

目次

基于机器学习的珠三角秋季臭氧浓度预测	陈镇, 刘润, 罗征, 薛鑫, 汪瑶, 赵志军 (1)
粤港澳大湾区大气PM _{2.5} 浓度的遥感估算模型	代园园, 龚绍琦, 张存杰, 闵爱莲, 王海君 (8)
典型输送通道城市冬季PM _{2.5} 污染与传输变化特征	代武俊, 周颖, 王晓琦, 齐鹏 (23)
郑州市夏季PM _{2.5} 中二次无机组分污染特征及其影响因素	和兵, 杨洁茹, 徐艺斐, 袁明浩, 翟诗婷, 赵长民, 王申博, 张瑞芹 (36)
重庆典型城区冬季碳质气溶胶的污染特征及来源解析	彭超, 李振亮, 向英, 王晓宸, 汪凌韬, 张晟, 翟崇治, 陈阳, 杨复沐, 翟天宇 (48)
2022年8月成渝两地臭氧污染差异影响因素分析	陈木兰, 李振亮, 彭超, 邓也, 宋丹林, 谭钦文 (61)
2020年“三连击”台风对我国东部地区O ₃ 污染的影响分析	花丛, 尤媛, 王峰, 张碧辉 (71)
北京城区夏季VOCs初始体积分数特征及来源解析	张博韬, 景宽, 王琴, 安欣欣, 鹿海峰, 王陈婧, 王友峰, 刘保献 (81)
机动车减排降碳综合评价体系综述	范朝阳, 佟惠, 梁晓宇, 彭剑飞 (93)
基于LEAP模型的长三角某市碳达峰情景	杨峰, 张贵驰, 孙佑, 谢放尖, 揣小伟, 孙瑞玲 (104)
广东省船舶二氧化碳排放驱动因素与减排潜力	翁淑娟, 刘颖颖, 唐凤, 沙青娥, 彭勃, 王辉嘉, 陈诚, 张雪驰, 李京洁, 陈豪琪, 郑君瑜, 宋献中 (115)
给水厂典型工艺碳排放特征与影响因素	张翔宇, 胡建坤, 马凯, 高欣慰, 魏月华, 韩宏大, 李克勋 (123)
中国饮用水中砷的分布特征及基于伤残调整寿命年的健康风险评价	窦殿程, 齐媛, 肖淑敏, 苏高新, 郭宇新 (131)
太湖水体和沉积物中有机磷酸酯的时空分布和风险评价	张成诺, 钟琴, 栾博文, 周涛, 顾帆, 李伟飞, 邹华 (140)
水产养殖环境中农兽药物的污染暴露水平及其风险影响评价	张楷文, 张海燕, 孔聪, 顾润润, 田良良, 杨光昕, 王媛, 陈凤, 沈晓盛 (151)
长江朱沱断面磷浓度与通量变化及来源解析	姜保峰, 谢卫民, 黄波, 刘旻璇 (159)
珠江河口地表水锰氧化物对磷的“载-卸”作用	李睿, 梁作兵, 伍祺瑞, 杨晨晨, 田帝, 高磊, 陈建耀 (173)
富春江水库浮游植物功能群变化的成因	张萍, 王炜, 朱梦圆, 国超旋, 邹伟, 许海, 朱广伟 (181)
合浦盆地西部地区地下水水化学特征及形成机制	陈雯, 吴亚, 张宏鑫, 刘怀庆 (194)
新疆车尔臣河流域绿洲带地下水咸化与污染主控因素	李军, 欧阳宏涛, 周金龙 (207)
京津冀地区生态系统健康时空演变及其影响因素	李魁明, 王婉燕, 姚罗兰 (218)
近30年辽河三角洲生态系统服务价值时空演变及影响因素分析	王耕, 张芙蓉 (228)
光伏电站建设对陆地生态环境的影响:研究进展与展望	田政卿, 张勇, 刘向, 陈生云, 柳本立, 吴纪华 (239)
大兴安岭林草交错带植被NDVI时空演变及定量归因	石淞, 李文, 曲琛, 杨子仪 (248)
西南地区不同类型植被NPP时空演变及影响因素探究	徐勇, 郑志威, 孟禹弛, 盘钰春, 郭振东, 张炎 (262)
不同海拔梯度下极端气候事件对松花江流域植被NPP的影响	崔嵩, 贾朝阳, 郭亮, 付强, 刘东 (275)
基于InVEST与CA-Markov模型的昆明市碳储量时空演变与预测	帕茹克·吾斯曼江, 艾东, 方一舒, 张益宾, 李牧, 郝晋琨 (287)
基于PLUS-InVEST模型的酒泉市生态系统碳储量时空演变与预测	石晶, 石培基, 王梓洋, 程番苑 (300)
长江下游沿江平原土壤发育过程中碳库分配动态	胡丹阳, 张欢, 宿宝巍, 张娅璐, 王永宏, 纪佳辰, 杨洁, 高超 (314)
漓江流域喀斯特森林土壤有机碳空间分布格局及其驱动因子	申楷慧, 魏识广, 李林, 储小雪, 钟建军, 周景钢, 赵毅 (323)
不同土地利用方式对岩溶区土壤有机碳组分稳定性的影响	陈坚淇, 贾亚男, 贺秋芳, 江可, 陈畅, 叶凯 (335)
紫色土丘陵区坡地柑橘园土壤碳氮的空间分布特征	李子阳, 陈露, 赵鹏, 周明华, 郑静, 朱波 (343)
氮添加与凋落物处理对橡胶林砖红壤有机碳组分及酶活性的影响	薛欣欣, 任常琦, 罗雪华, 王文斌, 赵春梅, 张永发 (354)
重庆化肥投入驱动因素、减量潜力及环境效应分析	梁涛, 赵敬坤, 李红梅, 王妍, 曹中华, 张务帅, 王孝忠, 郭超仪, 石孝均, 陈新平 (364)
中国土壤中全氟和多氟烷基物质的分布、迁移及管控研究进展	刘浩然, 邢静怡, 任文杰 (376)
基于多源辅助变量和随机森林模型的耕地土壤重金属含量空间分布预测	解雪峰, 郭炜炜, 濮励杰, 缪源卿, 蒋国俊, 张建珍, 徐飞, 吴涛 (386)
基于源导向的农用地土壤重金属健康风险评估及优先控制因子分析	马杰, 葛森, 王胜蓝, 邓力, 孙静, 蒋月, 周林 (396)
铜陵某废弃硫铁矿矿区土壤重金属污染特征及来源解析	李如忠, 刘宇昊, 黄言欢, 吴鸿飞 (407)
天水市主城区公交站地表灰尘重金属来源解析及污染评价	李春艳, 王新民, 王海, 吕晓斌 (417)
基于大田试验的土壤-水稻镉对不同调理剂的响应	唐乐斌, 刘新彩, 宋波, 马丽钧, 黄凤艳 (429)
腐殖质活性组分对土壤镉有效性的调控效应与水稻安全临界阈值	胡秀芝, 宋毅, 王天雨, 蒋珍芬, 魏世强 (439)
生物炭与铁钙材料对镉砷复合污染农田土壤的修复	吴秋产, 吴骥子, 赵科理, 连斌, 袁峰, 孙洪, 田欣 (450)
人体微塑料污染特征及健康风险研究进展	马敏东, 赵洋尘, 朱龙, 王伟平, 康玉麟, 安立会 (459)
聚苯乙烯微塑料联合镉污染对土壤理化性质和生菜(<i>Lactuca sativa</i>)生理生态的影响	牛佳瑞, 邹勇军, 简敏菲, 黄楚红, 李金燕, 穆霞, 刘淑丽 (470)
转录组分析植物促生细菌缓解高粱微塑料和重金属复合污染胁迫机制	刘泳岐, 赵超禹, 任学敏, 李玉英, 张英君, 张浩, 韩辉, 陈兆进 (480)
微塑料对土壤中养分和镉淋失的影响	赵群芳, 褚龙威, 丁原红, 王发园 (489)
微塑料和非对土壤化学性质、酶活性及微生物群落的影响	刘沙沙, 秦建桥, 吴贤格 (496)
民勤荒漠绿洲过渡带人工梭梭林土壤细菌群落结构及功能预测	王安林, 马瑞, 马彦军, 吕彦勋 (508)
不同灌溉水盐度下土壤真菌群落对生物炭施用的响应	郑志玉, 郭晓雯, 闵伟 (520)
厨余垃圾有机肥对土壤微生物活性及功能的影响	刘美灵, 汪益民, 金文豪, 王永冉, 王嘉和, 柴一博, 彭丽媛, 秦华 (530)
土壤真菌群落结构对辣椒长期连作的响应特征	陈芬, 余高, 王谢丰, 李廷亮, 孙约兵 (543)
叶面喷施硅肥对再生水灌溉水稻叶际细菌群落结构及功能基因的影响	梁胜贤, 刘春成, 胡超, 崔二苹, 李中阳, 樊向阳, 崔丙健 (555)
昌黎县海域细菌群落和抗生素抗性基因分析	王秋水, 程波, 刘悦, 邓婕, 徐岩, 孙朝徽, 袁立艳, 左嘉, 司飞, 高丽娟 (567)
基于高通量定量PCR与高通量测序技术研究城市湿地公园抗生素抗性基因污染特征	黄福义, 周曙屹, 潘婷, 周昕原, 苏建强, 张炯 (576)
城区第四系沉积柱中抗生素的垂向分布特征及环境影响因素	刘可, 童蕾, 甘翠, 王逸文, 张嘉越, 何军 (584)
氢氧化钾改性玉米秸秆生物炭对水中土霉素的吸附特性及机制	刘总堂, 孙玉凤, 费正皓, 沙新龙, 温小菊, 钱彬彬, 陈建, 谷成刚 (594)
CO ₂ 气氛热解与硝酸改性的生物炭Pb ²⁺ 吸附性能对比	江豪, 陈瑞芝, 朱自洋, 王琳, 段文斌, 陈芳媛 (606)

目次

基于机器学习的珠三角秋季臭氧浓度预测	陈镇, 刘润, 罗征, 薛鑫, 汪瑶, 赵志军 (1)
粤港澳大湾区大气PM _{2.5} 浓度的遥感估算模型	代园园, 龚绍琦, 张存杰, 闵爱莲, 王海君 (8)
典型输送通道城市冬季PM _{2.5} 污染与传输变化特征	代武俊, 周颖, 王晓琦, 齐鹏 (23)
郑州市夏季PM _{2.5} 中二次无机组分污染特征及其影响因素	和兵, 杨洁茹, 徐艺斐, 袁明浩, 翟诗婷, 赵长民, 王申博, 张瑞芹 (36)
重庆典型城区冬季碳质气溶胶的污染特征及来源解析	彭超, 李振亮, 向英, 王晓宸, 汪凌韬, 张晟, 翟崇治, 陈阳, 杨复沐, 翟天宇 (48)
2022年8月成渝两地臭氧污染差异影响因素分析	陈木兰, 李振亮, 彭超, 邓也, 宋丹林, 谭钦文 (61)
2020年“三连击”台风对我国东部地区O ₃ 污染的影响分析	花丛, 尤媛, 王峰, 张碧辉 (71)
北京城区夏季VOCs初始体积分数特征及来源解析	张博韬, 景宽, 王琴, 安欣欣, 鹿海峰, 王陈婧, 王友峰, 刘保献 (81)
机动车减排降碳综合评价体系综述	范朝阳, 佟惠, 梁晓宇, 彭剑飞 (93)
基于LEAP模型的长三角某市碳达峰情景	杨峰, 张贵驰, 孙佑, 谢放尖, 揣小伟, 孙瑞玲 (104)
广东省船舶二氧化碳排放驱动因素与减排潜力	翁淑娟, 刘颖颖, 唐凤, 沙青娥, 彭勃, 王辉嘉, 陈诚, 张雪驰, 李京洁, 陈豪琪, 郑君瑜, 宋献中 (115)
给水厂典型工艺碳排放特征与影响因素	张翔宇, 胡建坤, 马凯, 高欣慰, 魏月华, 韩宏大, 李克勋 (123)
中国饮用水中砷的分布特征及基于伤残调整寿命年的健康风险评估	窦殿程, 齐媛, 肖淑敏, 苏高新, 郭宇新 (131)
太湖水体和沉积物中有机磷酸酯的时空分布和风险评估	张成诺, 钟琴, 栾博文, 周涛, 顾帆, 李伟飞, 邹华 (140)
水产养殖环境中农兽药物的污染暴露水平及其风险影响评价	张楷文, 张海燕, 孔聪, 顾润润, 田良良, 杨光昕, 王媛, 陈凤, 沈晓盛 (151)
长江朱沱断面磷浓度与通量变化及来源解析	姜保峰, 谢卫民, 黄波, 刘旻璇 (159)
珠江河口地表水锰氧化物对磷的“载-卸”作用	李睿, 梁作兵, 伍祺瑞, 杨晨晨, 田帝, 高磊, 陈建耀 (173)
富春江水库浮游植物功能群变化的成因	张萍, 王炜, 朱梦圆, 国超旋, 邹伟, 许海, 朱广伟 (181)
合浦盆地西部地区地下水水化学特征及形成机制	陈雯, 吴亚, 张宏鑫, 刘怀庆 (194)
新疆车尔臣河流域绿洲带地下水咸化与污染主控因素	李军, 欧阳宏涛, 周金龙 (207)
京津冀地区生态系统健康时空演变及其影响因素	李魁明, 王婉燕, 姚罗兰 (218)
近30年辽河三角洲生态系统服务价值时空演变及影响因素分析	王耕, 张芙蓉 (228)
光伏电站建设对陆地生态环境的影响: 研究进展与展望	田政卿, 张勇, 刘向, 陈生云, 柳本立, 吴纪华 (239)
大兴安岭林草交错带植被NDVI时空演变及定量归因	石淞, 李文, 曲琛, 杨子仪 (248)
西南地区不同类型植被NPP时空演变及影响因素探究	徐勇, 郑志威, 孟禹弛, 盘钰春, 郭振东, 张炎 (262)
不同海拔梯度下极端气候事件对松花江流域植被NPP的影响	崔嵩, 贾朝阳, 郭亮, 付强, 刘东 (275)
基于InVEST与CA-Markov模型的昆明市碳储量时空演变与预测	帕茹克·吾斯曼江, 艾东, 方一舒, 张益宾, 李牧, 郝晋琨 (287)
基于PLUS-InVEST模型的酒泉市生态系统碳储量时空演变与预测	石晶, 石培基, 王梓洋, 程番苑 (300)
长江下游沿江平原土壤发育过程中碳库分配动态	胡丹阳, 张欢, 宿宝巍, 张娅璐, 王永宏, 纪佳辰, 杨洁, 高超 (314)
漓江流域喀斯特森林土壤有机碳空间分布格局及其驱动因子	申楷慧, 魏识广, 李林, 储小雪, 钟建军, 周景钢, 赵毅 (323)
不同土地利用方式对岩溶区土壤有机碳组分稳定性的影响	陈坚淇, 贾亚男, 贺秋芳, 江可, 陈畅, 叶凯 (335)
紫色土丘陵区坡地柑橘园土壤碳氮的空间分布特征	李子阳, 陈露, 赵鹏, 周明华, 郑静, 朱波 (343)
氮添加与凋落物处理对橡胶林砖红壤有机碳组分及酶活性的影响	薛欣欣, 任常琦, 罗雪华, 王文斌, 赵春梅, 张永发 (354)
重庆化肥投入驱动因素、减量潜力及环境效应分析	梁涛, 赵敬坤, 李红梅, 王妍, 曹中华, 张务帅, 王孝忠, 郭超仪, 石孝均, 陈新平 (364)
中国土壤中全氟和多氟烷基物质的分布、迁移及管控研究进展	刘浩然, 邢静怡, 任文杰 (376)
基于多源辅助变量和随机森林模型的耕地土壤重金属含量空间分布预测	解雪峰, 郭炜炜, 濮励杰, 缪源卿, 蒋国俊, 张建珍, 徐飞, 吴涛 (386)
基于源导向的农用地土壤重金属健康风险评估及优先控制因子分析	马杰, 葛森, 王胜蓝, 邓力, 孙静, 蒋月, 周林 (396)
铜陵某废弃疏铁矿区土壤重金属污染特征及来源解析	李如忠, 刘宇昊, 黄言欢, 吴鸿飞 (407)
天水市主城区公交站地表灰尘重金属来源解析及污染评价	李春艳, 王新民, 王海, 吕晓斌 (417)
基于大田试验的土壤-水稻镉对不同调理剂的响应	唐乐斌, 刘新彩, 宋波, 马丽钧, 黄凤艳 (429)
腐殖质活性组分对土壤镉有效性的调控效应与水稻安全临界阈值	胡秀芝, 宋毅, 王天雨, 蒋珍芳, 魏世强 (439)
生物炭与铁钙材料对镉砷复合污染农田土壤的修复	吴秋产, 吴骥子, 赵科理, 连斌, 袁峰, 孙洪, 田欣 (450)
人体微塑料污染特征及健康风险研究进展	马敏东, 赵洋尘, 朱龙, 王伟平, 康玉麟, 安立会 (459)
聚苯乙烯微塑料联合镉污染对土壤理化性质和生菜(<i>Lactuca sativa</i>)生理生态的影响	牛佳瑞, 邹勇军, 简敏菲, 黄楚红, 李金燕, 穆霞, 刘淑丽 (470)
转录组分析植物促生细菌缓解高粱微塑料和重金属复合污染胁迫机制	刘泳岐, 赵超禹, 任学敏, 李玉英, 张英君, 张浩, 韩辉, 陈兆进 (480)
微塑料对土壤中养分和镉淋失的影响	赵群芳, 褚龙威, 丁原红, 王发园 (489)
微塑料和非对土壤化学性质、酶活性及微生物群落的影响	刘沙沙, 秦建桥, 吴贤格 (496)
民勤荒漠绿洲过渡带人工梭梭林土壤细菌群落结构及功能预测	王安林, 马瑞, 马彦军, 吕彦勋 (508)
不同灌溉水盐度下土壤真菌群落对生物炭施用的响应	郑志玉, 郭晓雯, 闵伟 (520)
厨余垃圾有机肥对土壤微生物活性及功能的影响	刘美灵, 汪益民, 金文豪, 王永冉, 王嘉和, 柴一博, 彭丽媛, 秦华 (530)
土壤真菌群落结构对辣椒长期连作的响应特征	陈芬, 余高, 王谢丰, 李廷亮, 孙约兵 (543)
叶面喷施硅肥对再生水灌溉水稻叶际细菌群落结构及功能基因的影响	梁胜贤, 刘春成, 胡超, 崔二苹, 李中阳, 樊向阳, 崔丙健 (555)
昌黎县海域细菌群落和抗生素抗性基因分析	王秋水, 程波, 刘悦, 邓婕, 徐岩, 孙朝徽, 袁立艳, 左嘉, 司飞, 高丽娟 (567)
基于高通量定量PCR与高通量测序技术研究城市湿地公园抗生素抗性基因污染特征	黄福义, 周曙屹, 潘婷, 周昕原, 苏建强, 张炯 (576)
城区第四系沉积柱中抗生素的垂向分布特征及环境影响因素	刘可, 童蕾, 甘翠, 王逸文, 张嘉越, 何军 (584)
氢氧化钾改性玉米秸秆生物炭对水中土霉素的吸附特性及机制	刘总堂, 孙玉凤, 费正皓, 沙新龙, 温小菊, 钱彬彬, 陈建, 谷成刚 (594)
CO ₂ 气氛热解与硝酸改性的生物炭Pb ²⁺ 吸附性能对比	江豪, 陈瑞芝, 朱自洋, 王琳, 段文斌, 陈芳媛 (606)

土壤真菌群落结构对辣椒长期连作的响应特征

陈芬¹, 余高^{1*}, 王谢丰¹, 李廷亮², 孙约兵³

(1. 铜仁学院贵州省梵净山地区生物多样性保护与利用重点实验室, 铜仁 554300; 2. 山西农业大学资源环境学院, 晋中 030801; 3. 农业农村部产地环境污染防治重点实验室, 天津市农业环境与农产品安全重点实验室, 天津 300191)

摘要: 通过研究辣椒长期连作对土壤真菌群落结构特征的影响, 揭示连作障碍机制, 以期对辣椒产地生态安全和产业可持续发展提供理论依据. 以铜仁市某蔬菜大棚种植基地辣椒连作土壤为研究对象, 采用 Illumina MiSeq 高通量测序方法分析了农田土壤真菌多样性和群落结构, 探讨了土壤理化性质和真菌群落特征对长期辣椒连作的响应, 采用典范对应分析(CCA)和相关性网络分析了土壤真菌群落结构与环境因子的互作关系. 结果表明, 土壤 pH 和有机质(OM)含量随着连作年限的延长而降低, 全磷(TP)和有效磷(AP)含量随着连作年限的增加而增加, 水解氮(AN)和速效钾(AK)含量呈先降低后上升的趋势, 全氮(TN)和全钾(TK)含量变化则不明显. 长期连作先降低后提高 Chao1 指数和 Observed species 指数, 降低了 Shannon 指数和 Simpson 指数. 在门水平上被孢霉门(Mortierellomycota)的相对丰度随着连作年限的延长而降低, 子囊菌门(Ascomycota)呈先增加后降低的趋势, 担子菌门(Basidiomycota)则呈先降低后增加的趋势. 在属水平上植物病原菌镰刀菌属(*Fusarium*)的相对丰度随着连作年限的延长而增加, 有益菌被孢霉属(*Mortierella*)和青霉属(*Penicillium*)则呈逐渐降低趋势. 此外, 长期连作还使土壤真菌共生网络变得简单. CCA 结果表明, pH、OM、TN、AN、AP 和 AK 是连作土壤真菌群落结构组成的主要环境因子, 相关性网络分析结果显示, pH、OM、TN、TP、TK、AN、AP 和 AK 是 *Fusarium*、瓶毛壳属(*Lophotrichus*)、*Penicillium*、*Mortierella*、毛葡萄属(*Botryotrichum*)、圆孢霉属(*Staphylotrichum*)、小不整球壳属(*Plectosphaerella*)和顶孢霉属(*Acremonium*)等真菌群落结构的主要环境因子. 综上所述, 连作改变了土壤的理化性质, 影响了土壤真菌群落的多样性和群落结构, 改变了微生物间的互作关系, 破坏了土壤的微生态平衡, 可能是导致辣椒连作障碍的主要原因.

关键词: 辣椒; 连作; 真菌群落结构; 环境因子; 典范对应分析(CCA); 相关性网络分析

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2024)01-0543-12 DOI: 10.13227/j.hjxx.202303078

Response Characteristics of Soil Fungal Community Structure to Long-term Continuous Cropping of Pepper

CHEN Fen¹, YU Gao^{1*}, WANG Xie-feng¹, LI Ting-liang², SUN Yue-bing³

(1. Guizhou Provincial Key Laboratory for Biodiversity Conservation and Utilization in the Fanjing Mountain Region, Tongren University, Tongren 554300, China; 2. College of Resources and Environment, Shanxi Agricultural University, Jinzhong 030801, China; 3. Key Laboratory of Original Agro-Environmental Pollution Prevention and Control, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Tianjin Key Laboratory of Agro-Environment and Safe-Product, Tianjin 300191, China)

Abstract: This study aimed to clarify the effect of long-term continuous cropping of pepper on soil fungal community structure, reveal the mechanism of continuous cropping obstacles, and provide a theoretical basis for the ecological safety and sustainable development of pepper industry. We took the pepper continuous cropping soil in the vegetable greenhouse planting base of Tongren City as the research object. The diversity and community structure of fungi in farmland soil were analyzed using Illumina MiSeq high-throughput sequencing, the responses of soil physio-chemical properties and fungal community characteristics to long-term continuous pepper cropping were discussed, and the relationships between the characteristics of fungal community structure and environmental factors were determined using CCA and correlation network analysis. The results showed that with the extension of pepper continuous cropping years, the soil pH value and organic matter (OM) content decreased, total phosphorus (TP) and available phosphorus (AP) contents increased, hydrolyzed nitrogen (AN) and available potassium (AK) contents decreased first and then increased, and total nitrogen (TN) and total potassium (TK) contents did not change significantly. Long-term continuous cropping decreased the Chao1 index and observed species index and decreased the Shannon index and Simpson index. The change in continuous cropping years had a significant effect on the relative abundance of soil fungal dominant flora. At the phylum level, the relative abundance of Mortierellomycota decreased with the extension of pepper continuous cropping years, the relative abundance of Ascomycota increased first and then decreased, and the relative abundance of Basidiomycota decreased first and then increased. At the genus level, with the increasing of pepper continuous cropping years, the relative abundance of *Fusarium* increased, and the relative abundance of *Mortierella* and *Penicillium* decreased. In addition, long-term continuous cropping simplified the soil fungal symbiosis network. CCA analysis indicated that pH, OM, TN, AN, AP, and AK were the driving factors of soil fungal community structure, and correlation network analysis showed that pH, OM, TN, TP, TK, AN, AP, and AK were the driving factors of soil fungal community structure, including *Fusarium*, *Lophotrichus*, *Penicillium*, *Mortierella*, *Botryotrichum*, *Staphylotrichum*, *Plectosphaerella*, and *Acremonium*. In conclusion, continuous cropping changed the soil physical and chemical properties, affected the diversity and community structure of the soil fungal community, changed the interaction between microorganisms, and destroyed the microecological balance of the soil, which might explain obstacles associated with continuous cropped pepper.

Key words: pepper; continuous cropping; fungal community structure; environmental factors; canonical correlation analysis(CCA); correlation network analysis

收稿日期: 2023-03-08; 修订日期: 2023-04-03

基金项目: 贵州省梵净山地区生物多样性保护与利用重点实验室项目(黔科合平台人才[2020]2003); 铜仁市科学技术局计划项目(铜市科研[2021]72号); 铜仁市科技局产学研合作平台项目(铜市科研[2021]33号); 国家级大学生创新创业训练计划项目(202210665014)

作者简介: 陈芬(1987~), 女, 博士, 教授, 主要研究方向为逆境微生物资源与生态, E-mail: chenfen2018@126.com

* 通信作者, E-mail: http://www.yu1014@sina.com

辣椒(*Capsicum annuum* L.)是双子叶植物纲、茄科、辣椒属,为一年或有限多年生草本植物,在我国南北各地均有广泛种植^[1,2]。贵州辣椒种植面积和产量均位居全国首位,近年来随着辣椒设施栽培面积的不断扩大,农药和化肥使用量的不断增加,而有机肥却供应不足,最终导致辣椒田土壤生产力降低、病虫害加剧、农药残留超标、辣椒质量和生产效益下降等问题,辣椒连作障碍已成为制约贵州省辣椒产业稳定发展的瓶颈。

连作障碍是指在正常的栽培管理条件下,同一作物或同科作物在同一块土壤上连续种植两茬或两茬以上后,作物会出现不同程度发育不良、生长缓慢、病虫害频发以及作物产量和品质出现降低等现象^[3]。有研究表明土壤养分失调、理化性质恶化、自毒物质累积和土壤微生物菌群失调等是引起连作障碍的主要原因^[4]。如在党参的长期连作过程中,根际土壤 pH 值下降,盐分积累,有机碳(SOC)、全磷(TN)、全磷(TP)和微生物生物量碳氮比(MBC/MBN)增加,微生物熵(q_{MB})和土壤呼吸熵(q_{CO_2})降低,进而改变了土壤细菌和真菌群落结构特征,破坏了土壤中微生物群落的稳定性,从而引起连作障碍的发生^[5]。此外,作物连作会抑制有益微生物生长繁殖,促进植物病原菌的累积,加重土传病害,最终导致作物产量和品质下降^[5]。如光果甘草连作显著地降低有益菌节杆菌属(*Arthrobacter*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)和 *Naganishia* 的相对丰度,而增加了病原真菌镰刀菌属(*Fusarium*)和亡草菌属(*Thanatephorus*)的相对丰度^[3]。而甜菜多年连作后其根系退化,腐烂褐变,植株发黄枯萎甚至死亡^[6]。目前,阻控连作障碍的措施主要包括:土壤养分调控、自毒物质消除、微生物调控和多样性种植^[7]。其中,多样性种植是一种综合调控措施,其本质是通过构建多样性种植模式,改变土壤微生物群落结构,发展强化土壤微生物组功能等手段来缓解或消除作物连作障碍因子^[7]。由此可见,土壤微生物对连作障碍的防治及减缓有重要的意义。近年来,随着高通量测序技术的发展,土壤微生物与连作实践间的相互作用已成为研究热点^[8]。真菌是土壤生态系统的重要组成部分,主要包含有益真菌和病原真菌,有益真菌可促进作物对营养元素的摄取,相较于细菌而言,能更好地降解复杂化合物;病原菌可入侵植物的根、茎、叶等组织器官,引起植物病害,造成农作物减产或品质下降^[9]。有研究发现^[10,11],连作是使土壤由高肥力的“细菌型”向低肥力的“真菌型”演变,因此,真菌对于连作障碍的减缓或消除至关重要。目前,关于设施条件下大豆^[12]和黄瓜^[13]等作物连作土壤真菌群落组成及结构变化的研究已被陆

续报道,但由于土壤连作障碍形成的原因复杂多样,且具有较高的物种特异性^[7],导致不同农作物土壤连作产生的微生物机制存在较大差异。辣椒连作造成土壤理化性质劣变,微生物群落结构失衡,明确辣椒连作年限-土壤环境因子-真菌群落结构三者之间的关系可以为缓解辣椒连作障碍提供一定的科学依据,但目前关于辣椒长期连作条件下,三者之间关系研究的报道较少。

综上,本文以铜仁市江口县坝盘镇挂扣村蔬菜大棚种植基地辣椒连作土壤为研究对象,采用 MiSeq 高通量测序方法,分析其真菌群落结构的变化,探究真菌群落结构特征及其内在联系,探讨真菌群落结构与环境因子的互作关系,从微生态系统变化的角度阐明辣椒连作障碍发生的原因,揭示辣椒连作产生的微生物学机制,以期建立辣椒连作障碍绿色防控和保持土壤生态平衡提供科学理论依据。

1 材料与方法

1.1 实验地概况

本实验地位于贵州省铜仁市江口县坝盘镇挂扣村蔬菜大棚种植基地(109°02'E, 27°46'N),该地区属亚热带季风湿润气候区,气候特点是四季分明,年均气温 16.2℃,年均日照时数 1 257.3 h,无霜期 288 d,年均降水量 1 369.6 mm,年均相对湿度 81%,受梵净山的影响,小气候特点突出,适合辣椒种植。辣椒种植为一年两季,种植茬口分别为春提早和秋延后,辣椒种植过程中每茬施用商品有机肥 1 200 kg·hm⁻²(由贵州鸿洋生物有机肥有限公司提供,其中有机质含量 65%,氮磷钾总养分含量 12.7%),复合肥(N:P₂O₅:K₂O = 15:15:15)900 kg·hm⁻²(由中化化肥有限公司提供)。在辣椒进入坐果期后,每 7 d 喷施高磷型水溶肥(N:P₂O₅:K₂O = 12:45:10)600 kg·hm⁻²,其他田间管理措施均与当地生产管理遵循一致。研究区当季种植辣椒品种为“明椒系列”。

1.2 样品采集与处理

于 2022 年 8 月中旬在辣椒结果盛期,采集研究区连作 1 a、3 a 和 5 a 的辣椒土壤样品,同时以种植区未定植辣椒的土壤为对照(CK)。

在每块样地中随机设置 3 个采样点,相邻样点间距为 20 m,每个采样点设置 2 m×2 m 的样方,每个样方内均采用五点取样法采集 0~20 cm 土层的土壤样品 500 g 左右(取样点距辣椒根系 5~8 cm),4 个处理共收集 12 个土壤样品。将土壤样品装入密封袋,迅速带回实验室,一部分保存于-80℃冰箱中用于土壤微生物的分析;一部分样品经自然风干后用于土壤理化指标的测定。

1.3 土壤基本理化指标

土壤理化指标的测定参照鲍士旦^[14]的测定方法。

1.4 土壤 DNA 提取、扩增、测序和生物信息学分析

土壤微生物的高通量测序委托上海派森诺生物科技股份有限公司完成。称取 0.5 g 土壤,利用试剂盒 E. Z. N. A™ Mag-Bind(OMEGA M5635-02,美国)提取 DNA,采用 Quantifluor-ST fluorometer 荧光分光光度计(E6090,美国)和 1.2% 的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的浓度及质量。使用真菌通用引物(ITS5FGG AAGTAAAGTCGTAACAAGG; ITS2RGCTGCGTTCT TCATCGATGC)对真菌 ITS1 区域进行 PCR 扩增^[15]。基于 ITS rRNA 序列对 PCR 产物进行纯化、定量和均一化构建文库并在 LabChip 上进行质检,质检合格的文库用 Illumina MiSeq platform 测序。使用 DADA2^[16]对原始测序序列进行引物去除、质量过滤、去噪、拼接和去嵌合体等步骤,然后采用 100% 相似度聚类,并且基于 Unite 数据库^[17]进行真菌物种注释。

1.5 数据处理

采用 Excel 2013 和 SPSS 25.0 对数据进行处理和分析,采用单因素方差分析(ANOVA)和多重比较法

(Duncan)进行差异显著性分析。

基于 Bray-Curtis 距离的非度量多维标度(NMDS)排序和相似性分析(ANOSIM)判别不同连作年限土壤真菌群落的差异性;用 LEfSe 分析从门到属 5 个分类水平的真菌显著差异类群(LDA 得分 > 3.6 , $P < 0.05$);采用 Spearman 秩进行共发生网络分析,以每个样本的土壤真菌 ASVs 作为样本源,强相关性(Spearman's $r > |0.8|$)和极显著相关($P < 0.01$)为依据探讨共发生模式^[8],共生网络分析的可视化使用 Gephi 0.9.2 进行绘图;采用典范对应分析(CCA)和关联网络分析土壤真菌群落与环境因子间的关系。数据的分析及绘图利用 R(4.1.0)的 vegan 包、microeco 包和 psych 包实现(特别说明除外)。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质分析

由表 1 可知,随着连作年限的延长,土壤 pH 和 OM 含量呈逐年下降趋势;TP 和 AP 含量呈逐年上升趋势;AN 和 AK 含量呈先降低后上升的趋势;TN 和 TK 含量变化不明显。较 CK 处理,连作土壤降低了土壤 pH 值,提高了土壤 OM 和养分含量。

表 1 土壤基本理化性质¹⁾

Table 1 Physical and chemical properties of experimental soil

项目	CK	连作 1 a	连作 3 a	连作 5 a
pH	6.54 ± 0.01a	6.33 ± 0.03b	6.26 ± 0.04c	5.98 ± 0.01d
$\omega(\text{OM})/\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	19.67 ± 0.76b	21.87 ± 0.91a	20.52 ± 0.40ab	20.28 ± 0.78b
$\omega(\text{TN})/\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	1.52 ± 0.11b	1.66 ± 0.07ab	1.74 ± 0.08a	1.77 ± 0.04a
$\omega(\text{TP})/\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	0.59 ± 0.03b	0.65 ± 0.07b	0.77 ± 0.05a	0.83 ± 0.04a
$\omega(\text{TK})/\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	20.74 ± 0.49b	22.56 ± 0.67a	21.69 ± 0.78ab	21.78 ± 0.91ab
$\omega(\text{AN})/\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	74.61 ± 5.07d	112.93 ± 8.82b	93.31 ± 3.57c	129.85 ± 2.79a
$\omega(\text{AP})/\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	60.19 ± 9.76c	73.11 ± 6.95bc	82.68 ± 4.25ab	93.16 ± 5.19a
$\omega(\text{AK})/\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	355.26 ± 17.83c	463.32 ± 35.37ab	420.17 ± 42.56b	521.97 ± 27.11a

1)同行中不同小写字母表示在 $P < 0.05$ 水平上差异显著

2.2 土壤真菌多样性分析

各样本的覆盖度指数均大于 99%,说明土样中基因序列被检出的概率很高,取样基本合理,能够真实有效地反映土壤样本的真菌群落。由表 2 可知,随着连作年限的延长,土壤真菌群落丰富度(Chao1 指数和 Observed species 指数)呈先降低后增加的趋势,

多样性(Shannon 指数和 Simpson 指数)呈逐年降低的趋势。与 CK 处理相比,连作会显著降低土壤真菌群落的多样性,但对丰富度的影响不明显。

韦恩图能够直观反映土壤真菌群落 ASVs 组成的差异性及重叠关系。由图 1 可以看出,CK、连作 1 a、连作 3 a 和连作 5 a 土壤样品中的真菌 ASVs 数量

表 2 土壤真菌群落多样性指数¹⁾

Table 2 Alpha diversity indexes of soil fungal community

年限	Chao1 指数	Observed species 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	覆盖度/%
CK	567.71 ± 32.16b	564.63 ± 45.92b	6.96 ± 0.20a	0.97 ± 0.01a	99.98 ± 0.01a
连作 1 a	451.00 ± 20.73c	448.70 ± 20.62c	5.93 ± 0.26b	0.95 ± 0.02a	99.99 ± 0.00a
连作 3 a	400.41 ± 5.79c	398.67 ± 22.57c	5.81 ± 0.86b	0.91 ± 0.08ab	99.99 ± 0.00a
连作 5 a	648.80 ± 76.17a	641.90 ± 26.10a	4.94 ± 0.56c	0.83 ± 0.04b	99.97 ± 0.01a

1)同列中不同小写字母表示在 $P < 0.05$ 水平上差异显著

在 587~1 514 个之间,土壤 ASVs 数量从高到低依次为:连作 5 a>CK>连作 1 a>连作 3 a,有共同的真菌 ASVs 数量 36 个. 连作 1 a、连作 3 a 和连作 5 a 土壤样品中有共同的 ASVs 数量 70 个,分别占 ASVs 总数的 7.61%、13.63% 和 5.28%. 连作 1 a、连作 3 a 和连作 5 a 各自特有的 ASVs 数量分别为 718、408 和 1 158 个,占 ASVs 总数的 68.32%、69.51% 和 76.49%. 说明不同连作年限的土壤 ASVs 存在差异,连作会促进特有真菌物种的生产,且随着连作年限的延长,这一比例呈逐年增高趋势.

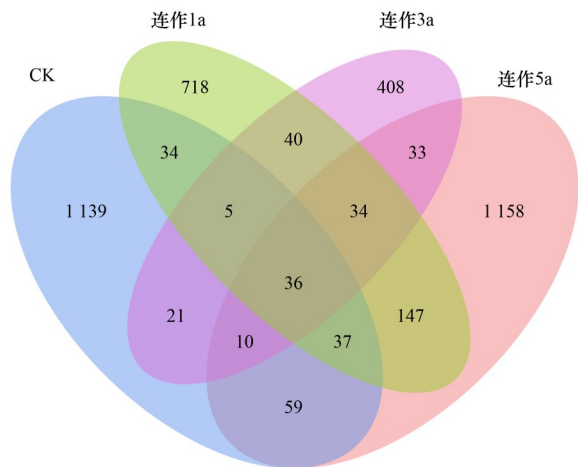


图1 土壤真菌 ASVs 的韦恩图
Fig. 1 Venne diagram of ASVs number of soil fungi

NMDS 分析揭示了不同连作年限土壤真菌群落的变化(图 2). 模型的应力函数(stress)值为 0.075 1 (<0.2),表明排序效果良好,且同一连作年限的样方间表现出明显的聚集,不同连作年限的样方间表现出明显的分散,说明土壤真菌群落在不同连作年限下差异明显. 此结果在相似性分析(ANOSIM)中得到进一步的验证,分析结果显示不同连作年限间土壤真菌群落差异显著($R = 0.957, P = 0.001$),进一步说明连作年限是决定真菌群落差异的重要因素.

2.3 土壤真菌群落结构分析

所采集土壤样本共检测到真菌 10 门、17 纲、35 目、55 科和 80 属. 根据注释结果,分别选取门的分类单元和大多数序列可以注释最低分类单元(属)的结果进行统计分析.

2.3.1 门水平真菌群落结构特征

由图 3 可见,土壤真菌优势门类为子囊菌门

表 3 不同连作年限土壤真菌优势菌门的相对丰度¹⁾/%

Table 3 Relative abundance of dominant phyla of soil fungi in different continuous cropping years/%

项目	CK	连作 1 a	连作 3 a	连作 5 a
Ascomycota	54.04 ± 2.19c	49.98 ± 5.12c	76.02 ± 2.51a	67.71 ± 5.20b
Mortierellomycota	1.92 ± 0.10c	26.60 ± 5.96a	13.62 ± 2.32b	11.67 ± 1.66b
Basidiomycota	5.04 ± 1.13a	3.12 ± 0.62b	1.01 ± 0.13c	1.89 ± 0.61bc

1)同行中不同小写字母表示在 $P < 0.05$ 水平上差异显著

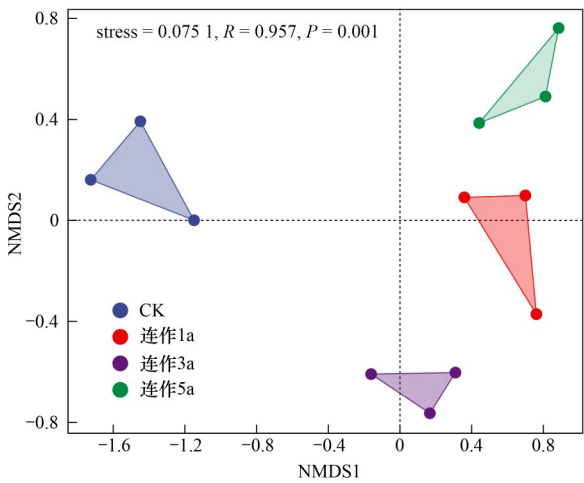


图2 基于 Bray-Curtis 距离的连作土壤真菌群落非度量多维尺度分析(NMDS)

Fig. 2 Non-metric multidimensional scaling (NMDS) of soil fungal communities in continuous cropping soil based on Bray-Curtis distance

(Ascomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)和担子菌门(Basidiomycota)(平均相对丰度 > 1%). 其中, Mortierellomycota 的相对丰度随着连作年限的延长而降低; Ascomycota 的相对丰度呈先增加后降低的趋势;而 Basidiomycota 的相对丰度则呈先降低后增加的趋势(表 3). 较 CK 处理,连作会显著增加土壤 Mortierellomycota 的相对丰度,降低 Basidiomycota 的相对丰度,但对 Ascomycota 相对丰度的影响不明显.

2.3.2 属水平真菌群落结构特征

由图 4 可见,土壤真菌优势菌属为被孢霉属(Mortierella)、Fusarium、顶孢霉属(Acremonium)、青

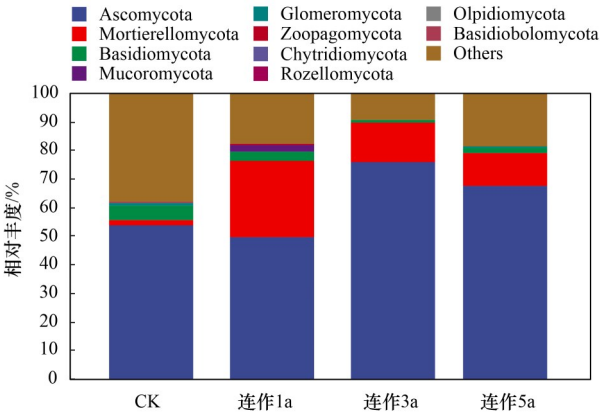


图3 不同连作年限土壤真菌门水平上群落结构特征

Fig. 3 Soil fungal community structure at the phylum level in different continuous cropping years

霉属(*Penicillium*)、圆孢霉属(*Staphylotrichum*)、毛葡萄属(*Botryotrichum*)、曲霉属(*Aspergillus*)、小不整球壳属(*Plectosphaerella*)和瓶毛壳属(*Lophotrichus*)(平均相对丰度 > 1%)。其中,*Mortierella* 和 *Penicillium* 的相对丰度随着连作年限的延长而降低;*Fusarium* 的相对丰度随着连作年限的延长而增加;同时,*Acremonium*、*Botryotrichum*、*Aspergillus* 和 *Lophotrichus* 的相对丰度呈先增加后降低的趋势;*Plectosphaerella* 的相对丰度呈先降低后增加的趋势;而 *Staphylotrichum* 的相对丰度变化不明显(表 4)。较 CK 处理,连作会增加土壤 *Mortierella*、*Fusarium*、*Penicillium*、*Botryotrichum* 和 *Lophotrichus* 的相对丰度,降低 *Staphylotrichum* 和 *Plectosphaerella* 的相对丰度,但对 *Acremonium* 和 *Aspergillus* 相对丰度的影响不明显。

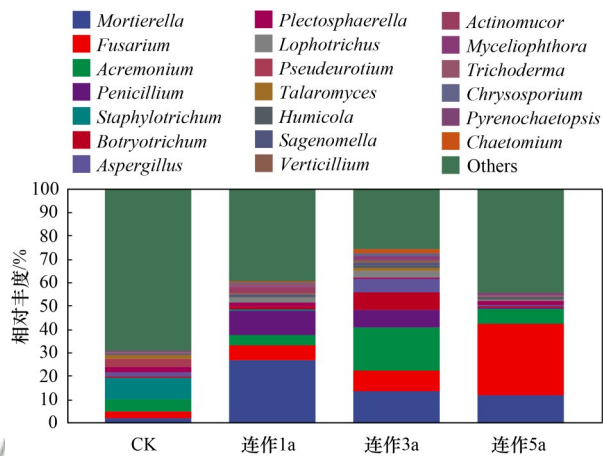


图4 不同连作年限土壤真菌属水平上群落结构特征
Fig. 4 Soil fungal community structure at the genus level in different continuous cropping years

2.3.3 土壤真菌群落差异性分析

LEfSe 分析共鉴定出 28 个真菌生物标记物 (LDA > 3.6, $P < 0.05$), CK、连作 1 a、3 a 和 5 a 土壤中分别识别出 8、6、10 和 4 个生物标记物(图 5)。CK 处理中的生物标记物主要包括 1 个纲、2 个目、2 个科和 3 个属,即微球黑粉菌纲(Microbotryomycetes);柔膜

菌目(Thelebolales)、蜡壳耳目(Sebacinales);假散囊菌科(Pseudeurotiaceae)、葡萄穗霉科(Stachybotryaceae); *g_Staphylotrichum_coccosporum*、*Penicillium* 和假散囊菌属(*Pseudeurotium*)。连作 1 a 土壤中的生物标记物主要包括 1 个门、1 个纲、1 个目、1 个科和 2 个属,即 Mucoromycota;毛霉菌纲(Mucoromycetes);毛霉目(Mucorales);梨孢假壳科(Apiosporaceae);放射毛霉属(*Actinomucor*)和木霉属(*Trichoderma*)。连作 3 a 土壤中的生物标记物主要包括 1 个目、1 个科和 8 个属,即粪壳菌目(Sordariales);毛壳科(Chaetomiaceae); *Staphylotrichum*、*g_Acremonium_tubakii*、*Lophotrichus*、毁丝霉属(*Myceliophthora*)、毛壳菌属(*Chaetomium*)、菌寄生菌属(*Hypomyces*)、交互枝顶孢(*g_Acremonium_alternatum*)和金孢子菌属(*g_Chrysosporium_lobatum*)。连作 5 a 土壤中的生物标记物主要包括 1 个科和 3 个属,即赤壳科(Nectriaceae); *g_Fusarium*、*g_Cadophora* 和 *g_Cadophora_orchidicola*。说明不同连作年限的生物标志物不同。

2.4 不同连作年限土壤真菌共生网络分析

为进一步了解连作土壤真菌群落的相似性,利用 ASVs 数据构建不同连作年限土壤真菌网络图(图 6),并计算相关的拓扑性质(表 5)。较 CK 处理,连作土壤真菌共生网络中的节点和边数均有不同程度的降低;真菌群落之间共存关系比例均有不同程度的降低,互斥关系比例均有不同程度的升高;模块化指数均有不同程度的升高;同时,连作土壤真菌共生网络的平均度也均有不同程度的降低,一般认为,平均度越低,表明节点的连通度越低^[8]。以上结果说明,辣椒连作影响了土壤真菌群落之间的联系,降低了土壤真菌群落网络的复杂性。连作年限的变化对土壤真菌群落的网络关系也有一定的影响。整体而言,连作 1 a 和连作 3 a 的土壤真菌共生网络的主要拓扑性质差别不大,但连作 5 a 时,土壤真菌共生网络中的平均度、节点和边数均有大幅度的下降;模块化指数则

表 4 不同连作年限土壤真菌优势菌属的相对丰度¹⁾/%

项目	CK	连作 1a	连作 3a	连作 5a
<i>Mortierella</i>	1.92 ± 0.10c	26.60 ± 5.96a	13.62 ± 2.32b	11.67 ± 1.66b
<i>Fusarium</i>	2.76 ± 0.83c	6.45 ± 1.18bc	9.37 ± 2.18b	30.82 ± 5.59a
<i>Acremonium</i>	5.14 ± 2.50b	4.55 ± 2.67b	18.04 ± 7.42a	6.19 ± 2.86b
<i>Penicillium</i>	0.16 ± 0.05b	10.66 ± 2.85a	7.81 ± 1.50a	0.30 ± 0.06b
<i>Staphylotrichum</i>	9.54 ± 0.55a	0.13 ± 0.02b	0.02 ± 0.01b	0.26 ± 0.08b
<i>Botryotrichum</i>	0.10 ± 0.01b	1.29 ± 0.11b	7.15 ± 1.55a	0.47 ± 0.08b
<i>Aspergillus</i>	1.77 ± 0.09b	0.31 ± 0.04b	5.76 ± 1.58a	0.77 ± 0.29b
<i>Plectosphaerella</i>	2.55 ± 0.75a	1.70 ± 0.47ab	0.47 ± 0.17c	1.37 ± 0.51bc
<i>Lophotrichus</i>	0.05 ± 0.01b	1.99 ± 0.34ab	3.37 ± 1.92a	0.61 ± 0.05b

1)同行中不同小写字母表示在 $P < 0.05$ 水平上差异显著

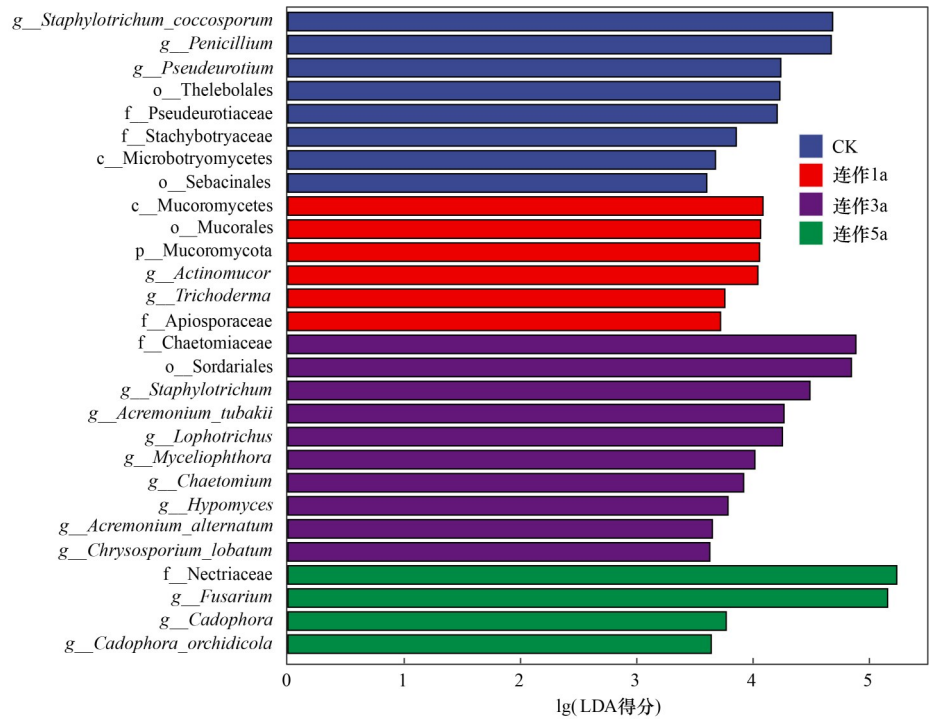


图5 土壤真菌的 LEfSe 分析
Fig. 5 LEfSe analysis of soil fungal communities

有大幅度的升高;共存关系比例有小幅度的降低,互斥关系比例有小幅度的升高. 以上结果说明,连作5 a时,土壤真菌群落网络变得简单而脆弱.

表5 不同连作年限土壤真菌群落共生网络主要拓扑性质
Table 5 Major topological properties of soil fungal communities in different continuous cropping years

拓扑参数	CK	连作 1 a	连作 3 a	连作 5 a
平均度	52.15	39.17	40	29
模块化指数	1.35	2.19	1.37	11.37
节点数	52	39	39	28
边数	1 356	764	780	406
共存关系比例/%	61.87	56.81	58.33	54.19
互斥关系比例/%	38.13	43.19	41.67	45.81

2.5 土壤真菌群落结构及多样性与环境因子的关系

Pearson 相关性分析结果表明(表6),Shannon 指数和 Simpson 指数均与 pH 呈显著正相关性;Shannon 指数与 TP、AN 和 AP 含量呈显著负相关性.

利用 Canoco 4.5 软件对真菌 ASVs 水平真菌群落丰度进行去趋势对应分析方法(DCA)分析. 结果显

示,4 个轴中的特征值最大为 5.072(>3.0),故选择单峰模型中 CCA 用于后续分析. 由图 7 可知,第一排序轴和第二排序轴分别解释了土壤真菌群落变化的 16.77% 和 12.82%,其中,第一排序轴主要与 pH、OM、TN、TP、TK、AN、AP 和 AK 的相关性较好;第二排序轴主要与 pH 和 AN 的相关性较好. 采用 envfit 函数检验每个环境因子的显著性,结果显示,pH($r^2 = 0.840^{**}$)、AN($r^2 = 0.890^{**}$)和 AK($r^2 = 0.818^{**}$)对土壤真菌群落结构组成的影响达极显著水平($P < 0.01$); OM($r^2 = 0.612^*$)、TN($r^2 = 0.534^*$)和 AP($r^2 = 0.603^*$)对其影响达显著水平($P < 0.05$). 以上结果说明 pH、OM、TN、AN、AP 和 AK 是影响连作土壤真菌群落结构的主要环境因子.

利用关联网进一步分析不同环境因子与连作土壤真菌优势菌属之间的关系,结果发现(图8),*Penicillium* 与 TK,*Acremonium* 与 TN,*Botryotrichum* 与 AP,*Plectosphaerella* 与 pH,*Fusarium* 与 TN 和 AP,*Mortierella* 和 *Lophotrichus* 与 OM 呈显著正相关($P < 0.05$);*Fusarium* 与 TP,*Staphylotrichum* 与 pH,

表6 土壤真菌群落多样性指数与环境因子的相关性¹⁾

Table 6 Pearson's rank correlation coefficients between soil fungal diversity index and environmental factors

多样性指数	pH	OM	TN	TP	TK	AN	AP	AK
Chao1	0.347	-0.234	-0.019	-0.204	-0.406	-0.508	-0.140	-0.405
Observed species	-0.230	-0.238	-0.007	0.121	-0.377	0.234	0.138	0.167
Shannon	0.649*	-0.154	-0.463	-0.594*	-0.443	-0.600*	-0.584*	-0.560
Simpson	0.564*	0.145	-0.290	-0.530	-0.368	-0.414	-0.430	-0.430

1)*表示 $P < 0.05$

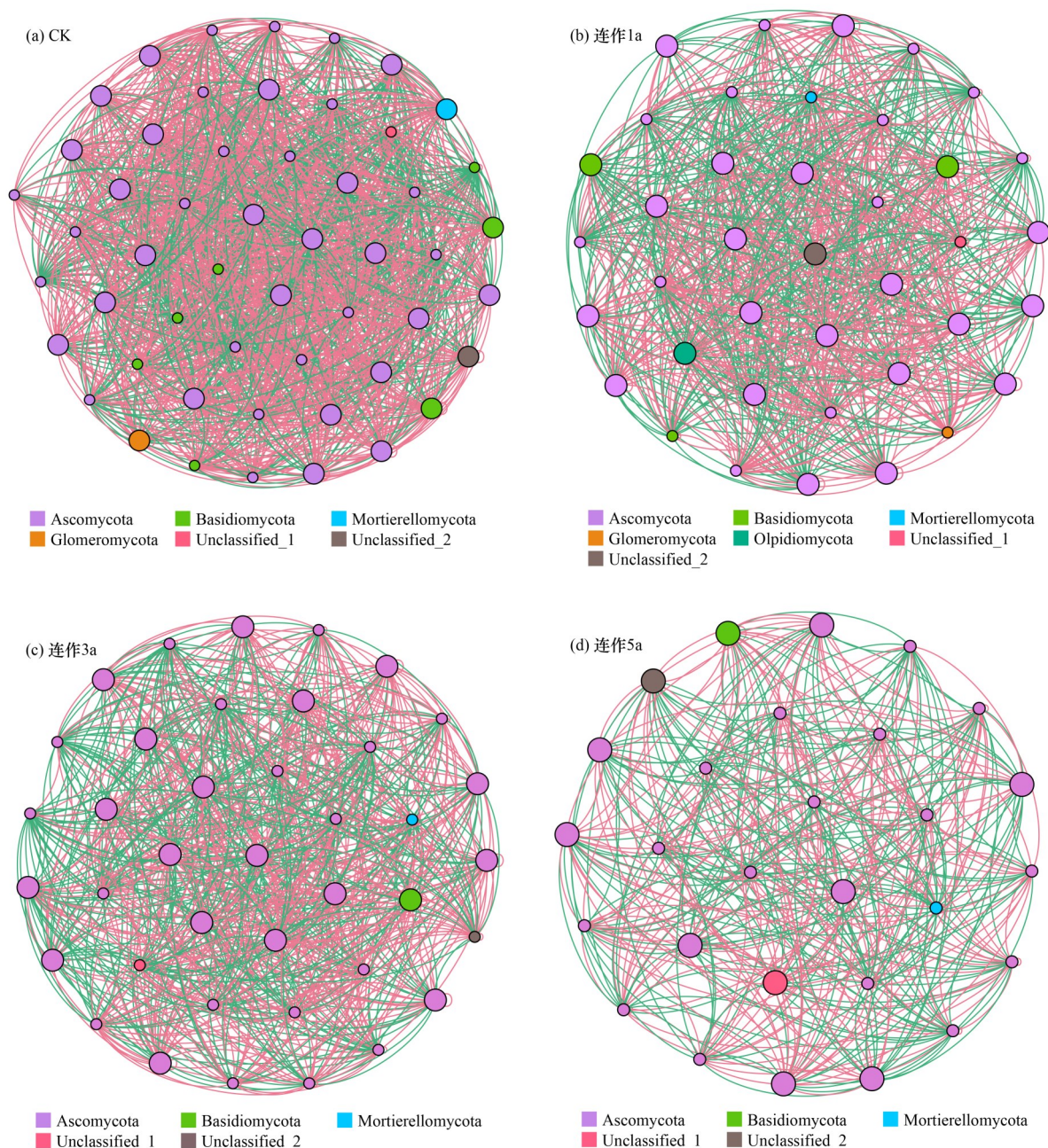


图6 土壤真菌共生网络

Fig. 6 Co-occurrence network of soil fungal communities

Mortierella 和 *Lophotrichus* 与 TK, *Penicillium*、*Botryotrichum* 和 *Lophotrichus* 与 AN 和 AK 呈极显著正相关 ($P < 0.01$); *Staphylotrichum* 与 TN 和 TP, *Plectosphaerella* 与 AP 和 AK, *Acremonium*、*Botryotrichum*、*Fusarium* 和 *Lophotrichus* 与 pH 呈显著负相关 ($P < 0.05$); *Staphylotrichum* 与 AN、AP 和 AK 呈极显著负相关 ($P < 0.01$)。对相关性网络分析结果进行关系对去重和数据筛选后发现, pH 是 *Staphylotrichum*、*Plectosphaerella*、*Fusarium*、*Acremonium*、*Botryotrichum* 和 *Lophotrichus* 群落结构的主要驱动因子; OM 是 *Mortierella* 和 *Lophotrichus* 群落结构的主要驱动因子; TN 是 *Fusarium*、*Acremonium* 和

Staphylotrichum 群落结构的主要驱动因子; TP 是 *Fusarium* 和 *Staphylotrichum* 群落结构的主要驱动因子; TK 是 *Mortierella*、*Lophotrichus* 和 *Penicillium* 群落结构的主要驱动因子; AN 和 AK 是 *Penicillium*、*Botryotrichum*、*Lophotrichus* 和 *Staphylotrichum* 群落结构的主要驱动因子; AP 是 *Fusarium*、*Botryotrichum*、*Staphylotrichum* 和 *Plectosphaerella* 群落结构的主要驱动因子。

3 讨论

3.1 辣椒连作对土壤理化指标的影响

有研究发现, 长期连作会造成土壤 pH 下降, 引

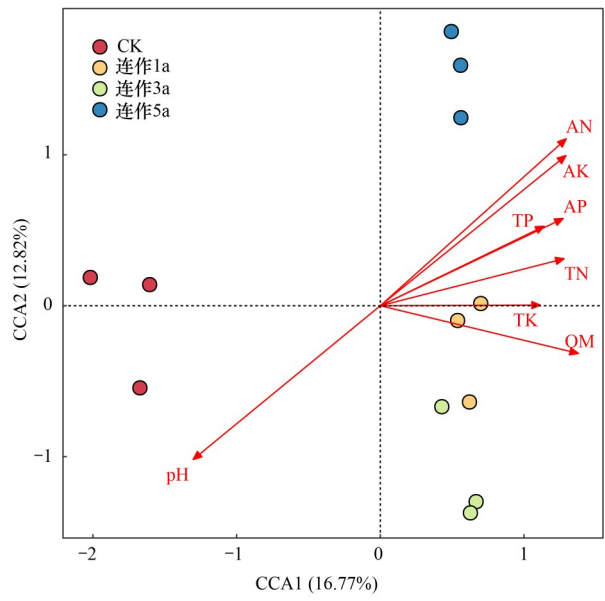


图7 土壤真菌群落结构与环境因子间的 CCA 分析
Fig. 7 CCA analysis of soil fungal community structure and environmental factors

起土壤酸化^[18,19]. 本研究结果进一步验证了此结论. 然而,李莹等^[8]的研究结果却表明,辣椒连作会使土壤 pH 升高,与本研究结果相反,这可能与保护地栽培和微气候发生变化有关,本研究大棚内温度较高,引起地下水分上移,随之带来盐分滞留土表,导致土壤 pH 上升. 本研究结果表明,随着辣椒连作年限的延长,土壤 OM 含量呈逐年下降趋势;TP 和 AP 含量呈

逐年上升趋势;AN 和 AK 含量呈先降低后上升的趋势;TN 和 TK 含量变化不明显. 谭仲廷等^[20]研究了百香果不同连作年限(0、1、2 和 3 a)土壤理化性质的变化,发现随着连作年限延长,土壤 TP 和 AK 含量呈逐年递增的趋势,AP、AN 和 TN 含量呈先上升后下降的趋势,OM 含量呈先上升后下降趋势. Liu 等^[12]研究了大豆连作年限(3、5 和 13 a)对土壤理化指标的影响,发现连作 3a 的土壤 AP 含量最高,连作 13a 的土壤 TP、TN、AN 和 AK 含量最高. Li 等^[19]研究了温室黄瓜不同连作年限(1、3、5 和 7 a)土壤理化指标的变化,发现随着连作年限的延长,土壤 OM、AP、AK 含量呈先上升后下降再上升的趋势,AN 呈先上升再下降的趋势. 以上研究结果与本研究结果存在差异,其原因可能是不同作物对养分的需求不同,在连作过程中,作物对养分的选择性吸收,会造成土壤中某些养分亏缺,而其他养分则大量累积,最终导致土壤养分失衡^[4];此外,不同类型作物、施肥种类和施用量以及所处土壤类型理化性质的差异,加上连续过量化肥的施用,会逐渐打破土壤养分平衡,造成土壤理化性质恶化,加剧作物根系化感自毒作用,进而导致作物根系产生的有毒有害物质积累,改变土壤微生物区系^[21],且这种作用往往有助于病原菌的繁殖,协同土传病害的发生,最终导致作物生长不良,乃至发病死亡,这可能是造成连作障碍的主要原因. 但也有研究认为土壤理化性质的改变不是导致连作障碍的

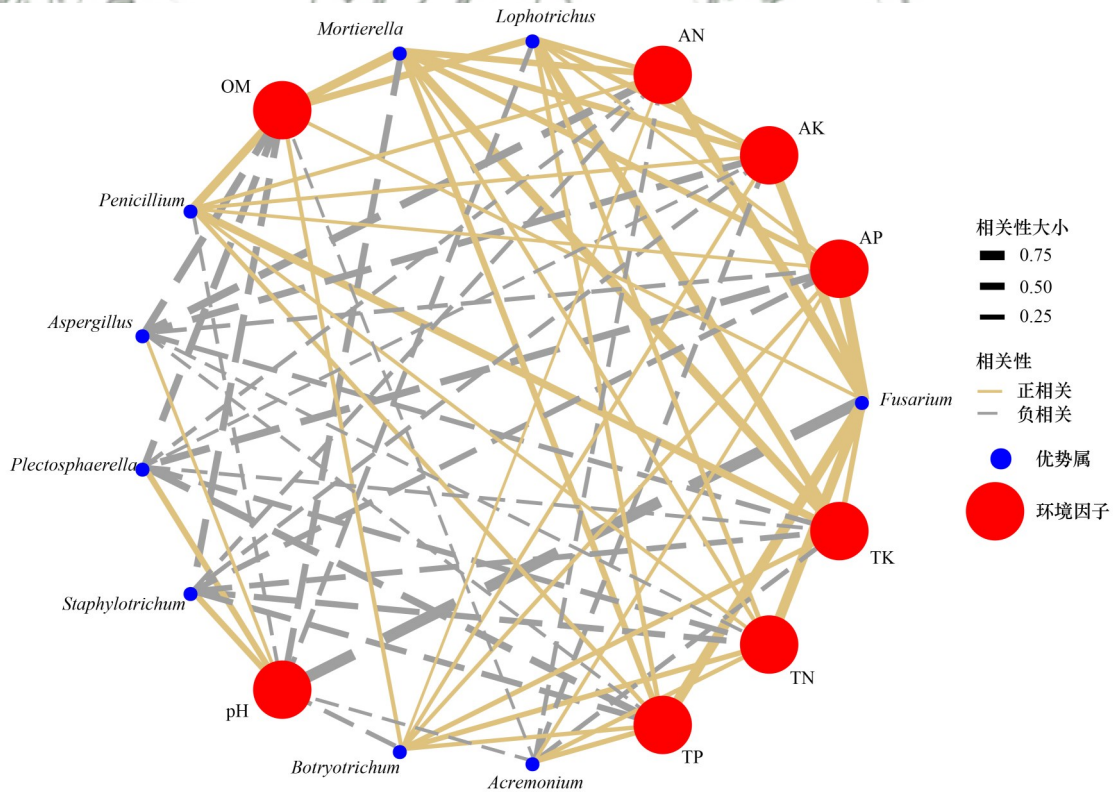


图8 土壤真菌优势菌属群落结构与环境因子间的相关性网络分析
Fig. 8 Correlation network analysis of soil fungal advantage genera community structure at genus level and environmental factors

主要因子^[22], 连作也可能改善土壤根际微环境, 提高土壤养分状况^[23]. 因此, 不同作物连作对土壤理化性质的影响存在差异.

3.2 辣椒连作对土壤真菌群落结构和多样性的影响

3.2.1 辣椒连作对土壤真菌多样性的影响

微生物在农田生态系统中发挥着重要的作用, 其群落多样性决定着农业用地的可持续性^[24]. 本研究表明, 土壤真菌多样性指数随着连作年限的延长呈逐年降低的趋势. 张敏等^[3]研究了甘草根际土壤微生物群落结构对长期连作的响应, 结果发现随着光果甘草种植年限的增加, 其根际土壤真菌多样性降低. Wang等^[25]研究了设施栽培西瓜枯萎病与健康土壤微生物群落组成和功能的差异, 结果发现西瓜连作 20 a 会明显改变土壤微生物群落结构, 降低土壤真菌多样性. Ali等^[13]研究了棚室黄瓜长期连作对土壤微生物群落结构和生态功能的影响, 结果发现黄瓜连作 7 a, 土壤真菌群落多样性明显降低. 以上研究结果与本研究结果相似. 但也有部分研究结果与本研究结果存在一定差异, 如 Liu等^[26]研究了西洋参连作障碍微生态机制, 结果发现西洋参连作会增加土壤真菌群落多样性; Liu等^[12]研究了大豆长期连作对黑土真菌群落结构的影响, 结果发现大豆长期连作使土壤真菌群落多样性明显增加; Gao等^[27]研究了甘薯连作对根际土壤真菌群落结构的影响, 结果表明甘薯连作使土壤真菌群落多样性增加. 综合以上研究内容, 分析其原因可能是: 在连作系统中, 相同的田间管理模式、植物化感物质的长期累积以及同类型根系分泌物长期释放的生态效应, 导致土壤中的微生物区系发生改变, 微生物群落结构失衡, 土壤中部分功能丧失, 进而改变土壤微生物多样性^[8].

3.2.2 辣椒连作对土壤真菌群落结构的影响

共生网络分析结果表明, 连作 5 a 土壤真菌共生网络变得简单而脆弱. 这可能是长期连作导致土壤微生态失衡, 有益真菌减少和病原真菌增加等^[9]. 如甘草连作降低了有益真菌 *Naganishin* 的相对丰度, 增加了 *Fusarium* 和亡革菌属 (*Thanatephorus*) 等植物病原菌的相对丰度^[3]; 大豆连作增加了链格孢属 (*Alternaria*)、*Boeremia*、*Lectera longa* 和尖镰孢菌 (*F. oxysporum*) 等植物病原菌的相对丰度^[12]; 茶连作增加了茄镰刀菌 (*F. solanispecies*)、*Microidium phvllanthi* 和 *F. oxysporum* 等植物病原菌的相对丰度^[28]. 综合以上研究结果发现, *Fusarium* 相对丰度的增加是连作土壤的一个重要特征, 其不仅会使植物萎蔫, 而且会引发根腐、茎腐、花腐和粒腐等多种病

害, 导致作物严重减产, 从而造成重大的经济损失^[29]. 本研究中, 辣椒连作明显改变了土壤真菌群落结构的组成, 且随着辣椒连作年限的延长, *Fusarium* 的相对丰度逐渐增加, 说明了辣椒连作也会促进植物病原菌的生长繁殖. 这与以上研究结果相似. 本研究还发现, 土壤中的有益微生物 *Mortierella* 和 *Penicillium* 的相对丰度随着连作年限的延长而逐渐降低, 表明辣椒连作会抑制土壤有益真菌的生长繁殖, 这与张英英等^[30]的研究结果相似. *Mortierella* 属于腐生真菌, 是土壤碳和养分转化的关键微生物成员, 此外, 它还能够降解纤维素、半纤维素和木质素, 对改变土壤微生物的生境有一定影响^[9]. *Penicillium* 则是自然界中生物有机成分的重要分解者, 能产生多种有活性的次生代谢产物, 以抵抗真菌、细菌等^[31]. 值得注意的是, *Mortierella* 和拜赖青霉 (*P. bilaiae*) 能抑制植物枯萎病 *F. oxysporum* 的生长和繁殖^[32,33]; *Mortierella* 能抑制 *F. solanum* 的生长和繁殖^[34]; 微黄青霉 (*P. minioluteum*) 能抑制禾谷镰刀菌 (*F. graminearum*) 的生长和繁殖^[35]. 而在本研究中, 辣椒连作 5 a 土壤中的 *Fusarium* 的相对丰度分别较连作 1 a 和 3 a 提高 79.07% 和 69.60%; *Mortierella* 的相对丰度分别较连作 1 a 和 3 a 降低 56.13% 和 14.32%; *Penicillium* 的相对丰度分别较连作 1 a 和 3 a 降低 97.19% 和 96.16%. 因此可推测, *Fusarium* 相对丰度的增加可能与拮抗菌株 *Mortierella* 和 *Penicillium* 相对丰度的降低有关. 本研究结果还发现, *Acremonium*、*Botryotrichum*、*Aspergillus*、*Lophotrichus* 和 *Plectosphaerella* 的相对丰度均在连作 3 a 时出现转折, 说明辣椒在连作 3 a 时开始出现土传病害, 而土传病害导致土壤酸化, 有机质减少, 养分失调等, 最终导致土壤真菌群落组成和结构发生改变. 综上, 笔者推测土壤真菌群落相对丰度的变化, 尤其是 *Fusarium* 相对丰度的增加, *Mortierella* 和 *Penicillium* 相对丰度的降低是辣椒连作障碍发生的主要原因之一.

3.3 土壤真菌群落的环境驱动因素

本研究结果发现, 土壤 pH、OM、TN、AN、AP 和 AK 是辣椒连作土壤真菌群落结构组成的驱动因子, 这与黄瓜^[18]、甘蔗^[36]和西瓜^[37]连作土壤真菌群落结构的主要驱动因子相似. 土壤 pH 是影响土壤微生物生存与繁育的重要因素, 它能够通过影响土壤基质的组成、化学性质和养分利用效率而使土壤微生物群落组成受到干扰^[38]. 土壤 OM 作为农田肥力的基础和核心, 连作会导致土壤 OM 含量下降, 土壤质量变得发黏, 透气性严重破坏, 进而影响土壤微生物群落组成. 本研究中, 土壤 pH 与 *Staphylotrichum* 呈极显著

正相关,与 *Acremonium*、*Botryotrichum*、*Fusarium* 和 *Lophotrichus* 呈显著负相关,说明土壤 pH 的降低会促进 *Staphylotrichum* 的生长繁殖,抑制 *Acremonium*、*Botryotrichum*、*Fusarium* 和 *Lophotrichus* 的生长繁殖. 土壤 OM 与 *Mortierella* 和 *Lophotrichus* 呈显著正相关,说明土壤 OM 的降低会抑制 *Mortierella* 和 *Lophotrichus* 的生长繁殖. N、P 和 K 作为土壤微生物生长繁殖所需的重要营养物质,其含量的变化将直接导致土壤微生物群落结构的变化^[39],同时,由于 P 是微生物细胞结构的重要组成部分,土壤微生物也会因为对 P 养分的依赖而使其群落结构产生变化^[40]. 本研究中, *Acremonium* 与 TN, *Botryotrichum* 与 AP, *Fusarium* 与 TN、TP 和 AP, *Mortierella*、*Lophotrichus* 和 *Penicillium* 与 TK, *Penicillium*、*Botryotrichum* 和 *Lophotrichus* 与 AN 和 AK 呈显著正相关; *Plectosphaerella* 与 AP 和 AK, *Staphylotrichum* 与 TN、TP、AN、AP 和 AK 呈显著负相关. 说明土壤 TN 含量的增高能促进 *Acremonium* 和 *Fusarium* 的生长繁殖; TP 含量的增高能促进 *Fusarium* 的生长繁殖; AN 和 AK 含量的增高能促进 *Penicillium*、*Botryotrichum* 和 *Lophotrichus* 的生长繁殖; AP 和 AK 含量的增高会抑制 *Plectosphaerella* 的生长繁殖,且以上指标均对 *Staphylotrichum* 的生长繁殖有抑制作用. 此外, TK 含量的增高能促进 *Mortierella*、*Lophotrichus* 和 *Penicillium* 的生长繁殖. 综上可知,影响土壤真菌群落分布的主控因素与土壤环境特性紧密相关,任何环境因子的变化都可能在一定程度上改变土壤真菌群落结构^[8]. 此外,本研究在实验设计过程中考虑到辣椒不同生育时期土壤微生物活性的差异,选择了在辣椒结果盛期进行采样,一定程度上可以代表土壤微生物的高活性及功能发挥最大化. 但由于调控真菌群落组成结构的因素复杂多样,而本研究的环境因子较少,所以研究结果仅能解释辣椒连作障碍产生的部分原因,为了更加准确地揭示辣椒连作障碍产生机制,在以后的研究中应尽可能对研究内容进行进一步的细化. 如可以在本研究的基础上继续探讨土壤其它理化指标(酶活性、微生物活性等)、农药残留、施肥种类及施用量等因素与辣椒不同生育时期土壤(或根际土壤)微生物(细菌和真菌)的互作关系,进而为缓解或消除辣椒连作障碍提供更为详实的参考依据.

4 结论

(1)随着连作年限的延长,土壤 pH 和 OM 含量呈逐年下降趋势; TP 和 AP 含量呈逐年上升趋势; AN 和 AK 含量呈先降低后上升的趋势; TN 和 TK 含量变化不明显.

(2)连作年限的变化对土壤真菌优势菌群的相对丰度有显著影响($P < 0.05$). 在门水平上,随着连作年限的延长, *Mortierellomycota* 的相对丰度逐年降低; *Ascomycota* 呈先增加后降低的趋势; *Basidiomycota* 则呈先降低后增加的趋势. 在属水平上,随着连作年限的延长, *Fusarium* 的相对丰度呈逐年递增趋势; *Mortierella* 和 *Penicillium* 则呈逐年递减趋势; *Acremonium*、*Botryotrichum*、*Aspergillus*、*Lophotrichus* 和 *Plectosphaerella* 均在连作 3 a 时出现转折.

(3)pH、OM、TN、AN、AP 和 AK 是连作土壤真菌群落结构组成的主要环境因子,影响土壤 *Fusarium*、*Lophotrichus*、*Penicillium*、*Mortierella*、*Botryotrichum*、*Staphylotrichum*、*Plectosphaerella* 和 *Acremonium* 的分布.

参考文献:

- [1] Li Y, Xin G F, Liu C, et al. Effects of red and blue light on leaf anatomy, CO₂ assimilation and the photosynthetic electron transport capacity of sweet pepper (*Capsicum annuum* L.) seedlings [J]. BMC Plant Biology, 2020, 20(1), doi: 10.1186/s12870-020-02523-z.
- [2] Wang Y X, Gao L P, Wang Q, et al. Low temperature conditioning combined with methyl jasmonate can reduce chilling injury in bell pepper [J]. Scientia Horticulturae, 2019, 243: 434-439.
- [3] 张敏, 马森. 甘草根际土壤微生物群落对长期连作的响应 [J]. 生态学报, 2022, 42(22): 9017-9025.
Zhang M, Ma M. Response of rhizosphere soil microbial community to long-term continuous cropping of *Glycyrrhiza glabra* L. [J]. Acta Ecologica Sinica, 2022, 42(22): 9017-9025.
- [4] 杨阳, 李海亮, 马凯丽, 等. 连作对党参根际土壤理化性质、微生物活性及群落特征的影响 [J]. 环境科学, 2023, 44(11): 6387-6398.
Yang Y, Li H L, Ma K L, et al. Effect of continuous cropping on the physicochemical properties, microbial activity, and community characteristics of the rhizosphere soil of codonopsis pilosula [J]. Environmental Science, 2023, 44(11): 6387-6398.
- [5] Li Z T, Alami M M, Tang H M, et al. Applications of *Streptomyces jingyangensis* T. and *Bacillus mucilaginosus* A. improve soil health and mitigate the continuous cropping obstacles for *Pinellia ternata* (Thunb.) Breit [J]. Industrial Crops and Products, 2022, 180, doi: 10.1016/j.indcrop.2022.114691.
- [6] Li M, Yang F Z, Wu X Y, et al. Effects of continuous cropping of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) on its endophytic and soil bacterial community by high-throughput sequencing [J]. Annals of Microbiology, 2020, 70(1), doi: 10.1186/s13213-020-01583-8.
- [7] 周新刚, 马海鲲, 郭辉, 等. 植物-土壤反馈理论及其在连作障碍管理中的应用 [J]. 科技导报, 2022, 40(3): 32-40.
Zhou X G, Ma H K, Guo H, et al. Plant-soil feedback: a key theory for management of soil sickness [J]. Science & Technology Review, 2022, 40(3): 32-40.
- [8] 李莹, 刘兰英, 姜宇杰, 等. 辣椒连作对土壤细菌群落的影响 [J]. 微生物学报, 2023, 63(1): 297-318.
Li Y, Liu L Y, Jiang Y J, et al. Effect of continuous cropping of hot pepper on soil bacterial community [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2023, 63(1): 297-318.
- [9] 王根全, 郝晓芬, 郭二虎, 等. 连作与轮作谷子根际土壤真菌

- 群落分布特征[J]. 中国生态农业学报, 2023, **31**(5): 677-689.
- Wang G Q, Hao X F, Guo E H, *et al.* Distribution characteristics of soil fungi community in rhizosphere of foxtail millet under different planting patterns[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2023, **31**(5): 677-689.
- [10] Wang H W, Zhu Y X, Xu M, *et al.* Co-application of spent mushroom substrate and PGPR alleviates tomato continuous cropping obstacle by regulating soil microbial properties [J]. Rhizosphere, 2022, **23**, doi: 10.1016/j.rhisph.2022.100563.
- [11] 周界, 李明, 徐友阳, 等. 基于高通量测序的穿心莲连作根际土壤细菌群落多样性分析[J]. 华南农业大学学报, 2021, **42**(3): 55-63.
- Zhou J, Li M, Xu Y Y, *et al.* Analysis of bacterial community diversity in rhizosphere soil of continuous cropping *Andrographis paniculata* based on high-throughput sequencing [J]. Journal of South China Agricultural University, 2021, **42**(3): 55-63.
- [12] Liu Z X, Liu J J, Yu Z H, *et al.* Long-term continuous cropping of soybean is comparable to crop rotation in mediating microbial abundance, diversity and community composition [J]. Soil and Tillage Research, 2020, **197**, doi: 10.1016/j.still.2019.104503.
- [13] Ali A, Ghani M I, Elrys A S, *et al.* Different cropping systems regulate the metabolic capabilities and potential ecological functions altered by soil microbiome structure in the plastic shed mono-cropped cucumber rhizosphere [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2021, **318**, doi: 10.1016/j.agee.2021.107486.
- [14] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2007.
- [15] Tedersoo L, Tooming-Klunderud A, Anslan S. PacBio metabarcoding of fungi and other eukaryotes: errors, biases and perspectives[J]. New Phytologist, 2018, **217**(3): 1370-1385.
- [16] Callahan B J, McMurdie P J, Rosen M J, *et al.* DADA2: high-resolution sample inference from Illumina amplicon data [J]. Nature Methods, 2016, **13**(7): 581-583.
- [17] Kõljalg U, Nilsson R H, Abarenkov K, *et al.* Towards a unified paradigm for sequence-based identification of fungi [J]. Molecular Ecology, 2013, **22**(21): 5271-5277.
- [18] Sun K N, Fu L Y, Song Y, *et al.* Effects of continuous cucumber cropping on crop quality and soil fungal community [J]. Environmental Monitoring and Assessment, 2021, **193**(7), doi: 10.1007/s10661-021-09136-5.
- [19] Li Y, Chi J L, Ao J, *et al.* Effects of different continuous cropping years on bacterial community and diversity of cucumber rhizosphere soil in solar-greenhouse[J]. Current Microbiology, 2021, **78**(6): 2380-2390.
- [20] 谭仲廷, 李安定, 杨瑞, 等. 百香果连作对土壤真菌群落结构的影响[J]. 分子植物育种, 2022, **20**(4): 1373-1382.
- Tan Z T, Li A D, Yang R, *et al.* Effects on community structure of soil fungi in *Passiflora edulis* continuous cropping [J]. Molecular Plant Breeding, 2022, **20**(4): 1373-1382.
- [21] 吴红森, 林文雄. 药用植物连作障碍研究评述和发展透视[J]. 中国生态农业学报, 2020, **28**(6): 775-793.
- Wu H M, Lin W X. A commentary and development perspective on the consecutive monoculture problems of medicinal plants [J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2020, **28**(6): 775-793.
- [22] 梁银丽, 陈志杰, 徐福利, 等. 黄土高原设施农业中的土壤连作障碍[J]. 水土保持学报, 2004, **18**(4): 134-136.
- Liang Y L, Chen Z J, Xu F L, *et al.* Soil continuous cropping obstacles in facility agriculture on loess plateau [J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2004, **18**(4): 134-136.
- [23] 王娟英, 许佳慧, 吴林坤, 等. 不同连作年限怀牛膝根际土壤理化性质及微生物多样性[J]. 生态学报, 2017, **37**(17): 5621-5629.
- Wang J Y, Xu J H, Wu L K, *et al.* Analysis of physicochemical properties and microbial diversity in rhizosphere soil of *Achyranthes bidentata* under different cropping years [J]. Acta Ecologica Sinica, 2017, **37**(17): 5621-5629.
- [24] 钟融, 王培如, 孙培杰, 等. 长年耕作对北方旱作麦田土壤细菌群落结构及理化性质的影响[J]. 环境科学, 2023, **44**(10): 5800-5812.
- Zhong R, Wang P R, Sun P J, *et al.* Effects of long-term tillage on soil bacterial community structure and physicochemical properties of Dryland wheat fields in northern China [J]. Environmental Science, 2023, **44**(10): 5800-5812.
- [25] Wang T T, Hao Y W, Zhu M Z, *et al.* Characterizing differences in microbial community composition and function between *Fusarium* wilt diseased and healthy soils under watermelon cultivation [J]. Plant and Soil, 2019, **438**(1-2): 421-433.
- [26] Liu N, Shao C, Sun H, *et al.* Arbuscular mycorrhizal fungi biofertilizer improves American ginseng (*Panax quinquefolius* L.) growth under the continuous cropping regime [J]. Geoderma, 2020, **363**, doi: 10.1016/j.geoderma.2019.114155.
- [27] Gao Z Y, Hu Y Y, Han M K, *et al.* Effects of continuous cropping of sweet potatoes on the bacterial community structure in rhizospheric soil [J]. BMC Microbiology, 2021, **21**(1), doi: 10.1186/s12866-021-02120-6.
- [28] Zhou X G, Wang Z L, Jia H T, *et al.* Continuously monocropped Jerusalem artichoke changed soil bacterial community composition and ammonia-oxidizing and denitrifying bacteria abundances [J]. Frontiers in Microbiology, 2018, **9**, doi: 10.3389/fmicb.2018.00705.
- [29] 赵帆, 赵密珍, 王钰, 等. 不同连作年限草莓根际细菌和真菌多样性变化[J]. 微生物学通报, 2017, **44**(6): 1377-1386.
- Zhao F, Zhao M Z, Wang Y, *et al.* Biodiversity of bacteria and fungi in rhizosphere of strawberry with different continuous cropping years [J]. Microbiology China, 2017, **44**(6): 1377-1386.
- [30] 张英英, 魏玉杰, 吴之涛, 等. 不同种植年限对特殊药材土壤化学性质和微生物多样性的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2023, **41**(1): 150-159.
- Zhang Y Y, Wei Y J, Wu Z T, *et al.* Effects of different cropping years on soil chemical properties of special medicine source plant [J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2023, **41**(1): 150-159.
- [31] 冯翠娥, 岳思君, 简阿妮, 等. 晒砂瓜连作对土壤真菌群落结构的影响[J]. 中国生态农业学报, 2019, **27**(4): 537-544.
- Feng C E, Yue S J, Jian A N, *et al.* The effect of continuous cropping of selenium melon on soil fungal community structure [J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2019, **27**(4): 537-544.
- [32] 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.
- [33] Zhao X B, Liu X T, Zhao H, *et al.* Biological control of *Fusarium* wilt of sesame by *Penicillium bilaiae* 47M-1 [J]. Biological Control, 2021, **158**, doi: 10.1016/j.biocontrol.2021.104601.
- [34] Zhang J L, Liu Q W, Li K, *et al.* Peanut root exudates suppress *Fusarium solani* and modulate the microbial community structure of rhizosphere in grape replant soil [J]. Horticulturae, 2022, **8**(10), doi: 10.3390/horticulturae8100892.
- [35] 苏前富, 贾娇, 孟玲敏, 等. 微黄青霉 ZF1 及其代谢产物对禾谷镰孢的抑菌活性[J]. 中国农业科学, 2015, **48**(20): 4056-

4063.
Su Q F, Jia J, Meng L M, *et al.* Antifungal activities of *Penicillium minioluteum* ZF1 and its metabolites to *Fusarium graminearum* [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2015, **48**(20): 4056-4063.
- [36] Pang Z Q, Tayyab M, Kong C B, *et al.* Continuous sugarcane planting negatively impacts soil microbial community structure, soil fertility, and sugarcane agronomic parameters[J]. *Microorganisms*, 2021, **9**(10), doi: 10.3390/microorganisms9102008.
- [37] 常芳娟, 张贵云, 张丽萍, 等. 生物熏蒸配施微生物菌剂对西瓜连作土壤真菌群落结构的影响[J]. *中国生态农业学报*, 2022, **30**(2): 248-257.
Chang F J, Zhang G Y, Zhang L P, *et al.* Effects of biological fumigation combined with microbial agents on fungi community structure in continuous watermelon cropping soil [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2022, **30**(2): 248-257.
- [38] 陈芬, 余高, 孙约兵, 等. 汞矿区周边农田土壤微生物群落结构特征及其环境驱动因子[J]. *环境科学*, 2022, **43**(8): 4342-4352.
- Chen F, Yu G, Sun Y B, *et al.* Characteristics of microbial community structure in the surrounding farmlands of a mercury mining area and its environmental driving factors [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(8): 4342-4352.
- [39] Billah M, Khan M, Bano A, *et al.* Phosphorus and phosphate solubilizing bacteria: keys for sustainable agriculture [J]. *Geomicrobiology Journal*, 2019, **36**(10): 904-916.
- [40] 孙倩, 吴宏亮, 陈阜, 等. 宁夏中部干旱带不同作物根际土壤真菌群落多样性及群落结构[J]. *微生物学通报*, 2019, **46**(11): 2963-2972.
Sun Q, Wu H L, Chen F, *et al.* Fungal community diversity and structure in rhizosphere soil of different crops in the arid zone of central Ningxia [J]. *Microbiology China*, 2019, **46**(11): 2963-2972.

《环境科学》再获“百种中国杰出学术期刊”称号

2022年12月29日,中国科技论文统计结果发布会在北京举行,会议发布了“百种中国杰出学术期刊”获奖名单.《环境科学》连续21次荣获“百种中国杰出学术期刊”称号.“百种中国杰出学术期刊”是根据中国科技学术期刊综合评价指标体系进行评定.该体系利用总被引频次、影响因子、基金论文比、他引总引比等多个文献计量学指标进行统计分析,对期刊分学科进行评比,其评价结果客观公正,为我国科技界公认,并具有广泛影响.

CONTENTS

Prediction of Autumn Ozone Concentration in the Pearl River Delta Based on Machine Learning	CHEN Zhen, LIU Run, LUO Zheng, <i>et al.</i> (1)
Remote Sensing Model for Estimating Atmospheric PM _{2.5} Concentration in the Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area	DAI Yuan-yuan, GONG Shao-qi, ZHANG Cun-jie, <i>et al.</i> (8)
Variation Characteristics of PM _{2.5} Pollution and Transport in Typical Transport Channel Cities in Winter	DAI Wu-jun, ZHOU Ying, WANG Xiao-qi, <i>et al.</i> (23)
Characteristics of Secondary Inorganic Ions in PM _{2.5} and Its Influencing Factors in Summer in Zhengzhou	HE Bing, YANG Jie-ru, XU Yi-fei, <i>et al.</i> (36)
Characteristics and Source Apportionment of Carbonaceous Aerosols in the Typical Urban Areas in Chongqing During Winter	PENG Chao, LI Zhen-liang, XIANG Ying, <i>et al.</i> (48)
Analysis of Influencing Factors of Ozone Pollution Difference Between Chengdu and Chongqing in August 2022	CHEN Mu-lan, LI Zhen-liang, PENG Chao, <i>et al.</i> (61)
Analysis of O ₃ Pollution Affected by a Succession of Three Landfall Typhoons in 2020 in Eastern China	HUA Cong, YOU Yuan, WANG Qian, <i>et al.</i> (71)
Characteristics and Source Apportionment of VOCs Initial Mixing Ratio in Beijing During Summer	ZHANG Bo-tao, JING Kuan, WANG Qin, <i>et al.</i> (81)
Review of Comprehensive Evaluation System of Vehicle Pollution and Carbon Synergistic Reduction	FAN Zhao-yang, TONG Hui, LIANG Xiao-yu, <i>et al.</i> (93)
Study of Peak Carbon Emission of a City in Yangtze River Delta Based on LEAP Model	YANG Feng, ZHANG Gui-chi, SUN Ji, <i>et al.</i> (104)
Driving Forces and Mitigation Potential of CO ₂ Emissions for Ship Transportation in Guangdong Province, China	WENG Shu-juan, LIU Ying-ying, TANG Feng, <i>et al.</i> (115)
Carbon Emission Characteristics and Influencing Factors of Typical Processes in Drinking Water Treatment Plant	ZHANG Xiang-yu, HU Jian-kun, MA Kai, <i>et al.</i> (123)
Distribution Characteristics of Arsenic in Drinking Water in China and Its Health Risk Based on Disability-adjusted Life Years	DOU Dian-cheng, QI Rong, XIAO Shu-min, <i>et al.</i> (131)
Spatiotemporal Occurrence of Organophosphate Esters in the Surface Water and Sediment of Taihu Lake and Relevant Risk Assessment	ZHANG Cheng-nuo, ZHONG Qin, LUAN Bo-wen, <i>et al.</i> (140)
Exposure Level and Risk Impact Assessment of Pesticides and Veterinary Drugs in Aquaculture Environment	ZHANG Kai-wen, ZHANG Hai-yan, KONG Cong, <i>et al.</i> (151)
Variation in Phosphorus Concentration and Flux at Zhutuo Section in the Yangtze River and Source Apportionment	LOU Bao-feng, XIE Wei-min, HUANG Bo, <i>et al.</i> (159)
“Load-Unload” Effect of Manganese Oxides on Phosphorus in Surface Water of the Pearl River Estuary	LI Rui, LIANG Zuo-bing, WU Qi-rui, <i>et al.</i> (173)
Factors Influencing the Variation in Phytoplankton Functional Groups in Fuchunjiang Reservoir	ZHANG Ping, WANG Wei, ZHU Meng-yuan, <i>et al.</i> (181)
Hydrochemical Characteristics and Formation Mechanism of Groundwater in the Western Region of Hepu Basin, Beihai City	CHEN Wen, WU Ya, ZHANG Hong-xin, <i>et al.</i> (194)
Controlling Factors of Groundwater Salinization and Pollution in the Oasis Zone of the Cherchen River Basin of Xinjiang	LI Jun, OUYANG Hong-tao, ZHOU Jin-long (207)
Spatial-temporal Evolution of Ecosystem Health and Its Influencing Factors in Beijing-Tianjin-Hebei Region	LI Kui-ming, WANG Xiao-yan, YAO Luo-lan (218)
Spatial and Temporal Evolution and Impact Factors Analysis of Ecosystem Service Value in the Liaohe River Delta over the Past 30 Years	WANG Geng, ZHANG Fu-rong (228)
Effects of Photovoltaic Power Station Construction on Terrestrial Environment: Retrospect and Prospect	TIAN Zheng-qing, ZHANG Yong, LIU Xiang, <i>et al.</i> (239)
Spatiotemporal Evolution and Quantitative Attribution Analysis of Vegetation NDVI in Greater Khingan Mountains Forest-Steppe Ecotone	SHI Song, LI Wen, QU Chen, <i>et al.</i> (248)
Spatio-temporal Variation in Net Primary Productivity of Different Vegetation Types and Its Influencing Factors Exploration in Southwest China	XU Yong, ZHENG Zhi-wei, MENG Yu-chi, <i>et al.</i> (262)
Impacts of Extreme Climate Events at Different Altitudinal Gradients on Vegetation NPP in Songhua River Basin	CUI Song, JIA Zhao-yang, GUO Liang, <i>et al.</i> (275)
Spatial and Temporal Evolution and Prediction of Carbon Storage in Kunming City Based on InVEST and CA-Markov Model	Paruke Wusimanjiang, AI Dong, FANG Yi-shu, <i>et al.</i> (287)
Spatial-Temporal Evolution and Prediction of Carbon Storage in Jiuquan City Ecosystem Based on PLUS-InVEST Model	SHI Jing, SHI Pei-ji, WANG Zi-yang, <i>et al.</i> (300)
Soil Carbon Pool Allocation Dynamics During Soil Development in the Lower Yangtze River Alluvial Plain	HU Dan-yang, ZHANG Huan, SU Bao-wei, <i>et al.</i> (314)
Spatial Distribution Patterns of Soil Organic Carbon in Karst Forests of the Lijiang River Basin and Its Driving Factors	SHEN Kai-hui, WEI Shi-guang, LI Lin, <i>et al.</i> (323)
Effect of Land Use on the Stability of Soil Organic Carbon in a Karst Region	CHEN Jian-qi, JIA Ya-nan, HE Qiu-fang, <i>et al.</i> (335)
Spatial Distribution Characteristics of Soil Carbon and Nitrogen in Citrus Orchards on the Slope of Purple Soil Hilly Area	LI Zi-yang, CHEN Lu, ZHAO Peng, <i>et al.</i> (343)
Effects of Experimental Nitrogen Deposition and Litter Manipulation on Soil Organic Components and Enzyme Activity of Latosol in Tropical Rubber Plantations	XUE Xin-xin, REN Chang-qi, LUO Xue-hua, <i>et al.</i> (354)
Analysis on Driving Factors, Reduction Potential, and Environmental Effect of Inorganic Fertilizer Input in Chongqing	LIANG Tao, ZHAO Jing-kun, LI Hong-mei, <i>et al.</i> (364)
Research Progress on Distribution, Transportation, and Control of Per- and Polyfluoroalkyl Substances in Chinese Soils	LIU Hao-ran, XING Jing-yi, REN Wen-jie (376)
Prediction of Spatial Distribution of Heavy Metals in Cultivated Soil Based on Multi-source Auxiliary Variables and Random Forest Model	XIE Xue-feng, GUO Wei-wei, PU Li-jie, <i>et al.</i> (386)
Health Risk Assessment and Priority Control Factors Analysis of Heavy Metals in Agricultural Soils Based on Source-oriented	MA Jie, GE Miao, WANG Sheng-lan, <i>et al.</i> (396)
Contamination Characteristics and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in an Abandoned Pyrite Mining Area of Tongling City, China	LI Ru-zhong, LIU Yu-hao, HUANG Yan-huan, <i>et al.</i> (407)
Source Appointment and Assessment of Heavy Metal Pollution in Surface Dust in the Main District Bus Stops of Tianshui City	LI Chun-yan, WANG Xin-min, WANG Hai, <i>et al.</i> (417)
Response of Cadmium in Soil-rice to Different Conditioners Based on Field Trials	TANG Le-bin, LIU Xin-cai, SONG Bo, <i>et al.</i> (429)
Regulation Effects of Humus Active Components on Soil Cadmium Availability and Critical Threshold for Rice Safety	HU Xiu-zhi, SONG Yi, WANG Tian-yu, <i>et al.</i> (439)
Using Biochar and Iron-calcium Material to Remediate Paddy Soil Contaminated by Cadmium and Arsenic	WU Qiu-chan, WU Ji-zi, ZHAO Ke-li, <i>et al.</i> (450)
Research Progress on Characteristics of Human Microplastic Pollution and Health Risks	MA Min-dong, ZHAO Yang-chen, ZHU Long, <i>et al.</i> (459)
Effects of Polystyrene Microplastics Combined with Cadmium Contamination on Soil Physicochemical Properties and Physiological Ecology of <i>Lactuca sativa</i>	NIU Jia-rui, ZOU Yong-jun, JIAN Min-fei, <i>et al.</i> (470)
Transcriptome Analysis of Plant Growth-promoting Bacteria Alleviating Microplastic and Heavy Metal Combined Pollution Stress in Sorghum	LIU Yong-qi, ZHAO Si-yu, REN Xue-min, <i>et al.</i> (480)
Effects of Microplastics on the Leaching of Nutrients and Cadmium from Soil	ZHAO Qun-fang, CHU Long-wei, DING Yuan-hong, <i>et al.</i> (489)
Effect of Microplastics and Phenanthrene on Soil Chemical Properties, Enzymatic Activities, and Microbial Communities	LIU Sha-sha, QIN Jian-qiao, WU Xian-ge (496)
Prediction of Soil Bacterial Community Structure and Function in Minqin Desert-oasis Ecotone Artificial <i>Haloxylon ammodendron</i> Forest	WANG An-lin, MA Rui, MA Yan-jun, <i>et al.</i> (508)
Response of Soil Fungal Community to Biochar Application Under Different Irrigation Water Salinity	ZHENG Zhi-yu, GUO Xiao-wen, MIN Wei (520)
Effects of Organic Fertilizer of Kitchen Waste on Soil Microbial Activity and Function	LIU Mei-ling, WANG Yi-min, JIN Wen-hao, <i>et al.</i> (530)
Response Characteristics of Soil Fungal Community Structure to Long-term Continuous Cropping of Pepper	CHEN Fen, YU Gao, WANG Xie-feng, <i>et al.</i> (543)
Effects of Foliar Application of Silicon Fertilizers on Phyllosphere Bacterial Community and Functional Genes of Paddy Irrigated with Reclaimed Water	LIANG Sheng-xian, LIU Chun-cheng, HU Chao, <i>et al.</i> (555)
Analysis of Bacterial Communities and Antibiotic Resistance Genes in the Aquaculture Area of Changli County	WANG Qiu-shui, CHENG Bo, LIU Yue, <i>et al.</i> (567)
High-throughput qPCR and Amplicon Sequencing as Complementary Methods for Profiling Antibiotic Resistance Genes in Urban Wetland Parks	HUANG Fu-yi, ZHOU Shu-yi-dan, PAN Ting, <i>et al.</i> (576)
Characteristics of Vertical Distribution and Environmental Factors of Antibiotics in Quaternary Sedimentary Column in Urban Areas	LIU Ke, TONG Lei, GAN Cui, <i>et al.</i> (584)
Adsorption Performance and Mechanism of Oxytetracycline in Water by KOH Modified Biochar Derived from Corn Straw	LIU Zong-tang, SUN Yu-feng, FEI Zheng-hao, <i>et al.</i> (594)
Comparison of Pb ²⁺ Adsorption Properties of Biochars Modified Through CO ₂ Atmosphere Pyrolysis and Nitric Acid	JIANG Hao, CHEN Rui-zhi, ZHU Zi-yang, <i>et al.</i> (606)

CONTENTS

Prediction of Autumn Ozone Concentration in the Pearl River Delta Based on Machine Learning	CHEN Zhen, LIU Run, LUO Zheng, <i>et al.</i> (1)
Remote Sensing Model for Estimating Atmospheric PM _{2.5} Concentration in the Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area	DAI Yuan-yuan, GONG Shao-qi, ZHANG Cun-jie, <i>et al.</i> (8)
Variation Characteristics of PM _{2.5} Pollution and Transport in Typical Transport Channel Cities in Winter	DAI Wu-jun, ZHOU Ying, WANG Xiao-qi, <i>et al.</i> (23)
Characteristics of Secondary Inorganic Ions in PM _{2.5} and Its Influencing Factors in Summer in Zhengzhou	HE Bing, YANG Jie-ru, XU Yi-fei, <i>et al.</i> (36)
Characteristics and Source Apportionment of Carbonaceous Aerosols in the Typical Urban Areas in Chongqing During Winter	PENG Chao, LI Zhen-liang, XIANG Ying, <i>et al.</i> (48)
Analysis of Influencing Factors of Ozone Pollution Difference Between Chengdu and Chongqing in August 2022	CHEN Mu-lan, LI Zhen-liang, PENG Chao, <i>et al.</i> (61)
Analysis of O ₃ Pollution Affected by a Succession of Three Landfall Typhoons in 2020 in Eastern China	HUA Cong, YOU Yuan, WANG Qian, <i>et al.</i> (71)
Characteristics and Source Apportionment of VOCs Initial Mixing Ratio in Beijing During Summer	ZHANG Bo-tao, JING Kuan, WANG Qin, <i>et al.</i> (81)
Review of Comprehensive Evaluation System of Vehicle Pollution and Carbon Synergistic Reduction	FAN Zhao-yang, TONG Hui, LIANG Xiao-yu, <i>et al.</i> (93)
Study of Peak Carbon Emission of a City in Yangtze River Delta Based on LEAP Model	YANG Feng, ZHANG Gui-chi, SUN Ji, <i>et al.</i> (104)
Driving Forces and Mitigation Potential of CO ₂ Emissions for Ship Transportation in Guangdong Province, China	WENG Shu-juan, LIU Ying-ying, TANG Feng, <i>et al.</i> (115)
Carbon Emission Characteristics and Influencing Factors of Typical Processes in Drinking Water Treatment Plant	ZHANG Xiang-yu, HU Jian-kun, MA Kai, <i>et al.</i> (123)
Distribution Characteristics of Arsenic in Drinking Water in China and Its Health Risk Based on Disability-adjusted Life Years	DOU Dian-cheng, QI Rong, XIAO Shu-min, <i>et al.</i> (131)
Spatiotemporal Occurrence of Organophosphate Esters in the Surface Water and Sediment of Taihu Lake and Relevant Risk Assessment	ZHANG Cheng-nuo, ZHONG Qin, LUAN Bo-wen, <i>et al.</i> (140)
Exposure Level and Risk Impact Assessment of Pesticides and Veterinary Drugs in Aquaculture Environment	ZHANG Kai-wen, ZHANG Hai-yan, KONG Cong, <i>et al.</i> (151)
Variation in Phosphorus Concentration and Flux at Zhutuo Section in the Yangtze River and Source Apportionment	LOU Bao-feng, XIE Wei-min, HUANG Bo, <i>et al.</i> (159)
“Load-Unload” Effect of Manganese Oxides on Phosphorus in Surface Water of the Pearl River Estuary	LI Rui, LIANG Zuo-bing, WU Qi-rui, <i>et al.</i> (173)
Factors Influencing the Variation in Phytoplankton Functional Groups in Fuchunjiang Reservoir	ZHANG Ping, WANG Wei, ZHU Meng-yuan, <i>et al.</i> (181)
Hydrochemical Characteristics and Formation Mechanism of Groundwater in the Western Region of Hepu Basin, Beihai City	CHEN Wen, WU Ya, ZHANG Hong-xin, <i>et al.</i> (194)
Controlling Factors of Groundwater Salinization and Pollution in the Oasis Zone of the Cherchen River Basin of Xinjiang	LI Jun, OUYANG Hong-tao, ZHOU Jin-long (207)
Spatial-temporal Evolution of Ecosystem Health and Its Influencing Factors in Beijing-Tianjin-Hebei Region	LI Kui-ming, WANG Xiao-yan, YAO Luo-lan (218)
Spatial and Temporal Evolution and Impact Factors Analysis of Ecosystem Service Value in the Liaohe River Delta over the Past 30 Years	WANG Geng, ZHANG Fu-rong (228)
Effects of Photovoltaic Power Station Construction on Terrestrial Environment: Retrospect and Prospect	TIAN Zheng-qing, ZHANG Yong, LIU Xiang, <i>et al.</i> (239)
Spatiotemporal Evolution and Quantitative Attribution Analysis of Vegetation NDVI in Greater Khingan Mountains Forest-Steppe Ecotone	SHI Song, LI Wen, QU Chen, <i>et al.</i> (248)
Spatio-temporal Variation in Net Primary Productivity of Different Vegetation Types and Its Influencing Factors Exploration in Southwest China	XU Yong, ZHENG Zhi-wei, MENG Yu-chi, <i>et al.</i> (262)
Impacts of Extreme Climate Events at Different Altitudinal Gradients on Vegetation NPP in Songhua River Basin	CUI Song, JIA Zhao-yang, GUO Liang, <i>et al.</i> (275)
Spatial and Temporal Evolution and Prediction of Carbon Storage in Kunming City Based on InVEST and CA-Markov Model	Paruke Wusimanjiang, AI Dong, FANG Yi-shu, <i>et al.</i> (287)
Spatial-Temporal Evolution and Prediction of Carbon Storage in Jiuquan City Ecosystem Based on PLUS-InVEST Model	SHI Jing, SHI Pei-ji, WANG Zi-yang, <i>et al.</i> (300)
Soil Carbon Pool Allocation Dynamics During Soil Development in the Lower Yangtze River Alluvial Plain	HU Dan-yang, ZHANG Huan, SU Bao-wei, <i>et al.</i> (314)
Spatial Distribution Patterns of Soil Organic Carbon in Karst Forests of the Lijiang River Basin and Its Driving Factors	SHEN Kai-hui, WEI Shi-guang, LI Lin, <i>et al.</i> (323)
Effect of Land Use on the Stability of Soil Organic Carbon in a Karst Region	CHEN Jian-qi, JIA Ya-nan, HE Qiu-fang, <i>et al.</i> (335)
Spatial Distribution Characteristics of Soil Carbon and Nitrogen in Citrus Orchards on the Slope of Purple Soil Hilly Area	LI Zi-yang, CHEN Lu, ZHAO Peng, <i>et al.</i> (343)
Effects of Experimental Nitrogen Deposition and Litter Manipulation on Soil Organic Components and Enzyme Activity of Latosol in Tropical Rubber Plantations	XUE Xin-xin, REN Chang-qi, LUO Xue-hua, <i>et al.</i> (354)
Analysis on Driving Factors, Reduction Potential, and Environmental Effect of Inorganic Fertilizer Input in Chongqing	LIANG Tao, ZHAO Jing-kun, LI Hong-mei, <i>et al.</i> (364)
Research Progress on Distribution, Transportation, and Control of Per- and Polyfluoroalkyl Substances in Chinese Soils	LIU Hao-ran, XING Jing-yi, REN Wen-jie (376)
Prediction of Spatial Distribution of Heavy Metals in Cultivated Soil Based on Multi-source Auxiliary Variables and Random Forest Model	XIE Xue-feng, GUO Wei-wei, PU Li-jie, <i>et al.</i> (386)
Health Risk Assessment and Priority Control Factors Analysis of Heavy Metals in Agricultural Soils Based on Source-oriented	MA Jie, GE Miao, WANG Sheng-lan, <i>et al.</i> (396)
Contamination Characteristics and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in an Abandoned Pyrite Mining Area of Tongling City, China	LI Ru-zhong, LIU Yu-hao, HUANG Yan-huan, <i>et al.</i> (407)
Source Appointment and Assessment of Heavy Metal Pollution in Surface Dust in the Main District Bus Stops of Tianshui City	LI Chun-yan, WANG Xin-min, WANG Hai, <i>et al.</i> (417)
Response of Cadmium in Soil-rice to Different Conditioners Based on Field Trials	TANG Le-bin, LIU Xin-cai, SONG Bo, <i>et al.</i> (429)
Regulation Effects of Humus Active Components on Soil Cadmium Availability and Critical Threshold for Rice Safety	HU Xiu-zhi, SONG Yi, WANG Tian-yu, <i>et al.</i> (439)
Using Biochar and Iron-calcium Material to Remediate Paddy Soil Contaminated by Cadmium and Arsenic	WU Qiu-chan, WU Ji-zi, ZHAO Ke-li, <i>et al.</i> (450)
Research Progress on Characteristics of Human Microplastic Pollution and Health Risks	MA Min-dong, ZHAO Yang-chen, ZHU Long, <i>et al.</i> (459)
Effects of Polystyrene Microplastics Combined with Cadmium Contamination on Soil Physicochemical Properties and Physiological Ecology of <i>Lactuca sativa</i>	NIU Jia-rui, ZOU Yong-jun, JIAN Min-fei, <i>et al.</i> (470)
Transcriptome Analysis of Plant Growth-promoting Bacteria Alleviating Microplastic and Heavy Metal Combined Pollution Stress in Sorghum	LIU Yong-qi, ZHAO Si-yu, REN Xue-min, <i>et al.</i> (480)
Effects of Microplastics on the Leaching of Nutrients and Cadmium from Soil	ZHAO Qun-fang, CHU Long-wei, DING Yuan-hong, <i>et al.</i> (489)
Effect of Microplastics and Phenanthrene on Soil Chemical Properties, Enzymatic Activities, and Microbial Communities	LIU Sha-sha, QIN Jian-qiao, WU Xian-ge (496)
Prediction of Soil Bacterial Community Structure and Function in Minqin Desert-oasis Ecotone Artificial <i>Haloxylon ammodendron</i> Forest	WANG An-lin, MA Rui, MA Yan-jun, <i>et al.</i> (508)
Response of Soil Fungal Community to Biochar Application Under Different Irrigation Water Salinity	ZHENG Zhi-yu, GUO Xiao-wen, MIN Wei (520)
Effects of Organic Fertilizer of Kitchen Waste on Soil Microbial Activity and Function	LIU Mei-ling, WANG Yi-min, JIN Wen-hao, <i>et al.</i> (530)
Response Characteristics of Soil Fungal Community Structure to Long-term Continuous Cropping of Pepper	CHEN Fen, YU Gao, WANG Xie-feng, <i>et al.</i> (543)
Effects of Foliar Application of Silicon Fertilizers on Phyllosphere Bacterial Community and Functional Genes of Paddy Irrigated with Reclaimed Water	LIANG Sheng-xian, LIU Chun-cheng, HU Chao, <i>et al.</i> (555)
Analysis of Bacterial Communities and Antibiotic Resistance Genes in the Aquaculture Area of Changli County	WANG Qiu-shui, CHENG Bo, LIU Yue, <i>et al.</i> (567)
High-throughput qPCR and Amplicon Sequencing as Complementary Methods for Profiling Antibiotic Resistance Genes in Urban Wetland Parks	HUANG Fu-yi, ZHOU Shu-yi-dan, PAN Ting, <i>et al.</i> (576)
Characteristics of Vertical Distribution and Environmental Factors of Antibiotics in Quaternary Sedimentary Column in Urban Areas	LIU Ke, TONG Lei, GAN Cui, <i>et al.</i> (584)
Adsorption Performance and Mechanism of Oxytetracycline in Water by KOH Modified Biochar Derived from Corn Straw	LIU Zong-tang, SUN Yu-feng, FEI Zheng-hao, <i>et al.</i> (594)
Comparison of Pb ²⁺ Adsorption Properties of Biochars Modified Through CO ₂ Atmosphere Pyrolysis and Nitric Acid	JIANG Hao, CHEN Rui-zhi, ZHU Zi-yang, <i>et al.</i> (606)