

目次

基于机器学习的珠三角秋季臭氧浓度预测	陈镇, 刘润, 罗征, 薛鑫, 汪瑶, 赵志军 (1)
粤港澳大湾区大气PM _{2.5} 浓度的遥感估算模型	代园园, 龚绍琦, 张存杰, 闵爱莲, 王海君 (8)
典型输送通道城市冬季PM _{2.5} 污染与传输变化特征	代武俊, 周颖, 王晓琦, 齐鹏 (23)
郑州市夏季PM _{2.5} 中二次无机组分污染特征及其影响因素	和兵, 杨洁茹, 徐艺斐, 袁明浩, 翟诗婷, 赵长民, 王申博, 张瑞芹 (36)
重庆典型城区冬季碳质气溶胶的污染特征及来源解析	彭超, 李振亮, 向英, 王晓宸, 汪凌韬, 张晟, 翟崇治, 陈阳, 杨复沐, 翟天宇 (48)
2022年8月成渝两地臭氧污染差异影响因素分析	陈木兰, 李振亮, 彭超, 邓也, 宋丹林, 谭钦文 (61)
2020年“三连击”台风对我国东部地区O ₃ 污染的影响分析	花丛, 尤媛, 王峰, 张碧辉 (71)
北京城区夏季VOCs初始体积分数特征及来源解析	张博韬, 景宽, 王琴, 安欣欣, 鹿海峰, 王陈婧, 王友峰, 刘保献 (81)
机动车减排降碳综合评价体系综述	范朝阳, 佟惠, 梁晓宇, 彭剑飞 (93)
基于LEAP模型的长三角某市碳达峰情景	杨峰, 张贵驰, 孙佑, 谢放尖, 揣小伟, 孙瑞玲 (104)
广东省船舶二氧化碳排放驱动因素与减排潜力	翁淑娟, 刘颖颖, 唐凤, 沙青娥, 彭勃, 王辉嘉, 陈诚, 张雪驰, 李京洁, 陈豪琪, 郑君瑜, 宋献中 (115)
给水厂典型工艺碳排放特征与影响因素	张翔宇, 胡建坤, 马凯, 高欣慰, 魏月华, 韩宏大, 李克勋 (123)
中国饮用水中砷的分布特征及基于伤残调整寿命年的健康风险评价	窦殿程, 齐媛, 肖淑敏, 苏高新, 郭宇新 (131)
太湖水体和沉积物中有机磷酸酯的时空分布和风险评价	张成诺, 钟琴, 栾博文, 周涛, 顾帆, 李伟飞, 邹华 (140)
水产养殖环境中农兽药物的污染暴露水平及其风险影响评价	张楷文, 张海燕, 孔聪, 顾润润, 田良良, 杨光昕, 王媛, 陈凤, 沈晓盛 (151)
长江朱沱断面磷浓度与通量变化及来源解析	姜保峰, 谢卫民, 黄波, 刘旻璇 (159)
珠江河口地表水锰氧化物对磷的“载-卸”作用	李睿, 梁作兵, 伍祺瑞, 杨晨晨, 田帝, 高磊, 陈建耀 (173)
富春江水库浮游植物功能群变化的成因	张萍, 王炜, 朱梦圆, 国超旋, 邹伟, 许海, 朱广伟 (181)
合浦盆地西部地区地下水水化学特征及形成机制	陈雯, 吴亚, 张宏鑫, 刘怀庆 (194)
新疆车尔臣河流域绿洲带地下水咸化与污染主控因素	李军, 欧阳宏涛, 周金龙 (207)
京津冀地区生态系统健康时空演变及其影响因素	李魁明, 王婉燕, 姚罗兰 (218)
近30年辽河三角洲生态系统服务价值时空演变及影响因素分析	王耕, 张芙蓉 (228)
光伏电站建设对陆地生态环境的影响:研究进展与展望	田政卿, 张勇, 刘向, 陈生云, 柳本立, 吴纪华 (239)
大兴安岭林草交错带植被NDVI时空演变及定量归因	石淞, 李文, 曲琛, 杨子仪 (248)
西南地区不同类型植被NPP时空演变及影响因素探究	徐勇, 郑志威, 孟禹弛, 盘钰春, 郭振东, 张炎 (262)
不同海拔梯度下极端气候事件对松花江流域植被NPP的影响	崔嵩, 贾朝阳, 郭亮, 付强, 刘东 (275)
基于InVEST与CA-Markov模型的昆明市碳储量时空演变与预测	帕茹克·吾斯曼江, 艾东, 方一舒, 张益宾, 李牧, 郝晋琨 (287)
基于PLUS-InVEST模型的酒泉市生态系统碳储量时空演变与预测	石晶, 石培基, 王梓洋, 程番苑 (300)
长江下游沿江平原土壤发育过程中碳库分配动态	胡丹阳, 张欢, 宿宝巍, 张娅璐, 王永宏, 纪佳辰, 杨洁, 高超 (314)
漓江流域喀斯特森林土壤有机碳空间分布格局及其驱动因子	申楷慧, 魏识广, 李林, 储小雪, 钟建军, 周景钢, 赵毅 (323)
不同土地利用方式对岩溶区土壤有机碳组分稳定性的影响	陈坚淇, 贾亚男, 贺秋芳, 江可, 陈畅, 叶凯 (335)
紫色土丘陵区坡地柑橘园土壤碳氮的空间分布特征	李子阳, 陈露, 赵鹏, 周明华, 郑静, 朱波 (343)
氮添加与凋落物处理对橡胶林砖红壤有机碳组分及酶活性的影响	薛欣欣, 任常琦, 罗雪华, 王文斌, 赵春梅, 张永发 (354)
重庆化肥投入驱动因素、减量潜力及环境效应分析	梁涛, 赵敬坤, 李红梅, 王妍, 曹中华, 张务帅, 王孝忠, 郭超仪, 石孝均, 陈新平 (364)
中国土壤中全氟和多氟烷基物质的分布、迁移及管控研究进展	刘浩然, 邢静怡, 任文杰 (376)
基于多源辅助变量和随机森林模型的耕地土壤重金属含量空间分布预测	解雪峰, 郭炜炜, 濮励杰, 缪源卿, 蒋国俊, 张建珍, 徐飞, 吴涛 (386)
基于源导向的农用地土壤重金属健康风险评估及优先控制因子分析	马杰, 葛森, 王胜蓝, 邓力, 孙静, 蒋月, 周林 (396)
铜陵某废弃疏铁矿区土壤重金属污染特征及来源解析	李如忠, 刘宇昊, 黄言欢, 吴鸿飞 (407)
天水市主城区公交站地表灰尘重金属来源解析及污染评价	李春艳, 王新民, 王海, 吕晓斌 (417)
基于大田试验的土壤-水稻镉对不同调理剂的响应	唐乐斌, 刘新彩, 宋波, 马丽钧, 黄凤艳 (429)
腐殖质活性组分对土壤镉有效性的调控效应与水稻安全临界阈值	胡秀芝, 宋毅, 王天雨, 蒋珍彦, 魏世强 (439)
生物炭与铁钙材料对镉砷复合污染农田土壤的修复	吴秋产, 吴骥子, 赵科理, 连斌, 袁峰, 孙洪, 田欣 (450)
人体微塑料污染特征及健康风险研究进展	马敏东, 赵洋尘, 朱龙, 王伟平, 康玉麟, 安立会 (459)
聚苯乙烯微塑料联合镉污染对土壤理化性质和生菜(<i>Lactuca sativa</i>)生理生态的影响	牛佳瑞, 邹勇军, 简敏菲, 黄楚红, 李金燕, 穆霞, 刘淑丽 (470)
转录组分析植物促生细菌缓解高粱微塑料和重金属复合污染胁迫机制	刘泳岐, 赵超禹, 任学敏, 李玉英, 张英君, 张浩, 韩辉, 陈兆进 (480)
微塑料对土壤中养分和镉淋失的影响	赵群芳, 褚龙威, 丁原红, 王发园 (489)
微塑料和非对土壤化学性质、酶活性及微生物群落的影响	刘沙沙, 秦建桥, 吴贤格 (496)
民勤荒漠绿洲过渡带人工梭梭林土壤细菌群落结构及功能预测	王安林, 马瑞, 马彦军, 吕彦勋 (508)
不同灌溉水盐度下土壤真菌群落对生物炭施用的响应	郑志玉, 郭晓雯, 闵伟 (520)
厨余垃圾有机肥对土壤微生物活性及功能的影响	刘美灵, 汪益民, 金文豪, 王永冉, 王嘉和, 柴一博, 彭丽媛, 秦华 (530)
土壤真菌群落结构对辣椒长期连作的响应特征	陈芬, 余高, 王谢丰, 李廷亮, 孙约兵 (543)
叶面喷施硅肥对再生水灌溉水稻叶际细菌群落结构及功能基因的影响	梁胜贤, 刘春成, 胡超, 崔二苹, 李中阳, 樊向阳, 崔丙健 (555)
昌黎县海域细菌群落和抗生素抗性基因分析	王秋水, 程波, 刘悦, 邓婕, 徐岩, 孙朝徽, 袁立艳, 左嘉, 司飞, 高丽娟 (567)
基于高通量定量PCR与高通量测序技术研究城市湿地公园抗生素抗性基因污染特征	黄福义, 周曙仡, 潘婷, 周昕原, 苏建强, 张炯 (576)
城区第四系沉积柱中抗生素的垂向分布特征及环境影响因素	刘可, 童蕾, 甘翠, 王逸文, 张嘉越, 何军 (584)
氢氧化钾改性玉米秸秆生物炭对水中土霉素的吸附特性及机制	刘总堂, 孙玉凤, 费正皓, 沙新龙, 温小菊, 钱彬彬, 陈建, 谷成刚 (594)
CO ₂ 气氛热解与硝酸改性的生物炭Pb ²⁺ 吸附性能对比	江豪, 陈瑞芝, 朱自洋, 王琳, 段文斌, 陈芳媛 (606)

叶面喷施硅肥对再生水灌溉水稻叶际细菌群落结构及功能基因的影响

梁胜贤¹, 刘春成^{2,3}, 胡超^{2,3}, 崔二苹^{2,3}, 李中阳^{2,3}, 樊向阳^{2,3}, 崔丙健^{2,3*}

(1. 河北大学生命科学学院, 生命科学与绿色发展研究院, 保定 071000; 2. 中国农业科学院农田灌溉研究所, 新乡 453002; 3. 中国农业科学院农业水资源高效安全利用重点开放实验室, 新乡 453002)

摘要: 再生水农业利用被认为是解决水资源短缺和减少水环境污染的有效途径。硅肥可提高作物产量及品质, 并增强作物抗逆能力。叶面喷施硅肥对叶际微生物群落的影响仍缺少全面研究。通过盆栽试验, 探讨了不同种类硅肥叶面喷施对再生水灌溉水稻叶际细菌群落结构组成及多样性和相关功能基因丰度的影响。结果表明, 水稻叶际细菌优势菌门主要为厚壁菌门(Firmicutes)、变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteriota)、拟杆菌门(Bacteroidota)和疣微菌门(Verrucomicrobiota)。芽孢杆菌属(*Bacillus*)相对丰度较其他处理在再生水灌溉+叶面喷施那优硅(RIS3)处理中更高, 再生水灌溉使潜在致病菌泛菌属(*Pantoea*)和肠杆菌属(*Enterobacter*)的相对丰度显著增加, 其中未分类的菌属也是水稻叶际细菌群落重要的组成部分。硅肥处理显著富集了芽孢杆菌属(*Bacillus*)、微小杆菌属(*Exiguobacterium*)、*Aeromonas*和柠檬酸杆菌属(*Citrobacter*)。功能预测分析表明, 指示物种主要参与代谢与降解功能, 并且预测的功能类群主要来自化能异养、好氧化能异养、硝酸盐还原和发酵。定量PCR结果显示, 各处理中氨氧化古菌(AOA)、氨氧化细菌(AOB)和固氮酶基因(*nifH*)均处于较低的丰度水平, 亚硝酸还原酶基因(*nirK*)丰度在各处理间也无显著差异。上述研究结果有助于深层次了解叶面喷施硅肥影响水稻叶际细菌群落结构及多样性差异, 为硅肥在再生水灌溉农业中的应用提供理论依据。

关键词: 硅肥; 再生水灌溉; 叶际; 细菌群落; 功能基因

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2024)01-0555-12 DOI: 10.13227/j.hjks.202302200

Effects of Foliar Application of Silicon Fertilizers on Phyllosphere Bacterial Community and Functional Genes of Paddy Irrigated with Reclaimed Water

LIANG Sheng-xian¹, LIU Chun-cheng^{2,3}, HU Chao^{2,3}, CUI Er-ping^{2,3}, LI Zhong-yang^{2,3}, FAN Xiang-yang^{2,3}, CUI Bing-jian^{2,3*}

(1. Institute of Life Science and Green Development, College of Life Sciences, Hebei University, Baoding 071000, China; 2. Institute of Farmland Irrigation, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Xinxiang 453002, China; 3. Key Laboratory of High-efficient and Safe Utilization of Agriculture Water Resources, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Xinxiang 453002, China)

Abstract: Agricultural utilization of reclaimed water is considered to be an effective way to solve water shortage and reduce water environmental pollution. Silicon fertilizer can improve crop yield and quality and enhance crop resistance. The effect of foliar spray with silicon fertilizer on phyllosphere microbial communities remains lacking. In this study, a pot experiment was conducted to explore the effects of different types of silicon fertilizer on the composition and diversity of a phyllosphere bacterial community and the abundances of related functional genes in rice irrigated with reclaimed water. The results showed that Firmicutes, Proteobacteria, Actinobacteriota, Bacteroidota, and Verrucomicrobiota dominated the phyllosphere bacteria of rice. The relative abundance of *Bacillus* was higher than that of other treatments in RIS3. Reclaimed water irrigation significantly increased the relative abundances of the potential pathogens *Pantoea* and *Enterobacter*. The unclassified bacteria were also an important part of the bacterial community in the rice phyllosphere. *Bacillus*, *Exiguobacterium*, *Aeromonas*, and *Citrobacter* were significantly enriched by silicon fertilizer treatments. Functional prediction analysis showed that indicator species were mainly involved in metabolism and degradation functions, and the predicted functional groups of phyllosphere bacteria were attributed to chemoheterotrophy, aerobic chemoheterotrophy, nitrate reduction, and fermentation. Quantitative PCR results showed that AOA, AOB, and *nifH* genes were at low abundance levels in all treatments, and *nirK* genes were not significantly different among treatments. These results contribute to the in-depth understanding of the effects of foliar spray silicon fertilizer on the bacterial community structure and diversity of rice phyllosphere and provide a theoretical basis for the application of silicon fertilizer in reclaimed water irrigation agriculture.

Key words: silicon fertilizer; reclaimed water irrigation; phyllosphere; bacterial community; functional genes

再生水作为替代水源用于农业灌溉, 不仅可以有效缓解水资源短缺压力和增加水资源供给, 还可节约水肥和减少水污染问题。由于常规水资源的短缺, 增加了人们对可替代水资源的寻求力度。中央农办与国家发改委等部门联合印发了多个指导意见, 明确要求促进生产生活用水循环利用, 实现节水开源减排, 全面系统推进污水资源化利用和再生水利用试点示范^[1,2]。水稻是耗水量最大的农作物, 其灌溉

用水量占农业总用水量的65%以上^[3]。水稻综合节水结合合理利用再生水灌溉, 为农业生产带来了一定

收稿日期: 2023-02-24; 修订日期: 2023-03-24

基金项目: 河北大学高层次人才经费项目(5210009813); 河南省自然科学基金青年项目(202300410552); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(FIRI20210302, CX0003-ASTIP04-2021)

作者简介: 梁胜贤(1988~), 女, 博士, 讲师, 主要研究方向为环境微生物学, E-mail: liangshengxiansr@163.com

* 通信作者, E-mail: ayangcbj@126.com

的经济效益和环境效益。

众多学者针对再生水灌溉水稻产量和品质、养分特征及环境影响等方面开展了大量研究工作。李莹等^[4]提出了适宜的水稻再生水灌溉制度及施肥制度。有研究发现再生水灌溉不仅能促进水稻生长和提高产量^[3],还显著增加了稻田 CH_4 和 N_2O 排放^[5]。有研究表明,再生水灌溉不会对稻田环境产生负面影响,并显著提高了水肥利用效率^[6]。韩焕豪等^[7]通过研究再生水灌溉水稻需水规律及灌溉制度,发现间歇灌溉模式是节水省肥的适宜灌溉制度,但不会对水稻产量产生显著影响。陈苏春等^[8]研究发现再生水淹水灌溉会增加稻田土有机质含量,氮素随水分向下迁移和累积。有研究表明,再生水灌溉对稻田土壤和水稻植株各器官中重金属含量无显著影响^[9]。

硅(Si)是地壳中第二丰富的元素,其生物地球化学循环取决于土壤、植被和人类活动。尽管Si被认为是一种非必需元素,但它在大多数陆生植物中都存在,其含量变化很大^[10]。硅肥对土壤-植物系统的作用体现在两方面:一是增强了植物抵御疾病、昆虫和逆境胁迫的保护能力;二是具有生物地球化学活性的硅可改善土壤的水分、物化特性和维持植物有效态养分来优化土壤肥力^[11,12]。有研究表明,施用硅肥可有效提升水稻抗倒伏,并提高水稻产量和改善品质^[13]。硅酸对诱导和增强水稻白叶枯病抗性方面具有积极的生理作用,施用硅肥能够提高水培和土培水稻白叶枯病抗性^[14]。多项研究集中于基施硅肥对土壤和作物重金属生物有效性及累积效应的影响^[15,16]。叶面喷施通常被认为是一种环境相对友好的施肥方式,喷施硅肥能够提高水稻、玉米和小麦应对生物和非生物胁迫能力^[17]。适宜的水分管理措施联合叶面喷施硅肥可显著降低水稻籽粒重金属的累积^[18]。叶面喷施硅酸盐能够降低多种病原菌侵袭率^[19]。Buck等^[20]研究发现,尽管未检测到硅在水稻植株中累积,但叶面喷施硅肥降低了稻瘟病的发病率。作为植物的地上部分,叶际生境是多种微生物的特殊栖息地,拥有在植物生态和进化中发挥关键作用的多种微生物,这些丰富多样的微生物影响宿主的生理和生态系统功能^[21]。栽培方式和施肥对叶际微生物群落结构和功能起着重要的调控作用,蓝细菌门受栽培方式影响更大,施肥主要调控叶际拟杆菌门、厚壁菌门和浮霉菌门种群变化^[22]。叶际细菌是作物生境的重要组成部分,叶面喷施硅肥影响水稻叶际中碳氮循环过程,研究其群落组成和功能对固氮有重要意义。

再生水灌溉条件下叶面喷施硅肥对水稻叶际细菌群落结构组成及多样性的影响研究较少,明确叶际细菌群落结构特征及氮相关功能基因丰度,可揭

示叶际细菌群落多样性与功能基因丰度对不同种类硅肥叶面喷施的响应变化。因此,本文基于16S rDNA扩增子测序技术,比较分析了再生水灌溉水稻叶际细菌群落结构多样性对3种硅肥叶面喷施的响应差异,并利用实时定量PCR方法检测氮相关功能基因(AOA、AOB、*nifH*和*nirK*)丰度。本研究有助于深入了解水稻叶际优势菌群表型和功能特征及有益菌群与宿主植物的相互作用,旨在为再生水灌溉条件下叶面施肥的微生态调控提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试肥料:五水偏硅酸钠($\text{Na}_2\text{O}_3\text{Si}\cdot 5\text{H}_2\text{O}$)购自国药集团化学试剂有限公司, $\omega(\text{SiO}_2)\geq 20\%$;硅浪,购自河南中浪农业科技有限公司, $\omega(\text{水溶性Si})\geq 25\%$;那优硅购自宝来化肥(烟台)有限公司, $\omega(\text{有效螯合Si})15\%$ 。供试水稻品种:获稻008,购自新乡市华农种业有限公司,由新乡市卫滨区科丰种植农民专业合作社选育而成。再生水取自新乡市骆驼湾污水处理厂,水质指标符合《城镇污水处理厂污染物排放标准》(GB 18918-2002)和《农田灌溉水质标准》(GB 5084-2021)。

1.2 试验设计

本试验于2022年6月~9月在中国农业科学院新乡野外观测试验站阳光板温室($113^\circ 93'E$, $35^\circ 27'N$)进行。供试土壤取自市郊农田,基本理化性质如下:pH为8.32,电导率(EC)为 $457\ \mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$, $\omega[\text{有机质(OM)}]$ 为1.73%, $\omega[\text{总氮(TN)}]$ 为 $0.65\ \text{mg}\cdot\text{g}^{-1}$, $\omega[\text{总磷(TP)}]$ 为 $0.72\ \text{mg}\cdot\text{g}^{-1}$, $\omega[\text{铜(Cu)}]$ 、 $\omega[\text{锌(Zn)}]$ 、 $\omega[\text{铅(Pb)}]$ 和 $\omega[\text{镉(Cd)}]$ 分别为24.73、62.02、15.24和 $0.13\ \text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。

将稻种置于塑料穴盘中育种至幼苗,选取生长一致的幼苗移栽至盛土12 kg的栽培桶中。施肥比例均按氮(尿素):磷(过磷酸钙):钾(氯化钾)=2:1:1,其中50%的氮肥和全量的磷、钾肥以基肥形式在移栽前一次性施入,于拔节期和抽穗期追施剩余50%的氮肥。本试验处理设置如下:清水灌溉+叶面喷施无菌水(PWI)、再生水灌溉+叶面喷施无菌水(RWI)、再生水灌溉+叶面喷施偏硅酸钠(RIS1)、再生水灌溉+叶面喷施硅浪(RIS2)和再生水灌溉+叶面喷施那优硅(RIS3),各处理3次重复。选用的3种叶面喷施硅肥按照说明书推荐喷施浓度分别用无菌蒸馏水稀释1 000倍,各处理等体积喷施。利用喷壶对叶片正反面喷施至完全湿润,喷施时用塑料膜遮挡以避免落入栽培桶中及影响其他处理。叶面喷施频率每周1次,全生育期淹水管理。

1.3 样品采集与DNA提取

本试验结束后,每桶随机选择3株水稻用无菌剪刀剪取叶片.所有样品当天采集完成,置于冰盒中送至实验室进行预处理.土壤样品自然风干,研磨过筛后待测.各处理分别称取水稻叶片10 g,利用无菌剪刀剪成小块置于含100 mL 0.01 mol·L⁻¹ 无菌磷酸盐缓冲液的锥形瓶中.先经过恒温摇床振荡30 min,40 kHz条件下超声10 min,然后利用孔径为0.22 μm的微孔滤膜和真空抽滤装置收集叶际微生物颗粒物.将收集叶际微生物的滤膜剪碎,利用FastDNA® Spin Kit for Soil(MP Biomedical公司,美国)试剂盒按照说明书提取叶际DNA,并使用SpectraMax® QuickDrop™超微量分光光度计(Molecular Devices公司,美国)检测DNA浓度及纯度,保存于-80℃待用.

1.4 高通量测序

为了避免叶绿体DNA扩增,选用细菌16S rDNA的V5-V7区引物799F和1392R进行第一轮扩增^[23,24],再使用799F和1193R进行第二轮扩增^[25].利用AxyPrep DNA Gel Extraction Kit(Axygen Biosciences,美国)对PCR产物进行回收与纯化,回收产物经过Quantus™ Fluorometer(Promega,美国)检测和定量后,使用NEXTFLEX Rapid DNA-Seq Kit进行建库,构建的PE文库通过Illumina MiSeq 300平台(美吉生物医药科技有限公司,上海)进行测序分析.

1.5 定量PCR

利用TB Green™ Premix Ex Taq™(Takara公司,大连)染料法对所选功能基因丰度进行定量检测,本研究所用引物信息见文献^[26~31].标准质粒制备过程如下:PCR扩增、PCR产物纯化与质检、pMD™ 19-T(Takara公司,大连)克隆载体连接、蓝白斑筛选、质粒提取和测序鉴定.10倍梯度稀释(10⁻¹~10⁻⁸)构建好的各质粒,用于制备标准曲线.反应体系包括10 μL 2× TB Green™ Premix Ex Taq™,0.5 μL正反向引物,2 μL模板,无菌ddH₂O补足至20 μL.将加好样品的96孔板置于CFX Connect™ 荧光定量PCR检测系统(BioRad公司,美国)进行基因丰度的实时定量检测.反应条件:95℃预变性2 min;95℃变性5 s,50~60℃退火30 s,72℃延伸1 min,40个循环.每个样品反应设置3次重复,以无菌水作为阴性对照.扩增效率为85%~108%,R²值为0.997~0.999.

1.6 数据分析

基于细菌16S rDNA扩增子测序数据的分析流程如下:①群落多样性分析:采用RDP classifier贝叶斯算法对扩增子序列变异体(amplicon sequence variation, ASV)代表序列进行分类学分析,应用Mothur分析α多样性指数(Sobs、Shannon、Simpson、

Ace、Chao1和覆盖度);使用UPGMA算法构建层级聚类树呈现不同样本群落分布的差异程度,基于Bray-Curtis距离矩阵分析样本群落组成的相似性或差异性;②群落组成分析:基于ASV分类学分析各处理在不同分类水平的群落结构组成;③物种差异分析:采用单因素方差分析比较各处理是否存在显著性差异,应用LEfSe发现样本中最能解释组间差异的物种特征;④功能预测分析:采用PICRUSt进行细菌的功能家族组成及丰度与代谢路径预测分析,基于BugBase进行表型预测,利用人工构建的FAPROTAX数据库对参与生物地球化学循环的物种进行功能预测.测序所得的原始数据均已上传至NCBI SRA数据库,BioProject登录号为PRJNA932950.

利用Microsoft Excel 2007和SPSS 20对试验数据进行统计分析,采用单因素方差分析(ANOVA)及Duncan多重比较分析处理间差异, $P < 0.05$ 为差异有统计学意义.

2 结果与分析

2.1 水稻叶际细菌群落多样性分析

使用序列降噪方法(DADA2/Deblur)处理优化数据,获得ASV代表序列和丰度信息.为了更好地进行统计学和可视化分析,将各样本按照最小序列数进行抽平处理,获得一致的有效序列14 128条.物种种类数统计信息如下:30个门、69个纲、170个目、293个科、626个属和2 800个ASV.为获得叶际细菌群落中物种的丰富度和多样性信息,对Sobs指数、Shannon指数、Simpson指数、Ace指数、Chao1指数和覆盖度等α多样性指数进行评估.结果表明,尽管再生水灌溉及其叶面喷施硅肥处理群落组成丰富度和多样性均较高,但未观察到α多样性指数有显著变化(表1).

基于Bray-Curtis距离的UPGMA聚类算法对不同样品间属水平群落组成差异进行层级聚类分析.叶际细菌物种组成丰度前10的菌属包括*Bacillus*、*Exiguobacterium*、*Pseudomonas*、unclassified *Enterobacteriaceae*、*Pantoea*、unclassified *Erwiniaceae*、*Enterobacter*、*Chryseobacterium*、*Jeotgalibacillus*和*Aeromonas*.RW1和RIS1处理距离较近,表明这两组样品的细菌群落结构组成较相似,RIS2和RIS3处理组与其他处理细菌群落结构存在明显差异[图1(a)].PCoA结果表明硅肥处理可影响叶际细菌群落结构,RIS2和RIS3与其他处理群落组成差异较大,主成分PC1和PC2分别解释17.05%和12.87%群落组成差异[图1(b)],结合PERMANOVA分析表明,不同分组对细菌群落组成影响显著($F = 1.4503$, $R^2 = 0.3671$, $P = 0.0030$).

表 1 不同处理细菌 α 多样性指数¹⁾
Table 1 Bacterial community α diversity indices in different treatments

处理组	Sobs 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	Ace 指数	Chao1 指数	覆盖度
PWI	284a	3.69a	0.086a	285a	285a	0.999 8a
RWI	444a	3.85a	0.105a	455a	452a	0.998 0a
RIS1	332a	3.18a	0.132a	342a	339a	0.998 2a
RIS2	330a	3.97a	0.052a	334a	332a	0.999 3a
RIS3	402a	3.84a	0.088a	409a	407a	0.998 6a

1) 同一列相同小写字母表示在 0.05 水平上差异不显著, $n = 3$

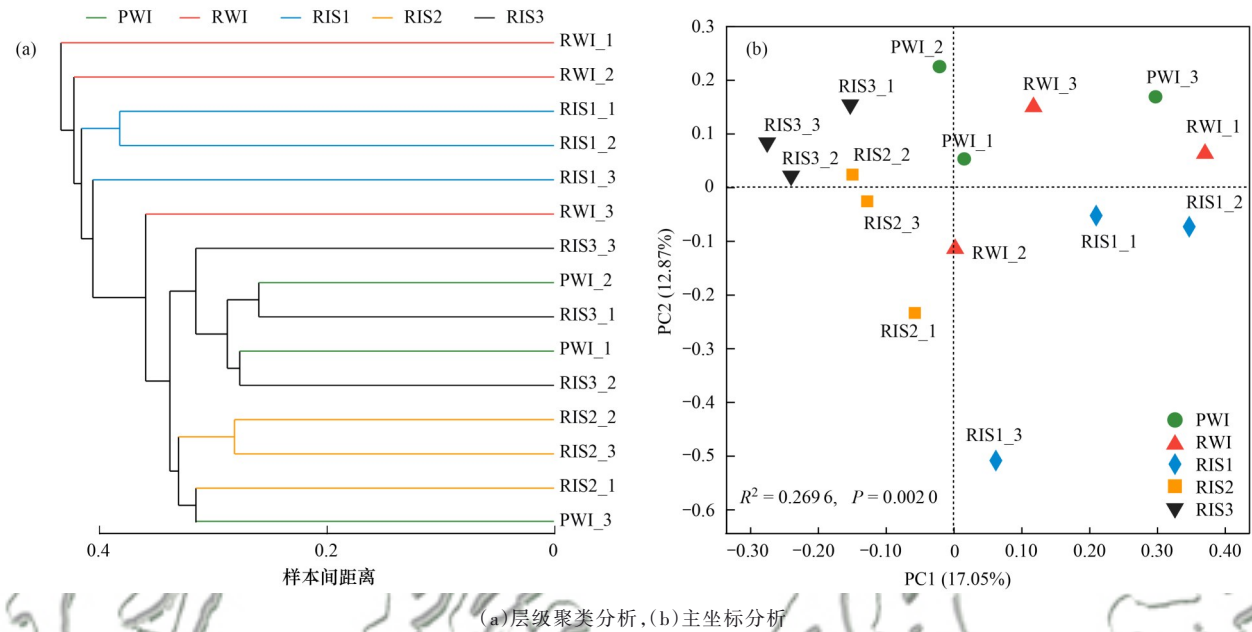


图 1 不同处理细菌群落组成相似性分析
Fig. 1 Similarity analysis of bacterial community composition in different treatments

2.2 水稻叶际细菌群落组成分析

通过 Venn 图比较不同处理的核心菌群(图 2), 结果显示, PWI、RWI、RIS1、RIS2 和 RIS3 分别包含 239、391、349、309 和 361 个核心菌属. 5 个处理组共有菌属为 126 个, 占比范围 32.22% ~ 52.72%; PWI、RWI、RIS1、RIS2 和 RIS3 独有的菌属分别为 21、70、49、32 和 60 个, 分别占各自叶际菌属总数的 8.79%、17.90%、14.04%、10.35% 和 16.62%. PWI 处理的菌属总数和独有菌属明显低于其他处理, 表明叶面喷施硅肥可增加叶际细菌群落组成的丰富度和多样性.

为了研究不同处理组叶际细菌群落结构组成差异, 分别在门和属分类水平上统计分析各处理物种组成及相对丰度, 并且将相对丰度 < 1% 的物种归为 others. 门水平上, 主要优势菌群为厚壁菌门 (Firmicutes)、变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteriota)、拟杆菌门 (Bacteroidota) 和疣微菌门 (Verrucomicrobiota), 平均相对丰度分别为 30.93% ~ 63.97%、25.31% ~ 58.49%、3.23% ~ 7.33%、0.1% ~ 1.07%, 在 5 个处理组中占 97.09% ~ 98.77%

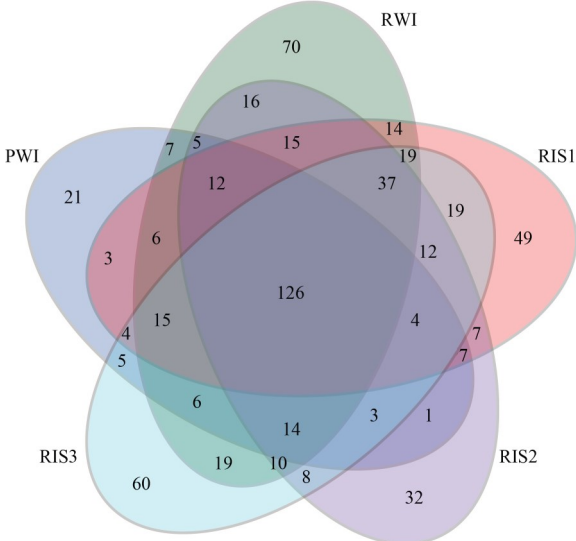


图 2 不同处理间叶际细菌属水平组成 Venn 图
Fig. 2 Venn diagram of core genera in phyllosphere among different treatments

[图 3(a)]. 厚壁菌门在 RIS2 和 RIS3 的相对丰度明显高于其他处理, 而 RWI 中变形菌门的相对丰度较高, 其中主要以 γ-变形菌纲 (γ-Proteobacteria, 18.42% ~ 48.75%) 为主, 变形菌门在硅肥处理组 (RIS1、RIS2

和 RIS3) 中的相对丰度有所降低. RWI 处理较 PWI 处理的放线菌门相对丰度有所增加, 而在 RIS1 中又表现为下降趋势, 但拟杆菌门在 RIS1 处理中的相对丰度呈增加趋势. 属水平上, 5 个处理组叶际细菌群落结构组成相似, 相对丰度 > 1% 的 22 个菌属相对丰度存在差异 [图 3(b)]. 以上优势菌属相对丰度超过 80%, 主要归属于厚壁菌门(5 个属)、变形菌门(14 个属)、拟杆菌门(1 个属)和放线菌门(2 个属), 其中丰度前 10 菌的属在 5 个处理组中的平均相对丰度如下: 芽孢杆菌属 (*Bacillus*, 13.52% ~ 49.97%)、微小杆菌属 (*Exiguobacterium*, 1.31% ~ 18.27%)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*, 2.91% ~ 9.71%)、肠杆菌科中未分类的属 (unclassified *Enterobacteriaceae*, 0.017% ~ 16.34%)、泛菌属 (*Pantoea*, 0.13% ~ 22.65%)、欧文氏菌科中未分类的属 (unclassified *Erwiniaceae*, 0.65% ~ 10.89%)、肠杆菌属 (*Enterobacter*, 0.099%

~ 7.81%)、金黄杆菌属 (*Chryseobacterium*, 0.27% ~ 10.71%)、威海鲜芽胞杆菌属 (*Jeotgalibacillus*, 0.27% ~ 9.75%) 和气单胞菌属 (*Aeromonas*, 0.20% ~ 8.50%). 通过叶际细菌群落比较分析发现, 硅肥处理下叶际细菌丰度比例差异主要体现在芽孢杆菌属、微小杆菌属、金黄杆菌属、气单胞菌属和柠檬酸杆菌属. 与清水灌溉 (PWI) 相比, 再生水灌溉 (RWI) 使水稻叶际芽孢杆菌属、微小杆菌属和假单胞菌属的相对丰度均呈降低趋势, 而泛菌属相对丰度显著增加. 叶面喷施硅肥使芽孢杆菌属在水稻叶际呈增加趋势, 其相对丰度表现为: RIS3 > RIS2 > RIS1. RIS1 和 RIS2 处理较其他处理叶际微小杆菌属相对丰度显著增加. RIS1 处理水稻叶际中未分类的肠杆菌科相对丰度较其他处理显著增加. 与 RWI 相比, 假单胞菌属在叶面喷施硅肥处理组中的相对丰度均有所增加.

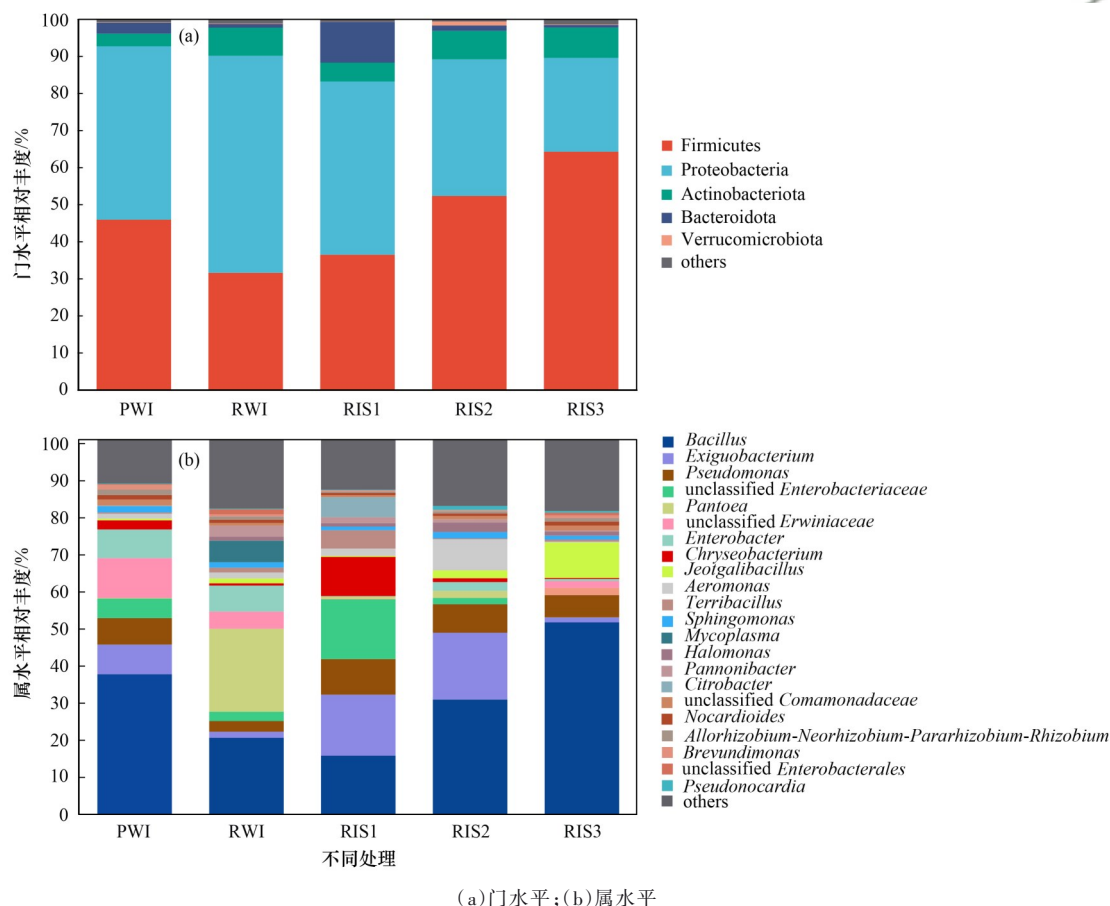


图 3 门与属分类水平叶际细菌群落组成相对丰度

Fig. 3 Relative abundances of bacterial community composition in phyllosphere

2.3 物种差异分析

基于 Kruskal-Wallis 秩和检验方法, 对不同处理组样本进行优势属的组间差异显著性检验分析 (图 4). 多组比较分析结果显示, 在属水平上, 芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、微小杆菌属 (*Exiguobacterium*)、泛菌属 (*Pantoea*)、肠杆菌属 (*Enterobacter*)、气单胞菌属

(*Aeromonas*)、*Pannonibacter* 菌属和柠檬酸杆菌属 (*Citrobacter*) 在 5 个处理组之间有显著差异 ($P < 0.05$).

利用 LEfSe (LDA effect size, 线性判别分析及影响因子) 分析不同处理组间最能解释组间差异的物种特征, 以及这些特征对组间差异的影响程度. 从门到

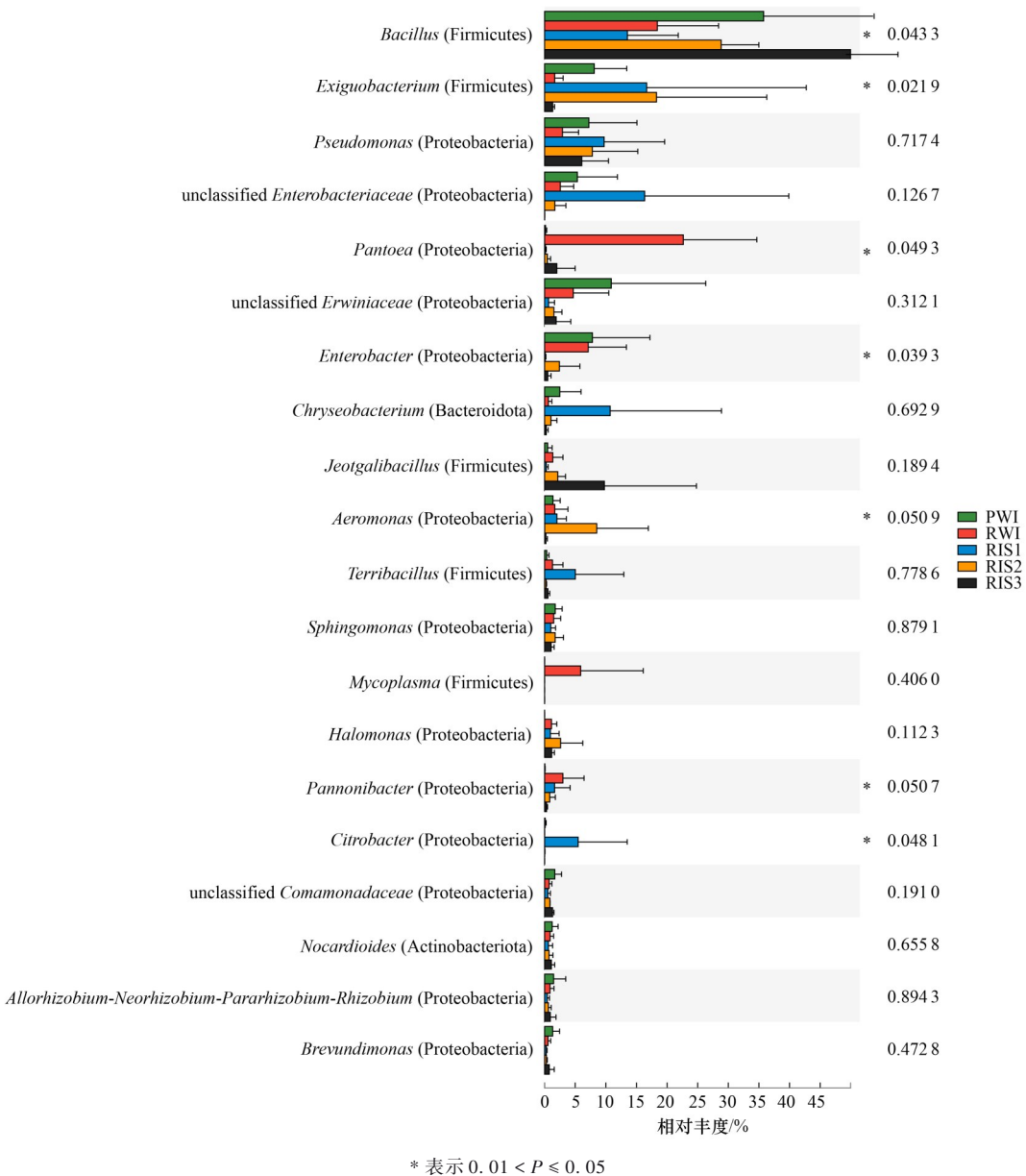


图4 不同处理组细菌群落之间的物种丰度差异

Fig. 4 Difference in relative abundances of bacterial community from different treatment groups

属分类水平上来看,共有 15 个菌属存在组间显著差异(LDA > 3.0, $P < 0.05$,图 5),以上菌属主要归属于厚壁菌门、变形菌门和拟杆菌门. RWI 处理中存在的组间差异物种最多,包括 *Enterobacter*、*Pantoea*、*norank Rhodothermaceae*、*Pannonibacter* 和 *Enterococcus*. *Exiguobacterium*、*norank Rhodothermaceae* 和 *norank Sphingomonadaceae* 在 PWI 处理中显著富集. RIS1 仅有一个显著差异物种(*Citrobacter*). RIS2 显著富集了 *norank Rhizobiales* 和 *Lysinibacillus*. RIS3 中显著差异物种为 *Bacillus*、*Paracoccus*、*Haliscomenobacter* 和 *Thauera*. 再生水灌溉及叶面喷施硅肥对上述物种在不同处理组间的显著差异起重要影响作用.

2.4 功能预测分析

PICRUSt 功能预测分析表明,叶际细菌共获得 5

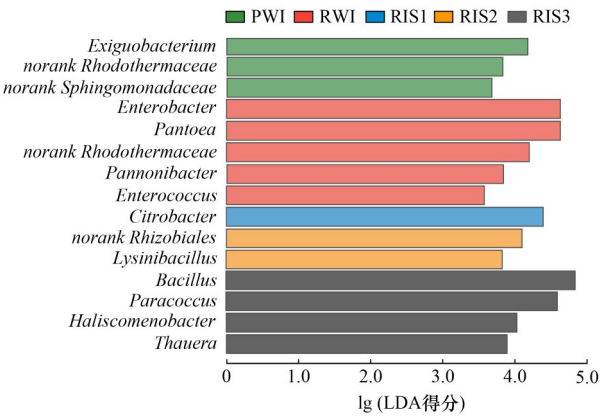
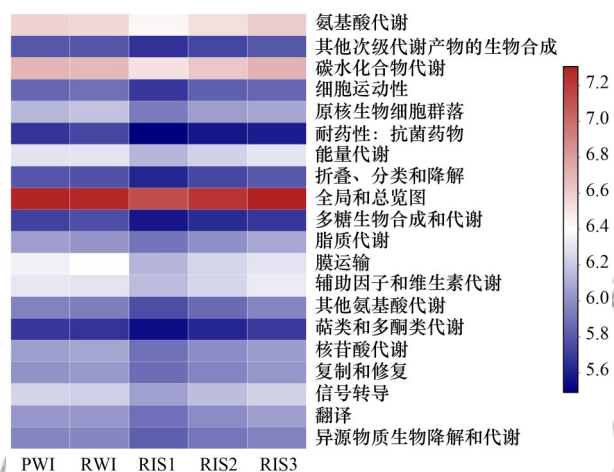


图5 不同处理组细菌群落特征物种 LDA 分布

Fig. 5 LDA distribution of bacterial genera in different treatment groups

类代谢功能通路,包括代谢(metabolism)、环境信息处理(environmental information processing)、细胞过程

(cellular processes)、遗传信息处理 (genetic information processing) 和人类疾病 (human diseases), 主要涉及氨基酸代谢、次级代谢产物生物合成、碳水化合物代谢、能量代谢、膜运输、信号转导和细胞运动等 20 个 KEGG 二级功能群 (pathway level 2, 图 6). 所有处理中涉及全局和总览图 (global and overview maps)、氨基酸代谢、碳水化合物代谢和膜运输的功能丰度增加. RIS1 处理中涉及氨基酸代谢、碳水化合物代谢、膜运输和信号转导的功能丰度低于其他处理. 涉及的代谢、环境信息处理、细胞过程和遗传信息处理的代谢通路功能丰度在叶面喷施硅肥处理中表现为: RIS3 > RIS2 > RIS1, 表明 RIS3 处理所用硅肥对叶际细菌群落丰富度和功能多样性影响更大.



色柱颜色梯度表示样本中不同功能丰度变化情况

图 6 不同处理组 KEGG 功能丰度变化

Fig. 6 Variation in KEGG functional abundance in different treatment groups

利用 BugBase 对不同处理样本进行表型预测分析, 确定高水平表型. 图 7 反映了移动元件含量 (mobile element containing)、致病潜力 (potentially

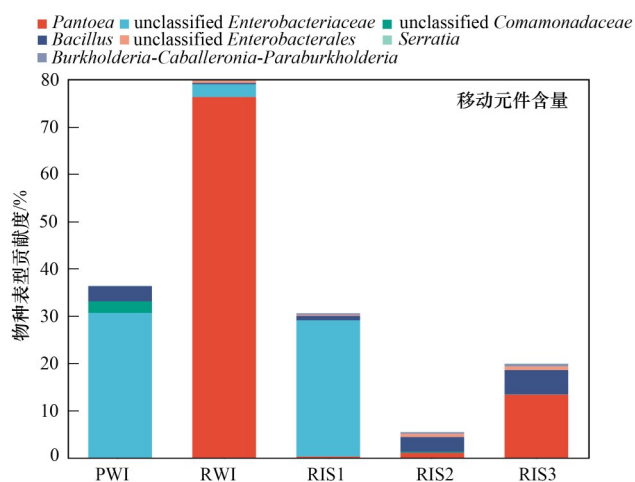


图 7 特定表型的叶际细菌群落物种组成

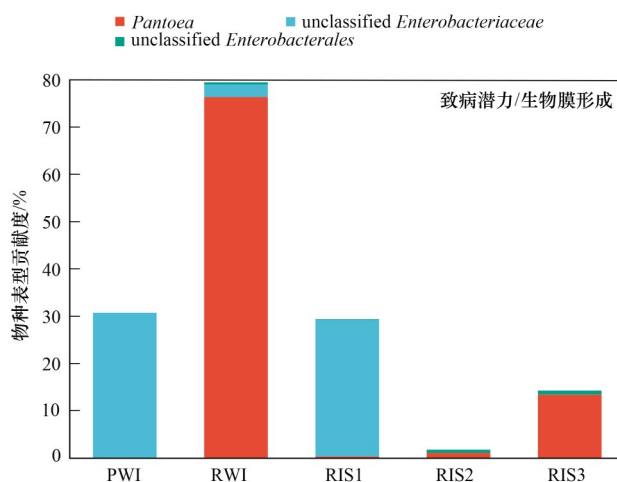
Fig. 7 Specific phenotypes of phyllosphere bacterial community

pathogenic) 及生物膜形成 (biofilm forming) 表型对应的主要物种组成. RW1 处理下对应移动元件和潜在病原表型的泛菌属 (*Pantoea*) 的相对丰度更高, RIS1、RIS2 和 RIS3 则相对丰度降低, 推断叶面喷施硅肥使样本中不同物种对特定表型的贡献度降低.

FAProTax 用于生物地球化学循环过程的功能注释预测, 通过人工构建的数据库将原核生物分类群映射到代谢或其他生态相关功能. 基于 16S rDNA 序列的分类注释结果, 利用 FAProTax 共获得 43 个功能类群. 不同处理的细菌功能类群存在差异, 样本中细菌的核心功能类群 (相对丰度 > 1.0%) 如图 8 所示, 这些功能类群包括化能异养作用 (chemoheterotrophy)、好氧化能异养作用 (aerobic chemoheterotrophy)、硝酸盐还原作用 (nitrate reduction)、发酵作用 (fermentation)、动物寄生虫或共生体 (animal parasites or symbionts)、人类肠道 (human gut)、哺乳动物肠道 (mammal gut)、烃类降解作用 (hydrocarbon degradation)、尿素水解作用 (ureolysis)、芳香化合物降解作用 (aromatic compound degradation)、硝酸盐呼吸作用 (nitrate respiration) 和氮呼吸作用 (nitrogen respiration), 平均相对丰度分别为 32.26%、24.59%、11.41%、8.74%、5.31%、4.84%、4.84%、1.37%、1.25%、1.09%、0.57% 和 0.57%. 本研究中具有化能异养作用、好氧化能异养作用、硝酸盐还原作用和发酵作用的功能群是叶际细菌中优势生态功能类群, 硅肥处理下叶际细菌化能异养作用显著增加, 硝酸盐还原作用的优势功能菌群相对丰度在 RIS2 和 RIS3 处理中显著增加.

2.5 定量 PCR 分析

各处理叶际中氨氧化细菌 (AOB) 和古菌 (AOA) 基因、固氮基因 (*nifH*) 及反硝化基因 (*nirK*) 的定量结果如图 9 所示. 所有处理叶际中 AOA、AOB 和 *nifH* 基



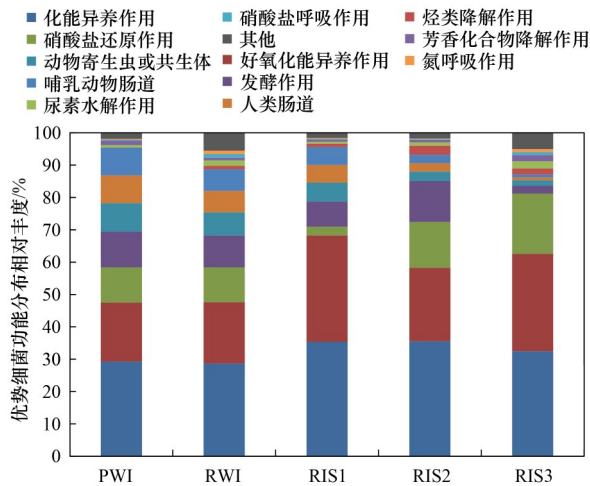


图8 不同处理间优势细菌功能分布相对丰度

Fig. 8 Relative abundance of dominate bacterial functional group distribution among different treatments

因丰度均处于较低水平($2.88 \sim 3.64 \text{ copies} \cdot \text{g}^{-1}$, 以10为底数的对数值), 并且各处理间无显著差异。同样, *nirK* 基因丰度和真菌总数基因丰度在各处理间也未表现出显著差异, 而细菌总数的基因丰度仅在RIS3处理下有显著增加。从定量结果来看, 灌溉水质及叶面喷施硅肥处理并未对叶际中氮相关功能基因丰度产生显著影响。

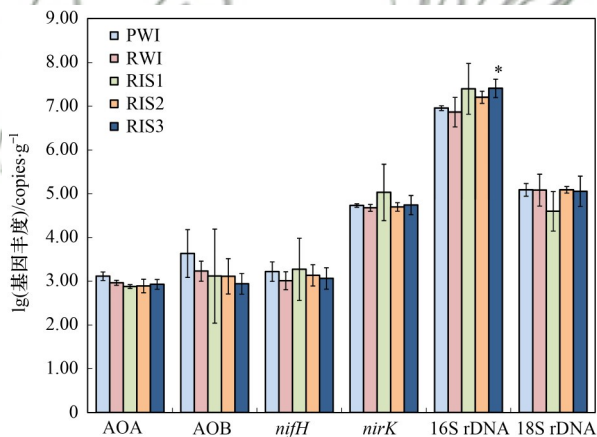


图9 不同处理功能基因定量丰度变化

Fig. 9 Abundances of functional genes in different treatments

3 讨论

水稻作为典型的喜硅类作物, 施用叶面硅肥不仅可以提高水稻品质和增加产量, 还能有效降低水稻籽粒重金属的累积^[32]。有研究表明, 施用硅肥可改善土壤的理化和生物学特性来提高或恢复土壤肥力水平, 减少化肥从耕地中淋失^[11]。除了提高作物生产力, 降低传统农用化学品的使用外, 叶面喷施硅肥还会对植物叶际微生物组成及多样性产生很大的影响。本研究中, 通过再生水灌溉结合叶面喷施硅肥比较研究了不同种类硅肥对水稻叶际细菌群落结构及

多样性的影响。高通量测序结果显示, 尽管各处理间的 α 多样性指数无显著差异, 但PCoA表明不同硅肥处理下的叶际细菌群落分布特征存在明显差异。水稻叶际细菌具有丰富的群落组成和多样性, 优势菌群由厚壁菌门、变形菌门、放线菌门、拟杆菌门和疣微菌门组成, 灌溉水质与硅肥处理均对叶际物种相对丰度有一定影响。有研究发现硅肥增加了水稻土壤中放线菌种群丰度^[33], 在本研究的叶际生境中也观察到一致的结果。厚壁菌门和变形菌门是其优势菌门, 厚壁菌门在RIS3处理中所占的比例最高, 明显高于未喷施硅肥处理。其中变形菌门主要包括 α -变形菌纲和 γ -变形菌纲, 厚壁菌门主要是芽孢杆菌纲。不同处理样品中细菌菌属结构存在差异, 硅肥处理叶际优势菌群分布结构相似度较高。属水平上, 再生水灌溉会导致泛菌属和肠杆菌属在水稻叶际中显著富集, 这两个菌属是潜在的植物病原菌和人类条件致病菌。芽孢杆菌属具有生物防治和抗逆促生作用^[34,35], RIS3处理显著增加了芽孢杆菌属相对丰度。微小杆菌属在RIS1和RIS2处理叶际中相对丰度增加显著, 其主要在有机污染物降解及生物修复方面发挥作用^[36]。与PWI处理相比, RWI处理叶际中假单胞菌属显著降低, 但3种硅肥叶面喷施后其相对丰度均显著增加。假单胞菌属除了参与生物防治和促生过程, 也可能是一类侵袭性的植物病原菌^[37,38]。未分类的肠杆菌科、未分类的欧文氏菌科和气单胞菌属均属于常见病原菌, 金黄杆菌属相对丰度仅在RIS1处理下显著增加。有研究发现外源硅对土壤微生物群落组成有显著影响, 并能够降低潜在致病镰孢霉菌属、假单胞菌属和粪杆菌属的丰度^[39]。叶面施硅处理在增加叶片和果实中硅含量的同时, 也是预防褐腐病发生的一种有效方法^[40]。可以看出, 叶面喷施硅肥可降低作物疫病发生率, 具有一定的经济和环境效益。本研究中, 叶际致病菌属对喷施硅肥处理也表现出丰度降低的趋势, 这为进一步探究叶面施用硅源肥料促进叶际抗病潜能提供了基础。各处理中未分类的细菌仍占有一定比例, 表明在水稻叶际中仍存在大量未知和稀有细菌。RIS1处理所用硅肥为无机硅, 而用于RIS2和RIS3处理的硅肥属于螯合硅, 二者性质不同可能是导致叶际群落结构发生变化的主要原因。关于叶面喷施硅肥对水稻叶际微生物群落影响的文献报道较少, 相关研究主要集中于施用硅肥对土壤微生物群落多样性影响。施硅可能通过促进根系分泌物的产生而引发土壤细菌的增殖和活性, 硅肥处理下土壤中假单胞菌属和放线菌门数量显著增加^[41,42]。有研究表明, 高氮水平条件下配施硅肥可显著提高水稻土壤真菌群落多样性, 但对细菌和古

菌群落结构没有显著影响^[43]。有研究发现,硅肥能够改善土壤肥力和增加土壤酶活性,并抑制作物疫病的发生^[44]。有研究表明,生物有机肥配施硅肥可通过提高土壤微量元素有效性、微生物功能活性及改变微生物群落组成来减缓果树早期落叶率,果实产量也随微生物生物量和生态系统多功能性的增加而显著提高^[45]。硅含量与细菌群落呈显著正相关,细菌多样性表现出组织依赖性分布模式,与茎叶组织相比,非根际土、根际土和根内的细菌丰富度和多样性最高^[46]。叶际细菌群落在维持农业生态系统功能中也起着至关重要的作用,叶际细菌群落结构变化的驱动因素不仅与宿主植物种类有关,也与植物生理状态和环境因素等密切相关。在本研究中,初步探明了叶面硅肥施用对水稻叶际细菌群落结构组成及多样性的改变作用,这有助于提高人们对硅肥改善农业生态系统健康和可持续性的认识。

硅肥处理不仅使叶际细菌群落结构及多样性发生变化,还影响叶际细菌功能代谢通路和表型差异。PICRUST功能预测分析结果表明,叶际细菌主要涉及代谢(氨基酸代谢、次级代谢产物生物合成、碳水化合物代谢、能量代谢)、环境信息处理(膜运输、信号转导)、细胞过程(细胞运动)、遗传信息处理(翻译、复制与修复)和人类疾病(药物抗性)等5个KEGG一级功能(pathway level 1)和20个KEGG二级功能(pathway level 2)。Zhou等^[47]利用PICRUST预测叶际细菌群落功能基因的变异,发现叶际中参与膜运输、细胞运动、脂质代谢和细胞分裂等功能的微生物相对丰度较高,推断叶际微生物对外界环境的易感性可能导致叶际特征功能微生物的富集。与重金属抗性和C/N代谢相关的土壤细菌对硅肥的响应呈显著正相关^[48]。从不同层级KEGG代谢途径分析可以看出,代谢是叶际细菌群落的核心功能,叶际微生物通过代谢活动参与物质循环和生物合成等功能。有研究发现叶面施用纳米硅肥能够显著改变根际土代谢谱及代谢产物的分布^[49]。BugBase表型预测结果显示,移动元件、潜在致病性和生物膜形成在喷施和未喷施硅肥处理组间对应的物种组成及贡献度差异显著,并且同一物种对应了潜在致病性和生物膜形成这2个表型。RWI处理组对应潜在致病性表型的物种丰度增加,并且各处理间以细菌为基础的生物膜的形成作为一种保护机制可增强宿主植物的抗逆能力。利用FAPROTAX预测叶际微生物群落之间潜在功能,结果显示化能异养、好氧化能异养、硝酸盐还原和发酵是叶际细菌主要的生态功能。有研究发现,叶际细菌的主要功能是化能异养(39.02%)和好氧化能异养(37.01%),表明叶际细菌群落主要参与生态系

统中化学元素的循环^[50]。叶面喷施硅肥处理使叶际细菌拥有更强的化能异养、好氧化能异养和烃类降解功能,RIS2和RIS3处理强化了叶际细菌硝酸盐还原功能。文献^[51]报道了脂肪族和芳香族烃类降解功能主要集中于叶际样品中。另有研究也表明,叶际细菌群落参与了氮/磷循环和降解过程^[52]。推测硅源肥料施用有可能增加细菌多样性的维持、共存和植物-土壤系统细菌的联结,从而增加植物各组织的功能多样性,并诱发植物的正向生理生长效应。本研究及相关文献报道的指定物种均对特定环境及生物因素具有敏感性,关于这些物种在作物生态系统中发挥的调节作用,还需要通过菌株分离鉴定及试验验证来获取更准确的信息。

本研究通过定量PCR检测手段探讨了水稻叶际功能基因丰度变化对再生水灌溉及叶面喷施硅肥的响应。叶际生境已被证明能够为各种功能微生物提供适宜的定植条件^[53]。叶面喷施固氮蓝藻使水稻叶际*nifH*基因丰度显著增加,但对AOB基因丰度无显著影响^[54]。生物固氮是固氮菌介导元素氮进入生态系统的重要途径,固氮菌群主要分布于变形菌门、厚壁菌门和蓝藻菌门^[55]。Knief等^[55]利用宏蛋白组学方法对水稻叶际和根际微生物种群进行了表征,发现叶际细菌的转运过程和胁迫响应更显著,并且*nifH*基因也存在于多种叶际细菌中。本研究结果表明,叶面喷施硅肥对氮功能基因丰度的影响均无显著差异。已有多项研究报道了硅肥处理对水稻土功能基因丰度的影响,施用硅肥使水稻土中参与CH₄产生和反硝化功能基因丰度显著降低,而增加了参与土壤易分解碳、碳氮固定、磷利用、CH₄氧化和金属脱毒等功能基因的丰度^[56]。施用硅肥处理可增加水稻土中AOA基因丰度,且降低AOB基因丰度,提高AOA/AOB值^[57]。另一项研究发现,施用硅肥既可降低土壤N₂O排放速率和反硝化潜势,又使参与反硝化过程的*nirS*和*nirK*基因丰度显著降低,因此水稻生长期间施用硅肥可作为减少N₂O排放的有效途径^[58]。尽管本研究中未发现叶面喷施硅肥会导致氮相关功能基因有显著差异,但仍初步揭示了叶面喷施硅肥处理水稻叶际中功能基因的变化。

4 结论

(1)本研究初步揭示了再生水灌溉联合叶面喷施硅肥对水稻叶际细菌群落结构组成及多样性的影响,发现水稻叶际细菌群落结构相似但相对丰度存在差异,其主要菌群由厚壁菌门、变形菌门、放线菌门、拟杆菌门和疣微菌门组成。属水平细菌类群对不同硅肥处理表现出较大的响应差异,RIS1和RIS2

处理促进微小杆菌属相对丰度增加,而芽孢杆菌属在 RIS3 处理中相对丰度最高. 在再生水灌溉下,叶面喷施硅肥处理能够显著抑制潜在致病性泛菌属(*Pantoea*)和肠杆菌属(*Enterobacter*)相对丰度的增加. 尽管各处理间 α 多样性无显著差异,但 PCoA 结果显示叶面喷施硅肥导致叶际细菌群落发生显著变化. 关于硅肥在农业中的叶面应用及其调控作物元素循环的微生物机制还有待进一步研究.

(2) 功能预测分析表明,叶际细菌丰富的代谢通路涉及多个功能家族,获得的功能信息显示叶际细菌主要富集代谢和降解能力. 移动元件、潜在致病性及生物膜形成表型对应的主要物种组成占更高的相对丰度,其中叶面喷施硅肥显著降低潜在致病性表型. FAPROTAX 预测结果表明,水稻叶际主要富集化能异养、好氧化能异养、硝酸盐还原和发酵等相关功能菌群,并且硅肥处理对化能异养和硝酸盐还原相关功能菌群具有促进作用. 由此可见,再生水及叶面喷施硅肥使叶际代谢功能丰富度及功能产生变化,硅肥处理有降低潜在致病菌发生率的可能性. 本研究为人们理解水稻叶际微生物功能过程对硅源肥料改良的响应提供了新的见解,并对水稻可持续生产具有重要意义.

(3) 定量结果表明,氮相关功能基因丰度并未受灌溉水质及叶面喷施硅肥处理的显著影响,仅 RIS3 处理下细菌总数基因拷贝数显著增加. 叶施硅肥对叶际细菌群落结构组成影响显著,但对功能基因丰度变化影响不显著.

参考文献:

- [1] 中央农村工作领导小组办公室,农业农村部,生态环境部,等. 关于推进农村生活污水治理的指导意见[EB/OL]. https://www.moa.gov.cn/govpublic/ncshsycjs/201907/t20190712_6320876.htm, 2019-07-03.
- [2] 国家发展改革委,科技部,工业和信息化部,等. 关于推进水资源化利用的指导意见[EB/OL]. https://www.ndrc.gov.cn/xxgk/zcfb/tz/202101/t20210111_1264794.html, 2021-01-11.
- [3] 缪子梅,刘培霖,肖梦华,等. 再生水灌溉对水稻生长性状和产量的影响[J]. 江苏农业科学, 2021, 49(18): 84-89.
Miao Z M, Liu P L, Xiao M H, et al. Impacts of reclaimed water irrigation on growth characters and yield of rice [J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2021, 49(18): 84-89.
- [4] 李莹,高蓉,黄英,等. 洱海流域水稻再生水灌溉节水减污能力浅析[J]. 中国农村水利水电, 2017, (12): 13-16, 21.
Li Y, Gao R, Huang Y, et al. An analysis of water-saving and pollution reduction of reclaimed water irrigation for the paddy in Lake Erhai watershed [J]. China Rural Water and Hydropower, 2017, (12): 13-16, 21.
- [5] Zou J W, Liu S W, Qin Y M, et al. Sewage irrigation increased methane and nitrous oxide emissions from rice paddies in Southeast China [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2009, 129(4): 516-522.
- [6] 韩焕豪,刘鑫焱,高蓉,等. 水稻再生水灌溉下的节水减排效果[J]. 节水灌溉, 2021, (12): 43-49.
Han H H, Liu X Y, Gao R, et al. Effect of water saving and emission reduction under reclaimed water irrigation of rice [J]. Water Saving Irrigation, 2021, (12): 43-49.
- [7] 韩焕豪,刘鑫焱,高蓉,等. 再生水灌溉下水稻需水规律及灌溉制度试验研究[J]. 节水灌溉, 2022, (6): 44-49.
Han H H, Liu X Y, Gao R, et al. Study on the rice water requirement law and irrigation regime under reclaimed water irrigation [J]. Water Saving Irrigation, 2022, (6): 44-49.
- [8] 陈苏春,胡静博,肖梦华,等. 农村生活再生水灌溉调控对稻田养分的影响[J]. 排灌机械工程学, 2022, 40(4): 411-418.
Chen S C, Hu J B, Xiao M H, et al. Effects of irrigation regulation of rural domestic reclaimed water on soil nutrients in paddy field [J]. Journal of Drainage and Irrigation Machinery Engineering, 2022, 40(4): 411-418.
- [9] 王磊,周璐瑶,胡静博,等. 再生水灌溉对稻田重金属分布的影响[J]. 排灌机械工程学, 2022, 40(8): 842-849.
Wang L, Zhou L Y, Hu J B, et al. Effects of reclaimed water irrigation on the distribution of heavy metal in paddy fields [J]. Journal of Drainage and Irrigation Machinery Engineering, 2022, 40(8): 842-849.
- [10] Landré A, Saby N P A, Barthès B G, et al. Prediction of total silicon concentrations in French soils using pedotransfer functions from mid-infrared spectrum and pedological attributes [J]. Geoderma, 2018, 331: 70-80.
- [11] Bocharnikova E A, Matichenkov V V. Silicon fertilizers: agricultural and environmental impacts [A]. In: López-Valdez F, Fernández-Luqueño F (Eds.). Fertilizers: Components, Uses in Agriculture and Environmental Impacts [M]. New York: Nova Science Publishers Inc., 2014.
- [12] Tayade R, Ghimire A, Khan W, et al. Silicon as a smart fertilizer for sustainability and crop improvement [J]. Biomolecules, 2022, 12(8), doi: 10.3390/biom12081027.
- [13] 罗来杨,吴晓峰,刘凯丽,等. 硅肥对优质稻产量、品质及抗倒伏性的影响[J]. 杂交水稻, 2023, 38(2): 149-153.
Luo L Y, Wu X F, Liu K L, et al. Effects of silicon fertilizer on yield, quality and lodging resistance of high-quality rice [J]. Hybrid Rice, 2023, 38(2): 149-153.
- [14] Song A L, Xue G F, Cui P Y, et al. The role of silicon in enhancing resistance to bacterial blight of hydroponic- and soil-cultured rice [J]. Scientific Reports, 2016, 6, doi: 10.1038/srep24640.
- [15] 黄蕊,魏维,谢运河,等. 不同性质硅肥影响土壤生物有效态镉砷的主要因素[J]. 环境科学, 2023, 44(2): 991-1002.
Huang R, Wei W, Xie Y H, et al. Primary factors affecting soil bioavailable cadmium and arsenic by different properties of silicon fertilizer [J]. Environmental Science, 2023, 44(2): 991-1002.
- [16] 高子翔,周航,杨文强,等. 基施硅肥对土壤镉生物有效性及水稻镉累积效应的影响[J]. 环境科学, 2017, 38(12): 5299-5307.
Gao Z X, Zhou H, Yang W T, et al. Impacts of silicon fertilizer as base manure on cadmium bioavailability in soil and on cadmium accumulation in rice plants [J]. Environmental Science, 2017, 38(12): 5299-5307.
- [17] Puppe D, Sommer M. Experiments, uptake mechanisms, and functioning of silicon foliar fertilization—A review focusing on maize, rice, and wheat [J]. Advances in Agronomy, 2018, 152: 1-49.
- [18] 魏宾宏,周航,刘佳伟,等. 不同水分管理模式联合叶面喷施

- 硅肥对水稻 Cd 累积的影响[J]. 环境科学, 2020, **41**(8): 3855-3861.
- Wei B Y, Zhou H, Liu J W, *et al.* Effects of different treatments with water management combined with leaf spraying silicon fertilizer on Cd accumulation in rice[J]. Environmental Science, 2020, **41**(8): 3855-3861.
- [19] Laane H M. The effects of foliar sprays with different silicon compounds [J]. Plants, 2018, **7** (2), doi: 10.3390/plants7020045.
- [20] Buck G B, Korndörfer G H, Nolla A, *et al.* Potassium silicate as foliar spray and rice blast control[J]. Journal of Plant Nutrition, 2008, **31**(2): 231-237.
- [21] Bashir I, War A F, Rafiq I, *et al.* Phyllosphere microbiome: diversity and functions[J]. Microbiological Research, 2022, **254**, doi: 10.1016/j.micres.2021.126888.
- [22] Thapa S, Ranjan K, Ramakrishnan B, *et al.* Influence of fertilizers and rice cultivation methods on the abundance and diversity of phyllosphere microbiome [J]. Journal of Basic Microbiology, 2018, **58**(2): 172-186.
- [23] Chelius M K, Triplett E W. The diversity of archaea and bacteria in association with the roots of *Zea mays* L. [J]. Microbial Ecology, 2001, **41**(3): 252-263.
- [24] Lundberg D S, Lebeis S L, Paredes S H, *et al.* Defining the core *Arabidopsis thaliana* root microbiome [J]. Nature, 2012, **488** (7409): 86-90.
- [25] Bulgarelli D, Garrido-Oter R, Münch P C, *et al.* Structure and function of the bacterial root microbiota in wild and domesticated barley[J]. Cell Host & Microbe, 2015, **17**(3): 392-403.
- [26] Francis C A, Roberts K J, Beman J M, *et al.* Ubiquity and diversity of ammonia-oxidizing archaea in water columns and sediments of the ocean[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2005, **102**(41): 14683-14688.
- [27] Rothauwe J H, Witzel K P, Liesack W. The ammonia monooxygenase structural gene *amoA* as a functional marker: Molecular fine-scale analysis of natural ammonia-oxidizing populations[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1997, **63**(12): 4704-4712.
- [28] Rösch C, Mergel A, Bothe H. Biodiversity of denitrifying and dinitrogen-fixing bacteria in an acid forest soil [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2002, **68**(8): 3818-3829.
- [29] Throbäck I N, Enwall K, Jarvis Å, *et al.* Reassessing PCR primers targeting *nirS*, *nirK* and *nosZ* genes for community surveys of denitrifying bacteria with DGGE [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2004, **49**(3): 401-417.
- [30] Boon N, Top E M, Verstraete W, *et al.* Bioaugmentation as a tool to protect the structure and function of an activated-sludge microbial community against a 3-chloroaniline shock load [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2003, **69**(3): 1511-1520.
- [31] May L A, Smiley B, Schmidt M G. Comparative denaturing gradient gel electrophoresis analysis of fungal communities associated with whole plant corn silage [J]. Canadian Journal of Microbiology, 2001, **47**(9): 829-841.
- [32] 林小兵, 张秋梅, 周利军, 等. 南方红壤区喷施叶面硅肥对水稻 Cd 累积的影响[J]. 土壤与作物, 2022, **11**(4): 428-436.
- Lin X B, Zhang Q M, Zhou L J, *et al.* Effects of foliar silicon fertilizer on rice cadmium accumulation in red soil region of southern China[J]. Soils and Crops, 2022, **11**(4): 428-436.
- [33] Samaddar S, Truu J, Chatterjee P, *et al.* Long-term silicate fertilization increases the abundance of Actinobacterial population in paddy soils [J]. Biology and Fertility of Soils, 2019, **55**(2): 109-120.
- [34] Fira D, Dimkić I, Berić T, *et al.* Biological control of plant pathogens by *Bacillus* species [J]. Journal of Biotechnology, 2018, **285**: 44-55.
- [35] Kashyap B K, Solanki M K, Pandey A K, *et al.* *Bacillus* as plant growth promoting rhizobacteria (PGPR): a promising green agriculture technology [A]. In: Ansari R A, Mahmood I (Eds.). Plant Health under Biotic Stress [M]. Singapore: Springer, 2019.
- [36] Kasana R C, Pandey C B. *Exiguobacterium*: an overview of a versatile genus with potential in industry and agriculture [J]. Critical Reviews in Biotechnology, 2018, **38**(1): 141-156.
- [37] 岳东霞, 张要武. 番茄根际促生菌—假单胞菌的生防作用 [J]. 华北农学报, 2009, **24**(5): 210-213.
- Yue D X, Zhang Y W. The biocontrol effects of *Pseudomonas* in the rhizosphere of tomatoes [J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2009, **24**(5): 210-213.
- [38] Leveau J H J. A brief from the leaf: Latest research to inform our understanding of the phyllosphere microbiome [J]. Current Opinion in Microbiology, 2019, **49**: 41-49.
- [39] Lin W P, Jiang N H, Peng L, *et al.* Silicon impacts on soil microflora under *Ralstonia Solanacearum* inoculation [J]. Journal of Integrative Agriculture, 2020, **19**(1): 251-264.
- [40] Pavanello E P, Brackmann A, Simão D G, *et al.* Effect of foliar-applied silicon sources on brown rot (*Monilinia fructicola*) [J]. Crop Protection, 2022, **156**, doi: 10.1016/j.cropro.2022.105928.
- [41] Yu Y L, Zhang L P, Li Y P, *et al.* Silicon fertilizer and microbial agents changed the bacterial community in the consecutive replant soil of lilies [J]. Agronomy, 2022, **12** (7), doi: 10.3390/agronomy12071530.
- [42] Zhang L X, Guan Y T. Consistent responses of soil bacterial communities to bioavailable silicon deficiency in croplands [J]. Geoderma, 2022, **408**, doi: 10.1016/j.geoderma.2021.115587.
- [43] 寿南松, 黄迪, 吴漪, 等. 不同施氮水平下配施硅肥对水稻根部周围土壤微生物群落结构的影响 [J]. 土壤通报, 2021, **52** (4): 903-911.
- Shou N S, Huang D, Wu Y, *et al.* Effects of silicon on microbial community structure of rhizosphere soil of rice at different nitrogen levels [J]. Chinese Journal of Soil Science, 2021, **52** (4): 903-911.
- [44] 符慧娟, 李星月, 李其勇, 等. 光合细菌与硅肥对油菜及土壤环境的影响 [J]. 西南农业学报, 2020, **33**(6): 1209-1214.
- Fu H J, Li X Y, Li Q Y, *et al.* Effects of photosynthetic bacteria and silicon fertilizer on rape and soil environment [J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2020, **33**(6): 1209-1214.
- [45] Kang Y L, Ma Y W, Wu W L, *et al.* Bioorganic and silicon amendments alleviate early defoliation of pear trees by improving the soil nutrient bioavailability, microbial activity, and reshaping the soil microbiome network [J]. Applied Soil Ecology, 2022, **173**, doi: 10.1016/j.apsoil.2021.104383.
- [46] Yuan Z N, Pang Z Q, Fallah N, *et al.* Silicon fertilizer mediated structural variation and niche differentiation in the rhizosphere and endosphere bacterial microbiome and metabolites of sugarcane [J]. Frontiers in Microbiology, 2022, **13**, doi: 10.3389/fmicb.2022.1009505.
- [47] Zhou Y J, Tang Y N, Hu C X, *et al.* Soil applied Ca, Mg and B altered phyllosphere and rhizosphere bacterial microbiome and reduced Huanglongbing incidence in Gannan Navel Orange [J].

- Science of the Total Environment, 2021, **791**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.148046.
- [48] Wang B H, Chu C B, Wei H W, *et al.* Ameliorative effects of silicon fertilizer on soil bacterial community and pakchoi (*Brassica chinensis* L.) grown on soil contaminated with multiple heavy metals [J]. Environmental Pollution, 2020, **267**, doi: 10.1016/j.envpol.2020.115411.
- [49] Tian L Y, Shen J P, Sun G X, *et al.* Foliar application of SiO₂ nanoparticles alters soil metabolite profiles and microbial community composition in the Pakchoi (*Brassica chinensis* L.) rhizosphere grown in contaminated mine soil [J]. Environmental Science & Technology, 2020, **54**(20): 13137-13146.
- [50] Liu J Q, Sun X, Zuo Y L, *et al.* Plant species shape the bacterial communities on the phyllosphere in a hyper-arid desert [J]. Microbiological Research, 2023, **269**, doi: 10.1016/j.micres.2023.127314.
- [51] Zhang Q, Acuña J J, Inostroza N G, *et al.* Niche differentiation in the composition, predicted function, and co-occurrence networks in bacterial communities associated with Antarctic vascular plants [J]. Frontiers in Microbiology, 2020, **11**, doi: 10.3389/fmicb.2020.01036.
- [52] Chen S, Wang L L, Gao J M, *et al.* Agricultural management drive bacterial community assembly in different compartments of soybean soil-plant continuum [J]. Frontiers in Microbiology, 2022, **13**, doi: 10.3389/fmicb.2022.868307.
- [53] Fűrnkranz M, Wanek W, Richter A. *et al.* Nitrogen fixation by phyllosphere bacteria associated with higher plants and their colonizing epiphytes of a tropical lowland rainforest of Costa Rica [J]. The ISME Journal, 2008, **2**(5): 561-570.
- [54] Thapa S, Prasanna R, Ramakrishnan B, *et al.* Microbial inoculation elicited changes in phyllosphere microbial communities and host immunity suppress *Magnaporthe oryzae* in a susceptible rice cultivar [J]. Physiological and Molecular Plant Pathology, 2021, **114**, doi: 10.1016/j.pmpp.2021.101625.
- [55] Knief C, Delmotte N, Chaffron S, *et al.* Metaproteogenomic analysis of microbial communities in the phyllosphere and rhizosphere of rice [J]. The ISME Journal, 2012, **6**(7): 1378-1390.
- [56] Das S, Gwon H S, Khan M I, *et al.* Taxonomic and functional responses of soil microbial communities to slag-based fertilizer amendment in rice cropping systems [J]. Environment International, 2019, **127**: 531-539.
- [57] Gao Z X, Jiang Y S, Yin C, *et al.* Silicon fertilization influences microbial assemblages in rice roots and decreases arsenic concentration in grain: a five-season *in-situ* remediation field study [J]. Journal of Hazardous Materials, 2022, **423**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2021.127180.
- [58] Song A L, Fan F L, Yin C, *et al.* The effects of silicon fertilizer on denitrification potential and associated genes abundance in paddy soil [J]. Biology and Fertility of Soils, 2017, **53**(6): 627-638.



CONTENTS

Prediction of Autumn Ozone Concentration in the Pearl River Delta Based on Machine Learning	CHEN Zhen, LIU Run, LUO Zheng, <i>et al.</i> (1)
Remote Sensing Model for Estimating Atmospheric PM _{2.5} Concentration in the Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area	DAI Yuan-yuan, GONG Shao-qi, ZHANG Cun-jie, <i>et al.</i> (8)
Variation Characteristics of PM _{2.5} Pollution and Transport in Typical Transport Channel Cities in Winter	DAI Wu-jun, ZHOU Ying, WANG Xiao-qi, <i>et al.</i> (23)
Characteristics of Secondary Inorganic Ions in PM _{2.5} and Its Influencing Factors in Summer in Zhengzhou	HE Bing, YANG Jie-ru, XU Yi-fei, <i>et al.</i> (36)
Characteristics and Source Apportionment of Carbonaceous Aerosols in the Typical Urban Areas in Chongqing During Winter	PENG Chao, LI Zhen-liang, XIANG Ying, <i>et al.</i> (48)
Analysis of Influencing Factors of Ozone Pollution Difference Between Chengdu and Chongqing in August 2022	CHEN Mu-lan, LI Zhen-liang, PENG Chao, <i>et al.</i> (61)
Analysis of O ₃ Pollution Affected by a Succession of Three Landfall Typhoons in 2020 in Eastern China	HUA Cong, YOU Yuan, WANG Qian, <i>et al.</i> (71)
Characteristics and Source Apportionment of VOCs Initial Mixing Ratio in Beijing During Summer	ZHANG Bo-tao, JING Kuan, WANG Qin, <i>et al.</i> (81)
Review of Comprehensive Evaluation System of Vehicle Pollution and Carbon Synergistic Reduction	FAN Zhao-yang, TONG Hui, LIANG Xiao-yu, <i>et al.</i> (93)
Study of Peak Carbon Emission of a City in Yangtze River Delta Based on LEAP Model	YANG Feng, ZHANG Gui-chi, SUN Ji, <i>et al.</i> (104)
Driving Forces and Mitigation Potential of CO ₂ Emissions for Ship Transportation in Guangdong Province, China	WENG Shu-juan, LIU Ying-ying, TANG Feng, <i>et al.</i> (115)
Carbon Emission Characteristics and Influencing Factors of Typical Processes in Drinking Water Treatment Plant	ZHANG Xiang-yu, HU Jian-kun, MA Kai, <i>et al.</i> (123)
Distribution Characteristics of Arsenic in Drinking Water in China and Its Health Risk Based on Disability-adjusted Life Years	DOU Dian-cheng, QI Rong, XIAO Shu-min, <i>et al.</i> (131)
Spatiotemporal Occurrence of Organophosphate Esters in the Surface Water and Sediment of Taihu Lake and Relevant Risk Assessment	ZHANG Cheng-nuo, ZHONG Qin, LUAN Bo-wen, <i>et al.</i> (140)
Exposure Level and Risk Impact Assessment of Pesticides and Veterinary Drugs in Aquaculture Environment	ZHANG Kai-wen, ZHANG Hai-yan, KONG Cong, <i>et al.</i> (151)
Variation in Phosphorus Concentration and Flux at Zhutuo Section in the Yangtze River and Source Apportionment	LOU Bao-feng, XIE Wei-min, HUANG Bo, <i>et al.</i> (159)
“Load-Unload” Effect of Manganese Oxides on Phosphorus in Surface Water of the Pearl River Estuary	LI Rui, LIANG Zuo-bing, WU Qi-rui, <i>et al.</i> (173)
Factors Influencing the Variation in Phytoplankton Functional Groups in Fuchunjiang Reservoir	ZHANG Ping, WANG Wei, ZHU Meng-yuan, <i>et al.</i> (181)
Hydrochemical Characteristics and Formation Mechanism of Groundwater in the Western Region of Hepu Basin, Beihai City	CHEN Wen, WU Ya, ZHANG Hong-xin, <i>et al.</i> (194)
Controlling Factors of Groundwater Salinization and Pollution in the Oasis Zone of the Cherchen River Basin of Xinjiang	LI Jun, OUYANG Hong-tao, ZHOU Jin-long (207)
Spatial-temporal Evolution of Ecosystem Health and Its Influencing Factors in Beijing-Tianjin-Hebei Region	LI Kui-ming, WANG Xiao-yan, YAO Luo-lan (218)
Spatial and Temporal Evolution and Impact Factors Analysis of Ecosystem Service Value in the Liaohe River Delta over the Past 30 Years	WANG Geng, ZHANG Fu-rong (228)
Effects of Photovoltaic Power Station Construction on Terrestrial Environment: Retrospect and Prospect	TIAN Zheng-qing, ZHANG Yong, LIU Xiang, <i>et al.</i> (239)
Spatiotemporal Evolution and Quantitative Attribution Analysis of Vegetation NDVI in Greater Khingan Mountains Forest-Steppe Ecotone	SHI Song, LI Wen, QU Chen, <i>et al.</i> (248)
Spatio-temporal Variation in Net Primary Productivity of Different Vegetation Types and Its Influencing Factors Exploration in Southwest China	XU Yong, ZHENG Zhi-wei, MENG Yu-chi, <i>et al.</i> (262)
Impacts of Extreme Climate Events at Different Altitudinal Gradients on Vegetation NPP in Songhua River Basin	CUI Song, JIA Zhao-yang, GUO Liang, <i>et al.</i> (275)
Spatial and Temporal Evolution and Prediction of Carbon Storage in Kunming City Based on InVEST and CA-Markov Model	Paruke Wusimanjiang, AI Dong, FANG Yi-shu, <i>et al.</i> (287)
Spatial-Temporal Evolution and Prediction of Carbon Storage in Jiuquan City Ecosystem Based on PLUS-InVEST Model	SHI Jing, SHI Pei-ji, WANG Zi-yang, <i>et al.</i> (300)
Soil Carbon Pool Allocation Dynamics During Soil Development in the Lower Yangtze River Alluvial Plain	HU Dan-yang, ZHANG Huan, SU Bao-wei, <i>et al.</i> (314)
Spatial Distribution Patterns of Soil Organic Carbon in Karst Forests of the Lijiang River Basin and Its Driving Factors	SHEN Kai-hui, WEI Shi-guang, LI Lin, <i>et al.</i> (323)
Effect of Land Use on the Stability of Soil Organic Carbon in a Karst Region	CHEN Jian-qi, JIA Ya-nan, HE Qiu-fang, <i>et al.</i> (335)
Spatial Distribution Characteristics of Soil Carbon and Nitrogen in Citrus Orchards on the Slope of Purple Soil Hilly Area	LI Zi-yang, CHEN Lu, ZHAO Peng, <i>et al.</i> (343)
Effects of Experimental Nitrogen Deposition and Litter Manipulation on Soil Organic Components and Enzyme Activity of Latosol in Tropical Rubber Plantations	XUE Xin-xin, REN Chang-qi, LUO Xue-hua, <i>et al.</i> (354)
Analysis on Driving Factors, Reduction Potential, and Environmental Effect of Inorganic Fertilizer Input in Chongqing	LIANG Tao, ZHAO Jing-kun, LI Hong-mei, <i>et al.</i> (364)
Research Progress on Distribution, Transportation, and Control of Per- and Polyfluoroalkyl Substances in Chinese Soils	LIU Hao-ran, XING Jing-yi, REN Wen-jie (376)
Prediction of Spatial Distribution of Heavy Metals in Cultivated Soil Based on Multi-source Auxiliary Variables and Random Forest Model	XIE Xue-feng, GUO Wei-wei, PU Li-jie, <i>et al.</i> (386)
Health Risk Assessment and Priority Control Factors Analysis of Heavy Metals in Agricultural Soils Based on Source-oriented	MA Jie, GE Miao, WANG Sheng-lan, <i>et al.</i> (396)
Contamination Characteristics and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in an Abandoned Pyrite Mining Area of Tongling City, China	LI Ru-zhong, LIU Yu-hao, HUANG Yan-huan, <i>et al.</i> (407)
Source Appointment and Assessment of Heavy Metal Pollution in Surface Dust in the Main District Bus Stops of Tianshui City	LI Chun-yan, WANG Xin-min, WANG Hai, <i>et al.</i> (417)
Response of Cadmium in Soil-rice to Different Conditioners Based on Field Trials	TANG Le-bin, LIU Xin-cai, SONG Bo, <i>et al.</i> (429)
Regulation Effects of Humus Active Components on Soil Cadmium Availability and Critical Threshold for Rice Safety	HU Xiu-zhi, SONG Yi, WANG Tian-yu, <i>et al.</i> (439)
Using Biochar and Iron-calcium Material to Remediate Paddy Soil Contaminated by Cadmium and Arsenic	WU Qiu-chan, WU Ji-zi, ZHAO Ke-li, <i>et al.</i> (450)
Research Progress on Characteristics of Human Microplastic Pollution and Health Risks	MA Min-dong, ZHAO Yang-chen, ZHU Long, <i>et al.</i> (459)
Effects of Polystyrene Microplastics Combined with Cadmium Contamination on Soil Physicochemical Properties and Physiological Ecology of <i>Lactuca sativa</i>	NIU Jia-rui, ZOU Yong-jun, JIAN Min-fei, <i>et al.</i> (470)
Transcriptome Analysis of Plant Growth-promoting Bacteria Alleviating Microplastic and Heavy Metal Combined Pollution Stress in Sorghum	LIU Yong-qi, ZHAO Si-yu, REN Xue-min, <i>et al.</i> (480)
Effects of Microplastics on the Leaching of Nutrients and Cadmium from Soil	ZHAO Qun-fang, CHU Long-wei, DING Yuan-hong, <i>et al.</i> (489)
Effect of Microplastics and Phenanthrene on Soil Chemical Properties, Enzymatic Activities, and Microbial Communities	LIU Sha-sha, QIN Jian-qiao, WU Xian-ge (496)
Prediction of Soil Bacterial Community Structure and Function in Minqin Desert-oasis Ecotone Artificial <i>Haloxylon ammodendron</i> Forest	WANG An-lin, MA Rui, MA Yan-jun, <i>et al.</i> (508)
Response of Soil Fungal Community to Biochar Application Under Different Irrigation Water Salinity	ZHENG Zhi-yu, GUO Xiao-wen, MIN Wei (520)
Effects of Organic Fertilizer of Kitchen Waste on Soil Microbial Activity and Function	LIU Mei-ling, WANG Yi-min, JIN Wen-hao, <i>et al.</i> (530)
Response Characteristics of Soil Fungal Community Structure to Long-term Continuous Cropping of Pepper	CHEN Fen, YU Gao, WANG Xie-feng, <i>et al.</i> (543)
Effects of Foliar Application of Silicon Fertilizers on Phyllosphere Bacterial Community and Functional Genes of Paddy Irrigated with Reclaimed Water	LIANG Sheng-xian, LIU Chun-cheng, HU Chao, <i>et al.</i> (555)
Analysis of Bacterial Communities and Antibiotic Resistance Genes in the Aquaculture Area of Changli County	WANG Qiu-shui, CHENG Bo, LIU Yue, <i>et al.</i> (567)
High-throughput qPCR and Amplicon Sequencing as Complementary Methods for Profiling Antibiotic Resistance Genes in Urban Wetland Parks	HUANG Fu-yi, ZHOU Shu-yi-dan, PAN Ting, <i>et al.</i> (576)
Characteristics of Vertical Distribution and Environmental Factors of Antibiotics in Quaternary Sedimentary Column in Urban Areas	LIU Ke, TONG Lei, GAN Cui, <i>et al.</i> (584)
Adsorption Performance and Mechanism of Oxytetracycline in Water by KOH Modified Biochar Derived from Corn Straw	LIU Zong-tang, SUN Yu-feng, FEI Zheng-hao, <i>et al.</i> (594)
Comparison of Pb ²⁺ Adsorption Properties of Biochars Modified Through CO ₂ Atmosphere Pyrolysis and Nitric Acid	JIANG Hao, CHEN Rui-zhi, ZHU Zi-yang, <i>et al.</i> (606)