

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

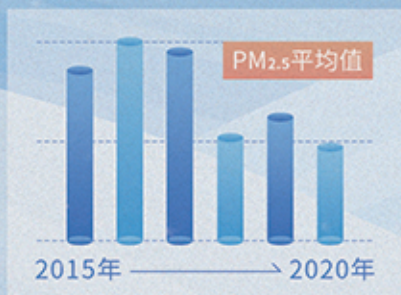
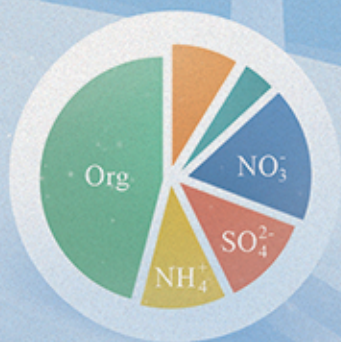
环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

北京冬季奥运会历史同期大气PM_{2.5}污染特征分析

刘玥晨, 满睿琪, 裴彦挺, 杨佳炜, 王均睿, 谭瑞, 汤丽姿, 俞颖, 宋锴, 郭松, 陈仕意,
曾立民, 吴志军, 胡敏



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年8月

第43卷 第8期
Vol.43 No.8

目次

北京冬季奥运会历史同期大气 PM _{2.5} 污染特征分析·····	刘玥晨, 满睿琪, 袁彦挺, 杨佳炜, 王均睿, 谭瑞, 汤丽姿, 俞颖, 宋锴, 郭松, 陈仕意, 曾立民, 吴志军, 胡敏 (3895)
天津城区 2019 年 2~3 月气溶胶粒径分布特征观测分析·····	郝团, 蔡子颖, 刘敬乐, 王晓佳, 姚青 (3903)
长江中游地区 PM _{2.5} 重污染过程的典型天气环流分型及区域传输影响·····	王莹, 智协飞, 白永清, 董甫, 张玲 (3913)
滇中典型工矿城市大气干湿沉降重金属等元素特征及健康风险评价·····	范晨子, 刘永兵, 袁继海, 郭威, 孙冬阳, 刘成海 (3923)
典型工业城市夏季 VOCs 污染特征及反应活性·····	秦涛, 李丽明, 王信梧, 杨文, 王晓丽, 徐勃, 耿春梅 (3934)
大连市夏季 VOCs 化学反应活性及来源·····	朱轲欣, 刘立忠, 刘焕武, 罗静期, 高冉冉 (3944)
河南省 18 个城市大气污染物分布特征、区域来源和传输路径·····	刘光瑾, 苏方成, 徐起翔, 张瑞芹, 王克 (3953)
京津冀臭氧污染特征、气象影响及基于神经网络的预报效果评估·····	朱媛媛, 刘冰, 桂海林, 李健军, 汪巍 (3966)
2006~2020 年中国大气本底站 BC 气溶胶的时空分布特征·····	王红磊, 颜雪, 沈利娟, 柳竞先, 赵天良, 管小彬, 赵德龙 (3977)
钢铁生产行业二噁英污染特征变化及其排放因子·····	杨艳艳, 谢丹平, 付建平, 陈晓燕, 尹文华, 韩静磊, 张素坤, 张璐, 肖滔 (3990)
长江流域着生藻类群落结构的格局及其生态评价·····	胡愈忻, 曹亮, 屈仁超, 黄杰, 胡圣, 周正, 王英才, 张静 (3998)
基于蒙特卡洛模拟与 PMF 模型的黄河流域沉积物重金属污染评价及源解析·····	庞阔, 李敏, 刘璐, 杨璐, 赵洪军 (4008)
梯级拦河堰对典型山地城市河流重金属元素的滞留效应: 以重庆市梁滩河为例·····	王超, 贾伯阳, 潘成勇, 何文战, 叶秋, 罗杉山, 张夏武 (4018)
基于土壤流失的农业面源 TN 和 TP 排海系数估算·····	王有霄, 黄翀, 刘高焕, 赵忠贺, 李贺, 刘庆生 (4032)
河湟谷地不同时空尺度下土地利用及空间格局对水质的影响·····	李好好, 黄懿梅, 郭威, 侯宏洋, 范梦苑, 齐照平, 贾鹏辉, 郭庆波 (4042)
联合 PMF 模型与稳定同位素的地下水污染溯源·····	张涵, 杜昕宇, 高菲, 曾卓, 程思茜, 许懿 (4054)
江西锦江流域抗生素污染特征与生态风险评价·····	李佳乐, 王萌, 胡发旺, 董一慧, 孙占学, 王瑶, 卫承芳, 燕雯 (4064)
天津市地表水中新型优先污染物筛选与管控对策·····	吴颜岐, 宋帅, 史雅娟, 刘莹, 杨胜杰 (4074)
宁夏第三排水沟中药物和个人护理品 (PPCPs) 的污染特征与生态风险评估·····	李富娟, 高礼, 李凌云, 郑兰香, 马兰, 杨桂钦 (4087)
再生水河道浮游生物多样性季节变化分析: 以北运河为例·····	袁训超, 王敏, 郭道宇, 吴东丽 (4097)
太湖草、藻湖区沉积物 WSOM 组成和分子结构分析·····	杜瑛珣, 戴家如, 张巧颖, 刘静静, 黄秀琳, 安世林, 文帅龙 (4108)
太湖氧化亚氮 (N ₂ O) 排放特征及潜在驱动因素·····	刘朝荣, 朱俊羽, 李宇阳, 俞晓琴, 陈慧敏, 杨艳, 周永强 (4118)
海绵城市生物滞留带重金属污染特征及风险评价·····	雷晓玲, 邱丽娜, 魏泽军, 杨程, 何博 (4127)
玉米芯和稻草秸秆强化潜流人工湿地对低 C/N 污水的处理效果·····	胡曼利, 郝庆菊, 马容真, 陈柯沁, 罗师旭, 江长胜 (4136)
环境 pH 条件下 Fe ²⁺ 活化过二硫酸盐降解有机污染物的效能与影响因素·····	刘颖, 郭依玮, 乔俊莲, 孙远奎 (4146)
新疆沙雅县不同植物类型农田环境中典型农药残留及其风险评价·····	谢宣宣, 艾力江·努尔拉, 买合木提·巴拉提, 仲乃福, 李南鑫 (4154)
宁夏养鸡场粪污和周边土壤中抗生素及抗生素抗性基因分布特征·····	沈聪, 张俊华, 刘吉利, 韩新宁, 尚天浩, 代金霞 (4166)
宁夏石嘴山市农用地土壤硒的富集因素·····	王莹, 刘海燕, 王泽晶, 张晓东, 王登红 (4179)
地块尺度重金属污染风险耕地安全利用区划方法·····	王锐, 余京, 李瑜, 周蛟, 贾中民, 余飞, 张云逸, 蒋玉莲 (4190)
姜湖贡米产地土壤重金属空间分布、源解析及生态风险评价·····	于林松, 万方, 范海印, 康桂玲, 刘辉, 王东平, 徐佳 (4199)
基于特定源风险评估模型的小麦籽粒铅超标风险预测·····	杨阳, 李艳玲, 牛硕, 陈卫平, 王天齐, 王美娥 (4212)
柳州地源性镉异常区稻米重金属累积效应与健康风险·····	朱亮亮, 王佛鹏, 唐乐斌, 肖乃川, 董心月, 韦美溜, 宋波 (4219)
不同玉米品种 Cd、Pb、Zn 和 As 积累与转运特性·····	任超, 肖建辉, 李竞天, 杜倩倩, 朱利文, 王浩, 朱瑞颖, 赵海洋 (4232)
橡胶草 (TKS) 对铅镉污染农田土壤的修复潜力·····	张恒, 熊明彪, 王乾鑫, 孙博文, 饶逸驰, 程章, 徐小逊, 杨占彪, 鲜骏仁, 朱雪梅, 杨绍平, 杨远祥 (4253)
3 种地被竹对重金属复合污染农田土壤的修复潜力·····	张颖, 赵欣, 张圣虎, 漆丹, 王博, 陈引, 陆建刚 (4262)
连续施肥对双季稻镉硅累积效应的影响·····	彭华, 邓凯, 石宇, 魏维, 柳赛花, 纪雄辉 (4271)
改性壳聚糖负载氧化硅调控水稻对砷吸收与转运的影响·····	杨嘉仪, 孙梦强, 肖羽堂, 韦行, 张建强, 陈志良 (4282)
不同螯合剂和有机酸对苍耳修复镉复合污染土壤的影响·····	张雅睿, 黄益宗, 保琼莉, 魏祥东, 铁柏清, 张盛楠, 韩甘, 黄永春 (4292)
水分管理对稻田土壤铁氧化物形态转化的影响及其与酶活性变化的耦合关系·····	李明远, 张小婷, 刘汉斌, 魏世强 (4301)
外源 Fe 调控根系微生物群落结构和功能对水稻 Cd 积累的影响·····	郑沈, 黄道友, 李波, 马天池, 许超, 朱奇宏, 朱捍华, 张泉 (4313)
不同降水下覆盖与缓释肥减量对油菜土壤微生物群落结构的影响·····	冯军, 石超, Hafiz Athar Hussain, 刘永波, 刘天朋, 李永洪, 刘俊峰, 王龙昌 (4322)
基于高通量测序和代谢组学解析重金属污染对农田微生物群落组成和功能的影响·····	庞发虎, 李晓琦, 段莉阳, 陈彦, 姬明飞, 张浩, 韩辉, 陈兆进 (4333)
汞矿区周边农田土壤微生物群落结构特征及其环境驱动因子·····	陈芬, 余高, 孙约兵, 张红丽, 田霞, 夏蓓 (4342)
岩溶湿地与稻田土壤团聚体细菌群落结构的比较·····	冷蒙, 靳振江, 肖筱怡, 熊丽媛, 李雪松 (4353)
戴云山土壤微生物碳源利用效率的海拔变异规律及影响因素·····	吕坤, 王晶晶, 吴国朋, 林思诺, 苏延桂, 黄刚 (4364)
长期秸秆还田对水稻根系碳矿化与激发效应的影响·····	刘峰, 王云秋, 张昀, 祝贞科, 吴金水, 葛体达, 李宇虹 (4372)
秸秆还田配施生物炭对关中平原夏玉米产量和土壤 N ₂ O 排放的影响·····	白金泽, 刘镇远, 宋佳杰, 李娜, 于琦, 郝嘉琪, 许宏伟, 程博豪, 王兴, 冯永忠 (4379)
聚苯乙烯纳米塑料对大蒜生长生理的影响·····	邱陈陈, 李国新, 李青松, 颜昌宙 (4387)
微塑料对土壤水分入渗和蒸发的影响·····	王志超, 张博文, 倪嘉轩, 杨文焕, 李卫平 (4394)
氢燃料电池汽车动力系统生命周期评价及关键参数对比·····	陈轶嵩, 兰利波, 郝卓, 付佩 (4402)
《环境科学》征订启事 (4211) 《环境科学》征稿简则 (4312) 信息 (3922, 4031, 4107)	

岩溶湿地与稻田土壤团聚体细菌群落结构的比较

冷蒙¹, 靳振江^{1,2,3*}, 肖筱怡¹, 熊丽媛¹, 李雪松¹

(1. 桂林理工大学环境科学与工程学院, 桂林 541004; 2. 桂林理工大学岩溶地区水污染控制与用水安全保障协同创新中心, 桂林 541004; 3. 桂林理工大学广西环境污染控制理论与技术重点实验室, 桂林 541004)

摘要: 研究湿地系统中的土地利用变化对土壤团聚体中细菌群落结构的影响, 可以为阐明土地利用变化对湿地土壤团聚体稳定性的影响机制提供理论依据. 以会仙岩溶湿地和稻田为研究对象, 利用高通量测序技术和生态网络分析对土壤团聚体(大团聚体 0.25~2 mm、微团聚体 0.053~0.25 mm 和粉、黏粒 <0.053 mm)细菌群落结构进行研究. 结果表明: ①微团聚体在稻田中占 29.64%, 显著高于其在天然湿地中的占比(22.20%). ②门水平上, 绿弯菌门在稻田土壤大团聚体、微团聚体和粉、黏粒中的相对丰度分别为 7.97%、8.56% 和 7.40%, 显著高于其在天然湿地这 3 种粒径团聚体中的相对丰度(4.93%、4.81% 和 3.76%); 目水平上, 厌氧绳菌目在稻田这 3 种粒径团聚体中的相对丰度分别为 2.35%、3.03% 和 2.65%, 显著高于其在天然湿地这 3 种粒径团聚体中的相对丰度(0.92%、0.91% 和 0.43%). ③生态网络分析显示, 稻田微团聚体和粉、黏粒网络的节点数、边数和平均邻居数均高于天然湿地, 并且在这两种组分中网络的平均连通度更大, 特征路径长度更短; 稻田大团聚体网络具有更长的特征路径长度、更高的模块性. 结果表明, 天然湿地改变为稻田后, 土壤团聚体细菌群落结构改变, 稻田微团聚体和粉、黏粒中细菌群落具有更高的物质循环和信息传递的效率, 而稻田大团聚体细菌网络紧密性低, 模块性高, 其细菌群落结构更稳定.

关键词: 岩溶湿地; 稻田; 土壤团聚体; 细菌群落; 生态网络

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)08-4353-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.202108277

Comparison of Bacterial Community Structure in Soil Aggregates Between Natural Karst Wetland and Paddy Field

LENG Meng¹, JIN Zhen-jiang^{1,2,3*}, XIAO Xiao-yi¹, XIONG Li-yuan¹, LI Xue-song¹

(1. College of Environmental Science and Engineering, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China; 2. Collaborative Innovation Center for Water Pollution Control and Water Safety in Karst Area, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China; 3. Guangxi Key Laboratory of Environmental Pollution Control Theory and Technology, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China)

Abstract: Studying the impact of land-use changes in wetland systems on the community structure of bacteria in soil aggregates can provide a theoretical basis for elucidating the impact mechanisms of the stability of wetland soil aggregates. The soil samples (0-20 cm) were collected from a natural wetland and paddy field in the Huixian karst wetland. The bacterial community structure in soil aggregates (macroaggregates 0.25-2 mm, microaggregates 0.053-0.25 mm, and silt-clay <0.053 mm) were analyzed using high-throughput sequencing and ecological network analysis. The results showed that ① the proportion of microaggregates in the paddy field was 29.64%, which was significantly higher than that in the natural wetland (22.20%), and ② there were differences in the relative abundance of bacteria between the natural wetland and paddy field. The relative abundance of Chloroflexi in macroaggregates, microaggregates, and silt-clay in the paddy field were 7.97%, 8.56%, and 7.40%, respectively, which were significantly higher than those in the natural wetland (4.93%, 4.81%, and 3.76%). The relative abundance of Anaerolineales in macroaggregates, microaggregates, and silt-clay in the paddy field were 2.35%, 3.03%, and 2.65%, respectively, which were significantly higher than those in the natural wetland (0.92%, 0.91%, and 0.43%). ③ Ecological network analysis showed that the number of nodes, edges, and the average numbers of neighbors in microaggregates and the silt-clay network in the paddy field were higher than those in the natural wetland, the average connectivity of the network was greater in the two components, and the characteristic path length was shorter. There was a longer characteristic path length, higher modularity, and lower average connectivity in the macroaggregate network of the paddy field. The above results indicated that the bacterial community structure in soil aggregates was altered after a natural wetland was used as a paddy field. The material circulation and information transmission efficiency of bacterial communities was higher in both microaggregates and silt-clay of the paddy field, whereas the bacterial community structure with low network tightness and high modularity in macroaggregates was more stable.

Key words: karst wetland; paddy field; soil aggregates; bacterial community; ecological network

湿地是同时拥有水生环境和陆生环境的重要生态系统^[1], 也是人类最重要的生存环境之一^[2], 它具有生物多样性、气候调节和土壤碳储存等重要的生态系统服务功能, 是全球生态和社会价值最高的生态系统^[3,4]. 在我国南方地区, 稻田是一种常见的土地利用形式, 不仅具有粮食生产功能, 其作为人工湿地, 还拥有土壤碳储存等多种生态功能^[5]. 土地利用的变化, 会直接改变植被类型和土壤结构^[1,6].

土壤团聚体作为土壤最重要的结构体, 对维持土壤中的微生物群落结构和酶活性有着重要的作用^[7].

收稿日期: 2021-08-25; 修订日期: 2021-11-18

基金项目: 国家自然科学基金项目(41867008, 41361054); 广西自然科学基金项目(2018GXNSFAA281247); 桂林理工大学博士启动基金项目(GUTQDJJ2004041); 广西科技计划项目(桂科 AD18126018, 桂科 AB21196050)

作者简介: 冷蒙(1997~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为环境微生物学, E-mail: lengmeng1997@163.com

* 通信作者, E-mail: zhenjiangjin@163.com

同时,土壤微生物又是团聚体中最活跃的生物因素.土地利用改变以后,微生物的群落结构和活性与土壤团聚体的形成过程以及形成后的稳定性密切相关^[8].因此,研究团聚体中的微生物群落结构对揭示土地利用变化对湿地土壤团聚体稳定性的影响机制具有重要意义.

有研究表明,在天津滨海盐碱化沼泽湿地地区,在 60 a 的农业利用(20 a 的稻田利用和 40 a 的旱地用)之后,土壤有机碳含量降低,>2 mm 粒径团聚体含量降低,0.053~0.25 mm 粒径团聚体含量升高^[9].在三江平原湿地地区,利用为水田的土壤总有机碳含量显著降低,团聚体稳定性总体上降低,但<0.25 mm 的小团聚体却明显增加^[10].在我国的南方地区,与荆江湿地相比,稻田土壤有机碳含量显著增高,且稻田和湿地均以 0.2~2 mm 粒径团聚体比例最高,<0.002 mm 粒径团聚体比例最低^[11].与鄱阳湖湿地相比,稻田各粒径团聚体土壤有机碳含量也显著较高,团聚体物理稳定性有所降低^[12].在浙江杭州湾地区,滩涂土地围垦并进行水稻种植后,细菌多样性在 0.2~2 mm 和<0.002 mm 组分中较高,而<0.002 mm 组分中的真菌多样性显著低于其他粒径团聚体^[13].以上研究结果表明,湿地的稻田利用能够改变土壤团聚体稳定性、有机碳含量和微生物群落组成.

会仙湿地是我国最大的岩溶湿地,在这个系统中,稻田是一种重要的土地利用和景观类别.有研究显示,在会仙湿地系统中,稻田微生物生物量与天然湿地无显著差异^[14],但是稻田的土壤有机碳、多个土壤酶活性^[15]和真细菌数^[14]显著高于天然湿地,二者之间的微生物群落组成也存在显著性差异^[4, 16].然而,在岩溶湿地利用为稻田后,土壤团聚体细菌群落结构变化的探究还未见报道.因此,本文以会仙岩溶湿地系统的天然湿地和稻田为研究对象,通过对比分析不同粒径土壤团聚体细菌群落组成,分析不同团聚体粒径中的细菌网络特征,明晰天然湿地和稻田土壤团聚体细菌群落结构的异同,以期阐明土地利用变化对湿地土壤团聚体稳定性的影响机制提供理论依据.

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

会仙岩溶湿地位于广西桂林市临桂区会仙镇(25°10'46"N, 110°23'24"E).该地区属于亚热带季风气候,该区域年平均降雨量为 1 890.4 mm,年降雨量的 52.6%集中在 4~7 月.本研究选取具有代表性的天然湿地和稻田为研究对象,其中双穗雀稗

(*Paspalum distichum*)为天然湿地的优势植被,研究所涉及的稻田耕作时长已超过 30 a,种植单季稻,其余时间种植红薯[*Ipomoea batatas* (L.) Lam.];稻田以施加氮磷钾肥(240 kg·hm⁻²,氮磷钾含量均低于 15%)为主,采样土壤样品时水稻处于成熟期,水稻收割后根茬留田,秸秆不还田.

1.2 土壤样品的采集与前处理

土壤样品于 2020 年 8 月采集,稻田和天然湿地各选取 3 块样地,每块样地间隔在 200 m 左右.在每块样地(均大于 15 m×15 m)中随机选取 3 个采样点,采集 0~20 cm 的耕层土壤,均匀混合为 1 个 4.5 kg 的样本.将当天采集的土样带回实验室,去除植物根系和小石块等杂物,置于-4℃冰箱做短暂保存.一部分用于团聚体分级;另一部分继续风干后,分别研磨过 10、60 和 100 目筛保存,用于测定土壤理化性质.

1.3 土壤团聚体分离

采用改良后的湿筛法^[17]进行团聚体分离.称取相当于 100 g 的新鲜土壤,置于 2 mm 筛上,浸没在室温下无菌水中 30 min,然后在 2 min 内振荡筛子 50 次,振幅为 3 cm,使所有土样通过 2 mm 筛子.将过筛后的土壤悬浊液置于 0.25 mm 筛上,按上述操作继续振荡 2 min,将留在筛上的物质用无菌水清洗收集至离心管中,在 4 000 r·min⁻¹条件下离心 30 min,得到 0.25~2 mm 粒径组分(大团聚体).将通过筛子的土和水按照上述操作步骤继续分级,可以得到 0.053~0.25 mm 粒径组分(微团聚体)和<0.053 mm 粒径组分(粉、黏粒).将收集的团聚体进行冷冻干燥后装袋,置于-80℃冰箱储存,用于提取土壤细菌 DNA.

1.4 土壤理化性质的测定

土壤理化性质的测定方法参照文献[18]的方法进行,土壤 pH 值采用精密 pH 计(上海仪电科学仪器公司,中国)直接测定;土壤有机碳(SOC)采用浓硫酸-重铬酸钾外加热法;可溶性有机碳(DOC)经水土振荡提取后,用总有机碳分析仪(Analytik Jena 公司,德国)测定;总氮(TN)用浓硫酸消煮-凯氏定氮法测定;碱解氮(AN)采用碱解扩散法;总磷(TP)采用碳酸钠熔融法测定;有效磷(AP)采用盐酸-氟化铵法测定;交换性钙和交换性镁用 Optima 7000 DV 电感耦合等离子发射光谱仪(Perkin Elmer 公司,美国)测定.土壤理化性质见表 1.

1.5 细菌高通量测序

使用 Powersoil DNA 提取试剂盒(Mo Bio Laboratories Inc., CA)对土壤 DNA 进行抽提并利用 0.8% 琼脂糖凝胶电泳检测提取的 DNA 质量.随后

对细菌 16S rRNA 的 V4^[19~21] 区域进行 PCR 扩增,引物序列为 515F (GTGCCAGCMGCCGCGGTAA) 与 806R (GGACTACHVGGGTWTCTAAT), 扩增反应体系: Taq PCR Master Mix 25 μ L, 模板 DNA 1 μ L, 上下游引物 2 μ L, 补 ddH₂O 至 50 μ L. 扩增反应条件: 94℃ 预变性 4 min, 94℃ 变性 30 s, 58℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 1 min, 72℃ 保持 10 min, 共循环 32 次, 4℃ 保温. PCR 结束后, 用 2% 的琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物质量, 使用 OMEGA 胶回收试剂盒切胶回收 PCR 产物, TE 缓冲液洗脱回收目标 DNA 片段. 测序由生工生物工程(上海)公司使用 Illumina MiSeq 平台完成. 对测得的序列进行质控, 去除嵌合体、短序列后完成数据过滤, 得到可供后续分析的高质量目标序列. 在 97% 的相似性水平上使用 UPARSE 算法进行 OTUs 的聚类, 挑选出 OTUs 的代表性序列, 比对数据库 (Silva 132/16s bacteria), 对代表性序列进行物种注释. 利用 α 多样性指数 (Richness、Chao1 和 Shannon) 表征细菌群落的丰富度和多样性, 计算公式如下:

$$S_{\text{Chao1}} = S_{\text{obs}} + \left[\frac{m_1(m_1 - 1)}{2(m_2 + 1)} \right] \quad (1)$$

$$H_{\text{Shannon}} = - \sum_{i=1}^{S_{\text{obs}}} \frac{n_i}{N} \ln \frac{n_i}{N} \quad (2)$$

式中, S_{obs} 为实际检测到得 OTU 数目, m_1 为只含一条序列的 OTU 数目, m_2 为只含两条序列的 OTU 数目, n_i 为第 i 个 OTU 所包含的序列数, N 为所有序列数之和.

1.6 数据分析

利用 EXCEL 2016 进行数据处理, 用 SPSS 23.0

软件进行差异显著性分析和 Pearson 相关性分析. 利用 Origin 2018 绘制细菌群落在门和目水平上的相对丰度柱状图. 使用 Cytoscape 3.7.1 软件中的 CoNet 插件构建细菌生态网络, 具体分析步骤和参数选择参考顾静馨^[22] 提供的操作方法. 即选择 Pearson correlation、Spearman correlation、Bray-Curtis dissimilarity 和 Kullback-Leibler dissimilarity 这 4 种分析方法, 并设置 500 的起始连接数, 再采用 Benjamini-Hochberg 标准化处理相关系数, 即校正原有假设检验得到的显著性 P 值, 并最终采用校正后的 P 值, 保留相关系数 $r > |0.9|$ 且 $P < 0.01$ 的 OTUs 构建关联网络, 可得到生态网络边和节点的数据信息, 再用 Gephi-0.9.2 进行可视化. 将接近中心性和低 > 0.28 , 中介中心性 < 0.18 , 连接度排名前 5 的 OTU 确定为关键物种^[23].

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质和团聚体组成

稻田和天然湿地土壤理化性质见表 1. 从中可以看出, 稻田土壤的 TN、AN、TP、AP、交换性钙和交换性镁均显著 ($P < 0.05$) 高于天然湿地, 而 pH 显著 ($P < 0.05$) 低于天然湿地.

稻田和天然湿地土壤团聚体组成差异见表 2. 从中可以看出, 稻田和天然湿地土壤团聚体的回收率为 99.14% 和 90.71%. 两种土地利用方式土壤团聚体的主要组成部分是粉、黏粒组分, 分别为 40.90% 和 44.74%, 均显著 ($P < 0.05$) 高于其他两种粒径. 与天然湿地相比, 稻田微团聚体比例较高.

表 1 土壤理化性质¹⁾

Table 1 Basic physical and chemical properties of soil							
土地利用方式	pH (H ₂ O)	ω (TN) /g·kg ⁻¹	ω (AN) /mg·kg ⁻¹	ω (TP) /g·kg ⁻¹	ω (AP) /mg·kg ⁻¹	交换性钙 /cmol·kg ⁻¹	交换性镁 /cmol·kg ⁻¹
稻田	7.65 ± 0.05b	2.97 ± 0.03a	88.17 ± 3.87a	1.23 ± 0.02a	28.18 ± 1.07a	13.61 ± 0.19a	0.90 ± 0.01a
天然湿地	7.86 ± 0.09a	1.67 ± 0.08b	42.35 ± 2.45b	0.50 ± 0.02b	2.83 ± 0.22b	11.04 ± 0.04b	0.46 ± 0.01b

1) 不同小写字母表示不同土地利用方式间差异显著 ($P < 0.05$); 数据为平均值 ± 标准差 ($n = 3$)

表 2 不同土地利用方式土壤团聚体组成¹⁾

Table 2 Composition of soil aggregates under different land use patterns				
土地利用方式	质量分数/%			回收率/%
	0.25 ~ 2 mm	0.053 ~ 0.25 mm	< 0.053 mm	
稻田	28.59 ± 4.55Ba	29.64 ± 1.97Ba	40.90 ± 0.61Aa	99.14
天然湿地	23.77 ± 2.04Ba	22.20 ± 2.80Bb	44.74 ± 8.60Aa	90.71

1) 不同大写字母表示同一种土地利用方式不同粒径间差异显著 ($P < 0.05$), 不同小写字母表示不同土地利用方式同一粒径间差异显著 ($P < 0.05$); 数据为平均值 ± 标准差 ($n = 3$); 下同

稻田和天然湿地全土及团聚体中的碳含量变化见表 3. 从中可以看出, 稻田全土以及各粒径团聚体中的 SOC 和 DOC 含量都显著 ($P < 0.05$) 高于天然湿地, 而对于同一种土地利用方式来说, 无论是稻田

还是天然湿地, 微团聚体中的 SOC 和 DOC 含量都显著 ($P < 0.05$) 高于其他两种粒径, 而 D/S 在微团聚体和粉、黏粒中天然湿地显著 ($P < 0.05$) 高于稻田.

表 3 不同土地利用方式下全土及团聚体中的碳含量变化¹⁾

Table 3 Changes in carbon content in whole soil and different aggregates under different land-use patterns

项目	土地利用方式	土壤团聚体			
		全土	0.25 ~ 2 mm	0.053 ~ 0.25 mm	< 0.053 mm
$\omega(\text{SOC})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	稻田	26.81 ± 0.30Ba	24.69 ± 0.70Ca	32.11 ± 0.10Aa	24.94 ± 0.46Ca
	天然湿地	13.86 ± 0.48Cb	17.38 ± 0.88Bb	19.75 ± 0.42Ab	11.20 ± 0.75Db
$\omega(\text{DOC})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	稻田	260.00 ± 7.57ABa	238.75 ± 14.14Ba	286.04 ± 25.41Aa	256.33 ± 3.75Ba
	天然湿地	159.16 ± 8.89Bb	148.26 ± 16.61Bb	206.04 ± 4.25Ab	173.75 ± 22.30Bb
D/S/%	稻田	0.97 ± 0.03ABb	0.95 ± 0.06ABa	0.89 ± 0.08Bb	1.03 ± 0.01Ab
	天然湿地	1.15 ± 0.03Ba	0.85 ± 0.06Da	1.04 ± 0.03Ca	1.55 ± 0.21Aa

1) D/S 表示 DOC/SOC,下同

2.2 土壤团聚体细菌多样性和群落组成

稻田和天然湿地全土及团聚体细菌 α 多样性指数见表 4。从中可以看出,稻田全土以及粉、黏粒

组分细菌的 Richness 指数和 Chao1 指数显著 ($P < 0.05$) 低于天然湿地;大团聚体和微团聚体中的 Shannon 指数显著 ($P < 0.05$) 高于粉、黏粒组分。

表 4 不同土地利用方式全土及土壤团聚体细菌 α 多样性指数

Table 4 The α diversity of soil bacteria in whole soil and different aggregates of different land-use types

指数	土地利用方式	土壤团聚体			
		全土	0.25 ~ 2 mm	0.053 ~ 0.25 mm	< 0.053 mm
Richness	稻田	3 439 ± 281Ab	3 684 ± 273Aa	3 656 ± 470Aa	3 489 ± 375Ab
	天然湿地	4 389 ± 151Aa	4 108 ± 493Aa	4 155 ± 277Aa	4 125 ± 117Aa
Shannon	稻田	6.65 ± 0.12Aa	6.53 ± 0.06Aa	6.52 ± 0.01Aa	6.36 ± 0.03Ba
	天然湿地	6.65 ± 0.07Aa	6.49 ± 0.05Ba	6.51 ± 0.08Ba	6.29 ± 0.09Ca
Chao1	稻田	4 772 ± 457Ab	5 013 ± 349Aa	5 160 ± 409Aa	4 910 ± 367Ab
	天然湿地	5 830 ± 55Aa	5 594 ± 344Aa	5 759 ± 324Aa	5 582 ± 257Aa

全土及团聚体细菌 α 多样性指数与土壤碳含量的相关性分析表明(表 5),在全土中 Richness 指数和 Chao1 指数与 SOC 含量和 DOC 含量呈显著负相关($P < 0.01$),与 D/S 呈显著正相关($P < 0.05$);Chao1 在粉、黏粒中与 SOC 含量呈显著负相关($P < 0.05$)。

通过对 OTUs 进行归类后发现,相对丰度大于

表 5 全土及团聚体细菌 α 多样性指数与土壤碳含量的相关性分析¹⁾

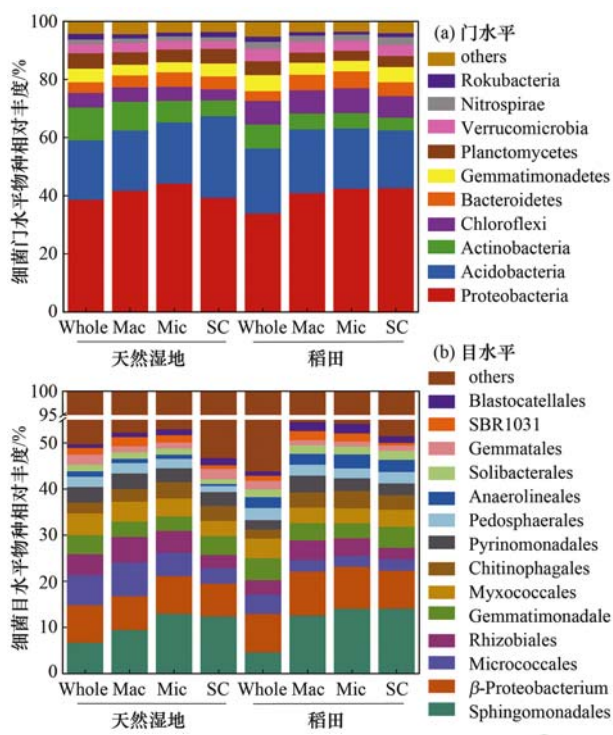
Table 5 Correlation analysis between bacterial α diversity index and soil carbon content in whole soil and different aggregates

团聚体粒径	环境变量	细菌 α 多样性指数		
		Richness	Shannon	Chao1
全土	SOC	-0.938 **	-0.019	-0.934 **
	DOC	-0.921 **	-0.308	-0.939 **
	D/S	0.881 *	0.265	0.845 *
0.25 ~ 2 mm	SOC	-0.468	0.374	-0.628
	DOC	-0.445	0.166	-0.659
	D/S	-0.171	-0.331	-0.469
0.053 ~ 0.25 mm	SOC	-0.614	0.156	-0.699
	DOC	-0.776	0.154	-0.805
	D/S	0.250	-0.158	0.383
< 0.053 mm	SOC	-0.807	0.545	-0.814 *
	DOC	-0.798	0.543	-0.793
	D/S	0.687	-0.390	0.682

1) * 表示 $P < 0.05$ 水平上的相关性,** 表示 $P < 0.01$ 水平上的相关性,下同

1% 的门共有 10 个 [图 1(a)],分别为变形菌门 (Proteobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes)、浮霉菌门 (Planctomycetes)、疣微菌门 (Verrucomicrobia)、硝化螺旋菌门 (Nitrospirae)和 Rokubacteria,它们的相对丰度占细菌总 OTUs 的 94.82%~96.52%。在稻田中,酸杆菌门在大团聚体、微团聚体和粉、黏粒中的相对丰度分别为 21.96%、20.72% 和 19.85%,表明随着团聚体粒径的增大,酸杆菌门的相对丰度逐渐升高,而天然湿地变化趋势正好相反。从同一粒径来看,稻田中绿弯菌门在大团聚体、微团聚体和粉、黏粒中的相对丰度分别为 7.97%、8.56% 和 7.40%,显著 ($P < 0.05$) 高于天然湿地 (4.93%、4.81% 和 3.76%);而放线菌门在这 3 种粒径中的相对丰度分别为 5.47%、5.27% 和 4.38%,显著 ($P < 0.05$) 低于天然湿地 (9.94%、7.43% 和 5.47%)。从全土来看,稻田绿弯菌门相对丰度 (8.11%) 显著 ($P < 0.05$) 高于天然湿地 (5.07%),天然湿地放线菌门相对丰度 (11.24%) 显著 ($P < 0.05$) 高于稻田 (8.28%)。

在目水平上,相对丰度大于 1% 的目共有 14 个 [图 1(b)]:鞘脂单胞菌目 (Sphingomonadales)、 β -变形菌目 (β -Proteobacterium)、微球菌目



Whole 表示全土; Mac 表示 0.25 ~ 2 mm 的大团聚体; Mic 表示 0.053 ~ 0.25 mm 的微团聚体; SC 表示 < 0.053 mm 的粉、黏粒, 下同

图 1 细菌门和目水平的群落组成

Fig. 1 Bacterial community composition at level of phylum and order (Micrococcales)、根瘤菌目(Rhizobiales)、芽单胞菌目(Gemmatimonadales)、粘球菌目(Myxococcales)、Chitinophagales、Pyrinomonadales、土圈菌目(Pedosphaerales)、厌氧绳菌目(Anaerolineales)、Solibacterales、Gemmatales、SBR1031 和芽枝霉目(Blastocatellales), 它们的相对丰度占细菌总 OTUs 的 43.89%~54.57%。在稻田中,根瘤菌目在大团聚体、微团聚体和粉、黏粒中的相对丰度分别为

2.48%、3.83% 和 4.21%,变化趋势与天然湿地相似. 从同一粒径来看,稻田中微球菌目在大团聚体、微团聚体和粉、黏粒中的相对丰度分别为 2.53%、2.32% 和 2.45%,显著 ($P < 0.05$) 低于天然湿地 (7.32%、5.09% 和 3.37%); 而稻田厌氧绳菌目在 3 种粒径中的相对丰度分别为 2.35%、3.03% 和 2.65%,显著 ($P < 0.05$) 高于天然湿地 (0.92%、0.91% 和 0.43%)。从全土来看,稻田厌氧绳菌目相对丰度 (2.35%) 显著 ($P < 0.05$) 高于天然湿地 (1.10%),其他菌目均无显著性差异,以上结果表明,土地利用方式显著改变了不同粒径土壤团聚体中细菌的相对丰度。

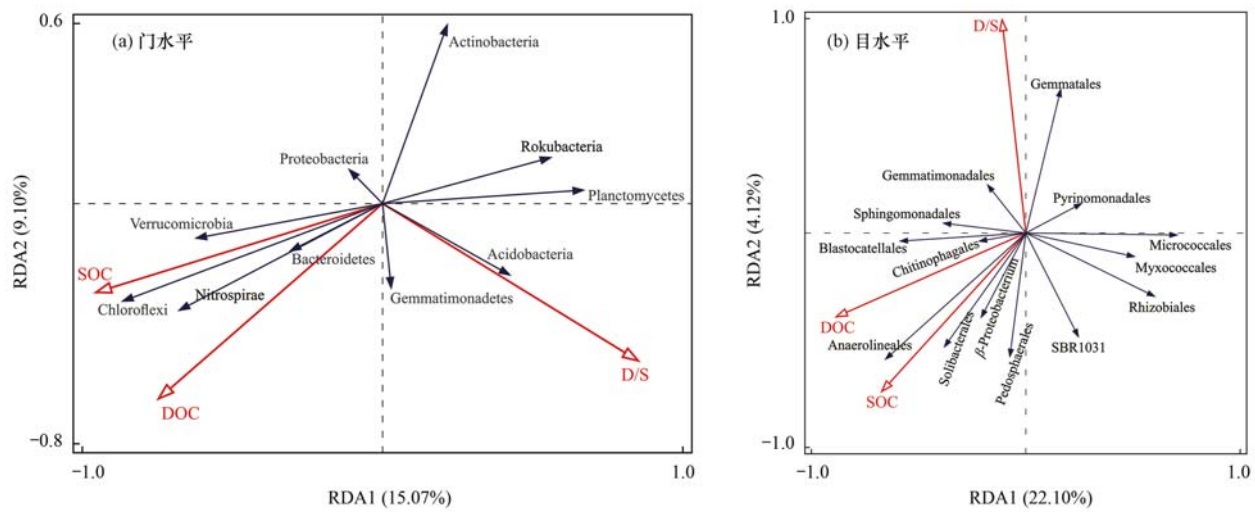
对土壤细菌门和目水平丰度与土壤碳含量进行冗余分析(图 2),门水平两个轴累积解释变异量为 24.17% [图 2(a)],目水平两个轴累积解释变异量为 26.22% [图 2(b)]. 置换检验表明,DOC 为主导细菌门水平($P = 0.04$) 和目水平($P = 0.016$) 群落结构变化的关键环境因子. 土壤细菌门和目水平丰度与 DOC 的相关性表明(表 6),DOC 含量与绿弯菌门、硝化螺旋菌门和厌氧绳菌目呈显著正相关($P < 0.01$)。

2.3 主成分分析

通过主成分分析(基于 OTU 水平)可以看出(图 3),轴 1 和轴 2 的差异贡献值为 34.52% 和 22.55%,总变异度为 57.07%。不同土地利用方式的细菌群落组成显著不同($r = 0.923, P = 0.001$),但同一土地利用方式不同粒径团聚体细菌群落结构相似。

2.4 细菌网络分析

为了更好地了解聚集作用对细菌群落的影响,



红色箭头线表示土壤碳含量指标,蓝色箭头线表示优势菌门和优势菌目

图 2 土壤细菌门和目水平丰度与土壤碳含量的冗余分析

Fig. 2 RDA of abundance of phyla and orders of soil bacteria and soil carbon content

表 6 土壤细菌门和目水平丰度与 DOC 的相关性

	细菌门			细菌目	
	Chloroflexi	Verrucomicrobia	Nitrospirae	Anaerolineales	Solibacterales
DOC	0.854 **	0.568 *	0.767 **	0.827 **	0.606 *

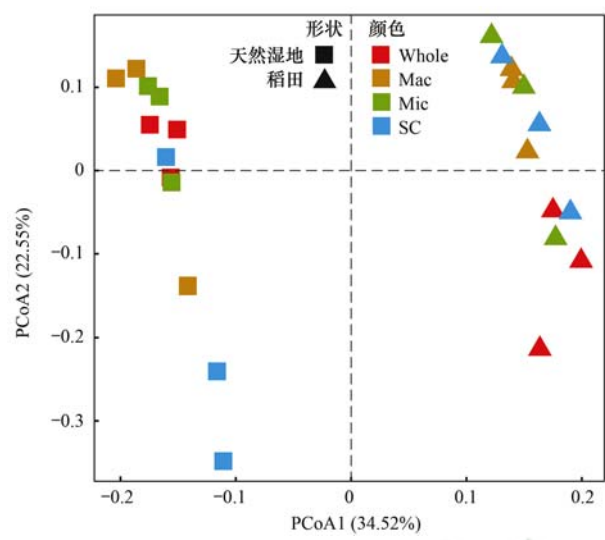


图 3 细菌群落结构主成分分析 (PCoA)

Fig. 3 Principal component analysis of bacterial community structure (PCoA)

利用高通量测序数据构建细菌-细菌、细菌-土壤碳含量的网络关系(图 4),并使用 NetworkAnalyzer 工具进行网络拓扑参数计算(表 7),可以发现,与天然湿地相比,稻田网络的节点数增加,网络边数、平均邻居数和平均连通度在微团聚体和粉、黏粒组分中均较高,而这 3 个系数在大团聚体中较低;稻田微团聚体和粉、黏粒中的特征路径长度较短以及模块性较低,而稻田大团聚体中正好相反;再者,稻田中细菌网络正相关连接数在微团聚体和粉、黏粒组分中也均高于天然湿地;6 个网络中均以正相关关系为主.在稻田中,网络的平均连通度随着团聚体粒径的增大而减少,而模块性和特征路径长度随着团聚体粒径的增大而增大.

通过不同团聚体中 OTUs 水平上的细菌-细菌、细菌-土壤碳含量间的网络关系可以看出(图 4),DOC 对粉、黏粒组分网络的影响较大,稻田和天然

表 7 不同土地利用方式下团聚体中细菌网络的关键拓扑特征

项目		土地利用方式		
		土壤团聚体		
		0.25 ~ 2 mm	0.053 ~ 0.25 mm	< 0.053 mm
节点数	稻田	205	211	190
	天然湿地	181	188	186
边数	稻田	1 111	1 324	1 339
	天然湿地	1 369	1 118	1 176
正相关连接数(占比/%)	稻田	625(56.25)	860(64.95)	868(64.82)
	天然湿地	896(65.45)	661(59.12)	710(60.37)
负相关连接数(占比/%)	稻田	486(43.74)	464(35.05)	471(35.18)
	天然湿地	473(34.55)	457(40.87)	466(39.63)
平均连通度	稻田	11.21	13.55	15.37
	天然湿地	16.52	12.55	13.23
平均邻居数	稻田	10.64	12.65	14.04
	天然湿地	15.01	11.75	12.33
模块性	稻田	0.76	0.69	0.63
	天然湿地	0.59	0.70	0.66
特征路径长度	稻田	4.47	3.38	3.02
	天然湿地	2.84	4.18	3.63

湿地中的连接度分别为 15 和 22;在微团聚体中,稻田 DOC、SOC 和 D/S 在网络中的连接度为 2、4 和 2,天然湿地中三者的连接度分别为 18、1 和 12;SOC 对粉、黏粒组分网络的影响较大,稻田和天然湿地中的连接度均为 11.

不同土地利用方式下团聚体关键物种的中介中

心性、接近中心性和连接度结果显示(表 8),在大团聚体中,稻田网络主要受厌氧绳菌目(Anaerolineae)、芽单胞菌科(Gemmatimonadaceae)、Acidibacter 和地杆菌属(Terrabacter)的影响,其中厌氧绳菌目与 DOC 呈显著正相关($P < 0.01$);天然湿地网络主要受脱硫盒菌科(Desulfarculaceae)、

表 8 不同土地利用方式下团聚体关键物种的中介中心性、接近中心性和连接度
Table 8 Betweenness centrality, closeness centrality, and degree for keystone species
in the networks abstained for different aggregates under different land-use types

粒径/mm	土地利用方式	编号	中介中心性	接近中心性	连接度	分类
0.25 ~ 2	稻田	1	0.127 2	0.297	19	Anaerolineae
		2	0.040 6	0.287	18	Gemmatimonadaceae
		3	0.034 3	0.283	17	Acidibacter
		4	0.011 0	0.285	16	Rokubacterales
		5	0.010 7	0.285	16	Terrabacter
	天然湿地	1	0.061 5	0.451	37	Desulfarculaceae
		2	0.069 1	0.474	32	Acidobacteria Subgroup 6
		3	0.065 2	0.483	32	Bacillus
		4	0.037 9	0.441	31	Rhodoplanes
		5	0.009 1	0.410	30	RB41
0.053 ~ 0.25	稻田	1	0.020 8	0.298	21	mle1-7
		2	0.020 2	0.343	21	Stenotrophobacter
		3	0.059 9	0.388	21	Sphingomonas
		4	0.065 0	0.392	21	Massilia
		5	0.006 6	0.283	20	SC-I-84
	天然湿地	1	0.012 9	0.303	25	Ensifer
		2	0.042 1	0.320	25	Dehalococcoidia
		3	0.007 8	0.297	23	Mesorhizobium
		4	0.058 2	0.332	23	RB41
		5	0.032 9	0.306	22	Metagenome
<0.053	稻田	1	0.035 0	0.403	31	δ -Proteobacteria
		2	0.062 1	0.426	30	δ -Proteobacteria
		3	0.139 3	0.472	39	Gemmatimonadetes
		4	0.038 0	0.368	28	Gemmatimonadetes
		5	0.036 2	0.400	28	Acidobacteria Subgroup 6
	天然湿地	1	0.015 8	0.336	36	Terrimonas
		2	0.071 4	0.373	34	RB41
		3	0.008 0	0.308	30	Pedospaeraceae
		4	0.007 5	0.330	30	Nocardioides
		5	0.002 5	0.296	29	Sphingomonas

Acidobacteria Subgroup 6、芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、*Rhodoplanes* 和 RB41 的影响. 在微团聚体中, 稻田网络主要受 mle1-7、*Stenotrophobacter*、鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、马赛菌属 (*Massilia*) 和 SC-I-84 的影响; 天然湿地网络主要受 *Ensifer*、*Dehalococcoidia*、根瘤菌属 (*Mesorhizobium*)、RB41 和 *Metagenome* 的影响, 其中根瘤菌属和 RB41 与 DOC 呈显著正相关 ($P < 0.01$). 在粉、黏粒中, 稻田网络主要受 δ -变形菌纲 (δ -Proteobacteria)、芽单胞菌纲 (Gemmatimonadetes) 和 Acidobacteria Subgroup 6 的影响; 天然湿地网络主要受 *Terrimonas*、RB41、*Pedospaeraceae*、*Nocardioides* 和鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 的影响.

3 讨论

3.1 土地利用变化对会仙岩溶湿地全土和团聚体中细菌群落组成的影响

土壤微生物群落的多样性指数是评价土壤生态功能稳定和健康的指标^[24]. 在本研究中, 细菌

的 Richness 指数和 Chao1 指数在天然湿地全土和粉、黏粒组分中显著高于稻田, 而 Shannon 指数在两种土地利用之间却无显著性差异, 这可能因为相似的淹水环境构建了相似的细菌群落组成和多样性, 但耕作与施肥使细菌群落趋同化, 丰度降低, 这与在鄱阳湖湿地关于不同土地利用方式下土壤微生物群落功能多样性的研究结果相似^[25]. 然而在同一土地利用方式不同团聚体中, 无论天然湿地还是稻田土壤, 大团聚体和微团聚体的 Shannon 指数均显著高于粉、黏粒组分, 说明较大的团聚体中细菌的物种多样性更高, 这有利于提高大团聚体和微团聚体抵抗外界环境干扰的能力. 土壤细菌 α 多样性与土壤碳含量的相关性分析结果显示, 在全土中 SOC 和 DOC 与细菌群落丰富度指数均呈显著负相关, 说明土壤碳含量对细菌丰富度可能具有抑制作用^[25]; 在各粒径组分中, 唯有粉、黏粒组分中 Richness 指数与 SOC 呈显著负相关, 这可能是因为 SOC 对粉、黏粒中细菌丰富度的影响比其余两种组分大. 不同粒径土壤团聚体的分布、大小和组成不同, 影响了

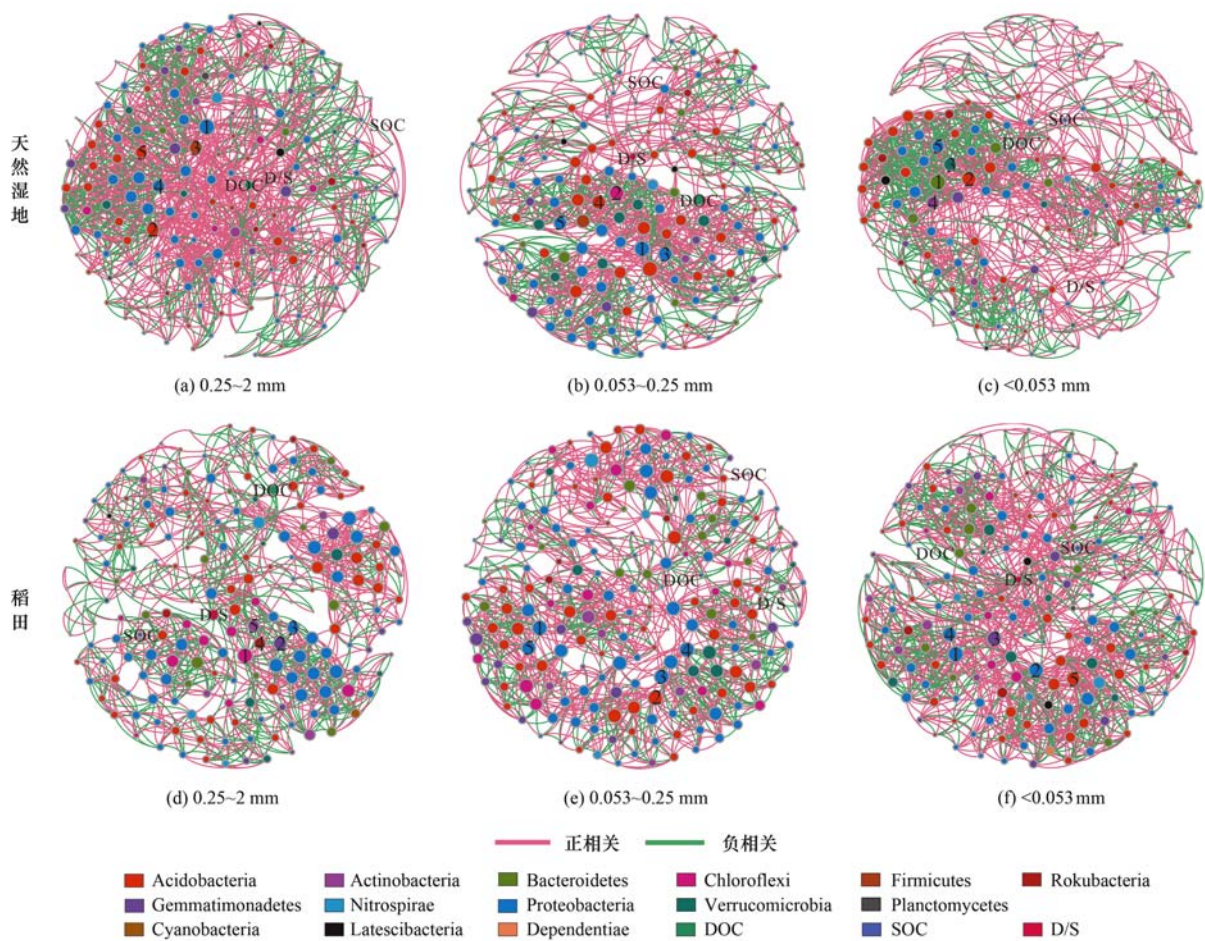


图 4 不同团聚体中 OTUs 水平上的细菌-细菌、细菌-土壤碳含量的网络关系

Fig. 4 Co-occurrence networks of bacteria-bacteria and bacteria-soil carbon content at the OTUs level in different aggregate sizes

团聚体内部空气和养分的分布,也因此为土壤微生物提供了独特多样的栖息环境^[26],导致土壤团聚体微生物的分布有较大的差异^[27~29]. 本研究中,稻田中的微团聚体比例显著较高,说明稻田土壤的凝聚性提高. 稻田中大团聚体中酸杆菌门相对丰度显著高于其余两种粒径团聚体,该门的细菌多为寡营养细菌,适应大团聚体中较低的营养条件. 微团聚体中的拟杆菌门的相对丰度显著高于大团聚体,由于微团聚体中 DOC 含量的增加,显著升高了微生物对碳源的易利用程度,使其从贫营养型变为富营养型. 与天然湿地土壤相比,绿弯菌门和厌氧绳菌目的丰度在稻田土壤 3 种粒径团聚体中都明显较高. 本研究中,基于 RDA 分析,结果表明 DOC 是土壤细菌群落的主要影响因子,且绿弯菌门与可溶性有机碳含量呈显著正相关,因此,在可溶性有机碳含量较高的稻田中绿弯菌门丰度较高,这是因为较高的可溶性有机质使绿弯菌从光能自养转变为光能异养,加快了其生长速度^[30,31];而且,绿弯菌门的部分细菌还参与了 CO₂ 固定、CO 和 CH₄ 的氧化等过程^[31,32];也有报道指出,绿弯菌门的厌氧绳菌目属于自养异养混合的游离型氨氧化细菌^[33],异养型的厌氧绳菌还

能降解石油烃和氨基酸等化合物^[34],为微生物提供更多可利用的碳源,促进微生物的生长,有利于微生物多样性的提高.

3.2 土地利用变化对土壤团聚体细菌网络的影响

生态系统中,土壤中的微生物之间以复杂的网络共存或拮抗^[35],通过生态网络可以很好地对微生物物种间潜在的互作关系进行研究. 土壤团聚体可以为土壤微生物创造空间异质的微环境^[36],不同的团聚体栖息着不同的微生物群落,从而出现不同的微生物生态网络^[21,37,38]. 网络节点数、边数、平均邻居数和平均连通度可以反映网络的复杂程度^[21,39,40]. 在本研究中,相比于天然湿地,稻田微团聚体和粉、黏粒组分中的细菌间具有更高的网络节点数、边数、平均邻居数和平均连通度,表明细菌间的相互作用更强,网络结构更为复杂,并且在这两种组分中网络的平均连通度更大以及特征路径长度更短,这说明天然湿地利用为稻田后,提高了微团聚体和粉、黏粒组分中细菌间物质循环和信息传递效率^[41]. 与稻田其他两种组分或者天然湿地的大团聚体相比,稻田大团聚体网络则具有更长的特征路径长度、更高的模块性和更低的平均连通度,因此当

外界环境发生变化时,外界干扰在网络中的扩散速度减慢,在短时间内环境扰动不会传递到整个网络,从而稻田大团聚体网络在应对干扰时更加稳定^[42,43].网络中生态位相同或具有共生关系的微生物间为正相关,而处于竞争和捕食关系的微生物间为负相关^[44,45].本研究的6个细菌网络均以正相关关系为主,表明细菌间潜在的合作关系大于竞争和捕食关系.有研究发现,土壤养分含量提高会减少微生物之间的负相关关系^[46],天然湿地利用为稻田后,由于人为施肥,提高了土壤有机碳含量,因此稻田微团聚体和粉、黏粒组分网络中的正连接占比高于天然湿地,但是稻田土壤大团聚体中细菌之间的正连接数占比低于湿地土壤,表明频繁的耕作对稻田土壤大团聚体有一定的破坏性.在稻田中,随着团聚体粒径的减小,细菌网络的特征路径长度减小以及平均连通度增大,这表明稻田中的物质循环和信息传递效率随着团聚体粒径的减小而提高.土壤碳含量与土壤网络的关系的结果表明,稻田微团聚体网络受土壤碳含量的影响较小,但是土壤碳含量对其他土壤团聚体网络结构影响都较大,这也与加拿大农林复合系统中细菌群落网络的驱动因素的研究结果一致^[47].

生态网络分析还可以通过统计分析来推测出关键物种^[40].本研究中,不同土地利用方式和不同粒径团聚体细菌网络中的关键物种不同.但是在天然湿地中,RB41为所有粒径团聚体共有的关键物种,说明RB41在天然湿地土壤中具有重要作用.有研究表明,RB41在非施肥土壤中含量较高^[48],李强^[39]的研究发现RB41是岩溶断陷盆地土壤细菌-真核生物网络的关键物种.厌氧绳菌目为稻田大团聚体网络的关键物种,与DOC显著正相关,说明该菌偏爱养分高的生境.马赛菌属是稻田微团聚体的关键物种,有研究发现,该细菌具有固氮、溶磷等作用,能有效提高植物的营养获取能力,从而影响植物的生长和产量^[49];而鞘氨醇单胞菌属对结构复杂的难降解芳香化合物具有特异作用^[50].在稻田粉、黏粒组分中,芽单胞菌科为关键物种,有利于粉、黏粒组分物质循环能力的加强^[51].总的来看,这些细菌大多数都属于酸杆菌门和变形菌门,说明这两种菌门的细菌生态位宽,具有较强的环境适应性^[52].关键物种包含一些丰度较低的物种,例如, *Terrabacter*、*Nocardoides* 和 *Rhodoplanes* 等,表明关键物种不一定是土壤中某些丰度高的物种,但它们赋予群落更大的连通性,有利于细菌间相互作用的加强^[53].因此,关键物种对于维持微生物群落结构和功能非常重要.

4 结论

(1)稻田微团聚体占29.64%,显著高于天然湿地中微团聚体的占比(22.20%),表明稻田土壤的凝聚性提高.

(2)天然湿地的稻田利用显著改变了土壤细菌群落结构,在全土和3种团聚体组分中,稻田绿弯菌门和厌氧绳菌目的相对丰度均显著高于天然湿地,DOC是影响细菌群落结构的关键因子.

(3)稻田中微团聚体和粉、黏粒细菌网络的复杂性较高,细菌间的资源利用和信息传递效率较高;而稻田大团聚体细菌网络紧密性较低,模块性较高,有利于大团聚体群落结构的稳定;土地利用方式改变了团聚体中的关键物种.

参考文献:

- [1] 徐飞,张拓,怀宝东,等.土地利用变化对松花江下游湿地土壤真菌群落结构及功能的影响[J].环境科学,2021,42(5):2531-2540.
Xu F, Zhang T, Huai B D, et al. Effects of land use changes on soil fungal community structure and function in the riparian wetland along the downstream of the Songhua River [J]. Environmental Science, 2021, 42(5): 2531-2540.
- [2] 张翼然,周德民,刘苗.中国内陆湿地生态系统服务价值评估——以71个湿地案例点为数据源[J].生态学报,2015,35(13):4279-4286.
Zhang Y R, Zhou D M, Liu M. Ecosystem service valuation research of Chinese inland wetlands based on case study [J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, 35(13): 4279-4286.
- [3] 王娜,高捷,魏静,等.三江平原湿地开垦对土壤微生物群落结构的影响[J].环境科学,2019,40(5):2375-2381.
Wang N, Gao J, Wei J, et al. Effects of wetland reclamation on soil microbial community structure in the Sanjiang Plain [J]. Environmental Science, 2019, 40(5): 2375-2381.
- [4] 程跃扬,靳振江,王晓彤,等.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[J].环境科学,2020,41(9):4294-4304.
Cheng Y Y, Jin Z J, Wang X T, et al. Effect of land-use on soil fungal community structure and associated functional group in Huixian Karst wetland [J]. Environmental Science, 2020, 41(9): 4294-4304.
- [5] Yoon C G. Wise use of paddy rice fields to partially compensate for the loss of natural wetlands [J]. Paddy and Water Environment, 2009, 7(4): 357-366.
- [6] 王国栋, Middleton B A, 吕宪国,等.农田开垦对三江平原湿地土壤种子库影响及湿地恢复潜力[J].生态学报,2013,33(1):205-213.
Wang G D, Middleton B A, Lu X G, et al. Effects of farming on wetland soil seed banks in the Sanjiang Plain and wetland restoration potential [J]. Acta Ecologica Sinica, 2013, 33(1): 205-213.
- [7] 王进,刘子琦,鲍恩俣,等.喀斯特石漠化区林草恢复对土壤团聚体及其有机碳含量的影响[J].水土保持学报,2019,33(6):249-256.
Wang J, Liu Z Q, Bao E Y, et al. Effects of forest and grass restoration on soil aggregates and its organic carbon in Karst rocks desertification areas [J]. Journal of Soil and Water Conservation,

- 2019, **33**(6): 249-256.
- [8] 李娜, 韩晓增, 尤孟阳, 等. 土壤团聚体与微生物相互作用研究[J]. 生态环境学报, 2013, **22**(9): 1625-1632.
Li N, Han X Z, You M Y, *et al.* Research review on soil aggregates and microbes[J]. Ecology and Environment Sciences, 2013, **22**(9): 1625-1632.
- [9] 朱源山, 王义东, 郭长城, 等. 天津盐碱化沼泽湿地开垦对土壤团聚体有机与无机碳含量的影响[J]. 生态学杂志, 2020, **39**(1): 206-216.
Zhu Y S, Wang Y D, Guo C C, *et al.* Effects of long-term reclamation on soil organic and inorganic carbon contents of aggregates in a saline wetland in Tianjin[J]. Chinese Journal of Ecology, 2020, **39**(1): 206-216.
- [10] 张会慧, 王世标, 王均睿, 等. 三江平原湿地不同利用方式对土壤理化性质及团聚体组成的影响[J]. 生态学杂志, 2019, **38**(6): 1679-1687.
Zhang H H, Wang X B, Wang J R, *et al.* Effects of different land use types on soil physicochemical properties and aggregate composition in Sanjiang Plain wetland[J]. Chinese Journal of Ecology, 2019, **38**(6): 1679-1687.
- [11] 邵继承, 潘根兴, 杨恒山, 等. 不同土地利用方式对河滩砂质湿地土壤有机碳在团聚体内分布和稳定性的影响[J]. 水土保持学报, 2013, **27**(2): 228-233.
Tai J C, Pan G X, Yang H S, *et al.* Effects of different land use types on distribution and stability of sandy flood wet land soil organic carbon aggregate [J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2013, **27**(2): 228-233.
- [12] 陶金. 鄱阳湖湿地围垦后土壤团聚体结构、有机碳及微生物多样性变化的研究[D]. 南昌: 南昌大学, 2012.
Tao J. Study on soil aggregate structure, soil organic carbon and micro-bial diversity after reclamation of Poyang Lake wetland [D]. Nanchang: Nanchang University, 2012.
- [13] Liu Y L, Wang P, Ding Y J, *et al.* Microbial activity promoted with organic carbon accumulation in macroaggregates of paddy soils under long-term rice cultivation[J]. Biogeosciences, 2016, **13**(24): 6565-6586.
- [14] 靳振江, 曾鸿鹄, 李强, 等. 起源喀斯特溶洞湿地稻田与旱地土壤的微生物数量、生物量及土壤酶活性比较[J]. 环境科学, 2016, **37**(1): 335-341.
Jin Z J, Zeng H H, Li Q, *et al.* Comparisons of microbial numbers, biomasses and soil enzyme activities between paddy field and dryland origins in karst cave wetland [J]. Environmental Science, 2016, **37**(1): 335-341.
- [15] 袁武, 靳振江, 程跃扬, 等. 岩溶湿地和稻田的土壤酶活性与 CO₂ 和 CH₄ 排放特征[J]. 中国农业科学, 2020, **53**(14): 2897-2906.
Yuan W, Jin Z J, Cheng Y Y, *et al.* Characteristics of soil enzyme activities and CO₂ and CH₄ emissions from natural wetland and paddy field in karst areas[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2020, **53**(14): 2897-2906.
- [16] 贾远航, 靳振江, 袁武, 等. 会仙岩溶湿地、稻田与旱地土壤细菌群落结构特征比较[J]. 环境科学, 2019, **40**(7): 3313-3323.
Jia Y H, Jin Z J, Yuan W, *et al.* Comparison of soil bacterial community structure between paddy fields and dry land in the Huixian Karst wetland, China [J]. Environmental Science, 2019, **40**(7): 3313-3323.
- [17] Six J, Elliott E T, Paustian K, *et al.* Aggregation and soil organic matter accumulation in cultivated and native grassland soils[J]. Soil Science Society of America Journal, 1998, **62**(5): 1367-1377.
- [18] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科学出版社, 1999.
- [19] 孙万龙, 陈苏铭, 刘雪华, 等. 不同土壤采样设计下土壤表层微生物 α 多样性的差异分析[J]. 微生物学通报, 2020, **47**(6): 1699-1708.
Sun W L, Chen S M, Liu X H, *et al.* Effect of soil sampling designs on soil microbial alpha diversity [J]. Microbiology China, 2020, **47**(6): 1699-1708.
- [20] 刘艳霞, 李想, 邹焱, 等. 贵州省典型植烟生态区域根际土壤微生物群落多样性[J]. 生态学报, 2018, **38**(9): 3145-3154.
Liu Y X, Li X, Zou Y, *et al.* Investigation and analysis of microbial information in tobacco-planted soil from different ecological regions in the Guizhou province [J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, **38**(9): 3145-3154.
- [21] Liao H, Zhang Y C, Wang K, *et al.* Complexity of bacterial and fungal network increases with soil aggregate size in an agricultural inceptisol [J]. Applied Soil Ecology, 2020, **154**, doi: 10.1016/j.apsoil.2020.103640.
- [22] 顾静馨. 土壤微生物生态网络的构建方法及其比较[D]. 扬州: 扬州大学, 2015.
Gu J X. The methods of constructing soil microbial ecological network and its comparison [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2015.
- [23] Banerjee S, Schlaeppli K, Van Der Heijden M G A. Keystone taxa as drivers of microbiome structure and functioning [J]. Nature Reviews Microbiology, 2018, **16**(9): 567-576.
- [24] Rousk J, Bååth E, Brookes P C, *et al.* Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil [J]. The ISME Journal, 2010, **4**(10): 1340-1351.
- [25] 张杰, 胡维, 刘以珍, 等. 鄱阳湖湿地不同土地利用方式下土壤微生物群落功能多样性[J]. 生态学报, 2015, **35**(4): 965-971.
Zhang J, Hu W, Liu Y Z, *et al.* Response of soil microbial functional diversity to different land-use types in wetland of Poyang Lake, China[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, **35**(4): 965-971.
- [26] Trivedi P, Delgado-Baquerizo M, Jeffries T C, *et al.* Soil aggregation and associated microbial communities modify the impact of agricultural management on carbon content [J]. Environmental Microbiology, 2017, **19**(8): 3070-3086.
- [27] 赵美纯, 李鑫, 王月, 等. 东北黑土旱田改稻田对土壤团聚体微生物群落功能多样性的影响[J]. 核农学报, 2020, **34**(12): 2831-2838.
Zhao M C, Li X, Wang Y, *et al.* Changes in microbial community functional diversity in soil aggregate of black soil turned from upland into paddy tillage in Northeast China [J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 2020, **34**(12): 2831-2838.
- [28] 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.
- [29] Bach E M, Williams R J, Hargreaves S K, *et al.* Greatest soil microbial diversity found in micro-habitats [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, **118**: 217-226.
- [30] Bu R Y, Ren T, Lei M J, *et al.* Tillage and straw-returning practices effect on soil dissolved organic matter, aggregate fraction

- and bacteria community under rice-rice-rapeseed rotation system [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2020, **287**, doi: 10.1016/j.agee.2019.106681.
- [31] 鲜文东, 张潇樵, 李文均. 绿弯菌的研究现状及展望[J]. 微生物学报, 2020, **60**(9): 1801-1820.
- Xian W D, Zhang X T, Li W J. Research status and prospect on bacterial phylum *Chloroflexi* [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2020, **60**(9): 1801-1820.
- [32] 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, 2020, **57**(1): 153-164.
- Zhao W H, Ma L, Xu 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, 2020, **57**(1): 153-164.
- [33] 王怡静, 夏晶晶, 于景丽, 等. 水分驱动半干旱区河流沉积物/土壤厌氧菌群落的空间异质性[J]. 微生物学通报, 2020, **47**(9): 2807-2821.
- Wang Y J, Xia J J, Yu J L, et al. Moisture determined spatial heterogeneity of river sediment/soil *Anaerolineaceae* communities in semiarid region [J]. Microbiology China, 2020, **47**(9): 2807-2821.
- [34] Zhu P, Wang Y P, Shi T T, et al. Intertidal zonation affects diversity and functional potentials of bacteria in surface sediments: a case study of the Golden Bay mangrove, China[J]. Applied Soil Ecology, 2018, **130**: 159-168.
- [35] Coyte K Z, Schluter J, Foster K R. The ecology of the microbiome: networks, competition, and stability[J]. Science, 2015, **350**(6261): 663-666.
- [36] Gupta V V S R, Germida J J. Soil aggregation: influence on microbial biomass and implications for biological processes[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2015, **80**: A3-A9.
- [37] Lin Y X, Ye G P, Ding W X, et al. Niche differentiation of comammox *Nitrospira* and canonical ammonia oxidizers in soil aggregate fractions following 27-year fertilizations [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2020, **304**, doi: 10.1016/j.agee.2020.107147.
- [38] Zheng W, Zhao Z Y, Gong Q L, et al. Responses of fungal-bacterial community and network to organic inputs vary among different spatial habitats in soil [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, **125**: 54-63.
- [39] 李强. 土地利用方式对岩溶断陷盆地土壤细菌和真核生物群落结构的影响[J]. 地球学报, 2021, **42**(3): 417-425.
- Li Q. Land-use types leading to distinct ecological patterns of soil bacterial and eukaryota communities in karst graben basin [J]. Acta Geoscientia Sinica, 2021, **42**(3): 417-425.
- [40] Ye G P, Banerjee S, He J Z, et al. Manure application increases microbiome complexity in soil aggregate fractions: results of an 18-year field experiment [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2021, **307**, doi: 10.1016/j.agee.2020.107249.
- [41] 李冰, 李玉双, 魏建兵, 等. 不同土地利用方式对土壤细菌分子生态网络的影响[J]. 环境科学, 2020, **41**(3): 1456-1465.
- Li B, Li Y S, Wei J B, et al. Effects of different land use types on the molecular ecological network of soil bacteria [J]. Environmental Science, 2020, **41**(3): 1456-1465.
- [42] Wang Y, Zhang R, Zheng Q, et al. Bacterioplankton community resilience to ocean acidification: evidence from microbial network analysis[J]. ICES Journal of Marine Science, 2016, **73**(3): 865-875.
- [43] Carpenter S R, Arrow K J, Barrett S, et al. General resilience to cope with extreme events [J]. Sustainability, 2012, **4**(12): 3248-3259.
- [44] 陈兆进, 林立安, 李英军, 等. 镉胁迫对芒草根际细菌群落结构、共发生网络和功能的影响[J]. 环境科学, 2021, **40**(8): 3997-4004.
- Chen Z J, Lin L A, Li Y J, et al. Shifts in rhizosphere bacterial community structure, co-occurrence network, and function of *Miscanthus* following cadmium exposure [J]. Environmental Science, 2021, **40**(8): 3997-4004.
- [45] Faust K, Raes J. Microbial interactions: from networks to models [J]. Nature Reviews Microbiology, 2012, **10**(8): 538-550.
- [46] Banerjee S, Kirkby C A, Schmutter D, et al. Network analysis reveals functional redundancy and keystone taxa amongst bacterial and fungal communities during organic matter decomposition in an arable soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2016, **97**: 188-198.
- [47] Banerjee S, Baah-Acheamfour M, Carlyle C N, et al. Determinants of bacterial communities in Canadian agroforestry systems[J]. Environmental Microbiology, 2016, **18**(6): 1805-1816.
- [48] Ai C, Zhang S Q, Zhang X, et al. Distinct responses of soil bacterial and fungal communities to changes in fertilization regime and crop rotation[J]. Geoderma, 2018, **319**: 156-166.
- [49] 荀敏, 曲媛媛, 杨桦, 等. 鞘氨醇单胞菌: 降解芳香化合物的新型微生物资源[J]. 应用与环境生物学报, 2008, **14**(2): 276-282.
- Gou M, Qu Y Y, Yang H, et al. *Sphingomonas* sp.: a novel microbial resource for biodegradation of aromatic compounds[J]. Chinese Journal of Applied & Environmental Biology, 2008, **14**(2): 276-282.
- [50] Zheng B X, Bi Q F, Hao X L, et al. *Massilia phosphatilytica* sp. nov., a phosphate solubilizing bacteria isolated from a long-term fertilized soil[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2017, **67**(8): 2514-2519.
- [51] Pankratov T A, Ivanova A O, Dedysh S N, et al. Bacterial populations and environmental factors controlling cellulose degradation in an acidic *Sphagnum* peat [J]. Environmental Microbiology, 2011, **13**(7): 1800-1814.
- [52] Cristóbal H A, Benito J, Lovrich G A, et al. Phylogenetic and enzymatic characterization of psychrophilic and psychrotolerant marine bacteria belong to γ -proteobacteria group isolated from the sub-Antarctic Beagle Channel, Argentina [J]. Folia Microbiologica, 2015, **60**(3): 183-198.
- [53] Herren C M, McMahon K D. Keystone taxa predict compositional change in microbial communities [J]. Environmental Microbiology, 2018, **20**(6): 2207-2217.

CONTENTS

Characteristics of PM _{2.5} Pollution in Beijing During the Historical Period of the 2022 Olympic Winter Games	LIU Yue-chen, MAN Rui-qi, QIU Yan-ting, <i>et al.</i> (3895)
Observation Analyses of Aerosol Size Distribution Properties from February to March, 2019 in Tianjin Urban Area	HAO Jian, CAI Zi-ying, LIU Jing-le, <i>et al.</i> (3903)
Analysis of Typical Weather Circulation Patterns of Heavy PM _{2.5} Pollution and the Transport Pattern in the Yangtze River Middle Basin	WANG Ying, ZHI Xie-fei, BAI Yong-qing, <i>et al.</i> (3913)
Characteristics of Heavy Metals and Other Elements in Atmospheric Dry and Wet Deposition and Health Risk Assessment of a Typical Industrial and Mining City in Central Yunnan	FAN Chen-zi, LIU Yong-bing, YUAN Ji-hai, <i>et al.</i> (3923)
Characteristics and Reactivity of VOCs in a Typical Industrial City in Summer	QIN Tao, LI Li-ming, WANG Xin-wu, <i>et al.</i> (3934)
Chemical Reaction Activity and Source Apportionment of Atmospheric VOCs in Summer in Dalian	ZHU Ke-xin, LIU Li-zhong, LIU Huan-wu, <i>et al.</i> (3944)
One-year Simulation of Air Pollution in Central China, Characteristics, Distribution, Inner Region Cross-transmission, and Pathway Research in 18 Cities	LIU Guang-jin, SU Fang-cheng, XU Qi-xiang, <i>et al.</i> (3953)
Characteristics of Ozone Pollution, Meteorological Impact, and Evaluation of Forecasting Results Based on a Neural Network Model in Beijing-Tianjin-Hebei Region	ZHU Yuan-yuan, LIU Bing, GUI Hai-lin, <i>et al.</i> (3966)
Temporal and Spatial Variations in Black Carbon Aerosol in Different Atmospheric Background Stations in China from 2006 to 2020	WANG Hong-lei, YAN Xue, SHEN Li-juan, <i>et al.</i> (3977)
Pollution Characteristics and Emission Factors of PCDD/Fs from Iron and Steel Industry	YANG Yan-yan, XIE Dan-ping, FU Jian-ping, <i>et al.</i> (3990)
Community Composition and Assessment of the Aquatic Ecosystem of Periphytic Algae in the Yangtze River Basin	HU Yu-xin, CAO Liang, QU Ren-chao, <i>et al.</i> (3998)
Evaluation and Source Analysis of Heavy Metal Pollution in Sediments of the Yellow River Basin Based on Monte Carlo Simulation and PMF Model	PANG Kuo, LI Min, LIU Lu, <i>et al.</i> (4008)
Retention Effect of Heavy Metals in Rivers of a Typical Mountainous City by Cascade Weirs; A Case Study of Liangtan River in Chongqing	WANG Chao, JIA Bo-yang, PAN Cheng-yong, <i>et al.</i> (4018)
Estimation of Agricultural Non-point Source TN and TP Export Coefficients Based on Soil Loss	WANG You-xiao, HUANG Chong, LIU Gao-huan, <i>et al.</i> (4032)
Influence of Land Use and Land Cover Patterns on Water Quality at Different Spatio-temporal Scales in Hehuang Valley	LI Hao-hao, HUANG Yi-mei, GUO Wei, <i>et al.</i> (4042)
Groundwater Pollution Source Identification by Combination of PMF Model and Stable Isotope Technology	ZHANG Han, DU Xin-yu, GAO Fei, <i>et al.</i> (4054)
Antibiotic Pollution Characteristics and Ecological Risk Assessment in Jinjiang River Basin, Jiangxi Province	LI Jia-le, WANG Meng, HU Fa-wang, <i>et al.</i> (4064)
Screening and Control Measures for New Priority Pollutants in Surface Water of Tianjin	WU Yan-qi, SONG Shuai, SHI Ya-juan, <i>et al.</i> (4074)
Contamination Characteristics and Ecological Risk Assessment of Pharmaceuticals and Personal Care Products (PPCPs) in the Third Drain of Ningxia	LI Fu-juan, GAO Li, LI Ling-yun, <i>et al.</i> (4087)
Analysis of the Seasonal Changes in Planktonic Microbial Diversity in Urban River Supplied with Reclaimed Water: A Case Study of the North Canal River	YUAN Xun-chao, WANG Min, GUO Xiao-yu, <i>et al.</i> (4097)
Spectroscopic and Molecular Characterization of Water Soluble Organic Matter from Sediments in the Macrophyte-dominated and Algae-dominated Zones of Taihu Lake	DU Ying-xun, DAI Jia-ru, ZHANG Qiao-ying, <i>et al.</i> (4108)
Emission of Nitrous Oxide (N ₂ O) from Lake Taihu and the Corresponding Potential Driving Factors	LIU Chao-rong, ZHU Jun-yu, LI Yu-yang, <i>et al.</i> (4118)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metals in the Bioretention Systems of Sponge Cities	LEI Xiao-ling, QIU Li-na, WEI Ze-jun, <i>et al.</i> (4127)
Treatment Effect of Corncob and Rice Straw Enhanced Subsurface Flow Constructed Wetland on Low C/N Ratio Wastewater	HU Man-li, HAO Qing-ju, MA Rong-zhen, <i>et al.</i> (4136)
Investigation of the Performance of Organic Contaminant Degradation by Fe ²⁺ /PDS Under Environmentally Relevant pH Conditions	LIU Ying, GUO Yi-wei, QIAO Jun-lian, <i>et al.</i> (4146)
Typical Pesticide Residues and Their Risk Assessment in Farmland Environment of Different Plant Types in Shayu County, Xinjiang	XIE Xuan-xuan, NUERLA Ailijiang, BALATI Maihemuti, <i>et al.</i> (4154)
Distribution Characteristics of Antibiotics and Antibiotic Resistance Genes in Manure and Surrounding Soil of Poultry Farm in Ningxia	SHEN Cong, ZHANG Jun-hua, LIU Ji-li, <i>et al.</i> (4166)
Enrichment Factors of Soil-Se in the Farmland in Shizuishan City, Ningxia	WANG Ying, LIU Hai-yan, WANG Ze-jing, <i>et al.</i> (4179)
Zoning and Safe Utilization Method of Heavy Metal Contaminated Cultivated Land at Block Scale	WANG Rui, YU Jing, LI Yu, <i>et al.</i> (4190)
Spatial Distribution, Source Apportionment, and Ecological Risk Assessment of Soil Heavy Metals in Jianghugongmi Producing Area, Shandong Province	YU Lin-song, WAN Fang, FAN Hai-yin, <i>et al.</i> (4199)
Assessing the Lead Accumulation Risks of Wheat Grain by Developing a Source-Specific Accumulation Risk Assessment Model	YANG Yang, LI Yan-ling, NIU Shuo, <i>et al.</i> (4212)
Accumulation Effects and Health Risks of Heavy Metals in Rice in Location-based Cadmium Anomaly Area in Liuzhou	ZHU Liang-liang, WANG Fu-peng, TANG Le-bin, <i>et al.</i> (4219)
Accumulation and Transport Characteristics of Cd, Pb, Zn, and As in Different Maize Varieties	REN Chao, XIAO Jian-hui, LI Jing-tian, <i>et al.</i> (4232)
Remediation Potential of <i>Taraxacum kok-saghyz</i> Rodin on Lead and Cadmium Contaminated Farmland Soil	ZHANG Heng, XIONG Ming-biao, WANG Qian-xin, <i>et al.</i> (4253)
Remediation Potential of Three Dwarf Bamboos on Farmland Soils Contaminated with Mixed Heavy Metals	ZHANG Ying, ZHAO Xin, ZHANG Sheng-hu, <i>et al.</i> (4262)
Impacts of Uptake and Accumulation of Cd on Double Rice-Paddy Soil by Silicon Fertilizer Continuous Application	PENG Hua, DENG Kai, SHI Yu, <i>et al.</i> (4271)
Effect of Modified Chitosan Loaded with Silica on Arsenic Uptake and Transport in Rice	YANG Jia-yi, SUN Meng-qiang, XIAO Yu-tang, <i>et al.</i> (4282)
Effect of Chelating Agents and Organic Acids on Remediation of Cadmium and Arsenic Complex Contaminated Soil Using <i>Xanthium sibiricum</i>	ZHANG Ya-rui, HUANG Yi-zong, BAO Qiong-li, <i>et al.</i> (4292)
Effects of Water Management on the Transformation of Iron Oxide Forms in Paddy Soils and Its Coupling with Changes in Cadmium Activity	LI Ming-yuan, ZHANG Xiao-ting, LIU Han-yi, <i>et al.</i> (4301)
Effects of Iron Intensity-regulated Root Microbial Community Structure and Function on Cadmium Accumulation in Rice	ZHENG Shen, HUANG Dao-you, LI Bo, <i>et al.</i> (4313)
Effects of Mulching and Slow-release Fertilizer Application Reduction on Soil Microbial Community Structure in Rapeseed Field Under Two Different Rainfall Conditions	FENG Jun, SHI Chao, Hafiz Athar Hussain, <i>et al.</i> (4322)
High-Throughput Sequencing Combined with Metabonomics to Analyze the Effect of Heavy Metal Contamination on Farmland Soil Microbial Community and Function	PANG Fa-hu, LI Xiao-qi, DUAN Li-yang, <i>et al.</i> (4333)
Characteristics of Microbial Community Structure in the Surrounding Farmlands of a Mercury Mining Area and Its Environmental Driving Factors	CHEN Fen, YU Gao, SUN Yue-bing, <i>et al.</i> (4342)
Comparison of Bacterial Community Structure in Soil Aggregates Between Natural Karst Wetland and Paddy Field	LENG Meng, JIN Zhen-jiang, XIAO Xiao-yi, <i>et al.</i> (4353)
Elevational Pattern and Control Factors of Soil Microbial Carbon Use Efficiency in the Daiyun Mountain	LÜ Kun, WANG Jing-jing, WU Guo-peng, <i>et al.</i> (4364)
Effect of Long-term Straw Returning on the Mineralization and Priming Effect of Rice Root-carbon	LIU Feng, WANG Yun-qiu, ZHANG Yun, <i>et al.</i> (4372)
Effects of Straw Returning and Biochar Application on Summer Maize Yield and Soil N ₂ O Emission in Guanzhong Plain	BAI Jin-ze, LIU Zhen-yuan, SONG Jia-jie, <i>et al.</i> (4379)
Effects of Polystyrene Nanoplastics (PS-NPs) on the Physiology of <i>Allium sativum</i> L.	QIU Chen-chen, LI Guo-xin, LI Qing-song, <i>et al.</i> (4387)
Effect of Microplastics on Soil Water Infiltration and Evaporation	WANG Zhi-chao, ZHANG Bo-wen, NI Jia-xuan, <i>et al.</i> (4394)
Life Cycle Assessment and Key Parameter Comparison of Hydrogen Fuel Cell Vehicles Power Systems	CHEN Yi-song, LAN Li-bo, HAO Zhuo, <i>et al.</i> (4402)