

目次

复合污染条件下人为源 VOCs 的 SOA 生成研究进展	陈天增, 刘俊, 马庆鑫, 楚碧武, 张鹏, 刘永春, 刘昌庚, 贺泓 (1201)
全氟和多氟烷基化合物微生物降解与转化研究进展	孙红文, 方博, 陈浩, 赵茂森, 张耀之, 乔碧汀, 喻蒙 (1214)
湖泊水质参数遥感监测研究进展	王思梦, 秦伯强 (1228)
淡水环境中微塑料与重金属的“木马效应”研究进展	赵伟高, 田一梅, 赵鹏, 赵令铨, 金超 (1244)
长江经济带二氧化碳净排放时空演变特征及脱钩效应	吴一帆, 许杨, 唐洋博, 贾宁, 李玮, 李翀, 殷国栋 (1258)
中国土地利用碳排放变化及协调分区	李缘缘, 魏伟, 周俊菊, 郝瑞军, 陈帝伯 (1267)
基于 STIRPAT 模型天津减污降碳协同效应多维度分析	刘茂辉, 岳亚云, 刘胜楠, 李婧, 刘佳泓, 孙猛 (1277)
基于燃料生命周期的中国铁路排放趋势	佟惠, 范朝阳, 梁晓宇, 孙露娜, 门正宇, 赵肖阳, 毛洪钧 (1287)
浙江省大气颗粒物 PM _{2.5} 化学组分污染特征分析	周菁清, 余磊, 陈书鑫, 陆佳峰, 许亚璐, 季海冰, 张柳芳, 刘劲松, 王静 (1297)
南京亚微米级颗粒物化学组成的季节变化、粒径分布和来源	徐振麒, 尚玥, 丁峰, 谢鸣捷, 王勤耕 (1310)
洛阳地区碳质组分季节特征及来源解析: 棕碳的重要贡献	闫广轩, 侯明阳, 张朴真, 王洁琦, 王虎, 李崇浩, 王跃思 (1319)
江苏省 2019 年 S/IVOCs 排放清单及分布特征	宋童艾, 张佳颖, 关璐, 胡建林, 于兴娜 (1328)
珠三角典型工业区挥发性有机物 (VOCs) 组成特征: 含氧挥发性有机物的重要性	宋鑫, 袁斌, 王思行, 何贤俊, 李小兵, 彭钰雯, 陈钰彬, 齐吉朋, 蔡嘉骅, 黄山, 胡丹, 魏文, 刘可旋, 邵敏 (1336)
2000 ~ 2020 年天津市机动车全过程 VOCs 排放特征及演变	孙露娜, 仲崇智, 孙世达, 刘妍, 佟惠, 吴亚君, 宋鹏飞, 张丽娜, 黄旭, 吴琳, 毛洪钧 (1346)
港口自有移动源大气污染物排放清单	徐小凡, 王宝庆, 吴俊成, 李怡诺 (1357)
基于改进水资源生态足迹模型的中国水资源可持续利用仿真及调控	欧阳兴涛, 廖浩宇, 姜秋香, 王子龙 (1368)
黄河流域入海口典型区域有机磷酸酯分布特征和风险评估	曹渺, 郭昌胜, 张恒, 刘士清, 陈苗, 吕佳佩, 侯嵩, 尤新军, 徐建 (1378)
桂林会仙岩溶湿地水体与沉积物中有机氯农药污染特征	余悦, 邢新丽, 程敏, 刘威杰, 张标, 孔祥胜, 李森, 余海阔, 罗为群, 祁士华 (1387)
广东茂名主要水系表层沉积物重金属风险评估及源解析	陈小霞, 张敏, 李蓓, 温鹏翀, 丁平, 姚玲爱, 马千里, 李廷真, 蔡丹, 胡国成 (1397)
宁波市地表水重金属时空分布特性和健康风险评价	徐美娟, 杨佳, 任晓景, 赵红燕, 高夫燕, 蒋跃军 (1407)
典型西北山地-绿洲系统不同水体水化学特征及其水力关系分析	王诗语, 孙从建, 陈伟, 周思捷, 张鑫 (1416)
牟汶河中上游孔隙水化学特征及控制因素	刘元晴, 周乐, 吕琳, 李伟, 王新峰, 邓启军, 郑一迪, 李常锁 (1429)
石河子-昌吉地区地下水水质时空变化及污染源解析	丁启振, 周金龙, 季彦桢, 杨方源, 张淑霞 (1440)
北方富营养分层型水库藻类季节性暴发机制及其阈值分析	温成成, 黄廷林, 孔昌昊, 张志刚, 田鹏飞 (1452)
拉林河流域底栖硅藻群落结构特征及水生态健康评价	单涛, 袁安龙, 黄子茜, 周静怡, 陆欣鑫, 范亚文 (1465)
南昌市湖泊丰水期浮游细菌群落结构及影响因素	高鹏飞, 王鹏, 黄伟, 丁明军, 张华, 聂明华, 黄高翔 (1475)
调蓄水库细菌群落季节变化特征与影响因素	丁宁, 杨莹莹, 万年新, 徐爱玲, 葛建华, 宋志文 (1484)
典型城市内河细菌群落组成与氮循环功能垂直分布及溯源分析	谭秋阳, 吕金燕, 白献宇, 程莉蓉, 李晓艳, 郭蕾 (1497)
滇中高原水库外源污染负荷贡献解析与环境容量核算	郭玉静, 李红兵, 王树明, 白乙娟, 任良锁, 丁爱中 (1508)
窄孔径含磷棉秆生物质炭的制备及对四环素的吸附机制	曾少毅, 李坤权 (1519)
高比表面疏脲改性花生壳炭的制备及对四环素和铜的吸附	闵炳坤, 李坤权 (1528)
不同供水管材生物膜抗生素抗性基因分布特征	刘晨旭, 白晓慧 (1537)
水蚀环境植被恢复对土壤有机碳固存和团聚体稳定的影响: Meta 分析	杨睿哲, 杨世龙, 翁希哲, 徐灵颖, 刘雪健, 杜运田, 张雪辰, 郑伟, 翟丙年, 王朝辉, 李紫燕 (1542)
增温施肥对稻麦农田土壤有机碳及其活性组分的影响	邓旭哲, 韩晨, 薛利祥, 侯朋福, 薛利红, 杨林章 (1553)
三江源地区高寒草地土壤功能的水平分异特征及其沿发生层的垂直变化	李柏键, 申聪聪, 刘四义, 吴华勇, 王继琛, 赵冬辉, 葛源 (1562)
鄱阳湖平原直播稻 CH ₄ 通量及其与 CO ₂ 通量的综合温室效应	时元智, 崔远来, 时硕, 洪大林, 程婕 (1572)
不同土地利用类型土壤多环芳烃的纵向污染特征及来源解析	周芷嫣, 张秀秀, 王飞, 朱昌达, 潘剑君 (1583)
石家庄道路灰尘中全氟/多氟化合物及其新型替代品的污染特征及健康风险评估	李鹏飞, 王媛, 杨晨, 史亚利, 崔建升 (1593)
南方典型矿区农业小流域耕地土壤重金属空间分布特征及污染评价	杨宇, 郭婷婷, 刘孝利, 铁柏清 (1602)
三峡库区(重庆段)菜地土壤重金属污染特征、潜在生态风险评估及源解析	石雨佳, 方林发, 方标, 叶莘莘, 范晓霞, 高坤鹏, 陈征, 肖然 (1611)
兰州市耕地表层土壤重金属的积累特征及其影响因素分析	康乐, 彭鑫波, 马延龙, 张利瑞, 张妍娥, 王泉灵, 张松林 (1620)
粤北典型工矿区土壤重金属富集特征、来源解析及风险评价	王越, 莫莉, 余新晓, 师华定, 费杨 (1636)
三门峡某铝厂遗留场地土壤重金属空间分布特征及来源解析	卢小慧, 余方中, 范一鸣, 杨阳 (1646)
某试验场土壤重金属分布特征及其污染评价	王诗雨, 李淳, 赵洪伟, 陈希, 张慧君, 朱勇兵, 赵三平, 计超, 刘晓东 (1657)
化学淋洗联合电动技术修复重金属污染土壤的效果及其机制	马强, 卫泽斌, 吴启堂 (1668)
再生铜冶炼过程中重金属排放特征和控制	林炳丞, 吴广龙, 郑明辉, 刘国瑞 (1678)
长江流域(安徽段)土壤-作物系统重金属污染特征及健康风险评价	刘海, 魏伟, 黄健敏, 赵国红 (1686)
稻-麦轮作模式下不同钝化材料对镉污染农田土壤的原位钝化效应	张路, 唐婵, 余海英, 李廷轩, 张锡洲, 黄化刚 (1698)
巯基化蒙脱石用于镉污染农田安全生产的效果及其持久性	冯先翠, 陈亚刚, 焦洪鹏, 曹鹏, 朱凤榕, 李媛媛, 江海燕 (1706)
蚯蚓、秸秆和柠檬酸对少花龙葵与韭菜修复铅镉污染土壤的影响	陈敏妮, 袁小奇, 张金峰, 何川黔, 高波 (1714)
地质高背景区富 Se 耕地可利用性研究及区划建议	王锐, 李瑜, 余京, 周蛟, 余飞, 张云逸, 蒋玉莲 (1727)
张家口市北新屯地区蔬菜种植区镉元素富集特征及成因分析	安永龙, 殷秀兰, 金爱芳, 李文娟, 鲁青原 (1735)
三峡库区消落带落羽杉人工林土壤细菌群落结构多样性及动态变化	谭雪, 董智, 张丽苗, 袁中勋, 李昌晓 (1748)
黄土丘陵区退耕还林对土壤真菌群落的影响	张蕾, 王强, 杨新月, 吕俊平 (1758)
化肥减量配施有机肥对土壤功能微生物和柠檬产量及品质的影响	王蕊燕, 熊子怡, 罗东海, 王子芳, 高明 (1768)
鸡粪和猪粪生物发酵过程中抗生素抗性基因的动态变化	张丹, 彭双, 王丹青, 王一鸣, 林先贵 (1780)
牛粪还田对土壤微生物群落特征的影响	张雅丽, 郭晓明, 胡慧, 郭暖, 徐小涛, 李建林 (1792)
《环境科学》征订启事(1406) 《环境科学》征稿简则(1592) 信息(1635, 1667, 1677)	

黄土丘陵区退耕还林对土壤真菌群落的影响

张蕾¹, 王强¹, 杨新月², 吕俊平^{2*}

(1. 太原师范学院经济与管理学院, 晋中 030619; 2. 山西大学生命科学学院, 太原 030006)

摘要: 退耕还林显著影响了黄土高原土壤细菌群落结构与组成特征。然而, 作为土壤微生物群落的重要组成部分, 黄土高原土壤真菌群落结构与组成特征如何响应退耕还林并不十分清楚。以山西省右玉县贾家窑黄土高原缓坡丘陵为研究区域, 以耕地(玉米地和糜子地)和人工林地(沙棘林和柠条林)土壤为研究对象, 通过 18S rRNA 高通量测序技术, 研究了退耕还林对土壤真菌群落结构与组成特征的影响。结果发现, 黄土高原丘陵区耕地和林地土壤中子囊菌门(Ascomycota)占绝对优势(61.03%~78.06%), 毛霉门(Mucoromycota)次之(12.11%~17.13%), 担子菌门(Basidiomycota)再次之(6.15%~18.42%), 壶菌门(Chytridiomycota)等其余真菌门的相对丰度较低。退耕还林显著降低了子囊菌门的相对丰度而增加了担子菌门的相对丰度。属分类水平下, 退耕还林显著影响了毛壳菌属(*Chaetomium*)、被孢霉属(*Mortierella*)、镰刀菌属(*Fusarium*)和地舌菌属(*Geoglossum*)等的丰度。镰刀菌属(*Fusarium*)等植物病原性真菌在耕地土壤中被富集。非度量多维尺度分析(NMDS)和相似性分析(ANOSIM)结果表明, 退耕还林显著影响了黄土高原丘陵区土壤真菌群落结构与组成。群落结构的差异与土壤理化性质的变化密切相关, 特别是有效磷是影响土壤真菌群落结构和组成变化的主要驱动因子。研究结果能够为黄土丘陵退耕还林区植被恢复的生态效益评价提供丰富的数据和科学参考。

关键词: 退耕还林; 土壤真菌群落; 高通量测序; 有效磷; 黄土丘陵区

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)03-1758-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202204264

Effect of the Process of Returning Farmland to Forest in the Loess Hilly Area on Soil Fungal Communities

ZHANG Lei¹, WANG Qiang¹, YANG Xin-yue², LÜ Jun-ping^{2*}

(1. School of Economics and Management, Taiyuan Normal University, Jinzhong 030619, China; 2. School of Life Science, Shanxi University, Taiyuan 030006, China)

Abstract: The conversion of farmland to forest significantly affects soil bacterial communities in the Loess Plateau. However, how soil fungal communities respond to the conversion of farmland to forest is not very clear in this region. To illustrate the problem, the loess hilly area located in Jiayao, Youyu County, Shanxi Province was taken as the study area, and soil from farmland (growing corn and millet) and artificial forest (growing sea buckthorn and Caragana) were sampled. Based on 18S rRNA high-throughput sequencing, the effect of the conversion of farmland to forest on soil fungal communities was investigated. Ascomycota dominated (61.03%-78.06%) in both farmland and forest soil, followed by Mucoromycota (12.11%-17.13%) and Basidiomycota (6.15%-18.42%). The relative abundance of other fungal phyla, such as Chytridiomycota, was low. At the genus level, the conversion of farmland to forest significantly affected the abundance of *Chaetomium*, *Mortierella*, *Fusarium*, and *Geoglossum*. Plant pathogenic fungi belonging to *Fusarium* were enriched in farmland. The results of non-metric multidimensional scaling (NMDS) and analysis of similarity (ANOSIM) showed that the conversion of farmland to forest significantly affected soil fungal communities in the hilly area of the Loess Plateau. Differences in the community structure were closely related to changes in soil physicochemical properties. Available phosphorus was particularly the main driving factor affecting soil fungal communities. These results can provide scientific references for the ecological benefit evaluation of vegetation restoration in the loess hilly area.

Key words: the conversion of farmland to forest; soil fungal communities; high-throughput sequencing; available phosphorus; the Loess hilly area

作为土壤微生物群落的组成部分, 真菌被认为是土壤生态系统中的重要分解者^[1,2]。真菌还可以与植物形成共生体, 促进植物体的新陈代谢和氮磷等营养物质的吸收^[3~5]。此外, 一些病原真菌能够阻碍植物的生长, 甚至造成植物死亡^[6]。由此可见, 土壤真菌具有多种功能, 其在土壤生态系统中发挥着重要作用。而且, 鉴于土壤真菌对环境的变化响应灵敏^[7~9], 其还被认为是评价土壤生态系统稳定性的重要指标之一, 常被用于土壤质量变化的预测^[10~12]。由于土壤真菌的生态功能及其对环境的响应往往与群落结构密切相关, 因而有关土壤真菌群落结构相关特征逐渐受到人们的广泛关注, 已成为土壤微生物学研究的重点和热点^[13~17]。

天然植被的严重破坏以及不合理的土地利用导

致黄土高原土壤侵蚀极为严重, 土壤养分大量流失, 土壤物理性质严重退化^[18]。自 1999 年退耕还林工程实施以来, 该区域水土流失情况得到有效遏制, 土壤结构和肥力有效改善, 土壤质量显著提高^[19]。作为土壤生态系统的重要组成部分, 土壤微生物必然会响应土壤质量的改变, 以适应新的环境以及执行相应的功能^[20]。因此, 有研究探究了退耕还林对黄土高原土壤细菌群落结构的影响及其环境驱动机制, 为评价黄土高原生态恢复效果提供了科学参考^[21,22]。然而, 相比于土壤细菌, 目前尚缺乏黄土高

收稿日期: 2022-04-22; 修订日期: 2022-05-31

基金项目: 国家自然科学基金项目(41701108)

作者简介: 张蕾(1985~), 女, 博士研究生, 副教授, 主要研究方向为土壤微生物生态, E-mail: zhangleia66@126.com

* 通信作者, E-mail: lvjunping024@sxu.edu.cn

原土壤真菌响应退耕还林的详细资料.考虑到土壤真菌广泛存在于土壤之中且具有重要的生态功能,研究黄土高原土壤真菌群落多样性和组成相关特征具有十分重要的意义.

基于上述缘由,本研究以山西省右玉县贾家窑黄土高原缓坡丘陵为研究区域,以耕地(玉米地和糜子地)为对照,选择退耕还林后的2种典型人工林地(沙棘林和柠条林),拟采用理化分析和18S rRNA高通量测序相结合的手段,系统地研究黄土丘陵区退耕还林前后土壤真菌群落特征的差异,揭示影响土壤真菌群落结构的环境驱动机制,以期为黄土丘陵退耕还林区植被恢复的生态效益评价提供丰富的数据和科学参考.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

山西省右玉县贾家窑村,海拔1 386~1 489 m,属于缓坡丘陵地貌.该研究区年平均气温为4℃,年均降水量为420 mm,降水主要集中于6~9月,且多为暴雨.研究区土壤类型主要为栗钙土,自然植被以针茅草和蒿类为主,次生林和灌丛也有一定发育.近年来,随着退耕还林生态工程的实施,部分耕地变更为人工林地,土地耕种面积数量减少,人工林地面积扩大.目前,该区域主要植被类型为人工林地(主要有小叶杨、柠条、沙棘、油松、樟子松、华北落叶松)和耕地(主要栽种玉米、胡麻、糜子、苜蓿、荞麦).

1.2 实验设计与土壤样品采集

在贾家窑村周边(112°26'45"E, 40°00'22"N),选取玉米地(A)、糜子地(B)、沙棘林(C)和柠条林(D)作为研究对象.玉米和糜子是当地种植的各类杂粮粗粮中的重要代表.作为防风固沙及水土保持的重要树种,沙棘和柠条在当地被广泛栽种.而且,沙棘林和柠条林均为退耕还林政策实施后由玉米地和糜子地等原有耕地退耕还林而来.玉米地和糜子地以玉米(*Zea mays* L.)和糜子(*Panicum miliaceum* L.)为优势种,偶见狗尾草[*Setaria viridis* (L.) Beauv.]和苦苣菜(*Sonchus oleraceus* L.)等物种.采样季(2020年7月),玉米和糜子的平均株高分别为49 cm和15 cm.沙棘林和柠条林以沙棘(*Hippophae rhamnoides* L.)和柠条(*Caragana korshinskii* Kom.)为优势种,以胡枝子(*Lespedeza bicolor* Turcz.)、针茅(*Stipa capillata* L.)、黄芪[*Astragalus membranaceus* (Fisch.) Bunge.]、艾蒿(*Artemisia argyi* Levl. et Van)和狗娃花[*Heteropappus hispidus* (Thunb.) Less.]为主要伴生种.采样季(2020年7月)沙棘和柠条的平均株高分

别为1.5 m和1.9 m.本研究所选取的样地在海拔高度(1 390~1 405 m)、地形坡度(<3°)和土壤类型(栗钙土)等自然条件方面基本一致,且各样地之间大约有300~500 m的间隔距离.在上述样地中各设置3个20 m×20 m的样方作为3个生物学重复,任何两个样方之间的距离不小于100 m,以避免边缘效应.在上述样地的样方内,在去除凋落物和腐殖质层后,采用土钻以S型多点混合取样法(8个点)采取表层(0~10 cm)非根际土壤样品,同时现场测定土壤温度.采集好的土壤样品,剔除肉眼可见的石头、动植物残体和根系等物质后过2 mm筛,然后将其分为两份.一份样品自然风干用于土壤理化参数的测定,另一份样品保存至-80℃冰箱用于18S rRNA高通量测序.

1.3 土壤DNA提取和18S rRNA高通量测序

根据土壤基因组DNA提取试剂盒(OMEGA, USA)说明书抽提土壤样品总DNA. DNA质量通过1%琼脂糖凝胶电泳进行评估, DNA浓度通过NanoDrop 2000超微量分光光度计(Thermo Fisher Scientific, 美国)进行定量.采用带Barcode的引物528F(5'-GCGTAATTCAGCTCCAA-3')和706R(5'-AATCCGAGAATTCACCTCT-3')对18S rRNA基因的V4可变区进行PCR扩增. PCR反应体系为: Phusion® High-Fidelity PCR预混液(New England Biolabs, 美国)15 μL, 正反向引物(6 μmol·L⁻¹)3 μL, 模板DNA(大约10 ng)10 μL, ddH₂O补足至30 μL. PCR扩增条件为:98℃预热1 min, 98℃解链10 s, 50℃退火30 s, 72℃延长30 s, 共30个循环, 最后72℃保持5 min. 经扩增子纯化、测序文库构建和文库质量评估之后,将样品送至北京诺禾致源科技股份有限公司利用NovaSeq 6000平台进行高通量测序.

根据Barcode序列和PCR扩增引物序列从下机数据中拆分出各样本数据,截去Barcode和引物序列后使用FLASH V1.2.7对每个样本的reads进行拼接,得到的拼接序列即为原始Tags数据.之后,参照QIIME V1.9.1的Tags质量控制流程得到高质量的Tags数据.进一步,根据UCHIME算法去除嵌合体序列,得到最终的有效Tags数据.利用Uparse软件对所有样本的全部有效Tags进行聚类,默认以97%的一致性将序列聚类成为OTU.最后,使用RDP Classifier V2.2方法与Silva132数据库进行物种注释分析,并在笔者关注的分类水平统计各样本的群落组成.

1.4 土壤理化因子分析

土壤理化因子均参考文献[23]进行测定.土壤

有机碳采用重铬酸钾外加热法测定;土壤全氮采用凯氏定氮法测定;硝态氮采用紫外分光光度计法测定;铵态氮采用靛酚蓝比色法测定;土壤碱解氮用碱解扩散法测定;速效磷采用碳酸氢钠浸提,钼锑抗比色法测定;速效钾用醋酸铵萃取,火焰光度法测定;土壤 pH 值(土水比 1:2)用 pH 计(雷磁,PHSJ-5T)测定;使用土壤温湿度测试仪(青岛路博, LB-SW)测量 10 cm 处土层的土壤温度.

1.5 数据处理与分析

计算真菌的 α 多样性,并通过非度量多维尺度分析(non-metric multidimensional scaling, NMDS)和相似性分析(analysis of similarity, ANOSIM)检验不同样地土壤真菌群落结构间是否存在显著差异;采用 Mantel 检验和冗余分析(redundancy analysis, RDA)评价真菌群落与土壤理化参数之间的关系.以上分析均由 R 语言中的“vegan”数据包完成.采用 Spearman 相关性分析评价真菌与土壤理化参数之间的相关性.该分析由 R 语言的“psych”数据包完成,并由 R 语言的“pheatmap”数据包绘制相关分析的热图.采用单因素方差分析检验不同样地土壤

理化参数和土壤真菌在门和属分类水平上组成丰度的组间差异是否显著.基于 LEfSe 分析(linear discriminant analysis effect size)寻找土壤真菌在门和属分类水平上组间具有显著性差异的物种,识别潜在的生物标记物(biomarker).该分析在国家微生物科学数据中心云平台(<https://nmdc.cn/analyze/convenientanalysis/lefse>)在线完成,线性判别分析(linear discriminant analysis, LDA)阈值设置为 3.5.

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质

不同样地土壤的基本理化性质如表 1 所示.耕地(玉米地和/或糜子地)土壤中有有机质、总氮、铵态氮和速效钾的含量要显著低于其在林地(沙棘林和/或柠条林)土壤中的含量($P < 0.05$),而硝态氮、有效磷和土壤温度要高于其在林地(沙棘林和/或柠条林)土壤中的值($P < 0.05$).不同植被类型土壤的碱解氮含量没有显著差异($P > 0.05$).显然,耕地退耕还林后土壤的基本理化性质发生了显著变化.

表 1 不同样地土壤的基本理化性质¹⁾

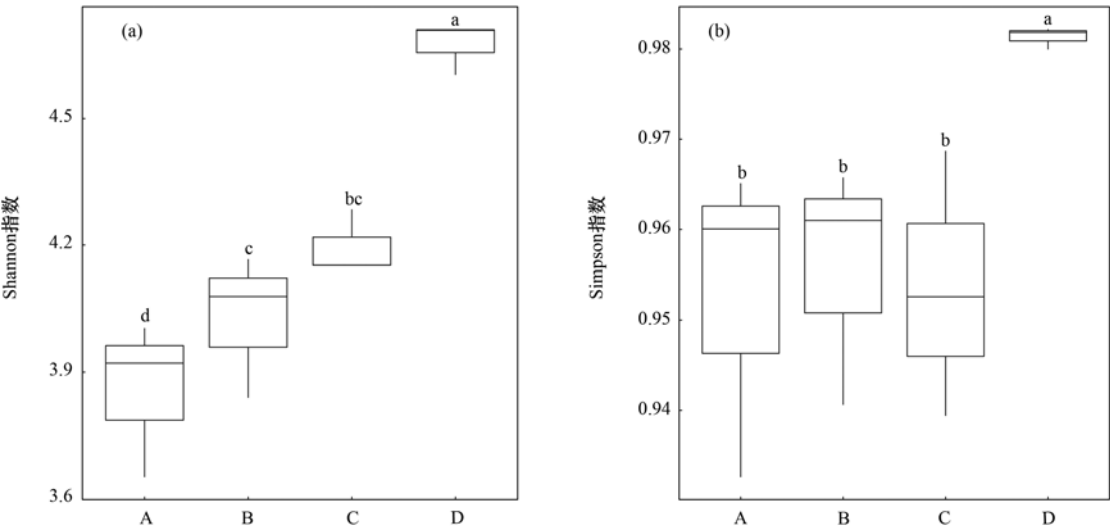
Table 1 Soil physicochemical properties in different sampling plots									
样地类型	ω (有机质) /g·kg ⁻¹	ω (总氮) /g·kg ⁻¹	ω (铵态氮) /mg·kg ⁻¹	ω (硝态氮) /mg·kg ⁻¹	ω (碱解氮) /mg·kg ⁻¹	ω (有效磷) /mg·kg ⁻¹	ω (速效钾) /mg·kg ⁻¹	土壤温度 /℃	pH
玉米地	13.29 ± 1.6a	1.64 ± 0.06a	3.32 ± 0.62a	7.22 ± 0.88a	26.78 ± 12.95a	11.1 ± 2.50a	70.78 ± 7.72a	23.77 ± 0.43a	8.45 ± 0.06a
糜子地	15.98 ± 0.54a	1.18 ± 0.03b	4.19 ± 0.71ab	2.22 ± 0.26b	22.61 ± 0.84a	12.1 ± 2.85a	117.73 ± 26.53b	20.90 ± 0.1b	8.51 ± 0.03a
沙棘林	20.06 ± 1.15b	2.47 ± 0.02c	3.90 ± 0.60ab	0.36 ± 0.09c	29.75 ± 2.23a	7.08 ± 2.31ab	116.91 ± 8.85b	17.09 ± 0.1c	8.23 ± 0.09b
柠条林	19.84 ± 1.49b	1.72 ± 0.09ab	4.86 ± 0.40bc	0.85 ± 0.43d	30.94 ± 1.68a	2.93 ± 0.38b	147.22 ± 21.26b	18.05 ± 0.15d	8.51 ± 0.04a

1) 数值表示均值 ± 标准差(n = 3), 同列不同小写字母表示处理间具有显著差异(P < 0.05)

2.2 土壤真菌群落多样性分析

土壤真菌的 α 多样性如图 1 所示. 玉米地土壤

真菌的 Shannon 指数值最小, 其次是糜子地和沙棘林, 而柠条林土壤真菌的 Shannon 指数值最大. 玉米



A: 玉米地, B: 糜子地, C: 沙棘林, D: 柠条林, 下同; 不同小写字母表示 $P < 0.05$ 水平上显著差异

图 1 不同样地土壤真菌群落的 α 多样性

Fig. 1 The α diversity of soil fungal communities in different sampling plots

地、糜子地和沙棘林土壤真菌的 Simpson 指数值处于同一水平且显著小于柠条林土壤真菌的 Simpson 指数值 ($P < 0.05$)。显然,样地类型的差异显著影响了土壤真菌的 α 多样性。

基于 Bray-Curtis 建立样品间的非相似性矩阵,采用 NMDS 分析了不同样地土壤真菌群落结构组成间是否存在差异,结果如图 2 所示。玉米地和糜子地土壤样品间的距离最近,表明其土壤真菌群落结

构最相似;沙棘林和柠条林土壤样品间的距离最近,表明这两个样地土壤真菌群落结构最相似;而玉米地和糜子地土壤样品与沙棘林和柠条林土壤样品间的距离最远,说明耕地和林地间土壤真菌群落结构差异最大。Stress 值仅为 0.066 5,说明 NMDS 分析可以准确反映样品间的差异程度。ANOSIM 分析结果也很好地证明了不同样地土壤真菌群落结构间存在显著差异 ($P < 0.01$)。

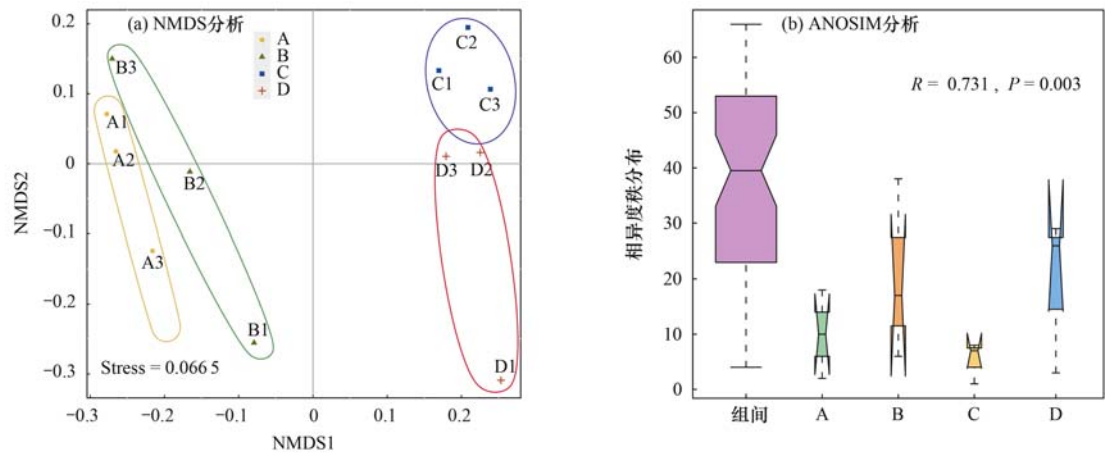


图 2 不同样地土壤真菌群落结构差异分析

Fig. 2 Analysis on differences in soil fungal communities in different sampling plots

2.3 土壤真菌群落结构组成

如图 3(a) 所示,高通量测序发现 4 个样地土壤中共检测到 8 个门的真菌,子囊菌门(Ascomycota)、毛霉门(Mucoromycota)、担子菌门(Basidiomycota)、壶菌门(Chytridiomycota)、捕虫霉门(Zoopagomycota)、隐真菌门(Cryptomycota)、芽枝霉门(Blastocladiomycota)和根肿黑粉门(Entorrhizomycota)。其中,子囊菌门(Ascomycota)占

绝对优势,其相对丰度为 61.03%~78.06%,毛霉门(Mucoromycota)次之,其相对丰度为 12.11%~17.13%,担子菌门(Basidiomycota)再次之,其相对丰度为 6.15%~18.42%。壶菌门(Chytridiomycota)相对丰度为 2.14%~4.29%,其余真菌门的相对丰度都比较低,小于 1%。

属分类水平下[图 3(b)],相对丰度平均值小于 0.5% 的稀有真菌属(others)占总序列的 7.74%

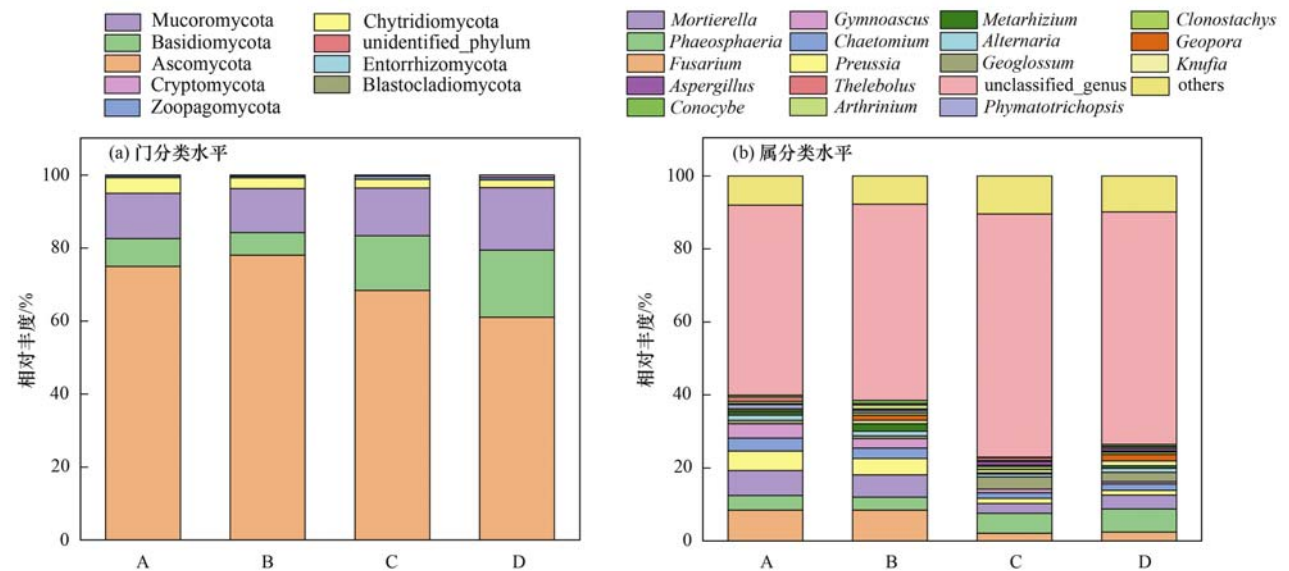


图 3 不同样地土壤真菌群落的相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of soil fungal communities in different sampling plots

~10.43%, 未明确分类的真菌属 (unclassified) 占总序列的 52.05%~66.59%. 已分类的相对丰度平均值大于 0.5% 的真菌属分别为镰刀菌属 (*Fusarium*) (2.12%~8.45%)、被孢霉属 (*Mortierella*) (2.65%~6.8%)、光黑壳属 (*Preussia*) (1.29%~5.37%)、球腔菌属 (*Phaeosphaeria*) (3.53%~6.36%)、裸子囊菌属 (*Gymnoascus*) (0.67%~3.9%)、毛壳菌属 (*Chaetomium*) (1.46%~3.56%)、链格孢属 (*Alternaria*) (0.82%~1.4%)、*Thelebolus* (0.15%~1.18%)、*Phymatotrichopsis* (0.32%~1.13%)、绿僵菌属 (*Metarhizium*) (0.31%~2.05%)、节菱孢属 (*Arthrinium*) (0.26%~1.15%)、地孔菌属 (*Geopora*) (0.031%~1.82%)、地舌菌属 (*Geoglossum*) (0.73%~3.34%)、曲霉属 (*Aspergillus*) (0.31%~1%)、*Knufia* (0.44%~1.27%)、*Clonostachys* (0.43%~0.79%) 和锥盖伞属 (*Conocybe*) (0.23%~0.87%).

为了更好地了解退耕还林对土壤真菌群落组成

的影响,就所有门及相对丰度平均值大于 0.5% 的真菌属进行了单因素方差分析,并将具有差异的分类单位列于表 2. 结果显示,门分类水平下,玉米地和糜子地土壤中子囊菌门 (*Ascomycota*) 的相对丰度显著高于柠条林土壤中子囊菌门 (*Ascomycota*) 的相对丰度 ($P<0.05$),而这两种耕地土壤中担子菌门 (*Basidiomycota*) 和毛霉门 (*Mucoromycota*) 的相对丰度则显著低于柠条林土壤中担子菌门 (*Basidiomycota*) 和毛霉门 (*Mucoromycota*) 的相对丰度 ($P<0.05$). 属分类水平下,耕地土壤中镰刀菌属 (*Fusarium*)、被孢霉属 (*Mortierella*)、毛壳菌属 (*Chaetomium*)、*Phymatotrichopsis* 和 *Thelebolus* 的相对丰度显著高于林地土壤中这 5 个属的相对丰度 ($P<0.05$),而耕地土壤中球腔菌属 (*Phaeosphaeria*)、地舌菌属 (*Geoglossum*) 和 *Knufia* 的相对丰度显著低于林地土壤中这 3 个属的相对丰度 ($P<0.05$). 不难发现,退耕还林过程显著影响了土壤真菌群落结构组成.

表 2 不同样地土壤中相对丰度具有差异的真菌门和属¹⁾
Table 2 Soil fungal phyla and genera with relative abundance differences in different sampling plots

分类水平	名称	相对丰度/%			
		玉米地	糜子地	沙棘林	柠条林
门	子囊菌门 (<i>Ascomycota</i>)	74.95 ± 2.12a	78.06 ± 0.85a	68.38 ± 4.63ab	61.03 ± 2.04b
	担子菌门 (<i>Basidiomycota</i>)	7.67 ± 3.56ab	6.15 ± 1.53b	15 ± 6.62abc	18.42 ± 2.01c
	毛霉门 (<i>Mucoromycota</i>)	12.4 ± 2.04a	12.11 ± 0.93a	13.05 ± 1.29a	17.13 ± 0.65b
属	镰刀菌属 (<i>Fusarium</i>)	8.44 ± 3.46a	8.45 ± 1.43a	2.12 ± 0.9b	2.4 ± 0.94b
	球腔菌属 (<i>Phaeosphaeria</i>)	4.04 ± 1.57a	3.53 ± 0.7abc	5.47 ± 1.4bc	6.36 ± 0.58c
	被孢霉属 (<i>Mortierella</i>)	6.8 ± 1.04a	6.13 ± 0.16a	2.66 ± 0.26b	3.79 ± 1.03b
	毛壳菌属 (<i>Chaetomium</i>)	3.56 ± 1.08a	2.85 ± 0.51ab	1.46 ± 0.5c	1.75 ± 0.41bc
	地舌菌属 (<i>Geoglossum</i>)	0.93 ± 0.22ab	0.73 ± 0.28b	3.34 ± 1.41c	2.52 ± 1.32ac
	<i>Knufia</i>	0.44 ± 0.15a	0.94 ± 0.46b	0.9 ± 0.66b	1.27 ± 0.3b
	<i>Phymatotrichopsis</i>	1.13 ± 0.76a	0.61 ± 0.16a	0.39 ± 0.3a	0.32 ± 0.17b
	<i>Thelebolus</i>	1.18 ± 0.73a	0.34 ± 0.063bc	0.69 ± 0.47ac	0.15 ± 0.03c

1) 数值表示均值 ± 标准差 ($n=3$), 同列不同小写字母表示处理间具有显著差异 ($P<0.05$)

LEfSe 分析发现 (图 4), 玉米地土壤中富集了 3 个真菌分类群, 即被孢霉属 (*Mortierella*)、毛壳菌属 (*Chaetomium*) 和 *Thelebolus*. 糜子地土壤中检测到 2 个显著差异的真菌分类群, 即子囊菌门 (*Ascomycota*) 和镰刀菌属 (*Fusarium*). 沙棘林和柠条林土壤中分别富集了地舌菌属 (*Geoglossum*) 和地孔菌属 (*Geopora*). 结果表明, 退耕还林过程中土壤真菌群落相对丰度发生了显著变化.

2.4 土壤真菌群落与土壤理化因子的相关分析

为揭示影响土壤真菌群落的环境因子, 以所有门及相对丰度平均值大于 0.5% 的真菌属的相对丰度为响应变量, 以土壤理化因子为解释变量进行 Spearman 相关性分析和 RDA 分析 (图 5). 门分类水平下, Spearman 相关性分析结果显示, 除根肿黑粉

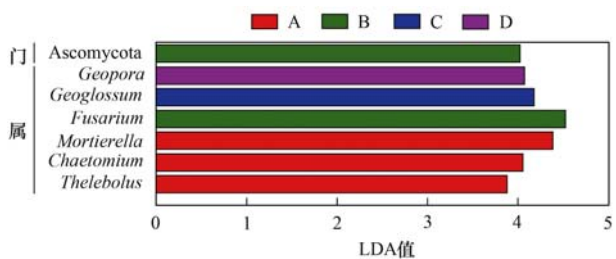


图 4 不同样地土壤真菌群落组成差异的 LEfSe 分析

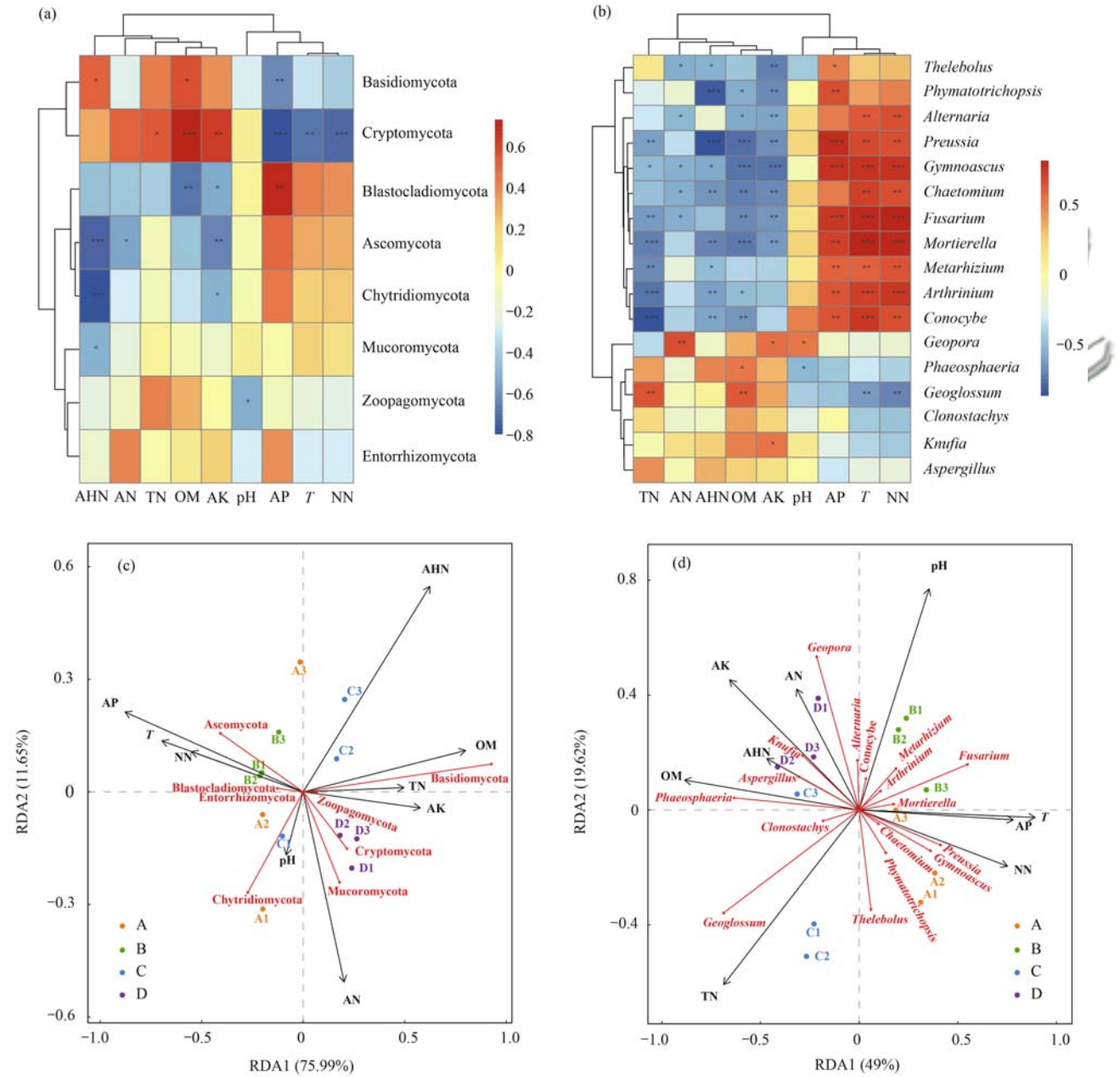
Fig. 4 LEfSe analysis of soil fungal community differences in different sampling plots

门 (*Entorrhizomycota*) 外, 其余门分类单位的相对丰度均不同程度地受到土壤理化因子的影响. 其中, 隐真菌门 (*Cryptomycota*) 与总氮、有机质和速效钾呈显著正相关 ($P<0.05$), 而与有效磷、土壤温度和

硝态氮呈显著负相关 ($P < 0.05$)。担子菌门 (Basidiomycota) 与碱解氮和有机质呈显著正相关 ($P < 0.05$), 而与有效磷呈显著负相关 ($P < 0.05$)。芽枝霉门 (Blastocladiomycota) 与有效磷呈显著正相关 ($P < 0.05$), 而与有机质和速效钾呈显著负相关 ($P < 0.05$)。子囊菌门 (Ascomycota) 与碱解氮、铵态氮和速效钾呈显著负相关 ($P < 0.05$)。壶菌门 (Chytridiomycota) 与碱解氮和速效钾呈显著负相关 ($P < 0.05$)。毛霉门 (Mucoromycota) 和捕虫霉门 (Zoopagomycota) 分别与碱解氮和 pH 呈显著负相关

($P < 0.05$)。RDA 分析结果表明, 真菌群落落在第一轴和第二轴上的解释度分别为 75.99% 和 11.65%, 真菌类群与土壤理化因子的相关关系与 Spearman 相关性分析结果基本一致。

类似地, 属分类水平下, 除 *Clonostachys* 和曲霉属 (*Aspergillus*) 外, 其余属分类单位的相对丰度均不同程度地受到土壤理化因子的影响。其中, *Thelebolus*、*Phymatotrichopsis*、链格孢属 (*Alternaria*)、光黑壳属 (*Preussia*)、裸子囊菌属 (*Gymnoascus*)、毛壳菌属 (*Chaetomium*)、镰刀菌属



(a) 门分类水平的 Spearman 相关性分析; (b) 属分类水平的 Spearman 相关性分析; (c) 门分类水平的 RDA 分析; (d) 属分类水平的 RDA 分析; OM:有机质; TN:总氮; AN:铵态氮; NN:硝态氮; AHN:碱解氮; AK:速效钾; AP:有效磷; T:温度; * 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$, *** 表示 $P < 0.001$

图5 土壤真菌群落与土壤理化因子的关系分析

Fig. 5 Relationship analysis between soil fungi and soil physicochemical factors

(*Fusarium*)、被孢霉属(*Mortierella*)、绿僵菌属(*Metarhizium*)、节菱孢属(*Arthrrium*)和锥盖伞属(*Conocybe*)与有效磷、土壤温度和硝态氮呈显著正相关($P < 0.05$),而与总氮、铵态氮、碱解氮、有机质和速效钾呈显著负相关($P < 0.05$).地孔菌属(*Geopora*)与铵态氮、速效钾和 pH 呈显著正相关($P < 0.05$).球腔菌属(*Phaeosphaeria*)与有机质呈显著正相关($P < 0.05$),而与 pH 呈显著负相关($P < 0.05$).地舌菌属(*Geoglossum*)与总氮和有机质呈显著正相关($P < 0.05$),而与土壤温度和硝态氮呈显著负相关($P < 0.05$).*Knufia* 仅与速效钾呈显著正相关($P < 0.05$).值得注意的是,不论是门分类水平还是属分类水平下, pH 与真菌间的关联最少. RDA 分析结果显示,第一轴和第二轴对真菌群落差异的解释度分别为 49% 和 19.62%,真菌类群与土壤理化因子的相关关系与 Spearman 相关性分析结果基本一致.

进一步,将土壤真菌群落结构与土壤理化因子进行 Mantel 检验(表 3).结果发现,土壤有效磷含量是主导土壤真菌群落差异的关键因子($P < 0.05$).

表 3 土壤真菌群落结构与土壤理化因子的 Mantel 检验

Table 3 Mantel test between soil fungal community and soil physicochemical properties

土壤理化因子	门分类水平		属分类水平	
	R	P	R	P
温度	-0.036	0.579	0.157	0.109
pH	-0.194	0.846	-0.109	0.626
碱解氮	0.057	0.342	-0.003	0.422
有效磷	0.306	0.039	0.366	0.02
有机质	0.035	0.329	0.126	0.207
总氮	-0.112	0.739	0.038	0.365
硝氮	-0.110	0.650	0.055	0.337
铵氮	0.256	0.051	0.208	0.090
速效钾	0.077	0.316	0.058	0.347

3 讨论

3.1 退耕还林对土壤真菌群落组成的影响

门分类水平上,子囊菌门(Ascomycota)、毛霉门(Mucoromycota)和担子菌门(Basidiomycota)为所有样地土壤中的优势真菌门类,这与前人在林地和耕地的研究结果基本一致^[24-26].子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)均以腐生营养型为主,是植物纤维素和木质素等难降解有机质的主要分解者,其在土壤养分循环中发挥着重要功能^[27,28].而且,担子菌作为菌根真菌的重要成员,能够拮抗根部病原菌对植物生长的影响,为植物生长提供健康的土壤微生物生态环境^[29].然而,退耕还林显著降低了子囊菌门(Ascomycota)的相对丰度而增加了担子菌门(Basidiomycota)和毛霉门

(Mucoromycota)的相对丰度.有研究表明,子囊菌具有较高的基因替代速率和进化速度,更适应环境的变化^[30],而担子菌更依赖于腐化木质组分的方式获取足够的碳源用于拓展生存空间或形成菌根^[31].因此,笔者推测耕地中频繁的人为扰动不利于土壤中植物纤维素的累积及土壤和植被环境的稳定,而林地中较为稳定的环境以及植物残体的累积有利于担子菌的生长.

进一步分析属分类水平下土壤真菌的相对丰度,发现耕地土壤中镰刀菌属(*Fusarium*)、被孢霉属(*Mortierella*)和毛壳菌属(*Chaetomium*)的相对丰度显著高于林地土壤中这些属的相对丰度,而耕地土壤中球腔菌属(*Phaeosphaeria*)和地舌菌属(*Geoglossum*)的相对丰度显著低于林地土壤中这些属的相对丰度.镰刀菌属(*Fusarium*)是一类能在土壤中迅速繁殖的病原菌,其引起的根腐病是作物和林木减产的重要因素^[32].显然,退耕还林会降低土壤中镰刀菌属(*Fusarium*)的相对丰度,这有利于降低植物的病害风险.被孢霉属(*Mortierella*)是耕地中的优势真菌类群,这与前人在耕地中检测的结果相一致^[13,33,34].被孢霉属(*Mortierella*)是一类具有较强纤维素分解能力的真菌,其更易在营养相对贫瘠的生境中生长,对提升土壤养分有效性以及改善土壤结构具有较好的效果^[35],从而导致其在耕地中丰度较林地中高.然而,被孢霉属(*Mortierella*)中的某些种是植物病原性真菌,能够导致植株幼苗死亡^[36].这意味着耕地中存在真菌性病害风险,耕作过程中需要多加防范.毛壳菌属(*Chaetomium*)在植物纤维素降解方面发挥着重要作用^[37],其在耕地土壤中富集意味着在耕地土壤有机质供给方面扮演着重要角色.类似于毛壳菌属(*Chaetomium*),地舌菌属(*Geoglossum*)为腐生真菌,参与土壤养分循环^[38],其在林地土壤中富集被认为有益于植物的生长.

3.2 土壤真菌群落组成与土壤理化性质的关系

退耕还林显著改变了土壤理化性质^[39,40],这在本研究中也得到了证实(表 1).而土壤真菌群落组成和结构通常与土壤微环境密切相关.因此,笔者进一步分析了土壤真菌群落组成与土壤理化性质间的关系,以期阐明环境因子驱动退耕还林过程中土壤真菌群落结构变化的机制.结果显示,土壤有效磷含量是主导土壤真菌群落差异的关键因子,这与孙鹏洲等^[13]和 Dang 等^[39]探讨土壤理化因子与土壤真菌群落关系的结果相一致.然而,有研究认为土壤中氮素含量是影响土壤中真菌群落的关键环境要素^[41,42].柠条和沙棘根瘤的固氮能力较强,可以增加土壤中的氮素^[43].而耕地在耕作过程中的施肥也

能够增加土壤中的氮素. 因此, 本研究中, 不论是林地还是耕地土壤, 氮素相对充足, 不足以限制土壤真菌的生存. 然而, 土壤生态系统中氮磷代谢往往是协同进行的^[44]. 一方面, 土壤生物磷代谢导致土壤磷含量降低; 另一方面, 在碱性土壤中大多数可溶性磷酸盐离子与带正电荷的金属离子相结合吸附在土壤颗粒表面, 限制了磷在土壤中的移动性和有效性. 综合以上因素, 不难理解有效磷含量是黄土丘陵区土壤真菌群落结构的重要限制性因素. 除了氮磷之外, 有机质含量、土壤含水量、pH 和温度等也被证实是影响土壤真菌群落组成的重要因子^[10,45]. 虽然这些因子在本研究中不足以显著影响整个土壤真菌群落组成特征, 但是它们与链格孢属 (*Alternaria*)、毛壳菌属 (*Chaetomium*)、被孢霉属 (*Mortierella*) 和绿僵菌属 (*Metarhizium*) 等十余属呈显著正或负相关关系. 因此, 可以认为这些土壤因子是本研究区域范围内土壤真菌群落结构的次要影响因素.

4 结论

(1) 黄土高原丘陵区耕地和林地土壤真菌主要隶属于子囊菌门 (Ascomycota)、毛霉门 (Mucoromycota) 和担子菌门 (Basidiomycota) 等 8 个门.

(2) 退耕还林导致隶属于子囊菌门 (Ascomycota)、被孢霉属 (*Mortierella*) 和毛壳菌属 (*Chaetomium*) 等的纤维素降解菌群的相对丰度显著下降, 隶属于担子菌门 (Basidiomycota) 和地舌菌属 (*Geoglossum*) 等的纤维素降解菌群的相对丰度显著上升. 因此, 退耕还林导致参与土壤养分循环的优势菌群发生了显著变化.

(3) 镰刀菌属 (*Fusarium*) 和被孢霉属 (*Mortierella*) 在耕地中富集, 这意味着耕地中存在真菌性病害风险, 耕作过程中需要多加防范.

(4) 退耕还林显著影响了黄土高原丘陵区土壤真菌群落结构与组成. 群落结构的差异与土壤理化性质的变化密切相关, 特别是土壤有效磷是影响土壤真菌群落结构和组成变化的主要驱动因子.

参考文献:

- [1] Jongen R, Hannula S E, De Long J R, *et al.* Plant community legacy effects on nutrient cycling, fungal decomposer communities and decomposition in a temperate grassland[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, **163**, doi: 10.1016/j.soilbio.2021.108450.
- [2] Žifčáková L, Větrovský T, Howe A, *et al.* Microbial activity in forest soil reflects the changes in ecosystem properties between summer and winter[J]. *Environmental Microbiology*, 2016, **18** (1): 288-301.
- [3] Dellagi A, Quillere I, Hirel B. Beneficial soil-borne bacteria and fungi: a promising way to improve plant nitrogen acquisition[J]. *Journal of Experimental Botany*, 2020, **71** (15): 4469-4479.
- [4] Liu Y J, Li X Z, Kou Y P. Ectomycorrhizal fungi: participation in nutrient turnover and community assembly pattern in forest ecosystems[J]. *Forests*, 2020, **11** (4), doi: 10.3390/f11040453.
- [5] 韦莉莉, 卢昌熠, 丁晶, 等. 丛枝菌根真菌参与下植物-土壤系统的养分交流及调控[J]. *生态学报*, 2016, **36** (14): 4233-4243.
Wei L L, Lu C Y, Ding J, *et al.* Functional relationships between arbuscular mycorrhizal symbionts and nutrient dynamics in plant-soil-microbe system[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, **36** (14): 4233-4243.
- [6] 董超, 方香玲. 植物病原真菌尖孢镰刀菌检测与定量研究进展[J]. *草地学报*, 2021, **29** (7): 1599-1604.
Dong C, Fang X L. Research progresses on detection and quantification of plant pathogenic fungi *Fusarium oxysporum*[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2021, **29** (7): 1599-1604.
- [7] Wang J Q, Shi X Z, Zheng C Y, *et al.* Different responses of soil bacterial and fungal communities to nitrogen deposition in a subtropical forest[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **755**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.142449.
- [8] Xue D, Liu T, Chen H, *et al.* Fungi are more sensitive than bacteria to drainage in the peatlands of the Zoige Plateau[J]. *Ecological Indicators*, 2021, **124**, doi: 10.1016/j.ecolind.2021.107367.
- [9] Zhao A H, Liu L, Chen B D, *et al.* Soil fungal community is more sensitive to nitrogen deposition than increased rainfall in a mixed deciduous forest of China[J]. *Soil Ecology Letters*, 2020, **2** (1): 20-32.
- [10] Fraç M, Hannula S E, Belka M, *et al.* Fungal biodiversity and their role in soil health[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, **9**, doi: 10.3389/fmicb.2018.00707.
- [11] 刘躲, 王磊, 曹湛波, 等. 接种菌根真菌对湿生植物根际土壤硝化反硝化活性的影响及其微生物机制[J]. *环境科学*, 2020, **41** (2): 932-940.
Liu D, Wang L, Cao Z B, *et al.* Effects of mycorrhizal fungi on nitrification and denitrification in the rhizospheric soil of aquatic plants and its microbial mechanism[J]. *Environmental Science*, 2020, **41** (2): 932-940.
- [12] Tahat M M, Alananbeh K M, Othman Y A, *et al.* Soil health and sustainable agriculture[J]. *Sustainability*, 2020, **12** (12), doi: 10.3390/su12124859.
- [13] 孙鹏洲, 罗珠珠, 李玲玲, 等. 黄土高原干旱区长期种植紫花苜蓿和一年生作物轮作对土壤真菌群落的影响[J]. *中国生态农业学报(中英文)*, 2022, **30** (6): 965-975.
Sun P Z, Luo Z Z, Li L L, *et al.* Influences of continuous monoculture of alfalfa and rotation of annual crops on soil fungal communities in the semi-arid Loess Plateau[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2022, **30** (6): 965-975.
- [14] 陈建文, 张红, 李君剑, 等. 铜尾矿坝及其周边土壤真菌群落结构与功能多样性[J]. *环境科学*, 2021, **42** (4): 2056-2065.
Chen J W, Zhang H, Li J J, *et al.* Soil fungal community structure and functional diversity in a copper tailing dam and its surrounding areas[J]. *Environmental Science*, 2021, **42** (4): 2056-2065.
- [15] 邓少虹, 郑小东, 毛婉琼, 等. 稻田与旱地土壤中真菌和细菌对秸秆碳的利用特征[J]. *环境科学*, 2022, **43** (2): 1069-1076.
Deng S H, Zheng X D, Mao W Q, *et al.* Characteristics of microbial utilization for crop residue-derived C in paddy and

- upland soils[J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(2): 1069-1076.
- [16] 孙倩, 吴宏亮, 陈阜, 等. 不同轮作模式下作物根际土壤养分及真菌群落组成特征[J]. *环境科学*, 2020, **41**(10): 4682-4689.
- Sun Q, Wu H L, Chen F, *et al.* Characteristics of soil nutrients and fungal community composition in crop rhizosphere under different rotation patterns[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(10): 4682-4689.
- [17] 徐飞, 张拓, 怀宝东, 等. 土地利用变化对松花江下游湿地土壤真菌群落结构及功能的影响[J]. *环境科学*, 2021, **42**(5): 2531-2540.
- Xu F, Zhang T, Huai B D, *et al.* Effects of land use changes on soil fungal community structure and function in the riparian wetland along the downstream of the Songhua River [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(5): 2531-2540.
- [18] 张晓霞, 杨宗儒, 查同刚, 等. 晋西黄土区退耕还林 22 年后林地土壤物理性质的变化[J]. *生态学报*, 2017, **37**(2): 416-424.
- Zhang X X, Yang Z R, Zha T G, *et al.* Changes in the physical properties of soil in forestlands after 22 years under the influence of the conversion of cropland into farmland project in Loess region, western Shanxi Province [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, **37**(2): 416-424.
- [19] 刘畅, 张建军, 张海博, 等. 晋西黄土区退耕还林后土壤入渗特征及土壤质量评价[J]. *水土保持学报*, 2021, **35**(5): 101-107.
- Liu C, Zhang J J, Zhang H B, *et al.* Characteristics of soil infiltration and soil quality evaluation after conversion of farmland to forest in loess region of western Shanxi Province[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2021, **35**(5): 101-107.
- [20] Schloter M, Nannipieri P, Sørensen S J, *et al.* Microbial indicators for soil quality [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2018, **54**(1): 1-10.
- [21] Liu J L, Dang P, Gao Y, *et al.* Effects of tree species and soil properties on the composition and diversity of the soil bacterial community following afforestation [J]. *Forest Ecology and Management*, 2018, **427**: 342-349.
- [22] 刘晓华, 魏天兴. 高通量测序分析黄土高原退耕还林区土壤细菌群落特征[J]. *环境科学*, 2021, **42**(9): 4489-4499.
- Liu X H, Wei T X. High-throughput sequencing analysis of soil bacterial community in the grain for green project areas of the Loess Plateau[J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(9): 4489-4499.
- [23] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [24] Liang Y M, Pan F J, He X Y, *et al.* Effect of vegetation types on soil arbuscular mycorrhizal fungi and nitrogen-fixing bacterial communities in a karst region[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2016, **23**(18): 18482-18491.
- [25] Schmidt R, Mitchell J, Scow K. Cover cropping and no-till increase diversity and symbiotroph: saprotroph ratios of soil fungal communities[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **129**: 99-109.
- [26] 吴宪, 王蕊, 胡荷, 等. 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[J]. *环境科学*, 2020, **41**(10): 4669-4681.
- Wu X, Wang R, Hu H, *et al.* Response of bacterial and fungal communities to chemical fertilizer reduction combined with organic fertilizer and straw in Fluvo-aquic soil[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(10): 4669-4681.
- [27] 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.
- 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.
- [28] Zhang X F, Zhao L, Xu J S J, *et al.* Soil moisture effect on bacterial and fungal community in Beilu River (Tibetan Plateau) permafrost soils with different vegetation types[J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2013, **114**(4): 1054-1065.
- [29] Sterkenburg E, Bahr A, Brandström Durling M, *et al.* Changes in fungal communities along a boreal forest soil fertility gradient [J]. *New Phytologist*, 2015, **207**(4): 1145-1158.
- [30] 王海英, 郭守玉, 黄满荣, 等. 子囊菌较担子菌具有更快的进化速率和更高的物种多样性[J]. *中国科学: 生命科学*, 2010, **40**(8): 731-737.
- Wang H Y, Guo S Y, Huang M R, *et al.* Ascomycota has a faster evolutionary rate and higher species diversity than Basidiomycota [J]. *Science China Life Sciences*, 2010, **53**(10): 1163-1169.
- [31] Mali T, Kauskeri J, Shah F, *et al.* Interactions affect hyphal growth and enzyme profiles in combinations of coniferous wood-decaying fungi of Agaricomycetes[J]. *PLoS One*, 2017, **12**(9), doi: 10.1371/journal.pone.0185171.
- [32] Ding T T, Yan Z C, Zhang W Z, *et al.* Green manure crops affected soil chemical properties and fungal diversity and community of apple orchard in the Loess Plateau of China[J]. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 2021, **21**(2): 1089-1102.
- [33] Ozimek E, Hanaka A. *Mortierella* species as the plant growth-promoting fungi present in the agricultural soils[J]. *Agriculture*, 2020, **11**(1), doi: 10.3390/agriculture11010007.
- [34] 阳祥, 李先德, 刘吉龙, 等. 不同轮作模式的土壤真菌群落结构及功能特征分析[J]. *环境科学学报*, 2022, **42**(4): 432-442.
- Yang X, Li X D, Liu J L, *et al.* Analysis on the structure and function of soil fungi community in different crop rotation modes [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2022, **42**(4): 432-442.
- [35] 赵兴鸽, 张世挺, 牛克昌. 青藏高原高寒草甸土壤真菌多样性与植物群落功能性状和土壤理化特性的关系[J]. *应用与环境生物学报*, 2020, **26**(1): 1-9.
- Zhao X G, Zhang S T, Niu K C. Relationships between soil fungal diversity, plant community functional traits, and soil attributes in Tibetan alpine meadows [J]. *Chinese Journal of Applied & Environmental Biology*, 2020, **26**(1): 1-9.
- [36] Li Destri Nicosia M G, Mosca S, Mercurio R, *et al.* Dieback of *Pinus nigra* seedlings caused by a strain of *Trichoderma viride* [J]. *Plant Disease*, 2015, **99**(1): 44-49.
- [37] 刘守安, 李多川, 俄世瑾, 等. 嗜热毛壳菌纤维素酶(CBH II) cDNA 的克隆及在毕赤酵母中的表达[J]. *生物工程学报*, 2005, **21**(6): 892-899.
- Liu S A, Li D C, E S J, *et al.* Cloning and expressing of cellulase gene (*cbh2*) from thermophilic fungi *Chaetomium thermophilum* CT2[J]. *Chinese Journal of Biotechnology*, 2005, **21**(6): 892-899.
- [38] Carron A I, Garibaldi L A, Marquez S, *et al.* The soil fungal community of native woodland in Andean Patagonian forest: a case study considering experimental forest management and seasonal effects [J]. *Forest Ecology and Management*, 2020, **461**, doi: 10.1016/j.foreco.2020.117955.

- [39] Dang P, Vu N H, Shen Z, *et al.* Changes in soil fungal communities and vegetation following afforestation with *Pinus tabulaeformis* on the Loess Plateau [J]. *Ecosphere*, 2018, **9** (8), doi: 10.1002/ecs2.2401.
- [40] 高涵, 肖礼, 牛丹, 等. 宁南山区退耕还林还草对土壤氮素组成及其转化酶活的影响[J]. *环境科学*, 2019, **40**(8): 3825-3832.
- Gao H, Xiao L, Niu D, *et al.* Effects of converting farmland into forest and grassland on soil nitrogen component and conversion enzyme activity in the mountainous area of southern Ningxia[J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(8): 3825-3832.
- [41] Ma H K, Bai G Y, Sun Y, *et al.* Opposing effects of nitrogen and water addition on soil bacterial and fungal communities in the Inner Mongolia steppe: a field experiment [J]. *Applied Soil Ecology*, 2016, **108**: 128-135.
- [42] Chen Y L, Xu T L, Fu W, *et al.* Soil organic carbon and total nitrogen predict large-scale distribution of soil fungal communities in temperate and alpine shrub ecosystems[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2021, **102**, doi: 10.1016/j.ejsobi.2020.103270.
- [43] 白建军, 史清亮. 柠条与沙棘共生固氮菌资源特性对比分析[J]. *山西农业科学*, 2008, **36**(9): 49-52.
- Bai J J, Shi Q L. A comparative analysis on resources characteristics of symbiotic nitrogen fixation strains of peashrub and hippophae [J]. *Journal of Shanxi Agricultural Sciences*, 2008, **36**(9): 49-52.
- [44] 孙波, 廖红, 苏彦华, 等. 土壤-根系-微生物系统中影响氮磷利用的一些关键协同机制的研究进展[J]. *土壤*, 2015, **47** (2): 210-219.
- Sun B, Liao H, Su Y H, *et al.* Advances in key coordinative mechanisms in soil-root-microbe systems to affect nitrogen and phosphorus utilization[J]. *Soils*, 2015, **47**(2): 210-219.
- [45] Huang F Y, Liu Z H, Mou H Y, *et al.* Effects of different long-term farmland mulching practices on the loessial soil fungal community in a semiarid region of China [J]. *Applied Soil Ecology*, 2019, **137**: 111-119.



CONTENTS

Research Progress of SOA Formation from Anthropogenic VOCs Under Complex Pollution Condition	CHEN Tian-zeng, LIU Jun, MA Qing-xin, <i>et al.</i>	(1201)
Advances in Microbial Degradation and Transformation of Per- and Polyfluoroalkyl Substances (PFASs)	SUN Hong-wen, FANG Bo, CHEN Hao, <i>et al.</i>	(1214)
Research Progress on Remote Sensing Monitoring of Lake Water Quality Parameters	WANG Si-meng, QIN Bo-qiang	(1228)
Research Progress on Trojan-horse Effect of Microplastics and Heavy Metals in Freshwater Environment	ZHAO Wei-gao, TIAN Yi-mei, ZHAO Peng, <i>et al.</i>	(1244)
Temporal and Spatial Characteristics of Net CO ₂ Emissions and Decoupling Analysis in Yangtze River Economic Belt	WU Yi-fan, XU Yang, TANG Yang-bo, <i>et al.</i>	(1258)
Changes in Land Use Carbon Emissions and Coordinated Zoning in China	LI Yuan-yuan, WEI Wei, ZHOU Jun-ju, <i>et al.</i>	(1267)
Multi-dimensional Analysis of the Synergistic Effect of Pollution Reduction and Carbon Reduction in Tianjin Based on the STIRPAT Model	LIU Mao-hui, YUE Ya-yun, LIU Sheng-nan, <i>et al.</i>	(1277)
Railway Emission Trends in China Based on Fuel Life Cycle Analysis	TONG Hui, FAN Zhao-yang, LIANG Xiao-yu, <i>et al.</i>	(1287)
Pollution Characteristics of PM _{2.5} Chemical Composition in Zhejiang Province	ZHOU Jing-qing, YU Lei, CHEN Shu-xin, <i>et al.</i>	(1297)
Seasonal Variations, Size Distributions, and Sources of Chemical Components of Submicron Particulate Matter in Nanjing	XU Zhen-qi, SHANG Yue, DING Feng, <i>et al.</i>	(1310)
Seasonal Variations and Source Apportionment of Carbonaceous Components in Luoyang: Implication for Brown Carbon Contribution	YAN Guang-xuan, HOU Ming-yang, ZHANG Pu-zhen, <i>et al.</i>	(1319)
Establishment and Spatial Distribution of S/IVOCs Emission Inventory in Jiangsu Province in 2019	SONG Tong-ai, ZHANG Jia-ying, GUAN Lu, <i>et al.</i>	(1328)
Compositional Characteristics of Volatile Organic Compounds in Typical Industrial Areas of the Pearl River Delta: Importance of Oxygenated Volatile Organic Compounds	SONG Xin, YUAN Bin, WANG Si-hang, <i>et al.</i>	(1336)
Evolution and Characteristics of Full-process Vehicular VOCs Emissions in Tianjin from 2000 to 2020	SUN Lu-na, ZHONG Chong-zhi, SUN Shi-da, <i>et al.</i>	(1346)
Port-owned Mobile Source Air Pollutant Emission Inventory	XU Xiao-fan, WANG Bao-qing, WU Jun-cheng, <i>et al.</i>	(1357)
Simulation and Regulation of Sustainable Utilization of Water Resources in China Based on Improved Water Resources Ecological Footprint Model	OUYANG Xing-tao, LIAO Hao-yu, JIANG Qiu-xiang, <i>et al.</i>	(1368)
Occurrence Distribution and Risk Assessment of Organophosphate Esters in A Typical Area of the Estuary in the Yellow River Basin	CAO Miao, GUO Chang-sheng, ZHANG Heng, <i>et al.</i>	(1378)
Pollution Characteristics of Organochlorine Pesticides in Water and Sediments of Huixian Karst Wetland in Guilin	YU Yue, XING Xin-li, CHENG Cheng, <i>et al.</i>	(1387)
Risk Assessment and Source Analysis of Heavy Metal Pollution in Surface Sediments from Major River Systems in Maoming City, Guangdong Province	CHEN Xiao-xia, ZHANG Min, LI Bei, <i>et al.</i>	(1397)
Temporal-spatial Distribution and Health Risk Assessment of Heavy Metals in the Surface Water of Ningbo	XU Mei-juan, YANG Jia, REN Xiao-jing, <i>et al.</i>	(1407)
Analysis of Water Chemistry Characteristics and Hydraulic Relationships of Different Water Bodies in Typical Mountain-oasis Systems in the Northwest Inland Area	WANG Shi-yu, SUN Cong-jian, CHEN Wei, <i>et al.</i>	(1416)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Pore-water in the Middle and Upper Reaches of Muwen River	LIU Yuan-qing, ZHOU Le, LÜ Lin, <i>et al.</i>	(1429)
Spatial-temporal Variation in Groundwater Quality and the Contamination Source Analysis in Shihezi-Changji Area	DING Qi-zhen, ZHOU Jin-long, JI Yan-zhen, <i>et al.</i>	(1440)
Analysis of Mechanism and Start-up Thresholds of Seasonal Algal Blooms in a Northern Eutrophic Stratified Reservoir	WEN Cheng-cheng, HUANG Ting-lin, KONG Chang-hao, <i>et al.</i>	(1452)
Characteristics of Benthic Diatom Community Structure and Water Ecological Health Evaluation in the Lalin River Basin	SHAN Tao, YUAN An-long, HUANG Zi-rui, <i>et al.</i>	(1465)
Bacterioplankton Communities and Assembly Mechanisms in Wet Season of Lakes, Nanchang	GAO Peng-fei, WANG Peng, HUANG Yi, <i>et al.</i>	(1475)
Seasonal Variation and Influencing Factors of Bacterial Communities in Storage Reservoirs	DING Ning, YANG Ying-ying, WAN Nian-xin, <i>et al.</i>	(1484)
Vertical Distribution and Source Tracking Analysis of Bacteria Composition and Nitrogen Metabolism Function of a Typical Urban Inland River	TAN Qiu-yang, LÜ Jin-yan, BAI Xian-yu, <i>et al.</i>	(1497)
Contribution Analysis of External Source Pollution Load and Environmental Capacity Estimation of Reservoirs in Central Yunnan Plateau	GUO Yu-jing, LI Hong-bing, WANG Shu-ming, <i>et al.</i>	(1508)
Preparation of Narrow Pore Diameter Phosphorus Containing Cotton Stalk Carbon and Its Adsorption Mechanism for Tetracycline	ZENG Shao-yi, LI Kun-quan	(1519)
Preparation of High Specific Surface Thiourea Modified Peanut Shell Carbon and Adsorption of Tetracycline and Copper	MIN Bing-kun, LI Kun-quan	(1528)
Distribution Characteristics of Antibiotic Resistance Genes on Different Water Supply Pipes	LIU Chen-xu, BAI Xiao-hui	(1537)
Effects of Vegetation Restoration on Soil Organic Carbon Sequestration and Aggregate Stability in Water-Eroded Environment: A Meta-analysis	YANG Rui-zhe, YANG Shi-long, WENG Xi-zhe, <i>et al.</i>	(1542)
Effects of Warming and Fertilization on Soil Organic Carbon and Its Labile Components in Rice-wheat Rotation	DENG Xu-zhe, HAN Chen, XUE Li-xiang, <i>et al.</i>	(1553)
Horizontal Variation Characteristics of Alpine Grassland Soil Function and Vertical Changes Along Soil Genetic Horizons in the Three-River Headwaters Region	LI Bo-jian, SHEN Cong-cong, LIU Si-yi, <i>et al.</i>	(1562)
CH ₄ Fluxes and Their Comprehensive Greenhouse Effects with CO ₂ Fluxes in Direct-seeded Rice in Poyang Lake Plain	SHI Yuan-zhi, CUI Yuan-lai, CAI Shuo, <i>et al.</i>	(1572)
Vertical Pollution Characteristics and Source Analysis of Soil PAHs in Different Land Use Types	ZHOU Zhi-yan, ZHANG Xiu-xiu, WANG Fei, <i>et al.</i>	(1583)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Per- and Polyfluoroalkyl Substances and Emerging Alternatives in Road Dust, Shijiazhuang	LI Peng-fei, WANG Yuan, YANG Chen, <i>et al.</i>	(1593)
Spatial Distribution Characteristics and Assessment of Heavy Metal Pollution in Cultivated Soil of Agricultural Small Watershed in Typical Mining Area in South China	YANG Yu, GUO Ting-ting, LIU Xiao-li, <i>et al.</i>	(1602)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Heavy Metals in Vegetable Field in the Three Gorges Reservoir Area (Chongqing Section)	SHI Yu-jia, FANG Lin-fa, FANG Biao, <i>et al.</i>	(1611)
Accumulation Characteristics and Influencing Factors of Heavy Metals in Cultivated Land Surface Soil in Lanzhou	KANG Le, PENG Xin-bo, MA Yan-long, <i>et al.</i>	(1620)
Enrichment Characteristics, Source Apportionment, and Risk Assessment of Heavy Metals in the Industrial and Mining Area of Northern Guangdong Province	WANG Yue, MO Li, YU Xin-xiao, <i>et al.</i>	(1636)
Spatial Distribution Characteristics and Source Analysis of Heavy Metals in Soil of a Lead Plant in Sanmenxia	LU Xiao-hui, YU Fang-zhong, FAN Yi-ming, <i>et al.</i>	(1646)
Distribution Characteristics and Pollution Assessment of Heavy Metals in Soils of a Testing Range	WANG Shi-yu, LI Chun, ZHAO Hong-wei, <i>et al.</i>	(1657)
Effectiveness and Mechanisms of Chemical Leaching Combined with Electrokinetic Technology on the Remediation of Heavy Metal Contaminated Soil	MA Qiang, WEI Ze-bin, WU Qi-tang	(1668)
Emission Characteristics and Control of Heavy Metals in Secondary Copper Smelting Process	LIN Bing-cheng, WU Guang-long, ZHENG Ming-hui, <i>et al.</i>	(1678)
Heavy Metal Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Soil-crops System in Anhui Section of the Yangtze River Basin	LIU Hai, WEI Wei, HUANG Jian-min, <i>et al.</i>	(1686)
In-situ Remediation Effect of Cadmium-polluted Agriculture Land Using Different Amendments Under Rice-wheat Rotation	ZHANG Lu, TANG Chan, YU Hai-ying, <i>et al.</i>	(1698)
Effect and Persistent Effect of Thiolated Montmorillonite on Safe Production in Cadmium-contaminated Cropland	FENG Xian-cui, CHEN Ya-gang, JIAO Hong-peng, <i>et al.</i>	(1706)
Effects of Earthworm, Straw, and Citric Acid on the Remediation of Zn, Pb, and Cd Contaminated Soil by <i>Solanum photeinocarpum</i> and <i>Pterocypsla indica</i>	CHEN Min-ni, NIE Xiao-qi, ZHANG Xing-feng, <i>et al.</i>	(1714)
Availability of Se-rich Arable Land in High Geological Background Area and Suggestions for Zoning	WANG Rui, LI Yu, YU Jing, <i>et al.</i>	(1727)
Characteristics and Causes of Ge Enrichment in Vegetable Growing Areas of Beixintun Town, Zhangjiakou City	AN Yong-long, YIN Xiu-lan, JIN Ai-fang, <i>et al.</i>	(1735)
Structural Diversity and Its Temporal Variation in the Soil Bacterial Community Under Plantations of <i>Taxodium distichum</i> in the Riparian Zone of the Three Gorges Reservoir Area	TAN Xue, DONG Zhi, ZHANG Li-miao, <i>et al.</i>	(1748)
Effect of the Process of Returning Farmland to Forest in the Loess Hilly Area on Soil Fungal Communities	ZHANG Lei, WANG Qiang, YANG Xin-yue, <i>et al.</i>	(1758)
Effects of Chemical Fertilizer Reduction Substitute with Organic Fertilizer on Soil Functional Microbes and Lemon Yield and Quality	WANG Ying-yan, XIONG Zi-yi, LUO Dong-hai, <i>et al.</i>	(1768)
Dynamic Changes in Antibiotic Resistance Genes During Biological Fermentation of Chicken Manure and Pig Manure	ZHANG Dan, PENG Shuang, WANG Dan-qing, <i>et al.</i>	(1780)
Effects of Cow Manure Application on Soil Microbial Community in Farmland	ZHANG Ya-li, GUO Xiao-ming, HU Hui, <i>et al.</i>	(1792)