

# 北京市五环内道路绿地土壤细菌群落结构特征

傅 振,李素艳,孙向阳\*,呼 诺,张骏达,李 婧,张 乐

(北京林业大学 林学院,北京 100083)

**摘 要:**土壤细菌的群落结构特征能够准确反映当前土壤生态系统稳定性,为城市道路绿地的管理提供重要参考依据。以北京市五环内道路绿地为研究对象,选取 34 个样点进行土壤细菌高通量测序,探究北京市五环内道路绿地土壤细菌的群落组成、多样性和丰富度,并采用冗余分析(RDA)法分析土壤环境因子对细菌群落结构的影响。结果表明,北京市五环内道路绿地土壤细菌群落多样性和丰富度存在显著差异,且由市中心向外呈递减趋势;门分类水平下优势菌门包括变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)4 类菌门,占土壤细菌总比的 78% 左右;属分类水平下主要由 RB41、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、H16 等优势属组成;属分类水平下细菌的群落结构组成较门分类水平呈现出更为明显的分异;RDA 分析结果共解释了 50.26% 的变异,土壤含水量、全 N、有机质和有效 P 与土壤细菌群落结构组成存在显著相关性。总体来看,北京市五环内道路绿地土壤养分状况处于中等偏下水平,可通过改善道路绿地的管理措施提升土壤质量,进而优化土壤细菌群落结构,提高土壤生态系统的稳定性。

**关键词:**道路绿地;土壤环境因子;土壤细菌;群落结构;北京;五环

中图分类号:S154.1      文献标志码:A      文章编号:1001-7461(2019)05-0255-08

## Characteristics of Soil Bacterial Community Structure in Road Greenbelt within 5 Ring Road of Beijing

FU Zhen, LI Su-yan, SUN Xiang-yang\*, HU Nuo, ZHANG Jun-da, LI Jing, ZHANG Le

(Forestry Institute, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China)

**Abstract:** The community structure characteristics of soil bacteria can accurately reflect the current stability of soil ecosystem and provide an important reference for the management of urban road greenbelt. In order to investigate the effect of soil properties of urban road greenbelt on the bacteria changes in community composition, the urban road greenbelt soil within 5 Ring Road in Beijing was selected as the study object. The diversity, community composition and relative abundance of soil bacterial communities were studied by 34 points in different rings through Illumina Miseq. The redundancy analysis was used to study the effects of soil physicochemical factors on bacterial community structure. The results showed that the soil bacterial community diversity and richness were significantly different among the soils of the greenbelts within 5 Ring Road. There existed a downward trend from the city center to external area. The predominant bacterial groups were *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Acidobacteria* and *Bacteroidetes*, accounting for 78% of the total soil bacteria. The dominant bacterial genera were RB41, *Sphingomonas* and H16. The community structure of bacteria at genus level was more distinct than phylum level. In addition, the redundancy analysis (RDA) of soil bacterial community structure and soil variables explained a total of 50.26% of the vari-

收稿日期:2018-10-21    修回日期:2018-12-05

基金项目:北京市科技计划课题(Z161100001116061);中国工程院咨询研究项目(2014-XZ-11-02)。

作者简介:傅 振,女,硕士在读,研究方向:土壤生态。E-mail:fuzhen931201@163.com

\* 通信作者:孙向阳,男,博士,教授,研究方向:土壤生态。E-mail:sunxy@bjfu.edu.cn

ance,suggesting that the soil water content,total nitrogen,soil organic carbon and available nitrogen were the key factors which significantly influenced the bacterial community structure. We concluded that the nutrient status of the urban road greenbelt soils within 5 Ring Road in Beijing was generally at the lower-middle level,which could be enhanced by improving the maintenance and management of road greenbelt to upgrade the level of soil quality,thereby optimizing the soil bacterial community structure and promoting the stability of soil ecosystem.

**Key words:**road greenbelt; soil variable; soil bacteria; community structure; Beijing; 5 Ring Road

城市绿地作为城市生态系统的重要部分,能够有效改善城市生态现状<sup>[1-2]</sup>,提高居民生活质量<sup>[3]</sup>。城市绿地包括道路绿地、居住绿地、附属绿地和公园绿地等<sup>[4-5]</sup>,其中道路绿地在城市绿地中面积占比较大且分布零散<sup>[6-7]</sup>,在改善城市小气候,吸附烟尘等方面发挥着重要的生态作用<sup>[8-9]</sup>。

土壤微生物作为城市绿地土壤生态系统的重要组成部分<sup>[10]</sup>,是监测土壤生态系统健康状况极其敏感的生物活性因子<sup>[11]</sup>,有利于维持生态系统的平衡与园林植物的正常生长<sup>[12]</sup>。土壤微生物尤其是土壤细菌对所处土壤环境的变化十分敏感<sup>[13-14]</sup>,土壤 pH 值、土壤碳氮比、土壤水分含量、地上植被类型和大气 CO<sub>2</sub> 含量等都会引起土壤细菌群落组成发生显著变化<sup>[15-17]</sup>。土壤细菌无论从种类、数量、功能等各方面来看都是土壤微生物中最大的类群<sup>[18]</sup>,因此分析土壤细菌群落结构特征有利于了解城市土壤生态系统的稳定性,能够更有针对性地解决城市生态环境恶化的问题,有利于城市生态系统的可持续发展<sup>[19-20]</sup>。目前关于土壤细菌群落结构特征的研究主要集中在耕地、森林、草原及沼泽等非城市区域<sup>[21-24]</sup>,但对于城市绿地尤其是道路绿地土壤细菌群落结构特征的相关研究鲜有报道。

北京市作为我国的首都,发挥“四个中心”功能,人口密集<sup>[25]</sup>,道路建设错综复杂,交通发达,对城市道路绿地土壤养分及微生物细菌群落组成结构和多样性影响较大。以北京市二环、三环、四环、五环内的道路绿地土壤为对象,根据城市道路特征分析北京市五环内道路绿地土壤细菌群落随不同空间位置土壤养分的变化趋势可为北京市城市道路绿地的管理提供参考依据,亦对全国道路绿地土壤细菌群落结构组成和多样性研究具有借鉴意义,有利于推动绿色高端生态文明城市建设。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

研究区域位于 115°25′—117°30′E,39°26′—41°03′N,地势总体为西北高、东南低,属暖温带半湿润大陆性季风气候,雨量集中在夏季。北京市五环内

区域以天安门为中心,4 条环形公路将其划分为 4 个环形区域。北京市五环道路绿地参照北京市道路绿地规范管理条例按环线管理,植被以乔灌草相结合为主,主要植被类型为国槐、紫叶李、银杏等北方典型的行道树及大叶黄杨、小叶黄杨等无患子日常青灌木,各环道路植被差异较小,道路绿地规划较为整齐单一。

### 1.2 材料与方法

1.2.1 样品的采集与处理 为保证采集样品的均匀度、随机性和可靠性,根据北京五环内道路绿地分布情况及环线长度 GIS 布点 34 个(图 1),分别将二环、三环、四环、五环命名为 DL2、DL3、DL4、DL5,于 2016 年 8 月下旬采集土壤样品。样点基本信息见表 1。

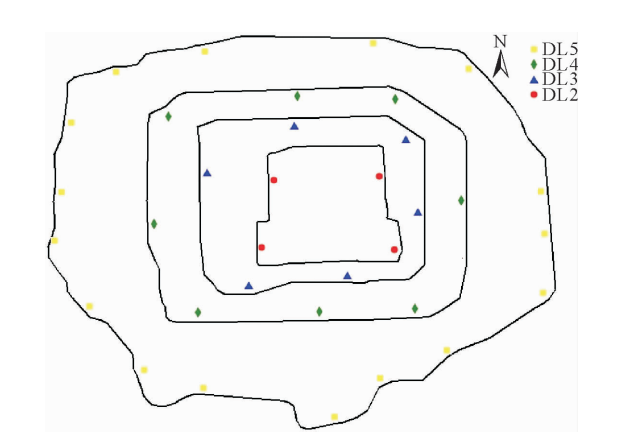


图 1 样点位置分布

Fig. 1 Locations and distributions of the sampling sites

具体采样方法如下:先刨去样方内土壤表层的植被,尽量避开乔、灌、草的根系区域,使用直径为 5 cm 的土钻以 5 点混合法钻取 0~30 cm 的表层土壤,均匀混合后,取其中约 1 kg 土壤装入无菌的聚乙烯自封袋中,另外使用体积为 100 cm<sup>3</sup> 的环刀单独采集土样放置于铝盒之中用于土壤含水量(WC)的测定。将采集到的土壤样品进行预处理,先剔除土壤样品中可见碎石块和动植物残体,再用自封袋分装成两部分。一部分土壤带回实验室经风干撵磨后,用于土壤理化性质的测定;另一部分密封后立即投入装有干冰的土样保温箱内,当日及时送于北京

美吉生物科技有限公司用于土壤细菌高通量测序。

1.2.2 理化性质的测定 对处理后的土壤样品进行土壤性状分析,烘干法测定土壤含水量(WC);稀释热法测定有机质(SOM);半微量开氏法测定全氮(TN);碱解扩散法测定水解氮(AN);0.5 mol·L<sup>-1</sup>碳酸氢钠法分析有效磷(AP);火焰光度计法分析速效钾(AK);pH 计测定 pH 值(水土配比2.5:1)。

1.2.3 土壤微生物群落结构分析

1.2.3.1 DNA 抽提和 PCR 扩增 采用 Powersoil DNA Isolation Kit (MoBio, USA) 进行土壤总 DNA 提取<sup>[26]</sup>,DNA 浓度和纯度利用 Nanorop 2000 进行检测,利用 1%琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 提取质量。采用 16S V4 区引物 515F-806R(5'-GGAC-TACHVGGGTWTCTAAT-3')引物对 V4 可变区进行 PCR 扩增,扩增程序为:95℃预变性 3 min,27 个循环(95℃变性 30 s,55℃退火 30 s,72℃延伸 30 s),最后 72℃延伸 10 min(PCR 仪:ABI GeneAmp®

9700 型)<sup>[27]</sup>。扩增体系为 20 μL,4 μL 5 \* FastPfu 缓冲液,2 μL 2.5 mmol·L<sup>-1</sup> dNTPs,0.8 μL 引物(5 μmol·L<sup>-1</sup>),0.4 μL FastPfu 聚合酶;10 ng DNA 模板。

1.2.3.2 Illumina Miseq 测序 使用 2%琼脂糖凝胶回收 PCR 产物,利用 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit (Axygen Biosciences, Union City, CA, USA)进行纯化,Tris-HCl 洗脱,2%琼脂糖电泳检测。利用 QuantiFluor™-ST (Promega,USA)进行检测定量。根据 Illumina MiSeq 平台(Illumina, San Diego,USA)标准操作规程将纯化后的扩增片段构建文库。利用 Illumina 公司的 Miseq PE300 平台进行测序(上海美吉生物医药科技有限公司)。在 UPARSE 软件中根据 97%的相似度对序列进行 OTU 聚类;使用 UCHIME 软件剔除嵌合体。利用 RDP classifier 对每条序列进行物种分类注释,比对 Silva 数据库(SSU123),设置比对阈值为 70%。

表 1 样点信息

Table 1 Information of sampling sites

采样地点	样点数	经纬度	土壤结构	土壤湿度	土壤质地	土壤紧实度	植被类型	主要植被种类
DL2	4 个	N39°52'39",E116°21'4"	单粒结构	潮	粉砂壤土	适中	乔灌草	国槐、银杏、大叶黄杨、小叶黄杨、麦冬、杂交狗牙根
		N39,52,21,E116°24'41"	块状结构	湿	粉砂壤土	疏松	乔灌草	
		N39°54'9",E116°22'54"	块状结构	湿	壤土	疏松	灌草	
		N39°54'57",E116°25'4"	单粒结构	潮	粉砂壤土	适中	乔灌草	
DL3	6 个	N39°51'6",E116°21'10"	单粒结构	潮	粉砂壤土	疏松	乔灌草	国槐、紫叶李、大叶黄杨、冬青、小叶黄杨、杂交狗牙根
		N39°51'17",E116°22'37"	单粒结构	潮	砂壤土	适中	乔灌草	
		N39°52'54",E116°22'50"	单粒结构	湿	砂壤土	适中	乔灌草	
		N39°52'57",E116°25'4"	单粒结构	潮	砂壤土	适中	乔灌草	
		N39°55'55",E116°18'37"	单粒结构	湿	砂壤土	适中	乔灌草	
		N39°55'57",E116°26'31"	块状结构	湿	粉砂壤土	适中	灌草	
		N39°49'44",E116°18'37"	单粒结构	潮	砂壤土	疏松	乔灌草	
DL4	8 个	N39°50'38",E116°28'55"	单粒结构	潮	壤土	疏松	乔灌草	国槐、大叶黄杨、杂交狗牙根
		N39°50'57",E116°38'45"	单粒结构	潮	粉砂壤土	适中	乔灌草	
		N39°53'59",E116°43'37"	单粒结构	潮	粉砂壤土	疏松	乔灌草	
		N39°54'59",E116°28'36"	块状结构	湿	粉砂壤土	适中	灌草	
		N39°58'13",E116°27'57"	单粒结构	潮	砂壤土	疏松	乔灌草	
		N39°59'17",E116°27'14"	单粒结构	潮	壤土	适中	灌草	
		N39°57'35",E116°25'26"	单粒结构	潮	壤土	疏松	乔灌草	
		N39°45'38",E116°22'58"	单粒结构	干	砂壤土	疏松	乔灌草	
DL5	16 个	N39°46'39",E116°22'58"	单粒结构	干	砂壤土	适中	乔灌草	国槐、银杏、紫叶李、大叶黄杨、麦冬、狗尾草
		N39°46'51",E116°18'45"	单粒结构	干	壤土	疏松	乔灌草	
		N39°47'27",E116°25'25"	单粒结构	干	砂壤土	疏松	乔灌草	
		N39°49'48",E116°15'28"	单粒结构	干	砂壤土	适中	乔灌草	
		N39°50'10",E116°27'54"	单粒结构	干	壤土	疏松	乔灌草	
		N39°50'31",E116°13'04"	单粒结构	干	砂壤土	疏松	乔灌草	
		N39°51'23",E116°14'38"	单粒结构	潮	砂壤土	疏松	乔灌草	
		N39°52'55",E116°32'22"	单粒结构	干	砂壤土	疏松	乔灌草	
		N39°53'11",E116°12'11"	单粒结构	潮	砂壤土	疏松	乔灌草	
		N39°54'23",E116°12'30"	单粒结构	干	砂壤土	疏松	乔灌草	
		N39°54'26",E116°32'6"	单粒结构	干	砂壤土	疏松	乔灌草	
		N39°57'36",E116°14'43"	单粒结构	潮	砂壤土	疏松	乔灌草	
		N39°59'16",E116°14'12"	单粒结构	干	砂壤土	疏松	乔灌草	
		N40°00'22",E116°42'15"	块状结构	潮	粉砂壤土	适中	灌草	
		N40°00'40",E116°49'23"	单粒结构	干	砂壤土	疏松	乔灌草	

1.3 数据处理

采用 Excel 2013 和 SPSS 27.0 软件进行数据汇总和统计分析。经统计学检验,土壤样品理化性质属于偏态分布,故采用非参数检验方法,分别采用 Kruskal-Wallis 检验、Nemenyi 检验总体差异和均值多重比较。基于上海美吉生物医药科技有限公司 I-Sanger 生物学数据在线分析云平台进行土壤样本信息统计,样本比较分析,细菌物种注释与评估、差异分析及组成分析等。利用主成分分析(PCA)检验土壤微生物群落结构的差异,冗余分析(RDA)检验土壤细菌群落结构与环境因子之间的相关性。主成分分析和冗余分析在多元统计分析软件 Canoco for Windows 4.5 中进行。利用软件 Origin 9.0 做图。所有数据均为平均值±标准差。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质

表 2 为不同环内土壤基本理化性质分析。参考北京市土壤养分定级标准分析北京市五环内道路绿地养分状况,从表 2 可知,二、三、四环道路绿地土壤

含水量差异不显著且显著高于五环;pH 值 7.72~7.91,呈微碱性,各环之间差异不显著;土壤有机质含量 12.68~18.11 g·kg<sup>-1</sup>,处于中低水平,且自二环至五环表现出一定的递减趋势;全 N 含量 0.58~0.81 g·kg<sup>-1</sup>,碱解 N 含量 48.81~65.82 mg·kg<sup>-1</sup>,整体水平较低,其中二环区域全 N、碱解 N 含量明显高于其他三环;有效 P 含量 20 mg·kg<sup>-1</sup>左右,亦处于较低水平,从二环至五环呈递减趋势;土壤速效 K 含量整体>155 mg·kg<sup>-1</sup>,较为丰富,自二环至五环亦呈现递减趋势。整体来看,北京市五环内道路绿地养分水平由市中心向外逐渐降低。

2.2 土壤细菌群落多样性

2.2.1 土壤细菌稀释曲线分析 对 34 个样本的土壤细菌 DNA 进行 16S rRNA 高通量测序后得到稀释曲线图(图 2)。测序数量在 800 左右时稀释曲线整体趋于平缓,且文库的覆盖度均已超过 90%(表 3),说明此时的测序数据量相对合理且测序深度达到标准。同时表明各利用方式下土壤细菌数量丰富度都比较高,但都各自有其独特的 OTU,即独特的细菌。

表 2 不同环内土壤基本理化性质

Table 2 Soil physical-chemical properties of four circles

环数编号	含水量/%	pH	有机质 /(g·kg <sup>-1</sup> )	全氮 /(g·kg <sup>-1</sup> )	碱解氮 /(mg·kg <sup>-1</sup> )	有效磷 /(mg·kg <sup>-1</sup> )	速效钾 /(mg·kg <sup>-1</sup> )
DL2	17.55±0.45a	7.82±0.06a	18.11±1.31a	0.65±0.10a	64.31±2.95a	21.95±2.19a	249.99±11.33a
DL3	18.28±1.76a	7.75±0.07a	16.23±0.49ab	0.81±0.09a	65.82±5.64a	20.67±1.98a	215.90±22.87a
DL4	16.42±1.57a	7.91±0.07a	13.50±1.09bc	0.58±0.11a	51.11±4.69b	19.83±1.68ab	158.90±24.63b
DL5	11.86±1.90b	7.72±0.17a	12.68±2.07c	0.64±0.18a	48.81±7.11b	16.57±1.48b	155.24±31.48b

注:表中数据为平均值±标准差。不同的英文字母表示在 5%水平下差异显著。

表 3 不同环内道路绿地土壤细菌多样性指数与丰富度指数

Table 3 Diversity and richness of the soil bacteria of four circles

环数	Shannon 指数	Simpson 指数	Ace 指数	Chao1 指数	覆盖率/%
DL2	6.79 a	0.0038 b	4349.10 a	3391.21 a	90.93 a
DL3	6.65 a	0.0044 b	4026.36b	3206.45 ab	91.07 a
DL4	6.39 b	0.0064 a	3701.52 c	3042.67 bc	91.13 a
DL5	6.32 b	0.0070 a	3329.84 d	2931.64 c	90.81 a

注:表中数据为平均值±标准差。同列不同文字母表示在 5%水平下差异显著(P<5%)。

2.2.2 土壤细菌 Alpha 多样性分析 土壤细菌的 Alpha 多样性是指一个特定区域或者生态系统内土壤细菌的多样性,细菌群落多样性程度采用 Shannon 指数和 Simpson 指数表示,细菌群落丰富度用 Chao1 和 Ace 指数表示。由表 3 可见,二环、三环道路绿地细菌 Shannon 指数显著高于四环、五环,Simpson 指数低于四环、五环,说明二环、三环细菌多样性程度高于四环、五环。五环间 Ace 指数和 Chao1 指数变化极为显著,表明北京市五环内道路绿地细菌丰富度差异较大,且由二环向五环逐渐降低。北京市五环内道路绿地土壤细菌的 Shannon、

Simpson、Chao1、Ace 4 项指数反映出从二环至五环土壤细菌多样性和丰富度呈现出一定的递减趋势。总体来看,北京市五环内道路绿地土壤细菌多样性和丰富度有从市中心向外逐渐降低的规律,其中二环道路绿地土壤细菌多样性和丰富度明显高于其他三环,五环道路绿地细菌多样性和丰富度最低。

2.2.3 群落结构分析 从图 3(a)可见,北京市五环内道路绿地中变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)四类菌门占土壤细菌的 78%左右,属于优势菌门。变形菌门在各环内占比均达

40%。绿弯菌门(Chloroflexi)与浮霉菌门(Planctomycetes)、蓝细菌(Cyanobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、疣微菌门(Verrucomicrobia)、单芽孢菌门(Gemmatimonadetes)等细菌组成剩余 10%~20% 的细菌群落。由此可见,北京市五环内道路绿地土壤细菌门水平下的优势菌群差异性较小,细菌多样性和丰富度的差异主要由非优势种群体现。

从图 3(b)看出,五环内道路绿地中主要有 22 类菌属,其中 RB41 菌属、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)及 *H16* 是其中的优势属。二环道路绿地内 *RB41* 和 *H16* 占比较高,二环道路绿地的鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)细菌数量明显低于其他三环,五环道路绿地主要菌属数量明显低于其他三环。由此可见,在属水平上各环间土壤的细菌群落结构组成较门水平下细菌的群落结构组成呈现出更为明显的差异,但北京市五环内道路绿地细菌的多样性差异较小,主要表现在数量上的差异,即丰富度差异较大。

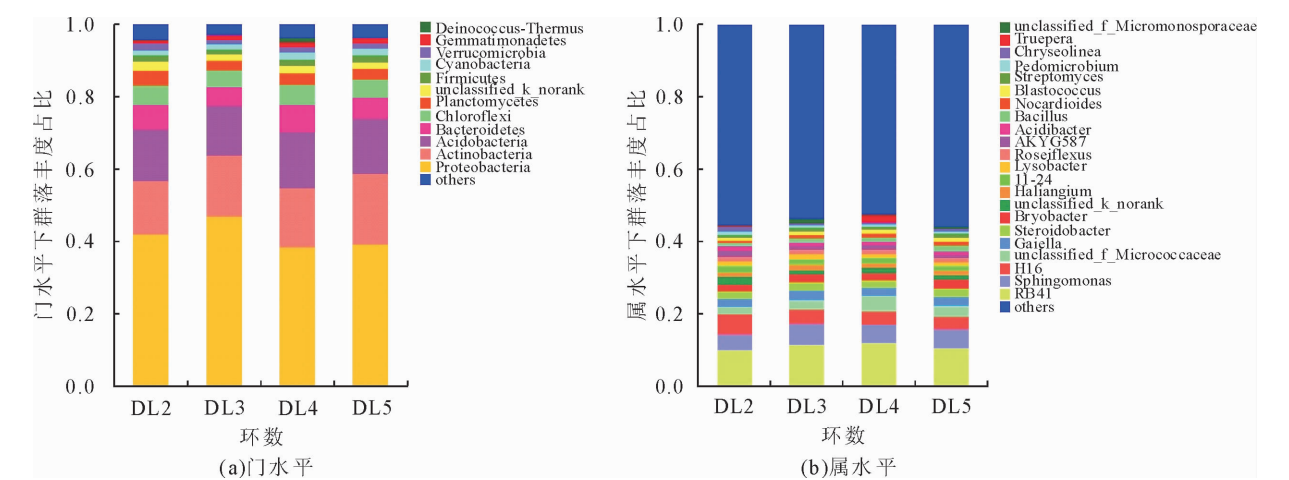


图 3 不同采样点在门和属水平下的微生物群落结构图

Fig. 3 Bacteria community in Phylum and Genus level (abundance>1%) of samples collected in different points

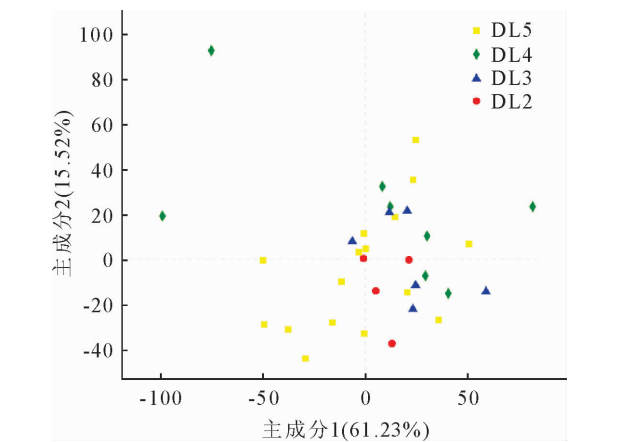


图 4 OTU 水平下 PCA 主成分分析

Fig. 4 PCA on OTU Level

2.2.4 PCA 分析 PCA 主成分分析基于欧氏距离可将样本间群落组成的差异性较为直观的展现出来,坐标轴上相同颜色、形状的点代表同一环的道路绿地的群落组成成分。图 4 显示第 1 主成分的贡献率为 61.23%,第二主成分的贡献率为 15.52%,前 2

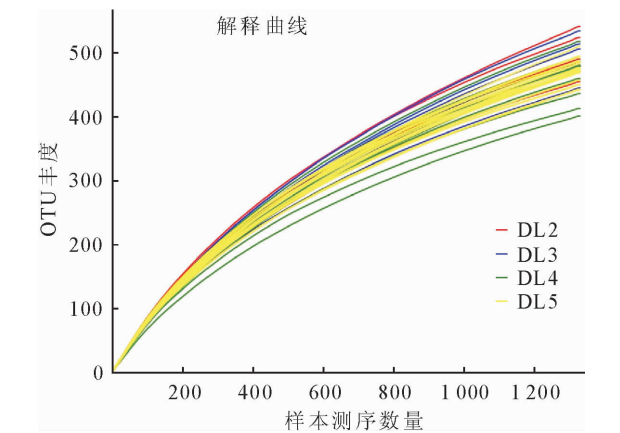


图 2 样本测序稀释曲线

Fig. 2 Rarefaction analysis of 16S libraries

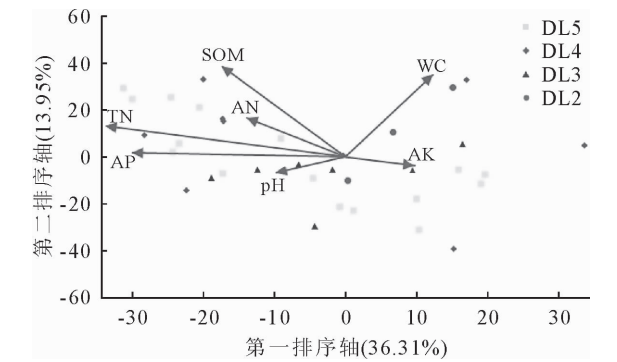
个主成分累计解释了变量方差的 76.75%。从 PC1 方向看二、三环较四、五环明显聚拢,主要位于正端,五环正负端皆有。从 PC2 方向看,二环较为聚拢主要分布在正端,其他三环正负端皆有分布,且三环至五环离散度越来越大。总体来说,北京市五环内道路绿地土壤细菌各环间表现出一定的分异,但亦具有一定的相似性,越远离市中心分异表现愈加明显。

2.2.5 土壤细菌群落组成与土壤环境因子的关系

土壤细菌的群落结构组成与土壤环境因子具有一定的相关性,为探讨北京市五环内道路绿地土壤环境因子对土壤细菌群落组成的影响,将 34 个样点的 7 项土壤理化性质:土壤含水量(WC)、有机质(SOM)、pH 值、全 N(TN)、碱解 N(AN)、有效 P



(AP)、速效 K(AK) 标准化后进行冗余分析(RDA)方法投影到双轴上(图 5),第一轴解释了 36.31% 的变异,第二轴解释了 13.95% 的变异,两轴累积贡献 50.26% 的变异,样点在变量上的投影到原点的距离大小代表该变量对其的影响程度,变量与变量之间的余弦值代表变量之间的相关性。



注:SOM. 土壤有机质; WC. 含水量; TN. 全氮; AN. 碱解氮; AP. 有效磷; AK. 速效钾。

图 5 基于 RDA 分析的土壤细菌群落组成与土壤环境因子的相关性

Fig. 5 Correlations between soil bacterial communities and soil variables based on RDA

图 5 各变量箭头角度表明,土壤各项环境因子中 pH、有机质、全氮与第 1 排序轴相关性较大,含水量、碱解氮、速效钾与第 2 排序轴相关性较大。其中土壤含水量( $R^2=0.404, P=0.002$ )、全氮( $R^2=0.346, P=0.01$ )、有机质( $R^2=0.436, P=0.001$ )、有效磷( $R^2=0.216, P=0.033$ )4 项环境因子对北京市五环内道路绿地土壤细菌群落结构的影响达到显著水平( $P<0.05$ ),土壤含水量与土壤细菌群落组成呈显著正相关关系,表明北京市五环内道路绿地土壤细菌对土壤含水量和碳氮含量变化反应敏感,对碳氮代谢具有重要作用。此外,有机质与氮、速效磷之间呈锐角,两者具有明显的正相关关系且对土壤细菌群落组成的影响是同向的;有效磷与速效钾之间、pH 值与含水量之间呈钝角,表现出明显的负相关关系。

### 3 结论与讨论

#### 3.1 结论

北京市五环内道路绿地土壤细菌的多样性和丰富度差异显著,有从市中心向外逐渐降低的规律,细菌的多样性差异相对较小,主要表现在丰富度上的差异。门分类水平下变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、拟杆菌门 4 类优势菌门占土壤细菌总比 78% 左右。属水平下优势属主要为 *RB41*、鞘氨醇单胞菌属、*H16*。各环土壤细菌在属分类水平下的细菌群

落结构组成较门分类水平呈现出更为明显的分异。

通过土壤细菌群落结构组成与土壤环境因子的冗余分析发现北京市五环内道路绿地的土壤细菌群落结构组成与土壤含水量(WC)、有机质(SOM)、全氮(TN)和有效磷(AP)等环境因子息息相关,土壤全氮含量对土壤细菌群落结构组成影响最大,有机质与土壤细菌群落结构呈显著正相关关系。

北京市五环内道路绿地土壤养分状况总体处于中等偏下水平,影响了土壤细菌多样性及丰富度,反映土壤细菌对土壤环境因子变化敏感。通过增加道路绿地防护措施,丰富行道树种,加强施肥管理如增施生物菌肥、有机无机肥配合施用等方式,能有效提高土壤氮、磷、钾含量,调节 pH 值,进而促进土壤细菌群落结构的优化,提升土壤生态系统的稳定性。

#### 3.2 讨论

3.2.1 土壤养分状况 依据北京市土壤养分定级标准,北京市五环内道路绿地土壤养分状况总体处于中等偏下水平,但速效 K 含量较高,这与马秀梅<sup>[28]</sup>在北京城市不同绿地类型土壤及大气环境及刘艳等<sup>[29]</sup>对北京市崇文区绿地表层土壤质量的调查结果相似。此外,罗上华等<sup>[30]</sup>在北京城市绿地表层土壤碳氮特征的研究也表明北京市道路绿地全氮含量变化不明显,市中心有机质含量显著>其他地区,越偏向郊区的地区有机质含量越低。由于地域文化特征,二环内文物古迹较多,地处市中心对绿地观赏性需求高,施肥和灌溉管理更为规范,道路绿地土壤含水量及 N、P、K 含量明显高于其他几环。市中心向外道路绿地土壤管理逐渐松懈,使得养分含量自二环至五环逐渐降低。

3.2.2 土壤细菌的多样性和群落组成 北京市五环内道路绿地土壤细菌的多样性和群落组成差异较小,表现出一定的稳定性,但多样性不足,群落丰富度偏低,变形菌门和拟杆菌门能够较好的生存。研究区内偏碱性和营养贫瘠的土壤适合放线菌门、浮霉菌门和绿弯菌门的生存并在群落占比上有一定的体现<sup>[30]</sup>,同时客观反映北京五环内道路绿地土壤生物活性较低,有待于改善。PCA 主成分分析解释了变量方差的 76.75%,可以看出四、五环道路绿地土壤细菌群落较二、三环呈现一定的变异,这可能是由于市中心道路绿地管理严格受人为因素干扰少,保持了土壤生态系统中细菌群落的稳定性;而五环道路绿地区域大,监管上存在一定的难度,园林管理松懈和施肥量少等可能是导致其变异度较大的原因。此外,植被状况也对土壤细菌群落丰富度变化产生一定的影响<sup>[31]</sup>,二、三环道路土壤植被覆盖度高于其他几环区域可能是其土壤细菌丰富度相对其他区

域较高的原因。

3.2.3 土壤环境因子与土壤细菌群落组成 事实上,土壤细菌与土壤环境存在相生相克的关系,或共生,或竞争,或拮抗,或寄生,抑或存在更多的自然关系<sup>[32]</sup>。土壤地理环境、土壤类型、土壤理化性质、植被、气候等各种土壤因素的变化都会对土壤细菌的群落结构组成造成很大的影响。在这些变化中,土壤细菌不断适应环境,调整生存适应能力,相互竞争、依存混居在一起形成区域内不同的土壤细菌群落。由于北京市五环内整体区域较小,因此经纬度和气候变化对北京市五环内道路绿地土壤细菌群落结构组成的影响甚微,道路绿地植被较为整齐单一,故主要探讨了土壤含水量(WC)、有机质(SOM)、pH 值、全氮(TN)、碱解氮(AN)、有效磷(AP)、速效钾(AK)7 项土壤环境因子对五环内道路绿地土壤细菌群落结构的影响,它们共解释了 50.26% 的变异。北京市五环内道路绿地土壤细菌群落结构与全氮、有机质相关性显著( $P<0.05$ ),表明土壤细菌对土壤碳氮含量变化反应敏感,对碳氮代谢具有重要作用,这与 B. S. Griffiths *et al*<sup>[33]</sup> 和 J. M. Craine<sup>[34]</sup> 的研究结论相似。S. R. Xiang *et al*<sup>[35]</sup> 在对草地土壤细菌的研究中也证明土壤细菌和土壤含水量呈较强相关关系。另外,pH 值作为研究土壤细菌的重要影响因素<sup>[36]</sup>,对北京市五环内道路绿地土壤细菌群落结构变异作用不显著,这可能是由于五环内 pH 值在 7.72~7.91 之间变化较小<sup>[37]</sup>。有效 P 与速效 K 的相互抑制作用使两者对土壤细菌群落结构组成的影响呈相反关系。

参考文献：

[1] 胡颜霞,段汉明. 城市绿地系统在城市生态建设中的作用——以西安市为例[J]. 水土保持研究,2004,11(1):137-140.  
HU Y X,DUAN H M. Role of system of urban greenery patches in construction of urban ecology[J]. Research of Soil and Water Conservation,2004,11(1):137-140. (in Chinese)

[2] 张绪良,徐宗军,张朝晖,等. 青岛市城市绿地生态系统的环境净化服务价值[J]. 生态学报,2011,31(9):2576-2584.  
ZHANG X L,XU Z J,ZHANG Z H,*et al*. Environment purification service value of urban green space ecosystem in Qingdao City[J]. Acta Ecologica Sinica,2011,31(9):2576-2584. (in Chinese)

[3] 贺晓辉. 基于 GIS 的呼和浩特市城市公园绿地可达性的研究[D]. 呼和浩特:内蒙古农业大学,2008.

[4] 刘颂,姜芳芳. 城乡统筹视角下再论城市绿地分类[J]. 上海交通大学学报:农业科学版,2009,27(3):272-278.

[5] 马锦义. 论城市绿地系统的组成与分类[J]. 中国园林,2002,18(1):23-26.

[6] 郑西平. 北京城市道路绿化现状及发展趋势的探讨[J]. 中国园林,2001(1):43-45.

[7] 张洋洋. 基于高分辨率遥感影像的绿地景观格局优化研究[D]. 南京:南京林业大学,2014.

[8] GILL S E,HANGLEY J F,ENNOSS A R,*et al*. Adapting cities for climate change:the role of the green infrastructure[J]. Built Environment,2007,33(1):115-133. (in Chinese)

[9] 黄海,刘建军,康博文,等. 城市绿地内部温湿效应及光环境的初步研究[J]. 西北林学院学报,2008,23(3):57-61.  
HUANG H,LIU J J,KANG B W,*et al*. A preliminary study on the temperature—humidity effect and luminous environment in the interior of urban greenland[J]. Journal of Northwest Forestry University,2008,23(3):57-61. (in Chinese)

[10] PIAO S L,FANG J Y,CIAIS P,*et al*. The carbon balance of terrestrial ecosystems in China[J]. Nature,2009,458:1009-1013.

[11] 程建国,纪昌海,罗燕,等. 四川九龙山自然保护区林麝栖息地典型植被土壤微生物群落特征[J]. 西北林学院学报,2017,32(2):205-211.  
CHENG J G,JI C H,LUO Y,*et al*. Microbial community characteristics of typical vegetation soil at forest musk deer habitats in Sichuan Jiulong Mountain nature reserve[J]. Journal of Northwest Forestry University,2017,32(2):205-211. (in Chinese)

[12] 刘丽,徐明恺,汪思龙,等. 杉木人工林土壤质量演变过程中土壤微生物群落结构变化[J]. 生态学报,2013,33(15):4692-4706.  
LIU L,XU M K,WANG S L,*et al*. Effect of different *Cunninghamia lanceolata* plantation soil qualities on soil microbial community structure[J]. Acta Ecologica Sinica,2013,33(15):4692-4706. (in Chinese)

[13] AVIDANO L,GAMALERO E,COSSA G P,*et al*. Characterization of soil health in an Italian polluted site by using microorganisms as bioindicators[J]. Applied Soil Ecology,2005,30(1):21-33. (in Chinese)

[14] 孙文艳,廖超英,李晓明,等. 毛乌素沙地东南部人工林土壤生物学特性[J]. 西北林学院学报,2013,28(3):28-33.  
SUN W Y,LIAO C Y,LI X M,*et al*. Soil biological properties of different forest plantations on the southeast of the Mu Us sandy land[J]. Journal of Northwest Forestry University,2013,28(3):28-33. (in Chinese)

[15] NIELSEN N M,WINGING A. Microorganisms as indicators of soil health[R]. Denmark:National Environment Research Institute,2002:11-37.

[16] 曾希柏,王亚男,王玉忠,等. 不同施肥模式对设施菜地细菌群落结构及丰度的影响[J]. 中国农业科学,2013,46(1):69-79.  
ZENG X B,WANG Y N,WANG Y Z. Effects of different fertilization regimes on abundance and composition of the bacterial community in greenhouse vegetable soils[J]. Scientia Agricultura Sinica,2013,46(1):69-79. (in Chinese)

[17] 钟文辉,蔡祖聪. 土壤管理措施及环境因素对土壤微生物多样性影响研究进展[J]. 生物多样性,2004,12(4):456-465.  
ZHONG W H,CAI Z C. Effect of soil management practices and environmental factors on soil microbial diversity:a review[J]. Biodiversity Science,2004,12(4):456-465. (in Chinese)

[18] 厉桂香,马克明. 北京东灵山树线处土壤细菌的 PICRUSt 基因预测分析[J]. 生态学报,2017,38(6):2180-2186.

LI G X, MA K M. PICRUST-based predicted matagenomic analysis treeline soil bacteria on mount Dongling, Beijing[J]. Acta Ecologica Sinica, 2017, 38(6): 2180-2186. (in Chinese)

[19] 余旋, 刘旭, 刘金良, 等. 黄土高原丘陵区沙棘人工林土壤微生物群落演变特征研究[J]. 西北林学院学报, 2015, 30(5): 1-6.

YU X, LIU X, LIU J L, *et al.* Evolution of soil microbial community structure under hippophae rhamnoides plantations with different ages in the hilly and gully regions of the Loess Plateau[J]. Journal of Northwest Forestry University, 2015, 30(5): 1-6. (in Chinese)

[20] 范瑞英, 杨小燕, 王恩姮, 等. 未干扰黑土土壤微生物群落特征的季节变化[J]. 土壤, 2014, 46(2): 285-289.

FAN R Y, YANG X Y, WANG E H, *et al.* Seasonal variations of soil microbial communities of undisturbed typical black soil, northeastern China [J]. Soils, 2014, 46(2): 285-289. (in Chinese)

[21] 纳小凡, 郑国琦, 彭励, 等. 不同种植年限宁夏枸杞根际微生物多样性变化[J]. 土壤学报, 2016, 53(1): 241-252.

NA X F, ZHENG G Q, PENG L, *et al.* Microbial biodiversity in rhizosphere of lycium bararum L. relative to cultivation history[J]. Acta Pedologica Sinica, 2016, 53(1): 241-252. (in Chinese)

[22] 徐飞, 蔡体久, 杨雪, 等. 三江平原沼泽湿地垦殖及自然恢复对土壤细菌群落多样性的影响[J]. 生态学报, 2016, 36(22): 7412-7421.

XU F, CAI T J, YANG X, *et al.* Effect of cultivation and natural restoration on soil bacterial community diversity in marshland in the Sanjiang Plain[J]. Acta Ecologica Sinica, 2016, 36(22): 7412-7421. (in Chinese)

[23] 唐杰, 徐青锐, 王立明, 等. 若尔盖高原湿地不同退化阶段的土壤细菌群落多样性[J]. 微生物学通报, 2011, 38(5): 677-686.

TANG J, XU Q R, WANG L M, *et al.* Soil bacterial community diversity under different stages of degradation in Zoige wetland[J]. Microbiology China, 2011, 38(5): 677-686. (in Chinese)

[24] 刘远, 张辉, 熊明华, 等. 气候变化对土壤微生物多样性及其功能的影响[J]. 中国环境科学, 2016, 36(12): 3793-3799.

LIU Y, ZHANG H, XIONG M H, *et al.* Effect of climate change on microbial diversity and function[J]. China Environmental Science, 2016, 36(12): 3793-3799. (in Chinese)

[25] 王殿芳, 刘志杰. 发达国家城市规划模式及对北京的启示[J]. 城乡建设, 2014(3): 88-89.

[26] UMESHA S, MANUKUMAR H M, Raghava S. A rapid method for isolation of genomic DNA from food-borne fungal pathogens[J]. Biotech, 2016, 6(2): 123.

[27] 丁新景, 敬如岩, 黄雅丽, 等. 基于高通量测序的 4 种不同树种人工林根际土壤细菌结构及多样性[J]. 林业科学, 2018, 54(1): 81-89.

DING X J, JING R Y, HUANG Y L, *et al.* Bacterial structure and diversity of rhizosphere soil of four tree species in Yellow River Delta based on high-throughput sequencing[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2018, 54(1): 81-89. (in Chinese)

[28] 马秀梅. 北京城市不同绿地类型土壤及大气环境研究[D]. 北京: 北京林业大学, 2007.

[29] 刘艳, 王成, 彭镇华, 等. 北京市崇文区不同类型绿地土壤酶活性及其与土壤理化性质的关系[J]. 东北林业大学学报, 2010, 38(4): 66-70.

LIU Y, WANG C, PENG Z H, *et al.* Soil enzyme activity and its relationship with soil physico-chemical properties in green areas of Chongwen district of Beijing[J]. Journal of Northeast Forestry University, 2010, 38(4): 66-70. (in Chinese)

[30] 罗上华, 毛齐正, 马克明, 等. 北京城市绿地表层土壤碳氮分布特征[J]. 生态学报, 2014, 34(20): 6011-6019.

LUO S H, MAO Q Z, MA K M, *et al.* Spatial distribution of soil carbon and nitrogen in urban greenspace of Beijing[J]. Acta Ecologica Sinica, 2014, 34(20): 6011-6019. (in Chinese)

[31] 王光华, 金剑, 徐美娜, 等. 植物、土壤及土壤管理对土壤微生物群落结构的影响[J]. 生态学杂志, 2006, 25(5): 550-556.

[32] 于海玲. 施氮量对土壤微生物群落组成特征的影响研究[D]. 长春: 吉林农业大学, 2017.

[33] GRIFFITHS B S, RITZ K, EBBLEWHITE N, *et al.* Soil microbial community structure: effects of substrate loading rates [J]. Soil Biology and Biochemistry, 1998, 31: 145-15.

[34] CRAINE J M, MORROW C, FIERER N. Microbial nitrogen limitation increases decomposition[J]. Ecology, 2007, 88(8): 2015.

[35] XIANG S R, ALLEN D, PATRICIA A H, *et al.* Drying and rewetting effects on C and N mineralization and microbial activity in surface and subsurface California grassland soils[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2008, 40(9): 2281-2289.

[36] 王彬彬, 曲来叶, 宋成军, 等. 江干旱河谷优势灌丛对土壤微生物群落组成的影响[J]. 生态学报, 2015, 35(8): 2481-2493.

WANG B B, QU L Y, SONG C J, *et al.* Effects of dominant shrubs on soil microbial composition in the semi-arid Minjiang River valley[J]. Ecologica Sinica, 2015, 35(8): 2481-2493. (in Chinese)

[37] YUAN Y, SI G, WANG J, *et al.* Bacterial community in alpine grasslands along an altitudinal gradient on the Tibetan Plateau[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2014, 87(1): 121-132.