

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2019

Vol.40 No.10

第40卷 第10期

目次

京津冀区域重污染期间 PM _{2.5} 垂直分布及输送·····	肖致美, 徐虹, 李鹏, 唐遵, 陈魁, 杨宁, 郑乃源, 杨文, 邓小文 (4303)
肇庆市一次典型污染天气的污染物来源解析·····	常树诚, 廖程浩, 曾武涛, 杨柳林, 俞绍才, 陈雪, 郑剑平 (4310)
聊城市冬季 PM _{2.5} 中水溶性化合物的昼夜变化特征及来源解析·····	衣雅男, 侯战方, 孟静静, 燕丽, 王心培, 刘晓迪, 伏梦璇, 魏本杰 (4319)
沈阳市国三和国四排放标准不同车型柴油车 PM _{2.5} 和 PM ₁₀ 排放因子及碳组分源谱·····	赵雪艳, 王静, 祝胜男, 卞思思, 张宇, 王歆华, 殷宝辉, 杨文, 白志鹏 (4330)
城市生活垃圾露天焚烧排放 PM _{2.5} 中重金属污染特征及其暴露健康风险·····	程轲, 季婉婉, 郝炜伟, 王艳, 易鹏, 支国瑞, 张佳羽, 张洋, 张诗澜 (4337)
某工业城市大气颗粒物中 PAHs 的粒径分布及人体呼吸系统暴露评估·····	王娟, 郭观林, 秦宁, 侯荣, 杨敏, 康艺瑾, 段小丽 (4345)
南京城市大气氨-铵的高频演化及其气粒转化机制·····	邵生成, 常运华, 曹芳, 林煜棋, 范美益, 谢锋, 洪一航, 章炎麟 (4355)
广州地区大气棕色碳气溶胶吸收特性·····	李铸杰, 谭浩波, 郑军 (4364)
郑州市春季大气挥发性有机物污染特征及源解析·····	张翼翔, 尹沙沙, 袁明浩, 张瑞芹, 张猛, 于世杰, 李一丹 (4372)
基于原料类型及末端治理的典型溶剂使用源 VOCs 排放系数·····	梁小明, 陈来国, 孙西勃, 赵伟, 卢清, 孙家仁, 陈朋龙, 叶代启 (4382)
北京市典型溶剂使用行业 VOCs 成分谱·····	方莉, 刘明文, 陈丹妮, 李国昊, 王迪, 邵霞, 聂磊 (4395)
民用固体燃料源的 IVOCs 排放特征及燃烧温度的影响·····	卢雅静, 冯艳丽, 钱哲, 韩勇, 陈颖军 (4404)
利用地面观测资料和 AIRS 卫星资料评估 MACC 再分析臭氧数据中国地区的适用性·····	王闰芳, 马晓丹, 赵天良, 王红磊, 丁涵, 郑小波 (4412)
镁铝水滑石衍生复合氧化物的 COS 水解性能·····	魏征, 张鑫, 张凤莲, 蒋国霞, 张雨萌, 周化兵, 郝郑平, 解强 (4423)
长江源区大气降水化学特征及离子来源·····	汪少勇, 何晓波, 吴锦奎, 丁永建, 胡召富, 王利辉, 杨贵森 (4431)
连续极端降雨对东江流域水质影响分析·····	车蕊, 林澍, 范中亚, 李文静, 曾凡棠, 毛本健, 石雷, 黄志伟 (4440)
基于湖泊与出入湖水水质关联性研究:以鄱阳湖为例·····	黄冬凌, 倪兆奎, 赵爽, 张波涛, 冯明雷, 陈宏文, 李晓秀, 王圣瑞 (4450)
金泽水库上游来水及库区水质变化时空分布特征·····	刘明坤, 童俊, 胡波, 朱慧峰, 白晓慧 (4461)
太湖不同介质电导率时空变化特征·····	王瑞, 代丹, 张弛, 邓义祥, 何成达, 于涛 (4469)
大型浅水湖泊磷模型参数不确定性及敏感性分析·····	施媛媛, 李一平, 程月, 程一鑫 (4478)
基于 MODIS 影像的洪泽湖水生植被覆盖时空变化特征及影响因素分析·····	李娜, 施坤, 张运林, 龚志军, 查勇, 张毅博 (4487)
草型湖区沉积物营养盐分布与污染评价·····	张杰, 汪院生, 郭西亚, 朱金格, 邓建才 (4497)
太湖草型湖区沉积物中生物易降解物质组成与分布规律·····	祁闯, 方家琪, 张利民, 司泽君, 黄和笑, 王卓森, 李翔, 王磊, 王国祥 (4505)
淀山湖浮游动物群落时空分布特征及其与环境因子的关系·····	杜彩丽, 杨丽, 赵诣, 吴晓敏, 徐慕, 王丽卿, 张玮 (4513)
岩溶区不同土地利用下地下水碳同位素地球化学特征及生态意义·····	任坤, 潘晓东, 曾洁, 焦友军, 彭聪, 梁嘉鹏 (4523)
岩溶地下水化学对城镇化进程的时序响应·····	杨应增, 何守阳, 吴攀, 吴起鑫, 韩志伟, 罗维 (4532)
巴中北部岩溶山区地下水化学特征及演化分析·····	唐金平, 张强, 胡漾, 邵江, 何文君, 张宇 (4543)
δ-MnO ₂ /沸石纳米复合材料同时去除地下水中的铁锰氨氮·····	马文婕, 陈天虎, 陈冬, 刘海波, 程鹏, 张泽鑫, 陶琼, 张玉珠 (4553)
不同香蒲预处理方式对水平潜流人工湿地脱氮的强化效果·····	熊家晴, 卢学斌, 郑于聪, 王晓昌 (4562)
不同控制策略下短程硝化启动及运行工况优化·····	刘安迪, 赵凯亮, 刘宏, 黄利, 倪蓉, 陈永志 (4569)
启动三级 PN/A 颗粒污泥反应器处理高浓度氨氮废水·····	吉晓庆, 齐泽坤, 钱飞跃, 沈耀良, 王建芳 (4578)
聚丙烯环生物滴滤塔去除实际市政污水厂硫化氢性能及微生物群落分析·····	孙事昊, 贾沛沛, 陈凯琦, 彭永臻, 张亮 (4585)
典型工业区土壤多环芳烃污染特征及影响因素·····	冉宗信, 陈靖宇, 王亚婷, 邢智, 魏威, 余江 (4594)
5 种典型有机磷酸酯在水-土壤界面吸附特征及影响因素·····	何明靖, 杨志豪, 魏世强 (4604)
Cu ²⁺ 和 Pb ²⁺ 在 BS-12 两性修饰膨润土上的吸附及其交互作用·····	卜帅宾, 孟昭福, Sambath Yek, 张梦飞, 王腾, 任爽, 张凌恺 (4611)
滇东南峰丛洼地土壤重金属含量、来源及潜在生态风险评价·····	洪涛, 孔祥胜, 岳祥飞 (4620)
贵州罗甸北部喀斯特地区耕地土壤镉含量特征与风险评价·····	唐启琳, 刘秀明, 刘方, 汪花, 王世杰 (4628)
渝西地区镉轻度污染稻田安全利用技术·····	李娜, 贺红周, 冯爱煊, 李伟, 蒋珍茂, 魏世强 (4637)
不同作物对土壤中 Cd 的富集特征及低累积品种筛选·····	陈小华, 沈根祥, 白玉杰, 郭春霞, 钱晓雍, 顾海蓉, 胡双庆, 赵庆节, 王振旗, 付侃 (4647)
小麦和水稻对纳米硒的吸收和转运·····	王雅琦, 朱丽娜, 李奎, 王琪, 王康, 郭岩彬, 李花粉 (4654)
微塑料对小麦生长及生理生化特性的影响·····	廖苑辰, 娜孜依古丽·加合甫别克, 李梅, 王晓琳, 蒋丽娟 (4661)
药渣生物炭基质联合麦饭石对土壤-黑麦草体系的调控与机制·····	肖亮亮, 丁园 (4668)
磺胺甲噁唑污染土壤中微生物群落结构与抗生素抗性基因的分布特征·····	张海丰, 史明明, 孙艳梅, 程首涛, 高浩泽, 王旭明 (4678)
生活垃圾渗滤液处理过程中抗生素抗性基因的变化特征·····	黄福义, 周曙仡聃, 颜一军, 苏建强, 朱永官, 张炯 (4685)
有机肥施用量对土壤有机碳组分和团聚体稳定性的影响·····	邵慧芸, 李紫玥, 刘丹, 李熠凡, 鲁璐, 王旭东, 张阿凤, 王彦丽 (4691)
灌水和生物炭施用对水稻土呼吸温度敏感性的影响·····	周鹏, 祁乐, 牛海东, 王子芳, 高明 (4700)
柑橘/大蒜盖套作下土壤 CO ₂ 排放及其效率对秸秆还田量的响应·····	游璟, 倪九派, 黄容, 张洋, 谢德体 (4708)
增温及秸秆施用对豆-麦轮作土壤微生物量碳氮及细菌群落结构的影响·····	张婷婷, 陈书涛, 王君, 王朝辉, 胡正华 (4718)
O ₃ 胁迫下冬小麦总初级生产力的损耗模拟·····	徐静馨, 郑有飞, 王圣, 王立稳, 赵秀勇, 麦博儒 (4725)
2000~2015 年中国地级市化肥使用量的时空变化特征·····	潘晓东, 李品, 冯兆忠, 段昌群 (4733)
《环境科学》征订启事 (4394) 《环境科学》征稿简则 (4449) 信息 (4584, 4593, 4653)	

增温及秸秆施用对豆-麦轮作土壤微生物量碳氮及细菌群落结构的影响

张婷婷^{1,2}, 陈书涛^{1,2*}, 王君², 王朝辉², 胡正华²

(1. 南京信息工程大学江苏省大气环境与装备技术协同创新中心, 南京 210044; 2. 南京信息工程大学应用气象学院, 南京 210044)

摘要: 为研究增温和秸秆施用对农田土壤微生物量碳氮和细菌群落结构的影响, 设置随机区组试验, 试验设置空白 (CK)、增温 (WA)、秸秆施用 (SA) 和增温及秸秆施用 (WS) 这 4 种处理. 分别在大豆生长季和冬小麦生长季采集土壤样品, 测定土壤微生物量碳氮, 并采用 Illumina HiSeq 高通量测序法测定土壤细菌群落结构. 结果表明, 无论是大豆季还是冬小麦季, 不同增温及秸秆施用处理的土壤微生物量碳含量均无显著 ($P > 0.05$) 差异, 大豆季增温处理土壤微生物量氮含量显著 ($P < 0.01$) 高于对照, 且大豆季土壤微生物量氮含量极显著 ($P < 0.001$) 高于冬小麦季. 大豆季各处理间土壤细菌纲、目、科和属水平上的类群均无显著 ($P > 0.05$) 差异, 冬小麦季不同处理间的细菌群落结构存在显著差异. 大豆季 CK 与 WA、SA 处理最具优势的芽单胞菌目 (Gemmatimonadales)、芽单胞菌科 (Gemmatimonadaceae) 和鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 的细菌比例之间均存在显著 ($P < 0.05$) 差异, 冬小麦季 CK 与 WA 处理最具优势的 γ -变形菌纲 (γ -Proteobacteria) 的细菌比例之间存在显著 ($P < 0.05$) 差异. 大豆季增温处理的物种数、Shannon 指数、Simpson 指数和 Chao1 指数均最小, 冬小麦季增温及秸秆施用处理的物种数、Shannon 指数、Simpson 指数和 Chao1 指数均最大. 大豆季土壤细菌 α 多样性指标与土壤微生物量碳氮之间存在极显著 ($P < 0.001$) 的相关关系, 而冬小麦季这些指标之间则不存在类似的关系.

关键词: 增温; 秸秆施用; 微生物量碳氮; 细菌; 群落结构

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2019)10-4718-07 DOI: 10.13227/j.hjlx.201902035

Effects of Warming and Straw Application on Soil Microbial Biomass Carbon and Nitrogen and Bacterial Community Structure

ZHANG Ting-ting^{1,2}, CHEN Shu-tao^{1,2*}, WANG Jun², WANG Zhao-hui², HU Zheng-hua²

(1. Jiangsu Collaborative Innovation Center of Atmospheric Environment and Equipment Technology (CICAEET), Nanjing University of Information Science and Technology, Nanjing 210044, China; 2. School of Applied Meteorology, Nanjing University of Information Science and Technology, Nanjing 210044, China)

Abstract: In order to investigate the effects of warming and straw application on soil microbial biomass carbon and nitrogen and bacterial community structure, a randomized block experiment was performed. Four treatments were included, namely a control (CK), warming (WA), straw application (SA), and warming and straw application (WS) treatments. The soils were sampled during the soybean (Sep. 23, 2017) and winter wheat (April 21, 2018) growing seasons. The soils were used to determine the microbial biomass C and N content using chloroform fumigation methods, and the bacterial community structure was evaluated using high-throughput sequencing (Illumina HiSeq). Results indicated that there was no significant difference in microbial biomass C between different warming and straw application treatments ($P > 0.05$). The microbial biomass N of the warming treatment was significantly higher than that of control in the soybean field ($P < 0.01$). There were significant differences in the most dominant soil bacteria between treatments in the soybean growing season ($P < 0.05$) at the class, order, family, and genus levels, while there was no difference in the winter wheat growing season. The percentages of dominant Gemmatimonadales, Gemmatimonadaceae, and *Sphingomonas* in the CK and WA (or SA) treatments were significantly different ($P < 0.05$) in the soybean growing season. There was a significant ($P < 0.05$) difference in the dominant Gammaproteobacteria between the CK and WA treatments in the winter wheat growing season. The observed number of species, Shannon index, Simpson index, and Chao1 index were lowest in the warming plots in the soybean growing season and highest in the warming and straw application plots in the winter wheat growing season. The Shannon index for the WA plots was significantly higher than in the WS plots in the soybean growing season ($P < 0.05$). The observed number of species, Shannon index, Simpson index, and Chao1 index were significantly higher in the soybean plots than in the winter wheat plots ($P < 0.05$), while the abundance was significantly higher in the winter wheat plots than in the soybean plots ($P < 0.05$). The soybean growing season had significantly higher diversity than the winter wheat growing season. The indexes of α diversity were highly significantly correlated with soil microbial biomass C and N in the soybean growing season ($P < 0.001$), while there was no such correlation in the winter wheat growing season. The indices of α diversity were significantly correlated in both the soybean growing season and winter wheat growing season ($P < 0.05$).

收稿日期: 2019-02-14; 修订日期: 2019-04-14

基金项目: 国家自然科学基金项目 (41775151, 41775152); 江苏省“六大人才高峰”项目 (2015-NY-012)

作者简介: 张婷婷 (1994 ~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤微生物与气候变化, E-mail: iamedith@foxmail.com

* 通信作者, E-mail: chenstyf@aliyun.com

Key words: warming; straw application; microbial biomass carbon and nitrogen; bacteria; community structure

温室气体排放导致的全球变暖是当前重要的环境问题。CO₂ 是最主要的温室气体, 其在大气中的浓度升高也是导致全球变暖的最主要原因。全球变暖对生态系统具有重要影响, 不仅会影响生态系统中的生物群落, 而且会导致生态系统碳氮循环发生变化^[1]。人们一般通过增温试验研究其对生态系统的影响。

细菌是土壤中最重要的一种微生物类型, 其群落结构与温度升高具有密切关系, 同时, 作为土壤碳氮循环重要表征因子的微生物量碳和微生物量氮也随温度升高而发生变化^[2]。增温对土壤细菌的影响还与其他因子共同起作用^[3]。

有研究表明, 增温可促进土壤微生物生长并使其活性增强, 这会使微生物量碳氮含量增大^[3, 4], Xu 等^[5]发现一个生长季的短期增温未显著改变森林土壤微生物量碳氮的含量, Frey 等^[6]进行的 12 a 增温试验表明, 增温降低了土壤微生物量, 并造成了革兰氏阳性菌和放线菌数量的变化。温度升高条件下磷脂脂肪酸 (PLFAs) 含量和多样性的下降表明增温可能导致了一些微生物种群在增温压力下的死亡或细胞膜特性的改变^[7]。秸秆还田是常见的农业管理措施, 尤其是在目前秸秆禁烧的大背景下, 秸秆还田量在逐渐增加, 这对农田土壤微生物也会产生影响。一方面, 增温会直接导致秸秆分解速率加快, 另一方面, 增温会改变微生物群落结构和微生物量, 进而影响秸秆的分解速率, 因而增温和秸秆施用可能存在交互效应。增温导致的秸秆分解速率的变化又可能会影响土壤微生物群落结构和微生物量。有研究表明, 秸秆施用为微生物提供了丰富的碳氮营养源和能源, 从而会提高微生物生物量和微生物群落的生理代谢活性^[8, 9]。而 Bending 等^[10]发现不同质量秸秆的施用并未导致土壤微生物功能多样性的差异, 他们认为群落生理代谢在秸秆降解过程中有趋同现象, 这一研究结果与李涛等^[11]的结果具有一致性。以往关于增温及秸秆施用对农田土壤微生物的影响研究相对较少, 特别是缺乏采用高通量测序法研究农田细菌群落结构对增温及秸秆施用响应规律的研究。

大豆-冬小麦麦轮作是我国主要的农业种植方式之一, 这种农业生态系统中不同生长季节的土壤细菌对增温和秸秆施用如何响应值得探讨。本研究测定不同增温及秸秆施用处理下农田土壤微生物量碳氮的变化规律, 并采用高通量测序法研究土壤细菌群落结构, 这对于评估未来气候变暖和秸秆还田

量增加对农田土壤微生物生态系统的影响规律具有重要科学意义。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

于 2017-10 在南京信息工程大学农业气象试验站 (32.16°N, 118.86°E) 设置了 1 个农田生态系统长期增温及秸秆还田试验, 作物种植方式为冬小麦-大豆轮作, 冬小麦生长季为每年 11 月~次年 5 月, 大豆生长季为每年 6~10 月。试验田的土壤为黄棕壤。在进行本研究的冬小麦-大豆轮作之前, 试验地田间情况一致, 土质均一, 取 0~20 cm 土壤样品, 测定了土壤理化性质, 采用 1:2.5 的土水比浸提法测定的 pH 值为 6.3, 采用重铬酸钾容量法测定的有机碳含量为 19.4 g·kg⁻¹, 采用凯氏定氮法测定的全氮含量为 1.15 g·kg⁻¹, 采用环刀法测定得到的容重为 1.54 g·cm⁻³, 采用室内环刀法测定得到的田间持水量为 25.6%。

1.2 田间试验设计

本研究为一项增温及秸秆施用对农田生态系统影响的长期定位试验的一部分, 该试验开始于 2014-11, 采用随机区组试验, 试验地划分为 3 个区组, 每区组设置对照 (CK)、增温 (WA)、秸秆施用 (SA) 和增温及秸秆施用 (WS) 共 4 个处理。田间试验小区 (2.5 m×2.5 m) 共计 12 个。采用红外辐射加热管对增温小区昼夜增温。增温小区中的增温装置为 3 个红外辐射加热管, 每个加热管功率 250 W。全生长季平均增温幅度为 2℃。在冬小麦田翻耕前将大豆秸秆切成 10 cm 长的寸段施入到秸秆施用的小区中, 施入量为每小区 2.86 kg; 在大豆田翻耕前按照每小区 2.86 kg 的量将冬小麦秸秆切成 10 cm 长的寸段施入到对应小区中^[12]。

1.3 土壤样品采集及测定

分别于 2017-09-23 和 2018-04-21 采集大豆田和冬小麦田的土壤样品, 采集土壤样品的层次为 0~20 cm, 采集的土壤样品用于分析土壤微生物量碳氮含量, 并用高通量测序分析土壤细菌群落结构。

以氯仿对新鲜土壤样品熏蒸 24 h 后, 被杀死的土壤微生物生物量能够以一定比例被 0.5 mol·L⁻¹ 的 K₂SO₄ 溶液提取, 并可被定量测定, 根据熏蒸土壤与未熏蒸土壤测定的有机碳量的差值和提取效率 (或转换系数) 来估算土壤微生物量碳和微生物量氮。

利用 Illumina HiSeq 高通量测序平台进行土壤细菌群落结构测定. 本研究中, 在进行细菌群落结构的高通量测序前首先需要从土壤样品中提取微生物 DNA, 采用 E. Z. N. A.® Soil DNA Kit (Omega Bio-tek, Norcross, USA) 土壤基因组 DNA 提取试剂盒提取土壤中微生物总 DNA, 使用土样约 500 mg. 采用电泳体系进行纯度检验, 提取的 DNA 条带大小均在 20 kb 左右, 可用于 PCR 扩增检验. 用 Nanodrop 检测 DNA 浓度及总量, 并进行 PCR 预扩增检测样品是否合格. 土壤样品检测合格后进行可变区域的扩增, 以得到的 DNA 为总模板, 采用通用引物 515F (5'-barcode- GTGCCAGCMGCCGCGG-3') 和 907R (5'-CCGTCAATTCMTTTRAGTTT-3') 对土壤基因组 16S rDNA 特异片段进行 PCR 扩增, PCR 扩增产物用 2% 浓度的琼脂糖凝胶电泳检测, PCR 反应条件: 95℃ 预变性 2 min; 25 个循环过程: 95℃ (30 s)、55℃ (30 s)、72℃ (30 s)、72℃ (5 min). 扩增后的产物进行质检、纯化以及文库构建, 构建好的文库经 Qubit 和 QPCR 定量, 文库合格后, 利用 HiSeq 进行上机测序.

1.4 数据结果分析

测序得到的原始下机数据用 usearch 软件对数据进行去嵌合体 and 聚类的操作, 经拼接和过滤得到清洁标签数据 (clean tags), 之后经过嵌合体的去除得到有效数据 (effective tags), 基于质控合格的有效数据进行后续生物信息分析, 即根据特定的阈值 (默认选取 97%) 进行 OTU 聚类, 结合目前最权威的微生物数据库 (Unite 数据库) 进行物种注释和物种分类分析. 需对每个样品的 tags 进行随机抽平处理, 并提取对应的 OTU 序列. 后续基于 OTU 的分析, 可以获得样品的丰度信息、样本内 α 多样性指数. α 多样性指数包括 Shannon 指数、Simpson 指

数、Chao1 指数、覆盖度 (goods_coverage) 和物种数 (observed species). 通过多种统计比较, 可以挖掘样品之间的群落结构和物种组成差异. 采用 Excel 和 SPSS 统计软件对所得数据作图并进行单因素方差分析.

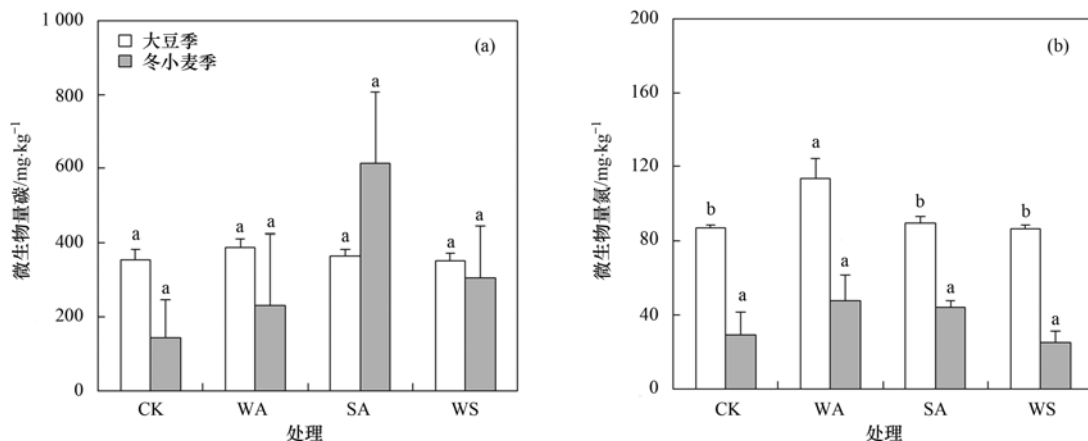
2 结果与分析

2.1 土壤微生物量碳和微生物量氮

方差分析表明, 无论是对于大豆季还是冬小麦季, 不同增温及秸秆施用处理的土壤微生物量碳含量均无显著 ($P > 0.05$) 差异, 且大豆季和冬小麦季的土壤微生物量碳含量无显著 ($P > 0.05$) 差异 [图 1 (a)]. 冬小麦季不同增温及秸秆施用处理的土壤微生物量氮含量均无显著 ($P > 0.05$) 差异, 大豆季 WA 处理土壤微生物氮含量差异显著 ($P < 0.01$) 高于 CK, 且大豆季土壤微生物量氮含量差异极显著 ($P < 0.001$) 高于冬小麦季 [图 1 (b)], 例如大豆季的 CK 土壤微生物量氮含量为 $(86.7 \pm 1.82) \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 而冬小麦季的 CK 土壤微生物量氮含量为 $(29.40 \pm 12.36) \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 前者约是后者的 3 倍.

2.2 土壤细菌群落结构

表 1 为大豆季和冬小麦季不同增温及秸秆施用处理下纲、目、科和属水平上的细菌优势类群相对丰度. 大豆季在纲水平上的优势纲为酸杆菌纲 (Acidobacteria)、 α -变形菌纲 (α -Proteobacteria)、 β -变形菌纲 (β -Proteobacteria) 和鞘脂杆菌纲 (Sphingobacteriia) 等. 大豆季最占优势的目为芽单胞菌目 (Gemmatimonadales), 根瘤菌目 (Rhizobiales) 的占比也较大. 大豆季的最具优势科为芽单胞菌科 (Gemmatimonadaceae), 最具优势的属为鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*). 各处理间土壤细菌纲、目、科和属水平上的类群均无显著 ($P <$



图中相同字母表示对于大豆或冬小麦季而言不同处理间无显著差异 ($P > 0.05$), 不同字母表示处理间存在显著差异 ($P < 0.05$)

图 1 不同处理的土壤微生物量碳及微生物量氮含量

Fig. 1 Soil microbial biomass C and N for the different treatments

表 1 增温及秸秆施用对纲、目、科和属水平上细菌优势类群相对丰度的影响¹⁾/%
Table 1 Effects of warming and straw application on the relative abundance of dominant soil bacterial at the class, order, family, and genus levels/%

生长季	分类水平	细菌	CK	WA	SA	WS
大豆	纲	酸杆菌纲 Acidobacteria	17.82 ± 2.40 (a)	18.73 ± 1.92 (a)	20.05 ± 0.58 (a)	19.47 ± 0.80 (a)
		α-变形菌纲 α-Proteobacteria	16.23 ± 2.02 (a)	18.26 ± 1.98 (a)	15.60 ± 0.49 (a)	17.88 ± 0.38 (a)
		β-变形菌纲 β-Proteobacteria	9.30 ± 1.87 (a)	9.61 ± 1.79 (a)	8.00 ± 1.84 (a)	8.81 ± 1.51 (a)
		鞘脂杆菌纲 Sphingobacteriia	5.54 ± 1.08 (a)	5.05 ± 2.28 (a)	6.88 ± 0.86 (a)	5.36 ± 0.54 (a)
	目	芽单胞菌目 Gemmatimonadales	7.64 ± 0.26 (a)	5.20 ± 0.07 (b)	5.13 ± 1.30 (b)	6.19 ± 1.09 (ab)
		鞘脂单胞菌目 Sphingomonadales	6.89 ± 1.88 (a)	9.28 ± 1.85 (b)	5.16 ± 2.18 (b)	7.64 ± 1.22 (ab)
		脂杆菌目 Sphingobacteriales	5.54 ± 0.58 (a)	5.05 ± 0.49 (a)	6.88 ± 0.86 (a)	5.36 ± 1.04 (a)
		根瘤菌目 Rhizobiales	5.44 ± 0.62 (a)	4.29 ± 0.75 (a)	5.32 ± 0.82 (a)	5.41 ± 0.41 (a)
	科	芽单胞菌科 Gemmatimonadaceae	7.32 ± 0.07 (a)	4.52 ± 1.30 (b)	5.54 ± 1.09 (b)	6.11 ± 0.55 (ab)
		鞘酯菌科 Sphingomonadaceae	6.37 ± 1.82 (ab)	8.64 ± 2.19 (a)	5.62 ± 1.24 (b)	6.96 ± 1.64 (ab)
		噬几丁质菌科 Chitinophagaceae	5.33 ± 0.38 (a)	3.58 ± 0.92 (a)	6.01 ± 0.96 (a)	4.35 ± 0.77 (a)
		酸杆菌科 Acidobacteriaceae	2.07 ± 0.68 (a)	8.56 ± 4.53 (a)	2.69 ± 3.88 (a)	5.12 ± 3.59 (a)
	属	鞘氨醇单胞菌属 Sphingomonas	6.12 ± 1.74 (ab)	8.59 ± 1.70 (a)	4.64 ± 2.27 (b)	6.84 ± 1.26 (ab)
		芽单胞菌属 Gemmatimonas	2.51 ± 0.46 (a)	2.32 ± 0.48 (a)	1.52 ± 0.51 (a)	2.28 ± 0.44 (a)
冬小麦	纲	γ-变形菌纲 γ-Proteobacteria	70.56 ± 6.34 (a)	47.69 ± 1.60 (b)	53.52 ± 10.24 (ab)	36.61 ± 1.76 (b)
		杆菌纲 Bacilli	13.40 ± 3.79 (a)	14.68 ± 3.81 (a)	12.05 ± 4.94 (a)	9.29 ± 3.11 (a)
		拟杆菌纲 Bacteroidia	3.80 ± 1.10 (a)	5.15 ± 4.07 (a)	18.27 ± 8.98 (a)	10.88 ± 3.62 (a)
		无氧光细菌纲 Oxyphotobacteria	4.20 ± 1.62 (a)	19.66 ± 10.72 (a)	0.79 ± 0.13 (a)	3.00 ± 1.21 (a)
	目	假单胞菌目 Pseudomonadales	28.18 ± 8.27 (a)	28.24 ± 6.68 (a)	29.87 ± 13.03 (a)	18.75 ± 4.89 (a)
		β-变形菌目 β-Proteobacteriales	41.80 ± 13.13 (a)	18.06 ± 5.32 (b)	18.19 ± 2.76 (b)	12.88 ± 2.47 (b)
		乳杆菌目 Lactobacillales	10.63 ± 2.93 (a)	11.49 ± 3.13 (a)	9.22 ± 4.19 (a)	6.81 ± 2.26 (a)
		真核藻类菌目 Chloroplast	4.20 ± 1.62 (ab)	19.65 ± 10.72 (a)	0.79 ± 0.13 (b)	2.92 ± 1.18 (ab)
	科	假单胞菌科 Pseudomonadaceae	27.84 ± 8.22 (a)	28.12 ± 6.66 (a)	29.77 ± 13.01 (a)	18.61 ± 4.84 (a)
		伯克氏菌科 Burkholderiaceae	38.88 ± 12.99 (a)	15.50 ± 4.49 (b)	15.01 ± 2.67 (b)	8.91 ± 2.01 (b)
		肉杆菌科 Carnobacteriaceae	8.08 ± 2.29 (a)	7.97 ± 2.35 (a)	15.01 ± 2.95 (a)	4.91 ± 1.56 (a)
		鞘脂杆菌科 Sphingobacteriaceae	1.20 ± 0.61 (a)	1.50 ± 1.29 (a)	8.91 ± 4.41 (a)	4.13 ± 1.76 (a)
	属	假单胞菌属 Pseudomonas	27.84 ± 8.22 (a)	28.12 ± 6.66 (a)	29.77 ± 13.01 (a)	18.61 ± 4.84 (a)
		丛毛单胞菌属 Curvibacter	16.40 ± 5.61 (a)	7.09 ± 3.04 (ab)	6.55 ± 2.28 (ab)	1.64 ± 0.57 (b)
		明串珠菌属 Trichococcus	8.08 ± 2.29 (a)	7.97 ± 2.35 (a)	6.74 ± 2.95 (a)	4.91 ± 1.56 (a)
		未定菌属 Undibacterium	14.10 ± 5.80 (a)	4.28 ± 1.37 (ab)	2.59 ± 0.87 (b)	2.40 ± 0.48 (b)

1) 表中列出丰度排在前 4 位的细菌类群; 括号内相同字母表示对于大豆或冬小麦季的某一类细菌而言不同处理间无显著差异($P>0.05$), 不同字母表示处理间存在显著差异($P<0.05$)

0.05) 差异.

冬小麦季在纲、目、科和属水平上细菌优势类群的相对丰度与大豆季明显不同, 在纲、目、科、属水平上细菌最占优势的类群分别为 γ-变形菌纲 (γ-Proteobacteria)、假单胞菌目 (Pseudomonadales)、假单胞菌科 (Pseudomonadaceae) 和假单胞菌属 (Pseudomonas). 不同增温及秸秆施用处理间的细菌群落结构存在显著差异.

2.3 土壤细菌群落多样性

描述土壤细菌多样性的主要指标为 α 多样性. 方差分析表明, 大豆季 WA 处理的 Shannon 指数显著 ($P<0.05$) 小于 WS 处理 (表 2); WA 处理的物种数、Simpson 指数和 Chao1 指数均最小, 且 WA 处理的覆盖度最大, 虽然 WA 与其他处理在 0.05 水平上无显著差异, 但与其他处理存在边际显著差异

($0.05<P<0.1$), 例如, WA 处理的 Chao1 指数低于 SA 处理 ($P=0.054$). 冬小麦季 WS 处理的物种数、Shannon 指数、Simpson 指数和 Chao1 指数最大, 其中 WS 与 WA 处理的 Simpson 指数和 Chao1 指数达到显著 ($P<0.05$) 差异水平, 这表明增温及秸秆施用导致了土壤细菌群落多样性的增大.

2.4 土壤细菌 α 多样性指标及微生物量碳氮之间的相关关系

Pearson 相关分析表明 (表 3), 大豆季土壤细菌 α 多样性指标与土壤微生物量碳氮之间存在极显著 ($P<0.001$) 的相关关系, 例如观察到的土壤细菌物种数与土壤微生物量碳和微生物量氮之间的相关系数分别为 -0.626 和 -0.826, 物种数随土壤微生物量碳氮的增大而减小, 且 Shannon 指数和 Simpson 指数随土壤微生物量氮的增大而减小. 与

大豆季不同, 冬小麦季土壤细菌 α 多样性指标与土壤微生物量碳氮之间无显著 ($P > 0.05$) 的相关关

系. 此外, 无论是大豆季还是冬小麦季, 各个 α 多样性指标之间存在极显著 ($P < 0.001$) 的相关关系.

表 2 不同处理下土壤细菌 α 多样性¹⁾

Table 2 The α diversity of soil bacteria for the different treatments

作物	处理	物种数	Shannon 指数	Simpson 指数	Chao1 指数	覆盖度
大豆	CK	8 793 $\pm$ 323 (a)	11.44 $\pm$ 0.09 (ab)	0.998 6 $\pm$ 0.000 0 (a)	1 1651.60 $\pm$ 548.63 (a)	0.924 0 $\pm$ 0.005 9 (a)
	WA	7 341 $\pm$ 299 (a)	10.83 $\pm$ 0.10 (b)	0.997 1 $\pm$ 0.000 0 (a)	9 883.27 $\pm$ 437.22 (a)	0.938 6 $\pm$ 0.002 7 (a)
	SA	9 104 $\pm$ 866 (a)	11.29 $\pm$ 0.38 (ab)	0.998 4 $\pm$ 0.001 1 (a)	15 117.61 $\pm$ 1 905.29 (a)	0.899 3 $\pm$ 0.014 6 (a)
	WS	9 102 $\pm$ 782 (a)	11.52 $\pm$ 0.35 (a)	0.998 6 $\pm$ 0.001 0 (a)	12 783.25 $\pm$ 1 869.44 (a)	0.918 0 $\pm$ 0.014 5 (a)
冬小麦	CK	857 $\pm$ 155 (a)	3.96 $\pm$ 0.48 (a)	0.830 9 $\pm$ 0.03 (ab)	1 100.77 $\pm$ 164.20 (ab)	0.995 3 $\pm$ 0.000 5 (ab)
	WA	813 $\pm$ 328 (a)	4.34 $\pm$ 1.23 (a)	0.831 5 $\pm$ 0.06 (b)	962.47 $\pm$ 351.62 (b)	0.996 6 $\pm$ 0.000 9 (a)
	SA	1 057 $\pm$ 234 (a)	5.27 $\pm$ 1.28 (a)	0.857 1 $\pm$ 0.10 (ab)	1 259.03 $\pm$ 240.25 (ab)	0.995 5 $\pm$ 0.000 4 (ab)
	WS	1 530 $\pm$ 43 (a)	7.38 $\pm$ 0.37 (a)	0.953 2 $\pm$ 0.02 (a)	1 662.68 $\pm$ 38.04 (a)	0.996 2 $\pm$ 0.000 0 (b)

1) 括号内相同字母表示对于大豆季或冬小麦季而言不同处理间无显著 ($P > 0.05$) 差异, 不同字母表示处理间存在显著 ($P < 0.05$) 差异

表 3 土壤细菌 α 多样性指数及微生物碳氮之间的相关关系¹⁾

Table 3 Correlation between α diversity of soil bacteria and microbial C and N content

	物种数	Shannon 指数	Simpson 指数	Chao1 指数	覆盖度	微生物量碳	微生物量氮	微生物量碳氮比
物种数	—	0.964 ***	0.890 ***	0.991 ***	-0.461	-0.375	0.224	-0.453
Shannon 指数	0.880 ***	—	0.944 ***	0.931 ***	-0.290	-0.530	0.193	-0.568
Simpson 指数	0.838 **	0.954 ***	—	0.873 ***	-0.365	-0.480	0.287	-0.698 *
Chao1 指数	0.866 ***	0.570	0.597 *	—	-0.571	-0.291	0.249	-0.410
覆盖度	-0.867 ***	-0.558	-0.590 *	-0.994 ***	—	-0.354	-0.296	-0.030
微生物量碳	-0.626 ***	-0.626 *	-0.547	-0.335	0.372	—	0.304	0.715 **
微生物量氮	-0.826 ***	-0.895 ***	-0.916 ***	-0.545	0.565	0.672 *	—	-0.230
微生物量碳氮比	0.450	0.518	0.628 *	0.373	-0.365	0.122	-0.649 *	—

1) 表中下三角区为大豆季的数据, 上三角区为冬小麦季的数据; * 表示显著性差异 ($P < 0.05$), ** 和 *** 表示极显著性差异 ($P < 0.01$ 或 $P < 0.001$)

3 讨论

3.1 增温及秸秆施用对土壤微生物量碳氮的影响

以往关于增温及秸秆施用对土壤微生物量碳氮的影响的研究结果存在差异. 李娜等^[13] 在高寒草甸进行的模拟增温试验发现, 较低和较高增温幅度导致土壤微生物量碳氮含量呈现出截然相反的响应规律. Xu 等^[14] 也报道, 在较低增温幅度 ($< 1^\circ\text{C}$) 的情况下, 土壤微生物量碳氮含量显著增加, 而增温幅度在 2°C 以上时, 会显著降低土壤微生物量碳氮的含量. 李世清等^[15] 发现土壤微生物量氮与土壤温度呈显著或极显著正相关关系. 本研究发现增温及秸秆施用对土壤微生物量碳无显著影响, 但增温显著提高了微生物量氮含量. Liu 等^[16] 认为仅在低增温幅度时植物地上和地下部分新鲜碳源供应量的增加能提高土壤微生物活性和生长速度, 并进一步提高土壤微生物量碳含量; 在增温幅度较大时, 增温导致的土壤水分的蒸发可能会抑制土壤微生物增长, 从而降低微生物量碳含量^[17]. 本研究的增温幅度为 2°C , 是适度的增温, 这可能是造成增温对土壤微生物量碳无影响的原因. Xu 等^[14] 报道的中等 ($1 \sim 2^\circ\text{C}$) 和高增温幅度 ($> 2^\circ\text{C}$) 会导致土壤微生物量氮

含量的增大等现象也与本研究结果一致. 有研究表明, 秸秆施入土壤中, 具有和氮肥相当的供氮能力^[18, 19]. Singh 等^[20] 在热带旱地生态系统中进行的不同外源物料施加对土壤微生物量影响的研究表明, 施加外源物料中含有低碳或难降解碳会降低土壤微生物量, 含易分解碳氮的秸秆会增加部分微生物量. 汤宏等^[21] 的研究发现不同水分管理方式对不同秸秆还田量下土壤微生物量碳氮的影响规律存在差异. 本研究表明秸秆施用对土壤微生物量碳氮无显著影响, 但大豆季土壤微生物量氮显著高于冬小麦季, 这可能与大豆季具有很强的固氮作用有关^[22-25].

3.2 增温及秸秆施用对土壤细菌群落结构的影响

本研究采用 16S rRNA 高通量测序的方法研究了增温及秸秆施用对农田土壤细菌群落结构的影响, 这种高通量测序的方法比传统的 DGGE 分析细菌群落结构的方法更为精确^[26]. 大豆季和冬小麦季在细菌群落结构上存在明显差异, 在大豆季占优势的细菌类群 (如根瘤菌目) 在冬小麦田则不占优势.

以往关于增温和秸秆施用对土壤微生物群落结构的影响的研究结果存在争议. 熊金波等^[27] 在青藏高原的研究发现, 短期的增温处理对土壤细菌的群落结构产生了显著的影响, 但是群落多样性和丰

富度没有明显改变。王军等^[28]的研究表明短期增温并未对土壤微生物量和群落结构产生明显影响。Rinnan 等^[29, 30]和王学娟等^[31]在苔原生态系统的研究表明, 增温会改变土壤微生物群落结构, 但由于研究区域不同, 土壤类型等不同, 会呈现不同响应方式。以秸秆还田为主的有机肥能够增加微生物活力, 改善土壤中微生物群落结构和提高土壤质量^[32]。秸秆等外源有机物料的添加提供作物生长所必需的元素, 利于根系生长和根系分泌物质, 使得土壤细菌更加活跃, 进而对根际效应关系密切的变形杆菌门和酸杆菌门等产生影响, 促进了相关细菌类群的相对丰度。郭梨锦等^[33]报道秸秆还田不仅显著提高了细菌数量, 而且提高了微生物多样性和丰富度。本研究结果表明, 增温及秸秆施用对大豆田在纲、目、科和属水平上的土壤细菌优势类群相对丰度无显著影响, 但对冬小麦田产生了影响, 这与熊金波等^[27]和王军等^[28]的研究结果一致。本研究虽然未发现秸秆施用导致土壤细菌多样性显著增大, 但秸秆施用处理的物种数、Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1 指数和覆盖度均显著高于对照, 这也与以往结果一致^[30]。

表 3 表明, 随着土壤微生物量氮营养条件的丰富, 土壤细菌的多样性随之减小, 这与马慧君等^[34]的研究结果一致, 且在土壤环境中, 土壤微生物量碳氮主要来自细菌^[35]。与大豆季不同, 冬小麦季土壤细菌 α 多样性指标与土壤微生物量碳氮之间无显著 ($P > 0.05$) 的相关关系, 这可能与大豆田本身具有生物固氮机制有关, 大豆田土壤的某些细菌与固氮作用有关, 从而影响到土壤细菌群落结构和多样性, 而冬小麦田土壤细菌固氮能力较弱, 固氮菌不是优势类群, 这导致冬小麦田土壤微生物量碳氮与细菌多样性无显著相关关系。

4 结论

(1) 不同增温及秸秆施用处理对大豆及冬小麦季土壤微生物量碳含量均无显著影响, 但增温显著提高了大豆季土壤微生物量氮含量。大豆季土壤微生物量氮含量显著高于冬小麦季。

(2) 大豆季各处理间土壤细菌纲、目、科、属水平上的类群均无显著差异, 但冬小麦季不同增温及秸秆施用处理的土壤细菌类群存在显著差异。

(3) 大豆季增温处理的 Shannon 指数显著小于增温及秸秆施用处理, WA 处理的物种数、Simpson 指数、Chao1 指数均最小, 且 WA 处理的覆盖度最大。冬小麦季 WS 处理的物种数、Shannon 指数、Simpson 指数和 Chao1 指数最大。由此表明增温及

秸秆施用导致了土壤细菌群落的多样性增大。

(4) 大豆季土壤细菌 α 多样性指标与土壤微生物量碳氮之间存在极显著的相关关系, 而冬小麦季则不存在类似的关系。

参考文献:

- [1] Ciais P, Sabine C, Bala G, *et al.* Carbon and other biogeochemical cycles [A]. In: Climate Change 2013: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change [C]. Cambridge: Cambridge University Press, 2013.
- [2] Fu G, Shen Z X, Zhang X Z, *et al.* Response of soil microbial biomass to short-term experimental warming in alpine meadow on the Tibetan Plateau [J]. *Applied Soil Ecology*, 2012, **61**: 158-160.
- [3] 王文立, 孔维栋, 曾辉. 土壤微生物对增温响应的 Meta 分析 [J]. *农业环境科学学报*, 2015, **34**(11): 2169-2175.
Wang W L, Kong W D, Zeng H. A Meta-analysis of responses of soil microbes to warming [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2015, **34**(11): 2169-2175.
- [4] Niu S L, Wu M Y, Han Y, *et al.* Water-mediated responses of ecosystem carbon fluxes to climatic change in a temperate steppe [J]. *New Phytologist*, 2008, **177**(1): 209-219.
- [5] Xu Z F, Wan C, Xiong P, *et al.* Initial responses of soil CO₂ efflux and C, N pools to experimental warming in two contrasting forest ecosystems, Eastern Tibetan Plateau, China [J]. *Plant and Soil*, 2010, **336**(1-2): 183-195.
- [6] Frey S D, Drijber R, Smith H, *et al.* Microbial biomass, functional capacity, and community structure after 12 years of soil warming [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, **40**(11): 2904-2907.
- [7] Andresen L C, Dungait J A J, Bol R, *et al.* Bacteria and fungi respond differently to multifactorial climate change in a temperate heathland, traced with ¹³C-glycine and FACE CO₂ [J]. *PLoS One*, 2014, **9**(1): e85070.
- [8] Partey S T, Preziosi R F, Robson G D. Improving maize residue use in soil fertility restoration by mixing with residues of low C-to-N ratio: effects on C and N mineralization and soil microbial biomass [J]. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 2014, **14**(3): 518-531.
- [9] Islam M R, Chauhan P S, Kim Y, *et al.* Community level functional diversity and enzyme activities in paddy soils under different long-term fertilizer management practices [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2011, **47**(5): 599-604.
- [10] Bending G D, Turner M K, Jones J E. Interactions between crop residue and soil organic matter quality and the functional diversity of soil microbial communities [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, **34**(8): 1073-1082.
- [11] 李涛, 葛晓颖, 何春娥, 等. 豆科秸秆、氮肥配施玉米秸秆还田对秸秆矿化和微生物功能多样性的影响 [J]. *农业环境科学学报*, 2016, **35**(12): 2377-2384.
Li T, Ge X Y, He C E, *et al.* Effects of straw retention with mixing maize straw by alfalfa straw or N fertilizer on carbon and nitrogen mineralization and microbial functional diversity [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2016, **35**(12): 2377-2384.
- [12] 陈书涛, 桑琳, 张旭, 等. 增温及秸秆施用对冬小麦田土壤呼吸和酶活性的影响 [J]. *环境科学*, 2016, **37**(2): 703-709.
Chen S T, Sang L, Zhang X, *et al.* Effects of warming and straw application on soil respiration and enzyme activity in a winter wheat cropland [J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(2): 703-

- 709.
- [13] 李娜, 王根绪, 高永恒, 等. 模拟增温对长江源区高寒草甸土壤养分状况和生物学特性的影响研究[J]. 土壤学报, 2010, **47**(6): 1214-1224.
- Li N, Wang G X, Gao Y H, *et al.* Effects of simulated warming on soil nutrients and biological characteristics of alpine meadow soil in the headwaters region of the Yangtze river[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2010, **47**(6): 1214-1224.
- [14] Xu W F, Yuan W P. Responses of microbial biomass carbon and nitrogen to experimental warming: A meta-analysis[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, **115**: 265-274.
- [15] 李世清, 任书杰, 李生秀. 土壤微生物体氮的季节性变化及其与土壤水分和温度的关系[J]. 植物营养与肥料学报, 2004, **10**(1): 18-23.
- Li S Q, Ren S J, Li S X. Seasonal change of soil microbial biomass and the relationship between soil microbial biomass and soil moisture and temperature[J]. *Plant Nutrition and Fertilizer Science*, 2004, **10**(1): 18-23.
- [16] Liu Q, Yin H J, Chen J S, *et al.* Belowground responses of *Picea asperata* seedlings to warming and nitrogen fertilization in the eastern Tibetan Plateau[J]. *Ecological Research*, 2011, **26**(3): 637-648.
- [17] Allison S D, Treseder K K. Warming and drying suppress microbial activity and carbon cycling in boreal forest soils[J]. *Global Change Biology*, 2008, **14**(12): 2898-2909.
- [18] Thippayarugs S, Toomsan B, Vityakon P, *et al.* Interactions in decomposition and N mineralization between tropical legume residue components[J]. *Agroforestry Systems*, 2008, **72**(2): 137-148.
- [19] Jensen L S, Salo T, Palmason F, *et al.* Influence of biochemical quality on C and N mineralisation from a broad variety of plant materials in soil[J]. *Plant and Soil*, 2005, **273**(1-2): 307-326.
- [20] Singh S, Ghoshal N, Singh K P. Variations in soil microbial biomass and crop roots due to differing resource quality inputs in a tropical dryland agroecosystem[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2007, **39**(1): 76-86.
- [21] 汤宏, 沈健林, 张杨珠, 等. 秸秆还田与水分管理对稻田土壤微生物量碳、氮及溶解性有机碳、氮的影响[J]. 水土保持学报, 2013, **27**(1): 240-246.
- Tang H, Shen J L, Zhang Y Z, *et al.* Effect of rice straw incorporation and water management on soil microbial biomass carbon, nitrogen and dissolved organic carbon, nitrogen in a rice paddy field[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2013, **27**(1): 240-246.
- [22] 孟庆英, 张春峰, 于忠和, 等. 根瘤菌对大豆根际土壤微生物及大豆农艺性状的影响[J]. 大豆科学, 2012, **31**(3): 498-500.
- Meng Q Y, Zhang C F, Yu Z H, *et al.* Effects of rhizobia on rhizosphere soil microorganisms and agronomic characters of soybean[J]. *Soybean Science*, 2012, **31**(3): 498-500.
- [23] 周东兴, 李磊, 李晶, 等. 玉米/大豆轮作下不同施肥处理对土壤微生物生物量及酶活性的影响[J]. 生态学杂志, 2018, **37**(6): 1856-1864.
- Zhou D X, Li L, Li J, *et al.* Effects of different fertilization treatments on soil microbial biomass and enzyme activities in maize-soybean rotation system[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2018, **37**(6): 1856-1864.
- [24] Dinesh R, Srinivasan V, Hamza S, *et al.* Short-term incorporation of organic manures and biofertilizers influences biochemical and microbial characteristics of soils under an annual crop [Turmeric (*Curcuma longa* L.)] [J]. *Bioresource Technology*, 2010, **101**(12): 4697-4702.
- [25] Liu E K, Yan C R, Mei X R, *et al.* Long-term effect of chemical fertilizer, straw, and manure on soil chemical and biological properties in northwest China[J]. *Geoderma*, 2010, **158**(3-4): 173-180.
- [26] 夏围围, 贾仲君. 高通量测序和 DGGE 分析土壤微生物群落的技术评价[J]. 微生物学报, 2014, **54**(12): 1489-1499.
- Xia W W, Jia Z J. Comparative analysis of soil microbial communities by pyrosequencing and DGGE [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2014, **54**(12): 1489-1499.
- [27] 熊金波, 孙怀博, 彭飞, 等. 青藏高原短期增温实验引起土壤细菌群落的快速响应[A]. 见: 中国土壤学会第十二届全国会员代表大会暨第九届海峡两岸土壤肥科学术交流研讨会论文集[C]. 成都: 中国土壤学会, 2012. 944-945.
- [28] 王军, 王冠钦, 李飞, 等. 短期增温对紫花苜蓿草原土壤微生物群落的影响[J]. 植物生态学报, 2018, **42**(1): 116-125.
- Wang J, Wang G Q, Li F, *et al.* Effects of short-term experimental warming on soil microbes in a typical alpine steppe [J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2018, **42**(1): 116-125.
- [29] Rinnan R, Stark S, Tolvanen A. Responses of vegetation and soil microbial communities to warming and simulated herbivory in a subarctic heath[J]. *Journal of Ecology*, 2009, **97**(4): 788-800.
- [30] Rinnan R, Michelsen A, Bååth E, *et al.* Fifteen years of climate change manipulations alter soil microbial communities in a subarctic heath ecosystem[J]. *Global Change Biology*, 2007, **13**(1): 28-39.
- [31] 王学娟, 周玉梅, 江肖洁, 等. 增温对长白山苔原土壤微生物群落结构的影响[J]. 生态学报, 2014, **34**(20): 5706-5713.
- Wang X J, Zhou Y M, Jiang X J, *et al.* Effects of warming on soil microbial community structure in Changbai Mountain Tundra [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2013, **34**(20): 5706-5713.
- [32] 时亚南, 张奇春, 王光火, 等. 不同施肥处理对水稻土微生物生态特性的影响[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版), 2007, **33**(5): 551-556.
- Shi Y N, Zhang Q C, Wang G H, *et al.* Effect of different fertilizer treatments on ecological characteristics of microorganism in paddy soil [J]. *Journal of Zhejiang University (Agriculture and Life Sciences)*, 2007, **33**(5): 551-556.
- [33] 郭梨锦, 曹凑贵, 张枝盛, 等. 耕作方式和秸秆还田对稻田表层土壤微生物群落的短期影响[J]. 农业环境科学学报, 2013, **32**(8): 1577-1584.
- Guo L J, Cao C G, Zhang Z S, *et al.* Short-term effects of tillage practices and wheat-straw returned to rice fields on topsoil microbial community structure and microbial diversity in Central China[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2013, **32**(8): 1577-1584.
- [34] 马慧君, 张雅坤, 许文欢, 等. 模拟氮沉降对杨树人工林土壤微生物群落碳源利用类型的影响[J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 2017, **41**(5): 1-6.
- Ma H J, Zhang Y K, Xu W H, *et al.* Effects of nitrogen deposition on soil microbial community C-source metabolism of poplar plantation [J]. *Journal of Nanjing Forestry University (Natural Sciences Edition)*, 2017, **41**(5): 1-6.
- [35] Hirsch P R, Mauchline T H, Clark I M. Culture-independent molecular techniques for soil microbial ecology[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, **42**(6): 878-887.

CONTENTS

Vertical Distribution and Transport of PM _{2.5} During Heavy Pollution Events in the Jing-Jin-Ji Region	XIAO Zhi-mei, XU Hong, LI Peng, <i>et al.</i> (4303)
Source Apportionment of Air Pollutants for a Typical Pollution Event in Zhaoqing	CHANG Shu-cheng, LIAO Cheng-hao, ZENG Wu-tao, <i>et al.</i> (4310)
Diurnal Variations and Source Analysis of Water-soluble Compounds in PM _{2.5} During the Winter in Liaocheng City	YI Ya-nan, HOU Zhan-fang, MENG Jing-jing, <i>et al.</i> (4319)
Emission Characteristics of Exhaust PM and Its Carbonaceous Components from China III to China IV Diesel Vehicles in Shenyang ...	ZHAO Xue-yan, WANG Jing, ZHU Sheng-nan, <i>et al.</i> (4330)
Characteristics of Heavy Metal Pollutants of PM _{2.5} from Open Burning of Municipal Solid Waste (MSW) and the Associated Exposure Health Risks	CHENG Ke, JI Wan-wan, HAO Wei-wei, <i>et al.</i> (4337)
Size Distribution Characteristics and Inhalation Exposure of Particle-Bound PAHs in an Industrial City	WANG Juan, GUO Guan-lin, QIN Ning, <i>et al.</i> (4345)
High-frequency Evolution of Urban Atmospheric Ammonia and Ammonium and Its Gas-to-Particle Conversion Mechanism in Nanjing City	SHAO Sheng-cheng, CHANG Yun-hua, CAO Fang, <i>et al.</i> (4355)
Optical Absorption Properties of Brown Carbon Aerosols in Guangzhou	LI Zhu-jie, TAN Hao-bo, ZHENG Jun (4364)
Characteristics and Source Apportionment of Ambient VOCs in Spring in Zhengzhou	ZHANG Yi-xiang, YIN Sha-sha, YUAN Ming-hao, <i>et al.</i> (4372)
Raw Materials and End Treatment-based Emission Factors for Volatile Organic Compounds (VOCs) from Typical Solvent Use Sources	LIANG Xiao-ming, CHEN Lai-guo, SUN Xi-bo, <i>et al.</i> (4382)
Source Profiles of Volatile Organic Compounds (VOCs) from Typical Solvent-based Industries in Beijing	FANG Li, LIU Wen-wen, CHEN Dan-ni, <i>et al.</i> (4395)
Emission Characteristics of IVOCs from the Combustion of Residential Solid Fuels and the Impact of Burning Temperature	LU Ya-jing, FENG Yan-li, QIAN Zhe, <i>et al.</i> (4404)
Evaluation of MACC Reanalysis Ozone Data over China Using Ground-based and AIRS Satellite Observations	WANG Run-fang, MA Xiao-dan, ZHAO Tian-liang, <i>et al.</i> (4412)
Hydrolysis of COS over MgAl Mixed Oxides Derived from Hydrotalcites	WEI Zheng, ZHANG Xin, ZHANG Feng-lian, <i>et al.</i> (4423)
Chemical Characteristics and Ionic Sources of Precipitation in the Source Region of the Yangtze River	WANG Shao-yong, HE Xiao-bo, WU Jing-kui, <i>et al.</i> (4431)
Effects of Continuous Extreme Rainfall on Water Quality of the Dongjiang River Basin	CHE Rui, LIN Shu, FAN Zhong-ya, <i>et al.</i> (4440)
Correlation Analysis of Water Quality Between Lake Inflow and Outflow: A Case Study of Poyang Lake	HUANG Dong-ling, NI Zhao-kui, ZHAO Shuang, <i>et al.</i> (4450)
Spatio-temporal Distribution Characteristics of the Water Quality in the Jinze Reservoir and Its Inflow	LIU Ming-kun, TONG Jun, HU Bo, <i>et al.</i> (4461)
Temporal and Spatial Variations in the Conductivity in Different Media in Taihu Lake, China	WANG Rui, DAI Dan, ZHANG Chi, <i>et al.</i> (4469)
Uncertainty and Sensitivity Analysis of Phosphorus Model Parameters in Large Shallow Lakes	SHI Yuan-yuan, LI Yi-ping, CHENG Yue, <i>et al.</i> (4478)
Spatio-temporal Variations in Aquatic Vegetation Cover and the Potential Influencing Factors in Lake Hongze Based on MODIS Images	LI Na, SHI Kun, ZHANG Yun-lin, <i>et al.</i> (4487)
Distribution and Pollution Assessment of Nutrients in the Surface Sediments of a Macrophyte-Dominated Zone in Lake Taihu	ZHANG Jie, WANG Yuan-sheng, GUO Xi-ya, <i>et al.</i> (4497)
Composition and Distribution of Biodegradable Compounds in the Macrophyte Dominated Zone of Lake Taihu	QI Chuang, FANG Jia-qi, ZHANG Li-min, <i>et al.</i> (4505)
Temporal and Spatial Variation of Zooplankton Community Structure and Its Relationship with Environmental Factors in Dianshan Lake, Shanghai ...	DU Cai-li, YANG Li, ZHAO Yi, <i>et al.</i> (4513)
Geochemical Characteristics and Ecological Significance of Carbon Isotopes in Groundwater Under the Influence of Different Land Use Types in Karst Areas	REN Kun, PAN Xiao-dong, ZENG Jie, <i>et al.</i> (4523)
Temporal Response of Subterranean Karst Stream Hydrochemistry to Urbanization	YANG Ying-zeng, HE Shou-yang, WU Pan, <i>et al.</i> (4532)
Hydrochemical Characteristics of Karst Groundwater in the Mountains of Northern Bazhong City, China	TANG Jin-ping, ZHANG Qiang, HU Yang, <i>et al.</i> (4543)
Removal of Fe(II), Mn(II), and NH ₄ ⁺ -N by Using δ-MnO ₂ Coated Zeolite	MA Wen-jie, CHEN Tian-hu, CHEN Dong, <i>et al.</i> (4553)
Strengthening Effect of Different Cattail Pretreatment Methods on the Denitrification of Horizontal Subsurface Flow in a Constructed Wetland	XIONG Jia-qing, LU Xue-bin, ZHENG Yu-cong, <i>et al.</i> (4562)
Short-cut Nitrification Start-up and Optimization of Operating Conditions Under Different Control Strategies	LIU An-di, ZHAO Kai-liang, LIU Hong, <i>et al.</i> (4569)
Start-up of a Three-stage PN/A Granular Sludge Reactor for Treating Wastewater with High Concentrations of Ammonia	JI Xiao-qing, QI Ze-kun, QIAN Fei-yue, <i>et al.</i> (4578)
Removal of Hydrogen Sulfide Produced in a Municipal WWTP Using a Biotrickling Filter with Polypropylene Rings as the Packing Material and Microbial Community Analysis	SUN Shi-hao, JIA Ti-pei, CHEN Kai-qi, <i>et al.</i> (4585)
Characteristics and Influencing Factors of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Surface Soils from Typical Industrial Areas of Chengdu	RAN Zong-xin, CHEN Jin-yu, WANG Ya-ting, <i>et al.</i> (4594)
Absorption Characterization and the Identification of Factors Influencing Five Organophosphate Esters in Water-Soil System	HE Ming-jing, YANG Zhi-hao, WEI Shi-qiang (4604)
Adsorption and Interaction of Cu ²⁺ and Pb ²⁺ on BS-12 Amphoteric Modified Bentonites	BU Shuai-bin, MENG Zhao-fu, Sambath Yek, <i>et al.</i> (4611)
Concentration Characteristics, Source Analysis, and Potential Ecological Risk Assessment of Heavy Metals in a Peak-cluster Depression Area, Southeast of Yunnan Province	HONG Tao, KONG Xiang-sheng, YUE Xiang-fei (4620)
Cd Accumulation and Risk Assessment for Arable Soils in the Karst Region of Northern Luodian, Guizhou	TANG Qi-lin, LIU Xiu-ming, LIU Fang, <i>et al.</i> (4628)
Safe Utilization of Paddy Soils Lightly Polluted with Cadmium in Western Chongqing	LI Na, HE Hong-zhou, FENG Ai-xuan, <i>et al.</i> (4637)
Accumulation of Cd in Different Crops and Screening of Low-Cd Accumulation Cultivars	CHEN Xiao-hua, SHEN Gen-xiang, BAI Yu-jie, <i>et al.</i> (4647)
Absorption and Transportation of Selenium Nanoparticles in Wheat and Rice	WANG Ya-qi, ZHU Li-na, LI Kui, <i>et al.</i> (4654)
Effects of Microplastics on the Growth, Physiology, and Biochemical Characteristics of Wheat (<i>Triticum aestivum</i>)	LIAO Yuan-chen, Nazgul·Jahitbek, LI Mei, <i>et al.</i> (4661)
Regulation and Mechanism of a Dregs Biochar Matrix Combined with Maifanite on a Soil-Ryegrass System	XIAO Liang-liang, DING Yuan (4668)
Microbial Community Structure and the Distribution of Antibiotic Resistance Genes in Soil Contaminated by Sulfamethoxazole	ZHANG Hai-feng, SHI Ming-ming, SUN Yan-mei, <i>et al.</i> (4678)
Dynamics of Antibiotic Resistance Genes During the Municipal Solid Waste Leachate Treatment	HUANG Fu-yi, ZHOU Shu-yi-dan, YAN Yi-jun, <i>et al.</i> (4685)
Effects of Manure Application Rates on the Soil Carbon Fractions and Aggregate Stability	SHAO Hui-yun, LI Zi-yue, LIU Dan, <i>et al.</i> (4691)
Effects of Irrigation and Biochar Application on the Respiratory Temperature Sensitivity of Paddy Soil	ZHOU Peng, QI Le, NIU Hai-dong, <i>et al.</i> (4700)
Response of Soil CO ₂ Emissions to Straw-returning in Citrus/Mushroom Intercropping Systems	YOU Jing, NI Jiu-pai, HUANG Rong, <i>et al.</i> (4708)
Effects of Warming and Straw Application on Soil Microbial Biomass Carbon and Nitrogen and Bacterial Community Structure	ZHANG Ting-ting, CHEN Shu-tao, WANG Jun, <i>et al.</i> (4718)
Simulated Ozone Damage on Gross Primary Productivity (GPP) in a Winter Wheat Field	XU Jing-xin, ZHENG You-fei, WANG Sheng, <i>et al.</i> (4725)
Spatial and Temporal Variations in Fertilizer Use Across Prefecture-level Cities in China from 2000 to 2015	PAN Xiao-dong, LI Pin, FENG Zhao-zhong, <i>et al.</i> (4733)