

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)

微咸水灌溉下微生物菌肥对盐渍土理化性质和细菌群落的影响

刘月¹, 杨树青^{1*}, 张万锋², 娄帅¹

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

摘要: 微生物菌肥改良盐渍土具有高效、绿色环保等优势, 同时施加微生物菌肥是安全利用微咸水的有效方式。试验基于河套灌区中度盐渍土, 以枸杞为指示植物, 在微咸水灌溉条件下设置施加不同微生物菌肥量 F1 (4 500 kg·km⁻²)、F2 (7 500 kg·km⁻²)、F3 (10 500 kg·km⁻²) 和无菌肥 (CK) 这 4 个处理, 研究枸杞 4 个关键生育期 (开花期、果实膨大期、盛果期和落叶期) 不同微生物菌肥施用量对土壤盐基离子、水分、pH 值、养分和细菌群落的影响。结果表明, 相较 CK, F1 仅显著降低了前 2 个生育期 Na⁺ 含量 ($P < 0.05$), 而 F2 和 F3 均显著降低全生育期 Na⁺ 含量 ($P < 0.05$), 平均降低 33.66% 和 57.98%; F3 显著提高了全生育期的土壤含水率 (MC)、有机质 (OM)、碱解氮 (AN) 和速效磷 (AP) 含量 ($P < 0.05$)。枸杞生育旺盛期, F3 的 Shannon 指数较 CK 提高了 4.41%; 土壤优势菌门为变形菌门、拟杆菌门和放线菌门, 优势菌属为鞘脂单胞菌属和假单胞菌属。研究区细菌群落最丰富的功能是化学异养和需氧化学异养, 平均相对丰度分别为 15.07% 和 13.16%, 施肥处理增加土壤细菌的几丁质分解功能和叶绿体功能, 其中 F2 的增加程度最高。典型相关分析 (CCA) 结果表明, MC、Na⁺ 和 OM 是影响细菌群落组成的重要因素, 相关性热图显示 MC 和浮霉菌门呈显著正相关 ($P < 0.01$), Gp6 和 AN 呈显著正相关 ($P < 0.01$)。相较 CK, F3 处理在生育期内增加了 Gp6 的相对丰度, 优化了群落结构。综上, 微咸水灌溉下施用 10 500 kg·km⁻² 的微生物菌肥 (F3 处理) 可显著降低土壤盐分、提高养分和改善土壤细菌群落结构多样性, 利于微咸水安全利用和维护土壤生态健康。

关键词: 微咸水灌溉; 微生物菌肥; 盐渍土改良; 细菌群落; 高通量测序

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)08-4585-14 DOI: 10.13227/j.hjkk.202210178

Effects of Microbial Fertilizer on Physicochemical Properties and Bacterial Communities of Saline Soil Under Brackish Water Irrigation

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

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

Abstract: The improvement of saline soil with microbial fertilizer has numerous advantages including high efficiency, green environmental protection, etc. At the same time, applying microbial fertilizer is an effective way to safely use brackish water. Based on the moderately saline soil in the Hetao irrigation area, four treatments of F1 (4 500 kg·km⁻²), F2 (7 500 kg·km⁻²), F3 (10 500 kg·km⁻²), and CK without microbial fertilizer were applied under brackish water irrigation using *Lycium barbarum* as the indicator plants. The aim was to study the effects of different microbial fertilizer application rates on soil ions, soil moisture content, pH value, nutrients, and bacterial community in four key growth stages of *L. barbarum* (flowering stage, fruit expansion stage, full fruit stage, and deciduous stage). The results showed that, compared with that in CK, F1 only significantly decreased Na⁺ content in the first two growth stages ($P < 0.05$), whereas F2 and F3 significantly decreased Na⁺ content in the whole growth period ($P < 0.05$), with an average reduction of 33.66% and 57.98%, respectively, and F3 significantly increased soil moisture content (MC), organic matter (OM), alkaline hydrolysis nitrogen (AN), and available phosphorus (AP) contents ($P < 0.05$) during the whole growth period. In the flourishing period of *L. barbarum*, the Shannon index of F3 increased by 4.41% compared with that of CK. The dominant bacterial phyla in the soil were Proteobacteria, Bacteroidetes, and Actinobacteria, and the dominant bacterial genera were *Sphingomonas* and *Pseudomonas*. The most abundant functions of bacterial communities in the study area were chemoheterotrophy and aerobic chemoheterotrophy, with an average relative abundance of 15.07% and 13.16%, respectively. The application of microbial fertilizer increased the chitinolysis function and chloroplast functions of soil bacteria, which F2 increased to the highest degree. Canonical correlation analysis (CCA) showed that MC, Na⁺, and OM were important factors affecting the composition of the bacterial community. The correlation heat map showed that MC was positively correlated with Planctomycetes ($P < 0.01$), and Gp6 was positively correlated with AN ($P < 0.01$). Compared with that in CK, the F3 treatment increased the relative abundance of Gp6 and optimized the community structure during the growth period. In conclusion, the application of 10 500 kg·km⁻² microbial fertilizer (F3 treatment) under brackish water irrigation could significantly reduce soil salinity, increase nutrients, and improve the diversity of the soil bacterial community structure, which is conducive to the safe utilization of brackish water and the maintenance of soil ecological health.

Key words: brackish water irrigation; microbial fertilizer; saline soil improvement; bacterial community; high-throughput sequencing

内蒙古河套灌区地处内陆干旱区, 降雨量少, 蒸发量大, 由于政策性引黄水量锐减^[1], 淡水资源十分紧缺。该区拥有丰富的地下微咸水资源, 合理开发利用地下微咸水资源已成为有效缓解灌区淡水资源供需矛盾的重要举措之一^[2], 但微咸水含有大量的

Na⁺ 和 Cl⁻ 等离子, 盐离子进入土壤会增加土壤容

收稿日期: 2022-10-18; 修订日期: 2022-11-04

基金项目: 国家自然科学基金项目 (52179037, 52069023)

作者简介: 刘月 (1995 ~), 女, 博士研究生, 主要研究方向为盐渍土资源利用与改良, E-mail: liuyue9565@163.com

* 通信作者, E-mail: nmndysq@126.com

重,降低孔隙度,使土壤通气透水性变差,易板结,pH 升高,降低土壤有机质含量^[3]. 土壤微生物参与了多种农业生态过程,如营养循环和有机物料腐解等,是衡量土壤肥力和土壤健康程度的重要指标^[4]. 咸水灌溉会减少土壤细菌数量^[5],降低酸杆菌门和放线菌门的相对丰度等,诸多研究结果认为,盐分对土壤微生物活性和群落结构均有不利影响^[6]. 不合理的微咸水灌溉引发的土壤次生盐碱化等问题制约着微咸水广泛应用,学者们采用施加生物炭、轮灌、活化微咸水及覆砂等多种措施降低微咸水的负效应^[3,7~9],使其在一定程度上可被安全利用,如何安全利用微咸水灌溉盐渍土成为当前的研究热点.

施加微生物菌肥是治理盐碱地的重要措施之一,在保护生态等方面优势明显. 微生物肥有益菌种可提高土壤有机质含量,降低盐碱土中盐分含量,改善盐碱土作物根际微环境. 某些微生物菌肥中含有的嗜盐微生物可在自身生长繁殖过程中大量消耗游离 Na^+ ,降低土壤中盐离子浓度^[10]. 土壤理化性质的改变势必会影响土壤微生物的变化. 张蕾等^[11]研究认为,施加土壤调理剂和微生物菌肥后土壤细菌群落多样性和丰富度增加;有研究表明,变形菌门和拟杆菌门相对丰度在施肥处理下增加^[12],李金花等^[13]提出施加菌肥可提高土壤中鞘氨醇单胞菌和芽孢杆菌属的相对丰度. 微咸水灌溉下微肥和稻草等可改良盐渍土^[14],降低微咸水负效应. 但微咸水灌溉下施不同量微生物菌肥对土壤微生物的影响鲜见报道,因此,阐明施用微生物菌肥对微咸水灌溉农田微生态的影响有重要的科学意义.

本研究以枸杞为指示植物,在微咸水灌溉下施加微生物菌肥,采用高通量测序方法,探究枸杞生育期内土壤细菌多样性、群落结构和功能对菌肥的响

应,揭示土壤环境因子与土壤微生物间关系,以期为河套灌区安全利用微咸水和维护生态健康提供重要的科学依据.

1 材料与方

1.1 研究区概况与试验设计

本试验于 2020 年 5 ~ 10 月在内蒙古河套灌区下游三湖河灌域的红卫试验基地(东经 $108^{\circ}45'$ ~ $109^{\circ}36'$,北纬 $40^{\circ}30'$ ~ $40^{\circ}40'$)展开. 研究区属中温带大陆性多风干旱气候,年平均降水量 270 mm,年平均蒸发量 2 383 mm,年平均气温 7.9°C ,无霜期 146 d,积温(大于 10°C) 3 200 $^{\circ}\text{C}$. 研究区西临新华支渠,南有二斗沟,具有良好的灌排条件. 土壤以灌淤土、盐土为主,颗粒组成为砂粒(0.05 ~ 2 mm)含量 17.53%、粉粒(0.002 ~ 0.05 mm)含量 73.40%和黏粒(<0.002 mm)含量 9.07%. 田间持水量为 30.26%(质量含水率/环刀法). 试验区 0 ~ 20 cm 土壤平均 EC 值为 $1.25\text{ mS}\cdot\text{cm}^{-1}$,属于中度盐渍土. 供试枸杞品种为宁杞 9 号,树龄 6 a,栽培密度为 $1\text{ m}\times 1\text{ m}$. 本试验开始前已连续开展多年微咸水田间灌溉试验(2012 ~ 2019 年),2020 年在枸杞生育期(5 月中旬、7 月上旬和 7 月末)采用当地地下微咸水(微咸水水质见表 1)进行灌溉,在枸杞关键生育期(6 月中旬)灌溉淡水,灌水量采用地方标准^[7]中数值,每次均灌溉 40 mm. 参照地方标准^[7]在 5 月一次性施入基肥:施氮肥量为 $37\,500\text{ kg}\cdot\text{km}^{-2}$,施磷肥量为 $30\,000\text{ kg}\cdot\text{km}^{-2}$,施钾肥量为 $22\,500\text{ kg}\cdot\text{km}^{-2}$,无追肥. 每次灌水前将枸杞株间和行间杂草拔掉,以保证枸杞田间水养充裕;灌后待土壤干燥,逐株修剪枸杞杂枝,保证枸杞养分主要供应果实. 在枸杞开花、果实膨大期等生育关键期采用机械化逐行逐株喷洒吡虫啉、阿维菌素,使枸杞免受虫害.

表 1 灌溉微咸水水质¹⁾

Table 1 Irrigation brackish water quality

项目	pH	电导率	CO_3^{2-}	HCO_3^{-}	Cl^{-}	SO_4^{2-}	Ca^{2+}	Mg^{2+}	$\text{K}^{+} + \text{Na}^{+}$	全盐量	总硬度	总碱度
数值	8.27	4.53	0	640.7	721.6	1 176.7	110.2	103.3	1 087.5	3 840	700.6	525.5

1) pH 无量纲,电导率单位为 $\text{mS}\cdot\text{cm}^{-1}$,其余单位为 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$

本试验设置 4 个处理,每个处理 3 次重复,12 个小区. 各小区随机布设,规格为 $2\text{ m}\times 10\text{ m}$. 小区行间设保护带,小区间用 120 cm 隔水板做地下防渗透隔离. 处理设置为:①不施加微生物菌肥,CK;②每次随灌水冲施 $4\,500\text{ kg}\cdot\text{km}^{-2}$ 微生物菌肥,F1;③每次随灌水冲施 $7\,500\text{ kg}\cdot\text{km}^{-2}$ 微生物菌肥,F2;④每次随灌水冲施 $10\,500\text{ kg}\cdot\text{km}^{-2}$ 微生物菌肥,F3. 微生物菌肥来自山东土秀才生物科技有限公司的不二菌

碳,该菌肥以腐植酸为底物,将微生物和腐植酸络合在一起,有效活菌数 $\geq 20\text{ 亿}\cdot\text{g}^{-1}$.

1.2 样品采集与处理

分别于枸杞的 4 个关键生育期(开花期:6 月 13 日;果实膨大期:7 月 8 日;盛果期:8 月 5 日;落叶期:10 月 24 日)在每小区取 0 ~ 20 cm 的土样,将土样烘干,过 1 mm 筛,用于土壤理化性质分析. 同时,在相同处理的 3 个小区内随机取 0 ~ 20 cm 土壤样

品,去除杂物和细根后充分混合成一份土样,将新鲜土样装入无菌自封袋,放入带冰的收纳盒并迅速带回实验室,每个生育期有4份土样(全年总计16份)用于16S高通量测序分析。

1.3 测定项目与方法

1.3.1 土壤理化性质测定

参照文献[15],采用烘干法测定土壤含水率(MC),采用电位法测定土壤pH值。参照鲍士旦^[16]的测定方法:采用重铬酸钾容量法-外加热法测定土壤有机质(OM);采用碱解扩散法测定碱解氮(AN);采用NaHCO₃浸提-钼锑抗比色法测定速效磷(AP)。《森林土壤水溶性盐分分析(LT/T 1251-1999)》测定八大离子含量(Na⁺ + K⁺、Mg²⁺、Ca²⁺、Cl⁻、SO₄²⁻、CO₃²⁻和HCO₃⁻,Na⁺ + K⁺中Na⁺含量占98%以上,全计为Na⁺^[17]),八大离子之和为土壤全盐量。

1.3.2 高通量测序

土壤细菌高通量测序委托上海生工生物工程有限公司完成。

(1)DNA提取 称取200~500 mg土壤样品,放入灭菌的2 mL离心管中,加入1×PBS溶液,振荡混匀,在转速10 000 r·min⁻¹室温离心3 min,弃置上层液体。倒置2 mL管于吸水纸上1 min,直至没有液体流出。采用E.Z.N.™ Mag-Bind Soil DNA Kit提取试剂盒进行DNA提取。

(2)PCR扩增16S rRNA基因 V3~V4区序列 采用引物341F(CCTACGGGNGGCWGCAG)和805R(GACTACHVGGGTATCTAATCC)进行扩增。扩增条件为94℃预变性3 min,94℃变性30 s,45℃退火20 s,65℃延伸30 s,5个循环;94℃延伸20 s,55℃退火20 s,72℃延伸30 s,20个循环。进一步采用匹配Illumina测序接头和标签引物扩增,采用生工琼脂糖回收试剂盒(cat:SK8131)对DNA进行回收。回收产物用Qubit 2.0定量,根据测得的DNA浓度,将所有样品按照1:1的比例进行混合,该混合样品可用于后续的测序。

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

行注释。

1.4 数据处理与分析

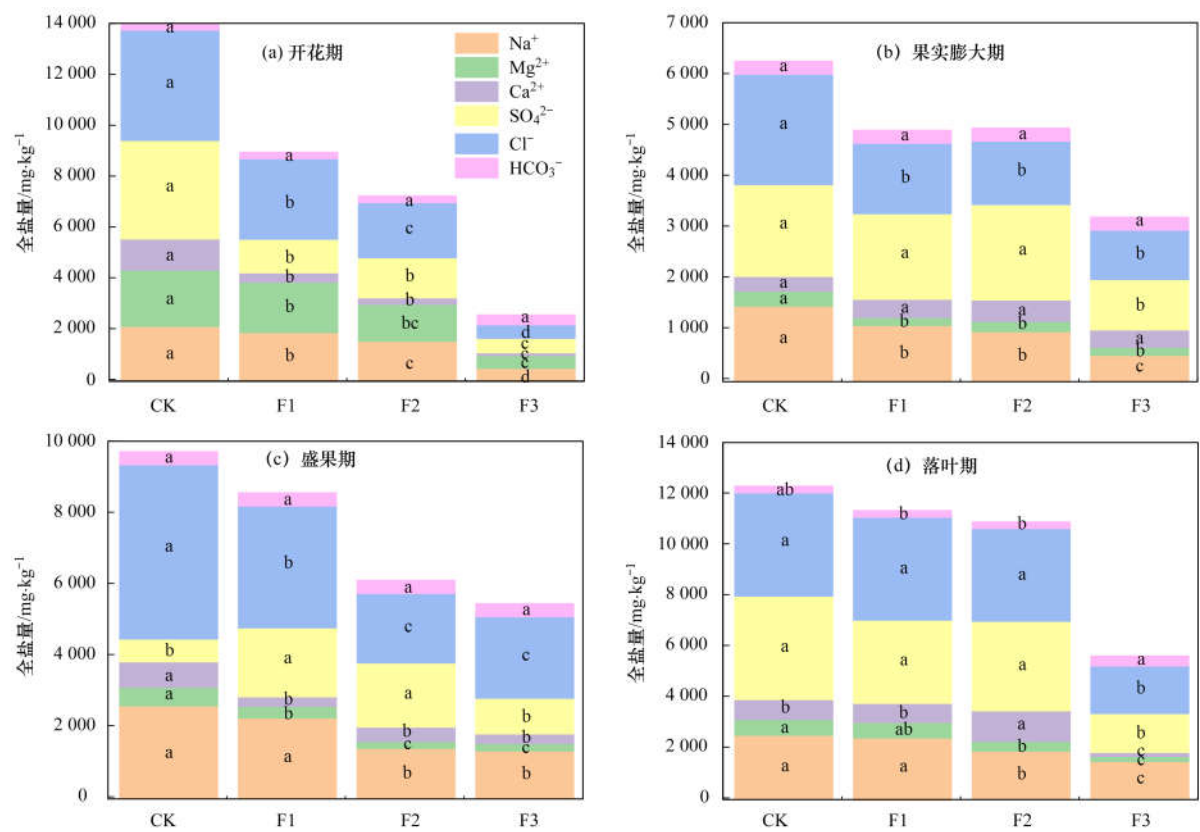
数据采用SPSS软件(version SPSS 25.0)进行方差分析,采用最小显著差异法(least significant difference, LSD)进行显著性检验,显著性水平为0.05。用Origin软件(version Origin 2018)绘制生育期内土壤全盐量和土壤细菌门水平和属水平相对丰度;用R4.2.0软件的VennDiagram和venn程序包绘制Venn图;用R4.2.0软件的vegan和ggplot2程序包基于Bray-Curtis变异系数进行β多样性分析及相似性分析(ANOSIM)。用R4.2.0的tidyverse和vegan程序包做DCA和CCA分析;用R4.2.0的psych和reshape2程序包进行Spearman相关性分析和绘制环境因子与细菌门水平和属水平的热图,用R4.2.0的pacman程序包进行聚类 and 绘制试验处理与微生物功能的热图。使用FAPROTAX数据库(<http://www.loucalab.com/archive/FAPROTAX>)来进行相关功能预测。

2 结果与分析

2.1 土壤盐分及养分含量变化

不同生育期内土壤盐离子含量如图1。4个生育期土壤全盐量平均值分别为8 211.16、4 804.91、7 436.17和9 998.18 mg·kg⁻¹,土壤表层全盐量在生育期内波动较大。全生育期内土壤全盐量随施加微生物菌肥量的增加而减少,相较CK, F1显著降低了开花期和果实膨大期的Na⁺含量($P < 0.05$),分别降低11.50%和26.61%, F2和F3均显著降低了全生育期的Na⁺含量($P < 0.05$),平均降低33.66%和57.98%。在全生育期内Na⁺随施肥量的增加而减少。相较CK, F1显著降低了枸杞生育旺盛期(开花期至盛果期)的Mg²⁺含量($P < 0.05$),平均降低42.83%, F2和F3均显著降低了全生育期的Mg²⁺含量($P < 0.05$),平均降低34.56%和64.39%。施肥处理(F1、F2和F3)显著降低了开花期和盛果期的Ca²⁺含量($P < 0.05$),相较CK降低了45.83%~89.80%。开花期,施肥处理均显著降低了SO₄²⁻含量($P < 0.05$),相较CK降低了59.50%~83.55%; F3在果实膨大期和落叶期显著降低了SO₄²⁻含量($P < 0.05$),分别降低46.07%和63.86%。枸杞生育旺盛期,施肥处理显著降低了Cl⁻含量($P < 0.05$),平均降低49.08%。和CK比,施肥处理平均降低了14.96%的HCO₃⁻含量,但不显著。

微咸水灌溉下施加微生物菌肥对盐渍化土壤水分、pH值及养分的影响如表2。与CK相比, F2和F3显著增加了全生育期的土壤MC、OM和AN含



不同小写字母表示不同处理差异达到显著水平($P < 0.05$)

图1 生育期内不同微生物菌肥施用量对土壤全盐量的影响

Fig. 1 Effects of different microbial fertilizer application rates on soil salt content during the growth period

表2 生育期内不同微生物菌肥施加量对土壤水、pH值和养分的影响¹⁾

Table 2 Effects of different microbial fertilizer application rates on soil moisture content, pH value, and nutrients during the growth period

生育期	处理	MC/%	pH	$\omega(\text{OM})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{AN})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\omega(\text{AP})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$
开花期	CK	$19.48 \pm 0.78\text{c}$	$7.85 \pm 0.020\text{a}$	$7.34 \pm 0.55\text{c}$	$57.57 \pm 0.47\text{c}$	$51.00 \pm 4.32\text{b}$
	F1	$20.47 \pm 0.21\text{c}$	$7.74 \pm 0.017\text{b}$	$10.91 \pm 0.82\text{b}$	$79.32 \pm 0.72\text{b}$	$60.00 \pm 4.28\text{b}$
	F2	$22.08 \pm 0.21\text{b}$	$7.56 \pm 0.044\text{c}$	$12.49 \pm 0.70\text{b}$	$89.55 \pm 0.28\text{b}$	$72.50 \pm 3.48\text{b}$
	F3	$25.59 \pm 0.14\text{a}$	$7.55 \pm 0.061\text{c}$	$16.83 \pm 1.28\text{a}$	$152.98 \pm 16.35\text{a}$	$130.00 \pm 18.04\text{a}$
果实膨大期	CK	$18.62 \pm 0.11\text{c}$	$7.57 \pm 0.052\text{a}$	$7.53 \pm 0.59\text{c}$	$44.78 \pm 2.54\text{c}$	$42.25 \pm 5.00\text{b}$
	F1	$18.72 \pm 0.13\text{c}$	$7.50 \pm 0.068\text{a}$	$11.73 \pm 1.07\text{b}$	$57.57 \pm 1.44\text{c}$	$47.00 \pm 5.31\text{b}$
	F2	$19.56 \pm 0.36\text{b}$	$7.45 \pm 0.102\text{a}$	$14.21 \pm 0.70\text{b}$	$83.71 \pm 5.42\text{b}$	$53.75 \pm 7.65\text{b}$
	F3	$20.74 \pm 0.20\text{a}$	$7.43 \pm 0.046\text{a}$	$17.98 \pm 1.33\text{a}$	$137.42 \pm 11.86\text{a}$	$81.67 \pm 4.23\text{a}$
盛果期	CK	$19.98 \pm 0.21\text{d}$	$7.65 \pm 0.042\text{a}$	$9.21 \pm 0.27\text{c}$	$32.41 \pm 3.98\text{c}$	$35.50 \pm 4.60\text{c}$
	F1	$20.46 \pm 0.13\text{c}$	$7.61 \pm 0.021\text{bc}$	$12.17 \pm 1.07\text{b}$	$44.78 \pm 2.33\text{c}$	$37.25 \pm 6.30\text{bc}$
	F2	$21.04 \pm 0.07\text{b}$	$7.50 \pm 0.074\text{bc}$	$15.31 \pm 0.24\text{a}$	$70.36 \pm 8.17\text{b}$	$51.00 \pm 4.82\text{b}$
	F3	$24.38 \pm 0.10\text{a}$	$7.45 \pm 0.044\text{c}$	$16.85 \pm 0.54\text{a}$	$96.59 \pm 7.72\text{a}$	$74.50 \pm 5.53\text{a}$
落叶期	CK	$21.59 \pm 0.05\text{d}$	$7.72 \pm 0.059\text{a}$	$7.18 \pm 0.27\text{d}$	$39.66 \pm 2.33\text{d}$	$10.40 \pm 1.55\text{c}$
	F1	$24.91 \pm 0.07\text{c}$	$7.63 \pm 0.051\text{ab}$	$11.50 \pm 0.57\text{c}$	$71.17 \pm 3.12\text{c}$	$11.90 \pm 1.40\text{c}$
	F2	$26.18 \pm 0.09\text{b}$	$7.53 \pm 0.059\text{bc}$	$12.93 \pm 0.33\text{b}$	$84.44 \pm 2.13\text{b}$	$26.50 \pm 3.75\text{b}$
	F3	$27.11 \pm 0.19\text{a}$	$7.44 \pm 0.035\text{c}$	$14.21 \pm 0.33\text{a}$	$115.14 \pm 8.55\text{a}$	$37.25 \pm 4.48\text{a}$

1) 同一生育期同列不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$)

量($P < 0.05$),显著降低了开花期、盛果期和落叶期的 pH 值($P < 0.05$);此外,F3 显著提高了全生育期的 AP 含量($P < 0.05$),F2 在果实膨大期提高了 AP,但未达到显著水平.F1 显著提高了全生育期的 OM($P < 0.05$),提高了全生育期的 MC、AN 和 AP,降低了土壤 pH 值.F1 处理下不同指标在部分

生育期达显著水平.

2.2 土壤细菌多样性

为了解盐渍化土壤细菌群落组成,通过对 97% 相似水平下的序列进行聚类,绘制出 Venn 图(图 2).微咸水灌溉下,不同生育期的 OTUs 总数在 5 392 ~6 655 之间.在开花期,CK、F1、F2 和 F3 的 OTUs

总数分别为3 007、3 877、4 109和4 830,特有 OTUs 数为 211、646、375 和 761,相较 CK,施肥处理均增加了 OTUs 总数和特有 OTUs 数,且 OTUs 总数随施肥量的增加而增加,说明施肥处理的物种种类增加.在果实膨大期,F3 特有 OTUs 数最多,高于 CK 的 32.09%.在盛果期,CK、F1、F2 和 F3 的 OTUs 总数分别为3 869、3 697、3 593和3 636,CK 的 OTUs 总数略高于其他施肥处理.在落叶期,F3 特有 OTUs 数

最多,为 593.说明较高的微生物菌肥施用量对细菌群落影响较大.

4 个处理中变形菌门(Proteobacteria)、浮霉菌门(Planctomycetes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)和放线菌门(Actinobacteria)是共有 OTUs 中的优势菌门,Synergistetes 是 F1 和 F2 所特有的菌门,Diapherotrites 是 F1 和 F3 所特有的菌门,Woeseearchaeota 是 F2 和 F3 所特有的菌门.

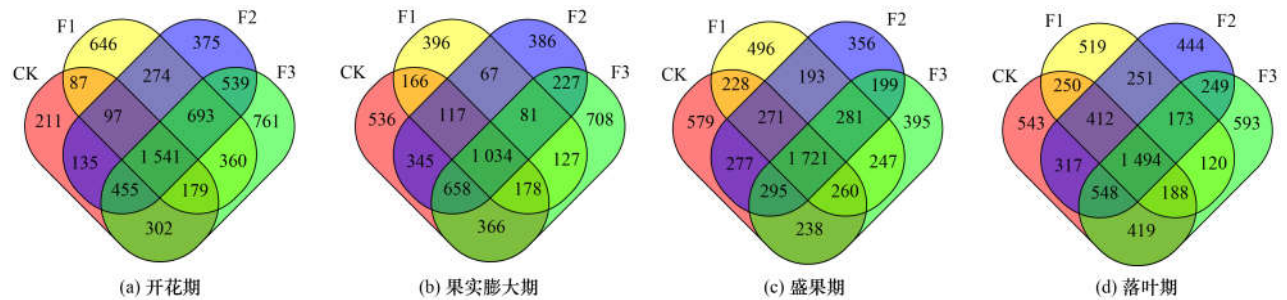


图 2 不同处理 OTUs 的韦恩图
Fig. 2 Venn diagram of OTUs with different treatments

表 3 为不同生育期微咸水灌溉下施肥处理的丰富度指数和多样性指数.在开花期,随菌肥量增加,Chao1 指数和 Shannon 指数呈增加趋势,其中 F3 的 Chao1 指数和 Shannon 指数较 CK 提高了 31.42% 和 9.27%.在果实膨大期至落叶期,相较 CK,仅有落叶期 F2 的 Chao1 指数高于 CK 的 0.50%,其他生育期其他处理的 Chao1 指数均低于 CK.尽管施肥处理不再增加丰富度指数(即 Chao1 指数),但在果实膨大期,F2 和 F3 处理的 Shannon 指数分别高于 CK 的 0.64% 和 2.86%,在盛果期,F1 和 F3 处理的 Shannon 指数分别高于 CK 的 0.94% 和 1.10%,多样性指数是物种丰富度和均匀度的综合指标,施肥处

理增加了多样性指数,说明施肥可能增加了某些菌属的数量.

对不同生育期微咸水灌溉下施肥处理的土壤微生物群落进行主坐标分析(PCoA).结果表明,在细菌β多样性中(图 3),PC1 轴和 PC2 轴的贡献率分别为 29.74% 和 12.57%,累计贡献率为 42.31%.生育期内不同微生物菌肥施加量下细菌群落组成存在显著差异(ANOSIM, $R=0.1814$, $P<0.05$).

2.3 土壤细菌群落组成

枸杞生育期内的土壤样品中共检测到 39 个门

表 3 枸杞不同生育期土壤细菌丰富度指数和多样性指数

Table 3 Richness index and diversity index of soil bacteria in different growth stages of <i>Lycium barbarum</i>			
枸杞生育期	施肥处理	丰富度指数 (Chao1)	多样性指数 (Shannon)
开花期	CK	2 960.99	6.26
	F1	3 273.43	6.35
	F2	3 810.27	6.63
	F3	3 891.40	6.84
果实膨大期	CK	2 509.67	6.29
	F1	1 841.02	4.94
	F2	2 392.56	6.33
	F3	2 444.67	6.47
盛果期	CK	3 151.52	6.39
	F1	2 941.57	6.45
	F2	3 009.24	6.08
	F3	2 968.00	6.46
落叶期	CK	3 100.81	6.70
	F1	2 768.35	6.24
	F2	3 116.37	6.36
	F3	2 984.17	6.67

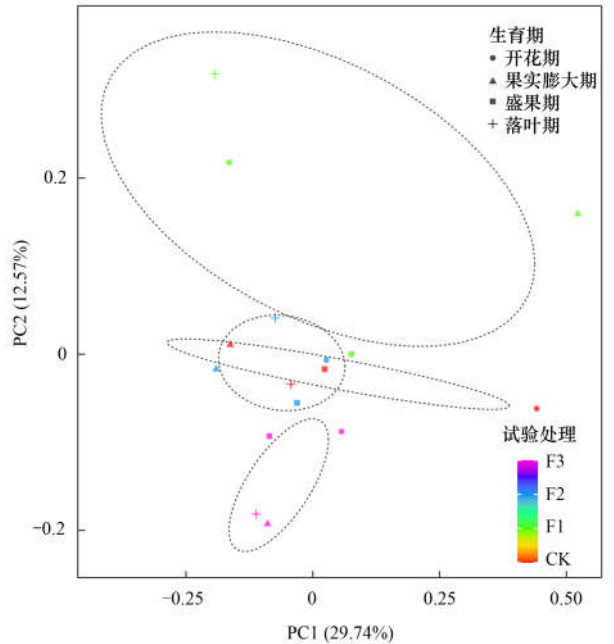


图 3 不同生育期施加微生物菌肥的土壤细菌 PCoA 分析
Fig. 3 PCoA analysis of soil bacteria in improvement treatments at different growth stages

类的细菌,微咸水灌溉下不同微生物菌肥施用量的土壤门水平细菌群落组成结构如图4. 平均相对丰度超过10%的细菌门类为优势门类,全生育期优势菌门种类未发生变化,本研究中优势菌群为变形菌门(33.21%~48.35%)、拟杆菌门(6.16%~19.45%)和放线菌门(4.88%~12.57%). 开花期施

肥处理的放线菌门相对丰度较CK增加了11.89%~42.02%,果实膨大期至落叶期,施肥处理的变形菌门相对丰度较CK增加了1.75%~16.27%,除盛果期,施肥处理的拟杆菌门相对丰度较CK降低了3.34%~61.28%.

土壤属水平细菌群落组成结构如图5. 全生育

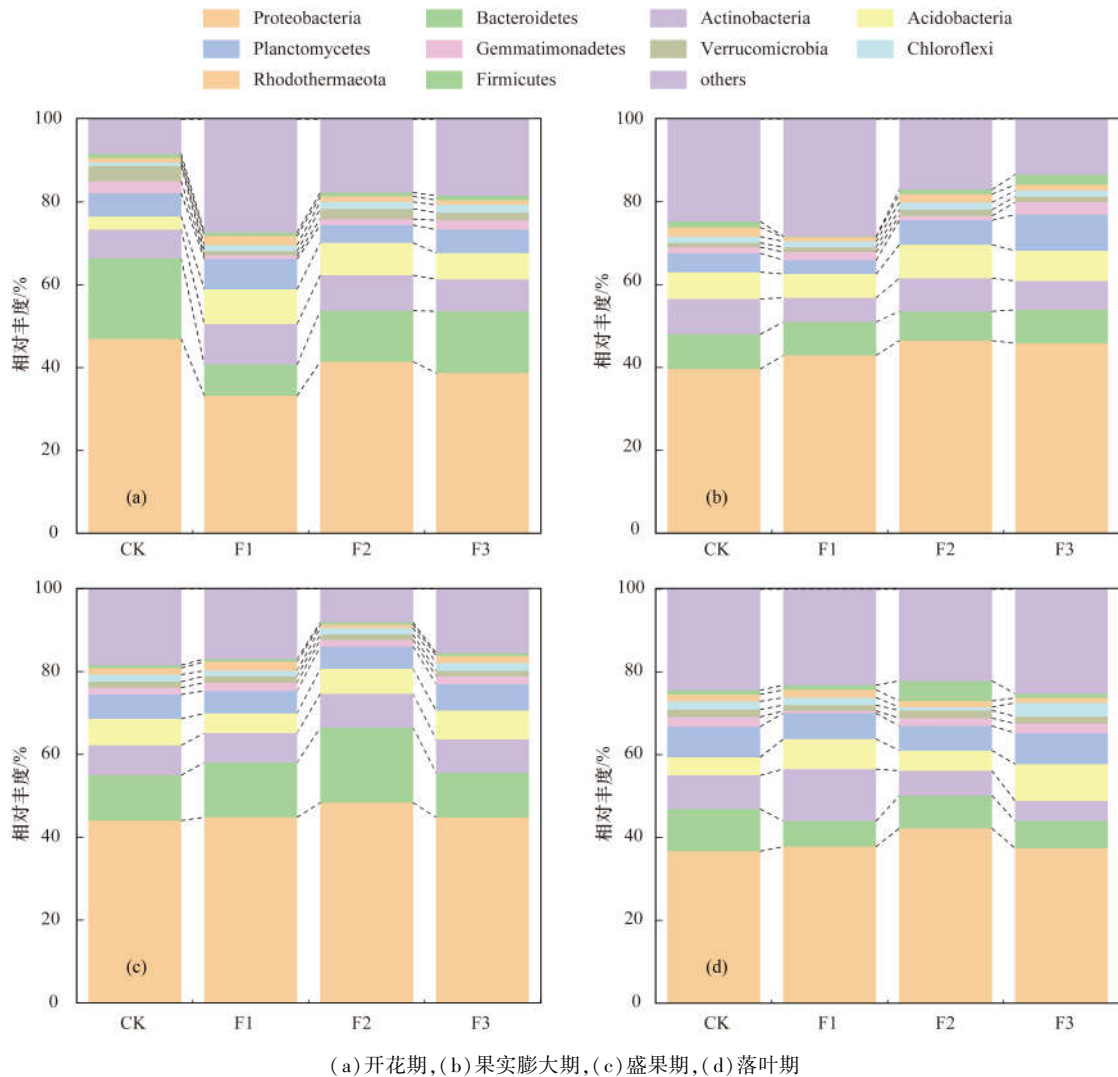


图4 不同处理在门水平的微生物相对丰度

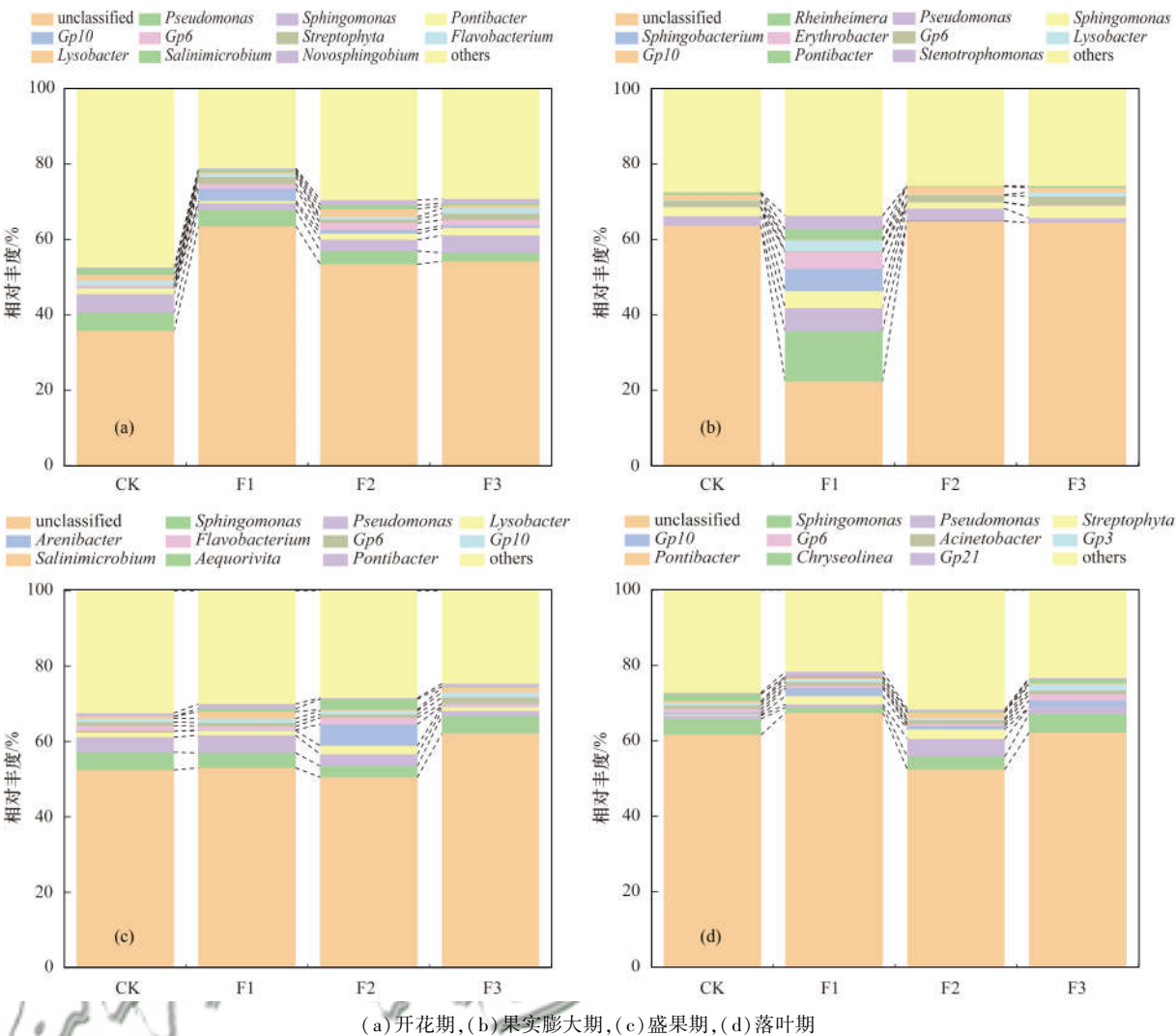
Fig. 4 Relative abundance of microorganisms at the phylum level for different treatments

期内所有处理均含有较高丰度的鞘氨醇单胞菌(*Sphingomonas*) (1.43%~4.93%)和假单胞菌属(*Pseudomonas*) (0.80%~6.10%). 在开花期, F1、F2和F3增加了新鞘氨醇杆菌(*Novosphingobium*)的相对丰度, 相较CK分别增加了68.91%、429.15%和391.92%; 在果实膨大期, F1处理含有较高丰度的莱茵海默氏菌属(*Rheinheimera*, 13.32%)、鞘氨醇杆菌(*Sphingobacterium*, 5.94%)、赤杆菌属(*Erythrobacter*, 4.45%)和寡养单胞菌属(*Stenotrophomonas*, 3.54%), 而CK、F2和F3处理含有以上菌属的相对丰度不到0.2%; 在盛果期, F2处理栖砂杆菌属(*Arenibacter*)的相对丰度为5.71%,

高于CK(0.01%)、F1(0.19%)和F2(0.17%). 此外, 相较CK, F3在4个生育期内均增加了*Gp6*的相对丰度, 平均增加102.73%; 在果实膨大期和盛果期, 相较CK, F1增加49.85%~429.36%的庞蒂杆菌属(*Pontibacter*)相对丰度; 在开花期和盛果期, 相较CK, F2增加39.91%~41.87%的溶杆菌属(*Lysobacter*)相对丰度.

2.4 土壤细菌FAPROTAX功能预测

本研究采用FAPROTAX对土壤细菌群落进行功能预测和注释, 共获得49种功能分组, 选择相对丰度大于0.1%的功能作为主要功能类群^[18], 共得到27个(图6). 微咸水灌溉下施加微生物菌肥后盐



(a) 开花期, (b) 果实膨大期, (c) 盛果期, (d) 落叶期
图 5 不同处理在属水平的微生物相对丰度

Fig. 5 Relative abundance of microorganisms at the genus level for different treatments

渍土细菌的功能主要包括化能异养(15.07%, 相对丰度,下同)和需氧化能异养(13.16%)。此外,本研究还观测到含量较高的 N 循环相关功能,有硝酸还原作用(1.03%)、硝化作用(0.84%)、氮呼吸(0.78%)和硝酸盐呼吸(0.77%)等。施肥处理降低了需氧化能异养功能的相对丰度,且随施肥量增多,该功能的相对丰度降低越多;F2 和 F3 降低了化能异养的相对丰度,分别降低了 CK 的 2.83% 和 20.99%。施肥处理增加了几丁质分解功能和叶绿体功能的相对丰度,其中 F2 的增加程度最高,分别增加了 CK 的 89.11% 和 301.30%。

2.5 土壤环境因子与细菌群落结构的相关性

对 OTUs 数据进行去趋势分析(DCA),结果显示排序轴的最大梯度长度为 4.14,选择线性模型中的典型相关分析(CCA)用于后续分析。土壤环境因子与 OTUs 水平细菌的 CCA 结果如图 7,第一主轴对门水平细菌群落方差变化的解释量为 17.41%,第二主轴的解释量为 14.87%,两轴共解释总变异的

32.28%。从图 7 可以看出,与第 1 排序轴相关性高的环境因子为 MC($r^2 = 0.5574$, $P < 0.01$)、 Na^+ ($r^2 = 0.4221$, $P < 0.05$)和 OM($r^2 = 0.3784$, $P < 0.05$),说明以上环境因子与细菌群落组成具有显著的相关性,是影响细菌群落组成的重要因素。

通过 Spearman 相关性热图分析土壤理化性质对不同处理土壤细菌门水平群落组成的影响,如图 8(a)。MC 与酸杆菌门(Acidobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi)呈显著正相关($P < 0.05$),与浮霉菌门呈显著正相关($P < 0.01$);AN 与酸杆菌门呈显著正相关($P < 0.05$)。Ca²⁺与酸杆菌门和绿弯菌门呈显著负相关($P < 0.05$),SO₄²⁻离子与酸杆菌门呈显著负相关($P < 0.05$),Mg²⁺与放线菌门和疣微菌门(Verrucomicrobia)呈显著正相关($P < 0.05$)。

通过 Spearman 相关性热图分析土壤理化性质对不同处理土壤细菌属水平群落组成的影响,如图 8(b)。鞘氨醇单胞菌与 HCO₃⁻呈显著正相关($P < 0.01$),亚硝化单胞菌(Streptophyta)与 HCO₃⁻呈显

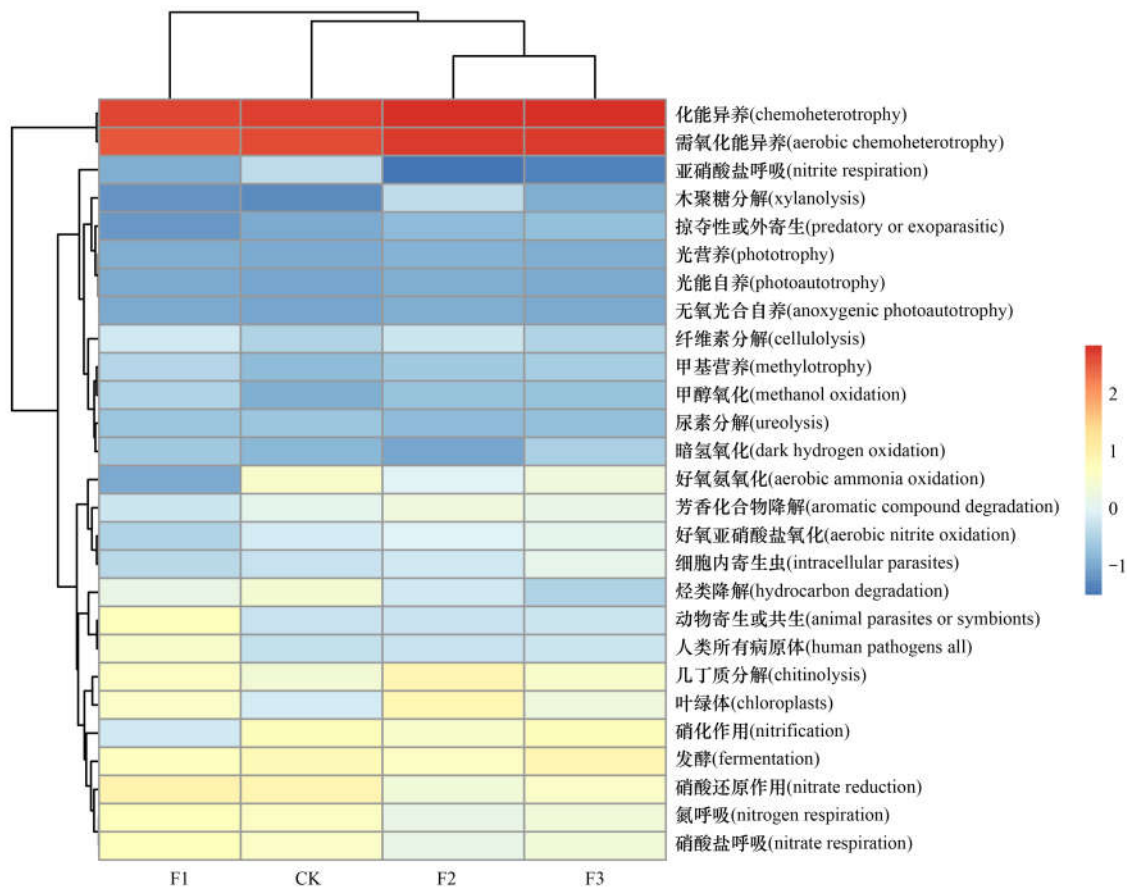


图 6 盐渍化土壤施加微生物菌肥后 FAPROTAX 功能预测 (相对丰度 >0.1%)

Fig. 6 Prediction of FAPROTAX function after application of microbial fertilizer in salinized soil (relative abundance >0.1%)

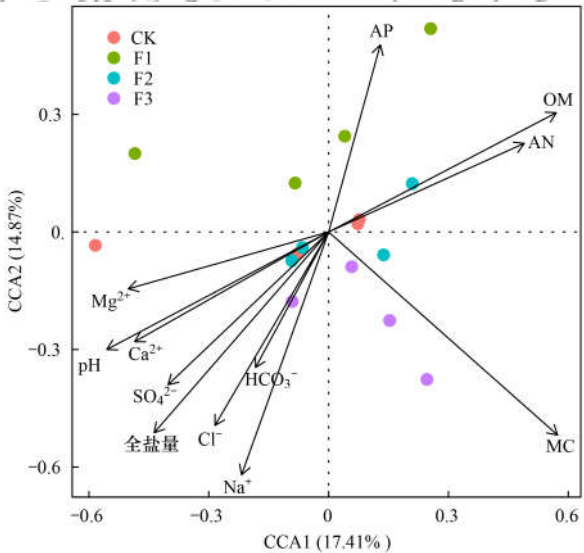


图 7 土壤细菌群落在 OTUs 水平与土壤环境因子的 CCA 分析

Fig. 7 CCA analysis of soil bacterial at the OTUs level with soil environmental factors

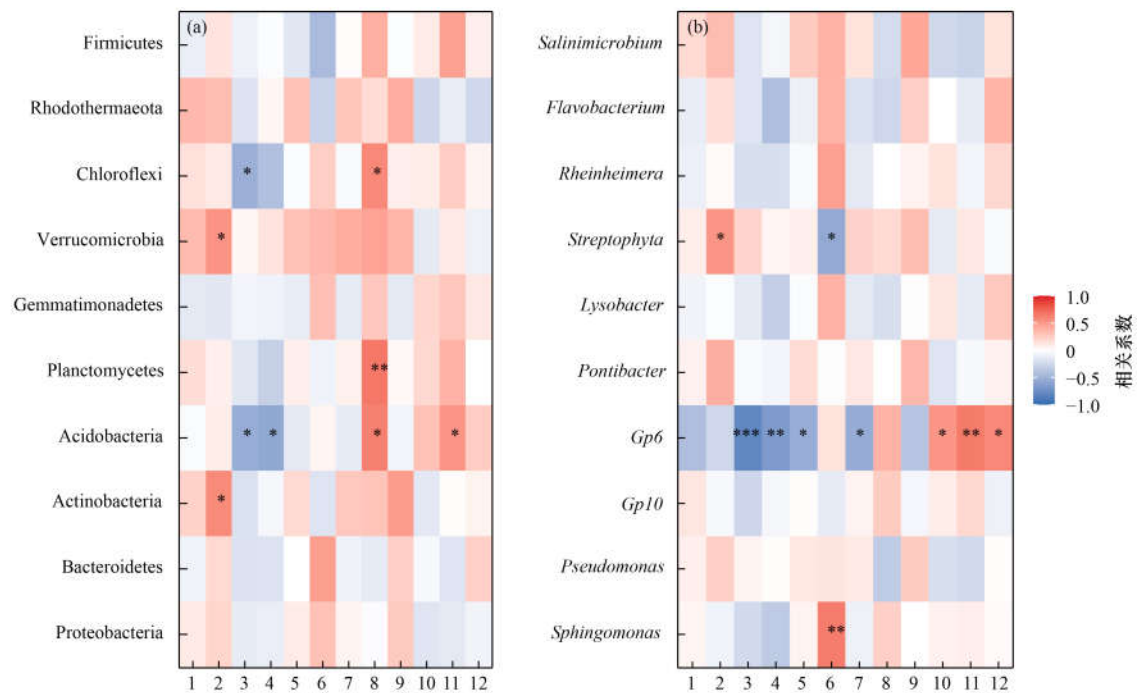
著负相关 ($P < 0.05$), 与 Mg^{2+} 呈显著正相关 ($P < 0.05$). $Gp6$ 与 Ca^{2+} 呈极显著负相关 ($P < 0.001$), 与 SO_4^{2-} 呈显著负相关 ($P < 0.01$), 与 Cl^- 和土壤全盐量呈显著负相关 ($P < 0.01$); $Gp6$ 与 AN 呈显著正相关 ($P < 0.01$), 与 AP 和 OM 呈显著正相关 ($P < 0.05$).

3 讨论

3.1 微生物菌肥对盐渍土水盐及养分的影响

本研究发现土壤全盐量在生育期内波动较大, 灌溉水质的不同导致了土壤全盐量的差异. 开花期至果实膨大期进行了一次淡水灌溉, 土壤全盐量明显下降; 而在果实膨大期至盛果期进行了两次微咸水灌溉, 此时微咸水中盐分被带入土壤, 增加了土壤盐分; 而盛果期至落叶期无灌溉, 土壤水分蒸发较大, 落叶期深层土壤盐分返回表层, 因此土壤全盐量有所增加.

不同微生物菌肥由于制作工艺和成分等不同而有所差异, 本文所使用的微生物菌肥除微生物菌种外, 还有大量的腐植酸. 腐植酸是一种带有负电的胶体, 能够吸附一价阳离子, 促进土壤团粒结构的形成, 增加土壤的通透性, 从而加快了土壤表层盐碱的淋溶和灌洗^[19], 故土壤全盐量随施肥量的增加而减少. 本研究发现, 施肥后土壤 Na^+ 含量显著降低, 开花期和盛果期的 Ca^{2+} 含量显著降低, 这是因为微生物菌肥中的腐植酸有促进土壤中 Ca^{2+} 溶解的作用, 从而利于 Na^+ 置换及盐分淋洗^[20], 因此, Na^+ 含量随施肥量的增加而减少. 另外, 微生物菌肥施入土壤



(a) 门水平, (b) 属水平; 1. Na^+ , 2. Mg^{2+} , 3. Ca^{2+} , 4. SO_4^{2-} , 5. Cl^- , 6. HCO_3^- , 7. 全盐量, 8. MC, 9. pH, 10. OM, 11. AN, 12. AP; X 轴和 Y 轴分别为环境因子和细菌菌群, 通过计算获得相关性 R 值和 P 值; * 表示 $0.01 < P < 0.05$, ** 表示 $0.001 < P < 0.01$, *** 表示 $P < 0.001$

图 8 环境因子与细菌群落组成 Spearman 相关性热图

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

后,其中的腐殖酸可与土壤中 Ca^{2+} 结合,生成 Ca-P 沉淀^[21],降低了 Ca^{2+} 含量,并可能与 Cl^- 形成络合物,改变其形态,降低土壤中 Cl^- 含量^[22]. 微生物菌肥中腐植酸可促进团聚体形成,增加土壤孔隙度,吸收了如 SO_4^{2-} 等大量离子^[23],也大量吸收了 Mg^{2+} .

本研究发现,微咸水灌溉下施加微生物菌肥可提高 MC、OM、AN 和 AP,降低 pH 值. 微生物菌肥所含的腐植酸具有疏松多孔的特性,可提高土壤渗透性,使更多的水被吸持在土壤孔隙里,减少蒸发. 腐植酸由酸性有机物胡敏酸和富里酸组成,含有羧基、羟基等含 H 官能团,可降低 pH 值,但其降低 pH 效果在果实膨大期并不显著,可能是因为降盐过程中,土壤中 Na^+ 与土壤胶体中 Ca^{2+} 和 Mg^{2+} 相交换,使土壤胶体吸附较多的交换性钠,土壤呈强碱反应^[20]. 腐植酸可有效提升土壤有机质和速效养分的含量^[24],因为腐植酸本身是一种有机改良剂,施入土壤后一方面增加了土壤有机质含量,另一方面为微生物提供了更多碳源,对土壤有机质的分解产生了激发效应^[25]. 腐植酸分子中丰富的活性官能团可与尿素有机结合,对氮素起缓释增效作用^[26]. 腐植酸吸附土壤中游离的磷离子后形成络合物,避免了养分流失,提高了 AP 含量^[27]. 此外,腐植酸可活化土壤磷素,改良盐碱土磷素供应,促进作物对磷的吸收利用^[28]. 说明在微咸水灌溉下,增施含有腐植酸

的微生物菌肥对土壤保持肥力有积极意义.

3.2 微生物菌肥对土壤细菌群落结构的影响

土壤理化性质的改变势必会影响微生物群落结构. 本研究发现,在枸杞生育期内所有处理的优势菌门均为变形菌门、拟杆菌门和放线菌门,但 3 种优势菌门在丰度上有着一定的差异. 施加微生物菌肥提高了变形菌门和放线菌门的相对丰度,降低了拟杆菌门的相对丰度. 本试验中施加菌肥显著提高了土壤有机质含量,变形菌门是富营养细菌^[29],因而变形菌门的相对丰度增加,与王国丽等^[12]研究的结果一致. 尽管李金花等^[13]研究认为施用球毛壳 ND35 微生物菌剂使变形菌门的相对丰度下降,但 α -变形菌纲和 δ -变形菌纲的相对丰度显著上升,其认为两类变形菌纲的增加与土壤养分含量较高有关. 微生物菌肥降低了土壤盐分,拟杆菌门与盐分呈正相关^[12,27],因而施肥降低了拟杆菌门相对丰度. 土壤放线菌在有机质的分解中占主导地位,参与有机质分解和腐殖质形成分解过程^[30],本试验中施加的微生物菌肥以腐植酸为底物,故放线菌门增加,这与李金花等^[13]研究的结果相似.

本研究发现,全生育期内不同处理均含有较高丰度的鞘氨醇单胞菌和假单胞菌属,两者都是盐碱地常见的优势菌属^[31,32]. 试验田常年在作物生育期前施有机肥做为底肥,有机肥补充了土壤的碳库和

氮库,从而刺激了变形菌门中鞘脂单胞菌属相对丰度的增加^[6],此外,鞘脂单胞菌属于变形菌,其适应性强且能分解复杂的有机物,在含盐量较高的土壤中有较强的适应能力^[33].假单胞菌属具有促生、固氮和生物防治等功能特性^[34],可迅速分解土壤中腐殖质^[35].本研究施用的微生物菌肥中含有大量腐植酸,因而有较多的假单胞菌属.除鞘氨醇单胞菌和假单胞菌属,不同生育期的优势菌属有所差异,体现了微生物生态的复杂变化.施肥处理增加了开花期新鞘氨醇杆菌的相对丰度,其中 F2 处理相较 CK 增加最多,新鞘氨醇杆菌属普遍具有降解芳烃化合物的特性,改善土壤质量的同时促进植物生长,对生物修复有重要价值^[36].在果实膨大期, F1 处理含有较高丰度的寡养单胞菌,有利于分解土壤有机质、促进碳循环和养分转化吸收^[37]; F1 还增加了的莱茵海默氏菌属、赤杆菌属丰度,寡养单胞菌、莱茵海默氏菌属和赤杆菌属同属于变形菌门,其变化与变形菌门的相对丰度变化对应一致.施加微生物菌肥会增加多个生育期 *Gp6*、庞蒂杆菌属和溶杆菌属的相对丰度.相较 CK, F3 在 4 个生育期内均增加 *Gp6* 的相对丰度,平均增加 102.73%. *Gp6* 属于酸杆菌门,其相对丰度和 pH 呈负相关(图 8),因此施肥会增加 *Gp6*,但王慧颖等^[38]研究结果表明 *Gp6* 和 pH 值呈极显著正相关.分析原因为二者研究区土壤性质不同,王慧颖等^[38]的研究区为东北黑土,呈酸性(pH < 7),本研究区土壤为河套灌区盐渍土,土壤呈碱性(pH > 7);相较 CK, F1 增加了果实膨大期和盛果期的庞蒂杆菌属, F2 增加了开花期和盛果期的溶杆菌属.庞蒂杆菌属具有耐盐特性^[39],溶杆菌属具有拮抗多种植物病原菌功能,同时溶杆菌属具有固氮功能^[40],施加微生物菌肥使其丰度提高,说明微生物菌肥改善了土壤结构,增加了有益菌属(图 2).以上结果说明,不同微生物菌肥施用量会增加不同土壤优势菌属.

3.3 微生物菌肥对土壤细菌功能的影响

土壤细菌群落的变化必然导致菌群功能的改变,了解土壤菌群功能有助于土壤改良与修复^[41].FAPROTAX 数据库是基于可培养菌的文献证据整理的原核生物功能注释数据库,可较好地预测环境样本中的原核生物的生物化学循环过程^[42].本研究发现,研究区细菌群落最丰富的功能是化学异养和需氧化学异养,这是因为研究区含有较高丰度的变形菌和酸杆菌,这些菌群具有化学异养的功能^[43].变形菌门的许多细菌为共营养细菌^[18],既是优势菌门也是关键类群.胡愈炘等^[44]认为异养是大多数细菌的主要营养方式,与本研究观点类似.本研究发现

多种与氮循环相关的功能,说明研究区土壤氮循环较为重要.硝酸盐还原功能较强,可将土壤中硝酸盐还原为铵态氮,减少土壤氮的流失^[41].本研究得出,随微生物菌肥量增加需氧化能异养功能的相对丰度降低,同时 F2 和 F3 处理降低了化能异养功能的相对丰度.施肥降低两种相对丰度较高的细菌功能可能是因为它增加了其他功能(如几丁质分解功能和叶绿体功能).施加微生物菌肥能够促进团聚体形成,大团聚体含有较多的不稳定的碳,这部分碳能够刺激多为共营养型的几丁质分解菌的生长^[18].此外,施肥增加了叶绿体功能,说明利于植物光合作用.

3.4 土壤环境因子与细菌群落的关系

土壤细菌是土壤中活性很强的微生物,其生长活动易受到外界因素影响.环境因子对土壤微生物的丰度、多样性和功能有显著影响,是土壤微生物群落组成的重要影响因素^[45].He 等^[46]研究指出,影响黄河三角洲土壤微生物的主要因素有 MC,有研究表明 OM 等是影响细菌群落结构的主要环境因子^[45,47],张广帅等^[48]研究表明,Na⁺、K⁺和 Ca²⁺等盐基离子是影响小凌河口湿地微生物群落的主要因素,以上研究的结果与本研究并不完全一致.本研究 CCA 结果表明,驱动盐渍土细菌群落结构变化的主要因素有 MC、Na⁺和 OM.土壤细菌群落结构显著受 MC 影响^[49],对 MC 的变化敏感,通常认为增加水分含量会降低微生物丰度和生物活性,影响微生物群落组成和多样性^[50].

张仲富等^[50]和魏艳晨等^[51]研究认为酸杆菌门和 MC 呈负相关,这与本研究的结果存在差异,本研究和闫海冰等^[52]研究认为,酸杆菌门和 MC 呈正相关.这可能是因为研究区土壤条件不同,张仲富等^[50]和魏艳晨等^[51]的研究区为湿地和荒漠草原,而闫海冰等的研究区土壤含有 10 cm 厚的腐殖质层,本研究施加了含有腐植酸的微生物肥料,土壤中都含有较多腐植酸,因而得出同样的结论.此外,MC 增加利于土壤盐分随水分流动,进而将盐分排出土壤,利于盐碱地改良,表现为酸杆菌门增加^[53].同样地,施加含腐植酸的微生物菌肥提高浮霉菌门和绿弯菌门的相对丰度^[27],同时提高 MC(表 2),使得浮霉菌门和绿弯菌门均与 MC 呈显著正相关.此外,浮霉菌可以净化和改善土壤水环境^[54],王树梅等^[55]同样得出浮霉菌门与 MC 呈显著正相关.本研究认为酸杆菌门与 AN 呈显著正相关,而 Zhou 等^[56]研究认为酸杆菌门和氮含量呈负相关,可以是由于不同的酸杆菌亚群对氮素的响应不同,进而影响酸杆菌门细菌在土壤中的整体相对丰度^[57],在本研究中

酸杆菌门的亚群 *Gp6* 与 AN 呈显著正相关,这与贾远航等^[58]研究的结果一致。

本研究得出 Ca^{2+} 与酸杆菌门和绿弯菌门呈显著负相关,酸杆菌门和绿弯菌门均为利于盐渍土改良的有益菌门,绿弯菌门是重要的根际微生物,可以专门降解根际古老土壤有机质^[59],具有耐贫瘠和抗寒性的特点^[60],酸杆菌门细菌可分解植物残体,改善土壤碳循环系统^[61]。 Ca^{2+} 与有益菌门呈显著负相关,说明增加盐渍土有益菌门的同时利于降低土壤盐离子。类似地,本研究得出 SO_4^{2-} 离子与酸杆菌门呈显著负相关,这与何玉实等^[62]基于土壤盐分较高的干旱半干旱地区研究的结果相似。

4 结论

相较仅微咸水灌溉(CK),生育期内微生物菌肥施用量为 $10\,500\text{ kg}\cdot\text{km}^{-2}$ 时(F3 处理)显著降低了全生育期土壤 Na^+ 含量($P < 0.05$),同时显著提高全生育期土壤 MC、OM、AN 和 AP 含量。不同微生物菌肥施用量均会增加不同土壤优势菌属,如新鞘氨醇杆菌等;施加微生物菌肥会增加土壤细菌的几丁质分解和叶绿体等功能。细菌群落与土壤理化性质相关性分析揭示了土壤 MC、 Na^+ 和 OM 是影响细菌群落组成的重要因素,相关性热图显示 *Gp6* 和 AN 呈显著正相关($P < 0.01$)。相较 CK, F3 处理在生育期内增加了 *Gp6* 的相对丰度,施加微生物菌肥优化了群落结构。因此,微咸水灌溉条件下施用微生物菌肥是一种适宜河套灌区盐渍土的微咸水安全利用方式,本研究推荐微生物菌肥用量为 $10\,500\text{ kg}\cdot\text{km}^{-2}$ 。

参考文献:

- [1] 史海滨,杨树青,李瑞平,等. 内蒙古河套灌区水盐运动与盐渍化防治研究展望[J]. 灌溉排水学报, 2020, **39**(8): 1-17.
- [2] 鄂继芳,杨树青,娄帅,等. 井渠轮灌下秸秆还田对土壤含盐量与玉米产量的影响[J]. 农业机械学报, 2021, **52**(12): 336-345, 367.
- [3] 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.
- [4] 张济世,刘春增,郑春风,等. 紫云英还田与化肥减量配施对稻田土壤细菌群落组成和功能的影响[J]. 环境科学, 2023, **44**(5): 2936-2944.
- [5] 闵伟,侯振安,冶军,等. 长期咸水滴灌棉田土壤微生物活性及群落功能多样性[J]. 生态学杂志, 2014, **33**(11): 2950-2958.
- [6] 周永学,陈静,李远,等. 棉秆还田对咸水滴灌棉田土壤酶活性和细菌群落结构多样性的影响[J]. 环境科学, 2022, **43**(4): 2192-2203.
- [7] DB15T 1018-2016, 盐碱土壤枸杞咸淡水轮灌技术规程[S].
- [8] Sun Y, Wang C H, Mi W T, et al. Effects of irrigation using activated brackish water on the bacterial community structure of rhizosphere soil[J]. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 2022, doi: 10.1007/s42729-022-01003-7.
- [9] 谭军利,王西娜,田军仓,等. 不同微咸水灌水量条件下覆砂措施对土壤水盐运移的影响[J]. 农业工程学报, 2018, **34**(17): 100-108.
- [10] 王启尧,赵庚星,李涛,等. 滨海盐渍麦田施用微生物菌肥的降盐效果及冬小麦长势响应[J]. 中国农学通报, 2021, **37**(24): 60-66.
- [11] 张蕾,吴文强,王维瑞,等. 土壤调理剂及其配施微生物菌肥对设施菜田次生盐渍化土壤改良效果研究[J]. 中国土壤与肥料, 2021, (3): 264-271.
- [12] 王国丽,张晓丽,张晓霞,等. 施用功能微生物菌剂对重度盐碱地向日葵生长及土壤微生物的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2021, (5): 133-139.
- [13] 李金花,高克祥,万利,等. 微生物菌剂对楸树幼苗生长及根际土壤细菌群落结构的影响[J]. 生态学报, 2020, **40**(21): 7588-7601.
- [14] Li J H, Gao K X, Wan L, et al. Effects of microbial agent on the growth of *Catalpa bungei* seedlings and the diversity of bacterial community in rhizosphere soil[J]. Acta Ecologica Sinica, 2020,
- [15] Shi H B, Yang S Q, Li R P, et al. Soil water and salt movement and soil salinization control in Hetao Irrigation District: current state and future prospect[J]. Journal of Irrigation and Drainage, 2020, **39**(8): 1-17.
- [16] E J F, Yang S Q, Lou S, et al. Effects of straw returning to field on soil salinity content and maize yield under alternate irrigation of canal-well[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2021, **52**(12): 336-345, 367.
- [17] Wang Q Y, Zhao G X, Li T, et al. Microbial fertilizers application in coastal saline wheat field: the salt-reducing effect and the growth response of winter wheat[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2021, **37**(24): 60-66.
- [18] Zhang L, Wu W Q, Wang W R, et al. Study on the effect of soil conditioner and combined application with microbial fertilizer on the improvement of secondary salinized soil in vegetable field[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2021, (3): 264-271.
- [19] Wang G L, Zhang X L, Zhang X X, et al. Effects of applying functional microbial agents on sunflower growth and soil microorganism in severe saline alkali soil[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2021, (5): 133-139.

- 40(21): 7588-7601.
- [14] Liu Y H, Zhou S M, Sun J P, *et al.* Optimum combination of soil amendments under drip irrigation with different water sources in coastal areas of East China[J]. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 2018, **16**(3), doi: 10.5424/sjar/2018163-13165.
- [15] 中国土壤学会农业化学专业委员会. 土壤农业化学常规分析方法[M]. 北京: 科学出版社, 1983.
- [16] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [17] 王瑞萍, 万核洋, 陈帅, 等. 河套灌区乌拉特灌域春季土壤盐碱化空间分布特征[J]. *农业工程学报*, 2021, **37**(15): 105-113.
Wang R P, Wan H Y, Chen S, *et al.* Spatial distribution pattern of soil salinization in farmland of Wulate sub-irrigation areas in Hetao Irrigation District in Inner Mongolia in spring [J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2021, **37**(15): 105-113.
- [18] 肖筱怡, 靳振江, 冷蒙, 等. 岩溶与非岩溶区水稻土团聚体细菌群落结构和功能类群比较[J]. *环境科学*, 2022, **43**(7): 3865-3875.
Xiao X Y, Jin Z J, Leng M, *et al.* Comparison of bacterial community structure and functional groups of paddy soil aggregates between karst and non-karst areas[J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(7): 3865-3875.
- [19] Calvo P, Nelson L, Kloepper J W. Agricultural uses of plant biostimulants[J]. *Plant and Soil*, 2014, **383**(1-2): 3-41.
- [20] 高惠敏, 王相平, 屈忠义, 等. 不同改良剂对河套灌区土壤盐碱指标及作物产量的影响研究[J]. *土壤通报*, 2020, **51**(5): 1172-1179.
Gao H M, Wang X P, Qu Z Y, *et al.* Effects of different soil amendments on salinity index and crop yield in the irrigation area of Hetao[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2020, **51**(5): 1172-1179.
- [21] Perassi I, Borgnino L. Adsorption and surface precipitation of phosphate onto CaCO_3 -montmorillonite: effect of pH, ionic strength and competition with humic acid[J]. *Geoderma*, 2014, **232-234**: 600-608.
- [22] 于晓东, 郭新送, 陈士更, 等. 腐植酸土壤调理剂对黄河三角洲盐碱土化学性状及小麦产量的影响[J]. *农学报*, 2020, **10**(11): 25-31.
Yu X D, Guo X S, Chen S G, *et al.* Humic acid soil conditioner: effects on chemical properties of saline-alkali soil and wheat yield in the Yellow River Delta [J]. *Journal of Agriculture*, 2020, **10**(11): 25-31.
- [23] 魏兆辉, 武均, 蔡立群, 等. 不同改良措施对甘肃邓马营湖盐碱区农田土壤水溶性离子的影响[J]. *中国土壤与肥料*, 2021, (5): 156-162.
Wei Z H, Wu J, Cai L Q, *et al.* Effects of different improvement measures on water-soluble ions of farmland soil in the saline-alkali area of Dengmaying Lake, Gansu province[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2021, (5): 156-162.
- [24] Li Y, Fang F, Wei J L, *et al.* Humic acid fertilizer improved soil properties and soil microbial diversity of continuous cropping peanut: a three-year experiment[J]. *Scientific Reports*, 2019, **9**(1), doi: 10.1038/s41598-019-48620-4.
- [25] 王倩姿, 王玉, 孙志梅, 等. 腐植酸类物质的施用对盐碱地的改良效果[J]. *应用生态学报*, 2019, **30**(4): 1227-1234.
Wang Q Z, Wang Y, Sun Z M, *et al.* Amelioration effect of humic acid on saline-alkali soil[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2019, **30**(4): 1227-1234.
- [26] 刘增兵, 赵秉强, 林治安. 腐植酸尿素氨挥发特性及影响因素研究[J]. *植物营养与肥料学报*, 2010, **16**(1): 208-213.
Liu Z B, Zhao B Q, Lin Z A. Ammonia volatilization characteristics and related affecting factors of humic acid urea [J]. *Plant Nutrition and Fertilizer Science*, 2010, **16**(1): 208-213.
- [27] 孙世君, 马博, 王逸轩, 等. 腐殖酸对盐胁迫下温室黄瓜根际土壤养分及微生物群落结构的影响[J]. *北方园艺*, 2022, (5): 83-90.
Sun S J, Ma B, Wang Y X, *et al.* Effects of humic acid on soil nutrients and microbial community structure of greenhouse cucumber rhizosphere under salt stress [J]. *Northern Horticulture*, 2022, (5): 83-90.
- [28] Turgay O C, Karaca A, Unver S, *et al.* Effects of coal-derived humic substance on some soil properties and bread wheat yield [J]. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, 2011, **42**(9): 1050-1070.
- [29] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. *Ecology*, 2007, **88**(6): 1354-1364.
- [30] 张雅丽, 郭晓明, 胡慧, 等. 牛粪还田对土壤微生物群落特征的影响[J]. *环境科学*, 2023, **44**(3): 1792-1800.
Zhang Y L, Guo X M, Hu H, *et al.* Effects of cow manure application on soil microbial community in the farmland [J]. *Environmental Science*, 2023, **44**(3): 1792-1800.
- [31] 杨惠婷, 冷小云, 石春芳. 盐碱化土壤细菌群落研究进展[J]. *环境科学与技术*, 2021, **44**(6): 230-236.
Yang H T, Leng X Y, Shi C F. Research progress on bacterial communities in saline-alkali soil[J]. *Environmental Science & Technology*, 2021, **44**(6): 230-236.
- [32] Zhang C, Zhou X H, Wang X Y, *et al.* *Elaeagnus angustifolia* can improve salt-alkali soil and the health level of soil: emphasizing the driving role of core microbial communities[J]. *Journal of Environmental Management*, 2022, **305**, doi: 10.1016/j.jenvman.2021.114401.
- [33] 张丹丹, 郑向群, 李厚禹, 等. 含盐农村生活污水灌溉对土壤微生物的影响[J]. *环境科学研究*, 2022, **35**(8): 1873-1884.
Zhang D D, Zheng X Q, Li H Y, *et al.* Effects of rural domestic sewage irrigation with different salinity on soil microorganisms [J]. *Research of Environmental Sciences*, 2022, **35**(8): 1873-1884.
- [34] 崔丙健, 崔二苹, 刘春成, 等. 土壤改良剂对再生水滴灌根际土壤菌群多样性及病原菌和抗生素抗性基因丰度的影响[J]. *环境科学*, 2022, **43**(10): 4765-4778.
Cui B J, Cui E P, Liu C C, *et al.* Effects of soil amendments on the bacterial diversity and abundances of pathogens and antibiotic resistance genes in rhizosphere soil under drip irrigation with reclaimed water[J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(10): 4765-4778.
- [35] 郑敏娜, 梁秀芝, 韩志顺, 等. 不同改良措施对盐碱土土壤细菌群落多样性的影响[J]. *草地学报*, 2021, **29**(6): 1200-1209.
Zheng M N, Liang X Z, Han Z S, *et al.* Effects of different improvement measures on the diversity of soil bacteria communities in salt-alkali soil[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2021, **29**(6): 1200-1209.
- [36] Rodriguez-Conde S, Molina L, González P, *et al.* Degradation of phenanthrene by *Novosphingobium* sp. HS2a improved plant growth in PAHs-contaminated environments [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2016, **100**(24): 10627-10636.

- [37] 施河丽, 向必坤, 左梅, 等. 腐殖酸与微生物菌剂协同对烟草青枯病及根际土壤细菌群落的影响[J]. 烟草科技, 2021, 54(9): 1-10.
Shi H L, Xiang B K, Zuo M, *et al.* Synergistic effects of fulvic acid and microbial agents on tobacco bacterial wilt and bacterial community in rhizosphere soil [J]. Tobacco Science & Technology, 2021, 54(9): 1-10.
- [38] 王慧颖, 徐明岗, 周宝库, 等. 黑土细菌及真菌群落对长期施肥响应的差异及其驱动因素[J]. 中国农业科学, 2018, 51(5): 914-925.
Wang H Y, Xu M G, Zhou B K, *et al.* Response and driving factors of bacterial and fungal community to long-term fertilization in black soil [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2018, 51(5): 914-925.
- [39] 国春菲. 土壤盐分和 pH 对滨海盐土土壤微生物多样性的影响[D]. 杭州: 浙江农林大学, 2013.
Guo C F. Effects of salinity and pH on soil microbial diversity in coastal saline soil [D]. Hangzhou: Zhejiang A&F University, 2013.
- [40] 李明, 马飞, 张俊华. 种稻年限对盐渍化土壤理化性质和细菌群落多样性的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2021, 39(4): 194-202.
Li M, Ma F, Zhang J H. Effects of rice planting years on physicochemical properties and bacterial community structure in saline-alkali soil [J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2021, 39(4): 194-202.
- [41] 张浩, 孙洁, 杨慧颖, 等. 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[J]. 环境科学, 2023, 44(5): 2955-2964.
Zhang H, Sun J, Yang H Y, *et al.* Effects of microplastics high-density polyethylene on cotton growth, occurrence of *Fusarium* wilt and rhizosphere soil bacterial community [J]. Environmental Science, 2023, 44(5): 2955-2964.
- [42] Louca S, Parfrey L W, Doebeli M. Decoupling function and taxonomy in the global ocean microbiome [J]. Science, 2016, 353(6305): 1272-1277.
- [43] 张梅婷, 刘晋仙, 苏嘉贺, 等. 苦草叶表附生和水体浮游细菌群落多样性格局及其影响因素[J]. 环境科学, 2023, 44(1): 252-261.
Zhang M T, Liu J X, Su J H, *et al.* Diversity patterns and influencing factors of epibiotic in *Vallisneria natans* and planktonic bacteria communities [J]. Environmental Science, 2023, 44(1): 252-261.
- [44] 胡愈忻, 张静, 黄杰, 等. 长江流域河流和湖库的浮游细菌群落差异[J]. 环境科学, 2022, 43(3): 1414-1423.
Hu Y X, Zhang J, Huang J, *et al.* Characteristics of bacterioplankton community between river and lake/reservoir in the Yangtze River Basin [J]. Environmental Science, 2022, 43(3): 1414-1423.
- [45] 邓正昕, 高明, 王莹燕, 等. 化肥减量配施有机肥对柠檬根际/非根际土壤细菌群落结构的影响[J]. 环境科学, 2023, 44(2): 1074-1084.
Deng Z X, Gao M, Wang Y Y, *et al.* Effects of chemical fertilizer reduction combined with organic fertilizer application on bacterial community structure in rhizosphere/non-rhizosphere soil of lemon [J]. Environmental Science, 2023, 44(2): 1074-1084.
- [46] He H, Miao Y J, Zhang L Q, *et al.* The structure and diversity of nitrogen functional groups from different cropping systems in Yellow River Delta [J]. Microorganisms, 2020, 8(3), doi: 10.3390/microorganisms8030424.
- [47] 姜霓雯, 梁辰飞, 张勇, 等. 土地利用变化后不同种植年限香榧土壤微生物群落的组成及多样性[J]. 环境科学, 2022, 43(1): 530-539.
Jiang N W, Liang C F, Zhang Y, *et al.* Microbial composition and diversity in soil of *Torreya grandis* cv. Merrillii relative to different cultivation years after land use conversion [J]. Environmental Science, 2022, 43(1): 530-539.
- [48] 张广帅, 闫吉顺, 赵全民, 等. 辽东湾小凌河口湿地土壤微生物群落结构与微生态环境因子的关系[J]. 生态学杂志, 2020, 39(7): 2283-2291.
Zhang G S, Yan J S, Zhao Q M, *et al.* Relationship between soil microbial community structure and micro-ecological environmental factors in Xiaolinghe estuarine wetland of Liaodong Bay [J]. Chinese Journal of Ecology, 2020, 39(7): 2283-2291.
- [49] 王露莹, 孙慧珍, 杨雪. 松花江下游滨岸带典型植被根际土壤细菌群落结构与功能多样性[J]. 环境科学, 2022, 43(4): 2182-2191.
Wang L Y, Sun H Z, Yang X. Structure and functional diversity of bacterial community in rhizosphere soil of typical vegetation in the riparian zone along the downstream of Songhua River [J]. Environmental Science, 2022, 43(4): 2182-2191.
- [50] 张仲富, 喻庆国, 王行, 等. 植物群落和土壤理化性质对碧塔海湿地土壤细菌群落的影响[J]. 应用生态学报, 2021, 32(6): 2199-2208.
Zhang Z F, Yu Q G, Wang H, *et al.* Effects of plant community and soil properties on soil bacterial community in Bitahai Wetland, Southwest China [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2021, 32(6): 2199-2208.
- [51] 魏艳晨, 陈吉祥, 王永刚, 等. 荒漠植物珍珠猪毛菜根际土壤细菌多样性与土壤理化性质相关性分析[J]. 中国农业科技导报, 2022, 24(5): 209-217.
Wei Y C, Chen J X, Wang Y G, *et al.* Analysis of bacterial diversity in the rhizosphere soil of *Salsola passerina* and its correlation with the soil physical and chemical properties [J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2022, 24(5): 209-217.
- [52] 闫海冰, 李璟, 陈颂, 等. 不同干扰强度对华北落叶松-云杉混交林土壤细菌群落组成及多样性的影响[J]. 山西农业大学学报(自然科学版), 2022, 42(4): 85-95.
Yan H Y, Li J, Chen S, *et al.* Effects of different interference intensity on soil bacterial communities composition and diversity in *Larix principis-rupprechtii* and *Picea asperata* mingled forest [J]. Journal of Shanxi Agricultural University (Natural Science Edition), 2022, 42(4): 85-95.
- [53] 刘月, 杨树青, 张万锋, 等. 磷石膏和碱蓬对盐渍化土壤水盐及细菌群落结构的影响[J]. 环境科学, 2023, 44(4): 2325-2337.
Liu Y, Yang S Q, Zhang W F, *et al.* Effects of phosphogypsum and *Suaeda salsa* on the soil moisture, salt, and bacterial community structure of salinized soil [J]. Environmental Science, 2023, 44(4): 2325-2337.
- [54] 林耀奔, 杨建辉, 叶艳妹. 盐碱地不同土地利用方式下土壤细菌群落结构多样性差异分析[J]. 环境科学学报, 2019, 39(4): 1266-1273.
Lin Y B, Yang J H, Ye Y M. Analysis on diversity of soil bacterial community under different land use patterns in saline-alkali land [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2019, 39(4): 1266-1273.
- [55] 王树梅, 范少辉, 官凤英, 等. 带状采伐对毛竹林土壤理化性质、酶活性及优势菌群的短期影响[J]. 东北林业大学学报, 2022, 50(1): 46-51.

- Wang S M, Fan S H, Guan F Y, *et al.* Short-term influence of strip cutting on soil physical and chemical properties and dominant flora in *Phyllostachys edulis* stands [J]. Journal of Northeast Forestry University, 2022, **50**(1): 46-51.
- [56] Zhou J, Guan D W, Zhou B K, *et al.* Influence of 34-years of fertilization on bacterial communities in an intensively cultivated black soil in northeast China[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2015, **90**: 42-51.
- [57] 魏志文, 李韵雅, 江威, 等. 无锡地区常见树木根际土壤酸杆菌多样性[J]. 生态学杂志, 2018, **37**(9): 2649-2656.
Wei Z W, Li Y Y, Jiang W, *et al.* Diversity of acidobacteria in rhizosphere soils of common trees in Wuxi[J]. Chinese Journal of Ecology, 2018, **37**(9): 2649-2656.
- [58] 贾远航, 靳振江, 袁武, 等. 会仙岩溶湿地、稻田与旱地土壤细菌群落结构特征比较[J]. 环境科学, 2019, **40**(7): 3313-3323.
Jia Y H, Jin Z J, Yuan W, *et al.* Comparison of soil bacterial community structure between paddy fields and dry land in the Huixian Karst Wetland, China [J]. Environmental Science, 2019, **40**(7): 3313-3323.
- [59] 马丽娜. 东北苏打盐碱地种稻改良条件下土壤微生物响应特征研究[D]. 长春:中国科学院东北地理与农业生态研究所, 2020.
- Ma L N. Study on soil microbial response characteristics of soda saline-sodic soil improved by rice cultivation in Northeast China [D]. Changchun: Northeast Institute of Geography and Agroecology, Chinese Academy of Sciences, 2020.
- [60] Klatt C G, Liu Z F, Ludwig M. Temporal metatranscriptomic patterning in phototrophic Chloroflexi inhabiting a microbial mat in a geothermal spring [J]. The ISME Journal, 2013, **7**(9): 1775-1789.
- [61] Eichorst S A, Breznak J A, Schmidt T M. Isolation and characterization of soil bacteria that define *Terriglobus* gen. nov., in the phylum *Acidobacteria* [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2007, **73**(8): 2708-2717.
- [62] 何玉实, 何彤慧, 冯艳琼, 等. 鄂尔多斯台地盐沼滩涂湿地土壤细菌群落结构及特征[J]. 生态学报, 2022, **42**(8): 3345-3355.
He Y S, He T H, Feng Y Q, *et al.* Characteristics and distribution of soil bacterial of salt marsh tidal wetland in Ordos Platform [J]. Acta Ecologica Sinica, 2022, **42**(8): 3345-3355.



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)