

目次

气候变化对中国夏季臭氧影响	胡安琪, 谢晓栋, 龚康佳, 侯宇晖, 胡建林 (1801)
基于 EOF 分解和 KZ 滤波的 2019~2021 年中国臭氧时空变化及驱动因素分析	王浩琪, 张裕芬, 罗忠伟, 王艳阳, 戴启立, 毕晓辉, 吴建会, 冯银厂 (1811)
华北工业城市夏季大气臭氧生成机制及减排策略	郑镇森, 窦建平, 张国涛, 李丽明, 徐勃, 杨文, 白志鹏 (1821)
2015~2020 年中国城市 PM _{2.5} -O ₃ 复合污染时空演变特征	牛笑笑, 钟艳梅, 杨璐, 易嘉慧, 慕航, 吴倩, 洪松, 何超 (1830)
2015~2021 年京津冀及周边地区 PM _{2.5} 和臭氧复合污染时空特征分析	宋小涵, 燕丽, 刘伟, 贺晋瑜, 王亚晨, 黄同林, 李园园, 陈敏, 孟静静, 侯战方 (1841)
2000~2020 年中国典型经济区 PM _{2.5} 时空变化及其与植被景观格局的关系	徐勇, 李欣怡, 黄雯婷, 郭振东, 盘钰春, 郑志威, 戴强玉 (1852)
北京市核心区冬春季大气离子沉降量特征及来源解析	赵宇, 李贝贝, 黄玉虎, 梁静, 杨洪玲, 秦建平, 朱玲 (1865)
南京近郊农田大气颗粒物及金属干沉降输入特征	刘翠英, 靳浩, 樊建凌 (1873)
西安冬季 PM _{2.5} 中不同极性水溶性有机物的污染特征及氧化潜势	罗玉, 黄沙沙, 张甜, 孙健, 沈振兴 (1882)
机动车源和民用燃料源颗粒物中有机碳和元素碳的排放特征	王红磊, 刘思略, 孙杰娟, 刘煥武, 赵天良, 裴宇僊, 可玥, 武自豪, 刘诗云 (1890)
伊犁河谷核心区春季 PM _{2.5} 组分特征及来源解析	谷超, 徐涛, 马超, 伊布提哈尔·加帕尔, 郭丽瑶, 李新琪, 杨文 (1899)
基于高分辨率网格的郑州市城镇居民 PM _{2.5} 暴露浓度与健康风险变化评估	李媛, 徐艺斐, 袁明浩, 苏方成, 王申博, 王克, 张瑞芹 (1911)
基于多源数据融合的河南省建材行业排放清单	刘晓, 胡京南, 王红梅, 杨丽, 张皓 (1924)
开封市城区冬季大气挥发性有机物污染特征及来源解析	施雨其, 郑凯允, 丁玮婷, 刘金平, 陈洪光, 高光, 王玲玲, 王楠, 马双良, 郑瑶, 谢绍东 (1933)
2020 年和 2021 年南京城区臭氧生成敏感性和 VOCs 来源变化分析	陆晓波, 王鸣, 丁峰, 喻义勇, 张哲海, 胡崑 (1943)
北京市城区夏季大气 VOCs 变化特征及臭氧生成潜势	张蕊, 孙雪松, 王裕, 王飞, 罗志云 (1954)
青岛市臭氧污染与非污染期间 VOCs 化学特征及来源解析	贾智海, 顾瑶, 孔翠丽, 宋江邦, 孟赫, 石来元, 吴建会, 刘保双 (1962)
基于总过氧自由基观测研究合肥市西郊夏季 O ₃ 生成特征	俞辉, 韦娜娜, 徐学哲, 刘芊芊, 姚易辰, 赵卫雄, 张为俊 (1974)
“大气十条”政策的节能降碳效果评估与创新中介效应	李少林, 王齐齐 (1985)
北京市减污降碳协同控制情景模拟和效应评估	俞珊, 张双, 张增杰, 翟艳芝, 刘桐坤 (1998)
基于不同排放清单的长三角人为 CO ₂ 排放模拟	马心怡, 黄文晶, 胡凝, 肖薇, 胡诚, 张弥, 曹畅, 赵佳玉 (2009)
武汉汉江水源水质变化趋势及风险分析	卓海华, 姜保峰, 徐杰, 陈洁, 陈杰, 兰秀薇, 范文重, 欧阳雪姣, 兰静 (2022)
长江武汉段水源地典型抗生素及抗性基因污染特征与生态风险评价	李柏林, 张贺, 王俊, 沙雪妮, 陈晓飞, 卓海华 (2032)
陕北矿区典型河流多环芳烃的赋存特征、来源及毒性风险分析	吴喜军, 董颖, 赵健, 刘静, 张亚宁 (2040)
典型湖泊有机聚集体时空特征及驱动因子	谢贵娟, 龚伊, 朱富成, 刘昌利, 卢宝伟, 邓辉, 汤祥明 (2052)
桂林市不同功能型公园水体微塑料的分布特征及风险评估	李沛钊, 吴莉, 黄菲菲, 林才霞, 舒小华, 张倩 (2062)
长江流域浮游植物群落的环境驱动及生态评价	张静, 胡愈圻, 胡圣, 黄杰 (2072)
环境异质性对三峡库区支流香溪河附石硅藻群落的影响及驱动作用	纪璐璐, 赵璐, 欧阳添, 杨宋琪, 郑保海, 杜雨欣, 李玉鑫, 李佳欣, 施军琼, 吴忠兴 (2083)
武汉市 3 种类型湖泊浮游植物群落特点及关键影响因素	张浩坤, 闵奋力, 崔慧荣, 彭雪, 张心怡, 张淑烟, 李竹栖, 葛芳杰, 张璐, 吴振斌, 刘碧云 (2093)
重金属污染对不同生境中微生物群落结构的影响	何一凡, 肖新宗, 王佳文 (2103)
亳清河水体细菌群落的结构和分布特征	王森, 陈建文, 张红, 李君剑 (2113)
微塑料暴露对小棒指软珊瑚 (<i>Sinularia microclavata</i>) 共生细菌群落结构和功能的影响	刘敏, 车文学, 曾映旭, 边伟杰, 吕淑果, 穆军 (2122)
上海市从源头到龙头的饮用水新型污染物分布特征及健康风险评价	严棋 (2136)
铝改性生物炭对水体低浓度氟的吸附特性	刘艳芳, 高玮, 刘蕊, 尹思婕, 张妙雨, 刘晓帅, 李再兴 (2147)
典型雌激素在微塑料上的吸附特征及位点能量分布	刘姜艳, 郑密密, 胡嘉梧, 柳玉荣, 贺德春, 潘杰 (2158)
面向工业园区废水臭氧氧化深度处理性能评价的模型污染物选择与评估	辛勃, 单超, 吕路 (2168)
基于地理探测器和多源数据的耕地土壤重金属来源驱动因子及其交互作用识别	张宏泽, 崔文刚, 刘绥华, 崔瀚文, 黄月美 (2177)
基于 APCS-MLR 和 PMF 模型的煤矸山周边耕地土壤重金属污染特征及源解析	马杰, 沈智杰, 张萍萍, 刘萍, 刘今朝, 孙静, 王玲灵 (2192)
基于蒙特卡罗模拟的铅锌冶炼厂周边农田土壤重金属健康风险评估	黄剑波, 姜登登, 温冰, 王磊, 石佳奇, 周艳 (2204)
基于 BP 神经网络预测北京市加油站周边土壤多环芳烃含量	马赛炎, 魏海英, 马瑾, 刘奇缘, 吴颐杭, 屈雅静, 田雨欣, 赵文浩 (2215)
石家庄市土壤中喹诺酮类抗生素时空分布及其风险评估	赵鑫宇, 陈慧, 赵波, 宋圆梦, 卢梦淇, 崔建升, 张璐璐, 李双江 (2223)
典型黑色岩系地质高背景区土壤和农产品重金属富集特征与污染风险	邓帅, 段佳辉, 宁墨兔, 谭林, 蒲刚, 陈际行, 齐小兵, 蒋尚智, 谢桃园, 刘意章 (2234)
岩溶区不同母质土壤 Cd 地球化学特征及玉米籽实 Cd 含量预测	戴亮亮, 徐宏根, 巩浩, 彭志刚, 肖凯琦, 吴欢欢, 许青阳, 郭军, 汤媛媛, 张俊 (2243)
龙岩市不同利用类型土壤及农作物 Pb、Cd 和 As 污染风险与贡献分析	王蕊, 陈楠, 张二喜 (2252)
小麦籽粒镉含量影响因素 Meta 分析和决策树分析	刘娜, 张少斌, 郭欣宇, 宁瑞艳 (2265)
黄土高原次生林演替过程土壤有机碳库及其化学组成响应特征	刘涵宇, 刘颖异, 张琦, 封伦, 高起乾, 任成杰, 韩新辉 (2275)
短期氮磷添加对祁连山亚高山草地土壤呼吸组分的影响	江原, 甘小玲, 曹丰丰, 赵传燕, 李伟斌 (2283)
黄河源区斑块退化高寒草甸土壤微生物多样性对长期封育的响应	杨鹏年, 李希来, 李成一, 段成伟 (2293)
不同海拔箭筈锦鸡儿根际和非根际土壤细菌群落多样性及 PICRUSt 功能预测	李媛媛, 徐婷婷, 艾喆, 魏庐璐, 马飞 (2304)
模拟酸雨及氮沉降对马尾松林土壤细菌群落结构及其多样性的影响	王楠, 钱少郁, 潘小承, 陈一磊, 白尚斌, 徐飞 (2315)
磷石膏和碱蓬对盐渍化土壤水盐及细菌群落结构的影响	刘月, 杨树青, 张万峰, 姜帅 (2325)
菌渣与化肥配施对稻田土壤微生物群落组成及多样性的影响	耿和田, 王旭东, 石思博, 叶正钱, 周文晶 (2338)
增氧对不同秸秆还田稻田田面水养分动态及温室气体排放的影响	胡锦涛, 薛利红, 钱聪, 魏利祥, 曹帅 (2348)
外源褪黑素对胁迫下水稻幼苗生长和抗氧化系统的影响	储玉檀, 李颜, 黄益宗, 保琼莉, 孙红羽, 黄永春 (2356)
面向 2035 的节能与新能源汽车全生命周期碳排放预测评价	付佩, 兰利波, 陈颖, 郝卓, 邢云翔, 蔡旭, 张春梅, 陈轶嵩 (2365)
农田土壤微塑料分布、来源和行为特征	薄录吉, 李冰, 张凯, 马荣辉, 李彦, 王艳芹, 孙斌, 刘月岩 (2375)
农田土壤除草剂污染的修复技术研究进展	胡芳雨, 安婧, 王宝玉, 徐明恺, 张惠文, 魏树和 (2384)
我国黑土地农田土壤除草剂残留特征研究及展望	李睿, 吴秋梅, 赵归梅, 胡文友, 田康, 黄标, 吴祥为, 刘峰, 赵永存 (2395)
《环境科学》征订启事(1910)	《环境科学》征稿简则(1984)
信息	(2167, 2191, 2324)

模拟酸雨及氮沉降对马尾松林土壤细菌群落结构及其多样性的影响

王楠¹, 钱少郁¹, 潘小承^{1*}, 陈一磊¹, 白尚斌¹, 徐飞²

(1. 浙江农林大学暨阳学院, 绍兴 311800; 2. 西华师范大学环境科学与工程学院, 南充 637002)

摘要: 通过分析酸雨和氮沉降对马尾松林土壤细菌群落结构及多样性的影响, 探究马尾松林对环境胁迫的响应机制, 为天目山国家自然保护区资源管理和保护提供理论参考依据。于 2017 ~ 2021 年在浙江省临安天目山国家级自然保护区设置 4 个酸雨和氮沉降模拟梯度[即 pH 5.5 和 0 kg·(hm²·a)⁻¹, CK; pH 4.5 和 30 kg·(hm²·a)⁻¹, T1; pH 3.5 和 60 kg·(hm²·a)⁻¹, T2; pH 2.5 和 120 kg·(hm²·a)⁻¹, T3]。使用 Illumina MiSeq PE300 二代高通量测序平台对 4 种处理土壤细菌 16S rDNA 进行测序, 分析不同处理土壤细菌群落组成和结构的差异及其影响因素。结果表明, 酸雨和氮沉降显著降低了马尾松林土壤细菌 α 多样性 ($P < 0.05$)。马尾松林土壤由 36 个门类的菌群组成, 酸杆菌门 (Acidobacteria)、变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria) 和绿弯菌门 (Chloroflexi) 为马尾松林土壤的主要细菌门类 (相对丰度 > 1%)。Flavobacterium、Nitrospira、Haliangium、Candidatus_Koribacter、Bryobacter、Occallatibacter、Acidipla、Singulisphaera、Pajaroellobacter 和 Acidothermus 属相对丰度变化显著, 可作为酸雨和氮沉降胁迫下土壤细菌群落变化指示种。土壤 pH 和总氮是土壤细菌群落多样性的两个主要影响因子。由此可见, 酸雨及氮沉降降低马尾松林土壤细菌群落多样性, 微生物多样性的损失将改变生态系统的功能, 降低了生态系统的稳定性。

关键词: 酸雨; 氮沉降; 马尾松林; 土壤细菌; 群落结构

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)04-2315-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202204340

Effects of Simulated Acid Rain and Nitrogen Deposition on Soil Bacterial Community Structure and Diversity in the Masson Pine Forest

WANG Nan¹, QIAN Shao-yu¹, PAN Xiao-cheng^{1*}, CHEN Yi-lei¹, BAI Shang-bin¹, XU Fei²

(1. Jiyang College of Zhejiang Agricultural and Forestry University, Shaoxing 311800, China; 2. College of Environmental Science and Engineering, China West Normal University, Nanchong 637002, China)

Abstract: By analyzing the effects of acid rain and nitrogen deposition on the structure and diversity of soil bacterial communities, the response mechanism of Masson pine forests to environmental stress was investigated, providing a theoretical reference basis for resource management and conservation in Tianmu Mountain National Nature Reserve. Four treatments of the simulated acid rain and nitrogen deposition were set up in 2017 to 2021 in Tianmu Mountain National Nature Reserve (pH value of 5.5 and 0 kg·(hm²·a)⁻¹, CK; pH value of 4.5 and 30 kg·(hm²·a)⁻¹, T1; pH value of 3.5 and 60 kg·(hm²·a)⁻¹, T2; pH value of 2.5 and 120 kg·(hm²·a)⁻¹, T3). The differences in soil bacterial community composition and structure among treatments and their influencing factors were analyzed by collecting soils from four treatments, using the Illumina MiSeq PE300 second-generation high-throughput sequencing platform. The results showed that acid rain and nitrogen deposition significantly reduced soil bacterial α-diversity ($P < 0.05$) in a Masson pine forest. The Masson pine forest soils consisted of 36 phylum groups of mycota, with Acidobacteria, Proteobacteria, Actinobacteria, and Chloroflexi as the main bacterial phyla (relative abundance > 1%) in the Masson pine forest soils. Flavobacterium, Nitrospira, Haliangium, Candidatus_Koribacter, Bryobacter, Occallatibacter, Acidipla, Singulisphaera, Pajaroellobacter, and Acidothermus, which showed significant changes in relative abundance under the four treatments, could be used as indicator species for changes in soil bacterial communities under acid rain and nitrogen deposition stress. Soil pH and total nitrogen were influential factors in the diversity of soil bacterial communities. As a result, acid rain and nitrogen deposition increased the potential ecological risk, and the loss of microbial diversity will change the ecosystem function as well as reduce the stability of the ecosystem.

Key words: acid rain; nitrogen deposition; Masson pine forest; soil bacteria; community diversity

酸雨和氮沉降作为全球性环境问题, 已严重阻碍我国生态环境的发展。目前我国约一半的国土面积受到影响, 是世界第三大酸雨区及氮沉降集中分布区^[1,2], 伴随着工农业的迅速发展, 预测于“碳达峰前”其危害范围与程度将持续扩大。以长三角洲为核心的中东部地区是我国酸雨及氮沉降量较高的地方, 且两者含量均呈上升趋势^[3,4]。2019 年浙江省 81.2% 的城市出现酸雨, 降水的 pH 均值为 5.13, 酸雨频率为 57.1%^[5], 我国东部地区平均氮沉降量已达 50 kg·(hm²·a)⁻¹^[2]。

森林生态系统是陆地生态系统的主体, 也是酸雨及氮沉降的直接承受者。其中, 土壤微生物是森林生态系统植物多样性和生产力的关键驱动因素。作为生态系统中最活跃的分解者, 微生物参与土壤各种生态过程, 驱动森林生态系统中 C、N、P 等营养

收稿日期: 2022-04-28; 修订日期: 2022-07-02

基金项目: 国家自然科学基金项目(31770680); 浙江省自然科学基金项目(LQ19C160013); 浙江农林大学暨阳学院科研训练计划项目(202113283015)

作者简介: 王楠(1981~), 女, 博士, 副教授, 主要研究方向为土壤与环境微生物, E-mail: wangnan198110@163.com

* 通信作者, E-mail: pxc_zafu@163.com

要素迁移转化,其功能多样性能反映出环境胁迫下森林土壤微生物群落的生态特征^[6]. 土壤细菌是土壤微生物的重要类群之一,也是环境变化最敏感的土壤微生物类群,环境条件改变能够使土壤微生物群落结构及功能发生相应的变化^[7],进一步影响森林土壤呼吸以及森林生态系统碳循环过程^[8,9]. 因此,开展酸雨和氮沉降对森林生态系统土壤微生物的影响研究,能够更好的理解地下微生物群落对全球变化的响应.

马尾松(Masson pine)为松属高大乔木,是国内重要乡土造林树种,分布广泛且速生丰产,具有较强的适应性,在造纸工业、林业资源化和生态发展方面起到重要作用,也是保持水土、涵养水源和绿化造林的先锋树种,有研究表明马尾松对酸雨和氮沉降较为敏感,其分布区域酸雨和氮沉降危害较为严重^[10,11]. 大量 H^+ 伴随酸雨输入造成森林土壤酸化,抑制植物根系生物量,影响土壤养分的循环,破坏了森林生态系统稳定性^[11]. 现今,全球性氮沉降的程度逐年增加^[12],氮沉降在土壤酸化中扮演着越来越重要的角色^[13]. NH_4^+ 作为氮沉降的主要形式,在土壤径流中通过硝化作用大部分转化为 NO_3^- ^[14],形成大量酸输入于土壤. 有研究表明当氮沉降大于 $36 \text{ kg} \cdot (\text{hm}^2 \cdot \text{a})^{-1}$ 时,大气中 NH_4^+ 输入量显著上升,促进了氮转化过程中的酸输入,加剧了土壤酸化效应^[15]. 目前,有研究已经探讨了单一类型的酸雨或氮沉降对森林生态系统的影响,但是针对酸雨和氮沉降共同作用对森林土壤微生物群落(尤其是细菌)方面的研究还鲜见报道. 因此为了揭示酸雨和氮沉降共同作用下马尾松林地下生态过程的影响机制,本文通过野外酸雨和氮沉降模拟试验,以浙江省天目山国家级自然保护区马尾松林为研究对象,利用高通量测序技术和生物信息学分析方法,探究不同酸雨和氮沉降处理对天目山国家森林保护区马尾松林的土壤细菌群落组成及结构的影响,并进一步分析土壤细菌群落多样性与环境因子的相互作用关系,以期为天目山国家自然保护区资源管理提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 研究地区概况

研究地位于浙江省杭州临安天目山国家级自然保护区($30^\circ 18' 30'' \sim 30^\circ 21' 37'' \text{N}$, $119^\circ 24' 11'' \sim 119^\circ 27' 11'' \text{E}$),总面积为 $4\,300 \text{ hm}^2$,属于中型野生植物类型自然保护区. 海拔一般在 $300 \sim 1\,500 \text{ m}$ 之间,中亚热带向北亚热带过渡型气候,最冷月气温 $2.6 \sim 3.4^\circ \text{C}$,极端最低气温 -20.2°C ,最热月气温 19.2

$\sim 28.1^\circ \text{C}$,极端最高气温 $29.1 \sim 38.2^\circ \text{C}$. 多年平均降雨量为 $1\,400 \text{ mm}$,多年平均无霜期 $209 \sim 235 \text{ d}$. 保护区内林冠层的主要树种有青冈(*Cyclobalanopsis glance*)、木荷(*Schima superba*)和毛竹(*phyllostachys edulis*)等;灌木层有毛花连蕊茶(*Camellia fraternal*)、山矾(*Symplocos caudate*)和山胡椒(*Lindera glauca*)等;草本层有菊科(Compositae)、禾本科(Gramineae)和鳞毛蕨科(Dryopteridaceae)等植物^[16].

1.2 样地的设计与土壤样品的采集

本试验于2017年3月在浙江省杭州临安天目山国家级自然保护区选取典型的马尾松林地带,海拔 $350 \sim 500 \text{ m}$,坡度 $20^\circ \sim 23^\circ$. 在马尾松林地带沿水平扩张区域设置3块试验样地,在每块样地内,用厚 0.6 cm 、高 50 cm 的PVC板隔成3个 $5 \text{ m} \times 5 \text{ m}$ 的样方,各样方间距大于 5 m ,分别清除样方内地表凋落物和其他杂草. 同一试验样地中的3个样方分别对应4种不同的处理,共计12块模拟试验样方. 根据临安地区酸雨和氮沉降的现状以及其未来可能持续增加发展趋势,设置:CK [$\text{pH} = 5.5$,为当地天然湖水 pH 值; $0 \text{ kg} \cdot (\text{hm}^2 \cdot \text{a})^{-1}$], T1 [$\text{pH} = 4.5$,约为当地自然降水 pH ; $30 \text{ kg} \cdot (\text{hm}^2 \cdot \text{a})^{-1}$,接近临安地区近年来大气N沉降平均水平], T2 [$\text{pH} = 3.5$; $60 \text{ kg} \cdot (\text{hm}^2 \cdot \text{a})^{-1}$] 和 T3 [$\text{pH} = 2.5$; $120 \text{ kg} \cdot (\text{hm}^2 \cdot \text{a})^{-1}$]. 使用 $0.5 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1} \text{ H}_2\text{SO}_4$ 和去离子水调配相应 pH 的模拟硫酸型酸雨,将临安地区月均降雨量的 $2/3$ 设定为模拟酸雨总量,约占全年降雨量的 5.55% ^[17]. 按照临安地区月均降雨量比分配每月模拟酸雨量,喷施于相应样方地表. 2017年3月至2021年3月,每月喷洒3次,每个季度模拟酸雨总量(比例)分别为: 15.89 mm (21.46%)、 29.26 mm (39.52%)、 17.15 mm (23.16%) 和 11.74 mm (15.86%). 以相应质量的 NH_4NO_3 晶体,溶于去离子水,以 NH_4NO_3 溶液喷施样方模拟氮沉降^[18], T1、T2 和 T3 处理喷施 NH_4NO_3 总质量分别为 300 g [$3 \text{ g} \cdot (\text{m}^2 \cdot \text{a})^{-1} \times (5 \text{ m} \times 5 \text{ m}) \times 4 \text{ a}$], 600 g [$6 \text{ g} \cdot (\text{m}^2 \cdot \text{a})^{-1} \times (5 \text{ m} \times 5 \text{ m}) \times 4 \text{ a}$] 和 $1\,200 \text{ g}$ [$12 \text{ g} \cdot (\text{m}^2 \cdot \text{a})^{-1} \times (5 \text{ m} \times 5 \text{ m}) \times 4 \text{ a}$], 将每个处理 NH_4NO_3 晶体的总量大致分为144等份,每次将1份 NH_4NO_3 晶体颗粒溶于 10 L 去离子水中,分别在模拟酸雨喷施 0.5 h 后,将 NH_4NO_3 溶液均匀喷施于相应样方地表,无施氮样方CK处喷洒等量去离子水.

利用5点采样法采集经过4种不同处理的土壤表层土壤样品 0.2 kg ,共计60份土壤样品. 再将各土壤样品分为两份,一份用于检测土壤理化性质,将

其装入无菌自封袋,保存于 4℃ 恒温箱. 另一份用于提取土壤细菌 DNA,将相同样方的土样混合均匀且过 2 mm 筛网后装入无菌自封袋,保存于 - 80℃ 的干冰保温箱.

1.3 土壤理化性质的测定

测定土壤 pH 值通过电位法测定(土水比 = 1: 2.5);土壤全氮(TN)使用碳氮自动分析仪(Vario MAX CN, Elementar, 德国)测定;土壤总有机碳(TOC)使用总有机碳分析仪(TOC-VCPH, SHIMADZ, 日本)测定;采用高纯度去离子水对土壤样品浸提的方法,取上清液过 0.45 μm 滤膜后使用 TOC-VCPH 对水溶性有机碳(DOC)进行测定;碱解氮(AN)通过碱性水解扩散测定;微生物量碳(MBC)和微生物量氮(MBN)通过氯仿熏蒸-K₂SO₄ 浸提法测定.

1.4 土壤细菌 DNA 提取与测序

12 个土样各取 0.5 g,采用 ALFA-SEQ Advanced Soil DNA Kit 试剂盒进行土壤细菌基因组 DNA 抽提,用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 纯度及完整性,用 NanoDropOne 检测 DNA 浓度. PCR 扩增及产物电泳检测以基因组 DNA 为模板,根据测序区域的选择,使用带 barcode 的引物及 PremixTaq 进行 PCR 扩增. 用 GeneTools Analysis Software 对 PCR 产物进行浓度对比,按照等质量原则计算各样品所需体积,将各 PCR 产物进行混合. 使用 E. Z. N. A. ® GelExtractionKit 凝胶回收试剂盒回收 PCR 混合产物,TE 缓冲液洗脱回收目标 DNA 片段. 按照标准流程进行建库操作,利用 Illumina MiSeq PE300 二代高通量测序平台进行高通量测序,得到原始图像数据文件,经碱基识别分析将其转化为原始测序序列,以 FASTQ 文件格式存储. 其中,扩增引物为 16S V4 区引物(338F 和 806R)鉴定细菌多样性.

1.5 生物信息统计与分析

利用 fastp 分别对双端的 Raw Reads 数据进行滑窗质量剪裁;同时,根据序列首尾两端的引物信息,利用 cutadapt 软件去除引物,得到质控后的 paired-end Clean Reads. 对于双端测序数据,需根据 PE reads

间的 overlap 的关系,用 usearch -fastq_mergepairs 过滤不符合的 Tags,获得原始拼接序列. 通过 fastp (an ultra-fast all-in-one FASTQpreprocessor, version 0.14.1, <https://github.com/OpenGene/fastp>) 对 Raw Tags 数据进行滑窗质量剪裁(-W 4-M 20),得到有效的拼接片段(Clean Tags).

在 97% 相似度水平下,使用 USEARCH 对序列进行 OTU 主成分分析,以最小的序列数为标准进行样品序列数取整抽平. 利用 USEARCH-SINTAX (10.0.240) 将每个 OTU 的代表序列与 SILVA (16S)、RDP (16S)、Greengenes (16S)、SILVA (16S)和 Unite(ITS)数据库进行比对获得物种注释信息[置信度阈值默认 0.8 以上,默认数据库 SILVA (16S)、SILVA (18S)和 Unite(ITS)],从而达到了解所有序列物种来源的目的. 通过 USEARCH-ALPHA _ DIV (V10, [http://www. drive5. com/ usearch/](http://www.drive5.com/usearch/))进行 Chao1、Shannon 和 Simpson 等多多样性指数的计算. 用 R 软件进行 α 多样性指数组间差异分析,包括有参数检验和非参数检验. 基于 OTU 丰度表,使用 R 软件的 vegan 软件包根据 bray curtis 距离算法进行 PCoA 分析. 利用 LEfSe 软件进行组间物种的差异显著分析,在通过 non-parametric factorial Kruskal-Wallis (KW) sum-rank test 检测出不同分组间丰度差异显著的物种的基础上,利用成组的 Wilcoxon 秩和检验来进行两两组间差异性判别,最后用 LDA 来实现降维和评估差异显著物种的影响大小. 土壤细菌相对丰度和 α 多样性与土壤生物及化学性质之间的相关性,分别采用 Spearman 法和 Pearson 检验法.

2 结果与分析

2.1 不同处理土壤理化性质及微生物量的差异

由表 1 可见,酸雨及氮沉降处理显著降低了土壤 pH ($P < 0.05$),与 CK 相比,T1、T2 和 T3 中土壤 pH 显著降低,分别下降了 4.43%、12.06% 和 16.24%;土壤总氮、总有机碳、可溶性有机碳和碱解氮含量随着酸雨和氮沉降处理的加剧呈增加的趋

表 1 不同处理对土壤理化性质和微生物量的影响¹⁾

Table 1 Effect of different treatments on soil physicochemical properties and microbial biomass								
处理	pH	ω(TN) /g·kg ⁻¹	ω(SOC) /g·kg ⁻¹	ω(DOC) /mg·kg ⁻¹	ω(AN) /mg·kg ⁻¹	ω(MBC) /mg·kg ⁻¹	ω(MBN) /mg·kg ⁻¹	C/N
T1	4.53 ± 0.06b	2.78 ± 0.03c	16.14 ± 1.35c	148.90 ± 4.23c	213.43 ± 8.60c	380.85 ± 7.76b	86.03 ± 3.82b	5.75 ± 1.05b
T2	4.17 ± 0.09c	3.42 ± 0.09b	18.15 ± 1.13b	157.90 ± 6.85b	241.49 ± 8.49b	338.22 ± 8.30c	75.45 ± 6.42c	5.38 ± 0.82c
T3	3.97 ± 0.05d	4.15 ± 0.08a	20.69 ± 1.23a	167.75 ± 7.73a	265.65 ± 9.01a	273.52 ± 8.90d	46.22 ± 4.33d	5.25 ± 0.79d
CK	4.74 ± 0.07a	2.25 ± 0.07d	14.07 ± 1.23d	141.60 ± 10.00d	175.68 ± 11.09d	448.41 ± 6.03a	102.01 ± 3.51a	6.09 ± 0.80a

1) 不同小写字母表示不同植被类型间差异显著 ($P < 0.05$),数据为平均值 ± 标准差 ($n = 3$),最大平均值标记为 a; TN:全氮(total nitrogen); C/N:碳氮比(ratio of carbon to nitrogen); SOC:土壤有机碳(soil organic carbon); DOC:可溶性有机碳(dissolved organic carbon); AN:碱解氮(alkaline nitrogen); MBC:微生物碳(microbial biomass carbon); MBN:微生物量氮(microbial biomass nitrogen)

势,表现为: $T3 > T2 > T1 > CK$,且差异显著 ($P < 0.05$);与之相反的是,土壤碳氮比、微生物量碳和微生物量氮随着酸雨和氮沉降处理的加剧呈下降的趋势,且在不同处理间差异显著 ($P < 0.05$).

2.2 不同处理土壤细菌 DNA 测序分析

由表 2 可见,12 个土壤样品共检测出 286 743 条高质量序列(与原始序列相同),碱基的平均长度为 372.2 bp,碱基 G 和 C 的数量总和占总的碱基数量的百分比为 56.7%.以 OTU 数与抽样序列数构建稀释性曲线,12 个土壤细菌样品的稀释性曲线均趋于

平坦(图 1),增加测序数据几乎不产生新的 OTU,说明样品份数足够.

全部样地检测到 18 802 个 OTU(图 2),其中 4 种处理共有 585 个 OTU 数,约占 3.1%.4 种处理土壤细菌 OUT 分布数目为: $CK > T1 > T2 > T3$.其中,CK 处理中独有的土壤细菌 OTU 分布数目多达 6 639 个,占全部 OTU 分布的 35.3%,T3 处理中独有的土壤细菌 OTU 分布数目最少共 2 258 个,仅占全部 OTU 分布的 12.0%,T1 和 T2 处理中独有的土壤细菌 OTU 分布数目分别占全部 OTU 分布的 21.5% 和 16.2%.

表 2 土壤细菌测序数据统计

Table 2 Soil bacteria sequencing data statistics

处理	序列数	碱基数/%	平均长度/bp	短序列长度/bp	长序列长度/bp
T1.1	24 849	56.4	372.2	200	429
T1.2	23 345	57.0	372.1	203	426
T1.3	23 748	56.5	372.2	200	431
T2.1	24 051	56.6	372.2	200	429
T2.2	22 760	56.9	372.2	200	431
T2.3	25 539	56.3	371.9	200	430
T3.1	21 171	57.0	372.4	200	430
T3.2	22 081	57.1	372.6	200	431
T3.3	22 261	57.1	372.4	200	431
CK1	24 826	56.8	372.0	203	431
CK2	25 896	56.7	372.1	200	430
CK3	26 216	56.5	372.1	200	423

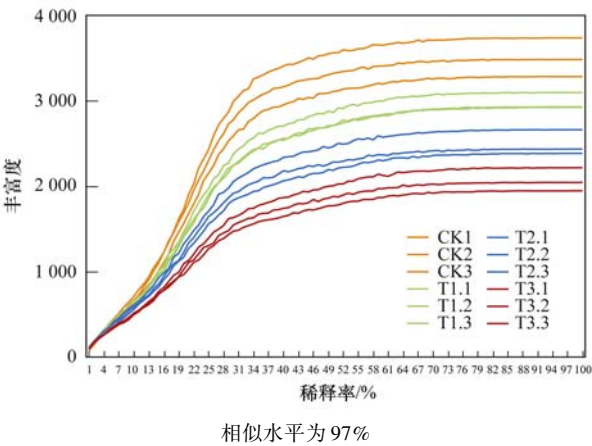
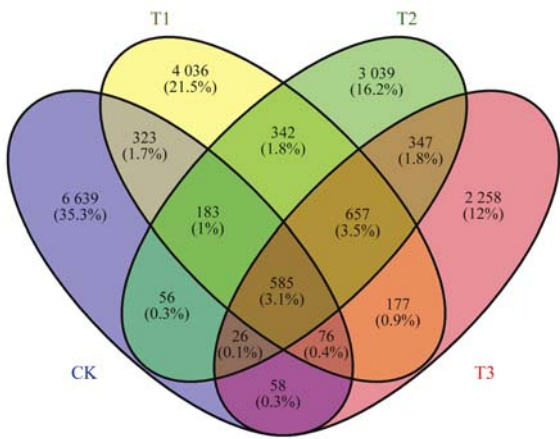


图 1 不同处理条件下土壤细菌 OTU 的稀释曲线

Fig. 1 Rarefaction curves showing the OTU detection bacteria under different treatment conditions

2.3 不同处理土壤细菌 α 多样性

由表 3 可见,在 97% 分类水平下,不同处理间马尾松林土壤细菌的 Chao1 指数和 Shannon 指数均差异显著 ($P < 0.05$).CK 处理中 Simpson 指数最小,Shannon 指数和 Chao1 指数均最大,说明 CK 处理中细菌多样性最大,菌群丰富度最高.各处理土壤样品测序覆盖度最低为 0.990,说明该测序结果能真实反映马尾松林土壤样品细菌的情况.



百分数表示 4 种处理下独有或共有细菌 OUT 数占总 OUT 数(18 802)的比例

图 2 不同处理条件下土壤样品中独有和共有细菌 OTU 数量的文氏图

Fig. 2 Venn diagram showing the number of shared and exclusive OTUs of soil bacteria identified under different treatment conditions

2.4 不同处理土壤细菌群落组成及指示物种差异

在菌门水平上对土壤细菌 OTU 代表序列作分类学分析[图 3(a)],12 个土壤样品的土壤细菌分属 36 个已知菌门.相对丰度 $> 1\%$ 的已知的菌门有 4 个,分别为酸杆菌门(Acidobacteria)、变形菌门

(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi). 其中,变形菌门和绿弯菌门在 CK 处理中最高,酸杆菌门和放线菌门在 T3 处理中最高.

表 3 模拟酸雨和氮沉降处理下的土壤细菌 α 多样性指数¹⁾

处理	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	覆盖率
CK	3 500 ± 226. 98a	10. 07 ± 0. 15a	0. 003 3 ± 0. 000 5b	0. 994 ± 0. 002 3a
T1	2 982 ± 98. 77b	9. 34 ± 0. 09b	0. 006 9 ± 0. 001 0b	0. 992 ± 0. 000 8a
T2	2 492 ± 147. 62c	9. 05 ± 0. 13c	0. 006 1 ± 0. 001 4b	0. 990 ± 0. 001 3a
T3	2 068 ± 136. 68d	8. 24 ± 0. 27d	0. 018 6 ± 0. 010 5a	0. 993 ± 0. 000 9a

1) 不同小写字母表示不同植被类型间差异显著($P < 0. 05$), 数据为平均值 ± 标准差($n = 3$), 最大平均值标记为 a

根据 β 多样性距离矩阵进行主坐标分析[图 3 (b)], 结果显示, CK 处理的土壤细菌群落结构与其它处理之间差异较大, T3 处理与 T1 和 T2 处理的土壤细菌群落结构也存在一定差异. 采用 ANOSIM 和 ADONIS 组间差异检验表明, 不同处理土壤细菌群落结构差异显著($P < 0. 05$).

不同处理土壤细菌差异特征在属分类水平上作 LEfSe 分析表明(图 4), *Flavobacterium*、*Nitrospira* 和 *Haliangium* 在 CK 处理具有显著优势, *Candidatus_Koribacter* 和 *Bryobacter* 在 T1 处理具有显著优势, *Oceallatibacter*、*Acidiplla*、*Singulisphaera* 和 *Pajaroellobacter* 在 T2 处理具有显著优势, *Acidothermus* 在 T3 处理具有显著优势.

2.5 土壤环境因子与土壤细菌多样性的关系分析

土壤环境因子与土壤细菌 α 多样性相关性分析表明(表 4), Chao1 指数与土壤 pH 显著正相关($P < 0. 01$), 与土壤总氮和碱解氮显著负相关($P < 0. 05$); Shannon 指数与土壤 pH 和碳氮比显著正相关($P < 0. 05$), 与土壤总氮和碱解氮显著负相关($P < 0. 05$); Simpson 指数与土壤 pH 和碳氮比显著负相关($P < 0. 05$), 与土壤总氮和碱解氮显著正相关($P < 0. 05$).

为分析造成马尾松林土壤细菌群落变化的关键影响因子, 进一步对土壤细菌群落结构与土壤环境因子进行冗余分析(图 5), 第一轴的解释变异量为 63. 42%, 第二轴累积解释变异量为 23. 58%, 两轴累积解释变异量达 87. 00%. Mantel 检验结果表明, 土壤 pH($R^2 = 0. 73$, $P = 0. 032$) 和总氮($R^2 = 0. 78$, $P = 0. 025$) 是影响细菌群落变化的关键影响因子.

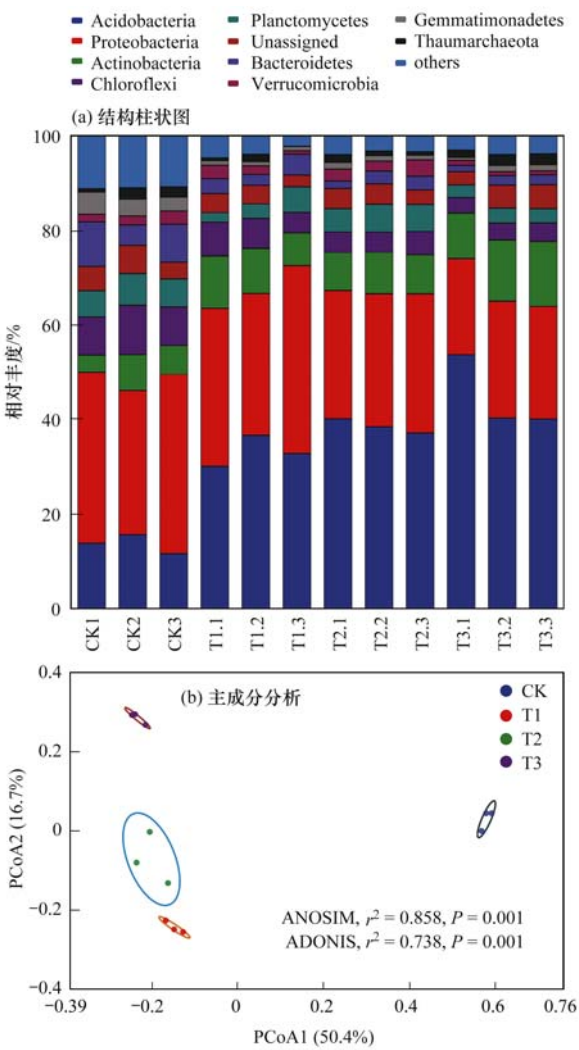


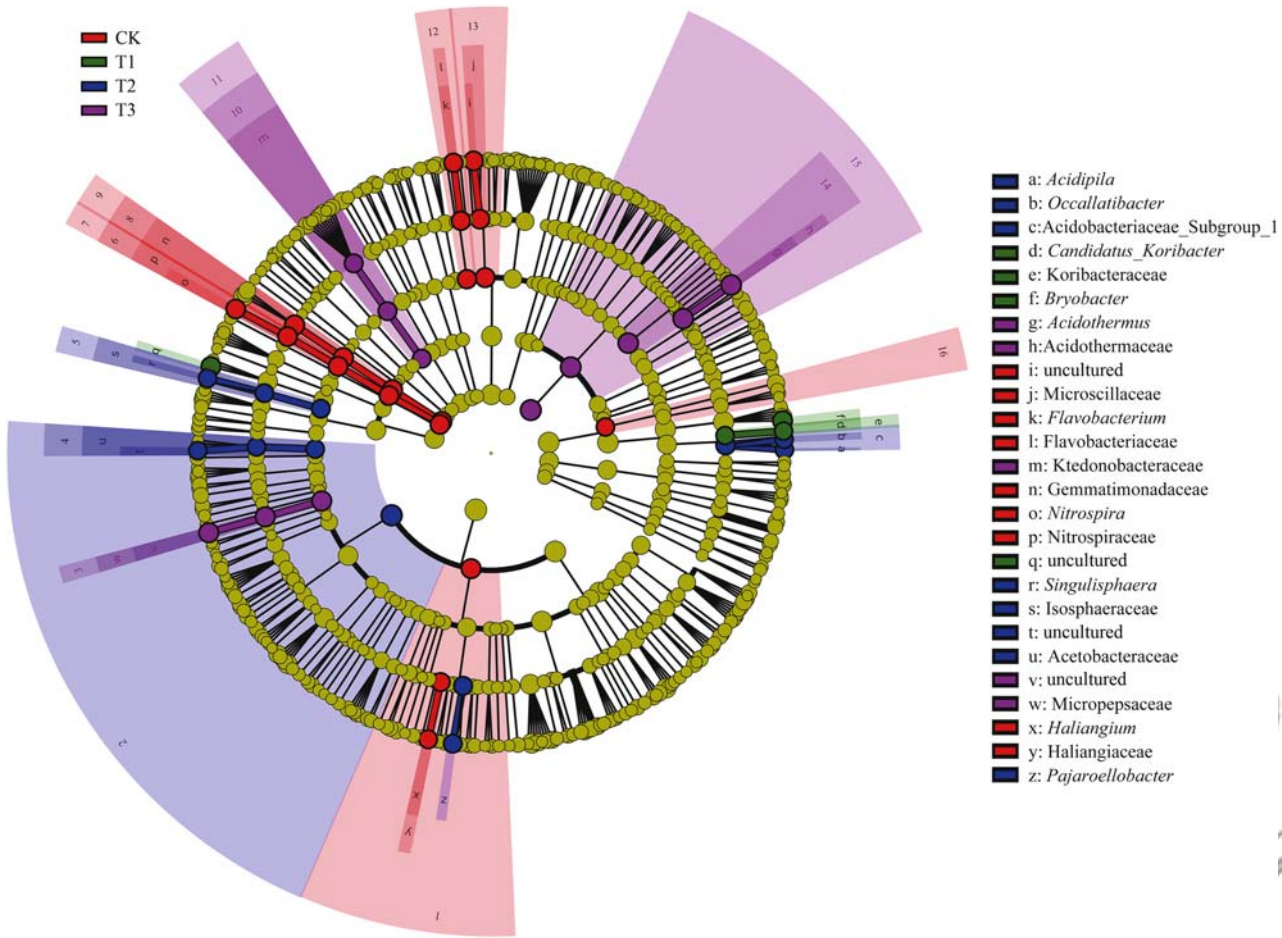
图 3 模拟酸雨和氮沉降处理下土壤细菌群落的结构柱状图和主成分分析

Fig. 3 Structure histogram of bacterial community and principal coordinate analysis under simulated acid and nitrogen deposition treatments

表 4 土壤细菌群落 α 多样性指数与土壤环境因子的相关性分析¹⁾

多样性指数	pH	总氮 (TN)	碳氮比 (C/N)	总有机碳 (SOC)	可溶性有碳 (DOC)	碱解氮 (AN)	微生物量碳 (MBC)	微生物量氮 (MBN)
Chao1	0. 935 **	-0. 951 **	0. 321	-0. 326	0. 338	-0. 712 *	0. 256	0. 210
Shannon	0. 896 **	-0. 942 **	0. 603 *	-0. 465	0. 415	-0. 755 *	0. 343	0. 313
Simpson	-0. 763 **	0. 651 *	-0. 665 *	0. 442	-0. 523	0. 682 *	-0. 213	-0. 057

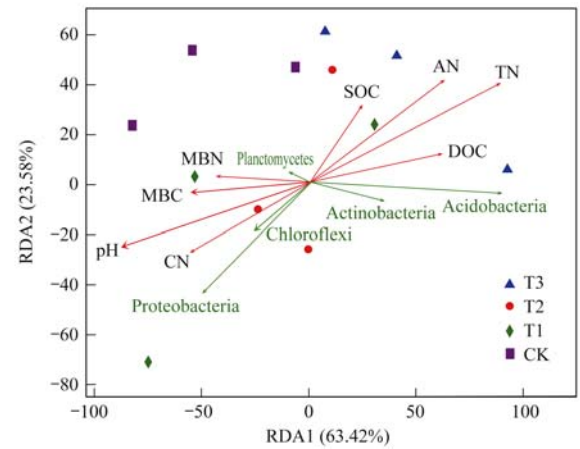
1) * 为 $P < 0. 05$, ** 为 $P < 0. 01$



1: δ -Proteobacteria, 2: α -Proteobacteria, 3: Micropepsales, 4: Acetobacterales, 5: Isosphaerales, 6: Nitrospirales, 7: Nitrospira, 8: Gemmatimonadales, 9: Gemmatimonadetes, 10: Ktedonobacteriales, 11: Ktedonobacteria, 12: Flavobacteriales, 13: Cytophagales, 14: Frankiales, 15: Actinobacteria, 16: Blastocatellia_Subgroup_4; LDA 國值 >4.0

图4 模拟酸雨和氮沉降处理下土壤细菌属水平 LEfSe 分析

Fig. 4 LEfSe analysis of genus level of soil bacteria under simulated acid and nitrogen deposition treatments



红箭头线表示土壤环境因子, 绿线箭头表示细菌菌门

图5 土壤细菌群落结构特征对环境因素响应的冗余分析

Fig. 5 RDA of both soil bacteria community and environmental factors

3 讨论

3.1 不同酸雨和氮输入处理下土壤环境因子分析

土壤是酸雨和氮沉降的最终受体, 持续的酸雨

和氮沉降的输入改变土壤环境因子, 进而影响土壤微生物活动^[19,20]. 本研究连续4 a 的模拟试验发现, 土壤 pH 随着酸雨和氮输入量的增加而降低. 与本研究的結果相类似, Koptsik 等^[21] 在俄罗斯北部森林的酸沉降试验, 李宗明等^[15] 在温带草原的 7 a 施氮的试验中均发现土壤 pH 显著下降. 分析原因可能是吸附在土粒表面的氢离子与矿物晶格表面的铝反应, 导致土壤 pH 下降^[22]; 另外, NH_4^+ 的硝化和淋溶作用皆会降低土壤 pH. 全氮和碱解氮含量在酸雨和氮输入后明显增加, 其原因是酸雨淋溶后, 土壤中非水解性有机态氮水解为有效态氮, 从而使土壤氮含量增加, 这与张新明等^[23] 的研究结果一致; 另外, 本试验选择氮源为 NH_4NO_3 、 NH_4^+ 和 NO_3^- 进入土壤, 增加了氮含量. 土壤微生物量在酸雨和施氮后显著降低, 土壤酸化在一定程度上抑制细菌群落的生长, 使得可利用的土壤有机碳减少, 降低土壤微生物量. 因此酸雨和氮沉降造成的土壤酸化很可能是调控土壤微生物量的主要因素, 这与已有的研究

结果相同^[24,25].随着酸雨和外源氮输入量的增加,马尾松林土壤有机碳和溶解性有机碳含量呈现逐渐增加趋势,酸雨和氮沉降降低土壤微生物生物量,进而降低对土壤有机碳的矿化作用^[26,27],这与 Frey 等^[28]的研究结果一致.

3.2 不同酸雨和氮输入处理下土壤细菌群落多样性分析

土壤细菌 α 多样性指数是评价土壤细菌群落多样性的重要指标,探究林地土壤细菌群落多样性可以反映生态系统对干扰的响应^[29].酸雨和外源性氮输入后,细菌群落的 Chao1 指数和 Shannon 指数均显著下降 ($P < 0.05$),这可能是因为土壤大部分细菌种群不能快速适应环境变化而死亡,导致细菌群落的多样性和丰富度下降,这与 Wang 等^[30]的研究结果类似.曾清苹等^[25]的研究也发现随着氮沉降的增加,缙云山马尾松林土壤微生物均匀度指数与多样性指数降低,说明氮沉降减低了细菌群落的丰富度.王晓彤等^[31]的研究发现,模拟酸雨改变了稻田土壤细菌的丰度,原因可能是酸雨的胁迫抑制细菌种群的生长,从而降低了细菌多样性.

土壤细菌群落结构是影响土壤细菌群落生态功能的关键因素之一,模拟酸雨和氮沉降不仅影响了土壤细菌群落的多样性,也使得土壤细菌群落结构产生差异.酸雨和氮输入 4 a 后,不同处理土壤细菌优势门类为酸杆菌门、变形菌门、放线菌门和绿弯菌门.刘坤和等^[32]在嘉陵江滨岸带分析自然林地、农业用地和湿地土壤细菌群落结构差异,发现主要优势菌群为变形菌门、放线菌门、酸杆菌门和绿弯菌门这 4 个门类,与本研究的结果一致.有研究表明,不同植被土壤中优势群落是酸杆菌门、变形菌门和放线菌门细菌^[33,34],这主要是由于变形菌门、酸杆菌门和放线菌门细菌的生态幅较宽,并且面对不同环境具有较强的适应性,因此受环境影响较小^[35].但 4 种优势菌门在丰度上有着一定的差异,酸雨和外源性氮输入可直接或间接影响土壤理化性质,而土壤理化性质的改变势必影响到微生物群落结构组成^[36].Wang 等^[30]的研究发现,随着氮有效性的增加,共营养的类群,变形菌门丰度会增加.在本研究中,随着酸雨和外源性氮输入的增加,土壤变形菌门丰度会下降,这可能是由于土壤氮含量已经过饱和,抑制土壤养分的供给,导致变形菌门细菌丰度下降.有研究发现酸杆菌门细菌在不同 pH 土壤中相对丰度不同,在酸性土壤中具有较高的丰度^[37].这与本研究有相通之处,酸杆菌门属于嗜酸性细菌,随着土壤 pH 下降,酸杆菌门的相对丰度逐渐增加^[38],酸性环境改变竞争结果,对某些类群施加了显著选择

压力,这些类群可能比嗜酸菌耐受性差.

在属分类水平上,酸雨和外源性氮输入导致土壤优势菌属发生变化,其中土壤细菌优势属中 *Haliangium* 属丰度降低; *Bryobacter* 和 *Candidatus_Solibacter* 属等有先增后减的趋势; *Acidothrmus* 属丰度增加. *Haliangium* 属属于变形菌门,是氮循环的参与者,与土壤 pH 具有显著正相关性^[39]. *Bryobacter* 和 *Candidatus_Solibacter* 属属于酸杆菌门,能够分解有机质,促进碳循环^[40]. *Acidothrmus* 属是利用碳源的细菌属,与土壤有机碳含量呈正相关关系^[35].据本研究分析表明, *Acidothrmus* 属在 T3 处理中相对丰度较高,说明酸雨和氮输入增加了土壤有机碳含量,为 *Acidothrmus* 属创造了一个丰富的碳源环境.由此推断酸雨和外源性氮输入导致微生物碳氮循环功能改变.在门和属分类水平上,4 种不同处理土壤细菌组成具有相似性,但其菌门和属的相对丰度有所不同,这可能和土壤环境不同有关,进而使细菌群落结构发生变化^[41].

3.3 不同酸雨和氮输入处理下土壤环境因子与细菌的关系

细菌群落的变化对地下环境条件变化十分敏感,酸雨及氮输入通过改变土壤环境因子制约土壤细菌群落的多样性,改变土壤生态系统物质循环和能量流动^[42].Zeng 等^[43]研究黄土高原不同生态系统土壤性质对土壤微生物群落组成的影响,发现变形菌门、酸杆菌门的相对丰度与土壤 pH 呈现显著相关.Tian 等^[44]的研究指出森林生态系统土壤 pH 是影响土壤微生物群落的关键因素.本研究中,Chao1 指数和 Shannon 指数与土壤 pH 显著正相关 ($P < 0.01$),这表明土壤 pH 是马尾松林土壤细菌群落的关键限制因子,酸雨和氮输入对土壤 pH 的影响,导致细菌种群的丰富度和多样性发生了改变.Liu 等^[45]的研究表明,卧龙保护区土壤全氮与土壤细菌群落密切相关. Shi 等^[46]的研究发现增加森林土壤中氮素含量会提高酸杆菌门的多样性.本研究可以看出土壤细菌群落多样性与土壤总氮的变化密切相关,这与笔者以前研究的土壤细菌群落多样性的影响因素基本一致^[38].此外,不同处理土壤细菌多样性与碳氮比等土壤理化指标具有显著相关性,这和费裕翀等^[47]的研究认为碳氮比与土壤细菌群落结构具有一定的相关性的结果有相同之处,表明土壤理化性质调控着微生物多样性.

4 结论

模拟酸雨和氮沉降通过影响土壤理化性质和微生物量,改变土壤微生物群落结构.酸雨和氮输入显

著增加酸杆菌门和放线菌门的相对丰度,降低了变形菌门和绿弯菌门的相对丰度,同时显著增加 *Acidothermus* 属的相对丰度,降低 *Haliangium* 属的相对丰度. 土壤 pH 和全氮是驱动土壤微生物群落变化的主要因子. 因此探讨酸雨和外源性氮输入下土壤微生物群落变化的影响机制,对维持天目山土壤生态平衡和生态系统保护具有重要的研究价值.

参考文献:

- [1] 胡苑柳, 陈国茵, 陈静文, 等. 模拟酸沉降对亚热带季风常绿阔叶林土壤微生物群落结构的长期影响[J]. 植物生态学报, 2021, **45**(3): 298-308.
Hu Y L, Chen G Y, Chen J W, *et al.* Effects of long-term simulated acid rain on soil microbial community structure in a monsoon evergreen broad-leaved forest in southern China [J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2021, **45**(3): 298-308.
- [2] 吴玉凤, 高霄鹏, 桂东伟, 等. 大气氮沉降监测方法研究进展[J]. 应用生态学报, 2019, **30**(10): 3605-3614.
Wu Y F, Gao X P, Gui D W, *et al.* Research progress on the monitoring methods of atmospheric nitrogen deposition [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2019, **30**(10): 3605-3614.
- [3] 刘鑫. 长三角区域典型林分土壤及树木细根对酸雨响应[D]. 南京: 南京林业大学, 2019.
- [4] Zhu J X, He N P, Wang Q F, *et al.* The composition, spatial patterns, and influencing factors of atmospheric wet nitrogen deposition in Chinese terrestrial ecosystems [J]. Science of the Total Environment, 2015, **511**: 777-785.
- [5] 2019年浙江省生态环境状况公报[EB/OL]. http://sthjt.zj.gov.cn/art/2020/6/4/art_1201912_44956625.html, 2020-06-04.
- [6] Duan L, Chen X, Ma X X, *et al.* Atmospheric S and N deposition relates to increasing riverine transport of S and N in southwest China: Implications for soil acidification [J]. Environmental Pollution, 2016, **218**: 1191-1199.
- [7] Su Y G, Huang G, Lin Y J, *et al.* No synergistic effects of water and nitrogen addition on soil microbial communities and soil respiration in a temperate desert [J]. CATENA, 2016, **142**: 126-133.
- [8] Rodriguez P A, Rothballer M, Chowdhury S P, *et al.* Systems biology of plant-microbiome interactions [J]. Molecular Plant, 2019, **12**(6): 804-821.
- [9] Liang G H, Liu X Z, Chen X M, *et al.* Response of soil respiration to acid rain in forests of different maturity in southern China [J]. PLoS One, 2013, **8**(4), doi: 10.1371/journal.pone.0062207.
- [10] 张雪, 梅莉, 宋利豪, 等. 模拟氮沉降对马尾松土壤微生物群落结构及温室气体释放的影响[J]. 生态学报, 2019, **39**(6): 1917-1925.
Zhang X, Mei L, Song L H, *et al.* Effects of simulated nitrogen deposition on microbial community and greenhouse gases emission of *Pinus massoniana* soil [J]. Acta Ecologica Sinica, 2019, **39**(6): 1917-1925.
- [11] 叶思源, 陈展, 曹吉鑫, 等. 模拟酸雨和接种外生菌根真菌对马尾松土壤养分、土壤团聚体及有机碳组分的影响[J]. 生态学报, 2019, **38**(4): 1141-1148.
Ye S Y, Chen Z, Cao J X, *et al.* Effects of simulated acid rain and ectomycorrhizal fungi on soil nutrient, soil aggregate and organic carbon fraction under Masson Pine (*Pinus massoniana*) seedlings [J]. Chinese Journal of Ecology, 2019, **38**(4): 1141-1148.
- [12] Cheng Y, Wang J, Chang S X, *et al.* Nitrogen deposition affects both net and gross soil nitrogen transformations in forest ecosystems: A review [J]. Environmental Pollution, 2019, **244**: 608-616.
- [13] Lu X K, Vitousek P M, Mao Q G, *et al.* Plant acclimation to long-term high nitrogen deposition in an N-rich tropical forest [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2018, **115**(20): 5187-5192.
- [14] Yu Q, Duan L, Yu L F, *et al.* Threshold and multiple indicators for nitrogen saturation in subtropical forests [J]. Environmental Pollution, 2018, **241**: 664-673.
- [15] 李宗明, 沈菊培, 张丽梅, 等. 模拟氮沉降对干旱半干旱温带草原土壤细菌群落结构的影响[J]. 环境科学, 2018, **39**(12): 5665-5671.
Li Z M, Shen J P, Zhang L M, *et al.* Effects of stimulated nitrogen deposition on the bacterial community structure of semiarid temperate grassland [J]. Environmental Science, 2018, **39**(12): 5665-5671.
- [16] 李燕, 刘成功. 天目山天然混交林群落优势树种种群结构与空间格局[J]. 基因组学与应用生物学, 2020, **39**(12): 5744-5757.
Li Y, Liu C G. Population structure and spatial pattern of dominant tree species in natural mixed forest community of Tianmu mountain, China [J]. Genomics and Applied Biology, 2020, **39**(12): 5744-5757.
- [17] 许鑫红, 杨冰雪, 施思, 等. 杭州市临安区酸雨污染近况分析[J]. 安徽农业科学, 2019, **47**(9): 86-89, 92.
Xu X H, Yang B X, Shi S, *et al.* Analysis on the current situation of acid rain pollution in Lin'an district of Hangzhou city [J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2019, **47**(9): 86-89, 92.
- [18] Song X Z, Li Q, Gu H H. Effect of nitrogen deposition and management practices on fine root decomposition in Moso bamboo plantations [J]. Plant and Soil, 2017, **410**(1-2): 207-215.
- [19] 王楠, 潘小承, 王传宽, 等. 模拟酸雨对毛竹阔叶林过渡带土壤真菌结构及其多样性的影响[J]. 环境科学, 2020, **41**(5): 2476-2484.
Wang N, Pan X C, Wang C K, *et al.* Effects of simulated acid rain on soil fungi diversity in the transition zone of Moso bamboo and broadleaf forest [J]. Environmental Science, 2020, **41**(5): 2476-2484.
- [20] 杨建强, 刁华杰, 胡姝娅, 等. 氮磷添加对盐渍化草地土壤微生物特征的影响[J]. 环境科学, 2021, **42**(12): 6058-6066.
Yang J Q, Diao H J, Hu S Y, *et al.* Effects of nitrogen and phosphorus additions on soil microorganisms in saline-alkaline grassland [J]. Environmental Science, 2021, **42**(12): 6058-6066.
- [21] Koptsik S V, Koptsik G N. Effects of acid deposition on forest soils in northernmost Russia: modelled and field data [J]. Water, Air, and Soil Pollution, 2001, **130**(1-4): 1277-1282.
- [22] 胡波, 张会兰, 王彬, 等. 重庆缙云山地区森林土壤酸化特征[J]. 长江流域资源与环境, 2015, **24**(2): 300-309.
Hu B, Zhang H L, Wang B, *et al.* Analysis on the forest soil acidification and mechanisms in Chongqing Jinyun mountain [J]. Resources and Environment in the Yangtze Basin, 2015, **24**(2): 300-309.
- [23] 张新明, 张俊平, 刘素萍, 等. 模拟酸雨对荔枝园土壤氮素

- 迁移和土壤酸化的影响[J]. 水土保持学报, 2006, **20**(6): 18-21.
- Zhang X M, Zhang J P, Liu S P, *et al.* Effects of simulated acid rain on nitrogen transplant and acidifying potential in litchi orchard soils[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2006, **20**(6): 18-21.
- [24] 梁国华, 吴建平, 熊鑫, 等. 鼎湖山不同演替阶段森林土壤 pH 值和土壤微生物量碳氮对模拟酸雨的响应[J]. 生态环境学报, 2015, **24**(6): 911-918.
- Liang G H, Wu J P, Xiong X, *et al.* Responses of soil pH value and soil microbial biomass carbon and nitrogen to simulated acid rain in three successional subtropical forests at Dinghushan nature reserve[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2015, **24**(6): 911-918.
- [25] 曾清苹, 何丙辉. 应用 PLFA 法分析氮沉降对缙云山马尾松林土壤微生物群落结构的影响[J]. 环境科学, 2016, **37**(9): 3590-3597.
- Zeng Q P, He B H. Effect of nitrogen deposition on soil microbial community structure determined with the PLFA method under the Masson Pine forest from Mt. Jinyun, Chongqing[J]. Environmental Science, 2016, **37**(9): 3590-3597.
- [26] 赵金金, 黄显怀, 钱婧. 酸雨对土壤有机碳转化和固持的研究进展[J]. 安徽建筑大学学报, 2021, **29**(4): 52-57.
- Zhao J J, Huang X H, Qian J. Research progress on conversion and retention of organic carbon in soil by acidic rainfall[J]. Journal of Anhui Jianzhu University, 2021, **29**(4): 52-57.
- [27] Tian P, Liu S G, Wang Q K, *et al.* Organic N deposition favours soil C sequestration by decreasing priming effect[J]. Plant and Soil, 2019, **445**(1): 439-451.
- [28] Frey S D, Knorr M, Parrent J L, *et al.* Chronic nitrogen enrichment affects the structure and function of the soil microbial community in temperate hardwood and pine forests[J]. Forest Ecology and Management, 2004, **196**(1): 159-171.
- [29] Zhou Z H, Wang C K, Luo Y Q. Meta-analysis of the impacts of global change factors on soil microbial diversity and functionality[J]. Nature Communications, 2020, **11**(1): 3072.
- [30] Wang J Q, Shi X Z, Zheng C Y, *et al.* Different responses of soil bacterial and fungal communities to nitrogen deposition in a subtropical forest[J]. Science of the Total Environment, 2021, **755**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.142449.
- [31] 王晓彤, 蓝兴福, 安婉丽, 等. 模拟酸雨对福州平原稻田土壤细菌丰度及多样性的影响[J]. 中国环境科学, 2019, **39**(3): 1237-1244.
- Wang X T, Lan X F, An W L, *et al.* Effect of simulated acid rain on paddy soil bacterial abundance and diversity in Fuzhou plain[J]. China Environmental Science, 2019, **39**(3): 1237-1244.
- [32] 刘坤和, 薛玉琴, 竹兰萍, 等. 嘉陵江滨岸带不同土地利用类型对土壤细菌群落多样性的影响[J]. 环境科学, 2022, **43**(3): 1620-1629.
- Liu K H, Xue Y Q, Zhu L P, *et al.* Effect of different land use types on the diversity of soil bacterial community in the coastal zone of Jialing River[J]. Environmental Science, 2022, **43**(3): 1620-1629.
- [33] 王露莹, 孙慧珍, 杨雪. 松花江下游滨岸带典型植被根际土壤细菌群落结构与功能多样性[J]. 环境科学, 2022, **43**(4): 2182-2191.
- Wang L Y, Sun H Z, Yang X. Structure and functional diversity of bacterial community in rhizosphere soil of typical vegetation in the riparian zone along the downstream of Songhua River[J]. Environmental Science, 2022, **43**(4): 2182-2191.
- [34] 路颖, 李坤, 梁强, 等. 泰山 4 种优势造林树种叶片凋落物分解对凋落物内细菌群落结构的影响[J]. 生态学报, 2019, **39**(9): 3175-3186.
- Lu Y, Li K, Liang Q, *et al.* Effects of leaf litter decomposition on bacterial community structure in the leaf litter of four dominant tree species in Mount Tai[J]. Acta Ecologica Sinica, 2019, **39**(9): 3175-3186.
- [35] 杨立宾, 隋心, 崔福星, 等. 汤旺河国家公园不同演替阶段森林土壤细菌多样性变化规律[J]. 环境科学研究, 2019, **32**(3): 458-464.
- Yang L B, Sui X, Cui F X, *et al.* Soil bacterial diversity between different forest successional stages in Tangwanghe national park[J]. Research of Environmental Sciences, 2019, **32**(3): 458-464.
- [36] 滕嘉玲, 贾荣亮, 赵芸. 沙埋对干旱沙区真藓结皮层细菌群落结构和多样性的影响[J]. 生态学报, 2017, **37**(7): 2179-2187.
- Teng J L, Jia R L, Zhao Y. Impact of sand burial on bacterial community structure and diversity within biocrusts dominated by *Bryum argenteum* [J]. Acta Ecologica Sinica, 2017, **37**(7): 2179-2187.
- [37] 隋心, 张荣涛, 杨立宾, 等. 模拟氮沉降对三江平原小叶章湿地土壤细菌多样性的影响[J]. 草业科学, 2016, **33**(4): 589-598.
- Xin S, Zhang R T, Yang L B, *et al.* Effect of simulation nitrogen depositions on bacterial diversity of *Deyeuxia angustifolia* in wetland of Sanjiangplain[J]. Pratacultural Science, 2016, **33**(4): 589-598.
- [38] 王楠, 王传宽, 潘小承, 等. 模拟酸雨对毛竹入侵阔叶林缓冲带土壤细菌群落多样性的影响[J]. 环境科学研究, 2020, **33**(6): 1478-1487.
- Wang N, Wang C K, Pan X C, *et al.* Effects of simulated acid rain on soil Bacterial community diversity in buffer zone of broad-leaved forest invaded by Moso Bamboo [J]. Research of Environmental Sciences, 2020, **33**(6): 1478-1487.
- [39] McIlroy S J, Starnawska A, Starnawski P, *et al.* Identification of active denitrifiers in full-scale nutrient removal wastewater treatment systems[J]. Environmental microbiology, 2016, **18**(1): 50-64.
- [40] 禹飞, 梁俊峰, 史静龙, 等. 林冠受损对小坑林场土壤固碳微生物群落结构的影响[J]. 微生物学通报, 2017, **44**(10): 2297-2306.
- Yu F, Liang J F, Shi J L, *et al.* Effects of canopy damage on soil CO₂ fixation bacterial community structure in Xiaokeng forest farm[J]. Microbiology China, 2017, **44**(10): 2297-2306.
- [41] 林春英, 李希来, 张玉欣, 等. 黄河源区高寒沼泽湿地土壤微生物群落结构对不同退化的响应[J]. 环境科学, 2021, **42**(8): 3971-3984.
- Lin C Y, Li X L, Zhang Y X, *et al.* Responses of different degradation stages of alpine wetland on soil microbial community in the Yellow River Source Zone[J]. Environmental Science, 2021, **42**(8): 3971-3984.
- [42] Shi X Z, Hu H W, Wang J Q, *et al.* Niche separation of comammox *Nitrospira* and canonical ammonia oxidizers in an acidic subtropical forest soil under long-term nitrogen deposition[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, **126**: 114-122.
- [43] Zeng Q C, Dong Y H, An S S. Bacterial community responses to soils along a latitudinal and vegetation gradient on the Loess Plateau, China[J]. PLoS One, 2016, **11**(4), doi: 10.1371/journal.pone.0152894.
- [44] Tian D, Du E Z, Jiang L, *et al.* Responses of forest ecosystems

- to increasing N deposition in China: A critical review [J]. *Environmental Pollution*, 2018, **243**: 75-86.
- [45] Liu D, Wu X, Shi S L, *et al.* A hollow bacterial diversity pattern with elevation in Wolong Nature Reserve, Western Sichuan Plateau[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2016, **16** (10): 2365-2374.
- [46] Shi Y, Xiang X J, Shen C C, *et al.* Vegetation-associated impacts on arctic tundra bacterial and microeukaryotic communities [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2015, **81**(2): 492-501.
- [47] 费裕翀, 叶义全, 郑宏, 等. 外源氮素调控 C/N 比对杉木林凋落叶细菌群落结构的影响[J]. *生态学报*, 2021, **41**(5): 2011-2023.
- Fei Y C, Ye Y Q, Zheng H, *et al.* Effects of C/N ratio under the control of exogenous nitrogen on the bacterial community structure in litters of *Cunninghamia lanceolata* plantation under different undergrowth vegetation management measures[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2021, **41**(5): 2011-2023.

《环境科学》多项引证指标名列前茅

2022 年 12 月 29 日,中国科学技术信息研究所在中国科技论文统计结果发布会上发布了 2021 年度中国科技论文统计结果. 统计结果显示《环境科学》2021 年度总被引频次 13 744,影响因子 3.317,多项引证指标位居环境科学技术及资源科学技术类科技期刊前列.



CONTENTS

Impact of Climate Change on Summer Ozone in China	HU An-qi, XIE Xiao-dong, GONG Kang-jia, <i>et al.</i>	(1801)
Spatial-temporal Variation and Driving Factors of Ozone in China from 2019 to 2021 Based on EOF Technique and KZ Filter	WANG Hao-qí, ZHANG Yu-fen, LUO Zhong-wei, <i>et al.</i>	(1811)
Photochemical Mechanism and Control Strategy Optimization for Summertime Ozone Pollution in an Industrial City in the North China Plain	ZHENG Zhen-sen, DOU Jian-píng, ZHANG Guo-tao, <i>et al.</i>	(1821)
Spatiotemporal Evolution Characteristics of PM _{2.5} -O ₃ Compound Pollution in Chinese Cities from 2015 to 2020	NIU Xiao-xiao, ZHONG Yan-mei, YANG Lu, <i>et al.</i>	(1830)
Spatiotemporal Distribution Characteristics of Co-pollution of PM _{2.5} and Ozone over BTH with Surrounding Area from 2015 to 2021	SONG Xiao-han, YAN Li, LIU Wei, <i>et al.</i>	(1841)
Spatio-temporal Variation in PM _{2.5} Concentration and Its Relationship with Vegetation Landscape Patterns in Typical Economic Zones in China from 2000 to 2020	XU Yong, LI Xin-yi, HUANG Wen-ting, <i>et al.</i>	(1852)
Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric Ion Deposition During Winter and Spring in the Core Area of Beijing	ZHAO Yu, LI Bei-bei, HUANG Yu-hu, <i>et al.</i>	(1865)
Input Characteristics of Dry Deposition of Atmospheric Particulates and Metals in Farmland in the Suburb of Nanjing	LIU Cui-ying, JIN Hao, FAN Jian-ling	(1873)
Pollution Characterizations and Oxidative Potentials of Water-Soluble Organic Matters at Different Polarity Levels in Winter PM _{2.5} Over Xi'an	LUO Yu, HUANG Sha-sha, ZHANG Tian, <i>et al.</i>	(1882)
Emission Characteristics of Organic Carbon and Elemental Carbon in PM ₁₀ and PM _{2.5} from Vehicle Exhaust and Civil Combustion Fuels	WANG Hong-lei, LIU Si-han, SUN Jie-juan, <i>et al.</i>	(1890)
Characteristics and Source Apportionment of PM _{2.5} in the Core Area of Ili River Valley in Spring	GU Chao, XU Tao, MA Chao, <i>et al.</i>	(1899)
Evaluation of Changes in PM _{2.5} Exposure Concentration and Health Risk for Urban Resident in Zhengzhou Based on High Spatial Resolution Grids	LI Yuan, XU Yi-fei, YUAN Ming-hao, <i>et al.</i>	(1911)
Emission Inventory of Building Material Industry in Henan Province Based on Multi-source Data Integration	LIU Xiao, HU Jing-nan, WANG Hong-mei, <i>et al.</i>	(1924)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric Volatile Organic Compounds in Winter in Kaifeng City	SHI Yu-qi, ZHENG Kai-yun, DING Wei-ting, <i>et al.</i>	(1933)
Changes in O ₃ -VOCs-NO _x Sensitivity and VOCs Sources at an Urban Site of Nanjing Between 2020 and 2021	LU Xiao-bo, WANG Ming, DING Feng, <i>et al.</i>	(1943)
Variation Characteristics and Ozone Formation Potential of Ambient VOCs in Urban Beijing in Summer	ZHANG Rui, SUN Xue-song, WANG Yu, <i>et al.</i>	(1954)
Chemical Characteristics and Source Apportionment for VOCs During the Ozone Pollution Episodes and Non-ozone Pollution Periods in Qingdao	JIA Zhi-hai, GU Yao, KONG Cui-li, <i>et al.</i>	(1962)
Characteristics of O ₃ Production in the Western Suburb of Hefei in Summer Based on the Observation of Total Peroxy Radical	YU Hui, WEI Na-na, XU Xue-zhe, <i>et al.</i>	(1974)
Evaluation of Energy Saving and Carbon Reduction Effect of Air Pollution Prevention and Control Action Plan and Innovation Intermediary Effect	LI Shao-lin, WANG Qi-qi	(1985)
Scenario Simulation and Effects Assessment of Co-control on Pollution and Carbon Emission Reduction in Beijing	YU Shan, ZHANG Shuang, ZHANG Zeng-jie, <i>et al.</i>	(1998)
Simulation of Anthropogenic CO ₂ Emissions in the Yangtze River Delta Based on Different Emission Inventories	MA Xin-yi, HUANG Wen-jing, HU Ning, <i>et al.</i>	(2009)
Water Quality Change Trend and Risk Analysis of Wuhan Hanjiang River Water Source	ZHUO Hai-hua, LOU Bao-feng, XU Jie, <i>et al.</i>	(2022)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics and Resistance Genes in Different Water Sources in the Wuhan Section of the Yangtze River	LI Bo-lin, ZHANG He, WANG Jun, <i>et al.</i>	(2032)
Occurrence Characteristics, Sources, and Toxicity Risk Analysis of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Typical Rivers of Northern Shaanxi Mining Area, China	WU Xi-jun, DONG Ying, ZHAO Jian, <i>et al.</i>	(2040)
Spatio-temporal Characteristics of Organic Aggregates and the Driving Factors in Typical Lakes	XIE Gui-juan, GONG Yi, ZHU Fu-cheng, <i>et al.</i>	(2052)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Microplastics in Water of Different Functional Parks in Guilin	LI Pei-zhao, WU Li, HUANG Fei-fei, <i>et al.</i>	(2062)
Environmental Driving Factors and Assessment on the Aquatic Ecosystem of Periphytic Algae of Six Inflow Rivers in Yangtze River Basin	ZHANG Jing, HU Yu-xin, HU Sheng, <i>et al.</i>	(2072)
Influence and Driving of Environmental Heterogeneity on the Epilithic Diatom Community in Xiangxi River, a Tributary of the Three Gorges Reservoir Area	JI Lu-lu, ZHAO Lu, OUYANG Tian, <i>et al.</i>	(2083)
Characteristics of Phytoplankton Communities and Key Impact Factors in Three Types of Lakes in Wuhan	ZHANG Hao-kun, MIN Fen-li, CUI Hui-rong, <i>et al.</i>	(2093)
Effects of Heavy Metal Pollution on the Structure of Microbial Communities in Different Habitats	HE Yi-fan, XIAO Xin-zong, WANG Jia-wen	(2103)
Structure and Distribution Characteristics of Bacterial Community in Boqing River Water	WANG Sen, CHEN Jian-wen, ZHANG Hong, <i>et al.</i>	(2113)
Effects of Microplastic Exposure on the Community Structure and Function of Symbiotic Bacteria in <i>Sinularia microclavata</i>	LIU Min, CHE Wen-xue, ZENG Ying-xu, <i>et al.</i>	(2122)
Distribution Characteristics and Health Risk Assessment of Emerging Contaminants from Raw Water to Drinking Water in Shanghai	YAN Qi	(2136)
Adsorption Characteristics of Fluoride in Low-Concentration Water by Aluminum and Zirconium-Modified Biochar	LIU Yan-fang, GAO Wei, LIU Rui, <i>et al.</i>	(2147)
Sorption Characteristics and Site Energy Distribution Theory of Typical Estrogens on Microplastics	LIU Jiang-yan, ZHENG Mi-mi, HU Jia-wu, <i>et al.</i>	(2158)
Selection and Evaluation of Model Pollutants for Performance Assessment of Advanced Treatment of Industrial Park Wastewater by Ozonation	XIN Bo, SHAN Chao, LÜ Lu	(2168)
Identifying Driving Factors and Their Interacting Effects on Sources of Heavy Metal in Farmland Soils with Geodetector and Multi-source Data	ZHANG Hong-ze, CUI Wen-gang, LIU Sui-hua, <i>et al.</i>	(2177)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Heavy Metals in Farmland Soils Around the Gangue Heap of Coal Mine Based on APCS-MLR and PMF Receptor Model	MA Jie, SHEN Zhi-jie, ZHANG Ping-ping, <i>et al.</i>	(2192)
Contamination and Probabilistic Health Risk Assessment of Heavy Metals in Agricultural Soils Around a Lead-Zinc Smelter	HUANG Jian-bo, JIANG Deng-deng, WEN Bing, <i>et al.</i>	(2204)
Prediction of PAHs Content in Soil Around Gas Stations in Beijing Based on BP Neural Network	MA Sai-yan, WEI Hai-ying, MA Jin, <i>et al.</i>	(2215)
Spatial-temporal Distribution and Risk Assessment of Quinolones Antibiotics in Soil of Shijiazhuang City	ZHAO Xin-yu, CHEN Hui, ZHAO Bo, <i>et al.</i>	(2223)
Accumulation and Pollution Risks of Heavy Metals in Soils and Agricultural Products from a Typical Black Shale Region with High Geological Background	DENG Shuai, DUAN Jia-hui, NING Mo-huan, <i>et al.</i>	(2234)
Geochemical Characteristics of Cd in Different Parent Soils in Karst Area and Prediction of Cd Content in Maize	DAI Liang-liang, XU Hong-gen, GONG Hao, <i>et al.</i>	(2243)
Pollution Risk and Contribution Analysis of Pb, Cd, and As in Soils and Crops Under Different Land Use Types in Longyan City	WANG Rui, CHEN Nan, ZHANG Er-xi	(2252)
Influencing Factors of Cadmium Content in Wheat Grain: A Meta-analysis and Decision Tree Analysis	LIU Na, ZHANG Shao-bin, GUO Xin-yu, <i>et al.</i>	(2265)
Response Characteristics of Soil Organic Carbon Pool and Its Chemical Composition During Secondary Forest Succession in the Loess Plateau	LIU Han-yu, LIU Ying-yi, ZHANG Qi, <i>et al.</i>	(2275)
Effects of Short-Term Nitrogen and Phosphorus Addition on Soil Respiration Components in a Subalpine Grassland of Qilian Mountains	JIANG Yuan, GAN Xiao-ling, CAO Feng-feng, <i>et al.</i>	(2283)
Response of Soil Microbial Diversity to Long-term Enclosure in Degraded Patches of Alpine Meadow in the Source Zone of the Yellow River	YANG Peng-nian, LI Xi-lai, LI Cheng-yi, <i>et al.</i>	(2293)
Diversity and Predictive Functional of <i>Caragana jubata</i> Bacterial Community in Rhizosphere and Non-rhizosphere Soil at Different Altitudes	LI Yuan-yuan, XU Ting-ting, AI Zhe, <i>et al.</i>	(2304)
Effects of Simulated Acid Rain and Nitrogen Deposition on Soil Bacterial Community Structure and Diversity in the Masson Pine Forest	WANG Nan, QIAN Shao-yu, PAN Xiao-cheng, <i>et al.</i>	(2315)
Effects of Phosphogypsum and <i>Suaeda salsa</i> on the Soil Moisture, Salt, and Bacterial Community Structure of Salinized Soil	LIU Yue, YANG Shu-qing, ZHANG Wan-feng, <i>et al.</i>	(2325)
Effects of Combined Application of Fungal Residue and Chemical Fertilizer on Soil Microbial Community Composition and Diversity in Paddy Soil	GENG He-tian, WANG Xu-dong, SHI Si-bo, <i>et al.</i>	(2338)
Effects of Aeration on Surface Water Nutrient Dynamics and Greenhouse Gas Emission in Different Straw Returning Paddy Fields	HU Jin-hui, XUE Li-hong, QIAN Cong, <i>et al.</i>	(2348)
Effects of Exogenous Melatonin Treatment on the Growth and Antioxidant System of Rice Seedlings Under Antimony Stress	CHU Yu-tan, LI Yan, HUANG Yi-zong, <i>et al.</i>	(2356)
Life Cycle Prediction Assessment of Energy Saving and New Energy Vehicles for 2035	FU Pei, LAN Li-bo, CHEN Ying, <i>et al.</i>	(2365)
Distribution, Sources, and Behavioral Characteristics of Microplastics in Farmland Soil	BO Lu-ji, LI Bing, ZHANG Kai, <i>et al.</i>	(2375)
Research Progress on the Remediation Technology of Herbicide Contamination in Agricultural Soils	HU Fang-yu, AN Jing, WANG Bao-yu, <i>et al.</i>	(2384)
Research Progress and Prospect of Herbicide Residue Characteristics in Black Soil Region of China	LI Rui, WU Qiu-mei, ZHAO Gui-mei, <i>et al.</i>	(2395)