

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

- 主办 中国科学院生态环境研究中心
- 出版 科学出版社



2020

Vol.41 No.9
第41卷 第9期

目次

2020年天津市两次重污染天气污染特征分析.....肖致美,徐虹,蔡子颖,李鹏,刘彬,元洁,郑乃源,唐逊,陈魁,邓小文(3879)

基于高分辨率MARGA分析成都市PM_{2.5}中水溶性离子污染特征.....尹寒梅,陈军辉,冯小琼,姜涛,钱骏,刘政(3889)

宿迁市PM_{2.5}中水溶性无机离子的季节特征和来源分析.....
.....马红璐,赵欣,陆建刚,王辉,许纯领,欧阳琰,朱新胜,殷堂兵,漆丹,陆亚秋,汪玖阳,陆声兴(3899)

鼎湖山大气颗粒物中OC与EC的浓度特征及粒径分布.....李安娜,温天雪,华维,杨员,孟泽,胡波,辛金元(3908)

鞍山市道路扬尘碳组分特征及来源解析.....林孜,姬亚芹,林宇,国纪良,马妍,赵静琦(3918)

西安市冬季PM_{2.5}中WSOC的光谱特性和来源解析.....杨毅,张亚楠,刘焕武,田萍萍,李亚飞,雷颖,王一博(3924)

长三角地区气溶胶光学性质与新粒子生成观测.....
.....杜盈盈,陈军,张家洛,甘桂城,刘瑜存,苏明旭,楼晟荣,周敏,陶士康,乔利平(3932)

连云港市挥发性有机化合物的组分特征及来源解析.....崔金梦,王体健,李秋潼,董立文,黄丛吾,曹云擎(3941)

成都市城区大气VOCs季节污染特征及来源解析.....王成辉,陈军辉,韩丽,徐晨曦,王波,李英杰,刘政,钱骏(3951)

德州市夏季臭氧敏感性特征及减排方案.....严茹莎(3961)

超低改造下中国火电排放清单及分布特征.....屈加豹,王鹏,伯鑫,薛晓达,董广霞,崔磊,康明雄,王彤,汤铃,朱法华,李时蓓(3969)

浙江省人为源氨排放清单建立及分布特征.....赵睿东,于兴娜,侯新红,沈丽(3976)

垃圾焚烧烟气中二噁英控制技术的评估与筛选.....赵思岚,奚鹏飞,郭凤艳,邓双,贾建丽(3985)

兰州市两场典型降水事件稳定同位素特征及其水汽来源.....韩婷婷,张明军,王圣杰,杜勤勤,马转转,郭蓉,曹晏风(3993)

然乌湖流域地表水水化学特征及控制因素.....张涛,王明国,张智印,刘廷,何锦(4003)

河套灌区地下水化学演变特征及形成机制.....崔佳琪,李仙岳,史海滨,孙亚楠,安海军,邢进平(4011)

石期河流域地下水化学特征及物质来源分析.....李笑,于爽,李亮,郭永丽(4021)

长江中下游湖泊水体氮磷时空变化特征及其影响因素.....季鹏飞,许海,詹旭,朱广伟,邹伟,朱梦圆,康丽娟(4030)

2016~2017年长荡湖流域湖库系统营养盐时空分布机制分析.....李新艳,李恒鹏,姜三元,马培,赖锡军,邓建才,陈东强,耿建伟(4042)

菹草对湖泊水质及浮游植物群落结构的影响.....康丽娟,许海,邹伟,朱广伟,朱梦圆,季鹏飞,陈洁(4053)

金泽水库库区细菌群落构建过程与关键驱动因子分析.....刘明坤,童俊,朱慧峰,白晓慧(4062)

典型氟工业园周边河流沉积物中全(多)氟化合物的分布特征.....孙琳婷,赵祯,唐建辉(4069)

微塑料对河水抗生素抗性基因的影响.....周昕原,王言仔,苏建强,黄福义(4076)

莲花水库水体中抗生素污染特征及生态风险评价.....廖杰,魏晓琴,肖燕琴,李青松,范洪勇,刘学军,庄马展,刘超翔(4081)

拟柱胞藻生长及碱性磷酸酶活性对不同磷浓度和磷形态响应的株系间差异.....叶金梅,赵莉,罗旭,彭亮,雷腊梅(4088)

奶水河湿地植物作用及调水水质响应模拟.....李亚娟,杜彦良,毕二平,王亮,陈翠柏(4095)

浅基质层干植草沟运行效果的现场实验.....张佳炜,李田,张庭秀(4105)

海绵城市地块汇水区颗粒污染物的传输.....李佳,谢文霞,姜智绘,单溪环,廖云杰,赵洪涛,李叙勇(4113)

天然黄铁矿吸附去除水中Sb(V):性能与机制.....石松,吴乾元,李新正,黄满红(4124)

过硫酸盐氧化处理含砷磷酸废水.....章晋门,卢钧,刘晓琛,陈泉源(4133)

温度对城市污水厌氧生物滤池运行效果与菌群结构的影响.....刘智斌,刘秀红,周桐,章世勇,李健敏,杨庆(4141)

ABR-MBR耦合工艺启动及优化反硝化除磷性能.....缪新年,汪倩,郭凯成,刘文如,沈耀良(4150)

低温下全自养脱氮颗粒污泥适应低基质效能.....刘雨馨,王建芳,钱飞跃,陈倩苗,乔伟,沈聪(4161)

雄安新区土壤重金属地球化学监测关键问题探讨.....郭志娟,周亚龙,杨峥,赵传冬,成杭新,孔牧,彭敏(4169)

基于土壤重金属及PAHs来源的人体健康风险定量评价:以北京某工业污染场地为例.....
.....吴志远,张丽娜,夏天翔,贾晓洋,李慧颖,王世杰(4180)

基于乡镇尺度的西南重金属高背景区土壤重金属生态风险评价.....
.....张富贵,彭敏,王惠艳,马宏宏,徐仁廷,成晓梦,侯召雷,陈子万,李括,成杭新(4197)

云南兰坪铅锌矿区优势植物重金属富集特性及应用潜力.....张龙,张云霞,宋波,吴勇,周子阳(4210)

水培试验下水稻Pb吸收累积关键生育期.....胡雨丹,周航,辜娇峰,霍洋,邓鹏辉,魏宾缤,刘俊,廖柏寒(4218)

田间条件下养分调控八宝景天Cd修复效率.....郭俊梅,杨俊兴,杨军,郑国砥,周小勇,陈同斌,卞建林,孟晓飞,李玉峰(4226)

桉树枝条生物炭输入对桂北桉树人工林酸化土壤的作用效果.....
.....段春燕,沈育伊,徐广平,滕秋梅,张德楠,何成新,张中峰,周龙武,孙英杰(4234)

秸秆直接还田和炭化还田对红壤酸度、养分和交换性能的动态影响.....杨彩迪,卢升高(4246)

土壤微生物群落结构对生活源和工业源再生水灌溉的差异化响应.....王燕,程东会,檀文炳,余红,席北斗,姜永海,党秋玲(4253)

粪肥和有机肥施用对稻田土壤微生物群落多样性影响.....理鹏,吴建强,沙晨燕,叶春梅,黄沈发(4262)

松花江下游沿江湿地土地利用变化对土壤细菌群落多样性的影响.....张拓,徐飞,怀宝东,杨雪,隋文志(4273)

黄土高原草地土壤细菌群落结构对于降水变化的响应.....李娜,王宝荣,安韶山,焦峰,黄倩(4284)

土地利用方式对会仙岩溶湿地土壤真菌群落和功能类群的影响.....程跃扬,靳振江,王晓彤,贾远航,袁武,周军波(4294)

黑土真菌群落互作及其与梯度有机质碳分子结构的关系.....尚秋彤,黄瑞林,倪浩为,隋跃宇,孙波,梁玉婷(4305)

贵州茂兰喀斯特森林不同演替下土壤真核微生物多样性.....王显,龙健,李娟,刘灵飞,廖洪凯,李宜蓉,杨睿(4314)

玉米秸秆生物炭固化细菌对镉砷吸附.....刘玉玲,朱虎成,彭鸥,李丹阳,杨蕊蕊,彭晶,铁柏清(4322)

无机态氮素转化机制及水土体氮源识别方法.....梁杏,孙立群,张鑫,张洁,付鹏宇(4333)

《环境科学》征订启事(4061) 《环境科学》征稿简则(4132) 信息(4233, 4293, 4304)

黑土真菌群落互作及其与梯度有机质碳分子结构的关系

尚秋彤¹, 黄瑞林², 倪浩为², 隋跃宇³, 孙波², 梁玉婷^{2*}

(1. 常州大学环境与安全工程学院, 常州 213164; 2. 中国科学院南京土壤研究所, 土壤与农业可持续发展国家重点实验室, 南京 210008; 3. 中国科学院东北地理与农业生态研究所, 黑土区农业生态重点实验室, 哈尔滨 150081)

摘要: 真菌在土壤有机质积累、转化以及养分循环中发挥着重要功能. 本文利用高通量 ITS 扩增子测序和固态¹³C 核磁共振波谱技术, 比较低有机质(2%~5%)和高有机质(7%~9%)条件下, 土壤真菌各类群间的互作关系及其与有机碳官能团结构的联系. ¹³C-NMR 分析结果表明, O-Alkyl C 占总有机碳的比例随着有机质含量的升高而增大(25.8%~35.9%). 有机质含量越高, A/A-O (Alkyl C/O-Alkyl C) 越小, 有机质分解程度越低. 真菌群落中粪壳菌纲(Sordariomycetes, 14.33%~28.17%)和被孢霉菌纲(Mortierellomycotina, 7.32%~23.14%)为优势类群, 其相对丰度均随着土壤有机质含量的升高而显著增加($P < 0.05$). 网络分析结果表明, 相比高有机质土壤, 低有机质土壤中真菌生态网络的节点数、连接数和平均聚类系数较小, 真菌互作关系更简单, 且真菌与有机碳官能团联系更紧密, 尤其与 LOC 联系更紧密. 随机森林模型显示 LOC 对低有机质土壤真菌互作关系的解释量最高(10%), 其次是难分解碳组分(ROC). 相比 LOC 对高有机质土壤真菌互作关系的贡献相对较小(7.4%). 在全球土壤碳损失日益严重的背景下, 碳资源的限制, 特别是 LOC 的减少, 可能会降低土壤真菌群落的稳定性和多功能性.

关键词: 黑土; 有机碳官能团; 核磁共振波谱; 土壤真菌; 网络分析

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2020)09-4305-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.202003037

Interactions of Fungi Community and Relationship with the Carbon Structure in Arable Mollisols with Gradient Organic Matter Content

SHANG Qiu-tong¹, HUANG Rui-lin², NI Hao-wei², SUI Yue-yu³, SUN Bo², LIANG Yu-ting^{2*}

(1. School of Environmental and Safety Engineering, Changzhou University, Changzhou 213164, China; 2. State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China; 3. Key Laboratory of Mollisols Agroecology, Northeast Institute of Geography and Agroecology, Chinese Academy of Sciences, Harbin 150081, China)

Abstract: Fungi play an important role in the accumulation and transformation of soil organic matter (SOM) and nutrient cycling. To investigate the relationship between the fungal community and soil organic carbon functional groups under gradient SOM contents in arable mollisols, arable mollisols with 2%-9% SOM content were collected in Northeast China. Solid-state ¹³C-NMR technology was used to explore the differences in the functional group structure of SOM, and ITS high-throughput sequencing was used to investigate the fungal community structure. The potential interactions between different taxonomic groups of soil fungal community and their associations with organic carbon molecular structures were compared by constructing molecular ecological networks under low SOM (2%-5%) and high SOM (7%-9%) conditions. The ¹³C-NMR results indicated an increase in the relative abundance of Alkyl C (25.8% to 35.9%). The decrease in Alkyl C/O-Alkyl C indicated a smaller degree of decomposition in high SOM soils. Sordariomycetes and Mortierellomycotina dominated the fungal community and their relative abundance increased with the SOM gradient ($P < 0.05$) from 14.33% to 28.17% and from 7.32% to 23.14%, respectively. The network analysis showed simpler ecological topological properties of the fungal community in low SOM soils, with lower numbers of nodes, edges, and average clustering coefficients than those in high SOM soils. A closer relationship between fungi and organic carbon functional groups, especially LOC, was observed in low SOM soils. The random forest model showed that LOC had the largest amount for fungal interactions in low SOM soils (10%), followed by recalcitrant organic carbon (ROC). In comparison, LOC contributed less to the variations in fungal interactions in high SOM soils (7.4%). With globally increasing soil carbon loss, the limitation of the carbon resources, especially the reduction of LOC, may reduce the stability and ecological functions of soil fungal communities.

Key words: arable mollisols; organic carbon functional groups; solid-state ¹³C-NMR technology; soil fungi; network analysis

土壤有机质的平衡与稳定是维持土壤生态功能和可持续生产力的基础. 土壤有机碳储存是由微生物代谢活动和植物碳输入之间的平衡决定的^[1]. Lange 等^[2]和 Tardy 等^[3]的研究发现, 较高水平的植物残体输入量, 可以改变土壤微生物的生长, 从而增加新鲜碳的储存. 微生物既可以通过矿化作用减少土壤有机碳含量, 也可以通过微生物残体积累增加有机碳的形成^[4-6]. 真菌是土壤微生物的重要组成

部分, 在调节土壤碳稳定中起着关键作用. 一方面, 腐生真菌具有降解纤维素、木质素和几丁质的能力^[7]. 菌根真菌虽然不直接参与有机质分解过程, 但 Cheng 等^[8]的研究表明 CO₂ 升高后, 丛枝菌根真

收稿日期: 2020-03-04; 修订日期: 2020-03-31

基金项目: 国家自然科学基金项目(41530856, 41622104)

作者简介: 尚秋彤(1995~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤微生物与物质转化, E-mail: sqldn@qq.com

* 通信作者, E-mail: ytliang@issas.ac.cn

菌可能通过刺激腐生真菌,加速土壤有机碳的分解过程,导致土壤碳库的流失.另一方面,难降解有机碳库的来源主要是真菌^[9].Liang等^[6]提出“微生物碳泵”理论,强调了细菌和真菌的合成代谢对碳储存的重要性.Schweigert等^[9]利用¹³C标记外生菌根的培养实验表明,63.5%的外生菌根真菌转化为有机质,36.5%被矿化.需要进一步从土壤碳库分子结构特征出发,揭示不同有机质含量土壤真菌群落与有机碳官能团变化的关系.

由于不同的含碳官能团结构对分解的抗性不同,其在环境中的稳定性存在极大差异,因此,土壤碳库的稳定性很大程度上取决于有机碳官能团结构组成特征^[10].固态¹³C核磁共振技术(¹³C-NMR)基于化学位移理论,可以获得有机质化学结构波谱,在研究土壤有机碳官能团分布特征中应用广泛.Kelleher等^[11]和Masoom等^[12]利用¹³C-NMR发现土壤腐殖质中大部分官能团结构都与植物和微生物的生物聚合物结构相对应,表明土壤有机质主要是由植物源大分子碳输入和微生物残体组成.

网络分析方法已被广泛用于研究微生物之间潜在的相互作用^[13],并基于生物互作网络揭示生态系统碳转化过程^[14]和多功能性变化^[15].网络分析不仅能直观地展示复杂的微生物群落之间可能的互作关系,而且可以用来预测生态系统的稳定性^[16].Xiao等^[17]的研究发现与细菌群落相比,土壤真菌群落具有较小的扩散限制、较强的环境选择性和潜在的更紧密的网络互作,因而在土壤碳周转中起着更为重要的作用.可以进一步利用网络分析方法探索

真菌群落互作及其对环境变化的响应.

为了研究有机碳官能团结构变化与真菌互作的关系,本文以东北5种不同有机质含量(2%~9%)农田黑土为研究对象,利用¹³C-NMR分析梯度有机质含量黑土的碳结构变化,分别构建了低有机质和高有机质黑土分子生态网络,目标如下:①明晰梯度有机质含量黑土中真菌的群落结构以及有机碳官能团结构的变化;②建立土壤有机碳官能团和真菌群落结构之间的联系;③探索影响不同有机质含量真菌互作的关键环境因素.

1 材料与方法

1.1 实验设计及采样分析

在东北典型黑土带上,按黑土有机质由高到低,采集5个基础土壤有机质差异较大的农田黑土(表1).每个样区设计3个1 m×1 m样方,每个样方内通过多点法在0~25 cm的耕层采集新鲜土壤,并混合均匀.土壤样品一部分风干用于测定土壤的基本理化性质(表2).另一部分新鲜土壤样品保存在-80℃冰箱用于土壤微生物测序分析.

表1 梯度有机质含量黑土采样地点

编号	采样地点	经度(E)	纬度(N)
SOM2	吉林省德惠市夏家店镇腰窝铺	125°49'	44°33'
SOM3	吉林省德惠市米沙子镇兴隆店	125°33'	44°12'
SOM5	黑龙江省海伦市海伦农业生态试验站	126°55'	47°27'
SOM7	黑龙江省北安市赵光镇北河村	126°44'	48°07'
SOM9	黑龙江省北安市赵光镇北河四队	126°44'	48°09'

表2 黑土基本理化性质¹⁾

土壤指标	SOM2	SOM3	SOM5	SOM7	SOM9
有机碳 SOC/g·kg ⁻¹	9.68 ± 0.23e	16.21 ± 0.42d	27.26 ± 0.39c	42.56 ± 0.36b	53.61 ± 0.31a
可溶性碳 DOC/mg·kg ⁻¹	175.96 ± 3.41d	196.72 ± 10.84cd	214.48 ± 13.17c	426.23 ± 22.82b	277.32 ± 27.90a
全氮 TN/g·kg ⁻¹	1.03 ± 0.05e	1.66 ± 0.03d	2.47 ± 0.06c	4.00 ± 0.04b	4.67 ± 0.21a
氨氮 NH ₄ ⁺ -N/mg·kg ⁻¹	13.27 ± 2.51b	16.46 ± 0.30a	14.16 ± 0.95b	19.16 ± 2.34a	19.15 ± 3.66a
硝氮 NO ₃ ⁻ -N/mg·kg ⁻¹	25.17 ± 4.67a	13.28 ± 1.95b	25.96 ± 3.86a	21.10 ± 4.04a	24.20 ± 0.44a
pH	6.07 ± 0.07b	5.60 ± 0.10c	5.71 ± 0.10c	5.56 ± 0.09c	6.91 ± 0.06a
含水率	0.21 ± 0.01b	0.22 ± 0.01b	0.23 ± 0.01b	0.28 ± 0.00a	0.27 ± 0.01a

1) 平均值 ± 标准偏差, n = 3, 同一行不同字母表示显著差异 (P < 0.05)

1.2 固态¹³C核磁共振分析

分别对5种梯度有机质含量的黑土样本进行固态¹³C-NMR分析.为了去除土壤中Fe³⁺和Mn²⁺离子的干扰,首先对样品进行氢氟酸预处理^[18].预处理过的土壤样品进行固态魔角旋转-核磁共振测定(AVANCE II 300 MHz).本实验采用7 mm CPMAS探头,观测频率为100.5 MHz, MAS旋转频率为5 000 Hz,接触时间为2 s,循环延迟时间为2.5 s.化

学位移的外标物为六甲基苯(hexamethylbenzene, HMB, 甲基 17.33 mg·kg⁻¹).土壤有机碳的主要¹³C信号的化学位移对应的碳结构如下^[19]: Alkyl C(烷基碳, 0~45 ppm)、Methoxy C(N-烷基和甲氧基, 45~60 ppm)、O-Alkyl C(O-烷基, 60~112 ppm)、Aromatic C(烯烃和烷基芳香族或芳香族, 112~142 ppm)、O-aromatic C(氧取代的芳香族或酚类, 142~160 ppm)和Carbonyl C(酮和醛或羧基, 160~220

ppm). 利用 MestReNova 12.0 软件对上述化学位移区域的信号强度进行区域积分, 确定了 ^{13}C 强度分布. 各碳化学组分的绝对含量用土壤总有机碳含量与其相对百分比的乘积表示.

1.3 土壤微生物 DNA 提取及土壤真菌高通量测序

称取 2 g 土壤样品, 经过液氮冷冻研磨后, 采用 Power Soil DNA isolation kit (MoBio Laboratories, Carlsbad, CA, U. S. A) 试剂盒提取土壤总 DNA. 采用 Nanodrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, Wilmington, DE, U. S. A) 测定 DNA 浓度和纯度. 对样本 DNA 进行 ITS2 区的 PCR 扩增, 设置 3 个重复实验, 以标准的真菌基因组 DNA Mix 作为阳性对照. 利用琼脂糖凝胶电泳检测扩增后的产物, 通过核酸纯化磁珠对扩增产物进行纯化, 得到一个样本的原始文库. 然后, 对文库进行定量混合以及质量检测. 本研究采用 MiSeq 平台, 2×250 bp 的双端测序策略对文库进行测序. 使用 TrimGalore、FLASH2、Mothur 和 Usearch 软件对原始下机数据进行质量控制和过滤. 按照 97% 的相似性对序列进行 OTU 聚类分析. 使用 Mothur 软件的 classify_seqs 命令以及 UNITE 比对数据库, 找出与 OTU 序列相似度最高且可信度达 80% 以上的物种信息完成 OTU 的分类学注释.

1.4 数据分析

方差分析 (ANOVA) 在 SPSS 22.0 完成. 真菌群落的典范对应分析 (CCA) 使用 R 软件 (Version 3.5.2) 中的 “vegan” 数据包. 通过使用 Cytoscape (3.7.1) 软件中 CoNet 插件构建微生物生态网络来研究土壤真菌群落间的相互作用以及真菌群落与土壤有机碳官能团结构的联系. 参考顾静馨^[20] 的分析步骤和网络参数的选择. 网络分析中, 选择 5 种相关分析方法, 即 Pearson correlation、Spearman

correlation、Mutual information、Bray-Curtis dissimilarity 和 Kullback-Leibler dissimilarity, 设置起始连接数为 1 000. 然后, 采用 Benjamini-Hochberg 方法进行标准化处理相关系数, 即对原有假设检验得到的显著性 P 值 (P -value) 进行校正, 并最终采用校正后的 P 值, 保留 $P < 0.05$ 的相关 OTU 构建关联网络. 同时, 网络拓扑参数 (网络节点数、连接数、聚集系数、网络直径、特征路径长度和网络密度等) 的计算利用 NetworkAnalyzer 插件. 本研究将所有真菌按纲分类, 利用 Cytoscape (3.7.1) 将同一纲类的 OTU 合并, 对网络结构进行可视化. 连线的粗细代表真菌纲类与纲类之间相互作用的连线数或者真菌纲类与有机碳官能团结构以及其它土壤理化因子的连线数. 随机森林是以决策树为基础, 对数据进行分类和回归的新工具^[21]. 随机森林的分析方法是通过将数据的每一个解释变量分别随机置换以得出每个解释变量对被解释变量的贡献程度, 以均方误差表示. 本研究利用随机森林模型 (random forest analysis) 的方法, 探究有机质官能团结构以及其他土壤理化因子对土壤真菌网络参数的贡献程度. 利用 R 软件中 “randomForest” 数据包进行随机森林模型的预测; 利用 “rfUtilities” 数据包对模型整体的检验; 利用 “rfPermute” 数据包对随机森林中每个变量对模型贡献程度的显著性检验. 最后, 使用 Sigmaplot 14.0 软件进行科学绘图.

2 结果与分析

2.1 梯度有机质含量黑土中有机碳官能团结构分析

梯度有机质含量 (2%、3%、5%、7% 和 9%) 黑土中有机碳的 ^{13}C -NMR 图谱及 6 种碳官能团相对含量见图 1. 其中 O-Alkyl C 所占比例最大, 且随着有机质含量的升高增加 (25.8% ~ 35.9%, $P < 0.05$).

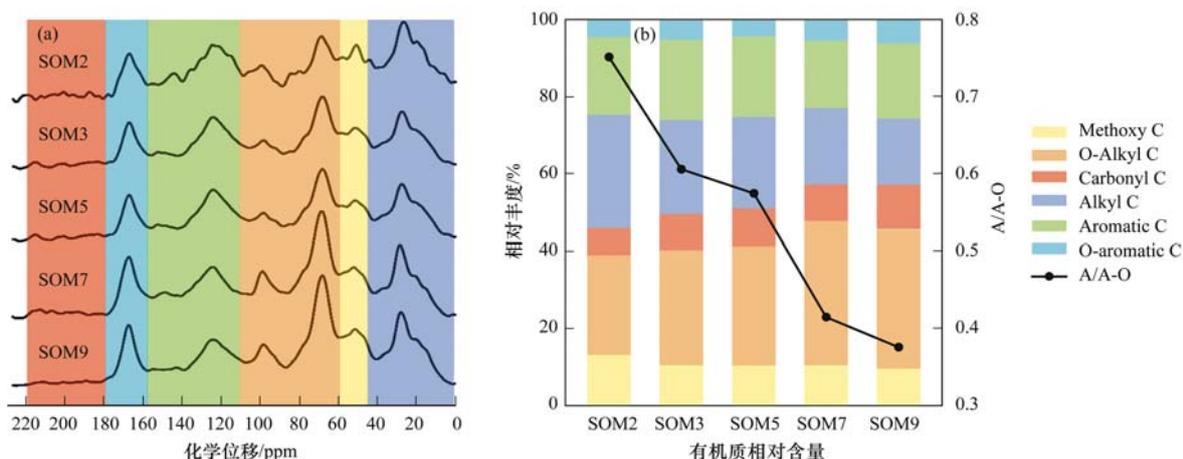


图 1 有机质梯度黑土中有机碳官能团结构的谱图和相对丰度

Fig. 1 Spectra and relative abundance of the carbon functional groups in arable mollisols with different SOM gradients

Alkyl C 占比次之,随着有机质含量的升高减小(29.3%~17.2%, $P < 0.05$). 烷基碳及芳香碳是顽固性高、难分解的有机碳组分,而烷氧碳和羰基碳等是最易分解、最不稳定的有机碳组分^[22~24]. 本文将 Methoxy C、O-Alkyl C 和 Carbonyl C 划为易分解碳组分(labile organic carbon, LOC), Alkyl C、Aromatic C 和 O-aromatic C 划为难分解碳组分(recalcitrant organic carbon, ROC). 由图 1(b)可以看出,随着黑土的有机质含量的升高,LOC 占总有机碳的比例从 46.0% 增至 57.2%. 通常用 Alkyl C/O-Alkyl C 比值(A/A-O)来评价土壤有机碳分解程度的敏感程度,其比值越小说明有机质的分解程度越低^[25]. 图 1(b)表明,黑土有机质含量越高,A/A-O 越低,即土壤有机碳的分解程度越低.

2.2 梯度有机质含量黑土真菌群落结构分析

不同有机质含量黑土的真菌群落在纲水平的组

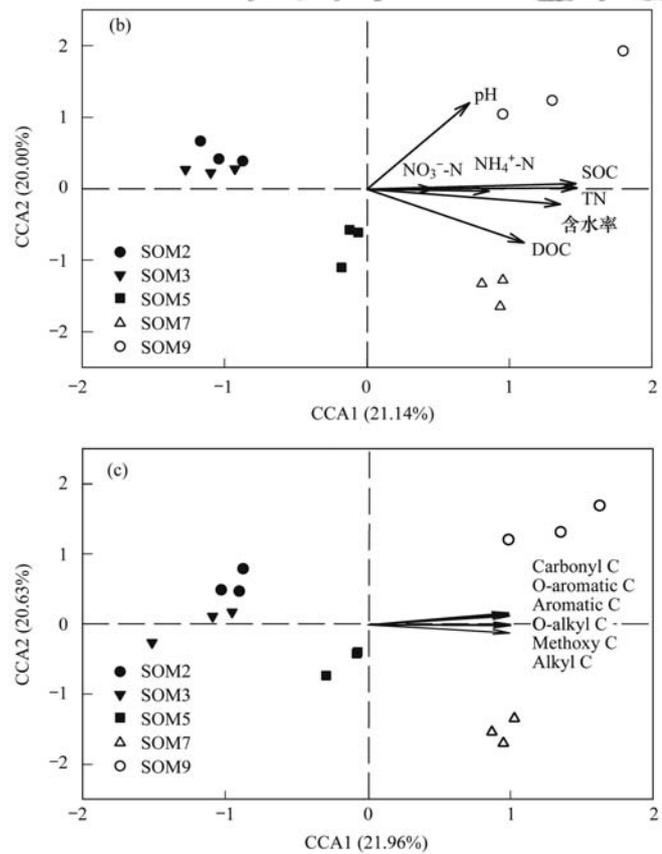
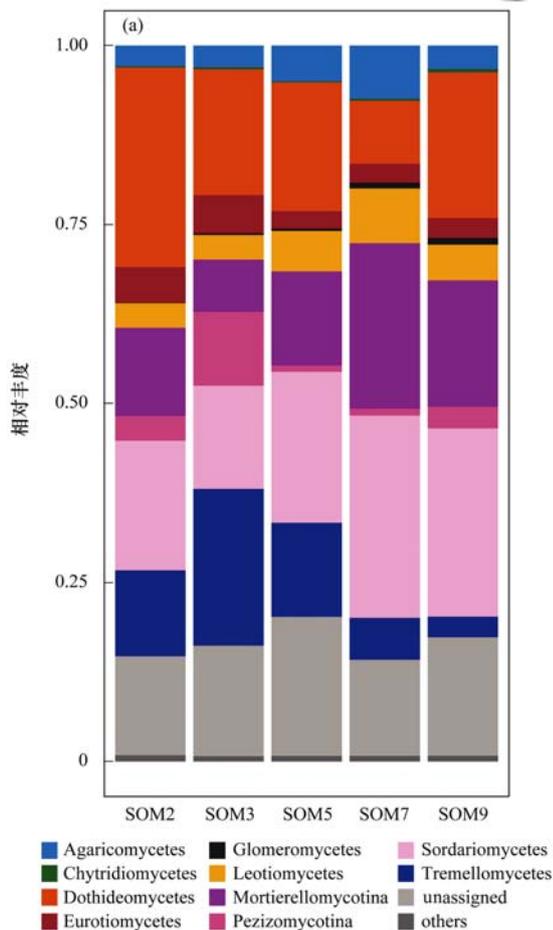


图 2 梯度有机质含量黑土真菌群落组成及土壤性质与真菌群落结构的关系

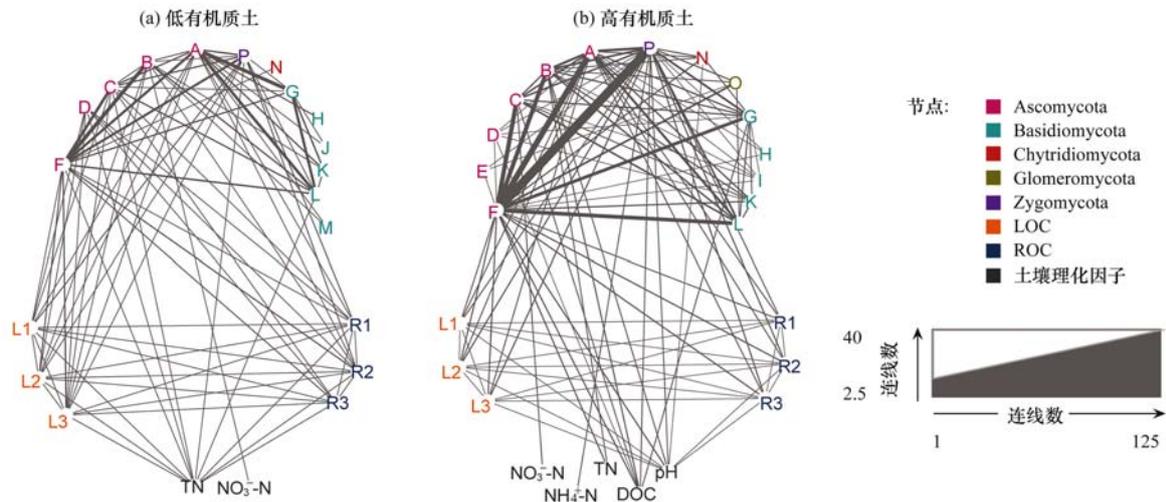
Fig. 2 Composition of fungi and relationship between fungal community structure and soil geochemical attributes under SOM gradient in arable mollisols

2.3 高有机质含量及低有机质含量黑土真菌群落与有机碳结构的生态网络分析

为了进一步探究不同有机质土壤真菌群落互作以及生态网络中真菌与土壤有机碳官能团结构的关

系,基于显著相关性的方法分别构建了低有机质和高有机质土壤有机碳官能团与真菌群落的分子生态网络(图 3),并计算了网络的拓扑性质(表 3). 结果表明,与高有机质土壤相比,低有机质土壤生态网

成如图 2(a)所示,其中粪壳菌纲(Sordariomycetes 和 Ascomycota, 14.33%~28.17%)、被孢霉菌纲(Mortierellomycotina 和 Zygomycota, 7.32%~23.14%)和座囊菌纲(Dothideomycetes 和 Ascomycota, 8.79%~27.91%)为主要的优势类群. 粪壳菌纲和被孢霉菌纲均随着土壤有机质含量的升高而显著增加($P < 0.05$). 通过典范对应分析(CCA)发现[图 2(b)], SOC 和 TN 是影响梯度有机质含量土壤真菌群落结构变化的主要因素. 进一步对有机碳官能团和真菌群落的 CCA 分析表明[图 2(c)],有机碳结构官能团均对真菌群落结构变化产生显著影响. 另外, SOM2、SOM3 和 SOM5 的土壤真菌群落与 SOM7 和 SOM9 的真菌群落结构差异显著($P < 0.05$),因此将样品分成高有机质土壤(SOM7、SOM9)和低有机质土壤(SOM2、SOM3 和 SOM5),并进行网络分析.



灰色实线表示强烈的相互作用关系 ($|r| > 0.8$); 线宽与两节点间连接数成比例; A: Dothideomycetes; B: Eurotiomycetes; C: Leotiomyces; D: Pezizomycotina; E: Saccharomycetes; F: Sordariomycetes; G: Agaricomycetes; H: Agaricostilbomycetes; I: Cystobasidiomycetes; J: Exobasidiomycetes; K: Microbotryomycetes; L: Tremellomycetes; M: Ustilaginomycetes; N: Chytridiomycetes; O: Glomeromycota; P: Mortierellomycotina; L1: Methoxy C; L2: Alkyl C; L3: Carbonyl C; R1: Alkyl C; R2: Aromatic C; R3: O-aromatic C; 土壤理化因子: TN、DOC、pH、 NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N

图3 低有机质含量黑土和高有机质含量黑土真菌群落与有机碳官能团的分子生态网络

Fig. 3 Molecular ecological network of fungi and organic carbon functional groups in arable mollisols with low SOM and high SOM

网络的结构较简单,节点数、连接数和平均聚类系数均减少. 低有机质土壤生态网络中粪壳菌纲 (Sordariomycetes) 和被孢毛霉纲 (Mortierellomycotina) 与其他纲类的连接数明显比高有机质土壤生态网络少. 在低有机质土壤生态网络中,真菌与有机碳官能团的联系更紧密. 与高有机质土壤生态网络相比,低有机质土壤生态网络中真菌与有机碳官能团的连接数较多,尤其是与 LOC 的连线较多(表3). 另外,低有机质土壤生态网络中真菌与碳官能团出现负连接.

在真菌群落网络水平统计了不同类群与有机碳官能团结构之间的连接数(图4). 低有机质土壤生态

表3 分子生态网络的拓扑性质

Table 3 Topological properties of molecular ecological networks

项目	低有机质土壤生态网络	高有机质土壤生态网络
总节点数	268	388
总正连接数	561	695
总负连接数	132	338
真菌间正连接数	473	596
真菌间负连接数	109	314
真菌与 LOC 正连接数	26	23
真菌与 LOC 负连接数	10	0
真菌与 ROC 正连接数	19	22
真菌与 ROC 负连接数	6	0
真菌与理化因子正连接数	4	14
真菌与理化因子负连接数	3	18
平均聚类系数	0.251	0.424
网络直径	17	12
网络密度	0.019	0.014
特征路径长度	6.265	4.313

网络中,粪壳菌纲 (Sordariomycetes)、座囊菌纲 (Dothideomycetes)、散囊菌纲 (Eurotiomycetes)、锤壳菌纲 (Leotiomyces)、盘菌纲 (Pezizomycotina) 和被孢毛霉纲 (Mortierellomycotina) 与有机碳结构呈显著相关关系 ($P < 0.05$), 其中盘菌纲和散囊菌纲与有机碳官能团结构显著负相关 ($P < 0.05$). 在高有机质土壤生态网络中,只有粪壳菌纲 (Sordariomycetes)、座囊菌纲 (Dothideomycetes) 和被孢毛霉纲 (Mortierellomycotina) 与有机碳结构呈显著正相关关系 ($P < 0.05$). 与高有机质土壤相比,低有机质土壤生态网络中,真菌与 LOC 连线数比 ROC 多,主要是粪壳菌纲和散囊菌纲与 LOC 的连线数增加.

2.4 土壤有机碳结构变化对真菌群落结构的影响

利用随机森林模型的方法,基于土壤理化性质、LOC 和 ROC 等因子对低有机质和高有机质黑土的真菌网络参数的变化进行预测(图5). 模型均通过显著性检验 ($P = 0.001$), 且对低有机质网络参数的解释量为 73%, 对高有机质土壤生态网络参数的解释量为 77.5%. 随机森林模型的结果表明 LOC、ROC 和 TN 均对低有机质土壤生态网络参数变化有显著的影响, 其中 LOC 对低有机质网络参数变化解释量最高 (10%), 其次是 ROC (9.4%). ROC 对高有机质土壤真菌互作关系的贡献最高, 为 8.1%, LOC 解释量为 7.4%. 因此, 有机碳分子结构对低有机质土壤生态网络参数变化的解释量均高于高有机质土壤生态网络.

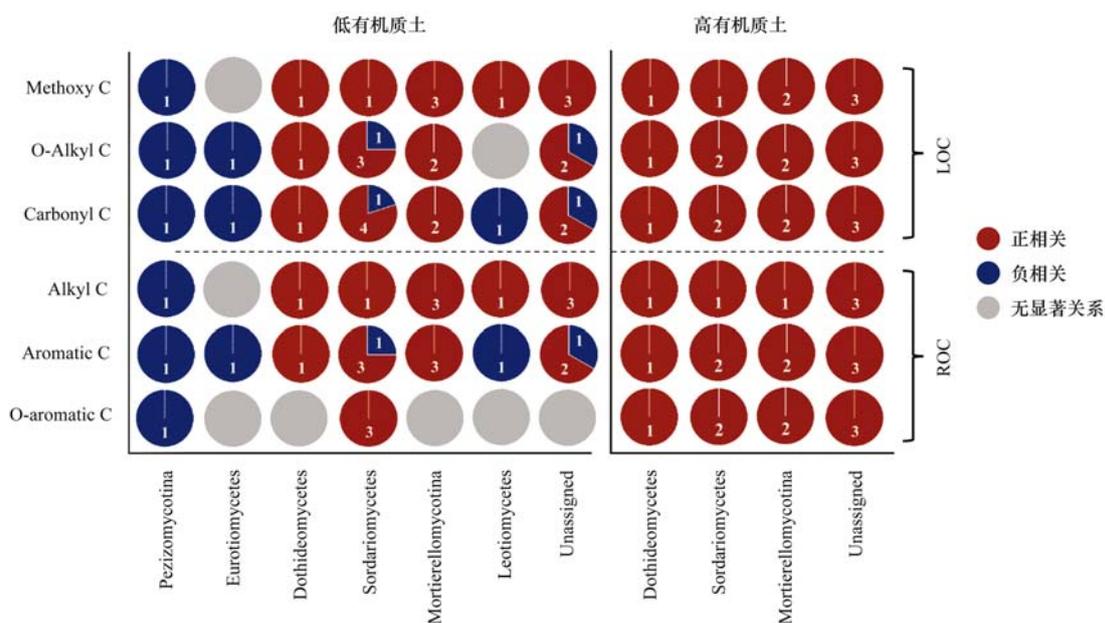
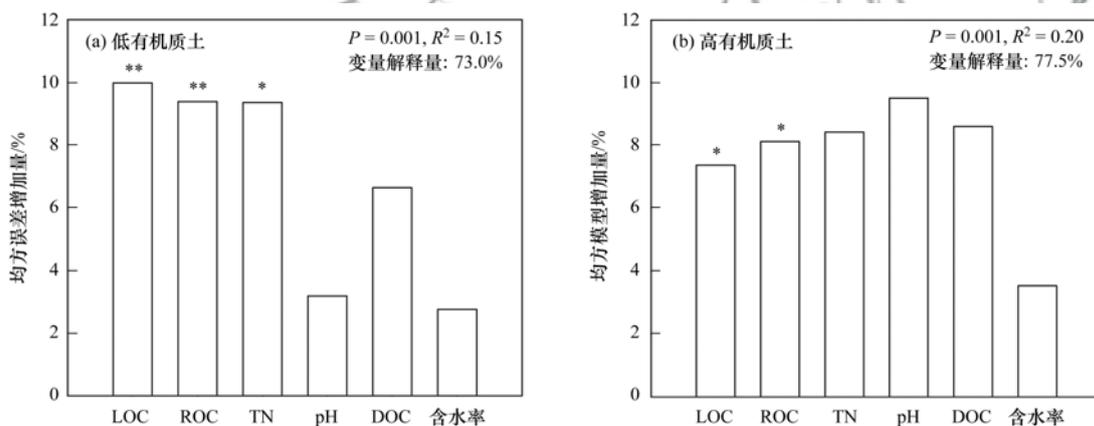


图 4 低有机质含量黑土和高有机质含量黑土生态网络中有机碳结构与真菌群落(纲类水平)之间的连接关系

Fig. 4 Connections between organic carbon functional groups and fungal community (at class level) in low and high SOM arable mollisols ecological networks



*表示 0.05 水平下变量对模型贡献显著, **表示 0.01 水平下变量对模型贡献显著

图 5 低有机质含量黑土和高有机质含量黑土基于随机森林模型的土壤性质对真菌群落互作的影响

Fig. 5 Influence of soil geochemical attributes on fungal interactions in arable mollisols with low and high SOM based on random forest models

3 讨论

3.1 梯度有机质含量黑土中官能团结构变化

通过比较 2%~9% 有机质含量黑土碳官能团特征可知:土壤有机质含量越高,其 LOC 占总有机碳比例越高.李娜等^[26]通过研究土壤有机质化学官能团比例与土壤有机质含量的相关性发现,土壤有机碳含量与烷氧碳比例有显著的正相关性,与芳香碳和羰基碳呈显著负相关关系,与本文研究结果一致.一方面,植物残体是土壤中 LOC 组分的重要来源^[27].LOC 组分的含量直接或间接受到地上残留物化学成分的影响^[28].因此有机质含量高的土壤中 LOC 占 SOC 比例较大的原因可能是植物残体等新鲜有机碳的输入量差异.植物残体和土壤中的烷氧

碳也存在较好的相关性,这也是烷氧碳占比最高的原因^[22-24].另一方面,本研究还发现 A/A-O 随着黑土有机质含量的增高而降低,这说明土壤有机质含量越低,土壤有机质分解程度越高.通常微生物会消耗有机质中容易降解的部分,微生物将易降解碳一部分用于分解代谢,另一部分用于合成代谢.相同环境条件下,农田黑土有机质含量不同可能影响土壤微生物群落的代谢功能^[29].低有机质土壤的分解程度高,可能是微生物对易分解碳的分解代谢增加,因此低有机质土壤的易分解碳含量占比更低.

3.2 梯度有机质含量黑土真菌群落生态网络的变化

一般来说,随着生态系统中可用的资源的增多,生态系统的网络结构也会变得更为复杂^[30].本研究中,相比低有机质土壤生态网络,高有机质土壤生态

网络中真菌的互作关系更紧密(图 3 和表 3),尤其是 Sordariomycetes 和 Mortierellomycotina 两个纲类与其他纲类的连接数明显增多. 为更好地适应环境变化,微生物优势功能类群的转变会带来更加紧密的互作关系^[31]. 从真菌群落在纲类水平的组成上来看(图 2), Sordariomycetes 和 Mortierellomycotina 两个纲类的相对丰度随着黑土有机质含量的减少而显著降低($P < 0.05$),这表明优势群落发生了变化. Schimel 等^[32]的研究认为,环境胁迫导致的资源可利用性的降低既会直接导致微生物群落组成的变化,又改变了微生物的协作与竞争关系. 土壤有机质含量差异可能导致真菌生存策略发生变化, Sordariomycetes 和 Mortierellomycotina 纲下的类群可能在有机碳含量更高的土壤竞争能力更强. 有研究发现^[33], Mortierella 在可分解碳含量高的土壤中占优势地位. 然而,生态网络分析技术是一种基于数学模型分析生态系统中潜在作用关系的方法,存在一定的局限性,进一步的实验验证是很有必要的^[34].

本文进一步研究发现与高有机质土壤生态网络相比,低有机质土壤生态网络中真菌与有机碳官能团结构的联系更紧密. 低有机质土壤生态网络中盘菌纲等物种与有机碳官能团显著负相关,尤其与 LOC 的相关性更强. Yu 等^[35]的研究表明,有机质含量较低的落叶阔叶森林中与不稳定碳(例如淀粉、果胶、半纤维素和纤维素)降解相关的真菌功能基因的相对丰度显著高于有机质含量高的常绿阔叶森林,并且参与碳循环的功能基因相对丰度显著与土壤不稳定有机碳呈负相关. 在分子生态网络中,与碳结构分子相关的 OTU 均属于粪囊菌纲、盘菌纲、被孢霉纲和座囊菌纲等. 其中盘菌纲是木材腐朽菌,它能全部或部分降解木材中的木质素、纤维素和半纤维素^[36]. Mortierellomycotina 是腐生真菌,它可以将各种碳源转化为脂质,并积累大量脂肪酸^[33]. 网络中与有机碳结构显著相关的真菌类群可能在不同有机质含量土壤碳的周转中发挥重要作用. 然而,这些类群具体通过何种转换形式影响着有机碳官能团结构的变化,还需要进一步的实验研究.

3.3 有机质梯度黑土中有机碳官能团结构变化对真菌群落的影响

CCA 分析表明 SOC 和 TN 显著影响了有机质梯度黑土真菌群落变化. Lauber 等^[37]的研究发现真菌群落结构与土壤养分状况显著相关. 研究表明土壤有机碳是微生物群落构建的关键驱动因子^[34, 38, 39]. 本文基于随机森林模型分析发现,有机碳含量及其结构变化是影响真菌网络最重要的土壤理化因子. 胡晓婧等^[40]对不同纬度的农田黑土真菌网络参数

和环境变量进行相关性分析,发现 pH 和 TN 是影响 3 个地区土壤真菌网络结构的重要因子. 这可能是不同施肥处理改变了微生物的功能结构,加速了土壤养分周转^[41],削弱了土壤有机质含量差异而导致的真菌群落对碳资源限制的响应. 随机森林模型分析还表明 LOC 对低有机质土壤真菌互作关系的贡献更大. Li 等^[42]的研究发现施肥管理后的人工林土壤有机质含量约为 2%~3%,其有机质结构变化解释了表层土壤中真菌群落变化的 63.2%,其中 O-Alkyl C 含量变化显著影响纤维素降解真菌群落功能的变化. 因此,低有机质土壤中 LOC 含量的变化对真菌群落的结构与功能可能产生更大的影响.

4 结论

本研究针对我国东北 5 种梯度有机质含量的农田黑土,利用 ITS 高通量测序和¹³C-NMR 技术,分析了不同有机质梯度黑土真菌的相互作用及其与有机碳官能团结构的关系. 研究表明有机质含量越低,土壤中烷氧碳等易分解有机碳组分所占比例越小,有机质分解程度越高. 高有机质含量黑土真菌互作更紧密,低有机质含量黑土真菌与 LOC 有机碳结构联系更紧密. 土壤有机碳官能团变化是影响真菌群落互作的主要因素,其中 LOC 对低有机质含量黑土真菌互作贡献更高. 因此,在全球土壤碳损失日益严重的背景下,碳资源的限制,特别是 LOC 的减少,可能会降低土壤真菌群落的稳定性和多功能性. 由于该结果是基于网络分析得到的,未来需要进一步通过实验进行验证.

参考文献:

- [1] Janzen H H. Beyond carbon sequestration; soil as conduit of solar energy [J]. *European Journal of Soil Science*, 2015, **66** (1): 19-32.
- [2] Lange M, Eisenhauer N, Sierra C A, *et al.* Plant diversity increases soil microbial activity and soil carbon storage [J]. *Nature Communications*, 2015, **6**: 6707.
- [3] Tardy V, Spor A, Mathieu O, *et al.* Shifts in microbial diversity through land use intensity as drivers of carbon mineralization in soil [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, **90**: 204-213.
- [4] Kästner M, Miltner A. SOM and microbes—what is left from microbial life [A]. In: Garcia C, Nannipieri P, Hernandez T (Eds.). *The Future of Soil Carbon* [M]. Amsterdam; Elsevier, 2018. 125-163.
- [5] Lehmann J, Kinyangi J, Solomon D. Organic matter stabilization in soil microaggregates: implications from spatial heterogeneity of organic carbon contents and carbon forms [J]. *Biogeochemistry*, 2007, **85**(1): 45-57.
- [6] Liang C, Schimel J P, Jastrow J D. The importance of anabolism in microbial control over soil carbon storage [J]. *Nature Microbiology*, 2017, **2**(8): 17105.
- [7] Baldrian P, Vofřisková J, Dobiášová P, *et al.* Production of extracellular enzymes and degradation of biopolymers by

- saprotrophic microfungi from the upper layers of forest soil[J]. *Plant and Soil*, 2011, **338**(12): 111-125.
- [8] Cheng L, Booker F L, Tu C, *et al.* Arbuscular mycorrhizal fungi increase organic carbon decomposition under elevated CO₂[J]. *Science*, 2012, **337**(6098): 1084-1087.
- [9] Schweigert M, Herrmann S, Miltner A, *et al.* Fate of ectomycorrhizal fungal biomass in a soil bioreactor system and its contribution to soil organic matter formation[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, **88**: 120-127.
- [10] 张仲胜, 李敏, 宋晓林, 等. 气候变化对土壤有机碳库分子结构特征与稳定性影响研究进展[J]. *土壤学报*, 2018, **55**(2): 273-282.
- Zhang Z S, Li M, Song X L, *et al.* Effects of climate change on molecular structure and stability of soil carbon pool: a general review[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2018, **55**(2): 273-282.
- [11] Kelleher B P, Simpson A J. Humic substances in soils: are they really chemically distinct? [J]. *Environmental Science & Technology*, 2006, **40**(15): 4605-4611.
- [12] Masoom H, Courtier-Murias D, Farooq H, *et al.* Soil organic matter in its native state: unravelling the most complex biomaterial on earth[J]. *Environmental Science & Technology*, 2016, **50**(4): 1670-1680.
- [13] Ma B, Wang H Z, Dsouza M, *et al.* Geographic patterns of co-occurrence network topological features for soil microbiota at continental scale in eastern China[J]. *The ISME Journal*, 2016, **10**(8): 1891-1901.
- [14] Morriën E, Hannula S E, Snoek L B, *et al.* Soil networks become more connected and take up more carbon as nature restoration progresses [J]. *Nature Communications*, 2017, **8**: 14349.
- [15] Williams R J, Howe A, Hofmockel K S. Demonstrating microbial co-occurrence pattern analyses within and between ecosystems [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2014, **5**: 358.
- [16] Faust K, Raes J. Microbial interactions: from networks to models [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2012, **10**(8): 538-550.
- [17] Xiao X, Liang Y T, Zhou S, *et al.* Fungal community reveals less dispersal limitation and potentially more connected network than that of bacteria in bamboo forest soils [J]. *Molecular Ecology*, 2018, **27**(2): 550-563.
- [18] Mathers N J, Xu Z H, Berners-Price S, *et al.* Hydrofluoric acid pre-treatment for improving ¹³C CPMAS NMR spectra quality of forest soils in southeast Queensland, Australia [J]. *Australian Journal of Soil Research*, 2002, **40**(4): 655-674.
- [19] Fernandez I, Álvarez-Gonzalez J G, Carrasco B, *et al.* Post-thinning soil organic matter evolution and soil CO₂ effluxes in temperate radiata pine plantations: Impacts of moderate thinning regimes on the forest C cycle [J]. *Canadian Journal of Forest Research*, 2012, **42**(11): 1953-1964.
- [20] 顾静馨. 土壤微生物生态网络的构建方法及其比较[D]. 扬州: 扬州大学, 2015. 11-12.
- Gu J X. The methods of constructing soil microbial ecological network and its comparison [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2015. 11-12.
- [21] Svetnik V, Liaw A, Tong C, *et al.* Random forest: a classification and regression tool for compound classification and QSAR modeling [J]. *Journal of Chemical Information and Computer Sciences*, 2003, **43**(6): 1947-1958.
- [22] Bonanomi G, Incerti G, Giannino F, *et al.* Litter quality assessed by solid state ¹³C NMR spectroscopy predicts decay rate better than C/N and Lignin/N ratios [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, **56**: 40-48.
- [23] 郭素春, 郁红艳, 朱雪竹, 等. 长期施肥对潮土团聚体有机碳分子结构的影响[J]. *土壤学报*, 2013, **50**(5): 922-930.
- Guo S C, Yu H Y, Zhu X Z, *et al.* Effect of long-term fertilization on molecular structure of organic carbon in soil aggregates in fluvo-aquic soil [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2013, **50**(5): 922-930.
- [24] 张勇, 胡海波, 黄玉洁, 等. 不同植被恢复模式对土壤有机碳分子结构及其稳定性的影响[J]. *环境科学研究*, 2015, **28**(12): 1870-1878.
- Zhang Y, Hu H B, Huang Y J, *et al.* Effects of different vegetation restoration models on molecular structure and stability of soil organic carbon [J]. *Research of Environmental Sciences*, 2015, **28**(12): 1870-1878.
- [25] 卓苏能, 文启孝. 核磁共振技术在土壤有机质研究中的应用的新进展(上)[J]. *土壤学进展*, 1994, **22**(6): 26-34.
- [26] 李娜, 盛明, 尤孟阳, 等. 应用¹³C核磁共振技术研究土壤有机质化学结构进展[J]. *土壤学报*, 2019, **56**(4): 796-812.
- Li N, Sheng M, You M Y, *et al.* Advancement in research on application of ¹³C NMR techniques to exploration of chemical structure of soil organic matter [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2019, **56**(4): 796-812.
- [27] Haynes R J. Labile organic matter fractions as central components of the quality of agricultural soils: an overview [J]. *Advances in Agronomy*, 2005, **85**: 221-268.
- [28] Langenbruch C, Helfrich M, Joergensen R G, *et al.* Partitioning of carbon and nitrogen during decomposition of ¹³C¹⁵N-labeled beech and ash leaf litter [J]. *Journal of Plant Nutrition and Soil Science*, 2013, **177**(2): 178-188.
- [29] 焦晓光, 高崇升, 隋跃宇, 等. 不同有机质含量农田土壤微生物生态特征[J]. *中国农业科学*, 2011, **44**(18): 3759-3767.
- Jiao X G, Gao C S, Sui Y Y, *et al.* Research on soil microbial ecology under different soil organic matter levels in farmland [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2011, **44**(18): 3759-3767.
- [30] Zhou J Z, Deng Y, Luo F, *et al.* Functional molecular ecological networks [J]. *mBio*, 2010, **1**(4): e00169-10.
- [31] Jaillard B, Rapaport A, Harmand J, *et al.* Community assembly effects shape the biodiversity-ecosystem functioning relationships [J]. *Functional Ecology*, 2014, **28**(6): 1523-1533.
- [32] Schimel J, Balsler T C, Wallenstein M. Microbial stress-response physiology and its implications for ecosystem function [J]. *Ecology*, 2007, **88**(6): 1386-1394.
- [33] Fröhlich-Nowoisky J, Hill T C J, Pummer B G, *et al.* Ice nucleation activity in the widespread soil fungus *Mortierella alpina* [J]. *Biogeosciences*, 2015, **12**(4): 1057-1071.
- [34] Jiang Y Q, Liu M Q, Zhang J B, *et al.* Nematode grazing promotes bacterial community dynamics in soil at the aggregate level [J]. *The ISME Journal*, 2017, **11**(12): 2705-2717.
- [35] Yu Y S, Jing C, Lu H, *et al.* Broad-leaved forest types affect soil fungal community structure and soil organic carbon contents [J]. *MicrobiologyOpen*, 2019(6): e874.
- [36] 魏玉莲, 戴玉成. 木材腐朽菌在森林生态系统中的功能[J]. *应用生态学报*, 2004, **15**(10): 1935-1938.
- Dai Y L, Dai Y C. Ecological function of wood-inhabiting fungi in forest ecosystem [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2004, **15**(10): 1935-1938.
- [37] Lauber C L, Strickland M S, Bradford M A, *et al.* The influence of soil properties on the structure of bacterial and fungal communities across land-use types [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, **40**(9): 2407-2415.

- [38] Hu Y J, Xiang D, Veresoglou S D, *et al.* Soil organic carbon and soil structure are driving microbial abundance and community composition across the arid and semi-arid grasslands in northern China[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **77**: 51-57.
- [39] Benizri E, Amiaud B. Relationship between plants and soil microbial communities in fertilized grasslands[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2005, **37**(11): 2055-2064.
- [40] 胡晓婧, 刘俊杰, 魏丹, 等. 东北黑土区不同纬度农田土壤真菌分子生态网络比较[J]. *应用生态学报*, 2018, **29**(11): 3802-3810.
- Hu X J, Liu J J, Wei D, *et al.* Comparison on fungal molecular ecological networks of agricultural soils with different latitudes in the black soil region of Northeast China[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2018, **29**(11): 3802-3810.
- [41] Su J Q, Ding L J, Xue K, *et al.* Long-term balanced fertilization increases the soil microbial functional diversity in a phosphorus-limited paddy soil[J]. *Molecular Ecology*, 2015, **24**(1): 136-150.
- [42] Li Y C, Li Y F, Chang S X, *et al.* Linking soil fungal community structure and function to soil organic carbon chemical composition in intensively managed subtropical bamboo forests [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, **107**: 19-31.

环境科学

CONTENTS

Characterization of Two Heavy Pollution Episodes in Tianjin in 2020	XIAO Zhi-mei, XU Hong, CAI Zi-ying, <i>et al.</i> (3879)
Analysis of Characteristics of Water-soluble Ions in PM _{2.5} in Chengdu Based on the MARGA	YIN Han-mei, CHEN Jun-hui, FENG Xiao-qiong, <i>et al.</i> (3889)
Seasonal Characteristics and Source Analysis of Water-soluble Inorganic Ions in PM _{2.5} in Suqian City	MA Hong-lu, ZHAO Xin, LU Jian-gang, <i>et al.</i> (3899)
Characterization and Size Distribution of Carbonaceous Aerosols at Mountain Dinghu	LI An-na, WEN Tian-xue, HUA Wei, <i>et al.</i> (3908)
Characteristics and Source Apportionment of Carbon Components in Road Dust in Anshan	LIN Zi, JI Ya-qin, LIN Yu, <i>et al.</i> (3918)
Spectral Characteristics and Source Analysis of WSOC of PM _{2.5} in Winter of Xi'an	YANG Yi, ZHANG Ya-nan, LIU Huan-wu, <i>et al.</i> (3924)
Observation of Aerosol Optical Properties and New Particle Formation in the Yangtze River Delta	DU Ying-ying, CHEN Jun, ZHANG Jia-luo, <i>et al.</i> (3932)
Component Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds in Lianyungang City	CUI Jin-meng, WANG Ti-jian, LI Qiu-tong, <i>et al.</i> (3941)
Seasonal Pollution Characteristics and Analysis of the Sources of Atmospheric VOCs in Chengdu Urban Area	WANG Cheng-hui, CHEN Jun-hui, HAN Li, <i>et al.</i> (3951)
Ozone Sensitivity Analysis and Emission Controls in Dezhou in Summer	YAN Ru-sha (3961)
Inventory and Distribution Characteristics of China's Thermal Power Emissions Under Ultra-Low Reconstruction	QU Jia-bao, WANG Peng, BO Xin, <i>et al.</i> (3969)
Establishment and Spatial Distribution of Anthropogenic Ammonia Emission Inventory in Zhejiang Province	ZHAO Rui-dong, YU Xing-na, HOU Xin-hong, <i>et al.</i> (3976)
Evaluation and Screening of Dioxin Control Technology in Waste Incineration Flue Gas	ZHAO Si-lan, XI Peng-fei, GUO Feng-yan, <i>et al.</i> (3985)
Characteristics of Stable Isotopes and Moisture Sources of Two Typical Precipitation Events in Lanzhou City	HAN Ting-ting, ZHANG Ming-jun, WANG Sheng-jie, <i>et al.</i> (3993)
Hydrochemical Characteristics and Possible Controls of the Surface Water in Ranwu Lake Basin	ZHANG Tao, WANG Ming-guo, ZHANG Zhi-yin, <i>et al.</i> (4003)
Chemical Evolution and Formation Mechanism of Groundwater in Hetao Irrigation Area	CUI Jia-qi, LI Xian-yue, SHI Hai-bin, <i>et al.</i> (4011)
Chemical Characteristics of Groundwater and Material Sources Analysis in Shiqi River Basin	LI Xiao, YU Shi, LI Liang, <i>et al.</i> (4021)
Spatial-temporal Variations and Driving of Nitrogen and Phosphorus Ratios in Lakes in the Middle and Lower Reaches of Yangtze River	JI Peng-fei, XU Hai, ZHAN Xu, <i>et al.</i> (4030)
Spatiotemporal Variations in Nutrient Loads in River-lake System of Changdang Lake Catchment in 2016-2017	LI Xin-yan, LI Heng-peng, JIANG San-yuan, <i>et al.</i> (4042)
Influence of <i>Potamogeton crispus</i> on Lake Water Environment and Phytoplankton Community Structure	KANG Li-juan, XU Hai, ZOU Wei, <i>et al.</i> (4053)
Phylogenetic Processes and Key Driving Factors of Bacterial Communities in Jinze Reservoir	LIU Ming-kun, TONG Jun, ZHU Hui-feng, <i>et al.</i> (4062)
Distribution Characteristics of Per-/polyfluoralkyl Substances in River Sediments Around Typical Fluorine Industrial Parks	SUN Lin-ting, ZHAO Zhen, TANG Jian-hui (4069)
Microplastics-Induced Shifts of Diversity and Abundance of Antibiotic Resistance Genes in River Water	ZHOU Xin-yuan, WANG Yan-zi, SU Jian-qiang, <i>et al.</i> (4076)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics in Lianhua Reservoir	LIAO Jie, WEI Xiao-qin, XIAO Yan-qin, <i>et al.</i> (4081)
Intraspecific Variation in Growth and Alkaline Phosphatase Activity of <i>Cylindrospermopsis raciborskii</i> Strains in Response to Different Phosphorus Concentrations and Sources	YE Jin-mei, ZHAO Li, LUO Xu, <i>et al.</i> (4088)
Simulation of Water Quality Response of Guishui River Wetland Plants and Water Diversion	LI Ya-juan, DU Yan-liang, BI Er-ping, <i>et al.</i> (4095)
Performance Assessment of Field-scale Dry Grass Swale with Shallow Substrate Layer	ZHANG Jia-wei, LI Tian, ZHANG Ting-xiu (4105)
Transition of Particulate Pollutant in the Parcel-based Catchment of Sponge City	LI Jia, XIE Wen-xia, JIANG Zhi-hui, <i>et al.</i> (4113)
Adsorption of Sb(V) in Water by Natural Pyrite: Performance and Mechanism	SHI Song, WU Qian-yuan, LI Xin-zheng, <i>et al.</i> (4124)
Treatment of Wastewater Containing Naphthalene Sulfonic Acid by Persulfate Oxidation	ZHANG Jin-men, LU Jun, LIU Xiao-chen, <i>et al.</i> (4133)
Effect of Temperature on Performance and Microbial Community Structure of Anaerobic Biofilter-Treated Domestic Wastewater	LIU Zhi-bin, LIU Xiu-hong, ZHOU Tong, <i>et al.</i> (4141)
Start-up and Optimization of Denitrifying Phosphorus Removal in ABR-MBR Coupling Process	MIAO Xin-nian, WANG Qian, GUO Kai-cheng, <i>et al.</i> (4150)
Adaptability of Completely Autotrophic Nitrogen Removal over Granular Sludge to Low-Strength at Low Temperature	LIU Yu-xin, WANG Jian-fang, QIAN Fei-yue, <i>et al.</i> (4161)
Discussion on Key Issues of Geochemical Monitoring of Soil Heavy Metal in Xiongan New District	GUO Zhi-juan, ZHOU Ya-long, YANG Zheng, <i>et al.</i> (4169)
Quantitative Assessment of Human Health Risks Based on Soil Heavy Metals and PAHs Sources: Take a Polluted Industrial Site of Beijing As an Example	WU Zhi-yuan, ZHANG Li-na, XIA Tian-xiang, <i>et al.</i> (4180)
Ecological Risk Assessment of Heavy Metals at Township Scale in the High Background of Heavy Metals, Southwestern, China	ZHANG Fu-gui, PENG Min, WANG Hui-yan, <i>et al.</i> (4197)
Potential of Accumulation and Application of Dominant Plants in Lanping Lead-zinc Mine, Yunnan Province	ZHANG Long, ZHANG Yun-xia, SONG Bo, <i>et al.</i> (4210)
Key Growth Stage of Pb Accumulation in Rice Through a Hydroponic Experiment with Pb Stress	HU Yu-dan, ZHOU Hang, GU Jiao-feng, <i>et al.</i> (4218)
Effect of Nutrient Regulation and Control on Cd Accumulation Efficiency of <i>Hylotelephium spectabile</i> Under Field Conditions	GUO Jun-mei, YANG Jun-xing, YANG Jun, <i>et al.</i> (4226)
Effects of <i>Eucalyptus</i> Branches Biochar Application on Soil Physicochemical Properties of Acidified Soil in a <i>Eucalyptus</i> plantation in Northern Guangxi	DAUN Chun-yan, SHEN Yu-yi, XU Guang-ping, <i>et al.</i> (4234)
Dynamic Effects of Direct Returning of Straw and Corresponding Biochar on Acidity, Nutrients, and Exchangeable Properties of Red Soil	YANG Cai-di, LU Sheng-gao (4246)
Different Responses of Soil Microbial Community Structure to Irrigation with Treated Wastewater from Domestic and Industrial Sources	WANG Yan, CHENG Dong-hui, TAN Wen-bing, <i>et al.</i> (4253)
Effects of Manure and Organic Fertilizer Application on Soil Microbial Community Diversity in Paddy Fields	LI Peng, WU Jian-qiang, SHA Chen-yan, <i>et al.</i> (4262)
Effects of Land Use Changes on Soil Bacterial Community Diversity in the Riparian Wetland Along the Downstream of Songhua River	ZHANG Tuo, XU Fei, HUAI Bao-dong, <i>et al.</i> (4273)
Response of Soil Bacterial Community Structure to Precipitation Change in Grassland of Loess Plateau	LI Na, WANG Bao-rong, AN Shao-shan, <i>et al.</i> (4284)
Effect of Land-use on Soil Fungal Community Structure and Associated Functional Group in Huixian Karst Wetland	CHENG Yue-yang, JIN Zhen-jiang, WANG Xiao-tong, <i>et al.</i> (4294)
Interactions of Fungi Community and Relationship with the Carbon Structure in Arable Mollisols with Gradient Organic Matter Content	SHANG Qiu-tong, HUANG Rui-lin, NI Hao-wei, <i>et al.</i> (4305)
Diversity of Soil Eukaryotic Microbes in Different Succession Stages in Maolan Karst Forest of Guizhou	WANG Xian, LONG Jian, LI Juan, <i>et al.</i> (4314)
Adsorption of Cadmium and Arsenic by Corn Stalk Biochar Solidified Microorganism	LIU Yu-ling, ZHU Hu-cheng, PENG Ou, <i>et al.</i> (4322)
Mechanism of Inorganic Nitrogen Transformation and Identification of Nitrogen Sources in Water and Soil	LIANG Xing, SUN Li-qun, ZHANG Xin, <i>et al.</i> (4333)