

目次

持久性、迁移性和潜在毒性化学品环境健康风险与控制研究现状及趋势分析 张少轩, 陈安娜, 陈成康, 景侨楠, 刘建国 (3017)

我国厨余垃圾资源化技术的多维绩效评价 杨光, 史波芬, 周传斌 (3024)

基于 MSPA 和电路理论的京津冀城市群热环境空间网络 乔治, 陈嘉悦, 王楠, 卢应爽, 贺瞳, 孙宗耀, 徐新良, 杨浩, 李莹, 王方 (3034)

城市空间格局与热环境响应关系:以合肥市为例 陈媛媛, 姚侠妹, 偶春, 张清怡, 姚晓洁 (3043)

天津市“十三五”期间 PM_{2.5} 减排效果评估 肖致美, 徐虹, 蔡子颖, 张裕芬, 刘茂辉, 孙猛, 李鹏, 杨宁, 戴运峰 (3054)

清洁取暖对保定市采暖期 PM_{2.5} 中碳质气溶胶的影响 罗宇睿, 张凯, 赵好希, 任家豪, 段菁春, 李欢欢, 关健, 郭志强, 李博文 (3063)

南京地区细颗粒物污染输送影响及潜在源区 谢放尖, 郑新梅, 窦焱焱, 杨峰, 刘春蕾, 李洁, 谢轶嵩, 王艳, 胡建林, 陈长虹 (3071)

大气环流型对珠三角 2015~2020 年臭氧变化的影响 汪瑶, 刘润, 辛繁 (3080)

热带气旋对海南岛臭氧污染的影响分析 符传博, 丹利, 佟金鹤, 徐文帅 (3089)

基于 CMAQ 和 HYSPLIT 模式的日照市夏季臭氧污染成因和来源分析 林鑫, 全纪龙, 王伊凡, 陈羽翔, 刘永乐, 张鑫, 敖丛杰, 刘浩天 (3098)

2016~2020 年成都市控制 PM_{2.5} 和 O₃ 污染的健康效益评价 张莹, 田琪琪, 魏晓钰, 张少波, 胡文东, 李明刚 (3108)

深圳市 2022 年春季新冠疫情管控期间空气质量分析 刘婵芳, 张傲星, 房庆, 叶毓婧, 杨红龙, 陈炯恺, 吴雯潞, 侯岳, 莫佳佳, 傅宗攻 (3117)

贵州省生物质燃烧源大气污染物排放清单 王艳妮, 杨敬婷, 黄贤峰, 程燕, 陆标, 顾兆林 (3130)

西安市大气降水的主要化学组分及其来源 周东, 黄智浦, 李思敏, 王森, 牛振川, 熊晓虎, 冯雪 (3142)

宜昌市大气微塑料的分布、呼吸暴露及溯源 刘立明, 王超, 巩文雯, 陆安祥, 任东, 涂清, 贾漫珂 (3152)

雅鲁藏布江水化学演变规律 江平, 张全发, 李思悦 (3165)

无定河流域地表水硝酸盐浓度的时空分布特征及来源解析 徐奇峰, 夏云, 李书鉴, 王万洲, 李志 (3174)

太浦河水体与沉积物中重金属的季节变化特征与污染评价 罗鹏程, 涂耀仁, 孙婷婷, 刘生辉, 高佳欣, 寇佳怡, 顾心彤, 段艳平 (3184)

北京市北运河水体中抗生素污染特征及风险评估 蒋宝, 隋珊珊, 孙成一, 王亚玲, 荆降龙, 凌文翠, 李珊珊, 李国傲 (3198)

氮和氧同位素示踪伊洛河河水硝酸盐来源及转化过程 郭文静, 张东, 蒋浩, 吴洋洋, 张郭妙, 段慧真, 许梦军, 麻冰涓, 陈昊, 黄兴宇 (3206)

淮河下游湖泊表层水和沉积物中 PPCPs 分布特征及风险评估 武宇圣, 黄天寅, 张家根, 田永静, 庞燕, 许秋瑾 (3217)

西宁市浅层地下水化学特征及形成机制 刘春燕, 于开宁, 张英, 荆继红, 刘景涛 (3228)

叶尔羌河流域平原区地下水污染风险评价 闫志云, 曾妍妍, 周金龙, 孙英, 马常莲 (3237)

密云水库细菌群落组成结构及影响因素 陈颖, 王佳文, 梁恩航, 陈倩 (3247)

可见光激发下模拟海水中四环素光降解的机制和路径 许恒韬, 付小航, 丰卫华, 王挺 (3260)

纳米零价铁改性生物炭对水中氨氮的吸附特性及机制 陈文静, 石峻岭, 李雪婷, 张李金, 刘富强, 陈正祝, 庞维海, 杨殿海 (3270)

高锰酸钾改性椰壳生物炭对水中 Cd(II) 和 Ni(II) 的去除性能及机制 张凤智, 王敦球, 曹星洋, 刘桥京, 岳甜甜, 刘立恒 (3278)

镧改性净水污泥水热炭对水体中磷的吸附特性及底泥内源磷的固定 何李文泽, 陈钰, 孙飞, 李艳君, 杨顺生, 张志鹏 (3288)

城镇生活污水处理厂出水硝酸盐浓度及同位素组成的影响因素 张东, 葛文彪, 赵爱萍, 高振朋, 陈昊, 张琮, 蒋浩, 吴文阳, 廖琪, 李成杰, 黄兴宇, 麻冰涓 (3301)

基于 Meta 分析的污水处理工艺对微塑料去除效果影响 符立松, 侯磊, 王艳霞, 李晓琳, 王万宾, 梁启斌 (3309)

我国自然生态系统氮沉降临界负荷评估 黄静文, 刘磊, 顾晓元, 凌超普 (3321)

气候变化和人类活动对东部沿海地区 NDVI 变化的影响分析 金岩松, 金凯, 王飞, 刘春霞, 秦鹏, 宗全利, 刘佩茹, 陈明利 (3329)

基于 InVEST 模型和 PLUS 模型的环杭州湾生态系统碳储量 丁岳, 王柳柱, 桂峰, 赵晨, 朱望远 (3343)

河西走廊中段荒漠绿洲土壤生态学计量特征 孙雪, 龙永丽, 刘乐, 刘继亮, 金丽琼, 杜海峰, 陈凌云 (3353)

乌梁素海东部流域非生长季草地土壤细菌群落结构的垂向差异 李文宝, 张博尧, 史玉娇, 郭鑫, 李兴月 (3364)

芦芽山华北落叶松林土壤剖面细菌群落分布格局 毛晓雅, 刘晋仙, 贾彤, 吴铁航, 柴宝峰 (3376)

植被类型对黄土高原露天采区复垦土壤碳循环功能基因的影响 赵蛟, 马静, 朱燕峰, 于昊辰, 张琦, 陈浮 (3386)

施用生物炭对麦田土壤细菌群落多样性和冬小麦生长的影响 姚丽茹, 李伟, 朱良正, 曹布仓, 韩娟 (3396)

甜龙竹不同种植年限对土壤真菌群落的影响 朱书红, 辉朝茂, 赵秀婷, 刘蔚漪, 张仲富, 刘会会, 张文君, 朱礼月, 涂丹丹 (3408)

生物炭对热带地区辣椒种植土壤 N₂O 排放及其功能基因的影响 陈琦琦, 王紫君, 陈云忠, 王誉琴, 朱启林, 胡天怡, 胡煜杰, 伍延正, 孟磊, 汤水荣 (3418)

覆膜和有机无机配施对夏玉米农田温室气体排放及水氮利用的影响 蒋洪雨, 雷琪, 张彪, 吴淑芳 (3426)

不同类型地膜覆盖对土壤质量、根系生长和产量的影响 穆晓国, 高虎, 李梅花, 赵欣茹, 郭宁, 靳磊, 李建设, 叶林 (3439)

基于 PMF 模型的某铅锌冶炼城市降尘重金属污染评价及来源解析 陈明, 王琳玲, 曹柳, 李名闯, 申哲民 (3450)

云南 5 城市道路扬尘 PM_{2.5} 中重金属含量表征及健康风险 韩新宇, 郭晋源, 史建武, 李定霜, 王怡明, 宁平 (3463)

兰州市黄河风情线地表积尘及周边绿地土壤重金属污染特征及风险评价 李军, 李开明, 王晓槐, 焦亮, 臧飞, 毛潇萱, 杨云钦, 台喜生 (3475)

PMF 和 RF 模型联用的土壤重金属污染来源解析与污染评价:以西北某典型工业园区为例 高越, 吕童, 张鑫凯, 张博哈, 毕思琪, 周旭, 张炜, 曹红斌, 韩增玉 (3488)

基于 APCS-MLR 受体模型和地统计法的矿区周边农用地土壤重金属来源解析 张传华, 王钟书, 刘力, 刘燕 (3500)

PCA-APCS-MLR 和地统计学的典型农田土壤重金属来源解析 王美华 (3509)

三峡库区稻田土壤重金属污染特征及风险评价 刘娅君, 李彩霞, 梅楠, 张美平, 张成, 王定勇 (3520)

皖江经济带耕地重金属健康风险评价及环境基准 刘海, 魏伟, 潘海, 宋阳, 靳磊, 李建设, 叶林, 黄健敏 (3531)

张家口市万全区某种植区土壤重金属污染评价与来源分析 安永龙, 殷秀兰, 李文娟, 金爱芳, 鲁青原 (3544)

滁州市表层土壤重金属含量特征、源解析及污染评价 汤金来, 赵宽, 胡睿鑫, 徐涛, 王宜萱, 杨扬, 周葆华 (3562)

矿业废弃地重金属形态分布特征与迁移转化影响机制分析 魏洪斌, 罗明, 向奎, 查理思, 杨慧丽 (3573)

基于成土母质的矿产资源基地土壤重金属生态风险评价与来源解析 卫晓峰, 孙紫坚, 陈自然, 魏浩, 孙厚云, 刘卫, 傅大庆 (3585)

不同种类蔬菜重金属富集特征及健康风险 祁浩, 庄坚, 庄重, 王琪, 万亚男, 李花粉 (3600)

山东省典型灌溉区土壤-小麦重金属健康风险评估 王菲, 费敏, 韩冬锐, 李春芳, 曹文涛, 姚磊, 曹见飞, 吴泉源 (3609)

基于机器学习方法的小麦镉富集因子预测 牛硕, 李艳玲, 杨阳, 商艳萍, 王天齐, 陈卫平 (3619)

《环境科学》征订启事(3062) 《环境科学》征稿简则(3116) 信息(3164, 3259, 3572)

甜龙竹不同种植年限对土壤真菌群落的影响

朱书红¹, 辉朝茂¹, 赵秀婷¹, 刘蔚漪^{1*}, 张仲富², 刘会会², 张文君¹, 朱礼月¹, 涂丹丹¹

(1. 西南林业大学林学院, 竹藤科学研究院, 丛生竹工程技术研究中心, 昆明 650224; 2. 西南林业大学湿地学院, 国家高原湿地研究中心, 昆明 650224)

摘要: 为探究甜龙竹 (*Dendrocalamus brandisii*) 种植年限对土壤真菌群落的影响, 以不同种植年限 (5、10、20 和 40 a) 甜龙竹土壤为研究对象, 采用高通量测序技术和 FUNGuild 功能预测相结合的研究方法, 分析不同种植年限下甜龙竹土壤真菌群落结构、多样性和功能的差异, 揭示驱动土壤真菌群落变化的主要土壤环境因子。结果表明, 土壤真菌在门水平上的优势群落为子囊菌门 (Ascomycota)、担子菌门 (Basidiomycota)、被孢霉门 (Mortierellomycota) 和毛霉菌门 (Mucoromycota); 被孢霉门的相对丰度随着种植年限的增加先降低后升高, 在不同种植年限差异显著 ($P < 0.05$)。在纲水平上的优势群落为粪壳菌纲 (Sordariomycetes)、伞菌纲 (Agaricomycetes)、散囊菌纲 (Eurotiomycetes) 和被孢霉纲 (Mortierellomycetes); 粪壳菌纲和座囊菌纲 (Dothideomycetes) 的相对丰度随着种植年限的增加先降低后升高, 在不同种植年限差异显著 ($P < 0.01$)。土壤真菌 Richness 指数和 Shannon 指数随着种植年限的增加先升高后降低, 10 a 的 Richness 指数和 Shannon 指数显著高于其他种植年限。非度量多维尺度分析 (NMDS) 和相似性分析 (ANOSIM) 表明, 不同种植年限的土壤真菌群落结构存在显著差异。通过 FUNGuild 功能比对发现, 甜龙竹土壤真菌功能营养型以病理营养型、共生营养型和腐生营养型为主, 主要功能类群为内生-凋落物腐生-土壤腐生-未定义的腐生菌; 随着种植年限的增加内生真菌的相对丰度逐渐增加。相关性分析表明, pH、全钾 (TK) 和硝态氮 ($\text{NO}_3^- \text{-N}$) 是引起土壤真菌群落结构变化的主要土壤环境因子。综上, 甜龙竹种植年限改变了土壤环境因子, 从而使土壤真菌群落的结构、多样性和功能类群发生改变。

关键词: 甜龙竹; 种植年限; 真菌群落; 真菌功能; 高通量测序

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)06-3408-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202206118

Effects of Different Planting Years of *Dendrocalamus brandisii* on Soil Fungal Community

ZHU Shu-hong¹, HUI Chao-mao¹, ZHAO Xiu-ting¹, LIU Wei-yi^{1*}, ZHANG Zhong-fu², LIU Hui-hui², ZHANG Wen-jun¹, ZHU Li-yue¹, TU Dan-dan¹

(1. Research Institute of Bamboo and Rattan, Cluster Bamboo Engineering Technology Research Center, College of Forestry, Southwest Forestry University, Kunming 650224, China; 2. National Plateau Wetlands Research Center, College of Wetlands, Southwest Forestry University, Kunming 650224, China)

Abstract: To explore the effect of soil fungal community under different planting years in *Dendrocalamus brandisii*, the soil samples from *D. brandisii* with different planting years (5, 10, 20, and 40 a) were taken as the research object. The soil fungal community structure, diversity, and its functional groups of different planting years were analyzed using high-throughput sequencing technology and the FUNGuild fungal function prediction tool, and the main soil environmental factors influencing the variations in soil fungal community were examined. The results showed that the dominant fungal communities at the phylum level were Ascomycota, Basidiomycota, Mortierellomycota, and Mucoromycota. The relative abundance of Mortierellomycota decreased and then increased with the increase in planting years, and there was a significant difference among different planting years ($P < 0.05$). The dominant fungal communities at the class level were Sordariomycetes, Agaricomycetes, Eurotiomycetes, and Mortierellomycetes. The relative abundance of Sordariomycetes and Dothideomycetes decreased and then increased with the increase in planting years, and there were significant differences among different planting years ($P < 0.01$). The Richness index and Shannon index of soil fungi increased and then decreased with the increase in planting years, and the Richness index and Shannon index in 10 a were significantly higher than those of other planting years. Non-metric multidimensional scaling (NMDS) and analysis of similarities (ANOSIM) showed that there were significant differences in soil fungal community structure with different planting years. The functional prediction with FUNGuild showed that the main functional trophic types of soil fungi in *D. brandisii* were pathotroph, symbiotroph, and saprotroph, and the most dominant functional group was endophyte-litter saprotroph-soil saprotroph-undefined saprotroph. The relative abundance of endophytes gradually increased with the increase in planting years. Correlation analysis showed that pH, total potassium (TK), and nitrate nitrogen ($\text{NO}_3^- \text{-N}$) were the main soil environmental factors affecting the change in fungal community. In summary, the planting year of *D. brandisii* has changed soil environmental factors and has thus changed the structure, diversity, and functional groups of soil fungal communities.

Key words: *Dendrocalamus brandisii*; planting years; fungal community; fungal community function; high-throughput sequencing

土壤是地球上重要的生态系统之一, 土壤微生物作为土壤生态系统的重要组成部分^[1], 对环境变化较为敏感, 其结构和多样性与植物群落和土壤环境因子密切相关, 常被作为判断土壤健康和植物生产力的重要指标^[2]。真菌是土壤微生物的主要类群之一, 通过分解大分子有机物、与植物体形成

收稿日期: 2022-06-10; 修订日期: 2022-08-29

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2021YFD2200501); 云南省基础研究项目 (202201AT070053); 云南滇南竹林生态系统定位观测研究站监测项目 (2022-YN-15); 国家留学基金项目 (20107855018)

作者简介: 朱书红 (1997~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤微生物学, E-mail: 578658809@qq.com

* 通信作者, E-mail: weiyiliu651@126.com

病原体或共生体以及参与养分循环等生态过程^[3], 对维持土壤生态系统的稳定做出了重大贡献^[4]. 有研究表明, 土壤真菌分布格局对生境有较强的依赖性^[5], 森林管理实践^[6]、种植模式^[7]和种植年限^[8]等都会改变土壤的物理化学特性, 同时还会改变真菌的群落结构和代谢活动. 其中, 种植年限对土壤真菌群落的影响较为显著, 特别是对于种植时间较长的林分^[9], 在林分的幼年期和成熟期之间存在显著差异^[10]. 在长期种植毛竹的研究中发现, 土壤真菌丰富度随着种植年限的增加呈下降趋势^[11]. 此外, 种植年限过长还会消耗过多的土壤养分, 引起土壤真菌群落结构失衡^[12,13]. 因此, 探讨种植年限对土壤真菌群落的影响, 对土壤生态系统的可持续发展具有重要意义^[14].

甜龙竹(*Dendrocalamus brandisii*)是竹亚科大型丛生竹种, 主要分布于云南的东部和西部, 由于其生长周期短, 竹笋品质优良, 秆材用途广泛, 已成为云南省重点发展的优良笋材两用竹, 具有重要的经济、生态和社会效益^[15]. 甜龙竹在云南有悠久的种植历史, 随着种植年限的增加和种植规模的逐渐扩大, 在带来经济效益的同时也发现了许多问题, 如土壤地力衰退、竹笋产量和竹材质量的降低等^[16,17]. 因此, 有必要了解种植年限对甜龙竹林土壤质量的影响, 制定合理的培育管理指南, 以便实现高效可持续生产^[18]. 但以往关于甜龙竹的研究大多集中在培育模式和良种选育等方面, 对于长期种植甜龙竹对土壤质量和真菌群落影响的研究甚少^[19,20]. 因此, 本文以不同种植年限的甜龙竹为研究对象, 分析土壤真菌群落随种植年限增加的变化规律, 探究影响真菌群落结构变化的主要土壤环境因子, 以期对甜龙竹的可持续高效经营和提高土壤质量提供科学依据和理论支持.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区域位于中国云南省普洱市澜沧县竹塘乡东主村(22°39′~22°43′N, 99°52′~99°59′E), 海拔1 630 m, 属亚热带山地季风气候, 年平均气温20℃, 年降水量1 830 mm左右, 生长期年平均340 d, 无霜期年平均343 d, 年均日照时数1 750 h. 该区域人工植被主要包括思茅松(*Pinus kesiya* var. *langbianensis*)、桉树(*Eucalyptus*)、杉木(*Cunninghamia lanceolata*)、茶树(*Camellia sinensis*)和龙竹(*Dendrocalamus giganteus*)等, 自然植被主要以乔木树种为主, 主要包括桉木(*Alnus cremastogyne*)和澜沧栎(*Quercus kingiana*)等栎类树

种以及其他阔叶树种.

1.2 实验设计与样品采集

根据实地调查结果, 在研究区内选取种植年限分别为5、10、20和40 a的甜龙竹林, 甜龙竹林位于研究区内相对平缓地段, 平均坡度<15°, 坡向均为阳坡, 海拔范围为1 576~1 615 m, 管理措施为粗放经营, 无施肥史、受人为活动干扰较少, 在种植甜龙竹前的土地类型主要为耕地, 土壤类型以红壤为主. 每个种植年限选取5个样丛作为生物学重复, 采样前移除土壤上层凋落物和腐殖质层, 采用5点取样法采集0~20 cm土壤样品^[7], 将土样混合均匀后过2 mm筛, 除去土壤中的植物根系及石块. 采集的土壤样品分成3份: 一份约500 g用无菌自封袋装好, 经风干研磨后用于土壤环境因子测定; 一份约200 g用无菌自封袋装好置于临时保温箱中保鲜, 带回实验室后保存在4℃冰箱中用于铵态氮和硝态氮的测定; 另一份约5 g用无菌离心管装好置于液氮中, 带回实验室后保存在-80℃冰箱中, 用于土壤DNA的提取^[21].

1.3 土壤环境因子测定

土壤pH用pH计电位法测定; 土壤全氮(TN)采用凯氏定氮法测定; 全磷(TP)采用碱熔-钼锑抗比色法测定; 全钾(TK)采用氢氧化钠熔融-火焰光度法测定; 有机碳(SOC)采用浓硫酸-重铬酸钾外加热法测定; 有效磷(AP)采用氟化铵-盐酸浸提钼锑抗比色法测定; 速效钾(AK)采用乙酸铵浸提-火焰光度计法测定; 铵态氮(NH₄⁺-N)和硝态氮(NO₃⁻-N)采用氯化钾浸提法测定.

1.4 土壤DNA提取、高通量测序及生物信息学分析

DNA的提取使用HiPure Soil DNA提取试剂盒(Magen, Guangzhou, China)按照操作指南提取, 选取特异性引物ITS3_KYO2(5'-GATGAAGAACGYAGYRAA-3')和ITS4(5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3')对真菌的ITS2区域进行扩增^[22]. 扩增体系: 50 μL混合物, 包含5 μL 10×KOD缓冲液, 5 μL 2 mmol·L⁻¹ dNTPs, 3 μL 25 mmol·L⁻¹ MgSO₄, 1.5 μL上下游引物(10 μmol·L⁻¹), 1 μL KOD聚合酶, 100 ng模板DNA. 将纯化后的扩增产物(即扩增产子)根据操作标准在Illumina平台上进行高通量测序.

测序得到原始数据后, 用FASTP(0.18.0)和FLASH(1.2.11)对原始数据进行质控和拼接^[23,24], 使用QIIME软件(1.9.1)进行过滤^[25], 采用DADA2(divisive amplicon denoising algorithm)进行去噪处理并去除低质量序列和嵌合体, 以100%相似性进行ASV(amplicon sequence variants)聚类, 比对数据库UNITE^[26], 使用RDP注释软件的朴素贝叶斯模型进

行真菌物种分类注释,置信阈值设为 0.8 ~ 1^[27]. 使用 FUNGuild 推断真菌的功能组,进行功能分类预测^[28].

1.5 数据处理

采用 Excel (2019)、SPSS (25.0) 和 R (3.4.4) 对数据进行统计分析,用单因素方差分析 (ANOVA) 检验不同种植年限间土壤环境因子、 α 多样性 (Richness 指数和 Shannon 指数) 和真菌群落组成的差异性. β 多样性分析基于 Bray-curtis 距离算法的非度量多维尺度分析 (non-metric multidimensional scaling, NMDS) 检验土壤真菌群落之间的相似性或相异性,采用相似性分析 (analysis of similarities, ANOSIM) 评估不同种植年限间真菌群落结构的差异性. 采用 Mantel test 分析土壤环境因子与真菌群

落结构、丰富度和多样性之间的关系,用相关性热图 (Heatmap) 分析土壤环境因子与土壤真菌在门和纲水平上的相关性及其显著性.

2 结果与分析

2.1 不同种植年限的土壤环境因子特征

从不同种植年限的土壤环境因子特征中可以看出,随着种植年限的增加,土壤环境因子发生了显著变化 (表 1). 其中,5 a 和 40 a 的 pH、全磷和硝态氮含量显著高于 10 a 和 20 a ($P < 0.05$),且在 40 a 含量最高. 全钾、有机碳和有效磷含量随着种植年限的增加先升高后降低,全氮、铵态氮和速效钾的含量随种植年限的增加呈“N”型的变化趋势,在不同年限间有显著差异 ($P < 0.05$).

表 1 不同种植年限的土壤环境因子特征¹⁾

Table 1 Characteristics of soil environmental factors in different planting years

土壤环境因子	5 a	10 a	20 a	40 a
pH	4.87 ± 0.30b	4.56 ± 0.14b	4.61 ± 0.23b	5.96 ± 0.42a
ω [全氮(TN)]/g·kg ⁻¹	1.84 ± 0.29bc	2.42 ± 0.38a	1.63 ± 0.24c	2.11 ± 0.22ab
ω [全磷(TP)]/g·kg ⁻¹	0.50 ± 0.09ab	0.46 ± 0.09b	0.49 ± 0.053ab	0.58 ± 0.08a
ω [全钾(TK)]/g·kg ⁻¹	6.88 ± 1.35b	8.88 ± 3.96b	13.52 ± 3.69a	11.36 ± 1.99ab
ω [有机碳(SOC)]/g·kg ⁻¹	30.38 ± 4.32ab	37.36 ± 12.80a	31.14 ± 9.52ab	24.14 ± 6.29b
ω [硝态氮(NO ₃ ⁻ -N)]/mg·kg ⁻¹	2.32 ± 0.64b	2.13 ± 0.73bc	1.56 ± 0.08c	3.09 ± 0.54a
ω [铵态氮(NH ₄ ⁺ -N)]/mg·kg ⁻¹	1.61 ± 0.43b	5.89 ± 2.50a	1.79 ± 0.15b	1.93 ± 0.62b
ω [速效钾(AK)]/mg·kg ⁻¹	88.75 ± 20.04c	174.50 ± 29.96ab	153.75 ± 37.83bc	234.50 ± 56.78a
ω [有效磷(AP)]/mg·kg ⁻¹	5.81 ± 2.68ab	6.37 ± 2.58ab	7.58 ± 2.12a	3.99 ± 1.05b

1) 数据为平均值 ± 标准差; 同一行不同小写字母表示不同种植年限之间土壤环境因子差异显著 ($P < 0.05$)

2.2 不同种植年限土壤真菌物种组成和多样性特征

经过初始质量过滤后,在所有土壤样本中,共获得 2 271 289 个有效序列 (范围 106 366 ~ 120 773). 经过优化筛选,基于 97% 的相似性,获得 12 532 个 ASV. 如图 1 (a) 所示,随测序数据量的增加,稀疏度曲线逐渐趋于平缓,说明测序深度已基本覆盖样品中的所有物种,测序数据合理. 由韦恩图可以看出 [图 1 (b)], 5、10、20 和 40 a 分别获得 2 783、3 892、3 430 和 2 867 个 ASV, 共有 ASV 532 个,特有

ASV 分别有 1 386、2 163、1 895 和 1 560 个,分别占各种种植年限 ASV 总数的 49.75%、55.58%、55.25% 和 54.41%,说明种植年限的增加改变了土壤真菌群落,在群落组成上既有一定的相似性,又有一定的差异性.

对获得的 ASV 序列进行分类注释,隶属 17 门 60 纲 155 目 298 科 530 属. 不同种植年限土壤真菌群落的统计分析结果显示,门水平以子囊菌门 (Ascomycota, 55.01% ~ 66.48%) 和担子菌门

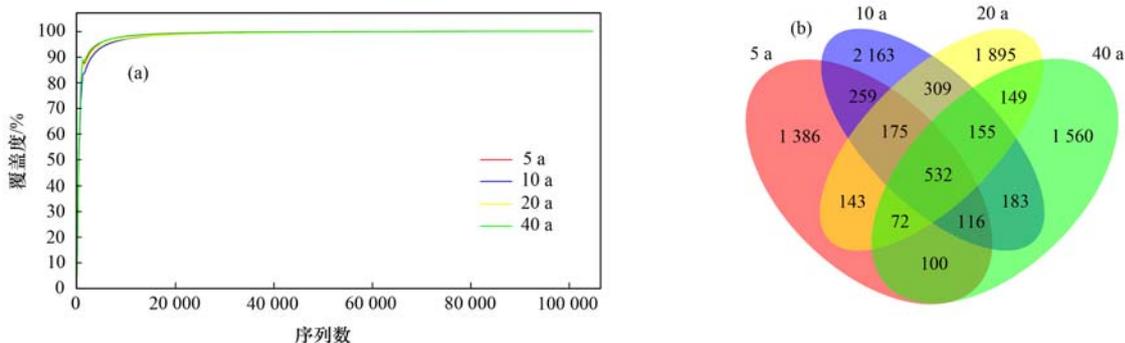


图 1 不同种植年限土壤真菌群落的稀疏度曲线和 ASV 分布韦恩图

Fig. 1 Rarefaction curve and ASV distribution Venn diagram of soil fungal communities in different planting years

(Basidiomycota, 16.51% ~ 26.46%) 为主要真菌门类,其相对丰度占总丰度的 70% 以上[图 2(a)]. 其次是被孢霉门(Mortierellomycota, 3.89% ~ 11.82%) 和毛霉菌门(Mucoromycota, 1.79% ~ 7.58%), 两者的相对丰度随着种植年限的增加先降低后升高. 纲水平以粪壳菌纲(Sordariomycetes)、伞菌纲(Agaricomycetes) 和散囊菌纲(Eurotiomycetes) 为主要真菌群落,在 4 个种植年限的相对丰度 >5% [图 2(b)]. 此外,粪壳菌纲、被孢霉纲(Mortierellomycetes)、座囊菌纲(Dothideomycetes)、银耳纲(Tremellomycetes) 和毛霉纲(Mucoromycetes) 的相对丰度随着种植年限的增加先降低后升高;伞菌纲、散囊菌纲、锤舌菌纲(Leotiomyces) 和地舌

菌纲(Geoglossomycetes) 则与之相反,随着种植年限的增加呈先升高后降低的趋势.

为了进一步探索种植年限对土壤真菌群落的影响,对相对丰度排名前十的真菌在门和纲水平上进行比较分析发现,4 个不同种植年限的真菌群落组成在门和纲水平存在显著差异. 在门水平上[图 2(c)],不同种植年限对应的土壤真菌群落在被孢霉门和壶菌门(Chytridiomycota) 上差异显著 ($P < 0.05$),在绿藻门(Chlorophyta) 上差异极显著 ($P < 0.001$); 纲水平上[图 2(d)],在粪壳菌纲 ($P < 0.01$)、座囊菌纲 ($P < 0.01$)、被孢霉纲 ($P < 0.05$) 和地舌菌纲 ($P < 0.05$) 上差异显著,在银耳纲和锤舌菌纲上差异极显著 ($P < 0.001$).

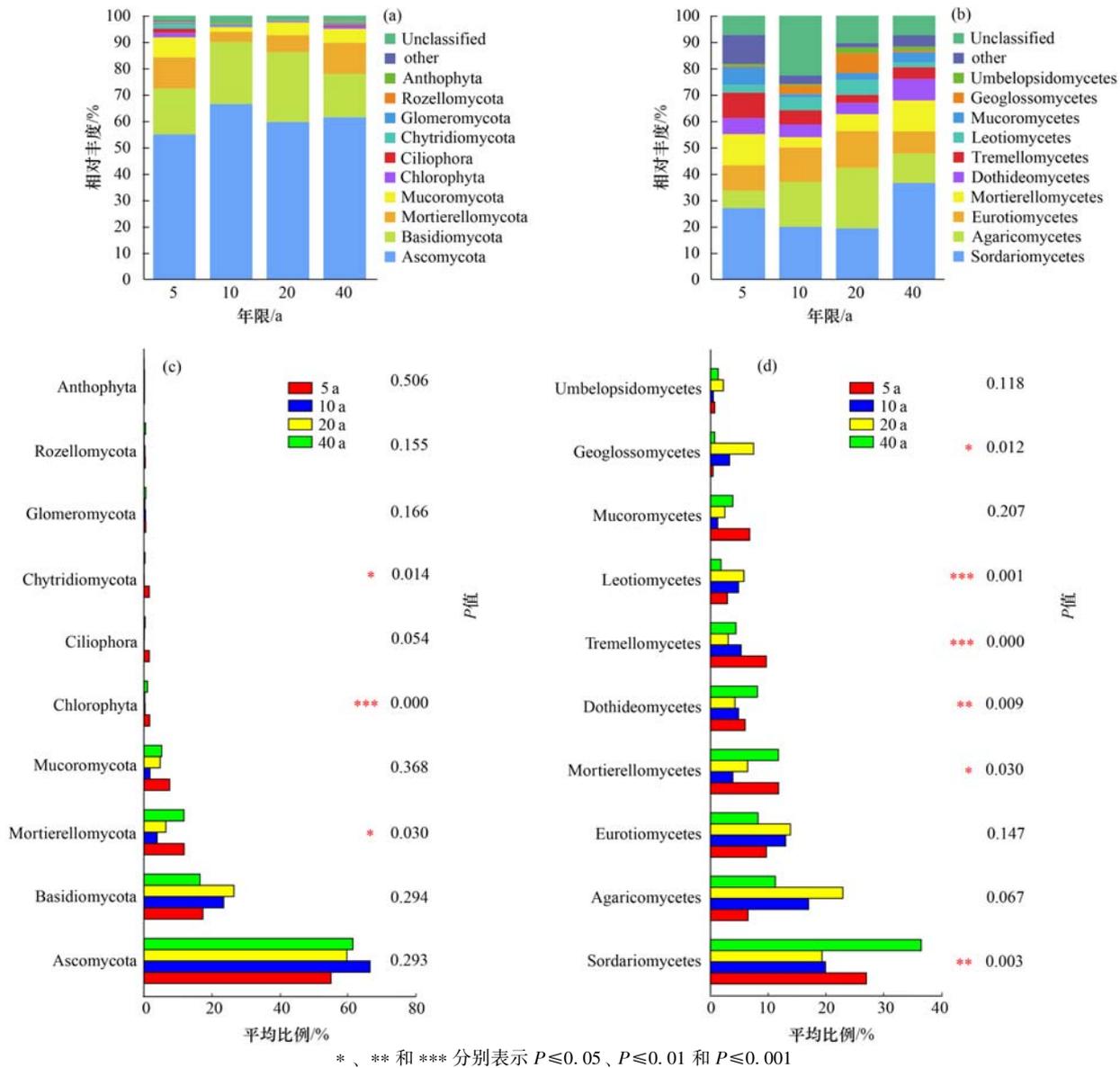


图 2 不同种植年限土壤真菌群落丰度的差异

Fig. 2 Difference in soil fungal community abundance in different planting years

本研究采用 Richness 指数和 Shannon 指数分别表征不同种植年限土壤真菌群落的丰富性和多样

性. 分析结果显示(图 3),不同种植年限土壤真菌 α 多样性具有显著差异 ($P < 0.05$). 随着甜龙竹种植

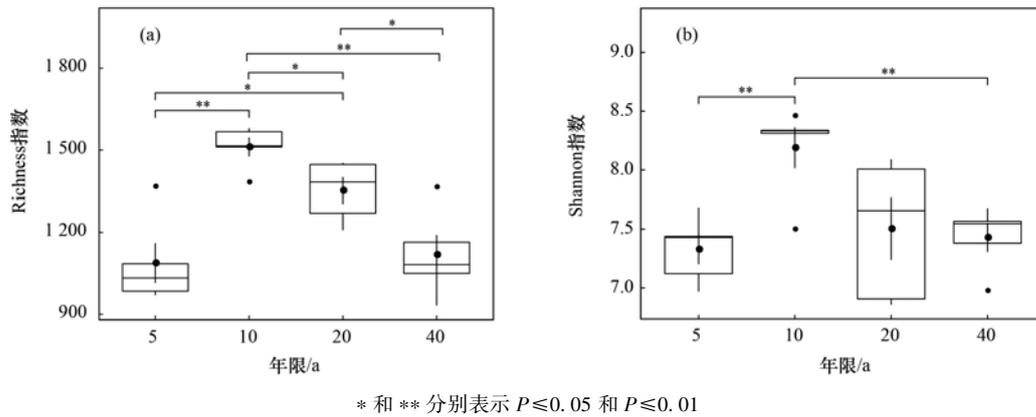


图 3 不同种植年限土壤真菌的 α 多样性指数

Fig. 3 The α diversity index of soil fungi in different planting years

年限的增加,土壤真菌群落的 Richness 指数和 Shannon 指数先升高后降低,在 10 a 时显著高于其他种植年限,说明长期种植甜龙竹会降低土壤真菌群落的多样性。

基于 Bray-curtis 距离的非度量多维尺度分析 (NMDS) 揭示了甜龙竹不同种植年限土壤真菌群落结构的变化(图 4)。排序结果显示,模型的应力函数值(Stress)为 0.069,表明排序结果良好,同一种植年限的土壤真菌群落表现出聚集,不同种植年限之间则明显分离,说明土壤真菌群落在不同种植年限间存在差异。进一步的相似性分析(ANOSIM)结果显示,不同种植年限的甜龙竹土壤真菌群落结构有显著差异($R = 0.966$, $P = 0.001$),说明种植年限是影响土壤真菌群落的重要因素。

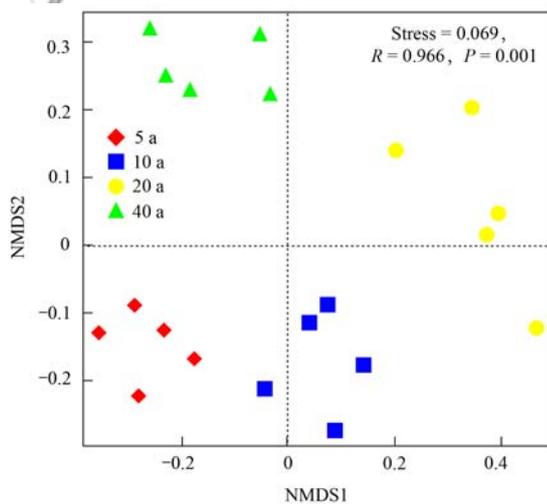


图 4 不同种植年限土壤真菌群落非度量多维尺度分析

Fig. 4 Nonmetric multidimensional scaling analysis of soil fungal community in different planting years

2.3 不同种植年限土壤真菌功能特征

利用 FUNGuild 功能预测工具对甜龙竹土壤真菌群落进行分析(图 5),按照营养方式将其功能划分为 3 种营养型,分别为病理营养型(pathotroph)、

共生营养型(symbiotroph)和腐生营养型(saprotroph)。将上述 3 种营养型进一步划分,平均丰度大于 1% 的优势功能类群分别为:未定义的腐生菌(undefined saprotroph, 14.53%)、内生-凋落物腐生-土壤腐生-未定义的腐生菌(endophyte-litter saprotroph-soil saprotroph-undefined saprotroph, 8.49%)、苔藓寄生-粪腐生-外生菌根-真菌寄生-叶腐生-植物寄生-木质腐生-未定义的腐生菌(bryophyte parasite-dung saprotroph-ectomycorrhizal-fungal parasite-leaf saprotroph-plant parasite-wood saprotroph-undefined saprotroph, 7.88%)、内生真菌(endophyte, 5.53%)、动物病原-内生-地衣寄生-植物病原-土壤腐生-木质腐生菌(animal pathogen-endophyte-lichen parasite-plant pathogen-soil saprotroph-wood saprotroph, 3.76%)、植物腐生-木质腐生菌(plant saprotroph-wood saprotroph, 3.26%)、动物病原-真菌寄生-未定义的腐生菌(animal pathogen-fungal parasite-undefined saprotroph, 1.93%)、动物病原菌(animal pathogen, 1.87%)、动物病原-内生-植物病原-未定义的腐生菌(animal pathogen-endophyte-plant pathogen-undefined saprotroph, 1.56%)、外生菌根-未定义的腐生菌(ectomycorrhizal-undefined saprotroph, 1.51%)、内生-附生-真菌寄生-昆虫寄生真菌(endophyte-epiphyte-fungal parasite-insect parasite, 1.29%)、木质腐生菌(wood saprotroph, 1.21%)、外生菌根真菌(ectomycorrhizal, 1.18%)和动物病原-内生-真菌寄生-地衣寄生-植物病原-木质腐生菌(animal pathogen-endophyte-fungal parasite-lichen parasite-plant pathogen-wood saprotroph, 1.03%)。其中,内生真菌的相对丰度随种植年限的增加而增加,外生菌根真菌在 10 a 和 20 a 的相对丰度显著高于其他种植年限,动物病原菌、土壤腐生菌和粪腐生菌则与之相反,在 10 a 和 20 a 的相对丰度较低。

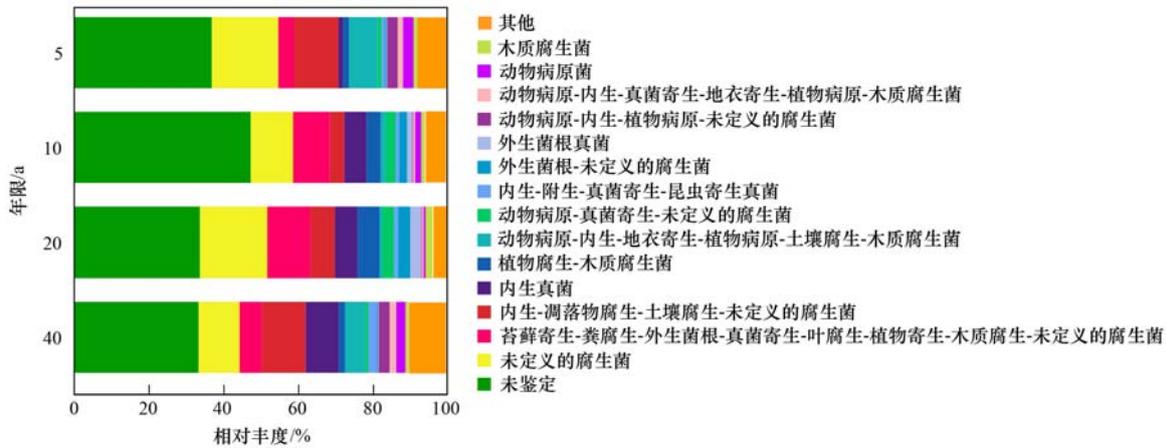


图 5 不同种植年限土壤真菌功能的相对丰度

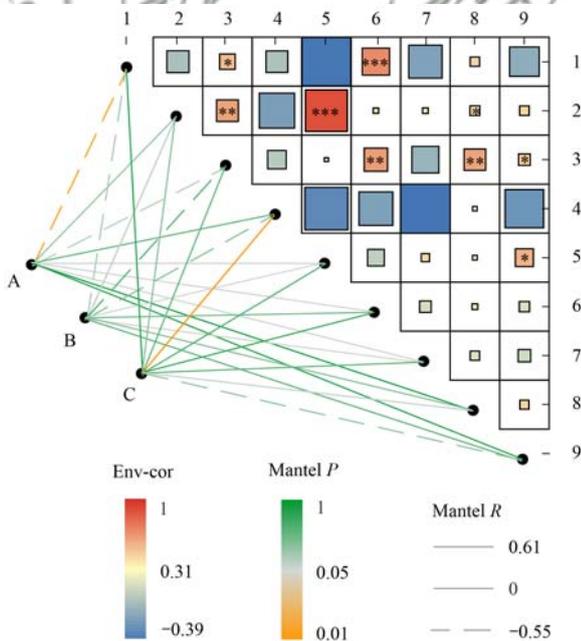
Fig. 5 Relative abundance of soil fungal function in different planting years

2.4 土壤真菌群落与土壤环境因子的关系

采用 Mantel test 来评估土壤环境因子对土壤真菌群落的影响,结果如图 6 所示,pH 与硝态氮极显著正相关 ($P < 0.001$),与全磷显著正相关 ($P < 0.05$).全氮与有机碳极显著正相关 ($P < 0.001$),与全磷 ($P < 0.01$) 和速效钾 ($P < 0.05$) 显著正相关.全磷与 pH ($P < 0.05$)、全氮 ($P < 0.01$)、硝态氮 ($P < 0.01$)、速效钾 ($P < 0.01$) 和有效磷 ($P < 0.05$) 显

著正相关. pH 与 Richness 指数显著负相关 ($P < 0.01$),Shannon 指数与土壤环境因子无显著的相关关系 ($P > 0.05$),全钾与真菌群落结构显著正相关 ($P < 0.01$).

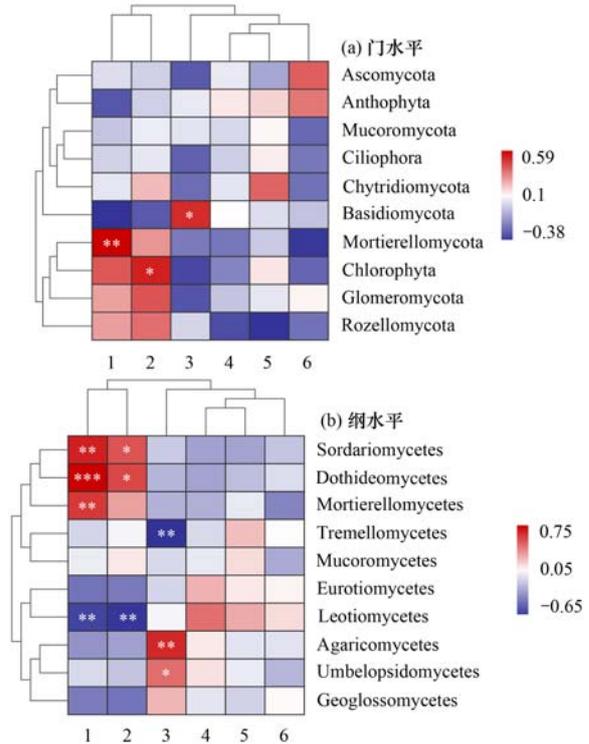
在 Mantel 分析的基础上,进一步筛选出对真菌群落影响较大的土壤环境因子进行相关性分析.结果显示,在门水平上[图 7(a)], pH 与被孢霉门显著正相关 ($P < 0.01$),硝态氮与绿藻门显著正相关 ($P < 0.05$),全钾与担子菌门显著正相关 ($P < 0.05$).在纲水平上[图 7(b)], pH 与座囊菌纲极显



A. Richness 指数, B. Shannon 指数, C. 真菌群落结构; 1. pH, 2. TN, 3. TP, 4. TK, 5. SOC, 6. NO_3^- -N, 7. NH_4^+ -N, 8. AK, 9. AP; Env-cor 表示土壤环境因子之间的相关性; Mantel P 表示 Richness 指数、Shannon 指数和真菌群落结构与土壤环境因子之间的显著性; Mantel R 表示 Richness 指数、Shannon 指数和真菌群落结构与土壤环境因子之间的相关性; *、** 和 *** 分别表示 $P \leq 0.05$ 、 $P \leq 0.01$ 和 $P \leq 0.001$

图 6 土壤真菌群落与土壤环境因子的相关性分析

Fig. 6 Correlation analysis between soil fungal community and soil environmental factors



1. pH, 2. NO_3^- -N, 3. TK, 4. SOC, 5. AP, 6. NH_4^+ -N; *、** 和 *** 分别表示 $P \leq 0.05$ 、 $P \leq 0.01$ 和 $P \leq 0.001$

图 7 土壤环境因子与真菌群落的相关性热图

Fig. 7 Correlation heatmap between soil environmental factors and fungal communities

著正相关($P < 0.001$),与粪壳菌纲和被孢霉纲显著正相关($P < 0.01$),与锤舌菌纲显著负相关($P < 0.01$);硝态氮与锤舌菌纲显著负相关($P < 0.01$),与粪壳菌纲和座囊菌纲显著正相关($P < 0.05$);全钾与银耳纲显著负相关($P < 0.01$),与伞菌纲显著正相关($P < 0.01$),与伞形霉纲显著正相关($P < 0.05$).

3 讨论

3.1 不同种植年限对土壤真菌群落组成和多样性的影响

本研究结果显示,不同种植年限甜龙竹土壤真菌群落组成相似,但其相对丰度存在显著差异($P < 0.05$).在门水平上,子囊菌门和担子菌门是甜龙竹土壤中的两大优势菌门,这与前人的研究结果一致^[29].两者是亚热带森林中常见的真菌群落,参与了许多物质分解(纤维素和木质素等)和能量流动,被视为土壤中的分解者,在养分循环和能量流动中具有重要作用^[30~32].其中,子囊菌门的相对丰度在10 a和40 a较高,这可能与真菌对土壤酸碱度和养分有效性的响应有关^[21].有研究发现,担子菌门更倾向于生活在高营养的土壤生态系统中^[33],当土壤的营养状况下降时,它将逐渐被子囊菌门所取代,从而降低其比例^[34].本研究中担子菌门在40 a的相对丰度最低,可能由于担子菌门正逐渐被子囊菌门所取代.在纲水平上,粪壳菌纲、伞菌纲和散囊菌纲是甜龙竹土壤真菌中的优势群落.其中,粪壳菌纲、银耳纲在40 a的相对丰度较高,可能与40 a的甜龙竹土壤上堆积了大量的凋落物有关^[35].此外,被孢霉纲中的某些真菌种类被发现是植物病原菌,能够造成植株幼苗坏死^[36],这可能是被孢霉纲的相对丰度在5 a较高的原因.因此,在甜龙竹的种植期间还需要多加防范真菌带来的病害.从分类水平的相对丰度来看,甜龙竹土壤真菌的群落组成并没有随着种植年限的增加而规律地变化.这种现象表明,真菌的演替模式并不能仅通过种植年限就预测出来,还需要结合其他外界环境条件进行具体分析^[37].

通常认为种植年限会影响土壤真菌物种组成和多样性特征,有研究显示随种植年限的增加真菌群落丰富度下降^[38].本研究中,不同种植年限的甜龙竹土壤真菌群落 α 多样性存在显著差异($P < 0.05$),Richness指数和Shannon指数均随着种植年限的增长呈先升高后降低的趋势,表明长期种植甜龙竹会导致土壤真菌多样性下降,这与姜霓雯等^[39]的研究结果一致.值得注意的是,甜龙竹土壤真菌群落多样性在10 a最高,表明10 a的甜龙竹土壤中功

能性真菌种类较多,土壤生态系统相较于其他种植年限更加稳定^[40].此外,Richness指数和Shannon指数在甜龙竹的种植后期虽有所降低,但在40 a时仍高于5 a,可能是因为随着种植年限的增加,甜龙竹根系积累了大量有机碳等吸引促生菌的物质,使真菌群落在根系周围聚集^[41].同时NMDS和ANOSIM结果显示不同种植年限间土壤真菌群落存在显著差异($R = 0.966$, $P = 0.001$),说明种植年限显著影响了甜龙竹土壤真菌群落.

3.2 不同种植年限对土壤真菌功能的影响

本研究发现,甜龙竹土壤真菌营养型主要分为病理营养型、共生营养型和腐生营养型这3种.其中,共生营养型真菌与植物的生长发育密切相关,如获取土壤中的养分来促进植物生长,降低植物病虫害的风险等^[42].在3种真菌营养型中,腐生营养型的相对丰度最高,这与土壤中碳输入的增加有关^[43],随着种植年限的增加,甜龙竹林下凋落物大量积累,为腐生真菌提供底物的同时又促进了自身生长^[29].由此通常认为,腐生真菌是土壤与凋落物之间养分循环的重要参与者,与碳循环和养分的分解密切相关^[44].此外,本研究还发现,种植年限的增加显著促进了内生真菌的生长,其相对丰度随种植年限的增加而增加.说明在长期种植甜龙竹过程中内生真菌不断进化,与甜龙竹形成了共生关系,甜龙竹为内生真菌提供生长所需的营养,内生真菌则通过调节甜龙竹体内植物激素水平,促进甜龙竹的生长^[45].外生菌根真菌的相对丰度在20 a远高于其他种植年限,可能是由于其土壤透气性较好,满足了外生菌根真菌对氧气的需求,从而促进了外生菌根真菌的繁殖^[5].有研究表明潮湿的土壤和荫蔽的环境有利于病原菌孢子的萌发^[3].本研究中植物病原菌在40 a的相对丰度最高,这与其茂密的竹丛有关,茂密的竹丛会导致林下光照减少,从而为植物病原菌提供了良好的生存条件.同时40 a的甜龙竹健康状况可能比其他种植年限差,因为植物病原菌对植物生长具有一定的危害^[3].其次,动物病原菌和粪腐生菌在5 a和40 a的相对丰度较高,可能是由于动物的活动导致的,动物的活动不仅带入了部分病原菌,其留下的排泄物等还会使粪腐生菌的丰度升高^[46].另外,本研究中仍有33.23%~47.16%的真菌功能没有注释出来,这些复杂的土壤真菌功能有待进一步深入研究.

3.3 土壤环境因子对土壤真菌群落的影响

有研究发现,土壤环境因子的变化会直接或间接地影响土壤微生物群落特征^[47,48].本研究的Mantel分析结果显示,全钾和pH显著影响土壤真

菌群落结构及其丰富度,与彭辉等^[49]研究的结果相似.在甜龙竹的4个种植年限中,10 a的 Richness 指数显著最高,这与其 pH 含量较低有关.进一步的相关性分析表明,pH、全钾和硝态氮是影响真菌群落组成的主要土壤环境因子.其中,pH 与被孢霉门以及粪壳菌纲等优势纲呈显著相关关系,说明这些真菌对林分发育引起的土壤 pH 变化较为敏感^[37].其次,有研究表明,接近成熟或已成熟的森林通过改变土壤 pH 影响土壤氮和磷等养分元素的有效性从而影响土壤真菌的群落组成^[50].另外,银耳纲在 20 a 和 40 a 的相对丰度较低,伞形霉纲则与之相反,且相关性分析表明全钾与银耳纲成显著负相关关系,与伞形霉纲成正相关关系,说明由种植年限引起的土壤养分变化是推动土壤真菌群落变化的主要原因之一^[8].罗正明等^[51]的研究表明,土壤氮元素对真菌群落的影响在某种程度上是直接的,不同类型的真菌对氮素的需求不同.本研究中硝态氮与土壤真菌群落组成密切相关,而铵态氮和全氮对真菌群落没有显著影响,表明并非所有氮元素都能被真菌群落利用,真菌群落可以对土壤中不同存在形式的氮进行选择利用^[52],这些可利用的氮元素又反过来促进了真菌群落的活动^[53].

4 结论

(1)种植年限对甜龙竹土壤真菌群落组成造成了显著影响.在门水平上,被孢霉门的相对丰度随着种植年限的增加先降低后升高,在不同种植年限差异显著.在纲水平上,粪壳菌纲、座囊菌纲的相对丰度随着种植年限的增加先降低后升高,在不同种植年限差异显著;锤舌菌纲的相对丰度随种植年限的增加先升高后降低,在不同种植年限差异极显著.

(2)种植年限显著影响甜龙竹土壤真菌结构及多样性.随着种植年限的增加,土壤真菌 α 多样性指数(Shannon 指数和 Richness 指数)呈先上升后降低的变化趋势,说明长期种植甜龙竹降低了土壤真菌群落的多样性.NMDS 和 ANOSIM 分析结果表明不同种植年限土壤真菌群落结构存在显著差异.

(3)甜龙竹土壤真菌的主要功能营养型为病理营养型、共生营养型和腐生营养型,主要功能类群为内生-凋落物腐生-土壤腐生-未定义的腐生菌.种植年限引起甜龙竹土壤真菌功能类群发生变化,显著促进了内生真菌的生长,其相对丰度随种植年限的增加而增加.

(4)不同种植年限土壤真菌群落的 Richness 指数与 pH 显著负相关,真菌群落结构与全钾显著正相关.pH、全钾和硝态氮是引起土壤真菌群落变化

的主要土壤环境因子.

参考文献:

- [1] 张杰雪,王占青,全小龙,等.高寒地区人工草地土壤微生物群落对不同种植方式和年限的响应[J].草地学报,2021,29(2):270-280.
Zhang J X, Wang Z Q, Quan X L, et al. Responses of soil microbial communities of sown perennial grassland in alpine region to different sowing ways and growth years [J]. Acta Agrestia Sinica, 2021, 29(2): 270-280.
- [2] Zhang X P, Gao G B, Wu Z Z, et al. Responses of soil nutrients and microbial communities to intercropping medicinal plants in moso bamboo plantations in subtropical China [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2020, 27(2): 2301-2310.
- [3] 竹兰萍,徐飞,王佳颖,等.嘉陵江滨岸带不同土地利用类型土壤真菌群落结构与功能多样性[J].环境科学,2022,43(12):5808-5818.
Zhu L P, Xu F, Wang J Y, et al. Soil fungal community structure and function diversity of different land use types in the waterfront area along the Jialing River [J]. Environmental Science, 2022, 43(12): 5808-5818.
- [4] Guo J, Wang G B, Wu Y Q, et al. Ginkgo agroforestry practices alter the fungal community structures at different soil depths in Eastern China [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2019, 26(21): 21253-21263.
- [5] 徐飞,张拓,怀宝东,等.土地利用变化对松花江下游湿地土壤真菌群落结构及功能的影响[J].环境科学,2021,42(5):2531-2540.
Xu F, Zhang T, Huai B D, et al. Effects of land use changes on soil fungal community structure and function in the riparian wetland along the downstream of the Songhua River [J]. Environmental Science, 2021, 42(5): 2531-2540.
- [6] Qin H, Chen J H, Wu Q F, et al. Intensive management decreases soil aggregation and changes the abundance and community compositions of arbuscular mycorrhizal fungi in Moso bamboo (*Phyllostachys pubescens*) forests [J]. Forest Ecology and Management, 2017, 400: 246-255.
- [7] Liu W Y, Wang F, Sun Y M, et al. Influence of dragon bamboo with different planting patterns on microbial community and physicochemical property of soil on sunny and shady slopes [J]. Journal of Microbiology, 2020, 58(11): 906-914.
- [8] Xu M P, Jian J N, Wang J Y, et al. Response of root nutrient resorption strategies to rhizosphere soil microbial nutrient utilization along *Robinia pseudoacacia* plantation chronosequence [J]. Forest Ecology and Management, 2021, 489, doi: 10.1016/j.foreco.2021.119053.
- [9] Unuk T, Martinović T, Finžgar D, et al. Root-associated fungal communities from two phenologically contrasting silver fir (*Abies alba* Mill.) groups of trees [J]. Frontiers in Plant Science, 2019, 10, doi: 10.3389/fpls.2019.00214.
- [10] Kennedy P G, Mielke L A, Nguyen N H. Ecological responses to forest age, habitat, and host vary by mycorrhizal type in boreal peatlands [J]. Mycorrhiza, 2018, 28(3): 315-328.
- [11] 赵天心,毛新伟,程敏,等.毛竹种植对土壤细菌和真菌群落结构及多样性的影响[J].应用生态学报,2017,28(11):3740-3750.
Zhao T X, Mao X W, Cheng M, et al. Effects of *Phyllostachys edulis* cultivation on soil bacterial and fungal community structure and diversity [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2017, 28(11): 3740-3750.
- [12] Lladó S, López-Mondéjar R, Baldrian P. Drivers of microbial

- community structure in forest soils[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2018, **102**(10): 4331-4338.
- [13] 王子夜, 路晓月, 许露, 等. 不同种植年限桑树根际土壤真菌群落多样性研究[J]. *蚕业科学*, 2022, **48**(1): 25-33.
Wang Z Y, Lu X Y, Xu L, *et al.* Fungal community composition and diversity in rhizospheric soil of mulberry trees at different planting years[J]. *Science of Sericulture*, 2022, **48**(1): 25-33.
- [14] 靳海洋, 岳俊芹, 闫雅倩, 等. 小麦与不同作物多样化轮作对土壤真菌群落的影响[J]. *环境科学*, 2022, **43**(6): 3338-3347.
Jin H Y, Yue J Q, Yan Y Q, *et al.* Response of soil fungal communities in diversified rotations of wheat and different crops [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(6): 3338-3347.
- [15] 刘蔚漪, 辉朝茂, 邹学明, 等. 土壤含水量及温度对甜龙竹提前发笋的影响及增产效应[J]. *竹子学报*, 2019, **38**(4): 39-48.
Liu W Y, Hui C M, Zou X M, *et al.* Effects of soil temperature and water content on the early germination and yield improvement of *Dendrocalamus brandisii* bamboo shoots [J]. *Journal of Bamboo Research*, 2019, **38**(4): 39-48.
- [16] 辉朝茂, 何霞红, 刘蔚漪, 等. 推进甜龙竹资源产业化开发助推乡村振兴[J]. *世界竹藤通讯*, 2022, **20**(1): 66-69.
Hui C M, He X H, Liu W Y, *et al.* Promoting the development of *Dendrocalamus brandisii* industry for rural vitalization [J]. *World Bamboo and Rattan*, 2022, **20**(1): 66-69.
- [17] 刘必龙, 郭正云, 陈浩, 等. 云南优良甜龙竹种质资源及其保护策略[J]. *世界竹藤通讯*, 2013, **11**(2): 22-26.
Liu B L, Guo Z Y, Chen H, *et al.* A study of germplasm resources of *Dendrocalamus brandisii* and its conservation strategy in Yunnan, China [J]. *World Bamboo and Rattan*, 2013, **11**(2): 22-26.
- [18] Xu Q F, Jiang P K, Xu Z H. Soil microbial functional diversity under intensively managed bamboo plantations in Southern China [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2008, **8**(3): 177-183.
- [19] 辉朝茂, 刘蔚漪, 张国学, 等. 甜龙竹优良种质资源发掘和选育研究[J]. *竹子学报*, 2019, **38**(4): 26-30.
Hui C M, Liu W Y, Zhang G X, *et al.* Exploitation and breeding of excellent germplasm resources of *Dendrocalamus brandisii* [J]. *Journal of Bamboo Research*, 2019, **38**(4): 26-30.
- [20] 张文君, 刘蔚漪, 朱礼月, 等. 甜龙竹不同栽培模式对土壤酶活性的影响及其相关因素分析[J]. *世界竹藤通讯*, 2022, **20**(2): 36-42.
Zhang W J, Liu W Y, Zhu L Y, *et al.* Effects of different cultivation modes of *Dendrocalamus brandisii* on soil enzyme activity and analysis of its related factors [J]. *World Bamboo and Rattan*, 2022, **20**(2): 36-42.
- [21] Xu Y X, Du A P, Wang Z C, *et al.* Effects of different rotation periods of *Eucalyptus* plantations on soil physiochemical properties, enzyme activities, microbial biomass and microbial community structure and diversity [J]. *Forest Ecology and Management*, 2020, **456**, doi: 10.1016/j.foreco.2019.117683.
- [22] Toju H, Tanabe A S, Yamamoto S, *et al.* High-coverage ITS primers for the DNA-based identification of ascomycetes and basidiomycetes in environmental samples [J]. *PLoS One*, 2012, **7**(7), doi: 10.1371/journal.pone.0040863.
- [23] Guo M J, Wu F H, Hao G G, *et al.* *Bacillus subtilis* improves immunity and disease resistance in rabbits [J]. *Frontiers in Immunology*, 2017, **8**, doi: 10.3389/fimmu.2017.00354.
- [24] Magoč T, Salzberg S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies [J]. *Bioinformatics*, 2011, **27**(21): 2957-2963.
- [25] Caporaso J G, Kuczynski J, Stombaugh J, *et al.* QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data [J]. *Nature Methods*, 2010, **7**(5): 335-336.
- [26] Nilsson R H, Larsson K H, Taylor A F S, *et al.* The UNITE database for molecular identification of fungi: handling dark taxa and parallel taxonomic classifications [J]. *Nucleic Acids Research*, 2019, **47**(D1): D259-D264.
- [27] Wang Q, Garrity G M, Tiedje J M, *et al.* Naive Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, **73**(16): 5261-5267.
- [28] Nguyen N H, Song Z W, Bates S T, *et al.* FUNGuild: an open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild [J]. *Fungal Ecology*, 2016, **20**: 241-248.
- [29] 阳祥, 李先德, 刘吉龙, 等. 不同轮作模式的土壤真菌群落结构及功能特征分析[J]. *环境科学学报*, 2022, **42**(4): 432-442.
Yang X, Li X D, Liu J L, *et al.* Analysis on the structure and function of soil fungi community in different crop rotation modes [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2022, **42**(4): 432-442.
- [30] Zhang Y H, Ni J, Tang F P, *et al.* The effects of different human disturbance regimes on root fungal diversity of *Rhododendron ovatum* in subtropical forests of China [J]. *Canadian Journal of Forest Research*, 2017, **47**(5): 659-666.
- [31] Riley R, Salamov A A, Brown D W, *et al.* Extensive sampling of basidiomycete genomes demonstrates inadequacy of the white-rot/brown-rot paradigm for wood decay fungi [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2014, **111**(27): 9923-9928.
- [32] Schneider T, Keiblinger K M, Schmid E, *et al.* Who is who in litter decomposition? Metaproteomics reveals major microbial players and their biogeochemical functions [J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(9): 1749-1762.
- [33] Yang W, Jeelani N, Xia L, *et al.* Soil fungal communities vary with invasion by the exotic *Spartina alternifolia* Loisel. in coastal salt marshes of eastern China [J]. *Plant and Soil*, 2019, **442**(1-2): 215-232.
- [34] Sterkenburg E, Bahr A, Brandström Durling M, *et al.* Changes in fungal communities along a boreal forest soil fertility gradient [J]. *New Phytologist*, 2015, **207**(4): 1145-1158.
- [35] Chen W Q, Wang J Y, Meng Z X, *et al.* Fertility-related interplay between fungal guilds underlies plant richness-productivity relationships in natural grasslands [J]. *New Phytologist*, 2020, **226**(4): 1129-1143.
- [36] Li Destri Nicosia M G, Mosca S, Mercurio R, *et al.* Dieback of *Pinus nigra* seedlings caused by a strain of *Trichoderma viride* [J]. *Plant Disease*, 2015, **99**(1): 44-49.
- [37] Dong H Y, Ge J F, Sun K, *et al.* Change in root-associated fungal communities affects soil enzymatic activities during *Pinus massoniana* forest development in subtropical China [J]. *Forest Ecology and Management*, 2021, **482**, doi: 10.1016/j.foreco.2020.118817.
- [38] 叶雯, 李永春, 喻卫武, 等. 不同种植年限香榧根际土壤微生物多样性[J]. *应用生态学报*, 2018, **29**(11): 3783-3792.
Ye W, Li Y C, Yu W W, *et al.* Microbial biodiversity in rhizospheric soil of *Torreya grandis* 'Merrillii' relative to cultivation history [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2018, **29**(11): 3783-3792.

- [39] 姜霓雯, 梁辰飞, 张勇, 等. 土地利用变化后不同种植年限香榧土壤微生物群落的组成及多样性[J]. 环境科学, 2022, **43**(1): 530-539.
Jiang N W, Liang C F, Zhang Y, *et al.* Microbial composition and diversity in soil of *Torreya grandis* cv. Merrilli relative to different cultivation years after land use conversion [J]. Environmental Science, 2022, **43**(1): 530-539.
- [40] Wagg C, Schlaeppi K, Banerjee S, *et al.* Fungal-bacterial diversity and microbiome complexity predict ecosystem functioning[J]. Nature Communications, 2019, **10**(1), doi: 10.1038/s41467-019-12798-y.
- [41] 杨睿, 李娟, 龙健, 等. 贵州喀斯特山区不同种植年限花椒根际土壤细菌群落结构特征研究[J]. 生态环境学报, 2021, **30**(1): 81-91.
Yang R, Li J, Long J, *et al.* Structural characteristics of bacterial community in rhizosphere soil of *Zanthoxylum bungeanum* in different planting years in karst areas of Guizhou [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2021, **30**(1): 81-91.
- [42] Igiehon N O, Babalola O O. Biofertilizers and sustainable agriculture: exploring arbuscular mycorrhizal fungi[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2017, **101**(12): 4871-4881.
- [43] Brzostek E R, Greco A, Drake J E, *et al.* Root carbon inputs to the rhizosphere stimulate extracellular enzyme activity and increase nitrogen availability in temperate forest soils [J]. Biogeochemistry, 2013, **115**: 65-76.
- [44] Schmidt R, Mitchell J, Scow K. Cover cropping and no-till increase diversity and symbiotroph: saprotroph ratios of soil fungal communities[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2019, **129**: 99-109.
- [45] 刘圣越, 王跃飞, 何永志, 等. 内生真菌对宿主植物生长和次级代谢产物影响研究进展[J]. 天津中医药大学学报, 2021, **40**(1): 128-136.
Liu S Y, Wang Y F, He Y Z, *et al.* Research progress on the effect of endophytic fungi on the growths and secondary metabolites of host plants[J]. Journal of Tianjin University of Traditional Chinese Medicine, 2021, **40**(1): 128-136.
- [46] 朱宝光, 李晓民, 姜明, 等. 三江平原浓江河湿地生态廊道区及其周边春季鸟类多样性研究[J]. 湿地科学, 2009, **7**(3): 191-196.
Zhu B G, Li X M, Jiang M, *et al.* Bird diversity in Nongjiang River wetland ecological corridor and its surrounding in the Sanjiang Plain in spring [J]. Wetland Science, 2009, **7**(3): 191-196.
- [47] 蔡芸霜, 张建兵, 钟丽雯, 等. 桂西北峰丛洼地农作区土壤真菌多样性对不同耕作模式的响应[J]. 生态学报, 2021, **41**(12): 4886-4899.
Cai Y S, Zhang J B, Zhong L W, *et al.* Response of the fungal diversity to different tillage modes in the farming areas of Karst peak-cluster depressions, Southwest China [J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, **41**(12): 4886-4899.
- [48] 管鸿智, 黄荣珍, 王金平, 等. 红壤区退化林地表土真菌群落结构对土壤改良措施响应[J]. 环境科学, 2023, **44**(1): 494-501.
Guan H Z, Huang R Z, Wang J P, *et al.* Response of topsoil fungal community structure to soil improvement measures in degraded forest of red soil region [J]. Environmental Science, 2023, **44**(1): 494-501.
- [49] 彭辉, 周红敏, 张弓乔, 等. 不同林龄红豆树土壤真菌群落组成和多样性[J]. 中南林业科技大学学报, 2021, **41**(11): 129-135.
Peng H, Zhou H M, Zhang G Q, *et al.* Composition structure and diversity of soil fungi community in *Ormosia hosiei* plantations at different ages [J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology, 2021, **41**(11): 129-135.
- [50] Suz L M, Barsoum N, Benham S, *et al.* Monitoring ectomycorrhizal fungi at large scales for science, forest management, fungal conservation and environmental policy [J]. Annals of Forest Science, 2015, **72**(7): 877-885.
- [51] 罗正明, 赫磊, 刘晋仙, 等. 土壤真菌群落对五台亚高山草甸退化的响应[J]. 环境科学, 2022, **43**(6): 3328-3337.
Luo Z M, He L, Liu J X, *et al.* Responses of soil fungal communities to subalpine meadow degradation in Mount Wutai [J]. Environmental Science, 2022, **43**(6): 3328-3337.
- [52] 郑佳华, 赵萌莉, 王琪, 等. 利用方式对大针茅草原土壤微生物群落结构及多样性的影响[J]. 生态学报, 2022, **42**(12): 4998-5008.
Zheng J H, Zhao M L, Wang Q, *et al.* Effects of management regime on soil microbial community structure and diversity of *Stipa grandis* grassland [J]. Acta Ecologica Sinica, 2022, **42**(12): 4998-5008.
- [53] Yang Y, Cheng H, Liu L X, *et al.* Comparison of soil microbial community between planted woodland and natural grass vegetation on the Loess Plateau [J]. Forest Ecology and Management, 2020, **460**, doi: 10.1016/j.foreco.2019.117817.

CONTENTS

Research Status and Trend Analysis of Environmental and Health Risk and Control of Persistent, Mobile, and Toxic Chemicals	ZHANG Shao-xuan, CHEN An-na, CHEN Cheng-kang, <i>et al.</i> (3017)
Assessment of the Multidimensional Performances of Food Waste Utilization Technologies in China	YANG Guang, SHI Bo-fen, ZHOU Chuan-bin (3024)
Spatial Network of Urban Heat Environment in Beijing-Tianjin-Hebei Urban Agglomeration Based on MSPA and Circuit Theory	QIAO Zhi, CHEN Jia-yue, WANG Nan, <i>et al.</i> (3034)
Relationship Between Urban Spatial Pattern and Thermal Environment Response in Summer: A Case Study of Hefei City	CHEN Yuan-yuan, YAO Xia-mei, OU Chun, <i>et al.</i> (3043)
Assessment of Emission Reduction Effect of Major Air Pollution Control Measures on PM _{2.5} Concentrations During 13th Five-Year Period in Tianjin	XIAO Zhi-mei, XU Hong, CAI Zi-ying, <i>et al.</i> (3054)
Effect of Clean Heating on Carbonaceous Aerosols in PM _{2.5} During the Heating Period in Baoding	LUO Yu-qian, ZHANG Kai, ZHAO Yu-xi, <i>et al.</i> (3063)
Transport Influence and Potential Sources of PM _{2.5} Pollution for Nanjing	XIE Fang-jian, ZHENG Xin-mei, DOU Tao-tao, <i>et al.</i> (3071)
Impact of Atmospheric Circulation Patterns on Ozone Changes in the Pearl River Delta from 2015 to 2020	WANG Yao, LIU Run, XIN Fan (3080)
Effects of Tropical Cyclones on Ozone Pollution in Hainan Island	FU Chuan-bo, DAN Li, TONG Jin-he, <i>et al.</i> (3089)
Analysis of Causes and Sources of Summer Ozone Pollution in Rizhao Based on CMAQ and HYSPLIT Models	LIN Xin, TONG Ji-long, WANG Yi-fan, <i>et al.</i> (3098)
Health Benefit Evaluation for PM _{2.5} as Well as O ₃ _{8h} Pollution Control in Chengdu, China from 2016 to 2020	ZHANG Ying, TIAN Qi-qi, WEI Xiao-yu, <i>et al.</i> (3108)
Impacts of COVID-19 Lockdown on Air Quality in Shenzhen in Spring 2022	LIU Chan-fang, ZHANG Ao-xing, FANG Qing, <i>et al.</i> (3117)
Emission Inventory of Airborne Pollutants from Biomass Combustion in Guizhou Province	WANG Yan-ni, YANG Jing-ting, HUANG Xian-feng, <i>et al.</i> (3130)
Main Chemical Components in Atmospheric Precipitation and Their Sources in Xi'an	ZHOU Dong, HUANG Zhi-pu, LI Si-min, <i>et al.</i> (3142)
Distribution, Respiratory Exposure, and Traceability of Atmospheric Microplastics in Yichang City	LIU Li-ming, WANG Chao, GONG Wen-wen, <i>et al.</i> (3152)
Hydrochemical Evolution in the Yarlung Zangbo River Basin	JIANG Ping, ZHANG Quan-fa, LI Si-yue (3165)
Temporal and Spatial Distribution Characteristics and Source Analysis of Nitrate in Surface Water of Wuding River Basin	XU Qi-feng, XIA Yun, LI Shu-jian, <i>et al.</i> (3174)
Seasonal Variation Characteristics and Pollution Assessment of Heavy Metals in Water and Sediment of Taipu River	LUO Peng-cheng, TU Yao-jen, SUN Ting-ting, <i>et al.</i> (3184)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics in Beiyun River Basin in Beijing	JIANG Bao, SUI Shan-shan, SUN Cheng-yi, <i>et al.</i> (3198)
Tracking Riverine Nitrate Sources and Transformations in the Yiluo River Basin by Nitrogen and Oxygen Isotopes	GUO Wen-jing, ZHANG Dong, JIANG Hao, <i>et al.</i> (3206)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of PPCPs in Surface Water and Sediments of Lakes in the Lower Reaches of the Huaihe River	WU Yu-sheng, HUANG Tian-yin, ZHANG Jia-gen, <i>et al.</i> (3217)
Characteristics and Driving Mechanisms of Shallow Groundwater Chemistry in Xining City	LIU Chun-yan, YU Kai-ning, ZHANG Ying, <i>et al.</i> (3228)
Groundwater Pollution Risk Assessment in Plain Area of the Yarkant River Basin	YAN Zhi-yun, ZENG Yan-yan, ZHOU Jin-long, <i>et al.</i> (3237)
Composition Structure and Influence Factors of Bacterial Communities in the Miyun Reservoir	CHEN Ying, WANG Jia-wen, LIANG En-hang, <i>et al.</i> (3247)
Photo-Degradation Mechanism and Pathway for Tetracycline in Simulated Seawater Under Irradiation of Visible Light	XU Heng-tao, FU Xiao-hang, FENG Wei-hua, <i>et al.</i> (3260)
Adsorption Characteristics and Mechanism of Ammonia Nitrogen in Water by Nano Zero-valent Iron-modified Biochar	CHEN Wen-jing, SHI Jun-ling, LI Xue-ting, <i>et al.</i> (3270)
Removal Performance and Mechanism of Potassium Permanganate Modified Coconut Shell Biochar for Cd(II) and Ni(II) in Aquatic Environment	ZHANG Feng-zhi, WANG Dun-qiu, CAO Xing-feng, <i>et al.</i> (3278)
Phosphorus Adsorption in Water and Immobilization in Sediments by Lanthanum-modified Water Treatment Sludge Hydrochar	HE Li-wenze, CHEN Yu, SUN Fei, <i>et al.</i> (3288)
Factors Affecting Nitrate Concentrations and Nitrogen and Oxygen Isotope Values of Effluents from Waste Water Treatment Plant	ZHANG Dong, GE Wen-biao, ZHAO Ai-ping, <i>et al.</i> (3301)
Effects of Wastewater Treatment Processes on the Removal Efficiency of Microplastics Based on Meta-analysis	FU Li-song, HOU Lei, WANG Yan-xia, <i>et al.</i> (3309)
Assessment of Critical Loads of Nitrogen Deposition in Natural Ecosystems of China	HUANG Jing-wen, LIU Lei, YAN Xiao-yuan, <i>et al.</i> (3321)
Impacts of Climate Change and Human Activities on NDVI Change in Eastern Coastal Areas of China	JIN Yan-song, JIN Kai, WANG Fei, <i>et al.</i> (3329)
Ecosystem Carbon Storage in Hangzhou Bay Area Based on InVEST and PLUS Models	DING Yue, WANG Liu-zhu, GUI Feng, <i>et al.</i> (3343)
Soil Stoichiometry Characterization in the Oasis-desert Transition Zone of Linze, Zhangye	SUN Xue, LONG Yong-li, LIU Le, <i>et al.</i> (3353)
Vertical Differences in Grassland Bacterial Community Structure During Non-Growing Season in Eastern Ulansuhai Basin	LI Wen-bao, ZHANG Bo-yao, SHI Yu-jiao, <i>et al.</i> (3364)
Distribution Pattern of Bacterial Community in Soil Profile of <i>Larix principis-rupprechtii</i> Forest in Luya Mountain	MAO Xiao-ya, LIU Jin-xian, JIA Tong, <i>et al.</i> (3376)
Effects of Vegetation Types on Carbon Cycle Functional Genes in Reclaimed Soil from Open Pit Mines in the Loess Plateau	ZHAO Jiao, MA Jing, ZHU Yan-feng, <i>et al.</i> (3386)
Effects of Biochar Application on Soil Bacterial Community Diversity and Winter Wheat Growth in Wheat Fields	YAO Li-ru, LI Wei, ZHU Yuan-zheng, <i>et al.</i> (3396)
Effects of Different Planting Years of <i>Dendrocalamus brandisii</i> on Soil Fungal Community	ZHU Shu-hong, HUI Chao-mao, ZHAO Xiu-ting, <i>et al.</i> (3408)
Effects of Biochar Amendment on N ₂ O Emission and Its Functional Genes in Pepper Growing Soil in Tropical Areas	CHEN Qi-qi, WANG Zi-jun, CHEN Yun-zhong, <i>et al.</i> (3418)
Effects of Mulching and Application of Organic and Chemical Fertilizer on Greenhouse Gas Emission and Water and Nitrogen Use in Summer Maize Farmland	JIANG Hong-li, LEI Qi, ZHANG Biao, <i>et al.</i> (3426)
Effects of Different Types of Plastic Film Mulching on Soil Quality, Root Growth, and Yield	MU Xiao-guo, GAO Hu, LI Mei-hua, <i>et al.</i> (3439)
Pollution Assessment and Source Analysis of Heavy Metals in Atmospheric Deposition in a Lead-zinc Smelting City Based on PMF Model	CHEN Ming, WANG Lin-ling, CAO Liu, <i>et al.</i> (3450)
Characterization and Health Risk of Heavy Metals in PM _{2.5} from Road Fugitive Dust in Five Cities of Yunnan Province	HAN Xin-yu, GUO Jin-yuan, SHI Jian-wu, <i>et al.</i> (3463)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metals in Surface Dusts and Surrounding Green Land Soils from Yellow River Custom Tourist Line in Lanzhou	LI Jun, LI Kai-ming, WANG Xiao-huai, <i>et al.</i> (3475)
Source Apportionment and Pollution Assessment of Soil Heavy Metal Pollution Using PMF and RF Model: A Case Study of a Typical Industrial Park in Northwest China	GAO Yue, LÜ Tong, ZHANG Yun-kai, <i>et al.</i> (3488)
Source Analysis of Soil Heavy Metals in Agricultural Land Around the Mining Area Based on APCS-MLR Receptor Model and Geostatistical Method	ZHANG Chuan-hua, WANG Zhong-shu, LIU Li, <i>et al.</i> (3500)
Source Analysis of Heavy Metals in Typical Farmland Soils Based on PCA-APCS-MLR and Geostatistics	WANG Mei-hua (3509)
Characteristics and Risk Evaluation of Heavy Metal Contamination in Paddy Soils in the Three Gorges Reservoir Area	LIU Ya-jun, LI Cai-xia, MEI Nan, <i>et al.</i> (3520)
Health Risk Assessment and Environmental Benchmark of Heavy Metals in Cultivated Land in Wanjiang Economic Zone	LIU Hai, WEI Wei, SONG Yang, <i>et al.</i> (3531)
Evaluation and Source Analysis of Soil Heavy Metal Pollution in a Planting Area in Wanquan District, Zhangjiakou City	AN Yong-long, YIN Xiu-lan, LI Wen-juan, <i>et al.</i> (3544)
Heavy Metal Concentration, Source, and Pollution Assessment in Topsoil of Chuzhou City	TANG Jin-lai, ZHAO Kuan, HU Rui-xin, <i>et al.</i> (3562)
Analysis on the Distribution Characteristics and Influence Mechanism of Migration and Transformation of Heavy Metals in Mining Wasteland	WEI Hong-bin, LUO Ming, XIANG Lei, <i>et al.</i> (3573)
Ecological Risk Assessment and Source Apportionment of Heavy Metals in Mineral Resource Base Based on Soil Parent Materials	WEI Xiao-feng, SUN Zi-jian, CHEN Zi-ran, <i>et al.</i> (3585)
Enrichment Characteristics of Heavy Metals and Health Risk in Different Vegetables	QI Hao, ZHUANG Jian, ZHUANG Zhong, <i>et al.</i> (3600)
Health Risk Assessment of Heavy Metals in Soil and Wheat Grain in the Typical Sewage Irrigated Area of Shandong Province	WANG Fei, FEI Min, HAN Dong-nui, <i>et al.</i> (3609)
Prediction of Cadmium Uptake Factor in Wheat Based on Machine Learning	NIU Shuo, LI Yan-ling, YANG Yang, <i>et al.</i> (3619)