

方知库
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.9
第41卷 第9期

目次

2020年天津市两次重污染天气污染特征分析.....肖致美,徐虹,蔡子颖,李鹏,刘彬,元洁,郑乃源,唐逊,陈魁,邓小文(3879)

基于高分辨率MARGA分析成都市PM_{2.5}中水溶性离子污染特征.....尹寒梅,陈军辉,冯小琼,姜涛,钱骏,刘政(3889)

宿迁市PM_{2.5}中水溶性无机离子的季节特征和来源分析.....
.....马红璐,赵欣,陆建刚,王辉,许纯领,欧阳琰,朱新胜,殷堂兵,漆丹,陆亚秋,汪玖阳,陆声兴(3899)

鼎湖山大气颗粒物中OC与EC的浓度特征及粒径分布.....李安娜,温天雪,华维,杨员,孟泽,胡波,辛金元(3908)

鞍山市道路扬尘碳组分特征及来源解析.....林孜,姬亚芹,林宇,国纪良,马妍,赵静琦(3918)

西安市冬季PM_{2.5}中WSOC的光谱特性和来源解析.....杨毅,张亚楠,刘焕武,田萍萍,李亚飞,雷颖,王一博(3924)

长三角地区气溶胶光学性质与新粒子生成观测.....
.....杜盈盈,陈军,张家洛,甘桂城,刘瑜存,苏明旭,楼晟荣,周敏,陶士康,乔利平(3932)

连云港市挥发性有机化合物的组分特征及来源解析.....崔金梦,王体健,李秋潼,董立文,黄丛吾,曹云擎(3941)

成都市城区大气VOCs季节污染特征及来源解析.....王成辉,陈军辉,韩丽,徐晨曦,王波,李英杰,刘政,钱骏(3951)

德州市夏季臭氧敏感性特征及减排方案.....严茹莎(3961)

超低改造下中国火电排放清单及分布特征.....屈加豹,王鹏,伯鑫,薛晓达,董广霞,崔磊,康明雄,王彤,汤铃,朱法华,李时蓓(3969)

浙江省人为源氨排放清单建立及分布特征.....赵睿东,于兴娜,侯新红,沈丽(3976)

垃圾焚烧烟气中二噁英控制技术的评估与筛选.....赵思岚,奚鹏飞,郭凤艳,邓双,贾建丽(3985)

兰州市两场典型降水事件稳定同位素特征及其水汽来源.....韩婷婷,张明军,王圣杰,杜勤勤,马转转,郭蓉,曹晏风(3993)

然乌湖流域地表水水化学特征及控制因素.....张涛,王明国,张智印,刘廷,何锦(4003)

河套灌区地下水化学演变特征及形成机制.....崔佳琪,李仙岳,史海滨,孙亚楠,安海军,邢进平(4011)

石期河流域地下水化学特征及物质来源分析.....李笑,于爽,李亮,郭永丽(4021)

长江中下游湖泊水体氮磷时空变化特征及其影响因素.....季鹏飞,许海,詹旭,朱广伟,邹伟,朱梦圆,康丽娟(4030)

2016~2017年长荡湖流域湖库系统营养盐时空分布机制分析.....李新艳,李恒鹏,姜三元,马培,赖锡军,邓建才,陈东强,耿建伟(4042)

菹草对湖泊水质及浮游植物群落结构的影响.....康丽娟,许海,邹伟,朱广伟,朱梦圆,季鹏飞,陈洁(4053)

金泽水库库区细菌群落构建过程与关键驱动因子分析.....刘明坤,童俊,朱慧峰,白晓慧(4062)

典型氟工业园周边河流沉积物中全(多)氟化合物的分布特征.....孙琳婷,赵祯,唐建辉(4069)

微塑料对河水抗生素抗性基因的影响.....周昕原,王言仔,苏建强,黄福义(4076)

莲花水库水体中抗生素污染特征及生态风险评价.....廖杰,魏晓琴,肖燕琴,李青松,范洪勇,刘学军,庄马展,刘超翔(4081)

拟柱孢藻生长及碱性磷酸酶活性对不同磷浓度和磷形态响应的株系间差异.....叶金梅,赵莉,罗旭,彭亮,雷腊梅(4088)

奶水河湿地植物作用及调水水质响应模拟.....李亚娟,杜彦良,毕二平,王亮,陈翠柏(4095)

浅基质层干植草沟运行效果的现场实验.....张佳炜,李田,张庭秀(4105)

海绵城市地块汇水区颗粒污染物的传输.....李佳,谢文霞,姜智绘,单溪环,廖云杰,赵洪涛,李叙勇(4113)

天然黄铁矿吸附去除水中Sb(V):性能与机制.....石松,吴乾元,李新正,黄满红(4124)

过硫酸盐氧化处理含砷磷酸废水.....章晋门,卢钧,刘晓琛,陈泉源(4133)

温度对城市污水厌氧生物滤池运行效果与菌群结构的影响.....刘智斌,刘秀红,周桐,章世勇,李健敏,杨庆(4141)

ABR-MBR耦合工艺启动及优化反硝化除磷性能.....缪新年,汪倩,郭凯成,刘文如,沈耀良(4150)

低温下全自养脱氮颗粒污泥适应低基质效能.....刘雨馨,王建芳,钱飞跃,陈倩苗,乔伟,沈聪(4161)

雄安新区土壤重金属地球化学监测关键问题探讨.....郭志娟,周亚龙,杨峥,赵传冬,成杭新,孔牧,彭敏(4169)

基于土壤重金属及PAHs来源的人体健康风险定量评价:以北京某工业污染场地为例.....
.....吴志远,张丽娜,夏天翔,贾晓洋,李慧颖,王世杰(4180)

基于乡镇尺度的西南重金属高背景区土壤重金属生态风险评价.....
.....张富贵,彭敏,王惠艳,马宏宏,徐仁廷,成晓梦,侯召雷,陈子万,李括,成杭新(4197)

云南兰坪铅锌矿区优势植物重金属富集特性及应用潜力.....张龙,张云霞,宋波,吴勇,周子阳(4210)

水培试验下水稻Pb吸收累积关键生育期.....胡雨丹,周航,辜娇峰,霍洋,邓鹏辉,魏宾缤,刘俊,廖柏寒(4218)

田间条件下养分调控八宝景天Cd修复效率.....郭俊梅,杨俊兴,杨军,郑国砥,周小勇,陈同斌,卞建林,孟晓飞,李玉峰(4226)

桉树枝条生物炭输入对桂北桉树人工林酸化土壤的作用效果.....
.....段春燕,沈育伊,徐广平,滕秋梅,张德楠,何成新,张中峰,周龙武,孙英杰(4234)

秸秆直接还田和炭化还田对红壤酸度、养分和交换性能的动态影响.....杨彩迪,卢升高(4246)

土壤微生物群落结构对生活源和工业源再生水灌溉的差异化响应.....王燕,程东会,檀文炳,余红,席北斗,姜永海,党秋玲(4253)

粪肥和有机肥施用对稻田土壤微生物群落多样性影响.....理鹏,吴建强,沙晨燕,叶春梅,黄沈发(4262)

松花江下游沿江湿地土地利用变化对土壤细菌群落多样性的影响.....张拓,徐飞,怀宝东,杨雪,隋文志(4273)

黄土高原草地土壤细菌群落结构对于降水变化的响应.....李娜,王宝荣,安韶山,焦峰,黄倩(4284)

土地利用方式对会仙岩溶湿地土壤真菌群落和功能类群的影响.....程跃扬,靳振江,王晓彤,贾远航,袁武,周军波(4294)

黑土真菌群落互作及其与梯度有机质碳分子结构的关系.....尚秋彤,黄瑞林,倪浩为,隋跃宇,孙波,梁玉婷(4305)

贵州茂兰喀斯特森林不同演替下土壤真核微生物多样性.....王显,龙健,李娟,刘灵飞,廖洪凯,李宜蓉,杨睿(4314)

玉米秸秆生物炭固化细菌对镉砷吸附.....刘玉玲,朱虎成,彭鸥,李丹阳,杨蕊蕊,彭晶,铁柏清(4322)

无机态氮素转化机制及水土体氮源识别方法.....梁杏,孙立群,张鑫,张洁,付鹏宇(4333)

《环境科学》征订启事(4061) 《环境科学》征稿简则(4132) 信息(4233, 4293, 4304)

粪肥和有机肥施用对稻田土壤微生物群落多样性影响

理鹏¹, 吴建强², 沙晨燕², 叶春梅¹, 黄沈发^{1,2*}

(1. 东华大学环境科学与工程学院, 上海 201620; 2. 上海市环境科学研究院, 上海 200233)

摘要: 为探究典型粪肥施用对稻田土壤微生物的影响, 开展崇明岛稻田粪肥施用现场实验. 采用高通量测序技术分析对照组 (CK) 和鸡粪 (CM)、猪粪 (PM) 和有机肥 (OF) 施用稻田土壤微生物群落组成及多样性. 结果表明, 与 CK 相比, 施用有机肥可提高土壤有机质 (SOM), 施用鸡粪可显著提高土壤氨氮 (NH_4^+ -N) 和总氮 (TN) 含量 ($P < 0.05$). PM 组土壤微生物多样性显著高于 CK 组 ($P < 0.05$), OF 组土壤微生物群落丰富度显著高于 CM 组 ($P < 0.05$). pH 值、总磷 (TP)、总氮和 Pb 是影响稻田土壤微生物群落组成的重要因素, CM 组微生物群落结构与其他 3 组差异较大. 与 CK 相比, OF 组增加了硝化螺菌属 (*Nitrospira*) 的相对丰度, CM 组显著降低了反硝化细菌 *Ignavibacteriae* 的相对丰度 ($P < 0.01$), 达 40.56%, 但显著增加了硝化细菌陶厄氏菌属 (*Thauera*) 的相对丰度 ($P < 0.05$), 达 203.00%; PM 组显著增加了氨化细菌 *Armatimonadetes* 的相对丰度 ($P < 0.05$), 达 57.51%, 还增加了厌氧绳菌属 (*Anaerolinea*) 的相对丰度, 达 102.00%. 施用鸡粪和猪粪分别显著增加致病菌假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 和黄杆菌属 (*Flavisolibacter*) 的相对丰度 ($P < 0.05$), 而有机肥施用则降低了黄杆菌属的相对丰度. 粪肥的施用增加了参与稻田土壤氮循环过程细菌的丰度, 对调节稻田土壤氮平衡起着正向作用, 然而鸡粪和猪粪的直接施用会导致病原菌增多, 对稻田土壤健康有一定的胁迫.

关键词: 鸡粪; 猪粪; 有机肥; 稻田土壤; 微生物

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2020)09-4262-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.202002050

Effects of Manure and Organic Fertilizer Application on Soil Microbial Community Diversity in Paddy Fields

LI Peng¹, WU Jian-qiang², SHA Chen-yan², YE Chun-mei¹, HUANG Shen-fa^{1,2*}

(1. College of Environmental Science and Engineering, Donghua University, Shanghai 201620, China; 2. Shanghai Academy of Environmental Sciences, Shanghai 200233, China)

Abstract: To investigate the effect of typical manure application on soil microbes in paddy fields, a field experiment on manure application in Chongming Island was carried out. The composition and variety of soil microorganisms in rice paddy fields were analyzed using high-throughput theory (CK), chicken manure (CM), pig manure (PM), and organic fertilizer (OF). The results showed that compared with CK, the application of organic manure increased soil organic matter (SOM), and the application of chicken manure significantly increased the soil ammonia nitrogen (NH_4^+ -N) and total nitrogen (TN) contents ($P < 0.05$). Soil microbial diversity in the PM group was significantly higher than that in the CK group ($P < 0.05$), and the soil microbial community richness in the OF group was significantly higher than that in the CM group ($P < 0.05$). pH, total phosphorus (TP), total nitrogen, and Pb were the important factors affecting the composition of soil microbial communities in paddy fields. The microbial community structure in the CM group was significantly different from those in the other three groups. Compared with CK, the OF group increased the relative abundance of *Nitrospira*, and the CM group significantly reduced the relative abundance of the denitrifying bacteria *Ignavibacteriae* ($P < 0.01$) to 40.56%, but significantly increased the relative abundance of nitrifying bacteria *Thauera* ($P < 0.05$) to 203.00%. The PM group significantly increased the relative abundance of ammoniated bacteria *Armatimonadetes* ($P < 0.05$) to 57.51% and the anaerobic strain *Anaerolinea* to 102.00%. The application of chicken manure and pig manure significantly increased the relative abundance of pathogens *Pseudomonas* and *Flavisolibacter* ($P < 0.05$), respectively, while the application of organic manure reduced the relative abundance of *Flavisolibacter*. Overall, the application of manure increased the abundance of bacteria involved in the nitrogen cycle of paddy soils and played a positive role in regulating the nitrogen balance in paddy soils. However, direct application of chicken manure and fresh pig manure increased the abundance of pathogenic bacteria, which had a certain degree of stress on the soil health in the paddy field.

Key words: chicken manure; pig manure; organic fertilizer; paddy soil; microbial

随着我国畜禽养殖业的快速发展, 畜禽粪便随意处置导致的环境污染问题日益突出, 如何科学合理地利用畜禽粪便已成为我国养殖业可持续发展的重要瓶颈. 农田长期以来无机肥料特别是氮肥的过量施用是造成土壤有机质流失、土壤结构破坏、生物活性下降甚至土壤肥力降低的主要原因^[1]. 近年来, 随着生态农业的逐步发展, 我国农田以施用无机

化肥为主逐渐转向有机肥^[2]. 谢文龙^[3]在 2015 年的调查发现上海市主要农产区崇明岛畜禽业生产以

收稿日期: 2020-02-09; 修订日期: 2020-03-24

基金项目: 国家自然科学基金项目 (51679141); 上海市自然科学基金项目 (31100404)

作者简介: 理鹏 (1995 ~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤污染防治及修复, E-mail: lipeng951204@163.com

* 通信作者, E-mail: sfhuang67@163.com

饲养猪、牛、羊和鸡为主,其中中小型养殖场猪粪和鸡粪处理的主要途径仍为还田。粪肥还田既能实现粪便的资源化利用,还有利于改善土壤质量和结构,提高土壤微生物生物量^[4]、酶活性^[5]以及群落的功能多样性和丰度^[6]。土壤微生物的群落组成及多样性是反映土壤微生物群落生态功能的重要指标^[7],同时土壤微生物群落结构和功能多样性能够很好地指示土壤质量,对土壤环境管理具有重要作用^[8]。

在稻田生态系统中,合理的施肥可以促进土壤有机碳积累和植物生长,并驱动稻田土壤微生物群落结构演变^[9]。稻田生态系统是研究微生物生态的模式系统^[10],对研究粪肥施用下土壤微生物群落组成及多样性而言,是一个极佳的场所。由于稻田土壤大部分是在淹水状况下,其微生物在厌氧条件下通过硝化-反硝化作用参与着土壤的氮循环,粪肥施用不仅能为水稻提供所需养分,还能提高稻田土壤微生物丰度及其多样性^[8]。近年来,国内外学者陆续开展了粪肥施用对稻田土壤微生物影响的研究。郭莹等^[8]的研究发现,施用猪粪能显著提高稻田土壤微生物的碳源利用率及群落多样性;谭周进等^[11]的研究发现,施用有机肥能显著提高稻田土壤反硝化细菌数量同时还能提高土壤微生物活性;王伟华等^[12]的研究发现,施用有机肥能够显著改善稻田土壤养分含量和土壤微生物量、微生物群落结构和活性;Kumar 等^[13]的研究发现,施用有机肥增加了稻田土壤有机碳含量,同时提高了微生物多样性。然而畜禽粪便中存在的病原菌也可能威胁土壤生态健康,甚至通过植物危害人体健康^[14,15]。

目前关于粪肥施用对稻田微生物群落的影响研究,主要集中于粪肥、有机肥施用的影响,或者两者施用影响的对比方面^[8,16,17],而对于不同粪肥施用和某种粪肥及其制成的有机肥施用的系统研究分析则鲜见报道。本文选取崇明岛试验稻田开展研究,采用高通量测序技术研究鸡粪、猪粪及其制成的有机肥施用下稻田土壤微生物群落多样性及组成结构的变化,分析施肥对农田土壤理化性质的影响,进而探讨土壤理化性质与微生物群落的相关性,以期为畜禽粪肥资源化利用及农田土壤环境健康管理提供理论依据。

1 材料与方 法

1.1 实验区域概况

本文依托“崇明岛中兴镇农田土壤生态过程试验基地”开展研究,基地位于崇明岛(121°09'30"~121°54'00"E, 31°27'00"~31°51'15"N)中兴镇,占地约 0.03 km²。基地所在区域属北亚热带季风海洋性

气候,温和湿润,四季分明,雨量充沛,日照充足,年平均气温 15.3℃,年平均降雨量 1 049.3 mm,全年无霜期 229 d,为上海地区主要农作物种植区域。试验基地依托租用当地农用地建成,其耕作条件和环境与周边农用地相同。

1.2 实验设计

1.2.1 畜禽粪肥选择及来源

选择上海地区典型的畜禽类粪便鸡粪、猪粪及其制成的有机肥作为实验配施粪肥。其中,鸡粪取自崇明岛某肉鸡养殖场,猪粪和有机肥取自崇明岛某生猪养殖场。猪粪和鸡粪均采集干清粪,有机肥则是由猪粪好氧堆肥而成。

1.2.2 实验样地设置

本实验设置 4 个处理组,分别为对照组(CK)、鸡粪处理组(CM)、猪粪处理组(PM)和有机肥处理组(OF)。每个处理组设 3 个平行样地,每个样地面积 12 m²(3 m×4 m),每个样地之间用 0.5 mm 厚防渗膜进行阻隔,防渗膜埋深为 40 cm,防止不同样地之间相互干扰。每个样地之间设置 20 cm 宽步道,以供现场监测和样品采集。不同处理组及样地布置如图 1 所示。

1.2.3 作物选择和施肥

本实验作物采用当地常见作物水稻,种植方式为秧苗移栽,依据《畜禽粪便还田技术规范》(GB-T 25246-2010)配施粪肥,施用量为 1.67 kg·m⁻²。施肥方式为在水稻秧苗移植前将肥料作为基肥一次性施入土壤,施肥后翻耕。施肥后 7 d 移栽秧苗,移栽时间为 2018 年 6 月上旬,其他管理措施同一般稻田。

1.3 土壤样品采集及分析方法

1.3.1 土壤样品采集

2018 年 8 月下旬采集土壤样品,稻田处于灌溉后干田过程中。根据“S”形取样法,每个样地随机选取 5 个点,采集 0~20 cm 的耕作层土壤,每个样地采集 500 g 土壤样品。去除土壤样品中的砾石、蚯蚓和植物残体等杂物后,将每个土壤样品分为两部分:一部分置于无菌 EP 管中,另一部分置于无菌棕色瓶中,采用冷藏箱快速运至实验室分别进行微生物和理化性质检测。

1.3.2 土壤理化性质分析

将采集的土壤样品置于室内自然风干,研磨后过 10 目和 100 目筛,置于 4℃ 以下保存,用于测定土壤理化性质。

土壤 pH 值测定:采用雷磁 PHSJ-5 酸度计(上海科晓科学仪器有限公司)测定,称取 4 g 土壤样品,按照 1:2.5(质量浓度)的土水比加入 10 mL 无菌水。放入摇床振荡 0.5 h(转速:200 r·min⁻¹;温

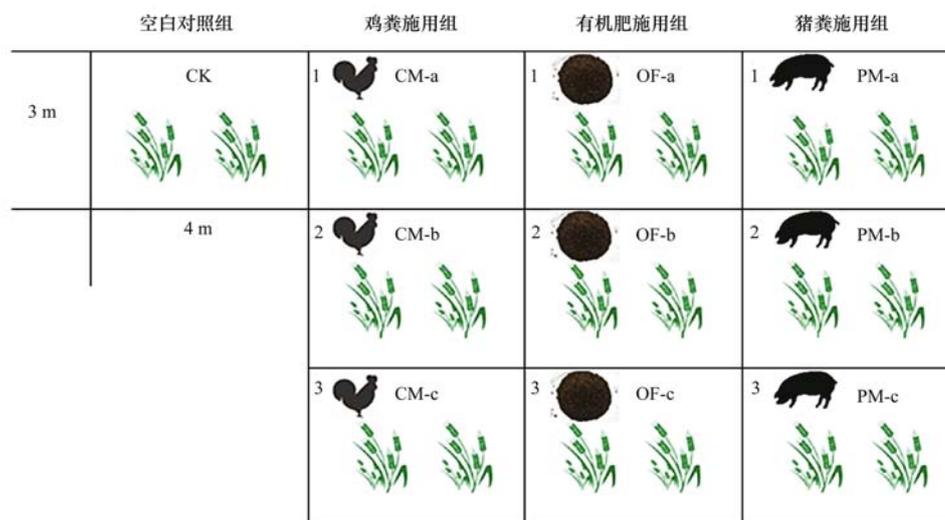


图 1 实验样地现场布置

Fig. 1 Site layout of the experimental site

度:28℃),过滤后清液上机测定.

土壤养分测定:铵态氮和硝态氮的含量采用 AA3 型连续流动分析仪(Continuous Flow Analytical System, CFA)测定;全氮采用碳氮元素分析仪(VARIO MAX C/N, Germany)测定(干烧法);全磷采用紫外分光光度计(T6-新世纪)测定;全钾采用 WGH6400 火焰光度计(上海昶析仪器仪表有限公司)测定;有机质采用重铬酸钾滴定法测定.

重金属测定:砷和汞采用原子荧光光度计(AFS-3100)测定;铅和镉采用原子吸收分光光度计(TAS-990)测定;铬采用火焰原子吸收分光光度计(美国安捷伦公司)测定.

1.3.3 土壤微生物分析

首先采用 Fast DNA Spin Kit(MP Biomedicals)试剂盒提取土壤样品中的微生物 DNA,然后采用 NanoDrop 2000 紫外-可见分光光度计(Thermo Scientific, Wilmington, USA)测定最终 DNA 浓度和纯度,最后采用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的提取质量.使用 V3-V4(392bp)高变区的细菌特异性引物 338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和 806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')对微生物的 16S rRNA 进行 PCR 扩增,用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 扩增产物,然后切胶、回收、建立文库并使用 Illumina MiSeq 平台进行测序^[18].采用 Trimmomatic 软件对原始 DNA 测序序列质控,然后用 FLASH 软件拼接,得到优质序列.使用 UPARSE 软件在相似度 97% 条件下对优质序列进行 OTU 聚类,然后使用 UCHIME 软件剔除嵌合体,最后将所有的 OTU 序列按一定序列数进行抽平,将抽平后的样品再进行后续分析.

1.4 数据处理与统计分析

运用 Excel 2016 计算原始数据的均值及标准差,采用 SPSS 24 单因素方差分析对土壤理化因子、微生物多样性指数和组间差异进行差异显著性分析,采用 SPSS 24 Spearman 方法进行环境因子与微生物相关性分析.

2 结果与分析

2.1 不同粪肥施用稻田土壤理化性质

不同粪肥施用后稻田土壤理化性质如表 1 所示. CK 组土壤 pH 值最低,为 7.70,粪肥的施用提高了土壤 pH 值,PM、CM 和 OF 组相对于 CK 组分别增加了 0.33、0.23 和 0.03. PM 组土壤 pH 值提高最大,显著高于 CK 组($P < 0.05$). PM、CM 和 OF 组土壤总氮(TN)含量均显著高于 CK 组($P < 0.05$),分别高出 0.96、2.07 和 1.52 倍. CM 组氨氮($\text{NH}_4^+ - \text{N}$)含量最高,为 $257.67 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,显著高于 CK、PM 和 OF 组($P < 0.05$),分别高出 19.95、28.82 和 68.64 倍. $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 含量最高也为 CM 组,达 $1057.67 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,显著高于 CK、PM 和 OF 组($P < 0.05$),分别高出 1.22、5.13 和 9.31 倍. PM 组总磷(TP)含量最高,为 $913.94 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,显著高于 CK、CM 和 OF 组($P < 0.05$),分别高出 0.07、0.08 和 0.08 倍. 这可能是由于新鲜猪粪含有较多的易溶性磷,施用后会导致土壤 TP 含量的增加,与赵青青等^[19]的研究结果一致. TK 含量也是 PM 组最高,为 $20713.34 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,显著高于 CK 组($P < 0.05$),高出 0.17 倍. CK 和 CM 组有机质(SOM)含量均为 $29.00 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,PM 组含量最低,为 $21.00 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,OF 组含量最高,为 $32.00 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$. 与 CK 相比,OF 组 SOM 增加了 0.10 倍. CM 组氮元素的增加和 OF

表 1 不同施肥处理下稻田土壤理化性质¹⁾

Table 1 Physical and chemical properties of paddy soils under different fertilization treatments

指标	单位	CK	PM	CM	OF
pH	—	7.70 ± 0.0b	8.03 ± 0.06a	7.93 ± 0.06ab	7.73 ± 0.23b
NH ₄ ⁺ -N	mg·kg ⁻¹	12.30 ± 0.0b	8.64 ± 2.75b	257.67 ± 111.51a	3.70 ± 5.72b
NO ₃ ⁻ -N	mg·kg ⁻¹	476.00 ± 0.0ab	172.67 ± 34.59b	1057.67 ± 777.61a	102.63 ± 34.59b
TN	mg·kg ⁻¹	325.00 ± 0.0d	635.67 ± 125.13c	997.00 ± 100.64a	818.67 ± 55.90b
TP	mg·kg ⁻¹	858.00 ± 0.0b	913.94 ± 15.59a	844.06 ± 58.35b	849.40 ± 31.55b
TK	mg·kg ⁻¹	17700.00 ± 0.0b	20713.34 ± 304.23a	18993.34 ± 3037.03ab	19106.66 ± 2550.21ab
SOM	g·kg ⁻¹	29.00 ± 0.0ab	21.00 ± 7.94b	29.00 ± 7.21ab	32.00 ± 3.61a
As	mg·kg ⁻¹	5.40 ± 0.0a	4.50 ± 0.62b	4.70 ± 0.26b	4.97 ± 0.15ab
Cd	mg·kg ⁻¹	0.12 ± 0.0a	0.10 ± 0.01a	0.12 ± 0.01a	0.12 ± 0.02a
Cr	mg·kg ⁻¹	18.80 ± 0.0a	15.40 ± 1.59b	16.00 ± 0.46b	17.27 ± 0.42ab
Pb	mg·kg ⁻¹	11.80 ± 0.0a	10.37 ± 0.95b	10.90 ± 0.78ab	11.77 ± 0.61a
Hg	mg·kg ⁻¹	0.15 ± 0.0a	0.09 ± 0.02b	0.14 ± 0.04ab	0.15 ± 0.06a

1) 不同小写字母表示组间差异显著 ($P < 0.05$); NO₃⁻-N 表示硝态氮, TK 表示总钾

组 SOM、TP 和 TK 的增加可能会导致土壤肥力提高, 与王振旗等^[20]的研究结果类似。

从土壤重金属含量来看, 施肥组 As 含量均低于 CK 组, PM 和 CM 组分别降低了 16.67% 和 12.96%, OF 组降低了 7.96%。不同处理组土壤 Cd 含量无明显差异。CK 组 Cr 含量高于施肥组, PM 和 CM 组分别降低了 18.09% 和 14.89%, OF 组降低了 8.14%。与 CK 相比, PM 组 Pb 含量降低了 12.12%, CM 和 OF 组分别降低了 7.63% 和 0.25%。结果表明不同粪肥施用不同程度降低了稻田土壤中重金属含量, 这可能是由于畜禽粪便通过吸附、离子交换及络合沉淀等作用, 使土壤重金属离子转化为稳定态, 进而降低土壤重金属的生物有效性和迁移性^[19], 并且有机肥在堆肥过程中也能够显著降低粪肥中重金属含量^[21]。

2.2 不同粪肥施用稻田土壤微生物丰富度和多样性
本文运用辛普森多样性指数 (Simpson)、菌群丰

度指数 (Ace) 及测序深度指数 (Coverage) 分别反映稻田土壤微生物群落多样性、群落丰富度及样品文库的覆盖率 (表 2)。不同处理组的 Coverage 指数在 0.939 1 ~ 0.941 9 之间, 表明土壤样本测序深度合理。Simpson 指数排序为 CK > OF > CM > PM, PM 组 Simpson 指数显著低于 CK 组 ($P < 0.05$), 表明猪粪还田处理下稻田土壤微生物多样性最高, 其次是鸡粪和有机肥, 对照最低。Hui 等^[22]的研究发现施用猪粪能够提高土壤微生物的多样性, 与本文结果一致。Ace 指数排序为 OF > CK > PM > CM, OF 组 Ace 指数显著高于 CM 组 ($P < 0.05$)。有机肥处理下土壤微生物 OTU 最高, 其次是 CK 和 PM 组, CM 组最低。猪粪的施用显著提高了微生物的多样性, 与郭莹等^[8]的研究结果一致。OF 组含有较高的 SOM, 微生物的生长依赖于各种可被其利用的营养元素, 高含量的养分能够刺激微生物的生长, 从而导致 OF 组微生物丰富度的提高^[23]。

表 2 不同施肥处理下稻田土壤微生物群落多样性指数¹⁾

Table 2 Indexes of microbial community diversity in paddy fields under different fertilization treatments

项目	Simpson 指数	Ace 指数	Coverage 指数
PM	0.002 0 ± 0.000 1b	4 939.68 ± 104.33ab	0.941 8 ± 0.001 6a
CM	0.002 4 ± 0.000 3ab	4 885.59 ± 202.57b	0.941 9 ± 0.002 5a
OF	0.002 6 ± 0.000 7ab	5 115.33 ± 119.78a	0.939 1 ± 0.001 5a
CK	0.002 8 ± 0.000 8a	5 034.17 ± 199.36ab	0.940 1 ± 0.002 7a

1) 不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)

2.3 不同粪肥施用稻田土壤微生物群落分类组成

不同粪肥处理下微生物群落组成的相似性或差异性分析结果如图 2 所示。粪肥施用影响了稻田土壤微生物群落的组成, 与 Liu 等^[24]的研究结果一致。不同粪肥处理下微生物群落组成在 PC 轴上显示出差异, 在 PC1 轴上各处理分布比较分散, CK 组和 OF 组主要分布在负方向, 而 CM 组和 PM 组在 PC1 正负轴均有分布; PC2 轴上 CM 组主要分布在

负方向, PM 组主要分布在正方向, 而 CK 和 OF 组在 PC2 正负轴上均有分布。结果表明 CK 和 OF 组微生物群落结构较为相似, CM 组与其他 3 组微生物群落结构差异较大, CM 组中高含量的 NH₄⁺-N、NO₃⁻-N 和 TN 可能是导致该差异的主要原因。

不同粪肥处理下稻田土壤微生物优势门和属如图 3 所示。不同样品中优势菌组成较为相似, 由图 3 (a) 可知 4 组处理中较为丰富的门均为变形菌门、

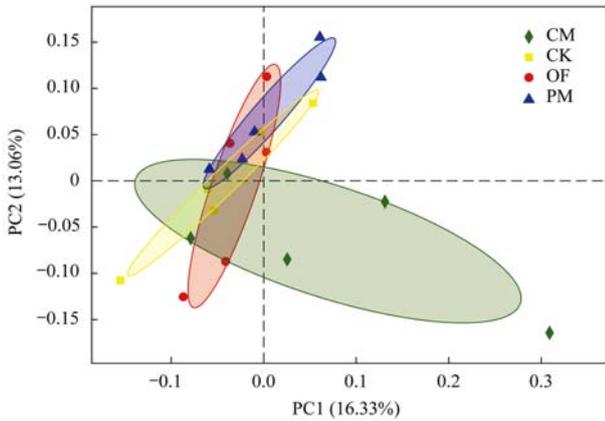
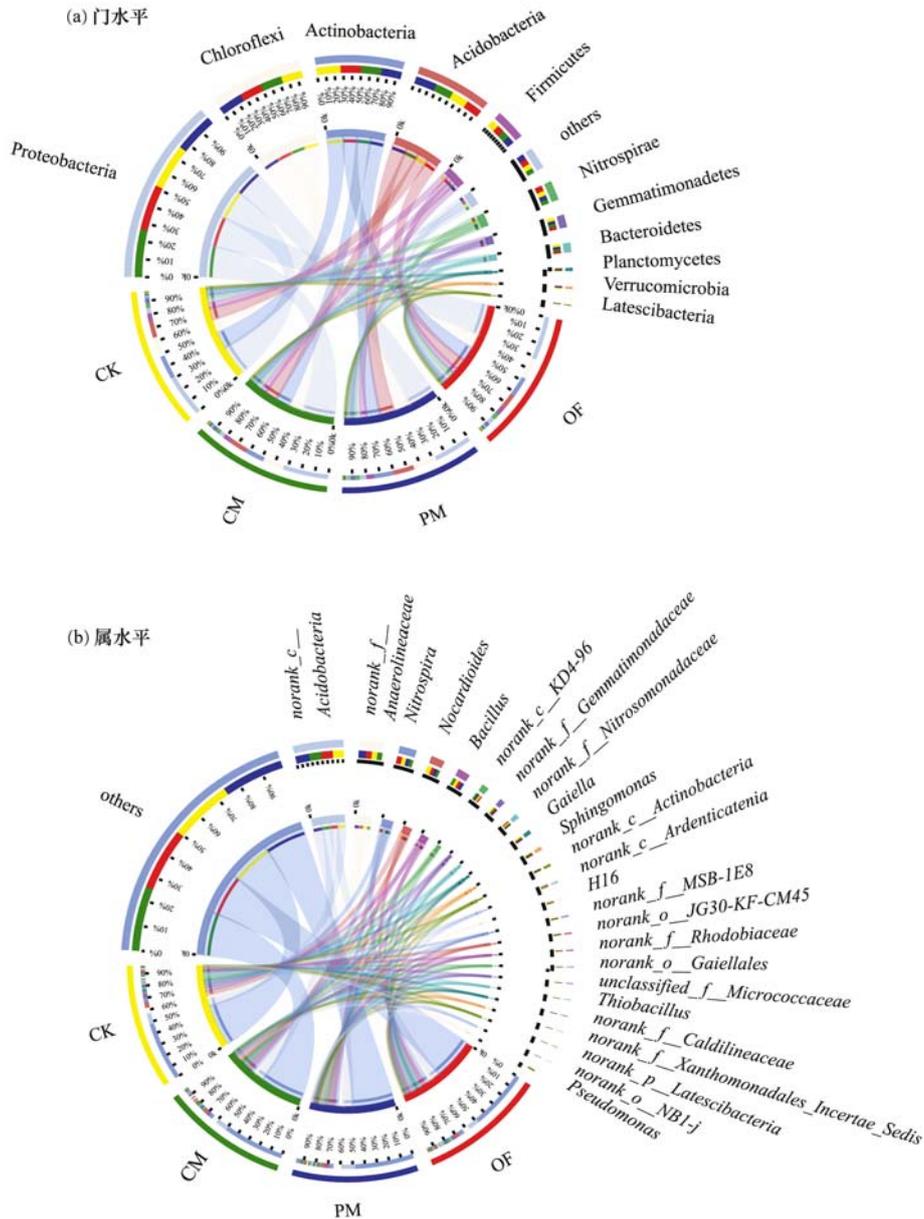


图 2 不同施肥处理下稻田土壤微生物群落主成分分析

Fig. 2 Principal component analysis of microbial communities in paddy fields under different fertilization treatments

绿弯菌门和放线菌门等. CM 组变形菌门相对丰度最高,占 CM 组细菌总丰度的 34.00%; PM 组最低,仅占 28.00%. 不同处理组中变形菌门均具有绝对优势,与张健等^[25]的研究结果一致.

图 3(b) 显示 4 组处理中酸杆菌纲某属 (*norank_c_Acidobacteria*)、厌氧绳菌科某属 (*norank_f_Anaerolineaceae*)、硝化螺菌属、*Nocardioides*、芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、*Gaiella*、*Sphingomonas*、*H16*、硫杆菌属 (*Thiobacillus*) 和假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 较为丰富. 与 CK 相比,PM 组厌氧绳菌科某属相对丰度增加了 8.00%,施用猪粪促进了厌氧菌的生长; OF 组硝化螺菌属 (*Nitrospira*) 增加了 5.00%,有机肥的施用增加了与氮循环相关微生物的丰度. 假单胞菌属为常见的病原菌属,其相对丰度最高值出现在



others 表示相对丰度小于 1% 的所有门或属

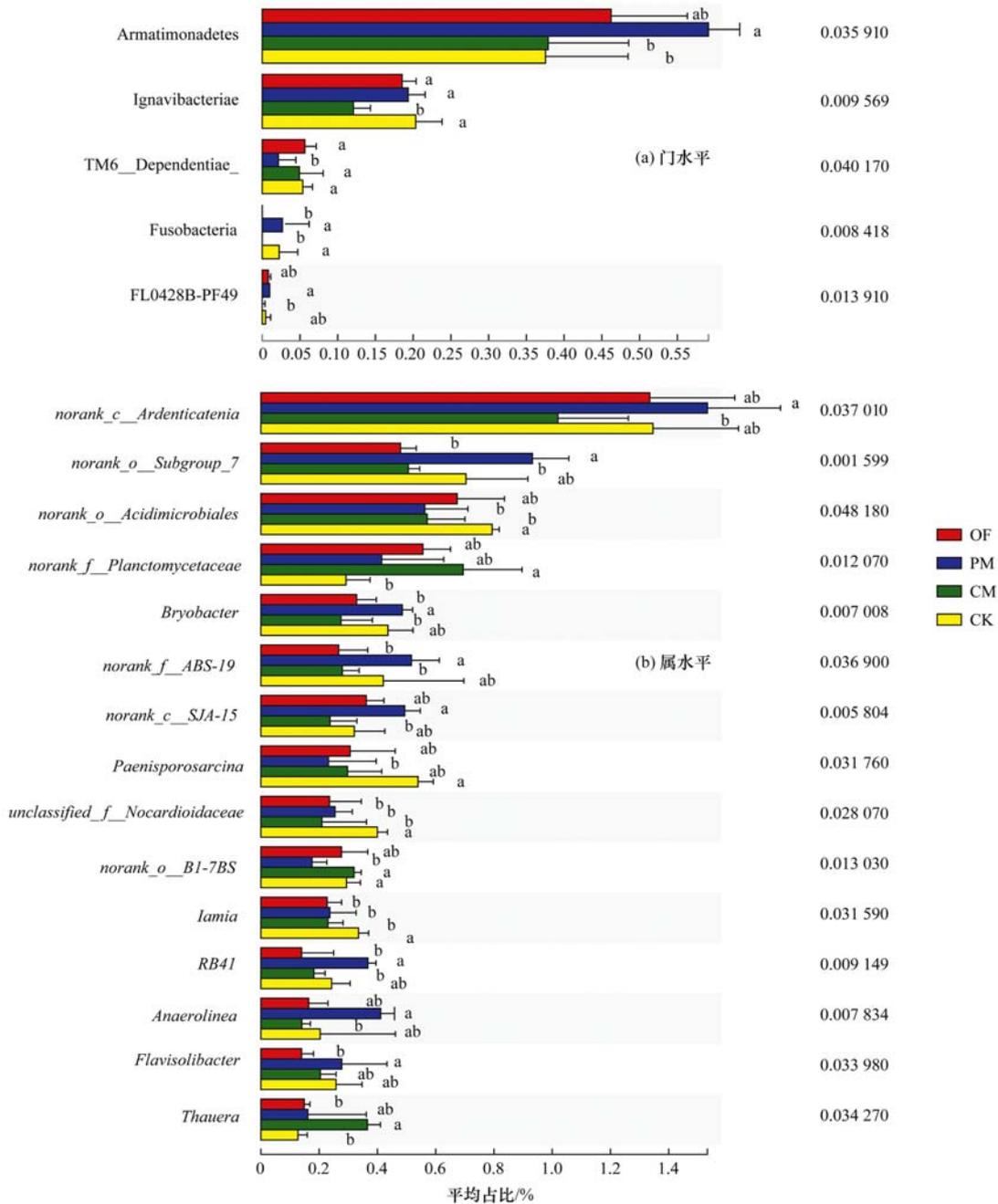
图 3 稻田土壤微生物门和属水平的组成及相对丰度

Fig. 3 Composition and relative abundance of microbial phylum and genus levels in paddy field soils

CM 组中, 占比高达 58.00%, 其次分别为 OF 组 (17.00%)、CK 组 (15.00%) 和 PM 组 (9.60%)。

选取单因素方差分析法基于门和属水平微生物的相对丰度分析各处理组之间微生物组成的差异 (图 4)。从门水平来看 [图 4(a)], PM 组 Armatimonadetes 的相对丰度显著高于 CM 和 CK 组

($P < 0.05$); CK 组 Ignavibacteriae 显著高于 CM 组 ($P < 0.01$); OF 和 CM 组未检测到梭杆菌门 (Fusobacteria), PM 和 CK 组梭杆菌门显著高于 OF 和 CM 组 ($P < 0.01$)。从属水平来看 [图 4(b)], CM 组浮霉菌科某属 (*norank_f_Plancomycetaceae*) 的相对丰度显著高于 CK 组 ($P < 0.05$), CM 组陶厄氏菌



不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)

图 4 稻田土壤微生物门和属水平的组间差异单因素方差分析

Fig. 4 Univariate ANOVA of intergroup differences in micro phylum and genus levels in paddy fields

属 (*Thauera*) 显著高于 CK 和 OF 组 ($P < 0.05$); PM 组厌氧绳菌属 (*Anaerolinea*) 显著高于 CM 组 ($P < 0.01$); 黄杆菌属 (*Flavisolibacter*) 是一种常见的致病菌属, PM 组相对丰度最高, 达 27.77%, 显著高于 OF 组 (13.98%) ($P < 0.05$).

3 讨论

3.1 粪肥施用对稻田土壤优势菌的影响

不同粪肥施用后稻田土壤中变形菌门、绿弯菌门、放线菌门和硝化螺菌门均为优势菌门, 这些细菌

可能在水稻根际发挥重要作用. 与 CK 相比, 鸡粪和有机肥的施用增加了稻田土壤中变形菌门的相对丰度, 而猪粪的施用却降低了其相对丰度. Lesaulnier 等^[26]的研究表明, 变形菌门能够参与土壤中必需矿物养分的生物循环, 根际土壤中高比例的变形菌门, 有利于土壤肥力的保持甚至植物生长^[27]. 不同粪肥施用均增加了绿弯菌门的相对丰度, PM 组尤其显著. 绿弯菌门中大多数微生物为严格的厌氧菌, 它们可以将糖和多糖发酵成有机酸和氢^[28], 加快稻田土壤有机物的分解. 不同粪肥施用均降低了放线菌门的相对丰度, Calleja-Cervantes 等^[29]的研究表明放线菌门与土壤有机质呈负相关, 粪肥施用后放线菌门相对丰度的降低可能有利于土壤有机质的累积.

4 组处理中厌氧绳菌科某属和硝化螺菌属均为优势菌属. 与 CK 相比, OF 和 PM 组增加了厌氧绳菌科某属的相对丰度, 它在厌氧条件下有利于稻田土壤反硝化过程. 有机肥的施用增加了硝化螺菌属的相对丰度, 硝化螺菌属可将亚硝酸盐氧化成硝酸盐, 在硝化过程中起着重要作用^[13]. 鸡粪施用显著增加病原菌假单胞菌属的相对丰度 ($P < 0.05$), 而猪粪施用则可降低其相对丰度. 假单胞菌属的丰度与土壤 TN 含量呈正相关^[14], CM 组土壤中高含量的 TN 可能是假单胞菌属丰度增加的主要原因.

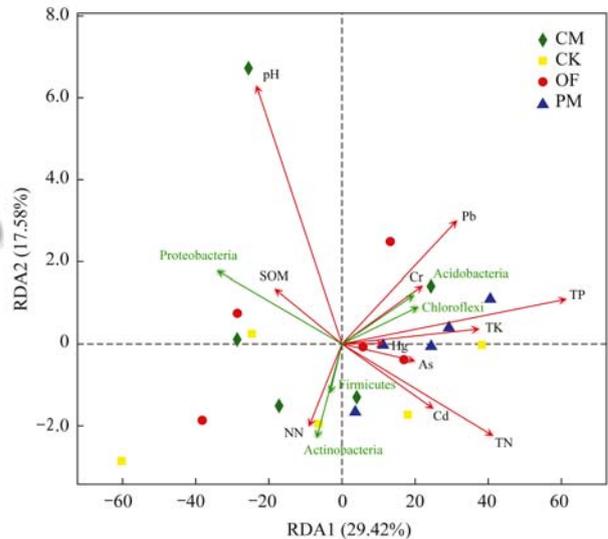
3.2 粪肥施用对稻田土壤微生物组间差异的影响

不同粪肥施用后稻田土壤微生物群落组间存在显著差异, PM 组 Armatimonadetes 相对丰度显著高于 CK 和 CM 组 ($P < 0.05$). Armatimonadetes 是一类氨化细菌, 在厌氧条件下能够消耗氨, 有利于游离氨的产生, 其产生的游离氨, 一部分供微生物或植物同化, 一部分被转变成硝酸盐^[30]. 谭周进等^[11]的研究发现土壤有机质要经过矿化之后才能被植物所利用, 氨化细菌对含氮有机质的矿化是有机氮被植物利用的前提. 因此, 稻田土壤的矿化速率和氨化作用的强度变化能在一定程度上反映土壤的供氮能力, 进而影响水稻的生长发育. 不同粪肥施用均降低了 Ignavibacteriae 的相对丰度, 鸡粪尤其显著, Ignavibacteriae 在缺氧条件下通过反硝化作用能够快速将硝酸盐和亚硝酸盐还原为气态氮化物和氮气, 从而降低土壤中氮素营养含量, 导致土壤肥力流失^[31,32]. 鸡粪施用能够显著增加陶厄氏菌属的相对丰度 ($P < 0.05$), Sun 等^[31]分析了牛粪和稻草堆肥过程中细菌群落结构的动态变化对氮素的转化和循环的影响, 发现陶厄氏菌属在反硝化过程中起主导作用. PM 组厌氧绳菌属的相对丰度高于其他 3 组, Zhang 等^[33]的研究发现稻田中厌氧绳菌属能够在厌氧条件下降解碳水化合物. 厌氧绳菌属参与稻田生

物化学 C、N、S 和 Fe 的循环, 能够和固氮菌相互作用从而促进土壤肥力的增长. 猪粪施用可显著增加病原菌黄杆菌属的相对丰度 ($P < 0.05$), 而鸡粪和有机肥施用可降低其相对丰度. 黄杆菌属的相对丰度与土壤 TP 含量成正相关^[14], PM 组土壤中高含量的 TP 可能是黄杆菌属丰度增加的主要原因.

3.3 环境因子的变化对稻田土壤微生物的影响

本文采用 7 种环境因子 (NH_4^+ -N、pH 值、 NO_3^- -N、TN、TP、TK 和 SOM) 和 5 种重金属 (As、Cd、Cr、Hg 和 Pb) 来估算对稻田微生物在门水平上的相对贡献 (图 5). 结果表明, pH 值、TP、TN 和 Pb 是影响微生物结构的主要环境因子, pH 值对变形菌门、酸杆菌门和绿弯菌门有正相关作用, 对厚壁菌门 (Firmicutes) 和放线菌门有负相关作用; TP 和 Pb 对绿弯菌门和酸杆菌门有正相关作用, 对放线菌门、厚壁菌门和变形菌门有负相关作用; TN 对厚壁菌门、放线菌门、酸杆菌门和绿弯菌门有正相关作用, 对变形菌门有负相关作用.

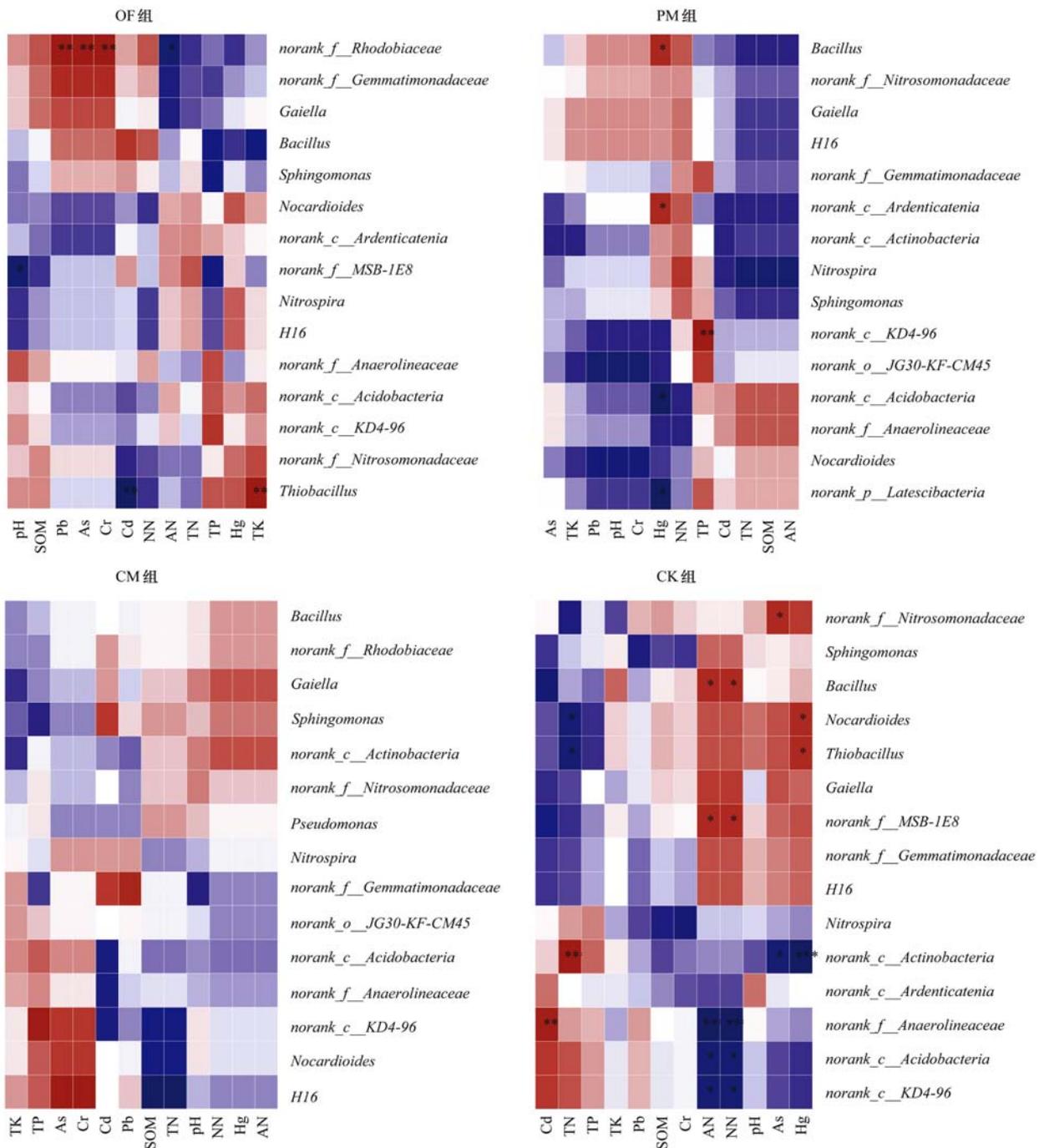


红色箭头表示环境因子, 绿色箭头表示微生物门; NN: NO_3^- -N

图 5 微生物群落门水平冗余分析

Fig. 5 Redundancy analysis of microbial community gate levels

不同粪肥施用可直接或通过改变土壤理化性质间接影响稻田土壤微生物, 本文通过相关性分析不同处理组环境因子对稻田土壤微生物属水平群落组成的影响程度 (图 6). 结果表明, OF 组中红菌科某属 (*norank_f_Rhodobiaceae*) 与 Pb、As 和 Cr 呈显著正相关 ($P < 0.01$), 与 NH_4^+ -N 呈显著负相关 ($P < 0.05$); *norank_f_MSB-1E8* 与 pH 值呈显著负相关 ($P < 0.05$); 硫杆菌属与 Cd 呈显著负相关 ($P < 0.01$), 与 TK 呈显著正相关 ($P < 0.01$). 硫杆菌属为典型的异化铁还原菌, 在土壤中氧化有机物的同时偶联 Fe(III) 的还原, 能够普遍抑制甲烷的产生, 从



红色表示正相关,蓝色表示负相关; * 表示 ($P < 0.05$), ** 表示 ($P < 0.01$), *** 表示 ($P < 0.001$)

图 6 不同处理组环境因子与菌群相关性 Heatmap 图

Fig. 6 Heatmap of the correlation between environmental factors and microflora in different treatment groups

而减少温室气体的排放^[34]. 硫杆菌属与 TK 显著正相关 ($P < 0.01$), 这可能是由于 OF 组较高的 SOM 和 TK 为硫杆菌属提供了丰富的营养源, 有效促进了其生长繁殖^[35].

PM 组中芽孢杆菌属和 *norank_c_Ardenticatenia* 与 Hg 呈显著正相关 ($P < 0.05$), 酸杆菌纲某属和 *norank_p_Latescibacteria* 则与 Hg 呈显著负相关 ($P < 0.05$); *norank_c_KD4-96* 与 TP 呈显著正相关 ($P < 0.05$). 芽孢杆菌属为水稻根际的反硝化细菌, 它能够在厌氧环境下使汞甲基化, 而甲基汞富集后可能

威胁人体健康^[36], 这可能是芽孢杆菌属与 Hg 呈正相关的原因.

CM 组 12 个环境因子与微生物相关性均不显著, 其中芽单胞菌科某属与 Pb 正相关, 与 pH 值负相关; 酸杆菌纲某属、厌氧绳菌科某属和 *norank_c_KD4-96* 与 Cd 负相关; *norank_c_KD4-96* 与 TP 正相关, 与 SOM 和 TN 负相关; *Nocardioiodes* 与 SOM 和 TN 负相关; *H16* 与 As 和 Cr 正相关, 与 SOM 和 TN 负相关.

CK 组中亚硝化单胞菌科某属 (*norank_f_*

Nitrosomonadaceae) 与 As 呈显著正相关 ($P < 0.05$); 芽孢杆菌属和 *norank_f_MSB-IE8* 与 NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N 呈显著正相关 ($P < 0.05$); *Nocardioides* 和 硫杆菌属与 TN 呈显著负相关 ($P < 0.05$), 与 Hg 呈显著正相关 ($P < 0.05$); 放线菌纲某属 (*norank_c_Actinobacteria*) 与 TN 呈显著正相关 ($P < 0.001$), 与 As 呈显著负相关 ($P < 0.05$), 与 Hg 呈显著负相关 ($P < 0.001$); 厌氧绳菌科某属与 Cd 呈显著正相关 ($P < 0.01$), 与 NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N 呈显著负相关 ($P < 0.001$); 放线菌纲某属和 *norank_c_KD4-96* 与 NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N 呈显著负相关 ($P < 0.05$). 芽孢杆菌属为兼性厌氧性自生固氮菌, 同时也是水稻根际反硝化细菌^[37], 它能够在大气中分子态氮气转化为水稻可吸收的氮, 这可能是芽孢杆菌与 NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N 呈正相关的原因. 放线菌纲某属与 TN 呈显著正相关, 与郭振^[38]的研究结果一致.

OF 组中 Pb、As、Cr、Cd 和 TK 是影响稻田土壤微生物属水平群落组成的主要环境因子, PM 组是 Hg 和 TP, 而 CK 组则是 NH_4^+ -N、 NO_3^- -N 和 TN. 所有处理组之间都呈现出了环境因子和微生物群落变化之间的相关关系, 这可能是由于不同粪肥施用后改变了稻田土壤环境因子, 环境因子的变化影响了稻田土壤微生物群落, 而微生物群落结构的改变反过来又影响了土壤环境因子, 这是一个两者相互影响、相互作用的复杂过程.

细菌丰度对环境因子的变化十分敏感, 本文 CM 组浮霉菌科某属的相对丰度最高, Nie 等^[39]的研究发现在稻田土壤中浮霉菌科某属对土壤的氮循环十分重要. CM 组土壤中 NH_4^+ -N 和 TN 含量显著高于其他 3 组 ($P < 0.05$), NO_3^- -N 高于其他 3 组 (表 1), CM 组土壤中浮霉菌科某属相对丰度的增加可能与土壤氮含量有关. CM 组高含量的 NO_3^- -N 可为多种微生物群落提供可利用的底物, 有利于整个微生物群落的稳定^[39]. OF 组 SOM 的含量最高, NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N 的含量最低, 其原因可能是在高有机碳积累下对应发生了高土壤硝化作用, 使得水稻高效吸收 NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N, 从而降低 OF 组土壤中 NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N 的含量^[40]. 硝化螺菌属与 NO_3^- -N 呈显著正相关 ($P < 0.05$), 靳振江^[40]的研究表明稻田土壤中较高 NO_3^- -N 含量能够为硝化细菌提供充足底物, 从而加速其硝化过程. 而且, 土壤样品采集时稻田处于灌溉后干田过程中, 在有氧条件下, 土壤中的氨或铵盐在硝化细菌的作用下会加强氨氧化作用. 上述多种因素的叠加作用, 可能是 4 组处理中 NO_3^- -N 均高于 NH_4^+ -N 的主要原因. PM 组 TP 含量最

高 (表 1), 厌氧绳菌属与 TP 呈显著正相关 ($P < 0.05$), 这可能是 PM 组厌氧绳菌属相对丰度较高的原因.

4 结论

(1) 与其他 3 组相比, 鸡粪施用能够增加 NO_3^- -N 含量, 显著增加 NH_4^+ -N 和 TN 含量, 有机肥施用增加了 SOM 含量; 与 CK 相比, 猪粪施用显著增加了 TP 和 TK 含量; 不同粪肥施用未明显增加稻田土壤重金属含量, 且降低了 As、Cr 和 Pb 的含量. pH 值、TP、TN 和 Pb 是影响微生物群落结构的主要环境因子, 不同粪肥施用改变了稻田土壤理化性质, 从而间接改变了稻田土壤微生物的群落组成.

(2) 施用猪粪可显著增加稻田土壤微生物多样性, 施用有机肥则可显著增土壤微生物丰富度, 而鸡粪施用对稻田土壤微生物群落结构的影响最为显著. 粪肥施用后稻田土壤中变形菌门、绿弯菌门、放线菌门、硝化螺菌门为优势菌门, 厌氧绳菌属和硝化螺菌属为优势菌属. 施用有机肥可增加硝化螺菌属的相对丰度, 猪粪施用显著提高了 *Armatimonadetes* 的相对丰度, 鸡粪施用显著提高了浮霉菌科某属和陶厄氏菌属的相对丰度, 同时显著减少 *Ignavibacteriae* 的相对丰度.

(3) 不同粪肥的施用增加了参与稻田土壤氮循环过程细菌的丰度, 有利于调节稻田土壤氮平衡; 然而鸡粪和猪粪的施用也分别增加了病原菌假单胞菌属和黄杆菌属的相对丰度, 可能会对稻田土壤健康产生胁迫作用.

参考文献:

- [1] Gu Y F, Wang Y Y, Lu S E, et al. Long-term fertilization structures bacterial and archaeal communities along soil depth gradient in a paddy soil[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, **8**: 1516.
- [2] 张玉海, 涂岳, 陈苏, 等. 我国畜禽粪便肥料化利用现状与发展趋势[J]. *东北农业科学*, 2019, **44**(5): 53-57.
- [3] 谢文龙. 崇明县畜禽养殖污染问题与治理研究[D]. 上海: 上海交通大学, 2015.
Xie W L. The research of livestock and poultry breeding pollution problem and governance mechanism in Chongming [D]. Shanghai: Shanghai Jiao Tong University, 2015.
- [4] Jannoura R, Joergensen R G, Bruns C. Organic fertilizer effects on growth, crop yield, and soil microbial biomass indices in sole and intercropped peas and oats under organic farming conditions [J]. *European Journal of Agronomy*, 2014, **52**: 259-270.
- [5] Insam H, Gomez-Brandon M, Ascher J. Manure-based biogas fermentation residues-friend or foe of soil fertility? [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, **84**: 1-14.
- [6] Orr C H, Leifert C, Cummings S P, et al. Impacts of organic and conventional crop management on diversity and activity of free-living nitrogen fixing bacteria and total bacteria are subsidiary to temporal effects[J]. *PLoS One*, 2012, **7**(12): e52891.

- [7] Monard C, Vandenkoornhuise P, Le Bot B, *et al.* Relationship between bacterial diversity and function under biotic control; the soil pesticide degraders as a case study[J]. *The ISME Journal*, 2011, **5**(6): 1048-1056.
- [8] 郭莹, 王一明, 巫攀, 等. 长期施用粪肥对水稻土中微生物群落功能多样性的影响[J]. *应用与环境生物学报*, 2019, **25**(3): 593-602.
Guo Y, Wang Y M, Wu P, *et al.* Influence of long-term manure application in paddy soil on the functional diversity of microbial community[J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2019, **25**(3): 593-602.
- [9] Cruz A F, Hamel C, Hanson K, *et al.* Thirty-seven years of soil nitrogen and phosphorus fertility management shapes the structure and function of the soil microbial community in a brown chernozem[J]. *Plant and Soil*, 2009, **315**(1-2): 173-184.
- [10] Liesack W, Schnell S, Revsbech N P. Microbiology of flooded rice paddies[J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2000, **24**(5): 625-645.
- [11] 谭周进, 周卫军, 张杨珠, 等. 不同施肥制度对稻田土壤微生物的影响研究[J]. *植物营养与肥料学报*, 2007, **13**(3): 430-435.
Tan Z J, Zhou W J, Zhang Y Z, *et al.* Effect of fertilization systems on microbes in the paddy soil[J]. *Plant Nutrition and Fertilizer Science*, 2007, **13**(3): 430-435.
- [12] 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.
- [13] Kumar U, Shahid M, Tripathi R, *et al.* Variation of functional diversity of soil microbial community in sub-humid tropical rice-cropping system under long-term organic and inorganic fertilization[J]. *Ecological Indicators*, 2017, **73**: 536-543.
- [14] 张皓. 养殖环境微生物群落的动态变化及与水环境的互动[D]. 苏州: 苏州大学, 2015.
Zhang H. The dynamic changes of microbial communities in aquaculture environment and interactions with water environment [D]. Suzhou: Soochow University, 2015.
- [15] 隋倩雯, 张俊亚, 魏源送, 等. 畜禽养殖过程抗生素使用与耐药病原菌及其抗性基因赋存的研究进展[J]. *生态毒理学报*, 2015, **10**(5): 20-34.
Sui Q W, Zhang J Y, Wei Y S, *et al.* Veterinary antibiotics use, occurrence of antibiotic resistance pathogen and its antibiotic resistance genes in animal production: an overview[J]. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2015, **10**(5): 20-34.
- [16] 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, Cheng A W, Tang H M, *et al.* Microbial carbon source metabolic profile in rice rhizosphere and non-rhizosphere soils with different long-term fertilization management [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(3): 1475-1482.
- [17] 唐海明, 肖小平, 汤文光, 等. 长期施肥对双季稻田甲烷排放和关键功能微生物的影响[J]. *生态学报*, 2017, **37**(22): 7668-7678.
Tang H M, Xiao X P, Tang W G, *et al.* Effects of long-term fertilizer treatments on CH₄ fluxes and key functional microorganisms in a double-cropping paddy field [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, **37**(22): 7668-7678.
- [18] 朱孟涛, 刘秀霞, 王佳盟, 等. 生物质炭对水稻土团聚体微生物多样性的影响[J]. *生态学报*, 2020, **40**(5): 1505-1516.
Zhu M T, Liu X X, Wang J M, *et al.* Effects of biochar application on soil microbial diversity in soil aggregates from paddy soil [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, **40**(5): 1505-1516.
- [19] 赵青青, 陈蕾伊, 史静. 生物质炭对重金属土壤环境行为及影响机制研究进展[J]. *环境科学导刊*, 2017, **36**(2): 12-18.
Zhao Q Q, Chen L Y, Shi J. Research progress of the mechanism of action of heavy metal in soil environment by biochar [J]. *Environmental Science Survey*, 2017, **36**(2): 12-18.
- [20] 王振旗, 钱晓雍, 沈根祥. 上海市规模化畜禽场污染减排模式分析与应用[J]. *农业环境科学学报*, 2014, **33**(10): 2030-2035.
Wang Z Q, Qian X Y, Shen G X. Analysis and application of pollution reduction techniques for scale livestock and poultry farms in Shanghai [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2014, **33**(10): 2030-2035.
- [21] Meng J, Wang L, Zhong L B, *et al.* Contrasting effects of composting and pyrolysis on bioavailability and speciation of Cu and Zn in pig manure[J]. *Chemosphere*, 2017, **180**: 93-99.
- [22] Hui C, Liu B, Wei R, *et al.* Dynamics, biodegradability, and microbial community shift of water-extractable organic matter in rice-wheat cropping soil under different fertilization treatments [J]. *Environmental Pollution*, 2019, **249**: 686-695.
- [23] Wang Q, Wang C, Yu W W, *et al.* Effects of nitrogen and phosphorus inputs on soil bacterial abundance, diversity, and community composition in Chinese fir plantations[J]. *Frontiers Microbiology*, 2018, **9**: 1543.
- [24] Liu J J, Sui Y Y, Yu Z H, *et al.* High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of northeast China [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **70**: 113-122.
- [25] 张健, 董星辰, 张鹤, 等. 长期施氮对马铃薯土壤剖面硝态氮积累及细菌群落结构的影响[J]. *甘肃农业大学学报*, 2019, **54**(1): 30-41.
Zhang J, Dong X C, Zhang H, *et al.* Effect of long-term nitrogen application on bacterial community structure of potato soil in semi-arid area [J]. *Journal of Gansu Agricultural University*, 2019, **54**(1): 30-41.
- [26] Lesaulnier C, Papamichail D, McCorkle S, *et al.* Elevated atmospheric CO₂ affects soil microbial diversity associated with trembling aspen [J]. *Environmental Microbiology*, 2008, **10**(4): 926-941.
- [27] Chaudhry V, Rehman A, Mishra A, *et al.* Changes in bacterial community structure of agricultural land due to long-term organic and chemical amendments [J]. *Microbial Ecology*, 2012, **64**(2): 450-460.
- [28] Podosokorskaya O A, Bonch-Osmolovskaya E A, Novikov A A, *et al.* *Ornatilinea apprima* gen. nov., sp nov., a cellulolytic representative of the class Anaerolineae[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2012, **63**: 86-92.
- [29] Calleja-Cervantes M E, Menéndez S, Fernández-González A J, *et al.* Changes in soil nutrient content and bacterial community after 12 years of organic amendment application to a vineyard [J]. *European Journal of Soil Science*, 2015, **66**(4): 802-812.
- [30] Wang D P, Li T, Huang K L, *et al.* Roles and correlations of functional bacteria and genes in the start-up of simultaneous anammox and denitrification system for enhanced nitrogen removal

- [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **655**: 1355-1363.
- [31] Sun Y, Men M Q, Xu B S, *et al.* Assessing key microbial communities determining nitrogen transformation in composting of cow manure using illumina high-throughput sequencing [J]. *Waste Management*, 2019, **92**: 59-67.
- [32] 崔有为, 金常林, 王好韩, 等. 碳源对 O/A-F/F 模式积累内源聚合物及反硝化的影响[J]. *环境科学*, 2019, **40**(1): 336-342.
- Cui Y W, Jin C L, Wang H H, *et al.* Effect of carbon sources on the accumulation of endogenous polymers and denitrification in the O/A-F/F mode [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(1): 336-342.
- [33] Zhang Y, Li Q, Chen Y L, *et al.* Dynamic change in enzyme activity and bacterial community with long-term rice cultivation in mudflats [J]. *Current Microbiology*, 2019, **76**(3): 361-369.
- [34] 黄森. 淹水时间对水稻土中 4 种铁还原功能微生物丰度的影响[D]. 咸阳: 西北农林科技大学, 2013.
- Huang S. Effects of flooding time on abundance of four iron-reducing microorganism in paddy soil [D]. Xianyang: Northwest Agriculture and Forestry University, 2013.
- [35] 朱金山, 张慧, 马连杰, 等. 不同沼灌年限稻田土壤微生物群落分析[J]. *环境科学*, 2018, **39**(5): 2400-2411.
- Zhu J S, Zhang H, Ma L J, *et al.* Diversity of the microbial community in rice paddy soil with biogas slurry irrigation analyzed by illumina sequencing technology [J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(5): 2400-2411.
- [36] 胡海燕, 冯新斌, 曾永平, 等. 汞的微生物甲基化研究进展 [J]. *生态学杂志*, 2011, **30**(5): 874-882.
- Hu H Y, Feng X B, Zeng Y P, *et al.* Progress in research on microbial methylation of mercury [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2011, **30**(5): 874-882.
- [37] 王青霞, 陈喜靖, 喻曼, 等. 秸秆还田对稻田氮循环微生物及功能基因影响研究进展 [J]. *浙江农业学报*, 2019, **31**(2): 333-342.
- Wang Q X, Chen X J, Yu M, *et al.* Research progress on effects of straw returning on nitrogen cycling microbes and functional genes in paddy soil [J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2019, **31**(2): 333-342.
- [38] 郭振. 长期施肥对黄壤稻田土壤及不同组分有机碳矿化的影响及其微生物机制 [D]. 贵阳: 贵州大学, 2018.
- Guo Z. Effects of long-term fertilization on soil organic carbon mineralization and its microbial mechanism in different fractions in yellow paddy soil [D]. Guiyang: Guizhou University, 2018.
- [39] Nie S A, Li H, Yang X R, *et al.* Nitrogen loss by anaerobic oxidation of ammonium in rice rhizosphere [J]. *The ISME Journal*, 2015, **9**(9): 2059-2067.
- [40] 靳振江. 耕作和长期施肥对稻田土壤微生物群落结构及活性的影响 [D]. 南京: 南京农业大学, 2013.
- Jin Z J. Changes in microbial community structure and activity of paddy soils with rice cultivation and long-term fertilization [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2013.

CONTENTS

Characterization of Two Heavy Pollution Episodes in Tianjin in 2020	XIAO Zhi-mei, XU Hong, CAI Zi-ying, <i>et al.</i> (3879)
Analysis of Characteristics of Water-soluble Ions in PM _{2.5} in Chengdu Based on the MARGA	YIN Han-mei, CHEN Jun-hui, FENG Xiao-qiong, <i>et al.</i> (3889)
Seasonal Characteristics and Source Analysis of Water-soluble Inorganic Ions in PM _{2.5} in Suqian City	MA Hong-lu, ZHAO Xin, LU Jian-gang, <i>et al.</i> (3899)
Characterization and Size Distribution of Carbonaceous Aerosols at Mountain Dinghu	LI An-na, WEN Tian-xue, HUA Wei, <i>et al.</i> (3908)
Characteristics and Source Apportionment of Carbon Components in Road Dust in Anshan	LIN Zi, JI Ya-qin, LIN Yu, <i>et al.</i> (3918)
Spectral Characteristics and Source Analysis of WSOC of PM _{2.5} in Winter of Xi'an	YANG Yi, ZHANG Ya-nan, LIU Huan-wu, <i>et al.</i> (3924)
Observation of Aerosol Optical Properties and New Particle Formation in the Yangtze River Delta	DU Ying-ying, CHEN Jun, ZHANG Jia-luo, <i>et al.</i> (3932)
Component Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds in Lianyungang City	CUI Jin-meng, WANG Ti-jian, LI Qiu-tong, <i>et al.</i> (3941)
Seasonal Pollution Characteristics and Analysis of the Sources of Atmospheric VOCs in Chengdu Urban Area	WANG Cheng-hui, CHEN Jun-hui, HAN Li, <i>et al.</i> (3951)
Ozone Sensitivity Analysis and Emission Controls in Dezhou in Summer	YAN Ru-sha (3961)
Inventory and Distribution Characteristics of China's Thermal Power Emissions Under Ultra-Low Reconstruction	QU Jia-bao, WANG Peng, BO Xin, <i>et al.</i> (3969)
Establishment and Spatial Distribution of Anthropogenic Ammonia Emission Inventory in Zhejiang Province	ZHAO Rui-dong, YU Xing-na, HOU Xin-hong, <i>et al.</i> (3976)
Evaluation and Screening of Dioxin Control Technology in Waste Incineration Flue Gas	ZHAO Si-lan, XI Peng-fei, GUO Feng-yan, <i>et al.</i> (3985)
Characteristics of Stable Isotopes and Moisture Sources of Two Typical Precipitation Events in Lanzhou City	HAN Ting-ting, ZHANG Ming-jun, WANG Sheng-jie, <i>et al.</i> (3993)
Hydrochemical Characteristics and Possible Controls of the Surface Water in Ranwu Lake Basin	ZHANG Tao, WANG Ming-guo, ZHANG Zhi-yin, <i>et al.</i> (4003)
Chemical Evolution and Formation Mechanism of Groundwater in Hetao Irrigation Area	CUI Jia-qi, LI Xian-yue, SHI Hai-bin, <i>et al.</i> (4011)
Chemical Characteristics of Groundwater and Material Sources Analysis in Shiqi River Basin	LI Xiao, YU Shi, LI Liang, <i>et al.</i> (4021)
Spatial-temporal Variations and Driving of Nitrogen and Phosphorus Ratios in Lakes in the Middle and Lower Reaches of Yangtze River	JI Peng-fei, XU Hai, ZHAN Xu, <i>et al.</i> (4030)
Spatiotemporal Variations in Nutrient Loads in River-lake System of Changdang Lake Catchment in 2016-2017	LI Xin-yan, LI Heng-peng, JIANG San-yuan, <i>et al.</i> (4042)
Influence of <i>Potamogeton crispus</i> on Lake Water Environment and Phytoplankton Community Structure	KANG Li-juan, XU Hai, ZOU Wei, <i>et al.</i> (4053)
Phylogenetic Processes and Key Driving Factors of Bacterial Communities in Jinze Reservoir	LIU Ming-kun, TONG Jun, ZHU Hui-feng, <i>et al.</i> (4062)
Distribution Characteristics of Per-/polyfluoralkyl Substances in River Sediments Around Typical Fluorine Industrial Parks	SUN Lin-ting, ZHAO Zhen, TANG Jian-hui (4069)
Microplastics-Induced Shifts of Diversity and Abundance of Antibiotic Resistance Genes in River Water	ZHOU Xin-yuan, WANG Yan-zi, SU Jian-qiang, <i>et al.</i> (4076)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics in Lianhua Reservoir	LIAO Jie, WEI Xiao-qin, XIAO Yan-qin, <i>et al.</i> (4081)
Intraspecific Variation in Growth and Alkaline Phosphatase Activity of <i>Cylindrospermopsis raciborskii</i> Strains in Response to Different Phosphorus Concentrations and Sources	YE Jin-mei, ZHAO Li, LUO Xu, <i>et al.</i> (4088)
Simulation of Water Quality Response of Guishui River Wetland Plants and Water Diversion	LI Ya-juan, DU Yan-liang, BI Er-ping, <i>et al.</i> (4095)
Performance Assessment of Field-scale Dry Grass Swale with Shallow Substrate Layer	ZHANG Jia-wei, LI Tian, ZHANG Ting-xiu (4105)
Transition of Particulate Pollutant in the Parcel-based Catchment of Sponge City	LI Jia, XIE Wen-xia, JIANG Zhi-hui, <i>et al.</i> (4113)
Adsorption of Sb(V) in Water by Natural Pyrite: Performance and Mechanism	SHI Song, WU Qian-yuan, LI Xin-zheng, <i>et al.</i> (4124)
Treatment of Wastewater Containing Naphthalene Sulfonic Acid by Persulfate Oxidation	ZHANG Jin-men, LU Jun, LIU Xiao-chen, <i>et al.</i> (4133)
Effect of Temperature on Performance and Microbial Community Structure of Anaerobic Biofilter-Treated Domestic Wastewater	LIU Zhi-bin, LIU Xiu-hong, ZHOU Tong, <i>et al.</i> (4141)
Start-up and Optimization of Denitrifying Phosphorus Removal in ABR-MBR Coupling Process	MIAO Xin-nian, WANG Qian, GUO Kai-cheng, <i>et al.</i> (4150)
Adaptability of Completely Autotrophic Nitrogen Removal over Granular Sludge to Low-Strength at Low Temperature	LIU Yu-xin, WANG Jian-fang, QIAN Fei-yue, <i>et al.</i> (4161)
Discussion on Key Issues of Geochemical Monitoring of Soil Heavy Metal in Xiongan New District	GUO Zhi-juan, ZHOU Ya-long, YANG Zheng, <i>et al.</i> (4169)
Quantitative Assessment of Human Health Risks Based on Soil Heavy Metals and PAHs Sources: Take a Polluted Industrial Site of Beijing As an Example	WU Zhi-yuan, ZHANG Li-na, XIA Tian-xiang, <i>et al.</i> (4180)
Ecological Risk Assessment of Heavy Metals at Township Scale in the High Background of Heavy Metals, Southwestern, China	ZHANG Fu-gui, PENG Min, WANG Hui-yan, <i>et al.</i> (4197)
Potential of Accumulation and Application of Dominant Plants in Lanping Lead-zinc Mine, Yunnan Province	ZHANG Long, ZHANG Yun-xia, SONG Bo, <i>et al.</i> (4210)
Key Growth Stage of Pb Accumulation in Rice Through a Hydroponic Experiment with Pb Stress	HU Yu-dan, ZHOU Hang, GU Jiao-feng, <i>et al.</i> (4218)
Effect of Nutrient Regulation and Control on Cd Accumulation Efficiency of <i>Hylotelephium spectabile</i> Under Field Conditions	GUO Jun-mei, YANG Jun-xing, YANG Jun, <i>et al.</i> (4226)
Effects of <i>Eucalyptus</i> Branches Biochar Application on Soil Physicochemical Properties of Acidified Soil in a <i>Eucalyptus</i> plantation in Northern Guangxi	DAUN Chun-yan, SHEN Yu-yi, XU Guang-ping, <i>et al.</i> (4234)
Dynamic Effects of Direct Returning of Straw and Corresponding Biochar on Acidity, Nutrients, and Exchangeable Properties of Red Soil	YANG Cai-di, LU Sheng-gao (4246)
Different Responses of Soil Microbial Community Structure to Irrigation with Treated Wastewater from Domestic and Industrial Sources	WANG Yan, CHENG Dong-hui, TAN Wen-bing, <i>et al.</i> (4253)
Effects of Manure and Organic Fertilizer Application on Soil Microbial Community Diversity in Paddy Fields	LI Peng, WU Jian-qiang, SHA Chen-yan, <i>et al.</i> (4262)
Effects of Land Use Changes on Soil Bacterial Community Diversity in the Riparian Wetland Along the Downstream of Songhua River	ZHANG Tuo, XU Fei, HUAI Bao-dong, <i>et al.</i> (4273)
Response of Soil Bacterial Community Structure to Precipitation Change in Grassland of Loess Plateau	LI Na, WANG Bao-rong, AN Shao-shan, <i>et al.</i> (4284)
Effect of Land-use on Soil Fungal Community Structure and Associated Functional Group in Huixian Karst Wetland	CHENG Yue-yang, JIN Zhen-jiang, WANG Xiao-tong, <i>et al.</i> (4294)
Interactions of Fungi Community and Relationship with the Carbon Structure in Arable Mollisols with Gradient Organic Matter Content	SHANG Qiu-tong, HUANG Rui-lin, NI Hao-wei, <i>et al.</i> (4305)
Diversity of Soil Eukaryotic Microbes in Different Succession Stages in Maolan Karst Forest of Guizhou	WANG Xian, LONG Jian, LI Juan, <i>et al.</i> (4314)
Adsorption of Cadmium and Arsenic by Corn Stalk Biochar Solidified Microorganism	LIU Yu-ling, ZHU Hu-cheng, PENG Ou, <i>et al.</i> (4322)
Mechanism of Inorganic Nitrogen Transformation and Identification of Nitrogen Sources in Water and Soil	LIANG Xing, SUN Li-qun, ZHANG Xin, <i>et al.</i> (4333)