

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

基于PMF和源示踪物比例法的大气羰基化合物来源解析：以南京市观测为例
胡崑，王鸣，王红丽，景盛翱，陈文泰，卢兴东



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年1月

第42卷 第1期

Vol.42 No.1

目次

2019年国庆节前后北京气态氨和气溶胶铵盐浓度的同步观测 顾梦娜, 潘月鹏, 宋琳琳, 李萍, 田世丽, 武岳洋, 杨婷婷, 李浩洋, 石生伟, 吐莉尼沙, 吕雪梅, 孙倩, 方运霆 (1)

基于无人机探空和数值模拟天津一次重污染过程分析 杨旭, 蔡子颖, 韩素芹, 史静, 唐颖潇, 姜明, 邱晓滨 (9)

中原城市群典型城市秋冬季大气 PM_{2.5} 污染特征及溯源 苗青青, 姜楠, 张瑞芹, 赵孝因, 齐静文 (19)

沈阳市冬季大气 PM_{2.5} 中水溶性离子污染特征及来源解析 王国祯, 任万辉, 于兴娜, 侯思宇, 张毓秀 (30)

保定地区 PM_{2.5} 中重金属元素的污染特征及健康风险评价 雷文凯, 李杏茹, 张兰, 徐静, 赵文吉, 刘子锐 (38)

基于 PMF 和源示踪物比例法的大气羰基化合物来源解析: 以南京市观测为例 胡崑, 王鸣, 王红丽, 景盛翔, 陈文泰, 卢兴东 (45)

2019年天津市挥发性有机物污染特征及来源 高璟璇, 肖致美, 徐虹, 李立伟, 李鹏, 唐逸, 杨宁, 李源, 毕温凯, 陈魁 (55)

柳州市春季大气挥发性有机物污染特征及源解析 刘齐, 卢星林, 曾鹏, 于爽 (65)

天津市郊夏季的臭氧变化特征及其前体物 VOCs 的来源解析 罗瑞雪, 刘保双, 梁丹妮, 毕晓辉, 张裕芬, 冯银厂 (75)

2017年春夏期间南京地区臭氧污染输送影响及潜在源区 谢放尖, 陆晓波, 杨峰, 李文青, 李浩, 谢轶嵩, 王艳, 刘益和, 王庆九, 胡建林 (88)

2006~2019年珠三角地区臭氧污染趋势 赵伟, 高博, 卢清, 钟志强, 梁小明, 刘明, 马社霞, 孙家仁, 陈来国, 范绍佳 (97)

大型石化企业邻近区域大气沉降中多环芳烃赋存特征及源解析 李大雁, 齐晓宝, 吴健, 黄沈发, 王敏, 沙晨燕, 沈城 (106)

叶片大气颗粒物滞纳能力评估方法的定量对比 岳晨, 李广德, 席本野, 曹治国 (114)

东江流域敌敌畏的排放量估算及归趋模拟 张冰, 张芊芊, 应光国 (127)

松花江哈尔滨段及阿什河抗生素的分布规律与生态风险评估 杨尚乐, 王旭明, 王伟华, 胡雪莹, 高立伟, 孙兴滨 (136)

东北小兴凯湖沉积物 POPs 污染特征及生态风险评估 李慧, 李捷, 宋鹏, 程云轩, 焦立新, 杨亚铮 (147)

河南省地表水源中 PPCPs 分布及生态风险评估 周颖, 吴东海, 陆光华, 姚晶晶, 魏磊, 韩枫 (159)

无锡-常州地下水水中内分泌干扰物的赋存特征和健康风险评估 王淑婷, 饶竹, 郭峰, 刘成海, 战楠, 王娅南, 彭洁, 杨鸿波 (166)

清江流域地表水重金属季节性分布特征及健康风险评估 刘昭, 周宏, 曹文佳, 刘伟, 兰圣涛 (175)

会仙岩溶湿地丰平枯时期地下水金属元素污染与健康风险 李军, 赵一, 邹胜章, 蓝美宁, 樊连杰, 谢浩, 秦月, 朱丹滢 (184)

三峡库区城镇化影响下河流 DOM 光谱特征季节变化 陈昭宇, 李思悦 (195)

不同植物覆盖下黄河三角洲湿地土壤中微塑料的分布 岳俊杰, 赵爽, 程昊东, 段鑫越, 石洪华, 汪磊, 端正花 (204)

基于宏基因组学探讨东平湖水库的菌群结构、耐药基因谱及其公共健康风险 张红娜, 崔娜, 申红妙 (211)

分层型水库藻类季相演替的细菌种群驱动机制 闫苗苗, 张海涵, 黄廷林, 宗容容, 刘凯文, 苗雨甜, 杨尚业, 黄鑫, 王娜 (221)

丹江口库区浮游真菌组成与功能及其影响因素 郑保海, 王晓宇, 李英军, 陈彦, 李百炼, 李玉英, 陈兆进 (234)

太湖出流河道藻颗粒变化及其水质效应 郭宇龙, 许海, 陈旭清, 郑建中, 詹旭, 朱广伟, 朱梦圆 (242)

石盘丘小流域不同土地利用方式下土壤氮磷流失形态及通量 邓华, 高明, 龙翼, 黎嘉成, 王盛燕, 王子芳 (251)

前期干旱天数对生物滞留系统除氮性能的影响 陈焱, 李欣芮, 郑爽, 刘臻, 余雪花, 程启洪 (263)

浒苔生物炭对雨水径流中氨氮的吸附特性及吸附机制 陈友媛, 李培强, 李闲驰, 孙萍, 赵新月, 李洁, 李晋, 辛至然 (274)

填料对潮汐流人工湿地中 CANON 作用强化的影响 刘冰, 郑煜铭, 秦会安, 古励 (283)

FeMnNi-LDHs 对水中 As(III) 的吸附性能与机制 廖玉梅, 余杰, 魏世强, 蒋珍茂 (293)

硝酸钙添加和铅改性膨润土覆盖联用控制底泥中磷释放的效果及机制 张宏华, 林建伟, 詹艳慧, 俞阳, 张志斌 (305)

某市污水厂抗生素和抗生素抗性基因的分布特征 颜亚玮, 於驰晟, 李菲菲, 姚鹏城, 刘宏远 (315)

不同污泥在微波预处理-厌氧消化过程中抗性基因分布及菌群结构演替 李慧莉, 武彩云, 唐安平, 佟娟, 魏源送 (323)

天然富硒土地划定的富硒阈值 王惠艳, 曾道明, 郭志娟, 成晓梦, 彭敏, 孙跃 (333)

融合自然-人为因子改进回归克里格对土壤镉空间分布预测 高中原, 肖荣波, 王鹏, 邓一荣, 戴俊杰, 刘楚藩 (343)

南方典型水稻土镉(Cd)累积规律模拟 戴雅婷, 傅开道, 杨阳, 王美娥, 陈卫平 (353)

闽西南土壤-水稻系统重金属生物可给性及健康风险 林承奇, 蔡宇豪, 胡恭任, 于瑞莲, 郝春莉, 黄华斌 (359)

干湿交替灌溉制度下纳米修复材料对杂交水稻籽粒 Cd 累积及产量的影响 杨茹, 陈馨睿, 张颖, 崔俊义, 武立权, 马友华, 廖江, 何海兵 (368)

三元复合调理剂对土壤镉赋存形态和糙米镉累积的调控效应 蒋毅, 刘雅, 辜娇峰, 杨世童, 曾雄, 王轩宇, 周航, 廖柏寒 (378)

风化煤组配改良剂结合水分管理对水稻根际土壤与稻米甲基汞含量的影响 郑顺安, 吴泽赢, 杜兆林, 倪润祥, 姚启星 (386)

不同施肥措施对水稻土壤微生物抗性的影响 郑开凯, 马志远, 孙波, 梁玉婷 (394)

氮添加影响下新疆天山雪岭云杉林土壤酶活性及其与环境因子的相关性 张涵, 贡璐, 刘旭, 邵康, 李昕竹, 李蕊希 (403)

黄土陵区撂荒农田土壤酶活性及酶化学计量变化特征 钟泽坤, 杨改河, 任成杰, 韩新辉 (411)

生物炭对土壤酶活性和细菌群落的影响及其作用机制 冯慧琳, 徐辰生, 何欢辉, 曾强, 陈楠, 李小龙, 任天宝, 姬小明, 刘国顺 (422)

植被恢复对刺萼龙葵根际土壤细菌群落结构与功能的影响 张瑞海, 宋振, 付卫东, 鄂玲玲, 高金会, 王然, 王忠辉, 张国良 (433)

黄壤稻田土壤微生物量碳氮及水稻品质对生物炭配施氮肥的响应 史登林, 王小利, 刘安凯, 侯再芬, 梁国太 (443)

等碳量添加秸秆和生物炭对土壤呼吸及微生物量碳氮的影响 何甜甜, 王静, 符云鹏, 符新妍, 刘天, 李亚坤, 李建华 (450)

秸秆与氮肥配比对农田土壤内外源碳释放的影响 孙昭安, 张轩, 胡正江, 王开永, 陈清, 孟凡乔 (459)

生物炭与化肥混合对氨挥发和磷固定的影响 杨文娜, 邓正昕, 李娇, 郑杰炳, 王子芳, 高明 (467)

氮肥减投条件下膜材料使用对稻田氨挥发排放的影响 俞映惊, 王梦凡, 杨根, 何世颖, 段婧婧, 杨林章, 薛利红 (477)

微塑料对斑马鱼胚胎孵化影响及其在幼鱼肠道中的积累 赵佳, 饶本强, 郭秀梅, 高进勇 (485)

无人机热红外支持下的城市微尺度热环境模拟 阳少奇, 冯莉, 田慧慧, 刘艳霞 (492)

基于人居尺度的中国城市热岛强度时空变化及其驱动因子解析 孙艳伟, 王润, 郭青海, 高超 (501)

《环境科学》征订启事(8) 《环境科学》征稿简则(220) 信息(233, 352, 421)

生物炭对土壤酶活和细菌群落的影响及其作用机制

冯慧琳¹, 徐辰生², 何欢辉², 曾强², 陈楠¹, 李小龙², 任天宝^{1*}, 姬小明^{1*}, 刘国顺¹

(1. 河南农业大学烟草学院, 河南省生物炭工程技术研究中心, 郑州 450002; 2. 福建省烟草公司南平市公司, 南平 353000)

摘要: 生物炭因其独特的理化性质能够提高土壤碳氮矿化速率及改善土壤微生态环境, 因此探索生物炭调控土壤微生态环境与土壤酶活及其作用机制对改善土壤质量具有重要意义. 采用大田试验方式研究不同生物炭施用水平 0 (CK2)、0.6 (T1)、0.9 (T2)、1.2 (T3) 和 1.5 (T4) t·hm⁻² 以及完全空白对照 (CK1; 不施任何肥料和生物炭) 对土壤养分、土壤酶活和细菌群落结构的影响. 结果表明, 生物炭施用后土壤容重降低, pH 值、速效磷、速效钾、有机质含量和碳氮比均升高, 较 CK2 处理提高的范围分别为 0.32%~5.83%、14.09%~23.16%、0%~38.70%、7.49%~14.16% 和 4.06%~10.13%. 随着生物炭用量的增加, 4 个土壤酶活性均呈现先升高后降低的趋势; 蔗糖酶 (INV)、脲酶 (URE)、过氧化氢酶 (CAT) 和中性磷酸酶 (NPH) 分别较 CK2 处理提高的范围为 63.73%~166.37%、117.52%~174.03%、12.98%~23.59% 和 60.84%~119.71%. 与此相对应的细菌多样性显著提升, 尤其是增加了芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes) 和变形菌门 (Proteobacteria) 等促生菌的丰度; 减少酸杆菌门 (Acidobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria) 的丰度. 相关性分析表明土壤碳氮比是影响土壤酶活性的关键因素, 且土壤酶活又与细菌多样性存在显著的正相关关系; 上述 4 种土壤酶活与芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes) 的相对丰度呈现极显著正相关关系 ($P < 0.01$), 其中 CAT 是影响细菌群落结构的关键因子. 本研究揭示了生物炭对土壤酶活及微生物菌落影响作用机制, 为生物炭调控土壤酶体系和微生态生物学环境提供了理论依据.

关键词: 细菌群落; 生物炭; 土壤酶活; 土壤微生态; 作用机制

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)01-0422-11 DOI: 10.13227/j.hjks.202005285

Effect of Biochar on Soil Enzyme Activity & the Bacterial Community and Its Mechanism

FENG Hui-lin¹, XU Chen-sheng², HE Huan-hui², ZENG Qiang², CHEN Nan¹, LI Xiao-long², REN Tian-bao^{1*}, JI Xiao-ming^{1*}, LIU Guo-shun¹

(1. Henan Biochar Engineering Research Center, College of Tobacco Sciences, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450002, China; 2. Nanping Tobacco Company of Fujian Province, Nanping 353000, China)

Abstract: Biochar-based fertilizers can improve the mineralization of carbon and nitrogen in soil and enhance the soil micro-ecological environment due to particular physical and chemical properties. It is of great significance to explore the underlying mechanism of biochar-based fertilizer in the regulation of soil microorganisms and soil enzyme activity to improve soil quality. Field experiments were conducted to investigate the effects of different biochar-based fertilizer rates [0 (CK2), 0.6 (T1), 0.9 (T2), 1.2 (T3), and 1.5 (T4) t·hm⁻²] on soil nutrients, soil enzyme activity, and bacterial community structure. The results showed that with the application of biochar-based fertilizer, soil bulk density decreased, while the pH value, available P, available K, organic matter content, and the C/N ratio increased by 0.32% - 5.83%, 14.09% - 23.16%, 0% - 38.70%, 7.49% - 14.16%, and 4.06% - 10.13%, respectively, compared to that of the CK2 treatment. With increasing rates of biochar-based fertilizer, the enzyme activity first increased and then decreased. Invertase (INV), urease (URE), catalase (CAT), and neutral phosphatase (NPH) activity under the application of biochar-based fertilizer were 63.73% - 166.37%, 117.52% - 174.03%, 12.98% - 23.59%, and 60.84% - 119.71% higher than that of CK2, respectively. The corresponding bacterial diversity was significantly improved, especially with regard to the increase in the abundance of growth promoting bacteria, such as Gemmatimonadetes and Proteobacteria, and decreased the abundance of Acidobacteria and Actinobacteria. The correlation analysis showed that soil C/N ratio was the key factor affecting soil enzyme activity, and there was a significant positive correlation between soil enzyme activity and bacterial diversity. There were significantly positive correlations among the activities of the above four soil enzymes and the relative abundance of Gemmatimonadetes ($P < 0.01$), with CAT being the key factor affecting the bacterial community structure. This study revealed a relationship between soil enzyme activity and microbial colonies, which provides a theoretical basis and mechanism for applying biochar to regulate the soil enzyme and micro-ecological environment.

Key words: bacterial community; biochar; soil enzyme activity; soil microorganisms; action mechanism

收稿日期: 2020-05-27; 修订日期: 2020-07-21

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2017YFD020 0808); 福建省烟草公司南平市公司科技项目 (NYK2017-03-03)

作者简介: 冯慧琳 (1997 ~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为生物炭及土壤微生态环境调控, E-mail: 2463977335@qq.com

* 通信作者, E-mail: tianbao1016@126.com; jxm0371@163.com

土壤微生物是土壤酶的重要来源, 土壤中所有的生物化学反应都有土壤酶的参与, 土壤酶会影响土壤微生物数量及其群落结构^[1]. 因此, 生物炭施用后根际土壤研究重点之一就是土壤微生物与土壤酶活之间的关系. 目前已有大量研究表明施用生物炭能够影响土壤酶活及土壤生物多样性^[2,3]. Oleszczuk 等^[4]的研究通过将生物炭添加到蔬菜地土壤中发现, 生物炭能够保护土壤酶且会提高大部分酶的活性. 生物炭对不同土壤酶活性的影响是不同的, 许云翔等^[2]的研究发现施用 6 a 生物炭后土壤脲酶活性增加量最大能达到 36.5%, 土壤酸性磷酸酶活性随着生物炭施加量的增加而增加, 过氧化氢酶和多酚氧化酶的活性均降低. 如今生物炭对细菌的影响已有大量报道, 如 Xu 等^[5]的研究发现经过生物炭处理后土壤细菌多样性增加, 且与生物炭添加量呈正相关. 对于生物炭影响土壤细菌的原因, Lehmann 等^[6]的研究认为土壤中添加生物炭能够促进细菌与其他菌根形成共生体, 改善土壤生态系统中的细菌多样性; 同时 Ameloot 等^[7]的研究发现生物炭能够为土壤细菌提供一个舒适的栖息环境, 因此而刺激土壤细菌功能和群落多样性发生变化; 也有研究指出生物炭影响土壤微生物的活性和群落结构是由于生物炭可以改变微生物定殖栖息地的理化性质^[8,9]. 基于此 Nielsen 等^[10]提出微生物群落的转变可以与添加生物炭后养分周转和利用的变化相结合.

生物炭在应对农业发展、环境污染、气候变化和能源危机等方面具有重要的潜力^[11,12]. 生物炭施用的土壤修复方式能够影响土壤肥力变化的发展方向与程度, 而以土壤酶活及土壤微生物特征为代表的土壤生物学肥力又是揭示土壤变化规律和演变趋势的重要指标^[13]. 目前的研究多聚焦于生物炭对土壤酶活和微生物多样性的影响等方面, 但对于土壤酶活与细菌门类的相关关系及其作用机制研究鲜见报道. 基于此, 本研究通过田间试验, 分析了不同生物炭添加量对土壤酶活、土壤细菌群落多样性、细菌门类的影响及其三者之间的相关性, 通过探索施用生物炭后驱动土壤微生态变化的机制, 以期对土壤保育和根际微生物定向调控提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 研究地点

本试验于 2019 年 2 ~ 10 月于福建省南平市邵武市沿山镇进行, 该烟区为烟稻轮作, 土壤类型为水稻土, 其基本理化性质(0 ~ 20 cm 表层土壤)为: pH 值 6.29、有机质 18.67 g·kg⁻¹、速效磷 21.34

mg·kg⁻¹、速效钾 123.56 mg·kg⁻¹ 和全氮 0.19 g·kg⁻¹. 供试烤烟品种为 K326, 由福建省南平市邵武市公司提供. 试验生物炭为花生壳原料, 由河南省生物炭工程技术研究中心提供. 生产工艺条件如下: 在 380 ~ 400℃ 条件下低氧、连续炭化 20 min 制得, 粉碎后过 10 目筛, 其基本理化性质为: 比表面积 16.71 m²·g⁻¹、容重 0.21 g·cm⁻³、pH 8.65、全碳 524.10 g·kg⁻¹ 和全氮 2.30 g·kg⁻¹.

1.2 试验设计与处理

本试验共设 5 个不同生物炭施用水平: 0 t·hm⁻² (CK2)、0.6 t·hm⁻² (T1)、0.9 t·hm⁻² (T2)、1.2 t·hm⁻² (T3)、1.5 t·hm⁻² (T4) 和 1 个完全空白对照 (CK1; 不施任何肥料和生物炭), 每个处理设 3 次重复, 随机区组排列. 每个处理均常规施肥: 其中烟草专用肥 525 kg·hm⁻²、芝麻饼肥 675 kg·hm⁻²、钙镁磷肥 459 kg·hm⁻²、氢氧化镁 187.5 kg·hm⁻²、硝酸钾 345 kg·hm⁻² 和硫酸钾 300 kg·hm⁻², 氮磷钾比例为 1:0.78:2.87. 起垄前, 所有物料于起垄前 1 d 条施, 施用生物炭后, 将其他物料混匀后撒施于生物炭上. 植烟行距 1.2 m, 株距 0.5 m, 试验地四周设保护行, 田间栽培管理按当地优质烟叶生产技术规范进行.

1.3 土壤取样

在烟草移栽 75 d 时, 根据 5 点取样法确定取样点, 每个处理确定 6 个取样点即每个重复设 2 个取样点, 用铲子将烟株周围 10 cm 的土壤挖至 30 cm 的深度, 切割土壤中烟株的任何侧根, 挖出烟株整个根部. 将根球放入盆中, 摇动根部用铲子从根部去除土壤, 将采集盆中的土壤分成两部分, 一部分将采集盆中无碎块的土壤 5 ~ 10 g, 除植物根、动物残骸及其他杂质, 混匀过 2 mm 筛, 保存在 10 mL 无菌离心管中, 用于冰保存送往上海欧易生物科技有限公司, 对采集的土壤样品进行微生物多样性检测. 另一部分将采集盆中的土壤放入密封袋中, 常温避光条件下风干、磨细和过筛, 进行土壤样品分析.

1.4 土壤理化性质及酶活性分析

测定方法参照文献[14], 有机质测定采用重铬酸钾氧化法; 速效磷测定采用 0.5 mol·L⁻¹ NaHCO₃ 浸提钼锑抗比色法; 速效钾测定采用 0.5 mol·L⁻¹ NH₄OAc 浸提-火焰光度法; pH 值测定采用 pH 酸度计, 土壤酶活测定使用科铭生物公司提供的试剂盒, 土壤物理特性使用土壤温湿度测量仪.

1.5 土壤微生物测定分析方法

采用 DNA 抽提试剂盒对样本的基因组 DNA 进行提取, 之后利用琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的纯度

和浓度,以稀释后的基因组 DNA 为模板,根据测序区域的选择,用带有 barcode 的特异引物扩增 16S V3 ~ V4 区^[15]. 引物序列为 343F (5'-TACGGRAGG CAGCAG- 3') 和 798R (5'-AGGGTATCTAATCCT-3'); Takara 公司的 Takara Ex Taq 高保真酶进行 PCR 扩增,确保扩增效率和准确性. PCR 产物使用电泳检测,检测后使用磁珠纯化,纯化后作为二轮 PCR 模板,并进行二轮 PCR 扩增,并再次使用电泳检测,检测后使用磁珠纯化,纯化后对 PCR 产物进行 Qubit 定量. 根据 PCR 产物浓度进行等量混样,并上机测序.

使用 Trimmomatic 软件对原始双端序列进行去杂. 去杂参数为:检测并截去模糊碱基 N; 并采用滑动窗口法检查平均碱基质量,当质量低于 20 时,截取前面高质序列. 去杂后的双端序列利用 FLASH 软件进行. 测序数据进行预处理生成优质序列之后,采用 Vsearch 软件,根据序列的相似性,将序列归为多个 OTUs. 参数为序列相似度大于或等于 97% 被归为一个 OTUs 单元. 使用 QIIME 软件包挑选出各个 OTUs 的代表序列,并将所有代表序列与数据库进行比对注释.

1.6 数据分析

采用 Microsoft Excel 2016 分析数据,方差分析采用最小显著性差异 (least significant difference) 法用 DPS7.0 软件分析处理数据,热图分析根据物种或样本间丰度的相似性进行聚类,用 R 软件的 vegan 包绘图. 主成分分析 (principal component analysis, PCA) 采用 SPSS11.0 软件. 微生物使用的 UPARSE 软件,根据 97% 的相似度对序列进行 OTUs (operational taxonomic units) 聚类; 使用 UCHIME 软

件剔除嵌合体. 利用 RDP classifie 对每条序列进行物种分类注释,比对 Silva 数据库 (SSU123), 设置比对阈值为 70%.

2 结果与分析

2.1 生物炭对土壤养分及酶活的影响

2.1.1 生物炭对土壤特性及基础养分影响

由表 1 能够看出,生物炭的施用能够显著改变根际土壤特性. 从物理特性来看,与 CK1 相比,CK2 会增加土壤容重,增幅为 9.56%; 施加生物炭后土壤容重会较 CK2 减少,较 CK2 来说,4 个生物炭处理分别降低了 14.76%、18.12%、24.83% 和 26.17%. T3 和 T4 处理的土壤容重较小,且与 CK2 处理存在显著性差异. 施加生物炭处理在土壤温湿度方面较与 CK2 之间不存在显著性差异. 施加生物炭能够轻度缓解土壤酸性,4 个生物炭处理的 pH 值较 CK1 分别增加了 0.63%、6.17%、2.68% 和 2.05%,除 T1 处理外,其他 3 个生物炭处理均与 CK1、CK2 处理存在显著性差异.

由表 2 能够看出,土壤速效磷含量以 T2 处理最高,较 CK2 来说增加了 23.16%,土壤速效钾、有机质含量以 T3 处理达到最高值,分别较 CK2 增加了 38.70% 和 14.16%. 较 CK2 来说,生物炭添加后土壤中的全氮含量没有太显著的变化,但是土壤全碳和全硫含量都有了显著的提升. 由表 2 可以看出,T4 处理的碳氮比最高,CK1、CK2、T1、T2 和 T3 处理分别较 T4 处理来说减少了 18.71%、9.21%、5.52%、4.60% 和 2.07%.

2.1.2 生物炭对土壤酶活的影响

由图 1 可以看出,随着生物炭添加量的增加,4 个

表 1 不同生物炭用量对土壤理化指标的影响¹⁾

Table 1 Effect of different biochar dosages on the soil material index

处理	CK1	CK2	T1	T2	T3	T4
pH(1:2.5 H ₂ O)	6.32 ± 0.06b	6.34 ± 0.06b	6.36 ± 0.33b	6.71 ± 0.05a	6.49 ± 0.08ab	6.45 ± 0.06b
容重/g·cm ⁻³	1.36 ± 0.26ab	1.49 ± 0.29a	1.27 ± 0.22ab	1.22 ± 0.34ab	1.12 ± 0.29b	1.10 ± 0.08b
温度/°C	26.97 ± 0.21a	26.32 ± 0.27bc	26.53 ± 0.32ab	26.3 ± 0.4bc	25.87 ± 0.06c	26.27 ± 0.21bc
含水率/%	23.22 ± 4.48a	23.66 ± 2.45a	23.81 ± 2.43a	23.96 ± 5.47a	26.14 ± 2.92a	24.08 ± 4.12a

1) 同列数据后不同小写字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$), 下同

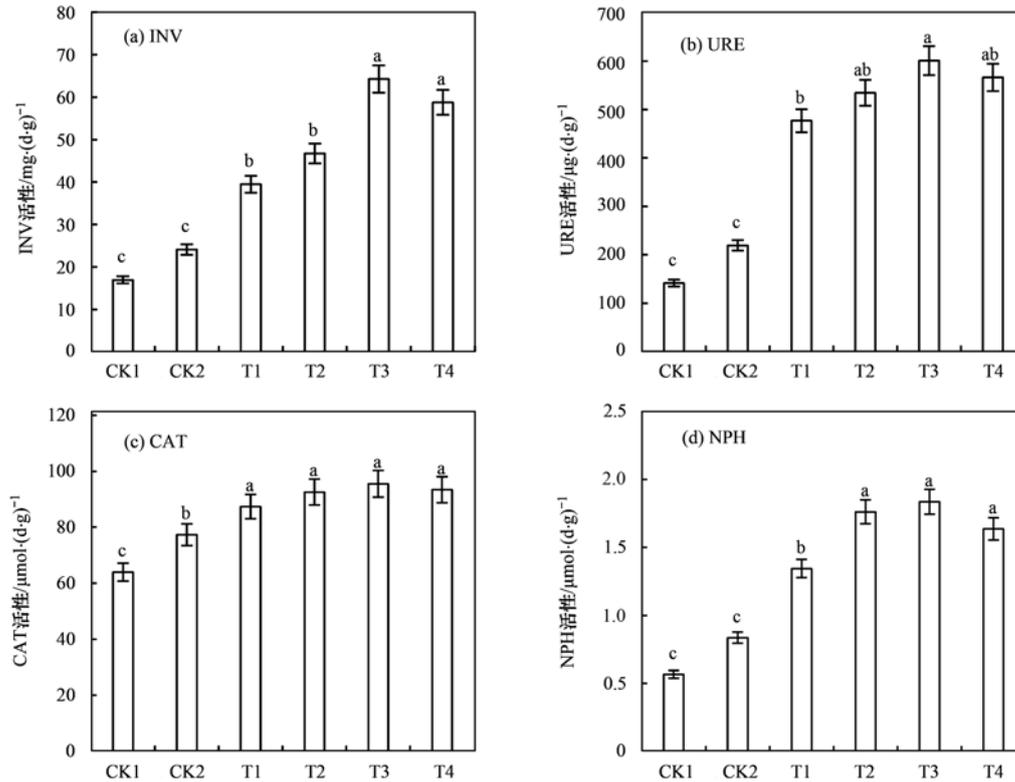
表 2 不同生物炭用量对土壤主要养分的影响

Table 2 Effect of different biochar dosages on soil nutrients

处理	速效磷 /mg·kg ⁻¹	速效钾 /mg·kg ⁻¹	有机质 /g·kg ⁻¹	全氮 /g·kg ⁻¹	全碳 /g·kg ⁻¹	全硫 /g·kg ⁻¹	C/N
CK1	31.89b	143.33b	26.86b	2.11b	19.32c	0.61b	7.32
CK2	42.58a	206.67ab	30.86a	2.25a	20.47b	0.65b	7.89
T1	48.58a	206.69ab	33.17a	2.32a	22.45a	0.71a	8.21
T2	52.44a	233.33ab	34.35a	2.34a	21.29ab	0.74a	8.29
T3	49.90a	286.67a	35.23a	2.35a	22.17a	0.74a	8.51
T4	51.46a	246.67a	34.89a	2.39a	22.31a	0.75a	8.69

土壤酶活活力均呈现出先增加后减少的趋势. 从图 1 (a) 来看, T3 处理的 INV 活力最高, CK1 处理 INV 的活性较 T3 处理来说降低了 73.59%; 从图 1 (b) 来看, 生物炭处理的 URE 活性远远高于未施加生物炭处理的活性, 生物炭处理中属 T3 处理的 URE 活性最

高, 较 T1、T2 和 T4 处理的 URE 活性来说分别提高了 25.98%、12.52% 和 6.14%; 从图 1 (c) 来看, CAT 在生物炭处理之间差异不大, 但是与 CK1、CK2 处理存在显著性差异. 从图 1 (d) 来看, 以 T3 处理 NPH 活性最高, CK1 处理较 T3 处理显著减少了 69.14%.



不同小写字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$)

图 1 生物炭施用后土壤酶活的变化

Fig. 1 Changes in soil enzyme activity after biochar application

2.1.3 土壤特性与酶活的相关性

由图 2 可以看出, NPH 与 pH 值呈现正相关 ($P < 0.05$), CAT 与速效磷呈现正相关 ($P < 0.05$). INV、URE、CAT 和 NPH 与土壤容重及土壤温度均呈现负相关 ($P < 0.05$), 与土壤有机质、全碳和全氮均呈现正相关 ($P < 0.05$), 与碳氮比呈现极显著正相关 ($P < 0.01$), 说明土壤酶活是由多因子协同影响, 且土壤碳氮比对土壤酶活的影响最为显著.

2.2 生物炭对土壤细菌多样性及群落结构影响

2.2.1 样本测序结果及土壤细菌群落的 α 多样性

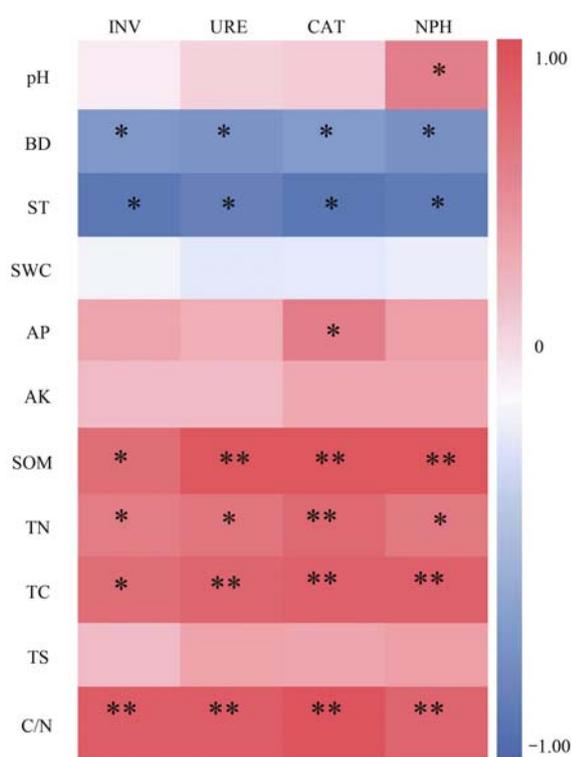
试样共获得 1 433 117 条有效序列, 单样本平均序列数为 39 808 条有效序列. 样品统一抽齐后检测到的 OTUs 总数为 11 244, 由图 3 可以看出所有样本中共有的 OTUs 总数为 714, 生物炭处理所特有的 OTUs 总数分别为 2 513、2 500、2 408 和 2 576.

Simpson 指数和 Shannon 指数用来评价细菌群落的多样性, Chao 指数用来反映细菌群落的丰富

表 3 不同生物炭用量对细菌群落的 α 多样性的影响

Table 3 Effect of different biochar dosage on the α diversity of the bacterial communit

处理	Simpson 指数	Shannon 指数	Chao 指数	Coverage 指数
CK1	0.997 5 \pm 0.000 6a	10.018 2 \pm 0.27a	43 99.62 \pm 360.68b	0.947 2 \pm 0.004 7a
CK2	0.997 5 \pm 0.000 9a	10.029 5 \pm 0.35a	4 733.99 \pm 428.13ab	0.942 7 \pm 0.004 5ab
T1	0.997 7 \pm 0.000 9a	10.076 1 \pm 0.36a	4 800.54 \pm 556.92ab	0.941 5 \pm 0.007b
T2	0.997 6 \pm 0.000 7a	10.300 0 \pm 0.19a	4 787.71 \pm 281.16a	0.942 5 \pm 0.003 5ab
T3	0.997 5 \pm 0.000 7a	10.074 3 \pm 0.28a	4 691.41 \pm 383.32ab	0.943 0 \pm 0.004 4ab
T4	0.997 7 \pm 0.000 4a	10.099 0 \pm 0.16a	4 856.98 \pm 229.11a	0.940 3 \pm 0.002 7b



INV:蔗糖酶,URE:脲酶,CAT:过氧化氢酶,NPH:中性磷酸酶,pH:pH值,BD:土壤容重,ST:土壤温度,SWC:土壤含水率,AP:速效磷,AK:速效钾,TN:全氮,TC:全碳,TS:全硫,C/N:土壤碳氮比;*表示 $P < 0.05$,**表示 $P < 0.01$

图2 土壤酶活与土壤特性的相关性
Fig. 2 Correlation between soil enzyme activity and soil characteristics

度,Coverage指数反映细菌群落覆盖度.由表3可以看出,施用生物炭后Shannon指数均大于CK1和CK2处理,以T2和T4处理的增长较为明显;从Chao指数来看,生物炭处理与未施肥处理存在显著性差异,以T4处理的增长最为明显,较CK1处理来说增加了10.39%.试验样本测序覆盖度均达到94%以上,表明样品测序深度足够,完全满足后续数值分析.

2.2.2 生物炭对土壤细菌群落结构的影响

由图4可以看出,变形菌门(Proteobacteria)的相对丰度以T2处理最高,相比较于CK1处理明显提高了9.59%,T2处理相比较于T1、T3和T4处理的相对丰度分别提高了4.44%、3.92%和6.66%;酸杆菌门(Acidobacteria)的相对丰度大小为:T4 > CK1 > CK2 > T1 > T3 > T2,CK2处理较CK1处理的相对丰度下降了4.99%,说明CK2处理会使酸杆菌门(Acidobacteria)的丰度下降;T2处理较CK1处理的相对丰度降低了25.12%,但是除T2处理外,T1、T3和T4处理的相对丰度均高于CK2处理且T4处理还高于CK1处理,说明高添加量生物炭能够改善未添加生物

炭带来的酸杆菌门(Acidobacteria)的下降;芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)的相对丰度以T3处理最高,较CK1处理明显提高了39.66%,而CK2处理较CK1处理仅提高了4.81%;各个处理放线菌门(Actinobacteria)的相对丰度大小排列为:CK1 > CK2 > T1 > T4 > T3 > T2,T2处理较CK1处理减少了16.38%.由图5可知T1处理和T3处理最先聚在一起,之后再和T4处理聚在一起,CK1处理与CK2处理聚在一起.CK1处理与绿弯菌门(Chloroflexi)呈现促进关系,与变形菌门(Proteobacteria)呈现抑制关系.T2处理与酸杆菌门(Acidobacteria)呈现抑制关系.

2.2.3 生物炭对土壤细菌群落主成分的影响

基于OTUs丰度的土壤菌落结构主成分分析如图6所示,PC1轴和PC2轴对样本组成差异的贡献值分别为6.84%和5.86%.由图6(a)可以看出各个样本的组内生物重复一般,CK1处理与生物炭处理的距离较远,说明未施肥处理与生物炭处理土壤细菌群落组成结构存在差异.T3处理与T4处理样本点的距离较近,说明T3处理与T4处理的土壤细菌群落结构相似.T2、T3和T4处理各样本点随着生物炭的使用量的改变在PC1轴上依次排开,说明生物炭处理对土壤微生物细菌群落结构有明显的影响.由图6(b)可以看出,T2和CK1处理各存在一个异常值,T2、T3和T4处理分别呈左偏态分布,T1、CK2和CK1处理分别呈右偏分布.

2.3 土壤细菌多样性及群落结构与土壤酶活相关性分析

2.3.1 细菌多样性指数与土壤酶活相关性分析

土壤细菌 α 多样性由Shannon指数和Chao指数来反映,土壤细菌 β 多样性由NMDS1指数和NMDS2指数来反映.由Heatmap图分析来看(图7),土壤细菌 β 多样性与CAT呈现正相关关系($P < 0.05$),与NPH活性呈现负相关关系($P < 0.05$);土壤细菌 α 多样性与NPH、INV和URE呈现正相关关系($P < 0.05$),土壤细菌 α 多样性与CAT活性存在着极强的正相关关系($P < 0.01$).

2.3.2 土壤细菌群落结构与土壤酶活相关性分析

由表4显示在门水平上相对丰度前15名的细菌门类与土壤4种酶活之间的相关关系.芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)及放线菌门(Actinobacteria)的丰度与4种土壤酶活的相关性极好,芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)的相对丰度与4种土壤酶活均呈现极显著正相关关系($P < 0.01$),相反放线菌门(Actinobacteria)的相对丰度与4种土壤酶活均呈现极显著负相关关系($P < 0.01$).迷踪菌门

(Elusimicrobia)的相对丰度与CAT呈现显著负相关关系($P < 0.05$),蓝细菌门(Cyanobacteria)的相对丰度与URE和NPH呈现显著正相关关系($P < 0.05$).

表4 细菌优势门类与土壤酶活之间的相关关系¹⁾

Table 4 Correlation between bacterial dominant phylum and soil enzyme activity

细菌门类	蔗糖酶	脲酶	过氧化氢酶	中性磷酸酶
Proteobacteria	0.24	0.34	0.51	0.45
Acidobacteria	-0.24	-0.37	-0.42	-0.51
Gemmatimonadetes	0.92**	0.92**	0.89**	0.93**
Actinobacteria	-0.94**	-0.97**	-0.95**	-1.00**
Bacteroidetes	-0.34	-0.22	-0.28	-0.11
Chlorobi	0.51	0.57	0.53	0.68
Nitrospirae	0.6	0.66	0.58	0.53
Chloroflexi	-0.45	-0.56	-0.72	-0.6
Elusimicrobia	-0.55	-0.64	-0.76*	-0.69
Spirochaetae	-0.5	-0.5	-0.44	-0.42
Firmicutes	-0.57	-0.6	-0.75	-0.63
Parcubacteria	-0.18	-0.18	-0.18	-0.28
WCHB1_60	-0.58	-0.68	-0.80*	-0.74
Cyanobacteria	0.73	0.77*	0.71	0.85*
Saccharibacteria	-0.4	-0.33	-0.12	-0.23

1) *表示 $P < 0.05$, **表示 $P < 0.01$

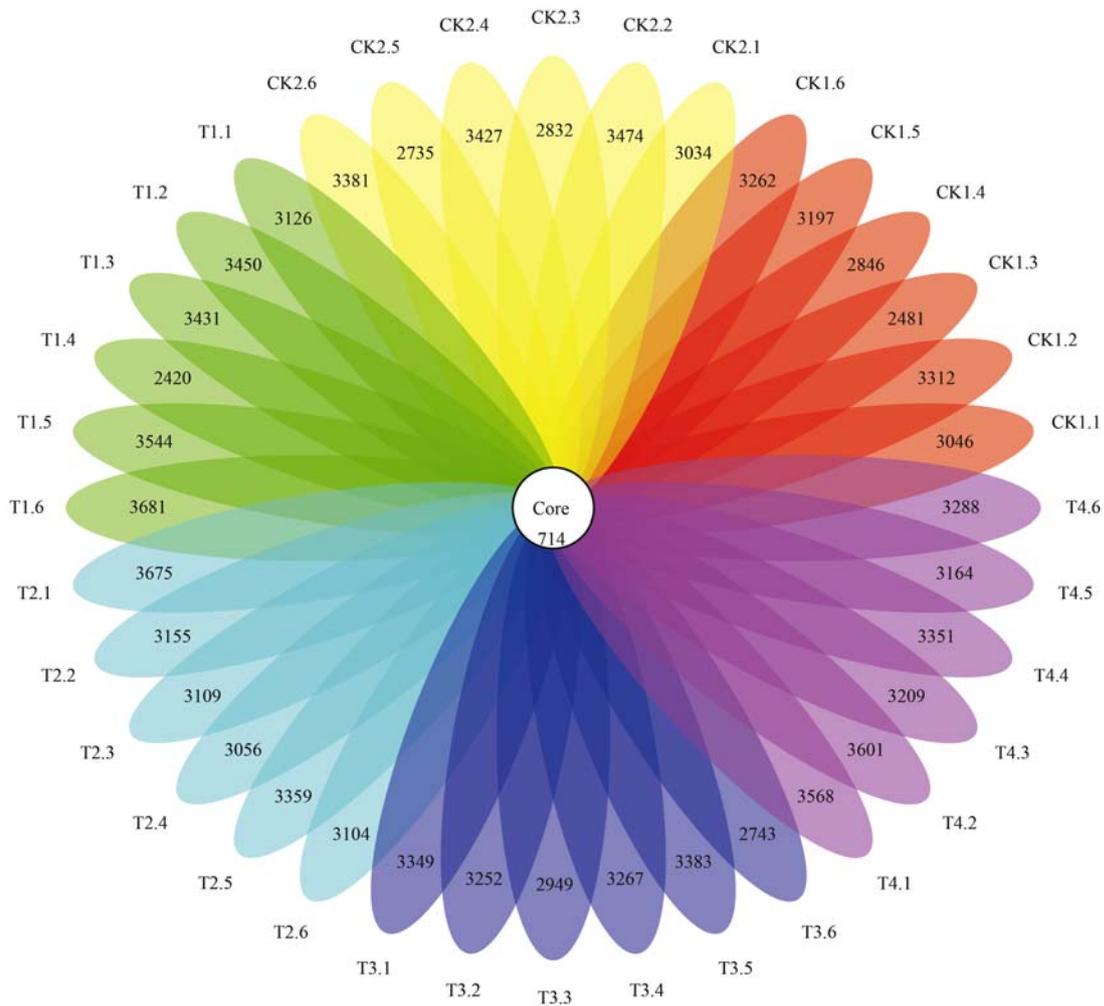


图3 各个处理细菌群落 OTUs 数

Fig. 3 OTUs number of the bacterial communities in each treatment

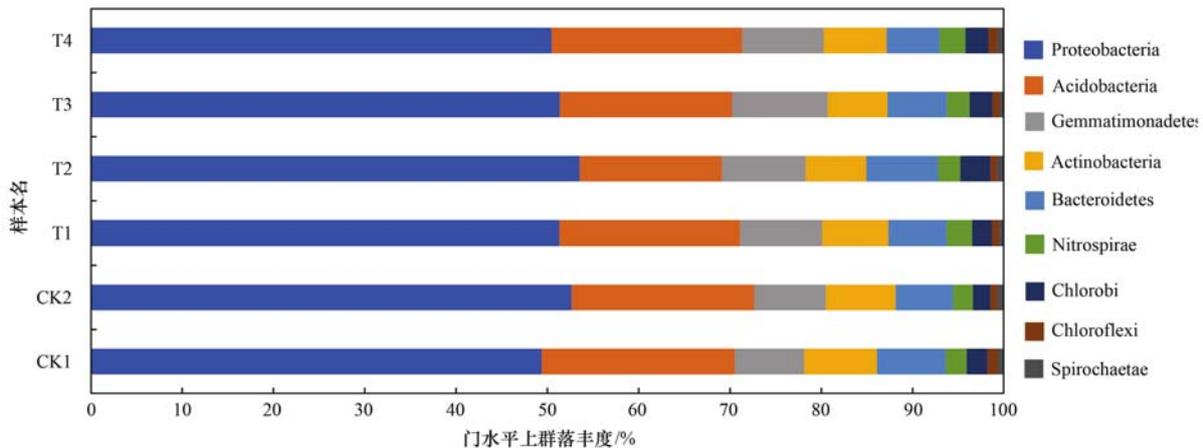


图 4 门水平上最大丰度排名前 9 的物种相对丰度

Fig. 4 Relative abundance of the top nine species with the highest abundance at the phylum level

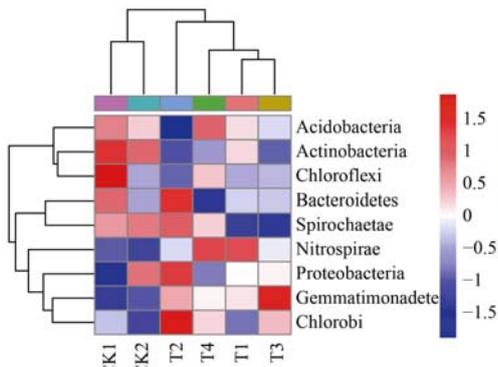


图 5 门水平上最大丰度排名前 9 的物种 Heatmap 图

Fig. 5 Heatmap map of the top nine species with the highest abundance at the phylum level

3 讨论

3.1 生物炭对土壤酶活的影响

生物炭因其自身特殊的理化性质,施入土壤后能够引起土壤理化性质的变化,且在一定程度上影响了土壤酶活性.生物炭的添加整体促进了 INV、URE、CAT 和 NPH 的活性,且随着生物炭添加量的提升,土壤酶活的提升作用呈现先增加后减弱的趋势,均在生物炭用量为 $1.2 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ (T3) 时,各土壤酶活性达到最高值,与张继旭等^[16]的研究成果相印证.关荫松等^[17]的研究发现土壤中有机的含量、微生物数量和呼吸强度均会影响 INV 的活性,本研究中生物炭处理土壤有机质水平及微生物活性较高,故生物炭处理 INV 的活性明显提升^[18].安韶山等^[19]的研究发现 URE 活性依赖于有机质,它深度参与了有机质的转化分解过程,有机质含量提升 URE 活性会随之提升.本研究中因施加生物炭后根际土壤有机质含量明显提升,故生物炭处理 URE 活性高.冯爱青等^[20]的研究发现,在棕壤中添加秸秆黑炭对 NPH 起到抑制作用,而本文则是生物炭土壤中的 NPH 有显著提高.有研究发现^[21]虽然添加生

物炭能吸附植物根系土壤中的反应底物使土壤酶活提高,但是也能够吸附土壤中的酶分子对酶促反应结合位点形成保护作用,因而抑制土壤酶活.由于不同原材料制成的生物炭其吸附性及结构都具有特异性,不同酶活性对生物炭添加的响应并非是不变的^[21,22];且本文发现土壤酶活与土壤 C/N、SOM 和 TC 等存在显著相关关系,表明土壤酶活是由多因子协同作用的,故土壤酶活性的改变程度主要受其自身性质、生物炭性质及添加量和土壤性质的影响.

3.2 土壤细菌多样性及群落结构对生物炭施用后的响应

施用生物炭对土壤细菌群落结构和多样性具有一定的影响,能够提升土壤细菌群落的多样性及丰富度,这与前人的研究一致^[23].随着生物炭施用量的增加,土壤细菌群落多样性及丰富度的增加幅度呈现先减少后增加的趋势,T3 处理的增幅最小而 T4 处理增幅大大增加.这是由于生物炭的添加量的增加会促进某些类细菌增长的同时也会抑制一些细菌的生长,导致土壤细菌群落结构发生改变^[24].其中生物炭处理提升了变形菌门 (Proteobacteria)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes) 的丰度,有研究表明生物炭独特的结构能够为土壤细菌提供一个有利的繁殖场所,且含有丰富的营养物质,有利于细菌的生长和相对丰度的提升^[25].但是本研究发现生物炭施用后土壤中的放线菌门 (Actinobacteria) 和酸杆菌门 (Acidobacteria) 的丰度会有所减少,且随着生物炭添加量的增多,放线菌门 (Actinobacteria) 和酸杆菌门 (Acidobacteria) 的丰度先降低后升高.有研究表明低添加量生物炭可能会促进某类细菌的生长繁殖,消耗掉土壤中的碳或改变土壤的理化性质,从而不利于放线菌门 (Actinobacteria) 的生长繁殖;而当生物炭添加量逐渐增多时,土壤中的碳含量也会随

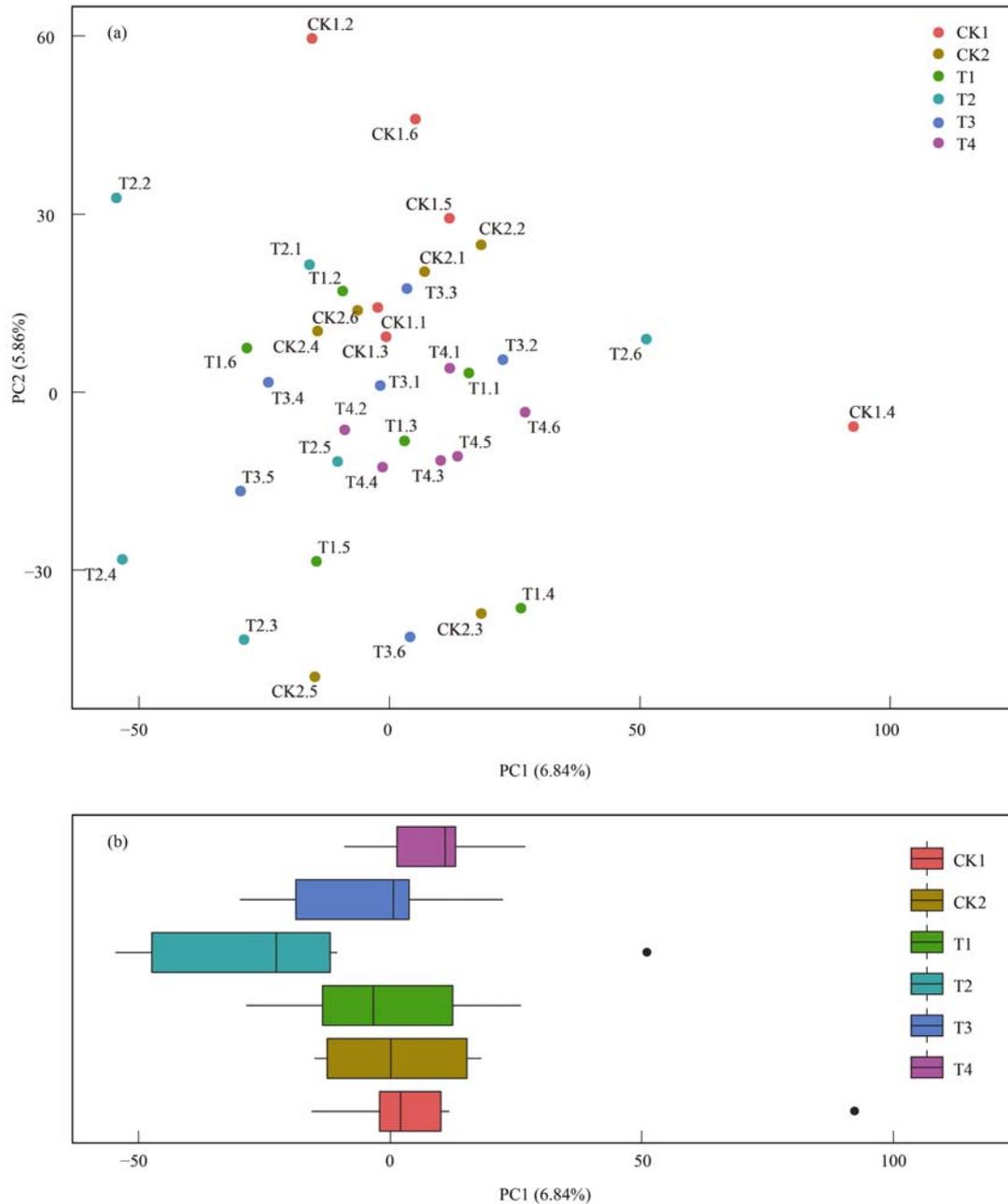
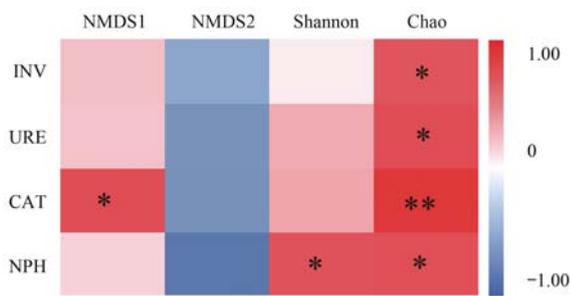


图 6 土壤细菌群落结构主成分分析

Fig. 6 Principal component analysis of soil bacterial community structure



INV: 蔗糖酶, URE: 脲酶, CAT: 过氧化氢酶, NPH: 中性磷酸酶;

* 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$

图 7 细菌多样性指数与土壤酶活的相关关系

Fig. 7 Correlation between the bacterial diversity index and soil enzyme activity

之增加,因此会减缓对放线菌门(Actinobacteria)的抑制作用^[26]. 酸杆菌门(Acidobacteria)多属于寡营养类群^[27],土壤的富营养状态并不适合该类菌群的生长^[28],生物炭添加后改善了土壤的养分状况,虽然未达到富营养状态,但是较未添加生物炭处理来说,土壤环境发生了改变,也抑制了该类细菌的生长. 且酸杆菌门(Acidobacteria)属于嗜酸菌,其丰度随着 pH 的升高而降低,文中发现随着生物炭添加量的增加,土壤的 pH 呈现先升高后降低的趋势,因此酸杆菌门(Acidobacteria)的丰度先降低后升高. 本研究结果发现未施肥处理与生物炭处理在主成分分析的图上距离远,说明生物炭处理能够改变细菌

群落结构,已有研究表明,土壤中添加生物炭后,细菌的群落组成会发生变化^[29,30],与本研究结果相印证.但本研究结果也发现生物炭处理的某些点距离CK2处理较近,张玉洁等^[24]的研究认为生物炭施入土壤后能够在一定程度上改善土壤的微生态环境,但是可能只有利于个别类群相对丰度的增加^[31~33].说明生物炭处理只是引起少数菌群结构发生了变化,并未引起大幅度的变化,一定程度上维持了原有土壤细菌群落结构,这与乌英嘎^[23]的研究相印证.由本文可以看出,生物炭其独特的结构能够直接影响土壤的理化性质及养分含量,因此改变了细菌生存的土壤环境,从而影响细菌群落及多样性.

3.3 生物炭施用后土壤酶活与细菌群落的相关性

本研究结果显示 INV、URE、NPH 和 CAT 均与细菌群落丰富度(Chao 指数)存在显著正相关关系($P < 0.05$),Wang 等^[34]的研究指出土壤酶主要由土壤微生物、动植物及残体分泌而来,且土壤微生物中的细菌又是土壤酶的主要来源之一,可见土壤酶活性与细菌存在直接相关关系^[35],与本研究结果相印证.对于 15 个优势细菌门类与 4 种土壤酶活的相关性研究,本研究发现芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、放线菌门(Actinobacteria)、迷踪菌门(Elusimicrobia)和蓝细菌门(Cyanobacteria)的相对丰度与土壤酶活存在显著的正负相关关系,其他细菌门类的相关性不显著,可能是由于土壤细菌的种类繁多,每一门类细菌的作用方式存在很大

差异,并且也可能与某类土壤酶本身的原因有关,可能该类酶的主要影响因素为真菌或者其他因素^[17].本研究还发现 CAT 与芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、放线菌门(Actinobacteria)、迷踪菌门(Elusimicrobia)及 WCHB1_60z 这 4 种主要类群存在显著相关关系,分析结果表明 CAT 是影响细菌群落结构的关键因子.从本研究发现,土壤酶活与细菌的关系并非单一的、有规律的,而是多元的、多变的,某种特定的细菌菌门与某种特定的土壤酶之间的关系都是不同的,究其原因还得深入到每一个细菌门类其功能、性质等方面以及土壤酶活本身的作用机制等方面的研究中.

3.4 生物炭调控根际土壤微生态机制分析

土壤酶活与土壤养分的相关性分析结果发现,土壤碳氮比是影响 INV、URE、CAT 和 NPH 活性的关键影响因子,同时土壤酶活又与细菌多样性存在显著正相关关系,因此本研究探索并推测生物炭对根际土壤微生态的调控机制(图 8),即含碳丰富且多孔的生物炭施入土壤后改变了土壤理化性质,土壤容重降低,pH 值、速效磷、速效钾、有机质含量和碳氮比均升高,改变了土壤细菌生存的土壤微生态环境,从而影响了土壤细菌的生长、发育和代谢^[36,37].如芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)丰度的增加及放线菌门(Actinobacteria)丰度的减少,本研究说明 INV、URE、CAT 和 NPH 活性与芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)丰度呈现极显著的正相关关

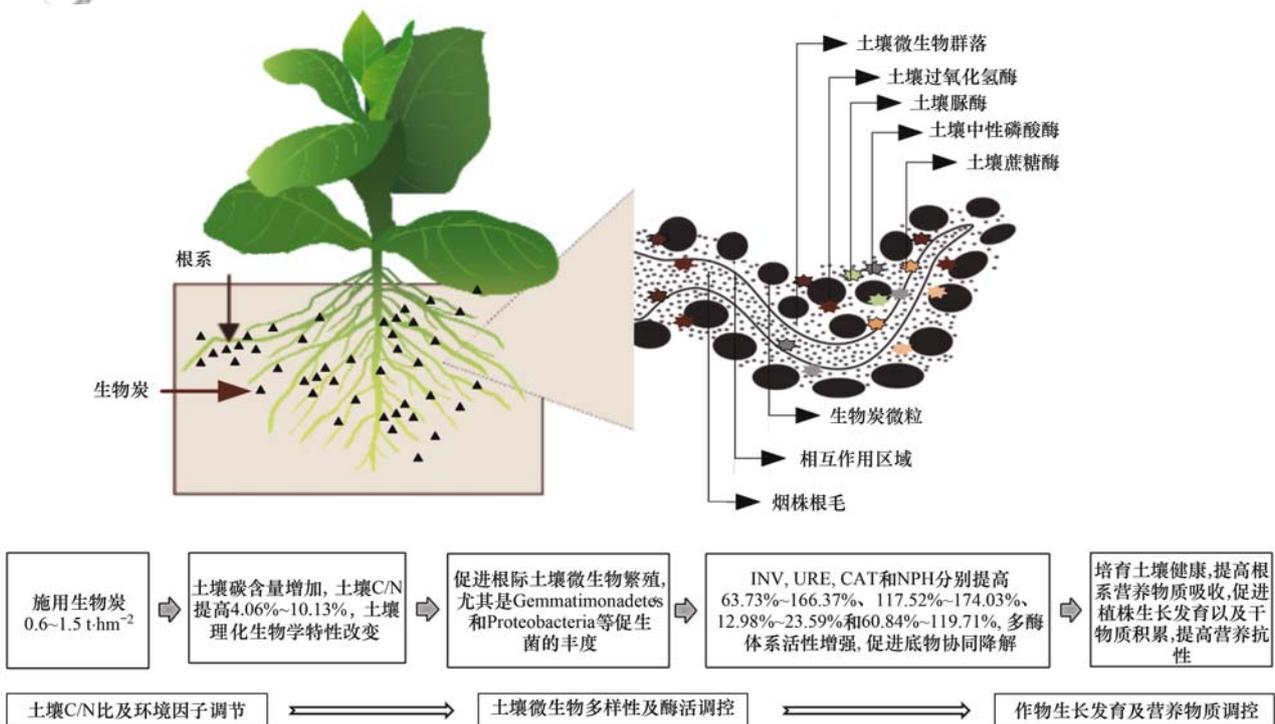


图 8 生物炭对根际土壤微生态环境调控作用机制示意

Fig. 8 Regulation mechanism of biochar on the soil micro-ecological environment

系,与放线菌门(Actinobacteria)丰度呈现极显著负相关关系,因此土壤某些细菌的改变增强了 INV、URE、CAT 和 NPH 的活性.总的来说,生物炭的施用调节了土壤碳氮比,调控了根际微生态环境和养分的协调,增加土壤微生物的多样性和改变菌群结构,促进土壤酶活性提高,增强了多酶体系的活性,协同促进酶促反应,改善土壤微生态环境,其作用机制如图 8 所示.

4 结论

生物炭能够显著提高 4 种土壤酶活及土壤养分,且高添加量生物炭的作用大于低添加量生物炭.土壤养分及理化性质的改变,促进了根际土壤细菌群落的变化.生物炭作用过程中发现土壤碳氮比是影响土壤酶活性的关键因子之一,土壤酶活与芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)存在极显著正相关,与放线菌门(Actinobacteria)存在极显著负相关关系($P < 0.01$),CAT 是影响细菌群落结构的关键因子.可见生物炭在调控土壤微生态方面具有重要的生态学意义,可在一定程度上增加细菌多样性及改变菌群结构.综合以上研究结果,施用 $1.2 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ 的生物炭为较适宜的添加量.

参考文献:

- [1] 李小清. 华西雨屏区天然次生林及其人工更新后不同植被类型土壤微生物和酶活性研究[D]. 雅安: 四川农业大学, 2014.
- Li X Q. The study of natural secondary forest and its artificial regeneration forests on soil microbial and enzyme activity in rainy area of West China[D]. Yaan: Sichuan Agricultural University, 2014.
- [2] 许云翔, 何莉莉, 刘玉学, 等. 施用生物炭 6 年后对稻田土壤酶活性及肥力的影响[J]. 应用生态学报, 2019, **30**(4): 1110-1118.
- Xu Y X, He L L, Liu Y X, *et al.* Effects of biochar addition on enzyme activity and fertility in paddy soil after six years[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2019, **30**(4): 1110-1118.
- [3] Kolton M, Meller Harel Y, Pasternak Z, *et al.* Impact of biochar application to soil on the root-associated bacterial community structure of fully developed greenhouse pepper plants[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2011, **77**(14): 4924-4930.
- [4] Oleszczuk P, Joško I, Futa B, *et al.* Effect of pesticides on microorganisms, enzymatic activity and plant in biochar-amended soil[J]. Geoderma, 2014, **214-215**: 10-18.
- [5] 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.
- [6] 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.
- [7] Ameloot N, Graber E R, Verheijen F G A, *et al.* Interactions between biochar stability and soil organisms: review and research needs[J]. European Journal of Soil Science, 2013, **64**(4): 379-390.
- [8] 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.
- [9] Xu H J, Wang X H, Li H, *et al.* Biochar impacts soil microbial community composition and nitrogen cycling in an acidic soil planted with rape[J]. Environmental Science & Technology, 2014, **48**(16): 9391-9399.
- [10] 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.
- [11] Abiven S, Schmidt M W I, J. Lehmann J. Biochar by design[J]. Nature Geoscience, 2014, **7**(5): 326-327.
- [12] Liu J Y, Shen J L, Li Y, *et al.* Effects of biochar amendment on the net greenhouse gas emission and greenhouse gas intensity in a Chinese double rice cropping system[J]. European Journal of Soil Biology, 2014, **65**: 30-39.
- [13] 胡斌, 段昌群, 王震洪, 等. 植被恢复措施对退化生态系统土壤酶活性及肥力的影响[J]. 土壤学报, 2002, **39**(4): 604-608.
- Hu B, Duan C Q, Wang Z H, *et al.* Effect of vegetation rehabilitation measures on soil fertility and soil enzymatic activity in degraded ecosystem[J]. Acta Pedologica Sinica, 2002, **39**(4): 604-608.
- [14] 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.
- [15] Nossa C W, Oberdorf W E, Yang L Y, *et al.* Design of 16S rRNA gene primers for 454 pyrosequencing of the human foregut microbiome[J]. World Journal of Gastroenterology, 2010, **16**(33): 4135-4144.
- [16] 张继旭, 张继光, 张忠锋, 等. 秸秆生物炭对烤烟生长发育、土壤有机碳及酶活性的影响[J]. 中国烟草科学, 2016, **37**(5): 16-21.
- Zhang J X, Zhang J G, Zhang Z F, *et al.* Effects of straw biochar on tobacco growth, soil organic carbon and soil enzyme activities[J]. Chinese Tobacco Science, 2016, **37**(5): 16-21.
- [17] 关荫松. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986.
- [18] 李东坡, 武志杰, 陈利军, 等. 长期定位培肥黑土土壤蔗糖酶活性动态变化及其影响因素[J]. 中国生态农业学报, 2005, **13**(2): 102-105.
- Li D P, Wu Z J, Chen L J, *et al.* Dynamics of invertase activity of black soil treated by a long-term located fertilization and its influence[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2005, **13**(2): 102-105.
- [19] 安韶山, 黄懿梅, 刘梦云. 宁南山区土壤酶活性特征及其与肥力因子的关系[J]. 中国生态农业学报, 2007, **15**(5): 55-58.
- An S S, Huang Y M, Liu M Y. Characteristics of soil enzyme activities and their relationships with soil properties in southern Ningxia Loess hilly region[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2007, **15**(5): 55-58.
- [20] 冯爱青, 张民, 李成亮, 等. 秸秆及秸秆黑炭对小麦养分吸收及土壤酶活性的影响[J]. 生态学报, 2013, **35**(15): 5269-5277.
- Feng A Q, Zhang M, Li C L, *et al.* Effects of straw and straw biochar on wheat nutrient uptake and enzyme activity in brown soil[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, **35**(15): 5269-5277.
- [21] Elzobair K A, Stromberger M E, Ippolito J A, *et al.* Contrasting

- effects of biochar versus manure on soil microbial communities and enzyme activities in an Aridisol[J]. *Chemosphere*, 2016, **142**: 145-152.
- [22] 胡华英, 殷丹阳, 曹升, 等. 生物炭对杉木人工林土壤养分、酶活性及细菌性质的影响[J]. *生态学报*, 2019, **39**(11): 4138-4148.
Hu H Y, Yin D Y, Cao S, *et al.* Effects of biochar on soil nutrient, enzyme activity, and bacterial properties of Chinese fir plantation[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, **39**(11): 4138-4148.
- [23] 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.
- [24] 张玉洁, 吴婷, 赵娟, 等. 生物炭添加对秸秆还田土壤细菌群落结构和多样性影响[J]. *环境科学学报*, 2017, **37**(2): 712-720.
Zhang Y J, Wu T, Zhao J, *et al.* Effect of biochar amendment on bacterial community structure and diversity in straw-amended soils[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2017, **37**(2): 712-720.
- [25] 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.
- [26] Liu W, Wang S T, Zhang J, *et al.* Biochar influences the microbial community structure during tomato stalk composting with chicken manure[J]. *Bioresource Technology*, 2014, **154**: 148-154.
- [27] Bergmann M J, Driscoll D C, Emerson D T. Indium gallium nitride-based ohmic contact layers for gallium nitride-based devices[P]. USA, 7943924, 2011-05-17.
- [28] 韩东东, 郝振宇, 高广海, 等. 寡营养细菌及其生态作用和应用的研究进展[J]. *微生物学通报*, 2012, **39**(4): 526-535.
Han D D, Hao Z Y, Gao G H, *et al.* Ecological function of oligotrophic bacteria and their applications in the environment [J]. *Microbiology China*, 2012, **39**(4): 526-535.
- [29] 吴静, 陈书涛, 胡正华, 等. 不同温度下的土壤微生物呼吸及其与水溶性有机碳和转化酶的关系[J]. *环境科学*, 2015, **36**(4): 1497-1506.
Wu J, Chen S T, Hu Z H, *et al.* Soil microbial respiration under different soil temperature conditions and its relationship to soil dissolved organic carbon and invertase [J]. *Environmental Science*, 2015, **36**(4): 1497-1506.
- [30] 王晶, 马丽娟, 龙泽华, 等. 秸秆炭化还田对滴灌棉田土壤微生物代谢功能及细菌群落组成的影响[J]. *环境科学*, 2020, **41**(1): 420-429.
Wang J, Ma L J, Long Z H, *et al.* Effects of straw biochar on soil microbial metabolism and bacterial community composition in drip-irrigated cotton field[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(1): 420-429.
- [31] 陈泽斌, 高熹, 王定斌, 等. 生物炭不同施用量对烟草根际土壤微生物多样性的影响[J]. *华北农学报*, 2018, **33**(1): 224-232.
Chen Z B, Gao X, Wang D B, *et al.* Effects of different biochar application rates on rhizosphere soil microbial diversity of tobacco [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2018, **33**(1): 224-232.
- [32] 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.
- [33] 陈懿, 吴春, 李彩斌, 等. 炭基肥对植烟黄壤细菌、真菌群落结构和多样性的影响[J]. *微生物学报*, 2020, **60**(4): 653-666.
Chen Y, Wu C, Li C B, *et al.* Effect of biochar-based fertilizer on bacterial and fungal community composition, diversity in tobacco-planting yellow soil [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2020, **60**(4): 653-666.
- [34] Wang X B, Song D L, Liang G Q, *et al.* Maize biochar addition rate influences soil enzyme activity and microbial community composition in a fluvo-aquic soil [J]. *Applied Soil Ecology*, 2015, **96**: 265-272.
- [35] Diamantidis G, Effosse A, Potier P, *et al.* Purification and characterization of the first bacterial laccase in the rhizospheric bacterium *Azospirillum lipoferum* [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2000, **32**(7): 919-927.
- [36] 王强, 耿增超, 许晨阳, 等. 施用生物炭对壤土土壤微生物代谢养分限制和碳利用效率的影响[J]. *环境科学*, 2020, **41**(5): 2425-2433.
Wang Q, Geng Z C, Xu C Y, *et al.* Effects of biochar application on soil microbial nutrient limitations and carbon use efficiency in Lou soil [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(5): 2425-2433.
- [37] 李倩倩, 许晨阳, 耿增超, 等. 生物炭对壤土土壤容重和团聚体的影响[J]. *环境科学*, 2019, **40**(7): 3388-3396.
Li Q Q, Xu C Y, Geng Z C, *et al.* Impact of biochar on soil bulk density and aggregates of lou soil [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(7): 3388-3396.

CONTENTS

Concurrent Collection of Ammonia Gas and Aerosol Ammonium in Urban Beijing During National Celebration Days Utilizing an Acid-Coated Honeycomb Denuder in Combination with a Filter System	GU Meng-na, PAN Yue-peng, SONG Lin-lin, <i>et al.</i> (1)
Heavy Pollution Episode in Tianjin Based on UAV Meteorological Sounding and Numerical Model	YANG Xu, CAI Zi-ying, HAN Su-qin, <i>et al.</i> (9)
Characteristics and Sources of PM _{2.5} Pollution in Typical Cities of the Central Plains Urban Agglomeration in Autumn and Winter	MIAO Qing-qing, JIANG Nan, ZHANG Rui-qin, <i>et al.</i> (19)
Characteristics and Sources of Water-soluble Ion Pollution in PM _{2.5} in Winter in Shenyang	WANG Guo-zhen, REN Wan-hui, YU Xing-na, <i>et al.</i> (30)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in PM _{2.5} Collected in Baoding	LEI Wen-kai, LI Xing-ru, ZHANG Lan, <i>et al.</i> (38)
Source Apportionment of Ambient Carbonyl Compounds Based on a PMF and Source Tracer Ratio Method: A Case Based on Observations in Nanjing	HU Kun, WANG Ming, WANG Hong-li, <i>et al.</i> (45)
Characterization and Source Apportionment of Atmospheric VOCs in Tianjin in 2019	GAO Jing-yun, XIAO Zhi-mei, XU Hong, <i>et al.</i> (55)
Characteristics and Source Apportionment of Ambient VOCs in Spring in Liuzhou	LIU Qi, LU Xing-lin, ZENG Peng, <i>et al.</i> (65)
Characteristics of Ozone and Source Apportionment of the Precursor VOCs in Tianjin Suburbs in Summer	LUO Rui-xue, LIU Bao-shuang, LIANG Dan-ni, <i>et al.</i> (75)
Transport Influence and Potential Sources of Ozone Pollution for Nanjing During Spring and Summer in 2017	XIE Fang-jian, LU Xiao-bo, YANG Feng, <i>et al.</i> (88)
Ozone Pollution Trend in the Pearl River Delta Region During 2006-2019	ZHAO Wei, GAO Bo, LU Qing, <i>et al.</i> (97)
Distribution Characteristics and Source Apportionment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Atmospheric Deposition in Areas Adjacent to a Large Petrochemical Enterprise	LI Da-yan, QI Xiao-bao, WU Jian, <i>et al.</i> (106)
Quantitative Comparison of Methods to Assess the Airborne Particulate Matter Retention Capacity of Leaves	YUE Chen, LI Guang-de, XI Ben-ye, <i>et al.</i> (114)
Emission Estimation and Fate Simulation of Dichlorvos in the Dongjiang River Watershed	ZHANG Bing, ZHANG Qian-qian, YING Guang-guo (127)
Distribution and Ecological Risk Assessment of Antibiotics in the Songhua River Basin of the Harbin Section and Ashe River	YANG Shang-le, WANG Xu-ming, WANG Wei-hua, <i>et al.</i> (136)
Characteristics and Ecological Risk Assessment of POPs Pollution in Sediments of Xiaoxingkai Lake in the Northeast China	LI Hui, LI Jie, SONG Peng, <i>et al.</i> (147)
Distribution and Ecological Risk Assessment of PPCPs in Drinking Water Sources of Henan Province	ZHOU Ying, WU Dong-hai, LU Guang-hua, <i>et al.</i> (159)
Occurrence Characteristics and Health Risk Assessment of Endocrine Disrupting Chemicals in Groundwater in Wuxi-Changzhou	WANG Shu-ting, RAO Zhu, GUO Feng, <i>et al.</i> (166)
Seasonal Distribution Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in Surface Water of Qingjiang River	LIU Zhao, ZHOU Hong, CAO Wen-jia, <i>et al.</i> (175)
Metal Pollutions and Human Health Risks in Groundwater from Wet, Normal, and Dry Periods in the Huixian Karst Wetland, China	LI Jun, ZHAO Yi, ZOU Sheng-zhang, <i>et al.</i> (184)
Seasonal Variation of DOM Spectral Characteristics of Rivers with Different Urbanization Levels in the Three Gorges Reservoir Area	CHEN Zhao-yu, LI Si-yue (195)
Distribution of Micro-plastics in the Soil Covered by Different Vegetation in Yellow River Delta Wetland	YUE Jun-jie, ZHAO Shuang, CHENG Hao-dong, <i>et al.</i> (204)
Metagenomic Analysis Provides Insights into Bacterial Communities, Antibiotic Resistomes, and Public Health Risks in the Dongping Lake Reservoir	ZHANG Hong-na, CUI Na, SHEN Hong-miao (211)
Mechanism of Algal Community Dynamics Driven by the Seasonal Water Bacterial Community in a Stratified Drinking Water Reservoir	YAN Miao-miao, ZHANG Hai-han, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (221)
Community Structure, Function, and Influencing Factors of Planktonic Fungi in the Danjiangkou Reservoir	ZHENG Bao-hai, WANG Xiao-yu, LI Ying-jun, <i>et al.</i> (234)
Changes in Algal Particles and Their Water Quality Effects in the Outflow River of Taihu Lake	GUO Yu-long, XU Hai, CHEN Xu-qing, <i>et al.</i> (242)
Characteristics of Soil Nitrogen and Phosphorus Losses Under Different Land-use Schemes in the Shipanqiu Watershed	DENG Hua, GAO Ming, LONG Yi, <i>et al.</i> (251)
Influence of Antecedent Dry Days on Nitrogen Removal in Bioretention Systems	CHEN Yao, LI Xin-rui, ZHENG Shuang, <i>et al.</i> (263)
Effect of <i>Enteromorpha prolifera</i> Biochar on the Adsorption Characteristics and Adsorption Mechanisms of Ammonia Nitrogen in Rainfall Runoff	CHEN You-yuan, LI Pei-qiang, LI Xian-chi, <i>et al.</i> (274)
Effect of Filter Medium on the Enhancement of Complete Autotrophic Nitrogen Removal over Nitrite Process in a Tidal Flow Constructed Wetland	LIU Bing, ZHENG Yu-ming, QIN Hui-an, <i>et al.</i> (283)
Adsorption Effect and Mechanism of Aqueous Arsenic on FeMnNi-LDHs	LIAO Yu-mei, YU Jie, WEI Shi-qiang, <i>et al.</i> (293)
Combined Use of Zirconium-Modified Bentonite Capping and Calcium Nitrate Addition to Control the Release of Phosphorus from Sediments	ZHANG Hong-hua, LIN Jian-wei, ZHAN Yan-hui, <i>et al.</i> (305)
Distribution Characteristics of Antibiotics and Antibiotic Resistance Genes in Wastewater Treatment Plants	XIE Ya-wei, YU Chi-sheng, LI Fei-fei, <i>et al.</i> (315)
Occurrence of Antibiotic Resistance Genes and Bacterial Community Structure of Different Sludge Samples During Microwave Pretreatment-Anaerobic Digestion	LI Hui-li, WU Cai-yun, TANG An-ping, <i>et al.</i> (323)
Selenium Threshold for the Delimitation of Natural Selenium-Enriched Land	WANG Hui-yan, ZENG Dao-ming, GUO Zhi-juan, <i>et al.</i> (333)
Improved Regression Kriging Prediction of the Spatial Distribution of the Soil Cadmium by Integrating Natural and Human Factors	GAO Zhong-yuan, XIAO Rong-bo, WANG Peng, <i>et al.</i> (343)
Simulation Cadmium (Cd) Accumulation in Typical Paddy Soils in South China	DAI Ya-ting, FU Kai-dao, YANG Yang, <i>et al.</i> (353)
Bioaccessibility and Health Risks of the Heavy Metals in Soil-Rice System of Southwest Fujian Province	LIN Cheng-qi, CAI Yu-hao, HU Gong-ren, <i>et al.</i> (359)
Effects of Nano Material on Cadmium Accumulation Capacity and Grain Yield of Indica Hybrid Rice Under Wetting-drying Alternation Irrigation	YANG Ru, CHEN Xin-rui, ZHANG Ying, <i>et al.</i> (368)
Regulation Control of a Tribasic Amendment on the Chemical Fractions of Cd and As in Paddy Soil and Their Accumulation in Rice	JIANG Yi, LIU Ya, GU Jiao-feng, <i>et al.</i> (378)
Combined Effect of Weathered Coal Based Amendments and Soil Water Management on Methylmercury Accumulation in Paddy Soil and Rice Grains	ZHENG Shun-an, WU Ze-ying, DU Zhao-ling, <i>et al.</i> (386)
Effects of Fertilization Strategies on the Cadmium Resistance of Paddy Soil Microorganisms	ZHENG Kai-kai, MA Zhi-yuan, SUN Bo, <i>et al.</i> (394)
Soil Enzyme Activity in <i>Picea schrenkiana</i> and Its Relationship with Environmental Factors in the Tianshan Mountains, Xinjiang	ZHANG Han, GONG Lu, LIU Xu, <i>et al.</i> (403)
Effects of Farmland Abandonment on Soil Enzymatic Activity and Enzymatic Stoichiometry in the Loess Hilly Region, China	ZHONG Ze-kun, YANG Gai-he, REN Cheng-jie, <i>et al.</i> (411)
Effect of Biochar on Soil Enzyme Activity & the Bacterial Community and Its Mechanism	FENG Hui-lin, XU Chen-sheng, HE Huan-hui, <i>et al.</i> (422)
Effects of Vegetation Restoration on the Structure and Function of the Rhizosphere Soil Bacterial Community of <i>Solanum rostratum</i>	ZHANG Rui-hai, SONG Zhen, FU We-dong, <i>et al.</i> (433)
Response of Microbial Biomass Carbon and Nitrogen and Rice Quality in a Yellow Soil Paddy Field to Biochar Combined with Nitrogen Fertilizer	SHI Deng-lin, WANG Xiao-li, LIU An-kai, <i>et al.</i> (443)
Effects of Adding Straw and Biochar with Equal Carbon Content on Soil Respiration and Microbial Biomass Carbon and Nitrogen	HE Tian-tian, WANG Jing, FU Yun-peng, <i>et al.</i> (450)
How Different Ratios of Straw Incorporation to Nitrogen Fertilization Influence Endogenous and Exogenous Carbon Release from Agricultural Soils	SUN Zhao-an, ZHANG Xuan, HU Zheng-jiang, <i>et al.</i> (459)
Effect of Biochar and Chemical Fertilizer Mixture on Ammonia Volatilization and Phosphorus Fixation	YANG Wen-na, DENG Zhen-xin, LI Jiao, <i>et al.</i> (467)
Effects of Film Materials on Ammonia Volatilization Emissions from a Paddy System After Reducing Nitrogen Fertilizer Application	YU Ying-liang, WANG Meng-fan, YANG Bei, <i>et al.</i> (477)
Effects of Microplastics on Embryo Hatching and Intestinal Accumulation in Larval Zebrafish <i>Danio rerio</i>	ZHAO Jia, RAO Ben-qiang, GUO Xiu-mei, <i>et al.</i> (485)
Urban Micro-Scale Thermal Environment Simulation Supported by UAV Thermal Infrared Data	YANG Shao-qi, FENG Li, TIAN Hui-hui, <i>et al.</i> (492)
Estimation of the Urban Heat Island Intensity Change and Its Relationships with Driving Factors Across China Based on the Human Settlement Scale	SUN Yan-wei, WANG Run, GUO Qing-hai, <i>et al.</i> (501)