

石乐, 赵茜, 颜为, 潘福霞. 生物可降解微塑料与氮肥共存对土壤生态功能的影响[J]. 土壤学报, 2026,

SHI Yue, ZHAO Qian, YAN Wei, PAN Fuxia. Effects of Biodegradable Microplastics and Nitrogen Fertilizer on Soil Ecosystem Functionality[J]. Acta Pedologica Sinica, 2026,

生物可降解微塑料与氮肥共存对土壤生态功能的影响*

石乐¹, 赵茜¹, 颜为², 潘福霞^{1†}

(1. 山东师范大学地理与环境学院, 济南 250358; 2. 山东省农业科学院玉米研究所, 济南 250100)

摘要: 随着生物可降解地膜的广泛应用, 农田生态系统中生物可降解微塑料 (BMPs) 的累积及其对土壤健康的潜在威胁备受关注。然而, 在氮肥施用背景下, BMPs 对土壤微生物群落结构和生态功能的影响尚不明确。通过微宇宙试验, 设置对照 (CK)、单施尿素 (N)、尿素+聚乳酸微塑料 (NPL) 及尿素+聚对苯二甲酸-己二酸丁二醇酯微塑料 (NPB) 4 个处理, 系统探究土壤理化性质、酶活性和微生物群落的响应特征。结果表明, 与 CK 相比, N、NPL 和 NPB 处理均显著降低土壤 pH 并增加了硝态氮和铵态氮含量。NPL 处理显著提高了土壤可溶性有机碳 (DOC) 含量, 较 N 处理提高 61.39%。BMPs 和尿素协同促进了脲酶活性, N、NPL 和 NPB 分别较 CK 增加 7.71%、11.70% 和 14.52%。添加尿素和 BMPs 均降低了细菌 α 多样性, 但显著诱导了功能类群的定向富集。与有机物降解相关的 *Arthrobacter* 和 *Rhodanobacter* 的相对丰度在 NPL 和 NPB 处理中显著增加。微生物生态功能预测结果表明, BMPs 和尿素共存显著提高了反硝化功能组细菌丰度, NPL 和 NPB 处理较 N 处理分别增加 85.92% 和 102.51%。单施尿素降低了土壤多功能指数 (SMI), 而 BMPs 与尿素共存显著提高了 SMI, 其中 NPL 和 NPB 处理的 SMI 分别较 N 处理增加 2.15 倍和 0.95 倍。分层分割结果显示, DOC 是驱动 SMI 变化的核心因子 (解释率为 58.92%)。综上, BMPs 与尿素共存短期内可显著增强土壤多功能性, 聚乳酸微塑料的影响强于聚对苯二甲酸-己二酸丁二醇酯微塑料。本研究揭示了氮肥与微塑料的交互效应, 为科学评估 BMPs 在农田环境中的生态风险及地膜的安全应用提供了理论依据。

关键词: 生物可降解微塑料; 尿素; 酶活性; 微生物群落结构; 碳氮代谢

中图分类号: X53

文献标志码: A

Effects of Biodegradable Microplastics and Nitrogen Fertilizer on Soil Ecosystem Functionality

SHI Yue¹, ZHAO Qian¹, YAN Wei², PAN Fuxia^{1†}

(1. College of Geography and Environment, Shandong Normal University, Jinan 250358, China; 2. Maize Research Institute, Shandong Academy of Agricultural Science, Jinan 250100, China)

Abstract: 【Objective】 With the widespread application of biodegradable mulch films, the accumulation of biodegradable microplastics (BMPs) in agroecosystems and their potential threats to soil health have attracted significant attention. However, in the context of nitrogen fertilization, the impact of BMPs on soil microbial community structure and ecological functions remains unclear. **【Methods】** A microcosm experiment was conducted with four treatments: control (CK), urea addition (N), urea combined with polylactic acid microplastics (NPL), and urea combined with polybutylene adipate terephthalate microplastics (NPB). Soil physicochemical properties, enzyme activities, and microbial community composition were measured to evaluate the combined effects of BMPs and N fertilizer on

* 国家自然科学基金项目 (41801089) 资助 Supported by the National Natural Science Foundation of China (No.41801089)

† 通讯作者 Corresponding author, E-mail: fxpan2020@163.com

作者简介: 石乐 (1999—), 女, 内蒙古呼伦贝尔人, 硕士研究生, 从事微塑料污染研究。E-mail: 16604804099@163.com

收稿日期: 2025-12-27; 收到修改稿日期: 2026-05-19; 网络首发日期 (www.cnki.net): 2026-05-19

soil ecological functions. 【Results】 Compared with CK, the N, NPL, and NPB treatments significantly decreased soil pH and increased the concentrations of NO_3^- -N and NH_4^+ -N. NPL treatment significantly elevated soil dissolved organic carbon (DOC) content, which was 61.39% higher than N treatment. Additionally, the co-application of BMPs and urea potentiated soil urease activity, showing increments of 7.71% to 14.52% across different treatments compared with CK. Although bacterial α -diversity was suppressed by N and BMP inputs, specific functional taxa were directional enriched. Microbial functional predictions indicated that the co-existence of BMPs and urea significantly increased the abundance of denitrifying functional groups, with increases of 85.92% (NPL) and 102.51% (NPB) compared with the N treatment. Notably, N treatment reduced the soil multifunctionality index (SMI), whereas the co-application of BMPs and urea significantly enhanced SMI, with NPL and NPB treatments showing increases of 2.15-fold and 0.95-fold relative to the N treatment, respectively. Hierarchical partitioning results revealed that DOC was the core factor driving SMI variations, with an explanation rate of 58.92%. 【Conclusion】 The co-application of BMPs and urea significantly enhanced soil multifunctionality in the short term, with PLA exhibiting a stronger ecological impact than PBAT. These findings elucidate the interactive effects of nitrogen fertilizer and BMPs on soil functioning, and provide a theoretical basis for the ecological risk assessment of BMPs and the sustainable application of biodegradable mulch films in agroecosystems.

Key words: Biodegradable microplastics; Urea; Enzyme activity; Microbial community composition; Carbon and nitrogen metabolism

塑料地膜可控制杂草、减少植物病害、保持土壤水分和维持适宜小气候^[1]。2020 年中国塑料地膜残留总量为 207 万吨,以当前地膜使用量,预测至 2050 年中国农田塑料残留总量将达到 624 万吨^[2]。传统塑料地膜难降解,可在土壤中存留数年,对土壤生态系统构成持续威胁^[3]。生物可降解地膜被认为是解决塑料污染的有效途径之一,聚乳酸 (Poly-(lactic acid), PLA) 和聚对苯二甲酸-己二酸丁二醇酯 (Poly-(butylene adipate-co-terephthalate), PBAT) 是生物可降解地膜的主要成分。自然条件下,塑料地膜会通过物理磨损、光降解、氧化降解和生物降解等过程分解成微塑料^[4],而生物可降解地膜因分解速度较传统地膜快,可能会破碎成更小的微塑料颗粒,积累速度更快,对土壤微塑料积累贡献更大。然而,生物可降解微塑料 (Biodegradable microplastics, BMPs) 对农田土壤生态系统的影响尚缺乏系统认识。

氮作为植物生长所需的关键营养元素,其在农田中的循环过程极易受外源碳输入的影响。BMPs 具有高碳、极低氮的特点,其输入显著改变了土壤的资源化学计量比,导致微生物群落及其功能发生变化^[5]。BMPs 进入土壤可通过促进微塑料降解菌群生长重塑微生物群落结构而改变微生物竞争关系,对生态系统稳定性产生影响^[6],从而扰乱原有的微生物网络平衡。BMPs 分解过程中碳含量的增加会导致碳周转加快,进而影响微生物的代谢活动和土壤氮循环^[7-8]。已有研究发现,添加高剂量 PLA 可显著增加土壤可溶性有机氮、铵态氮和硝态氮含量^[9],生物可降解塑料膜 (主要成分为 PLA 和 PBAT) 可促进氮固定、氮降解和同化硝酸还原过程,降低编码硝化和反硝化过程的基因丰度^[10]。然而,现有研究大多聚焦于无外源氮补给的土壤系统,忽略了农业生产中高频次施用氮肥背景下的微塑料与氮肥交互效应。

施用氮肥和地膜覆盖是农业生产中常见的管理组合,随着生物可降解地膜的推广,亟需明确其残留微塑料与氮肥共存时的生态效应。基于此,本研究假设: BMPs 输入会打破原有的碳氮代谢平衡,通过改变底物有效性调控微生物群落结构与功能,最终驱动土壤生态多功能性的演变。通过室内模拟试验,对比分析了单施尿素、尿素和 BMPs (PLA 和 PBAT) 共存对土壤理化性质、关键酶活性、微生物群落结构及多功能性的影响,旨在从底物-微生物-功能的多维视角,揭示复杂胁迫下农田土壤功能的维持机制,为评估 BMPs 在农田生态系统中的环境风险提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试土壤取自山东省烟台市农田 (37.30°N, 121.26°E),种植制度为小麦-玉米轮作。土壤 pH 6.3,有机碳含量 $9.8 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,全氮含量 $1.0 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,有效磷含量 $40.2 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 。土壤风干过 2 mm 筛,混匀备用。试验用

PLA 和 PBAT 购于凯萱塑胶科技有限公司（中国，东莞），红外光谱图如图 1 所示。PLA 和 PBAT 颗粒为不规则球状结构，纯度 99.99%，粒径 150 μm 。PLA 密度 1.24 $\text{g}\cdot\text{cm}^{-3}$ ，熔点 42.2 $^{\circ}\text{C}$ ；PBAT 密度 1.22 $\text{g}\cdot\text{cm}^{-3}$ ，熔点 119 $^{\circ}\text{C}$ 。BMPs 用紫外线杀菌 1 h，以减少微生物污染。试验用氮肥为尿素（分析纯），购于国药集团化学试剂有限公司（中国，上海）。

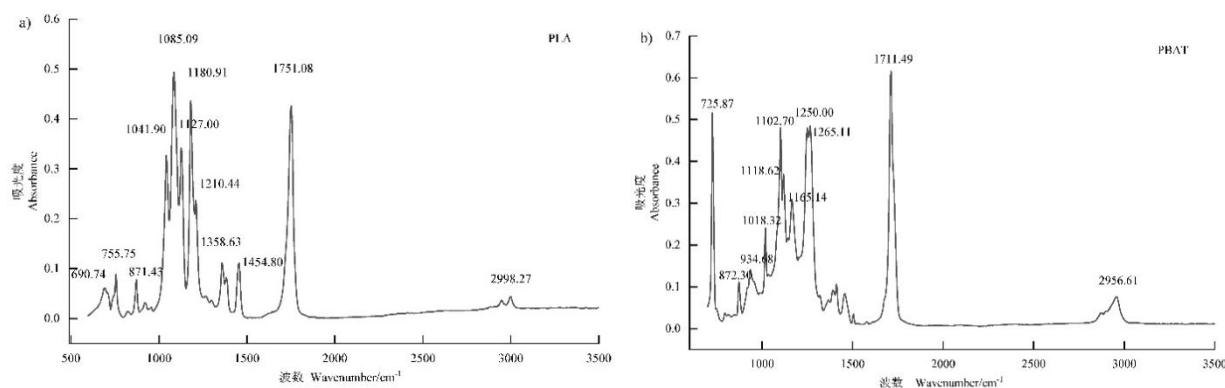


图 1 聚乳酸微塑料 (PLA) (a) 和聚对苯二甲酸-己二酸丁二醇酯微塑料 (PBAT) (b) 的红外光谱图

Fig. 1 FTIR spectra of poly-(lactic acid) (PLA) microplastics (a) and poly-(butylene adipate-co-terephthalate) (PBAT) microplastics (b)

1.2 试验设计

培养试验共设 4 个处理组：空白对照 (CK)、添加尿素 (N)、同时添加尿素和 PLA (NPL) 以及同时添加尿素和 PBAT (NPB)，每处理 3 次重复。称取 300 g 土样（以干土计）于 500 mL 棕色广口玻璃瓶中，用去离子水调节土壤水分至田间最大持水量的 60%，于 25 $^{\circ}\text{C}$ 预培养 7 d。随后，按处理设计加入 BMPs 或尿素，充分混匀。根据当地作物推荐施肥量，设置尿素添加量为 344 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 干土。参考前人研究^[11-12]设置 BMPs 添加量为 3% (m/m)，以模拟局部高污染区域的负载水平。培养期间，每隔 2~3 d 采用称重法补充水分，使土壤水分维持在 60% 最大持水量。培养周期设置为 50 d，该时期是 BMPs 释放底物碳源、改变理化性质及驱动微生物群落重塑的显著时期，能够有效反映微塑料对土壤生态功能的短期高强度干扰^[9-13]。培养结束后，取 10 g 土壤于 -20 $^{\circ}\text{C}$ 保存，用于土壤微生物组分测定，其余土壤 4 $^{\circ}\text{C}$ 保存用于土壤养分和酶活性测定。

1.3 土壤理化性质与酶活性测定

于土水比 1:2.5 下测定土壤 pH。铵态氮 ($\text{NH}_4^{+}\text{-N}$) 含量用靛酚蓝比色法测定，硝态氮 ($\text{NO}_3^{-}\text{-N}$) 含量用双波长紫外分光光度法测定^[14]。可溶性有机碳 (DOC) 含量用总有机碳分析仪 (TOC-L CSH, 岛津, 日本) 测定。 β -葡萄糖苷酶活性用硝基酚比色法测定^[15]。脲酶、硝酸还原酶、亚硝酸还原酶和蛋白酶分别用苯酚钠-次氯酸钠比色法、磺胺-萘乙二胺比色法、对氨基苯磺酸- α -萘胺比色法和加勒斯江法测定^[15]。

1.4 细菌群落组分测定

采用土壤基因组 DNA 提取试剂盒 (天根生化科技 (北京) 有限公司, 中国) 提取 DNA，用 NanoDrop 2000 分光光度计 (Thermo fisher scientific, 美国) 检测 DNA 浓度和纯度。用引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 进行细菌 16S rRNA 基因 V3-V4 区 PCR 扩增。扩增产物经电泳检测、纯化后利用 Illumina NovaSeq 6000 平台测序 (杭州联川生物技术股份有限公司, 中国)。原始测序数据使用 QIIME2 流程处理，使用 DADA2 方法处理序列，得到扩增子序列变体 (Amplicon sequence variant, ASV) 表，基于 SILVA 数据库对 ASV 进行物种注释。各样本的 Good's coverage 指数均高于 99%，表明测序深度能较好反映样本的真实情况。细菌 α 多样性采用 Chao1 和 ACE 指数评估物种丰富度，采用 Shannon 和 Simpson 指数评估群落多样性与均匀度。

1.5 土壤多功能指数

采用等权重平均法计算土壤多功能指数 (Soil multifunctionality index, SMI)^[16]，在尚未明确各功能间主次贡献的情况下，等权重设定可最大限度的减少人为干预，增强研究结果的可比性。将所有因子分为理化性质、 α 多样性、酶活性和功能基因 4 组，涵盖土壤生态功能的核心指标，能全面反映 BMPs 干扰下的生态功能演变。先通过 Spearman 相关性分析识别并剔除组内相关系数 $r>0.8$ 的高度冗余指标，以确保组内数据

的独立代表性。将筛选后的数据进行 Z-score 标准化后计算每组平均值, 并进行方差膨胀系数 (Variance inflation factor, VIF) 检验 (4 组 VIF 均小于 3)。再用 4 组数据计算 SMI, 公式如下:

$$SMI = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n Z_i \quad (1)$$

式中, Z_i 为第 i 个指标经过标准化后的数值, $n=4$ 。

1.6 数据统计分析

采用单因素方差分析 (ANOVA) 检测各组间差异, 利用 SPSS 25.0 进行显著差异检验, $P < 0.05$ 表示存在显著差异。采用冗余分析 (Redundancy analysis, RDA) 评估环境因子与细菌群落结构的关系, 根据环境因子相关性分析结果选取 pH、DOC、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、脲酶和 β -葡萄糖苷酶为解释变量 (Z-score 标准化处理), 以属水平细菌 (相对丰度大于 0.05%) 为响应变量 (经 Hellinger 转化), 基于蒙特卡罗置换检验评估模型及各环境因子的显著性。利用线性判别分析效应量 (Linear discriminant analysis effect size, LEfSe) 识别不同处理下富集的细菌分类群, 将 $P < 0.05$ 且线性判别分析 (Linear discriminant analysis, LDA) 评分 ≥ 3.5 的物种视为差异物种。利用原核生物分类单元功能注释 (FAPROTAX) 对微生物生态功能进行注释。使用基于系统发育的功能预测工具 (PICRUSt2) 对微生物功能基因丰度进行预测, 之后在京都基因与基因组百科全书 (KEGG) 中确定与碳和氮转化相关的功能基因。为检验各环境因子与 SMI 之间的关系, 进行 Spearman 相关性分析。为进一步量化每个因子对 SMI 变异的独立贡献, 进行层次分割分析, 采用校正 R^2 评估各因子的解释率。数据可视化在 R4.4.3 和 Origin 2026 中完成。

2 结果

2.1 不同处理土壤理化性质差异

添加尿素和 BMPs 显著降低了土壤 pH ($P < 0.05$) (表 1), N、NPL 和 NPB 处理的 pH 分别较 CK 降低了 1.14、1.05 和 0.95; 而尿素存在条件下, 添加 BMPs 则提高了土壤 pH。添加尿素提高了土壤 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量 ($P < 0.05$), N、NPL 和 NPB 处理 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量分别较 CK 提高 2.03 倍~2.31 倍和 0.50 倍~1.07 倍。氮存在条件下, 添加 BMPs 显著降低了土壤 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量, 而增加了 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量 ($P < 0.05$), NPL 和 NPB 处理中 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量分别较 N 处理下降 4.16%和 8.32%, 而 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量分别较 N 处理增加 33.33%和 38.10%。NPL 处理的 DOC 含量显著高于其他处理 ($P < 0.05$), 较 N 和 NPB 处理分别增加 61.39%和 51.83%。

表 1 不同处理土壤理化性质

Table 1 Soil physicochemical properties under different treatments

处理 Treatment	pH	硝态氮 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ / ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	铵态氮 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ / ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	可溶性有机碳 DOC/($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)
CK	6.45 $\pm$ 0.07a	70.97 $\pm$ 1.41d	0.14 $\pm$ 0.04c	69.43 $\pm$ 18.39b
N	5.31 $\pm$ 0.05d	234.77 $\pm$ 3.54a	0.21 $\pm$ 0.04b	69.12 $\pm$ 17.58b
NPL	5.40 $\pm$ 0.01c	225.01 $\pm$ 6.92b	0.28 $\pm$ 0.02a	111.55 $\pm$ 18.92a
NPB	5.50 $\pm$ 0.16b	215.23 $\pm$ 1.34c	0.29 $\pm$ 0.01a	73.47 $\pm$ 8.99b

注: CK, 空白对照; N, 添加尿素; NPL, 同时添加尿素和 PLA, NPB, 同时添加尿素和 PBAT。表中数值为平均值 $\pm$ 标准误, $n=3$ 。同一列中无相同字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$)。下同。Note: CK, Control; N, Urea addition; NPL, Simultaneous addition of urea and PLA; NPB, Simultaneous addition of urea and PBAT. Values in the table represent means $\pm$ standard errors, $n = 3$. Different letters within the same column indicate significant differences among treatments ($P < 0.05$). The same below.

2.2 不同处理土壤酶活性差异

N 和 NPB 处理中土壤 β -葡萄糖苷酶活性分别较 CK 处理降低 12.20%和 10.98% ($P < 0.05$), 而 NPL 处

理与 CK 无显著差异 (表 2)。添加尿素和 BMPs 均提高了土壤蛋白酶活性和硝酸还原酶活性 ($P < 0.05$), N、NPL 和 NPB 处理中蛋白酶活性和硝酸还原酶活性分别较 CK 处理增加 1.24 倍~1.35 倍和 38.89 倍~43.04 倍。BMPs 和尿素协同促进了脲酶活性, N、NPL 和 NPB 分别较 CK 增加 7.71%、11.70%和 14.52%。添加尿素和 BMPs 处理中亚硝酸还原酶活性较 CK 下降 12.03%~20.89%。与 N 处理相比, NPB 处理显著增加了土壤脲酶活性和亚硝酸还原酶活性 ($P < 0.05$)。

表 2 不同处理土壤酶活性

Table 2 Soil enzyme activity under different treatments

处理 Treatment	β -葡萄糖苷酶活性 β -glucosidase/ ($\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}\cdot\text{h}^{-1}$)	脲酶活性 Urease activity/ ($\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot 24\text{h}^{-1}$)	蛋白酶活性 Protease activity/ ($\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot 2\text{h}^{-1}$)	硝酸还原酶活性 Nitrate reductase activity/ ($\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}\cdot 24\text{h}^{-1}$)	亚硝酸还原酶活性 Nitrite reductase activity/ ($\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}\cdot 24\text{h}^{-1}$)
CK	0.082±0.004a	0.778±0.026b	0.082±0.004b	0.028±0.002b	0.158±0.004a
N	0.072±0.004b	0.838±0.020b	0.184±0.021a	1.201±0.142a	0.125±0.007c
NPL	0.077±0.002ab	0.869±0.014ab	0.191±0.019a	1.117±0.034a	0.126±0.011c
NPB	0.073±0.007b	0.891±0.035a	0.193±0.008a	1.233±0.608a	0.139±0.004b

2.3 细菌 α 多样性与群落组成

添加尿素和 BMPs 显著降低了细菌 Shannon 和 ACE 指数 ($P < 0.05$) (表 3), 较 CK 分别降低了 2.07%~4.52% 和 7.83%~17.29%。施用尿素条件下, PLA 和 PBAT 对 α 多样性的影响不同, NPL 处理的 Shannon 和 ACE 指数显著低于 N 处理 ($P < 0.05$), 而 NPB 处理与 N 处理间无显著差异。

表 3 不同处理土壤微生物 α 多样性

Table 3 Soil microbial α diversity under different treatments

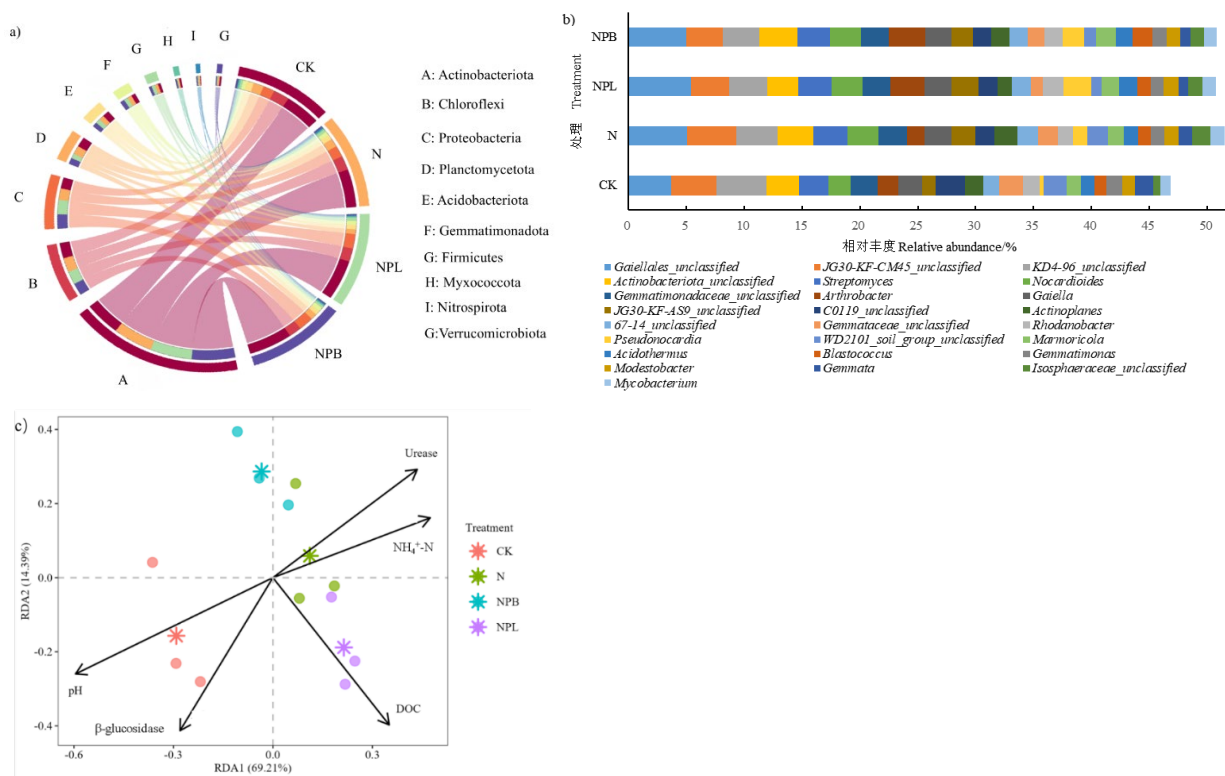
处理 Treatment	Shannon 指数 Shannon index	Chao1 指数 Chao1 index	Simpson 指数 Simpson index	ACE 指数 ACE index
CK	10.62±0.07a	3 159±185a	0.999±0.000a	3 169±188a
N	10.40±0.05b	2 914±64ab	0.999±0.000a	2 921±65bc
NPL	10.14±0.01c	2 616±23b	0.998±0.001a	2 621±27d
NPB	10.26±0.08bc	2 830±198ab	0.998±0.000a	2 836±201cd

对门水平丰度位于前 10 的细菌进行分析, 各处理均以 Actinobacteriota 丰度最高, 其次是 Chloroflexi 和 Proteobacteria (图 2a)。添加尿素和 BMPs 增加了 Actinobacteriota 和 Nitrospirota 的相对丰度 ($P < 0.05$), 降低了 Acidobacteriota 和 Myxococcota 的相对丰度 ($P < 0.05$), N、NPL 和 NPB 处理中 Actinobacteriota 相对丰度较 CK 增加 10.55%~20.54%, Nitrospirota 增加 1.03 倍~1.67 倍, 而 Acidobacteriota 和 Myxococcota 降幅均位于 23.60%~32.87%。BMPs 和尿素共存增加了 Actinobacteriota 和 Proteobacteria 相对丰度, 降低了 Chloroflexi、Planctomycetota 和 Gemmatimonadota 的相对丰度 (图 2a)。NPL 和 NPB 处理中 Proteobacteria 相对丰度显著增加 ($P < 0.05$), 较 N 处理增加 24.95%~27.36%, Planctomycetota 相对丰度显著下降 ($P < 0.05$), 较 N 处理下降 28.94%~43.10%。

添加尿素和 BMPs 增加了相对丰度排名前 25 的属的总和, N、NPL 和 NPB 处理分别较 CK 增加 9.85%、8.26%和 8.49% (图 2b)。其中, *Gaiellales_unclassified*、*JG30-KF-CM45_unclassified*、*KD4-96_unclassified* 和 *Actinobacteriota_unclassified* 在各处理中相对丰度均较高。尿素和 BMPs 处理均显著提高了 *Gaiellales_unclassified*、*Nocardioides* 和 *Pseudonocardia* 的相对丰度 ($P < 0.05$)。NPL 和 NPB 处理中 *Arthrobacter*、*Rhodanobacter*、*Pseudonocardia* 和 *Blastococcus* 的相对丰度高于 N 处理, 而 *JG30-KF-CM45_unclassified*、*Actinoplanes* 和 *Gemmataceae_unclassified* 的相对丰度低于 N 处理。

RDA 分析结果显示 (图 2c), 前两轴累计解释了细菌群落变异的 83.61%。且整体排序模型达极显著水平 ($F=3.647$, $P=0.001$)。环境因子显著性检验表明, pH ($F=10.740$, $P=0.001$) 和 DOC ($F=3.246$, $P=0.031$) 是驱动细菌群落结构变化的关键因子, 而 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、脲酶和 β -葡萄糖苷酶的影响未达到显著水平。NPL 处理

沿 pH 降低和 DOC 升高的方向聚集，而 NPB 处理则主要沿 RDA2 轴偏移，受 DOC 升高的驱动效果弱于 NPL 处理。



注：a) 门水平主要细菌组分，b) 属水平主要细菌组分，c) 细菌群落与环境因子的 RDA 分析。Note: a) Main bacterial composition at the phylum level, b) Main bacterial composition at the genus level, c) Redundancy analysis (RDA) between the bacterial community and environmental factors.

图 2 土壤细菌群落结构及其与环境因子的冗余分析 (RDA)

Fig. 2 Major bacterial composition and redundancy analysis (RDA) of soil bacterial community and environmental factors

不同处理的土壤细菌群落中差异属共 10 个 (图 3)。CK 处理差异物种有 *KD4_96_unclassified*、*WD2101_soil_group_unclassified*、*Vicinamibacteraceae_unclassified*；N 处理的差异物种为 *JG30_KF_CM45_unclassified*、*Nitrospira* 和 *Pirellulaceae_unclassified*；NPB 处理的差异物种为 *Arthrobacter* 和 *Cupriavidus*；NPL 处理的差异物种为 *Rhodanobacter* 和 *Modestobacter*。

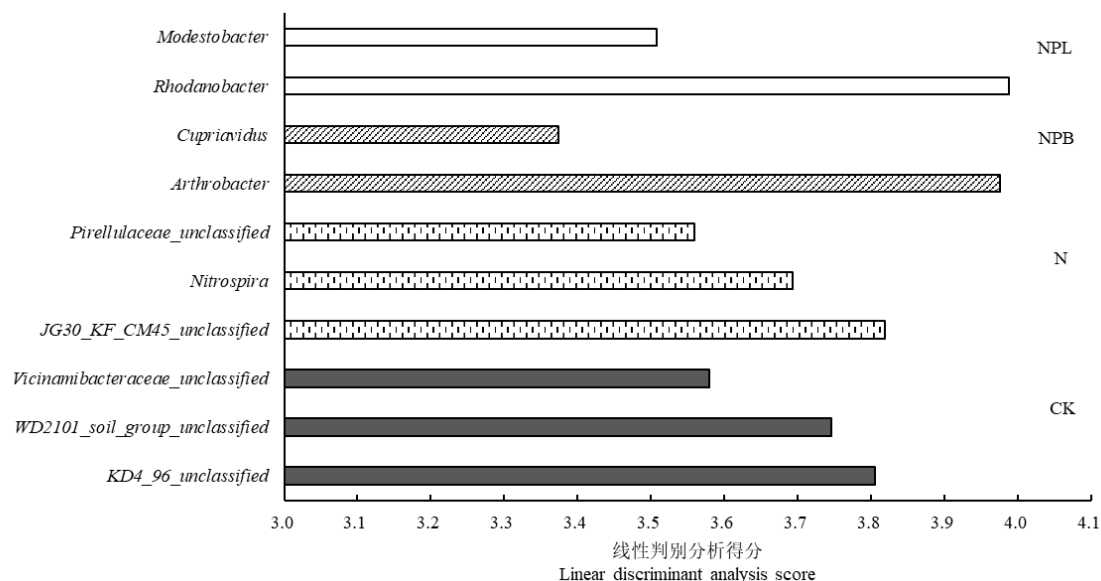
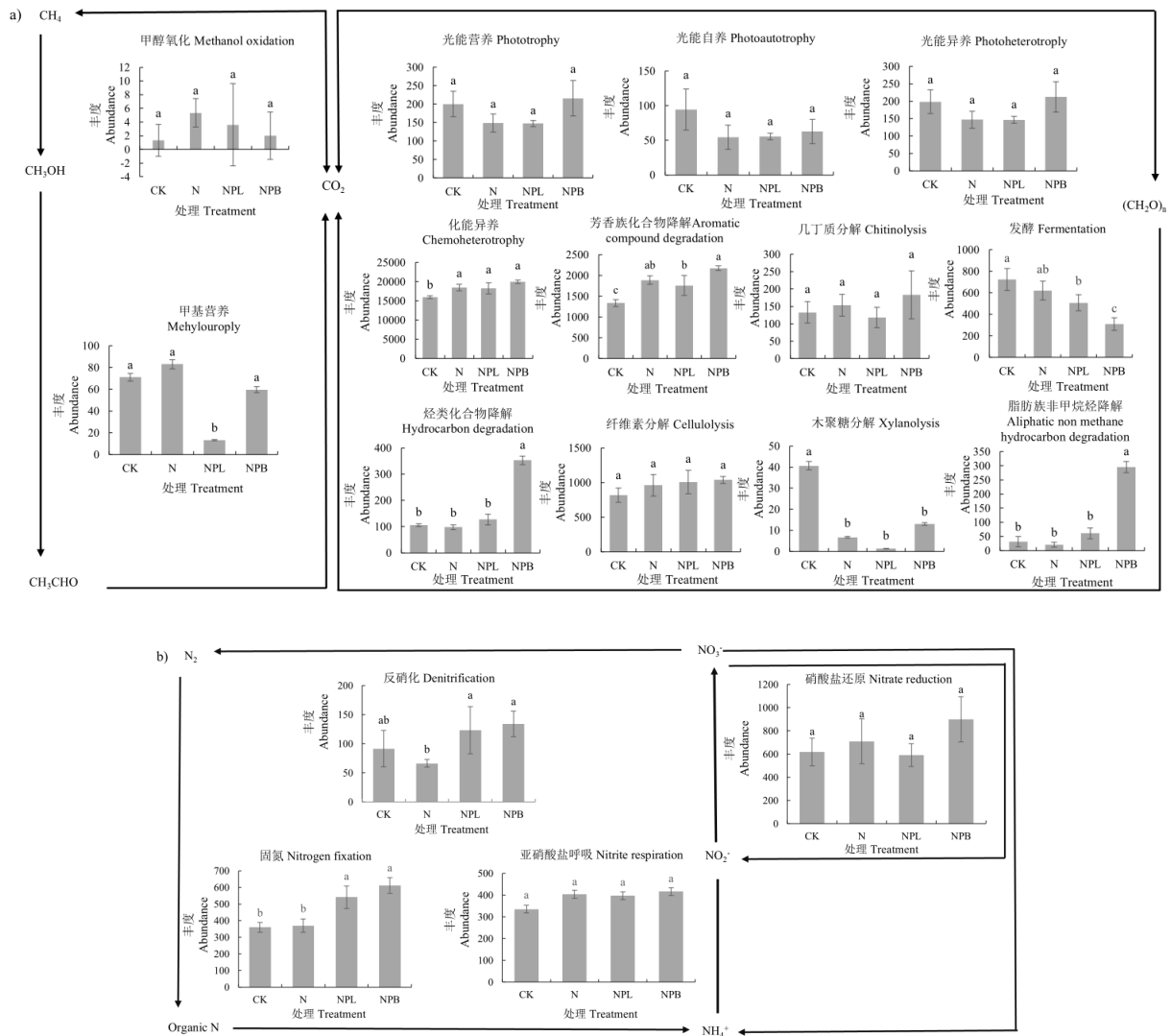


图3 土壤微生物线性判别分析效应量

Fig. 3 Linear discriminant analysis effect size (LEfSe) of soil microorganisms

2.4 微生物碳氮生态功能预测和代谢途径

基于 FAPROTAX 对微生物生态功能进行注释, 添加尿素和 BMPs 提高了化能异养、芳香族化合物降解功能组细菌的丰度 ($P < 0.05$), 而降低了参与木聚糖分解功能组细菌丰度 ($P < 0.05$) (图 4a); N、NPL 和 NPB 处理中化能异养和芳香族化合物降解功能组细菌丰度较 CK 增加 14.51%~25.27%和 31.68%~62.63%, 木聚糖分解功能组细菌丰度下降 68.03%~96.72%。施用尿素条件下, 添加 PLA 和 PBAT 对碳循环功能组细菌丰度的影响不同, NPL 处理降低了甲基营养功能组细菌的丰度 ($P < 0.05$), 较 N 处理下降 84.06%; NPB 处理提高了烃类化合物降解和脂肪族非甲烷烃降解功能组细菌的丰度 ($P < 0.05$), 较 N 处理增加 2.60 倍和 13.52 倍; 降低了发酵功能组细菌的丰度 ($P < 0.05$), 较 N 处理下降 50.00%。氮转化功能组细菌丰度如图 4b 所示, NPL 和 NPB 处理显著提高了反硝化和固氮功能组细菌的丰度 ($P < 0.05$), 反硝化功能组细菌丰度较 N 处理增加 85.92%和 102.51%, 固氮功能组细菌丰度较 N 处理增加 46.26%和 65.17%。



注: 图中误差线为标准误差, $n=3$ 。处理间无相同字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。下同。Note: Error bars are standard errors, $n=3$. Different letters indicate significant differences among treatments ($P < 0.05$). The same below.

图4 基于 FAPROTAX 的细菌碳循环(a)和氮循环(b)生态功能预测

Fig. 4 Prediction of bacterial ecological functions in carbon cycle (a) and nitrogen cycle (b) based on FAPROTAX

基于 PICRUST2 对微生物功能基因丰度进行预测。N 和 NPB 处理促进了碳转化功能基因丰度的增加 (图

5a), 而 NPL 处理对碳功能基因丰度的影响较小。与 CK 相比, N 处理仅降低了 *acsA* 和 *acsB* (固碳) 基因丰度, 其他基因丰度均增加; NPB 处理 *acsA*、*acsB*、*accA* (固碳) 和 *manA* (几丁质降解) 基因丰度下降, 其他基因丰度均增加。与 N 处理相比, NPL 和 NPB 处理提高了 *rbcL* 和 *mcrA* 基因丰度, 降低了 *pmoA* 和 *mmoX* 的基因丰度。此外, N、NPL 和 NPB 处理影响了不同的氮代谢基因 (图 5b)。与 CK 相比, N、NPL 和 NPB 处理中参与硝化过程 (*nxrA*、*nxrB*、*hao*、*amoA*、*amoB*、*amoC*) 和反硝化过程 (*narG*、*narH*、*narI*、*norB*、*norC*、*nosZ*、*nirK*、*nirS*) 的功能基因丰度均有所提高; N 处理中参与固氮过程 (*nirD*、*nifH*、*nifK*) 的基因丰度下降, 而 NPB 处理中参与固氮过程的基因丰度增加 (图 5b)。与 N 处理相比, NPL 和 NPB 处理 *hao*、*amoA*、*amoB*、*amoC* 基因丰度均降低, 而 *nirS* 和 *nosZ* 增加。NPB 处理对氮相关基因丰度的影响程度大于 NPL 处理。

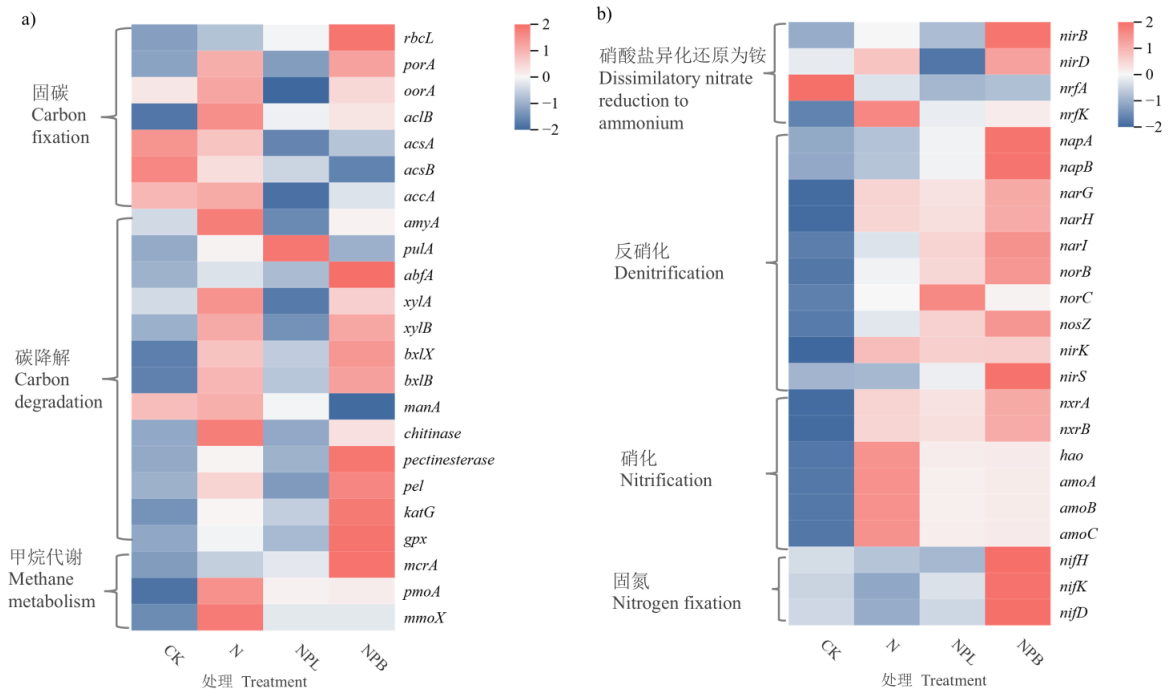


图 5 碳 (a) 和氮转化相关 (b) 功能基因丰度

Fig. 5 Abundance of carbon (a) and nitrogen (b) related functional genes

2.5 土壤生态功能与驱动因子

CK 处理的 SMI 为 0.44, N 处理较 CK 降低了 13.64%, 而 NPL 和 NPB 处理显著提高了 SMI ($P < 0.05$), 两者分别较 CK 增加 172.73% 和 68.18% (图 6)。相关性分析表明, DOC、脲酶活性和 *pulA* 基因丰度与 SMI 呈显著正相关, Shannon 指数与 SMI 呈显著负相关 ($P < 0.05$) (图 7a)。分层分割结果表明, 上述 4 个因子的总解释率为 0.71, 其中 DOC 是驱动 SMI 变化的主要因子 (解释率 58.92%, $P < 0.05$), 脲酶活性、Shannon 指数和 *pulA* 基因丰度的解释率分别为 24.96%、10.96% 和 5.10% (图 7b)。单因素线性回归分析结果表明, SMI 与 DOC 呈显著线性正相关 ($R^2 = 0.63$), 与脲酶活性呈饱和型正相关 ($R^2 = 0.45$), 与 Shannon 指数呈负相关趋势 ($R^2 = 0.35$), DOC 对 SMI 变异的解释力远高于其他因子。

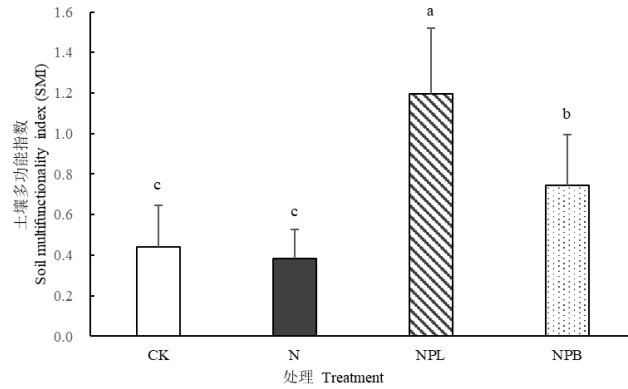


图 6 不同处理的土壤生态系统多功能性

Fig. 6 Soil ecosystems multifunctionality under different treatments

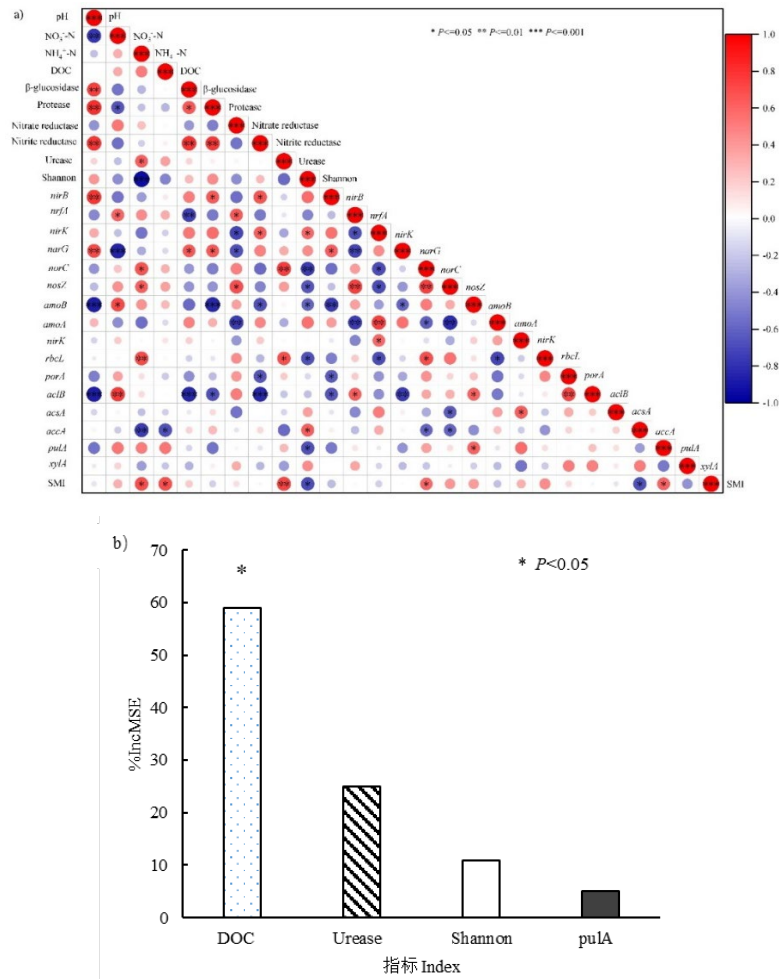


图 7 各因子与 SMI 的相关性热图 (a) 和分层分割图 (b)

Fig. 7 Heatmap of correlations between various factors and SMI (a) and hierarchical partitioning plot (b)

3 讨论

3.1 氮肥和生物可降解微塑料对土壤理化性质的影响

施用尿素显著降低了土壤 pH，但施用尿素条件下，添加 PLA 和 PBAT 提高了土壤 pH。尿素转化为硝

酸盐的过程释放 H^+ ^[17], 导致土壤 pH 下降。而添加 BMPs 后土壤 pH 较 N 处理提高, 一是与 BMPs 表面特性有关, 微塑料巨大的比表面积能够吸附酸性化合物降低其有效性, 且微塑料表面的含氧官能团使其带负电, 可吸附 H^+ , 导致土壤 pH 上升^[3]。二是 BMPs 添加后改变了氮转化过程进而影响土壤 pH^[18]。NPL 和 NPB 处理中 NH_4^+-N 含量高于 N 处理, 而 NO_3^--N 的含量降低, 且硝化过程有关的功能基因丰度(*hao*、*amoA*、*amoB*、*amoC*) 降低, 说明 BMPs 添加抑制了硝化过程发生, H^+ 释放量减少, 使土壤 pH 高于 N 处理。前人研究表明 PLA 和 PBAT 在降解过程中释放乳酸和对苯二甲酸等酸性物质会导致土壤 pH 下降^[6]。然而, 本研究中 BMPs 与氮肥共存并未引起 pH 进一步降低, 反而较 N 处理有所增加, 表明 BMPs 与氮肥的交互作用并非简单的负效应叠加, 而是涉及更为复杂的生物化学调节过程, 两者对 pH 下降的贡献率及耦合机制还有待于进一步研究。

本研究 NPL 处理的 DOC 含量显著高于其他处理, 表明添加 PLA 可促进土壤 DOC 含量提升。前人研究也得出类似结论, 添加 1% w/w 的 PLA 微塑料后土壤 DOC 含量提高了 17%~24%^[8]。BMPs 碳含量约为 60%~80%, 其在土壤中发生化学水解和生物降解, 生成的乳酸、丁二酸等小分子量低聚物溶于土壤溶液导致 DOC 含量增加^[18]。NPL 处理的土壤 DOC 含量显著高于 NPB 处理, 一方面, 与 BMPs 结构有关, PLA 因含有甲基侧基, 空间位阻小, 水解速率较 PBAT 快^[19]。另一方面, 与其表面特性有关, PBAT 的平均孔隙面积是 PLA 的 1.7 倍, PBAT 多孔的物理结构可吸附 DOC, 从而降低土壤中 DOC 含量^[20]。此外, N、NPL 和 NPB 处理的 β -葡萄糖苷酶活性均降低, 表明尿素和 BMPs 添加降低了微生物对纤维素类有机碳的降解潜力, 而 NPL 和 NPB 处理中 DOC 的积累可能来源于 BMPs 自身释放的溶解性有机碳(如芳香族蛋白类和含碳氢氧的低分子量化合物)^[21]。

3.2 氮肥和生物可降解微塑料对土壤微生物群落结构的影响

BMPs 和氮肥输入通过影响土壤理化性质进而改变了土壤微生物 α 多样性, pH 和 DOC 是驱动细菌群落结构变化的关键因子(图 2c)。N、NPL 和 NPB 处理中土壤微生物 α 多样性降低的原因如下: (1) 添加尿素降低了土壤 pH, 打破了原有养分平衡, 对微生物产生了环境胁迫, 导致微生物多样性降低^[22]。(2) BMPs 作为外源碳输入增加了土壤中不稳定碳含量, 促进了特定微生物物种的生长, 优势种竞争排斥了其他微生物类群, 导致 α 多样性减少和微生物群落结构简化^[23]。(3) 微塑料在降解过程中会对特定微生物产生毒害作用, 抑制其生长繁殖^[24], 也会导致微生物多样性下降。

添加尿素和 BMPs 改变了功能菌的相对丰度。首先, 在门水平上, N、NPL 和 NPB 显著增加了 Nitrospirota 菌的相对丰度, 说明无论是否存在 BMPs, 施用尿素均可促进硝化菌生长繁殖。与 N 处理相比, NPL 和 NPB 处理中 Actinobacteriota 的相对丰度增加, 而 Planctomycetota 的相对丰度降低。Actinobacteriota 中的许多菌属具备合成水解酶并降解微塑料的能力^[25], BMPs 添加改善了土壤碳源可利用性, 促进了该类降解菌的富集和繁殖。厌氧氨氧化菌主要归属于 Planctomycetota 门, NPL 和 NPB 处理的 *nosZ* 基因丰度增加表明反硝化作用增强, 加剧了对 NO_2^- 等中间产物的竞争性消耗, 同时, BMPs 添加导致 DOC 含量增加更利于异养反硝化菌的生长, 从而在底物和空间上抑制了厌氧氨氧化菌的生存。此外, N、NPL 和 NPB 处理中 Acidobacteria 和 Chloroflexi 的相对丰度均降低, 而 Proteobacteria 相对丰度增加。这和细菌的营养方式有关, r-策略菌偏向于易降解的活性碳源, 生长速率极快, K-策略菌偏向于复杂、难降解的有机质, 生长速率缓慢; 添加氮肥和 BMPs 后土壤中养分含量增加, r-策略菌(Proteobacteria)快速生长繁殖, 导致 K-策略菌(Acidobacteria 和 Chloroflexi)相对丰度降低^[5, 26]。其次, 在属水平上, NPL 和 NPB 处理中 *Rhodanobacter*、*Arthrobacter*、*Pseudonocardia*、*Blastococcus* 的相对丰度均高于 N 处理。*Rhodanobacter* 是 NPL 处理的差异物种, 该属在有机污染物降解菌群中占据优势地位^[27], 也有研究发现该属中的部分菌种包含着几乎完整的反硝化途径^[28]。*Arthrobacter* 为 NPB 处理的差异物种, 前人研究表明 *Arthrobacter* 能够在微塑料上定殖并在微塑料污染的土壤中显著富集^[29], 且具有降解 PBAT 的能力^[30]; *Pseudonocardia* 在 BMPs 上富集并通过调控发酵过程改变碳转化过程^[31]; *Blastococcus* 可降解氟环唑和多种芳香族化合物, 具有维持生态系统健康和缓解胁迫的潜力^[32]。添加 BMPs 诱发了土壤中有机污染物降解菌相对丰度的增加, 说明土壤微生物对环境采取适应性策略, 同时也说明 BMPs 输入会对土壤微生态环境产生影响。

3.3 氮肥和生物可降解微塑料对土壤生态功能的影响

添加尿素和微塑料显著提高了碳循环过程中化能异养、芳香化合物降解功能组细菌丰度,而显著降低了木聚糖降解功能组细菌丰度。施用尿素刺激了化能异养微生物的生长繁殖,BMPs降解过程释放的组分可促进芳香化合物降解功能组细菌丰度增加;木聚糖降解菌适宜的pH范围为中性或偏碱性,而N、NPL和NPB处理的pH均低于5.5,抑制了该菌生长繁殖。NPB处理中参与羧类化合物降解和脂肪族非甲烷烃降解功能组细菌丰度显著增加,而参与发酵过程的细菌丰度显著降低。PBAT降解后释放羟基类化合物(如羟基羧酸、羟基酯)和脂肪族低聚物或单体(如脂肪族烃类衍生物),可为羟基类化合物降解菌和脂肪族非甲烷烃降解菌提供底物^[20, 33]。此外,PBAT释放的碳源更易被氧化型降解菌利用,可通过有氧呼吸或特定厌氧呼吸(如硝酸盐还原)高效分解羧类和脂肪族化合物,能量转化效率更高,在碳源竞争中占据优势,减少了厌氧发酵菌的生存资源^[34],导致发酵菌丰度降低。由碳转化相关功能基因丰度可知,N和NPB处理中碳相关功能基因丰度增加幅度高于NPL处理。添加尿素后土壤中DOC与无机氮($\text{NO}_3^- - \text{N} + \text{NH}_4^+ - \text{N}$)比值较CK降低69.88%,增加了微生物对碳的需求,土壤微生物在碳源胁迫条件下只能通过土壤有机质矿化获取碳源,加速了土壤碳转化,导致碳代谢功能基因丰度发生改变^[35]。而PBAT虽然亲水性较强,但其分子链中的对苯二甲酸单元(苯环)具有强烈的空间位阻效应^[20],降解速率较PLA慢,其释放的碳源不足以满足微生物的需求,需通过土壤碳矿化获取碳源,与N处理相似。此外,前人研究表明,PBAT中的多元碳源可激活广谱碳代谢通路,诱导多个碳功能基因上调^[36-37],NPB处理中果胶和淀粉代谢相关的*pel*和*amyA*基因丰度增加,与产甲烷相关的*mcrA*基因丰度显著增加,后期研究需关注尿素和PBAT共存条件下甲烷释放的风险。

添加BMPs增加了参与反硝化和固氮功能组的细菌丰度。微塑料优化了局部环境,PBAT和PLA的孔隙结构营造了厌氧微环境,为反硝化菌和固氮菌提供了适宜条件^[38],同时,PLA和PBAT降解过程中释放乳酸、羟基羧酸等小分子碳源,为反硝化菌和固氮菌提供能量底物^[39]。由氮转化功能基因丰度可知,与施尿素处理相比,BMPs的加入抑制了硝化相关功能基因,促进了反硝化相关的功能基因。一方面,BMPs的碳源输入过程中会对微生物种类进行筛选,促进能降解有机物的微生物生长繁殖,而氨氧化细菌、氨氧化古菌等化能自养微生物的生长繁殖会受到限制,从而导致好氧氨氧化过程相关的基因(*amoA*、*amoB*、*amoC*、*hao*)丰度降低,该过程是硝化反应的限速步骤,也是本研究中添加BMPs后硝态氮浓度降低的原因之一。另一方面,添加BMPs增加了土壤中DOC含量,为异养反硝化微生物提供额外碳源^[40],促进*nirS*和*nosZ*基因丰度增加。本研究中碳氮功能基因丰度基于PICRUSt2推断,结果存在不确定性,未来研究应结合宏基因组学或宏转录组学技术,从更深层次揭示BMPs和氮肥干扰下土壤关键代谢通路的响应机制。

本研究发现,单施尿素降低了SMI,而BMPs与尿素共存则显著提高了SMI。DOC和脲酶是主要驱动因子,表明土壤底物碳源供应和氮转化过程的酶促反应是提升SMI的主要途径。BMPs降解释放的碳源可有效补充土壤DOC库,缓解微生物的碳限制,通过调节碳氮平衡促进氮转化^[7],进而提高NPL和NPB处理的SMI。因此,尿素和BMPs的协同交互是驱动SMI升高的核心动力。但是,Shannon指数对SMI变异的解释力(10.96%)较低,且二者呈负相关,表明SMI的提升并非依赖于整体物种多样性和均匀度的增加,而是表现出明显的选择效应,即能高效利用微塑料源DOC的优势功能类群发生了差异化富集。DOC与脲酶活性和Shannon指数之间并无显著相关性(图7a),表明BMPs和尿素引发的底物有效性对SMI具有直接驱动作用,而非通过改变群落结构实现间接调控。这进一步证实在BMPs和尿素干扰下,底物有效性在维持生态系统多功能性中的决定性作用。此外,NPL处理对SMI的促进效应强于NPB,反映了BMPs材质特性的差异化影响。PLA分子链中的酯键更易受到水解及胞外酶的攻击,其较高的生物降解速率导致了更强的底物脉冲效应^[13]。鉴于PLA和PBAT在调控土壤生态功能中的差异,未来在制定生物可降解地膜的PLA和PBAT组分配比时,除关注物理机械性能外,还应充分权衡其降解产物对土壤健康及生态功能的潜在影响。此外,本研究BMPs添加量高于普通农田土壤的平均水平,模拟了局部极度污染情境,旨在探测BMPs负载压力下土壤生态功能的响应阈值。未来研究将进一步开展多浓度梯度实验,以构建更完整的BMPs剂量-效应模型,为农田土壤健康管理及生物可降解地膜的科学应用提供理论依据。

4 结论

施氮条件下, BMPs 添加会影响土壤理化性质、酶活性和微生物群落组成。添加 BMPs 缓解了施氮导致的土壤 pH 降低, 但硝态氮的增幅下降, NPL 处理显著增加了土壤 DOC 含量。添加 BMPs 促进了有机物降解菌 (*Arthrobacter* 和 *Rhodanobacter*) 富集。尿素和 BMPs 共存提高了反硝化和固氮功能组细菌的丰度。BMPs 与氮共存显著提升了 SMI, NPL 处理的提升幅度显著高于 NPB 处理, DOC 在 SMI 演变中居于主导地位, 短期内土壤多功能指数的增加主要归因于底物驱动。

参考文献 (References)

- [1] Kasirajan S, Ngouajio M. Polyethylene and biodegradable mulches for agricultural applications: A review[J]. *Agronomy for Sustainable Development*, 2012, 32(2): 501-529.
- [2] Dai J Z, Hu C, Flury M, et al. National inventory of plastic mulch residues in Chinese croplands from 1993 to 2050[J]. *Global Change Biology*, 2025, 31(6): e70297.
- [3] Boots B, Russell C W, Green D S. Effects of microplastics in soil ecosystems: Above and below ground[J]. *Environmental Science & Technology*, 2019, 53(19): 11496-11506.
- [4] Pinto da Costa J, Santos P S M, Duarte A C, et al. (Nano)plastics in the environment—Sources, fates and effects[J]. *Science of the Total Environment*, 2016, 566: 15-26.
- [5] Song T J, Liu J X, Han S Q, et al. Effect of conventional and biodegradable microplastics on the soil-soybean system: A perspective on rhizosphere microbial community and soil element cycling[J]. *Environment International*, 2024, 190: 108781.
- [6] Zhou J, Gui H, Banfield C C, et al. The microplastisphere: Biodegradable microplastics addition alters soil microbial community structure and function[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2021, 156: 108211.
- [7] Romera-Castillo C, Pinto M, Langer T M, et al. Dissolved organic carbon leaching from plastics stimulates microbial activity in the ocean[J]. *Nature Communications*, 2018, 9: 1430.
- [8] Shi J, Wang J, Lv J F, et al. Microplastic additions alter soil organic matter stability and bacterial community under varying temperature in two contrasting soils[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 838: 156471.
- [9] Chen H P, Wang Y H, Sun X, et al. Mixing effect of polylactic acid microplastic and straw residue on soil property and ecological function[J]. *Chemosphere*, 2020, 243: 125271.
- [10] Hu X J, Gu H D, Sun X X, et al. Distinct influence of conventional and biodegradable microplastics on microbe-driving nitrogen cycling processes in soils and plastispheres as evaluated by metagenomic analysis[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2023, 451: 131097.
- [11] Gao S H, Fu Y B, Peng X Y, et al. Microplastics trigger soil dissolved organic carbon and nutrient turnover by strengthening microbial network connectivity and cross-trophic interactions[J]. *Environmental Science & Technology*, 2025, 59(11): 5596-5606.
- [12] Fuller S, Gautam A. A procedure for measuring microplastics using pressurized fluid extraction[J]. *Environmental Science & Technology*, 2016, 50(11): 5774-5780.
- [13] Pelko T, Jemec Kokalj A, Regvar M, et al. When “biodegradable” is not benign: Microplastic-driven disruption of soil processes and plant-microbe interactions[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2026, 510: 142138.
- [14] Bao S D. Soil agrochemical analysis[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2000: 56-83. [鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000: 56-83.]
- [15] Guan S Y. Soil enzyme and its research method[M]. Beijing: Agriculture Press, 1986. [关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986.]
- [16] 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.
- [17] Zhao X, Xing G X. Variation in the relationship between nitrification and acidification of subtropical soils as affected by the addition of urea or ammonium sulfate[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2009, 41(12): 2584-2587.
- [18] Qi Y L, Ossowicki A, Yang X M, et al. Effects of plastic mulch film residues on wheat rhizosphere and soil properties[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2020, 387: 121711.
- [19] Chen M, Zhao X W, Wu D M, et al. Addition of biodegradable microplastics alters the quantity and chemodiversity of dissolved organic matter in latosol[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 816: 151960.

- [20] Ge T J, Wang M Y, He X F, et al. Synthesis and characterization of poly(butylene glycol adipate-co-terephthalate/diphenylsilanediol adipate-co-terephthalate) copolyester[J]. *Polymers*, 2024, 16(8): 1122.
- [21] Wang J, Zhu Z Y, Sun L J, et al. The bridging role of soil organic carbon in regulating bacterial community by microplastic pollution: Evidence from different microplastic additions[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2025, 490: 137761.
- [22] Liu J, Chen X F, Liu M, et al. Effects of long-term fertilization on bacterial community in upland red soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2020, 57(2): 468-478. [刘佳, 陈晓芬, 刘明, 等. 长期施肥对旱地红壤细菌群落的影响[J]. *土壤学报*, 2020, 57(2): 468-478.]
- [23] Wang Q L, Feng X Y, Liu Y Y, et al. Effects of microplastics and carbon nanotubes on soil geochemical properties and bacterial communities[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, 433: 128826.
- [24] Lan T, Dong X M, Liu S, et al. Coexistence of microplastics and Cd alters soil N transformation by affecting enzyme activity and ammonia oxidizer abundance[J]. *Environmental Pollution*, 2024, 342: 123073.
- [25] Sun Y Z, Duan C X, Cao N, et al. Biodegradable and conventional microplastics exhibit distinct microbiome, functionality, and metabolome changes in soil[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, 424: 127282.
- [26] Dai Z M, Su W Q, Chen H H, et al. Long-term nitrogen fertilization decreases bacterial diversity and favors the growth of Actinobacteria and Proteobacteria in agro-ecosystems across the globe[J]. *Global Change Biology*, 2018, 24(8): 3452-3461.
- [27] Zhao X, Wang X C, Chen Z L, et al. Microbial community structure and pharmaceuticals and personal care products removal in a membrane bioreactor seeded with aerobic granular sludge[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, 99(1): 425-433.
- [28] Kostka J E, Green S J, Rishishwar L, et al. Genome sequences for six *Rhodanobacter* strains, isolated from soils and the terrestrial subsurface, with variable denitrification capabilities[J]. *Journal of Bacteriology*, 2012, 194(16): 4461-4462.
- [29] Liu J X, Wang P Y, Wang Y F, et al. Negative effects of poly(butylene adipate-co-terephthalate) microplastics on *Arabidopsis* and its root-associated microbiome[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, 437: 129294.
- [30] Ren L Y, Zhu W, Zhu M H, et al. Effect of biodegradable films on microplastic distribution and microbial community composition in paddy soil[J]. *Frontiers of Agricultural Science and Engineering*, 2026, 13(1): 25629.
- [31] Hu X, Wang Y, Gu H, et al. Changes in soil microbial functions involved in the carbon cycle response to conventional and biodegradable microplastics [J]. *Applied Soil Ecology*, 2024, 195: 105269.
- [32] Zhang H, Sun J, Yang H Y, et al. Effects of microplastic high-density polyethylene on cotton growth, occurrence of *Fusarium* wilt, and rhizosphere soil bacterial community[J]. *Environmental Science*, 2023, 44(5): 2955-2964. [张浩, 孙洁, 杨慧颖, 等. 高密度聚乙烯微塑料胁迫对棉花生长、枯萎病发生和根际细菌群落的影响[J]. *环境科学*, 2023, 44(5): 2955-2964.]
- [33] Kanwal A, Zhang M, Sharaf F. Synergistic degradation of PBAT poly (butylene adipate-co-terephthalate) co-polyesters using a bacterial co-culture system[J]. *Polymer Bulletin*, 2024, 81(3): 2741-2755.
- [34] Li C T, Cui Q, Li Y, et al. Effect of LDPE and biodegradable PBAT primary microplastics on bacterial community after four months of soil incubation[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, 429: 128353.
- [35] He Z L, Deng Y, Xu M Y, et al. Microbial functional genes commonly respond to elevated carbon dioxide[J]. *Environment International*, 2020, 144: 106068.
- [36] Baumschabl M, Ata Ö, Mattanovich D. Single carbon metabolism—A new paradigm for microbial bioprocesses?[J]. *Synthetic and Systems Biotechnology*, 2024, 9(2): 322-329.
- [37] Perrin E, Ghini V, Giovannini M, et al. Diauxie and co-utilization of carbon sources can coexist during bacterial growth in nutritionally complex environments[J]. *Nature Communications*, 2020, 11: 3135.
- [38] Nie Z P, Wang L L, Lin Y X, et al. Effects of polylactic acid (PLA) and polybutylene adipate-co-terephthalate (PBAT) biodegradable microplastics on the abundance and diversity of denitrifying and anammox bacteria in freshwater sediment[J]. *Environmental Pollution*, 2022, 315: 120343.
- [39] Li K, Jia W Q, Xu L B, et al. The plastsphere of biodegradable and conventional microplastics from residues exhibit distinct microbial structure, network and function in plastic-mulching farmland[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2023, 442: 130011.
- [40] Zhang H, Zhu W, Zhang J B, et al. Enhancing soil gross nitrogen transformation through regulation of microbial nitrogen-cycling genes by biodegradable microplastics[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2024, 478: 135528.

(责任编辑: 卢 萍)