

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

2000~2018年我国大气重金属沉降通量时空变化特征

陈其永, 郜允兵, 倪润祥, 潘瑜春, 阎跃观, 杨晶, 刘孝阳, 顾晓鹤



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年9月

第43卷 第9期
Vol.43 No.9

目次

2000~2018年我国大气重金属沉降通量时空变化特征	陈其永, 郇允兵, 倪润祥, 潘瑜春, 阎跃观, 杨晶, 刘孝阳, 顾晓鹤 (4413)
面向二/三维城市形态指标的 PM _{2.5} 浓度调控模拟	李莎, 邹滨, 刘宁, 冯徽徽, 陈军, 张鸿辉 (4425)
减排背景下成都大气 PM _{2.5} 碳质组分特征	陈璐瑶, 于阳春, 黄小娟, 董贵明, 张军科 (4438)
青岛秋冬季 PM ₁ 中金属元素污染特征及健康风险评估	刘子杨, 张宜升, 张厚勇, 马子轸, 陶文鑫, 王娇, 薛莲, 彭倩倩, 杜金花, 赵娇娇, 彭亮, 孙英杰 (4448)
港口地区大气 PM _{2.5} 中多环芳烃污染特征及来源分析	王鹏程, 杨凌霄, 别淑君, 黄琦, 齐安安, 虞雄, 王滢铭, 徐鹏, 张天琪, 王文兴 (4458)
天津市冬季道路颗粒物粒径分布及来源解析	张国涛, 殷宝辉, 白雯宇, 郭丽瑶, 王智宇, 张楠, 郑镇森, 张利文, 杨文, 韩斌, 白志鹏 (4467)
北京市生物源一次气溶胶浓度变化特征及影响因素	梁林林, 刘畅, 刘旭艳, 徐婉筠, 张根, 程红兵, 刘雨思 (4475)
北京市城区夏季 VOCs 变化特征分析与来源解析	孟祥来, 孙扬, 廖婷婷, 张琛, 张成影 (4484)
东莞工业集中区夏季臭氧污染与非污染期间 VOCs 组分特征及其来源	周振, 肖林海, 费蕾蕾, 余纬, 林满, 黄筠筠, 张智胜, 陶俊 (4497)
生活垃圾填埋场恶臭污染的时空变化与膜阻隔效果	何品晶, 李健晨, 吕凡, 章骅, 邵立明 (4506)
不同年份太湖水域全氟化合物健康风险源解析对比	武婷, 孙善伟, 樊境朴, 鲁富蕾, 郭昌胜, 徐建 (4513)
沱江流域典型及新兴全氟/多氟化合物的污染特征及来源解析	宋娇娇, 汪艺梅, 孙静, 方淑红 (4522)
白洋淀不同类型水体表层沉积物重金属的赋存形态及风险	许梦雅, 张超, 卓保庆, 刘操 (4532)
喹诺酮类抗生素在城市典型水环境中的分配系数及其主要环境影响因子	剧泽佳, 付雨, 赵鑫宇, 陈慧, 宋圆梦, 赵波, 张纪媛, 卢梦洪, 崔建升, 张璐璐 (4543)
石家庄地下水中喹诺酮类抗生素生态风险及其与环境因子的相关性	陈慧, 剧泽佳, 赵鑫宇, 付雨, 崔建升, 张璐璐 (4556)
不同淹水环境下湖泊沉积物 DOM 的特征与来源	陈佳, 李忠武, 金昌盛, 文佳骏, 聂小东, 王磊 (4566)
晋城市沁河流域秋季浮游植物群落结构特征及其与环境因子的关系	高梦蝶, 李艳粉, 李艳利, 孙昂, 田爽, 张春晖, 耿亚平, 李林霞 (4576)
不同配置绿色屋顶径流水质特征及综合评价	章孙逊, 张守红, 闫婧, 王任重远, 杨航 (4587)
紫外光化过硫酸盐降解磷酸氯喹	李阳, 许玻琨, 邓琳, 罗伟 (4597)
微气泡臭氧氧化预处理实际制药废水去除 SS 和有机物性能	刘春, 陈蕊, 张静, 杨旭, 陈晓轩, 郭延凯, 武明泽, 庞勃 (4608)
废水排放对近海环境中抗生素抗性基因和微生物群落的影响	陈嘉瑜, 苏志国, 姚鹏城, 黄备, 张永明, 温东辉 (4616)
生物炭和秸秆还田对微咸水滴灌棉田土壤真菌群落结构多样性的影响	郭晓雯, 陈静, 鲁晓宇, 李远, 陶一凡, 闵伟 (4625)
有机物料投入对喀斯特地区土壤磷素赋存形态与含 <i>phoD</i> 基因细菌群落的影响	夏鑫, 乔航, 孙琪, 刘坤平, 陈香碧, 何寻阳, 胡亚军, 苏以荣 (4636)
煤矿矿区复垦植被类型对土壤微生物功能基因和酶活的影响	宁岳伟, 刘勇, 张红, 李君剑 (4647)
生物炭施用对黄壤土壤养分及酶活性的影响	袁访, 李开钰, 杨慧, 邓承佳, 梁红, 宋理洪 (4655)
黄河源区斑块化退化高寒草甸土壤细菌群落多样性变化	孙华方, 李希来, 金立群, 赵玉蓉, 李成一, 张静, 宋梓涵, 苏晓雪, 刘凯 (4662)
模拟氮沉降对三江平原小叶章湿地土壤微生物碳源利用能力的影响	翁晓虹, 隋心, 李梦莎, 刘赢男, 张荣涛, 杨立宾 (4674)
石家庄市土壤中喹诺酮类抗生素空间分布特征及其与微生物群落相关性	赵鑫宇, 剧泽佳, 陈慧, 付雨, 宋圆梦, 赵波, 张纪媛, 卢梦洪, 崔建升, 张璐璐 (4684)
典型氧化还原环境中微塑料表面的微生物群落组成特征与构建机制	龚志伟, 马杰, 苏趋, 林亚楠, 董鑫磊, 周立昌, 王宗平, 郭刚 (4697)
作物秸秆材料处理养殖废水中氮的周年去除效果及其对氮循环微生物丰度的影响	刘铭羽, 夏梦华, 蒋磊, 彭健, 陈坤, 赵聪芳, 李希, 孟岑, 曾睿, 王栋, 李裕元, 吴金水 (4706)
不同外碳源对尾水极限脱氮性能及微生物群落结构的影响	王伟, 赵中原, 张鑫, 由志鹏, 黄子晋, 彭永臻 (4717)
总氮提标改造工程的微生物群落结构分析	李海松, 王柯丹, 陈晓蕾, 阎登科, 许子聪, 胡培基 (4727)
IFAS 工艺处理南方低碳源污水的泥膜微生物互作规律分析	赫俊国, 江伟勋, 何卓义, 刘新平, 吴世华, 储昭瑞, 冯杰 (4736)
黄土高原土地利用方式对微塑料丰度和形态分布的影响	郝永丽, 胡亚鲜, 白晓雄, 郭胜利 (4748)
南方丘陵区土壤重金属含量、来源及潜在生态风险评价	王玉, 辛存林, 于爽, 薛红蕾, 曾鹏, 孙平安, 刘凡 (4756)
兰州市耕地“五毒”重金属的风险评价与归因分析	张利瑞, 彭鑫波, 马延龙, 康乐, 张妍娥, 王泉灵, 张松林 (4767)
石家庄市栾城区农田土壤重金属分布特征及作物风险评价	孟晓飞, 郭俊梅, 杨俊兴, 郑国砥, 陈同斌, 刘杰 (4779)
典型城市土壤中重金属锑 (Sb) 的含量分布特征及风险评价	沈城, 叶文娟, 钱诗颖, 吴健, 朱旭东, 王敏 (4791)
有色金属矿业城市典型村镇土壤重金属污染评价及来源解析	汪峰, 黄言欢, 李如忠, 吴鸿飞 (4800)
柠檬酸及刈割强化象草修复镉污染土壤的效应	唐棋, 伍港繁, 辜娇峰, 周航, 曾鹏, 廖柏寒 (4810)
稻田干湿过程甲基化效率变化与关键影响因素分析	张玥, 李令仪, 文炯, 曾希柏, 苏世鸣 (4820)
外源茉莉酸对水稻幼苗根系砷积累及抗逆应答效应	李颜, 黄益宗, 保琼莉, 黄永春, 张盛楠 (4831)
秸秆还田配施化肥对土壤养分及冬小麦产量的影响	宋佳杰, 徐郁阳, 白金泽, 于琦, 程伯豪, 冯永忠, 任广鑫 (4839)
冬季绿肥对黄土高原旱作春玉米农田土壤温室气体排放的影响	张少宏, 王俊, 方震文, 付鑫 (4848)
庞泉沟自然保护区土壤呼吸空间分异性影响因素探索	李晓敏, 严俊霞, 杜自强, 王琰 (4858)
小型养殖塘水体中 CH ₄ 、CO ₂ 和 N ₂ O 浓度的时空变化特征及影响因素	石婕, 张弥, 邱吉丽, 万梓文, 赵若男, 谢燕红, 陈明健, 赵佳玉, 肖薇, 刘寿东 (4867)
丁基黄药对选矿区土壤吸附铅镉的影响	胡志浩, 郭朝晖, 冉洪珍, 肖细元, 彭驰, 李钰滢 (4878)
秸秆生物炭吸附对乙酰氨基酚的机制及其位能分布特征	商岑尧, 顾若婷, 张强, 谢慧芳, 王冰玉 (4888)
黄土高原地区生态脆弱性时空变化及其驱动因子分析	张良侠, 樊江文, 张海燕, 周德成 (4902)
植物促生菌在重金属生物修复中的作用机制及应用	马莹, 王玥, 石孝均, 陈新平, 李振轮 (4911)
《环境科学》征订启事 (4512) 《环境科学》征稿简则 (4735) 信息 (4696, 4790, 4887)	

煤矿矿区复垦植被类型对土壤微生物功能基因和酶活的影响

宁岳伟^{1,2}, 刘勇^{1,2}, 张红^{1,2}, 李君剑^{1,2*}

(1. 山西大学黄土高原研究所, 太原 030006; 2. 山西省黄河实验室, 太原 030006)

摘要: 煤炭的长期开采严重破坏了当地土壤结构和生态环境, 通过植被复垦可有效改善生态环境, 目前对土壤理化特征和微生物群落结构研究较多, 但对土壤矿区土壤功能微生物的研究较少. 以山西省大同市晋华宫矿区 5 个不同植被类型复垦地 (侧柏、云杉、油松、樟子松和桧柏) 为研究对象, 对其土壤理化性质、碳氮磷硫功能基因丰度和土壤酶活进行测定. 结果表明, 恢复类型对土壤理化性质、土壤酶活和 75 种功能基因丰度均有显著影响, 桧柏林具有最高的总碳、总氮和总硫含量; 云杉林具有最高的脱氢酶和脲酶活性, 但碱性蛋白酶活性最低, 樟子松林的碱性蛋白酶活性最高; 云杉林功能基因丰度最高, 但多样性指数显著低于其他样地, 这可能是由于云杉林中的 *ureC*、*acsA* 和 *mct* 丰度占到了 52% 以上所导致的; 土壤脲酶与六大类功能基因丰度有显著相关性; 不同植被类型土壤中功能微生物群落 β 多样性差异显著, 可见功能基因能较好地解释植被类型对微生物功能的影响; 综合肥力指标指数最高和最低分别是樟子松和侧柏样地. 总之, 土壤功能基因是指示不同复垦模式对土壤微生物影响的敏感指标, 樟子松和云杉是在该矿区更为适宜的复垦树种.

关键词: 矿区复垦; 植被修复类型; 综合肥力指数 (IFI); 土壤酶活性; 功能基因

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)09-4647-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.202111139

Effects of Different Vegetation Types on Soil Microbial Functional Genes and Enzyme Activities in Reclaimed Coal Mine

NING Yue-wei^{1,2}, LIU Yong^{1,2}, ZHANG Hong^{1,2}, LI Jun-jian^{1,2*}

(1. Institute of Loess Plateau, Shanxi University, Taiyuan 030006, China; 2. Shanxi Yellow River Laboratory, Shanxi University, Taiyuan 030006, China)

Abstract: Long-term coal mining has seriously damaged soil structures and ecological environments. Reclaimed vegetation could effectively improve the ecological environment. There have been many studies on soil physical-chemical characteristics and microbial community structure, but there are few on soil functional microorganisms in mining areas. In this study, soil physical and chemical properties, soil enzyme activities, and the abundance of functional genes in carbon, nitrogen, phosphorus, and sulfur cycling were determined in five reclaimed lands of different vegetation types (*Platycladus orientalis*, *Picea asperata*, *Pinus tabulaeformis*, *Pinus sylvestris*, and *Sabina chinensis*) in the Jinhuaogong mining area, Datong City, Shanxi province. The results showed that the restoration types produced significant effects on soil physical and chemical properties, soil enzyme activities, and the abundance of 75 functional genes. The highest contents of total carbon, total nitrogen, and total sulfur were in the *S. chinensis* site. The activities of dehydrogenase and urease were the highest in *P. asperata*, and the lowest alkaline protease activity was in *P. asperata*. The alkaline protease activity was the highest in *P. sylvestris*. The abundance of functional genes in the *P. asperata* forest was the highest, but the diversity index was significantly lower than that in other plots, which might be due to the fact that the total abundance of *ureC*, *acsA*, and *mct* in *P. asperata* accounted for more than 52%. Soil urease was significantly correlated with the abundance of six functional genes. The β diversity of the functional microbial community was significantly different among the different vegetation types, indicating that functional genes could better explain the effects of vegetation types on microbial function. The highest and lowest integrated fertility indexes were found in the *P. sylvestris* and *P. orientalis* plots, respectively. In conclusion, soil functional genes are sensitive indicators signifying the effects of different reclamation types on soil microorganisms, and *P. asperata* and *P. sylvestris* are more suitable for reclamation in this mining area.

Key words: mine reclamation; vegetation restoration type; integrated fertility index (IFI); soil enzyme activity; functional gene

长期的矿区开采改变了原有地貌形态和土壤组成结构, 而且形成排土场占用土地, 对原生态环境造成了毁灭性的破坏^[1,2]. 对矿区废弃地进行复垦, 可有效改善土壤基质的结构和肥力, 还能提高土壤中微生物的活性^[3]. 微生物作为土壤中最活跃的成分, 通过合成土壤酶来参与土壤中的生物化学过程, 在有机质的转化、养分矿化和同质化等方面发挥着重要作用, 影响着土壤生态系统的能量流动和物质循环, 土壤酶也由于其对环境因子的变化敏感而成为土壤环境质量的重要指标^[4-7]. 功能基因通过编码特定功能蛋白, 参与介导微生物的各项生理生化过程和土壤中的元素循环, 因此具有指示土壤中生

命活动的功能, 具有标志性的功能基因也常被用作分子标记物来表征土壤中某一类群微生物的群落结构、丰度和多样性^[8,9].

有研究表明, 不同植被类型由于凋落物和根际分泌物的性质不同, 对土壤理化和微生物特征均有显著影响, 表现在微生物群落结构、土壤理化性质和土壤酶活差异等方面^[10]. 目前常用高通量测序表征土壤中微生物多样性和群落差异^[11], 而对不同植

收稿日期: 2021-11-15; 修订日期: 2022-01-23

基金项目: 国家自然科学基金项目 (U1910207, 41771548)

作者简介: 宁岳伟 (1996 ~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为微生物生态学, E-mail: 1548942821@qq.com

* 通信作者, E-mail: biolijj@163.com

被类型对土壤微生物功能基因影响方面研究还较少. 本研究在山西省大同市晋华宫矿山公园, 不同植被样地采集土壤样品, 对不同植被类型的土壤微生物碳氮磷硫功能基因丰度进行测定, 分析植被类型对酶活性和碳氮磷硫功能基因丰度的影响, 以及土壤酶活和基因丰度之间的相关性, 通过揭示不同复垦植被类型对土壤质量的影响, 以期对矿区废弃地恢复工程植被选择提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于大同煤田东北边缘的十里河狭长谷地的晋华宫国家矿山公园, 距离大同市 12.5 km, 整体呈由南向北的上升趋势. 位于 40°10'N, 113°13'E; 平均海拔 1056 m. 地处中温带大陆性半干旱季风气候, 全年温差较大, 年均降雨量约为 400 mm. 本研究包括 5 个植被均是 2005 年公园建设时栽种, 栽种前覆盖客土 1 m 左右, 样地之间距离均在 6 m 以上, 树苗间距为 3 m × 3 m, 分别是侧柏 (*Platycladus orientalis*, 盖度 65%)、桧柏 (*Sabina chinensis*, 盖度 65%)、樟子松 (*Pinus sylvestris*, 盖度 80%)、云杉 (*Picea asperata*, 盖度 70%) 和油松 (*Pinus tabulaeformis*, 盖度 70%). 每个植被复垦类型下, 设立 3 个重复样地, 每个样地为 10 m × 10 m.

1.2 样品收集

2019 年 7 月在侧柏、桧柏、油松、樟子松和云杉复垦区的样地分别采集土样, 用土钻采用多点混合土样样品处理法, 去除地表植被和覆盖物, 每个样地分别取 6 个样点挖穴 (0 ~ 10 cm) 并混匀. 一部分带回实验室自然风干, 研磨过 2 mm 的筛以备用; 另一部分 4℃ 低温保存用于土壤碳氮磷硫功能基因的测定.

1.3 样品分析

土壤 pH 采用 1:5 土和水溶液测定; 土壤全碳、全氮和全硫采用 vario MACRO cube 元素分析仪测定. 土壤微生物碳氮磷硫功能基因丰度采用 QMEC (quantitative microbial element cycling) 基因芯片测定 (广东美格基因科技有限公司), 具体方法是: 按照 MagaBio 土壤 DNA 提取试剂盒方法, 取 0.25 g 土壤样品, 提取土壤 DNA, 用 Qubit 4.0 (Thermo Fisher Scientific, Waltham, USA) 仪器对提取的土壤 DNA 总量及纯度进行检测, 将 DNA 浓度稀释 20 ng · μL⁻¹, 分别将样品板和引物板试剂添加至高通量 qPCR 芯片 SmartChip MyDesign Chip (Takara Biomedical Technology, Clontech) 微孔中, 在 SmartChip Real-Time PCR System (WaferGen

Biosystems USA) 中进行 qPCR 反应及荧光信号检测. 土壤酶活性均采用酶活试剂盒 (生工生物工程股份有限公司), 酶活性测定的方法分别是, 土壤碱性磷酸酶活性采用磷酸苯二钠比色法; 土壤脲酶活性采用靛酚蓝比色法; 土壤脱氢酶活性采用三苯基甲臍比色法; 土壤碱性蛋白酶活性采用钨蓝比色法.

1.4 数据分析

采用单因素方差分析 (One-way ANOVA) 分析不同植被恢复类型对土壤理化性质、土壤酶活性和土壤微生物功能基因丰度的影响; 采用非度量多维尺度分析 (NMDS) 反映植被类型对微生物群落的影响; 土壤细菌群落功能多样性指数分析采用香农-威纳指数 (Shannon-Wiener index) 和辛普森指数 (Simpson index)^[12]. 土壤酶活性和土壤微生物功能基因丰度间的相关性进行 Pearson 相关性分析. 数据通过 Microsoft Excel 2013 和 SPSS 24.0 进行分析和分析, 作图采用 Microsoft Excel 2018 和 R 3.5.1 等完成.

对理化指标和微生物特征进行主成分分析法 (PCA), 根据特征向量值识别最重要的指标, 提取特征值大于 1 的主成分 (PC) 进行初始解释^[13], 土壤综合肥力指数 (integrated fertility index, IFI) 具体计算公式是:

$$IFI = \sum_{i=1}^n W_i S_i$$

式中, W_i 为第 i 个主成分的特征向量值, S_i 为第 i 个变量的指标贡献率, $i = 1, 2, 3, \dots, n$.

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质

从表 1 可以看出, 侧柏容重最高, 而樟子松容重最小, 且与其它 3 种样地差异显著; 复垦地土壤 pH 均呈弱碱性, 且不同恢复方式会对土壤 pH 产生显著的影响. 侧柏林土壤 pH 最高, 云杉最低. 桧柏具有最高的总氮量, 其次是樟子松, 桧柏与樟子松差异不显著, 均显著高于其余 3 种样地, 油松、侧柏和云杉林具有相近的总氮量; 桧柏具有显著高于其它样地的总碳量, 其次是油松和樟子松, 樟子松和油松差异不显著, 侧柏总碳量最低; 桧柏具有最高总硫量, 其次是樟子松, 侧柏和油松总硫量差异不显著, 云杉林总硫量最低.

2.2 土壤酶活性

不同植被恢复类型对土壤中碱性蛋白酶、脲酶、脱氢酶和碱性磷酸酶活性影响见图 1. 从中可知, 不同土壤酶对植被类型的响应并不一致.

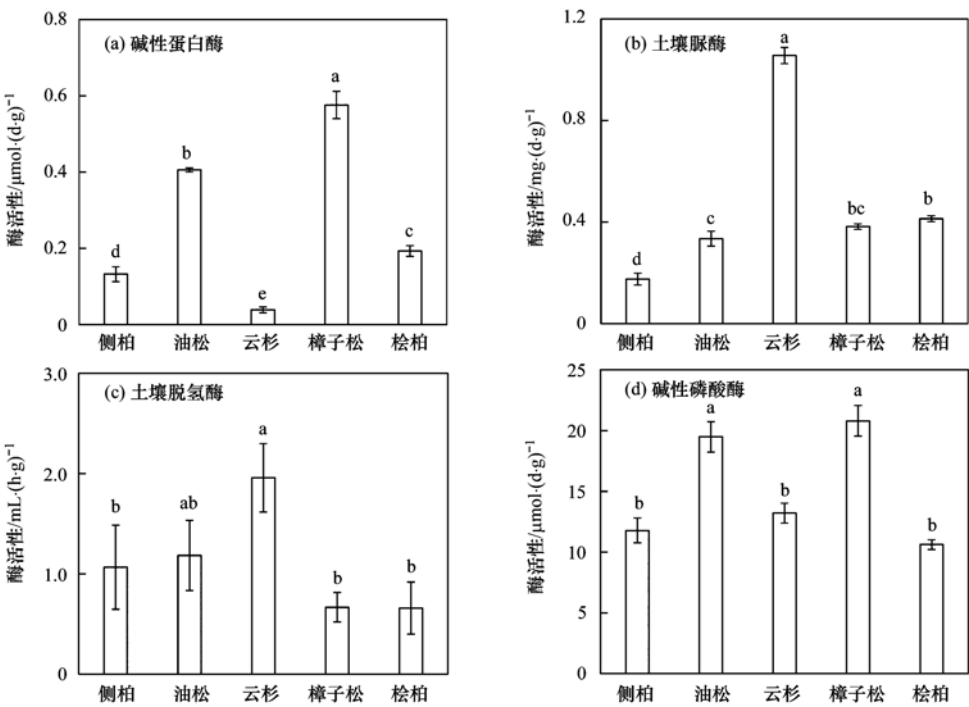
表 1 不同植被恢复类型下的土壤理化性质¹⁾

Table 1 Soil physiochemical characteristics under different regeneration scenarios					
植被	容重 /g·mL ⁻¹	pH	ω(总氮) /g·kg ⁻¹	ω(总碳) /g·kg ⁻¹	ω(总硫) /g·kg ⁻¹
侧柏	0.47 ± 0.02a	8.17 ± 0.02a	0.50 ± 0.18b	12.39 ± 2.73d	0.64 ± 0.04c
油松	0.41 ± 0.03b	8.12 ± 0.02bc	0.80 ± 0.02b	23.65 ± 0.63b	0.86 ± 0.09c
云杉	0.42 ± 0.02b	8.08 ± 0.01c	0.80 ± 0.02b	17.53 ± 0.83c	0.33 ± 0.03d
樟子松	0.36 ± 0.01c	8.09 ± 0.01c	1.18 ± 0.02a	25.86 ± 0.44b	1.13 ± 0.05b
桧柏	0.43 ± 0.03b	8.13 ± 0.02ab	1.38 ± 0.22a	29.91 ± 2.94a	1.82 ± 0.15a

1) 小写字母表示不同植被恢复地之间的差异 ($P < 0.05$), $n = 3$

樟子松具有最高的碱性蛋白酶活性,油松林次之,桧柏林与侧柏林活性差异较小,云杉林的碱性蛋白酶活性最低,各样地之间的碱性蛋白酶活性均具有显著差异[图 1(a)];云杉林具有显著高于其他样地的土壤脲酶活性,其次是桧柏,云杉林的土壤脲酶活性是桧柏林的 2.5 倍左右,侧柏林具有最低的土壤脲酶活性,桧柏和樟子松、樟子松和油松之间差异不显

著[图 1(b)];云杉林具有最高的土壤脱氢酶活性,油松林次之,云杉林土壤脱氢酶活性显著高于侧柏、樟子松和桧柏等 3 种样地,云杉林和油松林、油松林和侧柏林之间差异不显著[图 1(c)];樟子松与油松具有相近的碱性磷酸酶活性,其中樟子松略高于油松,二者均显著高于其余 3 种样地,侧柏、云杉和桧柏林地彼此间碱性磷酸酶活性差异不显著[图 1(d)].



不同小写字母表示不同植被恢复地之间的差异 ($P < 0.05$), $n = 3$

图 1 不同植被恢复类型下土壤酶活性

Fig. 1 Soil enzyme activities in different regeneration scenarios

2.3 微生物功能基因

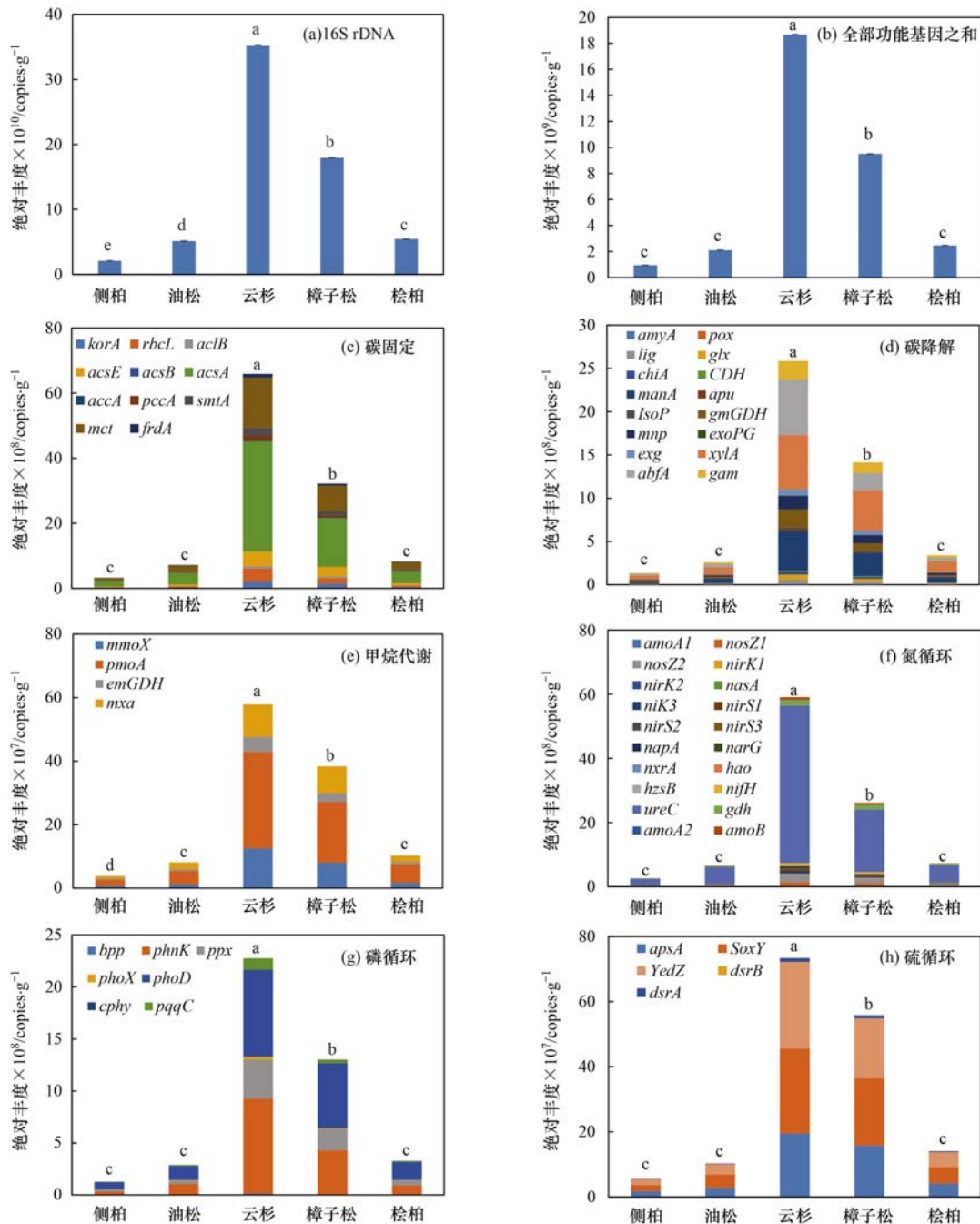
不同植被恢复地土壤微生物功能基因绝对丰度如图 2 所示. 从中可知, 16S rRNA、6 种类型的功能基因丰度和全部功能基因丰度之和均表现为云杉样地基因丰度最高,樟子松林次之,其他 3 种恢复地较低;除甲烷代谢功能基因外,桧柏、油松和侧柏这 3 种样地均无显著差异. 与碳代谢有关的功能基因之和远超其余基因,其中碳固定基因丰度最高,碳降解基因最低,甲烷代谢基因最低.

在碳固定相关功能基因中,丰度最高的是 *acsA*

(脱氢酶)和 *mct*(转移酶)基因,且云杉林这两种基因丰度均远超其他样地[图 2(c)]. 在丰度最高的碳降解功能基因中,云杉林和樟子松林具有显著高于其他样地的 *xyIA*(木糖异构酶)丰度,且云杉林 *abfA*(阿拉伯呋喃糖苷酶)基因丰度远高于其他样地;除樟子松林外,其他样地均没有检出 *pox*(酚氧化酶)基因[图 2(d)]. 在甲烷代谢功能基因中, *pmoA*(甲烷/氨单加氧酶)基因丰度在云杉林和樟子松林最高,其余 3 种林地差异不显著[图 2(e)]. 氮循环相关基因中最主要的是 *ureC*(脲酶)

基因, *ureC* 基因丰度在样地之间的相关关系与总功能基因丰度一致[图 2(f)]. 磷循环功能基因中丰度最高的是 *phnK* (磷酸转运系统蛋白), 尽管油松的总功能基因丰度高于桧柏, 油松的 *phnK* 却略大于桧柏; *cphy* (半胱氨酸植酸酶) 基因仅在油松林中检出[图 2(g)]. 在与硫循环过程有关的功

能基因中, 丰度最高的 3 种基因 *soxY* (硫氧化蛋白)、*yedZ* (亚硫酸盐氧化酶) 和 *apsA* (腺苷-5'-磷酸还原酶) 均以云杉林中的丰度最高, 且云杉林略高于樟子松, 但显著高于其他样地; 除云杉林和樟子松林外, 其余样地未检测出 *dsrB* (亚硫酸盐还原酶) 基因[图 2(h)].



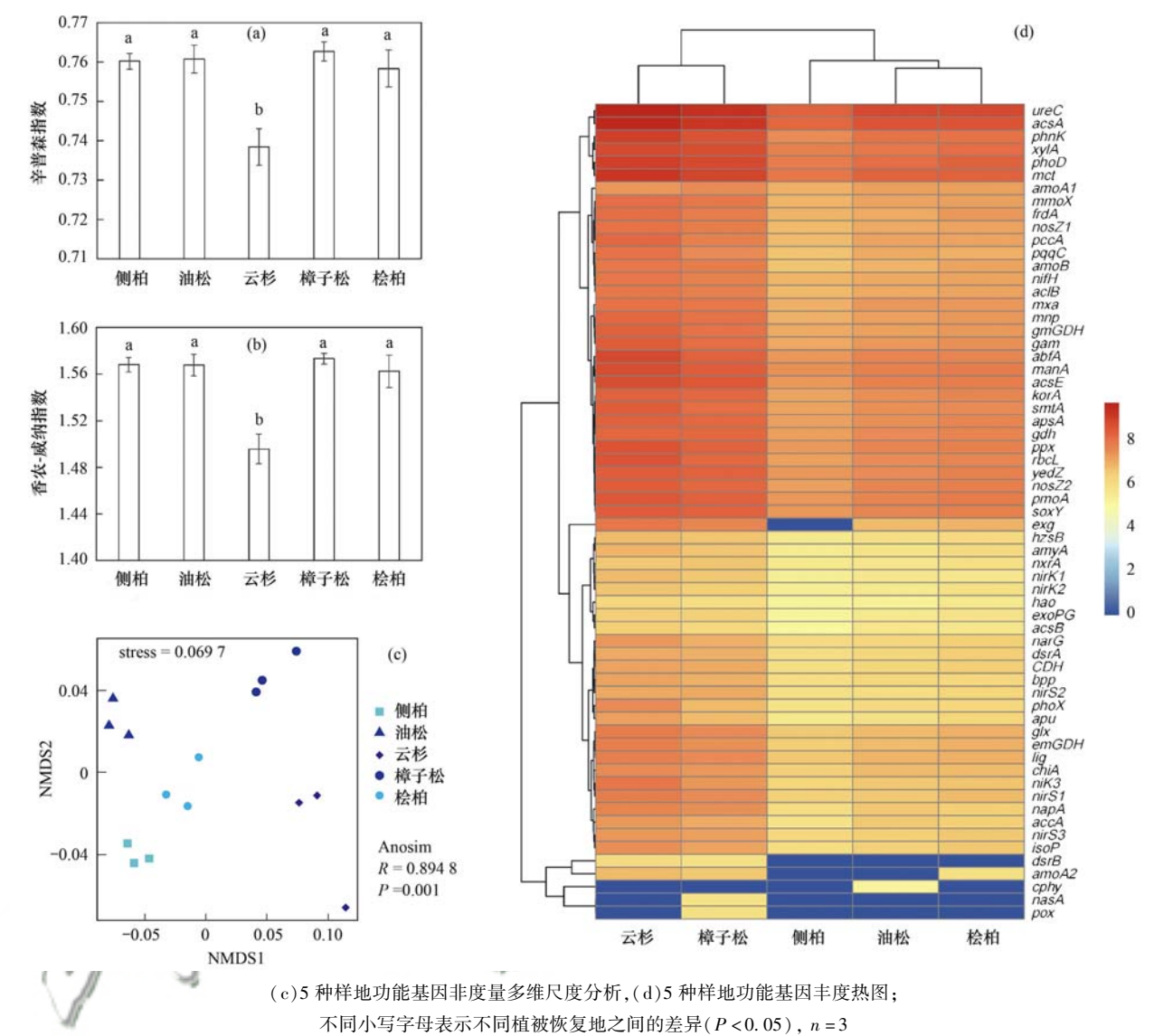
不同小写字母表示不同植被恢复地之间的差异 ($P < 0.05$), $n = 3$

图 2 不同植被恢复地土壤微生物功能基因绝对丰度

Fig. 2 Absolute abundance of different soil microbial functional genes under different vegetation restoration

为了评价样地中的基因多样性水平, 图 3 展示的是各样地的多样性指数. 从中可知, 云杉林多样性指数要低于其他 4 种林地, 除云杉林外的其他 4 种样地差异不显著[图 3(a) 和 3(b)]. 图 3(c) 是利用

功能基因丰度绘制的非度量多维尺度分析 (NMDS) 图, 排序分析的平均胁强系数为 0.069 7, 表明结果可信. 各样地间的功能基因丰度差异显著 ($P < 0.01$), 可见各恢复地土壤微生物群落差异显著. 由



(c) 5 种样地功能基因非度量多维尺度分析, (d) 5 种样地功能基因丰度热图;

不同小写字母表示不同植被恢复地之间的差异 ($P < 0.05$), $n = 3$

图 3 不同植被恢复下土壤功能微生物多样性指数

Fig. 3 Soil function microbial index under different vegetation restoration

图 3(d) 可知, 云杉和樟子松在聚类分析上距离较近, 油松和桧柏较近。

表 2 是对土壤酶活性和土壤微生物碳氮磷硫功能基因丰度间相关性分析, 从中可知, 4 种酶类彼此之间并无相关性, 且除土壤脲酶外, 其余 3 种酶类与微生物碳氮磷硫功能基因丰度均不相关。土壤脲酶与六大类功能基因均有极显著相关性 ($P < 0.01$)。

表 2 土壤酶活性与微生物功能基因的相关检验¹⁾

Table 2 Correlation coefficients between soil enzyme activities and microbial functional genes

	蛋白酶	脲酶	脱氢酶	磷酸酶
碳固定	0.295	0.974 **	0.691	0.692
碳降解	0.284	0.984 **	0.647	0.669
氮循环	0.297	0.964 **	0.720	0.703
磷循环	0.300	0.988 **	0.636	0.675
硫循环	0.270	0.992 **	0.494	0.602
甲烷代谢	0.290	0.995 **	0.567	0.641

1) * 表示相关水平为 0.05 (双尾), ** 表示相关水平为 0.01 (双尾)

2.4 矿区复垦地土壤肥力指数 (IFI)

各样地综合肥力指数见表 3。利用主成分分析, 抽取特征向量值大于 1 的主成分 3 个, 其特征向量值分别为 10.432、5.016 和 2.164, 这 3 个主成分的累计贡献率达到 97.844%, 第一主成分的贡献率达 57.953%, 其中 16s rRNA、碳固定和氮循环基因丰度的荷载系数大。第二主成分的贡献率为 27.868%, 该主成分在容重和蛋白酶上的荷载最大。第三主成分贡献率为 12.022%, 主要受磷酸酶支配。通过各个

表 3 各样地综合肥力指数 (IFI)

Table 3 Integrated fertility index of each field

植被类型	PC1	PC2	PC3	IFI
侧柏	1.58	0.17	0.10	1.85
油松	1.63	0.23	0.12	1.98
云杉	1.78	0.13	0.10	2.01
樟子松	1.72	0.27	0.12	2.11
桧柏	1.64	0.18	0.10	1.91

样地主成分得分与贡献率加权得到综合肥力指数,从高到低排序依次是:樟子松>云杉>油松>桧柏>侧柏。

3 讨论

土壤微生物分解是重要的养分循环过程之一,其中微生物功能基因编码参与物质循环的各种酶,能够反映土壤养分循环活动的强度.土壤微生物量越多,其基因丰度越高^[14].土壤酶由微生物或植物根系分泌产生,其活性的高低是土壤生物活性强弱的综合体现^[15].在本试验中涉及的 16S rRNA 基因和 6 大类功能基因中,云杉林均具有最高的绝对丰度,这表明云杉林的土壤环境可能适宜土壤微生物的生长.同时,云杉林也具有最高的脱氢酶活性,脱氢酶是一种具有代表性的胞内酶,参与土壤微生物的呼吸活动,可酶促脱氢反应,在土壤化学反应中作为氢元素的供体,其在土壤中的活性可在一定程度上表征土壤微生物的多少及相应的活性^[16,17].

土壤脲酶和蛋白酶是与土壤氮素循环相关的酶^[18,19].脲酶是存在于多种原核和真核生物中的金属结合酶,主要参与土壤中氮素的循环,能促进土壤中含氮有机物如尿素分子酰胺肽键的水解,生成可被植物根系吸收利用的铵和 CO₂,因此脲酶活性常被用来表征土壤中 N 素的情况^[20-22].在本试验中,云杉林具有最高的脲酶活性.有研究认为,土壤脲酶与土壤肥力有密切的相关关系^[23],本研究中侧柏样地脲酶活性偏低可能是由于侧柏林具有较低的综合肥力导致的.*ureC* 是编码尿素酶功能亚基的最大的基因,同时具有若干个高度保守的区域,因此常被用来作为脲酶活性分析的靶基因^[24,25].本试验中云杉林具有最高的 *ureC* 基因丰度和脲酶活性,且显著高于其他样地.土壤脲酶与 6 大类功能基因均具有极强的相关性(表 2),可见土壤脲酶能更敏感地指示土壤微生物功能基因丰度的变化,是土壤微生物活性的良好指标.

土壤中的磷元素往往会和金属离子形成沉淀或被土壤吸附固定,从而形成难溶性磷,碱性磷酸酶促进土壤中的难溶性磷转化为可溶性磷酸盐,提高土壤磷的生物有效性,*phoD* 基因参与碱性磷酸酶的编码,对土壤有效磷的释放有重要作用^[26-28].本研究中油松和樟子松林碱性磷酸酶活性显著高于其他 3 种样地[图 1(d)],这表明油松和樟子松的生长需更多磷元素供应.尽管云杉林具有最高的 *phoD* 功能基因丰度,其碱性磷酸酶活性却显著低于油松和樟子松,这可能是由于 *phoD* 基因只有在磷限制条件下才会激活^[29,30],而云杉林并不具备激活 *phoD* 基因

的条件.

云杉林土壤中总硫含量显著低于其他 4 种样地,由于各样地的初始条件一致,这表明云杉的复垦有效减少了土壤中的硫元素.本研究中硫循环有关的功能基因中,与硫氧化相关的 *yedZ* 和 *soxY* 基因丰度要远大于与硫还原相关的 *dsrA* 和 *dsrB*^[31,32][图 2(h)],说明该地区土壤的硫氧化过程要强于硫还原过程.硫氧化菌是一类以硫化物或单质硫为能源的化能自养菌,具有氧化产酸能力,可以对无机硫和有机硫能够进行氧化脱除^[33].云杉林可能具有较高的硫氧化菌丰度,因此对土壤硫的脱除能力较强,所以土壤总硫较低.

β 多样性指数反映群落间微生物物种组成上的差异,是微生物对环境异质性的响应,可以利用非度量多维尺度分析(NMDS)来反映^[34,35].物种组成越相似,反映在图中就越接近.本研究以 5 种样地为分类单元,以各样点的微生物功能基因丰度为依据,进行排序.结果表明,各样地间的功能基因丰度差异显著,较好地体现出了微生物群落的植被差异性[图 3(c)].对功能基因绝对丰度聚类分析得到热图[图 3(d)],由图可知樟子松和云杉、油松和桧柏在聚类分析上距离很近,这与 NMDS 分析的结果是一致的.尽管云杉林具有最高的功能基因丰度, α 多样性指数却显著低于其他 4 种恢复方式的林地[图 3(a)和 3(b)].这可能是由于 α 多样性指数是在综合考虑种数和均匀度的基础上,反映生物多样性水平导致的^[36].由于云杉林各功能基因间丰度差异较大,*mct*、*ureC* 和 *acsA* 等 3 种基因丰度之和占全部功能基因的 52% 以上,才表现出了绝对丰度高而多样性指数低的现象.

4 结论

(1) 植被恢复类型对土壤理化、酶活性、功能基因丰度和土壤细菌丰度均有显著影响,这些指标最差的均出现在侧柏样地,樟子松的理化特征最好,而云杉的细菌和功能基因丰度均显著高于其它样地.

(2) 脲酶与六大类功能基因丰度均具有极显著相关性,可见脲酶和功能基因丰度能较好指示土壤恢复情况.

(3) 构建了以土壤细菌、碳固定和氮代谢基因为主的土壤综合肥力指标模型,从土壤综合肥力指标来看,樟子松和云杉林适宜于该地区复垦树种,而侧柏并不适应于该地区.

参考文献:

[1] 贺龙,李艳琴,李彬春,等.矿区不同植被复垦模式对土壤

- 细菌群落结构的影响[J]. 环境科学, 2017, **38**(2): 752-759.
- He L, Li Y Q, Li B C, *et al.* Effects of different vegetation types and reclamation years on soil bacterial community structure in reclaimed mine areas[J]. Environmental Science, 2017, **38**(2): 752-759.
- [2] 张振佳, 曹银贵, 王舒菲, 等. 平朔黄土露天矿区复垦地表层土壤微生物与酶活性分析[J]. 生态学报, 2021, **41**(1): 110-123.
- Zhang Z J, Cao Y G, Wang S F, *et al.* Characteristics and differences of surface soil microbial population and enzyme activities in opencast mining area of Pingshuo[J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, **41**(1): 110-123.
- [3] Cízková B, Woś B, Pietrzykowski M, *et al.* Development of soil chemical and microbial properties in reclaimed and unreclaimed grasslands in heaps after opencast lignite mining[J]. Ecological Engineering, 2018, **123**: 103-111.
- [4] Cheng L, Zhang N F, Yuan M T, *et al.* Warming enhances old organic carbon decomposition through altering functional microbial communities[J]. The ISME Journal, 2017, **11**(8): 1825-1835.
- [5] Boerner R E J, Brinkman J A, Smith A. Seasonal variations in enzyme activity and organic carbon in soil of a burned and unburned hardwood forest[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2005, **37**(8): 1419-1426.
- [6] Pérez-Jaramillo J E, De Hollander M, Ramírez C A, *et al.* Deciphering rhizosphere microbiome assembly of wild and modern common bean (*Phaseolus vulgaris*) in native and agricultural soils from Colombia[J]. Microbiome, 2019, **7**, doi: 10.1186/s40168-019-0727-1.
- [7] Li C, Liu X, Meng M J, *et al.* The use of Biolog Eco microplates to compare the effects of sulfuric and nitric acid rain on the metabolic functions of soil microbial communities in a subtropical plantation within the Yangtze River Delta region[J]. CATENA, 2021, **198**, doi: 10.1016/j.catena.2020.105039.
- [8] Reeve J R, Schadt C W, Carpenter-Boggs L, *et al.* Effects of soil type and farm management on soil ecological functional genes and microbial activities[J]. The ISME Journal, 2010, **4**(9): 1099-1107.
- [9] Chen J, Sinsabaugh R L. Linking microbial functional gene abundance and soil extracellular enzyme activity: Implications for soil carbon dynamics[J]. Global Change Biology, 2021, **27**(7): 1322-1325.
- [10] 刘洋, 黄懿梅, 曾全超. 黄土高原不同植被类型下土壤细菌群落特征研究[J]. 环境科学, 2016, **37**(10): 3931-3938.
- Liu Y, Huang Y M, Zeng Q C. Soil bacterial communities under different vegetation types in the loess plateau[J]. Environmental Science, 2016, **37**(10): 3931-3938.
- [11] Li J, Xin Z, Yan J, *et al.* Physicochemical and microbiological assessment of soil quality on a chronosequence of a mine reclamation site[J]. European Journal of Soil Science, 2018, **69**(6): 1056-1067.
- [12] 张睿洋, 王忠武, 韩国栋, 等. 短花针茅荒漠草原 α 多样性对绵羊载畜率的响应[J]. 生态学报, 2017, **37**(3): 906-914.
- Zhang R Y, Wang Z W, Han G D, *et al.* The response of plant alpha diversity to different grazer stocking rate in a *Stipa breviflora* desert steppe[J]. Acta Ecologica Sinica, 2017, **37**(3): 906-914.
- [13] Mukhopadhyay S, Maiti S K, Mastro R E. Development of mine soil quality index (MSQI) for evaluation of reclamation success: A chronosequence study[J]. Ecological Engineering, 2014, **71**: 10-20.
- [14] Xue K, Xie J P, Zhou A F, *et al.* Warming alters expressions of microbial functional genes important to ecosystem functioning[J]. Frontiers in Microbiology, 2016, **7**, doi: 10.3389/fmicb.2016.00668.
- [15] 白雪娟, 曾全超, 安韶山, 等. 子午岭人工林土壤微生物生物量及酶活性[J]. 应用生态学报, 2018, **29**(8): 2695-2704.
- Bai X J, Zeng Q C, An S S, *et al.* Soil microbial biomass and enzyme activities among different artificial forests in Ziwouling, Northwest China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2018, **29**(8): 2695-2704.
- [16] 陈琳, 谷洁, 高华, 等. 含铜有机肥对土壤酶活性和微生物群落代谢的影响[J]. 生态学报, 2012, **32**(12): 3912-3920.
- Chen L, Gu J, Gao H, *et al.* Effects of organic materials containing copper on soil enzyme activity and microbial community[J]. Acta Ecologica Sinica, 2012, **32**(12): 3912-3920.
- [17] 张涵, 贡璐, 刘旭, 等. 氮添加影响下新疆天山雪岭云杉林土壤酶活性及其与环境因子的相关性[J]. 环境科学, 2021, **42**(1): 403-410.
- Zhang H, Gong L, Liu X, *et al.* Soil enzyme activity in *Picea schrenkiana* and its relationship with environmental factors in the Tianshan Mountains, Xinjiang[J]. Environmental Science, 2021, **42**(1): 403-410.
- [18] Du E Z, Terrer C, Pellegrini A F A, *et al.* Global patterns of terrestrial nitrogen and phosphorus limitation[J]. Nature Geoscience, 2020, **13**(3): 221-226.
- [19] 高涵, 肖礼, 牛丹, 等. 宁南山区退耕还林还草对土壤氮素组成及其转化酶活的影响[J]. 环境科学, 2019, **40**(8): 3825-3832.
- Gao H, Xiao L, Niu D, *et al.* Effects of converting farmland into forest and grassland on soil nitrogen component and conversion enzyme activity in the mountainous area of Southern Ningxia[J]. Environmental Science, 2019, **40**(8): 3825-3832.
- [20] Liu X J, Zhang Y, Han W X, *et al.* Enhanced nitrogen deposition over China[J]. Nature, 2013, **494**(7438): 459-462.
- [21] 赵海燕, 徐福利, 王渭玲, 等. 秦岭地区华北落叶松人工林地土壤养分和酶活性变化[J]. 生态学报, 2015, **35**(4): 1086-1094.
- Zhao H Y, Xu F L, Wang W L, *et al.* Soil nutrients and enzyme activities in *Larix principis-rupprechtii* plantations in the Qinling Mountains, China[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, **35**(4): 1086-1094.
- [22] 莫雪, 陈斐杰, 游冲, 等. 黄河三角洲不同植物群落土壤酶活性特征及影响因子分析[J]. 环境科学, 2020, **41**(2): 895-904.
- Mo X, Chen F J, You C, *et al.* Characteristics and factors of soil enzyme activity for different plant communities in Yellow River Delta[J]. Environmental Science, 2020, **41**(2): 895-904.
- [23] 张海鑫, 曾全超, 安韶山, 等. 子午岭典型植被凋落叶-土壤养分与酶活性特征[J]. 生态学报, 2018, **38**(7): 2262-2270.
- Zhang H X, Zeng Q C, An S S, *et al.* Soil enzyme activities, soil and leaf litter nutrients of typical vegetation in Ziwouling Mountain[J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, **38**(7): 2262-2270.

- [24] Mobley H L, Island M D, Hausinger R P, *et al.* Molecular biology of microbial ureases[J]. Microbiological Reviews, 1995, **59**(3): 451-480.
- [25] Liu Z Q, E Y, Lan Y, *et al.* Effect of biochar on urea hydrolysis rate and soil *ureC* gene copy numbers[J]. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 2021, **21**(4): 3122-3131.
- [26] Fraser T D, Lynch D H, Gaiero J, *et al.* Quantification of bacterial non-specific acid (*phoC*) and alkaline (*phoD*) phosphatase genes in bulk and rhizosphere soil from organically managed soybean fields[J]. Applied Soil Ecology, 2017, **111**: 48-56.
- [27] Jarosch K A, Doolette A L, Smernik R J, *et al.* Characterisation of soil organic phosphorus in NaOH-EDTA extracts: A comparison of ^{31}P NMR spectroscopy and enzyme addition assays [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2015, **91**: 298-309.
- [28] 杨文娜, 余砾, 罗东海, 等. 化肥和有机肥配施生物炭对土壤磷酸酶活性和微生物群落的影响[J]. 环境科学, 2022, **43**(1): 540-549.
- Yang W N, Yue L, Luo D H, *et al.* Effect of combined application of biochar with chemical fertilizer and organic fertilizer on soil phosphatase activity and microbial community [J]. Environmental Science, 2022, **43**(1): 540-549.
- [29] Wei X M, Hu Y J, Razavi B S, *et al.* Rare taxa of alkaline phosphomonoesterase-harboring microorganisms mediate soil phosphorus mineralization[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2019, **131**: 62-70.
- [30] Wang C Q, Xue L, Jiao R Z. Soil phosphorus fractions, phosphatase activity, and the abundance of *phoC* and *phoD* genes vary with planting density in subtropical Chinese fir plantations [J]. Soil and Tillage Research, 2021, **209**, doi: 10.1016/j.still.2021.104946.
- [31] He C Q, Cheng L Y, Wang D Y, *et al.* *Spartina alterniflora* raised soil sulfide content by regulating sulfur cycle-associated bacteria in the Jiuduansha Wetland of China[J]. Plant and Soil, 2021, **469**(1-2): 107-121.
- [32] Zapata-Peñasco I, Salazar-Coria L, Saucedo-García M, *et al.* Bisulfite reductase gene expression of thermophilic sulphate-reducing bacteria from saline connate water of oil reservoirs with high temperature [J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2016, **108**: 198-206.
- [33] 董书博, 李宁, 许继飞, 等. 矿区高硫煤覆盖对土壤细菌群落组成和多样性的影响[J]. 微生物学通报, 2021, **48**(3): 710-721.
- Dong S B, Li N, Xu J F, *et al.* Influence of high-sulfur coal cover on composition and diversity of soil bacterial community in mining areas[J]. Microbiology China, 2021, **48**(3): 710-721.
- [34] 江聪, 税伟, 简小枚, 等. 西南喀斯特退化天坑负地形倒石坡的土壤微生物分布特征[J]. 生态学报, 2019, **39**(15): 5642-5652.
- Jiang C, Shui W, Jian X M, *et al.* Soil microorganism distribution characteristics of talus slope of negative topography in a degraded karst tiankeng in southwestern China [J]. Acta Ecologica Sinica, 2019, **39**(15): 5642-5652.
- [35] 冯慧琳, 徐辰生, 何欢辉, 等. 生物炭对土壤酶活和细菌群落的影响及其作用机制[J]. 环境科学, 2021, **42**(1): 422-432.
- Feng H L, Xu C S, He H H, *et al.* Effect of biochar on soil enzyme activity & the bacterial community and its mechanism [J]. Environmental Science, 2021, **42**(1): 422-432.
- [36] Tomao A, Antonio Bonet J, Castaño C, *et al.* How does forest management affect fungal diversity and community composition? Current knowledge and future perspectives for the conservation of forest fungi[J]. Forest Ecology and Management, 2020, **457**, doi: 10.1016/j.foreco.2019.117678.

CONTENTS

Temporal and Spatial Variation Characteristics of Heavy Metal in Atmospheric Deposition in China from 2000 to 2018	CHEN Qi-yong, GAO Yun-bing, NI Run-xiang, <i>et al.</i> (4413)
Simulation of PM _{2.5} Concentration Based on Optimized Indexes of 2D/3D Urban Form	LI Sha, ZOU Bin, LIU Ning, <i>et al.</i> (4425)
Characteristics of Carbonaceous Species in PM _{2.5} in Chengdu Under the Background of Emission Reduction	CHEN Lu-yao, YU Yang-chun, HUANG Xiao-juan, <i>et al.</i> (4438)
Characteristics and Health Risk Assessment of Trace Elements in Atmospheric PM ₁ During Autumn and Winter in Qingdao	LIU Zi-yang, ZHANG Yi-sheng, ZHANG Hou-yong, <i>et al.</i> (4448)
Pollution Characteristics and Source Analysis of Atmospheric PM _{2.5} -bound Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in a Port Area	WANG Peng-cheng, YANG Ling-xiao, BIE Shu-jun, <i>et al.</i> (4458)
Size Distribution and Source Apportionment of Road Particles During Winter in Tianjin	ZHANG Guo-tao, YIN Bao-hui, BAI Wen-yu, <i>et al.</i> (4467)
Characteristics and Impact Factors of Number Concentration of Primary Biological Aerosol Particles in Beijing	LIANG Lin-lin, LIU Chang, LIU Xu-yan, <i>et al.</i> (4475)
Characteristic Analysis and Source Apportionment of VOCs in Urban Areas of Beijing in Summer	MENG Xiang-lai, SUN Yang, LIAO Ting-ting, <i>et al.</i> (4484)
Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds (VOCs) in a Typical Industrial Area in Dongguan During Periods of Ozone and Non-ozone Pollution in Summer	ZHOU Zhen, XIAO Lin-hai, FEI Lei-lei, <i>et al.</i> (4497)
Temporal and Spatial Variation in Odor Pollution and Membrane Barrier Effect in Municipal Solid Waste Landfill	HE Pin-jing, LI Jian-chen, LÜ Fan, <i>et al.</i> (4506)
Comparison of Health Risk from Sources of Perfluoroalkyl Substances in Taihu Lake for Different Years	WU Ting, SUN Shan-wei, FAN Jing-pu, <i>et al.</i> (4513)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Typical and Emerging Per- and Polyfluoroalkylated Substances in Tuojiang River Basin	SONG Jiao-jiao, WANG Yi-mei, SUN Jing, <i>et al.</i> (4522)
Speciation and Risk of Heavy Metals in Surface Sediments of Different Types of Water Bodies in Baiyangdian Lake	XU Meng-ya, ZHANG Chao, SHAN Bao-qing, <i>et al.</i> (4532)
Distribution Coefficient of QNs in Urban Typical Water and Its Main Environmental Influencing Factors	JU Ze-jia, FU Yu, ZHAO Xin-yu, <i>et al.</i> (4543)
Ecological Risk Assessment of Quinolones Antibiotics and the Correlation Analysis Between QNs and Physical-Chemical Parameters in Groundwater, Shijiazhuang City	CHEN Hui, JU Ze-jia, ZHAO Xin-yu, <i>et al.</i> (4556)
Characteristics and Sources of DOM in Lake Sediments Under Different Inundation Environments	CHEN Jia, LI Zhong-wu, JIN Chang-sheng, <i>et al.</i> (4566)
Characteristics of Phytoplankton Community Structure and Their Relationships with Environmental Factors in Autumn in Qinhe River Basin of Jincheng Region	GAO Meng-die, LI Yan-fen, LI Yan-li, <i>et al.</i> (4576)
Integrated Assessment of Runoff Quality from Green Roofs with Different Configurations	ZHANG Sun-xun, ZHANG Shou-hong, YAN Jing, <i>et al.</i> (4587)
Degradation of Chloroquine Phosphate by UV-activated Persulfate	LI Yang, XU Bo-hui, DENG Lin, <i>et al.</i> (4597)
Removal Performance of Suspended Solid (SS) and Organic Compounds in the Pre-treatment of Actual Pharmaceutical Wastewater by Microbubble Ozonation	LIU Chun, CHEN Rui, ZHANG Jing, <i>et al.</i> (4608)
Effects of Wastewater Discharge on Antibiotic Resistance Genes and Microbial Community in a Coastal Area	CHEN Jia-yu, SU Zhi-guo, YAO Peng-cheng, <i>et al.</i> (4616)
Effects of Biochar and Straw Returning on Soil Fungal Community Structure Diversity in Cotton Field with Long-term Brackish Water Irrigation	GUO Xiao-wen, CHEN Jing, LU Xiao-yu, <i>et al.</i> (4625)
Effects of Organic Materials on Phosphorus Fractions and <i>phoD</i> -harboring Bacterial Community in Karst Soil	XIA Xin, QIAO Hang, SUN Qi, <i>et al.</i> (4636)
Effects of Different Vegetation Types on Soil Microbial Functional Genes and Enzyme Activities in Reclaimed Coal Mine	NING Yue-wei, LIU Yong, ZHANG Hong, <i>et al.</i> (4647)
Effects of Biochar Application on Yellow Soil Nutrients and Enzyme Activities	YUAN Fang, LI Kai-yu, YANG Hui, <i>et al.</i> (4655)
Changes in Soil Bacterial Community Diversity in Degraded Patches of Alpine Meadow in the Source Area of the Yellow River	SUN Hua-fang, LI Xi-lai, JIN Li-qun, <i>et al.</i> (4662)
Effects of Simulated Nitrogen Deposition on Soil Microbial Carbon Metabolism in <i>Calamagrostis angustifolia</i> Wetland in Sanjiang Plain	WENG Xiao-hong, SUI Xin, LI Meng-sha, <i>et al.</i> (4674)
Spatial Distribution of Quinolone Antibiotics and Its Correlation Relationship with Microbial Community in Soil of Shijiazhuang City	ZHAO Xin-yu, JU Ze-jia, CHEN Hui, <i>et al.</i> (4684)
Composition Characteristics and Construction Mechanism of Microbial Community on Microplastic Surface in Typical Redox Environments	GONG Zhi-wei, MA Jie, SU Qu, <i>et al.</i> (4697)
Annual Nitrogen Removal Efficiency and Change in Abundance of Nitrogen Cycling Microorganisms in Swine Wastewater Treated by Crop Straw Materials	LIU Ming-yu, XIA Meng-hua, JIANG Lei, <i>et al.</i> (4706)
Effects of External Carbon Sources on Ultimate Nitrogen Removal Performance and Microbial Community in Secondary Effluent Treating Process	WANG Wei, ZHAO Zhong-yuan, ZHANG Xin, <i>et al.</i> (4717)
Microbial Community Structure of Activated Sludge for Total Nitrogen Upgrading Project	LI Hai-song, WANG Ke-dan, CHEN Xiao-lei, <i>et al.</i> (4727)
Analysis of Microbial Interaction Law of Mud Membrane in IFAS Process for Treating Low Carbon Source Sewage in South China	HE Jun-guo, JIANG Wei-xun, HE Zhuo-yi, <i>et al.</i> (4736)
Abundances and Morphology Patterns of Microplastics Under Different Land Use Types on the Loess Plateau	HAO Yong-li, HU Ya-xian, BAI Xiao-xiong, <i>et al.</i> (4748)
Evaluation of Heavy Metal Content, Sources, and Potential Ecological Risk in Soils of Southern Hilly Areas	WANG Yu, XIN Cun-lin, YU Shi, <i>et al.</i> (4756)
Risk Assessment and Attribution Analysis of "Five Toxic" Heavy Metals in Cultivated Land in Lanzhou	ZHANG Li-rui, PENG Xin-bo, MA Yan-long, <i>et al.</i> (4767)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metal Pollution in Farmland Soils and Crops in Luancheng, Shijiazhuang City	MENG Xiao-fei, GUO Jun-mei, YANG Jun-xing, <i>et al.</i> (4779)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Antimony in Typical Urban Soil	SHEN Cheng, YE Wen-juan, QIAN Shi-ying, <i>et al.</i> (4791)
Contamination Assessment and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in Typical Villages and Towns in a Nonferrous Metal Mining City	WANG Feng, HUANG Yan-huan, LI Ru-zhong, <i>et al.</i> (4800)
Effect of Citric Acid and Mowing on Enhancing the Remediation of Cadmium Contaminated Soil by Napier Grass (<i>Pennisetum purpureum</i> Schum)	TANG Qi, WU Gang-fan, GU Jiao-feng, <i>et al.</i> (4810)
Arsenic Methylation Efficiency Changes During Paddy Soil Drying and Its Key Influencing Factors Analysis	ZHANG Yue, LI Ling-yi, WEN Jiong, <i>et al.</i> (4820)
Effects of Exogenous Jasmonic Acid on Arsenic Accumulation and Response to Stress in Roots of Rice Seedlings	LI Yan, HUANG Yi-zong, BAO Qiong-li, <i>et al.</i> (4831)
Effects of Straw Returning and Fertilizer Application on Soil Nutrients and Winter Wheat Yield	SONG Jia-jie, XU Xi-yang, BAI Jin-ze, <i>et al.</i> (4839)
Effect of Winter Cover Cropping on Soil Greenhouse Gas Emissions in a Dryland Spring Maize Field on the Loess Plateau of China	ZHANG Shao-hong, WANG Jun, FANG Zhen-wen, <i>et al.</i> (4848)
Detection of Influencing Factors of Spatial Variability of Soil Respiration in Pangqiangou Nature Reserve	LI Xiao-min, YAN Jun-xia, DU Zi-qiang, <i>et al.</i> (4858)
Temporal and Spatial Variation Characteristics of Methane, Carbon Dioxide, and Nitrous Oxide Concentrations and the Influencing Factors in Small Aquaculture Pond	SHI Jie, ZHANG Mi, QIU Ji-li, <i>et al.</i> (4867)
Effect of Butyl Xanthate on Pb ²⁺ and Cd ²⁺ Adsorption by Soil Around a Dressing Plant	HU Zhi-hao, GUO Zhao-hui, RAN Hong-zhen, <i>et al.</i> (4878)
Sorption Mechanism and Site Energy Distribution of Acetaminophen on Straw-derived Biochar	SHANG Cen-yao, GU Ruo-ting, ZHANG Qiang, <i>et al.</i> (4888)
Spatial-temporal Variations and Their Driving Forces of the Ecological Vulnerability in the Loess Plateau	ZHANG Liang-xia, FAN Jiang-wen, ZHANG Hai-yan, <i>et al.</i> (4902)
Mechanism and Application of Plant Growth-Promoting Bacteria in Heavy Metal Bioremediation	MA Ying, WANG Yue, SHI Xiao-jun, <i>et al.</i> (4911)