

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}-O₃ 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, 刘思晗, 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)
基于高空间分辨率的郑州市城镇居民 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 O₃ 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)
北京市减排协同控制情景模拟和效应评估 俞珊, 张双, 张增杰, 翟培芝, 刘桐珊 (1998)
基于不同排放清单的长三角人为 CO₂ 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, 姜保锋, 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, 刘辉, 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, 胡愈焯, 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, 张淑娟, 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 (*Sinularia microclavata*) 共附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)
不同海拔鳧箭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, 魏卢璐, 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)
磷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, 薛利祥, 曹国帅 (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, 赵玉国, 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)

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¹, 杨树青^{1*}, 张万锋², 娄帅¹

(1. 内蒙古农业大学水利与土木建筑工程学院, 呼和浩特 010018; 2. 内蒙古师范大学旅游学院, 呼和浩特 010022)

摘要: 盐渍土改良是农田土壤环境不可忽视的重要问题, 土壤盐分的改变势必会影响土壤细菌群落。试验基于河套灌区中度盐渍土, 以当地无改良措施枸杞园为对照(CK), 设施加磷石膏(LSG)、枸杞间种碱蓬(JP)及设施加磷石膏和枸杞间种碱蓬(LSG+JP)的改良处理, 探究枸杞生育期内不同改良方式对土壤水分、盐分、养分和细菌群落结构多样性的影响。结果表明, 相较CK, 在开花期至落叶期LSG+JP显著降低了土壤EC值和pH值($P < 0.05$), 平均降低39.96%和7.25%; 全生育期内LSG+JP显著提高了土壤有机质(OM)和速效磷(AP)含量($P < 0.05$), 年平均提高81.85%和203.50%; 开花期和落叶期LSG+JP显著提高了全氮(TN)含量($P < 0.05$), 年平均提高48.91%。改良初期LSG+JP的Shannon指数较CK提高了3.31%和6.54%, Chao1指数较CK提高了24.95%和43.26%; 土壤优势菌门为变形菌门、拟杆菌门、放线菌门和酸杆菌门, 优势菌属为鞘脂单胞菌属。开花期至落叶期改良处理的变形菌门相对丰度较CK增加了0.50%~16.27%, 改良处理的放线菌门相对丰度在开花期和盛果期较CK增加了1.91%~4.98%。冗余分析(RDA)结果表明pH值、含水率(WT)和AP是影响细菌群落组成的重要因素, 相关性热图显示变形菌门和拟杆菌门与EC值呈极显著负相关($P < 0.001$), 放线菌门和硝化螺菌与EC值呈显著负相关($P < 0.01$)。综上, 施用磷石膏和枸杞间种碱蓬(LSG+JP)能显著降低土壤盐分、提高养分和改善土壤细菌群落结构多样性, 有利于河套灌区盐渍土长效改良和维护土壤生态健康。

关键词: 磷石膏; 碱蓬; 细菌群落结构多样性; 盐碱地改良; 高通量测序

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)04-2325-13 DOI: 10.13227/j.hjks.202204217

Effects of Phosphogypsum and *Suaeda salsa* on the Soil Moisture, Salt, and Bacterial Community Structure of Salinized Soil

LIU Yue¹, YANG Shu-qing^{1*}, ZHANG Wan-feng², LOU Shuai¹

(1. College of Water Conservancy and Civil Engineering, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot 010018, China; 2. Tourism College of Inner Mongolia Normal University, Hohhot 010022, China)

Abstract: The improvement of saline soil is an important issue that cannot be ignored in the farmland soil environment. The change in soil salinity will inevitably affect the soil bacterial community. This experiment was based on moderately saline soil in the Hetao Irrigation Area, conducted by applying phosphogypsum (LSG), interplanting *Suaeda salsa* with *Lycium barbarum* (JP) and applying phosphogypsum and interplanting *S. salsa* with *L. barbarum* (LSG+JP), and the local unimproved soil of a *L. barbarum* orchard was used as the control (CK), to explore the effects of different improvement methods on soil moisture, salinity, nutrients, and bacterial community structure diversity during the growth period of *L. barbarum*. The results showed that compared with that under CK, the LSG+JP treatment significantly decreased the soil EC value and pH value from the flowering stage to the deciduous stage ($P < 0.05$), with an average decrease of 39.96% and 7.25%, respectively; the LSG+JP treatment significantly increased soil organic matter (OM) and available phosphorus (AP) content during the whole growth period ($P < 0.05$), with an average annual increase of 81.85% and 203.50%, respectively. The total nitrogen (TN) content was significantly increased in the flowering and deciduous stages ($P < 0.05$), with an annual average increase of 48.91%. The Shannon index of LSG+JP in the early stage of improvement was increased by 3.31% and 6.54% compared with that of CK, and the Chao1 index was increased by 24.95% and 43.26% compared with that of CK, respectively. The dominant bacteria in the soil were Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria, and Acidobacteria, and the dominant genus was *Sphingomonas*. Compared with that in CK, the relative abundance of Proteobacteria in the improved treatment increased by 0.50%-16.27% from the flowering stage to the deciduous stage, and the relative abundance of Actinobacteria in the improved treatment increased by 1.91%-4.98% compared with that in CK in the flowering and full-fruit stages. Redundancy analysis (RDA) results showed that pH, water content (WT), and AP were important factors affecting bacterial community composition, and the correlation heatmap showed that Proteobacteria, Bacteroidetes, and EC values were significantly negatively correlated ($P < 0.001$); Actinobacteria and Nitrospirillum were significantly negatively correlated with EC values ($P < 0.01$). In conclusion, the application of phosphogypsum and interplanting *S. salsa* with *L. barbarum* (LSG+JP) could significantly reduce soil salinity, increase nutrients, and improve the diversity of soil bacterial community structure, which is beneficial to the long-term improvement of saline soil in the Hetao Irrigation Area and the maintenance of soil ecological health.

Key words: phosphogypsum; *Suaeda salsa*; diversity of bacterial community structure; saline-alkali soil improvement; high-throughput sequencing

内蒙古河套灌区是黄河中上游典型的盐渍化特大型灌区, 土壤盐渍化一直是困扰灌区农业生产发展的主要问题^[1], 严重制约着灌区现代农业的可持续发展。在盐渍土改良中, 土壤微生物在生态系统中的作用日益受到关注^[2]。土壤盐碱化程度显著影响土壤微生物多样性, 由于气候条件、土质等差异在不同盐渍化地区呈现细菌群落多样性随土壤盐碱化

程度的增加而降低^[3]或随土壤盐碱度增加而增加^[4]的规律。盐渍土的优势菌群亦可在一定程度上指示土壤盐渍化程度, 一定范围内pH值与酸杆菌

收稿日期: 2022-04-19; 修订日期: 2022-06-22

基金项目: 国家自然科学基金项目(52179037, 52069023)

作者简介: 刘月(1995~), 女, 博士研究生, 主要研究方向为盐碱地改良, E-mail: liuyue9565@163.com

* 通信作者, E-mail: nmndysq@126.com

门总丰度呈负相关^[5],鞘脂单胞菌属丰度随土壤盐碱度增加而降低^[6].因此,在盐渍土改良过程中,揭示土壤微生物群落与土壤盐分之间互馈机制成为当前的研究热点.

枸杞是河套灌区重要的经济作物,在枸杞园中配套改良措施可促进枸杞的生长和改善土壤环境.施加磷石膏为河套灌区有效的改土措施^[7],磷石膏为工业废弃物,它的循环再利用减少了环境污染^[8],Liu等^[9]基于高通量测序得出磷石膏在堆肥过程中增加了细菌的丰富度和多样性.此外,利用耐盐植物构建盐碱地生物改良模式是发展盐碱地的新理念和新思路^[10,11],耐盐植物碱蓬由于其叶片肉质化结构可吸收土壤盐离子^[12],在降低盐分的同时增加土壤微生物丰度,改善群落结构^[13].磷石膏和碱蓬作用于盐渍土分别属于化学改良和生物改良,文利军等^[14]研究表明石膏与碱蓬的综合改良在新疆具有较好的应用前景,可促进作物增产、具有较高的水分利用效率,Ben等^[15]通过宏基因组分析的方法提出磷石膏和碱蓬等植物内生菌微生物组具有代谢异种生物降解能力和基因可塑性,使其能适应极端环境,但当前磷石膏与碱蓬综合改良盐渍化土壤微生物群落(尤其是细菌)变化规律的研究还鲜见报道,阐明综合改良对微生物群落的影响对盐渍土改良具有重要的理论和实践指导意义.

本研究在枸杞园设置磷石膏和间种碱蓬的盐碱地改良处理,采用高通量测序方法,探究枸杞生育期土壤细菌多样性和群落结构对不同改良处理的响应,揭示土壤环境因子与土壤微生物间关系,以期对河套灌区长效改良盐渍土和维护生态健康提供重要的科学依据.

1 材料与方法

1.1 研究区概况与试验设计

本试验于2018年3~10月在内蒙古河套灌区下游三湖河灌域的红卫试验基地(东经108°45'~109°36',北纬40°30'~40°40')展开.研究区属中温带大陆性多风干旱气候,年平均降水量270 mm,年平均蒸发量2383 mm,年平均气温7.9℃,无霜期146 d,积温(大于10℃)3200 h.研究区西临新华支渠,南有二斗沟,具有良好的灌排条件.土壤以灌淤土、盐土为主,颗粒组成为砂粒(0.05~2 mm)含量17.53%、粉粒(0.002~0.05 mm)含量73.40%和黏粒(<0.002 mm)含量9.07%.试验区0~20 cm土壤平均EC值为1.25 mS·cm⁻¹,属于中度盐渍土.供试枸杞品种为宁杞9号,树龄4 a,栽培密度为1 m×1 m.生育期内分别于6月上旬、6月末和7月

中旬采用当地地下微咸水(矿化度为3.84 g·L⁻¹)进行灌溉,灌水量和施肥量采用已有地方标准^[16]中数值,每次灌水量为40 mm.施氮肥量为37500 kg·km⁻²,施磷肥量为30000 kg·km⁻²,施钾肥量为22500 kg·km⁻².

本试验设置施加磷石膏(LSG)、枸杞间种碱蓬(JP)及磷石膏和枸杞间种碱蓬(LSG+JP)3个改良处理及1个当地园地对照(CK),共4个处理,3次重复,12个小区.各小区随机布设,规格为2 m×10 m.小区行间设保护带,小区间用120 cm隔水板做地下防渗隔离.生长期前清除土表杂草等杂物,剥离表层10 cm深的土壤,将磷石膏均匀撒入土壤,施用量为2.25×10⁶ kg·km⁻²^[7],将碱蓬种子以3000 kg·km⁻²的播种量撒入枸杞树的行间.



(a)CK, (b)LSG, (c)JP, (d)LSG + JP

图1 不同改良处理试验小区

Fig. 1 Experimental plots under different improvement treatments

1.2 样品采集

分别于枸杞的4个关键生育期(春梢生长期:5月6日;开花期:6月15日;盛果期:7月31日;落叶期:10月14日)在每小区取0~20 cm的土样,将土样烘干,过1 mm筛,用于土壤理化性质分析.同时,在相同处理的3个小区内随机取0~20 cm土壤样品,去除杂物、细根后充分混合成一份土样,将新鲜土样装入无菌自封袋,放入带冰的收纳盒并迅速带回实验室,每个生育期有4份土样(全年总计16份)用于16S高通量测序分析.

1.3 测定项目与方法

1.3.1 土壤理化性质测定

参照文献^[17],采用烘干法测定土壤含水率(WT),采用电导法测定土壤EC值,采用电位法测定土壤pH值.参照鲍士旦^[18]的测定方法:采用重

铬酸钾容重法-外加热法测定土壤有机质(OM); 采用凯氏定氮法测定全氮(TN); 采用 NaHCO_3 浸提-钼锑抗比色法测定速效磷(AP).

1.3.2 土壤细菌 DNA 提取与扩增

称取 200 ~ 500 mg 土壤样品, 放入灭菌的 2 mL 离心管中, 加入 $1 \times \text{PBS}$ 溶液, 振荡混匀, 在 $10\,000 \text{ r} \cdot \text{min}^{-1}$ 室温离心 3 min, 弃去上层液体. 倒置 2 mL 管于吸水纸上 1 min, 直至没有液体流出. 采用 E. Z. N.™ Mag-Bind Soil DNA Kit 提取试剂盒进行 DNA 提取. 16S rRNA 基因 V3-V4 区序列采用引物 341F (CCTACGGGNGGCWGCAG) 和 805R (GACTACHVGGGTATCTAATCC) 进行扩增. 扩增条件为 94°C 预变性 3 min, 94°C 变性 30 s, 45°C 退火 20 s, 65°C 延伸 30 s, 5 个循环; 94°C 延伸 20 s, 55°C 退火 20 s, 72°C 延伸 30 s, 20 个循环. 进一步采用匹配 Illumina 测序接头和标签引物扩增, 采用生工琼脂糖回收试剂盒 (cat: SK8131) 对 DNA 进行回收. 回收产物用 Qubit2.0 定量, 根据测得的 DNA 浓度, 将所有样品按照 1:1 的比例进行混合, 该混合样品可用于后续的测序.

1.3.3 高通量测序

利用 Illumina MiSeq 平台进行 16S rDNA 基因 V3 ~ V4 可变区高通量测序. 将所有样本序列按照序列间的距离进行聚类, 后根据序列之间的相似性将序列分成不同的操作分类单元 (OTUs). 在 97% 的相似水平下进行 OTU 生物信息统计分析, 每个 OTU 被视为一个微生物物种, 采用 Mothur (version 1.30.1) 软件计算群落多样性指数 (Shannon 指数)、丰富度指数 (Chao1 指数) 来评价细菌群落多样性和丰富度. 基于 RDP (<http://rdp.cme.msu.edu/misc/resources.jsp>) 数据库对 OTU 进行注释. 以上过程均委托上海生工生物工程有限公司完成.

1.4 数据处理与分析

数据采用 SPSS 软件 (version SPSS 25.0) 进行相关性分析和方差分析, 采用最小显著差异法 (least significant difference, LSD) 进行显著性检验, 显著性水平为 0.05. 用 Origin 软件 (version Origin 2018) 绘制生育期内土壤理化指标图及土壤细菌门水平和属水平相对丰度图; 由 “Bioinformatics & Evolutionary Genomics” 网站 (<http://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/Venn/>) 绘制 Venn 图; 采用 R4.2.0 软件的 vegan 和 ggplot2 程序包基于 Bray-Curtis 变异系数进行 β 多样性分析及相似性分析 (ANOSIM). 用 R4.2.0 的 psych 和 reshape2 程序包进行 Spearman 相关性分析和绘制环境因子与细菌门水平和属水平的热图, 采用 R4.2.0 的 dplyr 和 ggplot2 程序包进行

土壤环境因子与细菌群落结构的相关性分析及绘图.

2 结果与分析

2.1 土壤盐分及养分含量变化

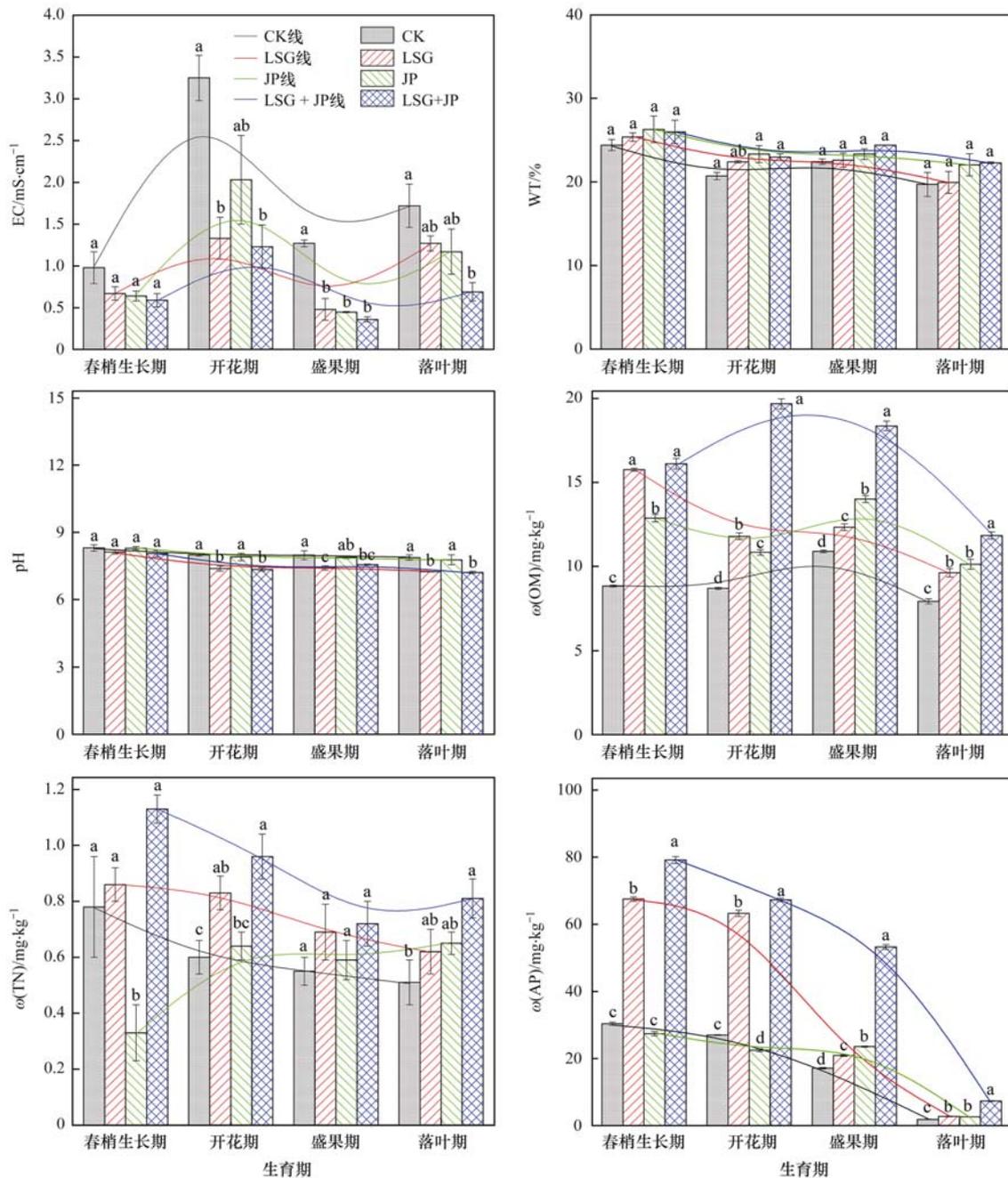
如图 2 所示, 4 个生育期 EC 平均值由大到小依次为开花期 ($1.96 \text{ mS} \cdot \text{cm}^{-1}$)、落叶期 ($1.21 \text{ mS} \cdot \text{cm}^{-1}$)、春梢生长期 ($0.72 \text{ mS} \cdot \text{cm}^{-1}$) 和盛果期 ($0.64 \text{ mS} \cdot \text{cm}^{-1}$), 土壤表层盐分在生育期内波动较大. 春梢生长期各改良处理的 EC 值较 CK 均有所降低, 但不显著 ($P > 0.05$); 开花期 LSG 和 LSG + JP 显著降低了 EC 值 ($P < 0.05$), 分别降低 59.08% 和 62.05%; 盛果期改良处理均显著降低了 EC 值 ($P < 0.05$); 落叶期 LSG + JP 显著降低了 EC 值 ($P < 0.05$), 降低了 59.77%. 全生育期内不同改良处理的 WT 无显著差异 ($P > 0.05$), 但改良处理的 WT 均高于 CK. 相较 CK, LSG + JP 和 LSG 在开花期至落叶期显著降低土壤 pH 值 ($P < 0.05$), 分别降低 7.25% 和 7.55%.

相较 CK, JP 显著提高了全生育期的 OM 含量 ($P < 0.05$), 平均提高 31.80%; 开花期 JP 显著降低了 AP 含量 ($P < 0.05$). 与 CK 相比, LSG 在开花期显著提升了 OM、TN 和 AP 的含量 ($P < 0.05$), 分别提高 35.86%、39.65% 和 134.23%. 与 CK 相比, LSG + JP 显著提高了全生育期的 OM 和 AP 含量, 在全生育期平均提高 81.85% 和 207.61%; LSG + JP 显著提高了开花期和落叶期的 TN 含量, 分别提高 60.88% 和 59.21% ($P < 0.05$).

2.2 土壤细菌多样性

分析生育期内不同处理特有及共有的 OTUs 做 Venn 图, 如图 3. 在春梢生长期, CK、LSG、JP 和 LSG + JP 的 OTUs 总数分别为 3 492、4 095、4 441 和 4 657, 特有 OTUs 数为 439、529、763 和 786; 开花期各处理的 OTUs 总数为 2 626、3 436、2 684 和 3 969, 特有 OTUs 数为 729、894、751 和 1 287. 相较 CK, 改良处理均增加了 OTUs 总数和特有 OTUs 数. 在盛果期, CK、LSG、JP 和 LSG + JP 的 OTUs 总数为 3 392、3 283、2 770 和 3 449, 特有 OTUs 数为 778、619、529 和 836. 在春梢生长期至盛果期, LSG + JP 处理的 OUTs 总数及特有 OUTs 数最多, 高于 CK 及其他单一改良, 说明综合改良对细菌群落影响较大.

表 1 为不同生育期下改良处理的多样性指数和丰富度指数. 在改良初期 (春梢生长期和开花期), 改良处理较 CK 增加了 Shannon 指数和 Chao1 指数, 其中 LSG + JP 的 Shannon 指数较 CK 提高了 3.31% 和 6.54%, Chao1 指数较 CK 提高了 24.95% 和



不同小写字母表示不同处理差异达到显著水平 ($P < 0.05$)

图 2 生育期内不同处理对土壤水盐及养分的影响

Fig. 2 Effects of different treatments on soil water, salinity, and nutrients during growth period

43.26%. 而改良后期(盛果期和落叶期),改良处理均降低了物种 Shannon 和 Chao1 指数,其中 JP 在盛果期和落叶期的多样性均低于 CK,在落叶期的丰富度低于 CK,LSG + JP 的多样性和丰富度在落叶期低于 CK. 从全生育期 OTUs 数目来看,改良处理的 OTUs 变化范围大于 CK. CK、LSG、JP 和 LSG + JP 的 OTUs 数分别在 2 626 ~ 3 492、2 970 ~ 4 095、1 746 ~ 4 441 和 2 568 ~ 4 657 之间. 盐渍土改良初期微生物群落分布结构发生改变,物种数量增加,但这种变化并不稳定,在改良后期物种数目有所减少,因而落叶期 JP 和 LSG + JP 的多样性和丰富度低于 CK.

对不同生育期不同改良处理的土壤微生物群落进行主坐标分析(PCoA). 结果表明,在细菌 β 多样性中(图 4),PC1 轴和 PC2 轴的贡献率分别为 39.85% 和 14.49%,累计贡献率为 54.34%. 不同生育期的细菌群落组成存在显著差异(ANOSIM, $R = 0.6302$, $P < 0.001$),可见生育期对细菌群落的影响起主导作用,不同改良处理对微生物群落的影响受限于不同生育期,改良处理是影响细菌群落的辅助因素.

2.3 土壤细菌群落组成

枸杞生育期内不同处理土壤细菌门水平的群落

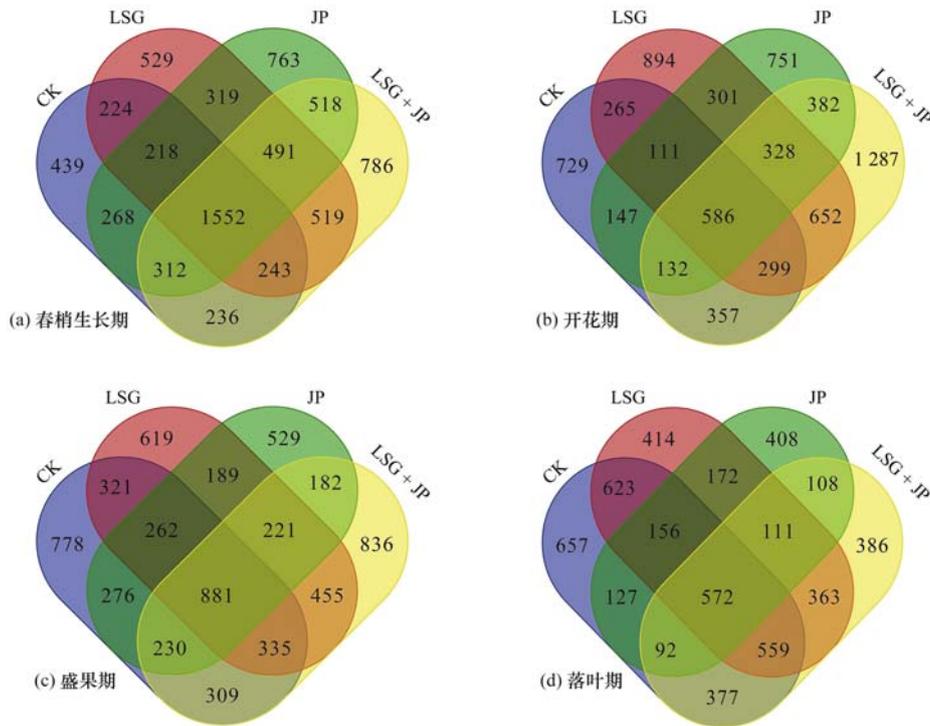


图3 不同处理 OTUs 的韦恩图

Fig. 3 Venn diagram of OTUs under different treatments

表1 枸杞不同生育期土壤细菌多样性指数和丰富度指数

Table 1 Diversity index and richness index of soil bacteria at different growth stages of *Lycium barbarum*

枸杞生育期	改良处理	多样性指数 (Shannon)	丰富度指数 (Chao1)
春梢生长期	CK	6.65	4 747.5
	LSG	6.85	5 518.21
	JP	6.65	5 980.37
	LSG + JP	6.87	5 931.9
开花期	CK	5.81	3 882.56
	LSG	6.48	4 784.15
	JP	5.79	3 913.78
	LSG + JP	6.19	5 562.12
盛果期	CK	6.39	4 561.11
	LSG	6.2	4 410.06
	JP	5.22	4 098.6
	LSG + JP	6.31	4 678.4
落叶期	CK	6.45	3 558.48
	LSG	6.05	3 613.16
	JP	3.23	2 144.32
	LSG + JP	5.15	3 177.7

组成结构如图 5, 土壤样品共检测到 37 个门的细菌. 平均相对丰度超过 10% 的细菌门类为优势门类, 全生育期优势菌门种类未发生变化, 本文的优势菌群为变形菌门 (Proteobacteria) (45.43% ~ 72.21%)、拟杆菌门 (Bacteroidetes) (9.37% ~ 16.13%)、放线菌门 (Actinobacteria) (4.03% ~ 12.57%) 和酸杆菌门 (Acidobacteria) (3.59% ~ 11.28%). 除春梢生长期, 各改良处理的变形菌门相对丰度较 CK 增加了 0.5% ~ 16.27%; 各处理在

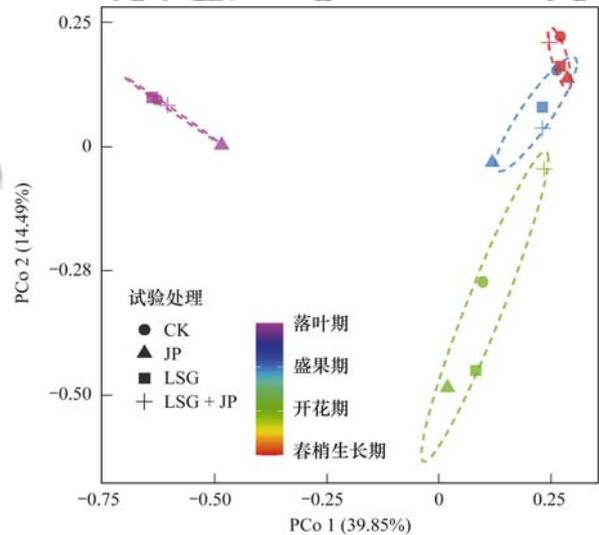
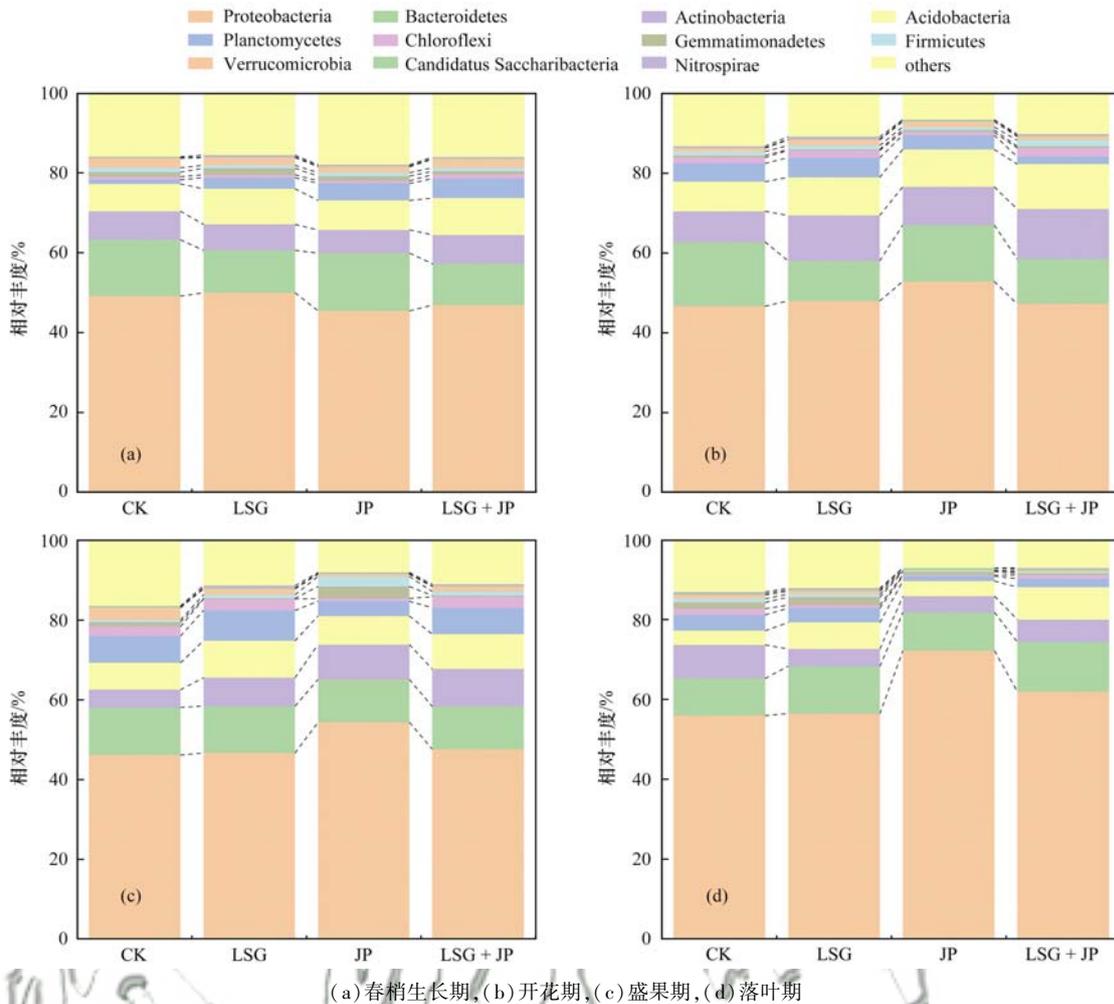


图4 不同生育期改良处理的土壤细菌 PCoA 分析

Fig. 4 PCoA analysis of soil bacteria under improvement treatments at different growth stages

生育旺盛期 (开花期和盛果期) 的放线菌门相对丰度较 CK 增加了 1.91% ~ 4.98%, 拟杆菌门相对丰度较 CK 降低了 0.22% ~ 6.06%. 全生育期内改良处理酸杆菌门的相对丰度较 CK 增加了 0.47% ~ 4.58%. 此外, JP 和 LSG + JP 处理在开花期和落叶期的念珠菌门 (Candidatus Saccharibacteria) 相对丰度较 CK 和 LSG 处理增加了 0.03% ~ 0.29%. LSG 和 LSG + JP 处理的硝化螺菌 (Nitrospirae) 在春梢生长期至盛果期的相对丰度较 CK 和 JP 处理增加了 0.06% ~ 0.54%.



(a) 春梢生长期, (b) 开花期, (c) 盛果期, (d) 落叶期

图5 不同处理在门水平的微生物相对丰度

Fig. 5 Relative abundance of microorganisms at the phylum level under different treatments

分析不同生育期和不同改良处理土壤细菌属水平的相对丰度发现(图6). 不同处理在全生育期的优势菌属各有不同, CK有鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、硫磷属(*Thioprofundum*)、Gp6和溶杆菌属(*Lysobacter*)等,而LSG为鞘脂单胞菌属、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、溶杆菌属、Gp10和佐贝拉属(*Zobellella*), JP有鞘脂单胞菌属、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、假单胞菌属、溶杆菌属和新鞘氨醇杆菌(*Novosphingobium*)等, LSG+JP有鞘脂单胞菌属、不动杆菌属、假单胞菌属、Gp10、佐贝拉属和新鞘氨醇杆菌等.

全生育期内CK的优势菌属为鞘脂单胞菌属(4.97%~12.43%),其他改良处理的优势菌属更为复杂且各有特色. 开花期LSG、JP和LSG+JP处理假单胞菌属的相对丰度分别为6.4%、4.34%和6.04%,高于CK处理(0.09%),此外,开花期至落叶期LSG和LSG+JP处理假单胞菌属的相对丰度均高于CK处理;在开花期,不动杆菌属为JP和

LSG+JP处理的优势菌属,相对丰度分别为9.49%和5.37%;在春梢生长期至盛果期,LSG处理的溶杆菌属相对丰度平均高于CK处理的3.43%.此外,LSG和LSG+JP还特有优势菌属佐贝拉属,最高相对丰度达28.39%.

2.4 土壤环境因子与细菌群落结构的相关性

对OTUs数据进行去趋势分析(DCA),结果显示排序轴的最大梯度长度为3.41,选择线性模型中的冗余分析(RDA)用于后续分析. 土壤环境因子与OTUs水平细菌的RDA结果如图7,第一主轴对门水平细菌群落方差变化的解释量为51.81%,第二主轴的解释量为14.10%,两轴共解释总变异的65.91%.从图7可以看出,与第1排序轴相关性高的环境因子为pH值($r^2=0.7142$, $P=0.001$)、WT($r^2=0.6546$, $P=0.004$)和AP($r^2=0.4930$, $P=0.016$),说明以上环境因子与细菌群落组成具有显著的相关性,是影响细菌群落组成的重要因素.

通过Spearman相关性热图分析土壤理化性质对不同处理土壤细菌门水平群落组成的影响,如图

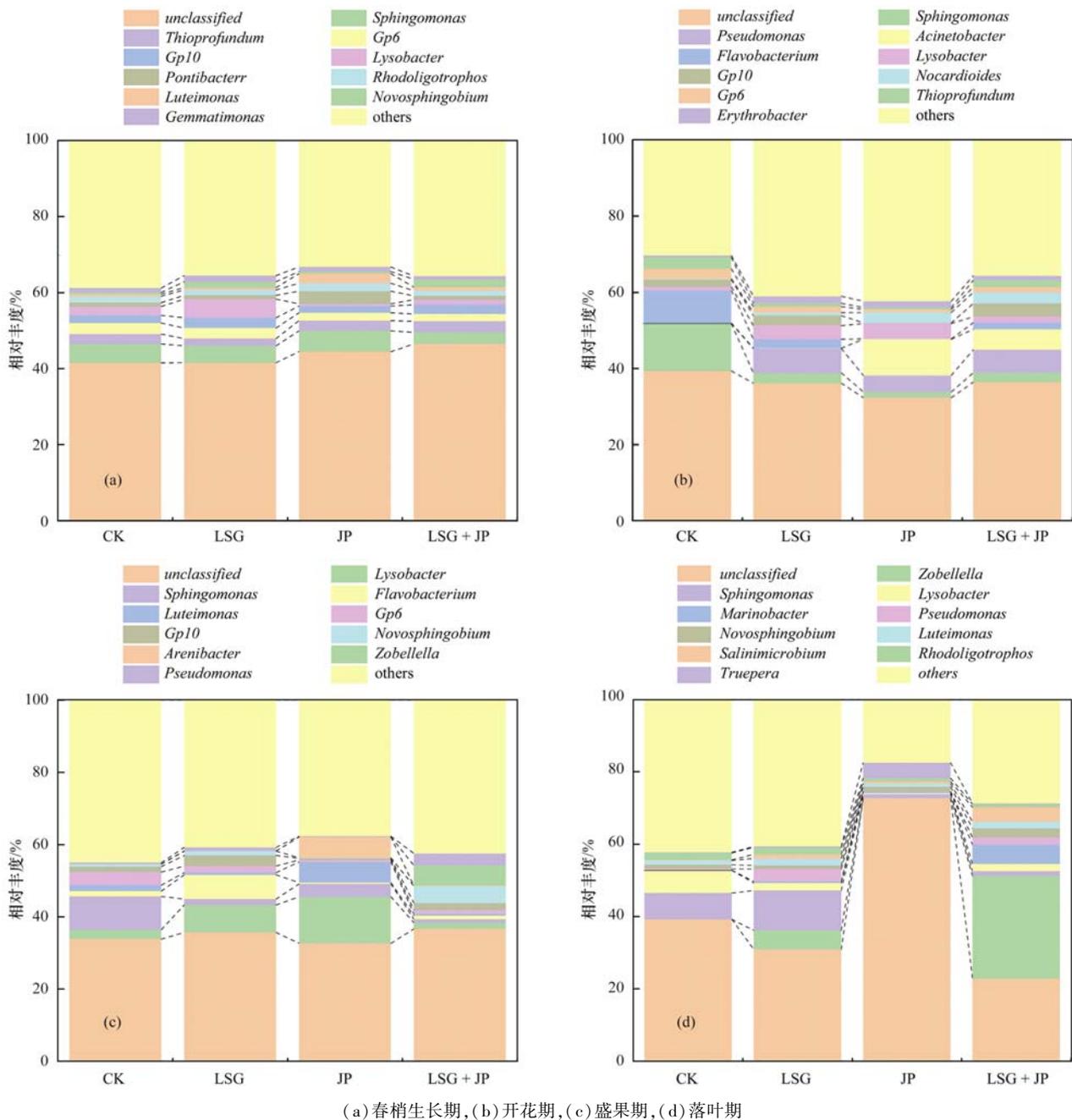


图 6 不同处理在属水平的微生物相对丰度

Fig. 6 Relative abundance of microorganisms at the genus level under different treatments

8(a). 结果显示, 各菌门与土壤 EC 值均呈负相关, 其中变形菌门和拟杆菌门与 EC 值呈极显著负相关 ($P < 0.001$), 放线菌门和硝化螺菌与 EC 值呈显著负相关 ($P < 0.01$), 芽单胞菌门、绿弯菌门和厚壁菌门与 EC 值呈显著负相关 ($P < 0.05$); WT 与疣微菌门呈极显著正相关 ($P < 0.001$), 与厚壁菌门呈显著正相关 ($P < 0.01$), 与变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门、放线菌门、芽单胞菌门和硝化螺菌呈显著正相关 ($P < 0.05$); pH 值与疣微菌门和芽单胞菌门呈显著正相关 ($P < 0.01$ 和 $P < 0.05$); AP 与厚壁菌门和疣微菌门呈显著正相关 ($P < 0.01$ 和 $P < 0.05$); OM 与厚壁菌门呈显著正相关 ($P < 0.01$),

与拟杆菌门、放线菌门和绿弯菌门呈显著正相关 ($P < 0.05$).

通过 Spearman 相关性热图分析土壤理化性质对不同处理土壤细菌属水平群落组成的影响, 图 8 (b). 结果显示, *Gp6* 与 WT 和 pH 值呈显著正相关 ($P < 0.01$), 与 AP 呈显著正相关 ($P < 0.05$); *Gp10* 和新鞘氨醇杆菌均与 WT 呈显著正相关 ($P < 0.01$), 与 EC 值呈显著负相关 ($P < 0.05$), 此外 *Gp10* 与 AP 呈显著正相关 ($P < 0.01$); 红杆菌属 (*Erythrobacter*) 与 EC 值呈显著负相关 ($P < 0.05$), 与 OM 呈显著正相关 ($P < 0.05$).

以细菌多样性 (Shannon 指数)、丰富度 (Chao1

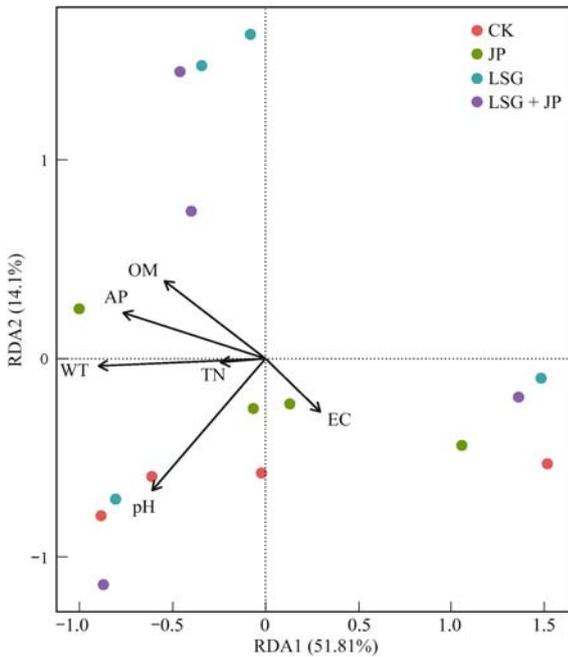


图 7 土壤细菌群落在 OTUs 水平与土壤环境因子的冗余分析
Fig. 7 RDA analysis of soil bacteria at the OTUs level with soil environmental factors

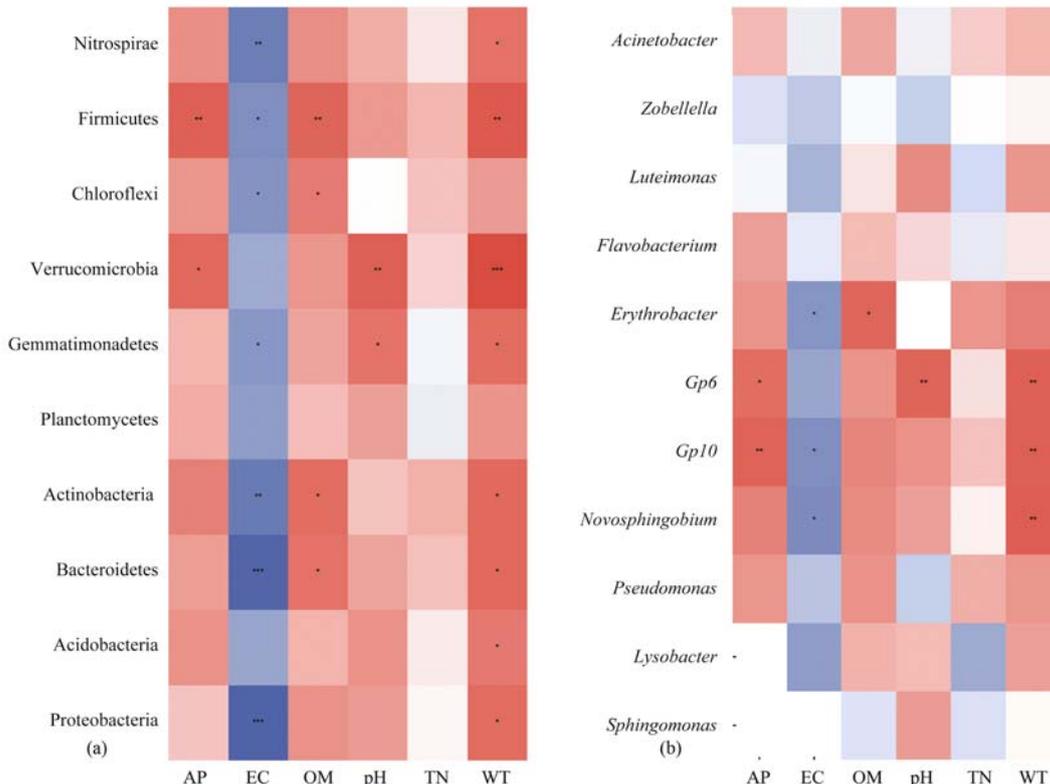
指数)和群落结构(主成分分析一轴)与土壤环境因子进行相关性分析.如图 9 所示,细菌多样性与 WT 和 pH 值显著相关($P < 0.05$, $P < 0.01$),细菌丰富度与 WT($P < 0.01$)、pH 值($P < 0.05$)和 AP($P <$

0.01)显著相关.

3 讨论

3.1 盐渍土改良处理对盐分及养分的影响

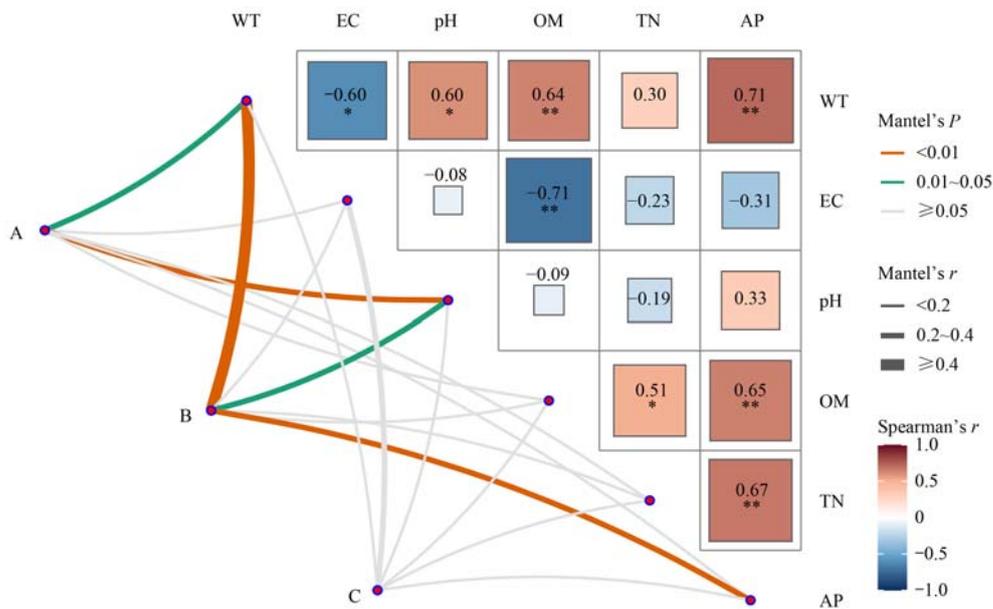
本研究发现土壤表层 EC 值在生育期内波动较大,灌溉总量的不同导致了土壤盐分的差异.春梢生长期至开花期进行了一次微咸水灌溉,此时微咸水中盐分被带入土壤,增加了土壤盐分;开花期至盛果期进行了两次灌水(单次灌水定额相同),灌水量的增加使微咸水发挥了淋洗土壤盐分的作用;而盛果期至落叶期无灌溉,土壤水分蒸发较大,且碱蓬枯萎后植物蒸腾减弱,相较于前 3 个生育期加剧了土壤蒸发,落叶期深层土壤盐分返回表层,因此 EC 值有所增加.本研究发现磷石膏在开花期和盛果期均显著降低了土壤 EC 值,而张济世等^[19]认为磷石膏本身含有大量钙离子因而会增加土壤盐分,与本文观点不一致.灌排条件不同是导致石膏施用后土壤脱盐效果差异的主要原因^[20],本试验在春稍生长期和盛果期之间进行了灌溉,将盐离子淋洗至深层土壤^[21],试验区旁有斗沟,提供了良好的排水排盐条件,故表层土壤 EC 值显著降低.本研究表明,碱蓬在春梢生长期和开花期未显著降低 EC 值,在盛果期显著降低了 EC 值,随着碱蓬的生长和数量增多,



(a) 门水平, (b) 属水平; X 轴和 Y 轴分别为环境因子和细菌菌群,通过计算获得相关性 R 值和 P 值;
* 表示 $0.01 \leq P < 0.05$, ** 表示 $0.001 \leq P < 0.01$, *** 表示 $P < 0.001$

图 8 环境因子与细菌群落组成 Spearman 相关性热图

Fig. 8 Spearman correlation heatmap between environmental factors and bacterial community composition



A 表示细菌多样性, B 表示细菌丰富度, C 表示细菌群落结构

图 9 微生物群落结构特征与土壤指标的相关性分析

Fig. 9 Correlation analysis between microbial community and soil properties

碱蓬通过表覆土壤增强植物蒸腾、减少土壤水分蒸发,降低了土壤盐分^[22],这说明碱蓬的改良效果随生育期发展逐渐显现. 本研究发现磷石膏与碱蓬综合改良在开花期至落叶期均显著降低了土壤 EC 值, 优于单独施加化学改良剂和单独种植耐盐植物, 分析其原因为碱蓬根系深入土壤的钙积层, 利于磷石膏中 Ca^{2+} 充分接触土壤. 此外, 当磷石膏发生置换反应将土壤中 NaCl 变成更易溶的 Na_2SO_4 后, 仍需配合水利措施淋洗 Na^+ , 叶片肉质化植物碱蓬起到了吸收 Na^+ 的作用^[12]. 磷石膏、碱蓬和综合改良处理的 WT 在全生育期均高于 CK, 说明改良处理降低土壤蒸发和减少水分消耗^[23], 起到一定的保水效果. 此外, 磷石膏及综合改良处理均在后 3 个生育期显著降低了土壤 pH 值, 原因在于磷石膏中 Ca^{2+} 与土壤中游离的碱性 Na^+ 发生置换反应降低土壤碱性^[7], 磷石膏产自硫酸分解磷矿粉的残渣, 它保留了一部分硫酸或磷酸, 呈酸性, 降低了盐渍土的 pH 值.

碱蓬生长过程促进了根部微生物的活性, 通过微生物分解增加了 OM^[24], 故碱蓬显著提高了全生育期 OM 含量. 但碱蓬在开花期显著降低了 AP 含量, 原因是碱蓬处于生长发育阶段需从土壤中吸收大量磷素^[24]. 本研究发现磷石膏显著提高了开花期 OM、TN 和 AP 含量, 由于磷石膏通过中和碱性土壤改善了土壤结构, 中和反应生成的钙胶体促进土壤形成团聚体^[25], 利于 OM 的积累; 磷石膏在降低 pH 值的同时改善了土壤理化性质, 对 TN 含量等均有贡献^[8]; 由于磷石膏本身含磷, 因此显著提高了 AP

含量. 本研究中综合改良处理显著提高了 OM、TN 和 AP, 全生育期内综合改良的 OM 较 CK 提升了 81.85%, 而碱蓬单一改良处理下 OM 较 CK 提升了 31.80%; 开花期综合改良的 TN 较 CK 显著提高了 60.88%, 而磷石膏单一改良处理下 TN 较 CK 提高了 39.65%, 由此可见综合改良不仅在降低土壤 EC 值上优于单一改良处理, 还在 OM 和 TN 等指标上优于单一改良.

3.2 盐渍土改良处理对群落结构的影响

土壤微生物在盐碱地生态系统中起重要作用, 挖掘和利用盐渍化土壤中耐盐碱的功能微生物, 可以促进土壤的物质转化, 改善盐碱土壤结构及土壤肥力, 降低 pH 值及含盐量, 从而有利于盐碱土的改良^[2].

本研究发现变形菌门、拟杆菌门、放线菌门和酸杆菌门是该盐碱地的优势菌门. 其他学者^[3,26,27]在河套灌区、黄河三角洲和宁夏盐碱地也监测出变形菌门、拟杆菌门和放线菌门为优势菌门. 变形菌门可适应各种复杂环境, 是盐碱土中最常见的微生物类群^[3], 变形菌门相对丰度在富营养水平下增加^[28], 本研究中改良处理均显著增加了 OM 含量, 较 CK 增加了变形菌门的相对丰度. 放线菌门适合在弱碱性土壤中生存, 能有效降低土壤 pH^[29], 参与 OM 转化、土壤结构形成、植物生长素和抗生素分泌^[30,31]. 改良处理增加了生育旺盛期放线菌门的丰度, 使放线菌门成为优势菌门之一. 本文发现改良处理增加了酸杆菌门的丰度, 原因是酸杆菌可通过代谢产酸作用实现对碱性土壤的中和调控^[32], 是植物

抗盐机制中的有益细菌^[33],这与董梦阳等^[34]研究观点类似.由此可见,改良处理通过优化细菌群落结构的方式调节土壤.此外,本文发现碱蓬改良处理(JP和LSG+JP)的念珠菌门高于CK和LSG处理,相关研究报道碱蓬较裸地会多出念珠菌目^[35].磷石膏改良处理(LSG和LSG+JP)的硝化螺菌高于CK和JP处理,王晓岑等^[36]研究表明磷石膏可降低肥料中氨的挥发,本文进一步推测磷石膏影响了氨的挥发,从而进一步影响了硝化反应,所以磷石膏处理的硝化螺菌高于CK和JP处理.

虽然门水平的物种组成基本相同,但不同改良处理的优势菌属有明显差异.本研究发现,鞘脂单胞菌属为该盐碱区域的优势菌属,这与当地常年在作物生育期前施有机肥做为底肥的施肥习惯有关,有机肥补充了土壤的碳库和氮库,从而刺激了变形菌门中鞘脂单胞菌属相对丰度的增加^[37].此外,鞘脂单胞菌属适应性强,在不同盐碱地作为优势菌属广泛存在^[38,39].本研究发现,改良处理增加了土壤细菌群落结构的复杂性,优势菌属更加丰富,这与土壤细菌多样性的结果相一致.和CK相比,改良处理使土壤微生物中增加了假单胞菌属,假单胞菌属是耐盐植物的优势菌属^[40],在固氮环节中假单胞菌属等可将空气中的分子氮转化为有机氮,增加了土壤的氮素营养^[27],这从土壤微生物角度解释了改良处理较CK提高了土壤养分的原因.开花期至落叶期磷石膏改良处理的假单胞菌属相对丰度高于CK,这是因为添加磷石膏后假单胞菌属能将土壤中难溶性磷转化为可被利用的有效磷等^[41],促进养分转化和植物生长.碱蓬处理增加了开花期的不动杆菌属,不动杆菌是碱蓬内生细菌的优势菌属^[42],不动杆菌常与假单胞菌属和芽孢杆菌等一起作为植物促生长剂^[43],可在生育旺盛期为植物生长提供必需的养分.郑敏娜等^[44]在综合改良中发现添加化学改良剂后溶杆菌属为优势菌属,本文得出LSG处理的溶杆菌属相对丰度高于CK处理,认为溶杆菌属的增多可能与施用改良剂有关.佐贝拉属是变形菌门下反硝化细菌,磷石膏处理出现较多的佐贝拉属,认为是由磷石膏影响氨挥发进而影响硝化反应引起的.

3.3 盐渍化土壤细菌群落与环境因子的关系

盐渍化土壤环境改变会导致土壤微生物群落的变化,同时土壤各菌属数量也会因土壤境况不同而发生改变.Cheng等^[45]得出驱动西北干旱区盐碱地的主要因素是土壤pH值和EC值,He等^[46]得出影响黄河三角洲土壤微生物的主要因素有WT,本文RDA结果表明,驱动盐渍化土壤细菌群落结构变化的主要因素有pH值、WT和AP.AP驱动细菌群落

变化的主要原因是改良过程中施加磷石膏显著增加了AP,对土壤微生态起到了积极作用.

在高盐环境中关键氮代谢(如氨化、固氮作用、硝化和反硝化过程)被抑制^[47],变形菌门和EC值呈极显著负相关;研究表明拟杆菌门是中度嗜盐菌,与土壤EC值呈正相关^[48],也有研究表明拟杆菌门生长在适宜的盐分范围内,盐分过高或过低均不利于其生长繁殖^[49],本文得出拟杆菌门和土壤EC值呈显著负相关,可能试验区土壤盐分处在不利于拟杆菌门生长的范围内.细菌菌门与土壤环境因子间的关系受土壤类型不同而有差异.黄雅丽等^[50]认为放线菌门与WT呈正相关,与本文研究结果一致;郑兰香等^[51]得出放线菌门和EC值呈正相关,而本研究显示放线菌门与EC值呈极显著负相关,产生不同相关性规律在于郑兰香等的研究对象是受水体影响的岸边带,而本文的研究对象为内陆盐渍化土壤.张仲富等^[52]认为湿地系统的酸杆菌门与WT呈负相关,而本文得出盐渍化农田的酸杆菌门与WT呈显著正相关,WT增加利于土壤盐分随水分流动,进而将盐分排入土壤,利于盐碱地改良,表现为酸杆菌门增加.此外,本文得出芽单胞菌门与EC呈显著负相关,与WT和pH值呈显著正相关,但张晓兰等^[53]基于青藏高原多年冻土区得出pH值与芽单胞菌门显著负相关,不同的土壤条件导致了菌群与环境因子相关性差异.有研究表明酸杆菌的百分比随着pH值的降低而增加^[54],尽管在本研究中酸杆菌门与pH值无显著相关性,但酸杆菌亚群的Gp6和土壤pH值呈显著正相关,与Jones等^[55]研究的结果一致.

相关性分析表明细菌多样性、丰富度显著影响WT、pH值和AP(图9),但微生物群落结构对土壤盐分和养分等环境因子影响较小,RDA结果表明WT、pH值和AP是影响细菌群落组成的重要因素(图7).胡志娥等^[56]研究表明长期覆膜条件下微生物群落结构和多样性的变化并不是调节土壤养分的主要因素,而是由于微生物的功能冗余性,通过调节土壤中特异性功能微生物物种来实现对土壤养分元素周转的调控,本研究进一步表明盐渍化土壤改良条件下通过调节土壤特异性功能微生物物种来调控主要环境因子(WT、pH值和AP),进而影响其他土壤指标.

4 结论

(1)生育期内综合改良处理(LSG+JP)的土壤EC值和pH值较传统枸杞种植(CK)降低了9.86%~54.22%和3.01%~8.35%,OM、TN和AP平均提

高了 81.85%、48.91% 和 207.61%。

(2) 改良初期综合改良较传统枸杞种植提高了细菌丰富度和多样性, Shannon 指数较 CK 提高了 3.31% 和 6.54%, Chao1 指数较 CK 提高了 24.95% 和 43.26%。试验区盐碱地的主要优势菌门为变形菌门、拟杆菌门、放线菌门和酸杆菌门, 优势菌属为鞘脂单胞菌属。

(3) pH 值、WT 和 AP 是影响细菌群落组成的重要因素。变形菌门和放线菌门与土壤 EC 值呈显著负相关, 开花期至落叶期改良处理的变形菌门相对丰度较 CK 增加了 0.50%~16.27%, 放线菌门相对丰度在开花期和盛果期较 CK 增加了 1.91%~4.98%。改良处理优化了群落结构, 利于盐渍土的正向演替。

(4) 适宜当地盐渍化枸杞园的改良方案为施加磷石膏和枸杞间种碱蓬的综合措施(LSG + JP)。

参考文献:

- [1] 史海滨, 杨树青, 李瑞平, 等. 内蒙古河套灌区水盐运动与盐渍化防治研究展望[J]. 灌溉排水学报, 2020, **39**(8): 1-17.
- Shi H B, Yang S Q, Li R P, *et al.* Soil water and salt movement and soil salinization control in Hetao irrigation district: current state and future prospect[J]. *Journal of Irrigation and Drainage*, 2020, **39**(8): 1-17.
- [2] 俞冰倩, 朱琳, 魏巍. 我国盐碱土土壤微生物研究及其展望[J]. 土壤与作物, 2019, **8**(1): 60-69.
- Yu B Q, Zhu L, Wei W. Microorganisms research in saline soil of China: Progress and prospects[J]. *Soils and Crops*, 2019, **8**(1): 60-69.
- [3] 李新, 焦燕, 代钢, 等. 内蒙古河套灌区不同盐碱程度的土壤细菌群落多样性[J]. 中国环境科学, 2016, **36**(1): 249-260.
- Li X, Jiao Y, Dai G, *et al.* Soil bacterial community diversity under different degrees of saline-alkaline in the Hetao Area of Inner Mongolia[J]. *China Environmental Science*, 2016, **36**(1): 249-260.
- [4] 戴良香, 徐扬, 张冠初, 等. 花生根际土壤细菌群落多样性对盐胁迫的响应[J]. 作物学报, 2021, **47**(8): 1581-1592.
- Dai L X, Xu Y, Zhang G C, *et al.* Response of rhizosphere bacterial community diversity to salt stress in peanut[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2021, **47**(8): 1581-1592.
- [5] 张凯煜, 谷洁, 王小娟, 等. 微生物有机肥对櫻桃园土壤细菌群落的影响[J]. 中国环境科学, 2019, **39**(3): 1245-1252.
- Zhang K Y, Gu J, Wang X J, *et al.* Effects of bio-organic fertilizer on the soil bacterial community in a cherry orchard[J]. *China Environmental Science*, 2019, **39**(3): 1245-1252.
- [6] 杨惠婷, 冷小云, 石春芳. 盐碱化土壤细菌群落研究进展[J]. 环境科学与技术, 2021, **44**(6): 230-236.
- Yang H T, Leng X Y, Shi C F. Research progress on bacterial communities in saline-alkali soil[J]. *Environmental Science & Technology*, 2021, **44**(6): 230-236.
- [7] 刘瑞敏, 杨树青, 史海滨, 等. 河套灌区中度盐渍化土壤改良产品筛选研究[J]. 土壤, 2017, **49**(4): 776-781.
- Liu R M, Yang S Q, Shi H B, *et al.* Materials screening for

improving moderately salinized soils in Hetao Irrigation Area[J]. *Soils*, 2017, **49**(4): 776-781.

- [8] 李季, 吴洪生, 高志球, 等. 磷石膏对麦田 CO₂ 排放和小麦产量的影响及其经济环境效益分析[J]. 环境科学, 2015, **36**(8): 3099-3105.
- Li J, Wu H S, Gao Z Q, *et al.* Impact of phosphogypsum wastes on the wheat growth and CO₂ emissions and evaluation of economic-environmental benefit [J]. *Environmental Science*, 2015, **36**(8): 3099-3105.
- [9] Liu L S, Gu J, Wang X J, *et al.* Microbial succession and molecular ecological networks response to the addition of superphosphate and phosphogypsum during swine manure composting[J]. *Journal of Environmental Management*, 2021, **279**, doi: 10.1016/j.jenvman.2020.111560.
- [10] Liu L L, Wang B S. Protection of halophytes and their uses for cultivation of saline-alkali soil in China[J]. *Biology*, 2021, **10**(5), doi: 10.3390/biology10050353.
- [11] Liu H Q, Lu X B, Li Z H, *et al.* The role of root-associated microbes in growth stimulation of plants under saline conditions [J]. *Land Degradation & Development*, 2021, **32**(13): 3471-3486.
- [12] 贾林, 刘璐瑶, 王鹏山, 等. 盐地碱蓬的耐盐机理及改良土壤机理研究进展[J]. 中国农学通报, 2021, **37**(3): 73-80.
- Jia L, Liu L Y, Wang P S, *et al.* Salt-tolerance and soil improvement mechanism of *Suaeda salsa*: Research progress[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2021, **37**(3): 73-80.
- [13] 孙一航, 赵一航, 孔令泽, 等. 不同生长时期碱蓬对根际土壤细菌群落结构的影响[J]. 中国草地学报, 2022, **44**(1): 78-86.
- Sun Y H, Zhao Y H, Kong L Z L, *et al.* Effects of *Suaeda glauca* at different growth stages on bacterial community structure in the Rhizosphere Soil[J]. *Chinese Journal of Grassland*, 2022, **44**(1): 78-86.
- [14] 文利军, 史文娟, 何子建, 等. 不同措施对土壤脱盐及棉花生理特征的影响[J]. 排灌机械工程学报, 2021, **39**(8): 851-858.
- Wen L J, Shi W J, He Z J, *et al.* Effects of different measures on soil desalination and cotton physiological characteristics [J]. *Journal of Drainage and Irrigation Machinery Engineering*, 2021, **39**(8): 851-858.
- [15] Ben Mefteh F, Bouket A C, Daoud A, *et al.* Metagenomic insights and genomic analysis of phosphogypsum and its associated plant endophytic microbiomes reveals valuable actors for waste bioremediation [J]. *Microorganisms*, 2019, **7**(10), doi:10.3390/microorganisms7100382.
- [16] DB15/T 1018-2016, 盐碱土壤枸杞咸淡水轮灌技术规程[S].
- DB15/T 1018-2016, Technical regulations of alternation irrigation using salt-freshwater regarding wolfberry cultivated in saline-alkali soil[S].
- [17] 中国土壤学会农业化学专业委员会. 土壤农业化学常规分析方法[M]. 北京: 科学技术出版社, 1983.
- [18] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [19] 张济世, 于波涛, 张金凤, 等. 不同改良剂对滨海盐渍土土壤理化性质和小麦生长的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2017, **23**(3): 704-711.
- Zhang J S, Yu B T, Zhang J F, *et al.* Effects of different amendments on soil physical and chemical properties and wheat growth in a coastal saline soil[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2017, **23**(3): 704-711.

- [20] 赵永敢, 王淑娟, 李彦, 等. 脱硫石膏改良盐碱土技术发展历程与展望[J]. 清华大学学报(自然科学版), 2022, **62**(4): 735-745.
Zhao Y G, Wang S J, Li Y, *et al.* Prospects of using flue gas desulfurization gypsum to ameliorate saline-alkaline soils [J]. Journal of Tsinghua University (Science & Technology), 2022, **62**(4): 735-745.
- [21] 屈忠义, 孙慧慧, 杨博, 等. 不同改良剂对盐碱地土壤微生物与加工番茄产量的影响[J]. 农业机械学报, 2021, **52**(4): 311-318, 350.
Qu Z Y, Sun H H, Yang B, *et al.* Effects of different amendments on soil microorganisms and yield of processing tomato in saline alkali soil [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2021, **52**(4): 311-318, 350.
- [22] 史文娟, 杨军强, 马媛. 旱区盐碱地盐生植物改良研究动态与分析[J]. 水资源与水工程学报, 2015, **26**(5): 229-234.
Shi W J, Yang J Q, Ma Y. Review on saline-alkali soil improvement with planting halophyte method in arid region [J]. Journal of Water Resources and Water Engineering, 2015, **26**(5): 229-234.
- [23] 屈忠义, 胡敏, 王丽萍, 等. 不同改良措施对盐渍化土壤水热碳与葵花产量的影响[J]. 农业机械学报, 2020, **51**(3): 268-275.
Qu Z Y, Hu M, Wang L P, *et al.* Effects of different improvement measures on hydrothermal carbon and sunflower yield in salinized soil [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2020, **51**(3): 268-275.
- [24] 陈立华, 张欢, 姚宇阔, 等. 盐地碱蓬覆盖对滨海滩涂土壤理化性质的影响[J]. 植物资源与环境学报, 2021, **30**(2): 19-27.
Chen L H, Zhang H, Yao Y T, *et al.* Effects of *Suaeda salsa* covering on soil physicochemical properties in coastal beach [J]. Journal of Plant Resources and Environment, 2021, **30**(2): 19-27.
- [25] 姜焕焕. 耐盐碱解磷菌与磷石膏联用改良盐碱土的效果与机制[D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2019.
Jiang H H. Saline-alkali soil remediation by the combined application of Halotolerant phosphate solubilizing microorganism and rock phosphate [D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2019.
- [26] 赵娇, 谢慧君, 张建. 黄河三角洲盐碱土根际微环境的微生物多样性及理化性质分析[J]. 环境科学, 2020, **41**(3): 1449-1455.
Zhao J, Xie H J, Zhang J. Microbial diversity and physicochemical properties of rhizosphere microenvironment in saline-alkali soils of the Yellow River Delta [J]. Environmental Science, 2020, **41**(3): 1449-1455.
- [27] 李明, 马飞, 张俊华. 种稻年限对盐渍化土壤理化性质和细菌群落多样性的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2021, **39**(4): 194-202.
Li M, Ma F, Zhang J H. Effects of rice planting years on physicochemical properties and bacterial community structure in saline-alkali soil [J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2021, **39**(4): 194-202.
- [28] 王丹, 赵亚光, 马蕊, 等. 微生物菌肥对盐碱地枸杞土壤改良及细菌群落的影响[J]. 农业生物技术学报, 2020, **28**(8): 1499-1510.
Wang D, Zhao Y G, M R, *et al.* Effects of Microbial Fertilizers on Soil Improvement and Bacterial Communities in Saline - alkali Soils of *Lycium barbarum* [J]. Journal of Agricultural Biotechnology, 2020, **28**(8): 1499-1510.
- [29] 侯景清, 王旭, 陈玉海, 等. 乳酸菌复合制剂对盐碱地改良及土壤微生物群落的影响[J]. 南方农业学报, 2019, **50**(4): 710-718.
Hou J Q, Wang X, Chen Y H, *et al.* Effects of lactic acid bacteria compound preparation on improvement of saline-alkali soil and soil microbial community [J]. Journal of Southern Agriculture, 2019, **50**(4): 710-718.
- [30] 王静, 程昱润, 肖国举, 等. 宁夏银北不同草田轮作模式对细菌群落组成特征的影响[J]. 农业机械学报, 2021, **52**(7): 283-292.
Wang J, Cheng Y R, Xiao G J, *et al.* Effect of grass-crop rotation patterns on soil bacterial community composition in northern Ningxia [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2021, **52**(7): 283-292.
- [31] Sathya A, Vijayabharathi R, Gopalakrishnan S. Plant growth-promoting actinobacteria: a new strategy for enhancing sustainable production and protection of grain legumes [J]. 3 Biotech, 2017, **7**(2), doi: 10.1007/s13205-017-0736-3.
- [32] Schmalenberger A, O'Sullivan O, Gahan J, *et al.* Bacterial communities established in bauxite residues with different restoration histories [J]. Environmental Science & Technology, 2013, **47**(13): 7110-7119.
- [33] Xu Y, Zhang G C, Ding H, *et al.* Influence of salt stress on the rhizosphere soil bacterial community structure and growth performance of groundnut (*Arachis hypogaea* L.) [J]. International Microbiology, 2020, **23**(3): 453-465.
- [34] 董梦阳, 董远鹏, 徐子文, 等. 赤泥改良过程中微生物群落及酶活性恢复研究[J]. 中国环境科学, 2021, **41**(2): 913-922.
Dong M Y, Dong Y P, Xu Z W, *et al.* Resilience of soil microbiome and enzyme activity with soil amelioration of bayer process red mud [J]. China Environmental Science, 2021, **41**(2): 913-922.
- [35] 孙建平, 刘雅辉, 左永梅, 等. 盐地碱蓬根际土壤细菌群落结构及其功能[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2020, **28**(10): 1618-1629.
Sun J P, Liu Y H, Zuo Y M, *et al.* The bacterial community structure and function of *Suaeda salsa* rhizosphere soil [J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2020, **28**(10): 1618-1629.
- [36] 王晓岑, 李淑芹, 许景钢. 农业应用磷石膏前景展望[J]. 中国农学通报, 2010, **26**(4): 287-294.
Wang X C, Li S Q, Xu J G. Prospects for applications of phosphogypsum in agriculture [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2010, **26**(4): 287-294.
- [37] 周永学, 陈静, 李远, 等. 棉秆还田对咸水滴灌棉田土壤酶活性和细菌群落结构多样性的影响[J]. 环境科学, 2022, **43**(4): 2192-2203.
Zhou Y X, Chen J, Li Y, *et al.* Effects of cotton stalk returning on soil enzyme activity and bacterial community structure diversity in cotton field with long-term saline water irrigation [J]. Environmental Science, 2022, **43**(4): 2192-2203.
- [38] 萨如拉, 杨恒山, 范富, 等. 玉米秸秆还田对盐碱地土壤细菌多样性的影响[J]. 玉米科学, 2017, **25**(2): 106-111.
Sa R L, Yang H S, Fan F, *et al.* Effect of maize straw returning to field on soil bacterial diversity in saline-alkali land [J]. Journal of Maize Sciences, 2017, **25**(2): 106-111.
- [39] 代金霞, 田平雅, 张莹, 等. 银北盐渍化土壤中6种耐盐植物根际细菌群落结构及其多样性[J]. 生态学报, 2019, **39**(8): 2705-2714.
Dai J X, Tian P Y, Zhang Y, *et al.* Rhizobacteria community structure and diversity of six salt-tolerant plants in Yinbei saline

- soil[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, **39**(8): 2705-2714.
- [40] Etesami H, Glick B R. Halotolerant plant growth-promoting bacteria: Prospects for alleviating salinity stress in plants[J]. *Environmental and Experimental Botany*, 2020, **178**, doi: 10.1016/j.envexpbot.2020.104124.
- [41] 李帅, 杨敏, 曹惠翔, 等. 连年种植菊芋对滨海盐碱地的生态修复效果与机制[J]. *南京农业大学学报*, 2021, **44**(6): 1107-1116.
- Li S, Yang M, Cao H X, *et al.* Ecological restoration effect and mechanism of continuous-year cultivation of Jerusalem artichoke on coastal saline-alkali land[J]. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 2021, **44**(6): 1107-1116.
- [42] 钮旭光, 韩梅, 宋立超, 等. 翅碱蓬内生细菌鉴定及耐盐促生作用研究[J]. *沈阳农业大学学报*, 2011, **42**(6): 698-702.
- Niu X G, Han M, Song L C, *et al.* Identification of endophytic bacteria and preliminary research on their growth-promoting effect under salt stress in *Suaeda heteroptera* kitag [J]. *Journal of Shenyang Agricultural University*, 2011, **42**(6): 698-702.
- [43] Pankaj U, Singh D N, Mishra P, *et al.* Autochthonous halotolerant plant growth-promoting rhizobacteria promote bacoside a yield of *Bacopa monnieri* (L.) nash and phytoextraction of salt-affected soil[J]. *Pedosphere*, 2020, **30**(5): 671-683.
- [44] 郑敏娜, 梁秀芝, 韩志顺, 等. 不同改良措施对盐碱土壤细菌群落多样性的影响[J]. *草地学报*, 2021, **29**(6): 1200-1209.
- Zheng M N, Liang X Z, Han Z S, *et al.* Effects of different improvement measures on the diversity of soil bacteria communities in salt-alkali soil[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2021, **29**(6): 1200-1209.
- [45] Cheng Z B, Chen Y, Zhang F H. Effect of reclamation of abandoned salinized farmland on soil bacterial communities in arid northwest China[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **630**: 799-808.
- [46] He H, Miao Y J, Zhang L Q, *et al.* The structure and diversity of nitrogen functional groups from different cropping systems in Yellow River Delta[J]. *Microorganisms*, 2020, **8**(3), doi: 10.3390/microorganisms8030424.
- [47] Li X, Wang A C, Wan W J, *et al.* High salinity inhibits soil bacterial community mediating nitrogen cycling[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2021, **87**(21), doi: 10.1128/AEM.01366-21.
- [48] Canfora L, Bacci G, Pinzari F, *et al.* Salinity and bacterial diversity: to what extent does the concentration of salt affect the bacterial community in a saline soil? [J]. *PLoS One*, 2014, **9**(9), doi: 10.1371/journal.pone.0106662.
- [49] 张晓丽, 张宏媛, 卢闯, 等. 河套灌区不同秋浇年限对土壤细菌群落的影响[J]. *中国农业科学*, 2019, **52**(19): 3380-3392.
- Zhang X L, Zhang H Y, Lu C, *et al.* Effects of the different autumn irrigation years on soil bacterial community in Hetao irrigation district [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2019, **52**(19): 3380-3392.
- [50] 黄雅丽, 田琪, 秦光华, 等. 黄河三角洲刺槐白蜡混交对土壤细菌群落结构及多样性的影响[J]. *生态学报*, 2018, **38**(11): 3859-3867.
- Huang Y L, Tian Q, Qin G H, *et al.* Effects of a mixed plantation of *Robinia pseudoacacia* and *Fraxinus velutina* on soil bacterial structure and diversity in the Yellow River Delta [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, **38**(11): 3859-3867.
- [51] 郑兰香, 杨桂钦, 高礼, 等. 宁夏第三排水沟岸边带土壤微生物多样性及影响因素分析[J]. *干旱区资源与环境*, 2021, **35**(9): 164-170.
- Zheng L X, Yang G Q, Gao L, *et al.* Analysis of soil microbial diversity and influencing factors in the riparian zone of The Third Drainage Ditch in Ningxia[J]. *Journal of Arid Land Resources and Environment*, 2021, **35**(9): 164-170.
- [52] 张仲富, 喻庆国, 王行, 等. 植物群落和土壤理化性质对碧塔海湿地土壤细菌群落的影响[J]. *应用生态学报*, 2021, **32**(6): 2199-2208.
- Zhang Z F, Yu Q G, Wang H, *et al.* Effects of plant community and soil properties on soil bacterial community in Bitahai Wetland, Southwest China [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2021, **32**(6): 2199-2208.
- [53] 张晓兰, 刘桂民, 李新星, 等. 青藏高原北麓河地区荒漠草原土壤细菌对热融滑塌的响应[J]. *冰川冻土*, 2019, **41**(4): 977-985.
- Zhang X L, Liu G M, Li X X, *et al.* The response of soil bacteria to thaw slump in a desert steppe in Beiluhe area, Qinghai-Tibet Plateau [J]. *Journal of Glaciology and Geocryology*, 2019, **41**(4): 977-985.
- [54] Shen C C, Xiong J B, Zhang H Y, *et al.* Soil pH drives the spatial distribution of bacterial communities along elevation on Changbai Mountain[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, **57**: 204-211.
- [55] Jones R T, Robeson M S, Lauber C L, *et al.* A comprehensive survey of soil acidobacterial diversity using pyrosequencing and clone library analyses [J]. *The ISME Journal*, 2009, **3**(4): 442-453.
- [56] 胡志娥, 肖谋良, 丁济娜, 等. 长期覆膜条件下农田土壤微生物群落的响应特征[J]. *环境科学*, 2022, **43**(10): 4745-4754.
- Hu Z E, Xiao M L, Ding J N, *et al.* Response characteristics of soil microbial community under long-term film mulching [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(10): 4745-4754.

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-qi, 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-ping, 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-ling, <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)