

肆秩芳华担使命 踔厉扬帆向未来
——庆祝厦门大学环境学科创立40周年



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年11月

第43卷 第11期
Vol.43 No.11

目次

厦门大学环境学科创立40周年专栏

新污染物共排放对生态环境监测和管理的挑战	王佩, 黄欣怡, 曹致纬, 吴朝阳, 吕永龙 (4801)
河口-近海环境新污染物的环境过程、效应与风险	王新红, 于晓璇, 王思权, 殷笑晗, 钱韦旭, 林晓萍, 吴越, 刘畅 (4810)
海水痕量营养盐和金属的分子光谱分析方法研究进展	袁东星, 黄勇明, 王婷 (4822)
环境水体中硫化物的分析方法: 从实验室分析到原位监测	李鹏, 林坤德, 袁东星 (4835)
环境水体中无机砷现场分析方法研究进展	薄光永, 陈钊英, 弓振斌, 马剑 (4845)
海洋痕量元素采样技术和分析方法的发展及展望: 厦门大学痕量元素平台建设进展	黄勇明, 周宽波, 陈耀瑾, 张楠, 杨俊波, 戴民汉, 曹知勉, 蔡毅华 (4858)

聚乙烯微塑料的微生物降解研究进展	骆苑蓉, 钱义谦, 齐雅楠 (4869)
水稻土中氮素对微生物固氮的扰动及效应机制	王锋, 张静, 周少余, 王鸿辉, 李建, 赵聪媛, 黄鹏, 陈铮 (4876)
中国海洋生态毒理学研究中的毒性测试生物	史天一, 洪海征, 王明华, 谭巧国, 史大林 (4888)
中国油气系统甲烷逸散排放估算	陈春赐, 吕永龙, 贺桂珍 (4905)
2015~2020年厦漳泉地区大气氨排放清单及分布特征	李香, 吴水平, 姜炳祺, 刘怡靖 (4914)
九龙江口微塑料与抗生素抗性基因污染分布特征	程宏, 陈荣 (4924)
厦门湾沙滩沉积物微塑料污染特征	姚蕊, 刘花台, 李永玉, 刘潇雅, 吴海波, 王新红 (4931)
九龙江口-厦门湾海域中溶解态痕量金属的时空分布特征与影响机制	戚柳倩, 岳新利, 钟灏文, 王棋, 王德利, 陈能汪 (4939)
福建省流域-近海溶解氧时空格局与低氧调控机制	杨艾琳, 杨芳, 李少斌, 余其彪, 陈能汪 (4950)
厦门西溪河口沉积物活性磷的分布特征及迁移转化机制	潘峰, 蔡宇, 郭占荣, 王新红 (4961)
改性生物炭固定床对模拟湖水体中 Mn^{2+} 的吸附	赵洁, 叶志隆, 王佳妮, 蔡冠竟 (4971)
基于表面增强拉曼光谱技术的饮用水中痕量恩诺沙星和环丙沙星快速检测	徐婧, 郑红, 卢江龙, 刘国坤 (4982)
紫外驱动高级氧化法降解水体中的磷酸三苯酯	徐子文, 印红玲, 熊远明, 宋娇娇, 譙杨 (4992)

研究报告

2019年秋季海南省4次臭氧污染过程特征及潜在源区分析	符传博, 陈红, 丹利, 徐文帅 (5000)
伊犁河谷夏季 $PM_{2.5}$ 和 PM_{10} 中水溶性无机离子浓度特征和形成机制	陈巧, 谷超, 徐涛, 周春华, 张国涛, 赵雪艳, 吴丽萍, 李新琪, 杨文 (5009)
城区与郊区 $PM_{2.5}$ 污染及传输特征差异性	齐鹏, 周颖, 程水源, 白伟超 (5018)
南京北郊 BTESX 特征及健康风险评估	冯悦政, 安俊琳, 张玉欣, 王俊秀 (5030)
我国陆域水体系统表层水中微塑料生态风险评估	孙晓楠, 陈浩, 贾其隆, 朱奔, 马长文, 叶建峰 (5040)
东江流域不同空间尺度景观格局对水质影响分析	陈优良, 邹文敏, 刘星根, 曾金凤, 李丹, 郑汉奕 (5053)
长江与黄河源丰水期地表水中汞的分布特征、赋存形态及来源解析	刘楠涛, 吴飞, 袁巍, 王训, 王定勇 (5064)
青藏高原湖泊水环境特征及水质评价	刘智琦, 潘保柱, 韩谔, 李刚, 王韬轶 (5073)
基于水化学与硫同位素的卡林型金矿区岩溶水文地球化学特征及控制因素	查学芳, 吴攀, 李学先, 陈世万, 黄家琰, 李清光, 陈思睿 (5084)
丹江口水库真核浮游植物群落分布特征及其与环境因子的关系	贺玉晓, 买思婕, 任玉芬, 李卫国, 赵同谦, 马寅男 (5096)
铜沸石对磷和重金属的吸附与底泥钝化性能	王哲, 朱俊, 李雯, 闫德馨, 董雯, 刘玉玲, 李家科 (5106)
基于宏基因组与宏转录组分析石化废水生物处理系统脱氮功能菌群	章旭, 周佳佳, 周珉, 罗西子, 严新杰, 刘勇弟, 厉巍 (5115)
寒冷地区 IFAS + 磁混凝污水厂菌群结构和抗生素抗性基因分析	杜文琰, 姚俊芹, 马辉英, 胡渊鑫, 张春雷, 陈银广 (5123)
中国旱作农田一氧化氮排放及减排: Meta 分析	田政云, 吴雄伟, 吴媛媛, 魏佳楠, 白鹤, 顾立新 (5131)
硝化抑制剂对我国蔬菜生产产量、氮肥利用率和氧化亚氮减排效应的影响: Meta 分析	刘发波, 马笑, 张芬, 梁涛, 黎亮武, 王军杰, 陈新平, 王孝忠 (5140)
不同施肥措施对热带地区稻菜轮作体系土壤 CH_4 和 N_2O 排放的影响	邵晓辉, 汤水荣, 孟磊, 伍延正, 李金秋, 张广林 (5149)
不同水分条件下土地利用方式对我国热带地区土壤硝化过程及 NO 和 N_2O 排放的影响	唐瑞杰, 胡煜杰, 赵彩悦, 赵炎, 袁新生, 汤水荣, 伍延正, 孟磊 (5159)
基于文献计量分析的长江经济带农田土壤重金属污染特征	刘孝严, 樊亚男, 刘鹏, 吴秋梅, 胡文友, 田康, 黄标 (5169)
基于 EBK 插值预测和 GDM 模型的襄州区耕地土壤重金属时空分布及来源变化分析	高浩然, 周勇, 刘甲康, 程晓明, 郭嵩, 江衍, 谭恒鑫 (5180)
基于 GIS 对宁夏某铜银矿区周边土壤重金属来源解析	张扣扣, 贺婧, 钟艳霞, 魏琪琪, 陈锋 (5192)
老化作用对生物炭钝化白云鄂博矿区碱性土壤中 Cd^{2+} 的影响	王哲, 程俊丽, 卞园, 郑春丽, 王维大, 姜庆宏 (5205)
磁性氧化铁/桑树杆生物炭的制备及其对砷污染土壤溶解性有机碳和砷形态的影响	芦琳, 颜利玲, 梁美娜, 成官文, 朱宗强, 朱义年, 王敦球 (5214)
牡蛎壳粉和石灰改良酸性水稻土对磷有效性、形态和酶活性的影响	赵丽芳, 黄鹏武, 杨彩迪, 卢升高 (5224)
磷、锌和镉交互作用对小白菜生长和锌镉累积的影响	帅祖华, 刘汉燧, 崔浩, 魏世强 (5234)
重庆开州区农地土壤抗生素污染特征及潜在生态环境风险评估	方林发, 叶萃萃, 方标, 范晓霞, 高坤鹏, 李士洋, 陈新平, 肖然 (5244)
基于 InVEST 和 GeoSoS-FLUS 模型的黄河源区碳储量时空变化特征及其对未来不同情景模式的响应	侯建坤, 陈建军, 张凯琪, 周国清, 尤号田, 韩小文 (5253)
黄土丘陵区不同恢复植被类型的固碳特征	许小明, 张晓萍, 何亮, 郭晋伟, 薛帆, 邹亚东, 易海杰, 贺洁, 王浩嘉 (5263)
土壤多功能性对微生物多样性降低的响应	陈桂鲜, 吴传发, 葛体达, 陈剑平, 邓扬悟 (5274)
氮添加对不同坡度退化高寒草甸土壤真菌多样性的影响	苏晓雪, 李希来, 李成一, 孙华方 (5286)
碳减排背景下我国与世界主要能源消费国能源消费结构与模式对比	李辉, 庞博, 朱法华, 孙雪丽, 徐静馨, 王圣 (5294)
中国能源消费碳排放的空间化与时空动态	郝瑞军, 魏伟, 刘春芳, 颜斌斌, 杜海波 (5305)
京津冀及周边地区“2+26”城市结构性调整政策的 CO_2 协同减排效益评估	杨添祺, 王洪昌, 张辰, 朱金伟, 崔宇韬, 谭玉玲, 束轲 (5315)
我国塑料污染防治政策分析与建议	李欢, 朱龙, 沈茜, 贺亚楠, 邓义祥, 安立会 (5326)

土壤多功能性对微生物多样性降低的响应

陈桂鲜^{1,2}, 吴传发², 葛体达², 陈剑平², 邓扬悟^{1*}

(1. 江西理工大学资源与环境工程学院, 赣州 341000; 2. 宁波大学植物病毒学研究所, 省部共建农产品质量安全危害因子与风险防控国家重点实验室, 宁波 315211)

摘要: 土壤微生物群落在驱动多种生态系统功能和生态过程中发挥着重要作用, 是维持生物地球化学循环的主要驱动力。鉴于全球背景下观察到土壤微生物多样性随着土地利用集约化、气候变化而降低的现象, 对土壤微生物多样性的减少是否会对土壤多功能性产生影响进行调查显得尤为重要。利用稀释灭活法构建土壤微生物多样性梯度, 结合高通量测序等技术手段, 探究细菌、真菌和原生生物多样性降低对土壤多功能性的影响。结果表明, 与未灭菌土壤相比, 稀释处理土壤微生物 α 多样性 (丰富度指数和香农指数) 显著降低。主坐标分析 (PCoA) 表明, 未灭菌土壤微生物群落结构与稀释处理土壤存在显著分异, 而且细菌和真菌群落对稀释处理的响应高于原生生物。回归模型显示, 土壤多功能性与微生物多样性指标呈显著的负线性关系, 表明土壤微生物群落变化是调节土壤多功能性的关键因素。其次, 通过集成推进树 (ABT) 和回归模型预测分析发现, 一些特定的微生物类群如真菌短柄菌属 (*Solicozozyma*)、瓦湖胶珊瑚菌 (*Holtermanniella*) 和细菌属 *Rudaea* 相对丰度与土壤多功能性显著负相关, 说明关键微生物类群在生物过程中发挥了指示性作用。进一步通过结构方程模型揭示, 细菌、真菌和原生生物多样性都对土壤多功能性存在直接或间接影响, 其中细菌是驱动土壤多功能性变化的关键生物因子。研究为土壤微生物多样性对土壤多功能性的影响提供了试验证据, 并认为在单一农业生态系统中维持一定的土壤微生物群落多样性, 特别是关键微生物类群的多样性对未来生态系统功能的可持续发展具有重要意义。

关键词: 土壤细菌多样性; 土壤真菌多样性; 土壤原生生物多样性; 土壤多功能性; 小麦生物量

中图分类号: X171 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)11-5274-12 DOI: 10.13227/j.hjxx.202201095

Response of Soil Multifunctionality to Reduced Microbial Diversity

CHEN Gui-xian^{1,2}, WU Chuan-fa², GE Ti-da², CHEN Jian-ping², DENG Yang-wu^{1*}

(1. School of Resources and Environmental Engineering, Jiangxi University of Science and Technology, Ganzhou 341000, China; 2. State Key Laboratory for Managing Biotic and Chemical Threats to the Quality and Safety of Agro-products, Institute of Plant Virology, Ningbo University, Ningbo 315211, China)

Abstract: Soil microbial communities play an important role in driving a variety of ecosystem functions and ecological processes and are the primary driving force in maintaining the biogeochemical cycle. It has been observed that soil microbial diversity decreases with land use intensification and climate change in the global background. It is essential to investigate whether the reduction in soil microbial diversity can affect soil multifunctionality. Thus, in this study, the dilution-to-extinction method was used to construct the gradient of soil microbial diversity, combined with high-throughput sequencing to explore the impact of the reduction in bacterial, fungal, and protist diversity on soil multifunctionality. The results showed that the soil microbial alpha diversity (richness and Shannon index) was significantly lower than that of the original soil. Principal coordinate analysis (PCoA) showed that the microbial community structure of original soil was significantly different from that of diluted soil, and the response of bacterial and fungal communities to diluted soil was higher than that of protists. The regression model showed that there was a significant negative linear relationship between the average response value of soil multi-function and the index of microbial diversity, indicating that the change in soil microbial community was the key factor in regulating soil multifunctionality. The regression model showed that there was a significant negative linear relationship between soil multifunctionality and microbial diversity, indicating that the change in soil microbial community was the key factor to regulate soil multi-kinetic energy. Through the aggregated boosted tree analysis (ABT) and regression model, we found that some specific microbial groups, such as the *Solacozozyma* and *Holtermanniella* of fungi and *Rudaea* of bacteria, could significantly promote the change in soil multifunctionality, which showed that key microbial taxa play an indicative role in biological processes. Furthermore, the structural equation model revealed that bacteria could affect soil multifunctionality through the interaction between microbiomes, which was the key biological factor driving the change in soil multifunctionality. This study provided experimental evidence for the impact of soil microbial diversity on soil multifunctionality, and promoted the notion that maintaining a certain diversity of soil microbial community in a single agricultural ecosystem, especially the diversity of key microbial taxa, is of great significance to the sustainable development of ecosystem function in the future.

Key words: soil bacterial diversity; soil fungal diversity; soil protist diversity; soil multifunctionality; wheat biomass

土壤微生物群落是世界上最丰富最多样化的群落之一, 其多样性对维持生态系统功能和持续性发展至关重要^[1]。有研究表明土壤微生物群落可以驱动地球生物化学循环、分解有机物、抑制土传病害和促进植物生长等^[2~4]。生物多样性降低已成为全球关注的热点, 农业集约化、气候变化和土地利用方式等可能导致生物多样性降低^[5~7], 并且可能对生态系统功能服务和可持续发展产生负面影响, 比

如阻碍植物吸收养分和地上地下群落之间的资源循环^[8,9]。但是, 目前大部分相关研究主要集中于地上部生物多样性的丧失^[10], 对地下生物多样性降低的研究相对较少, 这将阻碍人们正确认识生物多样性降

收稿日期: 2022-01-11; 修订日期: 2022-03-23

基金项目: 宁波市重大科技任务攻关项目(2021Z101)

作者简介: 陈桂鲜(1995~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为农田土壤微生物, E-mail: cgxian2020@163.com

* 通信作者, E-mail: tosang@foxmail.com

低产生的后果。

土壤多功能性是指土壤生态系统能够同时提供和维持多个生态功能的能力,包括微生物活性、养分循环、土壤养分储存、土壤氮转化和凋落物分解等^[11],土壤多功能性的完整是实现生态系统功能的基础^[12]。微生物群落通过自身的代谢作用,分解土壤有机质,改善土壤养分储存条件,促进养分循环,而矿化产物则被植物或者其他微生物群落利用^[13],因此微生物多样性与土壤有效养分多功能性密切相关。土壤胞外水解酶作为微生物代谢的中间产物,与微生物群落多样性和组成密切相关,能够反映土壤养分和生物活性状况,常被用来评价土壤质量和生态系统功能^[14]。本研究选用土壤有效养分、生物活性和小麦生物量代表土壤多功能性,能够较为全面地反映土壤地上地下功能现状,对土壤多功能性做出综合评价。Trivedi 等^[15]的研究表明,微生物功能多样性(包括硝化菌、甲烷转化菌和反硝化菌)丧失降低了土壤有效硝酸盐、甲烷和一氧化二氮通量,影响了土壤关键过程。Chen 等^[16]的研究表明,细菌多样性是维持生菜生产力的关键,细菌多样性降低会影响土壤关键过程,进而减少生菜生物量。Delgado-Baquerizo 等^[17]结合全球调研和室内试验,发现微生物多样性与生态系统多种功能都呈显著正相关,这些功能包括土壤养分循环、凋落物分解、抵抗病原菌和植物生产力;该研究还表明微生物群落之间的互作,尤其是优势物种在推动土壤多功能性中发挥着重要作用。但是,由于微生物群落存在高度功能冗余,因此有研究者表明微生物多样性降低并不会影响土壤多功能性,包括碳矿化、硝化和反硝化等土壤过程^[18]。由此可见,人们对微生物多样性与土壤多功能性的关系认识十分有限,并且存在争议。

细菌和真菌是被研究最多的微生物类群,目前关于微生物多样性与土壤多功能性关系的研究也主要聚焦于细菌和真菌^[15,18]。相对细菌和真菌而言,原生生物的重要性往往被忽视。原生生物作为土壤中数量最多,种类最多的真核生物,在调控植物健康、促进养分循环和维持生态系统平衡等方面发挥着重要作用^[19]。原生生物是细菌和真菌的主要捕食者,它可以自上而下调控微生物群落,比如原生生物对细菌群落的选择性捕食可以导致细菌群落组成和功能发生定向变化^[20,21]。以上研究都表明,应该拓宽土壤微生物多样性降低的范围,综合考虑细菌、真菌和原生生物多样性降低对土壤多功能性的影响。

到目前为止,关于土壤微生物多样性研究主要集中于特定的微生物类群和广泛的田间试验^[3],缺

乏定量的土壤微生物多样性分析。小麦作为我国第三大粮食作物,其生产直接影响我国粮食发展和安全^[22]。因此,在本研究中利用稀释灭绝法^[16,23,24]构建微生物多样性梯度,以小麦“烟农 999”为供试作物,通过高通量测序对细菌、真菌和原生生物群落进行表征,以土壤有效养分含量、土壤生物活性和小麦生物量为土壤多功能性,探寻土壤多功能性对微生物群落多样性降低的响应。

1 材料与方法

1.1 土壤采集与制备

本研究所用土壤于 2021 年 3 月从中国山东临沂市莒南县龙窝村(35°6.57'N,118°38.14'E)的小麦试验田采集(表层土壤 0~20 cm)。该试验田从 2013 年开始进行小麦抗病性鉴定,拥有较好的研究基础和长期稳定的耕作模式。土质为棕壤,土壤基础理化性质如下:pH 为 5.16、 ω [总氮(TN)]为 3.19 g·kg⁻¹、 ω [总碳(TC)]为 24.60 g·kg⁻¹、 ω [硝态氮(NO₃⁻-N)]为 59.33 mg·kg⁻¹和 ω [铵态氮(NH₄⁺-N)]为 40.30 mg·kg⁻¹。土壤去除杂质和残根,过 2 cm 筛后,一部分 25℃ 避光储存,另一部分装入灭菌袋于 121℃,90 min 下灭菌两次^[24]。灭菌效果通过 LB 肉汤培养基和马铃薯葡萄糖琼脂(PDA)培养基检测:5 g 灭菌土壤与 25 mL 灭菌水充分振荡混合之后,将土壤悬浊液分别接种到 LB 肉汤和 PDA 固体培养基上,于 37℃ 下培养 6 d^[25],并未见细菌、真菌或其他微生物在培养基上生长。灭菌土壤和未灭菌土壤分别在 25℃ 培养箱中避光培养 20 d,使土壤稳定,此时灭菌土壤 CO₂ 矿化速率趋于稳定,为 1.18 mg·(kg·h)⁻¹。

1.2 试验设计

将 5 g 未灭菌土壤与 25 mL 灭菌水充分混合 2 min,静置 1 min 制备土壤原始悬浊液^[26]。将土壤原始悬浊液进行梯度稀释:10⁰、10³、10⁶ 和 10⁹,然后以 1:25 的土水比将不同浓度土壤悬浊液和灭菌水分别接种到灭菌土壤中,以上操作均在超净工作台进行。最后设置的处理组为 OS(未灭菌土壤)、D0(接种 10⁻⁰ 稀释菌液)、D3(接种 10⁻³ 稀释菌液)、D6(接种 10⁻⁶ 稀释菌液)、D9(接种 10⁻⁹ 稀释菌液)和 SS(接种灭菌水)。接种完成后加入灭菌水使土壤含水率达到田间持水量的 60%,封上封口膜于 25℃ 培养箱中避光预培养 2 周。用于盆栽种植的塑料花盆内径 14 cm,高 11 cm,每个花盆装载已预培养土壤 0.7 kg,每个处理 5 个重复,共 30 盆。在本文中选择小麦“烟农 999”作为研究对象,提前 3 d 使用灭菌水将小麦在培养箱中催芽,每个花盆种植 5 株小

麦, 种植时按尿素: $0.25 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 、 KH_2PO_4 : $0.15 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 和 KCl : $0.04 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 施加基肥. 所有盆栽随机摆放在温室中, 每天光照 12 h, 白天温度 $25^\circ\text{C} \pm 2^\circ\text{C}$, 夜间温度 $20^\circ\text{C} \pm 2^\circ\text{C}$, 培养期间浇灌灭菌水, 使土壤含水率保持在田间持水量的 60%. 10 d 之后间苗, 每个花盆保留长势一致的 3 株小麦, 一个半月之

后追施尿素, 追施量为基肥的一半, 两个月之后采集小麦和土壤样品 (图 1). 样品采集时, 每个盆栽混为一个样品 (包括 3 株小麦), 将小麦根系与土壤分离, 每盆土壤充分混合之后, 分别保存于 -80°C 、 4°C 和烘干处理, 用于后续 DNA 提取和土壤多功能性测定.

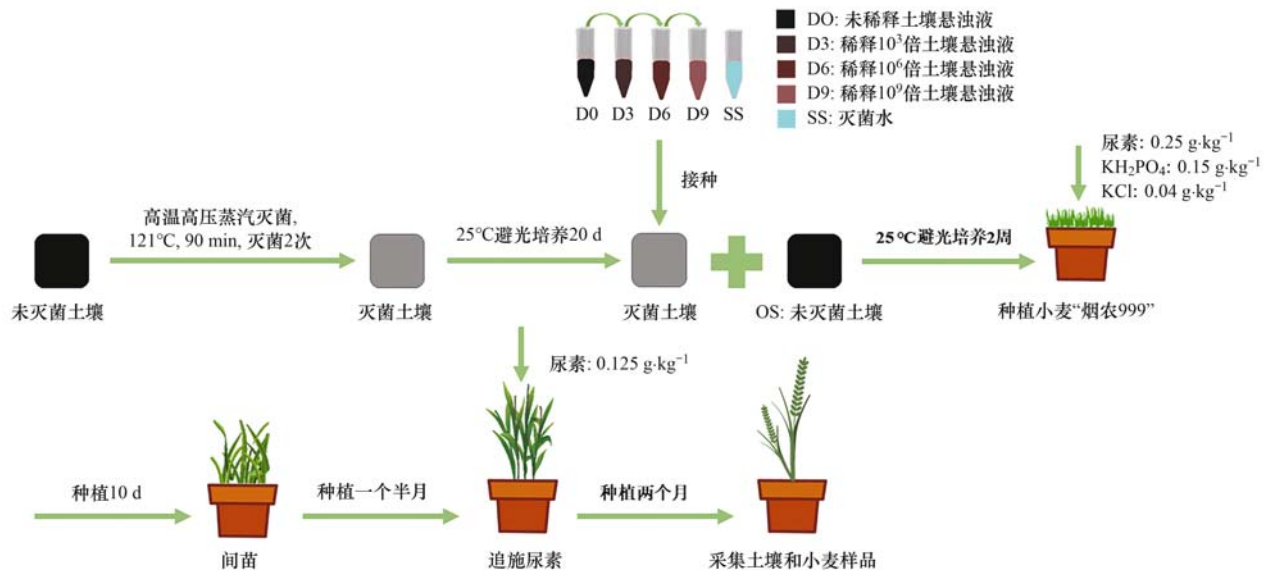


图1 试验设计示意

Fig. 1 Schematic of the experimental design

1.3 土壤有效养分、生物活性和小麦生物量测定

土壤可溶性有机碳 (DOC)、可溶性有机氮 (DON)、 NO_3^- -N、有效磷 (AP)、速效锰 (AMn)、速效锌 (AZn)、速效钙 (ACa) 和速效镁 (AMg) 为土壤有效养分多功能性^[27]. $0.5 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1} \text{ K}_2\text{SO}_4$ 提取 DOC 和 DON, 使用元素分析仪测定 (FlashSamart, 赛默飞世尔, 中国)^[28]. $1 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1} \text{ KCl}$ 提取 NO_3^- -N, 使用连续流动分析仪 (AA3; SEAL Analytical GmbH, Norderstedt, 德国) 测定^[28]. AP 采用 $0.05 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1} \text{ HCl}$ - $0.025 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1} (\frac{1}{2} \text{H}_2\text{SO}_4)$ 法测定^[28].

土壤 AMn、AZn、ACa 和 AMg 均采用酸消解法测定^[28]: 向 0.1 g 土壤中加入 10 mL 浓硝酸, 10 mL HF 和 1 mL 浓 HClO_4 , 190°C 消煮 2 h , 再加入 10 mL $3 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1} \text{ HCl}$ 煮沸 1 min , 最后使用电感耦合等离子体发射光谱仪 (ICP, Varian, 美国) 测定.

与碳氮磷循环相关的 6 种胞外水解酶活性和 CO_2 矿化速率^[29] 为土壤多功能性生物活性指标. 水解酶包括与碳循环相关的 α -葡萄糖苷酶 (AG)、 β -葡萄糖苷酶 (BG)、纤维二糖水解酶 (CBH) 和 β -木糖苷酶 (XYL), 与氮循环相关的 N -乙酰氨基葡萄糖苷酶 (NAG) 和参与磷循环的酸性磷酸酶 (PHOS). 胞外水解酶活性采用紫外-荧光微孔板酶检测技术测定^[30], AG、BG、CBH、XYL、NAG 和 PHOS 底物

分别为: 4-甲基伞形酮- α -D-葡萄糖苷、4-甲基伞形酮- β -D-葡萄糖苷、4-甲基伞形酮- β -D-纤维二糖苷、4-甲基伞形酮- β -D-木吡喃糖苷、4-甲基伞形酮- N -乙酰基- β -D-葡萄糖苷和 4-甲基伞形酮-磷酸盐. 向 1 g 土壤中加入 120 mL pH 为 5.5 的乙酸钠缓冲液, 于磁力搅拌器上搅拌为悬浮状态, 然后将 $200 \mu\text{L}$ 底物和 $50 \mu\text{L}$ 样品悬浮液加入 96 孔黑色酶标板中, 25°C 恒温培养箱避光培养 4 h , 培养结束后用酶标仪 (Infinite M200 PRO, Tecan, Hombrechtikon, 瑞士) 在激发波长 365 nm 和吸收波长 450 nm 下测定荧光值^[30]. 20 g 土壤装入 250 mL 血清瓶, 25°C 密封避光培养 24 h 后采集气体, 利用气相色谱测定 CO_2 矿化速率^[31] (Agilent 8890, 安捷伦, 美国).

小麦样品用灭菌水冲洗干净之后在烘箱中于 105°C 杀青 0.5 h , 再 65°C 烘干至恒重, 称取重量获得生物量.

1.4 DNA 提取与扩增子测序

称取 0.3 g 土壤按照 Power Soil DNA 提取试剂盒 (MoBio, San Diego, 美国) 制造商的说明书进行 DNA 提取. 使用 NanoDrop 分光光度计 (Thermo Scientific, Wilmington, 美国) 进行 DNA 浓度测定, 使用 1% 琼脂糖凝胶电泳进行 DNA 质量检测. 高通量测序在广州美格基因 Illumina MiSeq PE250

(Illumina, San Diego, CA, 美国) 平台上进行. 使用引物 515F- 806R (515F: 5'-GTGCCAGCMGCCGCGTAA- 3', 806R: 5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT- 3')^[32]、its1-its2 (its1: 5'-CTTGCTCATTAGAGGAAGTAA- 3', its2: 5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC- 3') 和 Euk560F-TAReukREV3 (Euk560F: 5'-CCAGCASCYGGCGTAATWCC- 3', TAReukREV3: 5'-ACTTTCGTTCTTGATYRA- 3') 分别对细菌 16S rRNA 基因 V4-1 区域, 真菌 ITS1-2 区域和原生生物 18SV4-1 区域进行扩增, 所有聚合酶链式反应均在 15 μ L 体系中进行. PCR 扩增条件为: 95 $^{\circ}$ C 3 min, 95 $^{\circ}$ C 30 s, 55 $^{\circ}$ C 30 s, 72 $^{\circ}$ C 45 s, 35 个循环, 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min. 扩增完成后, 使用 1.5% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物, 并对 PCR 产物进行纯化、定量和等量混合后构建文库. 最后, 使用 Qubit[®] 4.0 荧光仪 (Thermo Science) 测定文库质量, 并在 Illumina MiSeq PE250 平台上对所有文库进行测序. DNA 测序数据均已上传至美国国家生物技术信息中心 (NCBI), 提取号为 PRJNA795951.

下机数据在 QIIME 2 (v. 2020.8) 平台进行拼接和质控^[33], 在此过程中去除 barcode 和引物序列, 并且进行双端合并. 使用 q2 demux 插件对原始数据进行多路分解和质量控制, 去除平均 Phred 得分 (Q 得分) 低于 20、碱基不明确、引物不匹配和序列长度小于 150 bp 的读数^[34], 被保留的高质量读数根据反向引物末端的特异条形码指定给相应样本. 然后使用 DADA2^[35] 去噪, 并且去除嵌合体, 最后采用 100% 相似聚类得到扩增序列变体 (amplicon sequence variants, ASV) 细菌 30 505 条, 真菌 7 928 条, 原生生物 15 285 条, 使用数据库 silva132^[36]、UNITE database^[37] 和 pr2 database^[38] 分别对细菌、真菌和原生生物进行物种注释. 对得到的 ASV 表格进一步质量控制: 首先删除叶绿体和古菌 ASV (原生生物还要去除真菌、后生动物和胚芽植物 ASV), 然后过滤掉序列总数少于 20 的 ASV, 最后抽平, 每个样本得到细菌 50 645 reads, 真菌 184 861 reads, 原生生物 41 933 reads.

1.5 土壤多功能性计算

为了测度土壤多功能性, 前人提出了许多多功能指数的计算方法, 如: 单功能法^[39]、平均值法^[10]和阈值法^[1,40]等. 其中平均值法简单直观, 能对同一系统多个服务功能进行可解释的定量描述, 因此使用频率最高^[10,41]. 本研究先计算每个变量的 Z 得分, 再采用平均值法^[10]对土壤多功能性指数进行计算, 计算公式为:

$$M_i = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \frac{x_{ij} - u_j}{\partial_j} \quad (1)$$

式中, M_i 为样方 i 的土壤多功能指数, N 为土壤功能变量总数, x_{ij} 为样方 i 第 j 种土壤功能变量的实际测量值, u_j 为第 j 种土壤功能变量在所调查样本中的平均值, ∂_j 为第 j 种土壤功能变量在所调查样本中的标准差.

1.6 数据分析

除了结构方程模型外 (structural equation models, SEM), 所有统计分析均在 R4.0.2 (<http://www.r-project.org>) 中完成. 基于 Tukey 检验 ($P < 0.05$), 确定不同处理间土壤多功能各指标和微生物 (包括细菌、真菌和原生生物, 下同) α 多样性 (包括丰富度指数和香农指数, 下同) 差异. 主坐标分析 (PCoA) 基于 Bray-Curtis 变异系数完成, 用于确定不同处理间微生物群落差异, 并且使用 R 语言的 “vegan” 包和相似性分析 (ANOSIM) 确定分组检验是否有意义^[42]. 使用 R 语言 “psych” 包和 Pearson 检验绘制微生物多样性与土壤多功能性指标之间的相关性热图^[43]. 使用最小二乘法的线性回归确定微生物多样性与土壤多功能性之间的关系^[44]. 利用集成推进树 (aggregated boosted tree, ABT) 筛选出对土壤多功能性指数相对贡献值前 20 的属水平微生物, 并且使用气泡图表示这些类群在不同处理中的相对丰度, 进一步利用线性回归模型确定特定微生物类群相对丰度与土壤多功能性指数之间的关系.

利用 Amos Graphics 22 (SPSS Inc., Chicago, 美国) 构建 SEM, 确定微生物多样性稀释处理、细菌多样性、真菌多样性和原生生物多样性对土壤多功能性的直接或间接影响. 采用极大似然法 (maximum likelihood method) 对模型参数进行估计. 使用卡方 (χ^2)、均方根误差 (RMR)、拟合优度指数 (GFI) 和近似误差均方根 (RMSEA) 对模型优度进行检验. 使用 IBM SPSS statistics 22 (SPSS Inc., Chicago, 美国) 分别对细菌、真菌和原生生物的丰富度指数、香农指数和 β 多样性进行标准化降维处理, 得到微生物多样性^[45].

2 结果与分析

2.1 土壤细菌、真菌和原生生物群落多样性

与 OS 相比, 稀释处理 D0、D3、D6、D9 和 SS 的细菌 α 多样性均显著降低 [图 2(a) 和 2(b)]. OS 的细菌丰富度指数为 1053, 稀释处理丰富度在 300 ~ 600 之间. 与 OS 相比, D0 的丰富度指数显著降低了 47.95%, 而 D3、D6、D9 和 SS 显著降低了 58.74% ~ 64.51%. 与 OS 相比, D0 和 D3 的香农指

数显著降低,而 D3、D6、D9 和 SS 之间的香农指数差异不显著.主坐标分析(PCoA)表明 OS、D0 和 D3 分别与 D6、D9 和 SS 处理下细菌群落结构显著分异($P < 0.001$),但是 D6、D9 和 SS 处理下细菌群落结构未存在显著分异.其中主坐标一轴(PCoA1)对群落结构差异的解释率为 36.98%,二轴(PCoA2)解释率为 14.90%[图 2(c)].

与 OS 相比,稀释处理 D0、D3、D6、D9 和 SS 的真菌 α 多样性均显著降低[图 2(d)和 2(e)].OS 的真菌丰富度指数为 424,稀释处理丰富度在 149 ~ 207 之间.与 OS 相比,D0、D3、D6、D9 和 SS 的真菌丰富度指数显著降低了 51.13% ~ 64.81%.对土壤真菌香农指数分析可知,从 OS 到 SS 真菌香农指数呈梯度下降趋势,说明在接种低浓度土壤悬浊液的处理中,土壤真菌群落更趋向均一化,即使他们的丰富度差异并不显著.PCoA 表明 OS、D0、D3、D6、D9 和 SS 的真菌群落组成都显著分异($P < 0.001$).PCoA1 对群落结构差异的解释率为 36.41%,PCoA2 解释率为 23.05%[图 2(f)].

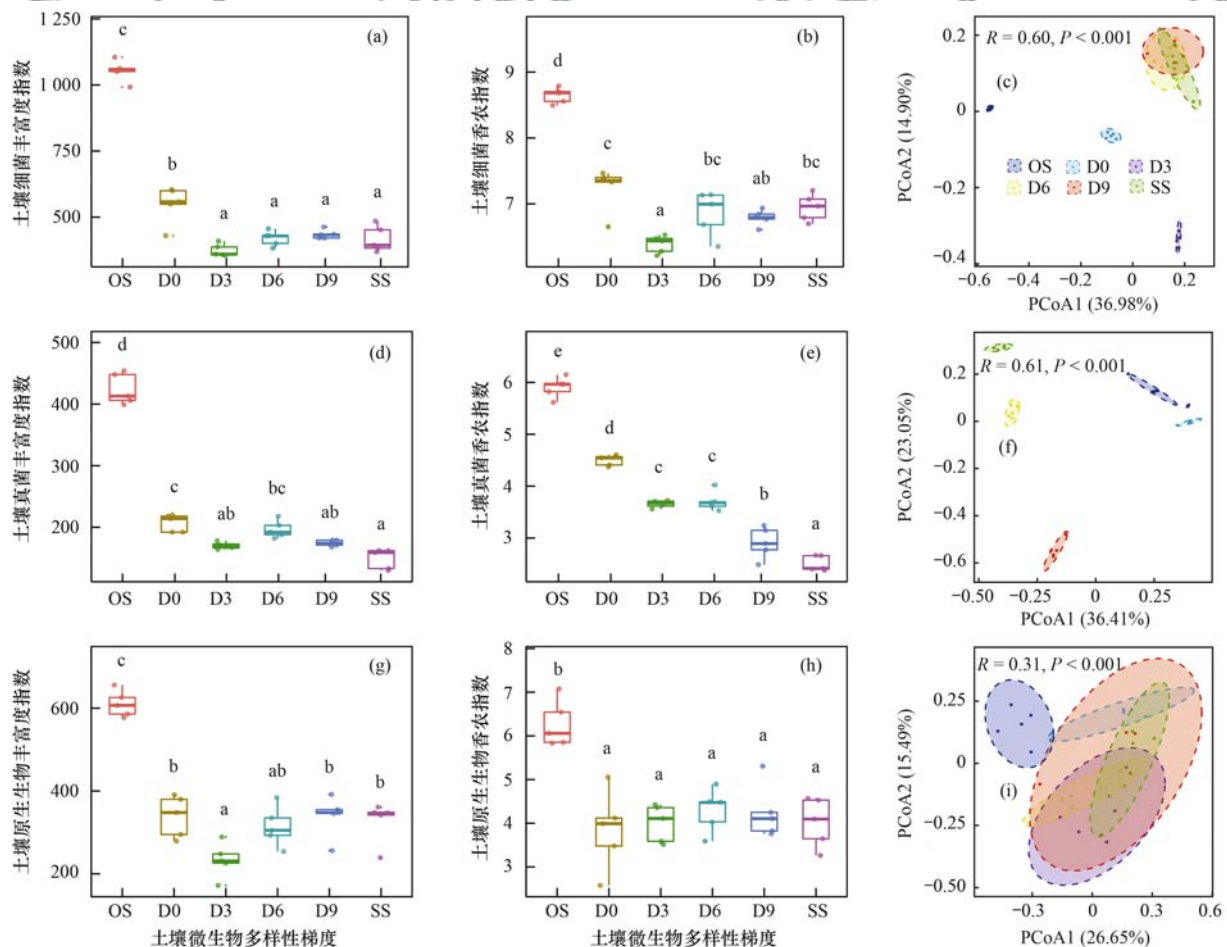
与 OS 相比,稀释处理 D0、D3、D6、D9 和 SS

的原生生物 α 多样性均显著降低[图 2(g)和 2(h)].OS 的原生生物丰富度指数为 610,稀释处理丰富度指数在 233 ~ 339 之间.与 OS 相比,D0、D3、D6、D9 和 SS 的原生生物丰富度指数显著降低了 44.40% ~ 61.80%.对土壤原生生物香农指数分析可知,与 OS 相比稀释处理 D0、D3、D6、D9 和 SS 的香农指数均显著下降,但是 D0、D3、D6、D9 和 SS 之间没有显著差异.PCoA 表明稀释处理和 OS 原生生物群落组成显著分异($P < 0.001$),但是 D0、D3、D6、D9 和 SS 微生物群落结构大部分重叠.PCoA1 对原生生物群落结构差异的解释率为 26.65%,PCoA2 解释率为 15.49%[图 2(i)].

由上述分析可知,稀释灭绝法成功构建了微生物多样性梯度.微生物对稀释灭绝法的响应是:真菌 > 细菌 > 原生生物.

2.2 微生物多样性降低对土壤有效养分、生物活性和小麦生物量的影响

如表 1 所示,与未灭菌土壤 OS 相比,稀释处理 D0、D3、D6、D9 和 SS 的 DOC、AMn、AZn、ACa 和 AMg 含量均显著增加, NO_3^- -N 和 AP 含量显著降低.



不同小写字母表示在 $P < 0.05$ 水平上差异显著,(c)表示土壤细菌 β 多样性,(f)表示土壤真菌 β 多样性,(i)表示土壤原生生物 β 多样性

图 2 不同土壤微生物多样性梯度下细菌、真菌和原生生物群落的丰富度指数、香农指数和 β 多样性

Fig. 2 Richness index, Shannon index and β diversity of bacterial, fungal, and protist communities under different microbial diversity gradients

表 1 不同微生物多样性梯度下土壤有效养分含量、生物活性和小麦生物量¹⁾

Table 1 Soil available nutrient, biological activity, and wheat biomass under different microbial diversity gradients		OS	D0	D3	D6	D9	SS
土壤有效养分	土壤多功能性分类 土壤多功能性指标						
	$\omega(\text{DOC})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	60.16 ± 0.10a	70.36 ± 1.97a	132.02 ± 3.36b	128.69 ± 13.46b	140.83 ± 7.38b	153.14 ± 13.07b
	$\omega(\text{DON})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	16.19 ± 0.10b	7.28 ± 0.85a	18.29 ± 0.83b	18.77 ± 2.95b	20.05 ± 1.33b	19.93 ± 1.26b
	$\omega(\text{NO}_3^- \text{-N})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	5.58 ± 0.10c	1.32 ± 0.05b	1.2 ± 0.10ab	1.59 ± 0.19b	1.11 ± 0.07ab	0.15 ± 0.01a
	$\omega(\text{AP})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	17.28 ± 0.10c	15.53 ± 0.39b	14.43 ± 0.21ab	14.47 ± 0.38ab	14.35 ± 0.26ab	13.65 ± 0.17a
	$\omega(\text{AMn})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	0.04 ± 0.10a	0.12 ± 0.01b	0.13 ± 0.01b	0.13 ± 0.01b	0.12 ± 0.01b	0.13 ± 0.01b
	$\omega(\text{AZn})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	2.13 ± 0.10a	3.42 ± 0.03c	3.25 ± 0.08bc	3.59 ± 0.18c	3.12 ± 0.14bc	2.92 ± 0.07b
	$\omega(\text{ACa})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	0.75 ± 0.10a	0.74 ± 0.05a	1.46 ± 0.07b	1.5 ± 0.07b	1.37 ± 0.05b	1.54 ± 0.05b
土壤生物活性	$\omega(\text{AMg})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	0.10 ± 0.10a	0.10 ± 0.01a	0.16 ± 0.01bc	0.17 ± 0.01bc	0.16 ± 0.01b	0.18 ± 0.01c
	$\text{AG}/\text{nmol}\cdot(\text{g}\cdot\text{h})^{-1}$	8.00 ± 0.10bc	11.21 ± 0.34c	11.26 ± 1.31c	8.88 ± 1.12c	4.37 ± 0.32a	5.00 ± 0.18ab
	$\text{BG}/\text{nmol}\cdot(\text{g}\cdot\text{h})^{-1}$	250.41 ± 0.10b	160.98 ± 7.10a	241.95 ± 10.43b	248.81 ± 8.94b	126.09 ± 4.72a	209.97 ± 2.81b
	$\text{CBH}/\text{nmol}\cdot(\text{g}\cdot\text{h})^{-1}$	61.48 ± 0.10b	59.14 ± 3.47b	92.21 ± 6.37c	85.96 ± 3.74c	27.45 ± 2.31a	66.86 ± 1.87b
	$\text{XYL}/\text{nmol}\cdot(\text{g}\cdot\text{h})^{-1}$	30.08 ± 0.10a	48.70 ± 2.38b	87.90 ± 4.43c	47.84 ± 2.78b	36.68 ± 2.20ab	29.46 ± 1.54a
	$\text{NAG}/\text{nmol}\cdot(\text{g}\cdot\text{h})^{-1}$	66.82 ± 0.10a	205.43 ± 8.09c	273.23 ± 10.78d	145.74 ± 13.78b	127.51 ± 8.19b	204.49 ± 6.07c
	$\text{PHOS}/\text{nmol}\cdot(\text{g}\cdot\text{h})^{-1}$	551.14 ± 0.10c	329.27 ± 13.74b	295.26 ± 7.31b	201.28 ± 11.40a	167.64 ± 8.95a	191.34 ± 11.74a
	CO_2 矿化速率/ $\text{mg}\cdot(\text{kg}\cdot\text{h})^{-1}$	1.19 ± 0.10a	1.40 ± 0.06ab	1.28 ± 0.06a	1.17 ± 0.03a	1.53 ± 0.01b	1.22 ± 0.06a
生物量	小麦干重/g	7.96 ± 0.30a	8.21 ± 0.38ab	10.35 ± 0.16c	10.27 ± 0.29c	10.70 ± 0.33c	9.68 ± 0.62bc

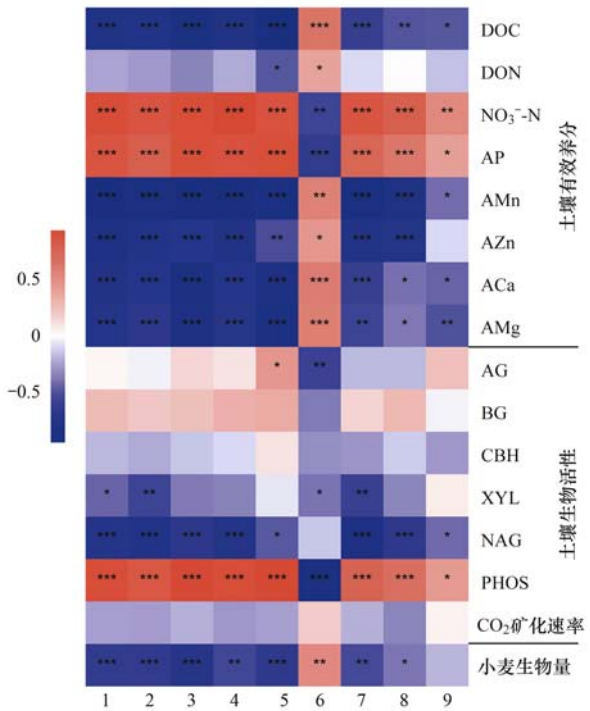
1) 数据为平均值 ± 标准偏差 (n=5), 不同小写字母表示 P<0.05 时不同处理间的差异显著

其中 DOC 增加最显著的是 SS 处理,与 OS 相比增加了 155%。AMn、AZn、ACa 和 AMg 在稀释处理中分别增加了 186%~214%、37%~69%、84%~107% 和 50%~77%。土壤 AP 和 $\text{NO}_3^- \text{-N}$ 含量都在 SS 处理中最低,与 OS 相比分别降低了 21% 和 97%。其次,与碳循环相关的酶 AG、BG、CBH 和 XYL 活性均随着稀释梯度的增加呈先增加后降低趋势,并在 D3 和 D6 处理中达到最大值。其中 AG、CBH 和 XYL 活性都是在 D3 处最高,分别为 11.26、92.21 和 87.90 $\text{nmol}\cdot(\text{g}\cdot\text{h})^{-1}$,BG 酶活在 OS 和 D6 中都较高,最高为 250.41 $\text{nmol}\cdot(\text{g}\cdot\text{h})^{-1}$ 。与氮循环相关的酶 NAG 活性也是在 D3 处最高,为 273.23 $\text{nmol}\cdot(\text{g}\cdot\text{h})^{-1}$ 。与磷循环相关的酶 PHOS 活性随着稀释梯度的增加显著降低,与 OS 相比降低了 70%。最后,与 OS 相比,稀释处理显著增加了小麦的生物量,在 D9 处理中小麦生物量达到最高 10.70 g,增加了 34.42%。

由图 3 可知,土壤有效养分中 DOC、AMn、AZn、ACa 和 AMg 均与细菌、真菌和原生生物多样性呈显著负相关。 $\text{NO}_3^- \text{-N}$ 和 AP 与细菌、真菌和原生生物多样性呈显著正相关。DON 含量只与真菌多样性有显著相关性。土壤生物活性中参与碳循环的酶 XYL 和参与氮循环的酶 NAG 活性与微生物多样性呈显著负相关。参与磷循环的酶 PHOS 与细菌、真菌和原生生物的多样性呈显著正相关。相比参与碳循环的酶(AG、BG、CBH 和 XYL)而言,NAG 和 PHOS 对土壤微生物多样性降低响应更强烈。小麦生物量也与土壤微生物多样性呈显著负相关。

2.3 微生物多样性降低对土壤多功能性的影响

利用公式(1),将土壤有效养分、生物活性和小



1. 细菌丰富度指数, 2. 细菌香农指数, 3. 细菌 β 多样性, 4. 真菌丰富度指数, 5. 真菌香农指数, 6. 真菌 β 多样性, 7. 原生生物丰富度指数, 8. 原生生物香农指数, 9. 原生生物 β 多样性; 不同星号为显著性: * 表示 $P<0.05$, ** 表示 $P<0.01$, *** 表示 $P<0.001$

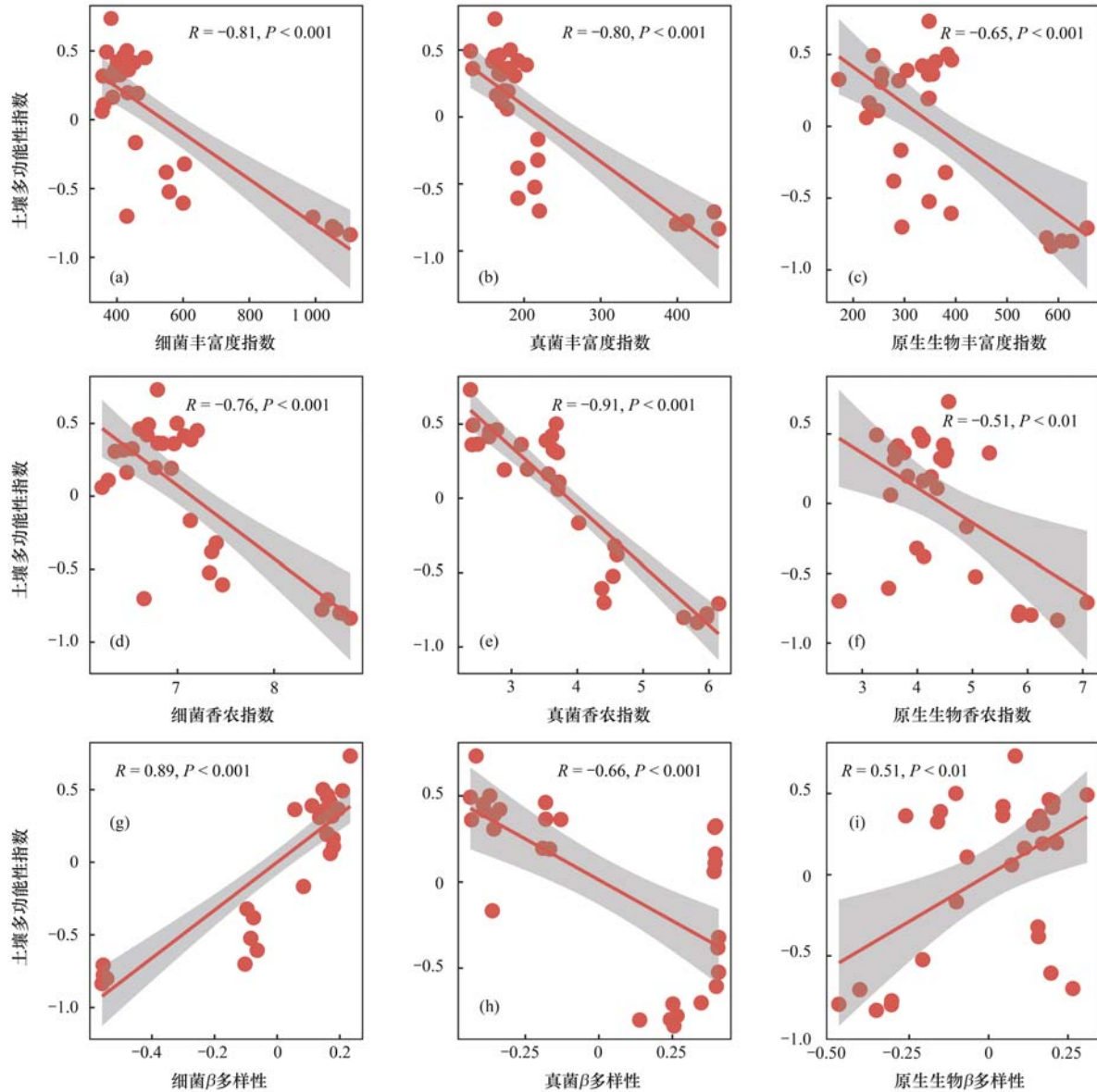
图 3 微生物群落多样性与土壤有效养分、生物活性和小麦生物量之间的相关性

Fig. 3 Correlation between microbial community diversity and soil available nutrients, biological activity, and wheat biomass

麦生物量进行标准化,计算出土壤多功能性指数,并且使用线性回归对土壤多功能性与微生物丰富度指数、香农指数和 β 多样性的 PCoA1 分别进行拟合。由

图4分析可知,细菌、真菌和原生生物的 α 多样性(包括丰富度和香农指数)都与土壤多功能性指数显著负相关($P < 0.01$).细菌和原生生物 β 多样性与土

壤多功能性指数显著正相关,而真菌 β 多样性与土壤多功能性指数显著负相关($P < 0.001$).说明随着微生物多样性的降低土壤多功能性有增加趋势.



灰色区域表示回归线 95% 的置信区间

图4 微生物(细菌、真菌和原生生物)多样性与土壤多功能性之间的线性关系

Fig. 4 Linear relationship between microbial diversity (bacteria, fungi, and protest) and soil multifunctionality

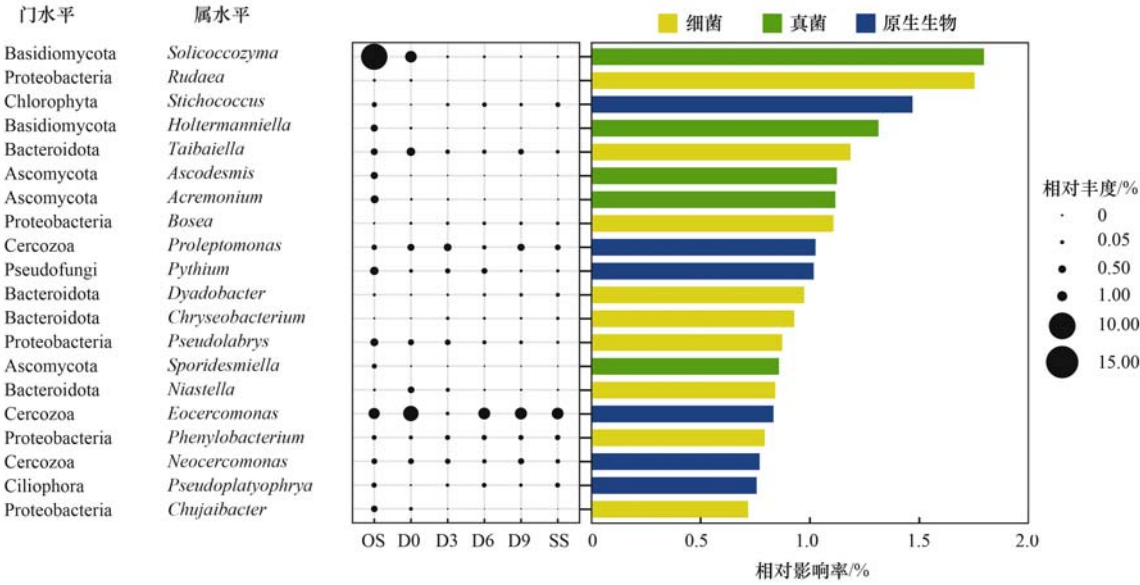
2.4 微生物特定类群对土壤多功能性的相对影响

为进一步探寻土壤中特定微生物类群对土壤多功能性的影响,本研究利用 ABT 筛选出细菌、真菌和原生生物共 867 个菌属中对土壤多功能性相对影响率前 20 的物种(图 5). 在这 20 个属中有 9 个属于细菌,它们分别来自拟杆菌门(Bacteroidota)和变形菌门(Proteobacteria);有 5 个属于真菌,它们分别来自子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota);有 6 个属于原生生物,它们分别来自绿藻门(Chlorophyta)、丝足虫门(Cercozoa)、伪真菌总门(Pseudofungi)和纤毛虫门(Ciliophora).

由气泡图分析可知,20 个类群中有 11 个相对丰度随着稀释梯度的增加逐渐降低,在 OS 中显著富集,这些类群包括细菌属:*Rudaea* (0.06%)、*Taibaiella* (0.56%)、*Pseudolabrys* (0.77%) 和 *Chujaiabacter* (0.49%);真菌属:短柄菌属(*Solicoccozyma*, 10.60%)、瓦湖胶珊瑚菌(*Holtermanniella*, 0.60%)、瓶束霉属(*Ascodesmis*, 0.62%)、顶孢霉属(*Acremonium*, 0.78%)和类蕈孢属(*Sporidesmiella*, 0.24%);原生生物属:裂丝藻属(*Stichococcus*, 0.27%)和腐霉属(*Pythium*, 0.88%). 其中对土壤多功能性相对影响率较大的依次是真菌短柄菌属

(*Solicoccozyma*)、细菌属 *Rudaea*、原生生物裂丝藻属 (*Stichococcus*) 和真菌瓦湖胶珊瑚菌 (*Holtermanniella*), 并且它们都在 OS 中显著富集, 而

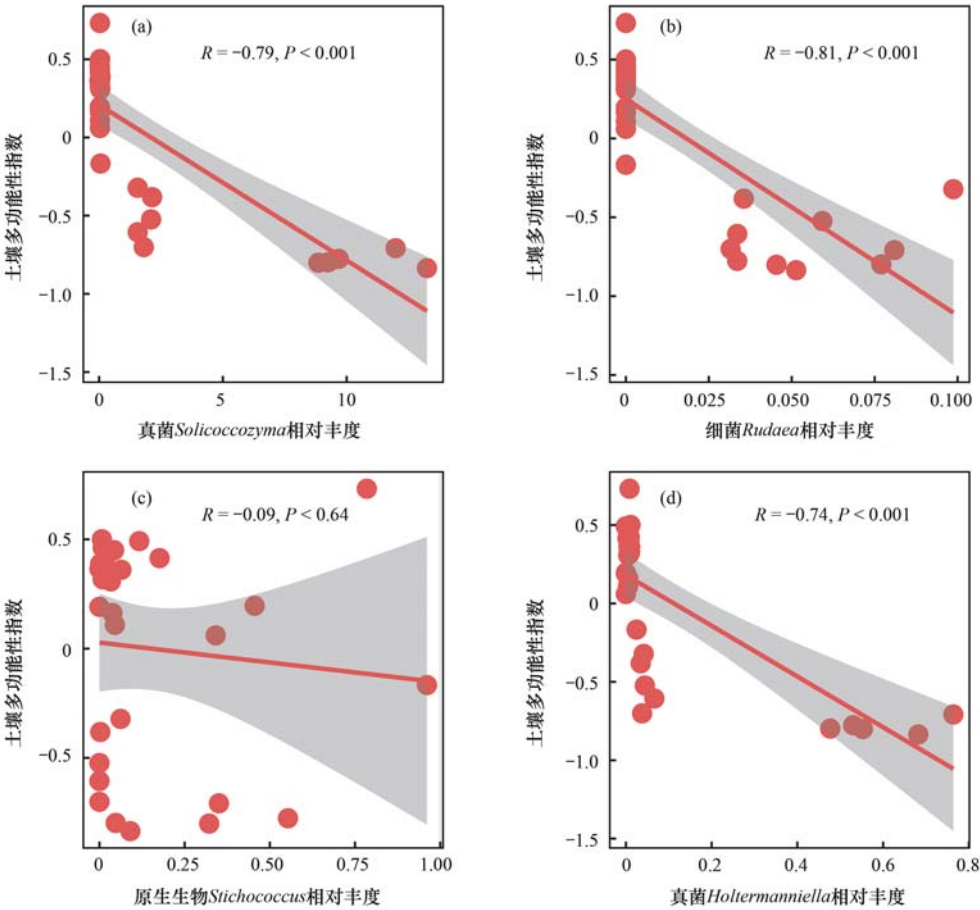
在稀释处理中相对丰度较低. 对这 4 个微生物类群与土壤多功能性之间的关系进一步分析(图 6), 结果表明, 真菌短柄菌属 (*Solicoccozyma*)、细菌属



气泡图表示物种相对丰度, 柱状图表示微生物类群对土壤多功能性的相对影响率

图 5 对土壤多功能性相对影响率前 20 的微生物类群和它们的相对丰度

Fig. 5 Top 20 microbial taxa with relative influence to soil multifunctionality and their relative abundances



灰色区域表示回归线 95% 的置信区间

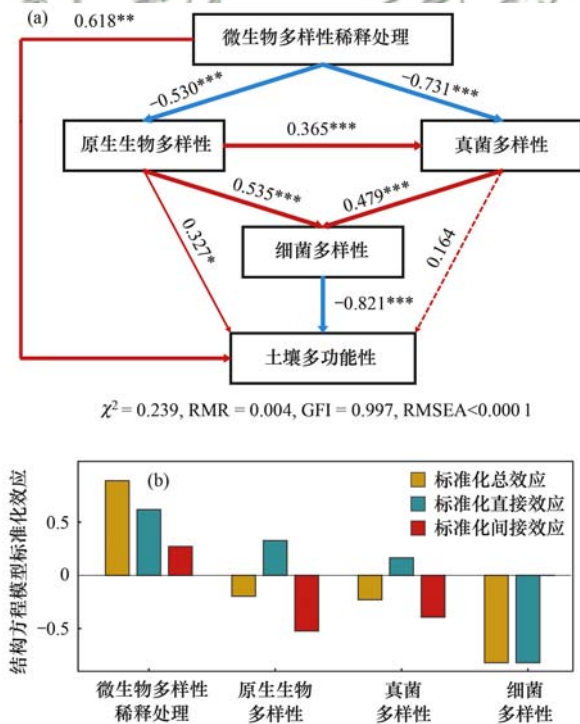
图 6 特定微生物类群相对丰度与土壤多功能性之间的线性关系

Fig. 6 Linear relationship between microbial taxa and soil multifunctionality

Rudaea 和真菌瓦湖胶珊瑚菌 (*Holtermanniella*) 相对丰度与土壤多功能性指数呈极显著负相关 ($P < 0.001$). 由上分析可知, 关键微生物类群在土壤多功能性生物过程中发挥了指示性作用.

2.5 土壤多功能性变化的微生物驱动途径

本研究利用结构方程模型构建了细菌、真菌和原生生物多样性影响土壤多功能性的整体路径, 并且使用参数 χ^2 、RMR、GFI 和 RMSEA 对模型进行评估. 由图 7(a) 可知, 首先稀释灭绝法对土壤多功能性有直接正影响, 其次稀释灭绝法会显著改变真菌和原生生物多样性, 进而影响细菌多样性. 原生生物对真菌多样性和细菌多样性存在直接正影响, 真菌群落多样性对细菌多样性也存在直接正影响. 原生生物、真菌和细菌多样性对土壤多功能性都存在直接或间接的显著影响. 虽然原生生物和真菌多样性对土壤多功能性存在直接正向调控, 但是由图 7(b) 可知, 它们对土壤多功能性的标准化总效应为负. 值得注意的是细菌在推动土壤多功能性中发挥着关键作用, 是驱动土壤多功能性变化的主要生物因子.



(a) 中红色箭头表示正相关, 蓝色箭头表示负相关, 实线表示相关性显著, 虚线表示相关性不显著, 路径宽度表示相关性强度; 不同星号为显著性: * 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$, *** 表示 $P < 0.001$

图 7 细菌、真菌和原生生物多样性对土壤多功能性影响的结构方程模型

Fig. 7 Structural equation model for the effects of bacterial, fungal, and protist diversity on soil multifunctionality

3 讨论

3.1 稀释灭绝法构建微生物多样性梯度

在探寻土壤微生物多样性与土壤多功能性关系的道路上最大的障碍是缺乏合理的试验方法来诱导土壤微生物多样性发生定向的变化^[46]. 本研究通过在灭菌土壤中接种不同浓度土壤微生物悬浊液成功构建了微生物多样性梯度(图 2). 结果表明与未灭菌 OS 相比, 添加悬浊液和灭菌水处理的土壤细菌、真菌和原生生物多样性都显著降低. 但是与已有研究相似^[16,24], 接种液稀释程度与微生物多样性减少程度并不一致, 这可能受到小麦根系分泌物的影响. 因为已有研究表明根系分泌物会参与植物根际区域一系列的生物和非生物反应^[47], 这可能影响微生物在根际的重新定植, 进而减轻了不同处理之间的差异. 土壤悬浊液接种到灭菌土壤中, 微生物重新定植, 此过程受到多种因素的影响, 并且十分复杂, 除了受到优先效应(某些优势物种优先在土壤中定植, 并且影响其他物种的定植)的影响外^[48], 还可能受到一系列的确定性和随机过程的影响^[49]. 有学者认为随着稀释程度的增加, 在微生物重新定植的过程中将有更高的随机运动和更低的资源竞争, 这将导致随机性过程增加^[50]. 但是由细菌、真菌和原生生物的 β 多样性分析可知, 不同处理之间微生物群落总体是分离的[图 2(c)、2(f)和 2(i)], 尤其是细菌和真菌, 并且各处理的重复组有更强的聚集性, 都说明微生物的重新定植是可以复制的过程, 即确定性起主导作用^[51].

将细菌、真菌和原生生物群落 β 多样性对比分析可知, 稀释灭绝法对三者的影响程度有所不同: 真菌 > 细菌 > 原生生物. 首先这可能与三者的形态差异有关, 大多数真菌的体积都比细菌大得多, 并且在土壤中受到扩散限制^[52], 这可能影响梯度稀释和定植过程. 其次细菌、真菌和原生生物之间复杂的相互关系也会影响微生物群落在土壤中的结构和多样性, 同时调控土壤多功能性(图 7). 由图 7 可知, 真菌多样性受到原生生物直接影响, 细菌多样性受到真菌和原生生物共同影响. 虽然部分原生生物拥有较大的体积, 但是在土壤中原生生物大多数扮演着捕食者的角色, 比如单鞭毛虫属 (*Cercomonas*)、*Eocercomonas* 和 *Rhogostoma* 等^[53,54], 而细菌和真菌则作为猎物存在^[55]. 原生生物通过捕食猎物释放营养物质, 这些营养物可供环境中的植物或其他有机体使用, 同时细菌和真菌对原生生物的捕食行为存在抵抗作用^[56]. 这种原始复杂的捕食者-猎物关系推动着土壤微生物群落共同进化, 甚至有研究表明

原生生物是细菌的主要捕食者,也是细菌群落聚集和进化的重要驱动力^[57]。此外,真菌对土壤细菌也具有选择作用。真菌菌丝与植物根系紧密相连,形成菌根圈。菌根圈中的菌丝通常来自菌根真菌,在此区系中植物光合作用产物可以通过真菌的菌丝网络渗出,为圈中细菌的生长和繁殖提供养分^[58]。总之,细菌、真菌和原生生物之间直接和间接的影响作用调控着土壤多功能性。

3.2 微生物多样性降低影响土壤多功能性

土壤微生物功能冗余是普遍存在的现象,当微生物多样性降低时,这种微生物功能的重叠可以给生态系统带来缓冲,减少损失^[59,60]。事实上在本研究中也的确观察到一些土壤功能对微生物多样性的降低不敏感,比如 DON 含量和 CO₂ 矿化速率(表 1 和图 3)。已有研究报道有机质的分解和 CO₂ 矿化是由大量微生物物种共同作用完成的,因此它们对土壤微生物多样性降低并不敏感,或者具有一定弹性和抵抗性^[61]。但是,这只局限于单一的土壤功能,当将多个功能变量标准化之后,发现微生物功能冗余的影响并不存在,微生物多样性降低显著影响土壤多功能性。与许多研究结果相反^[16,23,26,27],在本研究中随着土壤微生物多样性降低,土壤多功能性显著增加($P < 0.01$,图 4)。

土壤细菌、真菌和原生生物多样降低导致土壤多功能性增加,可能要归因于更低的物种竞争与资源利用^[62]。土壤 DOC、AMn、AZn、ACa 和 AMg 与微生物(包括细菌、真菌和原生生物)多样性显著负相关(表 1 和图 3),表明在低微生物多样性处理中拥有更多的养分和可利用资源。当微生物多样性较高时,会导致生态位分化,生存空间降低,资源分配压力增加^[63],这时微生物和小麦对资源的需求也更为迫切,可能给土壤多功能性带来负面影响。由图 5 和图 6 分析可知,真菌短柄菌属(*Solicoccozyma*)、细菌属 *Rudaea*、和真菌瓦湖胶珊瑚菌(*Holtermanniella*)相对丰度与土壤多功能性指数显著负相关($P < 0.001$),并且在高微生物多样性处理 OS 中显著富集。说明这些微生物类群在微生物多样性处理过程中被稀释,并且与 OS 处理中土壤低多功能性密切相关。真菌短柄菌属(*Solicoccozyma*)和瓦湖胶珊瑚菌(*Holtermanniella*)都在分解土壤有机质,促进养分循环方面发挥着重要作用^[64,65],进一步说明在高微生物多样性处理中,微生物与微生物,微生物与植物之间存在激烈的资源竞争与生存压力,降低了土壤多功能性。

除此之外,微生物多样性降低可能影响微生物群落功能和生物活性,进而改变土壤多功能性。在稀

释过程中稀有微生物被优先损失^[18],在定植过程中优势菌群间存在强烈的负相互作用,同时优势菌群的竞争作用也会抑制竞争力较弱的物种定植和生长,这都会影响微生物群落功能^[62]。本研究发现执行碳(AG、BG、CBH 和 XYL)氮(NAG)循环功能的微生物在稀释过程中被保留,并且在重新定植过程中具有竞争优势(图 3)。与许多研究结果相似^[15,16],相比执行碳功能的微生物群落而言,参与氮(NAG)和磷(PHOS)循环的群落对微生物多样性降低响应更强烈(图 3),即微生物多样性降低可能会影响特定的土壤功能过程。在低微生物多样性处理中,虽然微生物多样性降低^[15],但是生物活性可能增加,因为涉及到资源的高效利用。与未灭菌土壤相比,低微生物多样性土壤环境中生物群落趋向高度简化^[27],土壤养分将专一供给成功定植的微生物和小麦生长,提高利用效率,增加了小麦生物量和土壤生物活性,进而提高土壤多功能性。在小麦生长的过程中,除了土壤养分外可能还涉及到植物病原菌。在被挑选出来的 20 个微生物类群中,细菌属 *Rudaea* 是植物病原菌^[66],能够诱发多种植物疾病;真菌属 *Acremonium* 大多在土壤中腐生或者寄生在植物体内,危害植物健康^[67]。由图 5 气泡图可知,细菌属 *Rudaea* 和真菌属 *Acremonium* 都在 OS 处理中显著富集,可能不利于小麦生长发育。总之,本研究结果表明,微生物功能冗余对土壤总体多功能性影响并不显著,在单一作物体系中微生物多样性降低会增加土壤多功能性。为全面了解微生物多样性与土壤多功能性之间的关系,在未来应该进一步关注微生物多样性降低过程中的群落遗传结构变化和土壤资源的可利用性。

4 结论

本研究将生物多样性降低的维度聚焦到地下部分,通过稀释灭绝法影响土壤微生物的重新定植过程,降低土壤细菌、真菌和原生生物多样性,探究对土壤多功能性的影响。结果表明,随着土壤微生物多样性降低,土壤多功能性呈现增加的趋势,为土壤微生物(细菌、真菌和原生生物)多样性与土壤多功能性之间的负相关关系提供了直接证据。与前人研究相比,进一步提出了土壤多功能性的变化可能依赖于微生物之间直接或间接的影响。同时也强调了在单一的农业生态系统中,微生物多样性在生态系统功能上扮演的重要角色,尤其是挖掘参与生物过程的特定微生物类群的生态功能潜力。总之,本研究在气候变化和农业集约化生产的全球背景下,为微生物多样性降低对生态系统多功能性的影响提供了新

的见解.

参考文献:

- [1] Byrnes J E K, Gamfeldt L, Isbell F, *et al.* Investigating the relationship between biodiversity and ecosystem multifunctionality: challenges and solutions [J]. *Methods in Ecology and Evolution*, 2014, **5**(2): 111-124.
- [2] Pandey C, Bajpai V K, Negi Y K, *et al.* Effect of plant growth promoting *Bacillus* spp. on nutritional properties of *Amaranthus hypochondriacus* grains[J]. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 2018, **25**(6): 1066-1071.
- [3] Bardgett R D, Van Der Putten W H. Belowground biodiversity and ecosystem functioning[J]. *Nature*, 2014, **515**(7528): 505-511.
- [4] Yadav A N, Kour D, Kaur T, *et al.* Biodiversity, and biotechnological contribution of beneficial soil microbiomes for nutrient cycling, plant growth improvement and nutrient uptake [J]. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, 2021, **33**, doi: 10.1016/j.cbab.2021.102009.
- [5] De Vries F T, Thébaud E, Liiri M, *et al.* Soil food web properties explain ecosystem services across European land use systems[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2013, **110**(35): 14296-14301.
- [6] Maeder P, Fliessbach A, Dubois D, *et al.* Soil fertility and biodiversity in organic farming[J]. *Science*, 2002, **296**(5573): 1694-1697.
- [7] Helgason T, Daniell T J, Husband R, *et al.* Ploughing up the wood-wide web? [J]. *Nature*, 1998, **394**(6692), doi: 10.1038/28764.
- [8] Wall D H, Bardgett R D, Kelly E. Biodiversity in the dark[J]. *Nature Geoscience*, 2010, **3**(5): 297-298.
- [9] Van Der Heijden M G A, Bardgett R D, Van Straalen N M. The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems[J]. *Ecology Letters*, 2010, **11**(3): 296-310.
- [10] Maestre F T, Quero J L, Gotelli N J, *et al.* Plant species richness and ecosystem multifunctionality in global drylands[J]. *Science*, 2012, **335**(6065): 214-218.
- [11] 周晓果. 林下植物功能群丧失对桉树人工林土壤生态系统多功能性的影响[D]. 南宁: 广西大学, 2016.
- [12] Zhang Q, Buyantuev A, Fang X N, *et al.* Ecology and sustainability of the Inner Mongolian Grassland: looking back and moving forward[J]. *Landscape Ecology*, 2020, **35**(11): 2413-2432.
- [13] Six J, Frey S D, Thiet R K, *et al.* Bacterial and fungal contributions to carbon sequestration in agroecosystems[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2006, **70**(2): 555-569.
- [14] 肖新, 朱伟, 肖靛, 等. 适宜的水氮处理提高稻基农田土壤酶活性和土壤微生物量碳氮[J]. *农业工程学报*, 2013, **29**(21): 91-98.
- [15] Xiao X, Zhu W, Xiao L, *et al.* Suitable water and nitrogen treatment improves soil microbial biomass carbon and nitrogen and enzyme activities of paddy field[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2013, **29**(21): 91-98.
- [16] Trivedi C, Delgado-Baquerizo M, Hamonts K, *et al.* Losses in microbial functional diversity reduce the rate of key soil processes [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **135**: 267-274.
- [17] Chen Q L, Ding J, Zhu Y G, *et al.* Soil bacterial taxonomic diversity is critical to maintaining the plant productivity [J]. *Environment International*, 2020, **140**, doi: 10.1016/j.envint.2020.105766.
- [18] Delgado-Baquerizo M, Reich P B, Trivedi C, *et al.* Multiple elements of soil biodiversity drive ecosystem functions across biomes[J]. *Nature Ecology & Evolution*, 2020, **4**(2): 210-220.
- [19] Wertz S, Degrange V, Prosser J I, *et al.* Maintenance of soil functioning following erosion of microbial diversity [J]. *Environmental Microbiology*, 2006, **8**(12): 2162-2169.
- [20] Guo S, Xiong W, Hang X N, *et al.* Protists as main indicators and determinants of plant performance[J]. *Microbiome*, 2021, **9**, doi: 10.1186/s40168-021-01025-w.
- [21] Jousset A, Scheu S, Bonkowski M. Secondary metabolite production facilitates establishment of rhizobacteria by reducing both protozoan predation and the competitive effects of indigenous bacteria[J]. *Functional Ecology*, 2008, **22**(4): 714-719.
- [22] Flues S, Bass D, Bonkowski M. Grazing of leaf-associated Cercomonads (Protists: Rhizaria: Cercozoa) structures bacterial community composition and function [J]. *Environmental Microbiology*, 2017, **19**(8): 3297-3309.
- [23] 李哲, 赵耀, 孙文荣, 等. 2000-2019 年我国小麦栽培技术研究文献分析[J]. *农技服务*, 2020, **37**(9): 34-36.
- [24] Chen Q L, An X L, Zheng B X, *et al.* Loss of soil microbial diversity exacerbates spread of antibiotic resistance [J]. *Soil Ecology Letters*, 2019, **1**: 3-13.
- [25] Philippot L, Spor A, Hénault C, *et al.* Loss in microbial diversity affects nitrogen cycling in soil [J]. *The ISME Journal*, 2013, **7**(8): 1609-1619.
- [26] Yan Y, Kuramae E E, De Hollander M, *et al.* Functional traits dominate the diversity-related selection of bacterial communities in the rhizosphere[J]. *The ISME Journal*, 2017, **11**(1): 56-66.
- [27] Zhang M, Liang Y C, Song A L, *et al.* Loss of soil microbial diversity may increase insecticide uptake by crop [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2017, **240**: 84-91.
- [28] Wagg C, Bender S F, Widmer F, *et al.* Soil biodiversity and soil community composition determine ecosystem multifunctionality [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2014, **111**(14): 5266-5270.
- [29] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [30] Manning P, van der Plas F, Soliveres S, *et al.* Redefining ecosystem multifunctionality [J]. *Nature Ecology & Evolution*, 2018, **2**(3): 427-436.
- [31] Wang M, Han Y Y, Xu Z W, *et al.* Hummock-hollow microtopography affects soil enzyme activity by creating environmental heterogeneity in the sedge-dominated peatlands of the Changbai Mountains, China [J]. *Ecological Indicators*, 2021, **121**, doi: 10.1016/j.ecolind.2020.107187.
- [32] Liu Y R, Delgado-Baquerizo M, Wang J T, *et al.* New insights into the role of microbial community composition in driving soil respiration rates[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **118**: 35-41.
- [33] Walters W, Hyde E R, Berg-Lyons D, *et al.* Improved bacterial 16S rRNA gene (V4 and V4-5) and fungal internal transcribed spacer marker gene primers for microbial community surveys[J]. *mSystems*, 2016, **1**(1), doi: 10.1128/mSystems.00009-15.
- [34] Caporaso J G, Kuczynski J, Stombaugh J, *et al.* QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data [J]. *Nature Methods*, 2010, **7**(5): 335-336.
- [35] Bokulich N A, Kaehler B D, Ram R J, *et al.* Optimizing taxonomic classification of marker-gene amplicon sequences with QIIME 2's q2-feature-classifier plugin [J]. *Microbiome*, 2018,

- 6, doi: 10.1186/s40168-018-0470-z.
- [35] Callahan B J, Memurdie P J, Rosen M J, *et al.* DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data [J]. *Nature Methods*, 2016, **13**(7): 581-583.
- [36] McDonald D, Price M N, Goodrich J, *et al.* An improved greengenes taxonomy with explicit ranks for ecological and evolutionary analyses of bacteria and archaea [J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(3): 610-618.
- [37] Kõljalg U, Larsson K H, Abarenkov K, *et al.* UNITE: A database providing web-based methods for the molecular identification of ectomycorrhizal fungi [J]. *New Phytologist*, 2005, **166**(3): 1063-1068.
- [38] Guillou L, Bachar D, Audic S, *et al.* The protist ribosomal reference database (PR²): A catalog of unicellular eukaryote small sub-unit rRNA sequences with curated taxonomy [J]. *Nucleic Acids Research*, 2013, **41**(D1): D597-D604.
- [39] Duffy J E. Biodiversity loss, trophic skew and ecosystem functioning[J]. *Ecology Letters*, 2003, **6**(8): 680-687.
- [40] Gamfeldt L, Hillebrand H, Jonsson P R. Multiple functions increase the importance of biodiversity for overall ecosystem functioning[J]. *Ecology*, 2008, **89**(5): 1223-1231.
- [41] 徐炜, 井新, 马志远, 等. 生态系统多功能性的测度方法[J]. *生物多样性*, 2016, **24**(1): 72-84.
- Xu W, Jing X, Ma Z Y, *et al.* A review on the measurement of ecosystem multifunctionality[J]. *Biodiversity Science*, 2016, **24**(1): 72-84.
- [42] Sun A Q, Jiao X Y, Chen Q L, *et al.* Microbial communities in crop phyllosphere and root endosphere are more resistant than soil microbiota to fertilization [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, **153**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.108113.
- [43] Zhang K P, Delgado-Baquerizo M, Zhu Y G, *et al.* Space is more important than season when shaping soil microbial communities at a large spatial scale [J]. *mSystems*, 2020, **5**, doi: 10.1128/mSystems.00783-19.
- [44] Xing Y Y, Niu X L, Wang N, *et al.* The correlation between soil nutrient and potato quality in loess plateau of china based on PLSR [J]. *Sustainability, Multidisciplinary Digital Publishing Institute*, 2020, **12**(4), doi: 10.3390/su12041588.
- [45] Fanin N, Gundale M J, Farrell M, *et al.* Consistent effects of biodiversity loss on multifunctionality across contrasting ecosystems[J]. *Nature Ecology & Evolution*, 2018, **2**(2): 269-278.
- [46] Yan Y, Kuramae E E, Klinkhamer P G L, *et al.* Revisiting the dilution procedure used to manipulate microbial biodiversity in terrestrial systems[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2015, **81**(13): 4246-4252.
- [47] Bais H P, Weir T L, Perry L G, *et al.* The role of root exudates in rhizosphere interactions with plants and other organisms[J]. *Annual Review of Plant Biology*, 2006, **57**: 233-266.
- [48] Fukami T. Historical contingency in community assembly: Integrating niches, species pools, and priority effects [J]. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 2015, **46**: 1-23.
- [49] Nemergut D R, Schmidt S K, Fukami T, *et al.* Patterns and processes of microbial community assembly[J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2013, **77**(3): 342-356.
- [50] Lekberg Y, Schnoor T, Kjølner R, *et al.* 454-sequencing reveals stochastic local reassembly and high disturbance tolerance within arbuscular mycorrhizal fungal communities [J]. *Journal of Ecology*, 2012, **100**(1): 151-160.
- [51] Calderón K, Spor A, Breuil M C, *et al.* Effectiveness of ecological rescue for altered soil microbial communities and functions[J]. *The ISME Journal*, 2017, **11**(1): 272-283.
- [52] Getzke F, Thiergart T, Hacquard S. Contribution of bacterial-fungal balance to plant and animal health[J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2019, **49**: 66-72.
- [53] Bass D, Howe A T, Mylnikov A P, *et al.* Phylogeny and classification of Cercomonadida (Protozoa, Cercozoa): *Cercomonas*, *Eocercomonas*, *Paracercomonas*, and *Cavernomonas* gen. nov[J]. *Protist*, 2009, **160**(4): 483-521.
- [54] Ekelund F. Enumeration and abundance of mycophagous protozoa in soil, with special emphasis on heterotrophic flagellates [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1998, **30**(10-11): 1343-1347.
- [55] Bonkowski M. Protozoa and plant growth: the microbial loop in soil revisited[J]. *New Phytologist*, 2004, **162**(3): 617-631.
- [56] Ceja-Navarro J A, Wang Y, Ning D L, *et al.* Protist diversity and community complexity in the rhizosphere of switchgrass are dynamic as plants develop[J]. *Microbiome*, 2021, **9**(1), doi: 10.1186/s40168-021-01042-9.
- [57] Geisen S, Mitchell E A D, Adl S, *et al.* Soil protists: A fertile frontier in soil biology research [J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2018, **24**(3): 165-176.
- [58] Ul Haq I, Zhang M, Yang P, *et al.* The interactions of bacteria with fungi in soil: emerging concepts[J]. *Advances in Applied Microbiology*, 2014, **89**: 185-215.
- [59] Wertz S, Degrange V, Prosser J I, *et al.* Decline of soil microbial diversity does not influence the resistance and resilience of key soil microbial functional groups following a model disturbance [J]. *Environmental Microbiology*, 2010, **9**(9): 2211-2219.
- [60] 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.
- [61] Singh B K, Quince C, Macdonald C A, *et al.* Loss of microbial diversity in soils is coincident with reductions in some specialized functions [J]. *Environmental Microbiology*, 2014, **16**(8): 2408-2420.
- [62] Romdhane S, Spor A, Aubert J, *et al.* Unraveling negative biotic interactions determining soil microbial community assembly and functioning[J]. *The ISME Journal*, 2022, **16**(1): 296-306.
- [63] Hector A, Bazeley-White E, Loreau M, *et al.* Overyielding in grassland communities: testing the sampling effect hypothesis with replicated biodiversity experiments [J]. *Ecology Letters*, 2002, **5**(4): 502-511.
- [64] Stosiek N, Terebieniec A, Zabek A, *et al.* N-phosphonomethylglycine utilization by the psychrotolerant yeast *Solicocozyma terricola* M 3. 1. 4 [J]. *Bioorganic Chemistry*, 2019, **93**, doi: 10.1016/j.bioorg.2019.03.040.
- [65] Casini G, Yaseen T, Abdelfattah A, *et al.* Endophytic fungal communities of ancient wheat varieties [J]. *Phytopathologia Mediterranea*, 2019, **58**(1): 151-162.
- [66] Li P F, Liu M, Li G L, *et al.* Phosphorus availability increases pathobiome abundance and invasion of rhizosphere microbial networks by *Ralstonia* [J]. *Environmental Microbiology*, 2021, **23**(10): 5992-6003.
- [67] Perdomo H, Sutton D A, García D, *et al.* Spectrum of clinically relevant *Acremonium* species in the United States[J]. *Journal of Clinical Microbiology*, 2011, **49**(1): 243-256.

CONTENTS

Challenges Regarding the Co-emission of Emerging Pollutants to Eco-environmental Monitoring and Management	WANG Pei, HUANG Xin-yi, CAO Zhi-wei, <i>et al.</i> (4801)
Environmental Process, Effects and Risks of Emerging Contaminants in the Estuary-Coastal Environment	WANG Xin-hong, YU Xiao-xuan, WANG Si-quan, <i>et al.</i> (4810)
Research Progress of Analytical Methods with Molecular Spectroscopy for Determination of Trace Nutrients and Metals in Seawaters	YUAN Dong-xing, HUANG Yong-ming, WANG Ting (4822)
Research Progress on the Determination of Sulfide in Natural Waters: From Laboratory Analysis to In-Situ Monitoring	LI Peng, LIN Kun-de, YUAN Dong-xing (4835)
Advances in On-site Analytical Methods for Inorganic Arsenic in Environmental Water	BO Guang-yong, CHEN Zhao-ying, GONG Zhen-bin, <i>et al.</i> (4845)
Advances and Prospect of Sampling Techniques and Analytical Methods for Trace Elements in the Ocean; Progress of Trace Element Platform Construction in Xiamen University	 HUANG Yong-ming, ZHOU Kuan-bo, CHEN Yao-jin, <i>et al.</i> (4858)
Biodegradation of Polyethylene Microplastic: A Review	 LUO Yuan-rong, QIAN Yi-qian, QI Ya-nan (4869)
Mechanism and Environmental Effect on Nitrogen Addition to Microbial Process of Arsenic Immobilization in Flooding Paddy Soils	WANG Feng, ZHANG Jing, ZHOU Shao-yu, <i>et al.</i> (4876)
Toxicity Testing Organisms for Marine Ecotoxicological Research in China	SHI Tian-yi, HONG Hai-zheng, WANG Ming-hua, <i>et al.</i> (4888)
Estimating Methane Fugitive Emissions from Oil and Natural Gas Systems in China	CHEN Chun-ci, LÜ Yong-long, HE Gui-zhen (4905)
Atmospheric NH ₃ Emission Inventory and Its Tempo-spatial Changes in Xiamen-Zhangzhou-Quanzhou Region from 2015 to 2020	LI Xiang, WU Shui-ping, JIANG Bing-qi, <i>et al.</i> (4914)
Distribution of Microplastic and Antibiotic Resistance Gene Pollution in Jiulong River Estuary	CHENG Hong, CHEN Rong (4924)
Pollution Characteristics of Microplastics in Sediments of Xiamen Bay Beach	YAO Rui, LIU Hua-tai, LI Yong-yu, <i>et al.</i> (4931)
Spatial and Temporal Distribution and Influencing Factors of Dissolved Trace Metals in Jiulong River Estuary and Xiamen Bay	QI Liu-qian, YUE Xin-li, ZHONG Hao-wen, <i>et al.</i> (4939)
Spatiotemporal Characteristics of Dissolved Oxygen and Control Mechanism of Hypoxia (Low Oxygen) in the Watershed-Coastal System in Fujian Province	 YANG Ai-lin, YANG Fang, LI Shao-bin, <i>et al.</i> (4950)
Distribution, Migration, and Transformation Mechanism of Labile Phosphorus in Sediments of Xixi River Estuary, Xiamen	PAN Feng, CAI Yu, GUO Zhan-rong, <i>et al.</i> (4961)
Adsorption of Mn ²⁺ by Modified Biochar Fixed Bed in Simulated Lakes and Reservoir Waters	ZHAO Jie, YE Zhi-long, WANG Jia-ni, <i>et al.</i> (4971)
Rapid Detection of Trace Enrofloxacin and Ciprofloxacin in Drinking Water by SERS	XU Jing, ZHENG Hong, LU Jiang-long, <i>et al.</i> (4982)
Degradation of Triphenyl Phosphate in Water by UV-driven Advanced Oxidation Processes	XU Zi-wen, YIN Hong-ling, XIONG Yuan-ming, <i>et al.</i> (4992)
Characteristics and Potential Sources of Four Ozone Pollution Processes in Hainan Province in Autumn of 2019	FU Chuan-bo, CHEN Hong, DAN Li, <i>et al.</i> (5000)
Characterization and Formation Mechanism of Water-soluble Inorganic Ions in PM _{2.5} and PM ₁₀ in Summer in the Urban Agglomeration of the Ili River Valley	 CHEN Qiao, GU Chao, XU Tao, <i>et al.</i> (5009)
Difference in PM _{2.5} Pollution and Transport Characteristics Between Urban and Suburban Areas	QI Peng, ZHOU Ying, CHENG Shui-yuan, <i>et al.</i> (5018)
Characteristics and Health Risk Assessment of BTEX in the Northern Suburbs of Nanjing	FENG Yue-zheng, AN Jun-lin, ZHANG Yu-xin, <i>et al.</i> (5030)
Ecological Risk Assessment of Microplastics Occurring in Surface Water of Terrestrial Water Systems across China	SUN Xiao-nan, CHEN Hao, JIA Qi-long, <i>et al.</i> (5040)
Scale Effects of Landscape Pattern on Water Quality in Dongjiang River Source Watershed	CHEN You-liang, ZOU Wen-min, LIU Xing-gen, <i>et al.</i> (5053)
Mercury Speciation, Distribution, and Potential Sources in Surface Waters of the Yangtze and Yellow River Source Basins of Tibetan Plateau During Wet Season	 LIU Nan-tao, WU Fei, YUAN Wei, <i>et al.</i> (5064)
Water Environmental Characteristics and Water Quality Assessment of Lakes in Tibetan Plateau	LIU Zhi-qi, PAN Bao-zhu, HAN Xu, <i>et al.</i> (5073)
Karst Hydrogeochemical Characteristics and Controlling Factors of Carlin-type Gold Mining Area Based on Hydrochemistry and Sulfur Isotope	 ZHA Xue-fang, WU Pan, LI Xue-xian, <i>et al.</i> (5084)
Characteristics of Eukaryotic Phytoplankton Community Structure and Its Relationship with Environmental Factors in Danjiangkou Reservoir	HE Yu-xiao, MAI Si-jie, REN Yu-fen, <i>et al.</i> (5096)
Adsorption of Phosphate and Heavy Metals by Lanthanum Modified Zeolite and Its Performance in Sediment Inactivation	WANG Zhe, ZHU Jun, LI Wen, <i>et al.</i> (5106)
Metagenomic and Metatranscriptomic Analysis of Nitrogen Removal Functional Microbial Community of Petrochemical Wastewater Biological Treatment Systems	 ZHANG Xu, ZHOU Jia-jia, ZHOU Min, <i>et al.</i> (5115)
Bacterial Community Structure and Antibiotic Resistance Gene Changes in IFAS + Magnetic Coagulation Process Wastewater Treatment Plant in Cold Regions	 DU Wen-yan, YAO Jun-qin, MA Hui-ying, <i>et al.</i> (5123)
Nitric Oxide Emissions from Chinese Upland Cropping Systems and Mitigation Strategies: A Meta-analysis	 TIAN Zheng-yun, WU Xiong-wei, WU Yuan-yuan, <i>et al.</i> (5131)
Impact of Nitrification Inhibitors on Vegetable Production Yield, Nitrogen Fertilizer Use Efficiency and Nitrous Oxide Emission Reduction in China: Meta Analysis	 LIU Fa-bo, MA Xiao, ZHANG Fen, <i>et al.</i> (5140)
Effect of Different Fertilization Treatments on Methane and Nitrous Oxide Emissions from Rice-Vegetable Rotation in a Tropical Region, China	 SHAO Xiao-hui, TANG Shui-rong, MENG Lei, <i>et al.</i> (5149)
Effects of Land-use Conversion on Soil Nitrification and NO & N ₂ O Emissions in Tropical China Under Different Moisture Conditions	TANG Rui-jie, HU Yu-jie, ZHAO Cai-yue, <i>et al.</i> (5159)
Characteristics of Heavy Metal Pollution in Farmland Soil of the Yangtze River Economic Belt Based on Bibliometric Analysis	LIU Xiao-yan, FAN Ya-nan, LIU Peng, <i>et al.</i> (5169)
Spatial and Temporal Distribution and Source Variation of Heavy Metals in Cultivated Land Soil of Xiangzhou District Based on EBK Interpolation Prediction and GDM Model	 GAO Hao-ran, ZHOU Yong, LIU Jia-kang, <i>et al.</i> (5180)
Identification of Soil Heavy Metal Sources Around a Copper-silver Mining Area in Ningxia Based on GIS	ZHANG Kou-kou, HE Jing, ZHONG Yan-xia, <i>et al.</i> (5192)
Effect of Aging on Stabilization of Cd ²⁺ Through Biochar Use in Alkaline Soil of Bayan Obo Mining Area	WANG Zhe, CHENG Jun-li, BIAN Yuan, <i>et al.</i> (5205)
Preparation of Magnetic Iron Oxide/Mulberry Stem Biochar and Its Effects on Dissolved Organic Carbon and Arsenic Speciation in Arsenic-Contaminated Soils	 LU Lin, YAN Li-ling, LIANG Mei-na, <i>et al.</i> (5214)
Effects of Oyster Shell Powder and Lime on Availability and Forms of Phosphorus and Enzyme Activity in Acidic Paddy Soil	ZHAO Li-fang, HUANG Peng-wu, YANG Cai-di, <i>et al.</i> (5224)
Effects of Interaction of Zinc and Cadmium on Growth and Cadmium Accumulation of <i>Brassica campestris</i> L.	SHUAI Zu-ping, LIU Han-yi, CUI Hao, <i>et al.</i> (5234)
Pollution Characteristics and Ecological Risk Assessment of Antibiotics in Vegetable Field in Kaizhou, Chongqing	FANG Lin-fa, YE Ping-ping, FANG Biao, <i>et al.</i> (5244)
Temporal and Spatial Variation Characteristics of Carbon Storage in the Source Region of the Yellow River Based on InVEST and GeoSoS-FLUS Models and Its Response to Different Future Scenarios	 HOU Jian-kun, CHEN Jian-jun, ZHANG Kai-qi, <i>et al.</i> (5253)
Carbon Sequestration Characteristics of Different Restored Vegetation Types in Loess Hilly Region	XU Xiao-ming, ZHANG Xiao-ping, HE Liang, <i>et al.</i> (5263)
Response of Soil Multifunctionality to Reduced Microbial Diversity	CHEN Gui-xian, WU Chuan-fa, GE Ti-da, <i>et al.</i> (5274)
Effect of Nitrogen Addition on Soil Fungal Diversity in a Degraded Alpine Meadow at Different Slopes	SU Xiao-xue, LI Xi-lai, LI Cheng-yi, <i>et al.</i> (5286)
Comparative Energy Consumption Structure and Mode between China and Major Energy-Consuming Countries Under the Background of Carbon Emission Reduction	 LI Hui, PANG Bo, ZHU Fa-hua, <i>et al.</i> (5294)
Spatialization and Spatio-temporal Dynamics of Energy Consumption Carbon Emissions in China	HAO Rui-jun, WEI Wei, LIU Chun-fang, <i>et al.</i> (5305)
Carbon Dioxide Mitigation Co-effect Analysis of Structural Adjustment Measures in the "2 + 26" Cities in the Jing-Jin-Ji Region and Its Surroundings	 YANG Tian-qi, WANG Hong-chang, ZHANG Chen, <i>et al.</i> (5315)
Policy Analysis in Plastic Pollution Governance and Recommendations in China	LI Huan, ZHU Long, SHEN Qian, <i>et al.</i> (5326)