

目次(卷终)

基于气象条件指数的我国重点区域 PM_{2.5} 和臭氧复合污染气象影响评估 杨欣, 杨元琴, 李红, 高健, 牛军捷, 储王辉, 刘世杰, 陈义珍, 何友江, 赵好希 (6433)

“2+26”城市 PM_{2.5} 与气象因子的尺度依存关系及影响因素分析 吴舒祺, 金团团, 郑冬阳, 顾杨吻, 赵文吉 (6441)

武汉军运会前后大气 PM_{2.5} 化学组分和来源 刘世豪, 孔少飞, 郑煌, 陈楠, 祝波, 祁士华 (6452)

2016~2020年邯郸市冬季 PM_{2.5} 污染特征与来源解析 牛红亚, 高娜娜, 鲍晓磊, 胡伟, 胡偲豪, 吴春苗, 马心怡, 纪晓腾, 樊景森, 王金喜 (6463)

渭南市冬季 PM_{2.5} 化学组成及来源解析 郭景宁, 李小飞, 余锋, 张蕊, 高月, 杨雯 (6474)

长三角城郊冬季 PM_{2.5} 中铵盐的形成过程及来源解析 项妍琨, 曹芳, 张雯淇, 范美益, 章炎麟 (6486)

上海城区硝基芳香族化合物的化学组成及特征分析 杨露, 马英歌, 郁建珍, 吴宇航, 乔利平, 周敏, 朱书慧, 黄成, 童张法 (6495)

吕梁市 PM_{2.5} 中多环芳烃的来源解析及健康风险评估 车玲, 刘紫叶, 李杨勇, 李雪梅, 李晓帆, 刘添, 冯传阳, 姜辛 (6508)

广西背景大气中生物质燃烧对碳质气溶胶组成和吸光性的影响 吴星麒, 曹芳, 洪一航, 邢佳莉 (6518)

南京北郊大气棕碳吸光特性、来源及其季节变化特征 陈星州, 崔世杰, 张运江, 先久坤, 王镜雯, 汪俊峰, 盖鑫磊 (6529)

京津冀地区“煤改电”对 PM_{2.5} 污染的健康效益评估 张茹婷, 陈传敏, 刘松涛, 吴华成, 周卫青, 李朋 (6541)

基于化学损耗修正的青岛胶州市环境 VOCs 来源解析 孔翠丽, 吴雨彤, 顾瑶, 宋江邦, 孟赫, 石来元, 刘保双 (6551)

聊城市城区夏季 VOCs 污染特征及来源解析 李万勇, 黄浩瑜, 王艳振, 朱子博, 王一秋, 高艳珊, 彭娜娜, 伦小秀, 黄亮, 冯如帆, 菅月诚, 王强 (6564)

基于三维空气质量模型的淄博市臭氧及前体物来源解析 张馨心, 赵秀颖, 黄凌, 薛金, 卞锦婷, 王杨君, 李莉 (6576)

中国高温下臭氧抑制事件的时空特征及其影响因素 欧林冲, 陈伟华, 伍永康, 吴乐敏, 王雪梅 (6586)

基于无人机的城市大气细颗粒物与臭氧污染探测与溯源研究进展 曲雅微, 王体健, 袁成, 吴昊 (6598)

京津冀地区机动车细颗粒物污染的健康影响分析 郝永佩, 宋晓伟, 朱晓东, 王京伟, 程鹏 (6610)

中国水泥行业通过 CCUS 技术的减排潜力评估 魏宁, 刘胜男, 魏凤, 李小春 (6621)

钢铁行业生命周期碳排放核算及减排潜力评估 宋晓聪, 杜帅, 邓陈宁, 谢明辉, 沈鹏, 赵慈, 陈忱, 刘晓宇 (6630)

珠江三角洲二氧化碳源汇演变特征及驱动因素 胡景心, 沙青娥, 刘慧琳, 张雪驰, 郑君瑜 (6643)

东莞市低碳路径下加速电气化对 CO₂ 和污染物协同减排影响 吴乐敏, 陈丙寅, 欧林冲, 白玉洁, 刘可旋, 王伟文, 彭勃, 王雪梅 (6653)

县域尺度下长株潭地区城市化与碳排放的关系 刘贤赵, 李阳 (6664)

城市草坪温室气体排放特征及影响因素 陈丽涵, 刘硕, 林溢, 郭娜, 臧昆鹏, 陈圆圆, 李嘉鑫, 邱珊珊, 卿雪梅, 洪海祥, 蒋凯, 熊浩宇, 方双喜 (6680)

双视角下中国畜牧业甲烷排放的温室效应 刘舒乐, 严薇, 高庆先, 马占云 (6692)

中国典型流域有机磷酸酯的污染特征与风险评估 赵江陆, 路海健, 吕佳佩, 杨江涛, 罗莹, 曹渺, 孙善伟, 郭昌胜, 徐建 (6700)

黄河下游悬河段饮用水源地土壤重金属污染、来源及健康风险 彭超月, 任翀, 申浩欣, 王艳锋, 段海静, 王玉龙, 李旭辉, 刘德新, 马建华 (6710)

黄河干流沉积物重金属的赋存形态特征及污染评价 王依滴, 欧阳威, 刘连华, 陆中桂 (6720)

土地利用结构与空间格局对鄱阳湖流域中小河流水质的影响 温嘉伟, 王鹏, 黄高翔, 张华, 聂明华, 丁明军, 折远洋 (6728)

内蒙古典型湖泊水环境特征及水质评价 王欣远, 潘保柱, 王立新, 刘铁军, 廖梓龙, 韩语, 杨子杰 (6744)

锡林河上游雨季降水、河水和地下水转化关系 孙金, 王怡璇, 杨璐, 段利民, 褚少杰, 张桂馨, 张波, 刘廷杰 (6754)

西北盐湖流域地下水水化学特征及控制因素 艳艳, 高瑞忠, 刘廷玺, 房丽晶, 王银龙 (6767)

巴里坤-伊吾盆地平原区地下水污染风险评价 刘钰, 曾妍妍, 周金龙, 闫志云, 白凡 (6778)

亚硫酸氢盐强化微量 Fe²⁺ 活化过二硫酸盐降解扑热息痛 莫苗婷, 聂淑华, 晏彩霞, 丁明军, 陈诗瑶, 聂明华 (6790)

污泥生物炭活化过一硫酸盐降解环丙沙星 郑大洋, 邹佳丽, 徐皓, 王滕, 石宇翔, 陈永健, 李彬阳, 王亚宜, 冯沁, 吴敏 (6801)

NaHCO₃ 活化荞麦皮生物炭对碘酚的吸附 魏红, 赵江娟, 景立明, 钮金芬, 付冉, 董莹 (6811)

竹基 N、P 共掺杂活性炭的制备及其锂离子吸附性能 王贵龙, 刘艳艳, 江荣源, 李思敏, 林冠峰, 卢贝丽, 黄彪, 陈燕丹 (6823)

西南高山峡谷区植被变化及影响因素分析 赖金林, 齐实, 崔冉冉, 廖瑞恩, 唐颖, 李鹏 (6833)

生物炭施用对农田土壤团聚体及有机碳影响的整合分析 孟艳, 沈亚文, 孟维伟, 王旭清, 李宗新, 刘开昌, 代红翠 (6847)

农田土壤碳循环过程及其量化方法 孙昭安, 朱彪 (6857)

生物炭施用 5 a 后对桂北桉树人工林土壤有机碳组分的影响 牟芝熠, 沈育伊, 曹杨, 王紫卉, 陈运霖, 滕秋梅, 黄科朝, 毛馨月, 徐广平 (6869)

喀斯特地区植被恢复下土壤活性有机碳与碳库管理指数的演变特征 蔡华, 舒英格, 王昌敏, 廖远行, 罗秀龙, 龙慧, 李雪梅 (6880)

中国典型抗生素在环境介质中的污染特征与生态风险评估 陈丽红, 曹莹, 李强, 孟甜, 张森 (6894)

基于 MGWR 的土壤 pH 值空间建模及其影响因素分析 赵明松, 陈宣强, 徐少杰, 邱士其, 王世航 (6909)

某燃煤电厂周边农田土壤重金属污染特征及源解析 张军, 李旭, 刘磊玉, 李雨茹 (6921)

重庆典型在产石化场地土壤污染特征及来源解析 张渝蓉, 罗帅, 陈媛, 曹军, 刘斌, 刘元元 (6933)

高垦殖丘陵区不同类型农用地土壤中抗生素抗性基因分布特征 陈瑞, 程建华, 唐翔宇 (6947)

有机肥配施生物炭对果园土壤反硝化微生物和酶活性的影响 邓正昕, 高明, 熊子怡, 王莹燕, 谢军, 王子芳 (6955)

有机肥处理对旱地土壤细菌群落及玉米生产力的影响 林婷婷, 郑洁, 朱国繁, 梁璐, 杨叶钰萍, 刘佳, 徐勤松, 孙波, 蒋瑞霖 (6965)

微塑料和镉复合污染对狼尾草根际土壤微生物群落结构和功能的影响 段莉阳, 张玉, 任学敏, 李玉英, 张英君, 张浩, 韩辉, 陈兆进 (6973)

设施番茄种植年限对土壤理化性质及微生物群落的影响 赵阳阳, 刘银双, 宋瑶, 张晓旭, 贾振华, 黄亚丽 (6982)

3 种氧化剂对焦化场地多环芳烃的修复效果与土著微生物的响应关系 李伟, 王伟伟, 孟祥宇, 孙英杰, 王亚楠, 李书鹏, 杨乐巍, 刘鹏, 刘渊文 (6992)

河北省不同盐渍化土壤类型的微生物多样性与种群结构 刘银双, 牛宏进, 赵阳阳, 孙宏勇, 陈晓波, 黄亚丽 (7004)

玉米根际微生物氮磷转化的功能基因组学分析 汪香君, 姜美彤, 李森, 倪浩为, 孙波, 梁玉婷 (7014)

外源菌剂联合柠檬酸强化龙葵修复土壤镉污染 王楷, 王丽, 王一钰, 游梦, 梁婷, 邹茸, 范洪黎 (7024)

1 株肠杆菌与硫酸联合施用对水稻积累镉的影响 张朴心, 姚俊帆, 刘玉玲, 张威宇, 尹雪斐, 铁柏清 (7036)

《环境科学》第 44 卷(2023 年)总目录 (7045)

《环境科学》征订启事(6507) 《环境科学》征稿简则(6620) 信息(6743, 6846, 6856)

河北省不同盐渍化土壤类型的微生物多样性与种群结构

刘银双¹, 牛宏进¹, 赵阳阳¹, 孙宏勇², 陈晓波^{3*}, 黄亚丽^{1*}

(1. 河北科技大学环境科学与工程学院, 石家庄 050018; 2. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心, 石家庄 050022; 3. 河北科技大学食品科学与工程学院, 石家庄 050018)

摘要: 为了探索盐渍化土壤中微生物多样性及群落构成, 有效筛选盐渍土壤中耐盐微生物菌群. 采用高通量测序技术对采集的河北省滨海盐渍土(原生盐渍化)、设施盐渍土(次生盐渍化)和高产粮田(健康土壤)3个生境的耕层土壤样本细菌和真菌多样性、群落结构、网络关系及其影响因子进行测定. 结果表明, 与大田土壤相比, 设施土壤中 OM、AP、AK、TS 和 EC 显著升高, 滨海盐渍土壤的 TS 和 EC 显著升高, 其他养分指标则显著降低. 细菌 α 多样性依次为: 设施盐渍土 > 高产粮田 > 滨海盐渍土, 真菌 α 多样性则为高产粮田显著高于设施盐渍土和滨海盐渍土. 在门和属水平上分析盐渍化土壤的菌群结构, 细菌群落中绿弯菌门(Chloroflexi)及其菌属和真菌群落中子囊菌门(Ascomycota)及其中有益菌 *Trichocladium* 和病原菌 *Fusarium* 为盐渍化土壤中的优势微生物类群. 土壤 EC 和 TS 两个盐分因子是对细菌和真菌菌群分布贡献最大的因子, 与绿弯菌门中 unclassified_A4b 和 unclassified_Chloroflexi 以及变形菌门中 unclassified_ α -Proteobacteria 等细菌菌属和子囊菌门中 *Trichocladium*、unclassified_Chaetomiaceae、*Crassicarpon*、*Cephalophora* 和 *Sodiomyces* 等真菌菌属呈显著正相关. 研究结果为盐渍化土壤修复所需的微生物资源筛选提供了理论依据.

关键词: 滨海盐渍土壤; 设施盐渍土壤; 土壤环境因子; 微生物多样性; 微生物组成

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)12-7004-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202301029

Microbial Diversity and Population Structure of Different Salinized Soil Types in Hebei Province

LIU Yin-shuang¹, NIU Hong-jin¹, ZHAO Yang-yang¹, SUN Hong-yong², CHEN Xiao-bo^{3*}, HUANG Ya-li^{1*}

(1. College of Environmental Sciences and Engineering, Hebei University of Science and Technology, Shijiazhuang 050018, China; 2. Center for Agricultural Resources Research, Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Shijiazhuang 050022, China; 3. College of Food Science and Engineering, Hebei University of Science and Technology, Shijiazhuang 050018, China)

Abstract: The objective of this study was to explore the microbial diversity and community composition under saline soil and to screen the salt-tolerant microbial flora from salinization habitats. The soil from three different habitats (primary salinization, secondary salinization, and healthy soil) in Hebei Province were sampled. The convention method and high-throughput sequencing technology were used to examine the physicochemical properties and microorganism diversity. The soil chemical properties of the three habitats were significantly different. Compared with those of field soil, the soil OM, AP, AK, TS, and EC values of greenhouse soil and TS and EC values of coastal saline soil were significantly higher. However, other chemical indexes of coastal saline soil were significantly lower. The diversity index and abundance of soil bacteria in greenhouse soil were the highest, followed by those in field soil and coastal saline soil as the lowest. The diversity index and abundance of fungi in two saline habitats were significantly lower than that in field soil. The community structure of saline soil was analyzed at the phylum and genus levels. Chloroflexi and its genera and Ascomycota and its genera, such as *Trichocladium* and *Fusarium*, were the dominant microbial groups in saline soil. EC and TS were the main factors affecting microbial diversity and community composition. EC and TS were positively correlated with unclassified_A4b, unclassified_Chloroflexi, unclassified_ α -Proteobacteria, *Trichocladium*, unclassified_Chaetomiaceae, *Crassicarpon*, *Cephalophora*, and *Sodiomyces*. The results of this study lay the foundation for future research on screening microbial resources needed for saline soil remediation.

Key words: coastal saline soil; greenhouse saline soil; soil environmental factors; microbial diversity; microbial composition

土壤退化是一个全球性的问题, 其中土壤盐渍化是退化土壤的主要类型, 据第四届国际三角洲论坛暨盐碱地种业创新论坛可知, 目前我国盐渍化土壤面积约为9 900万 hm^2 , 其中滨海盐渍化土壤约为690万 hm^2 , 次生盐渍化土壤140万 hm^2 ^[1,2]. 随着人口的增加以及随之而来的粮食生产压力^[3], 提高退化土壤的生产力已经成为保证我国粮食产量和安全的重中之重.

微生物在地球上数量极多且分布广泛, 是地球生物多样性的的重要组成部分^[4,5]. 微生物群落的结构和丰度对环境变化非常敏感, 能够很好地表征土壤质量及退化的过程^[6,7]. 土壤微生物控制了土壤

中有机物和矿物元素分解转化过程, 在修复退化土地和恢复土壤功能方面发挥主导作用^[8,9]. 土壤微生物还和植物形成一个“共生总体”, 通过给植物直接提供营养或减轻环境胁迫促进植物生长^[10]. 因此, 对比分析不同退化土壤生境的土壤微生物群落结构及丰度, 有利于确定土壤退化对微生物群落的影响和受损土壤修复的最佳物种筛选, 提高退化土

收稿日期: 2023-01-05; 修订日期: 2023-02-17

基金项目: 国家重点研发计划项目(2021YFD1901004-5); 河北省现代农业产业技术体系项目(HBCT2021200208)

作者简介: 刘银双(1994~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为盐渍化土壤微生物修复, E-mail: 2942271518@qq.com

* 通信作者, E-mail: zschenxiaobo@163.com; huangyalil2291@163.com

壤修复速率和提升生态修复效果。

土壤盐渍化过程是易溶性盐分在土壤表层逐步积累的过程,受到气候、水文和土壤管理等诸多因素的影响,其微生物菌群结构也随盐渍化而快速演替。陈瑞蕊等^[11]研究不同盐度滨海土壤细菌多样性发现,盐渍化土壤中厚壁菌门的丰度较非盐渍化土壤显著增加,而拟杆菌门显著下降。张翔等^[12]对健康的大田土壤和退化的设施盐渍土壤的细菌多样性差异研究表明,大田土壤中的放线菌门明显多于设施土壤,而厚壁菌门明显少于设施土壤。这为盐碱土壤改良微生物的筛选和应用奠定了理论基础,李丽艳等^[13]从滨海盐碱土中筛选得到对燕麦具有促生作用的耐盐芽孢杆菌。范延辉等^[14]从黄河三角洲盐碱土中分离得到具有良好的耐盐、溶磷和促生效果的草酸青霉和黑曲霉。耐盐促生微生物的应用为盐渍化土壤的微生物改良提供了低成本和持久的盐渍土壤改良措施。

河北省是我国重要的粮食产区,耕地质量提升直接关系到我国的粮食安全和食品安全。但是,在多样的生态和种植环境下,河北省盐渍退化土壤面积达 70 万 hm^2 ,其中原生盐渍化土壤主要为沧州滨海区域,次生盐渍化土壤则以设施蔬菜多年种植的京津蔬菜周年供应基地为代表。因此,对标河北省高产粮田,探讨滨海原生盐渍化和设施次生盐渍化两个不同盐渍生境中土壤微生物多样性、群落结构、网络关系及其影响因子,揭示土壤微生物群落在盐渍环境下的变化及响应机制,不仅可增进对盐碱环境下微生物种群结构的认识,补充现有盐渍土壤生态系统恢复理论,而且对次生盐渍化土壤的生物修复菌剂的研发与运用具有实践指导意义。

1 材料与方法

1.1 样品采集

根据河北省原生盐渍化、次生盐渍化以及健康土壤分布位点,在河北省沧州海兴县的滨海土壤(CS)、廊坊永清县的设施蔬菜种植土壤(GS)和石家庄赵县的山前平原健康大田土壤(FS)这 3 种生境土壤中的 3 块随机样地作为采样地点,于 2021 年 4 月在每个不同生境采用五点采样法采集 0~20 cm 土壤样品,等量充分混合后,放入无菌自封袋中,将采集的样品低温运送至实验室,去掉植物根系和可见杂质后,采用四分法将土壤分成两部分,一部分土壤自然风干,研磨、过筛后用于土壤化学性质的测定;另一部分土壤于 -80°C 冷藏保存,用于土壤微生物多样性分析。

1.2 土壤化学性质的测定

根据鲁如坤^[15]的方法对土壤化学性质进行分析测定。pH 采用水土比为 2.5:1 的电位法测定;电导率(EC)采用水土比为 5:1 的电极法测定;全盐(TS)采用重量法测定;有机质(OM)采用重铬酸钾容量法-外加热法测定;碱解氮(AN)采用碱解扩散法;有效磷(AP)采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法;速效钾(AK)采用乙酸铵浸提-火焰光度法。

1.3 土壤 DNA 的提取和高通量测序

采用北京索莱宝科技有限公司 DNA 提取试剂盒进行土壤样品中微生物 DNA 的提取。以提取的 DNA 为模板,分别使用 338F/806R^[16] 和 1737F/2043R^[17] 为引物进行土壤细菌 16S rRNA 的 V3-V4 区和真菌 ITS 的 V1 区基因序列的扩增,扩增体系为 25 μL ,采用 1.2% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 反应产物^[18]。检测合格的 PCR 文库送至北京百迈客生物科技有限公司采用 Illumina NovaSeq 测序平台进行双末端测序。

1.4 数据分析

使用 Quantitative Insights into Microbial Ecology (QIIME2) 软件对高通量测序得到的原始序列数据进行过滤、拼接和去除嵌合体,利用 Uparse 软件对所有样品的全部有效序列进行聚类,以 97% 的相似性将序列聚类成为 OTUs,对 OTUs 代表序列进行物种注释分析。采用贝叶斯算法将每个 OTU 代表序列与 silva 数据库对比,进行系统分类学分析,并分别在各个分类水平:域(domain)、界(kingdom)、门(phylum)、纲(class)、目(order)、科(family)、属(genus)和种(species)统计各样本的群落组成。使用 QIIME2 软件对各个样品的 α 多样性指数进行评估。使用 R 语言工具采用 Binary_jaccard 算法对 3 种生境土壤样品的细菌与真菌群落进行主坐标分析(principal co-ordinates analysis, PCoA)并绘制 PCoA 图,对不同生境土壤的群落结构差异进行分析。利用 Gephi 软件绘制菌群相关性网络图,了解不同生境土壤微生物群落的变化。通过 R 软件进行 Pearman 交互分析,探究细菌和真菌群落与环境因子之间的相互关系。采用 SPSS 软件进行单因素方差分析(ANOVA),采用邓肯法进行显著性分析($P < 0.05$),比较不同生境下土壤环境因子及微生物群落多样性指数之间的差异。

2 结果与分析

2.1 不同生境土壤的化学性质差异分析

河北省滨海盐碱土壤、设施盐渍化土壤和健康土壤的化学性质存在显著的差异(表 1),对于土壤

OM、AN、AP 和 AK 这 4 个指标来说,均为设施土壤最高,其次为大田土壤,滨海土壤的养分含量最低.其中设施土壤的 AP 和 AK 显著高于大田和滨海土壤;设施土壤和大田土壤的 ω (OM) 分别为 $(31.41 \pm 9.48) \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 和 $(29.20 \pm 4.39) \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,显著高于滨海土壤($P < 0.05$). TS 和 EC 反映土壤盐渍化程度,3 个生境土壤的 TS 含量从高到底依次为设施土壤、滨海

土壤和大田土壤,设施土壤和滨海土壤的 TS 分别为大田土壤的 5.90 倍和 3.80 倍,三者之间均呈显著差异($P < 0.05$). 3 种土壤的 EC 与 TS 含量趋势一致,按照耕地地力主要指标分级诊断,其中滨海土壤和设施土壤均为中度盐渍化土壤,大田土壤为非盐化状态. pH 由高到低依次为滨海土壤、大田土壤和设施土壤,其中滨海土壤与设施土壤呈显著差异.

表 1 不同生境土壤的化学性质¹⁾

Table 1 Chemical properties of soils in different habitats

分组	ω (OM) / $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	ω (AN) / $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	ω (AP) / $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	ω (AK) / $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	ω (TS) / $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	EC / $\mu\text{S} \cdot \text{cm}^{-1}$	pH
滨海土壤	8.89 ± 2.69b	155.07 ± 42.29a	4.43 ± 1.51b	204.42 ± 31.15b	3.04 ± 0.40b	530 ± 71.08b	8.33 ± 0.25a
大田土壤	29.20 ± 4.39a	163.89 ± 35.52a	53.67 ± 48.90b	263.41 ± 192.96b	0.80 ± 0.08c	140 ± 14.47c	7.88 ± 0.10ab
设施土壤	31.41 ± 9.48a	169.98 ± 44.60a	258.92 ± 67.19a	535.33 ± 16.04a	4.72 ± 0.64a	825 ± 108.29a	7.68 ± 0.38b

1) 数值为平均值 ± 标准偏差,同一列中不同小写字母表示差异显著($P < 0.05$)

2.2 不同生境土壤微生物菌群 α 多样性分析

本研究基于细菌和真菌群落整体水平覆盖率、OTUs 数目和 ACE 指数等指标对不同生境土壤的 α 多样性进行了分析(表 2). 细菌文库覆盖率达 99% 以上,真菌文库覆盖率均为 100%,说明测序结果完全,能够反映土壤中全部微生物信息. 对于细菌群落来说,3 种生境土壤的微生物 OTUs 数目和 α 多样性指数变化趋势一致,均为设施土壤最高,而滨海土壤最低. 其中,3 个生境土壤的 OTUs 数目、ACE 指数和 Chao1 指数彼此之间均差异显著,而对于 PD_

whole_tree 指数来说,设施土壤显著高于大田和滨海土壤($P < 0.05$). 可知,不同的细菌多样性指标受不同的土壤因子影响.

对于真菌而言,均以大田土壤真菌 α 多样性最高,其次为设施土壤,滨海土壤最低. 其中 3 种生境真菌的 Simpson 指数、Shannon 指数和 PD_ whole_tree 指数均存在显著差异,而就 ACE 指数、Chao1 指数和 OTUs 数目这 3 个多样性指标而言,大田和设施两类土壤显著高于滨海土壤($P < 0.05$).

表 2 不同土壤样品中微生物菌群的 α 多样性¹⁾

Table 2 The α diversity of microbial flora in different soil samples

分组	OTUs 数目	ACE 指数	Chao1 指数	Simpson 指数	Shannon 指数	PD_ whole_tree 指数	覆盖率/%	
滨海土壤	432.33 ± 71.49c	432.47 ± 71.67c	432.40 ± 71.58c	0.99 ± 0.00a	8.16 ± 0.24b	28.73 ± 2.35b	100	
细菌	大田土壤	568.00 ± 8.72b	568.69 ± 8.50b	568.58 ± 8.63b	1.00 ± 0.00a	8.64 ± 0.06a	31.06 ± 1.19b	99.99
设施土壤	796.33 ± 45.35a	798.19 ± 44.94a	802.66 ± 45.07a	1.00 ± 0.00a	8.86 ± 0.27a	43.40 ± 1.59a	99.97	
滨海土壤	100.00 ± 6.00b	100.07 ± 6.11b	100.00 ± 6.00b	0.62 ± 0.02c	2.90 ± 0.20c	21.75 ± 1.45b	100	
真菌	大田土壤	130.00 ± 20.52a	131.35 ± 20.62a	131.33 ± 21.01a	0.96 ± 0.01a	5.48 ± 0.38a	25.74 ± 2.28a	100
设施土壤	119.33 ± 5.51ab	120.01 ± 6.29ab	120.00 ± 6.56ab	0.91 ± 0.00b	4.65 ± 0.18b	15.66 ± 0.72c	100	

1) 数值为平均值 ± 标准偏差,同一列中不同小写字母表示差异显著($P < 0.05$)

2.3 不同生境土壤微生物菌群结构差异分析

图 1 为 3 个生境土壤样品细菌和真菌群落的 PCoA 图,不同生境下土壤样品中的细菌群落在水平坐标轴和垂直坐标轴均能够独立聚集成簇. 细菌群落水平坐标轴贡献了总体样品 39.25% 的解释度,垂直坐标轴贡献了 30.69% 的解释度,PERMANOVA 检验的 $R^2 = 0.69$ 、 $P = 0.004$,表明不同生境土壤的细菌群落差异显著,其中设施土壤的细菌群落与大田和滨海土壤差异更为明显[图 1(a)]. 不同生境土壤样品的真菌群落之间也存在显著差异($R^2 = 0.68$ 、 $P = 0.004$),样点分布于不同象限的边缘[图 1(b)].

2.4 不同生境土壤微生物菌群的构成

利用 16S rRNA 和 ITS 序列揭示土壤细菌和真

菌的群落组成. 9 个样品经质量过滤后,细菌群落和真菌群落分别获得 687 999 和 725 565 个有效序列. 利用每个 OTU 的代表序列进行分类,得到不同分类水平(门到种)的土壤微生物群落结构. 细菌涉及 22 门,45 纲,125 目,225 科,385 属,432 种;真菌涉及 10 门,25 纲,52 目,92 科,144 属,188 种.

2.4.1 土壤细菌菌群构成

细菌菌群在门水平组成结构如图 2(a) 所示,细菌平均相对丰度值由高至低依次为:变形菌门(Proteobacteria, 39.55%, 相对丰度,下同)、酸杆菌门(Acidobacteria, 20.03%)、放线菌门(Actinobacteria, 9.77%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 6.86%)和芽单胞菌门(Gemmatimonadota, 5.41%).

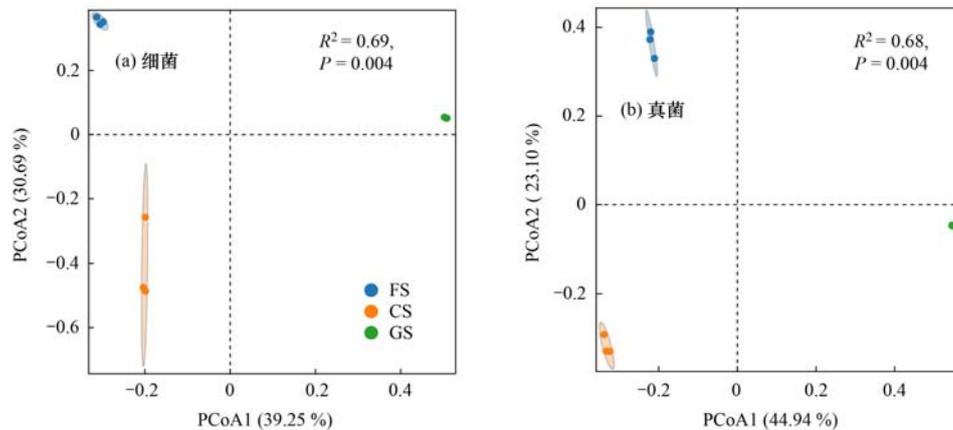


图 1 不同生境土壤细菌与真菌群落的主坐标分析 (PCoA)

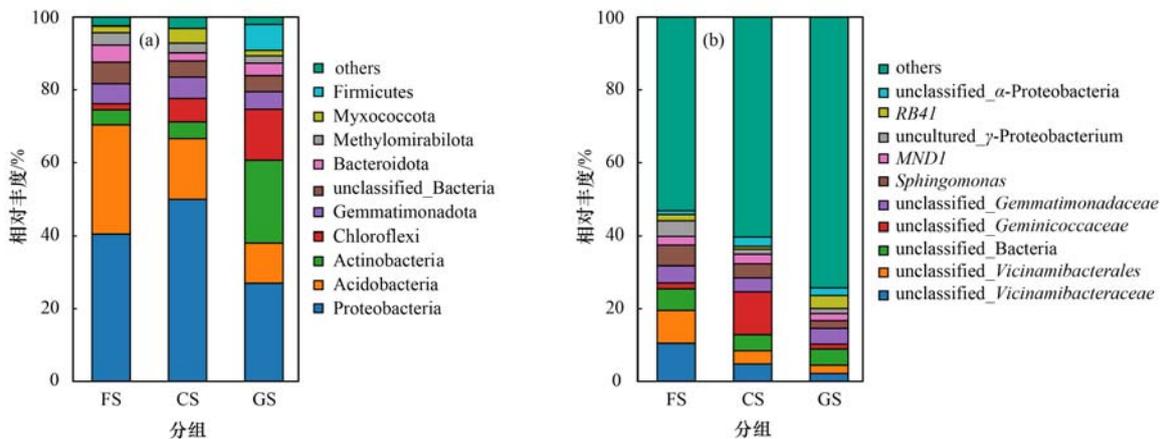
Fig. 1 Principal coordinate analysis of soil bacterial and fungal communities in different habitats (PCoA)

与大田土壤相比,滨海土壤的变形菌门 (Proteobacteria) 和绿弯菌门 (Chloroflexi) 丰度显著升高,而酸杆菌门 (Acidobacteria) 显著降低 ($P < 0.05$); 设施土壤的绿弯菌门 (Chloroflexi) 和放线菌门 (Actinobacteria) 丰度显著升高,而变形菌门 (Proteobacteria) 显著降低. 由此可知,盐渍生境特异性增高了绿弯菌门 (Chloroflexi) 丰度,而降低了酸杆菌门 (Acidobacteria) 的丰度.

图 2(b) 为 3 个生境中丰度前 10 位的优势菌属,其中 unclassified_Vicinamibacteraceae (2.18% ~ 10.50%)、unclassified_Vicinamibacterales (2.30% ~ 9.05%)、未分类细菌 (unclassified_Bacteria, 4.43% ~ 5.92%)、unclassified_Gemmatimonadaceae

(1.35% ~ 11.78%) 和 unclassified_Gemmatimonadaceae (3.83% ~ 4.73%) 等丰度较高. 与大田土壤相比,滨海土壤中 unclassified_Gemmatimonadaceae 丰度显著升高,其他 4 个菌属的相对丰度则降低; 而设施土壤中丰度前 5 位的优势菌属相对丰度均降低. 对比分析盐渍土壤和健康土壤丰度前 10 位的菌属,盐渍环境使 unclassified_Vicinamibacteraceae 和 unclassified_Vicinamibacterales 的相对丰度显著降低 ($P < 0.05$).

综合分析门和属水平上盐渍化对土壤微生物菌群的影响,表现为盐渍化特异性增加了绿弯菌门 (Chloroflexi) 及其菌属的丰度,而显著降低了酸杆菌门 (Acidobacteriota) 及其菌属的丰度.



(a) 门水平, (b) 属水平

图 2 细菌门和属水平上的菌群构成

Fig. 2 Bacterial flora composition at the phylum and genus levels

2.4.2 土壤真菌菌群构成

真菌菌群在门水平组成结构如图 3(a) 所示,子囊菌门 (Ascomycota, 72.38%) 的平均相对丰度最高,滨海土壤和设施土壤的丰度显著高于大田土壤. 第二优势菌门为未分类真菌 (unclassified_Fungi), 平均相对丰度为 12.19%, 其在盐渍化土壤中的丰度

显著低于大田土壤. 第三和第四优势菌门分别为被孢霉门 (Mortierellomycota, 6.45%) 和担子菌门 (Basidiomycota, 6.27%), 其在盐渍化土壤中的丰度均显著低于大田土壤.

属水平上分析不同生境下的真菌丰度 [图 3 (b)], 其中哈萨克斯坦菌属 (*Kazachstania*) 为原生

盐渍土壤中特异性富集菌群,丰度高达 60.63%。第 二 大 类 为 未 分 类 真 菌 (unclassified_Fungi, 5.06% ~ 16.34%),与大田土壤相比,盐渍化生境中该菌丰度降低。第三类和第四类分别为短梗蠕孢属

(*Trichocladium*, 0.09% ~ 22.66%) 和 镰 刀 菌 属 (*Fusarium*, 3.38% ~ 11.78%),该两个属的真菌在盐渍化生境中丰度增加,其中短梗蠕孢属 (*Trichocladium*) 的丰度与大田土壤差异显著。

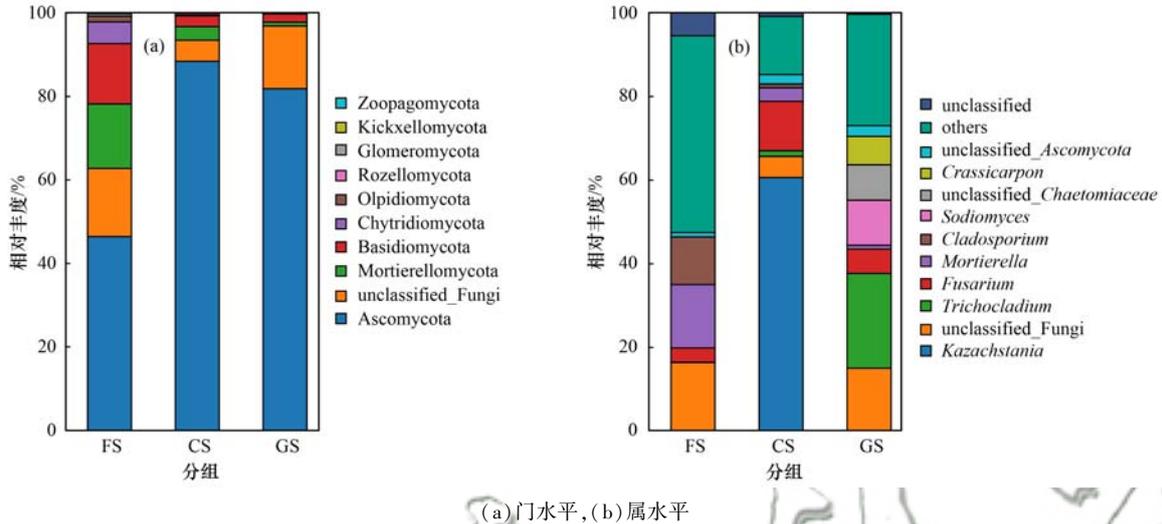


图 3 真菌门和属水平上的菌群构成

Fig. 3 Fungal flora composition at the phylum and genus levels

2.5 不同生境土壤细菌和真菌菌群的网路特性

根据各个物种在各个样品中的丰度以及变化情况,进行斯皮尔曼 (Spearman) 秩相关分析并筛选相关性大于 0.1 且 P 值小于 0.05 的数据构建相关性网络(如图 4),包括节点数量、边数量和模块性等,各参数具体数值见表 3。就细菌而言,3 个生境土壤微生物网络的节点数量、模块数量、网络直径、平均路径长度和平均聚类系数较为相似;就边数量和

网络密度来说,滨海和设施土壤较高,而大田土壤最低,而模块性则呈现相反的趋势。就真菌而言,3 个生境土壤微生物网络的模块数量、网络直径和平均路径长度较为相似;设施土壤的节点数量、边数量、模块性和平均聚类系数均比其他两种生境土壤要低,而设施和滨海土壤的网络密度较大田土壤有所增加。结果表明,土壤盐渍化能够增加土壤中细菌和真菌的网络密度,增加菌群之间的相互作用。

表 3 不同生境土壤细菌和真菌菌群的分子生态网络属性

Table 3 Molecular ecological network properties of soil bacterial and fungal flora in different habitats

网络属性	细菌			真菌		
	FS	CS	GS	FS	CS	GS
节点数量	80	79	80	80	77	59
边数量	1 077	1 237	1 103	644	631	389
模块性	0.611	0.387	0.591	0.691	0.697	0.651
模块数量	3	3	3	6	6	6
网络直径	1	1	1	1	1	1
网络密度	0.170	0.201	0.175	0.101	0.108	0.114
平均路径长度	1	1	1	1	1	1
平均聚类系数	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.483

2.6 土壤环境因子与细菌和真菌菌群的相关性

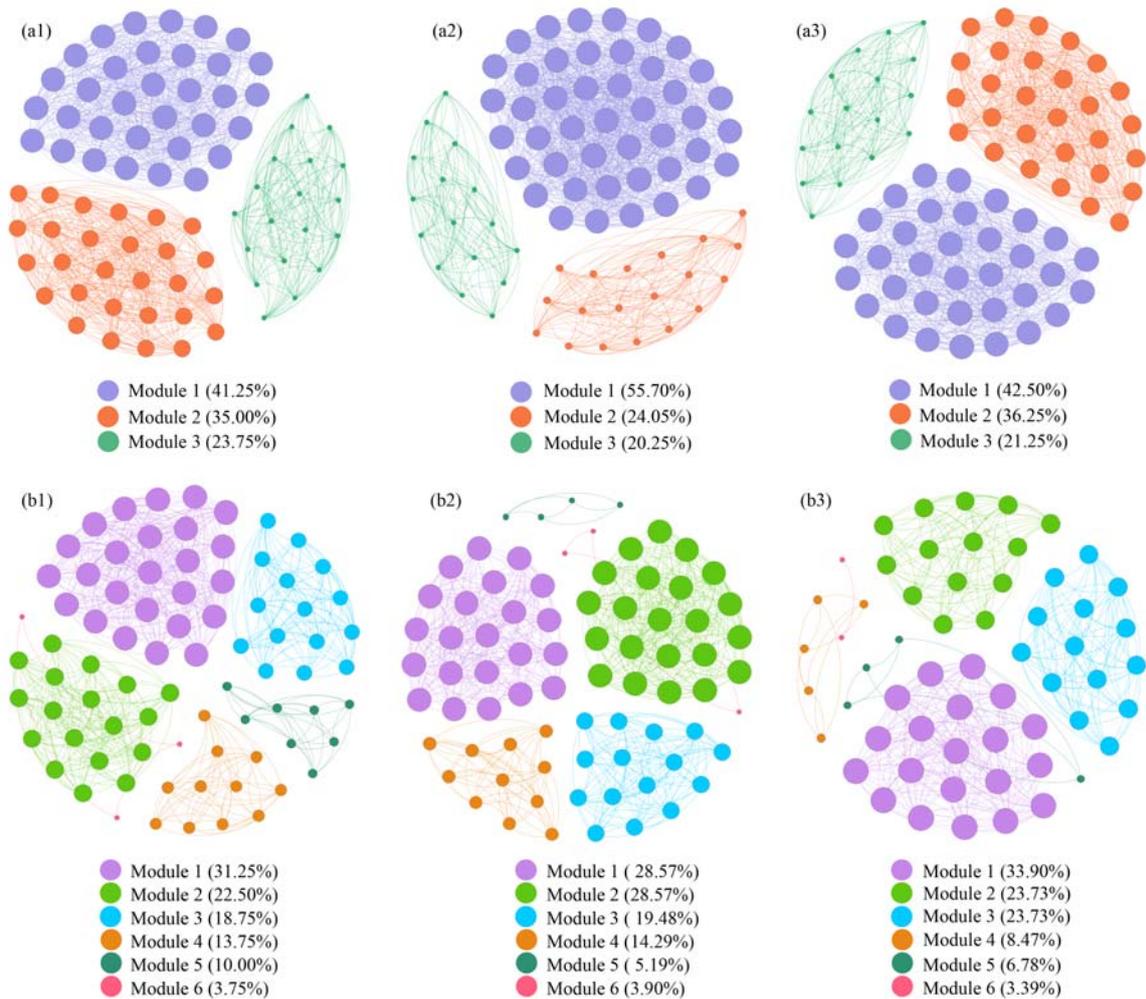
为了明确环境因子对微生物群落的影响,进行环境因子与微生物菌群的 Mantel 分析(表 4),发现在所测定的土壤环境因子中,EC 和 TS 对细菌和真菌菌群分布贡献最大($P < 0.01$),说明土壤生境的盐渍化程度极显著影响着土壤的细菌和真菌群落。另外,AP 也对细菌和真菌群落有显著的影响。

为进一步明确土壤环境因子对微生物群落的影响,采用热图的方法分析了土壤环境因子与细菌和

表 4 环境因子与细菌和真菌菌群的 Mantel 分析

Table 4 Mantel analysis of environmental factors and bacterial and fungal genera

因子	细菌		真菌	
	R	P	R	P
EC	0.652 630 767	0.003	0.595 353 387	0.006
TS	0.647 920 685	0.007	0.592 755 729	0.003
AP	0.520 659 257	0.007	0.458 403 172	0.006
AK	0.410 141 338	0.035	0.451 875 088	0.023
pH	0.338 698 506	0.008	0.131 393 417	0.166
OM	0.285 077 666	0.057	0.413 350 826	0.015
AN	-0.239 899 345	0.983	-0.246 120 284	0.979



1. 大田土壤, 2. 滨海土壤, 3. 设施土壤, a. 细菌, b. 真菌

图4 细菌和真菌菌群相关性网络图

Fig. 4 Correlation network of bacteria and fungi

真菌菌属的相关性,由图5可知,环境因子对群落的影响大致可分为两个分支,第一组为TS、EC和AK,第二组为AP、OM和AN,pH虽独自位于一个分支,但是其对微生物群落的影响与第二组则正好相反。

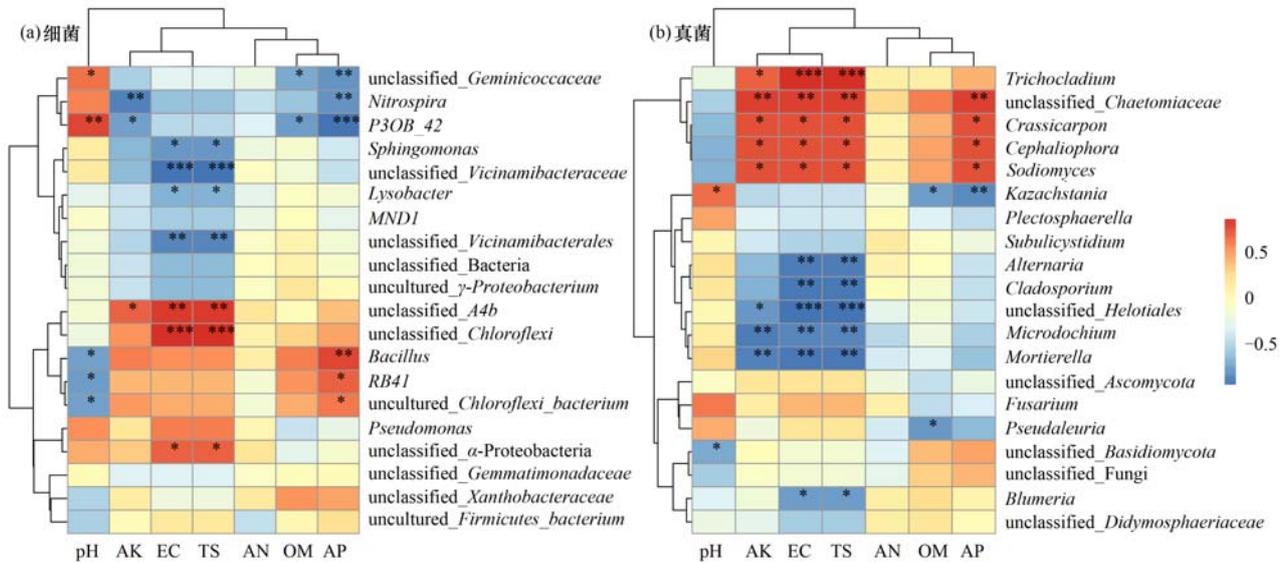
细菌群落与环境因子相关性见图5(a), unclassified_A4b、unclassified_Chloroflexi和unclassified_α-Proteobacteria等微生物与EC和TS呈显著正相关。Sphingomonas、unclassified_Vicinamibacteraceae、Lysobacter和unclassified_Vicinamibacterales等微生物与EC和TS呈显著负相关。真菌群落与环境因子相关性见图5(b), Trichocladium、unclassified_Chaetomiaceae、Crassicarpon、Cephalophora和Sodiomyces等微生物与EC和TS呈显著正相关。Alternaria、Cladosporium、unclassified_Helotiales、Microdochium、Mortierella和Blumeria等微生物与EC和TS呈显著负相关。因此, unclassified_A4b、unclassified_

Chloroflexi和unclassified_α-Proteobacteria等细菌和Trichocladium、unclassified_Chaetomiaceae、Crassicarpon、Cephalophora和Sodiomyces等真菌可能是盐渍化土壤中的关键微生物。

3 讨论

3.1 土壤化学性质与微生物菌群的多样性

本研究表明,滨海土壤、设施土壤和大田土壤的化学性质差异主要存在于养分和盐分指标两个方面,对于养分元素来说设施土壤和大田土壤高于滨海土壤,对于土壤盐分(TS、EC和pH)指标则滨海土壤、设施土壤与大田土壤有显著差异。滨海土壤长期受到海水侵蚀,土壤盐碱化程度高和养分含量低,限制滨海地区作物产量提升^[19]。设施菜地由于过量施肥和高温高湿的棚室环境等因素导致土壤养分富集和次生盐渍化加重,造成设施蔬菜的生长受阻、产量和品质下降^[1]。因此,从盐渍化角度研究滨海和设施退化土壤的改良具有重要意义。微生物作



* 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$; 横坐标表示土壤的环境因子,纵坐标表示微生物群落丰度信息;
蓝色表示负相关,红色表示正相关,颜色越深,相关性越高

图 5 土壤环境因子与细菌和真菌菌群的相关性分析

Fig. 5 Correlation analysis between soil environmental factors and bacterial and fungal flora

为土壤系统中最为重要的活性因子,是土壤养分转化和植物生长的重要参与者,只有系统认识特殊生境下微生物多样性的变化规律,才能有针对性地提升微生物活性,因此微生物是改善滨海和设施盐渍化土壤生态功能以及提升产能的关键。

盐碱化作为一种公认的土壤退化因子,其对土壤微生物影响的认识由于受土壤多因子影响的效应而较难区分^[20],本研究以次生盐渍化土壤和原生盐渍化土壤作为一组与高产粮田的土壤微生物多样性进行分析,可以对比去除与盐渍化无关的环境因子对微生物的影响。结果显示,就 α 多样性而言,设施土壤的细菌多样性最高,其次为大田土壤,滨海土壤最低,与土壤养分指标呈相同趋势,说明土壤养分是影响细菌 α 多样性的关键因子。而就真菌多样性而言,则以大田土壤显著增高,而设施和滨海两个盐渍化土壤则差异不显著,说明盐渍化是决定土壤真菌多样性降低的主要因素。Zhang 等^[21]就沙漠化土壤生态系统和水稻田进行盐渍化土壤中微生物多样性的研究,发现微生物多样性和真菌与细菌的比例会随着土壤盐浓度的增加而降低,其中真菌比细菌容易受到盐分的抑制^[22,23],这与本研究结果基本一致。Sun 等^[24]研究了中国 20 个省的设施土壤与相邻露地种植土壤的细菌多样性发现,设施土壤中的细菌 α 多样性均高于露地土壤,其原因主要是由于化肥及有机养分的增加。然而,对于设施土壤中真菌来说,设施栽培降低了土壤真菌群落的 α 多样性^[25,26]。同样,分析不同生境下细菌和真菌多样性发现,其 β 多样性分区聚合明显,存在显著性差异。

因此,初步明确了不同盐渍化土壤类型土壤微生物群落组成有较大的差异,其具体的影响因子还有待于进一步研究。

3.2 微生物菌群的构成及其与环境因子的相关性

盐分也会影响土壤微生物群落丰度和构成。本研究对细菌菌群分析发现,盐渍土壤环境中,变形菌门(Proteobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi)的相对丰度显著增加,同时,酸杆菌门(Acidobacteria)的相对丰度减少。变形菌门(Proteobacteria)是一种环境适应能力强和生长速度快的微生物类群,种类中包括多种固氮菌,而且还具有较厚的细胞壁和产胞外多糖能力,具有良好的耐盐性^[27~29],在盐渍化土壤中出现富集。徐扬等^[30]在研究花生根际土壤细菌对盐胁迫的响应也表明,盐胁迫处理不同程度提高了变形菌门中 α -变形菌纲的相对丰度。绿弯菌门(Chloroflexi)的营养型广泛,不仅能通过光能和化能自养,还会利用各类元素,推动元素的耦合循环,从而促进作物的生长^[31],并且该菌门还具有较好的成孢能力和革兰氏阳性细胞壁,使它们能够很好地抵抗盐胁迫^[32],这些耐盐促生特性可使该菌门在盐渍化土壤中较好地存活,从而在盐渍化环境改良和植物生长中发挥重要的作用,这与 Guo 等^[33]研究长期盐水滴灌对棉花土壤细菌群落结构变化的结果相一致。酸杆菌门(Acidobacteriota)喜酸性环境,在盐碱环境中的相对丰度较低,赵娇等^[34]研究黄河三角洲盐碱土壤菌群结构发现,高盐环境中酸杆菌门(Acidobacteriota)丰度降低,与本研究结果相似;该研究还发现厚壁菌门(Firmicutes)呈现随盐度增加

而增加的趋势,而本研究结果却发现,与大田相比,设施盐渍化土壤中厚壁菌门丰度显著升高,而滨海土壤中则显著降低。

在土壤环境中真菌扮演着多重角色,既是有机物质的主要分解者,也是植物常见的有益菌,更是植物的主要病原菌。本研究对真菌菌群分析发现,在盐渍化的滨海和设施土壤中子囊菌门(Ascomycota)较非盐渍化的大田土壤有明显的富集现象, Kim 等^[35]研究土壤盐分对沿海复垦地中微生物的响应表明,土壤盐分使子囊菌门(Ascomycota)丰度增加和担子菌门(Basidiomycota)丰度降低,这与本研究的结果一致。盐渍化土壤中 *Trichocladium* 等有益菌菌属和 *Fusarium* 等病原菌菌属相对丰度均比非盐渍化大田土壤有所增加。*Trichocladium* 为子囊菌门菌属,可促进纤维素降解和土壤养分循环^[36],从而改善土壤结构,并且子囊菌门菌属还包括多种具有抑制病原菌功能的菌生真菌^[37],在盐渍化土壤中发挥着重要的作用。然而,本文对于病原菌 *Fusarium* 的研究出现了与相关研究不一致的结果,朱家瑞等^[38]和王倩倩等^[39]分别对盐碱土壤冬枣根际微生物和不同分布区胀果甘草原生土壤微生物分析发现,病原菌 *Fusarium* 与土壤盐分呈负相关,这可能与本研究中生境的不同有关。本研究还发现盐渍化土壤中存在大量的未能注释的菌群,可能这部分属于盐渍化微生物中的难培养微生物从而长期未被认识,今后需进一步识别这些未知菌属及其功能,可为滨海和设施土壤微生物资源的开发和利用提供参考依据。

分子生态网络可以反映不同生境土壤中微生物群落变化动态和极其复杂的互作关系^[40,41]。本研究发现在网络分析中,在非盐渍化生态系统中,物种群落相对稳定,而在盐渍土壤中群落间的相互作用更强,说明特殊的生境形成特定功能的核心菌群。土壤微生物群落结构和土壤环境因子密切相关^[42,43],但是由于土壤环境因子的复杂性,本研究对驱动微生物群落演替的具体因素的认识仍然有限。通过相关性研究可以确定与微生物群落结构相关的土壤环境因子,本研究采用 Mantel 分析和相关性热图探讨土壤环境因子与微生物群落的相关性表明,与土壤盐分具有显著正相关关系的菌群主要涉及变形菌门、绿弯菌门和子囊菌门,且土壤盐分对盐渍化土壤微生物的影响强于其他环境因子^[44]。这是意料之中的,因为本研究的土壤样品跨越了明显的盐分梯度,范围从 0.80 ~ 4.72 g·kg⁻¹ (EC 为 140 ~ 825 μS·cm⁻¹),但是,没有一个单一的环境因素始终是最重要的^[45],这通常与因素的梯度范围有关^[20],未来还需要通过相关试验来进一步验证。

4 结论

本研究通过高通量测序技术分析原生和次生盐渍化土壤样品中细菌和真菌多样性和丰度,盐渍化土壤中细菌和真菌菌群均与大田土壤有显著的差异,盐渍化土壤中真菌菌群的 α 多样性显著降低。在诸多土壤环境因子中,EC 和 TS 含量对微生物菌群影响最为显著,与细菌菌群中绿弯菌门(Chloroflexi)及其中菌属和真菌菌群中子囊菌门(Ascomycota)及其中有益菌 *Trichocladium* 和病原菌 *Fusarium* 的丰度具有显著相关性。研究结果为耐盐有益微生物分离和盐渍化土壤的生物修复奠定了理论基础。

参考文献:

- [1] Zhang Z L, Sun D, Tang Y, et al. Plastic shed soil salinity in China: current status and next steps [J]. *Journal of Cleaner Production*, 2021, **296**, doi: 10.1016/j.jclepro.2021.126453.
- [2] 钞锦龙, 郝小梅, 胡磊, 等. 不同灌溉条件下大棚土壤次生盐渍化特征与质量评价[J]. *节水灌溉*, 2020, (12): 17-21. Chao J L, Hao X M, Hu L, et al. Characteristics and quality evaluation of soil secondary salinization in greenhouse under different irrigation conditions [J]. *Water Saving Irrigation*, 2020, (12): 17-21.
- [3] Shrivastava P, Kumar R. Soil salinity: A serious environmental issue and plant growth promoting bacteria as one of the tools for its alleviation [J]. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 2015, **22**(2): 123-131.
- [4] Martiny J B H, Bohannan B J M, Brown J H, et al. Microbial biogeography: putting microorganisms on the map [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2006, **4**(2): 102-112.
- [5] 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.
- [6] 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.
- [7] 王喜英, 赵辉, 谭智勇, 等. 设施菜地种植年限对土壤 nosZ 型反硝化微生物群落结构和丰度的影响[J]. *江苏农业科学*, 2022, **50**(9): 240-247. Wang X Y, Zhao H, Tan Z Y, et al. Effects of cultivation years in protected vegetable crop fields on structure and abundance of soil nosZ denitrifying microbial community [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2022, **50**(9): 240-247.
- [8] 胡志娥, 肖谋良, 丁济娜, 等. 长期覆膜条件下农田土壤微生物群落的响应特征[J]. *环境科学*, 2022, **43**(10): 4745-4754. Hu Z E, Xiao M L, Ding J N, et al. Response characteristics of soil microbial community under long-term film mulching [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(10): 4745-4754.
- [9] Coban O, De Deyn G B, Van Der Ploeg M. Soil microbiota as game-changers in restoration of degraded lands [J]. *Science*, 2022, **375**(6584), doi: 10.1126/science.abe0725.
- [9] 张凯煜, 谷洁, 王小娟, 等. 微生物有机肥对櫻桃园土壤细菌群落的影响[J]. *中国环境科学*, 2019, **39**(3): 1245-1252.

- Zhang K Y, Gu J, Wang X J, *et al.* Effects of bio-organic fertilizer on the soil bacterial community in a cherry orchard[J]. *China Environmental Science*, 2019, **39**(3): 1245-1252.
- [10] 王庆宏, 郑逸, 李倩玮, 等. 污染土壤生物联合修复机制研究进展[J]. *环境科学研究*, 2022, **35**(1): 246-256.
- Wang Q H, Zheng Y, Li Q W, *et al.* Overview of combined bioremediation mechanism of contaminated soil[J]. *Research of Environmental Sciences*, 2022, **35**(1): 246-256.
- [11] 陈瑞蕊, 张建伟, 董洋, 等. 盐度对滨海土壤细菌多样性和群落构建过程的影响[J]. *应用生态学报*, 2021, **32**(5): 1816-1824.
- Chen R R, Zhang J W, Dong Y, *et al.* Effects of salinity on soil bacterial diversity and assembly processes in coastal soils[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2021, **32**(5): 1816-1824.
- [12] 张翔, 宋水山, 黄亚丽, 等. 基于高通量测序分析河北省中南部地区耕地土壤细菌多样性[J]. *华北农学报*, 2018, **33**(4): 196-203.
- Zhang X, Song S S, Huang Y L, *et al.* Analysis of bacterial diversity in cultivated soils in middle and southern Hebei province based on high-throughput sequencing [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2018, **33**(4): 196-203.
- [13] 李丽艳, 谭海霞, 李婧, 等. 耐盐促生芽孢杆菌的筛选及其对盐胁迫下燕麦生长的影响[J]. *浙江农业学报*, 2022, **34**(6): 1268-1276.
- Li L Y, Tan H X, Li J, *et al.* Screening of salt-tolerant growth-promoting *Bacillus* strains and their effect on oat growth under salt stress [J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2022, **34**(6): 1268-1276.
- [14] 范延辉, 王君, 尚帅, 等. 两株根际真菌的耐盐、溶磷、促生效果及其分类鉴定[J]. *土壤通报*, 2022, **53**(1): 127-134.
- Fan Y H, Wang J, Shang S, *et al.* Salt-tolerant, phosphate-dissolving and growth-promoting effects of two Rhizosphere fungi and their classification and identification[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2022, **53**(1): 127-134.
- [15] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.
- [16] Deng J J, Yin Y, Zhu W X, *et al.* Variations in soil bacterial community diversity and structures among different revegetation types in the Baishilazi Nature reserve [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, **9**, doi: 10.3389/fmicb.2018.02874.
- [17] Bellemain E, Carlsen T, Brochmann C, *et al.* ITS as an environmental DNA barcode for fungi: an *in silico* approach reveals potential PCR biases[J]. *BMC Microbiology*, 2010, **10**(1), doi: 10.1186/1471-2180-10-189.
- [18] 王杰. 氮添加对黄土丘陵区白羊草根际碳转化的影响机制[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2022.
- Wang J. Effects of nitrogen addition on transformation of carbon in the rhizosphere of *bothriochloa ischaemum* in loess hilly region [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2022.
- [19] 孙在金, 黄占斌, 陆兆华. 不同环境材料对黄河三角洲滨海盐碱化土壤的改良效应[J]. *水土保持学报*, 2013, **27**(4): 186-190.
- Sun Z J, Huang Z B, Lu Z H. Improvement effects of different environmental materials on coastal saline-alkali soil in yellow river delta[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2013, **27**(4): 186-190.
- [20] Rath K M, Fierer N, Murphy D V, *et al.* Linking bacterial community composition to soil salinity along environmental gradients[J]. *The ISME Journal*, 2019, **13**(3): 836-846.
- [21] Zhang K P, Shi Y, Cui X Q, *et al.* Salinity is a key determinant for soil microbial communities in a desert ecosystem [J]. *mSystems*, 2019, **4**(1), doi: 10.1128/mSystems.00225-18.
- [22] Chowdhury N, Marschner P, Burns R. Response of microbial activity and community structure to decreasing soil osmotic and matric potential[J]. *Plant and Soil*, 2011, **344**(1): 241-254.
- [23] Iqbal T, Joergensen R G, Knoblauch C, *et al.* Rice straw addition does not substantially alter microbial properties under hypersaline soil conditions[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2016, **52**(6): 867-877.
- [24] Sun J T, Pan L L, Li Z H, *et al.* Comparison of greenhouse and open field cultivations across China: soil characteristics, contamination and microbial diversity [J]. *Environmental Pollution*, 2018, **243**: 1509-1516.
- [25] Ramirez K S, Craine J M, Fierer N. Consistent effects of nitrogen amendments on soil microbial communities and processes across biomes[J]. *Global Change Biology*, 2012, **18**(6): 1918-1927.
- [26] Zhou X G, Wu F Z. Land-use conversion from open field to greenhouse cultivation differently affected the diversities and assembly processes of soil abundant and rare fungal communities [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **788**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.147751.
- [27] Zheng W, Xue D M, Li X Z, *et al.* The responses and adaptations of microbial communities to salinity in farmland soils: a molecular ecological network analysis [J]. *Applied Soil Ecology*, 2017, **120**: 239-246.
- [28] Lennon J T, Aanderud Z T, Lehmkuhl B K, *et al.* Mapping the niche space of soil microorganisms using taxonomy and traits[J]. *Ecology*, 2012, **93**(8): 1867-1879.
- [29] Wu X F, Yang J J, Ruan H, *et al.* The diversity and co-occurrence network of soil bacterial and fungal communities and their implications for a new indicator of grassland degradation [J]. *Ecological Indicators*, 2021, **129**, doi: 10.1016/j.ecolind.2021.107989.
- [30] 徐扬, 张冠初, 丁红, 等. 花生根际土壤细菌群落对干旱和盐胁迫的响应[J]. *中国油料作物学报*, 2020, **42**(6): 985-993.
- Xu Y, Zhang G C, Ding H, *et al.* Response of rhizosphere bacterial community structure associated with peanut (*Arachis hypogaea* L.) to high salinity and drought stress [J]. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2020, **42**(6): 985-993.
- [31] 鲜文东, 张潇槿, 李文均. 绿弯菌的研究现状及展望[J]. *微生物学报*, 2020, **60**(9): 1801-1820.
- Xian W D, Zhang X T, Li W J. Research status and prospect on bacterial phylum Chloroflexi [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2020, **60**(9): 1801-1820.
- [32] Schimel J, Balsler T C, Wallenstein M. Microbial stress-response physiology and its implications for ecosystem function [J]. *Ecology*, 2007, **88**(6): 1386-1394.
- [33] Guo X W, Du S Y, Guo H J, *et al.* Long-term saline water drip irrigation alters soil physicochemical properties, bacterial community structure, and nitrogen transformations in cotton[J]. *Applied Soil Ecology*, 2023, **182**, doi: 10.1016/j.apsoil.2022.104719.
- [34] 赵娇, 谢慧君, 张建. 黄河三角洲盐碱土根际微环境的微生物多样性及理化性质分析[J]. *环境科学*, 2020, **41**(3): 1449-1455.
- Zhao J, Xie H J, Zhang J. Microbial diversity and physicochemical properties of rhizosphere microenvironment in saline-alkali soils of the yellow river delta [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(3): 1449-1455.
- [35] Kim K, Samaddar S, Chatterjee P, *et al.* Structural and

- functional responses of microbial community with respect to salinity levels in a coastal reclamation land [J]. *Applied Soil Ecology*, 2019, **137**: 96-105.
- [36] 马垒, 李燕, 魏建林, 等. 长期秸秆还田对潮土真菌群落、酶活性和小麦产量的影响[J]. *环境科学*, 2022, **43**(10): 4755-4764.
Ma L, Li Y, Wei J L, *et al.* Effects of long-term straw returning on fungal community, enzyme activity and wheat yield in Fluvo-aquic soil [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(10): 4755-4764.
- [37] 费裕翀, 黄樱, 张筱, 等. 不同有机肥处理对紫色土油茶林土壤微生物群落结构的影响[J]. *应用与环境生物学报*, 2020, **26**(4): 919-927.
Fei Y C, Huang Y, Zhang X, *et al.* Effects of different organic fertilizer treatments on the soil microbial community structure of a *Camellia oleifera* plantation in a purple soil area [J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2020, **26**(4): 919-927.
- [38] 朱家瑞, 李新岗, 石国朝, 等. 盐碱土壤冬枣根际微生物多样性分析[J]. *经济林研究*, 2022, **40**(3): 36-45, 64.
Zhu J R, Li X G, Shi G C, *et al.* Rhizosphere microbial diversity of winter jujube in saline soil [J]. *Non-wood Forest Research*, 2022, **40**(3): 36-45, 64.
- [39] 王倩倩, 陆嘉惠, 张洁, 等. 不同分布区胀果甘草原生境土壤微生物群落结构特征及其影响因素[J]. *生态学报*, 2022, **42**(23): 9780-9795.
Wang Q Q, Lu J H, Zhang J, *et al.* Soil microbial community structure and its influencing factors in original habitat of *Glycyrrhiza inflata* in different distribution areas [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, **42**(23): 9780-9795.
- [40] Luo F, Yang Y F, Zhong J X, *et al.* Constructing gene co-expression networks and predicting functions of unknown genes by random matrix theory [J]. *BMC Bioinformatics*, 2007, **8**(1), doi: 10.1186/1471-2105-8-299.
- [41] Ma B, Gong J. A meta-analysis of the publicly available bacterial and archaeal sequence diversity in saline soils [J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2013, **29**(12): 2325-2334.
- [42] 张冰, 孙晨翔, 文湘华. F/M 对活性污泥微生物生态网络的影响[J]. *环境科学*, 2022, **43**(3): 1529-1534.
Zhang B, Sun C X, Wen X H. Impacts of F/M ratio on microbial networks in activated sludge [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(3): 1529-1534.
- [43] 朱永官, 彭静静, 韦中, 等. 土壤微生物组与土壤健康[J]. *中国科学: 生命科学*, 2021, **51**(1): 1-11.
Zhu Y G, Peng J J, Wei Z, *et al.* Linking the soil microbiome to soil health [J]. *Scientia Sinica Vitae*, 2021, **51**(1): 1-11.
- [44] 陈芬, 余高, 孙约兵, 等. 汞矿区周边农田土壤微生物群落结构特征及其环境驱动因子[J]. *环境科学*, 2022, **43**(8): 4342-4352.
Chen F, Yu G, Sun Y B, *et al.* Characteristics of microbial community structure in the surrounding farmlands of a mercury mining area and its environmental driving factors [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(8): 4342-4352.
- [45] Fierer N. Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2017, **15**(10): 579-590.

CONTENTS

Meteorological Impact Assessment of PM _{2.5} and O ₃ Complex Pollution in Key Regions of China Based on Meteorological Conditions Index	YANG Xin, YANG Yuan-qin, LI Hong, <i>et al.</i>	(6433)
Scale Dependence Between PM _{2.5} and Meteorological Factors and Its Influencing Factors in "2+26" Cities	WU Shu-qi, JIN Jian-nan, ZHENG Dong-yang, <i>et al.</i>	(6441)
Chemical Constituents and Sources of PM _{2.5} Around the Wuhan Military Games Period	LIU Shi-hao, KONG Shao-fei, ZHENG Huang, <i>et al.</i>	(6452)
Characteristics and Sources of PM _{2.5} Pollution During Winter in Handan City from 2016 to 2020	NIU Hong-ya, GAO Na-na, BAO Xiao-lei, <i>et al.</i>	(6463)
Chemical Compositions and Sources of PM _{2.5} in Weinan City	GUO Jing-ning, LI Xiao-fei, YU Feng, <i>et al.</i>	(6474)
Analysis of Formation Processes and Sources of PM _{2.5} Ammonium During Winter and Summer in Suburban Area of the Yangtze River Delta	XIANG Yan-kun, CAO Fang, ZHANG Wen-qi, <i>et al.</i>	(6486)
Chemical Composition and Characterization of Nitroaromatic Compounds in Urban Areas of Shanghai	YANG Lu, MA Ying-ge, YU Jian-zhen, <i>et al.</i>	(6495)
Source Analysis and Health Risk Assessment of PAHs in PM _{2.5} , Liliang City	MU Ling, LIU Zi-ye, LI Yang-yong, <i>et al.</i>	(6508)
Effect of Biomass Burning on Carbonaceous Aerosol Composition and Light Absorption in Guangxi Regional Background Site	WU Xing-qi, CAO Fang, HONG Yi-hang, <i>et al.</i>	(6518)
Characteristics of Light Absorption, Sources, and Seasonal Variation of Atmospheric Brown Carbon in Northern Nanjing	CHEN Xing-zhou, CUI Shi-jie, ZHANG Yun-jiang, <i>et al.</i>	(6529)
Health Benefit Assessment of Coal-to-electricity Policy on PM _{2.5} Pollution in Beijing-Tianjin-Hebei Region	ZHANG Ru-ting, CHEN Chuan-min, LIU Song-tao, <i>et al.</i>	(6541)
Source Apportionment of Ambient VOCs in Qingdao Based on Photochemical Loss Correction	KONG Cui-li, WU Yu-tong, GU Yao, <i>et al.</i>	(6551)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of VOCs in Urban Areas of Liaocheng in Summer	LI Wan-yong, HUANG Hao-yu, WANG Yan-zhen, <i>et al.</i>	(6564)
Source Analysis of Ozone and Its Precursors in Zibo Based on 3-D Air Quality Model	ZHANG Xin-xin, ZHAO Xiu-ying, HUANG Ling, <i>et al.</i>	(6576)
Spatio-temporal Characteristics and Influencing Factors of Ozone Suppression Events Under High Temperature in China	OU Lin-chong, CHEN Wei-hua, WU Yong-kang, <i>et al.</i>	(6586)
Review of UAV-based Atmospheric Fine Particulate Matter and Ozone Pollution Detection and Source Localization	QU Ya-wei, WANG Ti-jian, YUAN Cheng, <i>et al.</i>	(6598)
Health Impact Analysis of Fine Particulate Pollution from Vehicles in the Beijing-Tianjin-Hebei Region	HAO Yong-pei, SONG Xiao-wei, ZHU Xiao-dong, <i>et al.</i>	(6610)
Assessment of Emission Reduction Potential of CO ₂ Capture, Geological Utilization, and Storage in Cement Industry of China	WEI Ning, LIU Sheng-nan, WEI Feng, <i>et al.</i>	(6621)
Life Cycle Carbon Emission Accounting and Emission Reduction Potential Assessment of Steel Industry	SONG Xiao-cong, DU Shuai, DENG Chen-ning, <i>et al.</i>	(6630)
Evolution Characteristics and Driving Forces of Carbon Dioxide Emissions and Sinks in the Pearl River Delta Region, China	HU Jing-xin, SHA Qing-e, LIU Hui-lin, <i>et al.</i>	(6643)
Impact of Accelerated Electrification Under the Low Carbon Path in Dongguan City on the Coordinated Emission Reduction of CO ₂ and Pollutants	WU Le-min, CHEN Bing-yin, OU Lin-chong, <i>et al.</i>	(6653)
Relationship Between Urbanization and Carbon Emissions in the Chang-Zhu-Tan Region at the County Level	LIU Xian-zhao, LI Yang, <i>et al.</i>	(6664)
Characteristics and Influencing Factors of Greenhouse Fluxes from Urban Lawn	CHEN Li-han, LIU Shuo, LIN Yi, <i>et al.</i>	(6680)
Dual-Perspective Analysis of the Warming Effect of the Methane Emissions from Animal Husbandry in China	LIU Shu-le, YAN Wei, CAO Qing-xian, <i>et al.</i>	(6692)
Pollution Level and Risk Assessment of OPEs in Typical River Basins of China	ZHAO Jiang-lu, LU Hai-jian, LÜ Jia-pei, <i>et al.</i>	(6700)
Soil Heavy Metal Contamination, Sources, and Health Risk of Typical Drinking Water Sources in the Suspended Reach of the Lower Yellow River	PENG Chao-yue, REN Chong, SHEN Hao-xin, <i>et al.</i>	(6710)
Fraction Characteristic and Risk Assessment of Heavy Metals in Surface Sediments of the Yellow River Mainstream	WANG Yi-di, OUYANG Wei, LIU Lian-hua, <i>et al.</i>	(6720)
Influence of Land Use Structure and Spatial Pattern on Water Quality of Small and Medium-sized Rivers in Poyang Lake Basin	WEN Jia-wei, WANG Peng, HUANG Gao-xiang, <i>et al.</i>	(6728)
Water Environment Characteristics and Water Quality Assessment of Typical Lakes in Inner Mongolia	WANG Xin-yuan, PAN Bao-zhu, WANG Li-xin, <i>et al.</i>	(6744)
Relationship Between Precipitation, River Water, and Groundwater Conversion in the Upper Reaches of Xilin River During the Rainy Season	SUN Jin, WANG Yi-xuan, YANG Lu, <i>et al.</i>	(6754)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Groundwater in the Northwest Salt Lake Basin	YAN Yan, GAO Rui-zhong, LIU Ting-xi, <i>et al.</i>	(6767)
Groundwater Pollution Risk Assessment in Plain Area of Barkol-Yiwu Basin	LIU Yu, ZENG Yan-yan, ZHOU Jin-long, <i>et al.</i>	(6778)
Bisulfite Promoted Minute Fe ²⁺ -Activated Peroxydisulfate for Paracetamol Degradation	MO Xi-ting, NIE Shu-hua, YAN Cai-xia, <i>et al.</i>	(6790)
Degradation of Ciprofloxacin by Activating Peroxymonosulfate with Sludge Biochar	ZHENG Da-yang, ZOU Jia-li, XU Hao, <i>et al.</i>	(6801)
Adsorption of Iopamidol by NaHCO ₃ -activated Buckwheat Biochar	WEI Hong, ZHAO Jiang-juan, JING Li-ming, <i>et al.</i>	(6811)
Preparation of Bamboo-based N, P Co-doped Activated Carbon and Its Lanthanum Ion Adsorption Performance	WANG Gui-long, LIU Yan-yan, JIANG Rong-yuan, <i>et al.</i>	(6823)
Analysis of Vegetation Change and Influencing Factors in Southwest Alpine Canyon Area	LAI Jin-lin, QI Shi, CUI Ran-ran, <i>et al.</i>	(6833)
Effect of Biochar on Agricultural Soil Aggregates and Organic Carbon: A Meta-analysis	MENG Yan, SHEN Ya-wen, MENG Wei-wei, <i>et al.</i>	(6847)
Carbon Cycling Processes in Croplands and Their Quantification Methods	SUN Zhao-an, ZHU Biao, <i>et al.</i>	(6857)
Effects of Biochar Application on Soil Organic Carbon Component in <i>Eucalyptus</i> Plantations After Five Years in Northern Guangxi	MOU Zhi-yi, SHEN Yu-yi, CAO Yang, <i>et al.</i>	(6869)
Evolution Characteristics of Soil Active Organic Carbon and Carbon Pool Management Index Under Vegetation Restoration in Karst Area	CAI Hua, SHU Ying-ge, WANG Chang-min, <i>et al.</i>	(6880)
Pollution Characteristics and Ecological Risk Assessment of Typical Antibiotics in Environmental Media in China	CHEN Li-hong, CAO Ying, LI Qiang, <i>et al.</i>	(6894)
Spatial Prediction Modeling for Soil pH Based on Multiscale Geographical Weighted Regression (MGWR) and Its Influencing Factors	ZHAO Ming-song, CHEN Xuan-qiang, XU Shao-jie, <i>et al.</i>	(6909)
Characteristics and Source Analysis of Heavy Metal Pollution in Farmland Around a Coal-fired Power Plant	ZHANG Jun, LI Xu, LIU Lei-yu, <i>et al.</i>	(6921)
Characteristics of Soil Pollution and Source Analysis of Typical Pollutants in the Petrochemical Site	ZHANG Yu-rong, LUO Shuai, CHEN Yuan, <i>et al.</i>	(6933)
Characteristics of Antibiotic Resistance Genes Distribution in Different Types of Agricultural Land Soils in Highly Cultivated Hilly Areas	CHEN Rui, CHENG Jian-hua, TANG Xiang-yu, <i>et al.</i>	(6947)
Effects of Organic Fertilizer Combined with Biochar on Denitrifying Microorganisms and Enzyme Activities in Orchard Soil	DENG Zheng-xin, GAO Ming, XIONG Zi-yi, <i>et al.</i>	(6955)
Effects of Organic Fertilization on Bacterial Community and Maize Productivity in Dryland Red Soil	LIN Ting-ting, ZHENG Jie, ZHU Guo-fan, <i>et al.</i>	(6965)
Effects of Combined Pollution of Microplastics and Cadmium on Microbial Community Structure and Function of <i>Pennisetum hybridum</i> Rhizosphere Soil	DUAN Li-yang, ZHANG Yu, REN Xue-min, <i>et al.</i>	(6973)
Effects of Tomato Planting Years on Soil Physical and Chemical Properties and Microbial Communities	ZHAO Yang-yang, LIU Yin-shuang, SONG Yao, <i>et al.</i>	(6982)
Remediation of Three Oxidants on Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Coking Contaminated Soil and Its Response to Indigenous Microorganisms	LI Wei, WANG Hua-wei, MENG Xiang-yu, <i>et al.</i>	(6992)
Microbial Diversity and Population Structure of Different Salinized Soil Types in Hebei Province	LIU Yin-shuang, NIU Hong-jin, ZHAO Yang-yang, <i>et al.</i>	(7004)
Functional Genomics Analysis of Nitrogen and Phosphorus Transformation in Maize Rhizosphere Microorganisms	WANG Xiang-jun, JIANG Mei-tong, LI Sen, <i>et al.</i>	(7014)
Remediation of Soil Cadmium Contamination by <i>Solanum nigrum</i> L. Enhanced by the Combination of Exogenous Bacteria and Citric Acid	WANG Kai, WANG Li, WANG Yi-kun, <i>et al.</i>	(7024)
Effect of Combined Application of an <i>Enterobacter</i> and Sulfur Fertilizer on Cadmium and Arsenic Accumulation in Rice	ZHANG Pu-xin, YAO Jun-fan, LIU Yu-ling, <i>et al.</i>	(7036)