

目次

复合污染条件下人为源 VOCs 的 SOA 生成研究进展 陈天增, 刘俊, 马庆鑫, 楚碧武, 张鹏, 刘永春, 刘昌庚, 贺泓(1201)

全氟和多氟烷基化合物微生物降解与转化研究进展 孙红文, 方博, 陈浩, 赵茂森, 张耀之, 乔碧汀, 喻蒙(1214)

湖泊水质参数遥感监测研究进展 王思梦, 秦伯强(1228)

淡水环境中微塑料与重金属的“木马效应”研究进展 赵伟高, 田一梅, 赵鹏, 赵令铨, 金超(1244)

长江经济带二氧化碳净排放时空演变特征及脱钩效应 吴一帆, 许杨, 唐洋博, 贾宁, 李玮, 李翀, 殷国栋(1258)

中国土地利用碳排放变化及协调分区 李缘缘, 魏伟, 周俊菊, 郝瑞军, 陈帝伯(1267)

基于 STIRPAT 模型天津减排降碳协同效应多维度分析 刘茂辉, 岳亚云, 刘胜楠, 李婧, 刘佳泓, 孙猛(1277)

基于燃料生命周期的中国铁路排放趋势 佟惠, 范朝阳, 梁晓宇, 孙露娜, 门正宇, 赵肖阳, 毛洪钧(1287)

浙江省大气颗粒物 PM_{2.5} 化学组分污染特征分析 周菁清, 余磊, 陈书鑫, 陆佳锋, 许亚璐, 季海冰, 张柳芳, 刘劲松, 王静(1297)

南京亚微米级颗粒物化学组成的季节变化、粒径分布和来源 徐振麒, 尚玥, 丁峰, 谢鸣捷, 王勤耕(1310)

洛阳地区碳质组分季节特征及来源解析: 棕碳的重要贡献 闫广轩, 侯明阳, 张朴真, 王洁琦, 王虎, 李崇浩, 王跃思(1319)

江苏省 2019 年 S/IVOCs 排放清单及分布特征 宋童艾, 张佳颖, 关璐, 胡建林, 于兴娜(1328)

珠三角典型工业区挥发性有机物(VOCs)组成特征: 含氧挥发性有机物的重要性 宋鑫, 袁斌, 王思行, 何贤俊, 李小兵, 彭钰雯, 陈钰彬, 齐吉朋, 蔡嘉骅, 黄山, 胡丹, 魏文, 刘可旋, 邵敏(1336)

2000~2020 年天津市机动车全过程 VOCs 排放特征及演变 孙露娜, 仲崇智, 孙世达, 刘妍, 佟惠, 吴亚君, 宋鹏飞, 张丽娜, 黄旭, 吴琳, 毛洪钧(1346)

港口自有移动源大气污染物排放清单 徐小凡, 王宝庆, 吴俊成, 李怡诺(1357)

基于改进水资源生态足迹模型的中国水资源可持续利用仿真及调控 欧阳兴涛, 廖浩宇, 姜秋香, 王子龙(1368)

黄河流域入海口典型区域有机磷酸酯分布特征和风险评估 曹渺, 郭昌胜, 张恒, 刘士清, 陈苗, 吕佳佩, 侯嵩, 尤新军, 徐建(1378)

桂林会仙岩溶湿地水体与沉积物中有机氯农药污染特征 余悦, 邢新丽, 程敏, 刘威杰, 张标, 孔祥胜, 李森, 余海阔, 罗为群, 祁士华(1387)

广东茂名主要水系表层沉积物重金属风险评估及源解析 陈小霞, 张敏, 李蓓, 温鹏翀, 丁平, 姚玲爱, 马千里, 李廷真, 蔡丹, 胡国成(1397)

宁波市地表水重金属时空分布特性和健康风险评估 徐美娟, 杨佳, 任晓景, 赵红燕, 高夫燕, 蒋跃军(1407)

典型西北山地-绿洲系统不同水体水化学特征及其水力关系分析 王诗语, 孙从建, 陈伟, 周思捷, 张鑫(1416)

牟汶河中上游孔隙水化学特征及控制因素 刘元晴, 周乐, 吕琳, 李伟, 王新峰, 邓启军, 郑一迪, 李常锁(1429)

石河子-昌吉地区地下水水质时空变化及污染源解析 丁启振, 周金龙, 季彦桢, 杨方源, 张淑霞(1440)

北方富营养分层型水库藻类季节性暴发机制及其阈值分析 温成成, 黄廷林, 孔昌昊, 张志刚, 田鹏飞(1452)

拉林河流域底栖硅藻群落结构特征及水生态健康评价 单涛, 袁安龙, 黄子芮, 周静怡, 陆欣鑫, 范亚文(1465)

南昌市湖泊丰水期浮游细菌群落结构及影响因素 高鹏飞, 王鹏, 黄伟, 丁明军, 张华, 聂明华, 黄高翔(1475)

调蓄水库细菌群落季节变化特征与影响因素 丁宁, 杨莹莹, 万年新, 徐爱玲, 葛建华, 宋志文(1484)

典型城市内河细菌组成与氮循环功能垂直分布及溯源分析 谭秋阳, 吕金燕, 白献宇, 程莉蓉, 李晚艳, 郑蕾(1497)

滇中高原水库外源污染负荷贡献解析与环境容量核算 郭玉静, 李红兵, 王树明, 白乙娟, 任良锁, 丁爱中(1508)

窄孔径含磷棉秆生物质炭的制备及对四环素的吸附机制 曾少毅, 李坤权(1519)

高比表面硫脲改性花生壳炭的制备及对四环素和铜的吸附 闵炳坤, 李坤权(1528)

不同供水管材生物膜抗生素抗性基因分布特征 刘晨旭, 白晓慧(1537)

水蚀环境植被恢复对土壤有机碳固存和团聚体稳定的影响: Meta 分析 杨睿哲, 杨世龙, 翁希哲, 徐灵颖, 刘雪健, 杜运田, 张雪辰, 郑伟, 翟丙年, 王朝辉, 李紫燕(1542)

增温施肥对稻麦农田土壤有机碳及其活性组分的影响 邓旭哲, 韩晨, 薛利祥, 侯朋福, 薛利红, 杨林章(1553)

三江源地区高寒草地土壤功能的水平分异特征及其沿发生层的垂直变化 李柏键, 申聪聪, 刘四义, 吴华勇, 王继琛, 赵冬辉, 葛源(1562)

鄱阳湖平原直播稻 CH₄ 通量及其与 CO₂ 通量的综合温室效应 时元智, 崔远来, 才硕, 洪大林, 程婕(1572)

不同土地利用类型土壤多环芳烃的纵向污染特征及来源解析 周芷嫣, 张秀秀, 王飞, 朱昌达, 潘剑君(1583)

石家庄道路灰尘中全氟/多氟化合物及其新型替代品的污染特征及健康风险评估 李鹏飞, 王媛, 杨晨, 史亚利, 崔建清(1593)

南方典型矿区农业小流域耕地土壤重金属空间分布特征及污染评价 杨宇, 郭婷婷, 刘孝利, 铁柏清(1602)

三峡库区(重庆段)菜地土壤重金属污染特征、潜在生态风险评估及源解析 石雨佳, 方林发, 方标, 叶莘莘, 范晓霞, 高坤鹏, 陈征, 肖然(1611)

兰州市耕地表层土壤重金属的积累特征及其影响因素分析 康乐, 彭鑫波, 马延龙, 张利瑞, 张妍娥, 王泉灵, 张松林(1620)

粤北典型工矿区土壤重金属富集特征、来源解析及风险评估 王越, 莫莉, 余新晓, 师华定, 费杨(1636)

三门峡某铝厂遗留场地土壤重金属空间分布特征及来源解析 卢小慧, 余方中, 范一鸣, 杨阳(1646)

某试验场土壤重金属分布特征及其污染评价 王诗雨, 李淳, 赵洪伟, 陈希, 张慧君, 朱勇兵, 赵三平, 计超, 刘晓东(1657)

化学淋洗联合电动技术修复重金属污染土壤的效果及其机制 马强, 卫泽斌, 吴启堂(1668)

再生铜冶炼过程中重金属排放特征和控制 林炳丞, 吴广龙, 郑明辉, 刘国瑞(1678)

长江流域(安徽段)土壤-作物系统重金属污染特征及健康风险评估 刘海, 魏伟, 黄健敏, 赵国红(1686)

稻-麦轮作模式下不同钝化材料对镉污染农田土壤的原位钝化效应 张路, 唐婵, 余海英, 李廷轩, 张锡洲, 黄化刚(1698)

巯基化蒙脱石用于镉污染农田安全生产的效果及其持久性 冯先翠, 陈亚刚, 焦洪鹏, 曹鹏, 朱凤榕, 李媛媛, 江海燕(1706)

蚯蚓、秸秆和柠檬酸对少花龙葵与翅果菊修复镉污染土壤的影响 陈敏妮, 袁小奇, 张李峰, 何川黔, 高波(1714)

地质高背景区富 Se 耕地可利用性研究及区划建议 王锐, 李瑜, 余京, 周皎, 余飞, 张云逸, 蒋玉莲(1727)

张家口市北新屯地区蔬菜种植区微量元素富集特征及成因分析 安永龙, 殷秀兰, 金爱芳, 李文娟, 鲁青原(1735)

三峡库区消落带落羽杉人工林土壤细菌群落结构多样性及动态变化 谭雪, 董智, 张丽苗, 袁中勋, 李昌晓(1748)

黄土丘陵区退耕还林对土壤真菌群落的影响 张蕾, 王强, 杨新月, 吕俊平(1758)

化肥减量配施有机肥对土壤功能微生物和柠檬产量及品质的影响 王蕊燕, 熊子怡, 罗东海, 王子芳, 高明(1768)

鸡粪和猪粪生物发酵过程中抗生素抗性基因的动态变化 张丹, 彭双, 王丹青, 王-明, 林先贵(1780)

牛粪还田对土壤微生物群落特征的影响 张雅丽, 郭晓明, 胡慧, 郭暖, 徐小涛, 李建林(1792)

《环境科学》征订启事(1406) 《环境科学》征稿简则(1592) 信息(1635, 1667, 1677)

三峡库区消落带落羽杉人工林土壤细菌群落结构多样性及动态变化

谭雪^{1,2}, 董智^{1,2}, 张丽苗^{1,2}, 袁中勋^{1,2}, 李昌晓^{1,2*}

(1. 西南大学生命科学学院, 三峡库区生态环境教育部重点实验室, 三峡库区植物生态与资源重点实验室, 重庆 400715; 2. 西南山地生态循环农业国家级培育基地, 重庆 400715)

摘要: 消落带是连接陆地与水域的交错地带, 具有重要的生态功能, 其适生木本植物的种植对消落带土壤的生物地球化学循环起着重要的作用. 为探究适生植物对三峡库区消落带环境的适应机制, 采用高通量测序技术对消落带退水后适生植物落羽杉 (*Taxodium distichum*) 不同生长时期 (T1: 5月、T2: 7月和 T3: 9月) 的土壤细菌群落组成及多样性进行研究, 同时采用 PICRUSt2 对细菌功能进行预测. 结果表明, 土壤 pH 值、硝态氮、铵态氮、土壤蔗糖酶、磷酸酶和脲酶等理化指标随时间变化显著 ($P < 0.05$); 土壤细菌多样性、丰富度和结构也随时间变化而变化, 除 Chao1 以外, 根际土壤细菌的 α 多样性均表现为: T1 > T2 > T3, 非根际土壤细菌 α 多样性则表现为: T3 > T1 > T2. RDA 分析表明, 影响细菌群落的理化指标主要有土壤 pH 值、脲酶、铵态氮和硝态氮. 所有土壤样本中共检测到细菌 60 门, 其中以变形菌门和酸杆菌门为优势细菌门. 根据 PICRUSt2 预测, 代谢是落羽杉土壤细菌群落中普遍存在的基本功能, 与 C、N 和 P 有关的各代谢途径存在一定的时间差异. 以上研究结果有助于加深对三峡消落带植被修复后土壤微生物群落特征的认识.

关键词: 土壤养分; 土壤酶活性; 土壤细菌多样性; 高通量测序; 三峡库区; 消落带; PICRUSt2 分析

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)03-1748-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202202021

Structural Diversity and Its Temporal Variation in the Soil Bacterial Community Under Plantations of *Taxodium distichum* in the Riparian Zone of the Three Gorges Reservoir Area

TAN Xue^{1,2}, DONG Zhi^{1,2}, ZHANG Li-miao^{1,2}, YUAN Zhong-xun^{1,2}, LI Chang-xiao^{1,2*}

(1. Key Laboratory of the Three Gorges Reservoir Region's Eco-environment, Ministry of Education, Key Laboratory of Plant Ecology and Resources Research in Three Gorges Reservoir Region, School of Life Sciences, Southwest University, Chongqing 400715, China; 2. State Cultivation Base of Eco-agriculture for Southwest Mountainous Land, Chongqing 400715, China)

Abstract: The riparian zone supports important ecological functions and acts as an ecotone connecting terrestrial and aquatic areas. Soil microbes under the revegetation of woody species are crucial to the biogeochemical cycle of nutrients. Here, soil samples were collected to examine the soil microbes during different emergence phases in 2019 (May: T1, July: T2, and September: T3) in the riparian zone of the Three Gorges Reservoir, China. The variations in the bacterial community were evaluated using high-throughput sequencing. The results showed that: during the emergence phases, soil properties such as pH value (pH), ammonium nitrogen ($\text{NH}_4^+ \text{-N}$), and nitrate-nitrogen ($\text{NO}_3^- \text{-N}$) and soil enzymes changed significantly ($P < 0.05$), and soil bacterial α diversity also changed with time. Except for the Chao1 index, the richness of rhizosphere soil bacteria showed T1 > T2 > T3, whereas the α diversity of non-rhizosphere soil bacteria showed T3 > T1 > T2. The redundancy analysis (RDA) test implied that soil urease, $\text{NH}_4^+ \text{-N}$, pH, and $\text{NO}_3^- \text{-N}$ were the key factors structuring the microbial community. Proteobacteria and Acidobacteria were the two dominant components among the 60 phyla that were detected in the soil. Based on phylogenetic investigation of communities by reconstruction of unobserved states (PICRUSt2) prediction, metabolism was the basic function of soil bacterial communities of *Taxodium distichum*; in the secondary functional layer, the metabolic pathways related to carbon, nitrogen, and phosphorus mainly included amino acid metabolism, carbohydrate metabolism, lipid compound metabolism, and energy metabolism, and the relative abundance of each metabolic function had a certain time difference in different periods. These findings could help us better understand how soil microbes change after restoring vegetation in the Three Gorges Reservoir area.

Key words: soil nutrients; soil enzyme activity; soil bacterial diversity; high-throughput sequencing; Three Gorges Reservoir area; riparian zone; PICRUSt2 analysis

消落带作为水陆之间重要的过渡带, 是改善水质、控制洪水和缓解水土流失的关键区域^[1]. 自三峡大坝建成以来, “冬蓄夏排”的水文调度方式使库区两岸形成了一段特殊的生态环境区域^[2], 进而导致该区域原陆生生态系统发生了严重的退化, 水土流失、生境丧失、生物多样性下降和环境污染等问题十分突出^[3]. 在此现状下, 植被重构被认为是恢复三峡库区消落带的重要措施^[4,5].

研究人员通过大量筛选, 选择了落羽杉 (*Taxodium distichum*)^[6]、池杉 (*Taxodium ascendens*)^[7] 和旱柳 (*Salix matsudana*)^[8] 等木本植

收稿日期: 2022-02-07; 修订日期: 2022-06-15

基金项目: 重庆市科技兴林项目(2021-9); 西南大学生命科学学院自然科学基金项目(20212005406201); 宁夏自治区重点研发计划项目(2020BFG03006); 中央林业改革发展资金科技推广示范项目(渝林科推 2020-2)

作者简介: 谭雪(1995~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤生态学, E-mail: tamx12345@qq.com

* 通信作者, E-mail: lichangx@swu.edu.cn

物作为三峡库区消落带植被修复的优良适生树种。其中,落羽杉具有根系发达,耐水淹及抗旱能力强等特性,对保持河岸带水土具有重要意义,被广泛用于消落带的种植^[6,7]。植被重建之后的植物经季节性水淹,其叶片及枯落物等会输入河岸带土壤,而河岸带可以通过过滤和反硝化等功能有效地去除污染物并保护水质。在此过程中,土壤酶与土壤微生物发挥了重要作用,土壤酶能催化叶片和植物凋落物分解、促进养分循环^[9],而土壤微生物是土壤酶的重要来源^[10],其能产生胞外酶,进而从土壤环境中获取能量和资源^[11]。此外,土壤细菌作为微生物中的最大类群,在有机质分解、元素生物地球化学循环、温室气体排放和养分转化等生态过程中也发挥着重要作用^[12,13]。

植被对土壤细菌群落结构的影响会进一步影响土壤细菌功能组成^[14]。PICRUST 方法使用标记基因(通常为微生物的 16S rRNA 基因)数据和参考基因组数据库^[15],预测宏基因组的功能组成,现已广泛应用于森林土壤^[16~18]、湿地^[19~21]和水体^[22~24]等不同生境的微生物功能研究之中。目前,有关消落带植物土壤的研究主要集中在土壤营养元素含量^[25]、土壤微生物生物量^[26]和有机酸代谢^[27]等方面,对土壤微生物,特别是根际土壤细菌群落结构及功能方面的研究较少。因此,本文以消落带适生植物落羽杉土壤为研究对象,探究其不同时期土壤细菌群落结构及功能特征的变化,明确消落带木本植被重建对库区土壤环境的影响及意义,以期对消落带生态修复提供一定的理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究地点位于重庆忠县石宝镇共和村汝溪河流域(107°32'~108°14'E,30°03'~30°35'N),属亚热带季风气候,四季分明,年积温为 5 787℃,年均气温为 18.2℃,无霜期为 341 d,日照时数为 1 327.5 h,日照率为 29%,太阳总辐射能为 $3.5 \times 10^5 \text{ J} \cdot \text{cm}^{-2}$,年降雨量为 1 200 mm,相对湿度为 80%。区域为典型的丘陵地貌,坡度为 20°~25°,土壤主要为石灰性紫色土,土壤熟化程度较低,水土流失且土层侵蚀现象严重。

本课题组于 2012 年 3 月在重庆忠县石宝镇共和村汝溪河流域构建了消落带植被修复示范基地,面积为 0.133 km²。示范基地内土壤质地、肥力状况基本一致,在海拔 165~175 m 区间按 1 m×1 m 株行距种植落羽杉人工林(苗木由重庆市江北区机场附近的苗圃提供),所选岸坡度、太阳辐射强度和土

壤雨热条件基本一致。经过 8 a 的反复水淹,落羽杉成活率为 100%,且生长状况良好。

1.2 采样方法

根据汝溪河流域水位变动状况,野外取样时间为 2020 年 5 月(T1)、2020 年 7 月(T2)和 2020 年 9 月(T3),采样时间分别对应消落带退水初期(同时也是落羽杉生长初期)、落羽杉生长旺盛期和消落带淹水前期(亦即落羽杉生长末期)。冬季落羽杉根际处于水淹状态,无法完成土壤取样。采样时首先清除落羽杉树木四周的石子与凋落物,然后用平铲沿东、南、西、北这 4 个方向分别挖掘 4 个土芯剖面(20 cm×20 cm×20 cm),接着分离土芯,收集根际土与非根际土壤。根际土的收集方式为抖落法,除去根系附近的石子及动植物残体,抖落根系表面的粒土和杂质,采集附着于根际表面 4 mm 以内的东、南、西和北这 4 个方向的土壤作为根际土样^[28],用四分法收集东、南、西和北这 4 个方向的土芯土壤作为非根际土壤,3 个时期共采集 72 个根际、非根际土壤样本,为方便后续土壤理化、酶活性和细菌多样性的测定,将同一植株东、南、西和北这 4 个方向的土壤样本混合,最终获得土壤样本 18 个,土壤收集混合后立即运回实验室进行后续指标的测定。

1.3 测定方法

落羽杉根际与非根际土壤测定分为 3 个部分,一部分自然风干,研磨过筛(1 mm 和 0.25 mm),用于土壤理化性质的测定;一部分土样储存于 4℃,用于土壤酶活性的测定;另一部分土样保存于 -80℃,用于土壤细菌 DNA 的提取。

1.3.1 土壤理化性质的测定

土壤含水量(SWC)采用烘干法测定,土壤容重(BD)采用环刀法测定;土壤温度(*T*)和土壤氧化还原电位(ORP)采用氧化还原电位计测定,土壤 pH 值采用电极电位法测定(1:2.5 水土比浸提液),土壤全碳(TC)、全氮(TN)含量测定采用元素分析仪(Elementar Vario EL, Germany),土壤有机质(OM)测定采用水合热重铬酸钾-硫酸-比色法^[29];土壤全磷(TP)、全钾(TK)和速效钾(AK)含量测定采用电感耦合等离子体发射光谱法^[30](ICP-OES, Thermo Fisher iCAP 6300, UK),土壤速效磷(AP)、硝态氮(NO₃⁻-N)和铵态氮(NH₄⁺-N)采用全自动间断化学分析仪(CleverChem, Germany)测定。

1.3.2 土壤酶活性测定

土壤蔗糖酶的测定采用 3,5-二硝基水杨酸比色法,其活性以 24 h 后 1 g 土壤产生葡萄糖的 mg 数表示;土壤脲酶采用苯酚钠比色法测定,其活性以 24 h 后 1 g 土壤产生 NO₃⁻-N 的 mg 数表示;磷酸

酶活性的测定采用磷酸苯二钠比色法,其活性以 24 h 后 1g 土壤中释出的酚的 mg 数表示^[31]。

1.3.3 土壤细菌群落多样性测定

本实验中土壤细菌总 DNA 的提取采用 DNeasy® PowerSoil® Kit (QIAGEN) 试剂盒,其操作步骤按照说明书进行,提取后的 DNA 经 1.2% 琼脂糖凝胶电泳及微量紫外分光光度计测定其浓度,然后保存于 -20℃。采用细菌 16S V4-V5 区通用引物进行 PCR 扩增,引物序列为 515F (5'-GTGCCAGCMG CCGCGG-3') 和 907R (5'-CCGTC AATTCMTTTRA GTTT-3'),每个样品进行 3 次重复扩增,然后混合同一样品扩增产物;对 PCR 产物切胶纯化, Qubit 定量之后,等量 (n) 混合,建立测序文库,采用 Illumina HiSeq 进行测序。

采用 QIIME (quantitative insights into microbial ecology) 进行进一步的生物信息学分析^[32],采用 FLASH 算法拼接双端序列,同时,为获得高质量序列,根据质量分数 Q20 对序列进行质控,使用 UPARSE 算法^[33]将得到的高质量序列进行聚类 OTU,在聚类过程中严格去除嵌合体序列,使用 RDP 数据库对 OTU 代表序列进行物种注释。

土壤细菌 α 多样性由 Chao1 (S_{Chao1})、Simpson (D) 和 Shannon-Wiener (H) 指数表征,其计算公式为:

$$S_{\text{Chao1}} = S_{\text{obs}} + \frac{n_1(n_1 - 1)}{2(n_2 + 1)}$$

式中, S_{Chao1} 表示估计的 OTU 数, S_{obs} 表示实际观测到的 OTU 数, n_1 表示只含有一条序列的 OTU 数, n_2 表示只含有两条序列的 OTU 数目。

$$D = \frac{\sum_{i=1}^{S_1} n_i(n_i - 1)}{N(N - 1)}$$

表 1 不同时期落羽杉土壤物理特征¹⁾

Table 1 Soil physical properties of bald cypress under different sampling times

采样时间	含水量/%	容重/ $\text{g}\cdot\text{cm}^{-3}$	温度/℃	氧化还原电位/mV
T1	21.47 ± 2.84a	1.26 ± 0.11a	23.37 ± 0.48b	362.00 ± 15.72a
T2	15.30 ± 3.34a	1.23 ± 0.05a	27.23 ± 0.13a	353.33 ± 7.75ab
T3	19.12 ± 1.96a	1.43 ± 0.10a	23.60 ± 0.20b	300.67 ± 23.33b

1) T1、T2 和 T3 表示 5、7 和 9 月的 3 次取样时间;不同小写字母表示不同时期之间差异显著 ($P < 0.05$);数据为平均值 ± 标准误,下同

表 2 展示了不同时期落羽杉土壤化学性质特征,土壤 pH 值范围为 6.75 ~ 7.11,为中性偏微酸性土壤,3 个时期根际土壤 pH 值不存在显著差异,非根际土壤的 pH 值在 T3 显著大于 T2 ($P < 0.05$);土壤 TP、TK、OM 和 NO_3^- -N 含量在根际土壤中保持较为一致的趋势,即 $T3 > T1 > T2$,但 3 个时期值不存在显著差异;根际土壤中 AP、

$$H = - \sum_{i=1}^{S_1} \frac{n_i}{N} \ln \frac{n_i}{N}$$

式中, n_i 表示第 i 个 OTU 所含的序列数, N 表示所有的序列数, S_1 表示实际观测到的 OTUs。

1.4 数据处理

采用单因素方差分析 (Oneway-ANOVA) 比较不同时期落羽杉土壤理化性质、土壤酶活性和细菌群落功能丰度的差异,多重比较采用 Duncan 法;采用配对样本 t 检验分析根际、非根际土壤理化性质及酶活性的差异;下游数据分析在 QIIME、R 软件和 SPSS 18.0 中进行,采用 R 4.0.3、Origin 2019 和 Canoco 5 作图。

利用 PICRUST2 (phylogenetic investigation of communities by reconstruction of unobserved states2)^[34]对土壤细菌 16S rRNA 高通量测序数据进行分析.参考 KEGG (kyoto encyclopedia of genes and genomes) 数据库,得到各代谢途径在样本中的丰度^[35],其具体分析过程见 <https://github.com/picrust/picrust2>^[34].加权最近排序分类单元指数 (weighted nearest sequenced taxon index, NSTI) 被用来评估评估 PICRUST 分析的准确性^[15]。

2 结果与分析

2.1 落羽杉土壤理化及酶活性特征

不同时期落羽杉土壤物理性质如表 1 所示,土壤含水量在 15.3% ~ 21.47% 之间,但 3 个时期不存在显著差异;土壤容重为 1.23 ~ 1.43 $\text{g}\cdot\text{cm}^{-3}$,3 个时期不存在显著差异;土壤温度和土壤氧化还原电位在不同时期存在显著差异 ($P < 0.05$),土壤温度在 T2 最高,且显著大于 T1 和 T3 两个时期 ($P < 0.05$),土壤氧化还原电位则表现为 T1 显著高于 T3 时期 ($P < 0.05$)。

AK 的值在 T1 到 T3 逐渐升高,但不存在显著差异;根际土壤中 NH_4^+ -N 含量在 T2 显著高于 T3 ($P < 0.05$)。不同土壤分区中,T1 时期根际土壤 TK 含量显著高于非根际,T2 时期的土壤 NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N 含量在根际显著高于非根际 ($P < 0.05$);土壤 OM、 NO_3^- -N 和 AP 在 3 个时期均表现出正向根际效应 ($R/S > 1$)。

表 2 不同时期落羽杉土壤化学性质特征¹⁾

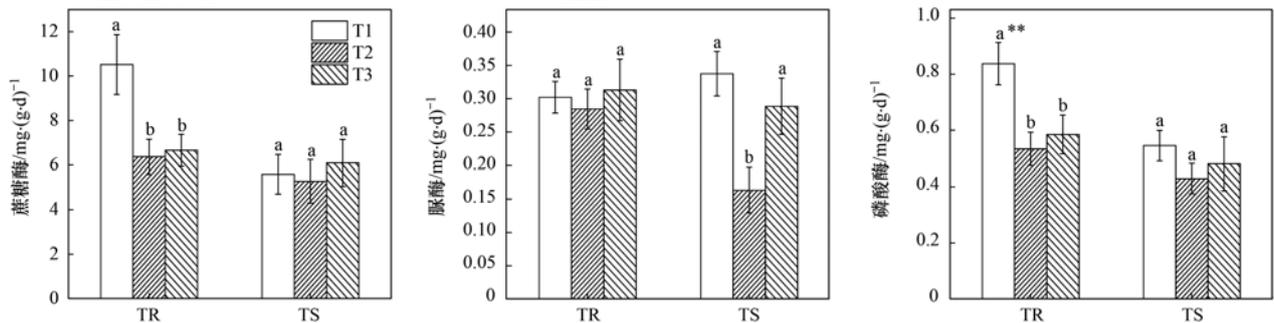
Table 2 Soil chemical properties of bald cypress measured in different sampling times

采样时间	土壤类型	pH 值	$\omega(\text{TC})$ /g·kg ⁻¹	$\omega(\text{TN})$ /g·kg ⁻¹	$\omega(\text{TP})$ /mg·kg ⁻¹	$\omega(\text{TK})$ /mg·kg ⁻¹
T1	TR(根际土壤)	6.80 ± 0.16a	9.73 ± 1.69a	1.23 ± 0.19a	1.29 ± 0.03a	23.35 ± 0.60a
	TS(非根际土壤)	7.00 ± 0.13ab	12.37 ± 1.53a	1.63 ± 0.45a	0.86 ± 0.31a	19.59 ± 0.62a
	R/S(根际效应)	0.97	0.79	0.76	1.51	1.19*
T2	TR(根际土壤)	6.88 ± 0.18a	10.63 ± 1.72a	1.33 ± 0.15a	0.85 ± 0.30a	21.28 ± 1.43a
	TS(非根际土壤)	6.75 ± 0.02b	8.47 ± 1.19a	1.27 ± 0.07a	1.42 ± 0.03a	24.17 ± 0.52a
	R/S(根际效应)	1.02	1.26	1.05	0.60	0.88
T3	TR(根际土壤)	7.11 ± 0.16a	12.73 ± 1.90a	1.63 ± 0.24a	1.37 ± 0.06a	24.71 ± 0.25a
	TS(非根际土壤)	7.07 ± 0.07a	10.60 ± 0.76a	1.47 ± 0.12a	1.54 ± 0.09a	24.21 ± 0.14a
	R/S(根际效应)	1.01	1.20	1.11	0.89	1.02
采样时间	土壤类型	$\omega(\text{OM})$ /g·kg ⁻¹	$\omega(\text{NH}_4^+ \text{-N})$ /mg·kg ⁻¹	$\omega(\text{NO}_3^- \text{-N})$ /mg·kg ⁻¹	$\omega(\text{AP})$ /mg·kg ⁻¹	$\omega(\text{AK})$ /mg·kg ⁻¹
T1	TR(根际土壤)	15.51 ± 2.77a	10.19 ± 1.25ab	1.30 ± 0.05a	9.53 ± 1.72a	16.02 ± 4.04a
	TS(非根际土壤)	13.09 ± 1.16a	13.97 ± 2.95a	1.25 ± 0.07a	6.75 ± 1.29a	28.50 ± 6.64a
	R/S(根际效应)	1.18	0.73	1.03	1.41	0.56
T2	TR(根际土壤)	13.47 ± 2.22a	11.61 ± 0.46a	0.91 ± 0.012a	11.46 ± 1.15a	20.64 ± 6.81a
	TS(非根际土壤)	8.68 ± 1.78a	9.26 ± 0.46a	0.22 ± 0.11c	8.98 ± 3.71a	25.66 ± 7.19a
	R/S(根际效应)	1.55	1.25*	4.03*	1.28	0.80
T3	TR(根际土壤)	17.80 ± 2.91a	7.49 ± 0.82b	1.69 ± 0.042a	11.74 ± 2.38a	24.44 ± 8.92a
	TS(非根际土壤)	17.59 ± 5.08a	10.70 ± 0.85a	0.81 ± 0.05b	10.14 ± 0.96a	24.34 ± 3.64a
	R/S(根际效应)	1.01	0.70	2.10	1.16	1.00

1) * 表示根际与非根际之间差异显著($P < 0.05$); R: 根际土壤; S: 非根际土壤; T: 落羽杉, 下同

3 个时期土壤酶活性结果表明, 蔗糖酶、脲酶和磷酸酶活性均在 T2 时期最低(图 1), 且蔗糖酶、磷酸酶根际土壤及脲酶非根际土壤中 T2 时期酶活性显著小于 T1 时期($P < 0.05$)。除 T1

时期的脲酶外, 其余各土壤酶在 3 个时期均表现出根际正效应($R/S > 1$), 其中 T1 时期磷酸酶活性在根际土壤中显著高于非根际土壤($P < 0.05$)。



TR: 落羽杉根际土壤; TS: 落羽杉非根际土壤; 不同小写字母表示不同时期之间差异显著($P < 0.05$);

** 表示根际与非根际之间差异极显著($P < 0.01$)

图 1 不同时期落羽杉土壤酶活特征

Fig. 1 Soil enzyme activities measured in different sampling times

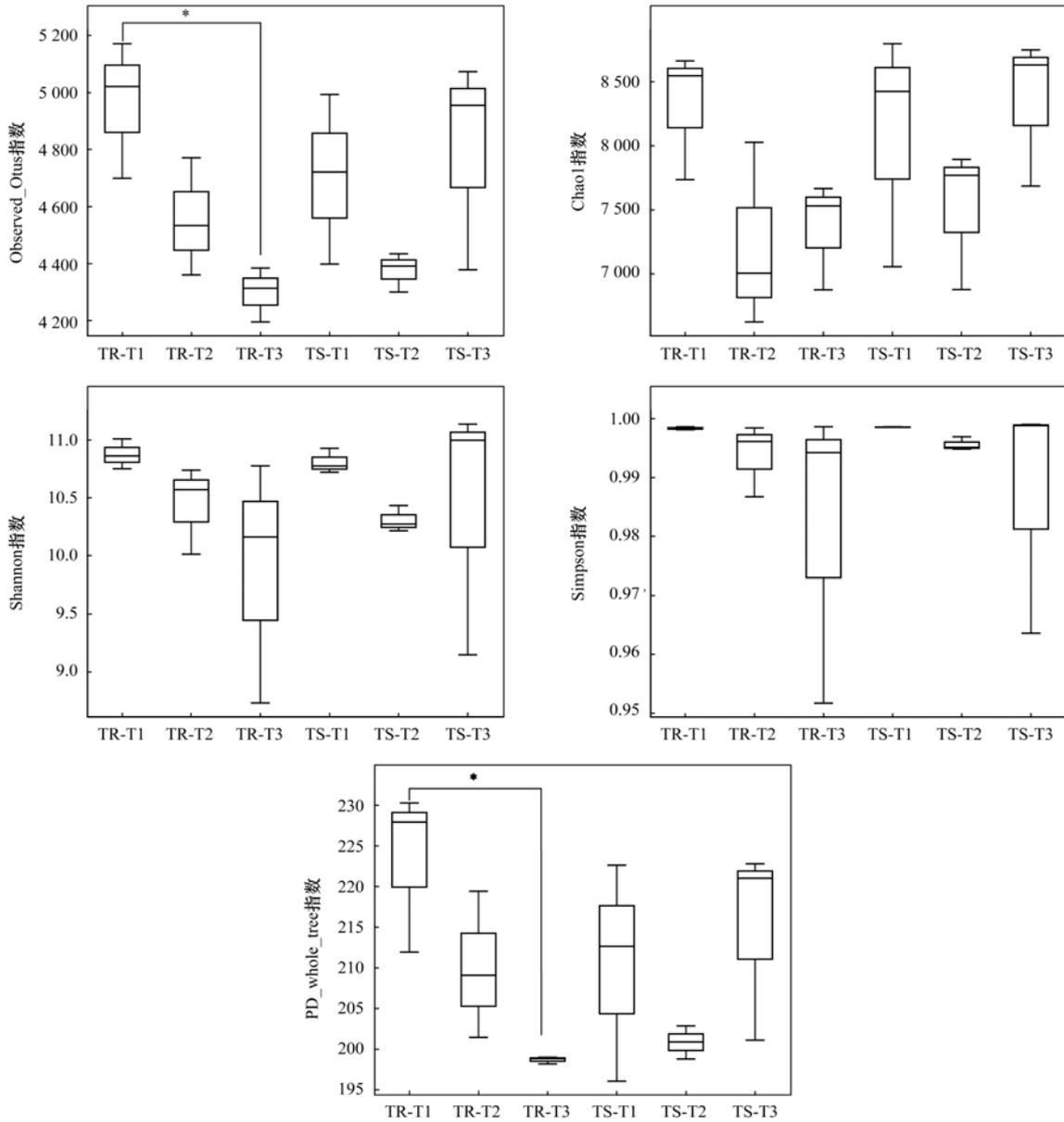
2.2 落羽杉土壤细菌群落多样性分析

Chao1 指数反映了种群的丰富度, Shannon 指数和 Simpson 指数反映了物种多样性, Observed_Otus 表示注释的 OTU 数, PD_whole_tree 是基于系统发育树计算的多样性指数, 其值越大, 群落多样性越高. α 多样性分析表明(图 2), 除 Chao1 指数以外, 根际土壤细菌的丰富度均表现为: $T1 > T2 > T3$, 且 Observed_Otus 指数和 PD_whole_tree 指数在 T1 显著大于 T3($P < 0.05$), 非根际土壤细菌多样性则表

现为: $T3 > T1 > T2$, 但不同时期不存在显著差异。

2.3 落羽杉土壤细菌群落结构组成

高通量测序结果表明, 所有土壤样品细菌由 60 门、201 纲、402 目、624 科和 1022 属组成, 门水平上变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、绿弯菌门(Chloroflexi)、放线菌门(Actinobacteria)和浮霉菌门(Planctomycetes)为优势菌门[图 3(a)], 占全部土壤样品丰度的 83.76%~89.71%, 其中变形菌



* 表示不同时期 α 多样性指数之间差异显著 ($P < 0.05$)；TR-T1:T1 时期落羽杉土壤, TR-T2:T1 时期落羽杉土壤, TR-T3:T3 时期落羽杉土壤, TS-T1:T1 时期落羽杉土壤, TS-T2:T2 时期落羽杉土壤, TS-T3:T3 时期落羽杉土壤, 下同

图 2 不同时期落羽杉根际和非根际土壤细菌群落 α 多样性特征

Fig. 2 The α -diversity index of bacterial communities in soils of bald cypress under different sampling times

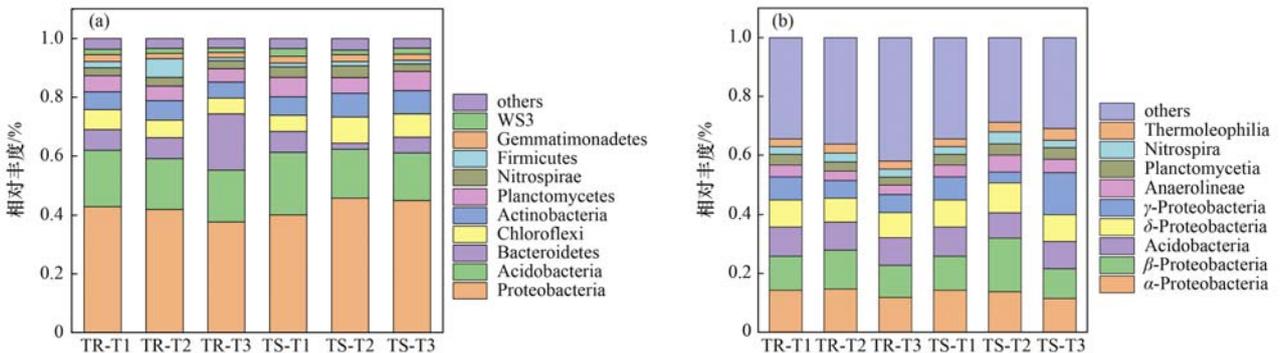


图 3 不同时期落羽杉土壤样品中优势细菌门和优势细菌纲的相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of dominant phylum and dominant class in soil samples of bald cypress under different sampling times

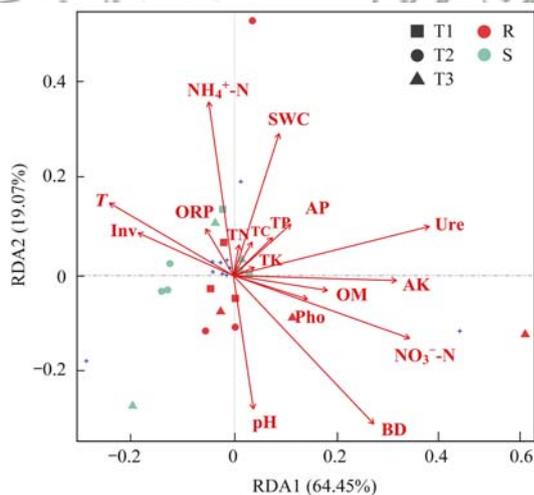
门丰度最大,为 37.72%~45.81%。酸杆菌门为所有土壤样品中第二大细菌门,占比为 16.03%~

19.06%。纲水平上 α -变形菌纲 (α -Proteobacteria)、 β -变形菌纲 (β -Proteobacteria)、酸杆菌纲 (Acidobacteria)、 δ -变形菌纲 (δ -proteobacteria) 和 γ -变形菌纲 (γ -Proteobacteria) 为优势菌纲, 占有土壤样本的 46.84%~54.09% [图 3(b)]。

根际土壤中各细菌门在不同时期的相对丰度未表现出显著差异; 非根际土壤中, 酸杆菌门细菌丰度在 T1 时期显著大于 T3, 拟杆菌门的相对丰度在 T1 显著大于 T2 ($P < 0.05$)。各纲水平细菌在根际土壤中不同时期并未表现出显著差异, 非根际土壤中, 仅 β -变形菌纲和浮霉菌纲相对丰度在 T2 显著大于 T3 ($P < 0.05$)。

2.4 落羽杉土壤理化性质与细菌群落的相关关系

采用冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 对不同时期细菌群落结构差异及影响细菌群落的理化因子进行分析。结果表明 (图 4), 不同时期各样点聚集在一起, 土壤细菌群落结构未表现出明显差异。各理化性质对细菌群落结构的影响不同, 第一轴解释了 64.45% 的物种-环境变化, 第二轴解释了 19.07% 的物种-环境变化, 累计解释了 83.52% 的物种-环境变化。土壤 pH 值、URE、 NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N 等是影响落羽杉细菌群落组成的关键因子。



红色箭头表示环境因子, 蓝色十字表示在门分类水平上优势细菌种群; INV: 蔗糖酶; Ure: 脲酶; Pho: 磷酸酶

图 4 不同时期优势细菌门与土壤理化因子的冗余分析

Fig. 4 RDA of dominant bacterial phylum and soil physicochemical factor in different sampling times

2.5 落羽杉土壤细菌群落功能预测

加权最近排序分类单元指数 (NSTI) 是预测 PICRUSt 准确性的一个指标, 其值越低表示准确度越高。本研究中所有土壤样本的 NSTI 得分在 0.08~0.13 之间, 平均值为 0.10, 低于土壤样品的 NSTI 平均得分 0.17, 表明这些数据与参考微生物基因组

数据库的数据吻合较好, 预测的各土壤细菌群落的代谢功能具有较高的可信度。

基于 16S rRNA 测序数据, 利用 PICRUSt2 预测落羽杉土壤细菌群落的代谢功能, KEGG 1 水平的主要功能类别为代谢、遗传信息处理、环境信息处理、细胞过程、有机系统和人类疾病。其中, 代谢、遗传信息处理和环境信息处理途径最为普遍, 分别占 36.1%、19.92% 和 16.81%。

在分布于 6 个代谢途径的细菌群落中, 共鉴定了 45 个二级 KEGG Orthology (KO) 组。对预测基因二级功能层丰度进行分析, 发现落羽杉土壤细菌群落主要涉及膜运输 (10.82%)、翻译 (9.61%)、氨基酸代谢 (8.82%)、碳水化合物代谢 (7.1%)、辅助因子和维生素的代谢 (5.74%)、能量代谢 (5.32%) 等 45 个二级功能。在二级功能层中, 与 C、N 和 P 代谢相关的途径主要包括氨基酸代谢、碳水化合物代谢、脂类代谢及能量代谢等。除碳水化合物代谢外, 其余 3 种代谢途径在根际和非根际土壤细菌中各丰度均在 T2 时期最低。落羽杉根际土壤中氨基酸代谢和脂类代谢途径丰度均在 T3 时期值最高, 而碳水化合物途径丰度则在 T2 时期更高 (图 5)。

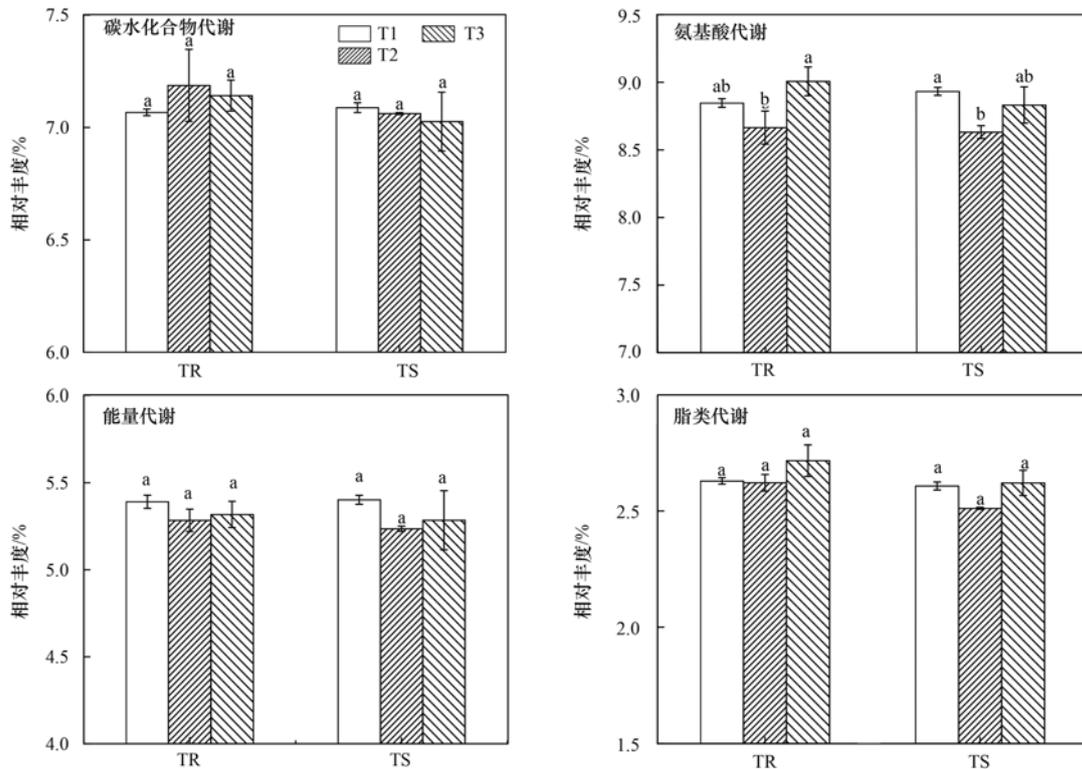
3 讨论

3.1 落羽杉土壤理化及酶活性特征

季节变化可能通过凋落物和根际分泌物等影响土壤环境, 从而改变土壤细菌群落结构及多样性 [36]。T2 时期正值夏季, 土壤温度高, 有研究表明高温会抑制微生物的活动 [37], 进而影响其酶活性的释放, 这与本研究中 3 种土壤酶在 T2 时期活性最低的结果相一致。同时, 土壤 TP、TK、OM 和 NO_3^- -N 等养分也在 T2 时期最低, 这可能与 T2 时期降水频繁, 河岸带土壤受到的冲刷加剧有关。同时, 土壤 NH_4^+ -N、 NO_3^- -N、OM、TP 含量和 3 种土壤酶活性在根际总体高于非根际, 这与已有的研究结果相一致, 即土壤养分在根际产生了正效应, 根际分泌物有利于土壤养分的积累 [38,39]。

3.2 落羽杉土壤细菌群落结构特征

落羽杉土壤样本中共发现细菌 60 门, 其中以变形菌门和酸杆菌门为优势菌门, 这与前人在湿地 [40]、沙地 [41] 和世界各地土壤中 [42] 的研究发现相似, 表明土壤细菌具有较强的生态适应性 [43]。变形菌门主要以 α -变形菌纲、 β -变形菌纲和 γ -变形菌纲等为优势菌, 且变形菌纲多为硝化和碳化微生物, 对土壤氮碳循环具有重要的意义 [44,45]。酸杆菌门为寡营养细菌, 适合生存在 pH 较低及贫瘠的营养环境



TR: 落羽杉根际土壤; TS: 落羽杉非根际土壤; 不同小写字母表示不同时期之间差异显著 ($P < 0.05$)

图5 不同时期土壤氨基酸代谢、碳水化合物代谢、能量代谢和脂类代谢的 KOs 丰度

Fig. 5 Predicted abundance of KEGG orthologs (KOs) assigned to the metabolism of amino acids, carbohydrate, energy, and lipids under different sampling times

下^[46], T1 时期落羽杉非根际土壤中较高的该细菌丰度说明了其土壤营养条件较差. 此外, 本研究中土壤 pH 值在 7 附近, 这与 Xiong 等^[47]的研究结果一致, 即酸杆菌在中性土壤中也存在. 拟杆菌门中的一些种类与 DNA、蛋白质和脂类等土壤中有有机物质的转换有关, 对土壤中碳循环起着重要作用^[48], 而 T1 时期落羽杉非根际土壤中其相对较高的丰度说明了该时期落羽杉土壤中与碳代谢相关的活动较强. 根际土壤细菌组成在不同时期不存在显著差异, 这可能与根系分泌物有关, 有研究表明植物可通过根系分泌物塑造一个较为稳定的根系微环境^[49].

土壤细菌多样性的变化可能与植物生长和温度的变化有关^[37], 结果表明, 本研究中落羽杉土壤根际和非根际细菌群落多样性表现出不同变化趋势. 根际细菌群落除 Chao1 以外, 所有根际土壤细菌群落 α 多样性随时间变化逐渐下降, 这是因为在 T1 时期, 土壤温度逐渐升高, 落羽杉开始恢复生长, 微生物活动频繁, 故其细菌多样性较高; T2 时期正值盛夏, 高温对微生物的生长具有一定的抑制作用^[37], 同时, T2 时期取样当年雨水较多, 水位保持在一个较高的水平, 长时期的水淹会造成缺氧环境^[50], 故 α 多样性较 T1 时期有所下降; T3 时期根际细菌丰富度继续下降至最低值, 而非根际细菌多

样性则升高, 造成这种现象的原因可能与 T3 时期落羽杉根系分泌物有关. 有研究表明, 植物根系分泌物中含有对自身生长产生抑制作用的生物活性物质, 如酚类化合物等^[51], 进而影响细菌群落的丰富度, 而非根际土壤细菌群落在 T3 时期升高则与其较低的温度和降水减少有关. 以上结果表明, 落羽杉根际土壤细菌群落多样性对季节性环境波动有明显响应, 且根际、非根际土壤细菌变化趋势并不一致.

3.3 落羽杉土壤细菌群落的影响因素

微生物群落结构和组成受土壤理化性质的影响^[52]. 本研究中, 土壤 ORP 与放线菌门、浮霉菌门、芽单胞菌门、硝化螺旋菌门和酸杆菌门等优势细菌群落存在正相关关系, 这与前人的研究结果相似, 其原因可能与三峡库区消落带特殊的环境条件有关, 消落带为水陆交错地带, 干湿交替的土壤环境使土壤氧化还原电位处于一个不断变化的状态^[53], 而土壤细菌也对此种环境有着一定的适应性. RDA 分析表明, 土壤 URE、pH 值、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 和 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 等是影响落羽杉土壤细菌群落组成的关键因子, 其中土壤脲酶对细菌群落影响最大. 脲酶与土壤氮素有效性密切相关, 其活性常用于表征土壤有机氮的矿化强度^[54]. 土壤 pH 值在生物地球化学循环中起着重要作用, 是影响细菌分布的重要因子^[55], 而土壤

NH_4^+ -N和 NO_3^- -N是土壤中主要的氮源^[56],其含量也会影响细菌组成。

3.4 落羽杉土壤细菌功能特征

本研究基于 KEGG 数据库,利用 PICRUSt2 预测 16S rRNA 基因序列的群落功能^[15],并进一步比较了不同时期落羽杉土壤样本在 OTU 水平上的功能及代谢途径的差异。落羽杉土壤细菌在一级功能分为 6 类,其中,代谢是落羽杉土壤细菌群落中普遍存在的基本功能,这与前人在根际和非根际土壤^[57]微生物群落的研究中相对应。代谢途径中所包括的氨基酸代谢、碳水化合物代谢、脂质代谢和能量代谢等途径与土壤 C、N 和 P 等元素循环有关。落羽杉根际土壤中氨基酸代谢相关丰度在 T3 时期最高,表明该时期落羽杉土壤中 N 的降解更为活跃,T3 时期正值秋季,温度和水分等外界条件适宜,这也与落羽杉在 T1 时期 α 多样性表现出最大值相符合,进一步证明了土壤细菌的高丰富度会促进氨基酸代谢等活动的进行。此外,土壤微生物通过一系列反应提高了磷对植物的有效性^[58],木本植物在 T3 时期表现出较高的脂类化合物代谢过程,也证明了其在磷素转化与利用方面的重要作用。而能量代谢则包括了与碳固定、氮和硫代谢有关的途径,落羽杉土壤在 T1 时期较高的能量代谢丰度证明了其土壤在某种程度上参与了与矿物元素的生物地球化学循环。

尽管 PICRUSt2 功能预测能够对细菌功能进行分析,但其预测范围基于数据库的大小,存在一定局限性^[59],后续将结合宏基因组技术,对土壤细菌与适生植物的相互作用机制进行进一步的研究。

4 结论

(1) 土壤理化性质、酶活性在不同时期存在一定差异性,土壤 pH 值、URE、 NO_3^- -N 和 NH_4^+ -N 对细菌群落组成有较大影响。时间变化引起的土壤理化、酶活性的变化对细菌群落组成有一定的驱动作用,而不同时期土壤细菌的群落组成也能在一定程度上反映该时期的土壤理化性质。

(2) 变形菌门和酸杆菌门是落羽杉土壤中的优势细菌门类,在消落带适生植物的土壤改良、养分循环及逆境适应等过程中发挥着重要作用。落羽杉根际土壤细菌 α 多样性均表现为: T1 > T2 > T3,而非根际细菌 α 多样性指数表现为: T3 > T1 > T2,表明根际、非根际土壤细菌对时间变化的响应不同。

(3) 落羽杉土壤细菌中共发现来自 6 个代谢通路的 45 个子功能类群,一级功能层中代谢居主导地位。在二级功能层中,与 C、N 和 P 相关的代谢途径主要包括氨基酸代谢、碳水化合物代谢、脂类化合

物代谢和能量代谢等过程,各代谢途径存在一定的时间差异,说明了土壤微生物群落通过改变其代谢活动来响应植物的生长。

参考文献:

- [1] Clerici N, Paracchini M L, Maes J. Land-cover change dynamics and insights into ecosystem services in European stream riparian zones[J]. *Ecohydrology & Hydrobiology*, 2014, **14**(2): 107-120.
- [2] 白宝伟,王海洋,李先源,等. 三峡库区淹没区与自然消落区现存植被的比较[J]. *西南农业大学学报(自然科学版)*, 2005, **27**(5): 684-687, 691.
Bai B W, Wang H Y, Li X Y, et al. A comparative study of the plant community of the future water-level-fluctuating zone and the natural water-level-fluctuating zone in the three-gorges reservoir [J]. *Journal of Southwest Agricultural University (Natural Science)*, 2005, **27**(5): 684-687, 691.
- [3] Yan T M, Yang L Z, Campbell C D. Microbial biomass and metabolic quotient of soils under different land use in the Three Gorges Reservoir area[J]. *Geoderma*, 2003, **115**(1-2): 129-138.
- [4] Yang Y, Li C. Photosynthesis and growth adaptation of *Pterocarya stenoptera* and *Pinus elliottii* seedlings to submergence and drought[J]. *Photosynthetica*, 2016, **54**(1): 120-129.
- [5] Zhang Q F, Lou Z P. The environmental changes and mitigation actions in the Three Gorges Reservoir region, China [J]. *Environmental Science & Policy*, 2011, **14**(8): 1132-1138.
- [6] Li C X, Zhong Z C, Geng Y H, et al. Comparative studies on physiological and biochemical adaptation of *Taxodium distichum* and *Taxodium ascendens* seedlings to different soil water regimes [J]. *Plant and Soil*, 2010, **329**(1): 481-494.
- [7] Wang C Y, Li C X, Wei H, et al. Effects of long-term periodic submergence on photosynthesis and growth of *Taxodium distichum* and *Taxodium ascendens* saplings in the hydro-fluctuation zone of the three gorges reservoir of China [J]. *PLoS One*, 2016, **11**(9), doi: 10.1371/journal.pone.0162867.
- [8] Yang F, Wang Y, Chan Z. Perspectives on screening winter-flood-tolerant woody species in the riparian protection forests of the three gorges reservoir [J]. *PLoS One*, 2014, **9**(9), doi: 10.1371/journal.pone.0108725.
- [9] Ren Q S, Song H, Yuan Z X, et al. Changes in soil enzyme activities and microbial biomass after revegetation in the Three Gorges Reservoir, China [J]. *Forests*, 2018, **9**(5), doi: 10.3390/f9050249.
- [10] Cui Y X, Fang L C, Guo X B, et al. Ecoenzymatic stoichiometry and microbial nutrient limitation in rhizosphere soil in the arid area of the northern Loess Plateau, China [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **116**: 11-21.
- [11] Stone M M, DeForest J L, Plante A F. Changes in extracellular enzyme activity and microbial community structure with soil depth at the Luquillo Critical Zone Observatory [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **75**: 237-247.
- [12] Yu Y, Wang H, Liu J, et al. Shifts in microbial community function and structure along the successional gradient of coastal wetlands in Yellow River Estuary [J]. *European Journal of Soil Biology*, 2012, **49**: 12-21.
- [13] Zheng B H, Wang L P, Liu L S. Bacterial community structure and its regulating factors in the intertidal sediment along the Liaodong Bay of Bohai Sea, China [J]. *Microbiological Research*, 2014, **169**(7-8): 585-592.
- [14] Landesman W J, Nelson D M, Fitzpatrick M C. Soil properties

- and tree species drive β -diversity of soil bacterial communities [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **76**: 201-209.
- [15] Langille M G I, Zaneveld J, Caporaso J G, *et al.* Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences [J]. *Nature Biotechnology*, 2013, **31** (9): 814-821.
- [16] 厉桂香, 马克明. 北京东灵山树线处土壤细菌的 PICRUSt 基因预测分析[J]. *生态学报*, 2018, **38**(6): 2180-2186.
Li G X, Ma K M. PICRUSt-based predicted metagenomic analysis of treeline soil bacteria on Mount Dongling, Beijing [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, **38**(6): 2180-2186.
- [17] 丁钰珮, 杜宇佳, 高广磊, 等. 呼伦贝尔沙地樟子松人工林土壤细菌群落结构与功能预测 [J]. *生态学报*, 2021, **41** (10): 4131-4139.
Ding Y P, Du Y J, Gao G L, *et al.* Soil bacterial community structure and functional prediction of *Pinus sylvestris* var. *mongolica* plantations in the Hulun Buir Sandy Land [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2021, **41**(10): 4131-4139.
- [18] Zhang C, Li J, Wang J, *et al.* Decreased temporary turnover of bacterial communities along soil depth gradient during a 35-year grazing exclusion period in a semiarid grassland [J]. *Geoderma*, 2019, **351**: 49-58.
- [19] Li H, Chi Z F, Li J L, *et al.* Bacterial community structure and function in soils from tidal freshwater wetlands in a Chinese delta: Potential impacts of salinity and nutrient [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **696**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.134029.
- [20] Zhang X W, Zhang L Z, Zhang L H, *et al.* Comparison of rhizosphere bacterial communities of reed and *Suaeda* in Shuangtaizi River Estuary, Northeast China [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2019, **140**: 171-178.
- [21] Fang J H, Yang R R, Cao Q Q, *et al.* Differences of the microbial community structures and predicted metabolic potentials in the lake, river, and wetland sediments in Dongping Lake Basin [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2020, **27**(16): 19661-19677.
- [22] 孙峰, 田伟, 张菲, 等. 丹江口库区库滨带植被土壤细菌群落多样性及 PICRUSt 功能预测分析 [J]. *环境科学*, 2019, **40** (1): 421-429.
Sun F, Tian W, Zhang F, *et al.* Composition and predictive functional analysis of rhizosphere bacterial communities in riparian buffer strips in the Danjiangkou Reservoir, China [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(1): 421-429.
- [23] 张菲, 田伟, 孙峰, 等. 丹江口库区表层浮游细菌群落组成与 PICRUSt 功能预测分析 [J]. *环境科学*, 2019, **40** (3): 1252-1260.
Zhang F, Tian W, Sun F, *et al.* Community structure and predictive functional analysis of surface water bacterioplankton in the Danjiangkou Reservoir [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(3): 1252-1260.
- [24] 张宇, 左剑恶, 王丝可, 等. 滇池水中细菌和古菌氮代谢功能基因的空间分布 [J]. *环境科学*, 2020, **41** (6): 2908-2917.
Zhang Y, Zuo J E, Wang S K, *et al.* Spatial distribution of nitrogen metabolism functional genes of eubacteria and archaeobacteria in Dianchi Lake [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(6): 2908-2917.
- [25] 任庆水, 马朋, 李昌晓, 等. 三峡库区消落带落羽杉 (*Taxodium distichum*) 与柳树 (*Salix matsudana*) 人工植被对土壤营养元素含量的影响 [J]. *生态学报*, 2016, **36** (20): 6431-6444.
Ren Q S, Ma P, Li C X, *et al.* Effects of *Taxodium distichum* and *Salix matsudana* on the contents of nutrient elements in the hydro-fluctuation belt of the Three Gorges Reservoir Area [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, **36**(20): 6431-6444.
- [26] 杨文航, 任庆水, 李昌晓, 等. 三峡库区消落带落羽杉与立柳林土壤微生物量碳氮磷动态变化 [J]. *生态学报*, 2019, **39**(5): 1496-1506.
Yang W H, Ren Q S, Li C X, *et al.* Dynamic changes in soil microbial biomass carbon, nitrogen and phosphorus of *Taxodium distichum* and *Salix matsudana* plantation in the hydro-fluctuation belt of the Three Gorges Reservoir Region [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, **39**(5): 1496-1506.
- [27] 王婷, 魏虹, 周翠, 等. 落羽杉根系有机酸与 NSC 代谢对三峡消落带水位变化的响应 [J]. *生态学报*, 2018, **38** (9): 3004-3013.
Wang T, Wei H, Zhou C, *et al.* Responses of root organic acids and nonstructural carbohydrates of *Taxodium distichum* to water-level changes in the hydro-fluctuation belt of the Three Gorges Reservoir [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, **38** (9): 3004-3013.
- [28] 高雨秋, 戴晓琴, 王建雷, 等. 亚热带人工林下植被根际土壤酶化学计量特征 [J]. *植物生态学报*, 2019, **43** (3): 258-272.
Gao Y Q, Dai X Q, Wang J L, *et al.* Characteristics of soil enzymes stoichiometry in rhizosphere of understory vegetation in subtropical forest plantations [J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2019, **43** (3): 258-272.
- [29] 杨贵明. 土壤有机质的光度法测定 [J]. *土壤肥料*, 1987, (1): 43-44.
- [30] Spohn M, Widdig M. Turnover of carbon and phosphorus in the microbial biomass depending on phosphorus availability [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, **113**: 53-59.
- [31] 关松荫. 土壤酶及其研究法 [M]. 北京: 农业出版社, 1986.
- [32] Caporaso J G, Kuczynski J, Stombaugh J, *et al.* QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data [J]. *Nature Methods*, 2010, **7**(5): 335-336.
- [33] Magoč T, Salzberg S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies [J]. *Bioinformatics*, 2011, **27**(21): 2957-2963.
- [34] Douglas G M, Maffei V J, Zaneveld J, *et al.* PICRUSt2: An improved and customizable approach for metagenome inference [J]. *bioRxiv*, 2019, doi: 10.1101/672295.
- [35] Kanehisa M, Goto S. KEGG: kyoto encyclopedia of genes and genomes [J]. *Nucleic Acids Research*, 2000, **28**(1): 27-30.
- [36] Carney K M, Matson P A. The influence of tropical plant diversity and composition on soil microbial communities [J]. *Microbial Ecology*, 2006, **52**(2): 226-238.
- [37] Zhang X W, Ji Z, Shao Y T, *et al.* Seasonal variations of soil bacterial communities in *Suaeda* wetland of Shuangtaizi River estuary, Northeast China [J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2020, **97**: 45-53.
- [38] 杨阳, 刘秉儒. 荒漠草原不同植物根际与非根际土壤养分及微生物量分布特征 [J]. *生态学报*, 2015, **35** (22): 7562-7570.
Yang Y, Liu B R. Distribution of soil nutrient and microbial biomass in rhizosphere versus non-rhizosphere area of different plant species in desertified steppe [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, **35**(22): 7562-7570.
- [39] 胡芳, 杜虎, 曾馥平, 等. 典型喀斯特峰丛洼地不同植被恢复对土壤养分含量和微生物多样性的影响 [J]. *生态学报*, 2018, **38**(6): 2170-2179.

- Hu F, Du H, Zeng F P, *et al.* Dynamics of soil nutrient content and microbial diversity following vegetation restoration in a typical karst peak-cluster depression landscape [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, **38**(6): 2170-2179.
- [40] Chen Y, Jiang Y M, Huang H Y, *et al.* Long-term and high-concentration heavy-metal contamination strongly influences the microbiome and functional genes in Yellow River sediments [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **637-638**: 1400-1412.
- [41] 刘晓华, 魏天兴. 高通量测序分析黄土高原退耕还林区土壤细菌群落特征 [J]. *环境科学*, 2021, **42**(9): 4489-4499.
- Liu X H, Wei T X. High-throughput sequencing analysis of soil bacterial community in the grain for green project areas of the Loess Plateau [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(9): 4489-4499.
- [42] Delgado-Baquerizo M, Oliverio A M, Brewer T E, *et al.* A global atlas of the dominant bacteria found in soil [J]. *Science*, 2018, **359**(6373): 320-325.
- [43] Cao H Y, Du Y J, Gao G L, *et al.* Afforestation with *Pinus sylvestris* var. *mongolica* remodelled soil bacterial community and potential metabolic function in the Horqin desert [J]. *Global Ecology and Conservation*, 2021, **29**, doi: 10.1016/j.gecco.2021.e01716.
- [44] Lopez B R, Bashan Y, Trejo A, *et al.* Amendment of degraded desert soil with wastewater debris containing immobilized *Chlorella sorokiniana* and *Azospirillum brasilense* significantly modifies soil bacterial community structure, diversity, and richness [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2013, **49**(8): 1053-1063.
- [45] Chen J, Rui Y C, Zhou X, *et al.* Determinants of the biodiversity patterns of ammonia-oxidizing archaea community in two contrasting forest stands [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2016, **16**(3): 878-888.
- [46] Karst J, Gaster J, Wiley E, *et al.* Stress differentially causes roots of tree seedlings to exude carbon [J]. *Tree Physiology*, 2016, **37**(2): 154-164.
- [47] Xiong J B, Liu Y Q, Lin X G, *et al.* Geographic distance and pH drive bacterial distribution in alkaline lake sediments across Tibetan Plateau [J]. *Environmental Microbiology*, 2012, **14**(9): 2457-2466.
- [48] Michaud L, Lo Giudice A, Troussellier M, *et al.* Phylogenetic characterization of the heterotrophic bacterial communities inhabiting a marine recirculating aquaculture system [J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2009, **107**(6): 1935-1946.
- [49] Neumann G. Root exudates and nutrient cycling [A]. Marschner P, Rengel Z (Eds.). *Nutrient Cycling in Terrestrial Ecosystems Terrestrial Ecosystem* [M]. Berlin Heidelberg: Springer, 2007. 123-157.
- [50] 李君锋, 杨建文, 杨婷婷, 等. 甘肃玛曲高寒草甸土壤微生物季节变化特性的研究 [J]. *草业科学*, 2012, **29**(2): 189-197.
- Li J F, Yang J W, Y T T, *et al.* Seasonal dynamics of soil microbes and their relationship with soil physicochemical factors in alpine meadow in Maqu of Gansu [J]. *Pratacultural Science*, 2012, **29**(2): 189-197.
- [51] 吴林坤, 林向民, 林文雄. 根系分泌物介导下植物-土壤-微生物互作关系研究进展与展望 [J]. *植物生态学报*, 2014, **38**(3): 298-310.
- Wu L K, Lin X M, Lin W X. Advances and perspective in research on plant-soil-microbe interactions mediated by root exudates [J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2014, **38**(3): 298-310.
- [52] Philippot L, Raaijmakers J M, Lemanceau P, *et al.* Going back to the roots: the microbial ecology of the rhizosphere [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2013, **11**(11): 789-799.
- [53] Hua J F, Feng Y Z, Jiang Q, *et al.* Shift of bacterial community structure along different coastal reclamation histories in Jiangsu, Eastern China [J]. *Scientific Reports*, 2017, **7**(1), doi: 10.1038/s41598-017-10608-3.
- [54] 殷全玉, 郭夏丽, 赵铭钦, 等. 延边地区三种类型植烟土壤酶活力、速效养分根际效应研究 [J]. *土壤*, 2012, **44**(6): 960-965.
- Yin Q Y, Guo X L, Zhao M Q, *et al.* Study on tobacco rhizosphere effects of soil enzyme activities and available nutrients in three soil types in Yanbian [J]. *Soils*, 2012, **44**(6): 960-965.
- [55] Chu H Y, Fierer N, Lauber G L, *et al.* Soil bacterial diversity in the Arctic is not fundamentally different from that found in other biomes [J]. *Environmental Microbiology*, 2010, **12**(11): 2998-3006.
- [56] Nguyen L T T, Osanai Y, Lai K T, *et al.* Responses of the soil microbial community to nitrogen fertilizer regimes and historical exposure to extreme weather events: Flooding or prolonged-drought [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **118**: 227-236.
- [57] Lin W X, Wu L K, Lin S, *et al.* Metaproteomic analysis of ratoon sugarcane rhizospheric soil [J]. *BMC Microbiology*, 2013, **13**(1), doi: 10.1186/1471-2180-13-135.
- [58] Chakraborty P, Tribedi P. Functional diversity performs a key role in the isolation of nitrogen-fixing and phosphate-solubilizing bacteria from soil [J]. *Folia Microbiologica*, 2019, **64**(3): 461-470.
- [59] 闫冰, 付嘉琦, 夏嵩, 等. 厌氧氨氧化启动过程细菌群落多样性及 PICRUSt2 功能预测分析 [J]. *环境科学*, 2021, **42**(8): 3875-3885.
- Yan B, Fu J Q, Xia S, *et al.* Diversity and PICRUSt2-based predicted functional analysis of bacterial communities during the start-up of ANAMMOX [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(8): 3875-3885.

CONTENTS

Research Progress of SOA Formation from Anthropogenic VOCs Under Complex Pollution Condition	CHEN Tian-zeng, LIU Jun, MA Qing-xin, <i>et al.</i>	(1201)
Advances in Microbial Degradation and Transformation of Per- and Polyfluoroalkyl Substances (PFASs)	SUN Hong-wen, FANG Bo, CHEN Hao, <i>et al.</i>	(1214)
Research Progress on Remote Sensing Monitoring of Lake Water Quality Parameters	WANG Si-meng, QIN Bo-qiang	(1228)
Research Progress on Trojan-horse Effect of Microplastics and Heavy Metals in Freshwater Environment	ZHAO Wei-gao, TIAN Yi-mei, ZHAO Peng, <i>et al.</i>	(1244)
Temporal and Spatial Characteristics of Net CO ₂ Emissions and Decoupling Analysis in Yangtze River Economic Belt	WU Yi-fan, XU Yang, TANG Yang-bo, <i>et al.</i>	(1258)
Changes in Land Use Carbon Emissions and Coordinated Zoning in China	LI Yuan-yuan, WEI Wei, ZHOU Jun-ju, <i>et al.</i>	(1267)
Multi-dimensional Analysis of the Synergistic Effect of Pollution Reduction and Carbon Reduction in Tianjin Based on the STIRPAT Model	LIU Mao-hui, YUE Ya-yun, LIU Sheng-nan, <i>et al.</i>	(1277)
Railway Emission Trends in China Based on Fuel Life Cycle Analysis	TONG Hui, FAN Zhao-yang, LIANG Xiao-yu, <i>et al.</i>	(1287)
Pollution Characteristics of PM _{2.5} Chemical Composition in Zhejiang Province	ZHOU Jing-qing, YU Lei, CHEN Shu-xin, <i>et al.</i>	(1297)
Seasonal Variations, Size Distributions, and Sources of Chemical Components of Submicron Particulate Matter in Nanjing	XU Zhen-qi, SHANG Yue, DING Feng, <i>et al.</i>	(1310)
Seasonal Variations and Source Apportionment of Carbonaceous Components in Luoyang: Implication for Brown Carbon Contribution	YAN Guang-xuan, HOU Ming-yang, ZHANG Pu-zhen, <i>et al.</i>	(1319)
Establishment and Spatial Distribution of S/IVOCs Emission Inventory in Jiangsu Province in 2019	SONG Tong-ai, ZHANG Jia-ying, GUAN Lu, <i>et al.</i>	(1328)
Compositional Characteristics of Volatile Organic Compounds in Typical Industrial Areas of the Pearl River Delta: Importance of Oxygenated Volatile Organic Compounds	SONG Xin, YUAN Bin, WANG Si-hang, <i>et al.</i>	(1336)
Evolution and Characteristics of Full-process Vehicular VOCs Emissions in Tianjin from 2000 to 2020	SUN Lu-na, ZHONG Chong-zhi, SUN Shi-da, <i>et al.</i>	(1346)
Port-owned Mobile Source Air Pollutant Emission Inventory	XU Xiao-fan, WANG Bao-qing, WU Jun-cheng, <i>et al.</i>	(1357)
Simulation and Regulation of Sustainable Utilization of Water Resources in China Based on Improved Water Resources Ecological Footprint Model	OUYANG Xing-tao, LIAO Hao-yu, JIANG Qiu-xiang, <i>et al.</i>	(1368)
Occurrence Distribution and Risk Assessment of Organophosphate Esters in A Typical Area of the Estuary in the Yellow River Basin	CAO Miao, GUO Chang-sheng, ZHANG Heng, <i>et al.</i>	(1378)
Pollution Characteristics of Organochlorine Pesticides in Water and Sediments of Huixian Karst Wetland in Guilin	YU Yue, XING Xin-li, CHENG Cheng, <i>et al.</i>	(1387)
Risk Assessment and Source Analysis of Heavy Metal Pollution in Surface Sediments from Major River Systems in Maoming City, Guangdong Province	CHEN Xiao-xia, ZHANG Min, LI Bei, <i>et al.</i>	(1397)
Temporal-spatial Distribution and Health Risk Assessment of Heavy Metals in the Surface Water of Ningbo	XU Mei-juan, YANG Jia, REN Xiao-jing, <i>et al.</i>	(1407)
Analysis of Water Chemistry Characteristics and Hydraulic Relationships of Different Water Bodies in Typical Mountain-oasis Systems in the Northwest Inland Area	WANG Shi-yu, SUN Cong-jian, CHEN Wei, <i>et al.</i>	(1416)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Pore-water in the Middle and Upper Reaches of Muwen River	LIU Yuan-qing, ZHOU Le, LÜ Lin, <i>et al.</i>	(1429)
Spatial-temporal Variation in Groundwater Quality and the Contamination Source Analysis in Shihezi-Changji Area	DING Qi-zhen, ZHOU Jin-long, JI Yan-zhen, <i>et al.</i>	(1440)
Analysis of Mechanism and Start-up Thresholds of Seasonal Algal Blooms in a Northern Eutrophic Stratified Reservoir	WEN Cheng-cheng, HUANG Ting-lin, KONG Chang-hao, <i>et al.</i>	(1452)
Characteristics of Benthic Diatom Community Structure and Water Ecological Health Evaluation in the Lalin River Basin	SHAN Tao, YUAN An-long, HUANG Zi-ni, <i>et al.</i>	(1465)
Bacterioplankton Communities and Assembly Mechanisms in Wet Season of Lakes, Nanchang	GAO Peng-fei, WANG Peng, HUANG Yi, <i>et al.</i>	(1475)
Seasonal Variation and Influencing Factors of Bacterial Communities in Storage Reservoirs	DING Ning, YANG Ying-ying, WAN Nian-xin, <i>et al.</i>	(1484)
Vertical Distribution and Source Tracking Analysis of Bacteria Composition and Nitrogen Metabolism Function of a Typical Urban Inland River	TAN Qiu-yang, LÜ Jin-yan, BAI Xian-yu, <i>et al.</i>	(1497)
Contribution Analysis of External Source Pollution Load and Environmental Capacity Estimation of Reservoirs in Central Yunnan Plateau	GUO Yu-jing, LI Hong-bing, WANG Shu-ming, <i>et al.</i>	(1508)
Preparation of Narrow Pore Diameter Phosphorus Containing Cotton Stalk Carbon and Its Adsorption Mechanism for Tetracycline	ZENG Shao-yi, LI Kun-quan	(1519)
Preparation of High Specific Surface Thiourea Modified Peanut Shell Carbon and Adsorption of Tetracycline and Copper	MIN Bing-kun, LI Kun-quan	(1528)
Distribution Characteristics of Antibiotic Resistance Genes on Different Water Supply Pipes	LIU Chen-xu, BAI Xiao-hui	(1537)
Effects of Vegetation Restoration on Soil Organic Carbon Sequestration and Aggregate Stability in Water-Eroded Environment: A Meta-analysis	YANG Rui-zhe, YANG Shi-long, WENG Xi-zhe, <i>et al.</i>	(1542)
Effects of Warming and Fertilization on Soil Organic Carbon and Its Labile Components in Rice-wheat Rotation	DENG Xu-zhe, HAN Chen, XUE Li-xiang, <i>et al.</i>	(1553)
Horizontal Variation Characteristics of Alpine Grassland Soil Function and Vertical Changes Along Soil Genetic Horizons in the Three-River Headwaters Region	LI Bo-jian, SHEN Cong-cong, LIU Si-yi, <i>et al.</i>	(1562)
CH ₄ Fluxes and Their Comprehensive Greenhouse Effects with CO ₂ Fluxes in Direct-seeded Rice in Poyang Lake Plain	SHI Yuan-zhi, CUI Yuan-lai, CAI Shuo, <i>et al.</i>	(1572)
Vertical Pollution Characteristics and Source Analysis of Soil PAHs in Different Land Use Types	ZHOU Zhi-yan, ZHANG Xiu-xiu, WANG Fei, <i>et al.</i>	(1583)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Per- and Polyfluoroalkyl Substances and Emerging Alternatives in Road Dust, Shijiazhuang	LI Peng-fei, WANG Yuan, YANG Chen, <i>et al.</i>	(1593)
Spatial Distribution Characteristics and Assessment of Heavy Metal Pollution in Cultivated Soil of Agricultural Small Watershed in Typical Mining Area in South China	YANG Yu, GUO Ting-ting, LIU Xiao-li, <i>et al.</i>	(1602)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Heavy Metals in Vegetable Field in the Three Gorges Reservoir Area (Chongqing Section)	SHI Yu-jia, FANG Lin-fa, FANG Biao, <i>et al.</i>	(1611)
Accumulation Characteristics and Influencing Factors of Heavy Metals in Cultivated Land Surface Soil in Lanzhou	KANG Le, PENG Xin-bo, MA Yan-long, <i>et al.</i>	(1620)
Enrichment Characteristics, Source Apportionment, and Risk Assessment of Heavy Metals in the Industrial and Mining Area of Northern Guangdong Province	WANG Yue, MO Li, YU Xin-xiao, <i>et al.</i>	(1636)
Spatial Distribution Characteristics and Source Analysis of Heavy Metals in Soil of a Lead Plant in Sanmenxia	LU Xiao-hui, YU Fang-zhong, FAN Yi-ming, <i>et al.</i>	(1646)
Distribution Characteristics and Pollution Assessment of Heavy Metals in Soils of a Testing Range	WANG Shi-yu, LI Chun, ZHAO Hong-wei, <i>et al.</i>	(1657)
Effectiveness and Mechanisms of Chemical Leaching Combined with Electrokinetic Technology on the Remediation of Heavy Metal Contaminated Soil	MA Qiang, WEI Ze-bin, WU Qi-tang	(1668)
Emission Characteristics and Control of Heavy Metals in Secondary Copper Smelting Process	LIN Bing-cheng, WU Guang-long, ZHENG Ming-hui, <i>et al.</i>	(1678)
Heavy Metal Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Soil-crops System in Anhui Section of the Yangtze River Basin	LIU Hai, WEI Wei, HUANG Jian-min, <i>et al.</i>	(1686)
In-situ Remediation Effect of Cadmium-polluted Agriculture Land Using Different Amendments Under Rice-wheat Rotation	ZHANG Lu, TANG Chan, YU Hai-ying, <i>et al.</i>	(1698)
Effect and Persistent Effect of Thiolated Montmorillonite on Safe Production in Cadmium-contaminated Cropland	FENG Xian-cui, CHEN Ya-gang, JIAO Hong-peng, <i>et al.</i>	(1706)
Effects of Earthworm, Straw, and Citric Acid on the Remediation of Zn, Pb, and Cd Contaminated Soil by <i>Solanum photeinocarpum</i> and <i>Pterocypselia indica</i>	CHEN Min-ni, NIE Xiao-qi, ZHANG Xing-feng, <i>et al.</i>	(1714)
Availability of Se-rich Arable Land in High Geological Background Area and Suggestions for Zoning	WANG Rui, LI Yu, YU Jing, <i>et al.</i>	(1727)
Characteristics and Causes of Ge Enrichment in Vegetable Growing Areas of Beixintun Town, Zhangjiakou City	AN Yong-long, YIN Xiu-lan, JIN Ai-fang, <i>et al.</i>	(1735)
Structural Diversity and Its Temporal Variation in the Soil Bacterial Community Under Plantations of <i>Taxodium distichum</i> in the Riparian Zone of the Three Gorges Reservoir Area	TAN Xue, DONG Zhi, ZHANG Li-miao, <i>et al.</i>	(1748)
Effect of the Process of Returning Farmland to Forest in the Loess Hilly Area on Soil Fungal Communities	ZHANG Lei, WANG Qiang, YANG Xin-yue, <i>et al.</i>	(1758)
Effects of Chemical Fertilizer Reduction Substitute with Organic Fertilizer on Soil Functional Microbes and Lemon Yield and Quality	WANG Ying-yan, XIONG Zi-yi, LUO Dong-hai, <i>et al.</i>	(1768)
Dynamic Changes in Antibiotic Resistance Genes During Biological Fermentation of Chicken Manure and Pig Manure	ZHANG Dan, PENG Shuang, WANG Dan-qing, <i>et al.</i>	(1780)
Effects of Cow Manure Application on Soil Microbial Community in Farmland	ZHANG Ya-li, GUO Xiao-ming, HU Hui, <i>et al.</i>	(1792)