

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

长江经济带工业污染排放空间分布格局及其影响因素

李芸邑, 刘利萍, 刘元元



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年8月

第42卷 第8期
Vol.42 No.8

目次

上海市夏季臭氧污染特征及削峰方案	严茹莎, 王红丽, 黄成, 王倩, 安静宇 (3577)
天津市夏季不同臭氧浓度级别 VOCs 特征及来源	王文美, 高璟赞, 肖致美, 李源, 毕温凯, 李立伟, 杨宁, 徐虹, 孔君 (3585)
重庆市主城区 O ₃ 污染时期大气 VOCs 污染特征及来源解析	李陵, 李振亮, 张丹, 方维凯, 徐芹, 段林丰, 卢培利, 王锋文, 张卫东, 翟崇治 (3595)
汽车维修行业挥发性有机物排放特征及大气化学反应活性	陈鹏, 张月, 张梁, 熊凯, 邢敏, 李珊珊 (3604)
2016 冬季京津冀一次持续重度霾天气过程分析	毛曳, 张恒德, 朱彬 (3615)
北京与成都大气污染特征及空气质量改善效果评估	党莹, 张小玲, 饶晓琴, 康平, 何建军, 卢宁生, 华明, 向卫国 (3622)
郑州市 PM _{2.5} 组分、来源及其演变特征	赵孝因, 王申博, 杨洁茹, 马秋红, 刘洋, 张瑞芹 (3633)
上海市 PM _{2.5} 中重金属元素对 COVID-19 控制的高频响应	程凯, 常运华, 旷雅琼, 邹忠 (3644)
粤港澳大湾区吸收性气溶胶的解析	段家乐, 巨天珍, 黄蕊蕊, 梁卓红, 范佳晨 (3652)
河南省 2016~2019 年机动车大气污染物排放清单及特征	高丹丹, 尹沙沙, 谷幸珂, 卢轩, 张欢, 张瑞芹, 王玲玲, 齐艳杰 (3663)
广州地区室内灰尘中典型邻苯增塑剂的污染特征与暴露风险	刘晓途, 彭长凤, 陈达, 石玉盟, 汤书琴, 谭弘李, 黄维 (3676)
天津市主要河流和土壤中全氟化合物空间分布、来源及风险评价	武倩倩, 吴强, 宋帅, 任加国, 杨胜杰, 吴颜岐 (3682)
河网水源生态湿地水氢氧同位素分异特征	杨婷, 王阳, 徐静怡, 吴萍, 王为东 (3695)
重要饮用水源地天目湖水库有色可溶性有机物来源与组成特征	周蕾, 周永强, 张运林, 朱广伟 (3709)
城市不同类型水体有色可溶性有机物来源组成特征	俞晓琴, 崔扬, 陈慧敏, 朱俊羽, 李宇阳, 郭燕妮, 周永强, 韩龙飞 (3719)
白洋淀典型淀区沉积物间隙水溶解性有机物的光谱时空演变特征	周石磊, 陈召莹, 张甜娜, 张紫薇, 孙悦, 姚波, 崔建升, 李再兴, 罗晓 (3730)
夏季巢湖入湖河流溶解性有机质来源及其空间变化	宁成武, 包妍, 黄涛, 王杰 (3743)
洪泽湖浮游动物时空分布特征及其驱动因素	陈业, 彭凯, 张庆吉, 蔡永久, 张永志, 龚志军, 项贤领 (3753)
农业耕作对三峡水库支流库湾消落带土壤氮、磷含量及流失的影响	罗芳, 鲁伦慧, 李哲, 韦方强 (3763)
沱江流域总氮面源污染负荷时空演变	肖宇婷, 姚婧, 湛书, 樊敏 (3773)
微塑料对海水抗生素抗性基因的影响	周曙屹, 朱永官, 黄福义 (3785)
磺胺甲噁唑对海水养殖废水处理过程中抗性细菌及抗性基因的富集作用	王金鹏, 赵阳国, 胡钰博 (3791)
潮汐-复合流人工湿地系统优化及对抗生素抗性基因的去除效果	程羽霄, 吴丹, 陈铨乐, 高方舟, 杨永强, 刘有胜, 应光国 (3799)
三峡库区香溪河库湾土壤多环芳烃时空分布特征及风险评价	黄应平, 金蕾, 朱灿, 李锐, 谢平, David Johnson, 刘慧刚, 席颖 (3808)
长江经济带工业污染排放空间分布格局及其影响因素	李芸邑, 刘利萍, 刘元元 (3820)
淡水系统中 4 种塑料颗粒的老化过程及 DOC 产物分析	李婉逸, 刘智临, 苗令占, 侯俊 (3829)
DOM 对沉积物悬浮颗粒吸附铜的促进作用及机制	丁翔, 李忠武, 徐卫华, 黄梅, 文佳骏, 金昌盛, 周咪, 陈佳 (3837)
市政污水二级出水中溶解性有机质在紫外/氯处理过程中的转化特性	王雪凝, 张炳亮, 潘丙才 (3847)
亚硝酸盐不同生成方式对短程硝化反硝化除磷颗粒系统的影响	王文琪, 李冬, 高鑫, 张杰 (3858)
A ² /O 与倒置 A ² /O 工艺低温条件下的氨氮去除能力解析	李金成, 郭雅妮, 齐嵘, 杨敏 (3866)
厌氧氨氧化启动过程细菌群落多样性及 PICRUS2 功能预测分析	闫冰, 付嘉琦, 夏嵩, 易其臻, 桂双林, 吴九九, 熊继海, 魏源送 (3875)
活性污泥微生物群落结构及与环境因素响应关系分析	马切切, 袁林江, 牛泽栋, 赵杰, 黄崇 (3886)
汾河沿岸农田土壤微塑料分布特征及成因解析	朱宇恩, 王瀚萱, 李唐慧烟, 李华, 吴超, 张桂香, 阎敬 (3894)
基于 GIS 及 APCS-MLR 模型的兰州市主城区土壤 PAHs 来源解析	管贤贤, 周小平, 雷春妮, 彭熾雯, 张松林 (3904)
典型碳酸盐岩区耕地土壤剖面重金属形态迁移转化特征及生态风险评价	唐世琪, 刘秀金, 杨柯, 郭飞, 杨峰, 马宏宏, 刘飞, 彭敏, 李括 (3913)
大气 CO ₂ 摩尔分数升高对高、低应答水稻稻田 N ₂ O 排放的影响	于海洋, 黄琼, 王天宇, 张广斌, 马静, 朱春梧, 徐华 (3924)
椰糠生物炭对热区双季稻田 N ₂ O 和 CH ₄ 排放的影响	王紫君, 王鸿浩, 李金秋, 伍延正, 符佩娇, 孟磊, 汤水荣 (3931)
不同水分管理条件下添加生物炭对琼北地区水稻土 N ₂ O 排放的影响	王鸿浩, 谭梦怡, 王紫君, 符佩娇, 李金秋, 汤水荣, 伍延正, 孟磊 (3943)
物种多样性对铅锌尾矿废弃地植被及土壤的生态效应	杨胜香, 曹建兵, 李凤梅, 彭禧柱 (3953)
来利山锡尾矿区优势植物调查与生态修复潜力分析	秦芙蓉, 张仕颖, 夏运生, 张乃明, 吴程龙, 何忠俊, 岳献荣, 田森林 (3963)
黄河源区高寒沼泽湿地土壤微生物群落结构对不同退化的响应	林春英, 李希来, 张玉欣, 孙华方, 李成一, 金立群, 杨鑫光, 刘凯 (3971)
秸秆还田配施化肥对稻-油轮作土壤酶活性及微生物群落结构的影响	靳玉婷, 李先藩, 蔡影, 胡宏祥, 刘运峰, 付思伟, 张博睿 (3985)
镉胁迫对芒草根际细菌群落结构、共发生网络和功能的影响	陈兆进, 林立安, 李英军, 陈彦, 张浩, 韩辉, 吴乃成, Nicola Fohrer, 李玉英, 任学敏 (3997)
岩溶区稻田土壤真菌群落结构及功能类群特征	周军波, 靳振江, 肖筱怡, 冷蒙, 王晓彤, 潘复静 (4005)
锌冶炼地块剖面土壤对镉、铅的吸附特征及机制	刘凌青, 肖细元, 郭朝晖, 彭驰, 姜智超, 阳安迪 (4015)
不同土壤调理剂对土壤镉和邻-苯二甲酸酯迁移转化影响	王璨, 张煜行, 何明靖, 刘文新, 卢俊峰, 魏世强 (4024)
4 种钝化剂对污染水稻土中 Cu 和 Cd 的固持机制	丁园, 敖师营, 陈怡红, 肖亮亮 (4037)
叶施 L-半胱氨酸对水稻镉和矿质元素含量的影响	张雅芸, 王常荣, 刘月敏, 刘雅萍, 刘仲齐, 张长波, 黄永春 (4045)
镉对不同生长期籽粒菹植物螯合肽的影响	刘佳欣, 陈文清, 杨力, 李娜, 王宇豪, 康愉晨 (4053)
中国造纸业物质代谢演化特征	刘欣, 杨涛, 武慧君, 袁增伟 (4061)
《环境科学》征订启事 (3651)	《环境科学》征稿简则 (3718)
信息 (3836, 3885, 3893)	

秸秆还田配施化肥对稻-油轮作土壤酶活性及微生物群落结构的影响

靳玉婷, 李先藩, 蔡影, 胡宏祥*, 刘运峰, 付思伟, 张博睿

(安徽农业大学资源与环境学院, 农田生态保育与污染防治安徽省重点实验室, 合肥 230036)

摘要: 秸秆还田是农业生态系统提高土壤肥力和维持作物生产力的有效管理措施. 为了研究秸秆还田配施化肥对巢湖地区稻-油轮作农田土壤养分含量、酶活性和微生物群落的影响, 开展连续 4 a (2016 ~ 2020 年) 的田间定位试验, 设置无秸秆 + 无施肥 (CK)、常规施肥 (F)、秸秆还田 + 常规施肥 (SF) 和秸秆还田 + 常规施肥减 20% (SDF) 这 4 个处理, 探究不同处理下影响土壤酶活性与细菌、真菌群落发生变化的关键环境因子. 结果表明, 秸秆还田配施化肥较常规施肥处理能够提高土壤养分含量, SF 处理的土壤养分含量最高. 与 F 相比, SF 处理的水稻季土壤有机质 (OM) 和全磷 (TP) 含量显著提高了 7.94% 和 24.07% ($P < 0.05$), 油菜季碱解氮 (AN) 含量显著提高了 13.62% ($P < 0.05$). SF 较 F 处理的土壤磷酸酶和脲酶在水稻季显著提高了 28.54% 和 24.13%, 在油菜季显著提高了 38.97% 和 30.70%, 而 SDF 处理的 4 种土壤酶中仅脲酶活性较 F 处理显著提高, 水稻季和油菜季分别提高了 20.31% 和 24.33% ($P < 0.05$). 秸秆还田对水稻季土壤细菌的 Chao1 和 Shannon 指数有所增加, 油菜季则有所减少, 而对真菌群落的 Chao1 和 Shannon 指数均增加. 对于微生物群落结构而言, SF 和 SDF 较 F 处理的变形菌门相对丰度在水稻季分别增加了 8.22% 和 7.88%, 油菜季分别增加了 18.53% 和 5.68%. 与 F 相比, SF 和 SDF 处理的绿弯菌门相对丰度在水稻季分别增加了 12.00% 和 11.25%, 油菜季分别增加了 15.02% 和 8.43%. 水稻季 SF 和 SDF 处理的担子菌门较 F 相比相对丰度显著提高了 70% 和 43.42% ($P < 0.05$), 油菜季 SF 和 SDF 处理的子囊菌门与 F 相比显著提高了 69.79% 和 43.72% ($P < 0.05$). 综上, 秸秆还田配施化肥可提高土壤养分含量, 土壤脲酶和磷酸酶对秸秆还田的响应更为敏感, 稻-油轮作农田土壤的细菌群落构成发生改变主要受土壤 TP 和速效磷 (AP) 影响, 而土壤 OM、AN 和 pH 则是引起真菌群落构成变化的主要环境因子, 因而秸秆还田有利于提高农田土壤肥力和维护生态系统健康.

关键词: 秸秆还田; 水稻-油菜轮作; 土壤养分; 酶活性; 微生物群落

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)08-3985-12 DOI: 10.13227/j.hjks.202012077

Effects of Straw Returning with Chemical Fertilizer on Soil Enzyme Activities and Microbial Community Structure in Rice-Rape Rotation

JIN Yu-ting, LI Xian-fan, CAI Ying, HU Hong-xiang*, LIU Yun-feng, FU Si-wei, ZHANG Bo-rui

(Anhui Province Key Laboratory of Farmland Ecological Conservation and Pollution Prevention, College of Resources and Environment, Anhui Agricultural University, Hefei 230036, China)

Abstract: Straw returning is an effective technique for improving soil fertility and maintaining crop productivity in agro-ecosystems. The effects of straw returning, when combined with chemical fertilizer, on soil nutrients, enzyme activity, and microbial community were explored in rice-rape rotation farmland in the Chaohu Area. We carried out a 4-year field experiment (2016-2020) and set up four treatments (no straw + no fertilization, CK; conventional fertilization, F; straw returning + conventional fertilization, SF; and straw returning + conventional fertilization minus 20%, SDF) to explore the key environmental factors affecting soil enzyme activity and microbial and fungal communities. The results showed that straw returning combined with chemical fertilizer could improve soil nutrient content, with the SF treatment resulting in the highest soil nutrient content. Compared with F, the SF treatment significantly increased the organic matter (OM) and total phosphorus (TP) content of the soil, by 7.94% and 24.07%, respectively, in rice seasons ($P < 0.05$), while the alkaline nitrogen (AN) content was significantly increased by 13.62% in rape seasons ($P < 0.05$). Compared with F, the SF treatment also significantly increased soil phosphatase and urease, by 28.54% and 24.13% in rice seasons and 38.97% and 30.70% in rape seasons, respectively ($P < 0.05$). Compared with F, SDF treatments significantly increased urease activity by 20.31% in rice seasons and 24.33% in rape seasons ($P < 0.05$). The results indicated that straw returning increased both the Chao1 and Shannon indices of soil bacteria in rice seasons, whereas decreased these indices in rape seasons. However, the Chao1 and Shannon index of the fungal community increased after straw returning. In terms of microbial community structure, the relative abundance of Proteobacteria in SF and SDF treatments increased by 8.22% and 7.88% in rice seasons and 18.53% and 5.68% in rape seasons, respectively, compared with the F treatment. Compared with F, the relative abundance of Chloroflexi in SF and SDF treatments increased by 12.00% and 11.25% in rice seasons and 15.02% and 8.43% in rape seasons, respectively. Compared with

收稿日期: 2020-12-09; 修订日期: 2021-01-28

基金项目: 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2017ZX07603-02-02); 合肥市环巢湖生态示范区项目(2018LJFD0033)

作者简介: 靳玉婷 (1994 ~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为农田生态环境保护, E-mail: yutingjin@126.com

* 通信作者, E-mail: hongxianghu@163.com

F, the relative abundance of Basidiomycota in SF and SDF treatments in rice seasons increased by 70% and 43.42% ($P < 0.05$), respectively, while ascomycetes in rape seasons increased by 69.79% and 43.72% ($P < 0.05$), respectively. In conclusion, straw returning combined with chemical fertilizer can improve soil nutrient content. Soil urease and phosphatase were more sensitive to straw returning. The compositional changes in the bacterial community of the soil were mainly affected by soil TP and available phosphorus (AP), whereas OM, AN, and pH were the main environmental factors causing changes in the fungal community composition. Consequently, straw returning can improve soil fertility and maintain ecosystem health.

Key words: straw returning; rice-rape rotation; soil nutrients; enzyme activity; microbial community

我国作为一个农业大国,农作物秸秆种类繁多且来源丰富,每年可产生数十亿吨农作物秸秆^[1],是世界上秸秆资源最为丰富的国家之一^[2]. 作物秸秆作为物质、能量和养分的载体,含有丰富的碳、氮、磷、钾、中微量元素以及木质素和纤维素等有机物,是一种重要的可再生资源^[3],秸秆还田作为改善土壤环境和提高土壤肥力的一种重要方式在全球农业生产活动中广泛应用^[4]. 已有研究表明秸秆还田能够提供作物生长所需的养分元素,还可以调节土壤物理结构,改善土壤生物功能^[5]. 程曼等^[6]的研究表明,秸秆还田可以显著提高单季种植作物土壤的全氮、全钾及腐殖质含量,提高土壤肥力^[7], Bai等^[8]的研究发现稻麦轮作农田实施秸秆还田后提高了土壤氮和有机质含量.

土壤酶和微生物作为评价土壤生物学特性的指标,在土壤养分循环及有机质分解等方面起重要作用^[9]. 土壤酶来源于根系分泌物、凋落物和微生物活动^[10],是各种生化过程和养分循环的活性成分,土壤中碳和氮等营养元素的转化主要依赖于土壤酶系统^[11]. 土壤酶是连接土壤微生物和土壤化学过程的重要媒介,其活性大小可反映出各养分代谢活性的强度^[12],是评价土壤肥力的重要指标之一. 土壤微生物活动对于营养物质循环和碳固存至关重要,能够改善土壤结构,分解不易被植物吸收的有机质和矿物,使土壤中营养元素更好地被植物吸收利用^[13]. 秸秆还田在土壤中的分解转化过程是在土壤微生物的推动作用下进行的. 秸秆还田为土壤微生物的繁殖生长提供了充足的碳源,增加了碳源的含量和种类^[14,15]. Li等^[16]的研究表明,秸秆还田改变了华北平原壤质潮土细菌的群落结构,增加了与复杂有机物质降解相关细菌的丰度. Zhao等^[17]的研究发现,秸秆还田使得土壤细菌群落结构发生明显变化,同时土壤细菌和真菌的丰富度和多样性与土壤硝态氮呈显著正相关. 6 a 的定位试验结果表明,相

比于单施化肥处理,秸秆还田配施化肥显著提升了土壤肥力,增加了土壤酶活性和细菌丰度,改变了细菌群落结构^[18]. 因此开展土壤微生物相关研究,有利于维护与改良土壤生态系统功能.

目前,有关于秸秆还田的研究主要集中在土壤微生物总生物量和群落组成变化方面,而不同种植作物种类和轮作制度下土壤的微生物群落也存在差异^[19],对秸秆还田配施化肥的响应也有所不同. 因此本研究通过连续 4 a 的田间试验探讨秸秆还田配施化肥对稻-油轮作模式下土壤酶活性、细菌和真菌多样性及群落组成结构的影响,以探究土壤养分与土壤微生物群落变化规律及其与土壤酶活性的关系,以期合理利用秸秆资源,调节土壤养分,提高作物产量,改善土壤生物功能提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验区位于安徽省巢湖市烔炀镇(东经 117°41'37",北纬 31°39'37"),试验点具体位置见图 1. 属亚热带湿润季风气候,气候特点为常年气候温和,日照充足,雨量充沛. 降雨主要集中在夏季,年平均降水量 1 210 mm,年平均气温 18 ~ 19℃. 土壤类型为潜育型水稻土,初始土壤理化性质见表 1.



图 1 试验点区域位置示意

Fig. 1 Location of test site

表 1 土壤理化性质

Table 1 Physical and chemical properties of soil

指标	pH	TN /g·kg ⁻¹	TP /g·kg ⁻¹	TK /g·kg ⁻¹	AN /mg·kg ⁻¹	AP /mg·kg ⁻¹	AK /mg·kg ⁻¹	OM /g·kg ⁻¹
数值	6.03	1.47	0.45	8.77	146.56	12.87	109.45	24.29

1.2 试验设计

定位试验始于 2016 年 6 月,种植制度为水稻-油菜轮作,水稻供试品种为“徽两优 996”,于每年 6 月中旬移栽,10 月初收获.油菜供试品种为“秦优十号”,于每年 11 月中旬移栽,次年 5 月收获.田间管理按照当地常规生产模式进行.试验共设置 4 个处理:无秸秆+无施肥(CK)、常规施肥(F)、秸秆还田+常规施肥(SF)和秸秆还田+常规施肥减 20%

(SDF),每个处理 3 次重复,共 12 个小区,呈随机区组分布.试验小区田埂用水泥堆砌而成,面积为 30 m²,长 4 m、宽 7.5 m.本试验中供试肥料为复合肥(氮-磷-钾:18-10-18)和尿素(氮含量 46.4%),常规施肥参照当地施肥量和方式,具体施肥情况见表 2.每季试验前先将上季作物收获,留茬 10 cm 左右,通过收割机将上一季的秸秆切碎翻耕入土,长度为 5~10 cm,秸秆还田量为上季作物收获后所有秸秆量.

表 2 不同处理施肥情况

Table 2 Fertilization of different treatments						
作物类型	处理	N/kg·hm ⁻²		P ₂ O ₅ /kg·hm ⁻²	K ₂ O /kg·hm ⁻²	秸秆还田比例 /%
		基肥	追肥			
油菜	CK	0	0	0	0	0
	F	196	139	109	196	0
	SF	196	139	109	196	100
	SDF	157	110	87	157	100
水稻	CK	0	0	0	0	0
	F	205	97	114	205	0
	SF	205	97	114	205	100
	SDF	165	78	90	165	100

1.3 样品采集与测定方法

在连续秸秆还田的第 4 年,即 2019 年 9 月水稻收获和 2020 年 5 月油菜收获期,按照五点采样法分别采集 0~20 cm 耕层土壤样品,混匀后装于放有冰袋的保温箱中立即带回实验室.将土壤样品分为 3 份,风干测定土壤养分含量,鲜土测定土壤酶活性,另一份土壤样品保存于-80℃,用于土壤微生物分析.

土壤理化性质测定参见文献[20].土壤 OM 采用重铬酸钾-外加热法测定;土壤全氮(TN)采用凯氏定氮法测定;土壤 TP 采用高温酸融-钼锑抗比色法测定;土壤 AP 采用 NaHCO₃ 提取-钼锑抗比色法测定;土壤 AN 采用碱解扩散法测定;土壤 pH 采用电极法(水土比 2.5:1).

土壤酶活性测定方法参见文献[21].过氧化氢酶活性:高锰酸钾容量法,以 1 g 土壤 1 h 内消耗的 0.005 mol·L⁻¹KMnO₄ 的体积数(mL)表示土壤过氧化氢酶活性;磷酸酶活性:磷酸苯二钠比色法,以 24 h 后 1 g 土壤中释放出的酚的毫克数(mg)表示磷酸酶活性;脲酶活性:苯酚钠-次氯酸钠比色法,以 24 h 后 1 g 土壤中 NH₄⁺-N 的毫克数(mg)表示土壤脲酶活性;蔗糖酶活性以 24 h 后每克土壤中葡萄糖的毫克数(mg)表示蔗糖酶活性.

土壤样品微生物的 DNA 提取采用 MOBIO 公司生产的土壤 DNA 提取试剂盒法(Power Soil DNA Isolation Kit),采用细菌 16S rRNA 基因的 V3-V4 高变区序列引物(5'-ACTCCTAGGGAGGGCAGCAG-3'、5'-GGACTACHVGGGTWTTCTAAT-3')和真菌 ITS rRNA 区序列引物(5'-GGAAGTAAAAGTCGT

AACAAGG-3'、5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')来进行 PCR 扩增.用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 扩增产物,并使用 AxyPrep DNA 凝胶回收试剂盒切割凝胶来回收目标片段,利用 Quantifluor-ST 对 PCR 产物进行定量检测.根据每个样本的测序量需求,将 PCR 扩增产物等摩尔混合,并在 Illumina MiSeq PE300 平台上进行测序分析.

1.4 数据处理

运用 Microsoft Excel 2016 处理数据,SPSS 22.0 软件分析数据,Duncan 进行样本平均数的差异显著性比较,OriginPro 8 作图.进行冗余分析以评价土壤理化性质及 pH 对土壤酶活性的影响.使用 SPSS 22.0 对土壤环境因子、酶活性、群落多样性和结构组成进行皮尔逊(Pearson)相关性分析.图表数据均为 3 次重复的平均值±标准误.

2 结果与分析

2.1 土壤养分含量及 pH 的变化

由表 3 可知,连续进行 4 a 的秸秆还田后,与 F 相比,秸秆还田配施化肥处理(SF 和 SDF)增加了稻-油轮作农田土壤的养分含量.水稻季 SF 较 F 处理的 TN、AP 和 AN 分别增加了 4.83%、6.80% 和 6.22%,其中 OM 和 TP 含量显著提高了 7.94% 和 24.07%(P<0.05),SDF 与 F 处理相比的 TN、AP、AN 和 TP 分别增加了 0.08%、0.61%、1.26% 和 19.33%.油菜季 SF 与 F 处理相比的 TN、TP、AP 和 OM 分别增加了 1.72%、17.69%、37.16% 和 6.15%,SDF 处理的 TN、TP、AP 和 OM 则分别增加

了 0.76%、3.40%、7.40% 和 7.04%,其中 SF 和 SDF 较 F 处理的 AN 含量则显著提高了 13.62% 和 13.10% ($P<0.05$). 常规与秸秆还田施肥处理均能使土壤的 pH 值有所下降,CK 处理的 pH 值最

高. 与 CK 相比, SF 和 SDF 处理的 pH 在水稻季显著降低 4.45% 和 7.82% ($P<0.05$), F 处理降低不显著,油菜季 F、SF 和 SDF 处理的 pH 值较 CK 显著降低 10.30%、11.67% 和 8.64% ($P<0.05$).

表 3 不同处理对土壤养分及 pH 的影响¹⁾

Table 3 Effects of different treatments on soil nutrients and pH							
作物类型	处理	OM/g·kg ⁻¹	TN/g·kg ⁻¹	TP/g·kg ⁻¹	AP/mg·kg ⁻¹	AN/mg·kg ⁻¹	pH
水稻	CK	26.68±0.26c	1.63±0.04b	0.42±0.02c	18.51±0.76a	154.22±2.86b	6.52±0.09a
	F	28.81±0.29b	1.82±0.06a	0.54±0.02b	23.85±1.55a	173.71±3.12a	6.48±0.07ab
	SF	31.10±0.68a	1.91±0.03a	0.68±0.05a	25.47±3.23a	184.52±9.72a	6.23±0.07bc
	SDF	28.56±0.34b	1.82±0.06a	0.65±0.03b	23.99±0.71a	175.90±2.49a	6.01±0.01d
油菜	CK	27.10±0.74b	1.49±0.10b	0.41±0.01b	14.41±1.13b	148.91±3.43c	6.60±0.08a
	F	29.46±0.68ab	1.75±0.02a	0.49±0.02ab	20.13±0.69ab	162.48±3.15b	5.92±0.15b
	SF	31.28±0.70a	1.76±0.03a	0.58±0.04a	27.61±3.71a	184.61±2.87a	5.83±0.15b
	SDF	31.54±1.81a	1.78±0.04a	0.51±0.01a	21.62±2.35ab	183.77±2.33a	6.03±0.24b

1) 同行数据后不同小写字母表示处理间差异显著 ($P<0.05$),下同

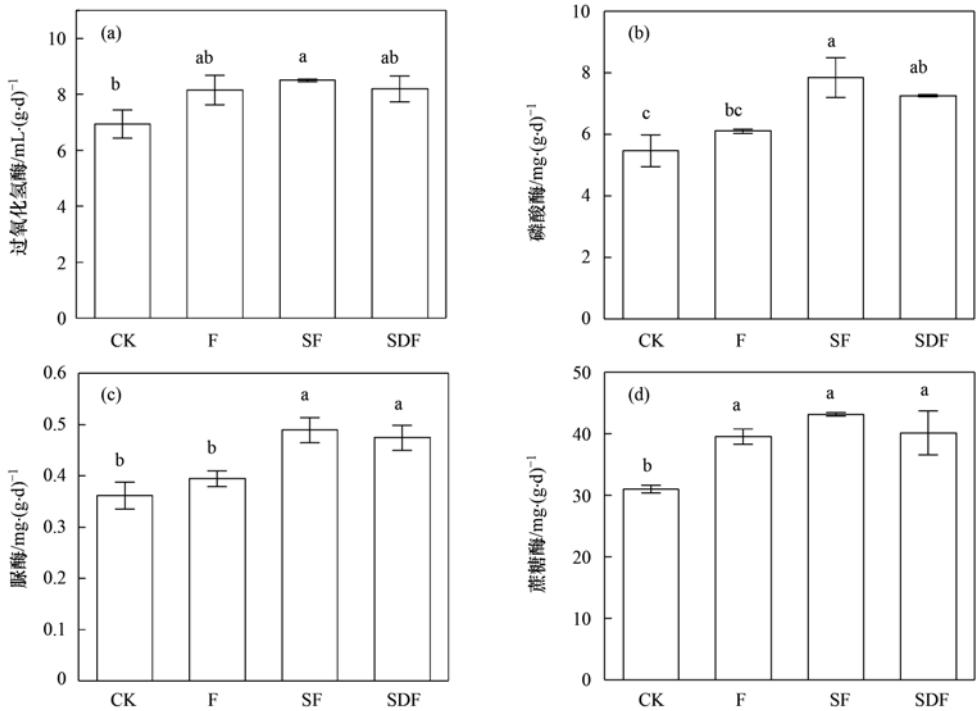
2.2 土壤酶活性

根据图 2 和图 3 可知,秸秆还田配施化肥较常规施肥处理均增加了土壤的酶活性,4 种酶活性均表现为 SF > SDF > F > CK. 与 F 相比, SF 处理的土壤过氧化氢酶和蔗糖酶活性在水稻季增加了 4.34% 和 9.09%,油菜季则增加了 4.56% 和 11.64%. 土壤磷酸酶和脲酶活性在水稻季显著提高了 28.54% 和 24.13%,油菜季显著提高了 38.97% 和 30.70% ($P<0.05$). SDF 处理的土壤过氧化氢酶、磷酸酶和蔗糖酶活性较 F 处理在水稻季分别增

加了 0.65%、18.76% 和 1.38%,油菜季则分别增加了 2.57%、26.19% 和 12.05%. 而脲酶活性较 F 处理在水稻和油菜季达显著差异,分别提高了 20.31% 和 24.33% ($P<0.05$). 可见,稻油轮作农田土壤的脲酶活性变化对秸秆还田的响应更为敏感,其次是磷酸酶.

2.3 土壤微生物群落多样性

如表 4 所示,水稻季收获后 SF 和 SDF 处理的土壤细菌群落的 Chao1 指数较 F 处理增加了 6.55% 和 6.12%, Shannon 指数增加了 2.15% 和



小写字母标注不同处理之间差异显著 ($P<0.05$),下同

图 2 水稻季不同处理下土壤酶活性变化

Fig. 2 Changes in soil enzyme activities under different treatments in rice season

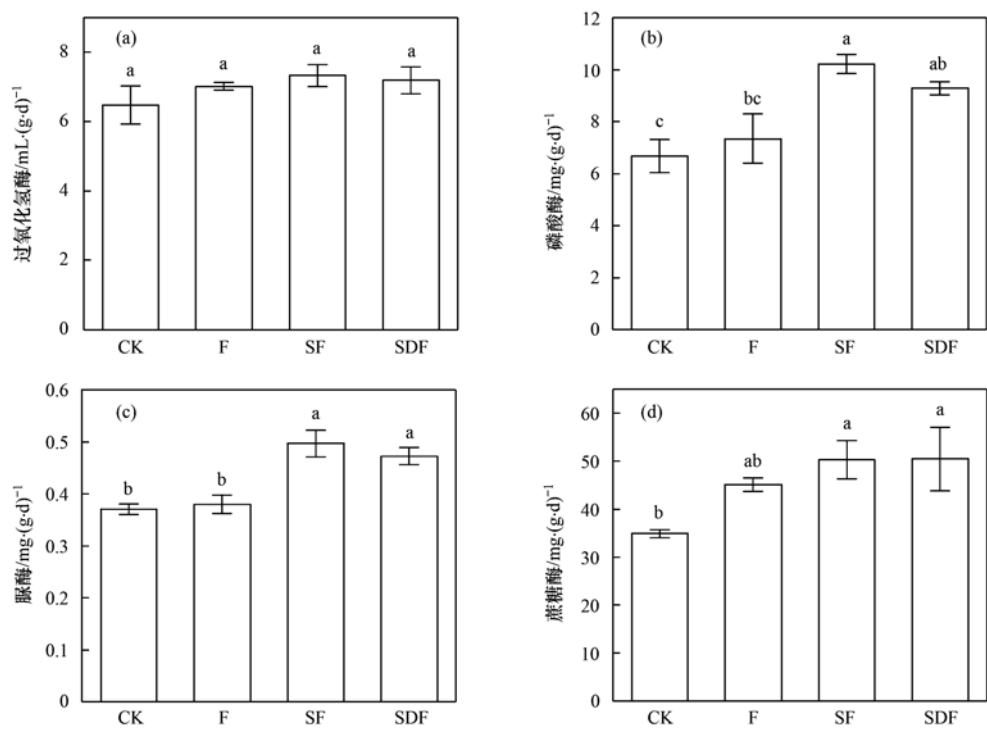


图3 油菜季不同处理下土壤酶活性变化

Fig. 3 Changes in soil enzyme activities under different treatments in rape season

2.69%. 油菜季 SF 和 SDF 处理土壤的细菌 Chao1 指数较 F 处理减少了 1.69% 和 4.50%, Shannon 指数则减少了 1.22% 和 0.71%, 但各处理间差异不显著. 对于真菌群落而言, 与 F 处理相比, 水稻季 SF 和 SDF 的 Chao1 指数增加了 3.65% 和 8.12%, Shannon 指数增加了 1.38% 和 7.83%. 油菜季 SF 和 SDF 的 Chao1 指数较 F 处理增加了 10.81% 和 2.87%, SF 处理的 Shannon 指数与 F 相比增加了 7.96%. 可见稻-油轮作下, 秸秆还田配施化肥可增加水稻季土壤细菌和真菌群落丰富度和多样性, 降低油菜季土壤细菌群落丰富度和多样性, 增加真菌群落丰富度和多样性.

表4 稻-油轮作下土壤细菌与真菌 Chao1 指数和 Shannon 指数

作物类型		细菌		真菌	
		Chao1 指数	Shannon 指数	Chao1 指数	Shannon 指数
水稻	CK	2 778.81 ± 51.15a	9.22 ± 0.04a	1 122.73 ± 45.99b	6.76 ± 0.32a
	F	2 641.92 ± 71.22a	9.31 ± 0.14a	1 211.76 ± 44.21ab	6.51 ± 0.25a
	SF	2 814.95 ± 56.35a	9.51 ± 0.14a	1 155.99 ± 37.76b	6.60 ± 0.36a
	SDF	2 803.62 ± 76.36a	9.56 ± 0.11a	1 310.13 ± 48.68a	7.02 ± 0.04a
油菜	CK	3 140.38 ± 99.46a	9.80 ± 0.06a	789.67 ± 62.25a	5.19 ± 0.46a
	F	3 271.15 ± 121.97a	9.86 ± 0.07a	787.44 ± 72.49a	5.15 ± 0.62a
	SF	3 215.77 ± 81.42a	9.74 ± 0.10a	873.07 ± 96.90a	5.56 ± 0.24a
	SDF	3 123.88 ± 184.37a	9.79 ± 0.14a	809.59 ± 44.75a	5.00 ± 0.94a

2.4 土壤微生物群落构成

不同处理下细菌和真菌群落结构在门水平上的物种组成如图 4 所示. 门水平上水稻季各处理土壤细菌按丰富度排列为变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteria)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)、疣微菌门(Verrucomicrobia)、黏胶球形菌门(Latescibacteria)和嗜热菌门(Ignavibacteriae)等门类, 这 10 类菌占

总细菌的 93.35%~94.39%, 其中优势细菌门(丰度 >5%)变形菌门占比最高, 为 36.10%~39.06%, 其次为绿弯菌门(17.63%~21.09%)、酸杆菌门(8.69%~13.64%)、硝化螺旋菌门(6.82%~8.99%)、芽单胞菌门(5.06%~5.66%). 子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)是各处理土壤的优势真菌门, 相对丰度 45.08%~54.01% 和 3.23%~9.98%, 其次为接合菌门(Zygomycota)、隐真菌门(Rozellomycota)及球囊菌门(Glomeromycota). 在本研究中, 与 F 相比, 水稻季 SF 和 SDF 处理的细

菌变形菌门相对丰度增加了 8.22% 和 7.88%, 绿弯菌门增加了 12.00% 和 11.25%, 酸杆菌门减少了 11.44% 和 16.83%, 硝化螺旋菌门减少了 3.00% 和 9.45%, 芽单胞菌门则减少了 10.47% 和 3.24%。对于水稻季真菌群落而言, SF 和 SDF 较 F 处理的担子菌门相对丰度显著提高了 70.00% 和 43.42%。

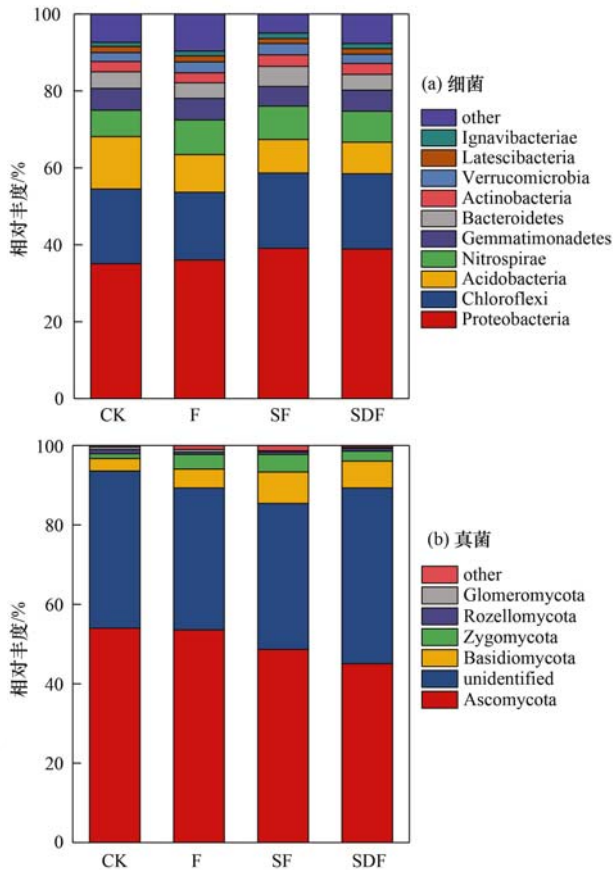


图 4 水稻季土壤细菌与真菌群落组成

Fig. 4 Composition of soil bacterial and fungal communities in rice season

图 5 中变形菌 (Proteobacteria) (35.59% ~ 41.65%)、绿弯菌门 (Chloroflexi) (17.40% ~ 19.02%)、酸杆菌门 (Acidobacteria) (14.59% ~ 15.54%)、拟杆菌门 (Bacteroidetes) (6.49% ~ 7.33%) 和硝化螺旋菌门 (Nitrospirae) (3.03% ~ 3.82%) 为油菜季各处理土壤优势细菌门, 共占细菌总量的 79.29% ~ 91.00%。子囊菌门 (Ascomycota) (32.42% ~ 37.82%)、油壶菌门 (Olpidiomyces) (15.11% ~ 21.88%)、担子菌门 (Basidiomycota) (13.66% ~ 17.07%)、被孢菌门 (Mortierellomycota) (10.14% ~ 13.55%) 是各处理土壤的优势真菌门, 共占真菌总量的 69.48% ~ 87.78%。结果表明, 与 F 相比, 油菜季秸秆还田处理 (SF 和 SDF) 的变形菌门、绿弯菌门和拟杆菌门分别增加了 5.68% ~ 18.53%、8.43% ~ 15.02% 和 6.34% ~ 11.07%。真菌群落中 SF 和 SDF 处理的子

囊菌门 (Ascomycota) 较 F 相比, 显著提高了 69.79% 和 43.72%, SDF 处理的油壶菌门 (Olpidiomyces) 相对丰度显著降低了 29.80%。

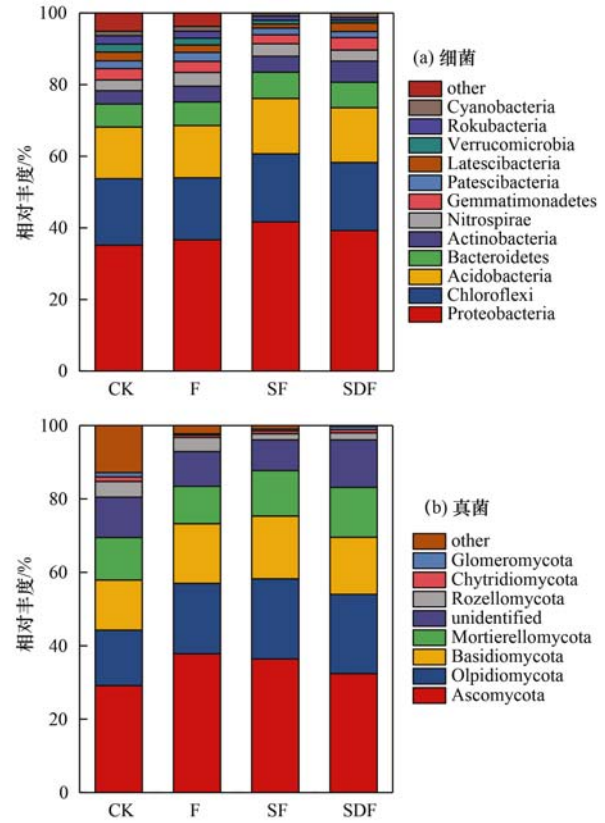


图 5 油菜季土壤细菌与真菌群落组成

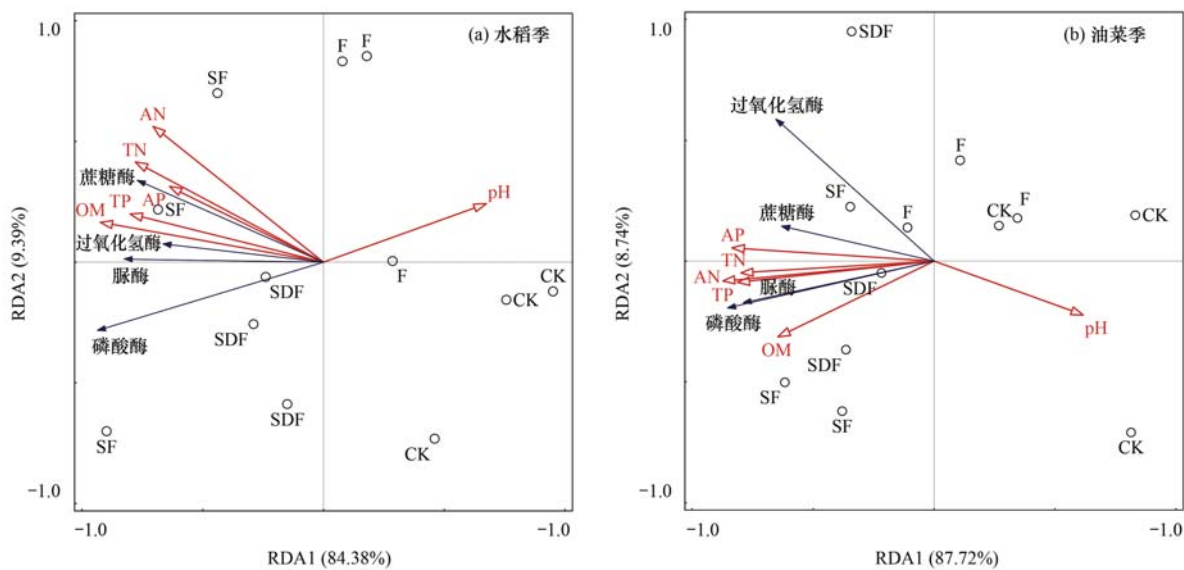
Fig. 5 Composition of soil bacterial and fungal communities in rape season

2.5 土壤理化性质的变化与酶活性的 RDA 分析

为解释引起土壤酶活性变化的主要环境因子, 对稻-油轮作下土壤酶活性与土壤养分及 pH 进行了 RDA 分析 (图 6)。结果表明, 第一排序轴和第二排序轴分别可以解释水稻季土壤酶活性变化的 84.38% 和 9.39%, 油菜季土壤酶活性变化的 87.72% 和 8.74%, 前两轴共解释了 93.77% 的水稻季土壤酶活性总变异和 96.46% 的油菜季土壤酶活性总变异。由图 6(a) 可知, 秸秆还田后水稻季土壤的 OM、TP 和 TN 与土壤酶活性呈正相关, 土壤 pH 与土壤各酶活性呈负相关。根据图 6(b) 结果显示, 油菜季的土壤 AN、TP 和 AP 与土壤酶活性呈正相关, 土壤 pH 与土壤各酶活性呈负相关。

2.6 土壤微生物群落与土壤理化性质和酶活性的相关性分析

将各处理间的微生物群落 α 多样性和结构组成与土壤理化性质和酶活性进行相关性分析, 土壤细菌和真菌 α 多样性由 Shannon 指数和 Chao1 指数来反映。由表 5 可知, 细菌与真菌的 Chao 1 指数和 Shannon 指数与土壤理化性质在水稻和油菜季无明显



红色箭头连线表示土壤理化性质及 pH, 蓝色箭头连线表示土壤酶活性

图 6 土壤酶活性与理化性质的 RDA 分析

Fig. 6 RDA analysis of soil enzyme activity and physical and chemical properties

显相关性, 水稻季细菌的 Shannon 指数与土壤脲酶显著正相关 ($P < 0.05$). 对于稻-油轮作下门水平上的优势细菌与真菌群落构成而言, 水稻季的变形菌门与土壤 TP 和磷酸酶明显正相关 ($P < 0.05$), 与脲酶极显著正相关 ($P < 0.01$), 酸杆菌门与土壤 AP 和过氧化氢酶显著负相关 ($P < 0.05$). 子囊菌门与土壤 pH 极显著正相关 ($P < 0.01$), 担子菌门与土壤 TP 和脲酶明显正相关 ($P < 0.05$), 与磷酸酶极显著正相关 ($P < 0.01$), 见表 5.

油菜季的皮尔逊相关性分析结果显示 (表 6),

变形菌门与土壤 TP、AP 和磷酸酶显著正相关 ($P < 0.05$), 与脲酶明显负相关 ($P < 0.05$). 酸杆菌门和拟杆菌门与土壤磷酸酶极显著正相关 ($P < 0.01$), 与脲酶显著正相关 ($P < 0.05$). 油壶菌门与土壤 OM、过氧化氢酶和蔗糖酶极显著正相关 ($P < 0.01$), 与 AN 显著正相关 ($P < 0.05$), 而担子菌门与土壤 pH 极显著负相关 ($P < 0.01$). 综上可知土壤优势细菌、真菌群落构成与土壤理化性质和酶活性密切相关, 土壤环境因子的变化能引起土壤优势细菌和真菌群落构成发生改变.

表 5 细菌与真菌 α 多样性与门水平上优势菌群与土壤理化性质和酶活性之间的相关性 (水稻季)¹⁾

Table 5 Correlation between α diversity of bacteria and fungi and dominant flora at the phylum level, with physical and chemical properties of soil and enzyme activities (rice season)

类别	α 多样性与门水平上优势菌群	OM	TN	TP	AP	AN	pH	过氧化氢酶	磷酸酶	脲酶	蔗糖酶
细菌	Chao 1 指数	0.053	-0.248	0.167	-0.134	0.091	-0.332	-0.007	0.518	0.547	0.047
	Shannon 指数	-0.401	-0.540	-0.500	-0.459	-0.272	0.228	0.793	0.937	0.974 *	0.801
	Proteobacteria	0.765	0.816	0.973 *	0.811	0.854	-0.907	0.815	0.979 *	0.997 **	0.834
	Chloroflexi	0.058	-0.077	0.242	-0.314	-0.021	-0.508	-0.133	0.406	0.437	-0.079
	Acidobacteria	-0.765	-0.916	-0.949	-0.951 *	-0.934	0.788	-0.957 *	-0.859	-0.877	-0.944
	Nitrospirae	0.788	0.895	0.689	0.914	0.868	-0.261	0.912	0.572	0.528	0.894
	Gemmatimonadetes	-0.884	-0.750	-0.798	-0.672	-0.766	0.522	-0.663	-0.899	-0.845	-0.720
真菌	Chao 1 指数	0.096	0.288	0.403	0.028	0.482	-0.308	0.494	0.370	0.470	0.440
	Shannon 指数	-0.486	-0.477	-0.120	-0.453	0.013	-0.120	-0.157	0.142	0.263	-0.171
	Ascomycota	-0.447	-0.564	-0.830	-0.593	-0.620	0.999 **	-0.604	-0.817	-0.886	-0.606
	Basidiomycota	0.891	0.898	0.982 *	0.874	0.923	-0.786	0.873	0.999 **	0.987 *	0.900

1) * 和 ** 分别表示在 0.05 和 0.01 水平显著相关,下同

3 讨论

3.1 秸秆还田配施化肥对土壤理化性质的影响

本研究结果显示秸秆还田可增加稻-油轮作农田氮磷及有机质养分含量,均以 SF 处理最高. SF 处

理的有机质含量在水稻季达到显著提高 ($P < 0.05$),这与 Zhu 等^[19]的研究结果一致. 秸秆中养分是提高土壤有机碳的重要来源,外源碳的持续加入激发了土壤微生物的活性,加强了微生物矿化和固定过程,促进秸秆中碳在土壤中的积累^[22]. 旱地土

表 6 细菌与真菌 α 多样性与门水平上优势菌群与土壤理化性质和酶活性之间的相关性 (油菜季)

Table 6 Correlation between α diversity of bacteria and fungi and dominant flora at phylum level and soil physical and chemical properties and enzyme activities (rape season)

种类	α 多样性与门水平上优势菌群	OM	TN	TP	AP	AN	pH	过氧化氢酶	磷酸酶	脲酶	蔗糖酶
细菌	Chao 1 指数	-0.112	-0.147	0.040	0.032	-0.010	-0.375	0.297	-0.033	-0.168	0.188
	Shannon 指数	-0.413	-0.345	-0.024	0.039	-0.165	-0.295	-0.382	-0.745	-0.787	-0.340
	Proteobacteria	0.849	0.682	0.956 *	0.965 *	0.910	-0.739	0.883	0.980 *	-0.951 *	0.834
	Chloroflexi	0.213	-0.180	0.189	0.218	0.376	0.230	0.09	0.516	0.609	0.104
	Acidobacteria	0.858	0.651	0.918	0.926	0.929	-0.674	0.858	0.993 **	0.983 *	0.827
	Bacteroidetes	0.865	0.664	0.925	0.932	0.932	-0.688	0.867	0.994 **	0.982 *	0.835
	Actinobacteria	0.775	0.698	0.400	0.359	0.728	-0.454	0.614	0.547	0.588	0.736
	Nitrospirae	0.200	0.511	0.428	0.417	0.089	-0.687	0.409	0.052	-0.083	0.316
真菌	Chao 1 指数	0.251	0.000	-0.027	-0.008	0.193	-0.065	0.694	0.877	0.850	0.607
	Shannon 指数	0.405	0.007	-0.070	-0.055	0.126	-0.005	0.321	0.469	0.408	0.171
	Ascomycota	0.520	0.757	0.694	0.679	0.423	-0.893	0.696	0.374	0.249	0.618
	Olpidiomyota	0.993 **	0.944	0.927	0.907	0.971 *	-0.901	0.991 **	0.907	0.870	0.998 **
	Basidiomycota	0.806	0.884	0.941	0.931	0.764	-0.981 *	0.927	0.748	0.654	0.862
	Mortierellomycota	0.589	0.254	0.364	0.364	0.684	-0.081	0.408	0.689	0.780	0.486

壤通气性优于淹水土壤,秸秆还田加速了微生物呼吸作用,使其微生物生物量和活性提高^[23],不利于根际土壤有机质累积,水稻土壤由于淹水厌氧环境限制了有机质分解消耗,使土壤养分得以积累^[24]. 本研究表明,与 F 处理相比,秸秆还田显著提高水稻季土壤全磷含量,其原因是稻-油轮作种植过程中,秸秆中养分的投入活化了土壤磷库^[25],水稻季淹水环境中土壤 pH 趋向中性,中性范围内磷的有效性最高^[26]. 淹水状态下土壤处于还原条件,土壤中铁、锰等氧化物在还原条件下会释放出与其结合的闭蓄态磷,提升土壤磷的扩散能力和有效性^[27]. 另一方面,秸秆腐解过程中也为土壤输入了磷素^[28],导致土壤中磷素含量增加. 本试验显示秸秆还田处理可提高土壤固氮能力, SF 和 SDF 处理的油菜季碱解氮含量与 F 相比显著提高. 秸秆还田通过提高微生物活性,调节矿质氮的固定与转化,将易流失的无机氮转化为相对稳定的有机氮,使土壤中的氮素积累^[29]. 另一方面作物生长期落叶和残根增加了土壤中的有机物料,其氧气充沛的土壤条件加速分解,有利于氮素固存,这与 Yang 等^[30]的研究结果一致. 本研究中常规施肥与秸秆还田配施化肥处理均可降低土壤 pH 值,但与背景值并无较大差异,秸秆还田短期内对土壤的 pH 值无显著影响,这与 Zhu 等^[19]的研究结果一致. 由于秸秆在分解过程中产生了大量的有机酸,如乙酸和腐植酸-黄腐酸等,但很快会因土壤自身的酸碱缓冲能力而有所恢复,短期内不会影响土壤酸碱度^[19].

3.2 秸秆还田配施化肥对土壤酶活性的影响

本研究表明,与不还田相比, SF 和 SDF 处理的土壤过氧化氢酶、脲酶、磷酸酶和蔗糖酶活性在水稻

和油菜季均有所提高,其中 SF 处理的土壤脲酶和磷酸酶较 F 处理达到显著水平. 土壤酶是土壤中物质的转化、养分释放和固定等过程的重要参与者,对土壤肥力的形成也具有重要作用^[31]. 脲酶是促进土壤氮素转化的专一酶,磷酸酶对促进土壤碳、氮、磷元素转化有显著作用,蔗糖酶和过氧化氢酶主要驱动土壤有机质的分解^[32]. 秸秆还田腐解过程中,有机物料的投入改变了土壤的团聚体和孔隙结构,提高缓冲作用和持水力,为各种酶提供载体^[33]. 另一方面秸秆的输入为土壤中相关微生物提供了丰富的能量原料^[5],优化了土壤微生物生存环境^[34],促进微生物新陈代谢活动,能够刺激微生物分泌参与碳氮磷循环相关的土壤酶,使其随着旺盛的根系分泌和土壤微生物活动进入土壤,导致土壤中酶活性增加^[35],加快土壤中碳氮周转. 张涵等^[12]和冯慧琳等^[36]的研究表明土壤碳氮比是影响土壤酶活性的关键影响因素, Wang 等^[37]的试验得出秸秆还田与化肥配施,加速了土壤有机碳的矿化分解进程,对土壤酶活性均有一定程度的提高. 这与本研究结果一致. 本试验结果显示相比于水稻季,秸秆还田在油菜季对土壤酶活性的影响更为显著. 由于秸秆中含有较多纤维素及木质素降解菌^[18],油菜季良好的土壤通气环境能有效促进秸秆碳氮养分的分解释放,为土壤酶提供更多和更丰富的酶促反应基质.

3.3 秸秆还田配施化肥对土壤微生物多样性及群落结构的影响

本试验结果表明秸秆还田配施化肥对水稻、油菜土壤的细菌和真菌多样性和群落结构具有一定的影响,能够提升水稻季土壤细菌的 Chao1 指数和 Shannon 多样性指数,对油菜季土壤细菌的 Chao1

指数和 Shannon 多样性指数有所降低. Liu 等^[38]的研究表明长期单施化肥显著降低细菌的丰富度和多样性. 秸秆的加入为以异养方式生存的细菌提供了外源有机物料等营养物质, 有利于其繁殖生长, 减少各细菌群落之间的竞争^[39], 增强稻田土壤细菌群落的多样性, 这与 Wang^[40] 和 Zhang 等^[41] 的研究结果一致. 刘文静等^[42] 的研究表明细菌在淹水条件的细菌 α 多样性显著高于旱作生态系统. 由于水稻季厌氧环境下电子受体的多样化增强了各细菌群落之间的稳定性^[43]. 油菜季频繁的翻耕活动以及特定施肥方式导致了特定微生物才能在此环境过滤作用下存活, 抵抗外界干扰能力相对较小, 秸秆的加入增加了微生物分解负担, 从而降低了微生物多样性. 而对于真菌而言, 秸秆还田配施化肥较单施化肥处理增加稻-油轮作农田土壤真菌的 Chao1 指数和 Shannon 多样性指数. 真菌适宜在 pH < 5 的酸性土壤中生存, 土壤 pH 下降会刺激嗜酸性真菌的生长繁殖^[44], 弱碱性环境并不利于真菌的生长^[45]. 研究结果显示秸秆还田配施化肥短期内会降低土壤的 pH 值, 但无显著差异性, 故短期内会增加稻-油轮作农田土壤的真菌 α 多样性.

从微生物群落结构来看, 稻-油轮作下农田土壤微生物优势细菌门为变形菌门、绿弯菌门和酸杆菌门等, 秸秆还田配施化肥增加了土壤变形菌门和绿弯菌门群落的相对丰度, 这与前人的研究结果一致^[46]. 秸秆还田过程中养分的供应决定了土壤微生物种群生长的关键因素, 其中有机质作为微生物繁殖的重要碳源^[14], 是引起微生物群落发生改变的影响因素. 秸秆还田提高了土壤 C/N, 也为微生物生长提供了基质. 变形菌门在秸秆还田处理土壤中占用较高的比例, 其包含多种代谢固氮细菌种类^[47], 能够广泛参与土壤矿物碳氮等多种营养元素的生物化学循环过程. 秸秆还田带来的有机物料通过矿化和降解释放氮, 从而补充了土壤氮库, 促进了固氮细菌的生长繁殖, 从而刺激了变形菌门中固氮微生物种群相对丰度的增加^[48], 有利于土壤肥力的保持和植物生长. 绿弯菌门中的微生物主要为厌氧类细菌, 可将糖和多糖发酵成有机酸和氢^[49], 从而加快土壤中有机物料的分解与吸收. Wegner 等^[50] 的研究表明, 绿弯菌门对秸秆中半纤维素的降解具有促进作用. Yu 等^[51] 的研究表明经过连续 6 a 的秸秆还田后, 土壤中绿弯菌门相对丰度显著高于无秸秆还田处理.

本研究中真菌群落丰度最高的优势菌门为子囊菌门, 秸秆还田配施化肥能够提高水稻-油菜轮作土壤中子囊菌门和担子菌门真菌群落的相对丰度, 这与文献[41, 52] 的研究结果一致. 秸秆施用后土壤

真菌群落丰度都有一定程度地增加, 这很可能是由于秸秆还田过程中有机质的矿化, 消耗土壤中的氧气, 使土壤中微生物兼性厌氧微生物或厌氧微生物的相对丰度增加^[13]. 因为真菌群落中的子囊菌门是一类腐生菌, 其产生的纤维素酶能够分解土壤中的有机物, 如纤维素和木质素等, 秸秆还田后的植物残茬在子囊菌门的降解作用下充分释放养分^[53]. 结果显示油菜季经秸秆还田处理的子囊菌门较常规施肥处理显著提高, 这是由于子囊菌门适宜在干旱环境下生存^[54], 油菜季土壤通气性较淹水状态的水稻季更利于其生长. 水稻季经秸秆还田处理的担子菌门相对丰度较常规施肥处理显著提高, 可能由于担子菌门中的白腐真菌能够有效分解秸秆中碳氮比高的木质素^[17], 秸秆还田为担子菌门提供了良好的生长环境, 能够充分利用降解作物残留物, 促进其快速增长, 从而改变真菌群落的物种组成.

4 结论

水稻-油菜轮作模式下, 秸秆还田配施化肥能够有效提高土壤养分含量, 水稻季土壤 OM 和 TP 显著提高, 油菜季表现为 AN 含量显著提高. 秸秆还田可显著提高稻-油轮作农田土壤脲酶和磷酸酶活性. 在秸秆还田的基础上, 相比于水稻季, 油菜季土壤酶活性对秸秆还田的响应更为显著. 其中, 水稻季土壤 OM、TP 及 TN 是影响土壤酶活性的主要环境因子, 油菜季土壤 AN、TP 及 AP 为主控因子. 土壤 pH 与土壤各酶活性呈负相关. 采用高通量测序技术表明, 秸秆还田配施化肥能够提升水稻季土壤细菌与真菌的 Chao1 和 Shannon 多样性指数, 降低油菜季土壤细菌的 Chao1 和 Shannon 多样性指数, 增加真菌的 Chao1 和 Shannon 多样性指数. 变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门和硝化螺旋菌等是主要细菌类群, 子囊菌门和担子菌门是主要的真菌类群, 其中土壤 TP 和 AP 是影响稻-油轮作下农田土壤细菌群落构成的主要因子, 土壤 OM、AN 和 pH 是影响土壤真菌群落发生改变的主要因素, 土壤磷酸酶与脲酶和土壤微生物之间关系密切. 因此, 持续性秸秆还田配施化肥能够改善稻-油轮作农田土壤的生态环境和维持生态系统功能的稳定, 进而保障农业的可持续发展.

致谢: 特别感谢巢湖市烔炀镇西宋村王世昌等田间管理人员给予本研究长期的协助与支持.

参考文献:

- [1] 毕于运, 高春雨, 王红彦, 等. 我国农作物秸秆离田多元化利用现状与策略[J]. 中国农业资源与区划, 2019, 40(9): 1-11.
- Bi Y Y, Gao C Y, Wang H Y, et al. Research on the present situation and corresponding strategies of off-field straw collection

- and comprehensive utilization in China[J]. Chinese Journal of Agricultural Resources and Regional Planning, 2019, **40**(9): 1-11.
- [2] 丛宏斌, 姚宗路, 赵立欣, 等. 中国农作物秸秆资源分布及其产业体系与利用路径[J]. 农业工程学报, 2019, **35**(22): 132-140.
- Cong H B, Yao Z L, Zhao L X, *et al.* Distribution of crop straw resources and its industrial system and utilization path in China [J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2019, **35**(22): 132-140.
- [3] 柴如山, 安之冬, 马超, 等. 我国主要粮食作物秸秆钾养分资源量及还田替代钾肥潜力[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, **26**(2): 201-211.
- Chai R S, An Z D, Ma C, *et al.* Potassium resource quantity of main grain crop straw and potential for straw incorporation to substitute potassium fertilizer in China [J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2020, **26**(2): 201-211.
- [4] Dhaliwal S S, Naresh R K, Gupta R K, *et al.* Effect of tillage and straw return on carbon footprints, soil organic carbon fractions and soil microbial community in different textured soils under rice-wheat rotation: a review [J]. Reviews in Environmental Science and Bio/Technology, 2020, **19**(1): 103-115.
- [5] 张鑫, 周卫, 艾超, 等. 秸秆还田下氮肥运筹对夏玉米不同时期土壤酶活性及细菌群落结构的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, **26**(2): 295-306.
- Zhang X, Zhou W, Ai C, *et al.* Effects of nitrogen management on soil enzyme activities and bacterial community structure in summer maize growing stages under straw incorporation [J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2020, **26**(2): 295-306.
- [6] 程曼, 解文艳, 杨振兴, 等. 黄土旱塬长期秸秆还田对土壤养分、酶活性及玉米产量的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2019, **27**(10): 1528-1536.
- Cheng M, Xie W Y, Yang Z X, *et al.* Effects of long-term straw return on corn yield, soil nutrient contents and enzyme activities in dryland of the Loess Plateau, China [J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2019, **27**(10): 1528-1536.
- [7] 石含之, 赵沛华, 黄永东, 等. 秸秆还田对土壤有机碳结构的影响[J]. 生态环境学报, 2020, **29**(3): 536-542.
- Shi H Z, Zhao P H, Huang Y D, *et al.* Effect of straw mulching on soil organic carbon structure [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2020, **29**(3): 536-542.
- [8] Bai N L, Zhang H L, Li S X, *et al.* Long-term effects of straw and straw-derived biochar on soil aggregation and fungal community in a rice-wheat rotation system [J]. PeerJ, 2019, **6**, doi: 10.7717/peerj.6171.
- [9] 李月, 张水清, 韩燕来, 等. 长期秸秆还田与施肥对潮土酶活性和真菌群落的影响[J]. 生态环境学报, 2020, **29**(7): 1359-1366.
- Li Y, Zhang S Q, Han Y L, *et al.* Effects on fluvo-aquic soil enzyme activity and fungal community of long-term straw returning and fertilization [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2020, **29**(7): 1359-1366.
- [10] Pausch J, Kuzyakov Y. Carbon input by roots into the soil: quantification of rhizodeposition from root to ecosystem scale [J]. Global Change Biology, 2018, **24**(1): 1-12.
- [11] Yu L L, Tang Y L, Wang Z G, *et al.* Nitrogen-cycling genes and rhizosphere microbial community with reduced nitrogen application in maize/soybean strip intercropping [J]. Nutrient Cycling in Agroecosystems, 2019, **113**(1): 35-49.
- [12] 张涵, 贡璐, 刘旭, 等. 氮添加影响下新疆天山雪岭云杉林土壤酶活性及其与环境因子的相关性[J]. 环境科学, 2021, **42**(1): 403-410.
- Zhang H, Gong L, Liu X, *et al.* Soil enzyme activity in *Picea schrenkiana* and its relationship with environmental factors in the Tianshan Mountains, Xinjiang [J]. Environmental Science, 2021, **42**(1): 403-410.
- [13] 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.
- [14] Hao M M, Hu H Y, Liu Z, *et al.* Shifts in microbial community and carbon sequestration in farmland soil under long-term conservation tillage and straw returning [J]. Applied Soil Ecology, 2019, **136**: 43-54.
- [15] Su Y, Lv J L, Yu M, *et al.* Long-term decomposed straw return positively affects the soil microbial community [J]. Journal of Applied Microbiology, 2020, **128**(1): 138-150.
- [16] Li F, Chen L, Zhang J B, *et al.* Bacterial community structure after long-term organic and inorganic fertilization reveals important associations between soil nutrients and specific taxa involved in nutrient transformations [J]. Frontiers in Microbiology, 2017, **8**, doi: 10.3389/fmicb.2017.00187.
- [17] 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.
- [18] Chen Y L, Li X, Liu J T, *et al.* Changes in bacterial community of soil induced by long-term straw returning [J]. Scientia Agricola, 2017, **74**(5): 349-356.
- [19] 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**, doi: 10.1016/j.ejsobi.2019.103116.
- [20] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [21] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986.
- [22] Liu X, Zhou F, Hu G Q, *et al.* Dynamic contribution of microbial residues to soil organic matter accumulation influenced by maize straw mulching [J]. Geoderma, 2019, **333**: 35-42.
- [23] Bulgarelli D, Schlaeppi K, Spaepen S, *et al.* Structure and functions of the bacterial microbiota of plants [J]. Annual Review of Plant Biology, 2013, **64**(1): 807-838.
- [24] 理鹏, 吴建强, 沙晨燕, 等. 粪肥和有机肥施用对稻田土壤微生物群落多样性影响[J]. 环境科学, 2020, **41**(9): 4262-4272.
- Li P, Wu J Q, Sha C Y, *et al.* Effects of manure and organic fertilizer application on soil microbial community diversity in paddy fields [J]. Environmental Science, 2020, **41**(9): 4262-4272.
- [25] Jing Z W, Chen R R, Wei S P, *et al.* Response and feedback of C mineralization to P availability driven by soil microorganisms [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2017, **105**: 111-120.
- [26] 马垒, 郭志彬, 王道中, 等. 长期三水平磷肥施用梯度对砂姜黑土细菌群落结构和酶活性的影响[J]. 土壤学报, 2019, **56**(6): 1459-1470.
- Ma L, Guo Z B, Wang D Z, *et al.* Effect of long-term application of phosphorus fertilizer on soil bacterial community structure and enzymatic activity in lime concretion black soil relative to P application rate [J]. Acta Pedologica Sinica, 2019,

- 56(6): 1459-1470.
- [27] 王昆昆, 廖世鹏, 任涛, 等. 连续秸秆还田对油菜水稻轮作土壤磷素有效性及作物磷素利用效率的影响[J]. 中国农业科学, 2020, **53**(1): 94-104.
- Wang K K, Liao S P, Ren T, *et al.* Effect of continuous straw returning on soil phosphorus availability and crop phosphorus utilization efficiency of oilseed rape-rice rotation[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, **53**(1): 94-104.
- [28] 李威, 成永旭, 孙颖, 等. 秸秆还田配施氮肥对冬春季稻田水质、土壤养分及酶活性的影响[J]. 中国生态农业学报, 2020, **28**(7): 1051-1060.
- Li W, Cheng Y X, Sun Y, *et al.* Effects of nitrogen fertilizer and returning straw on aquaculture water, soil nutrients, and enzyme activity in rice-crayfish fields during winter and spring[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2020, **28**(7): 1051-1060.
- [29] 张丹, 付斌, 胡万里, 等. 秸秆还田提高水稻-油菜轮作土壤固氮能力及作物产量[J]. 农业工程学报, 2017, **33**(9): 133-140.
- Zhang D, Fu B, Hu W L, *et al.* Increasing soil nitrogen fixation capacity and crop yield of rice-rape rotation by straw returning[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2017, **33**(9): 133-140.
- [30] Yang H S, Zhai S L, Li Y F, *et al.* Waterlogging reduction and wheat yield increase through long-term ditch-buried straw return in a rice-wheat rotation system[J]. *Field Crops Research*, 2017, **209**: 189-197.
- [31] 刘威, 耿明建, 秦自果, 等. 种植绿肥与稻秸协同还田对单季稻田土壤有机碳库和酶活性的影响[J]. 农业工程学报, 2020, **36**(7): 125-133.
- Liu W, Geng M J, Qin Z G, *et al.* Effects of co-incorporation of green manure planting and rice straw on soil organic carbon pool and soil enzyme activity in a mono-rice cropping system[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2020, **36**(7): 125-133.
- [32] 朱长伟, 龙潜, 董士刚, 等. 小麦-玉米轮作体系不同旋耕和深耕管理对潮土微生物量碳氮与酶活性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, **26**(1): 51-63.
- Zhu C W, Long Q, Dong S G, *et al.* Effects of rotary and deep tillage modes on soil microbial biomass carbon and nitrogen and enzyme activities in fluvo-aquic soil under wheat-maize rotation system[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2020, **26**(1): 51-63.
- [33] 姚旭, 景航, 梁楚涛, 等. 人工油松林表层土壤团聚体活性有机碳含量对短期氮添加的响应[J]. 生态学报, 2017, **37**(20): 6724-6731.
- Yao X, Jing H, Liang C T, *et al.* Response of labile organic carbon content in surface soil aggregates to short-term nitrogen addition in artificial *Pinus tabulaeformis* forests[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, **37**(20): 6724-6731.
- [34] Borase D N, Nath C P, Hazra K K, *et al.* Long-term impact of diversified crop rotations and nutrient management practices on soil microbial functions and soil enzymes activity[J]. *Ecological Indicators*, 2020, **114**, doi: 10.1016/j.ecolind.2020.106322.
- [35] 梁路, 马臣, 张然, 等. 有机无机肥配施提高旱地麦田土壤养分有效性及酶活性[J]. 植物营养与肥料学报, 2019, **25**(4): 544-554.
- Liang L, Ma C, Zhang R, *et al.* Improvement of soil nutrient availability and enzyme activities in rainfed wheat field by combined application of organic and inorganic fertilizers[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2019, **25**(4): 544-554.
- [36] 冯慧琳, 徐辰生, 何欢辉, 等. 生物炭对土壤酶活性和细菌群落的影响及其作用机制[J]. 环境科学, 2021, **42**(1): 422-432.
- Feng H L, Xu C S, He H H, *et al.* Effect of biochar on soil enzyme activity & the bacterial community and its mechanism[J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(1): 422-432.
- [37] Wang X, Jia Z, Liang L. Effect of straw incorporation on soil moisture, evapotranspiration, and rainfall-use efficiency of maize under dryland farming[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2014, **69**(5): 449-455.
- [38] Liu Z J, Rong Q L, Zhou W, *et al.* Effects of inorganic and organic amendment on soil chemical properties, enzyme activities, microbial community and soil quality in yellow clayey soil[J]. *PLoS One*, 2017, **12**(3), doi: 10.1371/journal.pone.0172767.
- [39] 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.
- [40] 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.
- [41] Zhang L C, Li J, Zhang M Q. Effect of rice-rice-rape rotation on physicochemical property and bacterial community of rhizosphere soil[J]. *Oil Crop Science*, 2020, **5**(3): 149-155.
- [42] 刘文静, 张建伟, 邱崇文, 等. 水旱轮作对土壤微生物群落构建过程的影响机制[J]. 土壤, 2020, **52**(4): 710-717.
- Liu W J, Zhang J W, Qiu C W, *et al.* Study on community assembly processes under paddy-upland rotation[J]. *Soils*, 2020, **52**(4): 710-717.
- [43] 王晓婷, 陈瑞蕊, 井忠旺, 等. 水稻和小麦根际效应及细菌群落特征的比较研究[J]. 土壤学报, 2019, **56**(2): 443-453.
- Wang X T, Chen R R, Jing Z W, *et al.* Comparative study on rhizosphere effects and bacterial communities in the rhizospheres of rice and wheat[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2019, **56**(2): 443-453.
- [44] 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.
- [45] 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.
- [46] Wang Q F, Jiang X, Guan D W, *et al.* Long-term fertilization changes bacterial diversity and bacterial communities in the maize rhizosphere of Chinese Mollisols[J]. *Applied Soil Ecology*, 2018, **125**: 88-96.
- [47] 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.

- [48] Chaudhry V, Rehman A, Mishra A, *et al.* Changes in bacterial community structure of agricultural land due to long-term organic and chemical amendments [J]. *Microbial Ecology*, 2012, **64** (2): 450-460.
- [49] Podosokorskaya O A, Bonch-Osmolovskaya E A, Novikov A A, *et al.* *Ornatilinea apprima* gen. nov., sp. nov., a cellulolytic representative of the class Anaerolineae [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2012, **63** (Pt 1): 86-92.
- [50] Wegner C E, Liesack W. Microbial community dynamics during the early stages of plant polymer breakdown in paddy soil [J]. *Environmental Microbiology*, 2016, **18** (9): 2825-2842.
- [51] Yu D L, Wen Z G, Li X M, *et al.* Effects of straw return on bacterial communities in a wheat-maize rotation system in the North China Plain [J]. *PLoS One*, 2018, **13** (6), doi: 10.1371/journal.pone.0198087.
- [52] 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.
- [53] 刘师豆, 韩耀光, 朱新萍, 等. 棉秆炭调控对碱性镉污染水稻根际土壤真菌群落结构和功能的影响 [J]. *环境科学*, 2020, **41** (8): 3846-3854.
- Liu S D, Han Y G, Zhu X P, *et al.* Effects of cotton stalk biochar on the structure and function of fungi community in alkaline rhizosphere soil of rice under cadmium pollution [J]. *Environmental Science*, 2020, **41** (8): 3846-3854.
- [54] 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.



CONTENTS

Characteristics and Control Strategies on Summertime Peak Ozone Concentration in Shanghai	YAN Ru-sha, WANG Hong-li, HUANG Cheng, <i>et al.</i> (3577)
Characteristics and Sources of VOCs at Different Ozone Concentration Levels in Tianjin	WANG Wen-mei, GAO Jing-yun, XIAO Zhi-mei, <i>et al.</i> (3585)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric VOCs During Ozone Pollution Period in the Main Urban Area of Chongqing	LI Ling, LI Zhen-liang, ZHANG Dan, <i>et al.</i> (3595)
Emission Characteristics and Atmospheric Chemical Reactivity of Volatile Organic Compounds(VOCs) in Automobile Repair Industry	CHEN Peng, ZHANG Yue, ZHANG Liang, <i>et al.</i> (3604)
Analysis of the Continuous Heavy Pollution Process in the Winter of 2016 in Beijing, Tianjin, and Hebei	MAO Ye, ZHANG Heng-de, ZHU Bin (3615)
Evaluation of Air Pollution Characteristics and Air Quality Improvement Effect in Beijing and Chengdu	DANG Ying, ZHANG Xiao-ling, RAO Xiao-qin, <i>et al.</i> (3622)
Chemical Components and Sources of PM _{2.5} and Their Evolutive Characteristics in Zhengzhou	ZHAO Xiao-nan, WANG Shen-bo, YANG Jie-ru, <i>et al.</i> (3633)
High-frequency Responses to the COVID-19 Shutdown of Heavy Metal Elements in PM _{2.5} in Shanghai	CHENG Kai, CHANG Yun-hua, KUANG Ya-qiong, <i>et al.</i> (3644)
Analysis of Ultraviolet Aerosol Index in Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area	DUAN Jia-le, JU Tian-zhen, HUANG Rui-rui, <i>et al.</i> (3652)
Vehicle Air Pollutant Emission Inventory and Characterization in Henan Province from 2016 to 2019	GAO Dan-dan, YIN Sha-sha, GU Xing-ke, <i>et al.</i> (3663)
Characterization and Exposure Risk Assessment of Non-phthalate Plasticizers in House Dust from Guangzhou	LIU Xiao-tu, PENG Chang-feng, CHEN Da, <i>et al.</i> (3676)
Distribution, Sources, and Risk Assessment of Polyfluoroalkyl Substances in Main Rivers and Soils of Tianjin	WU Qian-qian, WU Qiang, SONG Shuai, <i>et al.</i> (3682)
Differentiation of Hydrogen and Oxygen Isotopes in the Water Source Treatment Wetlands of Stream Networks	YANG Ting, WANG Yang, XU Jing-yi, <i>et al.</i> (3695)
Characterizing Sources and Composition of Chromophoric Dissolved Organic Matter in a Key Drinking Water Reservoir Lake Tianmu	ZHOU Lei, ZHOU Yong-qiang, ZHANG Yun-lin, <i>et al.</i> (3709)
Sources and Optical Dynamics of Chromophoric Dissolved Organic Matter in Different Types of Urban Water Bodies	YU Xiao-qin, CUI Yang, CHEN Hui-min, <i>et al.</i> (3719)
Temporal and Spatial Evolution Characteristics of DOM Spectra in Sediment Interstitial Water in Typical Zones of Baiyangdian Lake	ZHOU Shi-lei, CHEN Zhao-ying, ZHANG Tian-na, <i>et al.</i> (3730)
Sources and Spatial Variation of Dissolved Organic Matter in Summer Water of Inflow Rivers Along Chaohu Lake Watershed	NING Cheng-wu, BAO Yan, HUANG Tao, <i>et al.</i> (3743)
Spatio-temporal Distribution Characteristics and Driving Factors of Zooplankton in Hongze Lake	CHEN Ye, PENG Kai, ZHANG Qing-ji, <i>et al.</i> (3753)
Effects of Farming Practices on Soil Nitrogen and Phosphorus Concentrations and Its Loss in the Drawdown Area of the Tributary Embayment of the Three Gorges Reservoir	LUO Fang, LU Lun-hui, LI Zhe, <i>et al.</i> (3763)
Temporal and Spatial Evolution of Non-point Source Pollution Load of Total Nitrogen in Tuojiang River Basin	XIAO Yu-ting, YAO Jing, CHEN Shu, <i>et al.</i> (3773)
Microplastic-Induced Alterations to Antibiotic Resistance Genes in Seawater	ZHOU Shu-yi-dan, ZHU Yong-guan, HUANG Fu-yi (3785)
Enrichment of Antibiotic Resistant Bacteria and Antibiotic Resistance Genes by Sulfamethoxazole in the Biological Treatment System of Mariculture Wastewater	WANG Jin-peng, ZHAO Yang-guo, HU Yu-bo (3791)
Optimization of Tidal-Combined Flow Constructed Wetland System and Its Removal Effect on Antibiotic Resistance Genes	CHENG Yu-xiao, WU Dan, CHEN Quan-le, <i>et al.</i> (3799)
Temporal-spatial Distribution and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Soil of Xiangxi Bay in Three Gorges Reservoir Area	HUANG Ying-ping, JIN Lei, ZHU Can, <i>et al.</i> (3808)
Spatial Distribution Pattern and Influencing Factors of Industrial Pollution Emissions in Yangtze River Economic Belt	LI Yun-yi, LIU Li-ping, LIU Yuan-yuan (3820)
Aging Process and DOC Analysis of Four Different Types of Plastic Particles in Freshwater Systems	LI Wan-yi, LIU Zhi-lin, MIAO Ling-zhan, <i>et al.</i> (3829)
Promotion and Mechanisms of DOM on Copper Adsorption by Suspended Sediment Particles	DING Xiang, LI Zhong-wu, XU Wei-hua, <i>et al.</i> (3837)
Transformation Characteristics of Dissolved Organic Matter During UV/Chlorine Treatment of Municipal Secondary Effluent	WANG Xue-ning, ZHANG Bing-liang, PAN Bing-cai (3847)
Effects of Different Nitrite Generation on the Short-cut Nitrification Denitrifying Phosphorus Removal Granules System	WANG Wen-qi, LI Dong, GAO Xin, <i>et al.</i> (3858)
Ammonia Nitrogen Removal Performance with Parallel Operation of Conventional and Inverted A ² /O Sewage Treatment Processes in Winter	LI Jin-cheng, GUO Ya-ni, QI Rong, <i>et al.</i> (3866)
Diversity and PICRUS2-based Predicted Functional Analysis of Bacterial Communities During the Start-up of ANAMMOX	YAN Bing, FU Jia-qi, XIA Song, <i>et al.</i> (3875)
Microbial Community Structure of Activated Sludge and Its Response to Environmental Factors	MA Qie-qie, YUAN Ling-jiang, NIU Ze-dong, <i>et al.</i> (3886)
Distribution and Sources of Microplastics in Farmland Soil Along the Fenhe River	ZHU Yu-en, WEN Han-xuan, LI Tang-hui-xian, <i>et al.</i> (3894)
Source Apportionment of Soil PAHs in Lanzhou Based on GIS and APCS-MLR Model	GUAN Xian-xian, ZHOU Xiao-ping, LEI Chun-ni, <i>et al.</i> (3904)
Migration, Transformation Characteristics, and Ecological Risk Evaluation of Heavy Metal Fractions in Cultivated Soil Profiles in a Typical Carbonate-Covered Area	TANG Shi-qi, LIU Xiu-jin, YANG Ke, <i>et al.</i> (3913)
Effect of Elevated CO ₂ on N ₂ O Emissions from Different Rice Cultivars in Rice Fields	YU Hai-yang, HUANG Qiong, WANG Tian-yu, <i>et al.</i> (3924)
Effects of Coconut Chaff Biochar Amendment on Methane and Nitrous Oxide Emissions from Paddy Fields in Hot Areas	WANG Zi-jun, WANG Hong-hao, LI Jin-qiu, <i>et al.</i> (3931)
Effects of Biochar Addition Under Different Water Management Conditions on N ₂ O Emission From Paddy Soils in Northern Hainan	WANG Hong-hao, TAN Meng-yi, WANG Zi-jun, <i>et al.</i> (3943)
Ecological Effects of Species Diversity on Plant Growth and Physico-Chemical Properties in a Pb-Zn Mine Tailings	YANG Sheng-xiang, CAO Jian-bing, LI Feng-mei, <i>et al.</i> (3953)
Investigation of Dominant Plants and Analysis of Ecological Restoration Potential in Lailishan Tin Tailings	QIN Fu-rong, ZHANG Shi-ying, XIA Yun-sheng, <i>et al.</i> (3963)
Responses of Different Degradation Stages of Alpine Wetland on Soil Microbial Community in the Yellow River Source Zone	LIN Chun-ying, LI Xi-lai, ZHANG Yu-xin, <i>et al.</i> (3971)
Effects of Straw Returning with Chemical Fertilizer on Soil Enzyme Activities and Microbial Community Structure in Rice-Rape Rotation	JIN Yu-ting, LI Xian-fan, CAI Ying, <i>et al.</i> (3985)
Shifts in Rhizosphere Bacterial Community Structure, Co-occurrence Network, and Function of <i>Miscanthus</i> Following Cadmium Exposure	CHEN Zhao-jin, LIN Li-an, LI Ying-jun, <i>et al.</i> (3997)
Investigation of Soil Fungal Communities and Functionalities within Karst Paddy Fields	ZHOU Jun-bo, JIN Zhen-jiang, XIAO Xiao-yi, <i>et al.</i> (4005)
Adsorption Characteristics and Mechanism of Cd and Pb in Tiered Soil Profiles from a Zinc Smelting Site	LIU Ling-qing, XIAO Xi-yuan, GUO Zhao-hui, <i>et al.</i> (4015)
Influence of Different Soil Conditioner on the Transfer and Transformation of Cadmium and Phthalate Esters in Soil	WANG Can, ZHANG Yu-liang, HE Ming-jing, <i>et al.</i> (4024)
Immobilization Mechanism of Four Types of Amendments on Cu and Cd in Polluted Paddy Soil	DING Yuan, AO Shi-ying, CHEN Yi-hong, <i>et al.</i> (4037)
Foliar Application of L-Cysteine: Effects on the Concentration of Cd and Mineral Elements in Rice	ZHANG Ya-hui, WANG Chang-rong, LIU Yue-min, <i>et al.</i> (4045)
Effect of Cadmium Stress on Phytochelatins in <i>Amaranthus hypochondriacus</i> L. During Different Growth Periods	LIU Jia-xin, CHEN Wen-qing, YANG Li, <i>et al.</i> (4053)
Evolution of Material Metabolism in China's Pulp and Paper Industry	LIU Xin, YANG Tao, WU Hui-jun, <i>et al.</i> (4061)