

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

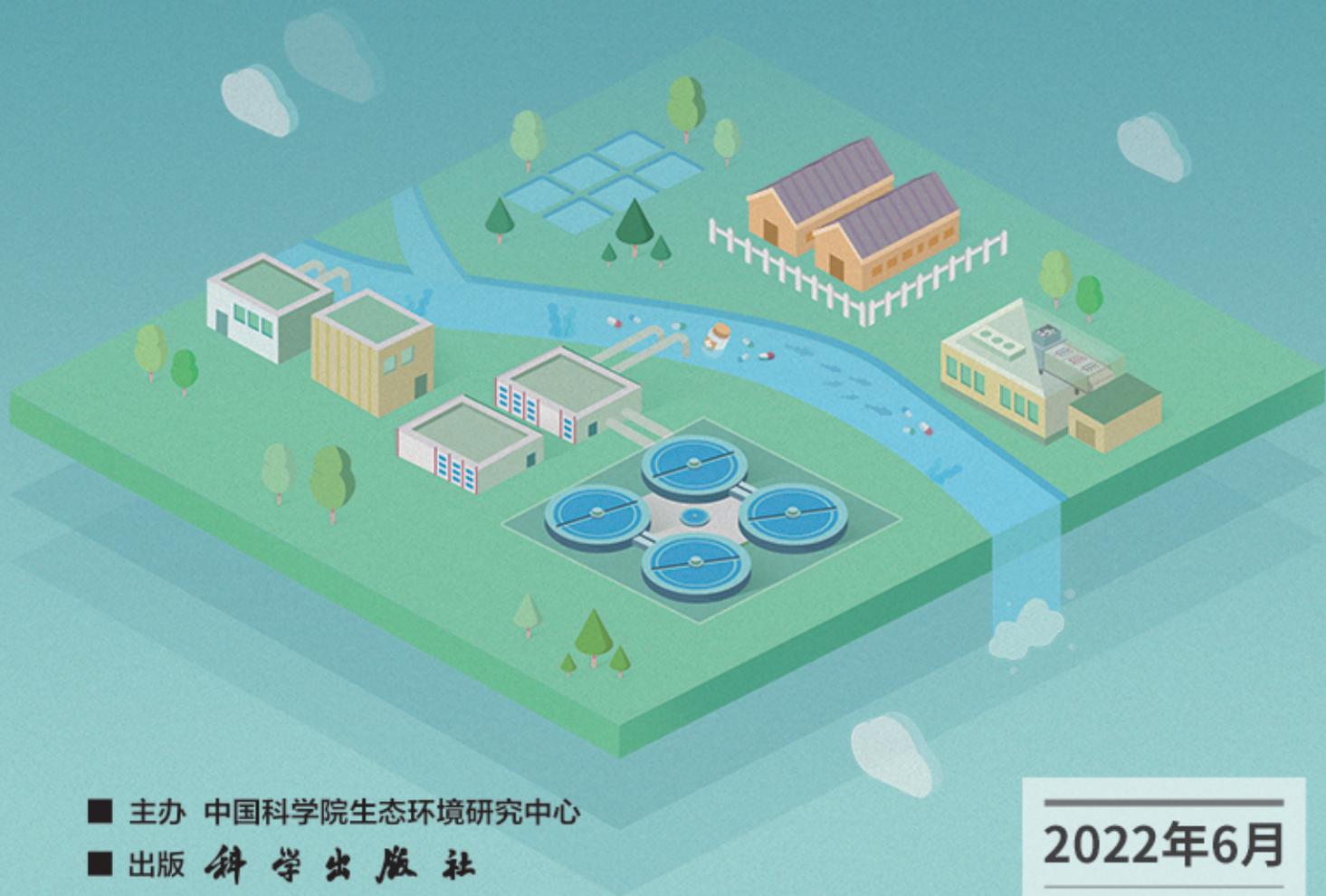
ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

长江中游典型饮用水水源中药物的时空分布及风险评价

武俊梅, 魏琳, 彭晶倩, 何鹏, 施鸿媛, 汤冬梅, 吴振斌



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年6月

第43卷 第6期

Vol.43 No.6

目次

COVID-19 管控期间气象条件变化对京津冀 PM_{2.5} 浓度影响 邱雨露, 陈磊, 朱佳, 马志强, 李梓铭, 郭恒, 唐颖潇 (2831)

新冠疫情管控措施对郑州市 PM_{2.5} 浓度、粒径分布、组分和来源的影响 黄兵, 王申博, 和兵, 薛若雨, 高更宇, 张瑞芹 (2840)

COVID-19 管控期间苏州市 PM_{2.5} 中金属元素浓度变化及来源解析 缪青, 杨倩, 吴也正, 魏恒, 周民锋, 张晓华, 邹强 (2851)

2015 ~ 2019 年南京北郊碳质气溶胶组成变化 谢添, 曹芳, 章炎麟, 林煜棋, 范美益, 宋文怀, 鲍孟盈, 项妍琨, 赵祝钰, 杨笑影, 谢锋, 张煜炯, 俞浩然, 张子金, 邢佳莉 (2858)

基于受体和化学传输的综合模型解析重庆 PM_{2.5} 来源 彭超, 李振亮, 曹云攀, 蒲茜, 方维凯, 王晓宸, 汪凌韬 (2867)

保定市冬季 PM_{2.5} 的氧化潜势特征及其影响来源分析 吴继炎, 杨池, 张春燕, 范美益, 吴爱坪, 章炎麟 (2878)

南京江北新区 PM_{2.5} 中水溶性有机氮的污染特征及其来源 关璐, 丁铖, 张毓秀, 胡建林, 于兴娜 (2888)

广西十万大山背景点 PM_{2.5} 中非极性有机气溶胶组成及来源解析 邢佳莉, 曹芳, 王谦, 张煜炯, 章炎麟 (2895)

大气多环芳烃区域迁移转化模型比较与关键影响因素: 以京津冀地区为例 张馨露, 刘世杰, 韩美丽, 苏超, 张志鹏, 马琳琳, 李洋, 程苗苗 (2906)

基于过程分析的京津冀区域典型城市臭氧成因 唐颖潇, 姚青, 蔡子颖, 丁净, 樊文雁, 杨旭, 韩素芹 (2917)

天津市 PM_{2.5}-O₃ 复合污染特征及气象影响分析 肖致美, 李源, 孔君, 李鹏, 蔡子颖, 高璟, 徐虹, 戴运峰, 邓小文 (2928)

2016 ~ 2020 年山东省空气质量时空分布特征及影响因素分析 周梦鸽, 杨依, 孙媛, 张凤英, 李永华 (2937)

河南省臭氧污染趋势特征及敏感性变化 晏洋洋, 尹沙沙, 何秦, 秦凯, 张瑞芹 (2947)

热带气旋对珠三角秋季臭氧污染的影响 赵伟, 吕梦瑶, 卢清, 高博, 梁小明, 刘明, 孙家仁, 陈来国, 范绍佳 (2957)

武汉市夏季大气挥发性有机物实时组成及来源 苏维峰, 孔少飞, 郑煌, 陈楠, 祝波, 全继宏, 祁士华 (2966)

运城市区夏季大气挥发性有机物污染特征及来源解析 温肖宇, 赵文婷, 罗淑贞, 张强, 王姝涛, 马俊杰, 刘新罡 (2979)

我国地表水新烟碱类杀虫剂对水生生物安全的威胁 范丹丹, 刘红玲, 杨柳燕 (2987)

长江中游典型饮用水水源中药物的时空分布及风险评价 武俊梅, 魏琳, 彭晶倩, 何鹏, 施鸿媛, 汤冬梅, 吴振斌 (2996)

内蒙古东北部地区地下-地表饮用水源多环芳烃污染特征与风险 张坤峰, 昌盛, 付青, 樊月婷, 王思璐, 孙兴滨, 王山军 (3005)

不同尺度土地利用方式对地表水环境质量的影响及驱动机制 宋静雯, 张学霞, 姜东旸, 赵丞豪, 李鹏飞 (3016)

高原湖泊周边浅层地下水: 氮素时空分布及驱动因素 李桂芳, 杨恒, 叶远行, 陈清飞, 崔景阳, 陈安强, 张丹 (3027)

青海湖沉积物重金属分布及其潜在生态风险分析 张雅然, 车霏霏, 付正辉, 许野, 李薇 (3037)

东江湖表层沉积物重金属污染特征与潜在生态风险评价 赵晓亮, 李响, 卢洪斌, 卢少勇, 王涛, 张森霖, 国晓春, 张静, 弥启欣, 刘晓贺, 宋书峰 (3048)

湖泊沉积物有机磷释放动力学特征及水质风险 刘哲哲, 倪兆奎, 刘思儒, 李晓秀, 王圣瑞 (3058)

长三角一体化示范区青浦区水体表层沉积物有机质分布特征、来源解析及污染评价 张智博, 段艳平, 涂耀仁, 罗鹏程, 高峻 (3066)

香溪河流域微塑料的分布特征及其迁移规律分析 陈圣盛, 李卫明, 张坤, 熊伟唯, 张续同, 刘子健 (3077)

城市水体微塑料垂向分布下附着细菌群落结构和功能响应 陈玉芳, 闫振华, 张燕, 赵海洲 (3088)

2015 ~ 2020 年洪泽湖浮游植物群落结构及其环境影响因子 屈宁, 邓建明, 张祯, 蔡永久, 龚志军, 李明 (3097)

嘉兴南湖不同湖区浮游植物群落结构特征与环境因子关系 王雅雯, 李迎鹤, 张博, 郭云艳, 陈俊伊, 韩松 (3106)

近 20 年来广东省农业面源污染负荷时空变化与来源分析 葛小君, 黄斌, 袁再健, 王栋栋, 王泉泉, 陈佳村, 谢真越 (3118)

长江上游平原丘陵区农业非点源污染输出特征和驱动机制 谭少军, 刘洋, 朱小婕, 刘荷, 邵景安, 邓华 (3128)

高分辨率数据驱动的流域非点源污染输出风险评估方法 顾晶晶, 冶涛涛, 董甲平, 蒋云钟, 曹引, 赵红莉 (3140)

不同面源强度影响下城市河流溶解性有机质光谱特征变化 陈旭东, 高良敏 (3149)

生态沟渠-生物滞留池组合控制农村径流污染 石雷, 杨小丽, 吴青宇, 王亦铭, 徐佳莹 (3160)

不同水力扰动强度对老化 PSMPs 在泥水两相间迁移的影响 吴香香, 艾萍, 李大鹏 (3168)

北京市中心城区屋面径流污染特征及来源分析 席玥, 郭婧, 陶蕾, 田颖, 陈吉吉, 吴悦, 徐苏士, 荆红卫, 刘保献 (3177)

不同植被绿色屋顶径流水质年际变化特征 章孙逊, 张守红, 葛德, 闫婧, 杨航, 王任重远, 魏良怡, 张成玉 (3187)

可见光促有机物诱导铁还原的多相类芬顿体系强化效能与机制 曹丝雨, 许路, 付权超, 金鑫, 石炬, 金鹏康 (3195)

4 种典型抗生素在反硝化体系中的去除特性 唐佳, 陈茜, 覃牧川, 唐溪, 唐崇俭 (3204)

农业废弃物基生物炭对水溶液中镉的吸附效果与机制 龚沛云, 孙丽娟, 宋科, 孙雅菲, 秦秦, 周斌, 薛永 (3211)

腐殖酸-重金属对 ANAMMOX 菌脱氮性能的影响及其动力学分析 李芸, 崔楠, 熊星星, 黄志远, 李泽兵, 王东亮, 李朝明, 许丹, 李军 (3221)

2000 ~ 2020 年西南地区植被 NDVI 对气候变化和人类活动响应特征 徐勇, 黄雯婷, 窦世卿, 郭振东, 李欣怡, 郑志威, 靖娟利 (3230)

黄河三角洲湿地不同植被类型下土壤营养元素空间分布及其生态化学计量学特征 孙德斌, 栗云召, 于君宝, 杨继松, 杜朝红, 孙丹丹, 凌越, 马元庆, 周迪, 王雪宏, 赵佳怡 (3241)

青藏高原东北部地区表层土壤中全氟化合物的分布特征及来源解析 温祥洁, 陈朝辉, 徐维新, 吴小娟, 郝云庆, 刘伟, 印红玲, 方淑红 (3253)

西南典型“退耕还林”区土地利用/覆被变化对土壤中硒及重金属含量的影响 刘永林, 刘属灵, 吴梅, 田兴鑫, 刘双燕 (3262)

贵州普定喀斯特关键带土壤重金属形态特征及风险评价 张倩, 韩贵琳 (3269)

南丹盆地东部山区土壤锆分布特征及其影响因素分析 董秋瑶, 赖书雅, 宋超, 温皓天, 严明疆, 杨振京 (3278)

神农架川金丝猴栖息地重金属污染特征及风险评价 严佳莉, 于紫玲, 余辉亮, 向明灯, 王传华 (3288)

石灰海泡石钝化后两种轮作模式对重度镉污染农田土壤的利用及修复 许璐, 周春海, 刘梅, 孔辉, 李元, 黄志红 (3299)

水稻磷盈亏对镉吸收转运的影响 谭文韬, 霍洋, 周航, 仇银燕, 曾鹏, 辜娇峰, 廖柏寒 (3308)

改良剂调控下水稻镉累积和土壤溶解性有机质光谱特征的响应 罗会龙, 陈娟, 张云慧, 袁贝, 杨宾, 张昊, 杜平 (3315)

土壤真菌群落对五台山亚高山草甸退化的响应 罗正明, 赫磊, 刘晋仙, 胡砚秋, 周妍英, 郑庆荣, 柴宝峰 (3328)

小麦与不同作物多样化轮作对土壤真菌群落的影响 靳海洋, 岳俊芹, 闫雅倩, 张德奇, 杨程, 张素瑜, 李向东, 邵运辉, 方保停, 王汉芳, 秦峰 (3338)

重庆农田土壤有机碳稳定性同位素空间分布特征 廖宇琴, 龙娟, 木志坚, 文首鑫, 李翠莲, 杨志敏, 赵秀兰 (3348)

长江三角洲 2018 年土壤 NO 排放特征 廖加强, 薛金, 王文锦, 朱永慧, 朱安生, 黄凌, 王杨君, 李莉 (3357)

基于多源数据的城市扩张中热环境演变及响应 梁建设, 白永平, 杨雪菡, 高祖桥, 李玲蔚, 张春悦, 王倩 (3365)

《环境科学》征订启事 (3004) 《环境科学》征稿简则 (3047) 信息 (3252, 3298, 3327)

土壤真菌群落对五台山亚高山草甸退化的响应

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

(1. 忻州师范学院地理系, 五台山文化生态研究院, 忻州 034003; 2. 山西大学黄土高原研究所, 黄土高原生态恢复山西省重点实验室, 太原 030006; 3. 山西省林业和草原工程总站, 太原 030006; 4. 忻州师范学院生物系, 忻州 034003)

摘要: 草地退化已经成为了一个世界性的生态问题. 尽管土壤微生物作为草地退化过程的主要参与者, 在维持生态系统功能和提高土壤生产力中扮演着关键角色, 但目前对草地退化引起的微生物群落变化及其与土壤性质和植物群落的关系知之甚少. 本文利用 Illumina MiSeq 测序技术, 对五台山亚高山草甸 4 个不同退化阶段[未退化(ND)、轻度退化(LD)、中度退化(MD)和重度退化(HD)]土壤真菌群落特征进行了分析. 结果表明, 子囊菌门、担子菌门和接合菌门是亚高山草甸土壤真菌的优势门. LEfSe 分析显示不同退化程度草甸富集了不同的生物标志物, MD 和 HD 富集了更多的病原真菌. 与 ND 相比, HD 土壤真菌群落丰富度和香农指数显著降低($P < 0.05$). 非度量多维尺度分析(NMDS)和相似性分析(ANOSIM)结果表明, 真菌群落组成和结构在退化梯度上存在显著的差异($P < 0.05$). 冗余分析(RDA)发现土壤含水量、总氮、植物丰富度和铵态氮是真菌群落组成和结构变化的主要驱动因子. 植物与真菌群落之间的 α 多样性和 β 多样性均存在显著相关性($P < 0.05$), 具有强耦合性. 本研究结果为研究亚高山草甸不同退化阶段下土壤真菌群落变化及其驱动机制提供了理论基础.

关键词: 真菌群落; 亚高山草甸退化; 微生物多样性; 高通量测序; 五台山

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)06-3328-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202109174

Responses of Soil Fungal Communities to Subalpine Meadow Degradation in Mount Wutai

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

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

Abstract: Grassland degradation has become a worldwide ecological problem. Although soil microorganisms, as the main participants in the process of grassland degradation, play a key role in maintaining ecosystem function and improving soil productivity, little is known about the changes in microbial communities caused by grassland degradation and their relationship with soil properties and plant communities. In this study, we used Illumina MiSeq sequencing to analyze the soil fungal communities of subalpine meadow soil at four different degradation stages [i. e., non-degraded (ND), lightly degraded (LD), moderately degraded (MD), and heavily degraded (HD)] on Mount Wutai. The results showed that Ascomycota, Basidiomycota, and Zygomycota were the dominant phyla of soil fungi in the subalpine meadow, regardless of degradation stage. LEfSe showed that the subalpine meadows with different degradation degrees were enriched with different biomarkers. Compared with ND, MD and HD were enriched with more pathogenic fungi. Moreover, HD apparently decreased the richness and Shannon indexes of soil fungal communities compared with those of ND. Non-metric multidimensional scaling (NMDS) and similarity analysis (ANOSIM) indicated that the compositions and structures of fungal communities were significantly different among meadows with different degradation degrees ($P < 0.05$). Redundancy analysis (RDA) showed that soil water content, total nitrogen, plant richness, and ammonium nitrogen were significantly correlated with the compositions and structures of fungal communities ($P < 0.05$). There were significant correlations between α diversity and β diversity between plant and fungal communities ($P < 0.05$), indicating strong coupling. The results of our study provide a theoretical basis for further research on the changes in soil fungal communities and their driving mechanism in different degradation stages of subalpine meadows.

Key words: fungal community; subalpine meadow degradation; microbial diversity; high-throughput sequencing; Mount Wutai

亚高山草甸作为一种重要的草地生态系统类型,是我国重要的畜牧业生产基地,也是重要的绿色生态屏障,在减少沙尘暴、涵养水源、防风固沙和调节气候等方面发挥着重要作用^[1]. 亚高山草甸在黄土高原高海拔山区广泛分布,仅山西省亚高山草甸分布面积达到 35.3 万 hm^2 , 主要分布在太岳山、吕梁山、五台山和中条山等山系林线以上的高海拔地带. 亚高山草甸地处高寒地带,对气候变化响应极为敏感,是监测气候变化的理想实验场所和研究生物多样性保护的热点地区^[1,2]. 近年来,在气候变化和人为干扰等多重因素的影响下,山西境内部分

亚高山草甸发生了不同程度的退化,生物多样性下降,生产力降低,导致生态系统功能衰退和恢复能力减弱^[3].

有研究证实草地退化会改变土壤肥力、植物种群组成、植物多样性、地上和地下生产力^[4~6]. 生态学家一直以来较多关注于草地生态系统退化过程

收稿日期: 2021-09-20; 修订日期: 2021-11-04

基金项目: 国家自然科学基金项目(31801962); 山西省应用基础研究计划项目(201901D211457, 201901D211129); 山西省高等学校科技创新项目(2021L465)

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

* 通信作者, E-mail: bfcchai@sxu.edu.cn

中植物群落的演替动态,植物群落组成的变化规律往往被用作草地退化的指标^[7]. 与植物相似,微生物也受到养分资源、非生物环境条件、生物相互作用和历史偶然性的制约^[8]. 然而,植物和微生物之间的生物学差异可能导致对退化草地的响应机制不同. 植物凋落物沉积和根系分泌物对微生物群落产生重要影响,这表明植被可能是草地退化过程中微生物群落周转的重要驱动因素^[6]. 土壤微生物群落作为土壤生物地球化学循环的核心,参与生态系统过程的调控,其组成和多样性对外界的干扰非常敏感^[9]. 土壤基质有效性^[10]、酶活性^[11]、植物属性^[4]和环境异质性^[12]是影响土壤微生物群落的重要因素. 因此,草地退化过程中土壤养分有效性、植物组成和生物量的明显变化必然会改变土壤微生物群落的组成和多样性. 特别是真菌作为土壤微生物的重要组成部分,与植物关系非常密切,在陆地生态系统中扮演着植物分解者、病原体和共生体等重要角色^[13]. 然而,亚高山草甸退化过程中土壤真菌群落特征如何变化以及与植被和土壤环境的关系尚不清楚.

研究区五台山(38°27' ~ 39°15' N, 112°48' ~ 113°55' E)位于山西省忻州市东北,具有相对完整的高山和亚高山草甸生态系统. 五台山亚高山草甸是华北最大的高山夏季牧场之一^[14],面积106 993 hm². 近年来,由于过度放牧、旅游活动和自然气候的影响,加之亚高山草甸植物生长期短、凋萎期长,五台山亚高山草甸面临严重的退化问题^[14]. 虽然放牧和气候变化对五台山亚高山草甸生态系统影响的研究已展开,但多是针对地上植被部分和地下土壤肥力的研究^[3,15],而对该区域土壤真菌等微生物如何响应亚高山草甸退化的研究才刚刚起步. 本研究采用空间-时间替代法,选择不同退化程度的亚高山草甸[包括未退化(nondegraded, ND)、轻度退化(lightly degraded, LD)、中度退化(moderately degraded, MD)和重度退化(heavily degraded, HD)草甸]土壤真菌群落为研究对象,运用 Illumina MiSeq 高通量测序技术,旨在探讨:①草甸退化梯度,土壤真菌群落组成变化和多样性分布格局;②亚高山草甸退化条件下土壤真菌群落随土壤和植物特性如何变化. 本研究不仅有助理解土壤真菌对亚高山草甸退化的响应机制,也为亚高山草甸保护和生态修复提供了重要的理论依据和数据支撑.

1 材料与方法

1.1 样地设置与样品采集

基于植被盖度、物种优势度、地上生物量和可

食植物比例的指标^[16],划分了4种不同退化程度的亚高山草甸,包括未退化(ND)、轻度退化(LD)、中度退化(MD)和重度退化(HD)草甸(表1). 每个退化草地样地面积为100 m × 100 m,样地之间的最大距离不超过500 m. 土壤类型均为亚高寒草甸土. 未退化草地的原生植被以高山嵩草(*Kobresia pygmaea*)为优势种,同时伴生有直梗高山唐松草(*Thalictrum alpinum*)和珠芽蓼(*Polygonum viviparum*). 在退化过程中,优势植被逐渐被鹅绒委陵菜(*Plantago depressa*)和平车前(*Plantago depressa*)所取代.

表1 亚高山草甸不同程度退化指标及分类标准

Table 1 Indicators and classification standards for different degrees of subalpine meadow degradation

退化程度	植被盖度 /%	地上生物量 /%	可食植物比例 /%	可食植物高度 /cm
ND	90 ~ 100	90 ~ 100	> 70	> 25
LD	70 ~ 90	70 ~ 90	50 ~ 70	20 ~ 24
MD	50 ~ 70	50 ~ 70	30 ~ 50	12 ~ 19
HD	30 ~ 50	30 ~ 50	15 ~ 30	3 ~ 11

2018年8月,采用了随机抽样的方法,确保在不同退化程度草甸样地进行有代表性的抽样. 在每种不同退化程度草甸斑块中随机选取5个1 m × 1 m的样方,样方之间距离大于50 m,共选取20个小样方进行采样. 在每个样方内,利用对角线多点(共5点)混合取样的方法对0 ~ 10 cm表层土壤进行采样,混为一个样品. 将土壤样品通过2 mm的筛网去除大部分根系、动物和石头. 然后将样品分为两部分,一部分样品保存于-80℃冰箱进行分子生物学分析,另一部分样品风干进行理化分析.

1.2 土壤理化性质测定

烘干法测定土壤含水量(SWC);便携式土壤参数检测仪(HA-TR-III,中国)测定土壤电导率(EC)和土壤温度(ST);土壤pH值用电位法(HANNA,意大利)测定(土水比为1:2.5);总碳(TC)和总氮(TN)通过元素分析仪(Elementar Vario MACRO,德国)测定;采用K₂Cr₂O₇氧化法测定土壤有机碳(SOC);铵态氮(NH₄⁺-N)、硝态氮(NO₃⁻-N)、亚硝态氮(NO₂⁻-N)采用间断元素分析仪(CleverChem 380,德国)测定. 用钼蓝法测定土壤有效磷(AP),用火焰光谱法测定土壤有效钾(AK),按Lampurlanés的方法测定土壤容重^[17].

1.3 DNA提取、高通量测序及生物信息学分析

称取0.5 g土壤样品,使用E. Z. N. A.®土壤DNA试剂盒(Omega Bio-tek, USA)按照试剂盒使用说明步骤提取和纯化土壤微生物DNA,送往上海美吉生物医药科技有限公司进行高通量测序. 采用

ITS1F 和 ITS2R 引物对真菌核糖体的 ITS1 高可变区进行 PCR 扩增,并通过 Illumina MiSeq 测序平台对真菌扩增产物进行测序。

原始序列经过质控后,剔除嵌合序列,剩下的序列使用 UPARSE 以 97% 的相似性作为阈值划分分类操作单元 (operational taxonomic units, OTUs)。真菌序列与 UNITE 真菌 ITS 数据库进行比对 (以 97% 的相似度对序列进行 OTU 聚类),设置比对阈值为 70%。去除在所有样品中丰度小于 0.001% 的 OTU。所获得的序列按最小样本序列数抽平,用于下游分析。真菌 ITS rRNA 基因的原始测序序列 (PRJNA695803) 保存在 NCBI 数据库中。

1.4 数据分析

基于 R studio vegan 包,计算真菌和植物的 α 多样性和 β 多样性,采用非度量多维尺度分析 (non-metric multidimensional scaling, NMDS) 和相似性分析 (analysis of similarity, ANOSIM) 对组间土壤真菌群落结构进行比较。基于线性判别分析 (linear discriminant analysis, LDA) 和 LEfSe 分析 (linear discriminant analysis effect size) 来估算土壤真菌群落门、纲、目、科和属分类学水平的物种丰度对差异效果影响的大小 ($P < 0.05$ 和 LDA 评分 > 3.5),识别潜在的生物标记物 (biomarker)^[18]。采用冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 评价真菌群落结构与环境变量之间的相关性。在 RDA 之前,使用逐步回归和蒙特卡罗置换测试对所有环境变量进行前选

择,选择具有统计学意义 ($P < 0.05$) 的环境变量进行下一步分析。采用方差分解分析 (variance partitioning analysis, VPA) 土壤理化性质和植物变量对真菌群落结构变化的影响 (CANOCO 5.0)。利用 IBM SPSS statistics 20 进行皮尔逊相关性分析以及采用单因素方差分析和 Duncan 多重比较分析进行显著性差异分析。

2 结果与分析

2.1 亚高山草甸退化过程中土壤理化性质和植物群落特征变化

不同退化程度亚高山草甸土壤性质和植物变量如表 2 所示。铵态氮 ($\text{NH}_4^+ \text{-N}$)、pH 值和土壤容重随退化程度增加而增加,而总碳 (TC)、土壤含水量 (SWC)、土壤有机质 (SOM)、植物盖度、植物高度和地上生物量 (AGB) 随着退化程度增加而减少。与 ND 草甸相比,MD 和 HD 草甸的 SWC、TC 和总氮 (TN) 含量均显著降低 ($P < 0.05$),而 LD 和 ND 草甸的 TC 和 TN 含量差异不显著 ($P > 0.05$)。植物盖度、高度和 AGB 均随退化程度的增加而显著降低 ($P < 0.05$)。LD、MD 和 HD 草甸的 SWC 显著低于 ND 草地 ($P < 0.05$)。不同退化程度草甸间的电导率 (EC)、亚硝态氮 ($\text{NO}_2^- \text{-N}$) 和速效磷 (AP) 差异不显著 ($P > 0.05$)。随着退化程度增加,LD 和 MD 草甸的植物多样性 (物种丰富度和 Shannon 指数) 显著增加 ($P < 0.05$),而 HD 草甸的植物多样性显著减少 ($P < 0.05$)。

表 2 亚高山草地退化过程土壤理化性质和植物群落特征¹⁾

Table 2 Plant and soil physicochemical properties along the subalpine meadow degradation gradient

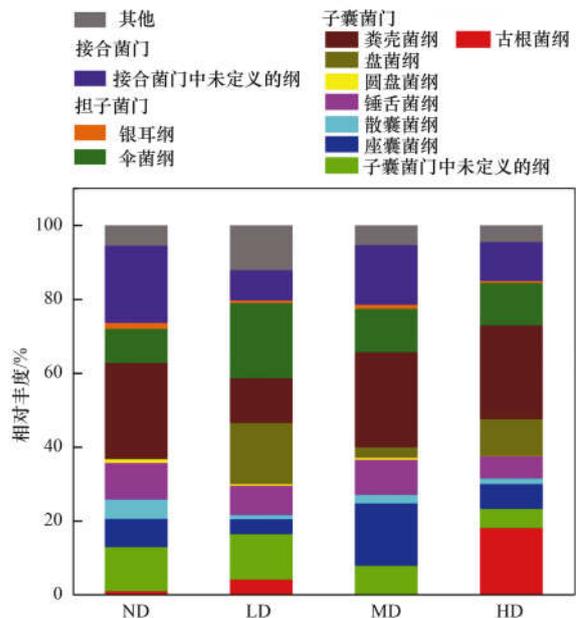
参数	ND	LD	MD	HD
土壤含水量/%	39.17 ± 0.76a	31.46 ± 0.90b	21.59 ± 0.91c	20.79 ± 2.49c
容重/ $\text{g} \cdot \text{cm}^{-3}$	1.08 ± 0.03d	1.15 ± 0.06c	1.22 ± 0.06b	1.35 ± 0.07a
电导率/ $\mu\text{S} \cdot \text{cm}^{-1}$	95.0 ± 3.21a	127.8 ± 6.77a	120.0 ± 16.23a	104.0 ± 20.46a
土壤 pH	6.87 ± 0.12c	7.12 ± 0.12b	7.32 ± 0.04ab	7.46 ± 0.03a
总氮/%	0.46 ± 0.02a	0.56 ± 0.01a	0.31 ± 0.06b	0.30 ± 0.03b
总碳/%	6.69 ± 0.24a	5.72 ± 0.33a	3.58 ± 0.58b	3.08 ± 0.28b
有机质/ $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	155.96 ± 10.04a	114.20 ± 2.48b	81.38 ± 14.94c	43.67 ± 8.19d
硝态氮/ $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	34.22 ± 4.38b	21.63 ± 1.79b	77.68 ± 19.03a	52.46 ± 12.74ab
亚硝态氮/ $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	14.76 ± 1.66a	12.63 ± 1.79a	10.92 ± 2.09a	10.48 ± 1.31a
铵态氮/ $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	2.06 ± 0.19c	2.80 ± 0.17b	2.85 ± 0.13b	3.55 ± 0.19a
速效磷/ $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	13.16 ± 0.69a	9.80 ± 0.90 a	11.28 ± 1.45a	11.32 ± 1.92a
速效钾/ $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	326.60 ± 75.99a	158.60 ± 11.59b	267.00 ± 16.15ab	328.84 ± 31.54a
植物盖度/%	98.80 ± 0.49a	87.20 ± 1.00b	65.00 ± 2.24c	47.00 ± 2.00d
植物高度/cm	36.40 ± 1.33a	21.60 ± 1.47b	13.20 ± 0.73c	5.20 ± 0.73d
地上生物量/ $\text{g} \cdot \text{m}^{-2}$	389.63 ± 23.16a	275.49 ± 16.54b	142.30 ± 6.74c	80.12 ± 3.95d
植物丰富度指数	18.60 ± 1.60b	22.40 ± 0.81a	21.80 ± 0.58a	12.80 ± 0.37c
植物香农指数	1.72 ± 0.06b	1.97 ± 0.06a	1.99 ± 0.04a	1.59 ± 0.06b
植被优势物种	<i>Kobresia pygmaea</i> 、 <i>Thalictrum alpinum</i> 和 <i>Polygonum viviparum</i>	<i>Polygonum viviparum</i> 、 <i>Deschampsia caespitosa</i> 和 <i>Kobresia pygmaea</i>	<i>Plantago depressa</i> 、 <i>Puccinellia distans</i> 和 <i>Taraxacum platyepidum</i>	<i>Potentilla anserina</i> 、 <i>Taraxacum platyepidum</i> 和 <i>Plantago depressa</i>

1) 数据为平均值 ± 标准误,同一行中不同的小写字母表示两组数据之间具有 $P < 0.05$ 水平上的差异; *Kobresia pygmaea*:高山嵩草; *Thalictrum alpinum*:高山唐松草; *Polygonum viviparum*:珠芽蓼; *Deschampsia caespitosa*:发草; *Plantago depressa*:平车前; *Puccinellia distans*:碱茅; *Taraxacum platyepidum*:白缘蒲公英; *Potentilla anserina*:鹅绒委陵菜

2.2 亚高山草甸退化过程中土壤真菌群落组成和多样性的变化

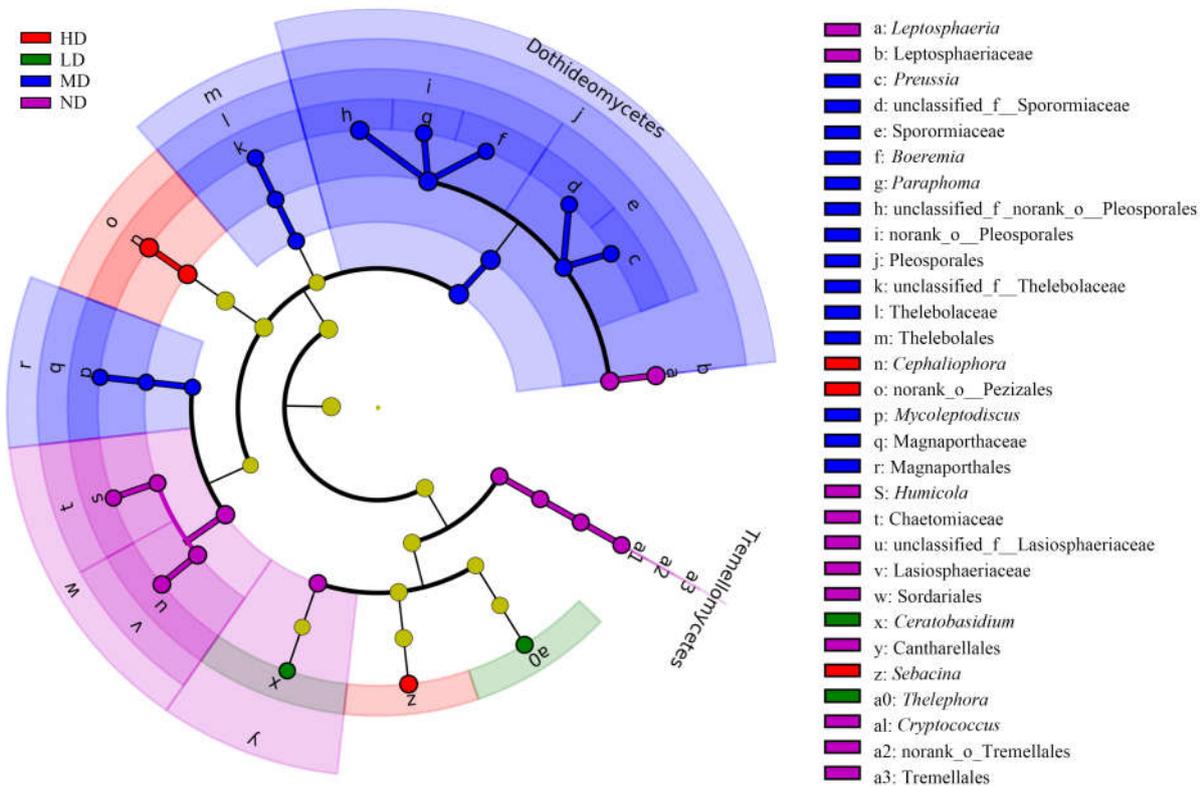
通过高通量测序,在 20 个样本中共检测到 1 375 613 条高质量的真菌序列.按最小样本序列数 31 639 抽平,共鉴定出 3 111 个 OTU (>97% 序列相似性水平).20 个样地中共鉴定出子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、接合菌门(Zygomycota)、壶菌门(Chytridimycota)、球囊菌门(Glomeromycota)、芽枝霉门(Blastocladiomycota)和罗兹菌门(Rozellomycota)这 7 个真菌门,包括 31 个纲、100 个目、218 个科、458 个属和 1 786 个种.其中子囊菌门、担子菌门和接合菌门(相对丰度为 >1%)被定义为优势门(图 1).担子菌门中包括了伞菌纲(Agaricomycetes)和银耳纲(Tremellomycetes),子囊菌门包括了粪壳菌纲(Sordariomycetes)、盘菌纲(Pezizomycetes)、圆盘菌纲(Orbiliomycetes)、锤舌菌纲(Leotiomyces)、散囊菌纲(Eurotiomycetes)、座囊菌纲(Dothideomycetes)和古根菌纲(Archaeorhizomycetes).在草地退化过程中,土壤真菌优势门和纲的相对丰度发生了变化(图 1).

LEfSe 分析显示(图 2),32 个真菌分类群在统



优势真菌门:平均相对丰度 >1%
图 1 不同退化程度草甸土壤优势真菌门和纲的相对丰度
Fig. 1 Relative abundance of the dominant soil fungal phyla and class in meadows with different degradation degrees

计学上有显著差异(LDA > 3.5, P < 0.05).ND 草甸中富集了 12 个真菌分类群,即在纲水平的菌群为银耳纲(Tremellomycetes);在目水平上有银耳目



从内到外的圆环表示从门、纲、目、科和属的系统发育水平;圆环上的节点表示分类学层次上的一个分类单元,每个圆的直径与丰度成正比,黄色表示丰度没有显著变化;不同退化程度草甸中相对丰度显著较高的分类单元(生物标志物)在进化分枝图中进行了颜色编码(紫色表示 ND,绿色表示 LD,蓝色表示 MD,红色表示 HD)

图 2 不同退化程度草甸土壤真菌群落组成差异的 LEfSe 分析结果

Fig. 2 LEfSe analysis showing soil fungal community differences in meadows with different degradation degrees

(Tremellales)、鸡油菌目(Cantharellales)和粪壳菌目(Sordariales);在科水平上有蛹孢假壳科(Leptosphaeriaceae)、银耳目未定义的科(norank_o_Tremellales)、毛球壳科(Lasiosphaeriaceae)和中国毛壳菌科(Chaetomiaceae);在属水平上有小球腔菌属(*Leptosphaeria*)、隐球菌属(*Cryptococcus*)、腐质霉属(*Humicola*)和毛球壳科未定义的属(unclassified_f_Lasiosphaeriaceae). LD草甸中富集了角菌根菌属(*Ceratobasidium*)和革菌属(*Thelephora*). MD草甸中检测到15个显著差异的真菌分类群(1个纲、3个目、4个科和7个属),即座囊菌纲(Dothideomycetes)、格孢腔菌目(Pleosporales)、寡囊盘菌目(Thelebolales)、巨座壳目(Magnaporthales)、荚孢腔菌科(Sporormiaceae)、格孢腔菌目未定义的科(norank_o_Pleosporales)、寡囊盘菌科(Thelebolaceae)、巨座壳科(Magnaporthaceae)、光黑壳属(*Preussia*)、荚孢腔菌科未定义的属(unclassified_f_Sporormiaceae)、*Boeremia*属、异茎点霉属(*Paraphoma*)、格孢腔菌目未定义的属(unclassified_f_norank_o_Pleosporales)、寡囊盘菌科未定义的属(unclassified_f_Thelebolaceae)和*Mycoleptodiscus*属. HD草甸富集了3个真菌分类群,分别为盘菌目未定义的科(norank_o_Pezizales)、头梗霉属(*Cephalophora*)和蜡壳菌属(*Sebacina*). 结果表明,亚高山草甸退化过程中土壤真菌群落组成和相对丰度发生了显著变化.

土壤真菌群落的丰富度指数和香农指数总体来说随着亚高山草甸退化程度增加而减少(图3). 与ND草甸相比,HD草甸土壤真菌群落丰富度和香农指数显著降低($P < 0.05$,图3). LD和MD草甸土壤真菌丰富度指数均低于ND草甸,但它们之间没有统计学上的差异[$P > 0.05$,图3(a)]. 与ND草甸相比,LD草甸土壤真菌香农指数显著降低($P < 0.05$),而MD草甸中没有显著的变化[$P > 0.05$,图3(b)].

从图4可知,4种不同退化程度草甸样本基本分离成3个部分,其中MD和HD草甸的样本聚集

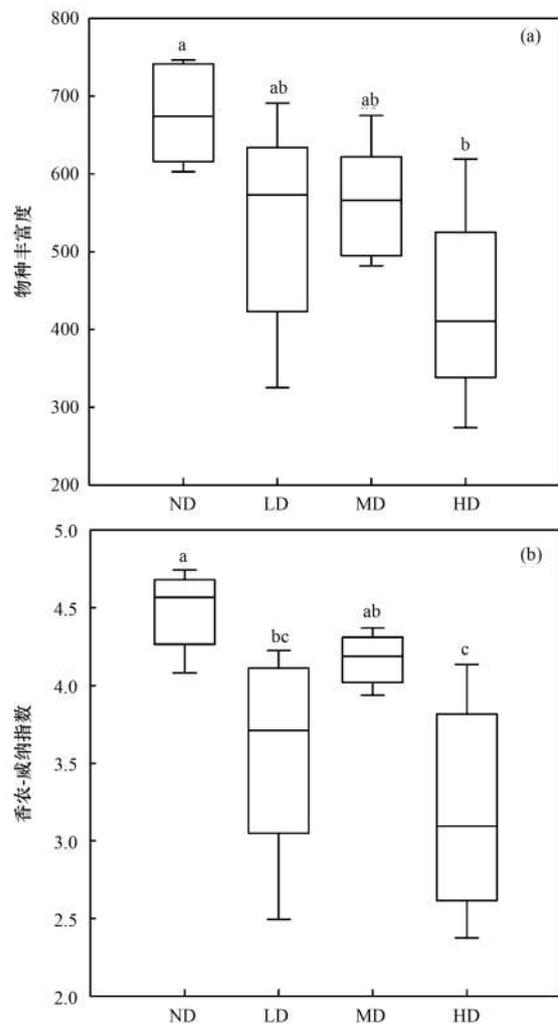
表3 不同退化程度草甸间真菌群落的ANOSIM分析结果

Table 3 ANOSIM statistic of fungal communities among different degraded meadows

组间对比	ND + LD	ND + MD	ND + HD	LD + MD	LD + HD	MD + HD	ND + LD + MD + HD
<i>r</i>	0.564	0.848	0.404	0.732	0.556	0.084	0.445
<i>P</i>	0.011	0.010	0.012	0.008	0.009	0.215	0.001

2.3 环境变量对土壤真菌群落结构的影响

采用RDA确定了亚高山草甸退化土壤真菌群落变化的关键环境驱动因子(图5). 轴1和轴2分别解释变异量15.55%和10.78%,总共解释了真菌



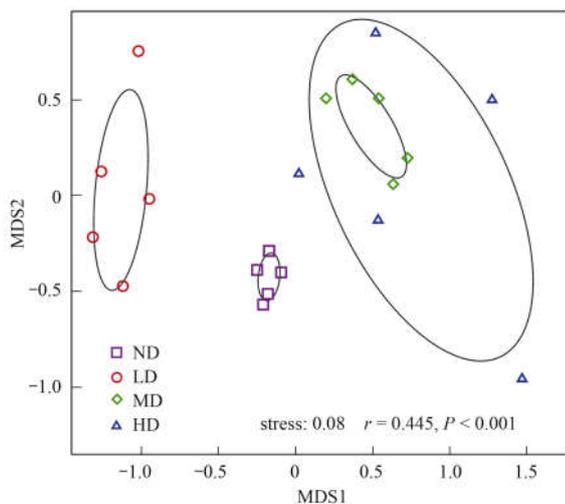
没有相同标记字母表示组间差异显著($P < 0.05$); 有任何相同标记字母表示组间差异不显著($P > 0.05$)

图3 不同退化程度草甸土壤真菌群落 α 多样性

Fig. 3 The α diversity indices of soil fungal communities in meadows with different degradation degrees

在一起. 利用ANOSIM进一步对不同退化程度草甸土壤真菌群落的结构差异性进行了分析(图4). 结果显示真菌群落组成和结构在退化的过程中发生了显著的变化($r = 0.421$, $P < 0.001$,图4和表3). 两两对比的ANOSIM分析显示,除了MD和HD草甸($P > 0.05$)之外,其他任意两组不同退化水平草甸间的群落组成均有显著分离($P < 0.05$)(表3).

群落变化量的26.33%. 土壤含水量、总氮、植物丰富度和铵态氮显著影响了土壤真菌群落结构变化($P < 0.05$),是最重要的环境驱动因子. VPA结果显示,所选环境变量解释了47.3%的真菌群落组成



$r = 0.445$, $P < 0.001$ 为不同退化程度草甸之间群落相似性的 ANOSIM 检验结果; stress 值表示 NMDS 的整体降维效果, 一般要求该值 < 0.1

图 4 基于 Bray-Curtis 距离的不同退化程度草甸土壤真菌群落非度量多维尺度分析 (NMDS)

Fig. 4 Non-metric multidimensional scaling (NMDS) of soil-fungal communities in meadows with different degradation degrees based on Bray-Curtis distance

变化(图 6)。其中, 土壤化学性质单独解释真菌群落变异的比率为 24.2%, 植物变量和土壤物理性质单独解释了 13.8% 和 1.0%。

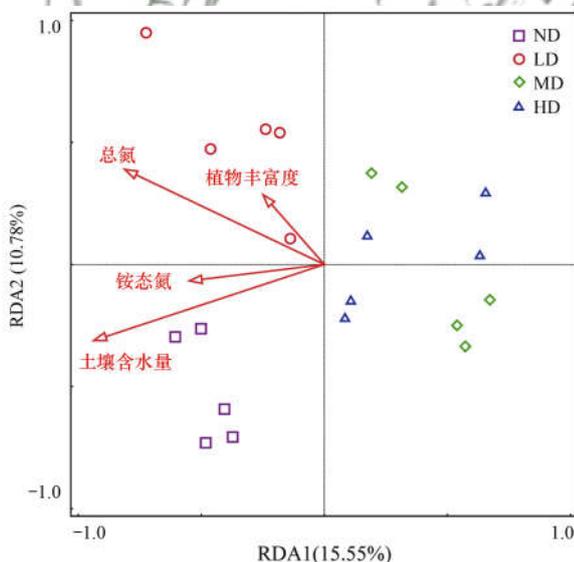


图 5 土壤真菌群落结构与环境因子的 RDA 分析

Fig. 5 RDA of soil fungal community structure with environmental factors

为了进一步了解植被参数对土壤真菌群落的影响, 分析了土壤真菌群落与植物多样性之间的相关关系。结果表明, 土壤真菌和植物的丰富度指数显著相关 ($P < 0.05$, 图 7), 它们之间的 β 多样性也有显著的相关关系 ($r = 0.345$, $P < 0.001$, 图 8)。这些结果进一步表明在五台山亚高山草甸退化过程中植物群落的变化对土壤真菌群落具有重要影响。

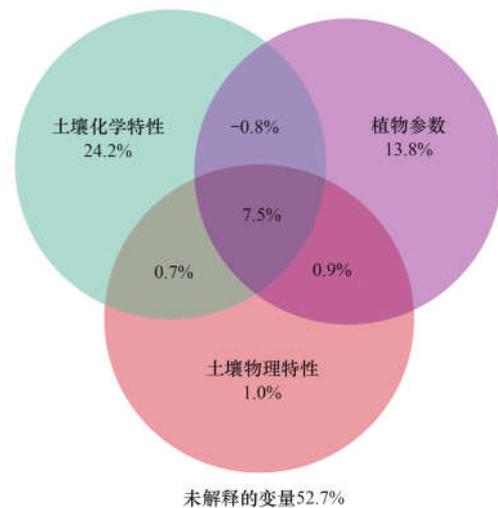


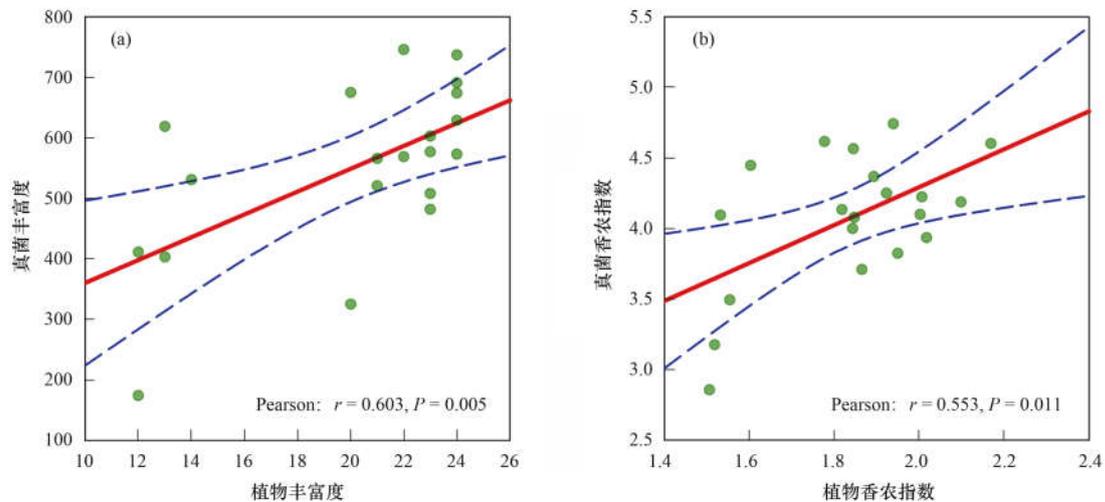
图 6 土壤化学特性、物理特性和植物群落参数对真菌群落结构影响的 VPA 分析

Fig. 6 VPA of the effects of soil chemical properties, physical properties and plant community parameters on fungal community structure

3 讨论

3.1 土壤真菌群落物种组成对亚高山草甸退化的响应

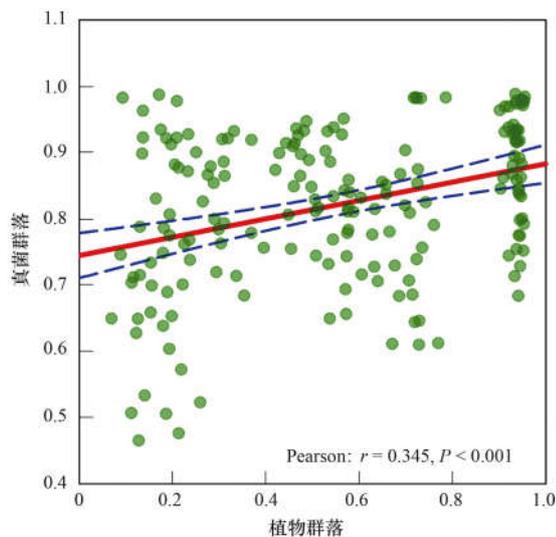
亚高山草甸退化过程中土壤真菌群落从门到属, 在低分类水平和高分类水平上物种组成均有明显变化, 这表明整个真菌群落发生了重要的分类学变化, 并支持了这样一种理论, 即在广泛的系统发育群中至少存在某种程度的生态一致性^[19,20]。子囊菌门、担子菌门和接合菌门是较为丰富的真菌门(图 1), 这与在西藏草原和黄土高原草地的研究一致^[18,21]。如果真菌对底物利用过程的偏好不同, 草地退化引起的生物地球化学性质的影响将导致特定物种发生显著变化^[22,23]。在未退化草甸中主要富集了粪壳菌目、鸡油菌目和银耳目等腐生真菌群, 它们在有机物降解中发挥重要作用, 能将动植物残体中的有机物分解成无机物归还无机环境, 促进养分循环。有研究证实粪壳菌目、鸡油菌目和银耳目菌群的相对丰度往往随着凋落物的增加而增加^[24,25], 本研究中未退化草甸中存在大量的植物凋落物, 这可能是这些菌群在未退化草甸中富集的原因。轻度退化草甸中富集了角菌根菌属和革菌属菌群, 它们均为外生菌根真菌, 在促进土壤中有有机物质的分解及植物对有机、无机元素吸收, 提高植物抗病和抗逆性等方面具有重要意义^[26]。中度退化草甸中富集的格孢腔菌目菌群存在于多种盐生植物根部、根际, 多数菌株虽不嗜盐, 但具有较强的耐盐性和耐碱性, 能够在寡营养等恶劣的条件生存^[27], 多数成员



红色实线表示真菌和植物群落 α 多样性间的线性回归; 蓝色虚线间的区域表示拟合的 95% 置信区间

图 7 土壤真菌群落与植物群落 α 多样性之间的相关关系

Fig. 7 Relationship between plant and soil fungal α diversity



红色实线表示真菌和植物群落 β 多样性(基于 Bray-Curtis 距离)间的线性回归; 蓝色虚线间的区域表示拟合的 95% 置信区间

图 8 土壤真菌群落与植物群落 β 多样性之间的相关关系

Fig. 8 Relationship between plant and soil fungal β diversity

能引起植物病害。例如,格孢腔菌目中的异茎点霉属和光黑壳属真菌为常见植物病原真菌,使植物产生叶斑、茎枯、溃疡和腐烂等症状^[27]。巨座壳目则包含了引起稻瘟病的植物病原菌。重度退化草甸中富集的蜡壳菌属是一种内生真菌,能够促进宿主植物对矿物质的吸收和干物质的累积,抵御不利的外部环境^[28],在一定程度上可以缓解退化对草地生态系统的不利影响。另外,重度退化草甸富集的头梗霉属经常被发现为严重的植物病原体^[29]。这些结果表明,严重的草甸退化不仅降低了植物多样性和生物量,而且由于病原菌相对丰度的增加,还可能增加高寒植物-土壤生态系统的潜在健康风险。此外,放牧等活动对草皮层的破坏也可能促进病原菌的扩

散^[21]。如果没有适当的管理,亚高山草甸退化将可能促进植物病害的发生,并进一步加剧草甸的退化。

3.2 植物和土壤真菌群落多样性对亚高山草甸退化的响应

沿五台山亚高山草甸退化梯度,植被组成、植物物种丰富度、植物多样性和地上生物量变化显著,原生植物群落逐渐被以非禾本草本植物为主的次生植物群落所取代。植物群落的丰富度和多样性在轻度和中度退化阶段最高(表 2),呈驼峰变化的格局。这些结果与前人对退化高寒草地和草甸的研究结果相似^[6,16],与中度干扰假说一致。中度干扰增加了环境的异质性,导致植物物种的多样性增强。在本研究中,由于 LD 和 MD 草甸中原生植被的破坏改变了土壤特性,这可能为外来物种的入侵和生长提供了有利条件,最终增加了植物的多样性。

本研究表明土壤真菌 α 多样性随着亚高山草甸退化程度增加而减少(图 3),而本课题组之前的研究发现土壤细菌群落的丰富度和香农指数没有显著的变化^[30]。这表明不同类型微生物群落 α 多样性对亚高山草甸退化的响应模式不同,真菌群落 α 多样性比细菌群落对草甸退化更敏感。真菌对土壤养分限制的敏感性高于细菌^[31],这可能是导致这一观察结果的原因。有研究表明植物 α 多样性的改变对细菌 α 多样性没有显著影响^[30],而本研究中真菌群落 α 多样性与植物 α 多样性显著相关(图 7)。这可能与 Millard 等^[32]证实的真菌群落比细菌群落受植被的影响更大相一致。植物多样性和真菌多样性之间在草甸退化过程中具有交互关系,这与之前发现两者之间具有互利共生机制相一致^[33,34]。一方面,土壤真菌与许多具有营养循环能力的植物互惠

共生,退化过程中这些植物的丧失必然会影响真菌的多样性;另一方面,退化过程中土壤真菌多样性和组成的变化,也会影响有机质的降解,从而改变了植物对养分的吸收能力^[33]。草地植物多样性对土壤真菌多样性的显著影响具有重要的生态学意义。即使是草地植物的小个体,也可能通过提供不同质量的根环境、分泌物、根和叶凋落物而产生互补的地下生态位,从而可以支持各种生物营养真菌和腐生真菌有更大的多样性^[33]。此外,真菌与寄主植物的遗传相容性是真菌多样性效应的另一种潜在机制^[35]。

随着草甸退化程度增加,土壤真菌群落结构发生了显著的变化,说明真菌群落结构对亚高山草甸退化较为敏感。值得注意的是,在草甸退化过程中,除了土壤真菌群落 α 多样性对植物 α 多样性的变化响应一致以外,植物 β 多样性与真菌群落 β 多样性之间也存在显著相关性(图8)。这与 Prober 等^[36]的研究结果一致,即植物多样性可以预测土壤微生物的多样性。植物-微生物多样性的强耦合表明植物群落组成对五台山退化草甸土壤微生物群落有重要影响。这一发现证实了以前的结论,即植物和土壤微生物群落的成员可以相互作用^[36]。土壤微生物是影响植物凋落物分解的关键因素,而其群落组成在一定程度上又取决于植被的性质^[37]。

3.3 草甸退化过程中土壤真菌群落结构变化与环境变量的关系

土壤微生物作为地上植物群落和地下土壤生态系统的纽带,直接参与植物凋落物分解、养分循环和根系养分吸收等生态系统过程,对退化草甸中植物生长、竞争、生态系统功能和稳定性产生重要影响^[21]。草甸退化过程中,植物和土壤条件等环境变量发生了明显的变化,不可避免地影响着土壤微生物群落的组成和多样性。本研究中发现土壤含水量、总氮、植物丰富度和铵态氮是真菌群落组成和结构变化的主要驱动因子。孙飞达等^[38]的研究也发现退化高寒草地土壤微生物群落与含水量密切相关。水分是影响土壤微生物群落的重要因素^[39,40],对土壤微生物的生长、活动和生存存在着重要的影响。降低土壤水分有效性会导致土壤真菌碳利用效率降低,并最终改变土壤中真菌的生物量和结构^[41]。土壤总氮含量对真菌群落的效应某种程度上是直接的,也反映了在生态系统中对不同类型菌根真菌(具有不同的氮素和营养循环模式)的招募。此外,植被覆盖度和多样性可能会影响土壤真菌群落的多样性和结构,因为植物群落组成的差异会导致凋落物质量和数量的变化,从而改变土壤养分的

含量和循环过程^[42]。Wallenstein 等^[43]的研究还表明,植物通过在底物供应中发挥作用(如凋落物、根系周转和渗出物)以及通过改变活跃土壤层中的物理环境来调节微生物群落。草地退化过程中植物地上和地下生物量的减少,减少了凋落物和根系碳的输入,可能会影响微生物基质的有效性,降低微生物丰度,抑制土壤微生物活性^[44]。此外,植物群落组成的变化可以显著影响与植物密切相关的植物病原菌和植物共生微生物^[45]。总之,亚高山草甸退化引起的土壤养分状况和植物参数的变化可能会导致真菌群落结构和功能的变化,促使植物和真菌之间的协同进化。

4 结论

(1)五台山亚高山草甸退化过程中土壤真菌群落组成和多样性产生了显著变化。子囊菌门、担子菌门和接合菌门是亚高山草甸土壤真菌的优势门。LEfSe 分析显示不同退化程度草甸中存在不同的真菌差异物种,中度和重度退化草甸富集了更多的病原真菌。

(2)土壤真菌群落的 α 多样性(丰富度指数和香农指数)随着草地退化程度加剧而显著降低。地上植物群落与地下土壤真菌群落之间的 α 多样性和 β 多样性均存在显著相关性。

(3)NMDS 和 ANOSIM 分析结果表明,不同退化阶段的亚高山草甸土壤真菌群落结构存在显著差异。土壤含水量、总氮、植物丰富度和铵态氮是真菌群落结构变化的主要驱动因子。草甸退化过程中土壤理化性质和植物参数均对土壤真菌组成变化产生了重大影响,且土壤理化性质对真菌组成的影响大于植被参数的影响。

致谢:感谢山西省五台山国有林管理局和山西臭冷杉省级自然保护区管理局在采样过程的协助与大力支持。

参考文献:

- [1] 庞晓瑜,雷静品,王奥,等. 亚高山草甸植物群落对气候变化的响应[J]. 西北植物学报, 2016, 36(8): 1678-1686.
Pang X Y, Lei J P, Wang A, et al. Response of plant community in subalpine meadow to climate change [J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2016, 36(8): 1678-1686.
- [2] 马丽,徐满厚,周华坤,等. 山西亚高山草甸植被生物量的地理空间分布[J]. 生态学杂志, 2018, 37(8): 2244-2253.
Ma L, Xu M H, Zhou H K, et al. Geographical distribution of vegetation biomass of subalpine meadow in Shanxi Province [J]. Chinese Journal of Ecology, 2018, 37(8): 2244-2253.
- [3] 章异平,江源,刘全儒,等. 放牧压力下五台山高山、亚高山草甸的退化特征[J]. 资源科学, 2008, 30(10): 1555-1563.

- Zhang Y P, Jiang Y, Liu Q R, *et al.* Degradation features of alpine and subalpine meadows under grazing pressure in Mt. Wutai[J]. *Resources Science*, 2008, **30**(10): 1555-1563.
- [4] Wang X X, Dong S K, Yang B, *et al.* The effects of grassland degradation on plant diversity, primary productivity, and soil fertility in the alpine region of Asia's headwaters [J]. *Environmental Monitoring and Assessment*, 2014, **186** (10) : 6903-6917.
- [5] Xun W B, Yan R R, Ren Y, *et al.* Grazing-induced microbiome alterations drive soil organic carbon turnover and productivity in meadow steppe [J]. *Microbiome*, 2018, **6**, doi: 10.1186/s40168-018-0544-y.
- [6] 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.
- [7] Li X L, Perry G L W, Brierley G, *et al.* Quantitative assessment of degradation classifications for degraded alpine meadows (Heitutan), Sanjiangyuan, Western China [J]. *Land Degradation & Development*, 2014, **25**(5) : 417-427.
- [8] Zhou J Z, Ning D L. Stochastic community assembly: does it matter in microbial ecology? [J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2017, **81**(4), doi: 10.1128/MMBR.00002-17.
- [9] Cheng Z B, Chen Y, Zhang F H. Effect of reclamation of abandoned salinized farmland on soil bacterial communities in arid northwest China [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **630**: 799-808.
- [10] Pietri J C A, Brookes P C. Substrate inputs and pH as factors controlling microbial biomass, activity and community structure in an arable soil [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2009, **41**(7) : 1396-1405.
- [11] 尹亚丽, 王玉琴, 鲍根生, 等. 退化高寒草甸土壤微生物及酶活性特征 [J]. *应用生态学报*, 2017, **28** (12) : 3881-3890.
- Yin Y L, Wang Y Q, Bao G S, *et al.* Characteristics of soil microbes and enzyme activities in different degraded alpine meadows [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2017, **28** (12) : 3881-3890.
- [12] Logares R, Lindström E S, Langenheder S, *et al.* Biogeography of bacterial communities exposed to progressive long-term environmental change [J]. *The ISME Journal*, 2013, **7** (5) : 937-948.
- [13] Yang T, Adams J M, Shi Y, *et al.* Soil fungal diversity in natural grasslands of the Tibetan Plateau: associations with plant diversity and productivity [J]. *New Phytologist*, 2017, **215**: 756-765.
- [14] 江源, 章异平, 杨艳刚, 等. 放牧对五台山高山、亚高山草甸植被-土壤系统耦合的影响 [J]. *生态学报*, 2010, **30**(4) : 837-846.
- Jiang Y, Zhang Y P, Yang Y G, *et al.* Impacts of grazing on the system coupling between vegetation and soil in the alpine and subalpine meadows of Wutai Mountain [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, **30**(4) : 837-846.
- [15] 李雄飞, 刘奋武, 樊文华. 五台山土壤水稳性团聚体有机碳分布特征 [J]. *水土保持学报*, 2017, **31**(4) : 159-165, 197.
- Li X F, Liu F W, Fan W H. Distribution characteristics of organic carbon in soil water-stable aggregates of Wutai Mountain [J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2017, **31**(4) : 159-165, 197.
- [16] Wang C T, Long R J, Wang Q L, *et al.* Changes in plant diversity, biomass and soil C, in alpine meadows at different degradation stages in the headwater region of three rivers, China [J]. *Land Degradation & Development*, 2009, **20** (2) : 187-198.
- [17] Lampurlanés J, Cantero-Martínez C. Soil bulk density and penetration resistance under different tillage and crop management systems and their relationship with barley root growth [J]. *Agronomy Journal*, 2003, **95**(3) : 526-536.
- [18] Hu H, Chen X J, Hou F J, *et al.* Bacterial and fungal community structures in Loess Plateau grasslands with different grazing intensities [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, **8**, doi: 10.3389/fmicb.2017.00606.
- [19] Philippot L, Andersson S G E, Battin T J, *et al.* The ecological coherence of high bacterial taxonomic ranks [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2010, **8**(7) : 523-529.
- [20] Martiny J B H, Jones S E, Lennon J T, *et al.* Microbiomes in light of traits: a phylogenetic perspective [J]. *Science*, 2015, **350**(6261), doi: 10.1126/science.aac9323.
- [21] 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.
- [22] McGuire K L, Bent E, Borneman J, *et al.* Functional diversity in resource use by fungi [J]. *Ecology*, 2010, **91** (8) : 2324-2332.
- [23] 李海云, 姚拓, 高亚敏, 等. 退化高寒草地土壤真菌群落与土壤环境因子间相互关系 [J]. *微生物学报*, 2019, **59**(4) : 678-688.
- Li Y H, Yao T, Gao Y M, *et al.* Relationship between soil fungal community and soil environmental factors in degraded alpine grassland [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2019, **59**(4) : 678-688.
- [24] Chen W Q, Wang J Y, Meng Z X, *et al.* Fertility-related interplay between fungal guilds underlies plant richness-productivity relationships in natural grasslands [J]. *New Phytologist*, 2020, **226**(4) : 1129-1143.
- [25] Poll C, Brune T, Begerow D, *et al.* Small-scale diversity and succession of fungi in the detritosphere of rye residues [J]. *Microbial Ecology*, 2010, **59**(1) : 130-140.
- [26] 于占湖. 大型真菌多样性及在森林生态系统中的作用 [J]. *中国林副特产*, 2007, (3) : 81-85.
- Yu Z H. Diversity of large fungus and the role in forest ecosystem [J]. *Forest by-Product and Speciality in China*, 2007, (3) : 81-85.
- [27] Zhang Y, Schoch C L, Fournier J, *et al.* Multi-locus phylogeny of *Pleiosporales*: a taxonomic, ecological and evolutionary re-evaluation [J]. *Studies in Mycology*, 2009, **64**: 85-102.
- [28] Weiß M, Sykora Z, Garnica S, *et al.* Sebaciales everywhere: previously overlooked ubiquitous fungal endophytes [J]. *PLoS One*, 2011, **6**(2), doi: 10.1371/journal.pone.0016793.
- [29] Srivastava S, Kumar R, Gupta G N, *et al.* First report of *Cephalophora irregularis* associated with the deterioration of *Jatropha curcas* L. seeds [J]. *Journal of Mycopathological Research*, 2014, **52**(1) : 153-154.
- [30] Luo Z M, Liu J X, Jia T, *et al.* Soil bacterial community response and nitrogen cycling variations associated with subalpine meadow degradation on the Loess Plateau, China [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2020, **86**(9), doi: 10.1128/AEM.00180-20.
- [31] Lauber C L, Strickland M S, Bradford M A, *et al.* The influence of soil properties on the structure of bacterial and fungal

- communities across land-use types [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, **40**(9): 2407-2415.
- [32] Millard P, Singh B K. Does grassland vegetation drive soil microbial diversity? [J]. *Nutrient Cycling in Agroecosystems*, 2010, **88**(2): 147-158.
- [33] Yang Y, Dou Y X, Huang Y M, *et al.* Links between soil fungal diversity and plant and soil properties on the Loess Plateau [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, **8**, doi: 10.3389/fmicb.2017.02198.
- [34] 孙倩, 吴宏亮, 陈阜, 等. 不同轮作模式下作物根际土壤养分及真菌群落组成特征 [J]. *环境科学*, 2020, **41**(10): 4682-4689.
Sun Q, Wu H L, Chen F, *et al.* Characteristics of soil nutrients and fungal community composition in crop rhizosphere under different rotation patterns [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(10): 4682-4689.
- [35] Saikkonen K, Wäli P R, Helander M. Genetic compatibility determines endophyte-grass combinations [J]. *PLoS One*, 2010, **5**(6), doi: 10.1371/journal.pone.0011395.
- [36] Prober S M, Leff J W, Bates S T, *et al.* Plant diversity predicts beta but not alpha diversity of soil microbes across grasslands worldwide [J]. *Ecology Letters*, 2015, **18**(1): 85-95.
- [37] 林春英, 李希来, 张玉欣, 等. 黄河源区高寒沼泽湿地土壤微生物群落结构对不同退化的响应 [J]. *环境科学*, 2021, **42**(8): 3971-3984.
Lin C Y, Li X L, Zhang Y X, *et al.* Responses of different degradation stages of alpine wetland on soil microbial community in the Yellow River source zone [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(8): 3971-3984.
- [38] 孙飞达, 青焯, 朱灿, 等. 若尔盖高寒退化草地土壤水解酶活性和微生物群落数量特征分析 [J]. *干旱区资源与环境*, 2016, **30**(7): 119-125.
Sun F D, Qing Y, Zhu C, *et al.* Analysis of soil enzyme activities and microbial community characteristics in degraded alpine grassland, Zoige, southwest China [J]. *Journal of Arid Land Resources and Environment*, 2016, **30**(7): 119-125.
- [39] 金志薇, 钟文辉, 吴少松, 等. 植被退化对滇西北高寒草地土壤微生物群落的影响 [J]. *微生物学报*, 2018, **58**(12): 2174-2185.
Jin Z W, Zhong W H, Wu S S, *et al.* Effect of vegetation degradation on microbial communities in alpine grassland soils in Northwest Yunnan [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2018, **58**(12): 2174-2185.
- [40] 贾彤, 姚玉珊, 王瑞宏. 铜尾矿白羊草叶际和根际细菌群落特征 [J]. *环境科学*, 2020, **41**(12): 5628-5635.
Jia T, Yao Y S, Wang R H. Characteristics of phyllosphere and rhizosphere bacterial communities in *Bothriochloa ischaemum* in copper tailings [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(12): 5628-5635.
- [41] Fay P A, Blair J M, Smith M D, *et al.* Relative effects of precipitation variability and warming on grassland ecosystem function [J]. *Biogeosciences Discussions*, 2011, **8**(4): 6859-6900.
- [42] Miki T, Ushio M, Fukui S, *et al.* Functional diversity of microbial decomposers facilitates plant coexistence in a plant-microbe-soil-feedback model [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2010, **107**(32): 14251-14256.
- [43] Wallenstein M D, McMahon S, Schimel J. Bacterial and fungal community structure in Arctic tundra tussock and shrub soils [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2007, **59**(2): 428-435.
- [44] Fanin N, Bertrand I. Aboveground litter quality is a better predictor than belowground microbial communities when estimating carbon mineralization along a land-use gradient [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, **94**: 48-60.
- [45] Lamb E G, Kennedy N, Siciliano S D. Effects of plant species richness and evenness on soil microbial community diversity and function [J]. *Plant and Soil*, 2011, **338**(1-2): 483-495.

CONTENTS

Impacts of Changes in Meteorological Conditions During COVID-19 Lockdown on PM _{2.5} Concentrations over the Jing-Jin-Ji Region	QIU Yu-lu, CHEN Lei, ZHU Jia, <i>et al.</i> (2831)
Influence of COVID-19 Prevention and Control Measures on PM _{2.5} Concentration, Particle Size Distribution, Chemical Composition, and Source in Zhengzhou, China	HUANG Bing-yi, WANG Shen-bo, HE Bing, <i>et al.</i> (2840)
Concentration Variation and Source Analysis of Metal Elements in PM _{2.5} During COVID-19 Control in Suzhou	MIAO Qing, YANG Qian, WU Ye-zheng, <i>et al.</i> (2851)
Changes in Carbonaceous Aerosol in the Northern Suburbs of Nanjing from 2015 to 2019	XIE Tian, CAO Fang, ZHANG Yan-lin, <i>et al.</i> (2858)
Source Apportionment of PM _{2.5} Based on Hybrid Chemical Transport and Receptor Model in Chongqing	PENG Chao, LI Zhen-liang, CAO Yun-qing, <i>et al.</i> (2867)
Analysis on the Characteristics of Oxidation Potential and Influence Sources of PM _{2.5} in Baoding City in Winter	WU Ji-yan, YANG Chi, ZAHNG Chun-yan, <i>et al.</i> (2878)
Pollution Characteristics and Sources of Water-soluble Organic Nitrogen in PM _{2.5} in Jiangbei New Area, Nanjing	GUAN Lu, DING Cheng, ZHANG Yu-xiu, <i>et al.</i> (2888)
Organic Aerosols and Source Analysis of Fine Particles in the Background of Shiwanda Mountain, Guangxi	XING Jia-li, CAO Fang, WANG Qian, <i>et al.</i> (2895)
Comparison of Regional Transport and Transformation Models of Atmospheric Polycyclic Aromatic Hydrocarbons and Research on Key Influencing Factors: Take the Beijing-Tianjin-Hebei Region as Example	ZHANG Xin-lu, LIU Shi-jie, HAN Mei-li, <i>et al.</i> (2906)
Exploring Formation of Ozone in Typical Cities in Beijing-Tianjin-Hebei Region Using Process Analysis	TANG Ying-xiao, YAO Qing, CAI Zi-ying, <i>et al.</i> (2917)
Characteristics and Meteorological Factors of PM _{2.5} -O ₃ Compound Pollution in Tianjin	XIAO Zhi-mei, LI Yuan, KONG Jun, <i>et al.</i> (2928)
Spatio-temporal Characteristics of Air Quality and Influencing Factors in Shandong Province from 2016 to 2020	ZHOU Meng-ge, YANG Yi, SUN Yuan, <i>et al.</i> (2937)
Trend Changes in Ozone Pollution and Sensitivity Analysis of Ozone in Henan Province	YAN Yang-yang, YIN Sha-sha, HE Qin, <i>et al.</i> (2947)
Effects of Tropical Cyclones on Ozone Pollution in the Pearl River Delta in Autumn	ZHAO Wei, LÜ Meng-yao, LU Qing, <i>et al.</i> (2957)
Real-time Composition and Sources of VOCs in Summer in Wuhan	SU Wei-feng, KONG Shao-fei, ZHENG Huang, <i>et al.</i> (2966)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric Volatile Organic Compounds in Summer in Yuncheng City	WEN Xiao-yu, ZHAO Wen-ting, LUO Shu-zhen, <i>et al.</i> (2979)
Neonicotinoid Insecticides Threaten Surface Waters at the National Scale in China	FAN Dan-dan, LIU Hong-ling, YANG Liu-yan (2987)
Spatiotemporal Distribution and Risk Assessment of Pharmaceuticals in Typical Drinking Water Sources in the Middle Reaches of the Yangtze River	WU Jun-mei, WEI Lin, PENG Jing-qian, <i>et al.</i> (2996)
Pollution Characteristics and Risks of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Underground and Surface Drinking Water Sources in Northeast Inner Mongolia	ZHANG Kun-feng, CHANG Sheng, FU Qing, <i>et al.</i> (3005)
Impact of Land Use Types at Different Scales on Surface Water Environment Quality and Its Driving Mechanism	SONG Jing-wen, ZHANG Xue-xia, JIANG Dong-yang, <i>et al.</i> (3016)
Shallow Groundwater Around Plateau Lakes: Spatiotemporal Distribution of Nitrogen and Its Driving Factors	LI Gui-fang, YANG Heng, YE Yuan-hang, <i>et al.</i> (3027)
Distribution and Potential Ecological Risk Assessment of Heavy Metals in Sediments of Lake Qinghai	ZHANG Ya-ran, CHE Fei-fei, FU Zheng-hui, <i>et al.</i> (3037)
Analysis of Heavy Metal Pollution Characteristics and Potential Ecological Risks of Surface Sediments in Dongjiang Lake	ZHAO Xiao-liang, LI Xiang, LU Hong-bin, <i>et al.</i> (3048)
Kinetic Release Characteristics of Organic Phosphorus of Sediment-water and Water Quality Risks	LIU Zhe-zhe, NI Zhao-kui, LIU Si-ru, <i>et al.</i> (3058)
Distribution Characteristics, Source Analysis, and Pollution Evaluation of Organic Matter in Surface Sediments of Qingpu District, Yangtze River Delta Integration Demonstration Area	ZHANG Zhi-bo, DUAN Yan-ping, TU Yao-jen, <i>et al.</i> (3066)
Distribution Characteristics of Microplastics and Their Migration Patterns in Xiangxi River Basin	CHEN Sheng-sheng, LI Wei-ming, ZHANG Kun, <i>et al.</i> (3077)
Community Structure and Microbial Function Responses of Biofilms Colonizing on Microplastics with Vertical Distribution in Urban Water	CHEN Yu-fang, YAN Zhen-hua, ZHANG Yan, <i>et al.</i> (3088)
Community Structure of Phytoplankton and Environmental Impact Factors in Lake Hongze from 2015 to 2020	QU Ning, DENG Jian-ming, ZHANG Zhen, <i>et al.</i> (3097)
Structural Characteristics of Zooplankton and Phytoplankton Communities and Its Relationship with Environmental Factors in Different Regions of Nanhu Lake in Jiaxing City	WANG Ya-wen, LI Ying-he, ZHANG Bo, <i>et al.</i> (3106)
Temporal and Spatial Variation Characteristics and Source Analysis of Agricultural Non-point Source Pollution Load in Guangdong During the Past 20 Years	GE Xiao-jun, HUANG Bin, YUAN Zai-jian, <i>et al.</i> (3118)
Output Characteristics and Driving Mechanism of Agricultural Non-point Source (AGNPS) Pollutant in Plain and Valley Region of Upper Yangtze River, China	TAN Shao-jun, LIU Yang, ZHU Xiao-jie, <i>et al.</i> (3128)
Risk Assessment Method of Non-point Source Pollution Output for Watershed Using High Resolution Data	GU Jing-jing, YE Yun-tao, DONG Jia-ping, <i>et al.</i> (3140)
Spectral Characteristics Change in Dissolved Organic Matter in Urban River Under the Influences of Different Intensities of Non-point Source Pollution	CHEN Xu-dong, GAO Liang-min (3149)
Combination of Ecological Ditch and Bioretention Pond to Control Rural Runoff Pollution	SHI Lei, YANG Xiao-li, WU Qing-yu, <i>et al.</i> (3160)
Influence of Different Hydraulic Disturbance Intensities on the Migration of Aged PSMPs Between Sediment and Water	WU Xiang-xiang, AI Ping, LI Da-peng (3168)
Analysis of Pollution Characteristics and Sources of Rainfall Runoff from Roofs in the Central District of Beijing	XI Yue, GUO Jing, TAO Lei, TIAN Ying, <i>et al.</i> (3177)
Inter-annual Changes in Runoff Quality from Green Roofs with Different Vegetation	ZHANG Sun-xun, ZHANG Shou-hong, GE De, <i>et al.</i> (3187)
Effectivity of Multiphase Fenton-like System of Iron Reduction Induced by Bisphenol A Autochthonic Photoelectron	CAO Si-yu, XU Lu, FU Quan-chao, <i>et al.</i> (3195)
Removal Characteristics of Four Typical Antibiotics in Denitrification System	TANG Jia, CHEN Xi, QIN Mu-chuan, <i>et al.</i> (3204)
Adsorption Capacity and Mechanism of Biochar Derived from Typical Agricultural Wastes for Cadmium in Aqueous Solutions	GONG Pei-yun, SUN Li-juan, SONG Ke, <i>et al.</i> (3211)
Effect of Humic Acid-Heavy Metals on the Nitrogen Removal Performance of ANAMMOX Bacteria and Its Kinetic Analysis	LI Yun, CUI Nan, XIONG Xing-xing, <i>et al.</i> (3221)
Responding Mechanism of Vegetation Cover to Climate Change and Human Activities in Southwest China from 2000 to 2020	XU Yong, HUANG Wen-ting, DOU Shi-qing, <i>et al.</i> (3230)
Spatial Distribution and Eco-stoichiometric Characteristics of Soil Nutrient Elements Under Different Vegetation Types in the Yellow River Delta Wetland	SUN De-bin, LI Yun-zhao, YU Jun-bao, <i>et al.</i> (3241)
Distribution Characteristics and Source Apportionment of Perfluoroalkyl Substances in Surface Soils of the Northeast Tibetan Plateau	WEN Xiang-jie, CHEN Zhao-hui, XU Wei-xin, <i>et al.</i> (3253)
Effect of Land Use/Land Cover Change on the Concentration of Se and Heavy Metals in Soils from a "Return Cropland to Forest" Area, Southwest China	LIU Yong-lin, LIU Shu-ling, WU Mei, <i>et al.</i> (3262)
Speciation Characteristics and Risk Assessment of Soil Heavy Metals from Puding Karst Critical Zone, Guizhou Province	ZHANG Qian, HAH Gui-lin (3269)
Distribution Characteristics and Influencing Factors of Germanium in Soil in the Eastern Mountainous Area of the Nanyang Basin	DONG Qiu-yao, LAI Shu-ya, SONG Chao, <i>et al.</i> (3278)
Heavy Metal Pollution Characteristics and Risk Assessment of Golden Snub-nosed Monkey (<i>Rhinopithecus roxellana</i>) Habitat in Shennongjia Mountains	YAN Jia-li, YU Zi-ling, YU Hui-liang, <i>et al.</i> (3288)
Utilization and Remediation of Heavily Cadmium-Contaminated Agricultural Soils by Two Crop Rotation Patterns After Lime and Sepiolite Passivation	XU Lu, ZHOU Chun-hai, LIU Mei, <i>et al.</i> (3299)
Effects of Phosphorus Sufficiency and Deficiency on Cadmium Uptake and Transportation by Rice	TAN Wen-tao, HUO Yang, ZHOU Hang, <i>et al.</i> (3308)
Responses of Cd Accumulation in Rice and Spectral Characteristics of Soil Dissolved Organic Matter Regulated by Soil Amendments	LUO Hui-long, CHEN Juan, ZHANG Yun-hui, <i>et al.</i> (3315)
Responses of Soil Fungal Communities to Subalpine Meadow Degradation in Mount Wutai	LUO Zheng-ming, HE Lei, LIU Jin-xian, <i>et al.</i> (3328)
Response of Soil Fungal Communities in Diversified Rotations of Wheat and Different Crops	JIN Hai-yang, YUE Jun-qin, YAN Ya-qian, <i>et al.</i> (3338)
Spatial Characterization of Stable Isotope Composition of Organic Carbon from Farmland Soils in Chongqing	LIAO Yu-qin, LONG Juan, MU Zhi-jian, <i>et al.</i> (3348)
Characteristics of Soil NO Emissions in the Yangtze River Delta Region for Year 2018	LIAO Jia-qiang, XUE Jin, WANG Wen-jin, <i>et al.</i> (3357)
Thermal Environment Evolution and Response Mechanism of Urban Sprawl Based on Multi-source Data	LIANG Jian-she, BAI Yong-ping, YANG Xue-di, <i>et al.</i> (3365)