

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

长江经济带工业污染排放空间分布格局及其影响因素

李芸邑, 刘利萍, 刘元元



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年8月

第42卷 第8期

Vol.42 No.8

目次

上海市夏季臭氧污染特征及削峰方案 严茹莎, 王红丽, 黄成, 王倩, 安静宇 (3577)

天津市夏季不同臭氧浓度级别 VOCs 特征及来源 王文美, 高璟赞, 肖致美, 李源, 毕温凯, 李立伟, 杨宁, 徐虹, 孔君 (3585)

重庆市主城区 O₃ 污染时期大气 VOCs 污染特征及来源解析 李陵, 李振亮, 张丹, 方维凯, 徐芹, 段林丰, 卢培利, 王锋文, 张卫东, 翟崇治 (3595)

汽车维修行业挥发性有机物排放特征及大气化学反应活性 陈鹏, 张月, 张梁, 熊凯, 邢敏, 李珊珊 (3604)

2016 冬季京津冀一次持续重度霾天气过程分析 毛曳, 张恒德, 朱彬 (3615)

北京与成都大气污染特征及空气质量改善效果评估 党莹, 张小玲, 饶晓琴, 康平, 何建军, 卢宁生, 华明, 向卫国 (3622)

郑州市 PM_{2.5} 组分、来源及其演变特征 赵孝因, 王申博, 杨洁茹, 马秋红, 刘洋, 张瑞芹 (3633)

上海市 PM_{2.5} 中重金属元素对 COVID-19 控制的高频响应 程凯, 常运华, 旷雅琼, 邹忠 (3644)

粤港澳大湾区吸收性气溶胶的解析 段家乐, 巨天珍, 黄蕊蕊, 梁卓红, 范佳晨 (3652)

河南省 2016~2019 年机动车大气污染物排放清单及特征 高丹丹, 尹沙沙, 谷幸珂, 卢轩, 张欢, 张瑞芹, 王玲玲, 齐艳杰 (3663)

广州地区室内灰尘中典型邻苯增塑剂的污染特征与暴露风险 刘晓途, 彭长风, 陈达, 石玉盟, 汤书琴, 谭弘李, 黄维 (3676)

天津市主要河流和土壤中全氟化合物空间分布、来源及风险评价 武倩倩, 吴强, 宋帅, 任加国, 杨胜杰, 吴颜岐 (3682)

河网水源生态湿地水氢氧同位素分异特征 杨婷, 王阳, 徐静怡, 吴萍, 王为东 (3695)

重要饮用水源地天目湖水库有色可溶性有机物来源与组成特征 周蕾, 周永强, 张运林, 朱广伟 (3709)

城市不同类型水体有色可溶性有机物来源组成特征 俞晓琴, 崔扬, 陈慧敏, 朱俊羽, 李宇阳, 郭燕妮, 周永强, 韩龙飞 (3719)

白洋淀典型淀区沉积物间隙水溶解性有机物的光谱时空演变特征 周石磊, 陈召莹, 张甜娜, 张紫薇, 孙悦, 姚波, 崔建升, 李再兴, 罗晓 (3730)

夏季巢湖入湖河流溶解性有机质来源及其空间变化 宁成武, 包妍, 黄涛, 王杰 (3743)

洪泽湖浮游动物时空分布特征及其驱动因素 陈业, 彭凯, 张庆吉, 蔡永久, 张永志, 龚志军, 项贤领 (3753)

农业耕作对三峡水库支流库湾消落带土壤氮、磷含量及流失的影响 罗芳, 鲁伦慧, 李哲, 韦方强 (3763)

沱江流域总氮面源污染负荷时空演变 肖宇婷, 姚婧, 湛书, 樊敏 (3773)

微塑料对海水抗生素抗性基因的影响 周曙屹, 朱永官, 黄福义 (3785)

磺胺甲噁唑对海水养殖废水处理过程中抗性细菌及抗性基因的富集作用 王金鹏, 赵阳国, 胡钰博 (3791)

潮汐-复合流人工湿地系统优化及对抗生素抗性基因的去除效果 程羽霄, 吴丹, 陈铨乐, 高方舟, 杨永强, 刘有胜, 应光国 (3799)

三峡库区香溪河库湾土壤多环芳烃时空分布特征及风险评价 黄应平, 金蕾, 朱灿, 李锟, 谢平, David Johnson, 刘慧刚, 席颖 (3808)

长江经济带工业污染排放空间分布格局及其影响因素 李芸邑, 刘利萍, 刘元元 (3820)

淡水系统中 4 种塑料颗粒的老化过程及 DOC 产物分析 李婉逸, 刘智临, 苗令占, 侯俊 (3829)

DOM 对沉积物悬浮颗粒吸附铜的促进作用及机制 丁翔, 李志武, 徐卫华, 黄梅, 文佳骏, 金昌盛, 周咪, 陈佳 (3837)

市政污水二级出水中溶解性有机质在紫外/氯处理过程中的转化特性 王雪凝, 张炳亮, 潘丙才 (3847)

亚硝酸盐不同生成方式对短程硝化反硝化除磷颗粒系统的影响 王文琪, 李冬, 高鑫, 张杰 (3858)

A²/O 与倒置 A²/O 工艺低温条件下的氨氮去除能力解析 李金成, 郭雅妮, 齐蝶, 杨敏 (3866)

厌氧氨氧化启动过程细菌群落多样性及 PICRUS2 功能预测分析 闫冰, 付嘉琦, 夏嵩, 易其臻, 桂双林, 吴九九, 熊继海, 魏源送 (3875)

活性污泥微生物群落结构与与环境因素响应关系分析 马切切, 袁林江, 牛泽栋, 赵杰, 黄崇 (3886)

汾河沿岸农田土壤微塑料分布特征及成因解析 朱宇恩, 文瀚萱, 李唐慧烟, 李华, 吴超, 张桂香, 阎敬 (3894)

基于 GIS 及 APCS-MLR 模型的兰州市主城区土壤 PAHs 来源解析 管贤贤, 周小平, 雷春妮, 彭熾雯, 张松林 (3904)

典型碳酸盐岩区耕地土壤剖面重金属形态迁移转化特征及生态风险评价 唐世琪, 刘秀金, 杨柯, 郭飞, 杨峰, 马宏宏, 刘飞, 彭敏, 李括 (3913)

大气 CO₂ 摩尔分数升高对高、低应答水稻稻田 N₂O 排放的影响 于海洋, 黄琼, 王天宇, 张广斌, 马静, 朱春梧, 徐华 (3924)

椰糠生物炭对热区双季稻田 N₂O 和 CH₄ 排放的影响 王紫君, 王鸿浩, 李金秋, 伍延正, 符佩娇, 孟磊, 汤水荣 (3931)

不同水分管理条件下添加生物炭对琼北地区水稻土 N₂O 排放的影响 王鸿浩, 谭梦怡, 王紫君, 符佩娇, 李金秋, 汤水荣, 伍延正, 孟磊 (3943)

物种多样性对铅锌尾矿废弃地植被及土壤的生态效应 杨胜香, 曹建兵, 李凤梅, 彭禧柱 (3953)

米利山锡尾矿区优势植物调查与生态修复潜力分析 秦芙蓉, 张仕颖, 夏运生, 张乃明, 吴程龙, 何忠俊, 岳献荣, 田森林 (3963)

黄河源区高寒沼泽湿地土壤微生物群落结构对不同退化的响应 林春英, 李希来, 张玉欣, 孙华方, 李成一, 金立群, 杨鑫光, 刘凯 (3971)

秸秆还田配施化肥对稻-油轮作土壤酶活性及微生物群落结构的影响 靳玉婷, 李先藩, 蔡影, 胡宏祥, 刘运峰, 付思伟, 张博睿 (3985)

镉胁迫对芒草根际细菌群落结构、共发生网络和功能的影响 陈兆进, 林立安, 李英军, 陈彦, 张浩, 韩辉, 吴乃成, Nicola Fohrer, 李玉英, 任学敏 (3997)

岩溶区稻田土壤真菌群落结构及功能类群特征 周军波, 靳振江, 肖筱怡, 冷蒙, 王晓彤, 潘复静 (4005)

锌冶炼地块剖面土壤对镉、铅的吸附特征及机制 刘凌青, 肖细元, 郭朝晖, 彭驰, 姜智超, 阳安迪 (4015)

不同土壤调理剂对土壤镉和邻-苯二甲酸酯迁移转化影响 王璨, 张煜行, 何明靖, 刘文新, 卢俊峰, 魏世强 (4024)

4 种钝化剂对污染水稻土中 Cu 和 Cd 的固持机制 丁园, 教师营, 陈怡红, 肖亮亮 (4037)

叶施 L-半胱氨酸对水稻镉和矿质元素含量的影响 张雅荟, 王常荣, 刘月敏, 刘雅萍, 刘仲齐, 张长波, 黄永春 (4045)

镉对不同生长期籽粒菟植物螯合肽的影响 刘佳欣, 陈文清, 杨力, 李娜, 王宇豪, 康愉晨 (4053)

中国造纸业物质代谢演化特征 刘欣, 杨涛, 武慧君, 袁增伟 (4061)

《环境科学》征订启事(3651) 《环境科学》征稿简则(3718) 信息(3836, 3885, 3893)

岩溶区稻田土壤真菌群落结构及功能类群特征

周军波¹, 靳振江^{1,2,3*}, 肖筱怡¹, 冷蒙¹, 王晓彤¹, 潘复静^{1,2,3}

(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: 真菌是土壤生物地球化学循环的重要驱动者, 然而岩溶区土壤真菌群落结构和功能类群具有怎样的特征还未见报道。以桂林毛村岩溶试验场稻田耕层土壤为研究对象, 采用高通量测序技术, 比较岩溶区和非岩溶(红壤)区(对照)水稻生长季土壤真菌群落结构, 并用 FUNGuild 对真菌进行功能预测。结果表明, 毛霉菌门(Mucoromycota)在岩溶区的平均相对丰度为 4.87%, 显著低于其在非岩溶区的平均相对丰度(29.92%); 被孢霉纲(Mortierellomycetes)在岩溶区的平均相对丰度为 3.36%, 显著低于其在非岩溶区的平均相对丰度(29.15%), 球囊菌纲(Glomeromycetes)、壶菌纲(Chytridiomycetes)和外担菌纲(Exobasidiomycetes)在岩溶区的平均相对丰度分别为 0.91%、0.98% 和 0.23%, 显著高于其在非岩溶区的平均相对丰度(0.47%、0.28% 和 0.04%); *Ramophialophora* 和翅孢壳菌属(*Emericellopsis*) 在岩溶区的平均相对丰度分别为 2.39% 和 1.25%, 显著高于其在非岩溶区的平均相对丰度(0.05% 和 0.09%), 而被孢霉属(*Mortierella*) 在岩溶区的平均相对丰度为 3.04%, 显著低于其在非岩溶区的平均相对丰度(28.34%)。岩溶区优势 OTUs 为 OTU141、99 和 192 等 32 个 OTUs; 在优势 OTUs 和土壤理化性质相关性网络图中, 岩溶区的 OTU69(*Emericellopsis terricola*) 和 OTU138(*Westerdykella globosa*) 与阳离子交换量、交换性钙离子和总磷的连接度较高。共生营养型和病理-腐生过渡型在岩溶区平均丰度分别为 1.29% 和 1.50%, 显著高于其在非岩溶区的平均丰度(0.08% 和 0.09%), 而腐生-共生过渡型在岩溶区的平均丰度为 10.81%, 显著低于其在非岩溶区的平均丰度(63.69%); 岩溶区和非岩溶区最优势真菌分别是粪腐生-木质腐生菌和内生菌根-植物病原-未定义腐生菌, 平均丰度分别占优势 OTUs 的 9.73% 和 45.93%。以上研究表明, 岩溶区稻田较高的阳离子交换量、交换性钙和总磷等土壤因子对优势真菌群落和功能类群的构建具有重要的作用。

关键词: 岩溶稻田; 真菌群落; 功能类群; 高通量测序; FUNGuild

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)08-4005-10 DOI: 10.13227/j.hjcx.202011164

Investigation of Soil Fungal Communities and Functionalities within Karst Paddy Fields

ZHOU Jun-bo¹, JIN Zhen-jiang^{1,2,3*}, XIAO Xiao-yi¹, LENG Meng¹, WANG Xiao-tong¹, PAN Fu-jing^{1,2,3}

(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: Fungi are important drivers of soil biogeochemical cycles. However, the characteristics of fungal community structures and functional groups within karst area (KA) soils remain understudied. Top soil samples were collected from paddy fields within a KA and non-karst area (NKA) containing red soil, in the Maocun karst experimental site of Guilin. The fungal community structure was analyzed via high-throughput sequencing, and FUNGuild was used to predict the function of fungi. The average relative abundance of Mucoromycota in KA was 4.87%, which was significantly lower than that in NKA (29.92%); The average relative abundance of Mortierellomycetes in KA was 3.36%, which was significantly lower than that in NKA (29.15%). However, in KA, the average relative abundances of Glomeromycetes, Chytridiomycetes, and Exobasidiomycetes were 0.91%, 0.98%, and 0.23%, respectively, significantly higher than those in NKA (0.47%, 0.28%, and 0.04%). In KA, the average relative abundances of *Ramophialophora* and *Emericellopsis* were 2.39% and 1.25%, respectively, significantly higher than those in NKA (0.05% and 0.09%). However, the average relative abundance of *Mortierella* was 3.04% in KA, which was lower than that in NKA (28.34%). KA contained 32 dominant OTUs, including OTU141, 99, and 192. There was more connectivity between OTU69 (*Emericellopsis terricola*) and OTU138 (*Westerdykella globosa*) with the cation exchange capacity (CEC), exchangeable Ca²⁺, and total phosphorus (TP) in the correlation network. In KA, the average abundances of symbiotroph and pathotroph-saprotroph fungi were 1.29% and 1.50%, respectively, significantly higher than those in NKA (0.08% and 0.09%). The average abundance of the saprotroph-symbiotroph fungi in KA was 10.81%, which was significantly lower than that in NKA (63.69%). In KA, dung saprotroph-wood saprotroph fungi were dominant, with an abundance of 9.73%, whereas in NKA, endophyte-litter saprotroph-soil saprotroph-undefined saprotroph fungi

收稿日期: 2020-11-18; 修订日期: 2021-01-21

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: 周军波(1995~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为环境微生物学, E-mail: JunboZhou0901@163.com

* 通信作者, E-mail: zhenjiangjin@163.com

were dominant, with an abundance of 45.93%. The above results suggest that the soil factors of KA, such as CEC, exchangeable Ca^{2+} , and TP, alter the structures and functions of fungi.

Key words: karst paddy; fungal community; functional group; high-throughput sequencing; FUNGuild

土壤养分循环是营养元素在土壤-生物-土壤系统中的循环^[1]. 岩溶地区的岩石大多为碳酸钙盐岩石, 通过碳酸盐岩的溶蚀效应, 消耗土壤中的 CO_2 , 减少土壤向大气释放的 CO_2 量, 加速了 $\text{CaCO}_3 + \text{H}_2\text{O} + \text{CO}_2 \rightleftharpoons \text{Ca}^{2+} + 2\text{HCO}_3^-$ 的反应向右进行^[2], 形成了岩溶土壤富钙偏碱的特点^[3-5]. 由于土壤生境的特殊, 岩溶区的微生物具有比非岩溶区的微生物更高的活性, 数量也更多^[6], 不仅通过呼吸作用产生 CO_2 对石灰岩溶蚀具有显著促进作用^[7], 同时还通过分泌有机酸来螯合金属离子, 形成复杂络合物, 提高土壤有机碳稳定性^[3-5]. 因此, 岩溶土壤微生物通过参与营养物质循环对岩溶生态系统的功能具有极其重要的作用.

土壤真菌是土壤微生物中重要的类群之一^[8], 是土壤中营养元素生物循环的主要推动者^[9]. 在岩溶区, 不同喀斯特林根际土壤真菌可以通过菌丝入侵和包裹石灰岩, 释放分泌物促进碳酸盐岩溶解正向进行^[10], 加速植被原生演替的进行. 同时, 真菌表现出更大的变异性性和更有效利用碳源的能力^[11], 促进了土壤有机碳的积累^[2]. 菌根真菌还参与了氮循环和磷循环等养分循环^[12], 对土壤生物地球化学循环过程的贡献较大. 会仙岩溶湿地不同土地利用下土壤真菌研究也表明, 土地利用显著改变了土壤水分和碳氮比等因子从而改变真菌群落和功能类群^[13].

然而, 在岩溶生态系统中, 哪些真菌群落是其区别于非岩溶区的群落, 哪些功能类群是其区别于非岩溶区的类群, 岩溶区土壤哪些因子在优势真菌群落和功能类群构建中具有重要的作用, 以上研究还未见报道. 因此, 本文以桂林毛村岩溶试验场为研究样点, 以岩溶区稻田土壤为研究对象, 以非岩溶(红壤)区稻田土壤为对照, 采用常规方法测定土壤理化性质, 采用高通量测序技术和 FUNGuild 进行功能预测, 比较岩溶区和非岩溶区水稻生长期间稻田的真菌群落结构和功能类群的差异, 明晰影响真菌群落构建的重要因子, 以期为丰富和充实岩溶区土壤生物地球化学循环理论提供参考依据.

1 材料与方法

1.1 样地设置与取样

2019年6~9月, 在位于广西桂林的毛村岩溶试验场区内, 选择典型的岩溶区(K: 25°08'30"N,

110°31'28"E) 与非岩溶(红壤)区(NK: 25°10'51"N, 110°31'35"E) 稻田样地, 统一灌溉施肥和管理方式. 岩溶区的土壤类型为石灰土, 非岩溶区的土壤类型为地带性硅酸盐红壤. 稻田种植单季稻, 水稻生长期为 93 d, 秧苗移栽前分别施入 22.8 kg 与 25.6 kg 氮磷钾各含 18% 的复合肥料($\text{N-P}_2\text{O}_5\text{-K}_2\text{O}$) 作为基肥, 7月14日分别施加 17.1 kg 和 19.2 kg 复合肥料($\text{N-P}_2\text{O}_5\text{-K}_2\text{O}$) 作为追肥. 各样地用隔板分成三块面积相同的小样田(岩溶区: 126.6 m^2 和非岩溶: 140 m^2), 每块小样田布置 3 个采样点, 每个样点采集 1 kg 土壤, 采样深度为 0~20 cm, 3 个采样点的土壤样品等量均匀混为一个 3 kg 的样品, 当天带回实验室, 去除杂物与植物根系. 每隔 14 d 采样 1 次, 共采集 8 个日期共计 48 个土壤样品. 其中, 06-04 为插秧当天, 06-12 属于幼苗期, 06-26 和 07-10 属于分蘖期, 07-24 属于拔节期, 08-07 属于孕穗期, 08-21 属于抽穗期, 09-04 属于成熟期. 土壤样品一部分过 2 mm 筛, 置于 -80°C 冰箱储存, 以备提取土壤微生物 DNA; 另一部分于室内避光自然晾干后研磨, 分别过 0.85、0.25 和 0.15 mm 筛, 用于土壤理化性质的测定.

1.2 分析方法

1.2.1 土壤理化性质的测定

土壤理化性质的分析方法参照文献[14]进行, pH 值采用无 CO_2 蒸馏水作为浸提剂, 按照土: 水 1: 2.5 的比例混匀后, 用 PHS-3E 型 pH 计(上海仪电科学仪器公司, 中国)测定; 土壤有机碳(SOC)的测定采用浓硫酸-重铬酸钾外加热法; 可溶性有机碳(DOC)采用水土振荡提取法, 按水土比 10: 1 振荡提取, 经 0.45 μm 纤维滤膜过滤后, 用 multi N/C 3100 总有机碳分析仪(Aanalytik Jena 公司, 德国)测定; 总氮(TN)采用浓硫酸消煮-凯氏定氮法测定; 碱解氮(AN)采用碱解扩散法测定; 阳离子交换量(CEC)采用乙二胺四乙酸铁钠(EDTA)-铵盐快速法测定; 总磷(TP)采用碳酸钠熔融法测定; 有效磷(AP)采用盐酸-氟化铵法测定; 交换性钙(Ca^{2+})和交换性镁(Mg^{2+})用 Optima 7000 DV 电感耦合等离子体发射光谱仪(Perkin Elmer 公司, 美国)测定.

1.2.2 高通量测序

按照制造商的说明, 使用 EZNASoil DNA 试剂盒(美国 Omega)进行总的社区基因组 DNA 提取. 使用 KAPA HiFi 热启动预混液(2x, TaKaRa Bio Inc.,

日本) 扩增 16S rRNA ITS3-ITS4 扩增子. 使用了通用真菌 ITS 基因扩增子 PCR 引物 (PAGE 纯化): 真菌扩增子 PCR 正向引物 (GCATCGATGAAGAACC CAGC) 和扩增子 PCR 反向引物 (TCCTCCGCTTATT GATATGC). 反应设置如下: 微生物 DNA ($10 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$) $2 \mu\text{L}$; 扩增子 PCR 正向引物 ($10 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$) $1 \mu\text{L}$; 扩增子 PCR 反向引物 ($10 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$) $1 \mu\text{L}$; $2 \times \text{KAPA HiFi}$ 热启动预混液 $15 \mu\text{L}$ (总计 $30 \mu\text{L}$). 将板密封并在热循环仪 (Applied Biosystems 9700, 美国) 中使用以下程序进行 PCR: 先在 94°C 下进行预变性 3 min , 接着 95°C 变性 20 s , 然后在退火温度 55°C 下反应 20 s , 最终 72°C 下延伸 30 s , 上述变性、退火和延伸步骤重复进行 20 个循环, 最后在 72°C 下延伸 5 min . 在 TBE (Tris- H_3BO_3 -EDTA) 缓冲液中的 1% 的琼脂糖凝胶中电泳检测 PCR 产物, 并用溴化乙锭 (EB) 染色, 并在紫外灯下观察. 样品使用通用的 Illumina 衔接子和索引构建文库. 使用 Illumina MiSeq 系统 (Illumina MiSeq, 美国) 进行测序. 测序后, 通过 Chimera UCHIME 删除嵌合体. 将每个样品的有效序列再次提交给 RDP 分类器以鉴定真菌序列.

1.3 数据处理

数据处理采用 Excel 2016, 土壤理化性质和真菌丰度差异性分析采用 SPSS 24 中的独立样本 t 检验. 将相对丰度大于 1% 的门、纲和属定义为优势门、优势纲和优势属, 将 OTUs 数量大于前 0.2% 的 OTUs 定义为优势 OTUs, 同时用 FUNGuild 对优势 OTUs 进行功能预测, 优势门、优势纲和优势属以及预测营养类型相对丰度柱状图采用 ORIGIN 2017 软件绘图, 优势 OTUs 聚类热图和功能类群聚类热图采用 RStudio 3.5.1 完成. 利用 SPSS 24 分析优势 OTUs 丰度与土壤理化性质的 Pearson 相关性, 分离出显著性水平 $P < 0.05$ 的 Pearson 相关性系数, 使用 Gephi 0.9.1 完成优势 OTUs 与理化性质之间的相关性网络图. 使用 Mothur 计算物种的丰富度和多样性指数.

2 结果与分析

2.1 岩溶稻田和非岩溶稻田理化性质

稻田理化性质见表 1, 从中可知, 岩溶区稻田的 pH、SOC、DOC、TN、AN、TP、AP、C/N、CEC、 Ca^{2+} 和 Mg^{2+} 均显著高于非岩溶稻田.

表 1 稻田土壤理化性质¹⁾

Table 1 Physicochemical properties of paddy soil

区域	pH (H_2O)	SOC $/\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	DOC $/\mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$	TN $/\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	AN $/\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	TP $/\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	AP $/\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	C/N $/\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	CEC $/\text{cmol} \cdot \text{kg}^{-1}$	Ca^{2+} $/\text{cmol} \cdot \text{kg}^{-1}$	Mg^{2+} $/\text{cmol} \cdot \text{kg}^{-1}$
岩溶区	$7.40 \pm 0.18\text{a}$	$25.15 \pm 1.03\text{a}$	$261.62 \pm 9.22\text{a}$	$1.74 \pm 0.09\text{a}$	$90.21 \pm 1.24\text{a}$	$1.24 \pm 0.02\text{a}$	$22.04 \pm 1.63\text{a}$	$12.46 \pm 0.11\text{a}$	$13.79 \pm 0.42\text{a}$	$3.89 \pm 0.04\text{a}$	$1.20 \pm 0.01\text{a}$
非岩溶区	$5.76 \pm 0.15\text{b}$	$13.86 \pm 1.61\text{b}$	$202.78 \pm 20.46\text{b}$	$1.50 \pm 0.04\text{b}$	$85.24 \pm 0.09\text{b}$	$0.49 \pm 0.01\text{b}$	$18.63 \pm 0.57\text{b}$	$9.23 \pm 0.47\text{b}$	$6.09 \pm 0.17\text{b}$	$2.36 \pm 0.01\text{b}$	$0.48 \pm 0.03\text{b}$

1) 数据为平均值 \pm 标准差; 同列不同小写字母表示不同土地间差异显著 ($P < 0.05$), 最大的平均数标记为 a

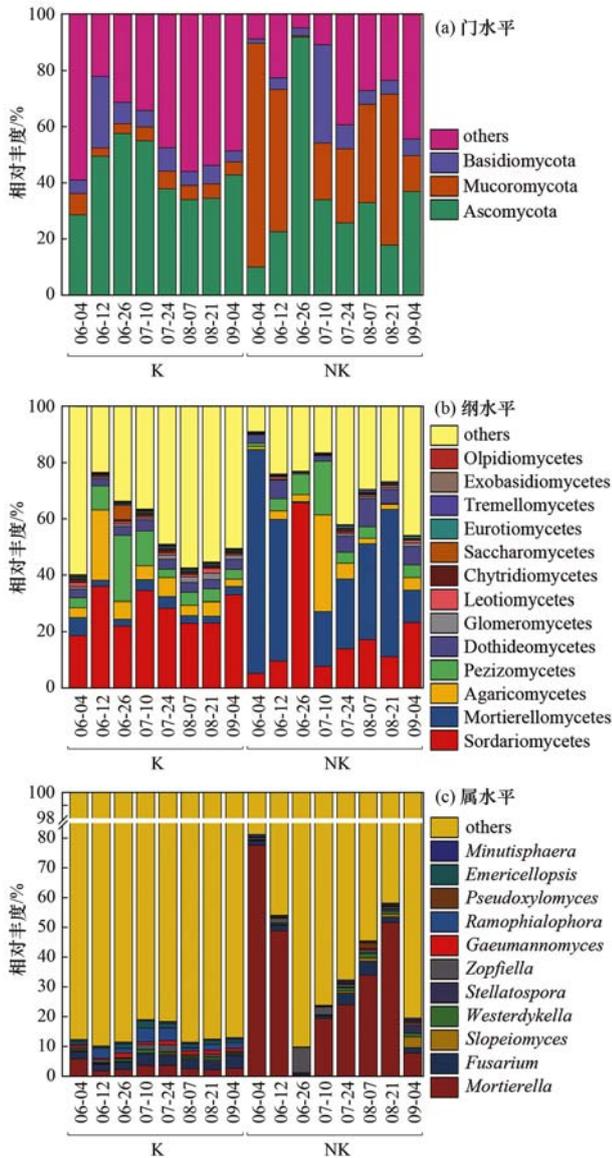
2.2 岩溶稻田和非岩溶稻田真菌的优势门、纲和属

从图 1 可以看出, 整个生长期 (06-04 ~ 09-04), 在门水平上, 真菌共有 3 个优势菌门, 分别为子囊菌门 (Ascomycota)、毛霉菌门 (Mucoromycota) 和担子菌门 (Basidiomycota), 其中, 毛霉菌门 (Mucoromycota) 在岩溶区的平均相对丰度 (4.87%) 比其在非岩溶区的平均相对丰度 (29.92%) 显著较低. 在纲水平上, 真菌共有 13 个优势纲, 分别为粪壳菌纲 (Sordariomycetes)、被孢霉纲 (Mortierellomycetes)、伞菌纲 (Agaricomycetes)、盘菌纲 (Pezizomycetes)、座囊菌目 (Dothideomycetes)、球囊菌纲 (Glomeromycetes)、锤舌菌纲 (Leotiomycetes)、壶菌纲 (Chytridiomycetes)、酵母亚门 (Saccharomycetes)、散囊菌纲 (Eurotiomycetes)、银耳纲 (Tremellomycetes)、外担菌纲 (Exobasidiomycetes) 和 Olpidiomycetes, 其中, 被孢霉纲在岩溶区的平均相对丰度 (3.36%) 显著高于其在非岩溶区的平均相对丰度 (29.15%), 球囊菌纲、

壶菌纲和外担菌纲在岩溶区的平均相对丰度 (0.91%、0.98% 和 0.23%) 显著高于其在非岩溶区的平均相对丰度 (0.47%、0.28% 和 0.04%). 在属水平上, 真菌共有 11 个优势属, 分别为被孢霉属 (Mortierella)、镰刀菌属 (Fusarium)、Slopeiomyces、Westerdykella、斯特拉菌属 (Stellatospora)、柄孢壳属 (Zopfiella)、顶囊壳属 (Gaeumannomyces)、Ramphialophora、假单胞菌属 (Pseudoxylomyces)、翅孢壳属 (Emericellopsis) 和 Minutisphaera, 其中, Ramphialophora 和翅孢壳菌属在岩溶区的平均相对丰度 (2.39% 和 1.25%) 显著高于其在非岩溶区的平均相对丰度 (0.05% 和 0.09%), 被孢霉属在岩溶区的平均相对丰度 (3.04%) 显著低于其在非岩溶区的平均相对丰度 (28.34%).

2.3 岩溶稻田和非岩溶稻田真菌优势 OTUs

将水稻整个生长期土壤真菌优势 OTUs 进行聚类结果如图 2 所示, 岩溶区的 32 个优势 OTUs 与非岩溶区的 22 个优势 OTUs 能够明显分开. 在岩溶



横坐标表示日期(月-日), K 表示岩溶区和 NK 表示非岩溶区, 下同

图 1 真菌在门水平、纲水平和属水平的相对丰度

Fig. 1 Relative abundance of fungi at the level of phylum, class, and genus

区, OTU139、201、2040、32、3401、122、119、81、138、153、315、173、159、302、63、69、141、99、97、84、192、189、3379、59、13 和 406 共 26 个 OTUs 属于子囊菌门, OTU1144、155、55 和 504 共 4 个 OTUs 属于毛霉菌门(Mucoromycota), OTU424 和 256 属于担子菌门(Basidiomycota). 在非岩溶区中, OTU79、525、73、101、80、98、51、117、92、272、78、2230、87、28 和 20 共 15 个 OTUs 属于子囊菌门, OTU3、65、239 和 293 共 4 个 OTUs 属于毛霉菌门(Mucoromycota), OTU181、242 和 271 属于担子菌门(Basidiomycota). 独立样本 t 检验结果显示, OTU153(*Cistella*)、OTU99(*Mycothermus*) 和 OTU173(*Remersonia*) 在岩溶区的丰度显著高于其在非岩溶

区的丰度, 而 OTU242 (Basidiomycota)、OTU181 (*Deconica*)、OTU28 (镰刀霉属, *Fusarium*)、OTU80 (肉座菌科, Hypocreaceae) 和 OTU98 (*Cercophora*) 在岩溶区的丰度显著低于其在非岩溶区的丰度.

2.4 岩溶稻田和非岩溶稻田真菌优势 OTUs 预测功能

图 3 为真菌营养类型相对丰度. 从中可以看出, 真菌分 6 种营养类型, 分别是腐生-共生过渡型 (saprotroph-symbiotroph)、腐生营养型 (saprotroph)、病理-腐生-共生过渡型 (pathotroph-saprotroph-symbiotroph)、病理营养型 (pathotroph)、病理-腐生过渡型 (pathotroph-saprotroph) 和共生营养型 (symbiotroph). 独立样本 t 检验结果显示, 共生营养型和病理-腐生过渡型在岩溶区的平均丰度 (1.29% 和 1.50%) 均显著高于其在非岩溶区的平均丰度 (0.08% 和 0.09%), 而腐生-共生过渡型在岩溶区的平均丰度 (10.81%) 均显著低于其在非岩溶区的平均丰度 (63.69%).

对上述 6 营养类型进一步分类, 结果如图 4 所示. 从可以看出, 13 个功能类群在岩溶区和非岩溶区能够明显地分开. 岩溶区优势类群为粪腐生-木质腐生菌 (dung saprotroph-wood saprotroph)、动物病原-内生-地衣寄生-植物病原-土壤腐生-木质腐生菌 (animal pathogen-endophyte-lichen parasite-plant pathogen-soil saprotroph-wood saprotroph)、粪腐生-内生-凋落物腐生-未定义腐生菌 (dung saprotroph-endophyte-litter saprotroph-undefined saprotroph)、动物病原-粪腐生-内生-附生-植物腐生-木质腐生菌 (animal pathogen-dung saprotroph-endophyte-epiphyte-plant saprotroph-wood saprotroph)、动物病原-植物病原-未定义腐生菌 (animal pathogen-plant pathogen-undefined saprotroph) 和丛枝菌根真菌 (arbuscular mycorrhizal), 平均丰度分别占优势 OTUs 的 9.73%、4.93%、0.88%、0.83%、0.50% 和 0.35%. 非岩溶区优势类群为内生-凋落物腐生-土壤腐生-未定义腐生菌 (endophyte-litter saprotroph-soil saprotroph-undefined saprotroph)、粪腐生菌 (dung saprotroph)、植物病原菌 (plant pathogen)、内生-地衣寄生-未定义腐生菌 (endophyte-lichen parasite-undefined saprotroph)、粪腐生-外生菌根-土壤腐生-木质腐生菌 (dung saprotroph-ectomycorrhizal-soil saprotroph-wood saprotroph)、内生菌根-植物病原-未定义腐生菌 (endomycorrhizal-plant pathogen-undefined saprotroph) 和内生-粪腐生-地衣寄生-凋落物腐生-植物病原-土壤腐生-木质腐生菌 (endophyte-dung saprotroph-lichen parasite-litter saprotroph-plant

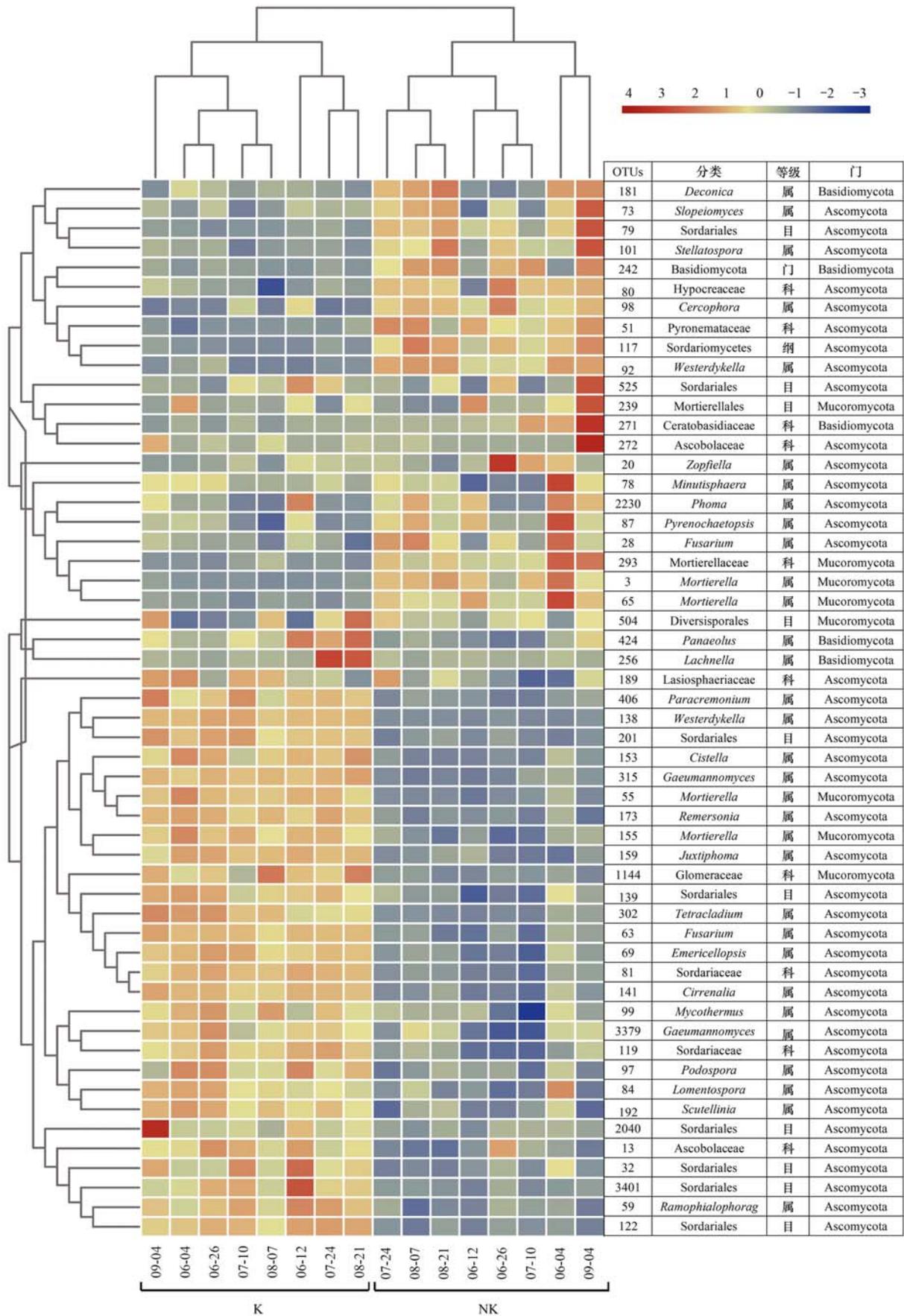


图 2 真菌优势 OTUs 的聚类热图

Fig. 2 Clustering heatmap of dominant fungal OTUs

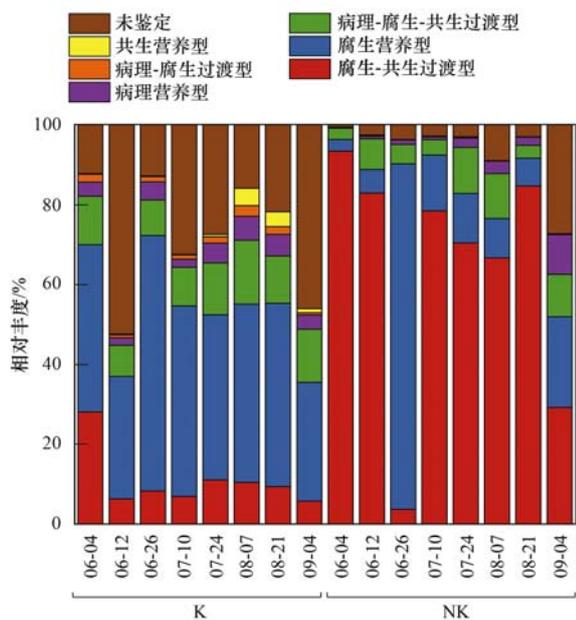


图3 真菌营养类型组成的相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of fungal trophic modes

pathogen-soil saprotroph-wood saprotroph) 平均丰度分别占优势 OTUs 的 45.93%、6.70%、2.60%、1.78%、0.26% 和 0.91%。

2.5 岩溶稻田和非岩溶稻田真菌优势 OTUs 和土壤理化性质相关性网络

如图 5 所示,真菌优势 OTUs 和土壤理化性质相关性网络共有 60 个节点之间共计 614 个显著性相关关系 ($P < 0.05$), 红色表示正相关, 占 59.12%, 绿色表示负相关, 占 40.88%, 表明真菌之间的合作关系大于竞争关系. 平均路径长 (APL) 为 1.787 cm, 网络直径 5 cm, 平均聚类系数 (CC) 为 0.389. 子囊菌门 (Ascomycota) 占的比重最大, 占比为 62.71%, 对 OTU 而言, OTU69 (*Emericellopsis terricola*)、OTU138 (*Westerdykella globosa*)、OTU141 (*Cirrenalia ibérica*) 和 OTU92 (*Westerdykella purpurea*) 的连接度分别为 39、38、36 和 36, 连接度排名前三. OTU69、OTU 138 和 OTU 141 为岩溶区的优势菌, 与 CEC、 Ca^{2+} 、TP、 Mg^{2+} 、pH、SOC 和 TN 显著正相关;

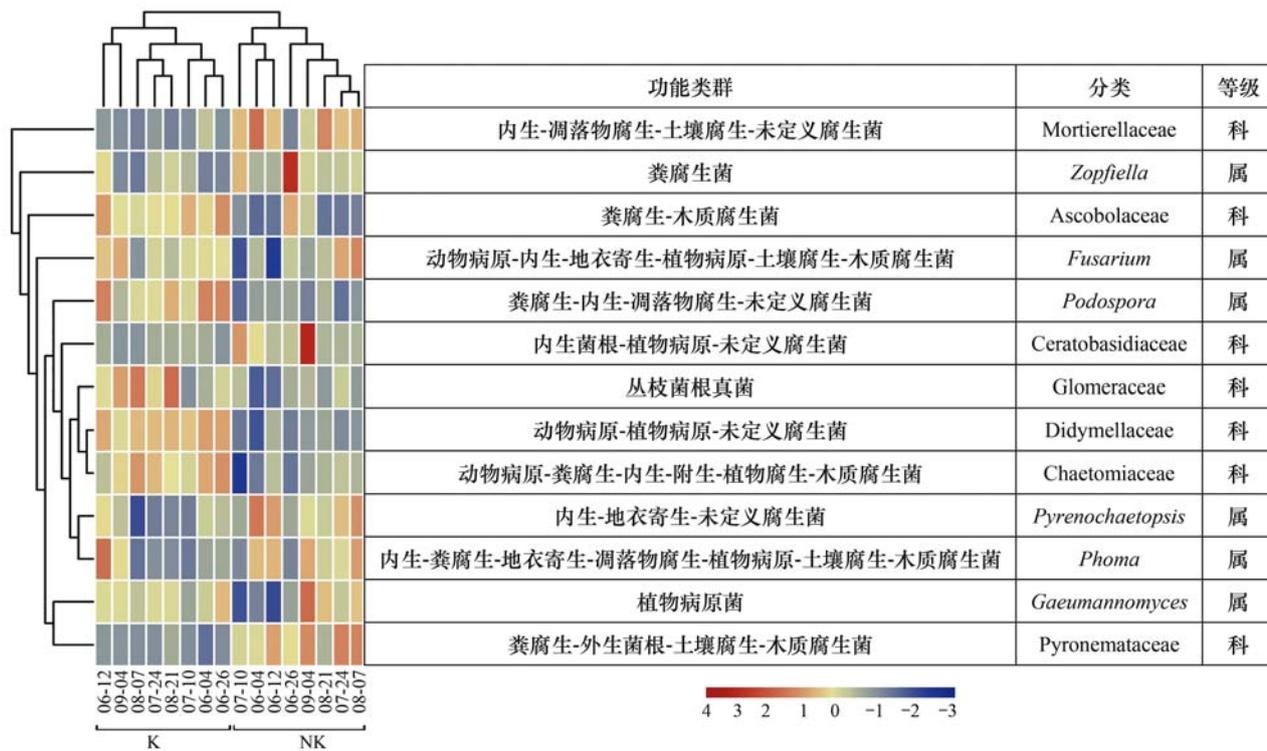


图4 优势真菌 OTUs 功能类群的聚类热图

Fig. 4 Heatmap clustering of dominant fungal OTUs groups

OTU92 为非岩溶区的优势菌, 与 CEC、 Ca^{2+} 、TP、 Mg^{2+} 、pH、SOC 和 TN 显著负相关, 在共生网络中起关键作用. 对环境因子而言, CEC、 Ca^{2+} 和 TP 的连接度均为 33, 连接度最高, Mg^{2+} 、pH、SOC、TN、C/N、DOC 和 AP 的连接度分别为 32、30、28、27、24、13 和 9, 表明岩溶区稻田土壤中较高的 CEC、 Ca^{2+} 、TP 等土壤理化性质是影响群落结构和功能

类群的主要因子.

3 讨论

3.1 稻田优势真菌群落对岩溶环境的适应性

本研究中, 在门水平上, 子囊菌门 (Ascomycota) 为岩溶区的优势门, 也是会仙岩溶湿地系统中稻田的优势门^[13]. 子囊菌门真菌的营养类型大多是腐生

囊霉目 (Diversisporales; 对应网络图中的 OTU504) 的真菌,二者都属于毛霉菌门的球囊菌纲. 其中,管柄囊霉属为丛枝菌根真菌,它可以通过自由菌丝帮助作物扩大可利用土壤体积,从而增加根的吸收能力,促进作物生长^[41]. 在本研究中,岩溶稻田的总磷和速效磷的含量均显著较高,可能是因为矿化的磷酸盐大部分被丛枝菌根真菌吸取^[41],促进水稻对磷的吸收,并且间接促进溶磷细菌的生长^[42]. 多孢囊霉目也属于丛枝菌根真菌,也是本研究中丛枝菌根真菌功能类群的主要来源. 据报道,多孢囊霉目在有机农业中丰度较高^[43],其能够提高土壤酶活性,改善土壤质量,促进团聚体形成,涵养更多的矿质养分(如钙和镁等离子),达到缓释的效果,从而提高养分利用率^[44],是根真菌网络中的关键类群. 因此,在本研究中,较高的共生营养型的丰度是其与岩溶区较高 CEC、Ca²⁺ 和 TP 等因子互相适应的结果.

此外,病理-腐生过渡型在岩溶区的平均丰度均显著高于其在非岩溶区的平均丰度,病理-腐生过渡型类群来源是亚隔孢壳科 (Didymellaceae; 对应网络图中的 OTU159),亚隔孢壳科包括许多与宿主广泛的内生菌和腐生菌,这些真菌能够促进植物生长,胁迫耐受性并诱导对病原体的局部和整体抗性^[45],有报道说其为桑树生物防治中优势菌种^[46],但是,亚隔孢壳科的真菌在岩溶区水稻抗病中的作用值得进一步研究. 在本研究中,整个生长期间腐生-共生过渡型在岩溶区的平均丰度比其在非岩溶区的平均丰度显著较低,腐生-共生过渡型类群来源是被孢霉科 (Mortierellaceae; 对应网络图中的 OTU3),属于被孢霉纲,在大兴安岭地区森林土壤也是常见优势真菌^[47],与 pH 呈负相关^[48],因此能够适应弱酸的非岩溶区土壤; 被孢霉科也是非岩溶区最优势的功能类群内生-凋落物腐生-土壤腐生-未定义腐生菌的来源,据报道,被孢霉科与在杜仲皮内的绿原酸等抗病成分正关联^[49],因此,在一定程度上非岩溶区致病风险可能较高. 岩溶区最优势功能菌为粪腐生-木质腐生菌,源于粪壳菌纲 (Sordariomycetes, 对应网络图中的 OTU81),为食草动物粪中的常见菌^[50],具有降解腐烂有机质和纤维素的作用^[51],对岩溶土壤有机质的增加有贡献.

4 结论

(1)在岩溶区的水稻生长过程中,门水平上毛霉菌门的平均相对丰度显著低于非岩溶区;纲水平上球囊菌纲、壶菌纲和外担菌纲的平均相对丰度均显著高于非岩溶区;属水平上 *Ramphialophora* 和翅孢壳菌属平均相对丰度显著高于非岩溶区;

OTU69 (*Emericellopsis terricola*) 和 OTU138 (*Westerdykella globosa*) 在共现网络中起关键作用.

(2)在营养方式上,岩溶区共生营养型和病理-腐生过渡型的丰度显著较高,最优功能类群真菌为内生菌根-植物病原-未定义腐生菌.

(3)岩溶区稻田真菌群落结构和功能类群的构建与较高的 CEC、Ca²⁺ 和 TP 等环境因子有关.

参考文献:

- [1] 倪惠菁, 苏文会, 范少辉, 等. 养分输入方式对森林生态系统土壤养分循环的影响研究进展[J]. 生态学杂志, 2019, 38(3): 863-872.
- [2] 倪 H J, Su W H, Fan S H, et al. Responses of forest soil nutrient cycling to nutrient input modes: a review[J]. Chinese Journal of Ecology, 2019, 38(3): 863-872.
- [3] 范周周, 卢舒瑜, 李志茹, 等. 岩溶与非岩溶地区不同林分根际土壤微生物对碳酸盐岩的溶蚀作用[J]. 应用与环境生物学报, 2018, 24(4): 751-757.
- [4] 范 Z Z, Lu S Y, Li Z R, et al. Roles of rhizospheric soil microbes of different forest stands in karst and nonkarst areas in the dissolution of calcium carbonate[J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2018, 24(4): 751-757.
- [5] 曹建华, 袁道先, 潘根兴. 岩溶生态系统中的土壤[J]. 地球科学进展, 2003, 18(1): 37-44.
- [6] Cao J H, Yuan D X, Pan G X. Some soil features in karst ecosystem[J]. Advance in Earth Sciences, 2003, 18(1): 37-44.
- [7] 王腾, 靳振江, 郭家怡, 等. 岩溶与非岩溶区稻田土壤 CO₂ 固定细菌的丰度比较[J]. 中国岩溶, 2018, 37(1): 74-80.
- [8] Wang T, Jin Z J, Guo J Y, et al. Comparison of abundance of CO₂ fixing microbes in paddy soil from karst and non-karst area[J]. Carsologica Sinica, 2018, 37(1): 74-80.
- [9] 张双双, 靳振江, 贾远航, 等. 岩溶区与非岩溶区 3 种土地利用方式下土壤细菌群落结构比较[J]. 中国岩溶, 2019, 38(2): 164-172.
- [10] Zhang S S, Jin Z J, Jia Y H, et al. Comparison of soil bacterial community structures from three soil land-use between karst and non-karst areas under three kinds of land use[J]. Carsologica Sinica, 2019, 38(2): 164-172.
- [11] 张春来, 黄芬, 杨慧, 等. 岩溶生态系统中的碳循环特征与碳汇效应[J]. 地球与环境, 2013, 41(4): 378-387.
- [12] Zhang C L, Huang F, Yang H, et al. Characteristics of carbon cycle and the effect of carbon sink in karst ecosystem[J]. Earth and Environment, 2013, 41(4): 378-387.
- [13] 连宾, 陈焯, 朱立军, 等. 微生物对碳酸盐岩的风化作用[J]. 地学前缘, 2008, 15(6): 90-99.
- [14] Lian B, Chen Y, Zhu L J, et al. Progress in the study of the weathering of carbonate rock by microbes[J]. Earth Science Frontiers, 2008, 15(6): 90-99.
- [15] 王芳. 呼伦贝尔草原蒙古白丽蘑蘑菇圈土壤真菌多样性研究[D]. 长春: 吉林农业大学, 2013.
- [16] Wang F. Studies on soil fungi diversity of *Leucocolocybe mongolicum* fairy ring in Hulun Buir grassland[D]. Changchun: Jilin Agricultural University, 2013.
- [17] 蒋婧, 宋明华. 植物与土壤微生物在调控生态系统养分循环中的作用[J]. 植物生态学报, 2010, 34(8): 979-988.
- [18] Jiang J, Song M H. Review of the roles of plants and soil microorganisms in regulating ecosystem nutrient cycling[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2010, 34(8): 979-988.

- [10] 杜滢鑫, 谢宝明, 蔡洪生, 等. 大庆盐碱地九种植物根际土壤微生物群落结构及功能多样性[J]. 生态学报, 2016, **36**(3): 740-747.
Du Y X, Xie B M, Cai H S, *et al.* Structural and functional diversity of rhizosphere microbial community of nine plant species in the Daqing Saline-alkali soil region [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, **36**(3): 740-747.
- [11] 何寻阳, 王克林, 于一尊, 等. 岩溶区植被和季节对土壤微生物遗传多样性的影响[J]. 生态学报, 2009, **29**(4): 1763-1769.
He X Y, Wang K L, Yu Y Z, *et al.* The responses of soil microbial taxonomic diversity on vegetation communities and seasons in karst area [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2009, **29**(4): 1763-1769.
- [12] 刘雯雯, 喻理飞, 严令斌, 等. 喀斯特石漠化区植被恢复不同阶段土壤真菌群落组成分析[J]. 生态环境学报, 2019, **28**(4): 669-675.
Liu W W, Yu L F, Yan L B, *et al.* Composition of soil fungi communities in different stages of vegetation restoration in karst rocky desertification area [J]. *Ecology and Environment Sciences*, 2019, **28**(4): 669-675.
- [13] 程跃扬, 靳振江, 王晓彤, 等. 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[J]. 环境科学, 2020, **41**(9): 4294-4304.
Cheng Y Y, Jin Z J, Wang X T, *et al.* Effect of land-use on soil fungal community structure and associated functional group in huixian karst wetland [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(9): 4294-4304.
- [14] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.
- [15] Yamanaka T. The effect of pH on the growth of saprotrophic and ectomycorrhizal ammonia fungi *in vitro* [J]. *Mycologia*, 2003, **95**(4): 584-589.
- [16] Zhang X F, Zhao L, Xu J S J, *et al.* Soil moisture effect on bacterial and fungal community in Beilu River (Tibetan Plateau) permafrost soils with different vegetation types [J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2013, **114**(4): 1054-1065.
- [17] 郝杰, 杨茜, 吴红红, 等. 施氮对黄土高原旱地小麦根际AMF群落结构的影响[J]. 山西农业科学, 2019, **47**(5): 829-835.
Hao J, Yang X, Wu H H, *et al.* Effects of nitrogen application on AMF community structure in rhizosphere of wheat in dryland of loess plateau [J]. *Journal of Shanxi Agricultural Sciences*, 2019, **47**(5): 829-835.
- [18] 彭凌, 朱必凤, 刘主. 油茶肉质果和肉质叶提取液降血糖及抗氧化作用的实验研究[J]. 中国药理学通报, 2007, **23**(12): 1679-1680.
Peng L, Zhu B F, Liu Z. Study on blood glucose lowering and antioxidation of extracts from fleshy fruit and fleshy leaf of *Camellia oleifera* Abel [J]. *Chinese Pharmacological Bulletin*, 2007, **23**(12): 1679-1680.
- [19] 何苑峰, 周国英, 王圣洁, 等. 杉木人工林土壤真菌遗传多样性[J]. 生态学报, 2014, **34**(10): 2725-2736.
He Y H, Zhou G Y, Wang S J, *et al.* Fungal diversity in *Cunninghamia lanceolata* plantation soil [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2014, **34**(10): 2725-2736.
- [20] 周烈, 周燕, 安培培, 等. 瘤胃厌氧真菌纤维素酶的研究与开发进展[J]. 动物营养学报, 2010, **22**(3): 536-543.
Zhou L, Zhou Y, An P P, *et al.* Advances in research and development of rumen anaerobic fungal cellulases [J]. *Acta Zoonutrientia Sinica*, 2010, **22**(3): 536-543.
- [21] Zhang Z F, Liu F, Zhou X, *et al.* Culturable mycobiota from Karst caves in China, with descriptions of 20 new species [J]. *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 2017, **39**: 1-31.
- [22] Chen Y, Lian B, Yin Z Y, *et al.* Weathering of carbonate rocks by biological soil crusts in karst areas [J]. *Journal of Earth Science*, 2014, **25**(4): 662-667.
- [23] Danilova O A, Ianutsevich E A, Bondarenko S A, *et al.* Osmolytes and membrane lipids in the adaptation of micromycete *Emericellopsis alkalina* to ambient pH and sodium chloride [J]. *Fungal Biology*, 2020, **124**(10): 884-891.
- [24] Kong Y L, Kuzyakov Y, Ruan Y, *et al.* DNA Stable-isotope probing delineates carbon flows from rice residues into soil microbial communities depending on fertilization [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2020, **86**(7), doi: 10.1128/AEM.02151-19.
- [25] 葛勉慎, 周海宾, 沈玉君, 等. 添加剂对牛粪堆肥不同阶段真菌群落演替的影响[J]. 中国环境科学, 2019, **39**(12): 5173-5181.
Ge M S, Zhou H B, Shen Y J, *et al.* Effect of additives on the succession of fungal community in different phases of cattle manure composting [J]. *China Environmental Science*, 2019, **39**(12): 5173-5181.
- [26] 赵帆, 赵密珍, 王钰, 等. 不同连作年限草莓根际细菌和真菌多样性变化[J]. 微生物学通报, 2017, **44**(6): 1377-1386.
Zhao F Z, Zhao M Z, Wang Y, *et al.* Biodiversity of bacteria and fungi in rhizosphere of strawberry with different continuous cropping years [J]. *Microbiology*, 2017, **44**(6): 1377-1386.
- [27] Coelho G D, Ballaminut N, Thomaz D V, *et al.* Characterization of a thermostable *Deconica castanella* Laccase and application toward pentachlorophenol degradation [J]. *Preparative Biochemistry & Biotechnology*, 2019, **49**(9): 908-915.
- [28] 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 Y, Huang Y M, 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.
- [29] 余龙江, 李为, 刘幸福, 等. 担子菌及其木质纤维素降解液在红豆杉细胞培养中的作用[J]. 西北植物学报, 2000, **20**(6): 992-996.
Yu L J, Li W, Liu X F, *et al.* An initial study on elicitation of basidiomycetes and its lignocellulose biodegradation broth on *Taxus* cells culture [J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2000, **20**(6): 992-996.
- [30] 郁红艳, 曾光明, 黄国和, 等. 木质素降解真菌的筛选及产酶特性[J]. 应用与环境生物学报, 2004, **10**(5): 639-642.
Yu H Y, Zeng G M, Huang G H, *et al.* Screening of lignin-degrading fungi and their enzyme production [J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2004, **10**(5): 639-642.
- [31] Tayyab M, Islam W, Lee C G, *et al.* Short-term effects of different organic amendments on soil fungal composition [J]. *Sustainability*, 2019, **11**(1), doi: 10.3390/su11010198.
- [32] Liu Y R, Delgado-Baquerizo M, Yang Z M, *et al.* Microbial taxonomic and functional attributes consistently predict soil CO₂ emissions across contrasting croplands [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **702**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.134885.
- [33] Ananda K, Sridhar K R. Diversity of filamentous fungi on decomposing leaf and woody litter of mangrove forests in the southwest coast of India [J]. *Current Science*, 2004, **87**(10):

- 1431-1437.
- [34] 冯玮娜, 彭培好. 四川牡丹根际微生物及种子内生菌组成[J]. 东北林业大学学报, 2020, **48**(1): 88-94.
Feng W N, Peng P H. Microbial composition associated with the rhizosphere and seed endosphere of *Paeonia szechuanica* [J]. Journal of Northeast Forestry University, 2020, **48**(1): 88-94.
- [35] 付丽娜, 汪娅婷, 王星, 等. 三七连作根际微生物多样性研究[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2018, **33**(2): 198-207.
Fu L N, Wang Y T, Wang X, *et al.* The study on microbial diversity of rhizosphere in continuous cropping system of *Panax notoginseng* [J]. Journal of Yunnan Agricultural University (Natural Science), 2018, **33**(2): 198-207.
- [36] Li Destri Nicosia M G, Mosca S, Mercurio R, *et al.* Dieback of *Pinus nigra* seedlings caused by a strain of *Trichoderma viride* [J]. Plant Disease, 2015, **99**(1): 44-49.
- [37] Yamanobe T, Oribe Y, Nishimura K. Methods for inoculum production and inoculation of *Cistella japonica*, the causal agent of resinous stem canker in *Chamaecyparis obtusa* [J]. Forest Pathology, 2008, **38**(1): 29-36.
- [38] 郭润芳, 史宝胜, 高宝嘉, 等. 木霉菌在植病生物防治中的应用[J]. 河北林果研究, 2001, **16**(3): 294-298.
Guo R F, Shi B S, Gao B J, *et al.* The application of antagonistic fungus (*Trichoderma* spp.) to biocontrol of plant disease[J]. Hebei Journal of Forestry and Orchard Research, 2001, **16**(3): 294-298.
- [39] Floudas D, Binder M, Riley R, *et al.* The paleozoic origin of enzymatic lignin decomposition reconstructed from 31 fungal genomes[J]. Science, 2012, **336**(6089): 1715-1719.
- [40] Phillips L A, Ward V, Jones M D. Ectomycorrhizal fungi contribute to soil organic matter cycling in sub-boreal forests[J]. The ISME Journal, 2014, **8**(3): 699-713.
- [41] Smith S E, Smith F A. Roles of arbuscular mycorrhizas in plant nutrition and growth; new paradigms from cellular to ecosystem scales[J]. Annual Review of Plant Biology, 2011, **62**: 227-250.
- [42] Li H, Wang C, Li X L, *et al.* Impact of the earthworm *Aporrectodea trapezoides* and the arbuscular mycorrhizal fungus *Glomus intraradices* on ¹⁵N uptake by maize from wheat straw [J]. Biology and Fertility of Soils, 2013, **49**(3): 263-271.
- [43] Banerjee S, Walder F, Büchi L, *et al.* Agricultural intensification reduces microbial network complexity and the abundance of keystone taxa in roots [J]. The ISME Journal, 2019, **13**(7): 1722-1736.
- [44] 王岩, 周鹏, 白立伟, 等. 生物炭和 AM 真菌配施对连作辣椒生长和土壤养分的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2020, **28**(10): 1600-1608.
Wang Y, Zhou P, Bai L W, *et al.* Effects of biochar and arbuscular mycorrhizal fungi on the growth of continuous cropping pepper and soil nutrient status [J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2020, **28**(10): 1600-1608.
- [45] Valenzuela-Lopez N, Cano-Lira J F, Guarro J, *et al.* Coelomycetous *Dothideomycetes* with emphasis on the families *Cucurbitariaceae* and *Didymellaceae* [J]. Studies in Mycology, 2018, **90**: 1-69.
- [46] 谢洁, 任慧爽, 黄传书, 等. 桑树内生菌的种群分析及生防益生菌的筛选[A]. 见: 中国蚕学会第八届青年学术研讨会论文集[C]. 昆明: 中国蚕学会, 2014.
- [47] 吕美林, 刘泽, 宋震, 等. 大兴安岭地区可培养毛霉门真菌多样性与分布[J]. 生物多样性, 2019, **27**(8): 821-832.
Lv M L, Liu Z, Song Z, *et al.* Diversity and distribution of culturable Mucoromycota fungi in the Greater Khinggan Mountains, China [J]. Biodiversity Science, 2019, **27**(8): 821-832.
- [48] 常强强, 范佳佳, 刘慧君, 等. 不同地区青檀根际土壤肥力和真菌多样性及其相关性分析[J]. 植物资源与环境学报, 2017, **26**(3): 27-34.
Chang Q Q, Fan J J, Liu H J, *et al.* Fertility and fungal diversity of rhizosphere soil of *Pteroceltis tatarinowii* in different regions and their correlation analysis [J]. Journal of Plant Resources and Environment, 2017, **26**(3): 27-34.
- [49] 杨娟, 董醇波, 陈万浩, 等. 不同地区杜仲树皮内生真菌群落组成及生态功能结构的差异分析[J]. 中国中药杂志, 2019, **44**(6): 1126-1134.
Yang J, Dong C B, Chen W H, *et al.* Community composition and ecological functional structural analysis of endophytic fungi in bark of *Eucommia ulmoides* in different areas [J]. China Journal of Chinese Materia Medica, 2019, **44**(6): 1126-1134.
- [50] Melo R F R, Bezerra J L, Cavalcanti M A D Q. Diversity of coprophilous ascomycetes from captive wild animals in Dois Irmaos State Park, Brazil [J]. Nova Hedwigia, 2012, **94**(1-2): 153-162.
- [51] 张玥, 胡云飞, 王树茂, 等. 茶园年限对根际土壤真菌群落结构及多样性的影响[J]. 应用与环境生物学报, 2018, **24**(5): 972-977.
Zhang Y, Hu Y F, Wang S M, *et al.* The structure and diversity of the fungal community in rhizosphere soil from tea gardens of different ages [J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2018, **24**(5): 972-977.

CONTENTS

Characteristics and Control Strategies on Summertime Peak Ozone Concentration in Shanghai	YAN Ru-sha, WANG Hong-li, HUANG Cheng, <i>et al.</i> (3577)
Characteristics and Sources of VOCs at Different Ozone Concentration Levels in Tianjin	WANG Wen-mei, GAO Jing-yun, XIAO Zhi-mei, <i>et al.</i> (3585)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric VOCs During Ozone Pollution Period in the Main Urban Area of Chongqing	LI Ling, LI Zhen-liang, ZHANG Dan, <i>et al.</i> (3595)
Emission Characteristics and Atmospheric Chemical Reactivity of Volatile Organic Compounds(VOCs) in Automobile Repair Industry	CHEN Peng, ZHANG Yue, ZHANG Liang, <i>et al.</i> (3604)
Analysis of the Continuous Heavy Pollution Process in the Winter of 2016 in Beijing, Tianjin, and Hebei	MAO Ye, ZHANG Heng-de, ZHU Bin (3615)
Evaluation of Air Pollution Characteristics and Air Quality Improvement Effect in Beijing and Chengdu	DANG Ying, ZHANG Xiao-ling, RAO Xiao-qin, <i>et al.</i> (3622)
Chemical Components and Sources of PM _{2.5} and Their Evolutive Characteristics in Zhengzhou	ZHAO Xiao-nan, WANG Shen-bo, YANG Jie-ru, <i>et al.</i> (3633)
High-frequency Responses to the COVID-19 Shutdown of Heavy Metal Elements in PM _{2.5} in Shanghai	CHENG Kai, CHANG Yun-hua, KUANG Ya-qiong, <i>et al.</i> (3644)
Analysis of Ultraviolet Aerosol Index in Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area	DUAN Jia-le, JU Tian-zhen, HUANG Rui-ni, <i>et al.</i> (3652)
Vehicle Air Pollutant Emission Inventory and Characterization in Henan Province from 2016 to 2019	GAO Dan-dan, YIN Sha-sha, GU Xing-ke, <i>et al.</i> (3663)
Characterization and Exposure Risk Assessment of Non-phthalate Plasticizers in House Dust from Guangzhou	LIU Xiao-tu, PENG Chang-feng, CHEN Da, <i>et al.</i> (3676)
Distribution, Sources, and Risk Assessment of Polyfluoroalkyl Substances in Main Rivers and Soils of Tianjin	WU Qian-qian, WU Qiang, SONG Shuai, <i>et al.</i> (3682)
Differentiation of Hydrogen and Oxygen Isotopes in the Water Source Treatment Wetlands of Stream Networks	YANG Ting, WANG Yang, XU Jing-yi, <i>et al.</i> (3695)
Characterizing Sources and Composition of Chromophoric Dissolved Organic Matter in a Key Drinking Water Reservoir Lake Tianmu	ZHOU Lei, ZHOU Yong-qiang, ZHANG Yun-lin, <i>et al.</i> (3709)
Sources and Optical Dynamics of Chromophoric Dissolved Organic Matter in Different Types of Urban Water Bodies	YU Xiao-qin, CUI Yang, CHEN Hui-min, <i>et al.</i> (3719)
Temporal and Spatial Evolution Characteristics of DOM Spectra in Sediment Interstitial Water in Typical Zones of Baiyangdian Lake	ZHOU Shi-lei, CHEN Zhao-ying, ZHANG Tian-na, <i>et al.</i> (3730)
Sources and Spatial Variation of Dissolved Organic Matter in Summer Water of Inflow Rivers Along Chaohu Lake Watershed	NING Cheng-wu, BAO Yan, HUANG Tao, <i>et al.</i> (3743)
Spatio-temporal Distribution Characteristics and Driving Factors of Zooplankton in Hongze Lake	CHEN Ye, PENG Kai, ZHANG Qing-ji, <i>et al.</i> (3753)
Effects of Farming Practices on Soil Nitrogen and Phosphorus Concentrations and Its Loss in the Drawdown Area of the Tributary Embayment of the Three Gorges Reservoir	LUO Fang, LU Lun-hui, LI Zhe, <i>et al.</i> (3763)
Temporal and Spatial Evolution of Non-point Source Pollution Load of Total Nitrogen in Tuojiang River Basin	XIAO Yu-ting, YAO Jing, CHEN Shu, <i>et al.</i> (3773)
Microplastic-Induced Alterations to Antibiotic Resistance Genes in Seawater	ZHOU Shu-yi-dan, ZHU Yong-guan, HUANG Fu-yi (3785)
Enrichment of Antibiotic Resistant Bacteria and Antibiotic Resistance Genes by Sulfamethoxazole in the Biological Treatment System of Mariculture Wastewater	WANG Jin-peng, ZHAO Yang-guo, HU Yu-bo (3791)
Optimization of Tidal-Combined Flow Constructed Wetland System and Its Removal Effect on Antibiotic Resistance Genes	CHENG Yu-xiao, WU Dan, CHEN Quan-le, <i>et al.</i> (3799)
Temporal-spatial Distribution and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Soil of Xiangxi Bay in Three Gorges Reservoir Area	HUANG Ying-ping, JIN Lei, ZHU Can, <i>et al.</i> (3808)
Spatial Distribution Pattern and Influencing Factors of Industrial Pollution Emissions in Yangtze River Economic Belt	LI Yun-yi, LIU Li-ping, LIU Yuan-yuan (3820)
Aging Process and DOC Analysis of Four Different Types of Plastic Particles in Freshwater Systems	LI Wan-yi, LIU Zhi-lin, MIAO Ling-zhan, <i>et al.</i> (3829)
Promotion and Mechanisms of DOM on Copper Adsorption by Suspended Sediment Particles	DING Xiang, LI Zhong-wu, XU Wei-hua, <i>et al.</i> (3837)
Transformation Characteristics of Dissolved Organic Matter During UV/Chlorine Treatment of Municipal Secondary Effluent	WANG Xue-ning, ZHANG Bing-liang, PAN Bing-cai (3847)
Effects of Different Nitrite Generation on the Short-cut Nitrification Denitrifying Phosphorus Removal Granules System	WANG Wen-qi, LI Dong, GAO Xin, <i>et al.</i> (3858)
Ammonia Nitrogen Removal Performance with Parallel Operation of Conventional and Inverted A ² /O Sewage Treatment Processes in Winter	LI Jin-cheng, GUO Ya-ni, QI Rong, <i>et al.</i> (3866)
Diversity and PICRUSt2-based Predicted Functional Analysis of Bacterial Communities During the Start-up of ANAMMOX	YAN Bing, FU Jia-qi, XIA Song, <i>et al.</i> (3875)
Microbial Community Structure of Activated Sludge and Its Response to Environmental Factors	MA Qie-qie, YUAN Ling-jiang, NIU Ze-dong, <i>et al.</i> (3886)
Distribution and Sources of Microplastics in Farmland Soil Along the Fenhe River	ZHU Yu-en, WEN Han-xuan, LI Tang-hui-xian, <i>et al.</i> (3894)
Source Apportionment of Soil PAHs in Lanzhou Based on GIS and APCS-MLR Model	GUAN Xian-xian, ZHOU Xiao-ping, LEI Chun-ni, <i>et al.</i> (3904)
Migration, Transformation Characteristics, and Ecological Risk Evaluation of Heavy Metal Fractions in Cultivated Soil Profiles in a Typical Carbonate-Covered Area	TANG Shi-qi, LIU Xiu-jin, YANG Ke, <i>et al.</i> (3913)
Effect of Elevated CO ₂ on N ₂ O Emissions from Different Rice Cultivars in Rice Fields	YU Hai-yang, HUANG Qiong, WANG Tian-yu, <i>et al.</i> (3924)
Effects of Coconut Chaff Biochar Amendment on Methane and Nitrous Oxide Emissions from Paddy Fields in Hot Areas	WANG Zi-jun, WANG Hong-hao, LI Jin-qiu, <i>et al.</i> (3931)
Effects of Biochar Addition Under Different Water Management Conditions on N ₂ O Emission From Paddy Soils in Northern Hainan	WANG Hong-hao, TAN Meng-yi, WANG Zi-jun, <i>et al.</i> (3943)
Ecological Effects of Species Diversity on Plant Growth and Physico-Chemical Properties in a Pb-Zn Mine Tailings	YANG Sheng-xiang, CAO Jian-bing, LI Feng-mei, <i>et al.</i> (3953)
Investigation of Dominant Plants and Analysis of Ecological Restoration Potential in Lailishan Tin Tailings	QIN Fu-rong, ZHANG Shi-ying, XIA Yun-sheng, <i>et al.</i> (3963)
Responses of Different Degradation Stages of Alpine Wetland on Soil Microbial Community in the Yellow River Source Zone	LIN Chun-ying, LI Xi-lai, ZHANG Yu-xin, <i>et al.</i> (3971)
Effects of Straw Returning with Chemical Fertilizer on Soil Enzyme Activities and Microbial Community Structure in Rice-Rape Rotation	JIN Yu-ting, LI Xian-fan, CAI Ying, <i>et al.</i> (3985)
Shifts in Rhizosphere Bacterial Community Structure, Co-occurrence Network, and Function of <i>Miscanthus</i> Following Cadmium Exposure	CHEN Zhao-jin, LIN Li-an, LI Ying-jun, <i>et al.</i> (3997)
Investigation of Soil Fungal Communities and Functionalities within Karst Paddy Fields	ZHOU Jun-bo, JIN Zhen-jiang, XIAO Xiao-yi, <i>et al.</i> (4005)
Adsorption Characteristics and Mechanism of Cd and Pb in Tiered Soil Profiles from a Zinc Smelting Site	LIU Ling-qing, XIAO Xi-yuan, GUO Zhao-hui, <i>et al.</i> (4015)
Influence of Different Soil Conditioner on the Transfer and Transformation of Cadmium and Phthalate Esters in Soil	WANG Can, ZHANG Yu-hang, HE Ming-jing, <i>et al.</i> (4024)
Immobilization Mechanism of Four Types of Amendments on Cu and Cd in Polluted Paddy Soil	DING Yuan, AO Shi-ying, CHEN Yi-hong, <i>et al.</i> (4037)
Foliar Application of L-Cysteine: Effects on the Concentration of Cd and Mineral Elements in Rice	ZHANG Ya-hui, WANG Chang-rong, LIU Yue-min, <i>et al.</i> (4045)
Effect of Cadmium Stress on Phytochelatins in <i>Amaranthus hypochondriacus</i> L. During Different Growth Periods	LIU Jia-xin, CHEN Wen-qing, YANG Li, <i>et al.</i> (4053)
Evolution of Material Metabolism in China's Pulp and Paper Industry	LIU Xin, YANG Tao, WU Hui-jun, <i>et al.</i> (4061)