

目次

“大气十条”实施期间南京市PM_{2.5}化学组成与来源的演变特征 陈培林, 郭蓉, 王勤耕 (1)

河南省北部区域霾污染过程中城市和农村点位PM_{2.5}组分差异 王申博, 王玲玲, 范相阁, 王楠, 马双良, 张瑞芹 (11)

廊坊市秋冬季大气细颗粒物污染特征及来源解析 朱淑贞, 佟洁, 鲍丰, 孙浩 (20)

天津市采暖季不同气团来向PM_{2.5}中重金属污染特征及健康风险评价 李立伟, 邓小文, 肖致美, 元洁, 杨宁, 郭小龙, 白宇 (30)

基于多属性决策方法的太原市冬季街道尘土中潜在有害元素关键来源解析 邓文博, 刘文娟 (38)

北京市PM_{2.5}-O₃复合污染数值响应解析 刘添强 (48)

长三角区域人为源活性挥发性有机物高分辨率排放清单 田俊杰, 丁祥, 安静宇, 李旻, 王鑫, 黄成 (58)

南京北郊工业乡村混合区秋季边界层VOCs垂直分布特征 王泰, 朱彬, 施双双, 安俊琳, 唐贵谦, 徐家平 (66)

广西柳城县VOCs组分特征、来源及其对臭氧生成的敏感性 吴影, 莫招育, 吴琴琴, 陆嘉晖, 毛敬英, 陈雪梅, 粟少丽, 覃纹, 刘慧琳, 韦敏 (75)

城市臭氧污染特征与高影响气象因子:以苏州为例 何琰, 林惠娟, 曹舒娅, 宋璟璐, 孙伟, 熊宇 (85)

华北平原周县人为源氨排放清单及分布特征 康嘉慧, 孟凡磊, 刘学军, 许稳 (94)

WRF模式最优参数化方案在不同空气质量模式的应用 杨景朝, 蒋兴文, 伯鑫, 王刚, 冯勇 (104)

西安市春季生物气溶胶的分布特征和健康影响 魏军强, 杨柳, 沈振兴, 王秀茹 (118)

青岛近海不同天气下生物气溶胶中细菌浓度及存活率分布特征 魏文淑, 祁建华, 常成 (127)

中国沉积物多环芳烃的时空分布及驱动因子 黄柱良, 蔡家伟, 王儒威 (138)

长江口近岸地区抗生素抗性基因与微生物群落分布特征 徐秋鸿, 刘曙光, 娄厦, Larisa Dorzhieva Radnaeva, Elena Nikitina, Makhinov Aleksei Nikolavich, Araruna José Tavares, 金宇辰, 李鑫 (158)

人类活动影响下的高原湿地四环素类抗生素抗性基因赋存与微生物群落共线性 秦荣, 喻庆国, 刘振亚, 王行 (169)

我国东南地区饮用水源地多种农药的赋存特征及健康风险评估 何姝, 董慧峰, 任南琪 (180)

珠海市中部主要供水水库沉积物重金属时空分布与风险评价 王思瑞, 张坤锋, 昌盛, 张茉莉, 付青 (189)

苏州水网地区河道底泥的重金属分布特征与污染风险 郑敏慧, 白冬锐, 张涛, 陈坦, 王洪涛, 杨婷, 张冰, 金军 (198)

长三角典型城郊流域生物可降解性有机质的分布及影响因素 吴文雨, 马菁晨, 杨磊, 李敏, 唐剑锋 (210)

过水性湖泊水质长期演变趋势及驱动因素:以骆马湖为例 黄雪滢, 高鸣远, 王金东, 王明明, 陈思恩, 龚志军, 王腊春, 蔡永久 (219)

渭河微塑料污染现状与风险评价 山泽萱, 张妍, 张成前, 时鹏, 张鑫 (231)

不同颜色聚碳酸酯塑料对附着藻类生长和群落结构的影响 王梦雪, 尹思成, 王振方, 陈锦贤, 张玮, 王丽卿 (243)

苦草叶表附和浮游细菌群落多样性格局及其影响因素 张梅婷, 刘晋仙, 苏嘉贺, 柴宝峰 (252)

基于16S rRNA测序技术的青藏高原河流细菌群落多样性 璩伟卿, 张博美, 黄雪, 任泽, 高红凯 (262)

基于eDNA的硅藻群落时空异质性及生态健康评价 姜山, 张颜, 李飞龙, 张效伟 (272)

三峡库区澎溪河河段间水华程度差异及其机制 罗晓佼, 张妍, 黄伟, 胡鹏飞, 谭炳圆, 张磊 (282)

自然降雨下蔬菜土壤侵蚀及氮素流失特征 宁嘉丽, 黄艳芬, 李桂芳, 陈钊柱, 王坚桦 (293)

绿色、蓝色和蓝-绿屋顶径流水质特征 章孙逊, 张守红, 闫婧, 王恺, 杨航, 王任重, 张文龙, 李华林 (303)

基于地理探测器的山西省2000~2020年NPP时空变化特征及驱动力分析 邵嘉豪, 李晶, 闫星光, 马天跃, 张瑞 (312)

2000~2020年西南地区植被NDVI时空变化及驱动机制探究 徐勇, 戴强玉, 黄雯婷, 盘钰春, 郑志威, 郭振东 (323)

青海湖周边地区表层土壤重金属含量和抗性基因丰度及相关性 胡石磊, 瞿剑里, 章丽, 赵美蓉 (336)

四川盆地典型农耕地土壤重金属含量、污染及其影响因素 刘属灵, 吴梅, 刘志远, 刘双燕, 刘永林, 赵家宇, 刘怡 (347)

宁夏引黄灌区农田土壤重金属生态风险评价及来源解析 陈林, 马琨, 马建军, 王金保, 李虹, 贾彪, 倪细炉, 马进福, 梁翔宇 (356)

铜冶炼场周边土壤重金属污染特征与风险评价 彭驰, 刘旭, 周子若, 姜智超, 郭朝晖, 肖细元 (367)

西南地区典型土壤酸化特征及其与重金属形态活性的耦合关系 凌云, 刘汉燧, 张小婷, 魏世强 (376)

外源Cd在不同类型土壤中的稳定化特征 王港, 余海英, 黄化刚, 张路, 左洪菊 (387)

基于有效硒的富硒土壤阈值及有效硒的影响因素 王莹, 马彦斌, 王泽晶 (395)

基于成土母质分区的土壤-作物系统重金属累积特征与健康风险评价 陈子万, 许晶, 侯召雷, 彭敏, 杨帆, 陈杰, 徐永强, 杨树云, 李家云, 于林松 (405)

贵州省旱地土壤和玉米As含量特征及其种植安全性评估 黄凤艳, 周浪, 宋波, 虎瑞, 吴勇, 王佛鹏, 张云霞 (415)

象草与苦楝/构树间作修复矿区重金属污染土壤潜力 王小慧, 肖细元, 郭朝晖, 彭驰, 王小燕 (426)

1株高耐性肠杆菌的筛选及对镉、砷同步钝化 尹雪斐, 刘玉玲, 伍德, 黄蔚铭, 张朴心, 铁柏清 (436)

黄土陵区人工刺槐林土壤有机碳矿化特征及其与有机碳组分的关系 朱玉帆, 刘伟超, 李佳欣, 苏玉博, 简俊楠, 杨改河, 任成杰, 冯永忠, 任广鑫, 王晓娇, 韩新辉 (444)

设施农业土壤磷素累积迁移转化及影响因素 方兵, 陈林, 王阳, 祝亚飞, 王瑞, 宋桂芳, 刘俊, 杨斌, 张世文 (452)

优化秸秆管理提高玉米农田碳氮效率与经济效益 王良, 钱欣, 高英波, 张慧, 刘开昌, 陈国庆, 李宗新 (463)

缓控释肥深施对黏性土壤麦田氮素去向的影响 侯朋福, 薛利祥, 袁文胜, 曹帅, 刘颖多, 薛利红, 杨林章 (473)

黄河下游冲积平原轮作休耕农田土壤真菌群落结构与功能 南镇武, 刘柱, 孟维伟, 代红翠, 徐杰, 王娜, 刘灵艳, 王旭清, 刘开昌 (482)

红壤区退化林地表土真菌群落结构对土壤改良措施的响应 管鸿智, 黄荣珍, 王金平, 朱丽琴, 邹显花, 姬绍晖, 林丽靖, 房焕英, 杨梦佳, 廖迎春 (494)

半干旱-亚湿润干旱沙区樟子松根内真菌群落结构和功能时空动态特征 赵珮杉, 郭米山, 高广磊, 丁国栋, 张英, 任悦 (502)

基于QMEC分析的青藏高原不同类型冰川前缘地土壤微生物功能潜力 张洁洁, Anders Priemé, 陈显轲, 周汉昌, 张沁唯, 庄绪亮, 秦翔, 庄国强, 马安周 (512)

中国主粮作物生物炭产量效应的Meta分析 于滨杭, 姬建梅, 王丽学, 刘静, 高欢, 刘丹 (520)

生物炭影响抗生素在土壤中环境行为的Meta分析 李经涵, 张建强, 夏丽琼, 郑世界, 杨红薇, 何杨 (531)

不同农作物秸秆原料制备生物炭特性及重金属浸出行为 李家康, 邱春生, 赵佳奇, 王晨晨, 刘楠楠, 王栋, 王少坡, 孙力平 (540)

中国县城碳排放时空演变与异质性 宋苑震, 曾坚, 王森, 梁晨 (549)

近20年重庆市主城区碳排放的时空动态演进及其重心迁移 向书江, 杨春梅, 谢雨琦, 王丹, 王子芳, 高明 (560)

中国1991~2018年突发环境事件时空特征及影响因素 余光辉, 王非凡, 刘贤赵, 李文慧, 向云波 (572)

季铵盐抗菌剂在环境中的迁移转化行为及其毒性效应 张利兰, 覃存立, 钱瑶, 易美玲 (583)

《环境科学》征订启事(29) 《环境科学》征稿简则(57) 信息(443, 481, 530)

红壤区退化林地表土真菌群落结构对土壤改良措施响应

管鸿智, 黄荣珍*, 王金平, 朱丽琴, 邹显花, 姬绍晖, 林丽靖, 房焕英, 杨梦佳, 廖迎春
(南昌工程学院江西省退化生态系统修复与流域生态水文重点实验室, 南昌 330099)

摘要: 真菌群落结构和多样性对于土壤改良效果具有高敏感性. 研究南方红壤区侵蚀退化林表土真菌群落对有机肥、生物炭和石灰+微生物肥的响应,以明晰不同改土措施的作用. 结果表明:①3种土壤改良措施均降低了表土真菌丰富度,其中石灰+微生物肥降低作用最大,3种土壤改良措施对表土真菌多样性也有影响,但影响不显著;②表土中优势真菌门为子囊菌门(Ascomycota, 31.29%~46.55%)、担子菌门(Basidiomycota, 30.07%~70.71%),优势真菌属为阿太菌属(*Amphinema*)和单形古根菌属(*Archaeorhizomyces*),3种土壤改良措施对表土真菌群落结构的影响不同,有机肥提高了子囊菌门和单形古根菌属的相对丰度,生物炭提高了担子菌门和阿太菌属的相对丰度,而石灰+微生物肥则提高了担子菌门和单形古根菌属的相对丰度;③土壤pH是影响表土真菌丰富度的关键因子,而表土真菌群落结构则受pH、全氮和有机碳的影响. 研究结果为南方红壤区侵蚀退化林地土壤改良,林下植被生态恢复提供科学指导.

关键词: 红壤区; 侵蚀林地; 表土; 真菌群落; 土壤改良措施

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)01-0494-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.202203302

Response of Topsoil Fungal Community Structure to Soil Improvement Measures in Degraded Forest of Red Soil Region

GUAN Hong-zhi, HUANG Rong-zhen*, WANG Jin-ping, ZHU Li-qin, ZOU Xian-hua, JI Shao-hui, LIN Li-jing, FANG Huan-ying, YANG Meng-jia, LIAO Ying-chun

(Jiangxi Key Laboratory for Restoration of Degraded Ecosystems & Watershed Ecohydrology, Nanchang Institute of Technology, Nanchang 330099, China)

Abstract: Soil fungal community structure and diversity are highly sensitive to variations in the external environment, as well as soil improvement measures. In order to clarify the effects of soil improvement measures on topsoil fertility or quality, a field experiment was conducted in eroded forest of a red soil region. Organic fertilizer, biochar, and lime + microbial fertilizer were added to the topsoil, respectively. After four years, the chemistry properties and nutrients in the topsoil were measured, and the diversity and composition of fungi were analyzed. The results showed that the additions of organic fertilizer, biochar, and lime + microbial fertilizer reduced fungal richness in topsoil, compared to that with no fertilizer addition (CK). Among them, lime + microbial fertilizer had the most negative effect on fungal richness. The three soil improvement measures also affected the diversity of topsoil fungi, but the impacts were not significant. The dominant fungal phyla in the topsoil were Ascomycota (31.29%-46.55%) and Basidiomycota (30.07%-70.71%), and the dominant fungal genera were *Amphinema* and *Archaeorhizomyces*. The effects of soil improvement measures on fungal community structure in the topsoil were different; organic fertilizer increased the relative abundance of *Ascomycetes* and *Archaeopteroides*, and biochar enhanced the relative abundance of *Basidiomycetes* and *Archaeopteroides*, whereas lime + microbial fertilizer improved the relative abundance of *Basidiomycetes* and *Archaeopteroides*. Fungal diversity and community structure in the topsoil were affected by edaphic factors, and fungal richness was regulated by pH value, whereas fungal community structure was influenced by pH, total nitrogen, and organic carbon. This study provides scientific guidance for soil improvement and ecological restoration below the canopy in eroded forests of red soil regions.

Key words: red soil region; eroded forest land; topsoil; fungal community; soil improvement measures

土壤微生物作为土壤中最活跃的部分,其群落对土壤改良措施极其敏感,为了应对环境变化,土壤微生物群落组成结构、活性和多样性均会有所改变,土壤物质和能量交换及循环等过程,也直接受土壤微生物新陈代谢的影响^[1],其活动还和土壤养分转化密切相关,维持土壤肥力的同时还能通过分解腐殖质来调节生态^[2]. 其中,土壤真菌通过分解土壤中的动植物残体,来平衡土壤能量流动和养分转化等土壤生态过程,在维持生态系统功能和生态系统健康方面发挥重要功能^[3]. 土壤环境的细微改变都将引起真菌群落结构和多样性的变化^[4]. 因此,真菌是评价土壤健康和状况的响应物种之一,其群落结构和多样性具有指示土壤肥力的作用.

土壤退化是一个全球性环境问题,人们对土壤改良进行了许多探索,关于土壤改良方面的措施如有机肥、生物炭和微生物肥等均有报道^[5-7]. 这些措施对土壤理化性质和酶活性等均有重要影响,相应的土壤真菌群落结构和多样性也发生显著变化. 施加有机肥可通过改善土壤状况,在一定程度上促进营养物质循环,缓解土壤养分不均衡现象,减少病害风险,并调节土壤真菌群落结构,提高土壤真菌群

收稿日期: 2022-03-28; 修订日期: 2022-04-29

基金项目: 国家自然科学基金项目(31660192); 江西省教育厅科学技术研究项目(GJJ161093); 江西省水利厅科技项目(KT201546)

作者简介: 管鸿智(1998~),男,硕士研究生,主要研究方向为土壤微生物和生态修复, E-mail: 976053876@qq.com

* 通信作者, E-mail: huangrz@nit.edu.cn

落丰富度^[8-10]. 生物炭施入土壤后可促进土壤真菌的大量繁殖, 提高土壤真菌的活性, 其丰富的孔隙结构也为土壤真菌提供了栖息环境^[11,12]. 微生物肥能够改善土壤质量, 具有使用安全方便、不污染环境、促进碳氮循环的独特优势^[13]. 微生物肥对土壤真菌多样性起到调节作用. 提高根围土中真菌群落的丰富度的同时, 还改变了真菌群落的结构^[14,15].

在我国南方红壤区, 分布着大面积的侵蚀退化林地, 这类林地土壤具有有机质含量低、酸性强、肥力低、黏重板结和保水保肥性能差等特点, 因而植被稀疏, 水土流失问题严重. 有机肥、生物炭和微生物肥等对退化林地土壤改良, 植被生态恢复具有较大潜力. 而真菌群落结构和多样性可以很好地表征土壤肥力. 但目前关于有机肥、生物炭和微生物肥对退化林地土壤真菌的影响研究较少, 其对真菌群落的不同调控作用尚需进一步明晰. 因此, 本研究采用 Illumina MiSeq 高通量测序技术揭示侵蚀退化林地土壤表层真菌群落结构对有机肥、生物炭和石灰 + 微生物肥料这 3 种土壤改良措施响应, 以期为南方红壤区侵蚀退化林地植被生态恢复提供科学指导及理论支撑.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

试验地位于江西省吉安市泰和县老虎山小流域, 土壤为第四纪红色黏土发育而成的红壤, 厚度一般为 3~40 cm; 试验地属中亚热带湿润季风气候, 多年平均雨量为 1 363 mm, 平均气温为 18.6℃, 海拔在 80~200 m 之间, 境内丘坡平缓, 坡度多在 5°左右.

1.2 试验设计与样品采集

2016 年 8 月, 于江西省吉安市泰和县(水土保持站)老虎山小流域内选取坡向(东北)和坡度一致、地表裸露的马尾松(*Pinus massoniana*)林地, 在其内随机布设 4 个 10 m × 10 m 样地, 设置对照(CK 处理): 不施加任何肥料; 施加生物炭(B 处理): 360 kg·hm⁻², 等高条带开沟 5~10 cm 并拌土回填, 生物炭购于宜春市丰城宁能生物质发电有限公司, 原料为水稻秸秆, 采用连续立式生物质化炉生产, 炭化温度为 450℃. 生物炭的基本性质为 pH 10.4, ω(有机碳) 467.0 g·kg⁻¹, ω(全氮) 5.90 g·kg⁻¹, ω(全磷) 1.50 g·kg⁻¹, ω(全钾) 29.50 g·kg⁻¹; 施加有机肥(A 处理): 360 kg·hm⁻², 等高条带开沟 5~10 cm 并拌土回填, 有机肥为当地的油菜枯饼, 该有机肥含 ω(有机质) 70.3%, ω(全氮) 5.01%, ω(五氧化二磷) 1.08%, ω(氧化钾) 1.82%; 施加石灰 + 微

生物肥(T 处理): 360 kg·hm⁻², 先施加石灰后再施加微生物肥, 等高条带开沟 5~10 cm 并拌土回填. 微生物肥料购买于江苏新天地生物肥料工程有限公司, 是南京农业大学植物营养与肥料系研制的专用微生物肥料-Bio 抗土传病高效生物肥, 每 g 肥料抗病菌种有效活菌数 ≥ 5, ω(有机质) ≥ 25%, ω(氮 + 磷 + 钾) ≥ 6% 这 4 种处理, 之后不再施肥, 每种处理设置 3 个重复.

于 2020 年 8 月采集土壤样品. 取样时在条带状开沟处, 随机选取多个点, 去除表面的马尾松针叶, 铲去土壤表面约 0~2 cm 的土壤苔藓结皮层, 取 2~5 cm 土层的土壤样品, 混合均匀后作为一个样品, 即每种处理获得 3 个重复样品, 封装用保温箱 4℃ 冷藏带回实验室. 采回土样分为两份, 分别用于土壤化学性质和土壤微生物测定, 用于测定土壤化学性质的土样, 在室内充分自然风干, 人工挑除石头、残根等杂物后, 过 2 mm 和 0.15 mm 的筛; 用于测定土壤真菌群落结构和多样性的土样, 过 0.15 mm 筛, 冻存于 -24℃ 冰箱, 用于土壤总 DNA 的提取.

1.3 土壤总 DNA 的提取、PCR 的扩增和 Illumina MiSeq 测序

土壤总 DNA 的提取采用 GENEray DNA 试剂盒, 并按照试剂盒规定步骤提取土壤总 DNA. 真菌 ITS 的 PCR 扩增: 选取特异性引物 ITS1F (CTTGG TCATTTAGAGGAAGTAA) 和 ITS2 (GCTGCGTTCCTC ATCGATGC) 对真菌 ITS 片段进行扩增. PCR 扩增条件为: 95℃ 预变性 10 min, 95℃ 变性 10 s, 60℃ 退火 34 s, 72℃ 延伸 30 s, 40 个循环, 72℃ 延伸 10 min, 降温至 10℃, 进行扩增. 使用 PAGE 纯化试剂盒 (GENEray, GK8020) 和 ABI 7500、ABI 7900 荧光定量 PCR 仪对 PCR 扩增产物进行纯化和定量, 首先用 Trimmomatic (V 0.33) 软件对原始序列进行过滤, 然后使用 cutadapt (V 1.9.1) 软件进行引物序列的识别和去除, 得到不包含引物序列的序列, 接着使用 FLASH (V 1.2.7) 软件, 对上述序列进行拼接, 得到高质量序列, 最后使用 UCHIME (V 4.2) 软件, 鉴定并去除嵌合体序列, 得到最终有效序列, 试验样品委托北京百迈客生物科技有限公司进行高通量测序, 使用平台为 Illumina HiSeq 2500.

1.4 土壤化学性质的测定

土壤化学性质测定方法均参考鲁如坤的土壤农业化学分析方法^[16], pH 采用电极法测定, 有机质含量采用重铬酸钾外加热法测定, 全氮含量采用凯氏定氮法测定, 全磷含量采用钼锑抗比色法测定, 全钾含量采用火焰光度法测定.

1.5 数据处理

使用 Usearch (V 7.1) 软件^[17] 进行数据处理; 使用 RDP classifier 软件进行物种比对注释; 使用 Mothur 软件在各分类水平上进行群落结构统计分析; 使用 Alpha 指数分析软件 QIIME2 计算; 可观测物种数、Chao1 指数、ACE 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数; 使用 SPSS (V 20.0) 对数据进行统计分析并构建样本聚类树用于计算样本间距离, 在 ($P < 0.05$) 水平上分析数据差异性; 使用 Origin 软件进行作图。

2 结果与分析

2.1 不同土壤改良措施对土壤化学性质的影响

土壤改良措施对土壤化学性质影响较大。和对照相比, 3 种改土措施均显著提高了表土 pH 和有

质含量 ($P < 0.05$), 但各改土措施间表土 pH 差异不大 (表 1)。而对于表土有机质含量, 则是施加有机肥显著高于另外两种肥料。3 种改土措施对碳氮比影响不同, 施加生物炭和石灰 + 微生物肥对表土碳氮比有一定降低作用, 但降低值并未达到显著水平, 而施加有机肥则显著提高了表土碳氮比 ($P < 0.05$)。3 种改土措施均提高了表土全氮含量且施加生物炭和石灰 + 微生物肥提高效果显著 ($P < 0.05$)。施加生物炭对表土全磷含量无影响, 但施加有机肥和石灰 + 微生物肥却对其有显著提高作用 ($P < 0.05$)。对于全钾, 施加有机肥降低了表土全钾含量, 其它改土措施均提高了表土全钾含量, 且相比于施加有机肥, 施加生物炭显著提高了表土全钾含量。

表 1 不同改土措施对土壤化学性质的影响¹⁾

Table 1 Effects of different soil improvement measures on soil chemical properties

土壤因子	对照	有机肥	生物炭	石灰 + 微生物肥
pH	3.97 ± 0.06b	4.13 ± 0.12a	4.23 ± 0.06a	4.23 ± 0.06a
ω (有机质)/g·kg ⁻¹	6.48 ± 1.07e	13.11 ± 1.06a	9.08 ± 0.26b	9.61 ± 1.40b
ω (全氮)/g·kg ⁻¹	0.74 ± 0.13b	0.81 ± 0.06b	1.29 ± 0.13a	1.22 ± 0.18a
ω (全磷)/g·kg ⁻¹	0.29 ± 0.02b	0.45 ± 0.08a	0.28 ± 0.06b	0.49 ± 0.08a
ω (全钾)/g·kg ⁻¹	5.80 ± 0.09ab	5.29 ± 0.93b	6.70 ± 0.28a	6.15 ± 0.40ab
碳氮比	5.06 ± 0.40b	9.39 ± 0.38a	4.12 ± 0.36b	4.64 ± 0.99b

1) 数值为平均值 ± 标准差, 同行不同小写字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$)

2.2 不同土壤改良措施土壤真菌群落分布情况

由表 2 可知, 在门分类水平上, 真菌门类群主要集中在子囊菌门 (Ascomycota, 31.29% ~ 46.55%) 和担子菌门 (Basidiomycota, 30.07% ~ 70.71%)。除施加有机肥外, 担子菌门在其它改土措施中均占绝对优势, 其中施加生物炭的相对丰度最高, 达到了 70.71%, 施加有机肥的相对丰度最低, 仅为

30.07%, 相较于对照, 施加有机肥担子菌门的相对丰度降低了 48.52%, 施加生物炭处理、石灰 + 微生物肥的相对丰度分别提高了 21.06% 和 4.45%, 施加有机肥子囊菌门的相对丰度提高了 35.20%, 施加生物炭和石灰 + 微生物肥的相对丰度分别降低了 53.76% 和 9.12%; 除施加有机肥外, 其它改土措施均降低了子囊菌门的相对丰度。

表 2 不同土壤改良措施土壤真菌群落在门水平上的分布情况¹⁾

Table 2 Distribution of soil fungal community at phylum level under different soil improvement measures

菌种	门水平上真菌相对丰度/%			
	对照	有机肥	生物炭	石灰 + 微生物肥
担子菌门 (Basidiomycota)	58.41 ± 15.90ab	30.07 ± 12.91b	70.71 ± 20.13a	61.01 ± 27.29ab
子囊菌门 (Ascomycota)	34.43 ± 17.15a	46.55 ± 3.88a	15.92 ± 5.80a	31.29 ± 25.93a
毛囊菌门 (Mucoromycota)	0.25 ± 0.18a	0.83 ± 0.29a	2.61 ± 3.57a	1.59 ± 0.79a
壶菌门 (Chytridiomycota)	0.57 ± 0.11a	2.28 ± 1.90a	1.16 ± 0.72a	0.42 ± 0.42a
隐真菌门 (Rozellomycota)	0.12 ± 0.05a	1.45 ± 0.92a	0.69 ± 0.97a	0.51 ± 0.35a
被孢霉门 (Mortierellomycota)	0.03 ± 0.05a	0.35 ± 0.15a	0.86 ± 0.96a	0.39 ± 0.45a
未分类门 (Unclassified)	6.19 ± 2.97a	18.47 ± 11.10a	8.04 ± 9.22a	4.78 ± 3.01a

1) 数值为平均值 ± 标准差, 同行不同小写字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$)

由表 3 可知, 在属分类水平上, 相对丰度居前两位的为阿太菌属 (*Amphinema*) 和单形古根菌属 (*Archaeorhizomyces*), 除施加有机肥外, 阿太菌属在其它改土措施中均占绝对优势, 其中施加生物炭的相对丰度最高, 达到了 37.39%, 施加有机肥的相对

丰度最低, 仅为 8.65%, 相较于对照, 施加有机肥和石灰 + 微生物肥阿太菌属的相对丰度分别降低了 67.34% 和 0.91%, 施加生物炭的相对丰度提高了 41.15%; 除施加生物炭外, 施加有机肥和石灰 + 微生物肥均提高了单形古根菌属的相对丰度, 分别提

表 3 不同改土措施土壤真菌群落在属水平上的分布情况¹⁾

Table 3 Distribution of soil fungal communities at genus level under different soil improvement measures

菌种	属水平上真菌相对丰度/%			
	对照	有机肥	生物炭	石灰 + 微生物肥
阿太菌属 (<i>Amphinema</i>)	26.49 ± 20.54a	8.65 ± 5.86a	37.39 ± 26.64a	26.25 ± 38.74a
单形古根菌属 (<i>Archaeorhizomyces</i>)	6.89 ± 7.78b	29.00 ± 16.87a	4.41 ± 2.21b	12.24 ± 6.39ab
镰刀菌属 (<i>Fusarium</i>)	0.49 ± 0.81a	0.06 ± 0.11a	0.05 ± 0.05a	10.49 ± 17.95a
枝孢瓶霉属 (<i>Cladophialophora</i>)	3.36 ± 1.99a	2.84 ± 1.94a	2.57 ± 0.63a	1.13 ± 0.64a
钛孢属 (<i>Tylospora</i>)	4.53 ± 2.23a	1.15 ± 0.87a	1.35 ± 1.07a	1.91 ± 2.16a
青霉菌 (<i>Penicillium</i>)	6.44 ± 7.99a	0.11 ± 0.10a	0.50 ± 0.21a	0.58 ± 0.43a
<i>Marquesius</i>	3.69 ± 4.59a	2.30 ± 3.76a	0.82 ± 0.48a	0.48 ± 0.44a
紫异珊瑚菌属 (<i>Alloclavaria</i>)	0.03 ± 0.02a	0.40 ± 0.53a	0.00 ± 0.00a	6.24 ± 10.69a
被孢霉属 (<i>Mortierella</i>)	0.14 ± 0.10a	0.91 ± 0.40a	3.42 ± 4.47a	1.95 ± 1.13a
硬皮马勃属 (<i>Scleroderma</i>)	0.00 ± 0.00a	0.34 ± 0.36a	5.65 ± 9.10a	0.12 ± 0.04a
其它属 (others)	11.07 ± 5.60a	11.37 ± 5.86a	8.07 ± 4.10a	5.55 ± 3.35a
未分类属 (Unclassified)	36.89 ± 3.17a	42.86 ± 1.06a	35.77 ± 18.67a	33.06 ± 32.95a

1) 数值为平均值 ± 标准差, 同行不同小写字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$)

高了 320.90% 和 77.65%。

2.3 不同土壤改良措施对土壤真菌多样性的影响

土壤微生物群落中各物种具有越大的均匀度和丰富度, 则认为群落具有越大的多样性, Shannon 指数、ACE 指数和 Chao1 指数越大, 则说明土壤微生物群落的物种多样性越大^[18]。由表 4 可知, 和对照相比, 施加有机肥和生物炭均降低了真菌群落的丰

度, 施加石灰 + 微生物肥显著降低了真菌群落丰富度, 且施加有机肥、生物炭和石灰 + 微生物肥这 3 种改土措施间真菌群落丰富度差异不显著, 施加生物炭真菌群落丰富度高于其它两种改土措施; 和对照相比, 施加有机肥提高了真菌群落多样性, 施加生物炭和石灰 + 微生物肥降低了真菌群落多样性, 且各改土措施间真菌群落多样性差异不显著。

表 4 不同土壤改良措施土壤真菌群落丰富度和多样性指数¹⁾

Table 4 Richness and diversity index of soil fungal community under different soil improvement measures

处理	丰富度指数		多样性指数	
	ACE	Chao1	Simpson	Shannon
对照	333.15 ± 63.93a	313.91 ± 52.01a	0.85 ± 0.05a	4.45 ± 0.25a
有机肥	221.18 ± 55.64ab	210.73 ± 72.47b	0.89 ± 0.06a	4.91 ± 0.90a
生物炭	275.56 ± 76.87ab	216.41 ± 41.46b	0.79 ± 0.19a	4.07 ± 1.40a
石灰 + 微生物肥	210.47 ± 26.91b	201.42 ± 15.96b	0.71 ± 0.19a	3.29 ± 1.08a

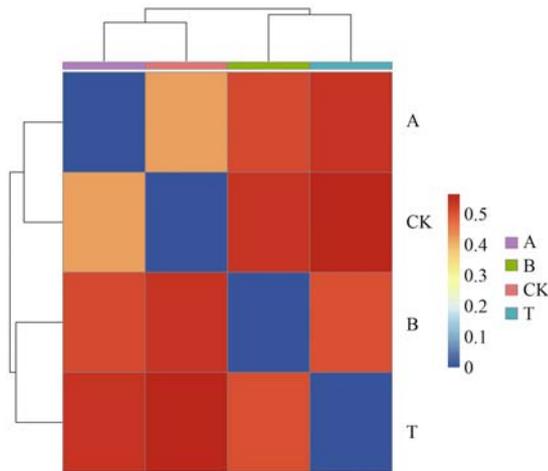
1) 数值为平均值 ± 标准差, 同列不同小写字母表示不同改土措施差异显著 ($P < 0.05$)

基于距离算法得到不同改土措施土样的距离矩阵热图 (图 1), 结合土壤样品门水平树状聚类可知, 施加有机肥和对照相比, 表土中真菌群落多样性有较低相似度; 施加生物炭、石灰 + 微生物肥和对照相比, 表土中真菌群落多样性有极高相似度。不同改土措施都增大了南方红壤区侵蚀退化林地表土真菌群落差异, 其中施加有机肥表土真菌群落发生了明显的改变。

2.4 土壤真菌群落特征和土壤化学性质的关系

RDA 分析主要是用来表明不同土壤改良措施土壤中真菌门和土壤化学性质之间的相互关系。如图 2 所示, 土壤化学性质共解释土壤优势真菌门群落结构变化的 32.31%, 第一轴和第二轴的解释量分

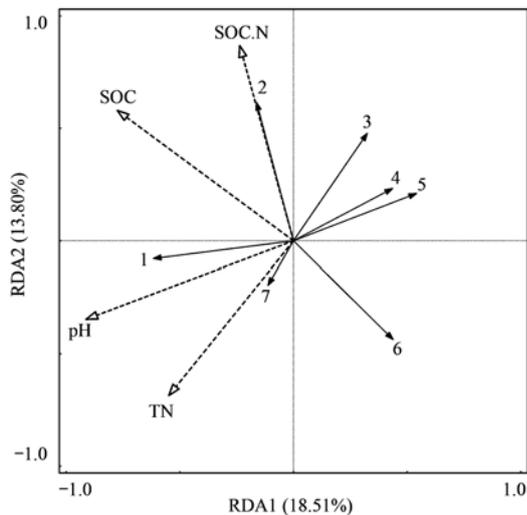
别为 18.51% 和 13.80%。分析可得, 隐真菌门 (*Rozellomycota*) 和表土碳氮比有较强的正相关性, 担子菌门和表土有机碳及碳氮比有较强的负相关性, 毛囊菌门 (*Mucoromycota*) 和表土全氮有较强的正相关性, 被孢霉门 (*Mortierellomycota*) 和表土 pH 有较强的正相关性, 子囊菌门、壶菌门 (*Chytridiomycota*) 和表土 pH 及全氮有较强的负相关性。如图 3 所示, 土壤真菌多样性和土壤化学性质之间相关性分析结果表明, 表土 pH 和真菌 Chao1 指数、总 OTU 值呈极显著负相关 ($P < 0.01$), 和 ACE 指数呈显著负相关 ($P < 0.05$), ACE 指数和全磷含量呈显著负相关 ($P < 0.05$), Simpson 指数和 Shannon 指数与各土壤环境因子相关关系不显著 ($P > 0.05$)。



CK 表示对照; A 表示施加有机肥;
B 表示施加生物炭; T 表示施加石灰 + 微生物肥

图 1 不同土壤改良措施土样的距离矩阵热图

Fig. 1 Distance matrix heat map of soil samples with different soil improvement measures



SOC 表示土壤有机碳, TN 表示全氮, SOC.N 表示土壤碳氮比, 1 表示被孢霉门 (Mortierellomycota), 2 表示隐真菌门 (Rozellomycota), 3 表示未分类门 (Unclassified), 4 表示壶菌门 (Chytridiomycota), 5 表示子囊菌门 (Ascomycota), 6 表示担子菌门 (Basidiomycota), 7 表示毛囊菌门 (Mucoromycota); 实线箭头表示在门分类水平上的真菌种群; 虚线箭头表示土壤环境因子

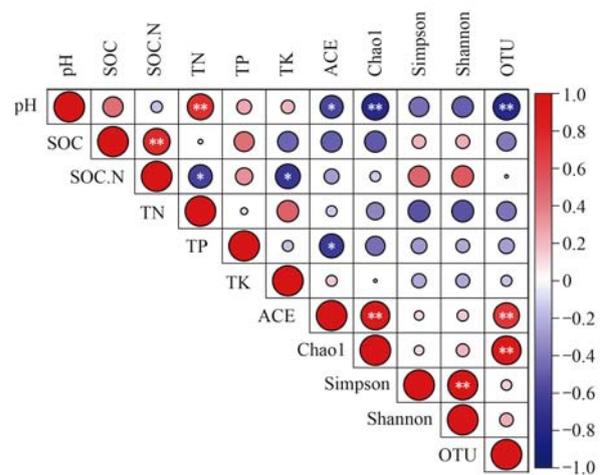
图 2 真菌门和土壤环境因子的冗余分析

Fig. 2 Redundancy analysis of fungi and soil environmental factors

3 讨论

3.1 不同土壤改良措施对土壤化学性质的影响

和对照相比, 3 种改土措施均显著提高了表土的 pH 且各改土措施间差异不大 ($P > 0.05$), 这可能是因为肥料中含有丰富的 $-\text{COO}-$ ($-\text{COOH}$) 和 $-\text{O}-$ ($-\text{OH}$) 等含氧官能团^[19], 施入土壤后, 可以提高土壤 pH. 3 种改土措施均显著提高了表土的有机质含量, 相较于施加生物炭和石灰 + 微生物肥, 施加有机肥的表土有机质分别提高了 44.38% 和



TK 表示全钾, TN 表示全氮, TP 表示全磷, SOC 表示土壤有机碳, SOC.N 表示土壤碳氮比; ** 和 * 分别表示 $P < 0.01$ 和 $P < 0.05$ 水平显著相关

图 3 土壤真菌多样性指标和土壤化学性质的相关性

Fig. 3 Correlation between soil fungal diversity index and soil chemical properties

36.42%, 刘学彤等^[20]认为长期定位施肥可提高土壤有机质含量, 改善土壤肥力, 和本研究结果一致, 这可能是因为适量肥料施加对土壤有机质存在累积作用, 张文学等^[21]基于全量数据集和最小数据集评价土壤肥力质量综合指数 (IFI_{TDS} 和 IFI_{MDS}), 结果显示施加有机肥能提高红壤稻田的土壤肥力指数. 施加生物炭和石灰 + 微生物肥显著提高了表土的全氮含量, 生物炭的施加在显著改变土壤碳循环的同时, 还可以提升土壤碳库储量^[22], 施加生物炭土壤全氮含量提高, 可能是因为生物炭含有的不稳定组分存在降解, 施入土壤后因矿化作用而释放出大量的 N 元素, 且长期施肥会显著影响红壤的养分状况和微生物生物量碳氮^[23]. 施加生物炭和石灰 + 微生物肥, 显著提高了表土的全磷含量, 这和袁访等^[24]的研究结果一致. 生物炭自身含有的磷, 一般以稳定形态存在, 施入后和土壤中活性磷库相互补充, 来维持土壤磷元素的平衡, 这是造成施加生物炭土壤全磷含量基本不变的原因^[25], 而石灰 + 微生物肥能增加土壤全磷的含量, 可能是因为石灰 + 微生物肥通过改变土壤的理化性质以及通过土壤生物和非生物过程, 来促进磷元素的累积和转化^[26].

3.2 不同土壤改良措施对土壤真菌多样性的影响

和对照相比, 3 种改土措施表土真菌群落 α 多样性总体上并不存在显著差异 ($P < 0.05$), 且只有施加有机肥才提高了表土的 Simpson 指数和 Shannon 指数, 即施加有机肥可提高表土真菌群落的 α 多样性, 这和 Pu 等^[27]关于有机肥均会增加土壤真菌群落多样性的结论一致, 施加有机肥的表土

Shannon 指数最高,说明检测到的真菌种类最多,表明在各改土措施中,施加有机肥最有利于形成丰富度高的表土真菌群落。苟卫兵等^[28]的研究发现,长期施用有机肥可以通过增加红壤微生物多样性提高土壤多功能性,进而提高土壤微生物群落稳定性和养分周转下效率,和本研究结果一致,施加有机肥提高了表土真菌群落多样性,微生物群落多样性的提高有利于微生物群落稳定性的提高。3 种改土措施均降低了表土的 ACE 指数和 Chao1 指数,即施加 3 种肥料均降低了表土真菌群落的丰富度,施加石灰 + 微生物肥的表土,其丰富度指数和多样性指数降幅最大,这和 Bai 等^[29]关于微生物肥料能显著降低苜蓿根区土壤真菌多样性和丰富度的结论一致。通过距离矩阵热图还可以发现,施加有机肥,相较于其它改土措施,更有利于土壤真菌差异化的形成,能够形成更加丰富多样的土壤真菌群落。

3.3 土壤真菌群落和环境因子间的相互关系

土壤微环境理化性质和土壤真菌群落间的协同演变过程是极其复杂的^[30],不同优势真菌门和环境因子间存在显著的相关关系。已有研究表明土壤的非生物性质(如 pH 等)是土壤真菌群落的主要调节因子^[31],而被孢霉门和毛囊菌门分泌的物质(如不饱和脂肪酸和草酸等)又会和土壤中的碳酸钙、铁离子和锰离子等发生反应,进而影响土壤 pH,这可能是造成被孢霉门、毛囊菌门和表土 pH 相关性较强的原因^[32]。退化侵蚀红壤养分较为贫瘠,土壤碳氮含量和质量会对土壤微生物群落产生直接影响,这可能是造成隐真菌门和表土有机碳含量及碳氮比,被孢霉门、毛囊菌门和表土全氮含量相关性较强的原因。pH 是影响土壤真菌群落的显著因素,且 pH 对土壤微生物群落产生的生理胁迫是具有选择性的,本研究表土 pH 和真菌丰富性指数呈显著负相关,这和代子雯等^[33]的研究结果相反,可能是因为土壤类型和立地植物不同造成的差异。

3.4 不同土壤改良措施对土壤中真菌组成的影响

由于外源肥料的施加,会对土壤生境和理化性质产生影响^[34],进而直接或间接地决定了土壤真菌的种类、数量和其分布规律^[35]。施加有机肥提高了子囊菌门的相对丰度,可能是因为有机肥增加了土壤中的有机质含量而导致的,降低了担子菌门的相对丰度,和罗俊等^[36]的试验结果一致,而施加生物炭和石灰 + 微生物肥却恰恰相反。本研究结果表明子囊菌门和担子菌门为表土真菌优势菌门,这和李媛媛等^[37]研究中国水仙根际土壤微生物群落组成的结论一致。子囊菌门主要为腐生菌,它通过分解土壤中的有机物质来增加土壤有机质含量,而担子菌

门主要是通过分解土壤中的木质素来提高其相对丰度^[38,39],而本研究所施加的生物炭原料为富含木质素水稻秸秆,这也正是在 3 种改土措施中,施加生物炭担子菌门相对丰度最高的原因。

4 结论

南方红壤区侵蚀退化林地地表土结构和肥力的提升是提高地表植被覆盖度,防治水土流失的关键。表土中真菌对土壤环境的改变具有高度敏感性,其群落结构和多样性能较好地预示土壤结构和肥力的提升。本研究发现有有机肥、生物炭和石灰 + 微生物肥均改变了表土真菌群落结构,但不同土壤改良措施对优势真菌门和属的影响有所不同。另外,3 种土壤改良措施对表土真菌丰富度有较大降低作用,但对多样性指数无显著影响。土壤改良措施对表土真菌群落结构和多样性的影响主要和土壤改良措施提高了表土 pH、全氮和有机碳有关。本研究对于高效利用土壤改良措施调节南方红壤区侵蚀退化林地地表土真菌群落结构以修复林下土壤生态环境,提供了实际背景意义和理论研究基础。

参考文献:

- [1] Shu X Y, He J, Zhou Z H, *et al.* Organic amendments enhance soil microbial diversity, microbial functionality and crop yields: a meta-analysis [J]. *Science of the Total Environment*, 2022, **829**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2022.154627.
- [2] Beber D P, Richards V R. A meta-analysis of the effect of organic and mineral fertilizers on soil microbial diversity [J]. *Applied Soil Ecology*, 2022, **175**, doi: 10.1016/J.APSOIL.2022.104450.
- [3] Bai H M, Liu Z Y, Huang N, *et al.* Soil fungi regulate the response of plant production-community composition relationship to grazing and mowing in a semi-arid steppe [J]. *Plant and Soil*, 2022, **473**(1-2): 573-589.
- [4] Gil-Martínez M, López-García Á, Domínguez M T, *et al.* Soil fungal diversity and functionality are driven by plant species used in phytoremediation [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, **153**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.108102.
- [5] 全宗永, 商丽荣, 万里强, 等. 有机肥还田对温带草甸草原土壤养分的影响 [J]. *家畜生态学报*, 2021, **42**(11): 66-71.
- [6] Tong Z Y, Shang L R, Wan L Q, *et al.* Effects of organic fertilizers returning to fields on soil nutrients in temperate meadow steppe [J]. *Acta Ecologiae Animalis Domastici*, 2021, **42**(11): 66-71.
- [7] 李瑞瑞, 党佩佩, 李琛. 生物炭农田利用领域的研究热点与趋势: 基于文献计量学的可视化分析 [J]. *科学技术与工程*, 2021, **21**(33): 14440-14450.
- [8] Li R R, Dang P P, Li C. Hotspots and emerging trends in the research area of agricultural application of biochar: visualization analysis based on bibliometrics [J]. *Science Technology and Engineering*, 2021, **21**(33): 14440-14450.
- [9] 任卓然, 邵新庆, 李金升, 等. 微生物菌肥对退化高寒草甸地上生物量和土壤理化性质的影响 [J]. *草地学报*, 2021, **29**(10): 2265-2273.

- Ren Z R, Shao X Q, Li J S, *et al.* Effects of microbial fertilizer on aboveground biomass and soil physicochemical properties of degraded alpine meadow [J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2021, **29** (10): 2265-2273.
- [8] 杨涵, 靳芙蓉, 关统伟, 等. 有机肥替代部分化肥对温室土壤肥力和真菌群落的短期影响[J]. *西北农业学报*, 2021, **30**(3): 422-430.
- Yang H, Jin F R, Guan T W, *et al.* Short-term effect of partial substitution of inorganic fertilizer with organic fertilizer on soil fertility and fungal communities in greenhouse [J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2021, **30** (3): 422-430.
- [9] 何冬冬, 魏欣琪, 林紫婷, 等. 不同有机肥对植烟红壤真菌群落结构及功能的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2020, **26**(11): 2081-2094.
- He D D, Wei X Q, Lin Z T, *et al.* Effects of different organic fertilizers on fungal community structure and functional groups in red soil with tobacco plantation [J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2020, **26**(11): 2081-2094.
- [10] 彭小武, 易鸳鸯, 丁丽, 等. 抗生素菌渣有机肥对大豆土壤真菌特性的影响研究[J]. *中国资源综合利用*, 2021, **39** (8): 51-60.
- Peng X W, Yi Y Y, Ding L, *et al.* Study on the effect of antibiotic residue organic fertilizer on the characteristics of soybean soil fungi [J]. *China Resources Comprehensive Utilization*, 2021, **39**(8): 51-60.
- [11] Siedt M, Schäffer A, Smith K E C, *et al.* Comparing straw, compost, and biochar regarding their suitability as agricultural soil amendments to affect soil structure, nutrient leaching, microbial communities, and the fate of pesticides[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **751**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.141607.
- [12] 郭晓雯, 陈静, 鲁晓宇, 等. 生物炭和秸秆还田对微咸水滴灌棉田土壤真菌群落结构多样性的影响[J]. *环境科学*, 2022, **43**(9): 4625-4635.
- Guo X W, Chen J, Lu X Y, *et al.* Effects of biochar and straw returning on soil fungal community structure diversity in cotton field with long-term brackish water irrigation[J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(9): 4625-4635.
- [13] 王兰梦, 郑立昊, 郎多勇, 等. 微生物肥料及其在中药生态农业中的前景分析[J]. *北方园艺*, 2022, (2): 141-147.
- Wang L M, Zheng L H, Lang D Y, *et al.* Microbial fertilizer and its prospect in traditional chinese medicine ecological agriculture [J]. *Northern Horticulture*, 2022, (2): 141-147.
- [14] 胡基华, 张烨, 张淑梅, 等. 微生物菌肥对寒地大豆根际土壤真菌多样性的影响[J]. *大豆科学*, 2021, **40**(6): 805-812.
- Hu J H, Zhang Y, Zhang S M, *et al.* Effects of microbial fertilizer on fungal diversity of soybean rhizosphere soil in cold region[J]. *Soybean Science*, 2021, **40**(6): 805-812.
- [15] 孙杨, 王璐, 赵璐, 等. 复合微生物菌肥对苹果再植病害调控及对根围土壤真菌群落结构的影响[J]. *植物病理学报*, 2022, **52**(2): 256-268.
- Sun Y, Wang L, Zhao L, *et al.* Effects of compound microbial fertilizer on apple replanted diseases and fungal community structure in rhizosphere soil[J]. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2022, **52**(2): 256-268.
- [16] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.
- [17] Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. *Nature Methods*, 2013, **10**(10): 996-998.
- [18] Xu C Y, Li Y L, Hu X, *et al.* The influence of organic and conventional cultivation patterns on physicochemical property, Enzyme activity and microbial community characteristics of paddy soil [J]. *Agriculture*, 2022, **12** (1), doi: 10.3390/agriculture12010121.
- [19] 袁金华, 徐仁扣. 生物质炭的性质及其对土壤环境功能影响的研究进展[J]. *生态环境学报*, 2011, **20**(4): 779-785.
- Yuan J H, Xu R K. Progress of the research on the properties of biochars and their influence on soil environmental functions[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2011, **20**(4): 779-785.
- [20] 刘学彤, 郑春莲, 曹薇, 等. 长期定位施肥对土壤有机质、不同形态氮含量及作物产量的影响[J]. *作物杂志*, 2021, (4): 130-135.
- Liu X T, Zheng C L, Cao W, *et al.* Effects of long-term located fertilization on soil organic matter, nitrogen forms and crop yields [J]. *Crops*, 2021, (4): 130-135.
- [21] 张文学, 王少先, 刘增兵, 等. 基于土壤肥力质量综合指数评价化肥与有机肥配施对红壤稻田肥力的提升作用[J]. *植物营养与肥料学报*, 2021, **27**(5): 777-790.
- Zhang W X, Wang S X, Liu Z B, *et al.* Evaluating soil fertility improvement effects of chemical fertilizer combined with organic fertilizers in a red paddy soil using the soil fertility index [J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2021, **27**(5): 777-790.
- [22] 江明华, 程建中, 李心清, 等. 生物炭对农田土壤 CO₂ 排放的影响研究进展[J]. *地球与环境*, 2021, **49**(6): 726-736.
- [23] 夏文建, 柳开楼, 张丽芳, 等. 长期施肥对红壤稻田土壤微生物生物量和酶活性的影响[J]. *土壤学报*, 2021, **58**(3): 628-637.
- Xia W J, Liu K L, Zhang L F, *et al.* Effect of long-term fertilization on soil microbial biomass and enzyme activities in reddish paddy soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2021, **58**(3): 628-637.
- [24] 袁访, 李开钰, 杨慧, 等. 生物炭施用对黄壤土壤养分及酶活性的影响[J]. *环境科学*, 2022, **43**(9): 4655-4661.
- Yuan F, Li K Y, Yang H, *et al.* Effects of biochar application on yellow soil nutrients and enzyme activities[J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(9): 4655-4661.
- [25] Li H X, Li Y X, Xu Y, *et al.* Biochar phosphorus fertilizer effects on soil phosphorus availability[J]. *Chemosphere*, 2020, **244**(C), doi: 10.1016/j.chemosphere.2019.125471.
- [26] 李慧敏, 王瑞, 施卫明, 等. 菜地土壤解磷微生物特征及其在磷形态转化调控中的作用[J]. *土壤*, 2020, **52**(4): 668-675.
- Li H M, Wang R, Shi W M, *et al.* Characteristics of soil phosphorus-solubilizing microorganisms and their role in regulation of phosphorus morphological transformation in vegetable fields[J]. *Soils*, 2020, **52**(4): 668-675.
- [27] Pu R F, Wang P P, Guo L P, *et al.* The remediation effects of microbial organic fertilizer on soil microorganisms after chloropicrin fumigation [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2022, **231**, doi: 10.1016/j.ecoenv.2022.113188.
- [28] 荀卫兵, 王伯仁, 冉炜, 等. 不同施肥制度对南方旱地红壤微生物组结构和功能影响研究进展[J]. *农业资源与环境学报*, 2021, **38**(4): 537-544.
- Xun W B, Wang B R, Ran W, *et al.* Research progress on the effect of different fertilizations on microbiome structure and function in upland red soil in southern China[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2021, **38**(4): 537-544.

- [29] Bai Y N, Feng P Y, Chen W F, *et al.* Effect of three microbial fertilizer carriers on water infiltration and evaporation, microbial community and alfalfa growth in saline-alkaline soil [J]. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, 2021, **52** (20): 2462-2470.
- [30] Wan P, He R R. Soil microbial community characteristics under different vegetation types at the national nature reserve of Xiaolongshan mountains, northwest China [J]. *Ecological Informatics*, 2020, **55**, doi: 10.1016/j.ecoinf.2019.101020.
- [31] Cáceres-Mago K, Cáceres A, Llambí L D, *et al.* Effects of nurse shrubs on symbioses between soil fungi and associated plants along a tropical alpine elevation gradient [J]. *Alpine Botany*, 2021, doi: 10.1007/S00035-021-00275-6.
- [32] 宁琪, 陈林, 李芳, 等. 被孢霉对土壤养分有效性和秸秆降解的影响[J]. *土壤学报*, 2022, **59**(1): 206-217.
Ning Q, Chen L, Li F, *et al.* Effects of *Mortierella* on nutrient availability and straw decomposition in soil [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2022, **59**(1): 206-217.
- [33] 代子雯, 方成, 车婷, 等. 次生富集型地质高背景土壤微生物群落结构多样性[J]. *生态学杂志*, 2022, **41**(8): 1493-1500.
Dai Z W, Fang C, Che T, *et al.* Diversity of soil microbial community structure in secondary enriched soil with high geological background [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2022, **41**(8): 1493-1500.
- [34] 沈芳芳, 张哲, 袁颖红, 等. 生物质炭配施有机肥对旱地红壤酶活性及其微生物群落组成的影响[J]. *中国农学通报*, 2021, **37**(18): 65-74.
Shen F F, Zhang Z, Yuan Y H, *et al.* Effects of biochar and organic manure combined application on soil enzyme activities and microbial community component in upland red soil [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2021, **37**(18): 65-74.
- [35] 姜鑫, 牛克昌. 青藏高原禾草混播对土壤微生物多样性的影响[J]. *植物生态学报*, 2021, **45**(5): 539-551.
Jiang X, Niu K C. Effects of grass mixed-sowing on soil microbial diversity on the Qingzang (Tibetan) Plateau [J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2021, **45**(5): 539-551.
- [36] 罗俊, 林兆里, 李诗燕, 等. 不同土壤改良措施对机械压实酸化蔗地土壤理化性质及微生物群落结构的影响[J]. *作物学报*, 2020, **46**(4): 596-613.
Luo J, Lin Z L, Li S Y, *et al.* Effects of different soil improvement measures on soil physicochemical properties and microbial community structures in mechanically compacted acidified sugarcane field [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2020, **46**(4): 596-613.
- [37] 李媛媛, 张琼, 陈小煌, 等. 基于高通量测序的中国水仙根际土壤微生物群落组成[J]. *福建农业学报*, 2021, **36**(8): 948-955.
Li Y Y, Zhang Q, Chen X H, *et al.* High-throughput sequencing on microbial community in rhizosphere soil of Chinese narcissus [J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2021, **36**(8): 948-955.
- [38] 陈海生, 刘守平, 梁国钱. 水旱轮作对滩涂绿花椰菜根际土壤真菌群落结构的影响[J]. *菌物学报*, 2021, **40**(9): 2254-2265.
Chen H S, Liu S P, Liang G Q. Effects of paddy rice-upland crop rotation on fungal community structure and diversity in the rhizosphere of *Brassica oleracea* var. *Italica* [J]. *Mycosystema*, 2021, **40**(9): 2254-2265.
- [39] He M Q, Zhao R L, Liu D M, *et al.* Species diversity of Basidiomycota [J]. *Fungal Diversity*, 2022, doi: 10.1007/S13225-021-00497-3.

CONTENTS

Evolution of PM _{2.5} Chemical Composition and Sources in Nanjing During the Implementation of the APPCAP	CHEN Pei-lin, GUO Rong, WANG Qin-geng (1)
Differences in PM _{2.5} Components Between Urban and Rural Sites During Heavy Haze Event in Northern Henan Province	WANG Shen-bo, WANG Ling-ling, FAN Xiang-ge, <i>et al.</i> (11)
Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric Fine Particles in Langfang in Autumn and Winter	ZHU Shu-zhen, TONG Jie, BAO Feng, <i>et al.</i> (20)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in PM _{2.5} of Different Air Masses During Heating Season in Tianjin	LI Li-wei, DENG Xiao-wen, XIAO Zhi-mei, <i>et al.</i> (30)
Analysis of Critical Source of Potentially Harmful Elements in Urban Road Dust During Winter in Taiyuan Based on Multiple Attribute Decision Making Method	DENG Wen-bo, LIU Wen-juan (38)
Numerical Response Analysis of PM _{2.5} -O ₃ Compound Pollution in Beijing	LIU Tian-qiang (48)
High-resolution Emission Inventory of Reactive Volatile Organic Compounds from Anthropogenic Sources in the Yangtze River Delta Region	TIAN Jun-jie, DING Xiang, AN Jing-yu, <i>et al.</i> (58)
Vertical Distribution Characteristics of Boundary Layer Volatile Organic Compounds in Autumn in the Mixed Industrial and Rural Areas over the Northern Suburb of Nanjing	WANG Tai, ZHU Bin, SHI Shuang-shuang, <i>et al.</i> (66)
Characterization of Ambient Volatile Organic Compounds, Source Apportionment, and the Ozone-NO _x -VOC Sensitivities in Liucheng County, Guangxi	WU Ying, MO Zhao-yu, WU Qin-qin, <i>et al.</i> (75)
Characteristics of Ozone Pollution and High-impact Meteorological Factors in Urban Cities: A Case of Suzhou	HE Yan, LIN Hui-juan, CAO Shu-ya, <i>et al.</i> (85)
Emission Inventory and Distribution Characteristics of Anthropogenic Ammonia in Quzhou County, North China Plain	KANG Jia-hui, MENG Fan-lei, LIU Xue-jun, <i>et al.</i> (94)
Application of WRF Optimal Parameterization Scheme for Different Air Quality Models	YANG Jing-chao, JIANG Xing-wen, BO Xin, <i>et al.</i> (104)
Distribution Characteristics and Health Effects of Bioaerosols in Spring over Xi'an City	WEI Jun-qiang, YANG Liu, SHEN Zhen-xing, <i>et al.</i> (118)
Distribution of Bacterial Concentration and Viability in Atmospheric Bioaerosols Under Different Weather Conditions in the Coastal Region of Qingdao	WEI Wen-shu, QI Jian-hua, CHANG Cheng (127)
Spatiotemporal Distribution and Driving Factors of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs) in Inland Sediments of China	HUANG Zhu-liang, CAI Jia-wei, WANG Ru-wei (138)
Distributions of Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in the Nearshore Area of the Yangtze River Estuary	XU Qiu-hong, LIU Shu-guang, LOU Sha, <i>et al.</i> (158)
Co-occurrence of Tetracycline Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in Plateau Wetlands Under the Influence of Human Activities	QIN Rong, YU Qing-guo, LIU Zhen-ya, <i>et al.</i> (169)
Occurrence and Health Risk Assessment of Multiple Pesticides in Drinking Water Sources of Southeast China	HE Shu, DONG Hui-yu, REN Nan-qi (180)
Spatiotemporal Distribution and Pollution Risk Assessment of Heavy Metals in Sediments of Main Water Supply Reservoirs in Central Zhuhai City	WANG En-rui, ZHANG Kun-feng, CHANG Sheng, <i>et al.</i> (189)
Distribution Characteristics and Pollution Risk of Heavy Metals in River Sediment of Suzhou Water Network Area, China	ZHENG Min-hui, BAI Dong-rui, ZHANG Tao, <i>et al.</i> (198)
Distribution of Biodegradable Dissolved Organic Matter and Its Affecting Factors in a Typical Peri-urban Watershed in Yangtze River Delta	WU Wen-yu, MA Jing-sheng, YANG Lei, <i>et al.</i> (210)
Long-term Succession Patterns and Driving Factors of Water Quality in a Flood-pulse System Lake: A Case Study of Lake Luoma, Jiangsu Province	HUANG Xue-ying, GAO Ming-yuan, WANG Jin-dong, <i>et al.</i> (219)
Microplastic Pollution Status and Ecological Risk Evaluation in Weihe River	SHAN Ze-xuan, ZHANG Yan, ZHANG Cheng-qian, <i>et al.</i> (231)
Effects of Different Colored Polycarbonate Plastics on Growth and Community Structure of Periphytic Algae	WANG Meng-xue, YIN Si-cheng, WANG Zhen-fang, <i>et al.</i> (243)
Diversity Patterns and Influencing Factors of Epibiotic in <i>Vallisneria natans</i> and Planktonic Bacteria Communities	ZHANG Mei-ting, LIU Jin-xian, SU Jia-he, <i>et al.</i> (252)
Bacterial Community and Diversity of River Ecosystems on the Qinghai-Tibet Plateau Based on 16S rRNA Gene Sequencing	QU Wei-qing, ZHANG Bo-mei, HUANG Xue, <i>et al.</i> (262)
Spatial and Temporal Heterogeneity and Ecological Health Evaluation of Diatom Community Based on eDNA	JIANG Shan, ZHANG Yan, LI Fei-long, <i>et al.</i> (272)
Severity Differences and Mechanisms of Algal Blooms Among Sections in Pengxi River of the Three Gorges Reservoir	LUO Xiao-jiao, ZHANG Xing, HUANG Wei, <i>et al.</i> (282)
Characteristics of Soil Erosion and Nitrogen Loss in Vegetable Field Under Natural Rainfall	NING Jia-li, HUANG Yan-hui, LI Gui-fang, <i>et al.</i> (293)
Effects of Green, Blue, and Blue-green Roofs on Runoff Quality	ZHANG Sun-xun, ZHANG Shou-hong, YAN Jing, <i>et al.</i> (303)
Analysis of Spatiotemporal Variation Characteristics and Driving Forces of NPP in Shanxi Province from 2000 to 2020 Based on Geodetector	SHAO Jia-hao, LI Jing, YAN Xing-guang, <i>et al.</i> (312)
Spatio-temporal Variation in Vegetation Cover and Its Driving Mechanism Exploration in Southwest China from 2000 to 2020	XU Yong, DAI Qiang-yu, HUANG Wen-ting, <i>et al.</i> (323)
Heavy Metal Content and Resistance Gene Abundance and Related Properties in the Surface Soil around Qinghai Lake	HU Shi-lei, QU Jian-li, ZHANG Li, <i>et al.</i> (336)
Soil Heavy Metal Content, Pollution, and Influencing Factors in Typical Farming Area of Sichuan Basin	LIU Shu-ling, WU Mei, LIU Zhi-yuan, <i>et al.</i> (347)
Risk Assessment and Sources of Heavy Metals in Farmland Soils of Yellow River Irrigation Area of Ningxia	CHEN Lin, MA Kun, MA Jian-jun, <i>et al.</i> (356)
Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metals in the Soil Around Copper Smelting Sites	PENG Chi, LIU Xu, ZHOU Zi-ruo, <i>et al.</i> (367)
Characteristics of Typical Soil Acidification and Effects of Heavy Metal Speciation and Availability in Southwest China	LING Yun, LIU Han-yi, ZHANG Xiao-ting, <i>et al.</i> (376)
Stabilization Characteristics of Exogenous Cd in Different Types of Soil	WANG Gang, YU Hai-ying, HUANG Hua-gang, <i>et al.</i> (387)
Threshold of Se-rich Soil Based on Available-Se and Influencing Factors of Available-Se	WANG Ying, MA Yan-bin, WANG Ze-jing (395)
Accumulation Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in Soil-Crop System Based on Soil Parent Material Zoning	CHEN Zi-wan, XU Jing, HOU Zhao-lei, <i>et al.</i> (405)
Characteristics and Planting Safety Assessment of As Content in Dryland Soil and Maize in Guizhou Province	HUANG Feng-yan, ZHOU Lang, SONG Bo, <i>et al.</i> (415)
Potential of Intercropping <i>Pennisetum purpureum</i> Schum with <i>Melia azedarach</i> L. and <i>Broussonetia papyrifera</i> for Phytoremediation of Heavy-metal Contaminated Soil around Mining Areas	WANG Xiao-hui, XIAO Xi-yuan, GUO Zhao-hui, <i>et al.</i> (426)
Inactivation of Cd and As by an <i>Enterobacter</i> Isolated from Cd and As Contaminated Farmland Soil	YIN Xue-fei, LIU Yu-ling, WU De, <i>et al.</i> (436)
Mineralization Characteristics of Soil Organic Carbon and Its Relationship with Organic Carbon Components in Artificial <i>Robinia pseudoacacia</i> Forest in Loess Hilly Region	ZHU Yu-fan, LIU Wei-chao, LI Jia-xin, <i>et al.</i> (444)
Accumulation, Migration, and Transformation of Soil Phosphorus in Facility Agriculture and Its Influencing Factors	FANG Bing, CHEN Lin, WANG Yang, <i>et al.</i> (452)
Optimizing Straw Management to Enhance Carbon and Nitrogen Efficiency and Economic Benefit of Wheat-Maize Double Cropping System	WANG Liang, QIAN Xin, GAO Ying-bo, <i>et al.</i> (463)
Effect of Deep Fertilization with Slow/Controlled Release Fertilizer on N Fate in Clayey Soil Wheat Field	HOU Peng-fu, XUE Li-xiang, YUAN Wen-sheng, <i>et al.</i> (473)
Structure and Function of Soil Fungal Community in Rotation Fallow Farmland in Alluvial Plain of Lower Yellow River	NAN Zhen-wu, LIU Zhu, MENG Wei-wei, <i>et al.</i> (482)
Response of Topsoil Fungal Community Structure to Soil Improvement Measures in Degraded Forest of Red Soil Region	GUAN Hong-zhi, HUANG Rong-zhen, WANG Jin-ping, <i>et al.</i> (494)
Temporal and Spatial Variations in Root-associated Fungi Associated with <i>Pinus sylvestris</i> var. <i>mongolica</i> in the Semi-arid and Dry Sub-humid Desertified Regions of Northern China	ZHAO Pei-shan, GUO Mi-shan, GAO Guang-lei, <i>et al.</i> (502)
QMEC-based Analysis of the Soil Microbial Functional Potentials across Different Tibetan Plateau Glacier Forelands	ZHANG Jie-jie, Anders Priemé, CHEN Xian-ke, <i>et al.</i> (512)
Meta Analysis on Yield Effect of Biochar for Staple Crops in China	YU Bin-hang, JI Jian-mei, WANG Li-xue, <i>et al.</i> (520)
Effects of Biochar on Antibiotic Environmental Behaviors in Soil: A Meta-analysis	LI Jing-han, ZHANG Jian-qiang, XIA Li-qiong, <i>et al.</i> (531)
Properties of Biochars Prepared from Different Crop Straws and Leaching Behavior of Heavy Metals	LI Jia-kang, QIU Chun-sheng, ZHAO Jia-qi, <i>et al.</i> (540)
Spatial-temporal Evolution and Heterogeneity of Carbon Emissions at County-level in China	SONG Yuan-zhen, ZENG Jian, WANG Sen, <i>et al.</i> (549)
Spatiotemporal Dynamic Evolution and Gravity Center Migration of Carbon Emissions in the Main Urban Area of Chongqing over the Past 20 Years	XIANG Shu-jiang, YANG Chun-mei, XIE Yu-qi, <i>et al.</i> (560)
Spatiotemporal Characteristics and Influencing Factors of Environment Emergency Incident in China from 1991 to 2018	YU Guang-hui, WANG Fei-fan, LIU Xian-zhao, <i>et al.</i> (572)
Migration, Transformation, and Toxicity of Quaternary Ammonium Antimicrobial Agents in the Environment	ZHANG Li-jan, QIN Cun-li, QIAN Yao, <i>et al.</i> (583)