

目次

2013~2020年天津市PM_{2.5}-O₃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O₃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O₃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O₃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O₃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, 蔡梓桐, 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, 朱丹尼, 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, 周殿竹, 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, 周宇斌, 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 朱奕, 叶建锋, 孙晓楠, 胡曙煜, 陈勋, 唐建飞, 陈浩 (4353)

甾体激素在污水处理厂中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, 杨建锋, 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Fe₃O₄/桑秸秆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, 何玉玺, 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, 王莹燕, 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, 张万锋, 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, 郭娜, 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, 刘铮, 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)

降水改变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, 桑奕, 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, 王允圃, 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分析 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)

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*

(农业农村部环境保护科研监测所, 天津 300191)

摘要: 土壤微生物决定着土壤生态系统的养分周转状况, 其死生物物质在土壤有机碳(SOC)积累中发挥关键作用。然而, 目前缺乏对土壤微生物群落丰度及其死生物物质如何响应农业土地集约利用程度调整的了解。为弥补这一知识缺口, 基于土地集约化利用程度, 设置小麦-玉米周年轮作(CC)、临时草地与小麦种植交替(TG)和多年生草地(PG)这3个处理开展长期定位试验, 采用基于数字PCR和微生物标志物氨基糖的检测技术, 以探究农业土地集约利用程度调整对土壤细菌和真菌数量, 以及细菌、真菌和总微生物死生物物质C积累及其对土壤SOC封存贡献的影响, 进一步明确驱动细菌、真菌和总微生物死生物物质C积累的关键因子。结果表明, 与土壤细菌群落丰度相比, 真菌群落丰度受到农业土地集约利用程度调整的强烈影响, 随土地集约利用程度的降低而增加。在3种土地集约利用程度处理下, 土壤总微生物死生物物质C均主导SOC积累, 对SOC的贡献率分别达到52.78%、58.36%和68.87%, 呈现随土地集约利用程度降低而升高的趋势; 真菌死生物物质C占总微生物死生物物质C的比例均大于80%, 说明其对总微生物死生物物质C的绝对主导地位, 且受土地集约利用程度降低的积极影响。真菌死生物物质C(氨基葡萄糖)含量受到农业土地集约利用程度调整的显著影响, 与CC处理相比, TG和PG处理均增加了真菌死生物物质C含量, 其中PG处理下增幅高达66.10%。土壤细菌死生物物质C累积与微生物对N需求有关, 并受到土壤C和N平衡的影响, 而真菌死生物物质C累积由多种生物和非生物因素联合调控。以上结果表明, 农业土地集约利用程度调整通过改变土壤性质, 提高土壤胞外酶活性和加速养分周转, 进而提高真菌数量及其死生物物质C的积累, 对总微生物死生物物质C乃至总SOC做出积极贡献。

关键词: 土地集约利用程度; 细菌; 真菌; 丰度; 氨基糖; 微生物死生物物质碳

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)08-4611-12 DOI: 10.13227/j.hjks.202209304

Impacts of Land Use Intensification Level on Fluvo-aquic Cropland Soil Microbial Community Abundance and Necromass Accumulation in North China

LI Sheng-jun, SHENG Mei-jun, LI Gang*, WANG Rui, LI Jie, ZHANG Gui-long, XIU Wei-ming*

(Agro-Environmental Protection Institute, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Tianjin 300191, China)

Abstract: Despite the essential role of soil microorganisms in nutrient turnover in soil ecological systems and the recognized paramount significance of microbial necromass to soil organic carbon accumulation, how microbial community abundance and necromass respond to land use intensification level regulation remains poorly understood. To address this knowledge gap, based on the land use intensification level, three treatments were set up [annual wheat-maize rotation (CC), alternating temporary grassland with wheat planting (TG), and perennial grassland (PG)], and a long-term fixed filed experiment was established to investigate the influences of the regulation of land use intensification level on bacterial and fungal community abundances; the accumulation of bacterial, fungal, and total microbial necromass; and their contributions to SOC sequestration using droplet digital PCR and amino sugar detection technologies. We further sought to determine the key factors driving the bacterial, fungal, and total microbial necromass C accumulation. Our results demonstrated that fungal community abundance was strongly affected by land use intensification level regulation compared to that of the bacterial community, which increased with decreasing land use intensification level. The total microbial necromass C predominated the SOC accumulation across all three land use intensification levels, which contributed 52.78%, 58.36%, and 68.87% to SOC, respectively, exhibiting an increasing trend with the decline in land use intensification level. Fungal necromass C accounted for more than 80% of the total microbial necromass C, indicating its predominance in the accumulation of the total microbial necromass C and active variation via the reduction in land use intensification level. There was no significant difference in bacterial necromass C (MurA) content, with the trend of CC < PG < TG, whereas fungal necromass C (GluN) was observed to be significantly shifted by the modulation of land use intensification level, with contents in the TG and PG treatments being higher than that in the CC treatment, especially for the PG treatment (with an increase of 66.10%). The increase in bacterial necromass C accumulation was associated with microbial demand for N and was affected by the balance between soil C and N; however, the accumulation of fungal necromass C was jointly manipulated by a wide variety of biotic and abiotic factors. Altogether, our work provides evidence that agricultural land use intensification level regulation can enhance soil extracellular enzyme activity and accelerate nutrient transformation through changing edaphic properties, thus improving fungal amount and necromass C accumulation, with active contribution to total microbial necromass C and even SOC.

Key words: land use intensification level; bacteria; fungi; abundance; amino sugars; microbial necromass carbon

收稿日期: 2022-09-30; 修订日期: 2022-10-28

基金项目: 农业农村部环境保护科研监测所基础前沿项目(2022-jcqrw-xwm); 公益性行业(农业)科研专项(201503121-04); 中国农业科学院科技创新工程项目

作者简介: 李胜君(1998~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为农田土壤碳氮微生物过程调控, E-mail: lsj19811822491@163.com

* 通信作者, E-mail: ligang20032002@126.com; xiuweiming@126.com

土壤有机质 (soil organic matter, SOM) 是土壤肥力的基础, 是土壤健康和可持续农业的关键指标^[1]. SOM 的来源主要有植物残体、根际沉积和微生物死生物物质这 3 种途径^[2,3]. 最初有关 SOM 形成与持久性的研究主要聚焦于植物源输入物的重要性^[4], 认为植物残体和根系分泌物的存在是控制 SOM 数量的主要因素. 然而, 有研究表明, 微生物死生物物质是 SOM 的主要组分, 在农田、草地和森林生态系统中对 SOM 的贡献率超过 50%^[5~8], 在陆地生态系统 SOM 积累过程中占主导地位^[7,9]. 为进一步明确微生物死生物物质的全球分布格局和对 SOC 积累的贡献, Wang 等^[10] 通过整合分析发现在农田、草地和森林 0~20 cm 的表层土壤中, 微生物死生物物质 C 对 SOC 的贡献率分别达到 51%、47% 和 35%, 在陆地生态系统 SOC 的长期积累和封存中发挥着极其重要的作用. 而基于活体微生物的研究发现, 微生物生物量 C 仅占 SOC 的 1%~5%, 充分印证了来源于微生物死生物物质 C 在 SOC 形成中的主导地位^[11].

氨基糖是微生物死生物物质 C 的特征成分, 具有“记忆效应”, 被广泛用于微生物死生物物质积累和分解的研究^[12], 能够反映微生物群落养分获取策略的调整以及对环境变化的响应^[13]. 在陆地生态系统中, 由于植物本身并不产生氨基糖^[14], 并且仅有很小比例的氨基糖仍存在于活体微生物生物量中, 因此土壤中氨基糖含量可以有效量化死亡微生物对 SOC 积累的贡献程度^[15~17]. 目前, 已有多达 26 种氨基糖能够被鉴定^[12]. 然而在土壤微生物 C 转化和积累机制研究中, 仅氨基葡萄糖 (glucosamine, GluN)、氨基半乳糖 (galactosamine, GalN) 和胞壁酸 (muramic acid, MurA) 常被作为生物标志物使用. 其中, GluN 主要来自于真菌细胞壁的几丁质, MurA 仅在细菌细胞壁的肽聚糖中被发现, 而 GalN 的来源仍不清楚. 因此, 通常采用 GluN 和 MurA 含量分别表征土壤中真菌和细菌死生物物质的积累并评估其对 SOC 的贡献率^[12,18], 并进一步通过计算 GluN/MurA 值评价真菌和细菌死生物物质对 SOC 的相对贡献^[19].

微生物死生物物质含量 (氨基糖含量) 及其对 SOC 积累的贡献因生态系统类型而异^[6,8], 一方面由于不同生态系统中植物源输入物的化学结构和分解速率以及根际沉积存在差异, 另一方面取决于发挥不同生态功能的真菌和细菌各自特有的养分需求和环境适应性^[20~22], 以上都是通过影响微生物死生物物质的形成和分解间的动态平衡发挥作用^[23,24]. 对于农田生态系统而言, SOC 主要来自作物根际沉

积和有机物料投入^[25,26], 受到农业管理措施的强烈影响^[27]. 集约化生产作为现代化的农业经营管理方式蚀刻着农田生态系统, 尽管在保障世界粮食安全中做出巨大贡献, 但长期高强度的超负荷利用和化肥过度投入引发了严重的土壤质量退化, 尤其是表征土壤肥力的 SOC 含量急剧下降. 尽管有研究表明有机肥施用^[28] 和秸秆覆盖^[29] 通过刺激微生物生长和微生物死生物物质的形成与累积增加了农田土壤 SOC 封存, 但在高强度土地利用下, 农业管理措施所带来的有机 C 输入仍远远弥补不了农田 SOC 储量的长期消耗. 因此, 应该在总结农田管理经验的基础上, 进一步改变重用轻养的生产方式.

鉴于土壤微生物死生物物质在 SOC 积累中的主导地位, 可以从调节土壤微生物死生物物质循环的角度探索提升农田 SOC 存储的耕作方式: ①在农田土壤中, 真菌死生物物质与细菌死生物物质相比对 SOC 保持更高的贡献^[30]; ②真菌是纤维素、半纤维素和含木质素聚合物的主要分解者, 在富含复杂 C 底物的环境中占据优势^[31]. 而与真菌相比, 生物量 C/N 值较低的细菌偏爱分解 N 含量更高的底物^[32,33], 可能更适应高 N 和低 C 投入的农田土壤; ③低 pH 有利于真菌生长, 而不是细菌, 因此植物残体所致的土壤 pH 降低能够促进真菌死生物物质的积累^[34]; ④真菌死生物物质较细菌死生物物质更加稳定, 分解更为缓慢, 有利于 SOC 积累^[35]. 此外, 丰富度高的植物物种可以提供更多的根系 C 输入和可溶性有机 C, 加速微生物生长和周转, 增加微生物生物量, 进而对微生物死生物物质积累做出贡献^[36], 而在高土壤湿度条件下, 微生物死生物物质具有很低的再循环效率^[37]. 综上考虑, 本研究设想将对农田零扰动的自然生草纳入耕作方式中, 降低土地集约利用程度, 利用植物源输入物的差异和土壤微生物的 C 吸收、转化和积累特性, 增加土壤微生物数量, 进而促进土壤微生物死生物物质积累以提升农田 SOC 封存, 充分发挥农田生态系统的固碳潜力.

为此, 本研究依托在华北农业主产区开展的长期定位试验, 采用微滴数字 PCR 和气相色谱质谱技术, 探究土地集约利用程度调整下土壤微生物群落丰度的响应, 以及对土壤微生物死生物物质组成及其对 SOC 积累贡献的影响. 本文提出 3 个问题: ①土壤细菌和真菌群落丰度如何响应土地集约利用程度调整? ②降低土地集约利用程度后, 土壤细菌和真菌死生物物质含量及其对 SOC 积累的贡献如何变化? ③土地集约利用程度调整下影响土壤微生物死生物物质积累及其对 SOC 封存贡献的关键因

子是什么? 以上问题的解决将为华北地区集约化农业生产体系下耕作方式的合理调整、农田土壤碳固存能力的增强、土壤质量的提升以及土壤健康状况的改善提供理论依据, 在缓解气候变化和实现“双碳”目标中具有重要意义。

1 材料与方法

1.1 研究区概况与试验设计

本试验始于 2015 年, 布设于农业农村部环境保护科研监测所野外科学观测试验站 (117° 12' E, 39° 21' N)。该试验站位于天津市武清区梅厂镇周庄村, 地处华北平原东北部, 海拔 6.3 m, 属暖温带半湿润半干旱大陆性季风气候, 年平均气温 11.6℃, 年均降水量 520~660 mm, 土壤类型为潮土。本试验共包括 3 种土地集约利用程度处理 (以自然年内作物种植频率为划分依据): ①高土地集约利用程度处理, 小麦-玉米周年轮作 (CC); ②中土地集约利用程度处理, 临时草地与小麦种植交替 (TG); ③低土地集约利用程度处理, 多年生草地 (PG)。由于本研究中各处理小区面积足够大 (40 m × 10 m, 400 m²), 可以真实有效地反映耕作措施的影响, 因此没有设置重复^[38]。玉米季时, 氮肥施用总量 (以 N 计) 为 195.5 kg·hm⁻², 磷肥施用总量 (以 P₂O₅ 计) 为 81 kg·hm⁻², 钾肥施用总量 (以 K₂O 计) 为 75 kg·hm⁻²; 小麦季时, 氮肥施用总量 (以 N 计) 为 206.5 kg·hm⁻², 磷肥施用总量 (以 P₂O₅ 计) 为 72 kg·hm⁻², 钾肥施用总量 (以 K₂O 计) 为 52.5 kg·hm⁻²。60% 的氮肥 (尿素) 和全量磷肥以及钾肥作为基肥于小麦和玉米播种时施入, 而 40% 的氮肥 (尿素) 作为追肥于小麦苗期和玉米拔节期施入。对于高土地集约利用程度处理, 采取常规管理措施, 小麦秸秆全部还田, 玉米秸秆全部移出农田; 对于中土地集约利用程度处理, 自然生草过程中不采取任何管理措施, 其植物群落的优势物种为苍耳、藜和无芒稗, 在小麦种植前翻耕土壤, 小麦秸秆同样全部还田; 对于低土地集约利用程度处理, 不采取任何管理措施, 植物群落的优势物种为芦苇、藜和菵草。

1.2 土壤样品采集

于 2021 年 10 月 (CC 处理下玉米季收获前, TG 处理下临时草地末期) 采集土壤样品, 使用直径 5 cm 的土壤采样器采集 0~20 cm 的耕层土壤。采样前将每个处理小区随机划分为 3 个假重复样带^[39,40], 在每个样带中按照 5 点采样法采集 5 个土芯, 随后混合成 1 个复合土壤样品, 剔除肉眼可见的石块和植物残体等杂质后装入灭菌自封袋, 于保温

箱中保存并迅速带回实验室。将每个土壤样品过 2 mm 筛后分为 3 份子样品, 一份于 4℃ 保存, 用于测定土壤铵态氮 (NH₄⁺-N)、硝态氮 (NO₃⁻-N) 含量和含水量 (SM); 一份存放于 -70℃, 用于测定土壤细菌和真菌群落丰度; 一份风干后用于测定土壤酶活性和其他土壤理化性质。

1.3 土壤 DNA 提取和微生物群落丰度测定

采用 DNeasy PowerSoil Pro Kit (QIAGEN, Hilden, Germany) 从 0.5 g 土壤提取基因组 DNA, 按照操作说明进行。使用 1.0% 的琼脂糖凝胶电泳和 NanoDrop 2000 (Thermo scientific, USA) 分别检测提取 DNA 的质量、测定浓度和纯度。土壤细菌和真菌群落丰度采用 QX200 微滴数字 PCR 系统 (Bio-Rad, USA) 测定。对于细菌群落, 使用引物对 515F-modF (5'-GTGYCAGCMGCCGCGGTAA-3') 和 806R-modR (5'-GGACTACNVGGGTWTCTAAT-3')^[41] 扩增细菌 16S rRNA 基因的 V4 高变区序列。对于真菌群落, 使用引物对 ITS1F (5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3') 和 ITS2R (5'-GCTGCGTCTTCATCGATGC-3')^[41] 扩增真菌 ITS 区序列。20 μL 的 PCR 反应体系包括: 10 μL 的 QX200 ddPCR EvaGreen Supermix (2 ×) (Bio-Rad, USA), 200 mmol·L⁻¹ 的上游和下游引物 (对于真菌群落, 引物浓度为 100 mmol·L⁻¹), 10 ng·μL⁻¹ 的 T4 gene 32 protein (Roche, Germany), 1.0 μL 的 1 000 倍稀释的 DNA 样品 (对于真菌群落, 使用 10 倍稀释的 DNA 样品), 用灭菌的 ddH₂O 补齐。使用 20 μL 的 PCR 反应混合物与 70 μL 的微滴生成油进行微滴发生, 随后将生成的微滴小心地转移到 96 孔板中, 铝膜热封后进行 PCR。PCR 热反应程序为 95℃ 预变性 5 min, 随后 40 个循环包括 95℃ 变性 30 s, 55℃ (对于真菌群落, 56℃) 退火 30 s, 72℃ 延伸 30 s。PCR 反应设置无模板对照 (no template control, NTC), 用以检测环境和操作过程是否存在污染, NTC 和每个样品均设置 3 次重复。扩增结束后, 将 96 孔板置入微滴读取仪中读取信号, 并使用 QuantaSoft (Version 1.7, USA) 软件统计每个样品里阳性和阴性微滴数并进行数据分析。

1.4 土壤理化性质、酶活性及氨基糖测定

土壤理化性质测定参考《土壤农化分析》中的方法^[42]。其中, 土壤 pH 采用 pH 计测定 (水土比 2.5:1); 土壤含水量 (soil moisture, SM) 采用 105℃ 烘干法测定; 土壤有机碳 (soil organic carbon, SOC) 含量采用重铬酸钾容量法测定; 全氮 (total nitrogen, TN) 含量采用凯氏定氮法测定, 使用连续流动分析仪 (AA3, SEAL Analytical, 德国) 完成; 土壤

全磷(total phosphorus, TP)含量采用 $\text{H}_2\text{SO}_4\text{-H}_2\text{O}_2$ 消煮和钼锑抗比色法测定;土壤速效磷(available phosphorus, AP)含量采用 NaHCO_3 浸提-钼锑抗比色法测定;土壤铵态氮($\text{NH}_4^+\text{-N}$)和硝态氮($\text{NO}_3^-\text{-N}$)含量在土壤样品经 $0.01\text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}$ CaCl_2 溶液浸提后使用连续流动分析仪(AA3, SEAL Analytical, 德国)测定.土壤酶活性采用试剂盒法(北京索莱宝)测定,按照操作说明书进行.土壤 $\beta\text{-1,4}$ 葡萄糖苷酶(BG)^[43]和 $\beta\text{-N}$ -乙酰-氨基葡萄糖苷酶(NAG)活性均采用对-硝基苯酚法测定.

土壤氨基糖含量参照 Indorf 等^[44]的方法测定,具体步骤如下:称取经冷冻干燥的土壤样品 1 g 于 10 mL 水解瓶中,加入 10 mL $6\text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 的 HCl 溶液,密封后,置于高压灭菌锅中 105°C 水解 8 h .冷却至室温后,加入 $100\ \mu\text{L}$ $1\text{ mg}\cdot\text{mL}^{-1}$ 内标肌醇溶液,振荡混匀后过 $0.45\ \mu\text{m}$ 滤膜.滤液用旋转蒸发仪蒸干,残余物溶于 20 mL 去离子水后转移至聚四氟乙烯小瓶中,并用 $0.4\text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}$ KOH 溶液将 pH 调至中性(pH $6.6\sim 6.8$),然后以 $3000\text{ r}\cdot\text{min}^{-1}$ 离心 10 min 去除沉淀.随后将上清液转移至 50 mL 玻璃瓶中冻干,再用 3 mL 无水甲醇溶解,离心 10 min 沉淀去除溶液中多余盐分.将上清液转移到 5 mL 衍生瓶中,在 45°C 下用 N_2 吹干,再次加入 1 mL 去离子水并冷冻干燥(8 h 以上).向干燥后的样品中加入 $300\ \mu\text{L}$ 衍生剂,加盖密封,在 $75\sim 80^\circ\text{C}$ 水浴加热 30 min ,其间振荡 $3\sim 4$ 次使反应均匀.冷却至室温后,加入 1 mL 乙酸酐,密封后,水浴加热 20 min .冷却后,加入 1.5 mL 的二氯甲烷,涡旋使溶液混合均匀.按照下述方法去除过量衍生试剂:加入 $1\text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}$ HCl 溶液 1 mL ,涡旋振荡 30 s 后,静置后移除上层液体,随后用 1 mL 蒸馏水洗涤 4 次.去除过量衍生试剂后的样品在 45°C 下经 N_2 吹干燥后,溶于 $400\ \mu\text{L}$ 的乙酸乙酯/正己烷($1:1$, 体积比)溶液中,通过气相色谱-质谱联用仪(Agilent7890A-5975C, USA)对产物进行分离和检测.记录样品和标准品的保留时间,通过对比判断氨基糖衍生物的峰值,将纯化前向样品中加入的肌醇作为内标对氨基糖进行定量分析.相关计算方法如下^[5,45]:

$$\text{BNC} = \text{MurA} \times 45/1000 \quad (1)$$

$$\text{FNC} = (\text{GluN}/179) - (2 \times \text{MurA}/251) \times 179 \times 9/1000 \quad (2)$$

$$\text{MNC} = \text{BNC} + \text{FNC} \quad (3)$$

式中, BNC 为细菌死生物物质 C 含量($\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}$); FNC 为真菌死生物物质 C 含量($\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}$); MNC 为总微生物死生物物质 C 含量($\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}$); 251 为胞壁酸(MurA)的相对分子质量; 179 为氨基葡萄糖

(GluN)的相对分子质量; 9 和 45 分别为对应的转换系数.

1.5 数据处理

采用 R 语言的“Envstats”包对所有指标进行正态性和方差齐性检验,随后采用单因素方差分析(one-way ANOVA)评价不同土地集约利用程度间各指标的差异显著性,在 $P=0.05$ 水平下进行 Duncan 法多重比较,并采用 Origin 2021 软件绘图.本研究将所有用于相关性分析的因子划分为非生物因子和生物因子,其中土壤理化性质归类为非生物因子,土壤酶活性和微生物群落丰度归类为生物因子.采用 Pearson 相关性分析评价非生物和生物因子与氨基糖之间的相关关系,可视化通过 R 语言的“corrplot”包完成.回归分析通过 R studio 完成绘图.

2 结果与分析

2.1 土地集约利用程度对土壤理化性质和酶活性的影响

土壤 pH 、SM、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、AP、BG 活性和 NAG 活性受到土地集约利用程度的显著影响(表 1).与 CC 和 TG 处理相比,PG 处理的土壤 pH 值显著降低($P<0.05$),而土壤 SM 显著升高($P<0.05$).CC 处理的土壤 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量均显著高于 TG 和 PG 处理($P<0.05$),而 TG 和 PG 处理间差异不显著($P>0.05$).土壤 AP 含量随土地集约利用程度变化表现为 PG 处理 $>$ CC 处理 $>$ TG 处理,三者之间差异显著($P<0.05$).PG 处理的 SOC 和 TN 含量在 3 种处理中最高,而 TP 含量最低,但各处理之间差异不显著($P>0.05$).与 CC 处理相比,PG 和 TG 处理均增加了土壤 C:N、C:P 和 N:P 的值,其中 PG 处理的 C:P 和 N:P 增幅显著($P<0.05$),分别达到 39.33% 和 32.79%.BG 和 NAG 活性随土地集约利用程度的降低而升高,各处理之间呈现显著性差异($P<0.05$).

2.2 土地集约利用程度对土壤微生物群落丰度的影响

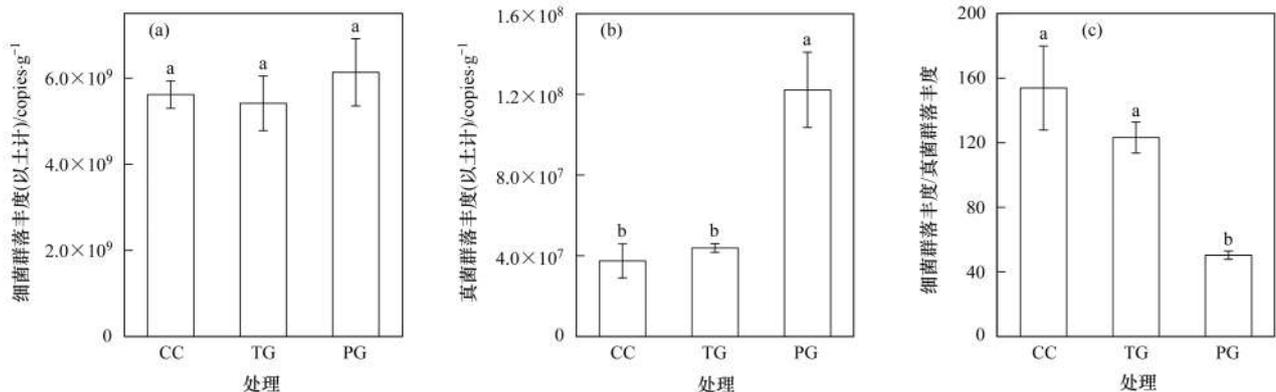
与 CC 处理相比,PG 处理增加了土壤细菌群落丰度,而 TG 处理降低了土壤细菌群落丰度,但各处理之间差异不显著[$P>0.05$, 图 1(a)].然而,土壤真菌群落丰度受到土地集约利用程度变化的显著影响[$P<0.05$, 图 1(b)],其数值随土地集约利用程度的降低而升高,其中 PG 处理显著高于 CC 和 TG 处理($P<0.05$).对于细菌群落与真菌群落丰度的比值,CC 和 TG 处理显著高于 PG 处理[$P<0.05$, 图 1(c)].

表 1 不同土地集约利用程度下土壤性质和酶活性变化¹⁾

Table 1 Changes in edaphic properties and enzyme activities under different land use intensification levels

指标	处理		
	CC	TG	PG
pH	7.99 ± 0.07a	7.95 ± 0.08a	7.75 ± 0.04b
$\omega(\text{SM})/\%$	23.37 ± 1.02b	24.13 ± 0.33b	24.99 ± 1.49a
$\omega(\text{NH}_4^+-\text{N})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	8.65 ± 0.39a	8.16 ± 0.93b	7.50 ± 0.45b
$\omega(\text{NO}_3^--\text{N})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	39.43 ± 0.87a	11.20 ± 0.65b	14.66 ± 2.90b
$\omega(\text{AP})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	27.28 ± 3.18b	19.82 ± 3.58c	37.00 ± 3.08a
$\omega(\text{SOC})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	11.53 ± 1.34a	12.81 ± 1.60a	14.54 ± 3.44a
$\omega(\text{TN})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	1.52 ± 0.04a	1.45 ± 0.01a	1.84 ± 0.42a
$\omega(\text{TP})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	0.83 ± 0.07a	0.77 ± 0.07a	0.75 ± 0.03a
C: N	7.58 ± 0.81a	8.32 ± 0.48a	7.92 ± 0.22a
C: P	13.83 ± 1.00b	16.30 ± 1.34ab	19.27 ± 3.91a
N: P	1.83 ± 0.10b	1.96 ± 0.06ab	2.43 ± 0.48a
BG 活性/ $\mu\text{mol}\cdot(\text{g}\cdot\text{d})^{-1}$	64.57 ± 2.71c	77.98 ± 6.31b	119.69 ± 9.01a
NAG 活性/ $\mu\text{mol}\cdot(\text{g}\cdot\text{d})^{-1}$	6.43 ± 0.33c	10.55 ± 1.13b	14.19 ± 1.56a

1) 数据为平均值 ± 标准差 ($n=3$) ; 同行不同小写字母表示差异达到显著水平 ($P<0.05$) ; CC 表示高土地集约利用程度处理, TG 表示中土地集约利用程度处理, PG 表示低土地集约利用程度处理; SM 表示含水量, NH_4^+-N 表示铵态氮, NO_3^--N 表示硝态氮, AP 表示速效磷, SOC 表示土壤有机碳, TN 表示土壤全氮, TP 表示土壤全磷, C: N 表示 SOC 与 TN 之比, C: P 表示 SOC 与 TP 之比, N: P 表示 TN 与 TP 之比, BG 表示土壤 β -1, 4 葡萄糖苷酶, NAG 表示土壤 β -N-乙酰-氨基葡萄糖苷酶



不同小写字母表示差异达到显著水平 ($P<0.05$) ; CC 表示高土地集约利用程度处理, TG 表示中土地集约利用程度处理, PG 表示低土地集约利用程度处理, 下同

图 1 不同土地集约利用程度下土壤微生物群落丰度变化

Fig. 1 Changes in microbial community abundances under different land use intensification levels

2.3 氨基糖及微生物死生物物质 C 对土地集约利用程度变化的响应

土壤 GluN 含量随土地集约利用程度的降低而

升高, 对土地集约利用程度变化的响应显著 [$P<0.05$, 图 2(a)]. 而土壤 MurA 含量在 3 种处理之间无显著差异 [$P>0.05$, 图 2(b)], 变化趋势表现为:

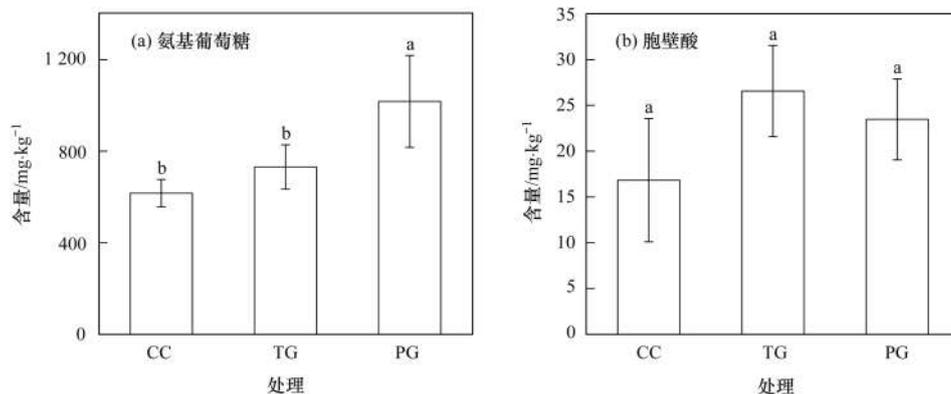


图 2 不同土地集约利用程度下土壤氨基糖含量变化

Fig. 2 Changes in soil amino sugar contents under different land use intensification levels

TG 处理 > PG 处理 > CC 处理。

由图 3(a) 和 3(b) 可见, 土地集约利用程度显著改变了土壤真菌死生物物质 C 和总微生物死生物物质 C 含量 ($P < 0.05$), 而土壤细菌死生物物质 C 含量未发生显著变化 ($P > 0.05$). 细菌死生物物质 C 含量与胞壁酸含量的变化趋势一致, 而真菌死生物物质 C 含量的变化趋势与 GluN 含量更为相似. 土壤总微生物死生物物质 C 含量随土地集约利用程度的降低而升高, 与 CC 处理相

比, 仅 PG 处理显著增加了其含量 ($P < 0.05$). 3 种土地集约利用程度处理间, 土壤细菌和真菌死生物物质 C 对总微生物死生物物质 C 贡献度以及细菌和真菌死生物物质 C 比均不存在显著差异 ($P > 0.05$). 其中, TG 处理下细菌死生物物质 C 对总微生物死生物物质 C 的贡献率最高, 而 PG 处理下真菌死生物物质 C 对总微生物死生物物质 C 的贡献率最高, 而细菌与真菌死生物物质 C 比最低 (表 2).

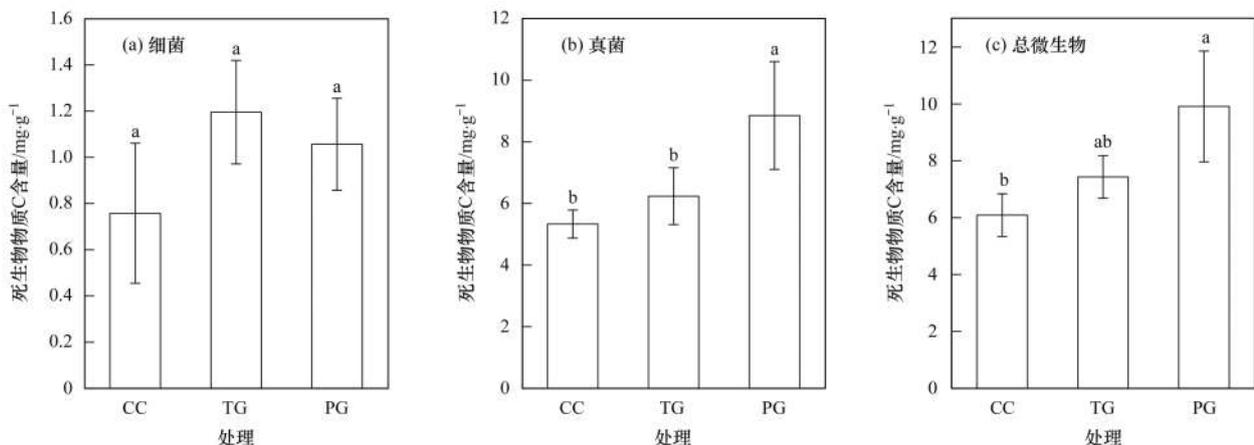


图 3 不同土地集约利用程度下土壤细菌、真菌和总微生物死生物物质 C 累积变化

Fig. 3 Changes in soil bacterial, fungal, and total microbial necromass C accumulation under different land use intensification levels

表 2 土地集约利用程度对土壤细菌和真菌死生物物质 C 贡献率及细菌和真菌死生物物质 C 比的影响¹⁾

Table 2 Changes in contribution rate of bacterial and fungal necromass C and ratio between bacterial and fungal necromass C as affected by land use intensification level variation

处理	比值/%		
	细菌死生物物质 C/总微生物死生物物质 C	真菌死生物物质 C/总微生物死生物物质 C	细菌死生物物质 C/真菌死生物物质 C
CC	12.15 ± 3.57a	87.85 ± 3.57a	13.95 ± 4.61a
TG	16.34 ± 4.57a	83.66 ± 4.57a	19.78 ± 6.76a
PG	10.67 ± 0.15a	89.33 ± 0.15a	11.94 ± 0.19a

1) 数据为平均值 ± 标准差 ($n = 3$); 同列相同小写字母表示差异未达到显著水平 ($P > 0.05$). 细菌死生物物质 C/总微生物死生物物质 C 表示细菌死生物物质 C 对总微生物死生物物质 C 的贡献率, 真菌死生物物质 C/总微生物死生物物质 C 表示真菌死生物物质 C 对总微生物死生物物质 C 的贡献率, 细菌死生物物质 C/真菌死生物物质 C 表示细菌与真菌的死生物物质 C 含量比值

采用土壤细菌、真菌和总微生物死生物物质 C 含量占 SOC 含量的比例来表征土壤细菌、真菌和总微生物残体对 SOC 积累的贡献. 由图 4 可见, 土壤真菌和总微生物死生物物质 C 对 SOC 的贡献率均随土地集约利用程度降低而增加, 其中 PG 处理下二者的贡献率均显著高于 CC 处理 ($P < 0.05$); 而细菌死生物物质 C 对 SOC 的贡献率与细菌死生物物质 C 含量呈现一致的变化趋势, 并且 3 种处理之间同样差异不显著 ($P > 0.05$).

2.4 氨基糖和微生物死生物物质 C 与土壤生物和非生物因子之间的相关关系

将 2 种氨基糖分别与土壤生物和非生物因子进行 Pearson 相关分析 (图 5), 结果表明, GluN 与 NAG

显著正相关 ($P < 0.05$), 与 FA、BG、SM、SOC、TN、C:P 和 N:P 极显著正相关 ($P < 0.01$), 而与 pH ($P < 0.01$) 和 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ ($P < 0.05$) 显著负相关; 而 MurA 仅与 C:N 极显著正相关 ($P < 0.01$), 与 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 显著负相关 ($P < 0.05$).

此外, 将细菌、真菌和总微生物死生物物质 C 分别与土壤生物和非生物因子进行线性回归分析, 结果如图 6 所示. 在所测定的 15 个因子中, 细菌死生物物质 C 仅与 C:N 显著正相关 ($P < 0.01$), 而与 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 显著负相关 ($P < 0.05$), 这与 MurA 与土壤生物和非生物因子的相关关系一致; 真菌和总微生物死生物物质 C 与土壤生物和非生物因子间的相关关系基本一致, 即均与 FA、BG、NAG、SM、TN、

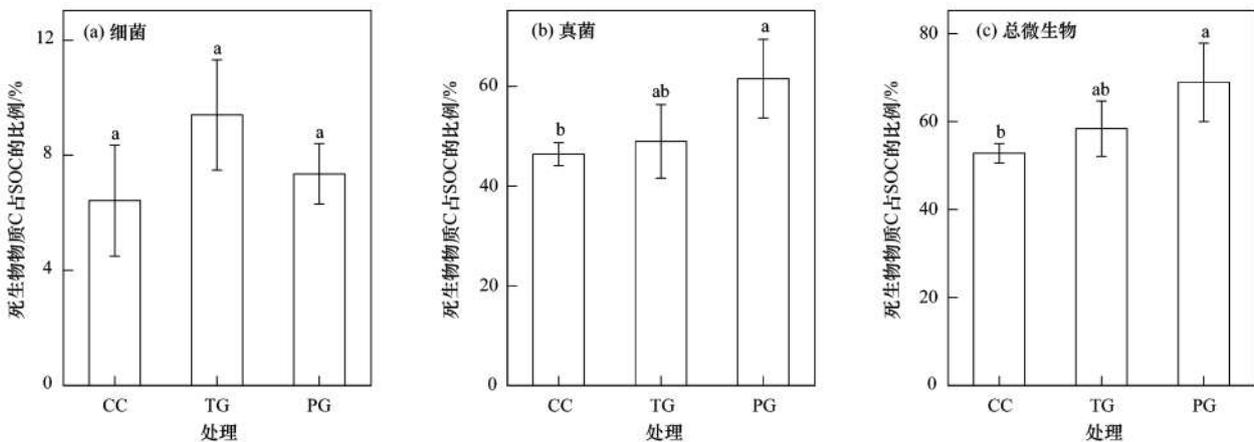
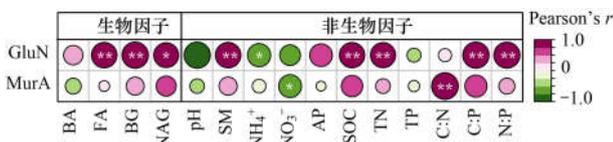


图 4 不同土地集约利用程度下土壤细菌、真菌和总微生物死生物物质 C 占 SOC 的比例变化

Fig. 4 Changes in proportion of bacterial, fungal, and total microbial necromass C to SOC under different land use intensification levels



红色表示指标间呈正相关关系,绿色表示指标间呈负相关关系,*表示 $P < 0.05$, **表示 $P < 0.01$; BA 表示细菌绝对丰度,FA 表示真菌绝对丰度;BG 表示土壤 β -1,4 葡萄糖苷酶,NAG 表示 β -N-乙酰-氨基葡萄糖苷酶;GluN 表示氨基葡萄糖,MurA 表示胞壁酸

图 5 氨基糖与土壤生物和非生物因子的相关性

Fig. 5 Correlations between amino sugar and soil biotic and abiotic factors

C: P 和 N: P 显著正相关 ($P < 0.01$), 而与 pH ($P < 0.01$) 和 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ ($P < 0.05$) 显著负相关; 唯一不同的是真菌死生物物质 C 与 AP 显著正相关 ($P < 0.05$), 而总微生物死生物物质 C 和 AP 之间无显著相关性. 将土壤 SOC 与细菌、真菌和总微生物死生物物质 C 单独做回归分析 (图 7), 结果表明, 细菌死生物物质 C 与土壤 SOC 无显著相关性 ($P > 0.05$), 而真菌及总微生物死生物物质 C 均与土壤 SOC 极显著正相关 ($P < 0.01$).

3 讨论

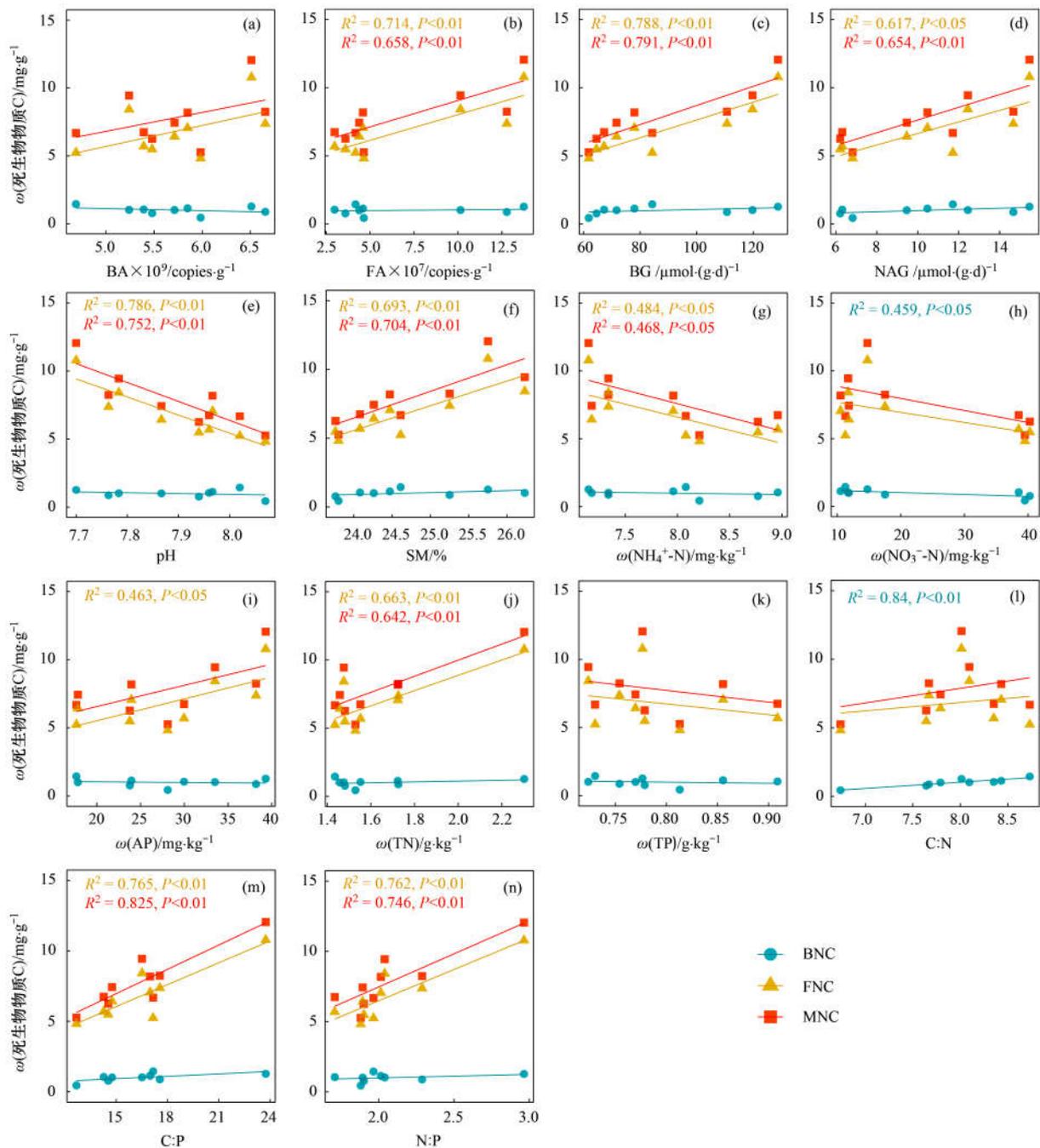
3.1 土地集约利用程度对土壤细菌和真菌群落丰度的影响

土壤微生物群落的丰度与其生态功能密切相关, 是土壤环境质量状况的最直接反映. 本研究采用灵敏度更高、抗抑制剂效果更佳、摆脱标准品依赖性和扩增效率限制的 ddPCR 技术精准量化了土壤细菌和真菌群落丰度对土地集约利用程度变化的响应.

土壤细菌数量并未因土地集约利用程度调整而显著改变 (图 1), 即使土壤环境发生了明显变化 (表 1), 说明在特定条件下细菌通过其特有的稳定机制

来维持相对恒定的数量以适应土壤环境变化. 有趣的是, 与 CC 处理相比, TG 处理降低了细菌群落丰度, 而没有任何额外投入的 PG 处理细菌群落丰度最高. 这可能是因为, 对于同样有秸秆 C 输入的 CC 和 TG 处理, 化学肥料的投入加速了细菌生长和养分周转^[46], 富 N 的细菌偏爱 N 肥施用所形成的低 C/N 环境^[33], 而 TG 处理下草地替代作物种植造成了地表植被丰富度和覆盖度的增加, 土壤保水能力提升, 并且草地具有更高的地下植物生物量和根系分泌能力, 同样能够刺激细菌生长^[36,47]. 除此之外, 上季作物种植时被固持在土壤中的化学养分仍可为细菌利用, 因此在没有大量速效养分投入的情况下, 细菌数量仅略微降低. 而 PG 处理下的自然生态系统具有相对稳定的土壤生境和更高的养分循环效率, 即使没有速效养分添加, 通过植物根际沉积和植物残体分解依然可以向土壤输入充足的养分资源, 维持很高的细菌数量, 而且微生物群落不再受长期化肥投入累积效应的不利影响.

与土壤细菌群落丰度不同, 土壤真菌数量受到土地集约利用程度调整的显著影响, PG 处理显著高于 CC 和 TG 处理, 而且 TG 处理同样高于 CC 处理 (图 1). 分析原因认为: CC 处理中常年种植作物, 频繁耕作所致的土壤扰动会减少真菌数量, 尤其是高 N 施肥和犁耕等措施会严重破坏真菌菌丝, 强烈影响真菌群落^[10]; 丰富的地下植物生物量能够刺激真菌生长^[47], 农作物因矿物肥料施用供应的充足养分而减少对根系系统的投入, 对于包括小麦和玉米在内的农作物而言, 其根系生物量通常仅占总植物生物量的 5% ~ 30%^[48,49]. 而草地系统拥有着巨大的地下生物量, 占总植物生物量的 50% ~ 98%^[50]; 地表植被变化引发了地下 C 源输入种类和数量的变化, 进而显著影响了真菌群落丰度. 再者, 草地系统中更为复杂的 C 源输入 (尤其是难分解凋落物)



仅显示具有显著相关的 R^2 和 P 值; BNC 表示细菌死生物物质 C, FNC 表示真菌死生物物质 C, MNC 表示总微生物死生物物质 C

图 6 细菌、真菌和总微生物死生物物质 C 与土壤生物和非生物因子的回归分析 ($n=9$)

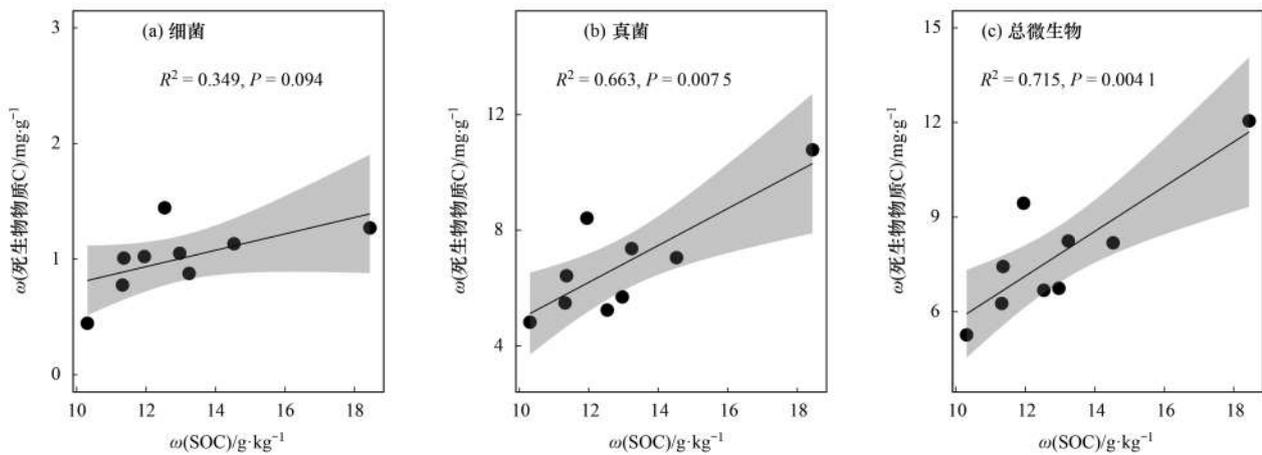
Fig. 6 Regression analysis of bacterial, fungal, and total microbial necromass C with soil biotic and abiotic factors ($n=9$)

对真菌更为有利^[33,51],这与真菌作为纤维素、半纤维素和含木质素聚合物的主要分解者的生态地位有关^[31].低土壤 pH 有利于真菌生长^[34],草地生态系统中凋落物层的分解及植物根系分泌的有机酸降低了土壤 pH^[52],这种影响对 PG 处理尤为强烈.因此本研究并未呈现过往认知的施肥农田土壤应有更低的 pH 值.真菌数量的增加说明复杂有机底物分解和 C 源供应的增强,也表现在土壤 BG 和 NAG 活性的显著升高(表 1).此外,PG 和 TG 处理的细菌与真菌的丰度比值均低于 CC 处理(图 1),说明草地改

变了土壤微生物群的整体构成,增强了真菌群落的功能地位.

3.2 土地集约利用程度对微生物死生物物质 C 累积的影响及其决定因素

不同土地集约利用程度下总微生物死生物物质 C 对 SOC 的平均贡献率为 52.78%~62.87% (图 4),说明微生物途径(即微生物死生物物质的续理效应)主导 SOC 形成过程,与 Liang 等^[5]基于不同生态系统发现微生物残体对 SOC 的贡献率超过 50% 的结果相同.总微生物死生物物质 C 对 SOC 的



黑线和阴影区域分别表示拟合回归和95%置信区间

图7 细菌、真菌和总微生物死生物物质C与土壤SOC的回归分析($n=9$)

Fig. 7 Regression analysis of bacterial, fungal, and total microbial necromass C with soil organic carbon ($n=9$)

贡献率随着土地集约利用程度的降低而增加(图4),这与Ding等^[53]研究发现草地开垦为农田后微生物残体数量显著下降的结果相符合.究其原因认为,通过草地取代作物种植的方式降低土地集约利用程度对土壤生态系统产生了积极影响.同时,不同土地集约利用程度处理的土壤中真菌死生物物质C与总微生物死生物物质C的比例均超过80%(表2),与Wang等^[10]通过整合分析发现真菌死生物物质较细菌死生物物质在全球农田和草地生态系统的土壤中更占优势的结果一致,这主要与活体真菌生物量远大于细菌生物量^[35,54]、真菌残体更容易被稳定^[55]和真菌细胞壁碎片能够有效地形成更多的大分子团聚体^[56,57]有关,说明真菌死生物物质C在总微生物死生物物质C累积中的主导地位,进而在SOC积累中发挥重要作用.

土壤细菌和真菌死生物物质含量随土地集约利用程度变化表现不同.He等^[35]研究发现土壤中细菌和真菌死生物物质含量与活体微生物数量有关,然而本研究中,细菌丰度最高的CC处理的细菌死生物物质含量最低,说明土壤中易分解和利用的养分被消耗后,细菌改变了养分获取策略,优先利用具有相对较低C/N值的细菌死生物物质^[32,37].然而,细菌数量最少的TG处理拥有最高含量的细菌死生物物质,表明随着有效N养分的消耗和植物凋落物及根系分泌的增加,土壤的C/N值升高和pH值降低,越来越不适宜细菌生长,其数量降低,导致细菌残体在土壤中得以积累.养分高效循环的PG处理拥有最为丰富的细菌群落,虽然其环境条件并不利于细菌死生物物质积累,但在保障活体细菌生存的前提下,与CC处理相比在土壤中积累了更多的细菌死生物物质作为C源和能量储备.细菌死生物物质含量的变化也体现在其对SOC的贡献率上(图

3).这些结果进一步说明,土壤微生物死生物物质含量并不是恒定不变的,而是处于动态变化中,取决于生成和分解之间的平衡^[58].而对于真菌死生物物质,其含量与真菌群落丰度变化一致,也体现在两者之间的显著正相关关系(图6).这可能是由于,常规种植条件下频繁和强烈的扰动严重破坏了真菌菌丝体,不利于真菌死生物物质的形成和积累;真菌不适宜在高N投入以及N残留所形成的低C/N值环境中生存;地表植被丰富度的增加以及地下根系系统的扩大,促进了真菌的繁殖,进而增加了真菌死生物物质的积累;草地系统较低的pH环境有利于真菌生长,进而刺激真菌死生物物质的积累^[34];真菌死生物物质较细菌死生物物质更加稳定,分解更为缓慢^[35].此外,地表植被覆盖度的增加提高了土壤含水量,在这种环境条件下,真菌死生物物质具有很低的再循环效率^[37].由于真菌死生物物质在总微生物死生物物质中占绝对主导地位,土壤中总微生物死生物物质含量同样随土地集约利用程度的降低而增加(图3).

在特定区域内,微生物死生物物质C累积状况由多种因素的共同作用所决定,而非由单一因素所主导^[59],其积累与微生物群落结构、种群大小、元素化学计量特征等诸多生物与非生物因子密切相关^[60].微生物死生物物质C累积的前提是微生物群落对资源的获取,取决于微生物群落的C分解效率,该过程依赖于土壤中代谢酶的作用,是调节养分循环的关键步骤^[61].微生物通过调节上述机制来调整资源和能量获取的策略以适应环境变化.本研究中,线性回归分析结果表明(图6),真菌死生物物质C的累积受到多种因素的联合调控,主要包括生物因子(FA、BG和NAG)和非生物因子(pH、SM、

TN、 NH_4^+ -N、AP、C:P 和 N:P); 总微生物和真菌死生物物质 C 与生物和非生物因子表现出相似的相关关系,再一次印证了真菌死生物物质 C 对总微生物死生物物质 C 的高贡献率,并且二者的变化均受到多因子耦合效应的影响. 唯一不同之处在于真菌死生物物质 C 与 AP 显著相关,这是否与特定真菌功能群(如丛枝菌根真菌)的变化有关,还有待深入研究. 对于生物因子部分,土壤中 BG 酶为土壤微生物群落提供了更为丰富的可利用底物和能源,进而提高了土壤“微生物碳泵”体内周转速率^[62],有利于微生物死生物物质的积累;而 NAG 酶与总微生物和真菌死生物物质 C 均呈正相关,这与邓先智等^[62]研究的结果不同,这可能是由于微生物死生物物质 C 受到多因子累积效应影响. 而对于细菌死生物物质 C,其本身变化并不显著,仅与 C:N 显著正相关(图 6),说明其累积取决于土壤的 C 和 N 平衡. 这与邓先智等^[62]发现在退化草地中微生物死生物物质 C 与 C:N 呈显著负相关有所不同,这可能是由于生境不同所造成的差异;此外,细菌死生物物质和 NO_3^- -N 显著负相关(图 6),可能同样说明微生物为获得可利用 N 源将细菌死生物物质作为替代 N 源而利用,通过这种机制细菌群落适应底物供应与需求间化学计量失衡^[23,33,37,63]. 细菌、真菌和总微生物死生物物质 C 与土壤 SOC 的单独回归分析结果再一次印证真菌死生物物质 C 对土壤 SOC 累积的重要性(图 7).

本研究中发现微生物群落丰度是群落数量变化的表征,反映了微生物群落的环境适应能力,一定程度上能够解释其对微生物残体累积的贡献. 然而,不同微生物分类群的生物量各不相同,致使群落生物量累积与数量变化并不完全一致. 近期的研究^[64]采用磷脂脂肪酸(PLFA)表征微生物活体生物量,并与微生物死生物物质进行关联分析,表明其能够解释微生物死生物物质的变化. 但其仍具有局限性,无法表征微生物的数量变化,在后期分析中缺少数量性状的关键因子分析. 因此,在未来的研究中,应将微生物群落绝对数量和磷脂脂肪酸含量结合起来,并与微生物死生物物质进行关联,以更加准确、全面地反映环境变化下微生物死生物物质对土壤 C 积累贡献的变化.

4 结论

土壤真菌群落丰度受到草地替代一季作物种植以降低土地集约利用程度管理方式的强烈影响,随土地集约利用程度的降低而增加. 降低土地集约利用程度同样增加了土壤总微生物死生物物质 C 和

SOC 的积累以及对 SOC 的贡献率. 土壤总微生物死生物物质 C 主导了 SOC 的积累,而真菌死生物物质 C 凭借其在总微生物死生物物质 C 中的绝对优势地位,在 SOC 封存中发挥至关重要的作用,其变化受到包括群落丰度、pH、SM 等多种生物和非生物因素的联合调控. 因此,在农业管理实践中,可以通过采取草地替代作物种植的方式适当降低土地集约利用程度以缓解集约化农业的不利影响,并充分理解微生物死生物物质的动态平衡规律和合理利用真菌菌群变化在 SOC 积累中的关键作用,达到增强农田土壤碳封存能力、提高土壤肥力和改善土壤健康状况的目的,为可持续农业发展提供新的思路.

参考文献:

- [1] Paustian K, Lehmann J, Ogle S, *et al.* Climate-smart soils[J]. *Nature*, 2016, **532**(7597): 49-57.
- [2] Cotrufo M F, Soong J L, Horton A J, *et al.* Formation of soil organic matter via biochemical and physical pathways of litter mass loss[J]. *Nature Geoscience*, 2015, **8**(10): 776-779.
- [3] Kögel-Knabner I, Rumpel C. Chapter one-advances in molecular approaches for understanding soil organic matter composition, origin, and turnover: a historical overview [J]. *Advances in Agronomy*, 2018, **149**: 1-48.
- [4] Lehmann J, Kleber M. The contentious nature of soil organic matter[J]. *Nature*, 2015, **528**(7580): 60-68.
- [5] Zhou R, Liu Y, Dungait J A J, *et al.* Microbial necromass in cropland soils: A global meta-analysis of management Effects [J]. *Global Change Biology*, 2023, **29**(7): 1998-2014.
- [6] Khan K S, Mack R, Castillo X, *et al.* Microbial biomass, fungal and bacterial residues, and their relationships to the soil organic matter C/N/P/S ratios[J]. *Geoderma*, 2016, **271**: 115-123.
- [7] Appuhn A, Joergensen R G. Microbial colonisation of roots as a function of plant species [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, **38**(5): 1040-1051.
- [8] Huang Y, Liang C, Duan X W, *et al.* Variation of microbial residue contribution to soil organic carbon sequestration following land use change in a subtropical karst region [J]. *Geoderma*, 2019, **353**: 340-346.
- [9] Kallenbach C M, Frey S D, Grandy A S. Direct evidence for microbial-derived soil organic matter formation and its ecophysiological controls[J]. *Nature Communications*, 2016, **7**, doi: 10.1038/ncomms13630.
- [10] Wang B R, An S S, Liang C, *et al.* Microbial necromass as the source of soil organic carbon in global ecosystems [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, **162**, doi: 10.1016/j.soilbio.2021.108422.
- [11] Anderson T H, Joergensen R G. Relationship between SIR and FE estimates of microbial biomass C in deciduous forest soils at different pH[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1997, **29**(7): 1033-1042.
- [12] Joergensen R G. Amino sugars as specific indices for fungal and bacterial residues in soil [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2018, **54**(5): 559-568.
- [13] Shao P S, Lynch L, Xie H T, *et al.* Tradeoffs among microbial life history strategies influence the fate of microbial residues in subtropical forest soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, **153**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.108112.
- [14] Parsons J W. Chemistry and distribution of amino sugars in soils

- and soil organisms[A]. In: Paul E A, Ladd J N (Eds.). Soil Biochemistry[M]. Boca Raton: CRC Press, 1981.
- [15] Joergensen R G, Wichern F. Alive and kicking: why dormant soil microorganisms matter[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, **116**: 419-430.
- [16] Liang C, Zhang X D, Rubert IV K F, *et al.* Effect of plant materials on microbial transformation of amino sugars in three soil microcosms[J]. Biology and Fertility of Soils, 2007, **43**(6): 631-639.
- [17] Bai Z, Ma Q, Dai Y C, *et al.* Spatial heterogeneity of SOM concentrations associated with white-rot versus brown-rot wood decay[J]. Scientific Reports, 2017, **7**(1), doi: 10.1038/s41598-017-14181-7.
- [18] Liang C, Kästner M, Joergensen R G. Microbial necromass on the rise: the growing focus on its role in soil organic matter development[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, **150**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.108000.
- [19] Liang C, Fujinuma R, Balsler T C. Comparing PLFA and amino sugars for microbial analysis in an Upper Michigan old growth forest[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2008, **40**(8): 2063-2065.
- [20] Strickland M S, Rousk J. Considering fungal: bacterial dominance in soils -Methods, controls, and ecosystem implications[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2010, **42**(9): 1385-1395.
- [21] Soares M, Rousk J. Microbial growth and carbon use efficiency in soil: links to fungal-bacterial dominance, SOC-quality and stoichiometry[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2019, **131**: 195-205.
- [22] Fabian J, Zlatanovic S, Mutz M, *et al.* Fungal-bacterial dynamics and their contribution to terrigenous carbon turnover in relation to organic matter quality[J]. The ISME Journal, 2017, **11**(2): 415-425.
- [23] Cui J, Zhu Z K, Xu X L, *et al.* Carbon and nitrogen recycling from microbial necromass to cope with C: N stoichiometric imbalance by priming[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, **142**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.107720.
- [24] Hu Y T, Zheng Q, Noll L, *et al.* Direct measurement of the *in situ* decomposition of microbial-derived soil organic matter[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, **141**, doi: 10.1016/j.soilbio.2019.107660.
- [25] Pausch J, Kuzyakov Y. Carbon input by roots into the soil: quantification of rhizodeposition from root to ecosystem scale[J]. Global Change Biology, 2018, **24**(1): 1-12.
- [26] Chen G P, Ma S H, Tian D, *et al.* Patterns and determinants of soil microbial residues from tropical to boreal forests[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, **151**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.108059.
- [27] Bohoussou Y N, Kou Y H, Yu W B, *et al.* Impacts of the components of conservation agriculture on soil organic carbon and total nitrogen storage: a global meta-analysis[J]. Science of the Total Environment, 2022, **842**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2022.156822.
- [28] Luo R Y, Kuzyakov Y, Liu D Y, *et al.* Nutrient addition reduces carbon sequestration in a Tibetan grassland soil: disentangling microbial and physical controls [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, **144**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.107764.
- [29] Liu X, Zhou F, Hu G Q, *et al.* Dynamic contribution of microbial residues to soil organic matter accumulation influenced by maize straw mulching[J]. Geoderma, 2019, **333**: 35-42.
- [30] Wang B R, Liang C, Yao H J, *et al.* The accumulation of microbial necromass carbon from litter to mineral soil and its contribution to soil organic carbon sequestration[J]. CATENA, 2021, **207**, doi: 10.1016/j.catena.2021.105622.
- [31] Schneider T, Keiblinger K M, Schmid E, *et al.* Who is who in litter decomposition? Metaproteomics reveals major microbial players and their biogeochemical functions [J]. The ISME Journal, 2012, **6**: 1749-1762.
- [32] Liang C, Amelung W, Lehmann J, *et al.* Quantitative assessment of microbial necromass contribution to soil organic matter[J]. Global Change Biology, 2019, **25**(11): 3578-3590.
- [33] López-Mondéjar R, Brabcová V, Štursová M, *et al.* Decomposer food web in a deciduous forest shows high share of generalist microorganisms and importance of microbial biomass recycling [J]. The ISME Journal, 2018, **12**(7): 1768-1778.
- [34] Grosso F, Bååth E, De Nicola F. Bacterial and fungal growth on different plant litter in Mediterranean soils: effects of C/N ratio and soil pH[J]. Applied Soil Ecology, 2016, **108**: 1-7.
- [35] He L Y, Mazza Rodrigues J L, Soudzilovskaia N A, *et al.* Global biogeography of fungal and bacterial biomass carbon in topsoil [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, **151**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.108024.
- [36] Prommer J, Walker T W N, Wanek W, *et al.* Increased microbial growth, biomass, and turnover drive soil organic carbon accumulation at higher plant diversity [J]. Global Change Biology, 2020, **26**(2): 669-681.
- [37] Buckenidge K M, Mason K E, McNamara N P, *et al.* Environmental and microbial controls on microbial necromass recycling: an important precursor for soil carbon stabilization[J]. Communications Earth & Environment, 2020, **1**, doi: 10.1038/s43247-020-00031-4.
- [38] Akinde B P, Olakayode A O, Oyedele D J, *et al.* Selected physical and chemical properties of soil under different agricultural land-use types in Ile-Ife, Nigeria [J]. Heliyon, 2020, **6**(9), doi: 10.1016/j.heliyon.2020.e05090.
- [39] 胡荷, 吴宪, 赵建宁, 等. 有机-无机肥配施对麦玉米轮作土壤中细菌氮循环功能基因的影响[J]. 农业环境科学学报, 2021, **40**(1): 144-154.
- Hu H, Wu X, Zhao J N, *et al.* The effects of combined organic and inorganic fertilizer on the bacterial nitrogen cycling functional genes in wheat and maize soils by PICRUSt functional prediction [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2021, **40**(1): 144-154.
- [40] Carvalho J L N, Raucci G S, Frazão L A, *et al.* Crop-pasture rotation: a strategy to reduce soil greenhouse gas emissions in the Brazilian Cerrado[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2014, **183**: 167-175.
- [41] Hu Y H, Yesilonis I, Szlavecz K. Microbial and environmental controls on wood decomposition in deciduous forests of different ages[J]. Applied Soil Ecology, 2021, **166**, doi: 10.1016/j.apsoil.2021.103986.
- [42] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [43] Dick W A, Thavamani B, Conley S, *et al.* Prediction of β -glucosidase and β -glucosaminidase activities, soil organic C, and amino sugar N in a diverse population of soils using near infrared reflectance spectroscopy [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2013, **56**: 99-104.
- [44] Indorf C, Dyckmans J, Khan K S, *et al.* Optimisation of amino sugar quantification by HPLC in soil and plant hydrolysates[J]. Biology and Fertility of Soils, 2011, **47**(4): 387-396.
- [45] 张彬, 陈奇, 丁雪丽, 等. 微生物残体在土壤中的积累转化

- 过程与稳定机理研究进展[J]. 土壤学报, 2022, **59**(6): 1479-1491.
- Zhang B, Chen Q, Ding X L, *et al.* Research progress on accumulation, turnover and stabilization of microbial residues in soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2022, **59**(6): 1479-1491.
- [46] Chen X B, Xia Y H, Rui Y C, *et al.* Microbial carbon use efficiency, biomass turnover, and necromass accumulation in paddy soil depending on fertilization [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2020, **292**, doi: 10.1016/j.agee.2020.106816.
- [47] Ma H Z, Mo L D, Crowther T W, *et al.* The global distribution and environmental drivers of aboveground versus belowground plant biomass[J]. *Nature Ecology & Evolution*, 2021, **5**(8): 1110-1122.
- [48] Wang C Y, Liu W X, Li Q X, *et al.* Effects of different irrigation and nitrogen regimes on root growth and its correlation with above-ground plant parts in high-yielding wheat under field conditions[J]. *Field Crops Research*, 2014, **165**: 138-149.
- [49] Wu Q P, Chen F J, Chen Y L, *et al.* Root growth in response to nitrogen supply in Chinese maize hybrids released between 1973 and 2009[J]. *Science China Life Sciences*, 2011, **54**(7): 642-650.
- [50] Fan J W, Zhong H P, Harris W, *et al.* Carbon storage in the grasslands of China based on field measurements of above-and below-ground biomass [J]. *Climatic Change*, 2008, **86**(3): 375-396.
- [51] Xia Y H, Chen X B, Zheng X D, *et al.* Preferential uptake of hydrophilic and hydrophobic compounds by bacteria and fungi in upland and paddy soils [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2020, **148**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.107879.
- [52] 董凌勃, 海旭莹, 汪晓珍, 等. 黄土高原退耕还草地植物群落动态对生态系统碳储量的影响[J]. *生态学报*, 2020, **40**(23): 8559-8569.
- Dong L B, Hai X Y, Wang X Z, *et al.* Effects of plant community dynamics on ecosystem carbon stocks since returning farmlands to grasslands on the Loess Plateau[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, **40**(23): 8559-8569.
- [53] Ding X L, Zhang B, Wei Z B, *et al.* Conversion of grassland into cropland affects microbial residue carbon retention in both surface and subsurface soils of a temperate agroecosystem [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2020, **56**(1): 137-143.
- [54] Bailey V L, Smith J L, Bolton Jr H. Fungal-to-bacterial ratios in soils investigated for enhanced C sequestration [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, **34**(7): 997-1007.
- [55] Adameczyk B, Sietiö O M, Biasi C, *et al.* Interaction between tannins and fungal necromass stabilizes fungal residues in boreal forest soils [J]. *New Phytologist*, 2019, **223**(1): 16-21.
- [56] Schweigert M, Herrmann S, Miltner A, *et al.* Fate of ectomycorrhizal fungal biomass in a soil bioreactor system and its contribution to soil organic matter formation [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, **88**: 120-127.
- [57] Vidal A, Klöffel T, Guigue J, *et al.* Visualizing the transfer of organic matter from decaying plant residues to soil mineral surfaces controlled by microorganisms [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, **160**, doi: 10.1016/j.soilbio.2021.108347.
- [58] 李庭宇, 李双异, 刘旭, 等. 土壤微生物标识物——氨基糖的研究进展[J]. *土壤通报*, 2022, **53**(1): 241-252.
- Li T Y, Li S Y, Liu X, *et al.* Soil biomarkers——Research progress of amino sugars [J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2022, **53**(1): 241-252.
- [59] 马玲玲, 杨世福, 林钊凯, 等. 土壤氨基糖及影响其积累的因素综述[J]. *生态科学*, 2022, **41**(5): 252-263.
- Ma L L, Yang S F, Lin Z K, *et al.* Soil amino sugars and the factors affecting their accumulation [J]. *Ecological Science*, 2022, **41**(5): 252-263.
- [60] Li L D, Wilson C B, He H B, *et al.* Physical, biochemical, and microbial controls on amino sugar accumulation in soils under long-term cover cropping and no-tillage farming [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **135**: 369-378.
- [61] Ding X L, Chen S Y, Zhang B, *et al.* Warming yields distinct accumulation patterns of microbial residues in dry and wet alpine grasslands on the Qinghai-Tibetan Plateau [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2020, **56**(7): 881-892.
- [62] 邓先智, 类延宝, 沈杰, 等. 模拟根系分泌物输入对高寒退化草地土壤微生物残体的影响[J]. *生态学报*, 2022, **42**(20): 8311-8321.
- Deng X Z, Lei Y B, Shen J, *et al.* Effects of simulated root exudates input on soil microbial residues in the degraded alpine grassland [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, **42**(20): 8311-8321.
- [63] Capek P, Choma M, Tahovská K, *et al.* Coupling the resource stoichiometry and microbial biomass turnover to predict nutrient mineralization and immobilization in soil [J]. *Geoderma*, 2021, **385**, doi: 10.1016/j.geoderma.2020.114884.
- [64] Jing Y L, Ding X L, Zhao X C, *et al.* Non-additive effects of nitrogen and phosphorus fertilization on microbial biomass and residue distribution in a subtropical plantation [J]. *European Journal of Soil Biology*, 2022, **108**, doi: 10.1016/j.ejsobi.2021.103376.

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 Hui, <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 Fluvo-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 Weibei 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-yang, <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)