

目次

持久性、迁移性和潜在毒性化学品环境健康风险与控制研究现状及趋势分析	张少轩, 陈安娜, 陈成康, 景侨楠, 刘建国 (3017)
我国厨余垃圾资源化技术的多维绩效评价	杨光, 史波芬, 周传斌 (3024)
基于 MSPA 和电路理论的京津冀城市群热环境空间网络	乔治, 陈嘉悦, 王楠, 卢应爽, 贺瞳, 孙宗耀, 徐新良, 杨浩, 李莹, 王方 (3034)
城市空间格局与热环境响应关系:以合肥市为例	陈媛媛, 姚侠妹, 偶春, 张清怡, 姚晓洁 (3043)
天津市“十三五”期间 PM _{2.5} 减排效果评估	肖致美, 徐虹, 蔡子颖, 张裕芬, 刘茂辉, 孙猛, 李鹏, 杨宁, 戴运峰 (3054)
清洁取暖对保定市采暖期 PM _{2.5} 中碳质气溶胶的影响	罗宇睿, 张凯, 赵好希, 任家豪, 段菁春, 李欢欢, 关键, 郭志强, 李博文 (3063)
南京地区细颗粒物污染输送影响及潜在源区	谢放尖, 郑新梅, 窦焱焱, 杨峰, 刘春蕾, 李洁, 谢轶嵩, 王艳, 胡建林, 陈长虹 (3071)
大气环流型对珠三角 2015~2020 年臭氧变化的影响	汪瑶, 刘润, 辛繁 (3080)
热带气旋对海南岛臭氧污染的影响分析	符传博, 丹利, 佟金鹤, 徐文师 (3089)
基于 CMAQ 和 HYSPLIT 模式的日照市夏季臭氧污染成因和来源分析	林鑫, 全纪龙, 王伊凡, 陈羽翔, 刘永乐, 张鑫, 敖丛杰, 刘浩天 (3098)
2016~2020 年成都市控制 PM _{2.5} 和 O ₃ _{8h} 污染的健康效益评价	张莹, 田琪琪, 魏晓钰, 张少波, 胡文东, 李明刚 (3108)
深圳市 2022 年春季新冠疫情管控期间空气质量分析	刘婵芳, 张傲星, 房庆, 叶毓婧, 杨红龙, 陈炯恺, 吴雯潞, 侯岳, 莫佳佳, 傅宗玖 (3117)
贵州省生物质燃烧源大气污染物排放清单	王艳妮, 杨敬婷, 黄贤峰, 程燕, 陆标, 顾兆林 (3130)
西安市大气降水的主要化学组分及其来源	周东, 黄智浦, 李思敏, 王森, 牛振川, 熊晓虎, 冯雪 (3142)
宜昌市大气微塑料的分布、呼吸暴露及溯源	刘立明, 王超, 巩文雯, 陆安祥, 任东, 涂清, 贾漫珂 (3152)
雅鲁藏布江水化学演变规律	江平, 张全发, 李思悦 (3165)
无定河流域地表水硝酸盐浓度的时空分布特征及来源解析	徐奇峰, 夏云, 李书鉴, 王万洲, 李志 (3174)
太浦河水体与沉积物中重金属的季节变化特征与污染评价	罗鹏程, 涂耀仁, 孙婷婷, 刘生辉, 高佳欣, 寇佳怡, 顾心彤, 段艳平 (3184)
北京市北运河水体中抗生素污染特征及风险评估	蒋宝, 隋珊珊, 孙成一, 王亚玲, 荆降龙, 凌文翠, 李珊珊, 李国傲 (3198)
氮和氧同位素示踪伊洛河河水硝酸盐来源及转化过程	郭文静, 张东, 蒋浩, 吴洋洋, 张郭妙, 段慧真, 许梦军, 麻冰涓, 陈昊, 黄兴宇 (3206)
淮河下游湖泊表层水和沉积物中 PPCPs 分布特征及风险评估	武宇圣, 黄天寅, 张家根, 田永静, 庞燕, 许秋瑾 (3217)
西宁市浅层地下水化学特征及形成机制	刘春燕, 于开宁, 张英, 荆继红, 刘景涛 (3228)
叶尔羌河流域平原区地下水污染风险评价	闫志云, 曾妍妍, 周金龙, 孙英, 马常莲 (3237)
密云水库细菌群落组成结构及影响因素	陈颖, 王佳文, 梁思航, 陈倩 (3247)
可见光激发下模拟海水中四环素光降解的机制和路径	许恒韬, 付小航, 丰卫华, 王挺 (3260)
纳米零价铁改性生物炭对水中氨氮的吸附特性及机制	陈文静, 石峻岭, 李雪婷, 张李金, 刘富强, 陈正祝, 庞维海, 杨殿海 (3270)
高锰酸钾改性椰壳生物炭对水中 Cd(II) 和 Ni(II) 的去除性能及机制	张凤智, 王敦球, 曹星洋, 刘桥京, 岳甜甜, 刘立恒 (3278)
铜改性净水污泥水热炭对水体中磷的吸附特性及底泥内源磷的固定	何李文泽, 陈钰, 孙飞, 李艳君, 杨顺生, 张志鹏 (3288)
城镇生活污水处理厂出水硝酸盐浓度及同位素组成的影响因素	张东, 葛文彪, 赵爱萍, 高振朋, 陈昊, 张琮, 蒋浩, 吴文阳, 廖琪, 李成杰, 黄兴宇, 麻冰涓 (3301)
基于 Meta 分析的污水处理工艺对微塑料去除效果影响	符立松, 侯磊, 王艳霞, 李晓琳, 王万宾, 梁启斌 (3309)
我国自然生态系统氮沉降临界负荷评估	黄静文, 刘磊, 颜晓元, 迺超普 (3321)
气候变化和人类活动对东部沿海地区 NDVI 变化的影响分析	金岩松, 金凯, 王飞, 刘春霞, 秦鹏, 宗全利, 刘佩娟, 陈明利 (3329)
基于 InVEST 模型和 PLUS 模型的环杭州湾生态系统碳储量	丁岳, 王柳柱, 桂峰, 赵晨, 朱望远 (3343)
河西走廊中段荒漠绿洲土壤生态化学计量特征	孙雪, 龙永丽, 刘乐, 刘继亮, 金丽琼, 杜海峰, 陈凌云 (3353)
乌梁素海东部流域非生季草地土壤细菌群落结构的垂向差异	李文宝, 张博尧, 史玉娇, 郭鑫, 李兴月 (3364)
芦芽山华北落叶松林土壤剖面细菌群落分布格局	毛晓雅, 刘晋仙, 贾彤, 吴铁航, 柴宝峰 (3376)
植被类型对黄土高原露天矿山复垦土壤碳循环功能基因的影响	赵姣, 马静, 朱燕峰, 于昊辰, 张琦, 陈浮 (3386)
施用生物炭对麦田土壤细菌群落多样性和冬小麦生长的影响	姚丽茹, 李伟, 朱良正, 曹布仓, 韩娟 (3396)
甜龙竹不同种植年限对土壤真菌群落的影响	朱书红, 辉朝茂, 赵秀婷, 刘蔚漪, 张仲富, 刘会会, 张文君, 朱礼月, 涂丹丹 (3408)
生物炭对热带地区辣椒种植土壤 N ₂ O 排放及其功能基因的影响	陈琦琦, 王紫君, 陈云忠, 王誉琴, 朱启林, 胡天怡, 胡煜杰, 伍延正, 孟磊, 汤水荣 (3418)
覆膜和有机无机配施对夏玉米农田温室气体排放及水氮利用的影响	蒋洪利, 雷琪, 张彪, 吴淑芳 (3426)
不同类型地膜覆盖对土壤质量、根系生长和产量的影响	穆晓国, 高虎, 李梅花, 赵欣茹, 郭宁, 靳磊, 李建设, 叶林 (3439)
基于 PMF 模型的某铅锌冶炼城市降尘重金属污染评价及来源解析	陈明, 王琳玲, 曹柳, 李名闯, 申哲民 (3450)
云南 5 城市道路扬尘 PM _{2.5} 中重金属含量表征及健康风险	韩新宇, 郭晋源, 史建武, 李定霜, 王怡明, 宁平 (3463)
兰州市黄河风情线地表积尘及周边绿地土壤重金属污染特征及风险评价	李军, 李开明, 王晓槐, 焦亮, 臧飞, 毛潇萱, 杨云钦, 台喜生 (3475)
PMF 和 RF 模型联用的土壤重金属污染来源解析与污染评价:以西北某典型工业园区为例	高越, 吕童, 张鑫凯, 张博哈, 毕思琪, 周旭, 张炜, 曹红斌, 韩增玉 (3488)
基于 APCS-MLR 受体模型和地统计法的矿区周边农用地土壤重金属来源解析	张传华, 王钟书, 刘力, 刘燕 (3500)
PCA-APCS-MLR 和地统计学的典型农田土壤重金属来源解析	王美华 (3509)
三峡库区稻田土壤重金属污染特征及风险评价	刘娅君, 李彩霞, 梅楠, 张美平, 张成, 王定勇 (3520)
皖江经济带耕地重金属健康风险评价及环境基准	刘海, 魏伟, 宋阳, 潘杨, 黄健敏 (3531)
张家口市万全区某种植区土壤重金属污染评价与来源分析	安永龙, 殷秀兰, 李文娟, 金爱芳, 鲁青原 (3544)
滁州市表层土壤重金属含量特征、源解析及污染评价	汤金来, 赵宽, 胡睿鑫, 徐涛, 王宜萱, 杨扬, 周葆华 (3562)
矿业废弃地重金属形态分布特征与迁移转化影响机制分析	魏洪斌, 罗明, 向奎, 查理思, 杨慧丽 (3573)
基于成土母质的矿产资源基地土壤重金属生态风险评价与来源解析	卫晓峰, 孙紫坚, 陈自然, 魏浩, 孙厚云, 刘卫, 傅大庆 (3585)
不同种类蔬菜重金属富集特征及健康风险	祁浩, 庄坚, 庄重, 王琪, 万亚男, 李花粉 (3600)
山东省典型灌溉区土壤-小麦重金属健康风险评估	王菲, 费敏, 韩冬锐, 李春芳, 曹文涛, 姚磊, 曹见飞, 吴泉源 (3609)
基于机器学习方法的小麦镉富集因子预测	牛硕, 李艳玲, 杨阳, 商艳萍, 王天齐, 陈卫平 (3619)
《环境科学》征订启事(3062)	
《环境科学》征稿简则(3116)	
信息(3164, 3259, 3572)	

施用生物炭对麦田土壤细菌群落多样性和冬小麦生长的影响

姚丽茹, 李伟, 朱员正, 普布仓决, 韩娟*

(西北农林科技大学农学院, 杨凌 712100)

摘要: 通过长期田间定位试验研究土壤细菌群落的多样性及作物生长对施用生物炭的响应, 为生物炭在农田中的合理应用提供科学依据. 以冬小麦为研究对象, 设置生物炭施用量为 0 (B0 对照)、5 (B1)、10 (B2) 和 20 t·hm⁻² (B3) 这 4 个处理, 结合 Illumina MiSeq 高通量测序技术探究不同生物炭施用量对冬小麦扬花期和成熟期土壤理化性质、土壤细菌群落多样性和作物生长的影响. 结果表明, 土壤含水量、pH 值、土壤有机碳、全氮、硝态氮含量、冬小麦生物量、氮吸收和产量随着生物炭施用量的增加均表现出增加趋势. 高通量测序结果得出 B2 处理显著降低了扬花期细菌群落 α 多样性; 土壤细菌群落组成对不同施用量的生物炭和物候期的总体响应在分类上一致, 本研究以变形菌门 (Proteobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、浮霉菌门 (Planctomycetes)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes) 和放线菌门 (Actinobacteria) 为优势菌门 (相对丰度 > 5%), 酸杆菌门的相对丰度下降, 但随着生物炭的施用, 变形菌门和浮霉菌门的相对丰度增加. 冗余分析、共现网络分析和偏最小二乘路径模型分析结果表明, 细菌群落组成与土壤硝态氮和全氮等环境因子密切相关, B2 和 B3 处理下 16S 操作分类单元间的平均连通性 (16.966 和 14.600) 高于 B0 处理, 土壤细菌群落的变化 (89.1%) 主要受生物炭施用量和采样时期的影响; 而对于冬小麦的生长动态变化影响较小 (0.077). 综上, 生物炭施用 7 a 后能调节土壤细菌群落变化和促进作物生长, 建议在半干旱农业地区施用 10 ~ 20 t·hm⁻² 生物炭以实现农业可持续发展.

关键词: 生物炭; 细菌群落多样性; 作物生长; 冬小麦; 土壤理化性质

中图分类号: X171 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)06-3396-12 DOI: 10.13227/j.hjkk.202207125

Effects of Biochar Application on Soil Bacterial Community Diversity and Winter Wheat Growth in Wheat Fields

YAO Li-ru, LI Wei, ZHU Yuan-zheng, PUBU Cang-jue, HAN Juan*

(College of Agronomy, Northwest A&F University, Yangling 712100, China)

Abstract: A long-term field experiment was conducted to study the diversity of soil bacterial communities and the response of crop growth to biochar application, in order to provide a scientific basis for the rational application of biochar in agricultural fields. Four treatments were applied at 0 (B0 blank), 5 (B1), 10 (B2), and 20 t·hm⁻² (B3) to investigate the effects of biochar on soil physical and chemical properties, soil bacterial community diversity, and growth of winter wheat using Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology. The results showed that soil water content, pH value, soil organic carbon, total nitrogen, nitrate nitrogen content, winter wheat biomass, nitrogen uptake, and yield showed an increasing trend with the increase in biochar amount. The high-throughput sequencing results showed that the B2 treatment significantly reduced the α diversity of the bacterial community at the flowering stage. The overall response of soil bacterial community composition to different application rates of biochar and phenological phases was taxonomically consistent. In this study, Proteobacteria, Acidobacteria, Planctomycetes, Gemmatimonadetes, and Actinobacteria were the dominant bacterial phyla. The relative abundance of Acidobacteria decreased, but the relative abundance of Proteobacteria and Planctomycetes increased with biochar application. The results of redundancy analysis, co-occurrence network analysis, and PLS-PM analysis indicated that bacterial community compositions were closely associated with soil parameters such as soil nitrate and total nitrogen. The average connectivity between 16S OTUs was higher under the B2 and B3 treatments (16.966 and 14.600) than under the B0 treatment. The variation in soil bacterial community (89.1%) was regulated by biochar and sampling period and partly explained the changes in the growth dynamics of winter wheat (0.077). In conclusion, biochar application could regulate the changes in the soil bacterial community and promote crop growth after seven years of application. It is suggested that 10-20 t·hm⁻² biochar should be applied in semi-arid agricultural areas to achieve sustainable agricultural development.

Key words: biochar; bacterial community diversity; crop growth; winter wheat; soil physicochemical properties

冬小麦是中国重要的粮食作物之一, 其产量占中国半干旱区农业生产的 70% 以上^[1]. 关中地区地处陕西省中部, 是冬小麦主要粮食生产区. 该地区属于资源型缺水地区, 降雨量较少且主要集中在夏季, 限制了农业生态系统中的养分循环和作物生长. 而冬小麦生产中过量施用氮肥造成土壤氮素的大量盈余, 进而导致土壤结构恶化、肥料利用率下降和微生物活性降低等一系列问题^[2,3].

生物炭是生物质在完全或部分缺氧、相对温度

较低条件下经热解炭化产生的一类富碳物质^[4,5], 具有容重小、多孔、比表面积大、呈碱性和含有一定量矿质养分等特点, 具有优良的吸附特性和较强的抵抗土壤微生物分解的稳定性^[6]. 近年来, 生物炭作为碳源、土壤改良剂以及肥料缓释载

收稿日期: 2022-07-12; 修订日期: 2022-09-01

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31971861)

作者简介: 姚丽茹 (1998 ~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为农田生态和作物生理, E-mail: yaoliru@nwfau.edu.cn

* 通信作者, E-mail: hjeipost@nwsuaf.edu.cn

体备受重视^[7,8]. 已有多项研究表明,生物炭对土壤理化性质有明显的改善,可以提高土壤含水量、降低容重^[9]和增加土壤有机碳含量,同时对土壤养分的保持至关重要^[10]. 此外,生物炭对 NH_4^+ 的强吸附可以减少氮的挥发^[11],提高氮素利用效率,降低氮淋失^[12]. 生物炭的高碳氮比可以抑制氮素微生物的转化和反硝化,改变农田生态系统的氮循环,有利于促进作物生长和提高产量^[9,13]. 因此,将生物炭作为改良剂与氮肥配施,有助于改善土壤结构、进而提高土壤肥料利用率.

土壤微生物作为重要的分解者,在生态系统物质循环与能量流动中扮演着重要角色,调控着碳和养分在土壤-植物-大气连续体 (SPAC) 之间的循环^[14],是联系植物和土壤的重要因素^[15]. 此外,由于土壤微生物对环境变化的敏感性,土壤微生物的群落结构、组成和多样性可作为评价土壤质量和肥力的重要指标^[16,17]. 生物炭的添加改变了微生物的栖息地,直接或间接地影响它们的代谢活动并改变了微生物群落的丰度和多样性^[18]. Xu 等^[12] 基于短期的培养试验发现,施用 2%、4% 和 8% 玉米秸秆生物炭增加潮土细菌多样性,且与生物炭添加量呈正相关. Zhang 等^[9] 在东北黑土单施施用 10 ~ 50 $\text{t}\cdot\text{hm}^{-2}$ 玉米秸秆生物炭 2 a 后,发现细菌和真菌 Shannon 指数均显著降低. 生物炭对土壤微生物的影响差异较大,这种差异性可能与土壤的类型、利用方式以及生物炭的种类、用量等有关^[20]. 此外,生物炭对土壤微生物群落结构的影响也会随着时间的推移而发生变化^[21]. 由于添加到土壤中的生物炭非常稳定,生物炭老化过程有望在生物炭-土壤系统中达到化学交换和生物活性的平衡,因此“老化”的生物炭对土壤物理化学和生物特性的长期影响可能与“新鲜”的生物炭不同^[18,22]. 作物的生长季节是农业系统中土壤细菌群落结构变化的另一个驱动因素. 在作物生育期内,根系的生长发育以及与之相关的根系沉积变化,即作物根系向土壤中渗出的无机碳,可能会改变有机化合物的空间分布和质量,从而影响细菌群落的动态变化^[23,24]. 然而,大多数研究仅在整个作物生长

的单一阶段进行采样,只有少部分报道了不同生育时期的细菌群落对生物炭的响应.

虽然许多研究已经检验了生物炭对土壤特性和冬小麦作物生长的影响^[25,26],但对于土壤微生物介导的冬小麦产量提高的机制仍不清楚. 因此,本试验基于 7 a 田间定位试验,从土壤微生物角度研究不同施用量生物炭对冬小麦不同生育时期土壤特性、土壤细菌群落多样性和冬小麦生长的影响,以期为生物炭在农田中的合理施用提供科学参考.

1 材料与方法

1.1 试验区概况和试验设计

研究区域位于陕西省杨凌区西北农林科技大学农作物教学标本区(东经 108°24', 北纬 34°20'),海拔在 521 m 左右,属暖温带季风性气候,半干旱. 年均气温在 11 ~ 13℃ 之间,无霜期 210 d 左右,年均日照时数约 2 196 h,年均降雨量在 500 ~ 700 mm 间. 试验区的土壤类型为壤土(其中黏粒 36.5%,粉粒 61.1%,砂粒 2.4%). 0 ~ 20 cm 的耕层土壤 ω (有机质)为 14.09 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, ω (碱解氮)为 51.22 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, ω (速效磷)为 7.61 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, ω (速效钾)为 150.06 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$,土壤 pH 值为 7.58(水土比 2.5:1).

本试验设置 4 个处理,分别是生物炭施用量为 0 $\text{t}\cdot\text{hm}^{-2}$ (B0 对照)、5 $\text{t}\cdot\text{hm}^{-2}$ (B1)、10 $\text{t}\cdot\text{hm}^{-2}$ (B2)和 20 $\text{t}\cdot\text{hm}^{-2}$ (B3),每一处理进行 3 次重复,随机区组设计,小区面积为 5 m × 5 m = 25 m^2 . 本试验所施用的生物炭购自河南三利新能源公司,由小麦秸秆在 500℃ 厌氧热解制备. 于 2011 年 10 月冬小麦播前由旋耕机混翻施入土壤(0 ~ 20 cm),2016 年 10 月以相同施入量在冬小麦播种前补施一次. 生物炭的基本理化性质如表 1 所示. 供试小麦品种为陕麦 139,于 2017 年 10 月 23 日播种,播种量为 225 $\text{kg}\cdot\text{hm}^{-2}$,所施肥料:尿素为 375 $\text{kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ [$\omega(\text{N}) = 46\%$]和磷酸二铵为 300 $\text{kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ [$\omega(\text{P}_2\text{O}_5) = 46\%$],在播种前一次性施入. 后茬作物为夏玉米. 其他管理同当地常规管理方式,处理间一致.

表 1 第一次和第二次施用生物炭的基本理化性质

Table 1 Basic physical and chemical properties of biochar applied for the first and second time							
施用时间	ω (有机碳) / $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	ω (全氮) / $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	ω (全钾) / $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	ω (全磷) / $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	ω (灰分) /%	C/N	pH
2011 年 10 月	467.05	5.90	26.03	0.61	20.80	79.10	10.40
2016 年 10 月	480.56	5.50	24.66	0.70	18.20	87.37	9.82

1.2 样品的采集和分析

分别于冬小麦扬花期(2018 年 4 月 26 日)和成熟期(2018 年 6 月 5 日),在各试验小区内以五点取

样法采集 0 ~ 20 cm 土层样品,去除植物碎屑和碎石,混合样品后放于冷藏箱内带回实验室分析测定. 将过 2 mm 筛的土壤样品分为 3 个部分:一部分保

存在 -80°C 下进行 DNA 提取和分析,一部分保存在 -20°C 下进行硝、铵态氮测定,其余自然风干用于测定土壤有机碳、全氮和 pH. 于两个生育时期在每个小区选取均匀连续两行 20 cm 植物样品,并储存在纸袋中. 生物量样品在 105°C 下杀青 30 min,然后在 80°C 下干燥至恒重,以称量其干生物量. 将干燥的植物样品磨碎,采用凯氏定氮法测定全氮含量. 土壤水分用烘干法测定、土壤全氮用凯氏消煮法测定、土壤 pH 值用电位法测定、土壤有机质用重铬酸钾容量法测定、土壤硝态氮和铵态氮含量用流动分析仪测定. 其中,氮素吸收效率的计算公式为:

氮素吸收效率($\text{NupE}, \text{kg} \cdot \text{kg}^{-1}$) = 单位面积植株地上部总的氮积累量($\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$)/单位面积总施氮量($\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$)

1.3 16S rRNA 基因序列及生物信息学分析

土壤样品总 DNA 使用 FastDNA[®] Spin Kit for Soil 进行提取. 提取的总 DNA 浓度和质量用分光光度计测定 (NanoDrop2000, Thermo Scientific, Wilmington, DE, USA),再用带有 barcode 的特异引物扩增 16S rDNA 的 V3 + V4 区. 扩增引物序列为: 341F: CCTACGGGNGGCWGCAG; 806R: GGACTA CHVGGGTATCTAAT. 基因扩增产物送至广州基迪奥生物科技有限公司进行高通量测序 (Illumina HiSeq PE250). 土壤细菌高通量测序数据分析均是基于广州基迪奥生物科技有限公司所提供的 Omicsmart 在线分析系统 (<http://www.omicsmart.com>) 进行,项目号为 GDD3625-1. 具体的数据分析软件和算法参考广州基迪奥生物科技有限公司官方网站提供的说明.

1.4 数据分析

数据多组间的比较采用单因素方差分析 (one-way ANOVA) 和最小显著性差异 (least significant difference) 法,用 SPSS 23.0 (IBM Crop, Chicago, IL, USA) 软件处理分析数据. 采用 R 语言中的 VennDiagram 包绘制土壤细菌 OTUs 组间比较的 Venn 图; 用 Heatmap 包和 Psych 包对样品细菌群落结构组成与理化因子进行相关分析作出热图; 使用 Qiime 软件计算各个样品的 α 多样性; 采用基于 Bray-Curtis 距离矩阵的非度量多维尺度分析 (non-metric multidimensional scaling, NMDS) 确定细菌群落 β 多样性差异; 采用冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 阐明土壤细菌群落与土壤理化性质的关系. 本研究保留了丰度大于 0.2% 的 OTUs,以解释细菌类群中 OTUs 之间的关系. 使用 R 语言中的 Psych 包计算网络分析的成对相关系数矩阵. 统计学上显著相关 (使用 Spearman 系数、 ρ 、 $P <$

0.05), $|\rho|$ 值 > 0.6 用于网络分析^[27]. 使用 Gephi 0.9.2 进行网络可视化,相关参数 (节点和连接数、平均度、平均聚类系数和模块化) 按照前人描述的方法计算^[28]. 利用偏最小二乘路径模型 (PLS-PM) 研究了不同生物炭施用量下土壤理化性质、细菌群落与作物生长的关系. 利用 PLS-PM 可以确定潜在变量 (即生物炭施用量、生育时期、土壤参数、土壤细菌群落和作物生长指数) 对观测变量的解释程度. 路径系数和 R^2 用于显示潜在变量之间关系的强度和方向,并评估解释方差的比例. 当提取的平均方差 (AVE) 大于 0.5,复合信度 (CR) 大于 0.7 时,模型有效. 土壤基础性质、作物生长数据处理和图表绘制利用 Microsoft Excel 2021 和 Origin 2022 软件.

2 结果与分析

2.1 施用生物炭对麦田土壤理化特性的影响

施用生物炭显著影响了麦田土壤理化特性 ($P < 0.05$, 表 2). 冬小麦扬花期,施用生物炭显著提高土壤有机碳、全氮和硝态氮含量,其中 B3 处理最高,较 B0 分别提高了 112.08%、17.56% 和 226.61%. 但是施用生物炭显著降低了土壤铵态氮含量,各处理土壤铵态氮含量表现为: $B0 > B1 > B2 > B3$, B3 较 B0 降低了 63.27%. 施用生物炭提高了土壤含水量,降低了土壤 pH,但是各处理间无显著差异. 小麦成熟期,施用生物炭显著提高了土壤含水量、有机碳、全氮和硝态氮含量,其中 B3 处理最高,较 B0 分别提高了 13.67%、72.50%、26.61% 和 163.71%. 施用生物炭显著降低了土壤铵态氮含量和土壤 pH,其中 B3 处理降幅最大.

2.2 施用生物炭对冬小麦生长的影响

施用生物炭显著影响了冬小麦的生长和产量 ($P < 0.05$, 表 3). 冬小麦扬花期,施炭各处理显著提高了氮吸收、氮素吸收效率和生物量,其中 B3 处理最高,较 B0 分别提高了 27.67%、27.27% 和 16.06%. 但 B1、B2 和 B3 之间无显著差异. 冬小麦成熟期,施用生物炭同样显著提高了氮吸收、氮素吸收效率和生物量,其中 B3 处理最高,较 B0 分别提高了 17.77%、17.48% 和 14.40%. 此外,生物炭处理较对照提高了冬小麦产量 (5.09% ~ 15.80%), 仅 B3 处理达到了显著水平 ($P < 0.05$, 表 3).

2.3 施用生物炭对土壤微生物群落多样性的影响

2.3.1 施用生物炭对土壤细菌群落组间 OTUs 的影响

构建 Venn 图以直观地展现组间 OTUs 数量组成的相似性、重叠情况以及特异性 (图 1). 在 97%

表 2 施用生物炭对土壤理化性质的影响¹⁾

Table 2 Effects of biochar application on soil physicochemical properties							
生育时期	处理	含水量 /%	pH	ω(有机碳) /g·kg ⁻¹	ω(全氮) /g·kg ⁻¹	ω(硝态氮) /g·kg ⁻¹	ω(铵态氮) /g·kg ⁻¹
扬花期	B0	13.03 ± 0.64a	8.31 ± 0.04a	16.06 ± 1.88c	1.31 ± 0.09b	2.33 ± 0.26d	4.22 ± 0.35a
	B1	13.21 ± 0.69a	8.44 ± 0.01a	20.72 ± 2.41b	1.42 ± 0.06ab	3.67 ± 0.73c	3.70 ± 0.21b
	B2	13.63 ± 1.41a	8.34 ± 0.10a	23.72 ± 2.69b	1.45 ± 0.05a	5.03 ± 0.13b	2.62 ± 0.15c
	B3	14.13 ± 0.61a	8.44 ± 0.12a	34.06 ± 1.37a	1.54 ± 0.13a	7.61 ± 0.38a	1.55 ± 0.08d
成熟期	B0	11.41 ± 0.47b	8.35 ± 0.04a	17.13 ± 1.75c	1.24 ± 0.04c	3.72 ± 0.71c	2.87 ± 0.17a
	B1	11.46 ± 0.40b	8.24 ± 0.04b	17.28 ± 0.60c	1.34 ± 0.07bc	6.15 ± 0.86b	2.64 ± 0.40ab
	B2	11.89 ± 0.95ab	8.29 ± 0.02ab	22.28 ± 1.38b	1.46 ± 0.07ab	6.65 ± 0.62b	2.17 ± 0.21bc
	B3	12.97 ± 0.56a	8.23 ± 0.03b	29.55 ± 2.75a	1.57 ± 0.06a	9.81 ± 0.77a	2.07 ± 0.43c

1) 数值为平均值 ± 标准差, 同列的不同小写字母表示同一生育时期的处理间在 5% 水平差异显著

表 3 施用生物炭对作物生长和产量的影响¹⁾

Table 3 Effects of biochar application on crop growth and yield					
生育时期	处理	氮吸收 /kg·hm ⁻²	氮素吸收效率 /kg·kg ⁻¹	生物量 /kg·hm ⁻²	产量 /kg·hm ⁻²
扬花期	B0	99.73 ± 7.94b	0.44 ± 0.04b	5 999.02 ± 396.89b	
	B1	120.70 ± 1.62a	0.53 ± 0.01ab	6 542.16 ± 166.18ab	
	B2	126.28 ± 17.58a	0.56 ± 0.08a	6 753.92 ± 452.65ab	
	B3	127.33 ± 18.44a	0.56 ± 0.08a	6 962.75 ± 687.85a	
成熟期	B0	233.45 ± 2.01b	1.03 ± 0.01c	17 912.04 ± 749.86b	6 734.32 ± 478.23b
	B1	247.57 ± 6.24a	1.09 ± 0.03bc	18 390.74 ± 1 106.05b	7 077.21 ± 325.43ab
	B2	258.61 ± 13.55a	1.14 ± 0.06ab	18 878.70 ± 917.75ab	7 051.01 ± 335.62ab
	B3	274.94 ± 19.98a	1.21 ± 0.09a	20 490.74 ± 1 233.07a	7 798.48 ± 375.82a

1) 数值为平均值 ± 标准差, 同列的不同小写字母表示同一生育时期的处理间在 5% 水平差异显著

相似度水平上, 冬小麦扬花期 4 种不同施炭量下 [图 1(a)], 共产生了 8 120 个 OTUs, 共同的 OTUs 有 4 114; 各处理拥有 OTUs 的数量表现为 GB0 > GB1 > GB3 > GB2; GB0、GB1、GB2 和 GB3 特有的 OTUs 分别有 606、394、488、441 个, 分别占总 OTUs 数的 7.46%、4.85%、6.01%、5.43%。冬小麦

成熟期 4 种不同施炭量下 [图 1(b)], 共产生了 8 031 个 OTUs, 共同的 OTUs 有 4 117; 各处理拥有 OTUs 的数量表现为 MB0 > MB1 > MB3 > MB2; MB0、MB1、MB2 和 MB3 特有的 OTUs 分别有 597、466、362 和 434 个, 分别占总 OTUs 数的 7.43%、5.80%、4.51% 和 5.40%。

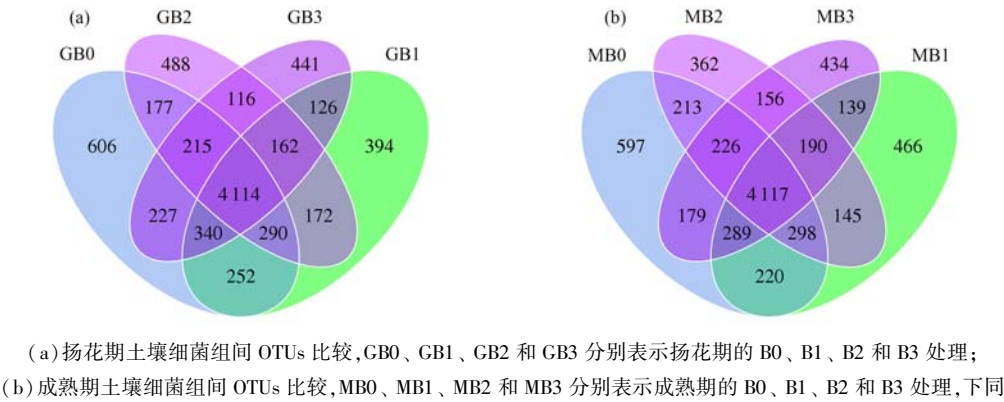


图 1 土壤细菌组间 OTUs 比较

Fig. 1 Comparison of OTUs between soil bacterial groups

2.3.2 施用生物炭对土壤细菌群落 α 多样性的影响

施用生物炭显著影响了土壤细菌群落 α 多样性 ($P < 0.05$, 表 4)。每个处理下的 Coverage 指数均高达 96%, 表明测序结果能代表样品中的实际微生物。

小麦扬花期, B2 处理显著降低了 Chao1、Shannon 指数和 Simpson 指数, 较 B0 分别降低了 6.55%、1.13%、0.04%, 说明施用生物炭 10 t·hm⁻² 后小麦扬花期土壤细菌菌群多样性降低。冬小麦成熟期, 3 个施炭处理的土壤细菌群落 α 多样性与 B0

表 4 施用生物炭对土壤细菌群落 α 多样性指数的影响¹⁾

Table 4 Effect of biochar application on α diversity index of soil bacterial community

生育时期	处理	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	Coverage 指数/%
扬花期	B0	9 976.49 ± 403.42a	10.64 ± 0.02a	0.997 9 ± 0.000 10a	97.45 ± 0.15a
	B1	9 775.91 ± 272.94ab	10.64 ± 0.04a	0.997 9 ± 0.000 1a	97.07 ± 0.21ab
	B2	9 323.33 ± 468.77b	10.52 ± 0.03b	0.997 5 ± 0.000 12b	97.24 ± 0.53ab
	B3	9 672.42 ± 79.17ab	10.69 ± 0.03a	0.997 9 ± 0.000 14a	96.76 ± 0.21b
成熟期	B0	9 644.96 ± 268.37a	10.67 ± 0.02ab	0.998 0 ± 0.000 04a	97.51 ± 0.36a
	B1	9 507.07 ± 327.45a	10.70 ± 0.03a	0.998 1 ± 0.000 06a	97.17 ± 0.32ab
	B2	9 189.04 ± 328.86a	10.63 ± 0.03b	0.998 0 ± 0.000 10a	97.04 ± 0.52ab
	B3	9 430.19 ± 551.46a	10.70 ± 0.05a	0.998 1 ± 0.000 08a	96.87 ± 0.30b

1) 数值为平均值 ± 标准差, 同列的不同小写字母表示同一生育时期的处理间在 5% 水平差异显著

没有显著性差异 ($P < 0.05$), 但 B1 和 B3 处理较 B2 处理显著提高了 Shannon 指数.

2.3.3 施用生物炭对土壤细菌群落 β 多样性的影响

基于 OTUs 丰度的非度量多维度分析如图 2 所示. 在小麦扬花期, 代表各个处理的点之间离散性略小, 分布于 NMDS1 轴的左侧. B2 和 B3 处理与 B0 的空间距离较远, 与 B1 和 B0 沿 NMDS2 轴分离. 在小麦成熟期, 代表各个处理的点离散性较大, 分布于 NMDS1 轴的右侧. 同样 B2 和 B3 处理组与 B0 的空间距离较远, B1 处理和 B2 处理距离近, 但 4 个处理沿 NMDS1 轴分离. 说明高施用量的生物炭对土壤细菌群落结构影响更为明显, 而低施用量的生物炭与对照组细菌群落结构较为相似.

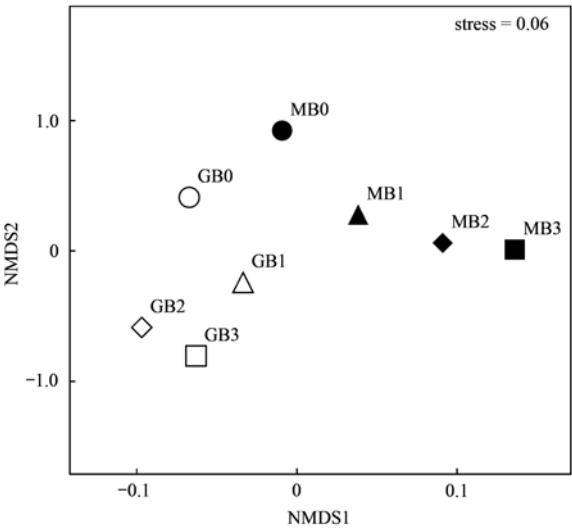
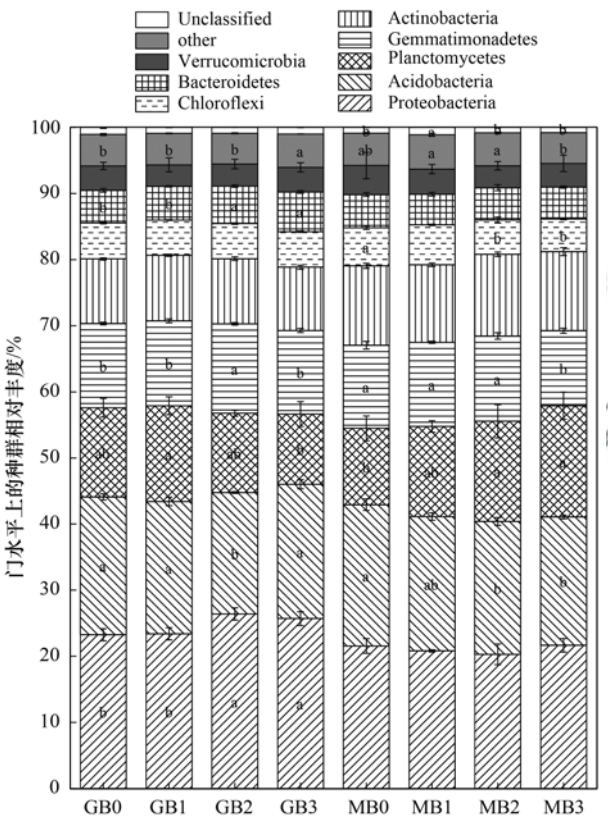


图 2 基于 Bray-Curtis 距离的非度量多维度分析
Fig. 2 NMDS plot based on Bray-Curtis distance

2.4 施用生物炭对土壤细菌群落组成的影响

施用生物炭显著影响了土壤细菌群落组成 ($P < 0.05$, 图 3). 本试验中选择每个样本中相对丰度 $> 2\%$ 的前 8 个物种, 剩余的物种被统一分类到另一个类别, 而不能标注到这一水平的标签被归入未分类的类别. 从门的分类水平来看, 所有处理的细菌群落组成基本相同, 只是组成比例即物种相对丰度分



不同小写字母表示同一生育时期的 4 个处理在 5% 水平差异显著
图 3 施用生物炭对土壤细菌群落门水平上相对丰度的影响
Fig. 3 Effect of biochar application on relative abundance of soil bacterial community at phylum level

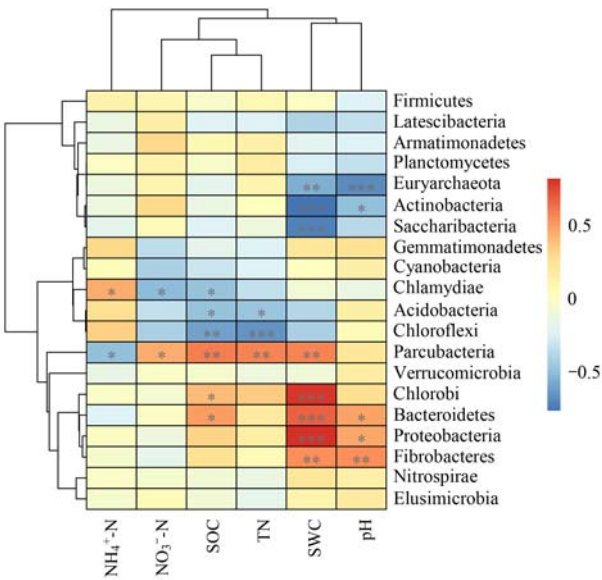
布存在显著差异 ($P < 0.05$, 图 3), 检测到了变形菌门 (Proteobacteria) 占总数 20.30% ~ 26.41%; 酸杆菌门 (Acidobacteria) 占总数 18.35% ~ 21.38%; 浮霉菌门 (Planctomycetes) 占总数 10.62% ~ 16.84%; 芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes) 占总数 11.34% ~ 13.53%; 放线菌门 (Actinobacteria) 占总数 9.57% ~ 12.36%; 绿弯菌门 (Chloroflexi) 占总数 4.96% ~ 6.03%; 拟杆菌门 (Bacteroidetes) 占总数 4.64% ~ 6.02% 和疣微菌门 (Verrucomicrobia) 占总数 3.23% ~ 4.38%. 丰度之和占到总细菌量的 93.69% ~ 94.54%. 在小麦扬花期, 施加生物炭显著提高变形菌门 (Proteobacteria) 和拟杆菌门 (Bacteroidetes) 的相对丰

度,其中 B2 处理提高幅度最高,较 B0 分别提高了 13.55% 和 15.04%;且 B2 处理显著降低了酸杆菌门(Acidobacteria)的相对丰度,提高了芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)的相对丰度.在小麦成熟期,施加生物炭显著提高浮霉菌门(Planctomycetes)的相对丰度($P < 0.05$),且浮霉菌门(Planctomycetes)的相对丰度随着生物炭量的增加呈上升趋势,B3 处理较对照增加了 45.8%,但施加生物炭并没有增加变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)和芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)的相对丰度,甚至还有降低的趋势.

2.5 环境因子关联分析

在门水平上,对样品细菌群落组成与理化因子进行相关分析作出热图(图 4).其中,SWC 和 pH 与拟杆菌门(Bacteroidetes)、变形菌门(Proteobacteria)、纤维杆菌门(Fibrobacteres)丰度呈显著正相关;但与单糖菌门(Saccharibacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、广古菌门(Euryarchaeota)丰度呈显著负相关($P < 0.05$);SOC 和 TN 与酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)丰度呈显著负相关;除 pH 外,其他环境因子均与 Parcubacteria 的相对丰度呈显著相关;硝、铵态氮与衣原体门(Chlamydiae)丰度呈显著相关($P < 0.05$).

此外,使用 RDA 分析以比较所有土壤样品中的细菌群落结构(门水平),并确定影响群落结构的主要环境因子(图 5).RDA 分析中环境轴共解释 54.28% 的细菌群落结构变化.与 NMDS 图相同,细菌群落分别随生物炭处理和采样日期沿 RDA1 和 RDA2 轴分离.在所有的环境因子中,土壤 NO_3^- ($r = 0.373\,2$, $P = 0.006$)和 TN ($r = 0.448\,4$, $P = 0.001$)相对接近 RDA1 轴,表明这两个环境变量在细菌群落随施炭量的变化中发挥关键作用.此外,SWC ($r =$



$\text{NH}_4^+\text{-N}$:铵态氮, $\text{NO}_3^-\text{-N}$:硝态氮,SOC:有机碳,TN:全氮,SWC:土壤含水率;pH:酸碱度;*表示 $P < 0.05$,**表示 $P < 0.01$,***表示 $P < 0.001$

图 4 土壤细菌群落相对丰度与环境因子相关分析热图

Fig. 4 Spearman correlation heatmap of environmental factors and relative abundance of soil bacterial community

0.625 3, $P = 0.001$) 和 SOC ($r = 0.439\,5$, $P = 0.003$)相对接近 RDA2,表明这两个变量在细菌群落随生长阶段的变化中起重要作用.

2.6 共现网络分析

为说明 B0、B1、B2 和 B3 处理的土壤细菌群落共现和生态位分配情况,构建了共现网络(图 6).细菌共现网络的拓扑特征如表 5 所示,其在节点数和连接数、平均度、平均聚类系数和模块化程度上存在差异.虽然不同处理下细菌网络的正相关环节均高于负相关环节,但 B1 和 B3 处理下正相关与负相关的比例有所降低.B2 处理的连接数、平均度和平均聚类系数均高于 B0 处理,而 B1 处理则相反.此外,所有施炭处理模块化程度都高于 B0 处理.

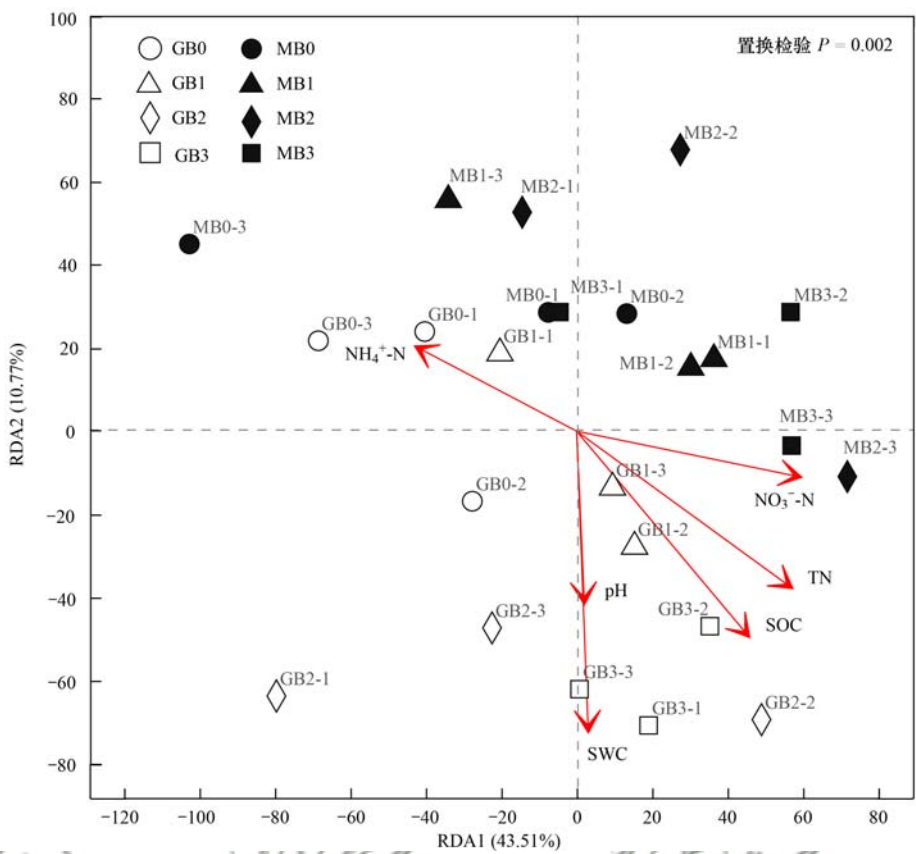
表 5 生物炭处理下冬小麦土壤共现网络的拓扑性质

Table 5 Topological properties of co-occurrence networks obtained in winter wheat soils under biochar treatments					
处理	B0	B1	B2	B3	BC
节点数	64	62	58	60	61
连接数	472	402	686	472	467
正相关/%	98.41	89.57	100	80.59	96.79
负相关/%	1.59	10.43	0	19.41	3.21
平均度	13.781	12.065	16.966	14.600	15.311
平均聚类系数	0.730	0.693	0.783	0.720	0.689
模块化	0.407	0.593	0.520	0.878	0.561

2.7 偏最小二乘路径建模

PLS-PM 结果如图 7 所示,生物炭处理(B0、B1、B2、B3)、生育时期(扬花期、成熟期)、土壤理化性质(SWC、pH、SOC、TN、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$)

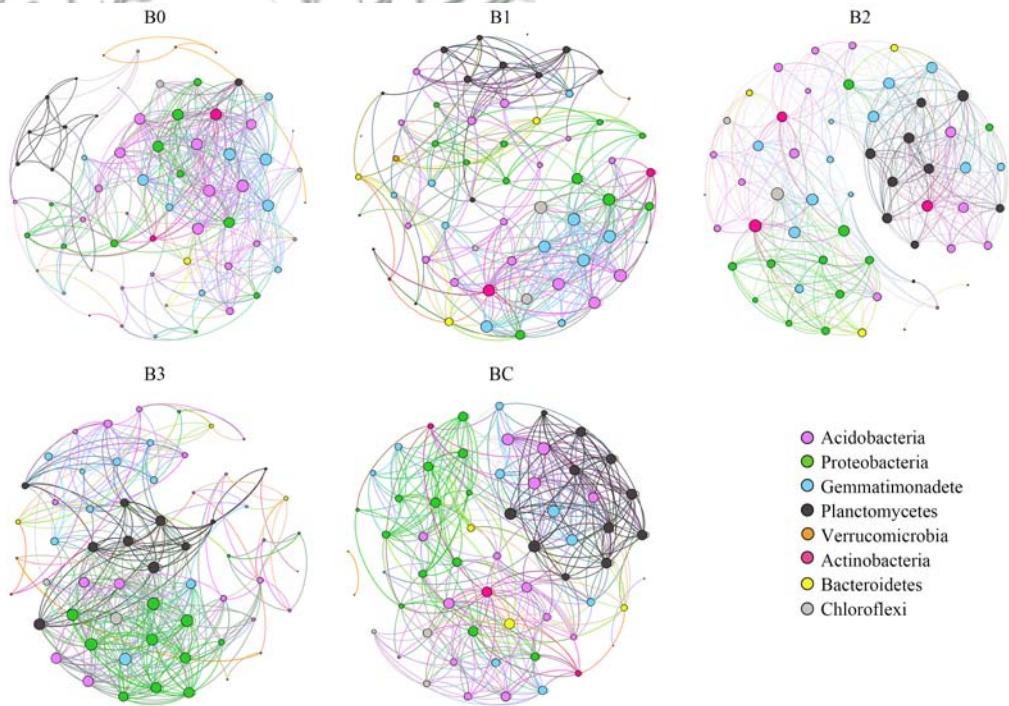
和细菌群落(细菌群落 β 多样性)对小麦生长(生物量、氮吸收和氮素吸收效率)有直接和间接的影响.不同施炭量处理和采样时期分别解释了冬小麦生长总方差的 98.2%,土壤理化性质(SWC、pH、SOC、



不同颜色或形状的点表示不同处理的样本组；红色箭头表示环境因子，环境因子箭头的长短可以表示环境因子对于物种数据的影响程度（解释量）的大小；环境因子箭头间的夹角表示正、负相关性（锐角：正相关，钝角：负相关，直角：无相关性）

图 5 不同生物炭施用量下细菌群落（门水平）和环境因子关系的 RDA 排序

Fig. 5 RDA ordination plot based on the relationship between bacterial community (phylum level) and environmental factors under different biochar application rates

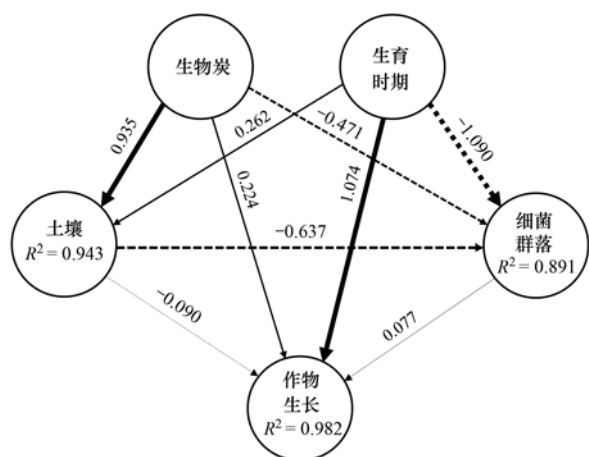


4 种生物炭处理下土壤细菌群落中 OTUs(相对丰度大于 0.2%) 的关系；每个点表示一个在 97% 相似水平聚类的 OTU；连接表示统计上显著性 ($P < 0.05$) 与斯皮尔曼相关系数大于 0.6；每个节点的大小与连接数成正比，每个节点都在门水平上被标记；B0 表示未施用生物炭处理，BC 表示施用生物炭处理；B1、B2 和 B3 分别表示施用生物炭 5、10 和 20 $t \cdot hm^{-2}$

图 6 土壤细菌群落共现网络分析

Fig. 6 Soil bacterial community co-occurrence network analysis

TN、 NO_3^- -N和 NH_4^+ -N)总方差的 94.3% 和细菌群落 β 多样性总方差的 89.1% (图 7). 此外,生物炭显著影响 ($P < 0.05$) 土壤理化性质 (通径系数 = 0.935), 且大于生育时期对土壤理化性质的影响 (通径系数 = 0.262). 作物生育时期对细菌群落 β 多样性 (通径系数 = -1.090) 和作物生长 (总生物量、总氮积累、氮素吸收效率; 通径系数 = 1.074) 的影响均大于生物炭处理. 细菌群落对作物生长的直接影响 (通径系数 = 0.077) 小于土壤理化性质的直接影响 (通径系数 = -0.090).



实箭头和虚线箭头分别表示正相关和负相关; 箭头线上数值表示路径系数; 箭头的宽度与路径系数的强度成正比; 方差解释比例用 R^2 表示

图 7 偏最小二乘路径模型

Fig. 7 Partial least squares path modeling

3 讨论

3.1 土壤细菌 α 多样性对施用生物炭的响应

本试验利用高通量测序技术,在基因多样性的水平上研究了施用生物炭对土壤细菌群落多样性的影响. 结果表明,施用生物炭减少了小麦扬花期和成熟期土壤细菌 OTU 数量,且处理间特有的 OTU 数量均表现为下降,说明生物炭可以使土壤细菌群落间的特异性降低,这可能是因为土壤微生物对土壤 pH、有机碳等较为敏感,土壤微生物为适应土壤环境的改变而调整自身的群落结构,导致适应性较强或喜好这种环境的微生物得以保留. Chao1 指数在处理组与对照组间无显著性差异,这与乔光等^[29]研究的结果相似. 本研究发现,施用生物炭 $5 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ 和 $20 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ 提高了 Shannon 指数和 Simpson 指数,说明生物炭的确可以增加土壤微生物多样性及物种丰富度,这与以往的试验结果一致^[9,30]. 而施用生物炭 $10 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ 显著降低了冬小麦扬花期 Shannon 指数,可能是由于生物炭在一定程度上改善了土壤微环境,为某类细菌生长提供有利条件,引起细菌群落个

体大小或数量差异增大,群落均匀度降低,进而导致多样性指数减小,乌英嘎等^[31]和 Li 等^[32]研究中也发现类似的结果. α 多样性的结果表明施用生物炭可以显著影响微生物的多样性,但由于土壤微生物间复杂的关系,比如存在对养分的竞争等,使得生物炭对样本间的差异影响处于动态变化.

3.2 土壤细菌群落结构对施用生物炭的响应

在本研究中发现生育时期对土壤细菌群落的影响强度大于生物炭处理 (图 7),但在同一生育时期中,仍能发现生物炭对土壤细菌群落的影响,且冬小麦不同生育时期土壤细菌群落对其具体响应不同 (图 2),这与前人的研究结果一致^[33-35]. 说明细菌的丰度、群落结构等会因环境、季节和温度等因素的变化而表现不同^[36,37]. 有研究表明,施加生物炭会改变土壤性质,这无疑会改变细菌群落结构^[38,39]. 生物炭具有孔隙率高、比表面积大等物理特性,可以改善土壤的通气性和保水性能,从而为土壤细菌提供更好的栖息地,使其免受捕食者的攻击^[37]. 此外,生物炭添加后土壤的化学性质也可以解释细菌群落的变化^[40]. 本研究发现施加生物炭提高了土壤水分、有机碳、全氮和硝态氮含量 (表 2),且大多数改变的环境因子与细菌群落显著相关 (图 4 和图 5). Yao 等^[22]也报道了类似的结果,指出生物炭处理的土壤细菌群落与对照不同,且与 pH、全碳、全氮和全磷高度相关. 因此,土壤理化性质的改变可能会导致微生物因资源竞争而发生群落结构变化^[22]. 在本研究中,PLS-PM 的结果显示生物炭对于土壤细菌群落的间接影响要大于直接影响.

优势物种在很大程度上决定了土壤微生物群落的生态结构和功能结构,了解群落在各个水平的物种组成情况能对群落结构的形成、改变以及生态影响等进行有效地解读. 本研究发现土壤细菌群落在门水平上组成变化不大,但结构发生了较显著变化 (图 2 和图 3),与 Nielsen 等^[34]和 Chen 等^[41]的研究结果一致,变形菌门 (Proteobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、浮霉菌门 (Planctomycetes)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes)、放线菌门 (Actinobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、拟杆菌门 (Bacteroidetes) 和疣微菌门 (Verrucomicrobia) 占优势. 以上门通常在土壤中皆可被发现^[42],并被认为是大多数土壤类型的优势菌门. Ren 等^[43]的研究结果发现在富有机质环境中,变形菌门 (Proteobacteria) 对土壤养分的循环至关重要. 拟杆菌门 (Bacteroidetes) 成员表现出共生属性,在高碳供应的土壤中高度富集^[44]. 施用生物炭显著提高了小麦扬花期的变形菌门和拟杆菌门的相对丰度,这与

前人研究结果一致^[11,22]. Chen 等^[41]在施用玉米秸秆生物炭条件下发现放线菌门、变形菌门和芽单胞菌门均明显富集,但显著降低了酸杆菌门(Acidobacteria)的相对丰度. 酸杆菌门(Acidobacteria)多属于寡营养类群,施加生物炭后改善了土壤养分状况,虽然未达到富营养状态,但是与未添加生物炭处理相比,土壤环境发生了改变,养分水平的改善使得其他门类的细菌生长得到促进,从而导致酸杆菌这类菌的相对丰度占比下降^[30]. 绿弯菌门(Chloroflexi)可以忍受极端的土壤环境,并可能与其他生物竞争活性碳^[45]. 在本研究中,生物炭的施用导致冬小麦成熟期绿弯菌门的相对丰度降低,这可能是由于增加了土壤养分含量和添加生物炭改善了土壤环境^[46]. 浮霉菌门(Planctomycetes)是一类水生细菌,一般在土壤中占较小的比例,而在本研究中发现其相对丰度达到 10.62%~16.84%,并且施用生物炭显著提高了小麦成熟期土壤中浮霉菌门(Planctomycetes)的相对丰度. 此外,本研究发现冬小麦成熟期土壤的变形菌门(Proteobacteria)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)和拟杆菌门(Bacteroidetes)相对丰度要低于扬花期,而土壤中放线菌门(Actinobacteria)的相对丰度随着冬小麦的生长而显著增加(图3). 因此,门分类水平上相对丰度的时间变化也部分反映了作物的生长特征. 综上,通过施加不同施用量的生物炭处理,冬小麦不同生育时期的土壤细菌门水平的相对丰度在一定程度上发生改变. 由于作物在生长过程中的气候、土壤条件的不同,总有一部分微生物的生长会受到抑制,也必然促进一些微生物的生长^[36]. 低施用量的生物炭处理(B1)对门水平的相对丰度影响较小,中高施用量的生物炭处理(B2和B3)可以显著改变变形菌门、酸杆菌门和拟杆菌门等门的相对丰度.

3.3 施用生物炭改变了土壤细菌间的相互作用

本研究使用网络分析来阐明施用生物炭对土壤微生物群落内的相互作用. 共发生网络为理解微生物丰度的模式提供了另一条途径,而不是简单地比较平均丰度的差异. 微生物网络拓扑特征的主要变化能够反映微生物群落的变化^[41]. Herren 等^[47]的研究认为具有更多边数和节点的网络能显示微生物间更为复杂的关系. 在本研究中,B2处理的连接数要多于B0处理,而B1处理的连接数要少于B0处理. 说明施用特定生物炭后,微生物群落的复杂性增强,而施用低施用量的生物炭则降低了微生物群落的复杂性. 微生物组间负相关越高,说明微生物间的拮抗作用越强^[48]. 生物炭处理增加了负相关比例,说明生物炭处理后微生物获取基质的竞争力增

强^[49]. Ratzke 等^[50]指出微生物往往在低营养浓度的环境中大量共存,而高营养浓度则导致物种间负相互作用增多. 施用生物炭引起的 OTU 间正相关比例减少可能与土壤养分水平的提高有关. B2和B3处理的平均度高于未施生物炭处理,而B1处理显示出相反的结果. 说明中高施用量生物炭处理下的微生物群落连通性较好. 前人研究表明生物炭应用于农田土壤后,微生物群落的复杂性增加. 这反映在生物炭处理的节点数、连接数、平均聚类系数和模块化的增加^[51,52]. 模块化是微生物网络的固有特征,它代表了微生物之间的相互作用,如资源分配、生境异质性、系统发育相关性或生态位重叠,所以对于微生物群落的稳定性和恢复力至关重要^[53]. 由于模块在土壤中不同物质的循环中发挥着特定的作用,添加生物炭可以为土壤细菌群落提供更复杂的有机物,从而使网络变得更加复杂^[52,54].

3.4 施用生物炭对冬小麦生长和产量的影响

本研究发现施用生物炭处理较对照显著提高了氮吸收和氮素吸收效率,且生物炭对冬小麦扬花期生长促进作用要明显高于成熟期. 此外,施用生物炭提高了冬小麦的生物量(2.67%~16.06%)和产量(5.09%~15.80%),随施用量的增加呈上升趋势. 首先,生物炭的优良特性能够改善土壤结构,其多孔结构可以增加土壤孔隙度,改善土壤通气状况,降低土壤容重和增强保水性^[22]. 其次,生物炭自身携带大量营养物质并且可以吸附土壤中的营养物质,减少养分的流失并延缓释放,提高养分的有效性和利用效率^[55]. 另外,施入生物炭也可以促进微生物生长繁殖,提高微生物活性,进而影响作物的生长^[56,57]. 在本研究中,PLS-PM的结果显示生物炭通过改变土壤理化性质对作物生长的间接促进作用大于通过改变细菌群落的间接促进作用(图7). 一项 Meta 分析结果表明^[58],与对照相比,生物炭施用量在 1~10 t·hm⁻²范围内,作物产量对生物炭的正效应最大;而≥20 t·hm⁻²会降低正效应,可被认为是过量的. 过量的生物炭会积累挥发性物质和有毒或有害物质,导致 N 固定、微生物活性降低和养分吸收降低,抑制植物生长^[59]. 此外,Zhang 等^[55]在进行长达 6 a 的田间定位试验时发现与 <3 a 相比,施用生物炭 >3 a 对作物产量的影响更显著,这表明生物炭对作物产量的影响随着时间的推移表现出一定的累加效应^[60].

4 结论

施用生物炭 7 a 后,仍可以有效改善土壤理化性质(尤其是 SOC 和 TN),提高了土壤养分有效性.

土壤养分及理化性质的改变,促进了土壤细菌群落的变化.变形菌门的相对丰度在生物炭施加后显著上升,而酸杆菌门的丰度显著下降.生物炭作用过程中发现土壤 NO_3^- -N和TN是影响细菌群落结构的关键因子.适量施用生物炭(如本研究施用 $10 \sim 20 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$)可增加土壤细菌群落间的相互作用.此外,细菌群落对作物生长特性的直接影响小于其他潜在变量.生物炭通过改变土壤理化特性和细菌群落结构促进冬小麦生长和提高氮素吸收效率,其生物量、氮吸收和产量随着施用量的增加有上升趋势.

参考文献:

- [1] Xia Q, Liu X L, Gao Z Q, *et al.* Responses of rhizosphere soil bacteria to 2-year tillage rotation treatments during fallow period in semiarid southeastern loess plateau[J]. *PeerJ*, 2020, **8**, doi: 10.7717/peerj.8853.
- [2] Yang X Y, Sun B H, Zhang S L. Trends of yield and soil fertility in a long-term wheat-maize system[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2014, **13**(2): 402-414.
- [3] 李正鹏. 基于田间试验和DSSAT模型的关中冬小麦水氮管理优化[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2017.
Li Z P. Optimization of irrigation and nitrogen fertilization schedules based on field experiment and DSSAT model[D]. Yangling: Northwest A&F University, 2017.
- [4] Marris E. Putting the carbon back: black is the new green[J]. *Nature*, 2006, **442**(7103): 624-626.
- [5] Roberts K G, Gloy B A, Joseph S, *et al.* Life cycle assessment of biochar systems: estimating the energetic, economic, and climate change potential[J]. *Environmental Science & Technology*, 2010, **44**(2): 827-833.
- [6] Lehmann J. Bio-energy in the black[J]. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 2007, **5**(7): 381-387.
- [7] 何绪生, 耿增超, 余雕, 等. 生物炭生产与农用的意义及国内外动态[J]. *农业工程学报*, 2011, **27**(2): 1-7.
He X S, Geng Z C, She D, *et al.* Implications of production and agricultural utilization of biochar and its international dynamics[J]. *Transactions of the CSAE*, 2011, **27**(2): 1-7.
- [8] 陈温福, 张伟明, 孟军, 等. 生物炭应用技术研究[J]. *中国工程科学*, 2011, **13**(2): 83-89.
Chen W F, Zhang W M, Meng J, *et al.* Researches on biochar application technology[J]. *Engineering Sciences*, 2011, **13**(2): 83-89.
- [9] 武玉, 徐刚, 吕迎春, 等. 生物炭对土壤理化性质影响的研究进展[J]. *地球科学进展*, 2014, **29**(1): 68-79.
Wu Y, Xu G, Lü Y C, *et al.* Effects of biochar amendment on soil physical and chemical properties: current status and knowledge gaps[J]. *Advances in Earth Science*, 2014, **29**(1): 68-79.
- [10] Ding Y, Liu Y X, Wu W X, *et al.* Evaluation of biochar effects on nitrogen retention and leaching in multi-layered soil columns[J]. *Water, Air, & Soil Pollution*, 2010, **213**(1): 47-55.
- [11] Bai S H, Reverchon F, Xu C Y, *et al.* Wood biochar increases nitrogen retention in field settings mainly through abiotic processes[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, **90**: 232-240.
- [12] Xu N, Tan G C, Wang H Y, *et al.* Effect of biochar additions to soil on nitrogen leaching, microbial biomass and bacterial community structure[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2016, **74**: 1-8.
- [13] 高敬尧, 王宏燕, 许毛毛, 等. 生物炭施入对农田土壤及作物生长影响的研究进展[J]. *江苏农业科学*, 2016, **44**(10): 10-15.
Gao J Y, Wang H Y, Xu M M, *et al.* Research progress of effect of biochar on agricultural soil and crop growth: a review[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2016, **44**(10): 10-15.
- [14] 厉桂香, 马克明. 土壤微生物多样性海拔格局研究进展[J]. *生态学报*, 2018, **38**(5): 1521-1529.
Li G X, Ma K M. Progress in the study of elevational patterns of soil microbial diversity[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, **38**(5): 1521-1529.
- [15] 周正虎, 王传宽. 微生物对分解底物碳氮磷化学计量的响应和调节机制[J]. *植物生态学报*, 2016, **40**(6): 620-630.
Zhou Z H, Wang C K. Responses and regulation mechanisms of microbial decomposers to substrate carbon, nitrogen, and phosphorus stoichiometry[J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2016, **40**(6): 620-630.
- [16] Jeffries P, Gianinazzi S, Perotto S, *et al.* The contribution of arbuscular mycorrhizal fungi in sustainable maintenance of plant health and soil fertility[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2003, **37**(1): 1-16.
- [17] Luo X S, Fu X Q, Yang Y, *et al.* Microbial communities play important roles in modulating paddy soil fertility[J]. *Scientific Reports*, 2016, **6**, doi: 10.1038/srep20326.
- [18] Gul S, Whalen J K, Thomas B W, *et al.* Physico-chemical properties and microbial responses in biochar-amended soils: mechanisms and future directions[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2015, **206**: 46-59.
- [19] Zhang H J, Wang S J, Zhang J X, *et al.* Biochar application enhances microbial interactions in mega-aggregates of farmland black soil[J]. *Soil and Tillage Research*, 2021, **213**, doi: 10.1016/j.still.2021.105145.
- [20] 王洪媛, 盖霞普, 翟丽梅, 等. 生物炭对土壤氮循环的影响研究进展[J]. *生态学报*, 2016, **36**(19): 5998-6011.
Wang H Y, Gai X P, Zhai L M, *et al.* Effect of biochar on soil nitrogen cycling: a review[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, **36**(19): 5998-6011.
- [21] 张又弛, 李会丹. 生物炭对土壤中微生物群落结构及其生物地球化学功能的影响[J]. *生态环境学报*, 2015, **24**(5): 898-905.
Zhang Y C, Li H D. Influence of biochar on the community structure and biogeochemical functions of microorganisms in soils[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2015, **24**(5): 898-905.
- [22] Yao Q, Liu J J, Yu Z H, *et al.* Changes of bacterial community compositions after three years of biochar application in a black soil of Northeast China[J]. *Applied Soil Ecology*, 2017, **113**: 11-21.
- [23] Jia L J, Wang Z, Ji L, *et al.* Keystone microbiome in the rhizosphere soil reveals the effect of long-term conservation tillage on crop growth in the Chinese Loess Plateau[J]. *Plant and Soil*, 2022, **473**: 457-472.
- [24] Baetz U, Martinoia E. Root exudates: the hidden part of plant defense[J]. *Trends in Plant Science*, 2014, **19**(2): 90-98.
- [25] 杨彩迪, 宗玉统, 卢升高. 不同生物炭对酸性农田土壤性质和作物产量的动态影响[J]. *环境科学*, 2020, **41**(4): 1914-1920.
Yang C D, Zong Y T, Lu S G. Dynamic effects of different biochars on soil properties and crop yield of acid farmland[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(4): 1914-1920.

- [26] 纪立东, 柳晓桐, 司海丽, 等. 生物炭对土壤理化性质和玉米生长的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2021, **39**(5): 114-120.
- Ji L D, Liu X T, Si H L, *et al.* Effects of biomass charcoal on soil physicochemical properties and corn growth[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2021, **39**(5): 114-120.
- [27] Mendes L W, Raaijmakers J M, de Hollander M, *et al.* Influence of resistance breeding in common bean on rhizosphere microbiome composition and function[J]. The ISME Journal, 2018, **12**(1): 212-224.
- [28] Zhong Y Q W, Hu J H, Xia Q M, *et al.* Soil microbial mechanisms promoting ultrahigh rice yield[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, **143**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.107741.
- [29] 乔光, 洪怡, 田田, 等. 生物炭对玛瑙红樱桃土壤微生物和养分的影响[J]. 华中农业大学学报, 2017, **36**(3): 51-56.
- Qiao G, Hong Y, Tian T, *et al.* Effect of biochar on soil microbial and nutrients of *Prunus pseudocerasus* 'Manahong' [J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2017, **36**(3): 51-56.
- [30] 冯慧琳, 徐辰生, 何欢辉, 等. 生物炭对土壤酶活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.
- [31] 乌英嘎, 张贵龙, 赖欣, 等. 生物炭施用对华北潮土土壤细菌多样性的影响[J]. 农业环境科学学报, 2014, **33**(5): 965-971.
- Wu Y G, Zhang G L, Lai X, *et al.* Effects of biochar applications on bacterial diversity in fluvo-aquic soil of north China[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2014, **33**(5): 965-971.
- [32] Li S L, Wang S, Fan M C, *et al.* Interactions between biochar and nitrogen impact soil carbon mineralization and the microbial community[J]. Soil and Tillage Research, 2020, **196**, doi: 10.1016/j.still.2019.104437.
- [33] 王义祥, 黄家庆, 叶菁, 等. 生物炭对酸化茶园土壤性状和细菌群落结构的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, **26**(11): 1967-1977.
- Wang Y X, Huang J Q, Ye J, *et al.* Effects of different amount of biochar application on soil property and bacterial community structure in acidified tea garden[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2020, **26**(11): 1967-1977.
- [34] Nielsen S, Minchin T, Kimber S, *et al.* Comparative analysis of the microbial communities in agricultural soil amended with enhanced biochars or traditional fertilisers [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2014, **191**: 73-82.
- [35] Prayogo C, Jones J E, Baeyens J, *et al.* Impact of biochar on mineralisation of C and N from soil and willow litter and its relationship with microbial community biomass and structure[J]. Biology and Fertility of Soils, 2014, **50**(4): 695-702.
- [36] 周雅心, 王晓彤, 王广磊, 等. 炉渣与生物炭施加对稻田土壤细菌多样性及群落组成的影响[J]. 中国环境科学, 2020, **40**(3): 1213-1223.
- Zhou Y X, Wang X T, Wang G L, *et al.* Effect of the slag and biochar application on bacterial diversity and community composition of paddy field[J]. China Environmental Science, 2020, **40**(3): 1213-1223.
- [37] 宋亚娜, 林智敏, 林艳. 氮肥对稻田土壤反硝化细菌群落结构和丰度的影响[J]. 中国生态农业学报, 2012, **20**(1): 7-12.
- Song Y N, Lin Z M, Lin Y. Response of denitrifying bacteria community structure and abundance to nitrogen in paddy fields [J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2012, **20**(1): 7-12.
- [38] Lehmann J, Rillig M C, Thies J, *et al.* Biochar effects on soil biota - a review[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2011, **43**(9): 1812-1836.
- [39] Rillig M C, Wagner M, Salem M, *et al.* Material derived from hydrothermal carbonization: effects on plant growth and arbuscular mycorrhiza[J]. Applied Soil Ecology, 2010, **45**(3): 238-242.
- [40] Jindo K, Sánchez-Monedero M A, Hernández T, *et al.* Biochar influences the microbial community structure during manure composting with agricultural wastes [J]. Science of the Total Environment, 2012, **416**: 476-481.
- [41] Chen L J, Jiang Y J, Liang C, *et al.* Competitive interaction with keystone taxa induced negative priming under biochar amendments[J]. Microbiome, 2019, **7**(1), doi: 10.1186/s40168-019-0693-7.
- [42] Janssen P H. Identifying the dominant soil bacterial taxa in libraries of 16S rRNA and 16S rRNA genes[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2006, **72**(3): 1719-1728.
- [43] Ren C J, Wang T, Xu Y D, *et al.* Differential soil microbial community responses to the linkage of soil organic carbon fractions with respiration across land-use changes [J]. Forest Ecology and Management, 2018, **409**: 170-178.
- [44] Bai N L, Zhang H L, Zhou S, *et al.* Long-term effects of straw return and straw-derived biochar amendment on bacterial communities in soil aggregates[J]. Scientific Reports, 2020, **10**(1), doi: 10.1038/s41598-020-64857-w.
- [45] Neilson J W, Quade J, Ortiz M, *et al.* Life at the hyperarid margin: novel bacterial diversity in arid soils of the Atacama Desert, Chile[J]. Extremophiles, 2012, **16**(3): 553-566.
- [46] Zhang L Y, Jing Y M, Xiang Y Z, *et al.* Responses of soil microbial community structure changes and activities to biochar addition: a meta-analysis[J]. Science of the Total Environment, 2018, **643**: 926-935.
- [47] Herren C M, McMahon K D. Keystone taxa predict compositional change in microbial communities [J]. Environmental Microbiology, 2018, **20**(6): 2207-2217.
- [48] 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.
- [49] Luo S S, Wang S J, Zhang H J, *et al.* Plastic film mulching reduces microbial interactions in black soil of Northeastern China [J]. Applied Soil Ecology, 2022, **169**, doi: 10.1016/j.apsoil.2021.104187.
- [50] Ratzke C, Barrere J, Gore J. Strength of species interactions determines biodiversity and stability in microbial communities [J]. Nature Ecology & Evolution, 2020, **4**(3): 376-383.
- [51] Zhou Z D, Gao T, Zhu Q, *et al.* Increases in bacterial community network complexity induced by biochar-based fertilizer amendments to Karst calcareous soil[J]. Geoderma, 2019, **337**: 691-700.
- [52] Yan T T, Xue J H, Zhou Z D, *et al.* Effects of biochar-based fertilizer on soil bacterial network structure in a Karst mountainous area [J]. Catena, 2021, **206**, doi: 10.1016/j.catena.2021.105535.
- [53] Olesen J M, Bascompte J, Dupont Y L, *et al.* The modularity of pollination networks[J]. Proceedings of the National Academy of

- Sciences of the United States of America, 2007, **104** (50): 19891-19896.
- [54] Yu J L, Deem L M, Crow S E, *et al.* Biochar application influences microbial assemblage complexity and composition due to soil and bioenergy crop type interactions[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **117**: 97-107.
- [55] Zhang Q Q, Song Y F, Wu Z, *et al.* Effects of six-year biochar amendment on soil aggregation, crop growth, and nitrogen and phosphorus use efficiencies in a rice-wheat rotation[J]. *Journal of Cleaner Production*, 2020, **242**, doi: 10.1016/j.jclepro.2019.118435.
- [56] Kavitha B, Reddy P V L, Kim B, *et al.* Benefits and limitations of biochar amendment in agricultural soils: a review[J]. *Journal of Environmental Management*, 2018, **227**, 146-154.
- [57] 吴伟祥, 孙雪, 董达, 等. 生物质炭土壤环境效应[M]. 北京: 科学出版社, 2015.
- [58] Farhangi-Abriz S, Torabian S, Qin R J, *et al.* Biochar effects on yield of cereal and legume crops using meta-analysis[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **775**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.145869.
- [59] Ding Y, Liu Y G, Liu S B, *et al.* Biochar to improve soil fertility. A review[J]. *Agronomy for Sustainable Development*, 2016, **36**(2), doi: 10.1007/s13593-016-0372-z.
- [60] Jones D L, Rousk J, Edwards-Jones G, *et al.* Biochar-mediated changes in soil quality and plant growth in a three year field trial [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2012, **45**: 113-124.



CONTENTS

Research Status and Trend Analysis of Environmental and Health Risk and Control of Persistent, Mobile, and Toxic Chemicals	ZHANG Shao-xuan, CHEN An-na, CHEN Cheng-kang, <i>et al.</i> (3017)
Assessment of the Multidimensional Performances of Food Waste Utilization Technologies in China	YANG Guang, SHI Bo-fen, ZHOU Chuan-bin (3024)
Spatial Network of Urban Heat Environment in Beijing-Tianjin-Hebei Urban Agglomeration Based on MSPA and Circuit Theory	QIAO Zhi, CHEN Jia-yue, WANG Nan, <i>et al.</i> (3034)
Relationship Between Urban Spatial Pattern and Thermal Environment Response in Summer: A Case Study of Hefei City	CHEN Yuan-yuan, YAO Xia-mei, OU Chun, <i>et al.</i> (3043)
Assessment of Emission Reduction Effect of Major Air Pollution Control Measures on PM _{2.5} Concentrations During 13th Five-Year Period in Tianjin	XIAO Zhi-mei, XU Hong, CAI Zi-ying, <i>et al.</i> (3054)
Effect of Clean Heating on Carbonaceous Aerosols in PM _{2.5} During the Heating Period in Baoding	LUO Yu-qian, ZHANG Kai, ZHAO Yu-xi, <i>et al.</i> (3063)
Transport Influence and Potential Sources of PM _{2.5} Pollution for Nanjing	XIE Fang-jian, ZHENG Xin-mei, DOU Tao-tao, <i>et al.</i> (3071)
Impact of Atmospheric Circulation Patterns on Ozone Changes in the Pearl River Delta from 2015 to 2020	WANG Yao, LIU Run, XIN Fan (3080)
Effects of Tropical Cyclones on Ozone Pollution in Hainan Island	FU Chuan-bo, DAN Li, TONG Jin-he, <i>et al.</i> (3089)
Analysis of Causes and Sources of Summer Ozone Pollution in Rizhao Based on CMAQ and HYSPLIT Models	LIN Xin, TONG Ji-long, WANG Yi-fan, <i>et al.</i> (3098)
Health Benefit Evaluation for PM _{2.5} as Well as O ₃ - _{8h} Pollution Control in Chengdu, China from 2016 to 2020	ZHANG Ying, TIAN Qi-qi, WEI Xiao-yu, <i>et al.</i> (3108)
Impacts of COVID-19 Lockdown on Air Quality in Shenzhen in Spring 2022	LIU Chan-fang, ZHANG Ao-xing, FANG Qing, <i>et al.</i> (3117)
Emission Inventory of Airborne Pollutants from Biomass Combustion in Guizhou Province	WANG Yan-ni, YANG Jing-ting, HUANG Xian-feng, <i>et al.</i> (3130)
Main Chemical Components in Atmospheric Precipitation and Their Sources in Xi'an	ZHOU Dong, HUANG Zhi-pu, LI Si-min, <i>et al.</i> (3142)
Distribution, Respiratory Exposure, and Traceability of Atmospheric Microplastics in Yichang City	LIU Li-ming, WANG Chao, GONG Wen-wen, <i>et al.</i> (3152)
Hydrochemical Evolution in the Yarlung Zangbo River Basin	JIANG Ping, ZHANG Quan-fa, LI Si-yue (3165)
Temporal and Spatial Distribution Characteristics and Source Analysis of Nitrate in Surface Water of Wuding River Basin	XU Qi-feng, XIA Yun, LI Shu-jian, <i>et al.</i> (3174)
Seasonal Variation Characteristics and Pollution Assessment of Heavy Metals in Water and Sediment of Taipu River	LUO Peng-cheng, TU Yao-jen, SUN Ting-ting, <i>et al.</i> (3184)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics in Beiyun River Basin in Beijing	JIANG Bao, SUI Shan-shan, SUN Cheng-yi, <i>et al.</i> (3198)
Tracking Riverine Nitrate Sources and Transformations in the Yiluo River Basin by Nitrogen and Oxygen Isotopes	GUO Wen-jing, ZHANG Dong, JIANG Hao, <i>et al.</i> (3206)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of PPCPs in Surface Water and Sediments of Lakes in the Lower Reaches of the Huaihe River	WU Yu-sheng, HUANG Tian-yin, ZHANG Jia-gen, <i>et al.</i> (3217)
Characteristics and Driving Mechanisms of Shallow Groundwater Chemistry in Xining City	LIU Chun-yan, YU Kai-ning, ZHANG Ying, <i>et al.</i> (3228)
Groundwater Pollution Risk Assessment in Plain Area of the Yarkant River Basin	YAN Zhi-yun, ZENG Yan-yan, ZHOU Jin-long, <i>et al.</i> (3237)
Composition Structure and Influence Factors of Bacterial Communities in the Miyun Reservoir	CHEN Ying, WANG Jia-wen, LIANG En-hang, <i>et al.</i> (3247)
Photo-Degradation Mechanism and Pathway for Tetracycline in Simulated Seawater Under Irradiation of Visible Light	XU Heng-tao, FU Xiao-hang, FENG Wei-hua, <i>et al.</i> (3260)
Adsorption Characteristics and Mechanism of Ammonia Nitrogen in Water by Nano Zero-valent Iron-modified Biochar	CHEN Wen-jing, SHI Jun-ling, LI Xue-ting, <i>et al.</i> (3270)
Removal Performance and Mechanism of Potassium Permanganate Modified Coconut Shell Biochar for Cd(II) and Ni(II) in Aquatic Environment	ZHANG Feng-zhi, WANG Dun-qiu, CAO Xing-feng, <i>et al.</i> (3278)
Phosphorus Adsorption in Water and Immobilization in Sediments by Lanthanum-modified Water Treatment Sludge Hydrochar	HE Li-wen, CHEN Yu, SUN Fei, <i>et al.</i> (3288)
Factors Affecting Nitrate Concentrations and Nitrogen and Oxygen Isotope Values of Effluents from Waste Water Treatment Plant	ZHANG Dong, GE Wen-biao, ZHAO Ai-ping, <i>et al.</i> (3301)
Effects of Wastewater Treatment Processes on the Removal Efficiency of Microplastics Based on Meta-analysis	FU Li-song, HOU Lei, WANG Yan-xia, <i>et al.</i> (3309)
Assessment of Critical Loads of Nitrogen Deposition in Natural Ecosystems of China	HUANG Jing-wen, LIU Lei, YAN Xiao-yuan, <i>et al.</i> (3321)
Impacts of Climate Change and Human Activities on NDVI Change in Eastern Coastal Areas of China	JIN Yan-song, JIN Kai, WANG Fei, <i>et al.</i> (3329)
Ecosystem Carbon Storage in Hangzhou Bay Area Based on InVEST and PLUS Models	DING Xue, WANG Liu-zhu, GUI Feng, <i>et al.</i> (3343)
Soil Stoichiometry Characterization in the Oasis-desert Transition Zone of Linze, Zhangye	SUN Xue, LONG Yong-li, LIU Le, <i>et al.</i> (3353)
Vertical Differences in Grassland Bacterial Community Structure During Non-Growing Season in Eastern Ulansuhai Basin	LI Wen-bao, ZHANG Bo-yao, SHI Yu-jiao, <i>et al.</i> (3364)
Distribution Pattern of Bacterial Community in Soil Profile of <i>Larix principis-rupprechtii</i> Forest in Luya Mountain	MAO Xiao-ya, LIU Jin-xian, JIA Tong, <i>et al.</i> (3376)
Effects of Vegetation Types on Carbon Cycle Functional Genes in Reclaimed Soil from Open Pit Mines in the Loess Plateau	ZHAO Jiao, MA Jing, ZHU Yan-feng, <i>et al.</i> (3386)
Effects of Biochar Application on Soil Bacterial Community Diversity and Winter Wheat Growth in Wheat Fields	YAO Li-ru, LI Wei, ZHU Yuan-zheng, <i>et al.</i> (3396)
Effects of Different Planting Years of <i>Dendrocalamus brandisii</i> on Soil Fungal Community	ZHU Shu-hong, HUI Chao-mao, ZHAO Xiu-ting, <i>et al.</i> (3408)
Effects of Biochar Amendment on N ₂ O Emission and Its Functional Genes in Pepper Growing Soil in Tropical Areas	CHEN Qi-qi, WANG Zi-jun, CHEN Yun-zhong, <i>et al.</i> (3418)
Effects of Mulching and Application of Organic and Chemical Fertilizer on Greenhouse Gas Emission and Water and Nitrogen Use in Summer Maize Farmland	JIANG Hong-li, LEI Qi, ZHANG Biao, <i>et al.</i> (3426)
Effects of Different Types of Plastic Film Mulching on Soil Quality, Root Growth, and Yield	MU Xiao-guo, GAO Hu, LI Mei-hua, <i>et al.</i> (3439)
Pollution Assessment and Source Analysis of Heavy Metals in Atmospheric Deposition in a Lead-zinc Smelting City Based on PMF Model	CHEN Ming, WANG Lin-ling, CAO Liu, <i>et al.</i> (3450)
Characterization and Health Risk of Heavy Metals in PM _{2.5} from Road Fugitive Dust in Five Cities of Yunnan Province	HAN Xin-yu, GUO Jin-yuan, SHI Jian-wu, <i>et al.</i> (3463)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metals in Surface Dusts and Surrounding Green Land Soils from Yellow River Custom Tourist Line in Lanzhou	LI Jun, LI Kai-ming, WANG Xiao-huai, <i>et al.</i> (3475)
Source Apportionment and Pollution Assessment of Soil Heavy Metal Pollution Using PMF and RF Model: A Case Study of a Typical Industrial Park in Northwest China	GAO Yue, LÜ Tong, ZHANG Yun-kai, <i>et al.</i> (3488)
Source Analysis of Soil Heavy Metals in Agricultural Land Around the Mining Area Based on APCS-MLR Receptor Model and Geostatistical Method	ZHANG Chuan-hua, WANG Zhong-shu, LIU Li, <i>et al.</i> (3500)
Source Analysis of Heavy Metals in Typical Farmland Soils Based on PCA-APCS-MLR and Geostatistics	WANG Mei-hua (3509)
Characteristics and Risk Evaluation of Heavy Metal Contamination in Paddy Soils in the Three Gorges Reservoir Area	LIU Ya-jun, LI Cai-xia, MEI Nan, <i>et al.</i> (3520)
Health Risk Assessment and Environmental Benchmark of Heavy Metals in Cultivated Land in Wanjiang Economic Zone	LIU Hai, WEI Wei, SONG Yang, <i>et al.</i> (3531)
Evaluation and Source Analysis of Soil Heavy Metal Pollution in a Planting Area in Wanquan District, Zhangjiakou City	AN Yong-long, YIN Xiu-lan, LI Wen-juan, <i>et al.</i> (3544)
Heavy Metal Concentration, Source, and Pollution Assessment in Topsoil of Chuzhou City	TANG Jin-lai, ZHAO Kuan, HU Rui-xin, <i>et al.</i> (3562)
Analysis on the Distribution Characteristics and Influence Mechanism of Migration and Transformation of Heavy Metals in Mining Wasteland	WEI Hong-bin, LUO Ming, XIANG Lei, <i>et al.</i> (3573)
Ecological Risk Assessment and Source Apportionment of Heavy Metals in Mineral Resource Base Based on Soil Parent Materials	WEI Xiao-feng, SUN Zi-jian, CHEN Zi-ran, <i>et al.</i> (3585)
Enrichment Characteristics of Heavy Metals and Health Risk in Different Vegetables	QI Hao, ZHUANG Jian, ZHUANG Zhong, <i>et al.</i> (3600)
Health Risk Assessment of Heavy Metals in Soil and Wheat Grain in the Typical Sewage Irrigated Area of Shandong Province	WANG Fei, FEI Min, HAN Dong-nui, <i>et al.</i> (3609)
Prediction of Cadmium Uptake Factor in Wheat Based on Machine Learning	NIU Shuo, LI Yan-ling, YANG Yang, <i>et al.</i> (3619)