

目次

2018~2020年北京市大气PM _{2.5} 污染特征及改善原因	刘保献, 李倩, 孙瑞雯, 董瑞, 王书肖, 郝吉明 (2409)
京津冀城市群冬季二次PM _{2.5} 的时空分布特征	姚青, 杨旭, 唐颖潇, 樊文雁, 蔡子颖, 韩素芹 (2421)
COVID-19管控前后不同污染阶段PM _{2.5} 中二次无机离子变化特征	姜楠, 郝雪新, 郝祺, 魏云飞, 张瑜, 吕政卿, 张瑞芹 (2430)
基于在线观测的太原市冬季PM _{2.5} 中金属元素污染水平及来源解析	崔阳, 郭利利, 李宏艳, 李永麒, 李滨, 何秋生, 王新明 (2441)
青藏高原东缘黑碳气溶胶变化特征及其来源	王红磊, 刘思晗, 赵天良, 卢文, 夏俊荣, 施双双 (2450)
湛江市夏季大气挥发性有机物污染特征及来源解析	虎晓蝶, 高博, 陈来国, 刘明, 陆海涛, 王硕, 赵伟, 梁小雅, 郭送军 (2461)
2021年夏季新乡市城区臭氧超标日污染特征及敏感性	侯墨, 蒋小梅, 赵文鹏, 马琳, 黄皓旻, 范丽雅, 叶代启 (2472)
台风“浪卡”过程对海南岛臭氧污染的影响分析	符传博, 丹利, 佟金鹤, 徐文帅 (2481)
天津市空气污染的健康影响分析	华琨, 罗忠伟, 贾斌, 薛倩倩, 李亚菲, 肖致美, 吴建会, 张裕芬, 冯银厂 (2492)
2002~2020年中国河流环境质量演变及驱动因子分析	杨传玺, 薛岩, 高畅, 万孜恒, 王小宁, 刘永林, 刘琳, 刘长青, 王炜亮 (2502)
1990~2020年黄河流域典型生态区生态环境质量时空格局及驱动力分析	王芳, 李文慧, 林妍敏, 南雄雄, 胡志瑞 (2518)
长江上游小型水库枯水期水质对景观组成、配置和水库特征的响应	钟泳林, 冉娇娇, 文雯, 张名瑶, 吕明权, 吴胜军 (2528)
宁夏入黄排水沟中典型内分泌干扰物的污染特征与风险评价	李凌云, 高礼, 郑兰香, 李富娟, 陶红, 马兰 (2539)
微塑料及金属在黄浦江地表水环境的赋存特征及与金属抗性基因的相关性分析	陆嘉玮, 徐晨辉, 胡纯, 刘树仁, 李方 (2551)
黄河兰州段城市河道表层沉积物重金属空间分布特征及来源解析	李军, 李旭, 李开明, 焦亮, 臧飞, 毛满萱, 潘文惠, 米璇 (2562)
三峡库区支流库湾消落带土壤磷形态赋存特征及其释放风险	张雪, 朱波 (2574)
霍邱县城湖泊沉积物营养盐分布及污染评价	刘海, 赵国红 (2583)
基于贝叶斯网络的太湖叶绿素a影响因素分析	刘杰, 何云川, 邓建明, 汤祥明 (2592)
河北省顺平县地下水化学特征及其成因分析	刘元晴, 周乐, 吕琳, 李伟, 王新峰, 路小慧, 郑一迪, 孟顺祥 (2601)
饮用水处理过程中全氟化合物的分布、转化及去向	钟婷婷, 林涛, 刘威 (2613)
镍铁氧体@活性炭复合材料去除六价铬的表征、性能及机制	张华, 李荣华, 陈金雄, 曾鸿鹄, 黄海艺, Asfandiyar Shahab (2622)
纳米核壳Co@NC催化剂活化过氧乙酸降解磺胺甲噁唑	郑婷露, 张龙龙, 陈家斌, 张亚雷, 周雪飞 (2635)
富里酸改性FeMnNi-LDH复合材料对水中砷的吸附性能与机制	何雅馨, 柯心怡, 魏世强, 蒋珍茂 (2646)
富含钙/铝的污泥生物炭复合材料对水溶液中磷酸盐的吸附机制	欧阳铸, 曹露, 王炳乾, 丁丽, 黄海明, 祝采莹, 卞晓彤 (2661)
污泥生物炭掺杂改性及其对水中1,2-二氯乙烷吸附行为和机制	周佳伟, 施维林, 许伟, 魏晨军, 吴建生, 孟宪荣 (2671)
森林生态系统对大气氮沉降降低的响应	谢丹妮, 仰东星, 段雷 (2681)
气候变化和人类活动对我国典型草原区植被恢复的影响	张良侠, 岳笑, 周德成, 樊江文, 李愈哲 (2694)
西南地区陆地植被生态系统NPP时空演变及驱动力分析	徐勇, 黄海艳, 戴强玉, 郭振东, 郑志威, 盘钰春 (2704)
不同碳输入对天山雪岭云杉林土壤化学计量特征的影响	马鑫钰, 贡璐, 朱海强, 张甜, 殷珂洁, 陆星宇 (2715)
氮磷添加对荒漠草原土壤养分含量及生态化学计量特征的影响	刘姝萱, 安慧, 张馨文, 邢彬彬, 文志林, 王波 (2724)
互花米草入侵对杭州湾滨海湿地土壤碳氮磷生态化学计量特征的影响	李文琦, 项琦, 解雪峰, 吴涛, 蒋国俊, 张建珍, 濮励杰, 徐飞 (2735)
黄土旱塬24 a不同秸秆还田土壤碳、氮、磷和胞外酶计量特征	姚志霞, 周怀平, 解文艳, 杨振兴, 陈浩宁, 文永莉, 程曼 (2746)
黄土高原子午岭植被自然恢复下的固碳特征	许小明, 张晓萍, 王浩嘉, 贺洁, 王妙倩, 易海杰, 薛帆, 邹亚东, 田起隆, 何亮 (2756)
短期氮添加对黄土高原人工刺槐林土壤有机碳组分的影响	简俊楠, 刘伟超, 朱玉帆, 李佳欣, 温宇豪, 刘付和, 任成杰, 韩新辉 (2767)
福建省水田土壤有机碳积累对未来温度升高的响应	车燕, 邱龙霞, 吴凌云, 龙军, 毋亭, 李晶, 邢世和, 张黎明 (2775)
中国镉超富集植物的物种、生境特征和筛选建议	赵晓峰, 雷梅, 陈同斌 (2786)
基于地理探测器的土壤重金属空间分异及其影响因素分析研究进展	龚仓, 王顺祥, 陆海川, 陈勇, 刘玖芬 (2799)
河北省土壤化学元素的背景值与基准值	张丽婷, 成杭新, 谢伟明, 齐全强, 谢晓阳, 于文龙, 王俊达 (2817)
非粮化利用下耕地土壤重金属分布特征、生态风险和来源解析	邱乐丰, 祝锦霞, 潘艺, 党云晓, 吴绍华 (2829)
基于乡镇尺度的地质高背景区耕地土壤重金属来源分析与风险评价	余飞, 王佳彬, 王锐, 王宇, 宁墨奂, 张云逸, 苏黎明, 董金秀 (2838)
长株潭地区土壤Cd和Pb固液分配特征与环境风险	李钰滢, 彭驰, 刘乐乐, 张严, 何亚磊, 郭朝晖, 肖细元 (2849)
贵州铅锌矿区土壤和作物重金属生态风险与迁移特征	马宏宏, 张利, 郭飞, 杨峰, 王惠艳, 彭敏, 张富贵 (2856)
贵州省旱地土壤Hg污染状况与玉米安全生产评估	马丽钧, 周浪, 宋波, 王佛鹏, 张云霞, 吴勇 (2868)
山西野生连翘生长地土壤PAHs污染特征及风险评价	郭佳佳, 王琦, 康敏捷, 焦海华, 茹文明, 白志辉 (2879)
P对小麦Cd和As吸收与转运的影响	王云, 赵鹏, 李广鑫, 胡彩霞, 王俊, 刘红恩, 高巍, 秦世玉, 睢福庆, 李畅 (2889)
施硅对水稻铁膜砷固定和体内砷转运的影响	李林峰, 文伟发, 徐梓盛, 陈勇, 李奇, 李义纯 (2899)
广东海丰湿地生态恢复进程中不同生境的土壤微生物特征分析	马姣娇, 高常军, 易小青, 吴琰, 李佳鸿, 曾向武, 蔡坚 (2908)
五台山不同退化程度亚高山草甸土壤微生物群落分类与功能多样性特征	罗正明, 刘晋仙, 胡现秋, 赫磊, 周妍英, 郑庆荣, 柴宝峰 (2918)
天然高寒草地转变为混播人工草地对土壤微生物群落特征的影响	于皓, 刘悦, 邓晔, 芦光新, 颜琿璘, 王英成 (2928)
紫云英还田与化肥减量施肥对稻田土壤细菌群落组成和功能的影响	张济世, 刘春增, 郑春风, 张琳, 张香凝, 吕玉虎, 曹卫东, 张玉亭 (2936)
长期生草栽培对山核桃人工林土壤真菌群落和酶活性的影响	胡颖榕, 梁辰飞, 金锦, 王潇璇, 叶子豪, 吴家森 (2945)
高密度聚乙烯微塑料胁迫对棉花生长、枯萎病发生和根际细菌群落的影响	张浩, 孙洁, 杨慧颖, 董联政, 滑紫微, 韩辉, 陈兆进 (2955)
菌藻复合体系氮代谢性能及菌群特征	赵志瑞, 吴海森, 马超, 李书缘, 李晴, 袁凯倪, 孟祥源, 刘硕, 方晓峰 (2965)
中国碳排放及影响因素的市域尺度分析	吴健生, 晋雪茹, 王晗, 冯喆, 张丹妮, 李雪尘 (2974)
碳交易政策如何影响工业碳生产率:来自中国省级数据的准自然实验	房琪, 李绍萍 (2983)
垃圾分类对碳减排的影响分析:以青岛市为例	陈纪宏, 卞荣星, 张昕雪, 高晨琦, 孙英杰, 李卫华, 张国栋, 占美丽 (2995)
1950~2019年中国季节平均最高气温时空演变特征及其大气环流影响定量化分析	苏越, 路春燕, 黄雨菲, 苏艳琳, 王自立, 雷依凡 (3003)
《环境科学》征订启事(2480)	
《环境科学》征稿简则(2538)	
信息(2766, 2798, 2927)	

广东海丰湿地生态恢复进程中不同生境的土壤微生物特征分析

马姣姣^{1,2}, 高常军^{1,2}, 易小青^{1,2}, 吴琰^{1,2}, 李佳鸿^{1,2}, 曾向武³, 蔡坚^{1,2*}

(1. 广东省林业科学研究院, 广东省森林培育与保护利用重点实验室, 广州 510520; 2. 广东海丰湿地生态系统国家定位观测研究站, 广州 510520; 3. 广东海丰鸟类省级自然保护区管理处, 汕尾 516400)

摘要: 土壤微生物能够敏感反应湿地生态系统质量变化及功能演变. 为了探索土壤微生物在生态恢复措施下的变化及响应机制, 采用高通量测序技术研究了广东海丰湿地在生态恢复进程中 4 种不同生境(植被恢复区、乡土植被区、潮沟和光滩)的土壤微生物群落结构与多样性特征及其影响因素. 结果表明, 4 种不同生境土壤理化性质差异显著, 表现为潮沟土壤 TC、TN、TOC 和 TK 含量最高, 且植被恢复区土壤的 TC、TN 和 TP 含量显著高于光滩. 潮沟和光滩上 EC 值显著高于植被恢复区和乡土植被区. 细菌在潮沟中多样性指数和丰度最高, 且植被恢复区土壤细菌丰度和多样性显著高于光滩; 古菌群落结构在潮沟中比其他 3 种生境显著复杂, 多样性与丰度更高; 而真菌在乡土植被区的多样性指数和丰度显著高于其他生境, 群落结构也最为复杂. TN 和 TC 是影响细菌群落的主要因素; TN 和 EC 是影响古菌群落的主要因素, 而 pH、TP 和 TN 是影响真菌群落关键性因素. 由此可见, 在生态恢复过程中, 光滩上植被的定植增加了土壤微生物群落多样性和丰富度, 生态恢复初见成效, 研究结果可为光滩生态修复策略的选择提供理论依据.

关键词: 土壤微生物; 群落结构; 多样性; 生态恢复; 海丰湿地

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)05-2908-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202205179

Characteristics of Soil Microbial Community in Different Habitats in the Process of Ecological Restoration of Haifeng Wetland in Guangdong

MA Jiao-jiao^{1,2}, GAO Chang-jun^{1,2}, YI Xiao-qing^{1,2}, WU Yan^{1,2}, LI Jia-hong^{1,2}, ZENG Xiang-wu³, CAI Jian^{1,2*}

(1. Guangdong Provincial Key Laboratory of Silviculture, Protection and Utilization, Guangdong Academy of Forestry, Guangzhou 510520, China; 2. Guangdong Haifeng Wetland Ecosystem National Research Station, Guangzhou 510520, China; 3. Guangdong Haifeng Bird Provincial Nature Reserve Management Office, Shanwei 516400, China)

Abstract: Soil microorganisms can respond to changes in wetland ecosystem quality and functional evolution sensitively. To explore the changes and response mechanisms of soil microorganisms under ecological restoration measures, the characteristics of the soil microbial community and their influencing factors were analyzed using high-throughput sequencing technology in four different habitats (revegetation area, native vegetation area, tidal creek, and tidal flat) during the ecological restoration process in Haifeng wetland in Guangdong. The results showed that; soil physicochemical properties of the four different habitats were significantly different; the contents of TC, TN, TOC, and TK in the tidal creek were significantly higher than those in the other habitats; and the contents of TC, TN, and TP in the revegetation restoration area were significantly higher than those in the tidal flat. The EC values in the tidal creeks and tidal flat were significantly higher than those in the revegetation area and the native vegetation area. The diversity index and abundance of soil bacteria in the tidal creek were the highest, and those in the vegetation restoration area were significantly higher than those in the bare flat. The archaea in the tidal creek were significantly more complex than those in the other three habitats, and the fungal community diversity index and abundance in the native vegetation area were significantly higher than those in the other areas, which had the most complex community structure. TN and TC were the main factors affecting the bacterial community, whereas TN and EC were the main factors affecting the archaea community, and pH, TN, and TP were the key factors affecting the fungal community. In conclusion, the planting of vegetation on the tidal flat increased the diversity and richness of the soil microbial community during the process of ecological restoration, indicating that it has resulted in positive feedback on ecological restoration so far. The results of this study can provide a theoretical basis for the selection of ecological restoration strategies for the tidal flat.

Key words: soil microbial; community structure; community diversity; ecological restoration; Haifeng wetland

红树林是热带和亚热带海岸带海陆交错带生产能力最高的海洋生态系统之一, 在净化海水、防风消浪、维持生物多样性和固碳储碳等方面发挥着极为重要的作用^[1~3]. 如何合理高效保护红树林生态系统, 落实国家林草局“红树林保护修复专项行动计划(2020~2025年)”, 备受关注. 广东省是全国红树林湿地分布最广的省份, 是红树林湿地修复的主战场^[4], 但广东作为中国和全球经济社会快速发展的典型代表, 经济社会发展与红树林保护种植之间

的矛盾日趋激烈, 退塘还林和改造光滩, 扩大宜林面积, 逐步恢复红树林湿地是必然措施之一.

“微生物”通常指细菌域、古菌域的成员和真核生物域的微小成员, 它们在地球上数量极多、分布

收稿日期: 2022-05-15; 修订日期: 2022-08-01

基金项目: 广东省林业科技创新项目(2021KJCX005); 广东省自然科学基金项目(2021A1515011670)

作者简介: 马姣姣(1991~), 女, 博士, 主要研究方向为湿地生态学, E-mail: jiaojiaoma@m.scnu.edu.cn

* 通信作者, E-mail: caijian@sinogaf.cn

广泛,是地球生物多样性的重要组成部分^[5]. 湿地土壤微生物群落的结构和丰度对环境变化非常敏感,能够很好地揭示土壤质量及湿地生态系统功能的演化过程^[6]. 在湿地生态恢复过程中,土壤微生物改变了矿物质分解与合成,控制 N、P、S 和 Fe 等元素的地球化学循环,在恢复退化土地、修复土壤功能方面发挥主导作用^[7,8],形成了“植物-土壤-微生物”相互作用的生态关系网络^[9]. 了解湿地生态恢复过程中不同生境的土壤微生物群落结构及丰度,有利于识别受损湿地的自然恢复能力和筛选湿地恢复的最佳物种,提高湿地生态恢复速率和增加生态修复效果.

红树林湿地长期受到周期性潮汐浸淹,形成了兼具陆地和海洋性质的特殊生态系统^[1,10],物质循环变化幅度大、空间异质性大,蕴含了巨大的微生物资源. 已有研究关注红树林湿地土壤微生物空间与垂直分布特征^[11~13],植被类型^[14]、水文条件^[15]、污染和营养元素输入^[16]等都会影响其群落结构及多样性,极其敏感. 生态恢复本就是生态系统不断调整与自我修复的动态变化过程,生态恢复技术改变湿地的土壤生境和植物群落结构^[17],Lin 等^[9]研究表明在红树林湿地生态恢复的过程中,改变植物物种及其组成,进而改变土壤微生物群落结构,且植被恢复区在十年左右达到原生植物群落区群落丰度水平. 然而,红树林湿地因其环境恶劣、水文条件复杂和可进入差等原因,相关研究远滞后于其他湿地类型,且以往的研究集中关注细菌群落,较少关注古菌及真菌群落.

湿地生态单元是结合地形地貌、水文过程以及植物等生物群落形成(划分)的相对独立的生态区域,在环境保护和生物保护中被广泛应用^[18]. 2020 年初,海丰湿地自然保护区等管理部门在海丰联安围片区开展湿地恢复,因地制宜划分生态单元,在生态单元内部开挖潮沟,进行微地形改造,力求逐步实现滩涂湿地生态恢复,现在生态单元内部光滩出现了海马齿红树伴生植物,形成植被恢复区. 因此,本研究探讨海丰湿地生态恢复的进程中不同生境下的土壤微生物群落多样性及结构差异,揭示土壤微生物群落在湿地恢复措施下的变化及响应机制,不仅可增进对湿地生态恢复过程的认识,补充现有滨海系统恢复理论,而且对光滩治理修复技术的研发与运用具有实践指导意义.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

广东海丰鸟类省级自然保护区位于广东省汕尾

市海丰县境内[图 1(a)]. 由公平水库分区、大湖东分区、大湖西分区和联安围北分区、南分区 5 部分组成,由黄江河水系将 5 个片区连接成一片整体,总面积 11 590.5 hm²^[19]. 海丰湿地具有浅海水域、潮间淤泥海滩、潮间沙石海滩、红树林湿地、河口水域、水产养殖湿地等多种湿地生态类型. 该湿地位于中国东南沿海地区候鸟迁徙的路线上,是全球东亚-澳大利亚候鸟迁徙路线经停网络的重要组成部分,于 2008 年 2 月正式被联合国批准为国际重要湿地^[20,21]. 本研究在联安围片区展开,是典型的潮间淤泥海滩,目前正在光滩开展生态恢复与红树林种植,恢复面积约为 13.65 hm². 在同一生态单元中形成了以海马齿群落为主的植被恢复区、靠近养殖鱼塘的乡土植被区、光滩和人工潮沟[图 1(c)].

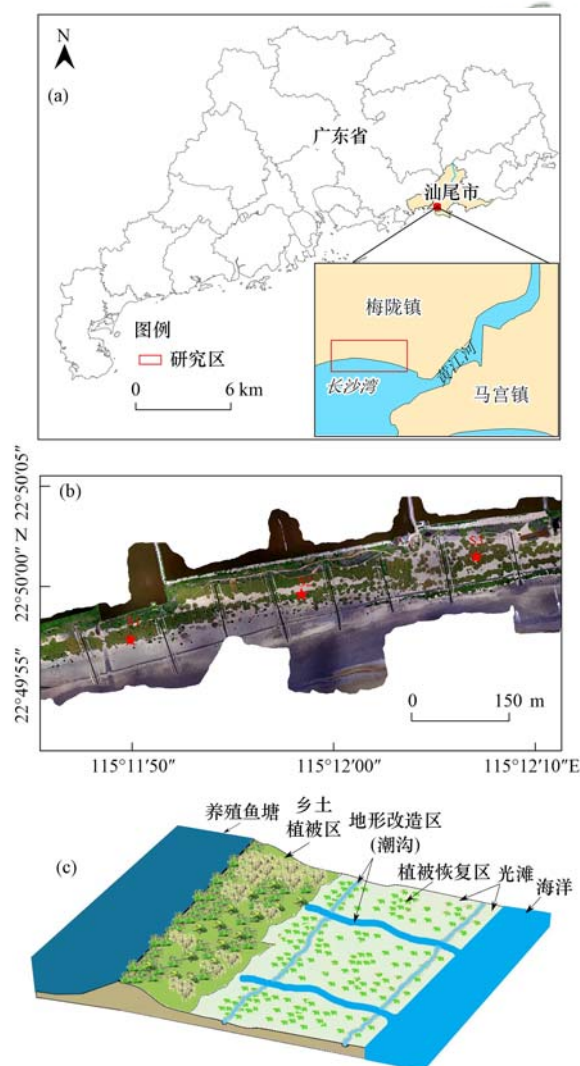


图 1 研究区采样点位置和生态修复示意

Fig. 1 Sampling site in the study area and the conception diagram of ecological restoration

1.2 样点设置与样品采集

根据平行于海岸线的原则,等距随机选取 3 个生态单元作为实验样地,在每个生态单元选定生态

恢复区(H)、乡土植被区(X)、潮沟(D)和光滩(G)这4种生境为具体采样点.于2021年7月中旬植物生长旺盛时,在每个不同生境下设置3个不同样方,每块样方中按照五点取样法采取表层土壤(0~10 cm),等量充分混合后,放入无菌自封袋中,用冰袋冷藏运回实验室,去掉植物根系和可见杂质后将土壤分成两部分,一部分放入-80℃冷藏保存,用于土壤微生物多样性分析.一部分风干过筛,用于土壤理化性质测定.

1.3 实验方法

1.3.1 土壤微生物群落结构测定

使用 MOBIO PowerSoil® DNA/PowerSoil DNA Isolation kit 土壤 DNA 试剂盒提取土壤微生物 DNA,分别使用 515F/907R^[22]、ITS3F/ITS4R^[23] 和 Arch519F/Arch915R^[24] 对土壤细菌、真菌和古菌进行 PCR 扩增,使用 2% 的琼脂糖凝胶进行电泳检测 PCR 产物,利用 Illumina MiSeq 平台构建测序文库.高通量测序由广州美格生物科技有限公司完成,原始数据存在国家科学基因组数据中心(GAS),存储编号为 CRA 007111.

1.3.2 土壤理化性质测定

酸碱度(pH)和电荷(EC)采用 1:2.5 水土比电位法测定.有机碳(TOC)采用 1 mol·L⁻¹ HCl 溶液进行无机碳消除预处理后,同总碳(TC)由德国生产的 Thermo electron EL 仪器(Elementar Analysensysteme GmbH, Germany)的燃烧法测定.总无机碳(TIC)为土壤总碳与总有机碳的差值.总氮(TN)使用凯氏定氮法测定,全磷(TP)采用碱熔-钼锑抗分光光度法测定,全钾(TK)采用火焰光度计测定.

1.4 生物信息统计与分析

使用 Quantitative Insights into Microbial Ecology (QIIME2)软件对高通量测序得到的原始序列数据进行过滤、拼接和去除嵌合体,区分样本后以 97% 的相似性进行 OTU(可操作分类单元)聚类分析,为了得到每个 OTU 对应的物种分类信息,采用贝叶斯

算法将每个 OTU 代表序列与 silva 数据库对比,进行系统分类学分析,并分别在各个分类水平:域(domain)、界(kingdom)、门(phylum)、纲(class)、目(order)、科(family)、属(genus)和种(species)统计各样本的群落组成.利用 R 软件(version 4.1.3)相关软件包(vegan、randomForest 和 stats)进行主成分分析(PCoA)及与环境因子典型相关分析(CCA)分析和 Mantel 分析,计算微生物群落丰富度指数(Chao1)、物种多样性指数(Shannon-Wiener)、物种均匀度指数(Pielou)、微生物群落组成,以揭示环境因子对土壤微生物群落结构及多样性的影响.在 SPSS IBM 24.0 软件中进行单因素方差分析(one-way ANOVA),经过描述统计,表明数据符合正态分布和方差齐性,多重比较采用 Dukey 法(显著性水平为 $\alpha = 0.05$)比较不同生境下土壤环境因子及微生物群落多样性指数之间的差异.

2 结果与分析

2.1 不同生境下土壤理化性质差异

海丰湿地 4 种不同生境下土壤理化性质差异显著(表 1).潮沟和植被恢复区的 $\omega(\text{TC})$ 分别为 $(18.68 \pm 0.29) \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 和 $(17.47 \pm 0.54) \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,显著大于光滩和乡土植被区($P < 0.05$).潮沟的 TOC 含量显著大于其他 3 种生境($P < 0.05$),但是 TIC 在 4 种生境中无显著差异($P > 0.05$).潮沟的 $\omega(\text{TN})$ 最高 $[(1.51 \pm 0.04) \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}]$,乡土植被区 $\omega(\text{TN})$ 最低 $[(1.07 \pm 0.05) \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}]$,均与其他生境具有显著差异($P < 0.05$). $\omega(\text{TK})$ 的变化范围为 $20.97 \sim 20.33 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,在不同的生境中无显著差异($P > 0.05$).植被恢复区的 pH 值最高 (7.42 ± 0.09) ,显著大于乡土植被区 (6.97 ± 0.15) ,潮沟和光滩土壤呈中偏酸性,显著低于其他生境($P < 0.05$).潮沟的 EC 值显著大于光滩,且光滩显著大于其他 2 种生境($P < 0.05$).

表 1 海丰湿地 4 种生境类型土壤理化指标¹⁾

Table 1 Physicochemical indexes of four habitat types in Haifeng wetland

采样点	$\omega(\text{TC})$ / $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{TOC})$ / $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{TIC})$ / $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{TN})$ / $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{TP})$ / $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{TK})$ / $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	pH	EC / $\text{mS} \cdot \text{cm}^{-1}$
H	$17.47 \pm 0.54\text{a}$	$12.79 \pm 0.34\text{b}$	$4.02 \pm 0.70\text{a}$	$1.35 \pm 0.03\text{b}$	$0.71 \pm 0.01\text{a}$	$21.15 \pm 0.07\text{a}$	$7.42 \pm 0.09\text{a}$	$0.42 \pm 0.08\text{c}$
X	$16.03 \pm 0.54\text{b}$	$12.70 \pm 0.46\text{b}$	$3.33 \pm 0.38\text{a}$	$1.07 \pm 0.05\text{c}$	$0.60 \pm 0.02\text{c}$	$21.33 \pm 0.07\text{a}$	$6.97 \pm 0.15\text{b}$	$0.39 \pm 0.15\text{c}$
D	$18.68 \pm 0.29\text{a}$	$14.89 \pm 0.56\text{a}$	$3.79 \pm 0.67\text{a}$	$1.51 \pm 0.04\text{a}$	$0.68 \pm 0.01\text{ab}$	$20.97 \pm 0.19\text{a}$	$6.19 \pm 0.06\text{c}$	$1.72 \pm 0.08\text{a}$
G	$15.78 \pm 0.24\text{b}$	$12.33 \pm 0.44\text{b}$	$3.78 \pm 0.48\text{a}$	$1.26 \pm 0.07\text{b}$	$0.66 \pm 0.01\text{b}$	$21.05 \pm 0.15\text{a}$	$6.47 \pm 0.08\text{c}$	$0.81 \pm 0.06\text{b}$

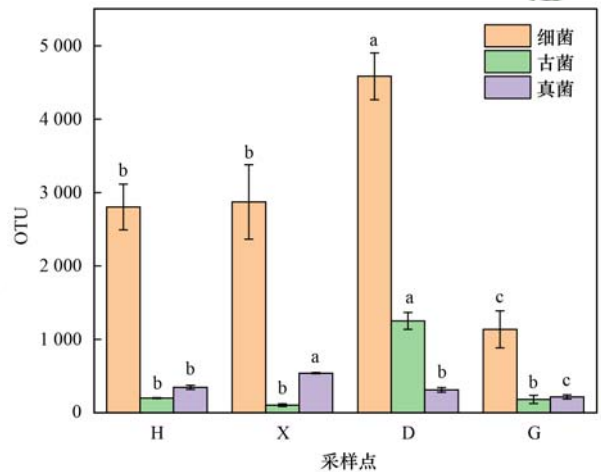
1) 数据为平均值 $\pm$ 标准差,不同小写字母表示差异显著($P < 0.05$); TC: 总碳(total carbon); TOC: 总有机碳(total organic carbon); TIC: 总无机碳(total inorganic carbon); TN: 全氮(total nitrogen); TP: 全磷(total phosphorous); TK: 全钾(total potassium); pH: 酸碱度(potential hydrogen); EC: 可溶性有机盐浓度(电导率,electrical conductivity)

2.2 土壤微生物多样性与群落结构特征分析

2.2.1 不同生境下土壤微生物多样性及丰度分析

细菌、真菌和古菌微生物 OTU 平均数分别为 2 848、438 和 352(图 2),细菌显著大于真菌和古菌.4 种不同生境下微生物丰富度均差异显著,潮沟的细菌 OTU 数为 4 585,光滩细菌 OTU 最低(1 135),且光滩、潮沟、植被恢复区和乡土植被区细菌特有的 OTUs 占比依次为 4.64%、36.9%、15.3% 和 23.7%(图 3),说明光滩细菌丰富度显著低于其他 3 种生境($P < 0.05$).古菌与细菌具有一致的分布规律,潮沟中古菌丰富度和独有 OTU 最高,不同的是乡土植被区古菌丰富度最低,仅为 103.乡土植被区土壤真菌的独有 OTUs 占比为 27.6%,最为丰富,显著高于其他 3 种生境($P < 0.05$).

不同生境下土壤的微生物多样性指数整体上与丰富度具有一致性(表 2).其中,光滩的细菌



不同小写字母表示差异显著($P < 0.05$)

图 2 不同生境下土壤微生物 OTU 数

Fig. 2 OTU numbers of soil microorganisms in different habitats

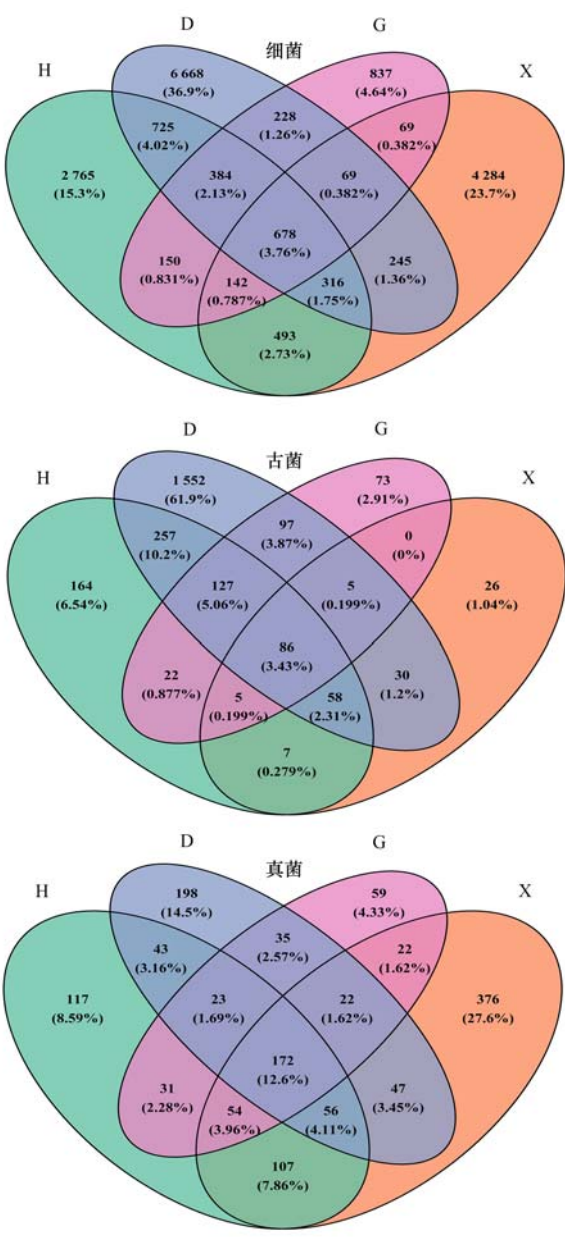


图 3 不同生境下土壤微生物 OTUs 韦恩图

Fig. 3 Venn diagram of soil microorganism OTUs in different habitats

表 2 细菌、古菌和真菌的 α 多样性指数¹⁾

Table 2 The α diversity index of bacteria, archaea, and fungi

采样点	细菌			古菌			真菌		
	Chao1 指数	Shannon 指数	Pielou 指数	Chao1 指数	Shannon 指数	Pielou 指数	Chao1 指数	Shannon 指数	Pielou 指数
H	2 965.48 $\pm$ 314.78b	5.77 $\pm$ 0.32a	0.73 $\pm$ 0.03a	225.05 $\pm$ 9.37b	2.63 $\pm$ 0.74b	0.45 $\pm$ 0.10b	412.66 $\pm$ 28.14ab	3.08 $\pm$ 0.28a	0.53 $\pm$ 0.04ab
X	2 969.20 $\pm$ 486.88b	5.80 $\pm$ 0.46a	0.73 $\pm$ 0.04a	125.47 $\pm$ 18.28b	1.90 $\pm$ 0.46b	0.41 $\pm$ 0.04b	521.90 $\pm$ 79.41a	3.67 $\pm$ 0.27a	0.90 $\pm$ 0.04a
D	4 739.96 $\pm$ 310.83a	6.71 $\pm$ 0.33a	0.79 $\pm$ 0.03a	1 317.0 $\pm$ 108.81a	5.13 $\pm$ 0.11a	0.72 $\pm$ 0.02a	352.21 $\pm$ 31.90b	2.40 $\pm$ 0.38a	0.42 $\pm$ 0.06b
G	1 277.72 $\pm$ 251.30c	2.94 $\pm$ 0.53b	0.42 $\pm$ 0.06b	216.03 $\pm$ 62.16b	2.76 $\pm$ 0.21b	0.54 $\pm$ 0.04ab	253.65 $\pm$ 30.66b	2.53 $\pm$ 0.76a	0.59 $\pm$ 0.04a

1) 不同的小写字母表示差异显著($P < 0.05$)

Chao1、Shannon 和 Pielou 指数显著低于其他 3 种生境类型($P < 0.05$),尤其是植被恢复区,说明植被恢复显著提高土壤细菌多样性.潮沟中古菌 Chao1、Shannon 和 Pielou 指数分别为1 317.07 $\pm$ 108.81、5.13 $\pm$ 0.11 和 0.72 $\pm$ 0.02,显著高于其他 3 种生境

类型($P < 0.05$).真菌情况较为复杂,虽然植被恢复区和乡土植被区 Shannon 指数分别为 3.08 $\pm$ 0.28 和 3.67 $\pm$ 0.27,大于潮沟(2.40 $\pm$ 0.38)和光滩(2.53 $\pm$ 0.76),但不具有显著差异性($P > 0.05$),但乡土植被区 Chao1 指数显著大于其他生境.

2.2.2 不同生境下土壤群落结构及物种组成变化分析

据 β 多样性的主坐标分析 (principal co-ordinates analysis, PCoA, 图 4), 细菌和真菌在不同生境下群落差异结果显著 (Adonis 和 Anosim 检验值 $P < 0.001$), 说明不同生境下细菌和真菌微生物群落差异明显, 主要表现为光滩与其他生境下的微生物群落分散. 不同生境下古菌群落不具有显著差异 (Adonis 和 Anosim 检验值 $P > 0.005$), 这说明细菌、真菌在海丰湿地恢复过程中最为敏感, 而古菌群落最为稳定.

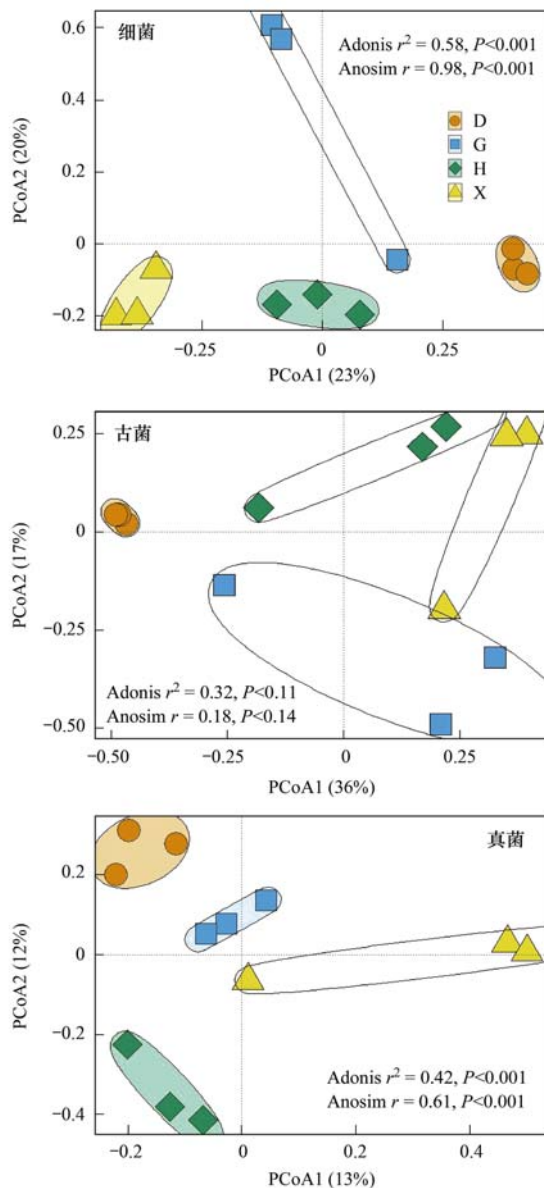


图 4 不同生境下土壤微生物主坐标分析 (PCoA)

Fig. 4 Principal co-ordinate analysis of soil bacteria, fungi, and archaea in different habitats

微生物在门水平组成结构如图 5 所示. 细菌平均相对丰度值由高至低依次为: 拟杆菌门 (Bacteroidetes, 35.49%)、变形菌门 (Proteobacteria,

28.01%)、绿弯菌门 (Chloroflexi, 7.71%)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes, 5.78%) 和放线菌门 (Actinobacteria, 5.48%), 各样地中的 5 种丰度总和占比 82.47%. 部分细菌门在 4 种不同生境中存在显著差异, 光滩土壤的拟杆菌门 (Bacteroidetes) 显著高于其他生境, 但变形菌门 (Proteobacteria) 却显著低于其他生境. 同时, 植被覆盖区的芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes) 显著高于无植被覆盖区 (潮沟和光滩).

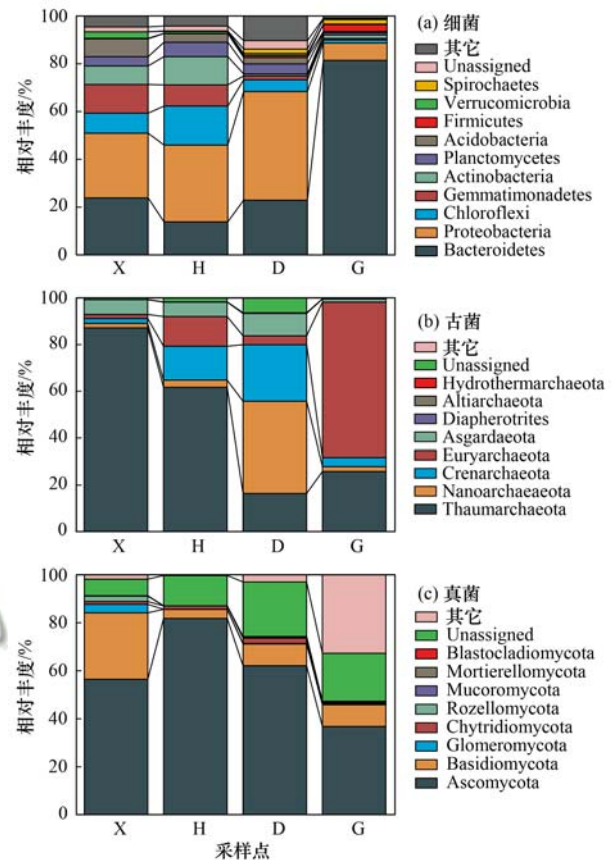


图 5 不同生境下土壤微生物群落组成 (门水平)

Fig. 5 Community composition of soil bacteria, fungi, and archaea at phylum level in different habitats

古菌物种组成相对简单, 平均相对丰度最高的是奇古菌门 (Thaumarchaeota), 占 47.80%, 其在乡土植被区和植被恢复区占比显著高于光滩和潮沟; 第二大类是广古菌门 (Euryarchaeota), 平均相对丰度为 21.18%, 但光滩的广古菌门 (Euryarchaeota) 相对丰度高达 66.44%, 而植被恢复区的相对丰度仅 12.76%, 说明在植被恢复过程中, 广古菌门在逐渐被其他古菌替代, 增加古菌多样性. 第三类和第四类依次为泉古菌门 (Crenarchaeota) 和纳古菌门 (Nanoarchaeota).

在门水平分类上, 真菌共得到 8 个主要的真菌类群, 其中子囊菌门 (Ascomycota) 相对丰度值最高 (59.29%), 4 种不同生境下无显著差异. 第二大类

是单子菌门 (Basidiomycota), 平均相对丰度为 12.41%, 在乡土植被区的相对丰度为 27.70%, 显著高于其他生境; 第三类和第四类依次为壶菌门 (Chytridiomycota) 和球囊菌门 (Glomeromycota), 平均相对丰度分别为 1.3%、0.9%, 在乡土植被区的相对丰度均高于其他生境。

综上, 在海丰湿地生态恢复过程中, 同一生态单元中不同的生境下土壤菌群的优势菌在门水平差异显著。光滩中 3 种微生物群落结构均比较单一, 显著低于植被恢复区; 潮沟中细菌和古菌群落结构复杂, 显著优于其他生境; 乡土植被区的真菌群落结构复杂。

2.3 土壤理化性质与微生物群落结构的相关性分析

土壤环境因子与微生物 α 多样性指数相关性分析见表 3, TC 和 TOC 与细菌群落的 α 多样性指数均为显著正相关。TC、EC 与古菌群落的 α 多样性指数均为显著正相关, TN 与古菌群落的 Chao1 指数和

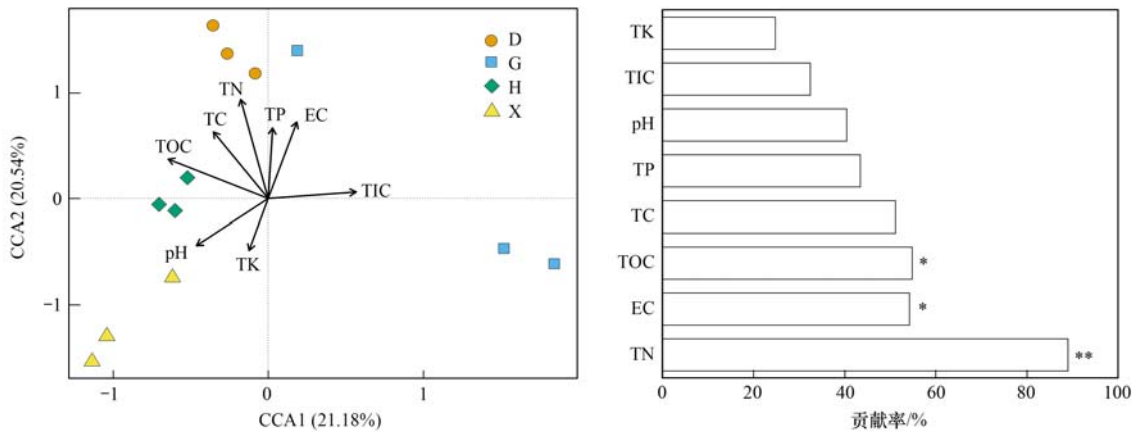
Shannon 指数为显著正相关。pH 和 TN 分别与真菌群落的 Chao1 和 Pielou 指数呈显著负相关, 而 TOC 和 TP 则分别与 Shannon 和 Pielou 指数为正相关。

为了进一步探讨环境因子对微生物群落的影响, 基于各样品 OTU 组成及土壤理化性质的 CCA 分析, 其中细菌群落模型成立 ($P < 0.05$), 结果见图 6, 第一、二排序轴分别解释总物种变量的 21.18% 和 20.54%, TN 是影响土壤细菌群落结构的主要因素 ($P < 0.001$), 其次是 EC ($P < 0.05$) 和 TOC ($P < 0.05$)。因为基于样品 OTU 与古菌、真菌群落 CCA 分析模型不成立 ($P > 0.05$), 故采用 Mantel 分析探索单一环境因子对古菌、真菌群落的影响, 结果表明 TN ($P = 0.0003$, $F = 0.41$) 和 EC ($P = 0.015$, $F = 0.36$) 是影响古菌群落的主要因素, 而 pH ($P = 0.004$, $F = 0.42$)、TP ($P = 0.006$, $F = 0.46$) 和 TN ($P = 0.03$, $F = 0.29$) 是影响真菌群落的关键因素。

表 3 土壤理化性质与微生物群落 α 多样性的 Pearson 相关性分析¹⁾

采样点	细菌			古菌			真菌		
	Chao1 指数	Shannon 指数	Pielou 指数	Chao1 指数	Shannon 指数	Pielou 指数	Chao1 指数	Shannon 指数	Pielou 指数
TC	0.82 **	0.70 *	0.66 *	0.85 **	0.79 **	0.64 *	-0.34	0.06	0.26
TOC	0.75 **	0.71 **	0.69 *	0.60 *	0.50	0.36	-0.37	0.62 *	0.71 *
TIC	0.06	-0.10	-0.14	0.14	0.12	0.17	0.05	-0.41	-0.30
TN	0.36	0.26	0.24	0.65 *	0.66 *	0.52	0.39	-0.41	-0.81 **
TP	0.17	0.11	0.10	0.44	0.50	0.42	-0.49	0.35	0.72 **
TK	0.05	0.14	0.16	-0.18	-0.40	-0.48	-0.54	0.23	0.57
pH	-0.16	0.11	0.17	-0.53	-0.48	-0.46	-0.64 *	-0.20	0.12
EC	0.49	0.25	0.19	0.84 **	0.76 **	0.68 *	0.39	-0.16	-0.34

1) * 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$



* 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.001$

图 6 细菌群落与环境因子 CCA 分析及其因子贡献率

Fig. 6 CCA analysis of bacterial community and environmental factors and their factor contribution rates

3 讨论

3.1 海丰湿地生态恢复进程中不同生境的土壤理化性质差异分析

本研究表明潮沟的土壤 EC 值显著大于其他 3 种生境,潮沟长时间受到海水浸淹,增加土壤的可溶性盐含量,而乡土植被区距离海域最远,水盐运动少,EC 值最低.同时,光滩中 EC 值显著大于植被恢复区,这是因为一方面海马齿具有很强的耐盐性,而且具有区隔化富集盐离子特性,另一方面海马齿匍匐生长,植物的遮阴效应能减少土面蒸发、降低地下水位,防止地面返盐,降低土壤的盐度,这一现象也符合前人在海南岛对海马齿习性的野外调查结果^[25].本研究结果表明潮沟里土壤碳氮含量及营养元素均显著大于其他生境.潮沟地势低(深度 80 ~ 100 cm),不仅接受海水带来的营养物质,还接纳天然降水及周围养殖鱼塘的废水,有机物质与营养元素会在地表径流或地下水的动力作用下堆积在潮沟中,所以潮沟里的碳氮及营养元素显著大于其他生境^[26].本研究还发现,即使同样地处生态单元内部,植被恢复区的土壤碳含量高于光滩,植物根系效应改善土壤结构,植物枯枝落叶及死根茬的腐殖作用,均会促使土壤有机质增加,从而增加了土壤碳储量^[27],乐易迅等^[28]在泉州湾河口红树林植被恢复区研究有类似结论,植被恢复对河口湿地土壤理化性质和养分动态具有明显的调节作用.田应兵等^[29]在若尔盖湿地研究也发现随着湿地生态系统的逐步恢复,土壤有机质的含量大幅度提高.可见海丰湿地植被恢复区盐碱程度下降,土壤碳氮元素增加,生态环境逐步改善,湿地生态系统逐步恢复.

3.2 海丰湿地生态恢复进程中不同生境的土壤微生物多样性与群落结构差异分析

不同生境下土壤理化性质差异明显,而土壤理化性质的分化对 3 种微生物群落结构及多样性具有指向性.细菌的生长与繁殖能力优于真菌和古菌,本研究表明海丰湿地土壤细菌群落在种类和数量具有绝对优势,显著大于真菌和古菌,这与赵先丽等^[30]在盘锦芦苇湿地生态系统野外观测站的研究结论具有一致性. Venn 图及主坐标分析表明不同生境下土壤细菌群落差异显著,潮沟中细菌丰富度、多样性及独有 OTU 数目均显著大于其他生境,潮沟是陆地淡水和海水的交汇点,性质差异较大的淡水和海水在此处混合,大量营养物质和陆源微生物在这里输入与积累,形成特殊复杂多变的环境,为多种细菌微生物提供天然场所^[26,31].本研究还表明光滩的细菌群落丰度和多样性显著低于其他生境,特别是低于

同样位于生态单元内部的植被恢复区.尹霞等^[32]对黄河口潮间带沉积物研究表明,细菌丰度在有植被区域大于无植被区域,滨海湿地植被通过提供氧气、凋落物和根系分泌物,创建更适合细菌繁衍的土壤环境,从而增加土壤细菌群落多样^[32,33],海马齿是多年生肉质草本植物,根际效应明显,匍匐生长,遮阴效应充分,有利于土壤细菌群落繁殖与生长,可见植物对土壤微生物的影响非常重要.最后,本研究表明不同生境下土壤细菌微生物群落差异显著,如植被覆盖区的芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)显著高于无植被覆盖区(潮沟和光滩),芽单胞菌门多存在耐盐植物的根际环境中,具有较强的耐盐性^[34],而且其含有以叶绿素为基础的光营养物种,具有很强的能力支持基本的生物过程^[35],这些表明芽单胞菌门在海丰湿地植被恢复过程中可能占有重要的功能,在之后的研究可以重点关注植物根系微生物的变化^[36].

海洋沉积物是地球上面积最大、最复杂的微生物栖息地,古菌数量占全球海洋微生物总量的近三分之一^[37],滨海湿地厌氧的沉积物环境有利于古菌生长^[38],与本研究发现的潮沟中古菌的丰富度和多样性指数、特有 OTU 指数显著大于其他生境具有一致性.该区古菌群落以奇古菌门和广古菌门等为主,与 Zhou 等^[13]和 Cheung 等^[39]在其他红树林湿地沉积物中常见古菌门水平组成的报道差异不大.有研究表明,盐度是潮滩沉积物中古菌丰富度、多样性和群落结构空间差异的主要决定性因子^[40],这与本研究具有一致性.同时,与光滩相比,植被恢复区的广古菌门平均相对丰度显著降低,已有的研究表明广古菌门适合在高盐度地区生活^[33],光滩经过海马齿植物定植之后,盐度显著下降(表 1),广古菌门相对丰度显著降低,逐步被其他古菌替代,古菌微生物多样性增加,而且广古菌门包含了大量产甲烷古菌^[41],根据本研究推测,随着植被的不断恢复,广古菌门相对丰度进一步降低,有利于增加湿地固碳减排效果.

隋心等^[42]和于少鹏等^[43]分别在三江平原和古大湖等内陆湿地,对真菌高通量测序调查,表明盐碱地不利于真菌生长,这与本研究在海丰滨海红树林湿地结果具有一致性.具体表现为:乡土植被区淹水频率低,土壤含水量低,通气条件好,为真菌的生长与繁殖创造相对有利的条件,其真菌丰富度与多样性显著高于其他生境,反之,潮沟中真菌多样性最低.已有研究表明土壤中细菌、真菌之间有显著的拮抗作用^[44],本研究不同生境下土壤细菌、真菌各有偏重,很好地证明了这一点.本研究表明子囊菌门

(Ascomycota) 在所有的生境土壤均为优势真菌门, 所占比例大, 这与前人在其他湿地中的研究具有一致性^[42,45,46], 表明该菌门对湿地环境具有较高的适应性. 环境中绝大多数土壤真菌偏好湿润且呈弱酸性的土壤环境, 群落多样性随土壤 pH 增加而降低^[47], 本研究也表明土壤 pH 与真菌群落多样性呈显著负相关. 本研究还表明 pH、TP 和 TN 是影响真菌群落的关键因素, 土壤养分能为土壤真菌提供赖以生存的物质和能量基础, 相比较光滩, 植被覆盖区碳氮含量更高, 真菌群落结构复杂, 多样性指数更高, 这与赵庆庆等^[47]在黄河口滨海湿地的高通量测序结果具有一致性; 但是乡土植被区碳氮含量与营养元素不是最高, 但是真菌群落结构最为复杂、多样性指数最高, 这可能与生境靠海近, 高盐高碱, 土壤透气性差, 不利于真菌生存有关^[42].

3.3 海丰湿地生态恢复效果及其建议

海丰湿地多年来光滩裸露, 生态脆弱, 周围还存在高位养殖鱼塘, 极易进一步退化, 形成重度盐碱地. 人为开挖潮沟, 不仅改变了局部地形, 而且潮沟在潮汐作用下, 形成了潮汐通道, 从而改变了湿地淹水频率、淡水交互作用等生态水文过程^[26], 加强了湿地土壤与河海之间的水文与营养物质的转化, 改变了海丰滩涂湿地的生态格局.

土壤生物是植物群落发展的重要驱动力, 生态系统的成功恢复取决于土壤生物调控, 其中植被定植是光滩实现其生态功能的最关键过程之一. 在海丰湿地生态单元内部, 光滩上出现了海马齿小斑块, 植被恢复使得微生物生长繁殖和有机物分解得到增强, 改良盐碱土壤, 形成良性循环, 土壤环境的改善又可进一步提高植物和土壤微生物的多样性^[32,43,48]. 通过对生态单元中不同生境类型土壤微生物研究发现, 植被恢复区土壤营养状态及微生物群落结构及多样性显著优于光滩, 说明生态恢复初见成效, 是生态单元理论的成功运用与具体实践^[18]. 但研究发现生态单元内部微生物空间异质性强, 生态系统自然恢复速度较慢, 而且目前植物群落单一, 可能需要更长时间才能达到改善土壤性质效果. 总之, 在之后评价湿地光滩修复效果既要考虑土壤理化性质, 同时也要参考土壤微生物群落结构差异, 这对于生态修复措施的选择工作具有重要的指导意义.

4 结论

(1) 海丰湿地同一生态单元中 4 种不同生境土壤理化性质差异显著. 潮沟区土壤的 TC、TN、TOC 和 TK 含量最高, 植被恢复区土壤的 TC、TN 和 TP

含量显著高于光滩, 而 TK 含量无显著差异. 潮沟和光滩上 EC 值显著高于植被恢复区和乡土植被区.

(2) 不同生境土壤微生物群落多样性及群落结构差异显著, 潮沟中细菌群落多样性指数和丰度最高, 植被恢复区土壤细菌群落丰度和多样性显著高于光滩; 古菌群落在潮沟中丰度最高、多样性指数最大, 显著优于其他生境; 乡土植被区的真菌群落结构最为复杂, 多样性指数最高.

(3) TN 和 TC 是影响土壤细菌群落结构的主要因素; TN 和 EC 是影响古菌群落的主要因素, 而 pH、TP 和 TN 是影响真菌群落主要因素.

(4) 在海丰湿地生态恢复过程中, 在不同生态单元之间开挖潮沟的生态措施改变了土壤理化性质及土壤微生物群落, 光滩上植被的定植增加了土壤微生物群落多样性和丰富度, 生态恢复初见成效.

参考文献:

- [1] 刘倡君, 罗专溪, 闫钰, 等. 九龙江口红树林湿地表层沉积物中微塑料赋存特征与重金属的关系[J]. 环境科学, 2022, 43(1): 239-246.
Liu C J, Luo Z X, Yan Y, et al. Occurrence characteristics of microplastics in mangrove sediments in the Jiulongriver estuary and the association with heavy metals [J]. Environmental Science, 2022, 43(1): 239-246.
- [2] 李瑞利, 柴民伟, 邱国玉, 等. 近 50 年来深圳湾红树林湿地 Hg、Cu 累积及其生态危害评价[J]. 环境科学, 2012, 33(12): 4276-4283.
Li R L, Chai M W, Qiu G Y, et al. Mercury and copper accumulation during last fifty years and their potential ecological risk assessment in sediment of mangrove wetland of Shenzhen, China[J]. Environmental Science, 2012, 33(12): 4276-4283.
- [3] 陈小花, 陈宗铸, 雷金睿, 等. 清澜港红树林湿地典型群落类型沉积物活性有机碳组分分布特征[J]. 生态学报, 2022, 42(11): 4572-4581.
Chen X H, Chen Z Z, Lei J R, et al. Distribution characteristics of active organic carbon components in sediments of typical community types of mangrove wetland in Qinglan Port[J]. Acta Ecologica Sinica, 2022, 42(11): 4572-4581.
- [4] 冯妙玲, 苏少青, 吴家龙. 关于红树林保护修复的若干思考——以广东省为例[J]. 农业与技术, 2021, 41(5): 49-51.
- [5] Martiny J B H, Bohannan B J M, Brown J H, et al. Microbial biogeography: putting microorganisms on the map[J]. Nature Reviews Microbiology, 2006, 4(2): 102-112.
- [6] 程智超, 王文浩, 隋心, 等. 基于文献计量分析的湿地土壤微生物研究热点趋势[J]. 中国农学通报, 2020, 36(29): 145-152.
Cheng Z C, Wang W H, Sui X, et al. Research hotspots and trends of wetland soil microbiology based on bibliometric analysis [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2020, 36(29): 145-152.
- [7] Coban O, De Deyn G B, van der Ploeg M. Soil microbiota as game-changers in restoration of degraded lands[J]. Science, 2022, 375(6584), doi: 10.1126/science.abe0725.
- [8] 孟向东, 张平究, 李泽熙. 生态恢复下湿地土壤微生物研究进展[J]. 云南地理环境研究, 2011, 23(4): 101-105.
Meng X D, Zhang P J, Li Z X, et al. A review on soil

- microorganism under wetland restoration[J]. Yunnan Geographic Environment Research, 2011, **23**(4): 101-105.
- [9] Lin G M, He Y N, Lu J G, *et al.* Seasonal variations in soil physicochemical properties and microbial community structure influenced by *Spartina alterniflora* invasion and *Kandelia obovata* restoration[J]. Science of the Total Environment, 2021, **797**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.149213.
- [10] 林少颖, 陈桂香, 刘旭阳, 等. 互花米草入侵对河口湿地土壤细菌群落结构及多样性影响[J]. 环境科学学报, 2020, **40**(8): 3001-3012.
Lin S Y, Chen G X, Liu X Y, *et al.* Effects of *Spartina alterniflora* Invasion on soil bacterial community structure and diversity in estuarine wetland[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2020, **40**(8): 3001-3012.
- [11] Ma J J, Zhou T, Xu C Y, *et al.* Spatial and temporal variation in microbial diversity and community structure in a contaminated mangrove wetland[J]. Applied Sciences, 2020, **10**(17), doi: 10.3390/app10175850.
- [12] Liu M, Huang H Q, Bao S X, *et al.* Microbial community structure of soils in Bamenwan mangrove wetland[J]. Scientific Reports, 2019, **9**(1), doi: 10.1038/s41598-019-44788-x.
- [13] Zhou Z C, Meng H, Liu Y, *et al.* Stratified bacterial and archaeal community in mangrove and intertidal wetland mudflats revealed by high throughput 16S rRNA gene sequencing[J]. Frontiers in Microbiology, 2017, **8**, doi: 10.3389/fmicb.2017.02148.
- [14] Gao G F, Li P F, Zhong J X, *et al.* *Spartina alterniflora* invasion alters soil bacterial communities and enhances soil N₂O emissions by stimulating soil denitrification in mangrove wetland[J]. Science of the Total Environment, 2019, **653**: 231-240.
- [15] Chambers L G, Guevara R, Boyer J N, *et al.* Effects of salinity and inundation on microbial community structure and function in a mangrove peat soil[J]. Wetlands, 2016, **36**(2): 361-371.
- [16] Fernández-Cadena J C, Rufz-Fernández P S, Fernández-Ronquillo T E, *et al.* Detection of sentinel bacteria in mangrove sediments contaminated with heavy metals[J]. Marine Pollution Bulletin, 2020, **150**, doi: 10.1016/j.marpolbul.2019.110701.
- [17] Maietta C E, Monsaint-Queeney V, Wood L, *et al.* Plant litter amendments in restored wetland soils altered microbial communities more than clay additions[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, **147**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.107846.
- [18] 翟夏杰, 崔丽娟, 李伟, 等. 湿地生态单元的定义及其在湿地恢复中的应用[J]. 生态学报, 2022, **42**(19): 7752-7759.
Zhai X J, Cui L J, Li W, *et al.* The definition of wetland biotope and its application in wetland restoration[J]. Acta Ecologica Sinica, 2022, **42**(19): 7752-7759.
- [19] 谢首冕, 钟志强, 李艺, 等. 广东海丰国际重要湿地生物资源调查及生态系统服务价值评估[J]. 林业与环境科学, 2022, **38**(1): 43-50.
Xie S M, Zhong Z Q, Li Y, *et al.* Investigation of biological resources and evaluation of ecosystem service value in Guangdong Haifeng wetland[J]. Forestry and Environmental Science, 2022, **38**(1): 43-50.
- [20] 高常军, 范秀仪, 易小青, 等. 广东海丰鸟类省级自然保护区湿地生态系统服务价值评估[J]. 林业与环境科学, 2017, **33**(2): 14-20.
Gao C J, Fan X Y, Yi X Q, *et al.* Services value evaluation of wetland ecosystem in Guangdong Haifeng avian provincial nature reserve[J]. Forestry and Environmental Science, 2017, **33**(2): 14-20.
- [21] 曾向武, 周平, 高常军. 广东海丰自然保护区湿地现状及保护对策[J]. 湿地科学与管理, 2016, **12**(1): 34-37.
Zeng X W, Zhou P, Gao C J. Current status and protection strategies for the wetlands of Guangdong Haifeng nature reserve[J]. Wetland Science & Management, 2016, **12**(1): 34-37.
- [22] Ma J J, Ullah S, Niu A Y, *et al.* Heavy metal pollution increases CH₄ and decreases CO₂ emissions due to soil microbial changes in a mangrove wetland: microcosm experiment and field examination[J]. Chemosphere, 2021, **269**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2020.128735.
- [23] 王丹丹, 杨泽平, 赵远, 等. 生物炭对施粪肥土壤中根际真菌群落多样性及相互作用的影响[J]. 环境科学, 2018, **39**(11): 5163-5169.
Wang D D, Yang Z P, Zhao Y, *et al.* Effect of biochar addition on the diversity and interaction of rhizosphere fungi in manure-fertilized soil[J]. Environmental Science, 2018, **39**(11): 5163-5169.
- [24] Liu J J, Yu Z H, Yao Q, *et al.* Biogeographic distribution patterns of the archaeal communities across the black soil zone of Northeast China[J]. Frontiers in microbiology, 2019, **10**, doi: 10.3389/fmicb.2019.00023.
- [25] 阮雪玉, 丁国华, 陈玉凯, 等. 海南岛海马齿种质资源收集及耐盐性初步筛选[J]. 植物遗传资源学报, 2022, **23**(3): 691-705.
Ruan X Y, Ding G H, Chen Y K, *et al.* Collection of sesuvium portulacastrum germplasm in Hainan Island and salt tolerance test[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2022, **23**(3): 691-705.
- [26] 牟奎南, 宫兆宁, 邱华昌. 黄河三角洲潮沟网络形态特征的时空分异规律及其发育过程[J]. 地理学报, 2021, **76**(9): 2312-2328.
Mou K N, Gong Z N, Qiu H C. Spatiotemporal differentiation and development process of tidal creek network morphological characteristics in Yellow River Delta[J]. Acta Geographica Sinica, 2021, **76**(9): 2312-2328.
- [27] Lange M, Eisenhauer N, Sierra C A, *et al.* Plant diversity increases soil microbial activity and soil carbon storage[J]. Nature Communications, 2015, **6**, doi: 10.1038/ncomms7707.
- [28] 乐易迅, 胡敏杰, 肖琳, 等. 河口湿地红树林植被恢复对土壤养分动态的影响[J]. 水土保持学报, 2022, **36**(3): 333-337.
Le Y X, Hu M J, Xiao L, *et al.* Effects of mangrove vegetation restoration on soil nutrient dynamics in estuarine wetlands[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2022, **36**(3): 333-337.
- [29] 田应兵, 熊明彪, 宋光煜. 若尔盖高原湿地生态恢复过程中土壤有机质的变化研究[J]. 湿地科学, 2004, **2**(2): 88-93.
Tian Y B, Xiong M B, Song G Y. Study on change of soil organic matter in the process of wetland ecological restoration in Ruergai Plateau[J]. Wetland Science, 2004, **2**(2): 88-93.
- [30] 赵先丽, 周广胜, 周莉, 等. 盘锦芦苇湿地土壤微生物数量研究[J]. 土壤通报, 2008, **39**(6): 1376-1379.
Zhao X L, Zhou G S, Zhou L, *et al.* Characteristics of soil microbial community in bulrush wetlands of Panjin, Northeast China[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2008, **39**(6): 1376-1379.
- [31] 李冬雪, 李雨岑, 张珂豪, 等. 黄河口典型潮沟土壤碳氮分布特征规律[J]. 自然资源学报, 2020, **35**(2): 460-471.
Li D X, Li Y Q, Zhang K H, *et al.* Characteristics of carbon and nitrogen distribution in typical tidal creeks of the Yellow River Delta[J]. Journal of Natural Resources, 2020, **35**(2): 460-471.

- [32] 尹霞, 李思琦, 尚天微, 等. 黄河口潮间带沉积物细菌群落结构特征[J]. 生态学报, 2021, **41**(21): 8496-8506.
Yin X, Li S Q, Shang T W, *et al.* Characteristics of bacterial community structure in intertidal sediments of the Yellow River Estuary [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2021, **41**(21): 8496-8506.
- [33] 解雪峰, 项琦, 吴涛, 等. 滨海湿地生态系统土壤微生物及其影响因素研究综述[J]. 生态学报, 2021, **41**(1): 1-12.
Xie X F, Xiang Q, Wu T, *et al.* Progress and prospect of soil microorganisms and their influencing factors in coastal wetland ecosystem [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2021, **41**(1): 1-12.
- [34] 何玉实, 何彤慧, 赵明涛, 等. 鄂尔多斯台地盐沼滩地微生物群落与土壤条件分析[J]. 微生物学通报, 2022, **49**(3): 911-923.
He Y S, He T H, Zhao M T, *et al.* Microbial communities and soil conditions in the salt marshes of ordos platform [J]. *Microbiology China*, 2022, **49**(3): 911-923.
- [35] Shi Y, Delgado-Baquerizo M, Li Y T, *et al.* Abundance of kinless hubs within soil microbial networks are associated with high functional potential in agricultural ecosystems [J]. *Environment International*, 2020, **142**, doi: 10.1016/j.envint.2020.105869.
- [36] 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 rhizospheresoil of typical vegetation in the riparian zone along the downstream of Songhua River [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(4): 2182-2191.
- [37] 唐旖, 岳一鸿, 蔡灵, 等. 河口区域古菌的研究进展[J]. 生态学杂志, 2021, **40**(4): 1186-1197.
Tang Y, Yue Y H, Cai L, *et al.* Research progress on archaea in the estuary [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2021, **40**(4): 1186-1197.
- [38] 林喜铮, 谢伟. 深部生物圈古菌的研究进展与展望[J]. 微生物学报, 2021, **61**(6): 1441-1462.
Lin X Z, Xie W. Research progresses and prospects of archaea in deep biosphere [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2021, **61**(6): 1441-1462.
- [39] Cheung M K, Wong C K, Chu K H, *et al.* Community structure, dynamics and interactions of bacteria, archaea and fungi in subtropical coastal wetland sediments [J]. *Scientific Reports*, 2018, **8**(1), doi: 10.1038/s41598-018-32529-5.
- [40] 李小飞, 侯立军, 刘敏. 长江口潮滩沉积物古菌群落结构与多样性[J]. 中国环境科学, 2019, **39**(4): 1744-1752.
Li X F, Hou L J, Liu M. Archaeal community structure and diversity in intertidal sediments of the Yangtze River Estuary [J]. *China Environmental Science*, 2019, **39**(4): 1744-1752.
- [41] 杨雨虹, 贺惠, 米铁柱, 等. 耐盐碱水稻土壤产甲烷菌群落特征及产甲烷途径[J]. 环境科学, 2021, **42**(7): 3472-3481.
Yang Y H, He H, Mi T Z, *et al.* Community characteristics of methanogens and methanogenic pathways in salt-tolerant rice soil [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(7): 3472-3481.
- [42] 隋心, 张荣涛, 许楠, 等. 三江平原不同退化阶段小叶章湿地土壤真菌群落结构组成变化[J]. 环境科学, 2016, **37**(9): 3598-3605.
Sui X, Zhang R T, Xu N, *et al.* Fungal community structure of different degeneration *Deyeuxia angustifolia* wetlands in Sanjiang Plain [J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(9): 3598-3605.
- [43] 于少鹏, 史传奇, 胡宝忠, 等. 古大湖湿地盐碱土壤微生物群落结构及多样性分析[J]. 生态学报, 2020, **40**(11): 3764-3775.
Yu S P, Shi C Q, Hu B Z, *et al.* Analysis of microbial community structure and diversity of saline soil in Gudahu wetland [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, **40**(11): 3764-3775.
- [44] Bahram M, Hildebrand F, Forslund S K, *et al.* Structure and function of the global topsoil microbiome [J]. *Nature*, 2018, **560**(7717): 233-237.
- [45] 尹晓雷, 陈桂香, 王纯, 等. 互花米草入侵对河口湿地土壤真菌群落结构及多样性影响[J]. 环境科学学报, 2020, **40**(6): 2186-2194.
Yin X L, Chen G X, Wang C, *et al.* Effects of *Spartina alterniflora* invasion on soil fungi community structure and diversity in estuarine wetland [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2020, **40**(6): 2186-2194.
- [46] 徐飞, 张拓, 怀宝东, 等. 土地利用变化对松花江下游湿地土壤真菌群落结构及功能的影响[J]. 环境科学, 2021, **42**(5): 2531-2540.
Xu F, Zhang T, Huai B D, *et al.* Effects of land use changes on soil fungal community structure and function in the riparian wetland along the downstream of the Songhua River [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(5): 2531-2540.
- [47] 赵庆庆, 解金昆, 高永超, 等. 不同水文条件下黄河口滨海湿地土壤真菌群落的分布特征[J]. 环境科学学报, 2022, **42**(1): 95-103.
Zhao Q Q, Xie J K, Gao Y C, *et al.* The distribution pattern of soil fungal community in coastal wetlands with different hydrologic conditions in the Yellow River Estuary [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2022, **42**(1): 95-103.
- [48] Ravindran K C, Venkatesan K, Balakrishnan V, *et al.* Restoration of saline land by halophytes for Indian soils [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2007, **39**(10): 2661-2664.

CONTENTS

Pollution Characteristics and Factors Influencing the Reduction in Ambient PM _{2.5} in Beijing from 2018 to 2020	LIU Bao-xian, LI Qian, SUN Rui-wen, <i>et al.</i>	(2409)
Spatio-temporal Distribution Characteristics of Secondary Aerosol in Beijing-Tianjin-Hebei Urban Agglomeration in Winter	YAO Qing, YANG Xu, TANG Ying-xiao, <i>et al.</i>	(2421)
Changes in Secondary Inorganic Ions in PM _{2.5} at Different Pollution Stages Before and After COVID-19 Control	JIANG Nan, HAO Xue-xin, HAO Qi, <i>et al.</i>	(2430)
On-line Measurement of Trace Elements in PM _{2.5} in Winter in Urban Taiyuan, China: Levels and Source Apportionment	CUI Yang, GUO Li-li, LI Hong-yan, <i>et al.</i>	(2441)
Characteristics and Source Apportionment of Black Carbon Over the Eastern Tibetan Plateau	WANG Hong-lei, LIU Si-han, ZHAO Tian-liang, <i>et al.</i>	(2450)
Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds in Zhanjiang in Summer	PANG Xiao-die, GAO Bo, CHEN Lai-guo, <i>et al.</i>	(2461)
Ozone Pollution Characteristics and Sensitivity During the Ozone Pollution Days in Summer 2021 of Xinxiang City	HOU Mo, JIANG Xiao-mei, ZHAO Wen-peng, <i>et al.</i>	(2472)
Influence of Typhoon Nangka Process on Ozone Pollution in Hainan Island	FU Chuan-bo, DAN Li, TONG Jin-he, <i>et al.</i>	(2481)
Health Impacts of Air Pollution in Tianjin	HUA Kun, LUO Zhong-wei, JIA Bin, <i>et al.</i>	(2492)
Analysis of Change and Driving Factors of River Environmental Quality in China from 2002 to 2020	YANG Chuan-xi, XUE Yan, GAO Chang, <i>et al.</i>	(2502)
Spatiotemporal Pattern and Driving Force Analysis of Ecological Environmental Quality in Typical Ecological Areas of the Yellow River Basin from 1990 to 2020	WANG Fang, LI Wen-hui, LIN Yan-min, <i>et al.</i>	(2518)
Response of Water Quality in Small Reservoirs to Landscape Composition, Landscape Configuration, and Reservoir Characteristics in the Upper Reaches of the Yangtze River During Dry Season	ZHONG Yong-lin, RAN Jiao-jiao, WEN Wen, <i>et al.</i>	(2528)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Typical Endocrine Disrupting Chemicals in Drains Flowing into the Yellow River of Ningxia	LI Ling-yun, GAO Li, ZHENG Lan-xiang, <i>et al.</i>	(2539)
Occurrence Characteristics of Microplastics and Metal Elements in the Surface Water of Huangpu River and Their Associations with Metal Resistance Genes	LU Jia-wei, XU Chen-ye, HU Chun, <i>et al.</i>	(2551)
Spatial Distribution Characteristics and Source Analysis of Heavy Metals in Urban River Surface Sediments from the Lanzhou Reach of the Yellow River	LI Jun, LI Xu, LI Kai-ming, <i>et al.</i>	(2562)
Distribution and Release Potential of Soil Phosphorus Fractions in Water-level Fluctuation Zone of the Tributary Bay, Three Gorges Reservoir	ZHANG Xue, ZHU Bo, <i>et al.</i>	(2574)
Distribution and Pollution Assessment of Nutrients in the Surface Sediments of Lake in Huoqiu County	LIU Hai, ZHAO Guo-hong, <i>et al.</i>	(2583)
Analysis of Influencing Factors of Chlorophyll-a in Lake Taihu Based on Bayesian Network	LIU Jie, HE Yun-chuan, DENG Jian-ming, <i>et al.</i>	(2592)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Groundwater in Shunping County, Hebei Province	LIU Yuan-qing, ZHOU Le, LÜ Lin, <i>et al.</i>	(2601)
Distribution, Transformation, and Fate of Per- and Polyfluoroalkyl Substances in Drinking Water Treatment	ZHONG Ting-ting, LIN Tao, LIU Wei, <i>et al.</i>	(2613)
Removal of Cr(VI) via a Nickel Ferrite/Activated Carbon Composite Under Batch Experiments: Study of Characterization, Performance, and Mechanism	ZHANG Hua, LI Rong-hua, CHEN Jin-xiong, <i>et al.</i>	(2622)
Degradation of SMX with Peracetic Acid Activated by Nano Core-shell Co@NC Catalyst	ZHENG Ting-lu, ZHANG Long-long, CHEN Jia-bin, <i>et al.</i>	(2635)
Adsorption Characteristics of Arsenic and Cadmium by FeMnNi-LDH Composite Modified by Fulvic Acid and Its Mechanisms	HE Ya-xin, KE Xin-yi, WEI Shi-qiang, <i>et al.</i>	(2646)
Adsorption Mechanism for Phosphate in Aqueous Solutions of Calcium/Aluminum-rich Sludge Biochar Composite	OUYANG Zhu, CAO Lu, WANG Bing-qian, <i>et al.</i>	(2661)
Sludge Biochar Modified by B-doped and Its Adsorption Behavior and Mechanism of 1,2-DCA in Water	ZHOU Jia-wei, SHI Wei-lin, XU Wei, <i>et al.</i>	(2671)
Response of Forest Ecosystems to Decreasing Atmospheric Nitrogen Deposition	XIE Dan-ni, YANG Dong-xing, DUAN Lei, <i>et al.</i>	(2681)
Impacts of Climate Change and Human Activities on Vegetation Restoration in Typical Grasslands of China	ZHANG Liang-xia, YUE Xiao, ZHOU De-cheng, <i>et al.</i>	(2694)
Spatial-temporal Variation in Net Primary Productivity in Terrestrial Vegetation Ecosystems and Its Driving Forces in Southwest China	XU Yong, HUANG Hai-yan, DAI Qiang-yu, <i>et al.</i>	(2704)
Effects of Different Carbon Inputs on Soil Stoichiometry in Tianshan Mountains	MA Xin-yu, GONG Lu, ZHU Hai-qiang, <i>et al.</i>	(2715)
Effects of Nitrogen and Phosphorus Addition on Soil Nutrient Content and Stoichiometry in Desert Grassland	LIU Shu-xuan, AN Hui, ZHANG Xin-wen, <i>et al.</i>	(2724)
Effect of <i>Spartina alterniflora</i> Invasion on Soil C:N:P Stoichiometry in Coastal Wetland of Hangzhou Bay	LI Wen-qi, XIANG Qi, XIE Xue-feng, <i>et al.</i>	(2735)
Effects of 24 Years Different Straw Return on Soil Carbon, Nitrogen, Phosphorus, and Extracellular Enzymatic Stoichiometry in Dryland of the Loess Plateau, China	YAO Zhi-xia, ZHOU Huai-ping, XIE Wen-yan, <i>et al.</i>	(2746)
Carbon Sequestration Characteristics Under Natural Vegetation Restoration in Ziwuling Area of the Loess Plateau	XU Xiao-ming, ZHANG Xiao-ping, WANG Hao-jia, <i>et al.</i>	(2756)
Effects of Short-term Nitrogen Addition on Soil Organic Carbon Components in <i>Robinia pseudoacacia</i> L. Plantation	JIAN Jun-nan, LIU Wei-chao, ZHU Yu-fan, <i>et al.</i>	(2767)
Response of Soil Organic Carbon Accumulation in Paddy Fields in Fujian Province to Future Temperature Increases	CHE Yan, QIU Long-xia, WU Ling-yun, <i>et al.</i>	(2775)
Species, Habitat Characteristics, and Screening Suggestions of Cadmium Hyperaccumulators in China	ZHAO Xiao-feng, LEI Mei, CHEN Tong-bin, <i>et al.</i>	(2786)
Research Progress on Spatial Differentiation and Influencing Factors of Soil Heavy Metals Based on Geographical Detector	GONG Cang, WANG Shun-xiang, LU Hai-chuan, <i>et al.</i>	(2799)
Geochemical Background and Baseline Value of Soil Chemical Elements in Hebei Province	ZHANG Li-ting, CHENG Hang-xin, XIE Wei-ming, <i>et al.</i>	(2817)
Distribution Characteristics, Ecological Risks, and Source Identification of Heavy Metals in Cultivated Land Under Non-grain Production	QIU Le-feng, ZHU Jin-xia, PAN Yi, <i>et al.</i>	(2829)
Source Analysis and Ecological Risk Assessment of Heavy Metals in the Arable Soil at the Geological High Background, Based on the Township Scale	YU Fei, WANG Jia-bin, WANG Rui, <i>et al.</i>	(2838)
Solid-solution Partitioning Coefficients and Environmental Risk of Cd and Pb in Soil in Chang-Zhu-Tan Area	LI Yu-ying, PENG Chi, LIU Le-le, <i>et al.</i>	(2849)
Ecological Risk and Migration Patterns of Heavy Metals in Soil and Crops in the Lead-Zinc Mining Area in Guizhou, China	MA Hong-hong, ZHANG Li, GUO Fei, <i>et al.</i>	(2856)
Mercury Pollution in Dryland Soil and Evaluation of Maize Safety Production in Guizhou Province	MA Li-jun, ZHOU Lang, SONG Bo, <i>et al.</i>	(2868)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of PAHs in the Soil of Wild <i>Forsythia Suspensa</i> in Shanxi	GUO Jia-jia, WANG Qi, KANG Min-jie, <i>et al.</i>	(2879)
Effects of P on the Uptake and Transport of Cd and As in Wheat Seedlings	WANG Yun, ZHAO Peng, LI Guang-xin, <i>et al.</i>	(2889)
Effects of Silicon Application on Arsenic Sequestration in Iron Plaque and Arsenic Translocation in Rice	LI Lin-feng, WEN Wei-fa, XU Zi-sheng, <i>et al.</i>	(2899)
Characteristics of Soil Microbial Community in Different Habitats in the Process of Ecological Restoration of Haifeng Wetland in Guangdong	MA Jiao-jiao, GAO Chang-jun, YI Xiao-qing, <i>et al.</i>	(2908)
Taxonomic and Functional Diversity of Soil Microbial Communities in Subalpine Meadow with Different Degradation Degrees in Mount Wutai	LUO Zheng-ming, LIU Jin-xian, HU Yan-qiu, <i>et al.</i>	(2918)
Effects of the Transformation from Natural Alpine Grassland to Mixed Artificial Grassland on the Characteristics of Soil Microbial Community	YU Hao, LIU Yue, DENG Ye, <i>et al.</i>	(2928)
Effects of Chinese Milk Vetch Returning Incorporated with Chemical Fertilizer Reduction on the Composition and Function of Soil Bacterial Communities in Paddy Fields	ZHANG Ji-shi, LIU Chun-zeng, ZHENG Chun-feng, <i>et al.</i>	(2936)
Effects of Long-term Sod Cultivation on Chinese Hickory Plantation Soil Fungal Community and Enzyme Activities	HU Ying-bing, LIANG Chen-fei, JIN Jin, <i>et al.</i>	(2945)
Effects of Microplastic High-density Polyethylene on Cotton Growth, Occurrence of <i>Fusarium</i> wilt, and Rhizosphere Soil Bacterial Community	ZHANG Hao, SUN Jie, YANG Hui-ying, <i>et al.</i>	(2955)
Nitrogen Metabolism and Flora Characteristics of Bacteria Algae Complex System	ZHAO Zhi-rui, WU Hai-miao, MA Chao, <i>et al.</i>	(2965)
Analysis of Carbon Emissions and Influencing Factors in China Based on City Scale	WU Jian-sheng, JIN Xue-ru, WANG Han, <i>et al.</i>	(2974)
How Do Carbon Trading Policies Affect Industrial Carbon Productivity: Quasi-natural Experiments from Chinese Provincial Data	FANG Qi, LI Shao-ping, <i>et al.</i>	(2983)
Influence of the Classification of Municipal Solid Wastes on the Reduction of Greenhouse Gas Emissions: A Case Study of Qingdao City, China	CHEN Ji-hong, BIAN Rong-xing, ZHANG Ting-xue, <i>et al.</i>	(2995)
Quantitative Analysis of Spatio-temporal Evolution Characteristics of Seasonal Average Maximum Temperature and Its Influence by Atmospheric Circulation in China from 1950 to 2019	SU Yue, LU Chun-yan, HUANG Yu-fei, <i>et al.</i>	(3003)