

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)	

植被类型对黄土高原露采矿山复垦土壤碳循环功能基因的影响

赵姣^{1,2}, 马静¹, 朱燕峰², 于昊辰², 张琦³, 陈孚^{1,2*}

(1. 河海大学公共管理学院, 南京 211110; 2. 中国矿业大学矿山生态修复教育部工程研究中心, 徐州 221116; 3. 南京大学地理与海洋科学学院, 南京 210093)

摘要: 植被恢复可有效地改善矿区生态环境, 提升生态服务功能, 促进生态系统固碳增汇。但目前矿区植被恢复影响土壤碳循环相关功能基因的机制尚缺乏深入研究。为此, 采集黄土高原黑岱沟露天矿排土场复垦区草地 (GL)、灌丛 (BL)、针叶林 (CF)、阔叶林 (BF) 和针阔混交林 (MF) 共 25 个表层土壤样品, 利用实时荧光定量 PCR 技术测定土壤碳循环功能基因绝对丰度, 探究不同植被类型对土壤碳循环相关功能基因的影响及内在机制。结果表明: ①不同植被类型对矿区复垦土壤化学性质和碳循环相关功能基因丰度影响差异显著 ($P < 0.05$), GL 和 BL 对土壤有机碳、全氮和硝态氮的积累显著优于 CF ($P < 0.05$); ②所有碳固定基因中 *rbcL*、*acsA* 和 *mct* 的丰度最高, BF 土壤中碳循环相关功能基因丰度高于其它类型, 与 BF 土壤中的铵态氮和 BG 酶活性较高及易氧化有机碳和脲酶活性较低密切相关。碳降解和甲烷代谢功能基因丰度与铵态氮和 BG 酶活性呈显著的正相关, 与有机碳、全氮、易氧化有机碳、硝态氮和脲酶活性呈显著的负相关 ($P < 0.05$); ③不同植被可直接影响土壤 BG 酶活性或影响土壤硝态氮含量从而间接作用于 BG 酶活性, 从而操控碳循环相关功能基因丰度。研究有助于理解不同植被类型对黄土高原矿区土壤碳循环相关功能基因的影响, 为矿区生态修复及生态固碳增汇提供科学依据。

关键词: 植被恢复; 碳降解; 碳固定; 甲烷代谢; 功能基因

中图分类号: X171 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)06-3386-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202206219

Effects of Vegetation Types on Carbon Cycle Functional Genes in Reclaimed Soil from Open Pit Mines in the Loess Plateau

ZHAO Jiao^{1,2}, MA Jing¹, ZHU Yan-feng², YU Hao-chen², ZHANG Qi³, CHEN Fu^{1,2*}

(1. School of Public Administration, Hohai University, Nanjing 211100, China; 2. Engineering Research Center of Ministry of Education for Mine Ecological Restoration, China University of Mining and Technology, Xuzhou 221116, China; 3. School of Geography and Marine Science, Nanjing University, Nanjing 210093, China)

Abstract: Vegetation restoration can effectively improve the ecological environment of mining areas, enhance the ecological service function, and promote the carbon sequestration and sink increase in the ecosystem. The soil carbon cycle plays an important role in the biogeochemical cycle. The abundance of functional genes can predict the material cycling potential and metabolic characteristics of soil microorganisms. Previous studies on functional microorganisms have mainly focused on large ecosystems such as farmland, forest, and wetland, but relatively little attention has been paid to complex ecosystems with great anthropogenic interference and special functions, such as mines. Clarifying the succession and driving mechanism of functional microorganisms in reclaimed soil under the guidance of vegetation restoration is helpful to fully explore how functional microorganisms change with the change in abiotic and biotic conditions. Therefore, 25 topsoil samples were collected from grassland (GL), brushland (BL), coniferous forests (CF), broadleaf forests (BF), and mixed coniferous and broadleaf forests (MF) in the reclamation area of the Heidaigou open pit waste dump on the Loess Plateau. The absolute abundance of soil carbon cycle functional genes was determined using real-time fluorescence quantitative PCR to explore the effect of vegetation restoration on the abundance of carbon cycle-related functional genes in soil and its internal mechanism. The results showed that: ① the effects of different vegetation restoration types on the chemical properties of reclaimed soil and the abundance of functional genes related to the carbon cycle were significantly different ($P < 0.05$). GL and BL showed significantly better accumulation of soil organic carbon, total nitrogen, and nitrate nitrogen ($P < 0.05$) than that in CF. ② The gene abundance of *rbcL*, *acsA*, and *mct* was the highest among all carbon fixation genes. The abundance of functional genes related to carbon cycle in BF soil was higher than that in other types, which was closely related to the high activity of ammonium nitrogen and BG enzymes and the low activity of readily oxidized organic carbon and urease in BF soil. The functional gene abundance of carbon degradation and methane metabolism was positively correlated with ammonium nitrogen and BG enzyme activity and negatively correlated with organic carbon, total nitrogen, readily oxidized organic carbon, nitrate nitrogen, and urease activity ($P < 0.05$). ③ Different vegetation types could directly affect soil BG enzyme activity or affect soil nitrate nitrogen content, thus indirectly affecting BG enzyme activity, in turn manipulating the abundance of functional genes related to the carbon cycle. This study is helpful to understand the effects of different vegetation restoration types on the functional genes related to the carbon cycle in the soil of mining areas on the Loess Plateau and provides a scientific basis for ecological restoration and ecological carbon sequestration and sink enhancement in mining areas.

Key words: vegetation restoration; carbon degradation; carbon fixation; methane metabolism; functional gene

露天采矿是人类对地表生态系统破坏最剧烈的活动, 严重干扰土壤环境和植被生长^[1,2], 继而破坏微生物的生存环境, 导致群落功能稳定性下降^[3]。土壤微生物是维持生物地球化学循环的重要环节^[4], 在响应全球气候变化、维持生态系统功能和

收稿日期: 2022-06-19; 修订日期: 2022-08-22

基金项目: 国家自然科学基金项目 (41907405, 51974313); 江苏省自然科学基金项目 (BK20180641)

作者简介: 赵姣 (1993 ~), 女, 硕士, 工程师, 主要研究方向为矿区生态修复, E-mail: zhaojiao@cumt.edu.cn

* 通信作者, E-mail: chenfu@cumt.edu.cn

稳定等方面意义重大^[5,6]。露天矿山进行植被恢复,能够促进矿区土壤及微生物区系发育^[7~9]。近几年微生物在受损矿山生态修复中的作用已引起关注^[10~12],但多集中于矿区土壤微生物群落与环境因子之间的关联研究^[13,14],如 Guo 等^[13]的研究发现,在大柳塔采煤沉陷区不同植被类型恢复模式下土壤因子对根际细菌和真菌群落组成的影响存在明显差异。Jia 等^[14]的研究发现,在不同季节铜尾矿坝土壤微生物受不同的环境因子影响。然而目前学者对于矿区土壤中发挥特定功能的微生物研究相对较少,尤其是碳循环功能基因仍缺乏深刻认知。

土壤碳循环在生物地球化学循环中具有重要地位,微生物参与其中最重要的几个碳循环过程,如碳降解(有机质的分解)、碳固定(CO_2 转化成有机物)和甲烷代谢(甲烷产生和甲烷氧化)^[5,15]。微生物通过分泌多种酶降解动植物残体来加速碳的转化与迁移,在土壤碳固持中发挥重要作用^[16]。功能基因主要通过编码特定功能蛋白参与微生物的生理生化过程并介导着元素循环,具有指示土壤中生命活动的功能,因此功能基因丰度可以预测土壤微生物的物质循环潜力和代谢特征^[17,18]。微生物碳固定途径主要有:卡尔文循环、还原三羧酸循环、还原乙酰辅酶 A 途径、3-羟基丙酸双循环、3-羟基丙酸/4-羟基丁酸循环和二羧酸/4-羟基丁酸循环这 6 种^[15,19]。通过植物或自养微生物将 CO_2 转化为有机化合物的生物固碳过程以及提高生态系统的碳固定能力,是减少大气中 CO_2 浓度的有效途径^[15],但不同植被因凋落物和根际分泌物不同,从而导致土壤微生物多样性和功能的差异^[13]。前人对于功能微生物的研究主要集中于农田、森林和湿地等大型生态系统^[20~23],但是对于矿山这类人为干扰较大且功能特殊的复杂生态系统的关注相对较少,亟待深入研究。

我国煤炭开采每年损毁土地约 4.88 万 hm^2 ,平均复垦率不足 30%^[8]。与此同时,受损矿区多位于干旱半干旱区,土壤贫瘠缺水且污染重^[24],许多矿山生态工程恢复效果差,主要由于植被-土壤间恢复缺乏协同,功能微生物的激发作用未得到充分发挥,限制了生态系统的恢复力和自维持能力^[25]。因此,厘清植被恢复引导下矿区复垦土壤功能微生物演替及驱动机制,有助于充分挖掘功能微生物如何随着非生物和生物条件的变化而变化^[26]。为此,本文选择黄土高原黑岱沟露天矿排土场不同类型的植被为研究对象,利用实时荧光定量 PCR 技术检测碳循环相关功能基因的丰度,通过探究不同植被类型对复垦土壤碳循环功能基因的影响,揭示碳循环功能基因对不同植被类型的响应机制,旨在为黄土高原受

损矿山环境治理与生态增汇协同提供科学支撑。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

选择内蒙古准格尔旗黑岱沟露天矿排土场复垦区($39^\circ 45' \text{N}$, $111^\circ 16' \text{E}$)为研究区域,该区属典型的温带半干旱大陆性气候,年均气温 7.2°C ,年均降水量 391.6 mm,其中 7~9 月集中了 70%。年蒸发量(1 824.7~2 896.1 mm)远高于降水量。该区为典型黄土沟壑区,海拔为 1 215~1 302 m。黑岱沟露天矿排土场占地面积为 5 124.00 hm^2 ,从 1995 年起陆续开展植被恢复^[27],采用平台和边坡相间布置方式分区种植,分 3 层,每层高差为 30 m。边坡为防止水土流失,主要种植沙棘、柠条、紫穗槐等灌木和沙打旺、苜蓿、草木樨等草本。平台为培肥熟化土壤,主要种植豆科类牧草、沙棘、油松、山杏和小叶杨等植被。

1.2 样品的采集与分析

2020 年 7 月 28 日至 8 月 2 日开展了野外调查,采集草地(GL,紫花苜蓿+长茅草)、灌丛(BL,沙棘)、针叶林(CF,油松 1.5 m $\times$ 2.0 m 间距种植)、阔叶林(BF,小叶杨 1.5 m $\times$ 3.0 m 间距种植)和针阔混交林(MF,油松和小叶杨 1.5 m $\times$ 3.0 m 间距隔行种植)共 5 种植被类型土壤样品。每个样地随机选取 5 个点,每个点收集 0~10 cm 表土 200 g,混合为约 1 000 g 的混合样,总共收集了 25 个混合样(图 1)。土样先过 2 mm 筛网去除砾石和根系等杂质,再将其分为 3 份,一份新鲜土样保存于 -80°C 冰箱用于提取土壤总 DNA 等供定量 PCR 测试;另一份保存于 4°C 冰箱内,供理化性质和酶活性测定;剩余一份室内自然风干,供其他理化性质测试。

土壤 pH 值(水土比为 2.5:1)采用电位法测定(PHC-3C,上海雷磁),土壤有机碳(SOC)采用重铬酸钾水合氧化法测定^[27];全氮(TN)采用半微量凯氏定氮法,铵态氮($\text{NH}_4^+ \text{-N}$)和硝态氮($\text{NO}_3^- \text{-N}$)用氯化钙浸提-紫外分光光度法进行测定^[28],土壤有效磷(AP)采用 NaHCO_3 浸提-钼锑抗比色法^[29]。过氧化氢酶(CAT)活性通过高锰酸钾滴定法进行测定,以 1 g 土壤 1 h 内消耗 $0.02 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1} \text{ KMnO}_4$ 的体积表示; β -葡萄糖苷酶(BG)活性通过硝基酚比色法测定,以培养 1 h 后 1 g 土壤中的对硝基酚的微克数表示;多酚氧化酶(PPO)活性通过邻苯三酚比色法进行测定,以培养 2 h 后 1 g 土壤中紫色没食子素的 mg 数表示;土壤脲酶(URE)用苯酚钠-次氯酸钠比色法进行测定,土壤亮氨酸氨基肽酶(S-LAP)活性用试剂盒检测(Beijing Solarbio Science & Technology

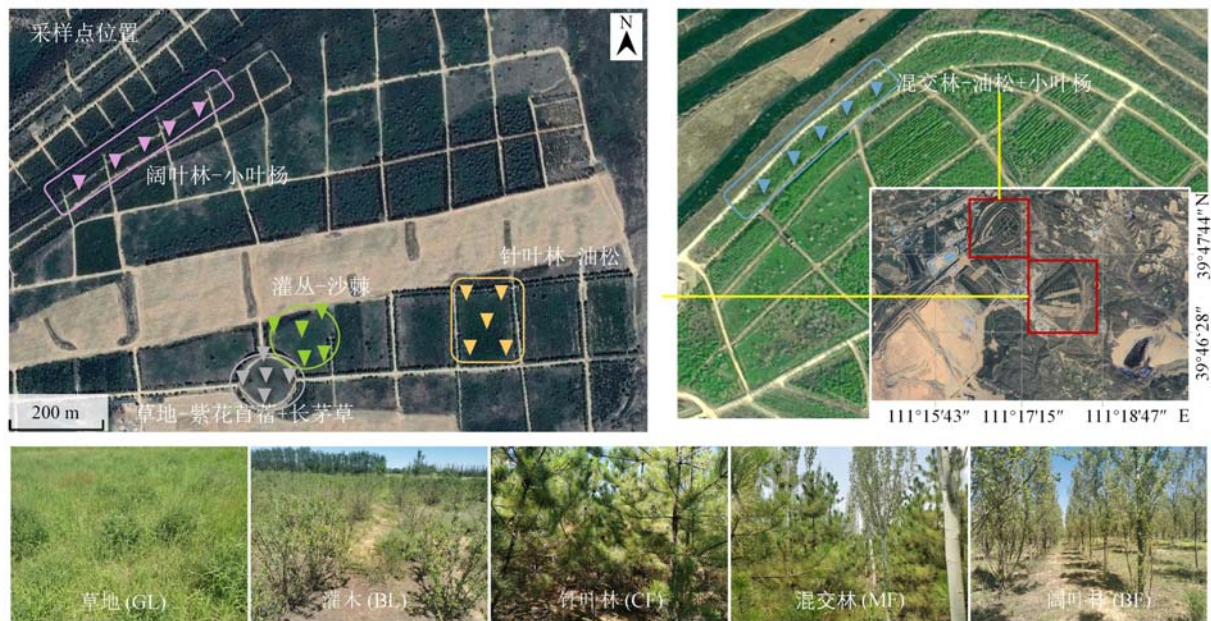


图1 研究区位置和采样点分布示意

Fig. 1 Location of the study area and sampling sites

Co., Ltd.) 分光光度法测定, 土壤碱性磷酸酶活性采用磷酸苯二钠比色法进行测定^[30].

1.3 微生物信息测定

土壤碳循环功能基因丰度采用 QMEC (quantitative microbial element cycling) 基因芯片进行定量测定(美格基因, 广州), 所有的引物均得到验证^[31]. 具体方法是: 按照 MagaBio 土壤 DNA 提取试剂盒方法, 取 0.25 g 土壤样品, 提取土壤 DNA, 用 Qubit 4.0 (Thermo Fisher Scientific, Waltham, USA) 仪器对提取的土壤 DNA 总量及纯度进行检测, 将 DNA 浓度稀释为 $20 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$, 分别将样品板和引物板试剂添加至高通量 qPCR 芯片 SmartChip MyDesign Chip (Takara Biomedical Technology, Clontech) 微孔中, 在 SmartChip 实时 PCR 系统进行扩增, 每个引物组所有 qPCR 反应设 3 个重复, 每次运行有一个对照. 初始酶在 95°C 活化 5 min, 再进行 40 个循环 (95°C 变性 30 s, 58°C 退火 30 s, 72°C 延伸 30 s). 在 SmartChip 实时 PCR 系统执行 qPCR 反应及荧光信号检测, 自动生成扩增和溶解曲线. 使用 Canco 软件获取样本中各基因检出值和扩增循环数 (Ct), 以 16S rRNA 作为内参进行标准化获取样本中各基因的相对定量信息, 再利用 Roche 仪检测 16S rRNA 基因的绝对定量信息, 最终换算其他基因的绝对定量信息^[31,32].

1.4 数据统计与分析

采用单因素 (one-way ANOVA) 方差分析检验不同植被类型间土壤化学性质、酶活性以及土壤碳循环功能基因丰度的差异显著性, 平均值多重比较统

计学检验采用最小显著极差法 (LSD), 通过皮尔逊 (Pearson) 相关性来分析参与碳循环过程的功能基因丰度与环境因子间的相关关系. 利用 R 语言软件进行绘制土壤碳循环功能基因丰度柱形图和与环境因子的相关性热图, 在 Chiplot 平台 (<https://www.chiplot.online/>) 上传数据后, 运算获得土壤酶活性的小提琴图, 使用 Canoco5 中的冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 探讨不同环境因子对碳循环功能基因的影响. 利用 Amos 7.0 软件拟合结构方程模型 (structural equation model, SEM) 分析土壤化学性质、酶活性以及碳循环功能基因丰度间的关系, 其中对土壤碳循环功能基因丰度进行归一化处理^[33], 划分为碳降解、碳固定和甲烷代谢这三大功能类群, 具体公式如下:

$$x' = \left[\sum_{n=1}^n \left(x_i / \sum_{i=1}^i x_i \right) \right] / n$$

$$(i = 1, 2, 3, \dots; n = 1, 2, 3, \dots)$$

式中, x_i 表示样本单个基因的丰度, i 和 n 分别表示所研究的样本数量和基因数量, x' 表示碳降解、碳固定和甲烷代谢微生物功能类群的归一化丰度.

2 结果与分析

2.1 不同植被类型土壤化学性质和酶活性变化

从表 1 可知, 不同植被类型对土壤化学性质的影响存在显著性差异 ($P < 0.05$). 土壤 pH 和铵态氮含量变化趋势基本一致, 均表现为在林地 (CF、BF 和 MF) 土壤中高于 GL 和 BL; 硝态氮含量表现出截然相反的变化趋势, 在 CF 和 BF 土壤中显著低于 GL 和 BL ($P < 0.01$); 土壤有机碳、全氮含

量均呈现出 GL > MF > BL > BF > CF 的趋势；易氧化有机碳含量在 BF 土壤中显著低于其他 4 种植被类型 ($P < 0.01$)。速效磷含量在 BL 和 CF 土壤中较高,在 GL 土壤中含量最低。总体上, GL 和 BL 对土壤有机碳、全氮和硝态氮的积累作用优于 CF。

表 1 不同植被类型土壤化学性质变化¹⁾

Table 1 Change in soil chemical properties among different vegetation types					
参数	草地 (GL)	灌木 (BL)	针叶林 (CF)	混交林 (MF)	阔叶林 (BF)
pH	8.00 ± 0.04bc	7.96 ± 0.03c	8.08 ± 0.04ab	8.15 ± 0.04a	8.11 ± 0.03ab
ω(有机碳)/g·kg ⁻¹	11.44 ± 1.13a	6.83 ± 1.15bc	3.54 ± 0.29d	8.15 ± 0.68b	4.49 ± 0.15cd
ω(全氮)/g·kg ⁻¹	0.65 ± 0.08a	0.45 ± 0.05b	0.26 ± 0.04c	0.50 ± 0.01b	0.28 ± 0.02c
ω(易氧化有机碳)/mg·kg ⁻¹	74.89 ± 0.20a	75.13 ± 0.67a	75.46 ± 0.33a	76.21 ± 0.13a	72.74 ± 0.72b
ω(铵态氮)/mg·kg ⁻¹	6.43 ± 1.14c	7.88 ± 1.19bc	9.87 ± 0.35ab	8.81 ± 0.61abc	11.31 ± 1.00a
ω(硝态氮)/mg·kg ⁻¹	8.25 ± 0.71a	6.32 ± 0.60b	2.27 ± 0.24c	2.38 ± 0.09c	2.11 ± 0.21c
ω(速效磷)/mg·kg ⁻¹	6.74 ± 0.63b	10.71 ± 1.19a	9.12 ± 0.84a	8.48 ± 0.45ab	8.96 ± 0.39ab

1) 数值为平均值 ± 标准差 ($n = 5$), 不同小写字母表示不同植被类型间差异显著 ($P < 0.05$)

不同植被类型对土壤胞外酶活性的影响存在显著差异 ($P < 0.05$, 图 2)。MF 土壤中过氧化氢酶 (CAT) 的活性比 CF 高出 36.39% [图 2(a)]; BF 和 MF 具有最高的 β -葡萄糖苷酶 (BG) 活性, GL 和 BL 次之, CF 土壤的 β -葡萄糖苷酶 (BG) 活性最低 [图 2(b)]; 土壤多酚氧化酶 (PPO) 活性在 GL 和 MF 土壤中显著高于 BL、CF 和 BF [图 2(c)]; 土壤脲酶 (URE) 和碱性磷酸酶 (PHOS) 活性均表现为在 GL 和 BL 土壤中显著高于 CF、MF 和 BF 土壤 [图 2(d) 和 2(f)]; 土壤亮氨酸氨基肽酶 (LAP) 活性在 BL 和 CF

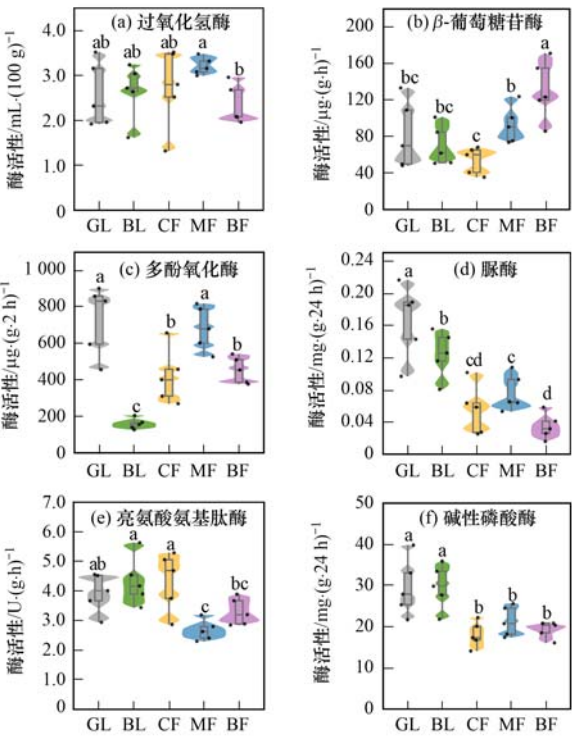
土壤中显著高于 MF 和 BF 土壤 [图 2(e)]。

2.2 不同植被类型对土壤碳降解关键功能基因丰度的影响

定量 PCR 分析结果显示 (图 3), 不同的植被类型之间淀粉 (starch)、半纤维素 (hemicellulose)、纤维素 (cellulose)、几丁质 (chitin)、果胶 (pectin) 和木质素 (lignin) 这 6 类天然碳化合物的降解过程及其相关基因有显著差异 ($P < 0.05$)。其中, 与淀粉降解有关的 *gam*、*Isop* 和 *amyA* 基因在 BF 土壤中最高, BL 和 MF 次之, GL 和 CF 土壤最低。与半纤维素降解有关的 *xyIA*、*abfA* 和 *manA* 基因丰度在 BF 土壤最高, BL 次之, GL 和 CF 土壤最低。与纤维素降解有关的 *CDH*、*exg* 和 *naglu* 基因在 BF 土壤中均显著高于 GL 土壤。与几丁质降解有关的 *chiA* 基因和与木质素降解有关 *mnp*、*glx*、*pox* 和 *lig* 的基因均表现为 BF 最高, BL、CF 和 MF 次之, GL 最低。与果胶降解有关的 *exoPG* 基因在 BF 和 BL 土壤中显著高于 CF。总体上, 碳降解相关功能基因丰度均表现为在 BF 土壤中基因丰度最高。

2.3 不同植被类型对土壤碳固定和甲烷代谢关键功能基因丰度的影响

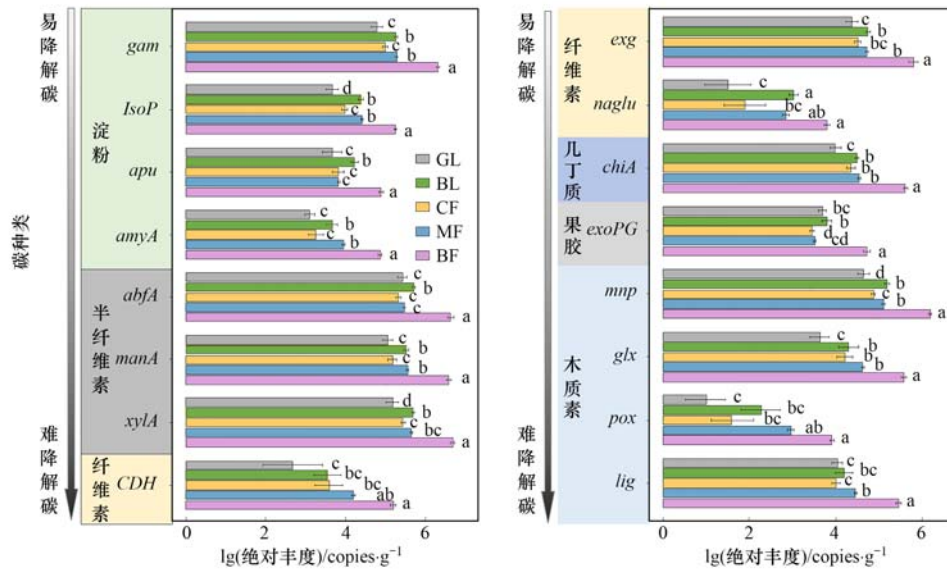
不同植被类型中土壤微生物碳固定功能基因丰度如图 4 所示。从中可知, 在碳固定相关功能基因中, 丰度最高的是 *rbcl*、*acsA* 和 *mct* 基因。参与卡尔文循环的 *rbcl* 基因丰度在 BF 和 BL 土壤较高, GL 和 CF 土壤较低, 参与还原三羧酸循环的 *korA* 和 *aclB* 基因丰度在 BF 土壤最高, GL 土壤中最低。参与还原乙酰辅酶 A 途径的 *acsA* 和 *acsB* 基因表现为: BF > BL > 其它植被类型。甲烷代谢功能基因丰度 (*mxs*、*emGDH*、*pmoA* 和 *mmoX* 基因) 变化趋势表现为在 BF 土壤最高, BL 和 MF 次之, GL 和 CF 土壤中最低 (图 5)。总体上, 碳固定和甲烷代谢相关功能基因均在 BF 土壤中基因丰度最高。



单位中 U 表示 1 nmol 对硝基苯胺;
不同小写字母表示不同植被类型间差异显著 ($P < 0.05$)

图 2 不同植被类型土壤酶活性变化

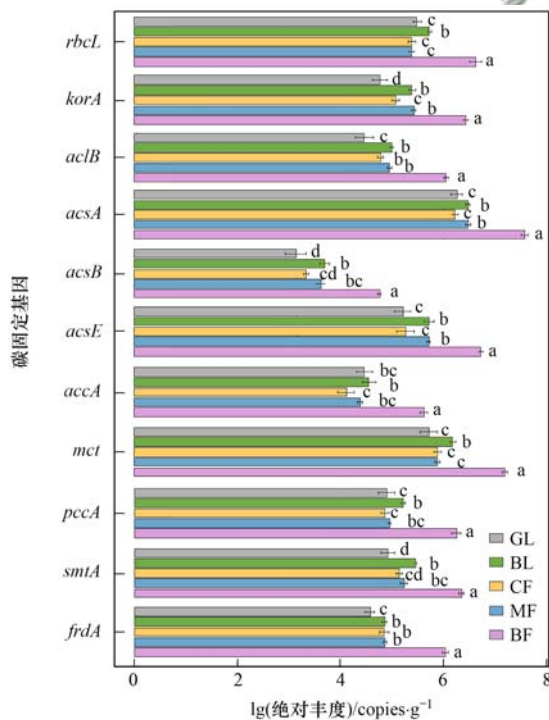
Fig. 2 Change in soil enzyme activities among different vegetation types



不同小写字母表示不同植被类型间差异显著 ($P < 0.05$)

图 3 不同植被类型土壤碳降解功能基因丰度的变化

Fig. 3 Changes in abundance of functional genes of soil carbon degradation among different vegetation rehabilitation types



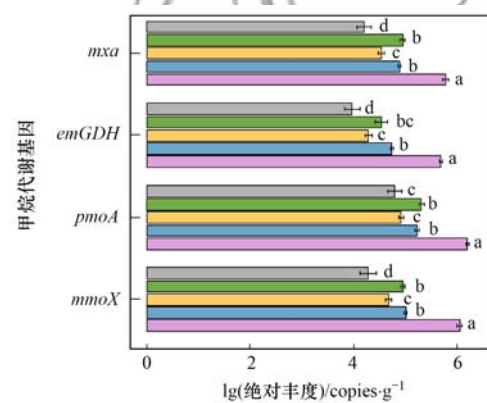
不同小写字母表示不同植被类型间差异显著 ($P < 0.05$)

图 4 不同植被类型土壤碳固定功能基因的丰度变化

Fig. 4 Changes in abundance of functional genes of soil carbon fixation among different vegetation types

2.4 土壤碳循环微生物功能基因丰度与环境因素的相关性分析

土壤碳循环相关功能基因与环境因子间的相关性分析如图 6 所示. 结果表明, 与碳降解过程相关的功能基因 (*gam*、*IsoP*、*xylA*、*exg*、*chiA*、*mnp* 和 *glx*) 与铵态氮含量和 BG 酶活性呈显著正相关关系 ($P < 0.01$), 与土壤有机碳、全氮、易氧化有机碳、硝态氮含量和脲酶活性呈显著负相关



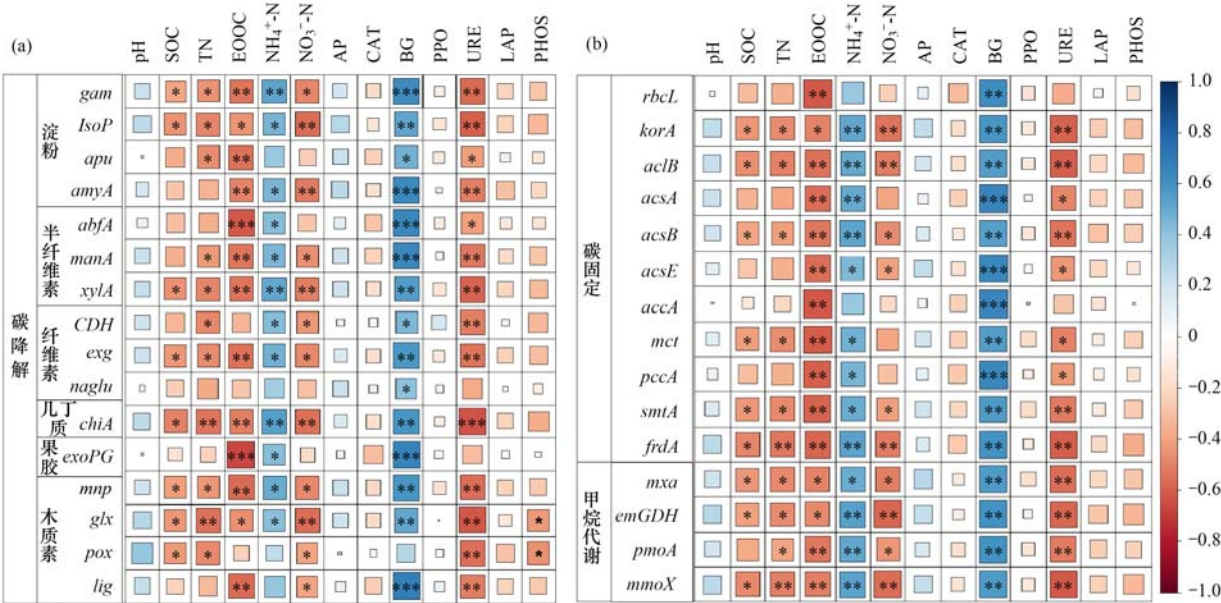
图内不同的小写字母表示不同植被类型间差异显著 ($P < 0.05$)

图 5 不同植被类型土壤甲烷代谢功能基因的丰度变化

Fig. 5 Changes in abundance of functional genes of soil methane metabolism among different vegetation types

氮含量和脲酶活性呈显著负相关 [$P < 0.05$, 图 6 (a)]. 与碳固定过程相关的功能基因 (*korA*、*aclB*、*acsB*、*smtA* 和 *frdA*) 与铵态氮和 BG 酶活性呈显著正相关关系 ($P < 0.01$), 与土壤有机碳、全氮、易氧化有机碳、硝态氮含量和脲酶活性呈显著负相关 ($P < 0.05$); 与碳固定过程相关的功能基因 (*rbcL*、*acsA*、*accA* 和 *pccA*) 与 BG 酶活性显著正相关 ($P < 0.01$), 与土壤易氧化有机碳含量呈显著负相关 [$P < 0.05$, 图 6(b)]. 与甲烷代谢过程相关的功能基因 (*mxg*、*emGDH* 和 *mmoX* 基因) 与铵态氮和 BG 酶活性呈显著正相关关系 ($P < 0.01$), 与土壤有机碳、全氮、易氧化有机碳、硝态氮含量和脲酶活性呈显著负相关 [$P < 0.05$, 图 6(b)].

利用冗余分析评估不同植被类型下环境因子对碳循环功能基因影响. 环境因子解释了碳降解功能



(a) 碳降解, (b) 碳固定和甲烷代谢; 蓝色和橙色分别表示两个变量间正相关和负相关关系, 颜色越深, 关系越紧密; *、** 和 *** 分别表示 $P < 0.05$ 、 $P < 0.01$ 和 $P < 0.001$

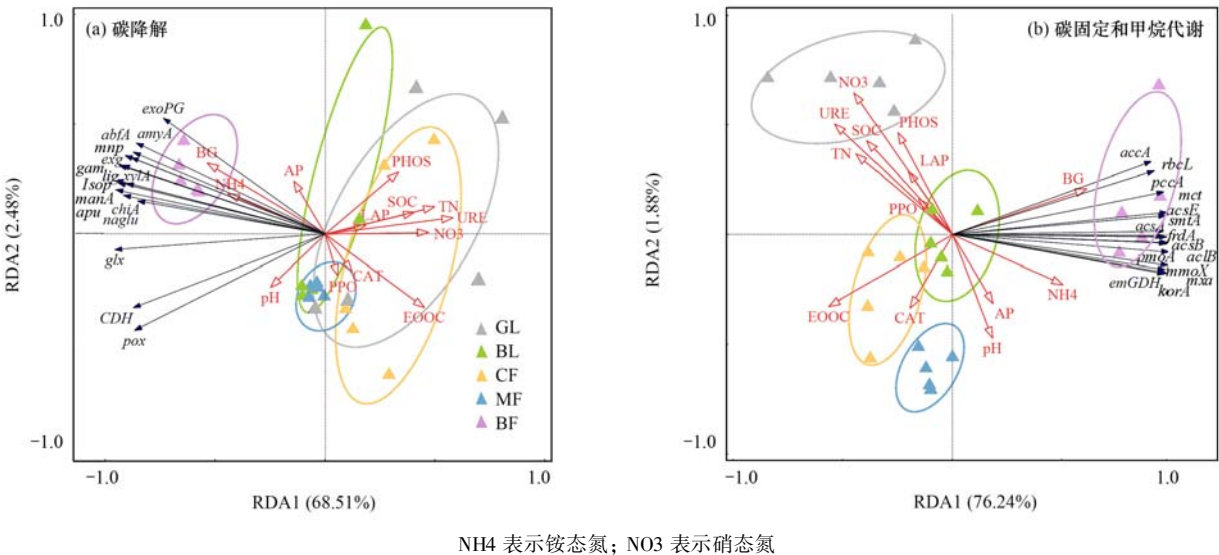
图6 土壤碳循环微生物功能基因丰度与环境因子间的相关性热图

Fig. 6 Correlation heatmap between soil carbon cycle functional gene abundance and environmental factors

基因总变异的 70.99% [图 7(a)], 解释了碳固定和甲烷代谢功能基因总变异的 78.12% [图 7(b)]. BF 土壤中碳降解功能基因丰度与铵态氮和 BG 酶活性呈显著正相关, 与土壤易氧化有机碳显著负相关 [图 7(a)]. 在 GL 土壤中, 碳固定和甲烷代谢功能

基因丰度与硝态氮含量显著正相关 [图 7(b)]. 碳固定和甲烷代谢功能基因丰度在 BF 土壤中与 BG 酶活性呈显著正相关, 与易氧化有机碳显著负相关, 而在 CF 土壤中恰好相反 [图 7(b)].

结构方程模型结果表明, 不同植被类型直接影



NH₄⁺ 表示铵态氮; NO₃⁻ 表示硝态氮

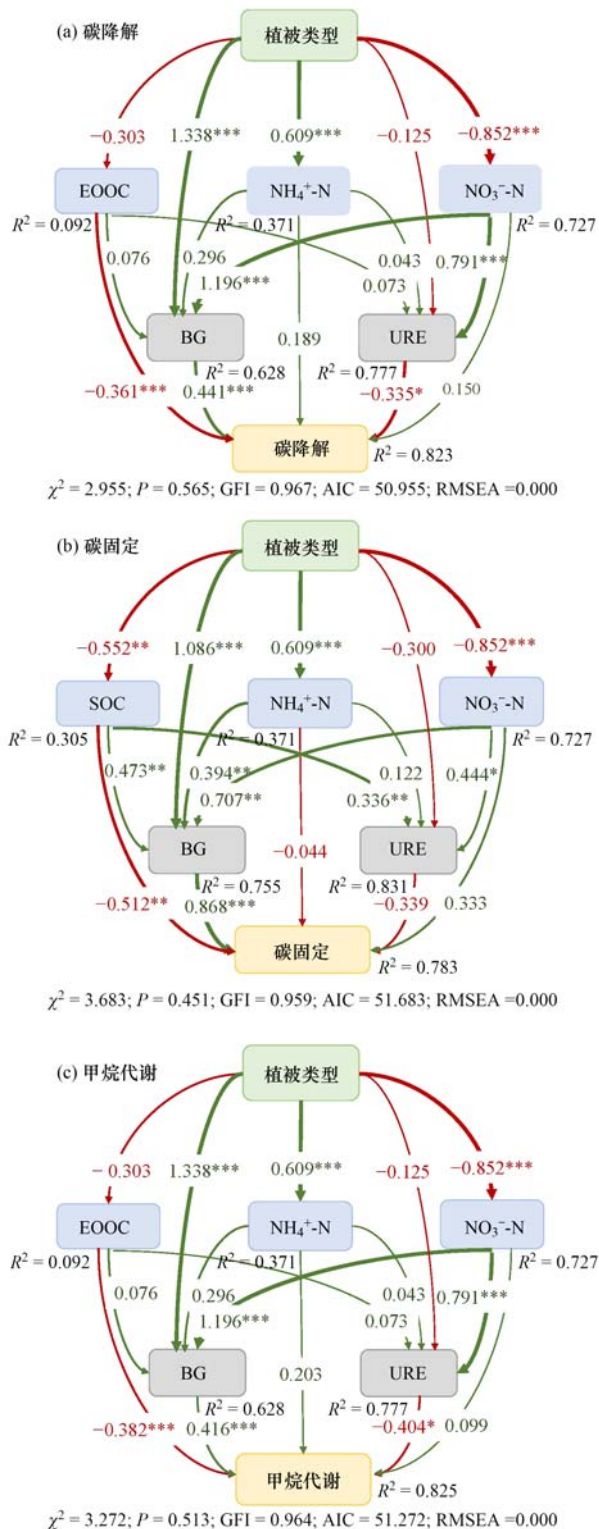
图7 土壤碳循环功能基因丰度与环境因子的冗余分析

Fig. 7 RDA of the soil carbon cycle functional gene abundance and environmental factors

响NO₃⁻-N含量, 再通过 BG 和 URE 间接影响碳降解过程功能基因丰度 [图 8(a)], 此外, 不同植被类型会通过影响土壤 BG 酶活性来间接影响碳降解过程功能基因丰度 [图 8(a)]. 不同植被类型同样能够通过影响土壤 SOC 含量和 BG 酶活性, 进而间接影响碳固定过程功能基因丰度 [图 8(b)], 此外, 不同

植被类型通过直接影响土壤中 SOC、NH₄⁺-N 和 NO₃⁻-N 含量, 再通过 BG 酶活性间接影响碳固定相关功能基因丰度 [图 8(b)]. 不同植被类型会通过影响土壤 BG 酶活性来间接影响甲烷代谢过程功能基因丰度 [图 8(c)]. 不同植被类型直接影响土壤 NO₃⁻-N 含量, 再通过 BG 和 URE 间接影响甲烷代谢

相关功能基因丰度 [图 8(c)].



箭头上的数值表示标准通径系数,箭头粗细表示相关性的高低,绿色箭头表示显著正相关,红色箭头表示显著负相关, R^2 表示通径解释度; *、** 和 *** 分别表示各路径显著性水平为 $P < 0.05$ 、 $P < 0.01$ 和 $P < 0.001$

图 8 植被恢复中不同路径影响碳循环功能基因丰度的结构方程模型

Fig. 8 Structural equation modeling (SEM) of vegetation rehabilitation type patterns affecting soil carbon cycle functional gene abundance through different ways

3 讨论

3.1 不同植被类型对矿区复垦土壤化学性质和酶活性的影响

植物残体和根系分泌物是土壤有机碳的主要来源,进行植被恢复能够有效改善土壤的养分状况^[34,35]. 本研究中不同植被类型的土壤化学性质差异显著,土壤有机碳和全氮含量呈现出 $\text{GL} > \text{MF} > \text{BL} > \text{BF} > \text{CF}$ 的趋势(表 1),这可能是由于土壤有机碳主要来源于植物残体和根系分泌物,不同植被类型的根系分泌物和植物自身生理代谢存在明显差异^[36],该结果表明草地和混交林更利于土壤有机碳和全氮的积累. 土壤硝态氮含量在 GL 土壤高于 CF 和 BF(表 1),可能是因为草地种植的紫花苜蓿属于豆科植物,能够通过自身的根瘤菌来固定大气中的氮^[37],而针叶林油松土壤相对比较贫瘠,特别是活性氮含量^[38],这与以往笔者在黄土高原矿区植被恢复的研究结果一致,即草地土壤中硝态氮的含量高于针叶林和阔叶林^[7]. 综合来看,GL 和 BL 对土壤有机碳、全氮和硝态氮等养分的积累优于 CF.

植被恢复过程中,土壤酶参与土壤碳库分解转化,加速了物质转化与能量循环,是评价土壤质量的重要生物活性指标^[2,39]. 有研究表明,植被类型能够调节土壤的酶活性^[40,41]. 本研究发现不同植被类型对土壤胞外酶活性影响显著,其中与碳降解相关的 β -葡萄糖苷酶活性在 GL 和 MF 土壤显著高于 CF [图 2(b)],可能是因为针叶林(CF)植被凋落物相对较少^[22],微生物分泌碳降解酶进行催化分解时所能利用的底物也相对较少. 多酚氧化酶活性在 CF 和 MF 土壤中显著高于 BL [图 2(c)],而多酚氧化酶在针叶林马尾松生境中较为活跃^[30]. 土壤脲酶和碱性磷酸酶活性均在 GL 和 BL 土壤中显著高于 CF、MF 和 BF [图 2(d) 和 2(f)],这也与黄土高原矿区草地和灌木复垦土壤这两种酶活性高于针叶林的结果相吻合^[8].

3.2 不同植被类型对矿区复垦土壤碳循环关键功能基因的影响

在植被恢复过程中,大量的外源碳进入土壤后会被土壤碳降解酶分解,释放出低分子的糖,从而为土壤微生物生长代谢提供碳源和能量^[42]. 淀粉、半纤维素、纤维素和木质素等有机物通过微生物的降解作用参与碳循环过程^[15]. 淀粉是土壤中典型的易分解碳,淀粉酶基因编码合成的淀粉酶可以特异性地分解土壤中的淀粉^[22]. 本研究发现与淀粉降解有关的基因在 BF 土壤中最高,GL 和 CF 土壤最低,表明淀粉酶的分解潜力在阔叶林土壤中较强,而在

草地和针叶林土壤中较弱(图3)。纤维素是一种难分解的碳,纤维素酶基因丰度能够反映群落对难分解碳的分解潜力^[22]。本研究发现与纤维素降解有关的基因在BF土壤中较高,表明纤维素酶在阔叶林土壤中对难分解碳的分解潜力相对较强(图3)。总体来看,与碳降解相关的功能基因均在BF土壤中丰度最高,表明阔叶林土壤中碳降解酶对易分解和难分解的碳都有较强的分解潜力。

卡尔文循环是CO₂固定的最主要途径,在调节大气CO₂浓度方面发挥重要作用^[19]。RubisCO酶催化卡尔文循环中的第一步CO₂固定反应,RubisCO的功能基因*rbcL*作为分子标记可用来反映微生物的固碳能力^[15]。本研究结果发现在碳固定过程中*rbcL*基因丰度在BF和BL土壤较高,而在GL和CF土壤较低,表明固碳微生物在阔叶林和灌木土壤中固碳潜力较强,对土壤碳汇的贡献较大(图4)。在碳固定相关功能基因中,*acsA*和*mct*基因丰度较高,这与宁岳伟等^[43]关于矿区植被恢复的碳固定基因结果相一致。此外,参与还原三羧酸循环的*korA*和*aclB*基因和还原乙酰辅酶A途径的*acsA*和*acsB*基因一致表现为BF土壤丰度最高,表明BF土壤微生物有较强的固碳能力(图4)。土壤甲烷代谢包括甲烷产生和甲烷氧化两个过程,主要由产甲烷菌和甲烷氧化菌共同控制^[15]。本研究中甲烷代谢功能基因丰度均在BF土壤最高,GL和CF土壤中最低,表明BF土壤微生物具有较高的甲烷产生和氧化速率(图5)。

3.3 碳循环关键功能基因与矿区土壤环境因子之间的关系

微生物群落基因丰度通常伴随着植被类型和土壤特性的改变而变化^[26,44,45]。本研究发现与碳降解过程相关的功能基因与铵态氮和BG酶活性显著正相关,与土壤有机碳、全氮、易氧化有机碳、硝态氮含量和脲酶活性显著负相关[图6(a)],Zhang等^[46]通过对两种森林类型微生物碳代谢功能基因研究发现,土壤易氧化有机碳和全氮是影响微生物碳代谢功能的主要因素。本研究发现所有固碳基因均与易氧化有机碳含量和BG酶活性显著相关[图6(b)],结构方程模型结果显示,植被恢复类型通过影响土壤有机碳含量和BG酶活性,或通过影响土壤有机碳、铵态氮和硝态氮含量间接影响BG酶活性,进而影响碳固定基因丰度[图8(a)]。马静等^[47]在东部矿区复垦土壤的研究也同样发现固碳功能基因丰度与土壤BG酶活性显著相关。刘茗等^[48]通过对亚热带不同森林植被类型土壤固碳微生物的研究,发现土壤有机碳和全氮是影响土壤固碳细菌群

落形成的主要因素。本研究中甲烷代谢功能基因与土壤易氧化有机碳、铵态氮、硝态氮、全氮含量以及BG酶和脲酶活性显著相关[图6(c)],宁岳伟等^[43]通过对矿区复垦植被微生物功能基因的研究,其中也发现甲烷代谢功能基因与脲酶活性显著相关。本研究BF土壤中碳循环功能基因丰度较高,主要与铵态氮和BG酶活性较高有关,与易氧化有机碳和脲酶活性较低有关[图7(a)]。上述结果表明驱动土壤碳循环的功能微生物与土壤肥力状况和养分循环密切相关^[22],即土壤养分状况会影响土壤中功能微生物的活性和功能发挥。

4 结论

(1)不同植被类型对土壤化学性质、酶活性和碳循环基因丰度均有显著影响,草地和灌丛对土壤有机碳、全氮和硝态氮的积累作用优于针叶林。在所有碳固定相关功能基因中,*rbcL*、*acsA*和*mct*基因丰度最高。碳循环功能基因丰度在阔叶林土壤最高,这与阔叶林土壤中铵态氮含量和BG酶活性较高以及易氧化有机碳和脲酶活性较低密切相关。

(2)碳降解和甲烷代谢功能基因与土壤铵态氮含量和BG酶活性呈显著正相关,与土壤有机碳、全氮、易氧化有机碳、硝态氮含量和脲酶活性呈显著负相关,碳固定功能基因与土壤易氧化有机碳含量和BG酶活性密切相关。

(3)不同植被类型会通过影响土壤BG酶活性,或通过影响土壤NO₃⁻-N含量间接影响BG和URE酶活性,进而影响碳降解和甲烷代谢基因丰度。不同植被类型通过影响土壤有机碳和BG酶活性,或通过影响土壤有机碳、铵态氮和硝态氮含量间接影响BG酶活性,进而影响碳固定功能基因丰度。

参考文献:

- [1] Wang J M, Wang H D, Cao Y G, et al. Effects of soil and topographic factors on vegetation restoration in opencast coal mine dumps located in a loess area[J]. Scientific Reports, 2016, 6, doi: 10.1038/srep22058.
- [2] 张振佳,曹银贵,王舒菲,等.平朔黄土露天矿区复垦地表层土壤微生物与酶活性分析[J].生态学报,2021,41(1): 110-123.
Zhang Z J, Cao Y G, Wang S F, et al. Characteristics and differences of surface soil microbial population and enzyme activities in opencast mining area of Pingshuo[J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, 41(1): 110-123.
- [3] Li Y Y, Wen H Y, Chen L Q, et al. Succession of bacterial community structure and diversity in soil along a chronosequence of reclamation and re-vegetation on coal mine spoils in China[J]. PLoS One, 2014, 9(12), doi: 10.1371/journal.pone.0115024.
- [4] Bardgett R D, Van Der Putten W H. Belowground biodiversity and ecosystem functioning[J]. Nature, 2014, 515(7528): 505-

- 511.
- [5] Zhou J Z, Xue K, Xie J P, *et al.* Microbial mediation of carbon-cycle feedbacks to climate warming[J]. *Nature Climate Change*, 2012, **2**(2): 106-110.
- [6] Delgado-Baquerizo M, Maestre F T, Reich P B, *et al.* Microbial diversity drives multifunctionality in terrestrial ecosystems[J]. *Nature Communications*, 2016, **7**, doi: 10.1038/ncomms10541.
- [7] 马静, 董文雪, 朱燕峰, 等. 东部平原矿区复垦土壤微生物群落特征及其组装过程[J]. *环境科学*, 2022, **43**(7): 3844-3853.
Ma J, Dong W X, Zhu Y F, *et al.* Characteristics and assembly process of reclaimed soil microbial communities in eastern plain mining areas[J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(7): 3844-3853.
- [8] Zhao J, Ma J, Yang Y J, *et al.* Response of soil microbial community to vegetation reconstruction modes in mining areas of the Loess Plateau, China[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, **12**, doi: 10.3389/fmicb.2021.714967.
- [9] 马静, 卢永强, 张琦, 等. 黄土高原采煤沉陷对土壤微生物群落的影响[J]. *土壤学报*, 2021, **58**(5): 1278-1288.
Ma J, Lu Y Q, Zhang Q, *et al.* Effects of coal mining subsidence on soil microbial community in the Loess Plateau[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2021, **58**(5): 1278-1288.
- [10] Liu Y, Chen X T, Liu J X, *et al.* Temporal and spatial succession and dynamics of soil fungal communities in restored grassland on the Loess Plateau in China[J]. *Land Degradation & Development*, 2019, **30**(11): 1273-1287.
- [11] 贺龙, 李艳琴, 李彬春, 等. 矿区不同植被复垦模式对土壤细菌群落结构的影响[J]. *环境科学*, 2017, **38**(2): 752-759.
He L, Li Y Q, Li B C, *et al.* Effects of different vegetation types and reclamation years on soil bacterial community structure in reclaimed mine areas[J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(2): 752-759.
- [12] Yang Y, Cheng H, Liu L X, *et al.* Comparison of soil microbial community between planted woodland and natural grass vegetation on the Loess Plateau[J]. *Forest Ecology and Management*, 2020, **460**, doi: 10.1016/j.foreco.2019.117817.
- [13] Guo Y N, Liu X H, Tsolmon B, *et al.* The influence of transplanted trees on soil microbial diversity in coal mine subsidence areas in the Loess Plateau of China[J]. *Global Ecology and Conservation*, 2020, **21**, doi: 10.1016/j.gecco.2019.e00877.
- [14] Jia T, Guo T Y, Yao Y S, *et al.* Seasonal microbial community characteristic and its driving factors in a copper tailings dam in the Chinese Loess Plateau[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2020, **11**, doi: 10.3389/fmicb.2020.01574.
- [15] 刘洋荧, 王尚, 厉舒祯, 等. 基于功能基因的微生物碳循环分子生态学研究进展[J]. *微生物学通报*, 2017, **44**(7): 1676-1689.
Liu Y Y, Wang S, Li S Z, *et al.* Advances in molecular ecology on microbial functional genes of carbon cycle[J]. *Microbiology China*, 2017, **44**(7): 1676-1689.
- [16] Liang C, Schimel J P, Jastrow J D. The importance of anabolism in microbial control over soil carbon storage[J]. *Nature Microbiology*, 2017, **2**(8), doi: 10.1038/nmicrobiol.2017.105.
- [17] Trivedi P, Delgado-Baquerizo M, Trivedi C, *et al.* Microbial regulation of the soil carbon cycle: evidence from gene-enzyme relationships[J]. *The ISME Journal*, 2016, **10**(11): 2593-2604.
- [18] Chen J, Sinsabaugh R L. Linking microbial functional gene abundance and soil extracellular enzyme activity: Implications for soil carbon dynamics[J]. *Global Change Biology*, 2021, **27**(7): 1322-1325.
- [19] 袁红朝, 秦红灵, 刘守龙, 等. 固碳微生物分子生态学研究[J]. *中国农业科学*, 2011, **44**(14): 2951-2958.
Yuan H Z, Qin H L, Liu S L, *et al.* Advances in research of molecular ecology of carbon fixation microorganism[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2011, **44**(14): 2951-2958.
- [20] 刘琼, 魏晓梦, 吴小红, 等. 稻田土壤固碳功能微生物群落结构和数量特征[J]. *环境科学*, 2017, **38**(2): 760-768.
Liu Q, Wei X M, Wu X H, *et al.* Characteristic of abundances and diversity of carbon dioxide fixation microbes in paddy soils[J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(2): 760-768.
- [21] 沈李东, 金靖昊, 刘心. 内陆湿地与水体甲烷厌氧氧化功能微生物研究进展[J]. *生态学报*, 2022, **42**(9): 3842-3855.
Shen L D, Jin J H, Liu X. Research progress on anaerobic methanotrophs in inland wetlands and freshwater aquatic systems[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, **42**(9): 3842-3855.
- [22] 李鑫, 乔沙沙, 刘晋仙, 等. 温带亚高山针叶林土壤碳循环微生物群落的时空动态[J]. *中国环境科学*, 2020, **40**(10): 4540-4548.
Li C, Qiao S S, Liu J X, *et al.* Spatiotemporal dynamics of microbial communities involved in soil carbon cycling of subalpine temperate coniferous forest[J]. *China Environmental Science*, 2020, **40**(10): 4540-4548.
- [23] 邓玲玲, 王如海, 吴电明. 增温和互花米草入侵对崇明东滩湿地土壤碳循环功能基因的影响[J]. *南京信息工程大学学报(自然科学版)*, 2022, **14**(1): 62-76.
Deng L L, Wang R H, Wu D M. Effects of experimental warming and *Spartina alterniflora* invasion on soil carbon cycle functional genes in Chongming Dongtan wetland[J]. *Journal of Nanjing University of Information Science & Technology (Natural Science Edition)*, 2022, **14**(1): 62-76.
- [24] 周艳, 陈楠, 邓绍坡, 等. 西南某铅锌矿区农田土壤重金属空间主成分分析及生态风险评价[J]. *环境科学*, 2018, **39**(6): 2884-2892.
Zhou Y, Chen Q, Deng S P, *et al.* Principal component analysis and ecological risk assessment of heavy metals in farmland soils around a Pb-Zn mine in Southwestern China[J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(6): 2884-2892.
- [25] Ayala-Orozco B, Gavito M E, Mora F, *et al.* Resilience of soil properties to land-use change in a tropical dry forest ecosystem[J]. *Land Degradation & Development*, 2018, **29**(2): 315-325.
- [26] Yang Y F, Gao Y, Wang S P, *et al.* The microbial gene diversity along an elevation gradient of the Tibetan grassland[J]. *The ISME Journal*, 2014, **8**(2): 430-440.
- [27] Lei H, Peng Z, Yigang H, *et al.* Vegetation and soil restoration in refuse dumps from open pit coal mines[J]. *Ecological Engineering*, 2016, **94**: 638-646.
- [28] Barahona E, Iriarte A. An overview of the present state of standardization of soil sampling in Spain[J]. *Science of the Total Environment*, 2001, **264**(1-2): 169-174.
- [29] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [30] Yin R, Deng H, Wang H L, *et al.* Vegetation type affects soil enzyme activities and microbial functional diversity following revegetation of a severely eroded red soil in sub-tropical China[J].

- CATENA, 2014, **115**: 96-103.
- [31] Zheng B X, Zhu Y G, Sardans J, *et al.* QMEC: a tool for high-throughput quantitative assessment of microbial functional potential in C, N, P, and S biogeochemical cycling[J]. Science China Life Sciences, 2018, **61**(12): 1451-1462.
- [32] Chen Q L, Ding J, Li C Y, *et al.* Microbial functional attributes, rather than taxonomic attributes, drive top soil respiration, nitrification and denitrification processes [J]. Science of the Total Environment, 2020, **734**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.139479.
- [33] Luo G W, Xue C, Jiang Q H, *et al.* Soil carbon, nitrogen, and phosphorus cycling microbial populations and their resistance to global change depend on soil C: N: P stoichiometry [J]. mSystems, 2020, **5**(3), doi: 10.1128/mSystems.00162-20.
- [34] Crouzeilles R, Curran M, Ferreira M S, *et al.* A global meta-analysis on the ecological drivers of forest restoration success[J]. Nature Communications, 2016, **7**, doi: 10.1038/ncomms11666.
- [35] 王金满, 郭凌俐, 白中科, 等. 黄土区露天煤矿排土场复垦后土壤与植被的演变规律[J]. 农业工程学报, 2013, **29**(21): 223-232.
- Wang J M, Guo L L, Bai Z K, *et al.* Succession law of reclaimed soil and vegetation on opencast coal mine dump of loess area [J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2013, **29**(21): 223-232.
- [36] Zechmeister-Boltenstern S, Keiblinger K M, Mooshammer M, *et al.* The application of ecological stoichiometry to plant-microbial-soil organic matter transformations[J]. Ecological Monographs, 2015, **85**(2): 133-155.
- [37] Yang Y, Liu B R, An S S. Ecological stoichiometry in leaves, roots, litters and soil among different plant communities in a desertified region of Northern China[J]. CATENA, 2018, **166**: 328-338.
- [38] Zeng Q C, Jia P L, Wang Y, *et al.* The local environment regulates biogeographic patterns of soil fungal communities on the Loess Plateau [J]. CATENA, 2019, **183**, doi: 10.1016/j.catena.2019.104220.
- [39] 李文杰, 张祯皎, 赵雅萍, 等. 刺槐林恢复过程中土壤微生物碳降解酶的变化及与碳库组分的关系[J]. 环境科学, 2022, **43**(2): 1050-1058.
- Li W J, Zhang Z J, Zhao Y P, *et al.* Changes in soil microbial carbon-degrading enzymes and their relationships with carbon pool components during the restoration process of *Robinia pseudoacacia* [J]. Environmental Science, 2022, **43**(2): 1050-1058.
- [40] He Q Q, Wu Y H, Bing H J, *et al.* Vegetation type rather than climate modulates the variation in soil enzyme activities and stoichiometry in subalpine forests in the eastern Tibetan Plateau [J]. Geoderma, 2020, **374**, doi: 10.1016/j.geoderma.2020.114424.
- [41] Xiao L, Liu G B, Li P, *et al.* Ecoenzymatic stoichiometry and microbial nutrient limitation during secondary succession of natural grassland on the Loess Plateau, China [J]. Soil and Tillage Research, 2020, **200**, doi: 10.1016/j.still.2020.104605.
- [42] Davidson E A, Ishida F Y, Nepstad D C. Effects of an experimental drought on soil emissions of carbon dioxide, methane, nitrous oxide, and nitric oxide in a moist tropical forest [J]. Global Change Biology, 2004, **10**(5): 718-730.
- [43] 宁岳伟, 刘勇, 张红, 等. 煤矿矿区复垦植被类型对土壤微生物功能基因和酶活的影响[J]. 环境科学, 2022, **43**(9): 4647-4654.
- Ning Y W, Liu Y, Zhang H, *et al.* Effects of different vegetation types on soil microbial functional genes and enzyme activities in reclaimed coal mine[J]. Environmental Science, 2022, **43**(9): 4647-4654.
- [44] Yue H W, Wang M M, Wang S P, *et al.* The microbe-mediated mechanisms affecting topsoil carbon stock in Tibetan grasslands [J]. The ISME Journal, 2015, **9**(9): 2012-2020.
- [45] Hu Y G, Zhang Z S, Huang L, *et al.* Shifts in soil microbial community functional gene structure across a 61-year desert revegetation chronosequence [J]. Geoderma, 2019, **347**: 126-134.
- [46] Zhang Y G, Cong J, Lu H, *et al.* An integrated study to analyze soil microbial community structure and metabolic potential in two forest types [J]. PLoS One, 2014, **9**(4), doi: 10.1371/journal.pone.0093773.
- [47] 马静, 董文雪, 朱燕峰, 等. 东部平原矿区复垦对土壤微生物固碳潜力的影响[J]. 煤炭学报, 2022, **47**(3): 1306-1317.
- Ma J, Dong W X, Zhu Y F, *et al.* Impact of land reclamation on the carbon sequestration potential of soil microorganisms in the disturbed mining area of eastern plain[J]. Journal of China Coal Society, 2022, **47**(3): 1306-1317.
- [48] 刘茗, 曹林桦, 刘彩霞, 等. 亚热带4种典型森林植被土壤固碳细菌群落结构及数量特征[J]. 土壤学报, 2021, **58**(4): 1028-1039.
- Liu M, Cao L H, Liu C X, *et al.* Characterization of population and community structure of carbon-sequestration bacteria in soils under four types of forest vegetations typical of subtropical zone [J]. Acta Pedologica Sinica, 2021, **58**(4): 1028-1039.

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-wenze, 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)