

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

- 主办 中国科学院生态环境研究中心
- 出版 科学出版社



2020

Vol.41 No.10
第41卷 第10期

目次

青岛春节期间大气污染特征及烟花燃放一、二次贡献分析 方天歌, 姚小红, 孟赫, 陈春强 (4345)

基于在线观测的天津市 PM_{2.5} 污染特征及来源解析 肖致美, 徐虹, 李立伟, 李鹏, 元洁, 唐逸, 杨宁, 郑乃源, 陈魁 (4355)

2017~2018年北京大气 PM_{2.5} 中水溶性无机离子特征 李欢, 唐贵谦, 张军科, 刘琴, 闫广轩, 程萌田, 高文康, 王迎红, 王跃思 (4364)

北京南部城区 PM_{2.5} 中碳质组分特征 董贵明, 唐贵谦, 张军科, 刘琴, 闫广轩, 程萌田, 高文康, 王迎红, 王跃思 (4374)

成都市冬季3次灰霾污染过程特征及成因分析 冯小琼, 陈军辉, 尹寒梅, 徐雪梅, 熊文朋, 梅林德, 钱骏, 刘政 (4382)

南京北郊黑碳气溶胶分布特征及来源 谢锋, 林煜棋, 宋文怀, 鲍孟盈, 章炎麟 (4392)

2019年10~12月京津冀及周边“2+26”城市重污染减排效果评估 朱媛媛, 高愈霄, 汪巍, 鲁宁, 许荣, 刘冰, 李健军 (4402)

保定市大气污染变化趋势及特征 苟银寅, 张凯, 李金娟, 吕文丽, 竹双, 黎洁, 何珊珊, 郑悦, 支敏康 (4413)

郑州市 VOCs 组分排放清单及其臭氧生成潜势 卢轩, 张瑞芹, 韩跃钢 (4426)

郑州市少数民族运动会期间 O₃ 及 VOCs 污染特征的演变和评估 赵金帅, 于世杰, 王楠, 马双良, 王维思, 尹沙沙, 李一丹, 张栋, 张瑞芹 (4436)

我国木器涂料及汽车涂料中挥发性有机物特征 柯云婷, 孙宇航, 成海荣, 刘锐源, 黄皓旻, 范丽雅, 叶代启 (4446)

典型脱硫工艺对燃煤锅炉烟气颗粒物的影响 张进生, 吴建会, 吕瑞鹤, 宋丹林, 黄凤霞, 张裕芬, 冯银厂 (4455)

不同居民燃煤炉具大气污染物排放差异性及其减排分析 张熠晨, 薛陈利, 刘杰, 钟连红, 薛亦峰 (4462)

天津市2017年移动源高时空分辨率排放清单 刘庚, 孙世达, 孙露娜, 金嘉欣, 房键旭, 宋鹏飞, 王婷, 吴琳, 毛洪钧 (4470)

四川省基于第二次污染源普查数据的人为源大气污染源排放清单及特征 徐晨曦, 陈军辉, 李媛, 何敏, 冯小琼, 韩丽, 刘政, 钱骏 (4482)

抗大气复合污染的城市森林植物初步筛选 李品, 卫妍妍, 冯兆忠 (4495)

宝鸡市绿植叶片重金属空间分布及污染特征 张军, 梁青芳, 高煜 (4504)

潮汕地区入海河流及水生生物中 PPCPs 分布特征及风险评估 秀措, 王尘辰, 吕永龙, 陆轶峰, 王聪, 张梦, 曹祥会 (4514)

泉州山美水库及入库河流沉积物中多溴二苯醚的时空分异和降解分析 韩文亮, 刘豫, 冯凯文 (4525)

长江上游典型山地农业小流域浅层地下水硝态氮时空变异特征及影响因素 江南, 周明华, 李红, 李子阳, 章熙峰, 朱波 (4539)

沱江流域典型农业小流域氮和磷排放特征 王宏, 徐娅玲, 张奇, 林超文, 翟丽梅, 刘海涛, 蒲波 (4547)

基于 DPeRS 模型的海河流域面源污染潜在风险评估 冯爱萍, 王雪蕾, 徐逸, 黄莉, 吴传庆, 王昌佐, 王洪亮 (4555)

降水空间异质性和非点源关键源区识别面积变化的影响 高晓曦, 左德鹏, 马广文, 徐宗学, 胡小红, 李佩君 (4564)

硅藻群落指示的近50年来大理西湖湖泊生态系统演变规律 张晨雪, 徐敏, 董一凡, 王荣, 方凤满 (4572)

海陆交互带土壤及河流沉积物中镉含量及形态分布特征 王芳婷, 陈植华, 包科, 赵信文, 孟宪萌, 黄长生 (4581)

内蒙古河套灌区排水干沟微塑料赋存特征及质量估算 王志超, 杨帆, 杨文焕, 李卫平, 杨建林, 秦一鸣, 李河 (4590)

透水/不透水格局特征对汇水单元径流污染的影响 姜智绘, 廖云杰, 谢文霞, 李佳, 房志达, 赵洪涛, 李叙勇 (4599)

铁铜双金属有机骨架 MIL-101(Fe, Cu) 活化双氧水降解染料性能 梁贺, 刘锐平, 安晓强, 刘会娟 (4607)

纳米 Cu⁰@Fe₃O₄ 活化 PMS 降解对-硝基苯酚的协同反应机制 石清清, 蒲生彦, 杨犀 (4615)

紫外活化过硫酸盐降解水中三氯蔗糖动力学和机制 余韵, 陆金鑫, 吕贞, 彭明国, 徐彬煜, 杜尔登, 郑璐 (4626)

污水生物处理工艺低温下微生物种群结构 尚越飞, 王申, 宗倪, 杜海洲, 张鑫, 齐嵘, 杨敏 (4636)

不同 DN 与 PN-ANAMMOX 耦合工艺处理中晚期垃圾渗滤液的微生物群落分析 陆明羽, 李祥, 黄勇, 殷记强, 方文焯 (4644)

全程自养颗粒污泥快速启动及混合营养型脱氮性能分析 齐泽坤, 王建芳, 钱飞跃, 刘雨馨, 乔伟, 李小蝶 (4653)

不同低碳氮比废水中好氧颗粒污泥的长期运行稳定性 袁强军, 张宏星, 陈芳媛 (4661)

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 吴宪, 王蕊, 胡荷, 修伟明, 李刚, 赵建宁, 杨殿林, 王丽丽, 王欣奕 (4669)

不同轮作模式下作物根际土壤养分及真菌群落组成特征 孙倩, 吴宏亮, 陈阜, 康建宏 (4682)

酒糟生物炭短期施用对贵州黄壤氮素有效性及细菌群落结构多样性的影响 张萌, 刘彦伶, 魏全全, 苟久兰 (4690)

稻油不同轮作模式对农田甲烷和氧化亚氮排放的影响 陈友德, 赵杨, 高杜娟, 罗先富, 崔婷, 童中权, 吴家梅 (4701)

解淀粉芽孢杆菌生物有机肥防控土壤氮挥发 杨亚红, 薛莉霞, 孙波, 张宝, 庄绪亮, 庄国强, 白志辉 (4711)

外源磷对镉胁迫下水稻生长及镉累积转运的影响 霍洋, 仇银燕, 周航, 胡雨丹, 邓鹏辉, 魏宾纭, 辜娇峰, 刘俊, 廖柏寒 (4719)

水稻不同生育期 As 胁迫下 As 累积关键生育期 邓鹏辉, 蔡雅琴, 周航, 刘雅, 杨文俊, 辜娇峰, 廖柏寒 (4726)

铅锌矿区玉米中重金属污染特征及健康风险评价 周艳, 王金忠, 李群, 黄剑波, 张胜田, 龙涛, 邓绍坡 (4733)

浙江省台州市电子垃圾拆解地多溴联苯醚浓度水平分布特征和迁移趋势 魏抱楷, 柳晨, 王英, 金军 (4740)

重庆市酉阳县南部农田土壤重金属污染评估及来源解析 王锐, 邓海, 严明书, 何忠库, 周皎, 梁绍标, 曾琴琴 (4749)

重庆市畜禽粪便及菜田土壤中四环素类抗生素生态风险评价 彭秋, 王卫中, 徐卫红 (4757)

《环境科学》征订启事 (4435) 《环境科学》征稿简则 (4445) 信息 (4606, 4625, 4732)

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

吴宪, 王蕊, 胡荷, 修伟明*, 李刚*, 赵建宁, 杨殿林, 王丽丽, 王欣奕

(农业农村部环境保护科研监测所, 农业农村部产地环境污染防治重点实验室, 天津市农业环境与农产品安全重点实验室, 天津 300191)

摘要: 为了研究化肥减量配施有机肥和秸秆对华北麦玉米轮作田潮土细菌和真菌群落的影响, 在天津市宁河区试验基地开展田间定位施肥试验, 采用 Illumina 高通量测序技术比较了 5 种施肥模式(单施化肥处理, F; 化肥减施处理, FR; 化肥减量与秸秆配施处理, FRS; 化肥减量与有机肥配施处理, FRO; 化肥减量与有机肥和秸秆配施处理, FROS) 下土壤细菌及真菌群落的组成、多样性和结构差异, 并结合土壤理化性质分析, 探究不同施肥处理下驱动细菌和真菌群落变化的关键土壤环境因子。结果表明, FRO 处理显著提高了土壤 SOM 含量。FROS 处理的 TP 含量显著高于 FRS 处理, 增加了 13.33%。FRO 和 FROS 处理 AP 含量较其它处理显著增加, NH_4^+-N 含量显著高于化肥处理(F 和 FR)。各施肥处理土壤中优势细菌门类均为变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)和酸杆菌门(Acidobacteria), 优势真菌门类均为子囊菌门(Ascomycota)。在化肥减量配施有机肥(FRO)的基础上添加秸秆(FROS)显著降低了放线菌门(Actinobacteria)的相对丰度。FRS 和 FROS 处理均显著降低了芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)的相对丰度。FROS 处理显著提高了浮霉菌门(Planctomycetes)和疣微菌门(Verrucomicrobia)的相对丰度。对于真菌群落而言, 有机肥(FRO 和 FROS)的施入显著提高了子囊菌门(Ascomycota)的相对丰度。与 FR 处理相比, FROS 处理显著降低了被孢菌门(Mortierellomycota)和油壶菌门(Olpidiomycota)的相对丰度, 且 FRS 处理同样显著降低了油壶菌门(Olpidiomycota)的相对丰度。FROS 处理的细菌群落 Shannon 多样性指数显著高于 F 和 FR 处理, 分别增加了 1.26% 和 1.25%, Chao1 指数较 F 处理显著增加了 4.51%。细菌 Shannon 多样性指数与 AP 和 NH_4^+-N 含量显著正相关($P < 0.05$)。与 FR 处理相比, FRS、FRO 和 FROS 处理显著降低了真菌群落 Shannon 多样性指数, 分别达到 29.85%、24.94% 和 25.73%, 真菌 Shannon 多样性指数与 AP 含量显著负相关($P < 0.05$)。细菌群落结构在 FROS 处理下显著区别于 F、FR 和 FRO 处理, 土壤 SM、TP、pH 和 AP 是导致细菌群落结构变化的主要驱动因子; 真菌群落结构在 FRO 和 FROS 处理下显著区别于 F 和 FR 处理, 真菌群落结构变化主要受土壤 TN、AP 和 TP 的驱动。综上所述, 添加有机肥和秸秆改变了土壤理化性质, 进而改变了土壤细菌和真菌群落组成, 土壤真菌对有机物料的敏感程度高于细菌, 细菌和真菌群落结构均受到土壤 P 的调控, 在潮土农业耕作中应引起充分重视。

关键词: 化肥减量; 有机肥; 秸秆; 细菌群落; 真菌群落; 潮土

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2020)10-4669-13 DOI: 10.13227/j.hjx.202003068

Response of Bacterial and Fungal Communities to Chemical Fertilizer Reduction Combined with Organic Fertilizer and Straw in Fluvo-aquic Soil

WU Xian, WANG Rui, HU He, XIU Wei-ming*, LI Gang*, ZHAO Jian-ning, YANG Dian-lin, WANG Li-li, WANG Xin-yi

(Key Laboratory of Original Agro-environment Pollution Prevention and Control of Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Tianjin Key Laboratory of Agro-environment and Agro-product Safety, Agro-environmental Protection Institute of Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Tianjin 300191, China)

Abstract: To investigate the effects of chemical fertilizer reduction combined with organic fertilizer and straw on bacterial and fungal communities in fluvo-aquic soil under a wheat-maize rotation system in North China, a field-oriented fertilization experiment was performed at a trial base in Ninghe District of Tianjin. The differences in composition, diversity, and structure of bacterial and fungal communities were evaluated using five fertilization patterns (chemical fertilizer, F; chemical fertilizer reduction, FR; chemical fertilizer reduction combined with straw, FRS; chemical fertilizer reduction combined with organic fertilizer, FRO; chemical fertilizer reduction combined with organic fertilizer and straw, FROS) using Illumina high-throughput sequencing technology. Further, the main soil environmental factors driving the alteration of bacterial and fungal communities under different fertilization treatments were explored in combination with soil chemical analysis. The results showed that adding organic fertilizer (FRO) significantly increased the SOM content. In comparison with the FRS treatment, the TP content in the FROS treatment significantly increased by 13.33%. The AP

收稿日期: 2020-03-06; 修订日期: 2020-04-03

基金项目: 公益性行业(农业)科研专项(201503121-04); 国家重点研发计划项目(2016YFD0201009); 中国农业科学院科技创新工程项目

作者简介: 吴宪(1996~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为生物多样性与生态农业, E-mail: wuxian15@163.com

* 通信作者, E-mail: xiuweiming@caas.cn; ligang06@caas.cn

content increased significantly after applying the FRO and FROS treatment, and it increased by 18.03%-33.45% and 22.69%-38.72%, respectively, as compared to that with the other treatments. The $\text{NH}_4^+\text{-N}$ content of FRO and FROS treatments was significantly higher than that of chemical fertilizer treatments (F and FR), which was 2.14 and 2.23 times that of F treatment, and 2.23 and 2.33 times that of FR treatment, respectively. Proteobacteria, Actinobacteria, Chloroflexi, and Acidobacteria were the dominant bacterial phyla for all treatments, with Ascomycota being the dominant fungal phylum. Based on the chemical fertilizer reduction combined with organic fertilizer, the addition of straw (FROS) significantly decreased the relative abundance of Actinobacteria. Under the FRS and FROS treatments, a significant decrease in the relative abundance of Gemmatimonadetes was observed. Moreover, the FROS treatment caused a significant decrease in the relative abundance of Planctomycetes and Verrucomicrobia. As for the fungal community, the relative abundance of Ascomycota was significantly increased under the treatments applying organic fertilizer (FRO and FROS). In comparison with the FR treatment, the FROS treatment significantly decreased the relative abundance of Mortierellomycota and Olpidiomycota, and the FRS treatment also showed a significant inhibitory effect on the relative abundance of Mortierellomycota. The Shannon index of bacterial community of the FROS treatment was significantly reduced by 1.26% and 1.25% in comparison with the F and FR treatments, respectively; the Chao1 index increased by 4.51% as compared with that of the F treatment. The Shannon index of bacterial community exhibited a significantly positive correlation with available phosphorus as well as ammonium content ($P < 0.05$). In comparison to the FR treatment, the FRS, FRO, and FROS treatments significantly decreased the Shannon index of fungal community by 29.85%, 24.94%, and 25.73%, respectively. A significantly positive relationship between the Shannon index of fungal community and available phosphorus content was observed. The community structure of bacteria of the FROS treatment was significantly different from that of F, FR, and FRO treatments, with the soil moisture, total phosphorus, pH, and available phosphorus as the major driving factors; the fungal community structure of the FRO and FROS treatments showed significant difference from that of the F and FR treatments, and the fungal community structure was mainly altered by total nitrogen, available phosphorus, and total phosphorus. In summary, our results indicated that the bacterial and fungal communities in fluvo-aquic soil exhibited a relatively strong response to the chemical fertilizer reduction combined with organic fertilizer and straw; meanwhile, the fungal community was also significantly influenced by chemical fertilizer reduction with organic fertilizer. Therefore, the organic fertilizer and straw drive the changes in the bacterial and fungal community composition, while improving the soil physicochemical properties. The fluvo-aquic fungi were more sensitive to the organic materials than the bacteria. Soil P was a common important influencing factor for regulating the bacterial and fungal community structure, and it should be paid full attention during the agricultural cultivation of fluvo-aquic soil.

Key words: fertilizer reduction; organic fertilizer; straw; bacterial community; fungal community; fluvo-aquic soil

土壤微生物在维持土壤健康、生产力和可持续性等方面发挥着重要作用^[1]. 土壤微生物主要由细菌和真菌组成,二者共同维持土壤环境健康^[2]. 细菌能够促进土壤结构改善和植物生长^[3],真菌可以与农作物共生形成菌根,进而促进植物生长和维持农业生态系统稳定^[4]. 细菌和真菌群落各自内部及二者之间的相互作用对于生态系统服务功能的提高具有重要意义,复杂的微生物网络有助于提高生态系统功能多样性^[5]. 近年来,专家学者重点关注细菌群落对施肥方式的响应特征,而对真菌群落及其与细菌群落之间的内在联系有待进一步探索^[6].

面对日益增长的粮食需求,为获得更高的作物产量,化肥投入量往往大于作物对养分的需求^[7]. 化肥施用量超过一定阈值不仅不能促进作物的增产,反而会造成大量的元素损失^[8],降低土壤微生物多样性进而增加土壤退化风险^[9]. 不同施肥措施会引发土壤理化性质变化,进而导致土壤微生物群落结构发生改变. 研究表明,长期施用无机肥会降低细菌和真菌的多样性和数量,改变群落组成^[10,11]. 越来越多的研究证实,有机肥部分替代化肥已成为实现粮食增产、遏制环境污染的有效措施^[12,13]. 有机肥可以通过改善土壤理化性质和调节土壤酶活性来降低氮肥氨挥发,减少磷钾肥在土壤中的固定以提高供肥能力^[14]. 实施有机培肥措施是恢复土壤肥

力并提高土壤生产力的重要农耕举措^[15]. 有机肥对土壤有机质的积累以及微生物群落组成和相互关系的改善起着至关重要的作用^[16].

在华北平原等农业集约化地区,化肥的过量施用是农业发展面临的一大难题^[8]. 冬小麦-夏玉米轮作制是华北地区典型的农业耕作制度^[9],其小麦和玉米产量分别占全国总产量的60%~80%和35%~40%^[17]. 因富含有机碳和植物生长所必需的氮磷钾以及其它微量元素,作物收获后残留的副产物——秸秆作为一种生物质资源可用作特殊有机肥料. 作物秸秆回田利用不仅可以节约化肥,还能增加土壤有机碳的含量,减轻秸秆焚烧带来的大气污染^[18]. 据报道,秸秆添加可以改善土壤结构,保持土质疏松多孔,并通过改变土壤的理化性质直接或间接地影响土壤微生物群落^[7]. 例如,秸秆还田提高了拟杆菌门(Bacteroidetes)和变形菌门(γ -Proteobacteria)的相对丰度^[19],增加了真菌的丰富度和多样性^[20].

在可持续农业发展的背景下,了解细菌和真菌群落如何响应现代农业施肥制度非常重要^[21]. 现有的研究主要集中在有机-无机肥配施或秸秆还田等施肥方式导致的土壤微生物群落变化,而化肥-有机肥-秸秆三者结合的施肥方式下土壤细菌和真菌群落的响应机制及主要驱动因子尚缺乏深入研究,尤其是对华北平原潮土区典型麦玉轮作田化肥减量并

配施有机肥和秸秆后土壤微生物群落多样性及其结构变化的研究鲜有报道. 此外, 细菌和真菌群落对不同施肥方式的响应不尽相同. 有研究表明, 有机肥和秸秆的施入改变了真菌群落结构和多样性, 但对细菌群落结构和多样性的影响并不显著^[22,23], 但有学者持不同观点^[24]. 因此, 为进一步探明土壤细菌和真菌群落对潮土减量化肥-有机肥-秸秆三者结合的施肥方式的响应机制, 本研究采用高通量测序技术并结合生物信息学分析明确不同施肥措施对农田潮土细菌及真菌的物种组成、多样性和群落结构的影响, 明晰引起细菌和真菌群落变化的主控土壤环境因子, 以期为华北潮土区农田合理施肥提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 试验地概况与试验设计

本试验地位于天津市宁河区试验基地 (39°48' N, 117°71' E), 土壤类型为潮土. 该地区属温带大陆性季风气候, 年均气温 11.2℃, 年均降水量 642 mm, 全年无霜期 210 d^[25]. 本试验始于 2015 年, 耕作方式为冬小麦-夏玉米轮作, 田间管理按照当地常

规生产模式进行. 试验共设 5 个处理: 单施化肥处理 (F)、化肥减量处理 (FR)、化肥减量与秸秆配施处理 (FRS)、化肥减量与有机肥配施处理 (FRO) 和化肥减量与有机肥和秸秆配施处理 (FROS), 试验小区具体施肥情况见表 1. 由于各处理小区面积较大 (22 m × 22 m), 故没有设置重复小区, 取样时将小区分为 3 个区域即 3 次假重复.

本试验中施用的肥料包括无机复合肥 (N 含量 28%, P₂O₅ 含量 13%, K₂O 含量 5%)、磷肥 (P₂O₅ 含量 12%)、钾肥 (K₂O 含量 60%)、尿素 (N 含量 46%) 以及有机肥 (NPK 总含量 ≥ 5%, 有机质含量 ≥ 40%), 由石家庄市希星肥业科技有限公司生产. 每年 9 月底玉米收获后, 将有机肥、磷肥、钾肥和纯氮量 60% 的化肥 (无机复合肥) 作为基肥在冬小麦播种时一次性施入农田. 6 月初小麦收获后, 在玉米播种时将磷肥、钾肥和纯氮量 60% 的化肥 (无机复合肥) 作为基肥一次性施入农田. 在小麦苗期和玉米拔节期分别追施纯氮量 40% 的化肥 (尿素). 小麦秸秆全部粉碎后覆盖地表还田, 玉米秸秆粉碎成小段翻埋还田.

表 1 试验小区施肥情况

Table 1 Fertilization situation in test plots

作物类型	处理	N/kg·hm ⁻²		P ₂ O ₅ /kg·hm ⁻²	K ₂ O /kg·hm ⁻²	有机肥 /t·hm ⁻²	秸秆还田比例 /%
		基肥	追肥				
小麦季	F	120	80	187.5	63	0	100
	FR	84	56	131.25	44.1	0	100
	FRS	84	56	131.25	44.1	0	100
	FRO	84	56	131.25	44.1	15	100
	FROS	84	56	131.25	44.1	15	100
玉米季	F	120	80	187.5	63	0	0
	FR	84	56	131.25	44.1	0	0
	FRS	84	56	131.25	44.1	0	100
	FRO	84	56	131.25	44.1	0	0
	FROS	84	56	131.25	44.1	0	100

1.2 土壤样品采集

2019 年 9 月于玉米收获前, 使用直径 5 cm 的土壤采样器采集 0 ~ 20 cm 耕层土壤, 将在每个区域随机采集的 5 个土芯混合成 1 个土壤样品, 剔除石砾和植物残体等杂质后装入灭菌自封袋暂存于保温箱中并迅速带回实验室. 将每份土壤样品过 2 mm 筛后分为 3 份子样品, 一份于 -70℃ 保存, 用于土壤 DNA 提取; 另一份经风干或烘干后用于测定土壤理化性质; 第三份于 4℃ 保存, 用于测定土壤铵态氮 (ammonium nitrogen, NH₄⁺-N) 和硝态氮 (nitrate nitrogen, NO₃⁻-N) 含量.

1.3 试验方法

1.3.1 土壤理化性质测定

土壤化学性质的测定方法参照文献^[26]. 土壤

pH 在 2.5:1 水土比下采用复合电极测定; SOM 采用重铬酸钾容量法测定; TN 采用半微量开氏法测定; TP 采用 HClO₄-H₂SO₄ 消煮-钼锑抗比色法测定; AP 采用 NaHCO₃ 浸提-钼锑抗比色法测定; NO₃⁻-N 和 NH₄⁺-N 经 0.01 mol·L⁻¹ CaCl₂ 浸提后使用流动分析仪 (AA3, SEAL Analytical, Germany) 测定; 将土壤样品于 105℃ 下烘干 8 h 至恒重, 测定土壤含水量 (soil moisture, SM).

1.3.2 土壤 DNA 提取和 PCR 扩增

采用 Fast DNA[®] Spin Kit for Soil (MP Biomedicals, U. S. A) 按照说明书进行土壤 DNA 抽提, 使用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的提取质量, 使用 NanoDrop2000 测定 DNA 浓度和纯度. 用引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和

806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 扩增细菌 16S rRNA 基因的 V3-V4 高变区序列^[27], PCR 扩增程序如下: 95℃ 预变性 3 min, 27 个循环(95℃ 变性 30 s, 55℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 45 s), 然后 72℃ 稳定延伸 10 min. 用引物 ITS1F (5'-CTTGGT CATTAGAGGAAGTAA-3') 和 ITS2R (5'-GCTG CGTTCATCGATGC-3') 扩增真菌的 ITS rRNA 区序列^[28], PCR 扩增程序如下: 95℃ 预变性 3 min, 35 个循环(95℃ 变性 30 s, 55℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 45 s), 然后 72℃ 稳定延伸 10 min. PCR 反应体系为: 5 × TransStart FastPfu 缓冲液 4 μL, 2.5 mmol·L⁻¹ dNTPs 2 μL, 上下游引物(5 μmol·L⁻¹) 各 0.8 μL, TransStart FastPfu DNA 聚合酶 1.0 U, 模板 DNA 10 ng, 加 ddH₂O 补足至 20 μL. 本试验中设置空白对照, 空白对照和每个 DNA 样品均设置 3 次重复.

1.3.3 Illumina 高通量测序与生物信息学分析

将同一样品的 PCR 产物混合后通过 2% 琼脂糖凝胶电泳, 使用 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit (Axygen Biosciences, Union City, CA, USA) 进行回收纯化, 回收产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳检测并用 Quantus™ Fluorometer (Promega, USA) 进行定量. 使用 NEXTFLEX® Rapid DNA-Seq Kit 进行建库: ① 接头链接; ② 使用磁珠筛选去除接头自连片段; ③ 利用 PCR 扩增进行文库模板的富集; ④ 磁珠回收 PCR 产物得到最终的文库. 利用 Illumina 公司的 MiSeq PE300 平台进行测序. 使用 Trimmomatic 软件对原始测序序列进行质控, 使用 FLASH 软件进行拼接: ① 过滤序列尾部质量值 20 以下的碱基, 设置 50 bp 的窗口, 如果窗口内的平均质量值低于 20, 从窗口开始截去后端碱基, 过滤质控后 50 bp 以下的序列, 去除含 N 碱基的序列; ② 根据 PE 序列之间的重叠关系, 将成对序列拼接成一条序列, 最小重叠长度为 10 bp; ③ 拼接序列的重叠区允许的最大错配比率为 0.2, 筛选不符合序列; ④ 根据序列首尾两端的条形码和引物区分样品, 并调整序列方向, 条形码允许的错配数为 0, 最大引物错配数为 2. 使用 UPARSE 软件 (version 7.1, <http://drive5.com/uparse/>), 根据

97% 的相似度对高质量的核酸序列聚类到操作分类单元 (operational taxonomic units, OTUs) 并剔除嵌合体^[29]. 利用 RDP classifier (<http://rdp.cme.msu.edu/>) 对每条序列进行物种分类注释, 设置比对阈值为 70%. 使用 QIIME 程序计算群落 Shannon 多样性指数和 Chao1 丰富度指数.

1.3.4 统计分析

利用单因素方差分析 (One-way ANOVA) 中的 Duncan 方法对不同处理的土壤理化性质和物种组成的相对丰度进行方差分析和显著性检验. 使用 SPSS 23.0 进行皮尔逊 (Pearson) 相关分析. 采用基于 Bray-Curtis 距离矩阵的非度量多维尺度分析 (non-metric multidimensional scaling, NMDS) 确定细菌和真菌群落的结构差异. 采用 R 语言 vegan 包进行相似性分析 (analysis of similarities, ANOSIM) 以确定组间差异是否显著大于组内差异, 并进行冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 以评价土壤环境因子对细菌和真菌群落结构的影响. 采用 AMOS 软件 (IBM SPSS AMOS 21.0.0) 构建结构方程模型 (structural equation model, SEM) 框架检测土壤环境因子、群落组成和群落多样性间假设因果关系的显著性.

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质变化

不同施肥处理改变了土壤 SOM、TP、AP 和 NH₄⁺-N 含量 (表 2). 与 F 和 FR 处理相比, 添加有机肥 (FRO) 显著提高了土壤 SOM 含量, 土壤 SOM 含量分别增加了 21.30% 和 20.10%. FROS 处理的土壤 TP 含量显著高于 FRS 处理, 达到 13.33%. 施入有机肥和秸秆处理 (FRO 和 FROS) 后土壤 AP 含量显著增加, 相比于其它处理分别提高了 18.03% ~ 33.45% 和 22.69% ~ 38.72%. FRO 和 FROS 处理的 NH₄⁺-N 含量显著高于化肥处理 (F 和 FR), 分别是 F 处理的 2.14 和 2.23 倍, 是 FR 处理的 2.23 和 2.33 倍. 各处理间土壤 pH、TN、NO₃⁻-N 和 SM 值无显著差异.

表 2 不同施肥处理土壤理化性质¹⁾

Table 2 Physicochemical properties of soil under different fertilization treatments

处理	pH	SOM /g·kg ⁻¹	TN /g·kg ⁻¹	TP /g·kg ⁻¹	AP /mg·kg ⁻¹	NH ₄ ⁺ -N /mg·kg ⁻¹	NO ₃ ⁻ -N /mg·kg ⁻¹	SM /%
F	8.11 ± 0.12a	20.00 ± 1.49b	0.95 ± 0.04a	0.78 ± 0.02ab	40.54 ± 1.75b	1.45 ± 0.11c	16.05 ± 3.46a	15.38 ± 0.53a
FR	8.19 ± 0.01a	20.20 ± 1.78b	0.96 ± 0.05a	0.81 ± 0.02ab	36.44 ± 3.72b	1.39 ± 0.17c	15.62 ± 1.72a	16.05 ± 0.21a
FRS	8.20 ± 0.17a	21.10 ± 1.15ab	0.89 ± 0.12a	0.75 ± 0.05b	41.20 ± 2.01b	2.20 ± 0.43bc	12.77 ± 0.82a	16.20 ± 1.22a
FRO	8.21 ± 0.02a	24.26 ± 1.83a	0.97 ± 0.08a	0.82 ± 0.04ab	48.63 ± 2.34a	3.10 ± 1.08ab	19.45 ± 3.81a	15.69 ± 1.41a
FROS	8.22 ± 0.02a	23.70 ± 3.05ab	1.03 ± 0.12a	0.85 ± 0.07a	50.55 ± 2.65a	3.24 ± 0.28a	19.03 ± 8.77a	17.50 ± 1.42a

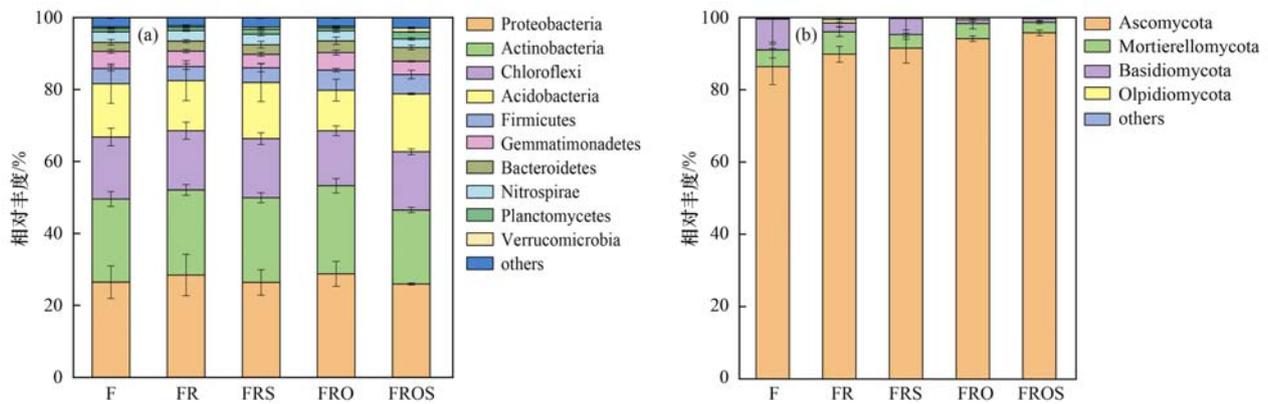
1) 数据为平均值 ± SD (n = 3); 同列不同小写字母表示不同处理间差异显著 (P < 0.05)

2.2 细菌和真菌群落组成的变化

经过质量筛选后,共获得864 358条(每个样品40 790 ~ 70 539条序列)高质量的16S rRNA 基因序列和1 009 448条(每个样品52 235 ~ 74 038条序列)高质量的ITS 序列.基于97%的相似性阈值进行聚类,分别得到5 905个和746个OTU.

聚类分析结果表明,细菌菌群分属46个门、118个纲、242个目、457个科、887个属和1791个种,真菌菌群分属9个门、27个纲、67个目、140个科、242个属和383个种.细菌和真菌群落在门水平上的物种组成如图1所示.各处理中土壤优势细菌门(相对丰度大于10%)为变形菌门(Proteobacteria,平均相对丰度为27.22%)、放线菌

门(Actinobacteria,23.06%)、绿弯菌门(Chloroflexi,16.30%)和酸杆菌门(Acidobacteria,14.34%),这4个门占总序列数的80.93%,其次为厚壁菌门(Firmicutes,4.63%)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes,4.27%)、拟杆菌门(Bacteroidetes,3.00%)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae,2.80%)、浮霉菌门(Planctomycetes,1.22%)和疣微菌门(Verrucomicrobia,0.57%).子囊菌门(Ascomycota)是各处理土壤的优势真菌门,平均相对丰度为91.50%,其次为被孢菌门(Mortierellomycota,4.34%)、担子菌门(Basidiomycota,3.51%)和油壶菌门(Olpidiomycota,0.37%).



(a)细菌群落组成;(b)真菌群落组成;将所有样本中相对丰度均小于1%的物种归为 others,下同

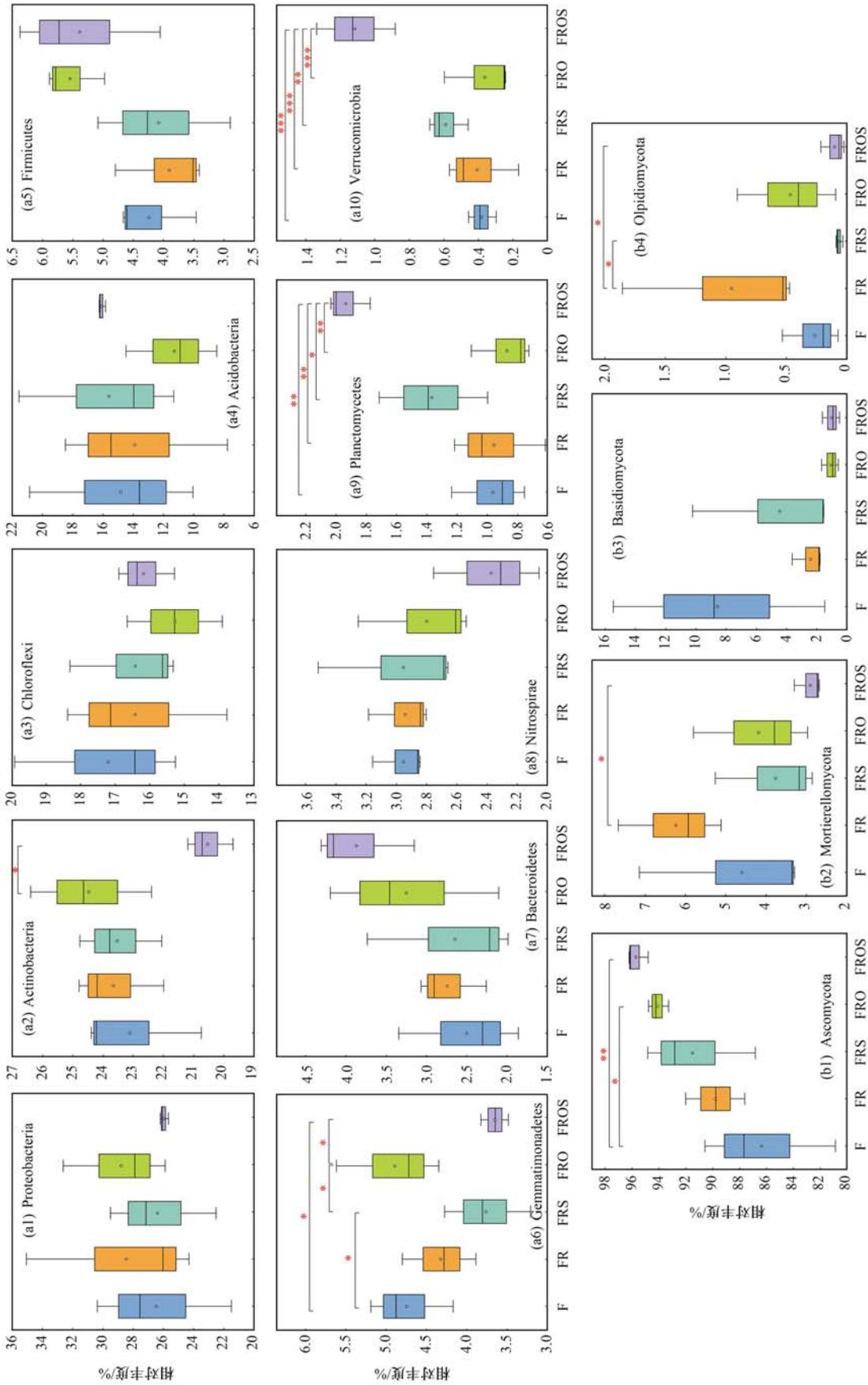
图1 土壤细菌和真菌群落组成

Fig. 1 Community composition of soil bacteria and fungi

不同施肥处理下细菌和真菌的相对丰度变化见图2.在化肥减量并配施有机肥(FRO)的基础上,秸秆的添加(FROS)显著降低了放线菌门(Actinobacteria)的相对丰度,降低幅度达到16.06%.与F和FRO处理相比,秸秆的添加(FRS和FROS)同样显著降低了芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)的相对丰度,变化幅度在20.84%至25.36%之间(FRO).与之相反,FROS处理显著提高了浮霉菌门(Planctomycetes)和疣微菌门(Verrucomicrobia)的相对丰度,分别增加了41.61%~122.99%和89.83%~211.11%.Pearson相关分析表明(表3),土壤AP含量与厚壁菌门(Firmicutes)的相对丰度极显著正相关($P < 0.01$),而土壤TN含量与硝化螺旋菌门(Nitrospirae)的相对丰度显著负相关($P < 0.05$).土壤TN、TP、AP和 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 是影响拟杆菌门(Bacteroidetes)的关键因素.土壤SM与浮霉菌门(Planctomycetes)和疣微菌门(Verrucomicrobia)的相对丰度显著正相关($P < 0.05$).就真菌群落而言,有机肥和秸秆(FRO和

FROS)的施入显著提高了子囊菌门(Ascomycota)的相对丰度,分别达到8.94%和10.81%.而与FR处理相比,有机肥和秸秆的配合施用(FROS)显著降低了被孢菌门(Mortierellomycota)和油壶菌门(Olpidiomycota)的相对丰度,下降幅度分别达到53.45%和89.47%,且FRS处理的油壶菌门(Olpidiomycota)的相对丰度同样下降显著,达到92.63%.土壤AP($P < 0.05$)和 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ ($P < 0.01$)促进了子囊菌门相对丰度的显著增加,而其它土壤化学指标则没有表现出显著关系(表3).

细菌和真菌群落在属水平上的物种组成如图3所示.结果表明,整体上各处理真菌群落物种组成差异较细菌更为明显.其中,unclassified_f_Chaetomiaceae属在有机肥处理(FRO和FROS)中的比例高于其它处理,篮状菌属(Talaromyces)在FRS处理中的占比最高,光黑壳属(Preussia)广泛存在于秸秆处理(FRS和FROS),而假单胞菌属(Pseudeurotium)则在化肥处理(F和FR)中含量较高.



(a)细菌相对丰度; (b)真菌相对丰度;***表示在0.001水平上显著相关,**表示在0.01水平上显著相关,*表示在0.05水平上显著相关

图2 土壤细菌和真菌的主要菌门(相对丰度>1%)丰度变化

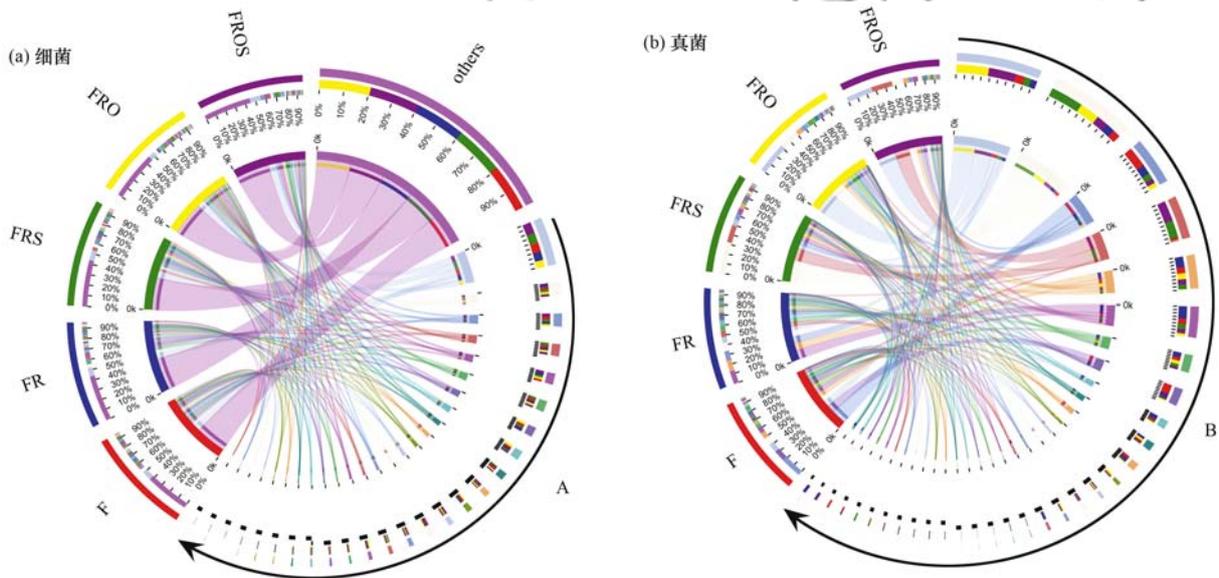
Fig. 2 Abundance of dominant bacteria(relative abundance>1%) in soil bacteria and fungi

表 3 细菌和真菌主要菌门与土壤理化性质之间的 Pearson 相关性¹⁾

Table 3 Pearson correlation between bacterial and fungal dominant phyla and soil physicochemical properties

项目	门	pH	SOM	TN	TP	AP	NH ₄ ⁺ -N	NO ₃ ⁻ -N	SM
细菌	Proteobacteria	-0.082	-0.168	0.068	0.221	0.093	0.037	0.275	-0.097
	Actinobacteria	-0.087	-0.215	-0.168	-0.206	-0.185	-0.242	-0.052	-0.288
	Chloroflexi	-0.129	-0.016	-0.259	-0.402	-0.381	-0.308	-0.324	-0.154
	Acidobacteria	0.098	0.076	-0.074	-0.192	-0.184	-0.048	-0.297	0.041
	Firmicutes	0.114	0.432	0.232	0.465	0.702**	0.431	0.439	0.484
	Gemmatimonadetes	-0.427	-0.017	-0.17	-0.147	-0.016	-0.26	0.157	-0.272
	Bacteroidetes	0.314	0.074	0.770**	0.796**	0.575*	0.589*	0.17	0.200
	Nitrospirae	-0.407	-0.334	-0.559*	-0.511	-0.448	-0.348	0.133	-0.404
	Planctomycetes	0.432	0.318	0.26	0.245	0.352	0.431	0.068	0.548*
	Verrucomicrobia	0.334	0.313	0.397	0.411	0.458	0.451	0.062	0.633*
真菌	Ascomycota	-0.048	0.501	0.094	0.263	0.521*	0.644**	0.142	0.205
	Mortierellomycota	-0.455	-0.227	-0.157	-0.262	-0.498	-0.511	-0.003	-0.078
	Basidiomycota	0.235	-0.38	-0.072	-0.176	-0.259	-0.406	-0.129	-0.142
	Olpidiomycota	-0.078	-0.085	0.257	0.135	-0.334	-0.126	0.095	-0.235

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



A 中表示 (从上往下) *norank_c_Acidobacteria* *norank_o_JG30-KF-CM45* *norank_f_Anaerolineaceae* *norank_c_Actinobacteria* *Pseudarthrobacter* *Nitrospira* *norank_f_MSB-1E8* *norank_f_Gemmatimonadaceae* *norank_c_KD4-96* *norank_f_Nitrosomonadaceae* *Bacillus* *H16* *RB41* *norank_f_OMI-clade* *Gaiella* *norank_o_Acidimicrobiales* *norank_c_S085* *norank_c_Gemmatimonadetes* *Roseiflexus* *norank_f_Rhodospirillaceae* *Sphingomonas* *norank_o_Gaiellales* *norank_o_Xanthomonadales* *norank_c_TK10* *Skermanella* *unclassified_f_Nocardioideaceae*

B 中表示 (从上往下) *unclassified_f_Chaetomiaceae* *Talaromyces* *Pseudeurotium* *Preussia* *others* *unclassified_f_Lasiochaeriacae* *Mortierella* *unclassified_c_Sordariomycetes* *Fusarium* *unclassified_o_Pleosporales* *Nectria* *Dokmaia* *Penicillium* *unclassified_p_Ascmycota* *Chaetomium* *Metarhizium* *unclassified_f_Coniochaetaceae* *unclassified_o_Hypocreales* *Cladosporium* *Fusicolla* *Waitea* *Trichoderma* *Alternaria* *Acremonium* *Clonostachys* *Aspergillus* *unclassified_f_Nectriaceae* *Saitozyma* *Guehomyces* *unclassified_c_Agaricomycetes* *Plectosphaerella* *unclassified_f_Halosphaeriaceae*

图 3 土壤细菌和真菌的主要菌属 (相对丰度 > 1%) 在各处理中的百分比

Fig. 3 Percentage of dominant genera (relative abundance > 1%) of soil bacteria and fungi in each treatment

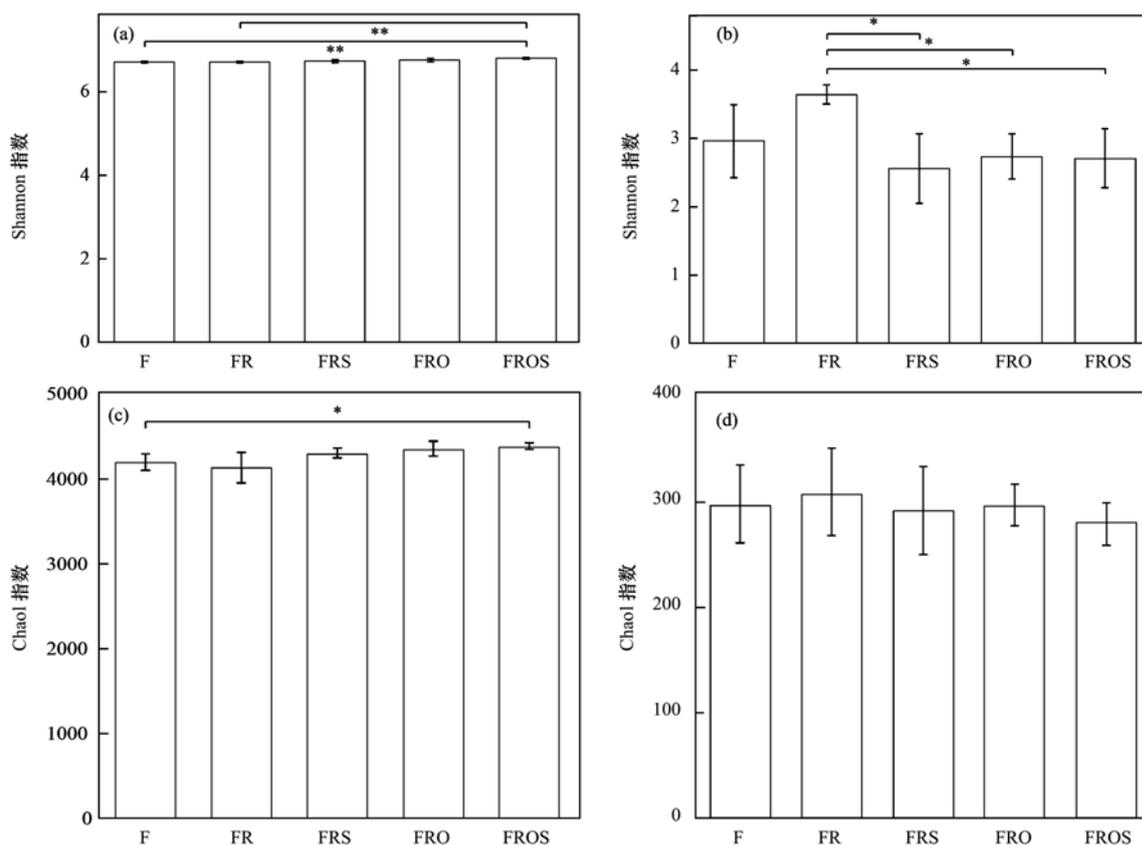
2.3 细菌和真菌群落多样性变化

如图 4 所示, FROS 处理的细菌群落的 Shannon 多样性指数较 F 和 FR 处理显著升高, 分别达到 1.26% 和 1.25% ($P < 0.01$), Chao1 指数较 F 处理显著提高 4.51%, 而与 FR 处理相比, 配施有机肥和添加秸秆的 3 个处理 (FRS、FRO 和 FROS) 显著降

低了真菌群落的 Shannon 多样性指数, 分别下降了 29.85%、24.94% 和 25.73% ($P < 0.05$). Pearson 相关性表明 (表 4), 细菌 Shannon 多样性指数与土壤 AP 和 NH₄⁺-N 含量显著正相关 ($P < 0.05$), 而真菌 Shannon 多样性指数与土壤 AP 含量显著负相关 ($P < 0.05$).

采用 NMDS 分析并结合 ANOSIM 分析揭示细菌和真菌群落 β -多样性(图 5). 结果表明, 与 F 处理相比, FR、FRS 和 FRO 处理下细菌群落组成有一定的迁移. FROS 处理显著不同于 F、FR 和 FRO 处理. 细菌群落结构在 F、FR、FRS 和 FRO 处理之间无显著差异($R^2 = 0.0315$, $P = 0.892$). 与细菌群

落不同, FR 和 F 处理之间真菌群落组成发生重合, FRO 和 FROS 处理显著不同于 F 和 FR 处理. 与 FRS 处理相比, FROS 处理下真菌群落组成有一定的迁移, 且 FRO 处理显著不同于 FRS 处理. 真菌群落结构在 FR、FRO 和 FROS 这 3 个处理之间显著区分($R^2 = 0.5796$, $P = 0.001$).



(a) 和 (c) 细菌 α -多样性指数; (b) 和 (d) 真菌 α -多样性指数; * * 表示在 0.01 水平上显著相关, * 表示在 0.05 水平上显著相关

图 4 土壤细菌和真菌群落 Shannon 指数和 Chao1 指数

Fig. 4 Shannon index and Chao1 index of soil bacterial and fungal communities

表 4 细菌和真菌 Shannon 指数和 Chao1 指数与土壤理化性质之间的 Pearson 相关性¹⁾

Table 4 Pearson correlation between Shannon index and Chao1 index of bacteria and fungi and soil physicochemical properties

项目	多样性指数	pH	SOM	TN	TP	AP	NH ₄ ⁺ -N	NO ₃ ⁻ -N	SM
细菌	Shannon	0.235	0.461	0.167	0.361	0.601*	0.542*	0.408	0.506
	Chao1	0.257	0.301	0.028	0.191	0.501	0.511	0.362	0.391
真菌	Shannon	-0.353	-0.347	-0.129	-0.089	-0.519*	-0.431	0.203	-0.150
	Chao1	-0.113	-0.031	-0.401	-0.207	-0.290	-0.269	-0.000	-0.382

1) * 表示在 0.05 水平上显著相关

2.4 细菌和真菌群落结构的影响因子分析

细菌和真菌群落结构与土壤理化性质的 RDA 分析结果表明, Axis1 和 Axis2 分别可以解释土壤细菌群落变异的 20.78% 和 13.19%, 土壤真菌群落变异的 28.23% 和 16.86%, 前两轴共解释了 33.97% 的细菌群落总变异和 45.09% 真菌群落总变异(图 6). Mantel 检验结果表明, SM ($R^2 = 0.5545$, $P = 0.008$), TP ($R^2 = 0.5019$, $P = 0.02$), pH ($R^2 =$

0.4469 , $P = 0.03$) 和 AP ($R^2 = 0.4321$, $P = 0.036$) 是影响细菌群落结构的主要土壤环境因子; TN ($R^2 = 0.5117$, $P = 0.014$)、AP ($R^2 = 0.4707$, $P = 0.017$) 和 TP ($R^2 = 0.5203$, $P = 0.02$) 是影响真菌群落结构的关键土壤环境因子.

将经 RDA 筛选出的具有显著性的土壤环境因子构建结构方程模型(SEM)(图 7). SEM 解释了细菌群落 α -多样性的 43%, 真菌群落 α -多样性的

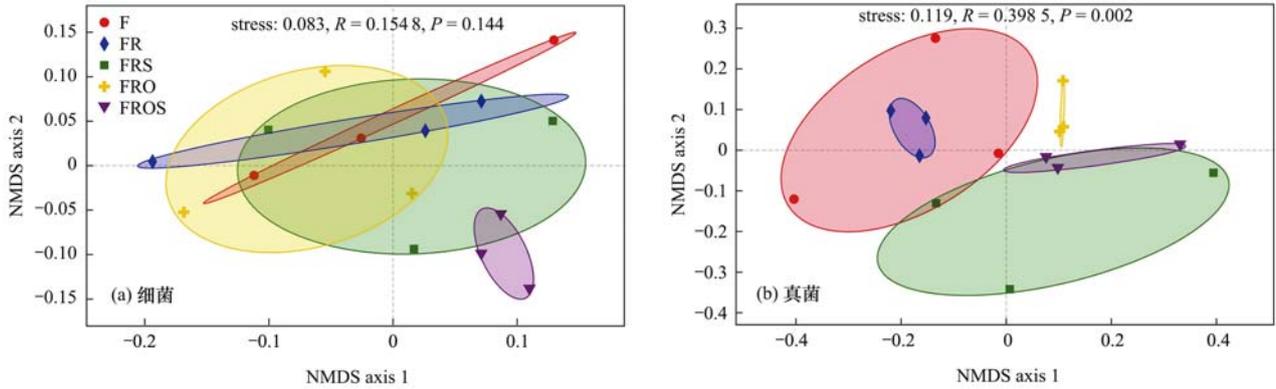


图 5 土壤细菌和真菌群落 NMDS 分析

Fig. 5 NMDS analysis of soil bacterial and fungal communities

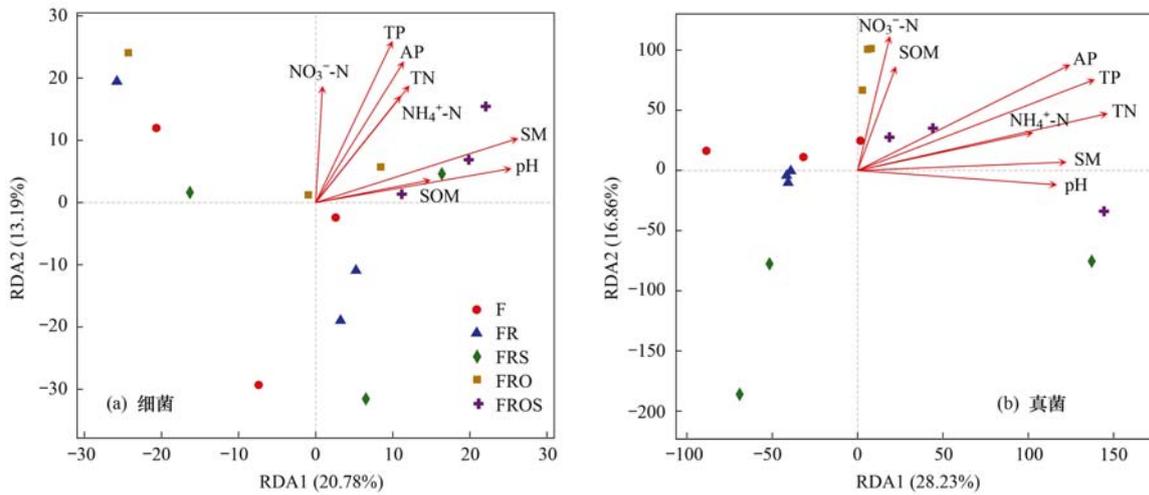
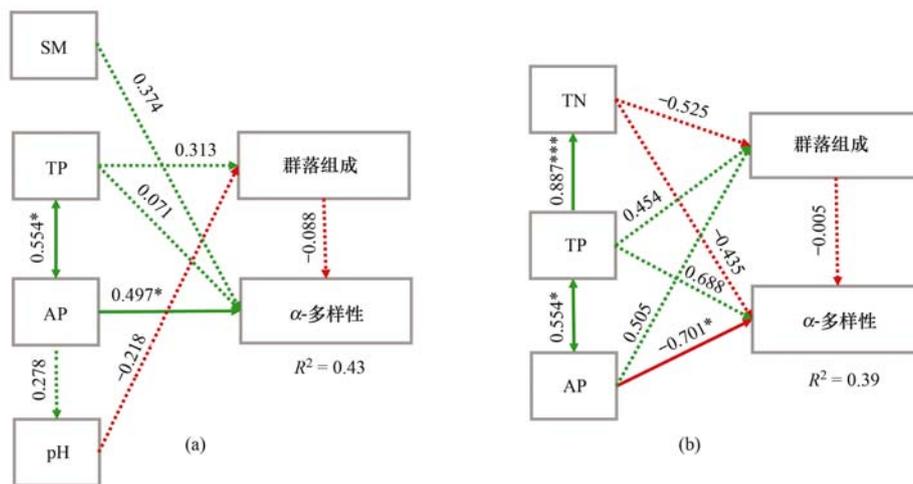


图 6 土壤细菌和真菌群落的 RDA 分析

Fig. 6 RDA analysis of soil bacterial and fungal communities



(a) 细菌群落 ($\chi^2 = 4.999, P = 0.660, GFI = 0.906, AIC = 32.999, RMSEA = 0.000$); (b) 真菌群落 ($\chi^2 = 0.344, P = 0.558, GFI = 0.990, AIC = 28.344, RMSEA = 0.000$); 图中绿线代表正相关, 红线代表负相关, 实线代表相关性显著, 虚线代表相关性不显著; * * * 表示在 0.001 水平上显著相关, * 表示在 0.05 水平上显著相关

图 7 土壤理化因子和群落组成对细菌群落和真菌群落 α -多样性的结构方程模型

Fig. 7 Structural equation model of soil physicochemical factors and community composition on α -diversity of bacterial community and fungal community

39%. 结果表明, TP 与 AP 呈显著正相关 ($P < 0.05$), TP 极显著正向影响 TN ($P < 0.001$). AP 对

细菌群落的 α -多样性具有显著的积极作用 ($P < 0.05$), 而对真菌群落的 α -多样性产生了显著的负

面影响($P < 0.05$).

3 讨论

3.1 不同施肥处理对土壤理化性质的影响

本研究中各处理间土壤 pH 值没有发生显著变化,但整体上有上升趋势(表 2),这可能是秸秆分解和有机肥料添加抑制土壤酸化并逐渐提高土壤 pH 的结果^[30].在化肥减量的基础上,有机肥和秸秆的添加提高了土壤 SOM 含量,其中在 FRO 处理下达到显著水平($P < 0.05$,表 2),这一结果与 Li 等^[17]的报道相一致.有机肥和秸秆是提高有机碳含量的重要来源,外源碳输入可以通过刺激微生物矿化、固定化和土壤呼吸的过程来影响土壤 SOM 含量^[7,31].本研究显示有机肥施入显著提高了土壤 AP 含量(表 2),推测有机肥施入土壤后,SOM 的增加会导致有机酸的产生,从而活化土壤中的 P 元素,并向土壤提供大量阴离子,与铁和铝等金属阳离子形成稳定的螯合物,从而减少无机 P 的固定,提高 P 元素的有效性^[32].施入 SOM 后,会增加土壤有机 P 的含量,因为编码碱性磷酸单酯酶基因的微生物数量增加,土壤碱性磷酸酶活性增强,会矿化有机磷生成无机 P,这也可能是 AP 含量升高的原因^[33].但是,单独秸秆还田(FRS)并没有使土壤 AP 含量显著提高,这与 Zhao 等^[34]的研究相一致.土壤脲酶可以有效提高土壤 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量,在先前的报道中,添加有机肥和秸秆可以显著提高土壤脲酶活性^[35,36],这可能是本研究中土壤 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量呈现上升趋势的原因(表 2).

3.2 不同施肥处理对细菌和真菌群落组成的影响

各施肥处理中变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)和酸杆菌门(Acidobacteria)是细菌群落的优势菌门(图 1),这与以往学者的研究结果一致^[24,37].放线菌门(Actinobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和浮霉菌门(Planctomycetes)作为富营养菌对土壤碳氮循环发挥着重要作用.本研究中添加秸秆显著降低了芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)的相对丰度(图 2),这与先前的报道不同^[38].细菌在秸秆降解初期起主要作用^[39],而本研究取样时间在收获期,秸秆降解后期真菌起主要作用^[39],真菌与细菌产生竞争关系可能使得以秸秆为碳源和能源的芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)数量下降.有机肥和秸秆部分替代化肥显著提高了浮霉菌门(Planctomycetes)的相对丰度(图 2),这与荣勤雷^[40]的研究结果一致.Tveit 等^[41]的研究表明,疣微菌门(Verrucomicrobia)具有编码参与作物残茬降解酶的基因,这与本研究

中疣微菌门(Verrucomicrobia)的相对丰度在有机肥和秸秆的配施下极显著提高所对应(图 2).而在同一处理下,放线菌门(Actinobacteria)的相对丰度相比有机-无机配施处理(FRO)有所下降(图 2),这可能与土壤团聚体的大小有关.有研究表明,随着土壤团聚体粒径的增加,放线菌门(Actinobacteria)的相对丰度降低,而硝化螺旋菌门(Nitrospirae)的相对丰度增加^[40].有机物料在微生物的分解下为团聚体的形成提供了有机无机胶结物质,促进了土壤大团聚体的形成进而降低了放线菌门(Actinobacteria)的相对丰度,而长期施氮可能会破坏土壤团聚体的稳定性,这与本研究中硝化螺旋菌门(Nitrospirae)的相对丰度与土壤 TN 含量呈显著负相关的结果相对应(表 3).Zhao 等^[3]也获得了相同的研究结果.与其它优势菌门不同,拟杆菌门(Bacteroidetes)与 TN、TP、AP 和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 等多种土壤环境因子呈极显著或显著正相关(表 3),充分说明拟杆菌门(Bacteroidetes)对有机物的降解发挥积极作用,更适合生存于土壤养分含量相对较为丰富的土壤^[40,42].

子囊菌门(Ascomycota)是本研究中真菌群落的优势菌门(图 1),这与前人的研究一致^[12,43].子囊菌门(Ascomycota)作为一种适宜在干旱环境中生存的腐生真菌,受秸秆的强烈影响^[44].在本研究中,在化肥减量的基础上,有机肥和秸秆的配施显著提高了子囊菌门(Ascomycota)的相对丰度(图 2),这归因于子囊菌门(Ascomycota)具有降解腐烂有机底物的能力,是土壤有机物(纤维素、木质素和果胶)的主要分解者,易受植物种类和秸秆残茬的影响^[45].粪壳菌目(Sordariales)和盘菌目(Pezizales)隶属于子囊菌门(Ascomycota),适宜在含有有机化合物的栖息地生存,在有机残留物的降解中发挥着重要作用^[16].相关性分析表明,子囊菌门(Ascomycota)的相对丰度与 AP 含量呈显著正相关(表 3),这与王小玲等^[46]的研究结果相一致.从属水平上看,有机物料的添加提高了 *unclassified_f_Chaetomiaceae* 属、篮状菌属(*Talaromyces*)和光黑壳属(*Preussia*)的比例,抑制了假单胞菌属(*Pseudeurotium*)的生长(图 3).毛壳菌科(Chaetomiaceae)可以产生纤维素酶、木聚糖酶和漆酶等降解纤维素和木质素^[47],篮状菌属(*Talaromyces*)具有产纤维素酶活性^[48],光黑壳属(*Preussia*)可能在降解秸秆中大分子物质上发挥积极作用,而假单胞菌属(*Pseudeurotium*)中的部分菌株为致病菌,威胁动植物生长和人类健康^[49].

3.3 不同施肥处理对细菌和真菌群落多样性的影响

在化肥减量的基础上,有机肥和秸秆的配施显著提高了细菌 Shannon 多样性指数和 Chao1 指数

(图 4),这与前人的报道一致^[29].不利的土壤环境条件会加剧微生物群落之间的竞争与合作,而有有机物料的施入为这些以异养方式生存的细菌提供了大量的养分来源,从而减轻细菌群落之间的竞争^[16].与细菌群落不同,有机肥和秸秆的添加显著降低了真菌 Shannon 多样性指数(图 4),这与 Wang^[29]的报道结果一致.这可能是由于有机物料的施入使得某些特定真菌类群产生“偏爱”效应,消耗大量营养物质,从而抑制了其它类群的生长^[50],长期施用有机物料利于驱使土壤由“真菌型”向“细菌型”转变^[51].真菌适宜在 pH < 5 的酸性土壤中,弱碱性环境并不利于真菌的生长^[52],而有机肥和秸秆配施后 pH 的升高更利于细菌的生长^[38].相关性分析表明 AP 含量增加导致子囊菌门(Ascomycota)相对丰度增加(表 3),真菌种类趋于更加集中,Shannon 多样性指数降低(表 4),可以推测,有机物料的添加可能刺激了子囊菌门(Ascomycota)类群的大量生长.

Suzuki 等^[53]的研究认为真菌群落较细菌群落对无机肥和有机肥的响应更为敏感,而相比施肥制度,细菌群落的生长与土壤类型更为密切.NMDS 分析说明了潮土细菌和真菌均对化肥-有机肥-秸秆三者配施具有较强响应,同时真菌对有机-无机配施同样敏感,细菌却不是这样(图 5).王慧颖等^[51]报道了黑土细菌群落对有机肥的强烈响应,其结果与本研究中的潮土细菌群落并不完全一致,其原因可能受土壤类型和气候条件的影响不同.细菌群落组成在化肥减施、化肥-秸秆和化肥-有机肥这 3 个处理下有一定的迁移,可能与不同施肥方式下土壤性质变化有关^[38].

3.4 细菌和真菌群落结构的影响因子分析

土壤作为微生物的重要栖息地,一方面可以直接为微生物提供生存所必需的环境条件,另一方面可以通过影响植物根系分泌物来间接影响微生物群落结构^[52].有研究表明,土壤细菌群落组成主要取决于土壤性质,且 pH 是影响重建新细菌群落的主导因子^[54].通过 RDA 分析发现,不同施肥处理下土壤细菌群落与 SM、TP、pH 和 AP 均有显著的相关关系($P < 0.05$,图 6),虽然各处理间 pH 值的变化范围很小(8.11 ~ 8.22),但已成为影响细菌群落结构的主要驱动因子之一.华北平原耕地大多为旱地,土壤水分含量较低限制了土壤养分的矿化^[37],制约着细菌的生长.本研究中 TN 为真菌群落的主要驱动因子(图 6),这与季凌飞等^[55]的研究结果相似.AP 对细菌和真菌群落 α -多样性的作用显著却相反,这可能是由于细菌生长需 P,AP 对细菌有促进作用,而真菌主要与植物共生并为植物供 P,从而可

能导致供 P 真菌的比例减少,表现出负相关,这在农业施肥管理中应引起充分重视.人们普遍认为肥料的类型与施用量是影响微生物群落结构的重要因素,而本研究中土壤细菌和真菌群落的前两轴仅解释了样本 33.97% 和 45.09% 的总变异(图 6),SEM 进一步解释了细菌群落 α -多样性的 43%,真菌群落 α -多样性的 39%.说明施肥措施对细菌和真菌群落结构的影响并非唯一或首位要素,下一步应更全面地分析群落结构变化的影响因素.

4 结论

本研究采用高通量测序技术揭示了不同施肥处理下潮土细菌和真菌群落结构特征.结果表明,变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)和酸杆菌门(Acidobacteria)是潮土主要细菌类群,子囊菌门(Ascomycota)是潮土主要真菌类群.化肥减量配施有机肥和秸秆可显著提高细菌群落的多样性,但在化肥减量的基础上配施有机肥或(和)秸秆显著降低了真菌群落的多样性.潮土细菌群落结构受 SM、TP、pH 和 AP 的综合影响;潮土真菌群落结构受 TN、AP 和 TP 的综合影响.潮土细菌和真菌均对化肥减量配施有机肥和秸秆有较强的响应,同时有机无机配施也显著影响真菌群落结构.添加有机肥和秸秆改变了土壤理化性质,进而改变了土壤细菌和真菌群落组成,土壤真菌对有机物料的敏感程度高于细菌,细菌和真菌群落结构均受到土壤 P 的调控,在潮土农业耕作中应引起充分重视.

参考文献:

- [1] 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**: 104540, doi: 10.1016/j.still.2019.104540.
- [2] Zhao S C, Li K J, Zhou W, *et al.* Changes in soil microbial community, enzyme activities and organic matter fractions under long-term straw return in north-central China[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2016, **216**: 82-88.
- [3] Zhao J, Ni T, Li Y, *et al.* Responses of bacterial communities in arable soils in a rice-wheat cropping system to different fertilizer regimes and sampling times[J]. *PLoS One*, 2014, **9**(1): e85301.
- [4] Brito I, Goss M J, De Carvalho M, *et al.* Impact of tillage system on arbuscular mycorrhiza fungal communities in the soil under Mediterranean conditions[J]. *Soil and Tillage Research*, 2012, **121**: 63-67.
- [5] Wagg C, Schlaeppi K, Banerjee S, *et al.* Fungal-bacterial diversity and microbiome complexity predict ecosystem functioning[J]. *Nature Communications*, 2019, **10**(1): 4841.
- [6] Hu X J, Liu J J, Wei D, *et al.* Effects of over 30-year of different fertilization regimes on fungal community compositions in

- the black soils of northeast China[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2017, **248**: 113-122.
- [7] Zhu J, Peng H, Ji X H, *et al.* Effects of reduced inorganic fertilization and rice straw recovery on soil enzyme activities and bacterial community in double-rice paddy soils [J]. *European Journal of Soil Biology*, 2019, **94**: 103116.
- [8] Chen S M, Waghmode T R, Sun R B, *et al.* Root-associated microbiomes of wheat under the combined effect of plant development and nitrogen fertilization[J]. *Microbiome*, 2019, **7** (1): 136.
- [9] Sun R B, Li W Y, Hu C S, *et al.* Long-term urea fertilization alters the composition and increases the abundance of soil ureolytic bacterial communities in an upland soil [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2019, **95** (5): fiz044, doi: 10. 1093/ femsec/fiz044.
- [10] Zhou J, Guan D W, Zhou B K, *et al.* Influence of 34-years of fertilization on bacterial communities in an intensively cultivated black soil in northeast China[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, **90**: 42-51.
- [11] Zhou J, Jiang X, Zhou B K, *et al.* Thirty four years of nitrogen fertilization decreases fungal diversity and alters fungal community composition in black soil in northeast China[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, **95**: 135-143.
- [12] Bei S K, Zhang Y L, Li T T, *et al.* Response of the soil microbial community to different fertilizer inputs in a wheat-maize rotation on a calcareous soil [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2018, **260**: 58-69.
- [13] Chivenge P, Vanlauwe B, Six J. Does the combined application of organic and mineral nutrient sources influence maize productivity? A meta-analysis[J]. *Plant and Soil*, 2011, **342**(1-2): 1-30.
- [14] Li J, Shi Y, Luo J, *et al.* Use of nitrogen process inhibitors for reducing gaseous nitrogen losses from land-applied farm effluents [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2014, **50**(1): 133-145.
- [15] Montiel-Rozas M M, Domínguez M T, Madejón E, *et al.* Long-term effects of organic amendments on bacterial and fungal communities in a degraded Mediterranean soil [J]. *Geoderma*, 2018, **332**: 20-28.
- [16] Lin Y X, Ye G P, Kuzyakov Y, *et al.* Long-term manure application increases soil organic matter and aggregation, and alters microbial community structure and keystone taxa [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **134**: 187-196.
- [17] Li Z Q, Li D D, Ma L, *et al.* Effects of straw management and nitrogen application rate on soil organic matter fractions and microbial properties in North China Plain [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2019, **19**(2): 618-628.
- [18] Fan F L, Yu B, Wang B R, *et al.* Microbial mechanisms of the contrast residue decomposition and priming effect in soils with different organic and chemical fertilization histories [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **135**: 213-221.
- [19] Li H, Zhang Y Y, Yang S, *et al.* Variations in soil bacterial taxonomic profiles and putative functions in response to straw incorporation combined with N fertilization during the maize growing season [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2019, **283**: 106578.
- [20] Fu X, Wang J, Sainju U M, *et al.* Soil microbial community and carbon and nitrogen fractions responses to mulching under winter wheat [J]. *Applied Soil Ecology*, 2019, **139**: 64-68.
- [21] Fay B J, Corrigan A, Murphy R A. Short-term effects of mechanical drainage on fungal and bacterial community structure in a managed grassland soil [J]. *Applied Soil Ecology*, 2016, **101**: 93-100.
- [22] Li P, Li Y C, Zheng X Q, *et al.* Rice straw decomposition affects diversity and dynamics of soil fungal community, but not bacteria [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2018, **18** (1): 248-258.
- [23] 毕明丽, 宇万太, 姜子绍, 等. 施肥和土壤管理对土壤微生物生物量碳、氮和群落结构的影响 [J]. *生态学报*, 2010, **30** (1): 32-42.
- Bi M L, Yu W T, Jiang Z S, *et al.* Effects of fertilization and soil management on microbial biomass and community [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, **30**(1): 32-42.
- [24] Guo J J, Liu W B, Zhu C, *et al.* Bacterial rather than fungal community composition is associated with microbial activities and nutrient-use efficiencies in a paddy soil with short-term organic amendments [J]. *Plant and Soil*, 2018, **424**(1-2): 335-349.
- [25] 张婷. 施肥处理对华北冬小麦—夏玉米农田土壤微生物和土壤动物的影响 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2019.
- Zhang T. Effects of fertilization treatment on soil microbial and soil fauna in winter wheat and summer maize farmland in North China [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2019.
- [26] 鲍士旦. 土壤农化分析 [M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- Bao S D. *Soil and agricultural chemistry analysis* (3rd ed.) [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
- [27] Wang Q, Wang C, Yu W W, *et al.* Effects of nitrogen and phosphorus inputs on soil bacterial abundance, diversity, and community composition in Chinese fir plantations [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, **9**: 1543.
- [28] Kerfahi D, Tripathi B M, Dong K, *et al.* Rainforest conversion to rubber plantation may not result in lower soil diversity of bacteria, fungi, and nematodes [J]. *Microbial Ecology*, 2016, **72**(2): 359-371.
- [29] Wang J C, Song Y, Ma T F, *et al.* Impacts of inorganic and organic fertilization treatments on bacterial and fungal communities in a paddy soil [J]. *Applied Soil Ecology*, 2017, **112**: 42-50.
- [30] Hu X J, Liu J J, Wei D, *et al.* Soil bacterial communities under different long-term fertilization regimes in three locations across the black soil region of Northeast China [J]. *Pedosphere*, 2018, **28**(5): 751-763.
- [31] Giacometti C, Cavani L, Baldoni G, *et al.* Microplate-scale fluorometric soil enzyme assays as tools to assess soil quality in a long-term agricultural field experiment [J]. *Applied Soil Ecology*, 2014, **75**: 80-85.
- [32] 刘盼盼, 周毅, 付光玺, 等. 基于秸秆还田的小麦-玉米轮作体系施肥效应及其对土壤磷素有效性的影响 [J]. *南京农业大学学报*, 2014, **37**(5): 27-33.
- Liu P P, Zhou Y, Fu G X, *et al.* Effects of fertilization on crop yield and soil phosphorus availability based on the returning straw [J]. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 2014, **37**(5): 27-33.
- [33] Hu Y J, Xia Y H, Sun Q, *et al.* Effects of long-term fertilization on *phoD*-harboring bacterial community in Karst soils [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **628-629**: 53-63.
- [34] Zhao S C, Qiu S J, Xu X P, *et al.* Change in straw decomposition rate and soil microbial community composition after straw addition in different long-term fertilization soils [J]. *Applied Soil Ecology*, 2019, **138**: 123-133.
- [35] 杨滨娟, 黄国勤, 钱海燕. 秸秆还田配施化肥对土壤温度、根际微生物及酶活性的影响 [J]. *土壤学报*, 2014, **51**(1):

- 150-157.
- Yang B J, Huang G Q, Qian H Y. Effects of straw incorporation plus chemical fertilizer on soil temperature, root micro-organisms and enzyme activities [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2014, **51** (1): 150-157.
- [36] 宋震震, 李絮花, 李娟, 等. 有机肥和化肥长期施用对土壤活性有机氮组分及酶活性的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2014, **20**(3): 525-533.
- Song Z Z, Li X H, Li J, *et al.* Long-term effects of mineral versus organic fertilizers on soil labile nitrogen fractions and soil enzyme activities in agricultural soil [J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizer*, 2014, **20**(3): 525-533.
- [37] Huang F Y, Liu Z H, Mou H Y, *et al.* Impact of farmland mulching practices on the soil bacterial community structure in the semiarid area of the loess plateau in China [J]. *European Journal of Soil Biology*, 2019, **92**: 8-15.
- [38] 王宁, 罗佳琳, 赵亚慧, 等. 不同麦秸还田模式对稻田土壤微生物活性和微生物群落组成的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2020, **39**(1): 125-133.
- Wang N, Luo J L, Zhao Y H, *et al.* Effects of different models of wheat straw return on paddy soil microbial activities and community compositions [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2020, **39**(1): 125-133.
- [39] Chen Z M, Wang H Y, Liu X W, *et al.* Changes in soil microbial community and organic carbon fractions under short-term straw return in a rice-wheat cropping system [J]. *Soil and Tillage Research*, 2017, **165**: 121-127.
- [40] 荣勤雷. 有机肥/秸秆替代化肥模式对设施菜田土壤团聚体微生物特性的影响[D]. 北京: 中国农业科学院, 2018.
- Rong Q L. Effects of partial substitution of chemical fertilizer with organic amendments on microbial characteristics of soil aggregates in Greenhouse Vegetable Production [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2018.
- [41] Tveit A, Schwacke R, Svenning M M, *et al.* Organic carbon transformations in high-Arctic peat soils: key functions and microorganisms [J]. *The ISME Journal*, 2013, **7**(2): 299-311.
- [42] 马晓英, 马琨, 周艳, 等. 土壤细菌群落组成对有机与无机培肥措施的影响[J]. *西北农业学报*, 2019, **28**(10): 1698-1707.
- Ma X Y, Ma K, Zhou Y, *et al.* Response of soil bacteria community structure to application of inorganic and organic fertilizer [J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2019, **28**(10): 1698-1707.
- [43] Chen C, Zhang J N, Lu M, *et al.* Microbial communities of an arable soil treated for 8 years with organic and inorganic fertilizers [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2016, **52**(4): 455-467.
- [44] Treseder K K, Maltz M R, Hawkins B A, *et al.* Evolutionary histories of soil fungi are reflected in their large-scale biogeography [J]. *Ecology Letters*, 2014, **17**(9): 1086-1093.
- [45] Yelle D J, Ralph J, Lu F C, *et al.* Evidence for cleavage of lignin by a brown rot basidiomycete [J]. *Environmental Microbiology*, 2008, **10**(7): 1844-1849.
- [46] 王小玲, 马琨, 伏云珍, 等. 免耕覆盖及有机肥施用对土壤真菌群落组成及多样性的影响[J]. *应用生态学报*, 2020, **31**(3): 890-898.
- Wang X L, Ma K, Fu Y Z, *et al.* Effects of no-tillage, mulching, and organic fertilization on soil fungal community composition and diversity [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2020, **31**(3): 890-898.
- [47] 郭云忠. 毛壳科 *Chaetomiaceae* 真菌多基因系统演化及分类鉴定研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2012.
- Guo Y Z. The multi-gene phylogeny and classification of Chaetomiaceae [J]. Yangling: Northwest A&F University, 2012.
- [48] 唐万达, 黄振东, 万晴, 等. 不同发酵茶中优势真菌的分离鉴定及产消化酶活性比较[J]. *中国微生态学杂志*, 2019, **31**(10): 1140-1146.
- Tang W D, Huang Z D, Wan Q, *et al.* The activities of digestive enzymes of fungi isolated from different fermented teas [J]. *Chinese Journal of Microecology*, 2019, **31**(10): 1140-1146.
- [49] 刘婷, 温慧, 满都拉, 等. 应用噬菌体控制假单胞菌的研究进展[J]. *中国抗生素杂志*, 2019, **44**(6): 661-666.
- Liu T, Wen H, Man D L, *et al.* Advances in the application of bacteriophages to control *Pseudomonas* [J]. *Chinese Journal of Antibiotics*, 2019, **44**(6): 661-666.
- [50] 蔡艳, 郝明德, 臧逸飞, 等. 不同轮作制下长期施肥旱地土壤微生物多样性特征[J]. *核农学报*, 2015, **29**(2): 344-350.
- Cai Y, Hao M D, Zang Y F, *et al.* Effect of long-term fertilization on microbial diversity of black loessial soil based on 454 sequencing technology [J]. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2015, **29**(2): 344-350.
- [51] 王慧颖, 徐明岗, 周宝库, 等. 黑土细菌及真菌群落对长期施肥响应的差异及其驱动因素[J]. *中国农业科学*, 2018, **51**(5): 914-925.
- Wang H Y, Xu M G, Zhou B K, *et al.* Response and driving factors of bacterial and fungal community to long-term fertilization in black soil [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2018, **51**(5): 914-925.
- [52] 王霞. 长期施肥对红壤性水稻土细菌多样性的影响[D]. 武汉: 华中农业大学, 2009.
- Wang X. Effect of long-term fertilization on bacterial diversity in a red paddy soil [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2009.
- [53] Suzuki C, Nagaoka K, Shimada A, *et al.* Bacterial communities are more dependent on soil type than fertilizer type, but the reverse is true for fungal communities [J]. *Soil Science and Plant Nutrition*, 2009, **55**(1): 80-90.
- [54] Xun W B, Huang T, Zhao J, *et al.* Environmental conditions rather than microbial inoculum composition determine the bacterial composition, microbial biomass and enzymatic activity of reconstructed soil microbial communities [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, **90**: 10-18.
- [55] 季凌飞, 倪康, 马立锋, 等. 不同施肥方式对酸性茶园土壤真菌群落的影响[J]. *生态学报*, 2018, **38**(22): 8158-8166.
- Ji L F, Ni K, Ma L F, *et al.* Effect of different fertilizer regimes on the fungal community of acidic tea-garden soil [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, **38**(22): 8158-8166.

CONTENTS

Analysis of Pollution Characteristics and Primary, Secondary Contributions of Firework Burnings in Qingdao During the Spring Festival	FANG Tian-ge, YAO Xiao-hong, MENG He, <i>et al.</i> (4345)
Characterization and Source Apportionment of PM _{2.5} Based on the Online Observation in Tianjin	XIAO Zhi-mei, XU Hong, LI Li-wei, <i>et al.</i> (4355)
Characteristics of Water-soluble Inorganic Ions in PM _{2.5} in Beijing During 2017-2018	LI Huan, TANG Gui-qian, ZHANG Jun-ke, <i>et al.</i> (4364)
Characteristics of Carbonaceous Species in PM _{2.5} in Southern Beijing	DONG Gui-ming, TANG Gui-qian, ZHANG Jun-ke, <i>et al.</i> (4374)
Characteristics and Formation Mechanism of Three Haze Pollution Processes in Chengdu in Winter	FENG Xiao-qiong, CHEN Jun-hui, YIN Han-mei, <i>et al.</i> (4382)
Distribution Characteristics and Source of Black Carbon Aerosols in the Northern Suburbs of Nanjing	XIE Feng, LIN Yu-chi, SONG Wen-huai, <i>et al.</i> (4392)
Assessment of Emergency Emission Reduction Effect During the Heavy Air Pollution Episodes in Beijing, Tianjin, Hebei, and Its Surrounding Area(“2+26” Cities) from October to December 2019	ZHU Yuan-yuan, GAO Yu-xiao, WANG Wei, <i>et al.</i> (4402)
Variational Trend and Characteristics of Air Pollution in Baoding City	GOU Yin-yin, ZHANG Kai, LI Jin-juan, <i>et al.</i> (4413)
Emission Inventory of VOCs Components in Zhengzhou and Their Ozone Formation Potential	LU Xuan, ZHANG Rui-qin, HAN Luo-kai (4426)
Evolution and Evaluation of O ₃ and VOCs in Zhengzhou During the National Traditional Games of Ethnic Minorities Period	ZHAO Jin-shuai, YU Shi-jie, WANG Nan, <i>et al.</i> (4436)
Characteristics of Volatile Organic Compounds in Wood Coatings and Automotive Coatings in China	KE Yun-ting, SUN Yu-hang, CHENG Hai-rong, <i>et al.</i> (4446)
Influence of Typical Desulfurization Process on Flue Gas Particulate Matter of Coal-fired Boilers	ZHANG Jin-sheng, WU Jian-hui, LÜ Rui-he, <i>et al.</i> (4455)
Investigation on the Emission Difference of Air Pollutants from Common Residential Coal Stoves and Suggestions for Emission Reduction	ZHANG Yi-chen, XUE Chen-li, LIU Jie, <i>et al.</i> (4462)
Mobile Source Emission Inventory with High Spatiotemporal Resolution in Tianjin in 2017	LIU Geng, SUN Shi-da, SUN Lu-na, <i>et al.</i> (4470)
Emission Inventory and Characteristics of Anthropogenic Air Pollution Sources Based on Second Pollution Source Census Data in Sichuan Province	XU Chen-xi, CHEN Jun-hui, LI Yuan, <i>et al.</i> (4482)
Preliminary Screening for the Urban Forest Against Combined Air Pollution	LI Pin, WEI Yan-yan, FENG Zhao-zhong (4495)
Spatial Distribution and Pollution Characteristics of Heavy Metals in Plant Leaves in Baoji City	ZHANG Jun, LIANG Qing-fang, GAO Yu (4504)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of PPCPs in Surface Water and Aquatic Organisms in Chaoshan Coastal Area along the South China Sea	XIU Cuo, WANG Chen-chen, LÜ Yong-long, <i>et al.</i> (4514)
Spatiotemporal Differentiation and Degradation Analysis of Polybrominated Diphenyl Ethers in Sediments of Shanmei Reservoir and Its Inflowing River, Quanzhou, China	HAN Wen-liang, LIU Yu, FENG Kai-wen (4525)
Spatial-temporal Variations and the Regulators of Nitrate Status in Shallow Groundwater of the Typical Mountainous Agricultural Watershed in the Upper Reaches of the Yangtze River	JIANG Nan, ZHOU Ming-hua, LI Hong, <i>et al.</i> (4539)
Emission Characteristics of Nitrogen and Phosphorus in a Typical Agricultural Small Watershed in Tuojiang River Basin	WANG Hong, XU Ya-ling, ZHANG Qi, <i>et al.</i> (4547)
Assessment of Potential Risk of Diffuse Pollution in Haihe River Basin Based Using DPERS Model	FENG Ai-ping, WANG Xue-lei, XU Yi, <i>et al.</i> (4555)
Impact of Spatial Heterogeneity of Precipitation on the Area Change in Critical Source Area of Non-point Sources Pollution	GAO Xiao-xi, ZUO De-peng, MA Guang-wen, <i>et al.</i> (4564)
Sedimentary Diatom Records Reveal the Succession of Ecosystem in Lake Xihu, Dali over the Past 50 Years	ZHANG Chen-xue, XU Min, DONG Yi-fan, <i>et al.</i> (4572)
Content and Distribution of Cadmium in Soil and Fluvial Sediments in the Sea-Land Interaction Zone	WANG Fang-ting, CHEN Zhi-hua, BAO Ke, <i>et al.</i> (4581)
Occurrence Characteristics and Quality Estimation of Microplastics in Drainage Ditches in Hetao Irrigation District of Inner Mongolia	WANG Zhi-chao, YANG Fan, YANG Wen-huan, <i>et al.</i> (4590)
Influence of Pervious/Impervious Pattern on Runoff and Pollution in Parcel-based Catchment	JIANG Zhi-hui, LIAO Yun-jie, XIE Wen-xia, <i>et al.</i> (4599)
Activating Efficiency of Iron-copper Bimetallic Organic Framework MIL-101(Fe, Cu) Toward H ₂ O ₂ for Degradation of Dyes	LIANG He, LIU Rui-ping, AN Xiao-qiang, <i>et al.</i> (4607)
Synergistic Reaction Mechanism of Cu ⁰ @Fe ₃ O ₄ Activated PMS for Degradation of <i>p</i> -nitrophenol	SHI Qing-qing, PU Sheng-yan, YANG Xi (4615)
Kinetics and Mechanism of Sucralose Degradation in Water Using UV-activated Persulfate Process	YU Yun, LU Jin-xin, LÜ Zhen, <i>et al.</i> (4626)
Microbial Community Structure for Sewage Wastewater Treatment Plants in Winter	SHANG Yue-fei, WANG Shen, ZONG Ni, <i>et al.</i> (4636)
Microbial Community Analysis of Different DN and PN-ANAMMOX Coupling Modes for Mature Landfill Leachate Treatment	LU Ming-yu, LI Xiang, HUANG Yong, <i>et al.</i> (4644)
Analysis of Rapid Start-up and Mixed Nutritional Nitrogen Removal Performance of Complete Autotrophic Granular Sludge	QI Ze-kun, WANG Jian-fang, QIAN Fei-yue, <i>et al.</i> (4653)
Long-term Stability of Aerobic Granular Sludge Under Low Carbon to Nitrogen Ratio	YUAN Qiang-jun, ZHANG Hong-xing, CHEN Fang-yuan (4661)
Response of Bacterial and Fungal Communities to Chemical Fertilizer Reduction Combined with Organic Fertilizer and Straw in Fluvo-aquic Soil	WU Xian, WANG Rui, HU He, <i>et al.</i> (4669)
Characteristics of Soil Nutrients and Fungal Community Composition in Crop Rhizosphere Under Different Rotation Patterns	SUN Qian, WU Hong-liang, CHEN Fu, <i>et al.</i> (4682)
Effects of Short-term Application of Moutai-flavor Vinasse Biochar on Nitrogen Availability and Bacterial Community Structure Diversity in Yellow Soil of Guizhou Province	ZHANG Meng, LIU Yan-ling, WEI Quan-quan, <i>et al.</i> (4690)
Effects of Different Rotation Patterns of Oil-Rice on Methane and Nitrous Oxide Emissions in Rice Fields	CHEN You-de, ZHAO Yang, GAO Du-juan, <i>et al.</i> (4701)
<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> Biofertilizer Mitigating Soil Ammonia Volatilization	YANG Ya-hong, XUE Li-xia, SUN Bo, <i>et al.</i> (4711)
Effects of Exogenous Phosphorus on Rice Growth and Cadmium Accumulation and Transportation Under Cadmium Stress	HUO Yang, QIU Yin-yan, ZHOU Hang, <i>et al.</i> (4719)
Key Stage of As Accumulation in Rice Under As Stress at Different Growth Stages	DENG Peng-hui, CAI Ya-qin, ZHOU Hang, <i>et al.</i> (4726)
Heavy Metal Contamination and Health Risk Assessment of Corn Grains from a Pb-Zn Mining Area	ZHOU Yan, WAN Jin-zhong, LI Qun, <i>et al.</i> (4733)
Polybrominated Diphenyl Ether in E-waste Dismantling Sites in Taizhou City, Zhejiang Province: Concentration, Distribution, and Migration Trend	WEI Bao-kai, LIU Chen, WANG Ying, <i>et al.</i> (4740)
Assessment and Source Analysis of Heavy Metal Pollution in Farmland Soils in Southern Youyang County, Chongqing	WANG Rui, DENG Hai, YAN Ming-shu, <i>et al.</i> (4749)
Ecological Risk Assessment of Tetracycline Antibiotics in Livestock Manure and Vegetable Soil of Chongqing	PENG Qiu, WANG Wei-zhong, XU Wei-hong (4757)