

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.10  
第41卷 第10期

目次

青岛春节期间大气污染特征及烟花燃放一、二次贡献分析 ..... 方天歌, 姚小红, 孟赫, 陈春强 (4345)

基于在线观测的天津市 PM<sub>2.5</sub> 污染特征及来源解析 ..... 肖致美, 徐虹, 李立伟, 李鹏, 元洁, 唐逸, 杨宁, 郑乃源, 陈魁 (4355)

2017~2018年北京大气 PM<sub>2.5</sub> 中水溶性无机离子特征 ..... 李欢, 唐贵谦, 张军科, 刘琴, 闫广轩, 程萌田, 高文康, 王迎红, 王跃思 (4364)

北京南部城区 PM<sub>2.5</sub> 中碳质组分特征 ..... 董贵明, 唐贵谦, 张军科, 刘琴, 闫广轩, 程萌田, 高文康, 王迎红, 王跃思 (4374)

成都市冬季3次灰霾污染过程特征及成因分析 ..... 冯小琼, 陈军辉, 尹寒梅, 徐雪梅, 熊文朋, 梅林德, 钱骏, 刘政 (4382)

南京北郊黑碳气溶胶分布特征及来源 ..... 谢锋, 林煜棋, 宋文怀, 鲍孟盈, 章炎麟 (4392)

2019年10~12月京津冀及周边“2+26”城市重污染减排效果评估 ..... 朱媛媛, 高愈霄, 汪巍, 鲁宁, 许荣, 刘冰, 李健军 (4402)

保定市大气污染变化趋势及特征 ..... 苟银寅, 张凯, 李金娟, 吕文丽, 竹双, 黎洁, 何珊珊, 郑悦, 支敏康 (4413)

郑州市 VOCs 组分排放清单及其臭氧生成潜势 ..... 卢轩, 张瑞芹, 韩跃钢 (4426)

郑州市少数民族运动会期间 O<sub>3</sub> 及 VOCs 污染特征的演变和评估 ..... 赵金帅, 于世杰, 王楠, 马双良, 王维思, 尹沙沙, 李一丹, 张栋, 张瑞芹 (4436)

我国木器涂料及汽车涂料中挥发性有机物特征 ..... 柯云婷, 孙宇航, 成海荣, 刘锐源, 黄皓旻, 范丽雅, 叶代启 (4446)

典型脱硫工艺对燃煤锅炉烟气颗粒物的影响 ..... 张进生, 吴建会, 吕瑞鹤, 宋丹林, 黄凤霞, 张裕芬, 冯银厂 (4455)

不同居民燃煤炉具大气污染物排放差异性及其减排分析 ..... 张熠晨, 薛陈利, 刘杰, 钟连红, 薛亦峰 (4462)

天津市2017年移动源高时空分辨率排放清单 ..... 刘庚, 孙世达, 孙露娜, 金嘉欣, 房键旭, 宋鹏飞, 王婷, 吴琳, 毛洪钧 (4470)

四川省基于第二次污染源普查数据的人为源大气污染源排放清单及特征 ..... 徐晨曦, 陈军辉, 李媛, 何敏, 冯小琼, 韩丽, 刘政, 钱骏 (4482)

抗大气复合污染的城市森林植物初步筛选 ..... 李品, 卫妍妍, 冯兆忠 (4495)

宝鸡市绿植叶片重金属空间分布及污染特征 ..... 张军, 梁青芳, 高煜 (4504)

潮汕地区入海河流及水生生物中 PPCPs 分布特征及风险评估 ..... 秀措, 王尘辰, 吕永龙, 陆轶峰, 王聪, 张梦, 曹祥会 (4514)

泉州山美水库及入库河流沉积物中多溴二苯醚的时空分异和降解分析 ..... 韩文亮, 刘豫, 冯凯文 (4525)

长江上游典型山地农业小流域浅层地下水硝态氮时空变异特征及影响因素 ..... 江南, 周明华, 李红, 李子阳, 章熙峰, 朱波 (4539)

沱江流域典型农业小流域氮和磷排放特征 ..... 王宏, 徐娅玲, 张奇, 林超文, 翟丽梅, 刘海涛, 蒲波 (4547)

基于 DPeRS 模型的海河流域面源污染潜在风险评估 ..... 冯爱萍, 王雪蕾, 徐逸, 黄莉, 吴传庆, 王昌佐, 王洪亮 (4555)

降水空间异质性和非点源关键源区识别面积变化的影响 ..... 高晓曦, 左德鹏, 马广文, 徐宗学, 胡小红, 李佩君 (4564)

硅藻群落指示的近50年来大理西湖湖泊生态系统演变规律 ..... 张晨雪, 徐敏, 董一凡, 王荣, 方凤满 (4572)

海陆交互带土壤及河流沉积物中镉含量及形态分布特征 ..... 王芳婷, 陈植华, 包科, 赵信文, 孟宪萌, 黄长生 (4581)

内蒙古河套灌区排水干沟微塑料赋存特征及质量估算 ..... 王志超, 杨帆, 杨文焕, 李卫平, 杨建林, 秦一鸣, 李河 (4590)

透水/不透水格局特征对汇水单元径流污染的影响 ..... 姜智绘, 廖云杰, 谢文霞, 李佳, 房志达, 赵洪涛, 李叙勇 (4599)

铁铜双金属有机骨架 MIL-101(Fe, Cu) 活化双氧水降解染料性能 ..... 梁贺, 刘锐平, 安晓强, 刘会娟 (4607)

纳米 Cu<sup>0</sup>@Fe<sub>3</sub>O<sub>4</sub> 活化 PMS 降解对-硝基苯酚的协同反应机制 ..... 石清清, 蒲生彦, 杨犀 (4615)

紫外活化过硫酸盐降解水中三氯蔗糖动力学和机制 ..... 余韵, 陆金鑫, 吕贞, 彭明国, 徐彬煜, 杜尔登, 郑璐 (4626)

污水生物处理工艺低温下微生物种群结构 ..... 尚越飞, 王申, 宗倪, 杜海洲, 张鑫, 齐焱, 杨敏 (4636)

不同 DN 与 PN-ANAMMOX 耦合工艺处理中晚期垃圾渗滤液的微生物群落分析 ..... 陆明羽, 李祥, 黄勇, 殷记强, 方文焯 (4644)

全程自养颗粒污泥快速启动及混合营养型脱氮性能分析 ..... 齐泽坤, 王建芳, 钱飞跃, 刘雨馨, 乔伟, 李小蝶 (4653)

不同低碳氮比废水中好氧颗粒污泥的长期运行稳定性 ..... 袁强军, 张宏星, 陈芳媛 (4661)

潮土细菌及真菌群落对化肥减量配施有机肥和秸秆的响应 ..... 吴宪, 王蕊, 胡荷, 修伟明, 李刚, 赵建宁, 杨殿林, 王丽丽, 王欣奕 (4669)

不同轮作模式下作物根际土壤养分及真菌群落组成特征 ..... 孙倩, 吴宏亮, 陈阜, 康建宏 (4682)

酒糟生物炭短期施用对贵州黄壤氮素有效性及细菌群落结构多样性的影响 ..... 张萌, 刘彦伶, 魏全全, 苟久兰 (4690)

稻油不同轮作模式对农田甲烷和氧化亚氮排放的影响 ..... 陈友德, 赵杨, 高杜娟, 罗先富, 崔婷, 童中权, 吴家梅 (4701)

解淀粉芽孢杆菌生物有机肥防控土壤氮挥发 ..... 杨亚红, 薛莉霞, 孙波, 张宝, 庄绪亮, 庄国强, 白志辉 (4711)

外源磷对镉胁迫下水稻生长及镉累积转运的影响 ..... 霍洋, 仇银燕, 周航, 胡雨丹, 邓鹏辉, 魏宾纭, 辜娇峰, 刘俊, 廖柏寒 (4719)

水稻不同生育期 As 胁迫下 As 累积关键生育期 ..... 邓鹏辉, 蔡雅琴, 周航, 刘雅, 杨文俊, 辜娇峰, 廖柏寒 (4726)

铅锌矿区玉米中重金属污染特征及健康风险评价 ..... 周艳, 万金忠, 李群, 黄剑波, 张胜田, 龙涛, 邓绍坡 (4733)

浙江省台州市电子垃圾拆解地多溴联苯醚浓度水平分布特征和迁移趋势 ..... 魏抱楷, 柳晨, 王英, 金军 (4740)

重庆市酉阳县南部农田土壤重金属污染评估及来源解析 ..... 王锐, 邓海, 严明书, 何忠库, 周皎, 梁绍标, 曾琴琴 (4749)

重庆市畜禽粪便及菜田土壤中四环素类抗生素生态风险评价 ..... 彭秋, 王卫中, 徐卫红 (4757)

《环境科学》征订启事 (4435) 《环境科学》征稿简则 (4445) 信息 (4606, 4625, 4732)

# 不同轮作模式下作物根际土壤养分及真菌群落组成特征

孙倩<sup>1</sup>, 吴宏亮<sup>1\*</sup>, 陈阜<sup>2</sup>, 康建宏<sup>1</sup>

(1. 宁夏大学农学院, 银川 750021; 2. 中国农业大学农学院, 农业部农作制度重点实验室, 北京 100193)

**摘要:** 为研究宁夏中部干旱带不同轮作模式下土壤养分及真菌群落组成的特征, 以谷子轮作大豆 (MRG)、轮作籽粒苋 (MRA)、轮作藜麦 (MRQ) 及谷子连作 (CK) 为对象, 测定了土壤养分含量, 并利用 Illumina MiSeq 高通量测序平台测定了土壤真菌的 ITS 变异区序列。结果表明, 不同轮作模式对土壤养分的影响存在差异。3 种轮作模式下土壤 pH 和电导率均有所下降, 土壤全氮、全钾、全磷和有机质含量均上升, OTUs 数和  $\alpha$  多样性指数均高于连作。真菌群落组成研究结果显示, 子囊菌门 (Ascomycota) 为 4 种模式下的优势菌群。聚类分析显示 MRA 和 MRG 的真菌属组成最为相似, 其次是 MRQ, CK 与 3 种轮作模式相差较大。相关性分析显示, 土壤养分与几种优势真菌属呈显著相关性 ( $P < 0.05$  或  $P < 0.01$ ), 土壤全氮、全钾、硝态氮和有机质含量是影响土壤真菌群落最主要的因子。主成分分析 (PCA) 表明, MRG 轮作模式优于 MRA 和 MRQ 模式。综上所述, 轮作提高了真菌群落多样性指数, 改变了土壤真菌群落结构, 改善了土壤肥力状况, 其中以谷子与大豆轮作效果最佳, 建议将谷豆轮作作为中部干旱带杂粮产业中主要的轮作模式之一进行推广。

**关键词:** 谷子; 轮作模式; 土壤养分; 真菌群落组成; 宁夏中部干旱带

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2020)10-4682-08 DOI: 10.13227/j.hjks.202001031

## Characteristics of Soil Nutrients and Fungal Community Composition in Crop Rhizosphere Under Different Rotation Patterns

SUN Qian<sup>1</sup>, WU Hong-liang<sup>1\*</sup>, CHEN Fu<sup>2</sup>, KANG Jian-hong<sup>1</sup>

(1. School of Agriculture, Ningxia University, Yinchuan 750021, China; 2. Key Laboratory of Farming System of Ministry of Agriculture, College of Agriculture, China Agricultural University, Beijing 100193, China)

**Abstract:** To study the characteristics of soil nutrients and fungal community composition under different rotation patterns in the arid zone of central Ningxia, we used millet rotation soybean (MRG), rotation grain amaranth (MRA), rotation quinoa (MRQ), and continuous millet rotation (CK) as the objects. The soil nutrient content was determined, and the sequence of the ITS variation region of soil fungi was determined using the Illumina MiSeq high-throughput sequencing platform. The results showed that the effects of different rotation patterns on the soil nutrients were different. The soil pH and electrical conductivity decreased under three rotation patterns, and the soil total nitrogen, total potassium, total phosphorus, and organic matter contents increased. The number of OTUs and  $\alpha$  diversity index was higher than those of continuous millet rotation. The results of the fungal community composition study showed that Ascomycota was the dominant flora in 4 patterns. The cluster analysis showed that the fungal genus composition of MRA and MRG was the most similar, followed by MRQ, and that of CK was significantly different with the other three rotation patterns. A correlation analysis showed that the soil nutrients were significantly correlated with several dominant fungal genera ( $P < 0.05$  or  $P < 0.01$ ). Further, the soil total nitrogen, total potassium, nitrate nitrogen, and organic matter contents were the most important factors influencing the soil fungal communities. Principal component analysis (PCA) showed that the MRG rotation patterns were better than those of the MRA and MRQ patterns. In summary, crop rotation improved the polytrophic index of the fungal community, changed the soil fungal community structure, and improved soil fertility. Among, the millet and soybean rotation were the best, and we have suggested to promote cereal rotation as one of the main rotation patterns in the cereal industry in the central dry zone.

**Key words:** *Setaria italica*; crop rotation patterns; soil nutrients; fungal community composition; arid zone in central Ningxia

谷子 (*Setaria italica*) 又称粟, 禾本科狗尾草属, 一年生草本植物。据 FAO 统计, 我国是世界上谷子的集中种植国, 种植面积为世界总种植面积的 80%。在我国, 谷子主要分布于淮河以北地区, 宁夏也有种植, 主要分布在盐池县、同心县和海原县等半干旱区<sup>[1]</sup>。有研究显示, 谷子的果实营养丰富, 含有 人体必需氨基酸和抵抗某些化学致癌物的维生素 E 等, 具有良好的营养保健作用, 因此深受人们的喜爱<sup>[2]</sup>。文献<sup>[3]</sup>中有记载: 谷子忌连作, 需要年年换茬, 以此来避免连作障碍的发生。目前, 受杂粮热的影响, 市场对谷子的需求极其旺盛, 进而导致谷子连

作现象频发。

有研究显示, 连作障碍发生的重要因素是土壤根际微生物生态系统的失衡。连作栽培对土壤细菌及固氮菌等均有抑制作用, 而对真菌却有着促进作用<sup>[4,5]</sup>, 导致土壤由高肥力‘细菌型’向低肥力‘真菌型’转换<sup>[6,7]</sup>; 连作后土壤中原有的优势属的线虫群

收稿日期: 2020-01-03; 修订日期: 2020-04-09

基金项目: 宁夏自然科学基金项目 (2019AAC03066); 宁夏重点研发计划项目

作者简介: 孙倩 (1993 ~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为农作制度理论与技术, E-mail: sunqian0909@yeah.net

\* 通信作者, E-mail: nxuwu@163.com

落降低,而以植物寄生线虫为优势属的线虫开始破坏寄主植物,致使土壤不利于作物生长<sup>[8]</sup>. 由此可见,致使作物连作障碍的主要因素是真菌病害及线虫病害,因此,研究土壤真菌群落的变化特征对缓解连作障碍具有重要意义. 冯翠娥等<sup>[9]</sup>对晒砂瓜连作下土壤真菌群落结构进行研究,发现随着连作时间的增加,土壤真菌多样性和丰富度均呈先增加后减少的趋势,且真菌群落结构组成发生了较大变化. 吴宏亮等<sup>[10]</sup>的研究发现,与连作相比,轮作提高了土壤微生物多样性指数,增加了土壤有益微生物的比例. 科学合理轮作可以有效缓解连作障碍<sup>[11]</sup>. 鉴于此,本文以真菌为研究对象,应用高通量测序技术研究了不同轮作模式对根际土壤养分、真菌多样性及群落结构组成的影响,通过较深层次上探索谷子连作障碍的形成机制,以期采取轮作措施减轻谷子连作障碍提供实践依据,并为半干旱区农田土壤生态环境的可持续发展和谷子产业可持续健康发展提供理论基础.

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

本试验地位于宁夏吴忠市同心县王团镇(N36°51'42", E105°59'27"). 位于宁夏中部干旱带,属中温带干旱大陆性气候,干旱少雨,年降水量150~300 mm,主要集中在7、8和9月,年际变幅大,年蒸发量在2325 mm左右,年平均气温8.6℃,≥10℃的积温约3000℃,无霜期120~218 d. 试验地土壤为砂壤土,前茬为谷子. 基础肥力为,pH: 8.76,有机质(OM):12.66 g·kg<sup>-1</sup>,全氮(TN):0.66 g·kg<sup>-1</sup>,速效磷(AP):1.00 mg·kg<sup>-1</sup>,速效钾(AK):440.39 mg·kg<sup>-1</sup>.

### 1.2 供试材料

供试材料谷子(*Setaria italica*)品种为“豫谷18号”,大豆(*Glycine max*)品种为“宁黑1号”,藜麦(*Chenopodium quinoa* Willd.)品种为“静藜1号”,籽粒苋(*Amaranthus hybridus*)品种为“早雷神”.

### 1.3 试验设计

本试验共设置4个处理,分别为轮作大豆(MRG)、轮作籽粒苋(MRA)和轮作藜麦(MRQ),以连作谷子为对照(CK). 每个处理设置5个重复,随机区组排列,每小区长8 m,宽3.2 m,面积为25.6 m<sup>2</sup>,小区间用田埂进行分割,不同小区的土壤肥力及管理方式相同.

### 1.4 土样采集

于2018年10月作物成熟期采集土壤样品,五点法取样. 取样步骤:首先去除地表约5 cm厚的土

壤,用铁锹挖取作物的完整根部,先轻轻抖落不含根系的大块土壤,然后用刷子刷下附着在根毛上土壤,将取得的土样混匀后分成2份,一份放置于阴凉通风处自然风干,并过筛用于土壤养分的测定,一份鲜样保存于-80℃保存,用于土壤微生物的测定.

## 1.5 项目测定

### 1.5.1 主要试剂和仪器

PCR扩增仪,ABI公司;酶标仪,BioTek公司;电泳仪,北京六一公司;凝胶成像系统,北京百晶公司;Q5® High-Fidelity DNA Polymerase,NEB公司;Quant-iT PicoGreen dsDNA Assay Kit、Agarose和TAE,Invitrogen公司;Marker,Takara公司.

### 1.5.2 土壤养分测定

土壤pH采用pH计法(电位)测定;土壤电导率采用电导率仪测定;土壤有机质含量采用重铬酸钾法测定;土壤全氮采用凯氏定氮法测定;土壤全钾采用火焰光度法测定;土壤全磷采用氢氧化钠消煮-钼锑抗比色法测定;土壤硝态氮采用紫外分光光度法测定;土壤铵态氮采用硫酸钾浸提-靛酚蓝比色法测定;土壤速效钾采用醋酸铵浸提-火焰光度法测定;土壤速效磷采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法测定<sup>[12]</sup>.

### 1.5.3 土壤微生物DNA提取及测序

采用美国MP公司的快速DNA旋转提取试剂盒提取土壤总DNA,用0.8%琼脂糖凝胶电泳检测DNA的质量,用紫外分光光度法进行定量分析. 按指定测序区域,使用带有Barcode的特异引物,对真菌ITS区进行PCR扩增,引物为5'-GGAAGTAAAA GTCGTAACAAGG-3'和5'-GCTGCGTTCTTCATCGAT GC-3'. PCR扩增利用ABI公司2720型PCR扩增仪,采用NEB公司的Q5高保真DNA聚合酶,反应体系如下:5 μL的反应缓冲液(5×5),5 μL的高保真GC缓冲液(5倍),0.25 μL Q5高保真DNA聚合酶(5 U·μL<sup>-1</sup>),2 μL(2.5 mmol) dNTP,1 μL(10 μmol)正向引物,1 μL(10 μmol)反向引物,2 μL DNA模板和8.75 μL ddH<sub>2</sub>O. PCR扩增参数为:初始变性2 min(98℃),27个循环(98℃ 15 s,55℃ 30 s,72℃ 30 s,72℃ 5 min),然后10℃保存. 用2%琼脂糖凝胶电泳对PCR扩增产物进行检测,然后切胶回收目标片段,回收采用AXYGEN公司的凝胶回收试剂盒. 此过程委托上海派森诺股份有限公司完成.

## 1.6 数据分析

使用QIIME软件<sup>[13]</sup>分析真菌OTU,并绘制稀疏曲线(Rarefaction curve)、计算土壤真菌α多样性指数(Simpson、Shannon、Chao1和ACE指数). 使用R语言,对相对丰度>1%的真菌属进行聚类分析并

绘制热图. 使用 R 语言, 基于欧氏距离的主成分分析 (principal component analysis, PCA) 检验不同处理对土壤真菌群落的影响. 用 Pearson 相关分析检验土壤优势真菌属与土壤养分之间的相关性. 使用 Canoco 4.5 软件对土壤养分和真菌多样性进行主成分分析 (PCA). 使用 Microsoft Excel 2010 对土壤养分和多样性指数数据进行处理, 并用 SPSS 20.0 统计软件进行方差分析 (one-way analysis) 和多重比较 (Duncan 新复极差法), 显著性水平设为  $P < 0.05$ .

## 2 结果与分析

### 2.1 不同轮作模式对土壤养分的影响

由表 1 可知, 不同处理的土壤 pH 发生了改变, 轮作籽粒苋和藜麦处理显著低于对照, 且各处理土

壤均处于碱性土壤的状态. 轮作大豆和籽粒苋处理的土壤电导率、硝态氮、铵态氮含量均显著低于对照, 分别比对照低 34.25% 和 39.73%、91.54% 和 35.24%、22.85% 和 28.96%. 轮作处理的土壤全氮含量显著高于对照 ( $P = 0.0079$ ), 分别比对照高 7.9%、9.26% 和 13.2%, 轮作可以提高土壤全氮含量. 轮作藜麦处理的土壤全钾和全磷含量均显著高于对照 ( $P = 0.0067$ ,  $P = 0.0006$ ), 分别比对照高 253.05% 和 80.36%. 轮作藜麦处理的土壤速效钾含量高于其他处理, 比对照提高 5.48%, 轮作籽粒苋处理的含量最低, 比对照降低 28.92%. 轮作大豆处理的土壤速磷含量显著高于其他处理, 比对照提高 63.0%. 轮作处理的土壤有机质含量均高于对照, 其中轮作籽粒苋处理最高, 比对照提高 25.36%.

表 1 不同轮作模式下的土壤养分含量<sup>1)</sup>

Table 1 Contents of soil nutrients under the different rotation patterns

处理	pH	EC/S·m <sup>-1</sup>	TN/g·kg <sup>-1</sup>	TK/g·kg <sup>-1</sup>	TP/g·kg <sup>-1</sup>
CK	9.01 ± 0.02a	0.15 ± 0.005a	0.70 ± 0.02b	1.01 ± 0.12c	0.012 ± 0.001b
MRG	9.00 ± 0.01a	0.10 ± 0.002b	0.75 ± 0.00a	1.52 ± 0.25bc	0.014 ± 0.002b
MRA	8.83 ± 0.02b	0.09 ± 0.004b	0.76 ± 0.01a	2.76 ± 0.45ab	0.020 ± 0.001a
MRQ	8.84 ± 0.03b	0.14 ± 0.005a	0.79 ± 0.02a	3.58 ± 0.68a	0.022 ± 0.002a

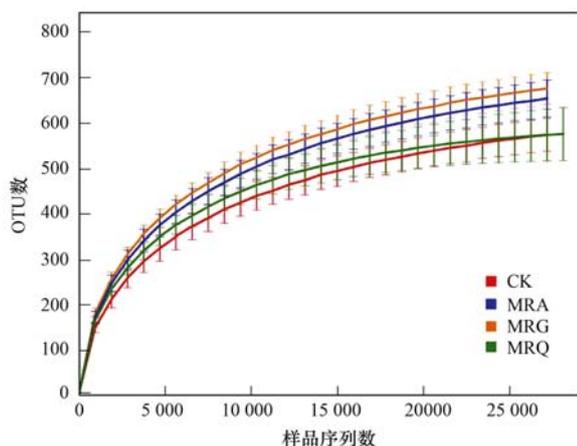
  

处理	NO <sub>3</sub> <sup>-</sup> -N /mg·kg <sup>-1</sup>	NH <sub>4</sub> <sup>+</sup> -N /mg·kg <sup>-1</sup>	AK /mg·kg <sup>-1</sup>	AP /mg·kg <sup>-1</sup>	OM /g·kg <sup>-1</sup>
CK	1.63 ± 0.01a	0.13 ± 0.004a	662.58 ± 40.90a	1.26 ± 0.19b	11.67 ± 0.34b
MRG	0.14 ± 0.00c	0.10 ± 0.005b	497.54 ± 33.25b	2.06 ± 0.11a	13.58 ± 0.86ab
MRA	1.06 ± 0.04b	0.09 ± 0.003b	470.98 ± 27.34b	1.04 ± 0.06b	14.62 ± 1.17a
MRQ	1.65 ± 0.04a	0.13 ± 0.015a	698.90 ± 29.37a	1.13 ± 0.15b	13.21 ± 0.47ab

1) 同列数据后不同字母表示差异显著 ( $P < 0.05$ ); EC 表示电导率, TN 表示全氮, TK 表示全钾, TP 表示全磷, NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N 表示硝态氮, NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N 表示铵态氮, AK 表示速效钾, AP 表示速效磷, OM 表示有机质

### 2.2 不同轮作模式土壤样品真菌的测序取样深度及测序结果

稀释曲线能够真实地反映土壤样品序列的测序深度, 通常用来评价测序量是否足以覆盖所有微生物类群<sup>[14]</sup>. 如图 1 所示, 在 97% 的相似度下, 4 个处



不同颜色的曲线代表不同处理; 相似水平为 97%

图 1 土壤样品的稀释曲线

Fig. 1 Rarefaction curves of soil samples

理的稀释曲线均基本趋于平稳, 说明该研究测序深度合理.

对不同轮作模式下土壤样品真菌的 ITS 区测序, 20 个土样共获得 937 216 条有效序列, 平均每个样品的序列数为 46 860 条, 序列的平均长度为 254 bp. 在 97% 的相似度下共聚类得到 4 686 个 OTUs. 由表 2 可知, 对照处理的有效序列数最多, 其次为轮作籽粒苋处理、轮作大豆处理, 轮作藜麦处理最少. 轮作籽粒苋处理的 OTUs 最多, 分别比轮作大豆、藜麦和对照高 0.41%、7.79% 和 7.89%.

表 2 不同轮作模式下土壤真菌序列数和 OTUs 数

Table 2 Reads and OTUs of fungal in different rotation patterns

处理	序列读数	OTUs
CK	49 103	1 128
MRG	47 935	1 212
MRA	48 140	1 217
MRQ	42 264	1 129

### 2.3 不同轮作模式对土壤真菌群落 $\alpha$ 多样性的影响

由表 3 可知, 3 种轮作处理的真菌  $\alpha$  多样性指

数均高于连作,说明轮作有利于提高土壤真菌群落的多样性和丰富度.4个处理的 Simpson 指数无显著差异( $P = 0.3957$ ),仅3种轮作处理的 Shannon 指数与对照存在显著性差异( $P < 0.05$ ),上述结果表明轮作处理提高了真菌的多样性.轮作大豆、轮作籽

粒苋处理的 Chao1 指数和 ACE 指数无显著差异( $P = 0.1031, P = 0.4171$ ),但均与轮作藜麦、谷子连作存在显著差异( $P < 0.05$ ),说明与轮作大豆和轮作籽粒苋相比,轮作藜麦和谷子连作会降低土壤真菌群落的丰富度.

表 3 不同轮作模式下土壤真菌群落  $\alpha$  多样性比较<sup>1)</sup>

Table 3 Comparison of  $\alpha$  diversity of soil fungal communities under different rotation patterns

处理	Simpson 指数	Shannon 指数	Chao1 指数	ACE 指数
CK	0.93 ± 0.01a	5.47 ± 0.12b	634.67 ± 12.12b	655.73 ± 19.89b
MRG	0.95 ± 0.01a	6.08 ± 0.14a	773.73 ± 6.92a	768.76 ± 11.82a
MRA	0.95 ± 0.01a	6.02 ± 0.19a	730.86 ± 23.62a	742.63 ± 26.81a
MRQ	0.95 ± 0.01a	6.00 ± 0.13a	657.05 ± 16.58b	677.00 ± 18.04b

1) 同列数据后不同字母表示差异显著( $P < 0.05$ )

### 2.4 不同轮作模式对土壤真菌组成的影响

在门水平上,除少数真菌未被分类外,4种处理下土壤真菌主要分布在8个真菌门类(图2).分别为:Ascomycota(子囊菌门)、Basidiomycota(担子菌门)、Zygomycota(接合菌门)、Chytridiomycota(壶菌门)、Rozellomycota(罗兹菌门)、Ciliophora(纤毛亚门)、Glomeromycota(球囊菌门)和 Cercozoa(丝足虫门).其中,子囊菌门(Ascomycota)为各处理的优势菌群,丰度在88.74%~92.78%.不同处理影响了土壤真菌群落组成,除轮作藜麦处理,对照中的 Ascomycota 丰度明显高于其他轮作处理.轮作籽粒苋处理的 Basidiomycota 含量明显高于对照.

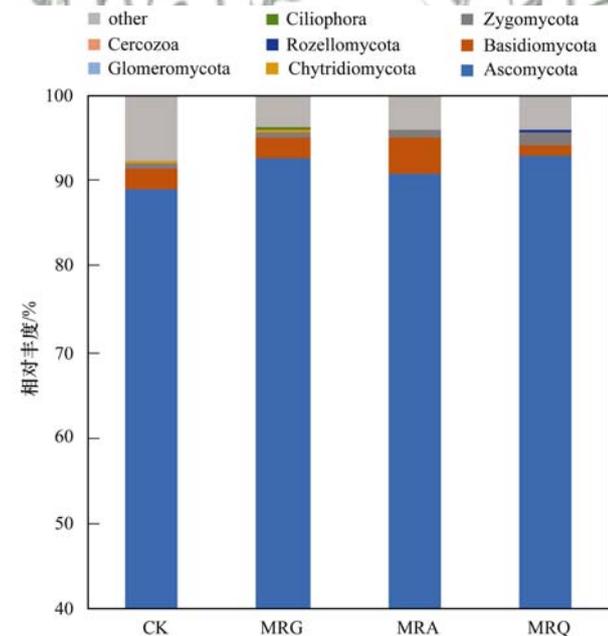


图 2 不同轮作模式土壤在门水平的真菌类群比较

Fig. 2 Comparison of fungal groups at phylum level in the soils under different rotation patterns

对相对丰度大于1%的真菌属构建分层聚类,图3表明,4个处理的土壤样品较为明显地分为3类,MRA和MRG处理土壤真菌群落结构较为接近,

可聚为一支;MRQ处理为一支,CK处理为一支.由此可见,与谷子连作相比,谷子轮作可对属水平上的土壤真菌群落结构产生显著影响.

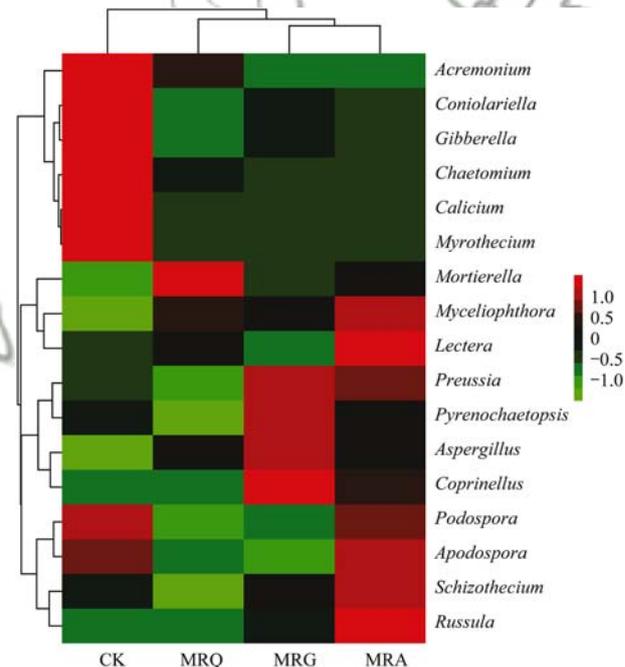


图 3 不同轮作模式土壤在属水平的真菌类群比较

Fig. 3 Comparison of fungal groups at genus level in the soils under different rotation patterns

### 2.5 不同轮作模式下土壤真菌属相对丰度的主成分分析

对4个处理土壤真菌物种相对丰度共提取6个主成分,累积贡献率达92.03%,其中第一主成分(PC1)和第二主成分(PC2)贡献率分别为42.66%和19.13%.从图4中可以看出,MRQ处理的样点分布在PC1轴正方向,CK和MRA处理样点分布在PC1轴负方向.MRQ和CK处理样点分布于PC2轴正方向,MRA样点分布在PC2轴负方向.

### 2.6 土壤养分与土壤真菌优势属间的相关关系

由表4可知,土壤中全氮、全钾、硝态氮和有机

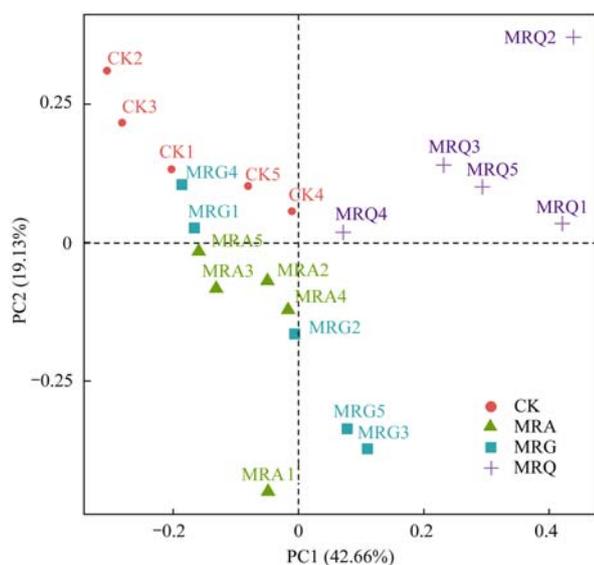


图4 不同轮作模式土壤在属水平真菌相对丰度主成分分析

Fig. 4 Principal component analysis of relative abundance of soil fungal at genus level under different rotation patterns

表4 不同养分因子和优势细菌属之间的相关性分析<sup>1)</sup>

Table 4 Correlation analysis between different nutrient factors and dominant fungal genera

优势属	pH	EC	TN	TK	TP	NO <sub>3</sub> -N	NH <sub>4</sub> <sup>+</sup> -N	AK	AP	OM
<i>Schizothecium</i>	0.07	-0.75	-0.34	-0.36	-0.25	-0.48	-0.84	-0.87	0.08	0.48
<i>Chaetomium</i>	0.52	0.78	-0.82	-0.60	-0.62	0.58	0.68	0.59	-0.22	-0.91*
<i>Acremonium</i>	0.21	0.96*	-0.47	-0.21	-0.26	0.83	0.91*	0.88	-0.43	-0.89*
<i>Podospora</i>	0.17	-0.01	-0.75	-0.51	-0.43	0.24	-0.15	-0.21	-0.37	-0.20
<i>Myceliophthora</i>	-0.73	-0.76	0.83	0.73	0.77	-0.36	-0.68	-0.56	-0.08	0.97**
<i>Calicium</i>	0.58	0.68	-0.89*	-0.69	-0.70	0.48	0.56	0.46	-0.16	-0.87
<i>Myrothecium</i>	0.54	0.69	-0.88	-0.66	-0.67	0.52	0.57	0.48	-0.21	-0.86
<i>Preussia</i>	0.27	-0.87	-0.15	-0.39	-0.32	-0.88*	-0.90*	-0.96*	0.57	0.54
<i>Mortierella</i>	-0.80	-0.02	0.95*	0.97**	0.93*	0.23	0.10	0.25	-0.34	0.45
<i>Apodospora</i>	-0.21	-0.09	-0.46	-0.16	-0.06	0.38	-0.22	-0.21	-0.64	0.04
<i>Coniolariaella</i>	0.69	0.64	-0.93*	-0.78	-0.80	0.35	0.52	0.41	-0.01	-0.88*
<i>Aspergillus</i>	-0.09	-0.72	0.60	0.25	0.25	-0.83	-0.62	-0.60	0.63	0.70
<i>Pyrenochaetopsis</i>	0.65	-0.59	-0.44	-0.71	-0.67	-0.86	-0.63	-0.75	0.77	0.16
<i>Gibberella</i>	0.75	0.56	-0.96**	-0.84	-0.85	0.25	0.44	0.31	0.07	-0.85
<i>Coprinellus</i>	0.21	-0.86	0.16	-0.18	-0.14	-0.98**	-0.82	-0.86	0.74	0.62
<i>Russula</i>	-0.47	-0.87	0.20	0.21	0.32	-0.36	-0.90*	-0.84	-0.19	0.84
<i>Lectera</i>	-0.85	-0.48	0.40	0.60	0.69	0.21	-0.50	-0.38	-0.70	0.71

1) \*\*表示  $P < 0.01$ , \*表示  $P < 0.05$

表5 不同轮作模式的主成分分析

Table 5 PCA among different rotation patterns

编号	贡献率/%	累积贡献率/%
1	95.4	95.4
2	4.5	99.9
3	0.1	100

分方差贡献率为95.4%,与第二主成分累积贡献率达99.9%,说明前2个主成分能够反映土壤养分和真菌多样性的变异信息.由图5可以看出,CK、MRG、MRA和MRQ分布在不同象限,说明这4种处理间存在一定差异性;由MRG、MRA和MRQ离CK的距离可以推断出MRG、MRA和MRQ与CK的相

质含量是影响土壤真菌群落最主要的因子.电导率与 *Acremonium* 呈显著正相关关系 ( $P < 0.05$ );全氮和全磷与 *Mortierella* 呈显著正相关关系 ( $P < 0.05$ ),且全氮与 *Gibberella* 呈极显著负相关关系 ( $P < 0.01$ ),与 *Calicium* 呈显著负相关关系 ( $P < 0.05$ );全钾与 *Mortierella* 呈极显著正相关关系 ( $P < 0.01$ );硝态氮、铵态氮和速效钾与 *Preussia* 呈显著负相关关系 ( $P < 0.05$ ),且硝态氮与 *Coprinellus* 呈极显著负相关关系 ( $P < 0.01$ ),铵态氮与 *Acremonium* 呈显著正相关关系 ( $P < 0.05$ ),与 *Russula* 呈显著负相关关系 ( $P < 0.05$ );有机质与 *Myceliophthora* 呈极显著正相关关系 ( $P < 0.01$ ),与 *Chaetomium*、*Acremonium* 和 *Coniolariaella* 呈显著负相关关系 ( $P < 0.05$ ).

## 2.7 不同轮作模式的主成分分析

对不同轮作模式下土壤养分和真菌多样性进行主成分分析表明(表5),不同轮作模式下,第一主成

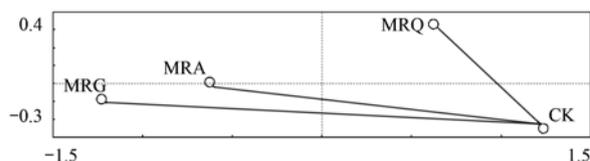


图5 不同轮作模式的主成分分析

Fig. 5 Principal component analysis of different rotation patterns

相似度,即距离越近,相似度越高;各轮作处理与CK的距离远近顺序为MRG > MRA > MRQ,应选择与CK相似度较低的处理,即MRG轮作处理最优.

## 3 讨论

作为土壤微生物区系的重要成员,土壤真菌与

其他微生物一起参与土壤生态系统中物质循环和能量流动。尹国丽等<sup>[15]</sup>对不同草田轮作模式下土壤养分及微生物群落组成进行研究,发现轮作作物和连作时间都会对土壤微生物多样性产生影响,这与王芳等<sup>[16]</sup>对连作及轮作模式下大豆根际微生物的研究结果一致。本研究结果同样可以看出,轮作对土壤真菌群落结构有明显影响。

轮作作为一种常见的农业技术,可促进根际微生物群落的多样性<sup>[17]</sup>,而土壤微生物多样性的增加又有利于提高土壤的多功能性和可持续<sup>[18]</sup>。本研究结果显示,轮作处理作物根际土壤真菌丰富度和多样性均高于连作谷子根际土,说明轮作种植后土壤微环境优于连作土壤环境。其次,轮作处理真菌多样性指数高于连作,可能是土壤 pH 降低所致,因为土壤 pH 下降会刺激嗜酸性真菌的生长繁殖<sup>[19]</sup>。此外,有研究还发现,轮作大豆根际土壤真菌多样性指数普遍高于其他处理,这可能是因为大豆属于豆科,具有固氮能力,而固氮植物又具有提高土壤微生物多样性的能力造成的<sup>[20]</sup>。土壤微生物群落结构受种植作物的影响<sup>[21]</sup>,不同的作物种类会导致其土壤微生物所处环境发生变化,进而导致真菌组成和丰度存在差异。本研究结果发现,不同的轮作模式下真菌群落结构具有一定差异,但主要优势菌群保持稳定,都以子囊菌门(Ascomycota)丰度最高,这一结果与前人的研究结果一致<sup>[22-24]</sup>。子囊菌门是土壤中主要的分解者<sup>[25,26]</sup>,能够分解环境中的木质素和角质素等难降解的有机质,是养分循环和能量流动的主要驱动力<sup>[27]</sup>。本研究中,轮作藜麦处理下土壤中子囊菌门含量最高,推测轮作藜麦处理下土壤养分含量也会有所上升,这与前文中轮作藜麦模式下土壤养分含量最高的结论是一致的。

土壤养分是影响土壤微生物群落结构变化的关键影响因子。前人研究结果显示,土壤 pH 值是影响土壤微生物的最主要环境因子<sup>[28,29]</sup>。王楠等<sup>[23]</sup>和 Liu<sup>[30]</sup>的研究同样显示 pH 值是影响土壤真菌的最主要因素,且与真菌多样性呈极显著负相关关系,说明真菌喜欢在偏酸性的环境中生长。本研究结果显示,土壤 pH 值与 *Myceliophthora*、*Mortierella*、*Apodospora*、*Aspergillus*、*Russula* 和 *Lectera* 呈负相关关系( $P < 0.05$ ),这也说明真菌喜好酸性环境。研究表明,氮素含量的增加会影响真菌群落的氮循环过程,进而改变土壤真菌的群落组成<sup>[31]</sup>。王楠等<sup>[23]</sup>通过模拟酸雨对毛竹阔叶林过渡带真菌群落结构进行研究发现,土壤全氮对真菌群落结构具有显著性影响,本研究也同样发现氮素对不同轮作模式下真菌群落具有显著影响。

植物的生长发育离不开微生物的作用,微生物的群落结构也受制于植物。有研究表明,连作障碍发生的原因中微生物起至关重要的作用<sup>[32]</sup>。土壤微生物的数量和种类是影响土壤肥力和作物生长发育的重要因子之一<sup>[32]</sup>。许多研究表明土壤真菌能降解复杂化合物,与作物共生形成菌根,有利于作物生长,在维持农业生态环境稳定方面具有重要意义<sup>[33]</sup>。刘珊廷等<sup>[34]</sup>对连作和轮作下木薯根际土壤微生物研究发现,连作和轮作对木薯根际土壤微生物的影响有明显差异;轮作有利于木薯根际土壤真菌菌群的繁殖,进而促进了土壤养分的转化。肖礼<sup>[33]</sup>的研究表明,土壤养分的有效化与土壤真菌密切相关,土壤微生物中许多真菌菌群可促进土壤养分有效化,提高土壤有效养分含量。综上所述,研究谷子不同轮作模式下根际土壤真菌群落结构的变化特征对缓解农业生产中谷子的连作障碍具有重要意义。

#### 4 结论

本研究采用高通量测序技术研究了宁夏中部干旱带不同轮作模式下土壤养分及真菌群落结构特征。结果显示,3种轮作均会提高土壤养分含量、土壤真菌多样性和丰富度,改变真菌群落结构,其中轮作大豆后根际土壤真菌多样性和丰富度最高。本研究中土壤优势真菌门为子囊菌门,土壤真菌群落受土壤全氮、全钾、硝态氮和有机质含量的影响较大。

#### 参考文献:

- [1] 常克勤,宋刚. 宁夏小杂粮生产布局及发展建议[J]. 甘肃农业科技, 2007, (8): 44-46.
- [2] 于振文. 作物栽培学各论[M]. (第二版). 北京: 中国农业出版社, 2013.
- [3] 张履鹏. 粟及其栽培技术[M]. 北京: 农业出版社, 1958.
- [4] Xiong W, Zhao Q Y, Xue C, et al. Comparison of fungal community in black pepper-vanilla and vanilla monoculture systems associated with vanilla *Fusarium* wilt disease [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, **7**: 117.
- [5] Yang R P, Mo Y L, Liu C M, et al. The effects of cattle manure and garlic rotation on soil under continuous cropping of watermelon (*Citrullus lanatus* L.) [J]. *PLoS One*, 2016, **11** (6) doi: 10.1371/journal.pone.0156515.
- [6] Dong L L, Xu J, Feng G Q, et al. Soil bacterial and fungal community dynamics in relation to *Panax notoginseng* death rate in a continuous cropping system [J]. *Scientific Reports*, 2016, **6**, doi: 10.1038/srep31802.
- [7] 殷继忠,李亮,接伟光,等. 连作对大豆根际土壤细菌菌群结构的影响[J]. 生物技术通报, 2018, **34**(1): 230-238.  
Yin J Z, Li L, Jie W G, et al. Effects of continuous cropping on bacterial flora structure in soybean rhizosphere soil [J]. *Biotechnology Bulletin*, 2018, **34**(1): 230-238.
- [8] 马媛媛,李玉龙,来航线,等. 连作番茄根区病土对番茄生长及土壤线虫与微生物的影响[J]. 中国生态农业学报, 2017, **25**(5): 730-739.  
Ma Y Y, Li Y L, Lai H X, et al. Effect of sick rhizosphere soil

- under tomato continuous cropping on soil nematodes, microbes and tomato growth [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2017, **25**(5): 730-739.
- [9] 冯翠娥, 岳思君, 简阿妮, 等. 硒砂瓜连作对土壤真菌群落结构的影响[J]. *中国生态农业学报*, 2019, **27**(4): 537-544.  
Feng C E, Yue S J, Jian A N, *et al.* The effect of continuous cropping of selenium melon on soil fungal community structure [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2019, **27**(4): 537-544.
- [10] 吴宏亮, 康建宏, 陈阜, 等. 不同轮作模式对砂田土壤微生物区系及理化性状的影响[J]. *中国生态农业学报*, 2013, **21**(6): 674-680.  
Wu H L, Kang J H, Chen F, *et al.* Effect of different rotation patterns on soil microbial population and physicochemical properties under gravel-sand mulched field conditions [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2013, **21**(6): 674-680.
- [11] 高群, 孟宪志, 于洪飞. 连作障碍原因分析及防治途径研究[J]. *山东农业科学*, 2006, (3): 60-63.  
Gao Q, Meng X Z, Yu H F. Reason analysis and control methods of succession cropping obstacle [J]. *Shandong Agricultural Sciences*, 2006, (3): 60-63.
- [12] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [13] 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.
- [14] 赵牧秋, 周娜娜, 杜前进, 等. 秸秆还田条件下水稻-蔬菜轮作对土壤细菌群落的影响[J]. *北方园艺*, 2018, (14): 109-117.  
Zhao M Q, Zhou N N, Du Q J, *et al.* Effect of rice-vegetable rotation on soil bacterial community under straw returning [J]. *Northern Horticulture*, 2018, (14): 109-117.
- [15] 尹国丽, 李亚娟, 张振粉, 等. 不同草田轮作模式土壤养分及细菌群落组成特征[J]. *生态学报*, 2020, **40**(5): 1542-1550.  
Yin G L, Li Y J, Zhang Z F, *et al.* Characteristics of soil nutrients and bacterial community composition under different rotation patterns in grassland [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, **40**(5): 1542-1550.
- [16] 王芳, 陈井生, 刘大伟. 不同种植方式大豆根际土壤细菌多样性分析[J]. *作物学报*, 2018, **44**(10): 1539-1547.  
Wang F, Chen J S, Liu D W. Bacterial diversity of soybean rhizosphere soil under different cropping patterns [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2018, **44**(10): 1539-1547.
- [17] 牛倩云, 韩彦莎, 徐丽霞, 等. 作物轮作对谷田土壤理化性质及谷子根际土壤细菌群落的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2018, **37**(12): 2802-2809.  
Niu Q Y, Han Y S, Xu L X, *et al.* Effects of crop rotation on soil physicochemical properties and bacterial community of foxtail millet rhizosphere soil [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2018, **37**(12): 2802-2809.
- [18] 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 of the United States of America*, 2014, **111**(14): 5266-5270.
- [19] 季凌飞, 倪康, 马立锋, 等. 不同施肥方式对酸性茶园土壤真菌群落的影响[J]. *生态学报*, 2018, **38**(22): 8158-8166.  
Ji L F, Ni K, Ma L F, *et al.* Effect of different fertilizer regimes on the fungal community of acidic tea-garden soil [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, **38**(22): 8158-8166.
- [20] 杨菁, 周国英, 田媛媛, 等. 降香黄檀不同混交林土壤细菌多样性差异分析[J]. *生态学报*, 2015, **35**(24): 8117-8127.  
Yang J, Zhou G Y, Tian Y Y, *et al.* Differential analysis of soil bacteria diversity in different mixed forests of *Dalbergia odorifera* [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, **35**(24): 8117-8127.
- [21] Wen X Y, Dubinsky E, Yao W U, *et al.* Wheat, maize and sunflower cropping systems selectively influence bacteria community structure and diversity in their and succeeding crop's rhizosphere [J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2016, **15**(8): 1892-1902.
- [22] 孙倩, 吴宏亮, 陈阜, 等. 宁夏中部干旱带不同作物根际土壤真菌群落多样性及群落结构[J]. *微生物学通报*, 2019, **46**(11): 2963-2972.  
Sun Q, Wu H L, Chen F, *et al.* Fungal community diversity and structure in rhizosphere soil of different crops in the arid zone of central Ningxia [J]. *Microbiology China*, 2019, **46**(11): 2963-2972.
- [23] 王楠, 潘小承, 王传宽, 等. 模拟酸雨对毛竹阔叶林过渡带土壤真菌结构及其多样性的影响[J]. *环境科学*, 2020, **41**(5): 2476-2484, doi: 10.13227/j. hjkx. 201910180.  
Wang N, Pan X C, Wang C K, *et al.* Effects of simulated acid rain on soil fungi diversity in the transition zone of Moso bamboo and broadleaf forest [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(5): 2476-2484.
- [24] 刘师豆, 韩耀光, 朱新萍, 等. 棉秆炭调控对碱性镉污染水稻根际土壤真菌群落结构和功能的影响[J]. *环境科学*, 2020, **41**(8): 3846-3854.  
Liu S D, Han Y G, Zhu X P, *et al.* Effects of cotton stalk biochar on the structure and function of fungi community in alkaline rhizosphere soil of rice under cadmium pollution [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(8): 3846-3854.
- [25] Ma A Z, Zhuang X L, Wu J M, *et al.* Ascomycota members dominate fungal communities during straw residue decomposition in arable soil [J]. *PLoS One*, 2013, **8**(6), doi: 10.1371/journal.pone.0066146.
- [26] Schoch C L, Sung G H, López-Giráldez F, *et al.* The Ascomycota tree of life: a phylum-wide phylogeny clarifies the origin and evolution of fundamental reproductive and ecological traits [J]. *Systematic Biology*, 2009, **58**(2): 224-239.
- [27] Beimeforde C, Feldberg K, Nylander S, *et al.* Estimating the phanerozoic history of the ascomycota lineages: combining fossil and molecular data [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2014, **78**: 386-398.
- [28] Romanowicz K J, Freedman Z B, Upchurch R A, *et al.* Active microorganisms in forest soils differ from the total community yet are shaped by the same environmental factors: the influence of pH and soil moisture [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2016, **92**(10): fiw149.
- [29] 黄健, 朱旭炎, 陆金, 等. 狮子山矿区不同土地利用类型对土壤微生物群落多样性的影响[J]. *环境科学*, 2019, **40**(12): 5550-5560.  
Huang J, Zhu X Y, Lu J, *et al.* Effects of different land use types on microbial community diversity in the shizishan mining area [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(12): 5550-5560.
- [30] Liu D, Liu G H, Chen L, *et al.* Soil pH determines fungal diversity along an elevation gradient in southwestern China [J]. *Science China Life Sciences*, 2018, **61**(6): 718-726.
- [31] Kivlin S N, Hawkes C V. Tree species, spatial heterogeneity, and seasonality drive soil fungal abundance, richness, and composition in Neotropical rainforests [J]. *Environmental*

- Microbiology, 2016, **18**(12): 4662-4673.
- [32] 今芝, 马建华, 樊明寿. 土壤微生物与连作障碍的关系[A]. 见: 培养创新型人才、推进科技创新、推动转变经济发展方式——内蒙古自治区第六届自然科学学术年会优秀论文集[C]. 呼和浩特: 中共内蒙古自治区委员会组织部, 内蒙古自治区科学技术协会, 内蒙古自治区教育厅, 内蒙古自治区科学技术厅, 内蒙古自治区人力资源和社会保障厅, 2011. 651-654.
- [33] 肖礼. 黄土丘陵区梯田土壤微生物群落和活性特征及其影响因素[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2017.
- Xiao L. Soil Microbial community and activity characteristics and its influencing factors on terraces of loess hilly region [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2017.
- [34] 刘珊廷, 罗兴录, 吴美艳, 等. 连作与轮作下木薯产量及土壤微生物特征比较[J]. 热带作物学报, 2019, **40**(8): 1468-1473.
- Liu Y S, Luo X L, Wu M Y, *et al.* Comparison of cassava yield and soil microbial characteristics under continuous cropping and rotation[J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2019, **40**(8): 1468-1473.

环 境 科 学

## CONTENTS

Analysis of Pollution Characteristics and Primary, Secondary Contributions of Firework Burnings in Qingdao During the Spring Festival .....	FANG Tian-ge, YAO Xiao-hong, MENG He, <i>et al.</i> (4345)
Characterization and Source Apportionment of PM <sub>2.5</sub> Based on the Online Observation in Tianjin .....	XIAO Zhi-mei, XU Hong, LI Li-wei, <i>et al.</i> (4355)
Characteristics of Water-soluble Inorganic Ions in PM <sub>2.5</sub> in Beijing During 2017-2018 .....	LI Huan, TANG Gui-qian, ZHANG Jun-ke, <i>et al.</i> (4364)
Characteristics of Carbonaceous Species in PM <sub>2.5</sub> in Southern Beijing .....	DONG Gui-ming, TANG Gui-qian, ZHANG Jun-ke, <i>et al.</i> (4374)
Characteristics and Formation Mechanism of Three Haze Pollution Processes in Chengdu in Winter .....	FENG Xiao-qiong, CHEN Jun-hui, YIN Han-mei, <i>et al.</i> (4382)
Distribution Characteristics and Source of Black Carbon Aerosols in the Northern Suburbs of Nanjing .....	XIE Feng, LIN Yu-chi, SONG Wen-huai, <i>et al.</i> (4392)
Assessment of Emergency Emission Reduction Effect During the Heavy Air Pollution Episodes in Beijing, Tianjin, Hebei, and Its Surrounding Area(“2+26” Cities) from October to December 2019 .....	ZHU Yuan-yuan, GAO Yu-xiao, WANG Wei, <i>et al.</i> (4402)
Variational Trend and Characteristics of Air Pollution in Baoding City .....	GOU Yin-yin, ZHANG Kai, LI Jin-juan, <i>et al.</i> (4413)
Emission Inventory of VOCs Components in Zhengzhou and Their Ozone Formation Potential .....	LU Xuan, ZHANG Rui-qin, HAN Luo-kai (4426)
Evolution and Evaluation of O <sub>3</sub> and VOCs in Zhengzhou During the National Traditional Games of Ethnic Minorities Period .....	ZHAO Jin-shuai, YU Shi-jie, WANG Nan, <i>et al.</i> (4436)
Characteristics of Volatile Organic Compounds in Wood Coatings and Automotive Coatings in China .....	KE Yun-ting, SUN Yu-hang, CHENG Hai-rong, <i>et al.</i> (4446)
Influence of Typical Desulfurization Process on Flue Gas Particulate Matter of Coal-fired Boilers .....	ZHANG Jin-sheng, WU Jian-hui, LÜ Rui-he, <i>et al.</i> (4455)
Investigation on the Emission Difference of Air Pollutants from Common Residential Coal Stoves and Suggestions for Emission Reduction .....	ZHANG Yi-chen, XUE Chen-li, LIU Jie, <i>et al.</i> (4462)
Mobile Source Emission Inventory with High Spatiotemporal Resolution in Tianjin in 2017 .....	LIU Geng, SUN Shi-da, SUN Lu-na, <i>et al.</i> (4470)
Emission Inventory and Characteristics of Anthropogenic Air Pollution Sources Based on Second Pollution Source Census Data in Sichuan Province .....	XU Chen-xi, CHEN Jun-hui, LI Yuan, <i>et al.</i> (4482)
Preliminary Screening for the Urban Forest Against Combined Air Pollution .....	LI Pin, WEI Yan-yan, FENG Zhao-zhong (4495)
Spatial Distribution and Pollution Characteristics of Heavy Metals in Plant Leaves in Baoji City .....	ZHANG Jun, LIANG Qing-fang, GAO Yu (4504)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of PPCPs in Surface Water and Aquatic Organisms in Chaoshan Coastal Area along the South China Sea .....	XIU Cuo, WANG Chen-chen, LÜ Yong-long, <i>et al.</i> (4514)
Spatiotemporal Differentiation and Degradation Analysis of Polybrominated Diphenyl Ethers in Sediments of Shanmei Reservoir and Its Inflowing River, Quanzhou, China .....	HAN Wen-liang, LIU Yu, FENG Kai-wen (4525)
Spatial-temporal Variations and the Regulators of Nitrate Status in Shallow Groundwater of the Typical Mountainous Agricultural Watershed in the Upper Reaches of the Yangtze River .....	JIANG Nan, ZHOU Ming-hua, LI Hong, <i>et al.</i> (4539)
Emission Characteristics of Nitrogen and Phosphorus in a Typical Agricultural Small Watershed in Tuojiang River Basin .....	WANG Hong, XU Ya-ling, ZHANG Qi, <i>et al.</i> (4547)
Assessment of Potential Risk of Diffuse Pollution in Haihe River Basin Based Using DPERS Model .....	FENG Ai-ping, WANG Xue-lei, XU Yi, <i>et al.</i> (4555)
Impact of Spatial Heterogeneity of Precipitation on the Area Change in Critical Source Area of Non-point Sources Pollution .....	GAO Xiao-xi, ZUO De-peng, MA Guang-wen, <i>et al.</i> (4564)
Sedimentary Diatom Records Reveal the Succession of Ecosystem in Lake Xihu, Dali over the Past 50 Years .....	ZHANG Chen-xue, XU Min, DONG Yi-fan, <i>et al.</i> (4572)
Content and Distribution of Cadmium in Soil and Fluvial Sediments in the Sea-Land Interaction Zone .....	WANG Fang-ting, CHEN Zhi-hua, BAO Ke, <i>et al.</i> (4581)
Occurrence Characteristics and Quality Estimation of Microplastics in Drainage Ditches in Hetao Irrigation District of Inner Mongolia .....	WANG Zhi-chao, YANG Fan, YANG Wen-huan, <i>et al.</i> (4590)
Influence of Pervious/Impervious Pattern on Runoff and Pollution in Parcel-based Catchment .....	JIANG Zhi-hui, LIAO Yun-jie, XIE Wen-xia, <i>et al.</i> (4599)
Activating Efficiency of Iron-copper Bimetallic Organic Framework MIL-101(Fe, Cu) Toward H <sub>2</sub> O <sub>2</sub> for Degradation of Dyes .....	LIANG He, LIU Rui-ping, AN Xiao-qiang, <i>et al.</i> (4607)
Synergistic Reaction Mechanism of Cu <sup>0</sup> @Fe <sub>3</sub> O <sub>4</sub> Activated PMS for Degradation of <i>p</i> -nitrophenol .....	SHI Qing-qing, PU Sheng-yan, YANG Xi (4615)
Kinetics and Mechanism of Sucralose Degradation in Water Using UV-activated Persulfate Process .....	YU Yun, LU Jin-xin, LÜ Zhen, <i>et al.</i> (4626)
Microbial Community Structure for Sewage Wastewater Treatment Plants in Winter .....	SHANG Yue-fei, WANG Shen, ZONG Ni, <i>et al.</i> (4636)
Microbial Community Analysis of Different DN and PN-ANAMMOX Coupling Modes for Mature Landfill Leachate Treatment .....	LU Ming-yu, LI Xiang, HUANG Yong, <i>et al.</i> (4644)
Analysis of Rapid Start-up and Mixed Nutritional Nitrogen Removal Performance of Complete Autotrophic Granular Sludge .....	QI Ze-kun, WANG Jian-fang, QIAN Fei-yue, <i>et al.</i> (4653)
Long-term Stability of Aerobic Granular Sludge Under Low Carbon to Nitrogen Ratio .....	YUAN Qiang-jun, ZHANG Hong-xing, CHEN Fang-yuan (4661)
Response of Bacterial and Fungal Communities to Chemical Fertilizer Reduction Combined with Organic Fertilizer and Straw in Fluvo-aquic Soil .....	WU Xian, WANG Rui, HU He, <i>et al.</i> (4669)
Characteristics of Soil Nutrients and Fungal Community Composition in Crop Rhizosphere Under Different Rotation Patterns .....	SUN Qian, WU Hong-liang, CHEN Fu, <i>et al.</i> (4682)
Effects of Short-term Application of Moutai-flavor Vinasse Biochar on Nitrogen Availability and Bacterial Community Structure Diversity in Yellow Soil of Guizhou Province .....	ZHANG Meng, LIU Yan-ling, WEI Quan-quan, <i>et al.</i> (4690)
Effects of Different Rotation Patterns of Oil-Rice on Methane and Nitrous Oxide Emissions in Rice Fields .....	CHEN You-de, ZHAO Yang, GAO Du-juan, <i>et al.</i> (4701)
<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> Biofertilizer Mitigating Soil Ammonia Volatilization .....	YANG Ya-hong, XUE Li-xia, SUN Bo, <i>et al.</i> (4711)
Effects of Exogenous Phosphorus on Rice Growth and Cadmium Accumulation and Transportation Under Cadmium Stress .....	HUO Yang, QIU Yin-yan, ZHOU Hang, <i>et al.</i> (4719)
Key Stage of As Accumulation in Rice Under As Stress at Different Growth Stages .....	DENG Peng-hui, CAI Ya-qin, ZHOU Hang, <i>et al.</i> (4726)
Heavy Metal Contamination and Health Risk Assessment of Corn Grains from a Pb-Zn Mining Area .....	ZHOU Yan, WAN Jin-zhong, LI Qun, <i>et al.</i> (4733)
Polybrominated Diphenyl Ether in E-waste Dismantling Sites in Taizhou City, Zhejiang Province: Concentration, Distribution, and Migration Trend .....	WEI Bao-kai, LIU Chen, WANG Ying, <i>et al.</i> (4740)
Assessment and Source Analysis of Heavy Metal Pollution in Farmland Soils in Southern Youyang County, Chongqing .....	WANG Rui, DENG Hai, YAN Ming-shu, <i>et al.</i> (4749)
Ecological Risk Assessment of Tetracycline Antibiotics in Livestock Manure and Vegetable Soil of Chongqing .....	PENG Qiu, WANG Wei-zhong, XU Wei-hong (4757)