

目次

基于时间序列分解的京津冀区域PM_{2.5}和O₃空间分布特征姚青,丁净,杨旭,蔡子颖,韩素芹 (2487)

基于随机森林的北京城区臭氧敏感性分析周红,王鸣,柴文轩,赵昕 (2497)

基于随机森林模型的四川盆地臭氧污染预测杨晓彤,康平,王安怡,臧增亮,刘浪 (2507)

海口市臭氧浓度统计预报模型的构建与效果评估符传博,林建兴,唐家翔,丹利 (2516)

京津冀地区2015~2020年臭氧浓度时空分布特征及其健康效益评估高冉,李琴,车飞,张艳平,祖永刚,刘芬 (2525)

2022年北京市城区PM_{2.5}水溶性离子含量及其变化特征陈圆圆,崔迪,赵泽熙,常森,景宽,沈秀娥,刘保献 (2537)

郑州市冬春季PM_{2.5}中金属元素污染特征、来源及健康风险评估陶杰,闫慧姣,徐艺斐,荆海涛 (2548)

淄博市供暖前后PM_{2.5}中多环芳烃及其衍生物污染特征、来源及健康风险孙港立,吴丽萍,徐勃,高玉宗,赵雪艳,姬亚芹,杨文 (2558)

西安市采暖季过渡期高时间分辨率细颗粒物组分特征及来源解析李萌津,张勇,张倩,田杰,李丽,刘卉昆,冉伟康,王启元 (2571)

天津冬季两个典型污染过程高浓度无机气溶胶成因及来源分析卢苗苗,韩素芹,刘可欣,唐晓,孔磊,丁净,樊文雁,王自发 (2581)

基于空间尺度效应的山东省PM_{2.5}浓度时空变化及空间分异地理探测徐勇,韦梦新,邹滨,郭振东,李沈鑫 (2596)

我国典型化工行业VOCs排放特征及其对臭氧生成潜势武婷,崔焱文,肖成德,翟增秀,韩萌 (2613)

廊坊秋季大气污染过程中VOCs二次气溶胶生成潜势及来源分析张敬巧,刘铮,丁文文,朱瑶,曹婷,凌德印,王淑兰,王宏亮 (2622)

景观格局对河流水质影响的尺度效应Meta分析王玉仓,杜晶晶,张禹,吴昊,胡敏韵,陈丁江 (2631)

白洋淀夏季汛期入淀河流水体溶解性有机物的光谱特征及来源孟佳靖,婁红,陈哲,周石磊,底怡玲,武辰彬,王晨光,张家丰,崔建升 (2640)

北京市丰台区永定河以东浅层地下水水化学演变规律及成因分析胡昱欣,周瑞静,宋炜,杨全合,王鑫茹 (2651)

庐庐断裂带(安徽段)浅层地下水水化学特征、控制因素及水质评价刘海,魏伟,宋阳,徐洁,管政亭,黄健敏,赵国红 (2665)

农药施用对兴凯湖水中农药残留的影响及其风险评价王蔚青,徐雄,刘权震,林利华,吕婧,王东红 (2678)

黄河兰州段河岸带土壤中微生物与耐药基因的赋存特征韦程宸,魏枫沂,夏慧,黄魁 (2686)

基于多源数据的巢湖蓝藻水华时空分布及驱动因素分析金晓龙,邓学良,戴睿,徐倩倩,吴月,范裕祥 (2694)

再生水构建水环境中沉水植物附着细菌群落特征贺赞,李雪梅,李宏权,魏琳琳,姜春晖,姜大伟,李魁晚 (2707)

水位波动和植被恢复对三峡水库消落带土壤原核微生物群落结构的交互影响梅渝,黄平,王鹏,朱凯 (2715)

银川市典型湖泊沉积物细菌群落结构及其对重金属的响应关系蒙俊杰,刘双羽,邱小琼,周瑞娟 (2727)

热水解时间对污泥厌氧消化系统微生物群落结构影响分析张含,张涵,王佳伟,高金华,文洋,李相昆,任征然 (2741)

市政污水中吗啡来源辨析耶雪婷,赵悦彤,蒋冰,裴伟,李彦莹,谭冬芹,王德高 (2748)

溱沔河流域生态环境动态遥感评价李艳翠,袁金国,刘博涵,郭豪 (2757)

黄河流域生态系统服务价值时空演化及影响因素王奕洪,洪学莹 (2767)

基于贝叶斯网络的生态系统服务权衡协同关系强度及其空间格局优化:以汾河流域为例蔡进,危小建,江平,梁玉琦 (2780)

贵州高原典型喀斯特县域生境质量时空演变及定量归因李月,冯霞,吴路华,罗光杰,罗红芬 (2793)

2000~2021年黄土高原生态分区NEP时空变化及其驱动因子周怡婷,严俊霞,刘菊,王瑛 (2806)

基于SSP-RCP情景的黄土高原土地变化模拟及草原碳储量崔霞,董燕,张露尹,王荣耀 (2817)

京津冀城市群建设用地扩张多情景模拟及其对生态系统碳储量的影响武爱彬,陈辅国,赵艳霞,秦彦杰,刘欣,郭小平 (2828)

西南岩溶区土地利用变化对团聚体稳定性及其有机碳的影响江可,贾亚男,杨琰,陈坚淇,禹朴家 (2840)

不同土地利用方式下土壤有机质分子组成变化的整合分析黄世威,赵一锴,朱馨雨,刘贺雷,刘姣姣,陈稍,陈佳永,张阿凤 (2848)

基于改进麻雀搜索算法优化BP神经网络的土壤有机质空间分布预测胡志瑞,赵万伏,宋根先,王芳,林妍敏 (2859)

不同有机物料施用对菜地磷累积和转化的影响孙凯,崔玉涛,李顺晋,魏冰丽,王媛,杨宏博,王孝忠,张伟 (2871)

集约化柑橘种植抑制土壤磷循环微生物活性周连昊,曾全超,梅唐英泽,汪明霞,谭文峰 (2881)

控释掺混肥对麦玉米轮作体系作物产量和温室气体排放的影响高玮,王学霞,谢建治,陈延华,倪小会,王甲辰,董艳芳,李子双,曹兵 (2891)

生物炭对黄绵土中NO₃-N运移过程影响及模拟白一茹,刘旭,张钰涵,张睿媛,马艳,王幼奇 (2905)

中国农田土壤重金属污染分析与评价杨雳,白宗旭,薄文浩,林静,杨佩佳,陈涛 (2913)

城市土壤和地表灰尘重金属污染研究进展与展望王晓雨,刘恩峰,杨祥梦,王碧莲,林锦阔,颜梦霞,毕世杰 (2926)

场地重金属污染土壤固化及MICP技术研究进展陈玥如,高文艳,陈虹任,薛生国,吴川 (2939)

黄河流域山东段近河道煤矿区土壤重金属污染特征及源解析戴文婷,张晖,吴霞,钟鸣,段桂兰,董霖红,张培培,樊洪明 (2952)

拒马河流域河流沉积物与土壤重金属含量及风险评价韩双宝,袁磊,张秋霞,郑焰,李甫成 (2962)

银川市黄河滩区土壤重金属污染特征、生态风险评估及来源解析于路加,马海军,王翠平 (2971)

基于源导向和蒙特卡罗模型的广东省某城市土壤重金属健康风险评估陈莲,邹子航,张培珍,王雨茜,王振江,林森,唐翠明,罗国庆,钟建武,李智毅,王圆 (2983)

西南典型碳酸盐岩高地地质背景区农田重金属化学形态、影响因素及回归模型唐瑞玲,徐进力,刘彬,杜雪苗,顾雪,于林松,毕婧 (2995)

贵州省水田土壤-水稻Hg含量特征与安全种植区划韦美溜,周浪,黄燕玲,庞瑞,王佛鹏,宋波 (3005)

柠檬酸辅助甜高粱对南方典型母质土壤的镉修复效应刘梦宇,罗绪锋,辜娇峰,易轩韬,周航,曾鹏,廖柏寒 (3016)

改性酒糟生物炭对紫色土壤镉形态及水稻吸收镉的影响肖乃川,王子芳,杨文娜,谢永红,代文才,高明 (3027)

生物炭对四环素和铜复合污染土壤生菜生长及污染物累积的影响郑晨格,裴欢欢,张亚珊,李嘉欣,刘奋武,乔星星,秦俊梅 (3037)

基于Meta分析的蚯蚓堆肥对堆肥质量和重金属的影响效应姜继韶,侯睿,崔慧林,闫广轩,刘栋 (3047)

微塑料对土壤N₂O排放及氮素转化的影响研究进展刘一戈,杨安琪,陈舒欣,牛奕奕,卢瑛,李博 (3059)

土地利用对洱海罗时江小流域土壤微塑料污染的影响戴柳云,侯磊,王化,符立松,王艳霞,李晓琳,王万宾,梁启斌 (3069)

养殖海湾淤泥质海岸沉积物微塑料污染特征宋可心,贺金成,李昌文,解思琦,刘宝莹,黄伟,冯志华 (3078)

聚乙烯微塑料对盐渍化土壤微生物群落的影响王志超,李哲,李嘉辰,屈忠义,胡文煊,李卫平 (3088)

鄱阳湖候鸟栖息地微塑料表面细菌群落结构特征与生态风险预测俞锦丽,赵俊凯,罗思琦,景文慧,杨启武,刘淑丽 (3098)

粤闽浙沿海重点城市道路交通节能减排路径徐艺诺,翁大维,王硕,胡喜生,王占永,张园园,张兰怡 (3107)

电动重卡替代柴油重卡的全生命周期碳减排效益分析徐圆圆,龚德鸿,黄正光,杨浪 (3119)

集约化柑橘种植抑制土壤磷循环微生物活性

周连昊^{1,2}, 曾全超^{1,2*}, 梅唐英泽³, 汪明霞³, 谭文峰³

(1. 中国科学院重庆绿色智能技术研究院, 重庆 400714; 2. 中国科学院大学, 北京 101408; 3. 华中农业大学资源与环境学院, 武汉 430070)

摘要: 微生物是调节土壤磷循环的关键驱动力. 阐明土壤解磷菌的微生物矿化过程对于提高植物养分吸收率和作物产量具有重要意义. 通过测定柑橘园与毗邻的自然林地土壤编码碱性磷酸酶基因(*phoD*)丰度、解磷细菌群落多样性和土壤无机磷组分, 探究柑橘种植对土壤微生物获取磷策略的影响机制. 结果表明, 柑橘种植导致土壤 pH 下降, 土壤有效磷累积, ω (有效磷)平均值高达 $112 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 显著高于毗邻的自然林地 ($3.7 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$). 柑橘种植也会影响土壤磷素组成, 柑橘土壤含有较高的可溶态磷(CaCl₂-P)、柠檬酸提取态磷(Citrate-P)和矿物结合态磷(HCl-P). 自然林地土壤各磷组分均显著低于柑橘土壤, 而 *phoD* 基因丰度和碱性磷酸酶活性显著高于柑橘土壤. 高通量测序结果表明, 柑橘土壤解磷细菌 Shannon 指数(4.61)显著低于自然林地(5.35), 群落结构也有别于自然林地. 柑橘种植改变了土壤解磷菌的群落组成, 自然林地变形菌门的相对丰度显著低于柑橘土壤. 土壤有效磷含量与碱性磷酸酶活性呈显著负相关, 表明土壤高磷累积抑制土壤解磷细菌的活性. 柑橘种植改变了土壤微生物对磷的获取策略, 在柑橘园中, 土壤微生物主要依赖外源磷, 而自然林地土壤微生物主要以微生物分泌碱性磷酸酶矿化有机磷来获取磷的方式满足其生长需求.

关键词: 集约化农业; 柑橘; 土壤微生物; 磷循环; *phoD* 基因

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2024)05-2881-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202305074

Intensive Citrus Cultivation Suppresses Soil Phosphorus Cycling Microbial Activity

ZHOU Lian-hao^{1,2}, ZENG Quan-chao^{1,2*}, MEI Tang-ying-ze³, WANG Ming-xia³, TAN Wen-feng³

(1. Chongqing Institute of Green and Intelligent Technology, Chinese Academy of Sciences, Chongqing 400714, China; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 101408, China; 3. College of Resources and Environment, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China)

Abstract: Soil microbes are key drivers in regulating the phosphorus cycle. Elucidating the microbial mineralization process of soil phosphorus-solubilizing bacteria is of great significance for improving nutrient uptake and yield of crops. This study investigated the mechanism by which citrus cultivation affects the soil microbial acquisition strategy for phosphorus by measuring the abundance of the *phoD* gene, microbial community diversity and structure, and soil phosphorus fractions in the soils of citrus orchards and adjacent natural forests. The results showed that citrus cultivation could lead to a decrease in soil pH and an accumulation of available phosphorus in the soil, with a content as high as $112 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, which was significantly higher than that of natural forests ($3.7 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$). Citrus cultivation also affected the soil phosphorus fractions, with citrus soil having higher levels of soluble phosphorus (CaCl₂-P), citrate-extractable phosphorus (Citrate-P), and mineral-bound phosphorus (HCl-P). The phosphorus fractions of natural forest soils were significantly lower than those of citrus soils, whereas the *phoD* gene abundance and alkaline phosphatase activity were significantly higher in natural forest soils than in citrus soils. High-throughput sequencing results showed that the Shannon diversity index of phosphate-solubilizing bacteria in citrus soils was 4.61, which was significantly lower than that of natural forests (5.35). The microbial community structure in natural forests was also different from that of citrus soils. In addition, the microbial community composition of phosphate-solubilizing bacteria in citrus soils was also different from that of natural forests, with the relative abundance of Proteobacteria being lower in natural forest soils than in citrus soils. Therefore, citrus cultivation led to a shift of soil microbial acquisition strategy for phosphorus, with external phosphorus addition being the main strategy in citrus soils, whereas microbial mineralization of organic phosphorus was the main strategy in natural forest soils to meet their growth requirements.

Key words: intensive agriculture; citrus; soil microbes; P cycling; *phoD* gene

土壤磷(P)是陆地生态系统影响净初级生产力最重要的营养元素, 全球有 30% ~ 40% 的作物产量受到 P 的影响^[1]. 土壤有效磷是唯一能够被植物直接吸收利用的有效形态, 其仅占土壤总磷的很小一部分. 土壤中大部分磷以有机磷的形式存在, 占总磷的 25% ~ 56%^[2], 而土壤有机磷不能直接被植物吸收利用. 因此, 土壤有机磷的微生物矿化在植物养分吸收及作物生产等方面起着举足轻重的作用^[3]. 编码碱性磷酸酶基因(*phoD*)的微生物承担着土壤有机磷的矿化过程, 通过分泌碱性磷酸酶将有机磷转化为植物能够直接吸收利用的无机磷, 进而影响作物生长^[4]. 目前, 已有较多的研究发现能够编码碱性磷

酸酶的 *phoD* 基因的微生物群落广泛存在于土壤中, 尤其是根际土壤, 其活性与土壤 pH、养分含量、施肥量、土地利用方式和元素化学计量比等因子密切相关^[5-11]. 农业土壤中, 施肥是影响土壤解磷菌多样性及群落结构的重要因子. 例如, 长期施用有机肥增加了有机磷矿化细菌群落丰度, 例如链霉菌属、诺卡氏菌属和戈登菌属^[12]. 相比之下, 无机肥的持

收稿日期: 2023-05-08; 修订日期: 2023-08-09

基金项目: 国家自然科学基金项目(42207051); 湖北省自然科学基金创新群体项目(2020CFA013)

作者简介: 周连昊(2001-), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为集约化柑橘种植土壤磷循环机制, E-mail: 1772003183@qq.com

* 通信作者, E-mail: zengchao256@126.com

续施用抑制了有机磷矿化微生物群落的生长^[13]。也有研究表明, 化肥与生物炭配施可以增加根际与非根际土壤编码 *phoD* 基因的微生物多样性^[14], 秸秆还田配施无机肥可以显著增加土壤编码 *phoD* 基因细菌群落多样性, 而单施无机肥对其微生物多样性无显著影响^[15]。外源磷添加显著影响土壤磷素组成, 进而影响编码 *phoD* 基因的细菌群落多样性、群落结构及关键类群的丰度^[16]。以上研究表明, 高强度施肥会影响土壤解磷菌的活性及群落组成, 但其影响机制尚不明晰。因此, 正确理解编码 *phoD* 基因细菌群落对化肥投入及土地利用变化的响应, 对于优化施肥方案至关重要, 有助于提高作物产量与品质, 为守护土壤健康与粮食安全提供理论依据。

中国是全球最大的柑橘生产国之一, 柑橘也是中国重要的农产品之一^[17]。在追求经济最大化过程中, 越来越多非耕地逐渐转变为柑橘园, 这种土地利用方式的转化已经对土壤微生物产生重要的影响。柑橘土壤微生物的多样性和功能对柑橘生长发育至关重要^[18], 尤其是一些功能微生物类群, 比如解磷菌。科学合理地调控土壤解磷菌的群落结构和功能, 有利于提高柑橘的产量和品质, 降低病虫害的发生率, 保障柑橘的健康生长。已有研究表明, 编码 *phoD* 基因的微生物群落对化肥投入、土地利用方式和土壤 pH 等环境因子高度敏感^[15,16,19]。然而, 高强度长期化肥投入对土壤中编码 *phoD* 基因的微生物群落的影响机制尚不明晰, 尤其是在高强度单一种植的柑橘园中。因此, 本研究借助于高通量测序及实时荧光定量 PCR 技术 (qPCR), 从流域尺度探究土地利用方式及高强度集约化柑橘种植对土壤有机磷循环微生物活性及群落组成的影响, 以期为发展有机果园和化肥减施提供基础数据及理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于湖北省宜昌市秭归县水田坝乡, 该乡是典型的柑橘种植区, 具有百余年的种植史, 到目前为止, 几乎所有的耕地均种植脐橙。由于脐橙的经济价值较高, 越来越多的未利用地及自然林地逐渐被种植为脐橙。同时, 当地农民在追求利益最大化的过程中, 大量施用化肥和农药等化学品, 导致土壤板结、酸化和养分失衡等环境问题。柑橘已经成为当地农民的主要经济来源。因此, 该区域具有明显的典型性。选取毗邻的自然林地作为对比, 探究柑橘种植对土壤解磷菌的影响机制。该区域属于亚热带季风气候, 年均温为 18.2℃, 年降雨量为 940.3 mm, 土壤类型为紫色砂岩发育的紫色土^[20,21]。

1.2 样品采集

于 2022 年 8 月在水田坝乡选取 22 个种植年限为 25 ~ 30 a 的柑橘园为采样点。柑橘品种为纽荷尔, 土壤类型为紫色土, 主要施用无机肥。在每个柑橘园中随机选取 15 棵柑橘树作为土壤样品采集点, 沿着柑橘树的滴水线多点采集 0 ~ 5 cm 土壤样品, 然后将样品混匀后获得一个采样点的样品。为了对比柑橘种植导致土壤磷循环微生物群落多样性及群落结构变化, 在柑橘园毗邻区选择了 22 个自然林地(侧柏)作为研究对象, 采集其表层(0 ~ 5 cm)土壤样品。每个采样点的土壤在除去植物根系、碎屑和石头等杂物后, 利用四分法将土壤样品分成两部分, 一部分保存于 4℃ 冰箱, 用于土壤基本特性分析, 另取大约 10 g 土壤保存于灭菌的离心管中, 并立即保存于 -80℃ 冰箱, 用于土壤总 DNA 的提取。

1.3 土壤基本特性分析

土壤的基本理化性质根据《土壤农化分析》的标准方法进行分析测定^[22]。土壤 pH 采用水土比 1:2.5 的比例提取, 提取液(0.01 mol·L⁻¹ CaCl₂)的 pH 通过玻璃电极进行测定; 土壤硝态氮与铵态氮通过 1 mol·L⁻¹ 的 KCl 浸提, 然后利用连续流动分析仪(AA3)测定^[23]; 土壤速效磷(AVP)的测定主要通过 0.5 mol·L⁻¹ 的 NaHCO₃ 浸提, 然后通过钼蓝比色测定其含量^[24,25]; 土壤有机质采用重铬酸钾外加热法测定^[26]。不同形态磷含量通过不同的提取剂浸提, 其中 CaCl₂ 模拟土壤中可交换态磷(CaCl₂-P), 柠檬酸(citrate)模拟根系分泌有机酸溶解态磷(citrate-P), HCl 表征土壤中矿物结合态磷(HCl-P), 具体分析方法见文献^[27]。

土壤碱性酶活性测定采用微孔板荧光法^[28-30]。具体方法为: 称取 1 g 的土壤样品于 250 mL 的塑料瓶中, 加入 125 mL (pH=7.5) 的 Tris 缓冲溶液, 在摇床上振荡 1 h, 然后取出将悬浮液加入到 96 孔板中, 与底物(4-MUB-phosphate)反应进行, 然后利用多功能酶标仪测定其荧光值。同时在每板中设置 3 个参考、淬灭、空白和阴性对照, 每个处理包含 6 个平行。

1.4 土壤 DNA 提取、PCR 扩增、qPCR 和测序

土壤 DNA 提取采用 DNA 试剂盒提取 (MoBio Laboratories, Carlsbad, CA, USA), 按照试剂盒说明书进行逐步提取, 提取后通过测定 A_{260}/A_{230} 和 A_{260}/A_{280} 检验 DNA 纯度, 检验后的 DNA 放置于 -80℃ 冰箱保存, 用于后续的 PCR 扩增。

土壤解磷细菌采用引物 ALPS-F730 (5'-CAGTGGACGACCACGAGGT-3') 和 ALPS-R1101 (5'-GAGGCCGATCGGCATGTCTCG-3') 扩增 *phoD* 基因^[7,31,32]。

PCR反应体系包括: 5 μL $2 \times$ i-Taq Universal SYBR[®] Green Supermix [BIORAD, Hercules, CA, USA)、0.4 μL (10 μmol)引物和0.4 μL 模板DNA。热循环条件为: 在94 $^{\circ}\text{C}$ 保持4 min, 随后进行40个循环, 每个循环包括94 $^{\circ}\text{C}$ 45 s, 57 $^{\circ}\text{C}$ 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 1 min, 最后在72 $^{\circ}\text{C}$ 下保持8 min。扩增产物在上海派森诺生物有限公司的Illumina HiSeq 2500平台进行测序。

每个样品 *phoD* 基因丰度利用 qPCR 仪 (ABI 7500) 进行测定。热循环条件如下: 95 $^{\circ}\text{C}$ 30 s, 然后在95 $^{\circ}\text{C}$ 5 s 和60 $^{\circ}\text{C}$ 34 s 下进行40个循环。质粒构建根据已有的研究进行^[13], 然后使用连续梯度稀释法制备标准曲线, 通过测定质粒浓度和碱基对数计算基因拷贝数。扩增效率范围为90%~98%, R^2 值为0.99。

1.5 测序数据分析

使用 QIIME 对基因序列进行质控及群落多样性分析。首先, 使用 Qiime (1.17) 保留序列长度 > 150 bp、平均质量得分 > 20 且没有模糊碱基对的原始序列。序列经过质量过滤后, 按照所有样本的最小序列数进行标准化 (7981), 以确保所有样本的下游分析在相同的测序深度下进行。使用 UPARSE 将高质量序列在 75% 相似性水平下进行 OTU 聚类^[7, 33] (version 7.1, <http://drive5.com/uparse/>), 使用 UCLUST 在对 Greengenes 数据库 (13_850) 中进行物种信息注释, 得到每个样本的物种信息, 然后计算每个样品的 α -多样性指数 (Shannon 指数)。

1.6 土壤解磷菌微生物网络构建

土壤解磷菌共现网络利用 R 3.5 计算每个 OTU 之间的 Spearman 相关系数, 取相关性系数的绝对值大于 0.7, 且显著性小于 0.01 的 OTU 进行后续的微生物网络分析。基于以上阈值, 使用 microeco 包进行微生物网络构建^[34]。构建好的微生物网络利用 Gephi 0.10 (<https://gephi.org/>) 进行可视化^[35]。网络分析中,

节点代表 OTU, 连接节点的边代表 OTU 之间的关联性。微生物网络复杂性与稳定性表示微生物群落之间相互作用和关系, 可用于预测生态系统功能^[36]。

1.7 数据统计分析

利用 SPSS 16.0 (IBM Corporation, Armonk, NY, USA) 分析土壤磷组分与 *phoD* 基因丰度、编码 *phoD* 基因微生物群落多样性的相关性, 其拟合结果利用 R 3.5 作图。利用方差分析比较不同土地利用方式对土壤基本特性、磷组分、*phoD* 基因丰度及编码 *phoD* 基因的细菌群落多样性的影响。利用主坐标分析 (PCoA) 研究不同土地利用方式对土壤解磷菌群落结构的影响, 利用韦恩图 (Venn) 探究柑橘与自然林地土壤 OTU 组成差异, 利用多元回归模型解析环境因子对土壤碱性磷酸酶、*phoD* 基因丰度及微生物群落多样性的影响, 然后用 relaimpo 包的 lmg 函数计算每个变量的相对重要性 (RI), 其可量化每个环境因子的相对影响^[37-39]。在 R 3.5 中利用随机森林模型量化主要环境因子对土壤碱性磷酸酶、*phoD* 基因丰度及微生物群落多样性的影响^[40, 41]。

2 结果与分析

2.1 土壤性质及磷组分

土地利用方式显著影响土壤基本特性。柑橘土壤 pH 显著低于自然林地 ($P < 0.05$, 表 1)。柑橘土壤 ω (有机质) 为 20.8 $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 显著低于自然林地 (37 $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$)。柑橘土壤累积着大量的硝态氮、铵态氮及速效磷, 其中柑橘土壤 ω (速效磷) 为 112 $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 是自然林地 (3.7 $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$) 的 30 倍, 柑橘土壤硝态氮和铵态氮含量是自然林地的 12 倍和 8 倍。柑橘土壤磷组分与自然林地差异显著 ($P < 0.05$), 柑橘土壤 ω ($\text{CaCl}_2\text{-P}$) 为 28 $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 是自然林地 (3.5 $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$) 的 8 倍, 自然林地 Citrate-P 和 HCl-P 含量显著低于柑橘土壤 ($P < 0.05$)。长时间的

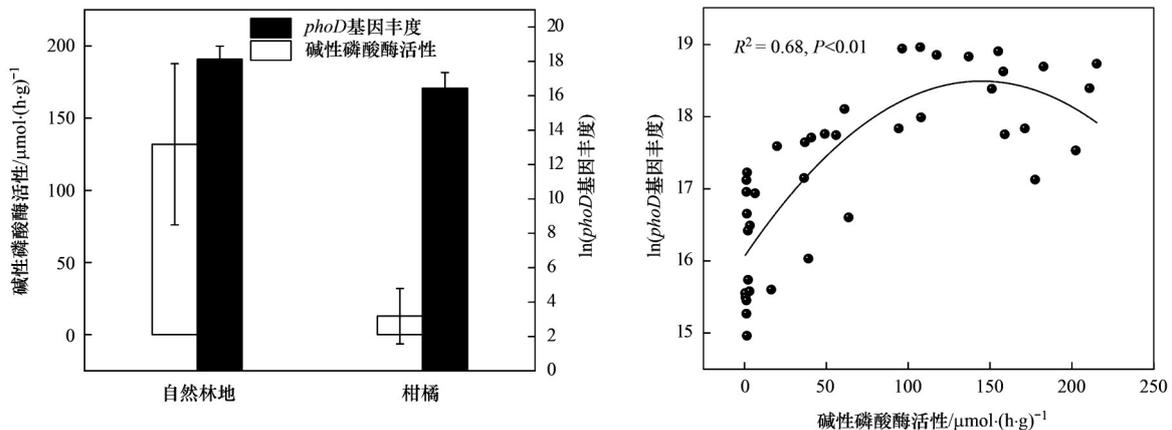


图1 土壤碱性磷酸酶活性及 *phoD* 基因丰度

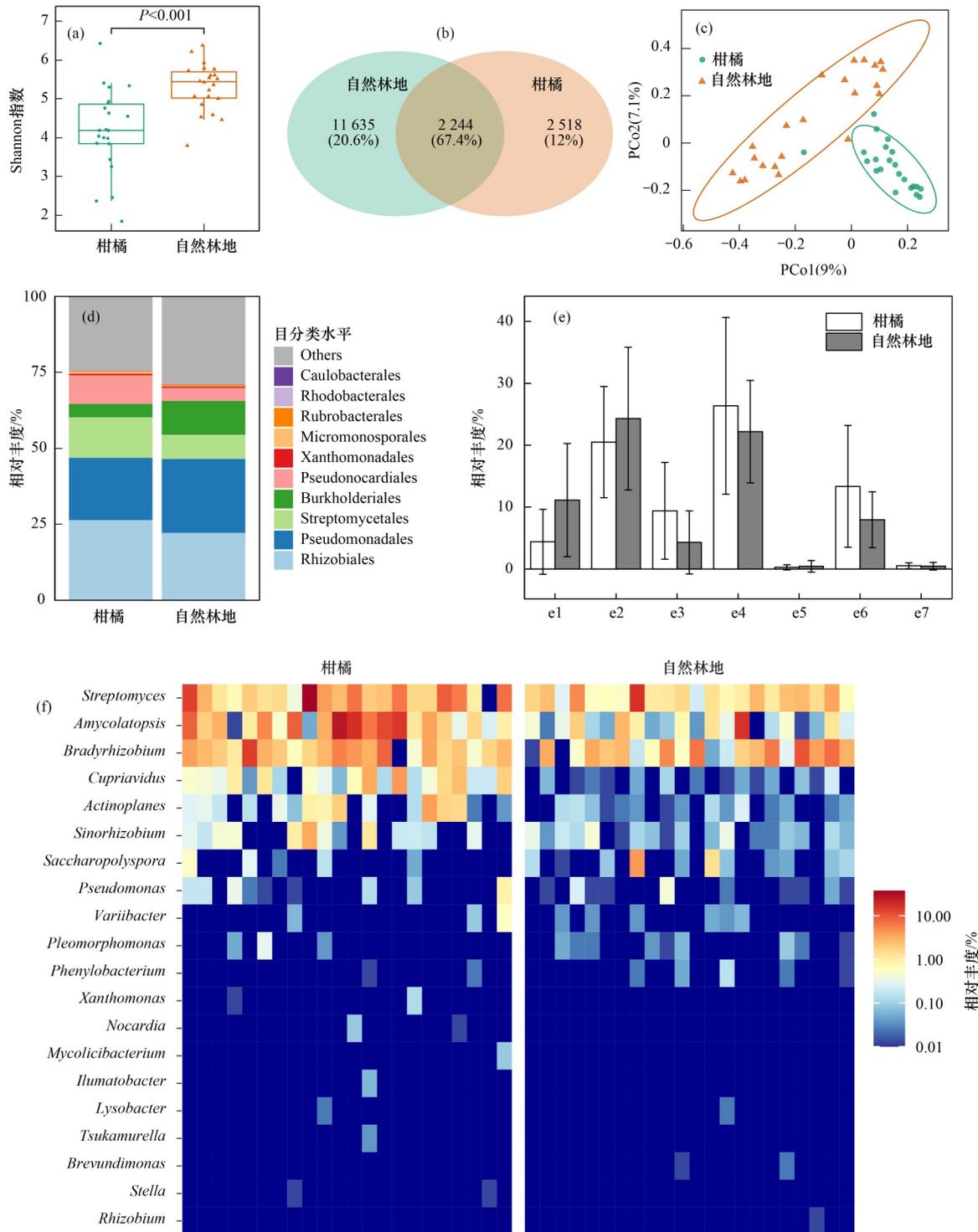
Fig. 1 Abundance of *phoD* gene and the activity of alkaline phosphatase in soils

表 1 不同土地利用方式下土壤基本特性¹⁾

Table 1 Soil properties in different land uses

土地利用方式	pH	ω (有机质) / $g \cdot kg^{-1}$	ω (硝态氮) / $mg \cdot kg^{-1}$	ω (铵态氮) / $mg \cdot kg^{-1}$	ω (速效磷) / $mg \cdot kg^{-1}$	ω ($CaCl_2$ -P) / $mg \cdot kg^{-1}$	ω (Citrate-P) / $mg \cdot kg^{-1}$	ω (HCl-P) / $mg \cdot kg^{-1}$
柑橘	3.8±0.71b	20.8±4.3b	111±60a	61±40a	112±21a	28±14a	336±91a	796±209a
自然林地	5.3±0.98a	37±17a	9.1±6.8b	7.4±3.2b	3.7±1.3b	3.5±4.7b	30±52b	182±177b

1)不同小写字母表示差异显著



e1. Burkholderiales, e2. Pseudomonadales, e3. Pseudonocardiales, e4. Rhizobiales, e5. Rubrobacterales, e6. Streptomycetales, e7. Xanthomonadales

图 2 不同土地利用方式土壤编码 *phoD* 基因细菌群落多样性及群落结构

Fig. 2 Diversity and community structure of soil *phoD*-harboring microbial communities in different land uses

高度无序柑橘种植已经导致土壤酸化、氮磷速效养分的大量累积。

2.2 土壤碱性磷酸酶活性及 *phoD* 基因丰度

土地利用方式显著影响土壤碱性磷酸酶活性及 *phoD* 基因丰度 ($P < 0.05$)。柑橘土壤碱性磷酸酶活性显著低于自然林地 ($P < 0.05$)，其中自然林地土壤碱性磷酸酶活性是柑橘土壤的 10 倍左右。自然林地 *phoD* 基因丰度在 $9.16 \times 10^6 \sim 1.72 \times 10^8$ copies·g⁻¹ 之间变异，均值为 9.25×10^7 copies·g⁻¹，柑橘土壤 *phoD* 基因丰度在 $3.15 \times 10^6 \sim 5.16 \times 10^7$ copies·g⁻¹ 之间变异，均值为 1.99×10^7 copies·g⁻¹。拟合分析表明，土壤碱性磷酸酶活性与 *phoD* 基因丰度呈显著相关 ($R^2=0.68$, $P < 0.01$, 图 1)。

2.3 土壤解磷菌微生物多样性、群落结构及网络拓扑特征

柑橘土壤编码 *phoD* 基因的细菌多样性 (5.35) 显著低于自然林地 (4.61)，其群落组成也有别于自然林地 [图 2(a)]。柑橘土壤与自然林地共有 2 244 个相同 OTU，其占总体丰度的 67.4%，自然林地和柑橘土壤分别含有 11 635 和 2 518 个特异 OTU，以上 OTU 是导致群落多样性变化的主要因子。柑橘土壤与自然林地土壤特异 OTU 占总体丰度的比例分别为 12% 和 20.6% [图 2(b)]。PCoA 分析表明，自然林地

土壤解磷细菌群落组成较为相似，柑橘土壤解磷细菌微生物群落组成相似 [图 2(c)]。土壤解磷细菌主要由变形菌门和放线菌门组成，其相对丰度 > 80%。柑橘土壤 (相对丰度 27%) 放线菌门的相对丰度显著大于自然林地 (相对丰度 16%)，而变形菌门在自然林地更为丰富。在目分类水平上，柑橘土壤含有较为丰富的 Rhizobiales (相对丰度 24%)、Streptomycetales (相对丰度 14%) 和 Pseudomonadales (相对丰度 10%)，而自然林地含有较为丰富的 Pseudomonadales (相对丰度 28%) 和 Burkholderiales (相对丰度 9%) [图 2(d)]。低丰度微生物群落在自然林地中较多。方差分析表明，柑橘土壤与自然林地存在明显的微生物群落差异，其相对丰度差异显著的微生物群落有：Pseudomonadales、Streptomycetales 和 Burkholderiales。

微生物网络分析表明，相比于自然林地，柑橘土壤解磷细菌网络更为简单和松散，节点数和边数均少于自然林地。模块数也表现出自然林地高于柑橘土壤，尤其是丰度较多的模块。自然林地中，相对丰度大于 10% 的模块数有 4 个，而柑橘土壤中只有模块 1 和模块 2 的相对丰度大于 10%，二者占总体的 46% (图 3)。

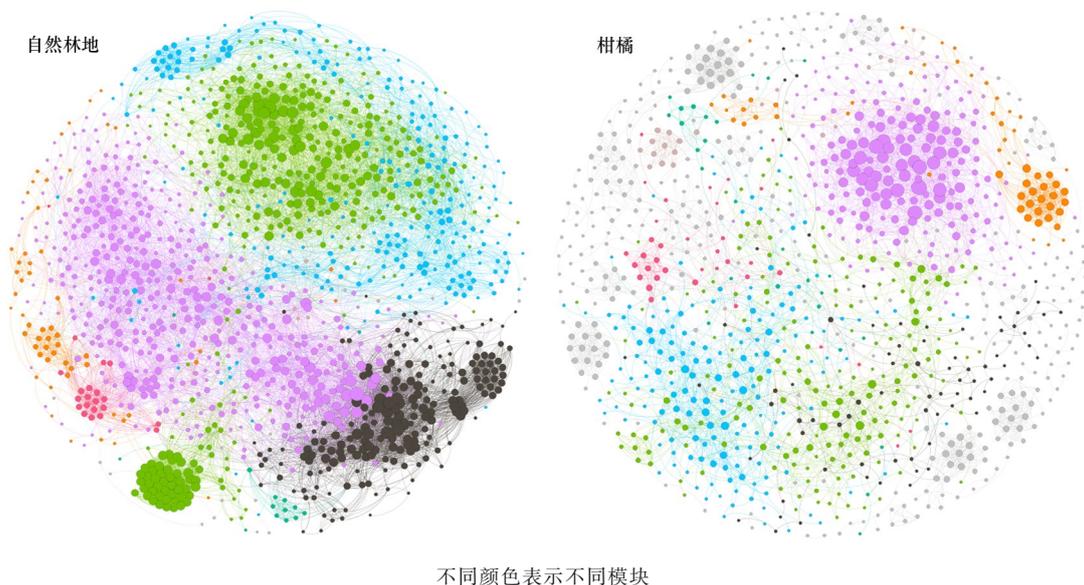


图 3 不同土地利用方式下编码 *phoD* 基因微生物网络特征

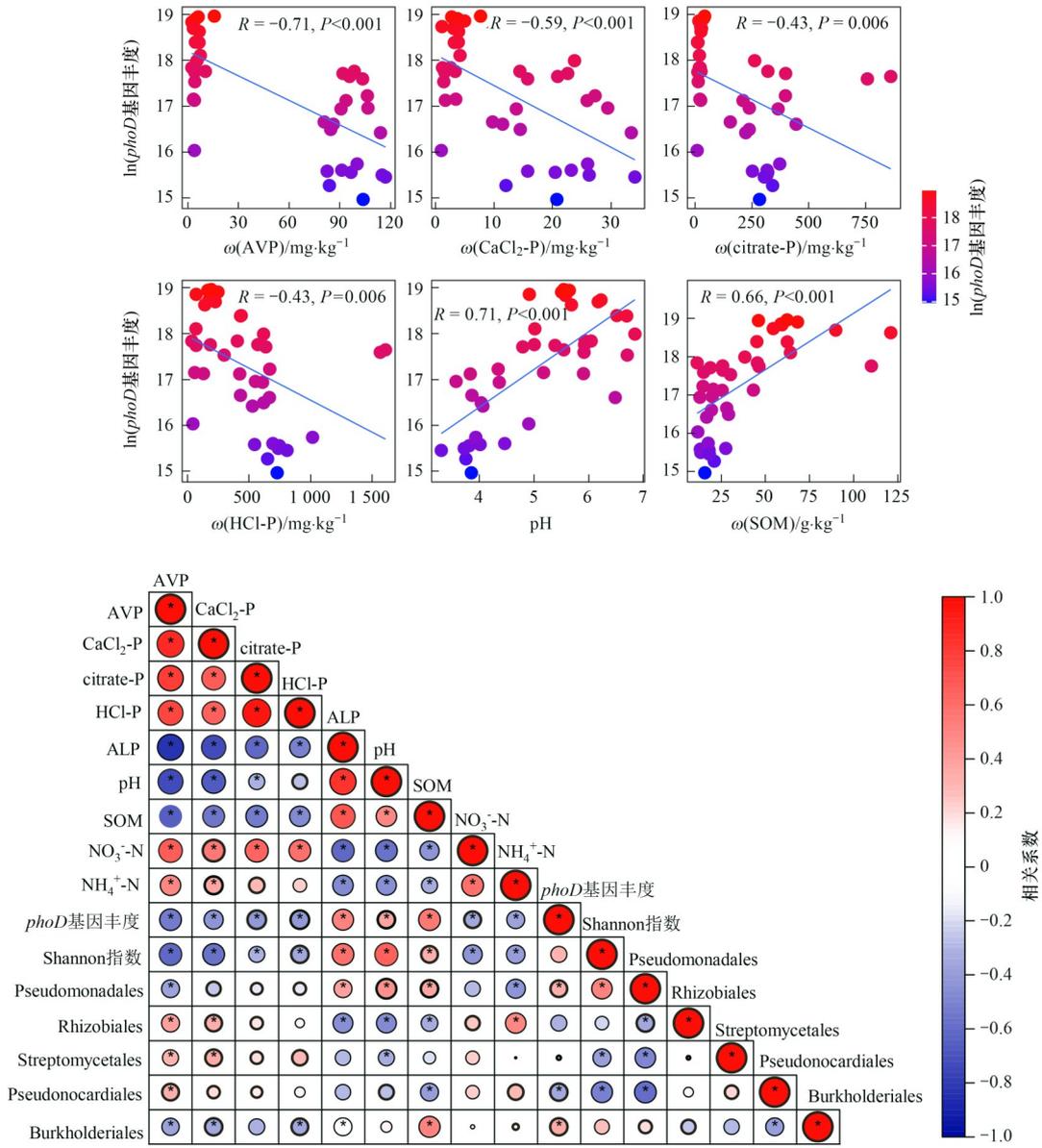
Fig. 3 Microbial network of soil *phoD*-harboring microbial communities in different land uses

2.4 土壤解磷菌与土壤性质的关系

相关性分析表明，土壤 pH 和有机质与碱性磷酸酶活性、*phoD* 基因丰度和编码 *phoD* 基因细菌的 Shannon 指数显著正相关，而土壤硝态氮、铵态氮、速效磷和不同形态磷组分均与 *phoD* 基因丰度和编码 *phoD* 基因的细菌 Shannon 指数显著负相关。ALP 与 *phoD* 基因丰度和编码 *phoD* 基因细菌 Shannon 指数呈

显著的负相关 (图 4)。

利用多元回归模型探究土壤 pH、SOM、硝态氮、铵态氮及磷组分对土壤碱性磷酸酶活性的影响，发现这 8 个参数可以解释碱性磷酸酶 89% 的变异，其中 pH (28%，相对贡献率，下同) 影响最大，其次为：速效磷 (18%)、有机质 (14%)、CaCl₂-P (12%)、Citrate-P (11%)、硝态氮 (7%)、HCl-P (6%)



*表示 $P < 0.05$, 不同圆圈大小表示相关性系数的绝对值大小

图 4 土壤基本特性、不同磷组分、*phoD* 基因丰度、编码 *phoD* 基因细菌群落多样性及优势细菌群落的相关性分析

Fig. 4 Associations between soil properties, P fractions, and the diversity and community structure of soil *phoD*-harboring microbial communities

和铵态氮(5%)。土壤有效态磷对 ALP 酶活性的影响大于矿物结合态磷(HCl-P)。土壤有机质、土壤速效磷对 *phoD* 基因丰度的影响最大, 其相对贡献率分别为 30% 和 21%, 而土壤 pH 对其的影响相对较小(相对贡献率 7%)。此外, 土壤的铵态氮对 *phoD* 基因丰度的影响也较大, 相对贡献率为 12%。编码 *phoD* 基因微生物群落多样性主要受土壤 pH、速效磷及 CaCl₂-P 的影响。随机森林模型结果表明, 土壤 pH、SOM 和 AVP 是影响碱性磷酸酶活性的主要因子, SOM、CaCl₂-P 和 AVP 是影响土壤 *phoD* 基因丰度变异的主导因子, 而编码 *phoD* 基因的细菌群落多样性的主要因子为 pH 和 AVP(图 5)。

3 讨论

3.1 柑橘种植对土壤磷及碱性磷酸酶活性的影响

磷是生命不可或缺的营养元素, 是 DNA 的基本骨架, 也是合成三磷酸腺苷(ATP)的主要元素, 因此土壤磷有效性与植物初级生产力息息相关^[42]。由于集约化农业的普及, 高度无序的柑橘种植, 大量化肥施用导致土壤中累积了大量速效养分, 尤其是土壤有效磷的累积。由于无机磷极易被土壤有机质及铁铝氧化物吸附固定^[43], 因此柑橘土壤磷随着化肥的不断施用逐渐累积, 导致土壤 ω(速效磷)高达 112 mg·kg⁻¹, 其显著高于自然生态系统, 也远远大于柑橘生长对磷的需求^[44]。此外, 柑橘种植也显著

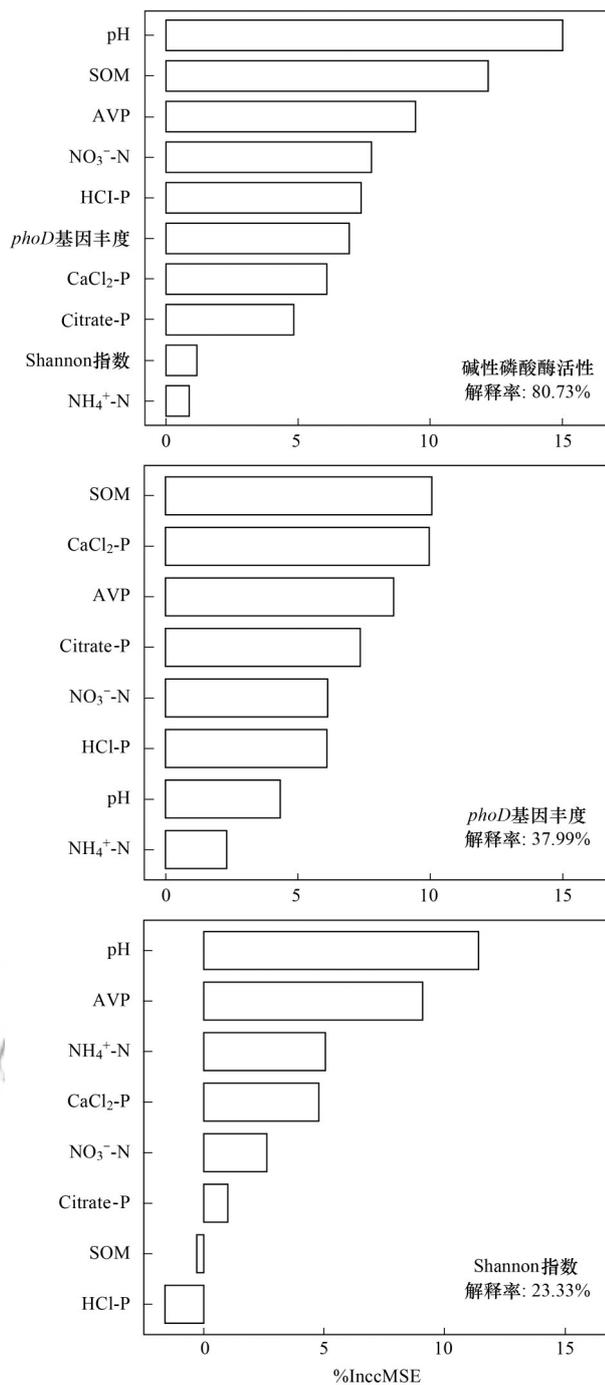


图5 随机森林模型解析环境因子对土壤碱性磷酸酶活性(ALP)、*phoD*基因丰度、编码*phoD*基因的细菌群落多样性(Shannon指数)的影响

Fig. 5 Random forest model to analyze the impact of environmental factors on soil alkaline phosphatase activity (ALP), *phoD* gene abundance, and bacterial community diversity (Shannon index) encoding *phoD* gene

影响土壤磷组分. 柑橘土壤 CaCl₂-P、citrate-P 和 HCl-P 均显著高于自然林地. HCl-P 主要表征土壤中矿物结合态无机磷, 其在柑橘土壤中大量累积, 其含量是自然林地的 4 倍左右, 表明柑橘种植导致土壤无机磷过量.

有研究表明, 土壤可利用态磷含量介导微生物

对碱性磷酸酶的分泌^[27]. 磷限制状态下, 微生物会分泌磷酸酶来矿化有机磷, 将其转化成无机磷, 进而被微生物利用. 本研究中, 土壤碱性磷酸酶活性与土壤速效磷、CaCl₂-P、citrate-P 和 HCl-P 均呈现显著的负相关, 表明土壤磷累积会降低土壤碱性磷酸酶活性. 也有研究发现土壤有效磷含量与碱性磷酸酶活性呈显著的正相关^[27], 这与本研究结果相反. 造成这种相反的拟合关系主要与土壤的有效态磷含量有关. 在低磷土壤中, 微生物会分泌碱性磷酸酶来矿化有机磷提高土壤有效态磷含量, 而在高磷土壤中, 土壤微生物会减少碱性磷酸酶的分泌, 因而导致土壤碱性磷酸酶与土壤速效磷的负相关. 柑橘土壤中, 有效磷含量显著高于植物生长的阈值 (< 80 mg·kg⁻¹)^[44], 其高磷累积会抑制微生物对碱性磷酸酶的分泌, 因此其磷酸酶活性与 *phoD* 基因丰度显著低于自然林地. 有研究表明, 农业土壤中低磷有助于促进碱性磷酸酶的分泌, 高磷反而会抑制碱性磷酸酶的活性^[45], 这与本研究的结果一致.

3.2 柑橘种植对土壤解磷菌多样性及群落组成的影响

土地利用方式是影响土壤磷循环微生物活性的重要因子^[46]. 本研究中, 柑橘土壤 *phoD* 基因丰度显著低于毗邻的自然林地. 此外, 柑橘土壤编码 *phoD* 基因的微生物多样性也显著低于自然林地. 因此, 柑橘种植改变了土壤解磷细菌群落组成及多样性.

高强度集约化柑橘种植导致土壤高磷累积, 主要以无机磷的形式存在, 土壤中可利用态磷含量也显著高于柑橘生长需求的阈值. 土壤高磷累积会减少土壤碱性磷酸酶的分泌, 同时也会降低 *phoD* 基因丰度, 抑制编码 *phoD* 基因微生物的多样性, 改变其微生物群落组成. 自然林地土壤含有较多的变形菌门, 而柑橘土壤含有较多的放线菌门. 不同的微生物类群对有效磷的响应不一致, Pseudomonadales 和 Burkholderiales 随着有效磷含量的增加而降低, 而 Rhizobiales、Streptomycetales 和 Pseudonocardiales 随着有效磷含量的增加而增加. 因此, 从整体来看, 高磷会抑制编码 *phoD* 基因的细菌活性, 但是也会促进部分解磷菌群落的生长, 这主要是微生物存在功能冗余和生态位差异^[7]. 此外, 高磷投入还会影响编码 *phoD* 基因微生物群落之间的协作关系, 微生物网络也会随着磷含量的增加而变得简单和松散.

柑橘土壤中累积着大量可利用态氮磷, 为微生物生长提供了很好的养分基础, 但是其 pH 和有机碳含量较低, 其也是影响微生物生长的重要因子. 已有研究表明, 土壤微生物分布主要受 pH 的调节,

尤其是细菌^[37]. 由于土壤细菌的最佳 pH 适应范围较窄, 其对 pH 较为敏感^[37]. 高强度的化肥投入, 会引起土壤 pH 的急剧下降, 其直接影响到细菌的活性及分布. 因此, 柑橘土壤解磷细菌的多样性也会受到土壤 pH 下降的影响. 此外, 土壤有机碳也是影响土壤微生物分布的重要因子^[39], 尤其是土壤解磷菌群落多样性^[6,13]. 本研究中, 土壤有机质是影响 *phoD* 基因丰度的第一大影响因子, 其直接影响土壤解磷菌对碱性磷酸酶的分泌, 因此提高土壤有机碳含量可以有效地提高解磷菌活性, 促进其对碱性磷酸酶的分泌.

3.3 柑橘种植改变土壤微生物对磷的获取策略

柑橘种植伴随着氮、磷、钾肥过量施用, 有研究表明柑橘园施用磷肥量高达 $695 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ ^[47]. 过量施用化肥会直接导致养分过剩及土壤酸化^[48], 进而会影响土壤微生物多样性. 已有研究表明, 集约化农业土壤微生物多样性丧失严重, 而这些丧失的微生物也承担着重要的生态功能, 比如氮周转、磷矿化、碳分解等重要过程^[13]. 土壤解磷菌通过分泌碱性磷酸酶分解有机磷, 并将其转化成植物和微生物可以直接利用的无机磷, 是土壤磷循环中最为重要的环节^[49]. 有研究表明, 土壤有机磷循环微生物多样性与土壤速效磷显著正相关^[50], 这与本研究结果

相反. 本研究中, 土壤编码 *phoD* 基因的细菌群落多样性与速效磷呈负相关, 这主要是柑橘土壤中积累了大量的有效磷, 其含量远远超过了微生物生长需求量. 因此, 柑橘土壤中解磷菌活性受到了抑制. 在低磷土壤中, 活化解磷菌可以有效地提高土壤磷可利用性^[51], 尤其是在自然生态系统中. 本研究中, AVP 与 *phoD* 基因丰度呈显著负相关, 主要是由于柑橘土壤有效磷主要来源于外源磷添加, 而非微生物转化而来. 高磷土壤中, 解磷菌活性受到了抑制, 其多样性显著低于低磷土壤^[13]. 因此, 长期高强度柑橘种植会改变土壤微生物对磷的获取策略, 即当土壤有效磷过剩时, 土壤解磷菌生长缓慢, 其分泌的碱性磷酸酶活性也较少; 当土壤有效磷不足时 (比如自然林地), 土壤解磷菌生长迅速, 促进其分泌大量的碱性磷酸酶来矿化土壤中的有机磷, 以满足其生长. 因此, 柑橘种植会改变土壤微生物对磷的获取策略, 从微生物获取向依赖外源磷的方式转变. 自然林地土壤高 *phoD* 丰度、高编码 *phoD* 基因的细菌群落多样性, 表明自然林地低磷会刺激土壤微生物分泌碱性磷酸酶去获取更多的磷. 自然林地中, 土壤碱性磷酸酶显著高于柑橘土壤, 这也合理地解释了自然林地土壤微生物通过有机磷矿化获取磷的策略 (图 6).

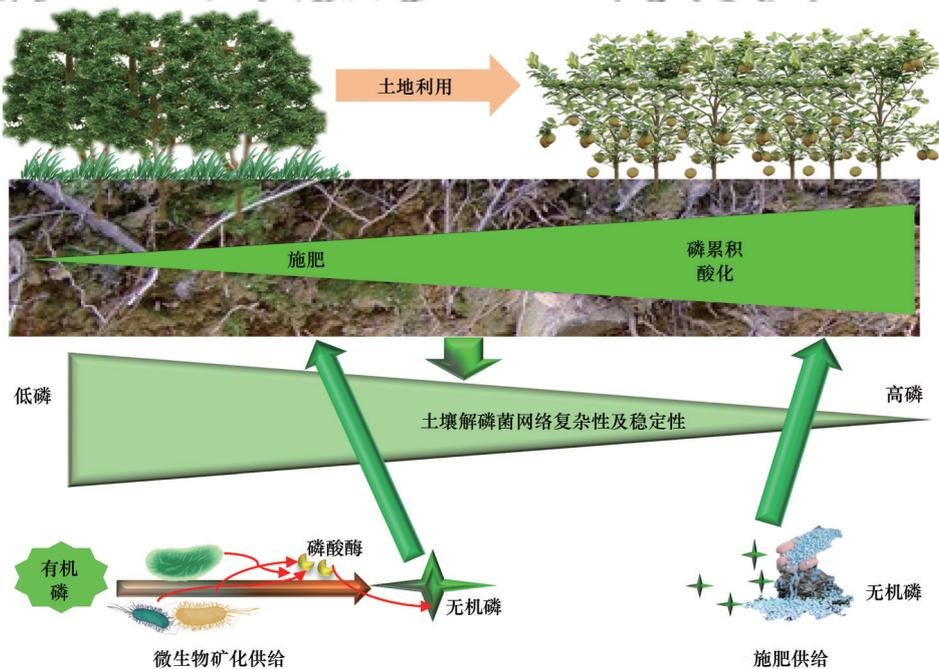


图 6 柑橘种植改变了土壤微生物对磷的获取策略

Fig. 6 Citrus planting changes the acquisition strategy of soil microorganisms for phosphorus

4 结论

(1) 柑橘种植增加了土壤有效磷及矿物结合态磷含量, 降低了土壤碱性磷酸酶活性.

(2) 柑橘种植降低了土壤解磷细菌多样性和 *phoD* 基因丰度, 改变了解磷细菌群落结构.

(3) 土壤解磷细菌多样性和 *phoD* 基因丰度均随着土壤有效磷含量的增加而显著降低, 土壤磷累积

降低了土壤碱性磷酸酶活性。

(4) 柑橘种植改变了土壤微生物对磷的获取策略。柑橘土壤微生物获取磷主要依赖于外源磷,而在自然林地土壤微生物主要通过微生物矿化有机磷来获取磷。

参考文献:

- [1] Vance C P, Uhde-Stone C, Allan D L. Phosphorus acquisition and use: critical adaptations by plants for securing a nonrenewable resource[J]. *New Phytologist*, 2003, **157**(3): 423-447.
- [2] 徐明岗, 张文菊, 黄绍敏. 中国土壤肥力演变[M]. (第二版). 北京: 中国农业科学技术出版社, 2015.
- [3] Basílio F, Dias T, Santana M M, *et al.* Multiple modes of action are needed to unlock soil phosphorus fractions unavailable for plants: the example of bacteria-and fungi-based biofertilizers[J]. *Applied Soil Ecology*, 2022, **178**, doi: 10.1016/j.apsoil.2022.104550.
- [4] 刘英杰, 张丽红, 张宏, 等. 溶磷微生物在土壤磷循环中的作用研究进展[J]. *微生物学通报*, 2023, **50**(8): 3671-3687.
Liu Y J, Zhang L H, Zhang H, *et al.* Role of phosphate solubilizing microorganisms in soil phosphorus cycle: a review [J]. *Microbiology China*, 2023, **50**(8): 3671-3687.
- [5] Lang M, Zou W X, Chen X X, *et al.* Soil microbial composition and *phoD* gene abundance are sensitive to phosphorus level in a long-term wheat-maize crop system [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, **11**, doi: 10.3389/fmicb.2020.605955.
- [6] Wei X M, Hu Y J, Cai G, *et al.* Organic phosphorus availability shapes the diversity of *phoD*-harboring bacteria in agricultural soil [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, **161**, doi: 10.1016/j.soilbio.2021.108364.
- [7] Tan H, Barret M, Mooij M J, *et al.* Long-term phosphorus fertilisation increased the diversity of the total bacterial community and the *phoD* phosphorus mineraliser group in pasture soils [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2013, **49**(6): 661-672.
- [8] Zhang Y J, Gao W, Ma L, *et al.* Long-term partial substitution of chemical fertilizer by organic amendments influences soil microbial functional diversity of phosphorus cycling and improves phosphorus availability in greenhouse vegetable production [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2023, **341**, doi: 10.1016/j.agee.2022.108193.
- [9] Xu L, Cao H L, Li C N, *et al.* The importance of rare versus abundant *phoD*-harboring subcommunities in driving soil alkaline phosphatase activity and available P content in Chinese steppe ecosystems [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2022, **164**, doi: 10.1016/j.soilbio.2021.108491.
- [10] Sun Q, Hu Y J, Chen X B, *et al.* Flooding and straw returning regulates the partitioning of soil phosphorus fractions and *phoD*-harboring bacterial community in paddy soils [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2021, **105**(24): 9343-9357.
- [11] Azene B, Zhu R H, Pan K W, *et al.* Land use change alters phosphatase enzyme activity and phosphatase-harboring microbial abundance in the subalpine ecosystem of southeastern Qinghai-Tibet Plateau, China [J]. *Ecological Indicators*, 2023, **153**, doi: 10.1016/j.ecolind.2023.110416.
- [12] Liu W B, Ling N, Luo G W, *et al.* Active *phoD*-harboring bacteria are enriched by long-term organic fertilization [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, **152**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.108071.
- [13] Zeng Q C, Mei T Y Z, Delgado-Baquerizo M, *et al.* Suppressed phosphorus-mineralizing bacteria after three decades of fertilization [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2022, **323**, doi: 10.1016/j.agee.2021.107679.
- [14] 杨文娜, 余泳, 罗东海, 等. 化肥和有机肥配施生物炭对土壤磷酸酶活性和微生物群落的影响 [J]. *环境科学*, 2022, **43**(1): 540-549.
Yang W N, Yu L, Luo D H, *et al.* Effect of combined application of biochar with chemical fertilizer and organic fertilizer on soil phosphatase activity and microbial community [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(1): 540-549.
- [15] 夏鑫, 乔航, 孙琪, 等. 有机物料投入对喀斯特地区土壤磷素赋存形态与含 *phoD* 基因细菌群落的影响 [J]. *环境科学*, 2022, **43**(9): 4636-4646.
Xia X, Qiao H, Sun Q, *et al.* Effects of organic materials on phosphorus fractions and *phoD*-harboring bacterial community in karst soil [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(9): 4636-4646.
- [16] 郎明, 李佳颖, 苏卫华, 等. 长期施磷对石灰性土壤中编码碱性磷酸酶基因的细菌群落的影响 [J]. *微生物学报*, 2022, **62**(1): 242-258.
Lang M, Li J Y, Su W H, *et al.* Effects of long-term phosphorus application on *phoD* harboring bacterial community in calcareous soil [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, **62**(1): 242-258.
- [17] Zhao H Y, Dong Z H, Liu B, *et al.* Can citrus production in China become carbon-neutral? A historical retrospect and prospect [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2023, **348**, doi: 10.1016/j.agee.2023.108412.
- [18] Xu J, Zhang Y Z, Zhang P F, *et al.* The structure and function of the global citrus rhizosphere microbiome [J]. *Nature Communications*. 2018, **9**(1), doi: 10.1038/s41467-018-07343-2.
- [19] 郭龙, 冯童禹, 薛壮壮, 等. 氮形态和磷肥对红壤玉米根际解磷微生物群落和磷酸酶活性的影响 [J]. *土壤学报*, 2023, **60**(5): 1493-1506.
Guo L, Feng T Y, Xue Z Z, *et al.* Effects of nitrogen form and phosphorus fertilizer on phosphorus-solubilizing bacteria and phosphatase of maize rhizosphere in acidic red soil [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2023, **60**(5): 1493-1506.
- [20] Xia L Z, Hoermann G, Ma L, *et al.* Reducing nitrogen and phosphorus losses from arable slope land with contour hedgerows and perennial alfalfa mulching in Three Gorges Area, China [J]. *Catena*, 2013, **110**: 86-94.
- [21] Zeng Q C, Mei T Y Z, Wang M X, *et al.* Intensive citrus plantations suppress the microbial profiles of the β -glucosidase gene [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2022, **323**, doi: 10.1016/j.agee.2021.107687.
- [22] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [23] Zeng Q C, An S S, Liu Y. Soil bacterial community response to vegetation succession after fencing in the grassland of China [J]. *Science of the Total Environment*, 2017, **609**: 2-10.
- [24] Page A L, Miller R H, Keeney D R. Methods of soil analysis. Part 2. Chemical and microbiological properties (2nd ed.) [M]. Madison: American society of Agronomy, 1982.
- [25] Olsen S R, Cole C V, Watanabe F S, *et al.* Estimation of available phosphorus in soils by extraction with sodium bicarbonate [M]. Washington, DC: United States Department of Agriculture, 1954.
- [26] Walkley A, Black I A. An examination of the Degtjareff method for determining soil organic matter, and a proposed modification of the chromic acid titration method [J]. *Soil Science*, 1934, **37**(1): 29-38.
- [27] Wei X M, Hu Y J, Razavi B S, *et al.* Rare taxa of alkaline phosphomonoesterase-harboring microorganisms mediate soil

- phosphorus mineralization [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **131**: 62-70.
- [28] Deforest J L. The influence of time, storage temperature, and substrate age on potential soil enzyme activity in acidic forest soils using MUB-linked substrates and L-DOPA [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2009, **41**(6): 1180-1186.
- [29] Sinsabaugh R L, Hill B H, Shah J J F. Ecoenzymatic stoichiometry of microbial organic nutrient acquisition in soil and sediment [J]. *Nature*, 2009, **462**(7274): 795-798.
- [30] Bell C W, Fricks B E, Rocca J D, *et al.* High-throughput fluorometric measurement of potential soil extracellular enzyme activities [J]. *Journal of Visualized Experiments*, 2013, (81), doi: 10.3791/50961.
- [31] Sakurai M, Wasaki J, Tomizawa Y, *et al.* Analysis of bacterial communities on alkaline phosphatase genes in soil supplied with organic matter [J]. *Soil Science and Plant Nutrition*, 2008, **54**(1): 62-71.
- [32] Fraser T D, Lynch D H, Bent E, *et al.* Soil bacterial *phoD* gene abundance and expression in response to applied phosphorus and long-term management [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, **88**: 137-147.
- [33] Edgar R C, Haas B J, Clemente J C, *et al.* UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection [J]. *Bioinformatics*, 2011, **27**(16): 2194-2200.
- [34] Liu C, Cui Y M, Li X Z, *et al.* *microeco*: an R package for data mining in microbial community ecology [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2021, **97**(2), doi: 10.1093/femsec/fiaa255.
- [35] Bastian M, Heymann S, Jacomy M. Gephi: an open source software for exploring and manipulating networks [A]. In: *Proceedings of the International AAAI Conference on Web and Social Media* [C]. San Jose: AAAI, 2009. 361-362.
- [36] Chen W Q, Wang J Y, Chen X, *et al.* Soil microbial network complexity predicts ecosystem function along elevation gradients on the Tibetan Plateau [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2022, **172**, doi: 10.1016/j.soilbio.2022.108766.
- [37] Zeng Q C, An S S, Liu Y, *et al.* Biogeography and the driving factors affecting forest soil bacteria in an arid area [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **680**: 124-131.
- [38] Grömping U. Estimators of relative importance in linear regression based on variance decomposition [J]. *The American Statistician*, 2007, **61**(2): 139-147.
- [39] Zeng Q C, Liu D, An S S. Decoupled diversity patterns in microbial geographic distributions on the arid area (the Loess Plateau) [J]. *CATENA*, 2021, **196**, doi: 10.1016/j.catena.2020.104922.
- [40] Archer E. rfPermute: Estimate permutation p-values for random forest importance Metrics [EB/OL]. <https://cran.r-project.org/web/packages/rfPermute/index.html>, 2023-08-23.
- [41] Liaw A, Wiener M. Classification and regression by randomForest [J]. *R News*, 2002, **2**(3): 18-22.
- [42] Ghosh A, Biswas D R, Bhattacharyya R, *et al.* Recycling rice straw enhances the solubilisation and plant acquisition of soil phosphorus by altering rhizosphere environment of wheat [J]. *Soil and Tillage Research*, 2023, **228**, doi: 10.1016/j.still.2023.105647.
- [43] Zhu J, Li M, Whelan M. Phosphorus activators contribute to legacy phosphorus availability in agricultural soils: A review [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **612**: 522-537.
- [44] 鲁剑巍, 陈防, 王富华, 等. 湖北省柑橘园土壤养分分级研究 [J]. *植物营养与肥料学报*, 2002, **8**(4): 390-394.
Lu J W, Chen F, Wang F H, *et al.* Study of classification of the soil nutrient status of citrus orchard in Hubei Province [J]. *Plant Nutrition and Fertilizer Science*, 2002, **8**(4): 390-394.
- [45] Fraser T, Lynch D H, Entz M H, *et al.* Linking alkaline phosphatase activity with bacterial *phoD* gene abundance in soil from a long-term management trial [J]. *Geoderma*, 2015, **257-258**: 115-122.
- [46] Neal A L, Rossmann M, Brearley C, *et al.* Land-use influences phosphatase gene microdiversity in soils [J]. *Environmental Microbiology*, 2017, **19**(7): 2740-2753.
- [47] 雷靖, 梁珊珊, 谭启玲, 等. 我国柑橘氮磷钾肥用量及减施潜力 [J]. *植物营养与肥料学报*, 2019, **25**(9): 1504-1513.
Lei J, Liang S S, Tan Q L, *et al.* NPK fertilization rates and reducing potential in the main citrus producing regions of China [J]. *Plant Nutrition and Fertilizer Science*, 2019, **25**(9): 1504-1513.
- [48] 武松伟, 梁珊珊, 胡承孝, 等. 我国柑橘园“因土补肥”与化肥减施增效生态分区 [J]. *华中农业大学学报*, 2022, **41**(2): 9-19.
Wu S W, Liang S S, Hu C X, *et al.* Ecological region division of soil based supplementary fertilization and decrement fertilization in China citrus orchards [J]. *Journal of Huazhong Agricultural University*, 2022, **41**(2): 9-19.
- [49] 秦利均, 杨永柱, 杨星勇. 土壤溶磷微生物溶磷、解磷机制研究进展 [J]. *生命科学研究*, 2019, **23**(1): 59-64, 86.
Qin L J, Yang Y Z, Yang X Y. Advances in mechanisms of soil phosphorus solubilization and Dissolution by phosphate solubilizing microorganisms [J]. *Life Science Research*, 2019, **23**(1): 59-64, 86.
- [50] Hu M J, Peñuelas J, Sardans J, *et al.* Dynamics of phosphorus speciation and the *phoD* phosphatase gene community in the rhizosphere and bulk soil along an estuarine freshwater-oligohaline gradient [J]. *Geoderma*, 2020, **365**, doi: 10.1016/j.geoderma.2020.114236.
- [51] 王静, 王磊, 张爱君, 等. 长期增施有机肥对土壤不同组分有机磷含量及微生物丰度的影响 [J]. *生态与农村环境学报*, 2020, **36**(9): 1161-1168.
Wang J, Wang L, Zhang A J, *et al.* Effects of long-term organic fertilization on the content of soil organic phosphorus fractions and abundance of soil microorganism [J]. *Journal of Ecology and Rural Environment*, 2020, **36**(9): 1161-1168.

CONTENTS

Spatial Distribution Characteristics of PM _{2.5} and O ₃ in Beijing-Tianjin-Hebei Region Based on Time Series Decomposition	YAO Qing, DING Jing, YANG Xu, <i>et al.</i> (2487)
Ozone Sensitivity Analysis in Urban Beijing Based on Random Forest	ZHOU Hong, WANG Ming, CHAI Wen-xuan, <i>et al.</i> (2497)
Prediction of Ozone Pollution in Sichuan Basin Based on Random Forest Model	YANG Xiao-tong, KANG Ping, WANG An-yi, <i>et al.</i> (2507)
Establishment and Effective Evaluation of Haikou Ozone Concentration Statistical Prediction Model	FU Chuan-bo, LIN Jian-xing, TANG Jia-xiang, <i>et al.</i> (2516)
Spatial and Temporal Distribution Characteristics of Ozone Concentration and Health Benefit Assessment in the Beijing-Tianjin-Hebei Region from 2015 to 2020	GAO Ran, LI Qin, CHE Fei, <i>et al.</i> (2525)
Water-soluble Inorganic Ion Content of PM _{2.5} and Its Change Characteristics in Urban Area of Beijing in 2022	CHEN Yuan-yuan, CUI Di, ZHAO Ze-xi, <i>et al.</i> (2537)
Pollution Characteristics, Source, and Health Risk Assessment of Metal Elements in PM _{2.5} Between Winter and Spring in Zhengzhou	TAO Jie, YAN Hui-jiao, XU Yi-fei, <i>et al.</i> (2548)
Characteristics, Sources Apportionment, and Health Risks of PM _{2.5} -bound PAHs and Their Derivatives Before and After Heating in Zibo City	SUN Gang-li, WU Li-ping, XU Bo, <i>et al.</i> (2558)
Components Characteristic and Source Apportionment of Fine Particulate Matter in Transition Period of Heating Season in Xi'an with High Time Resolution	LI Meng-jin, ZHANG Yong, ZHANG Qian, <i>et al.</i> (2571)
Source and Cause Analysis of High Concentration of Inorganic Aerosol During Two Typical Pollution Processes in Winter over Tianjin	LU Miao-miao, HAN Su-qin, LIU Ke-xin, <i>et al.</i> (2581)
Spatial-temporal Variation and Spatial Differentiation Geographic Detection of PM _{2.5} Concentration in the Shandong Province Based on Spatial Scale Effect	XU Yong, WEI Meng-xin, ZOU Bin, <i>et al.</i> (2596)
Characteristics of VOCs Emissions and Ozone Formation Potential for Typical Chemicals Industry Sources in China	WU Ting, CUI Huan-wen, XIAO Xian-de, <i>et al.</i> (2613)
Formation Potential of Secondary Organic Aerosols and Sources of Volatile Organic Compounds During an Air Pollution Episode in Autumn, Langfang	ZHANG Jing-qiao, LIU Zheng, DING Wen-wen, <i>et al.</i> (2622)
Scale Effects of Landscape Pattern on Impacts of River Water Quality: A Meta-analysis	WANG Yu-cang, DU Jing-jing, ZHANG Yu, <i>et al.</i> (2631)
Spectral Characteristics and Sources of Dissolved Organic Matter in Inflow Rivers of Baiyangdian Lake Water in Summer Flood Season	MENG Jia-jing, DOU Hong, CHEN Zhe, <i>et al.</i> (2640)
Analysis on Hydrochemical Evolution of Shallow Groundwater East of Yongding River in Fengtai District, Beijing	HU Yu-xin, ZHOU Rui-jing, SONG Wei, <i>et al.</i> (2651)
Hydrochemical Characteristics, Controlling Factors and Water Quality Evaluation of Shallow Groundwater in Tan-Lu Fault Zone (Anhui Section)	LIU Hai, WEI Wei, SONG Yang, <i>et al.</i> (2665)
Effects of Pesticides Use on Pesticides Residues and Its Environmental Risk Assessment in Xingkai Lake (China)	WANG Wei-qing, XU Xiong, LIU Quan-zhen, <i>et al.</i> (2678)
Characteristics of Microorganisms and Antibiotic Resistance Genes of the Riparian Soil in the Lanzhou Section of the Yellow River	WEI Cheng-chen, WEI Feng-yi, XIA Hui, <i>et al.</i> (2686)
Analysis of the Spatiotemporal Distribution of Algal Blooms and Its Driving Factors in Chaohu Lake Based on Multi-source Datasets	JIN Xiao-long, DENG Xue-liang, DAI Rui, <i>et al.</i> (2694)
Characteristics of Epiphytic Bacterial Community on Submerged Macrophytes in Water Environment Supplemented with Reclaimed Water	HE Yun, LI Xue-mei, LI Hong-quan, <i>et al.</i> (2707)
Effects of Water Level Fluctuations and Vegetation Restoration on Soil Prokaryotic Microbial Community Structure in the Riparian Zone of the Three Gorges Reservoir	MEI Yu, HUANG Ping, WANG Peng, <i>et al.</i> (2715)
Bacterial Community Structure of Typical Lake Sediments in Yinchuan City and Its Response to Heavy Metals	MENG Jun-jie, LIU Shuang-yu, QIU Xiao-cong, <i>et al.</i> (2727)
Effect of Thermal Hydrolysis Pretreatment Time on Microbial Community Structure in Sludge Anaerobic Digestion System	ZHANG Han, ZHANG Han, WANG Jia-wei, <i>et al.</i> (2741)
Source Apportionment of Morphine in Wastewater	SHAO Xue-ting, ZHAO Yue-tong, JIANG Bing, <i>et al.</i> (2748)
Ecological Environment Dynamical Evaluation of Hutuo River Basin Using Remote Sensing	LI Yan-cui, YUAN Jin-guo, LIU Bo-han, <i>et al.</i> (2757)
Spatiotemporal Evolution and Influencing Factors of Ecosystem Service Value in the Yellow River Basin	WANG Yi-qi, SUN Xue-ying (2767)
Ecosystem Service Trade-off Synergy Strength and Spatial Pattern Optimization Based on Bayesian Network: A Case Study of the Fenhe River Basin	CAI Jin, WEI Xiao-jian, JIANG Ping, <i>et al.</i> (2780)
Spatial-temporal Evolution and Quantitative Attribution of Habitat Quality in Typical Karst Counties of Guizhou Plateau	LI Yue, FENG Xia, WU Lu-hua, <i>et al.</i> (2793)
Spatio-temporal Variation in NEP in Ecological Zoning on the Loess Plateau and Its Driving Factors from 2000 to 2021	ZHOU Yi-ting, YAN Jun-xia, LIU Ju, <i>et al.</i> (2806)
Land Change Simulation and Grassland Carbon Storage in the Loess Plateau Based on SSP-RCP Scenarios	CUI Xie, DONG Yan, ZHANG Lu-yin, <i>et al.</i> (2817)
Multi-scenario Simulation of Construction Land Expansion and Its Impact on Ecosystem Carbon Storage in Beijing-Tianjin-Hebei Urban Agglomeration	WU Ai-bin, CHEN Fu-guo, ZHAO Yan-xia, <i>et al.</i> (2828)
Effects of Land Use Change on Soil Aggregate Stability and Soil Aggregate Organic Carbon in Karst Area of Southwest China	JIANG Ke, JIA Ya-nan, YANG Yan, <i>et al.</i> (2840)
Integrated Analysis of Soil Organic Matter Molecular Composition Changes Under Different Land Uses	HUANG Shi-wei, ZHAO Yi-kai, ZHU Xin-yu, <i>et al.</i> (2848)
Prediction Spatial Distribution of Soil Organic Matter Based on Improved BP Neural Network with Optimized Sparrow Search Algorithm	HU Zhi-rui, ZHAO Wan-fu, SONG Yin-xian, <i>et al.</i> (2859)
Effects of Application of Different Organic Materials on Phosphorus Accumulation and Transformation in Vegetable Fields	SUN Kai, CUI Yu-tao, LI Shun-jin, <i>et al.</i> (2871)
Intensive Citrus Cultivation Suppresses Soil Phosphorus Cycling Microbial Activity	ZHOU Lian-hao, ZENG Quan-chao, MEI Tang-ying-ze, <i>et al.</i> (2881)
Effects of Controlled-release Blended Fertilizer on Crop Yield and Greenhouse Gas Emissions in Wheat-maize Rotation System	GAO Wei, WANG Xue-xia, XIE Jian-zhi, <i>et al.</i> (2891)
Effect of Biochar on NO ₃ ⁻ -N Transport in Loessial Soil and Its Simulation	BAI Yi-ru, LIU Xu, ZHANG Yu-han, <i>et al.</i> (2905)
Analysis and Evaluation of Heavy Metal Pollution in Farmland Soil in China: A Meta-analysis	YANG Li, BAI Zong-xu, BO Wen-hao, <i>et al.</i> (2913)
Critical Review on Heavy Metal Contamination in Urban Soil and Surface Dust	WANG Xiao-yu, LIU En-feng, YANG Xiang-meng, <i>et al.</i> (2926)
Research Progress on Solidification and MICP Remediation of Soils in Heavy Metal Contaminated Site	CHEN Yue-ru, GAO Wen-yan, CHEN Hong-ren, <i>et al.</i> (2939)
Pollution Characteristics and Source Analysis of Soil Heavy Metal in Coal Mine Area near the Yellow River in Shandong	DAI Wen-ting, ZHANG Hui, WU Xia, <i>et al.</i> (2952)
Heavy Metal Content and Risk Assessment of Sediments and Soils in the Juma River Basin	HAN Shuang-bao, YUAN Lei, ZHANG Qiu-xia, <i>et al.</i> (2962)
Characteristics, Ecological Risk Assessment, and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in the Yellow River Floodplain of Yinchuan City	YU Lu-jia, MA Hai-jun, WANG Cui-ping (2971)
Health Risk Assessment of Heavy Metals in Soils of a City in Guangdong Province Based on Source Oriented and Monte Carlo Models	CHEN Lian, ZOU Zi-hang, ZHANG Pei-zhen, <i>et al.</i> (2983)
Chemical Speciation, Influencing Factors, and Regression Model of Heavy Metals in Farmland of Typical Carbonate Area with High Geological Background, Southwest China	TANG Rui-ling, XU Jin-li, LIU Bin, <i>et al.</i> (2995)
Hg Content Characteristics and Safe Planting Zoning of Paddy Soil and Rice in Guizhou Province	WEI Mei-liu, ZHOU Lang, HUANG Yan-ling, <i>et al.</i> (3005)
Cadmium Phytoremediation Effect of Sweet Sorghum Assisted with Citric Acid on Typical Parent Soil in Southern China	LIU Meng-yu, LUO Xu-feng, GU Jiao-feng, <i>et al.</i> (3016)
Effects of Modified Distillers' Grains Biochar on Cadmium Forms in Purple Soil and Cadmium Uptake by Rice	XIAO Nai-chuan, WANG Zi-fang, YANG Wen-na, <i>et al.</i> (3027)
Effects of Biochar on Growth and Pollutant Accumulation of Lettuce in Soil Co-contaminated with Tetracycline and Copper	ZHENG Chen-ge, PEI Huan-huan, ZHANG Ya-shan, <i>et al.</i> (3037)
Effects of Vermicomposting on Compost Quality and Heavy Metals: A Meta-analysis	JIANG Ji-shao, HOU Rui, CUI Hui-lin, <i>et al.</i> (3047)
Advances in the Effects of Microplastics on Soil N ₂ O Emissions and Nitrogen Transformation	LIU Yi-ge, YANG An-qi, CHEN Shu-xin, <i>et al.</i> (3059)
Effects of Land Use Patterns on Soil Microplastic Pollution in the Luoshijiang Sub-watershed of Erhai Lake Basin	DAI Liu-yun, HOU Lei, WANG Hua, <i>et al.</i> (3069)
Characteristics of Microplastic Pollution in Sediment of Silty Coast in Culture Bay	SONG Ke-xin, HE Jin-cheng, LI Chang-hua, <i>et al.</i> (3078)
Effect of Polyethylene Microplastics on the Microbial Community of Saline Soils	WANG Zhi-chao, LI Zhe, LI Jia-chen, <i>et al.</i> (3088)
Characterization of Microplastic Surface Bacterial Community Structure and Prediction of Ecological Risk in Poyang Lake, China	YU Jin-li, ZHAO Jun-kai, LUO Si-qi, <i>et al.</i> (3098)
Energy-saving and Emission Reduction Path for Road Traffic in Key Coastal Cities of Guangdong, Fujian and Zhejiang	XU Yi-nuo, WENG Da-wei, WANG Shuo, <i>et al.</i> (3107)
Life Cycle Carbon Reduction Benefits of Electric Heavy-duty Truck to Replace Diesel Heavy-duty Truck	XU Yuan-yuan, GONG De-hong, HUANG Zheng-guang, <i>et al.</i> (3119)