万方知库
Eco-Environmental Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

中国主要城市土壤重金属累积特征与风险评价

彭驰，何亚磊，郭朝晖，肖细元，张严

主办 中国科学院生态环境研究中心
出版 科学出版社

双效期刊

2022年1月
第43卷 第1期
Vol.43 No.1

环境科学
(HUANJING KEXUE)
ENVIRONMENTAL SCIENCE
第43卷 第1期
2022年1月15日

目 次

中国主要城市土壤重金属累积特征与风险评价 …… 彭驰, 何亚磊, 郭朝晖, 肖细元, 张严 (1)
植物生长调节剂在土壤中的环境行为综述 …… 陈亮, 侯杰, 胡晓蕾, 张纪兆, 王浩达 (11)
基于铁泥的磁性水处理材料制备及应用进展 …… 曾辉平, 翟龙雪, 李冬, 张杰 (26)
不同臭氧度量指标对我国人群总死亡影响的Meta分析 …… 阮芳芳, 刘纪新, 陈芷薇, 曾贤刚 (37)
北京市海坨山冬季不同污染过程下气溶胶化学组分及其潜在来源分析 …… 赵德龙, 王飞, 刘丹彤, 田平, 盛久江, 周嵬, 肖伟, 杜远谋, 卢俐, 黄梦宇, 何晖, 丁德平 (46)
武汉冬季大气 $PM_{2.5}$ 小时分辨率源贡献识别及潜在影响域分析 …… 蒋书凝, 孔少飞, 郑煌, 曾昕, 陈楠, 祁士华 (61)
运城市 $PM_{2.5}$ 时空分布特征和潜在源区季节分析 …… 王妘涛, 张强, 温肖宇, 窦乃超, 赵文婷, 罗淑贞, 陈志, 瞿程凯 (74)
中国东部冷锋推进中的 $PM_{2.5}$ 三维结构变化特征 …… 牟南南, 朱彬, 卢文 (85)
粤港澳大湾区大气中硝基多环芳烃污染特征与风险评估 …… 李彦希, 谢丹平, 黎玉清, 金梦, 丁紫荣, 闫雅楠, 赵波 (93)
西南地区大型综合工业区和周边区域大气VOCs污染特征及健康风险评估 …… 李陵, 张丹, 胡伟, 徐芹, 吴虹, 袁睿, 蒲茜, 郝宇杭, 唐志欣, 赖明敏 (102)
拉萨市挥发性有机物的组成特征、季节变化和来源解析 …… 余家燕, 韩燕, 陈木兰, 张惠芳, 陈阳, 刘建国 (113)
杭州COVID-19期间大气VOCs体积分数变化特征 …… 林旭, 严仁嫦, 金嘉佳, 许凯儿, 何曦, 叶辉, 何纪平 (123)
上海城郊夏季大气VOCs在臭氧生成中的作用 …… 金丹 (132)
铜川市秋冬季大气VOCs特征及其 O_3 和SOA形成潜势分析 …… 易宵霄, 李姜豪, 李光华, 路珍珍, 孙智钢, 高健, 邓顺熙 (140)
电子垃圾拆解回收VOCs排放特征与排放因子 …… 谢丹平, 黄忠辉, 刘旺, 聂鹏, 黄钟坤, 贺辉, 陈晓燕 (150)
不同传输通道下珠江三角洲臭氧与前体物非线性响应关系 …… 伍永康, 陈伟华, 颜丰华, 毛敬英, 袁斌, 王伟文, 王雪梅 (160)
淄博市城郊臭氧污染特征及影响因素分析 …… 王雨燕, 杨文, 王秀艳, 王帅, 白瑾丰, 程颖 (170)
昭通市周边扬尘重金属污染特征及健康风险 …… 庞晓晨, 韩新宇, 史建武, 包宇斋, 宁平, 张朝能, 向峰 (180)
城市路面积尘微塑料污染特征 …… 方芹, 牛司平, 陈予东, 于江华 (189)
塔里木河流域东部降水稳定同位素特征与水汽来源 …… 宋洋, 王圣杰, 张明军, 石玉东 (199)
赤水河流域水体抗生素污染特征及风险评价 …… 吴天宇, 李江, 杨爱江, 李彦澄, 陈瑀, 何强, 马凯, 胡霞, 王斌, 艾佳, 钟雄 (210)
无定河流域地表水地下水的水化学特征及控制因素 …… 李书鉴, 韩晓, 王文辉, 李志 (220)
白洋淀府河影响区沉积物营养盐和重金属污染特征及风险评价 …… 陈兴宏, 李立青, 张美一, 张伟军, 王东升, 王洪杰 (230)
九龙江口红树林湿地表层沉积物中微塑料赋存特征与重金属的关系 …… 刘倡君, 罗专溪, 闫钰, 林惠荣, 胡恭任, 于瑞莲 (239)
北京市北运河水系底栖动物群落与水环境驱动因子的关系及水生态健康评价 …… 胡小红, 左德鹏, 刘波, 黄振芳, 徐宗学 (247)
城市河道再生水特征水质因子空间变异机制分析 …… 刘全忠, 彭柯, 苏振华, 邸琰茗, 郭逍宇 (256)
苏州景观河道表层沉积物间隙水-上覆水中DOM特性分析 …… 李超男, 何杰, 朱学惠, 李学艳 (267)
苏州城区雨水管道沉积物典型污染物分布特征 …… 叶蓉, 盛铭军, 姜永波, 武宇圣, 黄天寅 (277)
信号分子强化改性挂膜沸石持续抑制沉积物中氨氮释放 …… 徐金兰, 许洋, 李修民, 国淼, 刘成海 (285)
三峡水库调度对支流水体叶绿素a和环境因子垂向分布的影响 … 田盼, 李亚莉, 李莹杰, 李虹, 王丽婧, 宋林旭, 纪道斌, 赵星星 (295)
李家河水库春季分层期 *nirS* 型反硝化菌群特征分析 …… 梁伟光, 黄廷林, 张海涵, 杨尚业, 刘凯文, 李程遥, 温成成, 李伟涛, 蔡晓春 (306)
岗南水库沉积物好氧反硝化菌群落时空分布特征 …… 张紫薇, 陈召莹, 张甜娜, 周石磊, 崔建升, 罗晓 (314)
宁夏地区地下水金属元素分布特征及健康风险评价 …… 王晓东, 田伟, 张雪艳 (329)
快速城镇化三角洲地区高碘地下水赋存特征及驱动因素:以珠江三角洲为例 …… 吕晓立, 刘景涛, 韩占涛, 周冰, 李备 (339)
长三角一体化示范区青浦区水环境中22种PPCPs的多介质分布特征及风险评估 …… 张智博, 段艳平, 沈嘉豪, 俞文韬, 罗鹏程, 涂耀仁, 高峻 (349)
洞庭湖及入湖河流中209种多氯联苯同类物分布特征与风险评估 …… 黄智峰, 郑丙辉, 尹大强, 崔婷婷, 赵兴茹 (363)
基于流量和溶存浓度的河流水系氧化亚氮释放量估算 … 李冰清, 胡敏鹏, 王铭烽, 张育福, 吴昊, 周佳, 吴锴彬, 戴之舟, 陈丁江 (369)
三峡库区万州段河流水-气界面 CO_2 通量支干流对比及影响机制初探 …… 秦宇, 欧阳常悦, 王雨潇, 方鹏 (377)
功能化凹凸棒吸附材料的制备及其对重金属废水中 Pb^{2+} 的吸附行为 …… 廖晓峰, 钟静萍, 陈云嫩, 邱廷省, 任嗣利 (387)
铁氮共掺杂生物炭对二级水溶解性有机物的吸附特性与长效性评价 …… 吴晨曦, 许路, 金鑫, 石烜, 金鹏康 (398)
沸石悬浮填料生物移动床的亚硝化特性 …… 邓翠兰, 郭露, 汪晓军, 陈振国 (409)
温度对ANAMMOX生物膜工艺的脱氮影响与菌群结构分析 …… 吴珊, 王淑雅, 王芬, 季民 (416)
填料对ANAMMOX污泥活性恢复的影响及菌群特征 …… 罗景文, 杨津津, 李绍康, 赵昕宇, 杨一飞, 韩嘉琛, 李翔 (424)
基于PMF模型的宁南山区小流域土壤重金属空间分布及来源解析 …… 夏子书, 白一茹, 王幼奇, 高小龙, 阮晓晗, 钟艳霞 (432)
浙中典型硫铁矿区农田土壤重金属含量特征及健康风险 …… 成晓梦, 孙彬彬, 吴超, 贺灵, 曾道明, 赵辰 (442)
农产品视角的城郊黑土地农田重金属风险分区 …… 吴松泽, 王冬艳, 李文博, 王兴佳, 闫卓冉 (454)
基于DGT技术的广西碳酸盐岩区稻米镉含量主控因素 …… 宋波, 肖乃川, 马丽钧, 李龙, 陈同斌 (463)
调理剂耦合水分管理对双季稻镉和铅累积的阻控效应 …… 李林峰, 王艳红, 李义纯, 唐明灯, 李奇, 艾绍英 (472)
设施叶菜类蔬菜重金属镉、铅和砷累积特征及健康风险评价 …… 董俊文, 高培培, 孙洪欣, 周昶, 张香玉, 薛培英, 刘文菊 (481)
电子垃圾拆解废渣-土壤-蔬菜中多氯联苯污染特征与健康风险评估 …… 张亚萍, 吕占禄, 王先良, 张晗, 郭凌川, 丁秀丽, 张金良 (490)
雷州半岛南部典型农用地土壤-作物的有机氯农药残留特征和健康风险评价 …… 梁晓晖, 解启来, 郑芊, 杨北辰, 叶金明, 唐成金 (500)
重金属含量对城市土壤真菌群落结构的影响 …… 郭大陆, 张建, 申思, 余子洁, 杨军顺, 罗红燕 (510)
长期施肥对黄土高原梯田土壤养分特征和微生物资源限制的影响 …… 吴春晓, 高小峰, 闫本帅, 梁彩群, 陈佳瑞, 王国梁, 刘国彬 (521)
土地利用变化后不同种植年限香椿土壤微生物群落的组成及多样性 …… 姜霓雯, 梁辰飞, 张勇, 蒋仲龙, 董佳琦, 吴家森, 傅伟军 (530)
化肥和有机肥配施生物炭对土壤磷酸酶活性和微生物群落的影响 … 杨文娜, 余泺, 罗东海, 熊子怡, 王鋆燕, 徐曼, 王子芳, 高明 (540)
秦岭中段撂荒地植被恢复过程中土壤微生物代谢特征 …… 薛悦, 康海斌, 杨航, 冰德叶, 晁志, 张凯, 王得祥 (550)
全生物降解地膜原料颗粒对土壤性质、小麦生长和养分吸收转运的影响 …… 闵文豪, 王春丽, 王莉玮, 易廷辉, 卞京军, 支梅, 孙琪惠, 宿锦锦, 赵秀兰 (560)
秸秆还田对冬小麦-夏玉米农田土壤固碳、氧化亚氮排放和全球增温潜势的影响 …… 万小楠, 赵珂悦, 吴雄伟, 白鹤, 杨学云, 顾江新 (569)

《环境科学》征订启事(73) 《环境科学》征稿简则(209) 信息(229, 266, 338)

Eco-Environmental Knowledge Web

环 境 科 学
Environmental Science

第43卷第1期 2022年1月
Vol.43, No.1 Jan., 2022

土地利用变化后不同种植年限香榧土壤微生物群落的组成及多样性

姜霓雯[1], 梁辰飞[2], 张勇[3], 蒋仲龙[3], 董佳琦[4], 吴家森[1,4], 傅伟军[1,4]*

(1. 浙江农林大学浙江省土壤污染生物修复重点实验室, 临安 311300; 2. 浙江农林大学浙江省森林生态系统碳循环与碳封存重点实验室, 临安 311300; 3. 浙江省公益林和国有林场管理总站, 杭州 310020; 4. 浙江农林大学环境与资源学院, 临安 311300)

摘要: 为探究毛竹林改种香榧后以及香榧种植年限的增加对土壤微生物群落结构特征的影响,并研究其与土壤肥力因子的关系,运用高通量测序技术,研究毛竹林、香榧5a、香榧+山稻5a、香榧10a和香榧30a土地利用方式下土壤微生物群落组成及多样性的变化. 结果表明土地利用改变后,土壤中细菌群落的Shannon指数和Chao 1指数显著增加,Simpson指数在香榧30a处显著增加,而Shannon指数在香榧30a土壤中显著降低; 真菌群落的Simpson指数和Chao1指数在不同土地利用方式下均无显著变化,Shannon指数在香榧30a土壤中显著降低. 土壤微生物群落在属水平上的PCoA分析显示,土地利用方式对细菌和真菌群落结构变化有显著影响,其中香榧5a和香榧+山稻5a的菌群结构最为相似. 土壤细菌优势菌门主要包括酸杆菌门、变形菌门、放线菌门和绿弯菌门,土地利用方式改变后,土壤细菌属的组成也发生了显著改变,多数优势细菌群落随着种植年限增加丰度减少; 土壤真菌的优势菌门主要包括子囊菌门、担子菌门和接合菌门,其群落变化特征与细菌类似. RDA分析结果显示,土壤肥力指标包括: pH、有机质、速效磷、速效钾和水溶性有机碳氮与土壤微生物群落显著相关,是影响土壤微生物优势群落的主要驱动因子.

关键词:微生物多样性; 高通量测序; 土地利用; 香榧; 种植年限

中图分类号: X172 **文献标识码**: A **文章编号**: 0250-3301(2022)01-0530-10 **DOI**: 10.13227/j.hjkx.202105124

Microbial Composition and Diversity in Soil of *Torreya grandis* cv. Merrillii Relative to Different Cultivation Years After Land Use Conversion

JIANG Ni-wen[1], LIANG Chen-fei[2], ZHANG Yong[3], JIANG Zhong-long[3], DONG Jia-qi[4], WU Jia-sen[1,4], FU Wei-jun[1,4]*

(1. Key Laboratory of Soil Contamination Bioremediation of Zhejiang Province, Zhejiang A&F University, Lin'an 311300, China; 2. Key Laboratory of Carbon Cycling in Forest Ecosystems and Carbon Sequestration of Zhejiang Province, Zhejiang A&F University, Lin'an 311300, China; 3. Zhejiang Public Welfare Forest and State Forest Farm Management Station, Hangzhou 310020, China; 4. College of Environmental and Resource Sciences, Zhejiang A&F University, Lin'an 311300, China)

Abstract: In order to explore the impacts of the land use conversion from a *Phyllostachy pubescens* (moso bamboo) forest to a *Torreya grandis* cv. Merrillii plantation, as well as the cultivating years of the *T. grandis* cv. Merrillii plantation, on the soil microbial community, this research studied the soil microbial structure and diversity of a moso bamboo forest, *T. grandis* cv. Merrillii plantations (5, 10, and 30 a), and a *T. grandis* cv. Merrillii-mountain rice interplanting plantation (5 a) using the high-throughput sequencing technique, and the relationship between the microbial community and environmental factors was further explored. The results showed that after the land use change, the Shannon index and Chao1 index of the soil bacterial community increased significantly; the Simpson index increased significantly in the 30 a *T. grandis* cv. Merrillii plantation, whereas the Shannon index decreased significantly. Both the Simpson index and Chao index of the soil fungal community had no significant difference under different land use types. whereas the Shannon index was significantly decreased in the 30 a *T. grandis* cv. Merrillii plantation. PCoA analysis of the soil microbial community at the genus level showed that land use type played a vital role in driving the changes in soil bacterial and fungal communities. The compositions of the soil microbial communities between the two 5 a stands were most similar. The dominant phyla of soil bacteria mainly included Acidobacteria, Proteobacteria, Actinobacteria, and Chloroflexi. The results of cluster analysis showed that the soil bacterial community changed significantly at the genus level after the conversion of land use; the abundance of most dominant bacterial communities decreased with increasing cultivation. The fungal community was mainly composed of Ascomycota, Basidiomycota, and Zygomycota, whose changes in community characteristics were similar to those of bacteria. The results of RDA analysis showed that pH, organic matter, available phosphorus, available potassium, and water-soluble organic carbon and nitrogen were significantly correlated with soil microbial community. Therefore, these soil fertility properties might be the driving factors affecting the structure of bacterial communities. This study provided a theoretical basis for solving the problem of soil quality deterioration in *T. grandis* cv. Merrillii stand land management.

Key words: microbial diversity; high-throughput sequencing; land use conversion; *Torreya grandis* cv. Merrillii; cultivation history

土壤微生物是森林生态系统的重要组成部分,主要参与森林凋落物的分解、驱动养分循环和碳氮周转,促进土壤肥力的形成与维持[1,2]. 土壤微生物多样性、群落结构特点和时空分布特征影响着土壤结构、作物的抗病性和作物吸收养分的效果,在可持续农业中发挥着重要作用[3,4]. 土壤微生物对土壤环境的变化十分敏感,被认为是土壤质量变化的积极响应者[5],土壤质量主要取决于土壤的物化和生物学性质,不同的土地利用方式会改变土壤的管理措施,包括种植制度和施肥方式等,进而影响土壤

收稿日期: 2021-05-12; **修订日期**: 2021-07-03
基金项目: 浙江省土壤污染生物修复重点实验室开放基金项目(FSLAB2020002)
作者简介: 姜霓雯(1997~),女,硕士研究生,主要研究方向为土壤生态保护与污染治理,E-mail:nevinj1027@163.com
* 通信作者,E-mail:fuweijun@zafu.edu.cn

微生物群落特征[6]. 土地利用方式对土壤微生物群落碳源代谢多样性影响显著[7],有研究发现从稻田到蔬菜的土地利用方式转变减少了土壤微生物碳的含量,细菌的多样性降低[8]. 对于种植年限较长的经济林而言,种植年限对微生物群落特征也存在较大影响,相关研究报道了茶树不同年限根际土壤可培养真菌数量在不同土层表现出较大差异[9].

毛竹(*Phyllostachy pubescens*)是中国的乡土物种,主要生长于我国亚热带地区,分布面积广,是重要经济树种之一,属于典型的无性系繁殖[10,11]. 相关学者对于毛竹林土壤微生物群落展开了大量研究,包括毛竹林经营对土壤固碳细菌群落结构和多样性影响[12]; 封育年限对毛竹林土壤微生物群落结构和林下植物多样性的影响[13]; 以及毛竹入侵阔叶林对土壤真菌群落的影响[14]等. 近年来,随着林农对更高经济效益的追求,越来越多的毛竹林地转变了土地利用方式,改种香榧林地. 由于香榧成林慢,部分林农采用了香榧 + 山稻套作模式,用以提升林地的利用价值.

香榧(*Torreya grandis* cv. Merrillii)是榧树中经人为选择嫁接培育而成的一个优良品种,目前仅仅分布在我国北纬 27° ~ 32°的亚热带山区,是集果用、药用、油用、材用和观赏等多种用途于一体的珍贵经济树种[15],香榧种植年限长,经济寿命可逾千年,且病虫害较少,在合理的经营方式下,其栽培收益远高于其他干果. 对于香榧的研究大多集中在香榧栽培[16]和林地土壤肥力[17]等. 对于毛竹林转变为香榧林后土壤微生物群落结构的变化以及随着香榧种植年限增加,土壤微生物变化特征的研究甚少,而相关研究表明,香榧与根际微生物的相互作用会影响香榧生长以及果实的产量,例如,施用微肥可以有效调节土壤肥力,改善香榧果实的品质[18]. 因此,本文采用高通量测序技术,通过研究毛竹林改变为香榧林以及随着香榧种植年限的增加,土壤中微生物群落结构的变化特征,以期为香榧林地土壤管理提供理论依据.

1　材料与方法

1.1　研究区概况

研究区位于浙江省嵊州市谷来镇竹溪村,样地土壤的成土母岩为凝灰岩,土壤类型以红壤为主. 属亚热带季风气候,雨热季节变化同步,年均温 14 ~ 17℃,年均降水量1 100 ~ 1 700 mm,年均日照时数 1 900 h,无霜期 240 d.

1.2　土壤样品采集与分析

根据实地调查结果,在同一流域内,选取种植年限为 5、10 和 30 a 的香榧林地,所有香榧林地管理模式均无差异,施肥量每株约 1.5 kg,每年 3 ~ 4 次,以半环绕撒施复合肥为主,施肥同时进行林下除草翻耕. 同时还增施了鸡粪、猪粪等有机肥,每年施基肥 1 次,追肥 1 ~ 2 次,亩施有机肥5 000 kg,追肥一般施用于发芽前和果实增重期. 同时选择香榧林地周边土地利用方式未变更的毛竹林地,以及当地较为普遍的香榧 + 山稻套种林地为样地 5 个,重复 3 次,其中毛竹林以粗放经营为主,林下灌草较多,无施肥史. 于 2020 年 10 月进行采样,在不同林分中建立 20 m × 20 m 样地,调查林分基本情况,按五点取样法分别采集 5 组表层(0 ~ 20 cm)土样,混匀后装入无菌袋中,放入冰盒带回实验室. 去除石块和植物根系等杂物,置于室内风干后,研磨并通过 2 mm 的筛子,一部分用于理化分析,另一部分置于 -80℃冰箱中保存,用于微生物分析.

1.3　测定方法

土壤肥力指标测定:土壤 pH 值采用 pH 分析仪测定; 有机质(OM)采用重铬酸钾外加热法; 土壤碱解氮(AN)、速效磷(AP)和速效钾(AK)分别采用碱解扩散法、Olsen 法和乙酸铵浸提-火焰光度法测定; 水溶性有机碳(WSOC)和总氮(WSN)采用蒸馏水浸提、岛津 TOC-VcpH 仪器测定,并通过离子色谱法测定 NH_4^+ 和 NO_3^- 含量,用水溶性总氮含量减去 NH_4^+ 和 NO_3^- 含量即为水溶性有机氮含量(WSON).

土壤 DNA 提取及测序:采用 E. Z. N. A.® Soil DNA Kit (Omega, Inc., USA) 试剂盒提取土壤样品的总 DNA,然后采用 NanoDrop 2000 分光光度计测定 DNA 的浓度和纯度,并通过 1% 琼脂糖凝胶电泳检测. 以各土壤样品微生物总 DNA 为模板,以细菌 V3 ~ V4 区特异性引物 341F (5′-CCTACGGGNGGCWGCAG-3′)、806R (5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3′)和真菌 ITS2 区特异性引物 (5′-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3′) 进行 PCR 扩增. 产物通过 2% 琼脂糖凝胶电泳进行检测,并对目标片段的回收采用 AxyPrep PCR 回收试剂盒. 纯化后的 PCR 产物采用 TruSeq® DNA PCR-Free Sample Preparation Kit 在 Qubit 和 Q-PCR 荧光定量系统上进行定量,使用 Illumina HiSeq platform 测序.

1.4　测序数据处理分析

土壤微生物目标片段的 PCR 产物测序完成后通过 FLASH (V1.2.11) 拼接,QIIME2 进行数据去杂. 基于 Gold database 数据库通过采用算法 UCHIME algorithm 去除嵌合序列. 使用 UPARSE 方法按照≥97% 的序列相似度进行 OTU 归并和划分,并为每个 OTU 选择有代表性的序列,并使用 SILVA

数据库进行物种注释.

实验数据用 SPSS 20.0 进行方差分析和相关分析；软件 QIIME 分析 α 多样性(Chao1、Observed species、Shannon 和 Simpson 指数)；采用 Canoco 进行冗余分析(RDA)；相对丰度图(relative abundance)、聚类热图(Heatmap)和主坐标分析(PCoA)的可视化借助 R 软件绘制.

2 结果与分析

2.1 不同土地利用类型下土壤肥力指标

不同土地利用类型的土壤化学性质如表 1 所示,各样本土壤的 pH 均为酸性,其中香椎 5a 的 pH 最高,随着种植年限增加,土壤酸化趋势加剧. 土壤 ω(有机质)、ω(碱解氮)、ω(水溶性有机碳)和 ω(水溶性有机氮)在毛竹林土壤中含量最高,分别为 82.56 g·kg^{-1}、111.07 mg·kg^{-1}、405.67 mg·kg^{-1} 和 19.28 mg·kg^{-1},在香椎林土壤中含量降低,其中 ω(水溶性碳氮)下降显著($P<0.05$)；ω(速效磷)变化较为明显,在毛竹林土壤中最低,为 3.74 mg·kg^{-1},在香椎土壤中增加,随着种植年限增长增加显著；ω(速效钾)也呈增加趋势,在香椎 30a 土壤中显著增加($P<0.05$).

表 1 不同土地利用类型土壤肥力指标[1)]

Table 1 Soil fertility properties under different land use types

土壤肥力指标	毛竹	香椎 5a	香椎 + 山稻 5a	香椎 10a	香椎 30a
pH	4.53 ± 0.28ab	4.81 ± 0.27a	4.51 ± 0.19ab	4.30 ± 0.07b	4.24 ± 0.09b
ω(有机质)/g·kg^{-1}	82.56 ± 3.71a	81.38 ± 4.02a	76.32 ± 4.33a	53.68 ± 2.57b	44.06 ± 4.86b
ω(碱解氮)/mg·kg^{-1}	111.07 ± 2.92a	88.38 ± 4.71ab	90.44 ± 4.25ab	74.63 ± 5.82b	70.33 ± 3.40b
ω(速效磷)/mg·kg^{-1}	3.74 ± 1.23c	12.20 ± 8.90c	35.96 ± 6.78c	123.56 ± 7.95b	184.13 ± 5.78a
ω(速效钾)/mg·kg^{-1}	163.67 ± 3.12b	187.67 ± 4.10b	204.33 ± 5.18b	214.00 ± 2.95b	431.33 ± 8.20a
ω(水溶性有机碳)/mg·kg^{-1}	405.67 ± 34.51a	247.49 ± 20.97b	226.12 ± 15.28b	199.69 ± 8.26bc	172.01 ± 35.62c
ω(水溶性有机氮)/mg·kg^{-1}	19.28 ± 5.52a	11.07 ± 2.98b	14.54 ± 1.96ab	15.21 ± 3.99ab	10.88 ± 0.56b

1)数据为平均值 ± 标准差,同列不同小写字母表示不同土地利用类型间养分差异显著($P<0.05$)

2.2 不同土地利用类型下香椎土壤细菌群落结构特征

表 2 为土地利用类型变化后土壤细菌的 α 多样性指数,所有样本获得平均有效序列84 242条,土壤样品细菌覆盖率为 96.6% ~ 99.1%,表明本次测序数据合理,能够反映样品菌群的种类和基本结构. 毛竹林改种香椎后,土壤样本中 Simpson 指数升高,Shannon、Chao1 和 Observed species 指数随着年份先增加后下降,香椎 + 山稻 5a 套种与香椎 5a 的各项指数均无显著差异($P>0.05$). 细菌 α 多样性指数与土壤肥力指标的相关分析结果见表 3,其中 Simpson 指数与除水溶性有机氮外的所有化学指标的相关性均达到显著水平($P<0.05$)；Shannon 指数和速效磷、速效钾呈显著负相关($P<0.05$)；Chao 1 指数和水溶性有机碳呈显著负相关($P<0.05$).

图 1 为土地利用类型变化后,土壤细菌丰度在门分类水平上的表现情况,这 5 种利用类型的土壤中优势菌门主要包括酸杆菌门(Acidobacteria, 30.06%)、变形菌门(Proteobacteria, 25.15%)、放线菌门(Actinobacteria, 12.57%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 10.14%)和浮霉菌门(Planctomycetes, 8.54%),上述菌种占样本细菌群落总量的 85% 以上. 香椎 5a 土壤中酸杆菌门含量最高,其相对丰度超过菌群总量的 35%,香椎 30a 土壤中变形菌门的丰度明显高于其他土壤.

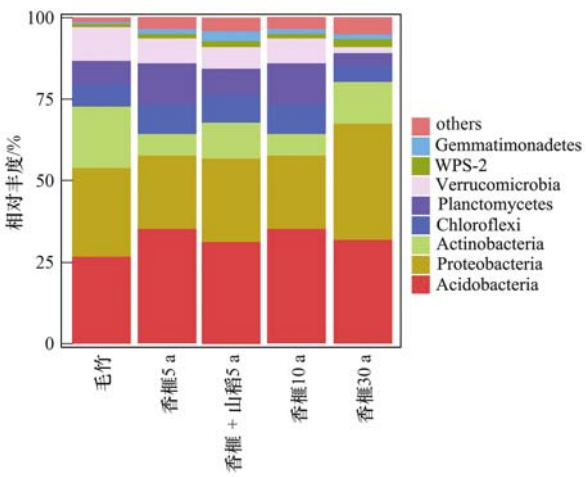

图 1 土地利用类型变化后土壤细菌在门水平上的相对丰度

Fig. 1 Relative abundance of soil bacteria at the phylum level under different land use types

在属水平上 5 种类型的土壤中获得大量没有注释信息的 16S rDNA 序列,选取相对丰度前 30,且注释信息已知细菌属,构建分层聚类. 图 2 显示,香椎 5a 和香椎 + 山稻 5a 土壤细菌群落结构较为相似,聚为一类,土壤中芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)、热酸菌属(*Acidothermus*)和 *β-Candidatus_Udaeobacter* 等丰度较高；毛竹林土壤聚为一类,优势细菌属包括红假单胞菌属(*Rhodopseudomonas*)、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)、*β-Candidatus_Solibacter* 和酸杆菌属(*Acidobacterium*)；香椎 10a 土壤和香椎 30a 为一

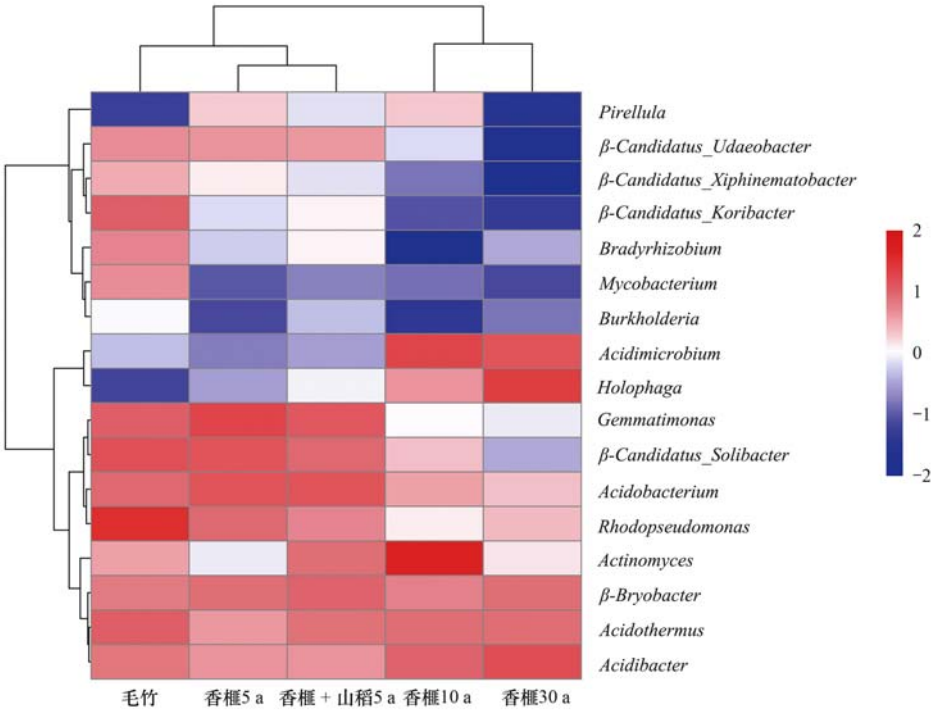

图 2　各土壤样品细菌优势属组成热图

Fig. 2　Cluster heat map of bacterial dominance genus composition in soil samples

类，酸微菌属（*Acidimicrobium*）、全噬菌属（*Holophaga*）、放线菌属（*Actinomyces*）、热酸菌属（*Acidothermus*）和不动杆菌属（*Acidibacter*）等聚集较多.

不同土地利用类型下土壤细菌属相对丰度的主坐标分析（PCoA）结果显示（图 3），PC1 轴和 PC2 轴的贡献率分别为 35. 98% 和 18. 87%，累计贡献率为 54. 85%. 从样点的细菌群落组成来看，香榧 5a、香榧 + 山稻 5a 和毛竹林土壤样点分布较为集中，而香榧 10a 和香榧 30a 土壤样本点分布较为分散，尤其是香榧 30a 样点，与其他样点明显分开，说明长期种植香榧后，土壤细菌群落结构产生了较大变化. 对所有样品进行相似性分析（ANOSIM），发现土地利用改变后 5 种处理类型下土壤细菌群落结构组间差异显著（$R = 0.683$，$P < 0.01$）.

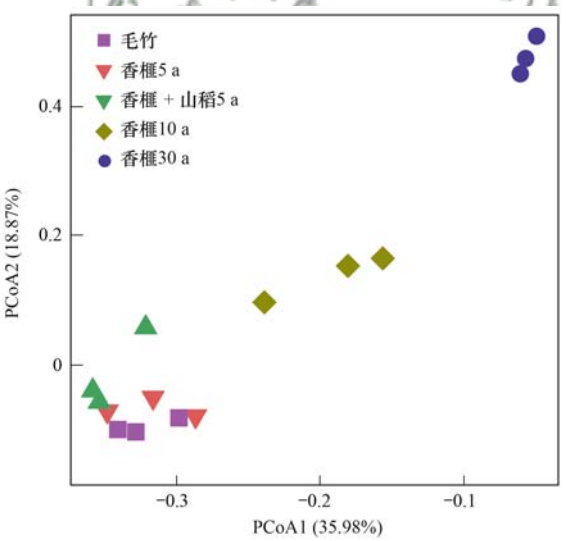

图 3　土地利用类型变化后土壤细菌在属水平的 PCoA 分析

Fig. 3　PCoA analysis of soil bacteria at genus level of different land use types

表 2　不同土地利用类型土壤细菌的 α 多样性指数[1)]

Table 2　The α diversity index of soil bacteria in different land use types

土地利用类型	Observed species 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	Chao 1 指数
毛竹	1 887. 00 ± 184. 48c	9. 65 ± 0. 11bc	0. 47 ± 0. 01b	1 897. 61 ± 187. 10c
香榧 5a	2 431. 33 ± 196. 11ab	10. 19 ± 0. 09a	0. 65 ± 0. 02ab	2 441. 30 ± 203. 21ab
香榧 + 山稻 5a	2 526. 67 ± 188. 51a	10. 15 ± 0. 20a	0. 64 ± 0. 03ab	2 532. 11 ± 190. 80a
香榧 10a	2 645. 00 ± 117. 75a	10. 02 ± 0. 09ab	0. 82 ± 0. 05ab	2 677. 36 ± 118. 46a
香榧 30a	2 425. 00 ± 56. 21ab	9. 29 ± 0. 16c	0. 99 ± 0. 06a	2 303. 81 ± 129. 73ab

1）数据为平均值 ± 标准差，同列不同小写字母表示不同土地利用类型间养分差异显著（$P < 0.05$）

2. 3　土壤性质对细菌群落的影响

选取各个类型土壤中聚类大于 1% 的优势细菌属和土壤肥力指标进行冗余分析（图 4），结果显示前两个排序轴累积贡献率为 73. 2%，其中第 1 轴和

第 2 轴的贡献值分别为 54.05% 和 19.15%. 5 种土壤样本点在 4 个象限中均有分布,毛竹、香椎 5a 和香椎 + 山稻 5a 的处理主要分布在第一排序轴负轴上,香椎 10a 和香椎 30a 处理主要分布在第一排序轴正轴上,二者明显分开. 香椎 10a 和香椎 30a 处理受速效磷和速效钾的影响较大,香椎 5a 和香椎 + 山稻 5a 处理受 pH 和有机质影响较大,毛竹林处理受水溶性有机碳影响较大. 蒙特卡洛检验结果显示,除碱解氮和速效钾外,所有化学指标都对土壤细菌群落有显著影响.

表 3 土壤细菌 α 多样性指数与土壤肥力指标的相关性[1)]

Table 3 Correlation between soil fertility properties and the α diversity index of bacteria

	pH	SOM	AN	AP	AK	WSOC	WSON
Observed species 指数	0.024	−0.137	−0.287	0.089	−0.1	−0.587 *	−0.371
Shannon 指数	0.485	0.511	0.218	−0.554 *	−0.674 **	−0.059	−0.056
Simpson 指数	−0.548 *	−0.855 **	−0.67 **	0.755 **	0.733 **	−0.818 **	−0.351
Chao 1 指数	0.013	−0.146	−0.287	0.091	−0.106	−0.583 *	−0.361

1) * 表示显著相关($P<0.05$); ** 表示极显著相关($P<0.01$)

2.4 不同土地利用类型下香椎土壤真菌群落结构特征

表 4 为土地利用类型改变后土壤真菌的 α 多样性指数,所有样本获得平均有效序列85 260条,土壤样品真菌覆盖率为 98.4% ~ 99.6%,表明本次测序数据合理,能够反映样品菌群的种类和基本结构. 土地利用类型变化后,套种及不同经营年限下 Observed species、Simpson 和 Chao1 指数不存在显著性差异; Shannon 指数表现为先升高再下降,在香椎 10a 和香椎 30a 土壤中差异显著($P<0.05$). 真菌 α 多样性指数与土壤肥力指标的相关分析结果见表 5,Observed species 指数与水溶性有机碳呈显著负相关($P<0.05$); Shannon 指数和速效钾呈显著负相关($P<0.05$),与水溶性有机氮呈极显著正相关($P<0.01$).

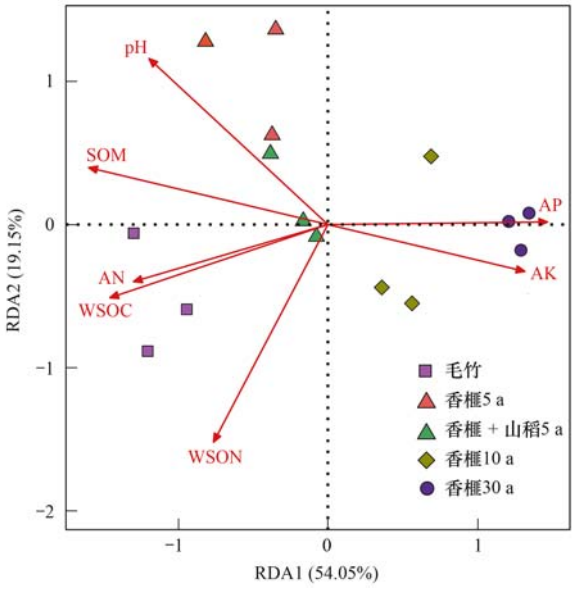

图 4 土壤细菌群落在属水平上与土壤肥力指标的冗余分析

Fig. 4 RDA analysis of soil bacteria at the genus level with soil fertility properties

图 5 为土地利用类型变化后,土壤真菌在门分类水平上的表现情况,这 5 种利用类型的土壤中优势菌门主要包括子囊菌门(Ascomycota, 40.59%)、担子菌门(Basidiomycota, 35.41%)和接合菌门(Zygomycota, 8.83%),累计占真菌群落总数的 80% 以上. 毛竹林、香椎 5a 和香椎 + 山稻 5a 的优势菌门占比较为相似; 香椎 10a 处,子囊菌门的丰度最高,而担子菌门丰度最低; 香椎 30a 处真菌群落种类明显减少,而接合菌门占比达到最高.

土壤真菌在属水平上的聚类分析结果与细菌较为相似(图 6),香椎 5a 与香椎 + 山稻 5a 聚为一类,土壤的优势真菌属主要包括肉座菌属(*Hypocrea*)、漆斑菌属(*Myrothecium*)、斜盖伞属(*Clitopilus*)、担子菌(*Basidioascus*)和毛壳菌属(*Chaetomium*)等; 毛竹林土壤中优势真菌属主要包括蜡伞属(*Hygrophorus*)和篮状菌属(*Talaromyces*)等; 香椎 10a 土壤真菌的优势属主要包括漆斑菌属(*Myrothecium*)、网孢盘菌属(*Aleuria*)和 β-

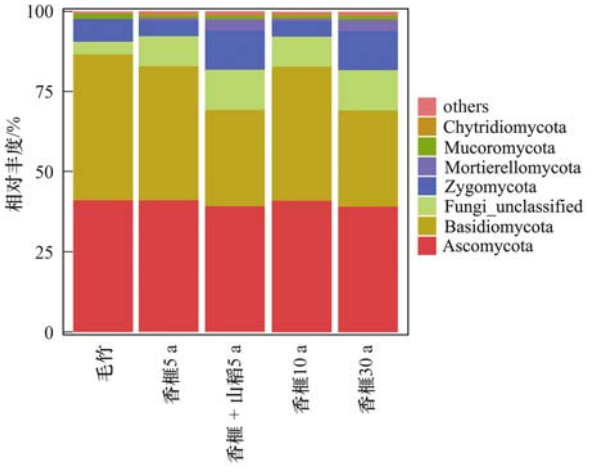

图 5 土地利用类型变化后土壤真菌在门水平上的相对丰度

Fig. 5 Relative abundance of soil fungi at the phylum level under different land use types

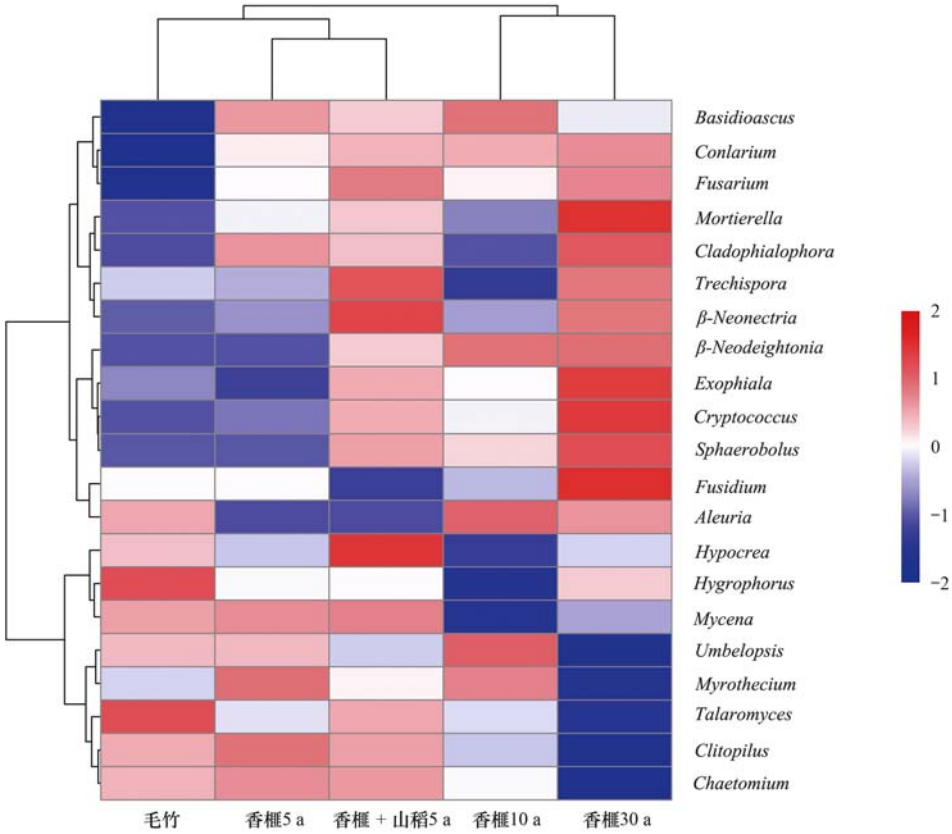

图 6　土壤样品真菌优势属组成热图

Fig. 6　Cluster heat map of fungi dominance genus composition in soil samples

Neodeightonia 等；香椿 30a 土壤中被孢霉属(*Mortierella*)、外瓶霉属(*Exophiala*)、隐球酵母菌属(*Cryptococcus*)、弹球菌属(*Sphaerobolus*)和镰刀菌属(*Fusarium*)等丰度较高.

不同土地利用类型下土壤真菌属相对丰度的主坐标分析(PCoA)结果显示(图 7),PC1 轴和 PC2 轴的贡献率分别为 21.51% 和 13.67%,累计贡献率为 35.18%.从样点的真菌群落组成来看,毛竹、香椿 5a、香椿 + 山稻 5a 和香椿 10a 土壤样点分布较为杂乱,且与香椿 30a 的土壤样本点明显分开,说明长期种植香椿会改变真菌的群落特征.对所有样品进行相似性分析(ANOSIM),发现土地利用改变后 5 种种植类型下土壤真菌群落结构组间差异显著(R = 0.701, P < 0.01).

表 4　不同土地利用类型土壤真菌的 α 多样性指数[1)]

Table 4　The α diversity index of soil fungi under different land use types

土地利用类型	Observed species 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	Chao 1 指数
毛竹	491.67 ± 89.37a	6.95 ± 0.49ab	0.98 ± 0.01a	517.69 ± 51.97a
香椿 5a	501.33 ± 33.84a	6.56 ± 0.47ab	0.96 ± 0.01a	542.59 ± 29.66a
香椿 + 山稻 5a	496.67 ± 85.31a	6.64 ± 0.83ab	0.97 ± 0.02a	561.69 ± 71.66a
香椿 10a	613.33 ± 78.14a	7.39 ± 0.34a	0.99 ± 0.01a	676.51 ± 89.77a
香椿 30a	461.67 ± 45.65a	6.19 ± 0.31b	0.96 ± 0.01a	545.06 ± 78.28a

1)数据为平均值 ± 标准差,同列不同小写字母表示不同土地利用类型间养分差异显著(P < 0.05)

表 5　土壤真菌 α 多样性指数与土壤肥力指标的相关性[1)]

Table 5　Correlation between soil fertility properties and the α diversity index of fungi

	pH	SOM	AN	AP	AK	WSOC	WSON
Observed species 指数	−0.156	0.002	0.225	0.053	−0.284	−0.563 *	0.249
Shannon 指数	−0.222	0.152	0.31	−0.134	−0.535 *	0.124	0.688 **
Simpson 指数	−0.241	0.106	0.26	−0.047	−0.277	0.078	0.393
Chao 1 指数	−0.198	−0.112	0.134	0.217	−0.119	−0.297	0.178

1) * 表示显著相关(P < 0.05); ** 表示极显著相关(P < 0.01)

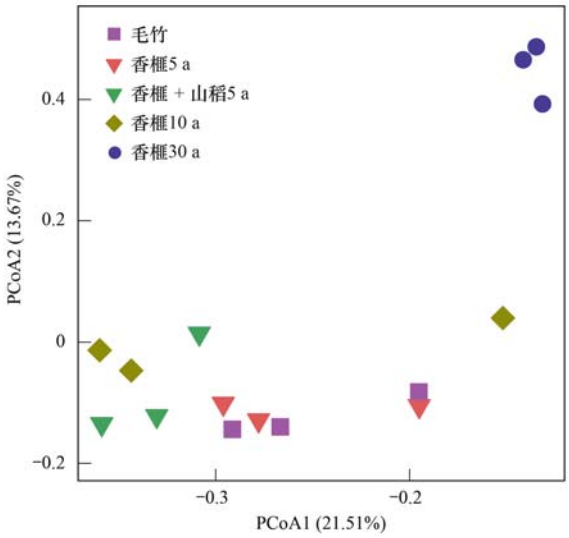

图 7 土地利用类型变化后土壤真菌在属水平的 PCoA 分析

Fig. 7 PCoA analysis of soil fungi at genus level of different land use types

2.5 土壤性质对真菌群落的影响

土壤优势真菌属和土壤肥力指标的冗余分析结果显示(图 8),前两个排序轴累积贡献率为 55.27%,其中第 1 轴和第 2 轴的贡献值分别为 37.54% 和 17.73%. 毛竹林、香椿 5a 和香椿 + 山稻 5a 的土壤样本点均分布较为集中,排列方向与水溶性有机碳箭头所指方向较为一致;香椿 10a 和香椿 30a 处理分布较为接近,均靠近第一排序轴正轴,受速效磷和速效钾影响较大. 蒙特卡洛检验显示,速效磷、速效钾和水溶性有机碳对真菌群落的影响达到显著水平.

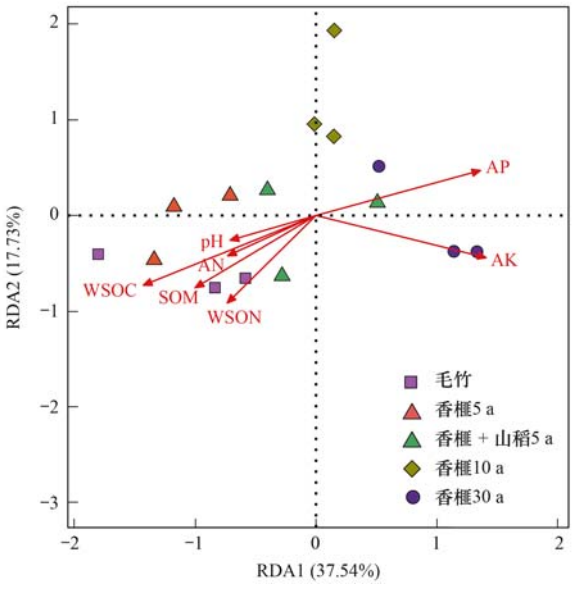

图 8 土壤真菌群落在属水平上与土壤肥力指标的冗余分析

Fig. 8 RDA analysis of soil fungi at the genus level with soil fertility properties

3 讨论

3.1 土地利用变化后土壤养分和微生物群落变化特征

土地利用是自然特性和人为活动的综合反映,土地利用方式改变后,地表物质输入以及土壤管理措施随之改变,进而影响土壤养分以及一系列的微生物活动[19]. 毛竹林改种香椿是极其常见的经营措施,本研究发现,随着土地利用方式的改变,ω(有机质)、ω(碱解氮)和 ω(水溶性有机碳氮)均有所下降,ω(速效磷)和 ω(速效钾)有所上升;土壤细菌和真菌群落结构变化较大,推测与香椿物种特性以及与毛竹林经营方式的差异有关. 香椿是针叶树种,凋落物较少,分解速率较低,长期的持续经营会不断消耗土壤地力[20]. 在目前的经营方式下,营养元素得不到及时补充. 而当地毛竹林普遍采用粗放经营方式,林下拥有大量的凋落物,使得有机质归还土壤的能力较强[21],加之毛竹本身就具有较强的固碳能力[22],因此,出现土地利用方式改变后土壤有机质下降的现象. 而有机质在土壤中的积累与分解状况影响了氮素的供应[23],所以碱解氮的变化与有机质具有一定的相似性. 土地利用改变后,细菌群落的 Shannon 指数和 Chao1 指数均显著增加($P < 0.05$);真菌群落的 Observed species 指数和 Chao1 指数有所增加,而 Shannon 指数和 Simpson 指数降低,但差异均不显著($P > 0.05$),说明土地利用类型的改变对土壤养分及微生物群落结构组成造成了一定的影响且对细菌群落的影响更加明显,这与相关研究结果类似[21,24]. 随着香椿种植年限的增加,土壤微生物群落结构也发生了变化,细菌群落的 Observed species 指数和 Chao1 指数以香椿 10a 最高,Shannon 指数下降而 Simpson 指数增加. 真菌的 Observed species 指数和 Chao1 指数与细菌的变化趋势一致,土壤细菌和真菌群落的 Shannon 指数在香椿 30a 土壤中较其他年份均显著降低($P < 0.05$),表明长期种植香椿会导致土壤中微生物多样性下降,这与叶雯等[25]的研究结果一致.

3.2 土壤养分对微生物群落的影响

土壤养分很大程度上影响着微生物群落结构,微生物群落通过分解凋落物供给养分,这些养分又为微生物的生长繁殖提供营养,营养物质在微生物群落与林下土壤养分之间形成循环[26],土壤有效养分的增加能够提高土壤酶活性、促进碳矿化,从而增加微生物群落的丰富度[27];相关研究表明土壤中速效磷和速效钾短期的增加能够显著增加细菌群落的多样性[28]. 改种香椿后,土壤外源物质的输入,

特别是肥料投入可能刺激对环境较为敏感的微生物数量和种类的增加[29]. 土壤肥力指标与 α 多样性指数相关分析显示,多种指数与速效磷、速效钾、有机质和水溶性有机碳氮存在显著相关性. RDA 分析结果显示,pH、有机质、水溶性有机碳氮和速效磷对土壤优势细菌属的影响达到显著水平($P < 0.05$);速效磷、速效钾和水溶性有机碳对优势真菌属的影响达到显著水平($P < 0.05$). 土地利用方式变化后改变了土壤养分水平,导致土壤中优势菌属发生了较大变化,其中土壤细菌优势属中酸杆菌属(*Acidobacterium*)、红假单胞菌属(*Rhodopseudomonas*)和芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)等丰度明显降低;慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)和伯氏菌属(*Burkholderia*)等有先减后增的趋势. 多数研究认为酸杆菌生长与土壤酸碱性密切相关[30],是具有分解蛋白质和摄取环境周围酸性物质的有益菌属[31];红假单胞菌属具有分解有机物的能力,其包含的多种菌株能以小分子有机物作为供氢体和碳源[32];芽单胞菌属是常见的根际促生细菌,对植物诱导抗性系统、促进生长、减少病害发生有积极作用,且属于贫营养菌群,养分较为丰富的土壤反而不适宜其生长[33]. 本研究中芽单胞菌属丰度下降很可能是在香榧最初种植过程中,有机质等养分含量相对丰富时,其生长就已受到抑制. 慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)和伯氏菌属(*Burkholderia*)均有很好的固氮作用[5],能够参与碳氮循环,对碳有很高的利用率[34]. 而土壤优势真菌属中,毛竹改种香榧后担子菌属(*Basidioascus*)、*β-Conlarium* 和镰刀菌属(*β-Fusarium*)丰度增加明显,担子菌属和镰刀菌属均能造成土传病害,是主要的病原菌[35],说明改种香榧可能有增加患病的风险. 在长期的香榧种植中,漆斑菌属(*Myrothecium*)和毛壳菌属(*Chaetomium*)等下降趋势较为明显,漆斑菌属(*Myrothecium*)能导致植物致病,引起甜菜茎腐病和番茄漆腐病等[36],毛壳菌属能够促进植物对土壤氮磷元素的吸收[9],因此土壤真菌群落结构的改变可能是当地土壤养分下降的一个重要原因.

3.3　当地土壤微生群落结构的影响因素

实地调查发现当地农户对香榧的施肥主要包括复合肥以及猪粪、鸡粪等有机肥,其中复合肥的施用显著增加了土壤中的速效磷和速效钾,且随着种植年限的增加在土壤中富集. 而有机肥的施用可提高土壤中水溶性有机碳氮的含量,牛粪等有机物料的投入可显著提高稻田土壤的可溶性有机碳含量[37],而土壤中水溶性有机碳是土壤微生物群落的能量和细胞组成成分的主要来源[38];土壤水溶性氮是土壤氮素中最活跃的组分,可被植物有效吸收利用,也易被微生物降解[39],为土地利用变化后土壤中微生物群落显著增加提供了养分基础. 同时,相关研究发现,粪便中携带的致病菌能够污染原有土壤环境,造成优势菌门的改变[40],例如,粪肥的施用会增加绿弯菌门的相对丰度,降低放线菌门的相对丰度[41],推测本研究中长期施用粪肥是导致微生物群落丰度和多样性改变的重要因素.

4　结论

土地利用改变后土壤 pH、有机质、碱解氮和水溶性有机碳氮含量均显著降低,且随着种植年限的增加呈现进一步降低的趋势,说明改变土地利用方式和香榧长期种植可能对土壤质量产生不良影响. RDA 分析结果显示,土壤肥力指标是土壤中细菌和真菌群落结构的重要影响因子,对土壤中优势微生物群落的改变影响显著. 毛竹林土壤改种香榧后土壤细菌群落的 Shannon 指数和 Chao1 指数均显著增加,而真菌群落的 α 多样性指数均增加不显著,但随着香榧种植年限的增加多种指数呈现下降的趋势,Shannon 指数在香榧 30a 处显著降低,表明土壤微生物群落的多样性受种植年限影响较大.

参考文献:

[1] Fang W S, Song Z X, Tao S, *et al*. Biochar mitigates the negative effect of chloropicrin fumigation on beneficial soil microorganisms[J]. Science of the Total Environment, 2020, **738**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.139880.

[2] 王奇赞, 徐秋芳, 姜培坤, 等. 天目山毛竹入侵阔叶林后土壤细菌群落 16S rDNA V3 区片段 PCR 的 DGGE 分析[J]. 土壤学报, 2009, **46**(4): 662-669.
Wang Q Z, Xu Q F, Jiang P K, *et al*. Dgge analysis of PCR of 16S rDNA V3 fragments of soil bacteria community in soil under natural broadleaf forest invaded by phyllostachy pubescens in TianMu mountain nature reserve[J]. Acta Pedologica Sinica, 2009, **46**(4): 662-669.

[3] Hallama M, Pekrun C, Lambers H, *et al*. Hidden miners - the roles of cover crops and soil microorganisms in phosphorus cycling through agroecosystems[J]. Plant and Soil, 2019, **434**(1-2): 7-45.

[4] 孙倩, 吴宏亮, 陈阜, 等. 不同轮作模式下作物根际土壤养分及真菌群落组成特征[J]. 环境科学, 2020, **41**(10): 4682-4689.
Sun Q, Wu H L, Chen F, *et al*. Characteristics of soil nutrients and fungal community composition in crop rhizosphere under different rotation patterns[J]. Environmental Science, 2020, **41**(10): 4682-4689.

[5] 林耀奔, 叶艳妹, 杨建辉, 等. 土地整治对土壤微生物多样性的影响分析[J]. 环境科学学报, 2019, **39**(8): 2644-2653.
Lin Y B, Ye Y M, Yang J H, *et al*. The effect of land consolidation on soil microbial diversity[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2019, 39(8): 2644-2653.

[6] 邓娇娇, 朱文旭, 周永斌, 等. 不同土地利用模式对辽东山

区土壤微生物群落多样性的影响[J]. 应用生态学报, 2018, **29**(7): 2269-2276.
Deng J J, Zhu W X, Zhou Y B, *et al*. Effects of different land use patterns on the soil microbial community diversity in montane region of eastern Liaoning Province, China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2018, **29**(7): 2269-2276.

[7] 贾鹏丽, 冯海艳, 李森. 东北黑土区不同土地利用方式下农田土壤微生物多样性[J]. 农业工程学报, 2020, **36**(20): 171-178.
Jia P L, Feng H Y, Li M. Soil microbial diversity of black soil under different land use patterns in northeast China [J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2020, **36**(20): 171-178.

[8] 王华田, 杨阳, 王延平, 等. 外源酚酸对欧美杨'I-107'水培幼苗硝态氮吸收利用的影响[J]. 植物生态学报, 2011, **35**(2): 214-222.
Wang H T, Yang Y, Wang Y P, *et al*. Effects of exogenous phenolic acids on nitrate absorption and utilization of hydroponic cut-tings of Populus × euramericana 'Neva' [J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2011, **35**(2): 214-222.

[9] 陈丽华, 刘兰英, 吕新, 等. 不同种植年限茶树根际土壤微生物数量和肥力之间关系[J]. 福建农业学报, 2019, **34**(12): 1433-1439.
Chen L H, Liu L Y, Lv X, *et al*. Microbial population and fertility of rhizosphere soils at areas of varied tea-planting years [J]. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2019, **34**(12): 1433-1439.

[10] 赵天心, 毛新伟, 程敏, 等. 毛竹种植对土壤细菌和真菌群落结构及多样性的影响[J]. 应用生态学报, 2017, **28**(11): 3740-3750.
Zhao T X, Mao X W, Cheng M, *et al*. Effects of *Phyllostachys edulis* cultivation on soil bacterial and fungal community structure and diversity[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2017, **28**(11): 3740-3750.

[11] 白尚斌, 周国模, 王懿祥, 等. 毛竹入侵对常绿阔叶林主要树种的化感作用研究[J]. 环境科学, 2013, **34**(10): 4066-4072.
Bai S B, Zhou G M, Wang Y X, *et al*. Allelopathic potential of *Phyllostachys edulis* on two dominant tree species of evergreen broad-leaved forest in Its Invasive process [J]. Environmental Science, 2013, **34**(10): 4066-4072.

[12] 刘彩霞, 周燕, 徐秋芳, 等. 毛竹林集约经营对土壤固碳细菌群落结构和多样性的影响[J]. 生态学报, 2018, **38**(21): 7819-7829.
Liu C X, Zhou Y, Xu Q F, *et al*. Effects of intensive management on the community structure and diversity of CO_2-assimilating bacteria in a *Phyllostachys pubescens* stand[J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, **38**(21): 7819-7829.

[13] 叶柳欣, 库伟鹏, 刘军, 等. 封育年限对毛竹林群落结构和林下植物多样性的影响[J]. 生态学报, 2020, **40**(3): 921-930.
Ye L X, Ku W P, Liu J, *et al*. Effects of exclosure term on community structure and undergrowth diversity of *Phyllostachys pubescens*[J]. Acta Ecologica Sinica, 2020, **40**(3): 921-930.

[14] 李永春, 梁雪, 李永夫, 等. 毛竹入侵阔叶林对土壤真菌群落的影响[J]. 应用生态学报, 2016, **27**(2): 585-592.
Li Y C, Liang X, Li Y F, *et al*. Effects of *Phyllostachys edulis* invasion of native broadleaf forest on soil fungal community[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2016, **27**(2): 585-592.

[15] 王小明, 王珂, 敖为赳, 等. 基于空间信息技术的香榧适生环境因子分析[J]. 应用生态学报, 2008, **19**(11): 2550-2554.
Wang X M, Wang K, Ao W J, *et al*. Habitat factor analysis for *Torreya grandis* cv. Merrillii based on spatial information technology[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2008, **19**(11): 2550-2554.

[16] 王斌, 闵庆文, 杜波, 等. 会稽山古香榧群农业文化遗产生态服务价值评价[J]. 中国生态农业学报, 2013, **21**(6): 779-785.
Wang B, Min Q W, Du B, *et al*. Research on ecosystem services value of ancient *Torreya grandis* in Kuaiji Mountain[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2013, **21**(6): 779-785.

[17] 董佳琦, 张勇, 傅伟军, 等. 香榧主产区林地土壤养分空间异质性及其肥力评价[J]. 生态学报, 2021, **41**(6): 2292-2304.
Dong J Q, Zhang Y, Fu W J, *et al*. Spatial variation of soil nutrients and evaluation of integrated soil fertility in *Torreya grandis* cv. Merrillii region[J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, **41**(6): 2292-2304.

[18] 黄其颖, 王飞高, 赵元军, 等. 硼锌铜钼配施对香榧生长和果实产量及品质的影响[J]. 经济林研究, 2015, **33**(3): 33-38.
Huang Q Y, Wang F G, Zhao Y J, *et al*. Effects of boron, zinc, copper and molybdenum fertilizers on plant growth, nut yield and nut quality in *Torreya grandis*[J]. Nonwood Forest Research, 2015, **33**(3): 33-38.

[19] 张拓, 徐飞, 怀宝东, 等. 松花江下游沿江湿地土地利用变化对土壤细菌群落多样性的影响[J]. 环境科学, 2020, **41**(9): 4273-4283.
Zhang T, Xu F, Huai B D, *et al*. Effects of land use changes on soil bacterial community diversity in the riparian wetland along the downstream of Songhua river[J]. Environmental Science, 2020, **41**(9): 4273-4283.

[20] Rekha K, Baskar B, Srinath S, *et al*. Plant-growth-promoting rhizobacteria *Bacillus subtilis* RR4 isolated from rice rhizosphere induces malic acid biosynthesis in rice roots [J]. Canadian Journal of Microbiology, 2018, **64**(1): 20-27.

[21] 欧延升, 汪霞, 李佳, 等. 不同恢复年限人工草地土壤碳氮磷含量及其生态化学计量特征[J]. 应用与环境生物学报, 2019, **25**(1): 38-45.
Ou Y S, Wang X, Li J, *et al*. Content and ecological stoichiometry characteristics of soil carbon, nitrogen, and phosphorus in artificial grassland under different restoration years [J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2019, **25**(1): 38-45.

[22] Chen Z H, Li Y C, Chang S X, *et al*. Linking enhanced soil nitrogen mineralization to increased fungal decomposition capacity with Moso bamboo invasion of broadleaf forests[J]. Science of the Total Environment, 2021, **771**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.144779.

[23] Liu T, Wu X H, Li H W, *et al*. Soil organic matter, nitrogen and pH driven change in bacterial community following forest conversion[J]. Forest Ecology and Management, 2020, **477**, doi: 10.1016/j.foreco.2020.118473.

[24] 刘长红, 袁野, 杨君, 等. 稻田改为旱地后土壤有机碳矿化及微生物群落结构的变化[J]. 应用与环境生物学报, 2015, **21**(5): 960-966.
Liu C H, Yuan Y, Yang J, *et al*. Variation in soil organic carbon mineralization and microbial community structure induced by the conversion from double rice fields to drained fields[J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2015, **21**

(5)：960-966.

[25] 叶雯，李永春，喻卫武，等. 不同种植年限香榧根际土壤微生物多样性[J]. 应用生态学报，2018，**29**(11)：3783-3792.
Ye W，Li Y C，Yu W W，*et al*. Microbial biodiversity in rhizospheric soil of *Torreya grandis* ‘Merrillii’ relative to cultivation history[J]. Chinese Journal of Applied Ecology，2018，**29**(11)：3783-3792.

[26] 乔沙沙，周永娜，柴宝峰，等. 关帝山森林土壤真菌群落结构与遗传多样性特征[J]. 环境科学，2017，**38**(6)：2502-2512.
Qiao S S，Zhou Y N，Chai B F，*et al*. Characteristics of fungi community structure and genetic diversity of forests in Guandi mountains[J]. Environmental Science，2017，**38**(6)：2502-2512.

[27] Zhang Y Y，Zheng N G，Wang J，*et al*. High turnover rate of free phospholipids in soil confirms the classic hypothesis of PLFA methodology[J]. Soil Biology and Biochemistry，2019，**135**：323-330.

[28] 秦红灵，袁红朝，张慧，等. 红壤坡地利用方式对土壤细菌群落结构的影响[J]. 土壤学报，2011，**48**(3)：594-602.
Qin H L，Yuan H C，Zhang H，*et al*. Soil bacteria community structure in upland red soil in relation to land use pattern[J]. Acta Pedologica Sinica，2011，**48**(3)：594-602.

[29] Wu J S，Xu Q F，Jiang P K，*et al*. Dynamics and distribution of nutrition elements in bamboos[J]. Journal of Plant Nutrition，2009，**32**(3)：489-501.

[30] Pankratov T A，Ivanova A O，Dedysh S N，*et al*. Bacterial populations and environmental factors controlling cellulose degradation in an acidic *Sphagnum* peat[J]. Environmental Microbiology，2011，**13**(7)：1800-1814.

[31] 杨安娜，陆云峰，张俊红，等. 杉木人工林土壤养分及酸杆菌群落结构变化[J]. 林业科学，2019，**55**(1)：119-127.
Yang A N，Lu Y F，Zhang J H，*et al*. Changes in soil nutrients and acidobacteria community structure in *Cunninghamia lanceolata* plantations[J]. Scientia Silvae Sinicae，2019，**55**(1)：119-127.

[32] 黄雪娇，杨冲，倪九派，等. 1 株高效去除氨氮的红假单胞菌的分离鉴定及特性[J]. 环境科学，2016，**37**(6)：2276-2283.
Huang X J，Yang C，Ni J P，*et al*. Isolation，identification and characteristics of a *Rhodopseudomonas* with high ammonia-nitrogen removal efficiency[J]. Environmental Science，2016，**37**(6)：2276-2283.

[33] 刘倩，李纪潮，左应梅，等. 有机覆盖三七对土壤养分及微生物多样性的影响[J]. 中国农业科技导报，2021，**23**(1)：162-175.
Liu Q，Li J C，Zuo Y M，*et al*. Influences of organic mulching on soil nutrient and microbial diversity of *Panax notoginseng* (Burk.) F. H. Chen[J]. Journal of Agricultural Science and Technology，2021，**23**(1)：162-175.

[34] Zhang Y F，Wang E T，Tian C F，*et al*. *Bradyrhizobium elkanii*，*Bradyrhizobium yuanmingense* and *Bradyrhizobium japonicum* are the main rhizobia associated with *Vigna unguiculata* and *Vigna radiata* in the subtropical region of China[J]. FEMS Microbiology Letters，2008，**285**(2)：146-154.

[35] 高芬，赵晓霞，秦雪梅，等. 山西省蒙古黄芪根腐病优势致病菌群分析[J]. 植物保护学报，2018，**45**(4)：878-885.
Gao F，Zhao X X，Qin X M，*et al*. Analysis of dominant pathogen community causing *Astragalus membranaceus* var. *mongholicus* root rot in Shanxi Province[J]. Journal of Plant Protection，2018，**45**(4)：878-885.

[36] 孙文庆，康亚龙，刘建国，等. 加工番茄连作对土壤微生物群落多样性的影响[J]. 西北农业学报，2017，**26**(7)：1099-1110.
Sun W Q，Kang Y L，Liu J G，*et al*. Influence of continuous cropping of processing tomato on diversity of microflora in the rhizosphere soil[J]. Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica，2017，**26**(7)：1099-1110.

[37] 陈安强，付斌，鲁耀，等. 有机物料输入稻田提高土壤微生物碳氮及可溶性有机碳氮[J]. 农业工程学报，2015，**31**(21)：160-167.
Chen A Q，Fu B，Lu Y，*et al*. Exogenous organic materials applied to paddy field improving soil microbial biomass C，N and dissolved organic C，N[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering，2015，**31**(21)：160-167.

[38] 朱金山，张慧，马连杰，等. 不同沼灌年限稻田土壤微生物群落分析[J]. 环境科学，2018，**39**(5)：2400-2411.
Zhu J S，Zhang H，Ma L J，*et al*. Diversity of the microbial community in rice paddy soil with biogas slurry irrigation analyzed by illumina sequencing technology[J]. Environmental Science，2018，**39**(5)：2400-2411.

[39] 谢秉楼，吴家森，徐秋芳，等. 覆盖与施肥处理对雷竹林土壤水溶性有机氮的影响[J]. 土壤学报，2009，**46**(6)：1168-1171.
Xie B L，Wu J S，Xu Q F，*et al*. Effect of different fertilization and mulching on water soluble organic N of the soil under *Phyllostachy praecox* stands[J]. Acta Pedologica Sinica，2009，**46**(6)：1168-1171.

[40] 王娜，高婕，魏静，等. 三江平原湿地开垦对土壤微生物群落结构的影响[J]. 环境科学，2019，**40**(5)：2375-2381.
Wang N，Gao J，Wei J，*et al*. Effects of wetland reclamation on soil microbial community structure in the Sanjiang plain[J]. Environmental Science，2019，**40**(5)：2375-2381.

[41] 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.

HUANJING KEXUE

Environmental Science (monthly)

Vol. 43 No. 1

Jan. 15, 2022

CONTENTS

Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metals in Urban Soils of Major Cities in China ····· PENG Chi, HE Ya-lei, GUO Zhao-hui, *et al.* (1)
Environmental Behaviors of Plant Growth Regulators in Soil: A Review ····· CHEN Liang, HOU Jie, HU Xiao-lei, *et al.* (11)
Preparation and Application of Magnetic Water Treatment Materials Based on Iron Sludge ····· ZENG Hui-ping, ZHAI Long-xue, LI Dong, *et al.* (26)
Meta-analysis of the Impact of Different Ozone Metrics on Total Mortality in China ····· RUAN Fang-fang, LIU Ji-xin, CHEN Zhi-wei, *et al.* (37)
Variation Characteristics and Potential Sources of the Mt. Haituo Aerosol Chemical Composition in Different Pollution Processes During Winter in Beijing, China ····· ZHAO De-long, WANG Fei, LIU Dan-tong, *et al.* (46)
Real-time Source Apportionment of $PM_{2.5}$ and Potential Geographic Origins of Each Source During Winter in Wuhan ····· JIANG Shu-ning, KONG Shao-fei, ZHENG Huang, *et al.* (61)
Spatiotemporal Distribution and Seasonal Characteristics of Regional Transport of $PM_{2.5}$ in Yuncheng City ····· WANG Yun-tao, ZHANG Qiang, WEN Xiao-yu, *et al.* (74)
Three-dimensional Structure Variation of $PM_{2.5}$ During Cold Front Advance in Eastern China ····· MOU Nan-nan, ZHU Bin, LU Wen (85)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Nitrated Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in the Atmosphere of Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area ····· LI Yan-xi, XIE Dan-ping, LI Yu-qing, *et al.* (93)
Atmospheric VOCs Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Large-scale Integrated Industrial Area and Surrounding Areas in Southwest China ····· LI Ling, ZHANG Dan, HU Wei, *et al.* (102)
Characteristics and Source Apportionment of Ambient VOCs in Lhasa ····· YU Jia-yan, HAN Yan, CHEN Mu-lan, *et al.* (113)
Variation Characteristics of Ambient Volatile Organic Compounds (VOCs) Volume Fraction During Hangzhou COVID-19 Period ····· LIN Xu, YAN Ren-chang, JIN Jia-jia, *et al.* (123)
Role of Atmospheric VOCs in Ozone Formation in Summer in Shanghai Suburb ····· JIN Dan (132)
Characteristics of VOCs and Formation Potentials of O_3 and SOA in Autumn and Winter in Tongchuan, China ····· YI Xiao-xiao, LI Jiang-hao, LI Guang-hua, *et al.* (140)
Emission Characteristics and Emission Factors of Volatile Organic Compounds from E-waste Dismantling and Recycling Processes ····· XIE Dan-ping, HUANG Zhong-hui, LIU Wang, *et al.* (150)
Nonlinear Response Relationship Between Ozone and Precursor Emissions in the Pearl River Delta Region Under Different Transmission Channels ····· WU Yong-kang, CHEN Wei-hua, YAN Feng-hua, *et al.* (160)
Characteristics of Ozone Pollution and Influencing Factors in Urban and Suburban Areas in Zibo ····· WANG Yu-yan, YANG Wen, WANG Xiu-yan, *et al.* (170)
Pollution Characteristics and Health Risk of Heavy Metals in Fugitive Dust Around Zhaotong City ····· PANG Xiao-chen, HAN Xin-yu, SHI Jian-wu, *et al.* (180)
Characteristics of Microplastic Present in Urban Road Dust ····· FANG Qin, NIU Si-ping, CHEN Yu-dong, *et al.* (189)
Stable Isotopes of Precipitation in the Eastern Tarim River Basin and Water Vapor Sources ····· SONG Yang, WANG Sheng-jie, ZHANG Ming-jun, *et al.* (199)
Characteristics and Risk Assessment of Antibiotic Contamination in Chishui River Basin, Guizhou Province, China ····· WU Tian-yu, LI Jiang, YANG Ai-jiang, *et al.* (210)
Hydrochemical Characteristics and Controlling Factors of Surface Water and Groundwater in Wuding River Basin ····· LI Shu-jian, HAN Xiao, WANG Wen-hui, *et al.* (220)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Nutrients and Heavy Metals in Sediments of the Fuhe River Influenced Area, Baiyangdian Lake ····· CHEN Xing-hong, LI Li-qing, ZHANG Mei-yi, *et al.* (230)
Occurrence Characteristics of Microplastics in Mangrove Sediments in the Jiulong River Estuary and the Association with Heavy Metals ····· LIU Chang-jun, LUO Zhuan-xi, YAN Yu, *et al.* (239)
Quantitative Analysis of the Correlation Between Macrobenthos Community and Water Environmental Factors and Aquatic Ecosystem Health Assessment in the North Canal River Basin of Beijing ····· HU Xiao-hong, ZUO De-peng, LIU Bo, *et al.* (247)
Analysis on the Spatial Variability Mechanism of the Characteristic Water Quality Factors of Urban River Channel Reclaimed Water ····· LIU Quan-zhong, PENG Ke, SU Zhen-hua, *et al.* (256)
DOM Characteristics Analysis of Surface Sediment-overlying Water in Suzhou Landscape River Course ····· LI Chao-nan, HE Jie, ZHU Xue-hui, *et al.* (267)
Distribution of Typical Pollutants from Rainwater Sewer Sediments in Suzhou City ····· YE Rong, SHENG Ming-jun, JIANG Yong-bo, *et al.* (277)
Persistent Inhibition of Ammonium Released from Contaminated Sediments Through a Modified Zeolite and Biofilm System Enhanced by Signaling Molecules ····· XU Jin-lan, XU Yang, LI Xiu-min, *et al.* (285)
Effects of the Three Gorges Reservoir Operation on Vertical Distribution of Chlorophyll a and Environmental Factors in Tributaries ····· TIAN Pan, LI Ya-li, LI Ying-jie, *et al.* (295)
Characteristic Analysis of *nirS* Denitrifying Bacterial Community in Lijiahe Reservoir During Stratification ····· LIANG Wei-guang, HUANG Ting-lin, ZHANG Hai-han, *et al.* (306)
Spatial and Temporal Distribution of Aerobic Denitrification Bacterial Community in Sediments of Gangnan Reservoir ····· ZHANG Zi-wei, CHEN Zhao-ying, ZHANG Tian-na, *et al.* (314)
Distribution Characteristics and Health Risk Assessment of Metal Elements for Groundwater in the Ningxia Region of China ····· WANG Xiao-dong, TIAN Wei, ZHANG Xue-yan (329)
Geochemical Characteristics and Driving Factors of High-Iodine Groundwater in Rapidly Urbanized Delta Areas: A Case Study of the Pearl River Delta ····· LÜ Xiao-li, LIU Jing-tao, HAN Zhan-tao, *et al.* (339)
Multimedia Distribution Characteristics and Risk Assessment of 22 PPCPs in the Water Environment of Qingpu District, Yangtze River Delta Demonstration Area ····· ZHANG Zhi-bo, DUAN Yan-ping, SHEN Jia-hao, *et al.* (349)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of 209 Polychlorinated Biphenyls in Dongting Lake and the Inflow Rivers ····· HUANG Zhi-feng, ZHENG Bing-hui, YIN Da-qiang, *et al.* (363)
Estimation of Nitrous Oxide Emission from River System Based on Water Discharge and Dissolved Nitrous Oxide Concentration ····· LI Bing-qing, HU Min-peng, WANG Ming-feng, *et al.* (369)
Comparison Between Tributary and Main Stream and Preliminary Influence Mechanism of CO_2 Flux Across Water-air Interface in Wanzhou in the Three Gorges Reservoir Area ····· QIN Yu, OUYANG Chang-yue, WANG Yu-xiao, *et al.* (377)
Preparation of Functional Attapulgite Composite and Its Adsorption Behaviors for Congo Red ····· LIAO Xiao-feng, ZHONG Jing-ping, CHEN Yun-nen, *et al.* (387)
Adsorption Characteristics and Long-term Effectiveness Evaluation of Iron-nitrogen Co-doped Biochar for Secondary Water-Soluble Organic Matter ····· WU Chen-xi, XU Lu, JIN Xin, *et al.* (398)
Nitritation Performance of Zeolite Moving Bed Biofilm Reactor for Ammonium Wastewater Treatment ····· DENG Cui-lan, GUO Lu, WANG Xiao-jun, *et al.* (409)
Effect of Temperature on ANAMMOX Process in Sequencing Batch Biofilm Reactors: Nitrogen Removal Performance and Bacterial Community ····· WU Shan, WANG Shu-ya, WANG Fen, *et al.* (416)
Effects of Carriers on ANAMMOX Sludge Activity Recovery and Microbial Flora Characteristics ····· LUO Jing-wen, YANG Jin-jin, LI Shao-kang, *et al.* (424)
Spatial Distribution and Source Analysis of Soil Heavy Metals in a Small Watershed in the Mountainous Area of Southern Ningxia Based on PMF Model ····· XIA Zi-shu, BAI Yi-ru, WANG You-qi, *et al.* (432)
Heavy Metal Concentration Characteristics and Health Risks of Farmland Soils in Typical Pyrite Mining Area of the Central Zhejiang Province, China ····· CHENG Xiao-meng, SUN Bin-bin, WU Chao, *et al.* (442)
Risk Zoning of Heavy Metals in a Peri-urban Area in the Black Soil Farmland Based on Agricultural Products ····· WU Song-ze, WANG Dong-yan, LI Wen-bo, *et al.* (454)
Main Control Factors of Cadmium Content in Rice in Carbonate Rock Region of Guangxi Based on the DGT Technique ····· SONG Bo, XIAO Nai-chuan, MA Li-jun, *et al.* (463)
Inhibitory Effects of Soil Amendment Coupled with Water Management on the Accumulation of Cd and Pb in Double-Cropping Rice ····· LI Lin-feng, WANG Yan-hong, LI Yi-chun, *et al.* (472)
Characteristics and Health Risk Assessment of Cadmium, Lead, and Arsenic Accumulation in Leafy Vegetables Planted in a Greenhouse ····· DONG Jun-wen, GAO Pei-pei, SUN Hong-xin, *et al.* (481)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Polychlorinated Biphenyls in E-waste Disposal Residue-Soil-Vegetable ····· ZHANG Ya-ping, LÜ Zhan-lu, WANG Xian-liang, *et al.* (490)
Soil-crop Distribution and Health Risk Assessment of Organochlorine Pesticides on Typical Agricultural Land in Southern Leizhou Peninsula ····· LIANG Xiao-hui, XIE Qi-lai, ZHENG Qian, *et al.* (500)
Effects of Heavy Metal Content on Fungal Community Structure in Urban Soil ····· GUO Da-lu, ZHANG Jian, SHEN Si, *et al.* (510)
Effects of Long-term Fertilization on Soil Nutrient Characteristics and Microbial Resource Restrictions in a Terrace on the Loess Plateau ····· WU Chun-xiao, GAO Xiao-feng, YAN Ben-shuai, *et al.* (521)
Microbial Composition and Diversity in Soil of *Torreya grandis* cv. Merrillii Relative to Different Cultivation Years After Land Use Conversion ····· JIANG Ni-wen, LIANG Chen-fei, ZHANG Yong, *et al.* (530)
Effect of Combined Application of Biochar with Chemical Fertilizer and Organic Fertilizer on Soil Phosphatase Activity and Microbial Community ····· YANG Wen-na, YU Luo, LUO Dong-hai, *et al.* (540)
Extracellular Enzyme Stoichiometry and Microbial Metabolism Limitation During Vegetation Restoration Process in the Middle of the Qinling Mountains, China ····· XUE Yue, KANG Hai-bin, YANG Hang, *et al.* (550)
Effects of Biodegradable Film Raw Material Particles on Soil Properties, Wheat Growth, and Nutrient Absorption and Transportation ····· MIN Wen-hao, WANG Chun-li, WANG Li-wei, *et al.* (560)
Effects of Stalk Incorporation on Soil Carbon Sequestration, Nitrous Oxide Emissions, and Global Warming Potential of a Winter Wheat-Summer Maize Field in Guanzhong Plain ····· WAN Xiao-nan, ZHAO Ke-yue, WU Xiong-wei, *et al.* (569)