

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

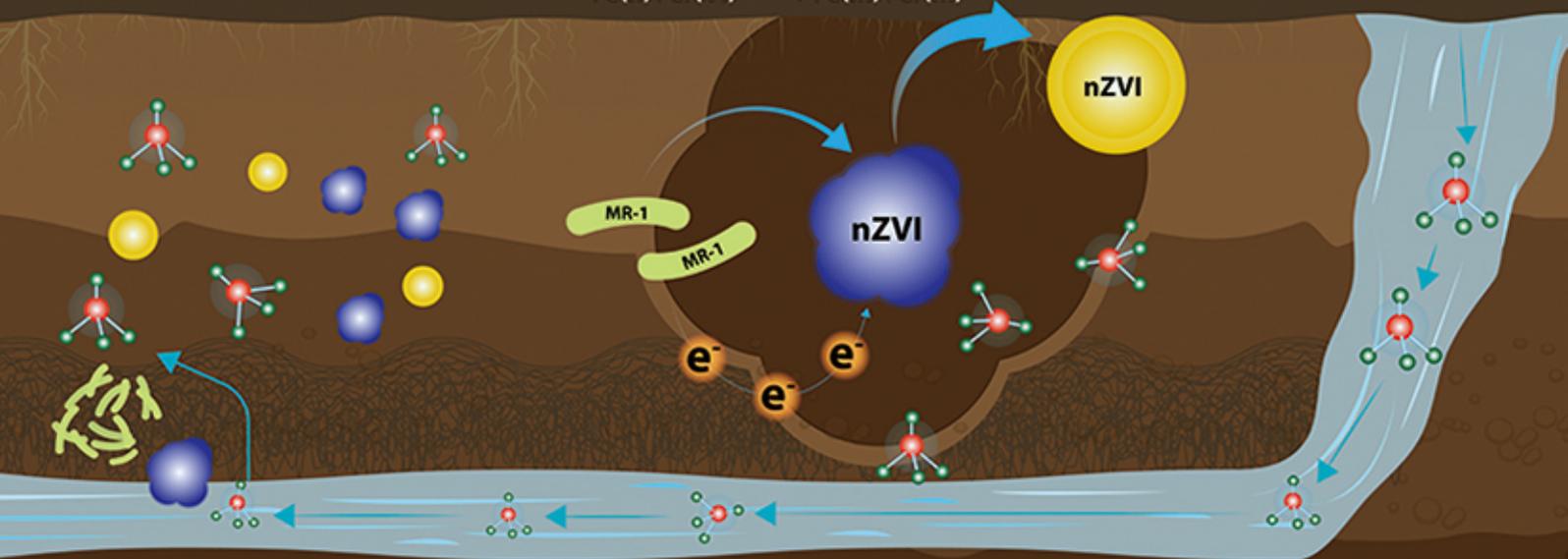
ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJIANG KEXUE

电活性微生物激活生物质炭/零价铁协同钝化Cr(VI)及机制

廖聪坚, 赵晓蕾, 刘凯, 钟松雄, 李芳柏, 方利平, 叶挺进, 石虎砚



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年9月

第42卷 第9期
Vol.42 No.9

目次

北京市 2014~2020 年 PM_{2.5} 和 O₃ 时空分布与健康效应评估 陈菁, 彭金龙, 徐彦森 (4071)

京津冀地区高分辨率 PM_{2.5} 浓度时空变化模拟与分析 杨晓辉, 宋春杰, 范丽行, 张凌云, 魏强, 李夫星, 王丽艳, 王卫 (4083)

京津冀典型城市冬季人为源减排与气象条件对 PM_{2.5} 污染影响 邵玄逸, 王晓琦, 钟焜盛, 王瑞鹏 (4095)

太行山两侧污染物传输对横谷城市气溶胶的影响分析 王雁, 郭伟, 闫世明, 裴坤宁, 李明明, 陈二萍 (4104)

嘉善冬季碳质气溶胶变化特征及其来源解析 张颖龙, 李莉, 吴伟超, 吕升, 秦阳, 祝新明, 高晋徽, 唐倩, 夏崢 (4116)

基于机器学习算法的新冠疫情管控对河南省空气质量影响的模拟分析 魏煜, 徐起翔, 赵金帅, 张瑞芹 (4126)

新乡市大气 PM_{2.5} 载带金属元素季节分布、来源特征与健康风险 刘桓嘉, 贾梦珂, 刘永丽, 赵艺洁, 郑爱华, 刘恒志, 徐肃阳, 肖晴晴, 苏晓燕, 任言 (4140)

黄渤海气溶胶中砷的分布特征和季节变化 袁帅, 王艳, 刘汝海, 种习习, 刘晓雨, 邵龙 (4151)

天津市 2020 年冬季重污染过程气溶胶消光特性及其来源 李立伟, 肖致美, 杨宁, 蔡子颖, 闫斌峰, 元洁, 白宇, 郑乃源, 唐逸 (4158)

中国暖季近地面臭氧浓度空间格局演变及主要气象驱动因素 何超, 慕航, 杨璐, 王丹璐, 邸彦峰, 叶志祥, 易嘉慧, 柯碧钦, 田雅, 洪松 (4168)

乌海市夏季臭氧污染特征及基于过程分析的成因探究 张瑞欣, 陈强, 夏佳琦, 刘晓, 郭文凯, 李光耀, 陈梅 (4180)

珠江三角洲海岸背景区大气 VOCs 污染特征与来源 云龙, 李成柳, 张明棣, 何龙, 郭键锋 (4191)

永定河上游地表水-地下水水化学特征及其成因分析 孔晓乐, 杨永辉, 曹博, 王艺璇, 裴宏伟, 沈彦军 (4202)

汉江中下游水质时空变异与驱动因素识别 程兵芬, 张远, 夏瑞, 张楠, 张新飞 (4211)

环境持久性药物在江苏省地表水中的污染水平、分布特征及生态风险评估 赵美美, 范德玲, 古文, 汪贞, 梁梦园, 刘济宁, 张志 (4222)

柳江流域河流溶解态重金属时空分布及污染评价 张婉军, 辛存林, 于爽, 刘齐, 曾鹏 (4234)

雷州半岛地下水重金属来源解析及健康风险评价 师环环, 潘羽杰, 曾敏, 黄长生, 侯清芹, 皮鹏程, 彭红霞 (4246)

龙子祠泉域地下水金属元素分布特征及健康风险评价 谢浩, 梁永平, 李军, 邹胜章, 申豪勇, 赵春红, 王志恒 (4257)

硫氧同位素解析典型岩溶地下河流域硫酸盐季节变化特征和来源 任坤, 潘晓东, 兰干江, 彭聪, 梁嘉鹏, 曾洁 (4267)

包头南海湿地磷形态及污染源定量识别 拜亚红, 钱晨歌, 袁思静, 谢子嫣, 来凌子, 张敏, 刘颖, 苗春林 (4275)

城市新城区公园沟塘沉积物磷释放风险及影响因素分析 李如忠, 宋敏, 杨继伟 (4287)

水力停留时间对潜流湿地净化效果影响及脱氮途径解析 齐冉, 张灵, 杨帆, 颜昌宙 (4296)

锰砂人工湿地对污染物的强化去除 马权, 王东麟, 林慧, 柏耀辉 (4304)

4 种典型沉水植物对去除磷污染底泥的应用效果 陶理, 王沛芳, 袁秋生, 王洵, 胡斌 (4311)

输水情景下白洋淀好氧反硝化菌群落对溶解性有机物的响应 周石磊, 张甜娜, 陈召莹, 张紫薇, 于明会, 姚波, 崔建升, 罗晓 (4319)

木屑生物炭在雨水径流中的氮磷淋出和吸附特性 孟依柯, 王媛, 汪传跃 (4332)

海州湾潮间带沙蚕对沉积物微塑料的指示作用 王嘉旋, 宋可心, 孙一鑫, 方涛, 李瑾祯, 张涛, 冯志华 (4341)

纳米二氧化钛与镉对斜生栅藻 (*Scenedesmus obliquus*) 生长的拮抗效应及其作用机制 王璞, 赵丽红, 朱小山 (4350)

螺旋霉素废水处理过程中菌群结构、水质特征及抗性基因之间关系分析 武彩云, 李慧莉, 覃彩霞, 佟娟, 魏源送 (4358)

螯合铁对厌氧铁氨氧化脱氮效能及微生物群落的影响 廖宏燕, 宋诚, 万柳杨, 时绍鹏, 王兴祖 (4366)

溶解氧对低碳源城市污水处理系统脱氮性能与微生物群落的影响 池玉蕾, 石炬, 任童, 王晓昌, 金鹏康 (4374)

间歇梯度曝气下缩短 SRT 强化短程 SNEDPR 系统脱氮除磷 张玉君, 李冬, 王歆鑫, 张杰 (4383)

生物膜系统中部分反硝化实现特性 于莉芳, 张兴秀, 张琼, 王晓玉, 彭党聪, 张日霞 (4390)

厌氧推流进水对反硝化除磷好氧颗粒污泥系统的影响 李冬, 曹思雨, 王琪, 张杰 (4399)

不同好氧/缺氧时长联合分区排泥优化生活污水短程硝化反硝化除磷颗粒系统运行 王文琪, 李冬, 高鑫, 张杰 (4406)

中国西南地区金属矿开采对矿区土壤重金属影响的 Meta 分析 张健琳, 瞿明凯, 陈剑, 杨兰芳, 赵永存, 黄标 (4414)

青藏高原典型流域土壤重金属分布特征及其生态风险评价 杜昊霖, 王莺, 王劲松, 姚玉璧, 周悦, 刘晓云, 芦亚玲 (4422)

电子垃圾拆解区土壤-农作物系统中镉元素的空间分布特征及其风险评价 张璐瑶, 赵科理, 傅伟军 (4432)

改性生物炭特性表征及对冶炼厂周边农田土壤铜镉形态的影响 王鑫宇, 孟海波, 沈玉君, 王佳锐, 张曦, 丁京涛, 周海宾, 李春燕, 程琼仪 (4441)

组配改良剂联合锌肥对土壤-水稻系统镉迁移转运的影响 周坤华, 周航, 王子钰, 刘雅, 刘佳伟, 辜娇峰, 曾鹏, 廖柏寒 (4452)

不同结构改良剂对铜镉污染土壤水稻生长和重金属吸收的影响 魏玮, 李平, 郎漫 (4462)

1 株草螺属植物内生菌 R-13 的分离鉴定及对龙葵吸收土壤镉的影响 鹿杰, 刘月敏, 黄永春, 王常荣, 刘斌, 刘仲齐, 黄益宗, 黄雁飞, 张长波 (4471)

不同地区土壤古菌群落对重金属污染响应 李雨桐, 杨杉, 张艺, 范例, 刘坤, 张晟 (4481)

高通量测序分析黄土高原退耕还林区土壤细菌群落特征 刘晓华, 魏天兴 (4489)

餐厨垃圾生物发酵液对黄土丘陵区土壤质量的影响试验 邵立明, 任俊达, 吕凡, 章骅, 何晶晶 (4500)

秦岭不同海拔土壤团聚体稳定性及其与土壤酶活性的耦合关系 马震菲, 胡汗, 李益, 郭鑫鑫, 任成杰, 赵发珠 (4510)

电活性微生物激活生物质炭/零价铁协同钝化 Cr(VI) 及机制 廖聪坚, 赵晓蕾, 刘凯, 钟松雄, 李芳柏, 方利平, 叶挺进, 石虎砚 (4520)

降水变化对荒漠草原土壤呼吸的影响 蒿廉伊, 张丽华, 谢忠奎, 赵锐锋, 王军锋, 郭亚飞, 高江平 (4527)

氮肥分施次数及硝化抑制剂对盆栽玉米 N₂O 排放的影响 符佩娇, 吉恒宽, 何秋香, 汤水荣, 王鸿浩, 伍延正, 孟磊 (4538)

负载 NH₄⁺-N 生物炭对土壤 N₂O-N 排放和 NH₃-N 挥发的影响 马晓刚, 何建桥, 陈玉蓝, 李德天, 刘川, 董建新, 郑学博 (4548)

微塑料添加对橘园土壤有机碳矿化的影响 张秀玲, 鄢紫薇, 王峰, 王玺, 徐晗, 胡荣桂, 严昶, 林杉 (4558)

1985~2019 年中国全氟辛酸磺酰基化合物的动态物质流分析 王佳钰, 陈景文, 唐伟豪, 崔蕴晗, 王中钰, 宋国宝, 陈伟强 (4566)

《环境科学》征订启事(4201) 《环境科学》征稿简则(4340) 信息(4382, 4537, 4565)

高通量测序分析黄土高原退耕还林区土壤细菌群落特征

刘晓华, 魏天兴*

(北京林业大学水土保持学院, 水土保持国家林业局重点实验室, 林业生态工程教育部工程研究中心, 山西吉县森林生态系统国家野外科学观测研究站, 北京 100083)

摘要: 为分析不同植被恢复模式下土壤细菌群落特征, 探讨微生物在植被恢复过程中对黄土高原退耕还林区土壤生态系统的作用, 采用高通量测序技术, 以山西吉县典型森林生态系统人工林(人工刺槐林、人工油松林)、天然次生林和荒草地为研究对象, 分析其土壤细菌 α 多样性、群落结构特征、功能预测以及土壤环境因子与细菌群落的相关性。结果表明, 各恢复模式共得到 25 门、66 纲、129 类、240 科、392 属、760 种和 2213 OTUs; 细菌群落的丰富度存在显著差异, 均表现为草地 > 天然次生林 > 人工刺槐林 > 人工油松林。在门分类水平上, 天然次生林和草地与人工林之间群落的相对丰度变化存在差异性, 但差异性不显著。 α -Proteobacteria、 β -Proteobacteria 和 δ -Proteobacteria 在天然次生林土壤中的相对丰度要高于其他 4 种恢复模式, 而在草地中的相对丰度最低。在土壤环境因子中 TN 和 pH 对土壤细菌群落的影响较大, 优势细菌门类与 TN 和 pH 具有显著相关性, 其中 TN 与 Actinobacteria (放线菌门) 呈显著正相关, pH 与 Proteobacteria (变形菌门) 呈显著正相关, 与 Actinobacteria (放线菌门) 呈显著负相关, 而 Acidobacteria (酸杆菌门) 与 TN 和 pH 均呈显著负相关关系。土壤细菌群落主要涉及细胞运动、信号转导机制、氨基酸转运和代谢、辅酶的运输和代谢等 24 个二级功能, 均表现出功能上的丰富性。本研究结果可为黄土高原退耕还林区植被恢复的效益评价提供良好的数据基础, 并为人工林的合理经营提供科学依据。

关键词: 高通量测序; 土壤细菌群落; 环境因子; 退耕还林; 黄土高原

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)09-4489-11 DOI: 10.13227/j.hjks.202012233

High-throughput Sequencing Analysis of Soil Bacterial Community in the Grain for Green Project Areas of the Loess Plateau

LIU Xiao-hua, WEI Tian-xing*

(Key Laboratory of State Forestry Administration on Soil and Water Conservation, Engineering Research Center of Forestry Ecological Engineering of Ministry of Education, Jixian County Station, Chinese National Ecosystem Research Network (CNERN), School of Soil and Water Conservation, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China)

Abstract: This study analyzed the characteristics of the soil bacterial community under different types of vegetation restoration, and explored the role of microorganisms in the vegetation restoration process, within the soil ecosystem of Grain for Green areas of the Loess Plateau. Typical artificial forest (artificial *Robinia pseudoacacia* forest, *Pinus tabulaeformis* forest), natural secondary forest, and grassland were selected as the research objects. High-throughput sequencing technology was used to analyze the α diversity and community structure of soil bacteria, and the correlation between soil environmental factors and bacterial communities. The Chinese National Ecosystem Research Network in Jixian County Station was chosen as the research area. The results showed that the bacterial communities of the five types of forest restoration comprised 25 phyla, 66 classes, 129 orders, 240 families, 392 genera, 760 species, and 2213 OTUs. There were significant differences in the abundance of bacterial communities, which could be ranked as follows: CD > CSL > CH2 > CH1 > YS. The dominant bacteria phyla in the different vegetation restoration types were Actinobacteria, Proteobacteria, Acidobacteria, and Chloroflexi. The relative abundances of natural secondary forest, grassland, and plantation were different, but not significantly. The relative abundances of α -Proteobacteria, β -Proteobacteria, and δ -Proteobacteria were higher in natural secondary forest soil than in the soil of the other four restoration models, and the relative abundance was the lowest in grassland soil. The dominant bacteria were significantly correlated with soil pH and TN. Among them, TN was significantly positively correlated with Actinobacteria, pH was significantly positively correlated with Proteobacteria and negatively correlated with Actinobacteria, while Acidobacteria was significantly negatively correlated with soil pH and TN. PICRUSt analysis showed that the functional gene families were mainly related to 24 sub-functions, including cell motility, signal transduction mechanisms, amino acid transport and metabolism, as well as coenzyme transport and metabolism. These results can provide a good foundation for the evaluation of vegetation restoration in the Loess Plateau, as well as a scientific basis for the rational management of plantations.

Key words: high throughput sequencing; soil bacterial community; environmental factors; grain for green; the Loess Plateau

土壤微生物作为土壤生态系统的重要组成部分, 在土壤有机质分解、植物营养供给以及腐殖质形成过程中起着至关重要的作用。当环境发生变化时, 微生物的活动强度甚至群落组成都会产生相应地变化以适应新的环境^[1~3], 因此, 可以用微生物群落的

收稿日期: 2020-12-24; 修订日期: 2021-02-25

基金项目: 国家重点研发计划项目(2016YFC050170502); 国家生态系统观测研究共享服务平台山西吉县国家站运行服务项目(2018-2019)

作者简介: 刘晓华(1992~), 女, 博士研究生, 主要研究方向为林业生态工程, E-mail: qqhx52@126.com

* 通信作者, E-mail: weitx@bjfu.edu.cn

数量及组成结构来监测土壤环境的变化及生态系统恢复效果^[4~7].

黄土高原作为典型退化生态系统的代表,同时也是中国乃至世界重大的侵蚀区,其生态环境治理和植被恢复是一项长期且艰巨的任务.自1999年起,我国在黄土高原实施了退耕还林工程,长期的植被恢复已经取得良好的宏观效果,植被覆盖度与土壤质量都得到了不同程度的改善^[8~10].目前已有较多学者针对黄土高原退耕还林区不同植被类型生态恢复过程,围绕土壤水分特征、碳氮储量、土壤酶和土壤理化性质等开展了一系列研究^[11~15],结果表明不同植被类型对土壤性质有显著影响.而对于退耕地恢复过程中的植被与土壤、微生物群落的互动效应缺乏系统性的分析.本文特选择不同恢复阶段、不同模式人工林和天然次生林作为研究对象,综合分析土壤微生物群落结构特征.

目前,在黄土高原关于土壤微生物群落的研究主要采用的是传统的分离培养^[16]、磷脂脂肪酸(PLFA)生物标记法^[17]和高通量测序法^[18].而高通量测序法能全面真实地描述微生物的群落特征,目前,该方法广泛用于揭示植被、作物栽培及土地管理方式、有机污染物、重金属、采煤沉陷、气候条件及其他方面等诸多因素对土壤微生物群落结构和生物量的影响^[18~21].

基于此,本文采用高通量测序技术,以山西吉县森林生态系统国家野外科学观测研究站典型人工林(人工刺槐林和人工油松林)、天然次生林和草地为研究对象,分析不同植被恢复模式下土壤细菌群落特征,探讨细菌群落在植被恢复过程中对土壤生态系统的作用,以期为黄土高原退耕还林区植被恢复的效益评价提供良好的数据基础,并为人工林的合理经营提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于山西吉县森林生态系统国家野外科学观测研究站(36.24~36.30°N, 110.66~110.79°E).属暖温带大陆性气候.多年平均年降水量579

mm,年蒸发量1729 mm,年平均气温9.9℃,≥10℃的积温3358℃,光照时数2563.8 h,无霜期172 d.地势东高西低,海拔440~1820 m,黄河河谷最低.海拔1350 m以下为典型黄土高原侵蚀地貌,1350 m以上为吕梁山脉土石山区.土壤主要为褐土,森林植物地带属暖温带褐土阔叶林地带向森林草原地带的过渡地带.本区植物资源比较丰富,天然植被主要有山杨(*Populus davidiana*)、白皮松(*Pinus bungeana*)、榆树(*Ulmus pumila* L.)、华北落叶松(*Larix principis-rupprechtii*)、辽东栎(*Quercus liaotungensis*)、侧柏(*Platycladus orientalis*)、白桦(*Betula platyphylla* Suk.)、山桃[*Prunus davidiana* (Carr.) Franch.]、山杏(*Prunus armeniaca varansu Maxim*)、沙棘(*Hippophae rhamnoides* L.)和黄刺梅(*Rosa xanthina* Lindl.)等.人工植被主要有刺槐(*Robinia psezdoscacia* L.)、油松(*Pinus tabulaeformis* Cam.)、侧柏(*Platycladus orientalis*)和沙棘(*Hippophae rhamnoides*)等.

1.2 土壤样品采集

土壤样品2017年7月采集于山西吉县森林生态系统国家野外科学观测研究站.选取人工刺槐林、人工油松林、天然次生林和草地为研究对象,样地详情见表1.每种模式选择不同地理位置设置3个20 m×20 m的样地作为重复,在设置的样地内,按五点交叉取样法设置取样点;去掉枯落物层后用土钻钻取表层0~20 cm土壤,过2 mm筛后等量混合成一份土壤样品,分装低温保存.回实验室后,去掉土样中的石子、植物根和凋落物等杂物,将土壤样品分为3份:一份迅速放入-80℃超低温冰箱中保存用于土壤微生物DNA提取;一份土壤保存于4℃冰箱用于微生物量碳氮和pH值测定;一份在阴凉处风干用于测定土壤化学计量等.

1.3 土壤样品测定

1.3.1 土壤微生物高通量测序

DNA提取:利用FastDNA™ SPIN Kit for Soil试剂盒(MP Biomedicals, CA, USA)提取微生物基因组DNA,用1%琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组

表1 样地基本信息

Table 1 Description of sampling sites

编号	恢复模式	经度 (E)	纬度 (N)	林龄 /a	海拔 /m	坡度 /(°)	郁闭 度	密度 /n·hm ⁻²	胸径 /cm	树高 /m	主要植被
CH1	人工刺槐林	110°45'40"	36°16'22"	15	1117	22	0.6	1800	8.77±4.12	8.45±1.53	黄刺梅、臭蒿和猪毛蒿
CH2	人工刺槐林	110°44'56"	36°16'41"	25	1191	22	0.7	1200	9.24±5.22	8.67±3.67	黄刺梅、山楂叶悬钩子、猪毛蒿和蒙古蒿
YS	人工油松林	110°45'30"	36°16'26"	25	1157	19	0.7	1250	13.69±2.585	6.87±0.91	臭蒿、铁杆蒿和胡枝子
CSL	天然次生林	110°43'46"	36°16'00"	25	1087	22	0.8	1075	9.57±4.68	8.97±2.87	山杨、辽东栎、黄刺梅、山楂叶悬钩子和猪毛蒿
CD	草地	110°44'16"	36°16'31"	—	1133	21	—	—	—	—	蒙古蒿、胡枝子、茜草和臭蒿

DNA 的完整性,超微量分光光度计(Nano Drop2000, USA)检测 DNA 浓度和纯度. PCR 扩增:采用通用引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCA GCAG-3')和 806R (5'-GGAGTACHVGGGTWTCTAA T-3')对细菌的 16S rRNA 基因 V4-V5 区域进行 PCR 扩增^[18]. 全部样本按照正式实验条件进行,每个样本 3 个重复,将同一样本的 PCR 产物混合后用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测,使用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒(Axygen Biosciences, Union City, CA, USA)切胶回收 PCR 产物, Tris_HCl 洗脱; 2% 琼脂糖电泳检测. 测序:使用 QuantiFluorTM-ST 荧光计(Promega Biotech, Beijing, China)对 PCR 产物进行量化,根据需要对样品进行测序调整,然后利用 Illumina MiSeq PE300 平台(Shanghai Majorbio Bio-Pharm Technology Co., Ltd, China)进行高通量测序.

1.3.2 土壤基本特性分析

土壤有机碳(TOC)、全氮(TN)、全磷(TP)、硝态氮(NO_3^- -N)、铵态氮(NH_4^+ -N)、速效磷(AP)和 pH 均按照文献[22]中的标准方法进行分析测定.

1.4 数据处理与分析

1.4.1 基本数据处理

所有数据分析运用 IBM SPSS Statistics Version 19、R version 4.0.3 和美吉生物云平台(www.majorbio.com)进行处理.

1.4.2 OTU(operational taxonomic units)分析

采用 RDP classifier 贝叶斯算法对 97% 相似水平的 OTU 代表序列进行分类学分析,并分别在各个分类学水平: domain(域)、kingdom(界)、phylum(门)、class(纲)、order(目)、family(科)、genus(属)和 species(种)统计各样本的群落物种组成. 细菌 16S rRNA 对比数据库为 Silva (Release132 <http://www.arb-silva.de>)和 Greengene (Release 13.5 <http://greengenes.secondgenome.com/>).

1.4.3 稀释曲线(rarefaction curve)

选择 97% 相似度的 OTU,利用 mothur 计算不同随机抽样下的 α 多样性指数,利用 R 语言工具制作曲线图.

1.4.4 α 多样性分析

反映群落丰富度(community richness)的指数有 Sobs、Chao 和 Ace. Chao 和 Ace 指数是用来估算样本中所含 OTU 数目的指数,是生态学中估计物种总数的常用指数之一,但算法不同,本次分析使用的计算公式分别见式(1)和式(2).

$$S_{\text{Chao1}} = S_{\text{obs}} + \frac{n_1(n_1 - 1)}{2(n_2 + 1)} \quad (1)$$

式中, S_{Chao1} 表示估计的 OTU 数, S_{obs} 表示实际观测到的 OTU 数, n_1 表示只含有一条序列的 OTU 数目, n_2 表示只含有两条序列的 OTU 数目.

$$S_{\text{Ace}} = \begin{cases} S_{\text{abund}} + \frac{S_{\text{rare}}}{C_{\text{Ace}}} + \frac{n_1}{C_{\text{Ace}}}\hat{\gamma}_{\text{Ace}}^2, & \hat{\gamma}_{\text{Ace}} < 0.80 \\ S_{\text{abund}} + \frac{S_{\text{rare}}}{C_{\text{Ace}}} + \frac{n_1}{C_{\text{Ace}}}\hat{\gamma}_{\text{Ace}}^2, & \hat{\gamma}_{\text{Ace}} \geq 0.80 \end{cases} \quad (2)$$

式中:

$$C_{\text{Ace}} = 1 - \frac{n_1}{N_{\text{rare}}},$$

$$N_{\text{rare}} = \sum_{i=1}^{\text{abund}} in_i,$$

$$\hat{\gamma}_{\text{Ace}}^2 = \max \left[\frac{S_{\text{rare}} \sum_{i=1}^{\text{abund}} i(i-1)n_i}{C_{\text{Ace}} N_{\text{rare}} (N_{\text{rare}} - 1)} - 1, 0 \right],$$

$$\hat{\gamma}_{\text{Ace}}^2 =$$

$$\max \left\{ \hat{\gamma}_{\text{Ace}}^2 \left[1 + \frac{N_{\text{rare}}(1 - C_{\text{Ace}}) \sum_{i=1}^{\text{abund}} i(i-1)n_i}{N_{\text{rare}}(N_{\text{rare}} - C_{\text{Ace}})} \right], 0 \right\}$$

n_i 表示含有 i 条序列的 OTU 数目, S_{rare} 表示含有“abund”条序列或者少于“abund”的 OTU 数目, S_{abund} 表示多于“abund”条序列的 OTU 数目,abund 表示“优势”OTU 的阈值,默认为 10.

反映群落多样性(community diversity)的指数有 Shannon 和 Simpson. Shannon 值越大,说明群落多样性越高. Simpson 指数值越大,说明群落多样性越低. 本次分析使用计算公式分别见式(3)和式(4).

$$\text{Shannon} = - \sum_{i=1}^{S_{\text{obs}}} \frac{n_i}{N} \ln \frac{n_i}{N} \quad (3)$$

式中, n_i 表示第 i 个 OTU 所含的序列数, N 表示所有的序列数, S_{obs} 表示实际观测到的 OTUs.

$$\text{Simpson} = \frac{\sum_{i=1}^{S_{\text{obs}}} n_i(n_i - 1)}{N(N - 1)} \quad (4)$$

式中各符号和字母含义同式(3).

反映群落覆盖度(community coverage)的指数是 Coverage(C),表示各样本的覆盖率,其数值越高,则样本中序列被测出的概率越高,而没有被测出的概率越低. 该指数反映本次测序结果是否代表了样本中微生物的真实情况. 本次分析使用计算公式见式(5).

$$C = 1 - \frac{n_1}{N} \quad (5)$$

式中, n_1 表示只含有一条序列的 OTU 数目, N 表示抽样中出现的总序列数目.

1.4.5 β 多样性分析

本研究利用 PCoA 分析 (principal co-ordinates analysis), 即主坐标分析, 基于 Bray-Curtis 距离算法, 对群落间的物种多样性进行组间比较分析, 探索不同分组样本间群落组成的相似性或差异性。

1.4.6 PICRUSt 功能预测分析

本研究采用 PICRUSt 软件进行菌群预测分析, 基于 KEGG 数据库 (kyoto encyclopedia of genes and genomes). 通过将基于 Silva 数据库的 16S 分类谱系转化为 KEGG 数据库中原核生物的分类谱系, 对 16S RNA 基因序列进行功能注释, 并根据 OTU 丰度计算各功能类别的丰度。

1.4.7 统计分析

本研究采用冗余分析 (redundancy analysis, RDA), 单因素方差分析 (one-way ANOVA) 并进行

FDR 多重检验校正, Pearson 相关性系数分析等方法, Heatmap 图采用 Average 层级类聚方式。

2 结果与分析

2.1 土壤基本特性

不同恢复模式下土壤的基本特性如表 2 所示。5 种土壤均呈弱碱性, pH 值在 8.46 ~ 8.69 之间, 除草地外, 其他 4 种土壤之间差异不显著。TOC、TP 和 NH_4^+ -N 等 3 个指标在不同土壤中的含量差异显著, 其中 CSL 和 CD 的 TOC 含量要显著高于人工林 (CH1、CH2 和 YS) 中的含量, TP 在 CSL 和 CH1 中的含量要显著低于在 CH2、YS 和 CD 中的含量, 而 NH_4^+ -N 在不同恢复阶段的人工刺槐林 (CH1 和 CH2) 中的含量显著高于其他 3 种类型。TN、 NO_3^- -N 和 AP 在 5 种土壤中的含量也存在差异性, 但差异不显著。

表 2 不同恢复模式下土壤的基本特性¹⁾

Table 2 Physicochemical properties of soil under different vegetation restoration types

项目	TOC /g·kg ⁻¹	TN /g·kg ⁻¹	TP /g·kg ⁻¹	NO_3^- -N /mg·kg ⁻¹	NH_4^+ -N /mg·kg ⁻¹	AP /mg·kg ⁻¹	pH
CH1	4.35 ± 0.02d	0.16 ± 0.02b	0.40 ± 0.01d	6.45 ± 0.99a	10.80 ± 0.19b	3.71 ± 0.79a	8.67 ± 0.12a
CH2	4.61 ± 0.02b	0.17 ± 0.02b	0.51 ± 0.01b	6.81 ± 1.13a	11.48 ± 0.37a	3.21 ± 0.82a	8.69 ± 0.02a
YS	4.11 ± 0.02c	0.17 ± 0.06b	0.50 ± 0.01bc	7.46 ± 1.50a	8.19 ± 0.09d	3.53 ± 1.24a	8.61 ± 0.02a
CSL	5.71 ± 0.11a	0.20 ± 0.04b	0.48 ± 0.01c	7.67 ± 1.25a	9.15 ± 0.37c	3.62 ± 0.92a	8.67 ± 0.00a
CD	5.61 ± 0.18a	0.28 ± 0.05a	0.56 ± 0.00a	5.11 ± 0.96b	8.06 ± 0.11d	4.34 ± 0.61a	8.46 ± 0.02b
F	17.83	4.9	13.52	2.21	18.69	0.63	9.39
P	0.000	0.019	0.000	0.141	0.000	0.652	0.122

1) 不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$), F 表示检验统计量, P 表示对应的概率值, 下同

2.2 高通量测序结果

2.2.1 OTU 分析

通过 V4-V5 区测序, 按照最小样本序列数进行抽平, 并且保留至少在 1 个样本中的序列数都 ≥ 5 的 OTU, 5 种样地的土壤样本共得到 244 680 条有效序列, 平均长度为 438.99 bp, 采用 RDP classifier 贝叶斯算法对 97% 相似水平的 OTU 代表序列进行划分, 共得到 25 门、66 纲、129 类、240 科、392 属、760 种和 2 213 OTUs。

2.2.2 α 多样性分析与稀释曲线

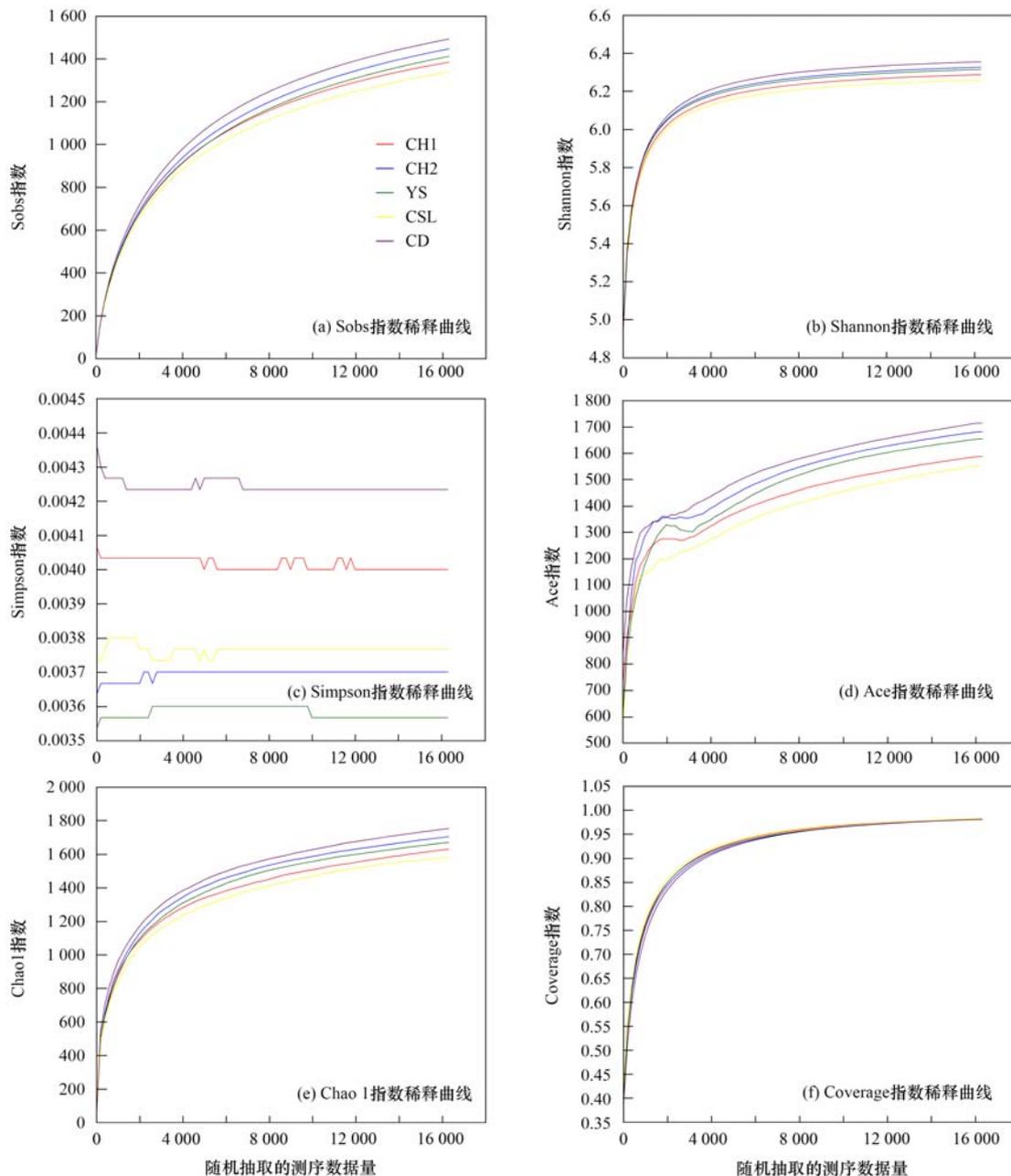
表 3 显示了测试样本的序列数及细菌群落的 α

多样性指数, 各样本的 Coverage 指数均大于 98%, 说明土样中基因序列被检出的概率很高, 取样基本合理, 能够比较真实地反映土壤样本的细菌群落。从图 1(a) 的 Sobs 指数稀释曲线可知, 随着随机抽取的测序数据量增加, Sobs 指数曲线基本趋于平缓, 说明测序数据量合理, 更多的数据量只会产生少量新的物种。图 1(b) ~ 1(f) 显示多样性指数稀释曲线逐渐趋向平坦, 说明测序数据量足够大, 真实环境中细菌群落的置信度较高, 可以反映样本中绝大多数的微生物多样性信息。如表 3 所示, 各样本 Sobs、Ace 和 Chao1 指数差异性显著, 说明不同植被恢复模式下

表 3 测序统计及细菌群落多样性指数表

Table 3 Sequence statistics and diversity index of the bacterial communities

项目	序列平均长度/bp	Sobs 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	Ace 指数	Chao1 指数	Coverage 指数
CH1	438.64 ± 0.51b	1 384.01 ± 19.98bc	6.29 ± 0.05a	0.004 0 ± 0.000 4a	1 586.65 ± 28.93b	1 628.05 ± 46.43b	0.981 9 ± 0.000 6a
CH2	439.01 ± 0.52ab	1 411.33 ± 23.97b	6.31 ± 0.01a	0.003 5 ± 0.000 1a	1 653.33 ± 47.44ab	1 668.59 ± 6.93b	0.980 4 ± 0.000 9a
YS	440.01 ± 0.68a	1 339.00 ± 14.93c	6.26 ± 0.07a	0.003 7 ± 0.000 3a	1 552.07 ± 34.16b	1 579.92 ± 40.53c	0.981 9 ± 0.001 4a
CSL	438.77 ± 0.84b	1 446.33 ± 67.159ab	6.33 ± 0.12a	0.003 6 ± 0.000 7a	1 680.68 ± 58.83a	1 703.37 ± 35.37ac	0.980 3 ± 0.000 8a
CD	438.57 ± 0.51b	1 492.33 ± 27.47a	6.35 ± 0.18a	0.004 2 ± 0.001 6a	1 713.80 ± 49.85ab	1 751.47 ± 23.23ac	0.980 3 ± 0.002 1a
F	2.779	7.958	0.371	0.319	6.552	11.680	1.428
P	0.087	0.004	0.824	0.859	0.007	0.001	0.294



选择 97% 相似度的 OTU

图 1 多样性指数稀释曲线

Fig. 1 Rarefaction curves of diversity index

细菌群落的丰富度存在显著差异,均表现为: $CD > CSL > CH2 > CH1 > YS$,即草地和天然次生林细菌群落丰富度要大于人工林.人工林中,刺槐林的细菌群落丰富度远大于油松林,并且随着植被不断恢复,土壤细菌群落的丰富度显著增加.而各模式之间细菌群落的多样性差异不显著,说明土壤细菌种类没有明显的差异性.

2.3 土壤细菌群落结构分析

2.3.1 土壤细菌群落物种组成分析

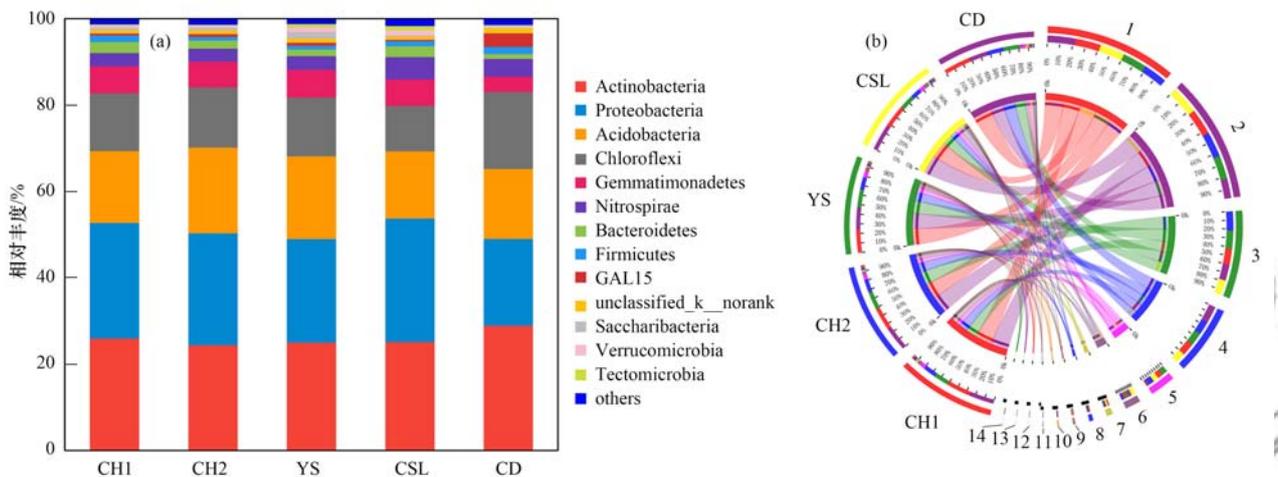
在门和纲分类水平上统计各样本的物种丰度,通过群落柱形和可视化圈可直观地研究群落组成,

反映每种植被恢复模式中优势物种分布比例,以及各优势物种在不同植被恢复模式中的分布比例.如图 2 所示,在门分类水平上,优势门类均为 Actinobacteria (放线菌门)、Proteobacteria (变形菌门)、Acidobacteria (酸杆菌门)、Chloroflexi (绿弯菌门)、Gemmatimonadetes (芽单胞菌门) 和 Nitrospirae (硝化螺旋菌门),约占到了所有微生物总数的 90% 以上,但不同模式下各细菌群落优势种相对丰度有所差异,但差异不显著. Actinobacteria 的相对丰度变化为 24.25% ~ 28.79% ($CD > CH1 > CSL > YS > CH2$), Proteobacteria 为 20.09% ~ 28.63% ($CSL >$

CH1 > CH2 > YS > CD), Acidobacteria 为 15.55% ~ 19.87% (CH2 > YS > CH1 > CD > CSL), Chloroflexi 为 10.55% ~ 17.88% (CD > CH2 > YS > CH1 > CSL), Gemmatimonadetes 为 3.51% ~ 6.44% (YS > CH1 > CSL > CH2 > CD), Nitrospirae 为 3.04% ~ 5.19% (CSL > CD > YS > CH1 > CH2). 在测试样本中, Bacteroidetes(拟杆菌门)和 Firmicutes(厚壁菌门)的相对丰度均超过 1%,也是主要的土壤细菌门类. 在门分类水平上, CSL 和 CD 与人工林(CH1、CH2 和 YS)之间群落的相对丰度变化存在差异性,

但差异不显著.

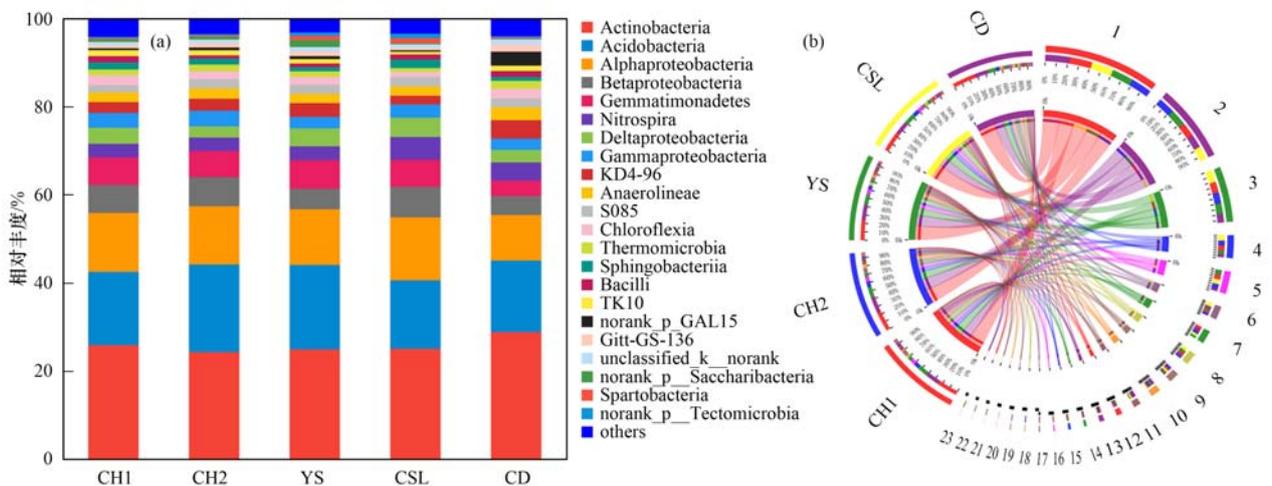
如图 3 所示,在纲分类水平上,各恢复模式中的优势纲类均为 Actinobacteria(放线菌纲)、Acidobacteria(酸杆菌纲)、Gemmatimonadetes(芽单胞菌纲)、Nitrospira(硝化螺旋菌纲)、 α -Proteobacteria(α -变形菌纲)、 β -Proteobacteria(β -变形菌纲)和 δ -Proteobacteria(δ -变形菌纲),约占到了所有微生物总数的 74% 以上,而不同模式下各细菌群落优势种相对丰度也有所差异. Actinobacteria 的相对丰度变化范围为 24.25% ~ 28.76% (CD >



(a) 表示相对丰度, others 表示所有样本中相对丰度低于 1% 的细菌物种; (b) 表示可视化圈, 左半圈表示样本中物种组成情况, 外层彩带的颜色表示来自的分组, 内层彩带的颜色表示物种, 长度表示该物种在对应样本中的相对丰度; 右半圈表示在分类水平上物种在不同样本中的分布比例情况, 外层彩带表示物种, 内层彩带颜色表示不同分组, 长度表示该样本在某一物种中的分布比例, 下同, 1. Actinobacteria; 2. Proteobacteria; 3. Acidobacteria; 4. Chloroflexi; 5. Gemmatimonadetes; 6. Nitrospirae; 7. Bacteroidetes; 8. others; 9. Firmicutes; 10. GAL15; 11. unclassified_k_norank; 12. Saccharibacteria; 13. Verrucomicrobia; 14. Tectomicrobia

图 2 在门分类水平上细菌群落相对丰度与可视化圈

Fig. 2 Relative abundance and circos diagram of bacterial community at the phylum level



1. Actinobacteria; 2. Acidobacteria; 3. α -Proteobacteria; 4. β -Proteobacteria; 5. Gemmatimonadetes; 6. Nitrospira; 7. others; 8. δ -Proteobacteria; 9. γ -Proteobacteria; 10. KD4-96; 11. Anaerolineae; 12. S085; 13. Chloroflexia; 14. Thermomicrobia; 15. Sphingobacteriia; 16. Bacilli; 17. TK10; 18. norank_p_GAL15; 19. Gitt-GS-136; 20. unclassified_k_norank; 21. norank_p_Saccharibacteria; 22. spartobacteria; 23. norank_p_Tectomicrobia

图 3 在纲分类水平上细菌群落相对丰度与可视化圈

Fig. 3 Relative abundance and circos diagram of bacterial community at the class level

CH1 > YS > CSL > CH2), Acidobacteria 为 15.55% ~ 19.87% (CSL > CD > CH1 > YS > CH2), Gemmatimonadetes 为 3.51% ~ 6.44% (YS > CH1 > CSL > CH2 > CD), Nitrospira 为 3.04% ~ 5.19% (CSL > CD > YS > CH1 > CH2), α -Proteobacteria 为 10.35% ~ 14.29% (CSL > CH1 > CH2 > YS > CD), β -Proteobacteria 为 4.10% ~ 6.93% (CSL > CH2 > CH1 > YS > CD), δ -Proteobacteria 为 2.51% ~ 4.38% (CSL > YS > CH1 > CD > CH2). α -Proteobacteria、 β -Proteobacteria 和 δ -Proteobacteria 在 CSL 土壤中的相对丰度要高于其他 4 种恢复模式,而在 CD 中的相对丰度最低。

2.3.2 土壤细菌群落物种多样性差异

为了进一步对细菌群落物种进行组间和组内比较分析,探索不同分组样本间群落组成的相似性或差异性,特此进行了 β 多样性分析. 基于 Bray-Curtis 距离算法,采用 PCoA 分析衡量不同植被恢复模式下土壤细菌群落组间和组内物种多样性差异. 如图 4 所示,在 OTU 水平上,PC1 与 PC2 分别解释方差为 24.46% 和 19.37%,累计解释能力达 43.83%,PC1 可将 CSL 和 YS 的细菌群落与 CH1、CH2 和 CD 明显区分开,PC2 可将 YS 和 CH1 与 CSL、CH2 和 CD 明显区分开,影响群落结构的主导因子显著 ($P < 0.05$). 本研究发现,各植被恢复模式组内样本间重复比较聚集,土壤细菌群落物种多样性组间差异大于组内差异,CSL 的土壤细菌群落物种多样性与人工林和 CD 明显分离. 人工林中,CH1 与 CH2 和 YS 之间存在分离,但距离较小。

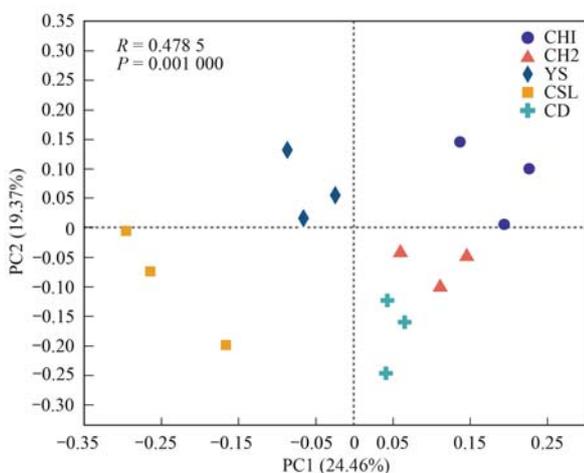


图 4 不同植被恢复模式土壤细菌群落主坐标分析 (PCoA)

Fig. 4 Principal coordinates analysis (PCoA) of soil bacteria with different vegetation restoration types, based on Bray-Curtis distances

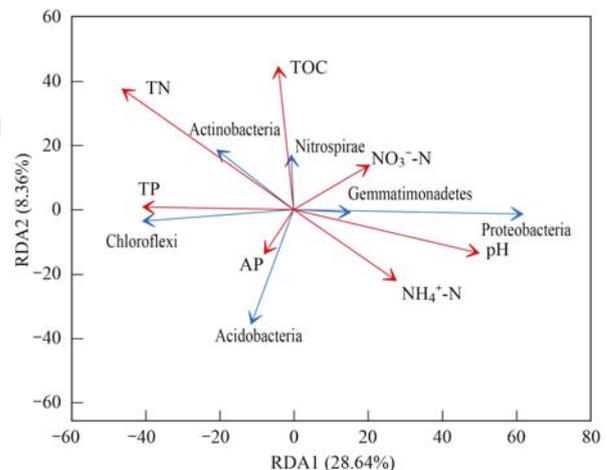
2.4 土壤环境因子与细菌群落的相关性

在门分类水平上,对土壤中的优势细菌门类与

土壤环境因子进行冗余分析(表 4 和图 5),结果表明,RDA1 和 RDA2 分别解释对于物种数据影响程度的 28.64% 和 8.36%,累计解释量为 37%. 其中 TN (RDA1 = -0.9426, RDA2 = 0.3339, $R^2 = 0.6036$, $P = 0.005$) 和 pH (RDA1 = 0.9751, RDA2 = -0.2218, $R^2 = 0.5359$, $P = 0.013$) 对细菌群落结构的影响最大,对细菌群落结构具有显著影响 ($P < 0.05$). TN 与 Actinobacteria 和 Nitrospirae 呈显著正相关,TOC 与其也呈正相关关系,但相关性不显著. pH 与 Proteobacteria 和 Gemmatimonadetes 呈显著正相关,与 Actinobacteria 呈显著负相关,而 Acidobacteria 与 TN 和 pH 均呈显著负相关关系。

表 4 环境因子对 RDA 结果的解释权重

环境因子	RDA1	RDA2	R^2	P
TOC	-0.6215	0.7834	0.1274	0.455
TN	-0.9426	0.3339	0.6036	0.005
TP	-0.9872	0.1596	0.3196	0.101
NO_3^- -N	0.9986	0.0523	0.0714	0.657
NH_4^+ -N	0.9435	-0.3314	0.2090	0.244
AP	-0.8931	-0.4498	0.0148	0.905
pH	0.9751	-0.2218	0.5359	0.013



TOC: 土壤有机碳, TN: 全氮, TP: 全磷, NO_3^- -N: 硝态氮, NH_4^+ -N: 铵态氮, AP: 速效磷,下同; 蓝色箭头表示在门分类水平上优势细菌种群; 红色箭头表示环境因子

图 5 优势细菌门与土壤环境因子的冗余分析

Fig. 5 Redundancy analysis (RDA) of dominant bacterial phylum and soil environmental factors

2.5 PICRUSt 功能预测分析

基于 KEGG 数据库预测的结果表明(表 5),在一级功能层共获得 6 类生物代谢通路功能,分别是细胞过程 (cellular processes)、环境信息处理 (environmental information processing)、遗传信息处理 (genetic information processing)、人类疾病 (human diseases)、代谢 (metabolism) 和有机系统 (organismal

systems). 其中代谢、环境信息处理和遗传信息处理是一级功能层中最主要的组成部分, 占比分别为 61.91%~62.49%、18.74%~19.28% 和 11.05%~11.31%.

表 5 一级功能层相对丰度/%

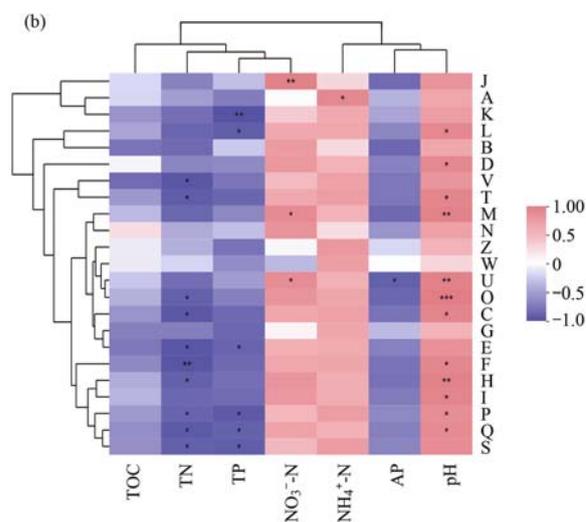
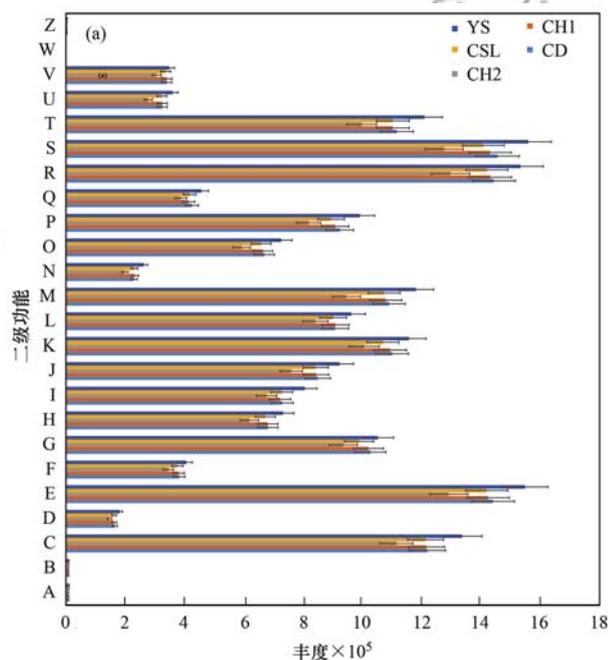
Table 5 Relative abundance of KEGG pathway level 1/%					
一级生物代谢通路功能	CH1	CH2	CD	YS	CSL
细胞过程	4.79	4.81	4.62	4.72	4.81
环境信息处理	18.74	18.88	18.84	18.83	19.28
遗传信息处理	11.28	11.31	11.17	11.21	11.05
人类疾病	1.75	1.74	1.70	1.69	1.71
代谢	62.16	61.99	62.49	62.28	61.91
有机系统	1.12	1.11	1.05	1.11	1.09

同时对预测基因二级功能层丰度进行分析[图 6(a)], 发现各样本细菌群落主要涉及细胞运动 (cell motility)、细胞内运输、分泌及囊泡运输 (intracellular trafficking, secretion, and vesicular transport)、信号转导机制 (signal transduction mechanisms)、氨基酸转运及代谢 (amino acid

transport and metabolism) 和辅酶的运输及代谢 (coenzyme transport and metabolism) 等 24 个二级功能, 且不同植被恢复模式中细菌群落二级功能层 OTU 丰度间差异不显著, 均表现出功能上的丰富性. 对所预测的二级功能层的 OTU 丰度和土壤环境因子进行 Pearson 相关性分析发现[图 6(b)], 绝大多数二级功能与土壤 pH 和 TN 存在显著的相关关系, 与土壤 pH 呈显著正相关关系, 与 TN 呈显著负相关关系. 而对优势细菌门类和土壤环境因子的 RDA 分析结果也表明(图 5), 土壤 pH 和 TN 对细菌群落的影响最大, 对细菌群落结构具有显著影响. TP 和 NO_3^- -N 与部分二级功能也存在显著的相关关系. TOC 和 AP 与二级功能存在负相关关系, NH_4^+ -N 与二级功能存在正相关关系, 但相关性均不显著.

3 讨论

植被恢复主要通过影响枯落物的差异、根系形



(a) 二级功能层丰度; (b) Pearson 相关性热图, X 轴和 Y 轴分别为环境因子和二级功能, 图例是表示不同 R 值的颜色区间, * 表示 $0.01 < P \leq 0.05$, ** 表示 $0.001 < P \leq 0.01$, *** 表示 $P \leq 0.001$; A: 功能未知 (function unknown), B: 仅适用于一般功能预测 (general function prediction only), C: 氨基酸转运和代谢 (amino acid transport and metabolism), D: 能源生产和转化 (energy production and conversion), E: 信号转导机制 (signal transduction mechanisms), F: 转录 (transcription), G: 细胞壁/膜/包膜生物发生 (cell wall/membrane/envelope biogenesis), H: 碳水化合物的运输和代谢 (carbohydrate transport and metabolism), I: 无机离子的运输和代谢 (inorganic ion transport and metabolism), J: 复制、重组和修复 (replication, recombination, and repair), K: 翻译、核糖体结构与生物发生 (translation, ribosomal structure, and biogenesis), L: 脂质运输和代谢 (lipid transport and metabolism), M: 辅酶的运输和代谢 (coenzyme transport and metabolism), N: 翻译后修饰、蛋白质更新和保护蛋白 (posttranslational modification, protein turnover, and chaperones), O: 次生代谢物的生物合成、转运和分解代谢 (secondary metabolites biosynthesis, transport, and catabolism), P: 核苷酸的运输和代谢 (nucleotide transport and metabolism), Q: 防御机制 (defense mechanisms), R: 细胞内运输、分泌和囊泡运输 (intracellular trafficking, secretion, and vesicular transport), S: 细胞运动 (cell motility), T: 细胞周期控制、细胞分裂和染色体分区 (cell cycle control, cell division, and chromosome partitioning), U: RNA 加工和修饰 (RNA processing and modification), V: 染色体的结构和动力学 (chromatin structure and dynamics), W: 细胞骨架 (cytoskeleton), Z: 细胞外结构 (extracellular structures)

图 6 二级功能层丰度和环境因子相关性热图

Fig. 6 One-way ANOVA and environmental factor correlation heatmap of KEGG pathway level 2

态和分泌物及整体生态系统物质和能量转化过程的差异来影响土壤微生物数量和群落,微生物通过分解经过多年的累积枯枝落叶来影响土壤养分循环及其自身的结构和功能的多样性^[23,24].

有研究表明, Actinobacteria 是降解木质素与纤维素的主要功能菌门,本研究中 5 种植被恢复模式中 Actinobacteria 的相对丰度变化范围为 24.25%~28.79%,是群落中最优势细菌门,这与刘洋等^[25]对黄土高原不同乔木林土壤细菌群落特征的研究结果一致,且植物群落类型是影响土壤放线菌多样性的重要因素^[26]. 有研究表明,在盐碱土中, Proteobacteria 下的 α -Proteobacteria、 β -Proteobacteria、 γ -Proteobacteria 和 δ -Proteobacteria 是最重要的微生物纲类^[27]. 在本研究中的不同植被恢复模式下, Proteobacteria 相对丰度范围为 20.09%~28.63%,是土壤中主要的优势细菌门类, α -Proteobacteria 是最优势纲,其次是 β -Proteobacteria, 相对丰度分别为 10.35%~14.29% 和 4.10%~6.93%. 且研究区土壤 pH 在 8.46~8.69 之间,呈弱碱性,也验证了 Proteobacteria 为碱性土壤中的主要优势群落.

植被恢复过程中,植物枯落物增加了有机质向土壤的输入,为微生物提供了充足的碳源和氮源,对土壤微生物量产生了积极的影响. Zhang 等^[18]研究黄土高原不同时期(0、10、25 和 35 a)放牧后草原微生物群落的变化结果表明,长期演替过程中,植被和细菌的演替较土壤真菌的快,植被通过改变土壤理化性质来改变土壤微生物群落的组成. Zeng 等^[28]选取了黄土高原从南到北的植被生态系统(森林、林草、草地、沙地和沙漠生态系统)作为研究对象,研究了土壤性质对土壤微生物群落组成的影响,发现 Actinobacteria 和 Proteobacteria 相对丰度与 pH 存在显著相关性,说明 pH 对土壤细菌群落的影响较大. Xu 等^[29]研究了黄土高原土壤反硝化微生物群落对不同土地利用类型的响应,结果表明, AN 是影响微生物组成的关键环境因子. 安丽芸等^[30]研究了微生物多样性对土壤碳代谢特征的影响,结果表明在黄土高原阔叶混交林,土壤微生物多样性的降低显著影响了土壤的碳矿化速率和累计矿化量,对其生态系统功能产生较大影响. 而 Zhao 等^[31]研究发现造林后土壤碳组分的变化对土壤微生物群落的多样性和结构有显著影响. 以上研究均表明,随着植被的不断恢复演替,土壤养分和结构状况得到改善,从而为土壤微生物的活动提供了良好的环境. 微生物生物量总体增加和土壤酶活性不断增大使土壤肥力不断地得到恢复和提高,改善了土壤微生物群落的

结构和功能,使得微生物群落从贫营养型向富营养型转变.

本研究表明草地和天然次生林土壤细菌群落丰富度要大于人工林. 在人工林中,刺槐林的土壤细菌群落丰富度远大于油松林,并且随着植被不断恢复,土壤细菌群落的丰富度明显增加. 这与刘洋等^[32]和 Zhang 等^[33]的研究结果相似. Hu 等^[34]研究植被类型对黄土高原丘陵地区土壤微生物生物量和功能多样性的影响也表明,对提高土壤微生物量碳氮含量而言,林草混合模式比单一植被的效果更好,能有效促进土壤修复. 以上研究均表明混交模式造林对于土壤质量改善作用效果最好,刺槐纯林次之,荒草地和油松纯林较差. 故建议当地退耕还林应以混交林为主,对提高土壤肥力和质量效果最好. 曾全超等^[35]的研究证明了在黄土丘陵区,人工刺槐林对土壤碳氮库的增加有一定的作用,但是相对于辽东栎和侧柏等天然次生林有一定的差距. 以刺槐等为主的植物群落,其根部共生的根瘤菌可以将空气中的无机氮转化为有机氮固定于土壤中,进而改变根区土壤系统的物质组成和肥力水平^[36]. Liu 等^[37]的研究表明,与原生草地相比,人工刺槐林显著提高了土壤有机碳、全氮、碳氮比和碳磷比, Vítková 等^[38]也报道了刺槐种植后由于共生根际细菌的固氮能力导致了较高的氮浓度. 封晔等^[39]对黄土高原 8 种植物根际细菌与丛枝菌根真菌群落多样性及其相互关系进行了研究,结果表明植物种类和根际环境对根际微生物群落结构有较大影响,同时,刺槐的根际细菌和 AMF 群落多样性指数均较高,因此刺槐可作为黄土高原区植被恢复的先锋树种.

4 结论

(1) 不同植被恢复模式下土壤细菌群落的丰富度存在显著差异,均表现为: CD > CSL > CH2 > CH1 > YS, 即草地和天然次生林土壤细菌群落丰富度要大于人工林. 人工林中,刺槐林的土壤细菌群落丰富度远大于油松林,并且随着植被不断恢复,土壤细菌群落的丰富度明显增加.

(2) 各植被恢复模式下土壤细菌优势门类均为: Actinobacteria、Proteobacteria、Acidobacteria、Chloroflexi、Gemmatimonadetes 和 Nitrospirae, 优势纲类均为: Actinobacteria、Acidobacteria、 α -Proteobacteria、 β -Proteobacteria 和 δ -Proteobacteria. CSL 和 CD 与人工林(CH1、CH2 和 YS)之间土壤细菌群落的相对丰度变化存在差异性.

(3) 各植被恢复模式下,土壤优势细菌门类与 TN 和 pH 具有显著相关性,说明在土壤环境因子中

TN 和 pH 对土壤细菌群落的影响较大. 其中 TN 与 Actinobacteria 和 Nitrospirae 呈显著正相关, pH 与 Proteobacteria、Gemmatimonadetes 呈显著正相关, 与 Actinobacteria 呈显著负相关, 而 Acidobacteria 与 TN 和 pH 均呈显著负相关关系.

(4) 代谢、环境信息处理和遗传信息处理是黄土高原退耕还林区土壤细菌群落一级功能层中最主要的组成部分. 主要涉及氨基酸转运和代谢、能源生产和转化、信号转导机制、转录、碳水化合物运输和代谢、无机离子的运输和代谢等 24 个二级功能, 均表现出功能上的丰富性, 且绝大多数二级功能与土壤 pH、TN 存在显著的相关关系.

致谢: 感谢朱金兆老师、房世鹏同学、张英俊同学和山西吉县生态站工作人员对野外工作的支持. 感谢上海美吉生物医药科技有限公司和中国科学院植物研究所植被与环境变化国家重点实验室提供的样品检测支持.

参考文献:

- [1] Wardle D A, Walker L R, Bardgett R D. Ecosystem properties and forest decline in contrasting long-term chronosequences [J]. *Science*, 2004, **305**(5683): 509-513.
- [2] Luo C Y, Zhang B X, Liu J, *et al.* Effects of different Ages of *Robinia pseudoacacia* plantations on soil physiochemical properties and microbial communities [J]. *Sustainability*, 2020, **12**(21), doi: 10.3390/su12219161.
- [3] 李娜, 王宝荣, 安韶山, 等. 黄土高原草地土壤细菌群落结构对于降水变化的响应 [J]. *环境科学*, 2020, **41**(9): 4284-4293.
- Li N, Wang B R, An S S, *et al.* Response of soil bacterial community structure to precipitation change in grassland of Loess Plateau [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(9): 4284-4293.
- [4] Zhalnina K, Dias R, de Quadros P D, *et al.* Soil pH determines microbial diversity and composition in the park grass experiment [J]. *Microbial Ecology*, 2015, **69**(2): 395-406.
- [5] Nacke H, Goldmann K, Schöning I, *et al.* Fine spatial scale variation of soil microbial communities under European beech and Norway spruce [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, **7**, doi: 10.3389/fmicb.2016.02067.
- [6] Pei Z Q, Eichenberg D, Bruehlheide H, *et al.* Soil and tree species traits both shape soil microbial communities during early growth of Chinese subtropical forests [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, **96**: 180-190.
- [7] Ding X L, Zhang B, Lü X X, *et al.* Parent material and conifer biome influence microbial residue accumulation in forest soils [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, **107**: 1-9.
- [8] 尤南山, 董金玮, 肖桐, 等. 退耕还林还草工程对黄土高原植被总初级生产力的影响 [J]. *地理科学*, 2020, **40**(2): 315-323.
- You N S, Dong J W, Xiao T, *et al.* The effects of the "grain for green" project on gross primary productivity in the Loess Plateau [J]. *Scientia Geographica Sinica*, 2020, **40**(2): 315-323.
- [9] 山仑, 徐炳成. 新时期黄土高原退耕还林(草)有关问题探讨 [J]. *水土保持通报*, 2019, **39**(6): 295-297.
- Shan L, Xu B C. Discussion on some issues about returning farmland to forest or grassland on Loess Plateau in new era [J]. *Bulletin of Soil and Water Conservation*, 2019, **39**(6): 295-297.
- [10] 谭学进, 穆兴民, 高鹏, 等. 黄土区植被恢复对土壤物理性质的影响 [J]. *中国环境科学*, 2019, **39**(2): 713-722.
- Tan X J, Mu X M, Gao P, *et al.* Effects of vegetation restoration on changes to soil physical properties on the loess plateau [J]. *China Environmental Science*, 2019, **39**(2): 713-722.
- [11] Kou M, Jiao J Y, Yin Q L, *et al.* Successional trajectory over 10 years of vegetation restoration of abandoned slope croplands in the Hill-Gully region of the Loess Plateau [J]. *Land Degradation & Development*, 2016, **27**(4): 919-932.
- [12] Feng X M, Fu B J, Piao S L, *et al.* Revegetation in China's Loess Plateau is approaching sustainable water resource limits [J]. *Nature Climate Change*, 2016, **6**(11): 1019-1022.
- [13] 周俊杰, 陈志飞, 杨全, 等. 黄土丘陵区退耕草地土壤呼吸及其组分对氮磷添加的响应 [J]. *环境科学*, 2020, **41**(1): 479-488.
- Zhou J J, Chen Z F, Yang Q, *et al.* Response of soil respiration and its components to nitrogen and phosphorus addition in farming-withdrawn grassland in the semiarid loess hilly-gully region [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(1): 479-488.
- [14] 刘俊廷, 张建军, 孙若修, 等. 晋西黄土区退耕年限对土壤孔隙度等物理性质的影响 [J]. *北京林业大学学报*, 2020, **42**(1): 94-103.
- Liu J T, Zhang J J, Sun R X, *et al.* Effects of the conversion time of cropland into forestry on soil physical properties in loess area of western Shanxi Province of northern China [J]. *Journal of Beijing Forestry University*, 2020, **42**(1): 94-103.
- [15] 瞿晴, 徐红伟, 吴旋, 等. 黄土高原不同植被带人工刺槐林土壤团聚体稳定性及其化学计量特征 [J]. *环境科学*, 2019, **40**(6): 2904-2911.
- Qu Q, Xu H W, Wu X, *et al.* Soil aggregate stability and its stoichiometric characteristics in *Robinia pseudoacacia* forest within different vegetation zones on the Loess Plateau, China [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(6): 2904-2911.
- [16] 邢肖毅, 黄懿梅, 安韶山, 等. 黄土丘陵区不同植被土壤氮素转化微生物生理群特征及差异 [J]. *生态学报*, 2013, **33**(18): 5608-5614.
- Xing X Y, Huang Y M, An S S, *et al.* Characteristics of physiological groups of soil nitrogen-transforming microbes in different vegetation types in the Loess Gully region, China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2013, **33**(18): 5608-5614.
- [17] 魏安琪, 魏天兴, 刘海燕, 等. 黄土区刺槐和油松人工林土壤微生物 PLFA 分析 [J]. *北京林业大学学报*, 2019, **41**(4): 88-98.
- Wei A Q, Wei T X, Liu H Y, *et al.* PLFA analysis of soil microorganism under *Robinia pseudoacacia* and *Pinus tabulaeformis* plantation in loess area [J]. *Journal of Beijing Forestry University*, 2019, **41**(4): 88-98.
- [18] Zhang C, Liu G B, Song Z L, *et al.* Interactions of soil bacteria and fungi with plants during long-term grazing exclusion in semiarid grasslands [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **124**: 47-58.
- [19] 李娜英, 韩智勇, 王双超, 等. 多污染源作用下填埋场地下水微生物群落分析 [J]. *中国环境科学*, 2020, **40**(11): 4900-4910.
- Li N Y, Han Z Y, Wang S C, *et al.* Impacts of different pollution sources on the microbial community in groundwater at municipal solid waste landfill sites [J]. *China Environmental Science*, 2020, **40**(11): 4900-4910.
- [20] 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, 2020, doi: 10.11766/trxb202003160122.
- 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*, 2020, doi: 10.11766/trxb202003160122.
- [21] 王娜, 高婕, 魏静, 等. 三江平原湿地开垦对土壤微生物群落结构的影响[J]. 环境科学, 2019, **40**(5): 2375-2381.
- Wang N, Gao J, Wei J, *et al.* Effects of wetland reclamation on soil microbial community structure in the Sanjiang plain [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(5): 2375-2381.
- [22] 鲍士旦. 土壤农化分析[J]. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [23] Okubo A, Matsusaka M, Sugiyama S. Impacts of root symbiotic associations on interspecific variation in sugar exudation rates and rhizosphere microbial communities; a comparison among four plant families[J]. *Plant and Soil*, 2016, **399**(1-2): 345-356.
- [24] Spohn M, Widdig M. Turnover of carbon and phosphorus in the microbial biomass depending on phosphorus availability[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, **113**: 53-59.
- [25] 刘洋, 曾全超, 黄懿梅. 基于 454 高通量测序的黄土高原不同乔木林土壤细菌群落特征[J]. 中国环境科学, 2016, **36**(11): 3487-3494.
- Liu Y, Zeng Q C, Huang Y M. Soil microbial communities by 454prosequencing under different arbor forests on the Loess Plateau[J]. *China Environmental Science*, 2016, **36**(11): 3487-3494.
- [26] 张晓红, 胡文革, 莫超, 等. 艾比湖湿地根际放线菌多样性及其环境响应[J]. 环境科学与技术, 2015, **38**(12): 22-30, 134.
- Zhang X H, Hu W G, Mo C, *et al.* Correlation of Actinobacteria community diversity in three different rhizospheres and physicochemical properties in natural Reserve of Ebinur Lake wetland[J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, **38**(12): 22-30, 134.
- [27] 林耀奔, 杨建辉, 叶艳妹. 盐碱地不同土地利用方式下土壤细菌群落结构多样性差异分析[J]. 环境科学学报, 2019, **39**(4): 1266-1273.
- Lin Y B, Yang J H, Ye Y M. Analysis on diversity of soil bacterial community under different land use patterns in saline-alkali land[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2019, **39**(4): 1266-1273.
- [28] Zeng Q C, Dong Y H, An S S. Bacterial community responses to soils along a latitudinal and vegetation gradient on the Loess Plateau, China[J]. *PLoS One*, 2016, **11**(4), doi: 10.1371/journal.pone.0152894.
- [29] Xu Y D, Zhong Z K, Zhang W, *et al.* Responses of soil *nosZ*-type denitrifying microbial communities to the various land-use types of the Loess Plateau, China [J]. *Soil and Tillage Research*, 2019, **195**, doi: 10.1016/j.still.2019.104378.
- [30] 安丽芸, 李君剑, 严俊霞, 等. 微生物多样性对土壤碳代谢特征的影响[J]. 环境科学, 2017, **38**(10): 4420-4426.
- An L Y, Li J J, Yan J X, *et al.* Effects of microbial diversity on soil carbon mineralization[J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(10): 4420-4426.
- [31] Zhao F Z, Ren C J, Zhang L, *et al.* Changes in soil microbial community are linked to soil carbon fractions after afforestation [J]. *European Journal of Soil Science*, 2018, **69**(2): 370-379.
- [32] 刘洋, 黄懿梅, 曾全超. 黄土高原不同植被类型下土壤细菌群落特征研究[J]. 环境科学, 2016, **37**(10): 3931-3938.
- Liu Y, Huang Y M, Zeng Q C. Soil bacterial communities under different vegetation types in the Loess Plateau[J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(10): 3931-3938.
- [33] Zhang C, Liu G B, Xue S, *et al.* Soil bacterial community dynamics reflect changes in plant community and soil properties during the secondary succession of abandoned farmland in the Loess Plateau[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, **97**: 40-49.
- [34] Hu C J, Fu B J, Liu G H, *et al.* Vegetation patterns influence on soil microbial biomass and functional diversity in a hilly area of the Loess Plateau, China[J]. *Journal of soils and sediments*, 2010, **10**(6): 1082-1091.
- [35] 曾全超, 李鑫, 董扬红, 等. 黄土高原不同乔木林土壤微生物量碳氮和溶解性碳氮的特征[J]. 生态学报, 2015, **35**(11): 3598-3605.
- Zeng Q C, Li X, Dong H Y, *et al.* Soil microbial biomass nitrogen and carbon, water soluble nitrogen and carbon under different arbors forests on the Loess Plateau[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, **35**(11): 3598-3605.
- [36] 翟辉, 张海, 邱梅, 等. 黄土高原退耕坡地不同类型林分土壤生物学活性的研究[J]. 西北林学院学报, 2016, **31**(4): 33-38, 72.
- Zhai H, Zhang H, Qiu M, *et al.* Soil biological activity of different tree types on slope land converted from farmland in the Loess Plateau [J]. *Journal of Northwest Forestry University*, 2016, **31**(4): 33-38, 72.
- [37] Liu J L, Ngoc Ha V, Shen Z, *et al.* Response of the rhizosphere microbial community to fine root and soil parameters following *Robinia pseudoacacia* L. afforestation[J]. *Applied Soil Ecology*, 2018, **132**: 11-19.
- [38] Vítková M, Tonika J, Müllerová J. Black locust—Successful invader of a wide range of soil conditions [J]. *Science of the Total Environment*, 2015, **505**: 315-328.
- [39] 封晔, 唐明, 陈辉, 等. 黄土高原六道沟流域 8 种植物根际细菌与 AMF 群落多样性研究[J]. 环境科学, 2012, **33**(1): 314-322.
- Feng Y, Tang M, Chen H, *et al.* Community diversity of bacteria and arbuscular mycorrhizal fungi in the rhizosphere of eight plants in Liudaogou watershed on the Loess Plateau China [J]. *Environmental Science*, 2012, **33**(1): 314-322.

CONTENTS

Spatiotemporal Distribution and Health Impacts of PM _{2.5} and O ₃ in Beijing, from 2014 to 2020	CHEN Jing, PENG Jin-long, XU Yan-sen (4071)
High-resolution Estimation of Spatio-temporal Variation in PM _{2.5} Concentrations in the Beijing-Tianjin-Hebei Region	YANG Xiao-hui, SONG Chun-jie, FAN Li-hang, <i>et al.</i> (4083)
Impacts of Anthropogenic Emission Reduction and Meteorological Conditions on PM _{2.5} Pollution in Typical Cities of Beijing-Tianjin-Hebei in Winter	SHAO Xuan-yi, WANG Xiao-qi, ZHONG Yi-sheng, <i>et al.</i> (4095)
Influence of Pollutant Transport from Both Sides of the Taihang Mountains on Cross-Valley Urban Aerosols	WANG Yan, GUO Wei, YAN Shi-ming, <i>et al.</i> (4104)
Variation Characteristics and Source Analysis of Carbonaceous Aerosols in Winter in Jiashan	ZHANG Ying-long, LI Li, WU Wei-chao, <i>et al.</i> (4116)
Simulation Analysis of the Impact of COVID-19 Pandemic Control on Air Quality in Henan Province based on Machine Learning Algorithm	WEI Yu, XU Qi-xiang, ZHAO Jin-shuai, <i>et al.</i> (4126)
Seasonal Variation, Source Identification, and Health Risk of PM _{2.5} -bound Metals in Xinxiang	LIU Huan-jia, JIA Meng-ke, LIU Yong-li, <i>et al.</i> (4140)
Distribution Characteristics and Seasonal Variations of Arsenic in Atmospheric Aerosols over the Yellow Sea and Bohai Sea	YUAN Shuai, WANG Yan, LIU Ru-hai, <i>et al.</i> (4151)
Extinction Characteristics of Aerosols and the Contribution of Pollution Sources to Light Extinction During Three Heavy Pollution Episodes in the Winter of 2020 in Tianjin	LI Li-wei, XIAO Zhi-mei, YANG Ning, <i>et al.</i> (4158)
Spatial Variation of Surface Ozone Concentration During the Warm Season and Its Meteorological Driving Factors in China	HE Chao, MU Hang, YANG Lu, <i>et al.</i> (4168)
Exploring Characteristics and Causes of Summer Ozone Pollution Based on Process Analysis in Wuhai	ZHANG Rui-xin, CHEN Qiang, XIA Jia-qi, <i>et al.</i> (4180)
Pollution Characteristics and Source Analysis of Atmospheric VOCs in the Coastal Background of the Pearl River Delta	YUN Long, LI Cheng-liu, ZHANG Ming-di, <i>et al.</i> (4191)
Hydrochemical Characteristics and Factors of Surface Water and Groundwater in the Upper Yongding River Basin	KONG Xiao-le, YANG Yong-hui, CAO Bo, <i>et al.</i> (4202)
Temporal and Spatial Variations in Water Quality of Hanjiang River and Its Influencing Factors in Recent Years	CHENG Bing-fen, ZHANG Yuan, XIA Rui, <i>et al.</i> (4211)
Pollution Level, Distribution Characteristic, and Ecological Risk Assessment of Environmentally Persistent Pharmaceutical Pollutants in Surface Water of Jiangsu Province	ZHAO Mei-mei, FAN De-ling, GU Wen, <i>et al.</i> (4222)
Spatial and Temporal Distribution and Pollution Evaluation of Soluble Heavy Metals in Liujiang River Basin	ZHANG Wan-jun, XIN Cun-lin, YU Shi, <i>et al.</i> (4234)
Source Analysis and Health Risk Assessment of Heavy Metals in Groundwater of Leizhou Peninsula	SHI Huan-huan, PAN Yu-jie, ZENG Min, <i>et al.</i> (4246)
Distribution Characteristics and Health Risk Assessment of Metal Elements in Groundwater of Longzici Spring Area	XIE Hao, LIANG Yong-ping, LI Jun, <i>et al.</i> (4257)
Seasonal Variation and Sources Identification of Dissolved Sulfate in a Typical Karst Subterranean Stream Basin Using Sulfur and Oxygen Isotopes	REN Kun, PAN Xiao-dong, LAN Gan-jiang, <i>et al.</i> (4267)
Phosphorus Fractions and Quantitative Identification of Pollution Sources in Nanhai Wetland, Baotou	BAI Ya-hong, QIAN Chen-ge, YUAN Si-jing, <i>et al.</i> (4275)
Release Risk of Phosphorus by Sediments and Its Influencing Factors in Ponds and Ditches of a New Urban District Park	LI Ru-zhong, SONG Min, YANG Ji-wei (4287)
Effect of Hydraulic Residence Time on Removal Efficiency of Pollutants in Subsurface Flow Constructed Wetlands and Analysis of Denitrification Mechanism	QI Ran, ZHANG Ling, YANG Fan, <i>et al.</i> (4296)
Enhanced Removal of Pollutants in Constructed Wetlands with Manganese Sands	MA Quan, WANG Dong-lin, LIN Hui, <i>et al.</i> (4304)
Application Effect of Four Typical Submerged Macrophytes on Removing Cadmium from Polluted Sediment	TAO Li, WANG Pei-fang, YUAN Qiu-sheng, <i>et al.</i> (4311)
Structure of Aerobic Denitrification Bacterial Community in Response to Dissolved Organic Matter in Baiyangdian Lake During the Water Delivery Period	ZHOU Shi-lei, ZHANG Tian-na, CHEN Zhao-ying, <i>et al.</i> (4319)
Nitrogen and Phosphorus Leaching Characteristics and Adsorption Properties of Hardwood Biochar in Stormwater Runoff	MENG Yi-ke, WANG Yuan, WANG Chuan-yue (4332)
Indicator Function of Ragworm (Nereididae) on Sediment Microplastic in Haizhou Bay Intertidal Zone	WANG Jia-xuan, SONG Ke-xin, SUN Yi-xin, <i>et al.</i> (4341)
Antagonistic Effect and Mechanism of Nano Titanium Dioxide and Cadmium on the Growth of <i>Scenedesmus obliquus</i>	WANG Pu, ZHAO Li-hong, ZHU Xiao-shan (4350)
Mutual Influence Between Microbial Community, Wastewater Characteristics, and Antibiotic Resistance Genes During Spiramycin Production Wastewater Treatment	WU Cai-yun, LI Hui-li, QIN Cai-xia, <i>et al.</i> (4358)
Effect of Chelated Iron on Nitrogen Removal Efficiency and Microbial Community Structure in the Anaerobic Ferric Ammonium Oxidation	LIAO Hong-yan, SONG Cheng, WAN Liu-yang, <i>et al.</i> (4366)
Effects of Dissolved Oxygen on Nutrient Removal Performance and Microbial Community in Low Carbon/Nitrogen Municipal Wastewater Treatment Process	CHI Yu-lei, SHI Xuan, REN Tong, <i>et al.</i> (4374)
Shortening SRT of Intermittent Gradient Aeration to Realize Nitrogen and Phosphorus Removal in Short-range SNEDPR System	ZHANG Yu-jun, LI Dong, WANG Xin-xin, <i>et al.</i> (4383)
Characteristics of Partial Denitrification in Biofilm System	YU Li-fang, ZHANG Xing-xiu, ZHANG Qiong, <i>et al.</i> (4390)
Effect of Anaerobic Plug-flow on Nitrification Denitrifying Phosphorus Removal Aerobic Granular Sludge with Intermittent Aeration	LI Dong, CAO Si-yu, WANG Qi, <i>et al.</i> (4399)
Combining Different Aerobic/Anoxic Durations with Zoned Sludge Discharge to Optimize Short-cut Nitrification Denitrifying Phosphorus Removal Granules in Domestic Sewage	WANG Wen-qi, LI Dong, GAO Xin, <i>et al.</i> (4406)
Meta-analysis of the Effects of Metal Mining on Soil Heavy Metal Concentrations in Southwest China	ZHANG Jian-lin, QU Ming-kai, CHEN Jian, <i>et al.</i> (4414)
Distribution Characteristics and Ecological Risk Assessment of Soil Heavy Metals in Typical Watersheds of the Qinghai-Tibet Plateau	DU Hao-lin, WANG Ying, WANG Jin-song, <i>et al.</i> (4422)
Spatial Distribution Characteristics and Risk Assessment of Cadmium Pollution in Soil-crops system of an E-waste Dismantling Area	ZHANG Lu-yao, ZHAO Ke-li, FU Wei-jun (4432)
Characteristics of Modified Biochars and Their Immobilization Effect on Cu and Cd in Polluted Farmland Soil Around Smelter	WANG Xin-yu, MENG Hai-bo, SHEN Yu-jun, <i>et al.</i> (4441)
Combined Effects of Soil Amendment and Zinc Fertilizer on Accumulation and Transportation of Cadmium in Soil-Rice System	ZHOU Kun-hua, ZHOU Hang, WANG Zi-yu, <i>et al.</i> (4452)
Effects of Different Soil Conditioners on Rice Growth and Heavy Metal Uptake in Soil Contaminated with Copper and Cadmium	WEI Wei, LI Ping, LANG Man (4462)
Isolation and Identification of the Plant Endophyte R-13 and Its Effect on Cadmium Accumulation in <i>Solanum nigrum</i> L.	PANG Jie, LIU Yue-min, HUANG Yong-chun, <i>et al.</i> (4471)
Response of Soil Archaeal Community to Heavy Metal Pollution in Different Typical Regions	LI Yu-tong, YANG Shan, ZHANG Yi, <i>et al.</i> (4481)
High-throughput Sequencing Analysis of Soil Bacterial Community in the Grain for Green Project Areas of the Loess Plateau	LIU Xiao-hua, WEI Tian-xing (4489)
Experimental Influence of Food Waste Fermentation Broth on the Soil Quality in a Loess Hilly Area	SHAO Li-ming, REN Jun-da, LÜ Fan, <i>et al.</i> (4500)
Stability of Soil Aggregates at Different Altitudes in Qinling Mountains and Its Coupling Relationship with Soil Enzyme Activities	MA Huan-fei, HU Han, LI Yi, <i>et al.</i> (4510)
Reactivation of Passivated Biochar/Nanoscale Zero-Valent Iron by an Electroactive Microorganism for Cooperative Hexavalent Chromium Removal and Mechanisms	LIAO Cong-jian, ZHAO Xiao-lei, LIU Kai, <i>et al.</i> (4520)
Influence of Precipitation Change on Soil Respiration in Desert Grassland	HAO Lian-yi, ZHANG Li-hua, XIE Zhong-kui, <i>et al.</i> (4527)
Effects of Nitrogen Fertilizer Application Times and Nitrification Inhibitor on N ₂ O Emission from Potted Maize	FU Pei-jiao, JI Heng-kuan, HE Qiu-xiang, <i>et al.</i> (4538)
Gaseous Nitrogen Emission from Soil After Application of NH ₄ ⁺ -N Loaded Biochar	MA Xiao-gang, HE Jian-qiao, CHEN Yu-lan, <i>et al.</i> (4548)
Effects of Microplastics Addition on Soil Organic Carbon Mineralization in Citrus Orchard	ZHANG Xiu-ling, YAN Zi-wei, WANG Feng, <i>et al.</i> (4558)
Dynamic Material Flow Analysis of Perfluorooctane Sulfonate in China; 1985-2019	WANG Jia-yu, CHEN Jing-wen, TANG Wei-hao, <i>et al.</i> (4566)