

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

2000~2018年我国大气重金属沉降通量时空变化特征

陈其永, 郜允兵, 倪润祥, 潘瑜春, 阎跃观, 杨晶, 刘孝阳, 顾晓鹤



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年9月

第43卷 第9期

Vol.43 No.9

目次

2000~2018年我国大气重金属沉降通量时空变化特征 陈其永, 郇允兵, 倪润祥, 潘瑜春, 阎跃观, 杨晶, 刘孝阳, 顾晓鹤(4413)

面向二/三维城市形态指标的PM_{2.5}浓度调控模拟 李莎, 邹滨, 刘宁, 冯徽徽, 陈军, 张鸿辉(4425)

减排背景下成都大气PM_{2.5}碳质组分特征 陈璐瑶, 于阳春, 黄小娟, 董贵明, 张军科(4438)

青岛秋冬季PM₁中金属元素污染特征及健康风险评估 刘子杨, 张宜升, 张厚勇, 马子轸, 陶文鑫, 王娇, 薛莲, 彭倩倩, 杜金花, 赵娇娇, 彭亮, 孙英杰(4448)

港口地区大气PM_{2.5}中多环芳烃污染特征及来源分析 王鹏程, 杨凌霄, 别淑君, 黄琦, 齐安安, 虞雄, 王滢铭, 徐鹏, 张天琪, 王文兴(4458)

天津市冬季道路颗粒物粒径分布及来源解析 张国涛, 殷宝辉, 白雯宇, 郭丽瑶, 王智宇, 张楠, 郑镇森, 张利文, 杨文, 韩斌, 白志鹏(4467)

北京市生物源一次气溶胶浓度变化特征及影响因素 梁林林, 刘畅, 刘旭艳, 徐婉筠, 张根, 程红兵, 刘雨思(4475)

北京市城区夏季VOCs变化特征分析与来源解析 孟祥来, 孙扬, 廖婷婷, 张琛, 张成影(4484)

东莞工业集中区夏季臭氧污染与非污染期间VOCs组分特征及其来源 周振, 肖林海, 费蕾蕾, 余纬, 林满, 黄筠钧, 张智胜, 陶俊(4497)

生活垃圾填埋场恶臭污染的时空变化与膜阻隔效果 何晶晶, 李健晨, 吕凡, 章骅, 邵立明(4506)

不同年份太湖水域全氟化合物健康风险源解析对比 武婷, 孙善伟, 樊境朴, 鲁富蕾, 郭昌胜, 徐建(4513)

沱江流域典型及新兴全氟/多氟化合物的污染特征及来源解析 宋娇娇, 汪艺梅, 孙静, 方淑红(4522)

白洋淀不同类型水体表层沉积物重金属的赋存形态及风险 许梦雅, 张超, 单保庆, 刘操(4532)

喹诺酮类抗生素在城市典型水环境中的分配系数及其主要环境影响因子 剧泽佳, 付雨, 赵鑫宇, 陈慧, 宋圆梦, 赵波, 张纪媛, 卢梦洪, 崔建升, 张璐璐(4543)

石家庄地下水中喹诺酮类抗生素生态风险及其与环境因子的相关性 陈慧, 剧泽佳, 赵鑫宇, 付雨, 崔建升, 张璐璐(4556)

不同淹水环境下湖泊沉积物DOM的特征与来源 陈佳, 李忠武, 金昌盛, 文佳骏, 聂小东, 王磊(4566)

晋城市沁河流域秋季浮游植物群落结构特征及其与环境因子的关系 高梦蝶, 李艳粉, 李艳利, 孙昂, 田爽, 张春晖, 耿亚平, 李林霞(4576)

不同配置绿色屋顶径流水质特征及综合评价 章孙逊, 张守红, 闫婧, 王任重远, 杨航(4587)

紫外活化过硫酸盐降解磷酸氯喹 李阳, 许玻琀, 邓琳, 罗伟(4597)

微气泡臭氧氧化预处理实际制药废水去除SS和有机性能 刘春, 陈蕊, 张静, 杨旭, 陈晓轩, 郭延凯, 武明泽, 庞勃(4608)

废水排放对近海环境中抗生素抗性基因和微生物群落的影响 陈嘉瑜, 苏志国, 姚鹏城, 黄备, 张永明, 温东辉(4616)

生物炭和秸秆还田对微咸水滴灌棉田土壤真菌群落结构多样性的影响 郭晓雯, 陈静, 鲁晓宇, 李远, 陶一凡, 闵伟(4625)

有机物料投入对喀斯特地区土壤磷素赋存形态与含 $phoD$ 基因细菌群落的影响 夏鑫, 乔航, 孙琪, 刘坤平, 陈香碧, 何寻阳, 胡亚军, 苏以荣(4636)

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 宁岳伟, 刘勇, 张红, 李君剑(4647)

生物炭施用对黄壤土壤养分及酶活性的影响 袁访, 李开钰, 杨慧, 邓承佳, 梁红, 宋理洪(4655)

黄河源区斑块化退化高寒草甸土壤细菌群落多样性变化 孙华方, 李希来, 金立群, 赵玉蓉, 李成一, 张静, 宋梓涵, 苏晓雪, 刘凯(4662)

模拟氮沉降对三江平原小叶章湿地土壤微生物碳源利用能力的影响 翁晓虹, 隋心, 李梦莎, 刘赢男, 张荣涛, 杨立宾(4674)

石家庄市土壤中喹诺酮类抗生素空间分布特征及其与微生物群落相关性 赵鑫宇, 剧泽佳, 陈慧, 付雨, 宋圆梦, 赵波, 张纪媛, 卢梦洪, 崔建升, 张璐璐(4684)

典型氧化还原环境中微塑料表面的微生物群落组成特征与构建机制 龚志伟, 马杰, 苏趋, 林亚楠, 董鑫磊, 周立昌, 王宗平, 郭刚(4697)

作物秸秆材料处理养殖废水中氮的周年去除效果及其对氮循环微生物丰度的影响 刘铭羽, 夏梦华, 蒋磊, 彭健, 陈坤, 赵聪芳, 李希, 孟岑, 曾睿, 王栋, 李裕元, 吴金水(4706)

不同外碳源对尾水极限脱氮性能及微生物群落结构的影响 王伟, 赵中原, 张鑫, 由志鹏, 黄子晋, 彭永臻(4717)

总氮提标改造工程的微生物群落结构分析 李海松, 王柯丹, 陈晓蕾, 阎登科, 许子聪, 胡培杰(4727)

IFAS工艺处理南方低碳源污水的泥膜微生物互作规律分析 赫俊国, 江伟勋, 何卓义, 刘新平, 吴世华, 储昭瑞, 冯杰(4736)

黄土高原土地利用方式对微塑料丰度和形态分布的影响 郝永丽, 胡亚鲜, 白晓雄, 郭胜利(4748)

南方丘陵区土壤重金属含量、来源及潜在生态风险评价 王玉, 辛存林, 于爽, 薛红蕾, 曾鹏, 孙平安, 刘凡(4756)

兰州市耕地“五毒”重金属的风险评价与归因分析 张利瑞, 彭鑫波, 马延龙, 康乐, 张妍娥, 王泉灵, 张松林(4767)

石家庄市栾城区农田土壤重金属分布特征及作物风险评价 孟晓飞, 郭俊梅, 杨俊兴, 郑国砥, 陈同斌, 刘杰(4779)

典型城市土壤中重金属锑(Sb)的含量分布特征及风险评价 沈城, 叶文娟, 钱诗颖, 吴健, 朱旭东, 王敏(4791)

有色金属矿业城市典型村镇土壤重金属污染评价及来源解析 汪峰, 黄言欢, 李如忠, 吴鸿飞(4800)

柠檬酸及刈割强化象草修复镉污染土壤的效应 唐棋, 伍港繁, 辜娇峰, 周航, 曾鹏, 廖柏寒(4810)

稻田落干过程甲基化效率变化与关键影响因素分析 张玥, 李令仪, 文炯, 曾希柏, 苏世鸣(4820)

外源茉莉酸对水稻幼苗根系伸积及抗逆应答效应 李颜, 黄益宗, 保琼莉, 黄永春, 张盛楠(4831)

秸秆还田配施化肥对土壤养分及冬小麦产量的影响 宋佳杰, 徐郗阳, 白金泽, 于琦, 程伯豪, 冯永忠, 任广鑫(4839)

冬季绿肥对黄土高原旱作春玉米农田土壤温室气体排放的影响 张少宏, 王俊, 方震文, 付鑫(4848)

庞泉沟自然保护区土壤呼吸空间分异性影响因素探测 李晓敏, 严俊霞, 杜自强, 王琰(4858)

小型养殖塘水体中CH₄、CO₂和N₂O浓度的时空变化特征及影响因素 石婕, 张弥, 邱吉丽, 万梓文, 赵若男, 谢燕红, 陈明健, 赵佳玉, 肖薇, 刘寿东(4867)

丁基黄药对选矿区土壤吸附铅镉的影响 胡志浩, 郭朝晖, 冉洪珍, 肖细元, 彭驰, 李钰滢(4878)

秸秆生物炭吸附对乙酰氨基酚的机制及其位能分布特征 商岑尧, 顾若婷, 张强, 谢慧芳, 王冰玉(4888)

黄土高原地区生态脆弱性时空变化及其驱动因子分析 张良侠, 樊江文, 张海燕, 周德成(4902)

植物促生菌在重金属生物修复中的作用机制及应用 马莹, 王玥, 石孝均, 陈新平, 李振轮(4911)

《环境科学》征订启事(4512) 《环境科学》征稿简则(4735) 信息(4696, 4790, 4887)

黄河源区斑块化退化高寒草甸土壤细菌群落多样性变化

孙华方¹, 李希来^{1*}, 金立群^{1,2}, 赵玉蓉¹, 李成一¹, 张静¹, 宋梓涵¹, 苏晓雪¹, 刘凯³

(1. 青海大学农牧学院, 西宁 810016; 2. 湟源县草原站, 西宁 812100; 3. 青海省草原总站, 西宁 810008)

摘要: 为研究海拔变化和退化过程中高寒草甸土壤细菌群落多样性的变化规律, 利用 MiSeq 高通量测序技术, 分析不同海拔活动斑块、非活动斑块、恢复斑块和高寒草甸土壤细菌群落多样性, 利用冗余分析对细菌多样性和环境因子进行分析. 结果发现, 3 种类型斑块中主要的土壤细菌门均是变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteriota) 和酸杆菌门 (Acidobacteriota). 细菌优势属为 *RB41*、鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*) 和慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*). *RB41* 和慢生根瘤菌属相对丰度随海拔升高而下降, 随斑块演替而增加, 但 3 种类型退化斑块相对丰度均显著低于高寒草甸 ($P < 0.05$). 退化斑块土壤碳固定功能的细菌丰度, 大于健康高寒草甸. 不同斑块的细菌 Chao1 指数和物种数显著高于高寒草甸 ($P < 0.05$). 冗余分析发现, 生物结皮盖度和全氮是海拔 4 013 m 处细菌优势门的主要影响因子; 生物量、全氮和 pH 对高海拔 4 224 m 细菌优势门影响较大. 生物量和全钾显著影响海拔 4 013 m 的细菌属分布, 海拔 4 224 m 地区莎草科盖度和速效氮为细菌优势属的主要影响因子. 生物结皮和 pH 对细菌多样性影响较大. 不同海拔地区细菌的影响因子发生着较大变化, 在研究细菌多样性变化的过程中, 不仅要关注高寒草地退化的影响, 还应考虑海拔高度的作用.

关键词: 细菌群落多样性; 退化斑块; 冗余分析 (RDA); 海拔; 植被特征; 土壤理化性质

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)09-4662-12 DOI: 10.13227/j.hjxx.202112106

Changes in Soil Bacterial Community Diversity in Degraded Patches of Alpine Meadow in the Source Area of the Yellow River

SUN Hua-fang¹, LI Xi-lai^{1*}, JIN Li-qun^{1,2}, ZHAO Yu-rong¹, LI Cheng-yi¹, ZHANG Jing¹, SONG Zi-han¹, SU Xiao-xue¹, LIU Kai³

(1. College of Agriculture and Animal Husbandry, Qinghai University, Xining 810016, China; 2. Huangyuan County Grassland Station, Xining 812100, China; 3. Qinghai Provincial Grassland Station, Xining 810008, China)

Abstract: MiSeq sequencing technology was used to investigate the bacterial compositions and diversities of active patch, non-active patch, recovered patch, and healthy alpine meadows so as to understand the changes in soil bacterial community diversity during altitude change and alpine meadow degradation. The relationship between bacterial diversity and environmental factors was analyzed using redundancy analysis (RDA). The results showed that the dominant bacterial phyla in the soil included Proteobacteria, Actinobacteriota, and Acidobacteriota in the study areas. The dominant bacterial genera that were identified via the MiSeq were *RB41*, *Sphingomonas*, and *Bradyrhizobium*. The relative abundance of these genera decreased with altitude increase and increased with the restoration progress of degraded patches but was significantly lower than that in the alpine meadow ($P < 0.05$). The abundance of functional bacteria related to carbon fixation in degraded patches was higher than that in the healthy alpine meadow. The bacterial Chao1 index and species number in different types of degraded patches were significantly higher than those in the alpine meadow ($P < 0.05$). The results of the RDA suggest that biological soil crust coverage and total nitrogen were the main influencing factors on dominant bacterial phyla at the altitude of 4 013 m. Biomass, total nitrogen, and pH had a great influence on the dominant bacterial phyla at the altitude of 4 224 m. Biomass and total potassium significantly affected the distribution of bacterial genera at the altitude of 4 013 m. Sedge coverage and available nitrogen were the main influencing factors on bacterial dominant genera at the altitude of 4 224 m. Biological soil crusts and pH had a great influence on bacterial diversities. The bacterial influence factors varied greatly at different altitude areas. Therefore, we should not only pay attention to the effect of alpine meadow degradation but also consider the effect of altitude in the study of bacterial diversity changes.

Key words: bacterial community diversity; degraded patches; redundancy analysis (RDA); altitude; vegetation characteristics; soil physical and chemical properties

高寒生态系统是陆地生态系统中最重要的一部分, 能够提供许多生态服务, 对陆地生态系统的碳 (C) 和氮 (N) 循环有重要作用^[1,2]. 近几十年来, 由于畜牧业的快速发展, 牲畜数量远远超过了草原承载能力^[3], 导致高寒草甸退化^[4]. 高寒草甸草毡层剥离形成退化斑块^[5,6], 改变了植物组成, 降低植物多样性以及地上和地下生物量^[7,8], 同时也影响了土壤养分循环^[9,10], 导致土壤细菌群落多样性发生变化^[11]. 以往研究主要关注植物群落和土壤性质等方面的变化^[1,12], 有学者研究了草地退化过程和细菌变化特点^[11,13], 忽视了不同类型退化斑块植被和土壤的差异性, 同时不同类型退化斑块土壤细

菌群落组成和多样性特征也尚未得到研究. 有研究表明, 不同类型退化斑块之间存在恢复演替关系, 活动斑块在无高原鼠兔 (*Ochotona curzoniae*) 干扰条件下会在 1~2 a 内演替至非活动斑块, 从非活动斑块演替至恢复斑块, 至少需要 3~5 a 时间; 而要进一步演替至高寒草甸, 至少需要 10 a 或者更长时间^[14,15], 但是该演替过程中细菌群落变化特征还不

收稿日期: 2021-12-10; 修订日期: 2022-01-30

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

作者简介: 孙华方 (1991~), 女, 博士研究生, 主要研究方向为高寒草地生态修复, E-mail: 1219493914@qq.com

* 通信作者, E-mail: xilai-li@163.com

清楚。

土壤细菌作为数量最多的微生物类群,是土壤有机质和凋落物的最重要分解者,在调节生物地球化学循环、驱动生物圈能量流和物质循环方面发挥着重要作用^[16~19],在决定退化草地的发展方向上起着关键作用^[20]。例如,重氮营养菌和溶磷菌等细菌可以提高土壤养分的可用性,促进植物生长,从而促进退化草地的恢复^[21,22]。相反,硝化菌、反硝化细菌和植物病原体增加了土壤氮(N)流失和植物疾病的风险,从而加剧了草地退化^[23]。此外,土壤细菌群落对环境变化异常敏感,因此常被作为生态系统变化的指示物种。因此,研究土壤细菌的组成将有助于人们更好地理解草地退化和恢复过程,并有助于人们预测和控制退化草地的发展。土壤基质持续性、温度和湿度等物理和化学特性以及地上植被等因素的变化将引起土壤细菌群落发生变化^[24,25]。土壤 pH、碳氮比(C:N)和植被类型通常被认为是土壤微生物分布模式变化的主要驱动因素^[26,27]。例如,在青藏高原高海拔地区进行的研究中,发现土壤 pH 是影响细菌群落结构的主要因素。也有学者认为,气候是细菌多样性和结构组成的重要影响因子,例如较低的年平均温度、较短的生长季节和较慢的养分周转率均不利于植被和细菌生长^[28,29]。降水、土壤 pH、温度和植被对细菌的影响与海拔高度变化密切相关^[30],不同海拔地区规律可能存在一定差异。近些年,海拔与细菌群落组成和多样性之间的关系的研究还未得出一致结论。有研究发现,细菌结构多样性变化与海拔变化具有一致性^[31],安前东等^[32]发现微生物多样性随海拔变化显著下降。但在黄河源区海拔变化下细菌结构多样性变化及影响因子尚不清楚。

本文选取不同海拔高寒草甸退化斑块的土壤细菌为研究对象,采用 MiSeq 高通量测序方法,分析土壤细菌多样性,并探讨海拔变化和退化对土壤细菌群落组成的影响。此外,土壤细菌较植物对环境变化更敏感^[33],了解微生物分布特点有助于帮助了解土壤生态系统健康状态。因此,对不同海拔的土壤细菌多样性的研究,能够更好地了解青藏高原高寒草甸生态系统土壤细菌的地理分布模式和不同海拔梯度土壤细菌群落变化的驱动力,有利于阐明环境变化过程中细菌变化特点,以期为全球气候变化高寒草甸土壤生态系统功能的预测提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

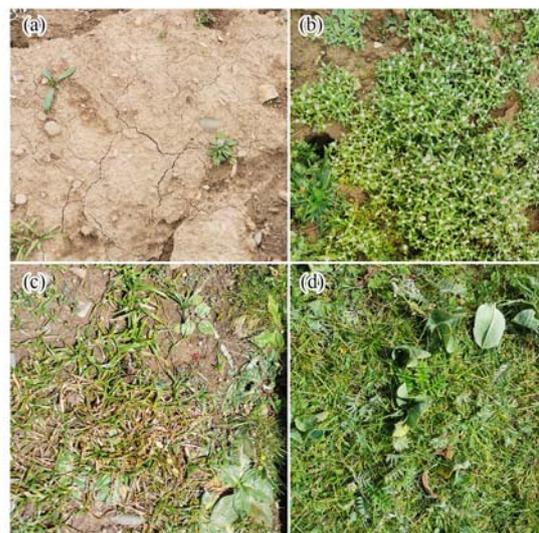
研究地点位于青海省果洛藏族自治州甘德县

(33°33'N, 99°36'E),分别选取海拔4 013 m 和 4 224 m 的高寒草甸阳坡滩地(<5°)进行调查取样,各调查样地面积约 10 hm²。甘德县年平均气温为 -2.3℃,年降水量为 542 mm,不同海拔地区草地类型均为高寒草甸。主要植被有矮生嵩草(*Kobresia humilis*)、垂穗披碱草(*Elymus nutans*)、草地早熟禾、密花香薷(*Elsholtzia densa*)、四数獐牙菜(*Swertia tetrapeta*)和细叶亚菊(*Ajania tenuifolia*)等。

1.2 研究方法

1.2.1 样地选择和植被调查方法

2020年8月,在青海省果洛藏族自治州甘德县不同海拔的2个研究区,利用样方法调查植被特征。将每个样地分为3个采样区,在不同采样区内随机选取不同类型退化斑块。一般分为活动斑块、非活动斑块和恢复斑块等3类斑块,主要依据植被类型和植被总盖度进行斑块分类,活动斑块区由于高原鼠兔频繁活动,植被难以建植,活动斑块植被盖度几乎为0;非活动斑块是由于高原鼠兔停止扰动活动1~2 a后形成的斑块,具有少量一、二年生杂类草植物如密花香薷(*Elsholtzia densa*)和细叶亚菊(*Ajania tenuifolia*)等,植被盖度在20%~40%;恢复斑块是非活动斑块进一步自然生态恢复形成的斑块,主要以莎草科植物如苔草(*Carex supina*)为优势物种,伴生少量乳白香青(*Anaphalis lactea*)等多年生杂类草,植被盖度>40%,见宋梓涵^[14]的研究,各类斑块见图1。在两个样地中随机选取不同类型退化斑块进行植被调查,样方面积为0.25 m²,各类斑块分别重复4次。利用目测估算样方内植被总盖度



(a)、(b)、(c)和(d)分别为活动斑块、非活动斑块、恢复斑块和高寒草甸

图1 3种类型退化斑块和高寒草甸

Fig. 1 Three types of degraded patches and alpine meadows

和经济类群(禾本科、莎草科、杂类草)盖度,利用栅格计数法估算苔藓盖度^[34],齐地面刈割法测定高寒草甸经济类群植物鲜量。

1.2.2 土壤样品采集及土壤化学性质测定

植被特征调查后,按照对角线在样方内随机布置3个样点,挖取土壤(深度0~10 cm)混装于自封袋中,将同一样区相同类型斑块的4个调查样方土壤样本两两混合为1个样本,每个样区同类型斑块的土壤构成2个样品,每个样地相同类型斑块均可以获得6个土壤分析样本,用于分析土壤化学性质。微生物土壤样品取样方法如下:为避免微生物感染使用原位土擦拭取样药匙,然后在调查样方内按照对角线随机布置5个样点,挖取表层(深度0~5 cm)土壤样品装于5 mL冻存管中,将同一样区4个调查样方的微生物土壤两两混合为1个样本,同样每个样地各类型斑块均获得6个微生物土壤样本。将获得的微生物土壤样品暂时保存在4℃便携式冰箱内,带回实验室于-80℃冰箱保存。用于测定土壤化学性质的土壤样品,带回实验室阴干备用。

利用AA3连续流动分析仪(德国,SEAL)测定土壤全氮(total nitrogen, TN)、铵态氮(ammonium nitrogen, NH_4^+-N)、全磷(total phosphorus, TP)和速效磷(available phosphorus, AP),利用火焰光度法测定土壤全钾(total potassium, TK),利用电位法测定土壤pH。

1.2.3 微生物测定

DNA提取:使用Power Soil DNA Isolation Kit (MoBio Laboratories, Carlsbad, CA)试剂盒提取基因组DNA,并使用Nanodrop检验DNA质量和浓度。PCR扩增:按指定扩增区域,合成带有barcode的特异引物,使用KAPA 2G Robust Hot Start Ready Mix及引物进行PCR扩增(扩增区域为16S rRNA的V3~V4区,引物为336F, 806R),PCR扩增总体积为25 μL 。使用1%琼脂糖凝胶电泳检测扩增目的条带大小(170 V, 30 min),并使用磁珠法进行自动化纯化。MiSeq文库构建:按照Pooling比例,对没有错位碱基的融合引物PCR产物取一定体积Pooling成一个上机文库,并使用2%琼脂糖胶对文库片段进行筛选。筛选后的文库片段经Qubit检测定量,取一定量文库加入10 μL End repair & Add A进行末端修复加A尾,再加入33.5 μL Adaptor Ligation Mix进行加测序接头的连接,并对文库进行纯化回收。然后加入接头引物、酶及Mix进行PCR富集完成文库构建。最后,对文库进行PCR产物纯化。上机测序:文库在Illumina MiSeq平台上机测序。以上过程均委托北京奥维森基因科技有限公司完成。

PICRUSt功能预测分析:本文采用PICRUSt2对细菌OTUs丰度进行标准化,对比KEGG数据库的信息,获得各功能基因的丰度,推测微生物群落的功能信息^[35]。

1.2.4 数据处理与分析

本文利用Microsoft Excel对数据进行整理,利用SPSS 19.0对不同海拔同类型斑块植被、土壤特征、细菌OTUs数量和微生物多样性进行T检验分析,使用双尾检测,当 $P < 0.05$ 时差异显著;利用SPSS 19.0对相同海拔不同类型斑块植被、土壤特征、细菌OTUs数量、微生物多样性和不同功能相关的细菌丰度进行单因素方差分析,使用双尾检测,当 $P < 0.05$ 时差异显著。利用Excel对细菌门、属的水平上相对丰度进行统计并绘制柱状图。利用R4.0对微生物、植被和土壤特征进行冗余分析(redundancy analysis, RDA),并绘图。

2 结果与分析

2.1 不同类型斑块植被和土壤化学性质特征

由表1可知,相同海拔的非活动斑块和恢复斑块植被总盖度、禾本科盖度、莎草科盖度和生物结皮盖度均显著低于高寒草甸($P < 0.05$)。恢复斑块杂类草盖度最低,不同海拔恢复斑块杂类草盖度差异不明显,分别为11.67%和11.83%。不同海拔相同类型斑块的禾本科盖度相差不显著。不同海拔高寒草甸莎草科盖度差异不明显(48%~53%),恢复斑块中莎草科盖度随海拔升高显著降低($P < 0.05$)。海拔4224 m处非活动斑块的莎草科盖度最低,仅为0.92%,与海拔4013 m之间差异不显著。两海拔地区的非活动斑块、恢复斑块的生物结皮盖度均显著低于高寒草甸($P < 0.05$),非活动斑块中的生物结皮盖度随海拔升高整体呈下降趋势,恢复斑块和高寒草甸生物结皮特征随海拔变化不明显。随着海拔升高非活动斑块和恢复斑块地上生物量显著降低($P < 0.05$),但高寒草甸差异不显著。

由表2可知,海拔4013 m的退化斑块中,恢复斑块土壤 $\omega(\text{TN})$ 最高,为1.77 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$,显著高于活动斑块和非活动斑块,但与高寒草甸含量相比差异显著($P < 0.05$)。海拔4224 m样地中三类退化斑块TN均显著低于高寒草甸($P < 0.05$)。不同海拔的活动斑块 $\omega(\text{TP})$ 均最低,分别为0.74 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和1.12 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$,均显著低于非活动斑块和恢复斑块($P < 0.05$)。就TK而言,海拔4013 m不同斑块和高寒草甸TK差异不显著;海拔4224 m的非活动斑块TK最高,高寒草甸最低,且差异显著($P < 0.05$)。不同海拔地区的高寒草甸 NH_4^+-N 均显著高于同海拔地

区的三类退化斑块 ($P < 0.05$). 海拔4 013 m处活动斑块 $\omega(\text{AP})$ 最高, 为 $2.12 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 海拔4 224 m地区高寒草甸 $\omega(\text{AP})$ 最高, 为 $6.01 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$. 除非活动斑块外, 其他类型退化斑块和高寒草甸 TN 土壤化学特征, 随海拔升高均呈下降趋势. 活动斑块和非活性斑块的 TP 随海拔升高显著升高, 恢复斑块和

高寒草甸显著下降 ($P < 0.05$). 随着海拔升高, 三类退化斑块 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 均显著下降 ($P < 0.05$). 除活动斑块以外, 其他退化斑块和高寒草甸 AP 随海拔升高显著增加 ($P < 0.05$). 随海拔升高, pH 均呈升高趋势, 不同海拔的活动斑块之间差异不显著, 其他类型斑块均有显著差异 ($P < 0.05$).

表1 不同海拔不同退化斑块植被特征¹⁾

Table 1 Vegetation characteristics of different degraded patches at different altitudes

海拔/m	斑块类型	总盖度 /%	禾本科盖度 /%	莎草科盖度 /%	杂类草盖度 /%	生物结皮盖度 /%	地上生物量 /g·m ²
4 013	活动斑块	—	—	—	—	—	—
	非活动斑块	45.83 ± 8.61bA	0.00 ± 0.00cA	1.67 ± 2.07cA	39.17 ± 12.51aA	9.00 ± 3.58bA	215.66 ± 75.03aA
	恢复斑块	46.17 ± 7.52bA	11.67 ± 2.58bA	35.83 ± 3.13bA	11.67 ± 3.88bA	9.67 ± 2.58bA	178.05 ± 40.76aA
	高寒草甸	87.17 ± 5.95aA	29.25 ± 2.23aA	48.17 ± 5.15aA	39.77 ± 23.13aA	59.17 ± 10.21aA	186.53 ± 75.48aA
4 224	活动斑块	—	—	—	—	—	—
	非活动斑块	46.67 ± 11.25bA	0.62 ± 0.69cA	0.92 ± 0.8cA	44.33 ± 11.06aA	6.67 ± 2.94bA	106.89 ± 20.94bB
	恢复斑块	51.33 ± 6.06bA	10.67 ± 2.16bA	31 ± 3.74bB	11.83 ± 4.49bA	9.67 ± 3.08bA	74.19 ± 35.36cB
	高寒草甸	86.00 ± 1.79aA	30.33 ± 4.76aA	52.33 ± 3.93aA	41 ± 3.35aA	59.17 ± 3.49aA	206.49 ± 14.63aA

1) 不同大写字母表示不同海拔相同斑块类型植被特征均值差异显著 ($P < 0.05$), 不同小写字母表示相同海拔不同斑块类型植被特征均值差异显著 ($P < 0.05$), 下同; “—”表示活动斑块无植被特征

表2 不同海拔不同类型退化斑块土壤化学性质

Table 2 Soil chemical properties of different degraded patches at different altitudes

海拔/m	斑块类型	$\omega(\text{TN})$ /g·kg ⁻¹	$\omega(\text{TP})$ /g·kg ⁻¹	$\omega(\text{TK})$ /g·kg ⁻¹	$\omega(\text{NH}_4^+ - \text{N})$ /mg·kg ⁻¹	$\omega(\text{AP})$ /mg·kg ⁻¹	pH
4 013	活动斑块	1.01 ± 0.52cA	0.74 ± 0.23cB	24.38 ± 6.64aA	14.16 ± 2.52bA	2.12 ± 0.52aA	6.90 ± 0.32aA
	非活动斑块	1.07 ± 0.25cB	1.09 ± 0.32bB	23.62 ± 4.33aA	11.19 ± 2.68bA	0.56 ± 0.10dB	6.68 ± 0.15aB
	恢复斑块	1.77 ± 0.38bA	1.96 ± 0.58aA	26.12 ± 3.41aA	14.08 ± 2.79bA	0.91 ± 0.08cB	6.62 ± 0.17aB
	高寒草甸	3.04 ± 0.36aA	2.25 ± 0.25aA	27.1 ± 1.84aA	20.02 ± 5.95aA	1.27 ± 0.27bB	6.47 ± 0.36aB
4 224	活动斑块	0.63 ± 0.63cB	1.12 ± 0.13bA	23.66 ± 0.86bA	4.87 ± 0.46cB	1.67 ± 0.47cB	7.15 ± 0.20aA
	非活动斑块	1.08 ± 0.21bB	1.56 ± 0.12aA	26.83 ± 1.65aA	8.40 ± 1.77bB	2.65 ± 0.20bA	7.19 ± 0.13aA
	恢复斑块	0.99 ± 0.17bB	1.49 ± 0.03aB	23.50 ± 0.28bB	11.23 ± 1.45bB	2.77 ± 0.19bA	7.11 ± 0.17aA
	高寒草甸	2.66 ± 0.52aA	0.96 ± 0.06bB	22.14 ± 0.54cB	21.75 ± 3.43aA	6.01 ± 1.29aA	6.77 ± 0.1bA

2.2 不同海拔不同类型斑块土壤微生物 OTUs 数量分析

利用 Venn 图分析发现 (图 2), 不同海拔不同类型退化斑块中 OTUs 总数量差异不明显, 分别为 8 224 个和 8 155 个. 海拔4 013 m 处的三类退化斑块和高寒草甸共有细菌 OTUs 数量最多, 为 3 192 个, 占细菌 OTUs 总数的 38.81% [图 2(a)]; 海拔4 224 m 处共有的细菌 OTUs 数量较少, 为 2 762 个, 占细菌 OTUs 总数的 34.03% [图 2(b)]. 随着海拔的升高, 活动斑块独有的 OTUs 占比逐渐增加, 海拔4 013 m 的活动斑块独有细菌 OTUs 为 395 个, 占细菌 OTUs 总量的 4.80%, 随海拔升高, 活动斑块独有的细菌 OTUs 数量增加为 570 个, 占细菌 OTUs 总量的 7.02%. 恢复斑块、非活动斑块和高寒草甸独有 OTUs 占比海拔变化特征不明显.

2.3 不同海拔不同类型斑块土壤细菌群落结构

不同海拔、不同类型斑块土壤细菌门水平相对

丰度分布特征见图 3. 从中可知, 不同海拔不同斑块优势细菌门是变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteriota) 和酸杆菌门 (Acidobacteriota), 其中海拔4 013 m 的高寒草甸的相对丰度分别为 27.78%、22.57% 和 22.48%. 活动斑块、非活动斑块和恢复斑块的放线菌门相对丰度低于高寒草甸, 但酸杆菌门相对丰度高于高寒草甸. 海拔升高后, 主要优势细菌门没有发生变化, 但是其相对丰度发生了较大差异. 随着海拔升高, 非活动斑块、恢复斑块和高寒草甸变形菌门相对丰度增加, 海拔4 224 m 分别为 29.16%、30.63% 和 28.62%. 除恢复斑块外, 其他类型斑块放线菌门相对丰度随海拔升高而变大. 分析发现, 随着海拔的升高, 各类斑块的酸杆菌门相对丰度降低, 其中活动斑块和非活动斑块之间差异较大, 海拔4 224 m 地区的活动斑块和非活动斑块的酸杆菌门相对丰度要高于海拔4 013 m 地区的同类型斑块约 6%.

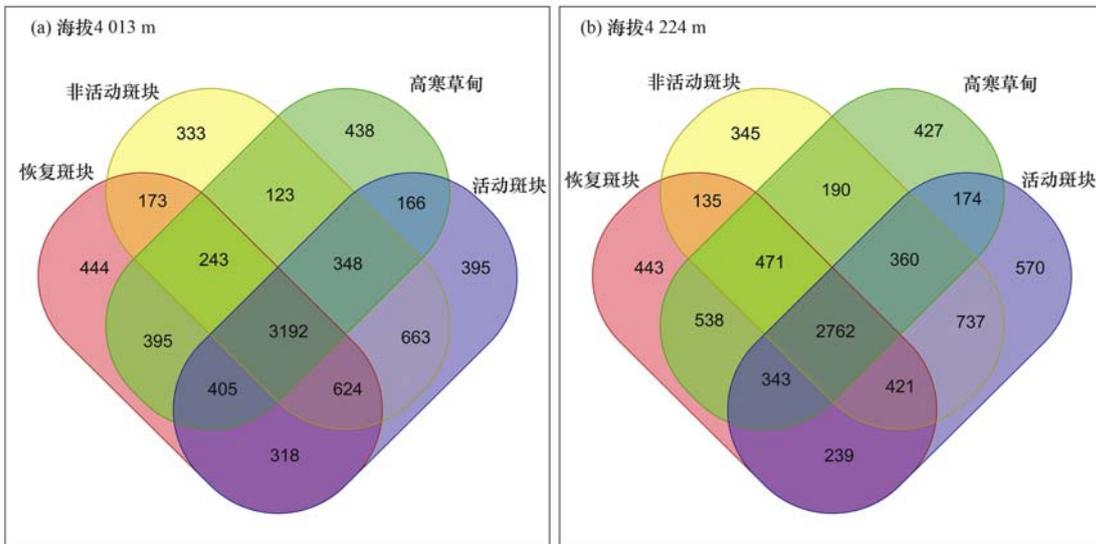
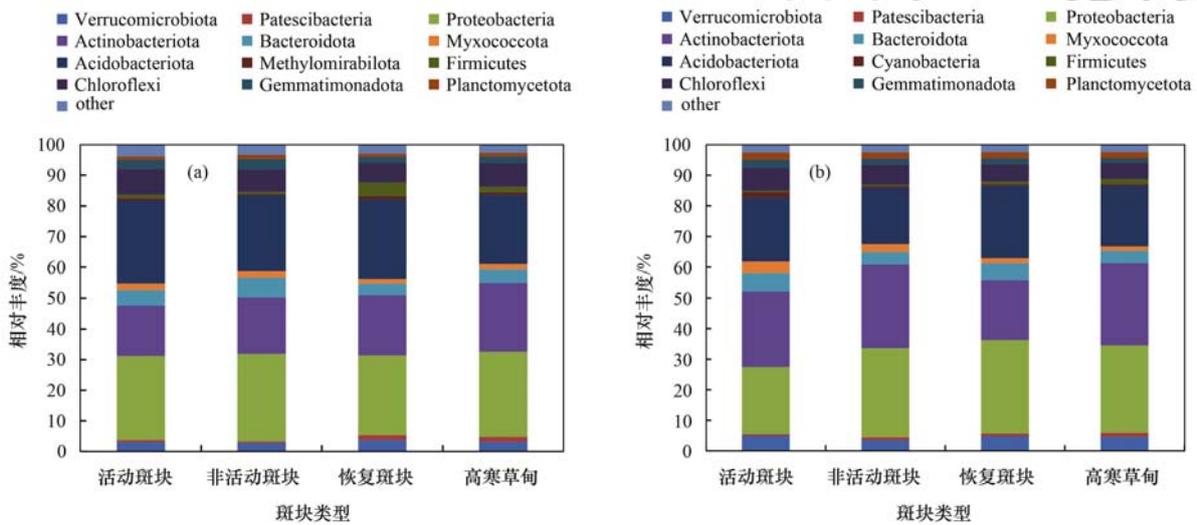


图 2 不同退化斑块和高寒草甸土壤细菌 OTUs 数量

Fig. 2 OTUs number of soil bacteria of different degraded patches and alpine meadows at different altitudes



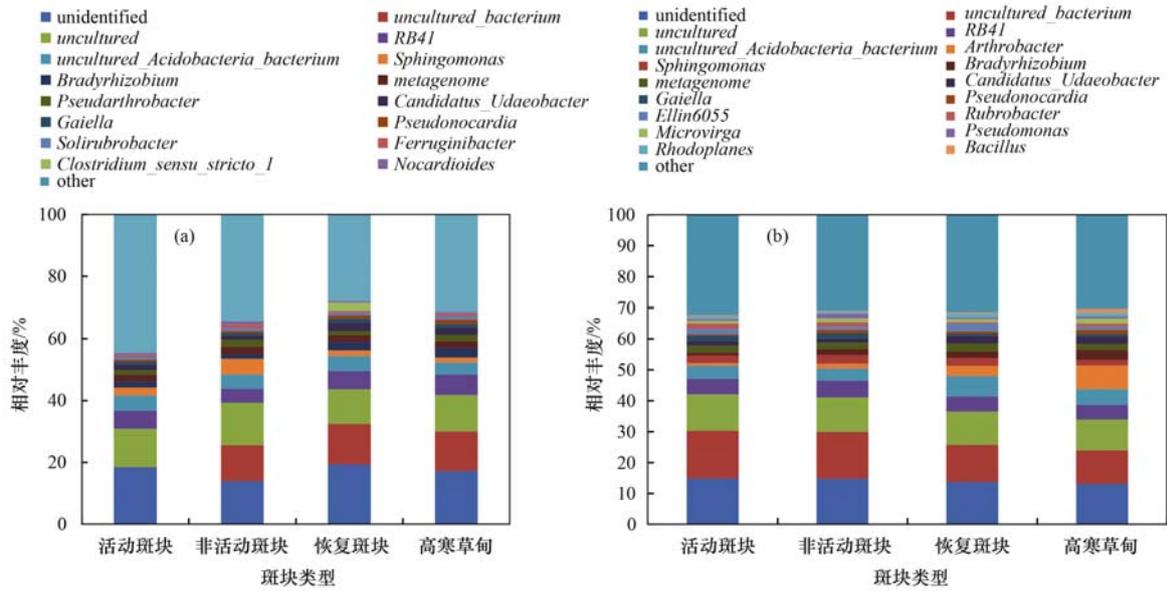
(a) 海拔 4 013 m, (b) 海拔 4 224 m

图 3 土壤细菌门水平上相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of bacteria at phylum level

分析不同海拔和不同类型斑块土壤细菌属水平的相对丰度发现(图 4),不同海拔的高寒草甸和各类斑块土壤中未鉴定出的细菌属比例最高,随海拔升高,未鉴定出的细菌属相对丰度降低,海拔 4 224 m 非活动斑块地区占比最低,为 9.96%。*RB41*、鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)和慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)在鉴定出的细菌属中占绝对优势。海拔 4 224 m 的非活动和恢复斑块中 *RB41* 相对丰度分别为 4.88% 和 5.41%,高于同海拔地区的高寒草甸(4.77%),但活动斑块中 *RB41* 相对丰度低于高寒草甸。随海拔的升高,各类型斑块 *RB41* 相对丰度下降,其中恢复斑块和高寒草甸降低程度最大。不同海拔非活动斑块的鞘脂单胞菌属相对丰度最高,分别为 5.11% 和 2.76%。随海拔升高,不同类型

斑块的鞘脂单胞菌属相对丰度均降低。慢生根瘤菌属在不同海拔不同类型斑块中表现出较大差异。随着海拔的升高,活动斑块和恢复斑块慢生根瘤菌属相对丰度降低,但非活动斑块表现出相反趋势。退化导致慢生根瘤菌属相对丰度下降,海拔 4 013 m 的活动和非活动斑块的慢生根瘤菌属相对丰度相似,是高寒草甸的一半;海拔 4 224 m 的活动斑块慢生根瘤菌属相对丰度仅是高寒草甸的 1/3。海拔 4 013 m 不同类型斑块的节杆菌属(*Arthrobacter*)相对丰度均小于 1%,但在海拔 4 224 m 地区,节杆菌属相对丰度显著高于海拔 4 013 m 的杆菌属相对丰度,该地区中活动斑块相对丰度最低,高寒草甸最高,分别为 0.88% 和 7.7%,随着斑块的恢复演替其相对丰度逐渐增加。



(a)海拔 4 013 m, (b)海拔 4 224 m

图 4 土壤细菌属水平上相对丰度

Fig. 4 Relative abundance of bacteria at genus level

2.4 不同海拔不同类型斑块土壤细菌多样性

由表 3 可知,随着海拔的升高,活动斑块土壤细菌 Chao1 指数变化微弱,但恢复斑块和高寒草甸显著增加 ($P < 0.05$).退化增加了 Chao1 指数,不同海拔的活动斑块土壤细菌 Chao1 指数均显著大于高寒草甸 ($P < 0.05$),而恢复斑块与高寒草甸土壤细菌 Chao1 指数相差较小,所以退化高寒草甸恢复过程

中,土壤细菌 Chao1 指数也逐渐接近高寒草甸.海拔 4 013 m 的样地中,活动斑块和非活动斑块土壤细菌物种数显著高于高寒草甸,数量分别为 3 402.12 和 3 088.75.随海拔升高,各类斑块物种数增加,除非活动斑块外,其他类型斑块之间差异显著 ($P < 0.05$).同类斑块的 Shannon 和 Simpson 指数海拔变化特征不明显.

表 3 退化斑块土壤细菌多样性

Table 3 Soil chemical properties of different degraded patches at different altitudes

海拔/m	斑块类型	Chao1 指数	Observed_species 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
4 013	活动斑块	5 020.41 ± 287.23aA	3 402.12 ± 156.19aB	9.93 ± 0.17aA	1.00 ± 0.00aA
	非活动斑块	4 417.75 ± 267.23bA	3 088.75 ± 161.63bA	9.73 ± 0.16aA	1.00 ± 0.00aA
	恢复斑块	3 940.66 ± 490.90cB	2 765.20 ± 305.13cB	9.44 ± 0.42aA	0.99 ± 0.01aA
	高寒草甸	3 737.26 ± 342.20cB	2 641.82 ± 235.31cB	9.41 ± 0.23aA	1.00 ± 0.00aA
4 224	活动斑块	5 052.88 ± 181.83aA	3 860.07 ± 51.27aA	10.10 ± 0.03aA	1.00 ± 0.00aA
	非活动斑块	4 133.16 ± 144.27cA	3 148.52 ± 72.76cA	9.56 ± 0.03bA	1.00 ± 0.00aA
	恢复斑块	4 657.54 ± 224.96bA	3 486.61 ± 142.19bA	9.69 ± 0.14bA	1.00 ± 0.00aA
	高寒草甸	4 625.57 ± 270.59bA	3 433.49 ± 216.67bA	9.35 ± 0.39bA	0.99 ± 0.01aA

2.5 不同类型斑块土壤细菌群落功能特征

对不同海拔不同斑块土壤细菌功能预测发现(表 4),海拔 4 013 m 的退化斑块(活动斑块、非活动斑块和恢复斑块)土壤中光合作用的细菌丰度较健康高寒草甸高,与海拔 4 224 m 处的变化趋势一致.分析有关细菌和光合生物固碳作用细菌丰度发现,海拔 4 013 m 的各类斑块之间差异不显著,海拔 4 224 m 的活动斑块最高,分别为 1.30% 和 1.15%,显著高于高寒草甸 ($P < 0.05$).海拔 4 013 m 的高寒草甸和恢复斑块的甲烷代谢相关的细菌丰度最高,分别为 0.36% 和 0.35%,显著高于活动斑块和非活动斑块 ($P < 0.05$),海拔 4 224 m 的高寒草甸甲烷代

谢相关的细菌丰度显著高于活动斑块 ($P < 0.05$),但三类退化斑块之间差异不显著.分析青霉素和头孢菌素生物合成相关的细菌丰度发现,海拔 4 013 m 活动斑块和非活动斑块显著高于高寒草甸 ($P < 0.05$),海拔 4 224 m 的各类斑块之间差异不显著.海拔升高引起细菌固碳途径相关细菌丰度降低,不同海拔的非活动斑块和高寒草甸之间差异显著 ($P < 0.05$),不同海拔对氮代谢和甲烷代谢相关细菌丰度差异不大.各类斑块有关分泌系统作用的细菌丰度随海拔升高而下降,除恢复斑块外,其他类型斑块之间差异显著 ($P < 0.05$).海拔升高引起恢复斑块和高寒草甸中青霉素和头孢菌素生物合成功能表达

表 4 不同类型斑块土壤细菌功能预测/%

Table 4 Prediction of soil bacterial function in different types of patches/%

海拔/m	斑块类型	光合作用	细菌的固碳途径	光合生物的固碳作用	柠檬酸循环	氮代谢	甲烷氧化	细菌分泌系统	青霉素和头孢菌素生物合成
4 013	活动斑块	0.45 ± 0.02aA	1.31 ± 0.05aA	1.12 ± 0.03aB	1.27 ± 0.02abB	0.50 ± 0.02aA	0.34 ± 0.01bA	0.79 ± 0.02aA	0.16 ± 0.01aA
	非活动斑块	0.45 ± 0.01aA	1.31 ± 0.02aA	1.12 ± 0.01aA	1.30 ± 0.01aA	0.50 ± 0.00aA	0.34 ± 0.01bA	0.79 ± 0.01aA	0.18 ± 0.01aA
	恢复斑块	0.44 ± 0.01abA	1.28 ± 0.04aA	1.13 ± 0.03aA	1.24 ± 0.08bB	0.49 ± 0.02aA	0.35 ± 0.01aA	0.76 ± 0.03bA	0.13 ± 0.02bB
	高寒草甸	0.43 ± 0.01bA	1.28 ± 0.02aA	1.11 ± 0.01aA	1.27 ± 0.01abA	0.49 ± 0.00aA	0.36 ± 0.01aA	0.75 ± 0.01bA	0.13 ± 0.01bB
4 224	活动斑块	0.47 ± 0.03aA	1.30 ± 0.01aA	1.15 ± 0.01aA	1.31 ± 0.01aA	0.47 ± 0.02aA	0.34 ± 0.00bA	0.75 ± 0.02aB	0.16 ± 0.02aA
	非活动斑块	0.43 ± 0.02bA	1.26 ± 0.05abB	1.11 ± 0.05abA	1.29 ± 0.02abA	0.48 ± 0.02aA	0.35 ± 0.02abA	0.74 ± 0.01aB	0.16 ± 0.01aA
	恢复斑块	0.43 ± 0.01bA	1.28 ± 0.02abA	1.12 ± 0.02abA	1.29 ± 0.01abA	0.49 ± 0.11aA	0.35 ± 0.01abA	0.75 ± 0.03aA	0.16 ± 0.01aA
	高寒草甸	0.41 ± 0.01bA	1.23 ± 0.02bB	1.09 ± 0.02bA	1.27 ± 0.02bA	0.50 ± 0.01aA	0.37 ± 0.02aA	0.71 ± 0.04aB	0.18 ± 0.03aA

相关细菌丰度显著升高($P < 0.05$)。

2.6 不同类型斑块土壤细菌群落与植被和土壤特征关系

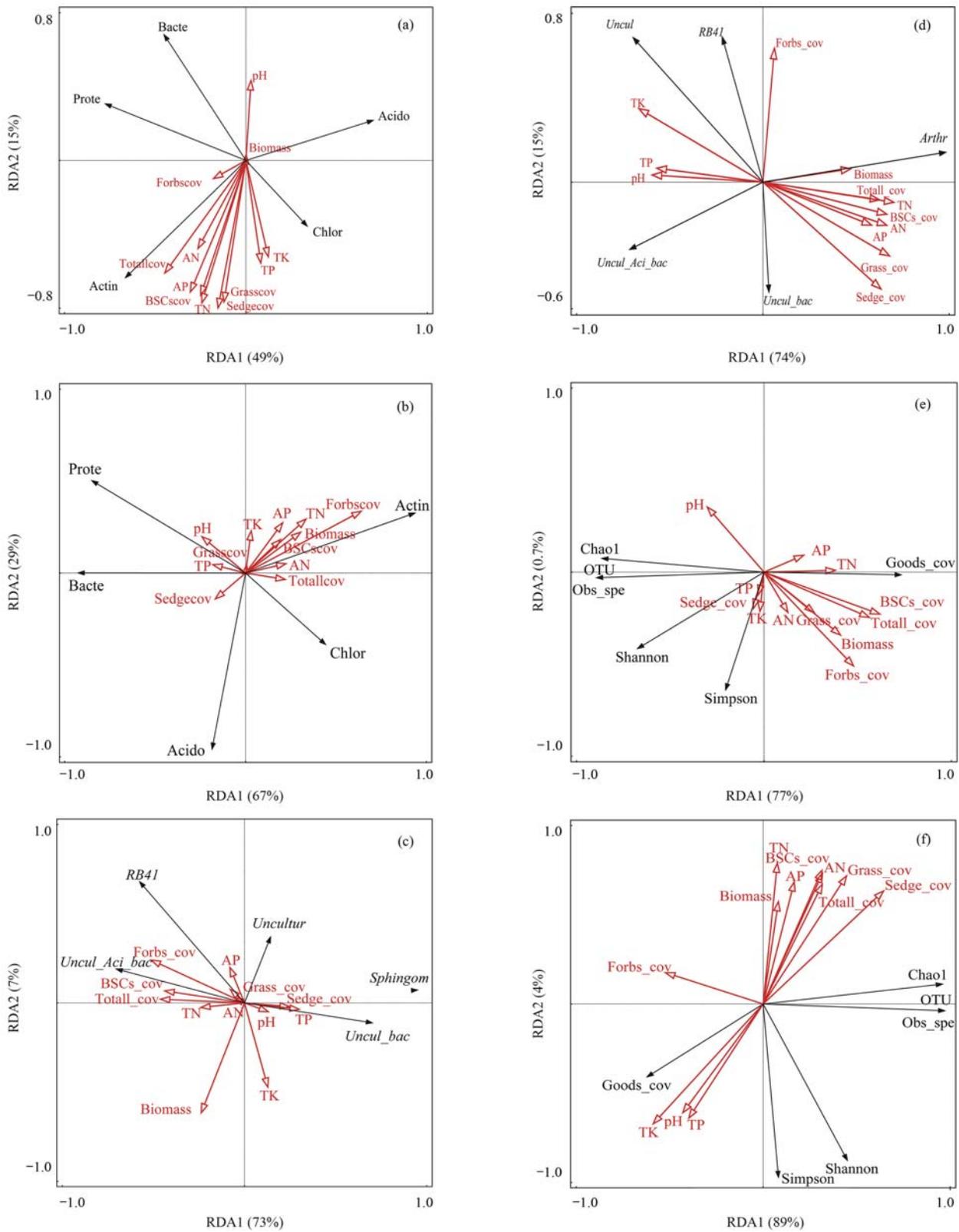
通过冗余分析探讨优势细菌门、属和多样性和植被与土壤之间的关系发现(图5),不同海拔地区引起土壤细菌变化的关键影响因子不同。在门水平上[图5(a)],海拔4 013 m地区植被关键因子是生物结皮盖度和莎草科盖度,主要的土壤因子是全氮含量,其中生物结皮盖度与放线菌门和绿弯菌门呈正比,与变形菌门和酸杆菌门负相关,全氮表现出相似规律。随着海拔升高,主控因子发生变化,杂类草盖度和生物量对细菌群落结构影响较大,而在土壤特征中除全氮外,速效磷和pH也是关键影响因子,全氮与速效磷含量与放线菌门、绿弯菌门正相关,与变形菌门和酸杆菌门负相关。pH分别与绿弯菌门、放线菌门和酸杆菌门呈负相关关系[图5(b)]。属水平上,海拔4 013 m地区,生物量和RB41和鞘脂单胞菌属负相关,土壤特征中,全钾为主控因子,与RB41呈负相关,与鞘脂单胞菌属正相关[图5(c)]。随着海拔升高,莎草科、杂类草盖度和全钾、速效氮转变为重要因子[图5(d)]。分析环境因子与细菌多样性发现[图5(e)和5(f)],生物结皮对不同海拔细菌多样性影响较大,与海拔4 013 m的Chao1和物种数呈负相关关系,但与海拔4 224 m的Chao1和物种数呈正相关关系。土壤中pH在不同海拔地区均属于重要影响因子,与海拔4 013 m的Chao1和物种数呈正相关,与海拔4 224 m的Chao1和物种数呈负相关。全钾对海拔4 224 m的细菌多样性影响较大,对海拔4 013 m的细菌多样性影响不大。所以,海拔不仅能够改变土壤细菌的关键影响因子,还会改变环境因子与土壤微生物之间的关系。

3 讨论

3.1 不同类型斑块土壤细菌多样性特征

退化斑块恢复演替过程中(活动斑块→非活动斑块→恢复斑块→高寒草甸),土壤细菌群落特征

发生了明显的变化。不同类型斑块和高寒草甸土壤细菌群落的优势类群基本相同。本研究发现,在门水平上,变形菌门和酸杆菌门是最具优势的分类群(图3),其结果与孙华方等^[33]和Zhang等^[36]的研究结果一致。变形菌门内的很多微生物不仅可以通过异养过程获得能量,该门下的很多属可以从太阳光中获得能量进行代谢^[37],多样化的能量利于途径有利于变形菌门在自然界中广泛存在。酸杆菌门具有独特的寡营养特性、低温下较高的代谢活性和快速利用有机物等特性,在高寒地区能够通过分泌大量 β -葡萄糖苷酶和纤维二糖水解酶等碳氮分解关键酶获得能量供自身生长,成为高寒地区土壤主要的优势菌门^[38,39]。但在属水平上,不同类型斑块之间具有显著差异。本研究发现,RB41、鞘脂单胞菌属和慢生根瘤菌属是属水平上最具优势的分类群(图4),该结果与李成一等^[40]的研究结果相似。但不同类型斑块相对丰度不同,随着退化斑块的植被恢复,RB41和慢生根瘤菌属处于逐渐恢复中。虽然不同海拔恢复斑块的慢生根瘤菌属相对丰度较活动斑块和非活动斑块高,但是依然显著低于高寒草甸,所以退化斑块细菌群落恢复到高寒草甸还需要较长时间。慢生根瘤菌属主要通过利用铵盐和硝酸盐等,或者与植被根系形成根瘤固定大气中的氮元素等方式,对土壤中或者大气中氮素的分布产生很大影响^[41,42],草地退化引起的慢生根瘤菌属相对丰度减少,可能是导致高寒草甸土壤氮素流失的关键过程,尤其在海拔较高地区。本研究中的退化斑块如恢复斑块和非活动斑块土壤中土壤全氮含量显著低于高寒草甸土壤的试验结果(表2),进一步得到了验证。有学者指出,鞘脂单胞菌属和节杆菌属对降解复杂有机污染物有显著作用^[43,44],本研究发现鞘脂单胞菌属在活动斑块中具有较大丰度,有利于降解斑块土壤中顽固有机物,以此缓解活动斑块碳源短缺。节杆菌属也受到斑块植被恢复演替的影响,随着植被恢复演替土壤养分丰富,促进了节杆菌属的恢复。所以,斑块正向演替有利于微生物生长,促进土壤结构



(a) 和 (b) 分别表示不同海拔门水平上优势细菌相对丰度和环境因子 RDA 分析, (c) 和 (d) 分别表示在不同海拔属水平优势细菌相对丰度和环境因子 RDA 分析, (e) 和 (f) 分别表示不同海拔细菌多样性和环境因子 RDA 分析; Prote 表示 Proteobacteria, Bacte 表示 Bacteroidota, Actin 表示 Actinobacteriota, Chlor 表示 Chloroflexi, Acido 表示 Acidobacteriota, Brady 表示 Bradyrhizobium, Uncul_Aci_Bac 表示 Uncultured_Acidobacteria_Bacterium, Uncul_Bac 表示 Uncultured_Bacterium, Obs_spe 表示 Observed_species, Goods_cov 表示 Goods_coverage, Totall_cov 表示总盖度, Grasscov 表示禾本科盖度, Sedg_cov 表示莎草科盖度, BSCs_cov 表示生物结皮盖度; 红色箭头表示环境因子, 黑色箭头代表细菌相对丰度和多样性指数

图 5 土壤细菌多样性与土壤和植被特征的 RDA 分析

Fig. 5 Results from RDA to explore the relationship among the bacterial diversity, soil properties, and vegetation characteristics

和功能恢复。

除斑块类型外,海拔也是影响细菌微生物多样性的重要因子^[45,46]。本研究发现,随着海拔的升高主要优势菌门的相对丰度发生了显著变化,如变形菌门相对丰度随着海拔的升高而升高。可能是因为不同海拔地区的气候(降水和积温)具有显著差异性,进而引起变形菌门相对丰度发生变化。一般来说高海拔地区严酷的环境会影响微生物的生长。然而,高海拔地区变形菌门相对丰度较低海拔地区大,这可能与高海拔地区高寒草甸土壤中的积累的大量有机质和矿物质营养有关。肖焯等^[47]也发现细菌与有机质含量之间有显著正相关关系。Siles 等^[48]发现海拔升高会降低细菌多样性,本文并没有得到一致的结果。本研究发现,细菌 Chao1 指数和物种数量随海拔的升高而增大(表 3),提高了土壤细菌群落结构的复杂性,有利于细菌群落维持稳定。在高海拔地区,一些如 *Deinococcota* 门和节杆菌属等抗逆强的微生物逐渐出现,研究表明,*Deinococcota* 门能够抵抗氧化应激和辐射^[49,50],而节杆菌属通过产生更多功能性冷适应蛋白^[51],更能适应高海拔环境。*Deinococcota* 门中的 MBNT15 具有硝酸盐还原代谢潜力^[52],所以 *Deinococcota* 门的出现可能对土壤有效氮在海拔分布上产生影响。

3.2 植被和土壤对不同类型斑块土壤细菌多样性的影响

土壤细菌是土壤中活性很强的一类活性生物,其生长活动易受到外界因素影响。RDA 分析表明,海拔 4013 m 的不同类型斑块中,细菌多样性分布主要受到全氮、生物结皮和莎草科植物的影响。养分作为主要的能量来源直接影响细菌代谢和分布,养分组成的不同会导致细菌分布具有差异。李成一等^[40]和徐学池等^[53]的研究发现,氮元素的增加有利于草地优势细菌生长,本文得出相似结论。本研究发现,随着退化斑块的恢复演替,土壤全氮含量变大(表 2),放线菌也表现出增加的趋势,同时 RDA 结果也表明全氮含量与放线菌具有正相关关系,可能是因为氮肥不仅能够促进植被生长,增加土壤碳源,同时也能够平衡土壤 C/N,平衡土壤养分结构,有利于放线菌生长。但变形菌和绿弯菌门表现出不同变化趋势。在活动和非活动斑块土壤中变形菌和绿弯菌门相对丰度均较高寒草甸大,可能是因为该两类细菌门下有许多光自养类型的细菌如紫细菌利用菌绿素 a 和 b、类胡萝卜素等色素是进行光合作用^[37],进而能够更容易在养分较少的环境中生存。同时细菌物种数也表现出一致规律(表 3),较多数量的自养型细菌有利于降低养分缺少对微生物的影

响。pH 是决定细菌多样性沿海拔梯度变化的最重要因素^[54,55]。本文也得出相似结论,可能是因为土壤 pH 对土壤变量如酶活性、离子浓度、有机碳特征等有显著影响^[56~58],所以 pH 可能通过影响土壤环境显著改变微生物群落分布。

土壤细菌群落不仅受土壤有效养分的调控,还受植物特性的影响^[59]。本研究发现,海拔 4013 m 地区,植被特征如总盖度和杂类草盖度是细菌群落结构多样性的主要影响因子(图 5),退化导致植被盖度和生物量降低,从而导致凋落物的来源减少,致使微生物碳源减少,导致慢生根瘤菌属减少,所以不同类型退化斑块的慢生根瘤菌属相对丰度低于高寒草甸。随着海拔升高,莎草科盖度成为影响慢生根瘤菌属的关键因子,这可能是由于莎草科植物大量的凋落物和根系分泌物,均为慢生根瘤菌属的生长提供了充足的碳源。虽然植物和土壤性质均是影响土壤细菌群落组成的重要驱动因素,但有研究表明土壤性质的影响大于植物特性的影响^[60,61]。本文在海拔 4 224 m 地区发现相似规律,可能是因为土壤是细菌生长的基质,能够直接对细菌产生影响。RDA 对细菌多样性分析发现,生物结皮和禾本科盖度对细菌多样性的增加有显著促进作用。有研究发现,生物结皮对养分的积累和理化性质的改善有显著作用^[62],所以生物结皮可能通过影响土壤养分和改善土壤结构,间接促进细菌多样性的恢复。此外,生物结皮具有显著的保水功能,也能够促进细菌群落的恢复^[63,64]。细菌群落的变化在受到植被土壤影响的同时,也对维持土壤和植被的稳定性有很重要的作用。有研究发现,微生物能够影响土壤中养分变化和促进酶活性的恢复,如放线菌通过增强碳降解相关的酶活性从而对土壤中的活性有机碳组分的分布产生很大影响^[65],进而也会对植被养分的利用产生影响。所以,细菌与植被和土壤的耦合结构,是一种互相影响和互相促进的自然进化系统。

3.3 不同类型斑块土壤细菌功能预测

目前,对于高寒草甸退化斑块土壤功能变化的研究较少,草地退化和退化斑块恢复演替过程中植被和土壤特征的变化,均会引起细菌多样性的变化,进而引起细菌群落功能的改变。分析不同斑块土壤细菌功能变化发现,不同类型退化斑块土壤中有关固碳功能的细菌丰度均高于健康的高寒草甸,所以退化现象可能有助于土壤细菌碳功能提高,进而应对土壤碳源减少的不良影响。甲烷是重要温室气体中的一种,本研究发现,草地退化引起了甲烷氧化细菌丰度降低,可能会降低高寒草甸土壤甲烷氧化潜力。草地退化导致生物量和土壤养分明显减少^[66],

使甲烷氧化细菌可利用的碳源和能量也减少, 导致甲烷氧化细菌生长受到限制, 本研究得到了一致的结果, 即退化斑块 CH_4 氧化细菌丰度显著低于高寒草甸 ($P < 0.05$)。微生物主要通过分泌胞外酶或者有机酸对土壤环境产生影响, 细菌胞外分泌通路直接影响细菌功能表达^[18]。本文发现, 退化斑块中有关土壤微生物分泌功能的细菌丰度高于健康草甸, 可能是因为土壤退化引起了细菌物种数量的增加(表 3), 同时增加了有关该功能的细菌丰度, 也增加了胞外物分泌途径, 这些将有利于退化土壤的功能恢复。因此, 在高海拔地区需要深入研究草地土壤退化对细菌变化的影响。

4 结论

(1) 高海拔地区草地土壤退化会显著降低禾本科盖度和土壤养分含量。由于退化斑块恢复演替过程中生物结皮、禾本科和莎草科植物的基本特征与高寒草甸相差甚远, 所以退化斑块将需要更长时间才能恢复至健康高寒草甸状态。

(2) 3 种退化斑块土壤优势细菌门均是变形菌门、放线菌门和酸杆菌门。土壤退化程度和海拔升高降低了放线菌门相对丰度, 增加了酸杆菌门的相对丰度。其中 *RB41*、鞘脂单胞菌属和慢生根瘤菌属为主要优势细菌属, 斑块退化降低了三者的相对丰度。细菌物种数随海拔和草地退化程度升高而增加, 但细菌多样性指数没有显著变化。草地斑块的正向演替有利于土壤微生物生长, 促进土壤结构和功能恢复。

(3) 植被特征如生物结皮盖度、生物量是海拔 4 013 m 地区细菌结构多样性的主要影响因子。随着海拔的升高, 土壤因子如全氮、全钾和 pH 对细菌结构多样性的影响力大于植被特征。

(4) 3 种退化斑块的碳固定相关的细菌丰度高于健康高寒草甸, 但 CH_4 氧化细菌相对丰度显著低于高寒草甸, 所以草地退化刺激了土壤固碳功能细菌相对丰度的增加, 但降低了土壤细菌的 CH_4 氧化潜力。

致谢: 阿卓毛世吉、林春英和张宇航等在采样和实验方面提供帮助, 在此一并致谢!

参考文献:

- [1] Zhou H, Zhang D G, Jiang Z H, *et al.* Changes in the soil microbial communities of alpine steppe at Qinghai-Tibetan Plateau under different degradation levels [J]. Science of the Total Environment, 2019, **651** (Pt 2): 2281-2291.
- [2] Zhang Q, Fan K K, Singh V P, *et al.* Is Himalayan-Tibetan Plateau "drying"? Historical estimations and future trends of surface soil moisture [J]. Science of the Total Environment, 2019, **658**: 374-384.
- [3] Ren J Z, Hu Z Z, Zhao J, *et al.* A grassland classification system and its application in China [J]. The Rangeland Journal, 2008, **30**(2): 199-209.
- [4] Niu Y J, Yang S W, Wang G Z, *et al.* Effects of grazing disturbance on plant diversity, community structure and direction of succession in an alpine meadow on Tibet Plateau, China [J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, **38**(2): 179-185.
- [5] 曹广民, 龙瑞军, 张法伟, 等. 三江源地区退化高寒矮草草甸剥蚀坑的成因 [J]. 草原与草坪, 2010, **30**(2): 16-21. Cao G M, Long R J, Zhang F W, *et al.* Mechanism of denuded pits developing in degraded alpine *Kobresia humilis* meadow in the Three Rivers Source Region [J]. Grassland and Turf, 2010, **30**(2): 16-21.
- [6] 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.
- [7] Wu G L, Ren G H, Dong Q M, *et al.* Above- and belowground response along degradation gradient in an alpine grassland of the Qinghai-Tibetan Plateau [J]. Clean Soil Air Water, 2014, **42**(3): 319-323.
- [8] Liu M, Zhang Z C, Sun J, *et al.* The response of vegetation biomass to soil properties along degradation gradients of alpine meadow at Zoige Plateau [J]. Chinese Geographical Science, 2020, **30**: 446-455.
- [9] 李亚娟, 刘静, 徐长林, 等. 不同退化程度对高寒草甸土壤无机氮及脲酶活性的影响 [J]. 草业学报, 2018, **27**(10): 45-53. Li Y J, Liu J, Xu C L, *et al.* Effects of different grassland degradation levels on inorganic nitrogen and urease activity in alpine meadow soils [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2018, **27**(10): 45-53.
- [10] Pan H, Liu H Y, Liu Y W, *et al.* Understanding the relationships between grazing intensity and the distribution of nitrifying communities in grassland soils [J]. Science of the Total Environment, 2018, **634**: 1157-1164.
- [11] 展鹏飞, 肖德荣, 闫鹏飞, 等. 藏猪扰动作用下的高寒草甸土壤退化特征及微生物群落结构变化 [J]. 环境科学, 2018, **39**(4): 1840-1850. Zhan P F, Xiao D R, Yan P F, *et al.* Soil degradation-associated microbial community structure changes in an alpine meadow under Tibetan pig herding [J]. Environmental Science, 2018, **39**(4): 1840-1850.
- [12] Jing Z B, Cheng J M, Su J S, *et al.* Changes in plant community composition and soil properties under 3-decade grazing exclusion in semiarid grassland [J]. Ecological Engineering, 2014, **64**: 171-178.
- [13] 马源, 张德罡, 周恒, 等. 高寒草甸退化对优势物种根际土壤微生物量及酶活性的影响 [J]. 草原与草坪, 2019, **39**(4): 44-52. Ma Y, Zhang D G, Zhou H, *et al.* Effects of alpine meadow degradation on microbial biomass and enzyme activities in rhizosphere soil of dominant species [J]. Grassland and Turf, 2019, **39**(4): 44-52.
- [14] 宋梓涵, 李希来, 李杰霞, 等. 高寒草甸不同扰动斑块植物功能群和根土复合体特征变化研究 [J]. 生态科学, 2022, **41**(1): 31-38. Song Z H, Li X L, Li J X, *et al.* Characteristics of plant functional groups and root-soil complexes of different disturbed patches in alpine meadow [J]. Ecological Science, 2022, **41**(1): 31-38.

- [15] 刘伟, 李里, 严红宇, 等. 高原鼠兔挖掘活动对植物种的丰富度和地上生物量的影响[J]. 兽类学报, 2012, **32**(3): 216-220.
Liu W, Li L, Yan H Y, *et al.* Effects of burrowing activity of plateau pika (*Ochotona curzoniae*) on plant species richness and aboveground biomass [J]. Acta Theriologica Sinica, 2012, **32**(3): 216-220.
- [16] Luo Y, Lin Q M, Durenkamp M, *et al.* Soil priming effects following substrates addition to biochar-treated soils after 431 days of pre-incubation [J]. Biology & Fertility of Soils, 2017, **53**(3): 315-326.
- [17] Wei X M, Hu Y J, Peng P Q, *et al.* Effect of P stoichiometry on the abundance of nitrogen-cycle genes in phosphorus-limited paddy soil [J]. Biology and Fertility of Soils, 2017, **53**(7): 767-776.
- [18] Chen Y L, Ding J Z, Peng Y F, *et al.* Patterns and drivers of soil microbial communities in Tibetan alpine and global terrestrial ecosystems [J]. Journal of Biogeography, 2016, **43**(10): 2027-2039.
- [19] Yang L Y, Barnard R, Kuzyakov Y, *et al.* Bacterial communities drive the resistance of soil multifunctionality to land-use change in karst soils [J]. European Journal of Soil Biology, 2021, **104**, doi: 10.1016/j.ejsobi.2021.103313.
- [20] Singh J S. Microbes: the chief ecological engineers in reinstating equilibrium in degraded ecosystems [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2015, **203**: 80-82.
- [21] Pii Y, Mimmo T, Tomasi N, *et al.* Microbial interactions in the rhizosphere: beneficial influences of plant growth-promoting rhizobacteria on nutrient acquisition process. a review [J]. Biology and Fertility of Soils, 2015, **51**(4): 403-415.
- [22] Ezawa T, Saito K. How do arbuscular mycorrhizal fungi handle phosphate? new insight into fine-tuning of phosphate metabolism [J]. New Phytologist, 2018, **220**(4): 1116-1121.
- [23] Che R X, Wang F, Wang W J, *et al.* Increase in ammoniazotrophic microbe abundance during degradation of alpine meadows may lead to greater soil nitrogen loss [J]. Biogeochemistry, 2017, **136**(3): 341-352.
- [24] 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.
- [25] Sun J J, Wang P B, Wang H B, *et al.* Changes in plant communities, soil characteristics, and microbial communities in alpine meadows degraded to different degrees by pika on the Qinghai-Tibetan Plateau [J]. Global Ecology and Conservation, 2021, **27**, doi: 10.1016/j.gecco.2021.e01621.
- [26] 王世强, 胡长玉, 程东华, 等. 调节茶园土壤 pH 对其土著微生物区系及生理群的影响 [J]. 土壤, 2011, **43**(1): 76-80.
Wang S Q, Hu C Y, Cheng D H, *et al.* Effects of adjusting pH of tea plantation soil on indigenous microbial fauna and physiological group [J]. Soils, 2011, **43**(1): 76-80.
- [27] 李丽娟, 李昌晓, 陈春桦, 等. 三峡消落带适生植物根系活动调控土壤养分与细菌群落多样性特征 [J]. 环境科学, 2020, **41**(6): 2898-2907.
Li L J, Li C X, Chen C H, *et al.* Root activities of re-vegetated plant species regulate soil nutrients and bacterial diversity in the riparian zone of the Three Gorges Reservoir [J]. Environmental Science, 2020, **41**(6): 2898-2907.
- [28] Chen H, Zhu Q A, Peng C H, *et al.* The impacts of climate change and human activities on biogeochemical cycles on the Qinghai-Tibetan Plateau [J]. Global Change Biology, 2013, **19**(10): 2940-2955.
- [29] Isbell F I, Polley H W, Wilsey B J. Biodiversity, productivity and the temporal stability of productivity: patterns and processes [J]. Ecology Letters, 2009, **12**(5): 443-451.
- [30] Zhao M L, Wang M, Zhao Y T, *et al.* Variations in soil microbial communities in the sedge-dominated peatlands along an altitude gradient on the northern slope of Changbai Mountain, China [J]. Ecological Indicators, 2021, **129**, doi: 10.1016/j.ecolind.2021.107964.
- [31] Xu M, Li X L, Cai X B, *et al.* Soil microbial community structure and activity along a montane elevational gradient on the Tibetan Plateau [J]. European Journal of Soil Biology, 2014, **64**: 6-14.
- [32] 安前东, 徐梦, 张旭博, 等. 西藏色季拉山垂直植被带土壤细菌群落组成及功能潜势 [J]. 应用生态学报, 2021, **32**(6): 2147-2157.
AN Q D, Xu M, Zhang X B, *et al.* Soil bacterial community composition and functional potentials along the vertical vegetation transect on Mount Segrila, Tibet, China [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2021, **32**(6): 2147-2157.
- [33] 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.
- [34] 孙华方, 李希来, 金立群, 等. 黄河源区人工草地植被群落和土壤养分变化 [J]. 水土保持通报, 2019, **39**(3): 25-30, 38.
Sun H F, Li X L, Jin L Q, *et al.* Variation of vegetation community and soil nutrients of artificial grassland in source area of Yellow River [J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 2019, **39**(3): 25-30, 38.
- [35] Langille M G I, Zaneveld J, Caporaso J G, *et al.* Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences [J]. Nature Biotechnology, 2013, **31**(9): 814-821.
- [36] Zhang M Y, Zhang W Y, Bai S H, *et al.* Minor increases in *Phyllostachys edulis* (Moso bamboo) biomass despite evident alterations of soil bacterial community structure after phosphorus fertilization alone: based on field studies at different altitudes [J]. Forest Ecology and Management, 2019, **451**, doi: 10.1016/j.foreco.2019.117561.
- [37] Mukhopadhyay I, Hansen R, El-Omar E M, *et al.* IBD—what role do proteobacteria play? [J]. Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology, 2012, **9**(4): 219-230.
- [38] Yergeau E, Hogues H, Whyte L G, *et al.* The functional potential of high Arctic permafrost revealed by metagenomic sequencing, qPCR and microarray analyses [J]. The ISME Journal, 2010, **4**(9): 1206-1214.
- [39] Peng M, Jia H B, Wang Q Y. The effect of land use on bacterial communities in saline-alkali soil [J]. Current Microbiology, 2017, **74**(3): 325-333.
- [40] 李成一, 李希来, 杨元武, 等. 氮添加对不同坡度退化高寒草甸土壤细菌多样性的影响 [J]. 草业学报, 2020, **29**(12): 161-170.
Li C Y, Li X L, Yang Y W, *et al.* Effect of nitrogen addition on soil bacterial diversity in alpine degraded grasslands of differing slope [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2020, **29**(12): 161-170.

- [41] De Andrade Da Silva M S R, De Melo Silveira Dos Santos B, Chávez D W H, *et al.* K-humate as an agricultural alternative to increase nodulation of soybeans inoculated with *Bradyrhizobium* [J]. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, 2021, **36**, doi: 10.1016/j.bcab.2021.102129.
- [42] Sprent J I, Ardley J, James E K. Biogeography of nodulated legumes and their nitrogen-fixing symbionts [J]. *New Phytologist*, 2017, **215**(1): 40-56.
- [43] Zhou L S, Li H, Zhang Y, *et al.* *Sphingomonas* from petroleum-contaminated soils in Shenyang, China and their PAHs degradation abilities[J]. *Brazilian Journal of Microbiology*, 2016, **47**(2): 271-278.
- [44] Cobo-Díaz J F, Fernández-González A J, Villadas P J, *et al.* Metagenomic assessment of the potential microbial nitrogen pathways in the rhizosphere of a mediterranean forest after a wildfire[J]. *Microbial Ecology*, 2015, **69**(4): 895-904.
- [45] Li A Y, Wang Y P, Wang Y J, *et al.* Microbiome analysis reveals soil microbial community alteration with the effect of animal excretion contamination and altitude in Tibetan Plateau of China[J]. *International Soil and Water Conservation Research*, 2021, **9**(4): 639-648.
- [46] Marian F, Sandmann D, Krashevska V, *et al.* Altitude and decomposition stage rather than litter origin structure soil microarthropod communities in tropical montane rainforests[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **125**: 263-274.
- [47] 肖焯, 黄志刚, 肖蕊曦, 等. 不同水位时期东洞庭湖湿地土壤微生物生物量碳氮和酶活性变化[J]. *应用生态学报*, 2021, **32**(8): 2958-2966.
- Xiao Y, Huang Z G, Xiao H X, *et al.* Changes of soil microbial biomass carbon, nitrogen, and enzyme activities in east Dongting Lake wetlands at different water levels[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2021, **32**(8): 2958-2966.
- [48] Siles J A, Margesin R. Abundance and diversity of bacterial, archaeal, and fungal communities along an altitudinal gradient in alpine forest soils: what are the driving factors? [J]. *Microbial Ecology*, 2016, **72**: 207-220.
- [49] Slade D, Radman M. Oxidative stress resistance in *Deinococcus radiodurans*[J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2011, **75**(1): 133-191.
- [50] Krisko A, Radman M. Biology of extreme radiation resistance: the way of *Deinococcus radiodurans* [J]. *Cold Spring Harbor Perspectives in Biology*, 2013, **5**(7), doi: 10.1101/cshperspect.a012765.
- [51] Mukhia S, Khatri A, Acharya V, *et al.* Comparative genomics and molecular adaptational analysis of *Arthrobacter* from sikkim Himalaya provided insights into its survivability under multiple high-altitude stress[J]. *Genomics*, 2020, **113**(1 Pt 1): 151-158.
- [52] Chen Y J, Leung P M, Wood J L, *et al.* Metabolic flexibility allows bacterial habitat generalists to become dominant in a frequently disturbed ecosystem[J]. *The ISME Journal*, 2021, **15**: 2986-3004.
- [53] 徐学池, 苏以荣, 王桂红, 等. 秸秆还田配施氮肥对喀斯特农田微生物群落及有机碳矿化的影响[J]. *环境科学*, 2019, **40**(6): 2912-2919.
- Xu X C, Su Y R, Wang G H, *et al.* Straw returning plus nitrogen fertilizer affects the soil microbial community and organic carbon mineralization in karst farmland [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(6): 2912-2919.
- [54] Cao J R, Jia X, Pang S, *et al.* Functional structure, taxonomic composition and the dominant assembly processes of soil prokaryotic community along an altitudinal gradient[J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, **155**, doi: 10.1016/j.apsoil.2020.103647.
- [55] Tajik S, Ayoubi S, Lorenz N. Soil microbial communities affected by vegetation, topography and soil properties in a forest ecosystem [J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, **149**, doi: 10.1016/j.apsoil.2020.103514.
- [56] Xu Y X, Du A P, Wang Z C, *et al.* Effects of different rotation periods of *Eucalyptus* plantations on soil physiochemical properties, enzyme activities, microbial biomass and microbial community structure and diversity [J]. *Forest Ecology and Management*, 2020, **456**, doi: 10.1016/j.foreco.2019.117683.
- [57] Zungu N S, Egbewale S O, Olaniran A O, *et al.* Soil nutrition, microbial composition and associated soil enzyme activities in KwaZulu-Natal grasslands and savannah ecosystems soils [J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, **155**, doi: 10.1016/j.apsoil.2020.103663.
- [58] Wang Q, Garrity G M, Tiedje J M, *et al.* Naïve Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, **73**(16): 5261-5267.
- [59] Ivashchenko K, Sushko S, Selezneva A, *et al.* Soil microbial activity along an altitudinal gradient: vegetation as a main driver beyond topographic and edaphic factors [J]. *Applied Soil Ecology*, 2021, **168**, doi: 10.1016/j.apsoil.2021.104197.
- [60] Peng F, Xue X, Li C Y, *et al.* Plant community of alpine steppe shows stronger association with soil properties than alpine meadow alongside degradation [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **733**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.139048.
- [61] Dai L C, Yuan Y M, Guo X W, *et al.* Soil water retention in alpine meadows under different degradation stages on the northeastern Qinghai-Tibet Plateau [J]. *Journal of Hydrology*, 2020, **590**, doi: 10.1016/j.jhydrol.2020.125397.
- [62] 孙华方, 李希来, 金立群, 等. 生物土壤结皮对黄河源区人工草地植被与土壤理化性质的影响[J]. *草地学报*, 2020, **28**(2): 509-520.
- Sun H F, Li X L, Jin L Q, *et al.* Effects of biological soil crusts on the physical and chemical properties of soil and vegetation of artificial grassland in the Yellow River source zone [J]. *Acta Oecologica Sinica*, 2020, **28**(2): 509-520.
- [63] Videla M E C, Aranibar J N, Greco S. Biological soil crusts from the Monte desert affect soil moisture and nutrients, and improve *Leptochloa crinita* grass development [J]. *Acta Oecologica*, 2021, **110**, doi: 10.1016/j.actao.2021.103712.
- [64] 王秋颖, 王娜, 刘颖, 等. 松嫩平原芦苇湿地退化与修复过程中土壤细菌和甲烷代谢微生物的群落结构[J]. *环境科学*, 2021, **42**(10): 4968-4976.
- Wang Q Y, Wang N, Liu Y, *et al.* Microbial community structure of soil methanogens and methanotrophs during degradation and restoration of reed wetlands in the Songnen Plain [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(10): 4968-4976.
- [65] Wang H, Li J Q, Chen H Y, *et al.* Enzymic moderations of bacterial and fungal communities on short- and long-term warming impacts on soil organic carbon [J]. *Science of the Total Environment*, 2022, **804**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.150197.
- [66] Pei J M, Yan D, Li J Q, *et al.* Alpine meadow degradation enhances the temperature sensitivity of soil carbon decomposition on the Qinghai-Tibetan plateau[J]. *Applied Soil Ecology*, 2022, **170**, doi: 10.1016/j.apsoil.2021.104290.

CONTENTS

Temporal and Spatial Variation Characteristics of Heavy Metal in Atmospheric Deposition in China from 2000 to 2018	CHEN Qi-yong, GAO Yun-bing, NI Run-xiang, <i>et al.</i> (4413)
Simulation of PM _{2.5} Concentration Based on Optimized Indexes of 2D/3D Urban Form	LI Sha, ZOU Bin, LIU Ning, <i>et al.</i> (4425)
Characteristics of Carbonaceous Species in PM _{2.5} in Chengdu Under the Background of Emission Reduction	CHEN Lu-yao, YU Yang-chun, HUANG Xiao-juan, <i>et al.</i> (4438)
Characteristics and Health Risk Assessment of Trace Elements in Atmospheric PM ₁ During Autumn and Winter in Qingdao	LIU Zi-yang, ZHANG Yi-sheng, ZHANG Hou-yong, <i>et al.</i> (4448)
Pollution Characteristics and Source Analysis of Atmospheric PM _{2.5} -bound Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in a Port Area	WANG Peng-cheng, YANG Ling-xiao, BIE Shu-jun, <i>et al.</i> (4458)
Size Distribution and Source Apportionment of Road Particles During Winter in Tianjin	ZHANG Guo-tao, YIN Bao-hui, BAI Wen-yu, <i>et al.</i> (4467)
Characteristics and Impact Factors of Number Concentration of Primary Biological Aerosol Particles in Beijing	LIANG Lin-lin, LIU Chang, LIU Xu-yan, <i>et al.</i> (4475)
Characteristic Analysis and Source Apportionment of VOCs in Urban Areas of Beijing in Summer	MENG Xiang-lai, SUN Yang, LIAO Ting-ting, <i>et al.</i> (4484)
Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds (VOCs) in a Typical Industrial Area in Dongguan During Periods of Ozone and Non-ozone Pollution in Summer	ZHOU Zhen, XIAO Lin-hai, FEI Lei-lei, <i>et al.</i> (4497)
Temporal and Spatial Variation in Odor Pollution and Membrane Barrier Effect in Municipal Solid Waste Landfill	HE Pin-jing, LI Jian-chen, LÜ Fan, <i>et al.</i> (4506)
Comparison of Health Risk from Sources of Perfluoroalkyl Substances in Taihu Lake for Different Years	WU Ting, SUN Shan-wei, FAN Jing-pu, <i>et al.</i> (4513)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Typical and Emerging Per- and Polyfluoroalkylated Substances in Tuojiang River Basin	SONG Jiao-jiao, WANG Yi-mei, SUN Jing, <i>et al.</i> (4522)
Speciation and Risk of Heavy Metals in Surface Sediments of Different Types of Water Bodies in Baiyangdian Lake	XU Meng-ya, ZHANG Chao, SHAN Bao-qing, <i>et al.</i> (4532)
Distribution Coefficient of QNs in Urban Typical Water and Its Main Environmental Influencing Factors	JU Ze-jia, FU Yu, ZHAO Xin-yu, <i>et al.</i> (4543)
Ecological Risk Assessment of Quinolones Antibiotics and the Correlation Analysis Between QNs and Physical-Chemical Parameters in Groundwater, Shijiazhuang City	CHEN Hui, JU Ze-jia, ZHAO Xin-yu, <i>et al.</i> (4556)
Characteristics and Sources of DOM in Lake Sediments Under Different Inundation Environments	CHEN Jia, LI Zhong-wu, JIN Chang-sheng, <i>et al.</i> (4566)
Characteristics of Phytoplankton Community Structure and Their Relationships with Environmental Factors in Autumn in Qinhe River Basin of Jincheng Region	GAO Meng-die, LI Yan-fen, LI Yan-li, <i>et al.</i> (4576)
Integrated Assessment of Runoff Quality from Green Roofs with Different Configurations	ZHANG Sun-xun, ZHANG Shou-hong, YAN Jing, <i>et al.</i> (4587)
Degradation of Chloroquine Phosphate by UV-activated Persulfate	LI Yang, XU Bo-hui, DENG Lin, <i>et al.</i> (4597)
Removal Performance of Suspended Solid (SS) and Organic Compounds in the Pre-treatment of Actual Pharmaceutical Wastewater by Microbubble Ozonation	LIU Chun, CHEN Rui, ZHANG Jing, <i>et al.</i> (4608)
Effects of Wastewater Discharge on Antibiotic Resistance Genes and Microbial Community in a Coastal Area	CHEN Jia-yu, SU Zhi-guo, YAO Peng-cheng, <i>et al.</i> (4616)
Effects of Biochar and Straw Returning on Soil Fungal Community Structure Diversity in Cotton Field with Long-term Brackish Water Irrigation	GUO Xiao-wen, CHEN Jing, LU Xiao-yu, <i>et al.</i> (4625)
Effects of Organic Materials on Phosphorus Fractions and <i>phoD</i> -harboring Bacterial Community in Karst Soil	XIA Xin, QIAO Hang, SUN Qi, <i>et al.</i> (4636)
Effects of Different Vegetation Types on Soil Microbial Functional Genes and Enzyme Activities in Reclaimed Coal Mine	NING Yue-wei, LIU Yong, ZHANG Hong, <i>et al.</i> (4647)
Effects of Biochar Application on Yellow Soil Nutrients and Enzyme Activities	YUAN Fang, LI Kai-yu, YANG Hui, <i>et al.</i> (4655)
Changes in Soil Bacterial Community Diversity in Degraded Patches of Alpine Meadow in the Source Area of the Yellow River	SUN Hua-fang, LI Xi-lai, JIN Li-qun, <i>et al.</i> (4662)
Effects of Simulated Nitrogen Deposition on Soil Microbial Carbon Metabolism in <i>Calamagrostis angustifolia</i> Wetland in Sanjiang Plain	WENG Xiao-hong, SUI Xin, LI Meng-sha, <i>et al.</i> (4674)
Spatial Distribution of Quinolone Antibiotics and Its Correlation Relationship with Microbial Community in Soil of Shijiazhuang City	ZHAO Xin-yu, JU Ze-jia, CHEN Hui, <i>et al.</i> (4684)
Composition Characteristics and Construction Mechanism of Microbial Community on Microplastic Surface in Typical Redox Environments	GONG Zhi-wei, MA Jie, SU Qu, <i>et al.</i> (4697)
Annual Nitrogen Removal Efficiency and Change in Abundance of Nitrogen Cycling Microorganisms in Swine Wastewater Treated by Crop Straw Materials	LIU Ming-yu, XIA Meng-hua, JIANG Lei, <i>et al.</i> (4706)
Effects of External Carbon Sources on Ultimate Nitrogen Removal Performance and Microbial Community in Secondary Effluent Treating Process	WANG Wei, ZHAO Zhong-yuan, ZHANG Xin, <i>et al.</i> (4717)
Microbial Community Structure of Activated Sludge for Total Nitrogen Upgrading Project	LI Hai-song, WANG Ke-dan, CHEN Xiao-lei, <i>et al.</i> (4727)
Analysis of Microbial Interaction Law of Mud Membrane in IFAS Process for Treating Low Carbon Source Sewage in South China	HE Jun-guo, JIANG Wei-xun, HE Zhuo-yi, <i>et al.</i> (4736)
Abundances and Morphology Patterns of Microplastics Under Different Land Use Types on the Loess Plateau	HAO Yong-li, HU Ya-xian, BAI Xiao-xiong, <i>et al.</i> (4748)
Evaluation of Heavy Metal Content, Sources, and Potential Ecological Risks in Soils of Southern Hilly Areas	WANG Yu, XIN Cun-lin, YU Shi, <i>et al.</i> (4756)
Risk Assessment and Attribution Analysis of "Five Toxic" Heavy Metals in Cultivated Land in Lanzhou	ZHANG Li-rui, PENG Xin-bo, MA Yan-long, <i>et al.</i> (4767)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metal Pollution in Farmland Soils and Crops in Luancheng, Shijiazhuang City	MENG Xiao-fei, GUO Jun-mei, YANG Jun-xing, <i>et al.</i> (4779)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Antimony in Typical Urban Soil	SHEN Cheng, YE Wen-juan, QIAN Shi-ying, <i>et al.</i> (4791)
Contamination Assessment and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in Typical Villages and Towns in a Nonferrous Metal Mining City	WANG Feng, HUANG Yan-huan, LI Ru-zhong, <i>et al.</i> (4800)
Effect of Citric Acid and Mowing on Enhancing the Remediation of Cadmium Contaminated Soil by Napier Grass (<i>Pennisetum purpureum</i> Schum)	TANG Qi, WU Gang-fan, GU Jiao-feng, <i>et al.</i> (4810)
Arsenic Methylation Efficiency Changes During Paddy Soil Drying and Its Key Influencing Factors Analysis	ZHANG Yue, LI Ling-yi, WEN Jiong, <i>et al.</i> (4820)
Effects of Exogenous Jasmonic Acid on Arsenic Accumulation and Response to Stress in Roots of Rice Seedlings	LI Yan, HUANG Yi-zong, BAO Qiong-li, <i>et al.</i> (4831)
Effects of Straw Returning and Fertilizer Application on Soil Nutrients and Winter Wheat Yield	SONG Jia-jie, XU Xi-yang, BAI Jin-ze, <i>et al.</i> (4839)
Effect of Winter Cover Cropping on Soil Greenhouse Gas Emissions in a Dryland Spring Maize Field on the Loess Plateau of China	ZHANG Shao-hong, WANG Jun, FANG Zhen-wen, <i>et al.</i> (4848)
Detection of Influencing Factors of Spatial Variability of Soil Respiration in Pangqiangou Nature Reserve	LI Xiao-min, YAN Jun-xia, DU Zi-qiang, <i>et al.</i> (4858)
Temporal and Spatial Variation Characteristics of Methane, Carbon Dioxide, and Nitrous Oxide Concentrations and the Influencing Factors in Small Aquaculture Pond	SHI Jie, ZHANG Mi, QIU Ji-li, <i>et al.</i> (4867)
Effect of Butyl Xanthate on Pb ²⁺ and Cd ²⁺ Adsorption by Soil Around a Dressing Plant	HU Zhi-hao, GUO Zhao-hui, RAN Hong-zhen, <i>et al.</i> (4878)
Sorption Mechanism and Site Energy Distribution of Acetaminophen on Straw-derived Biochar	SHANG Cen-yao, GU Ruo-ting, ZHANG Qiang, <i>et al.</i> (4888)
Spatial-temporal Variations and Their Driving Forces of the Ecological Vulnerability in the Loess Plateau	ZHANG Liang-xia, FAN Jiang-wen, ZHANG Hai-yan, <i>et al.</i> (4902)
Mechanism and Application of Plant Growth-Promoting Bacteria in Heavy Metal Bioremediation	MA Ying, WANG Yue, SHI Xiao-jun, <i>et al.</i> (4911)