

方知库  
Eco-Environmental  
Knowledge Web

# 环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV  
HUANJING KEXUE

长江经济带工业污染排放空间分布格局及其影响因素

李芸邑, 刘利萍, 刘元元



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年8月

第42卷 第8期

Vol.42 No.8

目 次

上海市夏季臭氧污染特征及削峰方案 ..... 严茹莎, 王红丽, 黄成, 王倩, 安静宇 (3577)

天津市夏季不同臭氧浓度级别 VOCs 特征及来源 ..... 王文美, 高璟赞, 肖致美, 李源, 毕温凯, 李立伟, 杨宁, 徐虹, 孔君 (3585)

重庆市主城区 O<sub>3</sub> 污染时期大气 VOCs 污染特征及来源解析 ..... 李陵, 李振亮, 张丹, 方维凯, 徐芹, 段林丰, 卢培利, 王锋文, 张卫东, 翟崇治 (3595)

汽车维修行业挥发性有机物排放特征及大气化学反应活性 ..... 陈鹏, 张月, 张梁, 熊凯, 邢敏, 李珊珊 (3604)

2016 冬季京津冀一次持续重度霾天气过程分析 ..... 毛曳, 张恒德, 朱彬 (3615)

北京与成都大气污染特征及空气质量改善效果评估 ..... 党莹, 张小玲, 饶晓琴, 康平, 何建军, 卢宁生, 华明, 向卫国 (3622)

郑州市 PM<sub>2.5</sub> 组分、来源及其演变特征 ..... 赵孝因, 王申博, 杨洁茹, 马秋红, 刘洋, 张瑞芹 (3633)

上海市 PM<sub>2.5</sub> 中重金属元素对 COVID-19 控制的高频响应 ..... 程凯, 常运华, 旷雅琼, 邹忠 (3644)

粤港澳大湾区吸收性气溶胶的解析 ..... 段家乐, 巨天珍, 黄蕊蕊, 梁卓红, 范佳晨 (3652)

河南省 2016~2019 年机动车大气污染物排放清单及特征 ..... 高丹丹, 尹沙沙, 谷幸珂, 卢轩, 张欢, 张瑞芹, 王玲玲, 齐艳杰 (3663)

广州地区室内灰尘中典型非邻苯增塑剂的污染特征与暴露风险 ..... 刘晓途, 彭长风, 陈达, 石玉盟, 汤书琴, 谭弘李, 黄维 (3676)

天津市主要河流和土壤中全氟化合物空间分布、来源及风险评价 ..... 武倩倩, 吴强, 宋帅, 任加国, 杨胜杰, 吴颜岐 (3682)

河网水源生态湿地水氢氧同位素分异特征 ..... 杨婷, 王阳, 徐静怡, 吴萍, 王为东 (3695)

重要饮用水源地天目湖水库有色可溶性有机物来源与组成特征 ..... 周蕾, 周永强, 张运林, 朱广伟 (3709)

城市不同类型水体有色可溶性有机物来源组成特征 ..... 俞晓琴, 崔扬, 陈慧敏, 朱俊羽, 李宇阳, 郭燕妮, 周永强, 韩龙飞 (3719)

白洋淀典型淀区沉积物间隙水溶解性有机物的光谱时空演变特征 ..... 周石磊, 陈召莹, 张甜娜, 张紫薇, 孙悦, 姚波, 崔建升, 李再兴, 罗晓 (3730)

夏季巢湖入湖河流溶解性有机质来源及其空间变化 ..... 宁成武, 包妍, 黄涛, 王杰 (3743)

洪泽湖浮游动物时空分布特征及其驱动因素 ..... 陈业, 彭凯, 张庆吉, 蔡永久, 张永志, 龚志军, 项贤领 (3753)

农业耕作对三峡水库支流库湾消落带土壤氮、磷含量及流失的影响 ..... 罗芳, 鲁伦慧, 李哲, 韦方强 (3763)

沱江流域总氮面源污染负荷时空演变 ..... 肖宇婷, 姚婧, 湛书, 樊敏 (3773)

微塑料对海水抗生素抗性基因的影响 ..... 周曙屹, 朱永官, 黄福义 (3785)

磺胺甲噁唑对海水养殖废水处理过程中抗性细菌及抗性基因的富集作用 ..... 王金鹏, 赵阳国, 胡钰博 (3791)

潮汐-复合流人工湿地系统优化及对抗生素抗性基因的去除效果 ..... 程羽霄, 吴丹, 陈铨乐, 高方舟, 杨永强, 刘有胜, 应光国 (3799)

三峡库区香溪河库湾土壤多环芳烃时空分布特征及风险评价 ..... 黄应平, 金蕾, 朱灿, 李锬, 谢平, David Johnson, 刘慧刚, 席颖 (3808)

长江经济带工业污染排放空间分布格局及其影响因素 ..... 李芸邑, 刘利萍, 刘元元 (3820)

淡水系统中 4 种塑料颗粒的老化过程及 DOC 产物分析 ..... 李婉逸, 刘智临, 苗令占, 侯俊 (3829)

DOM 对沉积物悬浮颗粒吸附铜的促进作用及机制 ..... 丁翔, 李志武, 徐卫华, 黄梅, 文佳骏, 金昌盛, 周咪, 陈佳 (3837)

市政污水二级出水中溶解性有机质在紫外/氯处理过程中的转化特性 ..... 王雪凝, 张炳亮, 潘丙才 (3847)

亚硝酸盐不同生成方式对短程硝化反硝化除磷颗粒系统的影响 ..... 王文琪, 李冬, 高鑫, 张杰 (3858)

A<sup>2</sup>/O 与倒置 A<sup>2</sup>/O 工艺低温条件下的氨氮去除能力解析 ..... 李金成, 郭雅妮, 齐蝶, 杨敏 (3866)

厌氧氨氧化启动过程细菌群落多样性及 PICRUS2 功能预测分析 ..... 闫冰, 付嘉琦, 夏嵩, 易其臻, 桂双林, 吴九九, 熊继海, 魏源送 (3875)

活性污泥微生物群落结构与与环境因素响应关系分析 ..... 马切切, 袁林江, 牛泽栋, 赵杰, 黄崇 (3886)

汾河沿岸农田土壤微塑料分布特征及成因解析 ..... 朱宇恩, 文瀚萱, 李唐慧烟, 李华, 吴超, 张桂香, 阎敬 (3894)

基于 GIS 及 APCS-MLR 模型的兰州市主城区土壤 PAHs 来源解析 ..... 管贤贤, 周小平, 雷春妮, 彭熾雯, 张松林 (3904)

典型碳酸盐岩区耕地土壤剖面重金属形态迁移转化特征及生态风险评价 ..... 唐世琪, 刘秀金, 杨柯, 郭飞, 杨峰, 马宏宏, 刘飞, 彭敏, 李括 (3913)

大气 CO<sub>2</sub> 摩尔分数升高对高、低应答水稻稻田 N<sub>2</sub>O 排放的影响 ..... 于海洋, 黄琼, 王天宇, 张广斌, 马静, 朱春梧, 徐华 (3924)

椰糠生物炭对热区双季稻田 N<sub>2</sub>O 和 CH<sub>4</sub> 排放的影响 ..... 王紫君, 王鸿浩, 李金秋, 伍延正, 符佩娇, 孟磊, 汤水荣 (3931)

不同水分管理条件下添加生物炭对琼北地区水稻土 N<sub>2</sub>O 排放的影响 ..... 王鸿浩, 谭梦怡, 王紫君, 符佩娇, 李金秋, 汤水荣, 伍延正, 孟磊 (3943)

物种多样性对铅锌尾矿废弃地植被及土壤的生态效应 ..... 杨胜香, 曹建兵, 李凤梅, 彭禧柱 (3953)

米利山锡尾矿区优势植物调查与生态修复潜力分析 ..... 秦芙蓉, 张仕颖, 夏运生, 张乃明, 吴程龙, 何忠俊, 岳献荣, 田森林 (3963)

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 ..... 林春英, 李希来, 张玉欣, 孙华方, 李成一, 金立群, 杨鑫光, 刘凯 (3971)

秸秆还田配施化肥对稻-油轮作土壤酶活性及微生物群落结构的影响 ..... 靳玉婷, 李先藩, 蔡影, 胡宏祥, 刘运峰, 付思伟, 张博睿 (3985)

镉胁迫对芒草根际细菌群落结构、共发生网络和功能的影响 ..... 陈兆进, 林立安, 李英军, 陈彦, 张浩, 韩辉, 吴乃成, Nicola Fohrer, 李玉英, 任学敏 (3997)

岩溶区稻田土壤真菌群落结构及功能类群特征 ..... 周军波, 靳振江, 肖筱怡, 冷蒙, 王晓彤, 潘复静 (4005)

锌冶炼地块剖面土壤对镉、铅的吸附特征及机制 ..... 刘凌青, 肖细元, 郭朝晖, 彭驰, 姜智超, 阳安迪 (4015)

不同土壤调理剂对土壤镉和邻-苯二甲酸酯迁移转化影响 ..... 王璨, 张煜行, 何明靖, 刘文新, 卢俊峰, 魏世强 (4024)

4 种钝化剂对污染水稻土中 Cu 和 Cd 的固持机制 ..... 丁园, 教师营, 陈怡红, 肖亮亮 (4037)

叶施 L-半胱氨酸对水稻镉和矿质元素含量的影响 ..... 张雅荟, 王常荣, 刘月敏, 刘雅萍, 刘仲齐, 张长波, 黄永春 (4045)

镉对不同生长期籽粒菟植物螯合肽的影响 ..... 刘佳欣, 陈文清, 杨力, 李娜, 王宇豪, 康愉晨 (4053)

中国造纸业物质代谢演化特征 ..... 刘欣, 杨涛, 武慧君, 袁增伟 (4061)

《环境科学》征订启事(3651) 《环境科学》征稿简则(3718) 信息(3836, 3885, 3893)

# 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

林春英<sup>1,2</sup>, 李希来<sup>1\*</sup>, 张玉欣<sup>2</sup>, 孙华方<sup>1</sup>, 李成一<sup>1</sup>, 金立群<sup>1</sup>, 杨鑫光<sup>3</sup>, 刘凯<sup>4</sup>

(1. 青海大学农牧学院, 西宁 810016; 2. 青海省人工影响天气办公室, 西宁 810000; 3. 青海民族大学生态环境与资源学院, 西宁 810007; 4. 青海省草原总站, 西宁 810008)

**摘要:** 为研究高寒沼泽湿地退化过程中土壤微生物群落多样性的变化,应用 MiSeq 高通量测序技术,分析高寒沼泽湿地退化过程中土壤微生物群落多样性以及相关的环境因子。结果表明,高寒沼泽湿地退化改变了土壤微生物在 OTUs 水平上的物种组成,OTUs 种类变化丘间较冻融丘明显,且土壤真菌 OTUs 种类变化显著;冻融丘和丘间细菌微生物多样性指数大于真菌微生物;不同退化高寒沼泽湿地土壤优势微生物种类相同,细菌为变形菌门(Proteobacteria)和 RB41,真菌为子囊菌门(Ascomycota)和被孢霉属(*Mortierella*),除 RB41 外未退化与重度退化间优势微生物丰度有较大差异( $P < 0.05$ ),丘间的优势微生物对不同退化较冻融丘敏感;土壤含水量、有机碳、微生物碳、微生物氮和莎草科的盖度是影响土壤微生物群落结构的主要因素。综上所述:高寒沼泽湿地退化导致微生物多样性降低,在湿地恢复中应加强湿地冻融丘和莎草科植物的保护以及土壤水分、有机碳和微生物碳氮的补充。

**关键词:** 高寒沼泽湿地; 退化程度; 土壤微生物多样性; 细菌; 真菌

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)08-3971-14 DOI: 10.13227/j.hjxx.202011072

## Responses of Different Degradation Stages of Alpine Wetland on Soil Microbial Community in the Yellow River Source Zone

LIN Chun-ying<sup>1,2</sup>, LI Xi-lai<sup>1\*</sup>, ZHANG Yu-xin<sup>2</sup>, SUN Hua-fang<sup>1</sup>, LI Cheng-yi<sup>1</sup>, JIN Li-qun<sup>1</sup>, YANG Xin-guang<sup>3</sup>, LIU Kai<sup>4</sup>

(1. College of Agriculture and Animal Husbandry, Qinghai University, Xining 810016, China; 2. Qinghai Province Weather Modification Office, Xining 810000, China; 3. College of Ecological Environment and Resources, Qinghai Nationalities University, Xining 810007, China; 4. Qinghai Provincial Grassland Station, Xining 810008, China)

**Abstract:** MiSeq sequencing technology was used to analyze the microbial community diversity of soil in alpine wetlands to understand the degradation processes and environmental factors in these areas. The results showed that the severity of soil degradation changed the species diversity of soil microorganisms at the level of OTUs, and grass patches contained more species than frozen-thawing patches. The soil fungi species of OTUs changed significantly. The diversity indexes of bacteria (between the frozen-thawing patches and the grass patches) were higher than that of fungi. The dominant microbial species were consistent among different degradation stages. The dominant species of bacteria and fungi were Proteobacteria and RB41, and Ascomycota and *Mortierella*, respectively. The abundance of dominant microorganisms was significantly between un-degraded and heavily degraded areas, except for RB41 ( $P < 0.05$ ). The dominant microorganisms in the grass patches were more sensitive than those in the frozen-thawing patches. It was found that the main factors affecting the microbial community structure of soil were water content, organic carbon, microbial biomass carbon, microbial biomass nitrogen, and sedge coverage. Microbial diversity may decrease in heavily degraded alpine wetlands. Thus, the frozen-thawing patches and sedge species should be first protected, and the supplements of soil water content, soil organic carbon, microbial biomass carbon, and nitrogen should be strengthened for alpine wetland restoration.

**Key words:** alpine wetland; degradation succession; soil microbial diversity; bacteria; fungus

高寒沼泽湿地指海拔高、温度低的湿地,是湿地类型中较为特殊的一种<sup>[1]</sup>,主要分布在青藏高原。其作为青藏高原上最重要和独特的自然生态系统,在涵养水源、调节气候和碳储存等方面发挥着重要的作用。冻融丘是一种高出积水面几十厘米以藏高草(*Kobresia tibetica*)为主的草丘,是高寒沼泽湿地的典型特征。冻融丘之间的凹槽称为丘间<sup>[2]</sup>,优势种为苔草(*Carex moorcroftii*)。近年来,随着气候变暖和人为因素干扰,使高寒沼泽湿地的退化速度加快,青藏高原高寒湿地的面积比原来减少了10%<sup>[3]</sup>,并

逐渐向高寒草甸演替,导致湿地生态系统的结构破坏、功能衰退、优势种减少、土壤养分下降以及湿地资源逐渐丧失。土壤退化特征表现为土壤干旱化和有机质减少,植被特征表现为系统生产力下降、生物

收稿日期: 2020-11-08; 修订日期: 2021-01-12

基金项目: 青海省科技厅项目(2017-ZJ-799); 国家自然科学基金项目(31872999, 41565008); 高等学校学科创新引智计划项目(D18013); 教育部长江学者和创新团队发展计划项目(IRT\_17R62)

作者简介: 林春英(1978~),女,博士研究生,高级工程师,主要研究方向为高寒湿地,E-mail: qhryblin@163.com

\* 通信作者,E-mail: xilai-li@163.com

群落及结构改变等方面<sup>[4]</sup>。此外,冻融丘的特征对高寒沼泽湿地退化具有指示性<sup>[2]</sup>,随着退化程度的加剧,冻融丘明显减小,直到重度退化(heavy degradation, HD)冻融丘完全消失。

土壤微生物参与生态系统的物质循环和能量流动,对维持生态功能具有重要作用<sup>[5]</sup>。湿地土壤微生物作为土壤养分状况的重要指标,能够敏感地反映湿地土壤质量及湿地生态系统功能的演变<sup>[6]</sup>。其群落功能多样性可以反映微生物分解代谢活动<sup>[7]</sup>,群落结构的变化在有机质分解、腐殖质合成和土壤养分转化等方面作用明显<sup>[6]</sup>。有研究表明,高寒湿地的退化过程中,土壤微生物对其生存的微环境变化敏感,并对碳源利用率增加<sup>[8]</sup>,其群落的变化可作为表征生境与生物演变的重要指标。目前,高寒湿地的研究主要集中在湿地类型、湿地退化机制及有机碳氮变化的研究<sup>[2,9]</sup>,而对于高寒沼泽湿地退化对土壤微生物群落结构的影响程度了解甚少。有学者指出,土壤微生物群落的组成和多样性是由土壤的理化性质以及各种环境因素决定<sup>[10]</sup>,退化使植被类型和土壤理化性质发生变化,而导致土壤微生物主要优势种群结构发生变化<sup>[11,12]</sup>。因此,研究高寒沼泽湿地退化过程中冻融丘和丘间土壤微生物群落的变化规律,揭示微生物群落与生境的关系,对阐明高寒沼泽湿地退化机制有重大意义。本文选取不同退化高寒沼泽湿地的冻融丘和丘间土壤微生物为研究对象,采用 MiSeq 高通量测序方法,分析土壤微生物多样性及群落结构,探讨退化对土壤微生物多样性的影响,以期高寒沼泽湿地退化机制研究和恢复提供参考依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 土样采集

2019年8月,土壤样品采集于黄河源区青海省果洛州玛沁县大武滩境内。样地选择和植被调查方法详见文献<sup>[2]</sup>。不同退化程度土壤样品分冻融丘和丘间采集0~10cm土壤样品,未退化(undegradation, UD)和轻度退化(light degradation, LD)土壤样品为未退化冻融丘(UD\_A)、未退化丘间(UD\_W)、轻度退化冻融丘(LD\_A)、轻度退化丘间(LD\_W),因重度退化为高寒草甸,无冻融丘,故统一采样,土壤样品为重度退化(HD),重复3次,共15个土样。采用多点混合法采取土样,去除地表植物部分,取上层10cm土样用无菌的铲子采集,每份土壤样品分为3份,一份自然风干后用于测定土壤有机碳、总氮,一份鲜样装到无菌的密封袋(在-80℃的条件下储存)用于土壤微生物的测定,一

份鲜样(在4℃的条件下储存)用于土壤微生物碳、氮测定。

### 1.2 测定方法

#### 1.2.1 主要试剂和仪器

PCR 扩增仪、ABI Qpcr 仪, ABI 公司; MoBio PowerSoil DNA Isolation Kit (100), QIAGEN 公司; KAPA 2G Robust Hot Start Ready Mix, KAPA 公司; Agencourt® AMPure® XP (核酸纯化试剂盒), Beckman Coulter 公司; Agilent 2100 生物分析仪, Agilent 公司; Labchip GX 生物大分子分析仪, PerkinElmer 公司; 高通量二代测序仪、MiSeq® Reagent Kit v3 (600 cycle) (PE300) 和 MiSeq Reagent Kit v2 (500cycle), Illumina 公司。

#### 1.2.2 土壤理化性质测定

土壤 pH 采用 pH 计法测定; 土壤容重采用环刀法测定; 土壤含水量用便携式土壤水分测定仪 TDR350 测定; 土壤有机碳和总氮含量采用 vario MACRO cube 元素分析仪测定; 土壤微生物碳和氮含量用 TOC 测定。

#### 1.2.3 土壤微生物 DNA 提取及测序

使用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒 (AXYGEN 公司) 提取土壤样品微生物基因组 DNA, 利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因 DNA 的质量。PCR 扩增指定测序区域(土壤细菌 16S V4-V5, 真菌 ITS 1 区), 合成带有 barcode 的特异引物, 或合成带有错位碱基的融合引物。PCR 采用 TransGen AP221-02, 全部样本按照实验条件进行, 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 凝胶回收试剂盒切胶回收 PCR 产物。此过程委托北京奥维森基因科技有限公司完成。

### 1.3 数据分析

使用 R 语言, 制作细菌和真菌 OTUs 的韦恩图和网络互作图, 并将聚类结果与各样品在门和属水平上的物种相对丰度整合展示。使用 Canoco 4.5 软件对土壤理化性质和细菌、真菌在门和属水平多样性进行冗余分析(RDA)。利用 Origin2018 绘制细菌和真菌在门和属水平的相对丰度。使用 Microsoft Excel 2010 对土壤理化性质、植被特征和多样性指数数据进行处理, 并用 SPSS19.0 统计软件进行方差分析(one-way analysis)和相关性分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 高寒沼泽湿地退化过程土壤理化性质及植被特征

从表 1 中可以看出, 土壤有机碳(soil organic

carbon, SOC) 和总氮 (total nitrogen, TN) 含量在未退化的冻融丘、丘间的含量分别为 ( $169.25 \pm 18.57$ )  $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 、( $163.04 \pm 19.08$ )  $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$  和 ( $12.83 \pm 1.44$ )  $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 、( $12.36 \pm 0.79$ )  $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ , 显著高于轻度退化和重度退化 ( $P < 0.05$ )。冻融丘和丘间土壤含水量 (soil water content, SWC)、微生物碳 (microbial biomass carbon, MBC) 和微生物氮 (microbial biomass

nitrogen, MBN) 随着退化程度加剧呈减少趋势, 且含水量 UD\_A 和 LD\_A 与 HD 差异显著, UD\_W 和 LD\_W 与 HD 差异显著 ( $P < 0.05$ ), MBC 与 MBN 冻融丘和丘间不同退化阶段差异显著 ( $P < 0.05$ ), 而土壤容重 (bulk density, BD) 随着退化程度加剧呈增加趋势, 且 UD\_A 和 UD\_W 与 HD 差异显著 ( $P < 0.05$ ), pH 变化不明显。

表 1 土壤的理化性质<sup>1)</sup>

Table 1 Physical and chemical properties of the soils

| 退化类型 | 样品   | pH               | 含水量/%             | 容重/<br>$\text{g} \cdot \text{cm}^{-3}$ | 有机碳/<br>$\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ | 总氮/<br>$\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ | 微生物碳/<br>$\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ | 微生物氮/<br>$\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ |
|------|------|------------------|-------------------|--|---|--|---|---|
| 未退化  | UD_A | $6.71 \pm 0.11A$ | $55.20 \pm 1.04A$ | $0.37 \pm 0.06A$                       | $169.25 \pm 18.57A$                     | $12.83 \pm 1.44A$                      | $1843.53 \pm 301.80A$                     | $97.24 \pm 7.91A$                         |
|      | UD_W | $6.67 \pm 0.11A$ | $57.24 \pm 2.37A$ | $0.41 \pm 0.05A$                       | $163.04 \pm 19.08A$                     | $12.36 \pm 0.79A$                      | $1634.87 \pm 248.69A$                     | $85.91 \pm 30.59AB$                       |
| 轻度退化 | LD_A | $6.95 \pm 0.22A$ | $54.11 \pm 1.06A$ | $0.56 \pm 0.02AB$                      | $109.29 \pm 7.62B$                      | $9.31 \pm 0.72B$                       | $838.64 \pm 358.26B$                      | $76.27 \pm 4.23AB$                        |
|      | LD_W | $6.95 \pm 0.75A$ | $54.97 \pm 2.20A$ | $0.58 \pm 0.11AB$                      | $108.24 \pm 9.59B$                      | $7.80 \pm 3.17B$                       | $151.35 \pm 11.41C$                       | $76.41 \pm 16.21AB$                       |
| 重度退化 | HD   | $6.75 \pm 0.23A$ | $52.24 \pm 1.18B$ | $0.63 \pm 0.24B$                       | $98.09 \pm 15.25C$                      | $7.67 \pm 1.40C$                       | $106.24 \pm 42.44D$                       | $38.08 \pm 9.86C$                         |

1) 不同大写字母表示不同退化程度间均值差异显著 ( $P < 0.05$ ); UD\_A 表示未退化冻融丘, UD\_W 表示未退化丘间, LD\_A 表示轻度退化冻融丘, LD\_W 表示轻度退化丘间, HD 表示重度退化, 下同

从表 2 中可以看出高寒沼泽湿地随着退化程度的加剧莎草科的盖度、平均株高和地上生物量呈减少趋势, 其中莎草科的盖度和平均株高在未退化、轻

度退化、重度退化之间差异显著 ( $P < 0.05$ ), 禾本科和杂类草的盖度呈增加趋势, 且未退化与重度退化之间差异显著 ( $P < 0.05$ )。

表 2 不同退化程度高寒沼泽湿地植被特征

Table 2 Vegetation characteristics of wetlands in different degradation stages

| 退化类型      | 总盖度/<br>%         | 禾本科盖度/<br>%        | 莎草科盖度/<br>%       | 杂类草盖度/<br>%        | 平均株高/<br>cm       | 地上生物量/<br>$\text{g} \cdot \text{m}^{-2}$ |
|-----------|-------------------|--------------------|-------------------|--------------------|-------------------|--|
| 未退化 (UD)  | $99.33 \pm 0.57A$ | $2.66 \pm 0.23A$   | $85.67 \pm 2.08A$ | $12.33 \pm 1.52A$  | $56.87 \pm 8.48A$ | $1339.03 \pm 321.65A$                    |
| 轻度退化 (LD) | $96.00 \pm 0.03A$ | $38.00 \pm 3.61B$  | $43.00 \pm 3.61B$ | $27.66 \pm 6.67AB$ | $38.45 \pm 7.94B$ | $1114.96 \pm 118.14A$                    |
| 重度退化 (HD) | $95.75 \pm 0.23A$ | $46.67 \pm 15.94B$ | $28.33 \pm 7.63C$ | $40.67 \pm 11.07B$ | $31.65 \pm 5.32C$ | $1009.32 \pm 159.16A$                    |

## 2.2 样品中所含 OTU 数目分析

由图 1 看出, UD\_A、LD\_A、UD\_W、LD\_W 和

HD 土壤样品中分别含有细菌种类 3 299、3 026、3 303、3 311 和 3 365 个, 冻融丘和丘间中共有的细菌

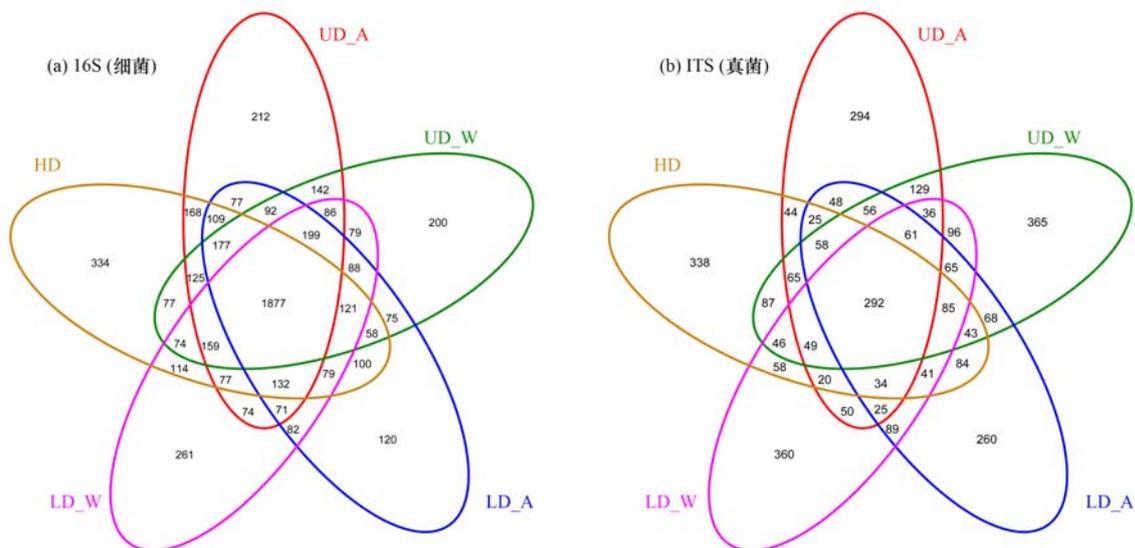


图 1 土壤样品微生物 OTUs 数量的 16S (细菌) 和 ITS (真菌) 韦恩图

Fig. 1 Venne diagram of OTUs number of bacteria and fungi

OTUs 数量分别为2 135和2 428,共有细菌 OTUs 种类占 22.42%和 25.13%;未退化、轻度退化、重度退化各自特有的 OTUs 种类分别占 33.09%、33.13%、33.74%和 31.19%、34.13%、34.68%;真菌为 1 209、1 210、1 537、1 332和1 277,冻融丘和丘间中共有的真菌 OTUs 数量为 411 和 457,共有细菌 OTUs 种类占 10.22%和 11.97%;未退化、轻度退化、重度退化各自特有的 OTUs 种类分别占30.05%、40.25%、83.64%和 31.69%、34.49%、88.11%。经分析,未退化冻融丘和丘间土壤细菌和真菌 OTUs 比值约为 2.73 和 2.14,轻度退化为 2.50 和 2.48,重度退化土为 2.63。说明退化改变了高寒沼泽湿地土壤细菌、真菌在 OTUs 水平上的物种组成,丘间较冻融丘 OTUs 种类变化明显,且土壤真菌 OTUs 种类变化更为显著。

### 2.3 不同退化程度高寒沼泽湿地土壤细菌和真菌 $\alpha$ 多样性

综合样本  $\alpha$  多样性指数(表 3),可以看出:细菌微生物的 Shannon 指数均高于真菌微生物,冻融丘和丘间细菌微生物 Shannon 未退化与轻度退化之间

差异显著( $P < 0.05$ ),对于真菌微生物的 Shannon 指数而言,未退化丘间最高,为 6.83,重度退化最小,为 5.20,退化后冻融丘和丘间 Shannon 指数发生下降。不同退化程度高寒沼泽湿地微生物 Simpson 指数变化不大,均在 1 左右,但细菌和真菌微生物的 Chao1 指数差异较大,细菌 Chao1 指数均大于真菌微生物(约 3~4 倍),且细菌和真菌 Chao1 指数在冻融丘和丘间未退化高于轻度退化和重度退化,且细菌 UD\_A 与 LD\_A、HD,UD\_W 与 HD 差异显著( $P < 0.05$ ),对于真菌差异不显著。细菌和真菌覆盖 Coverage 均大于 95%,说明此次测序结果比较真实地反映不同退化程度高寒沼泽湿地土壤样品中的细菌和真菌群。

### 2.4 高寒沼泽湿地退化过程中土壤微生物群落结构

不同退化高寒沼泽湿地土壤微生物多样性十分丰富,其中细菌共有 50 个门、128 个纲、167 个目、311 个科和 510 个属,真菌共有 19 个门、45 个纲、113 个目、238 个科和 452 个属。根据注释结果,将分别选取门的分类单元和大多数序列可以注释最低分类单元(属)的结果进行统计分析。

表 3 土壤样品的微生物多样性指数分析

Table 3 Analysis of microbial diversity indexes in the soil samples

| 指数       | 冻融丘  |                    |                  | 丘间   |                   |                    |
|----------|------|--------------------|------------------|------|-------------------|--------------------|
|          | 样品   | 细菌                 | 真菌               | 样品   | 细菌                | 真菌                 |
| Chao1    | UD_A | 3 211.61 ± 298.36A | 773.62 ± 64.31A  | UD_W | 3 238.88 ± 33.38A | 1 074.21 ± 194.96A |
|          | LD_A | 3 155.87 ± 46.41B  | 763.92 ± 157.78A | LD_W | 3 223.65 ± 38.57A | 882.54 ± 95.82A    |
|          | HD   | 3 132.58 ± 12.29B  | 759.05 ± 170.41A | HD   | 3 132.58 ± 12.29B | 759.05 ± 170.42A   |
| Shannon  | UD_A | 9.37 ± 0.01A       | 6.09 ± 0.57A     | UD_W | 9.36 ± 0.10A      | 6.83 ± 0.02A       |
|          | LD_A | 9.14 ± 0.17B       | 5.84 ± 0.81A     | LD_W | 9.18 ± 0.07B      | 6.04 ± 1.08A       |
|          | HD   | 9.35 ± 0.01A       | 5.21 ± 1.31A     | HD   | 9.35 ± 0.01A      | 5.20 ± 1.31A       |
| Simpson  | UD_A | 0.99 ± 0.01A       | 0.94 ± 0.04A     | UD_W | 0.99 ± 0.01A      | 0.87 ± 0.11A       |
|          | LD_A | 0.99 ± 0.01A       | 0.91 ± 0.46A     | LD_W | 0.99 ± 0.01A      | 0.94 ± 0.03A       |
|          | HD   | 1.00 ± 0.00A       | 0.96 ± 0.01A     | HD   | 1.00 ± 0.00A      | 0.96 ± 0.11A       |
| Coverage | UD_A | 0.95 ± 0.00A       | 1.00 ± 0.00A     | UD_W | 0.95 ± 0.00A      | 0.99 ± 0.00A       |
|          | LD_A | 0.95 ± 0.00A       | 0.99 ± 0.01A     | LD_W | 0.95 ± 0.00A      | 0.99 ± 0.00A       |
|          | HD   | 0.95 ± 0.01A       | 0.99 ± 0.01A     | HD   | 0.95 ± 0.00A      | 0.99 ± 0.01A       |

#### 2.4.1 不同退化程度高寒沼泽湿地土壤细菌群落结构

对于细菌的注释分析(16S),供试不同退化程度高寒沼泽湿地土壤共检测到细菌微生物类群 50 个门,不同样本的物种组成基本一致,物种百分比变化趋势有所不同。将所有土壤样品的细菌群落在门水平上进行聚类分析(图 2),未退化(UD\_A、UD\_W)、轻度退化(LD\_A、LD\_W)和重度退化(HD)中划分不是十分清晰,交互在一起,无明显差异。

如图 3 所示,平均相对丰度超过 1% 的门有变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、硝化螺旋菌门

(Nitrospirae)、厚壁菌门(Firmicutes)和拟杆菌门(Bacteroidetes)。其中,变形菌门为主导菌门,与未退化相比,轻度退化、重度退化在冻融丘和丘间变形菌门相对丰度降低了 0.42%、6.23%和 4.05%、7.17%,且冻融丘 UD\_A 和 LD\_A 与 HD 之间差异显著( $P < 0.05$ )。放线菌门在冻融丘和丘间随着退化程度的加剧先减少后增加,且在丘间 UD\_W 和 LD\_W 与 HD 差异显著( $P < 0.05$ );酸杆菌门、绿弯菌门和芽单胞菌门在冻融丘和丘间随着退化程度的加剧增加,其中芽单胞菌门在丘间 UD\_W 与 LD\_W 差异显著( $P < 0.05$ )。

将 15 个土壤样品的细菌群落在属水平上进行聚类分析,如图 4 所示,未退化(UD\_A、UD\_W)、轻度退

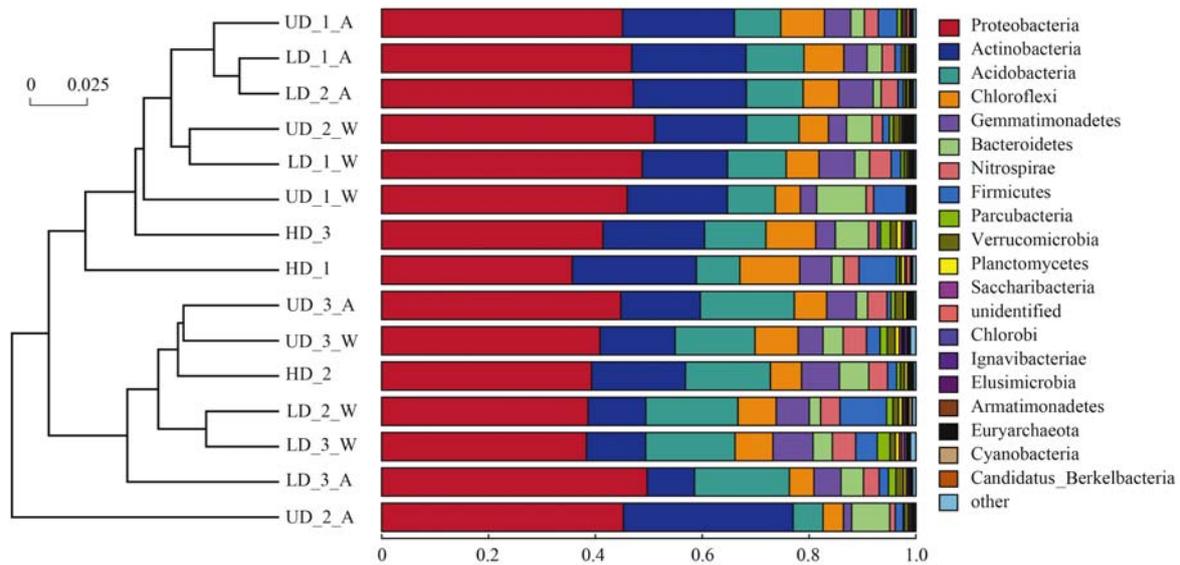
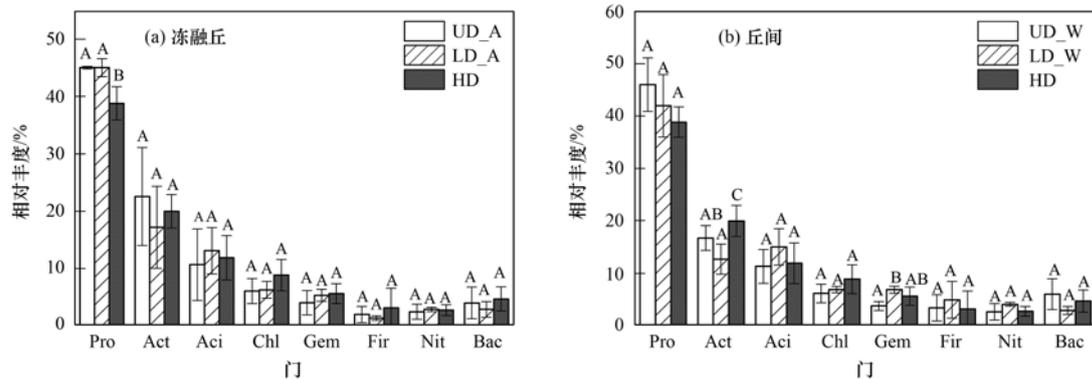


图2 细菌门水平下的聚类分析

Fig. 2 Cluster analysis of bacteria at the phylum level



Pro 表示变形菌门 (Proteobacteria); Act 表示放线菌门 (Actinobacteria); Aci 表示酸杆菌门 (Acidobacteria); Chl 表示绿弯菌门 (Chloroflexi); Gem 表示芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes); Nit 表示硝化螺旋菌门 (Nitrospirae); Fir 表示厚壁菌门 (Firmicutes); Bac 表示拟杆菌门 (Bacteroidetes); 不同大写字母表示不同退化程度间均值差异显著 ( $P < 0.05$ )

图3 细菌门水平下的相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of bacteria at the phylum level

化(LD\_A、LD\_W)和重度退化(HD)中土壤的划分不在同一条分支上,且交互在一起,无明显差异。

对 16S 测序在属的分类单元进行分析(图 5),除去未识别(unidentified)的细菌类群(相对丰度为 37.43%~67.07%),平均相对丰度超过 1% 的菌属有 *Defluviicoccus*、RB41、土微菌属(*Pedomicrobium*)、硝化螺旋菌属(*Nitrospira*)、假诺卡氏菌属(*Pseudonocardia*)、*Roseiflexus*、红游动菌属(*Rhodoplanes*)、*Hyphomicrobium* 和 *Candidatus\_Solibacter*。随着退化程度的加剧,*Defluviicoccus* 在冻融丘减少,丘间变化不明显;RB41、硝化螺旋菌属和 *Roseiflexus* 在冻融丘和丘间增加,且 *Roseiflexus* 在丘间 UD\_W 和 LD\_W 与 HD 差异显著 ( $P < 0.05$ );土微菌属、假诺卡氏菌属和 *Hyphomicrobium* 在冻融丘和丘间减少,且 *Hyphomicrobium* 在丘间 UD\_W 与

HD 差异显著 ( $P < 0.05$ ); *Candidatus\_Solibacter* 在冻融丘和丘间的变化不明显。此外,未识别的细菌类群,其相对丰度高黄媛等<sup>[13]</sup>对于杭州西溪湿地和韩晶等<sup>[14]</sup>对于新疆艾比湖湿地的研究,说明高寒沼泽湿地相比其它类型湿地存在更多潜在的新菌种,需要进一步鉴定。

#### 2.4.2 不同退化程度高寒沼泽湿地土壤真菌群落结构

将真菌群落在门水平下进行聚类分析,如图 6 结果所示,在遗传距离为 0.05 处时,重度退化土壤样品与轻度退化、未退化产生了分支,未退化和轻度退化聚为一支,重度退化聚为一支,差异明显,而未退化与轻度退化差异较小。

对于真菌的注释分析(ITS)中,在门水平上相对丰度均超过 1% 的门有 4 种(图 7),其中含量最

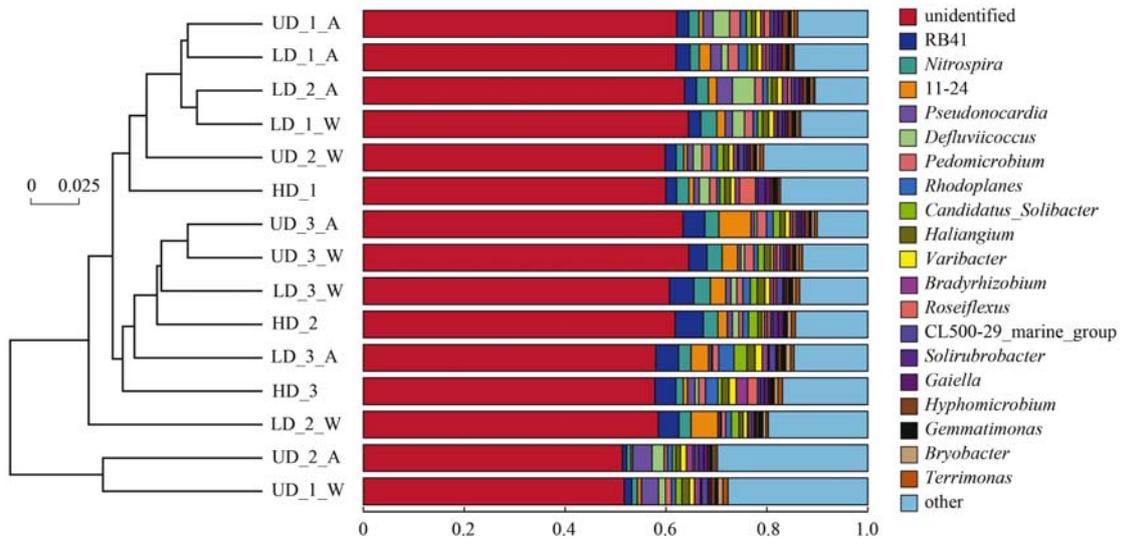
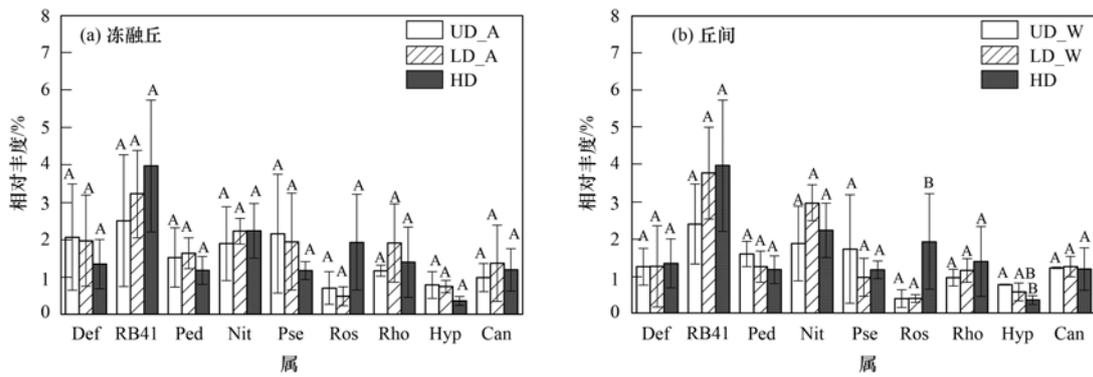


图 4 细菌属水平下的聚类分析

Fig. 4 Cluster analysis of bacteria at the genus level



Def 表示 *Defluviicoccus*; Ped 表示土微菌属 (*Pedomicrobium*); Nit 表示硝化螺旋菌属 (*Nitrospira*); Pse 表示假诺卡氏菌属 (*Pseudonocardia*); Ros 表示 *Roseiflexus*; Rho 表示 *Rhodoplanes*; Hyp 表示 *Hyphomicrobium*; Can 表示 *Candidatus\_Solibacter*; 不同大写字母表示不同退化程度间均值差异显著 ( $P < 0.05$ )

图 5 细菌属水平下的相对丰度

Fig. 5 Relative abundance of bacteria at the genus level

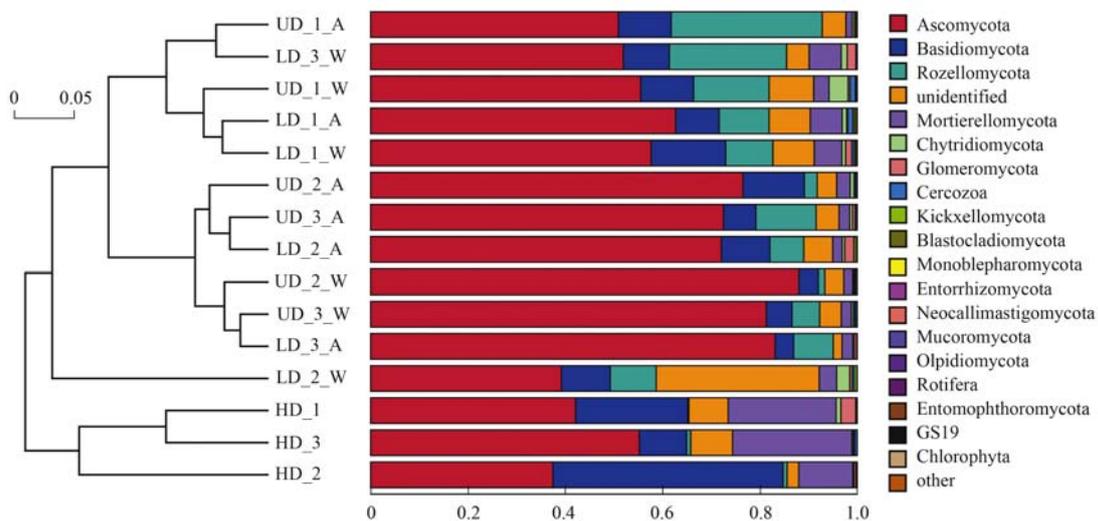
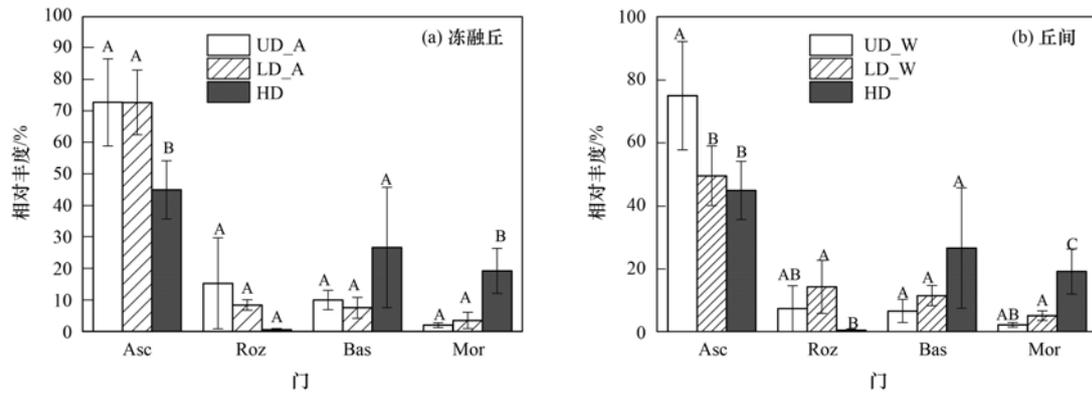


图 6 真菌门水平下的聚类分析

Fig. 6 Cluster analysis of fungi at the phylum level

多的为子囊菌门(Ascomycota),与未退化相比,子囊菌门的轻度退化、重度退化在冻融丘和丘间子囊菌门相对丰度降低了 0.42%、27.70% 和 25.35%、30.01%,在冻融丘 UD\_A 和 LD\_A 与 HD 差异显著,丘间各阶段之间差异显著( $P < 0.05$ ). 接下来为担子菌门(Basidiomycota)、隐真菌门(Rozellomycota)

和被孢霉门(Mortierellomycota),其中担子菌门和被孢霉门随着退化程度的加剧在冻融丘和丘间均增加,被孢霉门 UD\_A 和 LD\_A 与 HD 差异显著,UD\_W 和 LD\_W 与 HD 差异显著( $P < 0.05$ );隐真菌门在冻融丘减少,在丘间先增加后减少,且 LD\_W 与 HD 差异显著( $P < 0.05$ ).



Asc 表示子囊菌门(Ascomycota); Roz 表示隐真菌门(Rozellomycota); Bas 表示担子菌门(Basidiomycota); Mor 表示被孢霉门(Mortierellomycota),不同大写字母表示不同退化程度间均值差异显著( $P < 0.05$ )

图7 真菌门水平下的相对丰度

Fig. 7 Relative abundance of fungi at the phylum level

将所有样品的真菌群落在属水平下进行聚类分析(图8),在遗传距离为0.1处时,重度退化土壤样品就与轻度退化、未退化产生了分支,表明重度退化

与未退化、轻度退化差异明显.同时,3个重度退化中的土壤也各成一个支,差异明显,未退化与轻度退化差异较小.

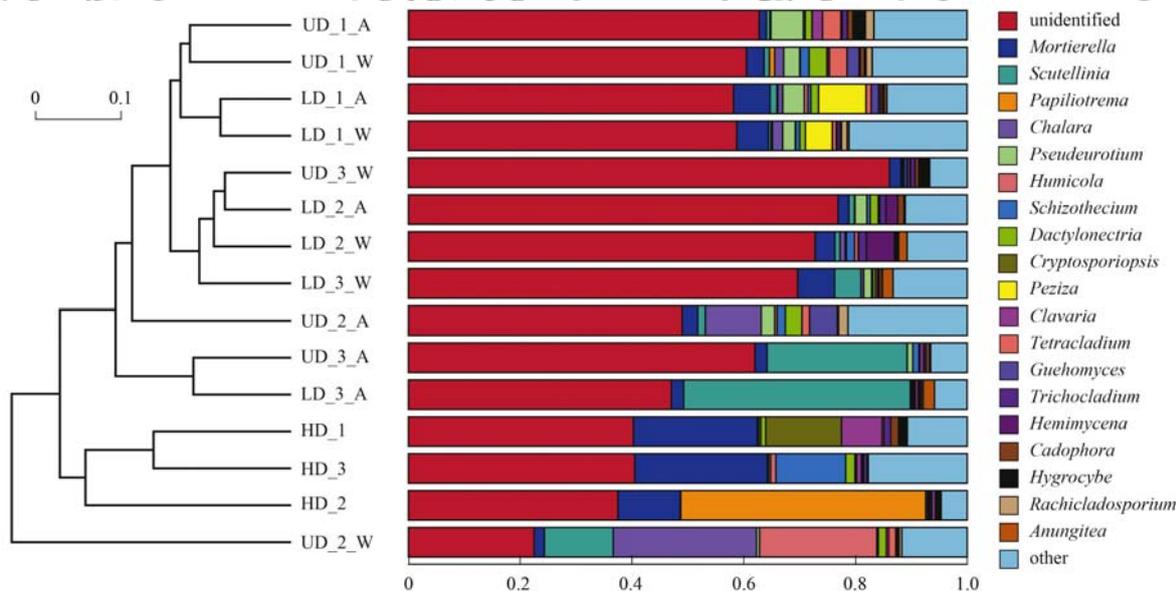
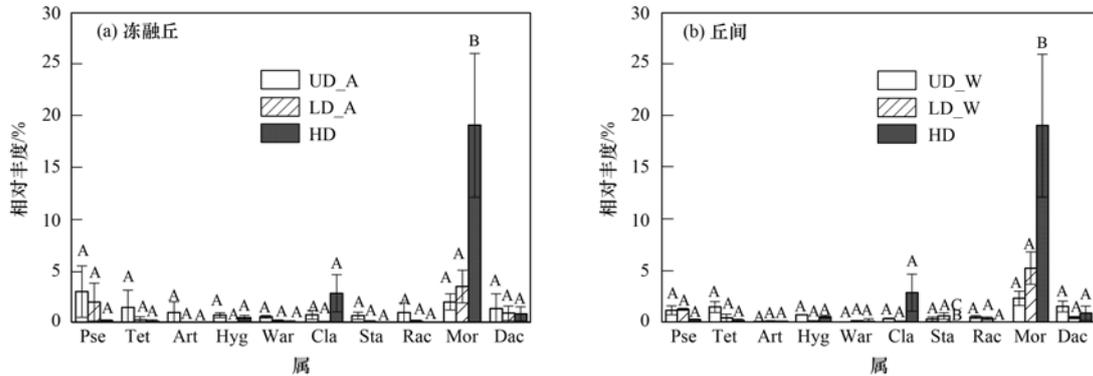


图8 真菌属水平下的聚类分析

Fig. 8 Cluster analysis of fungi at the genus level

对于 ITS 测序在属的分类单元进行分析中(图9),平均相对丰度超过 1% 的菌属有:假丝酵母菌属(*Pseudeurotium*)、*Tetraccladium*、*Articulospora*、湿伞属(*Hygrocybe*)、*Wardomyces*、珊瑚菌(*Clavaria*)、壳多孢属(*Stagonospora*)、蒜孢属(*Rachicladosporium*)、被孢霉属(*Mortierella*)和 *Dactylonectria*. 随着高寒沼泽退化程度的加剧, *Pseudeurotium*、*Tetraccladium*、

*Dactylonectria* 和壳多孢属在冻融丘和丘间减少,且壳多孢属在丘间 LD\_W 与 HD 差异显著( $P < 0.05$ );被孢霉属和珊瑚菌属在冻融丘和丘间增加,且被孢霉属在冻融丘 UD\_A 和 LD\_A 与 HD 差异显著,在丘间 UD\_W 和 LD\_W 与 HD 差异显著( $P < 0.05$ ),与未退化相比,轻度退化、重度退化冻融丘和丘间分别增加了 1.48%、16.93% 和 1.92%、



Pse 表示假丝酵母菌属 (*Pseudeotium*)；Tet 表示 *Tetracladium*；Art 表示 *Articulospora*；Hyg 表示湿伞属 (*Hygrocybe*)；War 表示 *Wardomyces*；Cla 表示珊瑚菌 (*Clavaria*)；Sta 表示壳多孢属 (*Stagonospora*)；Rac 表示蒜孢属 (*Rachicladosporium*)；Mor 表示被孢霉属 (*Mortierella*)；Dac 表示 *Dactylonectria*；不同大写字母表示不同退化程度间均值差异显著 ( $P < 0.05$ )

图9 真菌属水平下的相对丰度

Fig. 9 Relative abundance of fungi at the genus level

16.66%；而 *Articulospora*、湿伞属、*Wardomyces* 和蒜孢属变化不明显. 此外, 还存在大量 (22.47% ~ 86.09%) 真菌微生物未鉴定出的属, 所以高寒沼泽湿地演替过程中土壤真菌微生物结构和功能还需更深入的研究.

2.5 微生物网络分析

微生物网络图整体上表现了属间高度联系组成的复杂关系, 点的颜色代表所属门, 点的大小代表丰度的大小, 线的粗细代表相关性大小, 线为红色表示呈正相关, 蓝色表示呈负相关. 细菌形成 2 个不同的模块, 其中边数是 16, 顶点数是 16, 网络直径是 5, 平均路径长度是 2.42 [图 10(a)]. 网络分析中的节点来自优势菌门, *Defluviococcus*、*Variibacter*、红游动菌属、*Hyphomicrobium*、土微菌属和 *Bradyrhizobium* 属于变形菌门, *Solirubrobacter*、*Gaiella* 和 *Pseudonocardia* 属于放线菌门, *Roseiflexus* 属于绿弯菌门, 硝化螺旋菌属属于硝化螺旋菌门, *Terrimonas* 属于拟杆菌门, RB41、11-24、*Bryobacter* 和 *Candidatus\_Solibacter* 属于酸杆菌门. 第一模块仅由

*Solirubrobacter*、红游动菌属和 *Gaiella* 构成, 这些菌属在高寒沼泽湿地的碳代谢中具有重要作用. 第二模块由 *Defluviococcus*、*Variibacter*、*Hyphomicrobium*、土微菌属、*Bradyrhizobium*、*Solirubrobacter*、*Pseudonocardia*、*Roseiflexus*、硝化螺旋菌属、*Terrimonas*、RB41、11-24、*Bryobacter* 和 *Candidatus\_Solibacter* 构成, 其中假诺卡氏菌属和 11-24、*Candidatus\_Solibacter* 呈负相关外, 其余各属之间呈正相关, 真菌形成 2 个不同的模块, 边数是 14, 顶点数是 12, 网络直径是 3, 平均路径长度是 1.48 [图 10(b)]. 网络分析中的节点来自优势菌门, *Guehomyces* 和 *Pseudeotium* 属于担子菌门, 其余的属于子囊菌门. 第一模块由 *Tetracladium*、湿伞属和 *Cadophora* 构成, 各属之间呈正相关. 第二模块由蒜孢属、*Papiliotrema*、珊瑚菌、*Pseudeotium*、*Humicola*、*Dactylonectria*、*Peziza*、*Tetracladium* 和 *Cuehomyces* 构成, 9 种属之间呈正相关.

2.6 微生物群落结构与土壤理化性质的关系

为了探讨土壤环境因子对微生物群落组成的影

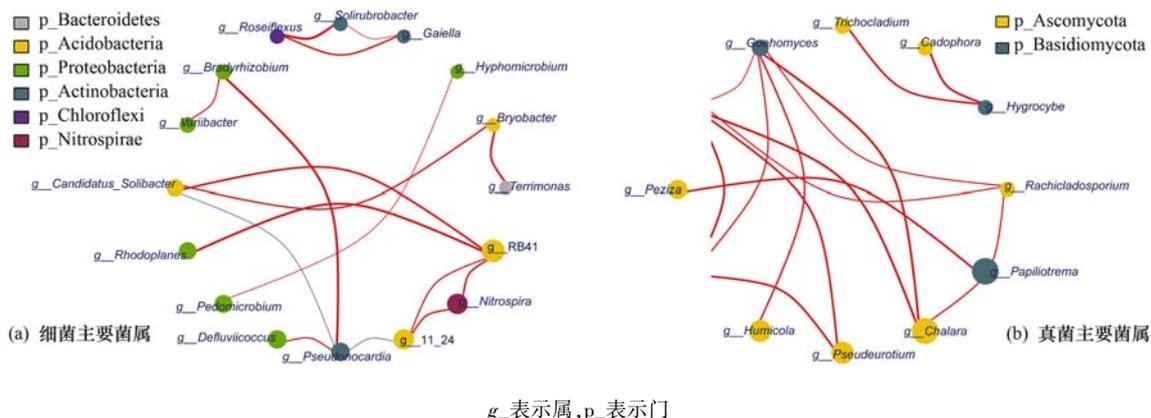


图10 微生物属间共现性关系网络

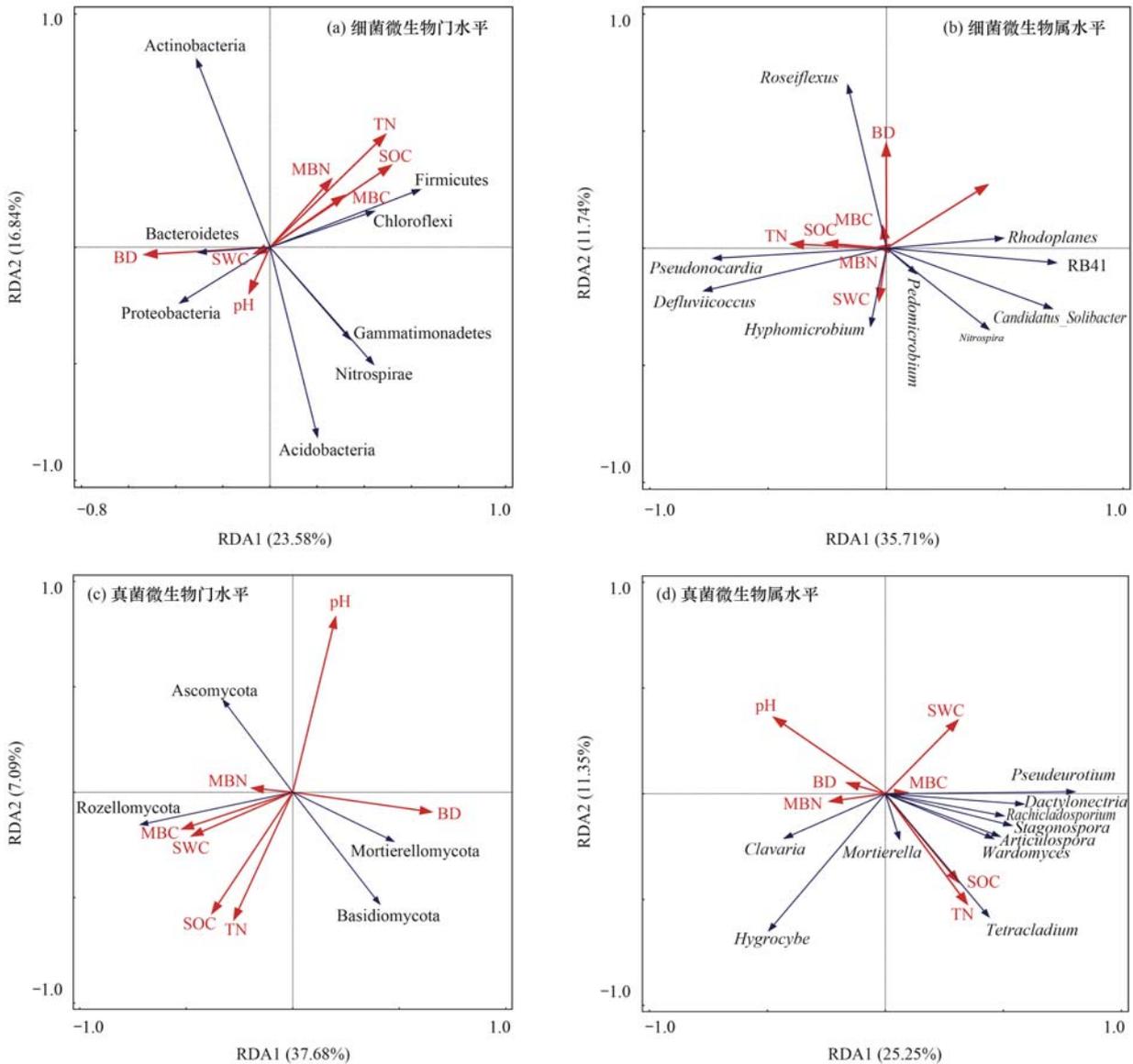
Fig. 10 Network of co-occurrence among microbial genera

响,本研究将土壤理化性质分别于门和属分类水平下与细菌和真菌的群落组成关系进行典型对应分析,分析结果如图 11 所示,细菌门水平下 MBC、MBN 和 BD 的射线较长,表明其对门水平细菌群落结构影响较大. SOC、TN、MBC、MBN 和 SWC 与主导菌门变形菌门、放线菌门和拟杆菌门呈显著正相关,与绿弯菌门、芽单胞菌门和硝化螺旋菌门呈显著负相关. 细菌属水平下 MBN 和 pH 的射线较长,表明其对细菌属水平群落结构影响较大. SOC、TN、MBC、MBN 和 SWC 与假诺卡氏菌属、*Defluviicoccus*、*Hyphomicrobium* 和土微菌属呈显著正相关,与硝化螺旋菌属、红游动菌属、RB11、*Roseiflexus* 和 *Candidatus\_Solibacter* 负显著相关. 真菌门水平下,

MBC、MBN 和 SOC 的射线较长,表明其对真菌门水平群落结构影响较大. SOC、TN、MBC、MBN、SWC 与主导菌门子囊菌门、隐真菌门呈显著正相关,与担子菌门和被孢霉门呈负相关. 属水平下真菌 MBN、SOC 的射线较长,表明其对真菌门水平群落结构影响较大, SOC、TN、MBC、MBN、SWC 和 BD 与假丝酵母菌属、*Tetracladium*、*Dactylonectria*、*Articulospora*、*Wardomyces*、蒜孢属和壳多孢属正相关,与被孢霉属、珊瑚菌和湿伞属负相关. 可见,不同退化程度的高寒沼泽湿地土壤细菌、真菌群落结构与其土壤理化性质存在一定的相互影响关系.

2.7 植被与微生物群落结构相关性分析

选取前 4 种土壤优势微生物门和属,分析植被特



SOC 表示有机碳, TN 表示全氮, MBC 表示微生物碳, MBN 表示微生物氮, BD 表示容重; SWC 表示土壤含水量; pH 表示酸碱度; 蓝色箭头表示土壤微生物细菌和真菌门水平和属水平下种群分布, 红色箭头表示土壤环境因子

图 11 土壤微生物群落结构与土壤理化性质的 RDA 分析

Fig. 11 Result from RDA to explore the relationship between the bacterial diversity and soil properties

征与其相关性(表4和表5).高寒沼泽湿地莎草科盖度、杂草盖度和植被高度与细菌的变形菌门显著相关(0.707、0.735和0.870;  $P < 0.05$ ),杂草盖度与细菌的绿弯菌门和真菌的被孢霉门显著相关(0.860,  $P < 0.01$ ; 0.750,  $P < 0.05$ ).通过分析植物特征与细菌、真菌微生物优势属的相关性发现:除RB41与禾本科盖

度显著相关( $P < 0.05$ )外,高寒沼泽湿地植被特征与细菌微生物属的相对丰度之间相关性不显著,但植被高度与真菌微生物优势属假丝酵母菌属、被孢霉属和 *Dactylonectria* 显著相关(0.751,  $P < 0.05$ ; 0.834,  $P < 0.01$ ; 0.740,  $P < 0.05$ ),杂草盖度与 *Tetracladium* 显著相关(0.753,  $P < 0.05$ ).

表4 不同退化程度植被特征与主要微生物门水平相对丰度相关性分析<sup>1)</sup>

Table 4 Correlation analysis of vegetation characteristics and main microorganisms

| 项目    | 主要细菌门水平相对丰度 |        |        |         | 主要真菌门水平相对丰度 |        |        |        |
|-------|-------------|--------|--------|---------|-------------|--------|--------|--------|
|       | Pro         | Act    | Aci    | Chl     | Asc         | Roz    | Bas    | Mor    |
| 总盖度   | -0.341      | 0.154  | -0.045 | 0.186   | -0.280      | -0.190 | 0.253  | 0.403  |
| 禾本科盖度 | -0.296      | -0.468 | 0.618  | -0.106  | -0.503      | -0.238 | 0.530  | 0.168  |
| 莎草科盖度 | 0.707*      | 0.253  | -0.335 | -0.338  | 0.648       | 0.368  | -0.431 | -0.451 |
| 杂草盖度  | 0.735*      | 0.279  | -0.276 | 0.860** | -0.614      | -0.458 | 0.246  | 0.750* |
| 植物高度  | 0.870*      | 0.237  | -0.415 | -0.348  | 0.356       | 0.553  | -0.433 | -0.364 |
| 地上生物量 | 0.226       | -0.148 | 0.060  | 0.046   | -0.112      | 0.523  | 0.053  | -0.234 |

1) Pro表示变形菌门(Proteobacteria); Act表示放线菌门(Actinobacteria); Aci表示酸杆菌门(Acidobacteria); Chl表示绿弯菌门(Chloroflexi); Asc表示子囊菌门(Ascomycota); Roz表示隐真菌门(Rozellomycota); Bas表示担子菌门(Basidiomycota); Mor表示被孢霉门(Mortierellomycota); \*表示  $P < 0.05$ , \*\*表示  $P < 0.01$

表5 不同退化程度植被特征与主要属水平微生物相对丰度相关性分析<sup>1)</sup>

Table 5 Correlation analysis of vegetation characteristics and main microorganisms

| 指标    | 主要细菌属水平相对丰度 |        |        |        | 主要真菌属水平相对丰度 |         |        |        |
|-------|-------------|--------|--------|--------|-------------|---------|--------|--------|
|       | Def         | RB41   | Ped    | Nit    | Pse         | Mor     | Tet    | Dac    |
| 总盖度   | -0.111      | 0.275  | -0.423 | 0.372  | -0.273      | 0.425   | -0.020 | 0.037  |
| 禾本科盖度 | -0.464      | 0.731* | -0.511 | 0.167  | -0.382      | 0.206   | -0.523 | -0.498 |
| 莎草科盖度 | 0.294       | -0.449 | 0.286  | -0.070 | 0.433       | 0.578   | -0.478 | 0.453  |
| 杂草盖度  | 0.135       | -0.116 | -0.034 | -0.004 | -0.402      | -0.347  | 0.753* | -0.167 |
| 植物高度  | 0.358       | -0.426 | 0.391  | -0.425 | 0.751*      | 0.834** | -0.426 | 0.740* |
| 地上生物量 | 0.135       | -0.032 | 0.146  | 0.258  | 0.263       | 0.441   | -0.237 | -0.092 |

1) Def表示 *Deffluicoccus*; Ped表示土微菌属(*Pedimicrobium*); Nit表示硝化螺旋菌属(*Nitrospira*); Pse表示假丝酵母菌属(*Pseudeutotium*); Mor表示被孢霉属(*Mortierella*); Tet表示 *Tetracladium*; Dac表示 *Dactylonectria*; \*表示  $P < 0.05$ , \*\*表示  $P < 0.01$

### 3 讨论

#### 3.1 不同退化程度高寒沼泽湿地微生物多样性变化

本研究中,在不同退化程度高寒沼泽湿地土壤细菌和真菌群落中,重度退化土壤细菌和真菌群落的多样性低于轻度退化和未退化.也就是说,高寒沼泽湿地退化影响了土壤细菌和真菌群落的组成,降低了湿地微生物生态环境稳定性,这与邵颖等<sup>[15]</sup>的研究结果基本一致.有研究发现变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、拟杆菌门、芽单胞菌门、硝化螺旋菌门和厚壁菌门是不同退化高寒沼泽湿地的细菌主要群类,子囊菌门、担子菌门、隐真菌门和被孢霉门是真菌主要群类,这与其它类型湿地土壤中发现基本一致<sup>[15~19]</sup>,说明在湿地环境中微生物类群的分布具有一定的相似性.本研究中变形菌门是高寒沼泽湿地土壤细菌的优势菌群,随着退化程度的加剧呈减少趋势,说明变形菌门更加适宜在未退化及退化程度低的湿地环境中生存,高寒沼泽湿地退化加重会影

响变形菌门在高寒湿地的生存使其数量减少.随着退化程度的加剧,冻融丘和丘间的拟杆菌门、绿弯菌门、厚壁菌门和酸杆菌呈增加的趋势,这是因为除酸杆菌门外,其它作为有机物的主要降解者,能够降解复杂有机物<sup>[20]</sup>,酸杆菌胞外多糖的产生和补偿溶质的累积使其能适应湿地退化干旱环境并具有存活的能力<sup>[21]</sup>.子囊菌门随着退化程度的加剧呈减少趋势,这是因为其为腐生菌,能降解土壤有机质<sup>[22,23]</sup>,随着退化程度的加剧,有机碳在减少<sup>[2]</sup>,土壤通气性的改善从而导致子囊菌门的减少.冻融丘和丘间的担子菌门和被孢霉门呈增加的趋势,这是因为担子菌门对难分解碳的利用能力较强,对低养分环境的适应能力比较强<sup>[24]</sup>;被孢霉门喜欢通气性较好的土壤条件,能分解木质素和纤维素、半纤维素,并利用土壤中的糖类物质进行生长代谢,增加土壤有机质和养分含量<sup>[25]</sup>.此外,冻融丘和丘间的优势微生物多样性对退化的响应程度不同.本研究发现,随着退化程度的加剧,丘间的土壤优势微生物相对丰

度下降的速度较冻融丘快,一方面是因为丘间以苔草(*Carex moorcroftii*)为主<sup>[2]</sup>,随着退化程度的加剧,丘间杂类草和禾草等植物种增多,种内竞争加剧,群落优势种更替,植被盖度、高度和地上生物量下降得较冻融丘快,从而导致凋落物的来源减少快,致使微生物碳源减少。另一方面,丘间的土壤含水量较冻融丘高(表1),随着退化程度的加剧,丘间土壤含水量下降速率大于冻融丘,致使土壤有机碳等养分下降,从而影响土壤微生物的生长和繁殖。

网络分析中细菌和真菌大多数的节点来自优势菌门,这与已有的研究发现的规律一致<sup>[18,26~28]</sup>。本研究中细菌的优势菌群变形菌门和绿弯菌门属于固碳微生物<sup>[29]</sup>,变形菌门中包含许多与碳循环有关的菌属<sup>[30]</sup>,与土壤有机碳含量显著相关。拟杆菌门中的 *Terrimonas* 是碳循环的主要参与者,硝化螺旋菌门中的硝化螺旋菌属可将亚硝酸盐氧化成硝酸盐,酸杆菌门中 *Bryobacter* 和 *Candidatus\_Solibacter* 是分解有机质,促进碳循环的菌属<sup>[29]</sup>。真菌中子囊菌门和担子菌门能够快速代谢植物根际沉积的有机底物,加快土壤碳循环<sup>[31]</sup>。被孢霉属能促进有效磷浓度的增加,在有机碳累积中发挥重要作用<sup>[32,33]</sup>。由此可知,高寒沼泽湿地的细菌和真菌中绝大部分菌属与碳氮循环功能有关。本研究表明,随着退化程度的加剧,细菌和真菌中绝大部分菌属相对丰度减少(图3、5、7和9)。湿地退化过程中土壤 C/N 比降低<sup>[34]</sup>,促使土壤微生物活动更加频繁,加速有机碳分解<sup>[30]</sup>。同时,通过植物残体等生物途径进入土壤中的有机质也减少,导致微生物碳源减少,使细菌和真菌中绝大部分菌属相对丰度下降,由此推断湿地退化导致微生物碳氮循环功能减弱。

此外,不同退化程度的高寒沼泽湿地土壤细菌和真菌群落丰度具有差异性,多样性并无太大差异。随着退化程度的加剧,细菌和真菌微生物优势属丰度也在变化,但真菌微生物差异较细菌大,因此真菌微生物恢复至稳定结构所需要的时间可能会更长。

### 3.2 土壤理化性质对湿地微生物多样性的影响

土壤理化性质是影响土壤微生物群落结构变化的关键因子。高寒沼泽湿地的退化由气候变化和冻土消融引起,而过度放牧则加剧了其进程,土壤水分的减少是高寒沼泽湿地退化最直接的响应<sup>[2]</sup>,这也是造成湿地土壤理化性质变化的主要因素。有研究发现<sup>[35~38]</sup>,土壤微生物多样性主要受 pH、有机碳、全氮、含水量和容重等因素的影响。本研究 RDA 分析表明, SOC、TN、SWC、MBC 和 MBN 与大部分优势菌门呈显著正相关,而土壤 pH 呈显著负相关( $P < 0.05$ ),这与李飞等<sup>[8]</sup>的研究结果基本一致。高寒

沼泽湿地退化后容重增大(表1),土壤容重通过影响土壤孔隙度、通气状况直接对土壤微生物产生影响。与此同时含水量也会下降,而土壤含水量通过影响土壤有机碳<sup>[2]</sup>,进而对土壤微生物活动尤其是碳循环产生影响<sup>[39,40]</sup>。Hu 等<sup>[41]</sup>的研究表明,土壤有机碳的变化与微生物变化密切相关,可促进土壤有益微生物增长,通常土壤有机碳含量越高,土壤微生物丰度越高。未退化高寒沼泽湿地中有较高的有机碳含量,能够给予微生物更多的养分,促进微生物的生长发育和滋生,新陈代谢的效率也有所增加<sup>[42]</sup>。而随着高寒沼泽湿地退化的加剧,土壤中的含水量降低<sup>[2]</sup>,养分不多,仅能满足植物生长所需,阻碍微生物养分的获取,从而使微生物减少了参与有机质分解活动,缺乏代谢活性,影响其生长发育和繁殖,进而影响微生物碳、氮含量。由此可知,高寒沼泽湿地土壤优势菌群对土壤主要理化性质的响应存在差异,土壤理化性质调控着土壤细菌、真菌群落多样性。这与赵国慧等<sup>[43]</sup>的研究认为土壤理化性质与土壤微生物群落构成具有一定的相关性的结果基本一致。本研究发现,在门和属水平上, SOC、SWC 和 MBN 是影响微生物优势菌门的关键因子,可以通过施加有机肥、引水灌溉和人工增雨等措施来提高退化湿地土壤微生物丰度。

### 3.3 植被对高寒沼泽湿地土壤微生物多样性的影响

有研究表明,微生物分布的异质性很大程度上取决于周围环境<sup>[44,45]</sup>。植物通过其凋落物和根系分泌物为土壤微生物提供营养,在一定空间尺度上相似的环境条件下,随着植被类型的不同,土壤微生物群落结构表现出一定的差异<sup>[46]</sup>,植物类型初步决定了微生物群落的组成,而植物群落组成的差异导致输入土壤中凋落物的不同,影响养分循环速率,改变土壤肥力,进而影响微生物类群<sup>[47]</sup>。本研究中未退化和轻度退化样地冻融丘以藏嵩草(*Kobresia tibetica*)为优势种,丘间以苔草(*Carex moorcroftii*)和矮嵩草(*Kobresia humilis*)为主;重度退化样地无冻融丘,植被以矮嵩草为主,毒杂类草和禾草等植物种增多。本研究表明,莎草科盖度和植物高度等植被特征与细菌主要优势门如变形菌门呈显著正相关。变形菌门下的许多微生物在各类环境下都能生存<sup>[48,49]</sup>,但优良的环境更有利于变形菌大量积累<sup>[50]</sup>,随着高寒沼泽湿地退化,变形菌门微生物丰度的减少也验证了这一观点。土壤微生物的营养来源是凋落物, Harrop-Archibald 等<sup>[51]</sup>和龙健等<sup>[52]</sup>的研究发现植被能够通过凋落物影响微生物的分布,凋落物增加使微生物的生物量增加,并使微生物的活性得到刺激。本研究中,随着退化程度的加剧,植被盖度、地上生

物量和高度都在降低<sup>[2]</sup>,凋落物在减少,对土壤微生物群落结构产生了影响,在门水平上优势菌门丰度明显减少,其对应的优势属丰度也在明显减少.植物根系分泌物是刺激微生物繁殖的重要能源和养分源,其含有的有机酸、糖、氨基酸及次级代谢产物可为其提供碳源<sup>[53]</sup>,从而影响不同类型植物土壤微生物多样性.本研究未退化和轻度退化的湿地中存在数量巨大的根系分泌物,提高了土壤中的有机质含量,能够给予微生物更多的养分,促进微生物的滋生和生长发育,增加了新陈代谢的效率<sup>[54]</sup>,而重度退化以禾本科和杂草类为主,其根系分泌物及土壤养分较少,微生物代谢速率缓慢.通过进一步分析植被和主要微生物的关系发现,植被特征与细菌和真菌相关(表4和表5),尤其莎草科盖度和植物高度与变形菌门关系密切,因此,可以通过保护高寒沼泽湿地优势种莎草科植物(重点保护冻融丘)来防止变形菌门的丰度的减少.

本研究通过检测分析高寒沼泽湿地不同退化程度土壤中的微生物种类、数量及分布,对高寒湿地相关微生物群落多样性有了一定的了解,对高寒沼泽湿地退化影响土壤微生物群落结构有了进一步认识,而高寒沼泽湿地退化过程中土壤微生物生态学功能的研究是下一步工作方向.

#### 4 结论

(1)不同退化程度高寒沼泽湿地细菌和真菌主要优势门和属一致,细菌为变形菌门和RB41,真菌为子囊菌门和被孢霉属,其相对丰度具有一定差异,其中细菌相对丰度差异小,真菌相对丰度差异大.

(2)冻融丘优势微生物菌门属的相对丰度高于丘间,丘间的优势微生物对退化较冻融丘敏感.高寒沼泽湿地退化,不利于促进优势种微生物多样性.

(3)莎草科盖度、土壤有机碳、土壤含水量、微生物碳和微生物氮是影响土壤微生物群落结构的主要因素,在湿地恢复中应加强湿地冻融丘和莎草科植物的保护和土壤水分、有机碳和微生物碳氮的补充.

致谢:王鹏程、马强、郭凡、张宇鹏、马盼盼、张瑞和马启贤等在采样和实验方面提供帮助,在此一并致谢!

#### 参考文献:

[1] 宋森. 我国的高寒湿地[J]. 大自然, 2015, (5): 64-65.  
 [2] 林春英, 李希来, 李红梅, 等. 不同退化高寒沼泽湿地土壤碳氮和贮量分布特征[J]. 草地学报, 2019, 27(4): 805-816.  
 Lin C Y, Li X L, Li H M, et al. Distribution and storage of soil organic carbon and nitrogen in alpine wetland under different

degradation succession[J]. Acta Agrestia Sinica, 2019, 27(4): 805-816.

- [3] Wu P F, Zhang H Z, Cui L W, et al. Impacts of alpine wetland degradation on the composition, diversity and trophic structure of soil nematodes on the Qinghai-Tibetan Plateau [J]. Nature, 2019, 422: 1-12.
- [4] 刘峰, 高云芳, 李秀启. 我国湿地退化研究概况[J]. 长江大学学报(自然科学版), 2020, 17(5): 84-89.  
 Liu F, Gao Y F, Li X Q. The research survey of wetland degradation in China[J]. Journal of Yangtze University (Natural Science Edition), 2020, 17(5): 84-89.
- [5] 郑洁, 刘金福, 吴则焰, 等. 闽江河口红树林土壤微生物群落对互花米草入侵的响应[J]. 生态学报, 2017, 37(21): 7293-7303.  
 Zheng J, Liu J F, Wu Z Y, et al. Soil microbial community of mangrove forests and its responses to the invasion of *Spartina alterniflora* in the Minjiang River Estuary [J]. Acta Ecologica Sinica, 2017, 37(21): 7293-7303.
- [6] 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.
- [7] 宁赵, 程爱武, 唐海明, 等. 长期施肥下水稻根际和非根际土壤微生物碳源利用特征[J]. 环境科学, 2019, 40(3): 1475-1482.  
 Ning Z, Chen A W, Tang H M, et al. Microbial carbon source metabolic profile in rice rhizosphere and nonrhizosphere soils with different long-term fertilization management [J]. Environmental Science, 2019, 40(3): 1475-1482.
- [8] 李飞, 刘振恒, 贾甜华, 等. 高寒湿地和草甸退化及恢复对土壤微生物碳代谢功能多样性的影响[J]. 生态学报, 2018, 38(17): 6006-6015.  
 Li F, Liu Z H, Jia T H, et al. Functional diversity of soil microbial community carbon metabolism with the degradation and restoration of alpine wetlands and meadows [J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, 38(17): 6006-6015.
- [9] Li X L, Xue Z P, Gao J. Dynamic Changes of plateau wetlands in Madou County, the Yellow River source zone of China; 1990-2013 [J]. Wetlands, 2016, 36(2): 299-310.
- [10] Wang X J, Zhang Z C, Yu Z Q, et al. Composition and diversity of soil microbial communities in the alpine wetland and alpine forest ecosystems on the Tibetan Plateau [J]. Science of the Total Environment, 2020, 747, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.141358.
- [11] 隋心, 张荣涛, 许楠, 等. 三江平原不同退化阶段小叶章湿地土壤真菌群落结构组成变化[J]. 环境科学, 2016, 37(9): 3598-3605.  
 Sui X, Zhang R T, Xu N, et al. Fungal community structure of different degeneration *deyuxia angustifolia* wetlands in Sanjiang Plain [J]. Environmental Science, 2016, 37(9): 3598-3605.
- [12] 苏小莉, 吕立鑫, 刘晨宇, 等. 七星河湿地微生物数量与理化性质相关性研究[J]. 哈尔滨师范大学自然科学学报, 2018, 34(4): 74-80.  
 Su X L, Lv L X, Liu C Y, et al. The research about correlation between soil microbial quantity and soil physicochemical properties in Qixing River wetland [J]. Nature Sciences Journal of Harbin Normal University, 2018, 34(4): 74-80.
- [13] 黄媛, 方序, 褚文珂, 等. 杭州西溪湿地沉积物细菌的群落结构和多样性[J]. 海洋与湖沼, 2015, 46(5): 1202-1209.  
 Huang Y, Fang X, Zhu W K, et al. Bacterial diversity and

- community structure in sediments of Xixi wetland, Hangzhou [J]. *Oceanologia et Limnologia Sinica*, 2015, **46**(5): 1202-1209.
- [14] 韩晶, 胡文革, 王艳萍, 等. 新疆艾比湖湿地博乐河入口处土壤细菌多样性分析[J]. *微生物学通报*, 2014, **41**(11): 2244-2253.  
Han J, Hu W G, Wang Y P, *et al.* Bacterial diversity in Bole River entrance soil of Ebinur Lake wetland, Xinjiang by 16S rRNA gene sequence analysis [J]. *Microbiology China*, 2014, **41**(11): 2244-2253.
- [15] 邵颖, 曹四平, 刘长海, 等. 基于高通量测序的南泥湾湿地土壤细菌多样性分析[J]. *干旱区资源与环境*, 2019, **33**(2): 158-163.  
Shao Y, Cao S P, Liu C H, *et al.* Bacterial diversity in soils of Nanniwan wetland based on high-throughput sequencing [J]. *Journal of Arid Land Resources and Environment*, 2019, **33**(2): 158-163.
- [16] Xu S Q, Wang Y D, Guo C C, *et al.* Comparison of microbial community composition and diversity in native coastal wetlands and wetlands that have undergone long-term agricultural reclamation [J]. *Wetlands*, 2017, **37**(1): 99-108.
- [17] 赵萌, 印春生, 厉成伟, 等. Miseq 测序分析围垦后海三棱藨草湿地土壤微生物群落多样性的季节变化[J]. *上海海洋大学学报*, 2018, **27**(5): 718-727.  
Zhao M, Yin C S, Li C W, *et al.* Using Miseq sequencing to analyze seasonal soil microbial community dynamics in reclaimed *Scirpus mariqueter* coastal wetlands [J]. *Journal of Shanghai Ocean University*, 2018, **27**(5): 718-727.
- [18] 王鹏, 陈波, 张华. 基于高通量测序的鄱阳湖典型湿地土壤细菌群落特征分析[J]. *生态学报*, 2017, **37**(5): 1650-1658.  
Wang P, Chen B, Zhang H, *et al.* High throughput sequencing analysis of bacterial communities in soils of a typical Poyang Lake wetland [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, **37**(5): 1650-1658.
- [19] 尹晓雷, 陈桂香, 王纯, 等. 互花米草入侵对河口湿地土壤真菌群落结构及多样性影响[J]. *环境科学学报*, 2020, **40**(6): 2186-2194.  
Yin X L, Chen G X, Wang C, *et al.* Effects of *Spartina alterniflora* invasion on soil fungi community structure and diversity in estuarine wetland [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2020, **40**(6): 2186-2194.
- [20] 宣丽霞, 戴文芳, 郁维娜, 等. 有机污染物对杭州湾海域浮游细菌群落的影响[J]. *环境科学*, 2018, **39**(8): 3640-3648.  
Xuan L X, Dai W F, Yu W N, *et al.* Effects of organic pollutants on the bacterioplankton community in Hangzhou Bay [J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(8): 3640-3648.
- [21] Zheng Q, Hu Y T, Zhang S S, *et al.* Soil multifunctionality is affected by the soil environment and by microbial community composition and diversity [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **136**, doi: 10.1016/j.soilbio.2019.107521.
- [22] Beinförde C, Feldberg K, Nylander S, *et al.* Estimating the phanerozoic history of the ascomycota lineages: combining fossil and molecular data [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2014, **78**: 386-398.
- [23] 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.
- [24] Ma A Z, Zhuang X L, Wu J M, *et al.* Ascomycota members dominate fungal communities during straw residue decomposition in arable soil [J]. *PLoS One*, 2013, **8**(6), doi: 10.1371/journal.pone.0066146.
- [25] 陈力力, 刘金, 李梦丹, 等. 水稻-油菜双序列复种免耕、翻耕土壤真菌多样性[J]. *激光生物学报*, 2018, **27**(1): 60-68, 59.  
Chen L L, Liu J, Li M D, *et al.* Diversity of filamentous fungus community in paddy fields with different tillage methods [J]. *Acta Laser Biology Sinica*, 2018, **27**(1): 60-68, 59.
- [26] 何昌飞, 郑立, 高伟, 等. 北戴河退化滨海湿地土壤微生物多样性研究[J]. *海洋科学进展*, 2019, **37**(2): 294-305.  
He C F, Zheng L, Gao W, *et al.* Study on microbial diversity in degradation areas of Beidaihe coastal wetland [J]. *Advances in Marine Science*, 2019, **37**(2): 294-305.
- [27] Jiao S, Liu Z S, Lin Y B, *et al.* Bacterial communities in oil contaminated soils: biogeography and co-occurrence patterns [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, **98**: 64-73.
- [28] 刘亚军, 刘欣, 牟晓真, 等. 大型浅水湖泊鄱阳湖湿地微生物的研究现状[J]. *微生物学通报*, 2019, **46**(12): 3453-3460.  
Liu Y J, Liu X, Mou X Z, *et al.* Research status of microorganisms in a large, shallow lake Poyang Lake wetland [J]. *Microbiology China*, 2019, **46**(12): 3453-3460.
- [29] 禹飞, 梁俊峰, 史静龙, 等. 林冠受损对小坑林场土壤固碳微生物群落结构的影响[J]. *微生物学通报*, 2017, **44**(10): 2297-2306.  
Yu F, Liang J F, Shi J L, *et al.* Effects of canopy damage on soil CO<sub>2</sub> fixation bacterial community structure in Xiaokeng forest farm [J]. *Microbiology China*, 2017, **44**(10): 2297-2306.
- [30] 李振灵, 丁彦礼, 白少元, 等. 潜流人工湿地基质结构与微生物群落特征的相关性[J]. *环境科学*, 2017, **38**(9): 3713-3720.  
Li Z L, Ding Y L, Bai S Y, *et al.* Correlations between substrate structure and microbial community in subsurface flow constructed wetlands [J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(9): 3713-3720.
- [31] 张胜男, 闫德仁, 黄海广, 等. 短期封育对科尔沁沙地榆树疏林土壤微生物群落结构的影响[J]. *生态学杂志*, 2020, **39**(9): 2860-2867.  
Zhang S N, Yan D R, Huang H G, *et al.* Effects of short-term fencing on soil microbial community structure in *Ulmus pumila* scattered woodland of Horqin Sandy Land [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2020, **39**(9): 2860-2867.
- [32] Clemmensen K E, Finlay R D, Dahlberg A, *et al.* Carbon sequestration is related to mycorrhizal fungal community shifts during long-term succession in boreal forests [J]. *New Phytologist*, 2015, **205**(4): 1525-1536.
- [33] Osorio N W, Habte M. Soil phosphate desorption induced by a phosphate-solubilizing fungus [J]. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, 2014, **45**(4): 451-460.
- [34] 王伟华, 刘毅, 唐海明, 等. 长期施肥对稻田土壤微生物量、群落结构和活性的影响[J]. *环境科学*, 2018, **39**(1): 430-437.  
Wang W H, Liu Y, Tang H M, *et al.* Effects of long-term fertilization regimes on microbial biomass, community structure and activity in a paddy soil [J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(1): 430-437.
- [35] 刘晶, 赵燕, 张巧明, 等. 不同利用方式对豫西黄土丘陵区土壤微生物生物量及群落结构特征的影响[J]. *草业学报*,

- 2016, **25**(8): 36-47.
- Liu J, Zhao Y, Zhang Q M, *et al.* Effects of land use on soil microbial biomass and community structure in the loess hill region of west Henan[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2016, **25**(8): 36-47.
- [36] 王艳发, 魏士平, 崔鸿鹏, 等. 青藏高原冻土区土壤垂直剖面中微生物的分布与多样性[J]. *微生物学通报*, 2016, **43**(9): 1902-1917.
- Wang Y F, Wei S P, Cui H P, *et al.* Distribution and diversity of microbial community along a vertical permafrost profile, Qinghai-Tibetan Plateau [J]. *Microbiology China*, 2016, **43**(9): 1902-1917.
- [37] 王楠, 潘小承, 王传宽, 等. 模拟酸雨对毛竹阔叶林过渡带土壤真菌结构及其多样性的影响[J]. *环境科学*, 2020, **41**(5): 2476-2484.
- Wang N, Pan X C, Wang C K, *et al.* Effects of simulated acid rain on soil fungi diversity in the transition zone of moso bamboo and broadleaf forest[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(5): 2476-2484.
- [38] Liu D, Liu G H, Chen L, *et al.* Soil pH determines fungal diversity along an elevation gradient in southwestern China[J]. *Science China Life Sciences*, 2018, **61**(6): 718-726.
- [39] 徐飞, 蔡体久, 杨雪, 等. 三江平原沼泽湿地垦殖及自然恢复对土壤细菌群落多样性的影响[J]. *生态学报*, 2016, **36**(22): 7412-7421.
- Xu F, Cai T J, Yang X, *et al.* Effect of cultivation and natural restoration on soil bacterial community diversity in marshland in the Sanjiang Plain[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, **36**(22): 7412-7421.
- [40] 文东新, 杨宁, 杨满元. 衡阳紫色土丘陵坡地植被恢复对土壤微生物功能多样性的影响[J]. *应用生态学报*, 2016, **27**(8): 2645-2654.
- Wen D X, Yang N, Yang M Y. Effects of re-vegetation on soil microbial functional diversity in purple soils at different re-vegetation stages on sloping-land in Hengyang, Hunan Province, China[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2016, **27**(8): 2645-2654.
- [41] Hu Y J, Xiang D, Veresoglou S D, *et al.* Soil organic carbon and soil structure are driving microbial abundance and community composition across the arid and semi-arid grasslands in northern China[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **77**: 51-57.
- [42] 左平, 欧志吉, 姜启昊, 等. 江苏盐城原生滨海湿地土壤中的微生物群落功能多样性分析[J]. *南京大学学报(自然科学)*, 2014, **50**(5): 715-722.
- Zuo P, Ou Z J, Jiang Q W, *et al.* Function diversity of soil microbial communities in original coastal wetlands, Yancheng, Jiangsu Province [J]. *Journal of Nanjing University (Natural Sciences)*, 2014, **50**(5): 715-722.
- [43] 赵国慧, 李哲哲, 胡少军, 等. 雍城湖湿地土壤理化性质与微生物及植物群落的关系[J]. *西北林学院学报*, 2020, **35**(5): 240-248.
- Zhao G H, Li Z Z, Hu S J, *et al.* The Relationship among soil physicochemical properties & microorganisms and phytocommunity in Yongcheng Lake wetland [J]. *Journal of Northwest Forestry University*, 2020, **35**(5): 240-248.
- [44] 张彦军, 郭胜利. 环境因子对土壤微生物呼吸及其温度敏感性变化特征的影响[J]. *环境科学*, 2019, **40**(3): 1446-1456.
- Zhang Y J, Guo S L. Effect of environmental factors on variation characteristics of soil microbial respiration and its temperature sensitivity[J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(3): 1446-1456.
- [45] 赵轻舟, 王艳芬, 崔骁勇, 等. 草地土壤微生物多样性影响因素研究进展[J]. *生态科学*, 2018, **37**(3): 204-212.
- Zhao Q Z, Wang Y F, Cui X Y, *et al.* Research progress of the influence factors of soil microbial diversity in grassland [J]. *Ecological Science*, 2018, **37**(3): 204-212.
- [46] Wen X Y, Dubinsky E, Wu Y, *et al.* Wheat, maize and sunflower cropping systems selectively influence bacteria community structure and diversity in their and succeeding crop's rhizosphere[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2016, **15**(8): 1892-1902.
- [47] 曾全超. 黄土高原不同植被生态系统土壤微生物多样性及其影响因素研究[D]. 咸阳: 中国科学院研究生院(教育部水土保持与生态环境研究中心), 2015.
- Zeng Q C. The soil factors affecting soil microbial under different vegetation ecozones on the Loess Plateau of China [D]. Xianyang: Graduate School of Chinese Academy of Sciences (Research Center for Soil and Water Conservation and Ecological Environment, Ministry of Education), 2015.
- [48] Xia Y, He X W, Feng Z S, *et al.* A comprehensive analysis of the microbial diversity in natural and engineered ecosystems based on high-throughput sequencing of 16S rRNA gene [J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2019, **140**: 160-168.
- [49] Yang Z Y, Hollebome B P, Shah K, *et al.* Biodegradation potential assessment by using autochthonous microorganisms from the sediments from Lac Mégantic (Quebec, Canada) contaminated with light residual oil [J]. *Chemosphere*, 2020, **239**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2019.124796.
- [50] 吕星宇, 张志山. 固沙植被区土壤质地与土壤微生物数量的关系[J]. *中国沙漠*, 2019, **39**(5): 71-79.
- Lü X Y, Zhang Z S. Recovery of soil microbe quantities dependent on fine particle contents after establishment of sand-fixing revegetation in desert region [J]. *Journal of Desert Research*, 2019, **39**(5): 71-79.
- [51] Harrop-Archibald H, Didham R K, Standish R J, *et al.* Mechanisms linking fungal conditioning of leaf litter to detritivore feeding activity[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, **93**: 119-130.
- [52] 龙健, 赵畅, 张明江, 等. 不同坡向凋落物分解对土壤微生物群落的影响[J]. *生态学报*, 2019, **39**(8): 2696-2704.
- Long J, Zhao C, Zhang M J, *et al.* Effect of litter decomposition on soil microbes on different slopes[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, **39**(8): 2696-2704.
- [53] 潘福霞, 来晓双, 李欣, 等. 不同湿地植物脱氮效果与根际土壤微生物群落功能多样性特征分析[J]. *环境科学研究*, 2020, **33**(6): 1497-1503.
- Pan F X, Lai X S, Li X, *et al.* Nitrogen removal efficiencies and rhizosphere soil microbial community functional diversities of different plants in constructed wetlands [J]. *Research of Environmental Sciences*, 2020, **33**(6): 1497-1503.
- [54] 吴伟祥, 孙雪, 董达, 等. 生物质炭土壤环境效应[M]. 北京: 科学出版社, 2015.

## CONTENTS

|  |  |        |
|--|--|--------|
| Characteristics and Control Strategies on Summertime Peak Ozone Concentration in Shanghai .....  | YAN Ru-sha, WANG Hong-li, HUANG Cheng, <i>et al.</i>             | (3577) |
| Characteristics and Sources of VOCs at Different Ozone Concentration Levels in Tianjin .....   | WANG Wen-mei, GAO Jing-yun, XIAO Zhi-mei, <i>et al.</i>          | (3585) |
| Pollution Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric VOCs During Ozone Pollution Period in the Main Urban Area of Chongqing .....                               | ..... LI Ling, LI Zhen-liang, ZHANG Dan, <i>et al.</i>           | (3595) |
| Emission Characteristics and Atmospheric Chemical Reactivity of Volatile Organic Compounds(VOCs) in Automobile Repair Industry .....   | CHEN Peng, ZHANG Yue, ZHANG Liang, <i>et al.</i>                 | (3604) |
| Analysis of the Continuous Heavy Pollution Process in the Winter of 2016 in Beijing, Tianjin, and Hebei .....  | MAO Ye, ZHANG Heng-de, ZHU Bin                                   | (3615) |
| Evaluation of Air Pollution Characteristics and Air Quality Improvement Effect in Beijing and Chengdu .....  | DANG Ying, ZHANG Xiao-ling, RAO Xiao-qin, <i>et al.</i>          | (3622) |
| Chemical Components and Sources of PM <sub>2.5</sub> and Their Evolutive Characteristics in Zhengzhou .....  | ZHAO Xiao-nan, WANG Shen-bo, YANG Jie-ru, <i>et al.</i>          | (3633) |
| High-frequency Responses to the COVID-19 Shutdown of Heavy Metal Elements in PM <sub>2.5</sub> in Shanghai .....   | CHENG Kai, CHANG Yun-hua, KUANG Ya-qiong, <i>et al.</i>          | (3644) |
| Analysis of Ultraviolet Aerosol Index in Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area .....  | DUAN Jia-le, JU Tian-zhen, HUANG Rui-ni, <i>et al.</i>           | (3652) |
| Vehicle Air Pollutant Emission Inventory and Characterization in Henan Province from 2016 to 2019 .....  | GAO Dan-dan, YIN Sha-sha, GU Xing-ke, <i>et al.</i>              | (3663) |
| Characterization and Exposure Risk Assessment of Non-phthalate Plasticizers in House Dust from Guangzhou .....   | LIU Xiao-tu, PENG Chang-feng, CHEN Da, <i>et al.</i>             | (3676) |
| Distribution, Sources, and Risk Assessment of Polyfluoroalkyl Substances in Main Rivers and Soils of Tianjin .....   | WU Qian-qian, WU Qiang, SONG Shuai, <i>et al.</i>                | (3682) |
| Differentiation of Hydrogen and Oxygen Isotopes in the Water Source Treatment Wetlands of Stream Networks .....  | YANG Ting, WANG Yang, XU Jing-yi, <i>et al.</i>                  | (3695) |
| Characterizing Sources and Composition of Chromophoric Dissolved Organic Matter in a Key Drinking Water Reservoir Lake Tianmu .....  | ..... ZHOU Lei, ZHOU Yong-qiang, ZHANG Yun-lin, <i>et al.</i>    | (3709) |
| Sources and Optical Dynamics of Chromophoric Dissolved Organic Matter in Different Types of Urban Water Bodies .....   | YU Xiao-qin, CUI Yang, CHEN Hui-min, <i>et al.</i>               | (3719) |
| Temporal and Spatial Evolution Characteristics of DOM Spectra in Sediment Interstitial Water in Typical Zones of Baiyangdian Lake .....                                      | ..... ZHOU Shi-lei, CHEN Zhao-ying, ZHANG Tian-na, <i>et al.</i> | (3730) |
| Sources and Spatial Variation of Dissolved Organic Matter in Summer Water of Inflow Rivers Along Chaohu Lake Watershed .....   | NING Cheng-wu, BAO Yan, HUANG Tao, <i>et al.</i>                 | (3743) |
| Spatio-temporal Distribution Characteristics and Driving Factors of Zooplankton in Hongze Lake .....   | CHEN Ye, PENG Kai, ZHANG Qing-ji, <i>et al.</i>                  | (3753) |
| Effects of Farming Practices on Soil Nitrogen and Phosphorus Concentrations and Its Loss in the Drawdown Area of the Tributary Embayment of the Three Gorges Reservoir ..... | ..... LUO Fang, LU Lun-hui, LI Zhe, <i>et al.</i>                | (3763) |
| Temporal and Spatial Evolution of Non-point Source Pollution Load of Total Nitrogen in Tuojiang River Basin .....  | XIAO Yu-ting, YAO Jing, CHEN Shu, <i>et al.</i>                  | (3773) |
| Microplastic-Induced Alterations to Antibiotic Resistance Genes in Seawater .....  | ZHOU Shu-yi-dan, ZHU Yong-guan, HUANG Fu-yi                      | (3785) |
| Enrichment of Antibiotic Resistant Bacteria and Antibiotic Resistance Genes by Sulfamethoxazole in the Biological Treatment System of Mariculture Wastewater .....           | ..... WANG Jin-peng, ZHAO Yang-guo, HU Yu-bo                     | (3791) |
| Optimization of Tidal-Combined Flow Constructed Wetland System and Its Removal Effect on Antibiotic Resistance Genes .....   | CHENG Yu-xiao, WU Dan, CHEN Quan-le, <i>et al.</i>               | (3799) |
| Temporal-spatial Distribution and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Soil of Xiangxi Bay in Three Gorges Reservoir Area .....                            | ..... HUANG Ying-ping, JIN Lei, ZHU Can, <i>et al.</i>           | (3808) |
| Spatial Distribution Pattern and Influencing Factors of Industrial Pollution Emissions in Yangtze River Economic Belt .....  | LI Yun-yi, LIU Li-ping, LIU Yuan-yuan                            | (3820) |
| Aging Process and DOC Analysis of Four Different Types of Plastic Particles in Freshwater Systems .....  | LI Wan-yi, LIU Zhi-lin, MIAO Ling-zhan, <i>et al.</i>            | (3829) |
| Promotion and Mechanisms of DOM on Copper Adsorption by Suspended Sediment Particles .....   | DING Xiang, LI Zhong-wu, XU Wei-hua, <i>et al.</i>               | (3837) |
| Transformation Characteristics of Dissolved Organic Matter During UV/Chlorine Treatment of Municipal Secondary Effluent .....  | WANG Xue-ning, ZHANG Bing-liang, PAN Bing-cai                    | (3847) |
| Effects of Different Nitrite Generation on the Short-cut Nitrification Denitrifying Phosphorus Removal Granules System .....   | WANG Wen-qi, LI Dong, GAO Xin, <i>et al.</i>                     | (3858) |
| Ammonia Nitrogen Removal Performance with Parallel Operation of Conventional and Inverted A <sup>2</sup> /O Sewage Treatment Processes in Winter .....                       | LI Jin-cheng, GUO Ya-ni, QI Rong, <i>et al.</i>                  | (3866) |
| Diversity and PICRUSt2-based Predicted Functional Analysis of Bacterial Communities During the Start-up of ANAMMOX .....   | YAN Bing, FU Jia-qi, XIA Song, <i>et al.</i>                     | (3875) |
| Microbial Community Structure of Activated Sludge and Its Response to Environmental Factors .....  | MA Qie-qie, YUAN Ling-jiang, NIU Ze-dong, <i>et al.</i>          | (3886) |
| Distribution and Sources of Microplastics in Farmland Soil Along the Fenhe River .....   | ZHU Yu-en, WEN Han-xuan, LI Tang-hui-xian, <i>et al.</i>         | (3894) |
| Source Apportionment of Soil PAHs in Lanzhou Based on GIS and APCS-MLR Model .....   | GUAN Xian-xian, ZHOU Xiao-ping, LEI Chun-ni, <i>et al.</i>       | (3904) |
| Migration, Transformation Characteristics, and Ecological Risk Evaluation of Heavy Metal Fractions in Cultivated Soil Profiles in a Typical Carbonate-Covered Area .....     | ..... TANG Shi-qi, LIU Xiu-jin, YANG Ke, <i>et al.</i>           | (3913) |
| Effect of Elevated CO <sub>2</sub> on N <sub>2</sub> O Emissions from Different Rice Cultivars in Rice Fields .....  | YU Hai-yang, HUANG Qiong, WANG Tian-yu, <i>et al.</i>            | (3924) |
| Effects of Coconut Chaff Biochar Amendment on Methane and Nitrous Oxide Emissions from Paddy Fields in Hot Areas .....   | WANG Zi-jun, WANG Hong-hao, LI Jin-qiu, <i>et al.</i>            | (3931) |
| Effects of Biochar Addition Under Different Water Management Conditions on N <sub>2</sub> O Emission From Paddy Soils in Northern Hainan .....                               | ..... WANG Hong-hao, TAN Meng-yi, WANG Zi-jun, <i>et al.</i>     | (3943) |
| Ecological Effects of Species Diversity on Plant Growth and Physico-Chemical Properties in a Pb-Zn Mine Tailings .....   | YANG Sheng-xiang, CAO Jian-bing, LI Feng-mei, <i>et al.</i>      | (3953) |
| Investigation of Dominant Plants and Analysis of Ecological Restoration Potential in Lailishan Tin Tailings .....  | QIN Fu-rong, ZHANG Shi-ying, XIA Yun-sheng, <i>et al.</i>        | (3963) |
| Responses of Different Degradation Stages of Alpine Wetland on Soil Microbial Community in the Yellow River Source Zone .....  | LIN Chun-ying, LI Xi-lai, ZHANG Yu-xin, <i>et al.</i>            | (3971) |
| Effects of Straw Returning with Chemical Fertilizer on Soil Enzyme Activities and Microbial Community Structure in Rice-Rape Rotation .....                                  | JIN Yu-ting, LI Xian-fan, CAI Ying, <i>et al.</i>                | (3985) |
| Shifts in Rhizosphere Bacterial Community Structure, Co-occurrence Network, and Function of <i>Miscanthus</i> Following Cadmium Exposure .....                               | CHEN Zhao-jin, LIN Li-an, LI Ying-jun, <i>et al.</i>             | (3997) |
| Investigation of Soil Fungal Communities and Functionalities within Karst Paddy Fields .....   | ZHOU Jun-bo, JIN Zhen-jiang, XIAO Xiao-yi, <i>et al.</i>         | (4005) |
| Adsorption Characteristics and Mechanism of Cd and Pb in Tiered Soil Profiles from a Zinc Smelting Site .....  | LIU Ling-qing, XIAO Xi-yuan, GUO Zhao-hui, <i>et al.</i>         | (4015) |
| Influence of Different Soil Conditioner on the Transfer and Transformation of Cadmium and Phthalate Esters in Soil .....   | WANG Can, ZHANG Yu-hang, HE Ming-jing, <i>et al.</i>             | (4024) |
| Immobilization Mechanism of Four Types of Amendments on Cu and Cd in Polluted Paddy Soil .....   | DING Yuan, AO Shi-ying, CHEN Yi-hong, <i>et al.</i>              | (4037) |
| Foliar Application of L-Cysteine: Effects on the Concentration of Cd and Mineral Elements in Rice .....  | ZHANG Ya-hui, WANG Chang-rong, LIU Yue-min, <i>et al.</i>        | (4045) |
| Effect of Cadmium Stress on Phytochelatins in <i>Amaranthus hypochondriacus</i> L. During Different Growth Periods .....   | LIU Jia-xin, CHEN Wen-qing, YANG Li, <i>et al.</i>               | (4053) |
| Evolution of Material Metabolism in China's Pulp and Paper Industry .....  | LIU Xin, YANG Tao, WU Hui-jun, <i>et al.</i>                     | (4061) |