

方知库  
Eco-Environmental  
Knowledge Web

# 环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV  
HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心  
■ 出版 科学出版社



2020

Vol.41 No.9  
第41卷 第9期

目次

2020年天津市两次重污染天气污染特征分析.....肖致美,徐虹,蔡子颖,李鹏,刘彬,元洁,郑乃源,唐逊,陈魁,邓小文(3879)

基于高分辨率MARGA分析成都市PM<sub>2.5</sub>中水溶性离子污染特征.....尹寒梅,陈军辉,冯小琼,姜涛,钱骏,刘政(3889)

宿迁市PM<sub>2.5</sub>中水溶性无机离子的季节特征和来源分析.....  
.....马红璐,赵欣,陆建刚,王辉,许纯领,欧阳琰,朱新胜,殷堂兵,漆丹,陆亚秋,汪玖阳,陆声兴(3899)

鼎湖山大气颗粒物中OC与EC的浓度特征及粒径分布.....李安娜,温天雪,华维,杨员,孟泽,胡波,辛金元(3908)

鞍山市道路扬尘碳组分特征及来源解析.....林孜,姬亚芹,林宇,国纪良,马妍,赵静琦(3918)

西安市冬季PM<sub>2.5</sub>中WSOC的光谱特性和来源解析.....杨毅,张亚楠,刘焕武,田萍萍,李亚飞,雷颖,王一博(3924)

长三角地区气溶胶光学性质与新粒子生成观测.....  
.....杜盈盈,陈军,张家洛,甘桂城,刘瑜存,苏明旭,楼晟荣,周敏,陶士康,乔利平(3932)

连云港市挥发性有机化合物的组分特征及来源解析.....崔金梦,王体健,李秋潼,董立文,黄丛吾,曹云擎(3941)

成都市城区大气VOCs季节污染特征及来源解析.....王成辉,陈军辉,韩丽,徐晨曦,王波,李英杰,刘政,钱骏(3951)

德州市夏季臭氧敏感性特征及减排方案.....严茹莎(3961)

超低改造下中国火电排放清单及分布特征.....屈加豹,王鹏,伯鑫,薛晓达,董广霞,崔磊,康明雄,王彤,汤铃,朱法华,李时蓓(3969)

浙江省人为源氨排放清单建立及分布特征.....赵睿东,于兴娜,侯新红,沈丽(3976)

垃圾焚烧烟气中二噁英控制技术的评估与筛选.....赵思岚,奚鹏飞,郭凤艳,邓双,贾建丽(3985)

兰州市两场典型降水事件稳定同位素特征及其水汽来源.....韩婷婷,张明军,王圣杰,杜勤勤,马转转,郭蓉,曹晏风(3993)

然乌湖流域地表水水化学特征及控制因素.....张涛,王明国,张智印,刘廷,何锦(4003)

河套灌区地下水化学演变特征及形成机制.....崔佳琪,李仙岳,史海滨,孙亚楠,安海军,邢进平(4011)

石期河流域地下水化学特征及物质来源分析.....李笑,于爽,李亮,郭永丽(4021)

长江中下游湖泊水体氮磷时空变化特征及其影响因素.....季鹏飞,许海,詹旭,朱广伟,邹伟,朱梦圆,康丽娟(4030)

2016~2017年长荡湖流域湖库系统营养盐时空分布机制分析.....李新艳,李恒鹏,姜三元,马培,赖锡军,邓建才,陈东强,耿建伟(4042)

菹草对湖泊水质及浮游植物群落结构的影响.....康丽娟,许海,邹伟,朱广伟,朱梦圆,季鹏飞,陈洁(4053)

金泽水库库区细菌群落构建过程与关键驱动因子分析.....刘明坤,童俊,朱慧峰,白晓慧(4062)

典型氟工业园周边河流沉积物中全(多)氟化合物的分布特征.....孙琳婷,赵祯,唐建辉(4069)

微塑料对河水抗生素抗性基因的影响.....周昕原,王言仔,苏建强,黄福义(4076)

莲花水库水体中抗生素污染特征及生态风险评价.....廖杰,魏晓琴,肖燕琴,李青松,范洪勇,刘学军,庄马展,刘超翔(4081)

拟柱胞藻生长及碱性磷酸酶活性对不同磷浓度和磷形态响应的株系间差异.....叶金梅,赵莉,罗旭,彭亮,雷腊梅(4088)

奶水河湿地植物作用及调水水质响应模拟.....李亚娟,杜彦良,毕二平,王亮,陈翠柏(4095)

浅基质层干植草沟运行效果的现场实验.....张佳炜,李田,张庭秀(4105)

海绵城市地块汇水区颗粒污染物的传输.....李佳,谢文霞,姜智绘,单溪环,廖云杰,赵洪涛,李叙勇(4113)

天然黄铁矿吸附去除水中Sb(V):性能与机制.....石松,吴乾元,李新正,黄满红(4124)

过硫酸盐氧化处理含砷磷酸废水.....章晋门,卢钧,刘晓琛,陈泉源(4133)

温度对城市污水厌氧生物滤池运行效果与菌群结构的影响.....刘智斌,刘秀红,周桐,章世勇,李健敏,杨庆(4141)

ABR-MBR耦合工艺启动及优化反硝化除磷性能.....缪新年,汪倩,郭凯成,刘文如,沈耀良(4150)

低温下全自养脱氮颗粒污泥适应低基质效能.....刘雨馨,王建芳,钱飞跃,陈倩苗,乔伟,沈聪(4161)

雄安新区土壤重金属地球化学监测关键问题探讨.....郭志娟,周亚龙,杨峥,赵传冬,成杭新,孔牧,彭敏(4169)

基于土壤重金属及PAHs来源的人体健康风险定量评价:以北京某工业污染场地为例.....  
.....吴志远,张丽娜,夏天翔,贾晓洋,李慧颖,王世杰(4180)

基于乡镇尺度的西南重金属高背景区土壤重金属生态风险评价.....  
.....张富贵,彭敏,王惠艳,马宏宏,徐仁廷,成晓梦,侯召雷,陈子万,李括,成杭新(4197)

云南兰坪铅锌矿区优势植物重金属富集特性及应用潜力.....张龙,张云霞,宋波,吴勇,周子阳(4210)

水培试验下水稻Pb吸收累积关键生育期.....胡雨丹,周航,辜娇峰,霍洋,邓鹏辉,魏宾缤,刘俊,廖柏寒(4218)

田间条件下养分调控八宝景天Cd修复效率.....郭俊梅,杨俊兴,杨军,郑国砥,周小勇,陈同斌,卞建林,孟晓飞,李玉峰(4226)

桉树枝条生物炭输入对桂北桉树人工林酸化土壤的作用效果.....  
.....段春燕,沈育伊,徐广平,滕秋梅,张德楠,何成新,张中峰,周龙武,孙英杰(4234)

秸秆直接还田和炭化还田对红壤酸度、养分和交换性能的动态影响.....杨彩迪,卢升高(4246)

土壤微生物群落结构对生活源和工业源再生水灌溉的差异化响应.....王燕,程东会,檀文炳,余红,席北斗,姜永海,党秋玲(4253)

粪肥和有机肥施用对稻田土壤微生物群落多样性影响.....理鹏,吴建强,沙晨燕,叶春梅,黄沈发(4262)

松花江下游沿江湿地土地利用变化对土壤细菌群落多样性的影响.....张拓,徐飞,怀宝东,杨雪,隋文志(4273)

黄土高原草地土壤细菌群落结构对于降水变化的响应.....李娜,王宝荣,安韶山,焦峰,黄倩(4284)

土地利用方式对会仙岩溶湿地土壤真菌群落和功能类群的影响.....程跃扬,靳振江,王晓彤,贾远航,袁武,周军波(4294)

黑土真菌群落互作及其与梯度有机质碳分子结构的关系.....尚秋彤,黄瑞林,倪浩为,隋跃宇,孙波,梁玉婷(4305)

贵州茂兰喀斯特森林不同演替下土壤真核微生物多样性.....王显,龙健,李娟,刘灵飞,廖洪凯,李宜蓉,杨睿(4314)

玉米秸秆生物炭固化细菌对镉砷吸附.....刘玉玲,朱虎成,彭鸥,李丹阳,杨蕊蕊,彭晶,铁柏清(4322)

无机态氮素转化机制及水土体氮源识别方法.....梁杏,孙立群,张鑫,张洁,付鹏宇(4333)

《环境科学》征订启事(4061) 《环境科学》征稿简则(4132) 信息(4233, 4293, 4304)

# 土地利用方式对会仙岩溶湿地土壤真菌群落和功能类群的影响

程跃扬<sup>1</sup>, 靳振江<sup>1,2,3\*</sup>, 王晓彤<sup>1</sup>, 贾远航<sup>1</sup>, 袁武<sup>1</sup>, 周军波<sup>1</sup>

(1. 桂林理工大学环境科学与工程学院, 桂林 541004; 2. 桂林理工大学岩溶地区水污染控制与用水安全保障协同创新中心, 桂林 541004; 3. 桂林理工大学广西环境污染控制理论与技术重点实验室, 桂林 541004)

**摘要:** 研究土地利用对会仙湿地土壤真菌群落及其功能类群特性的影响, 可以为湿地的保护提供理论依据. 以芦苇湿地(PCW)、华科拉莎草湿地(CCW)、稻田撂荒地(APF)、稻田(PF)和玉米地(CF)为研究样地, 采用高通量测序法对不同土地利用土壤真菌群落结构进行分析, 利用 FUNGuild 数据库对真菌的功能类群进行预测. 结果表明, PF 和 CF 的 Simpson 指数和 Shannon 指数显著高于 PCW 和 CCW; 在门水平上, 子囊菌门(Ascomycota)为 5 种土地利用的最优势菌, 丰度为 70.60%~87.02%, 隐真菌门(Rozellomycota)为 PCW 的次优势菌, 丰度为 7.14%; 担子菌门(Basidiomycota)为 CCW、APF、PF 和 CF 的次优势菌, 丰度分别为 9.70%、5.19%、8.13% 和 7.50%. 在目水平上, PCW 中最优势菌为格孢菌目(Pleosporales), 丰度为 16.47%; CCW、APF、PF 和 CF 的最优势菌均为肉座菌目(Hypocreales), 丰度分别为 22.52%、23.50%、17.60 和 23.80%. 在属水平上, PCW 和 CCW 中的最优势菌分别为粪盘菌属(*Ascobolus*)和子囊菌属(*Archaeorhizomyces*), 丰度分别为 6.65% 和 13.44%; APF、PF 和 CF 中的最优势菌均为镰刀菌属(*Fusarium*), 丰度分别为 10.22%、10.51% 和 11.12%. 会仙湿地土壤真菌的功能类群以腐生营养型为主, 丰度为 48.67%~80.13%. CF 中的病理营养型的丰度为 5.39%, 显著高于 PCW (2.34%) 和 CCW (1.53%) 中的丰度. PCW 和 CCW 的最优势功能类群分别为粪生-木材腐生菌和土壤腐生菌, APF、PF 和 CF 中最优势功能类群为动物病原-内生-地衣寄生-植物病原-土壤腐生-木材腐生菌. 冗余分析表明, 土壤含水率(SWC)和碳氮比(C/N)是影响真菌群落结构的主要因素, 碱解氮(AN)是影响真菌功能类群的主要因素. 以上研究结果表明, 相对于天然湿地, 土地利用改变了会仙湿地土壤真菌多样性和群落结构, 使真菌功能类群的结构趋于复杂化, 且使玉米致病风险提高.

**关键词:** 岩溶湿地; 土地利用; 真菌群落; 功能类群; 腐生营养型菌; 子囊菌门

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2020)09-4294-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.202001055

## Effect of Land-use on Soil Fungal Community Structure and Associated Functional Group in Huixian Karst Wetland

CHENG Yue-yang<sup>1</sup>, JIN Zhen-jiang<sup>1,2,3\*</sup>, WANG Xiao-tong<sup>1</sup>, JIA Yuan-hang<sup>1</sup>, YUAN Wu<sup>1</sup>, ZHOU Jun-bo<sup>1</sup>

(1. College of Environmental Science and Engineering, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China; 2. Collaborative Innovation Center for Water Pollution Control and Water Safety in Karst Area, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China; 3. Guangxi Key Laboratory of Environmental Pollution Control Theory and Technology, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China)

**Abstract:** Studying the impact of land-use on fungal communities and their functional groups in wetland soil can provide a theoretical basis for the protection of wetlands. The top soil (0-20 cm) samples were collected from the wetlands with *Phragmites communis* (PCW), wetlands with *Cladium chinense* (CCW), abandoned paddy fields (APF), paddy fields (PF), and corn fields (CF) in the Huixian Karst Wetland. The fungal community structure and its functional groups were analyzed using high-throughput sequencing methods and the FUNGuild database, respectively. The results showed that the Simpson and Shannon index in PF and CF were significantly higher than those in PCW and CCW. Ascomycota was the most dominant phylum in five land-use types with the abundance of 70.60%-87.02%, followed by Rozellomycota in PCW with the abundance of 7.14% and Basidiomycota in CCW, APF, PF, and CF with the abundance of 9.70%, 5.19%, 8.13%, and 7.50%, respectively. Pleosporales was the most dominant order in PCW with the abundance of 16.47%, while Hypocreales was the dominant one in CCW, APF, PF, and CF with the abundance of 22.52%, 23.50%, 17.60, and 23.80%, respectively. *Ascobolus* and *Archaeorhizomyces* were the most dominant genera in PCW and CCW with the abundance of 6.65% and 13.44%, respectively, and *Fusarium* was the most dominant genus in APF, PF, and CF with the abundance of 10.22%, 10.51%, and 11.12%, respectively. Saprotroph was the main trophic mode in the Huixian wetland with the abundance of 48.67%-80.13%. The abundance of pathotroph in CF (5.39%) was higher than that in PCW (2.34%) and CCW (1.53%). Dung saprotroph-wood saprotroph and soil saprotroph were the most dominant functional groups in PCW and CCW, respectively, while animal pathogen-endophyte-lichen parasite-plant pathogen-soil saprotroph-wood saprotroph was the most dominant functional group in APF,

收稿日期: 2020-01-06; 修订日期: 2020-03-30

基金项目: 国家自然科学基金项目(41867008, 41361054); 广西自然科学基金项目(2018GXNSFAA281247); 桂林理工大学博士启动基金项目(GUTQDJJ2004041); 广西科技计划项目(桂科 AD18126018)

作者简介: 程跃扬(1994~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为环境工程微生物学, E-mail: cyy139182@163.com

\* 通信作者, E-mail: zhenjiangjin@163.com

PF, and CF. Redundancy analysis showed that both soil water content and the ratio of carbon-to-nitrogen were the main factors affecting fungal communities, and available nitrogen was the main factor affecting the functional groups. Overall, the results indicated that land-use has changed the soil fungal diversity and community structure, complicated the functional groups, and increased the risk of corn disease in the Huixian Karst wetland.

**Key words:** karst wetland; land-use; fungal community; functional group; saprotroph; Ascomycota

湿地是兼有水体和陆地双重特点的自然综合体,具有生物多样性和生产力的维持与土壤碳储存等重要的生态系统服务功能<sup>[1]</sup>. 但是,在人类的发展过程中,湿地往往被改变为农业用地. 这种人为干扰带来的土地利用变化打破了湿地自身的生物地球化学循环规律<sup>[2]</sup>. 植被和土壤是湿地生态系统中两大类重要的基础物质,改变土地利用方式直接改变了植被覆盖、水分环境和土壤环境,最终会表现在湿地生态系统的服务功能的变化上<sup>[3]</sup>.

土壤微生物是湿地生物地球化学循环过程的重要参与者和调控者<sup>[4]</sup>,然而农业利用和撂荒等土地利用变化带来植被覆盖、水分环境和土壤环境的变化显著影响微生物群落结构和功能多样性<sup>[5,6]</sup>. 真菌是土壤中广泛存在的微生物类群,在湿地土壤系统的生物地球化学循环过程同样发挥着重要的作用<sup>[7]</sup>. 在湿地系统中,水分是影响真菌群落结构<sup>[8]</sup>和碳源代谢活性<sup>[9]</sup>的重要生态因子,不同优势植被覆盖下土壤可培养真菌的数量<sup>[10,11]</sup>有显著差异,不同退化阶段真菌群落结构<sup>[12,13]</sup>也不相同. 而且,改变土地利用方式能够显著改变土壤可培养真菌的数量<sup>[14,15]</sup>,也能够改变真菌的群落结构和碳源代谢活性<sup>[16~18]</sup>. 但是,土地利用变化对湿地土壤真菌功能类群特征影响的研究还较少.

桂林会仙湿地是天然岩溶湿地之一,由于人为干扰,部分湿地被改变为农业用地,也有部分撂荒地. 土地利用改变了会仙湿地土壤的养分、微生物生物量、酶活性和可培养真菌的数量<sup>[15]</sup>以及细菌的群落结构<sup>[6]</sup>,但是真菌的群落结构和功能类群特征变化的研究还未见报道. 因此,本文以会仙岩溶湿地为研究对象,以芦苇湿地、华科拉莎草湿地、稻田、稻田撂荒地和玉米地为研究样地,基于高通量测序技术和 FUNGuild 数据库,探讨土地利用变化对会仙湿地土壤真菌多样性、群落结构和功能类群特征的影响,以为湿地的保护和可持续利用提供理论依据.

## 1 材料与方法

### 1.1 采样点概况与样品采集

桂林会仙湿地是我国具有代表性的岩溶湿地之一,位于广西桂林市的会仙镇. 该区域为亚热带季风气候,年平均降雨为 1 915.2 mm,地理坐标为 25°01'30"~25°11'15"N, 110°08'15"~110°18'00"E,年平均气温 18℃. 采样区域内主要植被有芦苇 (*Phragmites communis*) 和华科拉莎草 (*Cladium chinense*) 等<sup>[19]</sup>. 近年来,由于人为垦殖和破坏,湿地面积减少了 27 km<sup>2</sup><sup>[20]</sup>,其中很大部分被开发为农业用地,还有一些是经过长期耕作后的撂荒地. 采集了具有代表性的芦苇湿地 (PCW)、华科拉莎草湿地 (CCW)、稻田撂荒地 (APF)、稻田 (PF) 和玉米地 (CF) 共 5 种土地利用方式的耕层土壤 (0~20 cm). 其中,PF 和 CF 附近有养鸭场存在. 2017 年 8 月中旬,每种土地利用方式各选择 3 个样地,每个样地选取 3 个采样点,3 个采样点的土壤样品等比例均匀混为一个样品. 样品采集后去除植物根系和小石块等杂物,一部分样品用于风干过 0.15、0.25 和 0.85 筛,用于测定土壤理化性质,另一部分保存于 -80℃ 冰箱,用于后续真菌群落结构分析.

### 1.2 土壤理化性质测定

土壤理化性质测定方法参照文献 [21] 进行,其中土壤 pH 值的测定采用蒸馏水 (无 CO<sub>2</sub>) 作为浸提剂,水土比 2.5:1,混匀后用 pH 计测量 (型号: IS128C); 土壤含水率 (SWC) 的测定采用烘干法,土壤有机碳 (SOC) 测定采用浓硫酸-重铬酸钾外加热法; 可溶性有机碳 (DOC) 采用水土振荡提取法; 土壤全氮 (TN) 采用浓 H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 消煮-凯氏定氮法; 碱解氮 (AN) 采用碱解扩散法测定; 总磷 (TP) 采用碳酸钠熔融法; 速效磷 (AP) 采用盐酸-氟化铵法; 阳离子交换量 (CEC) 采用 EDTA-铵盐快速法; 土壤理化性质见表 1.

表 1 不同土地利用的土壤理化性质<sup>1)</sup>

Table 1 Physical and chemical properties of soils of different land-use types

项目	pH(H <sub>2</sub> O)	SWC /%	SOC /g·kg <sup>-1</sup>	TN /g·kg <sup>-1</sup>	TP /g·kg <sup>-1</sup>	C/N	DOC /mg·kg <sup>-1</sup>	AN /mg·kg <sup>-1</sup>	AP /mg·kg <sup>-1</sup>	CEC /cmol·kg <sup>-1</sup>
PCW	7.54 ± 0.30a	58.40 ± 22.16a	21.66 ± 1.26b	1.26 ± 0.14c	1.96 ± 1.11a	17.37 ± 1.38a	833.71 ± 108.58b	76.40 ± 7.06b	14.75 ± 1.31c	5.75 ± 2.58a
CCW	7.74 ± 0.06a	58.38 ± 14.64a	19.84 ± 3.68b	1.35 ± 0.07c	0.83 ± 0.01a	14.76 ± 2.87a	902.09 ± 49.31b	72.86 ± 4.51b	20.77 ± 1.36c	7.57 ± 4.56a
APF	6.68 ± 0.21b	25.98 ± 1.14b	22.64 ± 2.35b	1.41 ± 0.21bc	1.26 ± 0.10a	16.23 ± 0.97a	825.86 ± 31.38b	82.66 ± 4.88b	52.25 ± 22.81bc	4.24 ± 2.56a
PF	7.57 ± 0.18a	45.16 ± 2.88ab	33.16 ± 4.32a	3.11 ± 0.42a	1.38 ± 0.18a	10.70 ± 0.60b	1 291.17 ± 35.42a	120.58 ± 3.70a	84.14 ± 17.40b	2.53 ± 0.81a
CF	5.83 ± 0.22c	42.61 ± 18.31b	17.67 ± 2.65b	1.81 ± 0.21b	1.30 ± 0.12a	9.76 ± 0.67b	1 888.20 ± 667.26a	87.92 ± 7.53b	267.88 ± 38.18a	6.65 ± 2.86a

1) 同列不同小写字母表示不同土地利用间差异显著 ( $P < 0.05$ ), 最大的平均数标记为 a, 表中数据为平均值 ± 标准差, 下同

### 1.3 土壤 DNA 提取与高通量测序

按照 DNA 快速提取试剂盒 (Power Soil, QIAGEN 公司) 的说明书提取相当于 0.25g 土壤的 DNA, 使用 Solution C6 溶解 DNA. 选取引物序列 ITS3\_KYO2 (5'-GAT GAA GAA CGY AGY RAA-3') 和 ITS4 (5'-TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC-3') 为通用测序引物对真菌的 ITS2 区域进行扩增. 将 PCR 产物混合, 使用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测, 使用胶回收试剂盒 QIAquick Gel Extraction Kit (QIAGEN) 回收 PCR 产物, 最后用 TE 缓冲液洗脱 DNA 片段, 回收的 DNA 送到成都罗宁生物公司, 使用罗宁生物的 HiSeq 2500 平台 PE250 模式测序.

使用 UPARSE 算法在 97% 的一致性对所有 OTUs 进行划分并挑选出代表序列, 使用 UNITE 数据库对真菌进行鉴定, 同时去除非真菌界的 OTUs. 利用  $\alpha$  多样性指数 (包括 Chao1 指数、ACE 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数) 表征真菌群落的丰富度和多样性. 其中, Chao1 和 ACE 用来表征微生物丰富度, Shannon 和 Simpson 多样性指数用来表征微生物群落多样性.

### 1.4 数据处理和图表绘制

使用 Microsoft Excel 2010 对本研究中的数据进行初步处理, 使用 Python3.6 对 FUNGuild v1.1 数据库进行比对<sup>[22]</sup>, 并预测会仙湿地不同土地利用土壤真菌群落的营养型和功能类群. 利用 SPSS19.0 软件对数据进行单因素方差分析 (OneWay ANOVA), 采用 Duncan 法检验是否存在显著性差异, 并利用该软件分析土壤理化性质与菌群相对丰度的 Pearson 相关性, 用 R 语言和 Adobe Illustrator2020 绘制相关性热图, 将 OTUs 丰度大于 1% 的 OTUs 界定为优势 OTUs, 使用 Origin 2017 绘制真菌群落门、目和属水平与生态营养型和功能类群组成的柱形图, 使用 Canoco 5.0 软件绘制主坐标分析 (PCoA) 和冗余分析 (RDA).

## 2 结果与分析

### 2.1 不同土地利用土壤真菌群落多样性分析

由表 2 可以看出, Chao1 和 ACE 指数在不同土地利用土壤没有显著差异, Shannon 指数在 PF 和 CF 中显著高于 PCW 和 CCW, Simpson 指数在 APF、

表 2 不同土地利用土壤真菌的  $\alpha$  多样性指数<sup>1)</sup>

Table 2 The  $\alpha$  diversity of fungal communities in soils of different land-use types

项目	Chao1 指数	ACE 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
PCW	1 170 ± 273a	1 211 ± 254a	4.54 ± 0.13b	0.961 7 ± 0.001 9b
CCW	1 136 ± 145a	1 212 ± 153a	4.56 ± 0.12b	0.962 4 ± 0.011 4b
APF	1 313 ± 125a	1 341 ± 135a	5.00 ± 0.13ab	0.978 6 ± 0.004 7a
PF	1 310 ± 146a	1 343 ± 122a	5.16 ± 0.41a	0.979 7 ± 0.009 7a
CF	1 207 ± 258a	1 276 ± 313a	5.05 ± 0.17a	0.979 4 ± 0.005 1a

PF 和 CF 中显著高于 PCW 和 CCW, 说明农业利用提高了真菌丰富度和多样性.

### 2.2 不同土地利用土壤真菌群落结构分析

本研究中将在门、目和属水平进行统计分类, 把在该菌至少有一组 OTUs 序列丰度大于 1% 定义为优势真菌门、目和属, others 表示未分类的和相对丰度低于 1% 的门、目和属. 土壤真菌群落在门、目和属水平的组成及相对丰度如图 1 所示.

在门水平上 [图 1 (a)], 子囊菌门 (Ascomycota)、担子菌门 (Basidiomycota)、隐真菌门 (Rozellomycota) 和接合菌门 (Zygomycota) 为优势菌门, 相对丰度为真菌总 OTUs 的 86.23% ~ 91.53%. 其中子囊菌门为 5 种土地利用的最优势门, 丰度为 70.60% ~ 87.02%, PCW 的次优势菌为隐真菌门, 丰度为 7.14%; CCW、APF、PF 和 CF 的次优势菌均为担子菌门, 丰度分别为 9.70%、5.19%、8.13% 和 7.50%. 另外, 接合菌门在 PCW 中为非优势菌, 丰度仅为 0.83%, 而在 CCW、APF、PF 和 CF 土地利用中

均为优势菌, 丰度分别为 2.86%、3.77%、2.60% 和 7.28%.

在目水平上 [图 1 (b)], 5 种土地利用中优势真菌目共 14 个, 分别为肉座菌目 (Hypocreales)、格孢菌目 (Pleosporales)、粪壳菌目 (Sordariales)、盘菌目 (Pezizales)、古菌根菌目 (Archaeorhizomycetales)、小囊菌目 (Microascales)、被孢霉目 (Mortierellales)、伞菌目 (Agaricales)、散囊菌目 (Eurotiales)、柔膜菌目 (Helotiales)、蜡壳耳目 (Sebacinales)、煤炱目 (Capnodiales)、鸡油菌目 (Cantharellales) 和爪甲团囊菌目 (Onygenales). 不同土地利用方式的土壤真菌优势目不同, PCW 中格孢菌目 (丰度为 16.47%) 为最优势菌, 肉座菌目 (丰度为 12.04%) 为次优势菌目; 虽然 CCW、APF、PF 和 CF 的最优势菌为肉座菌目, 丰度分别为 22.52%、23.50%、17.60 和 23.80%, 但是次优势菌不同, 分别为古菌根菌目 (丰度为 13.44%)、格孢菌目 (丰度为 15.80%)、盘菌目 (丰度为 9.78%) 和粪壳菌目 (丰度为 12.20%).

另外,蜡壳耳目(丰度为 4.94%)为 CCW 特有优势菌目,鸡油菌目(丰度为 2.10%)和爪甲团囊菌目(丰度为 1.01%)均为 PF 特有优势菌目。

在属水平上[图 1 (c)], 5 种土地利用共有 13 个优势菌属,分别为镰刀菌属(*Fusarium*)、子囊菌属(*Archaeorhizomyces*)、粪盘菌属(*Ascobolus*)、韦斯特壳属(*Westerdykella*)、被孢霉属(*Mortierella*)、齿梗孢属(*Scolecobasidium*)、青霉属(*Penicillium*)、拟棘壳孢属(*Pyrenochaetopsis*)、足孢子虫属(*Podospora*)、散孢霉属(*Scedosporium*)、肉座菌属(*Hypocrea*)、斜盖伞属(*Clitopilus*)和垫盘菌属(*Pulvinula*)。其中,PCW 中最优势菌为粪盘菌属(丰度为 6.65%),次优势菌为韦斯特壳属(丰度为 5.59%); CCW 中最优势菌为子囊菌属(丰度为 13.44%),次优势菌为被孢霉属(丰度为 2.83%); APF、PF 和 CF 中最优势菌均

为镰刀菌属,丰度分别为 10.22%、10.51% 和 11.12%,但是次优势菌不同,分别为子囊菌属(丰度为 6.86%)、粪盘菌属(丰度为 7.83%)和被孢霉属(丰度为 7.06%)。另外,镰刀菌属和韦斯特壳属是 5 种土地利用的共有优势菌属,斜盖伞属(丰度为 1.19%)是 CCW 特有优势菌属;拟棘壳孢属(丰度为 1.27%)和垫盘菌属(丰度为 1.04%)是 APF 的特有优势菌属;散孢霉属(丰度为 1.03%)是 PF 的特有优势菌属;足孢子虫属(丰度为 1.56%)和肉座菌属(丰度为 1.05%)是 CF 特有优势菌属。由此可见,土地利用改变了会仙湿地土壤真菌群落结构。

### 2.3 不同土地利用土壤真菌群落的营养型和功能类群分析

图 2 是可鉴定的真菌营养型,分别为腐生营养型(saprotroph)、病理-腐生-共生过渡型(pathotroph-saprotroph-symbiotroph)、腐生-共生过渡型(saprotroph-symbiotroph)、病理-腐生过渡型(pathotroph-saprotroph)、病理营养型(pathotroph)、共生营养型(symbiotroph)和病理-共生过渡型(pathotroph-symbiotroph)。其中,会仙湿地土壤真菌以腐生营养型为主,丰度 48.67%~80.13%,且 PCW 和 CCW 的丰度显著高于 APF、PF 和 CF; APF、PF 和 CF 中病理-腐生-共生过渡型真菌的丰度显著高于 PCW 和 CCW,丰度分别为 22.56%、28.78%、24.21%、9.69% 和 10.25%; CF 中腐生-共生过渡型与病理营养型真菌的丰度分别为 14.88% 和 5.39%,显著高于 PCW 中的丰度(4.55% 和 2.34%) 和 CCW 中的丰度(5.42% 和 1.53%); 其他营养型在 5 种土地利用方式下没有显著差异。

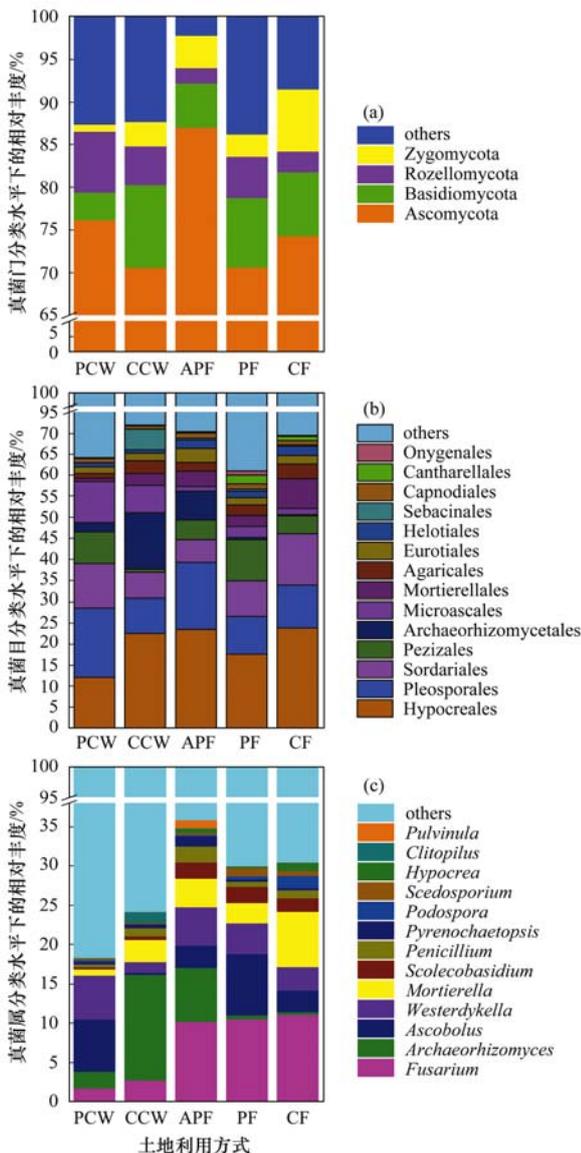
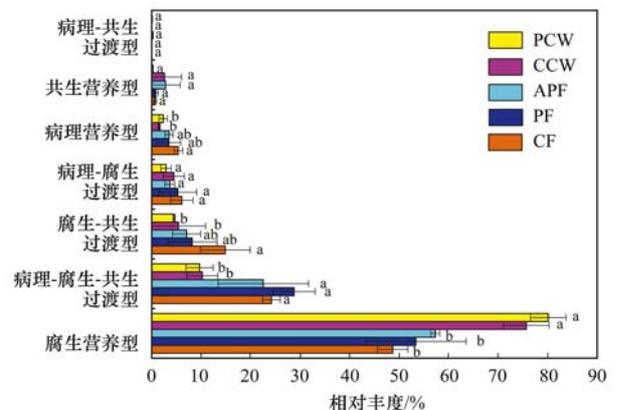


图 1 不同土地利用方式下真菌门、目和属水平的群落组成

Fig. 1 Composition of the fungal community at the phylum, order, and genus levels in soils of different land-use types



小写字母表示数值在 0.05 水平上的差异显著性

图 2 不同土地利用土壤真菌营养型组成和相对丰度

Fig. 2 Composition and relative abundance of trophic modes in soils of different land-use types

图 3 是被鉴定出来的 12 个主要功能类群,真菌功能类群可分为动物病原-粪腐生-内生-附生-植物腐生-木材腐生菌 (animal pathogen-dung

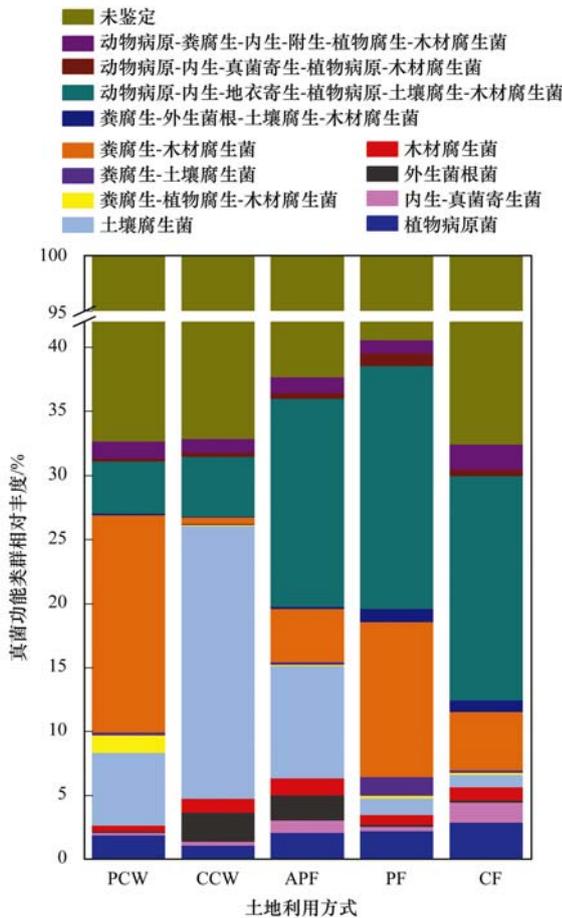


图 3 不同土地利用土壤真菌功能类群组成和相对丰度

Fig. 3 Composition and relative abundance of functional groups in soils of different land-use types

saprotroph-endophyte-epiphyte-plant saprotroph-wood saprotroph)、动物病原-内生-真菌寄生-植物病原-木

材腐生菌( animal pathogen-endophyte-fungal parasite-plant pathogen-wood saprotroph)、动物病原-内生-地衣寄生-植物病原-土壤腐生-木材腐生菌( animal pathogen-endophyte-lichen parasite-plant pathogen-soil saprotroph-wood saprotroph)、粪腐生-外生菌根-土壤腐生-木材腐生菌( dung saprotroph-ectomycorrhizal-soil saprotroph-wood saprotroph)、粪腐生-木材腐生菌( dung saprotroph-wood saprotroph)、粪腐生-土壤腐生菌( dung saprotroph-soil saprotroph)、粪腐生-植物腐生-木材腐生菌( dung saprotroph-plant saprotroph-wood saprotroph)、土壤腐生菌( soil saprotroph)、木材腐生菌( wood saprotroph)、外生菌根菌( ectomycorrhizal)、内生-真菌寄生菌( endophyte-fungal parasite)和植物病原菌( plant pathogen)。其中, APF、PF 和 CF 中最优势功能类群为动物病原-内生-地衣寄生-植物病原-土壤腐生-木材腐生菌( animal pathogen-endophyte-lichen parasite-plant pathogen-soil saprotroph-wood saprotroph), PCW 中最优势功能类群为粪生-木材腐生菌( dung saprotroph-wood saprotroph), CCW 中最优势功能类群为土壤腐生菌( soil saprotroph)。以上结果说明, 土地利用改变了会仙湿地土壤真菌的功能类群结构。

### 2.4 真菌群落和功能类群差异性分析

真菌群落基于 Bray-Curtis 距离的 PCoA 的排序结构表明[图 4(a)], APF、PF 和 CF 样点形成了相对独立的群, 且与 PCW 和 CCW 明显分开, 说明农业利用改变了土壤真菌群落组成。

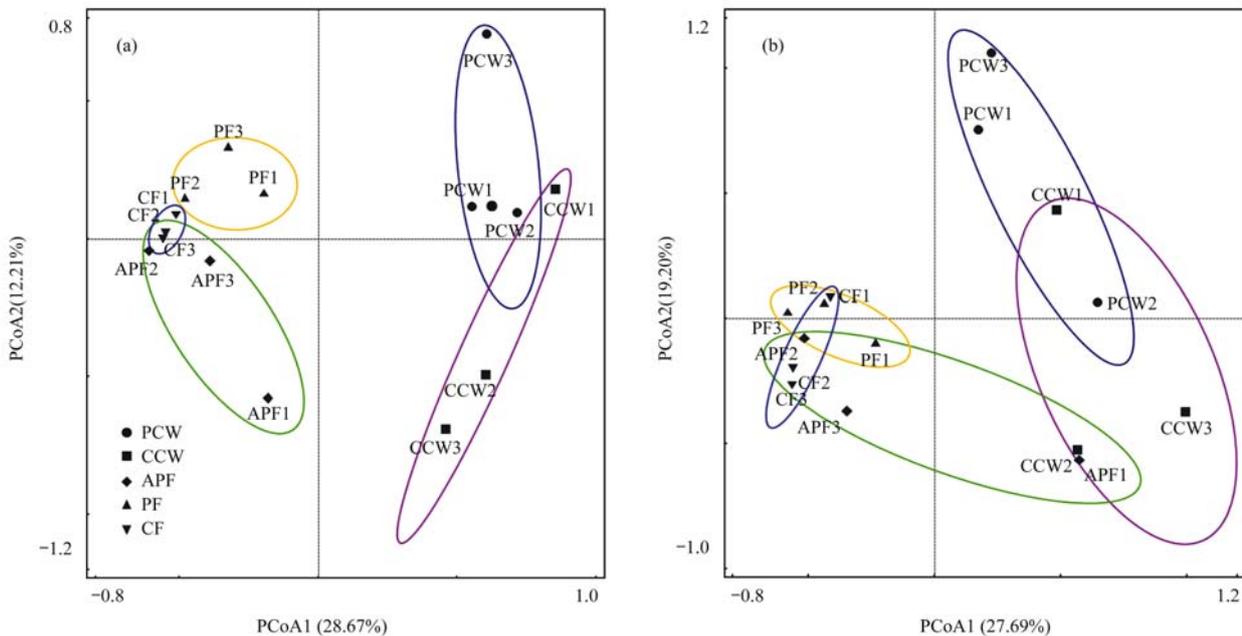


图 4 PcoA 排序分析不同土地利用方式土壤真菌群落和功能类群的分布格局

Fig. 4 Principal coordinates analysis indicating the distribution patterns of fungal communities and their functional groups in soils of different land-use types

真菌功能类群基于 Bray-Curtis 距离的 PCoA 的排序结构表明[图 4(b)], PF 和 CF 样点较为集中, 且与 PCW 和 CCW 明显分开, 说明农业利用改变了土壤真菌功能类群组成。

### 2.5 真菌群落组成和功能类群与土壤生态因子的相关性分析

用优势 OTUs 与土壤理化性质进行冗余分析 (RDA) 结果如图 5(a) 所示, 其中, 轴 1 和轴 2 对真菌优势 OTUs 结构变化的解释率分别为 61.07% 和 14.04%, 前两个轴的解释率总和为 75.11%。理化性质通过 Monte Carlo 检验 ( $P < 0.05$ ) 表明, SWC ( $P = 0.002$ ) 和 C/N ( $P = 0.004$ ) 是显著影响优势 OTUs 的理化性质。Pearson 相关性分析表明[图 5(b)], SWC 与 OTU2 (Hypocreales, 肉座菌目) 显著正相关 ( $P < 0.05$ ), 与 OTU3 (*Fusarium proliferatum*, 层出镰刀菌种)、OTU4 (Eurotiomycetes, 散囊菌纲)、OTU11 (Pleosporales, 格孢菌目) 和 OTU5 (Strophariaceae, 球盖菇科) 显著负相关 ( $P < 0.05$ ); C/N 与 OTU2 (肉座菌目)、OTU1 (Microascales, 小囊菌目)、OTU12 (*Westerdykella*, 韦斯特壳属) 和 OTU6 (Fungi, 真菌界) 显著正相关, 与 OTU3 (层出镰刀菌种)、OTU10 (*Mortierella*, 被孢霉属)、OTU5 (球盖菇科)、OTU8 (*Scolecobasidium*, 齿梗孢属) 和 OTU56 (*Ascobolus*, 粪盘菌属) 负相关 ( $P < 0.05$ )。

用优势功能菌与环境因子进行冗余分析 (RDA), 结果如图 6(a)。其中轴 1 和轴 2 对真菌优势功能类群变化的解释率为 58.24% 和 29.01%, 前两个轴的解释率总和为 87.25%。AN ( $P = 0.042$ ) 是显著影响真菌优势功能类群的生态因子。相关性分析表明[图 6(b)], AN 与动物病原-内生-地衣寄生-植物病原-土壤腐生-木材腐生菌和动物病原-内生-真菌寄生-植物病原-木材腐生菌显著正相关 ( $P < 0.01$ )。

## 3 讨论

### 3.1 土地利用变化对会仙湿地土壤真菌的多样性和群落结构的影响

在本研究中, PF 和 CF 中真菌群落的 Simpson 和 Shannon 指数为显著高于 PCW 和 CCW, 表明在频繁的耕作和高强度的管理下, 农田土壤变得疏松, 土壤的透气性能增加, 为土壤真菌提供了合适的生长环境, 提高了真菌多样性<sup>[13,18]</sup>。而在天然湿地中, 华科拉莎草和芦苇的土壤翻动较少, 水流相对较缓, 水体复氧较慢, PCW 和 CCW 的厌氧环境对好氧真菌的生长繁殖不利, 真菌丰度相对较低。另外, 还有研究发现, 农业活动给农田土壤带来了外源养分, 对

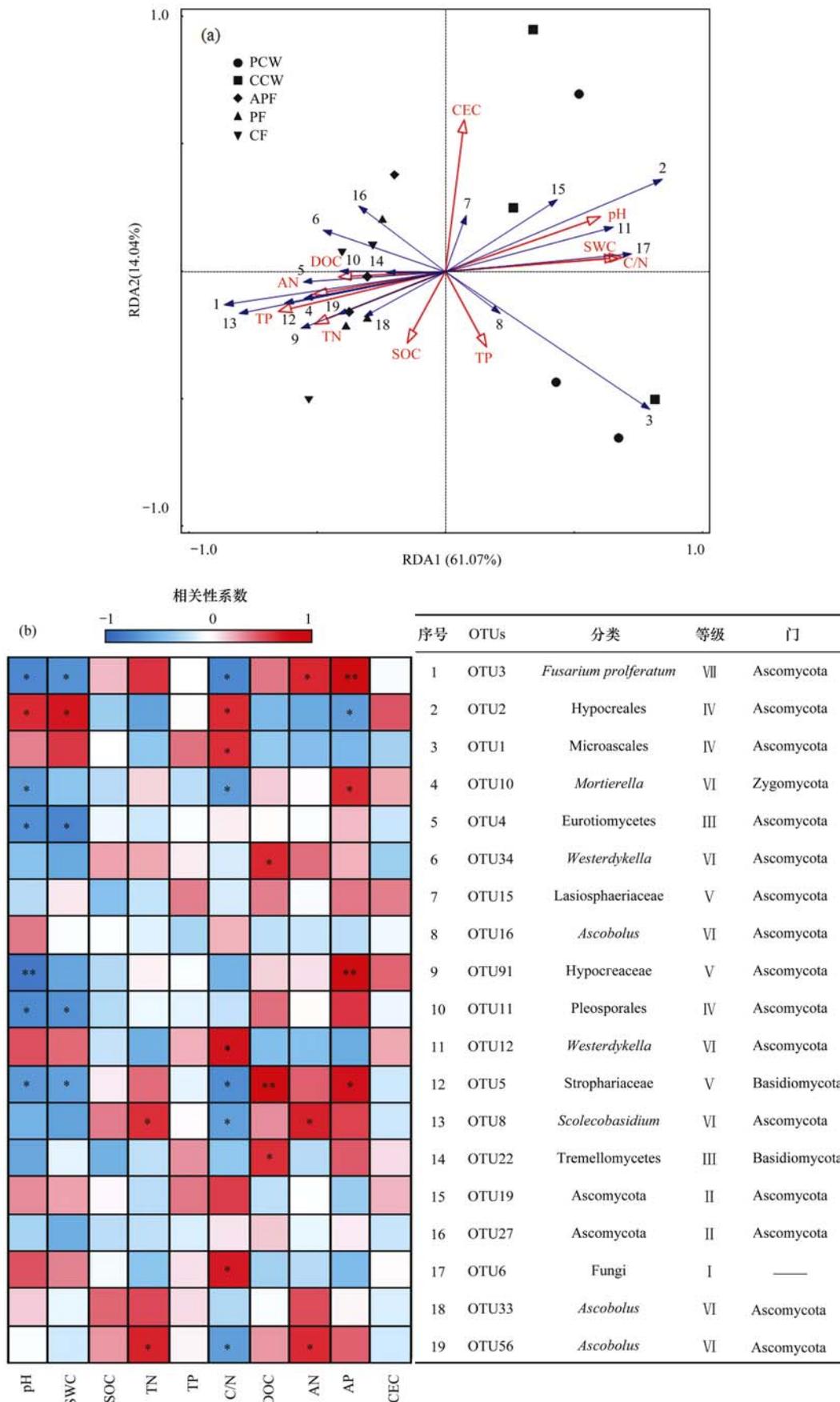
真菌的生长有利, 进而也会导致真菌多样性的增加<sup>[12,13]</sup>, 这与本研究中 PF 和 CF 土壤中 TN、DOC、AN 和 AP 等养分含量增加的结果是一致的, 这表明, 农业利用改变了真菌生长的养分环境和通氧环境, 进而提高了真菌群落的多样性。

在门水平上, 子囊菌门在 5 种土地利用方式中均为最优势菌门, 相对丰度为 70.60% ~ 87.02%。同样, 在三江平原草甸湿地、纳帕海高原湿地和青藏高原草甸湿地中, 子囊菌门也为真菌的优势菌门<sup>[12,13,23]</sup>, 表明该门的真菌对湿地环境具有高度适应性。另外, 有报道称该菌具有降解多种植物纤维素和半纤维素的功能<sup>[24]</sup>, 表明这个门的真菌群落在湿地土壤大分子有机质的分解过程中发挥着重要的作用。另外, 5 种植被覆盖下的次优势菌门、目水平和属水平上的优势菌组成和丰度有所差异, 这是在优势植被、土壤环境和土地管理等因素的共同作用下<sup>[25~28]</sup>, 土壤生态因子发生了变化, 进而改变了土壤真菌的群落结构。

有研究显示, 土壤含水率是影响真菌群落的重要因素之一, 含水率高, 导致土壤通气性差, 好氧真菌生长受到抑制<sup>[8]</sup>。然而, 含水率的增加也有利于微生物对养分的利用<sup>[29]</sup>。可见不同的土壤真菌对含水率的反应不同, 本研究中含水率与 OTU2 (肉座菌目) 显著正相关 ( $P < 0.05$ ), 与 OTU3 (层出镰刀菌属)、OTU4 (散囊菌纲)、OTU11 (格孢菌目) 和 OTU5 (球盖菇科) 显著负相关 ( $P < 0.05$ ), 表明含水率显著影响了会仙湿地真菌群落结构。另外, 土壤 C/N 影响生防真菌的萌发<sup>[30]</sup>, 导致真菌群落结构发生改变<sup>[31]</sup>。本研究发现, C/N 与 OTU2 (肉座菌目)、OTU1 (小囊菌目)、OTU12 (韦斯特壳属) 和 OTU6 (真菌界) 显著正相关, 表明这些真菌群落适宜生长在高 C/N 的土壤中, 与 OTU3 (层出镰刀菌属)、OTU10 (被孢霉种)、OTU5 (球盖菇科)、OTU8 (齿梗孢属) 和 OTU56 (粪盘菌属) 负相关 ( $P < 0.05$ ), 说明这些真菌却适宜生长在低 C/N 环境, 可见土壤 C/N 显著影响会仙湿地土壤真菌群落结构。

### 3.2 土地利用变化对真菌功能类群的影响

与细菌相比, 真菌生活史更为复杂, 部分真菌具有多种营养方式, 为了适应生存环境的变化, 会主动同时采用多种营养方式, 这是真菌群落为适应环境而采取的较为高级的生存策略<sup>[32]</sup>。在本研究中发现, APF、PF 和 CF 的病理-腐生-共生过渡型真菌的丰度显著高于 PCW 和 CCW, 因为这 3 种不同程度人为翻动土壤和施肥导致环境改变和营养输入, 改变了真菌的生存环境, 使得多种兼有型营养型的真菌占据优势, 真菌代谢功能多样性增加<sup>[33]</sup>, 功能结



图(a)中的编号与图(b)中的序号对应; 相关性热图中的\*表示  $P < 0.05$ , \*\*表示  $P < 0.01$  (双尾), 下同

图5 土壤理化性质与优势 OTUs 的相关性

Fig. 5 Correlation between soil physical chemical properties and dominant OTUs

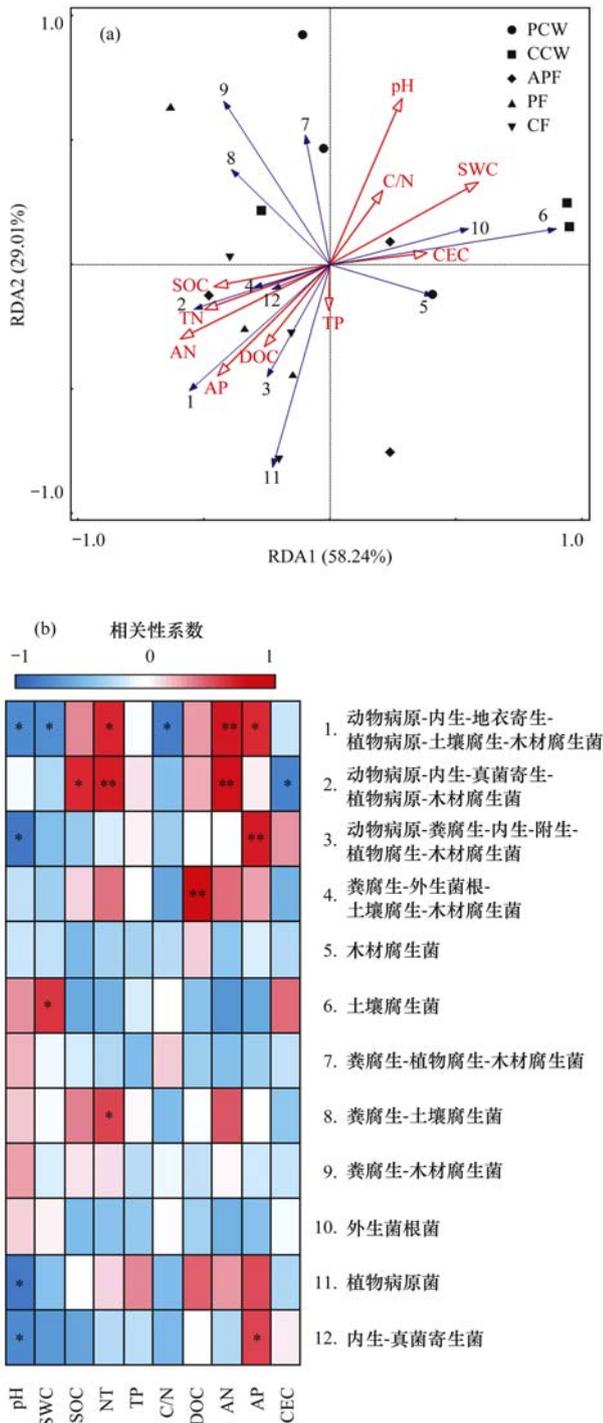


图 6 土壤理化性质与功能类群的相关性

Fig. 6 Correlations between soil physical and chemical properties and functional groups

构趋于复杂化。同时,该营养型中的动物病原-附生-地衣寄生-植物病原-土壤腐生-木材腐生菌为主要功能菌群,且此类群均来自镰刀菌属。本研究发现 APF、PF 和 CF 中的最优势菌属为镰刀菌[图 1 (c)]。有研究发现,尽管镰刀菌为内生菌,但是,为了适应环境,其在生长过程中能够改变生存策略,生活方式也由内生改为腐生。而且,该菌在系统发育上与腐生菌有较高的相似性和相关性<sup>[34,35]</sup>,说明该菌既是可以营内生生活也可以营腐生生活。值得注意

的是,镰刀菌属的多种真菌能够分泌毒素,不仅能够造成多种植物(包括水稻和玉米)萎焉、水浸状和褪绿坏死,还对人畜也有危害,甚至严重时可以引发器官的衰竭和癌变,具有既能侵染植物、又能感染动物的“超强能力”<sup>[36]</sup>,说明镰刀菌属的真菌具有多样化的营养特征。在本研究中,PCW 和 CCW 的土壤受人为干扰程度较轻,而 PF 和 CF 的土壤受农作物的影响较大,APF 尽管已经撂荒,但是年限较短,土壤受耕作的影响依然存在。一方面,农作物本身比较容易“吸引”植物病原菌,增加其病害风险;另一方面,附近养鸭场的鸭粪也可能带入一部分的动物病原菌,因此生态生理型多样化的镰刀菌能够占据优势。镰刀霉属真菌在 3 种土地利用方式土壤中占据优势,一方面表明该生态系统中作物发生镰刀霉属病害的风险较天然湿地高,另一方面也表明农业利用使得镰刀霉群落的代谢多样性更加复杂化。病理营养型真菌主要从宿主细胞获得营养,会对植物生长产生一定的危害<sup>[37]</sup>。在本研究中,CF 土壤中病理营养型真菌的丰度显著高于 PCW 和 CCW,原因可能与旱地土壤中较多的孔隙土壤有利于真菌菌丝的穿插和生长有关,其结果可能会带来玉米发生真菌病害的风险较自然植被高。在本研究中,PCW 和 CCW 腐生真菌丰度显著高于 APF、PF 和 CF,并且 PCW 中存在大量粪生-木材腐生菌,CCW 中存在土壤腐生菌。在两种自然湿地植被中,土壤长期淹水,死亡或者老化植物的有机质分解缓慢,能够刺激腐生真菌大量生长,产生一系列的水解和氧化酶,从而完成有机质的分解<sup>[38]</sup>。

土壤真菌功能类群与环境因子有一定的相关性,这些因子极大地影响土壤真菌的结构。本研究中,AN 是影响真菌的功能类群最主要生态因子,并且,AN 与动物病原-内生-地衣寄生-植物病原-土壤腐生-木材腐生菌和动物病原-内生-真菌寄生-植物病原-木材腐生菌 ( $P < 0.01$ ) 显著正相关,说明 AN 是真菌功能类群的重要影响因子。可能的原因是,因为土地农业利用,与有机质结合的有机氮迅速被分解,大量转变为真菌易利用的速效氮,进而改变真菌功能类群<sup>[28]</sup>。而且,土壤中有有效氮的提高能够降低植物对一些功能菌(菌根真菌)的依赖程度,进而改变真菌功能类群<sup>[39]</sup>。另外,有效氮的增加能够促进植物光合作用的进行,增加碳向共生真菌的转移,促进真菌生长<sup>[40]</sup>。真菌的生长过程中,AN 可以迅速为真菌吸收,促进代谢酶的合成,从而改变真菌的功能类型,以适应土地利用改变带来的环境变化。

#### 4 结论

(1) 会仙湿地不同土地利用的最优势菌门均为

子囊菌门, PCW 的次优势菌为隐真菌门, CCW、APF、PF 和 CF 的次优势菌均为担子菌门。在目水平上, PCW 中最优势菌为格孢菌目, CCW、APF、PF 和 CF 的最优势菌均为肉座菌目。在属水平上, PCW 中的最优势属为粪盘菌属, CCW 中最优势属为子囊菌属, APF、PF 和 CF 中相对丰度最高的属均为镰刀菌属。

(2) PCW 和 CCW 中腐生营养型真菌的丰度显著高于 APF、PF 和 CF; CF 中的病理营养型显著高于 PCW 和 CCW, APF、PF 和 CF 中病理-腐生-共生过渡型真菌的丰度显著高于 PCW 和 CCW。APF、PF 和 CF 中最优势功能类群为动物病原-附生-地衣寄生-植物病原-土壤腐生-木材腐生菌, PCW 中最优势功能类群为粪生-木材腐生菌, CCW 中最优势功能类群为土壤腐生菌。

(3) 不同土地利用土壤真菌群落结构和功能类群组成均存在差异, SWC 和 C/N 是影响土壤真菌群落结构的主要因素, AN 是影响土壤真菌功能类群的主要因素。

(4) 土地利用改变了会仙湿地土壤真菌多样性和群落结构, 使真菌功能类群的结构趋于复杂化, 增加了玉米的致病风险。

#### 参考文献:

- [1] 张翼然, 周德民, 刘苗. 中国内陆湿地生态系统服务价值评估-以 71 个湿地案例点为数据源[J]. 生态学报, 2015, **35**(13): 4279-4286.  
Zhang Y R, Zhou D M, Liu M. Ecosystem service valuation research of Chinese inland wetlands based on case study[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, **35**(13): 4279-4286.
- [2] 万忠梅, 郭岳, 郭跃东. 土地利用对湿地土壤活性有机碳的影响研究进展[J]. 生态环境学报, 2011, **20**(3): 567-570.  
Wan Z M, Guo Y, Guo Y D. Research progress on influence of land use on wetland soil active organic carbon[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2011, **20**(3): 567-570.
- [3] 刘景双. 湿地生物地球化学研究[J]. 湿地科学, 2005, **3**(4): 302-309.  
Liu J S. Wetland biogeochemistry research [J]. Wetland Science, 2005, **3**(4): 302-309.
- [4] 宋长青, 吴金水, 陆雅海, 等. 中国土壤微生物学研究十年回顾[J]. 地球科学进展, 2013, **28**(10): 1087-1105.  
Song C Q, Wu J S, Lu Y H, et al. Advances of soil microbiology in the last decade in China[J]. Advances in Earth Science, 2013, **28**(10): 1087-1105.
- [5] 黄科朝, 沈育伊, 徐广平, 等. 垦殖对桂林会仙喀斯特湿地土壤养分与微生物活性的影响[J]. 环境科学, 2018, **39**(4): 1813-1823.  
Huang K C, Shen Y Y, Xu G P, et al. Effects of reclamation on soil nutrients and microbial activities in the Huixian Karst Wetland in Guilin[J]. Environmental Science, 2018, **39**(4): 1813-1823.
- [6] 贾远航, 靳振江, 袁武, 等. 会仙岩溶湿地、稻田与旱地土壤细菌群落结构特征比较[J]. 环境科学, 2019, **40**(7): 3313-3323.  
Jia Y H, Jin Z J, Yuan W, et al. Comparison of soil bacterial community structure between paddy fields and dry land in the Huixian Karst Wetland, China [J]. Environmental Science, 2019, **40**(7): 3313-3323.
- [7] 张林海, 曾从盛, 仝川. 生源要素有效性及生物因子对湿地土壤碳矿化的影响[J]. 生态学报, 2011, **31**(18): 5387-5395.  
Zhang L H, Zeng C S, Tong C. A review on the effects of biogenic elements and biological factors on wetland soil carbon mineralization [J]. Acta Ecologica Sinica, 2011, **31**(18): 5387-5395.
- [8] 陆梅, 田昆, 孙向阳, 等. 纳帕海典型湿地土壤真菌群落特征的积水条件和干湿季节变化[J]. 林业科学, 2018, **54**(2): 98-109.  
Lu M, Tian K, Sun X Y, et al. Variation of soil fungal community characteristics of typical wetland in Napahai between dry wet seasons under different waterlogging conditions [J]. Scientia Silvae Sinicae, 2018, **54**(2): 98-109.
- [9] 李金前, 王吉, 刘亚军, 等. 水位高程变化对湿地土壤微生物代谢功能的影响研究-以蚌湖为例[J]. 长江流域资源与环境, 2017, **26**(5): 730-737.  
Li J Q, Wang J, Liu Y J, et al. Effect of water level elevation on soil microbial metabolic function of wetlands-A case study of Bang lake [J]. Resources and Environment in the Yangtze Basin, 2017, **26**(5): 730-737.
- [10] 陈为峰, 史衍玺. 黄河三角洲新生湿地不同植被类型土壤的微生物分布特征[J]. 草地科学, 2010, **18**(6): 859-864.  
Chen W F, Shi Y X. Distribution characteristics of microbes in New-born wetlands of the Yellow River delta [J]. Acta Agrestia Sinica, 2010, **18**(6): 859-864.
- [11] 肖焯, 黄志刚, 武海涛, 等. 三江平原典型湿地类型土壤微生物特征与土壤养分的研究[J]. 环境科学, 2015, **36**(5): 1842-1848.  
Xiao Y, Huang Z G, Wu H T, et al. Soil microorganism characteristics and soil nutrients of different wetlands in Sanjiang Plain, Northeast China [J]. Environmental Science, 2015, **36**(5): 1842-1848.
- [12] 陈伟, 季秀玲, 张琦, 等. 纳帕海高原湿地真菌群落多样性和组成的分布[J]. 微生物学通报, 2019, **46**(3): 494-503.  
Chen W, Ji X L, Zhang Q, et al. Diversity and composition of fungal community in Napahai plateau wetlands [J]. Microbiology China, 2019, **46**(3): 494-503.
- [13] 隋心, 张荣涛, 许楠, 等. 三江平原不同退化阶段小叶章湿地土壤真菌群落结构组成变化[J]. 环境科学, 2016, **37**(9): 3598-3605.  
Sui X, Zhang R T, Xu N, et al. Fungal community structure of different degeneration *Deyeuxia angustifolia* wetlands in Sanjiang Plain [J]. Environmental Science, 2016, **37**(9): 3598-3605.
- [14] 靳振江, 曾鸿鹄, 李强, 等. 起源喀斯特溶洞湿地稻田与旱地土壤的微生物数量、生物量及土壤酶活性比较[J]. 环境科学, 2016, **37**(1): 335-341.  
Jin Z J, Zeng H H, Li Q, et al. Comparisons of microbial numbers, biomasses and soil enzyme activities between paddy field and dryland origins in Karst Cave Wetland [J]. Environmental Science, 2016, **37**(1): 335-341.
- [15] 靳振江, 邵继承, 潘根兴, 等. 荆江地区湿地与稻田有机碳、微生物多样性及土壤酶活性的比较[J]. 中国农业科学, 2012, **45**(18): 3773-3781.  
Jin Z J, Tai J C, Pan G X, et al. Comparison of soil organic carbon, microbial diversity and enzyme activity of wetlands and rice paddies in Jingjiang Area of Hubei, China [J]. Scientia

- Agricultura Sinica, 2012, **45**(18): 3773-3781.
- [16] 徐飞. 垦殖与恢复对三江平原沼泽湿地土壤微生物群落结构与功能多样性的影响[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2017. 75-75.  
Xu F. Effect of reclamation and restoration on soil microbial community structures and functional diversity in marshland in the Sanjiang Plain [D]. Harbin: Northeast Forestry University, 2017. 75-75.
- [17] 秦红, 李昌晓, 任庆水. 不同土地利用方式对三峡库区消落带土壤细菌和真菌多样性的影响[J]. 生态学报, 2017, **37**(10): 3494-3504.  
Qin H, Li C X, Ren Q S. Effects of different land use patterns on soil bacterial and fungal biodiversity in the hydro-fluctuation zone of the Three Gorges Reservoir region [J]. Acta Ecologica Sinica, 2017, **37**(10): 3494-3504.
- [18] 余潮, 张杰, 胡维, 等. 鄱阳湖水域和洲滩围垦后土壤的真菌多样性[J]. 湿地科学, 2015, **13**(3): 291-298.  
Yu C, Zhang J, Hu W, et al. Soil fungal diversity after reclamation in the river and beach of Poyang Lake [J]. Wetland Science, 2015, **13**(3): 291-298.
- [19] 徐广平, 李艳琼, 沈育伊, 等. 桂林会仙喀斯特湿地水位梯度下不同植物群落土壤有机碳及其组分特征[J]. 环境科学, 2019, **40**(3): 1491-1503.  
Xu G P, Li Y Q, Shen Y Y, et al. Soil organic carbon distribution and components in different plant communities along a water table gradient in the Huixian Karst wetland in Guilin [J]. Environmental Science, 2019, **40**(3): 1491-1503.
- [20] 涂月, 李海翔, 姜磊, 等. 广西会仙湿地不同植物根际细菌群落结构及多样性研究[J]. 生态环境学报, 2019, **28**(2): 252-261.  
Tu Y, Li H X, Jiang L, et al. Bacterial communities structure and diversity in rhizosphere of different plants from Huixian wetland, Guangxi [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2019, **28**(2): 252-261.
- [21] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科学出版社, 2000.
- [22] Nguyen N H, Song Z W, Bates S T, et al. FUNGuild: An open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild [J]. Fungal Ecology, 2016, **20**: 241-248.
- [23] 赵兴鸽, 张世挺, 牛克昌. 青藏高原高寒草甸土壤真菌多样性与植物群落功能性状和土壤理化特性的关系[J]. 应用与环境生物学报, 2020, **26**(1): 1-9.  
Zhao X G, Zhang S T, Niu K C. Relationships between soil fungal diversity, plant community functional traits, and soil attributes in Tibetan alpine meadows [J]. Chinese Journal of Applied & Environmental Biology, 2020, **26**(1): 1-9.
- [24] Zhang X F, Zhao L, Xu S J Jr, et al. Soil moisture effect on bacterial and fungal community in Beilu River (Tibetan Plateau) permafrost soils with different vegetation types [J]. J Applied Microbiol, 2013, **114**(4): 1054-1065.
- [25] 赵庆节. 种植不同植物的人工湿地土壤微生物群落研究[J]. 上海交通大学学报(农业科学版), 2011, **29**(3): 47-52.  
Zhao Q J. Study on the soil microbial diversity in the running constructed wetland cultivated with four plants [J]. Journal of Shanghai JiaoTong University (Agricultural Science), 2011, **29**(3): 47-52.
- [26] 代红翠, 张慧, 薛艳芳, 等. 不同耕作和秸秆还田下褐土真菌群落变化特征[J]. 中国农业科学, 2019, **52**(13): 2280-2294.  
Dai H C, Zhang H, Xue Y F, et al. Response of fungal community and function to different tillage and straw returning methods [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2019, **52**(13): 2280-2294.
- [27] 任玉连, 陆梅, 范方喜, 等. 高原湿地沼泽化草甸土壤真菌与理化性质的关系[J]. 生态科学, 2019, **38**(1): 42-49.  
Ren Y L, Lu M, Fan F X, et al. The relationship between soil fungi and physico-chemical properties in swamp meadow of plateau wetlands [J]. Ecological Science, 2019, **38**(1): 42-49.
- [28] Zhang H H, Zhang S Y, Meng X, et al. Conversion from natural wetlands to forestland and farmland alters the composition of soil fungal communities in Sanjiang Plain, Northeast China [J]. Biotechnology & Biotechnological Equipment, 2018, **32**(4): 951-960.
- [29] 张树萌, 黄懿梅, 倪银霞, 等. 宁南山区人工林草对土壤真菌群落的影响[J]. 中国环境科学, 2018, **38**(4): 1449-1458.  
Zhang S M, Huang Y X, Ni Y X, et al. Effects of artificial forest and grass on soil fungal community at southern Ningxia mountain [J]. China Environmental Science, 2018, **38**(4): 1449-1458.
- [30] 高利, 刘杏忠, 宗兆锋. 碳浓度及碳氮比对几种生防真菌孢子萌发的作用[J]. 植物保护学报, 2009, **36**(1): 93-94.  
Gao L, Liu X Z, Zong Z F. Effects of carbon concentration and carbon-to-nitrogen ratio on spore germination of several biocontrol fungi [J]. Acta Phytophylacica Sinica, 2009, **36**(1): 93-94.
- [31] 韩世忠, 高人, 马红亮, 等. 中亚热带森林土壤真菌多样性的案例研究[J]. 热带亚热带植物学报, 2015, **23**(3): 343-352.  
Han S Z, Gao R, Ma H L, et al. Soil fungal diversities of *Castanopsis carlesii* nature forests in mid-subtropical China [J]. Journal of Tropical and Subtropical Botany, 2015, **23**(3): 343-352.
- [32] 熊丹, 欧静, 李林盼, 等. 黔中地区马尾松林下杜鹃根部内生真菌群落组成及其生态功能[J]. 生态学报, 2020, **40**(4): 1228-1239.  
Xiong D, Ou J, Li L P, et al. Community composition and ecological function analysis of endophytic fungi in the roots of *Rhododendron simsii* in *Pinus massoniana* forest in central Guizhou [J]. Acta Ecologica Sinica, 2020, **40**(4): 1228-1239.
- [33] 燕红梅, 张欣钰, 檀文君, 等. 5种不同植物根际真菌群落结构与多样性[J]. 应用与环境生物学报, 2020, **26**(2): 364-369.  
Yan H M, Zhang X Y, Tan W J, et al. Biodiversity and composition of rhizosphere fungi community associated with five plant species [J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2020, **26**(2): 364-369.
- [34] Promputtha I, Lumyong S, Dhanasekaran V, et al. A phylogenetic evaluation of whether endophytes become saprotrophs at host senescence [J]. Microbial Ecology, 2007, **53**(4): 579-590.
- [35] 郑欢, 张芝元, 韩燕峰, 等. 刺槐内生真菌群落组成及其生态功能结构分析[J]. 菌物学报, 2018, **37**(2): 256-263.  
Zheng H, Zhang Z Y, Han Y F, et al. Community composition and ecological functional structural analysis of the endophytic fungi in *Robinia pseudoacacia* [J]. Mycosystema, 2018, **37**(2): 256-263.
- [36] 林镇跃, 阙友雄, 刘平武, 等. 植物致病镰刀菌的研究进展[J]. 中国糖料, 2014, (1): 58-64, 78.  
Lin Z Y, Que Y X, Liu P W, et al. Research progress of plant fusarium phytopathogen [J]. Sugar Crops of China, 2014, (1): 58-64, 78.
- [37] 聂三安, 王祎, 雷秀美, 等. 黄泥田土壤真菌群落结构和功

- 能类群组成对施肥的响应[J]. 应用生态学报, 2018, 29(8): 2721-2729.
- Nie S A, Wang Y, Lei X M, *et al.* Responses of fungal community structure and functional group to fertilization in yellow clayey soil[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2018, 29(8): 2721-2729.
- [38] Zhang W H, Sun R B, Xu L, *et al.* Effects of micro-/nano-hydroxyapatite and phytoremediation on fungal community structure in copper contaminated soil [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2019, 174: 100-109.
- [39] Wang J C, Rhodes G, Huang Q W, *et al.* Plant growth stages and fertilization regimes drive soil fungal community compositions in a wheat-rice rotation system[J]. Biology and Fertility of Soils, 2018, 54(6): 731-742.
- [40] Treseder K, Allen E B, Egerton-Warburton L M, *et al.* Arbuscular mycorrhizal fungi as mediators of ecosystem responses to nitrogen deposition: a trait-based predictive framework [J]. Journal of Ecology, 2018, 106(2): 480-489.

---

## 《环境科学》连续 8 次荣获 “中国最具国际影响力学术期刊”称号

2019 年 10 月 28 日,中国学术期刊(光盘版)电子杂志社(CNKI)等机构发布“2019 中国最具国际影响力学术期刊”评选结果。《环境科学》荣获“2019 中国最具国际影响力学术期刊”称号,是唯一入选的环境科学与资源科学类中文期刊,也是自首次评选以来连续 8 次获此殊荣。评选以期刊国际影响力指数进行排序,遴选出排名前 5% (Top5%) 的期刊获评“中国最具国际影响力学术期刊”。

环 境 科 学

## CONTENTS

Characterization of Two Heavy Pollution Episodes in Tianjin in 2020 .....	XIAO Zhi-mei, XU Hong, CAI Zi-ying, <i>et al.</i> (3879)
Analysis of Characteristics of Water-soluble Ions in PM <sub>2.5</sub> in Chengdu Based on the MARGA .....	YIN Han-mei, CHEN Jun-hui, FENG Xiao-qiong, <i>et al.</i> (3889)
Seasonal Characteristics and Source Analysis of Water-soluble Inorganic Ions in PM <sub>2.5</sub> in Suqian City .....	MA Hong-lu, ZHAO Xin, LU Jian-gang, <i>et al.</i> (3899)
Characterization and Size Distribution of Carbonaceous Aerosols at Mountain Dinghu .....	LI An-na, WEN Tian-xue, HUA Wei, <i>et al.</i> (3908)
Characteristics and Source Apportionment of Carbon Components in Road Dust in Anshan .....	LIN Zi, JI Ya-qin, LIN Yu, <i>et al.</i> (3918)
Spectral Characteristics and Source Analysis of WSOC of PM <sub>2.5</sub> in Winter of Xi'an .....	YANG Yi, ZHANG Ya-nan, LIU Huan-wu, <i>et al.</i> (3924)
Observation of Aerosol Optical Properties and New Particle Formation in the Yangtze River Delta .....	DU Ying-ying, CHEN Jun, ZHANG Jia-luo, <i>et al.</i> (3932)
Component Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds in Lianyungang City .....	CUI Jin-meng, WANG Ti-jian, LI Qiu-tong, <i>et al.</i> (3941)
Seasonal Pollution Characteristics and Analysis of the Sources of Atmospheric VOCs in Chengdu Urban Area .....	WANG Cheng-hui, CHEN Jun-hui, HAN Li, <i>et al.</i> (3951)
Ozone Sensitivity Analysis and Emission Controls in Dezhou in Summer .....	YAN Ru-sha (3961)
Inventory and Distribution Characteristics of China's Thermal Power Emissions Under Ultra-Low Reconstruction .....	QU Jia-bao, WANG Peng, BO Xin, <i>et al.</i> (3969)
Establishment and Spatial Distribution of Anthropogenic Ammonia Emission Inventory in Zhejiang Province .....	ZHAO Rui-dong, YU Xing-na, HOU Xin-hong, <i>et al.</i> (3976)
Evaluation and Screening of Dioxin Control Technology in Waste Incineration Flue Gas .....	ZHAO Si-lan, XI Peng-fei, GUO Feng-yan, <i>et al.</i> (3985)
Characteristics of Stable Isotopes and Moisture Sources of Two Typical Precipitation Events in Lanzhou City .....	HAN Ting-ting, ZHANG Ming-jun, WANG Sheng-jie, <i>et al.</i> (3993)
Hydrochemical Characteristics and Possible Controls of the Surface Water in Ranwu Lake Basin .....	ZHANG Tao, WANG Ming-guo, ZHANG Zhi-yin, <i>et al.</i> (4003)
Chemical Evolution and Formation Mechanism of Groundwater in Hetao Irrigation Area .....	CUI Jia-qi, LI Xian-yue, SHI Hai-bin, <i>et al.</i> (4011)
Chemical Characteristics of Groundwater and Material Sources Analysis in Shiqi River Basin .....	LI Xiao, YU Shi, LI Liang, <i>et al.</i> (4021)
Spatial-temporal Variations and Driving of Nitrogen and Phosphorus Ratios in Lakes in the Middle and Lower Reaches of Yangtze River .....	JI Peng-fei, XU Hai, ZHAN Xu, <i>et al.</i> (4030)
Spatiotemporal Variations in Nutrient Loads in River-lake System of Changdang Lake Catchment in 2016-2017 .....	LI Xin-yan, LI Heng-peng, JIANG San-yuan, <i>et al.</i> (4042)
Influence of <i>Potamogeton crispus</i> on Lake Water Environment and Phytoplankton Community Structure .....	KANG Li-juan, XU Hai, ZOU Wei, <i>et al.</i> (4053)
Phylogenetic Processes and Key Driving Factors of Bacterial Communities in Jinze Reservoir .....	LIU Ming-kun, TONG Jun, ZHU Hui-feng, <i>et al.</i> (4062)
Distribution Characteristics of Per-/polyfluoralkyl Substances in River Sediments Around Typical Fluorine Industrial Parks .....	SUN Lin-ting, ZHAO Zhen, TANG Jian-hui (4069)
Microplastics-Induced Shifts of Diversity and Abundance of Antibiotic Resistance Genes in River Water .....	ZHOU Xin-yuan, WANG Yan-zi, SU Jian-qiang, <i>et al.</i> (4076)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics in Lianhua Reservoir .....	LIAO Jie, WEI Xiao-qin, XIAO Yan-qin, <i>et al.</i> (4081)
Intraspecific Variation in Growth and Alkaline Phosphatase Activity of <i>Cylindrospermopsis raciborskii</i> Strains in Response to Different Phosphorus Concentrations and Sources .....	YE Jin-mei, ZHAO Li, LUO Xu, <i>et al.</i> (4088)
Simulation of Water Quality Response of Guishui River Wetland Plants and Water Diversion .....	LI Ya-juan, DU Yan-liang, BI Er-ping, <i>et al.</i> (4095)
Performance Assessment of Field-scale Dry Grass Swale with Shallow Substrate Layer .....	ZHANG Jia-wei, LI Tian, ZHANG Ting-xiu (4105)
Transition of Particulate Pollutant in the Parcel-based Catchment of Sponge City .....	LI Jia, XIE Wen-xia, JIANG Zhi-hui, <i>et al.</i> (4113)
Adsorption of Sb(V) in Water by Natural Pyrite: Performance and Mechanism .....	SHI Song, WU Qian-yuan, LI Xin-zheng, <i>et al.</i> (4124)
Treatment of Wastewater Containing Naphthalene Sulfonic Acid by Persulfate Oxidation .....	ZHANG Jin-men, LU Jun, LIU Xiao-chen, <i>et al.</i> (4133)
Effect of Temperature on Performance and Microbial Community Structure of Anaerobic Biofilter-Treated Domestic Wastewater .....	LIU Zhi-bin, LIU Xiu-hong, ZHOU Tong, <i>et al.</i> (4141)
Start-up and Optimization of Denitrifying Phosphorus Removal in ABR-MBR Coupling Process .....	MIAO Xin-nian, WANG Qian, GUO Kai-cheng, <i>et al.</i> (4150)
Adaptability of Completely Autotrophic Nitrogen Removal over Granular Sludge to Low-Strength at Low Temperature .....	LIU Yu-xin, WANG Jian-fang, QIAN Fei-yue, <i>et al.</i> (4161)
Discussion on Key Issues of Geochemical Monitoring of Soil Heavy Metal in Xiongan New District .....	GUO Zhi-juan, ZHOU Ya-long, YANG Zheng, <i>et al.</i> (4169)
Quantitative Assessment of Human Health Risks Based on Soil Heavy Metals and PAHs Sources: Take a Polluted Industrial Site of Beijing As an Example .....	WU Zhi-yuan, ZHANG Li-na, XIA Tian-xiang, <i>et al.</i> (4180)
Ecological Risk Assessment of Heavy Metals at Township Scale in the High Background of Heavy Metals, Southwestern, China .....	ZHANG Fu-gui, PENG Min, WANG Hui-yan, <i>et al.</i> (4197)
Potential of Accumulation and Application of Dominant Plants in Lanping Lead-zinc Mine, Yunnan Province .....	ZHANG Long, ZHANG Yun-xia, SONG Bo, <i>et al.</i> (4210)
Key Growth Stage of Pb Accumulation in Rice Through a Hydroponic Experiment with Pb Stress .....	HU Yu-dan, ZHOU Hang, GU Jiao-feng, <i>et al.</i> (4218)
Effect of Nutrient Regulation and Control on Cd Accumulation Efficiency of <i>Hylotelephium spectabile</i> Under Field Conditions .....	GUO Jun-mei, YANG Jun-xing, YANG Jun, <i>et al.</i> (4226)
Effects of <i>Eucalyptus</i> Branches Biochar Application on Soil Physicochemical Properties of Acidified Soil in a <i>Eucalyptus</i> plantation in Northern Guangxi .....	DAUN Chun-yan, SHEN Yu-yi, XU Guang-ping, <i>et al.</i> (4234)
Dynamic Effects of Direct Returning of Straw and Corresponding Biochar on Acidity, Nutrients, and Exchangeable Properties of Red Soil .....	YANG Cai-di, LU Sheng-gao (4246)
Different Responses of Soil Microbial Community Structure to Irrigation with Treated Wastewater from Domestic and Industrial Sources .....	WANG Yan, CHENG Dong-hui, TAN Wen-bing, <i>et al.</i> (4253)
Effects of Manure and Organic Fertilizer Application on Soil Microbial Community Diversity in Paddy Fields .....	LI Peng, WU Jian-qiang, SHA Chen-yan, <i>et al.</i> (4262)
Effects of Land Use Changes on Soil Bacterial Community Diversity in the Riparian Wetland Along the Downstream of Songhua River .....	ZHANG Tuo, XU Fei, HUAI Bao-dong, <i>et al.</i> (4273)
Response of Soil Bacterial Community Structure to Precipitation Change in Grassland of Loess Plateau .....	LI Na, WANG Bao-rong, AN Shao-shan, <i>et al.</i> (4284)
Effect of Land-use on Soil Fungal Community Structure and Associated Functional Group in Huixian Karst Wetland .....	CHENG Yue-yang, JIN Zhen-jiang, WANG Xiao-tong, <i>et al.</i> (4294)
Interactions of Fungi Community and Relationship with the Carbon Structure in Arable Mollisols with Gradient Organic Matter Content .....	SHANG Qiu-tong, HUANG Rui-lin, NI Hao-wei, <i>et al.</i> (4305)
Diversity of Soil Eukaryotic Microbes in Different Succession Stages in Maolan Karst Forest of Guizhou .....	WANG Xian, LONG Jian, LI Juan, <i>et al.</i> (4314)
Adsorption of Cadmium and Arsenic by Corn Stalk Biochar Solidified Microorganism .....	LIU Yu-ling, ZHU Hu-cheng, PENG Ou, <i>et al.</i> (4322)
Mechanism of Inorganic Nitrogen Transformation and Identification of Nitrogen Sources in Water and Soil .....	LIANG Xing, SUN Li-qun, ZHANG Xin, <i>et al.</i> (4333)