https://doi.org/10.3799/dqkx.2025.302

高寒草甸工程扰损区生态重构土壤养分与微生物群落演变特征

李 琪[1,2,3],张鹏飞[2],沈逸凡[1,4],李宇航[2],金 博[1,4],魏人杰[1,4],罗 璟[1,4],张卫彪[2,5],张晓超[1,2],雷泞菲[1,2],裴向军[1,3*]

1. 成都理工大学地质灾害防治与地质环境保护全国重点实验室,四川成都 610059
2. 成都理工大学生态环境学院,四川成都 610059
3. 天府永兴实验室,四川成都 610213
4. 成都理工大学环境与土木工程学院,四川成都 610059
5. 中铁二十四局集团有限公司,上海 200433

摘 要: 工程扰动加速高寒草甸退化,开展工程扰损区草甸修复有助于维持区域生态系统稳定.以汪布曲草甸道路边坡生态重构土壤为研究对象,探究生态修复3年内土壤养分与微生物群落特征的变化规律.结果表明,修复后土壤有机碳、总氮、铵态氮和速效钾含量显著提升,分别增加了344.6%、95.8%、139.9%和174.1%.微生物群落多样性持续提高,酸杆菌、绿弯菌、拟杆菌和芽单胞菌丰度则随时间呈上升趋势.同时,土壤脲酶、蛋白酶及蔗糖酶活性显著增强.PLS-PM分析揭示,修复时间是驱动土壤有机碳和养分恢复的核心因子,其通过影响微生物群落结构-土壤酶活性实现土壤与微生物的协同恢复.本研究可为高寒草甸扰损区土壤恢复效果评估提供数据支撑.

关键词: 高寒草甸;生态修复;生态系统;土壤有机质;土壤微生物群落;土壤酶活性.

中图分类号: P69 **文章编号:** 1000-2383(2026)09-3309-11 **收稿日期:** 2025-08-30

Characteristics of Soil Nutrient and Microbial Community Evolution in Ecologically Restored Areas Affected by Engineering Disturbance in High-Altitude Alpine Meadows

Li Qi[1,2,3], Zhang Pengfei[2], Shen Yifan[1,4], Li Yuhang[2], Jin Bo[1,4], Wei Renjie[1,4], Luo Jing[1,4], Zhang Weibiao[2,5], Zhang Xiaochao[1,2], Lei Ningfei[1,2], Pei Xiangjun[1,3*]

1. *State Key Laboratory of Geohazard Prevention and Geoenvironment Protection, Chengdu University of Technology, Chengdu* 610059, *China*
2. *College of Ecology and Environment, Chengdu University of Technology, Chengdu* 610059, *China*

基金项目: 国家重点研发计划项目(No. 2023YFC3007103);四川省博士后科学基金2023年度特别资助项目(No. 10900-23BZ26-05);天府永兴实验室有组织的科研项目(No. 2023KJGG05);地质灾害防治与地质环境保护全国重点实验室自主研究课题(No. SKLGP2024Z013).

作者简介: 李琪(1993-),女,研究员,硕士生导师,从事环境微生物学及生态修复技术研究.ORCID: 0000-0002-7103-1969. E-mail: liqi21@cdut.edu.cn

* **通讯作者:** 裴向军,E-mail:pxj@cdut.edu.cn

引用格式: 李琪,张鹏飞,沈逸凡,李宇航,金博,魏人杰,罗璟,张卫彪,张晓超,雷泞菲,裴向军,2026.高寒草甸工程扰损区生态重构土壤养分与微生物群落演变特征.地球科学,51(9):3309-3319.

Citation: Li Qi, Zhang Pengfei, Shen Yifan, Li Yuhang, Jin Bo, Wei Renjie, Luo Jing, Zhang Weibiao, Zhang Xiaochao, Lei Ningfei, Pei Xiangjun, 2026. Characteristics of Soil Nutrient and Microbial Community Evolution in Ecologically Restored Areas Affected by Engineering Disturbance in High-Altitude Alpine Meadows. *Earth Science*, 51(9):3309-3319.

3. *Tianfu Yongxing Laboratory*, *Chengdu* 610213, *China*
4. *College of Environment and Civil Engineering*, *Chengdu University of Technology*, *Chengdu* 610059, *China*
5. *China Railway 24th Bureau Group Corporation Limited*, *Shanghai* 200433, *China*

Abstract: Engineering disturbances accelerate the degradation of alpine meadows, but restoring degraded areas through ecological remediation helps maintain regional ecosystem stability. This study investigates changes in soil nutrients and microbial community characteristics over three years of ecological restoration, using soil from the ecologically restored roadside slopes in the Wangbuqu Meadow as the research subject. Results indicate that organic carbon, total nitrogen, ammonium nitrogen, and available potassium content in post-restoration soil significantly increased by 344.6%, 95.8%, 139.9%, and 174.1%, respectively. Microbial community diversity progressively enhanced, with rising temporal trends in the abundance of Acidobacteria, Chloroflexi, Bacteroidetes, and Gemmatimonadetes. Concurrently, soil urease, protease, and sucrase activities markedly intensified. Partial Least Squares-Path Modeling (PLS-PM) analysis reveals that remediation duration served as the primary driver for soil organic carbon and nutrient recovery, facilitating synergistic restoration of soil and microbial communities by influencing microbial community structure and soil enzyme activity. This study provides empirical support for soil recovery outcomes evaluation in disturbed alpine meadow ecosystems.
Key words: alpine meadow; ecological restoration; ecosystems; soil organic matter; soil microbial community; soil enzyme activity.

青藏高原是我国天然草地资源的核心分布区,其草地总面积约占全国的三分之一.该区域平均海拔超过 4 000 m,形成了独特的高寒环境,是高寒草甸广泛发育的重要地带,其面积占比高达 46.7%.作为重要的水源涵养区和生态安全屏障(孙鸿烈等, 2012),高寒草甸在维持区域生物多样性、碳循环稳定及牧业可持续发展中具有举足轻重的地位(梁冰妍等, 2024).近年来,受全球气候变化和日益增强的人类工程活动的双重影响,青藏高原草地退化问题日趋严重,退化面积已达 4.5×10^5 km^2,对区域生态安全构成严峻挑战(王一博等, 2007).已有研究指出,工程扰动对高寒草甸土壤质量造成显著损害,土壤有机质含量下降 55.7%,全氮含量降低 50.3%,最终导致生态系统结构和功能的严重退化(王根绪等, 2005).更为严峻的是,高寒草甸受损后的自然恢复进程极为缓慢,通常需要数十年时间(Wang *et al.*, 2007).这种漫长的恢复周期凸显了高寒生态系统的脆弱性特征,也表明单纯依靠自然恢复难以满足工程损毁区域的生态修复需求(Liu *et al.*, 2018).为此,探索科学有效的人工辅助恢复措施以加速受损生态系统的正向演替,已成为高寒地区工程建设和生态保护的迫切需求(Harris, 2010).

目前,高寒草甸生态修复的研究已从单一关注植被恢复,逐步拓展为对土壤与微生物协同恢复的系统性认识.土壤有机碳库的恢复是生态系统功能重建的物质基础,而土壤微生物群落作为有机碳转化与循环的关键驱动者,其结构与功能的演替则是系统能否实现自我维持的决定性因素(Jansson and Hofmockel, 2020).二者相互关联、相互制约,共同指示着生态修复的进程与成效(Yang *et al.*, 2013).尽管已有研究揭示了演替过程中土壤微生物群落、植被特征与土壤理化因子的变化关系,但修复时长对土壤微生物群落的具体影响仍不明确(修宇鑫等, 2025).阐明土壤特性、植被生长效应及微生物群落对修复时间的响应,对于科学评估生态恢复进程与促进工程扰动区域可持续发展具有重要的理论和数据支撑意义.

因此,本文以汪布曲草原道路扰损边坡生态修复区为研究对象,重点围绕重构土壤理化性质与微生物群落的恢复特征展开研究.通过系统比较生态修复后三个水文年内修复区、扰损区及原生区的土壤理化性质与微生物群落结构,分析包括有机碳在内的多项土壤质量指标的变化及其影响因素,旨在阐明生态恢复时间、土壤性质、微生物群落与土壤酶活性之间的内在联系,进而揭示驱动土壤质量与微生物群落协同恢复的关键因子及其相对重要性.研究成果可为高寒草甸工程扰动区生态修复的长效性评估提供理论支撑,对维系青藏高原生态屏障功能稳定具有重要的实践价值.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于青藏高原东缘横断山系北段三江构造带内的汪布曲地区,海拔在 4 052~4 703 m 之间,属构造剥蚀低高山地貌,同时属于高原温带半干旱季风型气候,受特殊地理位置的影响,气温垂

直变化明显,气温偏低,昼夜温差较大.年降水量为496.59 mm,固态降水占比达到47%,时间跨度为11月至次年4月.该区域具有植被覆盖度低、土层浅薄等特征,属于典型生态脆弱区.工程活动导致的草甸剥离、土壤结构破坏及微地形改变等情况,进一步加剧了水土流失与生态系统退化风险.

1.2　样品采集与保存

本研究选取高原道路某隧道口刷方边坡扰损区(CT),生态修复后1年(R1)、2年(R2)、3年(R3)的修复区以及周边未受人为扰动的原生区(N)土壤为研究对象.采集时间为2021年7月至2023年7月.采集土壤样品时于每个区域内设置3个1 m×1 m的样方,利用直径3.5 cm的土钻在样方内采用5点法钻取0～10 cm的土壤,挑去大块石块、植物根系后混合.样品风干或在烘箱内37 ℃烘干后于4 ℃冷藏保存,用于后续土壤理化性质的测试分析;另一部分样品于－20 ℃冷冻保存,用于后续土壤微生物16S rRNA测序.操作全程使用灭菌工具.

1.3　测试方法

(1)土壤理化性质.土壤铵态氮(NH_4^+-N)含量的测定采用KCl浸提-靛酚蓝分光光度法,土壤硝态氮(NO_3^--N)含量测定采用KCl提取-镉柱还原分光光度法,土壤总氮(TN)含量的测定选择凯氏定氮法,土壤总磷(TP)含量的测定采用钼锑抗分光光度法,土壤有机碳(SOC)含量的测定采用重铬酸钾氧化-分光光度法,土壤pH的测定采用电极法,土壤中含水率的测定采用环刀法,土壤速效钾(AK)含量的测定采用乙酸铵浸提火焰原子吸收法,土壤中速效磷(AP)含量的测定采用联合浸提-比色法.

(2)土壤酶活性测定.新鲜土样于4 ℃恒温环境下保存,测定指标包括脲酶、蔗糖酶、酪蛋白酶和中性磷酸酶,采用购买自苏州科铭生物技术有限公司的土壤酶活性检测试剂盒和酶标仪进行测定,操作步骤严格按照说明书进行.

(3)土壤微生物测序.土壤样本在去除动物、植物残留物、砾石和其他杂质后分装送往上海美吉生物医药科技有限公司(中国上海)进行微生物测序.

1.4　数据分析

土壤理化性质数据采用Microsoft Excel 2019处理,使用SPSS 26.0进行单因素方差分析检验和数据分析,运用Origin 2022完成可视化作图,通过运用R软件中的plspm程序包,基于指标数据构建偏最小二乘路径模型(Partial Least Squares Path Model,PLS-PM)进行分析.微生物数据采用派森诺生物科技有限公司平台进行作图.

2　结果与讨论

2.1　土壤理化性质

如图1所示,生态修复工程显著改善了土壤质量(黄明芝等, 2021).土壤有机碳含量随修复年限增加持续上升,修复3年达峰值52.29 g/kg,较扰损区显著提高344.6%($P<0.05$),且超越原生区水平,这与康杰(2024)的研究结论一致,进一步证明了植被恢复能够有效促进碳输入.土壤pH显著降低,R2时值最低,为7.25,R3时值与原生区无显著差异,表明工程措施成功重建酸碱平衡(冯焕德等, 2025).土壤含水率在R3时升至29%,较扰损区增加了190%,已有研究显示,生态修复通过优化土壤孔隙结构,从而显著提升了土壤的持水与保水能力(陈珲等, 2024),最终改善了土壤的水分供应状况.氮素含量呈现差异化响应,全氮与铵态氮较扰损区分别增加了95.8%和139.9%,分别在R2和R3时达峰值,修复后显著高于扰损区;硝态氮则降低62.1%,R3时最低值为4.22 mg/kg,反映土壤氮循环趋于稳定(Lu *et al.*, 2025).磷钾调控效果显著,全磷与速效磷分别下降51.2%和18.9%,均在R3时达最低值0.60 g/kg和22.13 mg/kg,速效钾(AK)虽逐年降低但仍显著高于扰损区($P<0.05$),R3时均接近原生区水平,这与温小珊(2024)提出的人工干预有效优化了磷钾循环机制这一结论相契合.

相关性分析表明(图2),TP和pH、NO_3^--N之间存在显著正相关关系,SWC与TP、pH、NO_3^--N呈显著负相关($P<0.05$).此外,对比SOC与其他变量之间的关系可发现,SOC和TP呈现出负相关关系,这或许是由于低温抑制了微生物活性,从而减缓了有机质分解与有机磷矿化.同时,高有机碳的积累加剧了土壤酸性,这使得磷素更易被铁铝氧化物固定,并最终导致总磷含量降低(Carey *et al.*, 2016).SOC与pH同样呈现出显著的负相关关系 ($P<0.05$),这意味着土壤有机碳增加有可能改善土壤结构以及缓冲能力,让土壤pH值趋向中性或者碱性(Diaconno and Montemurro, 2010).SOC与NO_3^--N呈现出显著的负相关关系,显示出低温限制的氮循环阻滞效应,这与Conant *et al.*(2011)发现的氮循环受基础碳源供应制约的主张相印证.然而SOC

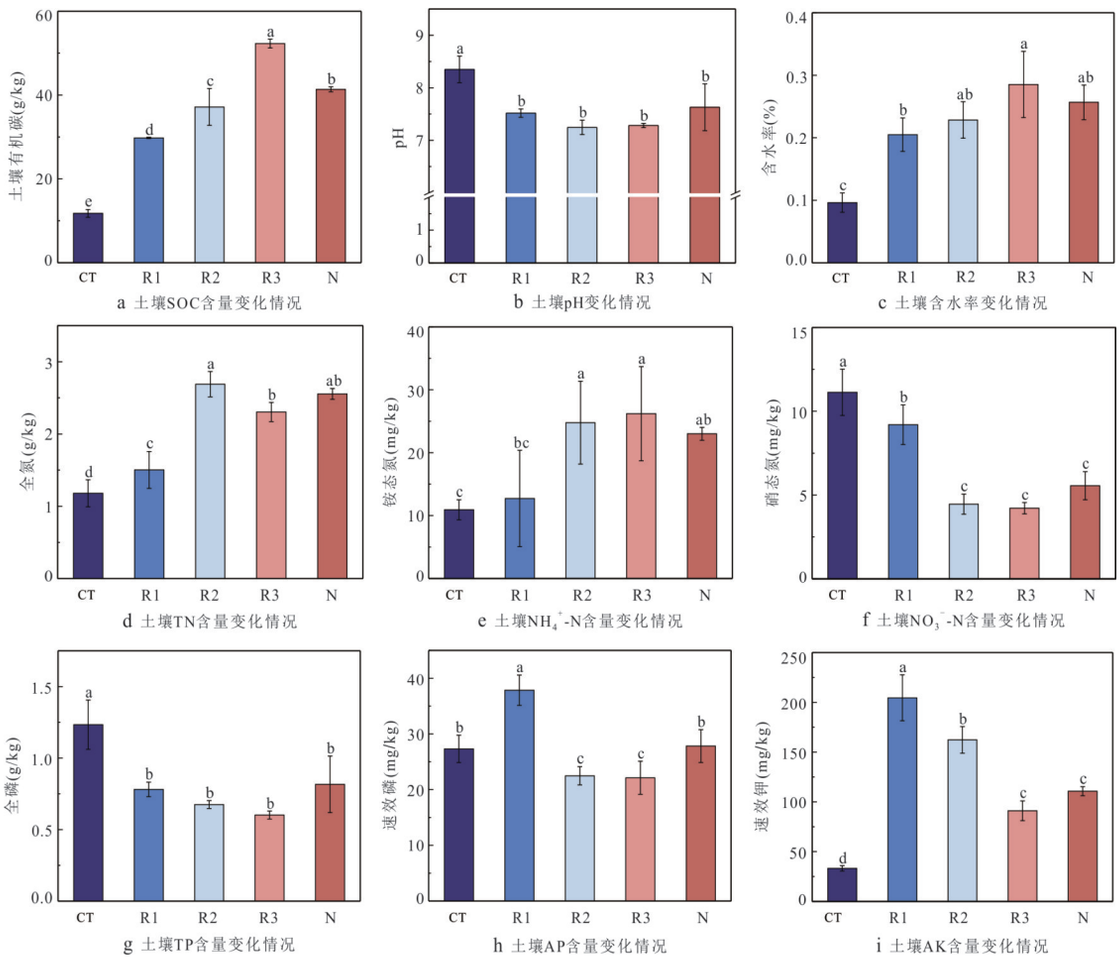


图 1 不同生态修复时间下重构土壤理化性质

Fig.1 Soil physicochemical properties in restored areas at different ecological restoration time points

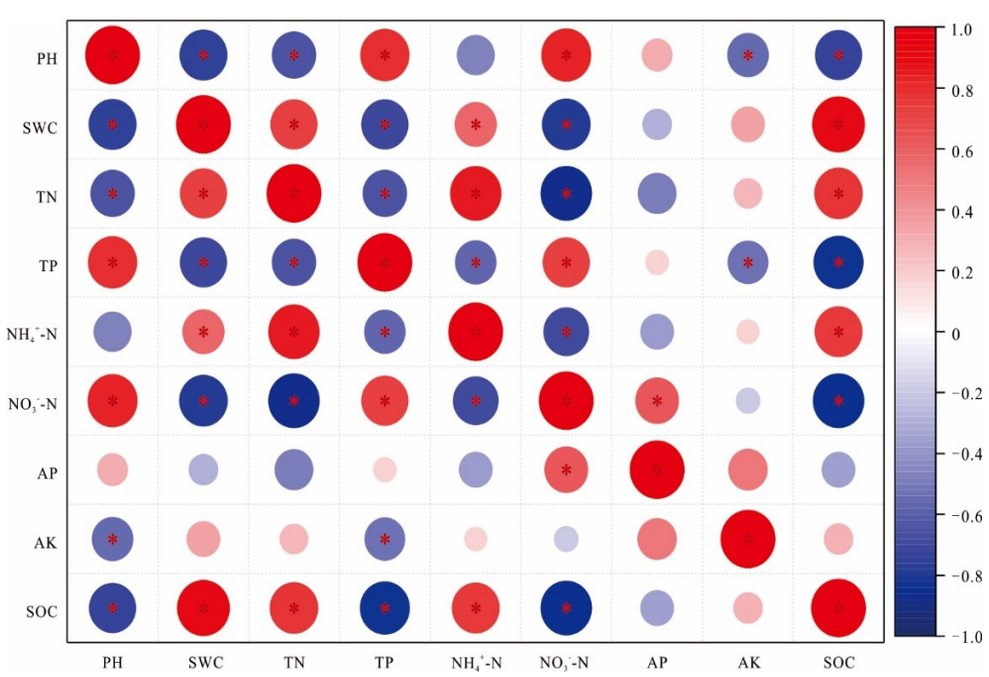


图 2 生态修复区土壤理化性质相关性分析

Fig.2 Correlation analysis of soil physicochemical properties in ecological restoration areas

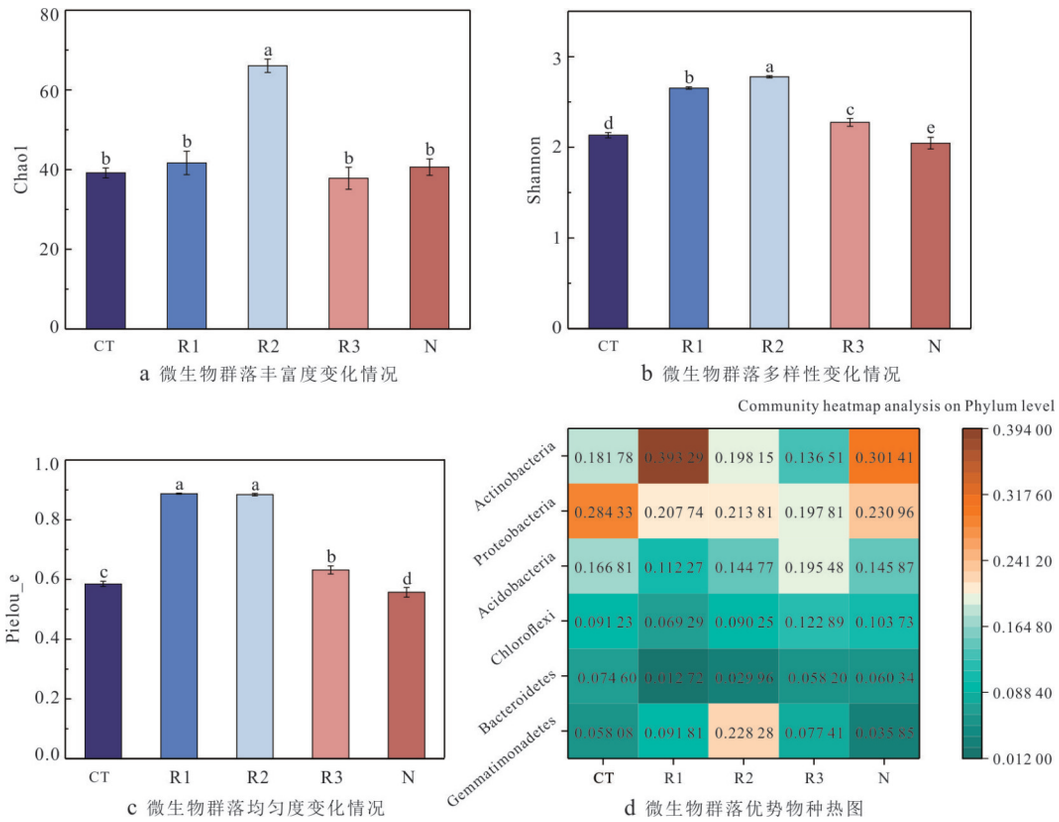


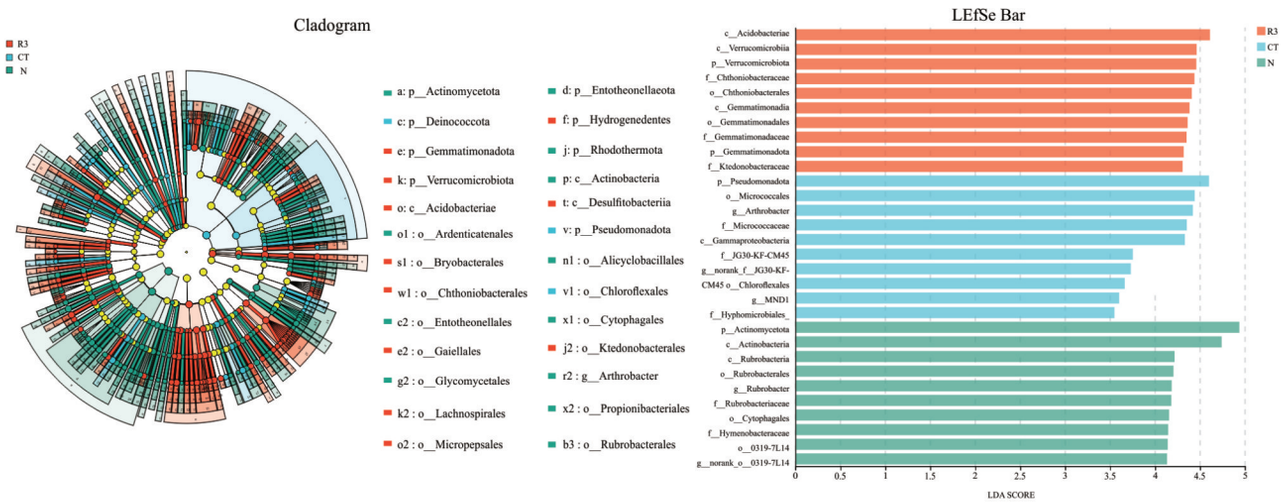
图 3　土壤微生物群落丰富度、多样性、均匀度及组成随时间的变化情况

Fig.3　Temporal changes in soil microbial community richness, diversity, evenness, and composition

和AK呈现出负相关关系,揭示出土壤有机质的增加可能导致速效钾有效性降低,其潜在机制主要涉及两个方面:其一,有机质所含的官能团如羧基、酚羟基等与钾离子竞争土壤胶体表面的吸附位点,直接抑制了钾的固定(Barré *et al.*, 2017);其二,有机矿物复合体的形成改变了土壤胶体表面电荷的分布特性,从而影响了对阳离子的吸附能力(Sparks, 2003).这种相互作用揭示了SOC在维持土壤化学平衡过程中,可能对特定养分的生物有效性产生抑制作用,进一步凸显了土壤中碳-养分耦合作用的复杂性(Basile-Doelsch *et al.*, 2020),SOC和SWC呈现出显著的正相关关系,土壤有机碳增加可改进土壤结构以及水稳性团聚体的形成,提升土壤的水分保持能力(Six *et al.*, 2004).SOC和TN呈现出较大的正相关关系,说明土壤有机碳是土壤氮素的关键来源之一,其含量增加一般会引起全氮含量上升(徐香茹等, 2015),SOC和NH_4^+-N呈现出显著的正相关关系,土壤有机碳增加可能会推动有机氮的矿化进程,使得铵态氮含量增加(徐香茹等, 2015).土壤有机碳作为土壤生态系统中的关键部分,一方面可借助胶体吸附以及解吸的机制来调节养分的有效性(贾广梅等, 2016),另一方面还可以让孔隙结构得到改善,以此优化水分和气体的传输(楚亚杰等, 2025).综上,生态修复通过有效提高土壤有机碳与全氮含量,促进了土壤基础肥力的恢复与碳氮养分的持续积累,揭示了维持生态恢复中养分平衡的重要性.

2.2　土壤微生物群落分析

生态修复显著调控了土壤微生物群落结构(许吉康等, 2023).Chao1丰富度指数与Shannon多样性指数均在修复中期达到峰值,从图3a~3c可知,R2时期Chao1指数与Shannon指数较扰损区显著提升($P<0.05$).修复前两年内,Chao1指数从41.68升至66.05,显著增加58.5%($P<0.05$);Shannon指数上升6.5%.Pielou_e均匀度指数则在修复初期R1阶段呈现最高值0.887,较扰损区显著提高7.9%($P<0.05$).至修复第三年,三类指数均出现显著回落:Chao1指数较峰值显著降低42.7%($P<0.05$),Shannon与Pielou_e指数降至接近扰损区及原生区水平.这样的变化与生态修复工程所实施的综合措施有着直接的关联,土壤结构改良、植被群落重建以及优化水分条件等,改善了土壤环境,为微生物群落的恢复营造了有利条件(霍亚楠等, 2025).图3d中,对微生



a 进化分支图 b LDA效应量柱状图

图 4 土壤微生物群落 LEfSe 分析：进化分支图与 LDA 效应量柱状图

Fig.4 LEfSe analysis of the soil microbial community: cladogram and LDA-effect-size bar chart

物群落进行分析可以说明，在生态修复中，与碳、氮、钾循环相关的功能菌群的丰度逐渐增加．门级菌群分析可揭示不同功能类群对于生态修复所呈现出的差异化响应：放线菌门（Actinobacteria）与变形菌门（Proteobacteria）在R1区的丰度达到峰值，此后逐年递减，这反映出二者作为有机质快速分解的先锋类群，在修复初期借助加速腐殖质矿化来推动养分释放，不过随着土壤有机质积累趋向稳定，它们的竞争优势便逐渐减弱，绿弯菌门（Chloroflexi）在R3区富集，这或许与它的光能异养特性存在关联（Maresca *et al.*, 2019），意味着修复后期光能驱动型碳循环路径得到强化，酸杆菌门（Acidobacteria）、拟杆菌门（Bacteroidetes）以及芽单胞菌门（Gemmatimonadetes）维持稳定的低丰度，它们对环境扰动的敏感性较低，有可能作为“核心菌群”来支撑基础代谢功能（Fierer *et al.*, 2007）．这种演变特征符合土壤生态系统的自然恢复规律，证明了物理生境改良与生物要素调控的协同作用（Moreno-Mateos *et al.*, 2012），可有效促进受损区域微生物生态功能的恢复．

2.3 不同生态修复时间生物标记物差异分析

基于Kruskal-Wallis检验以及LDA效应量开展LEfSe分析，测试结果见图4，从内至外每一环分别代表界、门、纲、目、科、属、种，节点大小代表丰度高低，着色节点为差异物种．结果显示不同区域间存在显著差异的微生物类群，其中N区、CT区、R区分别检测到13门、20门、17门．N区差异显著的生物标志物为放线菌门（Actinobacteria）；CT区差异显著的生物标志物为奇球菌门（Deinococcota）和假单胞菌门（Pseudomonadota）；R区差异显著的生物标志物为芽单胞菌门（Gemmatimonadota）和酸杆菌门（Acidobacteriota）．这些标志性菌群的分布差异反映了不同环境条件或处理措施对土壤微生物群落结构的显著影响．扰损区以假单胞菌门（Pseudomonadota）为优势菌群，通过降解有机污染物和驱动氮磷循环提升土壤养分的有效性，为生态系统初期恢复提供微生物基础（Alori *et al.*, 2017）；微球菌目（Micrococcales）和节杆菌属（*Arthrobacter*）则参与有机质分解与酶活性激活，协同构建初级养分循环网络（Yang *et al.*, 2015）．修复区中酸杆菌门（Acidobacteriota）成为优势类群，通过促进腐殖质合成及维持微酸性环境，推动有机碳库稳定积累（Eichorst *et al.*, 2018）；疣微菌门（Verrucomicrobia）调控复杂多糖分解，加速有机质向稳定形态转化；Chthoniobacteraceae和Chthoniobacterales通过降解植物纤维释放活性碳组分并推进腐殖化，共同重构碳代谢网络以提升有机质质量与稳定性（Yang *et al.*, 2015）．原生区以Actinomycetota为主导，通过分解木质素等顽固有机物参与腐殖质合成与碳库稳定（Holmes *et al.*, 2000）；放线菌门（Actinobacteria）和红色杆菌目（Rubrobacterales）降解芳香族化合物促进腐殖酸形成及氮磷释放；红杆菌科（Rubrobacteraceae）分泌胞外多糖增强团聚体稳定性，Hymenobacteraceae则协同分解植物残体与固氮代谢，形成成熟的有机质分解-腐殖化-养分循环耦合网络（Lian *et al.*, 2022）．

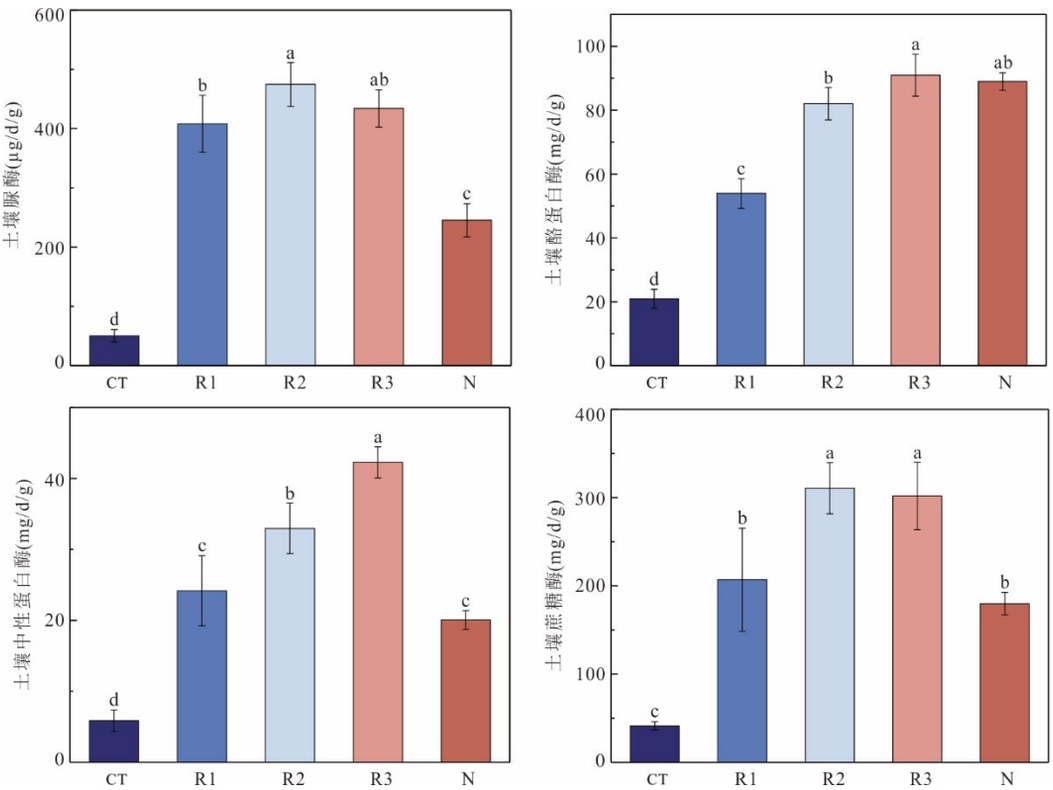


图5　生态修复区土壤酶活性随时间的变化情况

Fig.5　Changes in soil enzyme activity over time in ecological restoration areas

综上所述,生态修复下的土壤微生物群落演替,实质上是其对土壤环境改善的主动响应与正向反馈过程.微生物群落的演替规律是评估生态修复进程的关键生物标记物,从扰损区以养分循环为主导的功能菌群,到修复区以腐殖化及碳稳定性提升为核心的类群,最终演变为原生区具备成熟有机物分解、腐殖化、养分循环耦合网络的功能群落,标志着生态系统向稳定成熟态发展的轨迹.

2.4　生态修复时间对土壤酶活性的影响

土壤酶活性可以表征土壤生物学活性强度,也可以作为评价土壤熟化程度和土壤肥力水平的指标(冯慧琳等, 2021).由图5可以看出,生态修复后,脲酶、酪蛋白酶、中性蛋白酶和蔗糖酶活性均得到了显著提高($P<0.05$),相较于扰损区其活性分别由50.39 mg•d^{-1}•g^{-1}、20.92 mg•d^{-1}•g^{-1}、5.86 mg•d^{-1}•g^{-1}、41.23 mg•d^{-1}•g^{-1}提升至434.04 mg•d^{-1}•g^{-1}、90.98 mg•d^{-1}•g^{-1}、42.26 mg•d^{-1}•g^{-1}、301.78 mg•d^{-1}•g^{-1},相应增幅高达761.4%、335.0%、621.8%和631.9%.土壤脲酶活性与微生物群落和土壤理化性质密切相关,其活性受土壤水分、温度、pH值及重金属污染等因素影响.在养分循环中,脲酶通过催化尿素水解为氨和二氧化碳,直接调控土壤氮素的转化与供应,影响植物氮营养效率;其活性变化可敏感反映管理措施,因此常被作为关键生物指标用于评估土壤质量及氮循环动态(Adetunji *et al.*, 2017).土壤脲酶活性随修复时间延长显著增加,主要归因于喷播措施引入的外源有机质持续分解,为土壤微生物提供了尿素等丰富的氮源底物,刺激了脲酶产生菌的增殖与活性.同时,随着修复进行,植被逐渐恢复,其根系分泌物显著增强了根际微生物的活性,进一步促进了脲酶的分泌(王玉琴等, 2019).同时土壤蛋白酶活性也随修复年限呈现显著上升趋势.这一现象的核心驱动因素是生态修复引入的富氮有机物料,如植物秸秆和有机肥料,持续为土壤微生物群落提供丰富的蛋白质类底物.此类底物通过激发微生物的代谢响应,诱导其大量合成并分泌蛋白酶以加速有机质分解,从而满足微生物自身生长对氮素的需求.与此同时,喷播后植被的逐步恢复以及土壤理化性质的改善,包括水分保持能力和结构稳定性的提升,协同优化了微生物的生存环境,进一步强化了蛋白酶的合成与积累.该活性增长是土壤氮循环功能恢复的关键生物学指标,标志着有机氮向植物可利用态无机氮的转化效率显著提高(Bastida *et al.*, 2008).生态修复中蔗糖酶活性显

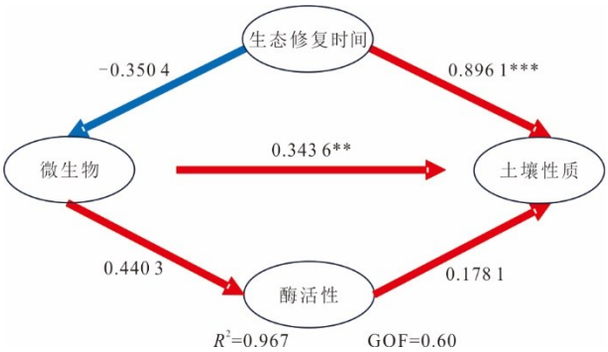


图 6 偏最小二乘路径模型(PLS-PM)揭示时间对土壤-微生物的影响

Fig.6 Partial least squares path modeling (PLS-PM) reveals the effect of remediation time on soil-microbe interactions

著上升,源于外源碳输入对微生物分泌酶的诱导及根际分泌物对底物浓度的协同提升,该机制在控制性碳输入实验中获直接验证(Deltedesco *et al.*, 2020).

2.5 影响路径分析

根据影响因素分析结果,选取生态修复时间(Time)、微生物(Microorganism)、酶活性(Enzyme Activity),分析各因子对土壤性质(Soil Properties)的影响.路径分析结果如图 6 所示.PLS-PM 分析拟合优度表明模型对数据的解释力强,能较好地阐释各变量间的因果联系.模型对土壤性质变量的解释度(R^2)高达 0.967,整体拟合优度(GOF)为 0.60,表明模型具有良好的解释力.分析结果显示,恢复时间是驱动生态恢复的核心因素(路径系数=0.896,$P<0.05$),其对土壤性质恢复表现出极显著的直接正向效应.然而,生态修复时间对微生物群落的直接效应为负值,这暗示在恢复初期,外部干预或环境筛选压力可能对微生物群落结构产生短暂的扰动,导致其多样性变化.微生物群落对土壤性质产生显著的正向影响(路径系数=0.344,$P<0.05$),以及通过提升土壤酶活性进而间接优化土壤性质两条路径间接促进了土壤性质的改善.综上所述,本模型揭示了高寒草甸恢复过程中,生态修复时间主要通过直接改善土壤理化性质主导恢复进程,而微生物群落则扮演着关键但相对次要的协同角色,其通过分泌胞外酶共同参与土壤肥力的恢复.

3 结论

汪布曲高寒草甸扰损区生态修复有效遏制了高寒退化草甸的土壤退化过程.土壤有机碳含量与含水率显著提高,同时 pH 值降低.在养分方面,同扰损区相比,土壤氮素固持效率增强,总氮与铵态氮含量显著上升而硝态氮下降,速效钾含量增加,磷有效性降低.微生物群落多样性显著提升,Shannon 指数和 Pielou_e 均匀度指数分别提高 6.5% 和 7.9%,群落结构呈现明显的演替特征,并被识别出各修复阶段的指示微生物类群.同时,土壤中关键酶活性显著上升,表明微生物代谢功能得到有效恢复.除此之外,PLS-PM 分析表明生态修复时间作为首要驱动因子,其通过直接作用和以微生物群落结构-土壤酶活性为中介的间接路径,共同影响土壤有机碳及养分恢复,进而揭示驱动土壤质量与微生物群落协同恢复的关键路径.本研究证实生态修复可系统驱动土壤有机碳的显著积累,为高寒草甸生态修复提供了理论基础.

References

Adetunji, A. T., Lewu, F. B., Mulidzi, R., et al., 2017. The Biological Activities of B-Glucosidase, Phosphatase and Urease as Soil Quality Indicators: A Review. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 17(3): 794-807. https://doi.org/10.4067/s0718-95162017000300018

Alori, E. T., Glick, B. R., Babalola, O. O., 2017. Microbial Phosphorus Solubilization and Its Potential for Use in Sustainable Agriculture. *Frontiers in Microbiology*, 8: 971. https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00971

Barré, P., Durand, H., Chenu, C., et al., 2017. Geological Control of Soil Organic Carbon and Nitrogen Stocks at the Landscape Scale. *Geoderma*, 285: 50-56. https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2016.09.029

Basile-Doelsch, I., Balesdent, J., Pellerin, S., 2020. Reviews and Syntheses: The Mechanisms Underlying Carbon Storage in Soil. *Biogeosciences*, 17(21): 5223-5242. https://doi.org/10.5194/bg-17-5223-2020

Bastida, F., Zsolnay, A., Hernández, T., et al., 2008. Past, Present and Future of Soil Quality Indices: A Biological Perspective. *Geoderma*, 147(3-4): 159-171. https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2008.08.007

Carey, J. C., Tang, J. W., Templer, P. H., et al., 2016. Temperature Response of Soil Respiration Largely Unaltered with Experimental Warming. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 113(48): 13797-13802. https://doi. org/10.1073/pnas.1605365113

Chen, H., Cui, Y. H., Wang, H. M., et al., 2024. Advanc-

es in Mines Ecological Restoration and Carbon Sequestration Potential. *Earth Science*, 49(12): 4594－4607 (in Chinese with English abstract).

Chu, Y. J., Jing, L. J., Feng, D. L., 2025. Numerical Study on Porosity-Permeability Evolution of Porous Media during Biocementation Process. *Building Construction*, 47(5): 657－661 (in Chinese with English abstract).

Conant, R. T., Ryan, M. G., Ågren, G. I., et al., 2011. Temperature and Soil Organic Matter Decomposition Rates-Synthesis of Current Knowledge and a Way Forward. *Global Change Biology*, 17(11): 3392－3404. https://doi.org/10.1111/j.1365-2486.2011.02496.x

Deltedesco, E., Keiblinger, K. M., Piepho, H. P., et al., 2020. Soil Microbial Community Structure and Function Mainly Respond to Indirect Effects in a Multifactorial Climate Manipulation Experiment. *Soil Biology and Biochemistry*, 142: 107704. https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.107704

Diacono, M., Montemurro, F., 2010. Long-Term Effects of Organic Amendments on Soil Fertility. A Review. *Agronomy for Sustainable Development*, 30(2): 401－422. https://doi.org/10.1051/agro/2009040

Eichorst, S. A., Trojan, D., Roux, S., et al., 2018. Genomic Insights into the Acidobacteria Reveal Strategies for Their Success in Terrestrial Environments. *Environmental Microbiology*, 20(3): 1041－1063. https://doi.org/10.1111/1462-2920.14043

Feng, H. D., Zhu, M., Wang, X. H., et al., 2025. Distribution Characteristics of Soil pH Value and Organic Matter and Their Relationship with Soil Nutrients in Mango Orchards of Hainan's Main Mango Producing Areas. *China Tropical Agriculture*, (1): 44－53 (in Chinese with English abstract).

Feng, H. L., Xu, C. S., He, H. H., et al., 2021. Effect of Biochar on Soil Enzyme Activity & the Bacterial Community and Its Mechanism. *Environmental Science*, 42(1): 422－432 (in Chinese with English abstract).

Fierer, N., Bradford, M. A., Jackson, R. B., 2007. Toward an Ecological Classification of Soil Bacteria. *Ecology*, 88(6): 1354－1364. https://doi.org/10.1890/05-1839

Harris, R. B., 2010. Rangeland Degradation on the Qinghai-Tibetan Plateau: A Review of the Evidence of Its Magnitude and Causes. *Journal of Arid Environments*, 74(1): 1－12. https://doi.org/10.1016/j.jaridenv.2009.06.014

Holmes, A. J., Bowyer, J., Holley, M. P., et al., 2000. Diverse, Yet-to-Be-Cultured Members of the Rubrobacter Subdivision of the Actinobacteria Are Widespread in Australian Arid Soils. *FEMS Microbiology Ecology*, 33(2): 111－120. https://doi.org/10.1016/S0168-6496(00)00051-9

Huang, M. Z., Lan, J. C., Wen, L. X., et al., 2021. Response of Soil Quality to Different Ecological Restoration Models in a Karst Rocky Desertification Area. *Journal of Forest and Environment*, 41(2): 148－156 (in Chinese with English abstract).

Huo, Y. N., Zhang, S. B., Yang, Y. W., et al., 2025. Comparative Analysis of Soil Enzyme Activity and Soil Microbial Characteristics between Artificially Restored Grassland and Natural Vegetation in High-Altitude Mining Areas. *Grassland and Turf*, 45(5): 13－25 (in Chinese with English abstract).

Jansson, J. K., Hofmockel, K. S., 2020. Soil Microbiomes and Climate Change. *Nature Reviews Microbiology*, 18(1): 35－46. https://doi.org/10.1038/s41579-019-0265-7

Jia, G. M., Ma, L. L., Xu, D. D., et al., 2016. Vertical Distribution of Heavy Metals and Its Response to Organic Carbon in Red Soil Profile. *Environmental Science*, 37(9): 3547－3553 (in Chinese with English abstract).

Kang, J., 2024. Turnover Dynamics and Sequestration Mechanisms of Organic Carbon in Mollisol and Ultisol with Exogenous Organic Matter Input (Dissertation). Huazhong Agricultural University, Wuhan (in Chinese with English abstract).

Lian, W. H., Li, S., Lin, Z. L., et al., 2022. Sabulibacter Ruber Gen. Nov., Sp. Nov., a Novel Bacterium in the Family Hymenobacteraceae, Isolated from Desert Soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 72(2): 005248. https://doi.org/10.1099/ijsem.0.005248

Liang, B. Y., Xu, H. Y., Wu, X. D., et al., 2024. Differences of Soil Organic Carbon Components in Different Grassland Types of Qilian Mountain. *Earth Science*, 49(4): 1487－1497 (in Chinese with English abstract).

Liu, S. B., Zamanian, K., Schleuss, P. M., et al., 2018. Degradation of Tibetan Grasslands: Consequences for Carbon and Nutrient Cycles. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 252: 93－104. https://doi.org/10.1016/j.agee.2017.10.011

Lu, C., Cheng, G. F., Wang, G. F., et al., 2025. Ecological Restoration Processes in Pika Mounds on the Qinghai-Tibet Plateau. *Ecological Engineering*, 212: 107517. https://doi.org/10.1016/j.ecoleng.2025.107517

Maresca, J. A., Keffer, J. L., Hempel, P. P., et al., 2019. Light Modulates the Physiology of Nonphototrophic *Actinobacteria*. *Journal of Bacteriology*, 201(10):

e00740－18. https://doi.org/10.1128/jb.00740-18

Moreno-Mateos, D., Power, M.E., Comín, F.A., et al., 2012. Structural and Functional Loss in Restored Wetland Ecosystems. *Plos Biology*, 10(1): e1001247. https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001247

Six, J., Bossuyt, H., Degryze, S., et al., 2004. A History of Research on the Link between (Micro)Aggregates, Soil Biota, and Soil Organic Matter Dynamics. *Soil and Tillage Research*, 79(1): 7－31. https://doi. org/10.1016/j.still.2004.03.008

Sparks, D. L., 2003. Environmental Soil Chemistry. 2nd ed. Academic Press, Amsterdam.

Sun, H. L., Zheng, D., Yao, T. D., et al., 2012. Protection and Construction of the National Ecological Security Shelter Zone on Tibetan Plateau. *Acta Geographica Sinica*, 67(1): 3－12 (in Chinese with English abstract).

Wang, G. X., Wang, Y. B., Li, Y. S., et al., 2007. Influences of Alpine Ecosystem Responses to Climatic Change on Soil Properties on the Qinghai-Tibet Plateau, China. *Catena*, 70(3): 506－514. https://doi.org/10.1016/j.catena.2007.01.001

Wang, G. X., Wu, Q. B., Wang, Y. B., et al., 2005. The Impacts of Railroad Engineering on the Alpine Grassland Ecosystem in the qinghai-Tibet Plateau. *Science & Technology Review*, 23(1): 8－13 (in Chinese with English abstract).

Wang, Y. B., Wang, G. X., Zhang, C. M., et al., 2007. Response of Soil Physicochemical Properties to the Changes of the Vegetation Ecosystem on the Tibetan Plateau. *Journal of Glaciology and Geocryology*, 29(6): 921－927 (in Chinese with English abstract).

Wang, Y. Q., Yin, Y. L., Li, S. X., 2019. Physicochemical Properties and Enzymatic Activities of Alpine Meadow at Different Degradation Degrees. *Ecology and Environment Sciences*, 28(6): 1108－1116 (in Chinese with English abstract).

Wen, X. S., 2024. Characteristics of Phosphorus Fractions and Loss Risk Assessment Associated with Soil Aggregates in Young Orange Orchards in South China (Dissertation). Gannan Normal University, Ganzhou (in Chinese with English abstract).

Xiu, Y. X., Pei, X. J., Wang, Y., et al., 2025. Synergistic Restoration Effect of Vegetation and Soil Microorganisms in the Wound Ecological Restoration Area of Jiuzhaigou Project. *Acta Ecologica Sinica*, 45(17): 8570－8582 (in Chinese with English abstract).

Xu, J. K., He, Y. H., Liu, T. Y., et al., 2023. Characteristics of Rhizosphere Soil Microecological Environment of Different Ecological Restoration Vegetation in Arsenic Sandstone Areas. *Bulletin of Botanical Research*, 43(4): 531－539 (in Chinese with English abstract).

Xu, X. R., Luo, K., Zhou, B. K., et al., 2015. Distribution and Enrichment Characteristics of Organic Carbon and Total Nitrogen in Mollisois under Long-Term Fertilization. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 26(7): 1961－1968 (in Chinese with English abstract).

Yang, J., Li, X. Y., Huang, L. Q., et al., 2015. Actinobacterial Diversity in the Sediments of Five Cold Springs on the Qinghai-Tibet Plateau. *Frontiers in Microbiology*, 6: 1345. https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01345

Yang, Y. F., Wu, L. W., Lin, Q. Y., et al., 2013. Responses of the Functional Structure of Soil Microbial Community to Livestock Grazing in the Tibetan Alpine Grassland. *Global Change Biology*, 19(2): 637－648. https://doi.org/10.1111/gcb.12065

中文参考文献

陈珲, 崔一涵, 汪海明,等, 2024. 矿山生态修复及其固碳潜力研究进展. 地球科学, 49(12): 4594－4607.

楚亚杰, 荆留杰, 冯殿垒, 2025. 生物固化过程多孔介质孔隙率-渗透率演化规律数值研究. 建筑施工, 47(5): 657－661.

冯焕德, 朱敏, 汪秀华, 等, 2025. 海南杧果主产区果园土壤pH值和有机质分布特征及其与土壤养分的关系. 中国热带农业, (1): 44－53.

冯慧琳, 徐辰生, 何欢辉, 等, 2021. 生物炭对土壤酶活和细菌群落的影响及其作用机制. 环境科学, 42(1): 422－432.

黄明芝, 蓝家程, 文柳茜, 等, 2021. 喀斯特石漠化地区土壤质量对生态修复的响应. 森林与环境学报, 41(2): 148－156.

霍亚楠, 张世彬, 杨元武,等, 2025. 高寒矿区人工恢复草地与自然植被土壤酶活性与土壤微生物特征比较分析. 草原与草坪, 45(5): 13－25.

贾广梅, 马玲玲, 徐殿斗, 等, 2016. 红壤剖面重金属分布特征及对有机碳响应. 环境科学, 37(9): 3547－3553.

康杰, 2024. 外源有机质输入的黑土和红壤中有机碳的周转动态与固定机制(博士学位论文). 武汉: 华中农业大学.

梁冰妍, 徐海燕, 吴晓东,等, 2024. 祁连山不同草地类型区土壤有机碳组份的差异. 地球科学, 49(4): 1487－1497.

孙鸿烈, 郑度, 姚檀栋, 等, 2012. 青藏高原国家生态安全屏障保护与建设. 地理学报, 67(1): 3－12.

王根绪, 吴青柏, 王一博, 等, 2005. 青藏铁路工程对高寒草地生态系统的影响. 科技导报, 23(1): 8－13.

王一博, 王根绪, 张春敏, 等, 2007. 高寒植被生态系统变化对土壤物理化学性状的影响. 冰川冻土, 29(6):

921－927.

王玉琴, 尹亚丽, 李世雄, 2019. 不同退化程度高寒草甸土壤理化性质及酶活性分析. 生态环境学报, 28(6): 1108－1116.

温小珊, 2024. 南方幼龄橘园土壤团聚体磷素赋存特征及其流失风险评价(硕士学位论文). 赣州: 赣南师范大学.

修宇鑫, 裴向军, 王岩, 等, 2025. 九寨沟工程创面生态修复区植被-土壤微生物协同恢复效应. 生态学报, 45(17): 8570－8582.

许吉康, 何炎红, 刘婷岩, 等, 2023. 砒砂岩区不同生态修复植被根际土壤微生态环境特征. 植物研究, 43(4): 531－539.

徐香茹, 骆坤, 周宝库, 等, 2015. 长期施肥条件下黑土有机碳、氮组分的分配与富集特征. 应用生态学报, 26(7): 1961－1968.