Eco-Environmental Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心
■ 出版 科学出版社

2020
Vol.41 No.1
第41卷 第1期

环 境 科 学
(HUANJING KEXUE)
ENVIRONMENTAL SCIENCE
第41卷 第1期
2020年1月15日

目 次

近20年来中国 $PM_{2.5}$ 污染演变的时空过程 …… 时燕, 刘瑞梅, 罗毅, 杨昆 (1)
2007~2016年上海颗粒物浓度特征与气候背景异同分析 …… 郑庆锋, 史军, 谈建国, 段玉森, 林燕芬, 徐卫忠 (14)
夏季大气 $PM_{2.5}$ 中元素特征及源解析:以华中地区平顶山-随州-武汉为例 …… 刘威杰, 石明明, 程铖, 黎荧, 朱戈昊, 邢新丽, 孔少飞, 张家泉, 祁士华 (23)
呼包鄂地区冬季、夏季 $PM_{2.5}$ 污染特征 …… 李伊明, 刘佳媛, 史国良, 皇甫延琦, 张昕, 杨奕, 冯银厂 (31)
2019年元旦前后石家庄市重污染过程 $PM_{2.5}$ 污染特征及来源解析 …… 周静博, 段菁春, 王建国, 杨鹏, 刘焕武, 李梅, 靳伟 (39)
基于模型模拟的成都市 $PM_{2.5}$ 污染来源解析 …… 许艳玲, 易爱华, 薛文博 (50)
北京市 $PM_{2.5}$ 中砷污染特征 …… 石绍萱, 杨艳蓉, 秦娟娟, 周雪明, 段菁春, 谭吉华, 陈荣志 (57)
夏秋季宁波市气态元素汞(GEM)污染特征及潜在源区贡献分析 …… 易辉, 林佳梅, 蔡秋亮, 王克强, 陈进生, 佟磊, 李建荣, 肖航 (65)
安阳市大气 $PM_{2.5}$ 中水溶性离子季节特征及来源解析 …… 孙有昌, 姜楠, 王申博, 段时光, 张瑞芹 (75)
新乡市夏冬季节 $PM_{2.5}$ 稳定碳同位素特征分析 …… 闫广轩, 宋鑫, 张靖雯, 张朴真, 王力鹏, 张佳羽, 杨争, 曹治国, 樊静, 王跃思, 刘子锐 (82)
基于颗粒物化学组分粒径分布特征的源解析方法构建与评估 …… 梁永莉, 田瑛泽, 刘童, 冯银厂 (90)
超低排放改造后燃煤电厂细颗粒物排放特征 …… 王润芳, 马大卫, 姜少毅, 朱仁斌, 何军, 张本耀 (98)
京津冀地区城市臭氧污染趋势及原因探讨 …… 余益军, 孟晓艳, 王振, 周崴, 于红霞 (106)
安阳市近地面臭氧污染特征及气象影响因素分析 …… 杨健, 尹沙沙, 于世杰, 王丽娟, 张瑞芹, 郝建尤, 苏方成, 齐艳杰 (115)
长江三角洲2017年机动车 IVOCs 排放清单构建及其对 SOA 的生成影响 …… 王倩, 黄凌, 王杨君, 殷司佳, 张琪, 易鑫, 李莉 (125)
华东典型城市非道路移动机械排气烟度 …… 鲁君, 胡磬遥, 杨强, 唐伟, 夏阳, 井宝莉, 陈昀, 黄成 (133)
国内外储油库 VOCs 排放现状与标准分析 …… 胡玮, 任碧琪, 黄玉虎, 秦建平, 卞吉玮, 吴清柱 (139)
四乙基愈创木酚液相·OH氧化 SOA 产率及特征分析:初始浓度的影响 … 庄雨, 陈彦彤, 李旭东, 马帅帅, 赵竹子, 叶招莲, 盖鑫磊 (146)
乌鞘岭南、北坡降水稳定同位素特征及水汽来源对比 …… 徐秀婷, 贾文雄, 朱国锋, 马兴刚, 张昱, 袁瑞丰, 张志远, 石阳 (155)
长江源多年冻土区地下水氢氧稳定同位素特征及其影响因素 …… 汪少勇, 何晓波, 丁永建, 常福宣, 吴锦奎, 胡召富, 王利辉, 杨贵森, 邓明珊 (166)
巴尔喀什湖流域水化学和同位素空间分布及环境特征 …… 沈贝贝, 吴敬禄, 吉力力·阿不都外力, A. S. Saparov, Gulnura Isanova (173)
城市湖泊水环境整治对改善水质的影响:以蠡湖近30年水质变化为例 …… 田伟, 杨周生, 邵克强, 潘辉, 胡洋, 白承荣, 姜星宇, 高光, 汤祥明 (183)
典型药物及个人护理品在黄东海海域水体中的检测、分布规律及其风险评估 …… 陈贤, 张彩杰, 杨桂朋, 张婧, 刘梦 (194)
长江南京段水源水中有机磷酸酯的污染特征与风险评估 …… 李栋, 张圣虎, 张芹, 王博, 卜元卿, 赵欣, 李辉, 宋宁慧, 郭瑞昕 (205)
雄安新区-白洋淀冬季冰封期水体溶解性有机物的空间分布、光谱特征及来源解析 …… 周石磊, 孙悦, 张艺冉, 蒋永丰, 尹璐, 黄廷林, 李再兴, 罗晓, 战江, 王函 (213)
白洋淀表层沉积物元素的空间特征、风险评价及来源分析 …… 汪敬忠, 刘卓, 魏浩, 吴玉会, 占水娥, 朱迟, 张益淼 (224)
松花江表层沉积物 PAEs 分布特征及生态风险评价 …… 王欢, 杨永哲,王海燕, 董伟羊, 闫国凯, 常洋, 李泽文, 赵远哲, 凌宇 (232)
鄱阳湖湖口-长江段沉积物中微塑料与重金属污染物的赋存关系 …… 李文华, 简敏菲, 刘淑丽, 江玉梅, 邓艳彬, 朱琳 (242)
臭氧对生物活性炭中微生物及出水消毒副产物的影响 …… 刘宝明, 王夕希, 张晓夏, 顾艳芳, 李雨平, 阮文权, 缪恒锋, 潘杨 (253)
兰州市西固区儿童饮用水重金属暴露及健康风险精细化评估 … 陈月芳, 孙善伟, 段小丽, 许锦荣, 王娟, 康艺瑾, 梁为纲, 曹素珍 (262)
镁铁层状双金属氢氧化物对磷酸盐的吸附作用及对内源磷释放的控制效果及机制 …… 吴俊麟, 林建伟, 詹艳慧, 程永前, 柏晓云, 辛慧敏, 常明玥 (273)
一硫代砷酸盐在介质上的吸附特征及机制 …… 廖丹雪, 单慧媚, 彭三曦, 潘赦然, 黄健, 陈辉, 赵超然 (284)
酸碱复合改性海泡石亚结构特征及其对 Cd(Ⅱ)吸附性能 …… 谢厦, 徐应明, 闫翠侠, 罗文文, 孙约兵 (293)
脱氮菌剂在低溶解氧黑臭水体中氮代谢特征 …… 赵志瑞, 刘硕, 李铎, 李海萍, 李方红, 张佳瑶, 白志辉 (304)
宏基因组方法分析医药化工废水厂中抗生素耐药菌及耐性基因 …… 陈红玲, 张兴桃, 王晴, 姚沛琳 (313)
淀粉废水处理系统中活性污泥的微生物群落结构及多样性分析 …… 赵婷婷, 乔凯, 王蕾, 张伟, 竺建荣, 唐一, 胡滨, 王香莲, 杨静, 景在涛 (321)
基于 SBR-ABR 实现 PN-SAD 耦合工艺的运行与优化调控 …… 陈重军, 张敏, 姜滢, 郭萌蕾, 谢嘉玮, 谢军祥, 沈耀良 (330)
基于间歇饥饿的 SNAD 工艺运行 …… 李冬, 刘志诚, 徐贵达, 王玉颖, 张杰 (337)
反硝化-高效部分亚硝化-厌氧氨氧化工艺处理老龄垃圾渗滤液 …… 陈小珍, 汪晓军, Karasuta Chayangkun, 周松伟, 钟中, 陈振国, 陈晓坤 (345)
硝化微颗粒污泥快速培养及其亚硝化功能快速实现 …… 刘文如, 宋家俊, 王建芳, 沈耀良 (353)
高频曝停下停曝时间对亚硝化颗粒污泥性能的影响 …… 张杰, 劳会妹, 李冬, 魏子清 (360)
中国东北沈抚地区土壤中 PBDEs 的残留、来源及风险评价 …… 向鑫鑫, 鲁垠涛, 阮起炀, 赖偲, 孙绍斌, 姚宏, 张战胜 (368)
某焦化场地非均质包气带中多环芳烃(PAHs)来源及垂向分布特征 …… 孟祥帅, 吴萌萌, 陈鸿汉, 岳希, 陶抒远 (377)
北京蔬菜地土壤中抗生素抗性基因与可移动元件的分布特征 …… 张汝凤, 宋渊, 高浩泽, 程首涛, 孙艳梅, 王旭明 (385)
长期施肥和耕作下紫色土坡耕地土壤 C、N、P 和 K 化学计量特征 …… 杜映妮, 李天阳, 何丙辉, 贺小容, 付适 (394)
亚热带稻田土壤碳氮磷生态化学计量学特征 …… 宋佳龄, 盛浩, 周萍, 段良霞, 周清, 张杨珠 (403)
宛山荡农田土壤氮迁移过程反硝化与厌氧氨氧化 …… 陈志浩, 覃云斌, 丁帮璟, 胡优优, 陈浞, 李正魁 (412)
秸秆炭化还田对滴灌棉田土壤微生物代谢功能及细菌群落组成的影响 …… 王晶, 马丽娟, 龙泽华, 闵伟, 侯振安 (420)
基于 PMF 模型的九龙江流域农田土壤重金属来源解析 …… 黄华斌, 林承奇, 胡恭任, 于瑞莲, 郝春莉, 陈枫桦 (430)
塔里木盆地东南缘绿洲区土壤砷空间分布及农作物砷富集特征 …… 陈云飞, 周金龙, 曾妍妍, 王松涛, 杜江岩, 孙英, 顾思博 (438)
广西典型碳酸盐岩区农田土壤-作物系统重金属生物有效性及迁移富集特征 …… 马宏宏, 彭敏, 刘飞, 郭飞, 唐世琪, 刘秀金, 周亚龙, 杨柯, 李括, 杨峥, 成杭新 (449)
不同钝化剂对微碱性土壤镉、镍形态及小麦吸收的影响 …… 张静静, 朱爽阁, 朱利楠, 柳海涛, 杨金康, 化党领 (460)
不同钝化剂对鸡粪堆肥重金属钝化效果及其腐熟度指标的影响 …… 栾润宇, 高珊, 徐应明, 纪艺凝, 闫翠侠, 孙约兵 (469)
黄土丘陵区退耕草地土壤呼吸及其组分对氮磷添加的响应 …… 周俊杰, 陈志飞, 杨全, 赖帅彬, 王智, 徐炳成 (479)
炉渣与生物炭施加对福州平原水稻田温室气体排放的后续影响 …… 蓝兴福, 王晓彤, 周雅心, 金强, 许旭萍, 王维奇 (489)
《环境科学》征订启事(89) 《环境科学》征稿简则(97) 信息(303, 329, 344)

Eco-Environmental Knowledge Web
环 境 科 学
Environmental Science
第41卷第1期 2020年1月
Vol.41, No.1 Jan., 2020

秸秆炭化还田对滴灌棉田土壤微生物代谢功能及细菌群落组成的影响

王晶, 马丽娟, 龙泽华, 闵伟, 侯振安*
(石河子大学农学院,新疆生产建设兵团绿洲生态农业重点实验室,石河子 832003)

摘要: 通过5 a田间定位试验,研究持续秸秆直接还田和炭化还田对滴灌棉田土壤微生物功能多样性以及细菌群落组成的影响. 试验设置3个处理:单施化肥(对照,CK)、秸秆直接还田+化肥(ST)和秸秆炭化还田+化肥(BC). 秸秆直接还田和炭化还田均显著提高土壤有机质、全氮及速效养分含量,其中秸秆炭化还田的作用更显著. 秸秆直接还田处理土壤微生物碳源代谢活性最高,其次是秸秆炭化还田,均显著高于对照. 秸秆直接还田主要促进了碳水化合物类和胺类碳源的代谢;秸秆炭化还田显著提高多聚物类碳源的代谢. 秸秆直接还田和炭化还田显著提高土壤细菌群落多样性. 与对照相比,秸秆直接还田显著增加变形菌门、放线菌门、拟杆菌门以及黄单胞菌科、酸微菌科、微杆菌科和噬纤维菌科的相对丰度;秸秆炭化还田处理酸杆菌门、芽单胞菌门、硝化螺旋菌门以及Blastocatellaceae (Subgroup_4)菌科、芽单胞菌科、亚硝化单胞菌科的相对丰度显著增加. 相关性分析表明黄单胞菌科、酸微菌科与碳水化合物类、氨基酸类、羧酸类、胺类碳源代谢显著正相关,噬纤维菌科、微杆菌科与碳水化合物类、胺类碳源代谢显著正相关,Blastocatellaceae (Subgroup_4)菌科、芽单胞菌科、亚硝化单胞菌科与多聚物类碳源代谢显著正相关. 持续秸秆炭化还田显著增加滴灌棉田土壤养分,改变细菌群落组成,提高多聚物类碳源的代谢活性.

关键词:秸秆直接还田;秸秆炭化还田;滴灌棉田;碳源代谢活性;细菌群落组成
中图分类号: X172 **文献标识码**: A **文章编号**: 0250-3301(2020)01-0420-10 **DOI**: 10.13227/j.hjkx.201907183

Effects of Straw Biochar on Soil Microbial Metabolism and Bacterial Community Composition in Drip-irrigated Cotton Field

WANG Jing, MA Li-juan, LONG Ze-hua, MIN Wei, HOU Zhen-an*
(Key Laboratory of Oasis Ecological Agriculture of Xinjiang Corps, College of Agriculture, Shihezi University, Shihezi 832003, China)

Abstract: A five year field experiment was conducted to evaluate the effect of continually returning cotton straw or biochar on microbial metabolic function and bacterial community composition of soil in a cotton field under drip irrigation conditions. The experiment involved three treatments: control (single application of chemical fertilizer, CK), cotton straw (returning of cotton straw plus chemical fertilizer application, ST), and biochar (returning of cotton straw biochar plus chemical fertilizer application, BC). The returning of cotton straw and biochar both significantly increased soil organic matter, total nitrogen, and available nutrients, but the effect of returning biochar was more significant. The carbon source metabolic activities of the soil in the ST treatment was the highest, followed by the BC treatment, which was significantly higher than of that in the CK treatment. The returning of cotton straw promoted the metabolism of carbohydrate and amine carbon sources, while biochar significantly increased the metabolism of polymer carbon sources. Compared with the CK treatment, the ST treatment significantly increased the phylum of Proteobacteria, Actinobacteria, Bacteroides, and the family of Xanthomonadaceae, Acidobacteriaceae, Microbacteriaceae, and Cytophagaceae. The BC treatment significantly increased the phylum of Acidobacteria, Gemmatimonadetes, Nitrospirae, and the family of Blastocatellaceae (subgroup 4), Gemmatimonadaceae, and Nitrosomonadaceae. The correlation analysis showed that there were significant positive correlations between the relative abundances of Xanthomonadaceae and Acidobacteriaceae and the carbon source metabolic activities of carbohydrates, amino acids, carboxylic acids, and amines. The relative abundances of Microbacteriaceae and Cytophagaceae were positively correlated with carbohydrates and amines. There was a significant positive correlation between the relative abundance of Blastocatellaceae (subgroup 4), Gemmatimonadaceae, Nitrosomonadaceae and the carbon metabolism of polymers. These results suggest that the continual returning of biochar increased soil nutrients, change bacterial community composition, and promoted the metabolic activity of polymer carbon sources in the drip-irrigated cotton field.

Key words: straw returning; straw biochar returning; drip-irrigated cotton field; carbon sources metabolic activity; bacterial community composition

我国秸秆资源丰富,年秸秆产量约819 Mt,占世界秸秆总量的1/3左右[1]. 秸秆直接还田作为秸秆

收稿日期: 2019-07-21; **修订日期**: 2019-08-09
基金项目: 国家重点研发计划项目(2017YFD0200100,2018YFD0800800); 兵团中青年科技创新领军人才计划项目(2016BC001)
作者简介: 王晶(1995~),女,硕士研究生,研究方向为土壤微生物与养分循环,E-mail:18631852859@163.com
* 通信作者,E-mail:hzatyl@163.com

有效利用的途径之一，不仅可以促进养分循环、改良土壤肥力，而且可以增加作物产量[2,3]. 传统的秸秆直接还田虽然有许多优点，但也伴随着一些局限性，如造成土壤微生物与作物幼苗争夺养分、降低出苗率和土传病害等[4]. 同时，也有研究发现秸秆直接还田显著提高农田土壤二氧化碳排放通量[5,6]. 近年来，秸秆炭化还田成为秸秆利用的新途径. 研究表明作物秸秆在限氧条件下高温裂解形成的秸秆炭对于提高土壤有机碳存储，减少二氧化碳排放，改善土壤肥力等具有重要作用[7~9].

关于秸秆直接还田或炭化还田对土壤有机碳、作物产量和温室气体排放等方面的影响已有很多报道[10~12]. 土壤微生物是土壤的重要组分，其群落组成、活性和稳定性对土壤功能非常重要[13]. 秸秆直接还田或炭化还田直接改变土壤微生物生存的外界环境，导致土壤微生物群落组成和功能发生一系列的变化[14]. 已有研究表明，秸秆炭化还田显著提高土壤微生物代谢活性和功能多样性[15,16]. 程扬等[17]的研究发现，施用秸秆生物炭 5 $t \cdot hm^{-2}$ 显著影响土壤微生物群落组成. 徐学池等[18]认为土壤细菌是驱动喀斯特地区农田秸秆还田效果的关键微生物群落. 新疆是我国最大的棉花产区，棉花秸秆资源丰富，为秸秆炭化还田提供充足的生物质基础. 新疆气候干旱，昼夜温差大，棉花种植以滴灌为主. 干旱区滴灌农田的秸秆或生物质炭降解规律与其它地区存在显著差别. 但是，目前针对滴灌条件下秸秆直接还田和炭化还田的研究较少，对于持续秸秆炭化还田对滴灌农田土壤微生物群落的影响还不明确. 因此，本研究通过 5 a 田间定位试验，探讨棉花秸秆直接还田和炭化还田对滴灌棉田土壤理化性质的影响，采用 Biolog-ECO 微平板法以及高通量测序分析持续秸秆直接还田和炭化还田土壤微生物代谢功能及细菌群落组成的变化，旨在为干旱区秸秆炭化还田利用提供理论依据.

1　材料与方法

1.1　试验材料

田间定位试验于 2014 ~ 2018 年在新疆石河子市天业生态园进行. 该地区为温带大陆性气候，年均降水量 210 mm，蒸发量1 660 mm. 土壤类型为灰漠土，质地为壤土. 耕层土壤基础指标：pH 8.58，有机质 12.2 $g \cdot kg^{-1}$，全氮 0.98 $g \cdot kg^{-1}$，铵态氮 1.7 $mg \cdot kg^{-1}$，硝态氮 6.9 $mg \cdot kg^{-1}$，速效磷 16.4 $mg \cdot kg^{-1}$，速效钾 364 $mg \cdot kg^{-1}$. 施用的秸秆为棉花秸秆，秸秆炭由棉花秸秆高温(450℃)厌氧热解 6 h 制备而成. 供试作物棉花(品种新陆早 61 号).

1.2　试验设计

本研究采用田间小区试验，设置 3 个处理：单施化肥(对照，CK)、秸秆直接还田 + 化肥(ST)和秸秆炭化还田 + 化肥(BC). 本试验中，秸秆还田量为 6 $t \cdot hm^{-2}$，秸秆炭用量为 3.7 $t \cdot hm^{-2}$(与秸秆直接还田处理等碳量). 采用完全随机试验设计，每个处理重复 3 次，共 9 个试验小区，小区面积 42 m^2.

每年棉花收获后，将作物秸秆全部拔出. 棉花秸秆和秸秆炭烘干粉碎后，在播种前均匀撒施于地表后翻耕入土 20 cm. 棉花种植为膜下滴灌，一膜六行三管，行距配置为 10 cm + 66 cm + 10 cm + 66 cm + 10 cm，株距 10 cm. 棉花于每年 4 月下旬播种，采用“干播湿出”，播种后滴 45 mm 出苗水. 棉花全生育期灌水 9 次，灌水周期为 7 ~ 12 d，灌溉定额为 450 mm，盛蕾期开始，吐絮前结束. 试验中各处理化肥施用量相同，氮肥使用尿素，施氮(N)量为 300 $kg \cdot hm^{-2}$，在棉花生长期间分 6 次随水滴施. 磷、钾肥全部作基肥，施用量分别为 P_2O_5 105 $kg \cdot hm^{-2}$ 和 K_2O 75 $kg \cdot hm^{-2}$. 其他管理措施参照当地大田生产.

1.3　样品采集与处理

2018 年 7 月 25 日(棉花花铃期)采集 0 ~ 20 cm 土壤样品，捡出残根和砂石等，土壤样品过 2 mm 筛，一部分土样保存于 4℃ 条件下，用于土壤理化性质及土壤微生物碳源底物利用(Biolog 分析)测定，分析土壤微生物的代谢功能多样性；另一部分保存于 −80℃ 条件下，用于高通量测序分析土壤细菌群落组成.

1.4　测试指标及方法

1.4.1　微生物代谢功能多样性测定

采用 Biolog-ECO 微平板法测定微生物群落代谢功能多样性. ECO 生态板包含 31 种碳源，可分为六大类：碳水化合物类(10 种)、氨基酸类(6 种)、羧酸类(7 种)、胺类(2 种)、酚类(2 种)和多聚物类(4 种). 具体操作步骤如下：称取 5g 新鲜土样置于已灭菌的 100 mL 离心管中，加入 50 mL 灭菌的磷酸缓冲液，室温剧烈振荡，吸取稀释液接种到 ECO 板，在 25℃ 培养. 分别在培养 0、12、24、36、48、60、72、84、96、108、120、144、156、168、180、192 和 204 h 测定 590 nm 吸光度.

1.4.2　土壤总细菌多样性的测定

(1) DNA 提取和 PCR 扩增　采用 DNA 提取试剂盒 FastDNA™ SPIN Kit for Soil (MP Biomedicals, Solon, OH, USA)按照操作说明城区 5 g 土壤提取土壤总 DNA. PCR 采用 16S rDNA 基因的 V3-V4 区 (515F-806R) (5′-3′)：ACTCCTACGGGAGGCAGCA，GGACTACHVGGGTWTCTAAT 为测序引物，对

稀释后的 DNA 进行 PCR 扩增.

(2) PCR 产物处理、文库构建和上机测序　检测 PCR 产物,回收产物. 采用 Illumina 公司的 TruSeq Nano DNA LT Library Prep Kit 制备测序文库,经检测合格后,通过 HiSeq 2500 PE250(Illumina 公司,美国)进行高通量测序(派森诺生物技术有限公司,上海).

1.5　数据处理与分析

采用 Microsoft Excel 2010 和 SPSS 21.0 统计软件对土壤理化性质、微生物代谢功能及多样性进行方差分析,不同处理间差异显著性采用 Duncan 法进行多重比较($P<0.05$). 用 R 软件进行微生物功能多样性的主成分分析(PCA),Canoco5 软件进行微生物群落组成的冗余分析(RDA).

2　结果与分析

2.1　土壤理化性质

与对照(CK)相比, 秸秆直接还田(ST)处理土壤 pH 显著下降,秸秆炭化还田(BC)处理 pH 变化不显著(表 1). ST 和 BC 处理土壤有机质和全氮含量均显著增加,无机氮、有效磷、速效钾含量也均显著高于 CK. 总体表明,秸秆直接还田和炭化还田可显著提高土壤有机质和速效养分含量,且炭化还田处理均优于直接还田.

表 1　土壤理化性质[1)]

Table 1　Physical and chemical properties of soil

处理	pH	有机质/g·kg^{-1}	全氮/mg·kg^{-1}	无机氮/mg·kg^{-1}	有效磷/mg·kg^{-1}	速效钾/mg·kg^{-1}
CK	8.42a	13c	997c	16c	34c	474c
ST	8.38b	15b	1 186b	20b	56b	505b
BC	8.44a	21a	1 281a	28a	83a	612a

1)同一列不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)

2.2　土壤微生物碳源代谢活性

平均单孔颜色变化率(AWCD)能够在一定程度反映土壤微生物对碳源的利用能力和代谢活性大小. 不同处理土壤连续培养 204 h 的土壤微生物群落 AWCD 值随时间的变化动态如图 1. 随着培养时间的延长,AWCD 值不断增大. 培养 48 h 前,AWCD 值变化不明显且各处理间无显著差异. 培养 48 h 后,各处理 AWCD 迅速升高并趋于稳定,ST 和 BC 处理 AWCD 值均显著高于 CK,且 ST 显著高于 BC 处理.

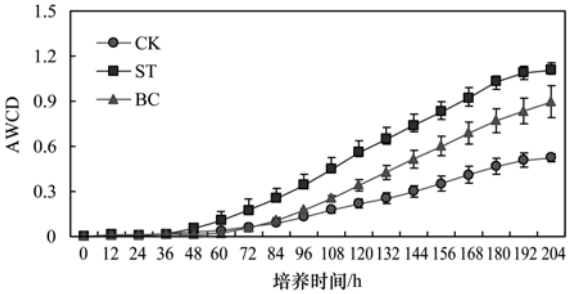
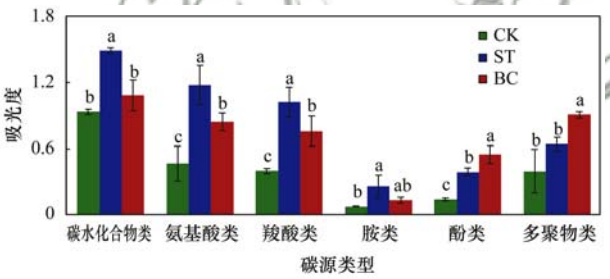


图 1　土壤微生物 AWCD 值的变化

Fig. 1　Changes of soil microbial AWCD value

选取培养 192 h 的结果分析土壤微生物对六类碳源的利用(图 2). 总体上,土壤微生物对碳水化合物类碳源的利用能力最高,对胺类碳源的利用能力最弱. 秸秆直接还田和炭化还田均可显著提高土壤微生物对氨基酸类、羧酸类、酚类碳源的利用能力. 其中,ST 处理碳水化合物类、氨基酸类、羧酸类、胺类的利用能力最强;BC 处理则显著提高酚类、多聚物类的代谢.



图中不同小写字母表示同一碳源不同处理在 5% 水平上有差异

图 2　土壤微生物对六类碳源的利用情况

Fig. 2　Utilization of six carbon sources by soil microbes

通过土壤微生物对碳源利用特性的主成分分析,共提取 2 个主成分(图 3). 第 1 主成分(PC1)方差贡献率为 74.4%,第 2 主成分(PC2)的方差贡献率为 18.3%,累计方差贡献率为 92.7%. 说明 PC1 和 PC2 是微生物群落碳源利用变异的主要来源,可以解释变异的绝大部分信息. 两种秸秆还田处理(ST、BC)与 CK 在 PC1 轴分开,ST 与 BC 处理在 PC2 轴上分开,表明不同处理间土壤微生物群落对碳源的利用存在明显差异. 总体上,秸秆还田可提高土壤微生物的代谢活性,其中直接还田显著改变微生物对碳水化合物及胺类碳源的代谢;而炭化还田对多聚物类和酚类碳源的代谢影响较大.

对六大类碳源所包含的 31 种碳源利用情况进行对比分析(图 4). ST 处理对碳水化合物类中 D-纤维二糖、D-木糖、*N*-乙酰-D-葡萄糖胺以及胺类中腐胺的代谢活性显著增加. BC 处理显著增加多聚物类中吐温 40、肝糖以及酚类中 4-羟基苯甲酸的代谢

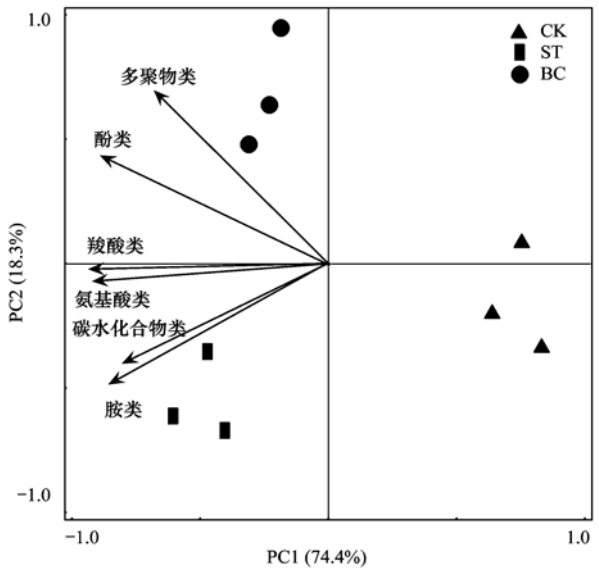


图 3　土壤微生物群落对六类碳源利用的主成分分析

Fig. 3　Principal component analysis (PCA) of soil microbial community on the utilization of six carbon sources

活性.

2.3　细菌群落组成

对土壤细菌 16S rRNA 基因 V3-V4 区进行高通量测序,共获得有效序列199 546条. ST 和 BC 处理的 OTU 数目均显著低于 CK(表 2). 与对照相比,秸秆直接还田处理 Chao1 指数和 ACE 指数显著降低;炭化还田处理无明显差异. ST 和 BC 处理 Shannon 指数与 Simpson 指数均显著高于 CK,表明秸秆直接还田和炭化还田可以提高土壤细菌群落多样性.

各处理土壤细菌群落的优势门类为变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)和浮霉菌门(Planctomycetes),平均相对丰度大于 1%,合计约占总菌群的 96.7%(图 5). 与对照相比,秸秆直接还田显著提高变形菌门、放线菌门和拟杆菌门的相对丰度,而酸杆菌门、绿弯菌门、芽单胞菌门和硝化螺旋菌门相对丰度显著降低;秸秆炭化还田处理酸杆菌门、芽单胞菌门以及硝化螺旋菌门的含量显著增加,放线菌门和绿弯菌门降低.

通过序列对比得到各样品中相对丰度大于 1%的前21个菌科(图6). 与CK相比,ST处理噬纤维

表 2　土壤细菌群落丰富度指数和多样性指数[1)]

Table 2　Soil bacterial community richness and diversity index

处理	序列数	OTUs 数目	Chao1 指数	ACE 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
CK	68562a	5413a	4135a	4400a	10.41b	0.9979b
ST	69930a	4440b	3350b	3484b	10.67a	0.9984a
BC	61054a	4751b	3573ab	3759ab	10.68a	0.9984a

1)同一列不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)

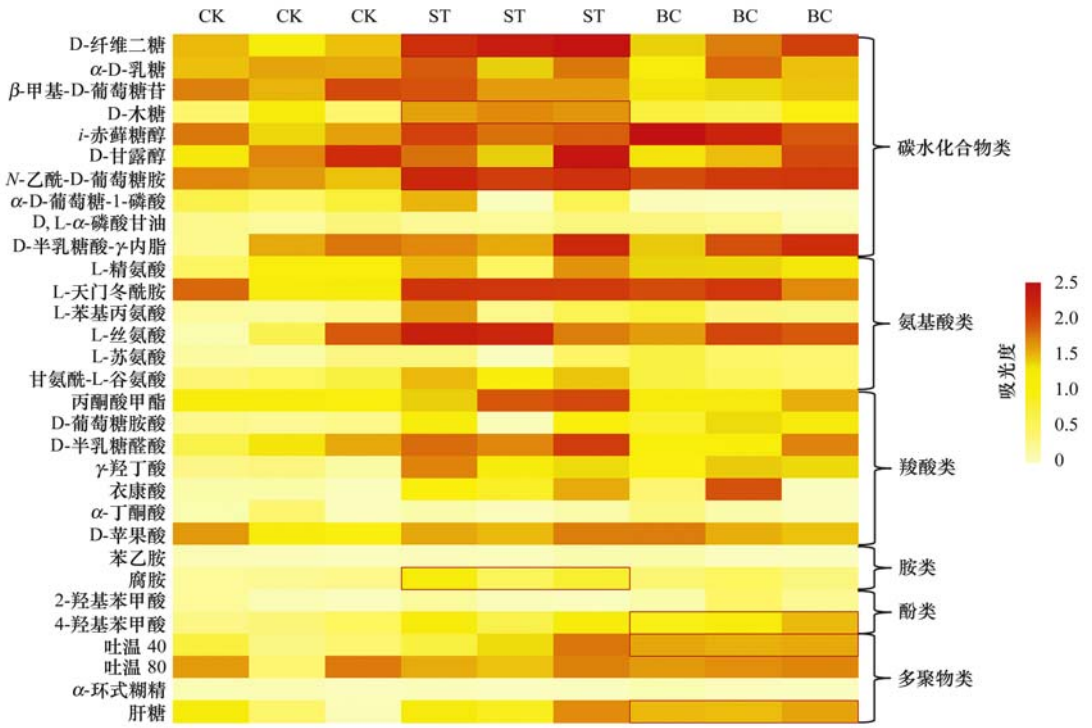


图 4　土壤微生物对 31 种碳源利用热图

Fig. 4　Heat map of the utilization of 31 carbon sources by soil microbes

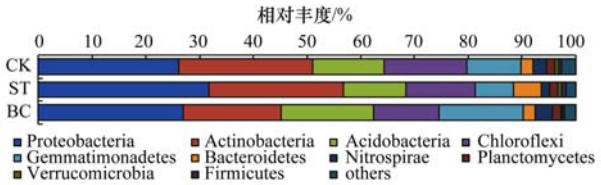


图 5 土壤细菌群落门水平组成

Fig. 5 Soil bacterial community composition at the phylum level

菌科(Cytophagaceae)、黄单胞菌科(Xanthomonadaceae)、酸微菌科(Acidimicrobiaceae)、微杆菌科(Microbacteriaceae)相对丰度显著提高;BC 处理芽单胞菌科(Gemmatimonadaceae)和 Blastocatellaceae(Subgroup_4)菌科、亚硝化单胞菌科(Nitrosomonadaceae)相对丰度显著增加.

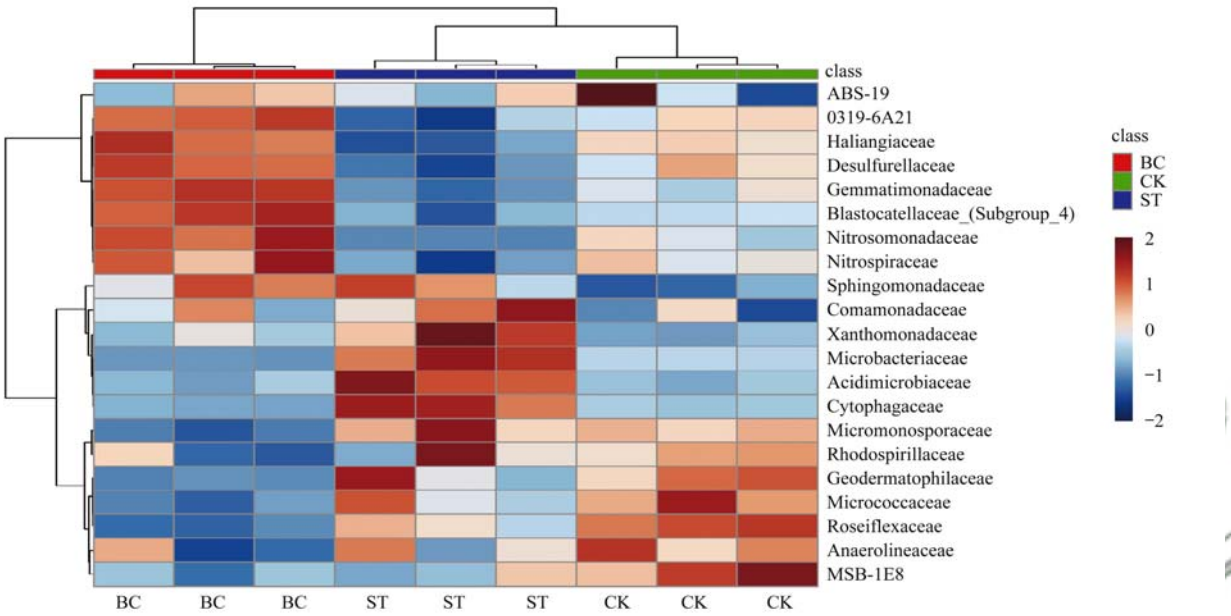


图 6 土壤细菌群落科水平组成热图

Fig. 6 Heatmap of soil bacterial community composition at the family level

2.4 细菌群落组成与碳源代谢活性的相关性分析

对土壤细菌群落组成(门和科水平的相对丰度)与微生物代谢功能(六大类碳源代谢活性)进行 Pearson 相关分析(表 3). 在 10 个优势门中,变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)与碳水化合物类、氨基酸类、胺类碳源呈显著正相关($P < 0.05$);酸杆菌门(Acidobacteria)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)与多聚物类碳源呈显著正相关.

21 个丰度大于 1% 的主要优势科中,酸微菌科(Acidimicrobiaceae)、黄单胞菌科(Xanthomonadaceae)与碳水化合物类、氨基酸类、羧酸类、胺类碳源均呈显著正相关关系,噬纤维菌科(Cytophagaceae)、微杆菌科(Microbacteriaceae)与碳水化合物类、胺类显著正相关. 芽单胞菌科(Gemmatimonadaceae)、Blastocatellaceae(Subgroup_4)菌科、亚硝化单胞菌科(Nitrosomonadaceae)与多聚物类碳源呈显著正相关关系.

2.5 细菌群落组成的影响因子分析

将土壤细菌群落丰度较大的前 21 个优势菌科与土壤理化性质进行冗余分析(RDA)来评估土壤环境因子、处理、细菌群落组成(科水平)之间的关系(图 7). 分析显示第一排序轴解释率为 54.99%,第二排序轴解释率为 23.92%,累积解释率 78.91%. 秸秆炭化还田处理与对照在第一排序轴分开,秸秆还田处理与对照在第二排序轴分开. 有机质、全氮、速效养分与芽单胞菌科(Gemmatimonadaceae)、Blastocatellaceae(Subgroup_4)菌科、亚硝化单胞菌科(Nitrosomonadaceae)、鞘脂单胞菌科(Sphingomonadaceae)有显著正相关性. 黄单胞菌科(Xanthomonadaceae)、酸微菌科(Acidimicrobiaceae)、噬纤维菌科(Cytophagaceae)、微杆菌科(Microbacteriaceae)、丛毛单胞菌科(Comamonadaceae)与有机质、全氮相关性较好. 说明秸秆直接还田和炭化还田增加了土壤有机质、全氮和速效养分含量,从而促进了这些微生物种群的生长. pH 与硫还原菌科(Desulfurellaceae)、Haliangiaceae 菌科、0319-6A21 菌科、硝化螺旋菌科(Nitrospiraceae)显著正相关;与黄单胞菌科(Xanthomonadaceae)、酸微菌科(Acidimicrobiaceae)、噬纤维菌科(Cytophagaceae)、微杆菌科(Microbacteriaceae)显著负相关. 说明 ST

处理黄单胞菌科(Xanthomonadaceae)、酸微菌科(Acidimicrobiaceae)、噬纤维菌科(Cytophagaceae)和微杆菌科(Microbacteriaceae)的丰度增加,可能是由于秸秆直接还田降低了土壤 pH 值所致.

表 3　土壤细菌群落组成与碳源代谢活性的相关性分析[1)]

Table 3　Correlation analysis between the soil bacterial community composition and the carbon source metabolisms

水平	门/科	碳水化合物类	氨基酸类	羧酸类	胺类	酚类	多聚物类
门	Proteobacteria	0.815*	0.769*	0.654	0.860**	0.287	0.021
	Actinobacteria	0.102	−0.12	−0.247	0.305	−0.671	−0.878**
	Acidobacteria	−0.37	−0.186	0.026	−0.543	0.408	0.768*
	Chloroflexi	−0.504	−0.796*	−0.697	−0.553	−0.804*	−0.722*
	Gemmatimonadetes	−0.481	−0.163	−0.118	−0.554	0.39	0.711*
	Bacteroidetes	0.824*	0.711*	0.629	0.917**	0.181	−0.187
	Nitrospirae	−0.554	−0.4	−0.211	−0.735*	0.185	0.577
	Planctomycetes	−0.318	−0.591	−0.465	−0.371	−0.013	−0.167
	Verrucomicrobia	0.323	0.284	−0.073	0.498	−0.118	−0.605
	Firmicutes	0.56	0.465	0.372	0.558	−0.202	−0.312
科	Gemmatimonadaceae	−0.507	−0.192	−0.152	−0.585	0.353	0.682*
	Blastocatellaceae_(Subgroup_4)	−0.433	−0.16	−0.045	−0.537	0.411	0.757*
	Anaerolineaceae	−0.222	−0.641	−0.471	−0.33	−0.521	−0.596
	Micromonosporaceae	0.353	0.156	−0.03	0.494	−0.443	−0.812**
	Micrococcaceae	−0.316	−0.59	−0.609	−0.135	−.807*	−0.822**
	Nitrosomonadaceae	−0.45	−0.235	−0.095	−0.563	0.37	0.690*
	MSB-1E8	−0.296	−0.559	−0.55	−0.487	−0.789*	−0.696*
	Geodermatophilaceae	−0.403	−0.525	−0.713*	−0.047	−0.682	−.803**
	Rhodospirillaceae	0.363	0.13	−0.073	0.236	−0.21	−0.553
	0319-6A21	−0.548	−0.363	−0.205	−0.721*	0.159	0.59
	Haliangiaceae	−0.628	−0.491	−0.354	−0.782*	0.146	0.544
	Sphingomonadaceae	0.322	0.764*	0.566	0.588	0.698	0.549
	Acidimicrobiaceae	0.913**	0.761*	0.737*	0.867**	0.24	−0.209
	ABS-19	−0.231	−0.317	−0.037	−0.152	−0.231	0.053
	Roseiflexaceae	−0.296	−0.509	−0.618	−0.168	−0.933**	−0.964**
	Xanthomonadaceae	0.857**	0.878**	0.733*	0.965**	0.339	−0.013
	Nitrospiraceae	−0.535	−0.421	−0.209	−0.715*	0.204	0.53
	Comamonadaceae	0.671	0.603	0.668	0.659	0.347	0.325
	Cytophagaceae	0.834*	0.693	0.587	0.888**	0.158	−0.303
	Desulfurellaceae	−0.629	−0.471	−0.357	−0.783*	0.141	0.559
	Microbacteriaceae	0.801*	0.608	0.542	0.863**	0.048	−0.378

1) * 表示 $P<0.05$, * * 表示 $P<0.01$

3　讨论

田间定位试验结果表明持续 5 年秸秆直接还田或炭化还田均显著增加滴灌棉田土壤有机质、全氮、硝态氮、有效磷、速效钾含量,其中秸秆炭化还田的作用更为显著,这与前人的研究结果基本一致. 孙瑞波报道[19],与单施化肥相比,秸秆还田可显著改善土壤的营养状况提高土壤总碳、氮和速效养分含量. 也有研究表明施用生物炭显著提高土壤有机碳、氮储量和养分含量[20,21].

本研究发现秸秆直接还田和炭化还田提高了土壤微生物的代谢活性,促进土壤微生物对碳源的利用能力. 顾美英等[22]研究也发现秸秆还田和秸秆炭还田土壤微生物 AWCD 值高于单施化肥处理. 本研究中,秸秆直接还田土壤微生物代谢活性显著高于秸秆炭化还田. 这主要是因为秸秆的活性较强,含有丰富的营养物质,直接还田后能够为土壤微生物的生长繁殖提供充足的能源,从而提高土壤微生物的活性[23]. 通过对六大类碳源利用情况的分析发现,秸秆直接还田主要提高微生物对易分解的碳水化合物类、胺类等碳源的利用能力. 已有研究报道秸秆直接还田土壤微生物主要利用的碳源为碳水化合物类和羧酸类[15]. 秸秆还田根际土壤微生物主要利用的碳源为碳水化合物类和氨基酸类[23],这与本文结果基本一致. 但周东兴等[24]的研究表明,玉米秸秆显著提高东北黑土中碳水化合物类碳源的代谢活性,且酚酸类、聚合物类的代谢活性也明显增强. 这可能是由于本试验在新疆干旱区滴灌农田开展,研究区的作物秸秆类型、土壤性质、气候条件等与东北均存在很大差异. 本研究表明秸秆炭化还田土壤微生物对多聚物类、酚类等结构复杂碳源的代谢活性显著提高. Khodadad 等[25]和许文欢等[26]均发现

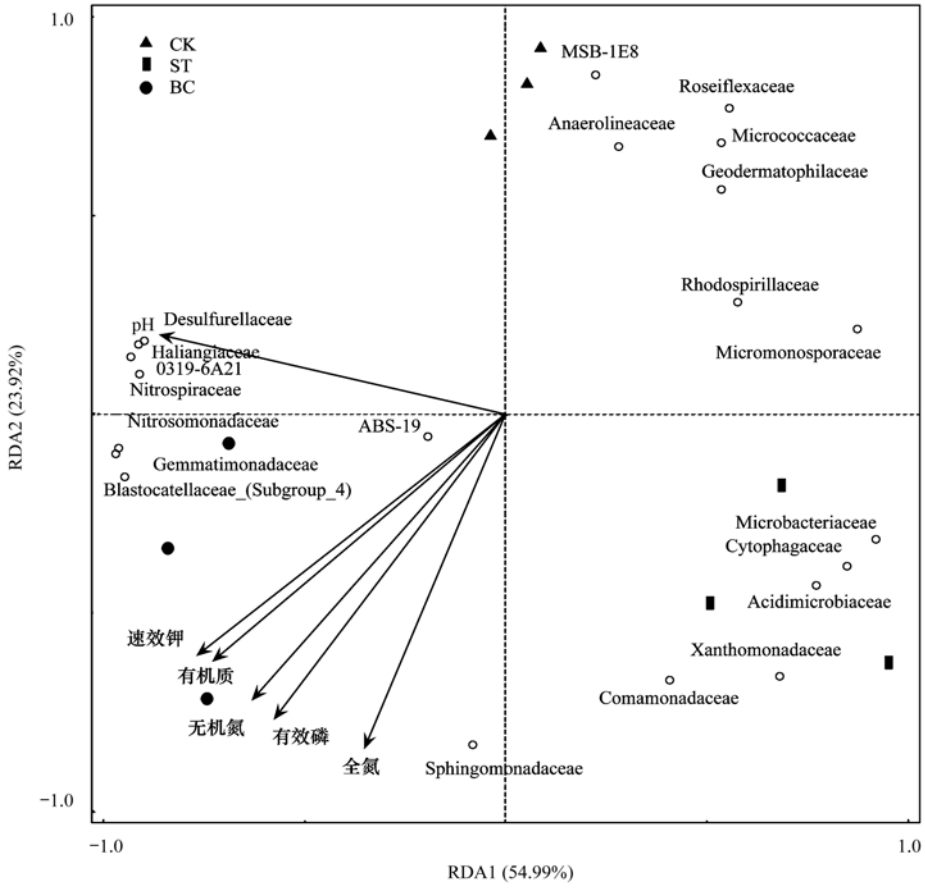


图 7 土壤理化性质与细菌群落组成(科水平)的冗余分析

Fig. 7 Redundancy analysis (RDA) of soil properties and the bacterial community composition (at the family level)

施用生物炭土壤微生物对多聚物类碳源代谢活性较强. 张璐等[27]发现生物炭不仅提高多聚物类碳源的利用能力,羧酸类碳源的代谢活性也显著提高. 秸秆直接还田和炭化还田土壤微生物碳源代谢活性存在明显差异,可能是秸秆和秸秆炭自身有机物组成不同所致[28].

微生物群落代谢功能与微生物群落结构和组成密切相关. 本研究表明秸秆直接还田或炭化还田显著提高土壤细菌多样性 Simpson 指数和 Shannon 指数. 有研究表明秸秆还田水稻根际土壤微生物多样性与均匀度显著增加[23]. 胡瑞文等[29]发现施用生物炭显著提高了根际土壤微生物 Shannon 指数和均匀度指数. 本研究中,各处理土壤细菌群落的优势菌门为变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)和浮霉菌门(Planctomycetes). 这与前人的研究结果相吻合[15,30]. 秸秆直接还田显著提高变形菌门、放线菌门、拟杆菌门的相对丰度,秸秆炭化还田显著增加酸杆菌门、芽单胞菌门以及硝化螺旋菌门的相对丰度. 程扬等[17]的研究表明,施用秸秆生物炭 5 $t \cdot hm^{-2}$ 显著增加玉米根际土壤酸杆菌门相对丰度,降低了变形菌门相对丰度. 王颖等[31]报道生物炭提高了土壤放线菌门、硝化螺旋菌门、厚壁菌门的相对丰度,降低了酸杆菌门和疣微菌门的相对丰度. 本研究结果与前人研究基本一致,但也存在差异,可能是由于生物炭类型、施用量以及土壤性质等不同所致.

土壤细菌群落组成(科水平)的分析表明,秸秆直接还田显著提高噬纤维菌科(Cytophagaceae)、黄单胞菌科(Xanthomonadaceae)、酸微菌科(Acidimicrobiaceae)和微杆菌科(Microbacteriaceae)相对丰度. 杨恒山等[32]发现玉米秸秆直接还田处理噬纤维菌科(Cytophagaceae)显著高于不还田处理;也有研究表明小麦秸秆还田显著提高黄单胞菌科(Xanthomonadaceae)的相对丰度[33],这些与本研究结果一致. 本研究发现秸秆炭化还田土壤芽单胞菌科(Gemmatimonadaceae)、Blastocatellaceae(Subgroup _ 4)菌科和亚硝化单胞菌科(Nitrosomonadaceae)的相对丰度显著增加. 已有研究报道施用生物炭可显著提高 Blastocatellaceae(Subgroup _ 4)菌科、亚硝化单胞菌科(Nitrosomonadaceae)的相对丰度[34,35].

相关性分析表明变形菌门、拟杆菌门与碳水化合物类、胺类、氨基酸类碳源代谢活性显著正相关;酸杆菌门、芽单胞菌门与多聚物类碳源代谢活性显著正相关.说明秸秆直接还田提高了变形菌门、拟杆菌门的相对丰度,从而促进了碳水化合物类、胺类等简单碳源的代谢活性;而秸秆炭化还田增加了酸杆菌门、芽单胞菌门、硝化螺旋菌门相对丰度,提高了对多聚物类碳源的利用.有研究认为酸杆菌门对于降解植物残体聚合物具有重要作用[36].进一步对细菌科水平群落组成与碳源代谢活性的相关性分析表明,黄单胞菌科、酸微菌科相对丰度与碳水化合物类、氨基酸类、羧酸类、胺类碳源代谢活性显著正相关;同时,噬纤维菌科、微杆菌科与碳水化合物类、胺类也呈显著正相关.说明秸秆直接还田促进碳水化合物类、胺类等简单碳源的代谢主要是由于变形菌门黄单胞菌科、放线菌门酸微菌科、微杆菌科、拟杆菌门噬纤维菌科的相对丰度显著增加.有学者指出噬纤维菌科在土壤、淡水和海洋中都广泛存在,是纤维素类多糖物质的主要降解者[37].本研究还发现 Blastocatellaceae (Subgroup_4)菌科、芽单胞菌科、亚硝化单胞菌科相对丰度与多聚物类碳源代谢活性呈显著正相关.因此,秸秆炭化还田显著增加酸杆菌门 Blastocatellaceae (Subgroup_4)菌科、芽单胞菌门芽单胞菌科和硝化螺旋菌门亚硝化单胞菌科的相对丰度,提高了多聚物类复杂碳源的代谢.

4　结论

持续秸秆直接还田与炭化还田均可显著增加滴灌棉田土壤养分,提高土壤微生物代谢活性.其中,秸秆炭化还田增加土壤养分作用较突出,而秸秆直接还田促进土壤微生物代谢活性更显著.秸秆直接还田土壤变形菌门黄单胞菌科、放线菌门酸微菌科、微杆菌科和拟杆菌门噬纤维菌科丰度显著增加,对碳水化合物类和铵类碳源的代谢活性较高.秸秆炭化还田土壤酸杆菌门 Blastocatellaceae (Subgroup_4)菌科、芽单胞菌门芽单胞菌科和硝化螺旋菌门亚硝化单胞菌科的相对丰度显著增加,对多聚物类碳源的利用能力增强.

参考文献:

[1] Jia W, Qin W, Zhang Q, *et al*. Evaluation of crop residues and manure production and their geographical distribution in China [J]. Journal of Cleaner Production, 2018, **188**: 954-965.

[2] 张静, 温晓霞, 廖允成, 等. 不同玉米秸秆还田量对土壤肥力及冬小麦产量的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2010, **16**(3): 612-619.
Zhang J, Wen X X, Liao Y C, *et al*. Effects of different amount of maize straw returning on soil fertility and yield of winter wheat [J]. Plant Nutrition and Fertilizer Science, 2010, **16**(3): 612-619.

[3] Witt C, Cassman K G, Olk D C, *et al*. Crop rotation and residue management effects on carbon sequestration, nitrogen cycling and productivity of irrigated rice systems[J]. Plant and Soil, 2000, **225**(1-2): 263-278.

[4] 杨旭, 兰宇, 孟军, 等. 秸秆不同还田方式对旱地棕壤 CO_2 排放和土壤碳库管理指数的影响[J]. 生态学杂志, 2015, **34**(3): 805-809.
Yang X, Lan Y, Meng J, *et al*. Effects of different stover-incorporation ways on CO_2 emission in dryland brown soil and soil carbon pool management index[J]. Chinese Journal of Ecology, 2015, **34**(3): 805-809.

[5] 路文涛. 秸秆还田对宁南旱作农田土壤理化性状及作物产量的影响[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2011.
Lu W T. Effects of straw returning on physi-chemical characters of soil and the yield of crops in dry farmland area of southern Ningxia Province [D]. Yangling: Northwest Agriculture & Forestry University, 2011.

[6] 李成芳, 寇志奎, 张枝盛, 等. 秸秆还田对免耕稻田温室气体排放及土壤有机碳固定的影响[J]. 农业环境科学学报, 2011, **30**(11): 2362-2367.
Li C F, Kou Z K, Zhang Z S, *et al*. Effects of rape residue mulch on greenhouse gas emissions and carbon sequestration from no-tillage rice fields[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2011, **30**(11): 2362-2367.

[7] Shrestha G, Traina S J, Swanston C W. Black carbon's properties and role in the environment: a comprehensive review [J]. Sustainability, 2010, **2**(1): 294-320.

[8] Lenton T M. The potential for land-based biological CO_2 removal to lower future atmospheric CO_2 concentration [J]. Carbon Management, 2010, **1**(1): 145-160.

[9] 陈温福, 张伟明, 孟军. 生物炭与农业环境研究回顾与展望[J]. 农业环境科学学报, 2014, **33**(5): 821-828.
Chen W F, Zhang W M, Meng J. Biochar and agro-ecological environment: review and prospect [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2014, **33**(5): 821-828.

[10] 徐国鑫, 王子芳, 高明, 等. 秸秆与生物炭还田对土壤团聚体及固碳特征的影响[J]. 环境科学, 2018, **39**(1): 355-362.
Xu G X, Wang Z F, Gao M, *et al*. Effects of straw and biochar return in soil on soil aggregate and carbon sequestration [J]. Environmental Science, 2018, **39**(1): 355-362.

[11] Wang J Z, Wang X J, Xu M G, *et al*. Crop yield and soil organic matter after long-term straw return to soil in China[J]. Nutrient Cycling in Agroecosystems, 2015, **102**(3): 371-381.

[12] 祁乐, 高明, 郭晓敏, 等. 生物炭施用量对紫色水稻土温室气体排放的影响[J]. 环境科学, 2018, **39**(5): 2351-2359.
Qi L, Gao M, Guo X M, *et al*. Effects of biochar application rates on greenhouse gas emissions in the purple paddy soil[J]. Environmental Science, 2018, **39**(5): 2351-2359.

[13] Cui J, Wang J J, Xu J, *et al*. Changes in soil bacterial communities in an evergreen broad-leaved forest in east China following 4 years of nitrogen addition[J]. Journal of Soils and Sediments, 2017, **17**(8): 2156-2164.

[14] 廖娜. 生物碳对滴灌棉田土壤微生物的影响[D]. 石河子: 石河子大学, 2016.
Liao N. Effects of biochar on soil microorganisms in a drip-irrigated cotton field[D]. Shihezi: Shihezi University, 2016.

[15] 顾美英, 唐光木, 刘洪亮, 等. 施用棉秆炭对新疆连作棉花根际土壤微生物群落结构和功能的影响[J]. 应用生态学

报, 2016, **27**(1): 173-181.
Gu M Y, Tang G M, Liu H L, *et al*. Effects of cotton stalk biochar on microbial community structure and function of continuous cropping cotton rhizosphere soil in Xinjiang, China [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2016, **27**(1): 173-181.

[16] 韩锐, 魏红, 康璐一, 等. 外源生物炭对黑土土壤微生物功能多样性的影响[J]. 东北林业大学学报, 2016, **44**(5): 67-69.
Han R, Wei H, Kang L Y, *et al*. Effects of exogenous biochar application amount on functional diversity of soil microbial community in black soil [J]. Journal of Northeast Forestry University, 2016, **44**(5): 67-69.

[17] 程扬, 刘子丹, 沈启斌, 等. 秸秆生物炭施用对玉米根际和非根际土壤微生物群落结构的影响[J]. 生态环境学报, 2018, **27**(10): 1870-1877.
Cheng Y, Liu Z D, Shen Q B, *et al*. The impact of straw biochar on corn rhizosphereic and non-rhizospheric soil microbial community structure[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2018, **27**(10): 1870-1877.

[18] 徐学池, 苏以荣, 王桂红, 等. 秸秆还田配施氮肥对喀斯特农田微生物群落及有机碳矿化的影响[J]. 环境科学, 2019, **40**(6): 2912-2919.
Xu X C, Su Y R, Wang G H, *et al*. Straw returning plus nitrogen fertilizer affects the soil microbial community and organic carbon mineralization in Karst farmland [J]. Environmental Science, 2019, **40**(6): 2912-2919.

[19] 孙瑞波, 郭熙盛, 王道中, 等. 长期施用化肥及秸秆还田对砂姜黑土细菌群落的影响[J]. 微生物学通报, 2015, **42**(10): 2049-2057.
Sun R B, Guo X S, Wang D Z, *et al*. The impact of long-term application of chemical fertilizers and straw returning on soil bacterial community[J]. Microbiology China, 2015, **42**(10): 2049-2057.

[20] 唐光木, 葛春辉, 徐万里, 等. 施用生物黑炭对新疆灰漠土肥力与玉米生长的影响[J]. 农业环境科学学报, 2011, **30**(9): 1797-1802.
Tang G M, Ge C H, Xv W L, *et al*. Effect of applying biochar on the quality of grey desert soil and maize cropping in Xinjiang, China[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2011, **30**(9): 1797-1802.

[21] 尚杰, 耿增超, 陈心想, 等. 施用生物炭对旱作农田土壤有机碳、氮及其组分的影响[J]. 农业环境科学学报, 2015, **34**(3): 509-517.
Shang J, Geng Z C, Chen X X, *et al*. Effects of biochar on soil organic carbon and nitrogen and their fractions in a rainfed farmland[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2015, **34**(3): 509-517.

[22] 顾美英, 唐光木, 葛春辉, 等. 不同秸秆还田方式对和田风沙土土壤微生物多样性的影响[J]. 中国生态农业学报, 2016, **24**(4): 489-498.
Gu M Y, Tang G M, Ge C H, *et al*. Effects of straw incorporation modes on microbial activity and functional diversity in sandy soil[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2016, **24**(4): 489-498.

[23] 唐海明, 肖小平, 李超, 等. 冬季覆盖作物秸秆还田对双季稻田根际土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学报, 2018, **38**(18): 6559-6569.
Tang H M, Xiao X P, Li C, *et al*. Effects of recycling straw of different winter covering crops on rhizospheric microbial community functional diversity in a double-cropped paddy field [J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, **38**(18): 6559-6569.

[24] 周东兴, 王广栋, 邬欣慧, 等. 不同还田量对秸秆养分释放规律及微生物功能多样性的影响[J]. 土壤通报, 2018, **49**(4): 848-855.
Zhou D X, Wang G D, Wu X H, *et al*. Microbial community diversity and nutrient release of straws under different straw returning amounts[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2018, **49**(4): 848-855.

[25] Khodadad C L M, Zimmerman A R, Green S J, *et al*. Taxa-specific changes in soil microbial community composition induced by pyrogenic carbon amendments [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2011, **43**(2): 385-392.

[26] 许文欢, 张雅坤, 王国兵, 等. 不同施肥方式对苏北杨树人工林土壤微生物碳源代谢的影响[J]. 生态学杂志, 2015, **34**(7): 1791-1797.
Xu W H, Zhang Y K, Wang G B, *et al*. Response of carbon metabolism by soil microbes to different fertilization regimes in a poplar plantation in coastal area of northern Jiangsu, China[J]. Chinese Journal of Ecology, 2015, **34**(7): 1791-1797.

[27] 张璐, 阎海涛, 任天宝, 等. 有机物料对植烟土壤养分、酶活性和微生物群落功能多样性的影响[J]. 中国烟草学报, 2019, **25**(2): 55-62.
Zhang L, Yan H T, Ren T B, *et al*. Effects of organic matter on nutrient, enzyme activity and functional diversity of microbial community in tobacco planting soil[J]. Acta Tabacaria Sinica, 2019, **25**(2): 55-62.

[28] 徐一兰, 唐海明, 程爱武, 等. 长期施肥对大麦-双季稻种植方式中大麦根际土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 四川农业大学学报, 2017, **35**(2): 144-150.
Xv Y L, Tang H M, Cheng A W, *et al*. Effects of different long-term fertilization treatments on rhizospheric soil microbial community functional diversity of paddy field in barley-double cropping rice system [J]. Journal of Sichuan Agricultural University, 2017, **35**(2): 144-150.

[29] 胡瑞文, 刘勇军, 周清明, 等. 生物炭对烤烟根际土壤微生物群落碳代谢的影响[J]. 中国农业科技导报, 2018, **20**(9): 49-56.
Hu R W, Liu Y J, Zhou Q M, *et al*. Effects of bio-carbon on the carbon metabolism of rhizosphere soil microbial communities in flue-cured tobacco [J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2018, **20**(9): 49-56.

[30] 赵文慧, 马垒, 徐基胜, 等. 秸秆与木本泥炭短期施用对潮土有机质及微生物群落组成和功能的影响[J]. 土壤学报, 2019, **56**(6), doi: 10.11766/trxb201811300537.
Zhao W H, Ma L, Xv J S, *et al*. Effect of application of straw and wood peat for a short period on soil organic matter and microbial community in composition and function in fluvo-aquic soil [J]. Acta Pedologica Sinica, 2019, **56**(6), doi: 10.11766/trxb201811300537. (正式出版以后补充页码)

[31] 王颖, 孙层层, 周际海, 等. 生物炭添加对半干旱区土壤细菌群落的影响[J]. 中国环境科学, 2019, **39**(5): 2170-2179.
Wang Y, Sun C C, Zhou J H, *et al*. Effects of biochar addition on soil bacterial community in semi-arid region [J]. China Environmental Science, 2019, **39**(5): 2170-2179.

[32] 杨恒山, 萨如拉, 高聚林, 等. 秸秆还田对连作玉米田土壤微生物学特性的影响[J]. 玉米科学, 2017, **25**(5): 98-104.
Yang H S, Sa R L, Gao J L, *et al*. Effects of continuous cropping of corn field on soil microbiological Characteristics[J]. Journal of Maize Sciences, 2017, **25**(5): 98-104.

[33] 李增亮. 不同植物秸秆对连作番茄生长及土壤微生物群落的

影响[D]. 哈尔滨：东北农业大学，2018.
Li Z L. Effects of different plant straws on tomato growth and soil microbial community in continuous cropping soil of tomato[D]. Harbin：Northeast Agricultural University，2018.
[34] 谢梦佩. 城市有机垃圾热解生物炭对紫色土氮素特征与微生物群落结构的影响[D]. 重庆：重庆大学，2016.
Xie M P. Effect of organic fraction of municipal solid waste-based biochar on nitrogen condition and microbial community structure in a purple soil[D]. Chongqing：Chongqing University，2016.
[35] 姚钦. 生物炭施用对东北黑土土壤理化性质和微生物多样性的影响[D]. 长春：中国科学院大学(中国科学院东北地理与农业生态研究所)，2017.
Yao Q. Effect of biochar addition on soil physicochemical properties and microbial diversity in a black soil of northeast China[D]. Changchun：Northeast Institute of Geography and Agroecology，University of Chinese Academy of Sciences，2017.
[36] 王光华，刘俊杰，于镇华，等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展[J]. 生物技术通报，2016，**32**(2)：14-20.
Wang G H，Liu J J，Yu Z H，*et al*. Research progress of acidobacteria ecology in soils[J]. Biotechnology Bulletin，2016，**32**(2)：14-20.
[37] 韩文彬，徐正学，苏婧，等. 哈氏噬纤维菌生活史中形态的变化[J]. 微生物学报，2009，**49**(1)：18-22.
Han W B，Xv Z X，Su J，*et al*. Morphologic changes in the life cycle of *Cytophaga hutchinsonii*[J]. Acta Microbiologica Sinica，2009，**49**(1)：18-22.

HUANJING KEXUE

Environmental Science (monthly)

Vol. 41 No. 1

Jan. 15, 2020

CONTENTS

Spatiotemporal Variations of $PM_{2.5}$ Pollution Evolution in China in Recent 20 Years ····· SHI Yan, LIU Rui-mei, LUO Yi, *et al.* (1)

Characteristics of Aerosol Particulate Concentrations and Their Climate Background in Shanghai During 2007-2016 ····· ZHENG Qing-feng, SHI Jun, TAN Jian-guo, *et al.* (14)

Characteristics and Sources of Elements in $PM_{2.5}$ During Summer for Three Typical Cities in Pingdingshan-Suizhou-Wuhan, Central China ····· LIU Wei-jie, SHI Ming-ming, CHENG Cheng, *et al.* (23)

$PM_{2.5}$ Pollution Characteristics During Winter and Summer in the Hohhot-Baotou-Ordos Region, China ····· LI Yi-ming, LIU Jia-yuan, SHI Guo-liang, *et al.* (31)

Analysis of Pollution Characteristics and Sources of $PM_{2.5}$ During Heavy Pollution in Shijiazhuang City Around New Year's Day 2019 ····· ZHOU Jing-bo, DUAN Jing-chun, WANG Jian-guo, *et al.* (39)

Modeling Studies of Source Contributions to $PM_{2.5}$ in Chengdu, China ····· XU Yan-ling, YI Ai-hua, XUE Wen-bo (50)

Chemical Characteristics of Arsenic in $PM_{2.5}$ in Beijing ····· SHI Shao-xuan, YANG Yan-rong, QIN Juan-juan, *et al.* (57)

Pollution Characteristics and Potential Source Contributions of Gaseous Elemental Mercury (GEM) During Summer and Autumn in Ningbo City ····· YI Hui, LIN Jia-mei, CAI Qiu-liang, *et al.* (65)

Seasonal Characteristics and Source Analysis of Water-Soluble Ions in $PM_{2.5}$ of Anyang City ····· SUN You-chang, JIANG Nan, WANG Shen-bo, *et al.* (75)

Analysis of Stable Carbon Isotope Characteristics of $PM_{2.5}$ in Summer and Winter Season in Xinxiang City ····· YAN Guang-xuan, SONG Xin, ZHANG Jing-wen, *et al.* (82)

Construction and Evaluation on Size Resolved Source Apportionment Methods Based on Particle Size Distribution of Chemical Species ····· LIANG Yong-li, TIAN Ying-ze, LIU Tong, *et al.* (90)

Fine Particulate Emission Characteristics of an Ultra-Low Emission Coal-Fired Power Plant ····· WANG Run-fang, MA Da-wei, JIANG Shao-yi, *et al.* (98)

Driving Factors of the Significant Increase in Surface Ozone in the Beijing-Tianjin-Hebei Region, China, During 2013-2018 ····· YU Yi-jun, MENG Xiao-yan, WANG Zhen, *et al.* (106)

Characteristic of Surface Ozone and Meteorological Parameters Analysis in Anyang City ····· YANG Jian, YIN Sha-sha, YU Shi-jie, *et al.* (115)

Emission Inventory of Intermediate Volatility Organic Compounds from Vehicles in the Yangtze River Delta in 2017 and the Impact on the Formation Potential of Secondary Organic Aerosols ····· WANG Qian, HUANG Ling, WANG Yang-jun, *et al.* (125)

Exhaust Smoke of Non-Road Vehicles in Typical Cities of Eastern China ····· LU Jun, HU Qing-yao, YANG Qiang, *et al.* (133)

Emission Status and Standards of Volatile Organic Compounds from Chinese and Foreign Bulk Petroleum Terminals ····· HU Wei, REN Bi-qi, HUANG Yu-hu, *et al.* (139)

Secondary Organic Aerosol Mass Yield and Characteristics from 4-ethylguaiacol Aqueous ·OH Oxidation: Effects of Initial Concentration ····· ZHUANG Yu, CHEN Yan-tong, LI Xu-dong, *et al.* (146)

Stable Isotope Characteristics and Vapor Source of Precipitation in the South and North Slopes of Wushaoling Mountain ····· XU Xiu-ting, JIA Wen-xiong, ZHU Guo-feng, *et al.* (155)

Characteristics and Influencing Factors of Stable Hydrogen and Oxygen Isotopes in Groundwater in the Permafrost Region of the Source Region of the Yangtze River ····· WANG Shao-yong, HE Xiao-bo, DING Yong-jian, *et al.* (166)

Hydrochemical and Isotopic Characteristics of the Lake Balkhash Catchment, Kazakhstan ····· SHEN Bei-bei, WU Jing-lu, Jilili Abuduwaili, *et al.* (173)

Effect of a Comprehensive Improvement Project on Water Quality in Urban Lakes: A Case Study of Water Quality Variation in Lihu Lake Over the Past 30 Years ····· TIAN Wei, YANG Zhou-sheng, SHAO Ke-qiang, *et al.* (183)

Detection Method, Distribution, and Risk Assessment of Pharmaceuticals and Personal Care Products in the Yellow Sea and the East China Sea ····· CHEN Xian, ZHANG Cai-jie, YANG Gui-peng, *et al.* (194)

Occurrence and Risk Assessment of Organophosphate Esters in Source Water of the Nanjing Section of the Yangtze River ····· LI Dong, ZHANG Sheng-hu, ZHANG Qin, *et al.* (205)

Spatial Distribution, Spectral Characteristics, and Sources Analysis of Dissolved Organic Matter from Baiyangdian Lake in Xiong'an New District During the Winter Freezing Period ····· ZHOU Shi-lei, SUN Yue, ZHANG Yi-ran, *et al.* (213)

Spatial Characteristics, Risk Assessment, and Source Analysis of Elements in Surface Sediments from the Baiyangdian Lake ····· WANG Jing-zhong, LIU Zhuo, WEI Hao, *et al.* (224)

Distribution Characteristics and Ecological Risk Assessment of Phthalate Esters in Surface Sediments of the Songhua River ····· WANG Huan, YANG Yong-zhe, WANG Hai-yan, *et al.* (232)

Occurrence Relationship Between Microplastics and Heavy Metals Pollutants in the Estuarine Sediments of Poyang Lake and the Yangtze River ····· LI Wen-hua, JIAN Min-fei, LIU Shu-li, *et al.* (242)

Effect of Ozonation on Microorganism in the Biological Activated Carbon and Disinfection By-Products in the Effluent ····· LIU Bao-ming, WANG Xi-xi, ZHANG Xiao-xia, *et al.* (253)

Refined Assessment of Exposure and Health Risks of Heavy Metals in Water for the Children in Xigu District, Lanzhou ····· CHEN Yue-fang, SUN Shan-wei, DUAN Xiao-li, *et al.* (262)

Adsorption of Phosphate on Mg/Fe Layered Double Hydroxides (Mg/Fe-LDH) and Use of Mg/Fe-LDH as an Amendment for Controlling Phosphorus Release from Sediments ····· WU Jun-lin, LIN Jian-wei, ZHAN Yan-hui, *et al.* (273)

Characteristics and Mechanism of Monothioarsenate Adsorption on Sand, Sediment, and Goethite ····· LIAO Dan-xue, SHAN Hui-mei, PENG San-xi, *et al.* (284)

Substructure Characteristics of Combined Acid-Base Modified Sepiolite and Its Adsorption for Cd(Ⅱ) ····· XIE Sha, XU Ying-ming, YAN Cui-xia, *et al.* (293)

Characteristics of Nitrogen Metabolism by Denitrifying Bacterial Agents in Low Dissolved Oxygen Black Odor Water ····· ZHAO Zhi-rui, LIU Shuo, LI Duo, *et al.* (304)

Metagenomic Analysis of Antibiotic Resistant Bacteria and Resistance Genes in a Pharmaceutical and Chemical Wastewater Treatment Plant ····· CHEN Hong-ling, ZHANG Xing-tao, WANG Qing, *et al.* (313)

Measurements of Bacterial Community and Biodiversity from Activated Sludge for a Wastewater Treatment Containing Starch ····· ZHAO Ting-ting, QIAO Kai, WANG Lei, *et al.* (321)

Process Control and Operation Optimization of PN-SAD Coupling Process Based on SBR-ABR ····· CHEN Chong-jun, ZHANG Min, JIANG Ying, *et al.* (330)

Effects of Intermittent Starvation on the Operation of the SNAD Process ····· LI Dong, LIU Zhi-cheng, XU Gui-da, *et al.* (337)

Nitrogen Removal from Mature Landfill Leachate via Denitrification-Partial Nitritation-ANAMMOX Based on a Zeolite Biological Aerated Filter ····· CHEN Xiao-zhen, WANG Xiao-jun, Karasuta Chayangkun, *et al.* (345)

Rapid Achievement of Nitrifying Micro-granular Sludge and Its Nitritation Function ····· LIU Wen-ru, SONG Jia-jun, WANG Jian-fang, *et al.* (353)

Effect of On/Off Aeration Time Ratio Under High Frequency On/Off Aeration on Performance of Nitrosated Granular Sludge ····· ZHANG Jie, LAO Hui-mei, LI Dong, *et al.* (360)

Occurrence, Distribution, Source, and Health Risk Assessment of Polybrominated Diphenyl Ethers in Surface Soil from the Shen-Fu Region, Northeast China ····· XIANG Xin-xin, LU Yin-tao, RUAN Qi-yang, *et al.* (368)

Vertical Pollution Characteristics and Sources of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in a Heterogeneous Unsaturated Zone Under a Coking Plant ····· MENG Xiang-shuai, WU Meng-meng, CHEN Hong-han, *et al.* (377)

Distribution Characteristics of Antibiotic Resistance Genes and Mobile Genetic Elements in Beijing Vegetable Base Soils ····· ZHANG Ru-feng, SONG Yuan, GAO Hao-ze, *et al.* (385)

Stoichiometric Characteristics of Purple Sloping Cropland Under Long-term Fertilization and Cultivation ····· DU Ying-ni, LI Tian-yang, HE Bing-hui, *et al.* (394)

Ecological Stoichiometry of Carbon, Nitrogen, and Phosphorus in Subtropical Paddy Soils ····· SONG Jia-ling, SHENG Hao, ZHOU Ping, *et al.* (403)

Denitrification and Anaerobic Ammonium Oxidation in Soil Nitrogen Migration Process in a Farmland of Wanshandang Lake ····· CHEN Zhi-hao, QIN Yun-bin, DING Bang-jing, *et al.* (412)

Effects of Straw Biochar on Soil Microbial Metabolism and Bacterial Community Composition in Drip-irrigated Cotton Field ····· WANG Jing, MA Li-juan, LONG Ze-hua, *et al.* (420)

Source Appointment of Heavy Metals in Agricultural Soils of the Jiulong River Basin Based on Positive Matrix Factorization ····· HUANG Hua-bin, LIN Cheng-qi, HU Gong-ren, *et al.* (430)

Spatial Distribution of Soil Arsenic and Arsenic Enrichment in Crops in the Oasis Region of the Southeastern Tarim Basin ····· CHEN Yun-fei, ZHOU Jin-long, ZENG Yan-yan, *et al.* (438)

Bioavailability, Translocation, and Accumulation Characteristic of Heavy Metals in a Soil-Crop System from a Typical Carbonate Rock Area in Guangxi, China ····· MA Hong-hong, PENG Min, LIU Fei, *et al.* (449)

Effects of Different Amendments on Fractions and Uptake by Winter Wheat in Slightly Alkaline Soil Contaminated by Cadmium and Nickel ····· ZHANG Jing-jing, ZHU Shuang-ge, ZHU Li-nan, *et al.* (460)

Effect of Different Passivating Agents on the Stabilization of Heavy Metals in Chicken Manure Compost and Its Maturity Evaluating Indexes ····· LUAN Run-yu, GAO Shan, XU Ying-ming, *et al.* (469)

Response of Soil Respiration and Its Components to Nitrogen and Phosphorus Addition in Farming-Withdrawn Grassland in the Semiarid Loess Hilly-Gully Region ····· ZHOU Jun-jie, CHEN Zhi-fei, YANG Quan, *et al.* (479)

Subsequent Effects of Slag and Biochar Application on Greenhouse Gas Emissions from Paddy Fields in the Fuzhou Plain ····· LAN Xing-fu, WANG Xiao-tong, ZHOU Ya-xin, *et al.* (489)