

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, 蒋珍彦, 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)

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*

(石河子大学农学院, 石河子 832003)

摘要: 咸水灌溉可缓解干旱区淡水资源短缺的问题, 但是长期咸水灌溉会破坏土壤真菌群落结构。为缓解盐分带来的危害, 采用生物炭作为土壤改良剂, 以改善土壤真菌群落结构。为探究施用生物炭对盐渍化土壤真菌群落结构多样性的影响, 设置两个灌溉水盐度: $0.35 \text{ dS} \cdot \text{m}^{-1}$ (淡水) 和 $8.04 \text{ dS} \cdot \text{m}^{-1}$ (咸水), 在每个灌溉水盐度下, 设置2个生物炭施用水平: $0 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ (不施) 和 $3.7 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ (施用)。高通量测序结果表明, 与淡水灌溉相比, 咸水灌溉增加了真菌群落物种多样性, 降低了真菌群落物种丰富度; 在咸水灌溉条件下施加生物炭降低了土壤真菌群落物种多样性和物种丰富度。各处理土壤的优势菌门为: 子囊菌门、被孢菌门、担子菌门、壶菌门、球囊菌门和罗兹菌门, 优势菌属为: 赤霉属、*Sarocladium*、毛壳菌属、镰刀菌属和葡萄穗霉属。与淡水灌溉相比, 咸水灌溉显著增加担子菌门和壶菌门的相对丰度, 显著降低子囊菌门和罗兹菌门的相对丰度。咸水灌溉的条件下施用生物炭显著增加子囊菌门和*Sarocladium*的相对丰度, 显著降低担子菌门、毛壳菌属和镰刀菌属的相对丰度。LEfSe差异分析表明, 在不施生物炭的条件下, 咸水灌溉降低真菌群落潜在生物标志物数量, 而咸水灌溉的条件下施用生物炭增加真菌群落潜在生物标志物数量。以上结果表明, 施用生物炭能够改善盐渍化土壤环境和真菌群落结构, 为干旱区合理咸水灌溉和培肥土壤提供理论依据。

关键词: 灌溉水盐度; 生物炭; 真菌; LEfSe分析; 高通量测序

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2024)01-0520-10 DOI: 10.13227/j.hjks.202302074

Response of Soil Fungal Community to Biochar Application Under Different Irrigation Water Salinity

ZHENG Zhi-yu, GUO Xiao-wen, MIN Wei*

(College of Agriculture, Shihezi University, Shihezi 832003, China)

Abstract: Saline water irrigation can alleviate the shortage of freshwater resources in the northwest arid zone, but long-term saline water irrigation can damage the soil fungal community structure. To alleviate the harm caused by salinity, biochar is used as a soil amendment to improve the soil fungal community structure. To investigate the intrinsic link between biochar application and the structural diversity of fungal communities in saline soils, two irrigation water salinity levels were set: $0.35 \text{ dS} \cdot \text{m}^{-1}$ (fresh water) and $8.04 \text{ dS} \cdot \text{m}^{-1}$ (saline water). At each irrigation water salinity, two levels of biochar application were set: $0 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ (no application) and $3.7 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ (application). High-throughput sequencing results showed that compared to that under fresh water irrigation, saline water irrigation increased fungal community species diversity and decreased fungal community species richness; biochar application under saline water irrigation reduced soil fungal community species diversity and species richness. The dominant fungal phyla in the soils of each treatment were Ascomycota, Mortierellomycota, Basidiomycota, Chytridiomycota, Glomeromycota, Rozellomycota, and Cysticerales, and the dominant genera were *Gibberella*, *Chaetomium*, *Sarocladium*, *Stachybotrys*, and *Fusarium*. Compared to that under freshwater irrigation, saline water irrigation significantly increased the relative abundance of Basidiomycota and Chytridiomycota and significantly decreased the relative abundance of Ascomycota and Rozellomycota. The application of biochar under saline irrigation significantly increased the relative abundance of Ascomycota and *Sarocladium* but significantly decreased the relative abundance of Basidiomycota, *Chaetomium*, and *Fusarium*. LEfSe analysis showed that under the condition of no biochar application, saline irrigation reduced the number of potential biomarkers of fungal communities, whereas the application of biochar under the condition of saline irrigation increased the number of potential biomarkers of fungal communities. These results indicated that the application of biochar can improve the saline soil environment and fungal community structure and provide a theoretical basis for reasonable brackish water irrigation and soil fertilization in arid areas.

Key words: irrigation water salinity; biochar; fungi; LEfSe analysis; high-throughput sequencing

新疆位于西北干旱地区, 棉花作为其支柱产业却受到缺水条件的威胁^[1,2]。在淡水资源短缺的情况下, 咸水资源的开发和利用成为必然选择^[3]。咸水灌溉可缓解淡水资源短缺的问题, 但长期咸水灌溉会引起土壤次生盐渍化^[4], 破坏土壤团粒结构^[5], 降低土壤孔隙度和渗透能力, 使土壤板结, 降低土壤养分含量, 最终导致土壤质量下降^[6-10]。而生物炭作为良好的土壤改良剂, 具有较大的比表面积、较强的阳离子吸附能力和较高的碳氮比^[11], 能通过改变土壤性质, 促进养分循环, 提高土壤质量, 进而改变土壤微生物群落的结构^[12,13]。

真菌作为土壤微生物群落的重要组成部分, 在

维持土壤肥力和生态平衡、推动土壤养分循环和可持续利用中发挥重要作用^[14-16]。土壤理化性质的改变必定会引起土壤微生物群落结构的改变^[17-19]。其中, 土壤盐分是限制微生物生存的主要因素^[20], 可直接影响土壤真菌群落活性和组成^[21]。不同土壤盐分浓度下真菌群落结构不同^[22], 中等盐分含量时真菌

收稿日期: 2023-02-10; 修订日期: 2023-03-20

基金项目: 国家自然科学基金项目(32160742); 兵团指导性项目(2022DZ011); 石河子大学大学生创新创业训练(SRP)计划项目(SRP2022015)

作者简介: 郑志玉(2002-), 女, 主要研究方向为土壤微生物分子生态, E-mail: 13645485720@163.com

* 通信作者, E-mail: minwei555@126.com

丰富度有升高的趋势^[23], 盐分含量过高会显著降低土壤真菌的丰富度^[24]. 生物炭通过直接为土壤生物群提供生长促进剂或间接改变土壤的基本属性来影响土壤微生物的生长、多样性和群落组成^[25], 具有较强的抗分解能力, 施入土壤后能减少盐渍化土壤的氮损失, 还会增加土壤孔隙数量, 提高盐渍化土壤的保水能力^[26-28], 从而使微生物群落的组成和结构产生差异. 此外, 生物炭颜色较深, 可以吸收更多的热量, 提高土壤温度, 进而促进微生物的生长^[11].

关于肥料种类和用量、栽培措施、不同水盐度和改良剂等对土壤真菌群落结构影响的研究已有较多, 但是生物炭对盐渍化土壤真菌群落结构多样性的影响尚未可知. 通过分析咸水灌溉和施加生物炭对土壤真菌种类和群落多样性的影响, 明晰咸水灌溉和生物炭施加对土壤真菌群落的内在调控机制, 以期干旱区合理利用咸水和生物炭资源, 有效培肥土壤, 以及为农业的可持续发展提供理论依据.

1 材料与方法

1.1 试验点概况

本试验点位于石河子大学农学院试验站(44°18'N, 86°02'E), 土壤类型为灰漠土, 种植作物为新陆早 52 号棉花. 该地区为温带干旱地区, 属大陆性气候, 年均蒸发量为 1 000~1 500 mm, 年均降水量为 180~270 mm, 年平均气温为 6.5~7.2℃. 本研究开展前(2009 年)土壤基础理化性质如下: 土壤盐分($EC_{1:5}$)为 0.13 dS·m⁻¹, 土壤 pH_{1:2.5} 为 7.9, 容重为 1.27 g·cm⁻³, ω (速效钾)为 253 mg·kg⁻¹, ω (全氮)为 1.1 g·kg⁻¹, ω (速效磷)为 25.9 mg·kg⁻¹, ω (有机质)为 16.8 g·kg⁻¹. 2022 年棉花生长期降雨量和蒸发量见图 1.

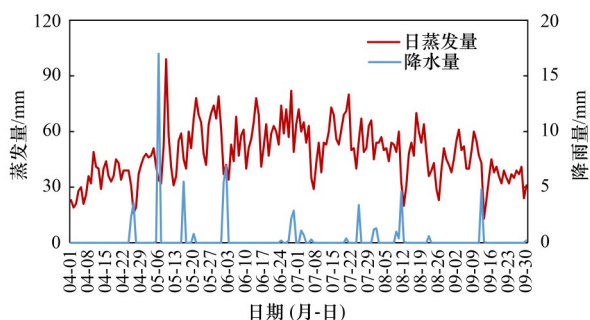


图 1 2022 年研究区日平均蒸发量和降雨量

Fig. 1 Average daily evapotranspiration and precipitation in the tested area in 2022

1.2 试验设计

本研究开始前已连续开展多年咸水田间滴灌试验(2009~2018 年), 于 2019 年开始向土壤中添加生物炭. 采用两因素随机区组设计, 其中灌溉水盐度设置

两个处理: 0.35 dS·m⁻¹(淡水, FW)和 8.04 dS·m⁻¹(咸水, SW), 淡水来自于地下水, 其主要成分见表 1, 咸水是通过向淡水中添加 NaCl 和 CaCl₂(质量比 1:1)获得. 在每个灌溉水盐度下, 施生物炭量设 2 个水平: 0 t·hm⁻²和 3.7 t·hm⁻²(分别表示为 FW、FWBC、SW 和 SWBC). 每个处理重复 3 次, 共计 12 个试验小区, 每个试验小区面积 25 m².

表 1 淡水中的主要盐分离子组成

Table 1 Composition of main salt ions in fresh water

处理	离子浓度/g·L ⁻¹						
	K ⁺	Na ⁺	Ca ²⁺	Mg ²⁺	HCO ₃ ⁻	Cl ⁻	SO ₄ ²⁻
FW	0.013	0.005	0.049	0.014	0.06	0.087	0.035

于每年 4 月中旬采用干播湿出法种植棉花, 9 月中下旬收获, 栽培过程一般采用覆膜栽培, 一膜 3 管 6 行, 行距配置为 (60+10) cm, 播种密度 22.2 万株·hm⁻². 在棉花整个生育期内共灌水 9 次, 灌水时间从 6 月中旬开始至 8 月下旬结束, 灌水周期为 7~10 d, 灌溉定额为 450 mm. 在棉花生长期共施肥 6 次, 各处理施氮、磷、钾肥用量一致, 其中磷、钾肥全部用做基肥, 磷(P₂O₅)施用量为 105 kg·hm⁻², 钾(K₂O)施用量为 60 kg·hm⁻²; 氮肥[ω (尿素 N)≥46.4%]随水滴施, 施用量为 360 kg·hm⁻², 其它田间管理措施参照当地大田生产.

1.3 样品采集与处理

2022 年在棉花花铃期采集耕层(0~30 cm)土壤样品, 在每个试验小区的棉花行内分别随机选择 3 个采样点, 将土样均匀混合并去除细根、杂物. 采集的土壤样品置于冰盒中, 立即带回实验室, 放入 -80℃ 冰箱中储存, 用于土壤真菌群落多样性的测定.

1.4 土壤真菌群落多样性的测定

1.4.1 DNA 提取和 PCR 扩增

使用 DNeasy® PowerSoil® Pro Kit 试剂盒(美国)按照操作说明称取 5.0 g 新鲜土壤, 提取总微生物基因组 DNA 样本, 并储存在 -20℃ 为进一步评估使用. 分别使用 NanoDrop ND2000 分光光度计(美国)和 biowest agArose 琼脂糖凝胶电泳(西班牙)测量提取 DNA 的数量和质量. 选取正向引物 ITS5-1737F(5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3')和反向引物 ITS2-2043R(5'-GCTGCGTTCCTTCATCGATGC-3')对土壤真菌 ITS rRNA 基因进行扩增, 每个样本进行 3 个重复. PCR 反应条件为: 95℃ 预变性 5 min, 95℃ 变性 30 s, 50℃ 复性 30 s, 72℃ 延伸 40 s, 25 个循环, 最终 72℃ 延伸 10 min.

1.4.2 Illumina MiSeq 测序

扩增完毕后建立样本原始文库, 对原始数据进行拼接, 将拼接得到的序列进行质量过滤, 并去除嵌

合体,得到高质量的 Tags 序列. 样本测序深度指数值达 99% 以上,则证明测序数据量合理.

1.5 数据分析

使用 Excel 2019 制作相对丰度柱状图. ITS 的物种注释使用 Unite 数据库(unite+INSD),注释方法采用 Blast 方法. 使用软件 Qiime (Version 1.9.1) 进行土壤真菌群落的 α 多样性分析,使用 R (Version 2.15.3) 软件的 vegan 软件包进行 NMDS 分析,使用 R (Version 3.1.0) 软件制作物种丰度聚类热图,使用 LEfSe 软件 (Version 1.0) 进行物种差异性分析.

2 结果与分析

2.1 真菌群落多样性

由表 2 可知,本研究测序覆盖率在 99% 以上,表明了测序深度能够真实反映不同处理土壤真菌群落的多样性. 与 FW 处理相比,SW 处理显著增加了 Shannon 和 Simpson 指数,显著降低了 Chao1 和 ACE 指数,说明咸水灌溉对土壤真菌群落物种多样性有增加趋势,对土壤真菌群落物种丰富度有降低趋势. 在淡水灌溉条件下,FWBC 处理的 Shannon、Simpson、ACE 和 Chao1 指数较 FW 处理显著增加,说明在淡水灌溉条件下施用生物炭对土壤真菌群落物种多样性和土壤真菌群落物种丰富度有增加趋势. 在咸水灌溉条件下,SWBC 处理的 Shannon、Simpson、ACE 和 Chao1 指数较 SW 处理显著降低,说明在咸水灌溉条件下,施加生物炭对土壤真菌群落物种多样性和土壤真菌群落物种丰富度有降低趋势.

表 2 不同处理的土壤真菌群落丰富度和多样性指数¹⁾
Table 2 Richness and diversity index of soil fungal community in different treatments

处理	覆盖度/%	物种数量	Shannon 指数	Simpson 指数	Chao1 指数	ACE 指数
FW	99.5	1 011	6.187c	0.944c	1 251b	1 257b
FWBC	99.4	1 110	6.191b	0.950b	1 444a	1 468a
SW	99.6	1 012	6.450a	0.965a	1 226c	1 234c
SWBC	99.5	905	5.393d	0.922d	1 172d	1 180d

1)同一列不同小写字母表示不同处理差异达到显著水平($P < 0.05$)

各处理的总 OTUs 数为 3 935,共有 OTUs 数为 448,占总 OTUs 的 11.39% (图 2). FW 处理具有特异的 OTUs 的个数为 469,占总 OTUs 的 11.92%,SW 处理具有特异的 OTUs 的个数为 671,占总 OTUs 的 17.05%,FWBC 处理具有特异的 OTUs 的个数为 550,占总 OTUs 的 13.98%,SWBC 处理具有特异的 OTUs 的个数为 402,占总 OTUs 的 10.22%,说明在不施用生物炭的条件下,与淡水灌溉相比,咸水灌溉增加了土壤真菌物种数量;在淡水灌溉的条件下,施用生物炭增加了土壤真菌物种数量;在咸水灌溉的条件下,

施用生物炭降低了土壤真菌物种数量.

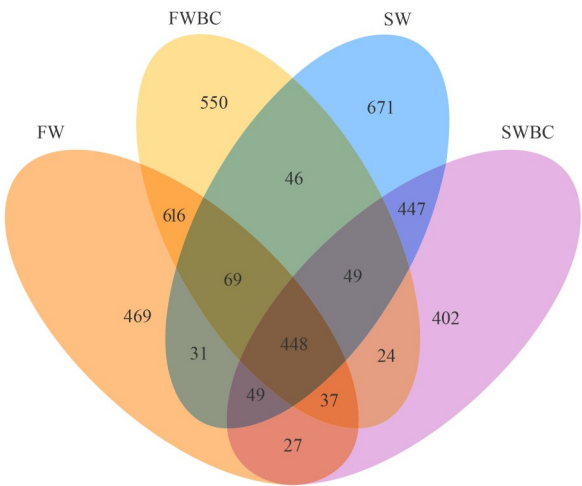


图 2 土壤真菌群落 OTUs 的维恩图
Fig. 2 Venn diagram of the OTUs of the soil fungal communities

非度量多维尺度分析(NMDS)揭示了土壤真菌群落在咸水灌溉、施用生物炭和对照水平上的变化(图 3). 压力值(stress)为 0.032,表明排序结果良好,从处理分布看,FW 处理位于第二、三象限,SW 处理位于第四象限,FWBC 处理位于第二象限,SWBC 处理位于第一象限,各处理间相互分离,均无交叉,说明不同处理间真菌群落存在差异性.

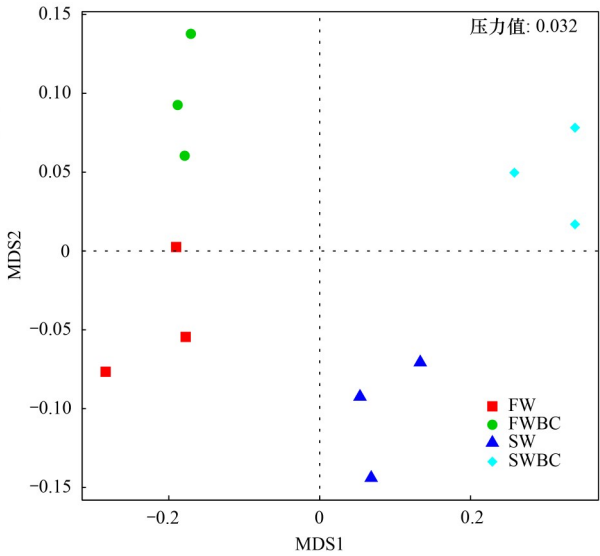


图 3 土壤真菌群落的 NMDS 分析
Fig. 3 Analysis of NMDS in fungal communities

2.2 真菌群落门水平组成

门水平上真菌的群落组成如图 4 所示,其优势菌门为:子囊菌门(Ascomycota, 67.07%, 相对丰度平均值,下同),其次是被孢菌门(Mortierellomycota, 3.64%)、担子菌门(Basidiomycota, 2.84%)、壶菌门(Chytridiomycota, 2.29%)、球囊菌门(Glomeromycota, 2.04%)和罗兹菌门(Rozellomycota, 1.77%).

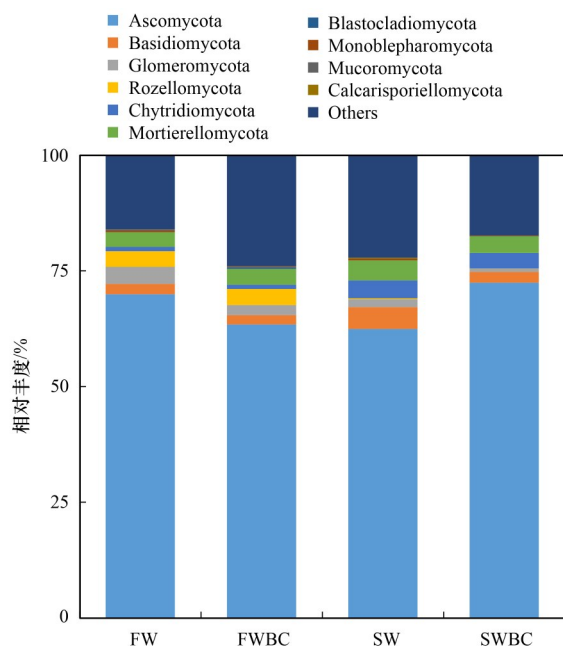


图4 不同处理门水平前10种真菌的相对丰度

Fig. 4 Relative abundances of the top ten phyla as affected by different treatments

与FW处理相比,SW处理显著增加担子菌门(Basidiomycota)和壶菌门(Chytridiomycota)的相对丰度,增加被孢菌门(Mortierellomycota)的相对丰度,分别由2.24%、0.93%和3.20%增加到4.74%、3.89%和4.35%;显著降低子囊菌门(Ascomycota)和罗兹菌门(Rozellomycota)的相对丰度,降低球囊菌门(Glomeromycota)的相对丰度,分别由69.94%、3.33%和3.73%降低到62.45%、0.22%和1.65%。

与FW处理相比,FWBC处理增加壶菌门(Chytridiomycota)和被孢菌门(Mortierellomycota)的相对丰度,分别由0.93%和3.20%增加到0.94%和3.46%;降低子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和球囊菌门(Glomeromycota)的相对丰度,分别由69.94%、2.24%和3.73%降低到63.42%、2.02%和2.17%。

与SW处理相比,SWBC处理显著增加子囊菌门(Ascomycota)的相对丰度,由62.45%增加到72.45%;显著降低担子菌门(Basidiomycota)的相对丰度,降低被孢菌门(Mortierellomycota)、壶菌门(Chytridiomycota)、球囊菌门(Glomeromycota)和罗兹菌门(Rozellomycota)的相对丰度,分别由4.74%、4.35%、3.89%、1.65%和0.22%降低到2.37%、3.56%、3.40%、0.61%和0.07%。

对于非土壤真菌优势菌门而言(图5),与FW处理相比,SW处理显著增加Calcarisporiellomycota的相对丰度,增加芽枝菌门(Blastocladiomycota)的相对丰度,显著降低毛霉亚门(Mucoromycota)的相对丰度,

降低单毛壶菌门(Monoblepharomycota)的相对丰度。与FW处理相比,FWBC处理增加芽枝菌门(Blastocladiomycota)和Calcarisporiellomycota的相对丰度,降低单毛壶菌门(Monoblepharomycota)和毛霉亚门(Mucoromycota)的相对丰度。与SW处理相比,SWBC处理增加毛霉亚门(Mucoromycota)的相对丰度,显著降低Calcarisporiellomycota的相对丰度,降低芽枝菌门(Blastocladiomycota)和单毛壶菌门(Monoblepharomycota)的相对丰度。

2.3 真菌群落属水平组成

通过对土壤真菌群落属水平上进行分类(图6),发现其优势菌属为赤霉菌属(*Gibberella*, 13.63%, 相对丰度平均值,下同),其次是毛壳菌属(*Chaetomium*, 8.14%)、*Sarocladium*(6.49%)、葡萄穗霉属(*Stachybotrys*, 3.61%)和镰刀菌属(*Fusarium*, 4.71%)。

与FW处理相比,SW处理增加*Sarocladium*、葡萄穗霉属(*Stachybotrys*)和毛壳菌属(*Chaetomium*)的相对丰度,分别由0.71%、1.99%和9.36%增加到2.52%、4.49%和11.04%;降低镰刀菌属(*Fusarium*)和赤霉菌属(*Gibberella*)的相对丰度,分别由6.07%和18.31%降低到5.30%和10.69%。

与FW处理相比,FWBC处理增加*Sarocladium*、葡萄穗霉属(*Stachybotrys*)和镰刀菌属(*Fusarium*)的相对丰度,分别由0.71%、1.99%和6.07%增加到1.51%、2.30%和6.48%;降低赤霉菌属(*Gibberella*)和毛壳菌属(*Chaetomium*)的相对丰度,分别由18.31%和9.36%降低到17.08%和7.85%。

与SW处理相比,SWBC处理显著增加*Sarocladium*的相对丰度,增加葡萄穗霉属(*Stachybotrys*)的相对丰度,分别由2.52%和4.49%增加到21.20%和5.66%;显著降低毛壳菌属(*Chaetomium*)和镰刀菌属(*Fusarium*)的相对丰度,降低赤霉菌属(*Gibberella*)的相对丰度,分别由11.04%、5.30%和10.69%降低到4.30%、2.95%和8.44%。

对于非土壤真菌优势菌属而言(图7),与FW处理相比,SW处理显著降低Unidentified_*Rozellomycota*_sp和Unidentified_*Sordariales*_sp的相对丰度,降低*Alternaria*的相对丰度。与FW处理相比,FWBC处理增加Unidentified_*Rozellomycota*_sp的相对丰度,显著降低Unidentified_*Sordariales*_sp的相对丰度,降低*Alternaria*的相对丰度。与SW处理相比,SWBC处理显著增加*Alternaria*的相对丰度,降低Unidentified_*Rozellomycota*_sp和Unidentified_*Sordariales*_sp的相对丰度。

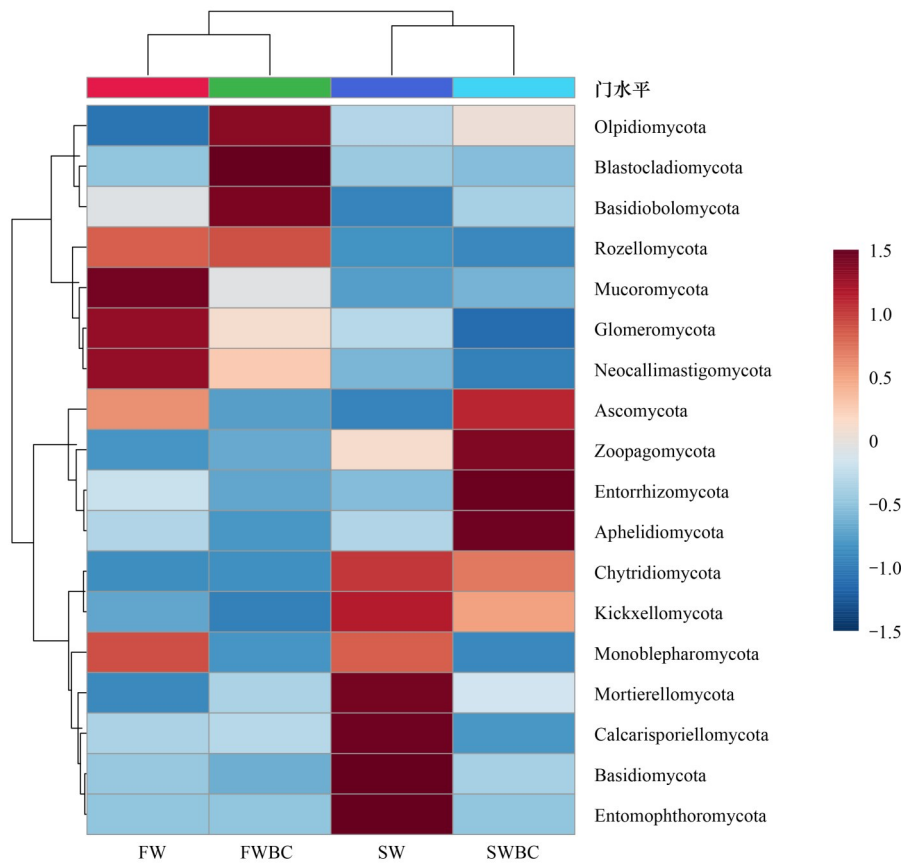


图 5 土壤真菌群落门水平热图
Fig. 5 Heatmap of dominant fungal phyla in soil under different treatments

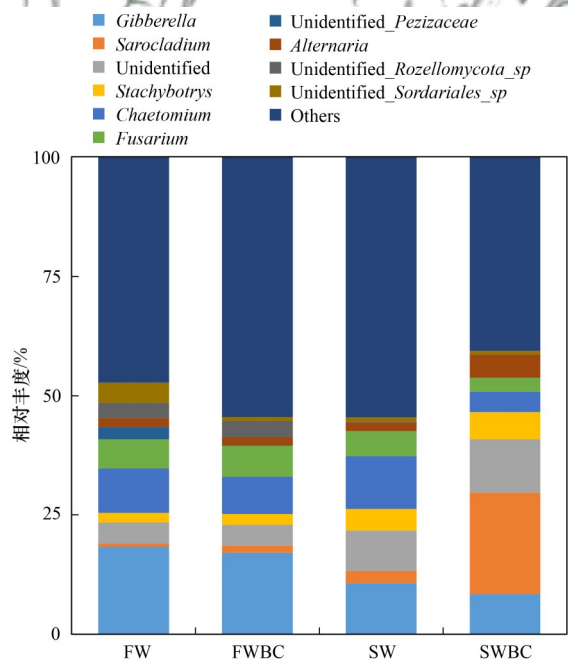


图 6 不同处理属水平前 10 种真菌的相对丰度
Fig. 6 Relative abundances of the top ten genera as affected by different treatments

2.4 LEfSe 差异分析

使用 LEfSe 分析[lg(LDA 得分) > 4, P < 0.05]进行组间比较(图 8). 通过 LEfSe 分析,土壤真菌共有 29

个显著差异物种,其中 FW 组别 12 个,FWBC 组别 4 个,SW 组别 5 个,SWBC 组别 8 个. FW 组别中的主要判别真菌类群是门水平的 Glomeromycota,纲水平的 Pezizomycetes,目水平的 Sordariales Pezizales,科水平的 Pezizaceae 和 Bionectriaceae,属水平的 Gliomastix、Gibberella 和 g_Unidentified,种水平的 Gibberella_intricans、Pezizaceae_sp 和 Gliomastix_sp. FWBC 组别中的主要判别真菌类群是门水平的 Rozellomycota,科水平的 Unidentified_Sordariomycetidae,属水平的 Sirastachys,种水平的 Sirastachys_castaneda. SW 组别中的主要判别真菌类群是门水平的 Chytridiomycota,纲水平的 Agaricomycetes,目水平的 Agaricales,科水平的 Chaetomiaceae,属水平的 Chaetomium. SWBC 组别中的主要判别真菌类群是门水平的 Ascomycota,纲水平的 Pezizomycetes,目水平的 Pleosporales,科水平的 Hypocreales_fam_Incertae_sedis 和 Pleosporaceae,属水平的 Sarocladium,种水平的 Sarocladium_sp 和 Nectriaceae_sp. 以上结果说明,不施生物炭的条件下,咸水灌溉降低群落差异物种数;在淡水灌溉的条件下,施用生物炭降低群落差异物种数;在咸水灌溉的条件下,施用生物炭增加群落差异物种数.

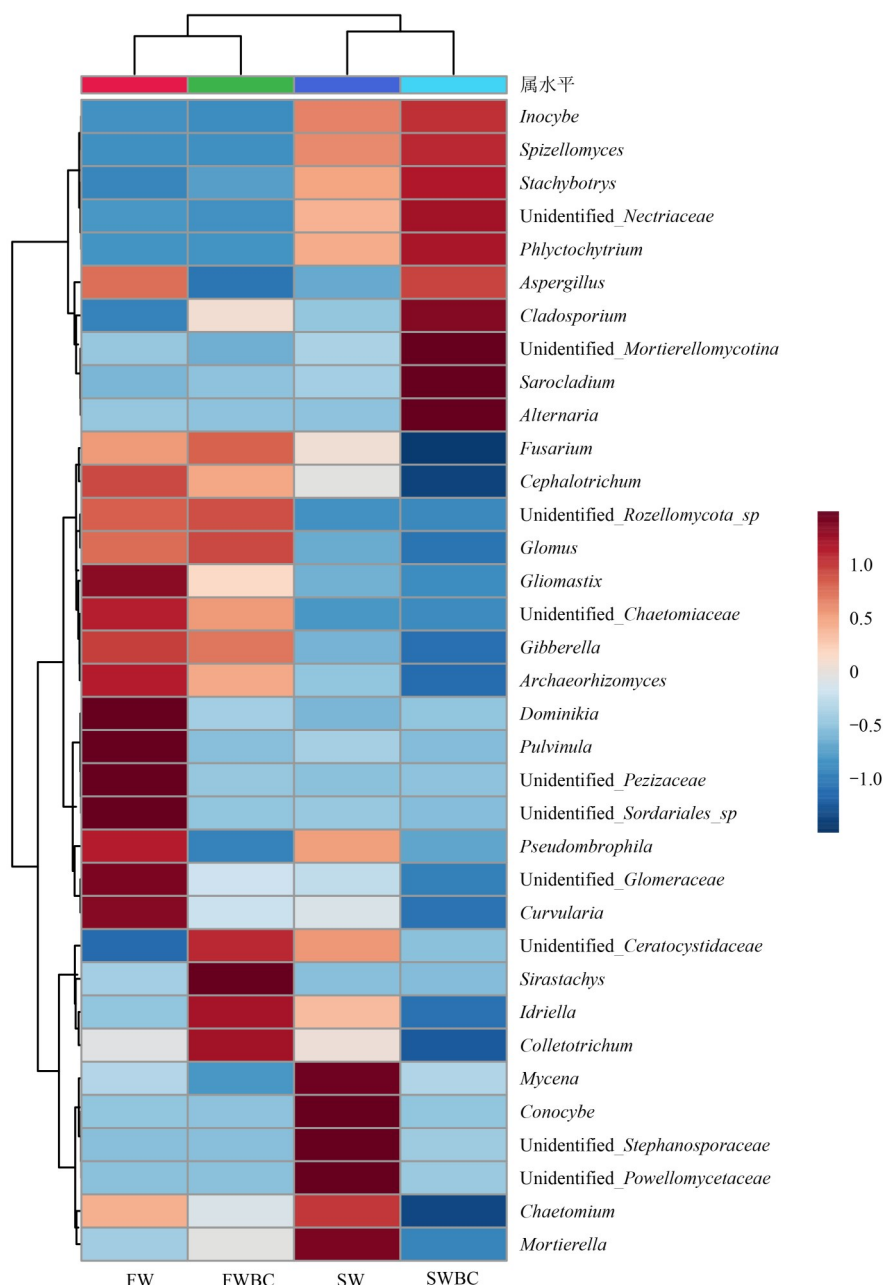


图 7 土壤真菌群落属水平热图

Fig. 7 Heatmap of dominant fungal genera in soil under different treatments

3 讨论

土壤真菌是地球上最丰富和最多样的生物之一,是植物和动物的病原体和互利共生体,并在生态系统中发挥重要作用,如成土作用、营养循环和疾病抑制^[29]. 与细菌相比,真菌对盐胁迫更加敏感^[30],因此,咸水灌溉会影响土壤真菌的群落多样性. 本研究发现,咸水灌溉对土壤真菌群落物种多样性有增加趋势. 淡水灌溉条件下施用生物炭会增加土壤真菌群落多样性,咸水灌溉的条件下施用生物炭降低了真菌群落多样性. LEfSe 分析结果表明,不施生物炭的条件下,咸水灌溉降低群落差异物种数,但是施用

生物炭增加群落差异物种数. 由于土壤中的微生物对盐度的耐受性不同,因此,土壤盐度是影响土壤真菌群落多样性和组成的主要因素之一^[31],在土壤盐度的驱动下更多的耐盐物种取代了不耐盐物种^[32]. 有研究推测,能在许多高盐环境中生存的真菌有形成内孢子的能力,这种能力给它们在盐渍化土壤中生存带来优势^[24]. 添加生物炭可以改善土壤环境,例如,增加土壤养分含量、CEC 和持水能力,土壤环境的改善可间接提高土壤真菌群落多样性^[33]. 生物炭多孔的特性能使土壤真菌免受捕食者的侵害,并增加了壁龛的可用性,从而为土壤真菌的生存与繁殖提供了栖息地^[34].

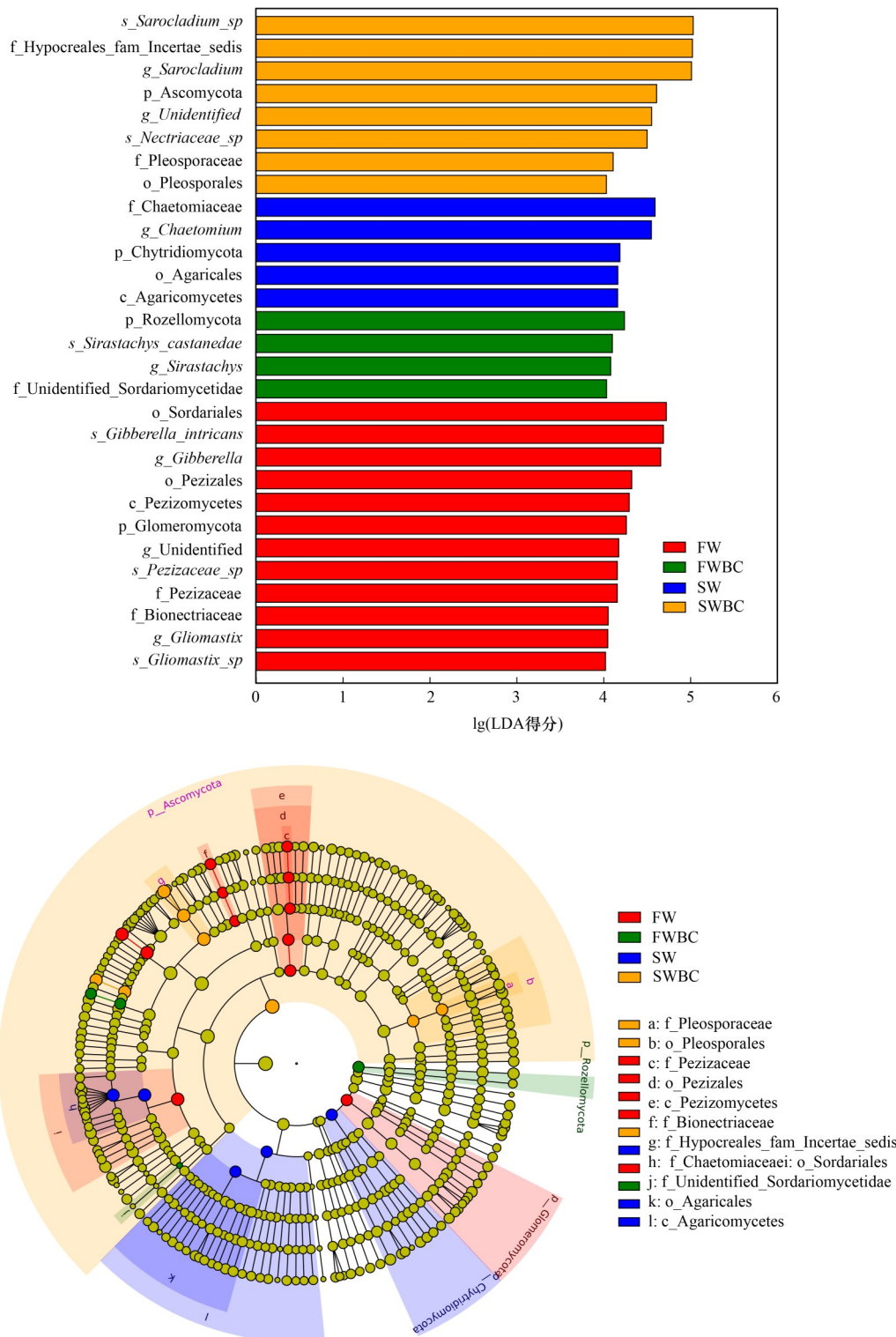


图 8 土壤真菌群落的 LEfSe 差异分析
Fig. 8 LEfSe analysis of soil fungal communities

本研究发现,不施生物炭条件下咸水灌溉对土壤真菌群落物种丰富度有降低趋势,淡水灌溉条件下施用生物炭增加了真菌群落的物种丰富度,但是咸水灌溉的条件下施用生物炭降低了真菌群落的物种丰富度.可能是土壤中盐分的积累破坏了土壤团聚体和土壤结构^[35],导致土壤真菌的生存环境恶化,使一些不适应高盐环境的真菌无法生存,也可能是

盐分积累降低了土壤渗透压,而低渗透压会使大部分敏感的真菌死亡^[36].本研究表明,咸水灌溉显著增加了土壤中优势菌门子囊菌门的相对丰度,子囊菌门的主导地位挤压了其他真菌(尤其是盐渍化土壤的独特物种)的生存空间,导致真菌群落的丰富度降低^[37].施用生物炭会增加土壤真菌的相对丰度,这主要是土壤微生物利用生物炭中的可溶性碳的直接结

果^[38]. 此外, 生物炭可以改善土壤的通气性和保水性, 为土壤真菌提供更好的栖息地, 以躲避捕食者, 并因其高孔隙率和大表面积的物理特性而有助于真菌生存和生长^[39].

本研究发现土壤真菌的优势菌门为子囊菌门、被孢菌门、担子菌门、壶菌门、球囊菌门和罗兹菌门. 咸水灌溉显著增加担子菌门(Basidiomycota)和壶菌门(Chytridiomycota)的相对丰度, 显著降低子囊菌门(Ascomycota)和罗兹菌门(Rozellomycota)的相对丰度. 淡水灌溉条件下施加生物炭显著增加了担子菌门、壶菌门和被孢菌门的相对丰度, 咸水灌溉的条件下施加生物炭显著增加子囊菌门的相对丰度, 显著降低担子菌门的相对丰度. 子囊菌门大多数是腐生菌^[40], 是干旱生态系统中碳和氮循环的重要驱动力, 在土壤稳定性、植物生物物质分解和与植物的内生相互作用中发挥作用^[41]. 被孢菌门能够促进土壤中有有机质和纤维素的分解^[42]. 球囊菌门促进植物吸收和利用土壤中的速效养分并促进植物适应盐分胁迫环境^[43,44]. 说明咸水灌溉和施用生物炭有利于促进土壤中有有机物质的分解, 使作物更好地利用土壤中的养分. 担子菌门可以降解木纤维素、促进植物菌根的形成, 还可以通过抑制病原菌来减少作物病害的发生^[45]. 壶菌门是一类寄生真菌, 会传染多种植物病毒并且有很强的感染能力^[46]. 现有研究表明, 罗兹菌门以寄生菌为主^[47], 从入侵的植物细胞中获得营养^[48]. 说明咸水灌溉和施用生物炭可以通过减少寄生真菌的数量来促进作物健康生长.

本研究发现赤霉菌属、*Sarocladium*、毛壳菌属、镰刀菌属和葡萄穗霉属是土壤真菌的优势菌属. 在不施生物炭的条件下, 咸水灌溉增加 *Sarocladium*、葡萄穗霉属和毛壳菌属的相对丰度, 降低镰刀菌属和赤霉菌属的相对丰度. 淡水灌溉条件下施加生物炭显著增加 *Sarocladium*、葡萄穗霉属和镰刀菌属的相对丰度. 咸水灌溉的条件下施加生物炭显著增加 *Sarocladium* 的相对丰度, 显著降低毛壳菌属和镰刀菌属的相对丰度. *Sarocladium* 是内生菌, 是引起植物病害的真菌病原体^[49]. 毛壳菌属可以对抗各种种子和土壤中的病原体, 还可以产生木聚糖酶和纤维素分解酶等多种酶和各种生物活性物质, 降解土壤中的纤维素等^[50]. 葡萄穗霉属具有淀粉分解和纤维素分解潜力, 并具有木质纤维素复合体降解酶系统^[51]. 赤霉菌属会引起多种植物病害^[52]. 镰刀菌属是最重要的植物病原真菌群之一, 影响着全球所有气候区的大量作物^[53]. 由此说明咸水灌溉和施用生物炭可促进土壤养分循环, 有利于大部分有益菌的生存, 但是会增加植物病害.

4 结论

(1) 与淡水灌溉相比, 咸水灌溉增加土壤真菌群落物种多样性, 降低土壤真菌群落物种丰富度. 生物炭的施用增加了淡水灌溉土壤真菌群落物种多样性和丰富度, 但降低了咸水灌溉土壤真菌群落物种多样性和丰富度.

(2) 土壤真菌的优势菌门为子囊菌门、被孢菌门、担子菌门、壶菌门、球囊菌门和罗兹菌门. 与淡水灌溉相比, 咸水灌溉显著增加担子菌门和壶菌门的相对丰度, 显著降低子囊菌门和罗兹菌门的相对丰度. 咸水灌溉条件下施加生物炭显著增加子囊菌门的相对丰度, 但显著降低担子菌门的相对丰度.

(3) 土壤真菌的优势菌属为赤霉菌属、*Sarocladium*、毛壳菌属、镰刀菌属和葡萄穗霉属. 与淡水灌溉相比, 咸水灌溉增加 *Sarocladium*、葡萄穗霉属和毛壳菌属的相对丰度, 但降低镰刀菌属和赤霉菌属的相对丰度. 咸水灌溉的条件下施加生物炭显著增加 *Sarocladium* 的相对丰度, 但显著降低毛壳菌属和镰刀菌属的相对丰度.

(4) 与淡水灌溉相比, 咸水灌溉降低真菌群落潜在生物标志物数量. 生物炭的施用降低了淡水灌溉土壤真菌群落差异物种数, 但增加了咸水灌溉土壤真菌群落潜在生物标志物数量.

参考文献:

- [1] 江柱, 张江辉, 白云岗, 等. 膜下咸水滴灌肥盐调控对棉花盐离子、养分吸收及干物质分配的影响[J]. 灌溉排水学报, 2022, 41(2): 59-67.
Jiang Z, Zhang J H, Bai Y G, et al. The impact of mulched drip fertigation with saline water on uptake of ions and nutrients by cotton [J]. Journal of Irrigation and Drainage, 2022, 41(2): 59-67.
- [2] 张慧, 张凯, 陈冰, 等. 不同灌溉量对新疆棉花生长发育及产量形成的影响[J]. 干旱区研究, 2022, 39(6): 1976-1985.
Zhang H, Zhang K, Chen B, et al. Effects of different irrigation rates on cotton growth and yield formation in Xinjiang [J]. Arid Zone Research, 2022, 39(6): 1976-1985.
- [3] 崔丙健, 高峰, 胡超, 等. 非常规水资源农业利用现状及研究进展[J]. 灌溉排水学报, 2019, 38(7): 60-68.
Cui B J, Gao F, Hu Chao, et al. The use of brackish and reclaimed waste water in agriculture: a review [J]. Journal of Irrigation and Drainage, 2019, 38(7): 60-68.
- [4] Zhang Z M, Zhang Z Y, Lu P R, et al. Soil water-salt dynamics and maize growth as affected by cutting length of topsoil incorporation straw under brackish water irrigation [J]. Agronomy, 2020, 10(2), doi: 10.3390/agronomy10020246.
- [5] 王艺乔, 郑春莲, 李科江, 等. 施用有机肥对咸水灌溉农田耕层土壤有机质及水稳性团聚体的影响[J]. 水土保持学报, 2022, 36(2): 268-274.
Wang Y Q, Zheng C L, Li K J, et al. Effects of organic fertilizer application on soil organic matter and Water-Stable aggregates of plow layer in farmland with saline water irrigation [J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2022, 36(2): 268-274.

- [6] 苟淇书, 党红凯, 马俊永, 等. 灌溉水矿化度对土壤盐分及冬小麦产量的影响[J]. 排灌机械工程学报, 2022, **40**(8): 850-856.
- Gou Q S, Dang H K, Ma J Y, *et al.* Effect of irrigation water salinity on soil salinity and winter wheat yield [J]. *Journal of Drainage and Irrigation Machinery Engineering*, 2022, **40**(8): 850-856.
- [7] 李慧, 林青, 徐绍辉. 咸水/微咸水入渗对土壤渗透性和盐分阳离子运移的影响[J]. 土壤学报, 2020, **57**(3): 656-666.
- Li H, Lin Q, Xu S H. Effect of infiltration of saline water/brackish water on soil permeability and transport of salt cations in the soil [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2020, **57**(3): 656-666.
- [8] 依文莲, 邵光成, 吴世清, 等. 咸水灌溉下施加生物炭对土壤盐分分布及团粒结构的影响[J]. 中国农村水利水电, 2022, (6): 154-161, 168.
- Nong W L, Shao G C, Wu S Q, *et al.* Effects of biochar on soil salt distribution and aggregate structure under brackish water Irrigation [J]. *China Rural Water and Hydropower*, 2022, (6): 154-161, 168.
- [9] Wei C C, Ren S M, Yang P L, *et al.* Effects of irrigation methods and salinity on CO₂ emissions from farmland soil during growth and fallow periods[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **752**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.141639.
- [10] 周永学, 李美琪, 黄志杰, 等. 长期咸水滴灌对灰漠土理化性质及棉花生长的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2021, **39**(4): 12-20.
- Zhou Y X, Li M Q, Huang Z J, *et al.* Effects of long-term saline water drip irrigation on physicochemical properties and cotton growth in grey desert soil [J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2021, **39**(4): 12-20.
- [11] Gul S, Whalen J K, Thomas B W, *et al.* Physico-chemical properties and microbial responses in biochar-amended soils: mechanisms and future directions[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2015, **206**: 46-59.
- [12] Wu Y, Xu G, Shao H B. Furfural and its biochar improve the general properties of a saline soil[J]. *Solid Earth*, 2014, **5**(2): 665-671.
- [13] Tarin M W K, Fan L L, Xie D J, *et al.* Response of soil fungal diversity and community composition to varying levels of bamboo biochar in red soils[J]. *Microorganisms*, 2021, **9**(7), doi: 10.3390/microorganisms9071385.
- [14] 张蕾, 王强, 杨新月, 等. 黄土陵区退耕还林对土壤真菌群落的影响[J]. 环境科学, 2023, **44**(3): 1758-1767.
- Zhang L, Wang Q, Yang X Y, *et al.* Effect of the process of returning farmland to forest in the loess hilly area on soil fungal communities[J]. *Environmental Science*, 2023, **44**(3): 1758-1767.
- [15] Jacobsen C S, Hjelmsø M H. Agricultural soils, pesticides and microbial diversity[J]. *Current Opinion in Biotechnology*, 2014, **27**: 15-20.
- [16] Hug L A, Thomas B C, Sharon I, *et al.* Critical biogeochemical functions in the subsurface are associated with bacteria from new phyla and little studied lineages[J]. *Environmental Microbiology*, 2016, **18**(1): 159-173.
- [17] Jiang Y J, Liang Y T, Li C M, *et al.* Crop rotations alter bacterial and fungal diversity in paddy soils across East Asia [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, **95**: 250-261.
- [18] Ai C, Zhang S Q, Zhang X, *et al.* Distinct responses of soil bacterial and fungal communities to changes in fertilization regime and crop rotation[J]. *Geoderma*, 2018, **319**: 156-166.
- [19] 李明美, 全飞, 孙树晴, 等. 近自然管理方式对橡胶林根际土壤真菌群落结构和多样性的影响[J]. 南方农业学报, 2022, **53**(4): 1121-1130.
- Li M M, Quan F, Sun S Q, *et al.* Effects of close-to-natural management on the community structure and diversity of fungi in the rhizosphere soil of rubber plantation [J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2022, **53**(4): 1121-1130.
- [20] 魏新燕, 刘小京. 咸水结冰灌溉对滨海盐碱地不同植被根区土壤微生物的影响[J]. 河北农业大学学报, 2014, **37**(1): 22-26.
- Wei X Y, Liu X J. Microbial ecological characteristics of planted saline-alkali soil in coastal saline area by freezing saline water irrigation[J]. *Journal of Agricultural University of Hebei*, 2014, **37**(1): 22-26.
- [21] Raaijmakers J M, Mazzola M. Soil immune responses [J]. *Science*, 2016, **352**(6292): 1392-1393.
- [22] Mohamed D J, Martiny J B H. Patterns of fungal diversity and composition along a salinity gradient [J]. *The ISME Journal*, 2011, **5**(3): 379-388.
- [23] Crump B C, Hopkinson C S, Sogin M L, *et al.* Microbial biogeography along an estuarine salinity gradient: combined influences of bacterial growth and residence time[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2004, **70**(3): 1494-1505.
- [24] Yang C, Sun J. Soil salinity drives the distribution patterns and ecological functions of fungi in saline-alkali land in the Yellow River Delta, China[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2020, **11**, doi: 10.3389/fmicb.2020.594284.
- [25] Yin D W, Li H Y, Wang H Z, *et al.* Impact of different biochars on microbial community structure in the rhizospheric soil of rice grown in albic soil[J]. *Molecules*, 2021, **26**(16), doi: 10.3390/molecules26164783.
- [26] Graber E R, Meller Harel Y, Kolton M, *et al.* Biochar impact on development and productivity of pepper and tomato grown in fertigated soilless media [J]. *Plant and Soil*, 2010, **337**(1-2): 481-496.
- [27] Zhu H, Yang J S, Yao R J, *et al.* Interactive effects of soil amendments (biochar and gypsum) and salinity on ammonia volatilization in coastal saline soil[J]. *CATENA*, 2020, **190**, doi: 10.1016/j.catena.2020.104527.
- [28] Sun X Q, She D L, Fei Y H, *et al.* Three-dimensional fractal characteristics of soil pore structure and their relationships with hydraulic parameters in biochar-amended saline soil[J]. *Soil and Tillage Research*, 2021, **205**, doi: 10.1016/j.still.2020.104809.
- [29] Egidi E, Delgado-Baquerizo M, Plett J M, *et al.* A few Ascomycota taxa dominate soil fungal communities worldwide[J]. *Nature Communications*, 2019, **10**(1), doi: 10.1038/s41467-019-10373-z.
- [30] Chowdhury N, Marschner P, Burns R. Response of microbial activity and community structure to decreasing soil osmotic and matric potential[J]. *Plant and Soil*, 2011, **344**(1-2): 241-254.
- [31] Zhao Q Q, Bai J H, Gao Y C, *et al.* Shifts in the soil bacterial community along a salinity gradient in the Yellow River Delta [J]. *Land Degradation & Development*, 2020, **31**(16): 2255-2267.
- [32] Rath K M, Maheshwari A, Rousk J. Linking microbial community structure to trait distributions and functions using salinity as an environmental filter [J]. *Mbio*, 2019, **10**(4), doi: 10.1128/mBio.01607-19.
- [33] Yao Q, Liu J J, Yu Z H, *et al.* Three years of biochar amendment alters soil physiochemical properties and fungal community composition in a black soil of Northeast China[J]. *Soil Biology and*

- Biochemistry, 2017, **110**: 56-67.
- [34] Yan T T, Xue J H, Zhou Z D, *et al.* Impacts of biochar-based fertilization on soil arbuscular mycorrhizal fungal community structure in a karst mountainous area[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2021, **28**(46): 66420-66434.
- [35] Tejada M, Garcia C, Gonzalez J L, *et al.* Use of organic amendment as a strategy for saline soil remediation: influence on the physical, chemical and biological properties of soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, **38**(6): 1413-1421.
- [36] Hagemann M. Molecular biology of cyanobacterial salt acclimation[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2011, **35**(1): 87-123.
- [37] Xiao R, Guo Y T, Zhang M X, *et al.* Stronger network connectivity with lower diversity of soil fungal community was presented in coastal marshes after sixteen years of freshwater restoration[J]. Science of the Total Environment, 2020, **744**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.140623.
- [38] Quilliam R S, Glanville H C, Wade S C, *et al.* Life in the 'charosphere' - Does biochar in agricultural soil provide a significant habitat for microorganisms? [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2013, **65**: 287-293.
- [39] Thies J E, Rillig M C. Characteristics of biochar: biological properties [M]. Biochar for Environmental Management. Routledge, 2012.
- [40] Lienhard P, Terrat S, Prévost-Bouré N C, *et al.* Pyrosequencing evidences the impact of cropping on soil bacterial and fungal diversity in Laos tropical grassland[J]. Agronomy for Sustainable Development, 2014, **34**(2): 525-533.
- [41] Challacombe J F, Hesse C N, Bramer L M, *et al.* Genomes and secretomes of Ascomycota fungi reveal diverse functions in plant biomass decomposition and pathogenesis [J]. BMC Genomics, 2019, **20**(1), doi: 10.1186/s12864-019-6358-x.
- [42] 王峰, 陈玉真, 吴志丹, 等. 有机管理模式对茶园土壤真菌群落结构及功能的影响[J]. 茶叶科学, 2022, **42**(5): 672-688.
Wang F, Chen Y Z, Wu Z D, *et al.* Effects of organic management mode on soil fungal community structure and functions in tea gardens[J]. Journal of Tea Science, 2022, **42**(5): 672-688.
- [43] 任春光, 苏文文, 潘丽珊, 等. 基于高通量测序研究猕猴桃苗不同生育期根际真菌群落结构及多样性[J]. 土壤, 2021, **53**(3): 545-554.
Ren C G, Su W W, Pan L S, *et al.* Fungal community structures and diversities in rhizosphere soils in different growth stages of kiwifruit seedlings based on high-throughput sequencing [J]. Soils, 2021, **53**(3): 545-554.
- [44] 李文彬, 宁楚涵, 郭绍霞. AM真菌对百合调节激素平衡与细胞渗透性以及改善耐盐性的研究[J]. 西北植物学报, 2018, **38**(8): 1498-1506.
Li W B, Ning C H, Guo S X. Research of arbuscular mycorrhizal fungus on adjusting hormone and osmotic balance and improving salt tolerance of *Lilium brownii* [J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2018, **38**(8): 1498-1506.
- [45] 周红敏, 彭辉, 徐肇友, 等. 林地植被类型变化对土壤真菌群落结构的影响[J]. 中南林业科技大学学报, 2022, **42**(7): 20-27.
Zhou H M, Peng H, Xu Z Y, *et al.* Effects of forest vegetation type changes on the structure of soil fungal community [J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology, 2022, **42**(7): 20-27.
- [46] 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.
- [47] Quandt C A, Beaudet D, Corsaro D, *et al.* The genome of an intranuclear parasite, *Paramicrosporidium saccamoebae*, reveals alternative adaptations to obligate intracellular parasitism [J]. eLife, 2017, **6**, doi: 10.7554/eLife.29594.
- [48] Zhang T, Wang Z K, Lv X H, *et al.* High-throughput sequencing reveals the diversity and community structure of rhizosphere fungi of *Ferula Sinkiangensis* at different soil depths [J]. Scientific Reports, 2019, **9**(1), doi: 10.1038/s41598-019-43110-z.
- [49] Yang Y, Liu X B, Cai J M, *et al.* Genomic characteristics and comparative genomics analysis of the endophytic fungus *Sarocladium brachiariae*[J]. BMC Genomics, 2019, **20**(1), doi: 10.1186/s12864-019-6095-1.
- [50] Ashwini C. A review on *Chaetomium globosum* is versatile weapons for various plant pathogens [J]. Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry, 2019, **8**(2): 946-949.
- [51] Ibrahim S R M, Choudhry H, Asseri A H, *et al.* *Stachybotrys chartarum*-A hidden treasure: secondary metabolites, bioactivities, and biotechnological relevance[J]. Journal of Fungi, 2022, **8**(5), doi: 10.3390/JOF8050504.
- [52] 崔云凤, 黄云, 蒋伶洁. 农业生产上几种重要的赤霉属真菌研究进展[J]. 中国农学通报, 2007, **23**(7): 441-446.
Cui Y F, Huang Y, Jiang L H. Research progress on *Gibberella* species of agricultural importance [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2007, **23**(7): 441-446.
- [53] Summerell B A. Resolving *Fusarium*; current status of the genus [J]. Annual Review of Phytopathology, 2019, **57**: 323-339.

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)