

目次

复合污染条件下人为源 VOCs 的 SOA 生成研究进展	陈天增, 刘俊, 马庆鑫, 楚碧武, 张鹏, 刘永春, 刘昌庚, 贺泓 (1201)
全氟和多氟烷基化合物微生物降解与转化研究进展	孙红文, 方博, 陈浩, 赵茂森, 张耀之, 乔碧汀, 喻蒙 (1214)
湖泊水质参数遥感监测研究进展	王思梦, 秦伯强 (1228)
淡水环境中微塑料与重金属的“木马效应”研究进展	赵伟高, 田一梅, 赵鹏, 赵令铨, 金超 (1244)
长江经济带二氧化碳净排放时空演变特征及脱钩效应	吴一帆, 许杨, 唐洋博, 贾宁, 李玮, 李翀, 殷国栋 (1258)
中国土地利用碳排放变化及协调分区	李缘缘, 魏伟, 周俊菊, 郝瑞军, 陈帝伯 (1267)
基于 STIRPAT 模型天津减污降碳协同效应多维度分析	刘茂辉, 岳亚云, 刘胜楠, 李婧, 刘佳泓, 孙猛 (1277)
基于燃料生命周期的中国铁路排放趋势	佟惠, 范朝阳, 梁晓宇, 孙露娜, 门正宇, 赵肖阳, 毛洪钧 (1287)
浙江省大气颗粒物 PM _{2.5} 化学组分污染特征分析	周菁清, 余磊, 陈书鑫, 陆佳峰, 许亚璐, 季海冰, 张柳芳, 刘劲松, 王静 (1297)
南京亚微米级颗粒物化学组成的季节变化、粒径分布和来源	徐振麒, 尚玥, 丁峰, 谢鸣捷, 王勤耕 (1310)
洛阳地区碳质组分季节特征及来源解析: 棕碳的重要贡献	闫广轩, 侯明阳, 张朴真, 王洁琦, 王虎, 李崇浩, 王跃思 (1319)
江苏省 2019 年 S/IVOCs 排放清单及分布特征	宋童艾, 张佳颖, 关璐, 胡建林, 于兴娜 (1328)
珠三角典型工业区挥发性有机物 (VOCs) 组成特征: 含氧挥发性有机物的重要性	宋鑫, 袁斌, 王思行, 何贤俊, 李小兵, 彭钰雯, 陈钰彬, 齐吉朋, 蔡嘉骅, 黄山, 胡丹, 魏文, 刘可旋, 邵敏 (1336)
2000 ~ 2020 年天津市机动车全过程 VOCs 排放特征及演变	孙露娜, 仲崇智, 孙世达, 刘妍, 佟惠, 吴亚君, 宋鹏飞, 张丽娜, 黄旭, 吴琳, 毛洪钧 (1346)
港口自有移动源大气污染物排放清单	徐小凡, 王宝庆, 吴俊成, 李怡诺 (1357)
基于改进水资源生态足迹模型的中国水资源可持续利用仿真及调控	欧阳兴涛, 廖浩宇, 姜秋香, 王子龙 (1368)
黄河流域入海口典型区域有机磷酸酯分布特征和风险评估	曹渺, 郭昌胜, 张恒, 刘士清, 陈苗, 吕佳佩, 侯嵩, 尤新军, 徐建 (1378)
桂林会仙岩溶湿地水体与沉积物中有机氯农药污染特征	余悦, 邢新丽, 程铖, 刘威杰, 张标, 孔祥胜, 李森, 余海阔, 罗为群, 祁士华 (1387)
广东茂名主要水系表层沉积物重金属风险评估及源解析	陈小霞, 张敏, 李蓓, 温鹏翀, 丁平, 姚玲爱, 马千里, 李廷真, 蔡丹, 胡国成 (1397)
宁波市地表水重金属时空分布特性和健康风险评价	徐美娟, 杨佳, 任晓景, 赵红燕, 高夫燕, 蒋跃军 (1407)
典型西北山地-绿洲系统不同水体水化学特征及其水力关系分析	王诗语, 孙从建, 陈伟, 周思捷, 张鑫 (1416)
车汶河中上游孔隙水化学特征及控制因素	刘元晴, 周乐, 吕琳, 李伟, 王新峰, 邓启军, 郑一迪, 李常锁 (1429)
石河子-昌吉地区地下水水质时空变化及污染源解析	丁启振, 周金龙, 季彦桢, 杨方源, 张淑霞 (1440)
北方富营养分层型水库藻类季节性暴发机制及其阈值分析	温成成, 黄廷林, 孔昌昊, 张志刚, 田鹏飞 (1452)
拉林河流域底栖硅藻群落结构特征及水生态健康评价	单涛, 袁安龙, 黄子茜, 周静怡, 陆欣鑫, 范亚文 (1465)
南昌市湖泊丰水期浮游细菌群落结构及影响因素	高鹏飞, 王鹏, 黄伟, 丁明军, 张华, 聂明华, 黄高翔 (1475)
调蓄水库细菌群落季节变化特征与影响因素	丁宁, 杨莹莹, 万年新, 徐爱玲, 葛建华, 宋志文 (1484)
典型城市内河细菌群落组成与氮循环功能垂直分布及溯源分析	谭秋阳, 吕金燕, 白献宇, 程莉蓉, 李晓艳, 郭蕾 (1497)
滇中高原水库外源污染负荷贡献解析与环境容量核算	郭玉静, 李红兵, 王树明, 白乙娟, 任良锁, 丁爱中 (1508)
窄孔径含磷棉秆生物质炭的制备及对四环素的吸附机制	曾少毅, 李坤权 (1519)
高比表面疏脲改性花生壳炭的制备及对四环素和铜的吸附	闵炳坤, 李坤权 (1528)
不同供水管材生物膜抗生素抗性基因分布特征	刘晨旭, 白晓慧 (1537)
水蚀环境植被恢复对土壤有机碳固存和团聚体稳定的影响: Meta 分析	杨睿哲, 杨世龙, 翁希哲, 徐灵颖, 刘雪健, 杜运田, 张雪辰, 郑伟, 翟丙年, 王朝辉, 李紫燕 (1542)
增温施肥对稻麦农田土壤有机碳及其活性组分的影响	邓旭哲, 韩晨, 薛利祥, 侯朋福, 薛利红, 杨林章 (1553)
三江源地区高寒草地土壤功能的水平分异特征及其沿发生层的垂直变化	李柏键, 申聪聪, 刘四义, 吴华勇, 王继琛, 赵冬辉, 葛源 (1562)
鄱阳湖平原直播稻 CH ₄ 通量及其与 CO ₂ 通量的综合温室效应	时元智, 崔远来, 时硕, 洪大林, 程婕 (1572)
不同土地利用类型土壤多环芳烃的纵向污染特征及来源解析	周芷嫣, 张秀秀, 王飞, 朱昌达, 潘剑君 (1583)
石家庄道路灰尘中全氟/多氟化合物及其新型替代品的污染特征及健康风险评估	李鹏飞, 王媛, 杨晨, 史亚利, 崔建升 (1593)
南方典型矿区农业小流域耕地土壤重金属空间分布特征及污染评价	杨宇, 郭婷婷, 刘孝利, 铁柏清 (1602)
三峡库区(重庆段)菜地土壤重金属污染特征、潜在生态风险评估及源解析	石雨佳, 方林发, 方标, 叶莘莘, 范晓霞, 高坤鹏, 陈征, 肖然 (1611)
兰州市耕地表层土壤重金属的积累特征及其影响因素分析	康乐, 彭鑫波, 马延龙, 张利瑞, 张妍娥, 王泉灵, 张松林 (1620)
粤北典型工矿区土壤重金属富集特征、来源解析及风险评价	王越, 莫莉, 余新晓, 师华定, 费杨 (1636)
三门峡某铝厂遗留场地土壤重金属空间分布特征及来源解析	卢小慧, 余方中, 范一鸣, 杨阳 (1646)
某试验场土壤重金属分布特征及其污染评价	王诗雨, 李淳, 赵洪伟, 陈希, 张慧君, 朱勇兵, 赵三平, 计超, 刘晓东 (1657)
化学淋洗联合电动技术修复重金属污染土壤的效果及其机制	马强, 卫泽斌, 吴启堂 (1668)
再生铜冶炼过程中重金属排放特征和控制	林炳丞, 吴广龙, 郑明辉, 刘国瑞 (1678)
长江流域(安徽段)土壤-作物系统重金属污染特征及健康风险评价	刘海, 魏伟, 黄健敏, 赵国红 (1686)
稻-麦轮作模式下不同钝化材料对镉污染农田土壤的原位钝化效应	张路, 唐婵, 余海英, 李廷轩, 张锡洲, 黄化刚 (1698)
巯基化蒙脱石用于镉污染农田安全生产的效果及其持久性	冯先翠, 陈亚刚, 焦洪鹏, 曹鹏, 朱凤榕, 李媛媛, 江海燕 (1706)
蚯蚓、秸秆和柠檬酸对少花龙葵与韭菜修复铅镉污染土壤的影响	陈敏妮, 袁小奇, 张金峰, 何川黔, 高波 (1714)
地质高背景区富 Se 耕地可利用性研究及区划建议	王锐, 李瑜, 余京, 周蛟, 余飞, 张云逸, 蒋玉莲 (1727)
张家口市北新屯地区蔬菜种植区锆元素富集特征及成因分析	安永龙, 殷秀兰, 金爱芳, 李文娟, 鲁青原 (1735)
三峡库区消落带落叶杉人工林土壤细菌群落结构多样性及动态变化	谭雪, 董智, 张丽苗, 袁中勋, 李昌晓 (1748)
黄土丘陵区退耕还林对土壤真菌群落的影响	张蕾, 王强, 杨新月, 吕俊平 (1758)
化肥减量配施有机肥对土壤功能微生物和柠檬产量及品质的影响	王蕊燕, 熊子怡, 罗东海, 王子芳, 高明 (1768)
鸡粪和猪粪生物发酵过程中抗生素抗性基因的动态变化	张丹, 彭双, 王丹青, 王一鸣, 林先贵 (1780)
牛粪还田对土壤微生物群落特征的影响	张雅丽, 郭晓明, 胡慧, 郭暖, 徐小涛, 李建林 (1792)
《环境科学》征订启事(1406) 《环境科学》征稿简则(1592) 信息(1635, 1667, 1677)	

牛粪还田对土壤微生物群落特征的影响

张雅丽¹, 郭晓明^{1*}, 胡慧¹, 郭暖¹, 徐小涛², 李建林¹

(1. 河南理工大学资源环境学院, 焦作 454000; 2. 河南省焦作市生态环境局武陟分局, 焦作 454000)

摘要: 畜禽粪便还田对土壤质量产生了深刻影响, 而土壤微生物是反映土壤质量的敏感指标. 基于稀释平板计数和高通量测序技术, 研究了牛粪还田区土壤微生物群落特征及其影响因素. 结果表明, 与对照点相比, 牛粪还田区土壤微生物群落 β 多样性发生了显著变化; 牛粪还田增加了变形杆菌门 (Proteobacteria) 的相对丰度, 而减少了放线菌门 (Actinobacteria) 和芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes) 的相对丰度; 牛粪还田显著改变了土壤微生物群落中的鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、*PLTA13* 属、*MSB-4B10* 属、盐单胞菌属 (*Halomonas*)、*CCD24* 属、*Gaiella* 属、节杆菌属 (*Arthrobacter*)、芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 和 *Entotheonellaceae* 属的相对丰度; 影响牛粪还田区土壤微生物群落组成的重要因素是土壤含水量和放线菌数量; 牛粪还田增加了假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、梭状芽孢杆菌属 (*Clostridium*) 和链球菌属 (*Streptococcus*) 等病原菌的相对丰度, 对土壤质量存在一定的生物污染风险. 研究结果可为深入认识牛粪还田对土壤质量的影响提供数据支撑.

关键词: 牛粪还田; 高通量测序; 土壤微生物群落; 土壤性质; 生物污染

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)03-1792-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.202203090

Effects of Cow Manure Application on Soil Microbial Community in Farmland

ZHANG Ya-li¹, GUO Xiao-ming^{1*}, HU Hui¹, GUO Nuan¹, XU Xiao-tao², LI Jian-lin¹

(1. Institute of Resources and Environment, Henan Polytechnic University, Jiaozuo 454000, China; 2. Wuzhi Sub-Bureau of Jiaozuo City Ecological Environment Bureau, Department of Ecology and Environment of Henan Province, Jiaozuo 454000, China)

Abstract: Although livestock manure serves as an effective source of nutrients for agricultural purposes, it also causes an obvious risk of contamination of heavy metals and pathogens in soil. Soil microorganisms are always considered a sensitive indicator for the change in soil quality. However, knowledge of the effects of cow manure application on soil microbial community is still scarce. Therefore, the characteristics of the soil microbial community and its influencing factors in the farmland with cow manure application were studied using dilution plate counting and high-throughput sequencing. The results showed that the β diversity of the soil microbial community exhibited a significant difference between the cow manure application site and control site. The application of cow manure increased the relative abundance of Proteobacteria but decreased the relative abundances of Actinobacteria and Gemmatimonadetes. Furthermore, the cow manure application significantly changed the relative abundances of *Sphingomonas*, *PLTA13*, *MSB-4B10*, *Halomonas*, *CCD24*, *Gaiella*, *Arthrobacter*, *Bacillus*, and *Entotheonellaceae*. Both the content of soil water and actinomycete numbers were the important influencing factors of soil microbial community composition in the farmland with cow manure application. The cow manure application increased the relative abundance of pathogenic bacteria including *Pseudomonas*, *Clostridium*, and *Streptococcus*, which may have resulted in potential risks of pathogenic contamination for soil quality. The findings of this study are useful for understanding the effects of cow manure application on soil quality in farmland.

Key words: cow manure returning to farmland; high-throughput sequencing; soil microbial community; soil properties; biological pollution

畜牧业作为农业农村经济的重要支柱, 为保障畜产品市场有效供给和促进农民增收做出了重要贡献. 近年来, 随着集约化养殖场的发展, 畜禽粪便的排放量日益增长. 畜禽粪便中含有大量的碳、氮、磷和钾等营养元素, 是农业可持续发展的宝贵资源. Chen 等^[1]研究发现有机粪肥是植物可用养分和有机物的宝贵来源, 有助于提高土壤肥力. 尽管畜禽粪便还田在改良土壤结构、提高作物产量和品质等方面具有十分明显的优势, 但由于畜禽粪便酸碱度较低和含有一定数量的病原微生物、抗性基因和重金属物质, 会对土壤质量、农产品和地下水安全产生深刻影响^[2-4]. 文献^[5]指出应加强畜禽粪便还田区的日常监测, 及时掌握有害物质含量, 严防还田环境风险. 因此, 深入认识畜禽粪便还田对土壤质量的影响具有重要意义.

土壤微生物是土壤肥力的重要组成部分, 在维持土壤生态功能中扮演着重要角色, 同时是评价土

壤质量和生产力的重要指标^[6-8]. 土壤微生物是陆地生态系统物质循环的驱动者, 也是土壤肥力形成和持续发展的基础. 土壤微生物群落的结构和功能可以反映土壤质量状况, 也可以反映不断变化的环境条件^[9]. 土壤微生物数量和群落结构的变化能够直接或间接影响着土壤肥力和土地生产力^[10-15]. 因此, 开展畜禽粪便还田区土壤微生物群落特征研究, 能够揭示土壤质量对畜禽粪便还田的响应机制, 为建立科学的还田制度和实现土壤的可持续利用提供科学依据.

畜禽粪便还田对土壤物理、化学和生物性质产

收稿日期: 2022-03-10; 修订日期: 2022-06-04

基金项目: 国家自然科学基金项目(42177070); 河南省高校基本科研业务费专项(NSFRF210321); 河南省高等学校重点科研项目(22A170009)

作者简介: 张雅丽(1995~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤微生物, E-mail: 212003020071@home.hpu.edu.cn

* 通信作者, E-mail: guoxiaoming@hpu.edu.cn

生了深刻影响. Jiao 等^[16]研究发现,施用猪粪能有效地增加土壤氮、磷和有机质等养分含量. 路杨等^[17]研究发现,猪粪和秸秆还田能够降低耕层土壤容重,增加田间持水量和总孔隙度. Liu 等^[18]研究发现,施用鸡粪能够提高土壤酶活性,降低土壤中铅的浓度,促进植物生长. 目前,有关畜禽粪便的研究主要集中在其资源化利用^[19~21]、还田条件下土壤中重金属^[22~24]、抗生素^[25,26]和病原菌等污染风险评估方面^[27,28],且粪便以猪粪^[29,30]和鸡粪^[31,32]为主,而有关牛粪还田对土壤微生物群落特征的影响研究报道相对较少. 因此,本文以牛粪还田区土壤为研究对象,通过野外调查和室内分析,基于稀释平板计数和高通量测序技术,探讨了牛粪还田区土壤微生物群落特征及其影响因素,以期为进一步认识牛粪还田对土壤质量的影响提供数据支撑.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于河南省焦作市武陟县(34°56'~35°10'N,113°10'~113°39'E),地处河南省西北部 and 焦作市东南部,黄河和沁河的交汇处. 武陟县属暖温带大陆性季风气候,四季分明,夏季高温多雨,冬季寒冷干燥,多年平均气温为 14.4℃,多年平均降水量为 575.1 mm,无霜期为 211 d. 土壤类型以黄河泛滥冲积所形成的砂土和砂壤土为主^[33],种植制度为冬小麦-夏玉米一年两熟. 农业耕作土壤主要为潮土,畜牧业产值占农业总产值的一半以上.

1.2 样品采集及分析方法

1.2.1 土壤样品采集

以牛粪还田区(NR-M)和对照点(NR-C)为研究区,牛粪还田区(NR-M)施肥方式为表土撒施,施入量约为 1.9 kg·m⁻². 在研究区农田内随机布设 3 个采样点,每个采样点采取 3 个重复,采集层位为 0~20 cm. 在去除土壤样品中的石子和细根等杂物后,置于无菌自封袋中. 每个样品被分成 3 部分:一部分样品置于液氮中保存,以待土壤微生物群落组成的测定;一部分样品经风干-过筛后,以待土壤理化性质的测定;一部分样品置于冰箱冷冻保存,以待土壤微生物数量的测定. 同时,在研究区内采集牛粪,采取 3 个重复,混匀,装入无菌 EP 管中,放置液氮中保存,以待牛粪微生物群落组成的测定.

1.2.2 土壤理化性质和微生物数量的测定

土壤 pH、含水量和有机质的测试方法分别为电位法、烘干法和重铬酸钾容量法-稀释热法^[34],土壤总磷、氨氮和硝氮的测试方法分别为钼锑抗比色法、靛酚蓝比色法和酚二磺酸比色法^[35].

土壤细菌数量(牛肉膏蛋白胨琼脂培养基)、真菌数量(马丁-孟加拉红培养基)和放线菌数量(改良高氏一号培养基)的测定均采用平板表面涂布计数法^[36].

1.2.3 微生物群落组成的测定

微生物群落组成的测定是由上海派森诺生物科技有限公司完成.

微生物组总 DNA 提取:首先采用 Mag-bind Soil DNA Kit(Omega)试剂盒提取样品中的微生物 DNA,之后采用 NanoDrop NC-2000 分光光度计(Thermo Scientific,美国),在 260 nm 和 280 nm 处分别测定 DNA 的吸光值及 DNA 的浓度,并用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的质量. 调整 DNA 溶液浓度, DNA 工作液保存于 4℃,储存液保存于 -20℃.

PCR 扩增:土壤样本对于 16S rRNA 基因可变区 V5-V7 进行扩增,使用细菌特异性引物 799F(5'-AACMGGATTAGATACCCCKG-3')和 1193R(5'-ACGTCATCCCCACCTTCC-3')进行 PCR 扩增. 牛粪样本对于 16S rRNA 基因可变区 V3-V4 进行扩增,使用细菌特异性引物 338F(5'-ACTCCTACGGAG GCAGCA-3')和 806R(5'-GGACTACHVGGGTW TCTAAT-3')进行 PCR 扩增. 扩增后所有样本进行凝胶回收纯化,针对目标条带进行割胶回收,得到纯化的样本;然后进行各样本定量,利用 FLX800T 酶标仪(BioTek,美国)对各个样本定量;最后采用标准的 Illumina TruSeq DNA 文库制备实验流程构建所需的上机文库,进行高通量测序分析.

1.3 数据处理与统计分析

所有数据分析运用 SPSS 26.0 软件和派森诺基因云平台(<https://www.genesccloud.cn/home>)进行处理. 在 Illumina MiSeq 测序平台得到下机数据,利用 QIIME2 平台(2019.4)中的 DADA2 插件^[37],对原始序列数据进行引物切割、质量过滤、去噪和合并,并去除嵌合体,得到特征序列 ASVs,对比 SILVA 数据库(Release 132)进行分类学注释^[38],根据最低样本序列量的 95% 进行抽平. 使用 Venn diagrams 包绘制韦恩图^[39]. 利用非度量多维尺度(NMDS)分析,基于 Bray-Curtis 距离算法,衡量不同分组样本间群落组成的差异性,采用相似性分析(Anosim)进行检验^[40,41]. 通过 QIIME2 平台(2019.4)对样本组间的门水平和属水平分类单元丰度进行统计比较^[42]. 通过独立样本 *T* 检验法分析不同分组样本门/属水平下土壤微生物组成的差异性,通过相关性分析研究土壤微生物群落组成与土壤性质之间的关系,*T* 检验和相关性分析均采用 SPSS 26.0 软件完成.

2 结果与分析

2.1 牛粪还田区土壤理化性质含量与微生物数量

牛粪还田区 (NR-M) 与对照点 (NR-C) 土壤理化性质特征和微生物数量如表 1 和表 2 所示. 由表

1 可知,与对照点相比,牛粪的施用提高了土壤氨氮 (AN)、总磷 (TP) 和有机质 (OM) 的含量,分别高出了 0.04、0.11 和 0.05 倍. 由表 2 可知,与对照点相比,牛粪的施用增加了土壤细菌、真菌和放线菌的数量,分别高出了 1.44、4.09 和 0.34 倍.

表 1 牛粪还田区与对照点的土壤理化性质特征¹⁾

Table 1 Characteristics of soil physicochemical properties in cow manure application site and control site						
项目	pH	$\omega(\text{WC})$ /%	$\omega(\text{NN})$ /mg·kg ⁻¹	$\omega(\text{AN})$ /mg·kg ⁻¹	$\omega(\text{TP})$ /g·kg ⁻¹	$\omega(\text{OM})$ /%
NR-M	8.33 ± 0.13	20.48 ± 1.34	17.32 ± 5.88	12.94 ± 1.96	11.59 ± 1.74	3.64 ± 0.53
NR-C	8.47 ± 0.06	20.84 ± 2.06	21.25 ± 5.16	12.41 ± 3.98	10.46 ± 2.02	3.46 ± 0.92

1) WC 表示含水量,NN 表示硝氮,AN 表示氨氮,TP 表示总磷,OM 表示有机质

表 2 牛粪还田区与对照点的土壤微生物数量/cfu·g⁻¹

Table 2 Quantity of soil microorganisms in cow manure application site and control site/cfu·g ⁻¹			
项目	细菌	真菌	放线菌
NR-M	(3.96 ± 1.43) × 10 ⁶	(52.85 ± 70.91) × 10 ³	(5.09 ± 2.10) × 10 ⁵
NR-C	(1.62 ± 0.75) × 10 ⁶	(10.37 ± 10.38) × 10 ³	(3.79 ± 1.56) × 10 ⁵

2.2 牛粪还田区土壤微生物 ASVs 数目

牛粪还田区 (NR-M) 与对照点 (NR-C) 土壤微生物 ASVs 数目如图 1 所示. 从中可知,牛粪还田区与对照点土壤微生物 ASVs 数共计 29 014 个,其中共有 ASVs 数为 3 590 个,约占总数的 12.37%. 牛粪还田区特有的土壤微生物 ASVs 数为 12 930 个,约占 44.56%; 对照点特有的土壤微生物 ASVs 数为 12 494 个,约占 43.06%.

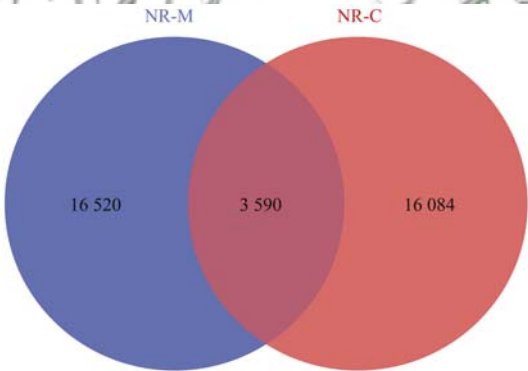


图 1 牛粪还田区和对照点土壤微生物 ASVs 数目
Fig. 1 Number of soil microbial ASVs in cow manure application site and control site

2.3 牛粪还田区土壤微生物群落 β 多样性

基于 ASV 水平的牛粪还田区 (NR-M) 与对照点 (NR-C) 土壤微生物群落 β 多样性的 NMDS 分析结果如图 2 所示. 从中可知,NMDS 的 stress 系数小于 0.2,表明图中反映的样本差异结果是非常可靠的. 牛粪还田区的 9 个土壤样品均分布在第一和第三象限,对照点 9 个土壤样品均分布在第二和第四象限,表明不同研究区之间土壤微生物群落结构发生了变化. Anosim 结果表明(表 3),不同研究区之间土壤

微生物群落结构具有显著性差异,进一步验证了 NMDS 的分析结果. 由此可见,牛粪还田导致土壤微生物群落结构发生了显著变化.

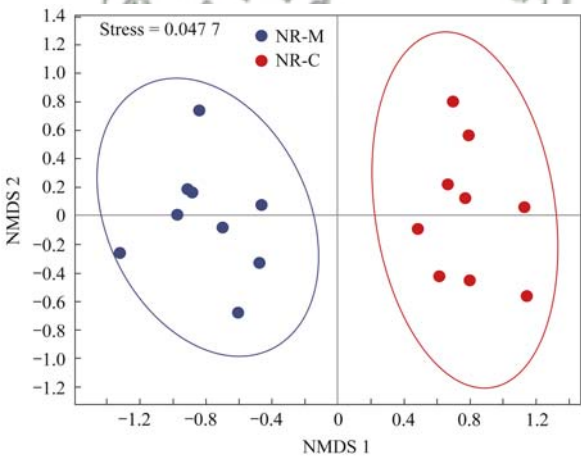


图 2 ASV 水平下的土壤微生物群落 β 多样性的 NMDS 分析
Fig. 2 NMDS analysis of soil microbial community β diversity at ASV level

2.4 牛粪还田区土壤微生物群落组成

牛粪还田区 (NR-M) 与对照点 (NR-C) 土壤微生物群落在门和属分类水平下的相对丰度和差异性分析分别见图 3 和图 4 所示. 由图 3(a) 可知,在门水平下,牛粪还田区与对照点土壤微生物群落均以变形杆菌门 (Proteobacteria) 为主,其次是放线菌门 (Actinobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria) 和绿弯菌门 (Chloroflexi),它们占相对丰度的 70% 以上. 与对照点相比,牛粪还田区土壤微生物群落组成中变形杆菌门 (Proteobacteria) 的相对丰度提高了 4.4%,而放线菌门 (Actinobacteria) 和芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes) 的相对丰度分别降低了 4.6%

和 1.7%. 由图 3(b) 可知,在属水平下,牛粪还田区与对照点土壤微生物群落均以 *Subgroup_6* 属、*MND1* 属、*Rokubacteriales* 属、鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 和 *Gaiella* 属的相对丰度较高. 与对

照点相比,牛粪还田区土壤微生物群落组成中 *PLTA13* 属的相对丰度提高了 0.98%,而鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 和 *Gaiella* 属的相对丰度分别降低了 1.14% 和 1%.

表 3 基于 Anosim 分析获得的组间差异¹⁾

Table 3 Differences between groups based on Anosim analysis							
项目	组 1	组 2	样本数量	置换检验次数	<i>R</i>	<i>P</i>	<i>q</i>
参数	NR-M	NR-C	18	999	0.9334	0.001	0.001

1) $P < 0.05$, 表示组间差异显著

由图 4(a) 可知,在门分类水平下,芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*) 和内生菌门 (*Entothaeonellaeota*) 的相对丰度在牛粪还田区与对照点之间存在显著性差异 ($P < 0.05$). 由图 4(b) 可知,在属水平下,变形杆菌门中的鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、*PLTA13* 属、*MSB-4B10* 属、盐单胞菌属 (*Halomonas*) 和 *CCD24* 属,放线菌门中的 *Gaiella* 属和节杆菌属 (*Arthrobacter*), 厚壁菌门中的芽孢杆菌属 (*Bacillus*), 内生菌门中的 *Entothaeonellaceae* 属的相对丰度在牛粪还田区与对照点土壤之间存在显著性差异 ($P < 0.05$).

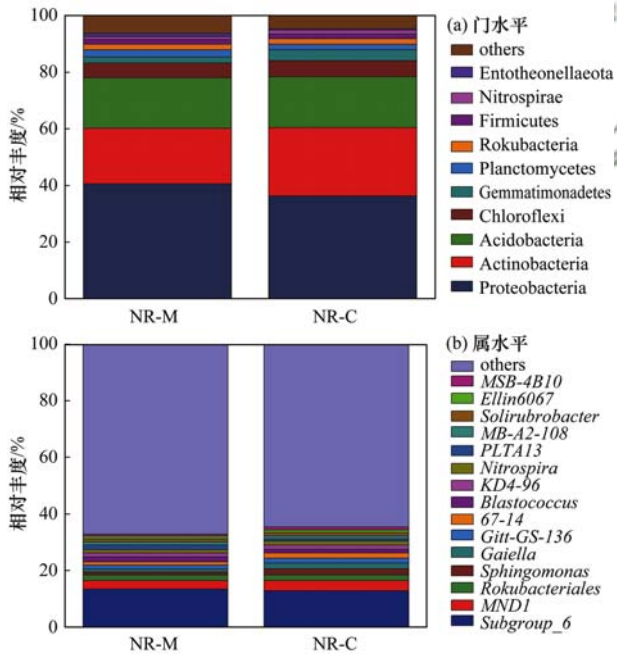


图 3 土壤微生物群落组成的相对丰度
Fig. 3 Relative abundance of soil microbial community composition

2.5 土壤微生物群落组成与土壤性质之间的相关性
牛粪还田区 (NR-M) 土壤微生物群落组成与土壤性质之间的相关系数如表 4 所示. 从中可知, *MND1* 属、芽球菌属 (*Blastococcus*)、硝化螺菌属 (*Nitrospira*)、芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 和酸杆菌属 (*Acidibacter*) 的相对丰度与含水量之间呈现显著相

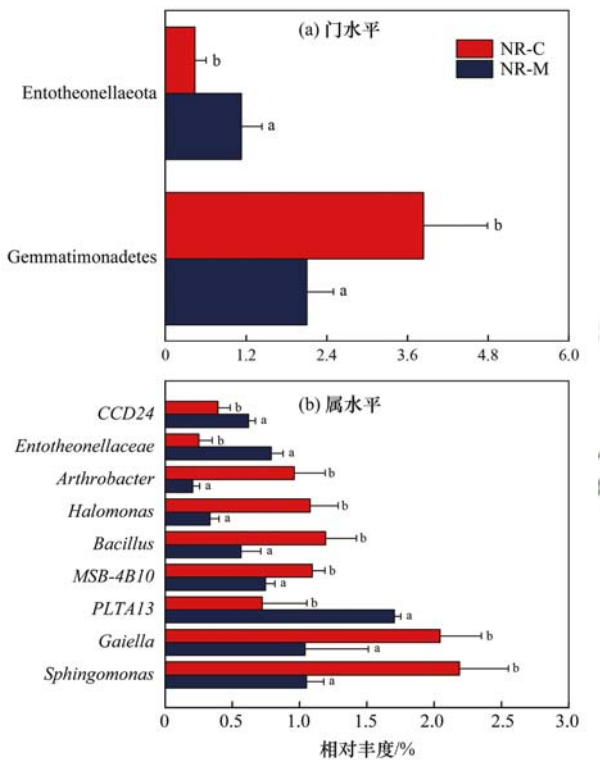


图 4 牛粪还田区与对照点土壤微生物群落组成差异
Fig. 4 Differences in soil microbial community composition between cow manure application site and control site

关性 ($P < 0.05$), *Gitt-GS-13* 属和 *MB-A2-10* 属的相对丰度与含水量之间呈现极显著相关性 ($P < 0.01$). 芽球菌属 (*Blastococcus*) 的相对丰度与放线菌数量之间呈现显著相关性 ($P < 0.05$), *MND1* 属、*Rokubacteriales* 属、硝化螺菌属 (*Nitrospira*) 和 *MSB-4B10* 属的相对丰度与放线菌数量之间呈现极显著相关性 ($P < 0.01$). 由此可见,土壤含水量和放线菌数量是影响牛粪还田区土壤微生物群落组成的关键因子.

2.6 牛粪微生物与土壤微生物之间的比较
属水平下牛粪微生物与牛粪还田区 (NR-M) 和对照点 (NR-C) 土壤微生物之间的比较如表 5 所示. 从中可知,与对照点相比,牛粪还田区土壤微生物中侏囊菌属 (*Nannocystis*)、*Planifilum* 属、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、短波单胞菌属 (*Brevundimonas*)、假

黄单胞菌属 (*Pseudoxanthomonas*) 和梭状芽孢杆菌属 (*Clostridium*) 的相对丰度较高, 并且新增出现了土 菌 属 (*Methylocaldum*) 和 藤 黄 单 孢 菌 属 芽孢杆菌属 (*Geobacillus*)、赖氨酸芽孢杆菌属 (*Luteimonas*)。而上述菌属均在牛粪中被检测出。

表 4 属水平下牛粪还田区土壤微生物群落组成与土壤性质之间的相关性¹⁾

Table 4 Correlation between soil microbial community composition and soil properties in cow manure application site at the genus level

菌属	pH	含水量	硝氮	氨氮	总磷	有机质	细菌	真菌	放线菌
MNDI	0.73 *	-0.75 *	0.05	-0.55	-0.48	-0.55	-0.21	-0.01	-0.89 **
Rokubacteriales	0.48	-0.56	0.15	-0.26	-0.78 *	-0.76 *	-0.07	-0.25	-0.86 **
Gitt-GS-13	0.63	-0.83 **	0.25	-0.81 **	-0.05	-0.28	-0.29	-0.36	-0.33
Blastococcus	-0.46	0.66 *	0.15	0.50	0.35	0.71 *	0.38	0.35	0.74 *
Nitrospira	0.43	-0.73 *	-0.15	-0.53	-0.31	-0.55	-0.13	-0.15	-0.82 **
MB-A2-10	0.76 *	-0.83 **	0.25	-0.83 **	-0.08	-0.18	-0.26	-0.15	-0.45
MSB-4B10	0.58	-0.48	0.26	-0.26	-0.60	-0.45	0.008	0.15	-0.92 **
Bacillus	0.43	-0.68 *	-0.11	-0.56	-0.25	-0.71 *	-0.52	-0.63	-0.34
Acidibacter	-0.43	0.76 *	0.48	0.80 **	-0.18	0.05	0.17	-0.01	0.43
SCI-I-84	-0.60	0.45	0.16	0.41	0	0.51	0.77 *	0.16	0.18

1) * 表示在 0.05 水平上显著相关性, ** 表示在 0.01 水平上显著相关性

表 5 属水平下牛粪微生物与土壤微生物的比较¹⁾

Table 5 Comparison between cow manure microbes and soil microbes at the genus level

菌属	牛粪	牛粪还田区	对照点
<i>Geobacillus</i>	0.007 581 ± 0.003 628	0.000 021 ± 0.000 059	ND
<i>Lysinibacillus</i>	0.004 097 ± 0.004 018	0.000 089 ± 0.000 178	ND
<i>Streptococcus</i>	0.000 026 ± 0.000 052	0.000 017 ± 0.000 048	ND
<i>Methylocaldum</i>	0.001 205 ± 0.001 693	0.000 023 ± 0.000 067	ND
<i>Luteimonas</i>	0.001 731 ± 0.002 076	0.000 016 ± 0.000 047	ND
<i>Nannocystis</i>	0.000 204 ± 0.000 268	0.000 388 ± 0.000 305	0.000 267 ± 0.000 175
<i>Planifilum</i>	0.002 642 ± 0.001 438	0.000 101 ± 0.000 155	0.000 009 ± 0.000 026
<i>Pseudomonas</i>	0.000 096 ± 0.000 079	0.006 702 ± 0.004 371	0.004 348 ± 0.004 744
<i>Brevundimonas</i>	0.000 034 ± 0.000 039	0.000 193 ± 0.000 447	0.000 133 ± 0.000 137
<i>Pseudoxanthomonas</i>	0.004 384 ± 0.002 635	0.000 599 ± 0.000 587	0.000 169 ± 0.000 193
<i>Clostridium</i>	0.002 117 ± 0.000 914	0.000 569 ± 0.000 308	0.000 176 ± 0.000 337

1) ND 表示菌属未检测出

3 讨论

3.1 牛粪还田区土壤微生物群落组成及其影响因素

本研究中,与对照点土壤相比,牛粪还田增加了变形杆菌门 (*Proteobacteria*) 的相对丰度,而减小了放线菌门 (*Actinobacteria*) 和芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*) 的相对丰度. 表明不同菌门对有机肥施用的响应存在差异. 粪便施用后,土壤有机碳和养分含量的增加,为作物生长提供了营养元素,提高了根系的生理活性,从而影响了与根际效应关系密切的变形杆菌门,导致其相对丰度的增加^[43]. 与之不同的是,刘平静等^[44]认为土壤有机质含量与放线菌门和芽单胞菌门的相对丰度呈负相关关系. 分析其原因可能为该门细菌对有机肥的施用非常敏感,有机肥的施用会抑制其生长和繁殖,导致其相对丰度减少. 此外,部分菌门 (*Gemmatimonadetes*、*Entothionellaeota*) 和部分菌属 (*Sphingomonas*、*PLTA13*、*MSB-4B10*、*Halomonas*、*CCD24*、*Gaiella*、

Arthrobacter、*Bacillus*、*Entothionellaceae*) 的相对丰度在牛粪还田区与对照点土壤之间存在显著性差异 ($P < 0.05$). 由此可见,牛粪还田显著影响了土壤微生物群落组成特征.

已有研究表明,土壤性质对土壤微生物丰度及群落多样性具有显著影响^[45,46]. 本研究发现,影响牛粪还田区土壤微生物群落组成的重要因素是土壤含水量和放线菌数量. Sheik 等^[47]研究表明,土壤含水量是影响微生物群落组成的重要因子,这与本文的研究结果是一致的. 这可能是由于土壤含水量在调节微生物碳氮循环方面发挥重要作用,土壤微生物群落对土壤含水量的变化较为敏感^[48]. 另外,土壤放线菌在有机质的分解中占主导地位,参与有机质分解和腐殖质形成分解过程. 牛粪施入增加了土壤有机质含量,促进了放线菌的繁殖以及分解作用,从而导致其对土壤微生物群落有较强烈的影响作用^[49,50].

本研究中,牛粪还田区土壤的优势菌属为

Subgroup_6 属、MNDI 属、Rokubacteriales 属、鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 和 *Gaiella* 属. 彭玉娇等^[51]研究表明,在猪粪还田土壤中, *Bryobacter* 属、*Chujaibacter* 属和乳杆菌属 (*Lactobacillus*) 为优势菌属;在鸡粪还田土壤中, *Chujaibacter* 属、*Romboutsia* 属和 *Acidipila* 属为优势菌属. 谭骏等^[52]研究表明,在土壤中施入蚯蚓粪后,芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 和 *Vicinamibacteriales* 属为主要优势菌属. 由此可见,不同粪便类型是影响土壤微生物群落组成的重要因素. 分析其原因应为,畜禽粪便还田会影响土壤微生物的分解代谢,不同粪便由于成分不同,其影响存在差异^[53]. 牛粪还田区土壤微生物对碳水化合物、氨基酸、脂类、醇类和有机酸等的分解代谢能力相对较低,进而影响土壤微生物数量和群落结构使其产生差异^[12].

3.2 牛粪施用对土壤病原菌的影响

畜禽粪便施入土壤后,除了能够为土壤提供大量的营养元素外,它含有的微生物也会进入到土壤环境中. 本研究发现,对照点和还田区土壤中共检测出 913 个菌属,牛粪中共检测出 228 个菌属,三者共有 15 个菌属. 表明牛粪中的微生物进入土壤后,其中大部分微生物是不能在土壤中存活的. 这是因为牛粪微生物主要由肠道菌群组成,由于土壤和肠道的环境条件不同,同时它们与土著微生物相比,在土壤环境中的竞争力不强,导致大部分牛粪微生物无法在土壤中生存^[54].

值得注意的是,牛粪施用增加了假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 的相对丰度,这与 Kang 等^[55]的研究结果是一致的. 假单胞菌属为革兰氏阴性杆菌,能够引起人和动物的类鼻疽病,导致败血症或休克. 另外,牛粪施用也增加了梭状芽孢杆菌属 (*Clostridium*) 和链球菌属 (*Streptococcus*) 的相对丰度. 梭状芽孢杆菌属 (*Clostridium*) 为革兰氏阳性梭状杆菌属,主要存在于土壤、动物肠道和腐败物中,能够引起破伤风等疾病. 链球菌属 (*Streptococcus*) 是常见的化脓性球菌、广泛存在于动物粪便以及自然界、引起各种化脓性炎症、猩红热、丹毒、新生儿败血症、脑膜炎、产褥热以及链球菌变态反应性疾病等. 由于牛肠道中的革兰氏阳性菌以梭菌和杆菌为主,在牛粪被还田后,革兰氏阳性梭状芽孢杆菌能够在土壤中继续存活^[56],从而导致其在土壤中的相对丰度增加. 因此,牛粪还田引发的潜在生物污染风险值得引起人们足够的重视.

通过相关性分析对病原菌与非病原菌之间的关系进行研究 (见表 6). 结果发现,假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 的相对丰度与 TRA3-20 属的相对丰

度之间呈现显著正相关性 ($P < 0.05$),与 *bacteriap25* 属的相对丰度之间呈现显著负相关性 ($P < 0.05$). 梭状芽孢杆菌 (*Clostridium*) 的相对丰度与 PLTA13 属 ($P < 0.05$)、NBI-j 属 ($P < 0.01$)、CCD24 属 ($P < 0.05$)、*Thauera* 属 ($P < 0.01$)、OMI90 属 ($P < 0.05$) 和 *Azoarcus* 属 ($P < 0.01$) 的相对丰度之间呈现显著正相关性,与 67-14 属 ($P < 0.01$)、*Arthrobacter* 属 ($P < 0.01$) 和 Subgroup_7 属 ($P < 0.05$) 的相对丰度之间呈现显著负相关性. 链球菌属 (*Streptococcus*) 的相对丰度与 *Pirellula* 属和 Subgroup_17 属的相对丰度之间呈现显著负相关性 ($P < 0.05$). 由此可见,病原菌和非病原微生物之间存在着复杂的相互作用关系,这主要是因为微生物的代谢物可分泌到环境中,诱导它们相互作用,从而产生协同、拮抗或中立的作用结果^[57]. 一方面,部分非病原微生物和病原菌是拮抗关系,能够抑制其生长;另一方面,部分非病原微生物能够促进病原菌的生长,因为它们能够利用病原菌的代谢物,这种共生关系能够增加它们对土壤中营养物质的获取^[58,59].

表 6 属水平下病原菌与非病原菌之间的相关性¹⁾

非病原菌	病原菌		
	<i>Pseudomonas</i>	<i>Clostridium</i>	<i>Streptococcus</i>
PLTA13	0.38	0.52 *	-0.08
NBI-j	0.38	0.65 **	-0.31
TRA3-20	0.54 *	0.35	-0.24
CCD24	0.44	0.55 *	-0.04
Thauera	0.27	0.67 **	-0.12
OMI90	0.23	0.56 *	-0.39
Azoarcus	0.16	0.62 **	0
67-14	-0.44	-0.60 **	0.16
Arthrobacter	-0.19	-0.73 **	0.01
Pirellula	-0.06	0	-0.49 *
Subgroup_7	-0.33	-0.53 *	-0.06
bacteriap25	-0.57 *	-0.13	0.12
Subgroup_17	-0.07	-0.34	-0.48 *

1) * 表示在 0.05 水平上显著相关性, ** 表示在 0.01 水平上显著相关性

4 结论

(1) 与对照点相比,牛粪还田区土壤微生物群落 β 多样性发生了显著变化.

(2) 牛粪还田增加了变形杆菌门 (*Proteobacteria*) 的相对丰度,而减少了放线菌门 (*Actinobacteria*) 和芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*) 的相对丰度.

(3) 牛粪还田显著改变了土壤微生物群落中的鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、PLTA13 属、MSB-

4B10 属、盐单胞菌属 (*Halomonas*)、*CCD24* 属、*Gaiella* 属、节杆菌属 (*Arthrobacter*)、芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 和 *Entothionellaceae* 属的相对丰度 ($P < 0.05$)。

(4) 影响牛粪还田区土壤微生物群落组成的重要因素是土壤含水量和放线菌数量。

(5) 大部分牛粪微生物不能够在土壤中存活, 但牛粪还田增加了假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 和梭状芽孢杆菌属 (*Clostridium*) 等病原菌的相对丰度, 并且引入了新的病原菌链球菌属 (*Streptococcus*), 对土壤质量存在一定的生物污染。

参考文献:

- [1] Chen L, Li F, Li W, *et al.* Organic amendment mitigates the negative impacts of mineral fertilization on bacterial communities in Shajiang black soil [J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, **150**, doi: 10.1016/j.apsoil.2019.103457.
- [2] 冉继伟, 肖琼, 黄敏, 等. 施肥对农田土壤抗生素抗性基因影响的整合分析 [J]. *环境科学*, 2022, **43** (3): 1688-1696.
Ran J W, Xiao Q, Huang M, *et al.* Impacts of fertilization on soil antibiotic resistance genes across croplands: a meta-analysis [J]. *Environmental Science*, 2022, **43** (3): 1688-1696.
- [3] Kamilaris A, Prenafeta-Boldú F X. Examining the perspectives of using manure from livestock farms as fertilizer to crop fields based on a realistic simulation [J]. *Computers and Electronics in Agriculture*, 2021, **191**, doi: 10.1016/j.compag.2021.106486.
- [4] Chung W J, Chang S W, Chaudhary D K, *et al.* Effect of biochar amendment on compost quality, gaseous emissions and pathogen reduction during in-vessel composting of chicken manure [J]. *Chemosphere*, 2021, **283**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2021.131129.
- [5] 刘一明. 强化监管切实提高畜禽养殖粪污资源化利用水平——两部解读《关于进一步明确畜禽粪污还田利用要求强化养殖污染监管的通知》[J]. *中国食品*, 2020, (15): 20-22.
- [6] Chen D L, Wang X X, Zhang W, *et al.* Persistent organic fertilization reinforces soil-borne disease suppressiveness of rhizosphere bacterial community [J]. *Plant and Soil*, 2020, **452** (1-2): 313-328.
- [7] 黄龙, 包维楷, 李芳兰, 等. 土壤结构和植被对土壤微生物群落的影响 [J]. *应用与环境生物学报*, 2021, **27** (6): 1725-1731.
Huang L, Bao W K, Li F L, *et al.* Effects of soil structure and vegetation on microbial communities [J]. *Chinese Journal of Applied & Environmental Biology*, 2021, **27** (6): 1725-1731.
- [8] 杨文娜, 余砾, 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.
- [9] Krcmarova M, Uhlik O, Strejcek M, *et al.* Soil microbial communities following 20 years of fertilization and crop rotation practices in the Czech Republic [J]. *Environmental Microbiome*, 2022, **17** (1), doi: 10.1186/s40793-022-00406-4.
- [10] 魏艳晨, 陈吉祥, 王永刚, 等. 荒漠植物珍珠猪毛菜根际土壤细菌多样性与土壤理化性质相关性分析 [J]. *中国农业科技导报*, 2022, **24** (5): 209-217.
Wei Y C, Chen J X, Wang Y G, *et al.* Analysis of bacterial diversity in the rhizosphere soil of *salsola passerina* and its correlation with the soil physical and chemical properties [J]. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2022, **24** (5): 209-217.
- [11] Pan H, Chen M M, Feng H J, *et al.* Organic and inorganic fertilizers respectively drive bacterial and fungal community compositions in a fluvo-aquic soil in northern China [J]. *Soil and Tillage Research*, 2020, **198**, doi: 10.1016/j.still.2019.104540.
- [12] Megyes M, Borsodi A K, árendás T, *et al.* Variations in the diversity of soil bacterial and archaeal communities in response to different long-term fertilization regimes in maize fields [J]. *Applied Soil Ecology*, 2021, **168**, doi: 10.1016/j.apsoil.2021.104120.
- [13] Yang Q L, Zheng F X, Jia X C, *et al.* The combined application of organic and inorganic fertilizers increases soil organic matter and improves soil microenvironment in wheat-maize field [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2020, **20** (5): 2395-2404.
- [14] 吴宪, 王蕊, 胡荷, 等. 潮土细菌及真菌群落对化肥减量配施有机肥和秸秆的响应 [J]. *环境科学*, 2020, **41** (10): 4669-4681.
Wu X, Wang R, Hu H, *et al.* Response of bacterial and fungal communities to chemical fertilizer reduction combined with organic fertilizer and straw in fluvo-aquic soil [J]. *Environmental Science*, 2020, **41** (10): 4669-4681.
- [15] Dai X L, Song D L, Zhou W, *et al.* Partial substitution of chemical nitrogen with organic nitrogen improves rice yield, soil biochemical indicators and microbial composition in a double rice cropping system in south China [J]. *Soil and Tillage Research*, 2021, **205**, doi: 10.1016/j.still.2020.104753.
- [16] Jiao H C, Yin Q, Fan C H, *et al.* Long-term effects of liquid swine manure land surface application in an apple orchard field on soil bacterial community and heavy metal contents in apple (*Malus pumila* Mill.) [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2021, **28** (36): 49613-49626.
- [17] 路杨, 隋丽, 周佳玲, 等. 生猪养殖粪污与秸秆混合还田对吉林省土壤肥力与玉米产量的影响 [J]. *东北农业科学*, 2022, **47** (4): 48-51.
Lu Y, Sui L, Zhou J L, *et al.* Effects of swine manure and straw mixed return on soil fertility and maize yield in Jilin province [J]. *Journal of Northeast Agricultural Sciences*, 2022, **47** (4): 48-51.
- [18] Liu L, Li J W, Wu G H, *et al.* Combined effects of biochar and chicken manure on maize (*Zea mays* L.) growth, lead uptake and soil enzyme activities under lead stress [J]. *PeerJ*, 2021, **9**, doi: 10.7717/peerj.11754.
- [19] 李永双, 孙波, 陈菊红, 等. 纳米膜覆盖对畜禽粪便好氧堆肥进程及恶臭气体排放的影响 [J]. *环境科学*, 2021, **42** (11): 5554-5562.
- [20] Li Y S, Sun B, Chen J H, *et al.* Effects of nano-membrane on aerobic composting process and odor emission of livestock manure [J]. *Environmental Science*, 2021, **42** (11): 5554-5562.
- [20] 吴浩玮, 孙小淇, 梁博文, 等. 我国畜禽粪便污染现状及处理与资源化利用分析 [J]. *农业环境科学学报*, 2020, **39** (6): 1168-1176.
Wu H W, Sun X Q, Liang B W, *et al.* Analysis of livestock and poultry manure pollution in China and its treatment and resource

- utilization[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2020, **39** (6): 1168-1176.
- [21] Awasthi S K, Kumar M, Sarsaiya S, *et al.* Multi-criteria research lines on livestock manure biorefinery development towards a circular economy: from the perspective of a life cycle assessment and business models strategies[J]. *Journal of Cleaner Production*, 2022, **341**, doi: 10.1016/j.jclepro.2022.130862.
- [22] 穆虹宇, 庄重, 李彦明, 等. 我国畜禽粪便重金属含量特征及土壤累积风险分析[J]. *环境科学*, 2020, **41** (2): 986-996.
- Mu H Y, Zhuang Z, Li Y M, *et al.* Heavy metal contents in animal manure in China and the related soil accumulation risks [J]. *Environmental Science*, 2020, **41** (2): 986-996.
- [23] Wang N Y, Wu X, Liao P, *et al.* Morphological transformation of heavy metals and their distribution in soil aggregates during biotransformation of livestock manure [J]. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, 2021, **32**, doi: 10.1016/j.beab.2021.101963.
- [24] Chen X M, Du Z, Guo T, *et al.* Effects of heavy metals stress on chicken manures composting via the perspective of microbial community feedback[J]. *Environmental Pollution*, 2022, **294**, doi: 10.1016/j.envpol.2021.118624.
- [25] Li J J, Yang H Z, Qin K N, *et al.* Effect of pig manure-derived sulfadiazine on species distribution and bioactivities of soil ammonia-oxidizing microorganisms after fertilization[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, **423**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2021.126994.
- [26] 张小红, 陶红, 王亚娟, 等. 银川市农田土壤中四环素类抗生素的污染特征及生态风险评估[J]. *环境科学*, 2021, **42** (10): 4933-4941.
- Zhang X H, Tao H, Wang Y J, *et al.* Pollution characteristics and risk assessment of tetracycline antibiotics in farmland soil in Yinchuan[J]. *Environmental Science*, 2021, **42** (10): 4933-4941.
- [27] Nag R, Russell L, Nolan S, *et al.* Quantitative microbial risk assessment associated with ready-to-eat salads following the application of farmyard manure and slurry or anaerobic digestate to arable lands[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, **806**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.151227.
- [28] Steffan J J, Derby J A, Brevik E C. Soil pathogens that may potentially cause pandemics, including severe acute respiratory syndrome (SARS) coronaviruses [J]. *Current Opinion in Environmental Science & Health*, 2020, **17**: 35-40.
- [29] Ren J H, Liu X L, Yang W P, *et al.* Rhizosphere soil properties, microbial community, and enzyme activities: short-term responses to partial substitution of chemical fertilizer with organic manure [J]. *Journal of Environmental Management*, 2021, **299**, doi: 10.1016/j.jenvman.2021.113650.
- [30] Wang C, Ning P, Li J Y, *et al.* Responses of soil microbial community composition and enzyme activities to long-term organic amendments in a continuous tobacco cropping system [J]. *Applied Soil Ecology*, 2022, **169**, doi: 10.1016/j.apsoil.2021.104210.
- [31] Zhang D Q, Cheng H Y, Hao B Q, *et al.* Fresh chicken manure fumigation reduces the inhibition time of chloropicrin on soil bacteria and fungi and increases beneficial microorganisms[J]. *Environmental Pollution*, 2021, **286**, doi: 10.1016/j.envpol.2021.117460.
- [32] Zhao X, Shen J P, Shu C L, *et al.* Attenuation of antibiotic resistance genes in livestock manure through vermicomposting via *Protaetia brevitarsis* and its fate in a soil-vegetable system[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, **807**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.150781.
- [33] 梁艳花. 武陟县花生生产气候条件及病虫害防治[J]. *河南农业*, 2021, (8): 12-13.
- [34] 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.
- [35] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [36] 许光辉, 郑洪元. 土壤微生物分析方法手册[M]. 北京: 农业出版社, 1986.
- [37] Bolyen E, Rideout J R, Dillon M R, *et al.* Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2[J]. *Nature Biotechnology*, 2019, **37** (8): 852-857.
- [38] Quast C, Pruesse E, Yilmaz P, *et al.* The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools [J]. *Nucleic Acids Research*, 2013, **41** (D1): D590-D596.
- [39] Zaura E, Keijsers B J F, Huse S M, *et al.* Defining the healthy "core microbiome" of oral microbial communities[J]. *BMC Microbiology*, 2009, **9**, doi: 10.1186/1471-2180-9-259.
- [40] Clarke K R. Non-parametric multivariate analyses of changes in community structure[J]. *Australian Journal of Ecology*, 1993, **18** (1): 117-143.
- [41] Warton D I, Wright S T, Wang Y. Distance-based multivariate analyses confound location and dispersion effects[J]. *Methods in Ecology and Evolution*, 2012, **3** (1): 89-101.
- [42] White J R, Nagarajan N, Pop M. Statistical methods for detecting differentially abundant features in clinical metagenomic samples[J]. *PLoS Computational Biology*, 2009, **5** (4), doi: 10.1371/journal.pcbi.1000352.
- [43] Lazcano C, Gómez-Brandón M, Revilla P, *et al.* Short-term effects of organic and inorganic fertilizers on soil microbial community structure and function: a field study with sweet corn [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2013, **49** (6): 723-733.
- [44] 刘平静, 肖杰, 孙本华, 等. 长期不同施肥措施下壤土细菌群落结构变化及其主要影响因素[J]. *植物营养与肥料学报*, 2020, **26** (2): 307-315.
- Liu P J, Xiao J, Sun B H, *et al.* Variation of bacterial community structure and the main influencing factors in Eumorphic Anthrosols under different fertilization regimes[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2020, **26** (2): 307-315.
- [45] 吴春晓, 高小峰, 闫本帅, 等. 长期施肥对黄土高原梯田土壤养分特征和微生物资源限制的影响[J]. *环境科学*, 2022, **43** (1): 521-529.
- Wu C X, Gao X F, Yan B S, *et al.* Effects of long-term fertilization on soil nutrient characteristics and microbial resource restrictions in a terrace on the loess plateau[J]. *Environmental Science*, 2022, **43** (1): 521-529.
- [46] Semenov M V, Krasnov G S, Semenov V M, *et al.* Long-term fertilization rather than plant species shapes rhizosphere and bulk soil prokaryotic communities in agroecosystems[J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, **154**, doi: 10.1016/j.apsoil.2020.103641.
- [47] Sheik C S, Beasley W H, Elshahed M S, *et al.* Effect of warming and drought on grassland microbial communities[J]. *The ISME Journal*, 2011, **5** (10): 1692-1700.
- [48] 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 & Environmental Biology, 2020, **26**(4): 919-927.
- [49] 张海晶, 王少杰, 罗莎莎, 等. 不同秸秆还田方式对土壤微生物影响的研究进展[J]. 土壤与作物, 2020, **9**(2): 150-158.
- Zhang H J, Wang S J, Luo S S, *et al.* Research advances in the impact of different straw returning ways on soil microorganisms [J]. Soils and Crops, 2020, **9**(2): 150-158.
- [50] K  niger J, Lugato E, Panagos P, *et al.* Manure management and soil biodiversity: towards more sustainable food systems in the EU[J]. Agricultural Systems, 2021, **194**, doi: 10.1016/j.agsy.2021.103251.
- [51] 彭玉娇, 崔学宇, 秦杰文, 等. 不同有机肥对沙田柚果园土壤细菌群落结构的影响[J]. 黑龙江农业科学, 2021, (3): 15-22.
- Peng Y J, Cui X Y, Qin J W, *et al.* Effects of different organic fertilizers on soil bacterial community in Shatian pomelo orchard [J]. Heilongjiang Agricultural Sciences, 2021, (3): 15-22.
- [52] 谭骏, 黄河, 汤薇, 等. 蚯蚓粪有机肥对土壤微生物群落的影响[J]. 江苏农业科学, 2021, **49**(20): 228-233.
- Tan J, Huang H, Tang W, *et al.* Effect of earthworm manure organic fertilizer on soil microbial community [J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2021, **49**(20): 228-233.
- [53] Chen G L, Yuan J H, Chen H, *et al.* Animal manures promoted soil phosphorus transformation via affecting soil microbial community in paddy soil[J]. Science of the Total Environment, 2022, **831**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2022.154917.
- [54] Zhang Q P, Liu J G, Guo H B, *et al.* Characteristics and optimization of dairy manure composting for reuse as a dairy mattress in areas with large temperature differences[J]. Journal of Cleaner Production, 2019, **232**: 1053-1061.
- [55] Kang Y J, Hao Y Y, Xia D, *et al.* The effects of pig manure application on the spread of tetracycline resistance in bulk and cucumber rhizosphere soils: a greenhouse experiment [J]. Canadian Journal of Microbiology, 2017, **63**(7): 563-572.
- [56] Semenov M V, Krasnov G S, Semenov V M, *et al.* Does fresh farmyard manure introduce surviving microbes into soil or activate soil-borne microbiota? [J]. Journal of Environmental Management, 2021, **294**, doi: 10.1016/j.jenvman.2021.113018.
- [57] Du J F, Li Y, Ur-Rehman S, *et al.* Synergistically promoting plant health by harnessing synthetic microbial communities and prebiotics[J]. Iscience, 2021, **24**(8), doi: 10.1016/j.isci.2021.102918.
- [58] Ho A, Angel R, Veraart A J, *et al.* Biotic interactions in microbial communities as modulators of biogeochemical processes: methanotrophy as a model system [J]. Frontiers in Microbiology, 2016, **7**, doi: 10.3389/fmicb.2016.01285.
- [59] Li M, Pommier T, Yin Y, *et al.* Indirect reduction of *Ralstonia solanacearum* via pathogen helper inhibition [J]. The ISME Journal, 2022, **16**(3): 868-875.

CONTENTS

Research Progress of SOA Formation from Anthropogenic VOCs Under Complex Pollution Condition	CHEN Tian-zeng, LIU Jun, MA Qing-xin, <i>et al.</i>	(1201)
Advances in Microbial Degradation and Transformation of Per- and Polyfluoroalkyl Substances (PFASs)	SUN Hong-wen, FANG Bo, CHEN Hao, <i>et al.</i>	(1214)
Research Progress on Remote Sensing Monitoring of Lake Water Quality Parameters	WANG Si-meng, QIN Bo-qiang	(1228)
Research Progress on Trojan-horse Effect of Microplastics and Heavy Metals in Freshwater Environment	ZHAO Wei-gao, TIAN Yi-mei, ZHAO Peng, <i>et al.</i>	(1244)
Temporal and Spatial Characteristics of Net CO ₂ Emissions and Decoupling Analysis in Yangtze River Economic Belt	WU Yi-fan, XU Yang, TANG Yang-bo, <i>et al.</i>	(1258)
Changes in Land Use Carbon Emissions and Coordinated Zoning in China	LI Yuan-yuan, WEI Wei, ZHOU Jun-ju, <i>et al.</i>	(1267)
Multi-dimensional Analysis of the Synergistic Effect of Pollution Reduction and Carbon Reduction in Tianjin Based on the STIRPAT Model	LIU Mao-hui, YUE Ya-yun, LIU Sheng-nan, <i>et al.</i>	(1277)
Railway Emission Trends in China Based on Fuel Life Cycle Analysis	TONG Hui, FAN Zhao-yang, LIANG Xiao-yu, <i>et al.</i>	(1287)
Pollution Characteristics of PM _{2.5} Chemical Composition in Zhejiang Province	ZHOU Jing-qing, YU Lei, CHEN Shu-xin, <i>et al.</i>	(1297)
Seasonal Variations, Size Distributions, and Sources of Chemical Components of Submicron Particulate Matter in Nanjing	XU Zhen-qi, SHANG Yue, DING Feng, <i>et al.</i>	(1310)
Seasonal Variations and Source Apportionment of Carbonaceous Components in Luoyang: Implication for Brown Carbon Contribution	YAN Guang-xuan, HOU Ming-yang, ZHANG Pu-zhen, <i>et al.</i>	(1319)
Establishment and Spatial Distribution of S/IVOCs Emission Inventory in Jiangsu Province in 2019	SONG Tong-ai, ZHANG Jia-ying, GUAN Lu, <i>et al.</i>	(1328)
Compositional Characteristics of Volatile Organic Compounds in Typical Industrial Areas of the Pearl River Delta: Importance of Oxygenated Volatile Organic Compounds	SONG Xin, YUAN Bin, WANG Si-hang, <i>et al.</i>	(1336)
Evolution and Characteristics of Full-process Vehicular VOCs Emissions in Tianjin from 2000 to 2020	SUN Lu-na, ZHONG Chong-zhi, SUN Shi-da, <i>et al.</i>	(1346)
Port-owned Mobile Source Air Pollutant Emission Inventory	XU Xiao-fan, WANG Bao-qing, WU Jun-cheng, <i>et al.</i>	(1357)
Simulation and Regulation of Sustainable Utilization of Water Resources in China Based on Improved Water Resources Ecological Footprint Model	OUYANG Xing-tao, LIAO Hao-yu, JIANG Qiu-xiang, <i>et al.</i>	(1368)
Occurrence Distribution and Risk Assessment of Organophosphate Esters in A Typical Area of the Estuary in the Yellow River Basin	CAO Miao, GUO Chang-sheng, ZHANG Heng, <i>et al.</i>	(1378)
Pollution Characteristics of Organochlorine Pesticides in Water and Sediments of Huixian Karst Wetland in Guilin	YU Yue, XING Xin-li, CHENG Cheng, <i>et al.</i>	(1387)
Risk Assessment and Source Analysis of Heavy Metal Pollution in Surface Sediments from Major River Systems in Maoming City, Guangdong Province	CHEN Xiao-xia, ZHANG Min, LI Bei, <i>et al.</i>	(1397)
Temporal-spatial Distribution and Health Risk Assessment of Heavy Metals in the Surface Water of Ningbo	XU Mei-juan, YANG Jia, REN Xiao-jing, <i>et al.</i>	(1407)
Analysis of Water Chemistry Characteristics and Hydraulic Relationships of Different Water Bodies in Typical Mountain-oasis Systems in the Northwest Inland Area	WANG Shi-yu, SUN Cong-jian, CHEN Wei, <i>et al.</i>	(1416)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Pore-water in the Middle and Upper Reaches of Muwen River	LIU Yuan-qing, ZHOU Le, LÜ Lin, <i>et al.</i>	(1429)
Spatial-temporal Variation in Groundwater Quality and the Contamination Source Analysis in Shihezi-Changji Area	DING Qi-zhen, ZHOU Jin-long, JI Yan-zhen, <i>et al.</i>	(1440)
Analysis of Mechanism and Start-up Thresholds of Seasonal Algal Blooms in a Northern Eutrophic Stratified Reservoir	WEN Cheng-cheng, HUANG Ting-lin, KONG Chang-hao, <i>et al.</i>	(1452)
Characteristics of Benthic Diatom Community Structure and Water Ecological Health Evaluation in the Lalin River Basin	SHAN Tao, YUAN An-long, HUANG Zi-rui, <i>et al.</i>	(1465)
Bacterioplankton Communities and Assembly Mechanisms in Wet Season of Lakes, Nanchang	GAO Peng-fei, WANG Peng, HUANG Yi, <i>et al.</i>	(1475)
Seasonal Variation and Influencing Factors of Bacterial Communities in Storage Reservoirs	DING Ning, YANG Ying-ying, WAN Nian-xin, <i>et al.</i>	(1484)
Vertical Distribution and Source Tracking Analysis of Bacteria Composition and Nitrogen Metabolism Function of a Typical Urban Inland River	TAN Qiu-yang, LÜ Jin-yan, BAI Xian-yu, <i>et al.</i>	(1497)
Contribution Analysis of External Source Pollution Load and Environmental Capacity Estimation of Reservoirs in Central Yunnan Plateau	GUO Yu-jing, LI Hong-bing, WANG Shu-ming, <i>et al.</i>	(1508)
Preparation of Narrow Pore Diameter Phosphorus Containing Cotton Stalk Carbon and Its Adsorption Mechanism for Tetracycline	ZENG Shao-yi, LI Kun-quan	(1519)
Preparation of High Specific Surface Thiourea Modified Peanut Shell Carbon and Adsorption of Tetracycline and Copper	MIN Bing-kun, LI Kun-quan	(1528)
Distribution Characteristics of Antibiotic Resistance Genes on Different Water Supply Pipes	LIU Chen-xu, BAI Xiao-hui	(1537)
Effects of Vegetation Restoration on Soil Organic Carbon Sequestration and Aggregate Stability in Water-Eroded Environment: A Meta-analysis	YANG Rui-zhe, YANG Shi-long, WENG Xi-zhe, <i>et al.</i>	(1542)
Effects of Warming and Fertilization on Soil Organic Carbon and Its Labile Components in Rice-wheat Rotation	DENG Xu-zhe, HAN Chen, XUE Li-xiang, <i>et al.</i>	(1553)
Horizontal Variation Characteristics of Alpine Grassland Soil Function and Vertical Changes Along Soil Genetic Horizons in the Three-River Headwaters Region	LI Bo-jian, SHEN Cong-cong, LIU Si-yi, <i>et al.</i>	(1562)
CH ₄ Fluxes and Their Comprehensive Greenhouse Effects with CO ₂ Fluxes in Direct-seeded Rice in Poyang Lake Plain	SHI Yuan-zhi, CUI Yuan-lai, CAI Shuo, <i>et al.</i>	(1572)
Vertical Pollution Characteristics and Source Analysis of Soil PAHs in Different Land Use Types	ZHOU Zhi-yan, ZHANG Xiu-xiu, WANG Fei, <i>et al.</i>	(1583)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Per- and Polyfluoroalkyl Substances and Emerging Alternatives in Road Dust, Shijiazhuang	LI Peng-fei, WANG Yuan, YANG Chen, <i>et al.</i>	(1593)
Spatial Distribution Characteristics and Assessment of Heavy Metal Pollution in Cultivated Soil of Agricultural Small Watershed in Typical Mining Area in South China	YANG Yu, GUO Ting-ting, LIU Xiao-li, <i>et al.</i>	(1602)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Heavy Metals in Vegetable Field in the Three Gorges Reservoir Area (Chongqing Section)	SHI Yu-jia, FANG Lin-fa, FANG Biao, <i>et al.</i>	(1611)
Accumulation Characteristics and Influencing Factors of Heavy Metals in Cultivated Land Surface Soil in Lanzhou	KANG Le, PENG Xin-bo, MA Yan-long, <i>et al.</i>	(1620)
Enrichment Characteristics, Source Apportionment, and Risk Assessment of Heavy Metals in the Industrial and Mining Area of Northern Guangdong Province	WANG Yue, MO Li, YU Xin-xiao, <i>et al.</i>	(1636)
Spatial Distribution Characteristics and Source Analysis of Heavy Metals in Soil of a Lead Plant in Sanmenxia	LU Xiao-hui, YU Fang-zhong, FAN Yi-ming, <i>et al.</i>	(1646)
Distribution Characteristics and Pollution Assessment of Heavy Metals in Soils of a Testing Range	WANG Shi-yu, LI Chun, ZHAO Hong-wei, <i>et al.</i>	(1657)
Effectiveness and Mechanisms of Chemical Leaching Combined with Electrokinetic Technology on the Remediation of Heavy Metal Contaminated Soil	MA Qiang, WEI Ze-bin, WU Qi-tang	(1668)
Emission Characteristics and Control of Heavy Metals in Secondary Copper Smelting Process	LIN Bing-cheng, WU Guang-long, ZHENG Ming-hui, <i>et al.</i>	(1678)
Heavy Metal Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Soil-crops System in Anhui Section of the Yangtze River Basin	LIU Hai, WEI Wei, HUANG Jian-min, <i>et al.</i>	(1686)
In-situ Remediation Effect of Cadmium-polluted Agriculture Land Using Different Amendments Under Rice-wheat Rotation	ZHANG Lu, TANG Chan, YU Hai-ying, <i>et al.</i>	(1698)
Effect and Persistent Effect of Thiolated Montmorillonite on Safe Production in Cadmium-contaminated Cropland	FENG Xian-cui, CHEN Ya-gang, JIAO Hong-peng, <i>et al.</i>	(1706)
Effects of Earthworm, Straw, and Citric Acid on the Remediation of Zn, Pb, and Cd Contaminated Soil by <i>Solanum photeinocarpum</i> and <i>Pterocypselia indica</i>	CHEN Min-ni, NIE Xiao-qi, ZHANG Xing-feng, <i>et al.</i>	(1714)
Availability of Se-rich Arable Land in High Geological Background Area and Suggestions for Zoning	WANG Rui, LI Yu, YU Jing, <i>et al.</i>	(1727)
Characteristics and Causes of Ge Enrichment in Vegetable Growing Areas of Beixintun Town, Zhangjiakou City	AN Yong-long, YIN Xiu-lan, JIN Ai-fang, <i>et al.</i>	(1735)
Structural Diversity and Its Temporal Variation in the Soil Bacterial Community Under Plantations of <i>Taxodium distichum</i> in the Riparian Zone of the Three Gorges Reservoir Area	TAN Xue, DONG Zhi, ZHANG Li-miao, <i>et al.</i>	(1748)
Effect of the Process of Returning Farmland to Forest in the Loess Hilly Area on Soil Fungal Communities	ZHANG Lei, WANG Qiang, YANG Xin-yue, <i>et al.</i>	(1758)
Effects of Chemical Fertilizer Reduction Substitute with Organic Fertilizer on Soil Functional Microbes and Lemon Yield and Quality	WANG Ying-yan, XIONG Zi-yi, LUO Dong-hai, <i>et al.</i>	(1768)
Dynamic Changes in Antibiotic Resistance Genes During Biological Fermentation of Chicken Manure and Pig Manure	ZHANG Dan, PENG Shuang, WANG Dan-qing, <i>et al.</i>	(1780)
Effects of Cow Manure Application on Soil Microbial Community in Farmland	ZHANG Ya-li, GUO Xiao-ming, HU Hui, <i>et al.</i>	(1792)