

目次

2018~2020年北京市大气PM _{2.5} 污染特征及改善原因	刘保献, 李倩, 孙瑞雯, 董瑞, 王书肖, 郝吉明 (2409)
京津冀城市群冬季二次PM _{2.5} 的时空分布特征	姚青, 杨旭, 唐颖潇, 樊文雁, 蔡子颖, 韩素芹 (2421)
COVID-19管控前后不同污染阶段PM _{2.5} 中二次无机离子变化特征	姜楠, 郝雪新, 郝祺, 魏云飞, 张瑜, 吕政卿, 张瑞芹 (2430)
基于在线观测的太原市冬季PM _{2.5} 中金属元素污染水平及来源解析	崔阳, 郭利利, 李宏艳, 李永麒, 李滨, 何秋生, 王新明 (2441)
青藏高原东缘黑碳气溶胶变化特征及其来源	王红磊, 刘思吟, 赵天良, 卢文, 夏俊荣, 施双双 (2450)
湛江市夏季大气挥发性有机物污染特征及来源解析	虎晓蝶, 高博, 陈来国, 刘明, 陆海涛, 王硕, 赵伟, 梁小雅, 郭送军 (2461)
2021年夏季新乡市城区臭氧超标日污染特征及敏感性	侯墨, 蒋小梅, 赵文鹏, 马琳, 黄皓旻, 范丽雅, 叶代启 (2472)
台风“浪卡”过程对海南岛臭氧污染的影响分析	符传博, 丹利, 佟金鹤, 徐文帅 (2481)
天津市空气污染的健康影响分析	华琨, 罗忠伟, 贾斌, 薛倩倩, 李亚菲, 肖致美, 吴建会, 张裕芬, 冯银厂 (2492)
2002~2020年中国河流环境质量演变及驱动因子分析	杨传玺, 薛岩, 高畅, 万孜恒, 王小宁, 刘永林, 刘琳, 刘长青, 王炜亮 (2502)
1990~2020年黄河流域典型生态区生态环境质量时空格局及驱动力分析	王芳, 李文慧, 林妍敏, 南雄雄, 胡志瑞 (2518)
长江上游小型水库枯水期水质对景观组成、配置和水库特征的响应	钟泳林, 冉娇娇, 文雯, 张名瑶, 吕明权, 吴胜军 (2528)
宁夏入黄排水沟中典型内分泌干扰物的污染特征与风险评价	李凌云, 高礼, 郑兰香, 李富娟, 陶红, 马兰 (2539)
微塑料及金属在黄浦江地表水环境的赋存特征及与金属抗性基因的相关性分析	陆嘉玮, 徐晨辉, 胡纯, 刘树仁, 李方 (2551)
黄河兰州段城市河道表层沉积物重金属空间分布特征及来源解析	李军, 李旭, 李开明, 焦亮, 臧飞, 毛满萱, 潘文惠, 米璇 (2562)
三峡库区支流库湾消落带土壤磷形态赋存特征及其释放风险	张雪, 朱波 (2574)
霍邱县城湖泊沉积物营养盐分布及污染评价	刘海, 赵国红 (2583)
基于贝叶斯网络的太湖叶绿素a影响因素分析	刘杰, 何云川, 邓建明, 汤祥明 (2592)
河北省顺平县地下水化学特征及其成因分析	刘元晴, 周乐, 吕琳, 李伟, 王新峰, 路小慧, 郑一迪, 孟顺祥 (2601)
饮用水处理过程中全氟化合物的分布、转化及去向	钟婷婷, 林涛, 刘威 (2613)
镍铁氧体@活性炭复合材料去除六价铬的表征、性能及机制	张华, 李荣华, 陈金雄, 曾鸿鹄, 黄海艺, Asfandiyar Shahab (2622)
纳米核壳Co@NC催化剂活化过氧乙酸降解磺胺甲噁唑	郑婷露, 张龙龙, 陈家斌, 张亚雷, 周雪飞 (2635)
富里酸改性FeMnNi-LDH复合材料对水中砷的吸附性能与机制	何雅馨, 柯心怡, 魏世强, 蒋珍茂 (2646)
富含钙/铝的污泥生物炭复合材料对水溶液中磷酸盐的吸附机制	欧阳铸, 曹露, 王炳乾, 丁丽, 黄海明, 祝采莹, 卞晓彤 (2661)
污泥生物炭掺杂改性及其对水中1,2-二氯乙烷吸附行为和机制	周佳伟, 施维林, 许伟, 魏晨军, 吴建生, 孟宪荣 (2671)
森林生态系统对大气氮沉降降低的响应	谢丹妮, 仰东星, 段雷 (2681)
气候变化和人类活动对我国典型草原区植被恢复的影响	张良侠, 岳笑, 周德成, 樊江文, 李愈哲 (2694)
西南地区陆地植被生态系统NPP时空演变及驱动力分析	徐勇, 黄海艳, 戴强玉, 郭振东, 郑志威, 盘钰春 (2704)
不同碳输入对天山雪岭云杉林土壤化学计量特征的影响	马鑫钰, 贡璐, 朱海强, 张甜, 殷珂洁, 陆星宇 (2715)
氮磷添加对荒漠草原土壤养分含量及生态化学计量特征的影响	刘姝萱, 安慧, 张馨文, 邢彬彬, 文志林, 王波 (2724)
互花米草入侵对杭州湾滨海湿地土壤碳氮磷生态化学计量特征的影响	李文琦, 项琦, 解雪峰, 吴涛, 蒋国俊, 张建珍, 濮励杰, 徐飞 (2735)
黄土旱塬24 a不同秸秆还田土壤碳、氮、磷和胞外酶计量特征	姚志霞, 周怀平, 解文艳, 杨振兴, 陈浩宁, 文永莉, 程曼 (2746)
黄土高原子午岭植被自然恢复下的固碳特征	许小明, 张晓萍, 王浩嘉, 贺洁, 王妙倩, 易海杰, 薛帆, 邹亚东, 田起隆, 何亮 (2756)
短期氮添加对黄土高原人工刺槐林土壤有机碳组分的影响	简俊楠, 刘伟超, 朱玉帆, 李佳欣, 温宇豪, 刘付和, 任成杰, 韩新辉 (2767)
福建省水田土壤有机碳积累对未来温度升高的响应	车燕, 邱龙霞, 吴凌云, 龙军, 毋亭, 李晶, 邢世和, 张黎明 (2775)
中国镉超富集植物的物种、生境特征和筛选建议	赵晓峰, 雷梅, 陈同斌 (2786)
基于地理探测器的土壤重金属空间分异及其影响因素分析研究进展	龚仓, 王顺祥, 陆海川, 陈勇, 刘玖芬 (2799)
河北省土壤化学元素的背景值与基准值	张丽婷, 成杭新, 谢伟明, 齐全强, 谢晓阳, 于文龙, 王俊达 (2817)
非粮化利用下耕地土壤重金属分布特征、生态风险和来源解析	邱乐丰, 祝锦霞, 潘艺, 党云晓, 吴绍华 (2829)
基于乡镇尺度的地质高背景区耕地土壤重金属来源分析与风险评价	余飞, 王佳彬, 王锐, 王宇, 宁墨奂, 张云逸, 苏黎明, 董金秀 (2838)
长株潭地区土壤Cd和Pb固液分配特征与环境风险	李钰滢, 彭驰, 刘乐乐, 张严, 何亚磊, 郭朝晖, 肖细元 (2849)
贵州铅锌矿区土壤和作物重金属生态风险与迁移特征	马宏宏, 张利, 郭飞, 杨峰, 王惠艳, 彭敏, 张富贵 (2856)
贵州省旱地土壤Hg污染状况与玉米安全生产评估	马丽钧, 周浪, 宋波, 王佛鹏, 张云霞, 吴勇 (2868)
山西野生连翘生长地土壤PAHs污染特征及风险评价	郭佳佳, 王琦, 康敏捷, 焦海华, 茹文明, 白志辉 (2879)
P对小麦Cd和As吸收与转运的影响	王云, 赵鹏, 李广鑫, 胡彩霞, 王俊, 刘红恩, 高巍, 秦世玉, 睢福庆, 李畅 (2889)
施硅对水稻铁膜砷固定和体内砷转运的影响	李林峰, 文伟发, 徐梓盛, 陈勇, 李奇, 李义纯 (2899)
广东海丰湿地生态恢复进程中不同生境的土壤微生物特征分析	马姣娇, 高常军, 易小青, 吴琰, 李佳鸿, 曾向武, 蔡坚 (2908)
五台山不同退化程度亚高山草甸土壤微生物群落分类与功能多样性特征	罗正明, 刘晋仙, 胡砚秋, 赫磊, 周妍英, 郑庆荣, 柴宝峰 (2918)
天然高寒草地转变为混播人工草地对土壤微生物群落特征的影响	于皓, 刘悦, 邓晔, 芦光新, 颜琿璘, 王英成 (2928)
紫云英还田与化肥减量施肥对稻田土壤细菌群落组成和功能的影响	张济世, 刘春增, 郑春风, 张琳, 张香凝, 吕玉虎, 曹卫东, 张玉亭 (2936)
长期生草栽培对山核桃人工林土壤真菌群落和酶活性的影响	胡颖榕, 梁辰飞, 金锦, 王潇璇, 叶子豪, 吴家森 (2945)
高密度聚乙烯微塑料胁迫对棉花生长、枯萎病发生和根际细菌群落的影响	张浩, 孙洁, 杨慧颖, 董联政, 滑紫微, 韩辉, 陈兆进 (2955)
菌藻复合体系氮代谢性能及菌群特征	赵志瑞, 吴海森, 马超, 李书缘, 李晴, 袁凯倪, 孟祥源, 刘硕, 方晓峰 (2965)
中国碳排放及影响因素的市域尺度分析	吴健生, 晋雪茹, 王晗, 冯喆, 张丹妮, 李雪尘 (2974)
碳交易政策如何影响工业碳生产率:来自中国省级数据的准自然实验	房琪, 李绍萍 (2983)
垃圾分类对碳减排的影响分析:以青岛市为例	陈纪宏, 卞荣星, 张昕雪, 高晨琦, 孙英杰, 李卫华, 张国栋, 占美丽 (2995)
1950~2019年中国季节平均最高气温时空演变特征及其大气环流影响定量化分析	苏越, 路春燕, 黄雨菲, 苏艳琳, 王自立, 雷依凡 (3003)
《环境科学》征订启事(2480)	
《环境科学》征稿简则(2538)	
信息(2766, 2798, 2927)	

五台山不同退化程度亚高山草甸土壤微生物群落分类与功能多样性特征

罗正明^{1,2}, 刘晋仙², 胡砚秋^{1,2}, 赫磊³, 周妍英⁴, 郑庆荣¹, 柴宝峰^{2*}

(1. 忻州师范学院地理系, 忻州 034003; 2. 山西大学黄土高原研究所, 黄土高原生态恢复山西省重点实验室, 太原 030006; 3. 山西省林业和草原工程总站, 太原 030006; 4. 忻州师范学院生物系, 忻州 034003)

摘要: 土壤微生物在草地生态系统功能中发挥着重要作用,但其多样性对草地退化的响应尚未得到充分研究. 采用宏基因组测序技术对五台山亚高山草甸4个不同退化阶段[未退化(ND)、轻度退化(LD)、中度退化(MD)和重度退化(HD)]土壤微生物分类和功能多样性特征及其影响因素进行分析. 结果表明,4个不同退化阶段亚高山草甸之间放线菌门、拟杆菌门、硝化螺旋菌门和 *Parcubacteria* 的相对丰度存在显著差异 ($P < 0.05$). 与 ND 草甸相比,退化草甸增加了与碳代谢、氨基酸生物合成、丙酮酸代谢、柠檬酸循环、丙酸代谢、丁酸代谢和脂肪酸代谢相关的基因比例,表明亚高山草甸退化改变了土壤微生物群落能量代谢和营养循环的潜力. 草地退化改变了土壤微生物分类和功能 α 多样性,特别是 MD 和 HD 草甸中微生物功能多样性显著降低. 亚高山草甸退化过程中土壤微生物物种分类和功能组成均显著变化 ($P < 0.05$). 土壤总氮、pH 值和有机质含量对微生物群落分类和功能组成具有显著影响. 植物群落 β 多样性与微生物群落分类和功能 β 多样性显著相关 ($P < 0.05$),具有强耦合性. 研究结果揭示了草地退化过程中地下微生物分类和功能多样性的变化及驱动机制,为亚高山草甸保护和生态修复提供了理论依据.

关键词: 功能多样性; 草地退化; 亚高山草甸; 宏基因组测序; 土壤微生物

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)05-2918-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202204330

Taxonomic and Functional Diversity of Soil Microbial Communities in Subalpine Meadow with Different Degradation Degrees in Mount Wutai

LUO Zheng-ming^{1,2}, LIU Jin-xian², HU Yan-qiu^{1,2}, HE Lei³, ZHOU Yan-ying⁴, ZHENG Qing-rong¹, CHAI Bao-feng^{2*}

(1. Department of Geography, Xinzhou Normal University, Xinzhou 034003, China; 2. Shanxi Key Laboratory of Ecological Restoration for Loess Plateau, Institute of Loess Plateau, Shanxi University, Taiyuan 030006, China; 3. Shanxi Forestry and Grassland General Engineering Station, Taiyuan 030006, China; 4. Department of Biology, Xinzhou Normal University, Xinzhou 034003, China)

Abstract: Although soil microbes play a key role in grassland ecosystem functioning, the response of their diversity to grassland degradation has not been fully investigated. Here, we used shotgun metagenomic sequencing to analyze the characteristics and influencing factors of soil microbial taxonomic and functional diversity at four different degradation stages [i.e., non-degraded (ND), lightly degraded (LD), moderately degraded (MD), and heavily degraded (HD)] of subalpine meadow in the Mount Wutai. The results showed that there were significant differences in the relative abundances of Actinobacteria, Bacteroidetes, Nitrospirae, and *Parcubacteria* among the four subalpine grasslands with different degradation degrees ($P < 0.05$). Compared with that in ND, the degraded meadows increased the proportion of genes related to carbon metabolism, biosynthesis of amino acids, pyruvate metabolism, citric acid cycle, propanoate metabolism, butanoate metabolism, and fatty acid metabolism ($P < 0.05$), indicating that the degradation of subalpine grassland changed the metabolic potential of energy metabolism and the nutrient cycle of the soil microbial community. Grassland degradation changed soil microbial taxonomic and functional α diversity, especially in MD and HD. Grassland degradation resulted in significant changes in the taxonomic and functional compositions of the microbial communities. The total nitrogen, pH, and soil organic carbon significantly affected the taxonomic and functional compositions of the microbial communities. The β diversity of the plant community was significantly correlated with the taxonomic and functional β diversity of the microbial community ($P < 0.05$), indicating strong coupling. The results of this study revealed the changes and driving mechanisms of subsurface microbial taxonomic and functional diversity during grassland degradation, which can provide a theoretical basis for subalpine meadow protection and ecological restoration.

Key words: functional diversity; grassland degradation; subalpine meadow; metagenomic sequencing; soil microbial community

草地提供重要的生态服务,在生物地球化学循环和温室气体调节中发挥重要作用. 草地生态系统的功能在很大程度上取决于地下微生物群落的功能多样性和活性^[1,2]. 土壤微生物调节着许多对草地生态系统功能至关重要的生物地球化学过程,包括养分循环,其组成和多样性对干扰很敏感^[3,4]. 土壤微生物群落的结构和功能被认为是草地退化的关键指标^[5]. 因此,研究草地退化对土壤微生物群落的影响,对于提高草地退化机制的认识,预测和控制退

化草地的发展具有十分重要的意义.

草地退化对土壤微生物群落影响的研究主要集中在内蒙古草原的温带草原和青藏高原的高寒草甸^[4,6,7],而草地退化对黄土高原亚高山草甸微生物

收稿日期: 2022-04-28; 修订日期: 2022-07-26

基金项目: 国家自然科学基金项目(31801962); 山西省高等学校人文社会科学重点研究基地项目(2022J027); 山西省高等学校科技创新项目(2021L465)

作者简介: 罗正明(1986~),男,博士,副教授,主要研究方向为亚高山草甸土壤微生物生态, E-mail: luozhengming2004@126.com

* 通信作者, E-mail: bfcchai@sxu.edu.cn

群落的影响知之甚少. Li 等^[6]发现青藏高原高寒草甸退化显著增加了土壤微生物多样性,细菌和真菌的多样性与植物多样性都不显著相关^[8]. Che 等^[7]的研究结果表明草地退化斑块的形成显著降低了微生物呼吸速率,改变了微生物类群间的互作模式,增加了真菌多样性,但对微生物丰度没有显著影响. 以上这些研究主要关注微生物群落的分类多样性,由于其具有高度的功能冗余,无法准确预测微生物的功能特征^[9]. 相比于物种分类特征,功能基因能更好地预测微生物群落对生境变化的响应^[10]. 特别是近年来,鸟枪法宏基因组测序的进展极大地提高了描述环境宏基因组的能力,为了解微生物群落的复杂性及其功能特征提供了许多新的见解^[11]. 因此,利用宏基因组测序评估微生物功能基因多样性的变化可以更好地阐明亚高山草甸生态系统退化的过程与机制.

亚高山草甸是高寒草甸的一种类型,以耐寒冷、密丛短根茎嵩草以及苔草、禾草、杂类草为建群植物的草甸群落. 在山西省较大的山系中,几乎都有亚高山草甸类草地的分布(约 35.3 万 hm^2),占全省草地总面积的 10% 左右,其分布位置主要在五台山、太岳山、吕梁山、云中山、中条山、恒山等山系林线以上的高海拔地带(一般在海拔 1 700 m 以上). 多年来,在自然因素与人为因素的双重叠加干扰下,山西亚高山草甸面临严重的退化问题,导致生态系统服务和生态功能降低,严重威胁着区域的生态安全^[12]. 本研究采用空间-时间替代法,以五台山不同退化演替阶段亚高山草甸土壤微生物群落为研究对象,借助宏基因组学的优势,探讨:①草甸退化对土壤微生物群落分类和功能多样性的影响;②草甸退化过程中微生物群落潜在功能途径的变化;③土壤微生物群落分类和功能结构的变化及主要驱动因子. 本研究通过理解土壤微生物群落结构和功能对亚高山草甸退化的响应机制,旨在为亚高山草甸生态监测和保护修复提供理论依据和数据支撑.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区五台山位于山西省忻州市东北部,主峰叶斗峰海拔 3 061 m,是华北最高峰. 沿海拔梯度有明显的植被垂直带谱,海拔由低到高依次包括落叶阔叶林、落叶针叶林、常绿针叶林、亚高山灌丛和草甸等. 五台山亚高山草甸是华北地区特有的亚高山草甸自然景观代表,也是华北面积最大的高山亚高山草甸生态系统之一,主要分布在海拔 2 000 m 林线以上的地带,面积 106 993 hm^2 ^[3]. 亚高山地区属

于高山气候区,年平均气温为 -4.2°C ,极端最低气温为 -44.8°C ,年降水量为 966.3 mm. 五台山亚高山草甸是优良的高山夏季牧场,全年放牧期集中在 6~8 月,为了便于畜养管理,大量牲畜高密度地集中在一起,导致超载,植被破坏严重,部分地区形成退化斑块甚至裸露地^[13]. 据估计,不同退化程度的草地约占五台山草地总面积的 3/5. 退化草甸植被覆盖度和产草量明显下降,植物群落结构趋于单一,优质牧草减少,杂草、毒草比例增加,土壤侵蚀严重等一系列次生问题相继出现^[14].

1.2 样地设置与样品采集

在五台山草甸自然保护区建立 4 个不同退化水平亚高山草甸样地,包括未退化(ND)、轻度退化(LD)、中度退化(MD)和重度退化(HD)草甸. 在植被调查的基础上,采用 Wang 等^[15]描述的指标评价草甸退化程度. 每个草甸在地形条件相似的前提下随机设置 100 m $\times$ 100 m 的样地,样地间距不超过 500 m. 2018 年 8 月,用完全随机设计,在每个样地中设置 3 个样方(1 m $\times$ 1 m)进行植被调查和土壤采样,样方之间距离大于 40 m,共 12 个样方. 采用直径为 10 cm 的无菌土钻,按对角线多点(每样方 5 芯)混合取样模式,对每个样方 10 cm 深度土壤进行采样. 将样方中的 5 子样均匀混合形成复合样品. 所有土壤样本就地保存在干冰箱中,并在一天内带回实验室. 每个土壤样本去除根系、凋落物、石块和碎屑后,过 2 mm 的筛子,分成两部分. 一部分土壤样品保存在 -80°C 进行 DNA 提取,另一部分土壤风干进行理化分析. 土壤理化性质测定和植被调查方法和结果参见课题组前期研究^[3].

1.3 DNA 提取、宏基因组测序及生物信息学分析

使用 E. Z. N. A. [®] 土壤 DNA 试剂盒 (Omega Bio-tek, USA) 按照说明书从 0.5 g 土壤样品中提取土壤 DNA. 使用 NanoDrop 2000 光谱仪 (Thermo Scientific, Wilmington, DE, USA) 评估 DNA 的质量和浓度. 取 1 μg 检测合格的 DNA 样品送往上海美吉生物医药技术有限公司 Illumina HiSeq4000 平台 (Illumina Inc., San Diego, CA, USA) 上进行末端配对测序. 使用软件 fastp (<https://github.com/OpenGene/fastp>) 剪切序列 3' 端和 5' 端的 adapter 序列,去除质量剪切后长度小于 50 bp、平均质量值低于 20 以及含 N 碱基的 reads,保留高质量的 pair-end reads 和 single-end reads 用于宏基因组分析. 基于 succinct de Bruijn graphs 方法,使用 MEGAHIT (<https://github.com/voutcn/megahit>) 组装具有不同测序深度的序列. 选择长度大于等于 300 bp 的 Contigs 作为最终组装结果,并用于下一步的基因预

测和注释. 使用 MetaGene (<http://metagene.cb.k.u-tokyo.ac.jp/>) 对 contigs 中的开放阅读框 (ORFs) 进行预测. 选取核酸长度大于等于 100bp 的基因, 翻译成氨基酸序列, 得到每个样本的基因预测结果统计表. 使用 CD-HIT 对所有样本的预测基因序列进行聚类分析 (identity $\geq 95\%$, coverage $\geq 90\%$), 每个类中最长序列为代表序列, 构建非冗余基因集. 使用 SOAPaligner (<http://soap.genomics.org.cn/>) 将每个经过质检 reads 映射到非冗余基因集 (identity $\geq 95\%$), 并计算相应样本中基因的丰度信息. 使用 BLASTP (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) 将非冗余基因集与 NCBI-NR、KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes, <http://kobas.cbi.pku.edu.cn/home.do>) 数据库比对, 获得物种、功能注释信息, 然后使用物种或功能类别对应的基因丰度总和计算该物种分类和功能的丰度 (BLAST 比对参数设置期望值 E-value 为 $1e^{-5}$).

1.4 数据分析

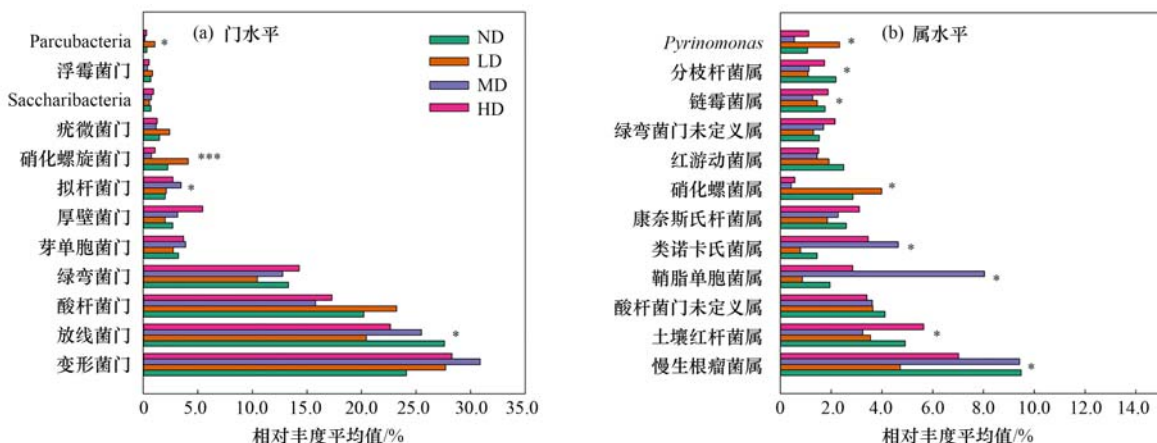
使用 R studio vegan 包中“diversity”函数计算微生物分类 (基于宏基因组物种水平) 和功能 (基于 KEGG level 3) α 多样性指数 (Shannon 指数). 利用非度量多维尺度 (non-metric multidimensional scaling, NMDS) 和相似性分析 (analysis of similarity, ANOSIM) 对不同退化阶段草甸土壤微生物群落的分类和功能之间的 Bray-Curtis 距离进行分析. 采用冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 评价微生物群落结构与土壤理化化学变量之间的相关性. 使用 R 中“forward.sel”函数对土壤理化变量进行 999 次蒙特卡洛排列测试的正向选择, 选择具有统计学意义 ($P < 0.05$) 的变量进行下一步的冗余分析. 用 STAMP (statistical analysis of metagenomic profiles) 软件比较未退化和退化草甸土壤微生物功能基因

相对丰度的差异. 利用 Pearson 相关系数计算微生物与植物群落 α 和 β 多样性之间的相关性. 通过加权的 UniFrac 距离矩阵, 使用 Mantel 和偏 Mantel 分析来确定土壤性质和植被特征与微生物群落之间的相关性. 利用 IBM SPSS statistics 20, 采用单因素方差分析和 Duncan 多重比较法对微生物门和属相对丰度、多样性进行比较, 显著性水平设为 $P < 0.05$.

2 结果与分析

2.1 不同退化阶段亚高山草甸土壤微生物群落的组成和丰度

通过宏基因组测序, 12 个土壤样品共产生了 548 335 800 个原始 reads (平均每个样品 45 694 650 个), 98.9% 的 reads 通过下游分析的质量控制. 通过序列组装和基因预测, 分别产生了 1 624 586 条 contigs 序列和 1 851 886 条 ORFs 序列. 去冗余后, 构建非冗余基因集, 基因数为 20 270 个, 总序列长度为 8 930 268 bp, 平均序列长度 440.57 bp. 将样本序列与 NCBI-NR 数据库中的序列进行比较, 获得了物种分类学丰度数据, 共筛选出 43 037 988 个基因, 其中细菌基因 42 662 408 个, 占有所有基因的 99.1%, 真菌基因 9 086 个, 古生菌基因 124 962 个, 病毒基因 6 940 个. 共鉴定出 49 个门、101 个纲、202 个目、346 个科、910 个属和 2 543 个种. 8 个优势门 (相对丰度 $> 1\%$) 均为细菌门, 相对丰度从高到低依次为: 变形菌门 (Proteobacteria, 43.79%)、放线菌门 (Actinobacteria, 28.28%)、酸杆菌门 (Acidobacteria, 7.76%)、绿弯菌门 (Chloroflexi, 3.14%)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes, 2.32%)、硝化螺旋菌门 (Nitrospirae, 2.08%)、厚壁菌门 (Firmicutes, 1.68%) 和疣微菌门



选取相对丰度平均值最高的 12 个门和属分别定义为优势门和优势属; *** 表示 $P < 0.001$; ** 表示 $P < 0.01$; * 表示 $P < 0.05$

图 1 宏基因组测序分析土壤微生物优势门和属水平相对丰度平均值差异

Fig. 1 Differences in the relative abundance of the dominant microbial phyla and genera by metagenomic sequencing

(Verrucomicrobia, 1.33%)(图1).4种不同退化阶段亚高山草甸之间放线菌门、拟杆菌门、硝化螺旋菌门和 Parcubacteria 的相对丰度存在显著差异($P < 0.05$, 图1).在属水平,慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、土壤红杆菌属(*Solirubrobacter*)、鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、类诺卡氏菌属(*Nocardioidea*)、硝化螺菌属(*Nitrospira*)、链霉菌属(*Streptomyces*)、分枝杆菌属(*Mycobacterium*)和 *Pyrinomonas* 在不同退化阶段亚高山草甸间存在显著差异($P < 0.05$,图1).

2.2 不同退化阶段亚高山草甸土壤微生物的潜在功能途径

基于 KEGG 数据库,对不同退化程度亚高山草甸土壤中获得的非冗余基因集进行了基因功能预测,共有21 158 140条 reads 可以对应到相应的功能注释结果中.在 level 1 水平上,属于代谢(metabolism)类别的 reads 有16 728 792条,属于遗传信息处理(genetic information processing)类别的有1 903 764条,属于环境信息处理(environmental information processing)类别的有1 514 323条,属于细胞过程(cellular processes)

类别的有1 240 690条,属于人类疾病(human diseases)类别的有922 396条,属于生物系统(organismal systems)类别的有642 890条.

在 KEGG level 3 水平上,退化草甸中参与碳代谢(carbon metabolism)、氨基酸生物合成(biosynthesis of amino acids)、丙酮酸代谢(pyruvate metabolism)、柠檬酸循环(即 TCA 循环, TCA cycle)、丙酸代谢(propanoate metabolism)、丁酸代谢(butanoate metabolism)和脂肪酸代谢(fatty acid metabolism)功能基因相对丰度显著高于未退化草甸($P < 0.05$),而退化草甸中磷酸戊糖途径(pentose phosphate pathway)、精氨酸和脯氨酸代谢(arginine and proline metabolism)、有机含硒化合物代谢(selenocompound metabolism)、长寿调节途径-蠕虫(longevity regulating pathway-worm)、酪氨酸代谢(tyrosine metabolism)、肺结核(tuberculosis)、硝基甲苯降解(nitrotoluene degradation)和长寿调节途径-多物种(longevity regulating pathway-multiple species)相关功能基因相对丰度显著低于未退化草甸($P < 0.05$;图2).

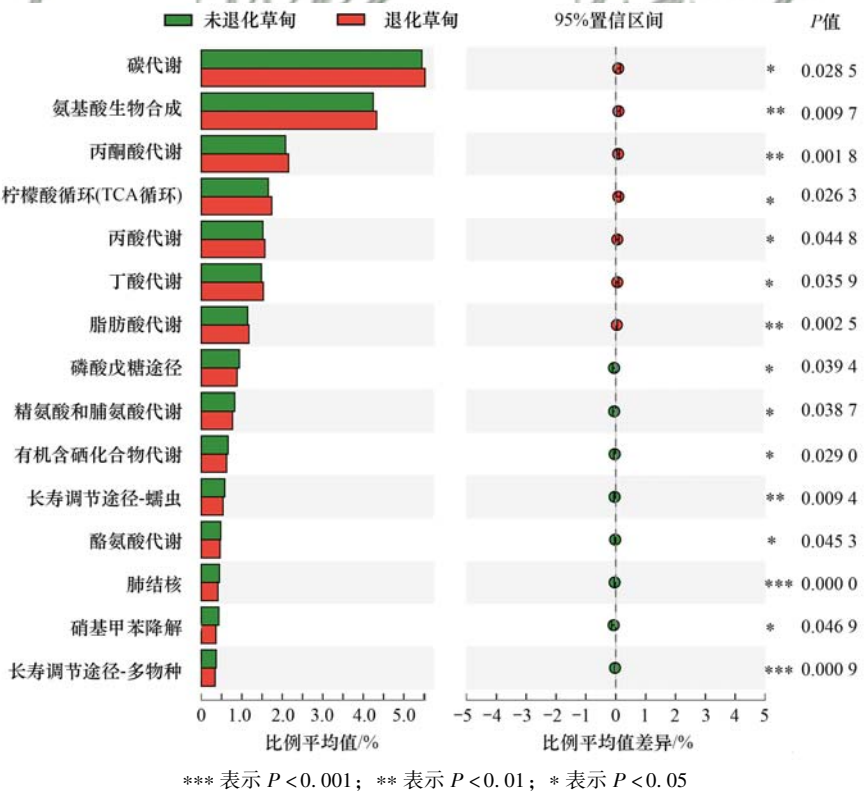


图2 未退化和退化草甸(包括轻度、中度、重度退化)土壤功能基因(KEGG level 3)相对丰度的 STAMP 分析

Fig. 2 STAMP analysis of the relative abundance of functional gene categories at KEGG level 3 obtained from undegraded meadow soils versus degraded (LD, MD, and HD) meadow soils

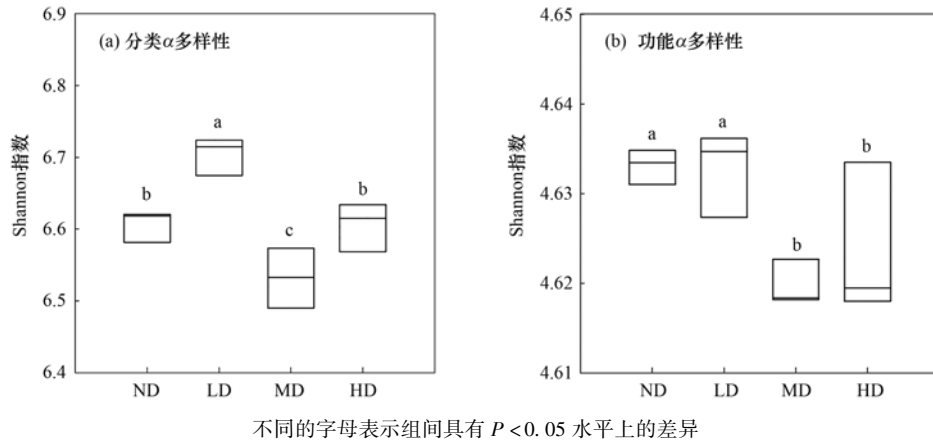
2.3 不同退化阶段亚高山草甸土壤微生物分类和功能群落结构

不同退化程度亚高山草甸的土壤微生物宏基因组分类(基于宏基因组物种水平计算)和功能 α 多

样性(基于 KEGG level 3 计算)如图3所示.与 ND 草甸土壤微生物的分类 α 多样性相比,LD 草甸显著升高($P < 0.05$),MD 草甸显著降低($P < 0.05$),而 HD 草甸没有显著变化($P > 0.05$)[图3(a)].然而,

与 ND 草甸土壤微生物的功能 α 多样性相比, LD 草甸没有显著的变化 ($P > 0.05$), 而 MD 和 HD 草甸均显著降低 ($P < 0.05$) [图 3(b)]. 这些结果表明, 草

地退化总体上改变了土壤微生物分类和功能 α 多样性, 特别是退化程度较大的 MD 和 HD 草甸, 微生物功能多样性显著降低 ($P < 0.05$).

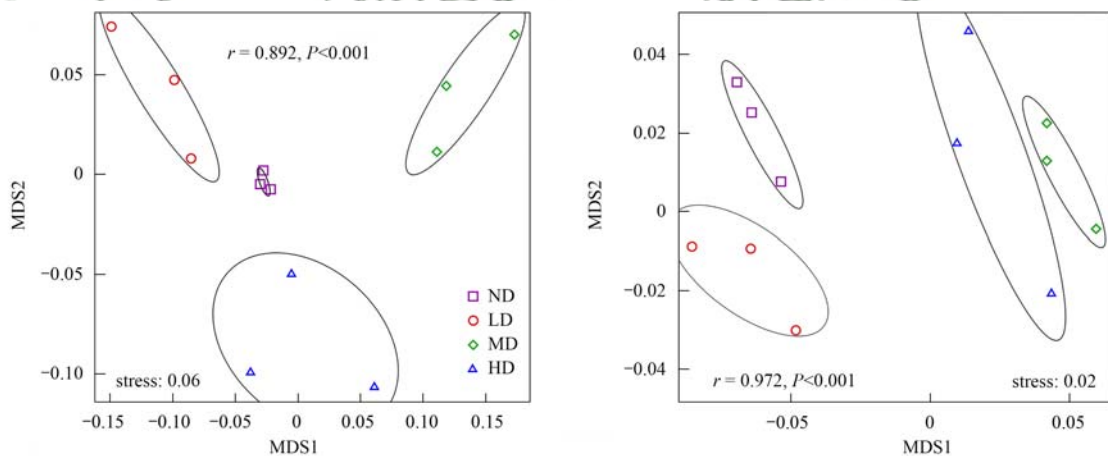


不同的字母表示组间具有 $P < 0.05$ 水平上的差异

图 3 不同退化阶段草甸土壤微生物群落的分类和功能 α 多样性

NMDS 分析结果表明, 不同退化程度草甸间土壤微生物群落的分类和功能存在明显差异 (图 4). 利用相似性分析 (ANOSIM) 进一步对基于土壤微生物物种分类和功能组成差异性进行

了分析. 结果显示 4 种不同退化程度草甸间土壤微生物物种分类 ($r = 0.892$, $P < 0.001$) 和功能组成 ($r = 0.972$, $P < 0.001$) 均有显著性差异 (图 4).



(a) 微生物群落分类 (基于 NR 属水平) 的 NMDS, (b) 微生物群落功能 (基于 KEGG level 3) 的 NMDS;

r 和 P 为 ANOSIM 检验结果; stress 值表示整体降维效果, 一般要求该值 < 0.1

图 4 不同退化阶段草甸土壤微生物群落分类和功能属性的 NMDS 分析

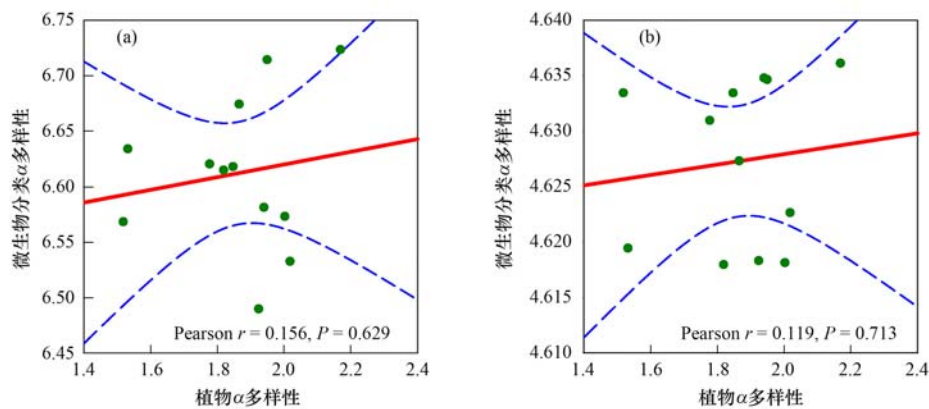
Fig. 4 NMDS plots of the microbial community compositions in different degradation stages of meadow according to the taxonomic and functional profiles

植物与微生物分类学和功能 α 多样性的 Pearson 相关关系发现, 微生物群落分类学和功能 Shannon 指数均与植物的 Shannon 指数没有显著相关关系 (分别为 $r = 0.156$, $P = 0.629$ 和 $r = 0.119$, $P = 0.713$; 图 5). 然而, 微生物分类学和功能 β 多样性均与植物 β 多样性显著正相关 (分别为 $r = 0.358$, $P = 0.003$ 和 $r = 0.235$, $P = 0.032$; 图 6), 说明在草地退化过程中, 植物群落结构的变化对土壤微生物群落结构和功能具有重要影响.

2.4 环境变量对草甸退化过程中土壤微生物分类和功能群落结构的影响

RDA 结果表明总氮、pH 值和土壤有机质含量对微生物群落分类和功能组成具有显著影响 ($P < 0.05$; 图 7), 分别解释了群落变量的 66.65% 和 64.48%. 其中, 总氮对微生物群落分类和功能组成均有最大的解释, 分别解释了 50.5% 和 51.2%.

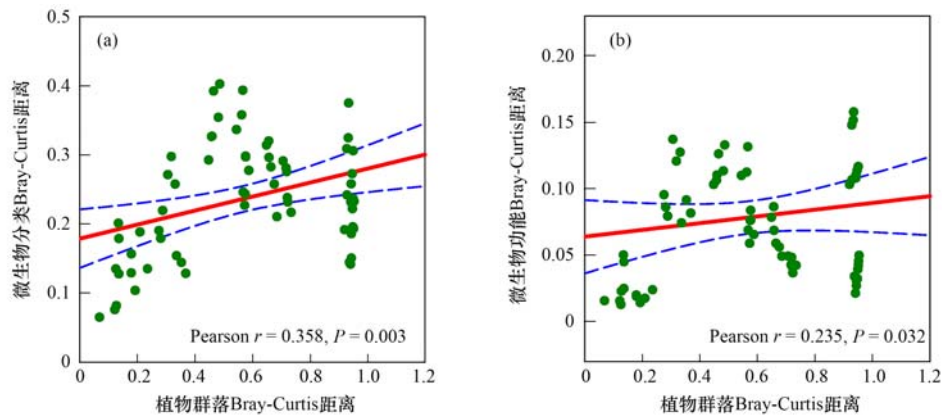
土壤环境因子在联系地上植物群落和地下微生物群落方面具有极为重要的作用. Mantel 分析发现土壤理化因子对微生物分类学组成 ($r = 0.3702$,



红色实线表示植物和微生物之间 α 多样性的线性回归；蓝色虚线间的区域表示拟合的 95% 置信区间

图 5 植物 α 多样性与微生物分类 (基于 NR 属水平) 和功能 (基于 KEGG level 3) α 多样性之间的相关关系

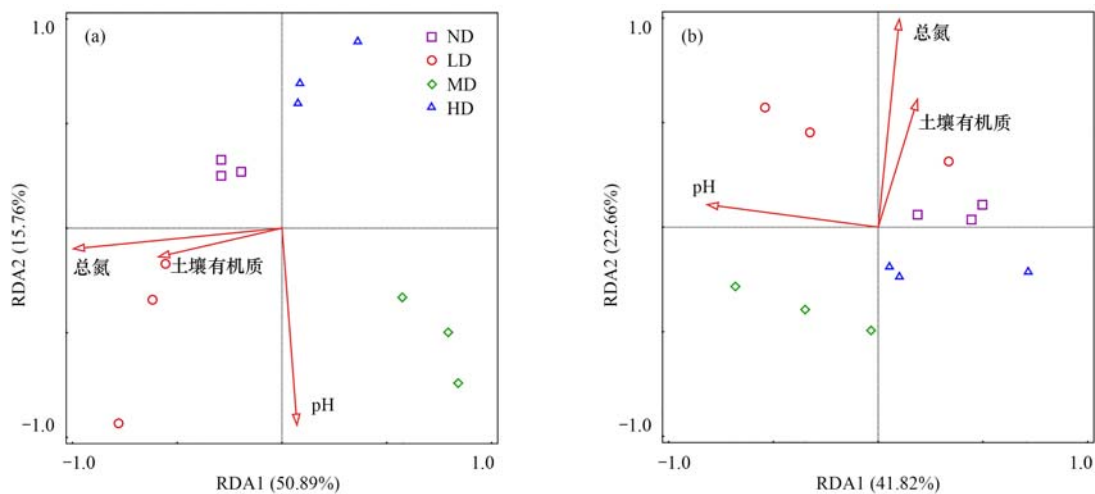
Fig. 5 Relationships between plant α diversity and microbial taxonomic (based on NR genus level) and functional (based on KEGG level 3) α diversity



红色实线表示植物和微生物群落成对 Bray-Curtis 距离间的线性回归；蓝色虚线间的区域表示拟合的 95% 置信区间

图 6 植物群落与微生物群落分类和功能 β 多样性之间的关系

Fig. 6 Relationships between plant and microbial taxonomic and functional β diversity



(a) 微生物群落物种分类组成的 RDA 分析；(b) 微生物群落功能组成的 RDA 分析

图 7 不同退化程度草甸土壤微生物群落分类和功能组成的冗余分析

Fig. 7 RDA of soil microbial taxonomic and functional composition in meadows with different degradation degrees

$P = 0.011$) 和功能组成 ($r = 0.601$, $P = 0.015$) 均具有显著的影响. 植物群落直接对土壤微生物群落分类 ($r = 0.3524$, $P = 0.014$) 和功能 ($r = 0.8847$, $P < 0.001$) 组成也产生显著的影响, 且对微生物功能组成的影响均大于微生物分类组成的影响 (表 1). 用偏 Mantel 分析发现土壤理化因子对土壤微生物

物群落分类组成($r = 0.333\ 9$, $P = 0.005$)的影响大于功能组成($r = 0.190\ 5$, $P = 0.045$),而植物群落对土壤微生物群落分类学组成的影响小于功能组成(分别为 $r = 0.233\ 9$, $P = 0.014$ 和 $r = 0.424\ 5$, $P =$

0.014)(表1). 总之,土壤理化因子和植物群落共同影响着微生物群落的种类和功能组成,其中土壤因子对微生物群落的分类组成影响较大,而植物群落对微生物群落功能影响较大(表1).

表1 植物群落和土壤理化对微生物群落的偏 Mantel 和 Mantel 分析¹⁾

Table 1 Influence of plant communities and soil chemical properties on microbial communities determined by partial Mantel and Mantel test									
影响变量	约束变量	偏 Mantel 分析				Mantel 分析			
		宏基因组分类组成		宏基因组功能组成		宏基因组分类组成		宏基因组功能组成	
		r	P	r	P	r	P	r	P
植物群落距离	土壤理化距离	0.233 9	0.014	0.424 5	0.014	0.352 4	0.014	0.884 7	0.001
土壤理化距离	植物群落距离	0.333 9	0.005	0.190 5	0.045	0.370 2	0.011	0.601 0	0.015

1) 显著性分析基于 9 999 次置换检验

3 讨论

3.1 土壤微生物群落的分类和功能多样性对亚高山草甸退化的响应

不同退化阶段亚高山草甸土壤微生物群落的分类和功能 α 多样性均存在明显差异. 土壤微生物分类和功能 α 多样性对草地退化的响应模式可能不一样,ND 和 HD 草甸中分类 α 多样性没有显著差异,但在 HD 草甸的功能 α 多样性显著低于 ND 草甸. 这与 Zhang 等^[16] 在内蒙古草原开展的为期 5 a 的植物功能群移除实验结果一致,植物多样性与生产力降低导致土壤微生物功能多样性降低,但是对微生物群落分类多样性影响较小. LD 草甸土壤微生物的分类 α 多样性显著高于 ND 草甸,这可能是由于 LD 草甸中土壤微环境的异质性更高,使土壤微生物多样性也更高. 随着草甸退化程度加剧后,许多原生植物逐渐消失,植物群落结构趋于单一,植物多样性下降,输入到土壤的枯落物和根系分泌物的多样性也会相应降低^[17],从而导致在 MD 和 HD 草甸的土壤微生物功能多样性显著低于 ND 草甸. 除了植物多样性,植物生产力下降也可能是退化草地土壤微生物功能多样性降低的主要原因之一^[18]. 生产力下降限制了提供微生物的新鲜植物资源,强化了生态过滤,偏好负责能源生产/转化的代谢基因,从而导致许多具有其他功能的基因丧失^[16]. 虽然 LD 草甸具有较高的分类多样性,但功能多样性与 ND 草甸差异不大,说明 LD 草甸具有较高的功能冗余性. 微生物多样性的增加可以为特定生态功能提供充分的特性冗余保障,以应对草地退化过程中的显著变化(包括植物多样性和覆盖度)^[19].

3.2 土壤微生物功能类群和潜在功能途径对亚高山草甸退化的响应

本研究结果表明退化草甸中参与碳代谢、氨基酸生物合成、丙酮酸代谢、柠檬酸循环、丙酸代谢、丁酸代谢和脂肪酸代谢功能基因相对丰度显著高于

未退化草甸,而退化草甸中磷酸戊糖途径、精氨酸和脯氨酸代谢、有机含硒化合物代谢和酪氨酸代谢相关功能基因相对丰度显著低于未退化草甸. 其中碳代谢、丙酮酸代谢、柠檬酸循环、丙酸代谢、丁酸代谢和磷酸戊糖途径属于 KEGG level 2 中碳水化合物代谢;氨基酸生物合成、精氨酸和脯氨酸代谢和酪氨酸代谢均属于 KEGG level 2 中的氨基酸代谢. 说明在退化草甸中,碳水化合物代谢、脂质代谢和氨基酸代谢发生了明显的变化^[20]. 这可能是由于过度放牧导致的草地退化,地上植被大部分被家畜采食,只有少量的粪便和凋落物归还土壤^[21]. 土壤得不到有机质的输入,便会加速分解其腐殖质层中的有机质,碳水化合物、氨基酸代谢和核苷酸代谢,导致退化草地中相应的微生物代谢功能基因丰度增加,以维持植物生长所需的养分有效性^[5]. 这也体现了土壤微生物对逆境胁迫和干扰环境的适应性^[20, 22]. 有研究证实随着草地退化程度的增加,土壤微生物对活性碳库进行同化后,可能会加速代谢顽固性碳库来适应土壤有机质输入不足^[23]. Che 等^[7] 发现青藏高原高寒草甸退化斑块形成过程中,氨氧化微生物丰度明显增加,是退化过程中土壤氮流失的重要驱动因素. 草地退化过程中碳氮代谢功能的改变可能会导致土壤中分解有机碳、氮的微生物及酶活性增加,从而促进土壤温室气体(CO_2 和 N_2O)排放通量增加^[23].

3.3 植物群落 β 多样性与微生物群落分类和功能 β 多样性的显著相关

尽管植物群落 α 多样性与土壤微生物群落分类和功能 α 多样性没有显著的相关关系,但是植物群落 β 多样性可以显著预测土壤微生物群落分类和功能的 β 多样性(图 6). 说明在草地退化过程中,植物群落结构变化对土壤微生物群落结构和功能产生直接或间接的影响. 目前植物和土壤微生物之间 β 多样性的关系并不明确. 有研究表明,植被类型和土

壤微生物模式在全球^[24]、区域^[25]和局域^[26]尺度上存在显著相关性,而其他研究则发现植物群落和土壤微生物群落受到不同环境驱动因素的影响^[27]。本研究中植物群落可能通过多种途径直接或间接影响微生物的群落结构和功能^[26,28]。首先,由于草地退化而导致植物地上和地下生物量的减少,降低了输入到土壤中的凋落物和根的碳含量,从而影响了微生物利用底物的有效性。不同的植被产生不同数量和质量的植物凋落物,主要导致土壤碳氮的变化,最终导致微生物群落组成和功能的变化^[29]。其次,植物组成的显著改变,如退化过程中莎草科植物的减少和非禾本植物的增加,也可能对微生物群落产生显著影响。植物物种对其相关微生物的选择性效应已被广泛报道^[30]。

3.4 土壤特性决定了亚高山草甸退化过程中土壤微生物群落结构的变化

不同退化程度草甸土壤微生物群落和组成差异显著,说明微生物群落分类和功能的结构均对亚高山草甸退化敏感。土壤特性是塑造土壤微生物群落的最重要因素之一。有研究表明^[4~6,31],土壤理化化学变量在草地退化过程中对微生物群落的形成起着至关重要的作用。李海云等^[32]的研究表明,土壤速效钾、全氮、速效氮和有机碳是祁连山不同退化高寒草地土壤真菌群落结构的主要驱动因子。Li 等^[6]对青藏高原退化高寒草甸的研究发现,土壤总碳、总有机碳、总氮、总磷和总钾等土壤营养条件显著影响细菌和真菌群落结构。在本研究中,总氮、pH 值和土壤有机质含量对微生物群落分类和功能组成均具有显著影响($P < 0.05$),这表明草地退化过程中微生物多样性组成和结构的差异很可能是土壤特性造成的。与本研究结果相似,先前的研究也证明^[14,19],上述因素影响了土壤微生物群落。目前,许多研究集中在氮梯度对土壤微生物群落的影响^[33,34],因为全球的生态系统都受到高水平氮的影响。例如,Ramirez 等^[35]发现短期施用氮肥后,草地土壤微生物群落规模将会扩大。相反,长期施用氮肥会导致草地土壤微生物群落组成发生改变,增加氮肥用量可能对土壤中碳循环产生潜在的负面影响,同时促进具有已知致病性状的真菌属的形成^[36]。在草地生态系统中,土壤 pH 的变化会直接影响草地土壤微生物酶的活性,从而导致草地土壤微生物代谢功能的改变^[37]。土壤有机质的含量和质量对微生物的功能过程具有重要的调节作用^[38]。许多土地利用方式改变的研究均发现有机质在形成微生物群落中起关键作用,包括森林砍伐^[39]、放牧管理^[40]和植被恢复^[19]。综上所述,亚高山草甸退化显著改变了

土壤微生物分类和功能多样性,土壤特性在塑造微生物群落多样性方面发挥着重要作用。

4 结论

(1)亚高山草甸过程中土壤微生物群落物种组成和丰度存在明显的变化。退化草甸中参与碳代谢、氨基酸生物合成、丙酮酸代谢、柠檬酸循环、丙酸代谢、丁酸代谢和脂肪酸代谢功能基因相对丰度显著高于未退化草地。草地退化改变了亚高山草甸土壤微生物群落能量代谢和营养循环的代谢潜力。

(2)草地退化总体上改变了土壤微生物分类和功能 α 多样性,特别是退化程度较大的 MD 和 HD 草甸的微生物功能多样性显著降低。地上植物群落与地下土壤真菌群落之间的 α 多样性没有显著相关关系,而微生物分类和功能 β 多样性均与植物 β 多样性显著正相关。

(3)不同退化阶段亚高山草甸土壤微生物群落的分类和功能结构存在显著差异。总氮、pH 值和土壤有机质含量对微生物群落分类和功能组成具有显著影响。土壤理化因子和植物群落共同影响着微生物群落的种类和功能组成,其中土壤因子对微生物群落的分类组成影响较大,而植物群落对微生物群落功能影响较大。

致谢:感谢山西省五台山国有林管理局在采样过程中的协助与大力支持。

参考文献:

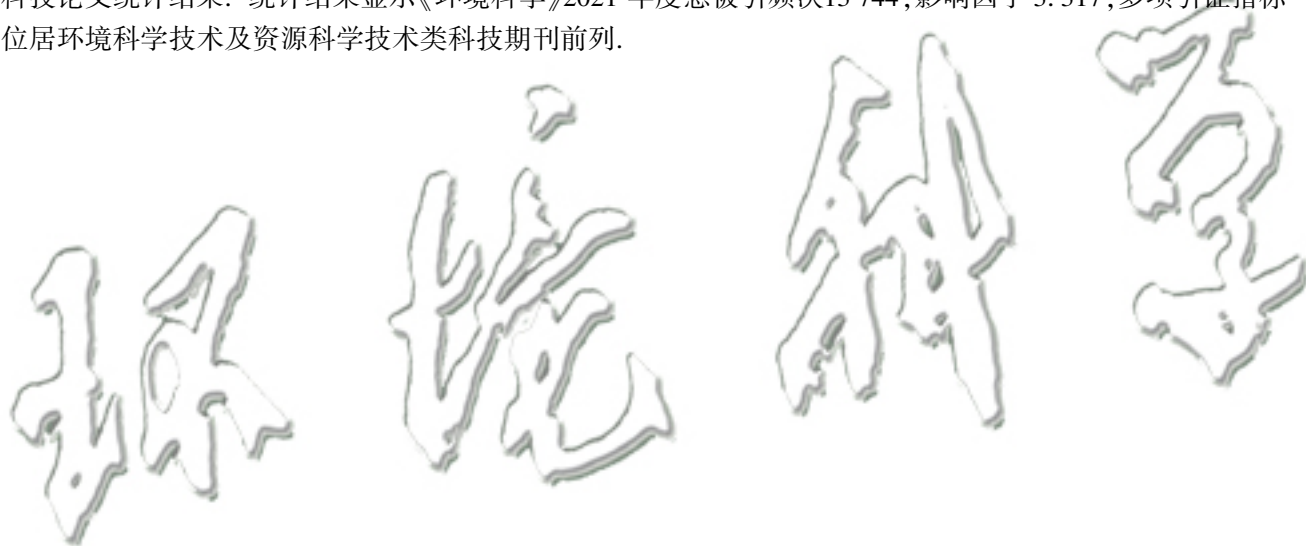
- [1] Fierer N. Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2017, **15**(10): 579-590.
- [2] Coban O, De Deyn G B, van der Ploeg M. Soil microbiota as game-changers in restoration of degraded lands [J]. *Science*, 2022, **375**(6584), doi: 10.1126/science.abc0725.
- [3] 罗正明,赫磊,刘晋仙,等. 土壤真菌群落对五台山亚高山草甸退化的响应[J]. *环境科学*, 2022, **43**(6): 3328-3337. Luo Z M, He L, Liu J X, et al. Responses of soil fungal communities to subalpine meadow degradation in Mount Wutai [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(6): 3328-3337.
- [4] Che R X, Wang Y F, Li K X, et al. Degraded patch formation significantly changed microbial community composition in alpine meadow soils [J]. *Soil and Tillage Research*, 2019, **195**, doi: 10.1016/j.still.2019.104426.
- [5] Yu Y, Zheng L, Zhou Y J, et al. Changes in soil microbial community structure and function following degradation in a temperate grassland [J]. *Journal of Plant Ecology*, 2021, **14**(3): 384-397.
- [6] Li Y M, Wang S P, Jiang L L, et al. Changes of soil microbial community under different degraded gradients of alpine meadow [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2016, **222**: 213-222.
- [7] Che R X, Wang F, Wang W J, et al. Increase in ammonia-oxidizing microbe abundance during degradation of alpine meadows may lead to greater soil nitrogen loss [J].

- Biogeochemistry, 2017, **136**(3): 341-352.
- [8] Cai X B, Peng Y L, Yang M N, *et al.* Grassland degradation decrease the diversity of arbuscular mycorrhizal fungi species in Tibet Plateau[J]. *Notulae Botanicae, Horti Agrobotanici, Cluj-Napoca*, 2014, **42**(2): 333-339.
- [9] Fierer N, Leff J W, Adams B J, *et al.* Cross-biome metagenomic analyses of soil microbial communities and their functional attributes[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2012, **109**(52): 21390-21395.
- [10] Burke C, Steinberg P, Rusch D, *et al.* Bacterial community assembly based on functional genes rather than species [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2011, **108**(34): 14288-14293.
- [11] Knight R, Vrbanac A, Taylor B C, *et al.* Best practices for analysing microbiomes[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2018, **16**(7): 410-422.
- [12] 章异平, 江源, 刘全儒, 等. 放牧压力下五台山高山、亚高山草甸的退化特征[J]. *资源科学*, 2008, **30**(10): 1555-1563.
- Zhang Y P, Jiang Y, Liu Q R, *et al.* Degradation features of alpine and subalpine meadows under grazing pressure in Mt. Wutai[J]. *Resources Science*, 2008, **30**(10): 1555-1563.
- [13] 江源, 章异平, 杨艳刚, 等. 放牧对五台山高山、亚高山草甸植被-土壤系统耦合的影响[J]. *生态学报*, 2010, **30**(4): 837-846.
- Jiang Y, Zhang Y P, Yang Y G, *et al.* Impacts of grazing on the system coupling between vegetation and soil in the alpine and subalpine meadows of Wutai Mountain [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, **30**(4): 837-846.
- [14] Zhang L, Wang X T, Wang J, *et al.* Alpine meadow degradation depresses soil nitrogen fixation by regulating plant functional groups and diazotrophic community composition[J]. *Plant and Soil*, 2022, **473**(1-2): 319-335.
- [15] Wang C T, Long R J, Wang Q L, *et al.* Changes in plant diversity, biomass and soil C, in alpine meadows at different degradation stages in the headwater region of three rivers, China [J]. *Land Degradation & Development*, 2009, **20**(2): 187-198.
- [16] Zhang X M, Johnston E R, Barberán A, *et al.* Decreased plant productivity resulting from plant group removal experiment constrains soil microbial functional diversity[J]. *Global Change Biology*, 2017, **23**(10): 4318-4332.
- [17] Paredes S H, Lebeis S L. Giving back to the community: microbial mechanisms of plant-soil interactions [J]. *Functional Ecology*, 2016, **30**(7): 1043-1052.
- [18] Millard P, Singh B K. Does grassland vegetation drive soil microbial diversity? [J]. *Nutrient Cycling in Agroecosystems*, 2010, **88**(2): 147-158.
- [19] Guo Y Q, Chen X T, Wu Y Y, *et al.* Natural revegetation of a semiarid habitat alters taxonomic and functional diversity of soil microbial communities [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **635**: 598-606.
- [20] Lai C M, Li C Y, Peng F, *et al.* Plant community change mediated heterotrophic respiration increase explains soil organic carbon loss before moderate degradation of alpine meadow [J]. *Land Degradation & Development*, 2021, **32**(18): 5322-5333.
- [21] Zhou G Y, Zhou X H, He Y H, *et al.* Grazing intensity significantly affects belowground carbon and nitrogen cycling in grassland ecosystems: a meta-analysis [J]. *Global Change Biology*, 2017, **23**(3): 1167-1179.
- [22] Chen J, Elsgaard L, van Groenigen K J, *et al.* Soil carbon loss with warming: new evidence from carbon-degrading enzymes[J]. *Global Change Biology*, 2020, **26**(4): 1944-1952.
- [23] Breidenbach A, Schleuss P M, Liu S B, *et al.* Microbial functional changes mark irreversible course of Tibetan grassland degradation[J]. *Nature Communications*, 2022, **13**(1), doi: 10.1038/s41467-022-30047-7.
- [24] Prober S M, Leff J W, Bates S T, *et al.* Plant diversity predicts beta but not alpha diversity of soil microbes across grasslands worldwide[J]. *Ecology Letters*, 2015, **18**(1): 85-95.
- [25] Griffiths R I, Thomson B C, James P, *et al.* The bacterial biogeography of British soils [J]. *Environmental Microbiology*, 2011, **13**(6): 1642-1654.
- [26] Li H, Xu Z W, Yan Q Y, *et al.* Soil microbial beta-diversity is linked with compositional variation in aboveground plant biomass in a semi-arid grassland[J]. *Plant and Soil*, 2018, **423**(1-2): 465-480.
- [27] Soininen J. Macroecology of unicellular organisms-patterns and processes [J]. *Environmental Microbiology Reports*, 2012, **4**(1): 10-22.
- [28] Luo Z M, Liu J X, Jia T, *et al.* Soil bacterial community response and nitrogen cycling variations associated with subalpine meadow degradation on the Loess Plateau, China [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2020, **86**(9), doi: 10.1128/AEM.00180-20.
- [29] Sariyildiz T, Anderson J M. Interactions between litter quality, decomposition and soil fertility: a laboratory study [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, **35**(3): 391-399.
- [30] Micallef S A, Shiaris M P, Colón-Carmona A. Influence of *Arabidopsis thaliana* accessions on rhizobacterial communities and natural variation in root exudates [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2009, **60**(6): 1729-1742.
- [31] Yang Y F, Wu L W, Lin Q Y, *et al.* Responses of the functional structure of soil microbial community to livestock grazing in the Tibetan alpine grassland [J]. *Global Change Biology*, 2013, **19**(2): 637-648.
- [32] 李海云, 姚拓, 高亚敏, 等. 退化高寒草地土壤真菌群落与土壤环境因子间相互关系 [J]. *微生物学报*, 2019, **59**(4): 678-688.
- Li H Y, Yao T, Gao Y M, *et al.* Relationship between soil fungal community and soil environmental factors in degraded alpine grassland [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2019, **59**(4): 678-688.
- [33] De Deyn G B, Van Der Putten W H. Linking aboveground and belowground diversity [J]. *Trends in Ecology & Evolution*, 2005, **20**(11): 625-633.
- [34] Leff J W, Jones S E, Prober S M, *et al.* Consistent responses of soil microbial communities to elevated nutrient inputs in grasslands across the globe [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015, **112**(35): 10967-10972.
- [35] Ramirez K S, Craine J M, Fierer N. Consistent effects of nitrogen amendments on soil microbial communities and processes across biomes [J]. *Global Change Biology*, 2012, **18**(6): 1918-1927.
- [36] Paungfoo-Lonhienne C, Yeoh Y K, Kasinadhuni N R P, *et al.* Nitrogen fertilizer dose alters fungal communities in sugarcane soil and rhizosphere [J]. *Scientific Reports*, 2015, **5**, doi: 10.1038/srep08678.
- [37] Zhang Y, Cao C, Guo L, *et al.* Soil properties, bacterial community composition, and metabolic diversity responses to soil salinization of a semiarid grassland in northeast China [J].

- Journal of Soil and Water Conservation, 2015, **70**(2): 110-120.
- [38] Ding J J, Zhang Y G, Wang M M, *et al.* Soil organic matter quantity and quality shape microbial community compositions of subtropical broadleaved forests[J]. Molecular Ecology, 2015, **24**(20): 5175-5185.
- [39] Navarrete A A, Tsai S M, Mendes L W, *et al.* Soil microbiome responses to the short-term effects of Amazonian deforestation [J]. Molecular Ecology, 2015, **24**(10): 2433-2448.
- [40] Xun W B, Yan R R, Ren Y, *et al.* Grazing-induced microbiome alterations drive soil organic carbon turnover and productivity in meadow steppe[J]. Microbiome, 2018, **6**(1), doi: 10.1186/s40168-018-0544-y.

《环境科学》多项引证指标名列前茅

2022 年 12 月 29 日,中国科学技术信息研究所在中国科技论文统计结果发布会上发布了 2021 年度中国科技论文统计结果.统计结果显示《环境科学》2021 年度总被引频次 13 744,影响因子 3.317,多项引证指标位居环境科学技术及资源科学技术类科技期刊前列.



CONTENTS

Pollution Characteristics and Factors Influencing the Reduction in Ambient PM _{2.5} in Beijing from 2018 to 2020	LIU Bao-xian, LI Qian, SUN Rui-wen, <i>et al.</i>	(2409)
Spatio-temporal Distribution Characteristics of Secondary Aerosol in Beijing-Tianjin-Hebei Urban Agglomeration in Winter	YAO Qing, YANG Xu, TANG Ying-xiao, <i>et al.</i>	(2421)
Changes in Secondary Inorganic Ions in PM _{2.5} at Different Pollution Stages Before and After COVID-19 Control	JIANG Nan, HAO Xue-xin, HAO Qi, <i>et al.</i>	(2430)
On-line Measurement of Trace Elements in PM _{2.5} in Winter in Urban Taiyuan, China: Levels and Source Apportionment	CUI Yang, GUO Li-li, LI Hong-yan, <i>et al.</i>	(2441)
Characteristics and Source Apportionment of Black Carbon Over the Eastern Tibetan Plateau	WANG Hong-lei, LIU Si-han, ZHAO Tian-liang, <i>et al.</i>	(2450)
Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds in Zhanjiang in Summer	PANG Xiao-die, GAO Bo, CHEN Lai-guo, <i>et al.</i>	(2461)
Ozone Pollution Characteristics and Sensitivity During the Ozone Pollution Days in Summer 2021 of Xinxiang City	HOU Mo, JIANG Xiao-mei, ZHAO Wen-peng, <i>et al.</i>	(2472)
Influence of Typhoon Nangka Process on Ozone Pollution in Hainan Island	FU Chuan-bo, DAN Li, TONG Jin-he, <i>et al.</i>	(2481)
Health Impacts of Air Pollution in Tianjin	HUA Kun, LUO Zhong-wei, JIA Bin, <i>et al.</i>	(2492)
Analysis of Change and Driving Factors of River Environmental Quality in China from 2002 to 2020	YANG Chuan-xi, XUE Yan, GAO Chang, <i>et al.</i>	(2502)
Spatiotemporal Pattern and Driving Force Analysis of Ecological Environmental Quality in Typical Ecological Areas of the Yellow River Basin from 1990 to 2020	WANG Fang, LI Wen-hui, LIN Yan-min, <i>et al.</i>	(2518)
Response of Water Quality in Small Reservoirs to Landscape Composition, Landscape Configuration, and Reservoir Characteristics in the Upper Reaches of the Yangtze River During Dry Season	ZHONG Yong-lin, RAN Jiao-jiao, WEN Wen, <i>et al.</i>	(2528)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Typical Endocrine Disrupting Chemicals in Drains Flowing into the Yellow River of Ningxia	LI Ling-yun, GAO Li, ZHENG Lan-xiang, <i>et al.</i>	(2539)
Occurrence Characteristics of Microplastics and Metal Elements in the Surface Water of Huangpu River and Their Associations with Metal Resistance Genes	LU Jia-wei, XU Chen-ye, HU Chun, <i>et al.</i>	(2551)
Spatial Distribution Characteristics and Source Analysis of Heavy Metals in Urban River Surface Sediments from the Lanzhou Reach of the Yellow River	LI Jun, LI Xu, LI Kai-ming, <i>et al.</i>	(2562)
Distribution and Release Potential of Soil Phosphorus Fractions in Water-level Fluctuation Zone of the Tributary Bay, Three Gorges Reservoir	ZHANG Xue, ZHU Bo, <i>et al.</i>	(2574)
Distribution and Pollution Assessment of Nutrients in the Surface Sediments of Lake in Huoqiu County	LIU Hai, ZHAO Guo-hong, <i>et al.</i>	(2583)
Analysis of Influencing Factors of Chlorophyll-a in Lake Taihu Based on Bayesian Network	LIU Jie, HE Yun-chuan, DENG Jian-ming, <i>et al.</i>	(2592)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Groundwater in Shunping County, Hebei Province	LIU Yuan-qing, ZHOU Le, LÜ Lin, <i>et al.</i>	(2601)
Distribution, Transformation, and Fate of Per- and Polyfluoroalkyl Substances in Drinking Water Treatment	ZHONG Ting-ting, LIN Tao, LIU Wei, <i>et al.</i>	(2613)
Removal of Cr(VI) via a Nickel Ferrite/Activated Carbon Composite Under Batch Experiments: Study of Characterization, Performance, and Mechanism	ZHANG Hua, LI Rong-hua, CHEN Jin-xiong, <i>et al.</i>	(2622)
Degradation of SMX with Peracetic Acid Activated by Nano Core-shell Co@NC Catalyst	ZHENG Ting-lu, ZHANG Long-long, CHEN Jia-bin, <i>et al.</i>	(2635)
Adsorption Characteristics of Arsenic and Cadmium by FeMnNi-LDH Composite Modified by Fulvic Acid and Its Mechanisms	HE Ya-xin, KE Xin-yi, WEI Shi-qiang, <i>et al.</i>	(2646)
Adsorption Mechanism for Phosphate in Aqueous Solutions of Calcium/Aluminum-rich Sludge Biochar Composite	OUYANG Zhu, CAO Lu, WANG Bing-qian, <i>et al.</i>	(2661)
Sludge Biochar Modified by B-doped and Its Adsorption Behavior and Mechanism of 1,2-DCA in Water	ZHOU Jia-wei, SHI Wei-lin, XU Wei, <i>et al.</i>	(2671)
Response of Forest Ecosystems to Decreasing Atmospheric Nitrogen Deposition	XIE Dan-ni, YANG Dong-xing, DUAN Lei, <i>et al.</i>	(2681)
Impacts of Climate Change and Human Activities on Vegetation Restoration in Typical Grasslands of China	ZHANG Liang-xia, YUE Xiao, ZHOU De-cheng, <i>et al.</i>	(2694)
Spatial-temporal Variation in Net Primary Productivity in Terrestrial Vegetation Ecosystems and Its Driving Forces in Southwest China	XU Yong, HUANG Hai-yan, DAI Qiang-yu, <i>et al.</i>	(2704)
Effects of Different Carbon Inputs on Soil Stoichiometry in Tianshan Mountains	MA Xin-yu, GONG Lu, ZHU Hai-qiang, <i>et al.</i>	(2715)
Effects of Nitrogen and Phosphorus Addition on Soil Nutrient Content and Stoichiometry in Desert Grassland	LIU Shu-xuan, AN Hui, ZHANG Xin-wen, <i>et al.</i>	(2724)
Effect of <i>Spartina alterniflora</i> Invasion on Soil C:N:P Stoichiometry in Coastal Wetland of Hangzhou Bay	LI Wen-qi, XIANG Qi, XIE Xue-feng, <i>et al.</i>	(2735)
Effects of 24 Years Different Straw Return on Soil Carbon, Nitrogen, Phosphorus, and Extracellular Enzymatic Stoichiometry in Dryland of the Loess Plateau, China	YAO Zhi-xia, ZHOU Huai-ping, XIE Wen-yan, <i>et al.</i>	(2746)
Carbon Sequestration Characteristics Under Natural Vegetation Restoration in Ziwuling Area of the Loess Plateau	XU Xiao-ming, ZHANG Xiao-ping, WANG Hao-jia, <i>et al.</i>	(2756)
Effects of Short-term Nitrogen Addition on Soil Organic Carbon Components in <i>Robinia pseudoacacia</i> L. Plantation	JIAN Jun-nan, LIU Wei-chao, ZHU Yu-fan, <i>et al.</i>	(2767)
Response of Soil Organic Carbon Accumulation in Paddy Fields in Fujian Province to Future Temperature Increases	CHE Yan, QIU Long-xia, WU Ling-yun, <i>et al.</i>	(2775)
Species, Habitat Characteristics, and Screening Suggestions of Cadmium Hyperaccumulators in China	ZHAO Xiao-feng, LEI Mei, CHEN Tong-bin, <i>et al.</i>	(2786)
Research Progress on Spatial Differentiation and Influencing Factors of Soil Heavy Metals Based on Geographical Detector	GONG Cang, WANG Shun-xiang, LU Hai-chuan, <i>et al.</i>	(2799)
Geochemical Background and Baseline Value of Soil Chemical Elements in Hebei Province	ZHANG Li-ting, CHENG Hang-xin, XIE Wei-ming, <i>et al.</i>	(2817)
Distribution Characteristics, Ecological Risks, and Source Identification of Heavy Metals in Cultivated Land Under Non-grain Production	QIU Le-feng, ZHU Jin-xia, PAN Yi, <i>et al.</i>	(2829)
Source Analysis and Ecological Risk Assessment of Heavy Metals in the Arable Soil at the Geological High Background, Based on the Township Scale	YU Fei, WANG Jia-bin, WANG Rui, <i>et al.</i>	(2838)
Solid-solution Partitioning Coefficients and Environmental Risk of Cd and Pb in Soil in Chang-Zhu-Tan Area	LI Yu-ying, PENG Chi, LIU Le-le, <i>et al.</i>	(2849)
Ecological Risk and Migration Patterns of Heavy Metals in Soil and Crops in the Lead-Zinc Mining Area in Guizhou, China	MA Hong-hong, ZHANG Li, GUO Fei, <i>et al.</i>	(2856)
Mercury Pollution in Dryland Soil and Evaluation of Maize Safety Production in Guizhou Province	MA Li-jun, ZHOU Lang, SONG Bo, <i>et al.</i>	(2868)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of PAHs in the Soil of Wild <i>Forsythia Suspensa</i> in Shanxi	GUO Jia-jia, WANG Qi, KANG Min-jie, <i>et al.</i>	(2879)
Effects of P on the Uptake and Transport of Cd and As in Wheat Seedlings	WANG Yun, ZHAO Peng, LI Guang-xin, <i>et al.</i>	(2889)
Effects of Silicon Application on Arsenic Sequestration in Iron Plaque and Arsenic Translocation in Rice	LI Lin-feng, WEN Wei-fa, XU Zi-sheng, <i>et al.</i>	(2899)
Characteristics of Soil Microbial Community in Different Habitats in the Process of Ecological Restoration of Haifeng Wetland in Guangdong	MA Jiao-jiao, GAO Chang-jun, YI Xiao-qing, <i>et al.</i>	(2908)
Taxonomic and Functional Diversity of Soil Microbial Communities in Subalpine Meadow with Different Degradation Degrees in Mount Wutai	LUO Zheng-ming, LIU Jin-xian, HU Yan-qiu, <i>et al.</i>	(2918)
Effects of the Transformation from Natural Alpine Grassland to Mixed Artificial Grassland on the Characteristics of Soil Microbial Community	YU Hao, LIU Yue, DENG Ye, <i>et al.</i>	(2928)
Effects of Chinese Milk Vetch Returning Incorporated with Chemical Fertilizer Reduction on the Composition and Function of Soil Bacterial Communities in Paddy Fields	ZHANG Ji-shi, LIU Chun-zeng, ZHENG Chun-feng, <i>et al.</i>	(2936)
Effects of Long-term Sod Cultivation on Chinese Hickory Plantation Soil Fungal Community and Enzyme Activities	HU Ying-bing, LIANG Chen-fei, JIN Jin, <i>et al.</i>	(2945)
Effects of Microplastic High-density Polyethylene on Cotton Growth, Occurrence of <i>Fusarium</i> wilt, and Rhizosphere Soil Bacterial Community	ZHANG Hao, SUN Jie, YANG Hui-ying, <i>et al.</i>	(2955)
Nitrogen Metabolism and Flora Characteristics of Bacteria Algae Complex System	ZHAO Zhi-rui, WU Hai-miao, MA Chao, <i>et al.</i>	(2965)
Analysis of Carbon Emissions and Influencing Factors in China Based on City Scale	WU Jian-sheng, JIN Xue-ru, WANG Han, <i>et al.</i>	(2974)
How Do Carbon Trading Policies Affect Industrial Carbon Productivity: Quasi-natural Experiments from Chinese Provincial Data	FANG Qi, LI Shao-ping, <i>et al.</i>	(2983)
Influence of the Classification of Municipal Solid Wastes on the Reduction of Greenhouse Gas Emissions: A Case Study of Qingdao City, China	CHEN Ji-hong, BIAN Rong-xing, ZHANG Ting-xue, <i>et al.</i>	(2995)
Quantitative Analysis of Spatio-temporal Evolution Characteristics of Seasonal Average Maximum Temperature and Its Influence by Atmospheric Circulation in China from 1950 to 2019	SU Yue, LU Chun-yan, HUANG Yu-fei, <i>et al.</i>	(3003)