

目次

气候变化对中国夏季臭氧影响 胡安琪, 谢晓栋, 龚康佳, 侯宇晖, 胡建林 (1801)
基于 EOF 分解和 KZ 滤波的 2019 ~ 2021 年中国臭氧时空变化及驱动因素分析 王浩琪, 张裕芬, 罗忠伟, 王艳阳, 戴启立, 毕晓辉, 吴建会, 冯银厂 (1811)
华北工业城市夏季大气臭氧生成机制及减排策略 郑镇森, 窦建平, 张国涛, 李丽明, 徐勃, 杨文, 白志鹏 (1821)
2015 ~ 2020 年中国城市 PM_{2.5}-O₃ 复合污染时空演变特征 牛笑笑, 钟艳梅, 杨璐, 易嘉慧, 慕航, 吴倩, 洪松, 何超 (1830)
2015 ~ 2021 年京津冀及周边地区 PM_{2.5} 和臭氧复合污染时空特征分析 宋小涵, 燕丽, 刘伟, 贺晋瑜, 王亚晨, 黄同林, 李园园, 陈敏, 孟静静, 侯战方 (1841)
2000 ~ 2020 年中国典型经济区 PM_{2.5} 时空变化及其与植被景观格局的关系 徐勇, 李欣怡, 黄雯婷, 郭振东, 盘钰春, 郑志威, 戴强玉 (1852)
北京市核心区冬春季大气离子沉降量特征及来源解析 赵宇, 李贝贝, 黄玉虎, 梁静, 杨洪玲, 秦建平, 朱玲 (1865)
南京近郊农田大气颗粒物及金属干沉降输入特征 刘翠英, 靳浩, 樊建凌 (1873)
西安冬季 PM_{2.5} 中不同极性水溶性有机物的污染特征及氧化潜势 罗玉, 黄沙沙, 张甜, 孙健, 沈振兴 (1882)
机动车源和民用燃料源颗粒物中有机碳和元素碳的排放特征 王红磊, 刘思晗, 孙杰娟, 刘焕武, 赵天良, 裴宇僊, 可玥, 武自豪, 刘诗云 (1890)
伊犁河谷核心区春季 PM_{2.5} 组分特征及来源解析 谷超, 徐涛, 马超, 伊布提哈尔·加帕尔, 郭丽瑶, 李新琪, 杨文 (1899)
基于高空间分辨率的郑州市城镇居民 PM_{2.5} 暴露浓度与健康风险变化评估 李媛, 徐艺斐, 袁明浩, 苏方成, 王申博, 王克, 张瑞芹 (1911)
基于多源数据融合的河南省建材行业排放清单 刘晓, 胡京南, 王红梅, 杨丽, 张皓 (1924)
开封市城区冬季大气挥发性有机物污染特征及来源解析 施雨其, 郑凯允, 丁玮婷, 刘金平, 陈洪光, 高光, 王玲玲, 王楠, 马双良, 郑瑶, 谢绍东 (1933)
2020 年和 2021 年南京城区臭氧生成敏感性和 VOCs 来源变化分析 陆晓波, 王鸣, 丁峰, 喻义勇, 张哲海, 胡崑 (1943)
北京市城区夏季大气 VOCs 变化特征及臭氧生成潜势 张蕊, 孙雪松, 王裕, 王飞, 罗志云 (1954)
青岛市臭氧污染与非污染期间 VOCs 化学特征及来源解析 贾智海, 顾瑶, 孔翠丽, 宋江邦, 孟赫, 石来元, 吴建会, 刘保双 (1962)
基于总过氧自由基观测研究合肥市西郊夏季 O₃ 生成特征 俞辉, 韦娜娜, 徐学哲, 刘芊芊, 姚易辰, 赵卫雄, 张为俊 (1974)
“大气十条”政策的节能降碳效果评估与创新中介效应 李少林, 王齐齐 (1985)
北京市减排降碳协同控制情景模拟和效应评估 俞珊, 张双, 张增杰, 翟培芝, 刘桐珊 (1998)
基于不同排放清单的长三角人为 CO₂ 排放模拟 马心怡, 黄文晶, 胡凝, 肖薇, 胡诚, 张弥, 曹畅, 赵佳玉 (2009)
武汉汉江水源地水质变化趋势及风险分析 卓海华, 姜保锋, 徐杰, 陈洁, 陈杰, 兰秀薇, 范文重, 欧阳雪姣, 兰静 (2022)
长江武汉段水源地典型抗生素及抗性基因污染特征与生态风险评价 李柏林, 张贺, 王俊, 沙雪妮, 陈晓飞, 卓海华 (2032)
陕北矿区典型河流多环芳烃的赋存特征、来源及毒性风险分析 吴喜军, 董颖, 赵健, 刘辉, 张亚宁 (2040)
典型湖泊有机聚集体时空特征及驱动因子 谢贵娟, 龚伊, 朱富成, 刘昌利, 卢宝伟, 邓辉, 汤祥明 (2052)
桂林市不同功能型公园水体微塑料的分布特征及风险评估 李沛钊, 吴莉, 黄菲菲, 林才霞, 舒小华, 张倩 (2062)
长江流域浮游植物群落的环境驱动及生态评价 张静, 胡愈焯, 胡圣, 黄杰 (2072)
环境异质性对三峡库区支流香溪河附石硅藻群落的影响及驱动作用 纪璐璐, 赵璐, 欧阳添, 杨宋琪, 郑保海, 杜雨欣, 李玉鑫, 李佳欣, 施军琼, 吴忠兴 (2083)
武汉市 3 种类型湖泊浮游植物群落特点及关键影响因素 张浩坤, 闵奋力, 崔慧荣, 彭雪, 张心怡, 张淑娟, 李竹栖, 葛芳杰, 张璐, 吴振斌, 刘碧云 (2093)
重金属污染对不同生境中微生物群落结构的影响 何一凡, 肖新宗, 王佳文 (2103)
亳清河水体细菌群落的结构和分布特征 王森, 陈建文, 张红, 李君剑 (2113)
微塑料暴露对小棒指软珊瑚 (*Sinularia microclavata*) 共附生细菌群落结构和功能的影响 刘敏, 车文学, 曾映旭, 边伟杰, 吕淑果, 穆军 (2122)
上海市从源头到龙头的饮用水新型污染物分布特征及健康风险评价 严棋 (2136)
铝改性生物炭对水体低浓度氟的吸附特性 刘艳芳, 高玮, 刘蕊, 尹思婕, 张妙雨, 刘晓帅, 李再兴 (2147)
典型雌激素在微塑料上的吸附特征及位点能量分布 刘姜艳, 郑密密, 胡嘉梧, 柳玉荣, 贺德春, 潘杰 (2158)
面向工业园区废水臭氧氧化深度处理性能评价的模型污染物选择与评估 辛勃, 单超, 吕路 (2168)
基于地理探测器和多源数据的耕地土壤重金属来源驱动因子及其交互作用识别 张宏泽, 崔文刚, 刘绥华, 崔瀚文, 黄月美 (2177)
基于 APCS-MLR 和 PMF 模型的煤矸山周边耕地土壤重金属污染特征及源解析 马杰, 沈智杰, 张萍萍, 刘萍, 刘今朝, 孙静, 王玲灵 (2192)
基于蒙特卡罗模拟的铅锌冶炼厂周边农田土壤重金属健康风险评估 黄剑波, 姜登登, 温冰, 王磊, 石佳奇, 周艳 (2204)
基于 BP 神经网络预测北京市加油站周边土壤多环芳烃含量 马赛炎, 魏海英, 马瑾, 刘奇缘, 吴颐杭, 屈雅静, 田雨欣, 赵文浩 (2215)
石家庄市土壤中喹诺酮类抗生素时空分布及其风险评估 赵鑫宇, 陈慧, 赵波, 宋圆梦, 卢梦淇, 崔建升, 张璐璐, 李双江 (2223)
典型黑色岩系地质高背景区土壤和农产品重金属富集特征与污染风险 邓帅, 段佳辉, 宁墨兔, 谭林, 蒲刚, 陈际行, 齐小兵, 蒋尚智, 谢桃园, 刘意章 (2234)
岩溶区不同母质土壤 Cd 地球化学特征及玉米籽实 Cd 含量预测 戴亮亮, 徐宏根, 巩浩, 彭志刚, 肖凯琦, 吴欢欢, 许青阳, 郭军, 汤媛媛, 张俊 (2243)
龙岩市不同利用类型土壤及农作物 Pb、Cd 和 As 污染风险与贡献分析 王蕊, 陈楠, 张二喜 (2252)
小麦籽粒镉含量影响因素 Meta 分析和决策树分析 刘娜, 张少斌, 郭欣宇, 宁瑞艳 (2265)
黄土高原次生林演替过程土壤有机碳库及其化学组成响应特征 刘涵宇, 刘颖异, 张琦, 封伦, 高起乾, 任成杰, 韩新辉 (2275)
短期氮磷添加对祁连山亚高山草地土壤呼吸组分的影响 江原, 甘小玲, 曹丰丰, 赵传燕, 李伟斌 (2283)
黄河源区斑块退化高寒草甸土壤微生物多样性对长期封育的响应 杨鹏年, 李希来, 李成一, 段成伟 (2293)
不同海拔鳧箭锦鸡儿根际和非根际土壤细菌群落多样性及 PICRUSt 功能预测 李媛媛, 徐婷婷, 艾喆, 魏卢璐, 马飞 (2304)
模拟酸雨及氮沉降对马尾松林土壤细菌群落结构及其多样性的影响 王楠, 钱少郁, 潘小承, 陈一磊, 白尚斌, 徐飞 (2315)
磷石膏和碱蓬对盐渍化土壤水盐及细菌群落结构的影响 刘月, 杨树青, 张万峰, 姜帅 (2325)
磷渣与化肥配施对稻田土壤微生物群落组成及多样性的影响 耿和田, 王旭东, 石思博, 叶正钱, 周文晶 (2338)
增氧对不同秸秆还田稻田田面水养分动态及温室气体排放的影响 胡锦涛, 薛利红, 钱聪, 薛利祥, 曹国帅 (2348)
外源褪黑素对胁迫下水稻幼苗生长和抗氧化系统的影响 储玉檀, 李颜, 黄益宗, 保琼莉, 孙红羽, 黄永春 (2356)
面向 2035 的节能与新能源汽车全生命周期碳排放预测评价 付佩, 兰利波, 陈颖, 郝卓, 邢云翔, 蔡旭, 张春梅, 陈轶嵩 (2365)
农田土壤微塑料分布、来源和行为特征 薄录吉, 李冰, 张凯, 马荣辉, 李彦, 王艳芹, 孙斌, 刘月岩 (2375)
农田土壤除草剂污染的修复技术研究进展 胡芳雨, 安婧, 王宝玉, 徐明恺, 张惠文, 魏树和 (2384)
我国黑土地农田土壤除草剂残留特征研究及展望 李睿, 吴秋梅, 赵归梅, 胡文友, 田康, 黄标, 吴祥为, 刘峰, 赵玉国, 赵永存 (2395)
《环境科学》征订启事(1910) 《环境科学》征稿简则(1984) 信息(2167, 2191, 2324)

黄河源区斑块化退化高寒草甸土壤微生物多样性对长期封育的响应

杨鹏年¹, 李希来^{1,2*}, 李成一¹, 段成伟¹

(1. 青海大学农牧学院, 西宁 810016; 2. 青海大学高原生态与农业国家重点实验室, 西宁 810016)

摘要: 为了明确黄河源区斑块化退化高寒草甸土壤细菌和真菌群落对长期封育的响应特征, 通过对土壤理化性质分析和高通量测序技术, 对1年期(E1)、短期(E4)和长期(E10)围栏封育下土壤pH、含水量、养分和微生物群落组成及多样性进行分析。结果表明, E1封育显著降低土壤pH, 而长短期封育均显著提高土壤pH, 长期封育能显著提高土壤含水量和全氮含量, 短期封育能显著提高土壤速效磷含量。长期封育能显著提高细菌变形菌门(Proteobacteria)和真菌子囊菌门(Ascomycota)相对丰度, 短期封育能显著提高细菌酸杆菌门(Acidobacteriota)相对丰度, 但长短期封育均使真菌担子菌门(Basidiomycota)相对丰度下降; 随着封育年限的延长, 细菌的Chao1和Shannon多样性指数呈增加趋势, 长短期封育无显著差异, 真菌的Chao1指数逐渐增加, Shannon多样性指数先增加后减小, 长短期封育无显著差异。冗余分析(RDA)表明, 围栏封育主要通过改变土壤pH和含水量来改变微生物群落组成和结构。因此, E4短期封育能明显改善斑块化退化高寒草甸的土壤理化性质和微生物多样性, 无需进行长期封育, 否则会造成草地资源浪费、生物多样性减少、限制野生动物活动等诸多不利影响。

关键词: 斑块化退化; 高寒草甸; 围栏封育; 土壤理化性质; 微生物多样性

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)04-2293-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.202205269

Response of Soil Microbial Diversity to Long-term Enclosure in Degraded Patches of Alpine Meadow in the Source Zone of the Yellow River

YANG Peng-nian¹, LI Xi-lai^{1,2*}, LI Cheng-yi¹, DUAN Cheng-wei¹

(1. College of Agriculture and Animal Husbandry, Qinghai University, Xining 810016, China; 2. State Key Laboratory of Plateau Ecology and Agriculture, Qinghai University, Xining 810016, China)

Abstract: The soil pH, water content, nutrients, and microbial community composition and diversity among one-year term (E1), short-term (E4), and long-term (E10) enclosures were analyzed for understanding the response of soil bacterial and fungal communities to long-term enclosure in degraded patches of alpine meadow in the source zone of the Yellow River, through determining the soil physicochemical properties and microbial diversity using high-throughput sequencing technology. The results showed that the E1 enclosure significantly decreased soil pH, whereas long-term and short-term enclosures increased soil pH. The long-term enclosure could significantly increase soil water content and total nitrogen content, and the short-term enclosure could significantly increase available phosphorus content. The long-term enclosure could significantly increase the bacterial Proteobacteria. The short-term enclosure could significantly increase the abundance of the bacteria Acidobacteriota. However, the abundance of the fungus Basidiomycota decreased in both long-term and short-term enclosures. With the extension of enclosure years, the Chao1 index and Shannon diversity index of bacteria showed an increasing trend, but there was no significant difference between long-term and short-term enclosures. The Chao1 index of fungi gradually increased, and the Shannon diversity index first increased and then decreased, but there was no significant difference between long-term and short-term enclosures. Redundancy analysis indicated that enclosure altered microbial community composition and structure mainly by changing soil pH and water content. Therefore, the E4 short-term enclosure could significantly improve the soil physicochemical properties and microbial diversity at the degraded patches of alpine meadow. The long-term enclosure is not necessary and will lead to the waste of grassland resources, reduction in biodiversity, and restriction of wildlife activities.

Key words: degraded patches; alpine meadow; enclosure; soil physicochemical properties; microbial diversity

黄河源区是青藏高原的重要组成部分, 是中国重要的生态腹地, 具有重要的生态功能和经济价值^[1]。但由于气候变化和过度放牧等不利条件的干扰, 黄河源区高寒草甸生态系统出现了不同程度的退化^[2], 导致鼠害频发, 使其生态功能和经济价值弱化。甚至局部地区因高原鼠兔种群数量大量暴发, 草甸层丢失, 地表裸漏, 造成严重的斑块化退化^[3]。因此, 为保护生态安全, 实现草地的可持续发展, 退化草地的恢复不容忽视。当地政府和牧民采取了一系列修复措施来缓解草地退化。其中, 围栏封育是高寒草甸生态修复中最常用的方式之一, 具有操作简单、成本低和可推广性强等优势^[4,5]。有研究指出围

栏封育能显著增加高寒草甸植被覆盖率和生物量, 可有效缓解草地退化^[6,7]。Erfanzadeh等^[8]研究表明4 a围栏能够改善土壤肥力, 提高地上生物量, 但延长封育年限会使植物多样性减少, 养分循环失衡。聂莹莹等^[9]研究发现, 封育5 a的草甸群落多样性和丰富度达到峰值, 但长期封育后的退化草地应进行

收稿日期: 2022-05-24; 修订日期: 2022-07-09

基金项目: 国家自然科学基金联合基金项目(U21A20191); 青海省自然科学基金创新团队项目(2020-ZJ-904); 高等学校学科创新引智计划项目(D18013); 青海省科技创新创业团队项目

作者简介: 杨鹏年(1995~), 男, 博士研究生, 主要研究方向为高寒生态恢复和环境保护, E-mail: 1057672418@qq.com

* 通信作者, E-mail: xilai-li@163.com

适度利用来维持其多样性。李润富等^[10]认为围栏封育能够显著提高高寒草原地上生物量和植被盖度,但土壤理化性质和植物养分却相对稳定。此外,生物学家认为围栏封育会限制野生动物的活动,使野生动物的迁徙和繁衍受阻。由此可见,围栏封育会影响草地生态系统的物质循环和能量流动,进而改变植被健康状况和土壤肥力,但由于围封年限、海拔、气候和封育前草地退化状况的不同,封育对草地恢复的效果还存在很大差异^[11],且由于围栏对野生动物的影响等,围栏的建设还存在很大的争议。另外,由于黄河源区气候寒冷,封育产生的凋落物不能及时分解,其物质循环和能量流动相对缓慢,有必要将不同封育年限下对高寒草甸的封育效果做进一步研究。

土壤微生物是土壤最活跃的组分,参与土壤团粒结构的形成和养分循环过程,其多样性可以在一定程度上代表整个生态系统的稳定性^[12]。土壤微生物(特别是细菌和真菌)的群落结构及其复杂程度直接影响整个草地生态系统的结构、功能和演替过程,在土壤肥力评估和生态系统稳定性等方面有着重要作用^[13]。但土壤微生物对环境的变化非常敏感,土壤细菌因种类多、含量大、与植被演替一致性强等特点而被用来表征土壤的健康状况和土壤肥力^[14],而土壤真菌因对环境胁迫反应迅速常被用来反映陆地生态系统质量^[15]。在连续放牧的草地上,土壤细菌和植物群落是平行演替的,且细菌的演替速度较真菌快^[16]。尹亚丽等^[17]研究表明,封育能增加土壤细菌的 α 多样性。李玉洁等^[18]研究表明,封育9 a的草地土壤微生物多样性显著高于放牧草地。但魏亚兰^[19]研究发现,在高寒草地生态系统中封育与放牧相比,土壤微生物的差异仅表现在丰度水平上,微生物群落结构组成无明显变化。目前,对封育效果的评价多集中在地上地下生物量和土壤理化性质等方面,对不同封育年限下高寒草甸土壤微生物多样性及其和环境因子的关系研究得较少,但这对揭示封育的内在过程具有重要作用。基于此,本文设置不同围封样地(围封E1、E4和E10),深入研究不同围封年限下黄河源区高寒草甸土壤微生物多样性及其对环境因子的响应,旨在探究围栏封育对黄河源区斑块化退化高寒草甸修复的关键影响因素,并提出围栏封育时间的对策建议。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于青海省黄南州河南蒙古族自治县,地处青南高原东北缘,是青海省唯一的蒙古族自治

县,也是全国有机畜牧业示范县。全县牧业人口3.32万人,共7854户,占全县总人口的96%。有蒙古、藏、汉、回和撒拉这5个民族,其中蒙古族占90%。当地优势畜种有欧拉羊、雪多牦牛和河曲马。全县平均海拔3600~3800 m,高原大陆性气候特征明显,春秋季短,四季不分明,无绝对无霜期。每年5~10月温暖、多雨,11月至次年4月寒冷、干燥,多大风天气。年均气温在9.2~14.6℃,年降水量597.1~615.5 mm,土壤类型多为亚高山草甸土。

河南县草场面积66.15万 hm^2 ,可利用草场64.50万 hm^2 ,不可利用草场1.65万 hm^2 。截至2021年,全县实行黑土滩综合治理和草原有害生物防控,共治理黑土滩3.06万 hm^2 ,黑土坡0.20万 hm^2 ,草原有害生物防控鼠害防治95.07万 hm^2 ,禁牧围栏8.13万 hm^2 ,划区轮牧围栏4.67万 hm^2 ,休牧围栏22.67万 hm^2 ,退化草原改良2.73万 hm^2 。全县落实禁牧面积43.56万 hm^2 ,草畜平衡面积15.43万 hm^2 。但在围封草地的后续利用等方面还存在很多问题。

1.2 试验设计

本研究利用2011年、2017年和2020年7月,分别在河南县高寒草甸上围栏封育内地形地貌、植被组成、群落特征和退化程度基本一致的地段作为试验样地,面积均为300 m \times 250 m,即7.50 hm^2 。截至2021年8月,各试验样地已封育10、4和1 a,其中10 a为长期封育(E10),4 a为短期封育(E4),1 a为较短期封育(E1),G为自由放牧。各样地位置、海拔及植物群落主要组成见表1。

1.3 样品采集与分析

1.3.1 土壤样品采集

在4个试验样地中随机选择6个50 cm \times 50 cm的样方,同时避开斑块地。在每个样方中采用5点取样法取0~20 cm根际土壤样品5份混匀,用酒精消毒后的钥匙取混匀土样装满50 mL灭菌离心管中,加盖并用锡箔纸包裹后编号,最后放入便携式液氮罐中保存。另用挖掘法,取0~20 cm土块的根际土壤样品,每个样方取500 g,进行土壤含水量的测定,重复3次。所获得的综合土样用2 mm和0.25 mm的筛子分离石砾和植物根系,阴干后用以测定土壤pH、有机碳、全量和速效养分。

1.3.2 土壤理化性质测定

参照鲍士旦^[20]的土壤农化分析,进行土壤养分含量的测定。其中,土壤pH采用电位法(水:土=2.5:1);土壤含水量(SOC)采用烘干法测定(105℃,24 h);土壤有机碳(organic carbon, SOC)含量采用重铬酸钾容量法测定;土壤全氮(total

表 1 各样地位置、海拔和植物群落主要组成

Table 1 Location, altitude, and main composition of plant community

封育年限	样地位置	海拔高度 /m	斑块数量	斑块密度 (面积占比)/%	植物群落主要组成
G	东经 101°46'06", 北纬 34°41'02"	3 610	1 086.45	41.64	垂穗披碱草、恰草、小嵩草、黄帚橐吾、龙胆、马先蒿、黄花棘豆、葛缕子、秦艽和蒲公英
E1	东经 101°46'08", 北纬 34°41'04"	3 610	989.52	36.41	早熟禾、垂穗披碱草、小嵩草、恰草、委陵菜、马先蒿、美丽风毛菊、龙胆和黄帚橐吾
E4	东经 101°46'10", 北纬 34°41'06"	3 610	536.71	18.63	垂穗披碱草、早熟禾、恰草、委陵菜、细叶亚菊、黄芪和龙胆
E10	东经 101°26'34", 北纬 34°18'36"	3 720	331.81	6.67	垂穗披碱草、早熟禾、恰草、苔草、鹅绒委陵菜和龙胆

1) 植物拉丁学名如下, 垂穗披碱草: *Elymus nutans*、恰草: *Koeleria cristata* L.、小嵩草: *Kobresia pygmaea*、黄帚橐吾: *Ligularia virgaurea*、龙胆: *Gentiana scabra* Bunge、马先蒿: *Pedicularis* sp.、黄花棘豆: *Oxytropis ochrocephala*、葛缕子: *Carun buriaticum*、秦艽: *Gentiana macrophylla*、蒲公英: *Taraxacum officinalis*、鹅绒委陵菜: *Potentilla anserina*、美丽风毛菊: *Saussurea pulchra*、早熟禾: *Poa* spp.、细叶亚菊: *Ajania tenuifolia* 和黄芪: *Astragalus* sp.; G 表示自由放牧(对照), E1 表示封育 1 a, E4 表示封育 4 a, E10 表示封育 10 a, 下同

nitrogen, TN)、铵态氮(ammonium nitrogen, NH_4^+ -N)、硝态氮(nitrate nitrogen, NO_3^- -N)、全磷(total phosphorus, TP)和速效磷(available phosphorus, AP)利用 AA3 连续流动分析仪(德国, SEAL)测定。

1.3.3 土壤微生物群落的测定

委托北京禾诺基因科技有限公司, 采用高通量测序分别对土壤细菌 16S rDNA V3 + V4 区域, 土壤真菌 ITS1 区进行基因序列测定. 本研究分析平台为 Qiime 平台, 测定步骤为: 基因组 DNA 提取-基因组 DNA 质检-PCR 扩增-PCR 产物电泳检测-PCR 产物纯化-MiSeq 文库构建-MiSeq 文库质检-Illumina MiSeq 平台上机测序. 为研究各样本的物种组成, 对所有样本的有效数据(effective tags), 以 97% 的一致性(identity)进行 OTUs(operational taxonomic units)聚类, 然后对 OTUs 的序列进行物种注释。

1.4 数据分析与作图

采用 Microsoft Excel 2010 进行原始数据的整理, 运用 SPSS 19.0 进行数据统计分析; 采用单因素方差分析($P < 0.05$)检验不同围封年限下土壤理化性质和微生物丰度的差异. Venn 图和物种组成柱状图由 R 语言工具统计和作图. 并使用 Canoco5.0 对

微生物、植被和土壤特征进行冗余分析(redundancy analysis, RDA), 并绘图。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质分析

由表 2 可知, E4 处理的土壤 pH 最高, E10 次之, 且 E4 和 E10 处理显著高于 G(对照)处理($P < 0.05$), E1 处理最低, 且显著低于 G 处理($P < 0.05$); E10 处理的土壤含水量最高, 且显著高于 G、E1 和 E4 处理($P < 0.05$); E10 处理的土壤有机碳含量最高, E4 次之, 且 E10 和 E4 处理显著高于 E1 处理($P < 0.05$); E10 处理的土壤全氮含量最高, 且显著高于 E4 和 G 处理($P < 0.05$), E1 次之; E10 处理的土壤全磷含量最高, 且显著高于 G 处理($P < 0.05$), E1 次之; 各处理间的土壤铵态氮含量无显著差异; E4 处理的土壤硝态氮含量最高, 且显著高于 E1 和 E10 处理; E4 处理的土壤速效磷含量最高, 且显著高于 G、E1 和 E10 处理, E1 和 E10 处理与 G 处理间无显著差异. 由此看出, 相对于对照 G, E1 封育能显著降低土壤 pH, E10 长期封育能显著提高土壤 pH、土壤含水量和全氮含量, E4 短期封育能显著提高土壤 pH 和速效磷含量。

表 2 不同封育年限间土壤理化性质的差异

Table 2 Differences in soil physical and chemical properties between different enclosure years

封育年限	pH	含水量 /%	$\omega(\text{SOC})$ / $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{TN})$ / $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{TP})$ / $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{NH}_4^+-\text{N})$ / $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{NO}_3^--\text{N})$ / $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{AP})$ / $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$
G	6.46 ± 0.06c	18.91 ± 0.01b	93.38 ± 8.63ab	3.85 ± 0.07c	0.67 ± 0.01b	9.00 ± 0.79a	17.14 ± 1.14ab	7.12 ± 0.38b
E1	6.30 ± 0.06d	21.65 ± 0.02b	83.56 ± 9.52b	4.37 ± 0.10ab	0.75 ± 0.03a	9.65 ± 0.93a	14.78 ± 0.76b	7.05 ± 0.18b
E4	6.91 ± 0.06a	21.88 ± 0.01b	115.01 ± 0.60a	4.00 ± 0.24bc	0.72 ± 0.01ab	9.17 ± 0.49a	18.65 ± 0.05a	9.51 ± 0.47a
E10	6.68 ± 0.03b	26.15 ± 0.01a	116.75 ± 10.09a	4.66 ± 0.15a	0.78 ± 0.03a	8.86 ± 0.26a	14.95 ± 0.90b	7.84 ± 0.43b

1) 同列不同小写字母表示差异显著($P < 0.05$), 下同

2.2 微生物群落结构分析

2.2.1 OTUs 统计分析

对图 1(a) 进行分析可得, 各样地土壤样品中

细菌共有的 OTUs 总数为 2 918 个, 占比为 34.64%。G、E1、E4 和 E10 所特有的 OTUs 数目依次为 666、753、411 和 1 015 个, 占比分别为

7.91%、8.94%、4.88%和12.05%。围封和对照处理的土壤细菌门类多集中于变形菌门(Proteobacteria)和酸杆菌门(Acidobacteriota)。相

较于对照G,E4封育会使土壤细菌中的OTUs数量减少,而E1和E10封育均会使土壤细菌中的OTUs数量增加。

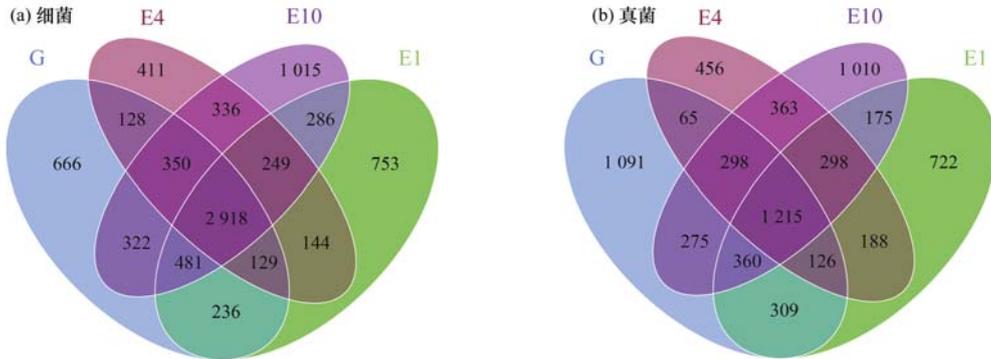


图1 不同封育年限下细菌和真菌 OTUs 数量

Fig. 1 Number of bacterial and fungal OTUs under different enclosure years

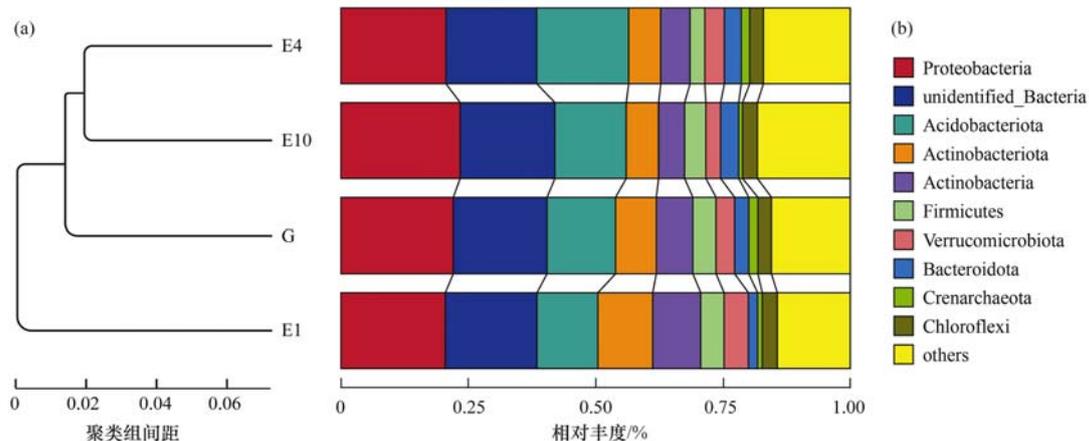
不同封育年限下,各样地土壤样品中真菌共有的 OTUs 总数为1 215,占比为 17.48%。G、E1、E4 和 E10 所特有的 OTUs 数目分别为1 091、722、456 和1 010个,占比分别为 15.70%、10.39%、6.56% 和 14.53%。围封和对照处理的土壤细菌门类多集中于子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)。由此看出,E1、E4 和 E10 封育均会使土壤真菌中的 OTUs 数量减少[图1(b)]。

2.2.2 微生物丰度

从门水平分析可知,封育和对照处理的土壤细菌组成多样性较高,已鉴定的优势菌门是变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、放线菌门(Actinobacteriota)、厚壁菌门(Firmicutes)和疣微菌门(Verrucomicrobiota),相对丰度分别为 20.51%~23.41%、11.96%~18.06%、6.28%~10.77%、2.92%~4.57%和 2.90%~4.77%。不同封育年限下,E10 处理的变形菌门丰度显著高于 G、

E1 和 E4 处理($P < 0.05$),E4 处理的酸杆菌门丰度显著高于 G、E1 和 E10 处理($P < 0.05$) [图2(b)]。对各处理门水平所包含的细菌进行聚类分析,然后根据聚类后各处理中的 OTUs 所含序列的丰度制作样本聚类柱状图。门水平聚类分析表明,E4 和 E10 聚为一支,G 和 E1 聚为一支,共聚为两支,说明 E4 和 E10 封育与 E1 及自由放牧细菌群落在门水平上存在差异性[图1(a)]。

已鉴定的真菌优势门是子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)、壶菌门(Chytridiomycota)和毛霉亚门(Mucoromycota),相对丰度分别为 50.66%~58.83%、7.18%~22.10%、4.26%~7.67%、0.32%~2.25%和 0.12%~1.14%。不同封育年限下,E10 处理的子囊菌门丰度显著高于 G、E1 和 E4 处理($P < 0.05$),E10 和 E4 处理的担子菌门丰度显著低于 G 和 E1 处理($P < 0.05$) [图3(b)]。对各处



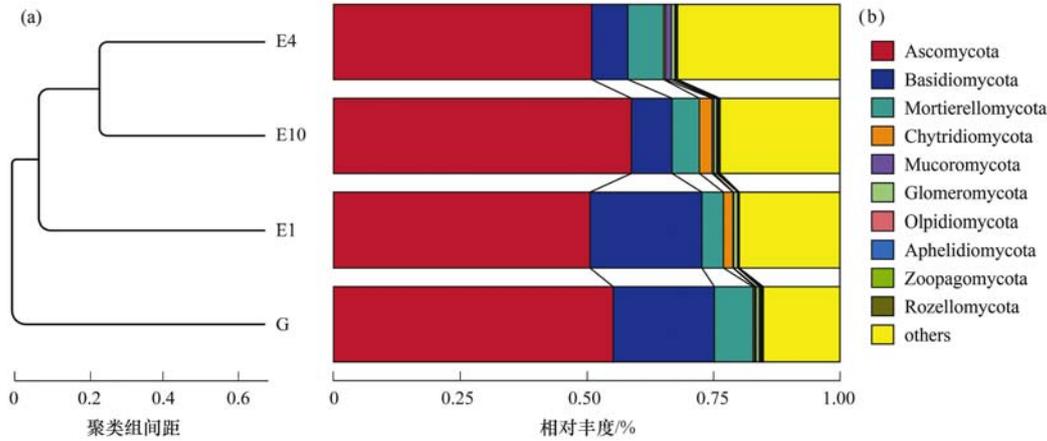
(a) 样本间层次聚类分析,(b) 样品的群落结构柱状图;显示的是相对丰度 1% 以上的物种信息

图2 不同封育年限下门水平细菌群落结构组成

Fig. 2 Composition of bacterial community at the phylum level under different enclosure years

理门水平所包含的真菌进行聚类分析,然后根据聚类后各处理中的 OUTs 所含序列的相对丰度制作样本聚类柱状图. 结果表明,E4 和 E10 聚为一支,G 和

E1 聚为一支,共聚为两支,说明 E4 和 E10 封育与 E1 及自由放牧真菌群落在门水平上存在差异性[图 3(a)].



(a) 样本间层次聚类分析,(b) 样品的群落结构柱状图,显示的是相对丰度 1% 以上的物种信息

图 3 不同封育年限下门水平真菌群落结构组成

Fig. 3 Composition of fungal community at the phylum level under different enclosure years

已鉴定的细菌优势属为 RB41、芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、假诺卡氏菌属 (*Pseudonocardia*)、*Candidatus _ Udaeobacter* 和慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*),相对丰度分别为 4.90%~8.71%、0.89%~2.44%、1.06%~3.19%、1.63%~3.14% 和 1.30%~2.63%。不同封育年限下,E4 处理的 RB41 丰度显著高于 G、E1 和 E10 处理($P < 0.05$),但 E4 处理的芽孢杆菌属丰度显著低于 G、E1 和

E10 处理($P < 0.05$),E1 处理的假诺卡氏菌属和 *Candidatus _ Udaeobacter* 丰度显著高于 G、E4 和 E10 处理($P < 0.05$) [图 4(a)].

由图 4 (b) 可知已鉴定的真菌优势属为 *Minutisphaera*、蜡伞属 (*Hygrocybe*)、帚枝霉属 (*Sarocladium*)、黄胶黏柄菇属 (*Gliophorus*) 和古根茎菌属 (*Archaeorhizomyces*),相对丰度分别为 0.22%~7.10%、0.13%~6.71%、0.053%~6.58%、

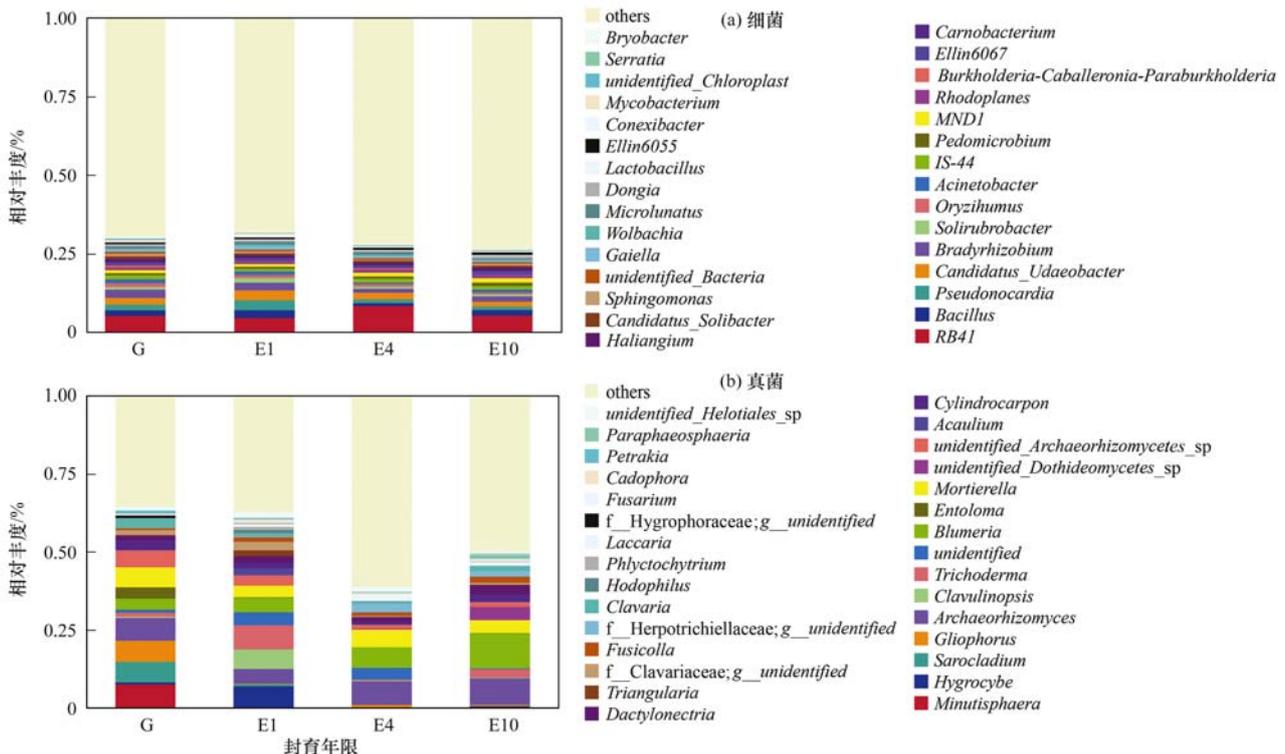


图 4 不同封育年限下属水平细菌和真菌群落结构组成

Fig. 4 Composition of bacterial and fungal community structures at subordinate level under different enclosure years

0.23%~6.84%和4.69%~8.47%。不同封育年限下,G处理的 *Minutisphaera* 丰度显著高于E1、E4和E10处理($P < 0.05$),E1处理的蜡伞属丰度显著高于G、E4和E10处理($P < 0.05$),G处理的帚枝霉属和黄胶黏柄菇属丰度显著高于E1、E4和E10处理($P < 0.05$)。

2.3 微生物群落多样性分析

通过对比细菌16S区和真菌ITS区rDNA的相似性,对不同封育年限下土壤细菌和真菌丰富度及多样性指数进行分析(表3)。不同封育年限土壤细菌和真菌的Good's coverage指数为98.52%~99.20%,说明测序能够比较真实地反映土壤样

本的微生物群落特征。从整体来看,细菌的丰富度与多样性由高到低依次为: E10 > E4 > E1 > G。随着封育年限的增加,细菌的丰富度和多样性指数逐渐增加,E10和E4显著高于E1和G($P < 0.05$),但E10和E4间差异不显著($P > 0.05$)。真菌的丰富度由高到低依次为: E10 > E4 > E1 > G,真菌的多样性由高到低依次为: E4 > E10 > G > E1。随着封育年限的增加,真菌的丰富度指数Chao1逐渐增加,E10和E4显著高于E1和G($P < 0.05$),但E10和E4差异不显著($P > 0.05$),真菌的多样性指数Shannon先增加后减小,但E10和E4差异不显著($P > 0.05$)。

表3 不同封育年限间微生物多样性指数的差异

Table 3 Differences in microbial diversity index under different enclosure years

菌群	处理	Chao1 指数	观测深度	观测物种数	Shannon 指数
细菌	G	2 681.19 ± 52.01c	0.989 2 ± 0.000 6a	2 446.17 ± 44.06b	9.24 ± 0.05b
	E1	2 831.44 ± 88.85bc	0.987 8 ± 0.000 9ab	2 513.17 ± 53.85b	9.29 ± 0.07b
	E4	3 256.53 ± 89.00ab	0.985 7 ± 0.000 6ab	2 932.33 ± 75.20a	9.59 ± 0.04a
	E10	3 400.57 ± 295.66a	0.985 2 ± 0.002 1b	2 897.83 ± 102.72a	9.63 ± 0.06a
真菌	G	1 505.26 ± 171.78b	0.992 0 ± 0.001 2a	1 247.00 ± 103.38b	5.85 ± 0.37b
	E1	1 621.49 ± 178.72b	0.990 3 ± 0.001 3a	1 216.83 ± 73.55b	5.68 ± 0.21b
	E4	2 378.08 ± 52.88a	0.985 7 ± 0.000 2b	1 746.67 ± 60.45a	6.99 ± 0.37a
	E10	2 395.57 ± 116.08a	0.985 5 ± 0.000 1b	1 678.83 ± 48.45a	6.50 ± 0.25ab

2.4 土壤理化性质与微生物群落多样性的关系

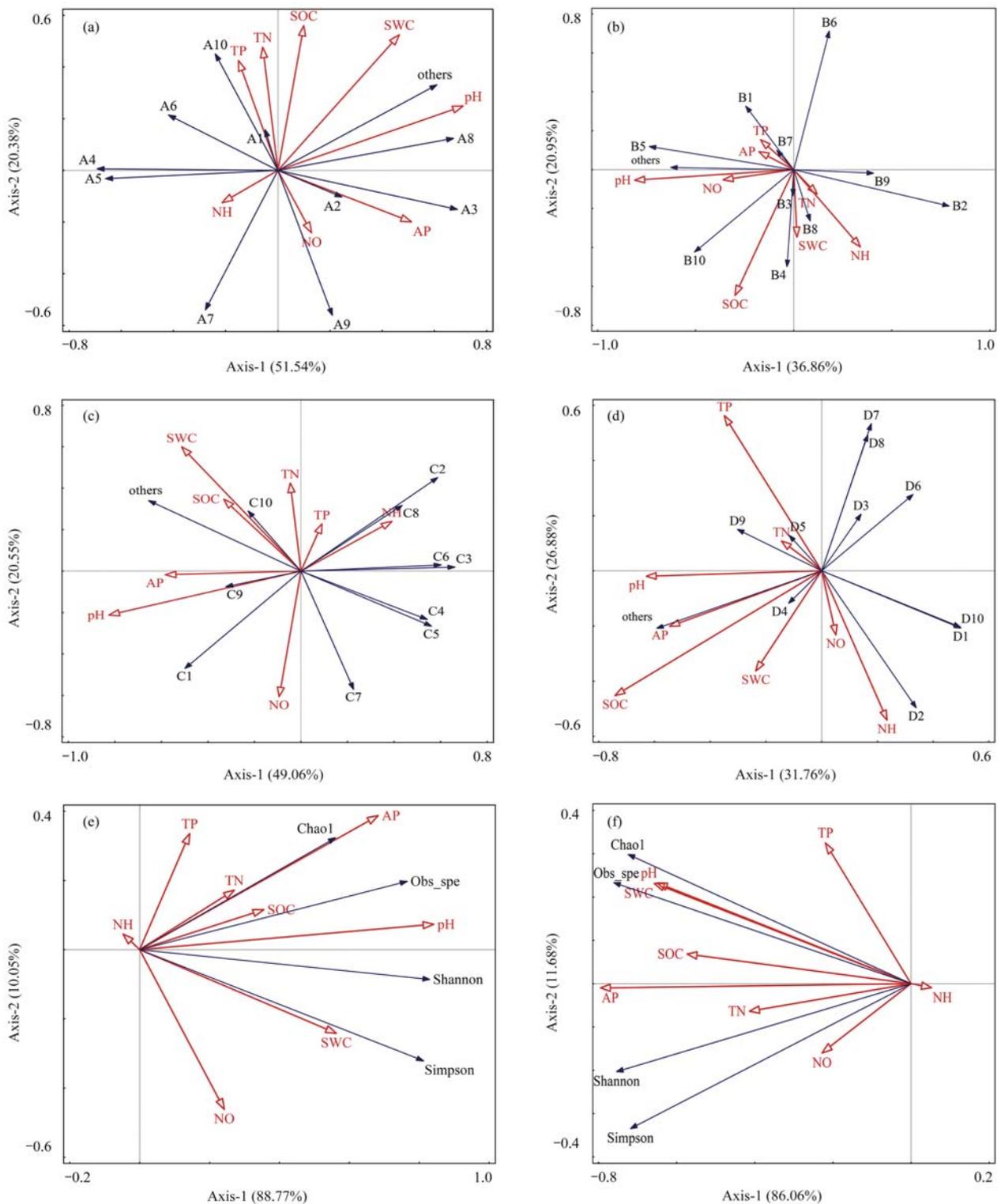
通过冗余分析探究围封土壤微生物优势门、属的多样性和环境因子的相关性可知,围封引起土壤细菌和真菌变化的土壤理化指标存在差异。在门水平上,土壤pH和含水量对细菌丰度存在显著影响,其中土壤pH与拟杆菌门和酸杆菌门呈正相关关系,与厚壁菌门和放线菌门呈负相关关系,土壤含水量表现出类似的规律[图5(a)];土壤pH和土壤有机碳对真菌丰度存在显著影响,其中土壤pH与被孢霉门和隐菌门呈正相关,与担子菌门和捕虫霉门呈负相关,土壤有机碳与隐菌门、壶菌门呈正相关与球囊菌门和子囊菌门呈负相关[图5(b)]。在属水平上,土壤pH和土壤含水量对细菌丰度存在显著影响,其中土壤pH与*RB41*和*IS-44*呈正相关关系,与芽孢杆菌属、假诺卡氏菌属、慢生根瘤菌属、单红杆菌属和不动杆菌属呈负相关关系,土壤含水量与土微菌属呈正相关,与慢生根瘤菌属、丝氨酸球菌属呈负相关[图5(c)];土壤有机碳对真菌丰度存在显著影响,有机碳与黄胶黏柄菇属和布氏白粉菌属呈正相关,与木霉属、帚枝霉属、*Minutisphaera*和*Entoloma*呈负相关[图5(d)]。土壤pH和速效磷显著影响细菌多样性,其中pH和速效磷与Chao1、Simpson、Shannon和Observed species指数均为正相关,但pH与Observed species指数和

Shannon指数相关性较强,速效磷与Chao1指数和Observed species指数相关性较强[图5(e)];土壤速效磷、pH和含水量显著影响真菌多样性,其中土壤速效磷、pH和含水量与Chao1、Simpson、Shannon和Observed species指数均为正相关,但速效磷与Observed species指数和Shannon指数相关性较强,pH和含水量与Chao1指数和Observed species指数相关性较强[图5(f)]。

3 讨论

3.1 土壤理化性质对围封的响应

围封通过限制家畜采食、践踏和粪尿回归来影响土壤中水分和养分的固持、转移和再分配过程,进而改变土壤理化性质^[21]。有研究表明,土壤有机质、碱解氮和速效磷含量在0~6a的围封年限内逐渐增加^[22]。本研究中,相对于对照G,E1围封使土壤pH显著降低,E10长期围封和E4短期围封使土壤pH显著提高,使其由弱酸性趋于中性,这与程雨婷^[23]研究土壤pH的有效性对封育的响应,随着封育时间的延长出现先增加(pH降低)后降低(pH升高)的趋势一致。而E10长期围封的土壤pH却低于E4短期围封,这可能是由于长期围封使地上植被凋落物增加,其在土壤中的腐植化过程产生的腐植酸会降低土壤的pH。长短期围封均能显著提高土壤含



(a) 和 (b) 分别表示不同封育年限下优势细菌和真菌相对丰度和环境因子 RDA 分析, (c) 和 (d) 分别表示不同封育年限下水平优势细菌和真菌相对丰度和环境因子 RDA 分析, (e) 和 (f) 分别表示不同封育年限下细菌和真菌多样性和环境因子 RDA 分析; 红色箭头表示环境因子, 蓝色箭头表示微生物丰度和多样性指数; A1 ~ A10 分别表示 Proteobacteria、unidentified_Bacteria、Acidobacteriota、Actinobacteriota、Actinobacteriota、Firmicutes、Verrucomicrobiota、Bacteroidota、Crenarchaeota 和 Chloroflexi; B1 ~ B10 分别表示 Ascomycota、Basidiomycota、Mortierellomycota、Chytridiomycota、Mucoromycota、Glomeromycota、Olpidiomycota、Aphelidiomycota、Zoopagomycota 和 Rozellomycota; C1 ~ C10 分别表示 *RB41*、*Bacillus*、*Pseudonocardia*、*Candidatus_Udaebacter*、*Bradyrhizobium*、*Solirubrobacter*、*Oryzihumus*、*Acinetobacter*、*IS-44* 和 *Pedomicrobium*; D1 ~ D10 分别表示 *Minutisphaera*、*Hygrocybe*、*Sarocladium*、*Gliophorus*、*Archaeorhizomyces*、*Clavulinopsis*、*Trichoderma*、*unidentified*、*Blumeria* 和 *Entoloma*; Obs_spe 表示 Observed species 指数, NH 表示 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$, NO 表示 $\text{NO}_3^- - \text{N}$

图 5 土壤理化性质与微生物群落多样性的关系

Fig. 5 Relationship between soil physicochemical properties and microbial community diversity

水量,这是因为长期围封增加了植被盖度和枯草层厚度,减少了土壤水分的蒸发.长短期围封均能增加土壤有机碳含量,但与对照自由放牧样地并无显著差异,这是由于青藏高原气候寒冷干燥,植物残体分解速度较慢.长短期围封均能增加土壤全氮和全磷含量,且长期围封较自由放牧样地差异显著,因为封育后极大地限制了家畜采食,增加了地上地下生物量的积累,从而使围封样地氮磷含量提高.短期围封增加了硝态氮和速效磷含量,且显著高于长期围封.

3.2 细菌群落对围封的响应

土壤细菌群落是高寒草甸生态系统中影响生物地球化学循环的一个重要组成部分,其多样性和稳定性对高寒草甸生态系统具有重要意义^[24].有学者对青藏高原围封 7 a 的高山草地研究发现,由于围栏的有效保护,促进了微生境内的生物地化循环,提高了土壤质量^[25].而围栏引起的养分可利用性的变化会影响微生物群落本身的丰度和组成,同时也会影响植物群落,而且通过植物的生长和生存提供微环境和养分来影响微生物群^[26].目前,围栏对土壤细菌多样性的影响没有统一的结论.本研究中,已鉴定的优势菌门是变形菌门、酸杆菌门和放线菌门.变形菌门是细菌中最大的一门,其中的 α 变形菌包括光合自养型菌类、植物共生菌(如根瘤菌)和代谢 C1 化和物的菌类^[27],为土壤提供了多样化的能量输入途径;其中的 β 变形菌包括很多好氧或兼性细菌,其丰度的提高有利于分解土壤中的有机质,为土壤中的物质循环和能量流动提供动力.酸杆菌门数量与变形菌门相当,其与土壤 pH 的调节,植物残体多聚体的降解密切相关^[28].E10 围封降低了酸杆菌门的相对丰度,这在一定程度上可以解释为何在多年围封的土壤中植物残体降解缓慢.在属水平上,不同围封年限间存在显著差异.本研究发现, *RB41*、芽孢杆菌属和假诺卡氏菌属是围封高寒草甸中最优势的类群,但不同围封年限的丰度不同.E4 围封的 *RB41* 丰度显著高于围封 E1 和 E10 围封,这说明较短的围封年限有利于 *RB41* 的恢复,但围封年限较长会使 *RB41* 的生长发育受到限制.芽孢杆菌属^[29]具有解磷、解钾和固氮等生物活性,是土壤肥力的活化剂,有助于提高生物量.本研究中,E4 围封的芽孢杆菌属丰度最低,而 E10 围封的芽孢杆菌属丰度与 E1 围封类似,这很可能是因为 E4 短期围封会使土壤养分利用率提高,增加了土壤速效养分含量,从而对芽孢杆菌的生长产生了抑制.

3.3 真菌群落对围封的响应

土壤真菌作为土壤微生物群落的重要组成部分^[30],在高寒草甸生态系统过程中起着重要作

用^[31].如与众多植物共生形成菌根^[32],分泌胞外酶降解难以降解的有机物化合物,从而释放矿物质养分和二氧化碳供植物生长发育^[33].而围封会排除家畜对植物的采食和践踏,提高草地盖度^[34],增强土壤团聚体的结构^[35],从而促进土壤真菌的活动并为不同微生物种间相互影响提供机会^[36].本研究中,长期封育的子囊菌门丰度显著高于短期封育.这是因为营腐生生活的子囊菌可将土壤中的有机质分解为简单的无机化合物和腐殖质,无机化合物为植物生长发育提供养分,腐殖质用于土壤发育,且子囊菌也对土壤中难以分解的纤维素和木质素起主要作用^[37],而 E10 围封会使植物的凋落物增加,植物残体中较多的纤维素和木质素对子囊菌有激发作用,会提高子囊菌的丰度.E1 围封和自由放牧土壤中的担子菌门丰度显著高于 E4 围封和 E10 围封,这可能是因为担子菌门中的一类菌群能分解木质素^[38],而 E1 围封和自由放牧样地中的毒杂草残体所含木质素含量较高,提高了担子菌门丰度.

3.4 土壤微生物多样性对环境因子的响应

土壤是土壤微生物直接接触并赖以生存的外部空间,土壤理化性质、海拔高度和气候等环境因素是土壤微生物群落结构和数量变化的主要驱动力^[39].有研究表明,土壤微生物属性是土壤质量变化的潜在早期指标^[40-42],且由于细菌和真菌是两类细胞结构、营养类型和繁殖方式都不同的微生物,其对不同环境的敏感性表现出不同的变化趋势^[43].本研究通过分析土壤理化性质与土壤细菌及真菌的关系发现,在细菌菌落中,土壤 pH 和含水量与拟杆菌门、酸杆菌门丰度呈显著正相关,与厚壁菌门、放线菌门呈显著负相关,这说明土壤 pH 和含水量是影响围封条件下细菌多样性的关键限制因子.根据文献^[44]的研究,pH 影响土壤的物理、化学和生物性质.Zimmermann 等^[45]研究表明 pH 在森林土壤微生物群落动态中起着关键作用.土壤 pH 与某些微生物类群密切相关,且被认为是土壤细菌群落的最佳预测因子^[46].在青藏高原整体的空间尺度上,对甘南亚高寒草甸不同坡向土壤微生物群落分布的研究表明,不同坡向土壤微生物群落分布的显著差异是土壤含水量、全磷和土壤 pH 等多种环境因子共同作用的结果^[47].在西藏北部高寒草原,土壤 pH、全磷和有机碳的变化在丛枝菌根(AM)真菌群落组成中起着重要的作用^[48].在青藏高原念青唐古拉山南坡不同深度土壤细菌群落中,0~5 cm 的浅层细菌群落主要受降水和土壤 NH_4^+ 影响,而 5~20 cm 土壤细菌群落主要受 pH 影响^[49].这些研究充分证明土壤 pH 和含水量对微生物群落有重要作用.

土壤理化性质的变化会直接或间接地影响真菌的群落特征,而真菌群落也在维持土壤养分平衡方面发挥重要作用^[50]。有研究发现,细菌群落结构变化主要由土壤 pH 决定,而真菌群落结构通常与土壤养分含量密切相关^[51]。丁玮等^[52]在水稻土研究中发现,真菌群落结构变化主要受土壤 pH、全氮含量和碳氮比的影响。阳祥等^[53]研究发现,土壤真菌群落的组成和结构变化主要由土壤含水量和土壤碳氮比决定。本研究中,土壤 pH、含水量、有机碳和速效磷对真菌丰度存在显著影响,但不能完全解释细菌组成和丰度的变化。这说明围封通过影响土壤 pH、含水量、有机碳和速效磷来影响高寒草甸真菌群落的多样性。但不能完全解释是因为真菌的生长发育是一个复杂的生理生化过程,其还受到气候、海拔和植物群落组成等多种因素的影响。

综上所述,E4 短期围封就能明显改善黄河源区斑块化退化高寒草甸土壤理化性质和微生物多样性,对土壤肥力的改善效果甚微。E10 围封年限虽能提高土壤肥力,但会使植物多样性锐减,植物优势种会占据整个高寒草甸生态系统的主导地位,使生态系统的稳定性和抗性减弱,不利于草甸的次生演替。且大量的长期围封地会造成严重的草地资源浪费,在家畜总量不变的情况下增加了整体的载畜量,增加健康草甸的放牧压力。另外,长期围封还会严重限制野生动物的迁徙和繁衍,不利于野生动物的保护。因此,E4 短期围封后,就应当对围封地进行评估和采取适度放牧利用。

4 结论

围栏封育是一种限制家畜放牧,利用植被自然恢复力进行斑块化退化高寒草甸植被修复的一种简单有效的方式。E1 封育显著降低土壤 pH,而长短期封育均显著提高土壤 pH,长期封育能显著提高土壤含水量和全氮含量,E4 短期封育能显著提高土壤速效磷含量。长、短期封育均能提高细菌和真菌的丰富度和多样性,但差异不显著。围栏封育主要通过提高土壤 pH 和含水量来改变微生物群落组成和结构。因此,E4 短期封育能明显改善斑块化退化高寒草甸土壤理化性质并提高细菌和真菌的丰富度和多样性,无需进行 E10 长期封育。

参考文献:

- [1] 张欣雨,朱泽群,袁雅欣,等. 基于组合物种分布模型的黄河源区鹅绒委陵菜适宜生境及其对气候变化的响应[J]. 草业科学, 2022, **39**(2): 254-267.
Zhang X Y, Zhu Z Q, Yuan Y X, et al. Assessment of suitable *Potentilla anserina* habitat and its response to climate change in the source region of the Yellow River based on ensemble species distribution modeling[J]. Pratacultural Science, 2022, **39**(2): 254-267.
- [2] 杨馥铨,刘昌义,胡夏嵩,等. 黄河源区不同退化程度高寒草甸理化性质及复合体抗剪强度研究[J]. 干旱区研究, 2022, **39**(2): 560-571.
Yang F C, Liu C Y, Hu X S, et al. Study on physical and chemical properties and shear strength characteristics of root-soil composite system with different degradation degrees of alpine grassland in the source region of the Yellow River[J]. Arid Zone Research, 2022, **39**(2): 560-571.
- [3] 文晶. 黑河中游扁都口地区高山草甸草地的土壤水文特征变化研究[D]. 兰州: 兰州大学, 2014.
Wen J. Study on the variation in hydrological characteristics of alpine meadow soil in Biandukou area in the middle reaches of Hei River Basin[D]. Lanzhou: Lanzhou University, 2014.
- [4] 刘岩,李宝林,袁焯城,等. 基于三江源高寒草甸群落结构变化评估围封对草地恢复的影响[J]. 生态学报, 2021, **41**(18): 7125-7137.
Liu Y, Li B L, Yuan Y C, et al. Assessment of grazing exclusion on grassland restoration through the changes of plant community structure of alpine meadow in the Three River Headwater Region[J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, **41**(18): 7125-7137.
- [5] Sun J, Liu M, Fu B J, et al. Reconsidering the efficiency of grazing exclusion using fences on the Tibetan Plateau [J]. Science Bulletin, 2020, **65**(16): 1405-1414.
- [6] 宋珊珊,张建胜,郑天立,等. 围封对青海海北高寒草甸植被碳储量的影响[J]. 草业科学, 2020, **37**(12): 2414-2421.
Song S S, Zhang J S, Zheng T L, et al. Effect of fencing on vegetation carbon storage in the Qinghai Haibei alpine meadows [J]. Pratacultural Science, 2020, **37**(12): 2414-2421.
- [7] Chen B X, Zhang X Z, Tao J, et al. The impact of climate change and anthropogenic activities on alpine grassland over the Qinghai-Tibet Plateau[J]. Agricultural and Forest Meteorology, 2014, **189-190**: 11-18.
- [8] Erfanzadeh R, Kamali P, Ghelichnia H, et al. Effect of grazing removal on aboveground vegetation and soil seed bank composition in sub-alpine grasslands of northern Iran [J]. Plant Ecology & Diversity, 2016, **9**(3): 309-320.
- [9] 聂莹莹,陈金强,辛晓平,等. 呼伦贝尔草甸草原区主要植物种群生态位特征与物种多样性对封育年限响应[J]. 草业学报, 2021, **30**(10): 15-25.
Nie Y Y, Chen J Q, Xin X P, et al. Responses of niche characteristics and species diversity of main plant populations to duration of enclosure in the Hulun Buir meadow steppe[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2021, **30**(10): 15-25.
- [10] 李润富,牛海山,孔倩,等. 围封对高寒草原植被-土壤养分含量的影响[J]. 草业科学, 2021, **38**(3): 399-409.
Li R F, Niu H S, Kong Q, et al. Effects of enclosure on plant and soil nutrients in an alpine grassland [J]. Pratacultural Science, 2021, **38**(3): 399-409.
- [11] 樊丹丹,刘艳娇,曹慧丽,等. 围封工程对退化草地土壤理化性质和微生物群落的影响[J]. 科技导报, 2022, **40**(3): 41-51.
Fan D D, Liu Y J, Cao H L, et al. On the effect of fencing on physicochemical property and microbial community of grassland soils[J]. Science & Technology Review, 2022, **40**(3): 41-51.
- [12] 敬洁,张梦瑶,高永恒. 围封禁牧对高寒草原土壤微生物碳源利用的影响[J]. 生态科学, 2021, **40**(3): 25-32.
Jing J, Zhang M Y, Gao Y H. Effects of enclosure on soil

- microbial carbon utilization in an alpine steppe [J]. *Ecological Science*, 2021, **40**(3): 25-32.
- [13] 张晓. 自然恢复和人工林重建对土壤原核微生物群落结构和建群机制的影响[D]. 北京: 中国林业科学研究院, 2016.
Zhang X. Effects of forest natural and artificial restoration on soil prokaryotic community structure and assembly processes [D]. Beijing: Chinese Academy of Forestry, 2016.
- [14] 张胜男, 闫德仁, 黄海广, 等. 短期封育对科尔沁沙地榆树疏林土壤微生物群落结构的影响[J]. *生态学杂志*, 2020, **39**(9): 2860-2867.
Zhang S N, Yan D R, Huang H G, *et al.* Effects of short-term fencing on soil microbial community structure in *Ulmus pumila* scattered woodland of Horqin Sandy Land [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2020, **39**(9): 2860-2867.
- [15] 张豪睿, 付刚. 藏北高寒草地土壤真菌群落系统发育多样性对放牧的响应[J]. *草地学报*, 2022, **30**(1): 21-28.
Zhang H R, Fu G. Responses of phylogenetic diversity of soil fungal community to grazing in alpine grasslands of the northern Tibet [J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2022, **30**(1): 21-28.
- [16] 张露琪, 张志明, 张丽梅, 等. 典型农田退耕后土壤真菌与细菌群落的演替[J]. *生态学报*, 2019, **39**(8): 2715-2722.
Zhang L Q, Zhang Z M, Zhang L M, *et al.* Succession of soil fungal and bacterial communities in a typical chronosequence of abandoned agricultural lands [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, **39**(8): 2715-2722.
- [17] 尹亚丽, 王玉琴, 李世雄, 等. 围封对退化高寒草甸土壤微生物群落多样性及土壤化学计量特征的影响[J]. *应用生态学报*, 2019, **30**(1): 127-136.
Yin Y L, Wang Y Q, Li S X, *et al.* Effects of enclosing on soil microbial community diversity and soil stoichiometric characteristics in a degraded alpine meadow [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2019, **30**(1): 127-136.
- [18] 李玉洁, 李刚, 宋晓龙, 等. 畜牧对贝加尔针茅草原土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. *草业学报*, 2013, **22**(6): 21-30.
Li Y J, Li G, Song X L, *et al.* Effect of rest-grazing on soil microbial community functional diversity in *Stipa baicalensis* steppe [J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2013, **22**(6): 21-30.
- [19] 魏亚兰. 高寒草地土壤微生物对家畜放牧的响应[D]. 西宁: 青海师范大学, 2019.
Wei Y L. Response mechanism of soil microorganisms to livestock grazing in alpine grassland [D]. Xining: Qinghai Normal University, 2019.
- [20] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [21] Tripathi B M, Kim M, Singh D, *et al.* Tropical soil bacterial communities in Malaysia: pH dominates in the equatorial tropics too [J]. *Microbial Ecology*, 2012, **64**(2): 474-484.
- [22] 贾丽英, 陈清, 张洛梓, 等. 放牧和围封对内蒙古羊草草原土壤团聚体理化性质的影响[J]. *天津师范大学学报(自然科学版)*, 2021, **41**(6): 40-45.
Jia L Y, Chen Q, Zhang L Z, *et al.* Effects of grazing and enclosure on physic chemical properties of soil aggregates in *Leymus chinensis* steppe, Inner Mongolia [J]. *Journal of Tianjin Normal University (Natural Science Edition)*, 2021, **41**(6): 40-45.
- [23] 程雨婷. 围栏封育后我国草地植被与土壤恢复的 Meta 分析研究[D]. 上海: 华东师范大学, 2020.
Cheng Y T. Research on grassland vegetation and soil recovery after fencing in China: a meta-analysis [D]. Shanghai: East China Normal University, 2020.
- [24] 薛亚芳, 宗宁, 何念鹏, 等. 长期围封和自由放牧对高寒草甸土壤微生物群落结构及碳源代谢多样性的影响[J]. *应用生态学报*, 2018, **29**(8): 2705-2712.
Xue Y F, Zong N, He N P, *et al.* Influence of long-term enclosure and free grazing on soil microbial community structure and carbon metabolic diversity of alpine meadow [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2018, **29**(8): 2705-2712.
- [25] 周天阳, 高景, 王金牛, 等. 基于群落结构及土壤理化性质对围封7年青藏高原东南缘高山草地的综合评价[J]. *草业学报*, 2018, **27**(12): 1-11.
Zhou T Y, Gao J, Wang J N, *et al.* Effects of 7-year enclosure on an alpine meadow at the south-eastern margin of Tibetan Plateau based on community structure and soil physico-chemical properties [J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2018, **27**(12): 1-11.
- [26] 张春芳. 大豆种植系统中氮素管理策略对土壤微生物群落的影响机制[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2021.
Zhang C F. Influence of nitrogen management practices on soil microbial communities in soybean planting systems [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2021.
- [27] 叶锦成, 陈毅青, 高琳, 等. 红树植物拟海桑及其亲本的根际细菌群落特征分析[J]. *热带海洋学报*, 2022, **41**(6): 75-89.
Ye J C, Chen Y Q, Gao L, *et al.* Analysis of rhizosphere bacterial community characteristics of mangrove plant *Sonneratia × gulgai* and its Parents [J]. *Journal of Tropical Oceanography*, 2022, **41**(6): 75-89.
- [28] 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展[J]. *生物技术通报*, 2016, **32**(2): 14-20.
Wang G H, Liu J J, Yu Z H, *et al.* Research progress of *Acidobacteria* ecology in soils [J]. *Biotechnology Bulletin*, 2016, **32**(2): 14-20.
- [29] 顾丽. 青藏高原和南极土壤芽孢杆菌的分离鉴定及其对玉米细菌性褐腐病的抑菌功能[D]. 南京: 南京农业大学, 2016.
Gu L. Isolation and identification of soil *Bacillus* from the Qinghai Tibet Plateau and south pole and ITS antibacterial function to the bacterial brown rot of maize [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2016.
- [30] Guo Q X, Yan L J, Korpelainen H, *et al.* Plant-plant interactions and N fertilization shape soil bacterial and fungal communities [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **128**: 127-138.
- [31] 赵兴鸽, 张世挺, 牛克昌. 青藏高原高寒草甸土壤真菌多样性与植物群落功能性状和土壤理化特性的关系[J]. *应用与环境生物学报*, 2020, **26**(1): 1-9.
Zhao X G, Zhang S T, Niu K C. Relationships between soil fungal diversity, plant community functional traits, and soil attributes in Tibetan alpine meadows [J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2020, **26**(1): 1-9.
- [32] 吴佳育, 胡伟, 杨智宇, 等. 菌根真菌与植物根部微生态系统中不同真菌相互作用研究进展[J]. *河南农业科学*, 2022, **51**(2): 1-9.
Wu J Y, Hu W, Yang Z Y, *et al.* Recent advances in the interaction between mycorrhizal fungi and different fungi in plant root microecosystem [J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2022, **51**(2): 1-9.
- [33] 王晓燕, 王微, 王幼珊, 等. 基于 CiteSpace 软件的丛枝菌根真菌近 30 年研究态势分析[J]. *菌物学报*, 2022, **41**(5): 802-818.
Wang X Y, Wang W, Wang Y S, *et al.* Analysis of the research status of arbuscular mycorrhizal fungi in the last 30 years based on CiteSpace software [J]. *Mycosystema*, 2022, **41**(5): 802-818.

- [34] 赵婷婷, 赵念席, 高玉葆. 围封禁牧对小叶锦鸡儿灌丛化草原群落组成和结构的影响[J]. 生态学报, 2014, **34**(15): 4280-4287.
Zhao T T, Zhao N X, Gao Y B. Effects of grazing exclusion on the composition and structure of steppe communities dominated by *Caragana microphylla* [J]. Acta Ecologica Sinica, 2014, **34**(15): 4280-4287.
- [35] 姜学兵, 李运生, 欧阳竹, 等. 免耕对土壤团聚体特征以及有机碳储量的影响[J]. 中国生态农业学报, 2012, **20**(3): 270-278.
Jiang X B, Li Y S, Ouyang Z, et al. Effects of no-tillage on soil aggregate and organic carbon storage[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2012, **20**(3): 270-278.
- [36] 张莉, 党军, 刘伟, 等. 高寒草甸连续围封与施肥对土壤微生物群落结构的影响[J]. 应用生态学报, 2012, **23**(11): 3072-3078.
Zhang L, Dang J, Liu W, et al. Effects of continuous enclosure and fertilization on soil microbial community structure in alpine meadow[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2012, **23**(11): 3072-3078.
- [37] 刘金艳, 周攀, 周小路, 等. 子囊菌 *Sordaria tomento-alba* 的筛选及其木质素降解特性[J]. 应用与环境生物学报, 2022, **28**(3): 693-698.
Liu J Y, Zhou P, Zhou X L, et al. Screening of ascomycete *Sordaria tomento-alba* and its lignin degradation characteristics [J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2022, **28**(3): 693-698.
- [38] Beimforde C, Feldberg K, Nylander S, et al. Estimating the Phanerozoic history of the Ascomycota lineages: combining fossil and molecular data[J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2014, **78**: 386-398.
- [39] 刘怡萱, 曹鹏熙, 马红梅, 等. 青藏高原土壤微生物多样性及其影响因素研究进展[J]. 环境生态学, 2019, **1**(6): 1-7.
Liu Y X, Cao P X, Ma H M, et al. Research progress on soil microbial diversity and its influencing factors in Qinghai-Tibet Plateau[J]. Environmental Ecology, 2019, **1**(6): 1-7.
- [40] 王元基. 覆盖模式下黄土高原苹果园土壤质量提升效应的微生物学机制[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2020.
Wang Y J. The microbiological mechanism of soil quality improvement effect under mulching pattern in apple orchard on Loess Plateau[D]. Yangling: Northwest A&F University, 2020.
- [41] 岳雪娇, 黄沛, 李永华, 等. 中国干旱半干旱区土壤微生物分布特征及其影响因素[J]. 世界林业研究, 2022, **35**(4): 64-69.
Yue X J, Huang P, Li Y H, et al. Distribution characteristics and Influencing factors of soil microorganisms in arid and semi-arid areas of China [J]. World Forestry Research, 2022, **35**(4): 64-69.
- [42] 靳一丹, 陆雅海. 大数据时代土壤微生物地理学研究综述[J]. 生态学报, 2022, **42**(13): 5152-5164.
Jin Y D, Lu Y H. Advances and perspectives of soil microbial biogeography at big data era [J]. Acta Ecologica Sinica, 2022, **42**(13): 5152-5164.
- [43] 吕睿, 常帆, 张兴昌, 等. 黄土高原土壤细菌和真菌群落结构及其多样性对菌糠有机肥响应机制研究[J]. 环境生态学, 2022, **4**(2-3): 40-49.
Lv R, Chang F, Zhang X C, et al. Responses of soil bacterial and fungal community structure and diversity to microbial bran organic manure in the Loess Plateau [J]. Environmental Ecology, 2022, **4**(2-3): 40-49.
- [44] Brady N C, Buc kman H O. The nature and properties of soils (7th ed.) [M]. New York: Macmillan Company, 1972.
- [45] Zimmermann S, Frey B. Soil respiration and microbial properties in an acid forest soil: effects of wood ash [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2002, **34**(11): 1727-1737.
- [46] 王亚男, 曾希柏, 王玉忠, 等. 设施蔬菜种植年限对氮素循环微生物群落结构和丰度的影响[J]. 应用生态学报, 2014, **25**(4): 1115-1124.
Wang Y N, Zeng X B, Wang Y Z, et al. Effects of vegetable cultivation years on microbial biodiversity and abundance of nitrogen cycling in greenhouse soils [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2014, **25**(4): 1115-1124.
- [47] 李瑞, 刘旻霞, 张灿, 等. 甘南亚高寒草甸不同坡向土壤微生物群落分布特征[J]. 生态环境学报, 2017, **26**(11): 1884-1891.
Li R, Liu M X, Zhang C, et al. Distribution characteristics of soil microbial communities along different slope direction of Gannan sub-alpine meadows [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2017, **26**(11): 1884-1891.
- [48] 彭岳林, 蔡晓布. 丛枝菌根真菌群落沿高寒草原海拔梯度的变化特征[J]. 生态学报, 2015, **35**(22): 7475-7484.
Peng Y L, Cai X B. Changes of arbuscular mycorrhizal fungal community in an alpine grassland altitudinal gradient [J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, **35**(22): 7475-7484.
- [49] Yuan Y L, Si G C, 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.
- [50] 薄国栋, 申国明, 张继光, 等. 秸秆还田对植烟土壤养分及真菌群落多样性的影响[J]. 土壤通报, 2016, **47**(1): 137-142.
Bo G D, Shen G M, Zhang J G, et al. Effects of straw returning on soil nutrients and fungal diversity in tobacco planting field [J]. Chinese Journal of Soil Science, 2016, **47**(1): 137-142.
- [51] Wang J T, Zheng Y M, Hu H W, et al. Soil pH determines the alpha diversity but not beta diversity of soil fungal community along altitude in a typical Tibetan forest ecosystem [J]. Journal of Soils and Sediments, 2015, **15**(5): 1224-1232.
- [52] 丁玮, 阳树英, 刘洋. 化肥减量配施生物炭对镉污染水稻土壤真菌群落的影响[J]. 江苏农业科学, 2022, **50**(15): 210-215.
Ding W, Yang S Y, Liu Y. Effects of chemical fertilizer reduction and biochar application on cadmium-contaminated rice soil fungal community [J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2022, **50**(15): 210-215.
- [53] 阳祥, 李先德, 刘吉龙, 等. 不同轮作模式的土壤真菌群落结构及功能特征分析[J]. 环境科学学报, 2022, **42**(4): 432-442.
Yang X, Li X D, Liu J L, et al. Analysis on the structure and function of soil fungi community in different crop rotation modes [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2022, **42**(4): 432-442.

CONTENTS

Impact of Climate Change on Summer Ozone in China	HU An-qi, XIE Xiao-dong, GONG Kang-jia, <i>et al.</i>	(1801)
Spatial-temporal Variation and Driving Factors of Ozone in China from 2019 to 2021 Based on EOF Technique and KZ Filter	WANG Hao-qi, ZHANG Yu-fen, LUO Zhong-wei, <i>et al.</i>	(1811)
Photochemical Mechanism and Control Strategy Optimization for Summertime Ozone Pollution in an Industrial City in the North China Plain	ZHENG Zhen-sen, DOU Jian-ping, ZHANG Guo-tao, <i>et al.</i>	(1821)
Spatiotemporal Evolution Characteristics of PM _{2.5} -O ₃ Compound Pollution in Chinese Cities from 2015 to 2020	NIU Xiao-xiao, ZHONG Yan-mei, YANG Lu, <i>et al.</i>	(1830)
Spatiotemporal Distribution Characteristics of Co-pollution of PM _{2.5} and Ozone over BTH with Surrounding Area from 2015 to 2021	SONG Xiao-han, YAN Li, LIU Wei, <i>et al.</i>	(1841)
Spatio-temporal Variation in PM _{2.5} Concentration and Its Relationship with Vegetation Landscape Patterns in Typical Economic Zones in China from 2000 to 2020	XU Yong, LI Xin-yi, HUANG Wen-ting, <i>et al.</i>	(1852)
Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric Ion Deposition During Winter and Spring in the Core Area of Beijing	ZHAO Yu, LI Bei-bei, HUANG Yu-hu, <i>et al.</i>	(1865)
Input Characteristics of Dry Deposition of Atmospheric Particulates and Metals in Farmland in the Suburb of Nanjing	LIU Cui-ying, JIN Hao, FAN Jian-ling, <i>et al.</i>	(1873)
Pollution Characterizations and Oxidative Potentials of Water-Soluble Organic Matters at Different Polarity Levels in Winter PM _{2.5} over Xi'an	LUO Yu, HUANG Sha-sha, ZHANG Tian, <i>et al.</i>	(1882)
Emission Characteristics of Organic Carbon and Elemental Carbon in PM ₁₀ and PM _{2.5} from Vehicle Exhaust and Civil Combustion Fuels	WANG Hong-lei, LIU Si-han, SUN Jie-juan, <i>et al.</i>	(1890)
Characteristics and Source Apportionment of PM _{2.5} in the Core Area of Ili River Valley in Spring	GU Chao, XU Tao, MA Chao, <i>et al.</i>	(1899)
Evaluation of Changes in PM _{2.5} Exposure Concentration and Health Risk for Urban Resident in Zhengzhou Based on High Spatial Resolution Grids	LI Yuan, XU Yi-fei, YUAN Ming-hao, <i>et al.</i>	(1911)
Emission Inventory of Building Material Industry in Henan Province Based on Multi-source Data Integration	LIU Xiao, HU Jing-nan, WANG Hong-mei, <i>et al.</i>	(1924)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric Volatile Organic Compounds in Winter in Kaifeng City	SHI Yu-qi, ZHENG Kai-yun, DING Wei-ling, <i>et al.</i>	(1933)
Changes in O ₃ -VOCs-NO _x Sensitivity and VOCs Sources at an Urban Site of Nanjing Between 2020 and 2021	LU Xiao-bo, WANG Ming, DING Feng, <i>et al.</i>	(1943)
Variation Characteristics and Ozone Formation Potential of Ambient VOCs in Urban Beijing in Summer	ZHANG Rui, SUN Xue-song, WANG Yu, <i>et al.</i>	(1954)
Chemical Characteristics and Source Apportionment for VOCs During the Ozone Pollution Episodes and Non-ozone Pollution Periods in Qingdao	JIA Zhi-hai, GU Yao, KONG Cui-li, <i>et al.</i>	(1962)
Characteristics of O ₃ Production in the Western Suburb of Hefei in Summer Based on the Observation of Total Peroxy Radical	YU Hui, WEI Na-na, XU Xue-zhe, <i>et al.</i>	(1974)
Evaluation of Energy Saving and Carbon Reduction Effect of Air Pollution Prevention and Control Action Plan and Innovation Intermediary Effect	LI Shao-lin, WANG Qi-qi, <i>et al.</i>	(1985)
Scenario Simulation and Effects Assessment of Co-control on Pollution and Carbon Emission Reduction in Beijing	YU Shan, ZHANG Shuang, ZHANG Zeng-jie, <i>et al.</i>	(1998)
Simulation of Anthropogenic CO ₂ Emissions in the Yangtze River Delta Based on Different Emission Inventories	MA Xin-yi, HUANG Wen-jing, HU Ning, <i>et al.</i>	(2009)
Water Quality Change Trend and Risk Analysis of Wuhan Hanjiang River Water Source	ZHUO Hai-hua, LOU Bao-feng, XU Jie, <i>et al.</i>	(2022)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics and Resistance Genes in Different Water Sources in the Wuhan Section of the Yangtze River	LI Bo-lin, ZHANG He, WANG Jun, <i>et al.</i>	(2032)
Occurrence Characteristics, Sources, and Toxicity Risk Analysis of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Typical Rivers of Northern Shaanxi Mining Area, China	WU Xi-jun, DONG Ying, ZHAO Jian, <i>et al.</i>	(2040)
Spatio-temporal Characteristics of Organic Aggregates and the Driving Factors in Typical Lakes	XIE Gui-juan, GONG Yi, ZHU Fu-cheng, <i>et al.</i>	(2052)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Microplastics in Water of Different Functional Parks in Guilin	LI Pei-zhao, WU Li, HUANG Fei-fei, <i>et al.</i>	(2062)
Environmental Driving Factors and Assessment on the Aquatic Ecosystem of Periphytic Algae of Six Inflow Rivers in Yangtze River Basin	ZHANG Jing, HU Yu-xin, HU Sheng, <i>et al.</i>	(2072)
Influence and Driving of Environmental Heterogeneity on the Epilithic Diatom Community in Xiangxi River, a Tributary of the Three Gorges Reservoir Area	Ji Lu-lu, ZHAO Lu, OUYANG Tian, <i>et al.</i>	(2083)
Characteristics of Phytoplankton Communities and Key Impact Factors in Three Types of Lakes in Wuhan	ZHANG Hao-kun, MIN Fen-li, CUI Hui-rong, <i>et al.</i>	(2093)
Effects of Heavy Metal Pollution on the Structure of Microbial Communities in Different Habitats	HE Yi-fan, XIAO Xin-zong, WANG Jia-wen, <i>et al.</i>	(2103)
Structure and Distribution Characteristics of Bacterial Community in Boqing River Water	WANG Sen, CHEN Jian-wen, ZHANG Hong, <i>et al.</i>	(2113)
Effects of Microplastic Exposure on the Community Structure and Function of Symbiotic Bacteria in <i>Sinularia microclavata</i>	LIU Min, CHE Wen-xue, ZENG Ying-xu, <i>et al.</i>	(2122)
Distribution Characteristics and Health Risk Assessment of Emerging Contaminants from Raw Water to Drinking Water in Shanghai	YAN Qi, <i>et al.</i>	(2136)
Adsorption Characteristics of Fluoride in Low-Concentration Water by Aluminum and Zirconium-Modified Biochar	LIU Yan-fang, GAO Wei, LIU Rui, <i>et al.</i>	(2147)
Sorption Characteristics and Site Energy Distribution Theory of Typical Estrogens on Microplastics	LIU Jiang-yan, ZHENG Mi-mi, HU Jia-wu, <i>et al.</i>	(2158)
Selection and Evaluation of Model Pollutants for Performance Assessment of Advanced Treatment of Industrial Park Wastewater by Ozonation	XIN Bo, SHAN Chao, LÜ Lu, <i>et al.</i>	(2168)
Identifying Driving Factors and Their Interacting Effects on Sources of Heavy Metal in Farmland Soils with Geodetector and Multi-source Data	ZHANG Hong-ze, CUI Wen-gang, LIU Sui-hua, <i>et al.</i>	(2177)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Heavy Metals in Farmland Soils Around the Gangue Heap of Coal Mine Based on APCS-MLR and PMF Receptor Model	MA Jie, SHEN Zhi-jie, ZHANG Ping-ping, <i>et al.</i>	(2192)
Contamination and Probabilistic Health Risk Assessment of Heavy Metals in Agricultural Soils Around a Lead-Zinc Smelter	HUANG Jian-bo, JIANG Deng-deng, WEN Bing, <i>et al.</i>	(2204)
Prediction of PAHs Content in Soil Around Gas Stations in Beijing Based on BP Neural Network	MA Sai-yan, WEI Hai-ying, MA Jin, <i>et al.</i>	(2215)
Spatial-temporal Distribution and Risk Assessment of Quinolones Antibiotics in Soil of Shijiazhuang City	ZHAO Xin-yu, CHEN Hui, ZHAO Bo, <i>et al.</i>	(2223)
Accumulation and Pollution Risks of Heavy Metals in Soils and Agricultural Products from a Typical Black Shale Region with High Geological Background	DENG Shuai, DUAN Jia-hui, NING Mo-huan, <i>et al.</i>	(2234)
Geochemical Characteristics of Cd in Different Parent Soils in Karst Area and Prediction of Cd Content in Maize	DAI Liang-liang, XU Hong-gen, GONG Hao, <i>et al.</i>	(2243)
Pollution Risk and Contribution Analysis of Pb, Cd, and As in Soils and Crops Under Different Land Use Types in Longyan City	WANG Rui, CHEN Nan, ZHANG Er-xi, <i>et al.</i>	(2252)
Influencing Factors of Cadmium Content in Wheat Grain: A Meta-analysis and Decision Tree Analysis	LIU Na, ZHANG Shao-bin, GUO Xin-yu, <i>et al.</i>	(2265)
Response Characteristics of Soil Organic Carbon Pool and Its Chemical Composition During Secondary Forest Succession in the Loess Plateau	LIU Han-yu, LIU Ying-yi, ZHANG Qi, <i>et al.</i>	(2275)
Effects of Short-Term Nitrogen and Phosphorus Addition on Soil Respiration Components in a Subalpine Grassland of Qilian Mountains	JIANG Yuan, GAN Xiao-ling, CAO Feng-feng, <i>et al.</i>	(2283)
Response of Soil Microbial Diversity to Long-term Enclosure in Degraded Patches of Alpine Meadow in the Source Zone of the Yellow River	YANG Peng-nian, LI Xi-lai, LI Cheng-yi, <i>et al.</i>	(2293)
Diversity and Predictive Functional of <i>Caragana jubata</i> Bacterial Community in Rhizosphere and Non-rhizosphere Soil at Different Altitudes	LI Yuan-yuan, XU Ting-ting, AI Zhe, <i>et al.</i>	(2304)
Effects of Simulated Acid Rain and Nitrogen Deposition on Soil Bacterial Community Structure and Diversity in the Masson Pine Forest	WANG Nan, QIAN Shao-yu, PAN Xiao-cheng, <i>et al.</i>	(2315)
Effects of Phosphogypsum and <i>Suaeda salsa</i> on the Soil Moisture, Salt, and Bacterial Community Structure of Salinized Soil	LIU Yue, YANG Shu-qing, ZHANG Wan-feng, <i>et al.</i>	(2325)
Effects of Combined Application of Fungal Residue and Chemical Fertilizer on Soil Microbial Community Composition and Diversity in Paddy Soil	GENG He-tian, WANG Xu-dong, SHI Si-bo, <i>et al.</i>	(2338)
Effects of Aeration on Surface Water Nutrient Dynamics and Greenhouse Gas Emission in Different Straw Returning Paddy Fields	HU Jin-hui, XUE Li-hong, QIAN Cong, <i>et al.</i>	(2348)
Effects of Exogenous Melatonin Treatment on the Growth and Antioxidant System of Rice Seedlings Under Antimony Stress	CHU Yu-tan, LI Yan, HUANG Yi-zong, <i>et al.</i>	(2356)
Life Cycle Prediction Assessment of Energy Saving and New Energy Vehicles for 2035	FU Pei, LAN Li-bo, CHEN Ying, <i>et al.</i>	(2365)
Distribution, Sources, and Behavioral Characteristics of Microplastics in Farmland Soil	BO Lu-ji, LI Bing, ZHANG Kai, <i>et al.</i>	(2375)
Research Progress on the Remediation Technology of Herbicide Contamination in Agricultural Soils	HU Fang-yu, AN Jing, WANG Bao-yu, <i>et al.</i>	(2384)
Research Progress and Prospect of Herbicide Residue Characteristics in Black Soil Region of China	LI Rui, WU Qiu-mei, ZHAO Gui-mei, <i>et al.</i>	(2395)