

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

PM_{2.5}污染对我国健康负担和经济损失的影响

李勇, 廖琴, 赵秀阁, 白云, 陶燕

PM_{2.5}

• 中风

PM_{2.5}控制目标
健康经济效益

• 冠心病

• 呼吸系统疾病

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年4月

第42卷 第4期
Vol.42 No.4

目次

京津冀及周边地区秋冬季大气污染物排放变化因素解析	唐倩, 郑博, 薛文博, 张强, 雷宇, 贺克斌 (1591)
珠江三角洲大气光化学氧化剂(O_3)与 $PM_{2.5}$ 复合超标污染特征及气象影响因素	颜丰华, 陈伟华, 常鸣, 王伟文, 刘永林, 钟部卿, 毛敬英, 杨士士, 王雪梅, 刘焯芳 (1600)
广州市臭氧污染溯源:基于拉格朗日光化学轨迹模型的案例分析	裴成磊, 牟江山, 张英南, 申恒青, 陈玉茹, 黄杰生, 丁浩然, 李成柳 (1615)
运城秋冬季大气细粒子化学组成特征及来源解析	赵清, 李杏茹, 王国选, 张兰, 杨阳, 刘永桥, 孙宁宁, 黄禹, 雷文凯, 刘新罡 (1626)
降雪后24 h内大气中多环芳烃的变化规律	范慧泽, 祝富杰, 胡鹏持, 马万里 (1636)
道路扬尘中 $PM_{2.5}$ 粒度乘数的测定方法及特征	李冬, 陈建华, 张月帆, 高忠阳, 高健, 张凯, 竹双 (1642)
铸造行业挥发性有机物排放成分谱及影响	高爽, 李时蓓, 伯鑫, 李厚宇, 舒木水, 谈默, 屈加豹, 雷团团 (1649)
燃煤电厂和垃圾焚烧电厂燃烧产物中卤代多环芳烃的赋存特征和毒性风险	倪秀峰, 王儒威, 蔡飞旋, 蔡家伟 (1660)
兰州市春季微生物气溶胶浓度、粒径及细菌群落结构分布特性	赵炜, 李杰, 谢慧娜, 张莉红, 王亚娥 (1668)
大气污染排放格局优化方法及案例	李敏辉, 廖程浩, 常树诚, 张永波, 杨柳林, 曾武涛 (1679)
$PM_{2.5}$ 污染对我国健康负担和经济损失的影响	李勇, 廖琴, 赵秀阁, 白云, 陶燕 (1688)
基于多同位素的不同土地利用区域水体硝酸盐源解析	金赞芳, 胡晶, 吴爱静, 李光耀, 张文辽, 李非里 (1696)
新疆叶尔羌河流域地表水水化学特征及控制因素	张杰, 周金龙, 曾妍妍, 涂治, 纪媛媛, 孙英, 雷米 (1706)
漓江流域水体中重金属污染特征及健康风险评价	黄宏伟, 肖河, 王敦球, 席北斗, 孙晓杰, 李洁月, 李向奎 (1714)
近20年来鄱阳湖流域泛滥平原沉积物微量元素含量与污染变化	李括, 杨柯, 彭敏, 刘飞, 杨峥, 赵传冬, 成杭新 (1724)
汾河流域浅层地下水水化学和氢氧稳定同位素特征及其指示意义	刘鑫, 向伟, 司炳成 (1739)
会仙岩溶湿地地下水主要离子特征及成因分析	李军, 邹胜章, 赵一, 赵瑞科, 党志文, 潘民强, 朱丹尼, 周长松 (1750)
贵州威宁草海流域地下水水化学特征及无机碳通量估算	曹星星, 吴攀, 杨诗笛, 刘闪, 廖家豪 (1761)
辽宁典型海域表层海水中在用化学农药浓度水平与潜在生态风险	杜静, 胡超魁, 解怀君, 田甲申, 李爱, 谢晴, 吴金浩, 宋伦 (1772)
辽河流域土壤中微(中)塑料的丰度、特征及潜在来源	韩丽花, 徐笠, 李巧玲, 陆安祥, 殷敬伟, 田佳宇 (1781)
津冀辽地区典型湖库沉积物PAHs污染特征及来源解析	吴鹏, 鲁逸人, 李慧, 郑天娇子, 程云轩, 焦立新 (1791)
环太湖河流及湖体中有机磷酸酯的污染特征和风险评价	张文萍, 张振飞, 郭昌胜, 吕佳佩, 邓洋慧, 张恒, 徐建 (1801)
太湖表层水体典型抗生素时空分布和生态风险评价	丁剑楠, 刘舒娇, 邹杰明, 石溪哲, 邹华, 史红星 (1811)
淮河流域南四湖可挥发性有机物污染特征及风险评价	程云轩, 高秋生, 李捷, 李慧, 吴鹏, 焦立新 (1820)
三亚河沉积物PAHs和PCBs的分布、来源及风险评价	詹咏, 韦婷婷, 叶汇彬, 董滨, 张领军, 黄远东 (1830)
三峡库区非点源污染氮磷负荷时空变化及其来源解析	李明龙, 贾梦丹, 孙天成, 褚琳, 李朝霞 (1839)
反硝化细菌、硝酸钙和锆改性沸石联用对底泥中氮磷迁移转化的影响及硝态氮释放风险评估	辛慧敏, 李建伟, 詹艳慧 (1847)
锁磷剂联合好氧反硝化菌修复富营养化水体	李炳堂, 周志勤, Ravi Naidu, 胡智泉, 郭大滨, 陈嘉鑫 (1861)
太湖蓝藻胞内有机质的微生物降解	张巧颖, 孙伟, 杜瑛珣, 巩小丽 (1870)
青藏高原拉萨河流域附石藻类群落结构特征及其驱动因子分析	魏俊伟, 李鸿然, 汪兴中, 齐文华, 汪洋, 赵彬洁, 谭香, 张全发 (1879)
基于EEMs与UV-vis分析苏州汛期景观河道中DOM光谱特性与来源	何杰, 朱学惠, 魏彬, 李学艳, 汤如涛, 林欣, 周飞, 司壮壮 (1889)
老化前后轮胎磨损微粒与聚氯乙烯微粒对抗生素的吸附-解吸行为	范秀磊, 邹峰峰, 刘加强, 李莹, 刘强, 侯俊 (1901)
磁性铁基改性生物炭去除水中氨氮	王芳君, 桑倩倩, 邓颖, 赵元添, 杨娅, 陈永志, 马娟 (1913)
城市污水处理厂进水氨氧化菌对活性污泥系统的季节性影响	于莉芳, 汪宇, 滑思思, 李韧, 张兴秀, 惠晓飞 (1923)
基于粒径分化的厌氧氨氧化污泥性能与微生物多样性分析	王晓瞳, 杨宏 (1930)
ClO_2 消毒工艺对污水处理厂出水超级耐药基因的影响	程春燕, 李海北, 梁永兵, 师丹阳, 陈郑珊, 杨栋, 焦巧瑞, 邵一帆, 李君文, 金敏 (1939)
微塑料PES与2,4-DCP复合污染对厌氧污泥胞外聚合物与微生物群落的影响	林旭萌, 宿程远, 吴淑敏, 黄嫒, 邓雪, 林香凤, 黄尊, 魏佳林 (1946)
城镇污水处理厂污泥泥质监测及资源化风险评价	李娟, 李金香, 杨妍妍 (1956)
气候变暖对冻结期黑土碳氮循环关键过程及指标的影响	王子龙, 刘传兴, 姜秋香, 李世强, 柴迅 (1967)
沼液秸秆联用对滨海围垦田土壤重金属迁移及形态变化的影响	王伟, 周珺楠, 汤逸帆, 申建华, 韩建刚 (1979)
地块尺度城市土地质量地球化学调查方法:以雄安新区起步区为例	周亚龙, 郭志娟, 刘飞, 韩伟, 孔牧, 赵传冬, 刘爱涛, 彭敏, 王乔林, 王成文 (1989)
雄安新区农田土壤-农作物系统重金属潜在生态风险评估及其源解析	周亚龙, 杨志斌, 王乔林, 王成文, 刘飞, 宋云涛, 郭志娟 (2003)
地质背景农田土壤下不同水稻品种对Cd的累积特征及影响因素	代子雯, 方成, 孙斌, 魏志敏, 胡锋, 李辉信, 徐莉 (2016)
不同外源硒对镉污染土壤中小白菜生长及镉吸收的影响	刘杨, 齐明星, 王敏, 刘娜娜, Pornpimol Kleawsampanjai, 周菲, 翟辉, 王梦柯, 任蕊, 梁东丽 (2024)
影响不同农作物镉富集系数的土壤因素	陈洁, 王娟, 王怡雯, 姚启星, 苏德纯 (2031)
Cd胁迫下不同外源植物激素对水稻幼苗抗氧化系统及Cd吸收积累的影响	张盛楠, 黄益宗, 李颜, 保琼莉, 黄永春 (2040)
不同有机物料对水稻根表铁膜及砷镉吸收转运的影响	李开叶, 赵婷婷, 陈佳, 赵秀兰 (2047)
铜尾矿坝及其周边土壤真菌群落结构与功能多样性	陈建文, 张红, 李君剑, 刘勇 (2056)
微生物群落驱动AM真菌、生物炭及联合改良沙化土壤作用潜力	张哲超, 杨久扬, 郝百惠, 郝利君, 罗俊清, 李雪, 刁风伟, 张璟霞, 郭伟 (2066)
动物粪便施肥措施促进耐药基因在粪便-土壤-蔬菜之间的散播	张红娜, 董梦洁, 周玉法, 孙佳欣, 常美洁, 翟真真 (2080)
区域水生态文明建设绩效评价及障碍诊断模型的建立与应用	万炳彤, 鲍学英, 赵建昌, 李爱春 (2089)
《环境科学》征订启事(1738) 《环境科学》征稿简则(1790) 信息(1860, 1878, 1900)	

微生物群落驱动 AM 真菌、生物炭及联合改良沙化土壤作用潜力

张哲超, 杨久扬, 郝百惠, 郝利君, 罗俊清, 李雪, 刁风伟, 张璟霞, 郭伟*

(内蒙古大学生态与环境学院, 蒙古高原生态学与资源利用教育部重点实验室, 内蒙古草地生态学重点实验室, 呼和浩特 010021)

摘要: 沙化土壤作为土地荒漠化的重要过渡形式, 实现其有效恢复对减缓土地荒漠化进程意义重大。本研究显示, 丛枝菌根 (arbuscular mycorrhizal, AM) 真菌和生物炭已应用于沙化土壤改良过程, 但二者联合对沙化土壤改良影响研究较少; 此外, 细菌和真菌群落在沙化土壤改良过程中的作用尚不清楚。采用温室盆栽试验的方法, 分别设置对照处理 (CK)、单独接种 AM 真菌处理 (RI)、单独施加生物炭处理 (BC) 和二者联合改良处理 (BC_RI), 研究不同改良方式对小果白刺 (*Nitraria birica* Pall.) 菌根侵染率、生物量、矿质营养元素 (N、P、K、Ca 和 Mg) 含量及土壤有机碳、营养元素 (全 N、全 P 和全 K)、水稳性团聚体组成影响。采用高通量测序技术, 考察细菌和真菌群落在沙化土壤改良过程中的作用, 结合多元分析手段, 探究不同改良方式改良作用机制, 旨在为合理有效改良沙化土壤提供基础数据和理论依据。结果表明, 接种处理 (RI 和 BC_RI) 小果白刺根系均观察到明显的菌根侵染现象, 但 RI 和 BC_RI 处理间菌根侵染率无显著性差异。与 CK 相比, RI 处理显著增加了小果白刺地上部生物量和地上部 N、K、Ca 和 Mg 含量, BC 和 BC_RI 处理显著增加了小果白刺地上部、根部生物量及 N、P、K、Ca 和 Mg 含量; BC_RI 处理与 RI 和 BC 相比, 根部生物量及 P、K、Ca 和 Mg 含量显著增加。与 CK 相比, BC 和 BC_RI 处理显著增加了土壤有机碳含量, RI 处理使得土壤全 N 含量显著增加了 152.54%, BC 处理使得土壤全 P 和全 K 含量分别显著降低了 12.5% 和 18.18%。各处理 0.25~0.05 mm 粒径土壤团聚体比例最高, BC_RI 处理能够显著促进大粒径 (>0.25 mm) 土壤团聚体形成。与 CK 相比, RI 和 BC_RI 处理显著降低细菌、真菌群落 Sobs 指数和 Shannon 指数; 各处理细菌及真菌菌门组成及丰度存在显著差异性。RDA 及网络分析结果显示, AM 真菌、生物炭及二者联合改良方式对土壤基质环境及土壤微生物群落结构影响显著, 不同改良方式下微生物分子生态网络关系发生显著变化, 不同改良处理中核心物种组成具有差异性; BC 和 BC_RI 较 RI 处理, 网络连接密集程度更高且核心物种组成更丰富; 生物炭与 AM 真菌联合, 弱化了 *Rhizophagus intraradices* 的核心作用, 并增强其他微生物 (特别是细菌菌种) 的核心地位。SEM 结果显示, AM 真菌和生物炭施用通过直接影响土壤细菌和真菌群落结构, 进而实现对植物生长及土壤性质变化的影响, 微生物群落结构差异 (特别是微生物间的互作关系变化) 是导致土壤改良效果差异的主要驱动力。综上所述, 不同改良方式对沙化土壤改良效果影响具有差异性, 微生物群落在土壤改良过程中具有关键影响作用, AM 真菌和生物炭联合对加速沙化土壤生态恢复具有潜在优势和应用价值。

关键词: 微生物群落; 丛枝菌根真菌; 生物炭; 联合改良; 沙化土壤; 改良机制

中图分类号: X171.4 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)04-2066-14 DOI: 10.13227/j.hjxx.202008154

Potential of Arbuscular Mycorrhizal Fungi, Biochar, and Combined Amendment on Sandy Soil Improvement Driven by Microbial Community

ZHANG Zhe-chao, YANG Jiu-yang, HAO Bai-hui, HAO Li-jun, LUO Jun-qing, LI Xue, DIAO Feng-wei, ZHANG Jing-xia, GUO Wei*

(Inner Mongolia Key Laboratory of Environmental Pollution Control and Waste Resource Recycle, Inner Mongolia Key Laboratory of Grassland Ecology, School of Ecology and Environment, Inner Mongolia University, Hohhot 010021, China)

Abstract: Sandy soils are considered as a significant transition phase to desertification. The effective recovery of sandy soils is of great significance to mitigate the desertification process. Some studies have shown that arbuscular mycorrhizal (AM) fungi and biochar improved the sandy soil, but there have been very few studies regarding the combined effects of AM fungi and biochar amendments on sandy soil improvement. Additionally, the roles of the bacterial and fungal community during the process of sandy soil improvement remain unclear. A greenhouse pot experiment with four treatments, including a control (CK, no amendment), single AM fungi-assisted amendment (RI), single biochar amendment (BC), and combined amendment (BC_RI, biochar plus AM fungi), was set up. This study investigated the effects of different amendment methods on the *Nitraria birica* mycorrhizal colonization, biomass, nutrient (N, P, K, Ca, and Mg) content, soil organic carbon, soil nutrient (TN, TP, and TK) content, and soil water-stable

收稿日期: 2020-08-14; 修订日期: 2020-09-14

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31860170, 41977113); 内蒙古自治区科技重大专项 (ZDZX2018054); 内蒙古自然科学基金项目 (2018MS04003)

作者简介: 张哲超 (1993~), 女, 博士研究生, 主要研究方向为盐渍化土壤治理技术、退化土壤生态恢复和环境微生物技术, E-mail: chao657564313@163.com

* 通信作者, E-mail: ndguowei@163.com

aggregate composition. High throughput sequencing technology was used to investigate the roles of the bacterial and fungal communities during the process of sandy soil improvement. Combined with multiple analysis methods, the improvement mechanisms of different amendment methods were explored. The aim was to provide basic data and scientific basics for reasonably and effectively improving sandy soils. The results indicated that a significant mycorrhiza colonization was observed in the inoculation (RI and BC_RI) treatments, but there was no substantial difference in the mycorrhiza colonization with the RI and BC_RI. Compared with the CK, the shoot biomass and shoot element (N, K, Ca, and Mg) contents were significantly increased in the RI, and the shoot element (N, P, K, Ca, and Mg) contents were significantly increased in the BC and BC_RI; compared with the RI and BC, the root biomass and the root element (P, K, Ca, and Mg) contents were significantly increased in the BC_RI. Compared with the CK, the soil organic carbon contents were significantly increased in the BC and BC_RI, the soil TN contents were significantly increased by 152.54%, and the soil TP and TK contents were significantly decreased by 12.5% and 18.8%, respectively. The proportion of soil aggregates with particle sizes of 0.25-0.05 mm was the highest in each treatment, and the large particle size (>0.25 mm) soil aggregate was significantly increased in the BC_RI. Compared with the CK, the Sobs and Shannon indices of the bacterial/fungal community were significantly decreased in the RI and BC_RI. There was a difference in the microbial community compositions and abundance in the various treatments. The results of the RDA and network analysis were as follows: the effects of AM fungi, biochar, and combined amendment on the soil environment and microbial community structure were significant; in the different amendment treatments, the relationship of the microbial molecular ecological network was significantly changed, and the composition of the core species varied; compared with the RI, there was a higher network connection degree and a richer core species composition in the BC and BC_RI; moreover, the essential role of *Rhizophagus intraradices* was weakened and the core roles of the other microorganisms (especially bacterial species) were enhanced under the combined effects of biochar and AM fungi. The SEM results demonstrated that the application of AM fungi and biochar could directly affect the bacteria/fungi community structure, and further affect the plant growth and soil properties. The differences in the microbial community structure (especially the change in the microbial interaction) were the key driving factors that led to the difference in the soil improvement effectiveness. In summary, the effects of the different amendment methods on the improvement effectiveness of sandy soils varied. The microbial community played key roles in the process of sandy soil improvement, and there were potential advantages and applications in accelerating the ecological restoration of sandy soils under the combined AM fungi and biochar amendment.

Key words: microbial community; arbuscular mycorrhizal (AM) fungi; biochar; combined amendment; sandy soil; improvement mechanism

随着人口增长、人类活动和全球气候变化等因素影响,加剧了世界各地土地的退化和沙化,土地荒漠化已成为目前我国乃至世界公认的最严重的生态环境问题之一^[1]. 中国是世界上受土地退化危害最严重的国家之一,我国荒漠化(沙化)土地分布较广,主要集中于北方干旱、半干旱地区和部分半湿润地区^[2]. 截至目前我国荒漠化土地面积已达2 620 000 km²,沙化土地面积已达173 000 km²^[3],其中土地沙化作为土地荒漠化的重要过渡形式,较荒漠化土地更易被恢复^[4]. 因此,实现沙化土地的有效恢复,对于减缓土地荒漠化进程、改善退化土壤危害具有重要意义.

受沙化土壤理化性质差(如养分匮乏、保水保肥性能差等)和土壤生物群落复杂程度低等因素限制,沙化土壤的自然恢复或植物群落修复进程缓慢^[5]. 因此,有必要通过施加外源调节剂或改良剂加速沙化土壤的生态恢复^[5]. 生物炭由于其具有富碳、疏松多孔、比表面积大、持水性高和吸附能力强等优点,常被作为理想的土壤改良剂应用于退化土壤改良过程^[6,7]. 有研究表明,生物炭施用能够显著影响土壤理化性质(如改善土壤容重、土壤水分条件、土壤酸碱度和提高土壤养分等)和土壤生物学特性(如改变土壤微生物丰度、微生物群落结构和微生物功能等)^[8-11],但由于受生物炭材料本身性

质、热解过程和土壤性质等不同的影响^[12],其对于沙化土壤理化性质改良效果具有明显的差异性^[13-19]. 此外,目前关于生物炭施用对沙化土壤微生物群落影响研究还较少. 然而,土壤微生物群落对于调控土壤物质循环和改善土壤质量具有关键性作用. 因此,除土壤基本理化性质变化外,有必要进一步关注到土壤微生物群落结构变化,从微生物作用角度完善生物炭施用对沙化土壤改良的作用机制. 丛枝菌根(arbuscular mycorrhizal, AM)真菌对于极端环境中植物定植、植物养分吸收利用、土壤抗侵蚀能力和土壤碳储存等方面存在着有益影响,因此也常被与植物联合,用于退化土壤改良^[20,21]. 已有研究显示,AM真菌对促进退化土壤(如沙化土壤、矿区土壤、盐碱土壤)植物生长、养分吸收^[22-24]以及污染土壤、盐碱土壤的生态恢复发挥着积极作用^[25,26],然而对沙化土壤性质(基本理化性质、土壤微生物群落)改良及生态恢复方面关注较少. 此外,有研究发现土壤中生物炭容易导致植物和菌根真菌之间响应关系的重大变化,如通过影响土壤理化性质改变土壤养分有效性,进而影响AM真菌定植^[27];亦或是增强AM真菌协助宿主植物抵抗病原侵染的能力^[28]. 外源生物炭施加也会对菌根真菌或外生菌根生长产生增效作用,进而对土壤质量及植物生长产生促进作用^[29-31]. 基于此,构建植物-微生

物-土壤改良剂之间的协同过程,对于加速土壤恢复具有巨大潜能. 因此,深入研究植物-AM 真菌-生物炭修复沙化土壤作用机制,对日后建立沙化土壤的高效修复技术,加速退化土壤生态恢复具有十分重要的科学意义和实际应用价值.

土壤微生物作为土壤基质与植物间物质、能量和信息传递的桥梁,对土壤性质改变、土壤养分循环及植物生长等方面具有重要影响^[32,33]. 尽管,目前关于 AM 真菌和生物炭单独改良退化土壤方面的作用已有相关研究,但二者联合的改良作用研究较少^[34],且很少有研究关注不同微生物群落(特别是真菌群落)在沙化土壤改良中的潜在作用. 基于此,本研究采用温室盆栽试验,通过设置 AM 真菌和生物炭单独或联合处理的方式,探究不同改良方式对植物生长、沙化土壤性质及微生物群落结构影响;从土壤微生物作用角度探究 AM 真菌、生物炭施用及二者交互作用对沙化土壤改良的影响作用机制;

并通过多元分析手段,识别引起改良效果差异的主要驱动力,厘清微生物(AM 真菌、细菌和真菌)、土壤及植物互作关系,以期为合理有效改良沙化土壤提供基础数据和理论依据.

1 材料与方法

1.1 培养基质

供试土壤取自内蒙古呼和浩特西部土默特左旗小营子村(N40°30′48.60″,E111°45′59.69″)附近,收集表层(0~20 cm)无污染风沙土,去除表面杂质(石块、枯枝落叶等),并自然风干、研磨过筛(2.0 mm),土壤基本性质见表1,其中沙化土壤水稳性团聚2~0.25、0.25~0.05、0.05~0.01和0.01~0.005 mm 粒径所占比例分别为11.37%、77.54%、9.41%和1.12%. 在盆栽试验前对土壤进行高温灭菌处理(121℃,2 h),灭菌后自然风干保存备用.

表 1 供试沙化土壤基本理化性质

Table 1 Physical and chemical properties of the sandy soil										
项目	电导率 / $\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$	pH	有机质 / $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	全 N / $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	全 P / $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	全 K / $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	土壤粒径分级占比/%			
							沙粒 (2~0.05 mm)	粗粉粒 (0.05~0.01 mm)	细粉粒 (0.01~0.005 mm)	黏粒 (<0.005 mm)
参数	135.60±10.6	7.48±0.9	7.20±1.0	0.70±0.03	0.28±0.01	2.08±0.08	88.91±1.51	9.41±2.55	1.12±1.29	0.56±1.9

1.2 供试植物、菌种与生物炭改良剂

小果白刺(*Nitraria sibirica* Pall.)是荒漠生态系统的优势物种之一,是一种典型的沙漠灌丛植物,具有独特的防风固沙、耐干旱、抗风蚀和盐碱等功能^[35];此外,由于其根系发达,在植物固沙和土壤改良等应用方面一直备受关注^[36]. 基于此,本研究选用小果白刺为供试植物,小果白刺种子购于中国宁夏远胜陆洋草业生态工程有限公司. 在进行温室盆栽试验前,用10%体积比过氧化氢(H_2O_2)浸泡15 min,以对种子表面进行消毒. 之后在25℃潮湿滤纸上催芽萌发48~72 h,直到露出胚根后进行播种. 本研究供试的 AM 真菌为根内球囊霉 [*Rhizophagus*

intraradices, RI, BGC BJ09, 1511C0001BGCAM0042, 370 个孢子·(10 g)⁻¹]. 该菌剂购买于北京农林科学院植物营养与资源研究所,以玉米(*Zea mays* L.)和白三叶草(*Trifolium repens* L.)混合栽种形式对菌株进行扩繁培养3个月,获得内含真菌孢子、菌丝以及宿主植物根段等繁殖体的根际砂土混合物^[37]. 基于前人研究发现秸秆类生物炭对沙土改良的有益作用^[38,39]. 因此,本研究选用秸秆类生物炭为土壤改良剂,生物炭购于江苏省溧阳市德胜活性炭厂,其生产基本技术指标见表2. 在盆栽试验前对生物炭进行高温灭菌处理(121℃,2 h),灭菌后自然风干保存备用.

表 2 秸秆生物炭生产技术指标

Table 2 Technical indicators of the straw biochar								
材料	烧制温度 /℃	烧制时间 /h	粒度 /目	比表面积 / $\text{m}^2\cdot\text{kg}^{-1}$	堆积密度 / $\text{mg}\cdot\text{cm}^{-3}$	含水率 /%	pH	铁盐 /%
参数	≥500	4.0~5.0	150~200	≥400	≤450	<10	10.57	<0.1

1.3 温室盆栽试验设计

本试验采用生物学盆栽法,处理分为:对照处理(CK)、单独接种 RI 处理(RI)、单独施加生物炭处理(BC)和接种 RI 与生物炭联合改良处理(BC_RI)4 个处理,每个处理设置6盆重复(共计24盆). 以圆形花盆(上口径25 cm×下口径15 cm×高20

cm)为培养容器,内衬无菌塑料自封袋. 每盆放入4 kg 灭菌沙化土壤,依据已有研究生物炭添加最佳施用^[40]及预试验结果,BC 处理生物炭添加量选择20 g·kg⁻¹,AM 真菌接种处理采用混接法进行,其中接菌处理(即 RI 和 BC_RI)每盆每千克土壤加入50 g 菌剂^[41],不接菌处理(即 CK 和 BC)加入同等质量

的灭菌菌剂和 10 mL 的菌剂过滤液(10 μm 滤膜过滤),所有添加物均保证与土壤基质充分混匀.将每盆播种 15 粒均匀预发芽的小果白刺种子,15 d 后间苗,每盆保留 6 株长势相近的植株.所有处理随机摆放于内蒙古大学的温室中,试验期间采用自然采光(日间温度为 20~30℃,夜间温度为 10~20℃).通过称重法定期添加去离子水,维持土壤基质含水量为田间最大持水量的 80%^[37],自出苗之日起植物生长 150 d 后收获.

1.4 样品制备与基本理化指标分析测定

盆栽试验结束后,分别收获植物地上部分以及地下部分(根系)样品,用蒸馏水彻底冲洗去除附着土壤,70℃ 烘干至恒重,称重记录地上部分以及地下部分植物样品干重.在收获时,随机选取部分新鲜根段(0.7 g)保存于乙醇(50%),用于测定菌根感染率^[42].植物样品烘干称重后粉碎过筛(<150 μm),室温保存用于后续植物相关指标测定.称取研磨过筛植物样品(2~3 mg),利用元素分析仪(Vario MACRO, CHNOS Elemental Analyzer, Elementar Co., Germany)测定植物样品 C 和 N 含量.称取 0.5 g 研磨过筛植物样品,加入 5 mL 优级纯 HNO₃ 于 120℃ 开放式消化 96 h,利用电感耦合等离子体发射光谱仪(ICP-OES, Optima 7000DV, PerkinElmer USA)测定消煮液中 P、K、Ca 和 Mg 含量.

收获植物样品后,将整盆土壤混合.从每个处理 6 盆重复中随机挑选 3 盆,收集 3 盆重复的新鲜混合土壤样品.其中一部分土壤样品使用无菌离心管(50 mL)收集,并立即转移到 -80℃ 冰箱中储存,用于后续的分子生物学分析;剩余土壤样品风干、研磨、过筛后置于室温下保存,以供后续土壤理化性质分析.利用 HCl(1 mol·L⁻¹)对土壤进行预处理以去

除土壤中的无机碳组分,将预处理后的土壤样品 105℃ 烘干至恒重,称取土壤样品(120 mg),利用元素分析仪测定土壤样品总有机碳及全 N 含量^[43].称取风干过筛后的土壤样品(1 g),加入等体积微量金属级(trace metal grade)氯化氢(HCl)和硝酸(HNO₃)对样品进行消解^[44],使用 ICP-OES 分析样品中全 P 和全 K 含量.称取风干过筛土壤样品,分别按照固液比(W/V)1/2.5 和 1/5 比例加入去离子水,振荡混匀静置,利用 pH 计(Seven Compact S210)和电导率仪(Seven Compact S230)分别测定土壤样品 pH 值及电导率(EC)^[45].参照中国农业行业标准(NY/T 1121.20-2008),采用湿筛法对土壤水溶性团聚体组分比例进行分离测定.沙化土壤粒径组成采用比重法进行测定^[46].

1.5 分子生物学分析

采用 FastDNA® SPIN 试剂盒(MP Biomedicals, CA, USA)对新鲜土壤样品(0.5 g)中 DNA 进行提取,通过微量紫外分光光度计(Nano Drop® ND-2000, Wilmington, DE, USA)测定 DNA 浓度和纯度.利用 PCR 热循环仪(ABI GeneAmp® 9700, CA, USA),选用特异性功能基因引物(表 3)分别对细菌 16S rRNA 基因 V3~V4 区和真菌 ITS rRNA 基因 ITS 区域进行 PCR 扩增;再用 2% 琼脂糖凝胶电泳对 PCR 扩增产物进行定量检测,用凝胶回收试剂盒(Axygen Biosciences, Union City, CA, USA)对目标片段进行切胶回收.按照前述电泳定量结果,通过荧光计(Quantus™ Fluorometer, Promega, USA)对 PCR 扩增回收产物进行荧光定量.按照上海美吉生物技术有限公司(Majorbio Bio-Pharm, 中国上海)标准,将纯化后的扩增子以等分子量混合,借助 Illumina MiSeq 平台,分别对土壤细菌、真菌群落进行高通量测序分析.

表 3 PCR 引物序列信息
Table 3 PCR primer sequence

项目	序列信息
细菌 16S rRNA 基因引物	338F: 5'-ACTCCTACGGGAGGCGAGCAG-3'; 806R: 5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'
真菌 ITS rRNA 基因引物	ITS1F: 5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3'; ITS2R: 5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3'

1.6 数据处理分析

所有植物及土壤基本理化指标试验数据通过 Excel 计算平均值和标准误差,并采用 SPSS 17.0 软件对数据进行统计分析:采用单因素方差分析(ANOVA)分析不同处理差异性,并通过 Duncan 多重极差检验差异显著性(P<0.05).通过 R 语言(ggplot2 包)对植物及土壤基本理化指标数据进行可视化.采用双因子方差分析 AM 真菌、生物炭施用和二者交互作用的显著性影响.

采用 Mothur 软件对原始 16S rRNA 或 ITS rRNA

基因测序序列进行去重复、质量过滤和优化.利用 UPARSE 算法(UPARSE 7.1 <http://drive5.com/uparse/>)将优化后的原始数据进行拼接,将相似性大于 97% 的优化序列划分为一个操作分类单元(OTU),并与 16S rRNA 数据库(Silva: Release132 <http://www.arb-silva.de>)和 ITS rRNA 数据库(Unite: Release 7.2 <http://unite.ut.ee/index.php>)进行比对.通过 Ribosomal Database Project(RDP <http://rdp.cme.msu.edu/>)数据库对每个 OTU 代表序列进行识别和分类.为保证分析结果的有效性,对

所有样本的子样本序列按照最小样本序列数抽平进行后续数据分析^[47]. 最终, 各处理每个样品得到 475 044 条(细菌)和 63 754 条(真菌)优化后的有效序列, 各样本分别包含 1 637 个有效的细菌 OTUs 和 775 个真菌 OTUs.

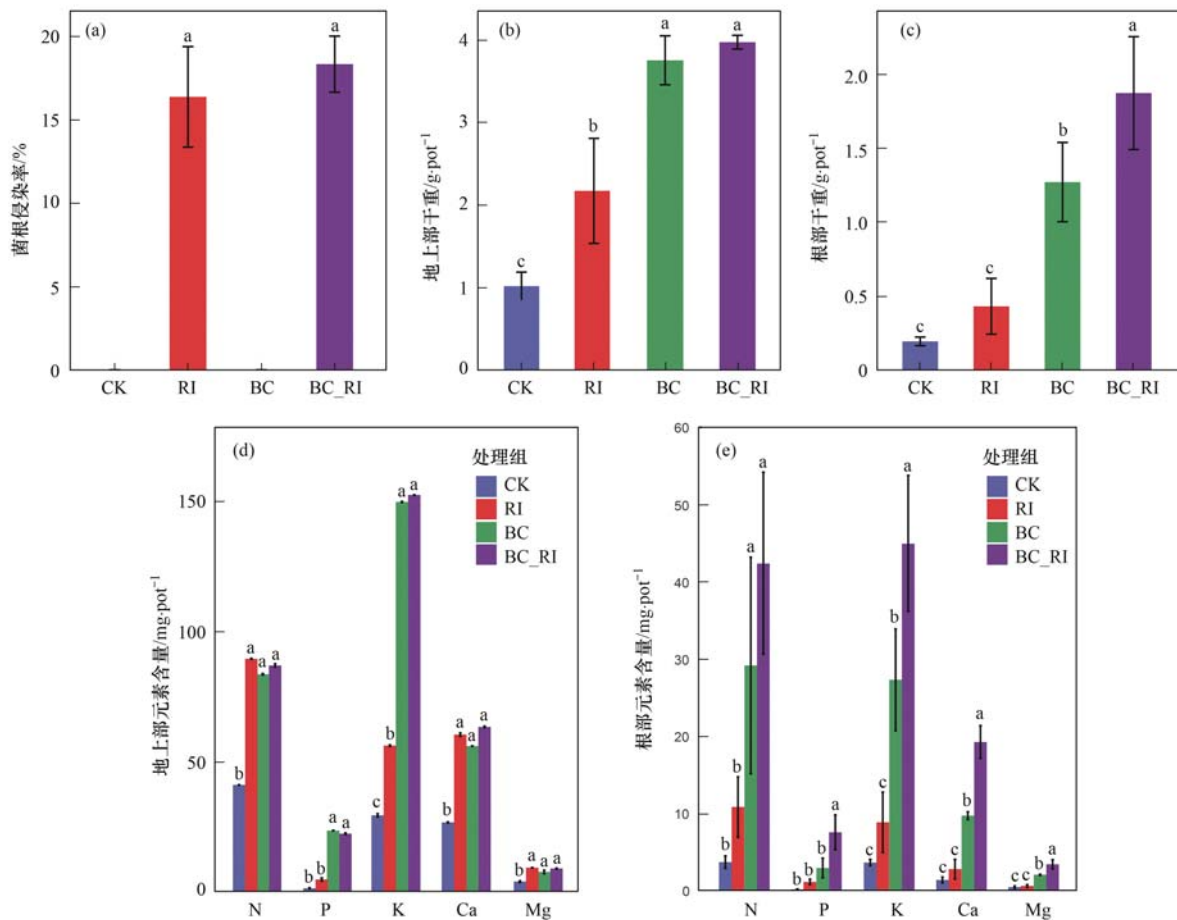
利用 Mothur (<http://www.mothur.org/wiki>) 计算微生物多样性指数(Shannon)及群落丰富度指数(Sobs); 利用 Qiime 1.7.0 (<http://qiime.org/index.html>) 进行主坐标分析(Principal coordinate analysis, PCoA), 以判定各处理微生物群落分布及结构组成差异; 利用 Circos-0.67-7 (<http://circos.ca/>) 对样本与物种对应关系进行可视化, 并通过 R 语言(stats 包)和 Python(scipy 包)计算, 对多组样本中物种进行克氏秩和检验(Kruskal-Wallis H test), 识别不同处理中具有显著性差异的物种; 通过计算 RI、BC 和 BC_RI 处理中物种间 Spearman 相关性系数, 利用 Cytoscape 2.6.0 软件分别构建不同改良方式下细菌、真菌物种网络关系图, 以探究识别不同改良方式下微生物群落作用模式; 采用 Canoco5 (version

5.0) 软件, 利用冗余分析(redundancy analysis, RDA)探讨 AM 真菌、生物炭及联合施用对土壤结构、土壤性质及微生物群落结构差异的影响; 基于结构方程模型(structural equation modeling, SEM)构建 AM 真菌、生物炭、土壤性质、土壤结构以及微生物群落间作用关系, 利用 SPSS 套件 Amos (version 24.0) 进行 SEM 分析, 以探究 AM 真菌、生物炭施用对沙化土壤改良作用机制.

2 结果与分析

2.1 菌根侵染率、小果白刺生物量及矿质营养元素含量分析

各处理菌根侵染率、小果白刺生物量及营养元素(N、P、K、Ca 和 Mg)含量如图 1 所示. 不接种处理(CK 和 BC)小果白刺根系中未观察到菌根真菌的侵染; 接种 *R. intraradices* 处理中, RI 和 BC_RI 处理间菌根侵染率无显著性差异[图 1(a)]. 双因子分析结果表明, 接种处理对菌根侵染率有极显著影响($P < 0.001$), 而生物炭施加及二者交互作用对



CK:对照处理; RI:单独接种 RI 处理; BC:单独施加生物炭处理; BC_RI:接种 RI 与生物炭联合改良处理;
柱状图上不同小写字母表示同一类指标不同处理间在 $P < 0.05$ 显著水平差异

图 1 各处理小果白刺根系菌根侵染率、生物量及矿质营养元素(N、P、K、Ca 和 Mg)含量

Fig. 1 Mycorrhizal colonization, biomass, and mineral nutrient element (N, P, K, Ca, and Mg) content in the different treatments

菌根感染率无显著影响。

与 CK 相比,RI、BC 和 BC_RI 处理使得小果白刺地上部干重分别显著增加了 113.60%、264.08% 和 285.44% ($P < 0.05$),使得小果白刺地下部干重分别增加了 126.32%、568.42% 和 884.21%;与 RI 相比,BC_RI 处理使得小果白刺地上部与根部干重均显著增加($P < 0.05$);与 BC 相比,BC_RI 处理仅使得小果白刺根部干重显著增加 [$P < 0.05$, 图 1 (b) 和 1(c)]. 双因子分析结果表明,接种处理对小果白刺地上部及根部干重有显著影响($P < 0.05$),生物炭施加对小果白刺地上部及根部干重均有极显著影响($P < 0.001$),而在二者交互作用无显著影响。

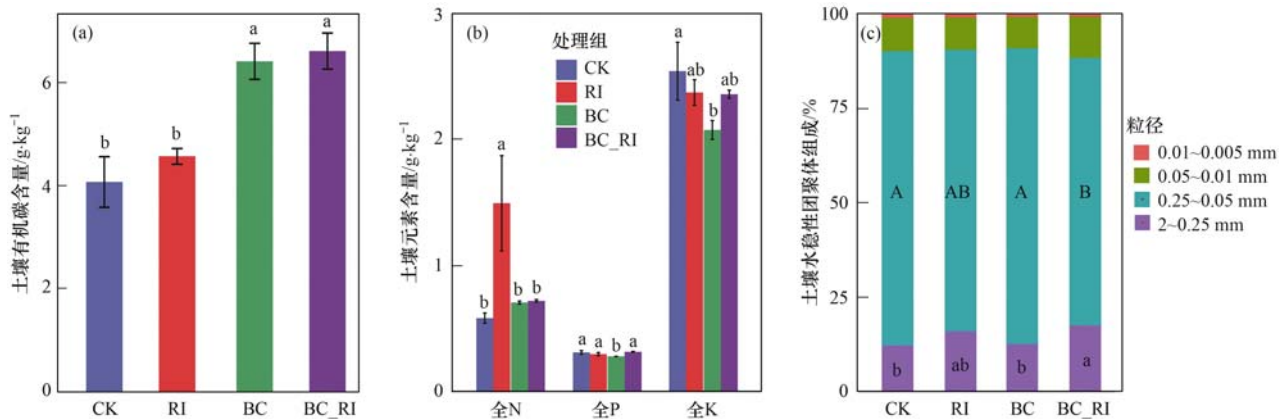
N、P、K、Ca 和 Mg 是植物生长所必需的营养元素. 与 CK 相比,RI 处理使得小果白刺地上部的 N、K、Ca 和 Mg 元素含量显著增加($P < 0.05$),而对根部元素含量无显著影响,BC 处理使得地上部的 N、P、K、Ca 和 Mg 含量以及根部的 N、K、Ca 和 Mg 含量均显著增加($P < 0.05$),BC_RI 处理使得地上部及根部的 N、P、K、Ca 和 Mg 含量显著增加($P < 0.05$);与 RI 相比,BC_RI 处理使得地上部 P 和 K 含量以及根部 N、P、K、Ca 和 Mg 含量显著增加($P < 0.05$);与 BC 相比,BC_RI 处理使得根部 P、K、Ca 和 Mg 含量显著增加 [$P < 0.05$, 图 1(d) 和 1(e)]. 双因子分析结果表明,接种处理对小果白刺地上部 N 和 Ca 含量有显著影响($P < 0.05$),对地上部 Mg 及根部 P、K 和 Mg 含量有非常显著影响($P < 0.01$),对根部 Ca 含量有极显著影响($P < 0.001$);生物炭施加对小果白刺地上部 N 和 Ca 含

量有显著影响($P < 0.05$),对根部 N 含量有非常显著影响($P < 0.01$),对地上部 P 和 K 含量及根部 P、K、Ca 和 Mg 含量有极显著影响($P < 0.001$);二者交互作用,对小果白刺地上部 N 含量及根部 P 和 Mg 含量存在显著影响($P < 0.05$),对根部 Ca 含量有非常显著影响($P < 0.01$).

2.2 土壤有机碳、营养元素含量和水稳性团聚体差异分析

不同处理土壤有机碳含量如图 2(a) 所示. 与 CK 相比,BC 和 BC_RI 处理使得土壤有机碳含量分别显著增加了 58.00% 和 63.00% ($P < 0.05$),而 RI 处理对土壤有机碳含量无显著影响;与 RI 相比,BC_RI 处理使得土壤有机碳含量显著增加了 45.08% ($P < 0.05$);与 BC 相比,BC_RI 处理相对土壤有机碳含量无显著影响[图 2(a)]. 双因子分析结果表明,仅生物炭施加对土壤有机碳含量有极显著影响($P < 0.001$),而接种处理及二者交互作用对其无显著影响。

不同处理土壤营养元素全 N、全 P 和全 K 含量如图 2(b) 所示. 与 CK 相比,RI 处理使得土壤全 N 含量显著增加了 152.54% ($P < 0.05$),BC 处理使得土壤全 P 和全 K 含量分别显著降低了 12.5% 和 18.18% ($P < 0.05$),BC_RI 处理对土壤全 N、全 P 和全 K 含量无显著影响;与 RI 相比,BC_RI 处理使得土壤全 N 含量显著降低了 51.68% ($P < 0.05$);与 BC 相比,BC_RI 处理使得土壤全 P 含量显著增加了 10.71% [$P < 0.05$, 图 2(b)]. 双因子分析结果表明,接种处理对土壤 N 含量有非常显著影响($P < 0.01$);生物炭施用对土壤 N、P 和 K 含量有显著影



(a) 土壤有机碳含量; (b) 土壤营养元素含量; (c) 土壤水稳性团聚体组成; CK: 对照处理; RI: 单独接种 RI 处理; BC: 单独施加生物炭处理; BC_RI: 接种 RI 与生物炭联合改良处理; (a) 和 (b) 柱状图上不同小写字母表示同一类指标不同处理间在 $P < 0.05$ 显著水平差异; (c) 柱状图内不同小写字母表示 2~0.25 mm 粒径水稳性团聚体组成不同处理间在 $P < 0.05$ 显著水平差异, 不同大写字母表示 0.25~0.05 mm 粒径水稳性团聚体组成不同处理间在 $P < 0.05$ 显著水平差异; 图例内星号表示该粒径土壤水稳性团聚体组成差异显著性, * 表示 $P < 0.05$

图 2 各处理土壤有机碳、土壤营养元素含量及土壤水稳性团聚体组成

Fig. 2 Soil organic carbon, soil nutrient element content, and soil water-stable aggregate composition in the different treatments

响($P < 0.05$); 二者交互作用对土壤 N 和 P 有非常显著影响($P < 0.01$), 对土壤 K 有显著影响($P < 0.05$).

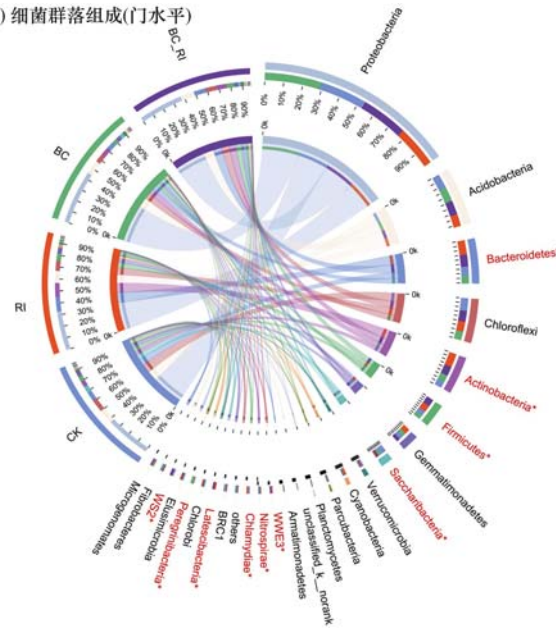
各处理水稳性团聚体组成中, 0.25 ~ 0.05 mm 粒径土壤团聚体比例最高, 约占总水稳性团聚体的 71% ~ 79%. 与 CK 相比, RI 和 BC 处理对土壤水稳性团聚体组成变化无显著影响, BC_RI 处理使得 2 ~ 0.25 mm 粒径及 0.25 ~ 0.05 mm 粒径土壤团聚体比例发生显著变化($P < 0.05$), 而对其他粒径团聚体比例无显著影响; 与 RI 相比, BC_RI 处理对土壤水稳性团聚体组成变化无显著影响; 与 BC 相比, BC_RI 处理显著促进了土壤大粒径团聚体(> 0.25 mm)的形成($P < 0.05$), 显著降低了 0.25 ~ 0.05 mm 粒径土壤团聚体比例($P < 0.05$), 对其他粒径土壤团聚体比例无显著影响[图 2(c)]. 双因子分析结果表明, 接种处理对 2 ~ 0.25 mm 粒径和 0.25 ~ 0.05 mm 粒径土壤团聚体比例变化存在显著($P < 0.05$)和非常显著($P < 0.01$)影响; 而生物炭施用和二者交互作用对土壤水稳性团聚体组成变化无显著影响.

2.3 微生物群落组成及多样性差异分析

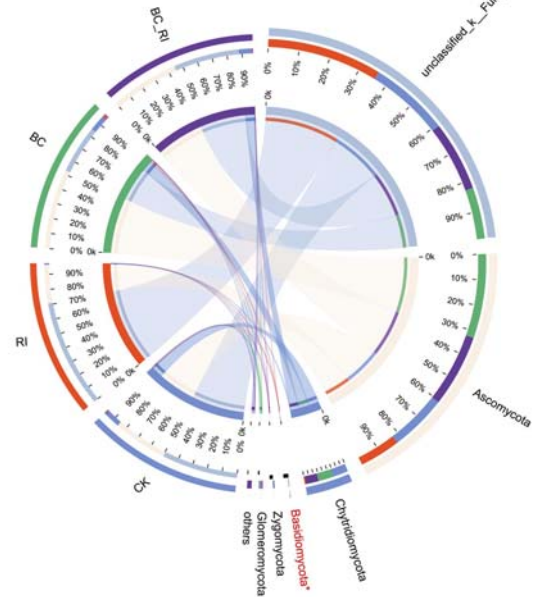
各处理门(phylum)水平下物种群落组成如图 3 所示. 细菌群落中, 变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、绿弯菌门(Chloroflexi)、放线菌门(Actinobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)相对丰度总和占细菌菌群的 80% ~ 86%, 其中变形菌门(Proteobacteria)丰度最高, 酸杆菌门(Acidobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、绿弯菌门(Chloroflexi)、放线菌门(Actinobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)丰度次之[图 3(a)]; 真菌菌群中, 除未分类真菌菌门(unclassified_k_Fungi)外, 子囊菌门(Ascomycota)在各处理中相对丰度最高, 壶菌门(Chytridiomycota)相对丰度次之[图 3(b)]. 对比发现, 尽管各处理菌门组成具有相似性, 但不同菌门丰度具有明显差异性, 细菌菌门中 Bacteroidetes、Actinobacteria、Firmicutes、Saccharibacteria、WWE3、Nitrospirae、Chlamydiae、Latescibacteria、Peregrinibacteria 和 WS2 在不同处理间存在显著差异[$P < 0.05$, 图 3(a)], 真菌菌门 Basidiomycota 在不同处理间存在显著差异[$P < 0.05$, 图 3(b)].

微生物 α -多样性指数直观地反映出微生物群落多样性和丰富度差异, 不同改良方式对土壤细菌、真菌群落多样性(Shannon 指数)和丰富度(Sobs 指数)影响如图 4 所示. 与 CK 相比, RI 和 BC_RI 处理使得土壤细菌 Shannon 指数和 Sobs 指数及真菌

(a) 细菌群落组成(门水平)



(b) 真菌群落组成(门水平)



CK: 对照处理; RI: 单独接种 RI 处理; BC: 单独施加生物炭处理; BC_RI: 接种 RI 与生物炭联合改良处理

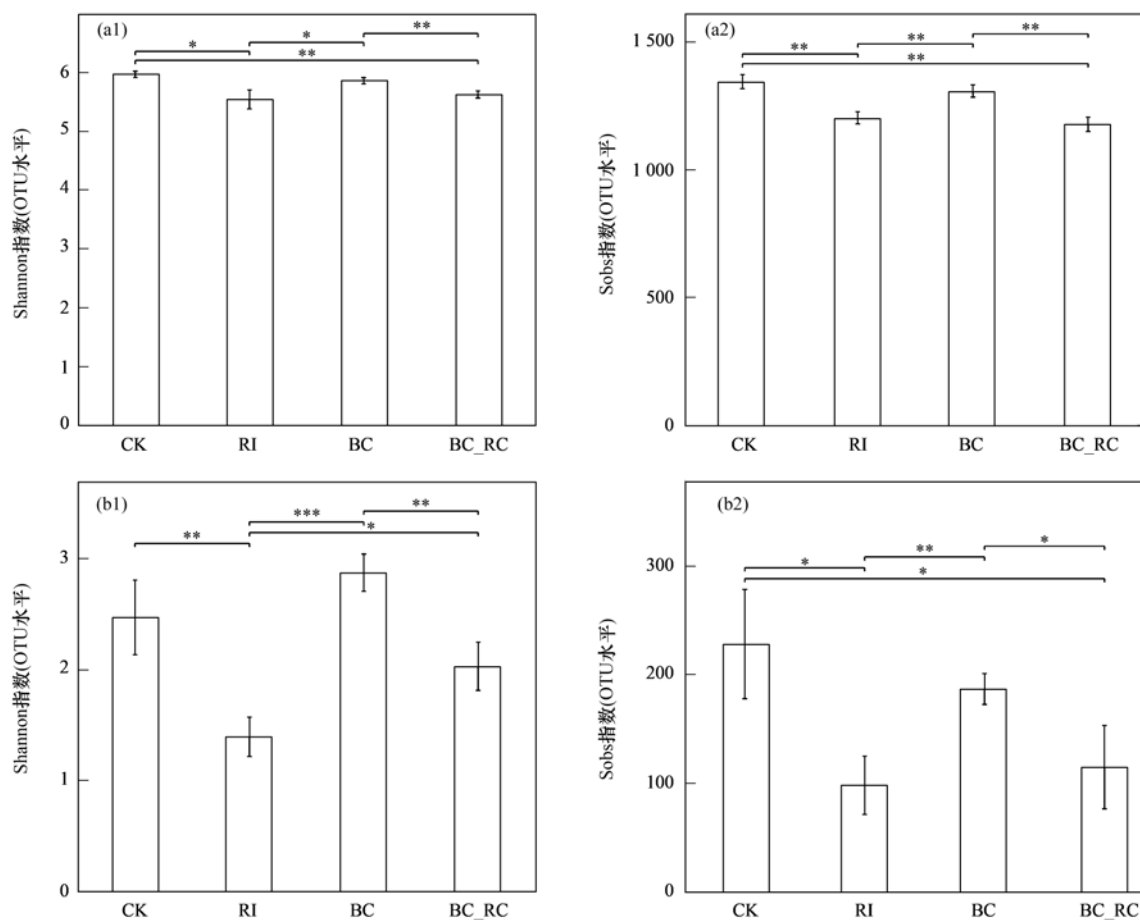
图 3 各处理土壤细菌及真菌群落组成(门水平)

Fig. 3 Bacterial and fungal community composition (phylum level) in the different treatments

Sobs 指数显著降低($P < 0.05$), BC 处理与 CK 相比无显著变化; 与 RI 相比, BC_RI 使得土壤真菌 Shannon 指数显著增加($P < 0.05$); 与 BC 相比, BC_RI 处理使得土壤细菌和真菌 α -多样性指数均显著降低($P < 0.05$).

2.4 不同改良方式对土壤基质性质及微生物群落结构差异影响

为探究不同改良方式下土壤基质环境(物理结构和性质)及微生物群落结构组成差异, 本研究基于 RDA 分析, 揭示不同改良方式对各处理土壤基质环境及微生物群落结构差异的影响, 其中土壤物理



(a) 细菌群落 α -多样性指数; (b) 真菌群落 α -多样性指数; CK: 对照处理; RI: 单独接种 RI 处理; BC: 单独施加生物炭处理; BC_RI: 接种 RI 与生物炭联合改良处理; 星号表示差异显著性, * 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$, *** 表示 $P < 0.001$

图 4 各处理细菌及真菌 α -多样性指数

Fig. 4 The α -diversity indices of the bacterial and fungal community in the different treatments

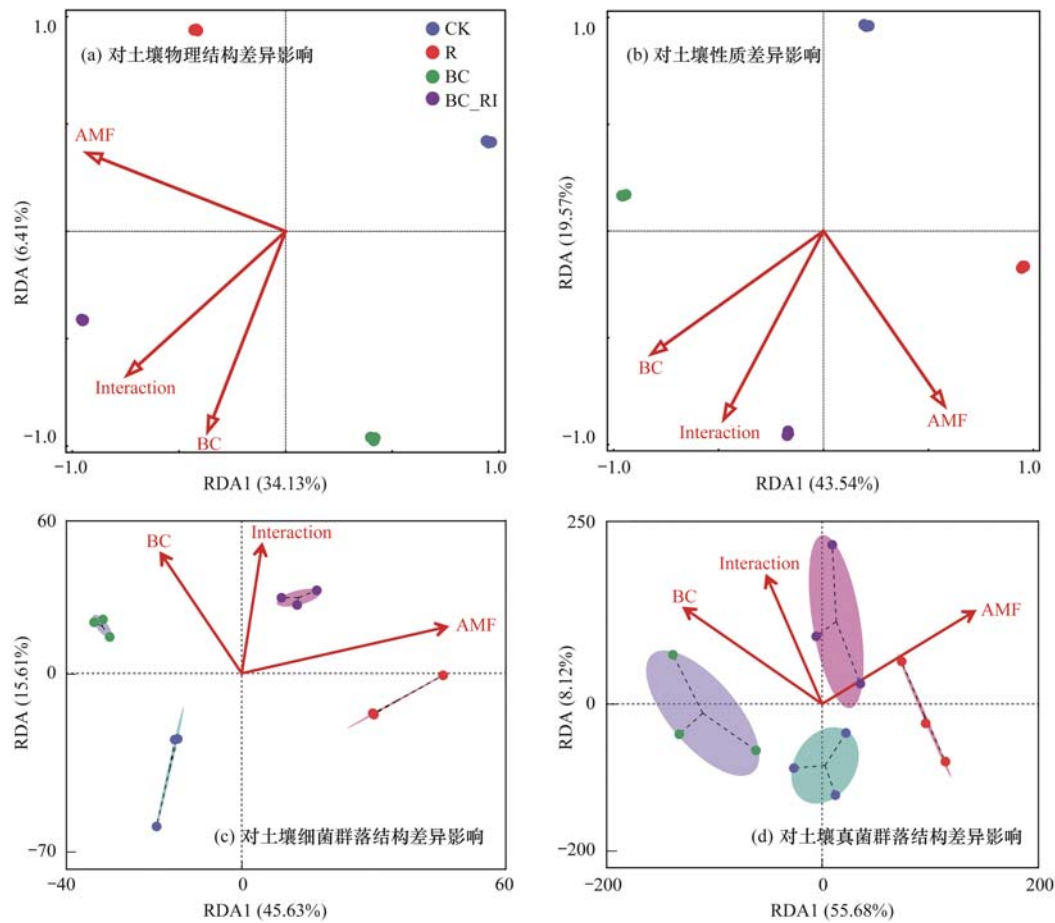
结构和性质分别通过土壤水稳性团聚体组成和土壤营养元素含量进行表征,微生物群落结构基于 OTU 水平进行分析,分别包含细菌群落及真菌群落。图 5 中不同颜色图例代表不同处理样本,红色箭头代表 AM 真菌、生物炭及二者联合改良方式, RDA1 轴和 RDA2 轴对结果的解释分别为 34.13% ~ 55.68% 和 6.41% ~ 19.57%, 两轴解释度总和较高,表明不同改良方式对土壤基质环境影响显著。对比发现,各处理土壤结构、性质差异明显,AM 真菌、生物炭 (BC) 及二者交互 (Interaction) 均与不同处理土壤结构和性质呈显著相关关系 [$P < 0.05$, 图 5(a) 和 5(b)]。此外,细菌群落和真菌群落分布分散,各处理细菌及真菌群落结构差异显著; 同样不同改良方式均与各处理细菌、真菌群落结构呈显著相关关系 [$P < 0.05$, 图 5(c) 和 5(d)]。

2.5 不同改良方式微生物分子生态网络关系分布

分子生态网络关系图显示改良剂施用处理条件下各物种之间的相互关系,网络图仅显示具有显著相关关系 ($|r| > 0.6$, $P < 0.001$) 的物种联系。网络关系图中 (图 6 和图 7), 不同节点代表不同物种,不

同节点颜色代表该物种所属不同菌门,红色连线表示正相关,绿色连线表示负相关,线的多少表示节点之间联系的密切程度。阿拉伯数字表示细菌及真菌群落网络关系中的模块数,根据模块中物种连接度高低顺序,将模块依次进行排序,其中模块 1 为细菌和真菌群落中物种连接度最高的模块,该模块被定义为网络关系的核心模块,该模块中的物种为核心物种^[48]。

如图 6 所示,不同改良处理条件下,RI 处理细菌群落网络关系包含 2 类模块,BC 和 BC-RI 处理均包含 3 类模块。对比发现,不同改良处理中,物种间相关性程度不同,RI、BC 和 BC-RI 处理细菌群落中正相关关系分别为 183、216 和 262 个,负相关关系分别为 198、212 和 235 个,其中 BC 和 BC-RI 处理相关性联系高于 RI 处理。此外,不同处理同一模块物种组成不同,其中核心物种组成具有差异性,RI 处理中细菌核心模块主要包含 *Acidobacteria_bacterium_CB_286306* 等 19 种核心物种,BC 处理主要包含 *Domibacillus_robiginosus* 等 23 种细菌核心物种,BC-RI 处理主要包含 *Archangium_gephyra* 等 28



CK:对照处理; RI:单独接种 RI 处理; BC:单独施加生物炭处理; BC_RI:接种 RI 与生物炭联合改良处理; AMF:AM 真菌; BC:生物炭; Interaction:AM 真菌与生物炭联合改良

图 5 不同改良方式对土壤基质环境(物理结构和性质)及土壤微生物群落结构影响(RDA)

Fig. 5 Effects of different amendment treatments on the soil environment (physical structure and properties) and soil microbial community structure (RDA)

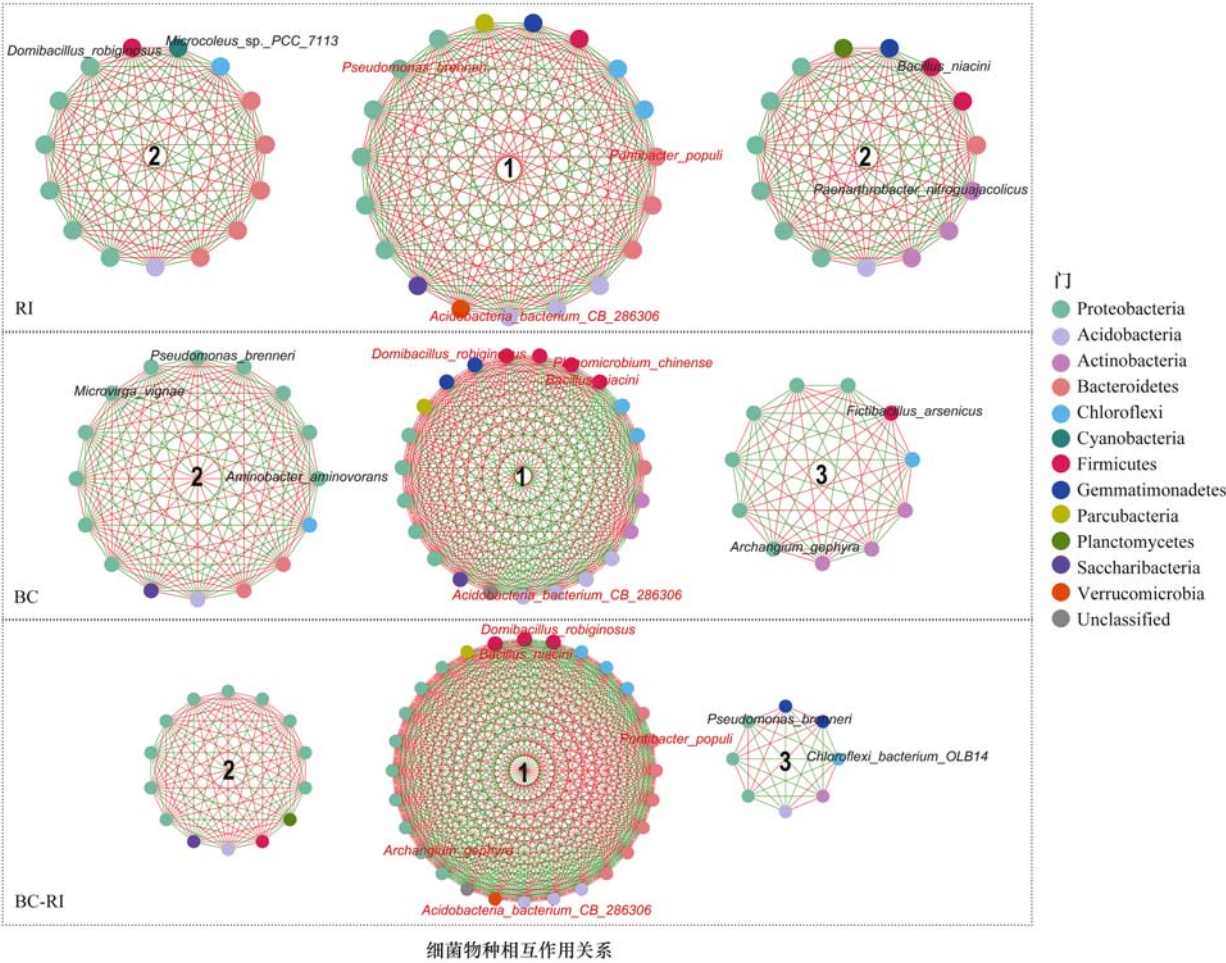
种细菌核心物种。

如图 7 所示,不同改良处理条件下,真菌群落网络关系模块数、物种间相关性程度及核心物种组成也存在差异性。RI 处理真菌群落网络关系包含 5 类模块,其中分别包含 134 和 92 个正相关和负相关关系,核心模块主要包含 *Rhizophagus intraradices* 等 14 种真菌核心物种;BC 处理真菌网络关系包含 3 类模块,分别存在 156 和 136 个正相关和负相关关系,主要包含 *Acremonium tubakii*、*Gibberella baccata* 等 32 种真菌核心物种;BC_RI 处理真菌群落网络关系包含 4 类模块,其中正相关和负相关关系分别为 126 和 94 个,核心模块中主要包含 *Gibellulopsis nigrescens* 等 13 种真菌核心物种,其中 *Rhizophagus intraradices* 并未出现在 BC_RI 真菌网络关系中。

2.6 AM 真菌、生物炭对沙化土壤改良作用机制分析

本研究结果显示,AM 真菌和生物炭施用能够影响土壤基质环境(土壤性质、结构和微生物群落

结构组成),不同改良方式对沙化土壤中植物生长具有正向促进作用,但促进效果具有差异性。考虑到 SEM 是一种先验方法,可以用直观的图形表示生态环境中复杂关系网络^[49]。为探明影响改良效果差异的主要驱动力,厘清土壤微生物群落及土壤基本性质在改良过程中的重要角色,本研究通过 SEM 构建 AM 真菌、生物炭、土壤性质、土壤结构以及微生物群落关系,结果如图 8 所示。AM 真菌分别与细菌群落、真菌群落呈极显著相关关系($r=0.98, P<0.001$; $r=0.69, P<0.001$);生物炭分别与细菌群落、真菌群落和土壤性质呈极显著相关关系($r=-0.17, P<0.001$; $r=-0.56, P<0.001$; $r=0.93, P<0.001$),与植物生物量呈显著相关关系($r=0.60, P<0.05$);此外,细菌群落、真菌群落分别与植物生物量($r=0.73, P<0.01$; $r=-0.44, P<0.05$)、土壤性质($r=-0.88, P<0.001$; $r=0.56, P<0.01$)存在显著相关关系。



RI:单独接种 RI 处理; BC:单独施加生物炭处理; BC-RI:接种 RI 与生物炭联合改良处理; 节点表示不同物种(不同节点颜色代表该物种所属不同菌门),其中红色名称物种为该网络关系中连接度最高物种(定义为核心物种),未显示物种名称的节点为未分类(unclassified)菌种; 连线表示物种间存在极显著($|r| > 0.6, P < 0.001$)相关关系(红色连线代表正相关,绿色连线表示负相关,线的多少表示节点之间联系的密切程度的高低); 阿拉伯数字表示不同模块(按照连接度高低顺序依次排序), 下同

图6 细菌群落单因素相关性网络分析
Fig. 6 Network analysis applied to the bacterial community

3 讨论

植物生物量能够直接表征植物生长状况,并间接反映土壤质量与肥力状况的好坏.因此,植物生长状况对于直观地反映不同改良方式对沙化土壤改良的实际效果具有指导意义.本研究结果发现,AM 真菌、生物炭施用以及联合改良对小果白刺生长均有促进作用,但不同改良方式对植物生长促进效果具有差异性.生物炭施用(BC)及联合改良处理(BC-RI)比 AM 真菌单独接种(RI)对小果白刺生长促进效果显著,其中联合改良方式对小果白刺根部生长较单独改良方式促进效果显著.植物生长受土壤基质环境的直接影响,土壤基质环境变化可能是引起改良效果的差异的主要影响因子.许多研究已证实生物炭施用对提高土壤养分(特别是土壤有机碳)具有重要影响^[50~52],本研究结果同样发现生物炭施用对土壤基质环境有机碳含量具有显著提升效果.

由于受沙化土壤养分匮乏等条件限制,生物炭施用能够为土壤补充直接的养分含量,这对于植物生长促进效果可能比 AM 真菌作用更直接.此外,AM 真菌、生物炭施用能够影响土壤微生物群落结构^[53~55];生物炭施用同样也会改变植物菌根真菌的信号传导过程^[56],进而影响菌根真菌协助植物生长的作用效果.生物炭施用后,直接影响到植物根系与 AM 真菌定植关系,因此在短期改良过程中,联合改良对植物根部生长影响作用更明显.

目前大部分研究已发现 AM 真菌、生物炭施用对微生物群落组成结构的重要影响^[57~59],但却忽略了不同微生物群落(细菌和真菌群落)在调控土壤基质和改良土壤性质方面的关键作用.本研究通过高通量测序分析,探究不同改良方式对细菌、真菌群落影响.微生物多样性研究结果显示,AM 真菌接种及联合改良能够显著降低微生物群落多样性及丰富度,这可能主要归因于 AM 真菌菌根对营养物质竞

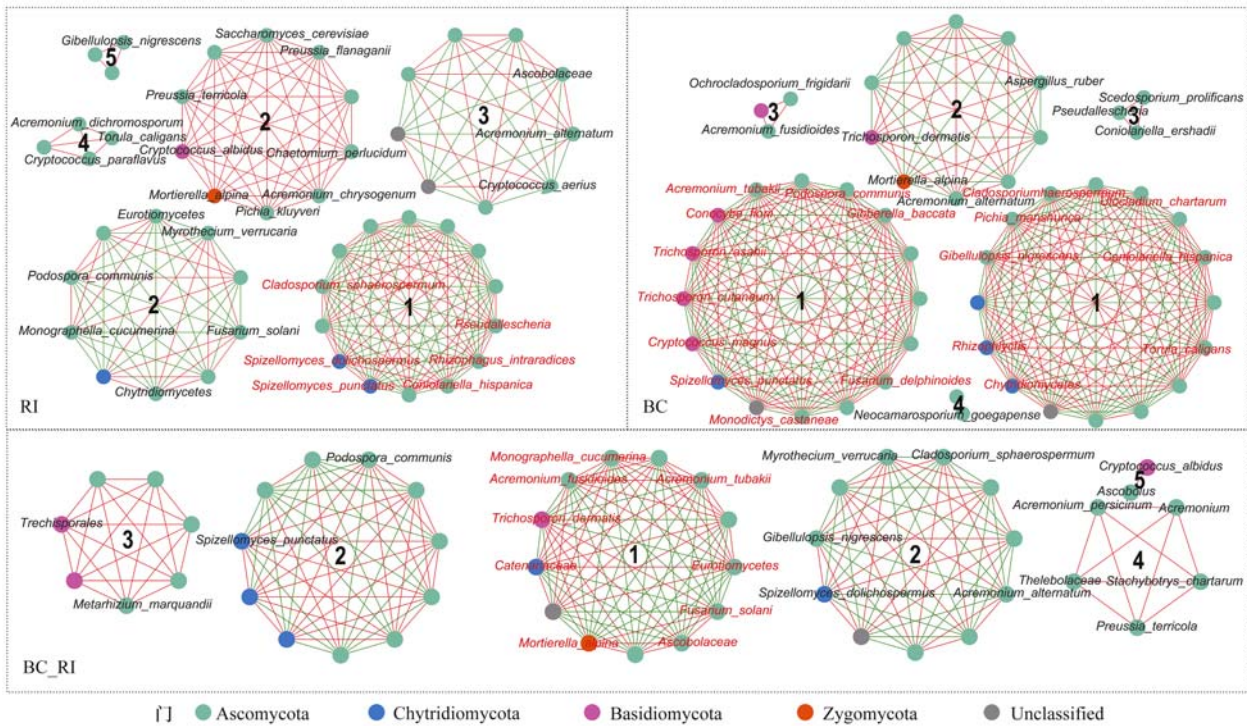


图7 真菌群落单因素相关性网络分析

Fig. 7 Network analysis applied to the fungal community

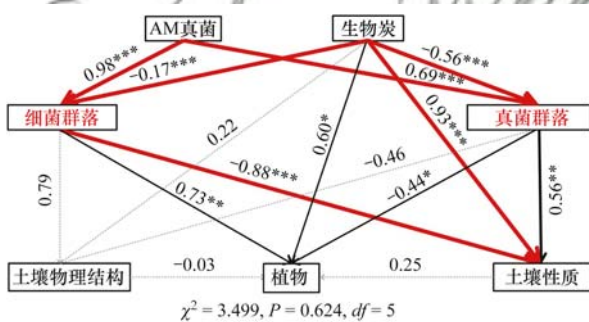


图8 SEM揭示沙化土壤改良作用机制

Fig. 8 SEM revealed the mechanism of sandy soil improvement

争的优势作用^[60]。由于菌根快速生长,降低了其他微生物营养供给需求,使得微生物生长受限,从而降低了土壤微生物多样性。尽管有研究证实生物炭的多孔结构能够为微生物提供一定的生存空间^[61],但由于受到沙化土壤本身条件限制及AM真菌菌根等因素影响,生物炭对微生物作用优势并不能在短期内得以发挥。因此,联合改良处理中微生物多样性也显著降低。除微生物多样性差异外,不同改良方式下土壤物理结构、营养环境及土壤微生物群落结构差异显著,结合RDA结果发现,AM真菌、生物炭及二者联合改良对土壤基质环境变化具有显著影响,其中二者联合作用条件下微生物群落结构均与其他改

良方式存在明显差异,表明二者联合可能更易导致微生物群落间互作关系的显著变化。有研究已发现,生物炭对土壤中菌根群落变化具有显著影响^[56],在菌根群落与生物炭的共同影响下,使得土壤微生物群落关系发生显著变化,进而导致微生物群落结构的显著差异。网络分析结果进一步证实了,不同改良方式对微生物群落互作关系的显著影响。结果表明,不同改良方式下微生物分子生态网络关系能够发生显著变化,不同处理网络关系中核心物种组成也发生明显改变;生物炭施加处理(BC和BC_RI)较单独接种AM真菌改良处理(RI),网络连接密集程度更高且核心物种组成更丰富;生物炭与AM真菌联合,弱化了*Rhizophagus intraradices*的核心作用,并增强其他微生物(特别是细菌菌种)的核心地位。这些结果表明,不同改良方式对微生物菌群互作关系具有重要影响,生物炭施加可能能够平衡微生物群落对生态位和营养等的合理利用,这对于有效调控微生物群落间协同分工意义重大。AM真菌单独作用时,由于AM真菌菌根的优势作用,使得其他微生物生长受限;当施加生物炭后,一方面由于生物炭本身多孔结构,能够为其他微生物在其孔隙形成活性生物膜提供合适的生态位^[61];另一方面,生物炭能够通过吸附植物根系分泌物等方式改变根系周围环境,进而影响AM真菌菌根生长^[62]。生物炭施加能够适当减弱AM真菌对土壤营养、环境等的争夺优势,从而为其他更多的有益微生物生长提供基础。

微生物群落协同联系对土壤生态恢复具有重要影响^[63],尽管 AM 真菌、生物炭和二者联合对沙化土壤改良均有正向促进作用,但生物炭施加更有利于增强微生物群落互作关系,因此,生物炭对促进沙化土壤改良效果影响更显著。此外,AM 真菌与生物炭联合,更有利于平衡微生物群落间营养供给需求,这可能对实现沙化土壤生态恢复具有潜在优势。

改良剂施用对土壤微环境变化有着直接影响,为探明微生物群落、土壤基质环境在沙化土壤改良过程中的影响作用,本研究通过 SEM 直观地揭示不同改良方式对沙化土壤改良的作用机制。结果表明,AM 真菌和生物炭施用通过直接影响土壤细菌和真菌群落结构,进而实现对植物生长及土壤性质变化的影响;生物炭施用除能够直接影响土壤微生物群落外,也会直接作用于土壤以及植物本身;因此,生物炭施用较 AM 真菌对沙化土壤改良优势更显著。综上结果发现,微生物群落在土壤改良过程中起着关键性作用,微生物群落结构差异(特别是微生物间的互作关系变化)是导致土壤改良效果差异的主要驱动力。由于生物炭施用能够瞬时弥补土壤养分匮乏的限制,因此就短期改良效果来看,生物炭较 AM 真菌对沙化土壤改良优势更显著。尽管 AM 真菌与生物炭联合施用对沙化土壤短期改良效果并不一定完全优于单独施加生物炭改良作用效果,但本研究结果已显示出联合改良对植物根部生长的显著促进作用,说明 AM 真菌-生物炭-植物联合修复对加速沙化土壤改良的潜在优势。然而想要构建完善高效的植物-微生物-改良剂联合改良体系,除了需要考虑土壤基质、改良剂本身性质影响外,还需要关注微生物群落,特别是有益微生物(如菌根有益细菌、真菌等)在其中发挥的关键作用。日后可以考虑寻找更多的有益微生物,用以加强联合改良的协同过程,并针对不同土壤基质,通过野外实地试验探讨其在退化土壤生态恢复中的实际作用效果,为后续理解并提高土壤改良修复效率提供有力依据。

4 结论

(1)AM 真菌、生物炭及联合改良方式均对沙化土壤中小果白刺地上部生物量及矿质营养元素吸收具有显著促进作用;生物炭和联合改良处理促进了小果白刺根部矿质营养元素吸收和生长,联合改良处理效果要优于生物炭处理。

(2)不同改良方式使得沙化土壤营养环境、物理结构具有显著差异性,AM 真菌、生物炭及联合改良方式对土壤基质环境变化存在显著影响。

(3)不同改良方式使得沙化土壤细菌、真菌群

落 α -多样性、组成及结构存在显著差异性,AM 真菌、生物炭及二者联合对土壤微生物群落结构影响显著。

(4)不同改良方式下微生物分子生态网络关系发生显著变化,不同处理网络关系中核心物种组成具有差异性;生物炭和联合改良处理较单独接种 AM 真菌改良处理,网络连接密集程度更高且核心物种组成更丰富;生物炭与 AM 真菌联合,弱化了 *Rhizophagus intraradices* 的核心作用,并增强其他微生物(特别是细菌菌种)的核心地位。

(5)AM 真菌、生物炭施用通过直接影响土壤细菌、真菌群落结构,进而实现对植物生长及土壤性质变化的影响;微生物群落在土壤改良过程中具有关键性作用,微生物群落结构差异(特别是微生物间的互作关系变化)是导致土壤改良效果差异的主要驱动力。

参考文献:

- [1] Verón S R, Paruelo J M, Oesterheld M. Assessing desertification [J]. *Journal of Arid Environments*, 2006, **66**(4): 751-763.
- [2] 韩洋. 荒漠(沙)化土地治理现状及对策研究[J]. *山西农经*, 2019, (23): 82, 84.
- [3] 刘佳, 刘远妹, 杜忠. 中国退化沙化草地治理研究进展[J]. *安徽农学通报*, 2018, **24**(21): 161-164.
- [4] Liu J, Liu Y M, Du Z. Review on the research of degraded and desertification grassland restoration in China [J]. *Anhui Agricultural Science Bulletin*, 2018, **24**(21): 161-164.
- [5] Sial T A, Liu J, Zhao Y, et al. Co-application of milk tea waste and NPK fertilizers to improve sandy soil biochemical properties and wheat growth[J]. *Molecules*, 2019, **24**(3), doi: 10.3390/molecules24030423.
- [6] 王桂君, Ohsowski B, Klironomos J, 等. 菌根菌剂及土壤改良剂对退化生态系统的修复潜能分析[J]. *生态经济*, 2014, **30**(7): 179-184.
- [7] Wang G J, Ohsowski B, Klironomos J, et al. The possibility of fungi inoculums and soil amendment for restoring degraded ecosystems[J]. *Ecological Economy*, 2014, **30**(7): 179-184.
- [8] 丁黎, 吴胜春, 单胜道, 等. 沙化土壤施用羊粪生物炭及堆肥的养分渗流特征[J]. *科技通报*, 2019, **35**(3): 61-69, 74.
- [9] Ding L, Wu S C, Shan S D, et al. The nutrients leaching characteristics of desertification soil by the application of sheep droppings biochar and fertilizer [J]. *Bulletin of Science and Technology*, 2019, **35**(3): 61-69, 74.
- [10] Zhang L Y, Jing Y M, Chen G H, et al. Improvement of physical and hydraulic properties of desert soil with amendment of different biochars[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2019, **19**(7): 2984-2996.
- [11] 魏秋兰. 浅谈生物炭对土壤改良影响的研究进展[J]. *南方农业*, 2019, **13**(30): 189-190.
- [12] 张千丰, 王光华. 生物炭理化性质及对土壤改良效果的研究进展[J]. *土壤与作物*, 2012, **1**(4): 219-226.
- [13] Zhang Q F, Wang G H. Research progress of physiochemical properties of biochar and its effects as soil amendments[J]. *Soil and Crop*, 2012, **1**(4): 219-226.
- [14] Tan Z X, Lin C S K, Ji X Y, et al. Returning biochar to fields:

- a review[J]. *Applied Soil Ecology*, 2017, **116**: 1-11.
- [11] Ogura T, Date Y, Masukujane M, *et al.* Improvement of physical, chemical and biological properties of aridisols from Botswana by the incorporation of torrefied biomass[J]. *Scientific Reports*, 2016, **6**, doi: 10.1038/srep28011.
- [12] Blanco-Canqui H. Biochar and soil physical properties[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2017, **81**(4): 687-711.
- [13] Wang H, Huang Y F, Shen C Y, *et al.* Co-transport of pesticide acetamiprid and silica nanoparticles in biochar-amended sand porous media[J]. *Journal of Environmental Quality*, 2016, **45**(5): 1749-1759.
- [14] Trifunovic B, Gonzales H B, Ravi S, *et al.* Dynamic effects of biochar concentration and particle size on hydraulic properties of sand[J]. *Land Degradation & Development*, 2018, **29**(4): 884-893.
- [15] Głab T, Palmowska J, Zaleski T, *et al.* Effect of biochar application on soil hydrological properties and physical quality of sandy soil[J]. *Geoderma*, 2016, **281**: 11-20.
- [16] Khan W U D, Ramzani P M A, Anjum S, *et al.* Potential of miscanthus biochar to improve sandy soil health, in situ nickel immobilization in soil and nutritional quality of spinach[J]. *Chemosphere*, 2017, **185**: 1144-1156.
- [17] Carvalho M L, De Moraes M T, Cerri C E P, *et al.* Biochar amendment enhances water retention in a tropical sandy soil[J]. *Agriculture*, 2020, **10**(3), doi: 10.3390/agriculture10030062.
- [18] Hardie M, Clothier B, Bound S, *et al.* Does biochar influence soil physical properties and soil water availability? [J]. *Plant and Soil*, 2014, **376**(1-2): 347-361.
- [19] Jeffery S, Meinders M B J, Stoof C R, *et al.* Biochar application does not improve the soil hydrological function of a sandy soil[J]. *Geoderma*, 2015, **251-252**: 47-54.
- [20] Rillig M C, Mardatin N F, Leifheit E F, *et al.* Mycelium of arbuscular mycorrhizal fungi increases soil water repellency and is sufficient to maintain water-stable soil aggregates[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, **42**(7): 1189-1191.
- [21] Singh S, Kapoor K K. Inoculation with phosphate-solubilizing microorganisms and a vesicular-arbuscular mycorrhizal fungus improves dry matter yield and nutrient uptake by wheat grown in a sandy soil[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 1999, **28**(2): 139-144.
- [22] Medina A, Azcón R. Effectiveness of the application of arbuscular mycorrhiza fungi and organic amendments to improve soil quality and plant performance under stress conditions[J]. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 2010, **10**(3): 354-372.
- [23] Acosta-Martínez V, Cotton J. Lasting effects of soil health improvements with management changes in cotton-based cropping systems in a sandy soil[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2017, **53**(5): 533-546.
- [24] Song Z H, Bi Y L, Zhang J A, *et al.* Arbuscular mycorrhizal fungi promote the growth of plants in the mining associated clay[J]. *Scientific Reports*, 2020, **10**(1), doi: 10.1038/s41598-020-59447-9.
- [25] Li S P, Bi Y L, Kong W P, *et al.* Effects of arbuscular mycorrhizal fungi on ecological restoration in coal mining areas[J]. *Russian Journal of Ecology*, 2015, **46**(5): 431-437.
- [26] Zhang Y F, Wang P, Yang Y F, *et al.* Arbuscular mycorrhizal fungi improve reestablishment of *Leymus chinensis* in bare saline-alkaline soil: implication on vegetation restoration of extremely degraded land[J]. *Journal of Arid Environments*, 2011, **75**(9): 773-778.
- [27] DeLuca T H, MacKenzie M D, Gundale M J, *et al.* Wildfire-produced charcoal directly influences nitrogen cycling in ponderosa pine forests[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2006, **70**(2): 448-453.
- [28] Matsubara Y, Hasegawa N, Fukui H. Incidence of fusarium root rot in asparagus seedlings infected with arbuscular mycorrhizal fungus as affected by several soil amendments[J]. *Engei Gakkai Zasshi*, 2002, **71**(3): 370-374.
- [29] Verma B, Reddy M S. Biochar augmentation improves ectomycorrhizal colonisation, plant growth and soil fertility[J]. *Soil Research*, 2020, **58**(7): 673-682.
- [30] Ishii T, Kadota K. Effects of charcoal as a soil conditioner on citrus growth and vesicular-arbuscular mycorrhizal development[J]. *Journal of the Japanese Society for Horticultural Science*, 1994, **63**(3): 529-535.
- [31] 潘丽冰, 徐凡珍, 沙丽清. 生物炭对土壤理化性质及橡胶幼苗生物量的影响[J]. *山地学报*, 2015, **33**(4): 449-456.
- [32] Zhang T A, Chen H Y H, Ruan H H. Global negative effects of nitrogen deposition on soil microbes[J]. *The ISME Journal*, 2018, **12**(7): 1817-1825.
- [33] Liu Y, Guo K Y, Zhao Y Z, *et al.* Change in composition and function of microbial communities in an acid bamboo (*Phyllostachys praecox*) plantation soil with the addition of three different biochars[J]. *Forest Ecology and Management*, 2020, **473**, doi: 10.1016/j.foreco.2020.118336.
- [34] Yang Q, Ravnkov S, Neumann Andersen M. Nutrient uptake and growth of potato: Arbuscular mycorrhiza symbiosis interacts with quality and quantity of amended biochars[J]. *Journal of Plant Nutrition and Soil Science*, 2020, **183**(2): 220-232.
- [35] Zhou H, Zhao W Z, Zheng X J, *et al.* Root distribution of *Nitraria sibirica* with seasonally varying water sources in a desert habitat[J]. *Journal of Plant Research*, 2015, **128**(4): 613-622.
- [36] 刘利平, 斯琴毕力格, 徐志明, 等. 阿拉善荒漠区白刺属果实营养成分及其利用分析[J]. *内蒙古林业科技*, 2016, **42**(3): 29-31, 42.
- [37] Liu L P, Siqinbilige, Xu Z M, *et al.* Nutritional components of fruits of *Nitraria* L. and its utilization in Alashan desert area[J]. *Journal of Inner Mongolia Forestry Science & Technology*, 2016, **42**(3): 29-31, 42.
- [37] 王芳, 郭伟, 马朋坤, 等. 丛枝菌根真菌对镉污染土壤上玉米生长和镉吸收的影响[J]. *环境科学*, 2016, **37**(1): 309-316.
- [37] Wang F, Guo W, Ma P K, *et al.* Effects of arbuscular mycorrhizal fungi on the growth and Ce uptake of maize grown in Ce-contaminated soils[J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(1): 309-316.
- [38] 陈萌萌, 唐东山, 张晓文, 等. 生物炭对荒漠土壤的改良作用研究[J]. *山东化工*, 2019, **48**(7): 217-221, 224.
- [38] Chen M M, Tang D S, Zhang X W, *et al.* Research on the improvement of biochar on desert soil[J]. *Shandong Chemical Industry*, 2019, **48**(7): 217-221, 224.
- [39] 王道涵, 邢聪慧, 梅傲雪, 等. 生物炭改良风沙土对土壤团聚体稳定性的影响[J]. *辽宁工程技术大学学报(自然科学版)*, 2018, **37**(5): 816-823.
- [39] Wang D H, Xing C H, Mei A X, *et al.* Effect of biochar on the stability of aggregates in Aeolian soil[J]. *Journal of Liaoning Technical University (Natural Science)*, 2018, **37**(5): 816-823.
- [40] 王桂君, 许振文, 路倩倩. 生物炭对沙化土壤理化性质及作物幼苗的影响[J]. *江苏农业科学*, 2017, **45**(11): 246-248.

- [41] 肖雪毅,陈保冬,朱永官. 丛枝菌根真菌对铜尾矿上植物生长和矿质营养的影响[J]. 环境科学学报, 2006, **26**(2): 312-317.
Xiao X Y, Chen B D, Zhu Y G. The influences of arbuscular mycorrhizal fungi on growth and mineral nutrition of plants grown in copper mine tailing[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2006, **26**(2): 312-317.
- [42] 常青,郭伟,潘亮,等. 镉-铅复合污染下 AM 真菌对玉米生长和镉、铅吸收的影响[J]. 环境科学, 2017, **38**(9): 3915-3926.
Chang Q, Guo W, Pan L, et al. Effects of arbuscular mycorrhizal fungi on the growth and uptake of La and Pb by maize grown in La and Pb-contaminated soil [J]. Environmental Science, 2017, **38**(9): 3915-3926.
- [43] 王巧环,任玉芬,孟龄,等. 元素分析仪同时测定土壤中全氮和有机碳[J]. 分析实验室, 2013, **32**(10): 41-45.
- [44] Pisani O, Liebert D, Bosch D D, et al. Element losses from fields in conventional and conservation tillage in the Atlantic Coastal Plain, Georgia, United States[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2020, **75**(3): 376-386.
- [45] Mohamed B, Mounia K, Aziz A, et al. Sewage sludge used as organic manure in Moroccan sunflower culture: effects on certain soil properties, growth and yield components[J]. Science of the Total Environment, 2018, **627**: 681-688.
- [46] 吕贻忠,李保国. 土壤学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2006.
Lü Y Z, Li B G. Soil science[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2006.
- [47] Fang D X, Zhao G, Xu X Y, et al. Microbial community structures and functions of wastewater treatment systems in plateau and cold regions[J]. Bioresource Technology, 2018, **249**: 684-693.
- [48] 马静,卢永强,张琦,等. 黄土高原采煤沉陷对土壤微生物群落的影响[J]. 土壤学报, 2020, doi: 10.11766/trxb202003160122.
Ma J, Lu Y Q, Zhang Q, et al. Effects of coal mining subsidence on soil microbial community in the Loess Plateau[J]. Acta Pedologica Sinica, 2020, doi: 10.11766/trxb202003160122.
- [49] Wasilah S, Fahmyddin T. The advancement of the built environment research through employment of structural equation modeling (SEM) [J]. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science, 2018, **126**, doi: 10.1088/1755-1315/126/1/012001.
- [50] Van Zwieten L, Kimber S, Morris S, et al. Effects of biochar from slow pyrolysis of papermill waste on agronomic performance and soil fertility[J]. Plant and Soil, 2010, **327**(1-2): 235-246.
- [51] 周志红,李心清,邢英,等. 生物炭对土壤氮素淋失的抑制作用[J]. 地球与环境, 2011, **39**(2): 278-284.
- [52] Lehmann J, Kleber M. The contentious nature of soil organic matter[J]. Nature, 2015, **528**(7580): 60-68.
- [53] Fan X X, Chang W, Sui X, et al. Changes in rhizobacterial community mediating atrazine dissipation by arbuscular mycorrhiza [J]. Chemosphere, 2020, **256**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2020.127046.
- [54] Lopes L D, Fernandes M F. Changes in microbial community structure and physiological profile in a kaolinitic tropical soil under different conservation agricultural practices [J]. Applied Soil Ecology, 2020, **152**, doi: 10.1016/j.apsoil.2020.103545.
- [55] Sarfraz R, Yang W H, Wang S S, et al. Short term effects of biochar with different particle sizes on phosphorous availability and microbial communities[J]. Chemosphere, 2020, **256**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2020.126862.
- [56] Warnock D D, Lehmann J, Kuyper T W, et al. Mycorrhizal responses to biochar in soil-concepts and mechanisms[J]. Plant and Soil, 2007, **300**(1-2): 9-20.
- [57] Zhu X M, Chen B L, Zhu L Z, et al. Effects and mechanisms of biochar-microbe interactions in soil improvement and pollution remediation: a review[J]. Environmental Pollution, 2017, **227**: 98-115.
- [58] Kolton M, Graber E R, Tsehansky L, et al. Biochar-stimulated plant performance is strongly linked to microbial diversity and metabolic potential in the rhizosphere [J]. New Phytologist, 2017, **213**(3): 1393-1404.
- [59] Nuccio E E, Hodge A, Peti-Ridge J, et al. An arbuscular mycorrhizal fungus significantly modifies the soil bacterial community and nitrogen cycling during litter decomposition[J]. Environmental Microbiology, 2013, **15**(6): 1870-1881.
- [60] Jacoby R, Peukert M, Succurro A, et al. The role of soil microorganisms in plant mineral nutrition-current knowledge and future directions[J]. Frontiers in Plant Science, 2017, **8**, doi: 10.3389/fpls.2017.01617.
- [61] 崔丙健,崔二苹,胡超,等. 生物质炭施用对再生水灌溉空心菜根际微生物群落结构及多样性的影响[J]. 环境科学, 2020, **41**(12), doi: 10.13227/j.hjxx.202006087.
Cui B J, Cui E P, Hu C, et al. Effects of selected biochars application on the microbial community structures and diversities in rhizosphere of water Spinach (*Ipomoea aquatica* Forssk.) irrigated with reclaimed water [J]. Environmental Science, 2020, **41**(12), doi: 10.13227/j.hjxx.202006087.
- [62] Gu Y A, Hou Y G, Huang D P, et al. Application of biochar reduces *Ralstonia solanacearum* infection via effects on pathogen chemotaxis, swarming motility, and root exudate adsorption[J]. Plant and Soil, 2017, **415**(1-2): 269-281.
- [63] De Vries F T, Griffiths R I, Bailey M, et al. Soil bacterial networks are less stable under drought than fungal networks[J]. Nature Communications, 2018, **9**, doi: 10.1038/s41467-018-05516-7.

CONTENTS

Contributors to Air Pollutant Emission Changes in Autumn and Winter in Beijing-Tianjin-Hebei and Surrounding Areas	TANG Qian, ZHENG Bo, XUE Wen-bo, <i>et al.</i> (1591)
Characteristics and Meteorological Factors of Complex Nonattainment Pollution of Atmospheric Photochemical Oxidant (O_x) and $PM_{2.5}$ in the Pearl River Delta Region, China	YAN Feng-hua, CHEN Wei-hua, CHANG Ming, <i>et al.</i> (1600)
Source Apportionment of Ozone Pollution in Guangzhou; Case Study with the Application of Lagrangian Photochemical Trajectory Model	PEI Cheng-lei, MU Jiang-shan, ZHANG Ying-nan, <i>et al.</i> (1615)
Chemical Composition and Source Analysis of $PM_{2.5}$ in Yuncheng, Shanxi Province in Autumn and Winter	ZHAO Qing, LI Xing-ru, WANG Guo-xuan, <i>et al.</i> (1626)
Temporal Trend of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Atmosphere Within 24 Hours After Snowfall	FAN Hui-ze, ZHU Fu-jie, HU Peng-tuan, <i>et al.</i> (1636)
Determination Method and Characteristics of Particle Size Multiplier of $PM_{2.5}$ in Road Dust	LI Dong, CHEN Jian-hua, ZHANG Yue-fan, <i>et al.</i> (1642)
Source Profiles and Impact of VOCs Based on Production Processes in Foundry Industries	GAO Shuang, LI Shi-bei, BO Xin, <i>et al.</i> (1649)
Emission Characteristics and Toxicity Effects of Halogenated Polycyclic Aromatic Hydrocarbons from Coal-Fired and Waste Incineration Power Plants	NI Xiu-feng, WANG Ru-wei, CAI Fei-xuan, <i>et al.</i> (1660)
Concentration and Particle Size Distribution Characteristics of Microbial Aerosol and Bacterial Community Structure During Spring in Lanzhou City, China	ZHAO Wei, LI Jie, XIE Hui-na, <i>et al.</i> (1668)
Optimization Method and Case Study of Air Pollution Emission Spatial Pattern	LI Min-hui, LIAO Cheng-hao, CHANG Shu-cheng, <i>et al.</i> (1679)
Influence of $PM_{2.5}$ Pollution on Health Burden and Economic Loss in China	LI Yong, LIAO Qin, ZHAO Xiu-ge, <i>et al.</i> (1688)
Identify the Nitrate Sources in Different Land Use Areas Based on Multiple Isotopes	JIN Zan-fang, HU Jing, WU Ai-jing, <i>et al.</i> (1696)
Hydrochemical Characteristic and Their Controlling Factors in the Yarkant River Basin of Xinjiang	ZHANG Jie, ZHOU Jin-long, ZENG Yan-yan, <i>et al.</i> (1706)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in the Water of Lijiang River Basin	HUANG Hong-wei, XIAO He, WANG Dun-qiu, <i>et al.</i> (1714)
Changes in Concentrations and Pollution Levels of Trace Elements of Floodplain Sediments of Poyang Lake Basin in Recent Twenty Years	LI Kuo, YANG Ke, PENG Min, <i>et al.</i> (1724)
Hydrochemical and Isotopic Characteristics in the Shallow Groundwater of the Fenhe River Basin and Indicative Significance	LIU Xin, XIANG Wei, SI Bing-cheng (1739)
Major Ionic Characteristics and Factors of Karst Groundwater at Huixian Karst Wetland, China	LI Jun, ZOU Sheng-zhang, ZHAO Yi, <i>et al.</i> (1750)
Hydrochemistry Characteristics and Estimation of the Dissolved Inorganic Carbon Flux in the Caohai Lake Wetland Catchment of Guizhou Province	CAO Xing-xing, WU Pan, YANG Shi-di, <i>et al.</i> (1761)
Concentration Levels and Potential Ecological Risks of Current Use Pesticides in the Surface Seawater of Typical Liaoning Sea Areas	DU Jing, HU Chao-kui, XIE Huai-jun, <i>et al.</i> (1772)
Levels, Characteristics, and Potential Source of Micro(meso)plastic Pollution of Soil in Liaohe River Basin	HAN Li-hua, XU Li, LI Qiao-ling, <i>et al.</i> (1781)
PAHs Pollution Characteristics and Source Analysis of Typical Lake and Reservoir Sediments in Jin-Ji-Liao Area	WU Peng, LU Yi-ren, LI Hui, <i>et al.</i> (1791)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Organophosphate Esters in Rivers and Water Body Around Taihu Lake	ZHANG Wen-ping, ZHANG Zhen-fei, GUO Chang-sheng, <i>et al.</i> (1801)
Spatiotemporal Distributions and Ecological Risk Assessments of Typical Antibiotics in Surface Water of Taihu Lake	DING Jian-nan, LIU Shu-jiao, ZOU Jie-ming, <i>et al.</i> (1811)
Characteristics of Volatile Organic Compounds Pollution and Risk Assessment of Nansi Lake in Huaihe River Basin	CHENG Yun-xuan, GAO Qiu-sheng, LI Jie, <i>et al.</i> (1820)
Distribution, Source, and Ecological Risk Evaluation of the PAHs and PCBs in the Sediments from Sanya River	ZHAN Yong, WEI Ting-ting, YE Hui-bin, <i>et al.</i> (1830)
Spatiotemporal Change and Source Apportionment of Non-point Source Nitrogen and Phosphorus Pollution Loads in the Three Gorges Reservoir Area	LI Ming-long, JIA Meng-dan, SUN Tian-cheng, <i>et al.</i> (1839)
Effect of the Combined Use of Denitrifying Bacteria, Calcium Nitrate, and Zirconium-Modified Zeolite on the Mobilization of Nitrogen and Phosphorus in Sediments and Evaluation of Its Nitrate-Nitrogen Releasing Risk	XIN Hui-min, LIN Jian-wei, ZHAN Yan-hui (1847)
Combined Remediation of Eutrophic Water by Phoslock® and Aerobic Denitrifying Bacteria	LI Bing-tang, ZHOU Zhi-qin, Ravi Naidu, <i>et al.</i> (1861)
Biodegradation of Algae-derived Organic Matter (I-DOM) from Lake Taihu	ZHANG Qiao-ying, SUN Wei, DU Ying-xun, <i>et al.</i> (1870)
Structure Characteristics and Driving Variables of Epilithic Algae Community in Lhasa River Basin of Qinghai-Tibet Plateau	WEI Jun-wei, LI Hong-ran, WANG Xing-zhong, <i>et al.</i> (1879)
Spectral Characteristics and Sources of Dissolved Organic Matter from Landscape River During Flood Season in Suzhou Based on EEMs and UV-vis	HE Jie, ZHU Xue-hui, WEI Bin, <i>et al.</i> (1889)
Adsorption and Desorption Behaviors of Antibiotics on TWP and PVC Particles Before and After Aging	FAN Xiu-lei, ZOU Ye-feng, LIU Jia-qiang, <i>et al.</i> (1901)
Synthesis of Magnetic Iron Modifying Biochar for Ammonia Nitrogen Removal from Water	WANG Fang-jun, SANG Qian-qian, DENG Ying, <i>et al.</i> (1913)
Seasonal Effects of Influent Ammonia Oxidizing Bacteria of Municipal Wastewater Treatment Plants on Activated Sludge System	YU Li-fang, WANG Yu, HUA Si-si, <i>et al.</i> (1923)
Analysis of Performance and Microbial Diversity of ANAMMOX Sludge Based on Particle Size Differentiation	WANG Xiao-tong, YANG Hong (1930)
Effects of Chlorine Dioxide Disinfection on the Profile of the Super Antibiotic Resistance Genes in a Wastewater Treatment Plant	CHENG Chun-yan, LI Hai-bei, LIANG Yong-bing, <i>et al.</i> (1939)
Effects of PES and 2,4-DCP on the Extracellular Polymeric Substances and Microbial Community of Anaerobic Granular Sludge	LIN Xu-meng, SU Cheng-yuan, WU Shu-min, <i>et al.</i> (1946)
Characteristics of Sludge and Associated Risk Assessment of Urban Sewage Treatment Plants	LI Juan, LI Jin-xiang, YANG Yan-yan (1956)
Effects of Climate Warming on the Key Process and Index of Black Soil Carbon and Nitrogen Cycle During Freezing Period	WANG Zi-long, LIU Chuan-xing, JIANG Qiu-xiang, <i>et al.</i> (1967)
Effects of Combined Application of Biogas Slurry and Straw on the Migration and Fractions of Soil Heavy Metals in Rice-wheat Rotation System in Coastal Reclamation Areas	WANG Wei, ZHOU Jun-nan, TANG Yi-fan, <i>et al.</i> (1979)
Geochemical Survey Method of Land Quality in Land Parcel Scale City: A Case Study of the Initial Area of the Xiong'an New District	ZHOU Ya-long, GUO Zhi-juan, LIU Fei, <i>et al.</i> (1989)
Potential Ecological Risk Assessment and Source Analysis of Heavy Metals in Soil-crop System in Xiong'an New District	ZHOU Ya-long, YANG Zhi-bin, WANG Qiao-lin, <i>et al.</i> (2003)
Cadmium Accumulation Characteristics and Impacting Factors of Different Rice Varieties Under Paddy Soils with High Geological Backgrounds	DAI Zi-wen, FANG Cheng, SUN Bin, <i>et al.</i> (2016)
Effects of Different Exogenous Selenium Species Application on Growth and Cadmium Uptake of Pak Choi in Cadmium Contaminated Soil	LIU Yang, QI Ming-xing, WANG Min, <i>et al.</i> (2024)
Influencing Factors of Cadmium Bioaccumulation Factor in Crops	CHEN Jie, WANG Juan, WANG Yi-wen, <i>et al.</i> (2031)
Effects of Different Exogenous Plant Hormones on the Antioxidant System and Cd Absorption and Accumulation of Rice Seedlings Under Cd Stress	ZHANG Sheng-nan, HUANG Yi-zong, LI Yan, <i>et al.</i> (2040)
Effects of Different Organic Materials on Absorption and Translocation of Arsenic and Cadmium in Rice	LI Kai-ye, ZHAO Ting-ting, CHEN Jia, <i>et al.</i> (2047)
Soil Fungal Community Structure and Functional Diversity in a Copper Tailing Dam and Its Surrounding Areas	CHEN Jian-wen, ZHANG Hong, LI Jun-jian, <i>et al.</i> (2056)
Potential of Arbuscular Mycorrhizal Fungi, Biochar, and Combined Amendment on Sandy Soil Improvement Driven by Microbial Community	ZHANG Zhe-chao, YANG Jiu-yang, HAO Bai-hui, <i>et al.</i> (2066)
Animal Manure Fertilization Promotes Antibiotic Resistance Gene Dissemination Among Manure, Soil, and Vegetables	ZHANG Hong-na, DONG Meng-jie, ZHOU Yu-fa, <i>et al.</i> (2080)
Establishment and Application of Performance Evaluation and Obstacle Diagnosis Model for Regional Water Ecological Civilization Construction	WAN Bing-tong, BAO Xue-ying, ZHAO Jian-chang, <i>et al.</i> (2089)