

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第39卷 第5期

Vol.39 No.5

2018

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

餐饮行业细颗粒物(PM _{2.5})排放测算方法:以上海市为例	王红丽, 景盛翱, 楼晟荣, 陶士康, 乔利平, 李莉, 黄成, 林立, 陈长虹 (1971)
上海夏季PM _{2.5} 中有机物的组分特征、空间分布和来源	高雅琴, 王红丽, 景盛翱, 乔利平, 李莉, 朱书慧, 楼晟荣, 陶士康, 冯加良, 李想, 陈长虹 (1978)
北京南郊区PM _{2.5} 中水溶性无机盐季节变化及来源分析	高韩钰, 魏静, 王跃思 (1987)
基于样方法的天津市春季道路扬尘PM ₁₀ 中水溶性离子特征及来源解析	赵静琦, 姬亚芹, 张蕾, 王士宝, 李越洋 (1994)
广州秋季HONO污染特征及夜间来源分析	田智林, 杨闻达, 虞小芳, 张曼曼, 张贺伟, 程丁, 程鹏, 王伯光 (2000)
基于硫氧同位素研究南京北郊夏季大气中硫酸盐来源及氧化途径	韩珣, 任杰, 陈善莉, 王瑾瑾, 沈潇雨, 魏英, 郭照冰, 朱彬 (2010)
区县尺度机动车高分辨率排放清单建立方法及应用	樊守彬, 郭津津, 李雪峰 (2015)
典型工业生物质锅炉多环芳烃排放特征	林玉君, 白莉, 王焕香, 肖文, 刘军, 向运荣, 张春林 (2023)
多时间尺度HSPF模型参数不确定性研究	庞树江, 王晓燕, 马文静 (2030)
氮氧同位素联合稳定同位素模型解析水源地氮源	金赞芳, 张文辽, 郑奇, 朱晨阳, 李非里 (2039)
白洋淀水体挥发性有机物污染特征与风险评价	高秋生, 赵永辉, 焦立新, 田自强, 杨柳, 杨苏文, 崔志丹, 郝子峰 (2048)
太湖颗粒态有机质的荧光特征及环境指示意义	吕伟伟, 姚昕, 张保华, 刘延龙, 李元鹏 (2056)
长江口滩涂表层沉积物中微塑料的分布及沉降特点	朱晓桐, 衣俊, 强丽媛, 程金平 (2067)
桂林五里峡水库丰水期溶解有机碳特征	卢晓漩, 李强, 靳振江, 彭文杰, 房君佳, 黄炳惠, 宋昂 (2075)
青藏高原多年冻土区典型植被下河流溶解性有机碳的生物可利用性	马小亮, 刘桂民, 吴晓东, 徐海燕, 叶琳琳, 张晓兰, 白炜 (2086)
城郊与城镇河流中溶解性有机质与重金属的相关性	梁梦琦, 邵美玲, 曹昌丽, 纵亚男, 唐剑锋 (2095)
溶解性有机质在岩溶水系统中的迁移转化及影响因素分析	张连凯, 刘朋雨, 覃小群, 单晓静, 刘文, 赵振华, 姚昕, 邵明玉 (2104)
三峡库区澎溪河回水区溶解态金属离子来源和时空分布特征分析	赵晓松, 蔚建军, 付莉, 姜伟, 周川, 李波, Douglas Haffner, Christopher Weisener, 张磊 (2117)
澜沧江流域沉积物间隙水-上覆水营养盐特征与交换通量分析	望雪, 程豹, 杨正健, 刘德富, 徐雅倩 (2126)
蓄水期三峡水库香溪河沉积物-水系统营养盐分布特征	苏青青, 刘德富, 纪道斌, 宋林旭, 崔玉洁, 李欣, 陈秀秀, 刘心愿 (2135)
两种沉水植物对上覆水和间隙水中各形态磷的影响	杨文斌, 高顺峰, 万锐, 孙祥, 王赢 (2145)
于桥水库沉积物-水界面氮磷剖面特征及交换通量	文帅龙, 龚琬晴, 吴涛, 郑小兰, 江雪, 李鑫, 钟继承 (2154)
岷江干流表层沉积物中磷形态空间分布特征	杨耿, 秦延文, 韩超南, 马迎群, 刘志超, 杨晨晨 (2165)
农业排水沟渠硝态氮吸收动力学特征及相关性分析	李如忠, 殷齐贺, 高苏蒂, 陈广洲 (2174)
不同合成条件对ZnAl-LDHs覆膜改性生物陶粒除磷效果的影响	向洋, 张翔凌, 雷雨, 方晨佳, 袁野, 姜应和, 徐舟影 (2184)
真空紫外/过二硫酸盐去除饮用水中嗅味物质	孙昕, 史路肖, 张燧, 杨煜, 唐晓 (2195)
石墨烯负载铁锰氧化物活化过一硫酸盐降解金橙G	夏文君, 刘峰, 郝尚斌, 黄天寅, 王忠明, 陈家斌 (2202)
载铜或铈生物炭吸附水体中As(V)的作用机制	李锦, 祖艳群, 李刚, 孙国新 (2211)
DOM不同相对分子质量组分在无机矿物上的吸附及其对卡马西平吸附的影响实验	梁雨, 何江涛, 张思 (2219)
污水处理厂中有机磷阻燃剂的污染特征	孙佳薇, 丁炜楠, 张占恩, 王俊霞, 顾海东 (2230)
低温污水前置强化混凝	刘海龙, 任宇霞, 张忠民 (2239)
印染废水反渗透脱盐系统运行性能及膜污堵特性	谭玉琨, 张泽田, 吴乾元, 姚颖, 胡洪营, 丘培文 (2249)
生物膜CANON反应器性能的优化:从FBBR到MBBR	付昆明, 李慧, 周厚田, 仇付国 (2256)
两次污泥颗粒化过程中微生物群落的动态变化	高景峰, 张丽芳, 张树军, 高永青, 王时杰, 樊晓燕, 潘凯玲 (2265)
铝、铁、钛3种金属盐基混凝剂调理污泥的性能比较	王晓萌, 王鑫, 杨明辉, 张淑娟 (2274)
热、热碱处理对污泥溶胞和溶解性有机物的影响	代勤, 张文哲, 于潘芬, 易皓, 刘俊新, 肖本益 (2283)
曝气时间比对亚硝化颗粒污泥形成的影响	李冬, 郭跃洲, 曹美忠, 劳会妹, 李帅, 张杰 (2289)
中国城市污泥中汞含量的时空分布特征	王宁, 刘清伟, 职音, 程柳, 麻冰涓, 毛宇翔 (2296)
夏季太湖湖/藻型湖区N ₂ O生成与迁移特征及其影响因素	郑小兰, 文帅龙, 李鑫, 龚琬晴, 刘德鸿, 钟继承 (2306)
太湖藻型湖区CH ₄ 、CO ₂ 排放特征及其影响因素分析	贾磊, 蒲旖旎, 杨诗俊, 苏荣明珠, 秦志昊, 张弥 (2316)
内蒙古典型草原季节性冻土区土壤剖面CO ₂ 、N ₂ O特征	李晋波, 姚楠, 李秀, 赵英, 张阿凤, 兰志龙, 范庭 (2330)
黄土高原成龄苹果园生态系统CO ₂ 通量特征	杨剑锋, 杨小妮, 王俊花, 段宇敏, 祁香宁, 张林森 (2339)
生物炭施用对紫色水稻土温室气体排放的影响	祁乐, 高明, 郭晓敏, 牛海东, 李婷, 孙涛, 曹群岭, 汤铭豪 (2351)
不同施肥处理对东北黑土温室气体排放的短期影响	李平, 郎漫, 李森, 魏玮, 李凯凯 (2360)
ITS高通量测序研究黄海微型真核浮游生物多样性及分布特征	张莉, 林佳宁, 张远, 王书平, 张晓娇 (2368)
不同排海方式城市尾水微生物扩散规律	郎秀璐, 宋志文, 徐爱玲, 牛成洁, 郭明月 (2380)
旅游活动对岩溶洞穴地下水中细菌群落的影响:以重庆丰都两个洞穴为例	吕现福, 贺秋芳, 王凤康, 赵瑞一, 张弘 (2389)
不同沼灌年限稻田土壤微生物群落分析	朱金山, 张慧, 马连杰, 廖敦秀, 杨星勇, 王龙昌, 王定勇 (2400)
生物炭对褐土理化特性及真菌群落结构的影响	阎海涛, 殷金玉, 丁松爽, 任天宝, 许家来, 宗浩, 高强, 刘国顺 (2412)
铅锌尾矿砂污染下的岩溶土壤微生物群落碳源代谢特征	房君佳, 李强, 刘畅, 靳振江, 梁月明, 黄炳惠, 卢晓漩, 彭文杰 (2420)
湖库沉积物好氧反硝化菌群脱氮特性及种群结构	康鹏亮, 张海涵, 黄廷林, 陈胜男, 商潘路, 冯稷, 贾亮宇 (2431)
反硝化菌群的氮代谢与反硝化偶联机制	张泽宇, 王明霞, 程永毅, 周志峰 (2438)
广西西江流域土壤铅空间分布与污染评价	张云霞, 宋波, 陈同斌, 伏凤艳, 黄飞, 庞瑞, 潘惠妹 (2446)
三峡库区消落带农业活动对土壤汞变化的影响	陈秋禹, 孙松, 尹德良, 王永敏, 张成, 王定勇 (2456)
水稻不同生长时期不同组织中抗肿内生菌的筛选与鉴定	王伯勋, 王学东, 段桂兰 (2464)
汞在酸性紫色水稻土的转化与水稻汞富集特征	李雨岑, 孙涛, 邓晗, 张成, 王永敏, 王定勇 (2472)
华北平原不同生产模式设施蔬菜生命周期环境影响评价	徐强, 胡克林, 李季, 韩卉, 杨合法 (2480)
基于细菌毒性测试与小鼠肺基因转录分析的PM _{2.5} 健康效应	宋鹏程, 陆书玉, 魏永杰, 陈倩倩, 罗丽娟 (2489)
中国PM _{2.5} 污染空间分布的社会经济影响因素分析	段杰雄, 翟卫欣, 程承旗, 陈波 (2498)

生物炭对褐土理化特性及真菌群落结构的影响

阎海涛¹, 殷全玉¹, 丁松爽¹, 任天宝¹, 许家来², 宗浩³, 高强³, 刘国顺^{1*}

(1. 河南农业大学烟草学院, 河南省生物炭工程技术研究中心, 郑州 450002; 2. 山东省烟草研究院, 济南 250098; 3. 临沂市烟草公司, 临沂 276001)

摘要: 为了探讨生物炭施用对土壤理化及生物学特性的影响, 在田间条件下研究了不同用量(0、10、20、40 t·hm⁻²)生物炭施用 3a 后植烟褐土真菌的群落结构特征, 并分析了其与土壤环境因子的关系. 结果表明, 土壤添加生物炭 3 a 后显著提高了土壤 pH、含水率、总有机碳(TOC)和总氮(TN)含量, 而降低了土壤容重和溶解性有机碳(DOC)含量. Illumina MiSeq 测序结果表明, 生物炭的添加对土壤真菌 α 多样性影响不大, 但能显著改变真菌群落结构. 物种注释结果表明, 所有样本中真菌优势菌群均为子囊菌门(Ascomycota)、接合菌门(Zygomycota)和担子菌门(Basidiomycota), 其相对丰度之和占有可注释真菌丰度的 90% 以上. 生物炭提高了子囊菌门和担子菌门的相对丰度, 降低了接合菌门的相对丰度. 在属水平上, 生物炭增加了链格孢属(*Alternaria*)、锥盖伞属(*Conocybe*)和曲霉属(*Aspergillus*)真菌的相对丰度, 降低了放射毛霉(*Actinomucor*)和赤霉菌(*Gibberella*)的相对丰度. 冗余分析(RDA)及 Mantel 检验结果说明, 土壤 DOC、pH 和含水率是影响褐土真菌群落结构的主要环境因子. 综上, 生物炭施用 3 a 后对土壤理化特性有显著的影响, 这些环境因子的改变驱动了土壤真菌群落的生态演替.

关键词: 生物炭; 褐土; 理化特性; 真菌群落结构; Illumina MiSeq 测序技术

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2018)05-2412-08 DOI: 10.13227/j.hjks.201711114

Effect of Biochar Amendment on Physicochemical Properties and Fungal Community Structures of Cinnamon Soil

YAN Hai-tao¹, YIN Quan-yu¹, DING Song-shuang¹, REN Tian-bao¹, XU Jia-lai², ZONG Hao³, GAO Qiang³, LIU Guo-shun^{1*}

(1. Biochar Engineering Technology Research Center of Henan Province, College of Tobacco Science, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450002, China; 2. Tobacco Research Institute of Shandong, Jinan 250098, China; 3. Linyi Tobacco Monopoly Administration, Linyi 276001, China)

Abstract: To identify the effect of biochar addition on soil abiotic and biotic properties and provide evidence for the soil improvement with biochar input, the soil physicochemical properties and fungal community were investigated in a cinnamon soil after 3-year biochar additions of 10, 20, and 40 t·hm⁻². The relationship between the fungal community and edaphic physicochemical characteristics was also analyzed. The results showed that soil pH, moisture, total nitrogen (TN), and total organic carbon (TOC) significantly increased but dissolved organic carbon (DOC) content and soil bulk density decreased with biochar addition. High-throughput sequencing results indicated that biochar amendment had little influence on fungal α diversity but significantly changed the fungal community structure. The taxonomic classification showed that the dominant fungal phyla were Ascomycota, Zygomycota, and Basidiomycota, and these phyla accounted for more than 90% of the total sequences. The relative abundance of Ascomycota and Basidiomycota increased, while the abundance of Zygomycota decreased with biochar addition. At the genus level, biochar addition increased the relative abundances of *Alternaria*, *Conocybe*, and *Aspergillus* but decreased the relative abundances of *Actinomucor* and *Gibberella*. Redundancy analysis (RDA) showed that soil DOC, pH, and moisture were key environmental factors leading to the shift in the soil fungal community composition. In summary, the application of biochar changed the soil physicochemical properties, which drove the ecological succession of soil fungal communities.

Key words: biochar; cinnamon soil; physicochemical properties; fungal community structure; Illumina MiSeq sequencing technology

生物炭是由生物质在缺氧或无氧条件下高温裂解产生的固态物质^[1]. 由于生物炭富含芳香态碳, 抗生物降解能力强, 在土壤中能存在几百至上千年^[2], 因此, 将生物质转变为生物炭已成为促进全球碳固定和减缓温室气体排放的重要策略^[3]. 此外, 研究发现土壤中添加生物炭可以改善土壤质量, 如降低土壤容重增加通气性, 提高酸化土壤 pH, 增加土壤有机碳、水分和养分含量, 增加土壤

阳离子交换量和团聚体数量, 吸附土壤污染物等^[4~7].

土壤微生物在土壤养分循环、有机碳的矿化-

收稿日期: 2017-11-13; 修订日期: 2017-12-21

基金项目: 中国烟草公司技改项目(3401302); 中国烟草总公司山东省公司重点项目(鲁烟科[2013]11号); 河南中烟工业有限责任公司项目(ZW2014005)

作者简介: 阎海涛(1984~), 男, 博士, 主要研究方向为烟草栽培生理生化与土壤微生物, E-mail: yht5657@163.com

* 通信作者, E-mail: liugsh1851@163.com

固定过程中起着关键作用^[8]。生物炭由于其特殊的理化特性在调控土壤微生物群落结构和多样性方面发挥着重要作用^[9,10]。Yao 等^[11]的研究发现黑土添加生物炭后,显著增加了久浩酵母菌属(*Guehomyces*)的相对丰度,降低了镰刀菌属(*Fusarium*)真菌的相对丰度。Zheng 等^[12]的研究发现生物炭显著提高了水稻土中接合菌门(*Zygomycota*)和被孢霉属(*Mortierella*)真菌的相对丰度,降低了青霉菌属(*Penicillium*)和 *Cyphellophora* 真菌的相对丰度。此外,生物炭可以影响菌根真菌在作物根系的定殖, Matsubara 等^[13]发现土壤添加椰壳炭提高了芦笋根部菌根菌的丰度。

有研究表明,生物炭的活性炭组分可在施用初期降解,为微生物提供碳源进而促进微生物的生长^[14,15], Kuzyakov 等的研究发现^[16],生物炭施用 20 个月后,土壤微生物中来源于生物炭的碳降低了 42.31%。随着时间的推移,生物炭会在生物和非生物作用下逐渐老化,其理化特性会有所不同,其与土壤颗粒的长期作用会建立新的土壤-生物炭体系^[17,18]。然而,目前关于生物炭长期施用后对土壤微生物的影响尚不明确。

褐土是我国华北平原最重要的农业栽培土壤之一,但由于多分布于丘陵山地,土壤侵蚀现象严重,有机质含量偏低,保肥保水性能较差^[19],加上近年来掠夺式种植方式造成土壤结构变差,生物学活性降低^[20],褐土土质改良十分必要。生物炭已被广泛应用于各种类型土壤的改良修复中^[21~23],然而针对生物炭对褐土理化及生物学特性影响的研究鲜见报道。本研究以山东沂水县典型植烟褐土为研究对象,测定了田间条件下,生物炭施用 3 a 后对褐土土壤理化特性及真菌群落结构的影响,并分析了土壤理化特性的改变与土壤真菌群落演替的关系,以为生物炭在改良褐土生物学特性方面提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本试验于 2013 ~ 2015 年在山东省临沂市沂水县烟草试验站(E118°63', N35°86')进行。试验地海拔 191 m,年平均气温 14.1℃,降雨量为 749 mm。土壤类型为褐土,基础理化特性为:有机质 13.47 g·kg⁻¹,碱解氮 57.82 mg·kg⁻¹,速效磷 23.59 mg·kg⁻¹,速效钾 160.36 mg·kg⁻¹,pH 6.95。

生物炭为小麦秸秆在 400 ~ 500℃ 条件下低氧、连续炭化 30 min 制得,其基本理化性质为:比表面积 16.71 m²·g⁻¹,容重 0.21 g·cm⁻³,pH 9.15,全碳 524.10 g·kg⁻¹、全氮 2.30 g·kg⁻¹。烤烟品种为 NC102。

1.2 试验设计

试验采用随机区组设计,共设 4 个处理:施用化肥(CK);化肥 + 10 t·hm⁻²生物炭(B10);化肥 + 20 t·hm⁻²生物炭(B20);化肥 + 40 t·hm⁻²生物炭(B40)。每个试验小区化肥氮素用量 82.50 kg·hm⁻²,氮、磷、钾施用比例为 1:1.02:2.77。生物炭于 2013 年 4 月 1 日一次性撒施入土壤中,并与 20 cm 耕作层土壤搅拌均匀,化肥于每年烤烟移栽前一周条施,试验持续 3 年。每个处理 3 次重复,小区面积 50.00 m²,试验地四周设保护行。烤烟于每年 5 月 1 日移栽。

1.3 土样采集及理化特性测定

于 2015 年烤烟旺长期,在每个试验小区采用 5 点取样法^[24]采集土壤样品。新鲜土样过 2 mm 筛除去作物残体和石块后分为三部分,一部分带回室内直接测定土壤含水率;一部分装入无菌离心管后迅速放入液氮中,用于土壤总 DNA 的提取和后续的生物信息学分析;另一部分在室内自然风干后,用于土壤其它理化特性指标的测定。

土壤酸碱度、容重、含水率和速效养分参照常规方法进行测定^[25],土壤总有机碳采用 TOC 分析仪(Vario TOC, Elementar, 德国)测定;总氮采用 CNS 元素分析仪(Vario MAX CN, Elementar, 德国)测定;溶解性有机碳采用 K₂SO₄ 提取法测定^[26]。

1.4 土壤真菌群落结构的测定

1.4.1 土壤总 DNA 提取及 PCR 扩增

利用 E. Z. N. A. Soil DNA Kit(OMEGA)试剂盒提取土壤样品的基因组 DNA(Promega, Madison, WI, USA),用 Qubit 2.0 DNA 试剂盒检验提取的 DNA 的完整性与浓度,检测合格后,采用 ITS3 和 ITS4 引物对真菌总 DNA 的 ITS2 区进行扩增^[27]。

1.4.2 建库测序及序列处理

PCR 扩增产物纯化后,根据 DNA 浓度,将所有样品按照 1:1 的比例进行混合,利用生工生物工程(上海)股份有限公司 Illumina (MiSeq PE300)测序平台,构建小片段文库进行 Paired-end 测序,并对原始下机序列进行质控。将质控后的序列按照相似度 97% 的阈值,采用 USEARCH (version 7.1)软件将所有序列进行操作单元(OTU)的划分与聚类,

在每组 OTU 中选择丰度最高的序列作为该 OTU 的代表序列. 所有代表序列采用 RDP Classifier 分别从门和属水平上进行物种注释(分类阈值 > 0.8) [28].

1.5 数据处理及分析

采用 Mothur 软件分别计算样本 Shannon 指数、Chao1 指数及测序覆盖度 [29]. 土壤样本理化指标, 真菌群落 α 多样性及不同分类水平上物种相对丰度的差异采用 SPSS 软件 Duncan's 多度检测进行单因素方差分析 ($P < 0.05$). 采用 SPSS 软件分析环境因子与菌群相对丰度的 Pearson 相关系数. 样本间群落组成差异采用非度量多维尺度排序分析 (NMDS). 环境因子对样本间细菌群落结构差异的影响采用冗余排序分析 (RDA). NMDS 和 RDA 的可视化采用 R 软件 (version 3.3.1) 的 "vegan" 包绘图.

2 结果与分析

2.1 生物炭对土壤理化特性的影响

由表 1 可知, 与对照相比, 生物炭的施用显

著提高了土壤 pH, 土壤 TOC 和 TN 含量随着生物炭添加量的增加而提高. 土壤 DOC 含量随生物炭的添加而显著降低. 此外, 添加生物炭处理的土壤含水率显著高于对照, 而土壤容重则显著低于对照. 与对照相比, 生物炭的施用显著提高了土壤速效钾 (AK) 含量, 但对土壤速效磷 (AP) 影响不大.

2.2 样本测序结果及真菌 α 多样性

所有样本共获得了 395 929 条有效序列, 单样本平均序列数为 32 994 条. 依据 97% 序列相似性对所有序列进行聚类后, 样本平均 OTU 数为 1 219, B10 和 B20 处理 OTU 数显著高于对照. Shannon 指数、ACE 指数和 Chao1 指数用来评价真菌群落 α 多样性指数. 除了 B10 处理 Shannon 指数和 B20 处理 Chao1 指数显著高于对照外, 各多样性指数在不同处理间差异不大. 所有样品的测序覆盖度均达到 98.30% 以上, 说明测序达到了一定的深度, 能够满足后续分析 (表 2).

表 1 生物炭对土壤理化特性的影响

Table 1 Effects of biochar addition on soil physical and chemical properties

处理	pH	含水率/%	容重 /g·cm ⁻³	有机碳 /g·kg ⁻¹	全氮 /g·kg ⁻¹	碳氮比	速效磷 /mg·kg ⁻¹	速效钾 /mg·kg ⁻¹	溶解性有机碳 /mg·kg ⁻¹
CK	6.79 ± 0.05c	18.20 ± 0.62d	1.34 ± 0.04a	7.77 ± 0.18d	0.97 ± 0.04d	8.10 ± 0.82d	24.09 ± 0.60a	156.36 ± 3.72c	44.14 ± 2.74a
B10	6.92 ± 0.04b	19.54 ± 0.42c	1.29 ± 0.02ab	11.91 ± 0.97c	1.21 ± 0.07c	9.86 ± 0.58c	24.88 ± 0.74a	162.68 ± 3.37b	35.56 ± 2.86b
B20	6.99 ± 0.04b	20.54 ± 0.26b	1.24 ± 0.02b	18.25 ± 1.97b	1.57 ± 0.06b	11.62 ± 0.4b	24.74 ± 0.63a	163.45 ± 2.62b	27.64 ± 1.85c
B40	7.08 ± 0.03a	21.48 ± 0.34a	1.17 ± 0.02c	30.95 ± 2.42a	2.27 ± 0.13a	13.68 ± 1.06a	24.93 ± 0.45a	171.54 ± 3.10a	17.65 ± 1.30d

表 2 基于 ITS 区的真菌群落测序数据和 α 多样性

Table 2 Sequencing data and α diversity of the fungal community based on ITS region

处理	序列数	OTU 数	Shannon 指数	ACE 指数	Chao1 指数	覆盖度/%
CK	30529 ± 2464	1042 ± 52b	4.03 ± 0.10b	2321 ± 154a	1819 ± 94b	98.43
B10	32356 ± 2049	1360 ± 58a	4.59 ± 0.05a	2410 ± 506a	2108 ± 206ab	98.32
B20	36774 ± 1213	1309 ± 84a	4.13 ± 0.08b	2743 ± 329a	2204 ± 215a	98.45
B40	32315 ± 2231	1165 ± 68b	4.18 ± 0.14b	2583 ± 353a	2067 ± 153ab	98.37

2.3 生物炭对土壤真菌群落结构的影响

2.3.1 生物炭对土壤真菌门水平上物种相对丰度的影响

物种注释结果表明, 所有样本中门水平上真菌菌群归为 6 个门类: 子囊菌门 (Ascomycota)、接合菌门 (Zygomycota)、担子菌门 (Basidiomycota)、壶菌门 (Chytridiomycota)、球囊菌门 (Glomeromycota) 和微孢子门 (Microsporidia). 其中优势菌为子囊菌门、接合菌门和担子菌门真菌, 其相对丰度之和占所有可注释菌的 90% 以上 (图 1). 各菌群在所有可注释菌中平均占比分别为 65.18%、18.07%、13.36%、2.83%、0.55% 和 0.003%.

生物炭对土壤不同门真菌丰度的影响不同. 与对照相比, 生物炭显著提高了土壤子囊菌门

(Ascomycota) 和担子菌门 (Basidiomycota) 真菌的相对丰度, B10 处理子囊菌门相对丰度最大, 担子菌门则在 B40 处理相对丰度最大. 生物炭显著降低了接合菌门 (Zygomycota) 的相对丰度. 壶菌门 (Chytridiomycota)、球囊菌门 (Glomeromycota) 和微孢子门 (Microsporidia) 真菌的相对丰度在不同处理中差异不大 (图 2).

2.3.2 生物炭对土壤真菌属水平上物种相对丰度的影响

真菌属水平上物种注释结果显示, 链格孢属 (Alternaria) 真菌的相对丰度最高, 在不同处理中平均占比为 27.20% ~ 46.77% (表 3). 在所有优势属 (相对丰度大于 1%) 中, 生物炭的施用显著提高了链格孢属、锥盖伞属 (Conocybe) 和曲霉属

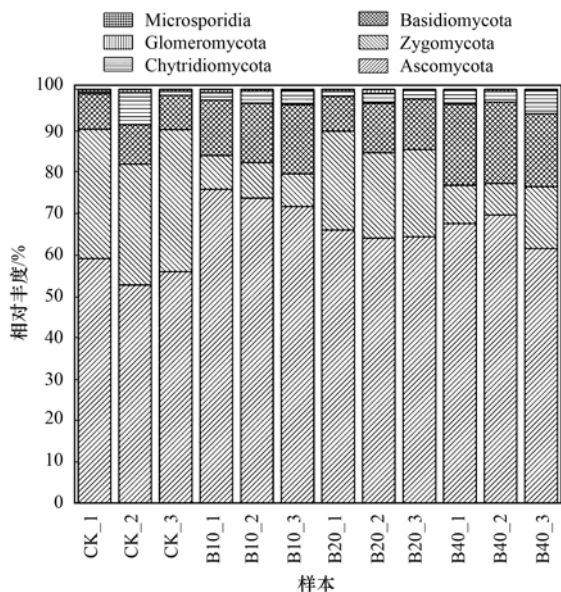


图1 所有样本中真菌门水平上的物种相对丰度

Fig. 1 Relative abundances of the fungal phylum of all soil samples

表3 不同处理组属水平上优势真菌相对丰度/%

Table 3 Relative abundances of the dominant fungal genus for all treatments/%

属	CK	B10	B20	B40
<i>Alternaria</i>	27.2 ± 0.14c	46.77 ± 3.83a	34.09 ± 9.47bc	41.36 ± 6.26ab
<i>Actinomucor</i>	30.48 ± 2.29a	7.68 ± 0.34c	20.84 ± 1.91b	9.99 ± 3.72c
<i>Fusarium</i>	8.85 ± 0.43a	5.77 ± 0.77a	7.11 ± 3.03a	6.49 ± 1.18a
<i>Cyathus</i>	1.96 ± 0.11b	3.97 ± 1.36b	2.71 ± 1.54b	11.48 ± 0.55a
<i>Trichocladium</i>	4.99 ± 1.23a	3.61 ± 0.9a	3.95 ± 1.25a	4.73 ± 0.85a
<i>Chaetomium</i>	3.03 ± 0.47a	3.88 ± 0.97a	3.88 ± 0.96a	2.64 ± 0.22a
<i>Conocybe</i>	1.91 ± 0.05c	4.64 ± 0.84a	3.45 ± 0.9ab	2.4 ± 0.5bc
<i>Spizellomyces</i>	2.72 ± 0.05a	1.85 ± 0.79a	1.18 ± 0.52a	3.57 ± 1.67a
<i>Leucoagaricus</i>	1.66 ± 0.08b	0.68 ± 0.09c	1.37 ± 0.28b	2.41 ± 0.42a
<i>Panaeolus</i>	1.07 ± 0.14a	2.5 ± 1.49a	0.89 ± 0.7a	1.28 ± 0.54a
<i>Aspergillus</i>	0.64 ± 0.03b	1.21 ± 0.07a	1.17 ± 0.21a	1.61 ± 0.43a
<i>Gibberella</i>	1.97 ± 0.13a	0.3 ± 0.17b	0.49 ± 0.23b	0.55 ± 0.07b
<i>Fusicolla</i>	0.43 ± 0.19a	0.51 ± 0.31a	1.1 ± 0.11a	0.16 ± 0.08a

2.3.4 真菌群落结构与土壤环境因子的相关性

采用 RDA 分析来评估土壤环境因子对真菌群落结构变化的影响. 结果表明, RDA1 轴和 RDA2 轴对真菌群落结构差异的解释度分别为 51.95% 和 19.66%. 与 NMDS 分析结果类似, 图中每个处理的样本点相对聚在一起, 与其它样本点有一定距离. 施用生物炭的 B10、B20 和 B40 处理样本点与对照在 RDA1 轴方向上被明显地分离开(图 4). 此外, 针对土壤真菌区系结构和土壤理化指标的 Mantel 检验结果表明, 土壤真菌群落结构与土壤环境因子密切相关, 其中土壤 DOC($r=0.6557$, $P=0.001$)、pH($r=0.6218$, $P=0.002$)和土壤含水率($r=0.5420$, $P=0.001$)对真菌群落结构影响最大(表 4).

相关分析结果表明, 链格孢属(*Alternaria*)与 AP 显著正相关. 放射毛霉(*Actinomucor*)与 pH、含

(*Aspergillus*) 的相对丰度, 降低了放射毛霉(*Actinomucor*)和赤霉属(*Gibberella*)的相对丰度. 此外, 黑蛋巢菌属(*Cyathus*)的相对丰度在生物炭添加量为 $40\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$ 时显著增加. 不同处理土壤中镰刀菌属(*Fusarium*)、短梗蠕孢属(*Trichocladium*)、毛壳属(*Chaetomium*)、*Spizellomyces*、斑褶菇属(*Panaeolus*)和 *Fusicolla* 相对丰度差异不大.

2.3.3 真菌群落相似性排序分析

基于 OTU 丰度的 NMDS 分析结果如图 3 所示, 不同处理组的 3 个子样本点相对距离较近, 并与其它组相分离. 同时, 施用生物炭的处理和不施用生物炭的处理样本点在 NMDS1 轴上有较明显的分离; 此外, B10、B20 和 B40 处理各样本点在 NMDS2 轴上随着生物炭用量的增加依次排开. 以上结果说明生物炭对褐土真菌群落结构有明显的影响.

表4 真菌群落组成与土壤环境因子之间相关性的 Mantel 检验

Table 4 Mantel test results for the correlation between fungal community structures and soil parameters

土壤指标	r	P
pH	0.6218	0.002
含水率	0.5420	0.001
容重	0.4773	0.003
有机碳	0.4371	0.006
全氮	0.4739	0.014
碳氮比	0.4581	0.007
速效磷	-0.0579	0.272
速效钾	0.3770	0.004
溶解性有机碳	0.6557	0.001

水率及 AK 显著负相关, 与 DOC 显著正相关. 镰刀菌属(*Fusarium*)与 AP 极显著负相关. 黑蛋巢菌属(*Cyathus*)、曲霉属(*Aspergillus*)与除 AP 外的所有指标呈显著或极显著相关关系. 白环蘑属(*Leucoagaricus*)与 TOC 和 TN 显著正相关. 赤霉菌属(*Gibberella*)与 pH、含水率、AP 及 AK 呈显著负相关关系, 与 DOC 显著正相关(表 5).

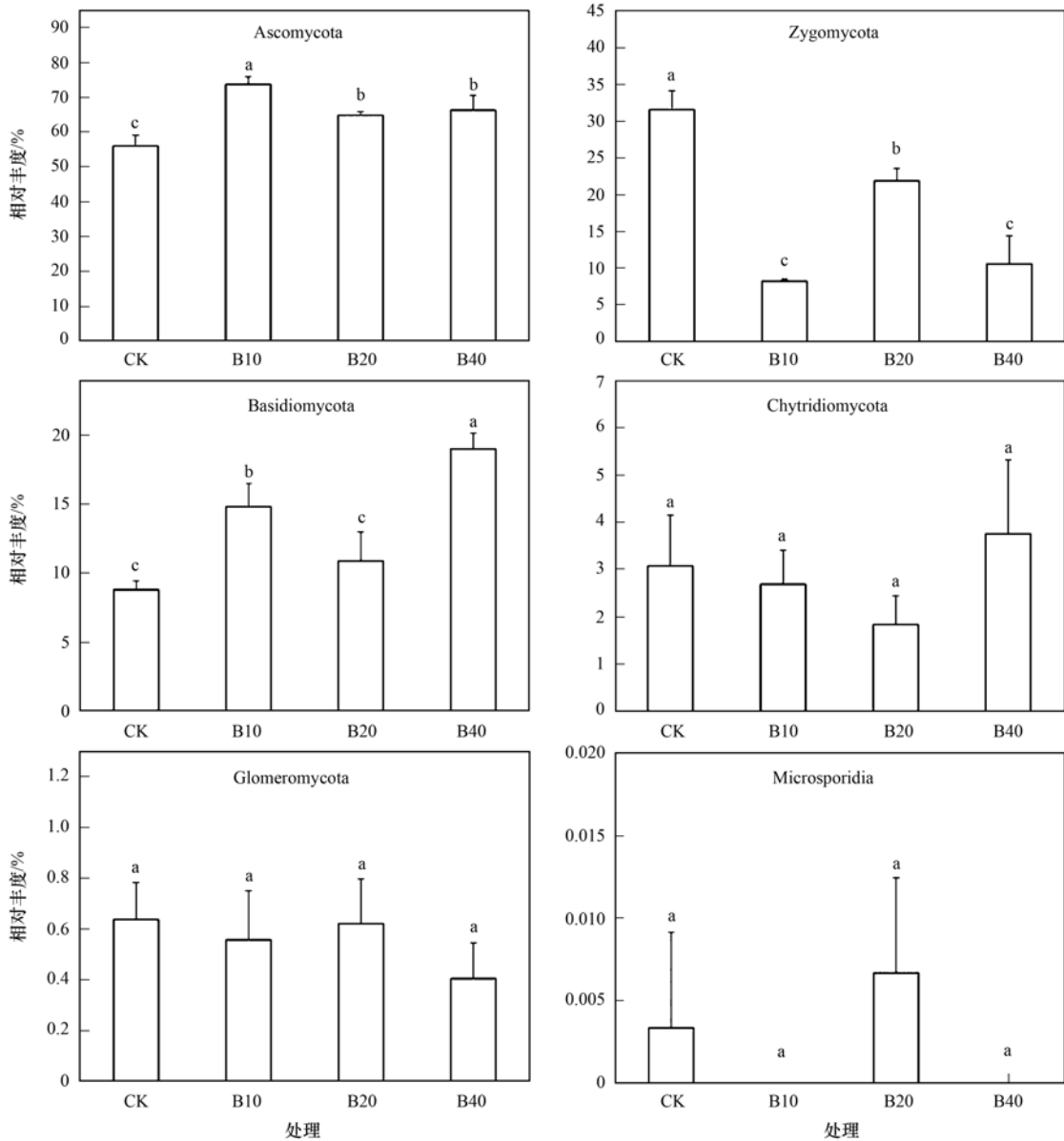


图2 不同处理组门水平上优势真菌相对丰度

Fig. 2 Relative abundances of the dominant fungal phylum for all treatments

表5 真菌优势属相对丰度与土壤理化指标的相关性¹⁾

Table 5 Correlations between relative abundance of dominant genus and soil parameters

属	pH	含水率	容重	有机碳	全氮	碳氮比	溶解性有机碳	速效磷	速效钾
<i>Alternaria</i>	0.397	0.289	-0.299	0.278	0.227	0.344	-0.317	0.729 **	0.350
<i>Actinomucor</i>	-0.612 *	-0.606 *	0.533	-0.503	-0.463	-0.541	0.580 *	-0.536	-0.613 *
<i>Fusarium</i>	-0.330	-0.208	0.200	-0.263	-0.224	-0.341	0.283	-0.774 **	-0.244
<i>Cyathus</i>	0.705 *	0.691 *	-0.758 **	0.887 **	0.851 **	0.806 **	-0.778 **	0.417	0.767 **
<i>Trichocladium</i>	-0.106	-0.261	0.105	0.103	0.103	-0.003	0.147	0.111	0.136
<i>Chaetomium</i>	-0.013	0.013	0.093	-0.323	-0.297	-0.213	0.160	-0.274	-0.015
<i>Conocybe</i>	0.146	0.207	-0.027	-0.147	-0.165	0.002	-0.052	0.259	0.019
<i>Spizellomyces</i>	0.004	0.184	0.018	0.246	0.212	0.177	-0.232	-0.357	0.011
<i>Leucoagaricus</i>	0.338	0.371	-0.553	0.645 *	0.692 *	0.485	-0.512	0.028	0.399
<i>Panaeolus</i>	0.024	0.111	0.016	-0.130	-0.177	-0.076	0.018	0.177	-0.096
<i>Aspergillus</i>	0.870 **	0.780 **	-0.693 *	0.800 **	0.767 **	0.795 **	-0.801 **	0.346	0.860 **
<i>Gibberella</i>	-0.744 **	-0.669 *	0.567	-0.504	-0.466	-0.627 *	0.632 *	-0.592 *	-0.609 *
<i>Fusicolla</i>	0.018	0.150	-0.044	-0.151	-0.110	-0.073	0.003	-0.366	-0.047

1) * 表示显著相关 $P < 0.05$, ** 表示极显著相关 $P < 0.01$

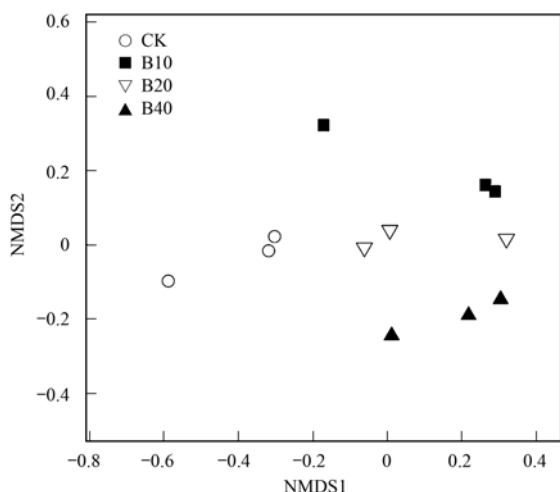


图3 土壤真菌群落结构非度量多维尺度分析(NMDS)

Fig. 3 Non-metric multidimensional scaling (NMDS) plot of soil fungal communities for different treatments

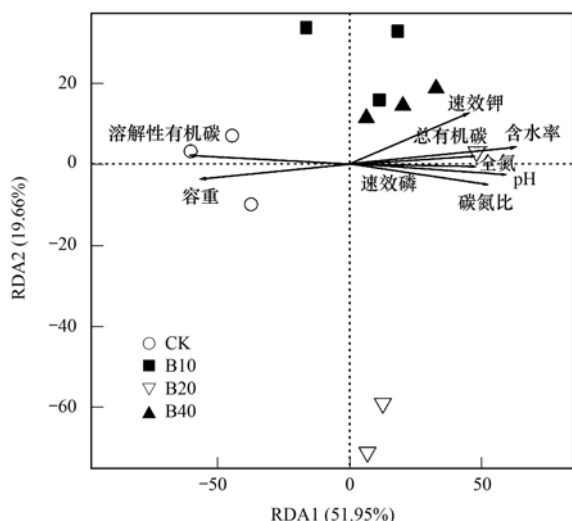


图4 土壤真菌群落结构与环境因子的冗余分析(RDA)

Fig. 4 Redundancy analysis (RDA) of fungal community changes with soil parameters (B)

3 讨论

3.1 生物炭对土壤真菌多样性的影响

土壤微生物多样性变化是生物炭改良土壤研究中重要的关注点之一。本研究结果显示,生物炭添加到土壤中 3 a 后对土壤真菌多样性影响不大,这与 Lucheta 等^[30]对亚马逊黑土(富含生物炭)的研究结果一致,Yao 等^[11]在中国东北黑土开展的 3 a 定位试验也发现生物炭对真菌多样性无显著影响。Hu 等的研究发现^[31],在红壤土中添加生物炭后短期内降低了真菌多样性。然而,目前生物炭对土壤真菌多样性影响的相关研究较少,其施入土壤中不同时间对真菌影响的机制尚不明确,还需要进行更多相关试验探讨生物炭对土壤真菌多样性影响的短

期和长期效应。

此外,Liu 等^[32]调研了黑土土壤真菌结构特征并分析了其与土壤理化特性的关系,结果发现,土壤 TC 是影响真菌多样性的主要因子。本研究中,与对照相比,土壤 TC 含量随着生物炭的施用显著提高,然而土壤真菌群落多样性没有显著变化。产生这种不一致结果的原因可能是 TC 可为微生物提供碳源,然而生物炭中惰性碳占比较大^[2],并且随着生物炭施入土壤时间的延长,可矿化碳逐步降解,微生物难分解碳比例进一步提高^[33],土壤 TC 的提高很大程度上来自惰性碳的贡献,因此对微生物影响不大。

3.2 生物炭对土壤真菌群落结构的影响

本研究中,NMDS 排序分析图的轴 1 将添加生物炭的处理和未添加生物炭的处理明显地分隔为两部分,说明生物炭对土壤真菌群落结构有明显的影响,这与前人的研究结果一致^[1,34]。分析土壤环境因子与真菌群落结构演替的关系有助于更全面地了解真菌群落更替的影响因素。Zheng 等^[12]以我国南方水稻土为研究对象,分析了生物炭施用 4a 后土壤真菌群落变化,结果发现,土壤 pH、TOC 和 C/N 对土壤真菌群落变化的贡献最大。Yao 等^[11]的研究发现,中国东北黑土中土壤 AP、TC 和 AK 与真菌群落结构密切相关。Dai 等^[35]通过 mantel 检验发现,酸化土壤中 TOC 和交换态钾是土壤真菌群落结构的决定因子。本研究发现土壤 DOC、pH 和土壤含水率与真菌群落结构的改变影响最大。相似的是,这些研究中土壤理化特性均与生物炭添加显著相关,本研究中添加生物炭的处理在 NMDS 轴 2 方向上按生物炭用量顺次排开,说明生物炭不同添加量对土壤真菌群落结构的影响效果不同。因此,生物炭可能通过改变土壤理化特性从而驱动了真菌群落结构的生态演替。

此外,真菌是惰性碳的主要分解者,在高 C/N 有机物料降解中起重要作用^[36]。本研究发现,真菌优势属黑蛋巢菌属(*Cyathus*)和曲霉属(*Aspergillus*)的相对丰度与土壤 TOC 和 C/N 均为极显著相关关系,说明黑蛋巢菌属和曲霉属真菌可能在生物炭及土壤有机质的降解中发挥了一定作用。真菌生长繁殖速度较快,其群落结构的改变可能会对土壤环境产生一系列的影响^[37],因此,进一步研究生物炭施用条件下真菌群落演替的机制非常必要。

3.3 生物炭对部分土壤真菌相对丰度的影响

本研究中真菌优势菌群为子囊菌门

(Ascomycota)、接合菌门(Zygomycota)和担子菌门(Basidiomycota),这和以往关于农田土壤真菌群落的分析结果相似^[38,39].与对照相比,生物炭的添加显著降低了土壤接合菌门和担子菌门的相对丰度,提高了子囊菌门的相对丰度,说明褐土中优势真菌对生物炭添加较为敏感.此外,有研究表明氮肥施用可以提高土壤子囊菌门的相对丰度^[40],尽管本研究中施用生物炭的处理没有比对照多施用氮肥,但子囊菌门真菌相对丰度显著提高,可能是因为生物炭对肥料氮素的吸附间接增加了土壤氮素含量^[41],从而提高了土壤中子囊菌门的相对丰度.然而 Yao 等^[11]分析了东北黑土添加生物炭对土壤真菌的影响发现,生物炭对土壤门水平真菌相对丰度的影响较小,这可能与土壤类型及生物炭原料特性等不同有关.本研究还发现土壤添加生物炭改变了部分优势属如链格孢属(*Alternaria*)、锥盖伞属(*Conocybe*)、放射毛霉(*Actinomucor*)的相对丰度,这些属的真菌丰度的改变可能对土壤生态功能有一定的影响.此外,本研究发现生物炭对部分土壤真菌相对丰度的影响并未随生物炭用量的增加而加强,说明生物炭影响真菌群落的生态过程较为复杂,还需更进一步研究.

4 结论

(1) 秸秆生物炭添加到褐土中 3 a 后对土壤真菌群落结构有明显的影响,但对真菌 α 多样性影响不大.

(2) 生物炭显著改变了(提高或降低)褐土部分真菌相对丰度,这种改变在真菌门和属分类水平上均有体现.

(3) 生物炭添加 3 a 后显著改变了褐土的 pH、含水率、容重、TOC、TN、DOC 等理化特性,这些环境因子的变化进一步影响了土壤真菌群落结构,其中土壤 DOC、pH 和含水率是主要影响因子.

参考文献:

- [1] Lehmann J D, Joseph S. Biochar for environmental management: science and technology[M]. London: Earthscan, 2009.
- [2] Lehmann J. Bio-energy in the black[J]. Frontiers in Ecology and the Environment, 2007, **5**(7): 381-387.
- [3] Marris E. Putting the carbon back; black is the new green[J]. Nature, 2006, **442**(7103): 624-626.
- [4] 周凤, 许晨阳, 王月玲, 等. 生物炭对 CH₄、N₂O 排放的影响[J]. 环境科学, 2017, **38**(9): 3831-3839.
Zhou F, Xu C Y, Wang Y L, et al. Effect of biochar on CH₄ and N₂O emissions from Lou Soil[J]. Environmental Science, 2017, **38**(9): 3831-3839.
- [5] Sohi S P, Krull E, Lopez-Capel E, et al. A review of biochar and its use and function in soil[J]. Advances in Agronomy, 2010, **105**: 47-82.
- [6] 王月玲, 耿增超, 王强, 等. 生物炭对壤土土壤温室气体及土壤理化性质的影响[J]. 环境科学, 2016, **37**(9): 3634-3641.
Wang Y L, Geng Z C, Wang Q, et al. Influence of biochar on greenhouse gases emissions and physico-chemical properties of loess soil[J]. Environmental Science, 2016, **37**(9): 3634-3641.
- [7] 陈温福, 张伟明, 孟军. 农用生物炭研究进展与前景[J]. 中国农业科学, 2013, **46**(16): 3324-3333.
Chen W F, Zhang W M, Meng J. Advances and prospects in research of biochar utilization in agriculture[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2013, **46**(16): 3324-3333.
- [8] Mendes R, Garbeva P, Raaijmakers J M. The rhizosphere microbiome: significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2013, **37**(5): 634-663.
- [9] Kolton M, Meller Harel Y, Pasternak Z, et al. Impact of biochar application to soil on the root-associated bacterial community structure of fully developed greenhouse pepper plants[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2011, **77**(14): 4924-4930.
- [10] Xu N, Tan G C, Wang H Y, et al. Effect of biochar additions to soil on nitrogen leaching, microbial biomass and bacterial community structure[J]. European Journal of Soil Biology, 2016, **74**: 1-8.
- [11] 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.
- [12] Zheng J F, Chen J H, Pan G X, et al. Biochar decreased microbial metabolic quotient and shifted community composition four years after a single incorporation in a slightly acid rice paddy from Southwest China[J]. Science of the Total Environment, 2016, **571**: 206-217.
- [13] Matsubara Y, Hasegawa N, Fukui H. Incidence of fusarium root rot in asparagus seedlings infected with arbuscular mycorrhizal fungus as affected by several soil amendments[J]. Journal of the Japanese Society for Horticultural Science, 2002, **71**(3): 370-374.
- [14] Smith J L, Collins H P, Bailey V L. The effect of young biochar on soil respiration[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2010, **42**(12): 2345-2347.
- [15] Sagrilo E, Rittl T F, Hoffland E, et al. Rapid decomposition of traditionally produced biochar in an oxisol under savannah in northeastern Brazil[J]. Geoderma Regional, 2015, **6**: 1-6.
- [16] Kuzyakov Y, Subbotina I, Chen H Q, et al. Black carbon decomposition and incorporation into soil microbial biomass estimated by ¹⁴C labeling[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2009, **41**(2): 210-219.
- [17] Hale S E, Hanley K, Lehmann J, et al. Effects of chemical, biological, and physical aging as well as soil addition on the sorption of pyrene to activated carbon and biochar[J]. Environmental Science & Technology, 2011, **45**(24): 10445-10453.
- [18] Jones D L, Rousk J, Edwards-Jones G, et al. Biochar-mediated

- changes in soil quality and plant growth in a three year field trial [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2012, **45**: 113-124.
- [19] 王梅勋, 陈利军, 王家民, 等. 玉米秸秆生物炭对烟田褐土水分库容及烤烟生物量的影响[J]. *土壤*, 2015, **47**(6): 1076-1084.
- Wang M X, Chen L J, Wang J M, *et al.* Effects of maize straw biochar on soil water storage capacity and tobacco biomass in tobacco-planting cinnamon soil[J]. *Soils*, 2015, **47**(6): 1076-1084.
- [20] 陈印军, 肖碧林, 方琳娜, 等. 中国耕地质量状况分析[J]. *中国农业科学*, 2011, **44**(17): 3557-3564.
- Chen Y J, Xiao B L, Fang L N, *et al.* The quality analysis of cultivated land in China[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2011, **44**(17): 3557-3564.
- [21] Lehmann J, Rillig M C, Thies J, *et al.* Biochar effects on soil biota-a review[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, **43**(9): 1812-1836.
- [22] Jeffery S, Verheijen F G A, van der Velde M, *et al.* A quantitative review of the effects of biochar application to soils on crop productivity using meta-analysis [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2011, **144**(1): 175-187.
- [23] 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.
- [24] Smalla K, Wieland G, Buchner A, *et al.* Bulk and rhizosphere soil bacterial communities studied by denaturing gradient gel electrophoresis: plant-dependent enrichment and seasonal shifts revealed[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, **67**(10): 4742-4751.
- [25] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2007.
- [26] Vance E D, Brookes P C, Jenkinson D S. An extraction method for measuring soil microbial biomass C [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1987, **19**(6): 703-707.
- [27] Huang A H, Li J W, Shen Z Q, *et al.* High-throughput identification of clinical pathogenic fungi by hybridization to an oligonucleotide microarray[J]. *Journal of Clinical Microbiology*, 2006, **44**(9): 3299-3305.
- [28] Quast C, Pruesse E, Yilmaz P, *et al.* The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools [J]. *Nucleic Acids Research*, 2013, **41**(D1): D590-D596.
- [29] Schloss P D, Gevers D, Westcott S L. Reducing the effects of PCR amplification and sequencing artifacts on 16S rRNA-based studies[J]. *PLoS One*, 2011, **6**(12): e27310.
- [30] Lucheta A R, de Souza Cannavan F, Roesch L F W, *et al.* Fungal community assembly in the Amazonian dark earth[J]. *Microbial Ecology*, 2016, **71**(4): 962-973.
- [31] Hu L, Cao L X, Zhang R D. Bacterial and fungal taxon changes in soil microbial community composition induced by short-term biochar amendment in red oxidized loam soil[J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2014, **30**(3): 1085-1092.
- [32] Liu J J, Sui Y Y, Yu Z H, *et al.* Soil carbon content drives the biogeographical distribution of fungal communities in the black soil zone of northeast China[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, **83**: 29-39.
- [33] Wang J Y, Xiong Z Q, Kuzyakov Y. Biochar stability in soil: meta-analysis of decomposition and priming effects[J]. *Global Change Biology Bioenergy*, 2016, **8**(3): 512-523.
- [34] Chen J H, Liu X Y, Zheng J W, *et al.* Biochar soil amendment increased bacterial but decreased fungal gene abundance with shifts in community structure in a slightly acid rice paddy from Southwest China[J]. *Applied Soil Ecology*, 2013, **71**: 33-44.
- [35] Dai Z M, Hu J J, Xu X K, *et al.* Sensitive responders among bacterial and fungal microbiome to pyrogenic organic matter (biochar) addition differed greatly between rhizosphere and bulk soils[J]. *Scientific Reports*, 2016, **6**: 36101.
- [36] Thiet R K, Frey S D, Six J. Do growth yield efficiencies differ between soil microbial communities differing in fungal: bacterial ratios? Reality check and methodological issues[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, **38**(4): 837-844.
- [37] Holland E A, Coleman D C. Litter placement effects on microbial and organic matter dynamics in an agroecosystem[J]. *Ecology*, 1987, **68**(2): 425-433.
- [38] Valinsky L, Della Vedova G, Jiang T, *et al.* Oligonucleotide fingerprinting of rRNA genes for analysis of fungal community composition [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2002, **68**(12): 5999-6004.
- [39] Xu L H, Ravnskov S, Larsen J, *et al.* Soil fungal community structure along a soil health gradient in pea fields examined using deep amplicon sequencing[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2012, **46**: 26-32.
- [40] Paungfoo-Lonhienne C, Yeoh Y K, Kasinadhuni N R P, *et al.* Nitrogen fertilizer dose alters fungal communities in sugarcane soil and rhizosphere[J]. *Scientific Report*, 2015, **5**: 8678.
- [41] 俞映惊, 杨林章, Odindo A O, 等. 碳酸钙与生物炭对酸化菜地土壤持氮能力的影响[J]. *环境科学*, 2017, **38**(9): 3851-3859.
- Yu Y L, Yang L Z, Odindo A O, *et al.* Influence of calcium carbonate and biochar addition on soil nitrogen retention in acidified vegetable soil [J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(9): 3851-3859.

CONTENTS

Estimation of Fine Particle ($PM_{2.5}$) Emission Inventory from Cooking: Case Study for Shanghai	WANG Hong-li, JING Sheng-ao, LOU Sheng-rong, <i>et al.</i> (1971)
Chemical Characterization, Spatial Distribution, and Source Identification of Organic Matter in $PM_{2.5}$ in summertime Shanghai, China	GAO Ya-qin, WANG Hong-li, JING Sheng-ao, <i>et al.</i> (1978)
Seasonal Variation and Source Analysis of Water-soluble Inorganic Salts in $PM_{2.5}$ in the Southern Suburbs of Beijing	GAO Han-yu, WEI Jing, WANG Yue-si (1987)
Characteristics and Source Apportionment of Water-soluble Inorganic Ions in Road Dust $PM_{2.5}$ During Spring in Tianjin Using the Quadrat Sampling Method	ZHAO Jing-qi, JI Ya-qin, ZHANG Lei, <i>et al.</i> (1994)
HONO Pollution Characteristics and Nighttime Sources During Autumn in Guangzhou, China	TIAN Zhi-lin, YANG Wen-da, YU Xiao-fang, <i>et al.</i> (2000)
Sulfur Sources and Oxidation Pathways in Summer Aerosols from Nanjing Northern Suburbs Using S and O Isotopes	HAN Xun, REN Jie, CHEN Shan-li, <i>et al.</i> (2010)
Methods for Determining and Applications of High-Resolution Vehicle Emission Inventory at County Scale	FAN Shou-bin, GUO Jin-jin, LI Xue-feng (2015)
Characteristics of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons Emitted from Typical Industrial Biomass Boilers	LIN Yu-jun, BAI Li, WANG Huan-xiang, <i>et al.</i> (2023)
Research of Parameter Uncertainty for the HSPF Model Under Different Temporal Scales	PANG Shu-jiang, WANG Xiao-yan, MA Wen-jing (2030)
Contribution of Nitrogen Sources in Water Sources by Combining Nitrogen and Oxygen Isotopes and SIAR	JIN Zan-fang, ZHANG Wen-liao, ZHENG Qi, <i>et al.</i> (2039)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Volatile Organic Compounds in Baiyangdian Lake	GAO Qiu-sheng, ZHAO Yong-hui, JIAO Li-xin, <i>et al.</i> (2048)
Fluorescent Characteristics and Environmental Significance of Particulate Organic Matter in Lake Taihu, China	LÜ Wei-wei, YAO Xin, ZHANG Bao-hua, <i>et al.</i> (2056)
Distribution and Settlement of Microplastics in the Surface Sediment of Yangtze Estuary	ZHU Xiao-tong, YI Jun, QIANG Li-yuan, <i>et al.</i> (2067)
Water Chemistry and Characteristics of Dissolved Organic Carbon During the Wet Season in Wulixia Reservoir, SW China	LU Xiao-xuan, LI Qiang, JIN Zhen-jiang, <i>et al.</i> (2075)
Bioavailability of Dissolved Organic Carbon in Rivers for Typical Vegetation Types in the Permafrost Regions on the Qinghai-Tibet Plateau	MA Xiao-liang, LIU Gui-min, WU Xiao-dong, <i>et al.</i> (2086)
Characteristics of Dissolved Organic Matter (DOM) and Relationship with Dissolved Heavy Metals in a Peri-urban and an Urban River	LIANG Meng-qi, SHAO Mei-ling, CAO Chang-li, <i>et al.</i> (2095)
Migration and Transformation of Dissolved Organic Matter in Karst Water Systems and an Analysis of Their Influencing Factors	ZHANG Lian-kai, LIU Peng-yu, QIN Xiao-qun, <i>et al.</i> (2104)
Source and Distribution of Dissolved Metal Ions in the Backwater Area of Pengxi River in Three Gorges Reservoir	ZHAO Xiao-song, YU Jian-jun, FU Li, <i>et al.</i> (2117)
Differences in Diffusive Fluxes of Nutrients from Sediment Between the Natural River Areas and Reservoirs in the Lancang River Basin	WANG Xue, CHENG Bao, YANG Zheng-jian, <i>et al.</i> (2126)
Nutrient Distribution Characteristics of the Sediment-water System in the Xiangxi River During the Impoundment of TGR	SU Qing-qing, LIU De-fu, JI Dao-bin, <i>et al.</i> (2135)
Effects of Submerged Macrophytes on Different Phosphorus Fractions in Overlying Water and Interstitial Water	YANG Wen-bin, GAO Shun-feng, WAN Rui, <i>et al.</i> (2145)
Distribution Characteristics and Fluxes of Nitrogen and Phosphorus at the Sediment-water Interface of Yuqiao Reservoir	WEN Shuai-long, GONG Wan-qing, WU Tao, <i>et al.</i> (2154)
Distribution of Phosphorus Fractions in Surface Sediments of Minjiang Mainstreams	YANG Geng, QIN Yan-wen, HAN Chao-nan, <i>et al.</i> (2165)
Nitrate Uptake Kinetics and Correlation Analysis in an Agricultural Drainage Ditch	LI Ru-zhong, YIN Qi-he, GAO Su-di, <i>et al.</i> (2174)
Influencing Factors for Phosphorus Removal by Modified Bio-ceramic Substrates Coated with ZnAl-LDHs Synthesized by Different Modification Conditions	XIANG Yang, ZHANG Xiang-ling, LEI Yu, <i>et al.</i> (2184)
Removal of Odorants in Drinking Water Using VUV/Persulfate	SUN Xin, SHI Lu-xiao, ZHANG Yi, <i>et al.</i> (2195)
Degradation of OG with Peroxymonosulfate Activated by a $MnFe_2O_4$ -graphene Hybrid	XIA Wen-jun, LIU Feng, HAO Shang-bin, <i>et al.</i> (2202)
Mechanism of As(V) Removal from Water by Lanthanum and Cerium Modified Biochars	LI Jin, ZU Yan-qun, LI Gang, <i>et al.</i> (2211)
Adsorption of Dissolved Organic Matter with Different Relative Molecular Masses on Inorganic Minerals and Its Influence on Carbamazepine Adsorption Behavior	LIANG Yu, HE Jiang-tao, ZHANG Si (2219)
Pollution Characteristics of Organophosphorus Flame Retardants in a Wastewater Treatment Plant	SUN Jia-wei, DING Wei-nan, ZHANG Zhan-en, <i>et al.</i> (2230)
Enhanced Coagulation as a Pretreatment for Low Temperature Wastewater	LIU Hai-long, REN Yu-xia, ZHANG Zhong-min (2239)
Operating Characteristics and Fouling Characteristics of a RO Membrane System for Desalination of Dyeing Wastewater	TAN Yu-jun, ZHANG Ze-tian, WU Qian-yuan, <i>et al.</i> (2249)
Optimization of the Nitrogen Removal Performance on the CANON Process in a Biofilm Reactor: From FBBR to MBBR	FU Kun-ming, LI Hui, ZHOU Hou-tian, <i>et al.</i> (2256)
Microbial Community Dynamics During Two Sludge Granulation Processes	GAO Jing-feng, ZHANG Li-fang, ZHANG Shu-jun, <i>et al.</i> (2265)
Sludge Conditioning Performance of Polyaluminum, Polyferric, and Titanium Xerogel Coagulants	WANG Xiao-meng, WANG Xin, YANG Ming-hui, <i>et al.</i> (2274)
Effects of Heat and Heat-alkaline Treatments on Disintegration and Dissolved Organic Matter in Sludge	DAI Qin, ZHANG Wen-zhe, YU Pan-fen, <i>et al.</i> (2283)
Effect of Different Ratios of Anaerobic Time and Aeration Time on the Formation of Partial Nitrification Granules	LI Dong, GUO Yue-zhou, CAO Mei-zhong, <i>et al.</i> (2289)
Spatial and Temporal Variation of Mercury in Municipal Sewage Sludge in China	WANG Ning, LIU Qing-wei, ZHI Yin, <i>et al.</i> (2296)
Characteristics of N_2O Release and Influencing Factors in Grass-type and Algae-type Zones of Taihu Lake During Summer	ZHENG Xiao-lan, WEN Shuai-long, LI Xin, <i>et al.</i> (2306)
Analysis of Greenhouse Gas Emission Characteristics and Their Influencing Factors in the Algae Zone of Lake Taihu	JIA Lei, PU Yi-ni, YANG Shi-jun, <i>et al.</i> (2316)
Dynamics of CO_2 and N_2O in Seasonal Frozen Soil Profiles for a Typical Steppe in Inner Mongolia	LI Jin-bo, YAO Nan, LI Xiu, <i>et al.</i> (2330)
Characteristics of CO_2 Flux in a Mature Apple (<i>Malus domestica</i>) Orchard Ecosystem on the Loess Plateau	YANG Jian-feng, YANG Xiao-ni, WANG Jun-hua, <i>et al.</i> (2339)
Effects of Biochar Application Rates on Greenhouse Gas Emissions in the Purple Paddy Soil	QI Le, GAO Ming, GUO Xiao-min, <i>et al.</i> (2351)
Short-Term Effects of Different Fertilization Treatments on Greenhouse Gas Emissions from Northeast Black Soil	LI Ping, LANG Man, LI Miao, <i>et al.</i> (2360)
Eukaryotic Micro-plankton Community Diversity and Characteristics of Regional Distribution in the Yellow Sea by ITS High-throughput Sequencing	ZHANG Li, LIN Jia-ning, ZHANG Yuan, <i>et al.</i> (2368)
Influence of Different Patterns of Discharge on Microbial Diffusion in Municipal Treated Wastewater	LANG Xiu-lu, SONG Zhi-wen, XU Ai-ling, <i>et al.</i> (2380)
Impact of Tourism on Bacterial Communities of Karst Underground River: A Case Study from Two Caves in Fengdu, Chongqing	LÜ Xian-fu, HE Qiu-fang, WANG Feng-kang, <i>et al.</i> (2389)
Diversity of the Microbial Community in Rice Paddy Soil with Biogas Slurry Irrigation Analyzed by Illumina Sequencing Technology	ZHU Jin-shan, ZHANG Hui, MA Lian-jie, <i>et al.</i> (2400)
Effect of Biochar Amendment on Physicochemical Properties and Fungal Community Structures of Cinnamon Soil	YAN Hai-tao, YIN Quan-yu, DING Song-shuang, <i>et al.</i> (2412)
Carbon Metabolism Characteristics of the Karst Soil Microbial Community for Pb-Zn Mine Tailings	FANG Jun-jia, LI Qiang, LIU Chang, <i>et al.</i> (2420)
Denitrification Characteristics and Community Structure of Aerobic Denitrifiers from Lake and Reservoir Sediments	KANG Peng-liang, ZHANG Hai-nan, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (2431)
Investigation of the Coupling Mechanism between Naphthalene Degradation and Denitrification of a Naphthalene Degraded Bacterial Consortium Under Denitrification	ZHANG Ze-yu, WANG Ming-xia, CHENG Yong-yi, <i>et al.</i> (2438)
Spatial Distribution Study and Pollution Assessment of Pb in Soils in the Xijiang River Drainage of Guangxi	ZHANG Yun-xia, SONG Bo, CHEN Tong-bin, <i>et al.</i> (2446)
Effects of Agricultural Activities on Soil Mercury Changes in the Water-Level-Fluctuating Zone of the Three Gorges Reservoir	CHEN Qiu-yu, SUN Song, YIN De-liang, <i>et al.</i> (2456)
Screening and Identification of Arsenic-resistant Endophytic Bacteria from Different Rice Tissues (<i>Oryza sativa</i> L.) in Different Growth Stages	WANG Bo-xun, WANG Xue-dong, DUAN Gui-lan (2464)
Characteristics of Mercury Transformation in Soil and Accumulation in Rice Plants in an Acidic Purple Paddy Soil Area	LI Yu-qin, SUN Tao, DENG Han, <i>et al.</i> (2472)
Life Cycle Environmental Impact Assessment on Different Modes of Greenhouse Vegetable Production in the North China Plain	XU Qiang, HU Ke-lin, LI Ji, <i>et al.</i> (2480)
Health Effects of $PM_{2.5}$ Based on Bacterial Toxicity Test and Transcriptional Analysis in Lungs of Mice	SONG Peng-cheng, LU Shu-yu, WEI Yong-jie, <i>et al.</i> (2489)
Socio-economic Factors Influencing the Spatial Distribution of $PM_{2.5}$ Concentrations in China: An Exploratory Analysis	DUAN Jie-xiong, ZHAI Wei-xin, CHENG Cheng-qi, <i>et al.</i> (2498)