

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

基于高分影像的城市水体遥感综合分级方法

杨子谦, 刘怀庆, 吕恒, 李云梅, 朱利, 周亚明, 李玲玲, 毕顺



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年5月

第42卷 第5期

Vol.42 No.5

目次

北京冬季 PM_{2.5} 中有机气溶胶的化学特征和来源解析 徐楠, 王甜甜, 李晓, 唐荣志, 郭松, 胡敏 (2101)

北京地区 2019 年 2~3 月供暖结束后两次污染过程特征分析 尹晓梅, 蒲维维, 王继康, 刘湘雪, 乔林 (2110)

北京 2019 年冬季一次典型霾污染特征与成因分析 廉涵阳, 杨欣, 张普, 陈义珍, 杨小阳, 赵好希, 何友江, 赵丹婷 (2121)

青岛沿海地区夏季和冬季新粒子生成特征对比 孙悦, 朱玉姣, 孟赫, 刘兵, 刘玉虹, 董灿, 姚小红, 王文兴, 薛丽坤 (2133)

太原市城乡居民区采暖季室内灰尘中重金属的污染特征及其生态风险评价 黄浩, 徐子琪, 严俊霞, 赵秀阁, 王丹璐 (2143)

西安市新装修公共场所空气污染物浓度分析及健康风险评价 范洁, 樊灏, 沈振兴, 党文鹏, 郑伟, 王志华, 付毅 (2153)

超低排放典型燃烧源颗粒物及水溶性离子排放水平与特征 胡月琪, 王铮, 郭建辉, 冯亚君, 丁萌萌, 颜旭 (2159)

合肥市夏季大气颗粒物中微生物群落的高通量测序分析 姜少毅, 孙博文, 代海涛, 王润芳, 马大卫, 朱仁斌 (2169)

郑州市细颗粒物时空差异及管控措施影响 董喆, 袁明浩, 苏方成, 张剑飞, 孙佳侯, 张瑞芹 (2179)

2016~2019 年江西省臭氧污染特征与气象因子影响分析 钱悦, 许彬, 夏玲君, 陈燕玲, 邓力琛, 王欢, 张根 (2190)

天山北坡城市群气溶胶光学特性时空分布特征 张喆, 丁建丽, 王瑾杰, 陈香月, 刘兴涛, 阿提干·吾斯曼 (2202)

基于高分影像的城市水体遥感综合分级方法 杨子谦, 刘怀庆, 吕恒, 李云梅, 朱利, 周亚明, 李玲玲, 毕顺 (2213)

太湖水体 Chl-a 预测模型 ARIMA 的构建及应用优化 李娜, 李勇, 冯家成, 单雅洁, 钱佳宁 (2223)

松花湖水水质空间差异及富营养化空间自相关分析 丁洋, 赵进勇, 张晶, 付意成, 彭文启, 陈渠昌, 李艳艳 (2232)

会仙岩溶湿地丰平枯水期地表水污染及灌溉适用性评价 朱丹尼, 邹胜章, 李军, 樊连杰, 赵一, 谢浩, 朱天龙, 潘民强, 徐利 (2240)

京杭大运河中下游段天然水化学变化特征及驱动因素 程中华, 邓义祥, 卓小可, 代丹, 于涛 (2251)

次降雨过程中不同土地利用配置对径流中氮流失的影响 罗义峰, 陈方鑫, 周豪, 龙翼, 严冬春, 谭文浩, 李丹丹, 陈晓燕 (2260)

碳氮同位素解析典型岩溶流域地下水中硝酸盐来源与归趋 任坤, 潘晓东, 梁嘉鹏, 彭聪, 曾洁 (2268)

冰封状态下达里湖冰-水中浮游细菌群落结构差异 李文宝, 杨旭, 田雅楠, 杜蕾 (2276)

城市再生水河道沉积物细菌群落空间变化分析:以京津冀北运河为例 邱莹, 靳燕, 苏振华, 邱琰若, 赵栋梁, 郭道宇 (2287)

太湖春夏两季反硝化与厌氧氨氧化速率的空间差异及其影响因素 赵锋, 许海, 詹旭, 朱广伟, 郭宇龙, 康丽娟, 朱梦圆 (2296)

三峡库区典型支流水库浮游动植物群落结构特征及其与环境因子的关系 陈莎, 谢青, 付梅, 江韬, 王永敏, 王定勇 (2303)

铁硫改性生物炭去除水中的磷 桑倩倩, 王芳君, 赵元添, 周强, 蔡雨麒, 邓颖, 田文清, 陈永志, 马娟 (2313)

钢渣对水体中磷的去除性能及机制解析 罗晓, 张峻搏, 何磊, 杨雪晶, 吕鹏翼 (2324)

BS-18 两性修饰膨润土对四环素和诺氟沙星复合污染的吸附 王新欣, 孟昭福, 刘欣, 王腾, 胡啸龙, 孙秀贤 (2334)

Ag₃PO₄/g-C₃N₄ 复合光催化剂的制备及其可见光催化性能 高闯闯, 刘海成, 孟无霜, 郝双玲, 薛婷婷, 陈国栋, Joseph Acquah (2343)

可见光驱动下罗丹明 B 自活化过硫酸盐降解双酚 A 张怡晨, 白雪, 石娟, 金鹏康 (2353)

铁钛共掺杂氧化铝诱发表面双反应中心催化臭氧氧化去除水中污染物 张帆, 宋阳, 胡春, 吕来 (2360)

硫化铁铜双金属复合材料的制备及除铬机制 屈敏, 王源, 陈辉霞, 王兴润, 徐红彬 (2370)

电催化-生物电化学耦合系统处理青霉素废水的机制 曲有鹏, 吕江维, 董跃, 冯玉杰, 张杰 (2378)

缺氧/好氧交替连续流的生活污水好氧颗粒污泥运行及污染物去除机制 李冬, 杨敬畏, 李悦, 李帅, 张诗睿, 王文强, 张杰 (2385)

反硝化除磷污泥聚集体内原位除磷活性及有机物浓度的影响 吕永涛, 姜晓童, 徒彦, 王旭东, 潘永宝, 刘爽, 崔双科, 王磊 (2396)

基于臭氧旁路处理的污泥原位减量技术工艺 薛冰, 刘宾寒, 韦婷婷, 王先恺, 陈思思, 董滨 (2402)

活性炭对城市有机固废厌氧消化过程抗生素抗性基因行为特征的影响 马佳莹, 王盼亮, 汪冰寒, 苏应龙, 谢冰 (2413)

6 种农业废弃物初期碳源及溶解性有机物释放机制 凌宇, 闫国凯, 王海燕, 董伟羊, 王欢, 常洋, 李丛宇 (2422)

中国典型农田土壤有机碳密度的空间分异及影响因素 李成, 王让会, 李兆哲, 徐扬 (2432)

不同水分条件和微生物生物量水平下水稻土有机碳矿化及其影响因子特征 刘琪, 李宇虹, 李哲, 魏晓梦, 祝贞科, 吴金水, 葛体达 (2440)

青藏高原林地土壤的氮转化特征及其影响因素分析:以祁连山和藏东南地区为例 何芳, 张丽梅, 申聪聪, 陈金全, 刘四义 (2449)

基于物元可拓模型的兰州市主城区公园表土重金属污染评价 胡梦瑶, 李春艳, 李娜娜, 吉天琪, 郑登友 (2457)

长期施用化肥和有有机肥对稻田土壤重金属及其有效性的影响 夏文建, 张丽芳, 刘增兵, 张文学, 蓝贤瑾, 刘秀梅, 刘佳, 刘光荣, 李祖章, 王萍 (2469)

川南山区土壤与农作物重金属特征及成因 韩伟, 王成文, 彭敏, 王乔林, 杨帆, 徐仁廷 (2480)

宁东能源化工基地核心区表层土壤中多环芳烃的空间分布特征、源解析及风险评价 杨帆, 罗红雪, 钟艳霞, 王幼奇, 白一茹 (2490)

重金属钝化剂阻控生菜 Cd 吸收的功能稳定性和适用性 鹿发虎, 吴雪姣, 孔雪菲, 曾亮, 王晓宇, 陈兆进, 姚伦广, 韩辉 (2502)

典型污染稻田水分管理对水稻镉累积的影响 张雨婷, 田应兵, 黄道友, 张泉, 许超, 朱挥华, 朱奇宏 (2512)

油茶果壳改性生物炭吸附性能及其耦合淹水对土壤 Cd 形态影响 蔡彤, 杜辉辉, 刘孝利, 铁柏清, 杨宇 (2522)

土地利用变化对松花江下游湿地土壤真菌群落结构及功能的影响 徐飞, 张拓, 怀宝东, 隋文志, 杨雪 (2531)

渔业复垦塌陷地抗生素抗性基因与微生物群落 程森, 路平, 冯启言 (2541)

3 种常用除草剂对细菌抗生素耐药性的影响 李曦, 廖汉鹏, 崔鹏, 白玉丹, 刘晨, 文畅, 周顺桂 (2550)

污水再生利用微生物控制标准及其制定方法探讨 陈卓, 崔琦, 曹可凡, 陆韻, 巫寅虎, 胡洪营 (2558)

《环境科学》征订启事 (2439) 《环境科学》征稿简则 (2479) 信息 (2152, 2231, 2286)

土地利用变化对松花江下游湿地土壤真菌群落结构及功能的影响

徐飞^{1,2}, 张拓¹, 怀宝东², 隋文志², 杨雪^{1,2}

(1. 西华师范大学环境科学与工程学院, 南充 637002; 2. 黑龙江省农垦科学院, 哈尔滨 150038)

摘要: 本研究通过分析土地利用变化对沿江湿地土壤真菌群落结构与功能的影响, 识别受损滨江湿地的自然恢复潜力, 以期对松花江湿地资源管理和保护提供理论依据。于2018年7月, 通过采集松花江下游自然湿地、水稻田、采砂迹地和恢复湿地的土壤, 对土壤真菌 ITS 间隔区定向酶扩增, 并使用 Illumina MiSeq PE300 二代高通量测序平台进行测序, 分析不同类型样地土壤真菌群落组成和功能的差异及其影响因素。结果表明, 沿江湿地开垦为稻田或进行采砂活动可造成土壤真菌 α 多样性指数显著降低 ($P < 0.05$), 采砂迹地被修复为人工湿地后可显著提高土壤真菌 Ace 和 Chao1 指数 ($P < 0.05$)。稻田与其它3种土地利用类型的土壤真菌群落结构差异显著 ($P < 0.05$)。沿江湿地土壤真菌划分为16个菌门, 子囊菌门 (Ascomycota)、担子菌门 (Basidiomycota)、被孢菌门 (Mortierellomycota) 和隐真菌门 (Rozellomycota) 为沿江湿地的主要真菌门类 (相对丰度 $> 1\%$)。自然湿地和恢复湿地的真菌功能群以外生菌根真菌为主, 辅以苔藓寄生真菌、地衣寄生真菌和杜鹃花类菌根真菌, 稻田和采砂迹地的主要功能菌群以凋落物腐生菌和土壤腐生菌为主。动植物病原菌群在稻田中的相对丰度显著高于其它样地 ($P < 0.05$)。土壤 pH、总碳、有机碳、总氮和总磷是土壤真菌群落多样性的主要影响因子。由此可见, 在自然湿地进行资源开发增加了潜在的生态风险, 降低了生态系统稳定性。

关键词: 松花江; 湿地; 土地利用类型; 土壤真菌; 群落结构; 功能预测

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)05-2531-10 DOI: 10.13227/j.hjx.202008307

Effects of Land Use Changes on Soil Fungal Community Structure and Function in the Riparian Wetland Along the Downstream of the Songhua River

XU Fei^{1,2}, ZHANG Tuo¹, HUAI Bao-dong², SUI Wen-zhi², YANG Xue^{1,2}

(1. College of Environmental Science and Engineering, China West Normal University, Nanchong 637002, China; 2. Heilongjiang Academy of Land Reclamation Sciences, Harbin 150038, China)

Abstract: The aim of this study was to provide a reference for wetland resource management and ecological restoration by analyzing the influence of land use changes on the soil fungal community and its function and to identify the potential natural restoration ability of degraded riverside wetlands in the Songhua River. In July 2018, soil fungi in a natural wetland, paddy field, sand mining slash, and restoration wetland along the downstream of the Songhua River were amplified by PCR. PCR products were sequenced using the Illumina MiSeq PE300 high-throughput sequencing platform. The differences in the soil fungal community composition and function and its influencing factors were analyzed. The results showed that the α -diversity indexes of soil fungi were significantly reduced by sand mining or cultivation in the natural wetland ($P < 0.05$). The ACE index and Chao1 index of soil fungi in the sand mining slash were significantly improved after the sand mining area was restored to a constructed wetland ($P < 0.05$). There were significant differences in the soil fungal community structure between the paddy field and other land use types ($P < 0.05$). The soil fungi in the riparian wetland could be divided into 16 phyla. Ascomycota, Basidiomycota, Mortierellomycota, and Rozellomycota were the dominant phyla (relative abundance $> 1\%$). Ectomycorrhizal was the main functional fungus in the natural wetland and restoration wetland with the supplementation of bryophyte parasites and lichen parasites. Litter saprotrophs and soil saprotrophs were the main functional groups of fungi in the paddy field and sand mining slash, and the relative abundances of animal pathogens and plant pathogens increased significantly in the paddy field. The diversity of the soil fungal community was significantly influenced by the soil pH, organic carbon, total nitrogen, and total phosphorus contents. Thus, resource development in the natural riparian wetlands reduced the ecosystem stability and increased the potential ecological risks.

Key words: Songhua River; wetland; land use type; soil fungi; community structure; function prediction

湿地是珍贵的自然资源,也是地球上三大生态系统之一,具有土壤保育、净化水质和调节水文等不可替代的综合功能^[1]。近年来,湿地土地利用变化产生的生态效应被国内外学者广泛关注。有研究表明,土地利用变化能够改变湿地的环境条件,对生态系统质量与稳定性具有重要影响^[2,3]。资源过度开发利用和环境污染是造成沿江湿地生物多样性丧失

和功能退化的主要原因^[4]。因此,协调湿地资源开发与生态保护的关系成为保证生态系统健康发展和资源可持续利用的关键举措^[5]。土壤真菌是微生物

收稿日期: 2020-08-31; 修订日期: 2020-11-02

基金项目: 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2015ZX07201-008); 西华师范大学科研基金项目(19E061)

作者简介: 徐飞(1982~),男,博士,副研究员,主要研究方向为微生物生态学, E-mail: 29162038@qq.com

的主要类群之一,不仅可以分解植物残体中的木质素和纤维素等难分解物质,还可以形成病原体或共生体与植物紧密地相互作用,促进植物体的新陈代谢和养分吸收,对土壤养分的积累、转化及物质循环具有重要的作用^[6,7].同时,土壤真菌的空间分布格局存在显著的生境依赖特征,环境条件改变能够使土壤微生物群落结构及功能发生相应地变化^[7].因此,土壤真菌群落多样性被认为是评价其所在生态系统健康稳定的重要指标之一,常常用于预测土壤养分条件和环境质量变化^[8~10].

松花江流域是我国湿地资源的集中分布区和重要的粮食生产基地,在保障国家粮食安全和生态安全方面具有重要的战略意义^[11].下游沿江湿地是三江平原重要的组成部分,垦殖、河道挖砂和修筑堤坝等人类活动改变了土地利用类型,使黑土退化、湿地面积萎缩和生物多样性降低等问题日益突出,严重威胁了湿地生态系统的健康和安^[12].提高生境质量和生物多样性并使其具有较好的自我可持续性被认为是恢复退化湿地生态系统的关键环节之一^[13].作为地下生物多样性的重要组成部分,土壤真菌对塑造整体生物多样性和生态系统功能有着重要的影响,通常土壤真菌群落多样性水平越高越有利于生态系统的稳定^[14,15].同时,土壤真菌多样性受 pH 值、土壤理化性状、植被和土地利用方式等自然或人为因素影响,并可以与植物和土壤协调互作来影响湿地土壤生态过程^[16,17].因此,掌握松花江沿江湿地不同土地利用类型的土壤真菌群落多样性及其影响因素有利于该区生态环境的保护与修复.但有关土地利用方式对湿地环境影响的研究大多集中在水质、土壤养分和理化性状的时空分布等方面^[18],而针对北方地区内陆河流湿地土壤真菌群落结构和功能的研究明显不足,尤其是在黑土的原生地,由于特殊的地理位置和寒冷的气候条件使土壤微生物丰富度较低且腐殖质含量高,在自然与人为扰动共同作用下,土壤真菌群落结构的变化趋势及影响因素更加错综复杂^[19].因此,为了揭示不同土地利用类型对松花江下游湿地土壤环境带来的影响,评价退化湿地生态系统的自然恢复潜力,本文以沿江湿地土壤真菌群落为研究对象,利用高通量测序技术和生物信息学分析方法,探究土地利用方式变化对沿江湿地的土壤真菌群落组成与功能产生的影响,并进一步分析土壤真菌群落多样性与环境因子之间的相互作用关系,以期对松花江沿江湿地资源管理和生态环境保护提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

研究区域设置在黑龙江黑鱼泡湿地省级自然保护区内(N46°57'55"~47°14'7",E130°24'51"~130°57'38"),位于梧桐河与松花江的交汇处,属于三江平原与小兴安岭山地的生态过渡带,温带大陆性季风气候,海拔65~81 m,年降雨量548 mm,年蒸发量1155 mm.从10月中旬进入冻融期,直至次年5月中旬,有5个月平均气温在0℃以下,全年平均气温2.1℃,湿地的冻层深度为80~125 mm,无霜期130 d左右.保护区内主要植被类型为湿生灌木和草本植物,并分布少量的农田和岛状人工林.主要植被有松江柳(*Salix sungkianica*)、卷边柳(*Salix siuzevii*)、蒿柳(*Salix viminalis*)、菖蒲(*Acorus calamus* L.)、小叶章(*Deyeuxia angustifolia*)、瓣囊苔草(*Carex lehmanii*)和芦苇(*Phragmites communis*)等^[20].

1.2 样地设置与土壤采集

2017年6~7月,在含有多种土地利用类型的沿江湿地中,选择自然湿地(natural wetland, NW)、采砂迹地(sand mining slash, SMS)、恢复湿地(restoration wetland, RW)和水稻田(paddy field, PF)这4种土地利用类型开展研究,共设置12块样地.其中,自然湿地的主要植被小叶章(*Deyeuxia angustifolia*)和瓣囊苔草(*Carex lehmanii*)具有很好的水文连通性,海拔高度为68 m;采砂迹地地表无植被,水文连通性一般,海拔高度70 m,于2017年5月停止采砂;恢复湿地是通过平整废弃采砂场低洼地,人工移栽小叶章和瓣囊苔草进行的人工湿地修复;稻田于2011年始开荒耕种至今,全部样地坡度较小且坡向一致.

于2018年7月对各样地进行土壤样品采集,在各样地中随机设置3个2 m×2 m的样方,使用无菌土钻按照5点采样法在样方里收集表层土壤(0~10 cm)样品.将各样点取出的土壤样品分成2份,1份重约0.05 kg,将同一样方5个点位取出的土样充分混合,除去草根及石块,储存于装有干冰保温箱内,共收集用于提取土壤真菌基因组的土样12份.另1份土样重约1 kg,共计60份,用于检测土壤理化性质^[21].

1.3 土壤理化指标的测定

采用重量分析法测定土壤水分含量(moisture content, MC);使用美国哈希公司生产的pH分析仪(HQ30d)测定土壤pH值;使用德国Elementar公司生产的碳氮自动分析仪

(ElementarVarioMaxCN) 检测土壤的总氮 (total nitrogen, TN) 和全碳; 测定土壤总磷 (total phosphorus, TP) 采用碱熔-钼锑抗分光光度法; 使用日本 SHIMADZU 公司生产的总有机碳分析仪 (TOC-CPH) 测定土壤总有机碳 (total organic carbon, TOC)^[22]; 采用碱解蒸馏法测定碱解氮 (available nitrogen, AN); 碳氮比 (C/N) 是土壤全碳与总氮的比值。

1.4 土壤真菌 DNA 提取与 PCR 扩增

使用 DNA 提取试剂盒 (TME. Z. N. A. Gel Extraction Kit) 抽提土壤总 DNA, 使用通用引物 (ITS1F/2043R) 对土壤真菌的 ITS rRNA 基因进行 PCR 扩增^[23]. 扩增体系采用 TransGen AP221-02: TransStart Fastpfu DNA Polymerase, 20 μL 反应体系: FastPfu 缓冲液 4 μL , 循环 5 次, 2.5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ dNTPs 2 μL , 5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 的上游引物 (ITS1) 0.8 μL , 5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 的下游引物 (2043) 0.8 μL , FastPfu 聚合酶 0.4 μL , BSA 0.2 μL , DNA 模板为 10 ng, 补双蒸水至 20 μL . PCR 的反应参数: 95 $^{\circ}\text{C}$ 3 min; 95 $^{\circ}\text{C}$ 30 s, 55 $^{\circ}\text{C}$ 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 45 s, 33 个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$ 10 min^[24]. PCR 产物使用 AxyPrep DNA 凝胶回收试剂盒回收, 使用 Illumina MiSeq 检测平台完成高通量测序并构建文库。

1.5 生物信息统计与分析

利用 QIIME (version 1.17, <http://qiime.org>) 软件分析测序数据, 按照 97% 的相似度划分不同的运算分类单位 (operational taxonomic units, OTU), 使用 Usearch 软件 (version 7.1) 去除嵌合体. 采用

RDP (Ribosomal Database Project) 贝叶斯分类算法按照 0.7 的置信度阈值对 OTU 代表序列进行分类学分析, 比对 Unite 8.0/its_fungi 数据库. 抽平以后计算多样性指数 (Ace, Chao1, Shannon, Simpson), 采用皮尔森距离算法的主坐标分析计算 beta 多样性距离矩阵. 识别具有显著差异的土壤真菌群落特征采用非参数因子克鲁斯卡尔-沃利斯秩和检验^[25]. 利用 FUNGuild 微生态工具按照营养方式对土壤真菌功能进行预测分析^[22]. 差异显著性采用单因素方差分析的 Duncan 事后多重比较和置换检验等方法, 使用 IBM SPSS Statistics 22 软件进行相关统计分析。

2 结果与分析

2.1 不同土地利用类型土壤理化性质的差异

土地利用类型变化对沿江湿地的土壤理化性质产生了显著影响(表 1). 结果表明, 在沿江湿地采砂或开垦稻田可造成土壤 pH 的显著升高 ($P < 0.05$). 自然湿地具有较高的土壤含水量, 稻田被人为灌溉导致土壤含水量显著高于沿江的自然湿地和恢复湿地土壤 ($P < 0.05$), 采砂迹地的土壤保水能力被破坏导致土壤含水量最低. 自然湿地的土壤总碳、总氮、总磷和有机碳含量最高, 水稻田和恢复湿地居中, 采砂迹地最低. 碱解氮含量由高到低依次为稻田、自然湿地、恢复湿地和采砂迹地. 自然湿地和采砂迹地土壤中具有较高的碳氮比, 其采砂迹地高于自然湿地, 而稻田与恢复湿地的碳氮比最低。

表 1 不同土地利用类型的沿江湿地土壤理化性质比较¹⁾

Table 1 Comparison of soil physicochemical properties in different land use types of the riparian wetland

土地利用类型	pH	含水量 (MC) /%	总碳 (TC) / $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	总氮 (TN) / $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	总磷 (TP) / $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	有机碳 (TOC) / $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	碱解氮 (AN) / $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	碳氮比 (C/N)
NW	5.52 \pm 0.06d	38.72 \pm 2.65b	53.17 \pm 8.50a	4.18 \pm 0.30a	29.76 \pm 2.80a	44.24 \pm 5.17a	46.05 \pm 4.55b	12.68 \pm 1.46b
SMS	6.80 \pm 0.07a	10.01 \pm 3.28d	1.56 \pm 0.80d	0.10 \pm 0.02d	4.09 \pm 1.92d	1.22 \pm 0.60d	1.73 \pm 0.93d	15.78 \pm 6.71a
RW	6.70 \pm 0.08b	28.56 \pm 1.66c	8.29 \pm 1.77c	0.97 \pm 0.21c	12.38 \pm 1.10c	5.79 \pm 1.45c	11.81 \pm 3.89c	8.57 \pm 0.98c
PF	5.77 \pm 0.07c	45.15 \pm 2.31a	21.00 \pm 2.02b	2.51 \pm 0.23b	15.66 \pm 2.23b	19.83 \pm 1.74b	82.97 \pm 2.97a	8.42 \pm 1.00c

1) 数据为平均值 \pm 标准差 ($n=3$), 不同小写字母表示不同土地利用类型间的指标值差异显著 ($P < 0.05$), 最大平均值标记为 a

2.2 各样地土壤真菌 DNA 测序分析

由表 2 可见, 12 个土壤样品共检测出 702 578 条修剪序列, 总碱基数为 192 222 448 bp, 平均序列数 58 548 条, 平均碱基数 16 018 537 bp, 平均碱基长度为 273.25 bp.

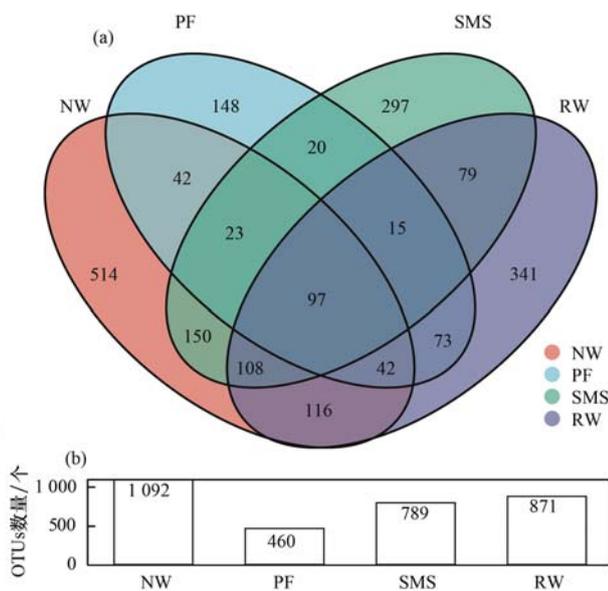
全部样地的土壤真菌 OTU 数目为 2 065 个 [图 1(a)]. 各类型样地土壤真菌 OTU 数目由多到少依次为: NW、RW、SMS 和 PF [图 1(b)]. 其中, 自然湿地独有的土壤真菌 OTU 数目 514 个, 占总

OTU 数目的 24.89%. 稻田中独有的土壤真菌 OTU 数目最少, 仅在占总 OTU 数目的 7.2%. 采砂迹地和恢复湿地中独有的土壤真菌 OTU 数目分别占总 OTU 数目的 16.5% 和 14.4%. 各类样地共有的 OTU 分布数目为 97 个, 约占 4.7%. 自然湿地与水稻田共有土壤真菌 OTU 数目最少, 为 204 个. 采砂迹地和恢复湿地与自然湿地的土壤真菌 OTU 分布较相近, 共有土壤真菌 OTU 数目分别为 378 和 363 个。

表 2 测序数据统计

Table 2 Sequencing data statistics

样地编号	序列数/条	碱基数/bp	平均长度/bp	短序列长度/bp	长序列长度/bp
NW-1	58 357	18 113 088	310.38	202	354
NW-2	67 721	16 992 845	250.92	200	356
NW-3	69 008	18 621 015	269.84	200	356
PF-1	56 668	14 321 303	252.72	214	342
PF-2	35 706	9 080 916	254.32	215	456
PF-3	64 794	16 331 820	252.06	216	357
SMS-1	42 927	11 202 315	260.96	202	350
SMS-2	56 529	14 430 781	255.28	202	398
SMS-3	65 365	17 213 992	263.35	202	355
RW-1	62 399	18 415 104	295.12	216	422
RW-2	66 931	18 723 238	279.74	216	368
RW-3	56 173	18 776 031	334.25	200	356
平均值	58 548	16 018 537	273.25	207	372.5



(a) 各土地利用类型样地中土壤细菌基因测序获取的独有和共有 OTUs 分布的 Venn 图;

(b) 各土地利用类型的 OTUs 分布数量

图 1 不同土地利用类型样地抽样序列数和所代表土壤真菌的 OTUs 数量比较

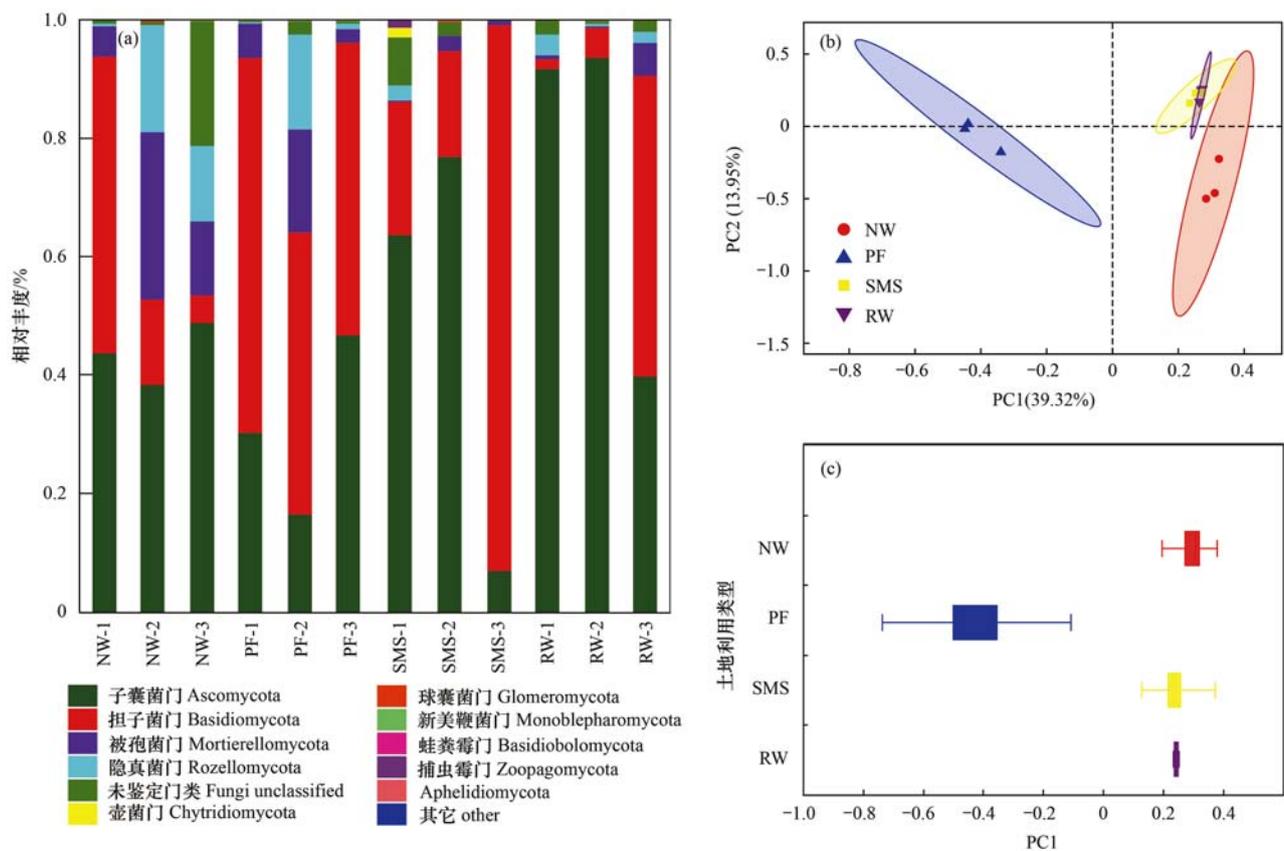
Fig. 1 Comparison of the sampling sequence number and number of OTUs in different land use types

2.3 不同类型样地土壤真菌群落比较及指示性物种分析

在菌门水平上对 OTU 进行分类学分析[图 2 (a)],结果表明,全部土壤样品的土壤真菌分属于 16 个已知的真菌门.其中,担子菌门 (Basidiomycota)、子囊菌门 (Ascomycota)、被孢菌门 (Mortierellomycota) 和隐真菌门 (Rozellomycota) 为各样地的主要真菌门类 (相对丰度 >1%),新美鞭菌门 (Monoblepharomycota)、蛙粪霉门 (Basidiobolomycota)、捕虫霉门 (Zoopagomycota)、Aphelidiomycota 为各样地稀有门类.其它门类包含

壶菌门 (Chytridiomycota)、梳霉门 (Kickxellomycota)、根肿黑粉菌门 (Entorrhizomycota)、油壶菌门 (Olpidiomucota)、根肿黑粉菌门 (Aphelidiomycota)、芽枝霉门 (Aphelidiomycota) 和毛霉门 (Mucoromycota),属于个别样地独有且极稀少门类 (相对丰度 <1%).根据 beta 多样性距离矩阵进行主坐标分析 [图 2 (b)],结果显示,水稻田的土壤真菌群落结构与其它类型湿地之间差异较大,采砂迹地和恢复湿地的土壤真菌群落结构最为相似,自然湿地的土壤真菌群落结构与采砂迹地和恢复湿地也存在一定差异.采用 ANOSIM 组间差异检验表明 [图 2 (c)],水稻田与其它样地的土壤真菌群落结构差异显著 ($P < 0.05$).

不同土地利用类型土壤真菌的差异特征在各分类水平上的分析结果表明 (图 3),在菌门分类水平上,水稻田中担子菌门和采砂迹地中球囊菌门的相对丰度具有显著优势.在纲分类水平上,散菌纲 (Agaricomycetes) 和 Aphelidiomycetes 在自然湿地中具有显著优势,银耳纲 (Tremellomycetes) 在水稻田中具有显著优势, Glomeromycetes 和 Archaeosporomycetes 在采砂迹地中具有显著优势.在目分类水平上,线黑粉菌目 (Filobasidiales)、Cystofilobasidiales、Glomerellales 和 Branch03 在水稻田中具有显著优势,多孔菌目 (Polyporales) 和 Chaetosphaeriales 在采砂迹地中具有显著优势, Kriegeriales 在恢复湿地中具有显著优势.科分类水平上, Helotiaceae 和晶杯菌科 (Hyaloscyphaceae) 在自然湿地具有显著优势, Piskurozymaceae、Mrakiaceae 和 Plectosphaerellaceae 在水稻田中具有显著优势, Didymosphaeriaceae、Hypocreaceae、Niessliaceae、Myxotrichaceae、Bulleraceae、



(a) 分类组成; (b) OTU 分类水平的主坐标分析; (c) ANOSIM 组间差异检验

图2 各样地土壤真菌群落的结构柱状图和主坐标分析

Fig. 2 Structure histogram and principal coordinate analysis of soil fungal communities in different sites

Ganodermataceae、Chaetosphaeriaceae 和 Melanommataceae 在采砂迹地中具有显著优势, Leucosporidiaceae 和 Camptobasidiaceae 在恢复湿地中具有显著优势. 在属分类水平上, *Hymenoscyphus*、*Cistella*、*Cadophora*、*Mycorhizis*、*Cyphellophora* 和 *Tomentella* 在自然湿地具有显著优势, *Dictyosporium*、*Paracylindrocarpon*、*Phialophora*、*Solicoccozyma*、*Tausonia*、*Arnim* 和 *Plectosphaerella* 在水稻田中具有显著优势, *Trichoderma*、*Thelonectria*、*Eucasphaeria*、*Gonytrichum* 和 *Entrophospora* 在采砂迹地中具有显著优势, *Glaciozyma* 和 *Phanerochaete* 在恢复湿地中具有显著优势.

2.4 不同土地利用类型样地土壤真菌的功能预测

利用 FUNGuild 微生态工具, 根据真菌群落对同类环境资源的利用途径进行功能预测^[26], 如图 4 所示, 检测出的土壤真菌按照对环境资源的吸收利用方式划分为共生营养型 (symbiotroph)、病理营养型 (pathotroph) 和腐生营养型 (saprotroph) 这 3 种类型, 分属于 12 个功能, 包括凋落物腐生真菌 (litter saprotroph)、土壤腐生真菌 (soil saprotroph)、木腐菌 (wook saprotroph)、苔藓寄生真菌 (bryophyte parasite)、地衣寄生真菌 (lichen parasite)、杜鹃花类

菌根真菌 (ericoid mycorrhizal)、外生菌根 (ectomycorrhizal)、动物病原真菌 (animal pathogen)、粪腐真菌 (dung saprotroph)、植物病原菌 (plant pathogen)、内生真菌 (endophyte) 和寄生真菌 (fungal parasite). 外生菌根在自然湿地和恢复湿地中的相对丰度显著高于其它样地, 苔藓寄生真菌、地衣寄生真菌在自然湿地中的相对丰度显著高于其它样地, 粪腐真菌在恢复湿地中的相对丰度显著高于其它类型样地, 动物病原真菌和植物病原真菌主要在水稻田中具有显著优势. 内生真菌和凋落物腐生菌在各类样地的相对丰度较均衡.

2.5 土壤理化性质与土壤真菌多样性的关系分析

通过比较不同土地利用类型土壤样品真菌群落 α 多样性可见 (表 3), 自然湿地、恢复湿地与稻田、采砂迹地之间的土壤真菌多样性 Ace 指数和 Chaol 指数具有显著差异 ($P < 0.05$). 土壤真菌群落多样性的 Shannon 指数在自然湿地与其它类型样地之间差异显著 ($P < 0.05$). 自然湿地的土壤真菌群落多样性 Simpson 指数与稻田和采砂迹地差异显著 ($P < 0.05$).

土壤理化性质与土壤真菌 α 多样性的相关性分析表明 (表 4), Ace 指数和 Chaol 指数与土壤碳氮

比显著负相关 ($P < 0.05$), Shannon 指数与土壤 pH 显著负相关 ($P < 0.05$), 与总碳、有机碳、总氮和总磷

显著正相关 ($P < 0.05$), Simpson 指数与土壤总碳、有机碳、总氮和总磷显著负相关 ($P < 0.05$).

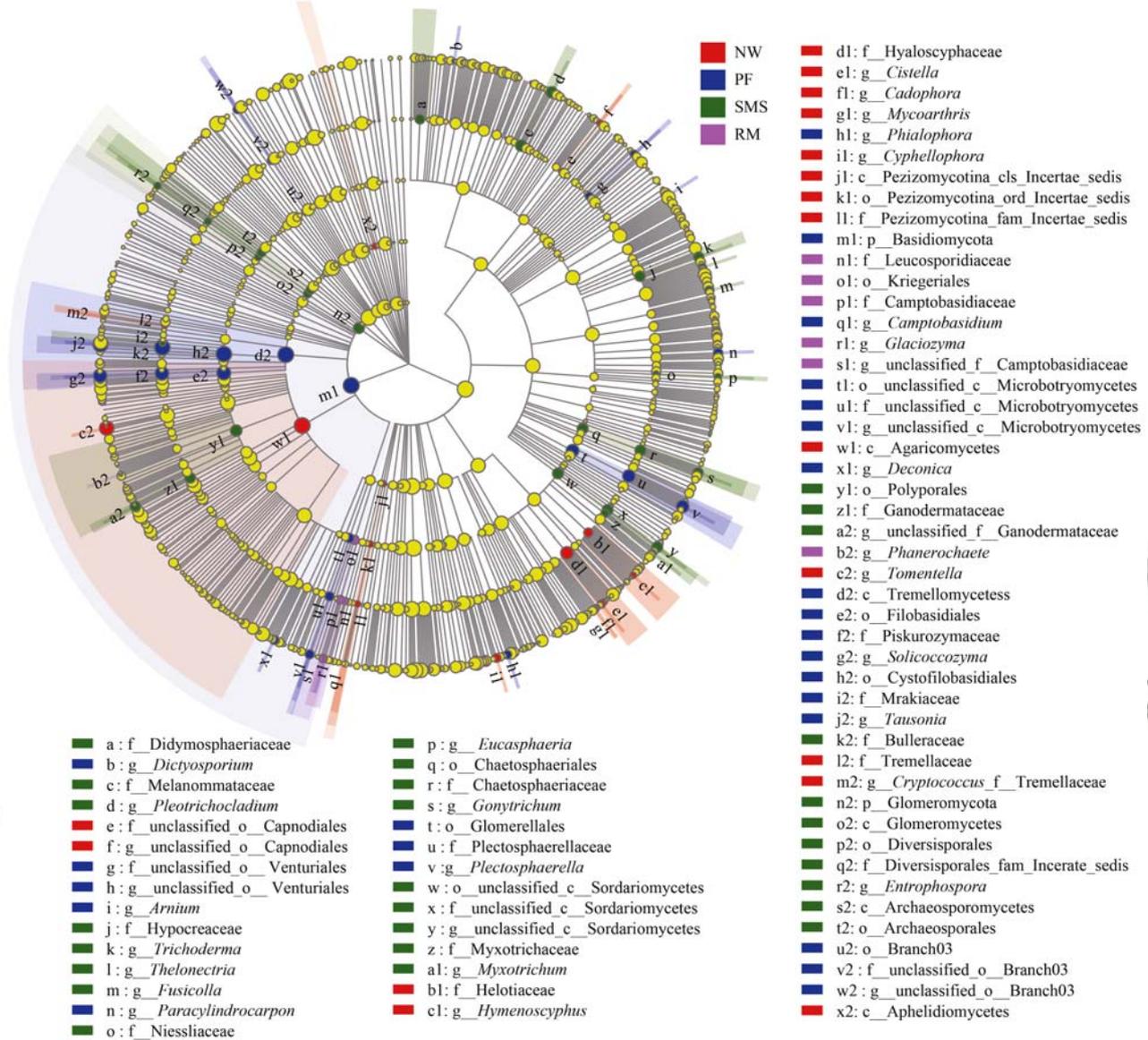


图 3 不同土地利用类型土壤真菌的进化分枝 (LAD 阈值 2.0)

Fig. 3 Cladogram of the soil fungal community for the different land use types (LAD score = 2.0)

表 3 不同土地利用类型样地土壤真菌的 α 多样性指数比较¹⁾

Table 3 Comparison of α diversity index of soil fungi in different land use types

土地利用类型	Ace 指数	Chao1 指数	Shannon-Wiener 指数	Simpson 指数
NW	582.45 ± 165.00a	579.45 ± 128.98a	3.23 ± 0.47a	0.113 2 ± 0.044 2b
PF	376.58 ± 16.59b	361.62 ± 45.45b	2.39 ± 0.31b	0.182 7 ± 0.035 1a
SMS	155.52 ± 47.69c	156.67 ± 51.79c	2.01 ± 0.49b	0.199 4 ± 0.041 3a
RW	747.64 ± 87.28a	648.87 ± 105.27a	2.44 ± 0.36b	0.174 4 ± 0.038 5ab

1) 数据为平均值 ± 标准差 ($n = 3$), 不同小写字母表示不同土地利用类型间的指标值差异显著 ($P < 0.05$), 最大平均值标记为 a

表 4 土壤理化性质与土壤真菌 α 多样性指数的相关分析¹⁾

Table 4 Correlation coefficients between the soil physicochemical properties and soil fungal α -diversity indexes

多样性指数	pH	含水量 (MC)	总碳 (TC)	总氮 (TN)	总磷 (TP)	有机碳 (SOC)	碱解氮 (AN)	碳氮比 (C/N)
Ace	-0.170	0.390	0.345	0.371	0.489	0.303	0.093	-0.647 *
Chao1	-0.281	0.406	0.458	0.485	0.569	0.415	0.202	-0.625 *
Shannon	-0.665 *	0.344	0.814 **	0.817 **	0.754 *	0.783 *	0.522	-0.245
Simpson	0.562	-0.185	-0.728 *	-0.721 *	-0.639 *	-0.691 *	-0.487	0.178

1) * 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$

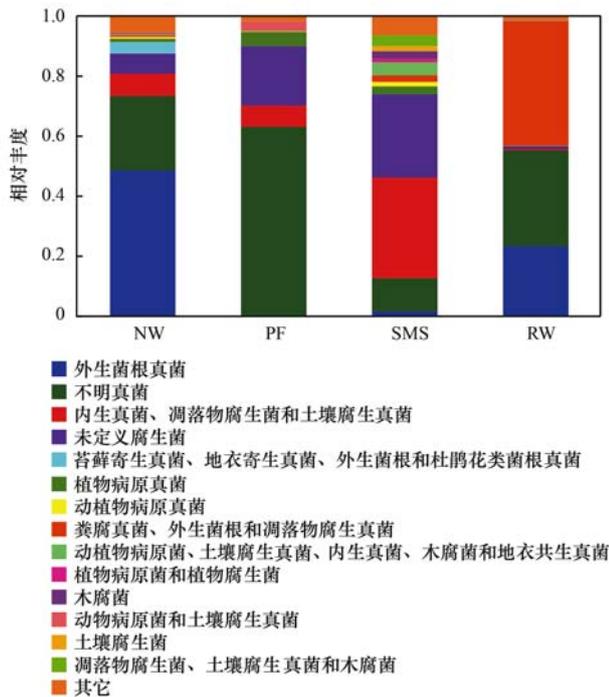
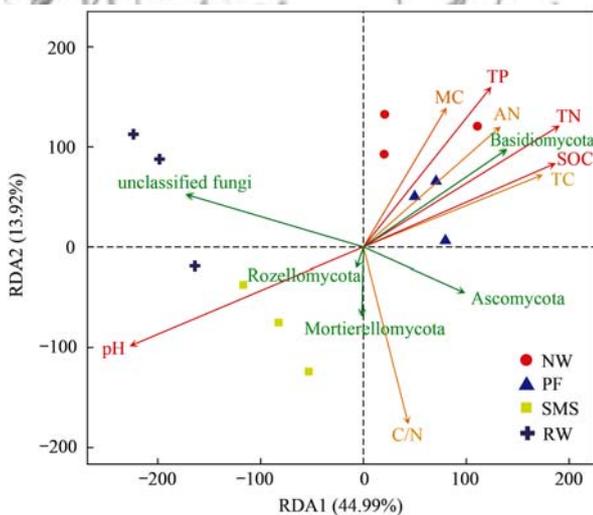


图4 不同土地利用类型土壤真菌功能群落组成变化

Fig. 4 Variations in the composition of the soil fungal functional communities on the phylum level in different land use types

为分析造成沿江湿地土壤真菌群落变化的关键影响因素,进一步对土壤真菌群落结构和土壤理化性质进行冗余分析(图5)。结果表明,两个轴累积解释变异量达到58.91%,能够反映出近60%土壤



图中不同颜色和形状的点表示不同土地利用类型的土壤真菌样本组;绿色箭头表示优势菌门,红色箭头表示显著影响菌群的环境因子,黄色箭头表示对菌群没有显著影响的环境因子;红绿线的长短可以代表环境因子和优势菌门对样本菌群的影响程度的大小;线之间的夹角代表正、负相关性(锐角:正相关;钝角:负相关和直角:无相关性);从样本点向环境因子的箭头做投影,投影点距离原点的距离代表环境因子对样本群落分布相对影响的大小

图5 沿江湿地土壤真菌群落与环境因子的冗余分析

Fig. 5 RDA of the soil fungal community and environmental factors in the riparian wetland

真菌群落变化特征及其影响因素。置换检验结果表明,沿江湿地土壤pH ($r^2 = 0.675$, $P = 0.002$)、总氮(TN, $r^2 = 0.566$, $P = 0.009$)、有机碳(SOC, $r^2 = 0.459$, $P = 0.035$)和全磷(TP, $r^2 = 0.458$, $P = 0.032$)为主导真菌群落变化的关键环境因子。

3 讨论

3.1 不同利用类型的湿地土壤真菌群落比较

维持土壤真菌群落结构稳定的重要因素包括环境过滤、种间竞争和随机扩散机制^[27]。从本研究来看,改变沿江湿地的土地利用类型造成了土壤真菌群落结构发生显著的变化,尤其是河砂堆积使表层土壤真菌的单优种群数量增加,群落结构趋向简单。其原因可能是采砂迹地具备一定的水文连通性,当水位上涨时,水体及漂浮物携带大量土壤真菌在采砂迹地中随机扩散。当水位下降后,适于干旱且贫瘠基质的土壤真菌种群迅速发展,耐受性差的真菌种群被环境淘汰,土壤真菌群落在随机扩散和环境过滤的作用机制下逐渐形成。采砂迹地低洼地带的仿湿地修复并没有使土壤真菌群落发生显著改变,这是由于在水文连通性作用下,恢复湿地和采砂迹地的外源土壤真菌基本一致,短期的人工修复不能完全改变采砂迹地的底质结构。湿地开垦成为稻田使土壤真菌群落结构发生显著的变化,推测是因为在施入化肥农药的影响下,原有的部分土壤真菌群落结构逐渐发生变化,稻田中担子菌门的相对丰度常表现出显著优势。

土壤真菌 α 多样性指数是评价土壤真菌群落多样性的重要指标,探究湿地土壤真菌群落多样性可以反映生态系统的健康状况^[28]。本研究结果表明,采砂迹地和稻田的土壤真菌群落多样性和丰富度显著低于自然湿地,并且采砂迹地仿湿地修复并没有使土壤真菌群落多样性的Shannon指数快速提高,这与张露琪等^[29]研究农田退耕土壤真菌的群落变化相似,农田撂荒后土壤真菌多样性变化不明显,未经扰动的天然湿地土壤真菌多样性均高于不同演替阶段的退耕农田。其原因可能是稻田作物的栽培措施造成土壤真菌多样性被严重抑制,外源真菌扩散不足。采砂迹地低洼地带的仿湿地修复使土壤真菌群落多样性的Ace指数和Chao1指数大幅度提高,Shannon指数没有显著提高,这可能是由于湿地与采砂迹地的外源真菌种类基本一致,在水文连通性的作用下,土壤真菌物种数量增加,而群落多样性没有显著变化。人工修复湿地引入了大量湿地植物为土壤真菌提供了生存空间,环境过滤作用机制被弱化。

掌握土壤真菌群落多样性的影响因素对促进土壤湿地生态系统的平衡和健康至关重要. 在松花江下游沿江湿地中,不同的土地利用类型在一定程度上改变了地表植被及土壤的理化性质,影响了土壤真菌群落多样性,造成土壤生态系统中的物质循环和能量流动发生变化^[30]. 本研究可看出,土壤真菌群落多样性与土壤 pH、总氮、有机碳和总磷的变化密切相关,这与笔者以前研究的土壤真菌群落多样性影响因素基本一致^[31]. 沿江湿地土壤含水量高是土壤真菌具有较高多样性的前提条件,而土壤 pH 和养分条件是湿地土壤真菌群落的关键限制因子. 环境中绝大多数土壤真菌偏好湿润且呈弱酸性的土壤环境,群落多样性随土壤 pH 降低而增加,当 pH 达到一定限值后,土壤真菌群落多样性由升转降. 较好土壤养分条件能够为土壤真菌提供赖以生存物质和能量基础,在自然湿地采矿或垦殖能够显著降低土壤总碳、总氮、有机碳和总磷的含量,土壤养分含量的降低也阻碍了土壤真菌群落的生存,降低了湿地土壤真菌群落多样性. 此外,土壤养分在自然环境中的存在形态及含量可能影响土壤真菌对碳和氮的利用,这也解释了为何不同形式的碳和氮是湿地土壤真菌多样性的关键限制因素^[32].

3.2 不同利用类型的湿地土壤真菌功能分析

通常土壤真菌的丰富度越高,其功能型物种也就越多,在维系生态系统结构与功能稳定时可发挥出更大的作用^[15]. 本研究表明,自然湿地的真菌群落多样性最高,外生菌根、苔藓寄生真菌、地衣寄生真菌、内生真菌、凋落物腐生真菌和土壤腐生真菌等功能型真菌占有绝大比重,符合自然湿地生态系统具有稳定的结构与功能特征. 外生菌根多存在于森林中,为好氧真菌,自然湿地的外生菌根真菌相对丰度较高可能是由于北方较为干旱,松花江流域大多数湿地的每年水淹持续时间很短,这为好氧真菌提高了生存条件. 自然湿地中动植物病原真菌的相对丰度极少,其原因可能是经过自然选择淘汰了抗性差的物种,保留下来的湿地植被对动植物病原真菌都具有较高的抗性. 另外湿地植物与土壤微生物之间形成了稳定的互作效应,能够分泌代谢产物有效抑制致病微生物的入侵^[33]. 粪腐真菌在恢复湿地中的相对丰度显著高于其它类型样地,这有可能是野生动物往往选择裸露沙滩作为觅食场,人工湿地的砂地基质在向自然湿地的淤泥基质转变过程中,形成了有别于自然湿地生境类型,成为了鸟类和蛙类等动物的大型栖息地和产卵场,粪腐菌由动物活动引入^[34]. 动植物病原真菌在于水稻田而产生的相对丰度显著高于其它生境,这可能是由于人类耕作、施

肥、使用农药导致土壤-植物-微生物系统的相互作用失调,部分真菌群落成分丧失,大量致病菌入侵,这些病菌可能与稻瘟病直接相关^[35]. 本研究利用 FUNGuild 微生态工具,利用同类环境资源的途径对真菌群落进行分类,其结果存在很多重复的分类,这属于是该功能分类方法的一些不足之处.

4 结论

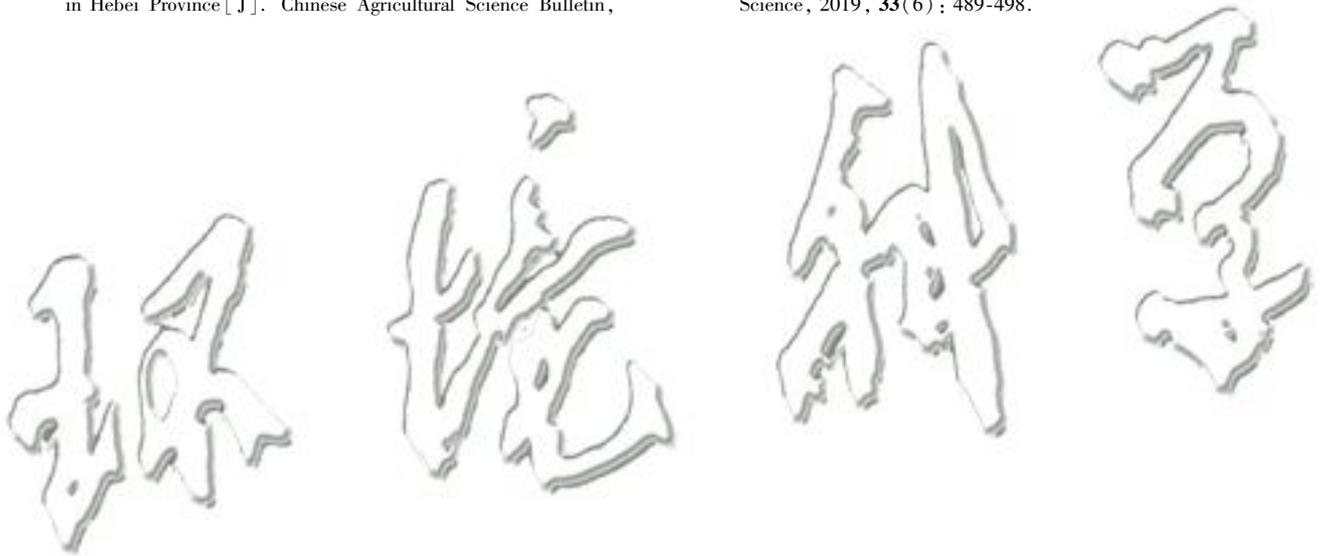
持续开发沿江湿地资源可导致土壤养分含量显著降低,土壤 pH 逐渐升高,造成土壤真菌群落多样性不断降低. 在生境条件持续恶化的情况下,土壤真菌群落发展趋向单一,增加了显著优势真菌群落的相对丰度. 松花江下游退化的沿江湿地具有较强的自然恢复能力,在水文连通性较高的沿江退化滨岸带进行仿湿地人工修复,可快速提高土壤真菌的物种数量. 植物病原真菌在相对闭塞的农田生境中的相对丰度显著高于自然湿地和恢复湿地生境,而外生菌根真菌、苔藓寄生真菌和地衣寄生真菌在自然湿地中的相对丰度显著高于农田和采砂迹地生境.

参考文献:

- [1] 张仲胜,于小娟,宋晓林,等. 水文连通对湿地生态系统关键过程及功能影响研究进展[J]. 湿地科学, 2019, 17(1): 1-8.
Zhang Z S, Yu X J, Song X L, et al. Impacts of hydrological connectivity on key ecological processes and functions in wetlands: a general review [J]. Wetland Science, 2019, 17(1): 1-8.
- [2] 那晓东,张树清,孔博,等. 三江平原土地利用/覆被动态变化对洪河保护区湿地植被退化的影响[J]. 干旱区资源与环境, 2009, 23(3): 144-150.
Na X D, Zhang S Q, Kong B, et al. Effects of Sanjiang Plain land use/cover change on wetland vegetation degradation of Honghe Nature Reserve [J]. Journal of Arid Land Resources and Environment, 2009, 23(3): 144-150.
- [3] 马童慧,吕德,张呈祥,等. 中国 5 种类型湿地保护地空间重叠特征[J]. 湿地科学, 2019, 17(5): 536-543.
Ma T H, Lv S, Zhang C X, et al. Spatial overlapping characteristics of 5 types of protected areas for wetlands in China [J]. Wetland Science, 2019, 17(5): 536-543.
- [4] 张于光,张小全,曲良建,等. 土地利用变化对土壤真菌群落结构的影响[J]. 生态学报, 2007, 27(10): 4325-4332.
Zhang Y G, Zhang X Q, Qu L J, et al. The impact of land use changes on soil fungal community and structure [J]. Acta Ecologica Sinica, 2007, 27(10): 4325-4332.
- [5] 威登臣,陈文业,张继强,等. 敦煌西湖湿地生态系统现状、退化原因及综合修复对策[J]. 草业学报, 2010, 19(4): 194-203.
Qi D C, Chen W Y, Zhang J Q, et al. Status, degraded causes and comprehensive treatment of Dunhuang Xihu wetland ecosystem [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2010, 19(4): 194-203.
- [6] 郭涛,罗珍,朱敏,等. 丛枝菌根真菌对玉米秸秆降解的影响及其作用机制[J]. 生态学报, 2014, 34(14): 4080-4087.
Guo T, Luo Z, Zhu M, et al. Compare different effect of

- arbuscular mycorrhizal colonization on maize straw degradation [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2014, **34**(14): 4080-4087.
- [7] Rodriguez P A, Rothballer M, Chowdhury S P, *et al.* Systems biology of plant-microbiome interactions [J]. *Molecular Plant*, 2019, **12**(6): 804-821.
- [8] 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.
- [9] 刘晋仙, 李彘, 罗正明, 等. 亚高山湖群中真菌群落的分布格局和多样性维持机制[J]. *环境科学*, 2019, **40**(5): 2382-2393.
- Liu J X, Li C, Luo Z M, *et al.* Distribution pattern and diversity maintenance mechanisms of fungal community in subalpine lakes [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(5): 2382-2393.
- [10] Hanif M A, Guo Z M, Moniruzzaman M, *et al.* Plant taxonomic diversity better explains soil fungal and bacterial diversity than functional diversity in restored forest ecosystems [J]. *Plants (Basel, Switzerland)*, 2019, **8**(11): 479.
- [11] 王宗明, 陈铭, 宋开山, 等. 三江平原别拉洪河流域湿地农田化过程中湿地-农田景观梯度时空特征分析[J]. *水土保持学报*, 2008, **22**(1): 194-198.
- Wang Z M, Chen M, Song K S, *et al.* Spatial and temporal analysis of wetland and cropland landscape gradient in process of conversion from wetland into cropland (CWC) in Bielahong Basin of Sanjiang Plain [J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2008, **22**(1): 194-198.
- [12] 张冬杰, 王雪宏, 佟守正, 等. 松花江下游富锦段沿江恢复湿地植物多样性[J]. *湿地科学*, 2016, **14**(6): 883-887.
- Zhang D J, Wang X H, Tong S Z, *et al.* Plant diversity in the restored riparian wetlands along the downstream of Songhua River [J]. *Wetland Science*, 2016, **14**(6): 883-887.
- [13] 李飞, 刘振恒, 贾甜华, 等. 高寒湿地和草甸退化及恢复对土壤微生物碳代谢功能多样性的影响[J]. *生态学报*, 2018, **38**(17): 6006-6015.
- Li F, Liu Z H, Jia T H, *et al.* Functional diversity of soil microbial community carbon metabolism with the degradation and restoration of alpine wetlands and meadows [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, **38**(17): 6006-6015.
- [14] Dai Z M, Liu G F, Chen H H, *et al.* Long-term nutrient inputs shift soil microbial functional profiles of phosphorus cycling in diverse agroecosystems [J]. *The ISME Journal*, 2020, **14**(3): 757-770.
- [15] Wagg C, Schlaeppi K, Banerjee S, *et al.* Fungal-bacterial diversity and microbiome complexity predict ecosystem functioning [J]. *Nature Communications*, 2019, **10**, doi: 10.1038/s41467-019-12798-y.
- [16] 罗正明, 刘晋仙, 暴家兵, 等. 五台山亚高山土壤真菌海拔分布格局与构建机制[J]. *生态学报*, 2020, **40**(19): 7009-7017.
- Luo Z M, Liu J X, Bao J B, *et al.* Elevational distribution patterns and assembly mechanisms of soil fungal community in Mount Wutai, Shanxi, China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, **40**(19): 7009-7017.
- [17] 贾利华, 王鑫, 张蕊, 等. 根际微生物群落介导植物磷胁迫应答与免疫调控的整合机制[J]. *植物营养与肥料学报*, 2019, **25**(2): 321-327.
- Jia L H, Wang X, Zhang R, *et al.* Rhizosphere microbial community mediated a synergism regulatory mechanism of phosphorus stress and immunity in plants by the integrated pathway [J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2019, **25**(2): 321-327.
- [18] 方娜, 刘玲玲, 游清徽, 等. 不同尺度土地利用方式对鄱阳湖湿地水质的影响[J]. *环境科学*, 2019, **40**(12): 5348-5357.
- Fang N, Liu L L, You Q H, *et al.* Effects of land use types at different spatial scales on water quality in Poyang Lake wetland [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(12): 5348-5357.
- [19] Liu J J, Sui Y Y, Yu Z H, *et al.* High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of northeast China [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **70**: 113-122.
- [20] 张拓, 徐飞, 怀宝东, 等. 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[J]. *环境科学*, 2020, **41**(9): 4273-4283.
- Zhang T, Xu F, Huai B D, *et al.* Effects of land use changes on soil bacterial community diversity in the riparian wetland along the downstream of Songhua River [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(9): 4273-4283.
- [21] 杨菁, 周国英, 田媛媛, 等. 降香黄檀不同混交林土壤细菌多样性差异分析[J]. *生态学报*, 2015, **35**(24): 8117-8127.
- Yang J, Zhou G Y, Tian Y Y, *et al.* Differential analysis of soil bacteria diversity in different mixed forests of *Dalbergia odorifera* [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, **35**(24): 8117-8127.
- [22] 李玉浩, 王慧, 赵建宁, 等. 耕作方式对农田土壤理化因子和生物学特性的影响[J]. *应用生态学报*, 2015, **26**(3): 939-948.
- Li Y J, Wang H, Zhao J N, *et al.* Effects of tillage methods on soil physicochemical properties and biological characteristics in farmland: A review [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2015, **26**(3): 939-948.
- [23] Wang M, Shi S, Lin F, *et al.* Response of the soil fungal community to multi-factor environmental changes in a temperate forest [J]. *Applied Soil Ecology*, 2014, **81**: 45-56.
- [24] 方韬, 李永春, 姚泽秀, 等. 种植阔叶树种和毛竹对土壤有机碳矿化与微生物群落结构的影响[J]. *应用生态学报*, 2021, **32**(1): 82-92.
- Fang T, Li Y C, Yao Z X, *et al.* Effects of planting broadleaf trees and Moso bamboo on soil carbon mineralization and microbial community structure [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2021, **32**(1): 82-92.
- [25] Hu H, Chen X J, Hou F J, *et al.* Bacterial and fungal community structures in loess plateau grasslands with different grazing intensities [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, **8**, doi: 10.3389/fmicb.2017.00606.
- [26] Schmidt R, Mitchell J, Seow K. Cover cropping and no-till increase diversity and symbiotroph; saprotroph ratios of soil fungal communities [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **129**: 99-109.
- [27] 李彘, 马转转, 乔沙沙, 等. 原位微宇宙法研究温带森林土壤真菌群落构建的驱动机制[J]. *生态环境学报*, 2018, **27**(5): 811-817.
- Li C, Ma Z Z, Qiao S S, *et al.* Analysis of driving forces underlying the structure of fungal community in temperate forest soils based on microcosm experiments [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2018, **27**(5): 811-817.
- [28] Rousk J, Bååth E, Brookes P C, *et al.* Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil [J]. *The ISME Journal*, 2010, **4**(10): 1340-1351.

- [29] 张露琪, 张志明, 张丽梅, 等. 典型农田退耕后土壤真菌与细菌群落的演替[J]. 生态学报, 2019, **39**(8): 2715-2722.
Zhang L Q, Zhang Z M, Zhang L M, *et al.* Succession of soil fungal and bacterial communities in a typical chronosequence of abandoned agricultural lands[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, **39**(8): 2715-2722.
- [30] 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.
- [31] Xu F, Cai T J, Yang X, *et al.* Soil fungal community variation by large-scale reclamation in Sanjiang Plain, China[J]. *Annals of Microbiology*, 2017, **67**(10): 679-689.
- [32] 高玉峰, 贺字典. 影响土壤真菌多样性的土壤因素研究[J]. 中国农学通报, 2010, **26**(10): 177-181.
Gao Y F, He Z D. Study on soils effect factors to fungi diversity in Hebei Province [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2010, **26**(10): 177-181.
- [33] 吴韵斐, 何义亮, 袁其懿, 等. 水源型水库抗生素抗性基因赋存特征研究[J]. 环境科学学报, 2019, **39**(6): 1834-1841.
Wu Y F, He Y L, Yuan Q Y, *et al.* Study on antibiotic resistance genes characteristics in a drinking water reservoir[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2019, **39**(6): 1834-1841.
- [34] 朱宝光, 李晓民, 姜明, 等. 三江平原浓江河湿地生态廊道区及其周边春季鸟类多样性研究[J]. 湿地科学, 2009, **7**(3): 191-196.
Zhu B G, Li X M, Jiang M, *et al.* Bird diversity in Nongjiang River wetland ecological corridor and its surrounding in the Sanjiang Plain in Spring[J]. *Wetland Science*, 2009, **7**(3): 191-196.
- [35] 曹妮, 陈渊, 季芝娟, 等. 水稻抗稻瘟病分子机制研究进展[J]. 中国水稻科学, 2019, **33**(6): 489-498.
Cao N, Chen Y, Ji Z J, *et al.* Recent progress in molecular mechanism of rice blast resistance[J]. *Chinese Journal of Rice Science*, 2019, **33**(6): 489-498.



CONTENTS

Chemical Characteristics and Source Apportionment of Organic Aerosols in Atmospheric PM _{2.5} in Winter in Beijing	XU Nan, WANG Tian-tian, LI Xiao, <i>et al.</i> (2101)
Characteristics of Two Pollution Episodes Before and After City Heating in Beijing from February to March of 2019	YIN Xiao-mei, PU Wei-wei, WANG Ji-kang, <i>et al.</i> (2110)
Analysis of Characteristics and Causes of a Typical Haze Pollution in Beijing in the Winter of 2019	LIAN Han-yang, YANG Xin, ZHANG Pu, <i>et al.</i> (2121)
New Particle Formation Events in Summer and Winter in the Coastal Atmosphere in Qingdao, China	SUN Yue, ZHU Yu-jiao, MENG He, <i>et al.</i> (2133)
Characteristics of Heavy Metal Pollution and Ecological Risk Evaluation of Indoor Dust from Urban and Rural Areas in Taiyuan City During the Heating Season	HUANG Hao, XU Zi-qi, YAN Jun-xia, <i>et al.</i> (2143)
Concentration Analysis and Health Risk Assessment of Air Pollutants in Newly Decorated Public Places in Xi'an	FAN Jie, FAN Hao, SHEN Zhen-xing, <i>et al.</i> (2153)
Emission Concentration and Characteristics of Particulate Matter and Water-Soluble Ions in Exhaust Gas of Typical Combustion Sources with Ultra-Low Emission	HU Yue-qi, WANG Zheng, GUO Jian-hui, <i>et al.</i> (2159)
High-Throughput Sequencing Analysis of Microbial Communities in Summertime Atmospheric Particulate Matter in Hefei City	JIANG Shao-yi, SUN Bo-wen, DAI Hai-tao, <i>et al.</i> (2169)
Spatiotemporal Variations in Fine Particulate Matter and the Impact of Air Quality Control in Zhengzhou	DONG Zhe, YUAN Ming-hao, SU Fang-cheng, <i>et al.</i> (2179)
Characteristics of Ozone Pollution and Relationships with Meteorological Factors in Jiangxi Province	QIAN Yue, XU Bin, XIA Ling-jun, <i>et al.</i> (2190)
Temporal and Spatial Distribution Characteristics of Aerosol Optical Properties in Urban Agglomerations on the North Slope of the Tianshan Mountains	ZHANG Zhe, DING Jian-li, WANG Jin-jie, <i>et al.</i> (2202)
Comprehensive Classification Method of Urban Water by Remote Sensing Based on High-Resolution Images	YANG Zi-qian, LIU Huai-qing, LÜ Heng, <i>et al.</i> (2213)
Construction and Application Optimization of the Chl-a Forecast Model ARIMA for Lake Taihu	LI Na, LI Yong, FENG Jia-cheng, <i>et al.</i> (2223)
Spatial Differences in Water Quality and Spatial Autocorrelation Analysis of Eutrophication in Songhua Lake	DING Yang, ZHAO Jin-yong, ZHANG Jing, <i>et al.</i> (2232)
Pollution and Irrigation Applicability of Surface Water from Wet, Normal, and Dry Periods in the Huixian Karst Wetland, China	ZHU Dan-ni, ZOU Sheng-zhang, LI Jun, <i>et al.</i> (2240)
Changes in Water Chemistry and Driving Factors in the Middle and Lower Reaches of the Beijing-Hangzhou Grand Canal	CHENG Zhong-hua, DENG Yi-xiang, ZHUO Xiao-ke, <i>et al.</i> (2251)
Effects of Different Land Use Practices on Nitrogen Loss from Runoff During Rainfall Events	LUO Yi-feng, CHEN Fang-xin, ZHOU Hao, <i>et al.</i> (2260)
Sources and Fate of Nitrate in Groundwater in a Typical Karst Basin: Insights from Carbon, Nitrogen, and Oxygen Isotopes	REN Kun, PAN Xiao-dong, LIANG Jia-peng, <i>et al.</i> (2268)
Changes in the Bacterioplankton Community Between "Ice" and "Water" in the Frozen Dali Lake	LI Wen-bao, YANG Xu, TIAN Ya-nan, <i>et al.</i> (2276)
Analysis of the Spatial Changes in Bacterial Communities in Urban Reclaimed Water Channel Sediments; A Case Study of the North Canal River	QIU Ying, JIN Yan, SU Zhen-hua, <i>et al.</i> (2287)
Spatial Differences and Influencing Factors of Denitrification and ANAMMOX Rates in Spring and Summer in Lake Taihu	ZHAO Feng, XU Hai, ZHAN Xu, <i>et al.</i> (2296)
Structural Characteristics of Zooplankton and Phytoplankton Communities and Its Relationship with Environmental Factors in a Typical Tributary Reservoir in the Three Gorges Reservoir Region	CHEN Sha, XIE Qing, FU Mei, <i>et al.</i> (2303)
Application of Iron and Sulfate-Modified Biochar in Phosphorus Removal from Water	SANG Qian-qian, WANG Fang-jun, ZHAO Yuan-tian, <i>et al.</i> (2313)
Analysis of the Performance and Mechanism of Phosphorus Removal in Water by Steel Slag	LUO Xiao, ZHANG Jun-bo, HE Lei, <i>et al.</i> (2324)
Adsorption of BS-18 Amphoterically Modified Bentonite to Tetracycline and Norfloxacin Combined Pollutants	WANG Xin-xin, MENG Zhao-fu, LIU Xin, <i>et al.</i> (2334)
Preparation of Ag ₃ PO ₄ /g-C ₃ N ₄ Composite Photocatalysts and Their Visible Light Photocatalytic Performance	GAO Chuang-chuang, LIU Hai-cheng, MENG Wu-shuang, <i>et al.</i> (2343)
Activation of Permonosulfate by Rhodamine B for BPA Degradation Under Visible Light Irradiation	ZHANG Yi-chen, BAI Xue, SHI Juan, <i>et al.</i> (2353)
Fe-Ti Co-Doped Alumina-Induced Surface Dual Reaction Center for Catalytic Ozonation to Remove Pollutants from Water	ZHANG Fan, SONG Yang, HU Chun, <i>et al.</i> (2360)
Preparation of Sulfidated Copper-Iron Bimetallic Compositing Material and Its Mechanism for Chromium Removal	QU Min, WANG Yuan, CHEN Hui-xia, <i>et al.</i> (2370)
Mechanisms of Penicillin Wastewater Treatment by Coupled Electrocatalytic and Bioelectrochemical Systems	QU You-peng, LÜ Jiang-wei, DONG Yue, <i>et al.</i> (2378)
Aerobic Granular Sludge Operation and Nutrient Removal Mechanism from Domestic Sewage in an Anaerobic/Aerobic Alternating Continuous Flow System	LI Dong, YANG Jing-wei, LI Yue, <i>et al.</i> (2385)
In-situ Phosphorus Removal Activity and Impact of the Organic Matter Concentration on Denitrifying Phosphorus Removal in Sludge Aggregates	LÜ Yong-tao, JIANG Xiao-tong, TU Yan, <i>et al.</i> (2396)
In-situ Sludge Reduction Technology Based on Ozonation	XUE Bing, LIU Bin-han, WEI Ting-ting, <i>et al.</i> (2402)
Effects of Activated Carbon on the Fate of Antibiotic Resistance Genes During Anaerobic Digestion of the Organic Fraction of Municipal Solid Waste	MA Jia-ying, WANG Pan-liang, WANG Bing-han, <i>et al.</i> (2413)
Release Mechanisms of Carbon Source and Dissolved Organic Matter of Six Agricultural Wastes in the Initial Stage	LING Yu, YAN Guo-kai, WANG Hai-yan, <i>et al.</i> (2422)
Spatial Differentiation of Soil Organic Carbon Density and Influencing Factors in Typical Croplands of China	LI Cheng, WANG Rang-hui, LI Zhao-zhe, <i>et al.</i> (2432)
Characteristics of Paddy Soil Organic Carbon Mineralization and Influencing Factors Under Different Water Conditions and Microbial Biomass Levels	LIU Qi, LI Yu-hong, LI Zhe, <i>et al.</i> (2440)
Analysis of Nitrogen Transformation Characteristics and Influencing Factors of Forestland Soil in the Qinghai-Tibet Plateau; A Case Study of the Qilian Mountains and Southeast Tibet	HE Fang, ZHANG Li-mei, SHEN Cong-cong, <i>et al.</i> (2449)
Using the Matter-Element Extension Model to Assess Heavy Metal Pollution in Topsoil in Parks in the Main District Park of Lanzhou City	HU Meng-jun, LI Chun-yan, LI Na-na, <i>et al.</i> (2457)
Effects of Long-Term Application of Chemical Fertilizers and Organic Fertilizers on Heavy Metals and Their Availability in Reddish Paddy Soil	XIA Wen-jian, ZHANG Li-fang, LIU Zeng-bing, <i>et al.</i> (2469)
Characteristics and Origins of Heavy Metals in Soil and Crops in Mountain Area of Southern Sichuan	HAN Wei, WANG Cheng-wen, PNEG Min, <i>et al.</i> (2480)
Spatial Distribution Characteristics, Source Apportionment, and Risk Assessment of Topsoil PAHs in the Core Area of the Ningdong Energy and Chemical Industry Base	YANG Fan, LUO Hong-xue, ZHONG Yan-xia, <i>et al.</i> (2490)
Functional Stability and Applicability of Heavy Metal Passivators in Reducing Cd Uptake by Lettuce	PANG Fa-hu, WU Xue-jiao, KONG Xue-fei, <i>et al.</i> (2502)
Effects of Water Management on Cadmium Accumulation by Rice (<i>Oryza sativa</i> L.) Growing in Typical Paddy Soil	ZHANG Yu-ting, TIAN Ying-bing, HUANG Dao-you, <i>et al.</i> (2512)
Adsorption Properties of Oiltea Camellia Shell-Modified Biochar and Effects of Coupled Waterlogging on Soil Cd Morphology	CAI Tong, DU Hui-hui, LIU Xiao-li, <i>et al.</i> (2522)
Effects of Land Use Changes on Soil Fungal Community Structure and Function in the Riparian Wetland Along the Downstream of the Songhua River	XU Fei, ZHANG Tuo, HUAI Bao-dong, <i>et al.</i> (2531)
Distribution of Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in a Fishery Reclamation Mining Subsidence Area	CHENG Sen, LU Ping, FENG Qi-yan (2541)
Effects of Three Commonly Used Herbicides on Bacterial Antibiotic Resistance	LI Xi, LIAO Han-peng, CUI Peng, <i>et al.</i> (2550)
Discussion of Microbial Control Standards of Water Reclamation and Formulation Methods	CHEN Zhuo, CUI Qi, CAO Ke-fan, <i>et al.</i> (2558)