

目次

加速能源转型与产业结构调整的环境健康协同效益评估:以京津冀鲁地区为例	杨玺, 孙奕生, 常世彦, 李胜悦, 郑昊天, 王书肖, 张希良 (3627)
基于不同电力需求的中国减排降碳协同增效路径	向梦宇, 王深, 吕连宏, 张楠, 白梓函 (3637)
城市碳达峰碳中和行动评估方法与应用	张保留, 白梓函, 张楠, 吕连宏, 阳平坚 (3649)
基于可解释性机器学习的城市 O ₃ 驱动因素挖掘	董佳奇, 胡冬梅, 闫雨龙, 彭林, 张辉辉, 牛月圆, 段小琳 (3660)
基于响应曲面法的臭氧生成敏感性分析	朱禹寰, 陈冰, 张雅茹, 刘晓, 李光耀, 舍静, 陈强 (3669)
基于 WRF-CMAQ/ISAM 模型的榆林市夏季 O ₃ 来源解析	王伊凡, 仝纪龙, 陈羽翔, 林鑫, 刘永乐, 敖丛杰, 刘浩天 (3676)
基于轻量级梯度提升机的南京大气臭氧浓度预测	朱珈莹, 安俊琳, 冯悦政, 贺婕, 张玉欣, 王俊秀 (3685)
2022 年广东省冬季一次臭氧污染过程的气象成因及潜在源区分析	李婷苑, 陈靖扬, 龚宇, 沈劲 (3695)
夏季对流层臭氧辐射强迫对华北地区天气和空气质量的影响	杜楠, 陈磊, 廖宏, 朱佳, 李柯 (3705)
气象、本地光化学生成和外围传输对长沙市 2018~2020 年臭氧污染趋势变化影响的识别	杨俊, 杨雷峰, 丁华, 谢丹平, 刘妍妍, 余涛, 吕明, 袁自冰 (3715)
2000~2021 年成渝城市群 PM _{2.5} 时空变化及驱动机制多维探测	徐勇, 郭振东, 郑志威, 戴强玉, 赵纯, 黄雯婷 (3724)
基于 GTWR-XGBoost 模型的四川省 PM _{2.5} 小时浓度估算	吴迪, 杜宁, 王莉, 吴宇宏, 张少磊, 周彬, 张显云 (3738)
2013~2021 年邢台 PM _{2.5} 重污染过程输送和增长特性	江琪, 盛黎, 靳雨晨, 王继康, 尤媛, 王飞 (3749)
基于高分辨率在线观测数据分析上海市城区秋冬季大气有机气溶胶化学特征及污染来源	朱书慧 (3760)
机动车尾气碳质气溶胶排放因子及其稳定碳同位素特征	于鸣媛, 王谦, 付明亮, 戈畅, 谢峰, 曹芳, 章炎麟 (3771)
沈阳工业区夏季 VOCs 组成特征及其对二次污染形成的贡献	关璐, 苏枫枫, 库盈盈, 胡建林, 于兴娜 (3779)
疫情管控期间深圳市城区 VOCs 的变化特征及减排效果评估	云龙, 林楚雄, 李成柳, 邱志诚, 古添发, 李光程, 张明棣, 郭健锋 (3788)
西安市冬季道路扬尘中有机质组成特征及其氧化潜势	王擎雯, 陈庆彩, 王超, 王瑞鹤, 刘国瑞, 李豪, 李艳广 (3797)
淮北孙疃矿区地表尘中多环芳烃类化合物的污染特征及致癌风险评价	徐振鹏, 钱雅慧, 洪秀萍, 罗钟庚, 高秀龙, 梁汉东 (3809)
雄安建设初期白洋淀水质时空差异及其对降雨和土地利用的响应	王子铭, 杨丽虎, 宋献方 (3820)
流域尺度污染溯源模拟-优化防控方法:以铜陵市顺安河流域为例	刘国王辰, 陈磊, 李佳奇, 张钰晨, 赵奕欣, 刘妍琪, 沈珍瑶 (3835)
南昌市浅层地下水水质评价及监测指标优化	郑紫吟, 储小东, 徐金英, 马志飞 (3846)
闪电河流域“三水”氢氧同位素特征及水体转换分析	杨丽娜, 贾德彬, 高瑞忠, 苏文旭, 卢方园, 郝玉胜 (3855)
金沙江丰富类和稀有类浮游真核微生物的分布特征与影响因素	燕炳成, 崔戈, 孙胜浩, 王沛芳, 王超, 吴程, 陈娟 (3864)
嘉陵江不同干扰断面河道沉积物细菌群落多样性	竹兰萍, 张拓, 李佳宁, 王佳颖, 郭伟亮, 徐飞, 张富斌 (3872)
水库水深变化对不同浮游微生物群落及网络互作关键种的影响	王洵, 廖琴, 王沛芳, 袁秋生, 胡斌, 邢小蕾, 徐浩森 (3881)
典型工业区地下水细菌群落多样性特征与环境因子响应初探	吴建强, 张书源, 王敏, 陈敏, 叶文娟, 熊丽君, 黄沈发 (3892)
太湖流域肥料施用策略调整对典型作物系统氮磷流失的影响	俞映倬, 王逸之, 杨根, 杨林章, 段婧婧, 韩雪梅, 薛利红 (3902)
基于机器学习的长江流域农田氮径流流失负荷估算	张有福, 潘哲祺, 陈丁江 (3913)
千岛湖地区上梧溪流域地表径流非点源氮污染分类识别	俞珂, 严璇, 唐张轩, 张方方, 何圣嘉, 姜培坤 (3923)
沱江和涪江水系干支流氮磷营养盐的空间分布特征	李子阳, 周明华, 徐鹏, 陈露, 刘祥龙, 林洪羽, 江南, 任兵, 张博文 (3933)
外秦淮河底泥污染及疏浚效果	张沐, 任增谊, 张曼, 赵琼, 尹洪斌 (3945)
新污染物多环芳烃衍生物的来源、分布与光化学行为	葛林科, 王子宇, 曹胜凯, 车晓佳, 朱超, 张蓬, 马宏瑞 (3957)
镉砷在针铁矿界面共吸附的相互作用机制	苏子贤, 刘赛红, 管玉峰, 陶亮 (3970)
环糊精催化 Fe-TAML 催化剂的制备及其活化 H ₂ O ₂ 氧化水中有机微污染物	刘清泉, 蔡本哲, 蔡喜运 (3978)
Co(II) 活化过一硫酸盐降解氨基三甲膦酸的性能及反应机制	朱敬林, 汪舒 (3990)
微塑料诱导下污泥造粒潜能变化及微生物富集特征	谢晴帆, 俞楠, 张妮, 谢周云, 单珂欣, 吴亦馨, 唐力, 夏静芬, 杨国靖 (3997)
中国农田土壤 Cd 累积分布特征及概率风险评价	王静, 魏恒, 潘波 (4006)
渝东南典型地质高背景区土壤重金属来源解析及污染评价	蒋玉莲, 余京, 王锐, 王佳彬, 李瑜, 余飞, 张云逸 (4017)
基于 PMF 模型的农田土壤重金属源暴露风险综合评价:以浙江省某电子垃圾拆解区为例	方嘉, 何影, 黄乃涛, 支裕优, 傅伟军 (4027)
乌鲁木齐市郊农田土壤及农作物中多环芳烃的污染特征及风险评价	范悦, 曹双瑜, 艾力江·努尔拉, 于芸云江·吗米提敏, 阿不都艾尼·阿不里, 谢宣宣, 古丽斯坦·阿不都拉, 刘河疆 (4039)
荒漠绿洲土壤抗生素抗性基因分布特征及驱动机制	黄福义, 周曙仡, 苏建强, 朱永官 (4052)
近 15 年我国土壤抗生素污染特征与生物修复研究进展	赵晓东, 乔青青, 秦宵睿, 李晓晶, 李永涛 (4059)
改性生物炭修复砷镉复合污染土壤研究进展	吕鹏, 李莲芳, 黄晓雅 (4077)
沼液还田对土壤-作物系统重金属累积的影响:Meta 分析	赵奇志, 杨志敏, 孔凡靖, 熊海灵, 朱康文, 陈玉成 (4091)
两种铁改性生物炭对微碱性砷镉污染土壤的修复效果	梁欣冉, 何丹, 郑墨华, 付庆灵, 胡红青, 朱俊 (4100)
秸秆离田对土壤 Cd 生物有效性及水稻 Cd 积累的影响	王子钰, 周航, 周坤华, 谭文韬, 蒋毅, 唐棋, 伍港繁, 辜娇峰, 曾鹏, 廖柏寒 (4109)
秸秆与脱硫石膏配施改良黄河三角洲盐碱地的理化性质	赵惠丽, 于金艺, 刘涛, 王丽, 赵英 (4119)
基于环境 DNA 的复合污染土壤生物评价和胁迫诊断	黄湘云, 钟文军, 刘训杰, 毕婉娟, 钱林皓, 张效伟 (4130)
地质高背景区土壤-玉米重金属综合质量评价	张传华, 王钟书, 张力, 刘燕 (4142)
浙江省蔬菜生产系统重金属污染生态健康风险	张述敏, 刘翠玲, 杨桂玲, 邓美华 (4151)
生物炭配施磷肥对土壤养分、酶活性及紫花苜蓿养分吸收的影响	刘鑫裕, 王冬梅, 张泽洲, 张鹏, 樊桐桐 (4162)
低密度聚乙烯微塑料对空心菜生长和生理特征的影响	周颖, 蒋文婷, 刘训悦, 朱高荻, 唐荣贵, 章海波, 蔡廷江 (4170)
沼液施用对麦茬口期土壤微生物群落结构特征及功能的影响	乔宇颖, 奚辉, 李娜, 陈喜靖, 沈阿林, 喻曼 (4179)
大同铅锌尾矿不同污染程度土壤细菌群落分析及生态功能特征	刘泽勋, 庄家尧, 刘超, 郑康, 陈玲 (4191)
马尾松采伐迹地火烧黑炭对土壤有机碳组分和碳转化酶活性的影响	姚智, 焦鹏宇, 吴晓生, 严强, 刘先, 胡亚林, 王玉哲 (4201)
《环境科学》征订启事(3648) 《环境科学》征稿简则(3659) 信息(3714, 4150, 4178)	

沼液施用对麦稻茬口期土壤微生物群落结构特征及功能的影响

乔宇颖, 奚辉, 李娜, 陈喜靖, 沈阿林, 喻曼*

(浙江省农业科学院环境资源与土壤肥料研究所, 杭州 310021)

摘要: 为揭示麦稻茬口期沼液施用对土壤微生物群落及功能的影响,通过土柱试验,设置麦秆还田后3种处理[无氮肥(CM)、常规施肥(SN)和添加沼液(SZ)],采用Illumina高通量测序技术分析了土壤淹水后1 d和21 d土壤细菌及真菌群落的组成、多样性和结构差异,并对其功能进行预测。微生物多样性分析表明,1 d时各处理的真菌 α 多样性指数均显著高于21 d处理且各处理间无显著差异;21 d时各处理细菌Simpson指数开始出现差异,SZ-21处理的细菌Simpson指数高于SN-21处理,而细菌Chao1指数显著低于SN-21处理;细菌群落结构分析表明,1 d时,SN处理的厚壁菌门、绿弯菌门和放线菌门与其它处理差异较大,而21 d时,SZ和SN处理的各细菌菌门相对丰度相似;真菌群落结构分析表明,1 d时,SZ处理中的子囊菌门和接合菌门相对丰度高于SN和CM处理;21 d时,SN和SZ处理的子囊菌门相对丰度均低于CM处理,而接合菌门的相对丰度均高于CM处理。NMDS分析表明,21 d时,SN和SZ处理的细菌和真菌群落组成均有逐渐相似的趋势。PICRUSt功能分析表明,不同时期和不同处理的土壤细菌群落在功能层上表现相似,FUNGuild功能预测反映SZ-21和SN-21处理的真菌功能主要差异体现在腐生营养型和病理营养型上。综上说明茬口期施沼液在一定程度上可以替代化肥平衡土壤养分和维持土壤生态功能,但仍可能存在真菌致病风险。

关键词: 沼液; 细菌群落; 真菌群落; 麦稻茬口期; 高通量测序; 功能预测

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)07-4179-12 DOI: 10.13227/j.hjxx.202207274

Effects of Biogas Slurry Application on Soil Microbial Communities Structure and Function During Wheat-rice Stubble Period

QIAO Yu-ying, XI Hui, LI Na, CHEN Xi-jing, SHEN A-lin, YU Man*

(Institute of Environment, Resource, Soil and Fertilizer, Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, Hangzhou 310021, China)

Abstract: To reveal the effects of biogas slurry application on soil microbial community structure and function, a soil column experiment was constructed with three treatments [(no N addition, CM; conventional fertilization, SN; biogas slurry addition, SZ)]. The differences in composition, diversity, and structure of bacterial and fungal communities on day 1 and day 21 after soil flooding were evaluated, and their functions were predicted using Illumina high-throughput sequencing technology. The results of the analysis of α diversity showed that the fungal α -diversity indexes of CM, SN, and SZ treatments on day 1 were significantly higher than those on day 21, and there was no significant difference among the three treatments. However, the bacterial Simpson index differed among the three treatments on day 21, with SZ-21 showing a higher Simpson index but lower Chao1 index compared with those of SN-21. The analysis of bacterial community structure showed that Firmicutes, Chloroflexi, and Actinobacteria in the SN-1 treatment were different from those in the other treatments on day 1, whereas the relative abundance of bacterial phyla in the SZ and SN treatments were similar on day 21. The analysis of fungal community structure showed that the relative abundance of Ascomycota and Zygomycota in the SZ-1 treatment were higher than those in the SN-1 and CM-1 treatments on day 1. The relative abundance of Ascomycota in the SN-21 and SZ-21 treatments were lower, whereas that of Zygomycota were higher compared with that in CM-21. The analysis of NMDS showed that the composition of bacterial and fungal communities in the SN and SZ treatments showed a gradually similar trend. The PICRUSt analysis showed that the function of the soil bacterial community was similar in the CM, SN, and SZ treatments. The FUNGuild function prediction reflected that the main differences in trophic type between the SN-21 and SZ-21 treatments occurred in saprotroph and pathotroph forms. Therefore, biogas slurry addition in the wheat-rice stubble stage could contribute to balancing soil nutrients and maintaining soil ecological function to a certain extent, but there may still be a risk of fungal disease.

Key words: biogas slurry; bacterial communities; fungal communities; wheat-rice stubble period; Illumina high-throughput sequencing; function prediction

沼液是沼气工程的副产物,氨氮含量较高,无序排放会导致水体环境污染,但合理使用则是一种优质的液体有机肥,沼液用于稻田能提高水稻产量和品质,改善土壤理化性质^[1,2],而过量施用或施用时间不当可能会引发新的环境风险^[3~6],因此,在维持作物产量和维护土壤环境安全条件下,明确沼液的施用时间与施用量仍是当前研究的热点之一。

土壤微生物是土壤养分元素循环的主要驱动力,其群落结构和生态功能的变化可用于评估土壤肥力水平高低和生态系统的稳定性,比土壤理化性

质能更有效和快速响应土壤质量的变化^[7~10]。尤其是随着高通量测序技术的普及,国内外研究者已采用该方法深入研究了沼液还田后土壤微生物群落组成和分布特征。有研究发现,沼液还田能显著改变土壤微生物群落结构,增加细菌、真菌和放线菌的数

收稿日期: 2022-07-29; 修订日期: 2022-09-15

基金项目: 宁波市科技局公益类项目(202002N3059); 现代农业产业技术体系(CARS-03-28); 国家重点研发计划项目(2016YFD0200804)

作者简介: 乔宇颖(1994~),女,硕士研究生,主要研究方向为土壤微生物与土壤生态, E-mail: qiaoyy18@nwfau.edu.cn

* 通信作者, E-mail: yuman@zaas.ac.cn

量^[11~14].但是,现有研究对沼液还田与土壤微生物群落组成和多样性的关系暂无完全一致的定论,且关注土壤微生物生态功能的研究相对较少,如 Tang 等^[13]研究发现沼液添加对土壤细菌和真菌的影响存在差异,沼液处理下的土壤细菌群落结构组成更复杂;Yu 等^[15]的研究结果显示,沼液提高了根际土壤中的真菌群落多样性,但不能提高细菌多样性;Xu 等^[16]认为中等剂量的沼液施用可以提高土壤细菌多样性. PICRUST (phylogenetic investigation of communities by reconstruction of unobserved states) 和 FUNGuild 分别是针对细菌和真菌菌群功能和代谢的预测软件(数据库),可以通过高通量测序获得的基因序列预测对应的细菌和真菌代谢功能和生态功能,目前不同生态系统下关于微生物群落功能预测已有不少应用^[17~22],将该方法用于预测沼液还田后土壤微生物功能特征有助于进一步深刻理解沼液还田土壤环境生态安全.

麦稻茬口期(麦秆还田后水稻移栽前)是长江中下游稻麦轮作过程中的一个特殊时期,短期内大量秸秆还田的腐解产物和土壤氮素的快速消耗极易导致土壤生态环境不稳定,造成下茬作物根系发育受阻,茬口期内的水肥管理对改善水稻苗期土壤环境至关重要^[23~26].有研究者尝试在麦稻茬口期施用沼液替代化肥,并发现沼液在短期施用条件下能促进水稻幼苗生长,提高土壤细菌丰富度及多样性和土壤质量^[27,28].但是,已有研究缺乏对土壤真菌微生物群落结构分析及整个群落的功能预测.因此,本文通过土柱试验模拟麦稻轮作茬口期,运用 Illumina 高通量测序技术研究麦秆还田下茬口期内土壤微生物群落组成的变化,除分析土壤微生物组成和多样性之外,还完善其细菌和真菌功能预测,探讨沼液施用短期内对土壤微生态的响应机制,以期调控和优化麦稻茬口期内的沼液利用提供理论基础.

1 材料与方法

1.1 试验概况与试验设计

本试验供试土壤采自浙江安吉桐杭镇,粉砂质水稻土.采集时间为2018年5月(小麦收获后),采集深度为0~20 cm,自然风干,去除根系残叶和石子,过2 mm筛后备用.土壤基本理化性质为:pH值7.10, ω (全氮)0.25 g·kg⁻¹, ω (全磷)0.68 g·kg⁻¹, ω (全钾)25.10 g·kg⁻¹, ω (有机质)4.50 g·kg⁻¹.供试沼液取自嘉兴科皇牧业有限公司沼液膜浓缩设备陶瓷膜出水,原液为畜禽养殖废弃物厌氧发酵后液相产物,基本理化性质为:pH值7.59, ω (全氮)1.28 g·L⁻¹, ω (全磷)0.07 g·L⁻¹, ω (全钾)0.74

g·L⁻¹, EC值9.25 mS·cm⁻¹.还田麦秆风干后粉碎成2 cm的碎段.试验共设3个处理:无氮肥处理(CM)、常规施肥处理(SN)、沼液处理(SZ),每个处理设3个重复.麦秆添加量为2 g·kg⁻¹.SN和SZ处理氮投入水平为0.033 g·kg⁻¹,其中SN处理中的氮以尿素(46%)形式投入,SZ处理的氮以沼液形式投入.为避免沼液中磷钾养分的干扰,CM和SN处理中对应添加过磷酸钙(12%)和氯化钾(60%),投入量为过磷酸钙0.017 g·kg⁻¹和氯化钾0.032 g·kg⁻¹.

土柱尺寸为内径30 cm×高40 cm,麦秆粉碎后与土壤充分混匀后装入土柱装置.土壤填充深度为20 cm,分层填装,填装前根据土壤容重1.4 g·cm⁻³,将对应土层土壤浇水至最大田间持水量,填装后用平板轻轻压实.所有处理均先填装土壤,然后将肥料或沼液均匀洒在土层表面,最后进行淹水处理,以上步骤均在同一天完成.土壤保持淹水(3~5 cm)状态,每隔2 d补充一次.

1.2 土壤样品采集

分别于土壤淹水后1 d和21 d采集土壤,使用铲子5点混合取样,取样深度为0~20 cm,样品采集后放入-20℃冰箱保存,用于DNA提取以及后续的生物信息学分析.

1.3 样品总DNA提取

采用试剂盒(E. Z. N. A.® soil DNA kit, OMEGA)按其操作手册提取土壤微生物基因组DNA.所提取的土壤总DNA的浓度和纯度使用 Nanodrop 2000UV-Vis 分光光度计(Thermo Scientific, U. S. A.)检测.

1.4 高通量测序

细菌采用引物338F(5'-ACTCCTACGGGAGGC AGCAG-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTWCTAAT-3')扩增其16S rRNA基因的V3-V4高变区序列.真菌采用引物ITS1F(5'-CGTAGGTGAACCTG CGGAGATC-3')和ITS2R(5'-GTTTCAGCGGGTG-ATCCTGCCTG-3')扩增其ITS rRNA区序列.二者PCR扩增程序分别为:95℃预变性3 min,95℃变性30 s,55℃退火30 s,72℃延伸45 s,72℃修复延伸10 min,27个循环;95℃预变性3 min,95℃变性30 s,55℃退火30 s,72℃延伸45 s,72℃修复延伸10 min,35个循环.338F和806R引物的PCR正式试验采用 TranGen AP221-02:TransStart Fastpfu DNA Polymerase,20 μL反应体系.ITS1F和ITS2R引物的PCR正式试验采用 TaKaRa rTaq DNA Polymerase,20 μL反应体系.利用上海美吉生物医药科技有限公司的MiSeq PE300测序仪(Illumina

Inc, San Diego, CA, USA) 完成高通量测序。

1.5 数据分析

1.5.1 生物学信息分析

利用 QIIME (Quantitative Insights into Microbial Ecology) 软件对原始序列进行质量过滤, 得到高质量序列。利用 UPARSE (version 7.0.1090 <http://drive5.com/uparse/>) 软件将 97% 相似水平下的高质量序列归为多个 OTU (operational taxonomic units)。采用 RDP classifier 贝叶斯算法对 97% 相似水平的 OTU 代表序列进行分类学分析, 置信度阈值为 0.7, 细菌种类的分类基于 Silva (Release138 <http://www.arb-silva.de>) 数据库, 真菌种类的分类基于 Unite (Release 8.0 <http://unite.ut.ee/index.php>) 的真菌 ITS 数据库。按照最低测序深度对样本进行随机重抽样, 借助 Mothur (v. 1.30.2) 软件分析细菌和真菌群落的 Alpha 多样性 (Shannon 多样性指数、Simpson 多样性指数和 Chao1 指数)。

1.5.2 PICRUST 功能预测分析

采用 PICRUST 软件进行细菌功能预测分析, 利用 QIIME 获得的 colsed OTU Table 与 COG 和 KEGG 数据库进行比对, 获得功能预测信息, 具体分析步骤基于在线分析平台 (<http://picrust.github.io/picrust>)^[29]。

1.5.3 真菌功能类群 FUNGuild 分析

利用 FUNGuild v1.0 工具对真菌的营养类型及其功能类群分类。FUNGuild 是一个基于目前已发表的文献或权威网站的数据库, 通过数据库的比对分析, 可以得到“极可能”(highly probable)、“很可能”(probable)和“可能”(possible)这 3 个置信度等级。为了避免过度解读真菌功能类群, 只保留置信度“极可能”(highly probable)和“很可能”(probable)这 2 个等级, 无法识别的真菌群落被标记为“未定义”(undefined)^[30]。

1.5.4 统计学分析

运用 IBM SPSS Statistics 25 软件进行单因素方差分析细菌和真菌群落的 Alpha 多样性指数; 运用 Origin 2019b 软件绘制土壤细菌和真菌群落结构的相对丰度图以及真菌群落的功能预测占比图; 采用基于 Bray-Curits 距离矩阵的非度量多维尺度分析 (non-metric multidimensional scaling, NMDS) 确定细菌和真菌群落的结构差异; 利用 R 语言 vegan 软件包进行 ANOSIM 相似性分析, 以判断组间差异是否显著大于组内差异; 运用 GraphPad Prism 8.0.1 软件绘制细菌预测基因丰度热图; 运用 STAMP (v2.1.3) 进行真菌功能差异显著分析及绘图。

2 结果与分析

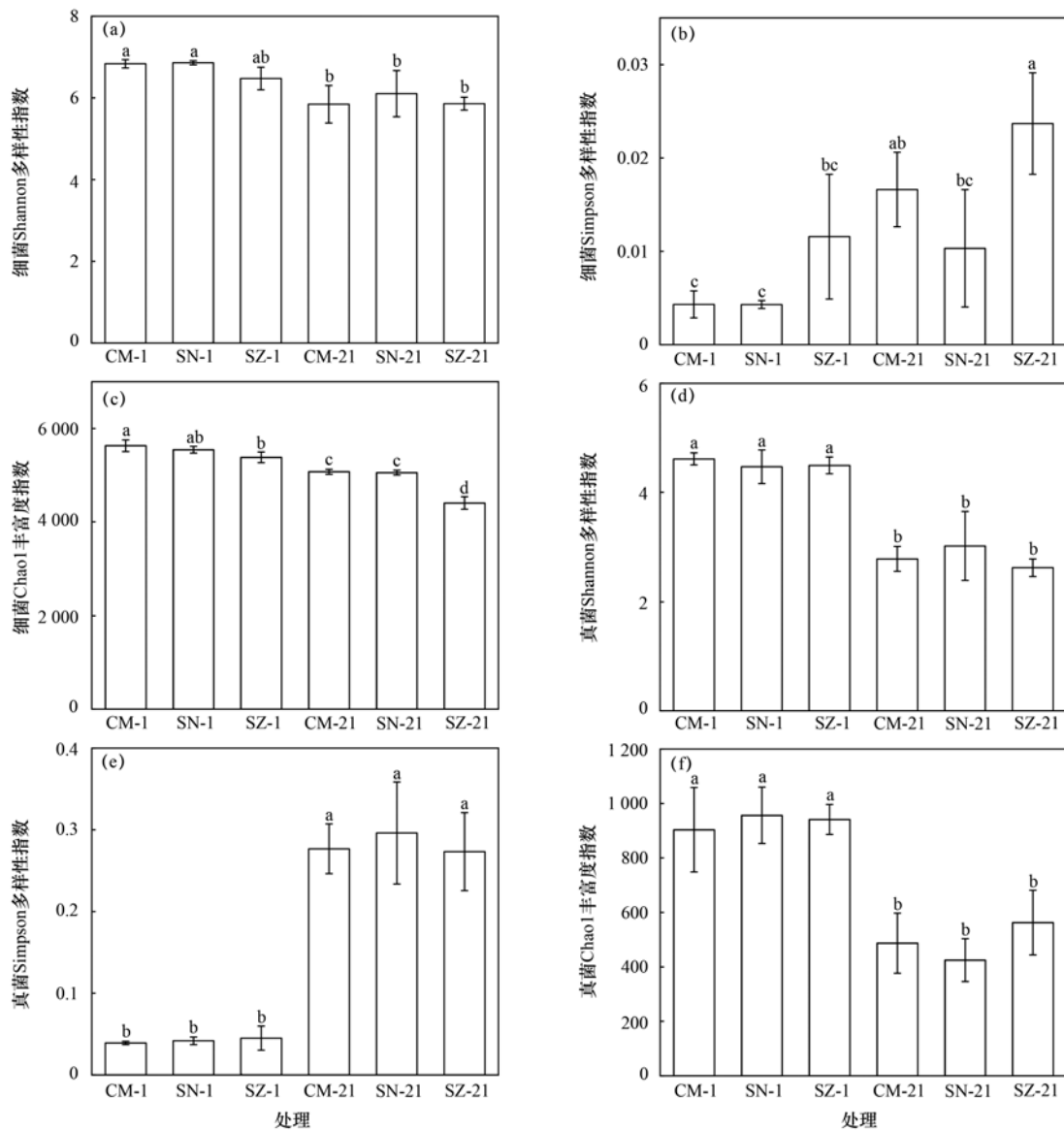
2.1 沼液施用对茬口期土壤微生物群落多样性的影响

本文运用 Shannon 指数、Simpson 指数和 Chao1 指数分别反映麦稻茬口期的微生物群落多样性、群落优势物种多样性和群落物种丰富度 (图 1)。Shannon 指数越高, 则物种群落的多样性越高; Simpson 指数越低, 则优势物种多样性越高; Chao1 指数越高, 则丰富度越高。结果显示, 1 d 时各处理的真菌 α 多样性指数均显著高于 21 d 处理且各处理间无显著差异, 表明各处理真菌群落变化主要受淹水影响, 对施氮方式响应不明显; 21 d 时各处理细菌 Simpson 指数开始出现差异, SZ-21 处理的细菌 Simpson 指数高于 SN-21 处理, 而细菌 Chao1 指数显著低于 SN-21 处理, 说明 21 d 后, 沼液处理的细菌丰富度较氮肥处理有所下降, 但优势物种多样性有所上升。

2.2 沼液施用对茬口期土壤细菌和真菌群落结构的影响

对测序结果进行比对, 得到 3 277 024 条有效 16S rRNA 基因序列, 基于 97% 的相似性阈值进行聚类, 得到 8 231 个 OTU (operational taxonomic units)。聚类结果表明, 细菌菌群分属 48 门、130 纲、258 目、487 科、988 属和 2 135 种。

门和属水平上细菌群落的物种组成如图 2 所示, 在门和属水平上分别检测到 10 种和 25 种相对丰度大于 1% 的细菌门和属。从图 2(a) 可以看出, 茬口期秸秆还田和施肥导致土壤细菌群落在短期内发生了明显的变化。1 d 时, 门水平上不同处理间丰度比例差异较大的为厚壁菌门、绿弯菌门和放线菌门, SN-1 处理厚壁菌门的占比仅有 4.76%, 远低于 SZ-1 和 CM-1 处理, 而放线菌门和绿弯菌门的占比明显高于 SZ-1 和 CM-1 处理。各处理细菌群落主要包括变形菌门 (Proteobacteria, 30.90% ~ 33.75%)、酸杆菌门 (Acidobacteria, 14.63% ~ 18.03%)、放线菌门 (Actinobacteria, 12.37% ~ 17.71%)、厚壁菌门 (Firmicutes, 4.76% ~ 20.02%) 和绿弯菌门 (Chloroflexi, 7.69% ~ 11.40%), 其次为芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes, 3.00% ~ 4.62%)、拟杆菌门 (Bacteroidetes, 1.96% ~ 4.94%)、硝化螺旋菌门 (Nitrospirae, 1.64% ~ 2.26%)、蓝藻菌门 (Cyanobacteria, 0.94% ~ 1.29%) 和疣微菌门 (Verrucomicrobia, 1.16% ~ 1.24%)。21 d 时, 门水平上各处理细菌群落占比发生变化, 厚壁菌门和放线菌门在 3 个处理间差别最为明显, SN-21 处理和



(a)、(b)和(c)为细菌, (d)、(e)和(f)为真菌; 不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$)

图1 不同处理土壤细菌和真菌的 α 多样性

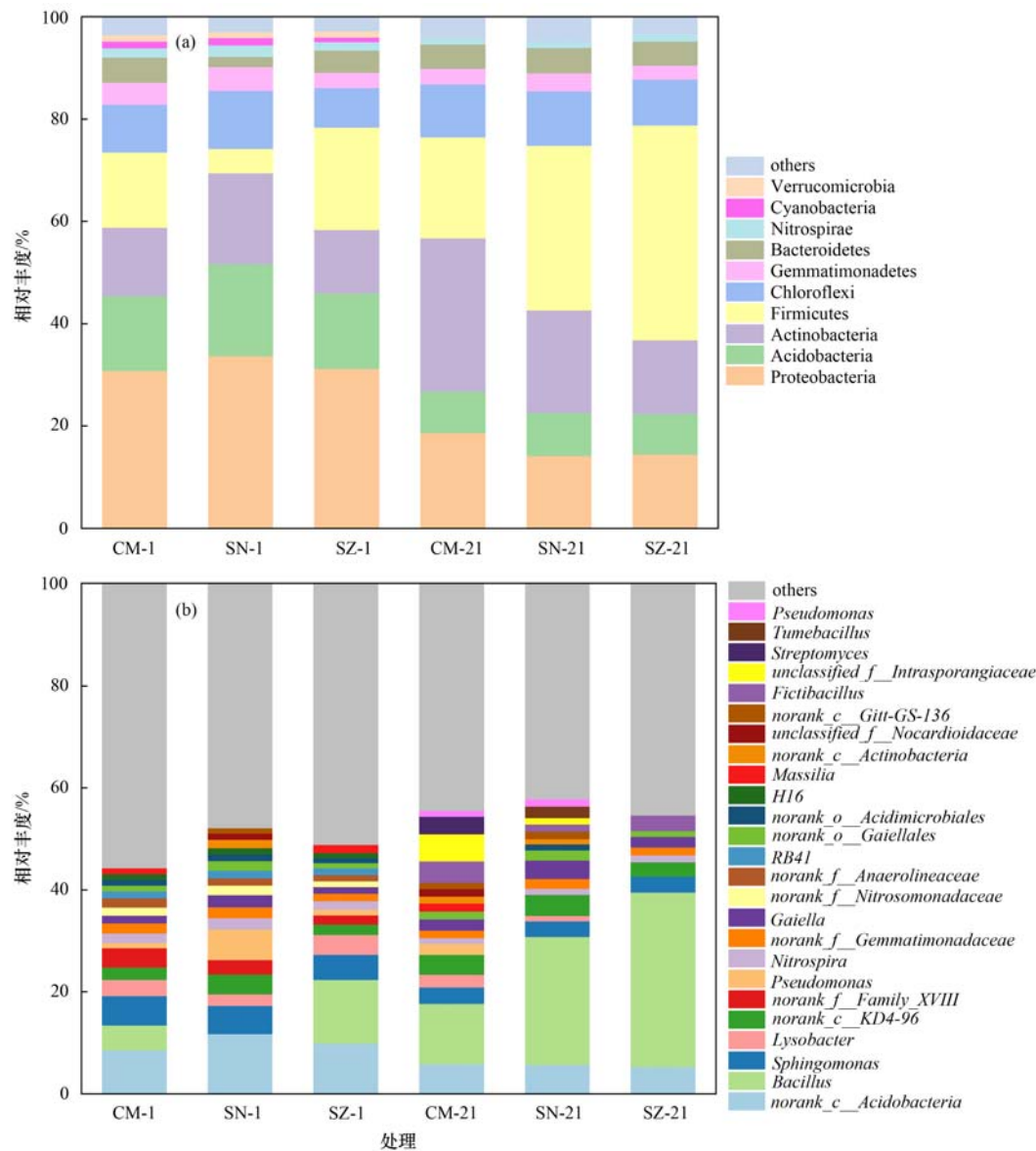
Fig. 1 The α diversity of soil bacterial and fungal communities

SZ-21 处理各细菌菌门的相对丰度较为相似,其中,厚壁菌门占比在 SN-21 和 SZ-21 处理高于 CM-21 处理,放线菌门占比在 SN-21 和 SZ-21 处理中低于 CM-21 处理. 各处理的主要菌门依然为厚壁菌门 (Firmicutes, 19.73% ~ 41.95%)、放线菌门 (Actinobacteria, 14.46% ~ 29.88%)、变形菌门 (Proteobacteria, 14.24% ~ 18.73%)、绿弯菌门 (Chloroflexi, 8.98% ~ 10.66%) 和酸杆菌门 (Acidobacteria, 7.90% ~ 8.36%),但各菌门的相对丰度变化明显. 其次为拟杆菌门 (Bacteroidetes, 4.73% ~ 4.99%)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes, 2.72% ~ 3.50%) 和硝化螺旋菌门 (Nitrospirae, 1.13% ~ 1.37%).

图2(b)反映了各处理样本细菌在属水平上的变化情况. 1d 时,CM 处理、SN 处理与 SZ 处理在属

水平上的细菌群落开始出现差异,其中,芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 在 SZ-1 处理中丰度最高,占比 12.52%,但在 SN-1 处理中低于 1%;假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 在 SN-1 处理中丰度最高,占比 5.99%,但 CM-1 和 SZ-1 处理中占比仅为 1% 左右. 21 d 时,不同处理在属水平上的细菌群落结构组成及相对丰度差异更为明显,CM-21 处理的群落结构组成较为复杂(相对丰度大于 1% 的菌属有 18 种),而 SZ-21 处理的群落结构组成较为简单(相对丰度大于 1% 的菌属有 9 种). 另外,芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 在不同处理间的丰度占比差异最明显,在 SZ-21、SN-21 和 CM-21 处理中占比分别为 34.18%、25.14% 和 11.88%.

对测序结果进行比对,得到 3 697 192 条有效 ITS 基因序列,基于 97% 的相似性阈值进行聚类,得



(a)细菌门水平的群落组成及相对丰度；(b)细菌属水平的群落组成及相对丰度；相对丰度小于1%的物种归为 others

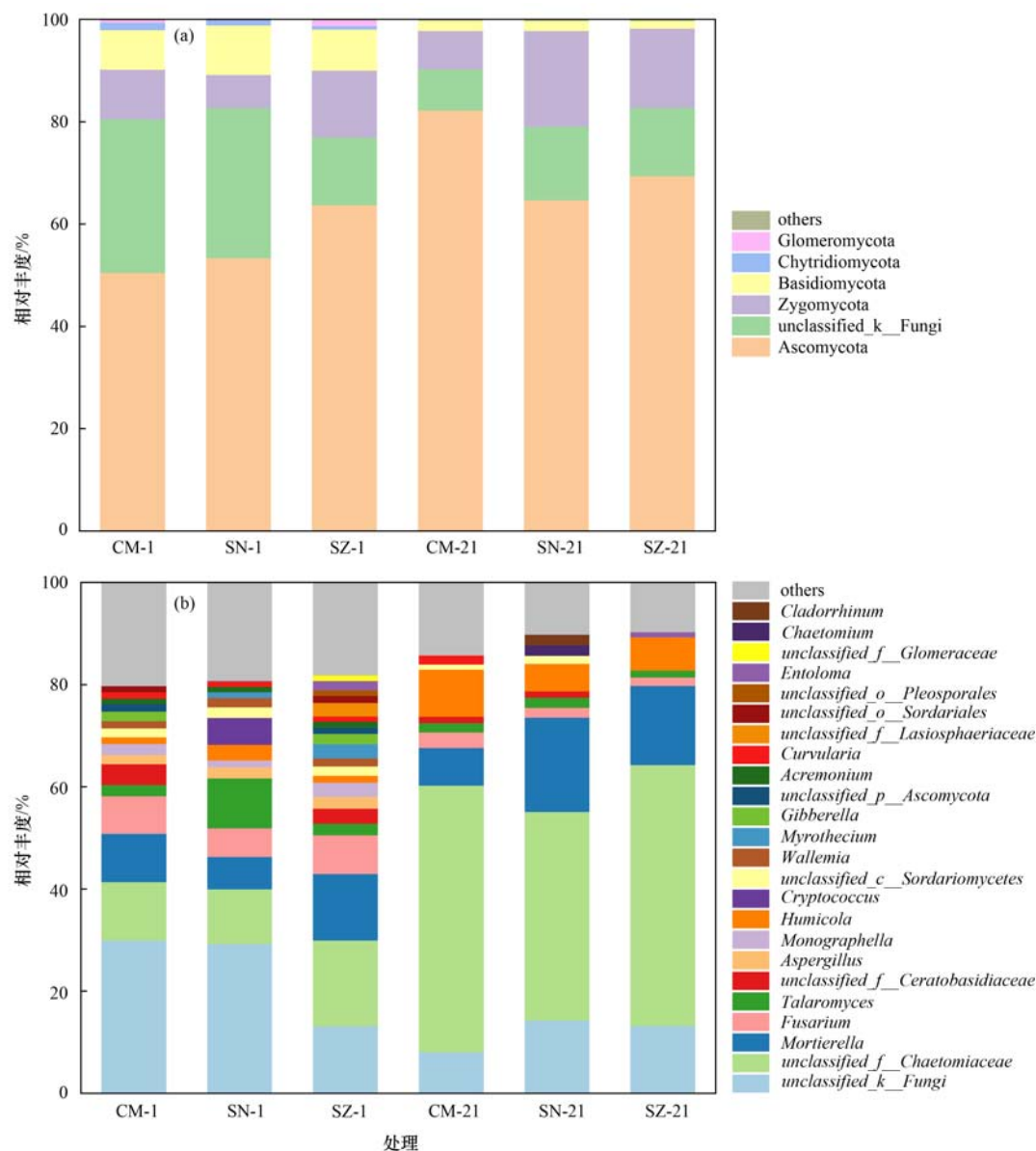
图2 各处理土壤细菌门和属水平的群落组成及相对丰度

Fig. 2 Composition and relative abundance of bacterial phylum and genus levels in treatments

到2 684个 OTU. 聚类结果表明,真菌菌群分属 7 门、29 纲、85 目、194 科、422 属和 717 种.

门和属水平上真菌群落的物种组成如图 3 所示,在门和属水平上分别检测到 6 种和 24 种相对丰度大于 1% 的真菌门和属. 1 d 时,SN-1 处理与 CM-1 处理真菌门水平上的菌群占比相似,而 SZ-1 处理中的子囊菌门和接合菌门相对丰度高于 SN-1 处理和 CM-1 处理. 各处理真菌群落主要包括子囊菌门 (Ascomycota, 50.58% ~ 63.82%)、未知菌门 (unclassified_k __Fungi, 13.24% ~ 30.02%)、接合菌门 (Zygomycota, 6.43% ~ 13.03%) 和担子菌门 (Basidiomycota, 7.90% ~ 9.66%), 其次为壶菌门 (Chytridiomycota, 0.70% ~ 1.38%) 和球囊菌门 (Glomeromycota, 0.04% ~ 1.13%). 21 d 时,SN-21 处理与 SZ-21 处理的群落组成更为相似,两个处理

的子囊菌门的相对丰度均低于 CM 处理,而接合菌门的相对丰度均高于 CM 处理. 各处理的主要真菌群落变为子囊菌门 (Ascomycota, 64.75% ~ 82.28%)、接合菌门 (Zygomycota, 7.41% ~ 18.74%)、未知菌门 (unclassified_k __Fungi, 8.13% ~ 14.39%)、担子菌门 (Basidiomycota, 1.54% ~ 2.04%). 各处理真菌在属水平上的变化如图 3(b) 所示,1 d 时,3 个处理在属水平上的真菌群落结构就呈现差异, SZ-1 处理中 unclassified _ f _ Chaetomiaceae、被孢霉属 (Mortierella) 和镰刀菌属 (Fusarium) 的相对丰度明显高于其它处理; SN-1 处理中篮状菌属 (Talaromyces) 和隐球菌属 (Cryptococcus) 相对丰度较高,而 CM-1 处理和 SZ-1 处理中的相对丰度均小于 1%. 21 d 时,3 个处理的真菌群落组成较 1 d 时更简单,SN-21 和 SZ-21 处理



(a)真菌门水平的群落组成及相对丰度; (b)真菌属水平的群落组成及相对丰度; 相对丰度小于1%的物种归为 others

图 3 各处理土壤真菌门水平和属水平的群落组成

Fig. 3 Composition and relative abundance of fungal phylum and genus levels in treatments

中主要菌属占比接近,其中 *unclassified_f_Chaetomiaceae* 和被孢霉属的相对丰度均高于CM-21处理,而镰刀菌属和腐质霉属的相对丰度均低于CM-21处理.

2.3 沼液施用对茬口期土壤细菌和真菌群落β多样性的影响

为进一步揭示各处理在1d和21d时的种群结构变化,采用NMDS和ANOSIM方法结合,分析了细菌和真菌群落的β多样性(OTU水平).结果如图4所示,两个图的stress均小于0.1,表明排序结果较好.对细菌群落的NMDS分析表明[图4(a)],1d和21d时,3个处理的细菌群落完全分离,分别集中在NMDS axis1轴的左右两侧.1d时,CM、SN和SZ处理的细菌群落组成明显不相同,并且SN和SZ处

理的细菌群落分布在CM处理的两侧,但在21d时,SN处理和SZ处理的细菌群落组成有相似的趋势.与细菌群落相同的是,各处理下的真菌群落组成在1d和21d时也存在明显的不同,同样分布在NMDS axis1轴的左右两侧[图4(b)].21d时,SN处理和SZ处理的真菌群落组成相似度明显升高.

2.4 土壤细菌群落功能预测分析

基于KEGG数据库(Kyoto encyclopedia of genes and genomes)预测的结果表明(图5),在一级功能层共获得6类生物代谢通路功能分析:代谢(metabolism)、遗传信息处理(genetic information processing)、环境信息处理(environmental information processing)、细胞过程(cellular processes)、有机系统(organismal systems)和人类疾

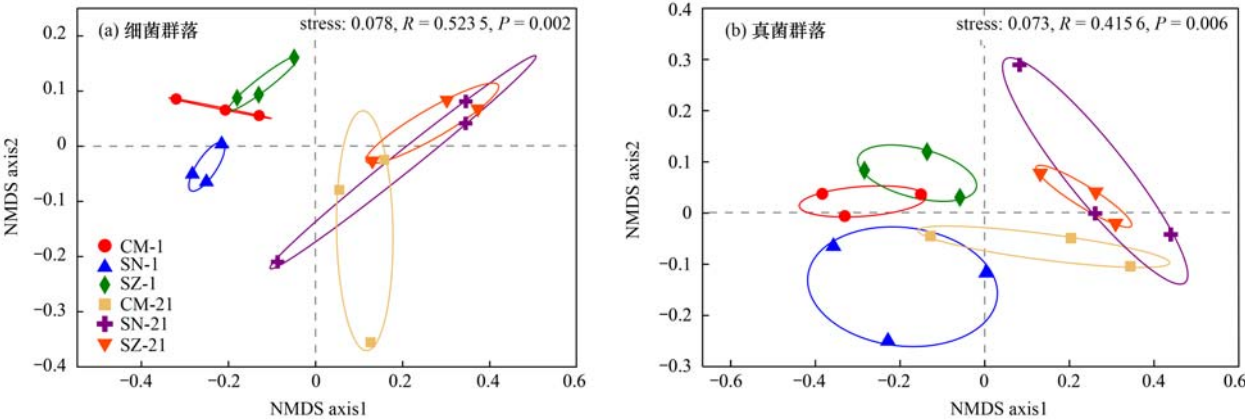


图 4 土壤细菌和真菌群落 NMDS 分析

Fig. 4 NMDS analysis of soil bacterial and fungal communities

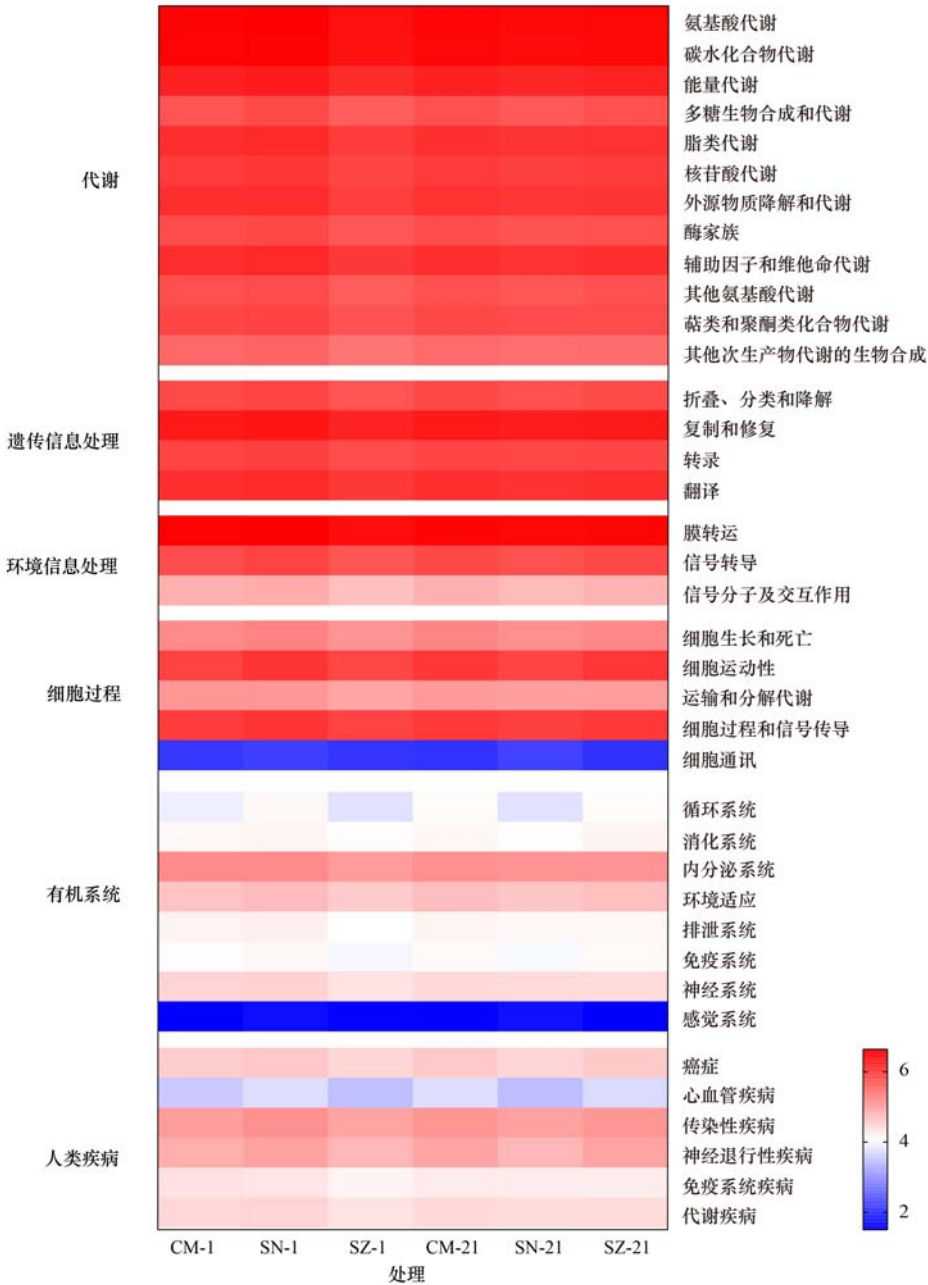


图 5 细菌群落的功能预测热图

Fig. 5 Function prediction of bacterial community

病(human diseases).其中代谢、遗传信息处理和环境信息处理为各处理的主要功能组成.不同时期和不同处理的土壤细菌群落在各功能层上表现相似.

2.5 茬口期不同施氮方式的土壤真菌群落功能预测分析

根据 FUNGuild 功能预测可获得样品中真菌的功能分类及在各样品中的丰度信息(图6),结果显示,真菌群落营养类型可分为7类,病理营养型(pathotroph)、病理-腐生营养型(pathotroph-saprotroph)、病理-腐生-共生营养型(pathotroph-saprotroph-symbiotroph)、病理-共生营养型(pathotroph-symbiotroph)、腐生营养型(saprotroph)、腐生-共生营养型(saprotroph-symbiotroph)和共生营养型(symbiotroph).CM-1、SN-1和SZ-1处理均以腐生营养型(10.08%、20.21%和16.10%)和病理营养型(8.39%、5.84%和8.90%)为主;而21 d后CM-21、SN-21和SZ-21处理的病理营养型占比均降低,以腐生营养型(17.22%、10.96%和10.95%)为主,这表明21 d时沼液和尿素处理的腐生营养型真菌占比几乎一致.

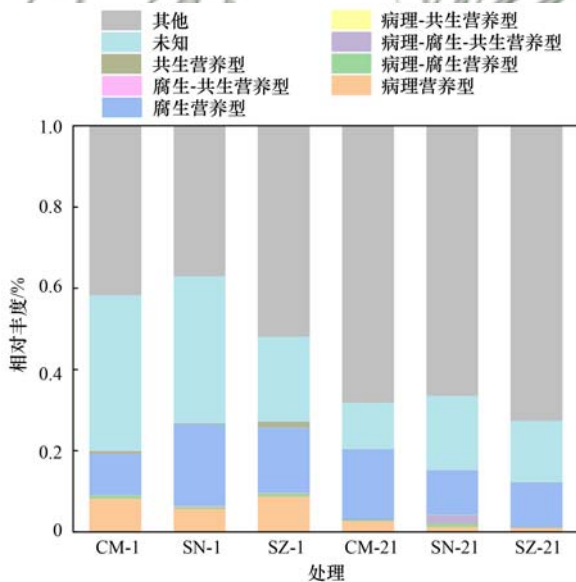


图6 真菌群落的功能预测

Fig. 6 Function prediction of fungal community

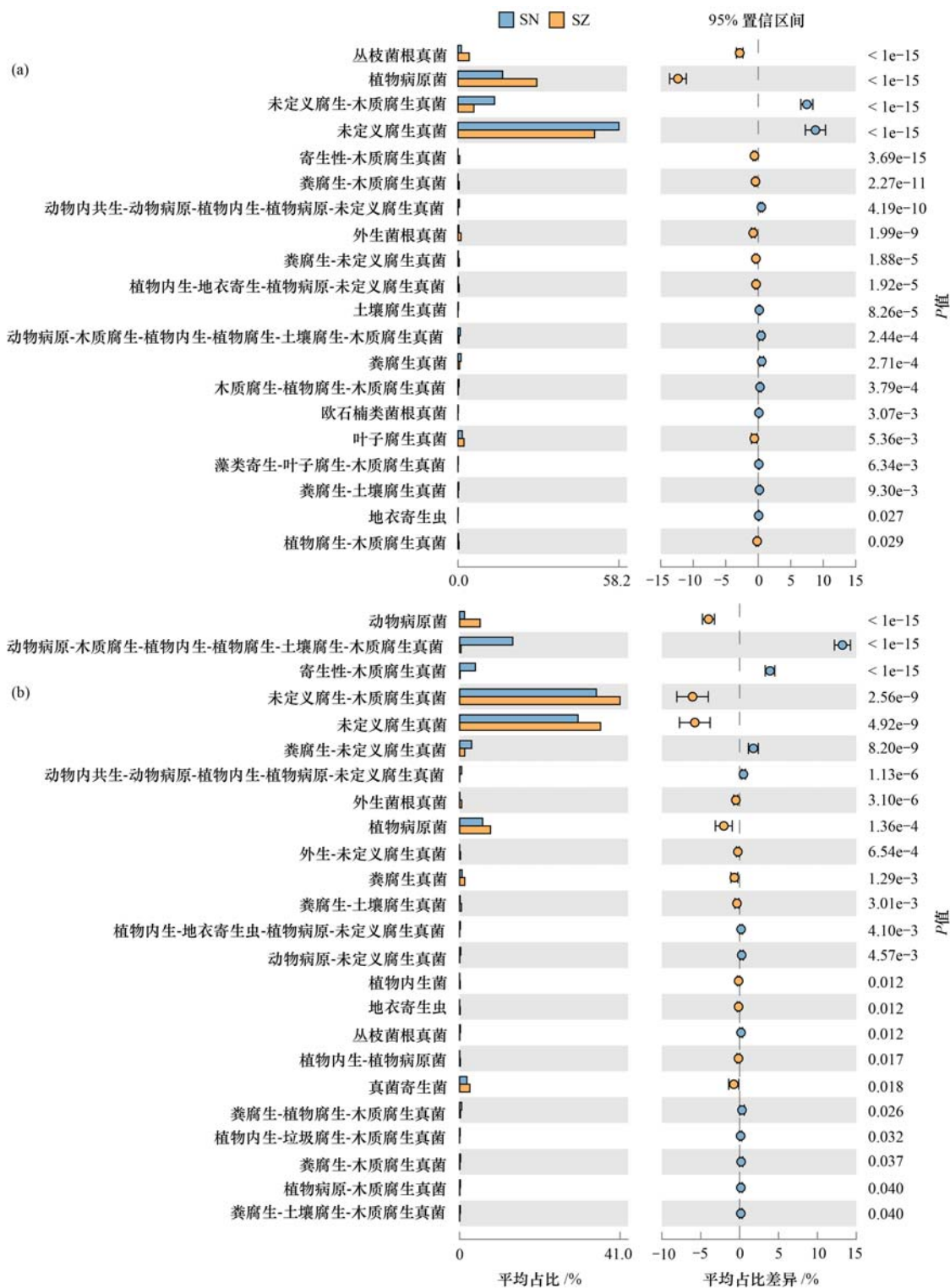
对上述7类营养型进行进一步分类,通过功能类群鉴定,检测出55种功能群,其中20种功能群在SN-1与SZ-1处理间存在显著差异,24种功能群在SN-21与SZ-21处理间存在显著差异(图7).SZ-1处理有9种功能群的占比显著大于SN-1,这9种功能群以腐生营养型为主[粪腐生-木质腐生真菌(dung saprotroph-wood saprotroph)、粪腐生-未定义腐生真菌(dung saprotroph-undefined saprotroph)、叶子腐生真菌(leaf saprotroph)和植物腐生-木质腐生

真菌(plant saprotroph-wood saprotroph)],其次为共生营养型[丛枝菌根真菌(arbuscular mycorrhizal)和外生菌根真菌(ectomycorrhizal)],还有病理营养型[植物病原真菌(plant pathogen)]、病理-腐生营养型[真菌寄生-木质腐生真菌(fungal parasite-wood saprotroph)]和病理-腐生-共生营养型[植物内生-地衣寄生-植物病原-未定义腐生真菌(endophyte-lichen parasite-plant pathogen-undefined saprotroph)].SZ-21处理有12种功能群的占比显著大于SN-21,这12种功能群以腐生营养型[未定义腐生-木质腐生真菌(undefined saprotroph-wood saprotroph)、未定义腐生真菌(undefined saprotroph)、粪腐生真菌(dung saprotroph)和粪腐生-土壤腐生真菌(dung saprotroph-soil saprotroph)]和病理营养型为主[动物病原菌(animal pathogen)、植物病原菌(plant pathogen)、地衣寄生虫(lichen parasite)、真菌寄生虫(fungal parasite)],其次为共生营养型[外生菌根真菌(ectomycorrhizal)和植物内生菌(endophyte)],腐生-共生营养型[外生-未定义腐生真菌(ectomycorrhizal-undefined saprotroph)]和病理-共生营养型[植物内生-植物病原菌(endophyte-plant pathogen)].以上结果表明沼液与尿素添加21 d后的真菌功能差异主要发生在腐生营养型和病理营养型上.

3 讨论

土壤茬口期是稻麦轮作体系的交替时期,茬口期适当地添加氮素有利于下茬作物的生长,平衡土壤中的碳氮比,在一定程度上可以缓解秸秆腐解与植物争氮的情况^[26,28].尿素属于酰胺态氮肥,一般经过土壤微生物的作用转化为铵态氮之后,再供作物吸收.沼液中的氮素主要以铵态氮的形式存在,一般情况下沼液中铵态氮占总氮量的70%以上,是一种缓速兼备的液体有机肥^[28].茬口期施氮肥后使得细菌的Shannon、Simpson和Chao1指数有所降低,这与先前的研究结果不一致^[27],其原因可能是受土壤水分管理的影响不同.由于茬口期淹水的土壤环境条件会加剧微生物群落之间的竞争,影响了细菌的群落多样性^[31],从而造成了细菌多样性的改变.在秸秆还田的基础上,尿素和沼液的配施使真菌群落Shannon、Simpson和Chao1指数显著降低,这与吴宪等^[32]研究的结果一致.

各处理中变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和绿弯菌门(Chloroflexi)是细菌群落的优势菌门(图1),这与以往学者的研究结果一



(a) SN-1 与 SZ-1 之间的差异; (b) SN-21 与 SZ-21 之间的差异

图 7 预测真菌功能基因在不同样品间的差异

Fig. 7 Variation in predicted functional profiles in different samples

致^[33,34]. 并且有研究指出,这几类微生物菌群在长期施肥的水稻土中也处于优势地位,可能在有机物矿化过程中有着重要贡献^[35]. 21 d 后各处理酸杆菌门(Acidobacteria)的相对丰度均有所降低,可能是其属于贫营养型微生物更适合生活在营养物质较为缺乏的环境中^[36],因此随着土壤中麦秆的腐解和氮

肥的作用,反而不利于酸杆菌门的生长. 放线菌门(Actinobacteria)在 SZ 处理下的相对丰度随时间有所增大,沼液的添加可能激发了土壤中可降解麦秆等有机物的微生物的生长,提升了土壤微生物的秸秆分解能力^[37]. 氮肥添加 21 d 后,厚壁菌门(Firmicutes)丰度明显增加,抑制了病原微生物群,

促进了土壤朝着有益微生物的方向发展,有防治植物病虫害的功能^[38].芽孢杆菌属(*Bacillus*)是厚壁菌门中的重要菌属^[38],它的快速增多使其成为茬口期的第一优势菌属,这与厚壁菌门所占比例在21 d内快速上升的结果一致.通过PICRUST基因预测热图,也反映出不同处理间的主要功能基因均为与代谢相关功能,说明代谢在茬口期起着极其重要的作用,土壤微生物通过代谢活动加快秸秆的腐解.

茬口期施氮后,相比于土壤细菌群落结构,真菌群落结构的改变更为剧烈.通常真菌会率先进入麦秆残体发挥作用,使其破碎化或腐殖质化^[39],这与前人的研究结果一致^[15,40,41],并且SN和SZ两个处理的真菌群落组成有相似发展的趋势.真菌还可以与还田麦秆形成共生体,有效获取植物所需的养分^[42],如本研究中,添加沼液处理的外生菌根真菌占比较尿素处理更高(图7),说明沼液较尿素更容易被植物体所吸收.子囊菌门(Ascomycota)和接合菌门(Zygomycota)是本研究中真菌群落的优势菌门(图2),这与Bei等^[43]研究的结果一致.子囊菌门在各处理丰度组成中占比最高,这与茬口期真菌的重要功能类型为腐生营养型的结果一致^[44].被孢霉属(*Mortierella*)的比例在21 d内升高,且成为仅次于unclassified_f_Chaetomiaceae属的优势菌属,这可能与*Mortierella*是一种与土壤肥力密切相关的腐生真菌有关^[45],它能够产生多种生物活性物质,具有改善土壤健康状况、有效促进植株的生长的作用,是土壤中常见的有益微生物,并且可能具有生防功能^[46].另外,茬口期配施尿素和沼液会降低镰刀菌属的丰度,且配施沼液降低的更为明显,而镰刀菌属(*Fusarium*)常被认为是禾本科作物的潜在致病菌^[47],这表明施沼液有降低土壤部分致病风险的可能.另外,FUNGuild功能预测反映出茬口期施氮21 d后的土壤中真菌以腐生营养型为主要功能营养型,这是由于土壤处于淹水状态,枯落物的有机质分解缓慢,为了完成有机质的分解,从而刺激了腐生真菌的大量生长^[31].但是,FUNGuild是基于已有文献对真菌功能进行判别分析,划分类别不够全面和完善,还存在较多未知的功能注释,因此仍需进一步研究^[42].

麦稻茬口期配施尿素和沼液并未造成门水平上微生物多样性以及细菌和真菌群落的显著差别,这表明在短时间内微生物群落对不同施肥方式有一定的缓冲性,这为茬口期施用沼液有机肥替代尿素化肥提供了可能性,可能达到在减少化肥施用量的同时,保持土壤的基本稳定的目的.

4 结论

(1)茬口期土壤淹水降低了土壤微生物多样性,施用沼液相较于施用尿素会降低土壤细菌丰富度,但能提高优势物种多样性.

(2)淹水初期,施用尿素处理的厚壁菌门、绿弯菌门和放线菌门与其它处理表现出较大差异,受淹水时间和施氮方式影响较大的细菌种属为芽孢杆菌属;真菌种群结构受施氮方式影响较大,施用沼液后被孢霉属(*Mortierella*)和镰刀菌属(*Fusarium*)的相对丰度较高,而施用尿素后篮状菌属(*Talaromyces*)和隐球菌属(*Cryptococcus*)的相对丰度较高.淹水21 d后,施用沼液和尿素处理的土壤微生物种群结构趋于相似.

(3)茬口期主要土壤细菌类群代谢功能表现相似.21 d时施用沼液和尿素处理的腐生营养型功能相似,但病理营养型功能开始出现差异,表明茬口期施沼液在一定程度上可以替代化肥平衡土壤养分和维持土壤生态功能,但仍可能存在真菌致病风险.

参考文献:

- [1] Tang Y F, Wen G L, Li P P, et al. Effects of biogas slurry application on crop production and soil properties in a rice-wheat rotation on coastal reclaimed farmland[J]. Water, Air, & Soil Pollution, 2019, **230**(3), doi: 10.1007/s11270-019-4102-4.
- [2] Niyungeko C, Liang X Q, Liu C L, et al. Effect of biogas slurry application on soil nutrients, phosphomonoesterase activities, and phosphorus species distribution[J]. Journal of Soils and Sediments, 2020, **20**(2): 900-910.
- [3] Tang Y F, Wang L Y, Carswell A, et al. Fate and transfer of heavy metals following repeated biogas slurry application in a rice-wheat crop rotation[J]. Journal of Environmental Management, 2020, **270**, doi: 10.1016/j.jenvman.2020.110938.
- [4] Liu C, Chen Y X, Li X H, et al. Temporal effects of repeated application of biogas slurry on soil antibiotic resistance genes and their potential bacterial hosts[J]. Environmental Pollution, 2020, **258**, doi: 10.1016/j.envpol.2019.113652.
- [5] 王伟,周珺楠,汤逸帆,等.沼液秸秆联用对滨海围垦田土壤重金属迁移及形态变化的影响[J].环境科学,2021,**42**(4): 1979-1988.
Wang W, Zhou J N, Tang Y F, et al. Effects of combined application of biogas slurry and straw on the migration and fractions of soil heavy metals in rice-wheat rotation system in coastal reclamation areas[J]. Environmental Science, 2021, **42**(4): 1979-1988.
- [6] Chang Y J, Zhao H J, Sun L H, et al. Resource utilization of biogas waste as fertilizer in China needs more inspections due to the risk of heavy metals[J]. Agriculture, 2022, **12**(1), doi: 10.3390/agriculture12010072.
- [7] Schlöter M, Nannipieri P, Sørensen S J, et al. Microbial indicators for soil quality[J]. Biology and Fertility of Soils, 2018, **54**(1): 1-10.
- [8] Fierer N, Wood S A, de Mesquita C P B. How microbes can, and cannot, be used to assess soil health[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2021, **153**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.

- 108111.
- [9] Astudillo-García C, Hermans S M, Stevenson B, *et al.* Microbial assemblages and bioindicators as proxies for ecosystem health status: potential and limitations [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2019, **103**(16): 6407-6421.
- [10] Hermans S M, Buckley H L, Case B S, *et al.* Using soil bacterial communities to predict physico-chemical variables and soil quality [J]. *Microbiome*, 2020, **8**(1), doi: 10.1186/s40168-020-00858-1.
- [11] Li N H, Chang R X, Chen S, *et al.* The role of the biogas slurry microbial communities in suppressing fusarium wilt of cucumber [J]. *Waste Management*, 2022, **151**: 142-153.
- [12] Wang Q Q, Huang Q, Wang J X, *et al.* Ecological circular agriculture: A case study evaluating biogas slurry applied to rice in two soils [J]. *Chemosphere*, 2022, **301**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2022.134628.
- [13] Tang Y F, Luo L M, Carswell A, *et al.* Changes in soil organic carbon status and microbial community structure following biogas slurry application in a wheat-rice rotation [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **757**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.143786.
- [14] Zhang H L, Li S X, Zheng X Q, *et al.* Effects of biogas slurry combined with chemical fertilizer on soil bacterial and fungal community composition in a paddy field [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, **12**, doi: 10.3389/fmicb.2021.655515.
- [15] Yu X Y, Zhu Y J, Jin L, *et al.* Contrasting responses of fungal and bacterial communities to biogas slurry addition in rhizospheric soil of poplar plantations [J]. *Applied Soil Ecology*, 2022, **175**, doi: 10.1016/j.apsoil.2022.104427.
- [16] Xu Z M, Wang Z, Gao Q, *et al.* Influence of irrigation with microalgae-treated biogas slurry on agronomic trait, nutritional quality, oxidation resistance, and nitrate and heavy metal residues in Chinese cabbage [J]. *Journal of Environmental Management*, 2019, **244**: 453-461.
- [17] 李媛媛, 徐婷婷, 艾喆, 等. 不同海拔鬼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 [J]. *环境科学*, 2023, **44**(4): 2304-2314.
- Li Y Y, Xu T T, Ai Z, *et al.* Diversity and predictive functional of *Caragana jubata* bacterial community in rhizosphere and non-rhizosphere soil at different elevations [J]. *Environmental Science*, 2023, **44**(4): 2304-2314.
- [18] 王晓菲, 罗珠珠, 张仁陟, 等. 黄土高原苜蓿-粮食作物轮作下土壤细菌群落特征和生态功能预测 [J]. *应用生态学报*, 2022, **33**(4): 1109-1117.
- Wang X F, Luo Z Z, Zhang R Z, *et al.* Soil bacterial community characteristics and ecological function prediction of alfalfa and crop rotation systems in the Loess Plateau, Northwest China [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2022, **33**(4): 1109-1117.
- [19] 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.
- [20] 郭晓雯, 陈静, 鲁晓宇, 等. 生物炭和秸秆还田对微咸水滴灌棉田土壤真菌群落结构多样性的影响 [J]. *环境科学*, 2022, **43**(9): 4625-4635.
- Guo X W, Chen J, Lu X Y, *et al.* Effects of biochar and straw returning on soil fungal community structure diversity in cotton field with long-term brackish water irrigation [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(9): 4625-4635.
- [21] 庞发虎, 李晓琦, 段莉阳, 等. 基于高通量测序和代谢组学解析重金属污染对农田微生物群落组成和功能的影响 [J]. *环境科学*, 2022, **43**(8): 4333-4341.
- Pang F H, Li X Q, Duan L Y, *et al.* High-throughput sequencing combined with metabonomics to analyze the effect of heavy metal contamination on farmland soil microbial community and function [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(8): 4333-4341.
- [22] 靳玉婷, 李先藩, 蔡影, 等. 秸秆还田配施化肥对稻-油轮作土壤酶活性及微生物群落结构的影响 [J]. *环境科学*, 2021, **42**(8): 3985-3996.
- Jin Y T, Li X F, Cai Y, *et al.* Effects of straw returning with chemical fertilizer on soil enzyme activities and microbial community structure in rice-rape rotation [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(8): 3985-3996.
- [23] 王美琦, 刘银双, 黄亚丽, 等. 秸秆还田对土壤微生态环境影响的研究进展 [J]. *微生物学通报*, 2022, **49**(2): 807-816.
- Wang M Q, Liu Y S, Huang Y L, *et al.* Research progress on effects of straw incorporation on soil micro-ecological environment [J]. *Microbiology China*, 2022, **49**(2): 807-816.
- [24] 郑浣彤, 邵玺文, 耿艳秋, 等. 秸秆还田与氮肥运筹对水稻产量及氮素利用的影响 [J]. *灌溉排水学报*, 2019, **38**(12): 29-36.
- Zheng H T, Shao X W, Geng Y Q, *et al.* Effects of straw returning and nitrogen fertilizer application on rice yield and nitrogen utilization [J]. *Journal of Irrigation and Drainage*, 2019, **38**(12): 29-36.
- [25] 于建光, 贺笑, 王宁, 等. 水肥管理减缓麦秸还田对水稻生长负面效应研究 [J]. *土壤通报*, 2016, **47**(5): 1218-1222.
- Yu J G, He X, Wang N, *et al.* Study of mitigating the negative effect of returning wheat straw on the rice growth with fertilizer and water management in field [J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2016, **47**(5): 1218-1222.
- [26] 杜康, 谢源泉, 林赵森, 等. 秸秆还田条件下氮肥对水稻幼苗生长及养分吸收的影响 [J]. *南京农业大学学报*, 2016, **39**(1): 18-25.
- Du K, Xie Y Q, Lin Z M, *et al.* Effect of nitrogen on rice seedling growth and nutrient uptake under wheat straw returning [J]. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 2016, **39**(1): 18-25.
- [27] 周阳, 黄旭, 赵海燕, 等. 麦秸秆和沼液配施对水稻苗期生长和土壤微生物的调控 [J]. *土壤学报*, 2020, **57**(2): 479-489.
- Zhou Y, Huang X, Zhao H Y, *et al.* Regulation of wheat straw and biogas slurry application on rice seedling growth and soil microorganism [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2020, **57**(2): 479-489.
- [28] 王青霞, 李美霖, 陈喜靖, 等. 麦稻茬口期内施氮对土壤养分及微生物碳源利用的影响 [J]. *生态环境学报*, 2020, **29**(6): 1130-1138.
- Wang Q X, Li M L, Chen X J, *et al.* Effects of nitrogen application on soil nutrients and microbial carbon source utilization during wheat-rice stubble period [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2020, **29**(6): 1130-1138.
- [29] Langille M G I, Zaneveld J, Caporaso J G, *et al.* Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences [J]. *Nature Biotechnology*, 2013, **31**(9): 814-821.
- [30] Jiang S, Xing Y J, Liu G C, *et al.* Changes in soil bacterial and

- fungal community composition and functional groups during the succession of boreal forests[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, **161**(3), doi: 10.1016/j.soilbio.2021.108393.
- [31] Lin Y X, Ye G P, Kuzyakov Y, *et al.* Long-term manure application increases soil organic matter and aggregation, and alters microbial community structure and keystone taxa[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **134**: 187-196.
- [32] 吴宪, 王蕊, 胡荷, 等. 潮土细菌及真菌群落对化肥减量配施有机肥和秸秆的响应[J]. *环境科学*, 2020, **41**(10): 4669-4681.
- Wu X, Wang R, Hu H, *et al.* Response of bacterial and fungal communities to chemical fertilizer reduction combined with organic fertilizer and straw in fluvo-aquic soil[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(10): 4669-4681.
- [33] Guo J J, Liu W B, Zhu C, *et al.* Bacterial rather than fungal community composition is associated with microbial activities and nutrient-use efficiencies in a paddy soil with short-term organic amendments[J]. *Plant and Soil*, 2018, **424**(1-2): 335-349.
- [34] Huang F Y, Liu Z H, Mou H Y, *et al.* Impact of farmland mulching practices on the soil bacterial community structure in the semiarid area of the loess plateau in China[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2019, **92**: 8-15.
- [35] Wang M, Li S S, Chen S B, *et al.* Manipulation of the rhizosphere bacterial community by biofertilizers is associated with mitigation of cadmium phytotoxicity[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **649**: 413-421.
- [36] Ho A, Di Lonardo D P, Bodelier P L E. Revisiting life strategy concepts in environmental microbial ecology[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2017, **93**(3), doi: 10.1093/femsec/fix006.
- [37] Bao Y Y, Dolfing J, Guo Z Y, *et al.* Important ecophysiological roles of non-dominant *Actinobacteria* in plant residue decomposition, especially in less fertile soils[J]. *Microbiome*, 2021, **9**(1), doi: 10.1186/s40168-021-01032-x.
- [38] Song W F, Shu A P, Liu J A, *et al.* Effects of long-term fertilization with different substitution ratios of organic fertilizer on paddy soil[J]. *Pedosphere*, 2022, **32**(4): 637-648.
- [39] Gao C, Shi N N, Chen L, *et al.* Relationships between soil fungal and woody plant assemblages differ between ridge and valley habitats in a subtropical mountain forest[J]. *New Phytologist*, 2017, **213**(4): 1874-1885.
- [40] Li P, Li Y C, Zheng X Q, *et al.* Rice straw decomposition affects diversity and dynamics of soil fungal community, but not bacteria[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2018, **18**(1): 248-258.
- [41] Yang H S, Li Y F, Zhai S L, *et al.* Long term ditch-buried straw return affects soil fungal community structure and carbon-degrading enzymatic activities in a rice-wheat rotation system[J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, **155**, doi: 10.1016/j.apsoil.2020.103660.
- [42] 陈祖静, 高尚坤, 陈园, 等. 短期施肥对桉树人工林土壤真菌群落结构及功能类群的影响[J]. *生态学报*, 2020, **40**(11): 3813-3821.
- Chen Z J, Gao S K, Chen Y, *et al.* Effects of short-term fertilization on soil fungal community structure and functional group in *Eucalyptus* artificial forest[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, **40**(11): 3813-3821.
- [43] Bei S K, Zhang Y L, Li T T, *et al.* Response of the soil microbial community to different fertilizer inputs in a wheat-maize rotation on a calcareous soil[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2018, **260**: 58-69.
- [44] Ma A Z, Zhuang X L, Wu J M, *et al.* Ascomycota members dominate fungal communities during straw residue decomposition in arable soil[J]. *PLoS One*, 2013, **8**(6), doi: 10.1371/journal.pone.0066146.
- [45] Li F, Chen L, Redmile-Gordon M, *et al.* *Mortierella Elongata*'s roles in organic agriculture and crop growth promotion in a mineral soil[J]. *Land Degradation & Development*, 2018, **29**(6): 1642-1651.
- [46] Johnson J M, Ludwig A, Furch A C U, *et al.* The beneficial root-colonizing fungus *Mortierella hyalina* promotes the aerial growth of *Arabidopsis* and activates calcium-dependent responses that restrict *Alternaria brassicae*-induced disease development in roots[J]. *Molecular Plant-microbe Interactions*, 2019, **32**(3): 351-363.
- [47] Yao Q, Liu J J, Yu Z H, *et al.* Three years of biochar amendment alters soil physiochemical properties and fungal community composition in a black soil of northeast China[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, **110**: 56-67.

CONTENTS

Assessing the Environmental and Health Co-benefits of Accelerated Energy Transition and Industrial Restructuring: A Case Study of the BTHS Region	YANG Xi, SUN Yi-sheng, CHANG Shi-yan, <i>et al.</i> (3627)
Synergistic Paths of Reduced Pollution and Carbon Emissions Based on Different Power Demands in China	XIANG Meng-yu, WANG Shen, LÜ Lian-hong, <i>et al.</i> (3637)
Evaluation Method and Application for Urban Carbon Peaking & Neutrality Performance	ZHANG Bao-liu, BAI Zi-han, ZHANG Nan, <i>et al.</i> (3649)
Revealing Driving Factors of Urban O ₃ Based on Explainable Machine Learning	DONG Jia-qi, HU Dong-mei, YAN Yu-long, <i>et al.</i> (3660)
Sensitivity Analysis of Ozone Formation Using Response Surface Methodology	ZHU Yu-huan, CHEN Bing, ZHANG Ya-ru, <i>et al.</i> (3669)
Analysis of O ₃ Sources in Yulin City in Summer Based on WRF-CMAQ/ISAM Model	WANG Yi-fan, TONG Ji-long, CHEN Yu-xiang, <i>et al.</i> (3676)
Atmospheric Ozone Concentration Prediction in Nanjing Based on LightGBM	ZHU Jia-ying, AN Jun-lin, FENG Yue-zheng, <i>et al.</i> (3685)
Meteorological Formation Mechanisms and Potential Sources of an Ozone Pollution Process in Winter of 2022 in Guangdong Province	LI Ting-yuan, CHEN Jing-yang, GONG Yu, <i>et al.</i> (3695)
Impact of Summer Tropospheric Ozone Radiative Forcing on Meteorology and Air Quality in North China	DU Nan, CHEN Lei, LIAO Hong, <i>et al.</i> (3705)
Identification of Impacts from Meteorology and Local and Transported Photochemical Generation on Ozone Trends in Changsha from 2018 to 2020	YANG Jun, YANG Lei-feng, DING Hua, <i>et al.</i> (3715)
Spatio-temporal Variation and Multi-dimensional Detection of Driving Mechanism of PM _{2.5} Concentration in the Chengdu-Chongqing Urban Agglomeration from 2000 to 2021	XU Yong, GUO Zhen-dong, ZHENG Zhi-wei, <i>et al.</i> (3724)
Estimation of PM _{2.5} Hourly Concentration in Sichuan Province Based on GTWR-XGBoost Model	WU Di, DU Ning, WANG Li, <i>et al.</i> (3738)
Transmission and Growth Characteristics of Severe PM _{2.5} Pollution Events from 2013 to 2021 in Xingtai, Hebei	JIANG Qi, SHENG Li, JIN Yu-chen, <i>et al.</i> (3749)
Chemical Characteristics and Source Apportionment of Organic Aerosols in Urban Shanghai During Cold Season Based on High Time-resolution Measurements of Organic Molecular Markers	ZHU Shu-hui (3760)
Emission Factors of Carbonaceous Aerosol and Stable Carbon Isotope for In-use Vehicles	YU Ming-yuan, WANG Qian, FU Ming-liang, <i>et al.</i> (3771)
Composition Characteristics of Volatile Organic Compounds and Associated Contributions to Secondary Pollution in Shenyang Industrial Area in Summer	GUAN Lu, SU Cong-cong, KU Ying-ying, <i>et al.</i> (3779)
Characteristics of VOCs and Assessment of Emission Reduction Effect During the Epidemic Lockdown Period in Shenzhen Urban Area	YUN Long, LIN Chu-xiong, LI Cheng-liu, <i>et al.</i> (3788)
Characteristics of Organic Matter Composition and Oxidation Potential in Road Dust in Winter in Xi'an	WANG Qing-wen, CHEN Qing-cai, WANG Chao, <i>et al.</i> (3797)
Contamination Characteristics and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Compounds in Surface Dust of Suntuan Mining Area in Huaibei	XU Zhen-peng, QIAN Ya-hui, HONG Xiu-ping, <i>et al.</i> (3809)
Spatial-temporal Variation in Water Quality and Its Response to Precipitation and Land Use in Baiyangdian Lake in the Early Stage of the Construction of Xiong'an New Area	WANG Zi-ming, YANG Li-hu, SONG Xian-fang (3820)
Simulation of Pollution Apportionment and Optimization of Control Methods in Watershed Scale: A Case Study of the Shun'an Watershed in Tongling City	LIU Guo-wangchen, CHEN Lei, LI Jia-qi, <i>et al.</i> (3835)
Evaluation of Shallow Groundwater Quality and Optimization of Monitoring Indicators in Nanchang	ZHENG Zi-yin, CHU Xiao-dong, XU Jin-ying, <i>et al.</i> (3846)
Hydrogen and Oxygen Isotopic Characteristics and Influencing Factors of "Three Waters" in Shandian River Basin	YANG Li-na, JIA De-bin, GAO Rui-zhong, <i>et al.</i> (3855)
Distribution Characteristics and Influencing Factors of Abundant and Rare Planktonic Microeukaryotes in Jinsha River	YAN Bing-cheng, CUI Ge, SUN Sheng-hao, <i>et al.</i> (3864)
Bacterial Community Diversity in Channel Sediments of Different Disturbance Sections of the Jialing River	ZHU Lan-ping, ZHANG Tuo, LI Jia-ning, <i>et al.</i> (3872)
Effects of Reservoir Water Depth on Different Plankton Communities and Keystone Species of Network Interaction	WANG Xun, LIAO Qin, WANG Pei-fang, <i>et al.</i> (3881)
Correlation Between the Diversity Characteristics of Groundwater Bacterial Community and Environmental Factors in Typical Industrial Areas	WU Jian-qiang, ZHANG Shu-yuan, WANG Min, <i>et al.</i> (3892)
Effects of Fertilizer Application Strategy Adjustments on Nitrogen and Phosphorus Loss from Typical Crop Systems in Taihu Lake Region	YU Ying-liang, WANG Yi-zhi, YANG Bei, <i>et al.</i> (3902)
Estimation of Cropland Nitrogen Runoff Loss Loads in the Yangtze River Basin Based on the Machine Learning Approaches	ZHANG Yu-fu, PAN Zhe-qi, CHEN Ding-jiang (3913)
Classification and Identification of Non-point Source Nitrogen Pollution in Surface Flow of the Shangwu River Watershed in the Qiandao Lake Region	YU Ke, YAN Yan, TANG Zhang-xuan, <i>et al.</i> (3923)
Spatial Distribution of Nitrogen and Phosphorus Nutrients in the Main Stream and Typical Tributaries of Tuojiang River and Fujiang River	LI Zi-yang, ZHOU Ming-hua, XU Peng, <i>et al.</i> (3933)
Sediment Pollution and Dredging Effect of Waqinhui River	ZHANG Mu, REN Zeng-yi, ZHANG Man, <i>et al.</i> (3945)
Critical Review on Environmental Occurrence and Photochemical Behavior of Substituted Polycyclic Aromatic Hydrocarbons	GE Lin-ke, WANG Zi-yu, CAO Sheng-kai, <i>et al.</i> (3957)
Cadmium and Arsenic Interactions During Co-adsorption onto Goethite	SU Zi-xian, LIU Sai-hong, GUAN Yu-feng, <i>et al.</i> (3970)
Preparation of Catalyst Cyclodextrin-Fe-TAML to Activate H ₂ O ₂ and Oxidize Organic Micropollutants in Water	LIU Qing-quan, CAI Ben-zhe, CAI Xi-yun (3978)
Performance and Reaction Mechanism of Co(II) Mediated Activation of Peroxymonosulfate for Degrading Nitrilotris (Methylene Phosphonic Acid)	ZHU Jing-lin, WANG Shu (3990)
Change in Granulation Potential and Microbial Enrichment Characteristics of Sludge Induced by Microplastics	XIE Qing-fan, YU Nan, ZHANG Ni, <i>et al.</i> (3997)
Accumulation Characteristics and Probabilistic Risk Assessment of Cd in Agricultural Soils Across China	WANG Jing, WEI Heng, PAN Bo (4006)
Source Analysis and Pollution Assessment of Soil Heavy Metals in Typical Geological High Background Area in Southeastern Chongqing	JIANG Yu-lian, YU Jing, WANG Rui, <i>et al.</i> (4017)
Integrated Analysis on Source-exposure Risk of Heavy Metals in Farmland Soil Based on PMF Model: A Case Study in the E-waste Dismantling Area in Zhejiang Province	FANG Jia, HE Ying, HUANG Nai-tao, <i>et al.</i> (4027)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Farmland Soil and Crops in the Suburbs of Urumqi	FAN Yue, CAO Shuang-yu, Nuerla Ailijiang, <i>et al.</i> (4039)
Distribution and Driving Mechanisms of Antibiotic Resistance Genes in Desert-Oasis Continuum	HUANG Fu-yi, ZHOU Shu-yidan, SU Jian-qiang, <i>et al.</i> (4052)
Characteristics of Antibiotic Contamination of Soil in China in Past Fifteen Years and the Bioremediation Technology: A Review	ZHAO Xiao-dong, QIAO Qing-qing, QIN Xiao-rui, <i>et al.</i> (4059)
Modified Biochar for Remediation of Soil Contaminated with Arsenic and Cadmium: A Review	LÜ Peng, LI Lian-fang, HUANG Xiao-ya (4077)
Effect of Biogas Slurry Return to Field on Heavy Metal Accumulation in Soil-crop System: A Meta-analysis	ZHAO Qi-zhi, YANG Zhi-min, KONG Fan-jing, <i>et al.</i> (4091)
Remediation Effect of Two Iron-modified Biochars on Slightly Alkaline Arsenic and Cadmium Contaminated Soil	LIANG Xin-ran, HE Dan, ZHENG Zhao-hua, <i>et al.</i> (4100)
Effects of Straw Removal Measure on Soil Cd Bioavailability and Rice Cd Accumulation	WANG Zi-yu, ZHOU Hang, ZHOU Kun-hua, <i>et al.</i> (4109)
Application of Desulphurized Gypsum with Straw to Improve Physicochemical Properties of Saline-alkali Land in Yellow River Delta	ZHAO Hui-li, YU Jin-yi, LIU Tao, <i>et al.</i> (4119)
Biological Evaluation and Key Stress Factor Diagnosis of Compound Contaminated Soil Based on Environmental DNA	HUANG Xiang-yun, ZHONG Wen-jun, LIU Xun-jie, <i>et al.</i> (4130)
Comprehensive Quality Assessment of Soil-Maize Heavy Metals in High Geological Background Area	ZHANG Chuan-hua, WANG Zhong-shu, LIU Li, <i>et al.</i> (4142)
Ecological Risk and Health Risk of Heavy Metal Pollution in Vegetable Production System of Zhejiang Province	ZHANG Shu-min, LIU Cui-ling, YANG Gui-ling, <i>et al.</i> (4151)
Effect of Biochar with Phosphorus Fertilizer on Soil Nutrients, Enzyme Activity, and Nutrient Uptake of <i>Alfalfa</i>	LIU Xin-yu, WANG Dong-mei, ZHANG Ze-zhou, <i>et al.</i> (4162)
Effects of Low-density Polyethylene Microplastics on the Growth and Physiology Characteristics of <i>Ipomoea aquatica</i> Forsk	ZHOU Ying, JIANG Wen-ting, LIU Xun-jie, <i>et al.</i> (4170)
Effects of Biogas Slurry Application on Soil Microbial Communities Structure and Function During Wheat-rice Stubble Period	QIAO Yu-ying, XI Hui, LI Na, <i>et al.</i> (4179)
Analysis of Soil Bacterial Community Structure and Ecological Function Characteristics in Different Pollution Levels of Lead-zinc Tailings in Datong	LIU Ze-xun, ZHUANG Jia-yao, LIU Chao, <i>et al.</i> (4191)
Effect of Fire-deposited Charcoal on Soil Organic Carbon Pools and Associated Enzyme Activities in a Recently Harvested <i>Pinus massoniana</i> Plantation Subjected to Broadcast Burning	YAO Zhi, JIAO Peng-yu, WU Xiao-sheng, <i>et al.</i> (4201)