

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

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期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)	

有机物料还田对稻田土壤 DOM 碳源代谢能力的影响

肖怡¹, 李峥¹, 黄容^{1,2}, 汤奥涵¹, 李冰^{1*}, 王昌全¹

(1. 四川农业大学资源学院, 成都 611130; 2. 土壤多尺度界面过程与调控重庆市重点实验室, 重庆 400715)

摘要: 以成都平原典型稻麦轮作长期定位施肥试验土壤为研究对象, 设置常规施肥 (T1)、猪粪替代 50% 氮肥 (T2) 和猪粪替代 50% 氮肥 + 秸秆全量还田 (T3) 这 3 种处理, 采用 Biolog-ECO 方法, 研究长期有机物料还田下土壤和土壤可溶性有机质 (DOM) 的碳源代谢能力。结果表明, T3 处理较 T1 和 T2 处理显著增加了土壤的碳源代谢能力, 平均颜色变化率 (AWCD) 分别增长 16% 和 48%; 同时 T3 处理提高了土壤 DOM 的碳源代谢能力, 其 AWCD 值为 0.43。从微生物碳代谢功能多样性指数来看, 土壤和土壤 DOM 中微生物的碳代谢功能多样性指数均以 T3 处理最高, 其中土壤 DOM 中微生物的 Shannon、Simpson 和 McIntosh 指数分别为 2.73、0.91 和 3.75。主成分分析和富集分析结果显示, 不同施肥处理下土壤和土壤 DOM 的主要利用碳源类型存在差异, 对于 DOM 而言, T1 和 T2 处理的 DOM 主要利用碳源仅为糖类, 而 T3 处理增加了对氨基酸类、羧酸类、聚合物类和胺类的利用。土壤 pH 和质地的改变是引起土壤 DOM 碳源代谢能力差异的主要因素。综上, 猪粪配合秸秆施用显著增加了土壤和土壤 DOM 的微生物群落多样性和碳源代谢能力, 促进了微生物碳源偏好向多元化转变。

关键词: 有机物料; 可溶性有机质 (DOM); 土壤微生物; Biolog-ECO

中图分类号: X171 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)07-3884-11 DOI: 10.13227/j.hjks.202108247

Effects of Agricultural Organic Waste Incorporation on the Metabolic Capacity of Microbial Carbon Sources of Dissolved Organic Matter in Paddy Soil

XIAO Yi¹, LI Zheng¹, HUANG Rong^{1,2}, TANG Ao-han¹, LI Bing^{1*}, WANG Chang-quan¹

(1. College of Resources, Sichuan Agricultural University, Chengdu 611130, China; 2. Chongqing Key Laboratory of Soil Multi-Scale Interfacial Process, Chongqing 400715, China)

Abstract: A long-term fertilization experiment with a system of rice-wheat rotation was conducted in Chengdu Plain. Three fertilization treatments including conventional fertilization (T1), pig manure substituting for 50% nitrogen fertilizer (T2), and T2 plus straw (T3) were set up to study the characteristics of microbial carbon source utilization of soil and dissolved organic matter (DOM). The results showed that T3 improved the soil microbial carbon source metabolism in comparison with those of the T1 and T2 treatments; the average color change rate (AWCD) increased by 16% and 48%, respectively. Meanwhile, T3 improved the soil DOM microbial carbon source metabolism, and the AWCD value was 0.43. The highest Shannon, Simpson, and McIntosh indexes of soil and DOM were all found in the T3 treatment, and the Shannon, Simpson, and McIntosh indexes of DOM were 2.73, 0.91, and 3.75, respectively. The results of principal component analysis and enrichment analysis showed that the main carbon sources used by microorganisms of soil and DOM were different under different fertilization treatments. For DOM, the main carbon source used by microorganisms in the T1 and T2 treatments was sugar, whereas T3 increased the utilization of amino acids, carboxylic acids, polymers, and amines. The changes in soil pH and texture were the main factors that caused the difference in soil DOM microbial carbon source metabolism. In conclusion, the application of organic fertilizer (pig manure plus straw) significantly increased the microbial community diversity and carbon source metabolic capacity of soil and DOM and promoted the diversification of microbial carbon source preference.

Key words: agricultural organic wastes; dissolved organic matter (DOM); soil microbial community; Biolog-ECO

土壤溶解性有机质 (dissolved organic matter, DOM) 是土壤有机质的活性组分, 是迁移性最强的易被微生物吸收利用的碳 (C) 源, 同时也是生态过程变化的敏感指标^[1,2]。作为碳“源-汇”的重要组成部分, DOM 能显著影响全球碳循环以及 CO₂ 和 CH₄ 等温室气体排放^[3,4]。中国作为世界上最大的农业有机废弃物产生国, 面对潜力巨大的废弃物资源, 我国的整体利用率仍然偏低^[5-7]。通过减少氮肥投入和有机物料还田来管理养分资源, 是实现作物高产和农田环境保护的重要途径^[8,9]。有研究表明^[10-13], 农业有机物料富含 C 等营养元素, 将其还田会对土壤理化性质和土壤微生物产生重要影响^[14]。而土壤微生物的活性强弱能直接影响土壤 DOM 的生物降解能力, 最终影响土壤 C 排放^[15,16]。

Hui 等^[17]的研究通过土壤 DOM 的生物降解培养试验发现, 有机肥料的投入相较于对照和常规施肥能提高土壤 DOM 的含量和微生物活性, 增加 CO₂ 和 N₂O 的排放。万菁娟等^[18]研究可溶性有机物输入对亚热带森林土壤 CO₂ 排放及微生物群落的影响表明, 添加不同来源可溶性有机物影响了土壤微生物群落, 其中土壤 G⁺、G⁻、放线菌及真菌 PLFAs 含量和 CO₂ 排放量均高于培养前。但 Ji 等^[19]的研究表明, 有机物料的添加阻碍了土壤 DOM 的生物降

收稿日期: 2021-08-24; 修订日期: 2021-12-02

基金项目: 四川省科技厅重点研发项目 (2021YFN0127); 国家青年科学基金项目 (42107247); 重庆市教委科技项目 (KJZD-K202004101)

作者简介: 肖怡 (1993 ~), 女, 博士研究生, 主要研究方向为稻田土壤有机质环境效应, E-mail: 329813178@qq.com

* 通信作者, E-mail: benglee@163.com

解,从而减少了 CH₄ 的排放. 因此,外源有机物料添加是否必然会提高土壤 DOM 的微生物活性和加速 DOM 的生物降解,仍然存在争议.

Biolog-ECO 是一种通过测试微生物对单一碳源利用程度,反映微生物群体水平的生理功能轮廓及多样性的分析方法,通过得到被测微生物群落的代谢特征指纹来分辨微生物群落的微小变化,最大限度地保留微生物群落原有的代谢特征,对于评价样品对碳源底物利用能力具有优势^[20~22]. 张璐等^[23]利用 Biolog-ECO 方法研究有机物料对植烟土壤微生物群落功能多样性的影响时表明,有机物料的施用增加了土壤有机碳和微生物生物量含量、提高了土壤酶活性,改善了土壤养分状况,有助于增强土壤微生物的碳源利用能力,提高微生物群落功能多样性. 韦安培等^[24]的研究基于 Biolog-ECO 方法发现,秸秆还田能够明显改善土壤理化性质,进而显著提高土壤的微生物碳源代谢能力和代谢活性,最终增加了小麦产量. 然而,现有研究多集中于土壤微生物群落的碳源利用特征^[25,26],而针对有机物料还田对土壤 DOM 碳源代谢能力的研究结果尚不明确. 因此,本文以稻田土壤为研究对象,采用 Biolog-ECO 方法,揭示有机物料还田对土壤和土壤 DOM 碳源代谢能力和微生物群落结构的影响,以期农业生产科学施肥和土壤固碳减排提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 试验地概况

研究区位于四川省都江堰市天马镇境内(30°44′~31°22′ N, 103°25′~103°47′ E),试验点属中亚热带季风湿润气候,全年气候温暖湿润,年均气温 15.2℃,年均降水量近 1 200 mm,无霜期 280 d,平均海拔 643 m. 田间定位试验始于 2011 年,该区采用稻麦轮作的种植制度,试验地土壤为水稻土,试验开始前 0~20 cm 耕层土壤理化性质为:pH 6.63, SOM(有机质)28.4 g·kg⁻¹, AN(碱解氮)113 mg·kg⁻¹, AP(有效磷)8.5 mg·kg⁻¹, AK(速效钾)53 mg·kg⁻¹.

1.2 试验设计

田间试验共设置 3 个处理. ①T1:常规施肥、②T2:猪粪替代 50% 氮肥、③T3:猪粪替代 50% 氮肥+秸秆全量还田,每个处理 3 个重复,小区面积 20 m²,随机区组排列. 各试验处理的水稻季施肥情况如表 1 所示.

供试材料:猪粪均由都江堰德宏农业公司提供,为干湿分离的腐熟猪粪;秸秆来自前茬小麦;无机肥料分别为市售尿素(46.4% N)、过磷酸钙(12%

P₂O₅)和氯化钾(60% K₂O),水稻品种冈优 22,小麦品种选用中优 838.

表 1 水稻季不同处理施肥情况/kg·hm⁻²

Table 1 Fertilization of different treatments in field experiment/kg·hm⁻²

试验处理	猪粪	N	P ₂ O ₅	K ₂ O	秸秆
T1	0	180	75	75	0
T2	4 480	90	0	0	0
T3	4 480	90	0	0	7 500

1.3 土壤样品采集与分析

于 2020 年 9 月水稻收获后,采集 0~20 cm 的土壤样品,每个田块按“S”形采样法采集 5 个点,在去除土壤中石砾和植物残茬后将土样混匀为 1 份土壤样品. 土样带回实验室后一部分置于 4℃ 冰箱保存,用于微生物功能多样性的测定;另一部分冻干后,用于土壤可溶性有机质(DOM)的提取.

土壤 pH 采用电位法测定(水土比为 2.5:1);土壤有机碳采用重铬酸钾容量法测定;土壤铵态氮和硝态氮含量用 0.5 mol·L⁻¹ KCl 溶液浸提,采用紫外分光光度计测定;土壤质地采用比重法测定(参考国际制分级).

土壤 DOM 的提取及测定:将冷冻干燥后的土壤磨碎,过 60 目筛后按 10:1 水土比加入超纯水(Millipore),振荡(25℃, 200 r·min⁻¹, 16 h)、离心(4 000 r·min⁻¹, 30 min)后,过 0.45 μm 微孔滤膜,得到滤液为土壤 DOM,存放在高硼硅棕色玻璃瓶中置于 4℃ 冰箱保存. 采用 Vario TOC cube(Elementar, Germany)分析仪测定液体样本的 DOC 浓度. T1、T2 和 T3 试验处理提取的 DOM 分别标记为 DT1、DT2 和 DT3.

Biolog-ECO 试验:Biolog 技术通过分布于 96 孔中的碳源底物来分析评价土壤微生物功能多样性. Biolog-ECO 板含有 6 类 31 种碳源(4 种聚合物、10 种糖类、7 种羧酸、6 种氨基酸、2 种胺类和 2 种酚类). 称取相当于 10.00 g 干土的新鲜土壤于 100 mL 三角瓶中,加入 90 mL 灭菌的生理盐水(0.85% NaCl),用无菌棉花塞封口. 振荡 30 min 后,静置 15 min,用移液枪吸取 10 mL 上清液,加入 90 mL 灭菌生理盐水. 按逐步稀释法,将土壤悬液稀释为 10⁻³ g·mL⁻¹. 在超净工作台中用移液枪将制备好的土壤悬液接种到 Biolog-ECO 板的各孔中. 将接种好的 Biolog-ECO 板盖好盖子,放入 25℃ 的培养箱中培养 7 d(共计 168 h). 每隔 24 h 用酶标仪在 590 nm 下测定各孔的吸光度值(同理将 DOM 接种到 Biolog-ECO 板上并测定 DOM 的微生物群落功能多样性).

1.4 数据处理与统计分析

土壤及 DOM 微生物群落利用碳源的能力用 Biolog-ECO 板的平均颜色变化率 (AWCD) 表示,微生物群落多样性指数分析采用 Shannon (H) 指数、Simpson 指数 (D) 和 McIntosh 指数 (U) 表征.

$$AWCD = n^{-1} \cdot \sum_{i=1}^n (C_i - R) \tag{1}$$

式中, C_i 为所测定的 31 个碳源孔吸光值; R 为对照孔吸光值; n 为碳源数目.

群落 Shannon 指数 (H):

$$H = - \sum P_i \times \ln P_i \tag{2}$$

式中, P_i 为第 i 孔相对吸光值与整板平均相对吸光值总和的比,即:

$$P_i = (C_i - R) / \sum (C_i - R) \tag{3}$$

群落 Simpson 指数 (D):

$$D = 1 - \sum P_i^2 \tag{4}$$

群落 McIntosh 指数 (U):

$$U = \sqrt{\sum n_i^2} \tag{5}$$

采用 SPSS 22 软件进行 One-way ANOVA (单因素方差分析)、Pearson 相关性分析和 PCA 主成分分析;采用 R 3.4.3 软件进行富集分析;采用 Excel 2019 软件进行数据处理和绘图.

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质

从表 2 可以看出,T1、T2 和 T3 处理的 SOC、DOC 和 NH_4^+ -N 含量无明显差异;与 T1 处理相比,T2 和 T3 处理显著增加了土壤 pH 值,分别提高了 0.36 和 0.97 个单位;相较于 T1 和 T3 处理,T2 处理的 NO_3^- -N 含量分别显著提高了 273% 和 105%,而 T1 和 T3 处理间差异不显著;对于土壤质地而言,T3 处理的黏粒和粉粒含量显著大于 T1 和 T2 处理,T1 和 T2 处理之间土壤质地差异不显著.

表 2 不同施肥处理下的土壤性质¹⁾

Table 2 Soil properties under different fertilization treatments

处理	SOC(有机质) /g·kg ⁻¹	DOC(可溶性有机碳) /mg·kg ⁻¹	pH	NO ₃ ⁻ -N(硝态氮) /mg·kg ⁻¹	NH ₄ ⁺ -N(铵态氮) /mg·kg ⁻¹	砂粒/%	黏粒/%	粉粒/%
T1	12.23a	162.33a	5.80c	3.12b	11.83a	55a	13b	32b
T2	12.12a	152.23a	6.16b	11.64a	11.95a	54a	13b	33b
T3	11.58a	208.43a	6.77a	5.67b	12.69a	47b	17a	36a

1) 不同小写字母表示同一指标不同处理在 0.05 水平差异显著 ($P < 0.05$)

2.2 微生物群落 AWCD

平均颜色变化率 (AWCD) 反映了微生物群落对底物碳源的利用水平,是判定土壤微生物群落代谢碳源能力的重要指标. AWCD 值越高表明微生物密度越高、活性越大,反之亦然. 由图 1(a) 可知,T1、T2 和 T3 处理的 AWCD 值均呈现随时间增加而上升的趋势,在整个培养期间,T1 (0.02 ~ 0.49) 和 T3 (0.02 ~ 0.51) 处理的 AWCD 值均大于 T2 (0.01 ~ 0.21) 处理. 对土壤 DOM 而言[图 1(b)],仅 DT3 处理的 AWCD 值随时间增加而不断上升;且 DT3 处

理的 AWCD 值在整个培养期间均显著高于 DT1 和 DT2 处理,并在培养 168 h 后达到最高值 (0.805);除培养第 48 h,DT1 (0.10) 处理的 AWCD 值显著大于 DT2 (0.02) 处理外,其余时段 DT1 和 DT2 处理的 AWCD 值基本一致且趋近于 0.

2.3 微生物对碳源利用的动态分析

微生物对不同碳源的利用强度可以反映微生物的代谢功能类群,根据化学基团的性质将 Biolog Eco 板上的 31 种碳源分成 6 类,进一步分析每类碳源的相对利用率. 由图 2(a) 可以看出,在整个培养期间

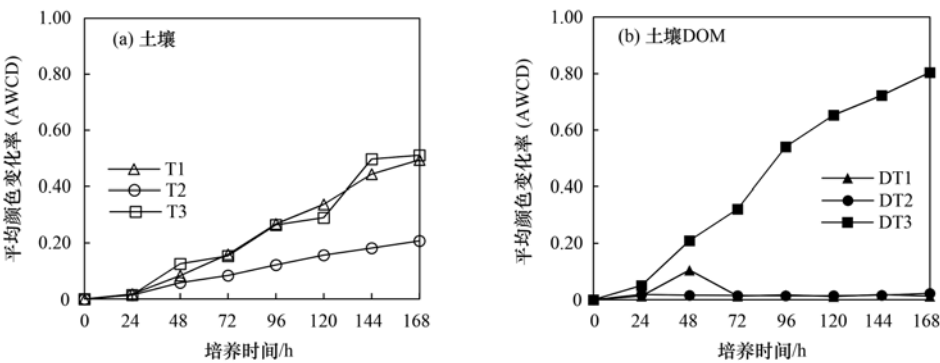


图 1 不同处理的土壤及其 DOM 微生物群落的平均颜色变化率

Fig. 1 Average well color development of soil and DOM microbe community in different treatments

T1、T2 和 T3 处理对 6 大类碳源的利用强度虽然存在差异,但随着时间增长呈现出大致相同的变化趋势.除对糖类、聚合类和胺类的利用程度不断减小外,T1、T2 和 T3 处理对其他 3 种碳源的利用强度随着培养时间的增长总体上呈现逐渐增加的趋势;T1、T2 和 T3 处理在培养 24 h 时对糖类的利用强度在整个培养期间显著大于其他碳源,T3 处理(0.03 ~ 0.28)对胺类的利用强度基本上在整个培养期间高于 T1(0.04 ~ 0.25)和 T2(0.03 ~ 0.20).T2 处理(0.14 ~

0.26)对羧酸类的利用强度在整个培养期间均大于 T1(0.13 ~ 0.16)和 T3(0.09 ~ 0.17)处理.

从图 2(b)得出,在整个培养期间 DT1、DT2 和 DT3 处理对 6 大类碳源的利用强度存在差异且随着时间增长呈现出不同的变化趋势.其中 DT3 处理对氨基酸类、胺类和酚酸类的利用强度较高,且在整个培养期间高于 DT1 和 DT2 处理;而 DT1 和 DT2 处理对糖类和聚合类这两类碳源的利用强度在整个培养期间均大于 DT3 处理.

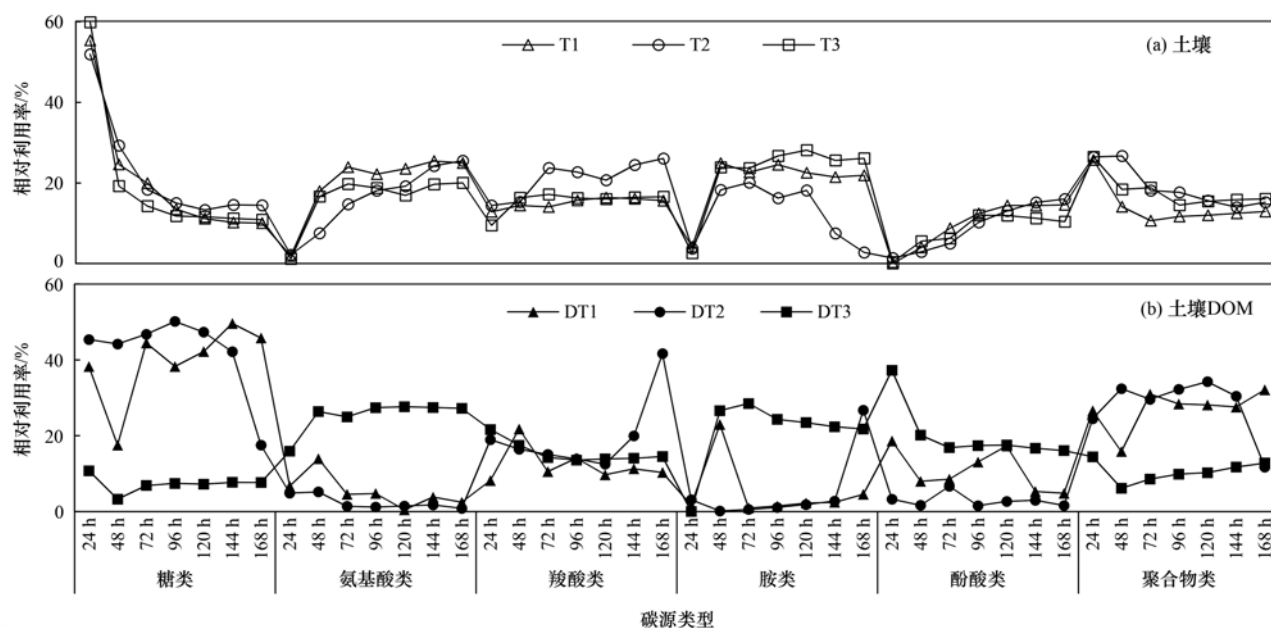


图 2 土壤及其 DOM 微生物群落对不同碳源的相对利用率

Fig. 2 Relative utilization rates of different carbon sources by soil and DOM microbial communities

2.4 微生物碳代谢功能多样性指数

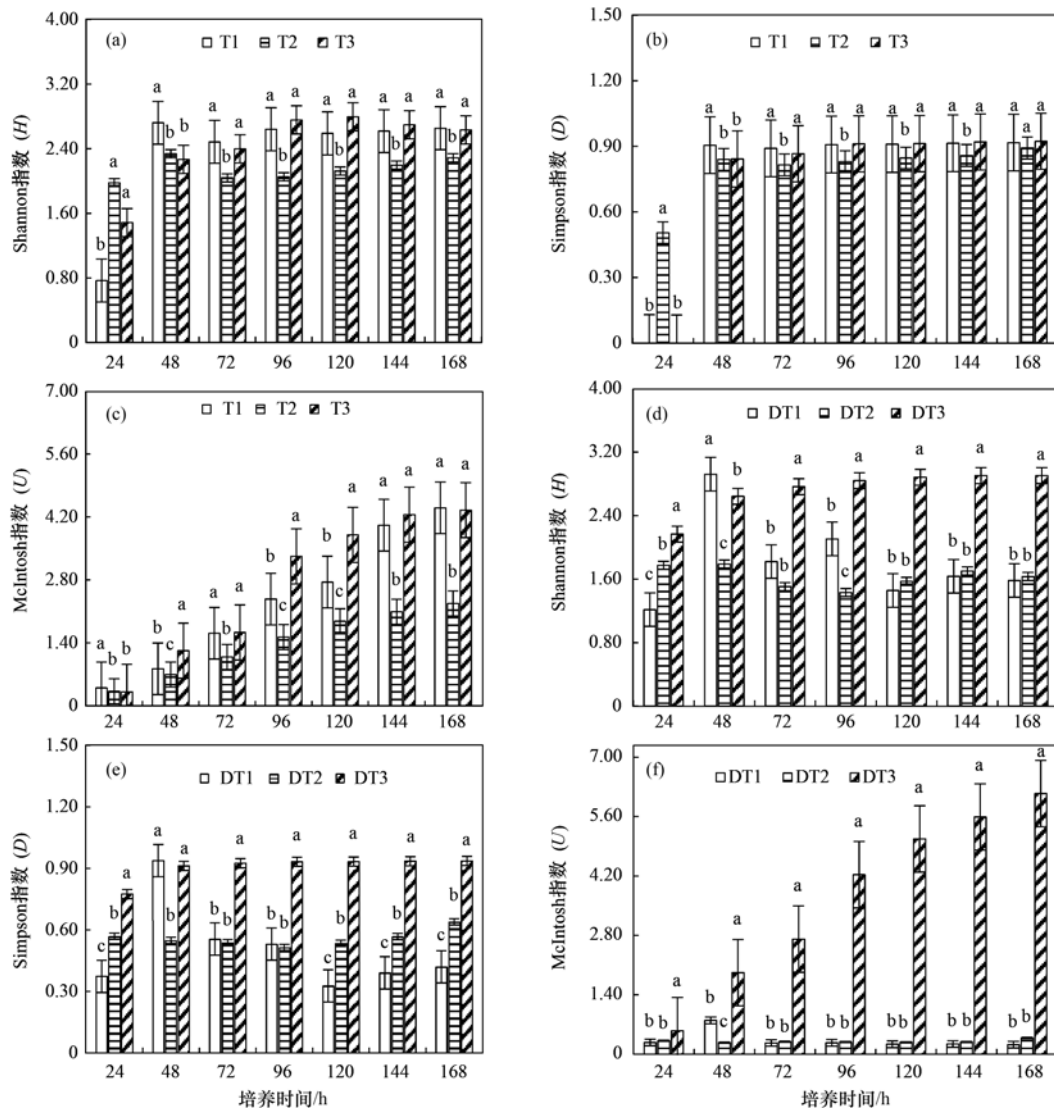
Shannon、Simpson 和 McIntosh 指数可以反映土壤微生物功能多样性.如图 3(a)~3(c)所示,在整个培养期内(24 ~ 168 h),T1、T2 和 T3 处理的 Shannon 指数变化趋势存在差异.培养初期(24 ~ 48 h),各处理的 Shannon 指数呈增加趋势,其中 T1 处理变幅(1.95)显著大于 T2(0.36)和 T3 处理(0.78).培养 96 h 后,T3 处理的 Shannon 指数大于 T1 和 T2 处理.与培养时间 24 h 相比,培养结束后各处理的 Shannon 指数增长率为:T1(245.99%) > T3(77.30%) > T2(15.61%).对 Simpson 指数而言图 3(b),在整个培养期内(24 ~ 168 h),T1、T2 和 T3 处理的 Simpson 指数变化趋势相似,均表现为在培养初期(24 ~ 48 h)先增加后平稳的趋势;与培养时间 24 h 相比,培养结束后各处理的 Simpson 指数均增加,变幅表现为:T3(0.93) > T1(0.92) > T2(0.39).对 McIntosh 指数而言[图 3(c)],T1、T2 和 T3 处理的变化基本上随培养时间增加而稳步上升,其中 T2 处理显著低于 T1 和 T3 处理;与培养时间

24 h 相比,培养结束后 T3 处理的 McIntosh 指数增幅最大,为 4.04,而 T1 和 T2 处理的变幅分别为 4.01 和 1.95.

图 3(d)~3(f)为土壤 DOM 的微生物碳代谢功能多样性指数.如图 3(d)所示,在整个培养期内(24 ~ 168 h),DT1、DT2 和 DT3 处理的 Shannon 指数变化趋势存在差异;培养初期(24 ~ 48 h),DT1、DT2 和 DT3 处理的 Shannon 指数均呈增加趋势,变幅为 0.02 ~ 1.71,其中 DT1 处理(1.71)的 Shannon 指数变幅明显高于 DT2 和 DT3 处理;在 48 ~ 168 h 培养期内,除 DT3 处理的 Shannon 指数呈平缓增加趋势外,其他处理的呈波动式变化;与培养时间 24 h 相比,培养结束后各处理的 Shannon 指数变幅表现为:DT3(0.74) > DT1(0.37) > DT2(-0.14).从图 3(e)可以看出,仅 DT3 处理的 Simpson 指数随培养时间增加而平缓上升;培养初期(24 ~ 48 h),DT1 和 DT3 处理的 Simpson 指数分别显著增加了 150.95% 和 17.71%;在 48 ~ 168 h 培养期内,除 DT1 处理的 Simpson 指数呈波动式变化外,其他处

理的变化并不显著;与培养时间 24 h 相比,培养结束后 DT3 处理的 Simpson 指数增长率最大,为 20.86%,其次是 DT1 (12.45%) 和 DT2 (12.20%)。对 McIntosh 指数而言[图 3(f)],在整个培养期内(24~168 h),仅 DT3 处理基本呈现出随培养时间增加而稳步上升的趋势,DT1 (除培养第 48 h 外)、

DT2 处理的 McIntosh 指数变化不明显且趋近于 0;培养初期(24~48 h),除 DT2 处理外,其余处理的 McIntosh 指数呈增加趋势,且 DT3 处理(1.37)明显高于 DT1(0.52);与培养时间 24 h 相比,培养结束后各处理的 McIntosh 指数变幅表现为:DT3 (5.59) > DT2 (0.07) > DT1 (-0.05)。



(a)~(c)表示土壤,(d)~(f)表示土壤 DOM;不同小写字母表示同一时段不同处理在 0.05 水平差异显著 ($P < 0.05$)

图 3 不同处理土壤及 DOM 微生物群落功能多样性指数

Fig. 3 Functional diversity indices of soil and DOM microbial communities under different treatments

2.5 微生物群落碳源利用特征

当培养时间达到 120 h 时,不同处理间土壤和 DOM 的 Shannon、Simpson 和 McIntosh 指数的差异性分别趋于稳定,因此分别选取培养 120 h 的土壤和 DOM 微生物群落代谢活性吸光值,对不同处理的微生物利用碳源底物情况进行主成分分析。从表 3 可以看出,对土壤微生物利用碳源底物情况进行主成分分析时,第 1 主成分和第 2 主成分累计贡献率为 41.86%;对 PC1 贡献较大(荷载绝对值 > 0.50)的碳源有 13 种,分别为羧酸类 4 种,糖类 4

种,氨基酸类 2 种,胺类 1 种,聚合物类 1 种,酚酸类 1 种。对 PC2 贡献较大(荷载绝对值 > 0.50)的碳源有 13 种,分别为羧酸类 4 种,氨基酸类 3 种,胺类 2 种,聚合物类 2 种,糖类 2 种。进一步对土壤 DOM 微生物利用碳源底物情况进行主成分分析发现(表 3),第 1 主成分和第 2 主成分累计贡献率为 82.79%,其中对 PC1 贡献较大的碳源有 27 种,分别为糖类 8 种、氨基酸类 6 种、羧酸类 6 种、聚合物类 4 种、胺类 2 种和酚酸类 1 种;对 PC2 贡献较大的碳源有 3 种,均为糖类。

结合图 4(a) 和表 3 可以得出, T1、T2 和 T3 处理的微生物能同时利用 PC1 和 PC2 轴所荷载的碳源, 其中 T3 处理对碳源的利用程度高于 T2 和 T1 处理. T1、T2 和 T3 处理所对应的投影点均分布于 PC1 和 PC2 轴的正端, 可见这 3 种处理的土壤微生物能

同时利用 PC1 和 PC2 轴所荷载的碳源(氨基酸类、羧酸类、糖类和胺类). 对土壤 DOM 而言, DT1、DT2 和 DT3 处理的微生物主要利用 PC1 轴所荷载的碳源, 其中 DT3 处理对碳源的利用程度高于 DT1 和 DT2 处理. DT1 和 DT2 处理所对应的投影点主

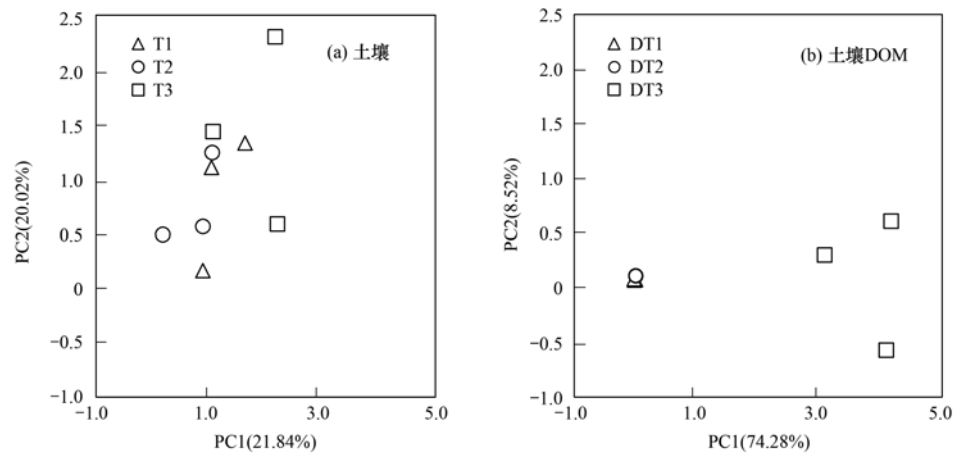


图 4 不同处理土壤及 DOM 微生物碳源利用特性的主成分分析

Fig. 4 PCA analysis of carbon utilization for microbial communities in soil and DOM treated by different organic fertilizers

表 3 31 种碳源的主成分载荷因子

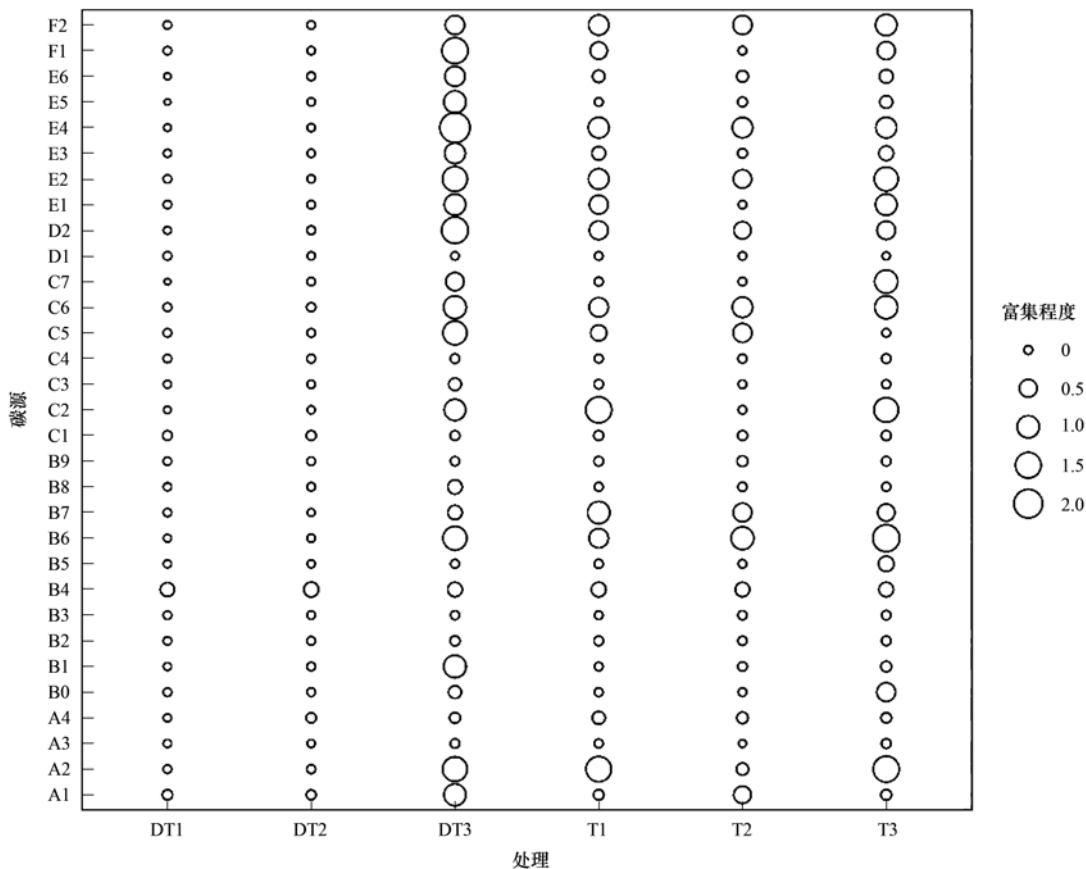
Table 3 Loading factors of principle components of 31 sole-carbon sources

碳源化学类别	碳源类型	土壤(T1、T2 和 T3)		DOM(DT1、DT2 和 DT3)	
		主成分 PC1	主成分 PC2	主成分 PC1	主成分 PC2
聚合物类	吐温 40	0.127	0.543	0.947	-0.299
	吐温 80	0.330	-0.027	0.939	0.177
	α -环式糊精	0.486	0.648	0.780	0.414
	肝糖	-0.587	0.049	0.769	0.113
糖类	D-纤维二糖	0.806	-0.002	0.932	0.125
	α -D-乳糖	0.038	0.243	0.771	-0.587
	β -甲基-D-葡萄糖苷	0.310	-0.400	0.893	-0.253
	D-木糖/戊醛糖	0.604	-0.096	0.388	0.628
	<i>i</i> -赤藓糖醇	0.043	0.181	0.142	-0.299
	D-甘露醇	0.723	0.233	0.916	-0.163
	<i>N</i> -乙酰-D-葡萄糖氨	0.095	0.284	0.926	-0.362
	1-磷酸葡萄糖	0.766	-0.529	0.703	0.637
	D, L- α -磷酸甘油	-0.365	0.291	0.866	-0.414
	D-半乳糖酸 γ -内酯	-0.069	0.724	0.983	0.093
	2-羟基苯甲酸	-0.584	-0.367	0.265	0.204
酚酸类	4-羟基苯甲酸	0.323	0.155	0.922	0.245
羧酸类	γ -羟丁酸	0.638	0.236	0.919	0.322
	衣康酸	0.005	0.294	0.902	-0.142
	丙酮酸甲酯	0.021	0.740	0.942	0.201
	α -丁酮酸	0.588	-0.735	0.918	0.063
	D-苹果酸	-0.451	0.320	0.992	-0.036
	D-葡萄糖酸	0.531	0.634	0.963	0.208
	D-半乳糖醛酸	0.680	-0.575	0.253	0.467
氨基酸类	L-精氨酸	-0.165	0.503	0.987	0.093
	L-天门冬酰胺	0.519	0.066	0.979	-0.196
	L-苯丙氨酸	0.246	-0.595	0.985	-0.166
	L-丝氨酸	0.230	-0.053	0.993	0.038
	L-苏氨酸	0.330	0.578	0.929	-0.022
	甘氨酸-L-谷氨酸	0.725	-0.341	0.910	-0.060
胺类	苯乙胺	0.381	0.728	0.944	-0.254
	腐胺	0.601	0.620	0.975	-0.067

要分布于 PC2 轴的正端但趋近于 0,表明两者虽然主要利用 PC2 轴所荷载的碳源(糖类)但利用率很低;DT3 处理对应的投影点主要分布于 PC1 轴的正端,表明其主要利用 PC1 轴所荷载的碳源(糖类、氨基酸类、羧酸类、聚合物类、胺类).

为进一步探究土壤和 DOM 微生物的碳源喜好,利用 R 3. 4. 3 软件对土壤和 DOM 微生物群落功能结构进行富集分析. 如图 5 所示,与 T1 相比, T2 处理减少了在吐温 80、 γ -羟丁酸、L-精氨酸、

L-苯丙氨酸和苯乙胺的富集,增加了在吐温 40 的富集; T3 处理增加在 D-半乳糖酸 γ -内酯、*i*-赤藓糖醇和 D-葡萄糖胺酸的富集,减少了在 D-苹果酸的富集. DT1 和 DT2 的微生物富集趋势一致,基本不在任何碳源产生富集; DT3 处理的微生物在多个碳源下产生富集,并在氨基酸类和胺类包含的所有碳源下产生富集,L-丝氨酸(氨基酸类)和苯乙胺(胺类)是 DT3 处理的微生物富集程度最高的两个碳源.



A1. 吐温 40; A2. 吐温 80; A3. α -环式糊精; A4. 肝糖; B0. D-半乳糖酸 γ -内酯; B1. D-纤维二糖; B2. α -D-乳糖; B3. β -甲基-D-葡萄糖苷; B4. D-木糖/戊醛糖; B5. *i*-赤藓糖醇; B6. D-甘露醇; B7. *N*-乙酰-D-葡萄糖氨; B8. 1-磷酸葡萄糖; B9. D, L- α -磷酸甘油; C1. D-半乳糖醛酸; C2. γ -羟丁酸; C3. 衣康酸; C4. α -丁酮酸; C5. D-苹果酸; C6. 丙酮酸甲酯; C7. D-葡萄糖胺酸; D1. 2-羟基苯甲酸; D2. 4-羟基苯甲酸; E1. L-精氨酸; E2. L-天门冬酰胺; E3. L-苯丙氨酸; E4. L-丝氨酸; E5. L-苏氨酸; E6. 甘氨酸-L-谷氨酸; F1. 苯乙胺; F2. 腐胺

图 5 土壤和 DOM 的微生物群落富集分析气泡图

Fig. 5 Pathway analysis of soil and DOM microbial communities

3 讨论

本研究中,猪粪配合秸秆还田处理显著增加土壤微生物功能多样性和碳源代谢能力,这与宁赵等^[27]的研究结果一致,其通过长期不同施肥条件的大田试验发现,与常规施肥相比,有机物料还田(秸秆和有机肥)能显著增加微生物量碳和微生物生长速率,改善土壤环境. 这是因为化肥、猪粪及秸秆配施可为土壤微生物生长繁殖提供大量速效养分,猪粪和秸秆二者的投入提供了大量生物有效性碳源及

部分外源菌群,避免由单施化肥引起的土壤酸化和养分不均衡,增加土壤微生物多样性. 同时新鲜外源有机碳还会产生激发效应,提高与养分代谢有关的微生物群落的丰度和活性^[26]. 此外,施用有机物料(猪粪+秸秆)能显著增强土壤微生物群落多样性和均匀度,使土壤微生物在多种碳源上产生富集(图 5),有利于其碳源代谢能力的提高. 本研究中,猪粪替代 50% 化肥处理的土壤微生物碳源代谢能力低于常规施肥处理,这与基于 Biolog-ECO 方法的土壤微生物碳源代谢结果不一致^[28~30]; 一方面可

能是因为猪粪投入提高了土壤环境中 C: 养分比值, 高于微生物最优生长所需元素比例的阈值, 使微生物将多余的 C 以溢流呼吸或代谢分泌物的形式释放, 从而降低了土壤微生物碳源利用率; 另一方面, 单施化肥会使参与 N 的芳香化合物降解的氧化酶受到抑制, 降低土壤微生物对能量的需求^[27]。

不同施肥处理(T1、T2 和 T3)下土壤微生物活性及碳源代谢能力的差异一定程度上导致了土壤 DOM 微生物功能多样性的差异。通过相关性分析发现(表 4), 土壤 DOM 的微生物活性和多样性指数与土壤 pH 值呈正相关, 与土壤砂粒含量呈负相关。土壤溶解性有机质(DOM)虽然只占土壤总有机质的一小部分, 但却是土壤中最活跃的有机碳库, 容易被微生物吸收利用。本研究中, 猪粪替代 50% 氮肥 + 秸秆全量还田处理的 AWCD 值、Shannon、Simpson 和 McIntosh 指数均高于常规施肥和猪粪替代 50% 氮肥处理, 其原因可能是土壤酸碱度和土壤质地的改变^[31,32]。土壤 pH 值被认为是影响土壤微生物种类和结构的主要因素, 一方面对土壤微生物在生物群落和区域尺度上的多样性和群落组成有重要影响, 另一方面也能影响土壤微生物参与土壤碳氮循环的速率^[27]。土壤微生物对土壤 pH 值的变化十分敏感, 一般情况下, 最适宜其生长的土壤 pH 值区间为 6.5~7.5。而土壤酸化会导致土壤环境恶化, 降低土壤微生物量和微生物活性^[31]。费裕琨等^[33]的研究发现 pH 值是影响土壤微生物群落碳代谢功能多样性指数的重要环境因子, 土壤微生物多样性指数与 pH 值呈正相关关系。本研究中猪粪替代 50% 氮肥 + 秸秆全量还田处理相较于其他处理提高了土壤 pH 值, 使土壤由酸性向中性转变, 为土壤微生物提供了适宜的生境。有研究表明, 土壤 pH 值还会对土壤 DOM 分子量的结构产生影响, 较低的 pH 值会增加 DOM 大分子量的比重, 不利于 DOM 的生物降解^[34,35]。因此土壤 pH 值升高会增加土壤 DOM 中微生物的数量与活性, 加速其生物降解。此外, 土壤

DOM 光谱特征数据表明, 猪粪替代 50% 氮肥 + 秸秆全量还田处理下土壤 DOM 的芳香化和腐殖化程度显著高于常规施肥和猪粪替代 50% 氮肥处理(数据未发表), 促使微生物对猪粪替代 50% 氮肥 + 秸秆全量还田处理的土壤 DOM 中难降解碳源的分解, 且该处理微生物在难降解碳源上的富集印证了这一结果。土壤质地作为土壤重要的物理性质之一, 也能通过影响土壤孔隙度、养分状况及含水量, 从而影响土壤微生物的生存环境和代谢活性^[32]。王群艳等^[32]通过对同一母质不同质地的固碳微生物的研究表明, 土壤质地是影响自养固碳微生物群落结构和多样性的重要因素, 较高的黏粒含量有利于维持更高的自养固碳微生物多样性和活性, 因此壤质黏土较砂质黏壤土有较高的可溶性有机碳含量和固碳细菌群落多样性。本研究中, 猪粪替代 50% 氮肥 + 秸秆全量还田处理的土壤黏粒含量高于其他处理, 增加了土壤 DOM 含量, 为微生物活动提供更多碳源, 因此, 猪粪替代 50% 氮肥 + 秸秆全量还田处理的土壤 DOM 微生物多样性指数和碳源代谢能力高于常规施肥、猪粪替代 50% 氮肥处理。

主成分分析和富集分析能共同反映微生物群落代谢的碳源偏好。有研究表明, 氨基酸类和胺类是区分不同施肥处理土壤微生物群落代谢特性差异的主要碳源, 糖类和氨基酸类是微生物利用的主要碳源^[36~40]。本研究中, 不同施肥处理下土壤微生物的主要碳源利用均为氨基酸类、羧酸类、糖类和胺类, 但利用程度存在一定差异, 添加秸秆猪粪的 T3 处理利用程度高于 T1 和 T2 处理。其中起分异作用的碳源是吐温 40、吐温 80、*i*-赤藓糖醇、D-半乳糖酸 γ -内酯、D-葡萄糖胺酸、 γ -羟丁酸、D-苹果酸、L-精氨酸和苯乙胺。与土壤微生物不同的是, 氨基酸类、羧酸类、聚合物类和胺类是区分不同施肥处理土壤 DOM 微生物群落代谢特性差异的主要碳源。其中, 糖类、氨基酸类、羧酸类、聚合物类和胺类均是猪粪替代 50% 氮肥 + 秸秆全量还田处理的主要利用

表 4 微生物群落多样性及土壤性质相关性分析¹⁾

Table 4 Correlation of microbial community indexes and soil properties

类型	项目	SOM	DOC	pH	NO ₃ ⁻ -N	NH ₄ ⁺ -N	砂粒	黏粒	粉粒	AWCD (土壤)	AWCD (DOM)
土壤	AWCD	-0.301	0.060	0.322	-0.307	-0.096	-0.478	0.474	0.308	—	0.474
	Shannon 指数	0.049	-0.278	0.160	0.538	-0.179	-0.020	0.391	-0.377	-0.068	-0.022
	Simpson 指数	-0.199	-0.661	-0.010	0.299	-0.341	0.087	-0.158	0.020	0.303	-0.114
	McIntosh 指数	-0.271	0.156	0.246	-0.377	-0.003	-0.427	0.348	0.353	0.970 **	0.433
DOM	AWCD	-0.376	0.613	0.907 **	-0.239	0.223	-0.945 **	0.756 *	0.798 **	0.474	—
	Shannon 指数	-0.327	0.365	0.715 *	-0.164	0.218	-0.796 *	0.755 *	0.548	0.708 *	0.844 **
	Simpson 指数	-0.498	0.259	0.807 **	0.019	0.344	-0.796 *	0.801 **	0.499	0.591	0.849 **
	McIntosh 指数	-0.361	0.615	0.913 **	-0.229	0.213	-0.949 **	0.762 *	0.799 **	0.458	1.000 **

1) * 表示在 0.05 水平上显著相关($P < 0.05$), ** 表示在 0.01 水平上显著相关($P < 0.01$)

碳源;其他两个处理的主要利用碳源仅为糖类,且利用率很低,这与常规施肥、猪粪替代 50% 氮肥处理较低的土壤 DOM 碳源代谢能力和微生物多样性有关. 基于微生物群落的富集的结果,猪粪替代 50% 氮肥 + 秸秆全量还田处理促进了微生物在多个碳源产生富集,涵盖了氨基酸类和胺类的所有碳源. 而常规施肥和猪粪替代 50% 氮肥处理的微生物富集趋势一致,基本不在任何碳源上产生富集. 这可能是由于土壤生境和施肥处理的差异,造成了土壤和土壤 DOM 的微生物群落组成的差异,导致不同的微生物类群对于碳源种类具有不同的偏好^[41~45].

4 结论

(1)不同施肥处理下,土壤微生物群落多样性指数和碳源代谢能力的差异一定程度上造成了土壤 DOM 微生物活性的差异. 猪粪替代 50% 氮肥 + 秸秆全量还田能显著增加土壤和土壤 DOM 微生物群落多样性和碳源代谢能力. 土壤 pH 和土壤质地的改变是引起土壤和土壤 DOM 微生物碳源代谢能力差异的主要因素.

(2)氨基酸类、羧酸类、糖类和胺类是各施肥处理下土壤微生物的主要利用碳源,猪粪替代 50% 氮肥 + 秸秆全量还田能提高其碳源利用程度. 不同施肥处理下土壤 DOM 微生物的主要利用碳源与土壤微生物存在差异,常规施肥和猪粪替代 50% 氮肥处理的土壤 DOM 微生物主要利用碳源仅为糖类,猪粪替代 50% 氮肥 + 秸秆全量还田处理增加了对氨基酸类、羧酸类、聚合物类和胺类的利用,促进了土壤 DOM 微生物碳源偏好的多元化.

参考文献:

- [1] Huang M, Li Z W, Chen M, *et al.* Dissolved organic matter released from rice straw and straw biochar: contrasting molecular composition and lead binding behaviors[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **739**, doi: 10. 1016/j. scitotenv. 2020. 140378.
- [2] Feng Z J, Fan Z L, Song H P, *et al.* Biochar induced changes of soil dissolved organic matter: the release and adsorption of dissolved organic matter by biochar and soil[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **783**, doi: 10. 1016/j. scitotenv. 2021. 147091.
- [3] Jiang T, Bravo A G, Skjellberg U, *et al.* Influence of dissolved organic matter (DOM) characteristics on dissolved mercury (Hg) species composition in sediment porewater of lakes from southwest China[J]. *Water Research*, 2018, **146**: 146-158.
- [4] 马静, 徐华, 蔡祖聪, 等. 秸秆条带状覆盖对稻田 CH₄ 和 N₂O 排放的影响[J]. *土壤学报*, 2010, **47**(1): 84-89.
Ma J, Xu H, Cai Z C, *et al.* CH₄ and N₂O emissions from rice fields as affected by mulching of strips of wheat straws[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2010, **47**(1): 84-89.
- [5] 张福锁, 王激清, 张卫峰, 等. 中国主要粮食作物肥料利用率现状与提高途径[J]. *土壤学报*, 2008, **45**(5): 915-924.
- [6] 张俊伶, 张江周, 申建波, 等. 土壤健康与农业绿色发展: 机遇与对策[J]. *土壤学报*, 2020, **57**(4): 783-796.
Zhang J L, Zhang J Z, Shen J B, *et al.* Soil health and agriculture green development: opportunities and challenges[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2020, **57**(4): 783-796.
- [7] 郭瑞, 陈同斌, 张悦, 等. 不同污泥处理与处置工艺的碳排放[J]. *环境科学学报*, 2011, **31**(4): 673-679.
Guo R, Chen T B, Zhang Y, *et al.* Review of carbon emission in the process of sludge treatment and disposal[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2011, **31**(4): 673-679.
- [8] 黄容, 高明, 吕盛, 等. 锯木灰渣改良退化菜园紫色土壤的效果研究[J]. *土壤学报*, 2018, **55**(3): 695-706.
Huang R, Gao M, Lü S, *et al.* Effect of saw dust ash ameliorating degraded vegetable garden purple soil [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2018, **55**(3): 695-706.
- [9] Zhang W J, Wang X J, Xu M G, *et al.* Soil organic carbon dynamics under long-term fertilizations in arable land of northern China[J]. *Biogeosciences*, 2010, **7**(2): 409-425.
- [10] Shen J L, Tang H, Liu J Y, *et al.* Contrasting effects of straw and straw-derived biochar amendments on greenhouse gas emissions within double rice cropping systems[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2014, **188**: 264-274.
- [11] Liu C Y, Wang K, Meng S X, *et al.* Effects of irrigation, fertilization and crop straw management on nitrous oxide and nitric oxide emissions from a wheat-maize rotation field in northern China[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2011, **140**(1-2): 226-233.
- [12] Houben D, Daoulas G, Faucon M P, *et al.* Potential use of mealworm frass as a fertilizer: impact on crop growth and soil properties[J]. *Scientific Reports*, 2020, **10**: 4659.
- [13] 王青霞, 李美霖, 陈喜靖, 等. 秸秆还田下氮肥运筹对水稻各生育期土壤微生物群落结构的影响[J]. *应用生态学报*, 2020, **31**(3): 935-944.
Wang Q X, Li M L, Chen X J, *et al.* Effects of nitrogen management on soil microbial community structure at different growth stages under straw returning in paddy soils[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2020, **31**(3): 935-944.
- [14] 高文翠, 杨卫君, 贺佳琪, 等. 生物炭添加对麦田土壤微生物群落代谢的影响[J]. *生态学杂志*, 2020, **39**(12): 3998-4004.
Gao W C, Yang W J, He J Q, *et al.* Effects of biochar on soil microbial community metabolism in wheat field [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2020, **39**(12): 3998-4004.
- [15] 王春阳, 周建斌, 王祥, 等. 黄土高原区不同植物凋落物可溶性有机碳的含量及生物降解特性[J]. *环境科学*, 2011, **32**(4): 1139-1145.
Wang C Y, Zhou J B, Wang X, *et al.* Contents and biodegradation of soluble organic carbon in different plant residues from the Loess Plateau [J]. *Environmental Science*, 2011, **32**(4): 1139-1145.
- [16] 王妙莹, 许旭萍, 王维奇, 等. 炉渣与生物炭施加对稻田温室气体排放及其相关微生物影响[J]. *环境科学学报*, 2017, **37**(3): 1046-1056.
Wang M Y, Xu X P, Wang W Q, *et al.* Effect of slag and biochar amendment on greenhouse gases emissions and related microorganisms in paddy fields [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2017, **37**(3): 1046-1056.

- [17] Hui C, Liu B, Wei R, *et al.* Dynamics, biodegradability, and microbial community shift of water-extractable organic matter in rice-wheat cropping soil under different fertilization treatments [J]. *Environmental Pollution*, 2019, **249**: 686-695.
- [18] 万菁娟, 郭剑芬, 纪淑蓉, 等. 可溶性有机物输入对亚热带森林土壤 CO₂ 排放及微生物群落的影响[J]. *林业科学*, 2016, **52**(2): 106-113.
Wan J J, Guo J F, Ji S R, *et al.* Effects of dissolved organic matter input on soil CO₂ emission and microbial community composition in a subtropical forest [J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2016, **52**(2): 106-113.
- [19] Ji M Y, Zhou L, Zhang S C, *et al.* Effects of biochar on methane emission from paddy soil: focusing on DOM and microbial communities [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **743**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.140725.
- [20] 蔡进军, 董立国, 李生宝, 等. 黄土丘陵区不同土地利用方式土壤微生物功能多样性特征[J]. *生态环境学报*, 2016, **25**(4): 555-562.
Cai J J, Dong L G, Li S B, *et al.* The characteristics of soil microbe function diversity in semi-arid loess hilly region [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2016, **25**(4): 555-562.
- [21] 董立国, 蒋齐, 蔡进军, 等. 基于 Biolog-ECO 技术不同退耕年限苜蓿地土壤微生物功能多样性分析[J]. *干旱区研究*, 2011, **28**(4): 630-637.
Dong L G, Jiang Q, Cai J J, *et al.* Analysis on functional diversity of edaphon communities in medicago sativa fields of different growth years based on Biolog-ECO plates [J]. *Arid Zone Research*, 2011, **28**(4): 630-637.
- [22] 彭彩娟, 黄巧云, 陈雯莉. BIOLOG 微平板技术检测农田土壤微生物群落结构的方法比较[J]. *华中农业大学学报*, 2017, **36**(3): 7-12.
Peng C J, Huang Q Y, Chen W L. Comparison of different BIOLOG microplate technology for detecting carbon metabolism of farmland soils [J]. *Journal of Huazhong Agricultural University*, 2017, **36**(3): 7-12.
- [23] 张璐, 阎海涛, 任天宝, 等. 有机物料对植烟土壤养分、酶活性和微生物群落功能多样性的影响[J]. *中国烟草学报*, 2019, **25**(2): 55-62.
Zhang L, Yan H T, Ren T B, *et al.* Effects of organic matter on nutrient, enzyme activity and functional diversity of microbial community in tobacco planting soil [J]. *Acta Tabacaria Sinica*, 2019, **25**(2): 55-62.
- [24] 韦安培, 丁文超, 胡恒宇, 等. 耕作方式及秸秆还田对土壤性质、微生物碳源代谢及小麦产量的影响[J]. *干旱地区农业研究*, 2019, **37**(6): 145-152.
Wei A P, Ding W C, Hu H Y, *et al.* Effects of tillage methods and straw return on soil properties, metabolism of microbial carbon source and wheat yield [J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2019, **37**(6): 145-152.
- [25] 韩小美, 黄则月, 程飞, 等. 望天树人工林根际土壤理化性质及微生物群落特征[J]. *应用生态学报*, 2020, **31**(10): 3365-3375.
Han X M, Huang Z Y, Cheng F, *et al.* Physiochemical properties and microbial community characteristics of rhizosphere soil in *Parashorea chinensis* plantation [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2020, **31**(10): 3365-3375.
- [26] 刘燕, 李世雄, 尹亚丽, 等. 基于 Biolog 指纹解析黑土滩退化草地土壤微生物群落特征[J]. *生态环境学报*, 2019, **28**(7): 1394-1403.
Liu Y, Li S X, Yin Y L, *et al.* Analysis on soil microbial community characteristics of black soil beach degraded grassland based on biolog fingerprint [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2019, **28**(7): 1394-1403.
- [27] 宁赵, 程爱武, 唐海明, 等. 长期施肥下水稻根际和非根际土壤微生物碳源利用特征[J]. *环境科学*, 2019, **40**(3): 1475-1482.
Ning Z, Cheng A W, Tang H M, *et al.* Microbial carbon source metabolic profile in rice rhizosphere and nonrhizosphere soils with different long-term fertilization management [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(3): 1475-1482.
- [28] 刘红梅, 安克锐, 王慧, 等. 不同施肥措施对华北潮土区玉米田土壤微生物碳源代谢多样性的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2020, **39**(10): 2336-2344.
Liu H M, An K R, Wang H, *et al.* Effects of fertilization regimes on the metabolic diversity of microbial carbon sources in a maize field of fluvo-aquic soil in North China [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2020, **39**(10): 2336-2344.
- [29] 陆思旭, 贺丽燕, 王旭东. 耕作措施对玉米田耕层土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. *干旱地区农业研究*, 2020, **38**(5): 15-22.
Lu S X, He L Y, Wang X D. Effects of different tillage measures on metabolic functional diversity of soil microbial community in surface soil of maize field [J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2020, **38**(5): 15-22.
- [30] Tang H M, Xiao X P, Li C, *et al.* Microbial carbon source utilization in rice rhizosphere and nonrhizosphere soils with short-term manure N input rate in paddy field [J]. *Scientific Reports*, 2020, **10**, doi: 10.1038/s41598-020-63639-8.
- [31] 张静静, 刘尊驰, 鄢创, 等. 土壤 pH 值变化对 3 种草原类型土壤碳氮磷生态化学计量特征的影响[J]. *草业学报*, 2021, **30**(2): 69-81.
Zhang J J, Liu Z C, Yan C, *et al.* Effects of soil pH on soil carbon, nitrogen, and phosphorus ecological stoichiometry in three types of steppe [J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2021, **30**(2): 69-81.
- [32] 王群艳, 吴小红, 祝贞科, 等. 土壤质地对自养固碳微生物及其同化碳的影响[J]. *环境科学*, 2016, **37**(10): 3987-3995.
Wang Q Y, Wu X H, Zhu Z K, *et al.* Effects of soil texture on autotrophic CO₂ fixation bacterial communities and their CO₂ assimilation contents [J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(10): 3987-3995.
- [33] 费裕翀, 刘丽, 陈钢, 等. 不同有机肥处理对紫色土油茶林土壤微生物碳源利用的影响[J]. *中国土壤与肥料*, 2020, (5): 101-108.
Fei Y C, Liu L, Chen G, *et al.* Effects of different organic fertilizer treatments on carbon source utilization of soil microbial communities of *Camellia oleifera* plantation in purple soil area [J]. *Soils and Fertilizers Sciences in China*, 2020, (5): 101-108.
- [34] Wang H, Holden J, Zhang Z J, *et al.* Concentration dynamics and biodegradability of dissolved organic matter in wetland soils subjected to experimental warming [J]. *Science of the Total Environment*, 2013, **470-471**: 907-916.
- [35] Li X M, Sun G X, Chen S C, *et al.* Molecular chemodiversity of dissolved organic matter in paddy soils [J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, **52**(3): 963-971.
- [36] 路花, 张美俊, 冯美臣, 等. 氮肥减半配施有机肥对燕麦田土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. *生态学杂志*, 2019, **38**(12): 3660-3666.
Lu H, Zhang M J, Feng M C, *et al.* Effects of half-reduced

- nitrogen fertilization combined with organic fertilizer on functional diversity of soil microbial communities in oat field[J]. Chinese Journal of Ecology, 2019, **38**(12): 3660-3666.
- [37] 周凤, 耿增超, 许晨阳, 等. 生物炭用量对'土微生物量及碳源代谢活性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2019, **25**(8): 1277-1289.
- Zhou F, Geng Z C, Xu C Y, *et al.* Effect of biochar addition on soil microbial biomass and metabolic activities of carbon sources in Lou soil[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2019, **25**(8): 1277-1289.
- [38] 张婷, 孔云, 修伟明, 等. 施肥措施对华北潮土区小麦-玉米轮作体系土壤微生物群落特征的影响[J]. 生态环境学报, 2019, **28**(6): 1159-1167.
- Zhang T, Kong Y, Xiu W M, *et al.* Effects of fertilization treatments on soil microbial community characteristics under the wheat-maize rotation system in fluvo-aquic soil region in north China[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2019, **28**(6): 1159-1167.
- [39] 闫冰, 李俊生, 陆晴, 等. 北京城市公园绿地土壤微生物群落碳源代谢活性特征[J]. 环境科学研究, 2019, **32**(9): 1567-1574.
- Yan B, Li J S, Lu Q, *et al.* Soil microbial carbon metabolic activity of green-land of urban park in Beijing[J]. Research of Environmental Sciences, 2019, **32**(9): 1567-1574.
- [40] 王青霞, 李美霖, 陈喜靖, 等. 麦稻茬口期内施氮对土壤养分及微生物碳源利用的影响[J]. 生态环境学报, 2020, **29**(6): 1130-1138.
- Wang Q X, Li M L, Chen X J, *et al.* Effects of nitrogen application on soil nutrients and microbial carbon source utilization during wheat-rice stubble period[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2020, **29**(6): 1130-1138.
- [41] Lebrun M, Miard F, Bucci A, *et al.* The rhizosphere of *Salix viminalis* plants after a phytostabilization process assisted by biochar, compost, and iron grit: chemical and (micro)-biological analyses[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2021, **28**(34): 47447-47462.
- [42] 李秋梅, 黎胜杰, 王欣丽, 等. 改变碳输入对沂蒙山区典型次生林土壤微生物碳源代谢功能的影响[J]. 生态学报, 2021, **41**(10): 4110-4119.
- Li Q M, Li S J, Wang X L, *et al.* Influences of changing carbon inputs on soil microbial carbon metabolism in natural secondary forests in Yimeng mountainous area[J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, **41**(10): 4110-4119.
- [43] Zhang H, Cao Y F, Lyu J L. Decomposition of different crop straws and variation in straw-associated microbial communities in a peach orchard, China[J]. Journal of Arid Land, 2021, **13**(2): 152-164.
- [44] 李茂, 林开敏, 郑鸣鸣, 等. 指数施肥对杉木苗期基质中微生物功能多样性的影响[J]. 应用与环境生物学报, 2021, **27**(1): 54-61.
- Li M, Lin K M, Zheng M M, *et al.* Effects of nitrogen fertilization on microbial functional diversity in a light-medium for *Cunninghamia lanceolata* (Lamb.) Hook seedlings[J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2021, **27**(1): 54-61.
- [45] 张红, 曹莹菲, 徐温新, 等. 植物秸秆腐解特性与微生物群落变化的响应[J]. 土壤学报, 2019, **56**(6): 1482-1492.
- Zhang H, Cao Y F, Xu W X, *et al.* Decomposition of plant straws and accompanying variation of microbial communities[J]. Acta Pedologica Sinica, 2019, **56**(6): 1482-1492.

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)