

目次

持久性、迁移性和潜在毒性化学品环境健康风险与控制研究现状及趋势分析	张少轩, 陈安娜, 陈成康, 景侨楠, 刘建国 (3017)
我国厨余垃圾资源化技术的多维绩效评价	杨光, 史波芬, 周传斌 (3024)
基于 MSPA 和电路理论的京津冀城市群热环境空间网络	乔治, 陈嘉悦, 王楠, 卢应爽, 贺瞳, 孙宗耀, 徐新良, 杨浩, 李莹, 王方 (3034)
城市空间格局与热环境响应关系:以合肥市为例	陈媛媛, 姚侠妹, 偶春, 张清怡, 姚晓洁 (3043)
天津市“十三五”期间 PM _{2.5} 减排效果评估	肖致美, 徐虹, 蔡子颖, 张裕芬, 刘茂辉, 孙猛, 李鹏, 杨宁, 戴运峰 (3054)
清洁取暖对保定市采暖期 PM _{2.5} 中碳质气溶胶的影响	罗宇睿, 张凯, 赵好希, 任家豪, 段菁春, 李欢欢, 关键, 郭志强, 李博文 (3063)
南京地区细颗粒物污染输送影响及潜在源区	谢放尖, 郑新梅, 窦焱焱, 杨峰, 刘春蕾, 李洁, 谢轶嵩, 王艳, 胡建林, 陈长虹 (3071)
大气环流型对珠三角 2015~2020 年臭氧变化的影响	汪瑶, 刘润, 辛繁 (3080)
热带气旋对海南岛臭氧污染的影响分析	符传博, 丹利, 佟金鹤, 徐文师 (3089)
基于 CMAQ 和 HYSPLIT 模式的日照市夏季臭氧污染成因和来源分析	林鑫, 全纪龙, 王伊凡, 陈羽翔, 刘永乐, 张鑫, 敖丛杰, 刘浩天 (3098)
2016~2020 年成都市控制 PM _{2.5} 和 O ₃ _{8h} 污染的健康效益评价	张莹, 田琪琪, 魏晓钰, 张少波, 胡文东, 李明刚 (3108)
深圳市 2022 年春季新冠疫情管控期间空气质量分析	刘婵芳, 张傲星, 房庆, 叶毓婧, 杨红龙, 陈炯恺, 吴雯潞, 侯岳, 莫佳佳, 傅宗玖 (3117)
贵州省生物质燃烧源大气污染物排放清单	王艳妮, 杨敬婷, 黄贤峰, 程燕, 陆标, 顾兆林 (3130)
西安市大气降水的主要化学组分及其来源	周东, 黄智浦, 李思敏, 王森, 牛振川, 熊晓虎, 冯雪 (3142)
宜昌市大气微塑料的分布、呼吸暴露及溯源	刘立明, 王超, 巩文雯, 陆安祥, 任东, 涂清, 贾漫珂 (3152)
雅鲁藏布江水化学演变规律	江平, 张全发, 李思悦 (3165)
无定河流域地表水硝酸盐浓度的时空分布特征及来源解析	徐奇峰, 夏云, 李书鉴, 王万洲, 李志 (3174)
太浦河水体与沉积物中重金属的季节变化特征与污染评价	罗鹏程, 涂耀仁, 孙婷婷, 刘生辉, 高佳欣, 寇佳怡, 顾心彤, 段艳平 (3184)
北京市北运河水体中抗生素污染特征及风险评估	蒋宝, 隋珊珊, 孙成一, 王亚玲, 荆降龙, 凌文翠, 李珊珊, 李国傲 (3198)
氮和氧同位素示踪伊洛河河水硝酸盐来源及转化过程	郭文静, 张东, 蒋浩, 吴洋洋, 张郭妙, 段慧真, 许梦军, 麻冰涓, 陈昊, 黄兴宇 (3206)
淮河下游湖泊表层水和沉积物中 PPCPs 分布特征及风险评估	武宇圣, 黄天寅, 张家根, 田永静, 庞燕, 许秋瑾 (3217)
西宁市浅层地下水化学特征及形成机制	刘春燕, 于开宁, 张英, 荆继红, 刘景涛 (3228)
叶尔羌河流域平原区地下水污染风险评价	闫志云, 曾妍妍, 周金龙, 孙英, 马常莲 (3237)
密云水库细菌群落组成结构及影响因素	陈颖, 王佳文, 梁思航, 陈倩 (3247)
可见光激发下模拟海水中四环素光降解的机制和路径	许恒韬, 付小航, 丰卫华, 王挺 (3260)
纳米零价铁改性生物炭对水中氨氮的吸附特性及机制	陈文静, 石峻岭, 李雪婷, 张李金, 刘富强, 陈正祝, 庞维海, 杨殿海 (3270)
高锰酸钾改性椰壳生物炭对水中 Cd(II)和 Ni(II)的去除性能及机制	张凤智, 王敦球, 曹星洋, 刘桥京, 岳甜甜, 刘立恒 (3278)
铜改性净水污泥水热炭对水体中磷的吸附特性及底泥内源磷的固定	何李文泽, 陈钰, 孙飞, 李艳君, 杨顺生, 张志鹏 (3288)
城镇生活污水处理厂出水硝酸盐浓度及同位素组成的影响因素	张东, 葛文彪, 赵爱萍, 高振朋, 陈昊, 张琮, 蒋浩, 吴文阳, 廖琪, 李成杰, 黄兴宇, 麻冰涓 (3301)
基于 Meta 分析的污水处理工艺对微塑料去除效果影响	符立松, 侯磊, 王艳霞, 李晓琳, 王万宾, 梁启斌 (3309)
我国自然生态系统氮沉降临界负荷评估	黄静文, 刘磊, 颜晓元, 迺超普 (3321)
气候变化和人类活动对东部沿海地区 NDVI 变化的影响分析	金岩松, 金凯, 王飞, 刘春霞, 秦鹏, 宗全利, 刘佩娟, 陈明利 (3329)
基于 InVEST 模型和 PLUS 模型的环杭州湾生态系统碳储量	丁岳, 王柳柱, 桂峰, 赵晨, 朱望远 (3343)
河西走廊中段荒漠绿洲土壤生态化学计量特征	孙雪, 龙永丽, 刘乐, 刘继亮, 金丽琼, 杜海峰, 陈凌云 (3353)
乌梁素海东部流域非生季草地土壤细菌群落结构的垂向差异	李文宝, 张博尧, 史玉娇, 郭鑫, 李兴月 (3364)
芦芽山华北落叶松林土壤剖面细菌群落分布格局	毛晓雅, 刘晋仙, 贾彤, 吴铁航, 柴宝峰 (3376)
植被类型对黄土高原露天矿山复垦土壤碳循环功能基因的影响	赵姣, 马静, 朱燕峰, 于昊辰, 张琦, 陈浮 (3386)
施用生物炭对麦田土壤细菌群落多样性和冬小麦生长的影响	姚丽茹, 李伟, 朱良正, 曹布仓, 韩娟 (3396)
甜龙竹不同种植年限对土壤真菌群落的影响	朱书红, 辉朝茂, 赵秀婷, 刘蔚漪, 张仲富, 刘会会, 张文君, 朱礼月, 涂丹丹 (3408)
生物炭对热带地区辣椒种植土壤 N ₂ O 排放及其功能基因的影响	陈琦琦, 王紫君, 陈云忠, 王誉琴, 朱启林, 胡天怡, 胡煜杰, 伍延正, 孟磊, 汤水荣 (3418)
覆膜和有机无机配施对夏玉米农田温室气体排放及水氮利用的影响	蒋洪利, 雷琪, 张彪, 吴淑芳 (3426)
不同类型地膜覆盖对土壤质量、根系生长和产量的影响	穆晓国, 高虎, 李梅花, 赵欣茹, 郭宁, 靳磊, 李建设, 叶林 (3439)
基于 PMF 模型的某铅锌冶炼城市降尘重金属污染评价及来源解析	陈明, 王琳玲, 曹柳, 李名闯, 申哲民 (3450)
云南 5 城市道路扬尘 PM _{2.5} 中重金属含量表征及健康风险	韩新宇, 郭晋源, 史建武, 李定霜, 王怡明, 宁平 (3463)
兰州市黄河风情线地表积尘及周边绿地土壤重金属污染特征及风险评价	李军, 李开明, 王晓槐, 焦亮, 臧飞, 毛潇萱, 杨云钦, 台喜生 (3475)
PMF 和 RF 模型联用的土壤重金属污染来源解析与污染评价:以西北某典型工业园区为例	高越, 吕童, 张鑫凯, 张博哈, 毕思琪, 周旭, 张炜, 曹红斌, 韩增玉 (3488)
基于 APCS-MLR 受体模型和地统计法的矿区周边农用地土壤重金属来源解析	张传华, 王钟书, 刘力, 刘燕 (3500)
PCA-APCS-MLR 和地统计学的典型农田土壤重金属来源解析	王美华 (3509)
三峡库区稻田土壤重金属污染特征及风险评价	刘娅君, 李彩霞, 梅楠, 张美平, 张成, 王定勇 (3520)
皖江经济带耕地重金属健康风险评价及环境基准	刘海, 魏伟, 宋阳, 潘杨, 黄健敏 (3531)
张家口市万全区某种植区土壤重金属污染评价与来源分析	安永龙, 殷秀兰, 李文娟, 金爱芳, 鲁青原 (3544)
滁州市表层土壤重金属含量特征、源解析及污染评价	汤金来, 赵宽, 胡睿鑫, 徐涛, 王宜萱, 杨扬, 周葆华 (3562)
矿业废弃地重金属形态分布特征与迁移转化影响机制分析	魏洪斌, 罗明, 向奎, 查理思, 杨慧丽 (3573)
基于成土母质的矿产资源基地土壤重金属生态风险评价与来源解析	卫晓峰, 孙紫坚, 陈自然, 魏浩, 孙厚云, 刘卫, 傅大庆 (3585)
不同种类蔬菜重金属富集特征及健康风险	祁浩, 庄坚, 庄重, 王琪, 万亚男, 李花粉 (3600)
山东省典型灌区土壤-小麦重金属健康风险评估	王菲, 费敏, 韩冬锐, 李春芳, 曹文涛, 姚磊, 曹见飞, 吴泉源 (3609)
基于机器学习方法的小麦镉富集因子预测	牛硕, 李艳玲, 杨阳, 商艳萍, 王天齐, 陈卫平 (3619)
《环境科学》征订启事(3062) 《环境科学》征稿简则(3116) 信息(3164, 3259, 3572)	

乌梁素海东部流域非生长季草地土壤细菌群落结构的垂向差异

李文宝^{1,2}, 张博尧¹, 史玉娇¹, 郭鑫¹, 李兴月¹

(1. 内蒙古农业大学水资源保护与利用自治区重点实验室, 呼和浩特 010018; 2. 黄河流域内蒙古段水资源与水环境综合治理协同创新中心, 呼和浩特 010018)

摘要: 草地是区域生态系统的关键组成部分, 其土壤细菌群落结构在元素迁移及生态多样性系统中发挥着重要作用. 为对比分析寒旱区典型草地土壤中细菌群落的空间结构差异, 在5月初(新的生长季开始之前, 即非生长季), 对内蒙古乌梁素海东部流域草地土壤样品进行了采集, 获得不同区域30 cm和60 cm深度土壤样品各5个, 利用16S rRNA高通量测序方法对样品细菌群落结构进行了分析. 结果显示: ① Actinobacteriota、Proteobacteria、Chloroflexi、Acidobacteriota、Gemmatimonadota、Planctomycetota、Methylomirabilota和Crenarchaeota等菌门在30 cm和60 cm样品中相对丰度占比均超过1%, 且60 cm样品中相对丰度高于30 cm样品的优势菌门有6个, 优势菌属有5个, OTU则为8个. 不同深度样品中优势菌门、菌属乃至OTUs的相对丰度变化和其在细菌群落结构中的贡献性趋势并不完全对应; ②来源于Armatimonadota和Verrucomicrobiota门的 *norank_f_norank_o_norank_c_norank_p_Armatimonadota* 和 *Candidatus_Xiphinematobacter* 属分别在30 cm和60 cm样品中具有明显的细菌群落结构贡献度, 可以作为土壤细菌群落结构垂向变化对比的关键细菌进行生态学分析; ③和30 cm样品相比较, 60 cm样品中与C、N和P元素代谢有关的ko00190、ko00910和ko01200功能相对丰度均出现一定程度的增加, 显示代谢功能相对丰度的增加促进了草地土壤中C、N和P等典型营养元素的相对含量的降低, 这将为开展草地土壤细菌群落的关键生态功能空间变化提供参考.

关键词: 草地; 非生长季; 细菌群落; 空间差异; 乌梁素海东部流域

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)06-3364-12 DOI: 10.13227/j.hj.kx.202206136

Vertical Differences in Grassland Bacterial Community Structure During Non-Growing Season in Eastern Ulansuhai Basin

LI Wen-bao^{1,2}, ZHANG Bo-yao¹, SHI Yu-jiao¹, GUO Xin¹, LI Xing-yue¹

(1. Inner Mongolia Key Laboratory of Water Resources Protection and Utilization, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot 010018, China; 2. Collaborative Innovation Center for Integrated Management of Water Resources and Water Environment in the Inner Mongolia Reaches of the Yellow River, Hohhot 010018, China)

Abstract: Grassland is an important part of the regional ecosystem, and its micro ecological structures play key roles in the process of element migration and the evolution of ecological diversity systems. To discover the spatial difference of the grassland soil bacterial community, we collected five total soil samples at 30 cm depth and 60 cm depth in Eastern Ulansuhai Basin in early May (before the beginning of the new growing season, with a minimum influence of human activities and other factors). Based on 16S rRNA gene-based high-throughput sequencing technology, the vertical characteristic of the bacterial community was analyzed in detail. First, Actinobacteriota, Proteobacteria, Chloroflexi, Acidobacteriota, Gemmatimonadota, Planctomycetota, Methylomirabilota, and Crenarchaeota all appeared in the 30 cm and 60 cm samples, with the relative contents all being higher than 1%. In addition, there were a total of six phyla, five genera, and eight OTUs in the 60 cm sample with relative contents higher than those in the 30 cm sample. As a result, the relative abundance changes in dominant bacterial phyla, genera, and even OTUs at different sample depths did not correspond to their contribution to the bacterial community structure. Second, because of the unique contribution to the bacterial community structure in 30 cm and 60 cm samples, the *norank_f_norank_o_norank_c_norank_p_Armatimonadota* and *Candidatus_Xiphinematobacter* could be utilized as key bacterial genera during ecological system analysis, belonging to the Armatimonadota and Verrucomicrobiota, respectively. Finally, the relative abundances of ko00190, ko00910, and ko01200 were all higher in 60 cm samples than those in 30 cm samples, which showed that through the increase in metabolic function abundance, the relative contents of C, N, and P elements in grassland soil had been reduced with the increase in depth. These results will provide references for further study on the spatial change of bacterial communities in typical grassland.

Key words: grassland; non-growing season; bacterial community; spatial difference; eastern Ulansuhai Basin

草地是“山水林田湖草”有机系统的重要组成部分, 全球草地将近35亿hm², 占陆地面积的26%左右^[1~3]. 草地不仅是初级生产力的重要来源, 在区域水土保持、维持生物多样性以及调节区域生态平衡等方面均具有极其重要的作用, 是陆地生态系统的关键组成部分^[4,5]. 特别地, 牧草根系主要发育的0~60 cm土壤是碳(C)、氮(N)和磷(P)等营养元素固持的关键土层^[6,7], 该层既受到大气降水和放

牧状况等外界环境条件变化的明显影响, 也是维系整个草地生态系统多样性及生态功能稳定的关键

收稿日期: 2022-06-13; 修订日期: 2022-09-02

基金项目: 内蒙古自治区科技重大项目(2020ZD0009); 内蒙古自治区科技攻关项目(2020GG0009); 内蒙古自治区高等学校“青年科技英才支持计划”项目(NJYT-20-A14); 国家自然科学基金项目(51669021, 52160021); 国家重点研发计划项目(2019YFC0409205)

作者简介: 李文宝(1980~), 男, 博士, 主要研究方向为河湖流域生态环境演变过程, E-mail: tianshiid@126.com

层^[8~10].

细菌既是土壤生物多样性的的重要组成部分,也是土壤元素代谢循环的关键参与者^[11~13]. 目前,关于不同介质中细菌群落分析,如水体、土壤和沉积物等,特别是在生长季草地微生物群落结构特征分析方面,已经取得了丰硕的研究成果. 如 Zhou 等^[14]分析了不同温带草地微生物群落结构生态功能在降水梯度下的变化特征, Liu 等^[15]分析了 N 元素固持效率等对细菌等微生物群落结构的影响, Chen 等^[16]则分析了内蒙古高原草地土壤 N、P 和 C 元素与微生物结构、气候变化等综合因素间的相互关系. 不过,虽然如 Jia 等^[17]分析了降雪过程变化对内蒙古非生长季草地微生态系统对 N 元素固持效率的影响,但是整体上对于内蒙古非生长季草地土壤中细菌群落多样性垂向结构及生态功能特征对比研究成果却并不多见,这显然不利于理解典型区域草原生态多样性,也不利于分析寒旱区非生长季草地土壤微生态环境的空间变化过程.

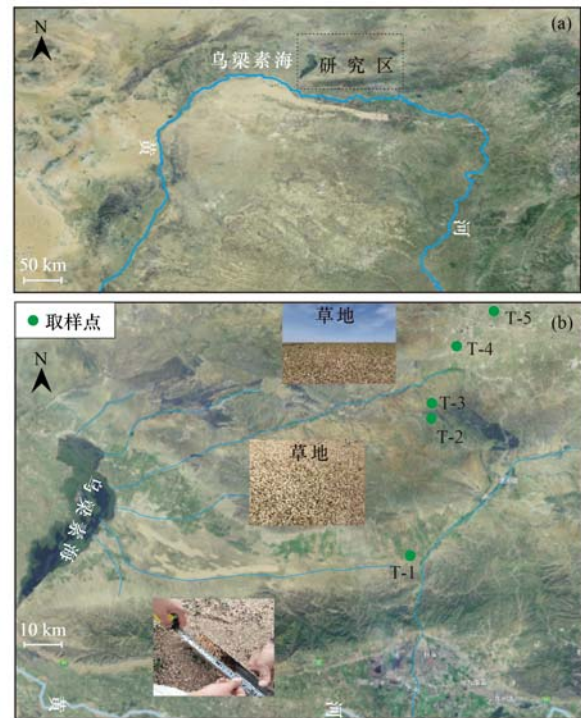
乌梁素海是中国西北部最大的内陆湖泊,其东部流域主要分布在内蒙古自治区巴彦淖尔市和包头市境内,面积近 5 000 km²,属于旱半干旱气候区,区域昼夜温差较大,夏季时短,冬季时长且寒冷. 年均气温为 6.6℃,在生长季 7 月气温最高,年均超过 25℃,而非生长季 1 月平均气温最低,年均低于 -10℃; 多年平均降水量为 215 mm·a⁻¹,且主要集中在夏季,年均蒸发量可达到 1 300 mm·a⁻¹. 乌梁素海流域地形主要以山地为主,约占 60%,其余部分则主要为山前倾斜平原,分布面积较广的荒漠草原生态单元^[18,19]. 不过,伴随人类活动的增加,如农业开垦和放牧活动等,对草地生态健康和草地土壤生物多样性维持产生影响,甚至改变了草地基本生态结构^[20,21].

因此,在“一湖两海”和黄河流域生态保护背景下,选取内蒙古乌梁素海东部流域草地生态区作为研究目标(图 1),在非生长季(9 月至来年 4 月)末的 5 月初,分别采集 30 cm 和 60 cm 深度处土壤样品,利用 Illumina MiSeq 二代测序方法,对不同深度样品中细菌群落组成和优势细菌门、属结构的变化特征进行对比分析,进而讨论了草地土壤中细菌群落的生态功能相对丰度随深度变化情况,以期详细研究内蒙古草地微生态系统的生物多样性及群落结构差异提供理论参考.

1 材料与方法

1.1 样品采集

为了减少生长季放牧过程中人为因素及地表风



(a) 研究区位置示意; (b) 取样点(T-1、T-2、T-3、T-4 和 T-5) 位置示意

图 1 研究区概况和取样点位置示意

Fig. 1 Study area and sample locations

化等因素影响,于 2021 年 5 月上旬非生长季末在内蒙古乌梁素海东部流域达尔罕茂明安联合旗等区域开展了草地土壤样品采集工作. 根据研究区实际的地形地貌特征,共采集 5 个取样点的土壤样品,命名为 T-1、T-2、T-3、T-4 和 T-5,共获得样品 10 个,其中 30 cm 深度样品 5 个,60 cm 深度样品 5 个[图 1(b)]. 所有样品采集完成后,选取适量置于无菌离心管中,并立即保存在液氮罐中,用于后续实验分析.

1.2 DNA 提取与 PCR 扩增

按照 FastDNA® Spin Kit 试剂盒(该试剂盒适用水和土壤等样品)说明逐步提取基因组总 DNA^[22]. DNA 产物利用 16S rRNA 对 V4-V5 区扩增引物进行 PCR 扩增,引物选择 515F (5'-GTGCCAGCMGCCG CGTAA- 3')- 806R (5'-GGACTACVSGGGTATCT AAT-3'). 修饰后的通用引物含有不同的 Tag 标签用于区别样品. PCR 扩增体系为 20 μL,PCR 扩增的反应条件为:94℃,5 min; 30 × (94℃,30 s; 54℃,30 s; 72℃,45 s); 10 min(具体扩增过程可参考文献[22]). 最后,利用上海美吉生物医药科技有限公司 MiSeq PE300 测序仪(Illumina Inc. San Diego, CA, USA)完成序列测定.

1.3 测试数据处理

在测试数据处理过程中,首先对原始数据进行拼接、去杂质及非特异性片段,然后基于有效数据

进行 OTU (operational taxonomic unit) 聚类 and 物种分类分析, 将具有 $\geq 97\%$ 相似性的序列分配给相同的 OTU^[23]. 选取每类中最长的序列为代表序列, 在 QIIME 平台中调用 Blast 方法对序列数据库进行比对, 获得每个 OTU 表示序列的分类学信息. 总体上, 本次实验全部 10 个样品均获得有效数据, 有效序列的平均长度为 253 bp.

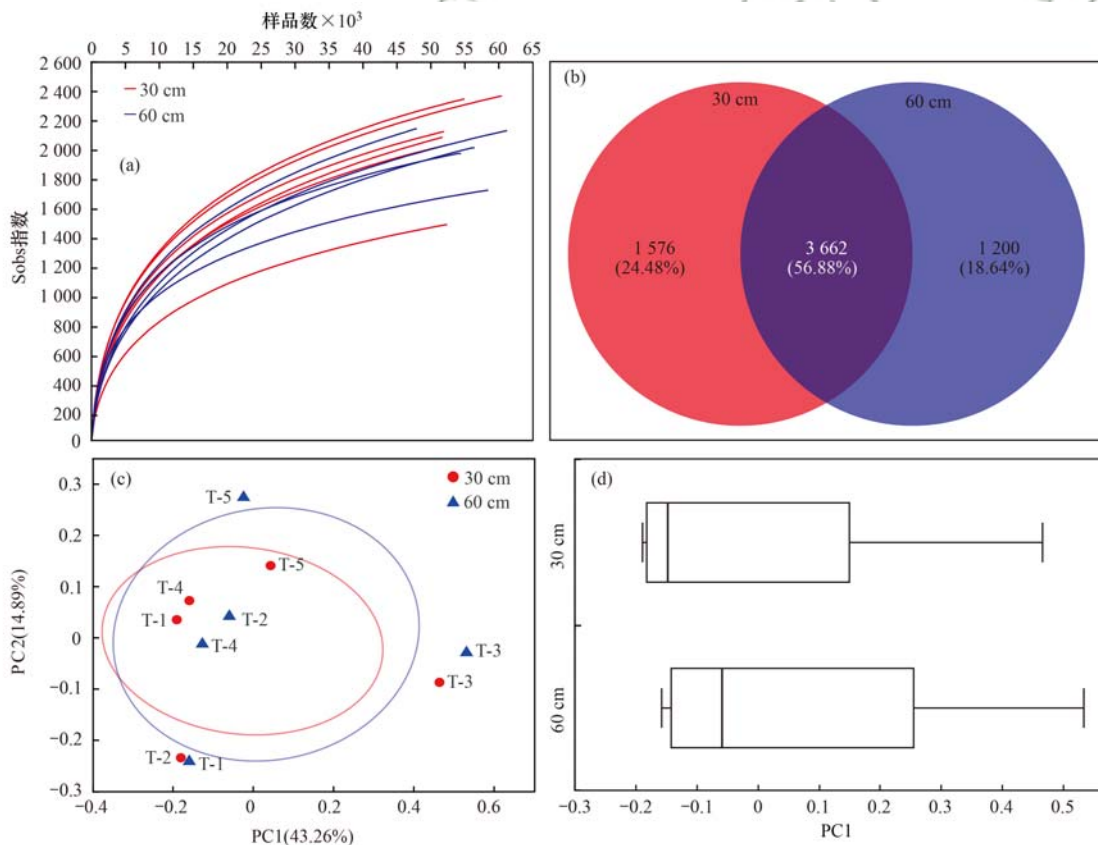
利用 Mothur (版本 1.30.2) 指数分析软件计算样品 Sobs (Sobs: the observed richness) 等 α 多样性指数; 利用 R 语言工具 (如 Uparse 平台, 版本 11; RDP Classifier 平台, 版本 2.13; Usearch 平台, 版本 11) 进行 OTU 统计; 利用 Vegan 软件包 (如 Version, 版本 3.3.1) 对土样中细菌群落结构进行分析统计; 利用 PICRUST2 软件包 (版本 2.2.0) 对 KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes, 京都基因和基因组百科全书, <http://www.genome.jp/kegg/>) 代谢通

路中第二、第三代谢层级和群落生态功能进行预测分析; 利用了 Networkx 软件包 (版本 2.1) 分析样品间的空间共现性^[24].

2 结果与分析

2.1 细菌群落结构变化

基于 Sobs 指标 (表示实际测试到的 OTU 数目) 构建了稀释曲线, 结果显示不同深度样品在 1 万条测试序列数后变化趋势均逐渐平缓, 显示测序数据基本可以反映各个样品内的物种信息情况^[25]. 同时, 30 cm 深度样品稀释曲线的样品间分散程度明显比 60 cm 样品大 [图 2(a)]. 根据原始测试 OTU 数据的抽平结果统计, 30 cm 深度样品中 OTU 个数较多, 共有 5 238 个 OTUs, 而 60 cm 深度样品中 OTU 个数较少, 共有 4 862 个 OTUs, 两者共享 3 662 个 OTUs, 占到总数的 56% 以上 [图 2(b)].



(a) 基于 Sobs 指数的稀释曲线; (b) OTU 水平上的 Venn 图; (c) 和 (d) PCoA 分析

图 2 稀释曲线, Venn 图和 PCoA 分析

Fig. 2 Dilution curve, Venn diagram, and PCoA analysis results

再者, 基于 PCoA 分析结果, 可以发现各取样点土壤中细菌群落结构受取样点地理位置的影响较明显, 且不同深度样品间也存在一定程度的差异 [图 2(c)], 即 30 cm 深度样品的离散程度略高于 60 cm [图 2(a) 和 2(d)].

整体上, 非生长季里, 虽然不同深度土样中细菌

群落多样性的差异不大, 但是上部即 30 cm 处样品中 OTU 的丰富度要略高于 60 cm 处样品中 OTU 的丰富度, 样品的离散程度也相对明显. 显然, 深度差异对细菌群落结构产生了一定程度的影响.

2.2 优势细菌门类变化差异

在分析不同深度样品细菌群落结构特征的基础

响,不同取样点样品的细菌群落结构存在一定程度的空间差异,但各取样点上优势细菌门类的组成基本一致,平均相对丰度排在前 15 位的菌属及 OTUs 类型也基本一致. 不过,随着深度变化,样品中优势菌门、菌属和 OTUs 的相对丰度占比却出现逐渐明显的差异.

在门水平上,放线菌(Actinobacteriota)、变形菌(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、浮游菌门(Planctomycetota)、Methylomirabilota 和 Crenarchaeota 等 8 个细菌门类的相对丰度占比均超过 1%,且均存在于 30 cm 和 60 cm 样品中(图 3). 此外,30 cm 样品中拟杆菌(Firmicutes)、粘球菌(Myxococcota)以及 GAL15 的相对丰度占比超过 1%;而 60 cm 土样中,疣微菌(Verrucomicrobiota)和 unclassified_k_norank_d_bacteria 的相对丰度占比也超过了 1%(图 4). 比较来看,在 30~60 cm,以 GAL15、Verrucomicrobiota 和 Firmicutes 等为主的 7 个优势细菌门类的相对丰度占比的变化幅度较为明显(如以 30 cm 样品相对丰度为基准). 相对地,Crenarchaeota 相对丰度占比的变异幅度最小(图

4).

在菌属及 OTU 水平上,相对丰度占比前 15 位的菌属和 OTUs 在 30 cm 和 60 cm 样品间的差异则更加明显. 其中, *norank_f_67-14* (属于 Actinobacteriota 门) 和 *norank_f_Geminicoccaceae* (属于 Proteobacteria 门) 相对减少幅度最大,而 *norank_f_Gemmatimonadaceae* (属于 Gemmatimonadota 门) 和 *norank_f_norank_o_Actinomarinales* (属于 Actinobacteriota 门) 的相对增加幅度最大(图 4); 相对地, OTU10574 (属于 Proteobacteria 门 *Pseudomonas* 属) 和 OTU10423 (属于 Actinobacteriota 门 *norank_f_norank_o_Gaiellales* 属) 的相对增加幅度最大,而 OTU16029 和 OTU10412 (均属于 Crenarchaeota 门 *norank_f_Nitrososphaeraceae* 属) 的相对减少幅度最大(图 4).

整体上,相对丰度占比前 15 位的 OTUs,分别属于 5 个菌门; 相对丰度占比前 15 位的菌属则属于 7 个菌门. 其中,60 cm 样品中相对丰度占比高于 30 cm 样品的优势细菌门类有 6 个,优势菌属有 5 个,而 OTU 则为 8 个. 显然,不同深度土壤中的细菌群落结构的确存在一定程度的差异,即使同一细菌门



相同的颜色表示属于同一细菌门类

图 4 优势细菌门、属和 OTUs 等的相对丰度占比在 30 cm 和 60 cm 样品间差异

Fig. 4 Relative abundance changes in dominant phyla, genera, and OTUs between 30 cm and 60 cm

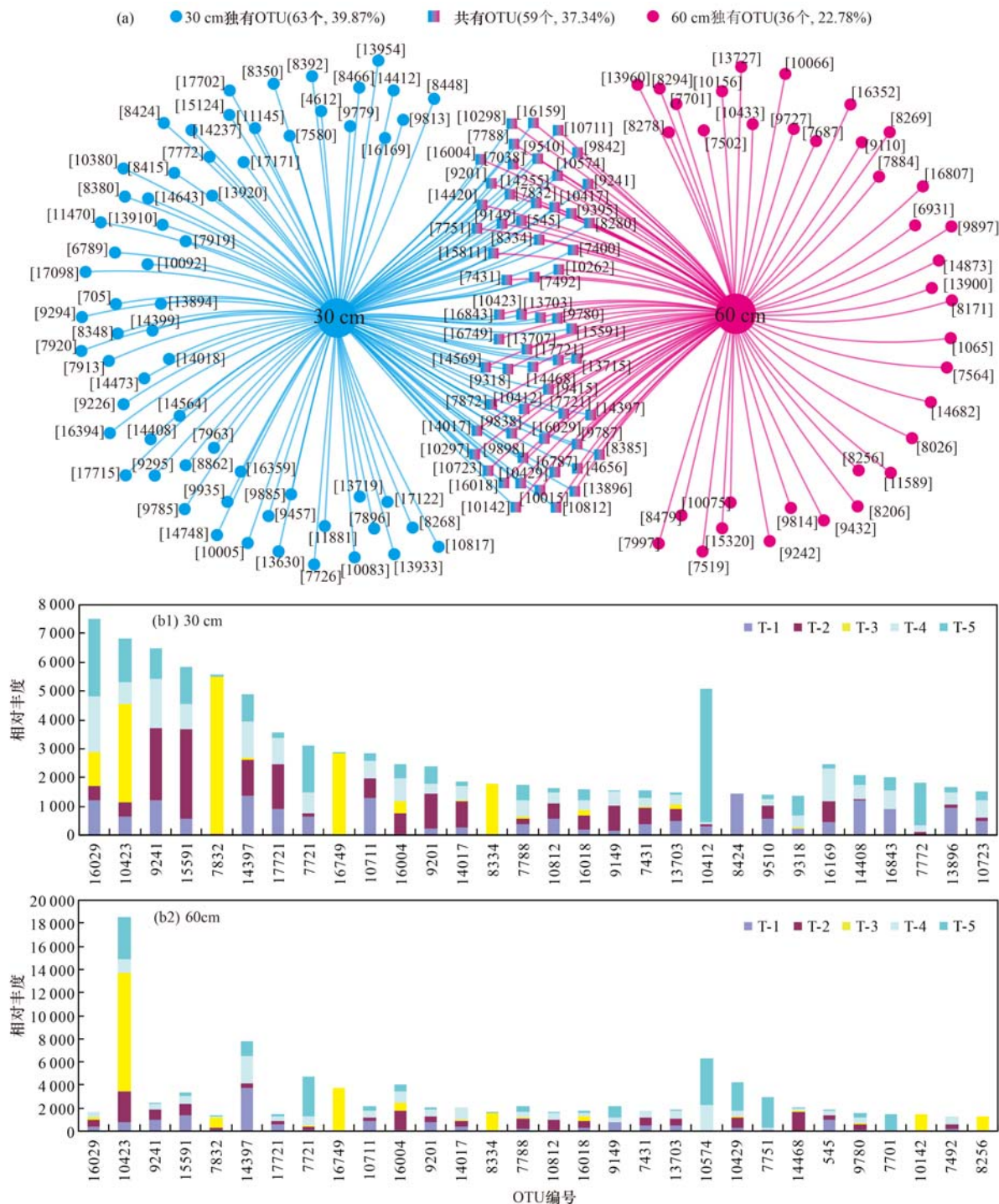
类,所含菌属或 OTU 相对丰度占比变化情况也存在差异。

2.3 细菌群落垂向结构差异

在细菌门类差异分析的基础上,利用空间共现性网络分析,在菌属及 OTU 水平上,对 30 cm 和 60 cm 深度土样中细菌群落结构差异进行了对比。其中,网络分析以 5 个取样点物种相对丰度值求和计

算得出,以相对丰度值 ≥ 500 为基准进行空间共现性网络分析。

网络共现性分析结果显示,30 cm 样品中独有 OTU 个数为 63 个,占全部 OTU 数量的 39.87%,而 60 cm 样品中独有 OTU 个数为 36 个,占全部 OTU 数量的 22.78%。相应地,在两类样品中都出现的 OTU 数量为 59 个,占比约为 37.34% [图 5(a)]。显



(a) OTU 水平上 30 cm 和 60 cm 土壤中细菌群落结构的网络共现性,如“[13954]”等其括号内数字表示 OTU 编号,括号无意义; (b1) 30 cm 和 (b2) 60 cm 显示土壤中相对丰度值前 30 位的 OTUs 空间差异

图 5 共现性网络分析及优势 OTUs 相对丰度值的空间差异

Fig. 5 Co-occurrence network analysis and spatial difference of abundance of dominant OTUs

然,在不同深度的样品中,OTU 占比情况说明两类样品间物种组成既存在密切的联系,又各具特征。

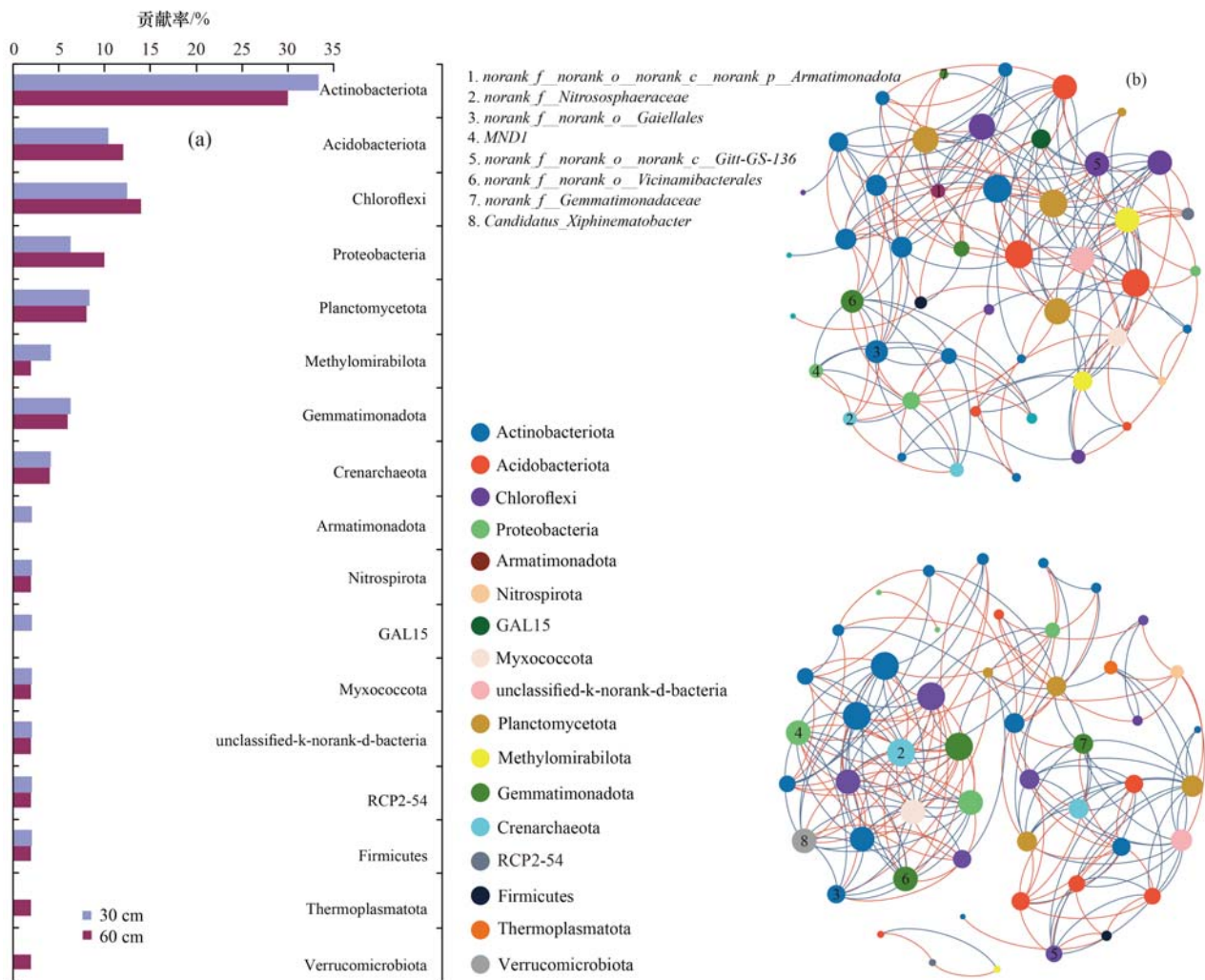
在相对丰度值排在前 30 位的 OTUs 中(如果以相对丰度 ≥ 500 为依据,则涉及约 100 个 OTUs,如图 5(a) 所示,因此这里仅选择相对丰度值(求和)排在前 30 位的 OTUs 进行差异分析),在 30 cm 和 60 cm 样品中均出现的 OTUs 有 20 个[图 5(b)].虽然多数 OTUs 为两者共有,但是不同 OTU 在不同深度样品中的相对丰度差异明显.例如,OTU10423(属于 *norank_f_Nitrososphaeraceae* 属)作为 Crenarchaeota 门的重要组成部分,其在 30 cm 样品中的相对丰度值总和为 6 830,但在 60 cm 样品中相对丰度值总和则突然增加到 18 492,成为相对丰度最高的 OTU.相对地,在 30 cm 样品中,OTU16029(属于 *norank_f_Nitrososphaeraceae* 属)的相对丰度值最高.另外,OTU10412(属于 *norank_f_Nitrososphaeraceae* 属)在 30 cm 样品中的相对丰度值最高[图 5(b1)],而 OTU10574(属于 *Pseudomonas*

属)在 60 cm 样品中的相对丰度最高[图 5(b2)].由于取样点地理位置的差异,不同 OTUs 的相对丰度表现出了空间差异。

当然,通过相对丰度前 30 位 OTUs 的样品间差异比较,初步显示了不同深度样品生物群落垂直向间的差异.在此,为了进一步分析这种差异性的生态群落意义,对不同优势菌门、菌属在生态群落中的贡献程度进行了再次分析(图 6).

在门类水平上,Actinobacteriota 的结构贡献度最高,且在 30 cm 样品中的结构贡献率略高于 60 cm 样品,显示 Actinobacteriota 在草地细菌群落结构稳定性方面起着重要作用.对于其他菌门,如 Acidobacteriota、Chloroflexi 和 Proteobacteria 等,在 60 cm 样品中的结构贡献率略高.特别地,Thermoplasmata 和 Verrucomicrobiota 在 30 cm 样品中的贡献率为 0,而 Armatimonadota 和 GAL15 在 60 cm 样品中的贡献率为 0[图 6(a)].

进一步,分别选取 Crenarchaeota、



(a) 30 cm 和 60 cm 样品中细菌群落结构贡献率门类水平上对比; (b) 30 cm 和 60 cm 样品中细菌群落结构网络

图 6 不同深度样品中细菌网络相关性及其群落差异分析

Fig. 6 Vertical difference of bacterial network correlation and bacterial community

Actinobacteriota、Proteobacteria 和 Chloroflexi 等 8 个优势细菌门类中的 *norank_f_Nitrososphaeraceae*、*norank_f_norank_o_Gaiellales*、*norank_f_Geminicoccaceae*、*norank_f_norank_o_norank_c_Gitt-GS-136* 和 *Candidatus_Xiphinematobacter* 等 8 个菌属的生态结构贡献率变化作对比分析[图 6(b)],结果显示在属水平上,不同深度样品细菌群落结构中优势菌属的贡献程度变化与所属菌门群落结构贡献率以及相对丰度值的变化趋势并不完全一致:如 *norank_f_norank_o_norank_c_norank_p_Armatimonadota* 和 *Candidatus_Xiphinematobacter* 分别在 30 cm 和 60 cm 样品中存在明显的群落结构贡献,既显示了两个菌属在不同深度样品中的生态结构稳定的独特重要性[图 6(b)],又对应了 *Armatimonadota* 和 *Verrucomicrobiota* 门在群落结构中贡献度的变化特征[图 6(a)].再者,虽然 *Crenarchaeota* 在生态结构中的贡献度随着深度的增加变化不大,但是 *norank_f_Nitrososphaeraceae* 的贡献度随着深度的增加则出现较为明显的升高,对应了 60 cm 样品中 OTU10423 相对丰度占比明显增加(图 4);相对地,虽然 *Proteobacteria* 门在 60 cm 样品中的生态结构贡献度明显较高,但是如归属于 *NMD1* 属的 OTU10711 在 30 cm 样品中的相对丰度值却明显高于 60 cm 样品中的相对丰度值[图 5 和图 6(b)].

显然,在草地土壤中,不同深度样品中构成细菌群落结构的优势菌门、菌属乃至 OTUs 的相对丰度与其在细菌群落结构网络中的贡献性高低并没有一一对应.根据分析结果,初步推断源于 *Armatimonadota* 和 *Verrucomicrobiota* 门的 *norank_f_norank_o_norank_c_norank_p_Armatimonadota* 和 *Candidatus_Xiphinematobacter* 可以分别作为 30 cm 和 60 cm 样品细菌群落生态结构中的典型菌属,

开展进一步生态学研究.

2.4 细菌群落生态功能分析

PICRUSt2 是针对 16S 扩增子测序结果进行功能预测的一款升级软件包(软件具体介绍以及功能分析方法见文献[26~28]).基于不同细菌门类往往具有不同的功能特性,在此,主要分析了 30 cm 和 60 cm 草地土壤中细菌群落功能类型的丰度变化差异.

基于 KEGG 代谢通路分析,得到草地土壤 pathway level 3 功能共对应 403 个 ko(功能编号),分别属于 46 类 pathway level 2 功能,6 类 pathway level 1 功能.其中,涉及到“carbon”关键词的功能共有 7 个,其中 ko01200(carbon metabolism)的丰度值最高;涉及到“nitrogen”关键词的功能出现 1 个,即 ko00910(nitrogen metabolism);涉及“phosph”关键词的功能有 9 个,其中 ko00190(oxidative phosphorylation)的丰度值最高.整体上,30 cm 样品中共有 269 个 pathway level 3 功能的相对丰度低于 60 cm 样品,而 ko00190、ko00910 和 ko01200 的相对丰度则均是在 60 cm 样品中较高.

进一步,根据 pathway level 3 功能中 ko 相对丰度大小,对相对丰度位于前 100 位的功能进行了对比分析(图 7).结果显示,相对丰度排在前 100 位的 level 3 功能分别属于:局概览图(global and overview maps)、核苷酸代谢(nucleotide metabolism)、能量代谢(energy metabolism)、碳水化合物代谢(carbohydrate metabolism)、氨基酸代谢(amino acid metabolism)、辅助因子和维生素代谢(metabolism of cofactors and vitamins)、其他氨基酸的代谢(metabolism of other amino acids)、萜类和聚酮类代谢(metabolism of terpenoids and polyketides)、脂质代谢(lipid metabolism)、其他次级代谢产物的生物合成(biosynthesis of other secondary metabolites)、异

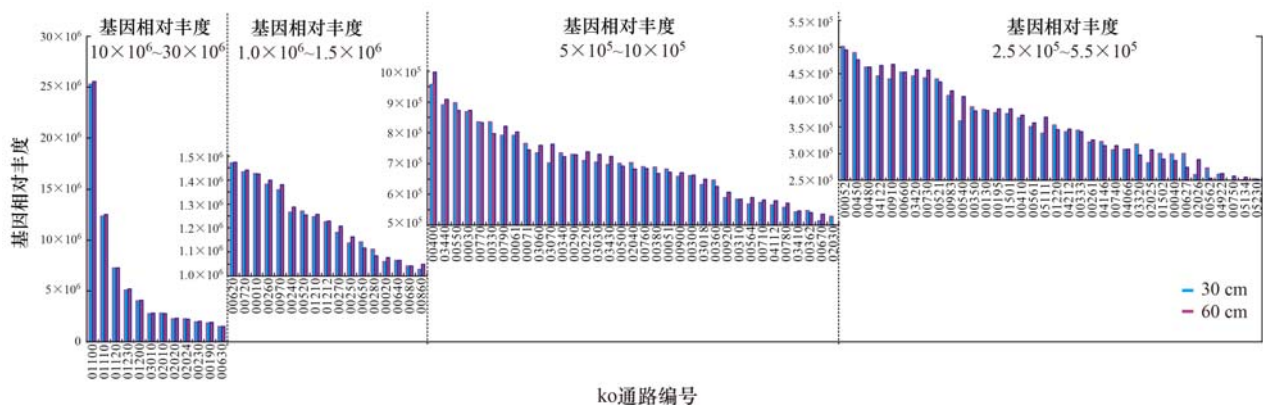


图 7 Pathway level3 功能中相对丰度前 100 位 ko 变化

Fig. 7 Changes in relative abundance of the top 100 ko in the pathway level3

种生物降解和代谢 (xenobiotics biodegradation and metabolism)、聚糖生物合成和代谢 (glycan biosynthesis and metabolism)、复制和修复 (replication and repair)、折叠、分类和降解 (folding, sorting and degradation)、翻译 (translation)、膜输送 (membrane transport)、信号转导 (signal transduction)、细胞群落原核生物 (cellular community-prokaryotes)、细胞能动性 (cell motility)、细胞衰老和死亡 (cell growth and death)、运输和分解代谢 (transport and catabolism)、内分泌系统 (endocrine system)、年龄 (aging)、抗药性抗菌剂 (drug resistance-antimicrobial)、细菌性传染病 (infectious disease-bacterial) 和癌症概述 (cancer-overview) 等 26 个 level 2 功能类别。主要地,代谢功能 (metabolism) 共有 12 类,分别占整体功能丰度的 82.22% (30 cm) 和 82.12% (60 cm); 遗传信息处理 (genetic information processing) 共有 3 类,分别占整体功能丰度的 7.22% (30 cm) 和 7.36% (60 cm); 环境信息处理 (environmental information processing) 共有 2 类,分别占整体功能丰度的 4.77% (30 cm) 和 4.81% (60 cm); 细胞过程 (cellular processes) 共有 4 类,分别占整体功能丰度的 4.14% (30 cm) 和 4.08% (60 cm)。其他功能丰度占比未超过 1%,不再叙述。

整体上,草地土样中细菌群落结构的代谢功能丰度最高,且明显高于其他功能的相对丰度,显示草地土壤细菌群落结构的生态功能以代谢功能为主。虽然 30 cm 样品中代谢功能相对丰度整体略高于 60 cm 样品,但是与 C、N 和 P 代谢有关的 ko00190、ko00910 和 ko01200,其相对丰度均表现出 60 cm 样品中相对丰度略高的特征。当然,个别代谢功能类别,如 ko00400 和 ko00540 的相对丰度同样在 60 cm 样品中较高。

3 讨论

草地土壤中微生物,特别是细菌及古菌,是草地生态系统维持稳定发展的关键组成部分之一,也是土壤有机质分解、元素迁移和转换等过程的重要参与者^[29~31]。放牧制度差异和大气降水、温度变化等气象因子的改变往往对草地土壤中的细菌群落等产生不同程度的影响^[32]。当然,不同细菌生态功能群落对环境因子改变响应过程也存在一定程度的差异,且草原土壤中 C、N 和 P 元素含量变化与微生物群落结构密切相关^[33,34]。

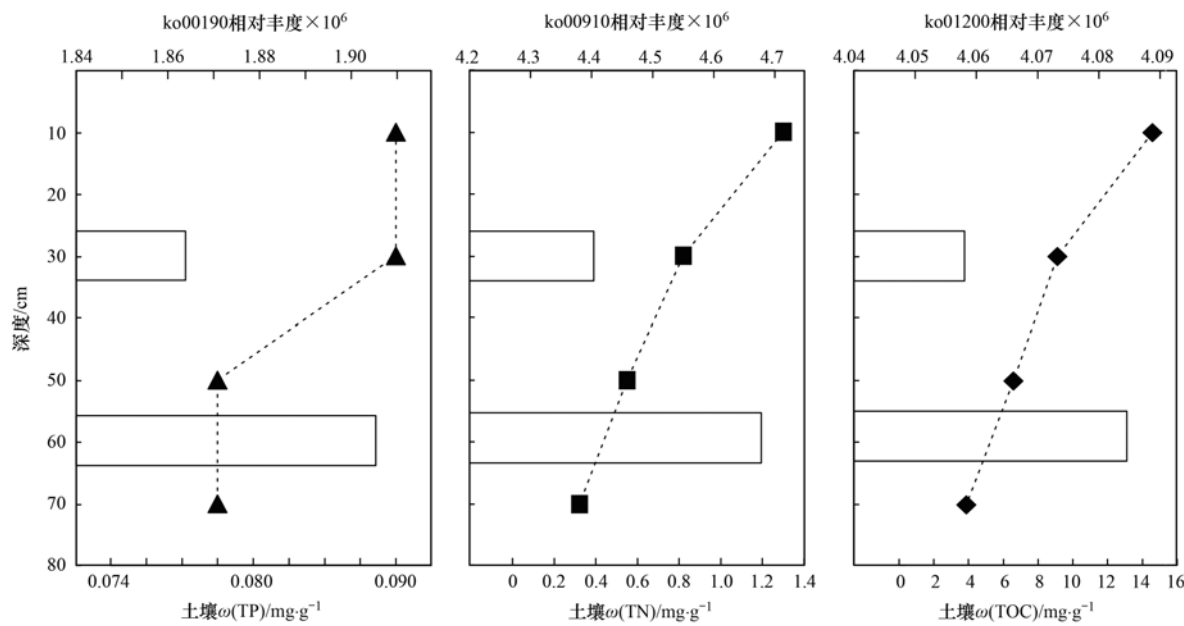
首先,随着深度增加,草地土壤中优势细菌群落结构发生了一定程度的变化。例如,作为草地土

壤中相对丰度占比最高的优势细菌门类, Actinobacteriota 相对丰度占比伴随深度的增加出现了近 10% 的下降,而 Proteobacteria 和 Chloroflexi 的相对丰度占比则分别出现近 17% 和 19% 的增加 (图 4),最终导致在细菌群落结构中, Actinobacteriota 的细菌群落结构贡献度在 60 cm 样品中相对下降,而 Proteobacteria 和 Chloroflexi 的细菌群落结构贡献度在 60 cm 样品中相对上升。当然,通过基于菌属及 OTU 水平上的进一步分析,可以发现细菌菌属结构的变化在不同深度草地土壤中扮演更为重要的角色,更能反映草地土壤细菌群落结构随深度变化过程中的关键特征^[35]。例如,虽然在 60 cm 样品中 Chloroflexi 细菌群落结构贡献度比 30 cm 样品中有所升高,且其所含的 OTU16004 相对丰度由 0.93% (30 cm) 上升到 1.44% (60 cm),对应所属的 *norank_f_norank_o_norank_c_Gitt-GS-136* 菌属相对丰度也略有上升 (图 4),但该菌属在 60 cm 样品中的群落结构贡献度却有所下降 (图 6); 再者, OTU16029 和 OTU10423 均属于 *norank_f_Nitrososphaeraceae* 属,但是两者由 30 cm 样品中的相对丰度占比 2.85% 和 2.54% 分别转变为 60 cm 样品中的 0.61% 和 6.66% (图 4),出现明显的差异变化。当然,尽管 *norank_f_Nitrososphaeraceae* 属相对丰度随深度变化出现了小幅度下降,基本对应了 Crenarchaeota 菌门群落结构贡献度的小幅下降,但是 *norank_f_Nitrososphaeraceae* 在 60 cm 样品中的群落结构贡献度却有明显提升 (图 6)。显然,草地土壤中部分细菌门类或菌属相对丰度的变化并不是其群落结构贡献率的主要决定性因素,特别是如 *norank_f_norank_o_norank_c_norank_p_Armatimonadota* (属于 Armatimonadota,但未分类) 和 *Candidatus_Xiphinematobacter* (属于 Verrucomicrobiota,干旱区草地土壤的优势菌属之一^[36]) 虽然分别是 30 cm 和 60 cm 样品中细菌群落结构组成中的关键菌属,但 Armatimonadota 和 Verrucomicrobiota 的相对丰度却并不占据优势,这一结果也将为在研究区开展不同深度草地土壤中细菌群落结构及其群落稳定性分析提供特征菌属筛选依据,可以进一步结合不同深度土壤理化指标的具体变化,如含水率和 pH 值等^[35],开展相关细菌门类,特别是未分类关键菌属的生态学研究。

再者,植物的细菌群落结构与土壤 C、N 和微生物群落密切相关^[37],有研究报道在草原上植物物种的多样性对土壤微生物的功能和酶具有很大的影响^[38]。例如, Actinobacteria 能促使土壤中的动物和

植物遗骸腐烂^[39],而相对丰度及群落结构贡献度随深度增加而下降可能正是对应了无论在封育还是在放牧型草地中 C、N 和 P 等元素均出现伴随深度增加相对含量下降的变化趋势^[40].而通过代谢通路中不同 ko 相对丰度的对比,发现 60 cm 样品中与 C、N 和 P 元素代谢有关的 ko00190、ko00910 和 ko01200 功能相对丰度均出现增加(图 7),这进一步对应了土壤细菌群落生态功能以代谢功能为主的

分析结果,即通过代谢功能丰度的增加进而减少了土壤中 C、N 和 P 元素的含量^[41,42](图 8).显然,由于土壤中细菌群落功能基因的核心和附属成分会对环境因子产生差异响应^[43],这导致细菌群落的丰富度和组成结构存在不同的变化特征,即伴随深度及外部环境的改变,土壤中细菌群落功能基因的核心成分和附属成分可能均会发生变化,但不同功能基因的响应程度不同^[44].



TP:总氮,TP:总磷,TOC:总有机碳; TP、TN 和 TOC 含量数据来自文献[42]; 柱状图对应功能相对丰度,数据点对应含量

图 8 草地土壤中 ko00190、ko00910 和 ko01200 功能相对丰度及土壤 TP、TN 和 TOC 含量垂向变化

Fig. 8 Vertical changes in relative functional abundances of ko00190, ko00910, and ko01200 and contents of TP, TN, and TOC in grassland soil

整体上,虽然分析结果显示不同深度草地土壤中优势细菌门类结构并没有发生明显的改变,但是菌属和 OTU 等相对丰度进一步分析结果却逐渐显示了细菌群落结构特征随深度增加出现变化,并显示不同深度土壤细菌群落结构组成中特有菌门或菌属的贡献率存在差异,这将为进一步分析草地土壤细菌群落结构和生态功能空间演变提供理论支撑.

4 结论

(1) 虽然 Actinobacteriota、Proteobacteria、Chloroflexi、Acidobacteriota、Gemmatimonadota、Planctomycetota、Methylomirabilota 和 Crenarchaeota 等相对丰度占比均超过 1%,且均存在于 30 cm 和 60 cm 样中,但其中 60 cm 样中相对丰度高于 30 cm 样的优势菌门有 6 个,优势菌属有 5 个,OTU 则为 8 个.其中, norank_f_67-14(属于 Actinobacteriota)和 norank_f_Geminicoccaceae(属于 Proteobacteria)相对丰度占比减少幅度最大,而 norank_f_Gemmatimonadaceae(属于 Proteobacteria)和 norank_f_norank_o_Actinomarinales(属于 Actinobacteriota)

相对丰度占比增加幅度最大;相对地, OTU10574 (属于 Proteobacteria) 和 OTU10423 (属于 Actinobacteriota)相对丰度占比的增加幅度最大,而 OTU16029 和 OTU10412(属于 Crenarchaeota) 相对丰度占比的减少幅度最大.

(2) 不同深度样品中构成细菌群落结构的优势菌门、菌属乃至 OTUs 和细菌群落结构网络贡献性较高的菌门、菌属及 OTUs 并不是一一对应的.特别地,来源于 Armatimonadota 和 Verrucomicrobiota 的 norank_f_norank_o_norank_c_norank_p_Armatimonadota 和 Candidatus_Xiphinematobacter 分别在 30 cm 和 60 cm 样品细菌群落结构中具有较高的贡献度.因此,在对未分类典型菌属开展深入分析的基础上,上述两个菌属可以作为开展研究区草地土壤中细菌群落结构垂向变化的关键菌属进行生态学分析.

(3) 草地土壤细菌群落结构的生态功能以代谢功能为主,且相较于 30 cm 样品,60 cm 样品中与 C、N 和 P 元素代谢功能有关的 ko00190、ko00910 和 ko01200 等相对丰度均出现增加,即通过代谢功能

丰度的增加减少了深层土壤中 C、N 和 P 等典型营养元素的相对含量。

参考文献:

- [1] 中华人民共和国农业部畜牧兽医司, 全国畜牧兽医总站. 中国草地资源[M]. 北京: 中国科学技术出版社, 1996.
- [2] 沈海花, 朱言坤, 赵霞, 等. 中国草地资源的现状分析[J]. 科学通报, 2016, **61**(2): 139-154.
Shen H H, Zhu Y K, Zhao X, *et al.* Analysis of current grassland resources in China [J]. Chinese Science Bulletin, 2016, **61**(2): 139-154.
- [3] 谢高地, 张钰铨, 鲁春霞, 等. 中国自然草地生态系统服务价值[J]. 自然资源学报, 2001, **16**(1): 47-53.
Xie G D, Zhang Y L, Lu C X, *et al.* Study on valuation of rangeland ecosystem services of China [J]. Journal of Natural Resources, 2001, **16**(1): 47-53.
- [4] 方精云, 白永飞, 李凌浩, 等. 我国草原牧区可持续发展的科学基础与实践[J]. 科学通报, 2016, **61**(2): 155-164.
Fang J Y, Bai Y F, Li L H, *et al.* Scientific basis and practical ways for sustainable development of China's pasture regions [J]. Chinese Science Bulletin, 2016, **61**(2): 155-164.
- [5] 刘兴元, 牟月亭. 草地生态系统服务功能及其价值评估研究进展[J]. 草业学报, 2012, **21**(6): 286-295.
Liu X Y, Mu Y T. Research progress in the ecosystem services function and value of grasslands [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2012, **21**(6): 286-295.
- [6] 苏日娜, 俎佳星, 金花, 等. 内蒙古草地生产力及载畜量变化分析[J]. 生态环境学报, 2017, **26**(4): 605-612.
Surina, Zu J X, Jin H, *et al.* Changes in grassland productivity and livestock carrying capacity in Inner Mongolia [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2017, **26**(4): 605-612.
- [7] 王占青, 张杰雪, 杨雪莲, 等. 高寒草甸不同斑块草地土壤微生物多样性特征研究[J]. 草地学报, 2021, **29**(9): 1916-1926.
Wang Z Q, Zhang J X, Yang X L, *et al.* Characteristics of soil microbial diversity in different patches of alpine meadow [J]. Acta Agrestia Sinica, 2021, **29**(9): 1916-1926.
- [8] 张杨建, 朱军涛, 沈若楠, 等. 放牧对草地生态系统影响的研究进展[J]. 植物生态学报, 2020, **44**(5): 553-564.
Zhang Y J, Zhu J T, Shen R N, *et al.* Research progress on the effects of grazing on grassland ecosystem [J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2020, **44**(5): 553-564.
- [9] 于钊, 李奇铮, 王培源, 等. 退化和恢复过程驱动的荒漠草地生态系统有机碳密度变化[J]. 中国沙漠, 2022, **42**(2): 215-222.
Yu Z, Li Q Z, Wang P Y, *et al.* Changes of organic carbon density in desert steppe ecosystem driven by degradation and restoration [J]. Journal of Desert Research, 2022, **42**(2): 215-222.
- [10] 刘啸林, 闫鑫宇, 刘珂彤, 等. 草地生态系统微生物群落对季节性水淹的响应[J]. 河南师范大学学报(自然科学版), 2021, **49**(6): 47-54.
Liu X L, Yan X Y, Liu K T, *et al.* Responses of soil microbial community to seasonal flooding in a grassland ecosystem [J]. Journal of Henan Normal University (Natural Science Edition), 2021, **49**(6): 47-54.
- [11] 孙华方, 李希来, 金立群, 等. 黄河源人工草地土壤微生物多样性对建植年限的响应[J]. 草业学报, 2021, **30**(2): 46-58.
Sun H F, Li X L, Jin L Q, *et al.* Change over time in soil microbial diversity of artificial grassland in the Yellow River source zone [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2021, **30**(2): 46-58.
- [12] Takriti M, Wild B, Schnecker J, *et al.* Soil organic matter quality exerts a stronger control than stoichiometry on microbial substrate use efficiency along a latitudinal transect [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, **121**: 212-220.
- [13] Ling N, Chen D M, Guo H, *et al.* Differential responses of soil bacterial communities to long-term N and P inputs in a semi-arid steppe [J]. Geoderma, 2017, **292**: 25-33.
- [14] Zhou S T, Xue K, Zhang B, *et al.* Spatial patterns of microbial nitrogen-cycling gene abundances along a precipitation gradient in various temperate grasslands at a regional scale [J]. Geoderma, 2021, **404**, doi: 10.1016/j.geoderma.2021.115236.
- [15] Liu W X, Jiang L, Yang S, *et al.* Critical transition of soil bacterial diversity and composition triggered by nitrogen enrichment [J]. Ecology, 2020, **101**(8), doi: 10.1002/ecy.3053.
- [16] Chen D M, Cheng J H, Chu P F, *et al.* Regional-scale patterns of soil microbes and nematodes across grasslands on the Mongolian Plateau: relationships with climate, soil, and plants [J]. Ecography, 2015, **38**(6): 622-631.
- [17] Jia Z, Li P, Wu Y T, *et al.* Deepened snow cover alters biotic and abiotic controls on nitrogen loss during non-growing season in temperate grasslands [J]. Biology and Fertility of Soils, 2021, **57**(2): 165-177.
- [18] 李梦娇, 李政海, 鲍雅静, 等. 呼伦贝尔草原载畜量及草畜平衡调控研究[J]. 中国草地学报, 2016, **38**(2): 72-78.
Li M J, Li Z H, Bao Y J, *et al.* The study on grassland carrying capacity and regulatory approaches of livestock-feeds balance in Hulunbuir grassland [J]. Chinese Journal of Grassland, 2016, **38**(2): 72-78.
- [19] 滑永春, 萨如拉, 王冰. 内蒙古草原 NPP 时空变化及驱动力 [J]. 中国沙漠, 2021, **41**(5): 130-139.
Hua Y C, Sa R L, Wang B. Spatial and temporal variation of grassland NPP and its driving forces in Inner Mongolia [J]. Journal of Desert Research, 2021, **41**(5): 130-139.
- [20] Yu Z H, Hu X J, Wei D, *et al.* Long-term inorganic fertilizer use influences bacterial communities in Mollisols of Northeast China based on high-throughput sequencing and network analyses [J]. Archives of Agronomy and Soil Science, 2019, **65**(10): 1331-1340.
- [21] 孙欣, 汪诗平, 林巧燕, 等. 基于分子生态学网络探究西藏草地放牧对土壤微生物群落的影响 [J]. 微生物学通报, 2015, **42**(9): 1818-1831.
Sun X, Wang S P, Lin Q Y, *et al.* Molecular ecological network analyses revealing the effects of livestock grazing on soil microbial community in the Tibetan grassland [J]. Microbiology China, 2015, **42**(9): 1818-1831.
- [22] 李文宝, 杨旭, 田雅楠, 等. 冰封状态下达里湖冰-水中浮游细菌群落结构差异 [J]. 环境科学, 2021, **42**(5): 2276-2286.
- [23] Li W B, Yang X, Tian Y N, *et al.* Changes in the bacterioplankton community Between "Ice" and "Water" in the frozen Dali Lake [J]. Environmental Science, 2021, **42**(5): 2276-2286.
- [24] Ye J, Joseph S D, Ji M K, *et al.* Chemolithotrophic processes in the bacterial communities on the surface of mineral-enriched biochars [J]. The ISME Journal, 2017, **11**(5): 1087-1101.
- [25] Hartmann M, Frey B, Mayer J, *et al.* Distinct soil microbial diversity under long-term organic and conventional farming [J]. The ISME Journal, 2015, **9**(5): 1177-1194.
- [25] 陈兆进, 丁传雨, 朱静亚, 等. 丹江口水库枯水期浮游细菌

- 群落组成及影响因素研究[J]. 中国环境科学, 2017, **37**(1): 336-344.
- Chen Z J, Ding C Y, Zhu J Y, *et al.* Community structure and influencing factors of bacterioplankton during low water periods in Danjiangkou reservoir[J]. China Environmental Science, 2017, **37**(1): 336-344.
- [26] Tang R Q, Wei Y R, Li Y M, *et al.* Gut microbial profile is altered in primary biliary cholangitis and partially restored after UDCA therapy[J]. Gut, 2017, **67**(3): 534-571.
- [27] Lu H F, Ren Z G, Li A, *et al.* Deep sequencing reveals microbiota dysbiosis of tongue coat in patients with liver carcinoma[J]. Scientific Reports, 2016, **6**(1), doi: 10.1038/srep33142.
- [28] Zhang J C, Wang X R, Huo D X, *et al.* Metagenomic approach reveals microbial diversity and predictive microbial metabolic pathways in Yucha, a traditional Li fermented food [J]. Scientific Reports, 2016, **6**(1), doi: 10.1038/srep32524.
- [29] 赵轻舟, 王艳芬, 崔骁勇, 等. 草地土壤微生物多样性影响因素研究进展[J]. 生态科学, 2018, **37**(3): 204-212.
- Zhao Q Z, Wang Y F, Cui X Y, *et al.* Research progress of the influence factors of soil microbial diversity in grassland [J]. Ecological Science, 2018, **37**(3): 204-212.
- [30] Córdova S C, Olk D C, Dietzel R N, *et al.* Plant litter quality affects the accumulation rate, composition, and stability of mineral-associated soil organic matter [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, **125**: 115-124.
- [31] 邹雨坤, 张静妮, 杨殿林, 等. 不同利用方式下羊草草原土壤生态系统微生物群落结构的 PLFA 分析[J]. 草业学报, 2011, **20**(4): 27-33.
- Zou Y K, Zhang J N, Yang D L, *et al.* Phospholipid fatty acid analysis of microbial community structure under different land use patterns in soil ecosystems of *Leymus chinensis* steppes[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2011, **20**(4): 27-33.
- [32] Li X Y, Sun J, Wang H H, *et al.* Changes in the soil microbial phospholipid fatty acid profile with depth in three soil types of paddy fields in China[J]. Geoderma, 2017, **290**: 69-74.
- [33] Fu X L, Yang F T, Wang J L, *et al.* Understory vegetation leads to changes in soil acidity and in microbial communities 27 years after reforestation[J]. Science of the Total Environment, 2015, **502**: 280-286.
- [34] Li X L, Zhang J L, Gai J P, *et al.* Contribution of arbuscular mycorrhizal fungi of sedges to soil aggregation along an altitudinal alpine grassland gradient on the Tibetan Plateau [J]. Environmental Microbiology, 2015, **17**(8): 2841-2857.
- [35] 李茂森, 高卫锴, 任天宝, 等. 遵义烟区不同海拔下植烟土壤细菌群落及影响因素分析[J]. 作物杂志, 2021, (6): 193-198.
- Li M S, Gao W K, Ren T B, *et al.* Analysis of bacterial community and influencing factors in tobacco soil at different altitudes in Zunyi[J]. Crops, 2021, (6): 193-198.
- [36] 王泽铭, 李传虹, 马巧丽, 等. 湿度盐度 pH 协同驱动锡林河景观疣微菌群空间异质性[J]. 微生物学报, 2021, **61**(6): 1728-1742.
- Wang Z M, Li C H, Ma Q L, *et al.* Moisture, salinity and pH co-driving spatial heterogeneity of *Verrucomicrobial* populations in Xilin River landscape[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2021, **61**(6): 1728-1742.
- [37] Yang W, Guo X J, Wang Q. Contribution of different arbuscular mycorrhizal fungal inoculum to *Elymus nutans* under nitrogen addition[J]. Annals of Microbiology, 2018, **68**(10): 689-696.
- [38] 杨浩, 胡中民, 郭群, 等. 增雨和氮添加对内蒙古草原土壤氮矿化潜力的影响[J]. 自然资源学报, 2017, **32**(12): 2034-2042.
- Yang H, Hu Z M, Guo Q, *et al.* Influences of precipitation increase and N addition on soil potential N mineralization in inner Mongolia grassland[J]. Journal of Natural Resources, 2017, **32**(12): 2034-2042.
- [39] 李婷婷, 张西美. 全球变化背景下内蒙古草原土壤微生物多样性维持机制研究进展[J]. 生物多样性, 2020, **28**(6): 749-758.
- Li T T, Zhang X M. Research progress of the maintaining mechanisms of soil microbial diversity in Inner Mongolia grasslands under global change[J]. Biodiversity Science, 2020, **28**(6): 749-758.
- [40] 王芳芳, 徐欢, 李婷, 等. 放牧对草地土壤氮素循环关键过程的影响与机制研究进展[J]. 应用生态学报, 2019, **30**(10): 3277-3284.
- Wang F F, Xu H, Li T, *et al.* Effects and mechanisms of grazing on key processes of soil nitrogen cycling in grassland: a review [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2019, **30**(10): 3277-3284.
- [41] Zhang C J, Yang Z L, Shen J P, *et al.* Impacts of long-term nitrogen addition, watering and mowing on ammonia oxidizers, denitrifiers and plant communities in a temperate steppe [J]. Applied Soil Ecology, 2018, **130**: 241-250.
- [42] 朱玉荷, 肖虹, 王冰, 等. 蒙古高原草地不同深度土壤碳氮磷化学计量特征对气候因子的响应[J]. 植物生态学报, 2022, **46**(3): 340-349.
- Zhu Y H, Xiao H, Wang B, *et al.* Stoichiometric characteristics of soil carbon, nitrogen and phosphorus along soil depths in response to climatic variables in grasslands on the Mongolia Plateau[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2022, **46**(3): 340-349.
- [43] Qin J J, Li R Q, Raes J, *et al.* A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing[J]. Nature, 2010, **464**(7285): 59-65.
- [44] Zhang X M, Johnston E R, Wang Y S, *et al.* Distinct drivers of core and accessory components of soil microbial community functional diversity under environmental changes[J]. mSystems, 2019, **4**(5), doi: 10.1128/mSystems.00374-19.

CONTENTS

Research Status and Trend Analysis of Environmental and Health Risk and Control of Persistent, Mobile, and Toxic Chemicals	ZHANG Shao-xuan, CHEN An-na, CHEN Cheng-kang, <i>et al.</i> (3017)
Assessment of the Multidimensional Performances of Food Waste Utilization Technologies in China	YANG Guang, SHI Bo-fen, ZHOU Chuan-bin (3024)
Spatial Network of Urban Heat Environment in Beijing-Tianjin-Hebei Urban Agglomeration Based on MSPA and Circuit Theory	QIAO Zhi, CHEN Jia-yue, WANG Nan, <i>et al.</i> (3034)
Relationship Between Urban Spatial Pattern and Thermal Environment Response in Summer: A Case Study of Hefei City	CHEN Yuan-yuan, YAO Xia-mei, OU Chun, <i>et al.</i> (3043)
Assessment of Emission Reduction Effect of Major Air Pollution Control Measures on PM _{2.5} Concentrations During 13th Five-Year Period in Tianjin	XIAO Zhi-mei, XU Hong, CAI Zi-ying, <i>et al.</i> (3054)
Effect of Clean Heating on Carbonaceous Aerosols in PM _{2.5} During the Heating Period in Baoding	LUO Yu-qian, ZHANG Kai, ZHAO Yu-xi, <i>et al.</i> (3063)
Transport Influence and Potential Sources of PM _{2.5} Pollution for Nanjing	XIE Fang-jian, ZHENG Xin-mei, DOU Tao-tao, <i>et al.</i> (3071)
Impact of Atmospheric Circulation Patterns on Ozone Changes in the Pearl River Delta from 2015 to 2020	WANG Yao, LIU Run, XIN Fan (3080)
Effects of Tropical Cyclones on Ozone Pollution in Hainan Island	FU Chuan-bo, DAN Li, TONG Jin-he, <i>et al.</i> (3089)
Analysis of Causes and Sources of Summer Ozone Pollution in Rizhao Based on CMAQ and HYSPLIT Models	LIN Xin, TONG Ji-long, WANG Yi-fan, <i>et al.</i> (3098)
Health Benefit Evaluation for PM _{2.5} as Well as O ₃ - _{8h} Pollution Control in Chengdu, China from 2016 to 2020	ZHANG Ying, TIAN Qi-qi, WEI Xiao-yu, <i>et al.</i> (3108)
Impacts of COVID-19 Lockdown on Air Quality in Shenzhen in Spring 2022	LIU Chan-fang, ZHANG Ao-xing, FANG Qing, <i>et al.</i> (3117)
Emission Inventory of Airborne Pollutants from Biomass Combustion in Guizhou Province	WANG Yan-ni, YANG Jing-ting, HUANG Xian-feng, <i>et al.</i> (3130)
Main Chemical Components in Atmospheric Precipitation and Their Sources in Xi'an	ZHOU Dong, HUANG Zhi-pu, LI Si-min, <i>et al.</i> (3142)
Distribution, Respiratory Exposure, and Traceability of Atmospheric Microplastics in Yichang City	LIU Li-ming, WANG Chao, GONG Wen-wen, <i>et al.</i> (3152)
Hydrochemical Evolution in the Yarlung Zangbo River Basin	JIANG Ping, ZHANG Quan-fa, LI Si-yue (3165)
Temporal and Spatial Distribution Characteristics and Source Analysis of Nitrate in Surface Water of Wuding River Basin	XU Qi-feng, XIA Yun, LI Shu-jian, <i>et al.</i> (3174)
Seasonal Variation Characteristics and Pollution Assessment of Heavy Metals in Water and Sediment of Taipu River	LUO Peng-cheng, TU Yao-jen, SUN Ting-ting, <i>et al.</i> (3184)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics in Beiyun River Basin in Beijing	JIANG Bao, SUI Shan-shan, SUN Cheng-yi, <i>et al.</i> (3198)
Tracking Riverine Nitrate Sources and Transformations in the Yiluo River Basin by Nitrogen and Oxygen Isotopes	GUO Wen-jing, ZHANG Dong, JIANG Hao, <i>et al.</i> (3206)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of PPCPs in Surface Water and Sediments of Lakes in the Lower Reaches of the Huaihe River	WU Yu-sheng, HUANG Tian-yin, ZHANG Jia-gen, <i>et al.</i> (3217)
Characteristics and Driving Mechanisms of Shallow Groundwater Chemistry in Xining City	LIU Chun-yan, YU Kai-ning, ZHANG Ying, <i>et al.</i> (3228)
Groundwater Pollution Risk Assessment in Plain Area of the Yarkant River Basin	YAN Zhi-yun, ZENG Yan-yan, ZHOU Jin-long, <i>et al.</i> (3237)
Composition Structure and Influence Factors of Bacterial Communities in the Miyun Reservoir	CHEN Ying, WANG Jia-wen, LIANG En-hang, <i>et al.</i> (3247)
Photo-Degradation Mechanism and Pathway for Tetracycline in Simulated Seawater Under Irradiation of Visible Light	XU Heng-tao, FU Xiao-hang, FENG Wei-hua, <i>et al.</i> (3260)
Adsorption Characteristics and Mechanism of Ammonia Nitrogen in Water by Nano Zero-valent Iron-modified Biochar	CHEN Wen-jing, SHI Jun-ling, LI Xue-ting, <i>et al.</i> (3270)
Removal Performance and Mechanism of Potassium Permanganate Modified Coconut Shell Biochar for Cd(II) and Ni(II) in Aquatic Environment	ZHANG Feng-zhi, WANG Dun-qiu, CAO Xing-feng, <i>et al.</i> (3278)
Phosphorus Adsorption in Water and Immobilization in Sediments by Lanthanum-modified Water Treatment Sludge Hydrochar	HE Li-wen, CHEN Yu, SUN Fei, <i>et al.</i> (3288)
Factors Affecting Nitrate Concentrations and Nitrogen and Oxygen Isotope Values of Effluents from Waste Water Treatment Plant	ZHANG Dong, GE Wen-biao, ZHAO Ai-ping, <i>et al.</i> (3301)
Effects of Wastewater Treatment Processes on the Removal Efficiency of Microplastics Based on Meta-analysis	FU Li-song, HOU Lei, WANG Yan-xia, <i>et al.</i> (3309)
Assessment of Critical Loads of Nitrogen Deposition in Natural Ecosystems of China	HUANG Jing-wen, LIU Lei, YAN Xiao-yuan, <i>et al.</i> (3321)
Impacts of Climate Change and Human Activities on NDVI Change in Eastern Coastal Areas of China	JIN Yan-song, JIN Kai, WANG Fei, <i>et al.</i> (3329)
Ecosystem Carbon Storage in Hangzhou Bay Area Based on InVEST and PLUS Models	DING Xue, WANG Liu-zhu, GUI Feng, <i>et al.</i> (3343)
Soil Stoichiometry Characterization in the Oasis-desert Transition Zone of Linze, Zhangye	SUN Xue, LONG Yong-li, LIU Le, <i>et al.</i> (3353)
Vertical Differences in Grassland Bacterial Community Structure During Non- Growing Season in Eastern Ulansuhai Basin	LI Wen-bao, ZHANG Bo-yao, SHI Yu-jiao, <i>et al.</i> (3364)
Distribution Pattern of Bacterial Community in Soil Profile of <i>Larix principis-rupprechtii</i> Forest in Luya Mountain	MAO Xiao-ya, LIU Jin-xian, JIA Tong, <i>et al.</i> (3376)
Effects of Vegetation Types on Carbon Cycle Functional Genes in Reclaimed Soil from Open Pit Mines in the Loess Plateau	ZHAO Jiao, MA Jing, ZHU Yan-feng, <i>et al.</i> (3386)
Effects of Biochar Application on Soil Bacterial Community Diversity and Winter Wheat Growth in Wheat Fields	YAO Li-ru, LI Wei, ZHU Yuan-zheng, <i>et al.</i> (3396)
Effects of Different Planting Years of <i>Dendrocalamus brandisii</i> on Soil Fungal Community	ZHU Shu-hong, HUI Chao-mao, ZHAO Xiu-ting, <i>et al.</i> (3408)
Effects of Biochar Amendment on N ₂ O Emission and Its Functional Genes in Pepper Growing Soil in Tropical Areas	CHEN Qi-qi, WANG Zi-jun, CHEN Yun-zhong, <i>et al.</i> (3418)
Effects of Mulching and Application of Organic and Chemical Fertilizer on Greenhouse Gas Emission and Water and Nitrogen Use in Summer Maize Farmland	JIANG Hong-li, LEI Qi, ZHANG Biao, <i>et al.</i> (3426)
Effects of Different Types of Plastic Film Mulching on Soil Quality, Root Growth, and Yield	MU Xiao-guo, GAO Hu, LI Mei-hua, <i>et al.</i> (3439)
Pollution Assessment and Source Analysis of Heavy Metals in Atmospheric Deposition in a Lead-zinc Smelting City Based on PMF Model	CHEN Ming, WANG Lin-ling, CAO Liu, <i>et al.</i> (3450)
Characterization and Health Risk of Heavy Metals in PM _{2.5} from Road Fugitive Dust in Five Cities of Yunnan Province	HAN Xin-yu, GUO Jin-yuan, SHI Jian-wu, <i>et al.</i> (3463)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metals in Surface Dusts and Surrounding Green Land Soils from Yellow River Custom Tourist Line in Lanzhou	LI Jun, LI Kai-ming, WANG Xiao-huai, <i>et al.</i> (3475)
Source Apportionment and Pollution Assessment of Soil Heavy Metal Pollution Using PMF and RF Model: A Case Study of a Typical Industrial Park in Northwest China	GAO Yue, LÜ Tong, ZHANG Yun-kai, <i>et al.</i> (3488)
Source Analysis of Soil Heavy Metals in Agricultural Land Around the Mining Area Based on APCS-MLR Receptor Model and Geostatistical Method	ZHANG Chuan-hua, WANG Zhong-shu, LIU Li, <i>et al.</i> (3500)
Source Analysis of Heavy Metals in Typical Farmland Soils Based on PCA-APCS-MLR and Geostatistics	WANG Mei-hua (3509)
Characteristics and Risk Evaluation of Heavy Metal Contamination in Paddy Soils in the Three Gorges Reservoir Area	LIU Ya-jun, LI Cai-xia, MEI Nan, <i>et al.</i> (3520)
Health Risk Assessment and Environmental Benchmark of Heavy Metals in Cultivated Land in Wanjiang Economic Zone	LIU Hai, WEI Wei, SONG Yang, <i>et al.</i> (3531)
Evaluation and Source Analysis of Soil Heavy Metal Pollution in a Planting Area in Wanquan District, Zhangjiakou City	AN Yong-long, YIN Xiu-lan, LI Wen-juan, <i>et al.</i> (3544)
Heavy Metal Concentration, Source, and Pollution Assessment in Topsoil of Chuzhou City	TANG Jin-lai, ZHAO Kuan, HU Rui-xin, <i>et al.</i> (3562)
Analysis on the Distribution Characteristics and Influence Mechanism of Migration and Transformation of Heavy Metals in Mining Wasteland	WEI Hong-bin, LUO Ming, XIANG Lei, <i>et al.</i> (3573)
Ecological Risk Assessment and Source Apportionment of Heavy Metals in Mineral Resource Base Based on Soil Parent Materials	WEI Xiao-feng, SUN Zi-jian, CHEN Zi-ran, <i>et al.</i> (3585)
Enrichment Characteristics of Heavy Metals and Health Risk in Different Vegetables	QI Hao, ZHUANG Jian, ZHUANG Zhong, <i>et al.</i> (3600)
Health Risk Assessment of Heavy Metals in Soil and Wheat Grain in the Typical Sewage Irrigated Area of Shandong Province	WANG Fei, FEI Min, HAN Dong-nui, <i>et al.</i> (3609)
Prediction of Cadmium Uptake Factor in Wheat Based on Machine Learning	NIU Shuo, LI Yan-ling, YANG Yang, <i>et al.</i> (3619)