

目次

基于机器学习的珠三角秋季臭氧浓度预测	陈镇, 刘润, 罗征, 薛鑫, 汪瑶, 赵志军 (1)
粤港澳大湾区大气PM _{2.5} 浓度的遥感估算模型	代园园, 龚绍琦, 张存杰, 闵爱莲, 王海君 (8)
典型输送通道城市冬季PM _{2.5} 污染与传输变化特征	代武俊, 周颖, 王晓琦, 齐鹏 (23)
郑州市夏季PM _{2.5} 中二次无机组分污染特征及其影响因素	和兵, 杨洁茹, 徐艺斐, 袁明浩, 翟诗婷, 赵长民, 王申博, 张瑞芹 (36)
重庆典型城区冬季碳质气溶胶的污染特征及来源解析	彭超, 李振亮, 向英, 王晓宸, 汪凌韬, 张晟, 翟崇治, 陈阳, 杨复沐, 翟天宇 (48)
2022年8月成渝两地臭氧污染差异影响因素分析	陈木兰, 李振亮, 彭超, 邓也, 宋丹林, 谭钦文 (61)
2020年“三连击”台风对我国东部地区O ₃ 污染的影响分析	花丛, 尤媛, 王峰, 张碧辉 (71)
北京城区夏季VOCs初始体积分数特征及来源解析	张博韬, 景宽, 王琴, 安欣欣, 鹿海峰, 王陈婧, 王友峰, 刘保献 (81)
机动车减排降碳综合评价体系综述	范朝阳, 佟惠, 梁晓宇, 彭剑飞 (93)
基于LEAP模型的长三角某市碳达峰情景	杨峰, 张贵驰, 孙佑, 谢放尖, 揣小伟, 孙瑞玲 (104)
广东省船舶二氧化碳排放驱动因素与减排潜力	翁淑娟, 刘颖颖, 唐凤, 沙青娥, 彭勃, 王辉嘉, 陈诚, 张雪驰, 李京洁, 陈豪琪, 郑君瑜, 宋献中 (115)
给水厂典型工艺碳排放特征与影响因素	张翔宇, 胡建坤, 马凯, 高欣慰, 魏月华, 韩宏大, 李克勋 (123)
中国饮用水中砷的分布特征及基于伤残调整寿命年的健康风险评价	窦殿程, 齐媛, 肖淑敏, 苏高新, 郭宇新 (131)
太湖水体和沉积物中有机磷酸酯的时空分布和风险评价	张成诺, 钟琴, 栾博文, 周涛, 顾帆, 李伟飞, 邹华 (140)
水产养殖环境中农兽药物的污染暴露水平及其风险影响评价	张楷文, 张海燕, 孔聪, 顾润润, 田良良, 杨光昕, 王媛, 陈凤, 沈晓盛 (151)
长江朱沱断面磷浓度与通量变化及来源解析	姜保峰, 谢卫民, 黄波, 刘旻璇 (159)
珠江河口地表水锰氧化物对磷的“载-卸”作用	李睿, 梁作兵, 伍祺瑞, 杨晨晨, 田帝, 高磊, 陈建耀 (173)
富春江水库浮游植物功能群变化的成因	张萍, 王炜, 朱梦圆, 国超旋, 邹伟, 许海, 朱广伟 (181)
合浦盆地西部地区地下水水化学特征及形成机制	陈雯, 吴亚, 张宏鑫, 刘怀庆 (194)
新疆车尔臣河流域绿洲带地下水咸化与污染主控因素	李军, 欧阳宏涛, 周金龙 (207)
京津冀地区生态系统健康时空演变及其影响因素	李魁明, 王婉燕, 姚罗兰 (218)
近30年辽河三角洲生态系统服务价值时空演变及影响因素分析	王耕, 张芙蓉 (228)
光伏电站建设对陆地生态环境的影响:研究进展与展望	田政卿, 张勇, 刘向, 陈生云, 柳本立, 吴纪华 (239)
大兴安岭林草交错带植被NDVI时空演变及定量归因	石淞, 李文, 曲琛, 杨子仪 (248)
西南地区不同类型植被NPP时空演变及影响因素探究	徐勇, 郑志威, 孟禹弛, 盘钰春, 郭振东, 张炎 (262)
不同海拔梯度下极端气候事件对松花江流域植被NPP的影响	崔嵩, 贾朝阳, 郭亮, 付强, 刘东 (275)
基于InVEST与CA-Markov模型的昆明市碳储量时空演变与预测	帕茹克·吾斯曼江, 艾东, 方一舒, 张益宾, 李牧, 郝晋琨 (287)
基于PLUS-InVEST模型的酒泉市生态系统碳储量时空演变与预测	石晶, 石培基, 王梓洋, 程番苑 (300)
长江下游沿江平原土壤发育过程中碳库分配动态	胡丹阳, 张欢, 宿宝巍, 张娅璐, 王永宏, 纪佳辰, 杨洁, 高超 (314)
漓江流域喀斯特森林土壤有机碳空间分布格局及其驱动因子	申楷慧, 魏识广, 李林, 储小雪, 钟建军, 周景钢, 赵毅 (323)
不同土地利用方式对岩溶区土壤有机碳组分稳定性的影响	陈坚淇, 贾亚男, 贺秋芳, 江可, 陈畅, 叶凯 (335)
紫色土丘陵区坡地柑橘园土壤碳氮的空间分布特征	李子阳, 陈露, 赵鹏, 周明华, 郑静, 朱波 (343)
氮添加与凋落物处理对橡胶林砖红壤有机碳组分及酶活性的影响	薛欣欣, 任常琦, 罗雪华, 王文斌, 赵春梅, 张永发 (354)
重庆化肥投入驱动因素、减量潜力及环境效应分析	梁涛, 赵敬坤, 李红梅, 王妍, 曹中华, 张务帅, 王孝忠, 郭超仪, 石孝均, 陈新平 (364)
中国土壤中全氟和多氟烷基物质的分布、迁移及管控研究进展	刘浩然, 邢静怡, 任文杰 (376)
基于多源辅助变量和随机森林模型的耕地土壤重金属含量空间分布预测	解雪峰, 郭炜炜, 濮励杰, 缪源卿, 蒋国俊, 张建珍, 徐飞, 吴涛 (386)
基于源导向的农用地土壤重金属健康风险评估及优先控制因子分析	马杰, 葛森, 王胜蓝, 邓力, 孙静, 蒋月, 周林 (396)
铜陵某废弃疏铁矿区土壤重金属污染特征及来源解析	李如忠, 刘宇昊, 黄言欢, 吴鸿飞 (407)
天水市主城区公交站地表灰尘重金属来源解析及污染评价	李春艳, 王新民, 王海, 吕晓斌 (417)
基于大田试验的土壤-水稻镉对不同调理剂的响应	唐乐斌, 刘新彩, 宋波, 马丽钧, 黄凤艳 (429)
腐殖质活性组分对土壤镉有效性的调控效应与水稻安全临界阈值	胡秀芝, 宋毅, 王天雨, 蒋珍彦, 魏世强 (439)
生物炭与铁钙材料对镉砷复合污染农田土壤的修复	吴秋产, 吴骥子, 赵科理, 连斌, 袁峰, 孙洪, 田欣 (450)
人体微塑料污染特征及健康风险研究进展	马敏东, 赵洋尘, 朱龙, 王伟平, 康玉麟, 安立会 (459)
聚苯乙烯微塑料联合镉污染对土壤理化性质和生菜(<i>Lactuca sativa</i>)生理生态的影响	牛佳瑞, 邹勇军, 简敏菲, 黄楚红, 李金燕, 穆霞, 刘淑丽 (470)
转录组分析植物促生细菌缓解高粱微塑料和重金属复合污染胁迫机制	刘泳岐, 赵超禹, 任学敏, 李玉英, 张英君, 张浩, 韩辉, 陈兆进 (480)
微塑料对土壤中养分和镉淋失的影响	赵群芳, 褚龙威, 丁原红, 王发园 (489)
微塑料和非对土壤化学性质、酶活性及微生物群落的影响	刘沙沙, 秦建桥, 吴贤格 (496)
民勤荒漠绿洲过渡带人工梭梭林土壤细菌群落结构及功能预测	王安林, 马瑞, 马彦军, 吕彦勋 (508)
不同灌溉水盐度下土壤真菌群落对生物炭施用的响应	郑志玉, 郭晓雯, 闵伟 (520)
厨余垃圾有机肥对土壤微生物活性及功能的影响	刘美灵, 汪益民, 金文豪, 王永冉, 王嘉和, 柴一博, 彭丽媛, 秦华 (530)
土壤真菌群落结构对辣椒长期连作的响应特征	陈芬, 余高, 王谢丰, 李廷亮, 孙约兵 (543)
叶面喷施硅肥对再生水灌溉水稻叶际细菌群落结构及功能基因的影响	梁胜贤, 刘春成, 胡超, 崔二苹, 李中阳, 樊向阳, 崔丙健 (555)
昌黎县海域细菌群落和抗生素抗性基因分析	王秋水, 程波, 刘悦, 邓婕, 徐岩, 孙朝徽, 袁立艳, 左嘉, 司飞, 高丽娟 (567)
基于高通量定量PCR与高通量测序技术研究城市湿地公园抗生素抗性基因污染特征	黄福义, 周曙屹, 潘婷, 周昕原, 苏建强, 张炯 (576)
城区第四系沉积柱中抗生素的垂向分布特征及环境影响因素	刘可, 童蕾, 甘翠, 王逸文, 张嘉越, 何军 (584)
氢氧化钾改性玉米秸秆生物炭对水中土霉素的吸附特性及机制	刘总堂, 孙玉凤, 费正皓, 沙新龙, 温小菊, 钱彬彬, 陈建, 谷成刚 (594)
CO ₂ 气氛热解与硝酸改性的生物炭Pb ²⁺ 吸附性能对比	江豪, 陈瑞芝, 朱自洋, 王琳, 段文斌, 陈芳媛 (606)

厨余垃圾有机肥对土壤微生物活性及功能的影响

刘美灵, 汪益民, 金文豪, 王永冉, 王嘉和, 柴一博, 彭丽媛*, 秦华

(浙江农林大学环境与资源学院, 杭州 311300)

摘要: 为评估厨余垃圾有机肥(OFK)的肥效和安全性,在土壤中添加1%、3%和5% OFK进行土壤培养试验,动态测定土壤理化性质、酶活性、微生物量碳以及微生物群落组成,并对微生物功能进行预测。结果表明,添加OFK后,土壤有机质、有效磷、速效钾、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量较对照分别提高了23.80%~35.13%、13.29%~29.72%、16.91%~39.37%、164.7%~340.2%、28.56%~32.71%;与碳、氮、磷循环的相关水解酶如 α -葡萄糖苷酶、亮氨酸氨基肽酶和酸性磷酸酶等酶类活性也显著高于对照。OFK刺激了土壤微生物生长,提高了微生物量碳含量。扩增子测序结果表明,不同处理土壤微生物群落结构在纲和属水平平均有显著变化;在属水平上,土壤中有益菌相对丰度增加,植物病原菌显著降低。RDA结果佐证了添加OFK会显著改变土壤微生物群落结构,并主要受土壤pH、有机质、有效养分和微生物量碳等因素影响。利用PICRUSt和FAPROTAX分析细菌群落功能,结果表明各处理在功能层上表现相似,并且添加OFK显著提高了微生物对碳的利用能力和代谢能力;FUNGuild真菌功能预测结果表明,添加OFK增加了腐生-共生营养型和共生营养型占比,刺激外生菌根真菌-未定义腐生真菌生长,并抑制动植物病原真菌。综上,经过规范处理的OFK能提高土壤肥力、水解酶活性和有益微生物数量,抑制病菌生长,具有发展成安全高效有机肥的潜力。

关键词: 厨余垃圾有机肥(OFK); 养分; 酶活性; 微生物群落组成; 微生物群落功能

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2024)01-0530-13 DOI: 10.13227/j. hjkx. 202301027

Effects of Organic Fertilizer of Kitchen Waste on Soil Microbial Activity and Function

LIU Mei-ling, WANG Yi-min, JIN Wen-hao, WANG Yong-ran, WANG Jia-he, CHAI Yi-bo, PENG Li-yuan*, QIN Hua

(College of Environmental and Resource Sciences, Zhejiang Agriculture and Forestry University, Hangzhou 311300, China)

Abstract: Changes in soil microbial activity and ecological function can be used to assess the level of soil fertility and the stability of ecosystems. To assess the fertility and safety of organic fertilizer of kitchen waste (OFK), soils containing 0% (CK), 1%, 3%, and 5% OFK were cultured, and the physical, chemical, and microbial properties of the soils were measured dynamically with routine agrochemical analysis measures and amplicon sequencing. The results showed that compared with those in CK, the contents of organic matter, available phosphorus, available potassium, $\text{NH}_4^+\text{-N}$, and $\text{NO}_3^-\text{-N}$ in soils with OFK increased by 23.80%-35.13%, 13.29%-29.72%, 16.91%-39.37%, 164.7%-340.2%, and 28.56%-32.71%, respectively. The activities of hydrolases related to the cycle of carbon, nitrogen, and phosphorus (α -glucosidase, leucine aminopeptidase, acid phosphatase, etc.) were also significantly higher than those of the CK treatment. OFK stimulated the growth of soil microorganisms and increased the carbon content of the microbial biomass. The amplicon sequencing analysis found that the microbial community structures of different treatments were significantly different at both the class and genus levels. In addition, it was found that the abundance of beneficial microbes in the soils with OFK increased, whereas pathogenic microbes decreased. RDA results confirmed that soil properties (including soil pH, organic matter, available nutrients, and microbial biomass) had a significant impact on microbial community structure. The results of investing bacterial community based on PICRUSt and FAPROTAX revealed that the function of the soil bacterial community was similar in the four treatments, but OFK supply significantly improved the microbial carbon utilization and metabolic ability. Moreover, by using the FUNGuild software, we found that the application of OFK increased the proportion of saprotroph-symbiotroph and symbiotroph and stimulated the growth of ectomycorrhizal fungi-undefined saprophytic fungi but inhibited plant and animal pathogenic fungi in soil. These results implied that OFK could promote the establishment of symbiotic relationships and inhibit the growth of pathogenic fungi. In summary, OFK could improve soil fertility and hydrolase activity, stimulate the growth of beneficial microorganisms, and defend against pathogens, indicating a promising use as safe and efficient organic fertilizer.

Key words: organic fertilizer of kitchen waste (OFK); nutrients; enzyme activity; microbial community composition; microbial community function

随着经济和社会的高速发展,人民生活水平显著改善,生活垃圾量急剧增加,厨余垃圾作为生活垃圾的重要组成部分,面临着如何实现资源化、减量化和无害化处理的问题。肥料化是厨余垃圾无害资源化利用的重要手段和主要出路^[1]。厨余垃圾包括水产品、蔬菜瓜果垃圾、腐肉、剩饭剩菜、废弃食物、肉碎骨以及畜禽内脏等易腐性垃圾,它们富含糖类、脂肪和蛋白质等有机物及丰富的微量元素,经厌氧发酵、好氧堆肥或生物转化等工艺处理后转化成稳定的腐殖酸和可利用的营养物质,是具良好品质和高活性的生物有机肥、理想的贫瘠土壤调理剂,有较高

的应用价值^[2]。然而,不同原料及处置工艺产生的肥料产物腐熟度、含盐量、油脂含量和养分含量差异极大,导致其使用途径受限。若将高盐高油脂的厨余垃圾肥料制品施用到土壤中,极易破坏土壤结构和土壤生态环境,影响农业的绿色可持续生产。目前国内研究更多关注厨余垃圾减量化工艺和设备的开发,而较少关注肥料化制品的质量及其安全性,资源

收稿日期: 2023-01-04; 修订日期: 2023-03-28

基金项目: 浙江省重点研发计划项目(2021C03025-03)

作者简介: 刘美灵(2001~),女,硕士研究生,主要研究方向为有机肥应用,E-mail: 3054013502@qq.com

* 通信作者,E-mail: ply9116@zafu.edu.cn

化利用存在较大的环境及生态风险。

健康的土壤能发挥多种作用、提供各种基本功能,为人们创造社会、经济和生态效益,例如提供宜居环境、保障粮食安全和维持生态平衡等。土壤微生物有助于调节土壤健康过程,包括土壤有机质的稳定、土壤团聚体的形成和植物病原体的抑制^[3],其群落结构和生态功能的变化可用于评估土壤肥力水平高低和生态系统的稳定性,并被认为比土壤物理和化学性质在反映土壤质量变化上更有效和更快^[4]。尤其是随着高通量测序技术的飞速发展和快速普及,国内外研究者已采用该方法深入研究不同施肥措施对土壤微生物群落组成和分布特征的影响,评估土壤健康程度。乔宇颖等^[5]采用该技术分析发现用沼液可以替代化肥平衡土壤养分和维持土壤生态功能,但仍可能存在真菌致病风险;马垒等^[6]结合高通量测序和分子生态网络分析技术探究连续施用化肥及秸秆还田对细菌群落结构和种间互作关系的影响,发现秸秆还田配施化肥有利于提升黄淮海潮土区土壤肥力,并可通过调节细菌种间互作关系,优化细菌群落组成,提高土壤酶活性。关于厨余垃圾肥料产品,目前多集中于研究其对土壤肥力和作物产量的影响,关于其对土壤微生物影响的研究鲜有报道^[1,7]。因此,为进一步探究厨余垃圾来源的有机肥

的安全性,需要明晰其对土壤微生物群落组成、结构稳定和功能的影响。

本研究拟通过室内土壤培养试验,添加不同量厨余垃圾有机肥(organic fertilizer of kitchen waste, OFK),从生态安全角度研究该产品对土壤理化环境、酶活性和微生物组成、群落结构及功能等方面的影响,以期为该产品资源化利用和大规模安全推广提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试土壤:采集于杭州市余杭区窑瓶镇南山村(30°22'N, 119°56'E),土壤类型为水稻土。采集0~20 cm耕层土壤,拣去杂物,风干,备用。具体理化性状如下:pH 5.46,ω(有机质)27.46 g·kg⁻¹,ω(碱解氮)263.5 mg·kg⁻¹,ω(有效磷)102.3 mg·kg⁻¹,ω(速效钾)164.2 mg·kg⁻¹。

供试肥料:厨余垃圾有机肥(OFK)由建德厨农有限公司生产,具体生产流程如下:首先将厨余垃圾进行三相分离,收集固体用于黑水虻养殖,再取经虫体取食与消化后的生物质进行好氧堆肥,收获的堆肥产物与木屑依照比例(7:3,质量比)混合,最终获得厨余垃圾有机肥,其理化特性如表1。

表1 厨余垃圾有机肥理化特性¹⁾
Table 1 Physical and chemical characteristics of organic fertilizer of kitchen waste (OFK)

指标	pH	ω(有机质) /%	ω(N) /%	ω(P ₂ O ₅) /%	ω(K ₂ O) /%	ω(水分) /%	ω(全盐) /g·kg ⁻¹	ω(油脂) /%	ω(重金属)/mg·kg ⁻¹				
									As	Hg	Pb	Cd	Cr
OFK	8.5	69.0	2.76	4.88	1.3	25.4	3.00	0.57	0.9	0	5.4	0.5	7.2
有机肥料行业标准 (NY-T 525-2021)	5.5~8.5	≥30	N+P ₂ O ₅ +K ₂ O≥4.0			≤30	—	—	≤15	≤2	≤50	≤3	≤150

1)“—”表示此项未做要求

1.2 试验设计

在土壤中添加不同量 OFK,配置成含 0(对照, CK)、1%、3% 和 5% OFK 等 4 个处理,进行室内恒温培养。称取供试土壤(过 2 mm 筛)于密封罐,分别加入 OFK 3.0 g、9.0 g 和 15.0 g,混合均匀,土壤和 OFK 总重量为 300 g,对照(CK)不添加 OFK,随后密封,置于培养箱[(25±1)°C]暗培养 30 d,期间每 2 d 通气并补充水分,以保证土壤含水量保持为田间最大持水量的(60±2)%。每个处理重复 15 次。

1.3 测定指标及方法

每个处理分别在培养至第 2、5、10、20 和 30 d 时随机取 3 瓶,收集密封罐中的土壤样品,去除肉眼可见的 OFK 后过 2 mm 筛再次匀质化。一份于 4°C 冰柜保存,用于测定土壤微生物量和酶活性,一份室温风干,过筛后测定土壤 pH、硝态氮、铵态氮、有效磷、

速效钾和有机碳含量;另取第 30 d 的土壤样品于 -80°C 冰柜保存,用于测定微生物群落。

1.3.1 土壤基本理化性质

土壤 pH 值采用微电极法测定(土水比 1:2.5,质量比);土壤硝态氮和铵态氮含量采用 50 mL 0.5 mol·L⁻¹ KCl 提取,Skalar SAN++测定^[8];有效磷采用盐酸-氟化铵溶液浸提,钼锑抗比色法测定;速效钾用醋酸铵浸提,火焰光度计法测定;有机质含量采用重铬酸钾-浓硫酸氧化-硫酸亚铁滴定法测定^[9]。

1.3.2 土壤酶活性和微生物量碳

取不同培养时期的新鲜土样测定微生物量碳和酶活。微生物量碳采用氯仿熏蒸-0.5 mol·L⁻¹ K₂SO₄ 提取,K₂Cr₂O₇ 氧化法测碳^[10];α-葡萄糖苷酶、β-葡萄糖苷酶、β-纤维二糖苷酶、β-木聚糖苷酶、N-乙酰-β-氨基葡萄糖苷酶、亮氨酸氨基肽酶和酸性磷酸酶的酶

活性测定参照荧光微孔板检测技术^[11],7种酶活性单位均用 $\text{nmol} \cdot (\text{g} \cdot \text{h})^{-1}$ 表示.

1.3.3 土壤总DNA提取

取培养了30 d的土壤鲜样用于土壤总DNA提取. 采用 PowerSoil™ Total DNA Isolation Kit (Qiagen, Hilden, Germany) 试剂盒提取土壤样品的总DNA. 根据试剂盒说明书,称取0.25 g鲜土提取样品的总DNA,提取出的DNA样本通过核酸定量仪 NanoDrop (ND-1000, Thermo Scientific, USA) 在 A_{260}/A_{280} 和 A_{260}/A_{230} 的吸光度比值检测其浓度及纯度,纯化的DNA样本保存于 -40°C 的冰箱中备用.

1.3.4 高通量测序

细菌使用通用引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWCTAAT-3') 扩增 16S rRNA 基因的可变 V3-V4 区^[12]. 真菌使用通用引物 ITS3 (5'-GCATCGATGAAGAACGCAGC-3') 和 ITS4 (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') 扩增 ITS 基因^[13]. 利用 Illumina MiSeq 高通量测序平台分析细菌 16S rRNA 和真菌 ITS 基因序列,测序服务委托深圳微科盟科技集团有限公司. 测序完成后,对下机原始数据首先采用 Trimmomatic 软件对原始的序列进行质量过滤,用 FLASTQ 软件进行拼接,之后,使用 Qiime 2 软件中的 DADA 2 插件对所有样品的全部原始序列 (input) 进行质量控制 (filtered),去噪 (denoised), 拼接 (merged), 并且去嵌合体 (non-chimeric), 最后在 97% 相似水平上对高质量序列进行聚类,并将其分配给可操作分类单元 (operational taxonomic unit, OTU), 选取每个 OTU 中丰度最高的序列作为代表性序列,分别基于 silva 138 和 unite 8.0 数据库对细菌 16S 和真菌 ITS rRNA 序列进行物种分类注释,得到对应物种信息和基于物种的相对丰度分布情况^[14]. 设置置信度阈值为 0.7, 且 4 组处理的 α 多样性稀释曲线 (rarefaction curve) 趋于平缓,表明测序数据量已足够反映当前样品包含的绝大部分的微生物多样性信息.

1.4 数据处理

用 Microsoft Excel 2019 对数据进行基本计算, SPSS 23.0 软件进行统计分析,单因素方差分析 (one-way ANOVA) 检验处理间土壤理化性质、 α 多样性差异及群落组成和功能的显著性 (显著水平为 $P < 0.05$), 并用 Duncan 法进行多重比较; 利用 GraphPad Prism (v. 9.2.2.0) 绘制土壤物理、化学和生物指标变化图. 基于 1.3.4 节中 OTU 列表里各处理物种丰度情况,通过 Qiime 中 alpha_diversity.py 脚本计算群落 α 多样性指数; 为了评估土壤性质对微生物群落的影响,使用 R (v. 3.5.0) 语言 vegan 包进

行 RDA 分析和其中的 adonis 函数进行多元置换方差分析 (permutational multivariate analysis of variance, PERMANOVA); 利用 SPSS 计算变量之间的 Spearman 相关性,并利用 Gephi (v. 0.9.2) 进行可视化.

采用 PICRUST 软件进行细菌功能预测分析,利用 QIIME 获得的 colsed OTU Table 与 KEGG 数据库 (Kyoto encyclopedia of genes and genomes) 进行比对,获得功能预测信息,具体分析步骤基于在线分析平台 (<http://picrust.github.io/picrust>); 利用 FAPROTAX 软件进行细菌群落生态功能预测 (<https://www.bioincloud.tech>); 通过 FUNGuild (v. 1.0) 工具对真菌的营养类型及其功能类群进行分类.

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质变化

随培养时间增长,对照组 (CK) 和添加 1% OFK 的土壤 pH 无明显变化,分别为 5.36 ~ 5.56 和 5.45 ~ 5.59; 添加 3% 和 5% OFK 后,土壤 pH 呈上升趋势,较初始值分别增加了 0.46 和 0.60 个单位 [图 1(a)].

类似的,CK 的有机质、有效磷、速效钾、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量无明显变化 [图 1(b) ~ 1(f)]; 处理组 (含 1%、3% 和 5% OFK) 有机质和有效养分含量显著增加,并且 OFK 含量越高,土壤养分含量增幅越大. 在培养结束时,处理组的土壤有机质、有效磷、速效钾、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量分别比 CK 高 23.80% ~ 35.13%、13.29% ~ 29.72%、16.91% ~ 39.37%、164.7% ~ 340.2% 和 28.56% ~ 32.71%.

2.2 土壤水解酶活性变化

在培养期间,CK 的 7 种水解酶变化不大 (图 2); 当土壤添加 OFK 后,上述酶活性表现为先增后减趋势,并且其峰值出现时间因厨余垃圾有机肥添加量不同而异,添加 OFK 量越高,峰值越大. 7 种水解酶平均酶活性表现为: $\text{CK} < 1\% \text{ OFK} < 3\% \text{ OFK} < 5\% \text{ OFK}$ 或 $\text{CK} < 1\% \text{ OFK} < 3\% \text{ OFK} \approx 5\% \text{ OFK}$.

2.3 添加厨余垃圾有机肥对土壤微生物的影响

2.3.1 土壤微生物量和群落 α 多样性变化

与 CK 相比,添加 OFK 后,土壤微生物量碳显著增加,在培养结束时,表现为: $\text{CK} < 1\% \text{ OFK} < 3\% \text{ OFK} < 5\% \text{ OFK}$ (表 2). 添加 OFK 增加土壤中细菌 OTU 数,对 Chao、Simpson 和 Shannon 指数无显著影响; 真菌 OTU 数量减少,但未达到显著水平,Chao、Shannon 和 Simpson 指数随着厨余垃圾有机肥添加量增加而降低,并且在添加 3% OFK 后达到显著水平 ($P < 0.05$).

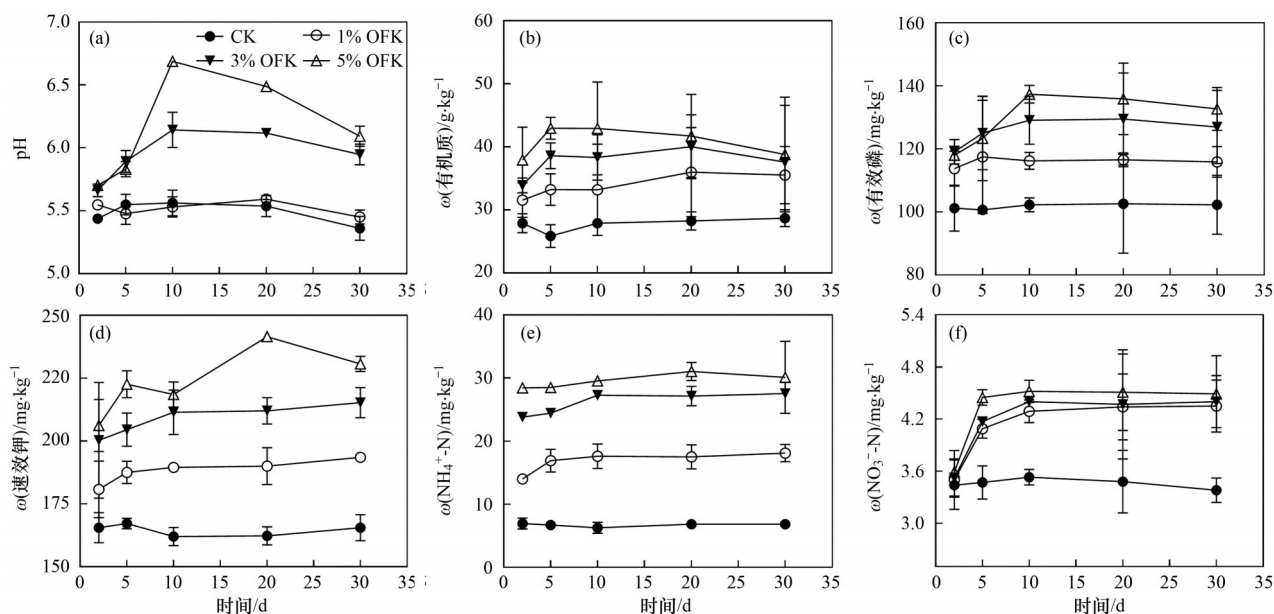


图1 土壤pH、有机碳和有效养分含量变化

Fig. 1 Changes in soil pH, organic carbon, and available nutrient contents in different treatments

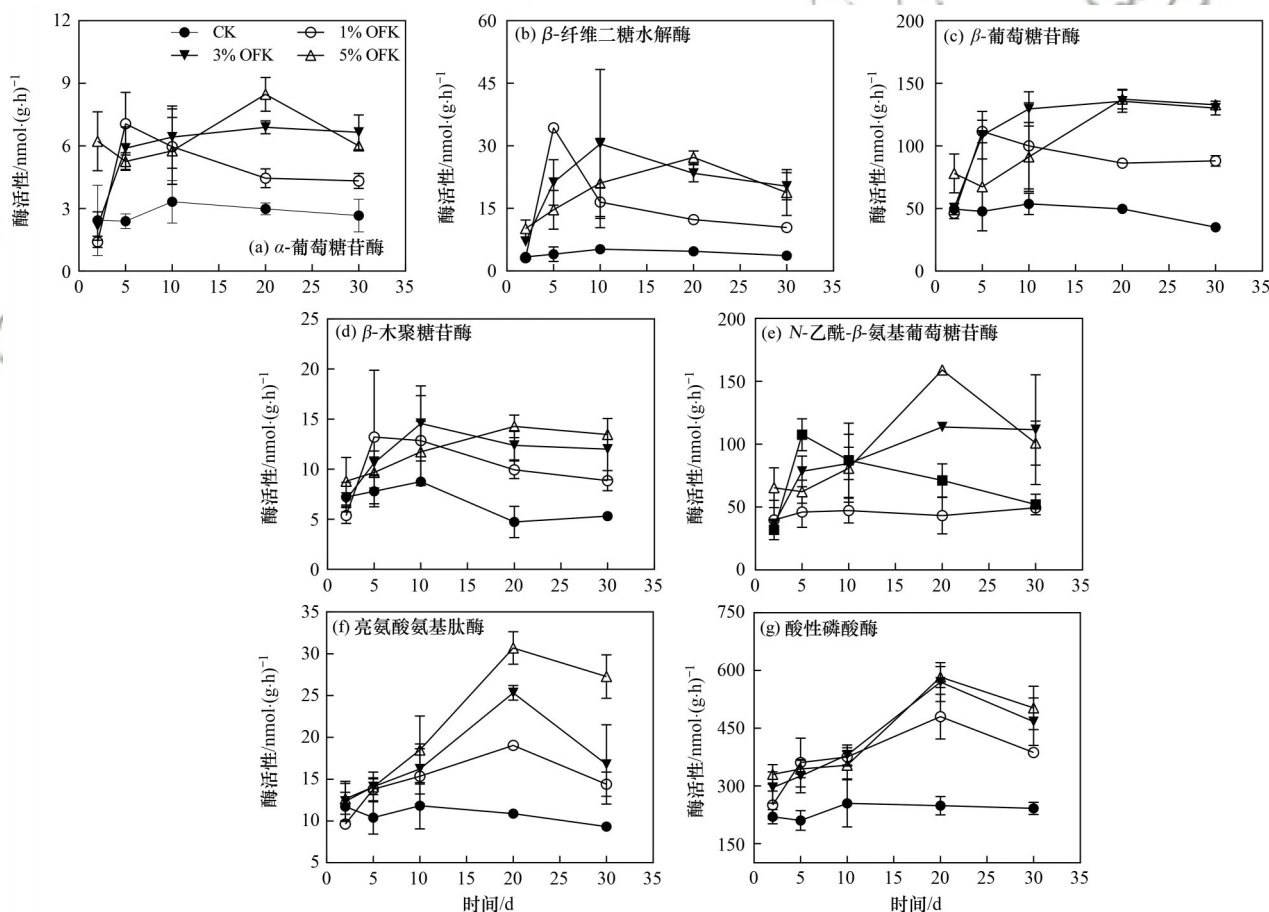


图2 土壤中的水解酶活性变化

Fig. 2 Changes in soil enzymatic activities

2.3.2 土壤微生物群落组成分析

2.3.2.1 纲水平的细菌和真菌组成

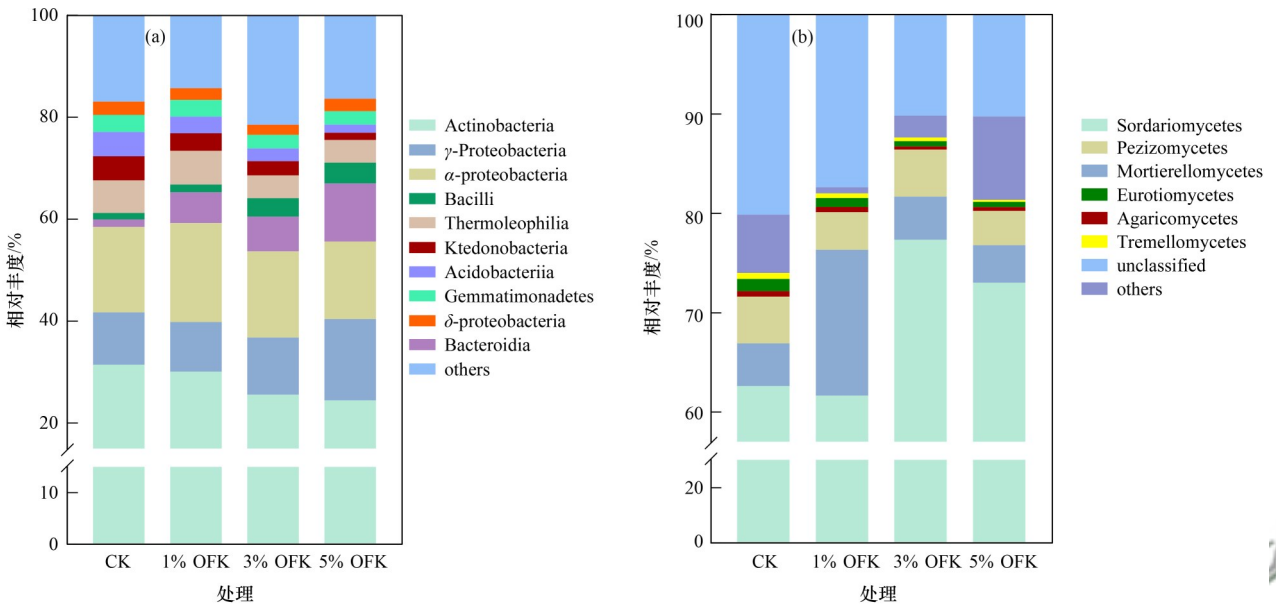
图3展示了前10的优势纲类别,其他归为others. 分析结果表明4个处理的主要优势纲为放线

菌纲(Actinobacteria)、 γ -变形菌纲(γ -Proteobacteria)和 α -变形菌纲(α -Proteobacteria),其相对丰度总和超过了54%. 随着OFK的添加量增加,土壤中放线菌纲、纤维杆菌纲(Ktedonobacteria)、嗜热油菌纲

表 2 不同处理对土壤微生物生物量碳(MBC)、细菌和真菌α多样性的影响¹⁾
Table 2 Soil microbial biomass carbon (MBC), α diversity of bacteria and fungi in different treatments

处理	ω(MBC) /mg·kg ⁻¹	细菌				真菌			
		OTU 数	Chao 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	OTU 数	Chao 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
CK	30.22±8.59c	900±75a	836.5±55.8a	8.89±0.12a	0.99±0.00a	177±8a	176.7±8.4a	4.69±0.17a	0.92±0.01a
1% OFK	141.7±14.2b	860±117a	831.1±135.7a	8.70±0.46a	0.98±0.00a	152±10a	151.7±10.2ab	4.50±0.14a	0.91±0.01a
3% OFK	238.2±32.1a	821±53a	820.6±66.7a	8.54±0.37a	0.98±0.00a	140±24a	140.0±27.2b	3.87±0.48b	0.81±0.06b
5% OFK	268.5±52.9a	760±46a	817.5±96.9a	8.63±0.39a	0.98±0.00a	128±13a	128.3±13.05b	3.90±0.29b	0.82±0.06b

1)数值为均值±标准差,在同一列中,不同小写字母表示处理间具有显著性差异(P<0.05)



(a)细菌纲水平的群落组成及相对丰度;(b)真菌纲水平的群落组成及相对丰度

图 3 土壤中细菌和真菌纲水平分布

Fig. 3 Composition and relative abundance of bacterial and fungal class levels in treatments

(Thermoleophilia)和嗜酸杆菌纲(Acidobacteriia)相对丰度降低,γ-变形菌纲、拟杆菌纲(Bacteroidia)和芽孢杆菌纲(Bacilli)的相对丰度则显著增加。

4 个处理中真菌主要归属于粪壳菌纲(Sordariomycetes)、盘菌纲(Pezizomycetes)、被孢霉纲(Mortierellomycetes)和未知菌,增加 OFK 施用量提高了被孢霉纲和盘菌纲相对丰度,其中 1% OFK 处理的被孢霉纲相对丰度显著高于其他 3 个处理,5% OFK 处理的盘菌纲相对丰度与其他处理达到显著水平。

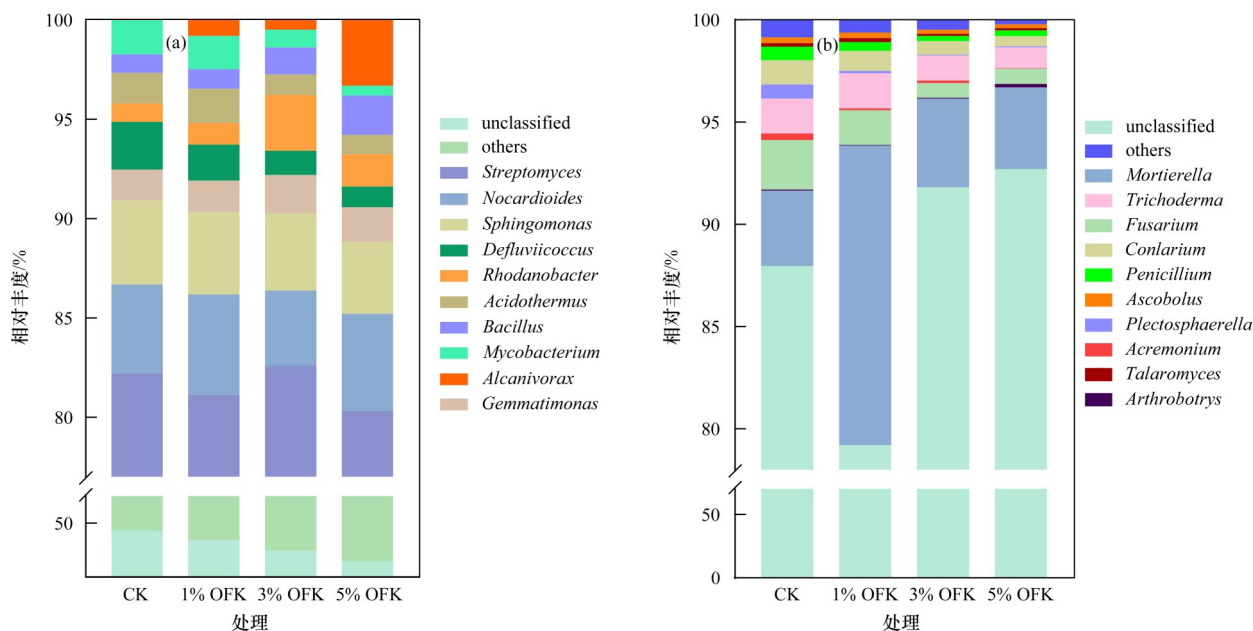
2.3.2.2 属水平的细菌和真菌组成

细菌属水平结果分析发现,CK 和处理组中链霉菌(*Streptomyces*)、类诺卡氏菌(*Nocardioide*s)、鞘氨醇单胞菌(*Sphingomonas*)、芽单胞菌(*Gemmatimonas*)以及聚糖菌(*Defluviicoccus*)等菌丰度均较高。值得注意的是,添加 OFK 后,土壤中出现了食碱菌(*Alcanivorax*),其与芽孢杆菌(*Bacillus*)和罗河杆菌(*Rhodanobacte*)的相对丰度随着 OFK 添加量增加而升高[图 4(a)],分枝杆菌(*Mycobacterium*)和热酸菌(*Acidothermus*)则呈相反趋势。

真菌属水平结果中,CK 和处理组中优势属中均有较高丰度被孢霉(*Mortierella*)、木霉(*Trichoderma*)、(Conlarium)和镰刀菌(*Fusarium*)等。其中,添加量为 1% 处理中被孢霉属丰度显著高于其他 3 个处理;青霉(*Penicillium*)、癣囊腔菌(*Plectosphaerella*)和镰刀菌的相对丰度在添加 OFK 后显著降低[图 4(b)]。

2.3.2.3 土壤细菌群落功能预测分析

基于 KEGG 数据库预测的结果表明[图 5(a)],一级功能层共注释到 6 类生物代谢通路功能分析,包括细胞过程(cellular processes)、环境信息处理(environmental information processing)、遗传信息处理(genetic information processing)、人类疾病(human diseases)、代谢(metabolism)和有机系统(organismsystems),二级功能层获得 43 条生物学通路。4 个处理注释到最多的 KEGG 功能分类都是氨基酸代谢,平均约占所有功能通路的 11.44%。其次是碳水化合物代谢、辅助因子和维生素代谢以及脂质代谢,这 3 类功能的相对丰度介于 6.71%~9.68%。不同处理中超过 83.72% 微生物功能代谢通



(a)细菌属水平的群落组成及相对丰度;(b)真菌属水平的群落组成及相对丰度

图4 土壤中细菌和真菌属水平分布

Fig. 4 Composition and relative abundance of bacterial and fungal genus levels in treatments

路的相对丰度无显著差异,仅膜运输、细胞运动性、免疫系统、碳水化合物代谢、其他次生代谢产物生物合成、物质依赖性与内分泌和代谢疾病这7类功能在不同处理中存在显著差异.随着OFK添加量增加,膜运输、细胞运动性、免疫系统、碳水化合物代谢以及其他次生代谢产物生物合成相对丰度增加,物质依赖性和内分泌和代谢疾病则表现出相反趋势.

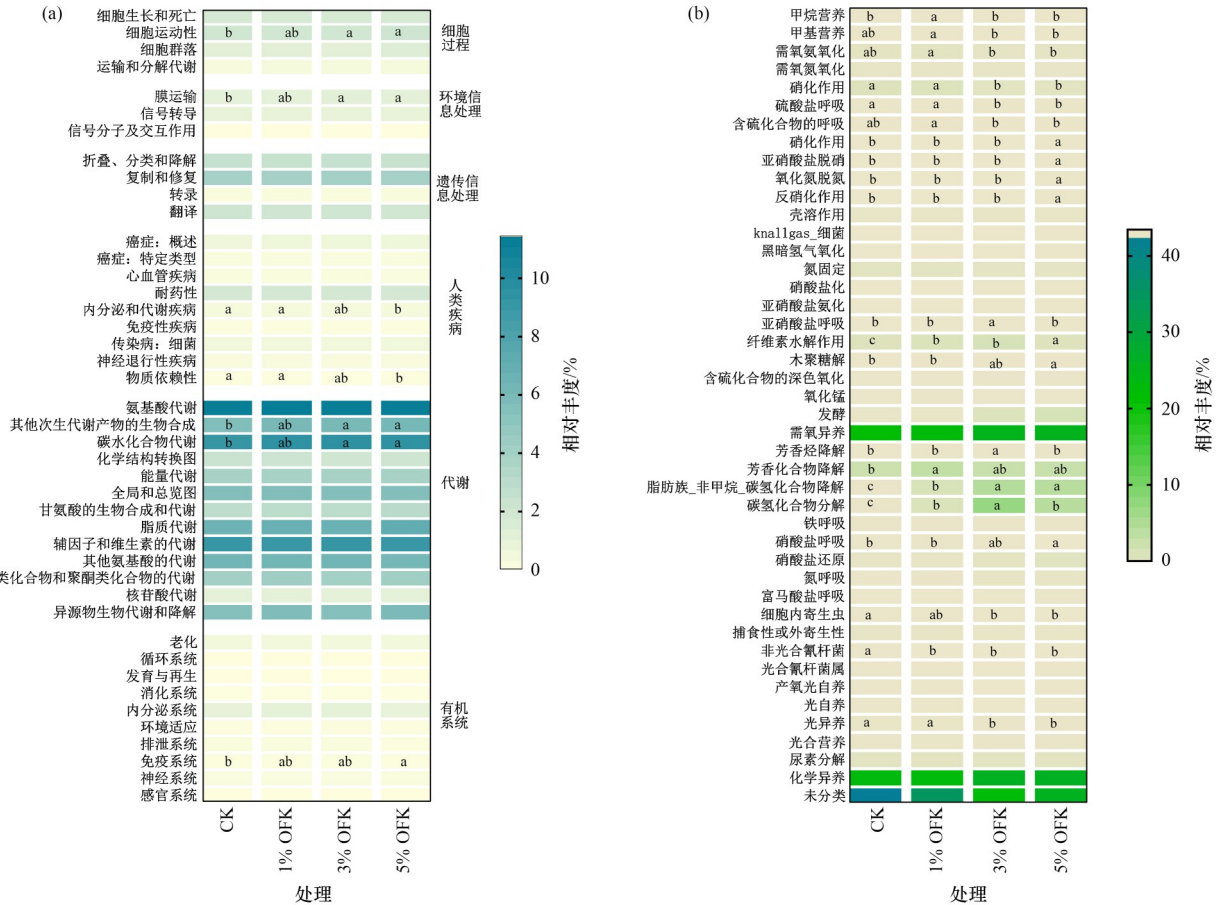
再利用FAPROTAX软件基于种分类水平的细菌群落组成进行生态功能预测,4个处理的可预测比例为55.98%~79.08%.4个处理的细菌群落功能主要有纤维素水解作用、需氧异养、芳香化合物降解和化学异养(丰度>1%),并且与CK相比,预测的群落功能中超过50%无显著变化.当添加了OFK后,土壤中细菌群落的硝化作用、硫酸盐呼吸、含硫化合物的呼吸和光自养及细胞内寄生等功能丰度下降,而反硝化作用、纤维素水解作用、木聚糖解、芳香烃降解、芳香化合物降解、脂肪族_非甲烷_碳氢化合物降解、碳氢化合物分解及硝酸盐还原等功能丰度升高.

2.3.2.4 真菌群落功能预测分析

根据FUNGuild功能预测可获得样品中真菌的功能分类及在各处理中的丰度信息(图6),结果显示,真菌群落营养类型可分为7类:病理营养型(pathotroph)、病理-腐生营养型(pathotroph-saprotroph)、病理-腐生-共生营养型(pathotroph-saprotroph-symbiotroph)、病理-共生营养型

(pathotroph-symbiotroph)、腐生营养型(saprotroph)、腐生-共生营养型(saprotroph-symbiotroph)和共生营养型(symbiotroph).4个处理均以腐生营养型(12.39%~19.24%)、腐生-共生营养型(5.58%~17.08%)和病理-腐生-共生营养型(5.19%~8.63%)为主;随着OFK添加量增加,病理营养型、病理-腐生营养型、病理-共生营养型以及腐生营养型占比均降低;腐生-共生营养型和共生营养型占比则增加,并且CK中未检测到共生营养型.

对上述7类营养型进行进一步分类,通过功能类群鉴定,检测出35种功能群(图7).值得注意的是,随着OFK添加量的增加,动物病原真菌(animal pathogen)、动物病原-内生-植物寄生-真菌寄生-植物病原-木质腐生真菌(animal pathogen-endophyte-epiphyte-fungal parasite-plant pathogen-wood saprotroph)、动物病原-植物病原-未定义腐生真菌(animal pathogen-plant pathogen-undefined saprotroph)、粪腐生-植物腐生-木质腐生真菌(dung saprotroph-plant saprotroph-wood saprotroph)、内生-植物病原菌-未定义腐生真菌(endomycorrhizal-plant pathogen-undefined saprotroph)和植物病原真菌(plant pathogen)等15类功能群占比下降;外生菌根真菌-未定义腐生真菌(ectomycorrhizal-undefined saprotroph)、粪腐生-木质腐生真菌(dung saprotroph-wood saprotroph)和植物内生-凋落物腐生-土壤腐生-未定义腐生真菌(endophyte-litter saprotroph-soil saprotroph-undefined saprotroph)等功能群占比提高,并且,大部



(a)基于PICRUST1的预测结果;(b)基于EAPROTAX的预测结果;同一行中,不同小写字母表示差异显著($P < 0.05$)

图5 细菌群落功能预测热图

Fig. 5 Function prediction of bacterial community

分施用OFK的处理与CK间达到了显著水平。

2.3.2.5 共现网络分析

基于培养结束时土壤中细菌和真菌OTU的共现网络变化,了解添加OFK对土壤中细菌和真菌群落的影响。随着土壤中OFK添加量增加,细菌和真菌群落的共现网络的节点数和连接数明显增加(图8),模块化程度增加,物种间相互作用增强。此外,提高土壤OFK添加量后,共现网络中正相关连接的节点大量增加,增加了2.5倍。

2.4 微生物群落结构与土壤性质的冗余分析

Permanova分析结果($P_{\text{细菌}}=0.007$, $P_{\text{真菌}}=0.002$)表明环境因子对物种群落具有极显著影响,并且随着OFK添加量增加,处理间的细菌和真菌群落差异增大。从图9可知,pH、OM、MBC以及有效养分(包括铵态氮、有效磷和速效钾)对细菌群落结构有显著($P < 0.05$)或极显著($P < 0.01$)影响;pH、MBC以及有效养分(包括铵态氮、硝态氮、有效磷和速效钾)对真菌群落结构产生极显著影响($P < 0.01$)。

3 讨论

3.1 施用厨余垃圾有机肥对土壤性质和酶活性的影响

厨余垃圾堆肥产品不但养分全、有机质含量高,而且杂质少、重金属含量低、有毒物质少,具有很高的农业应用价值^[15]。有研究发现,施用厨余垃圾肥料化产品能显著提高土壤有机质、全氮和速效钾等养分含量,增强土壤酶活性^[7]。土壤有机质是土壤肥力的物质基础,其含量的增加可有效改善土壤物理性能,调节土壤酸碱平衡,提高作物根系活力,促进作物生长,从而提高作物产量。本研究中,土壤培养试验结果表明,在土壤中添加OFK后,土壤有机质和多种有效养分含量均显著增加,说明其具有提高土壤肥力的功效。

土壤酶能催化土壤中养分循环、有机质合成与降解和能量代谢等各种生物化学反应^[16]。N-乙酰-β-氨基葡萄糖苷酶参与氨基酸类物质降解,参与土壤中碳、氮转化;α-葡萄糖苷酶和β-葡萄糖苷酶等酶能水解纤维素和木聚糖等多糖,是土壤碳循环的重要

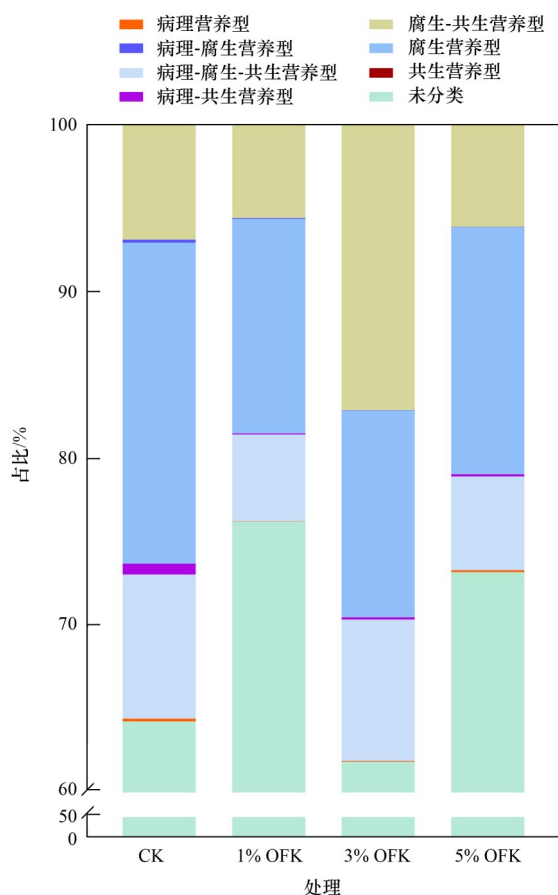


图6 真菌群落的功能预测

Fig. 6 Function prediction of fungal community

参与酶;磷酸酶与土壤磷素循环有关^[17]。此外,酶活变化比土壤其他理化特性变化发生得更早,是土壤健康的重要指标之一^[18]。土培试验结果表明,添加OFK后,土壤水解酶活有不同程度提高,说明OFK施入土壤中,短时间内增加了土壤有机物输入,改善土壤生态环境,促进微生物代谢过程,有利于推动各种酶促反应发生^[18, 19]。

3.2 施用厨余垃圾有机肥对土壤细菌和真菌群落组成的影响

微生物是土壤生态系统的重要组成成分,与土壤功能、质量、肥力和生产力水平高低具有密切相关性^[16]。在添加厨余垃圾有机肥后,土壤微生物生物量碳升高,说明微生物数量增加^[10]。Pascual等^[20]研究发现,厨余废弃物中有大量氮和碳水化合物,可作为土壤微生物的氮源和碳源,有利于提高土壤微生物活性,增加土壤生物量,为作物高产提供良好的土壤微生物环境。另外,OFK来源广,氮和碳源种类多,能满足微生物对不同种类碳源和氮源的需求,更有利于微生物繁殖。本研究中,土培试验结果显示,添加OFK刺激细菌OTU数量增加,但真菌表现出相反趋势,并显著降低了真菌的多样性。一般认为,多样性指数可以用来表征生物群落物种的丰富程度,数值

愈大意味着生物种类越多;优势度指数愈大,则表明群落中的优势种群越突出。一个稳定健康的生态环境中,生物物种丰富,具有较高的多样性指数;反之则物种较少,优势度指数较大^[21]。土壤真菌中植物病原真菌的比例显著高于细菌和放线菌^[22]。施肥改变土壤细菌、真菌和放线菌的比例关系,施用有机肥或秸秆还田可提升土壤中有益菌的数量,抑制病原真菌生长,避免土壤真菌化^[23]。因此,OFK对土壤真菌的作用类似于普通有机肥和秸秆。

4个处理的主要细菌优势纲为放线菌纲、 γ -变形菌纲和 α -变形菌纲。变形菌、放线菌在所有土壤中占比都比较高,这与以往的很多研究类似,它们在有机物矿化过程中有着重要贡献^[5]。添加少量OFK对土壤细菌优势纲影响较小,当OFK添加量增至3%以后,多个纲的相对丰度发生变化。例如,随着OFK的添加量增加,纤维杆菌纲和嗜酸杆菌纲相对丰度降低,拟杆菌纲、变形菌以及芽孢杆菌纲等则增加。纤维杆菌纲和嗜酸杆菌纲属于典型的贫营养类群,对养分要求不高^[24];而拟杆菌、变形菌及杆菌在有机质和养分含量高的土壤中丰度更高,是富营养类群微生物,增加OFK有利于这类微生物生长,同时它们的高丰度也反映了土壤的高肥力^[25, 26]。另外,嗜酸杆菌喜酸性环境,当OFK添加量增至3%后,土壤pH提高了近1个单位,这也可能是嗜酸杆菌纲丰度降低的原因^[25]。不同处理的真菌优势纲主要归属于粪壳菌纲、盘菌纲以及被孢霉纲,它们参与有机质矿化,分解植物残体和有机肥中的有机质,还能供给植物营养。被孢霉纲菌株能产生生物活性物质,具有改善土壤健康状况和促进植株生长的作用,有些菌株可能还具有生防功能^[27]。增施OFK后,被孢霉纲相对丰度增加,增加了有益真菌丰度。

分析土壤微生物优势属,结果表明各处理中链霉菌、类诺卡氏菌、鞘氨醇单胞菌和芽单胞菌属等有益菌细菌丰度均较高。链霉菌和类诺卡氏菌为有益放线菌,能分解有机质促成腐殖质,分泌抗生素和植物生长激素^[28];鞘氨醇单胞菌能降解多环芳烃等高分子有机污染物,清除农药污染^[29]。可见,土壤细菌具有丰富的生理、生化和生态功能。值得注意的是,施用OFK促进土壤芽孢杆菌、食碱菌以及罗河杆菌繁殖,抑制了分枝杆菌生长。芽孢杆菌是一种常见根际有益促生细菌,具有生防、促生、提高根系活力和多种抗逆功能^[30];食碱菌具有耐高温、硫和重金属胁迫环境的代谢特征^[31];罗河杆菌具有低温降解纤维素的功能^[32]。分枝杆菌属种多为致病菌^[33]。施用OFK在本研究中被证明是一种能提高土壤有益菌相对丰度,同时抑制致病菌的、可促进土壤健康的有效

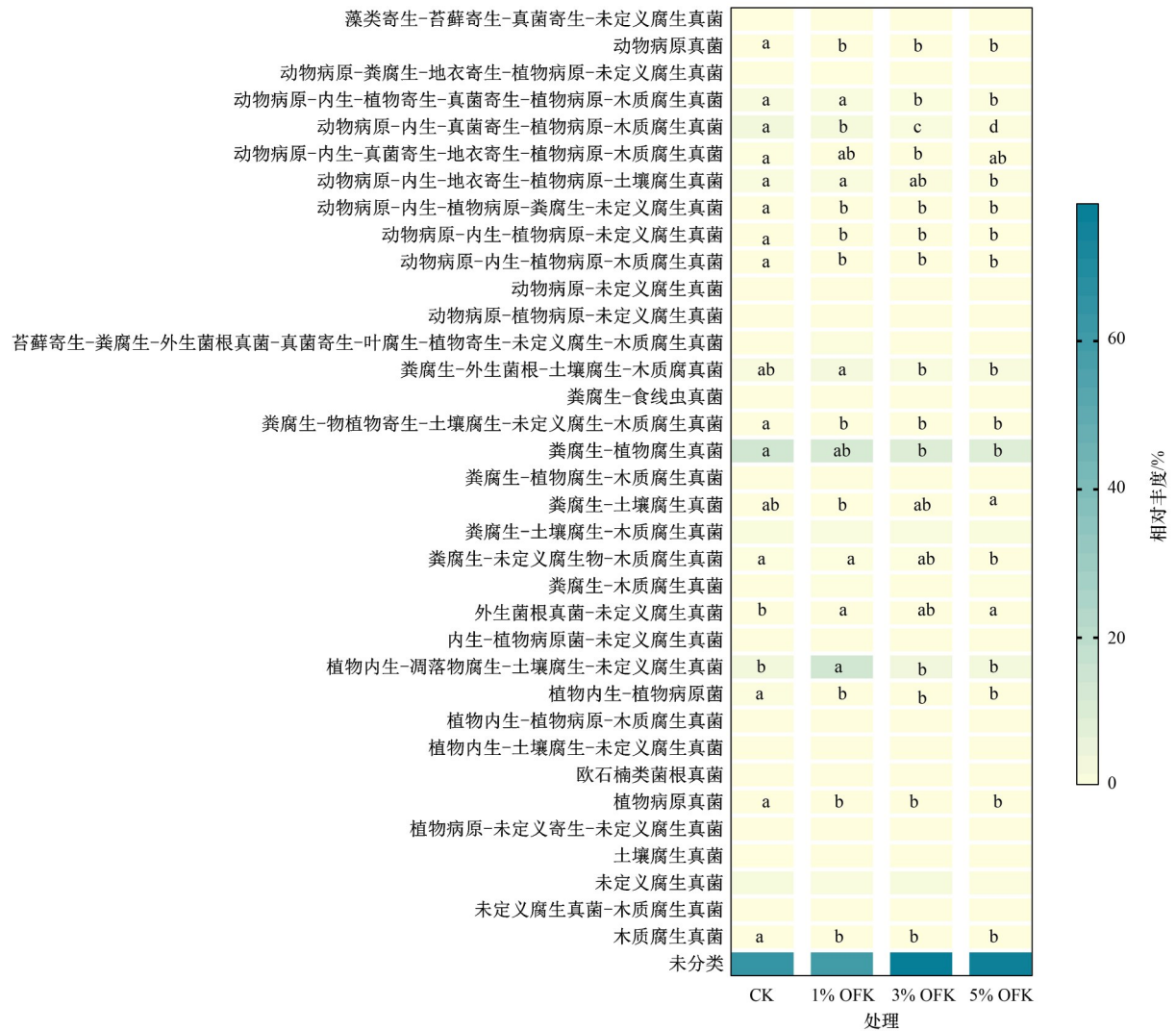


图 7 预测真菌功能基因在不同样处理间的差异
Fig. 7 Variation in predicted functional profiles in different treatments

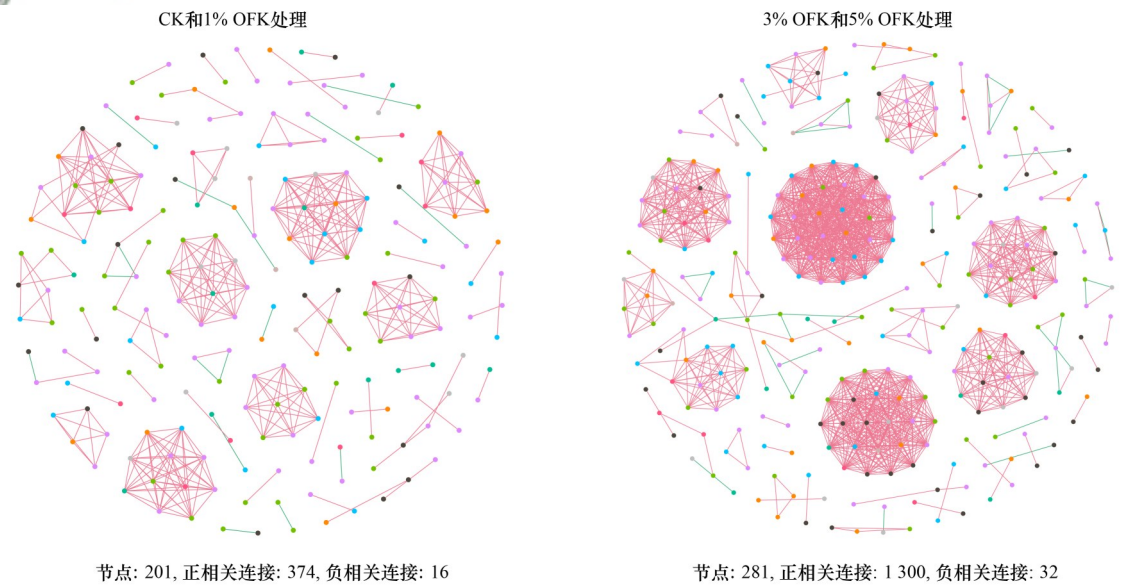


图 8 基于土壤中细菌和真菌 OTU 构建的共现网络
Fig. 8 Co-occurrence network based on soil bacteria and fungi OTU

措施. 被孢霉菌是有益真菌,能与植物共生改善宿主植物养分条件和提高抗逆性,它对甾族化合物和油脂等有生物转化作用^[34],有研究发现它还具有生防作用^[27];癣囊腔菌会诱发植物萎蔫病和根腐病^[35];镰

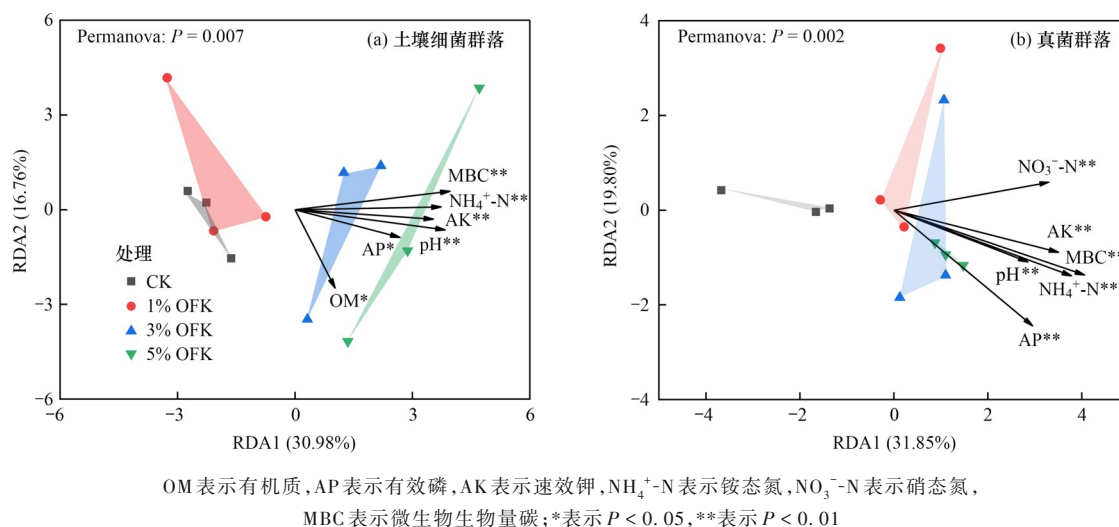


图9 土壤细菌和真菌群落与土壤性质的冗余分析

Fig. 9 RDA relationship between bacterial and fungal communities and soil physical and chemical factors

刀菌常引起植物的根腐、茎腐、茎基腐、花腐和穗腐等多种病害^[36]。本试验中,添加 OFK 促进被孢霉生长,并抑制镰刀菌和镰刀菌生长,这也可能是添加 OFK 后真菌的多样性指数下降的原因。可见,添加该有机肥促进了有益菌的生长,抑制了病原菌繁殖。

3.3 施用厨余垃圾有机肥对土壤细菌和真菌群落结构的影响

本研究通过共现网络分析了施用 OFK 后土壤微生物网络结构上的差异,将不同处理间细菌和真菌物种之间的关联性进行量化和可视化^[37]。首先,施用 OFK 显著提高了微生物共现网络的模块化和复杂程度,微生物物种之间的相互作用增强,共现网络的复杂化增强微生物组功能^[38]。推测是丰富碳源和氮源等物质的投入,促进了微生物大量繁殖,属水平分析也表明 OFK 刺激了有益菌丰度增加,促成了更加紧密和频繁的相互作用,从而增强细菌群落的稳定性^[39]。其次,土壤细菌间存在正相关性和负相关性,可能分别代表协同作用和拮抗作用,当施用了 3% 以上 OFK,土壤微生物网络节点间的正相关连接数大量增加,占比显著增大,表明提高 OFK 施用量后,促成了物种之间互惠互作关系;网络显现出更高的连通度和模块化程度同样表明物种之间存在稳定的共生关系和频繁的相互作用。有研究表明高连接度和模块化的共现网络的微生物组可以更迅速地激活植物免疫系统,提高对病原菌的抵抗能力^[40]。这也可能是本研究中镰刀菌、镰刀菌和分枝杆菌丰度下降的原因。

RDA 结果进一步佐证了 4 个处理微生物群落结构存在差异,并且 OFK 添加量越大对土壤微生物群落结构的影响力越强。土壤性质(如土壤 pH、含水量、有机质、透气性和养分有效性等)、气候因素以

及土地利用方式等对土壤微生物群落结构都具有重要的影响^[41~43]。Bahram 等^[44]利用宏基因组学技术分析全球近 190 个不同地点约 7 600 份表层土壤样本,发现细菌和真菌受土壤 pH 和降水影响表现出全球性的生态位分化。Mendes 等^[45]采集不同土地利用方式的土壤,经鸟枪法宏基因组测序分析发现土地利用变化改变了微生物群落的结构和组成,并且发现土壤微生物群落结构与土壤性质有着紧密联系。其中,在种植了大豆的农业土壤和牧场土壤中,影响微生物群落结构的主要因素是土壤 pH 以及 Cu 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量;在热带森林土壤中,则是土壤潜在酸度和有机质。基于宏基因组测序分析,王智慧等^[46]发现土壤有机质、氮素和水分也都对微生物群落结构有一定影响。在本研究中,添加 OFK 后,土壤 pH、微生物生物量碳以及有效养分(包括铵态氮、有效磷和速效钾)等发生不同变化,对细菌和真菌群落组成有显著影响。

3.4 施用厨余垃圾有机肥对土壤细菌和真菌群落功能的影响

由于微生物系统中存在高度生态功能冗余,因此微生物群落结构并不一定决定了它的功能^[47],还需进行微生物功能分析,进一步理解土壤微生物这个“黑匣子”。乔宇颖等^[5]利用 PICRUST 基因预测发现麦稻茬口期施用沼液和尿素处理的主要土壤细菌类群代谢功能表现相似,施沼液在一定程度上可以替代化肥平衡土壤养分和维持土壤生态功能。为进一步了解改土措施对微生物群落功能的影响,仲阳等^[48]使用 FAPROTAX 软件对细菌群落进行功能预测,发现细菌功能主要集中于氮素和芳香族化合物代谢过程,并且改土措施激活和富集与硝酸盐或氮素呼吸和还原有关的细菌微生物,为土壤肥力的持

久供给奠定了微生物活性基础。本研究通过与KEGG数据库进行比对,将功能基因进行分类注释,以此来评估细菌群落组成差异对其群落水平功能造成的影响。分析结果表明不同处理土壤中细菌群落结构差异显著,但不同处理中超过83.72%细菌功能代谢通路的相对丰度无显著差异,说明添加OFK没有破坏土壤细菌生态功能。本研究发现碳水化合物代谢以及其他次生代谢产物生物合成功能丰度增加。利用FAPROTAX进行功能预测,也显示添加OFK刺激了土壤细菌群落纤维素水解作用、木聚糖解、芳香烃降解、芳香化合物降解、脂肪族_非甲烷_碳氢化合物降解和碳氢化合物分解等功能丰度升高,这与土壤有机质、碳循环相关酶活性提高以及芽孢杆菌、罗河杆菌、食碱菌等有益微生物增加相吻合,说明施用OFK在加速碳循环和促进有益微细菌生长方面具有良好效果。值得注意的是,当OFK添加量达到5%后,其反硝化作用和硝酸盐还原功能显著高于CK,因此,在田间施用时需要控制施用量和增加土壤透气性。

自然界中真菌多种多样,广泛分布于各种生境中。近年来,高通量测序的普及使得基于ITS序列的真菌数据大量产生,极大地丰富了对环境中真菌多样性的认识。基于FUNGuild对真菌进行功能注释,能从生态功能视角剖析不同处理下真菌生态功能变化,给研究者们分析试验结果带来了极大地便捷^[49]。利用FUNGuild功能预测分析,乔宇颖等^[5]发现施用沼液与尿素21 d后,真菌功能差异主要发生在腐生营养型和病理营养型上;施加生物炭后,土壤病理营养型真菌丰度下降,腐生营养型真菌丰度显著提高,说明生物炭对土壤的物质循环和病害防治具有一定的促进作用^[50]。王香生等^[51]基于真菌功能预测结果发现,间作显著降低了红花根际植物病原菌类真菌的总相对丰度。本研究中,FUNGuild功能预测结果反映随着OFK添加量增加,腐生-共生营养型和共生营养型占比则呈现了增加趋势,并且CK处理中未预测到共生营养型。可见,添加OFK之后,促进了共生关系的建立,增加了菌群间的合作,这也与共现网络分析结果相符合,进一步证明,提高OFK施用量后,促成了物种之间互惠互作关系。并且,预测结果还显示施用OFK后,土壤中动植物病原真菌占比减少,却增加了外生菌根真菌-未定义腐生真菌占比。有研究表明,外生菌根真菌对宿主植物具有多项生态效益,包括促生、改善养分、提高对生物和非生物胁迫的抗(耐)性等^[52,53],这印证了真菌群落结构分析结果中施用OFK刺激有益真菌丰度增加和抑制植物病原菌生长这一结论。然而,FUNGuild是基于现有研究对真菌

功能进行判别分析,划分类别不够全面和完善,还存在较多未知的功能注释,因此,仍需进一步研究。

4 结论

(1)施用OFK能提高土壤有机质、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、有效磷及速效钾含量,增强与碳、氮和磷转化的相关水解酶活性。

(2)不管是从纲还是属分类水平,添加OFK对土壤微生物群落结构都会产生显著影响,通过冗余分析发现,土壤pH、有机质、有效养分和微生物量碳等为主要影响因素。

(3)添加OFK后,在属水平上表现为土壤中有益菌相对丰度增加,植物病原菌显著降低。

(4)PICRUST和FAPROTAX预测结果表明,不同处理中超过83.72%细菌功能代谢通路的相对丰度无显著差异,表明土壤细菌群落在功能层上表现相似。但是,随OFK添加量增加,膜运输、细胞运动性、免疫系统、碳水化合物代谢以及其他次生代谢产物生物合成相对丰度增加,并且纤维素水解作用、木聚糖解、芳香烃降解、芳香化合物降解和碳氢化合物分解等功能丰度升高,说明添加OFK不仅没有破坏土壤细菌群落生态功能,还提高了其对碳的利用能力和代谢能力。

(5)FUNGuild真菌功能预测结果表示,添加OFK刺激腐生-共生营养型和共生营养型占比增长,增加外生菌根真菌-未定义腐生真菌等占比;同时,土壤中动植物病原真菌占比减少,可见OFK能促进共生关系建立并抑制病原真菌生长。

参考文献:

- [1] 朱琳,安立超,戴昕,等.餐厨垃圾生物有机肥对贫瘠黄褐土改良的研究[J].环境科学研究,2020,33(8):1954-1963.
Zhu L, An L C, Dai X, et al. Improvement of Barren yellow cinnamon soil by kitchen waste bio-organic fertilizer[J]. Research of Environmental Sciences, 2020, 33(8): 1954-1963.
- [2] Hou J Q, Li M X, Mao X H, et al. Response of microbial community of organic-matter-impovertished arable soil to long-term application of soil conditioner derived from dynamic rapid fermentation of food waste[J]. PLoS One, 2017, 12(4), doi: 10.1371/journal.pone.0175715.
- [3] 朱永官,彭静静,韦中,等.土壤微生物组与土壤健康[J].中国科学:生命科学,2021,51(1):1-11.
Zhu Y G, Peng J J, Wei Z, et al. Linking the soil microbiome to soil health[J]. Scientia Sinica Vitae, 2021, 51(1): 1-11.
- [4] Hermans S M, Buckley H L, Case B S, et al. Using soil bacterial communities to predict physico-chemical variables and soil quality[J]. Microbiome, 2020, 8(1), doi: 10.1186/s40168-020-00858-1.
- [5] 乔宇颖,奚辉,李娜,等.沼液施用对麦茬茬口期土壤微生物群落结构特征及功能的影响[J].环境科学,2023,44(7):4179-4190.
Qiao Y Y, Xi H, Li N, et al. Effects of biogas slurry application on

- soil microbial communities structure and function during wheat-rice stubble period[J]. *Environmental Science*, 2023, **44**(7): 4179-4190.
- [6] 马垒, 李燕, 魏建林, 等. 连续施用化肥及秸秆还田对潮土酶活性、细菌群落和分子生态网络的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2022, **28**(8): 1353-1363.
- Ma L, Li Y, Wei J L, *et al.* Effects of continuous chemical fertilizer application and straw returning on soil enzyme activity, bacterial community and co-occurrence patterns in a fluvo-aquic soil[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2022, **28**(8): 1353-1363.
- [7] 王站付, 邱韩英, 陆利民, 等. 餐厨垃圾堆肥产品施用对水稻产量及土壤环境的影响[J]. *江苏农业科学*, 2020, **48**(23): 93-97.
- Wang Z F, Qiu H Y, Lu L M, *et al.* Influences of application of kitchen waste compost on rice yield and soil environment[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2020, **48**(23): 93-97.
- [8] Lyu M, Xie J S, Vadeboncoeur M A, *et al.* Simulated leaf litter addition causes opposite priming effects on natural forest and plantation soils[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2018, **54**(8): 925-934.
- [9] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.
- [10] Vance E D, Brookes P C, Jenkinson D S. Microbial biomass measurements in forest soils: the use of the chloroform fumigation-incubation method in strongly acid soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1987, **19**(6): 697-702.
- [11] Chen J H, Chen D, Xu Q F, *et al.* Organic carbon quality, composition of main microbial groups, enzyme activities, and temperature sensitivity of soil respiration of an acid paddy soil treated with biochar[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2019, **55**(2): 185-197.
- [12] Dalsing B L, Allen C. Nitrate assimilation contributes to *Ralstonia solanacearum* root attachment, stem colonization, and virulence[J]. *Journal of Bacteriology*, 2014, **196**(5): 949-960.
- [13] Massalha H, Korenblum E, Tholl D, *et al.* Small molecules below-ground: the role of specialized metabolites in the rhizosphere[J]. *The Plant Journal*, 2017, **90**(4): 788-807.
- [14] Tiquia S M, Lloyd J, Herms D A, *et al.* Effects of mulching and fertilization on soil nutrients, microbial activity and rhizosphere bacterial community structure determined by analysis of TRFLPs of PCR-amplified 16S rRNA genes[J]. *Applied Soil Ecology*, 2002, **21**(1): 31-48.
- [15] 王桂才, 李洋洋. 餐厨垃圾堆肥化处置方式探讨[J]. *再生资源与循环经济*, 2013, **6**(10): 38-41.
- Wang G C, Li Y Y. Discussion on the composting disposition of food residue[J]. *Recyclable Resources and Circular Economy*, 2013, **6**(10): 38-41.
- [16] Acosta-Martinez V, Cano A, Johnson J. Simultaneous determination of multiple soil enzyme activities for soil health-biogeochemical indices[J]. *Applied Soil Ecology*, 2018, **126**: 121-128.
- [17] 于昊天, 黄时豪, 刘亚军, 等. 鄱阳湖湿地土壤酶及微生物生物量的剖面分布特征[J]. *环境科学研究*, 2017, **30**(11): 1715-1722.
- Yu H T, Huang S H, Liu Y J, *et al.* Profile distribution characteristics of soil enzymes and microbial biomass in the Poyang Lake Wetland[J]. *Research of Environmental Sciences*, 2017, **30**(11): 1715-1722.
- [18] Adetunji A T, Lewu F B, Mulidzi R, *et al.* The biological activities of β -glucosidase, phosphatase and urease as soil quality indicators: a review[J]. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 2017, **17**(3): 794-807.
- [19] Zhu J, Peng H, Ji X H, *et al.* Effects of reduced inorganic fertilization and rice straw recovery on soil enzyme activities and bacterial community in double-rice paddy soils[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2019, **94**, doi: 10.1016/j.ejsobi.2019.103116.
- [20] Pascual J A, García C, Hernandez T. Comparison of fresh and composted organic waste in their efficacy for the improvement of arid soil quality[J]. *Bioresource Technology*, 1999, **68**(3): 255-264.
- [21] Zhao J, Ni T, Li J, *et al.* Effects of organic-inorganic compound fertilizer with reduced chemical fertilizer application on crop yields, soil biological activity and bacterial community structure in a rice-wheat cropping system[J]. *Applied Soil Ecology*, 2016, **99**: 1-12.
- [22] Lee Y H, Kim M K, Lee J, *et al.* Organic fertilizer application increases biomass and proportion of fungi in the soil microbial community in a minimum tillage Chinese cabbage field[J]. *Canadian Journal of Soil Science*, 2013, **93**(3): 271-278.
- [23] Deng X H, Zhang N, Li Y C, *et al.* Bio-organic soil amendment promotes the suppression of *Ralstonia solanacearum* by inducing changes in the functionality and composition of rhizosphere bacterial communities[J]. *New Phytologist*, 2022, **235**(4): 1558-1574.
- [24] Delgado-Baquerizo M, Trivedi P, Trivedi C, *et al.* Microbial richness and composition independently drive soil multifunctionality[J]. *Functional Ecology*, 2017, **31**(12): 2330-2343.
- [25] Dincă L C, Grenni P, Onet C, *et al.* Fertilization and soil microbial community: a review[J]. *Applied Sciences*, 2022, **12**(3), doi: 10.3390/app12031198.
- [26] 高日平, 段玉, 张君, 等. 长期施肥对农牧交错带旱地土壤微生物多样性及群落结构的影响[J]. *环境科学*, 2023, **44**(2): 1063-1073.
- Gao R P, Duan Y, Zhang J, *et al.* Effects of long-term fertilization on soil microbial diversity and community structure in the agro-pastoral ecotone[J]. *Environmental Science*, 2023, **44**(2): 1063-1073.
- [27] Johnson J M, Ludwig A, Furch A C U, *et al.* The beneficial root-colonizing fungus *Mortierella hyalina* promotes the aerial growth of *Arabidopsis* and activates calcium-dependent responses that restrict *Alternaria brassicae*-induced disease development in roots[J]. *Molecular Plant-Microbe Interactions*[®], 2019, **32**(3): 351-363.
- [28] 王田田, 马沁沁, 苗玉志, 等. 块菌菌根土壤产酸性几丁质酶放线菌 *Streptomyces omiyaensis* SCPW03 的筛选及其几丁质酶酶学性质研究[J]. *西南农业学报*, 2019, **32**(10): 2342-2349.
- Wang T T, Ma Q Q, Miao Y Z, *et al.* Screening of acidic Chitinase-production actinomycetes and analysis of enzymatic properties from *Streptomyces omiyaensis* SCPW03[J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2019, **32**(10): 2342-2349.
- [29] 张颖, 杨悦, 韦庆慧, 等. 鞘氨醇单胞菌的特性及应用研究进展[J]. *化学与生物工程*, 2021, **38**(3): 6-13.
- Zhang Y, Yang Y, Wei Q H, *et al.* Research progress in characteristic and application of *Sphingomonas*[J]. *Chemistry & Bioengineering*, 2021, **38**(3): 6-13.
- [30] 申云鑫, 施竹凤, 周旭东, 等. 三株具生防功能芽孢杆菌的分离鉴定及其生物活性研究[J]. *生物技术通报*, 2023, **39**(3): 267-277.

- Shen Y X, Shi Z F, Zhou X D, *et al.* Isolation, identification and bio-activity of three bacillus strains with Biocontrol Function [J]. *Biotechnology Bulletin*, 2023, **39**(3): 267-277.
- [31] 刘艳, 黄晓航, 何培青, 等. 印度洋深海热液区可培养细菌的分子鉴定与系统发育分析[J]. *海洋科学进展*, 2009, **27**(2): 193-200.
- Liu Y, Huang X H, He P Q, *et al.* Molecular identification and phylogenetic analysis of cultivable bacteria from India ocean hydrothermal vents [J]. *Advances in Marine Science*, 2009, **27**(2): 193-200.
- [32] 孟建宇, 冀锦华, 郭慧琴, 等. 常温纤维素降解细菌的筛选及其复合系的构建[J]. *生物学杂志*, 2020, **37**(3): 86-90.
- Meng J Y, Ji J H, Guo H Q, *et al.* Isolation of room temperature cellulose-degrading bacteria and construction of degrading consortia [J]. *Journal of Biology*, 2020, **37**(3): 86-90.
- [33] 李洪敏, 吴雪琼, 张俊仙, 等. 应用 PCR-SSCP 快速鉴定结核分枝杆菌复合群[J]. *微生物学通报*, 2000, **27**(3): 202-204.
- Li H M, Wu X Q, Zhang J X, *et al.* Fast differentiation of mycobacterial species by using PCR-SSCP [J]. *Microbiology China*, 2000, **27**(3): 202-204.
- [34] 赵人俊, 严虹, 郑幼霞. 影响被孢霉产生含 γ -亚麻酸油脂的几种因素[J]. *生物工程学报*, 1995, **11**(4): 361-365.
- Zhao R J, Yan H, Zheng Y X. Factors effecting on production of lipid containing γ -linolenic Acid by *Mortierella* sp. [J]. *Chinese Journal of Biotechnology*, 1995, **11**(4): 361-365.
- [35] Carlucci A, Raimondo M L, Santos J, *et al.* *Plectosphaerella* species associated with root and collar rots of horticultural crops in southern Italy [J]. *Persoonia-Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 2012, **28**: 34-48.
- [36] 谢奎忠, 邱慧珍, 岳云, 等. 尖孢镰刀菌侵染对马铃薯光合效率和叶绿素荧光参数影响[J]. *植物保护学报*, 2022, **49**(3): 927-937.
- Xie K Z, Qiu H Z, Yue Y, *et al.* Effects of *Fusarium oxysporum* infection on photosynthetic efficiency and chlorophyll fluorescence parameters of potato plants [J]. *Journal of Plant Protection*, 2022, **49**(3): 927-937.
- [37] De Menezes A B, Prendergast-Miller M T, Richardson A E, *et al.* Network analysis reveals that bacteria and fungi form modules that correlate independently with soil parameters [J]. *Environmental Microbiology*, 2015, **17**(8): 2677-2689.
- [38] Wei Z, Hu J, Gu Y A, *et al.* *Ralstonia solanacearum* pathogen disrupts bacterial rhizosphere microbiome during an invasion [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **118**: 8-17.
- [39] Wei Z, Gu Y A, Friman V P, *et al.* Initial soil microbiome composition and functioning predetermine future plant health [J]. *Science Advances*, 2019, **5**(9), doi: 10.1126/sciadv.aaw0759.
- [40] Kwak M J, Kong H G, Choi K, *et al.* Rhizosphere microbiome structure alters to enable wilt resistance in tomato [J]. *Nature Biotechnology*, 2018, **36**(11): 1100-1109.
- [41] Fierer N, Leff J W, Adams B J, *et al.* Cross-biome metagenomic analyses of soil microbial communities and their functional attributes [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2012, **109**(52): 21390-21395.
- [42] 宋长青, 吴金水, 陆雅海, 等. 中国土壤微生物学研究 10 年回顾 [J]. *地球科学进展*, 2013, **28**(10): 1087-1105.
- Song C Q, Wu J S, Lu Y H, *et al.* Advances of soil microbiology in the last decade in China [J]. *Advances in Earth Science*, 2013, **28**(10): 1087-1105.
- [43] 严淑娴, 刘茗, 刘彩霞, 等. 毛竹纯林土壤微生物多样性高于杉木纯林 [J]. *土壤学报*, 2022, **59**(6): 1704-1717.
- Yan S X, Liu M, Liu C X, *et al.* Soil microbial diversity is higher in pure stands of Moso bamboo than in pure stands of Chinese Fir [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2022, **59**(6): 1704-1717.
- [44] Bahram M, Hildebrand F, Forslund S K, *et al.* Structure and function of the global topsoil microbiome [J]. *Nature*, 2018, **560**(7717): 233-237.
- [45] Mendes L W, Tsai S M, Navarrete A A, *et al.* Soil-borne microbiome: linking diversity to function [J]. *Microbial Ecology*, 2015, **70**(1): 255-265.
- [46] 王智慧, 蒋先军. 紫色土中微生物群落结构及功能特征对土壤 pH 的差异响应 [J]. *环境科学*, 2022, **43**(7): 3876-3883.
- Wang Z H, Jiang X J. Contrasting responses of the microbial community structure and functional traits to soil pH in purple soils [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(7): 3876-3883.
- [47] Frossard A, Gerull L, Mutz M, *et al.* Disconnect of microbial structure and function: enzyme activities and bacterial communities in nascent stream corridors [J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(3): 680-691.
- [48] 仲阳, 程旭, 王万兴, 等. 泥炭和菇渣施加对南方冬闲稻田有机质、马铃薯产量和土壤微生物群落结构和功能的影响 [A]. 见: 马铃薯产业与种业创新 (2022) [C]. 哈尔滨: 黑龙江科学技术出版社, 2022.
- [49] Nguyen N H, Song Z W, Bates S T, *et al.* FUNGuild: an open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild [J]. *Fungal Ecology*, 2016, **20**: 241-248.
- [50] 李茂森, 王丽渊, 杨波, 等. 生物炭对烤烟成熟期根际真菌群落结构的影响及功能预测分析 [J]. *农业资源与环境学报*, 2022, **39**(5): 1041-1048.
- Li M L, Wang L Y, Yang B, *et al.* Effects of biochar on fungal community structure and function on flue cured tobacco [J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2022, **39**(5): 1041-1048.
- [51] 王香生, 连延浩, 郭辉, 等. 小麦红花间作系统根际微生物群落结构及功能分析 [J]. *中国生态农业学报*, 2023, **31**(4): 516-529.
- Wang X S, Lian Y H, Guo H, *et al.* Effects of wheat/safflower intercropping on rhizosphere microbial community function and structure [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2023, **31**(4): 516-529.
- [52] Smith S E, Read D J. *Mycorrhizal symbiosis* (3rd ed.) [M]. London: Academic Press, 2008.
- [53] Shi J C, Wang X L, Wang E T. Mycorrhizal symbiosis in plant growth and stress adaptation: from genes to ecosystems [J]. *Annual Review of Plant Biology*, 2023, **74**: 569-607.

CONTENTS

Prediction of Autumn Ozone Concentration in the Pearl River Delta Based on Machine Learning	CHEN Zhen, LIU Run, LUO Zheng, <i>et al.</i> (1)
Remote Sensing Model for Estimating Atmospheric PM _{2.5} Concentration in the Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area	DAI Yuan-yuan, GONG Shao-qi, ZHANG Cun-jie, <i>et al.</i> (8)
Variation Characteristics of PM _{2.5} Pollution and Transport in Typical Transport Channel Cities in Winter	DAI Wu-jun, ZHOU Ying, WANG Xiao-qi, <i>et al.</i> (23)
Characteristics of Secondary Inorganic Ions in PM _{2.5} and Its Influencing Factors in Summer in Zhengzhou	HE Bing, YANG Jie-ru, XU Yi-fei, <i>et al.</i> (36)
Characteristics and Source Apportionment of Carbonaceous Aerosols in the Typical Urban Areas in Chongqing During Winter	PENG Chao, LI Zhen-liang, XIANG Ying, <i>et al.</i> (48)
Analysis of Influencing Factors of Ozone Pollution Difference Between Chengdu and Chongqing in August 2022	CHEN Mu-lan, LI Zhen-liang, PENG Chao, <i>et al.</i> (61)
Analysis of O ₃ Pollution Affected by a Succession of Three Landfall Typhoons in 2020 in Eastern China	HUA Cong, YOU Yuan, WANG Qian, <i>et al.</i> (71)
Characteristics and Source Apportionment of VOCs Initial Mixing Ratio in Beijing During Summer	ZHANG Bo-tao, JING Kuan, WANG Qin, <i>et al.</i> (81)
Review of Comprehensive Evaluation System of Vehicle Pollution and Carbon Synergistic Reduction	FAN Zhao-yang, TONG Hui, LIANG Xiao-yu, <i>et al.</i> (93)
Study of Peak Carbon Emission of a City in Yangtze River Delta Based on LEAP Model	YANG Feng, ZHANG Gui-chi, SUN Ji, <i>et al.</i> (104)
Driving Forces and Mitigation Potential of CO ₂ Emissions for Ship Transportation in Guangdong Province, China	WENG Shu-juan, LIU Ying-ying, TANG Feng, <i>et al.</i> (115)
Carbon Emission Characteristics and Influencing Factors of Typical Processes in Drinking Water Treatment Plant	ZHANG Xiang-yu, HU Jian-kun, MA Kai, <i>et al.</i> (123)
Distribution Characteristics of Arsenic in Drinking Water in China and Its Health Risk Based on Disability-adjusted Life Years	DOU Dian-cheng, QI Rong, XIAO Shu-min, <i>et al.</i> (131)
Spatiotemporal Occurrence of Organophosphate Esters in the Surface Water and Sediment of Taihu Lake and Relevant Risk Assessment	ZHANG Cheng-nuo, ZHONG Qin, LUAN Bo-wen, <i>et al.</i> (140)
Exposure Level and Risk Impact Assessment of Pesticides and Veterinary Drugs in Aquaculture Environment	ZHANG Kai-wen, ZHANG Hai-yan, KONG Cong, <i>et al.</i> (151)
Variation in Phosphorus Concentration and Flux at Zhutuo Section in the Yangtze River and Source Apportionment	LOU Bao-feng, XIE Wei-min, HUANG Bo, <i>et al.</i> (159)
“Load-Unload” Effect of Manganese Oxides on Phosphorus in Surface Water of the Pearl River Estuary	LI Rui, LIANG Zuo-bing, WU Qi-rui, <i>et al.</i> (173)
Factors Influencing the Variation in Phytoplankton Functional Groups in Fuchunjiang Reservoir	ZHANG Ping, WANG Wei, ZHU Meng-yuan, <i>et al.</i> (181)
Hydrochemical Characteristics and Formation Mechanism of Groundwater in the Western Region of Hepu Basin, Beihai City	CHEN Wen, WU Ya, ZHANG Hong-xin, <i>et al.</i> (194)
Controlling Factors of Groundwater Salinization and Pollution in the Oasis Zone of the Cherchen River Basin of Xinjiang	LI Jun, OUYANG Hong-tao, ZHOU Jin-long (207)
Spatial-temporal Evolution of Ecosystem Health and Its Influencing Factors in Beijing-Tianjin-Hebei Region	LI Kui-ming, WANG Xiao-yan, YAO Luo-lan (218)
Spatial and Temporal Evolution and Impact Factors Analysis of Ecosystem Service Value in the Liaohe River Delta over the Past 30 Years	WANG Geng, ZHANG Fu-rong (228)
Effects of Photovoltaic Power Station Construction on Terrestrial Environment: Retrospect and Prospect	TIAN Zheng-qing, ZHANG Yong, LIU Xiang, <i>et al.</i> (239)
Spatiotemporal Evolution and Quantitative Attribution Analysis of Vegetation NDVI in Greater Khingan Mountains Forest-Steppe Ecotone	SHI Song, LI Wen, QU Chen, <i>et al.</i> (248)
Spatio-temporal Variation in Net Primary Productivity of Different Vegetation Types and Its Influencing Factors Exploration in Southwest China	XU Yong, ZHENG Zhi-wei, MENG Yu-chi, <i>et al.</i> (262)
Impacts of Extreme Climate Events at Different Altitudinal Gradients on Vegetation NPP in Songhua River Basin	CUI Song, JIA Zhao-yang, GUO Liang, <i>et al.</i> (275)
Spatial and Temporal Evolution and Prediction of Carbon Storage in Kunming City Based on InVEST and CA-Markov Model	Paruke Wusimanjiang, AI Dong, FANG Yi-shu, <i>et al.</i> (287)
Spatial-Temporal Evolution and Prediction of Carbon Storage in Jiuquan City Ecosystem Based on PLUS-InVEST Model	SHI Jing, SHI Pei-ji, WANG Zi-yang, <i>et al.</i> (300)
Soil Carbon Pool Allocation Dynamics During Soil Development in the Lower Yangtze River Alluvial Plain	HU Dan-yang, ZHANG Huan, SU Bao-wei, <i>et al.</i> (314)
Spatial Distribution Patterns of Soil Organic Carbon in Karst Forests of the Lijiang River Basin and Its Driving Factors	SHEN Kai-hui, WEI Shi-guang, LI Lin, <i>et al.</i> (323)
Effect of Land Use on the Stability of Soil Organic Carbon in a Karst Region	CHEN Jian-qi, JIA Ya-nan, HE Qiu-fang, <i>et al.</i> (335)
Spatial Distribution Characteristics of Soil Carbon and Nitrogen in Citrus Orchards on the Slope of Purple Soil Hilly Area	LI Zi-yang, CHEN Lu, ZHAO Peng, <i>et al.</i> (343)
Effects of Experimental Nitrogen Deposition and Litter Manipulation on Soil Organic Components and Enzyme Activity of Latosol in Tropical Rubber Plantations	XUE Xin-xin, REN Chang-qi, LUO Xue-hua, <i>et al.</i> (354)
Analysis on Driving Factors, Reduction Potential, and Environmental Effect of Inorganic Fertilizer Input in Chongqing	LIANG Tao, ZHAO Jing-kun, LI Hong-mei, <i>et al.</i> (364)
Research Progress on Distribution, Transportation, and Control of Per- and Polyfluoroalkyl Substances in Chinese Soils	LIU Hao-ran, XING Jing-yi, REN Wen-jie (376)
Prediction of Spatial Distribution of Heavy Metals in Cultivated Soil Based on Multi-source Auxiliary Variables and Random Forest Model	XIE Xue-feng, GUO Wei-wei, PU Li-jie, <i>et al.</i> (386)
Health Risk Assessment and Priority Control Factors Analysis of Heavy Metals in Agricultural Soils Based on Source-oriented	MA Jie, GE Miao, WANG Sheng-lan, <i>et al.</i> (396)
Contamination Characteristics and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in an Abandoned Pyrite Mining Area of Tongling City, China	LI Ru-zhong, LIU Yu-hao, HUANG Yan-huan, <i>et al.</i> (407)
Source Appointment and Assessment of Heavy Metal Pollution in Surface Dust in the Main District Bus Stops of Tianshui City	LI Chun-yan, WANG Xin-min, WANG Hai, <i>et al.</i> (417)
Response of Cadmium in Soil-rice to Different Conditioners Based on Field Trials	TANG Le-bin, LIU Xin-cai, SONG Bo, <i>et al.</i> (429)
Regulation Effects of Humus Active Components on Soil Cadmium Availability and Critical Threshold for Rice Safety	HU Xiu-zhi, SONG Yi, WANG Tian-yu, <i>et al.</i> (439)
Using Biochar and Iron-calcium Material to Remediate Paddy Soil Contaminated by Cadmium and Arsenic	WU Qiu-chan, WU Ji-zi, ZHAO Ke-li, <i>et al.</i> (450)
Research Progress on Characteristics of Human Microplastic Pollution and Health Risks	MA Min-dong, ZHAO Yang-chen, ZHU Long, <i>et al.</i> (459)
Effects of Polystyrene Microplastics Combined with Cadmium Contamination on Soil Physicochemical Properties and Physiological Ecology of <i>Lactuca sativa</i>	NIU Jia-rui, ZOU Yong-jun, JIAN Min-fei, <i>et al.</i> (470)
Transcriptome Analysis of Plant Growth-promoting Bacteria Alleviating Microplastic and Heavy Metal Combined Pollution Stress in Sorghum	LIU Yong-qi, ZHAO Si-yu, REN Xue-min, <i>et al.</i> (480)
Effects of Microplastics on the Leaching of Nutrients and Cadmium from Soil	ZHAO Qun-fang, CHU Long-wei, DING Yuan-hong, <i>et al.</i> (489)
Effect of Microplastics and Phenanthrene on Soil Chemical Properties, Enzymatic Activities, and Microbial Communities	LIU Sha-sha, QIN Jian-qiao, WU Xian-ge (496)
Prediction of Soil Bacterial Community Structure and Function in Minqin Desert-oasis Ecotone Artificial <i>Haloxylon ammodendron</i> Forest	WANG An-lin, MA Rui, MA Yan-jun, <i>et al.</i> (508)
Response of Soil Fungal Community to Biochar Application Under Different Irrigation Water Salinity	ZHENG Zhi-yu, GUO Xiao-wen, MIN Wei (520)
Effects of Organic Fertilizer of Kitchen Waste on Soil Microbial Activity and Function	LIU Mei-ling, WANG Yi-min, JIN Wen-hao, <i>et al.</i> (530)
Response Characteristics of Soil Fungal Community Structure to Long-term Continuous Cropping of Pepper	CHEN Fen, YU Gao, WANG Xie-feng, <i>et al.</i> (543)
Effects of Foliar Application of Silicon Fertilizers on Phyllosphere Bacterial Community and Functional Genes of Paddy Irrigated with Reclaimed Water	LIANG Sheng-xian, LIU Chun-cheng, HU Chao, <i>et al.</i> (555)
Analysis of Bacterial Communities and Antibiotic Resistance Genes in the Aquaculture Area of Changli County	WANG Qiu-shui, CHENG Bo, LIU Yue, <i>et al.</i> (567)
High-throughput qPCR and Amplicon Sequencing as Complementary Methods for Profiling Antibiotic Resistance Genes in Urban Wetland Parks	HUANG Fu-yi, ZHOU Shu-yi-dan, PAN Ting, <i>et al.</i> (576)
Characteristics of Vertical Distribution and Environmental Factors of Antibiotics in Quaternary Sedimentary Column in Urban Areas	LIU Ke, TONG Lei, GAN Cui, <i>et al.</i> (584)
Adsorption Performance and Mechanism of Oxytetracycline in Water by KOH Modified Biochar Derived from Corn Straw	LIU Zong-tang, SUN Yu-feng, FEI Zheng-hao, <i>et al.</i> (594)
Comparison of Pb ²⁺ Adsorption Properties of Biochars Modified Through CO ₂ Atmosphere Pyrolysis and Nitric Acid	JIANG Hao, CHEN Rui-zhi, ZHU Zi-yang, <i>et al.</i> (606)