

目次

2013~2020年天津市PM _{2.5} -O ₃ 污染变化趋势和影响因素分析	肖致美, 李亚菲, 高璟赞, 李鹏, 蔡子颖, 郑乃源, 张裕芬, 戴运峰 (4211)
2015~2020年济南市O ₃ 污染趋势及敏感性变化分析	孙晓艳, 孙军, 郭萌萌, 刘杨, 王宝琳, 范国兰, 许宏宇, 姜腾龙 (4220)
南京市南部地区O ₃ 污染特征、生成敏感性及传输影响分析	郑新梅, 胡崑, 王鸣, 谢放尖, 王艳 (4231)
天津市“十三五”期间O ₃ 污染特征和驱动因子	李源, 肖致美, 毕晓辉, 蔡子颖, 徐虹, 高璟赞, 郑乃源, 杨宁 (4241)
基于随机森林的南京市PM _{2.5} 和O ₃ 对减排的响应	尚永杰, 茅宇豪, 廖宏, 胡建林, 邹泽庸 (4250)
基于四维通量法的佛山臭氧污染输送量化	吴莉萍, 莫海华, 杨丽婷, 蔡梓炯, 吴国彤, 白玉洁, 邓思欣, 司徒淑婷, 常鸣, 王雪梅 (4262)
污染地块VOCs源衰减对室内蒸气入侵风险的影响	钟茂生, 汪洋, 姜林, 张丽娜, 马琳, 张瑞环, 赵莹, 李吉鸿 (4271)
2017~2020年长江流域水体污染物通量时空变化特征分析	郭朝臣, 雷坤, 李晓光, 周波, 吕旭波 (4279)
滹沱河流域山区地表水-地下水水化学空间变化特征、影响因素及其来源	孔晓乐, 常玉儒, 刘夏, 赵小宁, 沈彦军 (4292)
重庆东南部岩溶水金属元素空间分布、源解析及健康风险评价	谢浩, 邹胜章, 李军, 申豪勇, 林永生, 周长松, 王丹尼, 王志恒 (4304)
衡水市桃城区浅层地下水咸化成因	何锦, 张怀胜, 蔡五田, 王雨山 (4314)
吐鲁番南盆地平原区地下水污染风险评价	白凡, 周金龙, 周殷竹, 韩双宝, 孙英 (4325)
金属硫化物矿山水系统中微生物群落组成及多样性	丁聪聪, 朱旭炎, 赵兴青, 陆金, 周宇诚, 张欣怡, 王霄鹏 (4334)
白洋淀上覆水及沉积物中微塑料赋存特征	程昕煜, 杨丽虎, 宋献方 (4344)
基于溶解性有机物分子指纹特征解析城市河道污染来源与机制	朱奔, 叶建峰, 孙晓楠, 胡曙煜, 陈勋, 唐建飞, 陈浩 (4353)
甾体激素在污水处理厂的赋存特征和行为归趋	刘媛媛, 冯慧, 张云, 叶亮, 钟琴, 邹华 (4364)
博鳌近岸海域表层沉积物中持久性有机污染物的分布、来源与生态风险评价	郝润波, 符国伟, 宋艳伟, 傅开哲, 袁坤 (4374)
太原市耕地土壤PAHs的含量、分布、源解析与风险评价	吴张伟, 段永红, 刘立文, 徐立帅, 陈香玲, 姚旭红 (4387)
雄安新区土壤氟地球化学特征及健康风险评价	郭志娟, 刘飞, 周亚龙, 王乔林, 王成文 (4397)
基于APCS-MLR和PMF模型解析黄河下游文化公园土壤重金属污染特征及来源分析	段海静, 马嘉玉, 彭超月, 刘德新, 王玉龙, 李旭辉, 马建华 (4406)
锰矿区周边农田土壤重金属污染特征、来源解析及风险评价	余高, 陈芬, 张晓东, 孙约兵 (4416)
老工业城市土壤-作物系统重金属的迁移累积及风险协同评价	王莹, 董爱俊, 杨建峰, 马彦斌, 王泽晶, 杨凡燕 (4429)
畜禽粪肥还田四环素类抗生素(TCs)在土壤-蔬菜系统的分布特征及风险评估	丁丹, 黄晓依, 顾静仪, 陈澄宇, 龙新亮, 曾巧云 (4440)
地质高背景区外源污染叠加条件下大白菜对Cd、Pb、Zn累积途径探究	简槐良, 刘鸿雁, 梅雪, 毛诗佳, 刘芳, 张秋野, 敬鹏 (4448)
微塑料与铅复合污染对玉米种子萌发与生长的影响	马贵, 廖彩云, 周悦, 丁家富, 周炎炎, 王展, 马燕 (4458)
施加Fe ₃ O ₄ /桑树杆生物炭对土壤团形态和水稻砷含量的影响	阮麟乔, 梁美娜, 丁艳梅, 曹海燕, 刘崇敏, 成官文, 朱义年, 王敦球 (4468)
生物炭与氮肥配施对镉污染水稻土修复效应及机制	张丽, 李如霞, 何玉奎, 姚彦坡, 林大松 (4479)
不同氮肥配施生物炭对镉污染土壤青菜镉吸收的影响	李平, 聂浩, 郎漫, 朱燕菊, 姜海波, 李楠 (4489)
椰纤维生物炭及其硝酸改性对稻田土壤中Pb钝化的影响	侯正伟, 李建宏, 李财生, 张婧旻, 林清火, 赵庆杰, 吴治澎, 王禹 (4497)
生物炭施用对微塑料污染石灰性土壤理化性质和细菌群落的影响	冉泰山, 龙健, 廖洪凯, 李娟, 杨国梅, 赵雨鑫 (4507)
改性生物炭负载零价铁对土壤中三氯乙烯的去除及微生物响应	陆海楠, 理鹏, 郭琳, 徐佳成, 杨洁, 黄沈发, 柯天英 (4519)
改性酒糟生物炭对紫色土养分及酶活性的影响	由乐林, 谢永红, 王子芳, 杨文娜, 高明 (4530)
化肥减量配施生物炭和秸秆增加了坡耕地土壤中流磷流失风险	赖佳鑫, 邓华, 朱浩宇, 黄容, 龙翼, 王子芳, 高明 (4541)
污泥和鸡粪生物炭制备及其老化过程中的碳损失	张滢, 张长浩, 张秀芳, 段文焱, 陈芳媛 (4554)
化肥和有机肥配施生物炭对根际土壤反硝化势和反硝化细菌群落的影响	谢军, 王子芳, 王莹, 熊子怡, 高明 (4565)
黄河下游谷子花生间作农田土壤细菌群落结构与功能预测	刘柱, 南镇武, 林松明, 孟维伟, 于海秋, 谢立勇, 张正, 万书波 (4575)
微咸水灌溉下微生物菌肥对盐渍土壤理化性质和细菌群落的影响	刘月, 杨树青, 张万峰, 姜帅 (4585)
高效石油降解菌修复石油污染土壤与强化机制分析	姚贞先, 王丽萍, 李丹, 李亚平, 何士龙, 赵雅琴 (4599)
土地集约利用程度对华北潮土农田土壤微生物群落丰度和死生物物质积累的影响	李胜君, 盛美君, 李刚, 王蕊, 李洁, 张贵龙, 修伟明 (4611)
中国省域碳达峰路径与政策	苗安康, 袁越, 吴涵, 马欣, 邵辰宇 (4623)
基于碳减排成本的我国省域碳补偿机制	钟诗雨, 张晓敏, 吴佳, 邹娜, 封强, 傅泽强 (4637)
不同施肥措施下长江经济带地区农田土壤有机碳含量的变化分析	刘欣宇, 卢江, 孟璇, 刘锦, 宋鹏, 李季, 田光明 (4647)
中国西北地区多情景土地利用优化与碳储量评估	陈宁, 辛存林, 唐道斌, 张亮, 辛顺杰 (4655)
陕西渭北旱塬区生境质量及碳储量时空演变分析与模拟	古圳威, 刘京, 陈怡, 卢新冉, 王思轶 (4666)
气候变暖对四川盆地水稻土有机碳含量变化的影响	李艾雯, 宋靛颖, 冉敏, 李文丹, 张元媛, 李呈吉, 史文娇, 李启权 (4679)
降水变化下撂荒草地的化学计量失衡改变调节土壤呼吸	王佳懿, 王兴, 王源苗, 房景博, 夏开拉·阿克拜, 祖丽皮耶·居热艾提, 杨改河, 任成杰, 韩新辉 (4689)
水盐环境对黄河口淡水湿地土壤碳、氮、磷生态化学计量特征的影响	秦纪法, 张佳彭, 桑变, 杨云斐, 杨继松, 王志康, 栗云召, 周迪, 于君宝 (4698)
中国省域土壤重金属空间分布特征及分区分区管控对策	石航源, 王鹏, 郑家桐, 肖荣波, 邓一荣, 庄长伟 (4706)
壬基酚的环境生物地球化学研究进展及对新污染物管理的建议	洪亚军, 冯承莲, 徐大勇, 吴丰昌 (4717)
微塑料的形成机制及其环境分布特征研究进展	张龙飞, 刘玉环, 阮榕生, 赵蓝天, 王允圆, 张琦, 曹雷鹏, 崔宪, 巫小丹, 郑洪立 (4728)
生物炭添加对土壤温室气体排放影响的长短期效应研究进展	周咏春, 吴柳林, 李丹阳, 郭思伯, 陈志敏, 李正龙, 赵研 (4742)
铁基双金属催化剂活化过硫酸盐去除水中抗生素研究进展	魏健, 张新怡, 郭壮, 宋永会 (4751)
畜禽粪便污染的环境风险与资源化治理技术进展	安婧, 丁子明, 高程程, 胡芳雨, 魏树和 (4764)
《环境科学》征订启事(4230)	《环境科学》征稿简则(4303)
信息(4506, 4678, 4741)	

黄河下游谷子花生间作农田土壤细菌群落结构与功能预测

刘柱^{1,2}, 南镇武², 林松明^{2,3}, 孟维伟², 于海秋¹, 谢立勇^{1*}, 张正^{2*}, 万书波²

(1. 沈阳农业大学农学院, 沈阳 110866; 2. 山东省农业科学院, 济南 250100; 3. 齐鲁师范学院生命科学院, 济南 250200)

摘要: 通过明确谷子花生 4:4 间作对黄河下游农田土壤细菌群落结构及其多样性的影响, 探索农田土壤肥力对谷子花生间作模式响应的微生态变化特性, 为促进黄河下游农田生态修复和耕地质量提升提供参考依据. 采用 Illumina MiSeq 高通量测序技术与 QIIME 2 平台, 分析单作谷子 (SM)、单作花生 (SP)、间作谷子 (IM)、间作花生 (IP) 和谷子花生间作 (MP) 这 5 种土壤的细菌群落组成差异及其影响因素, 并预测其生态功能. 结果表明, 间作土壤细菌群落 α 多样性与单作存在差异, 但不显著, β 多样性则具有显著差异 ($P < 0.05$); 所有土壤样品共获得 7081 ASV, 划分为 34 门、109 纲、256 目、396 科、710 属和 1409 种, 其中共有的 ASV 为 727 个, 在 5 种土壤中占 24.5%~27.8%; 谷子花生间作及其单作土壤细菌群落的菌门组成相似, 但相对丰度各异; 5 种土壤均以放线菌门、变形菌门、酸杆菌门和绿弯菌门为主, 相对丰度可达 79.40%~81.33%; 土壤有机碳和碱解氮分别是引起 5 种土壤细菌群落结构门、属水平产生差异的最主要因子; 通过 PICRUSt 功能预测发现, 初级功能新陈代谢的相对丰度最大 (78.9%~79.3%), 次级功能外源生物降解与代谢的相对丰度波动最大 ($CV = 3.782\%$); 在 BugBase 表型方面, 间作谷子或花生土壤较相应单作的氧化胁迫耐受细菌相对丰度增加, 且间作谷子土壤较单作谷子显著增加 ($P < 0.05$); 氧化胁迫耐受、革兰氏阳性及需氧三类表型细菌间两两显著正相关 ($P < 0.01$), 且三者均与潜在致病性、革兰氏阴性及厌氧呈极显著负相关 ($P < 0.01$). 由此可见, 谷子花生间作改变了土壤细菌群落多样性、丰富度和代谢功能, 存在降低潜在土壤病害发生的可能性, 可用于调控土壤微生态环境, 以推动黄河下游农田生态修复和农业可持续发展.

关键词: 黄河下游; 间作; 土壤细菌; 群落结构; BugBase 表型

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)08-4575-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202210089

Soil Bacterial Community Structure and Function Prediction of Millet/Peanut Intercropping Farmland in the Lower Yellow River

LIU Zhu^{1,2}, NAN Zhen-wu², LIN Song-ming^{2,3}, MENG Wei-wei², YU Hai-qiu¹, XIE Li-yong^{1*}, ZHANG Zheng^{2*}, WAN Shu-bo²

(1. College of Agriculture, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110866, China; 2. Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100, China; 3. College of Life Sciences, Qilu Normal University, Jinan 250200, China)

Abstract: The objective of this study was to explore the microecological variability in farmland soil fertility in response to millet-peanut intercropping patterns by clarifying the effects of millet-peanut 4:4 intercropping on soil bacterial community structure and its diversity, as well as to provide a reference basis for promoting ecological restoration and arable land quality improvement in the lower Yellow River farmland. The Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology and QIIME 2 platform were used to analyze the differences in bacterial community composition and their influencing factors in five soils [sole millet (SM), sole peanut (SP), intercropping millet (IM), intercropping peanut (IP), and millet-peanut intercropping (MP)] and to predict their ecological functions. The results showed that the α -diversity of intercropping soil bacterial communities differed from that of monocropping, though not significantly, whereas the β -diversity was significantly different ($P < 0.05$). A total of 7081 ASVs were obtained from all soil samples, classified into 34 phyla, 109 orders, 256 class, 396 families, 710 genera, and 1 409 species, of which 727 ASVs were shared, accounting for 24.5% to 27.8% in five soil species. The bacterial communities of millet-peanut intercropping and its monocropping soils were similar in phylum composition but varied in relative abundance. All five soils were dominated by the Actinobacteria, Proteobacteria, Acidobacteria, and Chloroflexi, with a relative abundance of 79.40%-81.33%. Soil organic carbon and alkaline nitrogen were the most important factors causing differences in the structures of the five soil bacterial communities at the phylum and genus levels, respectively. The PICRUSt functional prediction revealed that the relative abundance of primary functional metabolism was the largest (78.9%-79.3%), and the relative abundance of secondary functional exogenous biodegradation and metabolism fluctuated the most ($CV = 3.782\%$). In terms of the BugBase phenotype, the relative abundance of oxidative stress-tolerant bacteria increased in intercropping millet or peanut soils compared to that in the corresponding monocultures and significantly increased in intercropping millet soils compared to that in sole millet ($P < 0.05$). Oxidative stress-tolerant, Gram-positive, and aerobic phenotypes were highly significantly positively correlated with each other ($P < 0.01$), and all three showed highly significant negative correlations with potential pathogenicity and Gram-negative and anaerobic phenotypes ($P < 0.01$). This showed that millet-peanut intercropping resulted in differences in soil bacterial community diversity, abundance, and metabolic functions and the possibility of reducing the occurrence of potential soil diseases. It can be used to regulate the soil microbiological environment to promote ecological restoration and sustainable development of farmland in the lower Yellow River.

Key words: lower Yellow River; intercropping; soil bacterial; community structure; BugBase phenotype

收稿日期: 2022-10-10; 修订日期: 2022-10-25

基金项目: 山东省重点研发计划项目 (2021CXGC010804); 国家重点研发计划项目 (2020YFD1000905); 山东省农业科学院重大科技成果培育工程项目 (CGPY202103)

作者简介: 刘柱 (1994 ~), 女, 博士研究生, 主要研究方向为作物栽培与耕作生态, E-mail: liuzhuzhuier@163.com

* 通信作者, E-mail: xly0910@163.com; kyczhang@sina.com

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,主导土壤生态系统养分循环和能量流动,对维持系统的稳定性和可持续性具有重要作用^[1,2]. 土壤细菌生物量占土壤微生物总量的 70%~90%,其生理类群对腐殖质形成、有机质分解、土壤养分循环和转化发挥着关键的作用^[2,3]. 已有研究发现,不同土地利用方式、耕作制度、物料还田和植被类型等均会对土壤细菌种类和数量产生影响,进而影响土壤细菌群落结构和空间分布^[3~7]. 此外,农田管理措施如施肥、浇水和除草等也会改变土壤细菌的群落组成及多样性^[8,9]. 细菌群落结构及其多样性与土壤可持续利用紧密相关,可作为反映农田生态特征、评价土壤质量的生物指标^[11]. 土壤细菌多样性的研究方法很多,Illumina MiSeq 高通量测序技术日趋成熟,目前已经广泛应用于土壤微生物群落结构多样性的研究.

间作是指在同一生长季,两种或多种作物分行或分带相间种植在同一田块上的种植制度. 作为我国传统农业的精髓,间作具有增产增效、提高光热资源利用率^[10,11]、增加农田生物多样性和持续控制病虫害的优势,还可以改善农田生态环境,促进生态平衡^[11~13]. 间作也可以改变土壤微生物群落多样性^[13],增加作物对养分的吸收^[11]. 花生是我国重要的油料作物,谷子是华北地区重要的杂粮作物,谷子花生间作是一种典型的高矮秆作物配置体系,可以发挥作物空间的互补作用,在黄淮地区已有较大面积的种植. 研究表明,禾本科与花生间作可以显著增加土壤细菌数量^[14,15]; 间作系统中,根际相互作用对于改善土壤微生态环境,增加土壤细菌丰富度和多样性具有重要意义^[16]. 然而,谷子花生间作对土壤细菌群落结构及其多样性影响的研究还未见报道,明确谷子与花生间作农田土壤细菌群落结构特征,是揭示土壤细菌群落结构对不同种植模式土壤肥力变化响应的必要环节. 因此,本文通过位于黄河下游的大田研究,明确土壤细菌群落结构对谷子、花生单作及其间作的响应差异,阐明谷子花生间作影响农田土壤肥力的微生态特性,以期为黄河下游农田土壤微生态环境调控和农业可持续发展提供参考依据.

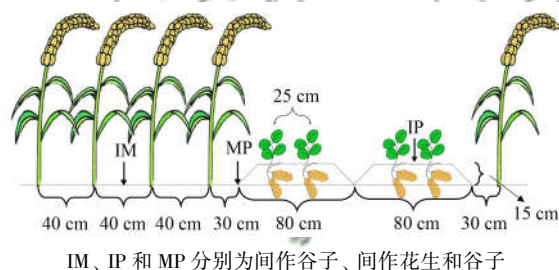
1 材料与方法

1.1 试验概况

本试验位于黄河下游山东省肥城市(116.78°E, 35.98°N),属暖温带大陆性季风气候区,四季分明,光照充足,气候温暖. 年日照时数2 607 h,年均气温 12.9℃,无霜期约 200 d,年均降水量 660 mm.

供试土壤为棕壤,耕层 0~20 cm 土壤 ω [有机质(TOM)]为 11.6 g·kg⁻¹、 ω [全氮(TN)]为 1.0 g·kg⁻¹、 ω [碱解氮(AN)]为 75.9 mg·kg⁻¹、 ω [有效磷(AP)]为 28.0 mg·kg⁻¹和 ω [速效钾(AK)]为 168.6 mg·kg⁻¹,pH 为 7.0.

2019 年 5~9 月以谷子(SM)和花生(SP)单作种植为对照,设置谷子花生 4:4 间作(MP,图 1)种植模式,幅宽 3.4 m. 其中,间作谷子株距 2 cm,单作谷子 4 cm,行距相同;单作花生种植规格与间作相同,穴距 10 cm,单粒精播. 每个种植模式田间面积约 0.45 hm²,分别划分为 3 个自然重复. 2019 年 5 月 7 日播种,9 月 12 日采集单作谷子(SM)、单作花生(SP)、间作谷子(IM)、间作花生(IP)和谷子花生间作(MP,间作谷子花生交汇处,图 1)这 5 种土壤样品. 谷子供试品种为济谷 20,花生为花育 36;播前基施氮磷钾复合肥(15-15-15)750 kg·hm⁻²,其他田间管理措施基本一致.



IM、IP 和 MP 分别为间作谷子、间作花生和谷子

花生间作土壤的取样位点

图 1 谷子花生 4:4 间作田间示意

Fig. 1 Field schematic diagrams of the millet/peanut 4:4 intercropping

1.2 样品采集

于 2019 年 8 月 25 日,5 种土壤每个重复“S”形采集 30 点 0~20 cm 土层样品,均匀混合为 1 个样本,共计 15 个样本,用于干冰保存并迅速带回实验室. 剔除沙石、根系等杂质后,部分鲜土样品转入无菌冻存管中,储存于 -80℃ 冰箱,用于分析土壤细菌群落结构;剩余样品自然风干后过 0.25 mm 和 1 mm 筛测定土壤理化性状.

1.3 测定方法

土壤基础理化性质测定参考《土壤农化分析》^[17],土壤 TN 采用凯氏定氮法,土壤 AN 采用碱解扩散法,土壤 AP 采用碳酸氢钠-钼锑抗分光光度法,土壤 AK 采用醋酸铵-原子吸收火焰分光光度法,土壤有机碳(TOC)采用重铬酸钾氧化-外加热法,pH 采用电位法(水土比 2.5:1).

参照 OMEGA Soil DNA Kit 试剂盒(USA)说明书提取土壤 DNA,用 1% 的琼脂糖凝胶电泳进行检

测,使用核酸定量仪(Nano Drop ND-2000)检测提取 DNA 的浓度和纯度. 选择细菌 V3-V4 区的 16S rRNA 序列进行 PCR 扩增,扩增引物为 338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3').

PCR 扩增采用 TransGen AP221-02: TransStart FastPfu DNA Polymerase, 20 μL 反应体系: FastPfu Buffer 4 μL 循环 5 次, 2.5 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ dNTPs 2 μL , 5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ Forward Primer 0.8 μL , 5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ Reverse Primer 0.8 μL , FastPfu Polymerase 0.4 μL , BSA 0.2 μL , Template DNA 10 ng, ddH₂O 补至 20 mL. PCR 反应参数为: 95℃ 持续 3 min, 27 次循环 (95℃ 持续 30 s, 55℃ 退火 30 s, 72℃ 持续 45 s), 72℃ 延伸 10 min, 10℃ 至停机 (PCR 仪: ABI GeneAmp-9700 型).

使用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物, 依照 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit (Axygen Biosciences, Union City, USA) 说明书进行纯化, 再用 QuantiFluor™-ST (Promega, USA) 进行定量. 通过 Illumina MiSeq 平台构建 Paired-end 测序, 由上海美吉生物医药科技有限公司提供技术支持.

1.4 数据处理

基于 QIIME 2 (v2020.2) 流程^[18] 进行质控、拼接和降噪, 聚类为 ASV (amplicon sequence variants), 置信度阈值为 0.7, 比对 silva 138/16s 数据库, 并按最小样本序列数抽平. 利用 Mothur 软件进行土壤细菌群落 α 多样性分析; 利用基于 bray-curtis 距离的 PCoA 分析揭示土壤细菌群落的 β 多样性, 并通过 Adonis 分析进行组间差异检验; 利用冗余分析 (RDA) 反映菌群与环境因子之间的关系; 利用 PICRUST2 对细菌群落进行功能预测, 利用 BugBase 进行表型预测. 通过 R 语言作图, 使用 SPSS 26.0 进行单因素方差分析 (one-way analysis) 和多重比较 (LSD).

2 结果与分析

2.1 土壤细菌群落多样性比较

将 15 个样本按最小样本序列数抽平 1 次, 每个样本得到 24 769 条有效序列, 且 ASV 稀释曲线均趋于平缓 [图 2 (a)], 表明本研究的测序深度已基本覆盖到样品中所有物种, 序列信息可以充分反映土壤细菌群落的真实信息. 尽管 5 种农田土壤细菌群

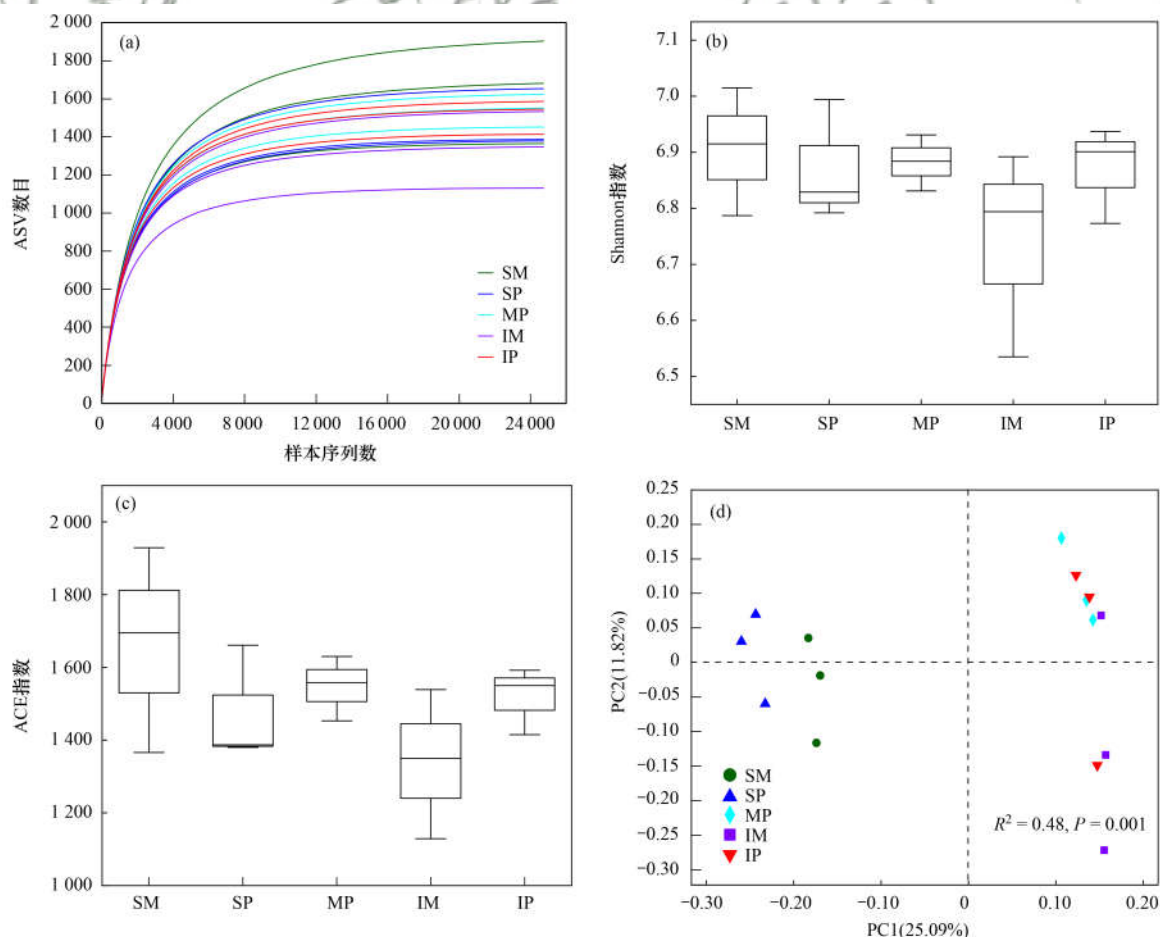


图 2 土壤细菌群落多样性

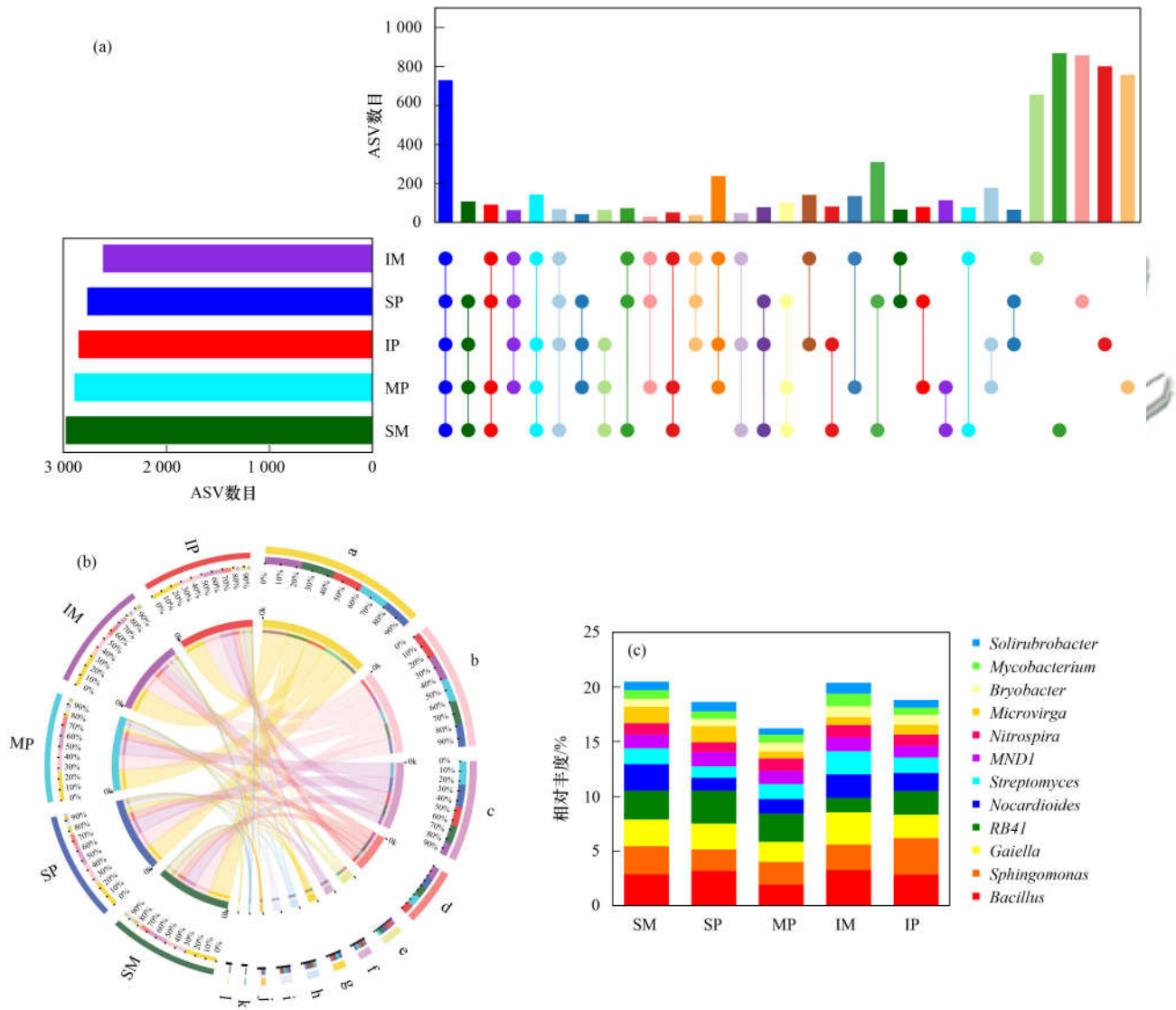
Fig. 2 Diversity of soil bacterial community

落的 Shannon[图 2(b)]和 ACE[图 2(c)]指数无显著性差异,但在单作或间作条件下细菌群落的 α 多样性产生了变化.应用基于 bray-curtis 距离算法的 PCoA 分析比较 5 种土壤细菌群落的 β 多样性[图 2(d)].结果表明,主成分 PC1 和 PC2 分别解释 25.09% 和 11.82% 群落组成差异.IM、IP 和 MP 这 3 种土壤样品在 PC1 轴上距离接近或存在重合,表明 3 种土壤样品物种组成相似;结合 Adonis 分析表明,谷子花生间作和单作土壤细菌群落的 β 多样性差异显著($P=0.001$, $R^2=0.39$).

2.2 土壤细菌群落结构组成

15 个土壤样本共获得有效序列 371 535 条,基于 97% 的相似度进行聚类,获得 7081 ASV,划分为 34 门、109 纲、256 目、396 科、710 属和 1 409 种.通过 UpSet Venn 分析[图 3(a)],5 种土壤样本中共有的 ASV 为 727 个,在 5 种土壤中占 24.5%~27.8%;SM、SP、MP、IM 和 IP 独有的 ASV 分别为 865、854、755、653 和 798 个,占各自土壤细菌 ASV 总数的 29.1%、30.9%、26.1%、25.0% 和 28.0%.

SM、SP、MP、IM 和 IP 土壤细菌门水平的群落



(a) 横排柱状图表示每个模式土壤样本 ASV 的数量;竖排柱状图表示不同模式土壤样本取交集后 ASV 的数量;点和点之间的连线表示不同模式土壤样本中共有的 ASV,单个点表示某个模式土壤样本中特有的 ASV;(b) 左半圆表示土壤细菌群落中门的组成情况,外层彩带的颜色表示的是不同种类土壤,内层彩带的颜色表示细菌门,长度表示该物种在对应土壤样本中的相对丰度;右半圆表示门水平下物种在不同种类土壤样本中的分布比例情况,外层彩带表示细菌门,内层彩带颜色表示不同种类土壤,长度表示该土壤样本在某一门中的分布比例,字母 a~l 分别表示放线菌门(Actinobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、厚壁菌门(Firmicutes)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、其他(合并相对丰度小于 0.01)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、Myxococcota、Methyloirabillota、硝化螺旋菌门(Nitrospirota)和未被分类细菌;(c) 在任一土壤样本中相对丰度大于 1% 的已知细菌属,其中未标记或未命名的物种未列入

图 3 土壤细菌群落组成
Fig. 3 Composition of soil bacterial community

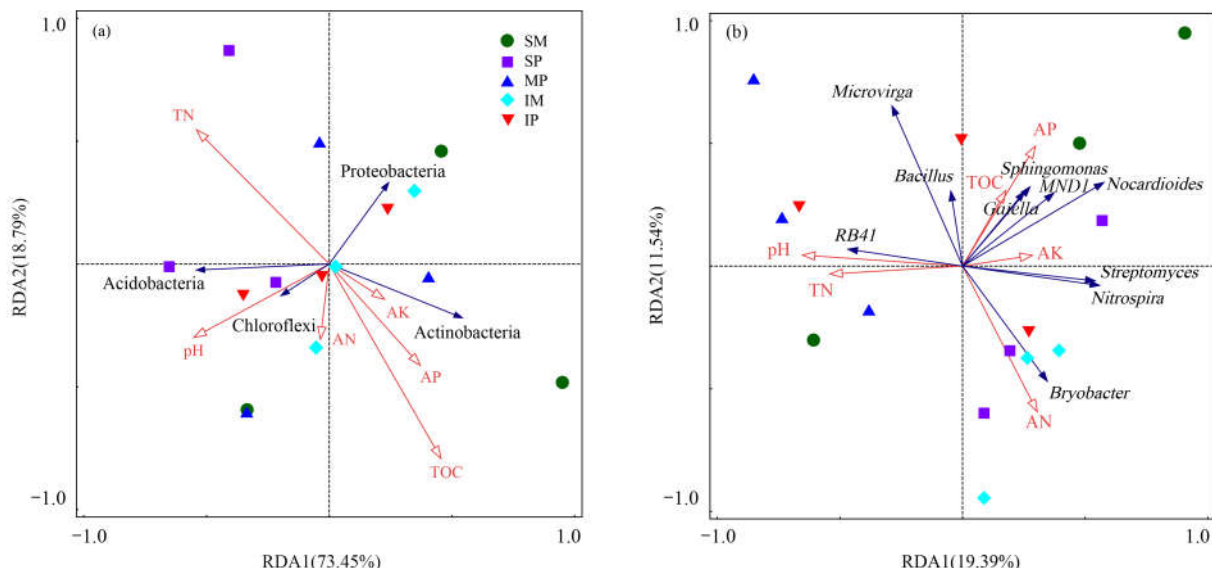
结构组成相似,但细菌门相对丰度各有差异[图 3(b)].5 种土壤中相对丰度大于 0.01 的已知细菌包含 10 门,相对丰度小于 0.01 的其他细菌在 2.01%~3.62% 之间.放线菌门(Actinobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi)在 5 种土壤中占 79.40%~81.33%;这 4 门细菌的相对丰度明显高于厚壁菌门(Firmicutes)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、Myxococcota、Methyloirabillota 和硝化螺旋菌门(Nitrospirata).放线菌门在 SM 和 IM 中的相对丰度明显高于 SP、IP 和 MP,酸杆菌门在 5 种土壤中相对丰度的高低则与放线菌门相反.

在 SM、SP、MP、IM 和 IP 任一土壤样本中相对丰度大于 1.0% 的已分类细菌属共 12 类[图 3(c)].这些细菌属在 SM 和 IM 中相对丰度合计分别为 20.51% 和 20.41%,在 SP 和 IP 中则分别为 18.66% 和 18.84%;在 MP 中仅 16.23%,较 SM、SP、IM 和 IP 降低了 13.05%~20.86%,表明 MP 增加了其他土壤细菌属的相对丰度.芽孢杆菌属(*Bacillus*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、*Gaiella* 和 *RB41*,这 4 类细菌属在 5 种土壤中平均相对丰度大于 2.0%;类诺卡氏菌属(*Nocardioide*)仅

在 SM 和 IM 中相对丰度大于 2.0%,链霉菌属(*Streptomyces*)仅在 IM 中相对丰度大于 2.0%;*MND1*、硝化螺菌属(*Nitrospira*)、微枝形杆菌属(*Microvirga*)、*Bryobacter*、分枝杆菌属(*Mycobacterium*)和 *Solirubrobacter* 则均小于 2.0%.

2.3 土壤细菌群落与环境因子的关系

为研究造成谷子花生间作或单作后土壤细菌群落产生差异的关键环境因子,对 5 种土壤细菌群落组成与土壤理化性质进行冗余分析(图 4).在门水平上[图 4(a)],RDA1 和 RDA2 可以累计解释土壤细菌群落 92.24% 的变异量,TOC、TN 和 pH 是影响细菌群落门组成结构的重要因子;在属水平上[图 4(b)],RDA1 和 RDA2 可以累计解释 30.93% 的变异量,AN、pH、AP 和 TN 是影响细菌群落属组成结构的重要因子.图 4(a)可以看出,放线菌门(Actinobacteria)与 TN 和 pH 呈正相关,与 TOC、AP、AK 和 AN 呈负相关;变形菌门(Proteobacteria)与 TN 和 AK 呈正相关,与 pH、TOC、AP 和 AN 呈负相关;酸杆菌门(Acidobacteria)与 TN、pH 和 AN 呈正相关,与 TOC、AP 和 AK 呈负相关;绿弯菌门(Chloroflexi)与 TOC、TN、pH 和 AN 呈正相关,与 AP 和 AK 呈负相关.图 4(b)可以看出,不同细菌属与 TOC、TN、AN、AP 和 AK 相关性也不尽相同.



红色箭头表示环境因子,箭头长度表示环境因子与细菌群落结构相关性的强弱;蓝色箭头表示细菌类型,箭头指向与环境因子箭头同向表示高度正相关;TOC 表示有机碳,TN 表示全氮,AN 表示碱解氮,AP 表示有效磷,AK 表示速效钾

图 4 土壤细菌群落与环境因子的 RDA 分析

Fig. 4 RDA analysis of soil bacterial community and environmental factors

2.4 土壤细菌群落功能与表型预测

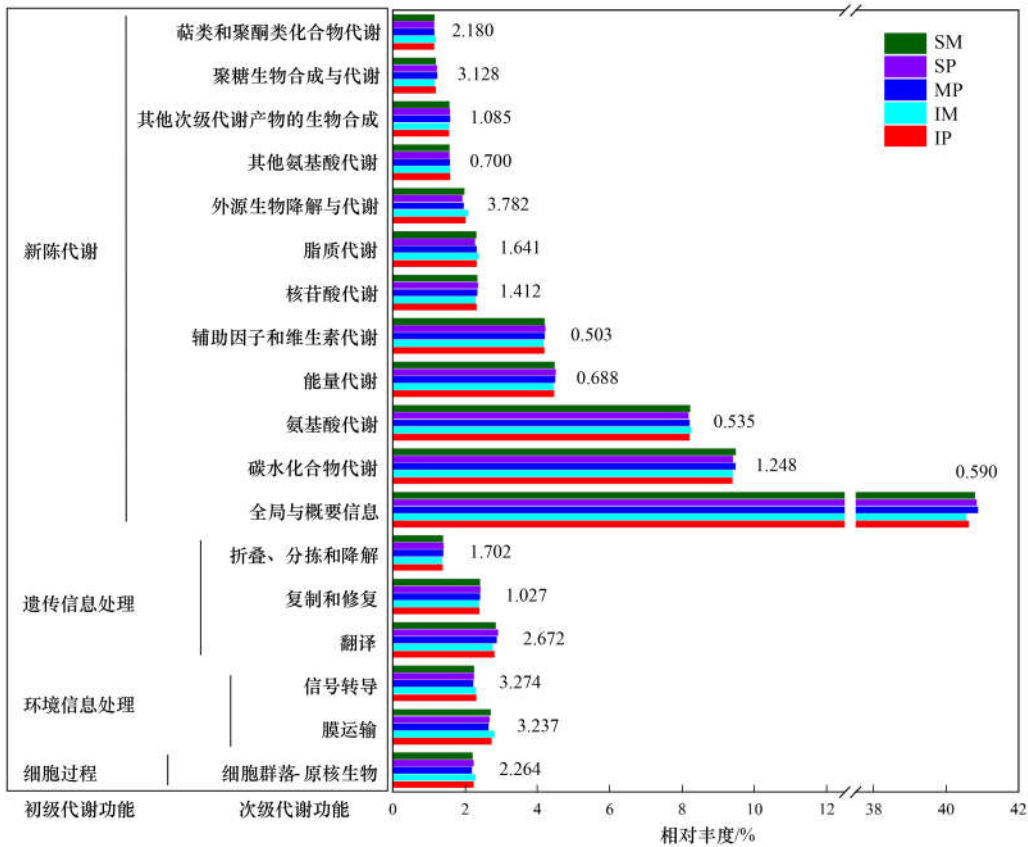
将高通量测序信息与 KEGG 数据库(Kyoto encyclopedia of genes and genomes)比对,利用 PICRUSt 对 5 种土壤的细菌群落进行功能预测,结果注释到初级功能代谢通路 6 条,次级功能代

谢通路 46 条,三级功能代谢通路 404 条.在初级功能代谢通路中,新陈代谢在 5 种土壤中相对丰度达 78.9%~79.3%,明显高于环境信息处理、遗传信息处理、细胞过程、人类疾病和有机系统;在次级功能代谢通路中,相对丰度大于

1.0%的通路包含18条,其中全局与概要信息的相对丰度高达40.6%~40.9%(图5).从图5可以看出,在5种土壤中,外源生物降解与代谢的变异系数最高达3.782%,聚糖生物合成与代谢、信号转导和膜运输的变异系数在3.128%~3.274%之间,这4条次级功能代谢通路的相对丰度波动相对较大.

利用BugBase工具对15个土壤样本进行表型预测,结果包含生物膜形成[图6(a)]、革兰氏阳性[图6(b)]、革兰氏阴性[图6(c)]、氧化胁迫耐受[图6(d)]、移动元件[图6(e)]、致病性[图6(f)]和氧需求七类,氧需求又分为需氧[图6(g)]、厌氧[图6(h)]和兼性厌氧[图6(i)].由于一个物种可

能属于多种表型,因此可能会重复计算表型丰度,导致每种土壤中的总表型丰度通常高于100%.在7类表型中,生物膜形成占比最高达21.6%~22.3%,其次是革兰氏阴性;在氧需求中,需氧占比最高达13.4%~14.6%.在5种土壤中,MP和IM的革兰氏阳性、革兰氏阴性及致病性的相对丰度存在显著差异($P<0.05$),IM氧化胁迫耐受的相对丰度也显著高于SP和MP($P<0.05$).比较5种土壤中细菌BugBase表型间的相关性(表1),结果表明氧化胁迫耐受、革兰氏阳性和需氧这3类表型细菌间两两极显著正相关,潜在致病性、革兰氏阴性和厌氧这3类间两两极显著正相关;而这两组表型细菌间均具极显著负相关.



柱状图数值表示变异系数(CV),单位为%

图5 土壤细菌群落的KEGG功能

Fig. 5 KEGG function of soil bacterial community

表1 土壤细菌群落BugBase表型间的相关性¹⁾

	需氧	厌氧	兼性厌氧	移动元件	生物膜形成	革兰氏阴性	革兰氏阳性	潜在致病性	氧化胁迫耐受
需氧	-1								
厌氧	-0.566 *	1							
兼性厌氧	0.231	-0.816 **	1						
移动元件	0.358	-0.783 **	0.597 *	1					
生物膜形成	0.101	0.576 *	-0.856 **	-0.328	1				
革兰氏阴性	-0.661 **	0.651 **	-0.408	-0.319	0.187	1			
革兰氏阳性	0.661 **	-0.651 **	0.408	0.319	-0.187	-1.000 **	1		
潜在致病性	-0.726 **	0.712 **	-0.494	-0.346	0.223	0.919 **	-0.919 **	1	
氧化胁迫耐受	0.809 **	-0.785 **	0.46	0.567 *	-0.169	-0.878 **	0.878 **	-0.912 **	1

1) * 表示 $P<0.05$, ** 表示 $P<0.01$

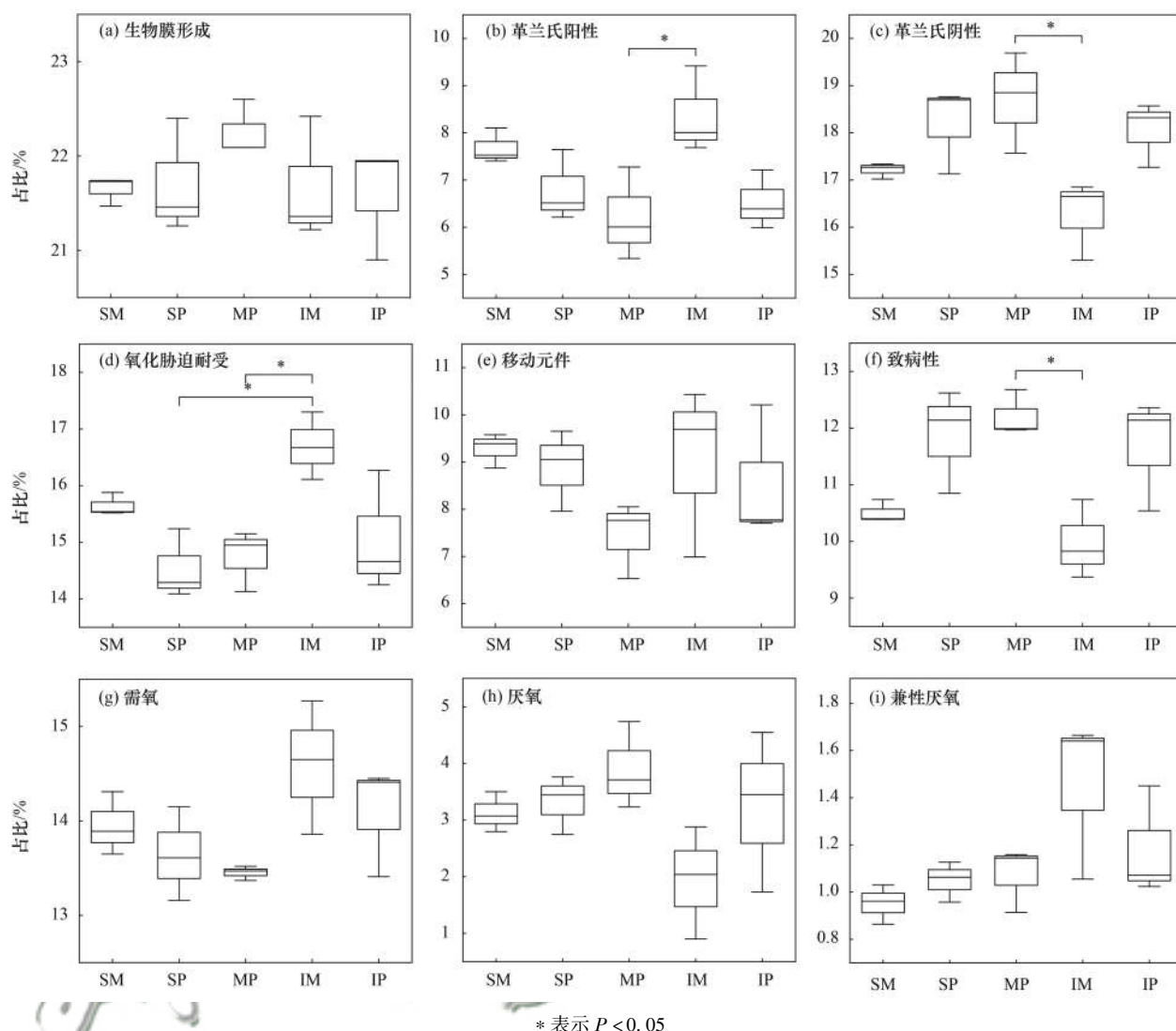


图 6 土壤细菌群落的 Bugbase 表型

Fig. 6 Bugbase phenotype of soil bacterial community

3 讨论

3.1 间作对农田土壤细菌群落多样性的影响

土壤微生物群落是土壤耕地质量和生态系统稳定的重要量化指标,对植被敏感的同时,又能强烈影响土壤养分转化和作物生长^[2,19];而土壤养分转化和作物生长又会反作用于土壤微生物群落,使其群落多样性发生改变. 本研究发现,间作土壤细菌群落 α 多样性的 Shannon 指数和 ACE 指数与单作存在差异, β 多样性的 PCoA 分析则具有显著差异 ($P = 0.001$),说明谷子花生间作可以改变单作谷子或花生土壤的细菌群落多样性. 这可能是因为,与单作相比,间作使农田作物覆被发生变化,使作物根系在土壤中的分布更复杂,导致土壤细菌与作物根系分泌物互动更频繁,从而改变了土壤细菌的代谢活性,促使间作土壤细菌群落多样性与单作土壤产生差异^[13,15]. 另外,一是谷子花生间作或单作后使土壤

中有效养分发生变化,二是豆科花生的固氮体系可以增加土壤氮素,这两方面也可能是影响土壤细菌群落多样性变化的原因. 这与前人研究的玉米豆科^[16]、甘蔗大豆^[20]、木薯花生^[21]和甘蔗花生^[22]等间作模式通过改变土壤养分含量,进而改变土壤微生物群落多样性的研究结果基本一致.

3.2 间作对农田土壤细菌群落结构的影响

禾本科豆科间作系统不仅可以改变土壤细菌的多样性和丰富度,对土壤细菌群落组成结构和优势菌群类别也具有一定影响^[14,15]. 本研究发现的放线菌门 (Actinobacteriota)、变形菌门 (Proteobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteriota) 和绿弯菌门 (Chloroflexi),在其他土壤样本的研究中也经常观察到^[7,23,24]. 说明不同种植模式下土壤细菌群落具有适应性和调节功能,这 4 类相对丰度较高的土壤细菌门可能有助于维持根系养分吸收和微环境的平衡,以改善土壤环境^[25]. 5 种土壤中,相对丰度大于

1.0% 的细菌门或属的丰度高低排序均发生明显变化,这可能与种植模式及作物种类有关^[24,26]. O'Donnell等^[27]研究发现地上作物类型通过影响土壤环境,而影响土壤微生物群落结构.不同的植被类型决定着各自的土壤微生物群落组成和分布,表现为土壤微生物群落有明显的差异^[7,28].土壤细菌属水平中,谷子花生间作(MP)使相对丰度小于1.0%的细菌属增加,这也可能与作物类型及其根系分泌物有关,因为该位点土壤处于两种作物根系交汇区域.已有研究发现,由于作物种内或种间相互作用关系的变化,导致作物的根系分泌特性相应改变,继而调节土壤微生态环境,使土壤中微生物活动力度改变,反过来影响细菌群落结构^[29,30].种植作物可以影响细菌群落结构外,还能通过残根、凋落物向土壤中输入较多的碳氮源供细菌利用,增加微生物的数量,改变细菌群落结构^[30,31].这也可能是促进土壤细菌群落组成发生改变的原因. Urbanová等^[32]的研究也发现细菌容易受到作物凋落物的影响.与细菌群落组成的门水平结构相比,本研究中细菌属水平结构的变化更加明显,这应该也与种植模式、种间关系、根系分泌和地上凋落物等有关.另外,间作遮荫对花生产生弱光胁迫,影响了花生的生长发育,这可能也会对土壤细菌群落结构产生影响.

3.3 间作农田土壤细菌群落对环境因子的响应

任何环境因素改变都可能使土壤微生物群落结构在一定程度上发生变化^[33~35].植被类型、经纬、海拔、气候变化、土壤理化性质和温湿度等环境因素对土壤微生物具有抑制、促进或无明显作用,是影响土壤微生物群落组成的重要环境因子^[34~37].利用 RDA 分析不同土壤细菌群落信息,可直观地展现出土壤环境因子对该地区土壤细菌群落结构的影响.本研究发现,土壤有机碳和碱解氮分别是引起 5 种土壤细菌群落结构门、属水平产生差异的最主要环境因子.这与过往研究中,土壤细菌群落结构组成受土壤有机质和碱解氮等因素影响的结果类似^[36,38],氮碳是影响土壤细菌群落变化的重要因子,两者作为土壤微生物的主要能源,对塑造细菌群落至关重要^[38~42].Fu等^[26]和 Zhou等^[43]研究发现,间作改善了作物根际土壤微环境,降低了氨化强度,刺激作物对氮、碳等的吸收和转化,改变了土壤养分含量,从而导致细菌对土壤环境因子产生不同响应;Tang等^[21,22]对木薯花生和甘蔗花生间作系统的研究也认为,木薯花生和甘蔗花生间作系统可以通过增加土壤中氮的含量来改善土壤质量,以影响细菌群落多样性.此外,本研究中环境因子对土壤细菌门、属水平差异变化的解释度不同,门水平的

92.24% 远大于属水平的 30.93%.这可能是因为土壤受间作或单作影响而引起环境因子发生变化,导致环境因子对不同水平细菌群落的贡献不同.另外,土壤细菌虽然分布广、适应性强,但特定区域的细菌群落组成受到特定环境因子的调控^[35],而且不同地域或不同学者关于土壤细菌群落对环境因子响应的研究得出的结论也不同^[35~38,43,44].

3.4 间作对农田土壤细菌群落功能的影响

谷子花生间作使土壤细菌群落结构发生变化的同时,也使土壤细菌功能代谢通路和表型类型产生了差异.本研究中,通过 KEGG 代谢途径利用 PICRUST 对谷子花生单作及其间作种植模式下土壤细菌功能进行预测,不同种植模式下农田土壤细菌共涉及新陈代谢、环境信息处理、遗传信息处理、细胞过程、人类疾病和有机系统这 6 个初级代谢通路,其中新陈代谢相对丰度最高.这表明农田土壤细菌利用这 6 类初级功能代谢通路维系生态系统的稳定;新陈代谢是土壤细菌群落的核心功能,在土壤细菌生长过程中有着极其重要的作用,受人为影响较小^[45~48].有研究发现,土壤细菌通过代谢活动来参与土壤物质循环与转化,进而促进植物生长和增加作物产量,如固氮和解磷等作用的发挥是依靠代谢提高根系对氮、磷营养元素的吸收^[2,11,21].这应该也是氨基酸代谢、碳水化合物代谢和能量代谢等来维持细菌存活的代谢功能相对丰度较高的原因.本研究 BugBase 表型预测发现,氧化胁迫耐受、革兰氏阳性和需氧这 3 类表型细菌两两之间极显著正相关,潜在致病性、革兰氏阴性和厌氧这 3 类两两之间也极显著正相关,但是这两组间均极显著负相关.革兰氏阳性和革兰氏阴性细菌极显著负相关,这与两类细菌的结构特点有关;需氧和厌氧细菌的极显著负相关,则与两者对氧气的需求有关;氧化胁迫耐受表型细菌与应对土壤逆境胁迫有关,潜在致病性则与土壤病害有关.本研究发现,间作谷子或花生土壤较相应单作的氧化胁迫耐受细菌相对丰度增加,且间作谷子土壤较单作谷子显著增加,可以推测该谷子花生间作模式可能利于降低潜在土壤病害的发生.Deng等^[49]通过研究农田生态系统中细菌功能对镉污染的生态响应,发现微生物群落中氧化胁迫耐受表型细菌的变化可能反映了其对恶劣环境的保护作用,以在剧毒环境中存活.由于一个物种可能属于多种表型,因此关于细菌 BugBase 表型的预测分析有待进一步研究.

4 结论

谷子花生间作及其单作土壤细菌群落的菌门组

成相似,均以放线菌门、变形菌门、酸杆菌门和绿弯菌门为主,但相对丰度各异;细菌菌属组成表现出与菌门相同的特征.间作土壤细菌群落 α 多样性与单作存在差异,但不显著, β 多样性则具有显著差异.土壤有机碳和碱解氮分别是引起5种土壤细菌群落结构门、属水平产生差异的最主要因子.通过PICRUST功能预测发现,这5种土壤细菌中,初级功能新陈代谢的相对丰度最大,次级功能外源生物降解与代谢的相对丰度波动最大.在BugBase表型方面,间作谷子或花生土壤较相应单作的氧化胁迫耐受细菌相对丰度增加,且间作谷子土壤较单作谷子显著增加.由此可见,谷子花生间作使土壤细菌群落多样性、丰富度及代谢功能产生差异,存在降低潜在土壤病害发生的可能性,可用于调控土壤微生态环境,以推动黄河下游农田微生态修复和农业可持续发展.

参考文献:

- [1] Bardgett R D, van der Putten W H. Belowground biodiversity and ecosystem functioning[J]. *Nature*, 2014, **515**(7528): 505-511.
- [2] van der Heijden M G A, Wagg C. Soil microbial diversity and agro-ecosystem functioning[J]. *Plant and Soil*, 2013, **363**(1-2): 1-5.
- [3] Vuyyuru M, Sandhu H S, Erickson J E, et al. Soil chemical and biological fertility, microbial community structure and dynamics in successive and fallow sugarcane planting systems[J]. *Agroecology and Sustainable Food Systems*, 2020, **44**(6): 768-794.
- [4] Mayer Z, Sasvári Z, Szentpéteri V, et al. Effect of long-term cropping systems on the diversity of the soil bacterial communities[J]. *Agronomy*, 2019, **9**(12), doi: 10.3390/agronomy9120878.
- [5] Bu R Y, Ren T, Lei M J, et al. Tillage and straw-returning practices effect on soil dissolved organic matter, aggregate fraction and bacteria community under rice-rice-rapeseed rotation system[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2020, **287**, doi: 10.1016/j.agee.2019.106681.
- [6] Yang X Q, Wang Y, Sun L Y, et al. Impact of maize-mushroom intercropping on the soil bacterial community composition in Northeast China[J]. *Agronomy*, 2020, **10**(10), doi: 10.3390/agronomy10101526.
- [7] 南镇武, 刘柱, 代红翠, 等. 不同轮作休耕下潮土细菌群落结构特征[J]. *环境科学*, 2021, **42**(10): 4977-4987.
- [8] Nan Z W, Liu Z, Dai H C, et al. Characteristics of bacterial community structure in Fluvo-aquic soil under different rotation fallow[J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(10): 4977-4987.
- [9] Mickan B S, Abbott L K, Fan J W, et al. Application of compost and clay under water-stressed conditions influences functional diversity of rhizosphere bacteria[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2018, **54**(1): 55-70.
- [10] Sun R P, Zhang P, Riggins C W, et al. Long-term N fertilization decreased diversity and altered the composition of soil bacterial and archaeal communities[J]. *Agronomy*, 2019, **9**(10), doi: 10.3390/agronomy9100574.
- [11] Mao L L, Zhang L Z, Zhang S P, et al. Resource use efficiency, ecological intensification and sustainability of intercropping systems[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2015, **14**(8): 1542-1550.
- [12] He Y, Ding N, Shi J C, et al. Profiling of microbial PLFAs: implications for interspecific interactions due to intercropping which increase phosphorus uptake in phosphorus limited acidic soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, **57**: 625-634.
- [13] He H M, Liu L N, Munir S, et al. Crop diversity and pest management in sustainable agriculture[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2019, **18**(9): 1945-1952.
- [14] 覃潇敏, 郑毅, 汤利, 等. 玉米与马铃薯间作对根际微生物群落结构和多样性的影响[J]. *作物学报*, 2015, **41**(6): 919-928.
- [15] Qin X M, Zheng Y, Tang L, et al. Effects of maize and potato intercropping on rhizosphere microbial community structure and diversity[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2015, **41**(6): 919-928.
- [16] Li Q S, Wu L K, Chen J, et al. Biochemical and microbial properties of rhizospheres under maize/peanut intercropping[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2016, **15**(1): 101-110.
- [17] 唐秀梅, 黄志鹏, 吴海宁, 等. 玉米/花生间作条件下土壤环境因子的相关性和主成分分析[J]. *生态环境学报*, 2020, **29**(2): 223-230.
- [18] Tang X M, Huang Z P, Wu H N, et al. Correlation and principal component analysis of the soil environmental factors in corn/peanut intercropping system[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2020, **29**(2): 223-230.
- [19] Zhang X Q, Huang G Q, Bian X M, et al. Effects of nitrogen fertilization and root interaction on the agronomic traits of intercropped maize, and the quantity of microorganisms and activity of enzymes in the rhizosphere[J]. *Plant and Soil*, 2013, **368**(1-2): 407-417.
- [20] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [21] Bolyen E, Rideout J R, Dillon M R, et al. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2[J]. *Nature Biotechnology*, 2019, **37**(8): 852-857.
- [22] Trivedi P, Delgado-Baquerizo M, Anderson I C, et al. Response of soil properties and microbial communities to agriculture: implications for primary productivity and soil health indicators[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2016, **7**, doi: 10.3389/fpls.2016.00990.
- [23] Li X P, Mu Y H, Cheng Y B, et al. Effects of intercropping sugarcane and soybean on growth, rhizosphere soil microbes, nitrogen and phosphorus availability[J]. *Acta Physiologiae Plantarum*, 2013, **35**(4): 1113-1119.
- [24] Tang X M, Zhong R C, Jiang J, et al. Cassava/peanut intercropping improves soil quality via rhizospheric microbes increased available nitrogen contents[J]. *BMC Biotechnology*, 2020, **20**(1), doi: 10.1186/s12896-020-00606-1.
- [25] Tang X M, Jiang J, Huang Z P, et al. Sugarcane/peanut intercropping system improves the soil quality and increases the abundance of beneficial microbes[J]. *Journal of Basic Microbiology*, 2021, **61**(2): 165-176.
- [26] Li S, Wu F Z. Diversity and Co-occurrence patterns of soil bacterial and fungal communities in seven intercropping systems[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, **9**, doi: 10.3389/fmicb.2018.01521.
- [27] Gong X W, Liu C J, Li J, et al. Responses of rhizosphere soil properties, enzyme activities and microbial diversity to

- intercropping patterns on the Loess Plateau of China[J]. Soil and Tillage Research, 2019, **195**, doi: 10.1016/j.still.2019.104355.
- [25] 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.
- [26] Fu Z D, Zhou L, Chen P, *et al.* Effects of maize-soybean relay intercropping on crop nutrient uptake and soil bacterial community[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2019, **18**(9): 2006-2018.
- [27] O'Donnell A G, Seasman M, Macrae A, *et al.* Plants and fertilisers as drivers of change in microbial community structure and function in soils[J]. Plant and Soil, 2001, **232**(1-2): 135-145.
- [28] Eisenhauer N, Bessler H, Engels C, *et al.* Plant diversity effects on soil microorganisms support the singular hypothesis[J]. Ecology, 2010, **91**(2): 485-496.
- [29] Diakhaté S, Gueye M, Chevallier T, *et al.* Soil microbial functional capacity and diversity in a millet-shrub intercropping system of semi-arid Senegal[J]. Journal of Arid Environments, 2016, **129**: 71-79.
- [30] 雍太文, 杨文钰, 向达兵, 等. 小麦/玉米/大豆和小麦/玉米/甘薯套作对根际土壤细菌群落多样性及植株氮素吸收的影响[J]. 作物学报, 2012, **38**(2): 333-343.
- Yong T W, Yang W Y, Xiang D B, *et al.* Effect of wheat/maize/soybean and wheat/maize/sweet potato relay strip intercropping on bacterial community diversity of rhizosphere soil and nitrogen uptake of crops[J]. Acta Agronomica Sinica, 2012, **38**(2): 333-343.
- [31] 罗达, 史作民, 李东胜. 枯落物处理对格木林土壤碳氮转化和微生物群落结构的短期影响[J]. 应用生态学报, 2018, **29**(7): 2259-2268.
- Luo D, Shi Z M, Li D S, *et al.* Short-term effects of litter treatment on soil C and N transformation and microbial community structure in *Erythrophleum fordii* plantation[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2018, **29**(7): 2259-2268.
- [32] Urbanová M, Šňajdr J, Baldrian P. Composition of fungal and bacterial communities in forest litter and soil is largely determined by dominant trees[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2015, **84**: 53-64.
- [33] 商丽荣, 万里强, 李向林. 有机肥对羊草草原土壤细菌群落多样性的影响[J]. 中国农业科学, 2020, **53**(13): 2614-2624.
- Shang L R, Wan L Q, Li X L. Effects of organic fertilizer on soil bacterial community diversity in *Leymus chinensis* Steppe[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2020, **53**(13): 2614-2624.
- [34] Burns R G, Deforest J L, Marxsen J, *et al.* Soil enzymes in a changing environment: current knowledge and future directions[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2013, **58**: 216-234.
- [35] 方圆, 王妮, 姚晓东, 等. 我国北方温带草地土壤微生物群落组成及其环境影响因素[J]. 北京大学学报(自然科学版), 2017, **53**(1): 142-150.
- Fang Y, Wang W, Yao X D, *et al.* Soil microbial community composition and environmental controls in northern temperate steppe of China[J]. Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Pekinensis, 2017, **53**(1): 142-150.
- [36] Wang L D, Wu C R, Song D C, *et al.* Affecting factors of soil microorganisms and their research prospects[J]. Frontiers in Environmental Microbiology, 2021, **7**(3): 74-79.
- [37] Bahram M, Hildebrand F, Forslund S K, *et al.* Structure and function of the global topsoil microbiome[J]. Nature, 2018, **560**(7717): 233-237.
- [38] Chu H Y, Fierer N, Lauber C L, *et al.* Soil bacterial diversity in the Arctic is not fundamentally different from that found in other biomes[J]. Environmental Microbiology, 2010, **12**(11): 2998-3006.
- [39] Solanki M K, Wang F Y, Wang Z, *et al.* Rhizospheric and endospheric diazotrophs mediated soil fertility intensification in sugarcane-legume intercropping systems[J]. Journal of Soils and Sediments, 2019, **19**(4): 1911-1927.
- [40] Wei M, Hu G Q, Wang H, *et al.* 35 years of manure and chemical fertilizer application alters soil microbial community composition in a Fluvo-aquic soil in Northern China[J]. European Journal of Soil Biology, 2017, **82**: 27-34.
- [41] Wang Q F, Jiang X, Guan D W, *et al.* Long-term fertilization changes bacterial diversity and bacterial communities in the maize rhizosphere of Chinese Mollisols[J]. Applied Soil Ecology, 2018, **125**: 88-96.
- [42] Wei G S, Li M C, Shi W C, *et al.* Similar drivers but different effects lead to distinct ecological patterns of soil bacterial and archaeal communities[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, **144**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.107759.
- [43] Zhou X M, Mackenzie A F, Madramootoo C A, *et al.* Management practices to conserve soil nitrate in maize production systems[J]. Journal of Environmental Quality, 1997, **26**(5): 1369-1374.
- [44] Almela P, Justel A, Quesada A. Heterogeneity of microbial communities in soils from the Antarctic Peninsula Region[J]. Frontiers in Microbiology, 2021, **12**, doi: 10.3389/fmicb.2021.628792.
- [45] 刘坤和, 薛玉琴, 竹兰萍, 等. 嘉陵江沿岸带不同土地利用类型对土壤细菌群落多样性的影响[J]. 环境科学, 2022, **43**(3): 1620-1629.
- Liu K H, Xue Y Q, Zhu L P, *et al.* Effect of different land use types on the diversity of soil bacterial community in the coastal zone of Jialing River[J]. Environmental Science, 2022, **43**(3): 1620-1629.
- [46] 丁钰珮, 杜宇佳, 高广磊, 等. 呼伦贝尔沙地樟子松人工林土壤细菌群落结构与功能预测[J]. 生态学报, 2021, **41**(10): 4131-4139.
- Ding Y P, Du Y J, Gao G L, *et al.* Soil bacterial community structure and functional prediction of *Pinus sylvestris* var. *mongolica* plantations in the Hulun Buir Sandy Land[J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, **41**(10): 4131-4139.
- [47] 张拓, 徐飞, 怀宝东, 等. 松花江下游沿江湿地土地利用变化对土壤细菌群落多样性的影响[J]. 环境科学, 2020, **41**(9): 4273-4283.
- Zhang T, Xu F, Huai B D, *et al.* Effects of land use changes on soil bacterial community diversity in the riparian wetland along the downstream of Songhua River[J]. Environmental Science, 2020, **41**(9): 4273-4283.
- [48] Xia Q, Liu X L, Gao Z Q, *et al.* Responses of rhizosphere soil bacteria to 2-year tillage rotation treatments during fallow period in semiarid southeastern Loess Plateau[J]. PeerJ, 2020, **8**, doi: 10.7717/peerj.8853.
- [49] Deng Y, Fu S D, Sarkodie E K, *et al.* Ecological responses of bacterial assembly and functions to steep Cd gradient in a typical Cd-contaminated farmland ecosystem[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2022, **229**, doi: 10.1016/j.ecoenv.2021.113067.

CONTENTS

Analysis of Change Trend and Influencing Factors of PM _{2.5} -O ₃ Pollution in Tianjin from 2013 to 2020	XIAO Zhi-mei, LI Ya-fei, GAO Jing-yun, <i>et al.</i> (4211)
Changes in Ozone Pollution Trend Characteristics and Sensitivity in Jinan from 2015 to 2020	SUN Xiao-yan, SUN Jun, GUO Meng-meng, <i>et al.</i> (4220)
Analysis of O ₃ Pollution Characteristics, Formation Sensitivity, and Transport Impact in Southern Nanjing	ZHENG Xin-mei, HU Kun, WANG Ming, <i>et al.</i> (4231)
Characteristics and Driving Factors of O ₃ Pollution During 13 th Five-Year Period in Tianjin	LI Yuan, XIAO Zhi-mei, BI Xiao-hui, <i>et al.</i> (4241)
Response of PM _{2.5} and O ₃ to Emission Reductions in Nanjing Based on Random Forest Algorithm	SHANG Yong-jie, MAO Yu-hao, LIAO Hong, <i>et al.</i> (4250)
Quantification of Ozone Pollution Transport Based on Four-dimensional Flux Method in Foshan, China	WU Li-ping, MO Hai-hua, YANG Li-ting, <i>et al.</i> (4262)
Effects of Source Depletion on Vapor Intrusion Risk Assessment	ZHONG Mao-sheng, WANG Yang, JIANG Lin, <i>et al.</i> (4271)
Spatiotemporal Variation Characteristics of Main Pollutant Fluxes in the Yangtze River Basin from 2017 to 2020	GUO Chao-chen, LEI Kun, LI Xiao-guang, <i>et al.</i> (4279)
Spatial Variation Characteristics, Influencing Factors, and Sources of Hydrogeochemical of Surface Water and Groundwater in Mountainous Area of Hutuo River	KONG Xiao-le, CHANG Yu-ru, LIU Xia, <i>et al.</i> (4292)
Spatial Distribution, Source Analysis, and Health Risk Assessment of Metal Elements in Karst Water in Southeastern Chongqing	XIE Hao, ZOU Sheng-zhang, LI Jun, <i>et al.</i> (4304)
Mechanism of Salinization of Shallow Groundwater in Taocheng District, Hengshui City	HE Jin, ZHANG Huai-sheng, CAI Wu-tian, <i>et al.</i> (4314)
Assessment of Groundwater Contamination Risk in the Plain Area of Southern Turpan Basin	BAI Fan, ZHOU Jin-long, ZHOU Yin-zhu, <i>et al.</i> (4325)
Microbial Community Composition and Diversity in Metal Sulfide Mine Water Systems	DING Cong-cong, ZHU Xu-yan, ZHAO Xing-qing, <i>et al.</i> (4334)
Occurrence Characteristics of Microplastics in Baiyangdian Lake Water and Sediments	CHENG Xin-yu, YANG Li-hu, SONG Xian-fang (4344)
Analyzing the Pollution Sources and Mechanisms of Urban Rivers Based on Identifying the Molecular Signature of Dissolved Organic Matter	ZHU Yi, YE Jian-feng, SUN Xiao-nan, <i>et al.</i> (4353)
Occurrence and Fate of Steroid Hormones in Sewage Treatment Plants	LIU Yuan-yuan, FENG Hui, ZHANG Yun, <i>et al.</i> (4364)
Distribution, Source, and Ecological Risk Assessment of Persistent Organic Pollutants in Surface Sediments of Boao Coastal Waters	HAO Run-bo, FU Guo-wei, SONG Yan-wei, <i>et al.</i> (4374)
Content, Distribution, Source Analysis, and Risk Assessment of PAHs in Arable Soils of Taiyuan	WU Zhang-wei, DUAN Yong-hong, LIU Li-wen, <i>et al.</i> (4387)
Potential Ecological Risk Assessment and Source Analysis of Heavy Metals in Soil-crop System in Xiong'an New District	GUO Zhi-juan, LIU Fei, ZHOU Ya-long, <i>et al.</i> (4397)
Pollution Characteristics and Source Analysis of Heavy Metals in Soils in Yellow River Cultural Park Based on APCS-MLR and PMF Receptor Model	DUAN Hai-jing, MA Jia-yu, PENG Chao-yue, <i>et al.</i> (4406)
Pollution Characteristics, Source Analysis, and Risk Assessment of Heavy Metals in the Surrounding Farmlands of Manganese Mining Area	YU Gao, CHEN Fen, ZHANG Xiao-dong, <i>et al.</i> (4416)
Translocation, Accumulation, and Comprehensive Risk Assessment of Heavy Metals in Soil-Crop Systems in an Old Industrial City, Shizuishan, Ningxia, Northwest China	WANG Ying, DONG Ai-jun, YANG Jian-feng, <i>et al.</i> (4429)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Tetracycline Antibiotics (TCs) in Soil-Vegetable System with Soil Fertilized with Animal Manure	DING Dan, HUANG Xiao-yi, GU Jing-yi, <i>et al.</i> (4440)
Accumulation Pathway of Cd, Pb, and Zn in Chinese Cabbage under the Condition of Exogenous Pollution Superposition in High Geological Background Area	JIAN Huai-liang, LIU Hong-yan, MEI Xue, <i>et al.</i> (4448)
Effects of Combined Pollution of Microplastics and Lead on Maize Seed Germination and Growth	MA Gui, LIAO Cai-yun, ZHOU Yue, <i>et al.</i> (4458)
Application of Fe ₃ O ₄ /Mulberry Stem Biochar Effects on Soil Arsenic Species and Rice Arsenic Content	RUAN Lin-qiao, LIANG Mei-na, DING Yan-mei, <i>et al.</i> (4468)
Remediation Effect and Mechanism of Biochar in Combination with Nitrogen Fertilizer on Cd-contaminated Paddy Soil	ZHANG Li, LI Ru-xia, HE Yu-lei, <i>et al.</i> (4479)
Effects of Combined Application of Different Nitrogen Fertilizers and Biochar on Cadmium Uptake by Pakchoi (<i>Brassica chinensis</i> L.) in Cadmium Contaminated Soil	LI Ping, NIE Hao, LANG Man, <i>et al.</i> (4489)
Effect of Coconut Fiber Biochar and Its Nitrate Modification on Pb Passivation in Paddy Soils	HOU Zheng-wei, LI Jian-hong, LI Cai-sheng, <i>et al.</i> (4497)
Effects of Biochar Application on Physicochemical Properties and Bacterial Communities of Microplastic-contaminated Calcareous Soil	RAN Tai-shan, LONG Jian, LIAO Hong-kai, <i>et al.</i> (4507)
Effects of Modified Biochar-Supported Zero-Valent Iron on the Removal of Trichloroethylene and Responses of Microbial Community in Soil	LU Hai-nan, LI Peng, GUO Lin, <i>et al.</i> (4519)
Effects of Modified Distiller's Lees Biochar on Nutrients and Enzyme Activities in Purple Soil	YOU Le-lin, XIE Yong-hong, WANG Zi-fang, <i>et al.</i> (4530)
Biochar or Straw Substituting Chemical Fertilizer Increase the Risk of Phosphorus Loss in Subsurface Runoff in Sloping Farmland	LAI Jia-xin, DENG Hua, ZHU Hao-yu, <i>et al.</i> (4541)
Carbon Loss During Preparation and Aging of Sludge Livestock Manure Biochars	ZHANG Ying, ZHANG Chang-hao, ZHANG Xiu-fang, <i>et al.</i> (4554)
Effect of Chemical Fertilizer and Manure Combined with Biochar on Denitrification Potential and Denitrifying Bacterial Community in Rhizosphere Soil	XIE Jun, WANG Zi-fang, WANG Ying-yan, <i>et al.</i> (4565)
Soil Bacterial Community Structure and Function Prediction of Millet/Peanut Intercropping Farmland in the Lower Yellow River	LIU Zhu, NAN Zhen-wu, LIN Song-ming, <i>et al.</i> (4575)
Effects of Microbial Fertilizer on Physicochemical Properties and Bacterial Communities of Saline Soil Under Brackish Water Irrigation	LIU Yue, YANG Shu-qing, ZHANG Wan-feng, <i>et al.</i> (4585)
Remediation of Petroleum-contaminated Soil by Highly Efficient Oil-degrading Bacteria and Analysis of Its Enhancement Mechanism	YAO Zhen-xian, WANG Li-ping, LI Dan, <i>et al.</i> (4599)
Impacts of Land Use Intensification Level on Fluvio-aquic Cropland Soil Microbial Community Abundance and Necromass Accumulation in North China	LI Sheng-jun, SHENG Mei-jun, LI Gang, <i>et al.</i> (4611)
Pathway and Policy for China's Provincial Carbon Emission Peak	MIAO An-kang, YUAN Yue, WU Han, <i>et al.</i> (4623)
Carbon Offsetting Mechanism of China Province Based on Carbon Reduction Cost	ZHONG Shi-yu, ZHANG Xiao-min, WU Jia, <i>et al.</i> (4637)
Analysis on Change in Soil Organic Carbon Content of Farmland in Yangtze River Economic Belt Under Different Fertilizing Measures	LIU Xin-yu, LU Jiang, MENG Xuan, <i>et al.</i> (4647)
Multi-scenario Land Use Optimization and Carbon Storage Assessment in Northwest China	CHEN Ning, XIN Cun-lin, TANG Dao-bin, <i>et al.</i> (4655)
Analysis and Simulation of the Spatiotemporal Evolution of Habitat Quality and Carbon Storage in the Weiwei Dry Plateau Region of Shaanxi	GU Zhen-wei, LIU Jing, CHEN Yi, <i>et al.</i> (4666)
Impact of Climate Warming on Paddy Soil Organic Carbon Change in the Sichuan Basin of China	LI Ai-wen, SONG Liang-ying, RAN Min, <i>et al.</i> (4679)
Stoichiometric Imbalance of Abandoned Grassland Under Precipitation Changes Regulate Soil Respiration	WANG Jia-yi, WANG Xing, WANG Yuan-zhuo, <i>et al.</i> (4689)
Effects of Water-salt Environment on Freshwater Wetland Soil C, N, and P Ecological Stoichiometric Characteristics in the Yellow River Estuary Wetland	QIN Ji-fa, ZHANG Jia-peng, SANG Luan, <i>et al.</i> (4698)
Spatial Distribution of Soil Heavy Metals and Regional Control Strategies in China at Province Level	SHI Hang-yuan, WANG Peng, ZHENG Jia-tong, <i>et al.</i> (4706)
Comprehensive Review on Environmental Biogeochemistry of Nonylphenol and Suggestions for the Management of Emerging Contaminants	HONG Ya-jun, FENG Cheng-lian, XU Da-yong, <i>et al.</i> (4717)
Research Progress on Distribution Characteristics and Formation Mechanisms of Microplastics in the Environment	ZHANG Long-fei, LIU Yu-huan, RUAN Rong-sheng, <i>et al.</i> (4728)
Review on the Long-term and Short-term Effects of Biochar Addition on Soil Greenhouse Gas Emissions	ZHOU Yong-chun, WU Liu-lin, LI Dan-ying, <i>et al.</i> (4742)
Iron-based Bimetallic Catalysts for Persulfate Activation to Remove Antibiotics in Water: A Review	WEI Jian, ZHANG Xin-yi, GUO Zhuang, <i>et al.</i> (4751)
Analysis of the Environmental Risk of Livestock Manure Pollution and Resource Treatment Technology	AN Jing, DING Zi-ming, GAO Cheng-cheng, <i>et al.</i> (4764)