

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

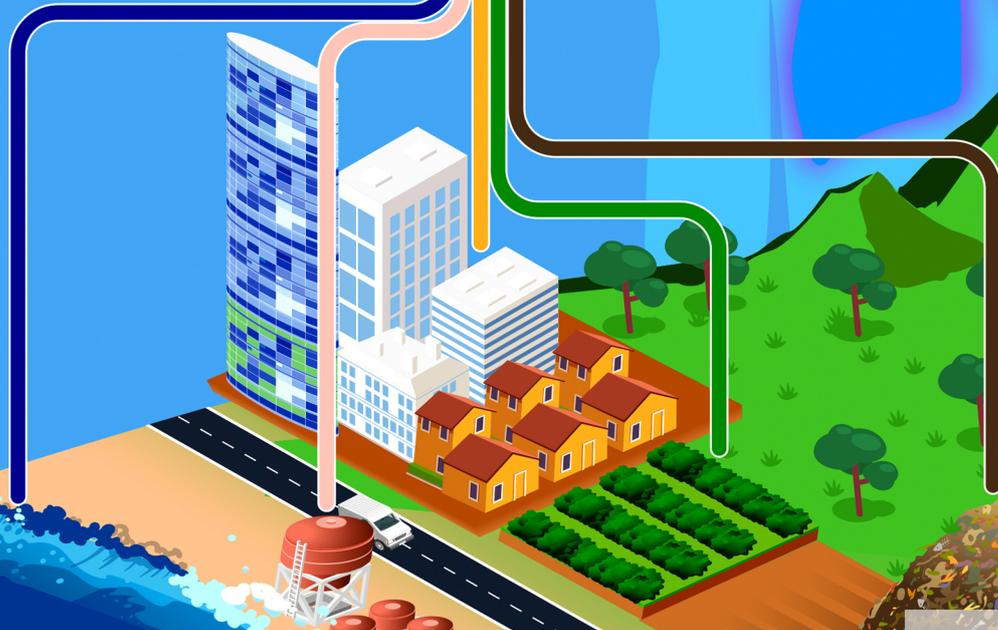
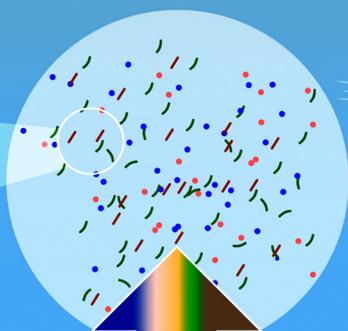
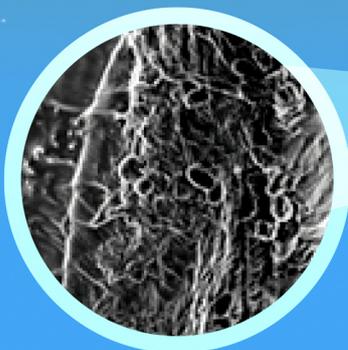
ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

大连海岸带夏、秋季大气沉降(微)塑料的赋存特征及其表面生物膜特性

涂晨, 田媛, 刘颖, 张馨宁, 骆永明



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社

2022年4月

第43卷 第4期

Vol.43 No.4



目次

2015~2019年河南省PM_{2.5}时空特征与驱动因素分析 葛岂序, 刘岩, 杨洪, 郭恒亮 (1697)

郑州市大气PM_{2.5}中重金属的污染特征、来源及健康风险评估: 基于高分辨数据 曲光辉, 孙俊苹, 王申博, 姜楠, 李利萍, 刘洋, 陈红阳, 马双良 (1706)

宁波市春节期间水溶性离子污染来源和特征分析 杨梦蓉, 潘勇, 黄仲文, 张晶晶, 黄显军, 何萌萌, 肖航 (1716)

上海城区PM_{2.5}中有机组分及硝基芳香化合物分布特征 庄旻, 马英歌, 程玉璜, 周敏, 戴海夏, 黄成, 郁建珍, 朱书慧, 乔利平, 童张法 (1725)

南京北郊大气细粒子硝基苯酚类化合物污染特征与来源 陈美娟, 钱姿合, 顾陈娟, 张书萌, 刘智艺, 王新锋, 盖鑫磊 (1738)

春节与疫情管控期间珠三角VOCs的组成和来源变化 江明, 袁鸾, 温丽容, 张莹, 方洪波, 杨满芽, 李成柳 (1747)

重庆市主要工业源VOCs组分排放清单及其臭氧生成潜势 李陵, 李振亮, 方维凯, 王晓宸, 蒲茜, 汪凌韬, 袁睿, 张卫东, 翟崇治 (1756)

珠三角某石化园区VOCs排放特征及影响评价 张雪驰, 沙青娥, 陆梦华, 王毓铮, 饶思杰, 明桂英, 李勤勤, 吴淑珠, 郑君瑜 (1766)

基于隧道测试的机动车VOCs排放特征及源解析 刘鑫会, 朱仁成, 金博强, 梅慧, 祖雷, 尹沙沙, 张瑞芹, 胡京南 (1777)

基于多通道分布式VOCs在线监测质谱系统精准识别企业污染源 韦啸, 张永杰, 王沛涛, 洪燕, 夏瑞, 高伟 (1788)

基于SOA和O₃生成潜势的杭州市PM_{2.5}和O₃协同控制 林旭, 严仁婧, 金嘉佳, 许凯儿 (1799)

超低排放燃煤电厂中湿式电除尘器对可凝结颗粒物排放特性的影响 王鹏程, 袁勃, 梁胜文, 蒋鹭翔, 成海容, 许睿光, 虞晓晗, 王祖武 (1808)

西安市住宅室内空气污染物实测分析与叠加效应 王秀茹, 樊灏, 范洁, 沈振兴 (1814)

大连海岸带夏、秋季大气沉降(微)塑料的赋存特征及其表面生物膜特性 涂晨, 田媛, 刘颖, 张馨宁, 骆永明 (1821)

基于在线观测本地因子的长三角家禽养殖氨排放时空分布特征 高宗源, 徐昶, 倪远之, 沈根祥, 苗文亮, 王振旗, 付侃, 钱晓雍, 曹国民 (1829)

西宁市农牧源氨排放清单及其分布特征 杨益, 姬亚芹, 高玉宗, 林孜, 林宇, 马妍 (1844)

“三水”统筹视角下京津冀地区城市水生态环境保护策略分析 廖雅, 侯晓姝, 任晓红 (1853)

中国居民饮用水镉暴露非致癌风险的年龄分层权重 秦宁, 阿依博塔·吐尔逊别克, 刘运炜, 侯荣, 徐翔宇, 官家丞, 段小丽 (1863)

新疆博尔塔拉河流域平原区地表水与地下水水化学特征及转化关系 雷米, 周金龙, 张杰, 陈亚鹏, 滕杰, 吴彤, 徐东升, 孙英, 纪媛媛 (1873)

珠江源区小黄泥河流域地表水水化学组成特征及控制因素 涂春霖, 尹林虎, 和成忠, 寸得欣, 马一奇, 令狐昌卫 (1885)

河套灌区浅层地下水NO₃⁻-N时空变化及驱动因素 袁宏颖, 杨树青, 张万锋, 王波, 韩天凯, 丁雪华 (1898)

盐城地区地下水溶质来源及其成因分析 王建, 张华兵, 许君利, 李永山 (1908)

白洋淀不同水体氢氧同位素特征及其指示意义 王雨山, 尹德超, 祁晓凡, 徐蓉桢 (1920)

东部地区大型湖库有色可溶性有机物来源组成及潜在驱动因素 陈丽丽, 肖启涛, 俞晓琴, 陈慧敏, 周蕾, 周永强, 韩龙飞 (1930)

松花湖沉积物溶解性有机质荧光光谱特性 程云轩, 赵可, 张越, 张渝婷, 焦立新 (1941)

区域土地利用类型对水源水中溶解性有机物丰度和荧光组分的影响 高静, 蒲晓, 张玉虎, 程红光, 张瑞宁, 刘训良, 董雪, 许新瑶 (1950)

南水北调东线枢纽湖泊表层水体甲烷释放特征及潜在影响因素 朱俊羽, 彭凯, 李宇阳, 俞晓琴, 陈慧敏, 周蕾, 周永强, 丁艳青 (1958)

千岛湖水体中邻苯二甲酸酯(PAEs)的分布特征及健康风险评价 弥启欣, 国晓春, 卢少勇, 邓义祥, 卢洪斌, 李响, 刘晓贺, 陈金明 (1966)

蓝藻越冬期湖湾沉积物磷吸附特征和释放风险 靳郑海, 涂成琪, 王书航, 陈俊伊, 卢昶雨, 黄威 (1976)

基于植物多样性的北京市湿地生态质量评价 李果, 孙光, 赵梓伊, 刘冬梅, 肖能文, 赵志平, 罗遵兰 (1988)

小清河专项治理对莱州湾环境和浮游植物的影响 张晶晶, 王玉珏, 李凡, 刘珂, 王英, 于洋, 高彦洁, 肖晓彤, 吕振波 (1997)

不同曝气方式对人工湿地细菌多样性、代谢活性及功能的影响 王飞鹏, 黄亚玲, 张瑞瑞, 岳琛, 李飞翔, 张超月, 穆景利 (2007)

南宁市老城区降雨径流溯源及污染特征分析 岳桢钰, 李一平, 周玉璇, 郑可, 于珊, 伍彬 (2018)

老化作用对微塑料吸附镉的影响及其机制 王俊杰, 陈晓晨, 李权达, 金成俊, 黄艺佳, 范露健, 张剑宇, 刘宪华, 徐开钦 (2030)

碳化泡沫负载Co₃O₄活化过硫酸盐降解罗丹明B 王渊源, 阎鑫, 艾涛, 李卓, 牛艳辉 (2039)

低总氮浓度下Fe²⁺促进ANAMMOX生物膜反应器脱氮 郑旭文, 秦嘉富, 汪晓军, 陈浩川, 朱梓静, 陈振国 (2047)

污水管道增强通风作用下氧气的传质特性 杨洲, 张志强, 杨静, 卢金锁 (2055)

长江经济带工业区土壤重金属污染特征与评价 张义, 周心劝, 曾晓辉, 冯娇, 刘玉荣 (2062)

中国北方典型设施菜地土壤稀土元素分布特征及环境意义 王祖伟, 刘雅明, 王子璐, 苗钰婷 (2071)

贵州省典型铅锌矿区潜在有毒元素(PTEs)物源甄别、生态风险评估及控制因素 张富贵, 彭敏, 贺灵, 马宏宏 (2081)

地质高背景与污染叠加区不同土地利用方式下土壤重金属分布特征 王雪雯, 刘鸿雁, 顾小凤, 涂宇, 于恩江, 吴攀 (2094)

矿区周边农田土壤重金属分布特征及污染评价 王海洋, 韩玲, 谢丹妮, 胡慧娟, 刘志恒, 王祯 (2104)

农田-泥炭藓系统重金属富集特征与生态风险评价 朱迪, 张朝晖, 王智慧 (2115)

安顺市土壤pH空间变异及影响因素分析 陈清霞, 陆晓辉, 涂成龙 (2124)

方解石基组配钝化剂与低积累玉米协同修复效果 任超, 任或仲, 李竞天, 王浩, 朱利文, 肖建辉, 赵瑞, 杜倩倩 (2133)

伯克氏菌Y4对水稻幼苗损伤和镉吸收的影响 张雅荟, 刘月敏, 王常荣, 刘雅萍, 庞杰, 黄永春, 刘仲齐, 张长波 (2142)

我国长江中下游平原典型稻田含碳温室气体通量变化特性 刘硕, 甄晓杰, 刘钢, 冯兆忠 (2151)

地膜覆盖和生物炭添加对菜地N₂O排放的影响 胡剑, 江长胜, 陈鑫童, 熊艳芳, 郝庆菊 (2163)

氮肥运筹对稻田CH₄和N₂O排放的影响 郑梅群, 刘娟, 姜培坤, 吴家森, 李永夫, 李松果 (2171)

松花江下游滨岸带典型植被根际土壤细菌群落结构与功能多样性 王露莹, 孙慧珍, 杨雪 (2182)

棉秆还田对咸水滴灌棉田土壤酶活性和细菌群落结构多样性的影响 周永学, 陈静, 李远, 侯振安, 阎伟 (2192)

pH对水稻土全程氨氧化细菌丰度和群落结构组成影响 马瑞, 赵永鹏, 王智慧, 蒋先军 (2204)

生物炭对紫色土坡耕地侵蚀性耕层土壤有机碳的影响 张健乐, 曾小英, 史东梅, 倪书辉, 夏蕊, 王荣浩 (2209)

有机肥替代化肥对旱地黄壤有机碳矿化及活性有机碳的影响 林仕芳, 王小利, 段建军, 皮义均, 郭琴波, 龙大勇, 徐彬, 杨宏伟 (2219)

九龙江河口潮滩湿地土壤有机碳储量、活性组分及稳定性沿淹水梯度的分布特征 黄小清, 全川, 罗敏, 杨洋, 谭凤凤, 潘哲妍, 刘娜, 陈欣, 黄佳芳 (2226)

碳中和战略下煤矿区生态碳汇体系构建及功能提升展望 刘祥宏, 阎永军, 刘伟, 黄占斌 (2237)

《环境科学》征订启事(1929) 《环境科学》征稿简则(1975) 信息(1996, 2029, 2080)

棉秆还田对咸水滴灌棉田土壤酶活性和细菌群落结构多样性的影响

周永学, 陈静, 李远, 侯振安, 闵伟*

(石河子大学农学院, 新疆生产建设兵团绿洲生态农业重点实验室, 石河子 832003)

摘要: 咸水长期灌溉会增加土壤盐分, 对土壤理化性质产生不利影响, 改变土壤细菌的多样性. 秸秆还田可以改善土壤微环境, 进而影响土壤酶活性和细菌群落结构多样性. 试验设置淡水(FW, $0.35 \text{ dS}\cdot\text{m}^{-1}$)和咸水(SW, $8.04 \text{ dS}\cdot\text{m}^{-1}$)两种灌溉水盐度, 在每个灌溉水盐度下秸秆用量分别为 $0 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ 和 $6000 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ (分别用 FWST 和 SWST 表示). 结果表明, 与淡水灌溉相比, 咸水灌溉显著增加土壤盐分、容重、全碳和速效磷含量, 但是速效钾含量明显下降. 在咸水灌溉下, 秸秆还田可显著增加土壤全碳、全氮、速效钾和速效磷含量, 降低土壤容重. 咸水灌溉下土壤蔗糖酶、碱性磷酸酶和过氧化氢酶活性较淡水灌溉分别降低 57.24%、35.15% 和 3.91%, 而脲酶活性增加 26.73%, 但是秸秆还田显著提高蔗糖酶、碱性磷酸酶和过氧化氢酶活性, 降低脲酶活性. 咸水灌溉降低酸杆菌门(Acidobacteriota)、放线菌门(Actinobacteriota)、拟杆菌门(Bacteroidota)、疣微菌门(Verrucomicrobiota)和厚壁菌门(Firmicutes)的相对丰度, 增加芽孢杆菌门(Gemmatimonadota)和粘球菌门(Myxococcota)的相对丰度. 咸水灌溉下秸秆还田显著增加放线菌门(Actinobacteriota)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、厚壁菌门(Firmicutes)和泉古菌门(Crenarchaeota)的相对丰度, 并且显著增加鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、*Dongia* 和类固醇杆菌属(*Steroidobacter*)的相对丰度. NMDS 结果说明咸水灌溉和秸秆还田改变了细菌群落结构. 综上, 秸秆还田可以提高土壤养分含量, 降低土壤容重和盐分, 进而改变土壤酶活性和细菌群落结构多样性, 土壤的细菌群落构成发生改变主要受土壤盐分和容重的影响, 因而秸秆还田有利于提高土壤肥力和维护土壤生态系统健康.

关键词: 咸水; 棉花; 秸秆还田; 土壤酶活性; 细菌群落结构多样性

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)04-2192-12 DOI: 10.13227/j.hjxx.202108210

Effects of Cotton Stalk Returning on Soil Enzyme Activity and Bacterial Community Structure Diversity in Cotton Field with Long-term Saline Water Irrigation

ZHOU Yong-xue, CHEN Jing, LI Yuan, HOU Zhen-an, MIN Wei*

(Key Laboratory of Oasis Eco-Agriculture of Xinjiang Production and Construction Corps, College of Agriculture, Shihezi University, Shihezi 832003, China)

Abstract: Long-term saline water irrigation will increase soil salinity, adversely affect soil physical and chemical properties, and change the diversity of soil bacteria. Straw returning can improve the soil microenvironment and subsequently affect soil enzyme activity and bacterial community structure diversity. This experiment used two types of irrigation water salinity: fresh water (FW, $0.35 \text{ dS}\cdot\text{m}^{-1}$) and saline water (SW, $8.04 \text{ dS}\cdot\text{m}^{-1}$). Under each irrigation water salinity, the amount of cotton straw applied was 0 and $6000 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ (represented by FWST and SWST, respectively). The results showed that: compared with those under fresh water irrigation, saline water irrigation significantly increased the soil salt, bulk density, total carbon, and available phosphorus but significantly decreased available potassium content. Under saline water irrigation, straw returning significantly increased the soil total carbon, total nitrogen, available potassium, and available phosphorus but reduced soil bulk density. Compared with those under fresh water irrigation, soil sucrose, alkaline phosphatase, and catalase activities under saline water irrigation decreased by 57.24%, 35.15%, and 3.91%, respectively, whereas urease activity increased by 26.73%. However, straw returning significantly increased sucrose, alkaline phosphatase, and catalase activities but decreased urease activity. Saline water irrigation decreased the relative abundance of Acidobacteriota, Actinobacteriota, Bacteroidota, Verrucomicrobiota, and Firmicutes and increased the abundance of Gemmatimonadota and Myxococcota. Under saline water irrigation, straw returning significantly increased the relative abundance of Actinobacteriota, Bacteroidetes, Firmicutes, Crenarchaeota, *Sphingomonas*, *Dongia*, and *Steroidobacter*. NMDS results also showed that saline water irrigation and straw returning changed the bacterial community structure. In conclusion, straw returning can improve soil nutrient content, reduce soil bulk density and salinity, and then change soil enzyme activity and bacterial community structure diversity. The change in soil bacterial community composition was mainly affected by soil salinity and bulk density. Therefore, straw returning can improve soil fertility and help maintain the health of soil ecosystem. This study revealed a relationship between soil enzyme activities and bacterial communities, which provides a theoretical basis and mechanism for applying cotton stalk to regulate the soil enzyme and micro-ecological environment.

Key words: saline water; cotton; straw returning; soil enzyme activity; bacterial community structure diversity

干旱区淡水资源匮乏严重制约农业的可持续发展, 而咸水灌溉是缓解农业水资源紧张的有效途径之一. 咸水灌溉在供给作物水分的同时, 也给土壤带入大量盐分, 进而影响土壤结构以及土壤物理化学和生物学性质. 适宜的盐分对作物生长可以起到一定的促进作用, 但是土壤盐分过多可能会影响土壤理化性质及养分转化过程, 同时也给作物的正常生

长发育造成不良影响. 有研究表明咸水连续灌溉多年后, 土壤表面钠离子积聚, 使土壤 pH 升高, 改变

收稿日期: 2021-08-19; 修订日期: 2021-09-01

基金项目: 兵团中青年科技创新领军人才项目(2020CB020); 石河子大学大学生研究训练计划项目(SRP2021044)

作者简介: 周永学(1998~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤肥力与调控, E-mail: zyx041@126.com

* 通信作者, E-mail: minwei555@126.com

了土壤质地,从而影响土壤透水性和导水能力,导致养分的有效性下降^[1]. 灌溉水盐度过高还会降低土壤团聚体的稳定性、导致土壤板结和降低土壤的入渗性能^[2]. 土壤微生物在土壤养分循环、有机质的周转和维持植物的生产力等各个方面均起着重要的作用. 土体环境的改变势必会影响生存在土壤中的微生物群落及其相关酶活性. 诸多研究结果均一致认为盐分对土壤微生物活性和群落结构均有不利影响^[3-5]. 土壤酶活性也受到盐分胁迫的影响,土壤脲酶、蔗糖酶、纤维素酶等酶活性均随土壤盐度的不断增加而降低^[6]. 因此如何有效地控制咸水灌溉给土壤带来的不良影响成为目前的研究热点.

新疆干旱区农田土壤地力水平低以及盐渍化严重是普遍存在的重要障碍因素. 尤其是土壤有机质含量低所导致的土壤肥力低,对新疆干旱区农业生产中的限制愈加显著. 因此研究干旱区盐渍土壤改良即地力提升,已成为提高耕地生产力的迫切需求. 众所周知,秸秆还田是提高土壤有机质最直接和有效的措施之一. 我国是世界秸秆的产量大国^[7],新疆干旱区农田面积广袤和秸秆资源充足,在我国农业生产中占据重要位置. 作物秸秆中含有碳、氮、磷和钾等作物生长所必需的营养元素,可以有效地改善土壤的理化性状(如土壤容重、孔隙度、含水量、温度、速效养分和阳离子交换量等)和生物学性状,达到增产效果^[8]. 秸秆还田还可以减少土壤板结,延长土壤适耕期^[9,10]. 秸秆还田可以缓解土壤盐碱化,为土壤微生物提供有力的生长环境,以及提高农田生态系统对其它不良因素的抵抗能力^[11-13]. 土壤微生物与酶活性是土壤中最活跃的部分^[14,15],是表征土壤肥力的重要指标^[16,17]. 秸秆还田能够为土壤微生物提供适宜生存环境,从而间接提高土壤酶活性. 有研究发现秸秆还田可以增加作物产量,原因主要是秸秆还田后释放出作物所需的养分的同时,还可以分解出有利于作物生长发育的一些小分子物质^[18]. 但是,在咸水灌溉条件下,秸秆还田对土壤的理化性质以及细菌群落结构多样性的影响鲜见报道. 因此,探究和阐明棉花秸秆的施用对咸水滴灌农田土壤微生态的影响,对提高盐渍土土壤水肥利用效率和减轻盐分对土壤的负面环境效应具有重要的理论和实践指导意义.

因此,本研究针对干旱地区农业生产中咸水灌溉的现实问题,通过长期咸水灌溉田间定位试验,探讨棉花秸秆还田对土壤理化性质、酶活性和细菌群落结构多样性的影响,以期对咸水资源的合理利用和农业的可持续发展提供一定的理论依据.

1 材料与方法

1.1 试验点概况

本试验点位于石河子大学农学院试验站(44°18'N, 86°02'E)内,该地区属于典型的干旱荒漠气候,水资源匮乏,年平均降水量为 100.7 ~ 224.6 mm,年平均蒸发量为 1 000 ~ 1 500 mm. 土壤类型为灰漠土. 试验开始前(2009 年)土壤基础理化性质如下:土壤盐分($EC_{1:5}$)为 $0.13 \text{ dS}\cdot\text{m}^{-1}$, $pH_{1:2.5}$ 为 7.9, ω (有机质)为 $16.8 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, ω (全氮)为 $1.1 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, ω (速效磷)为 $25.9 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, ω (速效钾)为 $253 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$. 供试作物为棉花,品种为新陆早52号.

1.2 试验设置

本试验开始前已在试验区连续开展了 10 a (2009 ~ 2018 年)的不同灌溉水盐度田间滴灌试验. 10 a 试验中灌溉水盐度均设 2 个处理,分别为 $0.35 \text{ dS}\cdot\text{m}^{-1}$ 和 $8.04 \text{ dS}\cdot\text{m}^{-1}$ (代表淡水和咸水,分别用 FW 和 SW 表示),其中淡水来源于当地深层地下水,咸水通过在淡水中加入 NaCl 和 CaCl_2 (质量比 1:1)获得. 自 2019 年在前期试验的基础上添加秸秆处理,秸秆添加量为 $6 \text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$. 分别用 FW、FWST、SW 和 SWST 表示,试验中棉花秸秆在播种前一次性施入. 本试验采用完全随机区组设计,试验中每个处理重复 3 次,合计 12 个试验小区,其中每个试验小区面积 25 m^2 .

棉花通常在 4 月中旬种植,9 月中下旬收获. 棉花种植采用覆膜栽培,一膜 3 管 6 行,行距配置为 (60 + 10) cm,播种密度 $22.2 \text{ 万株}\cdot\text{hm}^{-2}$. 棉花种植采用干播湿出法,2019 ~ 2020 年度分别于 4 月 25 日和 27 日播种,为保证棉花正常出苗,播种后每个处理滴出苗水 30 mm. 棉花生长期共灌水 9 次,灌水周期 7 ~ 10 d,6 月中旬开始至 8 月下旬结束,灌溉定额 450 mm. 磷肥和钾肥全部做基肥,用量分别为 P_2O_5 $105 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ 和 K_2O $60 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$; 氮肥(尿素 $N \geq 46.4\%$)做追肥,全部随水滴施,施用量为 $360 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$,在棉花生长期共施肥 6 次. 其它田间管理措施参照当地大田生产.

1.3 样品采集

2020 年在棉花花铃期采集耕层土壤样品(0 ~ 30 cm),每个试验小区随机选择 3 个样点,土样混合均匀并去除杂物、细根,带回实验室,一部分土样用于测定土壤理化性质和酶活性(室温保存),一部分用于菌群落结构多样性的测定(土样放入冰箱 -80°C 保存).

1.4 样品测定

土壤容重和含水量分别采用环刀法和传统烘干

法测定;土壤盐分和 pH 值采用 MP522 型电导率-pH 仪测定(水土比分别为 5:1 和 2.5:1);土壤有机质和全氮分别采用重铬酸钾外加热法和凯氏定氮法测定;速效磷含量采用 $0.5 \text{ mol}\cdot\text{L}^{-1} \text{ NaHCO}_3$ 浸提,钼蓝比色法测定;速效钾含量采用 NH_4OAc 浸提,火焰光度法测定。

土壤蔗糖酶(IVN)、脲酶(URE)、过氧化氢酶(CAT)和碱性磷酸酶(ALP)活性分别采用 3,5-二硝基水杨酸比色法、pH 增值法、高锰酸钾滴定法和磷酸苯二钠比色法测定^[19]。细菌群落多样性交由北京诺禾致源科技股份有限公司测定。

1.5 数据分析

使用 SPSS 软件(version SPSS 21.0) 进行数据方差分析和相关性分析,显著性水平为 0.05;各处理间差异比较采用 Tukey 法($P < 0.05$)。细菌 α 多样性

(ACE 指数、Chao1 指数、辛普森指数和香农指数)使用 Mothur(version v. 1.30.1) 软件进行分析。RDA 分析(redundancy analysis)使用 R 语言 vegan 包进行并作图。文中数据均为平均值 \pm 标准差。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质

秸秆还田对咸水滴灌棉田土壤的理化性质影响如表 1 所示,与 FW 处理相比,SW 处理下土壤容重(BD)、电导率(EC)、全碳(TC)和速效磷(AP)含量显著增加,但土壤速效钾(AK)含量显著降低。在 FW 处理下,施用秸秆显著增加土壤速效钾和速效磷含量,但是土壤容重显著降低。在 SW 处理下,施用秸秆显著降低土壤容重与电导率,但是土壤全碳、速效钾和速效磷的含量显著提高。

表 1 秸秆还田对咸水滴灌棉田土壤理化性质的影响¹⁾

Table 1 Effect of straw returning on soil physical and chemical properties of cotton field under saline water irrigation

处理	BD / $\text{g}\cdot\text{cm}^{-3}$	EC / $\text{dS}\cdot\text{m}^{-1}$	pH	$\rho(\text{TC})$ / $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\rho(\text{TN})$ / $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\rho(\text{AK})$ / $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	$\rho(\text{AP})$ / $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$
FW	$1.18 \pm 0.002\text{b}$	$0.16 \pm 0.003\text{c}$	$8.35 \pm 0.070\text{a}$	$21.73 \pm 0.307\text{c}$	$0.74 \pm 0.025\text{a}$	$283.44 \pm 1.645\text{b}$	$23.30 \pm 1.960\text{d}$
FWST	$1.09 \pm 0.008\text{c}$	$0.16 \pm 0.004\text{c}$	$8.29 \pm 0.032\text{a}$	$22.60 \pm 0.594\text{c}$	$0.77 \pm 0.063\text{a}$	$308.53 \pm 3.126\text{a}$	$46.27 \pm 0.501\text{b}$
SW	$1.25 \pm 0.011\text{a}$	$1.57 \pm 0.022\text{a}$	$7.74 \pm 0.049\text{b}$	$24.26 \pm 1.321\text{b}$	$0.78 \pm 0.002\text{a}$	$162.45 \pm 4.582\text{d}$	$35.35 \pm 1.318\text{c}$
SWST	$1.17 \pm 0.036\text{b}$	$1.10 \pm 0.010\text{b}$	$7.79 \pm 0.012\text{b}$	$26.53 \pm 0.357\text{a}$	$0.80 \pm 0.017\text{a}$	$171.24 \pm 4.837\text{c}$	$60.19 \pm 1.354\text{a}$
两因素方差分析							
水盐度(S)	***	***	***	***	ns	***	***
秸秆(ST)	***	***	ns	**	ns	***	***
交互作用(S \times ST)	ns	***	ns	ns	ns	**	ns

1) 同一列不同字母表示不同处理差异达显著水平($P < 0.05$); ns 表示不显著; ** 表示 $P < 0.01$, *** 表示 $P < 0.001$

2.2 土壤酶活性

灌溉水盐度和秸秆还田对土壤酶活性的影响如图 1 所示,灌溉水盐度、秸秆还田及二者的交互作用显著影响 IVN 和 CAT 活性,具体表现为:在淡水灌溉下,FWST 处理土壤 IVN 和 CAT 活性较 FW 处理显著降低,分别降低 64.49% 和 2.40%;但是在咸水灌溉下,SWST 处理土壤 IVN 和 CAT 活性较 SW 处理显著增加,分别增加 23.57% 和 2.18%。URE 活性仅受灌溉水盐度的影响,总体上,咸水灌溉处理 URE 活性平均较淡水灌溉处理高 31.34%。ALP 活性受灌溉水盐度及交互作用的影响,咸水灌溉处理 ALP 活性平均较淡水灌溉处理低 21.86%,交互作用的影响表现为:在淡水灌溉下,FWST 处理土壤 ALP 活性较 FW 处理显著增加,增加 18.31%;但是在咸水灌溉下,SWST 处理土壤 ALP 活性较 SW 处理也显著增加,且增加幅度较大,增加 63.03%。

2.3 土壤特性与酶的相关性

由图 2 可以看出,IVN 与土壤 AP 呈现负相关($P < 0.05$)。URE 与土壤 TC 呈现正相关($P < 0.05$),同时也与土壤 EC、BD 呈现正相关($P <$

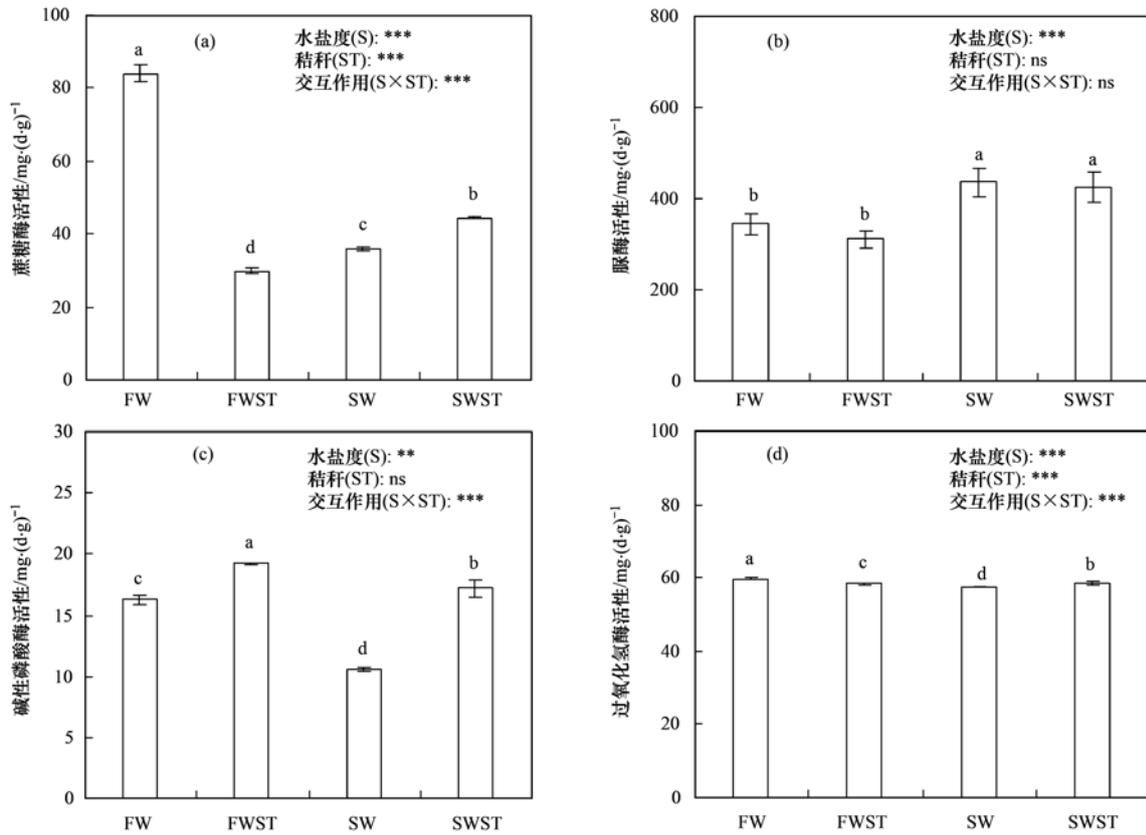
0.01),但与土壤 AK、pH 呈现负相关($P < 0.01$)。ALP 与土壤 AK、pH 值呈现正相关($P < 0.05$),与土壤 EC、BD 值呈现负相关($P < 0.01$)。CAT 与土壤 pH 呈现正相关($P < 0.05$),与土壤 EC 呈现正相关($P < 0.05$)。

2.4 土壤细菌多样性及群落结构

2.4.1 土壤细菌群落的 α 多样性

在 97% 的相似度下,各处理土壤样品的覆盖度均高于 0.97,说明测序数据量较好,序列信息能够反映样本土壤细菌群落的真实情况。由表 2 可以看出,淡水灌溉下,较 FW 处理,FWST 处理的 Simpson 指数、Shannon 指数、Chao 指数和 ACE 指数均增高,但差异不显著。在咸水灌溉下,SWST 处理的 Simpson 指数较 SW 处理有一定程度增加,而 Shannon 指数、Chao 指数和 ACE 指数均降低,但差异不显著。

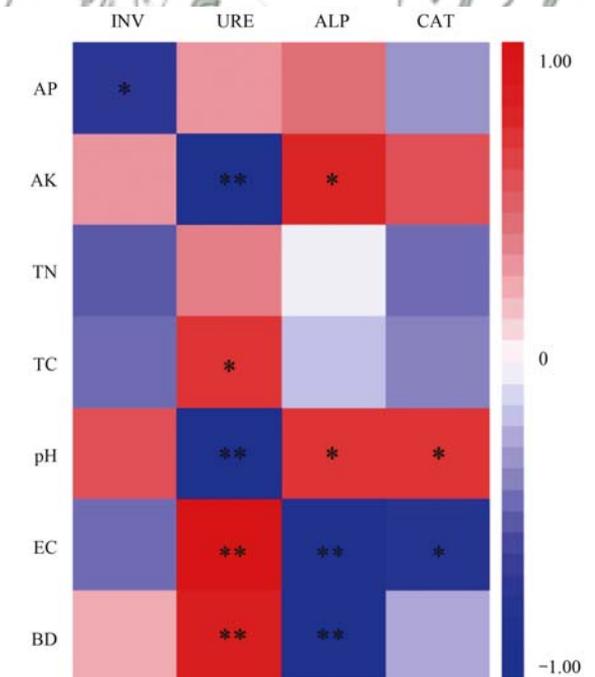
不同处理土壤样品的 OTUs 数在 3 678 ~ 3 964,平均为 3 822(表 2)。其中 FWST 处理的 OTUs 数较 FW 处理有一定程度的增加,而 SWST 处理的 OTUs 数低于 SW。说明在淡水灌溉下,秸秆施用没有显著



不同字母表示不同处理差异达显著水平 ($P < 0.05$); ns 表示不显著; ** 表示 $P < 0.01$, *** 表示 $P < 0.001$

图 1 秸秆还田对咸水滴灌棉田土壤酶活性的影响

Fig. 1 Effect of returning straw to field on soil enzyme activity in cotton field under salt water drip irrigation



INV: 蔗糖酶, URE: 脲酶, ALP: 碱性磷酸酶, CAT: 过氧化氢酶, AP: 速效磷, AK: 速效钾, TN: 全氮, TC: 全碳, pH: pH 值, EC: 土壤盐度, BD: 土壤容重, * 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

增加土壤中的细菌物种数;但是在咸水灌溉下,秸秆施用显著降低土壤中的细菌物种数.从不同处理土壤 OTUs 的相互关系来看(图 3),FWST 处理与 FW 处理所共有的 OTUs 占两处理总 OTUs 数的 61.3%.FWST 处理土壤细菌群落的 OTUs 在 FW 处理中没有出现的比例为 26.9%,具有特异 OTUs 为 354. SWST 处理与 SW 处理所共有的 OTUs 占两处理总 OTUs 数的 58.9%.SWST 处理土壤细菌群落的 OTUs 在 SW 处理中没有出现的比例为 21.3%,具有特异 OTUs 为 449.以上结果说明,无论是淡水还是咸水灌溉下,秸秆施用均会改变土壤的细菌群落丰度.

2.4.2 土壤细菌群落的 β 多样性

通过非度量多维尺度(NMDS)和聚类分析比较不同处理间土壤细菌群落结构的差异(图 4).咸水灌溉显著改变细菌群落结构,FWST 和 SWST 处理土壤细菌群落结构与 FW 和 SW 均有明显差异.聚类分析也表明,不同盐度灌溉水处理下土壤细菌群落结构具有明显区别,施用秸秆对土壤细菌群落结构也具有明显的影响.

2.4.3 秸秆还田对细菌群落门水平的影响

通过细菌测序序列与数据库比对分析,细菌门

表 2 秸秆还田对咸水滴灌棉田土壤细菌群落的 α 多样性的影响¹⁾

Table 2 Effects of returning straw on the α diversity of soil bacterial communities of cotton field under saline water irrigation

处理	OTUs 数目	覆盖度	Simpson 指数	Shannon 指数	Chao1 指数	ACE 指数
FW	3 736ab	0.981 7	0.994 7 ± 0.000 6a	9.260 0 ± 0.115 3b	2 985.14 ± 224.67a	3 024.61 ± 215.25a
FWST	3 911a	0.979 0	0.996 0 ± 0.000 1a	9.419 3 ± 0.050 5ab	3 268.87 ± 165.77a	3 282.23 ± 128.99a
SW	3 964a	0.979 0	0.996 0 ± 0.001 0a	9.500 0 ± 0.091 4a	3 300.73 ± 259.25a	3 288.93 ± 198.67a
SWST	3 678b	0.984 7	0.996 3 ± 0.000 6a	9.475 7 ± 0.105 2a	2 847.30 ± 422.13a	2 853.78 ± 414.96a

两因素方差分析

因素	OTUs 数目	覆盖度	Simpson 指数	Shannon 指数	Chao1 指数	ACE 指数
水盐度 (S)	ns	ns	ns	*	ns	ns
秸秆 (ST)	ns	ns	ns	ns	ns	ns
交互作用 (S × ST)	*	ns	ns	ns	ns	ns

1) 同一列不同字母表示不同处理差异达显著水平 ($P < 0.05$); ns 表示不显著; * 表示 $P < 0.05$

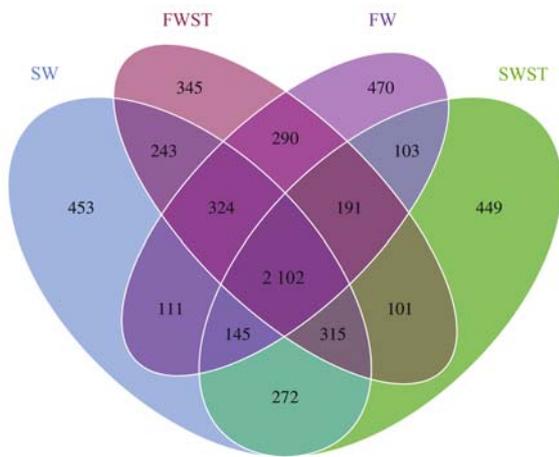


图 3 土壤细菌群落 OTUs 的维恩图

Fig. 3 Venn diagram of the OTUs of the soil bacterial communities

类占序列总数的 97.7%~99.2% (表 3)。各处理土壤细菌优势门类包括:变形菌门(Proteobacteria) (平均值为 21.96%)、酸杆菌门(Acidobacteriota) (平均值为 13.27%)、放线菌门(Actinobacteriota) (平均值为 11.77%)其相对丰度均大于 10%,平均占总序列的 47.00% (42.25%~51.88%)。其次是绿弯菌门(Chloroflexi)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、疣微菌门(Verrucomicrobiota)、芽孢杆菌门(Gemmatimonadota)、粘球菌门 Myxococcota、厚壁

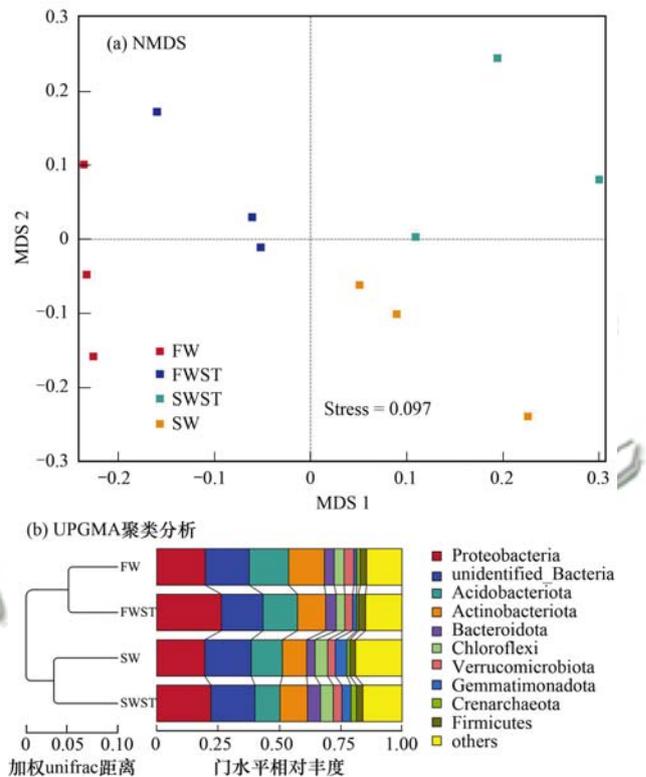


图 4 细菌群落的非度量多维尺度分析 (NMDS) 和 UPGMA 聚类分析

Fig. 4 Analysis of NMDS and UPGMA cluster in bacteria community

表 3 不同处理下土壤主要细菌门类的相对丰度¹⁾/%

Table 3 Relative abundance of dominant bacterial phyla in soil under different treatments/%

分类	处理			
	FW	FWST	SW	SWST
变形菌门(Proteobacteria)	19.80c	26.38a	19.60c	22.07b
酸杆菌门(Acidobacteriota)	16.07a	14.02b	12.77bc	10.22c
放线菌门(Actinobacteriota)	14.54a	11.49b	9.88c	11.17b
绿弯菌门(Chloroflexi)	4.06b	3.53c	5.13a	5.16a
拟杆菌门(Bacteroidota)	4.00b	4.29b	3.40c	5.36a
疣微菌门(Verrucomicrobiota)	3.96a	3.18c	3.17c	3.51b
芽孢杆菌门(Gemmatimonadota)	1.19c	1.62c	4.67a	3.68b
粘球菌门(Myxococcota)	2.42c	2.66b	3.05a	2.96a
厚壁菌门(Firmicutes)	2.61b	2.84a	2.24c	2.60b
硝基螺门(Nitrospirota)	2.16a	1.81b	1.31c	1.10c
芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)	0.76b	0.62b	1.36a	1.12a
浮游菌门(Planctomycetota)	0.70b	0.63c	0.84a	0.60c
其他(others)	14.45	14.88	18.94	15.99
未明确细菌门(unidentified_Bacteria)	17.91a	16.98a	18.89a	17.97a

1) 同一行不同小写字母表示处理间差异达到显著水平 ($P < 0.05$)

菌门(Firmicutes)、硝基螺门(Nitrospirota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)和浮游菌门(Planctomycetota),平均相对丰度均大于0.5%。其它细菌门类的平均相对丰度都小于0.5%,合计为4.36%(3.23%~6.20%)。

咸水灌溉与秸秆还田处理明显影响土壤细菌门水平群落结构(表3和图5)。与FW处理相比,SW处理显著降低放线菌门(Actinobacteriota)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、拟杆菌门(Bacteroidota)、疣微菌门(Verrucomicrobiota)、厚壁菌门(Firmicutes)、硝基螺门(Nitrospirota)、RCP2-54、内生菌门(Entotheonellaeota)、Methylomirabilota和Euryarchaeota的相对丰度,但是显著增加绿弯菌门(Chloroflexi)、芽孢杆菌门(Gemmatimonadota)、粘球菌门(Myxococcota)、热微菌门(Thermoplasmatota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、浮游菌门(Planctomycetota)、弧菌门(Bdellovibrionota)、蓝藻门(Cyanobacteria)、脱硫杆菌门(Desulfobacterota)、浮霉菌门(Planctomycetes)、Kapabacteria和Deinococcota的相对丰度。

在淡水灌溉下,与FW处理相比,FWST处理显著增加变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、内生菌门(Entotheonellaeota)、NB1-j、脱硫杆菌门(Desulfobacterota)和迟杆菌门(Latescibacterota)的相对丰度,但是显著降低放线菌门(Actinobacteriota)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、绿弯菌门(Chloroflexi)、疣微菌门(Verrucomicrobiota)、硝基螺门(Nitrospirota)、浮游菌门(Planctomycetota)、浮霉菌门(Planctomycetes)、Armatimonadota和Euryarchaeota的相对丰度。

在咸水灌溉下,与SW处理相比,SWST处理显著增加变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteriota)、拟杆菌门(Bacteroidota)、疣微菌门(Verrucomicrobiota)、厚壁菌门(Firmicutes)、蓝藻门(Cyanobacteria)、弯曲杆菌门(Campilobacterota)、脱铁杆菌门(Deferribacteres)和Kapabacteria的相对丰度,但是显著降低芽孢杆菌门(Gemmatimonadota)、浮游菌门(Planctomycetota)、弧菌门(Bdellovibrionota)、浮霉菌门(Planctomycetes)和Deinococcota的相对丰度。

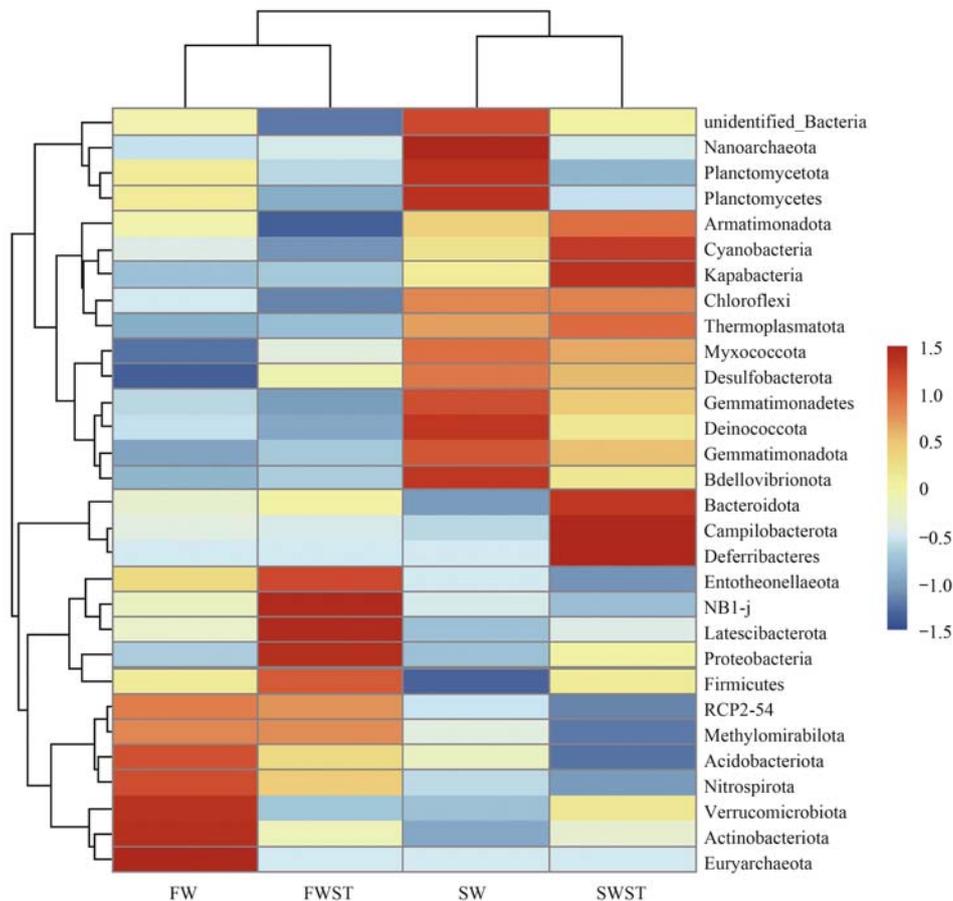


图5 不同处理土壤细菌群落门水平的聚类分析热图

Fig. 5 Heatmap of dominant bacterial phyla in soil under different treatments

2.5 秸秆还田对细菌群落属水平的影响

秸秆还田对咸水滴灌棉田土壤细菌属水平相对

丰度的影响见图6。通过序列比对获得各处理土壤样品中细菌群落相对丰度较高的前10个菌属,其中

6 个菌属的平均相对丰度 > 1%, 占样品总序列的 14.08% (12.38% ~ 15.69%)。平均相对丰度较高的 6 个属分别为 *RB41* (6.01%)、鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*) (1.80%)、亚硝化螺旋菌属 (*Nitrosospira*) (1.74%)、斯克尔曼氏菌属 (*Skermanella*) (1.63%)、*Dongia* 属 (1.54%) 和类固醇杆菌属 (*Steroidobacter*) (1.31%)。其次为 *MND1* (0.92%)、*Subgroup_10* (0.87%)、*UTCFX1* (0.59%) 和不动杆菌属 (*Acinetobacter*) (0.29%)。

灌溉水盐度和秸秆还田下土壤主要细菌属的相对丰度有明显差异 (图 7)。与 FW 处理相比, SW 处理显著降低 *RB41*、*Skermanella*、*MND1*、苔藓杆菌属 (*Bryobacter*)、*Chryseolinea*、*Peptoclostridium*、*Ellin6055*、链霉菌属 (*Streptomyces*)、*Ellin6067*、类诺卡氏菌属 (*Nocardioides*)、冷杆菌属 (*Cryobacterium*)、*Blautia* 和芽球菌属 (*Blastococcus*) 的相对丰度, 但是显著增加 *Subgroup_10*、类固醇杆菌属 (*Steroidobacter*)、不动杆菌属 (*Acinetobacter*)、*UTCFX1*、芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*)、*Haliangium*、乳酸菌属 (*Lactobacillus*)、*Candidatus_Nitrososphaera*、*Salinimicrobium* 和海洋杆菌属 (*Pontibacter*) 的相对丰度。

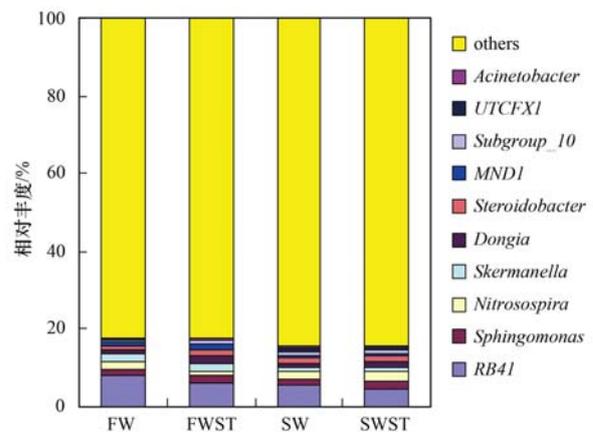


图 6 不同处理土壤细菌群落属水平的相对丰度

Fig. 6 Relative abundance of bacterial genera in soil under different treatments

在淡水灌溉下, 与 FW 处理相比, FWST 处理显著增加鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*)、*Dongia*、类固醇杆菌属 (*Steroidobacter*)、*MND1*、不动杆菌属 (*Acinetobacter*)、*Chryseolinea*、溶杆菌属 (*Lysobacter*)、*Haliangium*、*Niastella*、乳酸菌属 (*Lactobacillus*) 和芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 的相对丰度, 但是显著降低 *RB41*、亚硝化螺旋菌属 (*Nitrosospira*)、*Gaiella*、苔藓杆菌属 (*Bryobacter*)、*Peptoclostridium*、

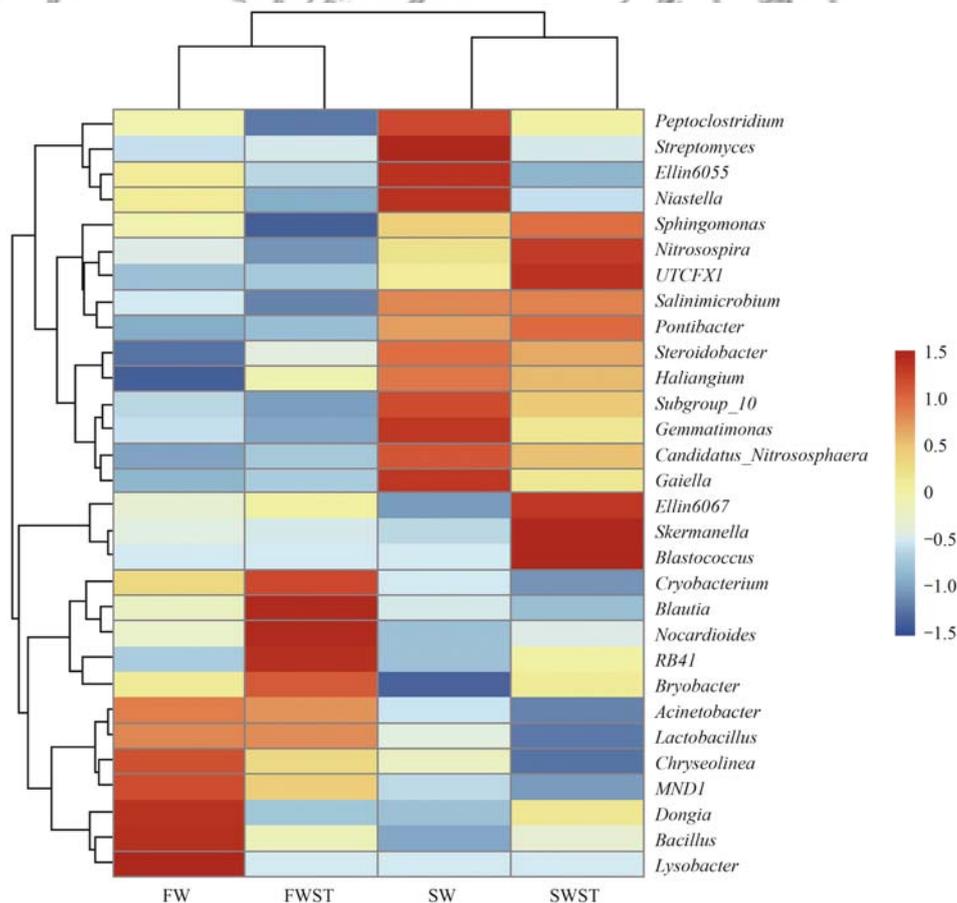


图 7 土壤细菌群落属水平的聚类热图

Fig. 7 Cluster heat map of soil bacterial community at genus level

链霉菌属 (*Streptomyces*)、*Blautia* 和类诺卡氏菌属 (*Nocardioideis*) 的相对丰度。

在咸水灌溉下, 与 SW 处理相比, SWST 处理显著增加鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*)、*Dongia*、*Peptoclostridium*、*Niastella*、*Ellin6055*、链霉菌属 (*Streptomyces*) 和芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 的相对丰度, 但是显著降低 *RB41*、*Subgroup_10*、芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*)、*Gaiella*、*Haliangium*、*Candidatus_Nitrososphaera*、冷杆菌属 (*Cryobacterium*) 和芽球菌属 (*Blastococcus*) 的相对丰度。

表 4 细菌优势属类与土壤酶活之间的相关关系¹⁾

Table 4 Correlation between bacterial dominant phyla and soil enzyme activity

细菌主要属	INV	URE	CAT	ALP
<i>RB41</i>	0.639 *	-0.471	0.519	0.075
鞘脂单胞菌属 (<i>Sphingomonas</i>)	-0.270	0.028	0.051	0.637 *
亚硝化螺菌属 (<i>Nitrosospira</i>)	0.344	0.687 *	0.048	-0.587 *
斯克尔曼氏菌属 (<i>Skermanella</i>)	0.352	-0.932 **	0.488	0.497
<i>Dongia</i>	-0.410	-0.566	0.049	0.838 **
类固醇杆菌属 (<i>Steroidobacter</i>)	0.747 **	0.354	-0.466	0.185

1) INV: 蔗糖酶, URE: 脲酶, CAT: 过氧化氢酶, ALP: 碱性磷酸酶; * 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$

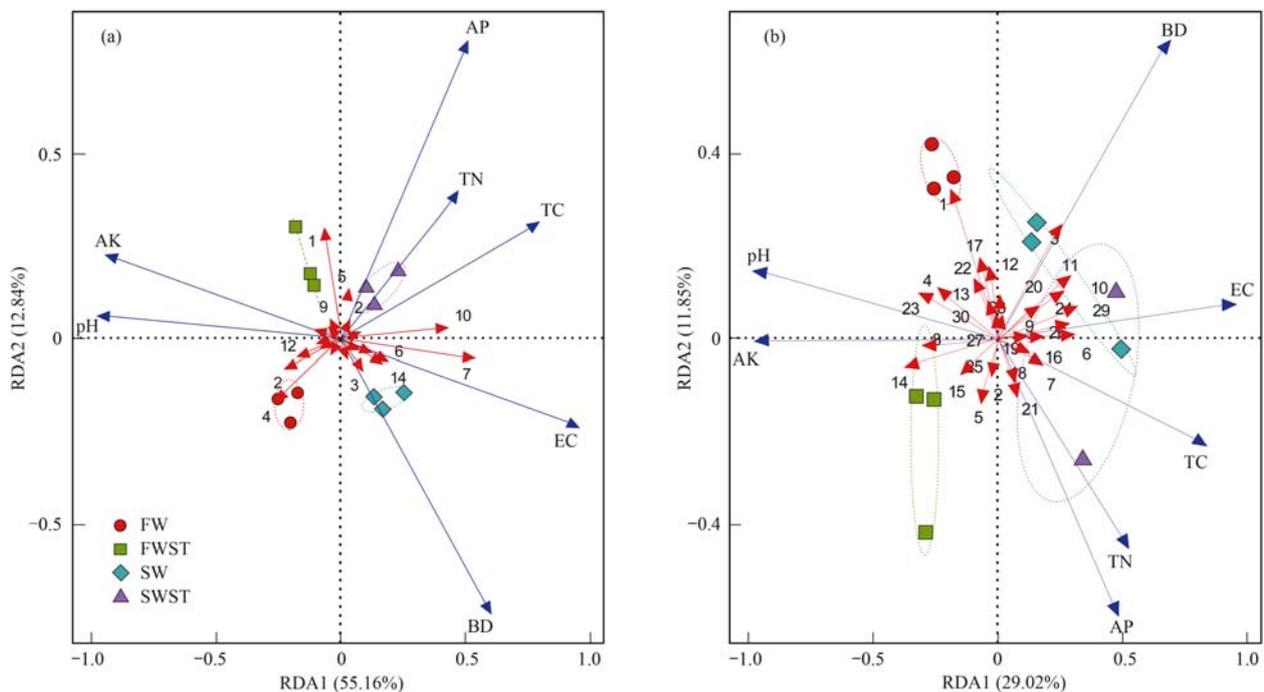
2.7 冗余分析

细菌群落结构与环境因子间的关系见图 8。细

2.6 土壤细菌主要属与酶活性相关性分析

细菌主要属类与土壤酶活的相关关系见表 4。*RB41* 和类固醇杆菌属 (*Steroidobacter*) 与 INV 酶活性呈显著正相关关系; 鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*) 和 *Dongia* 属与 ALP 酶活性呈显著正相关关系; 亚硝化螺菌属 (*Nitrosospira*) 与 URE 酶活性呈显著正相关关系, 但是与 ALP 酶活性呈显著负相关关系; 斯克尔曼氏菌属 (*Skermanella*) 与 URE 酶活性呈极显著负相关关系。

菌门水平与环境因子的 RDA 分析结果显示 [图 8 (a)], 轴 1 和轴 2 共解释总变异的 68.00%。FW 和



AP:速效磷, AK: 速效钾, TN: 全氮, TC: 全碳, pH: pH 值, EC: 土壤盐度, BD: 土壤容重; (a) 门水平: 1. Proteobacteria, 2. Actinobacteriota, 3. unidentified_Bacteria, 4. Acidobacteriota, 5. Bacteroidota, 6. Chloroflexi, 7. Gemmatimonadota, 8. Verrucomicrobiota, 9. Firmicutes, 10. Thermoplasmata, 11. Myxococota, 12. Nitrospirota, 13. Planctomycetota, 14. Gemmatimonadetes, 15. Cyanobacteria, 16. Bdellovibrionota, 17. RCP2-54, 18. Entothionellaeota, 19. Methyloirabilota, 20. NB1-j, 21. Campilobacterota, 22. Kapabacteria, 23. Desulfobacterota, 24. Deferribacteres, 25. Planctomycetes, 26. Latescibacterota, 27. Nanoarchaeota, 28. Armatimonadota, 29. Deinocococota, 30. Euryarchaeota; (b) 属水平: 1. *RB41*, 2. *Sphingomonas*, 3. *Nitrosospira*, 4. *Skermanella*, 5. *Dongia*, 6. *Subgroup_10*, 7. *Steroidobacter*, 8. *MNDI*, 9. *Acinetobacter*, 10. *UTCFXI*, 11. *Gemmatimonas*, 12. *Gaiella*, 13. *Bryobacter*, 14. *Chryseolinea*, 15. *Lysobacter*, 16. *Haliangium*, 17. *Peptoclostridium*, 18. *Niastella*, 19. *Ellin6055*, 20. *Streptomyces*, 21. *Lactobacillus*, 22. *Blautia*, 23. *Ellin6067*, 24. *Candidatus_Nitro*, 25. *sosphaera*, 26. *Bacillus*, 27. *Salinimicrobium*, 28. *Cryobacterium*, 29. *Nocardioideis*, 30. *Pontibacter*

图 8 土壤细菌群落与土壤环境因子的冗余分析

Fig. 8 RDA analysis of soil bacterial communities and soil environmental factors

FWST 与 SW 和 SWST 在轴 1 上分开,FW 和 SW 与 FWST 和 SWST 在轴 2 上分开. 土壤含水量和盐分指向 SHN360 处理,土壤 pH,全氮,有机质指向 SFN0, SFN360 处理. 灌溉水盐度和秸秆还田也显著改变细菌属水平群落结构[图 8(b)],轴 1 和轴 2 共解释总变异的 40.87%. FW 和 FWST 与 SW 和 SWST 在轴 1 上分开,FW 与 FWST 在轴 2 上分开. 环境因子方面,土壤速效钾和 pH 与盐分、容重、全氮、全碳和速效磷呈负相关关系. 细菌门属水平群落与土壤盐分(门水平: $P=0.005$; 属水平: $P=0.039$)和容重(门水平: $P=0.003$; 属水平: $P=0.047$)存在显著相关关系,而受其他环境因子的影响较小.

3 讨论

干旱区淡水资源匮乏,为维持作物生长,生产上往往采用咸水和微咸水进行农业灌溉. 但是长期的咸水灌溉会加剧土壤盐渍化风险,给农业的发展造成严重的不利影响. 干旱区土壤地力水平低以及盐渍化严重是普遍存在的重要障碍因素. 尤其是,土壤有机质含量低所导致的土壤肥力低对干旱区农业生产中的限制愈加显著. 秸秆还田是公认的一种培肥地力的土壤改良措施. 本研究发现,秸秆还田显著降低土壤容重,增加土壤全碳、全氮、速效钾和速效磷的含量. 因此,秸秆还田能够改善土壤理化性质,提高土壤养分^[20],其原因在于秸秆还田可有效提高土壤有机质含量,为土壤微生物的活动提供碳源.

作为土壤的重要组成部分,土壤酶参与许多重要的土壤生物化学过程,土壤酶活性通常被作为评价土壤质量的重要指标^[21,22]. 目前,通常使用蔗糖酶、脲酶、碱性磷酸酶和过氧化物酶等土壤酶活性来反映土壤质量^[23]. 有研究表明,使用高盐度的咸水灌溉土壤,会降低土壤关键酶活性^[24]. 较淡水灌溉处理,咸水灌溉下土壤中 IVN、CAT 和 ALP 的活性显著降低,这与刘春成等^[25]和毛志刚等^[26]的研究结果相似,原因可能是盐分改变了土壤微生物群落结构与数量,产生渗透胁迫降低土壤酶活性^[27],在本研究中,淡水灌溉下施用秸秆导致土壤 IVN、URE 和 CAT 的活性降低,而增加 ALP 的活性. 在咸水灌溉下施用秸秆显著增加土壤 INV、ALP 和 CAT 的活性,原因可能是秸秆施入后,带来了丰富的矿质养分和有机碳,促进微生物活动,刺激微生物生长繁殖为调控酶活性提供了重要的物质条件^[28]. 而 URE 活性显著降低,原因可能是由于秸秆 C/N 相对较高,分解时消耗过多的氮素造成的^[29,30].

作为土壤养分循环的主要驱动力,土壤微生物作为土壤质量的重要评价指标,在维持土壤生态功

能方面的作用举足轻重. 干旱区淡水资源短缺,咸水灌溉对土壤环境的生态影响目前正受到越来越多的关注. 有研究发现土壤盐分会抑制土壤微生物活性,原因主要是盐分影响土壤水分的可利用性,导致土壤微生物的群落结构和活性发生改变^[31]. 本研究发现咸水灌溉下,细菌群落 ACE、Chao1、Shannon 和 Simpson 指数增加. Chen 等^[32]的研究也发现随着灌溉水盐度的增加,细菌的 Chao1 指数和 ACE 指数增加. Chao1 指数和 ACE 指数的增加说明盐分胁迫增加了细菌群落的丰富度^[33]. 此外, Yang 等^[33]的研究也表明细菌群落的 Shannon 指数随着灌溉水盐度的增加而增大,原因可能是细菌对高盐环境产生适应性,从而增加了细菌的多样性. 本研究发现,秸秆施用在淡水灌溉下增加土壤细菌群落的 ACE、Chao1 和 Shannon 指数, Simpson 指数有一定程度的增加,但差异不显著,说明秸秆施用增加细菌的丰富度和多样性;张婷婷等^[34]的研究也发现秸秆施用增加土壤细菌的 Shannon、Simpson 和 Chao1 指数. 而在咸水灌溉下,秸秆的施用显著降低 ACE 指数和 Chao1 指数,说明秸秆施用降低土壤细菌的丰富度.

土壤盐分会影响土壤微生物群落的组成. 本研究发现,不同处理土壤细菌优势门类为变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteriota)和放线菌门(Actinobacteriota). 这与 Ma 等^[35]和 Wang 等^[36]的研究结果一致,变形杆菌和放线菌都是盐碱土壤中最丰富的嗜盐细菌的代表. 有研究发现变形菌门(Proteobacteria)具有较好的耐盐性^[37],尤其变形菌门(Proteobacteria)的 γ -变形菌纲的不动杆菌属(*Acinetobacter*)属于耐盐细菌^[38]. 本研究也发现,在属水平上,咸水灌溉处理土壤不动杆菌属(*Acinetobacter*)和 *Salinimicrobium* 属的相对丰度较淡水灌溉处理显著增加. 本研究发现咸水灌溉会降低细菌酸杆菌门(Acidobacteriota)和放线菌门(Actinobacteriota)的相对丰度,无论是淡水灌溉还是咸水灌溉,秸秆的施用均增加土壤细菌中变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)和厚壁菌门(Firmicutes)的相对丰度,这与王晶等^[39]的研究结果基本一致. 本研究发现咸水灌溉下放线菌门(Actinobacteria)和硝基螺门(Nitrospirota)显著减少,这与 Campbell 等^[40]的研究结果相同. Zheng 等^[38]的研究认为硝化螺旋菌对盐分比较敏感,高盐环境下显著减少. 有研究报道酸杆菌门(Acidobacteria)在高盐条件下降低^[38,41],这与本研究结果的趋势一致. 芽单胞菌门(Gemmatimonodates)的很多成员在生物地球化学转化过程中都具有活跃的作用,尤其是在高盐土壤

中^[42]. 有研究发现高盐土壤中芽单胞菌门 (Gemmatimonodates) 的相对丰度明显高于低盐度土壤^[43], 本研究中咸水灌溉下芽孢杆菌门 (Gemmatimonadota) 和芽单胞菌门 (Gemmatimonodates) 的相对丰度也最高. 以上结果表明长期咸水灌溉改变了土壤细菌群落结构, 由于对盐分的耐受力不同, 不同细菌门对盐分增加的表现不一.

本研究发现不同处理土壤细菌优势属类为 *RB41*、鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*)、亚硝化螺菌属 (*Nitrosospira*)、斯克爾曼氏菌属 (*Skermanella*)、*Dongia* 属和类固醇杆菌属 (*Steroidobacter*), 这与 Guo 等^[44]的研究结果一致. 其中 *RB41* 属于酸杆菌门 (Acidobacteria), 其它 5 个优势属均属于变形菌门 (Proteobacteria). 鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*) 适应性强, 可以分解复杂有机物 (芳香化合物)^[45], 本研究发现无论是淡水灌溉或咸水灌溉, 秸秆还田均增加鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*) 和 *Dongia* 属的相对丰度, 原因可能是秸秆还田带来的有机物料补充了土壤的碳库和氮库, 从而刺激了变形菌门中鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*) 和 *Dongia* 属种群相对丰度的增加. 在淡水灌溉下, 秸秆还田处理降低亚硝化螺菌属 (*Nitrosospira*) 的相对丰度, 原因可能是秸秆还田后增加了土壤的碳氮比, 微生物需要从土壤中争夺氮源对秸秆进行分解, 影响了硝化微生物的生长, 从而影响土壤的正常硝化作用. 斯克爾曼氏菌属 (*Skermanella*) 属于变形菌门, 本研究发现, 咸水灌溉较淡水灌溉显著降低斯克爾曼氏菌属 (*Skermanella*) 的相对丰度. 但是秸秆还田会降低酸杆菌门 (Acidobacteria) 中 *RB41* 的相对丰度. 土壤酶主要由土壤微生物、动植物和残体分泌而来, 且土壤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^[46], 与本研究的结果相印证. 对于 6 个优势细菌属类与 4 种土壤酶活的相关性研究, 鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*)、*Dongia* 属、亚硝化螺菌属 (*Nitrosospira*)、*RB41* 和类固醇杆菌属 (*Steroidobacter*) 和斯克爾曼氏菌属 (*Skermanella*) 的相对丰度与土壤酶的活性 (IVN、URE 和 ALP) 均存在显著的正相关或负相关关系, 但是和 CAT 活性无显著相关, 原因可能是该类酶活性的主要影响因素为真菌或者其它因素, 也可能因为不同细菌门类的的作用方式存在很大差异^[19]. 本研究表明, 土壤酶活性与土壤细菌的关系是多元的, 内在原因还需要深入到每一类细菌门的性质和功能以及土壤酶活性本身的作用机制等方面的研究.

4 结论

秸秆还田能增加土壤养分, 同时显著增加土壤中蔗糖酶、碱性磷酸酶和过氧化氢酶活性, 降低脲酶活性. 土壤养分和理化性质的变化, 促进了土壤细菌群落结构多样性的变化. 在咸水灌溉下, 秸秆还田显著增加变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteriota)、拟杆菌门 (Bacteroidota)、疣微菌门 (Verrucomicrobiota) 和厚壁菌门 (Firmicutes) 的相对丰度, 同时显著增加鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*) 和 *Dongia* 属的相对丰度. 可见秸秆在调控土壤微生态方面具有重要的生态学意义, 咸水灌溉和秸秆还田改变了细菌群落结构, 影响细菌群落结构主要环境因素为土壤盐分和容重.

参考文献:

- [1] 吴忠东, 王卫华, 张照录, 等. 咸淡组合淋洗对土壤水盐分布特征的影响[J]. 排灌机械工程学报, 2014, 32(12): 1085-1090.
Wu Z D, Wang W H, Zhang Z L, et al. Effect of infiltrated by fresh and saline water alternately on water-salt distribution properties [J]. Journal of Drainage and Irrigation Machinery Engineering, 2014, 32(12): 1085-1090.
- [2] 盛丰, 张敏, 薛如霞, 等. 灌溉水中盐分对土壤结构性质及水流运动特征的影响[J]. 水利学报, 2019, 50(3): 346-355.
Sheng F, Zhang M, Xue R X, et al. Effects of salt in irrigation water on soil structural properties and water flow characteristics [J]. Journal of Hydraulic Engineering, 2019, 50(3): 346-355.
- [3] 李凤霞, 郭永忠, 许兴. 盐碱地土壤微生物生态特征研究进展[J]. 安徽农业科学, 2011, 39(23): 14065-14067, 14174.
Li F X, Guo Y Z, Xu X. Research progress of the microbial characteristics of saline-alkali Soil [J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2011, 39(23): 14065-14067, 14174.
- [4] 孙佳杰, 尹建道, 解玉红, 等. 天津滨海盐碱土壤微生物生态特性研究[J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 2010, 34(3): 57-61.
Sun J J, Yin J D, Xie Y H, et al. Microbial ecological characteristics of saline-alkali soil in coastal area of Tianjin [J]. Journal of Nanjing Forestry University (Natural Science Edition), 2010, 34(3): 57-61.
- [5] 时唯伟, 支月娥, 王景, 等. 土壤次生盐渍化与微生物数量及土壤理化性质研究[J]. 水土保持学报, 2009, 23(6): 166-170.
Shi W W, Zhi Y E, Wang J, et al. Secondary salinization of greenhouse soil and its effects on microbe number and soil physico-chemical properties [J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2009, 23(6): 166-170.
- [6] 张前前, 王飞, 刘涛, 等. 微咸水滴灌对土壤酶活性、CO₂ 通量及有机碳降解的影响[J]. 应用生态学报, 2015, 26(9): 2743-2750.
Zhang Q Q, Wang F, Liu T, et al. Effects of brackish water irrigation on soil enzyme activity, soil CO₂ flux and organic matter decomposition [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2015, 26(9): 2743-2750.
- [7] 高忠坡, 倪嘉波, 李宁宁. 我国农作物秸秆资源量及利用问

- 题研究[J]. 农机化研究, 2022, **44**(4): 1-6, 25.
- [8] 林少颖, 赖清志, 刘旭阳, 等. 秸秆及配施生物炭对福州茉莉园土壤碳、氮、磷、铁含量及其生态化学计量学特征影响[J]. 环境科学学报, 2021, **41**(9): 3777-3791.
Lin S Y, Lai Q Z, Liu X Y, *et al.* Effects of straw and biochar on soil carbon, nitrogen, phosphorus and iron contents and ecological stoichiometric characteristics of jasmine garden in Fuzhou [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2021, **41**(9): 3777-3791.
- [9] 梅楠, 刘琳, 隋鹏祥, 等. 秸秆还田方式对土壤理化性质及玉米产量的影响[J]. 玉米科学, 2017, **25**(6): 87-94.
Mei N, Liu L, Sui P X, *et al.* Effects of tillage and straw management on brown soil physical and chemical properties and maize yield[J]. *Journal of Maize Sciences*, 2017, **25**(6): 87-94.
- [10] 邹洪涛, 王胜楠, 闫洪亮, 等. 秸秆深还田对东北半干旱区土壤结构及水分特征影响[J]. 干旱地区农业研究, 2014, **32**(2): 52-60.
Zou H T, Wang S N, Yan H L, *et al.* Effects of straw deep returning on soil structure moisture in semiarid region of Northeast China[J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2014, **32**(2): 52-60.
- [11] 安丰华, 王志春, 杨帆, 等. 秸秆还田研究进展[J]. 土壤与作物, 2015, **4**(2): 57-63.
An F H, Wang Z C, Yang F, *et al.* The research progress of straw returning[J]. *Soil and Crop*, 2015, **4**(2): 57-63.
- [12] 万俸臣. 秸秆还田技术研究及应用进展[J]. 农业开发与装备, 2017, (10): 55.
- [13] 宋佳, 曾希柏, 王亚男, 等. 秸秆还田的效果、问题与对策[J]. 生态学杂志, 2020, **39**(5): 1715-1722.
Song J, Zeng X B, Wang Y N, *et al.* A review on crop straw returning to field: Effects, problems and countermeasures [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2020, **39**(5): 1715-1722.
- [14] 樊利华, 周星梅, 吴淑兰, 等. 干旱胁迫对植物根际环境影响的研究进展[J]. 应用与环境生物学报, 2019, **25**(5): 1244-1251.
Fan L H, Zhou X M, Wu S L, *et al.* Research advances on the effects of drought stress in plant rhizosphere environments [J]. *Journal of Applied & Environmental Biology*, 2019, **25**(5): 1244-1251.
- [15] 操庆, 曹海生, 魏晓兰, 等. 盐胁迫对设施土壤微生物量碳氮和酶活性的影响[J]. 水土保持学报, 2015, **29**(4): 300-304.
Cao Q, Cao H S, Wei X L, *et al.* Effect of salt stress on carbon and nitrogen of microbial biomass and activity of enzyme in greenhouse soil [J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2015, **29**(4): 300-304.
- [16] 靳正忠, 雷加强, 徐新文, 等. 沙土微生物多样性与土壤肥力质量的咸水滴灌效应[J]. 生态学报, 2014, **34**(13): 3720-3727.
Jin Z Z, Lei J Q, Xu X W, *et al.* Effect of the saline water irrigation on soil microbial diversity and fertility quality in the Tarim desert highway shelter forest land [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2014, **34**(13): 3720-3727.
- [17] 潘孝晨, 唐海明, 肖小平, 等. 不同土壤耕作方式下稻田土壤微生物多样性研究进展[J]. 中国农学通报, 2019, **35**(23): 51-57.
Pan X C, Tang H M, Xiao X P, *et al.* Paddy Soil microbial diversity under tillage practices: research progress [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2019, **35**(23): 51-57.
- [18] 杨封科, 何宝林, 张立功, 等. 膜下秸秆还田双垄种植对土壤养分平衡及玉米产量的影响[J]. 草业科学, 2015, **32**(11): 1892-1901.
Yang F K, He B L, Zhang L G, *et al.* Effects of double mulched furrow-ridge cropping with film and straw on soil nutrients balance and maize yield in semiarid area of China [J]. *Pratacultural Science*, 2015, **32**(11): 1892-1901.
- [19] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986. 274-276.
- [20] 高杨, 邵帅, 张威, 等. 东北黑土有机质含量和组分对免耕秸秆还田覆盖的响应[J]. 大连交通大学学报, 2020, **40**(1): 92-96.
Gao Y, Shao S, Zhang W, *et al.* Response of organic matter content and composition in black soil of northeast China to no-tillage straw mulching [J]. *Journal of Dalian Jiaotong University*, 2020, **40**(1): 92-96.
- [21] Namaghi H H, Karami G H, Saadat S. A study on chemical properties of groundwater and soil in ophiolitic rocks in Firuzabad, East of Shahrood, Iran; with emphasis to heavy metal contamination [J]. *Environmental Monitoring and Assessment*, 2011, **174**(1-4): 573-583.
- [22] 王理德, 王方琳, 郭春秀, 等. 土壤酶学研究进展[J]. 土壤, 2016, **48**(1): 12-21.
Wang L D, Wang F L, Guo C X, *et al.* Review: progress of soil enzymology [J]. *Soils*, 2016, **48**(1): 12-21.
- [23] Raiesi F, Beheshti A. Microbiological indicators of soil quality and degradation following conversion of native forests to continuous croplands [J]. *Ecological Indicators*, 2015, **50**: 173-185.
- [24] 马丽娟, 张文, 张楠, 等. 咸水滴灌对棉田土壤氨氧化细菌及酶活性的影响[J]. 新疆农业科学, 2014, **51**(11): 2038-2045.
Ma L J, Zhang W, Zhang N, *et al.* Effects of Saline water on soil ammonia-oxidizing bacteria and enzyme activity in cotton field under drip irrigation condition [J]. *Xinjiang Agricultural Sciences*, 2014, **51**(11): 2038-2045.
- [25] 刘春成, 崔丙健, 胡超, 等. 微咸水与再生水混灌对作物生理特性的影响[J]. 水土保持学报, 2021, **35**(4): 327-333, 348.
Liu C C, Cui B J, Hu C, *et al.* Mixed irrigation of brackish water and reclaimed water affects crop physiological characteristics [J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2021, **35**(4): 327-333, 348.
- [26] 毛志刚, 谷孝鸿, 刘金娥, 等. 盐城海滨湿地盐沼植被及农作物下土壤酶活性特征[J]. 生态学报, 2010, **30**(18): 5043-5049.
Mao Z G, Gu X H, Liu J E, *et al.* Distribution of the soil enzyme activities in different vegetation zones and farms in Yancheng coastal wetland [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, **30**(18): 5043-5049.
- [27] 莫雪, 陈斐杰, 游冲, 等. 黄河三角洲不同植物群落土壤酶活性特征及影响因子分析[J]. 环境科学, 2020, **41**(2): 895-904.
Mo X, Chen F J, You C, *et al.* Characteristics and factors of soil enzyme activity for different plant communities in Yellow River Delta [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(2): 895-904.
- [28] 刘艳慧, 王双磊, 李金埔, 等. 棉花秸秆还田对土壤微生物数量及酶活性的影响[J]. 华北农学报, 2016, **31**(6): 151-156.
Liu Y H, Wang S L, Li J P, *et al.* Effects of Cotton straw returning soil on soil microbes quantities and enzyme activities [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2016, **31**(6): 151-156.

- [29] 郑智, 刘琛, 傅庆林, 等. 盐分和水分对滨海盐土微生物组成及多样性的影响[J]. 浙江农业学报, 2015, **27**(2): 240-248.
Zheng Z, Liu C, Fu Q L, *et al.* Effects of salinity and soil moisture on microbial composition and community diversity in a coastal saline soil[J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2015, **27**(2): 240-248.
- [30] 孙孟琪, 刘浩然, 刘小丹, 等. 秸秆还田对半干旱区玉米农田土壤细菌群落结构的影响[J]. 东北师大学报(自然科学版), 2021, **53**(1): 123-129.
Sun M Q, Liu H R, Liu X D, *et al.* Effect of straw returning on soil bacterial community structure in semi-arid maize field[J]. *Journal of Northeast Normal University (Natural Science Edition)*, 2021, **53**(1): 123-129.
- [31] Yuan Y G, Brunel C, van Kleunen M, *et al.* Salinity-induced changes in the rhizosphere microbiome improve salt tolerance of *Hibiscus hamabo*[J]. *Plant and Soil*, 2019, **443**(1-2): 525-537.
- [32] Chen L J, Li C S, Feng Q, *et al.* Shifts in soil microbial metabolic activities and community structures along a salinity gradient of irrigation water in a typical arid region of China[J]. *Science of the Total Environment*, 2017, **598**: 64-70.
- [33] Yang H, Hu J X, Long X H, *et al.* Salinity altered root distribution and increased diversity of bacterial communities in the rhizosphere soil of Jerusalem artichoke [J]. *Scientific Reports*, 2016, **6**(1), doi: 10.1038/srep20687.
- [34] 张婷婷, 陈书涛, 王君, 等. 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[J]. 环境科学, 2019, **40**(10): 4718-4724.
Zhang T T, Chen S T, Wang J, *et al.* Effects of warming and straw application on soil microbial biomass carbon and nitrogen and bacterial community structure[J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(10): 4718-4724.
- [35] Ma B, Gong J. A meta-analysis of the publicly available bacterial and archaeal sequence diversity in saline soils[J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2013, **29**(12): 2325-2334.
- [36] Wang Z, Luo G, Li J, *et al.* Response of performance and ammonia oxidizing bacteria community to high salinity stress in membrane bioreactor with elevated ammonia loading [J]. *Bioresource Technology*, 2016, **216**: 714-721.
- [37] Samaei M R, Mortazavi S B, Bakhshi B, *et al.* Isolation, genetic identification, and degradation characteristics of n-hexadecane degrading bacteria from tropical areas in Iran [J]. *Fresenius Environmental Bulletin*, 2013, **22**(4): 1304-1312.
- [38] Zheng W, Xue D M, Li X Z, *et al.* The responses and adaptations of microbial communities to salinity in farmland soils: a molecular ecological network analysis [J]. *Applied Soil Ecology*, 2017, **120**: 239-246.
- [39] 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.
- [40] Campbell B J, Kirchman D L. Bacterial diversity, community structure and potential growth rates along an estuarine salinity gradient[J]. *The ISME Journal*, 2013, **7**(1): 210-220.
- [41] 张慧敏, 郭慧娟, 侯振安. 不同盐碱胁迫对土壤细菌群落结构的影响[J]. 新疆农业科学, 2018, **55**(6): 1074-1084.
Zhang H M, Gguo H J, Hou Z A. Effects of saline and alkaline stress on soil bacterial community structure [J]. *Xinjiang Agricultural Sciences*, 2018, **55**(6): 1074-1084.
- [42] Zhang H, Sekiguchi Y, Hanada S, *et al.* *Gemmatimonas aurantiaca* gen. nov., sp. Nov., a gram-negative, aerobic, polyphosphate-accumulating micro-organism, the first cultured representative of the new bacterial phylum Gemmatimonadetes phyl. Nov [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2003, **53**(4): 1155-1163.
- [43] Canfora L, Bacci G, Pinzari F, *et al.* Salinity and bacterial diversity: to what extent does the concentration of salt affect the bacterial community in a saline soil? [J]. *PLoS One*, 2014, **9**(9), doi: 10.1371/journal.pone.0114658.
- [44] Guo H N, Shi X D, Ma L J, *et al.* Long-term irrigation with saline water decreases soil nutrients, diversity of bacterial communities, and cotton yields in a gray desert soil in China[J]. *Polish Journal of Environmental Studies*, 2020, **29**(6): 4077-4088.
- [45] 张科, 李臻, 郑瑶, 等. 河南叶县岩盐可培养中度嗜盐菌的多样性[J]. 微生物学通报, 2020, **47**(12): 3987-3997.
Zhang K, Li Z, Zheng Y, *et al.* Biodiversity of culturable moderate halophilic bacteria of rock salt in Yexian county, Henan province [J]. *Microbiology China*, 2020, **47**(12): 3987-3997.
- [46] 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.

CONTENTS

Analysis on Spatial-temporal Characteristics and Driving Factors of PM _{2.5} in Henan Province from 2015 to 2019	GE Qi-xu, LIU Yan, YANG Hong, <i>et al.</i>	(1697)
Pollution Characterization, Source Identification, and Health Risks of Atmospheric Particle-Bound Heavy Metals in PM _{2.5} in Zhengzhou City: Based on High-resolution Data	QU Guang-hui, SUN Jun-ping, WANG Shen-bo, <i>et al.</i>	(1706)
Source Analysis and Composition Characteristics of Water-soluble Ions During Spring Festival in Ningbo	YANG Meng-rong, PAN Yong, HUANG Zhong-wen, <i>et al.</i>	(1716)
Characteristics of Nitroaromatic Compounds in PM _{2.5} in Urban Area of Shanghai	ZHUANG Min, MA Ying-ge, CHENG Yu-huang, <i>et al.</i>	(1725)
Characteristics and Sources of Nitrated Phenols in Atmospheric Fine Particles of Northern Suburban Nanjing	CHEN Mei-juan, QIAN Zi-he, GU Chen-juan, <i>et al.</i>	(1738)
Variety of the Composition and Sources of VOCs During the Spring Festival and Epidemic Prevention in the Pearl River Delta	JIANG Ming, YUAN Luan, WEN Li-rong, <i>et al.</i>	(1747)
Speciated Emission Inventory of VOCs from Industrial Sources and Their Ozone Formation Potential in Chongqing	LI Ling, LI Zhen-liang, FANG Wei-kai, <i>et al.</i>	(1756)
Volatile Organic Compound Emission Characteristics and Influences Assessment of a Petrochemical Industrial Park in the Pearl River Delta Region	ZHANG Xue-chi, SHA Qing-e, LU Meng-hua, <i>et al.</i>	(1766)
Characteristics and Source Apportionment of Vehicular VOCs Emissions in a Tunnel Study	LIU Xin-hui, ZHU Ren-cheng, JIN Bo-qiang, <i>et al.</i>	(1777)
Accurate Identification of Pollution Sources in a Chemical Enterprise Based on a Distributed Multi-channel VOCs Online Monitoring Mass Spectrometry System	WEI Xiao, ZHANG Yong-jie, WANG Pei-tao, <i>et al.</i>	(1788)
Coordinated Control of PM _{2.5} and O ₃ in Hangzhou Based on SOA and O ₃ Formation Potential	LIN Xu, YAN Ren-chang, JIN Jia-jia, <i>et al.</i>	(1799)
Effect of WESP on Emission Characteristics of Condensable Particulate Matter from Ultra-low Emission Coal-fired Power Plants	WANG Peng-cheng, YUAN Chang, LIANG Sheng-wen, <i>et al.</i>	(1808)
Measurement Analysis and Superposed Effect of Residential Indoor Air Pollutants in Xi'an	WANG Xiu-ru, FAN Hao, FAN Jie, <i>et al.</i>	(1814)
Occurrence of Atmospheric (Micro)plastics and the Characteristics of the Plastic Associated Biofilms in the Coastal Zone of Dalian in Summer and Autumn	TU Chen, TIAN Yuan, LIU Ying, <i>et al.</i>	(1821)
Spatiotemporal Distribution of Ammonia Emissions from Poultry Farming in the Yangtze River Delta Based on Online Monitoring Derived Local Emission Factors	GAO Zong-yuan, XU Chang, NI Yuan-zhi, <i>et al.</i>	(1829)
Agricultural Ammonia Emission Inventory and Its Distribution in Xining City	YANG Yi, JI Ya-qin, GAO Yu-zong, <i>et al.</i>	(1844)
Analysis of the Urban Water Eco-environment Protection Strategy in the Beijing-Tianjin-Hebei Region from "Three Waters" Overall Planning	LIAO Ya, HOU Xiao-shu, REN Xiao-hong	(1853)
Non-carcinogenic Risk Assessment of Cadmium Exposure Through Drinking Water in Chinese Residents Based on Age-stratification Weight	QIN Ning, Ayibota Tuexunbieke, LIU Yun-wei, <i>et al.</i>	(1863)
Hydrochemical Characteristics and Transformation Relationship of Surface Water and Groundwater in the Plain Area of Bortala River Basin, Xinjiang	LEI Mi, ZHOU Jin-long, ZHANG Jie, <i>et al.</i>	(1873)
Hydrochemical Composition Characteristics and Control Factors of Xiaohuangni River Basin in the Upper Pearl River	TU Chun-lin, YIN Lin-hu, HE Cheng-zhong, <i>et al.</i>	(1885)
Temporal and Spatial Variation Characteristics and Driving Factors of Nitrogen of Shallow Groundwater in Hetao Irrigation District	YUAN Hong-ying, YANG Shu-qing, ZHANG Wan-feng, <i>et al.</i>	(1898)
Provenance of Groundwater Solute and Its Controlling Factors in Yancheng Area	WANG Jian, ZHANG Hua-bing, XU Jun-li, <i>et al.</i>	(1908)
Hydrogen and Oxygen Isotopic Characteristics of Different Water and Indicative Significance in Baiyangdian Lake	WANG Yu-shan, YIN De-chao, QI Xiao-fan, <i>et al.</i>	(1920)
Optical Composition and Potential Driving Factors of Chromophoric Dissolved Organic Matter in Large Lakes and Reservoirs in the Eastern Region of China	CHEN Li-li, XIAO Qi-tao, YU Xiao-qin, <i>et al.</i>	(1930)
Fluorescence Spectral Characteristics of Dissolved Organic Matter in Songhua Lake Sediment	CHENG Yun-xuan, ZHAO Ke, ZHANG Yue, <i>et al.</i>	(1941)
Abundance and Fluorescent Components of Dissolved Organic Matter Affected by Land Use in a Drinking Water Source	GAO Jing, PU Xiao, ZHANG Yu-hu, <i>et al.</i>	(1950)
Emission of Methane from a Key Lake in the Eastern Route of the South-to-North Water Transfer Project and the Corresponding Driving Factors	ZHU Jun-yu, PENG Kai, LI Yu-yang, <i>et al.</i>	(1958)
Distribution Characteristics and Ecological and Health Risk Assessment of Phthalic Acid Esters in Surface Water of Qiandao Lake, China	MI Qi-xin, GUO Xiao-chun, LU Shao-yong, <i>et al.</i>	(1966)
Phosphorus Adsorption Characteristics and Loss Risk in Sediments of Lake Bay During the Overwinter Period of Cyanobacteria	JIN Zheng-hai, TU Cheng-qi, WANG Shu-hang, <i>et al.</i>	(1976)
Ecological Quality Assessment of the Wetlands in Beijing: Based on Plant Diversity	LI Guo, SUN Guang, ZHAO Zi-yi, <i>et al.</i>	(1988)
Effects of Pollution Control of Xiaoqing River on Environment Factors and Phytoplankton Community in the Laizhou Bay	ZHANG Jing-jing, WANG Yu-jue, LI Fan, <i>et al.</i>	(1997)
Effects of Different Aeration Treatments on Bacterial Diversity, Metabolic Activity, and Function in Constructed Wetlands	WANG Fei-peng, HUANG Ya-ling, ZHANG Rui-ni, <i>et al.</i>	(2007)
Analysis on the Source Tracing and Pollution Characteristics of Rainfall Runoff in the Old Urban Area of Nanning City	YUE Zhen-wu, LI Yi-ping, ZHOU Yu-xuan, <i>et al.</i>	(2018)
Effects of Aging on the Cd Adsorption by Microplastics and the Relevant Mechanisms	WANG Jun-jie, CHEN Xiao-chen, LI Qian-da, <i>et al.</i>	(2030)
Carbonized Foam Supported Co ₃ O ₄ Activated Peroxymonosulfate Towards Rhodamine B Degradation	WANG Yuan-yuan, YAN Xin, AI Tao, <i>et al.</i>	(2039)
Promoting Nitrogen Removal in ANAMMOX Biofilm Reactor by Fe ²⁺ Under Low Nitrogen Concentration	ZHENG Xu-wen, QIN Jia-fu, WANG Xiao-jun, <i>et al.</i>	(2047)
Investigation on Oxygen Gas-liquid Mass Transfer in Sewage Pipelines Under Enhanced Ventilation	YANG Zhou, ZHANG Zhi-qiang, YANG Jing, <i>et al.</i>	(2055)
Characteristics and Assessment of Heavy Metal Contamination in Soils of Industrial Regions in the Yangtze River Economic Belt	ZHANG Yi, ZHOU Xin-quan, ZENG Xiao-min, <i>et al.</i>	(2062)
Distribution and Environmental Significance of Rare Earth Elements in Typical Protected Vegetable Soil, Northern China	WANG Zu-wei, LIU Ya-ming, WANG Zi-lu, <i>et al.</i>	(2071)
Sources Identification, Ecological Risk Assessment, and Controlling Factors of Potentially Toxic Elements in Typical Lead-Zinc Mine Area, Guizhou Province, Southwest China	ZHANG Fu-gui, PENG Min, HE Ling, <i>et al.</i>	(2081)
Distribution Characteristics of Heavy Metals in Soils Affected by Different Land Use Types in a Superimposed Pollution Area with High Geological Background	WANG Xue-wen, LIU Hong-yan, GU Xiao-feng, <i>et al.</i>	(2094)
Distribution Characteristics of Heavy Metals in Farmland Soils Around Mining Areas and Pollution Assessment	WANG Hai-yang, HAN Ling, XIE Dan-ni, <i>et al.</i>	(2104)
Concentration Characteristics of Heavy Metals in Farmland-Sphagnum System and Ecological Risk Assessment	ZHU Di, ZHANG Zhao-hui, WANG Zhi-hui	(2115)
Spatial Variation and Influencing Factors of Soil pH in Anshun City	CHEN Qing-xia, LU Xiao-hui, TU Cheng-long	(2124)
Synergistic Repair Effect of Calcite-Based Passivator and Low-Accumulation Maize	REN Chao, REN Yu-zhong, LI Jing-tian, <i>et al.</i>	(2133)
Effects of <i>Burkholderia</i> sp. Y4 on Cadmium Damage and Uptake in Rice Seedlings	ZHANG Ya-hui, LIU Yue-min, WANG Chang-rong, <i>et al.</i>	(2142)
Changing Characteristics of Carbon-Based Greenhouse Gas Fluxes in Paddy Field in the Middle-Lower Yangtze Plain in China	LIU Shuo, ZHEN Xiao-jie, LIU Gang, <i>et al.</i>	(2151)
Effects of Plastic Film Mulching and Biochar Application on N ₂ O Emission from a Vegetable Field	HU Jian, JIANG Chang-sheng, CHEN Xin-tong, <i>et al.</i>	(2163)
Effects of Nitrogen Fertilizer Management on CH ₄ and N ₂ O Emissions in Paddy Field	ZHENG Mei-qun, LIU Juan, JIANG Pei-kun, <i>et al.</i>	(2171)
Structure and Functional Diversity of Bacterial Community in Rhizosphere Soil of Typical Vegetation in the Riparian Zone Along the Downstream of Songhua River	WANG Lu-ying, SUN Hui-zhen, YANG Xue	(2182)
Effects of Cotton Stalk Returning on Soil Enzyme Activity and Bacterial Community Structure Diversity in Cotton Field with Long-term Saline Water Irrigation	ZHOU Yong-xue, CHEN Jing, LI Yuan, <i>et al.</i>	(2192)
Effect of pH on the Abundance and Community Structure of Comammox <i>Nitrospira</i> in Paddy Soils	MA Rui, ZHAO Yong-peng, WANG Zhi-hui, <i>et al.</i>	(2204)
Effects of Biochar on Soil Organic Carbon of Eroded Cultivated Layer of Slope Farmland in Purple Hilly Area	ZHANG Jian-le, ZENG Xiao-ying, SHI Dong-mei, <i>et al.</i>	(2209)
Effects of Organic Fertilizer Replacing Chemical Fertilizer on Organic Carbon Mineralization and Active Organic Carbon in Dryland Yellow Soil	LIN Shi-fang, WANG Xiao-li, DUAN Jian-jun, <i>et al.</i>	(2219)
Soil Organic Carbon Storage, Active Component Contents, and Stability Along a Flooding Gradient in the Tidal Wetland of the Julong River Estuary	HUANG Xiao-qing, TONG Chuan, LUO Min, <i>et al.</i>	(2226)
System Construction and the Function Improvement of Ecological Carbon Sink in Coal Mining Areas Under the Carbon Neutral Strategy	LIU Xiang-hong, YAN Yong-jun, LIU Wei, <i>et al.</i>	(2237)