

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

PM_{2.5}污染对我国健康负担和经济损失的影响

李勇, 廖琴, 赵秀阁, 白云, 陶燕

PM_{2.5}

• 中风

PM_{2.5}控制目标
健康经济效益

• 冠心病

• 呼吸系统疾病

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年4月

第42卷 第4期

Vol.42 No.4

目次

京津冀及周边地区秋冬季大气污染物排放变化因素解析 唐倩, 郑博, 薛文博, 张强, 雷宇, 贺克斌 (1591)

珠江三角洲大气光化学氧化剂(O₃)与PM_{2.5}复合超标污染特征及气象影响因素 颜丰华, 陈伟华, 常鸣, 王伟文, 刘永林, 钟部卿, 毛敬英, 杨士士, 王雪梅, 刘焯芳 (1600)

广州市臭氧污染溯源:基于拉格朗日光化学轨迹模型的案例分析 裴成磊, 牟江山, 张英南, 申恒青, 陈玉茹, 黄杰生, 丁浩然, 李成柳 (1615)

运城秋冬季大气细粒子化学组成特征及来源解析 赵清, 李杏茹, 王国选, 张兰, 杨阳, 刘水桥, 孙宁宁, 黄禹, 雷文凯, 刘新罡 (1626)

降雪后24 h内大气中多环芳烃的变化规律 范慧泽, 祝富杰, 胡鹏持, 马万里 (1636)

道路扬尘中PM_{2.5}粒度乘数的测定方法及特征 李冬, 陈建华, 张月帆, 高忠阳, 高健, 张凯, 竹双 (1642)

铸造行业挥发性有机物排放成分谱及影响 李时蓓, 伯鑫, 李厚宇, 舒木水, 淡默, 屈加豹, 雷团团 (1649)

燃煤电厂和垃圾焚烧电厂燃烧产物中卤代多环芳烃的赋存特征和毒性风险 倪秀峰, 王儒威, 蔡飞旋, 蔡家伟 (1660)

兰州市春季微生物气溶胶浓度、粒径及细菌群落结构分布特性 赵炜, 李杰, 谢慧娜, 张莉红, 王亚娥 (1668)

大气污染排放格局优化方法及案例 李敏辉, 廖程浩, 常树诚, 张永波, 杨柳林, 曾武涛 (1679)

PM_{2.5}污染对我国健康负担和经济损失的影响 李勇, 廖琴, 赵秀阁, 白云, 陶燕 (1688)

基于多同位素的不同土地利用区域水体硝酸盐源解析 金赞芳, 胡晶, 吴爱静, 李光耀, 张文辽, 李非里 (1696)

新疆叶尔羌河流域地表水水化学特征及控制因素 张杰, 周金龙, 曾妍妍, 涂治, 纪媛媛, 孙英, 雷米 (1706)

漓江流域水体中重金属污染特征及健康风险评价 黄宏伟, 肖河, 王敦球, 席北斗, 孙晓杰, 李洁月, 李向奎 (1714)

近20年来鄱阳湖流域泛濫平原沉积物微量元素含量与污染变化 李括, 杨柯, 彭敏, 刘飞, 杨峥, 赵传冬, 成杭新 (1724)

汾河流域浅层地下水水化学和氢氧稳定同位素特征及其指示意义 刘鑫, 向伟, 司炳成 (1739)

会仙岩溶湿地地下水主要离子特征及成因分析 李军, 邹胜章, 赵一, 赵瑞科, 党志文, 潘民强, 朱丹尼, 周长松 (1750)

贵州威宁草海流域地下水水化学特征及无机碳通量估算 曹星星, 吴攀, 杨诗笛, 刘闪, 廖家豪 (1761)

辽宁典型海域表层海水中在用化学农药浓度水平与潜在生态风险 杜静, 胡超魁, 解怀君, 田甲申, 李爱, 谢晴, 吴金浩, 宋伦 (1772)

辽河流域土壤中微(中)塑料的丰度、特征及潜在来源 韩丽花, 徐笠, 李巧玲, 陆安祥, 殷敬伟, 田佳宇 (1781)

津冀辽地区典型湖库沉积物PAHs污染特征及来源解析 吴鹏, 鲁逸人, 李慧, 郑天娇子, 程云轩, 焦立新 (1791)

环太湖河流及湖体中有机磷酸酯的污染特征和风险评价 张文萍, 张振飞, 郭昌胜, 吕佳佩, 邓洋慧, 张恒, 徐建 (1801)

太湖表层水体典型抗生素时空分布和生态风险评价 丁剑楠, 刘舒娇, 邹杰明, 石浚哲, 邹华, 史红星 (1811)

淮河流域南四湖可挥发性有机物污染特征及风险评价 程云轩, 高秋生, 李捷, 李慧, 吴鹏, 焦立新 (1820)

三亚河沉积物PAHs和PCBs的分布、来源及风险评价 詹咏, 韦婷婷, 叶汇彬, 董滨, 张领军, 黄远东 (1830)

三峡库区非点源污染氮磷负荷时空变化及其来源解析 李明龙, 贾梦丹, 孙天成, 褚琳, 李朝霞 (1839)

反硝化细菌、硝酸钙和锆改性沸石联用对底泥中氮磷迁移转化的影响及硝态氮释放风险评估 辛慧敏, 林建伟, 詹艳慧 (1847)

锁磷剂联合好氧反硝化菌修复富营养化水体 李炳堂, 周志勤, Ravi Naidu, 胡智泉, 郭大滨, 陈嘉鑫 (1861)

太湖蓝藻胞内有机质的微生物降解 张巧颖, 孙伟, 杜瑛琦, 巩小丽 (1870)

青藏高原拉萨河流域附石藻类群落结构特征及其驱动因子分析 魏俊伟, 李鸿然, 汪兴中, 齐文华, 汪洋, 赵彬洁, 谭香, 张全发 (1879)

基于EEMs与UV-vis分析苏州汛期景观河道中DOM光谱特性与来源 何杰, 朱学惠, 魏彬, 李学艳, 汤如涛, 林欣, 周飞, 司徒壮 (1889)

老化前后轮胎磨损微粒与聚氯乙烯微粒对抗生素的吸附-解吸行为 范秀磊, 邹峰峰, 刘加强, 李莹, 刘强, 侯俊 (1901)

磁性铁基改性生物炭去除水中氨氮 王芳君, 桑倩倩, 邓颖, 赵元添, 杨娅, 陈永志, 马娟 (1913)

城市污水处理厂进水氨氧化菌对活性污泥系统的季节性影响 于莉芳, 汪宇, 滑思思, 李韧, 张兴秀, 惠晓飞 (1923)

基于粒径分化的厌氧氨氧化污泥性能与微生物多样性分析 王晓瞳, 杨宏 (1930)

ClO₂消毒工艺对污水处理厂出水超级耐药基因的影响 程春燕, 李海北, 梁永兵, 师丹阳, 陈郑珊, 杨栋, 焦巧瑞, 邵一帆, 李君文, 金敏 (1939)

微塑料PES与2,4-DCP复合污染对厌氧污泥胞外聚合物与微生物群落的影响 林旭萌, 宿程远, 吴淑敏, 黄嫫, 邓雪, 林香凤, 黄尊, 魏佳林 (1946)

城镇污水处理厂污泥泥质监测及资源化风险评价 李娟, 李金香, 杨妍妍 (1956)

气候变暖对冻结期黑土碳氮循环关键过程及指标的影响 王子龙, 刘传兴, 姜秋香, 李世强, 柴迅 (1967)

沼液秸秆联用对滨海围垦田土壤重金属迁移及形态变化的影响 王伟, 周珺楠, 汤逸帆, 申建华, 韩建刚 (1979)

地块尺度城市土地质量地球化学调查方法:以雄安新区起步区为例 周亚龙, 郭志娟, 刘飞, 韩伟, 孔牧, 赵传冬, 刘爱涛, 彭敏, 王乔林, 王成文 (1989)

雄安新区农田土壤-农作物系统重金属潜在生态风险评估及其源解析 周亚龙, 杨志斌, 王乔林, 王成文, 刘飞, 宋云涛, 郭志娟 (2003)

地质高背景农田土壤下不同水稻品种对Cd的累积特征及影响因素 代子雯, 方成, 孙斌, 魏志敏, 胡锋, 李辉信, 徐莉 (2016)

不同外源硒对镉污染土壤中小白菜生长及镉吸收的影响 刘杨, 齐明星, 王敏, 刘娜娜, Pornpimol Kleawsampanjai, 周菲, 翟辉, 王梦柯, 任蕊, 梁东丽 (2024)

影响不同农作物镉富集系数的土壤因素 陈洁, 王娟, 王怡雯, 姚启星, 苏德纯 (2031)

Cd胁迫下不同外源植物激素对水稻幼苗抗氧化系统及Cd吸收积累的影响 张盛楠, 黄益宗, 李颜, 保琼莉, 黄永春 (2040)

不同有机物料对水稻根表铁膜及砷镉吸收转运的影响 李开叶, 赵婷婷, 陈佳, 赵秀兰 (2047)

铜尾矿坝及其周边土壤真菌群落结构与功能多样性 陈建文, 张红, 李君剑, 刘勇 (2056)

微生物群落驱动AM真菌、生物炭及联合改良沙化土壤作用潜力 张哲超, 杨久扬, 郝百惠, 郝利君, 罗俊清, 李雪, 刁风伟, 张璟霞, 郭伟 (2066)

动物粪便施肥措施促进耐药基因在粪便-土壤-蔬菜之间的散播 张红娜, 董梦洁, 周玉法, 孙佳欣, 常美洁, 翟真真 (2080)

区域水生态文明建设绩效评价及障碍诊断模型的建立与应用 万炳彤, 鲍学英, 赵建昌, 李爱春 (2089)

《环境科学》征订启事(1738) 《环境科学》征稿简则(1790) 信息(1860, 1878, 1900)

铜尾矿坝及其周边土壤真菌群落结构与功能多样性

陈建文¹, 张红^{2*}, 李君剑¹, 刘勇¹

(1. 山西大学黄土高原研究所, 太原 030006; 2. 山西大学环境与资源学院, 太原 030006)

摘要: 土壤真菌群落会因环境条件的变化而重新构建。为了探究山西省垣曲县十八河尾矿坝及其周边土壤中真菌群落的结构与功能多样性, 本研究探讨了坝体草地、15 a 杨树林、农田、10 a 杨树林这4种土地利用方式下土壤真菌群落的结构组成和碳源利用功能多样性。结果表明, 研究区15 a 杨树林地中真菌群落丰度和多样性最高, 坝体草地中最低; 子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和被孢霉门(Mortierellomycota)是研究区的优势真菌类群, 其中, 子囊菌门(Ascomycota)在所有样地中均有最大分布, 其在坝体草地中的分布达到92.92%; 15 a 杨树林地中真菌群落碳源利用多样性最高, 坝体草地中真菌群落碳源利用多样性显著高于农田和10 a 杨树林地, 坝体草地土壤真菌群落对糖苷类碳源的利用效率显著高于其余3种土地利用类型。相关分析表明, 土壤真菌群落丰度与土壤总氮显著相关($P < 0.05$), 而与土壤重金属含量不相关。土壤真菌群落多样性指数与重金属Cd、As之间具有显著相关性, 与其他重金属无显著相关性。本研究结果表明长期受重金属污染胁迫下, 土壤中真菌群落更多受土壤肥力和土地利用方式影响, 而与土壤重金属浓度不呈线性关系。本研究结果对土壤真菌群落在重金属污染区土壤修复中的应用具有重要意义。

关键词: 重金属污染; 真菌群落; 碳源利用; 功能多样性; 尾矿坝

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)04-2056-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202008136

Soil Fungal Community Structure and Functional Diversity in a Copper Tailing Dam and Its Surrounding Areas

CHEN Jian-wen¹, ZHANG Hong^{2*}, LI Jun-jian¹, LIU Yong¹

(1. Institute of Loess Plateau, Shanxi University, Taiyuan 030006, China; 2. School of Environment and Resources, Shanxi University, Taiyuan 030006, China)

Abstract: Soil fungal communities are reconstructed under heavy metal stress. This study was conducted to explore the structural and functional diversity of soil fungal communities under different land-use patterns, namely grassland and farmland, in 15-year-old or 10-year-old poplar plantations (*Populus deltoides* cv. 'zhonghuahongye') near the Shibahe copper tailing dam and the surrounding area, located in Yuanqu County, Shanxi. The results indicated that the abundance and diversity of fungal communities were the highest in the 15-year-old poplar plantation and lowest in the grassland on the tailing dam. The dominant fungal groups in the study area were Ascomycota, Basidiomycota, and Mortierellomycota. The Ascomycota members were the most abundant at all four sampling sites, reaching 92.92% of the fungal community in the grassland on the tailing dam. The highest functional diversity of carbon utilization was found in the soil fungal communities of the 15-year-old poplar plantations; moreover, the diversity in the grassland on the tailing dam was significantly higher than that in the farmland and in the 10-year-old poplar plantation. Meanwhile, we also observed the highest glucoside carbon source utilization efficiency in the grassland. Notably, the correlation analysis revealed that Ascomycota was significantly correlated with the utilization efficiency of the glucoside carbon source in our study area. Moreover, the soil total nitrogen content, but not the soil heavy metal content, was significantly correlated with the abundance of the soil fungal community. There were significant correlations between the cadmium and arsenic contents and the soil fungal community diversity indices. Our results indicated that the soil fungal communities were more influenced by soil fertility and land use than by the soil heavy metal content. This study underlies the application of soil fungal communities in soil remediation of heavy metal-contaminated areas.

Key words: heavy metal pollution; fungal community; carbon source utilization; functional diversity; tailing dam

环境条件在土壤微生物群落构建过程中发挥重要作用^[1]。工业革命以来,采矿业及其下游产业发展使得土壤中重金属含量剧增,这对土壤微生物群落的结构与功能造成了很大影响。在重金属污染的影响下,土壤微生物群落会重新构建^[2,3]。基于实验室重金属与微生物群落关系的研究发现,短期重金属污染胁迫会降低土壤微生物的丰度和多样性^[2-4],而长期受重金属污染的土壤中,土壤微生物的丰度和多样性反而会有所回升^[5]。

不同土地利用方式会影响土壤微生物群落的丰

度与组成,这是由于土壤的理化性质会随土地利用方式的改变而改变^[6]。土壤真菌群落是土壤微生物的重要组成,其群落动态主要受地上植被的影响^[7]。通常,在重金属胁迫条件下,真菌比细菌具有更强的重金属抗性^[8,9],且真菌群落的碳源利用功

收稿日期: 2020-08-13; 修订日期: 2020-09-15

基金项目: 山西省重点研发计划项目(201903D321071, 201803D31024); 国家自然科学基金项目(41771548)

作者简介: 陈建文(1980~),男,博士,主要研究方向为微生物生态学, E-mail: chenjw@sxu.edu.cn

* 通信作者, E-mail: zhanghong@sxu.edu.cn

能多样性的下降要远低于细菌群落^[10]. 由于真菌群落的这些特性,其已成为重金属污染区生物修复研究的重要对象. 然而到目前为止,长期土壤重金属污染条件下,不同土地利用方式对真菌群落结构与功能的影响尚不明确. 因此,本文在长期受重金属污染的尾矿区开展不同土地利用方式下真菌群落结构与功能多样性的研究,对深刻理解重金属污染在真菌群落构建中的作用以及重金属污染区生态修复具有重要意义.

本研究拟对长期受重金属污染的铜尾矿坝及其周边区域的土壤真菌群落开展以下 3 个方面研究:
① 不同土地利用类型土壤中真菌群落的结构差异;
② 土壤真菌群落对不同碳源的利用方式有何不同;
③ 土壤真菌群落多样性与环境因子的响应关系如何.

1 材料与方法

1.1 研究区概况及土壤样品采集

研究区(35°15'N, 111°39'E)位于山西省南部的铜尾矿坝及其周边地区,为暖温带大陆季风性气候,年平均气温 14℃,年平均降雨量 780 mm,年无霜期超过 200 d^[11]. 在尾矿坝的底部,有一条由尾矿库渗流水形成的河道. 本研究选取尾矿坝及河道两边的 4 个样地作为研究对象,分别为 TD0、TD1、TD2 和 TD3(图 1). TD0 位于尾矿坝上,主要植被类型为一年生草本; TD1 位于大坝底部,主要植被类型为 15 a 杨树林(*Populus deltoids* cv. 'zhonghuahongye'); TD2 土地利用类型为农田,与 TD1 相邻,作物类型为冬小麦和秋玉米轮作; TD3 距大坝最远,主要植被类型为 10 a 杨树林(*Populus deltoids* cv. 'zhonghuahongye').

土壤样品采集于 2016 年 6 月,TD2 样地的冬小麦收获后. TD0 样地中随机取得 3 个土壤样品,其余

3 个样地中分别随机采取 9 个土壤样品. 所有土壤样品用冰袋保存于保温箱并迅速转移回实验室,过 2 mm 筛,去除杂草根系等,使之完全均一化后分成两部分. 一部分置于 4℃ 保存,一部分风干进行理化性质分析.

土壤 pH 值(土水比为 1:2.5)用 pH 计测定(HI3221, Italy). 土壤总碳(TC)、总氮(TN)和总硫(TS)由元素分析仪(vario macro cube, elementar, Germany)测定. 采用 HNO₃-HF-H₂O₂ 法^[12]对土壤样品进行消解,采用电感耦合等离子体发射光谱法(ICP-OES, iCAP 6000, Thermo Fisher, UK)对消解液中的重金属进行测定. 本课题组前期已对研究区各样地土壤理化性质和重金属含量进行了相关分析和报道(表 1)^[13].

1.2 土壤 DNA 提取、真菌群落 ITS rDNA 定量和扩增子测序

使用 Qiagen DNeasy PowerSoil 试剂盒(Qiagen, Carlsbad, CA, USA)从 0.25g 新鲜土壤中提取土壤总 DNA,提取步骤参照试剂盒说明书. 采用 LineGene9600plus 型荧光定量 PCR 仪(博日,中国南京诺唯赞生物科技有限公司)对样本中 ITS1 区进行定量.

采用 ABI GeneAmp® 9700 PCR 仪(美国)对土壤真菌 rDNA 的 ITS1 区进行扩增以进行多样性分析,扩增产物纯化并测定浓度(NanoDrop)后在 Illumina MiSeq 平台上测序. 在 97% 的相似水平上,采用 RDP classifier 贝叶斯算法对获得的高质量序列中的 OTU 代表序列进行分类学分析,并与 Silva 数据库进行比对,获得各分类学水平上的群落信息.

荧光定量、高通量测序和生信分析均在上海美吉生物医药科技有限公司完成.

1.3 真菌碳源利用功能多样性分析

采用 Biolog FF MicroPlate 对真菌的碳源代谢活



图 1 研究区样地设置示意

Fig. 1 Sampling sites in the study area

表 1 研究区各样地的土壤理化性质¹⁾

Table 1 Soil physicochemical characteristics and heavy metal contents at each sampling site

样地	TD0	TD1	TD2	TD3
pH	8.00 ± 0.02ab	7.76 ± 0.20c	8.04 ± 0.21a	7.80 ± 0.11bc
TN/g·kg ⁻¹	0.58 ± 0.03c	0.89 ± 0.16b	1.12 ± 0.06a	0.89 ± 0.07b
TC/g·kg ⁻¹	12.28 ± 0.26c	16.20 ± 1.27a	13.95 ± 0.46b	15.86 ± 1.52a
TS/g·kg ⁻¹	1.51 ± 0.71a	0.73 ± 0.10b	0.59 ± 0.02b	0.68 ± 0.11b
As/mg·kg ⁻¹	6.94 ± 2.42b	12.28 ± 4.32a	7.15 ± 3.44b	10.52 ± 3.96ab
Cd/mg·kg ⁻¹	0.17 ± 0.08c	1.25 ± 0.66a	0.54 ± 0.34bc	0.76 ± 0.25ab
Cr/mg·kg ⁻¹	47.24 ± 20.04b	381.91 ± 176.75a	371.90 ± 169.15a	339.05 ± 174.71a
Cu/mg·kg ⁻¹	338.00 ± 184.21a	323.28 ± 157.59a	122.10 ± 36.15b	157.91 ± 36.37b
Ni/mg·kg ⁻¹	34.17 ± 7.63a	79.51 ± 55.13a	77.89 ± 44.53a	101.79 ± 67.16a
Pb/mg·kg ⁻¹	756.76 ± 221.91a	1227.24 ± 360.65a	983.42 ± 292.03a	1098.53 ± 349.17a
Zn/mg·kg ⁻¹	33.43 ± 18.91b	77.17 ± 36.37a	89.23 ± 23.84a	64.67 ± 16.73ab
RI	392.35 ± 37.34c	889.78 ± 278.7a	548.21 ± 119.19bc	663.76 ± 148.39b

1) 数据为 mean ± SD, 不同的字母表示两样地间差异显著 ($P < 0.05$), TN、TC 和 TS 分别表示土壤总氮、土壤总碳和土壤总硫, RI 为潜在风险指数 (Hakanson 指数)

性和功能多样性进行分析, Biolog FF MicroPlate 包括 95 种碳源和 1 个对照孔, 以碘硝基四唑紫 (iodonitrotetrazolium violet) 作为底物利用指示剂. Biolog FF 微平板的 95 种碳源可以分为 8 大类^[14], 包括碳水化合物 (carbohydrates, 29 种)、羧酸类 (carboxylic acids, 20 种)、氨基酸类 (amino acids, 10 种)、糖苷类 (glycosides, 4 种)、聚合物类 (polymers, 5 种)、多元醇类 (polyols, 10 种)、胺和酰胺类 (amines and amides, 9 种) 和其它类碳源 (miscellaneous, 8 种). 本实验步骤如下: 将 4℃ 下保存的土壤样品的水分含量调整至土壤最大充水空隙 (water-filled pore space, WFPS) 的 60% 并在 25℃ 下暗培养, 一周后称取相当于 5 g 干土的土壤, 加入 45 mL 0.9% 的无菌生理盐水, 同时按照 100 mg·L⁻¹ 的比例加入土霉素 (Oxytetracycline) 以去除细菌的干扰, 振荡 1 h 后静置约 0.5 h, 使用无菌生理盐水将悬浊液逐步稀释至 10⁻², 用排枪将 130 μL 的稀释液加入 Biolog FF MicroPlate 各反应孔中, 将 130 μL 的无菌生理盐水加入 Biolog FF MicroPlate 的对照孔中. 所有加好样的 Biolog FF MicroPlate 置于 25℃ 下暗培养, 从第 0 d 算起, 每隔 24 h 使用 Infinite 200 PRO (TECAN, Sweden) 在 490 nm 下测定其吸光度, 共测定 12 d, 根据平均颜色变化率 (average well color development, AWCD), 选择真菌群落生长平台初期 (第 10 d) 吸光度值进行真菌碳源利用功能多样性分析. AWCD 和功能多样性指数使用如下公式计算:

$$AWCD = \sum (C - R) / 95$$

$$\text{Shannon 指数: } H' = - \sum p_i \ln p_i$$

$$\text{Shannoneven: } E = H' / \ln S$$

$$\text{McIntosh 指数: } U = \sqrt{\sum n_i^2}$$

式中, C 表示 Biolog FF MicroPlate 各碳源的吸光度值, R 表示 Biolog FF MicroPlate 中对照孔吸光度的平均值. P_i 表示第 i 孔 $C - R$ 值 (n_i) 与所有孔 $C - R$ 总和的比率. S 表示有颜色变化的孔的数目.

1.4 数据分析

采用单因素方差分析 (One-way ANOVA) 对不同样地间真菌群落丰富度、多样性、碳源利用效率和碳源代谢多样性等进行差异性检验, 并通过 Duncan 检验进行多重比较. 采用主成分分析 (PCA) 对不同样地的真菌群落的碳源利用方式进行排序. 采用 Spearman 相关分析来检验环境因子、碳源利用效率与优势类群之间的相关性.

方差分析、PCA 分析和 Spearman 相关性分析分别采用 IBM SPSS Statistics 19、Canoco5.0 和 R 3.4.4 实现.

2 结果与分析

2.1 真菌群落的结构多样性

研究区土壤样品中共测得 863 391 条高质量有效序列. 分类学分析表明, 在 97% 的相似性水平上, 共优化得到 2 685 个真菌 OTU 单元, TD0、TD1、TD2 和 TD3 的 OTU 个数分别是 870、1 624、804 和 1 464. 这些 OTU 单元中包含 13 个门、44 个纲、101 个目、235 个科、472 个属和 775 个种. ITS rDNA 定量结果表明, TD1 样地的真菌丰度显著高于 TD0 样地 ($P < 0.05$, 表 2). TD0 样地的 Chao1 丰富度指数、Shannon 多样性指数和 Shannoneven 均匀度指数均表现为最低; TD1 样地的这些指标均表现为与 TD0 相反的特征; 方差分析表明, 研究区真菌群落多样性指标样地间的差异性均达到了显著性水平 ($P < 0.05$).

研究区共有优势真菌门 3 个(相对丰度大于 1%,图 2),分别为子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和被孢霉门(Mortierellomycota)。其中,子囊菌门(Ascomycota)在 4 样地中均有最高分布,在 TD0 样地真菌群落中占比最高,达 92.92%,

而在 TD3 样地中占比最低,达到 48.80%,其各样地中的相对丰度均显著高于其它类群($P < 0.05$)。TD0 和 TD2 样地的子囊菌门(Ascomycota)显著高于其它两样地;TD1 样地中的被孢霉门(Mortierellomycota)显著高于其它 3 样地(图 3)。

表 2 研究区土壤真菌群落的丰度与多样性指数¹⁾

Table 2 Abundance and species diversity of soil fungal communities in the study area

样地	ITS rDNA	Chao1 指数	Shannon 指数	Shannoneven 指数
TD0	4.43 ± 0.10b	558.69 ± 49.66b	2.51 ± 0.93c	0.4 ± 0.14b
TD1	4.78 ± 0.24a	951.62 ± 51.99a	4.44 ± 0.04a	0.66 ± 0.01a
TD2	4.69 ± 0.18ab	523.35 ± 44.98b	3.11 ± 0.08bc	0.51 ± 0.01ab
TD3	4.71 ± 0.26ab	842.00 ± 188.57a	3.89 ± 0.57ab	0.59 ± 0.07a

1) 数据为 mean ± SD,不同的字母表示两样地间差异显著($P < 0.05$),ITS rDNA 数据为对数转换后

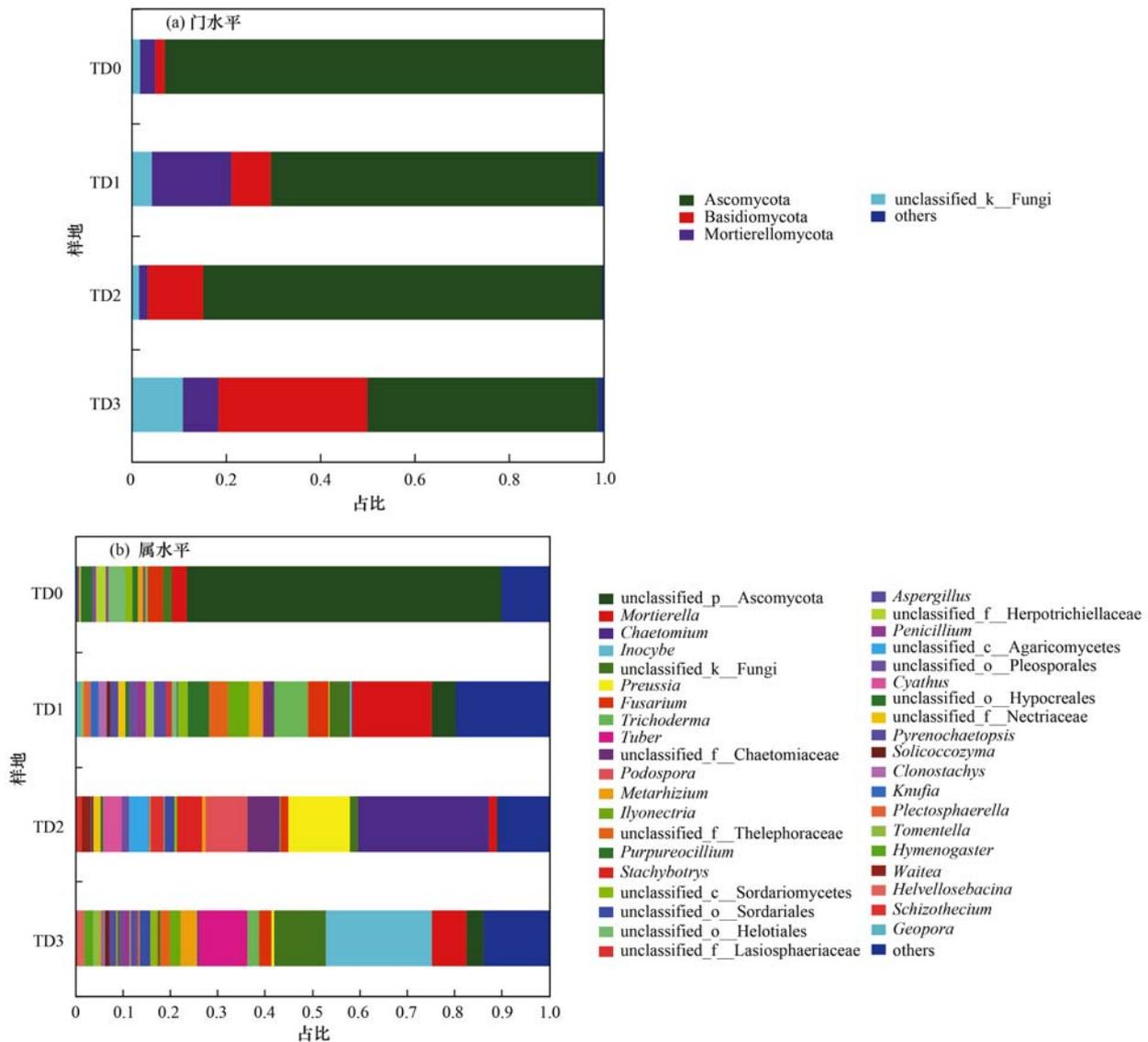


图 2 真菌优势类群在各样地中的占比

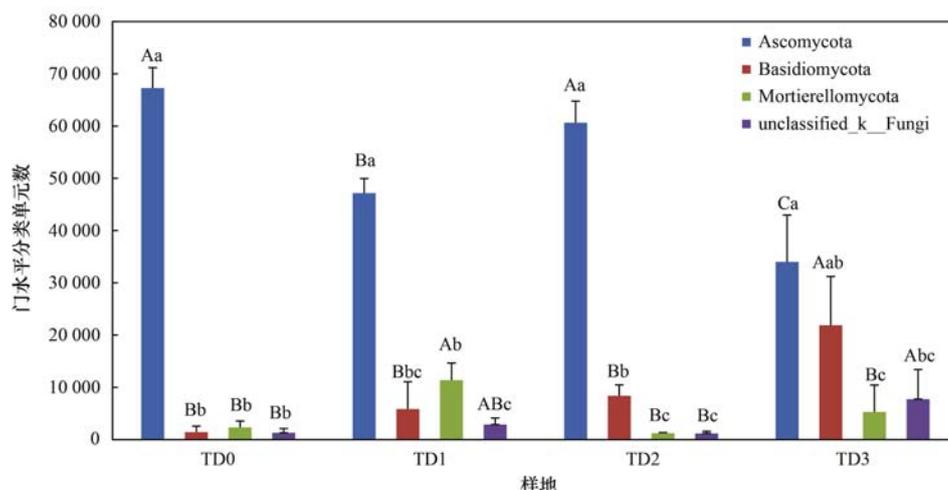
Fig. 2 Percentage of the dominant taxa at each sampling sites

2.2 真菌群落的碳源利用功能多样性

研究区真菌群落的 AWCD 变化表明,TD1 样地的 AWCD 增长最快,TD2 样地真菌群落 AWCD 增长

最慢(图 4)。采用第 10 d(平台期)的 AWCD 值进行真菌群落碳源利用功能多样性的分析。

TD1 样地的 AWCD、Shannon 多样性指数、



大写字母表示同一样地对不同真菌类群的差异性 ($P < 0.05$), 小写字母表示同种真菌类群在不同样地间的差异性 ($P < 0.05$)

图 3 门水平不同样地间土壤优势真菌类群比较

Fig. 3 Differences among the dominant fungi taxa in different sample sites

Shannoneven 均匀度指数和 McIntosh 多样性指数均显著高于其它 3 个样地 ($P < 0.05$), TD2 样地的这些指数最低 (表 3).

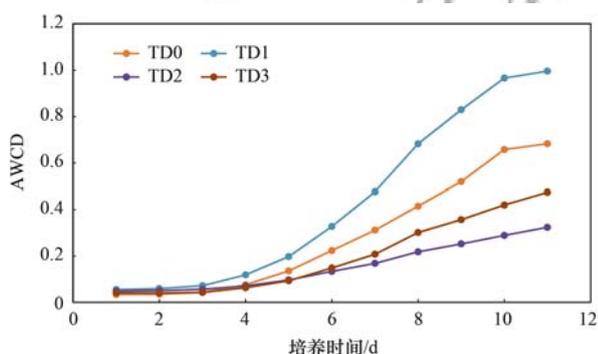


图 4 不同样地土壤真菌群落 Biolog FF MicroPlate 培养过程中平均颜色变化率 (AWCD) 的动态变化

Fig. 4 Changes of average well color development (AWCD) during Biolog FF MicroPlate culture in different sampling sites

不同样地对 8 类碳源的利用强度有显著差异 (图 5). TD0 样地的真菌群落对糖苷类碳源的利用强度显著高于其它样地, 对糖苷类和多元醇类碳源的利用强度显著高于其余碳源类型; 除糖苷类外, TD1 样地的真菌群落对其它 7 类碳源的利用强度均显著高于其它样地, 对聚合物类、胺与酰胺类和其它类碳源的利用强度显著低于其它 5 类碳源; 4 样地中, TD2 样地的真菌群落对碳水化合物类、羧酸类、氨基酸类和多元醇类的利用强度最低, 对碳水化合物类、聚合物类、胺与酰胺类碳源的利用强度显著高于其它类碳源类型; 较之其它样地, TD3 样地的真菌群落对糖苷类、聚合物类、胺与酰胺类和其它类碳源类型利用强度最低, 对碳水化合物类碳源的利用强度最高.

PCA 结果表明, 碳源利用对于研究区真菌群落的分异作用中共提取到 4 个主成分, 第 1、2 主成分

表 3 研究区土壤真菌群落的功能多样性指数¹⁾

Table 3 Soil fungal functional diversity of carbon source utilization in study area

样地	AWCD	Shannon 指数	Shannoneven 指数	McIntosh 指数
TD0	0.6576 ± 0.0693b	4.2406 ± 0.0095b	0.9312 ± 0.0021b	8.1665 ± 0.82b
TD1	0.9665 ± 0.1113a	4.3193 ± 0.0049a	0.9485 ± 0.0011a	11.3903 ± 1.267a
TD2	0.2893 ± 0.0399c	3.8788 ± 0.042d	0.8518 ± 0.0092d	4.8294 ± 0.5869c
TD3	0.4204 ± 0.0482c	4.0247 ± 0.0425c	0.8838 ± 0.0093c	6.0153 ± 0.5773c

1) 数据为 mean ± SD, 不同的字母表示两样地间差异显著 ($P < 0.05$)

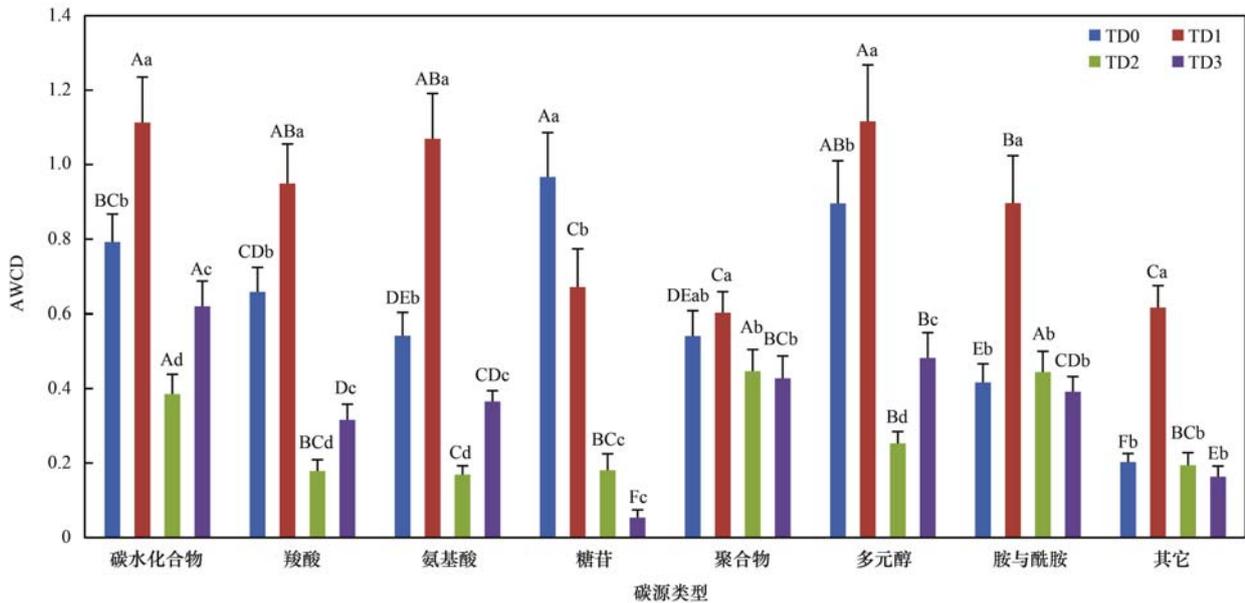
共可解释 75.73% (图 6), 有 23 种碳水化合物类、17 种羧酸类、7 种氨基酸类、5 种糖苷类、4 种聚合物类、8 种多元醇类、9 种胺与酰胺类和 8 种其它类碳源在第 1、2 主成分中起重要作用 (表 4).

2.3 真菌群落多样性与环境因子相关性分析

土壤 pH 值、土壤 TC 和所有群落多样性指数间表现出显著的相关性 ($P < 0.05$), 而土壤 TN 仅与

ITS rDNA 之间发现显著的相关性 (表 5); 重金属 As、Cd 和所有群落多样性指数间具有显著相关性, 未发现其余重金属与群落多样性指数之间的显著相关性 ($P > 0.05$).

土壤 pH 值和担子菌门 (Basidiomycota) 之间具有显著相关性 ($P < 0.05$), 土壤 TC、TN 与子囊菌门 (Ascomycota) 显著负相关, 而与担子菌门



大写字母表示同一样地对不同类型碳源利用强度的显著性差异 ($P < 0.05$),
小写字母表示不同样地相同类型碳源利用强度的显著性差异 ($P < 0.05$)

图 5 不同样地中土壤真菌群落碳源代谢强度

Fig. 5 Carbon utilization intensity of soil fungi community in different sampling sites

(Basidiomycota) 显著正相关 [图 7(a)]. 土壤 N 与土壤真菌群落对糖苷类碳源的代谢强度间显著负相关 ($P < 0.05$) [图 7(b)]; 重金属 Cu 与糖苷类、羧酸类和聚合物类碳源的代谢强度间显著正相关, Cd 与其它类碳源的代谢强度间显著正相关; 其它环境因子与各碳源代谢强度间未见显著相关性.

3 讨论

3.1 重金属污染区的真菌群落

研究区真菌群落的丰度与 α 多样性在样地间具有显著差异. 在重金属含量最高与潜在生态风险最大的 TD1 样地 (表 1), 真菌群落具有显著高于其它样地的丰度, 群落多样性指数在样地间差异显著 (表 2), 同时, 真菌群落的这些指数均与土壤 TC 显著相关 (表 5). 土壤有机质的含量与微生物群落结构密切相关, 土壤 TC 的升高会有效提高微生物的丰富度^[15], 而植被重建亦有助于土壤 TC 的积累^[16]. TD1 样地和 TD3 样地的重建植被分别为 15 a 和 10 a 杨树林, 据报道, 杨树可与多种真菌共生形成外生菌根而提升其抗逆性^[17], 如担子菌门 (Basidiomycota) 中的笼头菌属、鹅膏菌属、木耳属、口蘑属和硬皮马勃属中的许多种均可与杨树形成共生. 研究区的优势种中, TD1 样地和 TD3 样地的担子菌门 (Basidiomycota) 分别占到了本样地 OTU 总数的 9% 和 31.62% (图 2), 这对提升杨树林的抗逆性有很大帮助, 同时很大程度上提高了杨树林对土壤碳汇的贡献. 本研究发现, TD1 和 TD3 样地的土壤 TC 显著高于其它两样地 (表 1).

研究区土壤中含量较高的重金属 Cu 和 As 并未发现与真菌群落丰富度和多样性指数之间的显著相关性, 仅发现重金属 Cd 与真菌群落参数之间的显著相关性. 在杨树-外生菌根真菌的共生体系中, 外生菌根真菌体内的 Cd 含量与土壤中的总 Cd 含

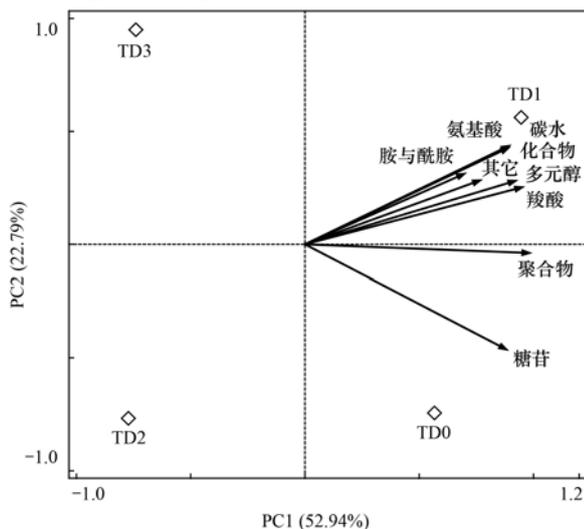


图 6 不同样地土壤真菌群落碳源代谢的主成分分析

Fig. 6 Principle component analysis for carbon utilization of soil fungi community in different sampling sites

子囊菌门 (Ascomycota) 与糖苷类碳源的代谢强度间显著正相关 ($P < 0.05$), 担子菌门 (Basidiomycota) 与糖苷类、聚合物类碳源的代谢强度间显著负相关 ($P < 0.05$, 表 6).

表 4 研究区土壤真菌碳源代谢主成分载荷¹⁾

Table 4 Loading matrix of principal components

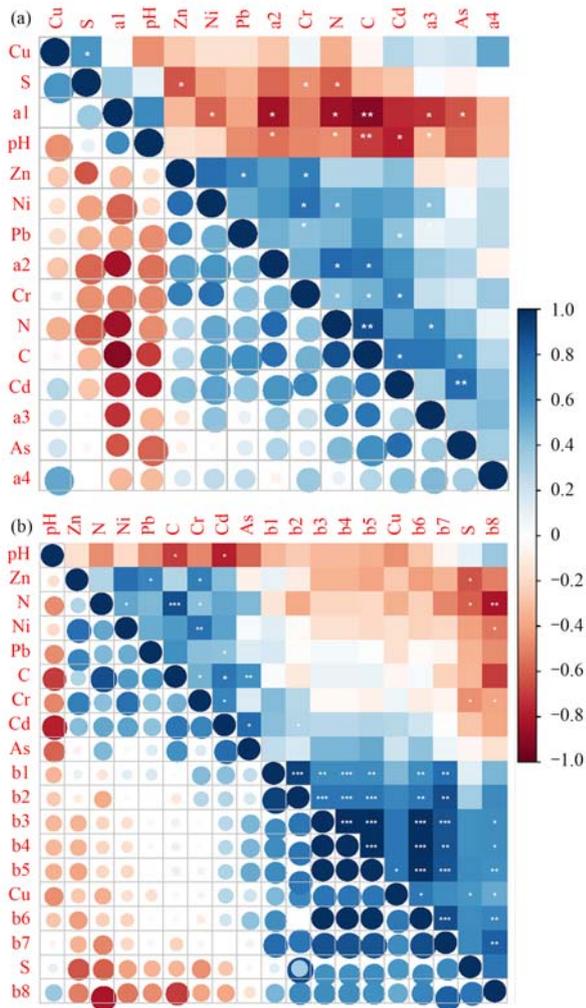
主成分	碳源类型	碳源	r	主成分	碳源类型	碳源	r
PC1	碳水化合物	D-Cellobiose	0.943	PC1	聚合物	Dextrin	0.768
		D-Fructose	0.677	PC1	多元醇	Maltitol	0.949
		L-Fucose	0.966			Glycerol	0.715
		D-Galactose	0.71			<i>m</i> -Inositol	0.949
		Maltose	0.866			D-Mannitol	0.941
		α -D-Lactose	0.945			D-Sorbitol	0.863
		Lactulose	0.845			2-Aminoethanol	0.83
		D-Raffinose	0.867	PC1	胺和酰胺	<i>N</i> -Acetyl-D-Galactosamine	0.803
		L-Rhamnose	0.971			<i>N</i> -Acetyl- β -D-Glucosamine	0.854
		D-Mannose	0.97			<i>N</i> -Acetyl- β -D-Mannosamine	0.836
		D-Melibiose	0.826			D-Glucosamine	0.628
		Palatinose	0.872			Glucuronamide	0.759
		D-Ribose	0.934			L-Asparagine	0.834
		Salicin	0.707			L-Alaninamide	0.872
		Sedoheptulosan	0.963	Putrescine	0.94		
		Stachyose	0.967	PC1	其它	β -Methyl-D-Galactoside	0.828
		Sucrose	0.788			α -Methyl-D-Glucoside	0.968
		D-Tagatose	0.888			D-Lactic EsterAcid	0.968
		D-Trehalose-	0.871			Succinic EsterAcid	0.889
						Gycyl-L-Glutamic Acid	0.884
PC1	羧酸	D-Gluconic Acid	0.977	PC2	碳水化合物	α -D-Glucose	-0.764
		D-Galacturonic Acid	0.92			D-Psicose	-0.762
		D-Glucuronic Acid	0.726			D-Melezitose	0.694
		2-Keto-D-Gluconic Acid	0.655			L-Sorbose	0.867
		D-Malic Acid	0.721	PC2	羧酸	2-Keto-D-Gluconic Acid	-0.642
		Quinic Acid	0.917			Bromosuccinic Acid	0.86
		Fumaric Acid	0.604			L-Lactic Acid	-0.634
		β -Hydroxybutyric Acid	0.662		Sebacic Acid	0.775	
		γ -Hydroxybutyric	0.971	PC2	氨基酸	L-Glutamic Acid	0.961
		<i>p</i> -Hydroxy-phenylacetic Acid	0.734			<i>N</i> -Acetyl-L-Glutamic Acid	0.68
		α -Ketoglutaric Acid	0.857	PC2	糖苷	Uridine	-0.658
		Succinamic Acid	0.943			PC2	聚合物
		Succinic Acid	0.769		α -Cyclodextrin		
		PC1	氨基酸	L-Aspartic Acid	0.839		β -Cyclodextrin
L-Phenylalanine	0.856			PC2	多元醇	D-Arabitol	0.813
L-Proline	0.944					Xylitol	0.746
L-Serine	0.848					PC2	胺和酰胺
L-Threonine	0.771			PC2	其它		
PC1	糖苷	Arbutin	0.85			α -Methyl-D-Galactoside	0.787
		Amygdalin	0.923			β -Methyl-D-Glucoside	0.825
		Uridine	0.735				
		Adenosine-5'-Monophosphate	0.782				

1) *r* 为主成分载荷值

量相关,同时,外生菌根并未影响土壤中 Cd 在杨树体内的富集^[18]. 这意味着该共生体系对重金属 Cd 具有富集作用. 研究表明,在对 Cd 有富集作用的植物-外生菌根真菌共生体系中,丝盖伞属 (*Inocybe*) 内的许多种在金属污染的矿区中经常被发现^[19]. TD1 和 TD3 样地中,丝盖伞属 (*Inocybe*) 分别占到了 0.5% 和 22.3% (图 2),而其它样地中未见分布.

由于真菌具有较强的重金属耐性,其在重金属污染区的生态恢复过程中可能发挥着重要作用^[20]. 本研究区真菌优势类群中,子囊菌门 (Ascomycota)

在多样地中均有最大分布 (图 3),这与许多之前的研究相一致^[21,22]. 子囊菌门是世界上分布最为广泛、丰度最高的真菌类群^[23],这与该类群的代谢特性及在多种生境中生存的能力有关,其在中等重金属污染水平下重金属耐性会明显升高^[21]. 本研究发现,在重金属污染状况最为严重的两个杨树林样地 (表 1),子囊菌门的相对丰度显著低于坝体草地 (TD0) 和农田 (TD2) 样地,而 TD0 和 TD1 样地中,担子菌门 (Basidiomycota) 和被孢霉门 (Mortierellomycota) 的相对丰度均较高 (图 3). 这可



(a) 优势门, (b) 碳源利用类型; a1 表示 Ascomycota, a2 表示 Basidiomycota, a3 表示 unclassified_k_Fungi, a4 表示 Mortierellomycota; b1 表示胺与酰胺类碳源, b2 表示其它类碳源, b3 表示碳水化合物类碳源, b4 表示氨基酸类碳源, b5 表示羧酸类碳源, b6 表示多元醇类碳源, b7 表示聚合物类碳源, b8 表示糖苷类碳源; * 表示 $P < 0.05$ 水平相关; ** 表示 $P < 0.01$ 水平相关; *** 表示 $P < 0.001$ 水平相关

图 7 研究区真菌群落优势门、碳源利用类型与环境因子之间的相关性

Fig. 7 Correlations of the soil physicochemical characteristics with the dominant taxa in the phylum level, carbon source utilization intensity, respectively

表 6 土壤真菌群落优势门与碳源利用强度之间的相关性

Table 6 Correlations between the carbon source types and the dominant fungal taxa in phylum level, respectively

项目	Ascomycota	Basidiomycota	Mortierellomycota	unclassified_k_Fungi
Carbohydrates	ns	ns	*	ns
Carboxylic acids	ns	ns	*	ns
Amino acids	ns	ns	*	ns
glycosides	* *	A **	ns	ns
Polymers	ns	A **	ns	ns
Polyols	ns	ns	*	ns
Amines and amides	ns	ns	ns	ns
Miscellaneous	ns	ns	ns	ns

能是不同重金属污染程度对真菌群落中物种选择的结果^[24],然而本研究并未发现这些优势类群和重金属之间的显著相关性.尾矿区土壤是一个多金属污染的复杂的系统,重金属污染与真菌群落之间的定量受到多种因素的影响,厘清二者之间的响应关系的探索还需多金属协同的控制实验与非线性模型的探索.

3.2 真菌群落多样性与功能多样性

研究区真菌功能多样性的结果显示,不同样地的碳源代谢强度(AWCD)间有显著差异(图 5 和 6).在群落多样性高的 TD1 样地,同样也有最高的真菌活性(表 2 和 3).该样地真菌碳源利用的 AWCD 和各种多样性指数均显著高于其它 3 样地.理论上讲,在群落多样性较低的 TD0 样地,微生物活性和碳源利用强度应该最低,然而,TD0 样地的碳源代谢强度却显著高于 TD2 和 TD3 样地(表 3),且 TD2 对于多数碳源类型的代谢强度为最低(图 5).王蕊等在不同土地利用类型对真菌群落代谢特征的研究中也有类似的发现^[25].一般来说,植物根际会有很高的微生物活性^[26,27],对于微生物来说,植物根系是一种很好的碳源,因为根系滤出液比固态有机物和腐殖质更易利用^[28,29].TD2 样地的土地利用

表 5 土壤真菌群落多样性与环境因子之间的相关性¹⁾

Table 5 Correlations between soil physicochemical characteristics and the fungal diversity index, respectively

项目	ITS rDNA	Chao1 指数	Shannon 指数	Shannoneven 指数
pH	ns	**	A **	A **
TN	*	ns	ns	ns
TC	ns	*	**	**
TS	ns	ns	ns	ns
As	ns	*	*	*
Cd	ns	*	**	**
Cr	ns	ns	ns	ns
Cu	ns	ns	ns	ns
Ni	ns	ns	ns	ns
Pb	ns	ns	ns	ns
Zn	ns	ns	ns	ns

1) A 表示负相关; ns 表示相关性不显著; * 表示 $P < 0.05$ 水平相关; ** 表示 $P < 0.01$ 水平相关,下同

类型是农田,本研究的采样期为小麦收获后,样地内活根短缺,而 TD0 样地为当年生草本,采样期内活根正处于生长期.糖苷类碳源是根系分泌物中能被微生物利用的一种碳源类型^[14],TD0 样地真菌群落对糖苷类碳源的代谢强度显著高于其它样地(图 5),这也间接说明 TD0 样地碳源利用强度的增高是真菌群落对不同碳源的选择利用的结果.另一方面,真菌群落结构影响群落对碳源代谢的强度,本研究发现,子囊菌门(Ascomycota)在 TD0 样地的真菌群落中比重达 92.92%,其与糖苷类碳源表现出极显著相关(表 6);而作为杨树外生菌根重要组成的丝盖伞属(担子菌门)在 TD0 样地中并未见分布.微生物的丰度决定了其在复杂生态系统中的功能与作用^[30],研究区各样地中真菌丰度的不同在碳源代谢功能多样性中也起到了重要作用.

4 结论

(1) 15 a 杨树林样地具有最高的真菌群落丰度和多样性,植被重建和高土壤总碳含量是主要原因.

(2) 子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和被孢霉门(Mortierellomycota)是研究区的优势真菌类群.担子菌门(Basidiomycota)和被孢霉门(Mortierellomycota)在很大程度上提高了杨树林对土壤碳汇的贡献.

(3) 研究区土壤重金属中,重金属 Cd 是影响研究区真菌群落参数的主要因素.

(4) 15 a 杨树林样地真菌群落碳源利用效率最高,而坝体草地真菌群落对糖苷类碳源的高强度利用使其具有了相对较高的碳源利用效率.

参考文献:

- [1] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. *Ecology*, 2007, **88**(6): 1354-1364.
- [2] Paissé S, Coulon F, Goñi-Urriza M, *et al.* Structure of bacterial communities along a hydrocarbon contamination gradient in a coastal sediment [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2008, **66**(2): 295-305.
- [3] Schimel J, Balsler T C, Wallenstein M. Microbial stress-response physiology and its implications for ecosystem function [J]. *Ecology*, 2007, **88**(6): 1386-1394.
- [4] 王奥, 吴福忠, 杨万勤, 等. Cd 对欧美杂交杨生长紫色土和冲积土微生物多样性的影响[J]. *环境科学*, 2011, **32**(7): 2138-2143.
Wang A, Wu F Z, Yang W Q, *et al.* Effects of cadmium stress on the microbial biodiversity in purple soil and alluvial soil potted with a poplar (*Populus deltoides* × *Populus nigra*) [J]. *Environmental Science*, 2011, **32**(7): 2138-2143.
- [5] Bourceret A, Cébron A, Tisserant E, *et al.* The bacterial and fungal diversity of an aged PAH-and heavy metal-contaminated soil is affected by plant cover and edaphic parameters [J]. *Microbial Ecology*, 2016, **71**(3): 711-724.
- [6] Spurgeon J S, Keith M A, Schmidt O, *et al.* Land-use and land-management change: relationships with earthworm and fungi communities and soil structural properties [J]. *BMC Ecology*, 2013, **13**, doi: 10.1186/1472-6785-13-46.
- [7] Thion C, Cébron A, Beguiristain T, *et al.* Long-term in situ dynamics of the fungal communities in a multi-contaminated soil are mainly driven by plants [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2012, **82**(1): 169-181.
- [8] Hiroki M. Effects of heavy metal contamination on soil microbial population [J]. *Soil Science and Plant Nutrition*, 1992, **38**(1): 141-147.
- [9] Rajapaksha R M C P, Tobor-Kapłon M A, Bååth E. Metal toxicity affects fungal and bacterial activities in soil differently [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2004, **70**(5): 2966-2973.
- [10] Stefanowicz A M, Niklińska M, Laskowski R. Metals affect soil bacterial and fungal functional diversity differently [J]. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 2008, **27**(3): 591-598.
- [11] Liu J X, Li C, Jing J H, *et al.* Ecological patterns and adaptability of bacterial communities in alkaline copper mine drainage [J]. *Water Research*, 2018, **133**: 99-109.
- [12] Raven K P, Loeppert R H. Trace element composition of fertilizers and soil amendments [J]. *Journal of Environmental Quality*, 1997, **26**(2): 551-557.
- [13] Chen J W, Li J J, Zhang H, *et al.* Bacterial heavy-metal and antibiotic resistance genes in a copper tailing dam area in northern China [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, **10**, doi: 10.3389/fmicb.2019.01916.
- [14] Wasak K, Klimek B, Drewnik M. Rapid effects of windfall on soil microbial activity and substrate utilization patterns in the forest belt in the Tatra Mountains [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2020, **20**(2): 801-815.
- [15] Li Y Y, Wen H Y, Chen L Q, *et al.* Succession of bacterial community structure and diversity in soil along a chronosequence of reclamation and re-vegetation on coal mine spoils in China [J]. *PLoS One*, 2014, **9**(12), doi: 10.1371/journal.pone.0115024.
- [16] 陈朝, 吕昌河, 范兰, 等. 土地利用变化对土壤有机碳的影响研究进展 [J]. *生态学报*, 2011, **31**(18): 5358-5371.
Chen Z, Lü C H, Fan L, *et al.* Effects of land use change on soil organic carbon: a review [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2011, **31**(18): 5358-5371.
- [17] 陈辉, 唐明. 杨树菌根研究进展 [J]. *林业科学*, 1997, **33**(2): 183-188.
Chen H, Tang M. Advances in mycorrhizae research on poplar [J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 1997, **33**(2): 183-188.
- [18] Krpata D, Fitz W, Peintner U, *et al.* Bioconcentration of zinc and cadmium in ectomycorrhizal fungi and associated aspen trees as affected by level of pollution [J]. *Environmental Pollution*, 2009, **157**(1): 280-286.
- [19] Dickie I A, Xu B, Koide R T. Vertical niche differentiation of ectomycorrhizal hyphae in soil as shown by T - RFLP analysis [J]. *New Phytologist*, 2002, **156**(3): 527-535.
- [20] Sánchez-Castro I, Gianinazzi-Pearson V, Cleyet-Marel J C, *et al.* Glomeromycota communities survive extreme levels of metal toxicity in an orphan mining site [J]. *Science of the Total Environment*, 2017, **598**: 121-128.
- [21] Lin Y B, Ye Y M, Hu Y M, *et al.* The variation in microbial community structure under different heavy metal contamination levels in paddy soils [J]. *Ecotoxicology and Environmental*

- Safety, 2019, **180**: 557-564.
- [22] Ma A Z, Zhuang X L, Wu J M, *et al.* Ascomycota members dominate fungal communities during straw residue decomposition in arable soil [J]. PLoS One, 2013, **8**(6), doi: 10.1371/journal.pone.0066146.
- [23] Al-Sadi A M, Al-Khatri B, Nasehi A, *et al.* High fungal diversity and dominance by ascomycota in dam reservoir soils of arid climates[J]. International Journal of Agriculture & Biology, 2017, **19**(4): 682-688.
- [24] Singh B K, Quince C, Macdonald C A, *et al.* Loss of microbial diversity in soils is coincident with reductions in some specialized functions [J]. Environmental Microbiology, 2014, **16**(8): 2408-2420.
- [25] 王蕊, 朱珂, 李刚, 等. 东北丘陵区林地、耕地和草地土壤真菌群落代谢特征[J]. 农业环境科学学报, 2018, **37**(9): 1925-1932.
- Wang R, Zhu K, Li G, *et al.* Metabolic characteristics of responses of soil fungi to land-use changes in the hilly regions of northeast China [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2018, **37**(9): 1925-1932.
- [26] Grayston S J, Vaughan D, Jones D. Rhizosphere carbon flow in trees, in comparison with annual plants; the importance of root exudation and its impact on microbial activity and nutrient availability[J]. Applied Soil Ecology, 1997, **5**(1): 29-56.
- [27] Norton J M, Firestone M K. Metabolic status of bacteria and fungi in the rhizosphere of ponderosa pine seedlings[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1991, **57**(4): 1161-1167.
- [28] Bertin C, Yang X H, Weston L A. The role of root exudates and allelochemicals in the rhizosphere [J]. Plant and Soil, 2003, **256**(1): 67-83.
- [29] Haichar F E Z, Santaella C, Heulin T, *et al.* Root exudates mediated interactions belowground [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, **77**: 69-80.
- [30] Rivett D W, Bell T. Abundance determines the functional role of bacterial phylotypes in complex communities [J]. Nature Microbiology, 2018, **3**(7): 767-772.



CONTENTS

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