

南京北郊大气降水中水溶性无机氮和有机氮沉降特征

张佳颖, 于兴娜, 张毓秀, 丁铎, 侯思宇



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年7月

第43卷 第7期
Vol.43 No.7

目次

两种模式下中国未来发电行业发展情景及其环境效益分析	刘春景, 吕建毅, 赵汶畅, 徐卿, 金玉佳 (3375)
基于 LEAP 模型的兰州市道路交通温室气体与污染物协同减排情景模拟	庞可, 张芊, 马彩云, 祝禄祺, 陈恒葵, 孔祥如, 潘峰, 杨宏 (3386)
基于半级别的城市空气质量预报评估方法探讨	王晓彦, 朱莉莉, 许荣, 高愈霄, 朱媛媛, 汪巍, 刘冰 (3396)
厦门港大气 PM _{2.5} 中重金属污染特征及健康风险评价	肖思晗, 蔡美君, 李香, 黄屋, 王坚, 朱清墩, 吴水平 (3404)
南京北郊大气降水中水溶性无机氮和有机氮沉降特征	张佳颖, 于兴娜, 张毓秀, 丁铖, 侯思宇 (3416)
晋中盆地主要城市冬季 PM _{2.5} 传输特征分析	王小兰, 王雁, 闫世明, 岳江, 郭伟, 郝振荣 (3423)
鄂尔多斯市夏秋季黑碳气溶胶时间演变特征及其来源解析	孔祥晨, 张连霞, 张彩云, 王红磊, 许晶, 郑佳峰 (3439)
济源冬季 VOCs 污染特征、来源和 SOAP	王芳, 李利霞, 王红果, 赵宗生, 张建平, 张栋 (3451)
长株潭城区 8 月 VOCs 污染特征及来源分析	罗达通, 张青梅, 刘湛, 尤翔宇, 黄杰, 宋云飞, 张敬巧 (3463)
2019 年 7 月石家庄市 O ₃ 生成敏感性控制策略解析	朱家贤, 王晓琦, 欧盛菊, 张新宇 (3473)
华北平原 AOD 时空演化与影响因素	郭霖, 孟飞, 马明亮 (3483)
基于地基太阳光度计观测的长安区气溶胶光学特性变化及其与颗粒物浓度的关系	郑玉蓉, 王旭红, 崔思颖, 冯子豪, 张秀, 刘康 (3494)
基于长时序“地-星”数据的京津冀大气污染时空分布及演变特征	王耀庭, 殷振平, 郑祚芳, 李炬, 李青春, 孟春雷, 李威 (3508)
近十年洪泽湖富营养化状态变化趋势及原因分析	陈天宇, 刘常清, 史小丽, 李云, 范子武, 贾本有, 廖轶鹏 (3523)
高原湖泊周边浅层地下水: 磷素时空分布及驱动因素	杨恒, 李桂芳, 叶远行, 陈清飞, 崔荣阳, 张丹, 陈安强 (3532)
三峡水库不同支流库湾蓄水区溶解氧分层特性及差异性	纪道斌, 方娇, 龙良红, 杨正健, 赵星星, 杨霞, 郭亚丽 (3543)
典型喀斯特城市湖泊溶解性有机质成分特征及来源解析	倪茂飞, 周慧, 马永梅, 苏印, 王晓丹, 王志康 (3552)
骆马湖表层水和沉积物中全氟化合物赋存特征、来源及健康风险评估	黄家浩, 吴玮, 黄天寅, 陈书琴, 项颂, 庞燕 (3562)
千岛湖浮游植物群落结构的垂向分布特征及其影响因素	王吉毅, 霍翟, 国超旋, 朱广伟, 龚志军, 范亚文, 王建军 (3575)
泗河水系沉积物磷的存在形态及其空间分布特征	张子涵, 张鑫茹, 贾传兴, 甘延东, 王世亮 (3587)
降雨径流过程中土地利用优化配置对磷流失的影响	周豪, 陈方鑫, 罗义峰, 龙翼, 周继, 王小燕, 李丹丹, 陈晓燕 (3597)
典型生物滞留设施重金属累积分布特征与风险评价	储杨阳, 杨龙, 周媛, 王喜龙, 王嗣禹, 张敏 (3608)
筑坝蓄水对不同水深浮游微生物群落结构和种间互作模式的影响	王洵, 张佳佳, 袁秋生, 胡斌, 刘胜 (3623)
天津独流减河流域不同等级河流沉积物细菌区系及功能辨识	刘嘉元, 丰玥, 杨雪纯, 张彦, 李德生, 刘福德 (3635)
地表水悬浮态多环芳烃时空变化特征及主要输入源响应机制	彭珂醒, 李瑞飞, 周亦辰, 卓泽铭, 张晋, 李梅, 李雪 (3645)
北京市通州区河流中微塑料组成的空间分布及潜在来源解析	门聪, 李頔, 左剑恶, 邢薇, 刘梦瑶, 魏凡钦, 胡嘉敏, 谢珍雯, 邢鑫, 沈杨贵 (3656)
微塑料对鲫鱼生长、肝脏损伤和肠道微生物组成的影响	胡嘉敏, 左剑恶, 李金波, 张艳艳, 艾翔, 龚大惠, 张继文, 孙丁明 (3664)
不同类型脱水药剂对底泥固化效果和理化性质的影响	任俊, 殷鹏, 王威振, 唐婉莹, 尹洪斌, 朱丽娟 (3672)
微纳米粒径生物炭的结构特征及其对 Cd ²⁺ 吸附机制	马文艳, 裴鹏刚, 高歌, 孙约兵 (3682)
不同生物炭对磷的吸附特征及其影响因素	连宁海, 张树楠, 刘锋, 邢宏霖, 吴金水 (3692)
Mg-La-Fe/沸石复合材料的制备及其处理低浓度含磷废水的性能	印学杰, 宋小宝, 丁陈蔓, 冯彦房, 杨根, 何世颖, 薛利红 (3699)
一体式部分亚硝化-厌氧氨氧化工艺污泥膨胀发生和恢复过程中微生物群落演替及 PICRUS2 功能预测分析	李亚男, 闫冰, 郑蕊, 姚丽, 隋倩雯, 魏源送 (3708)
丝状菌膨胀污泥好氧颗粒化稳定性及微生物多样性	高春娣, 杨箫阳, 欧家丽, 韩颖璐, 程阳阳, 彭永臻 (3718)
2000~2020 年长江流域植被 NDVI 动态变化及影响因素探测	徐勇, 郑志威, 郭振东, 宴世卿, 黄雯婷 (3730)
近 40 年来福建省水稻土有效磷富集效应及潜在生态风险评估	陈中星, 邱龙霞, 陈瀚闾, 范协裕, 毋亭, 沈金泉, 邢世和, 张黎明 (3741)
土地利用变化对西南喀斯特土壤团聚体组成、稳定性以及 C、N、P 化学计量特征的影响	何宇, 盛茂根, 王轲, 王霖娇 (3752)
长江经济带矿山土壤重金属污染及健康风险评价	张浙, 卢然, 伍思扬, 贾智彬, 王宁 (3763)
煤矸石堆积区周边土壤重金属污染特征与植物毒性	尚誉, 桑楠 (3773)
燃煤工业区不同土地利用类型土壤汞含量污染评价	李强, 姚万程, 赵龙, 张朝, 张恩月, 苏迎庆, 刘庚 (3781)
广州市南沙区第四剖面镉富集特征及生物有效性	王芳婷, 包科, 黄长生, 赵信文, 顾涛, 曾敏 (3789)
黔西北山区耕地重金属健康风险评价及环境基准	徐梦琪, 杨文毅, 杨利玉, 陈勇林, 景灏楠, 吴攀 (3799)
土壤重金属生物可利用性影响因素及模型预测	张加文, 田彪, 罗晶晶, 吴凡, 张聪, 刘征涛, 王晓南 (3811)
添加有机物料对豫中烟田土壤呼吸的影响	鲁琪飞, 叶协锋, 韩金, 潘昊东, 张明杰, 王晶, 杨佳豪, 姚鹏伟, 李雪利 (3825)
不同稻作系统土壤的 CH ₄ 产生潜力与产生途径	沈皖豫, 黄琼, 马静, 张广斌, 徐华 (3835)
东部平原矿区复垦土壤微生物群落特征及其组装过程	马静, 董文雪, 朱燕峰, 肖栋, 陈浮 (3844)
同质环境下不同锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落结构差异及其影响因素	李媛媛, 徐婷婷, 艾喆, 魏庐潞, 马飞 (3854)
岩溶与非岩溶区水稻土团聚体细菌群落结构和功能类群比较	肖筱怡, 靳振江, 冷蒙, 李雪松, 熊丽媛 (3865)
紫色土中微生物群落结构及功能特征对土壤 pH 的差异响应	王智慧, 蒋先军 (3876)
有机物料还田对稻田土壤 DOM 碳源代谢能力的影响	肖怡, 李峥, 黄容, 汤奥涵, 李冰, 王昌全 (3884)
《环境科学》征订启事 (3403) 《环境科学》征稿简则 (3462) 信息 (3493, 3655, 3834)	

岩溶与非岩溶区水稻土团聚体细菌群落结构和功能类群比较

肖筱怡¹, 靳振江^{1,2,3*}, 冷蒙¹, 李雪松¹, 熊丽媛¹

(1. 桂林理工大学环境科学与工程学院, 桂林 541004; 2. 桂林理工大学岩溶地区水污染控制与用水安全保障协同创新中心, 桂林 541004; 3. 桂林理工大学广西环境污染控制理论与技术重点实验室, 桂林 541004)

摘要: 研究岩溶与非岩溶区土壤团聚体中微生物群落结构和功能类群异同, 可以为揭示岩溶区土壤有机微生物与团粒结构稳定之间的互作机制提供理论依据。以岩溶与非岩溶稻田的耕层土壤为研究对象, 采用湿筛法将团聚体分为大团聚体(0.25~2 mm)、微团聚体(0.053~0.25 mm)和粉、黏粒组分(<0.053 mm), 通过高通量测序对土壤团聚体微生物群落结构进行分析, 并采用共现网络分析细菌关键类群以及利用FAPROTAX进行功能预测。结果表明, ①岩溶区大团聚体质量占比为30.94%, 团聚体平均质量直径和几何平均直径分别为0.41 mm和0.15 mm, 这3个项目均显著高于非岩溶区, 表明岩溶区的环境有利于团聚体的形成; ②岩溶区3个粒径团聚体的酸杆菌门、变形菌门、酸杆菌(Gp3、Gp4和Gp6)和鞘氨醇单胞菌属等相对丰度均高于非岩溶区。岩溶区微团聚体中的绿弯菌门的相对丰度(6.13%)显著高于粉、黏粒组分(2.79%); ③共现网络分析表明, 变形菌门和酸杆菌门为3个粒径团聚体中的关键类群。岩溶区微团聚体中细菌正相关边(65.5%)最高, 相互关系多为协同关系; ④岩溶区土壤3个粒径团聚体中化能异养类菌(15.52%、15.30%和16.89%)和需氧化能异养类菌(14.62%、14.38%和15.97%)为最优势功能类群, 且相对丰度均显著高于非岩溶区。岩溶区大团聚体几丁质分解类菌相对丰度(0.46%)显著高于粉、黏粒组分(0.39%)。结果表明, 岩溶区的土壤环境能提高团聚体稳定性, 且岩溶区的3个粒径团聚体中的细菌群落结构、关键类群和功能类群也与非岩溶区的有显著差异。

关键词: 岩溶区; 稻田; 土壤团聚体; 细菌群落; 关键类群; 功能类群

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)07-3865-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.202108222

Comparison of Bacterial Community Structure and Functional Groups of Paddy Soil Aggregates Between Karst and Non-karst Areas

XIAO Xiao-yi¹, JIN Zhen-jiang^{1,2,3*}, LENG Meng¹, LI Xue-song¹, XIONG Li-yuan¹

(1. College of Environmental Science and Engineering, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China; 2. Collaborative Innovation Center for Water Pollution Control and Water Safety in Karst Area, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China; 3. Guangxi Key Laboratory of Environmental Pollution Control Theory and Technology, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China)

Abstract: Studying the similarities and differences in microbial community structure and functional groups in soil aggregates between karst areas (KA) and non-karst areas (NKA) can provide a theoretical basis for revealing the interaction mechanism between soil organic microorganisms and soil aggregate structure stability in KA. The surface soils (0-20 mm) were collected from paddy fields both in KA and NKA. The aggregates were divided into macro-aggregates (Mac, 0.25-2 mm), micro-aggregates (Mic, 0.053-0.25 mm), and silt-clay fractions (SC, <0.053 mm) using the wet sieving method. The microbial community structure of soil aggregates was analyzed using high-throughput sequencing. The keystone taxa were analyzed by the co-occurrence network, and their functions were predicted by FAPROTAX. The results showed that: ① the proportion of Mac, mean weight diameter, and geometric mean diameter of aggregates in KA were 30.94%, 0.41 mm, and 0.15 mm, respectively. These three factors in KA were significantly higher than those in NKA, indicating that the environment in the KA was conducive to the formation of aggregates. ② The relative abundances of Acidobacteria, Proteobacteria, Acidobacteria (Gp3, Gp4, and Gp6), and *Sphingomonas* in three particle size aggregates in KA were higher than those in NKA. The relative abundance of Chloroflexi (6.13%) in Mic in KA was significantly higher than that in SC (2.79%). ③ Co-occurrence network analysis showed that Proteobacteria and Acidobacteria were keystone taxa in three particle size aggregates. The positive correlation edge (65.5%) of bacteria in KA was the highest, and most of the correlation was synergistic. ④ Chemoheterotrophy (15.52%, 15.30%, and 16.89%) and aerobic chemoheterotrophy (14.62%, 14.38%, and 15.97%) were the most dominant functional groups in the three particle size aggregates in KA, and their relative abundance was significantly higher than those in NKA. The relative abundance of chitinolysis in Mac in KA (0.46%) was significantly higher than that in SC (0.39%). The results showed that the soil environment in KA can improve the stability of the aggregates, and the bacterial community structure, key groups, and functional groups in the three particle size aggregates in KA were significantly different from those in NKA.

Key words: karst area; paddy field; soil aggregates; bacterial community; keystone taxa; functional groups

土壤团聚体是土壤结构中的组成单元, 它能协调土壤的肥力水平、影响土壤微生物群落结构以及维持和稳定土壤结构, 保护土壤有机碳库^[1]。反过来, 土壤微生物是形成土壤团聚体最活跃的生物因素, 它们在分解有机质的同时, 还能向植物和微生物提供生长所需的养分, 从而影响到土壤团聚体的形

成和稳定^[2]。因此, 研究土壤团聚体微生物群落结

收稿日期: 2021-08-20; 修订日期: 2021-11-28

基金项目: 国家自然科学基金项目(41867008); 广西自然科学基金项目(2018GXNSFAA281247); 广西科技计划项目(桂科AB21196050, 桂科AD18126018)

作者简介: 肖筱怡(1998~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为环境微生物生态学, E-mail: xxy7389@163.com

* 通信作者, E-mail: zhenjiangjin@163.com

构对认识土壤微观过程机制有着重要意义。

稻田作为固碳潜力较大的特殊耕作土壤,施肥能够提高团聚体中有机碳含量,大团聚体和微团聚体中微生物活性也比较高^[3]。施加稻草能增加大团聚体和微团聚体的含量,也能促进二者中有机碳的积累^[4]。与旱地和果园相比,稻田土壤团聚体稳定性保持在较高水平且对土壤结构性破坏较小,对土壤有机质的保持作用明显^[5]。且大团聚体在水稻土团聚体稳定性中起主导作用,其含量是影响团聚体稳定性的直接影响因素^[6]。土壤团聚体中的孔隙结构和连通性为微生物提供了不同空间生态位,从而产生不同代谢活动^[7]。而微生物碳在微团聚体中富集,表明微生物对微团聚体的稳定性有积极的贡献^[8]。稻田土壤中的粉、黏粒组分比例较早地高^[9],其中的有机碳也比较高^[10],说明这部分碳是土壤中最受保护的碳^[11],所以也最为稳固。因此,水稻土团聚体中微生物的群落结构是影响土壤结构稳定性和土壤有机碳含量的重要因素。

岩溶区的土壤是由石灰岩经过溶蚀风化而形成的,因此与非岩溶区土壤相比,岩溶区的土壤具有较高的 pH 和较高交换态钙含量,土壤有机碳含量也普遍较高,是有机碳的巨大储库^[12]。岩溶区的土壤团聚体在形成过程中,有机质与钙离子的结合是团聚体形成的主要胶结物质^[13]。在南方地区,与同纬度的地带性红壤相比,岩溶区的土壤具有较高的水稳定性和抗侵蚀能力^[14]。在团粒结构良好的岩溶区土壤中微生物活性和微生物数量也强于非岩溶区^[12,15],且岩溶区与非岩溶的微生物群落结构有较大差异^[16]。但是,对岩溶与非岩溶区土壤团聚体中微生物群落结构和功能类群异同的研究还未见报道。因此,本文以岩溶与非岩溶稻田的耕层土壤为研究对象,采用湿筛法分离团聚体,分析岩溶区与非岩溶区稻田团聚体组分变化;采用高通量测序,揭示细菌群落在团聚体尺度上群落结构、关键类群和功能类群差异性,以期对岩溶稻田土壤有机碳积累和稳定过程中微生物的作用机制提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况与采样

2020 年 10 月 8 日,在广西桂林毛村岩溶试验场内进行采样。毛村岩溶试验场位于广西壮族自治区桂林市灵川县,距离桂林市中心 30 km,属于亚热带季风气候,年均降雨量为 1 941.5 mm,年均日照时数为 1 607.7 h,年均气温为 18.7℃。选择的岩溶区(K: 25°11'06"N, 110°32'22"E)面积为 378.40 m²,土壤为石灰土,非岩溶区(NK: 25°10'44"N,

110°31'36"E)面积为 429.15 m²,土壤为地带性红壤。岩溶区和非岩溶区的稻田样地平均分隔为 3 个小样地(岩溶区为 126.1 m²,非岩溶区为 143 m²),每个小样地设置 3 个采样点。试验稻田种植籼型三系杂交水稻,插秧前各施用 25.5 kg 和 28.9 kg 含氮磷钾各 18% 的复合肥(N-P₂O₅-K₂O),7 月 10 日各施用 19.8 kg 和 22.5 kg 复合肥(N-P₂O₅-K₂O)作为追肥。在每个采样点采取 0~20 cm 的表层土壤后等量均匀为一个样本。样本带回实验室后,挑除植物根系及石块等杂物,一部分用于团聚体样品分离,一部分研磨过 2 mm 筛,用于微生物分析,一部分在阴凉处自然风干研磨,分别过 0.83、0.25 和 0.15 mm 筛后在阴凉干燥处保存,用于土壤理化性质测定。

1.2 样品测试与处理

1.2.1 土壤团聚体筛分

土壤团聚体的分离采用湿筛法,分离方法根据 Six 等^[17]的方法略加修改。主要过程如下:称取相当于 100 g 干土的新鲜土壤,在无菌水中浸没 30 min,使水分充满土壤孔隙。然后将其置于 2 mm 筛上,上下振荡筛子 3 cm,频率为 50 次·min⁻¹,振荡 3 min,使全部土样通过 2 mm 筛子。用镊子收集清洗 > 2 mm 筛上面漂浮的植物残渣和石砾等。将过筛后的土壤悬浊液置于 0.25 mm 筛上,按上述操作继续振荡 3 min,再将滞留在筛网上的土壤颗粒用无菌水清洗收集至离心管中,在 4 000 r·min⁻¹ 条件下离心 30 min,得到 0.25~2 mm 粒径的大团聚体,将其进行冷冻干燥后装袋,置于 -80℃ 冰箱储存。重复以上步骤,可以得到 0.053~0.25 mm 和 <0.053 mm 粒径的微团聚体和粉、黏粒组分。

1.2.2 土壤理化性质测定

土壤理化性质指标参考文献[18]。土壤 pH 测定采用无 CO₂ 蒸馏水做浸提剂,按照水土比 2.5:1 的比例浸提,用 PHS-3C 型 pH 计(上海仪分科学仪器有限公司,中国)直接测定;土壤有机碳(SOC)采用高温外热重铬酸钾氧化-容量法测定;土壤速效磷(AP)采用碳酸氢钠法测定;土壤总磷(TP)采用酸溶-钼锑抗比色法测定;土壤碱解氮(AN)采用碱解扩散法测定;土壤总氮(TN)采用 PerkinElmer 2400 元素分析仪(Perkin Elmer 公司,美国)测定;交换性钙(Ca²⁺)和交换性镁(Mg²⁺)用 Optima 7000 DV 电感耦合等离子体发射光谱仪(Perkin Elmer 公司,美国)测定。

1.2.3 土壤团聚体稳定性评价

土壤团聚体大小分布情况和水稳定性特征指标用平均质量直径(mean weight diameter, MWD)和几何平均直径(geometric mean diameter, GMD)表示,

其值越大,团聚体的平均粒径团聚度越高,稳定性越强. 计算公式如下^[19,20]:

$$MWD = \sum_{i=1}^n (\bar{x}_i w_i) \tag{1}$$

$$GMD = \exp \left(\frac{\sum_{i=1}^n w_i \ln \bar{x}_i}{\sum_{i=1}^n w_i} \right) \tag{2}$$

式中: $\bar{x}_i$ 为第 i 粒级团聚体平均直径[本研究中各级团聚体平均直径分别为:大团聚体(1.125 mm),微团聚体(0.151 5 mm)和粉、黏粒组分(0.026 5 mm)], w_i 为第 i 级团聚体的质量.

1.3 微生物群落结构测定与分析

微生物测序为重复样品的混合样测序. 使用 Soil DNA Kit 试剂盒(Omega 美国)对土壤微生物进行 DNA 提取. 选取引物序列(515F:5'-GTG CCA GCM GCC GCG GTA A-3')和(805R:5'-GAC TAC HVG GGT ATC TAA TCC-3')为通用测序引物对细菌 V4 区域进行扩增^[21]. PCR 反应条件为起始 95℃ 5 min,然后变性 94℃ 30 s,退火设置为 52℃ 30 s,延伸设置为 72℃ 1.5 min,并将变性、退火和延伸进行 35 次循环,最后 72℃ 10 min. 对每个样品进行 3 次 PCR 扩增,并用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测扩增产物. 检测后使用 OMEGA 胶回收试剂盒切胶回收 PCR 产物,TE 缓冲液洗脱回收目标 DNA 片段. 样品送至生工生物工程(上海)股份有限公司,使用 Illumina MiSeq 系统测序. 得到双端序列数据,先去除引物接头序列,再根据 PE reads 之间的 overlap 关系,将成对的 reads 拼接(merge)成一条序列,然后按照 barcode 标签序列识别并区分样品得到各样本数据,最后对各样本数据的质量进行质控过滤,得到各样本有效数据. 使用 UPARSE 算法在按照 97% 相似性对非重复序列进行 OTU 聚类,在聚类过程中去除嵌合体,得到 OTU 的代表将所有优化序列比对至 OTU 代表序列,选出与代表序列相似性在 97% 以上的序列使用. 使用 Blast 比对 UNITE 数据库对细菌分类信息进行比对,不满足条件的序列则被归为 unclassified.

本研究中将门和属水平的 OTU 进行统计分类,把 OTU 相对丰度大于 1% 的菌列为优势细菌门和属,others 表示未分类和 OTU 相对丰度小于 1% 的门和属. 基于微生物群落丰度和微生物分类信息,使用 FAPROTAX 在线软件进行细菌功能预测^[22]. 筛选各个粒径团聚体细菌相对丰度 >0.1% 的 OTU 进行网络分析.

1.4 数据分析与统计

数据处理采用 Microsoft Excel 2019,土壤理化性质差异性分析采用 SPSS 25 中的独立样本 t 检验,团聚体组成差异与细菌在团聚体上丰度差异性分析采用 SPSS 25 中单因素 ANOVA 检验. 在检验差异之前,对所有数据进行正态性和方差齐性检查,使用 $P=0.05$ 时的最小显著差异来确定差异性. 相关性分析采用 SPSS 25 中斯皮尔曼分析. 主坐标分析(PCoA)使用 OmicShare Tools 在线网络绘制. 优势细菌门、属的群落结构组成图和细菌功能类群丰度图用 Origin 2017 绘制. 细菌内部互作网络使用 Cytoscape 3.8.2 软件中 CoNet 插件分析,使用 4 种统计学算法 Pearson correlation、Spearman correlation、Bray-Curtis dissimilarity 和 Kullback-Leibler dissimilarity,使用 Brown 方法对 P 值进行整合,选择显著相关($P<0.05$)的数据进行后续分析,使用 benjaminihochberg 方法作为多重测试校正方法,最终获取网络^[23]. 得出的相关性数据导入 Gephi 0.9.2,使用 Fruchterman Reingold 布局进行数据可视化. 共线网络最后连线分为正连线(co-presence)和负连线(mutual-exclusion),表示 OTU 之间的正或负相互作用关系. 利用 Cytoscape 中 Network Analyzer 工具,获取网络的网络拓扑指数.

2 结果与分析

2.1 岩溶区与非岩溶区稻田理化性质

岩溶区与非岩溶区水稻土壤理化性质如表 1 所示,岩溶区水稻土的 pH、SOC、AP、TP、C/N、AN、TN、Ca²⁺ 和 Mg²⁺ 均显著高于非岩溶区水稻土.

表 1 土壤理化性质¹⁾

Table 1 Physical and chemical properties of soil

采样区	pH (H ₂ O)	ω(SOC) /g·kg ⁻¹	ω(AP) /mg·kg ⁻¹	ω(TP) /mg·kg ⁻¹	ω(AN) /mg·kg ⁻¹	ω(TN) /g·kg ⁻¹	C/N	Ca ²⁺ /cmol·kg ⁻¹	Mg ²⁺ /cmol·kg ⁻¹
岩溶	7.98 ± 0.05a	30.89 ± 0.27a	30.16 ± 2.16a	1291.16 ± 14.69a	63.42 ± 0.02a	1.73 ± 0.05a	18.43 ± 0.23a	20.11 ± 0.90a	1.02 ± 0.03a
非岩溶	6.02 ± 0.23b	25.45 ± 0.58b	20.70 ± 1.94b	501.06 ± 8.05b	60.99 ± 1.11b	1.43 ± 0.07b	17.38 ± 0.70b	2.52 ± 0.11b	0.67 ± 0.02b

1) 数据为平均值 ± 标准差; 同列不同小写字母表示岩溶与非岩溶区之间的差异显著 ($P<0.05$), 较大的平均数标记为 a

如表 2 所示,岩溶区与非岩溶 3 种粒径团聚体中 SOC 含量均是粉、黏粒组分最高,大团聚体其次,微团聚体最小. 岩溶区微团聚体 SOC 含量显著小于

非岩溶区,粉、黏粒组分团聚体 SOC 含量显著高于非岩溶区,大团聚体 SOC 含量在岩溶区与非岩溶区无差异.

表 2 团聚体 SOC 含量¹⁾

Table 2 Soil organic carbon content of aggregates		
采样区	粒径/mm	$\omega(\text{SOC})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$
岩溶	0.25~2	30.69±0.70bA
	0.053~0.25	24.35±0.51cB
	<0.053	43.65±0.33aA
非岩溶	0.25~2	30.78±0.93bA
	0.053~0.25	26.05±0.51cA
	<0.053	42.84±0.26aB

1) 0.25~2 mm 为大团聚体, 0.053~0.25 mm 为微团聚体, <0.053 mm 为粉、黏粒组分, 下同; 不同小写字母表示同一个地质背景不同粒径团聚体间的差异显著 ($P<0.05$), 最大平均数标记为 a; 不同大写字母表示不同地质背景同一粒径的团聚体的差异显著 ($P<0.05$), 最大平均数标记为 A

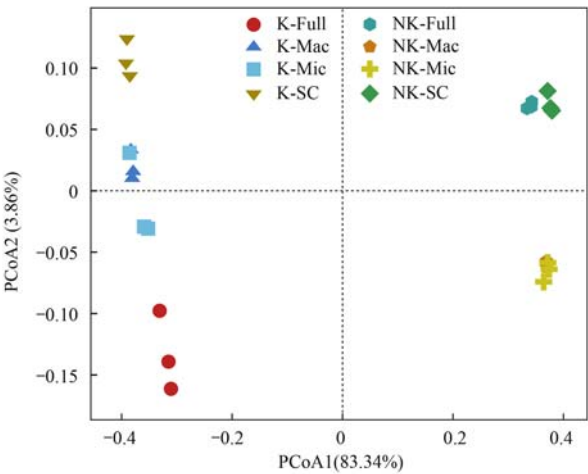
表 3 岩溶与非岩溶区稻田土壤团聚体粒径分布和稳定性¹⁾

Table 3 Particle size distribution and stability of paddy soil aggregates in karst and non karst areas						
采样区	质量分数/%			回收率/%	团聚体稳定性指标	
	0.25~2 mm	0.053~0.25 mm	<0.053 mm		MWD/mm	GMD/mm
岩溶	30.94±2.70Ab	32.12±2.10Bb	36.94±1.78Ba	96.37	0.41±0.04A	0.15±0.01A
非岩溶	18.30±3.46Bc	36.21±1.04Ab	45.50±3.56Aa	94.58	0.27±0.03B	0.10±0.01B

1) 团聚体稳定性指标中不同大写字母表示不同地质背景团聚体稳定性指标的差异显著 ($P<0.05$), 最大平均数标记为 A

2.3 团聚体细菌群落结构分析

从细菌群落主坐标分析 (PCoA) 可以看出, 岩溶与非岩溶间微生物群落结构存在明显差异 (图 1). 细菌群落主坐标分析总变异度为 87.20%. 在第一主坐标轴上, 岩溶与非岩溶区均能显著分开. 在第二主坐标轴上, 无论是岩溶区还是非岩溶区, 大团聚体和微团聚体距离较近, 且能跟粉、黏粒组分显著区分开. 这说明细菌在大团聚体和微团聚体中群落结构相似, 但与粉、黏粒组分有较大差异.



Full 表示全土, Mac 表示 0.25~2 mm 大团聚体, Mic 表示 0.053~0.25 mm 微团聚体, SC 表示 <0.053 mm 粉、黏粒组分, K 表示岩溶区, NK 表示非岩溶区, 下同

图 1 细菌群落主坐标分析 (PCoA)

Fig. 1 Principal coordinate analysis of bacterial community

岩溶区与非岩溶区全土及团聚体细菌门分类水平相对丰度见图 2. 从中可以看出, 在门水平上, 有 9

2.2 岩溶区与非岩溶区土壤团聚体组成分布

如表 3 所示, 岩溶区和非岩溶区水稻土团聚体回收率分别为 96.37% 和 94.58%. 粉、黏粒组分在岩溶区和非岩溶区质量分数分别为 36.94% 和 45.50%, 且在 3 个粒径中质量分数最高. 大团聚体质量分数在岩溶区和非岩溶区占比分别为 30.94% 和 18.30%, 前者显著高于后者; 岩溶区和非岩溶区土壤团聚体的平均质量直径分别为 0.41 mm 和 0.27 mm, 二者几何平均直径分别为 0.15 mm 和 0.10 mm, 岩溶区的这两个指标均显著高于非岩溶区, 表明岩溶区土壤团聚体具有较高的稳定性.

个门为细菌优势门, 它们分别为酸杆菌门 (Acidobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、厚壁菌门 (Firmicutes)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes)、浮霉菌门 (Planctomycetes)、变形菌门 (Proteobacteria) 和疣微菌门 (Verrucomicrobia) 共 9 个门为细菌优势门, 它们的相对丰度分别为 8.96%~21.69%、3.74%~31.25%、1.63%~8.31%、1.26%~6.13%、0.82%~8.13%、0.31%~1.44%、1.87%~2.65%、27.72%~38.11% 和 2.04%~

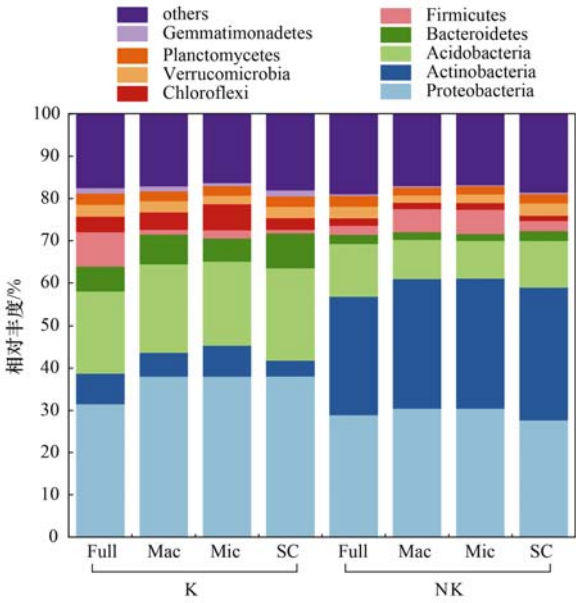


图 2 岩溶区与非岩溶区稻田土壤团聚体在细菌门水平分类

Fig. 2 Classification of soil aggregates in karst and non-karst paddy fields at phylum levels

2.80%,占细菌总 OTU 的 81.13%~83.79%。根据单因素分析,岩溶区的变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门、绿弯菌门和芽单胞菌门在 3 个团聚体粒径中的相对丰度均显著高于非岩溶区,而放线菌门和厚壁菌门在 3 个团聚体粒径上的相对丰度均显著降低。岩溶区的变形菌门(38.06%、38.09%和 38.11%)的相对丰度随着团聚体粒径增大而减小,非岩溶区与之相反。非岩溶区放线菌门(30.53%、30.66%和 31.25%)、浮霉菌门(1.87%、1.91%和 2.15%)和疣微菌门(1.76%、2.04%和 2.93%)的相对丰度随着团聚体粒径增大而减小。岩溶区微团聚体中的绿弯菌门和放线菌门(6.13%和 7.35%)的相对丰度均显著高于粉、黏粒组分(2.79%和 3.75%);粉、黏粒组分中的酸杆菌门和拟杆菌门(21.69%和 8.31%)的相对丰度均显著高于微团聚体(19.73%和 5.46%)。以上结果表明岩溶与非岩溶区不同粒径上的门水平上多种微生物的相对丰度差异显著。

岩溶区与非岩溶区稻田土壤团聚体细菌在属水平分类如图 3 所示,节杆菌属(*Arthrobacter*)、芽单

胞菌属(*Gemmatimonas*)、地杆菌属(*Geobacter*)、酸杆菌(*Acidobacteria* Gp1、Gp3、Gp4、Gp6、Gp7)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)和芽孢八叠球菌属(*Sporosarcina*)为细菌优势属,相对丰度为细菌总 OTU 的 24.82%~40.29%。根据单因素分析,岩溶区芽单胞菌属、酸杆菌(Gp3、Gp4、Gp6)、鞘氨醇单胞菌和芽孢八叠球菌属在 3 个团聚体粒径中的相对丰度均显著高于非岩溶区,而节杆菌属、地杆菌属和酸杆菌 Gp1 在 3 个团聚体粒径中的相对丰度均显著较低。岩溶区地杆菌属(0.28%、0.32%、0.42%)和酸杆菌 Gp1(0.10%、0.11%、0.14%)的相对丰度随着团聚体粒径增大而减小。非岩溶区 *Spartobacteria genera incertae sedis*(0.85%、1.03%和 1.51%)的相对丰度随着团聚体粒径增大而减小。岩溶区的粉、黏粒组分中鞘氨醇单胞菌、酸杆菌 Gp4 和酸杆菌 Gp3 相对丰度(9.52%、3.58%和 1.32%)显著高于微团聚体(7.31%、2.53%和 0.96%)。以上结果表明岩溶与非岩溶区不同粒径上的属水平上多种微生物的相对丰度差异显著。

表4列出了全土优势细菌属与土壤理化性质相

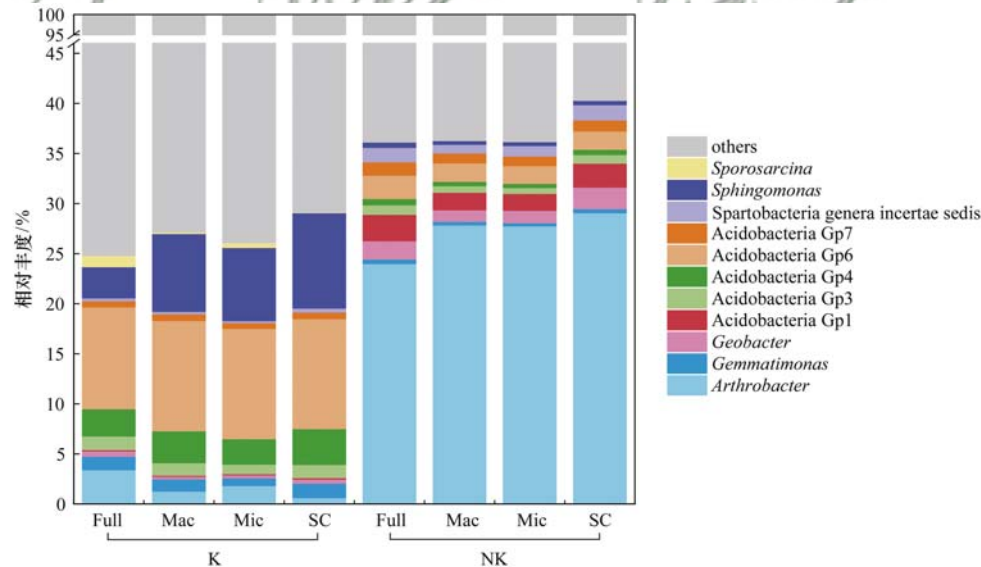


图 3 岩溶区与非岩溶区稻田土壤团聚体在细菌属水平分类

Fig. 3 Classification of soil aggregates in karst and non-karst paddy fields at genus levels

表 4 全土属与理化性质相关性¹⁾

Table 4 Correlation between whole soil genus and physicochemical properties

	pH/H ₂ O	SOC	AP	TP	AN	TN	C/N	Ca ²⁺	Mg ²⁺
<i>Arthrobacter</i>	-0.812 *	-0.657	-0.886 *	-0.714	-0.600	-0.600	-0.543	-0.943 **	-0.829 *
<i>Geobacter</i>	-0.725	-0.771	-0.943 **	-0.771	-0.543	-0.714	-0.371	-0.886 *	-0.771
<i>Gemmatimonas</i>	0.725	0.943 **	0.943 **	0.943 **	0.714	0.886 *	0.657	0.886 *	0.943 **
<i>Acidobacteria</i> Gp1	-0.638	-0.771	-0.771	-0.600	-0.714	-0.714	-0.429	-0.714	-0.600
<i>Acidobacteria</i> Gp3	0.841 *	0.771	0.600	0.771	1.000 **	0.829 *	0.829 *	0.657	0.771
<i>Acidobacteria</i> Gp4	0.754	0.886 *	0.657	0.829 *	0.943 **	0.943 **	0.657	0.600	0.714
<i>Acidobacteria</i> Gp6	0.638	0.943 **	0.771	0.771	0.886 *	0.886 *	0.714	0.714	0.771
<i>Sphingomonas</i>	0.812 *	0.829 *	0.714	0.886 *	0.771	0.943 **	0.371	0.600	0.657

1) * 表示在 0.05 级别,相关性显著, ** 表示在 0.01 级别,相关性显著,下同

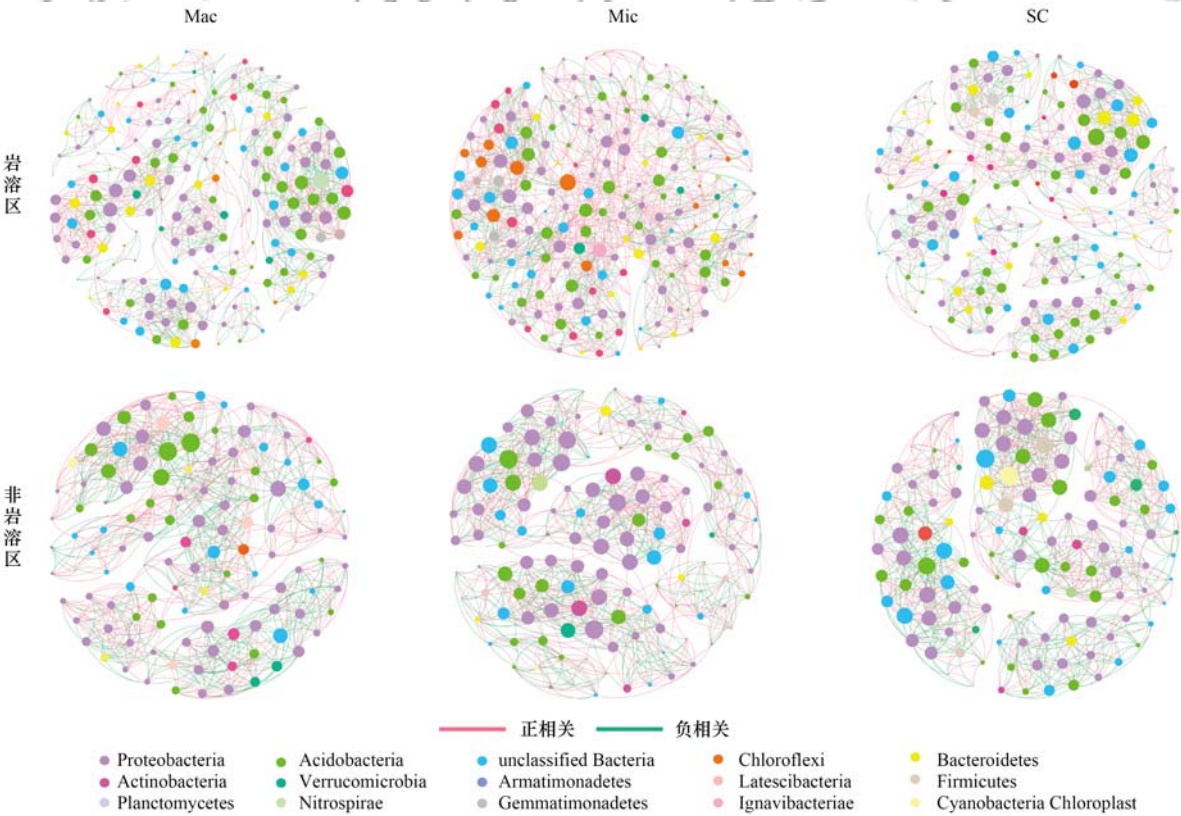
关性,其中,节杆菌属、酸杆菌 Gp3 和鞘氨醇单胞菌属与 pH 值呈正相关,芽单胞菌属、酸杆菌 (Gp4、Gp6) 和鞘氨醇单胞菌属与 SOC 呈正相关,节杆菌属和地杆菌属与交换性钙呈负相关,芽单胞菌属与交换性钙呈正相关. 表 5 为不同团聚体中细菌主要门和属与 SOC 相关性,微团聚体中绿弯菌门与 SOC 呈负相关,地杆菌属和酸杆菌 Gp1 与 SOC 呈正相关.

表 5 土壤团聚体主要门和属与 SOC 相关性
Table 5 Correlation between SOC and phylum and genus of soil aggregates

分类水平	SOC			
	大团聚体	微团聚体	粉、黏粒组分	
门	Proteobacteria	-0.029	-0.657	-0.314
	Actinobacteria	0.200	0.771	-0.143
	Acidobacteria	-0.143	-0.600	-0.200
	Bacteroidetes	-0.086	-0.600	0.029
	Firmicutes	0.086	0.714	0.029
	Chloroflexi	-0.257	-0.886 *	0.200
属	<i>Arthrobacter</i>	-0.143	0.771	-0.087
	<i>Geobacter</i>	0.314	0.829 *	0.257
	<i>Gemmatimonas</i>	0.143	-0.600	-0.200
	Acidobacteria Gp1	-0.257	0.943 **	-0.371
	Acidobacteria Gp3	-0.143	-0.143	-0.371
	Acidobacteria Gp4	-0.314	-0.600	0.086
	Acidobacteria Gp6	0.143	-0.657	-0.371
	Acidobacteria Gp7	0.314	0.657	-0.314
	<i>Sphingomonas</i>	0.143	-0.657	0.086

2.4 土壤团聚体细菌内部网络共线分析

以岩溶区和非岩溶区土壤团聚体细菌 OTU (相对丰度 >0.1%) 为数据源构建土壤团聚体细菌共生网络(图 4),其中,从表 6 可以看出,岩溶区各个团聚体节点数和总边数均大于非岩溶区,表明岩溶区团聚体中微生物相互作用强于非岩溶区. 各个团聚体中细菌正相关边均大于负相关边,表明团聚体内部细菌共存以协同互惠为主. 岩溶区微团聚体正相关边数有 854 条,占比 65.5%,负相关边数 448 条,占比 34.4%,与其他的团聚体相比,岩溶区微团聚体的节点数和正相关边占比最高,这表明在岩溶区微团聚体中细菌以协同互惠为主. 土壤团聚体大小影响细菌群落的共生模式,不同大小团聚体中关键类群不同. 根据高连接度 (degree >0.15)、高接近中心度 (closeness centrality >0.12)、低介数中心度 (betweenness centrality <0.10) 选择出关键类群^[24],岩溶区大团聚体为: Acidobacteria Gp3、Acidobacteria Gp6、Proteobacteria 和 Nitrospira; 微团聚体为: Sphingomonas、Microvirga、Chloroflexi、Acidobacteria Gp4 和 Acidobacteria Gp6; 粉、黏粒组分为: Acidobacteria Gp6、Proteobacteria 和 Bacteroidetes. 非岩溶区大团聚体为: Acidobacteria Gp1、Proteobacteria 和 Acidobacteria Gp17;微团聚体



不同颜色节点表示不同物种的门分类水平,节点大小表示物种连接度大小,红色连线表示正相关边,绿色连线表示负相关边
图 4 土壤团聚体细菌共生网络
Fig. 4 Co-occurrence networks of bacterial in soil aggregates

为：Proteobacteria、Acidobacteria Gp6 和 Firmicutes。从门水平上看,各个团聚体中的关键类群基本属于变形菌门和酸杆菌门,表明变形菌门和酸杆菌门为各个团聚体中最具影响的关键类群。

表 6 土壤团聚体网络拓扑指数¹⁾
Table 6 Topological index of soil aggregate

指数	岩溶区			非岩溶区		
	Mac	Mic	SC	Mac	Mic	SC
节点数	199	206	194	121	128	128
总边数	1 009	1 302	973	838	876	903
正相关边数	532(52.7%)	854(65.5%)	529(54.3%)	447(53.3%)	464(52.9%)	462(51.1%)
负相关边数	477(47.2%)	448(34.4%)	444(45.6%)	391(46.6%)	412(47.0%)	441(48.8%)
模块化	0.787	0.667	0.816	0.720	0.731	0.752

1) 正/负相关边数的括号里数值为正/负相关边数在总边数的占比

2.5 团聚体细菌功能预测分析

本研究中,共预测出 46 个有效细菌功能类群,选择相对丰度大于 0.1% 的功能作为主要功能类群^[25],共得到 17 个主要细菌功能类群(图 5),它们分别为化能异养类(chemoheterotrophy)、需氧化能异养类(aerobic chemoheterotrophy)、尿素分解类(ureolysis)、铁呼吸类(iron respiration)、固氮类(nitrogen fixation)、硝化作用类(nitrification)、需氧亚硝酸盐氧化类(aerobic nitrite oxidation)、硫化物呼吸作用类(respiration of sulfur compounds)、硫酸盐呼吸类(sulfate respiration)、芳香化合物降解类(aromatic compound degradation)、碳氢化合物降解(hydrocarbon degradation)、甲基营养(methylotrophy)、发酵(fermentation)、几丁质分解

类(chitinolysis)、硝酸盐还原(nitrate reduction)、硝酸盐呼吸(nitrate respiration)和氮呼吸(nitrogen respiration)。岩溶区全土和 3 个粒径团聚体细菌主要功能类群总丰度均比非岩溶区高。岩溶区土壤化能异养类菌与需氧化能异养类菌相对丰度在大团聚体、微团聚体和粉、黏粒组分中的丰度分别为 15.52%与 14.62%、15.30%与 14.38%和 16.89%与 15.97%,均显著高于非岩溶区。岩溶区大团聚体中几丁质分解类菌相对丰度为 0.46%,显著高于粉、黏粒组分(0.39%),且显著高于非岩溶区。非岩溶区 3 个粒径团聚体中尿素分解类菌丰度为 3.17%、3.83%和 2.98%,显著高于岩溶区。以上结果说明岩溶区土壤团聚体细菌功能类群与非岩溶区有显著差异。

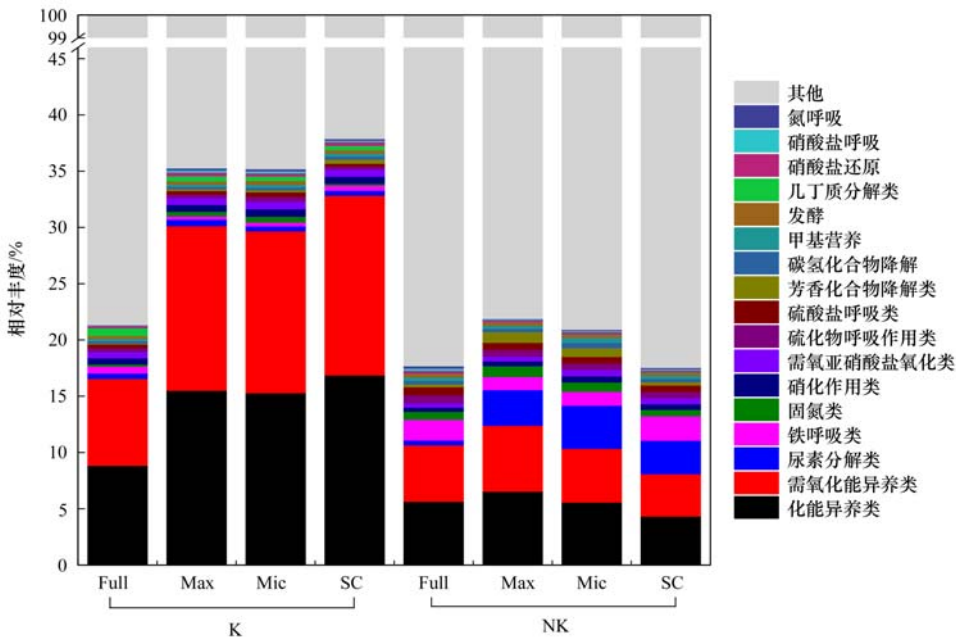


图 5 岩溶区与非岩溶区水稻土全土及团聚体细菌功能类群相对丰度

Fig. 5 Relative abundance of bacterial function prediction of paddy soil aggregates in karst and non-karst areas

3 讨论

3.1 岩溶区土壤特性对水稻土团聚体分布及稳定性的影响

本研究中,岩溶区稻田大团聚体质量占比显著高于非岩溶区稻田,团聚体平均质量直径和几何平均直径均高于非岩溶区,表明岩溶区稻田土壤团聚体的稳定性较高^[26].对本研究区毛村3种不同演替阶段石灰土研究结果表明,土壤均以 $>0.25\text{ mm}$ 团聚体为主,且交换态钙与大团聚体比例呈显著正相关关系^[27],表明交换态钙能够促进土壤大团聚体形成.用交换性钾替代交换性钙会破坏土壤团聚体,这反证了钙对土壤团聚体形成的促进作用^[28].有机碳浓度的增加通常会增加土壤的阳离子交换容量^[29].这与本研究中岩溶区土壤有较高的土壤有机碳含量和阳离子交换量的结果是一致的.在大团聚体中,参与不稳定土壤有机质降解的酶的活性也较低,从而减缓矿化,有利于土壤有机质的积累^[30],而土壤有机质是土壤颗粒的重要黏黏剂^[1],提高了大粒径水稳性团聚体含量^[13].本研究中非岩溶区土壤为红壤土,石灰土的稳定性均比红壤土的高^[31].综上所述,岩溶区特殊的土壤特性能显著改变水稻土土壤团聚体的分布及稳定性,主要表现在大团聚体含量的增加以及稳定性的提高.

3.2 岩溶区土壤特性对水稻土团聚体细菌群落结构与关键类群的影响

本研究中岩溶区全土及团聚体中酸杆菌门、变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌(Gp3、Gp4、Gp6)和鞘氨醇单胞菌属的相对丰度较非岩溶区土壤显著提高.变形菌门和酸杆菌门为岩溶区的最优势菌门,这与本研究团队对岩溶区不同空间稻田土壤细菌群落的研究结果基本一致^[32].酸杆菌(Gp6、Gp4)和鞘氨醇单胞菌属为岩溶区最优势菌属,这些优势菌在岩溶区各个团聚体粒径中丰度都很高.白云岩和石灰岩表面栖息着多种自养菌和异养菌(含变形菌、放线菌和酸杆菌等)^[33],本研究中土壤全土中酸杆菌Gp3和鞘氨醇单胞菌属与pH呈正相关关系,这说明岩溶生态偏碱富钙的特殊环境为其提供了适合生长的环境.岩溶区全土及各个团聚体粒径酸杆菌(Gp4和Gp6)相对丰度显著高于非岩溶区,土壤中的 CO_2 是岩溶作用的重要来源物质,而 CO_2 浓度的升高能提高酸杆菌(Gp4和Gp6)相对丰度^[34],这说明酸杆菌(Gp4和Gp6)在岩溶区有很强的适应性.本研究的PCoA分析结果表明,细菌在粉、黏粒组分中的分布与大团聚体和微团聚体有较大的差异.团聚体内部孔隙大小和排列分布对有机质起着保护作

用,微生物生活在土壤孔隙中,土壤网络结构影响它们接触到的有机质、氧和水分,因此团聚体内部微生物分布就不相同^[2,35].在本研究中,岩溶区微团聚体中的土壤有机碳含量最低,且微团聚体中的绿弯菌门的丰度与土壤有机碳呈负相关.绿弯菌门的细菌能氧化 CO ,这种代谢形式可能是其在营养物质缺乏的逆境条件下的策略^[36],是适应低碳土壤环境的表现^[37].

本微生物网络分析被用来可视化群落成员间的共生现象,它能对微生物潜在相互作用网络提供新见解以及揭示微生物群落成员共享的生态位^[38].有研究表明绿弯菌能促进淀粉降解和加速与碳循环相关功能的抗干扰能力^[39],影响这种生态多功能抗干扰能力的不是细菌的丰富度、丰度和比例,而是关键微生物类群^[40].绿弯菌门作为岩溶区微团聚体中的关键类群,其对微团聚体中细菌群落的结构和功能有着重要影响^[24],也说明其是维持该微环境地球化学循环的关键类群^[41].本研究中,变形菌门和酸杆菌门均为各个团聚体的关键类群,这两个门的细菌作为土壤中高丰度的细菌,对微生境变化的抵抗力可能更强.在钙含量高的土壤中,细菌等微生物的活动十分活跃^[26],且在营养物质高得多的土壤中,会产生多种营养水平或资源级联^[42],土壤生态系统功能可能与生物多样性相耦合,这种生态位互补性使得不同功能特征的相关物种共存^[43].本研究中,岩溶区微团聚体中细菌之间的负连线减少,正连线数量最高,因为微团聚体中的生存空间是有限的,栖居的微生物必须协同互惠才能更好地生存^[44].而随着养分可利用性的提高,土壤微生物的碳利用率增加,微生物生长效率提高^[45],但也有研究表明较活跃的微生物生长会加快微生物对SOC的分解利用,从而导致SOC的损失^[46],而微团聚体中存在比大团聚体更易分解的有机质^[40],这可能是本研究中微团聚体中SOC含量最低的原因.

3.3 岩溶区土壤特性对水稻土团聚体细菌功能类群的影响

岩溶区土壤中微生物群落组成发生明显变化,这就改变了它们在土壤中的功能.岩溶区各个团聚体中化能异养类菌和需氧化能异养类菌均高于非岩溶区.与本研究样地同纬度墨西哥的岩溶区微生物功能预测研究表明,土壤微生物有着很高的碳代谢作用^[47],它们通过转化有机质来支持微生物生长.在岩溶区,耕地土壤中的细菌群落主要是化学异养菌^[48],这类细菌的碳源都来自有机物,岩溶区较高的土壤有机碳能给微生物提供充足的碳源.在本研究中,化能异养类菌与需氧化能异养类菌中的变形

菌为主要菌群. 变形菌门的许多细菌为共营养细菌, 它们能利用营养丰富的土壤中不稳定的碳^[49], 保持优势生长, 表明岩溶区全土与团聚体中的变形菌门不仅是优势菌门也是关键类群. 大团聚体含有较多的不稳定的碳^[50], 这部分碳能够刺激多为共营养型的几丁质分解菌的生长^[51], 这可能是岩溶区大团聚体几丁质分解类菌丰度大于其在粉、黏粒组分的丰度的原因.

4 结论

(1) 岩溶区稻田中大团聚体质量占比显著高于其在非岩溶区中的占比, 团聚体平均质量直径和几何平均直径也显著高于非岩溶区, 表明岩溶区的特殊环境促进了大团聚体的形成, 团聚体稳定性较高.

(2) 岩溶区稻田土壤团聚体细菌群落结构较非岩溶区有显著差异. 岩溶区团聚体酸杆菌门、变形菌门、酸杆菌(Gp3、Gp4、Gp6)和鞘氨醇单胞菌属等相对丰度均高于非岩溶区. 与非岩溶区相比, 岩溶区变形菌门、地杆菌属和酸杆菌 Gp1 属相对丰度随着团聚体粒径增大而减小. 岩溶区微团聚体中的绿弯菌门的相对丰度显著高于粉、黏粒组分.

(3) 3 个粒径团聚体中细菌群落之间的正连线大于负连线. 变形菌门和酸杆菌门为 3 个粒径团聚体中的关键类群. 与非岩溶区相比, 岩溶区的微团聚体中细菌以协同互惠为主.

(4) 岩溶与非岩溶区土壤团聚体细菌功能类群差异显著. 化能异养类菌、需氧化能异养类菌为岩溶区 3 个粒径团聚体中最优势功能类群. 与非岩溶区相比, 岩溶区几丁质分解类菌相对丰度显著较高, 且大团聚体中几丁质分解类菌相对丰度显著高于粉、黏粒组分.

参考文献:

- [1] 王清奎, 汪思龙. 土壤团聚体形成与稳定机制及影响因素[J]. 土壤通报, 2005, **36**(3): 415-421.
Wang Q K, Wang S L. Forming and stable mechanism of soil aggregate and influencing factors[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2005, **36**(3): 415-421.
- [2] 李娜, 韩晓增, 尤孟阳, 等. 土壤团聚体与微生物相互作用研究[J]. 生态环境学报, 2013, **22**(9): 1625-1632.
Li N, Han X Z, You M Y, et al. Research review on soil aggregates and microbes[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2013, **22**(9): 1625-1632.
- [3] Huang S, Sun Y N, Zhang W J. Changes in soil organic carbon stocks as affected by cropping systems and cropping duration in China's paddy fields: a meta-analysis[J]. Climatic Change, 2012, **112**(3-4): 847-858.
- [4] Mohamed I, Bassouny M A, Abbas M H H, et al. Rice straw application with different water regimes stimulate enzymes activity and improve aggregates and their organic carbon contents in a paddy soil[J]. Chemosphere, 2021, **274**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2021.129971.
- [5] 陈山, 杨峰, 林杉, 等. 土地利用方式对红壤团聚体稳定性的影响[J]. 水土保持学报, 2012, **26**(5): 211-216.
Chen S, Yang F, Lin S, et al. Impact of land use patterns on stability of soil aggregates in red soil region of south China[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2012, **26**(5): 211-216.
- [6] 廖超林, 黎丽娜, 谢丽华, 等. 增减施有机肥对红壤性水稻土团聚体稳定性及胶结物的影响[J]. 土壤学报, 2021, **58**(4): 978-988.
Liao C L, Li L N, Xie L H, et al. Effect of increased or decreased application of organic manure on aggregates stability and soil cement in red paddy soil[J]. Acta Pedologica Sinica, 2021, **58**(4): 978-988.
- [7] Wilpiszeski R L, Aufrecht J A, Retterer S T, et al. Soil Aggregate microbial communities: towards understanding microbiome interactions at biologically relevant scales[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2019, **85**(14), doi: 10.1128/AEM.00324-19.
- [8] Totsche K U, Amelung W, Gerzabek M H, et al. Microaggregates in soils[J]. Journal of Plant Nutrition and Soil Science, 2018, **181**(1): 104-136.
- [9] Liu K L, Huang J, Li D M, et al. Comparison of carbon sequestration efficiency in soil aggregates between upland and paddy soils in a red soil region of China[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2018, **18**(6): 1348-1359.
- [10] 唐贤, 黄伟濠, 卢瑛, 等. 广东省赤红壤区土壤团聚体有机碳和铁氧化物特征及稳定性[J]. 水土保持学报, 2021, **35**(2): 200-209.
Tang X, Huang W H, Lu Y, et al. Characteristics and stability of organic carbon and ferric oxide in soil aggregates and aggregate stability in lateritic red soil region, Guangdong province[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2021, **35**(2): 200-209.
- [11] Nandan R, Singh V, Singh S S, et al. Impact of conservation tillage in rice-based cropping systems on soil aggregation, carbon pools and nutrients[J]. Geoderma, 2019, **340**: 104-114.
- [12] 曹建华, 袁道先, 潘根兴. 岩溶生态系统中的土壤[J]. 地球科学进展, 2003, **18**(1): 37-44.
Cao J H, Yuan D X, Pan G X. Some soil features in karst ecosystem[J]. Advance in Earth Sciences, 2003, **18**(1): 37-44.
- [13] 任娇娇, 周运超, 刘兵, 等. 石灰岩发育土壤团聚体形成机制研究[J]. 中国岩溶, 2019, **38**(5): 722-728.
Ren J J, Zhou Y C, Liu B, et al. Study on aggregate formation mechanism of soil in limestone[J]. Carsologica Sinica, 2019, **38**(5): 722-728.
- [14] 胡乐宁, 苏以荣, 何寻阳. 桂西北喀斯特典型土壤的大团聚体分级特征研究[J]. 广西师范大学学报(自然科学版), 2013, **31**(3): 213-219.
Hu L N, Su Y R, He X Y. Characteristic of soil aggregate structure in different typical soils in karst region of northwest Guangxi, China[J]. Journal of Guangxi Normal University (Natural Science Edition), 2013, **31**(3): 213-219.
- [15] 张春来, 黄芬, 杨慧, 等. 岩溶生态系统中的碳循环特征与碳汇效应[J]. 地球与环境, 2013, **41**(4): 378-387.
Zhang C L, Huang F, Yang H, et al. Characteristics of carbon cycle and the effect of carbon sink in karst ecosystem[J]. Earth and Environment, 2013, **41**(4): 378-387.
- [16] 张双双, 靳振江, 贾远航, 等. 岩溶区与非岩溶区 3 种土地利用方式下土壤细菌群落结构比较[J]. 中国岩溶, 2019, **38**(2): 164-172.

- Zhang S S, Jin Z J, Jia Y H, *et al.* Comparison of soil bacterial community structures from three soil land-use between karst and non-karst areas under three kinds of land use[J]. *Carsologica Sinica*, 2019, **38**(2): 164-172.
- [17] Six J, Elliott E T, Paustian K, *et al.* Aggregation and soil organic matter accumulation in cultivated and native grassland soils[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 1998, **62**(5): 1367-1377.
- [18] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.
- [19] 罗晓虹, 王子芳, 陆畅, 等. 土地利用方式对土壤团聚体稳定性和有机碳含量的影响[J]. *环境科学*, 2019, **40**(8): 3816-3824.
- Luo X H, Wang Z F, Lu C, *et al.* Effects of land use type on the content and stability of organic carbon in soil aggregates[J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(8): 3816-3824.
- [20] 王兴, 钟泽坤, 张欣怡, 等. 长期撂荒恢复土壤团聚体组成与有机碳分布关系[J]. *环境科学*, 2020, **41**(5): 2416-2424.
- Wang X, Zhong Z K, Zhang X Y, *et al.* Relationship between the composition of soil aggregates and the distribution of organic carbon under long-term abandoned restoration[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(5): 2416-2424.
- [21] 吴悦妮, 冯凯, 厉舒祯, 等. 16S/18S/ITS 扩增子高通量测序引物的生物信息学评估和改进[J]. *微生物学通报*, 2020, **47**(9): 2897-2912.
- Wu Y N, Feng K, Li S Z, *et al.* *In-silico* evaluation and improvement on 16S/18S/ITS primers for amplicon high-throughput sequencing[J]. *Microbiology China*, 2020, **47**(9): 2897-2912.
- [22] Louca S, Parfrey L W, Doebeli M. Decoupling function and taxonomy in the global ocean microbiome[J]. *Science*, 2016, **353**(6305): 1272-1277.
- [23] Shannon P, Markiel A, Ozier O, *et al.* Cytoscape: a software environment for integrated models of biomolecular interaction networks[J]. *Genome Research*, 2003, **13**(11): 2498-2504.
- [24] Banerjee S, Schlaeppli K, van der Heijden M G A. Keystone taxa as drivers of microbiome structure and functioning[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2018, **16**(9): 567-576.
- [25] 刘坤和, 薛玉琴, 竹兰萍, 等. 嘉陵江滨岸带不同土地利用类型对土壤细菌群落多样性的影响[J]. *环境科学*, 2022, **43**(3): 1620-1629.
- Liu K H, Xue Y Q, Zhu L P, *et al.* Effect of different land use types on the diversity of soil bacterial community in the coastal zone of Jialing River[J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(3): 1620-1629.
- [26] 刘红梅, 李睿颖, 高晶晶, 等. 保护性耕作对土壤团聚体及微生物学特性的影响研究进展[J]. *生态环境学报*, 2020, **29**(6): 1277-1284.
- Liu H M, Li R Y, Gao J J, *et al.* Research progress on the effects of conservation tillage on soil aggregates and microbiological characteristics[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2020, **29**(6): 1277-1284.
- [27] 杨慧, 梁影, 徐觉明, 等. 岩溶区钙与土壤有机碳关系的研究进展[J]. *广西科学*, 2018, **25**(5): 505-514.
- Yang H, Liang Y, Xu J M, *et al.* Research progress of the relationship between soil calcium and soil organic carbon in karst area[J]. *Guangxi Sciences*, 2018, **25**(5): 505-514.
- [28] Rowley M C, Grand S, Verrecchia P. Calcium-mediated stabilisation of soil organic carbon[J]. *Biogeochemistry*, 2018, **137**(1-2): 27-49.
- [29] Yuan T L, Gammon N, Leighty R G. Relative contribution of organic and clay fractions to cation-exchange capacity of sandy soils from several soil groups[J]. *Soil Science*, 1967, **104**(2): 123-128.
- [30] Trivedi P, Delgado-Baquerizo M, Jeffries T C, *et al.* Soil aggregation and associated microbial communities modify the impact of agricultural management on carbon content[J]. *Environmental Microbiology*, 2017, **19**(8): 3070-3086.
- [31] Guo F, Jiang G H, Yuan D X. Major ions in typical subterranean rivers and their anthropogenic impacts in southwest karst areas, China[J]. *Environmental Geology*, 2007, **53**(3): 533-541.
- [32] Zhou J B, Jin Z J, Leng M, *et al.* Investigation of soil bacterial communities and functionalities within typical karst paddy field soils in southern China[J]. *Fresenius Environmental Bulletin*, 2021, **30**(4): 3537-3548.
- [33] Tang Y, Lian B, Dong H L, *et al.* Endolithic bacterial communities in dolomite and limestone rocks from the Nanjiang canyon in Guizhou karst area (China)[J]. *Geomicrobiology Journal*, 2012, **29**(3): 213-225.
- [34] Gschwendtner S, Leberecht M, Engel M, *et al.* Effects of elevated atmospheric CO₂ on microbial community structure at the plant-soil interface of young beech trees (*Fagus sylvatica* L.) grown at two sites with contrasting climatic conditions[J]. *Microbial Ecology*, 2015, **69**(4): 867-878.
- [35] Ananyeva K, Wang W, Smucker A J M, *et al.* Can intra-aggregate pore structures affect the aggregate's effectiveness in protecting carbon? [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, **57**: 868-875.
- [36] 鲜文东, 张潇潼, 李文均. 绿弯菌的研究现状及展望[J]. *微生物学报*, 2020, **60**(9): 1801-1820.
- Xian W D, Zhang X T, Li W J. Research status and prospect on bacterial phylum chloroflexi[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2020, **60**(9): 1801-1820.
- [37] De Vries F T, Shade A. Controls on soil microbial community stability under climate change[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2013, **4**, doi: 10.3389/fmicb.2013.00265.
- [38] Ma B, Wang H Z, Dsouza M, *et al.* Geographic patterns of co-occurrence network topological features for soil microbiota at continental scale in eastern China[J]. *The ISME Journal*, 2016, **10**(8): 1891-1901.
- [39] Yang L Y, Barnard R, Kuzyakov Y, *et al.* Bacterial communities drive the resistance of soil multifunctionality to land-use change in karst soils[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2021, **104**, doi: 10.1016/j.ejsobi.2021.103313.
- [40] Delgado-Baquerizo M, Eldridge D J, Ochoa V, *et al.* Soil microbial communities drive the resistance of ecosystem multifunctionality to global change in drylands across the globe[J]. *Ecology Letters*, 2017, **20**(10): 1295-1305.
- [41] Xue Y F, Tian J, Quine T A, *et al.* The persistence of bacterial diversity and ecosystem multifunctionality along a disturbance intensity gradient in karst soil[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **748**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.142381.
- [42] Banerjee S, Kirkby C A, Schmutter D, *et al.* Network analysis reveals functional redundancy and keystone taxa amongst bacterial and fungal communities during organic matter decomposition in an arable soil[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, **97**: 188-198.
- [43] Han S, Delgado-Baquerizo M, Luo X S, *et al.* Soil aggregate size-dependent relationships between microbial functional diversity and multifunctionality[J]. *Soil Biology and*

- Biochemistry, 2021, **154**, doi: 10.1016/j.soilbio.2021.108143.
- [44] Ye G P, Banerjee S, He J Z, *et al.* Manure application increases microbiome complexity in soil aggregate fractions: Results of an 18-year field experiment [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2021, **307**, doi: 10.1016/j.agee.2020.107249.
- [45] Manzoni S, Taylor P, Richter A, *et al.* Environmental and stoichiometric controls on microbial carbon - use efficiency in soils[J]. New Phytologist, 2012, **196**(1): 79-91.
- [46] 梁超, 朱雪峰. 土壤微生物碳泵储碳机制概论[J]. 中国科学: 地球科学, 2021, **51**(5): 680-695.
Liang C, Zhu X F. The soil microbial carbon pump as a new concept for terrestrial carbon sequestration [J]. Science China Earth Sciences, 2021, **64**(4): 545-558.
- [47] Santillán J, López-Martínez R, Aguilar-Rangel E J, *et al.* Microbial diversity and physicochemical characteristics of tropical karst soils in the northeastern Yucatan peninsula, Mexico [J]. Applied Soil Ecology, 2021, **165**, doi: 10.1016/j.apsoil.2021.103969.
- [48] Cheng X Y, Yun Y, Wang H M, *et al.* Contrasting bacterial communities and their assembly processes in karst soils under different land use[J]. Science of the Total Environment, 2021, **751**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.142263.
- [49] Bai Z, Xie H T, Kao-Kniffin J, *et al.* Shifts in microbial trophic strategy explain different temperature sensitivity of CO₂ flux under constant and diurnally varying temperature regimes [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2017, **93**(5), doi: 10.1093/femsec/fix063.
- [50] Trivedi P, Rochester I J, Trivedi C, *et al.* Soil aggregate size mediates the impacts of cropping regimes on soil carbon and microbial communities [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2015, **91**: 169-181.
- [51] Che R X, Liu D, Qin J L, *et al.* Increased litter input significantly changed the total and active microbial communities in degraded grassland soils[J]. Journal of Soils and Sediments, 2020, **20**(7): 2804-2816.



CONTENTS

Development Scenarios and Environmental Benefits Analysis of Future Power Generation Industry Under Two Modes in China	LIU Chun-jing, LÜ Jian-yi, ZHAO Wen-chang, <i>et al.</i>	(3375)
Forecasting of Emission Co-reduction of Greenhouse Gases and Pollutants for the Road Transport Sector in Lanzhou Based on the LEAP Model	PANG Ke, ZHANG Qian, MA Cai-yun, <i>et al.</i>	(3386)
Discussion of Air Quality Forecasting Evaluation for Cities Based on Half-level Method	WANG Xiao-yan, ZHU Li-li, XU Rong, <i>et al.</i>	(3396)
Characterization and Health Risk Assessment of Heavy Metals in PM _{2.5} in Xiamen Port	XIAO Si-han, CAI Mei-jun, LI Xiang, <i>et al.</i>	(3404)
Deposition Characteristics of Water-soluble Inorganic Nitrogen and Organic Nitrogen in Atmospheric Precipitation in the Northern Suburbs of Nanjing	ZHANG Jia-ying, YU Xing-na, ZHANG Yu-xiu, <i>et al.</i>	(3416)
Analysis of PM _{2.5} Transmission Characteristics in Main Cities of Jinzhong Basin in Winter	WANG Xiao-lan, WANG Yan, YAN Shi-ming, <i>et al.</i>	(3423)
Temporal Evolution and Source Apportionment of Black Carbon Aerosol in Ordos During Summer and Autumn 2019	KONG Xiang-chen, ZHANG Lian-xia, ZHANG Cai-yun, <i>et al.</i>	(3439)
Characteristics, Sources, and SOAP of VOCs During Winter in Jiyuan	WANG Fang, LI Li-xia, WANG Hong-guo, <i>et al.</i>	(3451)
Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds in August in the Chang-Zhu-Tan Urban Area	LUO Da-tong, ZHANG Qing-mei, LIU Zhan, <i>et al.</i>	(3463)
Ozone Sensitivity Analysis and Control Strategy in Shijiazhuang City in July 2019	ZHU Jia-xian, WANG Xiao-qi, OU Sheng-ju, <i>et al.</i>	(3473)
Spatiotemporal Variation and Influencing Factors of AOD in the North China Plain	GUO Lin, MENG Fei, MA Ming-liang	(3483)
Aerosol Optical Characteristics with Ground-based Measurements via Sun Photometer and Its Relationship with PM Particle Concentration in Chang'an	ZHENG Yu-rong, WANG Xu-hong, CUI Si-ying, <i>et al.</i>	(3494)
Spatial-temporal Distribution and Evolution Characteristics of Air Pollution in Beijing-Tianjin-Hebei Region Based on Long-term "Ground-Satellite" Data	WANG Yao-ting, YIN Zhen-ping, ZHENG Zuo-fang, <i>et al.</i>	(3508)
Ten-year Trend Analysis of Eutrophication Status and the Related Causes in Lake Hongze	CHEN Tian-yu, LIU Chang-qing, SHI Xiao-li, <i>et al.</i>	(3523)
Shallow Groundwater Around Plateau Lakes: Spatiotemporal Distribution of Phosphorus and Its Driving Factors	YANG Heng, LI Gui-fang, YE Yuan-hang, <i>et al.</i>	(3532)
Characteristics and Differences of Dissolved Oxygen Stratification in Different Tributaries of Three Gorges Reservoir During Impoundment Period	Ji Dao-bin, FANG Jiao, LONG Liang-hong, <i>et al.</i>	(3543)
Dissolved Organic Matter Component and Source Characteristics of the Metropolitan Lakes and Reservoirs in a Typical Karst Region	NI Mao-fei, ZHOU Hui, MA Yong-mei, <i>et al.</i>	(3552)
Characteristics, Sources, and Risk Assessment of Perfluoroalkyl Substances in Surface Water and Sediment of Luoma Lake	HUANG Jia-hao, WU Wei, HUANG Tian-yin, <i>et al.</i>	(3562)
Vertical Distribution Characteristics and Influencing Factors of Phytoplankton Community Structure in Qiandao Lake	WANG Ji-yi, HUO Di, GUO Chao-xuan, <i>et al.</i>	(3575)
Chemical Forms and Spatial Distribution of Phosphorus in the Sediment of Sihe River	ZHANG Zi-han, ZHANG Xin-ru, JIA Chuan-xing, <i>et al.</i>	(3587)
Influence of Optimal Land Use Allocation on Phosphorus Loss in the Process of Rainfall and Runoff	ZHOU Hao, CHEN Fang-xin, LUO Yi-feng, <i>et al.</i>	(3597)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Accumulated Heavy Metals in Bioretention Systems	CHU Yang-yang, YANG Long, ZHOU Yuan, <i>et al.</i>	(3608)
Effects of Damming and Impoundment on Planktonic Microbial Community Structure and Interspecific Interaction Patterns in Different Water Depths	WANG Xun, ZHANG Jia-jia, YUAN Qiu-sheng, <i>et al.</i>	(3623)
Identification of Bacterial Flora and Metabolic Function of Sediments in Different Channels of Duliujian River Basin, Tianjin	LIU Jia-yuan, FENG Yue, YANG Xue-chun, <i>et al.</i>	(3635)
Spatiotemporal Distribution and Source Apportionment of Suspended Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Surface Water	PENG Ke-xing, LI Rui-fei, ZHOU Yi-chen, <i>et al.</i>	(3645)
Spatial Variation and Potential Sources of Microplastics in Rivers in Tongzhou District, Beijing	MEN Cong, LI Di, ZUO Jian-e, <i>et al.</i>	(3656)
Effects of Microplastic Exposure on Crucian Growth, Liver Damage, and Gut Microbiome Composition	HU Jia-min, ZUO Jian-e, LI Jin-bo, <i>et al.</i>	(3664)
Influence of Different Types of Dewatering Agents on the Solidification Effect and Physical and Chemical Properties of Sediment	REN Jun, YIN Peng, WANG Wei-zhen, <i>et al.</i>	(3672)
Structural Characteristics of Micro-nano Particle Size Biochar and Its Adsorption Mechanism for Cd ²⁺	MA Wen-yan, PEI Peng-gang, GAO Ge, <i>et al.</i>	(3682)
Phosphorus Adsorption Characteristics of Different Biochar Types and Its Influencing Factors	LIAN Shen-hai, ZHANG Shu-nan, LIU Feng, <i>et al.</i>	(3692)
Development of Zeolite Loaded Mg-La-Fe Ternary (hydr)oxides for Treatment of Low Concentration Phosphate Wastewater	YIN Xue-jie, SONG Xiao-bao, DING Chen-man, <i>et al.</i>	(3699)
Succession and PICRUSt2-based Predicted Functional Analysis of Microbial Communities During the Sludge Bulking Occurrence and Restoration in One-stage Combined Partial Nitrification and ANAMMOX Process	LI Ya-nan, YAN Bing, ZHENG Rui, <i>et al.</i>	(3708)
Aerobic Granulation Stability and Microbial Diversity of Filamentous Bulking Sludge	GAO Chun-di, YANG Xiao-yang, OU Jia-li, <i>et al.</i>	(3718)
Dynamic Variation in Vegetation Cover and Its Influencing Factor Detection in the Yangtze River Basin from 2000 to 2020	XU Yong, ZHENG Zhi-wei, GUO Zhen-dong, <i>et al.</i>	(3730)
Enrichment and Ecological Risk Assessment of Available Phosphorus in Paddy Soil of Fujian Province Over Past 40 years	CHEN Zhong-xing, QIU Long-xia, CHEN Han-yue, <i>et al.</i>	(3741)
Effects of Land Use Change on Constitution, Stability, and C, N, P Stoichiometric Characteristics of Soil Aggregates in Southwest China Karst	HE Yu, SHENG Mao-yin, WANG Ke, <i>et al.</i>	(3752)
Heavy Metal Pollution and Health Risk Assessment of Mine Soil in Yangtze River Economic Belt	ZHANG Zhe, LU Ran, WU Si-yang, <i>et al.</i>	(3763)
Pollution Characteristics and Phytotoxicity of Heavy Metals in the Soil Around Coal Gangue Accumulation Area	SHANG Yu, SANG Nan	(3773)
Evaluation of Mercury Pollution in Soil of Different Land Use Types in Coal-fired Industrial Area	LI Qiang, YAO Wan-cheng, ZHAO Long, <i>et al.</i>	(3781)
Cadmium Enrichment and Bioavailability of Quaternary Profiles in Nansha District, Guangzhou, China	WANG Fang-ting, BAO Ke, HUANG Chang-sheng, <i>et al.</i>	(3789)
Health Risk Assessment and Environmental Benchmark of Heavy Metals in Cultivated Land in Mountainous Area of Northwest Guizhou Province	XU Meng-qi, YANG Wen-tao, YANG Li-yu, <i>et al.</i>	(3799)
Effect Factors and Model Prediction of Soil Heavy Metal Bioaccessibility	ZHANG Jia-wen, TIAN Biao, LUO Jing-jing, <i>et al.</i>	(3811)
Effect of Organic Material Amendments on Soil Respiration in Tobacco Fields of Central Henan	LU Qi-fei, YE Xie-feng, HAN Jin, <i>et al.</i>	(3825)
Methane Production Potential and Methanogenic Pathways in Paddy Soils Under Different Rice-based Cropping Systems	SHEN Wan-yu, HUANG Qiong, MA Jing, <i>et al.</i>	(3835)
Characteristics and Assembly Process of Reclaimed Soil Microbial Communities in Eastern Plain Mining Areas	MA Jing, DONG Wen-xue, ZHU Yan-feng, <i>et al.</i>	(3844)
Differences in Bacterial Community Structure in Rhizosphere Soil of Three <i>Caragana</i> Species and Its Driving Factors in a Common Garden Experiment	LI Yuan-yuan, XU Ting-ting, AI Zhe, <i>et al.</i>	(3854)
Comparison of Bacterial Community Structure and Functional Groups of Paddy Soil Aggregates Between Karst and Non-karst Areas	XIAO Xiao-yi, JIN Zhen-jiang, LENG Meng, <i>et al.</i>	(3865)
Contrasting Responses of the Microbial Community Structure and Functional Traits to Soil pH in Purple Soils	WANG Zhi-hui, JIANG Xian-jun	(3876)
Effects of Agricultural Organic Waste Incorporation on the Metabolic Capacity of Microbial Carbon Sources of Dissolved Organic Matter in Paddy Soil	XIAO Yi, LI Zheng, HUANG Rong, <i>et al.</i>	(3884)