上 90%以上的矿化作用都是由微生物完成的,其分解能力和多样性是土壤实现物质循环和养分保持功能的基础,同时土壤微生物作为生物地球化学循环,尤其是碳氮循环过程的重要驱动者,使其在温室气体排放、调节气候变化方面发挥着重要作用,预计到 2100 年,由于气候变暖,25%的冻土会融化,释放出大量的有机质供土壤微生物分解利用,对气候变化产生正反馈作用,加剧气候变暖<sup>[95-96]</sup>。如 Dong 等<sup>[97]</sup>发现豆科植物的根瘤附近 CO<sub>2</sub> 浓度下降,可能是根瘤菌进行了 CO<sub>2</sub> 的同化。土壤微生物能够直接促进植物根系吸收土壤中的营养成分,如共生固氮菌、丛枝菌根真菌、植物根际促生菌等与植物根系形成共生关系,参与土壤中氮、磷等养分循环,促进植物的生长<sup>[98]</sup>(图 2)。

## 4 研究展望

在快速城市化、人类活动和气候变化的多重影响下,探究城乡复合生态系统复杂环境格局及多重驱动因素对土壤微生物群落及其功能的影响已成为亟需探讨的一个重要科学问题。基于对城乡环境土壤微生物组成及功能差异的梳理,认为今后需加强以下几个方面的研究:

1) 明确土地利用及其空间格局特征对土壤微生物网络和功能的影响。开展长期研究,阐明不同尺度下土壤微生物的时空格局特征,进一步明确社会、经济和自然因素对土壤微生物群落组成、动态及其功能演变的驱动机制,明确不同因素对土壤微生物作用的直接和间接作用关系,揭示城乡复合生态系统中宏观格局与土壤微生物过程的耦合机制。

2) 揭示土壤微生物在城乡复合生态系统不同功能区生态服务功能的产生和维持机制。明确土壤微生物在不同城乡环境中对维持粮食生产、提升土壤肥力、提升作物品质、控制温室气体排放、调节气候等关键生态系统服务的作用机制,阐明土壤微生物不同生态服务权衡和协同关系及其影响机制,基于城乡复合生态系统不同功能区关键土壤生态服务的供给与需求特征,探讨土壤微生物生态服务功能的提升途径。

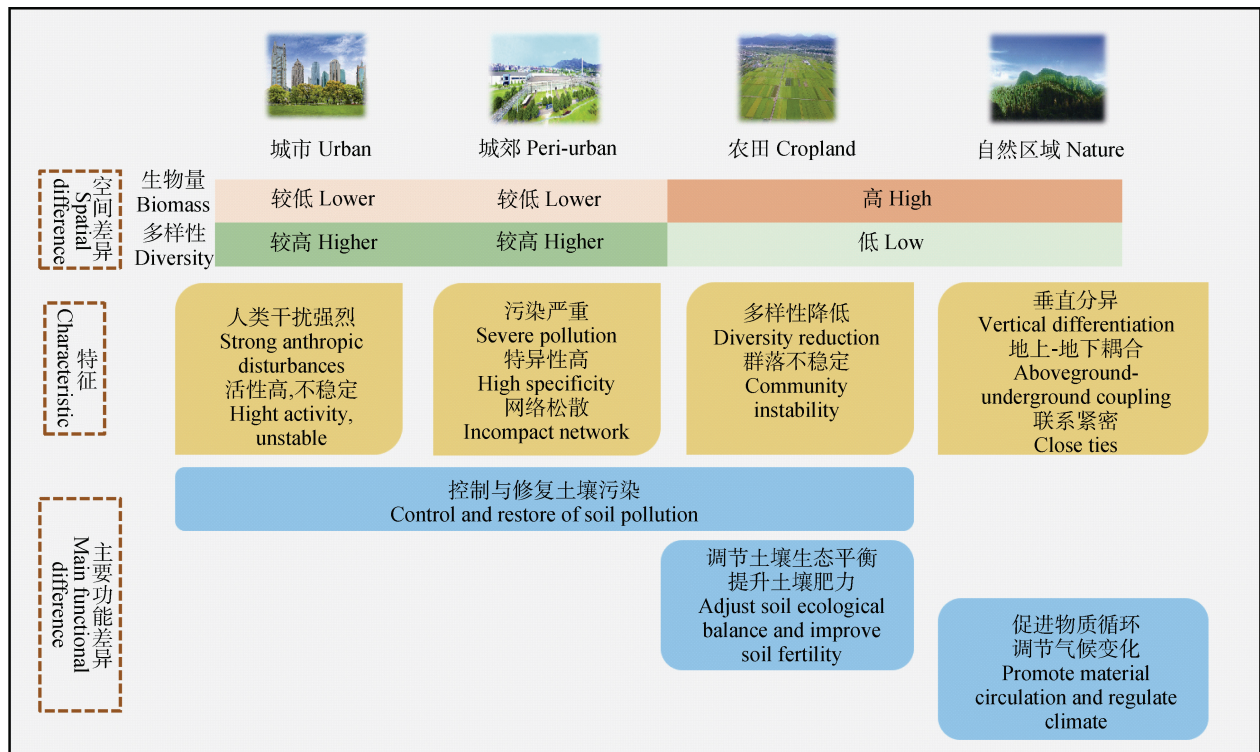


图 2 城乡复合生态系统土壤微生物群落特征和主要功能差异

Fig. 2 Characteristics and main functional variation of the soil microbial community in the urban-rural complex ecosystem

3) 阐明变化环境下土壤微生物对土壤安全的维持机制。探讨气候变化对土壤微生物活性和功能的影响, 尤其是需要明确在气候变化、快速城市化和人类活动进一步增强的多重环境压力下, 土壤微生物在维护土壤生态功能、控制和修复土壤污染的作用特征及其时空分异规律, 解析其对环境变化的响应特征和机制, 阐明土壤微生物对土壤健康的维持过程和作用机制。

4) 探讨土壤微生物对人居环境健康的影响。进一步梳理和明晰城乡环境梯度下土壤微生物与人类健康的关系, 尤其是城市化过程中土壤致病菌的变化, 明确致病菌在城乡环境中的分布特征、迁移过程、影响因素, 明确其生态风险和人类健康风险。依托土壤微生物“再野化”假说, 改善土壤微生物环境, 制定景观格局空间优化策略, 进一步发挥微生物对人类健康的贡献, 营造人与微生物和谐相处的环境。

## 参考文献 (References)

- [ 1 ] Chen J. Rapid urbanization in China: A real challenge to soil protection and food security[J]. *Catena*, 2007, 69 (1): 1—15.
- [ 2 ] Larson C. Losing arable land, China faces stark choice: Adapt or go hungry[J]. *Science*, 2013, 339 (6120): 644—645.
- [ 3 ] Lu Q S, Gao Z Q, Ning J C, et al. Impact of progressive urbanization and changing cropping systems on soil erosion and net primary production[J]. *Ecological Engineering*, 2015, 75: 187—194.
- [ 4 ] Ha K, Marschner P, Bünemann E. Dynamics of C, N, P and microbial community composition in particulate soil organic matter during residue decomposition[J]. *Plant and Soil*, 2008, 303 (1/2): 253—264.
- [ 5 ] Condron L, Stark C, O'Callaghan M, et al. The role of microbial communities in the formation and decomposition of soil organic matter[M]//*Soil Microbiology and Sustainable Crop Production*. Dordrecht: Springer Netherlands, 2010: 81—118.
- [ 6 ] Kuypers M M M, Marchant H K, Kartal B. The microbial nitrogen-cycling network[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2018, 16 (5): 263—276.
- [ 7 ] Sofi J A, Lone A H, Ganie M A, et al. Soil microbiological activity and carbon dynamics in the current climate change scenarios: A review[J]. *Pedosphere*, 2016, 26 (5): 577—591.
- [ 8 ] Wardle D A, Bardgett R D, Klironomos J N, et al. Ecological linkages between aboveground and



- belowground biota[J]. *Science*, 2004, 304 ( 5677 ): 1629—1633.
- [ 9 ] Deng H, Li X F, Huang Y Z, et al. Pollution induced community tolerance in soil microbial community: A review[J]. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2008, 3 ( 5 ): 428—437. [邓欢, 李小方, 黄益宗, 等. 土壤微生物污染诱导群落耐性研究进展[J]. *生态毒理学报*, 2008, 3 ( 5 ): 428—437.]
- [ 10 ] Wu W C, Dong C X, Wu J H, et al. Ecological effects of soil properties and metal concentrations on the composition and diversity of microbial communities associated with land use patterns in an electronic waste recycling region[J]. *Science of the Total Environment*, 2017, 601/602: 57—65.
- [ 11 ] Zhao D, Li F, Yang Q, et al. The influence of different types of urban land use on soil microbial biomass and functional diversity in Beijing, China[J]. *Soil Use and Management*, 2013, 29 ( 2 ): 230—239.
- [ 12 ] Hermans S, Taylor M, Grelet G, et al. From pine to pasture: Land use history has long-term impacts on soil bacterial community composition and functional potential[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2020, 96 ( 4 ): 12.
- [ 13 ] Turley N E, Bell-Dereske L, Evans S E, et al. Agricultural land-use history and restoration impact soil microbial biodiversity[J]. *Journal of Applied Ecology*, 2020, 57 ( 5 ): 852—863.
- [ 14 ] Guo X P, Chen H Y H, Meng M J, et al. Effects of land use change on the composition of soil microbial communities in a managed subtropical forest[J]. *Forest Ecology and Management*, 2016, 373: 93—99.
- [ 15 ] Mganga K Z, Razavi B S, Kuzyakov Y. Land use affects soil biochemical properties in Mt. Kilimanjaro region[J]. *Catena*, 2016, 141: 22—29.
- [ 16 ] Thompson G, Kao-Kniffin J. Urban grassland management implications for soil C and N dynamics: A microbial perspective[J]. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 2019, 7: 315.
- [ 17 ] Yan Z Z, Chen Q L, Zhang Y J, et al. Industrial development as a key factor explaining variances in soil and grass phyllosphere microbiomes in urban green spaces[J]. *Environmental Pollution*, 2020, 261: 114201.
- [ 18 ] Zhang Y, Ji G D, Wu T, et al. Urbanization significantly impacts the connectivity of soil microbes involved in nitrogen dynamics at a watershed scale[J]. *Environmental Pollution*, 2020, 258: 113708.
- [ 19 ] Zhu Y G, Gillings M, Simonet P, et al. Microbial mass movements[J]. *Science*, 2017, 357 ( 6356 ): 1099—1100.
- [ 20 ] Zhao D, Li F, Wang R S, et al. Effect of soil sealing on the microbial biomass, N transformation and related enzyme activities at various depths of soils in urban area of Beijing, China[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2012, 12 ( 4 ): 519—530.
- [ 21 ] Wang H T, Marshall C W, Cheng M Y, et al. Changes in land use driven by urbanization impact nitrogen cycling and the microbial community composition in soils[J]. *Scientific Reports*, 2017, 7: 44049.
- [ 22 ] Hou Y, Zhou H P, Zhang C. Effects of urbanization on community structure of soil microorganism[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2014, 23 ( 7 ): 1108—1112. [侯颖, 周会萍, 张超. 城市化对土壤微生物群落结构的影响[J]. *生态环境学报*, 2014, 23 ( 7 ): 1108—1112.]
- [ 23 ] Tan X L, Kan L, Su Z Y, et al. The composition and diversity of soil bacterial and fungal communities along an urban-to-rural gradient in South China[J]. *Forests*, 2019, 10 ( 9 ): 797.
- [ 24 ] Yang Y G, Paterson E, Campbell C. Application of biolog method to study on microbial features in urban and rural soils[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2002, 39 ( 4 ): 582—589. [杨元根, Paterson E, Campbell C. Biolog 方法在区分城市土壤与农村土壤微生物特性上的应用[J]. *土壤学报*, 2002, 39 ( 4 ): 582—589.]
- [ 25 ] Chen S, Wang X K, Lu F. Research on forest microbial community function variations in urban and suburban forests[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2012, 43 ( 3 ): 614—620. [陈帅, 王效科, 逯非. 城市与郊区森林土壤微生物群落特征差异研究[J]. *土壤通报*, 2012, 43 ( 3 ): 614—620.]
- [ 26 ] Xi D, Kuang Y W. Characteristics of soil organic carbon and its fractions in subtropical evergreen broad-leaved forests along an urbanization gradient[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2018, 29 ( 7 ): 2149—2155. [习丹, 旷远文. 城市化梯度上亚热带常绿阔叶林土壤有机碳及其组分特征[J]. *应用生态学报*, 2018, 29 ( 7 ): 2149—2155.]
- [ 27 ] Chen F S, Fahey T J, Yu M Y, et al. Key nitrogen cycling processes in pine plantations along a short urban-rural gradient in Nanchang, China[J]. *Forest Ecology and Management*, 2010, 259 ( 3 ): 477—486.
- [ 28 ] Martinová V, van Geel M, Lievens B, et al. Strong differences in *Quercus Robur*-associated ectomycorrhizal fungal communities along a forest-city soil sealing gradient[J]. *Fungal Ecology*, 2016, 20: 88—96.
- [ 29 ] Yan B, Li J S, Xiao N W, et al. Urban-development-induced changes in the diversity and composition of the soil bacterial community in Beijing[J]. *Scientific Reports*, 2016, 6: 38811.
- [ 30 ] Hui N, Jumpponen A, Francini G, et al. Soil microbial communities are shaped by vegetation type and park age in cities under cold climate[J]. *Environmental Microbiology*, 2017, 19 ( 3 ): 1281—1295.
- [ 31 ] Ellis E C. Anthropogenic transformation of the terrestrial biosphere[J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society A-Mathematical Physical and Engineering Sciences*, 2011, 369 ( 1938 ): 1010—1035.

- [ 32 ] Zhao Q N. Review on soil pollution during functional replacement of urban land[J]. *Soils*, 2009, 41 ( 3 ): 350—355. [赵沁娜. 城市土地置换过程中土壤污染研究进展评述[J]. *土壤*, 2009, 41 ( 3 ): 350—355.]
- [ 33 ] Insam H, Hutchinson T C, Reber H H. Effects of heavy metal stress on the metabolic quotient of the soil microflora[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 1996, 28 ( 4/5 ): 691—694.
- [ 34 ] Wang H T, Cheng M Y, Dsouza M, et al. Soil bacterial diversity is associated with human population density in urban greenspaces[J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, 52 ( 9 ): 5115—5124.
- [ 35 ] Yang Y G, Campbell C D, Clark L, et al. Microbial indicators of heavy metal contamination in urban and rural soils[J]. *Chemosphere*, 2006, 63 ( 11 ): 1942—1952.
- [ 36 ] McGuire K L, Payne S G, Palmer M I, et al. Digging the New York City skyline: Soil fungal communities in green roofs and City Parks[J]. *PLoS One*, 2013, 8 ( 3 ): e58020.
- [ 37 ] Zhao F K, Yang L, Chen L D, et al. Soil security in peri-urban ecosystems: Problems and challenges[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38 ( 12 ): 4109—4120. [赵方凯, 杨磊, 陈利顶, 等. 城郊生态系统土壤安全: 问题与挑战[J]. *生态学报*, 2018, 38 ( 12 ): 4109—4120.]
- [ 38 ] Silva-Castro G A, Rodelas B, Perucha C, et al. Bioremediation of diesel-polluted soil using biostimulation as post-treatment after oxidation with Fenton-like reagents: Assays in a pilot plant[J]. *Science of the Total Environment*, 2013, 445/446: 347—355.
- [ 39 ] Mertens B, Boon N, Verstraete W. Stereospecific effect of hexachlorocyclohexane on activity and structure of soil methanotrophic communities[J]. *Environmental Microbiology*, 2005, 7 ( 5 ): 660—669.
- [ 40 ] Li X Q, Meng D L, Li J, et al. Response of soil microbial communities and microbial interactions to long-term heavy metal contamination[J]. *Environmental Pollution*, 2017, 231: 908—917.
- [ 41 ] Bérard A, Capowicz L, Mombo S, et al. Soil microbial respiration and PICT responses to an industrial and historic lead pollution: A field study[J]. *Environmental Science and Pollution Research International*, 2016, 23 ( 5 ): 4271—4281.
- [ 42 ] Zhang K D, Ju T Z, Ren Y B, et al. The comparative study of soil microbial community characteristics in Baotian expressway[J]. *Ecological Science*, 2016, 35( 4 ): 134—141. [张克弟, 巨天珍, 任艺彬, 等. 宝天高速公路路域土壤微生物群落特征的比较研究[J]. *生态科学*, 2016, 35 ( 4 ): 134—141.]
- [ 43 ] Yang A N, Tang D M, Jin X L, et al. The effects of road building on arbuscular mycorrhizal fungal diversity in Huangshan Scenic Area[J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2018, 34 ( 2 ): 30.
- [ 44 ] Gonzalez-Quiñones V, Stockdale E A, Banning N C, et al. Soil microbial biomass—Interpretation and consideration for soil monitoring[J]. *Soil Research*, 2011, 49 ( 4 ): 287—304.
- [ 45 ] Luo X Q, Hao X H, Chen T, et al. Effects of long-term different fertilization on microbial community functional diversity in paddy soil[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2009, 29 ( 2 ): 740—748. [罗希茜, 郝晓晖, 陈涛, 等. 长期不同施肥对稻田土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. *生态学报*, 2009, 29 ( 2 ): 740—748.]
- [ 46 ] Wu Q F, Lu K P, Mao X L, et al. Responses of soil nutrients and microbial biomass and community composition to long-term fertilization in cultivated land[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2015, 31 ( 5 ): 150—156. [罗奇峰, 陆扣萍, 毛霞丽, 等. 长期不同施肥对农田土壤养分与微生物群落结构的影响[J]. *中国农学通报*, 2015, 31 ( 5 ): 150—156.]
- [ 47 ] Shi P, Gao Q, Wang S P, et al. Effects of continuous cropping of corn and fertilization on soil microbial community functional diversity[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30 ( 22 ): 6173—6182. [时鹏, 高强, 王淑平, 等. 玉米连作及其施肥对土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. *生态学报*, 2010, 30 ( 22 ): 6173—6182.]
- [ 48 ] Liu X J, Zhang Y, Han W X, et al. Enhanced nitrogen deposition over China[J]. *Nature*, 2013, 494 ( 7438 ): 459—462.
- [ 49 ] Xu M G, Tang H J, Yang X Y, et al. Best soil managements from long-term field experiments for sustainable agriculture[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2015, 14 ( 12 ): 2401—2404.
- [ 50 ] Wang H Y, Xu M G, Ma X, et al. Research advances of microorganism and ammonia oxidizing bacteria under long-term fertilization in Chinese typical cropland[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2018 ( 2 ): 1—12. [王慧颖, 徐明岗, 马想, 等. 长期施肥下我国农田土壤微生物及氨氧化菌研究进展[J]. *中国土壤与肥料*, 2018 ( 2 ): 1—12.]
- [ 51 ] Huang R L, McGrath S P, Hirsch P R, et al. Plant-microbe networks in soil are weakened by century-long use of inorganic fertilizers[J]. *Microbial Biotechnology*, 2019, 12 ( 6 ): 1464—1475.
- [ 52 ] Yu Y J, Wu M, Petropoulos E, et al. Responses of paddy soil bacterial community assembly to different long-term fertilizations in southeast China[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 656: 625—633.
- [ 53 ] Hu H, Liu Z B, Fan Y P, et al. Study progress in soil microbial ecology of forest[J]. *World Forestry Research*, 2016, 29 ( 3 ): 24—29. [扈花, 刘泽彬, 樊亚鹏, 等. 森林土壤微生物生态学研究进展[J]. *世界林业研究*, 2016, 29 ( 3 ): 24—29.]
- [ 54 ] Han M, Jiao R Z, Dong Y H. Distribution pattern of microbes in the deciduous broad-leaved forest soil and

- screening of functional bacteria in Wolong nature reserve[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2013, 49 (10): 113—117. [韩梅, 焦如珍, 董玉红. 卧龙自然保护区落叶阔叶林土壤微生物分布规律及功能菌的筛选[J]. 林业科学, 2013, 49 (10): 113—117.]
- [ 55 ] Prescott C E, Grayston S J. Tree species influence on microbial communities in litter and soil: Current knowledge and research needs[J]. *Forest Ecology and Management*, 2013, 309: 19—27.
- [ 56 ] Meng H J, Liu X D, Jin M, et al. Response of edaphon to different vegetation types in Qilian mountains[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2007, 38 (6): 1127—1130. [孟好军, 刘贤德, 金铭, 等. 祁连山不同森林植被类型对土壤微生物影响的研究[J]. 土壤通报, 2007, 38 (6): 1127—1130.]
- [ 57 ] Fang Y, Wang W, Yao X D, et al. Soil microbial community composition and environmental controls in northern temperate steppe of China[J]. *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Pekinensis*, 2017, 53 (1): 142—150. [方圆, 王妮, 姚晓东, 等. 我国北方温带草地土壤微生物群落组成及其环境影响因素[J]. 北京大学学报: 自然科学版, 2017, 53 (1): 142—150.]
- [ 58 ] Ma H M, Shao X Q, Zhang J Q, et al. Soil microbe characteristics of alpine grassland under different management regimes in the Yushu district of Qinghai Province, China[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2015, 23 (1): 75—81. [马红梅, 邵新庆, 张建全, 等. 玉树高寒草甸不同利用方式下土壤微生物的特征[J]. 草地学报, 2015, 23 (1): 75—81.]
- [ 59 ] Zhao M X, Cong J, Cheng J M, et al. Soil microbial community assembly and interactions are constrained by nitrogen and phosphorus in broadleaf forests of Southern China[J]. *Forests*, 2020, 11 (3): 285.
- [ 60 ] Frossard A, Hartmann M, Frey B. Tolerance of the forest soil microbiome to increasing mercury concentrations[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, 105: 162—176.
- [ 61 ] Zhang G L, Zhu Y G, Fu B J. Quality changes of soils in urban and suburban areas and its eco-environmental impacts—A review[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2003, 23 (3): 539—546. [张甘霖, 朱永官, 傅伯杰. 城市土壤质量演变及其生态环境效应[J]. 生态学报, 2003, 23 (3): 539—546.]
- [ 62 ] Li Y W, Wang J, Ju T Z, et al. Heavy metal pollution characteristics and human health risk assessment in soils from different functional areas of Baiyin, Gansu, China[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2017, 36 (5): 1408—1418. [李有文, 王晶, 巨天珍, 等. 白银市不同功能区土壤重金属污染特征及其健康风险评估[J]. 生态学杂志, 2017, 36 (5): 1408—1418.]
- [ 63 ] Singh J P, Vaidya B P, Goodey N M, et al. Soil microbial response to metal contamination in a vegetated and urban brownfield[J]. *Journal of Environmental Management*, 2019, 244: 313—319.
- [ 64 ] Parajuli A, Grönroos M, Kauppi S, et al. The abundance of health-associated bacteria is altered in PAH polluted soils—Implications for health in urban areas?[J]. *PLoS One*, 2017, 12 (11): e0187852.
- [ 65 ] Grimm N B, Foster D, Groffman P, et al. The changing landscape: Ecosystem responses to urbanization and pollution across climatic and societal gradients[J]. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 2008, 6 (5): 264—272.
- [ 66 ] Pastor J, Hernández A J. Heavy metals, salts and organic residues in old solid urban waste landfills and surface waters in their discharge areas: Determinants for restoring their impact[J]. *Journal of Environmental Management*, 2012, 95 (Suppl): S42—S49.
- [ 67 ] Hang X S, Wang H Y, Zhou J M, et al. Heavy metal contamination characteristics and its impacts on microbial and enzymatic activities in the soil surrounding an electroplating factory[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2010, 29 (11): 2133—2138. [杭小帅, 王火焰, 周健民, 等. 电镀厂附近土壤重金属污染特征及其对微生物与酶活性的影响[J]. 农业环境科学学报, 2010, 29 (11): 2133—2138.]
- [ 68 ] Tischer A, Blagodatskaya E, Hamer U. Microbial community structure and resource availability drive the catalytic efficiency of soil enzymes under land-use change conditions[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2015, 89: 226—237.
- [ 69 ] Ding Y L, Liu J, Wang Y Y. Effects of biochar on microbial ecology in agriculture soil: A review[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2013, 24 (11): 3311—3317. [丁艳丽, 刘杰, 王莹莹. 生物炭对农田土壤微生物生态的影响研究进展[J]. 应用生态学报, 2013, 24 (11): 3311—3317.]
- [ 70 ] Zhang T, Kong Y, Xiu W M, et al. Effects of fertilization treatments on soil microbial community characteristics under the wheat-maize rotation system in fluvo-aquic soil region in North China[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2019, 28 (6): 1159—1167. [张婷, 孔云, 修伟明, 等. 施肥措施对华北潮土区小麦—玉米轮作体系土壤微生物群落特征的影响[J]. 生态环境学报, 2019, 28 (6): 1159—1167.]
- [ 71 ] Wang Y, Ji H F, Gao C Q. Differential responses of soil bacterial taxa to long-term P, N, and organic manure application[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2016, 16 (3): 1046—1058.
- [ 72 ] Han W H, Dang J H, Zhao Y. Compound pollution of heavy metals and polycyclic aromatic hydrocarbons in sewage irrigation area and its effect on soil microbial quantity[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2016, 25 (9): 1562—1568. [韩文辉, 党晋华, 赵颖. 污灌区

- 重金属和多环芳烃复合污染及其对农田土壤微生物数量的影响[J]. 生态环境学报, 2016, 25 ( 9 ): 1562—1568.]
- [ 73 ] Wang M, Chen S B, Chen L, et al. The responses of a soil bacterial community under saline stress are associated with Cd availability in long-term wastewater-irrigated field soil[J]. *Chemosphere*, 2019, 236: 124372.
- [ 74 ] Lauber C L, Hamady M, Knight R, et al. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75 ( 15 ): 5111—5120.
- [ 75 ] Talbot J M, Bruns T D, Taylor J W, et al. Endemism and functional convergence across the North American soil mycobiome[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2014, 111 ( 17 ): 6341—6346.
- [ 76 ] Ding J J, Zhang Y G, Deng Y, et al. Integrated metagenomics and network analysis of soil microbial community of the forest timberline[J]. *Scientific Reports*, 2015, 5: 7994.
- [ 77 ] Cesarz S, Fender A C, Beyer F, et al. Roots from beech (*Fagus sylvatica* L.) and ash (*Fraxinus excelsior* L.) differentially affect soil microorganisms and carbon dynamics[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2013, 61: 23—32.
- [ 78 ] Wu S H, Huang B H, Huang C L, et al. The aboveground vegetation type and underground soil property mediate the divergence of soil microbiomes and the biological interactions[J]. *Microbial Ecology*, 2018, 75 ( 2 ): 434—446.
- [ 79 ] Wallenius K, Rita H, Mikkonen A, et al. Effects of land use on the level, variation and spatial structure of soil enzyme activities and bacterial communities[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2011, 43 ( 7 ): 1464—1473.
- [ 80 ] Delgado-Baquerizo M, Maestre F T, Reich P B, et al. Carbon content and climate variability drive global soil bacterial diversity patterns[J]. *Ecological Monographs*, 2016, 86 ( 3 ): 373—390.
- [ 81 ] Farjalla V F, Srivastava D S, Marino N A C, et al. Ecological determinism increases with organism size[J]. *Ecology*, 2012, 93 ( 7 ): 1752—1759.
- [ 82 ] Zhou J Z, Liu W Z, Deng Y, et al. Stochastic assembly leads to alternative communities with distinct functions in a bioreactor microbial community[J]. *mBio*, 2013, 4 ( 2 ): e00584—12.
- [ 83 ] Hu Y L, Wang S L, Yan S K. Research advances on the factors influencing the activity and community structure of soil microorganism[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2006, 37 ( 1 ): 170—176. [胡亚林, 汪思龙, 颜绍旭. 影响土壤微生物活性与群落结构因素研究进展[J]. 土壤通报, 2006, 37 ( 1 ): 170—176.]
- [ 84 ] Guo J K, Dong M F, Ding Y Z, et al. Effects of plant growth promoting rhizobacteria on plants heavy metal uptake and transport: A review[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2015, 24 ( 7 ): 1228—1234. [郭军康, 董明芳, 丁永祯, 等. 根际促生菌影响植物吸收和转运重金属的研究进展[J]. 生态环境学报, 2015, 24 ( 7 ): 1228—1234.]
- [ 85 ] Zeng Y, Luo L Q. Research progress on the application and interaction mechanism between specific microorganisms and heavy metals in soil[J]. *Rock and Mineral Analysis*, 2017 ( 2 ): 1—13. [曾远, 罗立强. 土壤中特异性微生物促进植物修复重金属研究进展[J]. 岩矿测试, 2017 ( 2 ): 1—13.]
- [ 86 ] Tak H I, Ahmad F, Babalola O O. Reviews of environmental contamination and toxicology[M] // *Advances in the application of plant growth-promoting rhizobacteria in phytoremediation of heavy metals*. New York: DM, Whitacre, 2013: 33—52.
- [ 87 ] Ge L K, Ren H L, Lu J J, et al. Occurrence of antibiotics and corresponding resistance genes in the environment of China[J]. *Environmental Chemistry*, 2015, 34 ( 5 ): 875—883. [葛林科, 任红蕾, 鲁建江, 等. 我国环境中新兴污染物抗生素及其抗性基因的分布特征[J]. 环境化学, 2015, 34 ( 5 ): 875—883.]
- [ 88 ] Li Z J, Yao Z P, Zhang J, et al. A review on fate and ecological toxicity of veterinary antibiotics in soil environments[J]. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2008, 3 ( 1 ): 15—20. [李兆君, 姚志鹏, 张杰, 等. 兽用抗生素在土壤环境中的行为及其生态毒理效应研究进展[J]. 生态毒理学报, 2008, 3 ( 1 ): 15—20.]
- [ 89 ] Pruden A, Pei R T, Storteboom H, et al. Antibiotic resistance genes as emerging contaminants: Studies in northern Colorado[J]. *Environmental Science & Technology*, 2006, 40 ( 23 ): 7445—7450.
- [ 90 ] Liu F, Tao R, Ying G G, et al. Advance in environmental fate and ecological effects of antibiotics[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30 ( 16 ): 4503—4511. [刘锋, 陶然, 应光国, 等. 抗生素的环境归宿与生态效应研究进展[J]. 生态学报, 2010, 30 ( 16 ): 4503—4511.]
- [ 91 ] Zhou Y, Zhu H H, Yao Q. Improving soil fertility and soil functioning in cover cropped agroecosystems with symbiotic microbes[M] // *Agro-environmental sustainability*. Cham: Springer International Publishing, 2017: 149—171.
- [ 92 ] Lin X G, Chen R R, Hu J L. The management and application of soil microbial resources and the perspectives of soil microbiology[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30 ( 24 ): 7029—7037. [林先贵, 陈瑞蕊, 胡君利. 土壤微生物资源管理、应用技术与学科展望[J]. 生态学报, 2010, 30 ( 24 ): 7029—7037.]
- [ 93 ] Abdul Rauf C, Naz F, Ahmad I, et al. Management of black scurf of potato with effective microbes (EM), biological potassium fertilizer (BPF) and *Trichoderma*

- harzianum*[J]. International Journal of Agriculture and Biology, 2015, 17 ( 3 ): 601—606.
- [ 94 ] Rong L Y, Chai Q, Yao T, et al. Partial replacement of chemical fertilizer by compound microbial inoculant and potential for promoting growth of intercropped *Zea mays* and *Pisum sativum*[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2015, 24 ( 2 ): 22—30. [荣良燕, 柴强, 姚拓, 等. 复合微生物接种剂替代部分化肥对豌豆间作玉米的促生效应[J]. 草业学报, 2015, 24 ( 2 ): 22—30.]
- [ 95 ] Bardgett R D, Freeman C, Ostle N J. Microbial contributions to climate change through carbon cycle feedbacks[J]. The ISME Journal, 2008, 2 ( 8 ): 805—814.
- [ 96 ] Davidson E A, Janssens I A. Temperature sensitivity of soil carbon decomposition and feedbacks to climate change[J]. Nature, 2006, 440 ( 7081 ): 165—173.
- [ 97 ] Dong Z, Layzell D B. H<sub>2</sub> oxidation, O<sub>2</sub> uptake and CO<sub>2</sub> fixation in hydrogen treated soils[J]. Plant and Soil, 2001, 229 ( 1 ): 1—12.
- [ 98 ] Shen R F, Zhao X Q. Role of soil microbes in the acquisition of nutrients by plants[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, 35 ( 20 ): 6584—6591. [沈仁芳, 赵学强. 土壤微生物在植物获得养分中的作用[J]. 生态学报, 2015, 35 ( 20 ): 6584—6591.]

( 责任编辑: 卢 萍 )