

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第39卷 第11期

Vol.39 No.11

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

2010~2015年我国水泥工业NO_x排放清单及排放特征 蒋春来, 宋晓晖, 钟悦之, 孙亚梅, 雷宇 (4841)

兰州市煨炕污染物排放清单及其对PM_{2.5}浓度贡献 郭文凯, 刘晓, 朱玉凡, 陈强, 杜永刚 (4849)

北京地区气溶胶水溶性组分粒径分布特征 杜翔, 赵普生, 苏捷, 董群 (4858)

郑州市夏、秋季大气颗粒物中水溶性无机离子质量浓度及粒径分布特征 赵庆炎, 姜楠, 燕启社, 王申博, 韩世杰, 杨留明, 张瑞芹 (4866)

菏泽市冬季PM_{2.5}中二元羧酸类SOA的昼夜变化特征 孟静静, 刘晓迪, 侯战方, 李静, 魏本杰, 邢继钊 (4876)

我国典型钢铁行业主要工艺环节排放颗粒物源成分谱特征 温杰, 杨佳美, 李蒲, 郁佳, 吴建会, 田瑛泽, 张进生, 史国良, 冯银厂 (4885)

嘉兴市2015年人为源VOCs排放清单 郝欢, 万梅, 戎宇, 兰亚琼, 熊传芳, 晁娜 (4892)

上海某石化园区周边区域VOCs污染特征及健康风险 盛涛, 陈筱佳, 高松, 刘启贞, 李学峰, 伏晴艳 (4901)

SBR工艺城市污水处理厂微生物气溶胶逸散特征 杨凯雄, 侯红勋, 王颖哲, 史昊然, 许光素, 韩云平, 刘俊新, 李琳 (4909)

太湖有色可溶性有机物组成结构对不同水文情景的响应 石玉, 周永强, 张运林, 姚晓龙, 黄昌春 (4915)

巢湖2016年蓝藻水华时空分布及环境驱动力分析 胡旻琪, 张玉超, 马荣华, 张壹萱 (4925)

蓝藻水华形成过程对氮磷转化功能细菌群的影响 彭宇科, 路俊玲, 陈慧萍, 肖琳 (4938)

三峡水库低水位运行时干流回水对支流水环境的影响 陈紫娟, 宋献方, 张应华, 魏潇, 唐瑜, 秦文婧 (4946)

纳米银对胶州湾西北部海区及河口区沉积物反硝化能力和功能基因丰度的影响 白洁, 田延昭, 孙鹏飞, 白晓岩, 李岩然, 赵阳国 (4956)

澜沧江流域水体悬浮颗粒物δ¹⁵N空间差异及成因分析 唐咏春, 徐飘, 杨正健, 张思思, 刘德富, 纪道斌 (4964)

潮白河冲洪积扇典型包气带剖面反硝化强度垂向空间分布规律 耿宏志, 邹环, 李鸣晓, 张莹, 从辉, 席北斗 (4972)

蛤蟆通河流域地下水化学特征及控制因素 张涛, 何锦, 李敬杰, 曹月婷, 龚磊, 刘金巍, 边超, 蔡月梅 (4981)

典型岩溶地区岩溶泉溶解性碳浓度变化及其通量估算 熊佰炼, 张进忠, 彭韬, 郝卓, 高扬 (4991)

农村多水塘系统景观结构对非点源污染中氮截留效应的影响 李玉凤, 刘红玉, 刘军志, 娄彩荣, 王娟 (4999)

城市典型不透水下垫面径流中邻苯二甲酸酯的污染特征 刘雨童, 李田, 彭航宇 (5007)

不同降雨条件下植被对绿色屋顶径流调控效益影响 葛德, 张守红 (5015)

四氧化三铁改性沸石改良底泥对水中磷酸盐的吸附作用 王丹赫, 张宏华, 林建伟, 詹艳慧, 何思琪, 梁舒静, 汲雨, 奚秀清 (5024)

厌氧条件下可溶性有机质对汞的还原与氧化作用 卞永荣, 顾宝华, 朱波, 程虎, 谷成刚, 杨兴伦, 宋洋, 王芳, 叶茂, 蒋新 (5036)

光助二茂铁/H₂O₂非均相体系降解磺胺二甲基嘧啶 张彪军, 赵姚云川, 房岐, 石凤丽, 张月起, 赵群, 田森林, 李英杰 (5043)

基于同位素技术的短程硝化过程N₂O产生途径 杨玉兵, 杨庆, 李洋, 周薛扬, 李健敏, 刘秀红 (5051)

基质比对厌氧氨氧化耦合反硝化脱氮除碳的影响 安芳娇, 黄剑明, 黄利, 乔瑞, 王瑾, 陈永志 (5058)

厌氧/好氧SPNDPR系统实现低C/N城市污水同步脱氮除磷的优化运行 于德爽, 袁梦飞, 王晓霞, 陈光辉, 甄建园, 杜世明, 张帆 (5065)

污水处理厂SNAD工艺小试 李冬, 崔雅倩, 赵世勋, 刘志诚, 张杰 (5074)

盐度对中试厌氧氨氧化脱氮特性的影响及其恢复动力学 唐佳佳, 于德爽, 王晓霞, 陈光辉, 张军, 赵红, 韩长民 (5081)

中试ANAMMOX-ASBR处理火电厂脱硫脱硝尾液的抑制及恢复特性 张军, 于德爽, 王晓霞, 唐佳佳, 赵红, 韩长民, 应凌俏 (5090)

碳氮比对颗粒污泥CANON反应器脱氮性能和N₂O释放的冲击影响 付昆明, 姜姍, 苏雪莹, 廖敏辉, 仇付国, 曹秀芹 (5101)

污泥性质对微波预处理-厌氧消化的影响及古菌群落结构分析 房平, 唐安平, 付兴民, 李伟, 文洋, 佟娟, 魏源送 (5108)

重庆市农地重金属基线值的厘定及其积累特征分析 伍福琳, 陈丽, 易廷辉, 杨志敏, 陈玉成 (5116)

韩江流域土壤中有有机氯农药的特征分布 刘佳, 丁洋, 祁士华, 翟程凯 (5127)

有机磷酸酯在重庆不同城市功能区土壤的分布特征及来源 杨志豪, 何明靖, 杨婷, 卢俊峰, 魏世强 (5135)

纳米零价铁和过氧化钙联合降解土壤淋洗废液的α-HCH 姚静波, 周杰, 王明新, 苟志祥, 薛金娟 (5142)

株洲清水塘工业区周边土壤微生物群落特征 申丽, 李振桦, 曾伟民, 余润兰, 吴学玲, 李交昆, 王烁琨 (5151)

生物炭对施粪肥土壤中根际真菌群落多样性及相互作用的影响 王丹丹, 杨泽平, 赵远, 梁玉婷 (5163)

生物炭负载氮还田对水稻生长、根系形态及氮素利用的影响 俞映惊, 王悦满, 侯朋福, 杨林章, Alfred Oduor Odindo, 薛利红 (5170)

颗粒有机质对水稻稻吸收及转运的影响 曹柳, 杨俊兴, 郭劲君, 郭俊梅, 郑国砥, 卢一富 (5189)

施肥对向日葵吸收积累Cd的影响 林小兵, 周利军, 王惠明, 刘晖, 武琳, 俞莹, 胡敏, 何波, 周青辉, 黄久如 (5198)

不同水稻品种对重金属的积累特性 曹柳, 杨俊兴, 郭劲君, 郭俊梅, 郑国砥, 卢一富 (5198)

芦竹和木本植物间种修复重金属污染土壤 曾鹏, 郭朝晖, 肖细元, 彭驰, 黄博 (5207)

三峡库区典型河流水-气界面CO₂通量日变化观测及其影响因素分析 罗佳宸, 李思悦 (5217)

富营养化湖区CH₄排放特征及其影响因素 商东耀, 肖启涛, 胡正华, 谢燕红, 黄文晶, 张弥 (5227)

短期放牧对半干旱草地生态系统CO₂和N₂O排放的影响 申颜, 孙建平, 罗玉坤, 刁华杰, 闫卫东, 王常慧, 董宽虎 (5237)

覆膜方式和灌溉对夏玉米产量及农田碳排放强度的影响 罗晓琦, 张阿凤, 陈海心, 冯浩 (5246)

臭氧浓度升高对植物源挥发性有机化合物(BVOCs)影响的研究进展 冯兆忠, 袁相洋 (5257)

地下水“三氮”污染来源及其识别方法研究进展 杜新强, 方敏, 冶雪艳 (5266)

污水生物处理中抗生素的去除机制及影响因素 张翔宇, 李茹莹, 季民 (5276)

《环境科学》征订启事(4848) 《环境科学》征稿简则(4990) 信息(5188, 5216, 5236)

生物炭对施粪肥土壤中根际真菌群落多样性及相互作用的影响

王丹丹¹, 杨泽平¹, 赵远¹, 梁玉婷^{2*}

(1. 常州大学环境与安全工程学院, 常州 213164; 2. 中国科学院南京土壤研究所, 土壤与农业可持续发展国家重点实验室, 南京 210008)

摘要: 为了研究生物炭对施粪肥土壤中根际真菌群落结构及相互作用的影响, 通过黑麦草盆栽试验, 比较了添加 2% 生物炭处理和仅施粪肥条件下, 根际真菌的群落演替及分子生态网络。Illumina MiSeq 测序结果表明, 添加生物炭处理与不添加生物炭的对照处理中真菌的 α 多样性指数 (Shannon 指数) 无显著差异。两种处理情况下, 子囊菌门 (Ascomycota, 59.64% ~ 84.80%)、担子菌门 (Basidiomycota, 1.90% ~ 5.87%) 和接合菌门 (Zygomycota, 4.34% ~ 16.11%) 均为主要菌群。分子生态网络分析表明, 相比不添加生物炭的对照组, 添加生物炭后的土壤真菌群落具有更复杂的联系且显著增强了种间积极的相互作用 ($P < 0.05$)。Mantel 检验分析表明, 添加生物炭处理中植物根系与真菌丰度和种间相互作用显著相关 ($P = 0.001$)。植物根系是影响真菌丰度和相互作用关系的最重要的因素。

关键词: 黑麦草; 生物炭; 粪肥; 根际真菌; 网络分析

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2018)11-5163-07 DOI: 10.13227/j.hjlx.201803001

Effect of Biochar Addition on the Diversity and Interaction of Rhizosphere Fungi in Manure-fertilized Soil

WANG Dan-dan¹, YANG Ze-ping¹, ZHAO Yuan¹, LIANG Yu-ting^{2*}

(1. School of Environmental and Safety Engineering, Changzhou University, Changzhou 213164, China; 2. State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China)

Abstract: To study the effect of biochar addition on the community structure and interaction of rhizosphere fungi in manure-fertilized soil, a pot experiment with ryegrass (*Lolium perenne* L.) was performed to assess community succession and the molecular ecological network of rhizosphere fungi with the addition of 2% (w/w) biochar and manure-only treatments. The results of Illumina MiSeq sequencing indicated that there was no significant difference between the soil fungal α -diversity (Shannon index) of the control group and that of the biochar group. Ascomycota, Basidiomycota, and Zygomycota were the dominant fungal phyla across all samples with relative abundances ranging from 59.64% to 84.80%, 1.90% to 5.87%, and 4.34% to 16.11%, respectively. Molecular ecological network analysis indicated that fungal communities in the biochar treatment had more complex associations and significantly enhanced positive correlations compared to those of the control group ($P < 0.05$). Mantel test analysis indicated that plant root was significantly correlated with fungal abundance and community interactions in the biochar treatment ($P = 0.001$). Plant root was the most important factor in altering fungal abundance and interactions.

Key words: ryegrass; biochar; manure; rhizosphere fungi; network analysis

根际真菌在植物-土壤生态系统中发挥重要的作用, 影响植物的生长和健康状态^[1]。植物种类、生长状况、根系分泌物等植物自身因素和 CO₂ 浓度、重金属与化学物质、施肥等外界因素都可以对根际真菌造成影响^[2]。生物炭常被作为土壤改良剂, 用于吸附土壤污染物质, 改善土壤环境, 提高土壤肥力。生物炭可通过直接或间接的方式影响土壤真菌的群落结构、功能、酶活性等方面。直接影响机制包括: ①生物炭可为真菌提供栖息地^[3]; ②生物炭本身含有丰富的营养物质, 可促进真菌生长^[4]。间接影响机制包括: ①生物炭通过影响物理化学环境来改变土壤养分的可用性, 从而间接地影

响土壤真菌^[5]; ②生物炭通过改变其他微生物种群 (例如菌根促生细菌和溶磷菌) 的活性, 进而间接地影响真菌的生长^[5]。然而, 生物炭的应用对根际真菌群落演替的影响还有待进一步的研究。

在复杂的生态系统中, 相比于群落的丰度和多样性, 群落之间的相互作用对生态系统的功能更加重要^[6]。因此, 共生网络在探索微生物群落之间的联系、了解微生物群落的基本原理和确定群落中可

收稿日期: 2018-03-01; 修订日期: 2018-05-02

基金项目: 国家自然科学基金项目 (41622104)

作者简介: 王丹丹 (1992~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤微生物与物质转化, E-mail: iswangdd@foxmail.com

* 通信作者, E-mail: ytliang@issas.ac.cn

能的关键物种的研究中起到至关重要的作用^[7]。例如, Toju 等^[8]将生态网络分析应用到植物根系的真菌群落中, 重点突出了在精细组装过程中真菌的种间相互作用关系的重要性。此外, 这种群落规模的分析可以帮助人们推断出不同分类或不同功能群的真菌是如何构建潜在的相互作用关系的, 以及这些网络是如何被分割成一些紧密关联的“模块”的^[9]。一个生态网络可被分成多个模块, 每个模块的内连接程度很高, 具有相似的生态学特征。网络分析可将微生物之间的积极、消极的相互作用关系可视化^[10]。迄今为止, 关于生物炭对根际土壤真菌群落间的相互作用的研究还比较少。

本研究利用高通量测序技术的 Illumina MiSeq 测序平台, 通过对添加生物炭处理和不添加生物炭的对照处理下的施粪肥土壤根际真菌进行 ITS2 区测序, 研究了生物炭对土壤根际真菌的群落结构与分子生态网络的影响机制, 建立了土壤微生态环境与真菌群落变化的关系。

1 材料与方法

1.1 试验设计及采样分析

土壤样品来自中国江苏省常州市(119.75°E, 31.73°N)某畜禽养殖公司的水稻试验田(其土壤中不含抗生素), 样品取自土壤表层 10 cm 以内。粪肥来自该畜禽养殖公司的生猪养殖场。将水稻田土壤和粪肥风干, 分别过 2 cm 筛, 然后粉碎, 取均质的土壤和粪肥按 100:1 的比例(质量比)搅拌均匀混合, 混合后静置 24 h, 之后再次搅拌均匀混合, 再静置 24 h 后将土壤移入盆栽中。供试黑麦草种子购自江苏省农业科学院牧草研究所。生物炭样品由小麦秸秆在 650℃ 缺氧条件下热解炭化而成。

本试验共设置 54 盆黑麦草盆栽。对照组(不添加生物炭)、生物炭组(生物炭按 2% 的比例均匀添加到黑麦草盆栽土质中)分别为 27 盆(每盆 1 kg 土壤), 其中每个取样天数分别设置 3 个重复样, 将对应的盆栽做好编号。每盆播种 30 粒大小均匀饱满的种子, 在种苗发芽后的第 0、5、10、15、20、25、30、35、40 d 分别将黑麦草从对应盆栽中取出, 采用抖落方法将每盆土壤(对应各取样天数)的根际土壤收集好(若土样量无法达到测试要求, 则使用小型铁锹刮取根系周围 <1 cm 范围的土壤), 用于土壤理化性质和根际真菌的测定。保留其中第 10、20、25、35 d 对应盆栽的黑麦草, 用于测定黑麦草根体系表形态学参数。由于施粪肥土壤中含有

大量残留抗生素, 会对土壤真菌产生一定影响^[11], 同时也利用固相萃取, HPLC-MS-MS 测定了 3 类 8 种抗生素(四环素、金霉素、强力霉素、磺胺二甲嘧啶、恩诺沙星、洛美沙星、环丙沙星、诺氟沙星)^[12]。

1.2 土壤微生物总 DNA 提取

称取 2 g 土壤样品, 经过液氮冷冻研磨后, 采用 Power Soil DNA isolation kit (MoBio Laboratories, Inc., Carlsbad, CA, U. S. A) 提取试剂盒提取土壤总 DNA。具体操作步骤参照试剂盒说明书。采用 Nanodrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, Wilmington, DE, U. S. A) 测定 DNA 浓度和纯度 (D_{260}/D_{280} 和 D_{260}/D_{230})。提取后的 DNA 样品在 -80℃ 条件下低温保存。

1.3 根际土壤真菌高通量测序

将土壤总 DNA 送上海天昊遗传分析中心进行高通量测序。土壤真菌测序引物为 ITS3F (5'-GCATCGATGAAGAACGCAGC-3') 和 ITS4R (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3')。对样本进行 ITS2 区的 PCR 扩增, 设置 3 个重复试验, 以标准的真菌基因组 DNA Mix 作为阳性对照。利用琼脂糖凝胶电泳检测扩增后的产物, 通过核酸纯化磁珠对扩增产物进行纯化, 得到一个样本的原始文库。然后, 对文库进行定量混合以及质量检测。本研究采用 MiSeq 平台, 2 × 250 bp 的双端测序策略对文库进行测序。使用 TrimGalore、FLASH2、Mothur 和 Usearch 软件对原始下机数据进行质量控制和过滤。按照 97% 的相似性对序列进行 OTU 聚类分析。使用 Mothur 软件的 classify_seqs 命令以及 UNITE 比对数据库, 找出与 OTU 序列相似度最高且可信度达 80% 以上的物种信息完成 OTU 的分类学注释。

1.4 数据分析

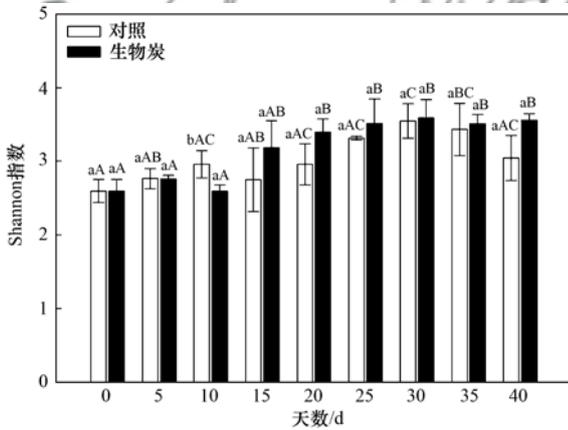
本研究中采用的 α 多样性指数用 Shannon 指数进行表征。方差分析是在 R (3.2.5) 中使用 multcomp 软件包完成的。通过使用 Cytoscape (3.4.0) 软件中 CoNet 插件构建微生物生态网络研究土壤真菌群落间的相互作用。分析步骤和网络参数选择参照顾静馨^[13]提供的操作指南。网络分析中, 选择 4 种相关分析方法, 即 Pearson correlation、Spearman correlation、Bray-Curtis dissimilarity 和 Kullback-Leibler dissimilarity, 并设置 1000 的起始连接数。然后, 采用 Benjamini-Hochberg 方法进行标准化处理相关系数, 即对原有假设检验得到的显著性 P 值 (P -value) 进行校正, 并最终采用校正后的 P

值, 保留 $P < 0.05$ 的相关 OTU 构建关联网。同时, 利用 NetworkAnalyzer 分析所得到的网络, 获得网络拓扑参数(网络节点数、连接数、聚集系数、网络直径、特征路径长度和网络密度等)表征真菌群落的分子生态网络结构的特征。采用 Mantel 检验分析方法评估植物根系、土壤环境条件、抗生素等因子对土壤真菌群落的影响, Mantel 检验在 R (3.2.5) 中使用 ecodist 软件包完成。

2 结果与分析

2.1 土壤真菌群落多样性分析

本研究共对 54 个样本进行真菌 ITS2 区高通量测序分析, 每个样本获得的序列数范围为 44941 ~ 98438 reads。各样品文库的覆盖率均达到 98% 以上, 所以样本中绝大多数序列均可被测出, 因此本次测序结果可以代表样本的真实情况。通过计算土壤真菌 α 多样性指数(图 1), 比较发现, 同一采样时间不添加生物炭的对照组与添加生物炭处理之间差异并不大, 除第 10 d 外, 其余处理之间均无显著性差异。整体的变化趋势呈现出后期(30 ~ 40 d)的真菌 α 多样性显著高于前期(0 ~ 10 d, $P < 0.05$)。



不同小写字母表示同一采样时间不同处理间差异显著 ($P < 0.05$), 不同大写字母表示同一处理不同采样时间差异显著 ($P < 0.05$)

图 1 土壤真菌群落 Shannon 指数

Fig. 1 Shannon index of the soil fungal communities

门类级别下不同处理间土壤真菌类群分布如图 2 所示, 主要类群为子囊菌门(Ascomycota, 59.64% ~ 84.80%)、担子菌门(Basidiomycota, 1.90% ~ 5.87%)和接合菌门(Zygomycota, 4.34% ~ 16.11%)。在土壤中添加生物炭之后, 真菌类群分布明显改变, 子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)的相对丰度分别在采样的第 35 d 和第 30 d 显著降低($P < 0.05$)。

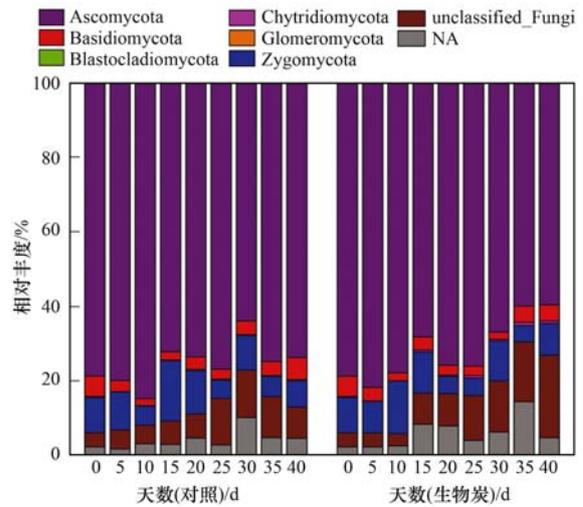


图 2 门类级别下土壤真菌类群分布

Fig. 2 Taxonomic composition of soil fungal communities by different treatments at phylum level

2.2 土壤真菌群落网络分析

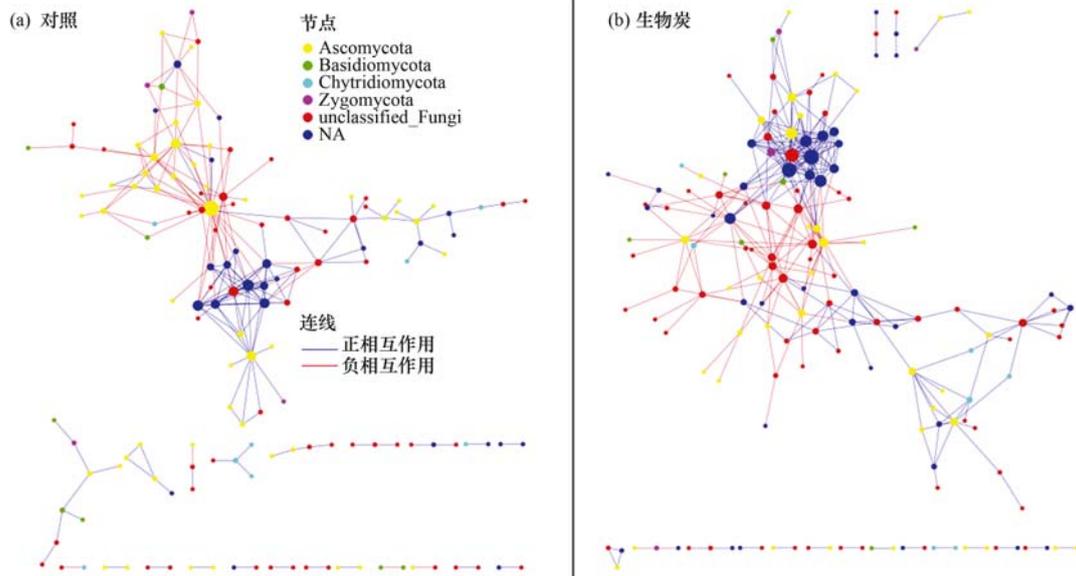
为了进一步探究土壤真菌群落种间的相互作用, 基于显著相关性构建添加生物炭处理和不添加生物炭的对照处理的土壤真菌群落的分子生态网络(图 3), 并对真菌网络的基本拓扑性质进行了分析(表 1)。结果表明, 节点之间的连接主要是正相关的连接。与不添加生物炭的对照组相比, 施加生物炭之后的网络结构更为复杂, 节点数、连接数、聚集系数和网络密度均增加。尤为重要的是, 添加生物炭相比于不添加生物炭的对照处理显著增加了群落之间的积极联系($P < 0.05$)。

表 1 对照和生物炭处理下土壤真菌群落的分子生态网络的拓扑性质

Table 1 Topological parameters of the fungal networks from the control and biochar soil treatments

项目	对照	生物炭
节点数	146	159
正连接数	130	219
负连接数	88	100
聚集系数	0.176	0.207
网络直径	12	10
特征路径长度	4.176	4.133
网络密度	0.021	0.025

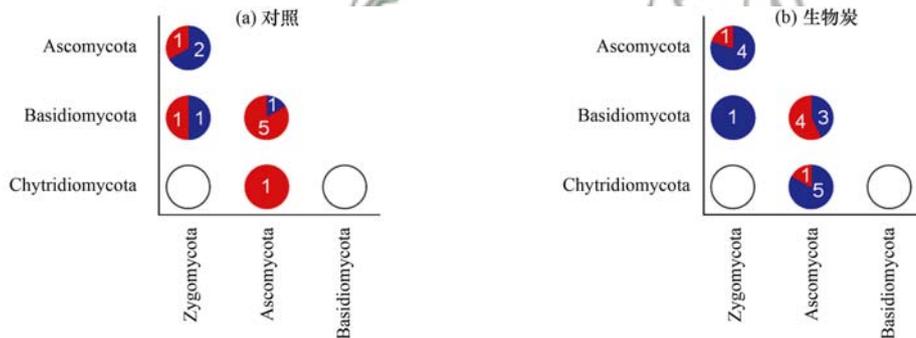
为了评估主要的真菌门类之间的潜在相互作用, 计算了真菌门类相互之间的连接数(图 4)。不添加生物炭的对照处理中, 子囊菌门(Ascomycota)丰度主要与担子菌门(Basidiomycota)和壶菌门(Chytridiomycota)丰度呈显著负相关关系($P < 0.05$)。然而, 施加生物炭的处理中, 子囊菌门



每个节点表示一个真菌的 OTU，每个节点的大小与度数成正比；蓝色连线表示节点间的正相互作用，红色连线表示节点间的负相互作用

图 3 对照和生物炭处理下土壤真菌的网络相互作用

Fig. 3 Network interactions of fungal OTUs in the control and biochar soil samples



蓝色表示正相互作用，红色表示负相互作用，白色表示无显著关联

图 4 对照和生物炭处理下真菌网络中门类之间联系的饼状图

Fig. 4 Number of associations among fungal phyla in the networks

(Ascomycota) 丰度倾向于与壶菌门 (Chytridiomycota) (共 6 个连接数中占 5 个正连接数) 和接合菌门 (Zygomycota) (共 5 个连接数中占 4 个正连接数) 存在显著的积极联系 ($P < 0.05$)。总之，在土壤中施加生物炭之后，真菌门类之间积极的相互作用更加显著。

2.3 环境因素对真菌群落结构的影响

为了确定在添加生物炭的处理和不添加生物炭的对照处理中植物根系、土壤 pH、土壤微量元素、土壤物理结构和抗生素这 5 种环境因素对真菌丰度和真菌间相互作用 (网络正连接数/负连接数) 的影响以及植物根系与其他环境因子之间的相关性，进行了 Mantel 检验分析 (表 2 和表 3)。分析结果显示，植物根系显著影响真菌丰度和真菌间的相互作

用，特别是在施加生物炭的处理中影响尤为强烈 ($r = 0.402, P = 0.001$; $r = 0.265, P = 0.001$)。相比于不添加生物炭的对照处理，施加生物炭之后，植物根系对土壤微量元素 ($r = 0.179, P = 0.001$)、土壤物理结构 ($r = 0.466, P = 0.001$) 和抗生素 ($r = 0.120, P = 0.009$) 的影响稍弱，但对土壤 pH ($r = 0.169, P = 0.002$) 的影响显著增强。土壤 pH 对真菌间相互作用的影响显著增强 ($r = 0.310, P = 0.001$)，但对真菌丰度的影响显著降低 ($r = 0.136, P = 0.008$)。此外，随着生物炭的添加，土壤物理结构对真菌丰度 ($r = 0.198, P = 0.002$) 和真菌间相互作用 ($r = 0.086, P = 0.049$) 的影响变得显著了。在笔者的前期研究中发现，添加生物炭后，土壤中抗生素消减速率显著提高^[12]。在本研究中，添加生

物炭前后, 土壤中抗生素的消减对真菌丰度变化影响均不显著. 而添加生物炭后, 由于抗生素消减速率明显提高, 真菌间相互作用会显著增强 ($r = 0.138, P = 0.041$).

表 2 环境因子与真菌丰度和相互作用的 Mantel 检验分析¹⁾

Table 2 Mantel test results to discern the correlation between environmental factors and fungal abundance and interaction

项目	环境因子	真菌丰度		真菌间相互作用	
		<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>
对照	植物根系	0.258	0.001	0.099	0.039
	土壤 pH	0.301	0.001	0.085	0.120
	土壤微量元素	0.078	0.062	0.056	0.111
	土壤物理结构	0.048	0.228	-0.140	0.998
	抗生素	0.030	0.353	-0.165	0.999
生物炭	植物根系	0.402	0.001	0.265	0.001
	土壤 pH	0.136	0.008	0.310	0.001
	土壤微量元素	0.062	0.138	-0.093	0.955
	土壤物理结构	0.198	0.002	0.086	0.049
	抗生素	0.127	0.051	0.138	0.041

1) 黑体字表示差异显著 ($P < 0.05$), 下同

表 3 植物根系与环境因子之间相关性的 Mantel 检验分析¹⁾

Table 3 Mantel test results to discern the correlation between plant root and environmental factors

植物根系	土壤 pH		土壤微量元素		土壤物理结构		抗生素	
	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>
对照	0.074	0.089	0.494	0.001	0.582	0.001	0.492	0.001
生物炭	0.169	0.002	0.179	0.001	0.466	0.001	0.120	0.009

3 讨论

3.1 真菌网络结构的变化

在本研究中, 通过构建分子生态网络, 探讨了添加生物炭处理和不添加生物炭的对照处理下土壤真菌之间的相互作用(图 3). 一般来说, 随着生态系统中可用资源的增多, 生态系统的结构也会变得更为复杂^[14], 这与本研究的结果是一致的, 相比不添加生物炭的对照组, 在施加生物炭处理中真菌之间的联系更多(图 3 和表 1). 这可能与生物炭的添加促进了植物根系的生长有关. 生物炭能够改变根际间的微生物与植物之间的联系, 影响土壤有益微生物与土壤传播的病原菌之间的竞争, 并触发植物系统对土壤传播的病原菌进行防御, 从而有益于植物的生长^[15]. 在添加了生物炭之后, 植物根系是影响真菌间相互作用的主要因素 ($r = 0.265, P = 0.001$, 表 2). 植物根系带来了根际真菌数量的增加, 增加的这些根际真菌可能通过改变养分循环和有机物质的分解重新分配资源, 进而改变了网络关系^[16]. 另外, 真菌之间的联系变多也可能是由于生物炭的添加一定程度上改善了土壤物理结构, 使得土壤孔隙度要优于不添加生物炭的对照组, 从而导致了养分矿化速度加快^[17], 土壤中真菌的活性增强. 而土壤物理结构的改善显著影响了真菌间的相

互作用 ($r = 0.086, P = 0.049$, 表 2). 同时, 生物炭可以通过吸附在生物炭颗粒上的营养物质和离子为土壤真菌的生长提供养分来源^[15]. Zhang 等^[18]的研究表明, 真菌能够定植含有较高的有机碳, 碳氮比和总氮的土壤大团聚体 ($> 200 \mu\text{m}$). 生物炭的应用, 能够促进大团聚体的形成, 因而有利于真菌的生长. Gibson 等^[19]发现老化生物炭中表面官能团的变化改变了酶和底物的吸附能力, 从而影响酶的活性. 例如, 在生物炭非生物老化过程中, 芳香炭的氧化和脂肪族碳氢基团的引入, 改善了漆酶和过氧化物酶的活性, 增强了真菌的呼吸, 提高了真菌的活性, 从而影响真菌群落间的关系.

添加生物炭的处理相比于不添加生物炭的对照处理, 显著增加了真菌群落之间的积极联系 ($P < 0.05$, 表 1). 而且, 真菌的主要类群子囊菌门 (Ascomycota) 分别与壶菌门 (Chytridiomycota) 和接合菌门 (Zygomycota) 也呈现出显著积极的相关性 ($P < 0.05$; 图 4). 这一现象可能与生物炭的多孔性和表面特性有关. 生物炭的这种性质为土壤真菌生长与繁殖提供了良好的栖息环境, 减少了真菌之间的生存竞争^[3]. Quilliam 等^[20]的研究表明, 生物炭的孔隙能更好地保护真菌免受竞争者的影响. Abel 等^[21]的研究发现, 生物炭可以通过改善土壤的物理性质来改变微生物的栖息地, 进而促进微生物间

的合作关系,而合作关系可使土壤资源得到更好地利用^[9]。另外生物炭的添加增加了土壤 pH 也可能是造成这一结果的原因^[12]。在生物炭处理中, pH 是影响真菌种间关系的关键因素($r = 0.310$, $P = 0.001$, 表 2), Nielsen 等^[22]的研究表明,在添加生物炭后,土壤 pH 值增加了 0.2~0.3 个单位,土壤 pH 与土壤中的其他化学变量(如总碳含量、总氮含量、电导率等)相比,可能是影响土壤微生物群落的主要因素。Shi 等^[23]发现环境条件的变化(土壤 pH 和温度等)能够影响微生物生态网络。然而,生态网络分析技术是一种基于数学模型分析生态系统中内在作用关系的方法,存在一定的局限性,未来还需要通过室内试验验证^[24]。

3.2 影响真菌群落结构的机制

本研究通过对添加生物炭的处理和不添加生物炭的对照处理进行 Mantel 分析(表 2 和表 3),结果显示植物根系通过本身的直接作用以及对土壤 pH、土壤微量元素、土壤物理结构、抗生素的间接作用影响真菌的丰度和真菌间的相互作用。植物根系在真菌的丰度和真菌间相互作用中起决定作用。可能与植物根系对根际土壤周围真菌生长的直接或间接的(通过显著影响土壤微量元素、土壤物理结构和抗生素)促进有关。当土壤添加生物炭之后,植物根系对于真菌的丰度和真菌间相互作用的直接影响显著变强($r = 0.402$, $P = 0.001$; $r = 0.265$, $P = 0.001$)。这可能由于生物炭的添加有利于植物根系的生长。生物炭添加到土壤中可以增加土壤有机碳的含量,提高土壤有效性营养元素的含量,从而促进植物生长^[25]。正如 Xu 等^[26]的报道,生物炭可以通过改善土壤化学条件和改变营养物质的可用性来提高作物产量。同时,生物炭可以通过影响土壤中的根际真菌直接影响植物的生长^[3]。据许多学者研究,土壤中添加生物炭,可有效防止病害真菌感染植物,从而间接地促进植物的生长发育。Elad 等^[27]发现,生物炭的应用成功诱导了辣椒和西红柿植物对两种叶面真菌性病原菌的抗性。Grabner 等^[28]也发现生物炭中的一部分挥发性有机物可以对土壤微生物病原菌产生直接的毒害作用,对植物的生长发育起到保护作用。这也再次印证了前面所述的生物炭的添加促进了植物根系的生长的假设。此外,相比于不添加生物炭的对照组,添加了生物炭的处理中,土壤物理结构对于真菌的丰度的影响变得显著了($P = 0.002$),土壤 pH,土壤物理结构,抗生素对真菌种间关系的影响变得显著了($P < 0.05$)。这

可能与生物炭对土壤 pH 及土壤物理结构的改善有关^[15]。土壤中的抗生素极易被植物吸收积累,某些植物对土霉素等抗生素的吸收可能涉及主动吸收机理,但具体的吸收富集机理还有待进一步研究^[29]。国内外有不少学者研究生物炭施用对土壤中抗生素吸附行为的影响,结果表明生物炭的应用明显降低了土壤中有效态抗生素含量,改变了土壤中微生物结构和功能代谢^[30,31]。Liang 等^[12]发现添加了生物炭的处理相对于不添加生物炭的对照处理对于抗生素的消减效果更好,因此,添加生物炭后,土壤中抗生素的迅速消减显著促进了真菌种间关系的改善,有利于真菌合作关系的增强。

4 结论

利用高通量测序技术,分析了添加生物炭对施粪肥土壤中真菌群落结构以及种间的相互作用关系的影响。本研究表明生物炭的应用显著影响了植物根系和土壤环境变量,导致土壤真菌 α 多样性的轻微变化;增加了土壤真菌之间的网络相互作用,显著加强了积极联系。未来需要进一步开展田间试验,揭示田间条件下生物炭对土壤根际真菌的影响,并通过模式菌群构建,验证分子生态网络。

参考文献:

- [1] Miao C P, Mi Q L, Qiao X G, et al. Rhizospheric fungi of Panax notoginseng: diversity and antagonism to host phytopathogens [J]. Journal of Ginseng Research, 2016, 40(2): 127-134.
- [2] 徐文静,靳晓东,杨秋生. 植物根际微生物的影响因素研究进展[J]. 河南农业科学, 2014, 43(5): 6-12.
Xu W J, Jin X D, Yang Q S. Research progress on factors influencing plant rhizosphere microorganism [J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2014, 43(5): 6-12.
- [3] 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.
- [4] Yamato M, Okimori Y, Wibowo I F, et al. Effects of the application of charred bark of *Acacia mangium* on the yield of maize, cowpea and peanut, and soil chemical properties in South Sumatra, Indonesia [J]. Soil Science and Plant Nutrition, 2006, 52(4): 489-495.
- [5] Warnock D D, Lehmann J, Kuyper T W, et al. Mycorrhizal responses to biochar in soil—concepts and mechanisms [J]. Plant and Soil, 2007, 300(1-2): 9-20.
- [6] Deng Y, Jiang Y H, Yang Y F, et al. Molecular ecological network analyses [J]. BMC Bioinformatics, 2012, 13(1): 113.
- [7] Jiang Y J, Li S Z, Li R P, et al. Plant cultivars imprint the rhizosphere bacterial community composition and association networks [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2017, 109: 145-155.
- [8] Toju H, Yamamoto S, Tanabe A S, et al. Network modules and

- hubs in plant-root fungal biomes[J]. *Journal of the Royal Society Interface*, 2016, **13**(116): 20151097.
- [9] Toju H, Kishida O, Katayama N, *et al.* Networks depicting the fine-scale co-occurrences of fungi in soil horizons[J]. *PLoS one*, 2016, **11**(11): e0165987.
- [10] 赵慧慧, 肖娴, 裴孟, 等. 长期石油污染对盐碱化土壤中微生物群落分子生态网络的影响[J]. *环境科学*, 2016, **37**(9): 3582-3589.
- Zhao H H, Xiao X, Pei M, *et al.* Effect of long-term oil contamination on the microbial molecular ecological networks in saline-alkali soils[J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(9): 3582-3589.
- [11] Hammesfahr U, Heuer H, Manzke B, *et al.* Impact of the antibiotic sulfadiazine and pig manure on the microbial community structure in agricultural soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, **40**(7): 1583-1591.
- [12] Liang Y T, Pei M, Wang D D, *et al.* Improvement of soil ecosystem multifunctionality by dissipating manure-induced antibiotics and resistance genes[J]. *Environmental Science & Technology*, 2017, **51**(9): 4988-4998.
- [13] 顾静馨. 土壤微生物生态网络的构建方法及其比较[D]. 扬州: 扬州大学, 2015. 11-12.
- Gu J X. The methods of constructing soil microbial ecological network and its comparison [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2015. 11-12.
- [14] Zhou J Z, Deng Y, Luo F, *et al.* Functional molecular ecological networks[J]. *mBio*, 2010, **1**(4): e00169.
- [15] Zhu X M, Chen B L, Zhu L Z, *et al.* Effects and mechanisms of biochar-microbe interactions in soil improvement and pollution remediation: a review[J]. *Environmental Pollution*, 2017, **227**: 98-115.
- [16] De Menezes A B, Richardson A E, Thrall P H. Linking fungal-bacterial co-occurrences to soil ecosystem function[J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2017, **37**: 135-141.
- [17] 武玉, 徐刚, 吕迎春, 等. 生物炭对土壤理化性质影响的研究进展[J]. *地球科学进展*, 2014, **29**(1): 68-79.
- Wu Y, Xu G, Lü Y C, *et al.* Effects of biochar amendment on soil physical and chemical properties: current status and knowledge gaps[J]. *Advances in Earth Science*, 2014, **29**(1): 68-79.
- [18] Zhang Q, Zhou W, Liang G Q, *et al.* Distribution of soil nutrients, extracellular enzyme activities and microbial communities across particle-size fractions in a long-term fertilizer experiment[J]. *Applied Soil Ecology*, 2015, **94**: 59-71.
- [19] Gibson C, Berry T D, Wang R Z, *et al.* Weathering of pyrogenic organic matter induces fungal oxidative enzyme response in single culture inoculation experiments [J]. *Organic Geochemistry*, 2016, **92**: 32-41.
- [20] 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.
- [21] Abel S, Peters A, Trinks S, *et al.* Impact of biochar and hydrochar addition on water retention and water repellency of sandy soil[J]. *Geoderma*, 2013, **202-203**: 183-191.
- [22] Nielsen S, Minchin T, Kimber S, *et al.* Comparative analysis of the microbial communities in agricultural soil amended with enhanced biochars or traditional fertilisers [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2014, **191**: 73-82.
- [23] Shi S, Nuccio E E, Shi Z J, *et al.* The interconnected rhizosphere: High network complexity dominates rhizosphere assemblages[J]. *Ecology Letters*, 2016, **19**(8): 926-936.
- [24] Jiang Y J, Liu M Q, Zhang J B, *et al.* Nematode grazing promotes bacterial community dynamics in soil at the aggregate level[J]. *The ISME Journal*, 2017, **11**(12): 2705-2717.
- [25] 吴涛, 冯歌林, 曾珍, 等. 生物质炭对盆栽黑麦草生长的影响及机理[J]. *土壤学报*, 2017, **54**(2): 525-534.
- Wu T, Feng G L, Zeng Z, *et al.* Effect of biochar addition on ryegrass growth in a pot experiment and its mechanism[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2017, **54**(2): 525-534.
- [26] Xu H J, Wang X H, Li H, *et al.* Biochar impacts soil microbial community composition and nitrogen cycling in an acidic soil planted with rape [J]. *Environmental Science & Technology*, 2014, **48**(16): 9391-9399.
- [27] Elad Y, David D R, Harel Y M, *et al.* Induction of systemic resistance in plants by biochar, a soil-applied carbon sequestering agent[J]. *Phytopathology*, 2010, **100**(9): 913-921.
- [28] Graber E R, Harel Y M, 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.
- [29] 赵方凯, 杨磊, 乔敏, 等. 土壤中抗生素的环境行为及分布特征研究进展[J]. *土壤*, 2017, **49**(3): 428-436.
- Zhao F K, Yang L, Qiao M, *et al.* Environmental behavior and distribution of antibiotics in soils: a review[J]. *Soils*, 2017, **49**(3): 428-436.
- [30] Vithanage M, Rajapaksha A U, Zhang M, *et al.* Acid-activated biochar increased sulfamethazine retention in soils [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2015, **22**(3): 2175-2186.
- [31] 轩盼盼, 唐翔宇, 鲜青松, 等. 生物炭对紫色土中氟喹诺酮吸附-解吸的影响[J]. *中国环境科学*, 2017, **37**(6): 2222-2231.
- Xuan P P, Tang X Y, Xian Q S, *et al.* Effects of biochar on adsorption-desorption of fluoroquinolones in purple soil [J]. *China Environmental Science*, 2017, **37**(6): 2222-2231.

CONTENTS

Emissions Inventory and Characteristics of NO _x from Cement Industry	JIANG Chun-lai, SONG Xiao-hui, ZHONG Yue-zhi, <i>et al.</i> (4841)
Emissions Inventory of Smoldering Chinese Kangs and Their Contribution to PM _{2.5} Pollution in Lanzhou City	GUO Wen-kai, LIU Xiao, ZHU Yu-fan, <i>et al.</i> (4849)
Size Distributions of Water-soluble Components in Ambient Aerosol of Beijing	DU Xiang, ZHAO Pu-sheng, SU Jie, <i>et al.</i> (4858)
Size Distribution Characteristics of Water-Soluble Inorganic Ions During Summer and Autumn in Zhengzhou	ZHAO Qing-yan, JIANG Nan, YAN Qi-she, <i>et al.</i> (4866)
Diurnal Variation of Dicarboxylic Acids and Related SOA in PM _{2.5} from Heze City in Winter	MENG Jing-jing, LIU Xiao-di, HOU Zhan-fang, <i>et al.</i> (4876)
Chemical Source Profiles of PM Emitted from the Main Processes of the Iron and Steel Industry in China	WEN Jie, YANG Jia-mei, LI Pu, <i>et al.</i> (4885)
VOCs Emission Inventory of Anthropogenic Sources in Jiaxing	HAO Huan, WAN Mei, RONG Yu, <i>et al.</i> (4892)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of VOCs in Areas Surrounding a Petrochemical Park in Shanghai	SHENG Tao, CHEN Xiao-jia, GAO Song, <i>et al.</i> (4901)
Characteristics of Bioaerosols Emitted from WWTP with SBR Treatment Process	YANG Kai-xiong, HOU Hong-xun, WANG Ying-zhe, <i>et al.</i> (4909)
Response of Chromophoric Dissolved Organic Matter Composition to Different Hydrological Scenarios in Large Eutrophic Lake Taihu	SHI Yu, ZHOU Yong-qiang, ZHANG Yun-lin, <i>et al.</i> (4915)
Spatial and Temporal Dynamics of Floating Algal Blooms in Lake Chaohu in 2016 and Their Environmental Drivers	HU Min-qi, ZHANG Yu-chao, MA Rong-hua, <i>et al.</i> (4925)
Dynamic Changes of Nitrogen-Transforming and Phosphorus-Accumulating Bacteria Along with the Formation of Cyanobacterial Blooms	PENG Yu-ke, LU Jun-ling, CHEN Hui-ping, <i>et al.</i> (4938)
Impact of Mainstream Backwater on the Water Environment of the Tributaries of the Three Gorges Reservoir at Low Water Level	CHEN Zi-juan, SONG Xian-fang, ZHANG Ying-hua, <i>et al.</i> (4946)
Effect of Silver Nanoparticles on Denitrification and Functional Gene Abundances of Sediment in Dagu River Estuary and Northwest of Jiaozhou Bay	BAI Jie, TIAN Yan-zhao, SUN Peng-fei, <i>et al.</i> (4956)
Spatial Difference and Causes Analysis of the δ ¹⁵ N of Suspended Particulate Matter in the Lancang River Basin	TANG Yong-chun, XU Piao, YANG Zheng-jian, <i>et al.</i> (4964)
Vertical Spatial Distribution of Denitrification Intensity in the Vadose Zone of Typical Sections of Chaobai River Alluvial Fan	GENG Hong-zhi, HUAN Huan, LI Ming-xiao, <i>et al.</i> (4972)
Major Ionic Features and Possible Controls in the Groundwater in the Hamatong River Basin	ZHANG Tao, HE Jin, LI Jing-jie, <i>et al.</i> (4981)
Concentration Variations and Flux Estimation of Dissolved Carbon in Karst Spring of a Typical Karst Area	XIONG Bai-lian, ZHANG Jin-zhong, PENG Tao, <i>et al.</i> (4991)
Effect of Different Multi-pond Network Landscape Structures on Nitrogen Retention Over Agricultural Watersheds	LI Yu-feng, LIU Hong-yu, LIU Jun-zhi, <i>et al.</i> (4999)
Characteristics of Phthalic Acid Esters Pollution in Urban Surface Runoff in Shanghai, China	LIU Yu-tong, LI Tian, PENG Hang-yu (5007)
Impacts of Vegetation on Hydrological Performances of Green Roofs Under Different Rainfall Conditions	GE De, ZHANG Shou-hong (5015)
Adsorption of Phosphate from Aqueous Solutions on Sediments Amended with Magnetite-Modified Zeolite	WANG Dan-he, ZHANG Hong-hua, LIN Jian-wei, <i>et al.</i> (5024)
Reduction and Oxidation of Mercury by Dissolved Organic Matter Under Anaerobic Conditions	BIAN Yong-rong, GU Bao-hua, ZHU Bo, <i>et al.</i> (5036)
Photo-assisted Degradation of Sulfamethazine by Ferrocene-catalyzed Heterogeneous Fenton-like System	ZHANG Biao-jun, ZHAO Yao-yun-chuan, FANG Qi, <i>et al.</i> (5043)
N ₂ O Production Pathways in Partial Nitrification Based on Isotope Technology	YANG Yu-bing, YANG Qing, LI Yang, <i>et al.</i> (5051)
Effect of Substrate Ratio on Removal of Nitrogen and Carbon Using Anaerobic Ammonium Oxidation and Denitrification	AN Fang-jiao, HUANG Jian-ming, HUANG Li, <i>et al.</i> (5058)
Simultaneous Nitrogen and Phosphorus Removal Characteristics of An Anaerobic/Aerobic Operated SPNDPR System Treating Low C/N Urban Sewage	YU De-shuang, YUAN Meng-fei, WANG Xiao-xia, <i>et al.</i> (5065)
Lab-scale SNAD Process in Wastewater Treatment Plant	LI Dong, CUI Ya-qian, ZHAO Shi-xun, <i>et al.</i> (5074)
Effect of Salinity on Nitrogen Removal Performance of a Pilot-scale Anaerobic Ammonia Oxidation Process and Its Recovery Kinetics	TANG Jia-jia, YU De-shuang, WANG Xiao-xia, <i>et al.</i> (5081)
Suppression and Recovery Characteristics of Pilot-scale ANAMMOX-ASBR System Treating Desulfurization and Denitrification Tailings from Thermal Power Plant	ZHANG Jun, YU De-shuang, WANG Xiao-xia, <i>et al.</i> (5090)
Impact of C/N Ratio on Nitrogen Removal Performance and N ₂ O Release of Granular Sludge CANON Reactor	FU Kun-ming, JIANG Shan, SU Xue-ying, <i>et al.</i> (5101)
Impacts of Sludge Characteristics on Anaerobic Digestion with Microwave Pretreatment and Archaeal Community Structure Analysis	FANG Ping, TANG An-ping, FU Xing-min, <i>et al.</i> (5108)
Determination of Heavy Metal Baseline Values and Analysis of Its Accumulation Characteristics in Agricultural Land in Chongqing	WU Fu-lin, CHEN Li, YI Ting-hui, <i>et al.</i> (5116)
Characteristics of Organochlorine Pesticides (OCPs) in Soil Samples of Hanjiang River Basin, Southeast China	LIU Jia, DING Yang, QI Shi-hua, <i>et al.</i> (5127)
Occurrence and Distribution of the Organophosphate Esters in Soils of Mixed-land Use Area in Chongqing City	YANG Zhi-hao, HE Ming-jing, YANG Ting, <i>et al.</i> (5135)
Degradation of α-HCH in Soil Washing Solutions with nZVI and CaO ₂	YAO Jing-bo, ZHOU Jie, WANG Ming-xin, <i>et al.</i> (5142)
Microbial Communities in Soils of Qingshuitang Industrial District in Zhuzhou	SHEN Li, LI Zhen-hua, ZENG Wei-min, <i>et al.</i> (5151)
Effect of Biochar Addition on the Diversity and Interaction of Rhizosphere Fungi in Manure-fertilized Soil	WANG Dan-dan, YANG Ze-ping, ZHAO Yuan, <i>et al.</i> (5163)
Effects of Returning Nitrogen by Biochar Loading on Paddy Growth, Root Morphology, and Nitrogen Use Efficiency	YU Ying-liang, WANG Yue-man, HOU Peng-fu, <i>et al.</i> (5170)
Effect of Particulate Organic Matter on Cadmium Uptake and Transport in Rice	GUO Yi-xuan, ZHAO Xiu-lan (5180)
Effect of Fertilizers on Cadmium Uptake and Accumulation by Sunflowers	CAO Liu, YANG Jun-xing, GUO Jin-jun, <i>et al.</i> (5189)
Accumulation of Heavy Metals in Different Rice Varieties	LIN Xiao-bing, ZHOU Li-jun, WANG Hui-ming, <i>et al.</i> (5198)
Intercropping <i>Arundo donax</i> with Woody Plants to Remediate Heavy Metal-Contaminated Soil	ZENG Peng, GUO Zhao-hui, XIAO Xi-yuan, <i>et al.</i> (5207)
Daily Variation of CO ₂ Flux at Water-Air Interface and Analysis of Its Affecting Factors in a Typical River of the Three Gorges Reservoir	LUO Jia-chen, LI Si-yue (5217)
CH ₄ Emissions Characteristics and Its Influencing Factors in an Eutrophic Lake	SHANG Dong-yao, XIAO Qi-tao, HU Zheng-hua, <i>et al.</i> (5227)
Short-term Effects of Different Grazing Intensities on Greenhouse Gas Fluxes in Semi-arid Grassland	SHEN Yan, SUN Jian-ping, LUO Yu-kun, <i>et al.</i> (5237)
Effects of Plastic Film Mulching Patterns and Irrigation on Yield of Summer Maize and Greenhouse Gas Emissions Intensity of Field	LUO Xiao-qi, ZHANG A-feng, CHEN Hai-xin, <i>et al.</i> (5246)
Effects of Elevated Ozone on Biogenic Volatile Organic Compounds (BVOCs) Emission: A Review	FENG Zhao-zhong, YUAN Xiang-yang (5257)
Research Progress on the Sources of Inorganic Nitrogen Pollution in Groundwater and Identification Methods	DU Xin-qiang, FANG Min, YE Xue-yan (5266)
Mechanisms and Influencing Factors of Antibiotic Removal in Sewage Biological Treatment	ZHANG Xiang-yu, LI Ru-ying, JI Min (5276)