

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

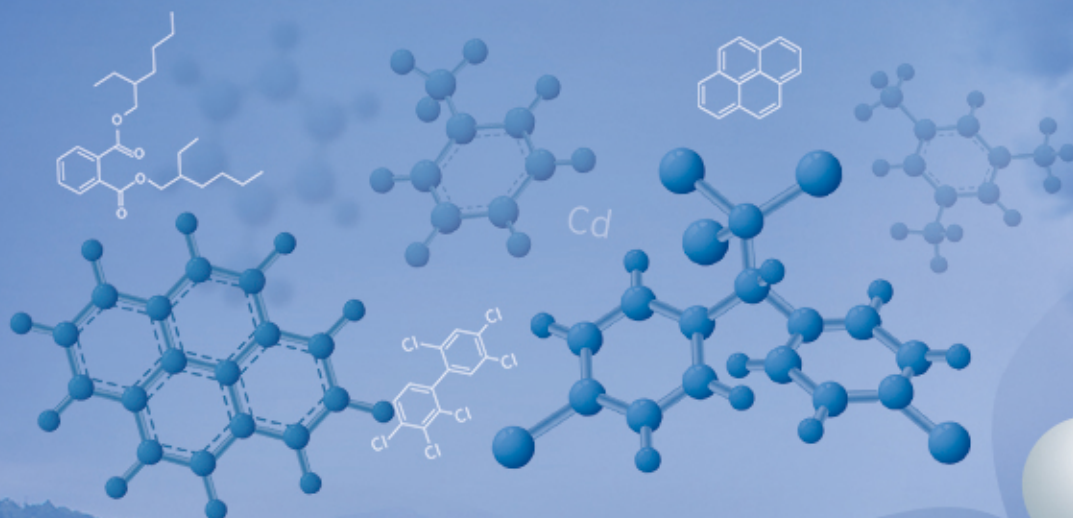
环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

升金湖水体优先污染物筛选与风险评价

龚雄虎, 丁琪琪, 金苗, 薛滨, 张路, 姚书春, 王兆德, 卢少勇, 赵中华



PAHs

VOCs

HMs

PCBs

PAEs

OCPs

ANTs

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年10月

第42卷 第10期
Vol.42 No.10

目次

PM _{2.5} 化学组分连续观测在污染事件源解析中的应用	蔡凡涛, 尚玥, 戴维, 谢鸣捷 (4575)
汾渭平原 PM _{2.5} 空间分布的地形效应	黄小刚, 赵景波, 孙从建, 汤慧玲, 梁旭琦 (4582)
华中地区冬季灰霾天气下 PM _{2.5} 中重金属污染特征及健康风险评价: 以湖北黄冈为例	李星谕, 毛瑶, 陈展乐, 刘威杰, 程铖, 石明明, 许安, 苏业旺, 胡天鹏, 祁士华, 邢新丽 (4593)
华北区域大气中羰基化合物体积分数水平及化学反应活性	黄禹, 陈曦, 王迎红, 刘子锐, 唐贵谦, 李杏茹 (4602)
成都市春季 O ₃ 污染特征及关键前体物识别	韩丽, 陈军辉, 姜涛, 徐晨曦, 李英杰, 王成辉, 王波, 钱骏, 刘政 (4611)
基于边界观测的长三角某工业区 O ₃ 来源特征	黄晴, 黄银芝, 张珊, 金丹, 高松, 修光利 (4621)
廊坊开发区 8~9 月 O ₃ 污染过程 VOCs 污染特征及来源分析	张敬巧, 王宏亮, 方小云, 刘锐泽, 丁文文, 凌德印, 王淑兰 (4632)
广东省家具行业基于涂料类型的 VOCs 排放特征及其环境影响	曾春玲, 邵霞, 刘锐源, 姚懿娟, 李银松, 侯墨, 刘洋, 范丽雅, 叶代启 (4641)
厦门湾空气质量对新冠疫情管控的响应	徐超, 吴水平, 刘怡靖, 钟雪芬 (4650)
北京平原和延庆地区山谷风异同及对污染的影响	吴进, 李琛, 马志强, 孙兆彬, 韩婷婷, 邱雨露, 马小会, 李颖若, 朱晓娟 (4660)
两湖盆地冬季区域大气颗粒物污染特征及独特的风场和下垫面影响	朱燕, 赵天良, 白永清, 徐家平, 孙晓芸, 胡未央, 常嘉成, 杨婕, 朱从祯 (4669)
燃煤电厂颗粒物中硫酸根与硝酸根离子的转化规律	杨柳, 何晴, 盛重义 (4678)
长江流域主要干/支流化学特征及外源酸的影响	王琪, 于爽, 蒋萍萍, 孙平安 (4687)
土地利用对太湖入湖河道营养盐的影响	连心桥, 朱广伟, 杨文斌, 康丽娟, 朱梦圆, 许海 (4698)
基于 eDNA 技术的渭河浮游动物多样性及关键种生态位特征	梁东, 夏军, 宋进喜, 常剑波, 吴琼, 程丹东, 张怡恒, 孔飞鹤, 任源鑫 (4708)
三亚市水体中 PPCPs 的污染水平、分布特征及生态风险评价	任丙南, 耿静 (4717)
升金湖水体优先污染物筛选与风险评价	龚雄虎, 丁琪琪, 金苗, 薛滨, 张路, 姚书春, 王兆德, 卢少勇, 赵中华 (4727)
天目湖沙河水库水生态安全状况长期变化及影响因素	杨文斌, 段文秀, 崔扬, 朱广伟, 吴天浩, 许海, 朱梦圆 (4739)
华中地区供水水库抗生素抗性基因的季节变化及影响因素	张凯, 辛蕊, 李观家, 王倩, 王亚南, 许智恒, 崔向超, 魏巍 (4753)
快速城镇化进程中珠江三角洲硝酸型地下水赋存特征及驱动因素	吕晓立, 刘景涛, 韩占涛, 朱亮, 张玉玺 (4761)
盐城地区地表水化学空间特征及控制因素分析	王建, 张华兵, 许君利, 彭俊 (4772)
基于沉积物中总氮和总磷垂向分布与吸附解吸特征的白洋淀清淤深度	周亚婷, 陈兴宏, 李立青, 张伟军, 张美一, 王东升, 王洪杰 (4781)
硼酸和磷酸对 PMS/Co ²⁺ 均相催化氧化有机物的影响因素与机制	万琪琪, 陈铸昊, 曹瑞华, 王静怡, 文刚 (4789)
磁性生物炭负载 α-MnO ₂ 活化过一硫酸盐降解 2,2',4,4'-四溴联苯醚	李鑫, 尹华, 罗昊昱, 欧阳晓芳, 刘航, 祝铭韩 (4798)
紫外活化过硫酸钠灭活水中噬菌体 MS2 的特性及机制	张崇森, 杨昊明, 王真 (4807)
铈改性水葫芦生物炭对磷酸盐的吸附特性	王光泽, 曾薇, 李帅帅 (4815)
低温地下水净化工艺中氨氮去除性能及机制	李冬, 刘孟浩, 张瑞苗, 曾辉平, 张杰 (4826)
我国城市污泥中重金属的赋存形态与生态风险评价	耿源濂, 张传兵, 张勇, 黄豆豆, 闫姝晓, 孙腾飞, 程柳, 王静, 毛宇翔 (4834)
不同气候类型下污水厂活性污泥中微生物群落比较	杨思航, 秦泽生, 梁漫春 (4844)
部分亚硝化-厌氧氨氧化协同反硝化处理生活污水脱氮除碳	秦彦荣, 袁忠玲, 张明, 张民安, 刘安迪, 付雪, 马娟, 陈永志 (4853)
同步短程硝化-厌氧氨氧化-短程反硝化颗粒污泥培育过程及其性能	周峰, 刘勇弟, 厉巍 (4864)
多种微塑料提取方法在中国典型土壤中的应用	赵小丽, 刘子涵, 从辰宇, 韩剑桥 (4872)
柴达木盆地表土重金属污染与来源分析	陈亮, 张西营, 唐启亮, 耿盛, 王二龙, 李姜瑶 (4880)
快速城市化区域不同用地类型土壤重金属含量分布特征及生态风险	李梦婷, 沈城, 吴健, 黄沈发, 李大雁, 王敏 (4889)
广西都安县典型水田晒地球化学特征及影响因素	刘飞, 杨柯, 徐仁廷, 唐世琪 (4897)
炭化苹果枝通过减少土壤 DTPA-Cd 降低苹果砷木镉积累和镉伤害	邓波, 荀咪, 张玮玮, 杨洪强 (4908)
海南省集约化种植园中谷物、蔬菜和水果中重金属累积程度及健康风险	杨剑洲, 王振亮, 高健翁, 严慧, 胡树起, 唐世新, 龚晶晶 (4916)
环境中抗生素抗性基因丰度与抗生素和重金属含量的相关性分析: 基于 Web of Science 数据库检索	苗荪, 陈磊, 左剑恶 (4925)
银川市农田土壤中四环素类抗生素的污染特征及生态风险评估	张小红, 陶红, 王亚娟, 马志义, 周泽英 (4933)
施用不同来源粪肥对土壤中抗生素淋溶的影响	李斌绪, 朱昌雄, 宋婷婷, 马金莲, 张治国, 李红娜 (4942)
我国典型森林土壤微生物驱动的氮代谢途径特征解析	吕雪丽, 赵永鹏, 林清火, 彭显龙, 尹云锋, 蒋先军 (4951)
青藏高原高寒湿地春夏两季根际与非根际土壤反硝化速率及 nirS 型反硝化细菌群落特征分析	李玉倩, 马俊伟, 高超, 霍守亮, 夏星辉 (4959)
松嫩平原芦苇湿地退化与修复过程中土壤细菌和甲烷代谢微生物的群落结构	王秋颖, 王娜, 刘颖, 陈功, 何辉, 高婕, 庄绪亮, 庄国强 (4968)
不同轮作休耕下潮土细菌群落结构特征	南镇武, 刘柱, 代红翠, 张磊, 王娜, 徐杰, 刘开昌, 孟维伟, 王旭清 (4977)
稻田土壤光合细菌群落对镉污染的响应	罗路云, 金德才, 王殿东, 陈昂, 张德咏, 曾军, 匡炜, 张卓, 刘勇 (4988)
铁尾矿芦苇根际微生物和根内生菌群落分布及其限制性因子解析	曹曼曼, 王飞, 周北海, 陈辉伦, 袁蓉芳 (4998)
有机无机氮配施对不同程度盐渍土硝化和反硝化作用的影响	周慧, 史海滨, 张文聪, 王维刚, 苏永德, 闫妍 (5010)
水稻产量、稻田 CH ₄ 和 N ₂ O 排放对长期大气 CO ₂ 浓度升高的响应	于海洋, 宋开付, 黄琼, 王天宇, 张广斌, 马静, 朱春梧, 徐华 (5021)
原料和热解温度对生物炭中可溶性有机质的影响	闫代红, 马亚培, 宋凯悦, 马红亮, 高人, 尹云锋 (5030)
中国 84 个主要城市大气热岛效应的时空变化特征及影响因素	李宇, 周德成, 闫章美 (5037)
室内建筑装饰装修材料气味物质及其释放研究进展	张万众, 张彭义 (5046)
《环境科学》征订启事 (4814) 《环境科学》征稿简则 (4871) 信息 (4907, 5009, 5029)	

不同轮作休耕下潮土细菌群落结构特征

南镇武¹, 刘柱¹, 代红翠¹, 张磊², 王娜¹, 徐杰¹, 刘开昌¹, 孟维伟^{1*}, 王旭清^{1*}

(1. 山东省农业科学院作物研究所, 小麦玉米国家工程实验室, 济南 250100; 2. 山东省烟台市农业科学研究院, 烟台 265500)

摘要: 本研究旨在明确不同轮作休耕方式对潮土细菌群落的影响, 为推动黄河下游冲积平原农田生态修复和促进农业绿色发展提供参考依据。以 2018 年开始的长期轮作休耕定位试验农田土壤为研究对象, 采用 Illumina MiSeq 高通量测序技术, 通过 Tax4Fun 细菌功能预测工具, 分析 4 种轮作休耕方式(长期休耕、冬小麦-夏休耕、冬休耕-夏玉米和冬小麦-夏玉米周年轮作)定位条件下, 土壤细菌群落结构与功能差异, 并探究影响农田土壤细菌群落结构及功能变化的环境因子。结果表明, 不同轮作休耕方式的土壤样本中共检测到细菌 44 门、146 纲、338 目、530 科、965 属和 2073 种; 在 0~20 cm 和 20~40 cm 土层中, 主要优势菌群同为放线菌门(Actinobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi), 但各主要优势菌群的相对丰度在不同轮作休耕方式中存在差异。0~20 cm 土层季节性休耕(冬小麦-夏休耕和冬休耕-夏玉米)较麦玉周年轮作或连续两年休耕的土壤细菌群落更丰富且多样性程度更复杂, 20~40 cm 土层则表现出冬小麦-夏休耕的土壤细菌群落更丰富、多样性程度更复杂。通过 Tax4Fun 功能预测发现, 不同轮作休耕土壤细菌具有一级功能代谢通路(pathway level 1)6 类, 二级功能代谢通路(pathway level 2)40 类(其中 18 类相对丰度大于 1.0%), 三级功能代谢通路(pathway level 3)264 类; 季节性休耕可提高参与新陈代谢、环境信息处理和遗传信息处理等有益细菌代谢通路的相对丰度。根据 RDA 分析, 0~20 cm 土层的土壤细菌群落受土壤含水率、全磷、有效磷、速效钾、pH 和碳氮比影响显著($P < 0.05$), 20~40 cm 受土壤全磷和有效磷影响显著($P < 0.05$)。由此可见, 不同休耕方式可以改变土壤细菌群落结构、多样性及代谢功能, 季节性休耕可以促进农田土壤生态系统的健康与稳定。

关键词: 轮作; 休耕; 土壤细菌; 群落结构; 功能预测

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)10-4977-11 DOI: 10.13227/j.hjks.202103117

Characteristics of Bacterial Community Structure in Fluvo-aquic Soil Under Different Rotation Fallow

NAN Zhen-wu¹, LIU Zhu¹, DAI Hong-cui¹, ZHANG Lei², WANG Na¹, XU Jie¹, LIU Kai-chang¹, MENG Wei-wei^{1*}, WANG Xu-qing^{1*}

(1. National Engineering Laboratory of Wheat and Maize, Crop Research Institute, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100, China; 2. Yantai Academy of Agricultural Sciences, Yantai 265500, China)

Abstract: The aim of this study was to provide a reference for promoting ecological restoration of farmland and the green development of agriculture in the alluvial plain of the lower Yellow River by determining the effects of different rotation fallow patterns on the bacterial community of the fluvo-aquic soil. Farmland soil subject to a long-term rotation fallow experiment since 2018 was studied using Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology, and the 'Tax4Fun' bacterial function prediction tool was used to analyze differences in soil bacterial community structure and function under the following four rotation fallow regimes: long fallow (LF), winter wheat and summer fallow (WF), winter fallow and summer maize (FM), and annual rotation of winter wheat and summer maize (WM). The environmental factors affecting changes in the soil bacterial community structure and function were also analyzed. In total, 44 phyla, 146 classes, 338 orders, 530 families, 965 genera, and 2073 species of bacteria were detected in the soil samples from the different rotation fallow regimes, and the dominant bacterial groups were Actinobacteria, Proteobacteria, Acidobacteria, and Chloroflexi in 0-20 cm and 20-40 cm soil layers. However, the relative abundances of the dominant bacteria groups were varied between the rotation fallow regimes. In the 0-20 cm layer of the seasonal fallow soils (WF and FM), bacteria were more abundant and community diversity was higher than that of the WM and LF soils. In 20-40 cm soil layer, the WF soil was more abundant in bacterial and the community was more diverse. Based on the prediction function of the 'Tax4Fun' tool, six primary metabolic pathways, 40 secondary metabolic pathways (18 types with relative abundance greater than 1%), and 264 tertiary metabolic pathways were identified in the soil bacteria of the different rotation fallow regimes. Seasonal fallow (WF and FM) was found to increase the relative abundance of beneficial bacterial metabolic pathways involved in metabolism, environmental information processing, and genetic information processing. According to RDA analysis, the soil bacterial community in the 0-20 cm soil layer was significantly affected by soil moisture, total phosphorus, available phosphorus, available potassium, pH, and C/N ratio ($P < 0.05$), and the soil bacterial community in 20-40 cm soil layer was significantly affected by soil total phosphorus and available phosphorus ($P < 0.05$). Therefore, different fallow patterns were linked to variation in the structure, diversity, and metabolic functions of soil bacterial communities. Based on these results, seasonal fallow practices could promote the health and stability of farmland soil ecosystems.

Key words: rotation; fallow; soil bacteria; community structure; function prediction

土壤属于不可再生资源, 是农田生态系统的重 要组成部分, 较高的地力水平是作物优质稳产的基

收稿日期: 2021-03-12; 修订日期: 2021-03-30

基金项目: 国家重点研发计划项目(2018YFD0300601); 山东省自然科学基金项目(ZR2020QC110); 山东省农业科学院农业科技创新工程项目(CXGC2016A05); 小麦玉米国家工程实验室开放课题项目(2018LYZWS04)

作者简介: 南镇武(1991~), 男, 硕士, 助理研究员, 主要研究方向为植物营养与农业生态, E-mail: zhwsouth@163.com

* 通信作者, E-mail: wdlmww@163.com; saaswxq@163.com

础. 当前密集农业为保障我国粮食安全和满足人们对粮食产量的需求做出了巨大贡献,但因耕地的长期高负荷运转,导致土壤肥力下降、耕层变浅、土壤酸化和重金属污染等问题日益严重;耕地质量下降又严重影响着国家粮食安全^[1,2]. 基于这一现状,为推进生态修复治理和耕地质量提升,促进农业可持续发展,我国于2016年提出了探索实行耕地轮作休耕制度试点方案,推出轮作休耕制度^[3];2021年中央一号文件进一步提出健全耕地休耕轮作制度,以推进农业绿色发展.

休耕是对生态环境脆弱、土壤严重污染的最好保护,是促使农田生态自我修复、耕地质量提升,实现“藏粮于地、藏粮于技”的重要手段^[3]. 有研究发现,休耕可以增加土壤养分和储水能力,改善土壤环境和生物多样性,缓解农业面源污染,以恢复破碎化的农田生态^[4~6]. 农田生态系统的自我修复同时离不开土壤微生物的理化效应,土壤微生物既是土壤形成的作用者,又是衡量农田生态环境健康发展的重要指标^[7,8]. 土壤细菌生物量占土壤微生物总量的70%~90%^[9],其生理类群在土壤物质转化和能量流动中具有特定的功能,对腐殖质形成、有机质分解、土壤养分循环和转化发挥着关键的作用^[10~12]. 有研究发现,不同土地利用方式、耕作制度、物料还田及植被类型等均会对土壤细菌种类和数量产生影响,进而影响土壤细菌群落结构和空间分布^[9~13]. 此外,农田管理措施如施肥、浇水和除草等也会改变土壤细菌的群落组成及多样性^[12,14].

当前关于农田土壤细菌的研究,大多集中于土地利用^[11,15]、耕作方式^[9,13]、秸秆还田^[12,13]及肥料组合^[12]等方面,而轮作休耕如何影响土壤细菌群落变化的研究鲜见,明确轮作休耕农田土壤细菌群落结构特征,是揭示轮作休耕土壤肥力变化响应土壤细菌群落结构的必要环节. 因此,本文通过研究黄河下游冲积平原潮土细菌群落结构特征及其对不同轮作休耕方式的响应差异,并结合土壤理化性状揭示其驱动因素,通过阐明不同轮作休耕方式影响农田土壤肥力的微生物学机制,以期为推进农田生态修复、耕地质量提升和农业绿色发展提供参考依据.

1 材料与方法

1.1 试验概况

本试验设置于山东省济南市济阳区山东省农业科学院综合试验示范基地(116°58' E, 36°58' N). 地处黄河下游冲积平原,平均海拔20 m;属暖温带半湿润季风气候,四季分明,光照充足,雨热同期,年均气温12.8℃,年均无霜期195 d,年均日照时数

2 618 h,年均降水量580 mm. 供试土壤为潮土,发育于黄河冲积母质,表土质地砂壤. 2017年10月至2018年6月种植济麦22,麦收后始设长期轮作休耕定位试验. 本试验初始耕层0~20 cm土壤有机质12.1 g·kg⁻¹、全氮0.7 g·kg⁻¹、全磷0.8 g·kg⁻¹、全钾19.2 g·kg⁻¹、碱解氮50.6 mg·kg⁻¹、有效磷20.5 mg·kg⁻¹和速效钾151.9 mg·kg⁻¹,pH为8.0. 耕作期冬小麦品种为济麦22,夏玉米品种为登海605,播前基施氮磷钾复合肥(15-15-15)750 kg·hm⁻²,冬小麦拔节期、夏玉米大口期追施尿素225 kg·hm⁻²,其他管理措施同传统耕作,秸秆还田;休耕期无管理措施.

2020年6月麦收后,选取长期休耕(LF,已连续休耕2 a)、冬小麦-夏休耕(WF,季节性休耕)、冬休耕-夏玉米(FM,季节性休耕)、冬小麦-夏玉米周年轮作(WM)这4个处理的0~40 cm土层分析土壤细菌群落结构特征,每个处理3次重复,计12个小区. 2020年5月16日至6月15日自建气象站记录的日均温度(地表距离)与降水量见图1,期间无灌溉.

1.2 样品采集

2020年6月15日麦收后,小区“S”形5点采集0~20 cm和20~40 cm土层土壤样品. 同小区同土层样品混合,部分样品直接装入铝盒测定土壤水分,剩余用于冰保存并迅速带回实验室. 剔除沙石、根系等杂质后,部分鲜土样品转入无菌冻存管中,储存于-80℃冰箱,用于分析土壤细菌群落结构;剩余样品自然风干后过0.25 mm和1 mm筛测定土壤理化性状.

1.3 测定方法

土壤理化性状参考文献[16]测定,土壤全氮(TN)采用凯氏定氮法,土壤全磷(TP)采用氢氧化钠碱熔-钼锑抗分光光度法,土壤全钾(TK)采用原子吸收火焰光度法,土壤碱解氮(AN)采用碱解扩散法,土壤有效磷(AP)采用碳酸氢钠-钼锑抗分光光度法,土壤速效钾(AK)采用醋酸铵-原子吸收火焰分光光度法;土壤有机碳(TOC)采用重铬酸钾氧化-外加热法,pH采用电位法(水土比2.5:1).

土壤细菌DNA参照土壤DNA提取试剂盒(OMEGA, USA)说明书进行提取,用1%的琼脂糖凝胶电泳进行检测,使用核酸定量仪(Nano Drop ND-2000)检测提取DNA的浓度和纯度. 选择细菌V3-V4区的16S rDNA序列进行PCR扩增,扩增引物为338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'). PCR扩增采用TransGen AP221-02; TransStart Fastpfu DNA

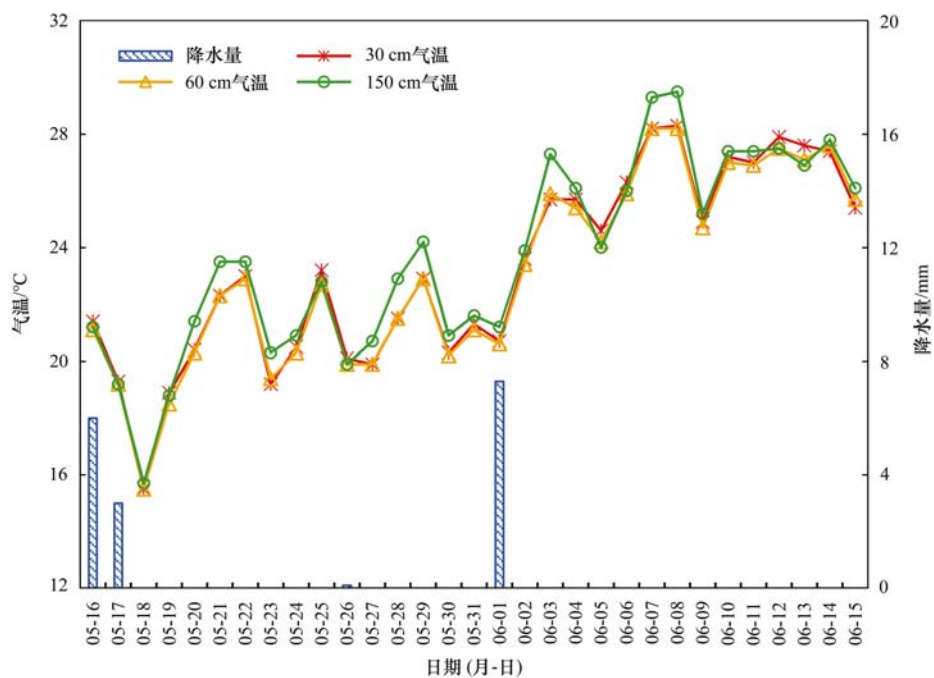


图1 采样前31 d 的日均气温与降水量

Fig. 1 Daily average temperature and precipitation of 31 days before sampling

Polymerase, 20 μL 反应体系: *FastPfu* Buffer 4 μL 循环 5 次, 2.5 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ dNTPs 2 μL , 5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ Forward Primer 0.8 μL , 5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ Reverse Primer 0.8 μL , *FastPfu* Polymerase 0.4 μL , BSA 0.2 μL , Template DNA 10 ng, ddH₂O 补至 20 mL. PCR 反应参数为: 95℃持续 3 min, 27 次循环(95℃持续 30 s, 55℃退火 30 s, 72℃持续 45 s), 72℃延伸 10 min, 10℃至停机(PCR 仪: ABI GeneAmp® 9700 型).

使用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物, 依照 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit (Axygen Biosciences, Union City, USA) 说明书进行纯化, 再用 QuantiFluor™-ST (Promega, USA) 进行定量. 通过 Illumina MiSeq 平台构建 Paired-end 测序, 由上海美吉生物医药科技有限公司提供技术支持.

1.4 数据处理

利用美吉生物云平台, 经过 QIIME (v1.9.1) 软件过滤、拼接、去除嵌合体后, 聚类为用于运算分类的 OTU (operational taxonomic units), 并按照最小样本序列数进行抽平^[17]. 采用 RDP classifier 贝叶斯算法对 97% 相似水平的 OTU 代表序列进行分类学分析^[11], 置信度阈值为 0.7, 比对 Silva (Release132<http://www.arb-silva.de>) 数据库. 利用

Mothur 软件 (Version 1.31.2) 进行 α 多样性 (Sobs、ACE、Chao1 和 Coverage) 分析^[18]. 基于 Bray-curtis 距离, 应用 R 软件制图, 采用主坐标分析 (PCoA) 计算 β 多样性距离矩阵^[11]. 通过 Tax4Fun 将基于 Silva 数据库的 16S 分类谱系转化为京都基因和基因组百科全书 (kyoto encyclopedia of genes and genomes, KEGG, <http://www.genome.jp/kegg/>) 数据库中原核生物的分类谱系, 对 16S RNA 基因序列进行 KEGG 功能注释^[18]. 土壤因子与细菌种群分布特征之间的关系利用 R 语言画图进行冗余分析 (RDA), 研究土壤理化性质对细菌种群分布的影响^[15].

利用 Excel 2019 整理数据, 运用 SPSS 26.0 进行单因素方差分析 (One-Way ANOVA) 和最小显著差异法 (LSD) 多重比较.

2 结果与分析

2.1 不同轮作休耕农田土壤细菌测序分析

利用 Illumina MiSeq 平台测序结果显示, 24 个土壤样本共获得有效序列 1 200 939 条, 经过优化筛选, 基于 97% 的相似性, 24 个样本共获得 7 760 OTUs, 划分为 44 门、146 纲、338 目、530 科、965 属和 2 073 种 (表 1). 20 ~ 40 cm 土层土壤细菌各分

表 1 土壤全部样本序列信息与细菌分类

Table 1 Sequence information and bacterial classification of all soil samples

土层/cm	序列数/条	分类水平						OTUs
		门	纲	目	科	属	种	
0 ~ 20	611 597	42	135	321	505	921	1 972	7 061
20 ~ 40	589 342	44	145	332	517	934	1 992	7 237
0 ~ 40	1 200 939	44	146	338	530	965	2 073	7 760

类水平的数目均多于 0 ~ 20 cm,但序列数少于 0 ~ 20 cm.

不同轮作休耕农田中, 0 ~ 20 cm 和 20 ~ 40 cm 土壤细菌 OTUs 水平相似性分析产生差异(图 2). 0 ~ 20 cm 土层中[图 2(a)], LF、FM、WF 和 WM 的 OTUs 数目分别为 4 686、5 106、5 232 和 4 724,特有 OTUs 为 260、392、486 和 300,共有 OTUs 为 2 941. 20 ~ 40 cm 土层[图 2(b)]4 个处理的 OTUs 数目依次为: WF > FM > WM > LF,与 0 ~ 20 cm 土层次序相同;但特有 OTUs 发生变化, LF、FM、WF 和 WM 分别为 361、297、506 和 404;共有 OTUs 为 2 739. 与 0 ~ 20 cm 土层相比, 20 ~ 40 cm 土层共有 OTUs 数目减少, LF 和 FM 也减少,WF 和 WM 则增加;特有 OTUs 方面, 20 ~ 40 cm 土层的 LF、WF 和 WM 增

加, FM 则减少.

2.2 不同轮作休耕农田土壤细菌群落多样性

将所有数据抽平 1 次,每个样本得到 28 993 条高质量序列,各个样本的覆盖度指数显示 0 ~ 20 cm 及 20 ~ 40 cm 土层土壤 OTUs 涵盖了土壤中 95% 以上的细菌,说明测序深度可以比较真实地反映土壤样本的细菌群落,代表细菌群落丰富度与 α 多样性(表 2). 0 ~ 20 cm 土层中,WF 的物种丰富度、ACE 指数、Chao 1 指数和香农指数最高,FM 的物种丰富度和 ACE 指数与 WF 无明显差异,WF 的香农指数显著高于其他处理($P < 0.05$). 20 ~ 40 cm 土层中,WF 的物种丰富度和 ACE 指数、Chao 1 指数均显著高于其他处理,LF 则均显著低于其他处理($P < 0.05$);WF 的香农指数最高.

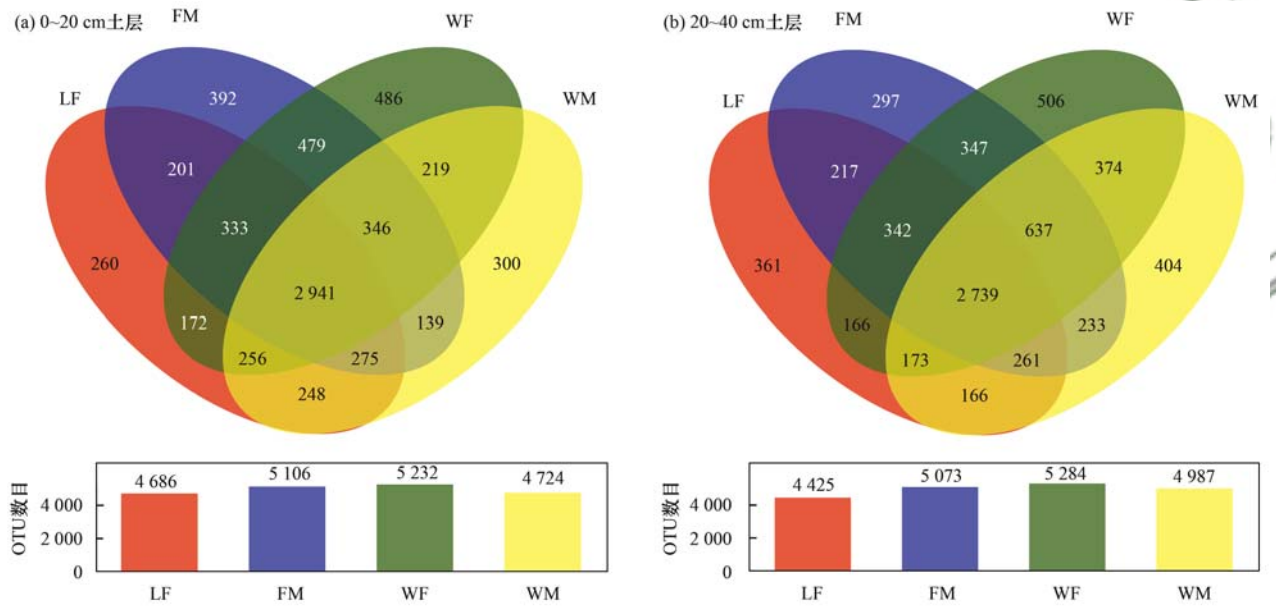


图 2 土壤细菌群落 OTU 水平的 Venn 图

Fig. 2 Venn on OTU level of soil bacterial community

表 2 土壤细菌 α 多样性¹⁾

Table 2 Soil bacterial α -diversity

土层/cm	处理	物种丰富度	ACE 指数	Chao1 指数	香农指数	覆盖度/%
0 ~ 20	LF	3 323.3 $\pm$ 60.5b	4 663.9 $\pm$ 109.7b	4 649.0 $\pm$ 78.8a	6.97 $\pm$ 0.05b	95.92 $\pm$ 0.10a
	FM	3 557.3 $\pm$ 127.6a	4 993.4 $\pm$ 165.1a	4 909.3 $\pm$ 332.8a	6.96 $\pm$ 0.08b	95.59 $\pm$ 0.17b
	WF	3 691.7 $\pm$ 24.0a	5 174.5 $\pm$ 36.3a	5 116.8 $\pm$ 9.2a	7.17 $\pm$ 0.03a	95.46 $\pm$ 0.04b
	WM	3 300.7 $\pm$ 70.8b	4 634.9 $\pm$ 110.6b	4 782.0 $\pm$ 291.1a	6.91 $\pm$ 0.07b	95.92 $\pm$ 0.11a
20 ~ 40	LF	3 102.3 $\pm$ 71.8c	4 245.8 $\pm$ 127.3c	4 201.8 $\pm$ 139.4c	6.82 $\pm$ 0.06c	96.32 $\pm$ 0.15a
	FM	3 514.3 $\pm$ 83.5b	4 850.3 $\pm$ 16.4b	4 845.5 $\pm$ 31.0b	7.07 $\pm$ 0.09ab	95.75 $\pm$ 0.03b
	WF	3 692.7 $\pm$ 97.2a	5 164.5 $\pm$ 127.9a	5 135.0 $\pm$ 114.8a	7.14 $\pm$ 0.06a	95.44 $\pm$ 0.10c
	WM	3 488.7 $\pm$ 89.6b	4 935.6 $\pm$ 168.3b	4 929.9 $\pm$ 198.3b	7.01 $\pm$ 0.05b	95.64 $\pm$ 0.17bc

1) 同土层同列不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$)

2.3 不同轮作休耕农田土壤细菌群落物种组成

不同轮作休耕方式下, 0 ~ 20 cm 和 20 ~ 40 cm 土壤细菌群落门水平相对丰度不同(图 3). 0 ~ 20 cm 土层中[图 3(a)],放线菌门(Actinobacteria)、

变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi)是土壤细菌的主要优势菌群,在 12 个样本中平均相对丰度分别为 26.08%、19.90%、17.12% 和 13.03%,约占

76.13%; 未被分类细菌约占 1.16%, 另有 7 类菌门相对丰度大于 1.0%, 相对丰度小于 1.0% 的细菌门约占 3.87%. 在主要优势菌群中, 放线菌门 (Actinobacteria) 在 FM 中最丰富 (31.27%), 但在 WF 中最少 (23.34%); 相反, 绿弯菌门 (Chloroflexi) 在 WF 中最丰富 (13.92%), 但在 FM 中最少 (11.66%); 第二丰富的变形菌门 (Proteobacteria), 在 WF 和 FM 中相对丰度较高 (22.15% 和 21.08%); 而酸杆菌门 (Acidobacteria) 在 LF 中最丰富 (22.08%), 且相对丰度高于变形菌门 (Proteobacteria, 17.26%), 在 FM 中相对丰度最低 (12.93%).

20 ~ 40 cm 土层中 [图 3(b)], 土壤细菌的主要

优势菌群与 0 ~ 20 cm 土层相同, 在 12 个样本中平均相对丰度分别为 22.34%、21.00%、15.93% 和 12.37%, 约占 71.64%; 未被分类细菌约占 1.67%, 另有 10 类菌门相对丰度大于 1.0%, 相对丰度小于 1.0% 的细菌门约占 5.01%. 与 0 ~ 20 cm 土层不同, LF 和 WM 中最丰富的仍为放线菌门 (Actinobacteria, 21.23% 和 24.64%), 而 FM 和 WF 中则为变形菌门 (Proteobacteria, 23.67% 和 27.11%); 酸杆菌门 (Acidobacteria) 和绿弯菌门 (Chloroflexi) 在 LF 中最丰富 (20.33% 和 13.84%), 且高于变形菌门 (Proteobacteria, 12.90%); 酸杆菌门 (Acidobacteria) 和绿弯菌门 (Chloroflexi) 相对丰度分别在 WF 和 FM 中最低 (13.05% 和 10.85%).

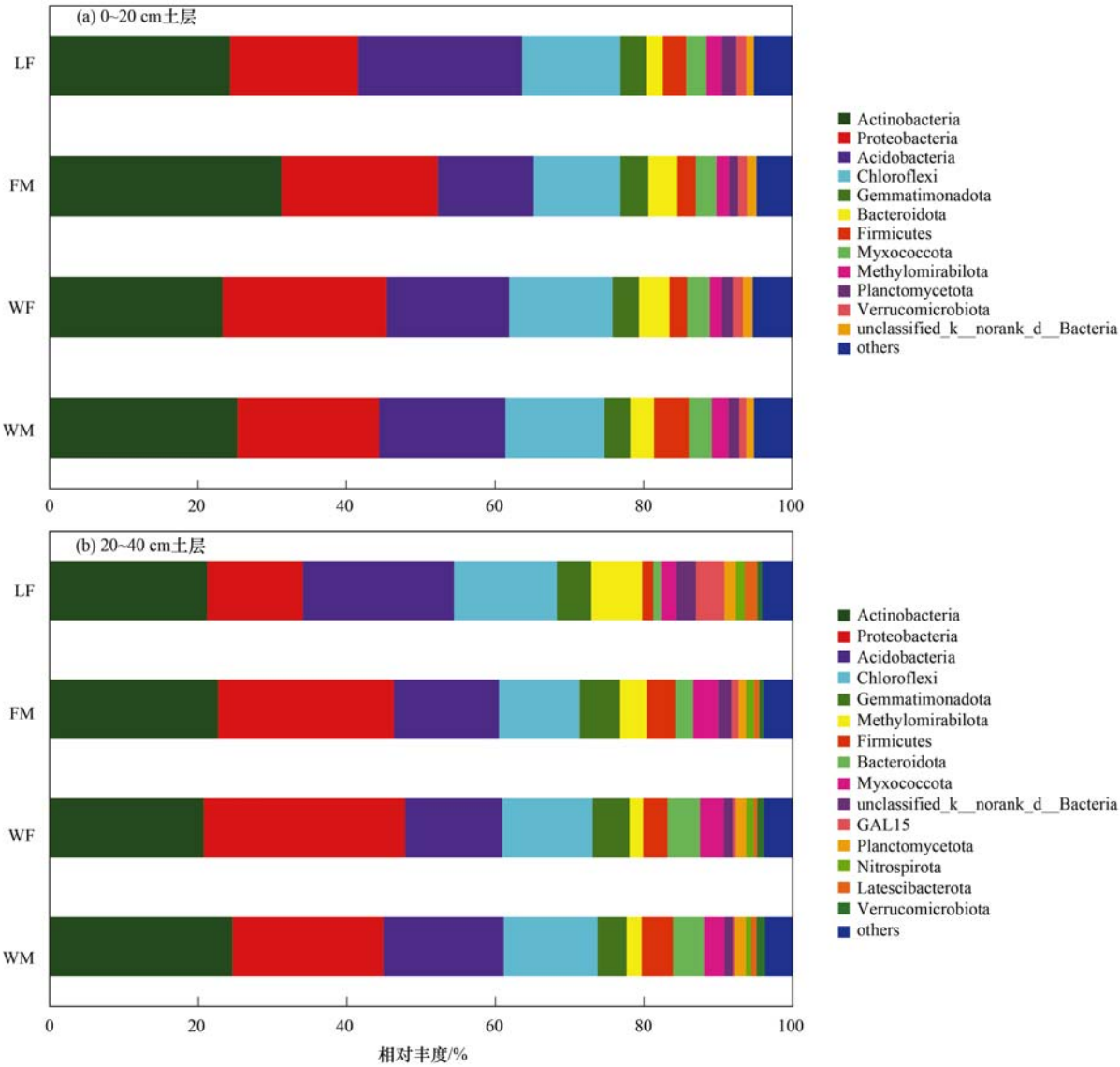


图 3 土壤细菌群落 phylum 水平的相对丰度

Fig. 3 Community abundance at the phylum level of soil bacterial communities

2.4 不同轮作休耕农田土壤细菌群落组成差异

不同轮作休耕方式下, 0 ~ 20 cm 和 20 ~ 40 cm 土壤细菌群落 OTU 水平基于 Bray Curtis 距离

的 PCoA 分析产生差异 (图 4). 0 ~ 20 cm 土层中 [图 4(a)], 以主成分 PC1 和 PC2 为坐标轴构建二维坐标系的 PCoA 分析, PC1 和 PC2 可分别解

释 41.59% 和 14.13% 群落组成差异,合计达 55.72%. LF 位于 PC1、PC2 正值区域; FM 位于 PC1 负值区域和 PC2 正值区域; WF 与 FM 在 PC1 负值区域距离较近,但位于 PC2 负值区域; WM 位于 PC1 正值区域和 PC2 正负值区域两侧,与 LF 距离较近.

20~40 cm 土层中[图 4(b)],PCoA 分析显示

主成分 PC1 和 PC2 分别可以解释 52.11% 和 14.72% 群落组成差异,合计达 66.83%. LF 位于 PC1 正值区域和 PC2 正负值两侧; FM 位于 PC1、PC2 正负值两侧; WF 位于 PC1 正值区域和 PC2 负值区域; WM 位于 PC1、PC2 负值区域.与 0~20 cm 土层相比,LF 和 WM 在 PC1、PC2 上均发生负移,FM 和 WF 均在 PC1 负移、PC2 正移.

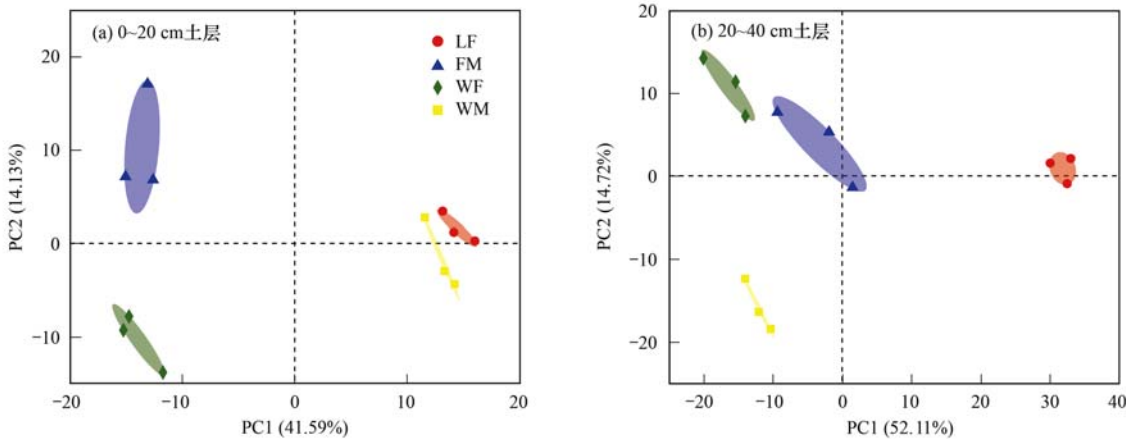


图 4 土壤细菌群落 OTU 水平的主成分分析
Fig. 4 PCoA on OTU level of soil bacterial communities

2.5 不同轮作休耕农田土壤细菌群落功能预测

基于 Silva 数据库的 16S 分类谱系转化为 KEGG 数据库中原核生物的分类谱系,通过 Tax4Fun 对不同轮作休耕 0~40 cm 土壤 16S 的 OTUs 信息进行功能预测.结果获得一级功能代谢通路 (pathway level 1) 6 类 (表 3); 二级功能代谢通路 (pathway level 2) 40 类,其中相对丰度大于 1.0% 的二级功能代谢通路包含 18 类 (表 4); 三级功能代谢通路 (pathway level 3) 264 类.

从表 3 可知,在 0~20 cm 和 20~40 cm 土壤中,6 类一级功能代谢通路相对丰度均依次为: 新陈代谢 (metabolism) > 环境信息处理 (environmental information processing) > 遗传信息处理 (genetic

information processing) > 细胞过程 (cellular processes) > 人类疾病 (human diseases) > 有机系统 (organismal systems). FM 的新陈代谢功能相对丰度显著高于 WF ($P < 0.05$),但二者与 FM、WM 均差异不显著; LF 的环境信息处理功能相对丰度显著最丰富,WF 则显著最低 ($P < 0.05$); WF 的遗传信息处理、人类疾病和有机体系统功能均显著最高,LF 则均显著最低 ($P < 0.05$); 细胞过程功能则差异不显著. 20~40 cm 土层中,环境信息处理和细胞过程功能差异显著性与 0~20 cm 土层相似; FM 和 WF 的新陈代谢功能显著高于 LF 和 WM,WF 和 WM 的遗传信息处理和有机体系统功能显著高于 FM 和 LF ($P < 0.05$); 人类疾病中 LF < FM < WF < WM.

表 3 土壤细菌群落一级功能代谢通路的相对丰度¹⁾/%

Table 3 Relative abundances of level 1 functional metabolic pathways in soil bacterial communities based on Tax4Fun/%							
土层/cm	处理	新陈代谢	环境信息处理	遗传信息处理	细胞过程	人类疾病	有机系统
0~20	LF	61.27 ± 0.05ab	20.09 ± 0.06a	10.80 ± 0.02d	4.86 ± 0.05a	2.02 ± 0.01d	0.84 ± 0.01c
	FM	61.37 ± 0.10a	19.67 ± 0.09b	10.97 ± 0.07c	4.87 ± 0.04a	2.12 ± 0.05c	0.89 ± 0.02b
	WF	61.04 ± 0.10c	19.19 ± 0.05c	11.40 ± 0.01a	4.97 ± 0.03a	2.33 ± 0.02a	0.95 ± 0.01a
	WM	61.12 ± 0.09bc	19.71 ± 0.06b	11.14 ± 0.03b	4.84 ± 0.13a	2.18 ± 0.02b	0.88 ± 0.02b
	全部样本	61.2 ± 0.04a	19.66 ± 0.04b	11.08 ± 0.03c	4.89 ± 0.04d	2.16 ± 0.01e	0.89 ± 0.01f
20~40	LF	60.93 ± 0.15b	20.59 ± 0.20a	10.63 ± 0.09c	4.96 ± 0.02a	1.98 ± 0.03d	0.81 ± 0.01c
	FM	61.22 ± 0.07a	19.85 ± 0.14b	10.95 ± 0.02b	4.92 ± 0.06a	2.10 ± 0.02c	0.84 ± 0.02b
	WF	61.36 ± 0.07a	19.11 ± 0.07c	11.29 ± 0.05a	4.98 ± 0.03a	2.24 ± 0.01b	0.91 ± 0.01a
	WM	60.85 ± 0.04b	19.68 ± 0.06b	11.19 ± 0.07a	4.93 ± 0.02a	2.32 ± 0.02a	0.91 ± 0.01a
	全部样本	61.09 ± 0.03a	19.81 ± 0.06b	11.01 ± 0.03c	4.95 ± 0.01d	2.16 ± 0.01e	0.87 ± 0.00f

1) 相同土层同列不同小写字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$),全部样本同行不同小写字母表示一级功能代谢通路间差异显著 ($P < 0.05$)

从表 4 可知,在 0 ~ 20 cm 和 20 ~ 40 cm 土壤中,相对丰度大于 1.0% 的 18 类二级功能代谢通路总丰度分别为 96.36% ~ 96.63% 和 96.43% ~ 96.69%,其中相对丰度大于 5.0% 的均包含碳水化合物代谢(carbohydrate metabolism)、氨基酸代谢(amino acid metabolism)、膜转运(membrane transport)、信号转导(signal transduction)、辅助因子和维生素的代谢(metabolism of cofactors and vitamins)、能量代谢(energy metabolism)和核苷酸代谢(nucleotide metabolism)这 7 类. 相对丰度大于 1.0% 的二级功能代谢通路中,LF 与 FM、WF 和 WM 在 0 ~ 20 cm 和 20 ~ 40 cm 土层分别有 10、11、

9 和 12、13、15 类通路存在显著差异($P < 0.05$), FM 与 WF 和 WM 在两土层分别有 9、11 和 11、13 类通路存在显著差异($P < 0.05$), WF 与 WM 在两土层则均有 10 类通路存在显著差异($P < 0.05$). 0 ~ 20 cm 土层的聚糖生物合成与代谢(glycan biosynthesis and metabolism)、转化(translation)、复制和修复(replication and repair)和细菌性传染病(infectious disease: bacterial)这 4 类二级功能代谢通路在 4 个处理间差异分别显著($P < 0.05$), 20 ~ 40 cm 土层的能量代谢、膜转运、细菌性传染病 3 类二级功能代谢通路在 4 个处理间差异分别显著($P < 0.05$).

表 4 土壤细菌群落中相对丰度大于 1% 的二级功能代谢通路¹⁾ / %

Table 4 Level 2 functional metabolic pathways with relative abundances of more than 1% in soil bacterial communities based on Tax4Fun							
土层/cm	初级功能	次级功能	LF	FM	WF	WM	全部样本
0~20	新陈代谢	碳水化合物代谢	12.97 ± 0.03a	12.93 ± 0.03a	12.93 ± 0.03a	13.02 ± 0.10a	12.96 ± 0.06a
		氨基酸代谢	12.42 ± 0.03b	12.59 ± 0.04a	12.43 ± 0.02b	12.33 ± 0.01c	12.44 ± 0.10b
		辅酶和维生素代谢	6.980 ± 0.021b	7.075 ± 0.017a	7.068 ± 0.010a	6.987 ± 0.015b	7.03 ± 0.05e
		能量代谢	7.068 ± 0.047a	7.057 ± 0.030a	6.980 ± 0.019a	6.951 ± 0.104a	7.01 ± 0.07e
		核苷酸代谢	5.177 ± 0.015a	5.187 ± 0.012a	5.189 ± 0.016a	5.198 ± 0.033a	5.19 ± 0.02f
		外源生物降解与代谢	4.481 ± 0.015a	4.434 ± 0.039a	4.260 ± 0.012c	4.326 ± 0.041b	4.38 ± 0.09h
		脂质代谢	3.642 ± 0.008b	3.633 ± 0.010b	3.649 ± 0.006ab	3.672 ± 0.022a	3.65 ± 0.02j
		其他氨基酸代谢	2.725 ± 0.006b	2.766 ± 0.007a	2.744 ± 0.002ab	2.70 ± 0.0190c	2.73 ± 0.03k
		萜类和聚酮类化合物代谢	2.747 ± 0.025a	2.572 ± 0.055b	2.500 ± 0.039b	2.763 ± 0.113a	2.65 ± 0.13k
		聚糖生物合成与代谢	2.232 ± 0.014d	2.270 ± 0.031c	2.418 ± 0.012a	2.338 ± 0.006b	2.31 ± 0.08l
	环境信息处理	膜转运	12.58 ± 0.14a	12.13 ± 0.17b	11.50 ± 0.02c	12.06 ± 0.17b	12.07 ± 0.42c
		信号转导	7.510 ± 0.082b	7.533 ± 0.096ab	7.685 ± 0.051a	7.646 ± 0.124ab	7.59 ± 0.11d
	遗传信息处理	转化	4.377 ± 0.006d	4.455 ± 0.027c	4.630 ± 0.002a	4.507 ± 0.009b	4.49 ± 0.10g
		复制和修复	4.021 ± 0.013d	4.095 ± 0.033c	4.296 ± 0.004a	4.173 ± 0.007b	4.15 ± 0.11i
	细胞过程	折叠、分类和降解	2.220 ± 0.006b	2.233 ± 0.009b	2.279 ± 0.008a	2.267 ± 0.017a	2.25 ± 0.03l
		细胞运动	2.292 ± 0.018b	2.291 ± 0.020b	2.357 ± 0.010a	2.316 ± 0.047ab	2.31 ± 0.04l
	人类疾病	细胞生长与死亡	1.871 ± 0.020a	1.851 ± 0.010a	1.859 ± 0.007a	1.829 ± 0.049a	1.85 ± 0.03m
		细菌性传染病	1.321 ± 0.016d	1.387 ± 0.040c	1.578 ± 0.017a	1.474 ± 0.016b	1.44 ± 0.10n
20~40	新陈代谢	碳水化合物代谢	12.82 ± 0.02b	12.97 ± 0.03a	13.01 ± 0.03a	13.00 ± 0.01a	12.95 ± 0.08a
		氨基酸代谢	12.36 ± 0.09ab	12.39 ± 0.03a	12.45 ± 0.04a	12.26 ± 0.01b	12.37 ± 0.08b
		辅酶和维生素代谢	6.967 ± 0.030b	7.001 ± 0.036b	7.065 ± 0.018a	6.975 ± 0.005b	7.00 ± 0.05e
		能量代谢	7.276 ± 0.024a	7.131 ± 0.034b	7.053 ± 0.019c	6.911 ± 0.024d	7.09 ± 0.14e
		核苷酸代谢	5.135 ± 0.018b	5.177 ± 0.015a	5.186 ± 0.002a	5.177 ± 0.016a	5.17 ± 0.02f
		外源生物降解与代谢	4.439 ± 0.049a	4.413 ± 0.033a	4.380 ± 0.029a	4.245 ± 0.041b	4.37 ± 0.08g
		脂质代谢	3.602 ± 0.007c	3.635 ± 0.008b	3.663 ± 0.006a	3.668 ± 0.004a	3.64 ± 0.03i
		其他氨基酸代谢	2.701 ± 0.019b	2.721 ± 0.020b	2.753 ± 0.012a	2.707 ± 0.007b	2.72 ± 0.02j
		萜类和聚酮类化合物代谢	2.606 ± 0.021b	2.670 ± 0.050a	2.588 ± 0.019b	2.674 ± 0.026a	2.63 ± 0.05j
		聚糖生物合成与代谢	2.222 ± 0.031c	2.273 ± 0.008b	2.352 ± 0.018a	2.390 ± 0.021a	2.31 ± 0.07k
	遗传信息处理	膜转运	13.08 ± 0.22a	12.33 ± 0.21b	11.49 ± 0.10d	11.89 ± 0.10c	12.19 ± 0.63c
		信号转导	7.514 ± 0.085b	7.521 ± 0.083b	7.621 ± 0.048b	7.794 ± 0.061a	7.61 ± 0.13d
	环境信息处理	转化	4.295 ± 0.035c	4.426 ± 0.007b	4.570 ± 0.020a	4.523 ± 0.028a	4.45 ± 0.11g
		复制和修复	3.970 ± 0.038c	4.100 ± 0.012b	4.246 ± 0.020a	4.211 ± 0.030a	4.13 ± 0.12h
	细胞过程	折叠、分类和降解	2.181 ± 0.019c	2.239 ± 0.004b	2.277 ± 0.006a	2.266 ± 0.013a	2.24 ± 0.04k
		细胞运动	2.314 ± 0.011b	2.308 ± 0.025b	2.344 ± 0.019ab	2.374 ± 0.012a	2.33 ± 0.03k
	人类疾病	细胞生长与死亡	1.929 ± 0.004a	1.900 ± 0.017b	1.901 ± 0.006b	1.825 ± 0.009c	1.89 ± 0.04l
		细菌性传染病	1.283 ± 0.029d	1.386 ± 0.024c	1.484 ± 0.012b	1.597 ± 0.018a	1.44 ± 0.12m

1) 相同土层同行不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$),全部样本同列不同小写字母表示二级功能代谢通路间差异显著($P < 0.05$)

2.6 不同轮作休耕农田土壤细菌群落环境因子分析

不同轮作休耕方式下, 0 ~ 20 cm 和 20 ~ 40 cm

土壤细菌群落结构与土壤理化性质的冗余分析产生差异(图 5). 0 ~ 20 cm 土层中[图 5(a)], RDA1 和

RDA2 积累解释变异量可达 77.32% (RDA1: 61.09%; RDA2: 16.23%), 能够反映土壤环境因子对土壤细菌群落结构的影响. 置换检验结果显示, 土壤含水率 (SWC, $r^2 = 0.852$, $P = 0.002$)、全磷 (TP, $r^2 = 0.666$, $P = 0.008$)、有效磷 (AP, $r^2 = 0.489$, $P = 0.048$)、速效钾 (AK, $r^2 = 0.504$, $P = 0.038$)、pH ($r^2 = 0.614$, $P = 0.011$)、碳氮比 (C/N, $r^2 = 0.539$, $P = 0.033$) 为主要影响细菌群落变化的环境因子, 其中, 土壤含水率与全磷达到极显著水平

($P < 0.01$). 20 ~ 40 cm 土层中 [图 5(b)], RDA1 和 RDA2 积累解释变异量可达 81.32% (RDA1: 72.24%; RDA2: 9.08%). 置换检验结果显示, 全磷 (TP, $r^2 = 0.629$, $P = 0.014$)、有效磷 (AP, $r^2 = 0.552$, $P = 0.039$) 为主要影响细菌群落变化的环境因子. 有机碳 (TOC)、全氮 (TN)、碱解氮 (AN)、速效钾 (TK) 对 0 ~ 40 cm 土层的土壤细菌群落结构影响不显著 ($P > 0.05$), 全磷和有效磷则影响显著 ($P < 0.05$).

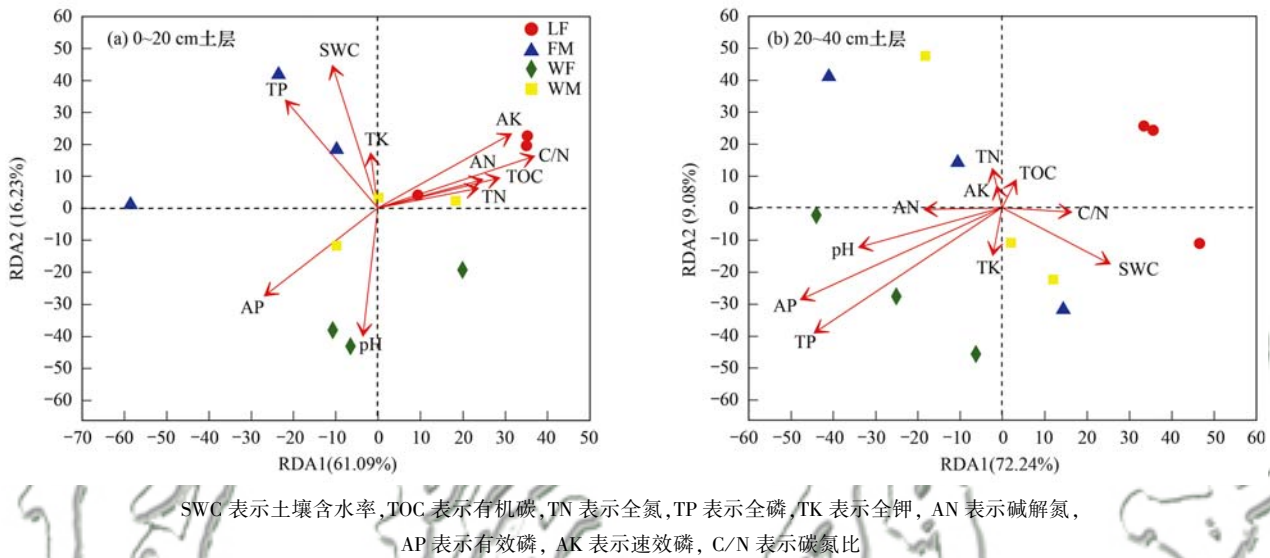


图 5 土壤细菌群落与环境因子间的冗余分析

Fig. 5 Redundancy analysis (RDA) of soil bacterial communities and environmental factors

3 讨论

3.1 不同轮作休耕对农田土壤细菌群落多样性的影响

不同轮作休耕方式导致黄河下游冲积平原的农田覆被和土壤理化性状发生变化, 进而对土壤微生物多样性和丰富度产生影响. 0 ~ 20 cm 冬小麦-夏休耕、冬休耕-夏玉米较麦玉周年轮作或连续 2 a 休耕的土壤细菌群落更丰富且多样性程度更复杂, 20 ~ 40 cm 冬小麦-夏休耕则表现出土壤细菌群落更丰富、多样性程度更复杂. 这说明季节性休耕较麦玉周年轮作可以促进土壤细菌的多样性. 可能是因为季节性休耕较麦玉周年轮作减少了对农田土壤的翻动, 减少了土壤与空气的接触, 减缓了土壤有机质的氧化、矿化, 有效提高土壤肥力, 利于维持土壤细菌群落结构的稳定^[19-21]; 也可能因为季节性休耕较麦玉轮作减少了化肥和农药的使用而更有利于微生物的生长繁殖, 增加细菌种群的多样性^[22]. 另外, 传统的麦玉周年轮作频繁翻动土壤, 导致土壤结构恶化, 使细菌群落的多样性和丰富度降低^[9,21]. 本研究中连续 2 a 休耕土壤细菌群落的丰富度低于季节

性休耕. 这可能因为季节性休耕中小麦或玉米秸秆的还田, 在增加有机质输入和改善土壤理化性状的同时^[21,23], 利于维持或提高土壤微生物的多样性及活性. 左梅等^[24]在鄂西南山区的研究发现, 休耕措施虽然利于提高土壤细菌群落的丰富度, 但随着休耕年限的增加, 土壤 Chao1 指数和 Shannon 指数呈增加趋势, Simpson 指数呈降低趋势. 这与本研究结果存在差异, 可能与取样时间和环境因素有关; 此外, 本试验未考虑休耕年限方面的问题. 因此, 休耕年限对土壤微生物多样性的影响, 有待随时间的推移进一步研究.

3.2 不同轮作休耕对农田土壤细菌群落结构的影响

不同轮作休耕方式在改变农田土壤细菌群落丰富度和多样性的同时, 也促进了土壤细菌群落结构发生变化. 本研究发现, 4 种方式下 0 ~ 20 cm 和 20 ~ 40 cm 土层土壤的放线菌门 (Actinobacteria)、变形菌门 (Proteobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria) 和绿弯菌门 (Chloroflexi) 等细菌主要优势菌群没有发生变化, 但其丰度在两个土层中产生显著差异. 这可能是由于小尺度环境下土壤微生物群落组成较为相近^[25]; 又因不同轮作休耕方式使土壤理化性质

产生变化,导致细菌群落丰度产生差异.此外,地上植物分类及功能属性也有助于解释微生物多样性和群落分布的差异^[26,27].不同植被下土壤细菌群落组成和多样性相对稳定,但不同植被条件会造成土壤中细菌种群在丰度和个别物种上的差异,表现出各自独特的物种特征^[28].不同轮作休耕中,20~40 cm 土层相对丰度大于1.0%的细菌门类均多于0~20 cm 土层,这可能也是由于深层土壤较表层受人为扰动较少而造成的,也可能是因为植物根系垂直分布及分泌物不同造成的^[20,29].Youssef 等^[30]的研究通过排序分析细菌不同的门,发现生境的差异使细菌群落表现出较大的生态系统多样性.通过 PCoA 分析发现,10~20 cm 土层中连续2 a 休耕和麦玉周年轮作的簇距离较近,说明这2个处理间细菌群落结构相似;而20~40 cm 土层中这2个处理簇相对分离,说明土壤细菌群落结构存在差异.有研究发现,不同生境样本的簇分布相对离散,说明不同生境中细菌群落结构特征存在差异^[30,31].

3.3 不同轮作休耕对农田土壤细菌群落功能的影响

细菌群落是土壤有机质分解与矿化的重要参与者,在驱动土壤养分循环的同时,指示并调节土壤生态功能^[18].本研究发现,不同轮作休耕方式使黄河下游冲积平原农田土壤细菌群落结构发生改变的同时,也使土壤细菌功能代谢通路发生了相应地变化.土壤细菌功能代谢通路丰度的波动,也反映了不同轮作休耕方式土壤细菌群落组成及多样性的变化^[31].农田土壤细菌利用新陈代谢、环境信息处理、遗传信息处理、细胞过程、人类疾病和有机系统这6类功能代谢通路维系生态系统的稳定.其中,新陈代谢通路在不同轮作休耕方式中相对丰度均最大,环境信息处理和遗传信息处理仅次于新陈代谢.这表明新陈代谢、环境信息处理和遗传信息处理是土壤细菌的核心功能,受人为影响较小^[11,29].Tax4Fun 功能预测表明,参与代谢最多的细菌类群与氨基酸、碳水化合物和能量代谢有关;负责环境信息处理最多的细菌是参与膜运输的菌群,其次是参与信号转导的菌群;而在参与遗传信息处理的细菌中,参与遗传信息转化及复制和修复的细菌群具有明显的优势.这与 Xia 等^[29]在黄土高原东南干旱区关于小麦休耕期不同耕作方式土壤细菌群落功能预测的研究结果基本一致.氨基酸代谢主要通过脱氨作用、转氨作用、联合脱氨或脱羧作用分解成 α -酮酸、胺类及 CO_2 ,是碳代谢和氮代谢的中枢;碳水化合物合成与代谢则与氮、磷循环呈正相关,间接说明土壤细菌丰富度越高越有利于氮、磷的转化和迁移^[11,32].本研究中休耕与季节性休耕土壤细菌群

氨基酸代谢通路相对丰度均高于麦玉周年轮作;小麦收获后,连续2 a 休耕与冬休耕-夏玉米细菌性传染病二级功能代谢通路则显著低于麦玉周年轮作及冬小麦-夏休耕,这与一级功能代谢通路人类疾病相对丰度的差异性相同;细菌性传染病代谢通路源于致病细菌基因.

3.4 不同轮作休耕农田土壤细菌群落对环境因子的响应

环境因子对土壤微生物具有抑制、促进或无明显作用,是土壤微生物群落组成的重要影响因素^[33].利用 RDA 分析农田土壤细菌信息,可直观地展现出土壤环境因子对该地区土壤细菌群落结构特征的影响.RDA 分析表明,显著影响0~20 cm 土层土壤细菌群落结构的主要环境因子是土壤含水率、全磷、有效磷、速效钾、pH 和碳氮比,20~40 cm 土层则是全磷和有效磷.可见,全磷和有效磷对不同轮作休耕2个土层的土壤细菌群落结构均有显著影响.有研究发现,富营养条件下,磷素能够削减原有微生物群落的限制作用,使微生物的代谢活动发生变化,进而可能会改变微生物的种类组成^[34,35].另外,吴宪等^[12]的研究发现,潮土细菌群落结构受到土壤磷的调控,全磷对细菌群落 α 多样性的作用显著.这与本研究结果类似,可能是因为细菌生长需要磷,有效磷对细菌具有促进作用.但在黄土高原半干旱区的研究发现,土壤全氮、全钾和速效氮含量是影响9种轮作休耕方式土壤细菌群落结构的主要环境因子^[36].这与本试验存在差异,可能是地域环境、作物种类及取样时间不同造成的.目前,关于环境因子对土壤细菌群落的影响,不同地域或不同学者得出的结论不同^[21,33~36];另外,土壤细菌群落受水热条件的影响较大,而水和热又不能隔离.因此,不同轮作休耕农田土壤细菌群落结构特征对环境因子的响应有待深入研究.

4 结论

不同轮作休耕方式20~40 cm 土层中,土壤细菌在门、纲、目、科、属、种及 OTU 水平上菌群数量均多于0~20 cm 土层,但0~20 cm 土壤细菌在不同分类水平上均存在20~40 cm 土层没有的特有类群;冬小麦收获后,0~20 cm 土层季节性休耕(冬小麦-夏休耕和冬休耕-夏玉米)的土壤细菌群落更丰富、多样性程度更复杂,20~40 cm 土层则是冬小麦-夏休耕;2个土层中,主要优势菌群同为放线菌门(Actinobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi).通过 Tax4Fun 功能预测发现,不同轮作休耕土壤细

菌具有一级功能代谢通路 6 类,二级功能代谢通路 40 类,三级功能代谢通路 264 类;季节性休耕可以提高参与新陈代谢、环境信息处理和遗传信息处理等有益细菌的代谢功能.根据 RDA 分析,0~20 cm 土层的土壤细菌群落受土壤含水率、全磷、有效磷、速效钾、pH 和碳氮比影响显著,20~40 cm 受土壤全磷和有效磷影响显著.由此可见,在黄河下游冲积平原农田中,不同轮作休耕方式和土壤深度均可使土壤细菌群落多样性、丰富度及代谢功能产生差异;合理的季节性休耕可以促进农田土壤生态系统的健康与稳定.

参考文献:

- [1] 徐明岗, 卢昌艾, 张文菊, 等. 我国耕地质量状况与提升对策[J]. 中国农业资源与区划, 2016, **37**(7): 8-14.
Xu M G, Lu C A, Zhang W J, *et al.* Situation of the quality of arable land in China and improvement strategy [J]. Chinese Journal of Agricultural Resources and Regional Planning, 2016, **37**(7): 8-14.
- [2] Fan M S, Shen J B, Yuan L X, *et al.* Improving crop productivity and resource use efficiency to ensure food security and environmental quality in China[J]. Journal of Experimental Botany, 2012, **63**(1): 13-24.
- [3] 蔡祖聪. 浅谈“十四五”土壤肥力与土壤养分循环分支学科发展战略[J]. 土壤学报, 2020, **57**(5): 1128-1136.
Cai Z C. Discussion on the strategies for development of the subdiscipline of soil fertility and soil nutrient cycling for the 14th Five-Year Plan [J]. Acta Pedologica Sinica, 2020, **57**(5): 1128-1136.
- [4] 俞振宁, 谭永忠, 吴次芳, 等. 耕地休耕研究进展与评述[J]. 中国土地科学, 2018, **32**(6): 82-89.
Yu Z N, Tan Y Z, Wu C F, *et al.* Progress review on land fallow [J]. China Land Science, 2018, **32**(6): 82-89.
- [5] Li G Y, Wu C F, Gao W D. Effects of short-term fallow managements on soil microbial properties: a case study in China [J]. Applied Soil Ecology, 2018, **125**: 128-137.
- [6] Abubakar S M. Rehabilitation of degraded lands by means of fallowing in a semi-arid area of Northern Nigeria [J]. Land Degradation & Development, 1996, **7**(2): 133-144.
- [7] Bardgett R D, van der Putten W H. Belowground biodiversity and ecosystem functioning[J]. Nature, 2014, **515**(7528): 505-511.
- [8] van der Heijden M G A, Wagg C. Soil microbial diversity and agro-ecosystem functioning[J]. Plant and Soil, 2013, **363**(1-2): 1-5.
- [9] 邓超超, 李玲玲, 谢军红, 等. 耕作措施对陇中旱农区土壤细菌群落的影响[J]. 土壤学报, 2019, **56**(1): 207-216.
Deng C C, Li L L, Xie J H, *et al.* Effects of tillage on soil bacterial community in the dryland farming area of Central Gansu [J]. Acta Pedologica Sinica, 2019, **56**(1): 207-216.
- [10] Vuuyuru M, Sandhu H S, Erickson J E, *et al.* Soil chemical and biological fertility, microbial community structure and dynamics in successive and fallow sugarcane planting systems [J]. Agroecology and Sustainable Food Systems, 2020, **44**(6): 768-794.
- [11] 张拓, 徐飞, 怀宝东, 等. 松花江下游沿江湿地土地利用变化对土壤细菌群落多样性的影响[J]. 环境科学, 2020, **41**(9): 4273-4283.
- Zhang T, Xu F, Huai B D, *et al.* Effects of land use changes on soil bacterial community diversity in the riparian wetland along the downstream of Songhua River [J]. Environmental Science, 2020, **41**(9): 4273-4283.
- [12] 吴宪, 王蕊, 胡荷, 等. 潮土细菌及真菌群落对化肥减量配施有机肥和秸秆的响应[J]. 环境科学, 2020, **41**(10): 4669-4681.
Wu X, Wang R, He H, *et al.* Response of bacterial and fungal communities to chemical fertilizer reduction combined with organic fertilizer and straw in Fluvo-aquic soil [J]. Environmental Science, 2020, **41**(10): 4669-4681.
- [13] Bu R Y, Ren T, Lei M J, *et al.* Tillage and straw-returning practices effect on soil dissolved organic matter, aggregate fraction and bacteria community under rice-rice-rape seed rotation system [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2020, **287**, doi: 10.1016/j.agee.2019.106681.
- [14] Mickan B S, Abbott L K, Fan J W, *et al.* Application of compost and clay under water-stressed conditions influences functional diversity of rhizosphere bacteria [J]. Biology and Fertility of Soils, 2018, **54**(1): 55-70.
- [15] 陈孟立, 曾全超, 黄懿梅, 等. 黄土丘陵区退耕还林还草对土壤细菌群落结构的影响[J]. 环境科学, 2018, **39**(4): 1824-1832.
Chen M L, Zeng Q C, Huang Y M, *et al.* Effects of the farmland-to-forest/grassland conversion program on the soil bacterial community in the loess hilly region [J]. Environmental Science, 2018, **39**(4): 1824-1832.
- [16] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [17] Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads [J]. Nature Methods, 2013, **10**(10): 996-998.
- [18] 孙建平, 刘雅辉, 左永梅, 等. 盐地碱蓬根际土壤细菌群落结构及其功能[J]. 中国生态农业学报, 2020, **28**(10): 1618-1629.
Sun J P, Liu Y H, Zuo Y M, *et al.* The bacterial community structure and function of Suaeda salsa rhizosphere soil [J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2020, **28**(10): 1618-1629.
- [19] Zhang X, Wang H, Hui X L, *et al.* Effects of different fertilization and fallowing practices on soil carbon and nitrogen mineralization in a dryland soil with low organic matter [J]. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 2019, **19**(1): 108-116.
- [20] Hepp C M, de Neergaard A, Bruun T B. Short-term fallow in extensive upland shifting cultivation systems of Northern Lao PDR: Its role in soil fertility restoration [J]. Land Degradation & Development, 2018, **29**(9): 2911-2919.
- [21] 褚海燕, 冯毛毛, 柳旭, 等. 土壤微生物地理学: 国内进展与国际前沿[J]. 土壤学报, 2020, **57**(3): 515-529.
Chu H Y, Feng M M, Liu X, *et al.* Soil microbial biogeography: recent advances in China and research frontiers in the world [J]. Acta Pedologica Sinica, 2020, **57**(3): 515-529.
- [22] 吴芸紫, 刘章勇, 蒋哲, 等. 稻-麦连作和稻-休耕农田植物物种多样性的比较[J]. 草业科学, 2017, **34**(5): 1090-1099.
Wu Y Z, Liu Z Y, Jiang Z, *et al.* Comparison of plant species diversity in continuous rice-wheat and rice-fallow systems [J]. Pratacultural Science, 2017, **34**(5): 1090-1099.
- [23] Yan S S, Song J M, Fan J S, *et al.* Changes in soil organic carbon fractions and microbial community under rice straw return in Northeast China [J]. Global Ecology and Conservation, 2020, **22**, doi: 10.1016/j.gecco.2020.e00962.

- [24] 左梅, 谭军, 向必坤, 等. 休耕对连作障碍植烟土壤酶活性及细菌群落结构的影响[J]. 烟草科技, 2019, **52**(11): 10-16.
Zuo M, Tan J, Xiang B K, *et al.* Effects of lying fallow on enzyme activities and bacterial community structures in tobacco-planting soils with continuous cropping obstacles[J]. Tobacco Science & Technology, 2019, **52**(11): 10-16.
- [25] 梁悦萍, 李科江, 张俊鹏, 等. 咸水灌溉棉田休耕期土壤胞外酶活性和微生物多样性研究[J]. 农业环境科学学报, 2018, **37**(4): 732-740.
Liang Y P, Li K J, Zhang J P, *et al.* Extracellular enzyme activity and microbial diversity of saline-irrigated cotton field soil during the fallow period[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2018, **37**(4): 732-740.
- [26] Prober S M, Leff J W, Bates S T, *et al.* Plant diversity predicts beta but not alpha diversity of soil microbes across grasslands worldwide[J]. Ecology Letters, 2015, **18**(1): 85-95.
- [27] Delgado-Baquerizo M, Fry E L, Eldridge D J, *et al.* Plant attributes explain the distribution of soil microbial communities in two contrasting regions of the globe[J]. New Phytologist, 2018, **219**(2): 574-587.
- [28] 黎烨, 雷少楠, 程志强, 等. 五种植被覆盖下红壤的细菌群落结构组成及其特征[J]. 福建农林大学学报(自然科学版), 2020, **49**(2): 231-239.
Li Y, Lei S N, Cheng Z Q, *et al.* Microbial community structure and characteristics of red soil microbiome under 5 types of vegetation coverages[J]. Journal of Fujian Agriculture and Forestry University (Natural Science Edition), 2020, **49**(2): 231-239.
- [29] Xia Q, Liu X L, Gao Z Q, *et al.* Responses of rhizosphere soil bacteria to 2-year tillage rotation treatments during fallow period in semiarid southeastern Loess Plateau[J]. PeerJ, 2020, **8**, doi: 10.7717/peerj.8853.
- [30] Youssef N H, Elshahed M S. Diversity rankings among bacterial lineages in soil[J]. The ISME Journal, 2009, **3**(3): 305-313.
- [31] 杜宇佳, 高广磊, 陈丽华, 等. 呼伦贝尔沙区土壤细菌群落结构与功能预测[J]. 中国环境科学, 2019, **39**(11): 4840-4848.
Du Y J, Gao G L, Chen L H, *et al.* Soil bacteria community structure and function prediction in the Hulun Buir Sandy Area[J]. China Environmental Science, 2019, **39**(11): 4840-4848.
- [32] 刘平静, 肖杰, 孙本华, 等. 长期不同施肥措施下壤土细菌群落结构变化及其主要影响因素[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, **26**(2): 307-315.
Liu P J, Xiao J, Sun B H, *et al.* Variation of bacterial community structure and the main influencing factors in Eumorphic Anthrosols under different fertilization regimes[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2020, **26**(2): 307-315.
- [33] Bahram M, Hildebrand F, Forslund S K, *et al.* Structure and function of the global topsoil microbiome[J]. Nature, 2018, **560**(7717): 233-237.
- [34] Corstanje R, Reddy K R, Prenger J P, *et al.* Soil microbial Ecophysiological response to nutrient enrichment in a sub-tropical wetland[J]. Ecological Indicators, 2007, **7**(2): 277-289.
- [35] 王娜, 高婕, 魏静, 等. 三江平原湿地开垦对土壤微生物群落结构的影响[J]. 环境科学, 2019, **40**(5): 2375-2381.
Wang N, Gao J, Wei J, *et al.* Effects of wetland reclamation on soil microbial community structure in the Sanjiang Plain[J]. Environmental Science, 2019, **40**(5): 2375-2381.
- [36] 南丽丽, 郭全恩, 谭杰辉, 等. 轮作休耕模式对土壤细菌群落的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2020, **38**(6): 128-134.
Nan L L, Guo Q E, Tan J H, *et al.* Influence of rotation fallow mode on bacterial community in soil[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2020, **38**(6): 128-134.

CONTENTS

Continuous PM _{2.5} Composition Measurements for Source Apportionment During Air Pollution Events	CAI Fan-tao, SHANG Yue, DAI Wei, <i>et al.</i> (4575)
Orographic Influences on the Spatial Distribution of PM _{2.5} on the Fen-Wei Plain	HUANG Xiao-gang, ZHAO Jing-bo, SUN Cong-jian, <i>et al.</i> (4582)
Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in PM _{2.5} Under Winter Haze Conditions in Central China: A Case Study of Huanggang, Hubei Province	LI Xing-yu, MAO Yao, CHEN Zhan-le, <i>et al.</i> (4593)
Concentration and Reactivity of Carbonyl Compounds in the Atmosphere of North China	HUANG Yu, CHEN Xi, WANG Ying-hong, <i>et al.</i> (4602)
Characteristics of O ₃ Pollution and Key Precursors in Chengdu During Spring	HAN Li, CHEN Jun-hui, JIANG Tao, <i>et al.</i> (4611)
O ₃ Source Characteristics of an Industrial Area in the Yangtze River Delta Based on Boundary Observations	HUANG Qing, HUANG Yin-zhi, ZHANG Shan, <i>et al.</i> (4621)
Characteristics and Source of VOCs During O ₃ Pollution Between August to September, Langfang Development Zones	ZHANG Jing-qiao, WANG Hong-liang, FANG Xiao-yun, <i>et al.</i> (4632)
Coating-derived VOCs Emission Characteristics and Environmental Impacts from the Furniture Industry in Guangdong Province	ZENG Chun-ling, SHAO Xia, LIU Rui-yuan, <i>et al.</i> (4641)
Response of Air Quality to COVID-19 Lockdown in Xiamen Bay	XU Chao, WU Shui-ping, LIU Yi-jing, <i>et al.</i> (4650)
Similarities and Differences of Valley Winds in the Beijing Plain and Yanqing Areas and Its Impact on Pollution	WU Jin, LI Chen, MA Zhi-qiang, <i>et al.</i> (4660)
Characteristics of Atmospheric Particulate Matter Pollution and the Unique Wind and Underlying Surface Impact in the Twain-Hu Basin in Winter	ZHU Yan, ZHAO Tian-liang, BAI Yong-qing, <i>et al.</i> (4669)
Conversion Characterizations of Sulfate Ion and Nitrate Ion in Particulate Matter from Coal-fired Power Plants	YANG Liu, HE Qing, SHENG Zhong-yi (4678)
Water Chemical Characteristics and Influence of Exogenous Acids in the Yangtze River Basin	WANG Qi, YU Shi, JIANG Ping-ping, <i>et al.</i> (4687)
Effects of Land Use on Nutrient Concentrations in the Inflow River of Lake Taihu, China	LIAN Xin-qiao, ZHU Guang-wei, YANG Wen-bin, <i>et al.</i> (4698)
Diversity of Zooplankton and Niche Characteristics of Keystone Species in the Weihe River Based on eDNA	LIANG Dong, XIA Jun, SONG Jin-xi, <i>et al.</i> (4708)
Occurrence, Distribution, and Ecological Risk Assessment of Pharmaceutical and Personal Care Products in the Aquatic Environment of Sanya City, China	REN Bing-nan, GENG Jing (4717)
Screening of Priority Pollutants and Risk Assessment for Surface Water from Shengjin Lake	GONG Xiong-hu, DING Qi-qi, JIN Miao, <i>et al.</i> (4727)
Long-term Changes and Drivers of Ecological Security in Shahe Reservoir, China	YANG Wen-bin, DUAN Wen-xiu, CUI Yang, <i>et al.</i> (4739)
Seasonal Variation and Influencing Factor Analysis of Antibiotic Resistance Genes in Water Supply Reservoirs of Central China	ZHANG Kai, XIN Rui, LI Kuang-jia, <i>et al.</i> (4753)
Geochemical Characteristics and Driving Factors of NO ₃ -Type Groundwater in the Rapidly Urbanizing Pearl River Delta	LÜ Xiao-li, LIU Jing-tao, HAN Zhan-tao, <i>et al.</i> (4761)
Spatial Hydrochemical Characteristics and Controlling Factors of Surface Water in the Yancheng Area	WANG Jian, ZHANG Hua-bing, XU Jun-li, <i>et al.</i> (4772)
Identification of Dredging Depths Based on Sediment Vertical Distribution Profiles of Total Nitrogen and Total Phosphorus and Their Adsorption-desorption Equilibria	ZHOU Ya-ting, CHEN Xing-hong, LI Li-qing, <i>et al.</i> (4781)
Role of Borate and Phosphate Buffers in the Degradation of Organic Compounds in a PMS/Co ²⁺ System: Influencing Factors and Mechanisms	WAN Qi-qi, CHEN Zhu-hao, CAO Rui-hua, <i>et al.</i> (4789)
Degradation 2,2',4,4'-Tetrabromodiphenyl Ether by Activated Peroxymonosulfate Using Magnetic Biochar Supported α -MnO ₂	LI Xin, YIN Hua, LUO Hao-yu, <i>et al.</i> (4798)
Characteristics and Mechanisms of Bacteriophage MS2 Inactivation in Water by UV Activated Sodium Persulfate	ZHANG Chong-miao, YANG Hao-ming, WANG Zhen (4807)
Adsorption Characteristics of Phosphate on Cerium Modified Water Hyacinth Biochar	WANG Guang-ze, ZENG Wei, LI Shuai-shuai (4815)
Removal Efficiency and Mechanism of Ammonia Nitrogen in a Low Temperature Groundwater Purification Process	LI Dong, LIU Meng-hao, ZHANG Rui-miao, <i>et al.</i> (4826)
Speciation and Ecological Risk Assessment of Heavy Metal(loid)s in the Municipal Sewage Sludge of China	GENG Yuan-meng, ZHANG Chuan-bing, ZHANG Yong, <i>et al.</i> (4834)
Meta-analysis of Microbial Communities in the Activated Sludge of Wastewater Treatment Plants Under Different Climate Types	YANG Si-hang, QIN Ze-sheng, LIANG Man-chun (4844)
Partial Nitrification and Anaerobic Ammonia Oxidation Synergistic Denitrification to Remove Nitrogen and Carbon from Domestic Sewage	QIN Yan-rong, YUAN Zhong-ling, ZHANG Ming, <i>et al.</i> (4853)
Cultivation and Performance Analysis of Simultaneous Partial Nitrification, ANAMMOX, and Denitrification Granular Sludge	ZHOU Feng, LIU Yong-di, LI Wei (4864)
Application of Various Methods to Extract Microplastic from Typical Soils in China	ZHAO Xiao-li, LIU Zi-han, CONG Chen-yu, <i>et al.</i> (4872)
Evaluation and Sources of Heavy Metal Pollution in the Surface Soil of the Qaidam Basin	CHEN Liang, ZHANG Xi-ying, TANG Qi-liang, <i>et al.</i> (4880)
Content and Ecological Risks of Heavy Metals in Soil with Different Land Uses in a Rapidly Urbanizing Area	LI Meng-ting, SHEN Cheng, WU Jian, <i>et al.</i> (4889)
Selenium Geochemical Characteristics and Influencing Factors of Paddy Fields in Du'an County, Guangxi	LIU Fei, YANG Ke, XU Ren-ting, <i>et al.</i> (4897)
Carbonized Apple Branches Decrease the Accumulation and Damage of Cadmium on Apple Rootstock by Reducing DTPA-Cd in Soil	DENG Bo, XUN Mi, ZHANG Wei-wei, <i>et al.</i> (4908)
Accumulation and Health Risk of Heavy Metals in Cereals, Vegetables, and Fruits of Intensive Plantations in Hainan Province	YANG Jian-zhou, WANG Zhen-liang, GAO Jian-weng, <i>et al.</i> (4916)
Correlation Analysis among Environmental Antibiotic Resistance Genes Abundance, Antibiotics Concentrations, and Heavy Metals Concentrations Based on Web of Science Searches	MIAO Sun, CHEN Lei, ZUO Jian-e (4925)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Tetracycline Antibiotics in Farmland Soil in Yinchuan	ZHANG Xiao-hong, TAO Hong, WANG Ya-juan, <i>et al.</i> (4933)
Effect of Manure from Different Sources on the Leaching of Antibiotics in Soil	LI Bin-xu, ZHU Chang-xiong, SONG Ting-ting, <i>et al.</i> (4942)
Analysis of the Traits of Nitrogen Metabolism Pathways for Several Forest Soils in Eastern China	LÜ Xue-li, ZHAO Yong-peng, LIN Qing-huo, <i>et al.</i> (4951)
Denitrification Rates and <i>nirS</i> -type Denitrifying Bacteria Community Structure Characteristics of Bulk and Rhizosphere Soil in Spring and Summer in the Alpine Wetlands of the Qinghai-Tibet Plateau	LI Yu-qian, MA Jun-wei, GAO Chao, <i>et al.</i> (4959)
Microbial Community Structure of Soil Methanogens and Methanotrophs During Degradation and Restoration of Reed Wetlands in the Songnen Plain	WANG Qiu-ying, WANG Na, LIU Ying, <i>et al.</i> (4968)
Characteristics of Bacterial Community Structure in Fluvio-aquic Soil Under Different Rotation Fallow	NAN Zhen-wu, LIU Zhu, DAI Hong-cui, <i>et al.</i> (4977)
Response of Photosynthetic Bacterial Community to Cadmium Contamination in Paddy Soil	LUO Lu-yun, JIN De-cai, WANG Dian-dong, <i>et al.</i> (4988)
Community Distribution of the Rhizospheric and Endophytic Bacteria of <i>Phragmites australis</i> and Their Limiting Factors in Iron Tailings	CAO Man-man, WANG Fei, ZHOU Bei-hai, <i>et al.</i> (4998)
Effects of Combination of Organic and Inorganic Nitrogen on Nitrification and Denitrification in Two Salinized Soils	ZHOU Hui, SHI Hai-bin, ZHANG Wen-cong, <i>et al.</i> (5010)
Response of Yield, CH ₄ , and N ₂ O Emissions from Paddy Fields to Long-term Elevated CO ₂ Concentrations	YU Hai-yang, SONG Kai-fu, HUANG Qiong, <i>et al.</i> (5021)
Effects of Feedstock Material and Pyrolysis Temperature on Dissolved Organic Matter in Biochars	YAN Dai-hong, MA Ya-pei, SONG Kai-yue, <i>et al.</i> (5030)
Spatiotemporal Variations in Atmospheric Urban Heat Island Effects and Their Driving Factors in 84 Major Chinese Cities	LI Yu, ZHOU De-cheng, YAN Zhang-mei (5037)
Research Progress in the Odorants and Their Emissions from Indoor Building Decoration Materials	ZHANG Wan-zhong, ZHANG Peng-yi (5046)