生态环境知识网
Eco-Environmental Knowledge Web

环境科学
ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

2000~2018年我国大气重金属沉降通量时空变化特征

陈其永，郜允兵，倪润祥，潘瑜春，阎跃观，杨晶，刘孝阳，顾晓鹤

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心
■ 出版 科学出版社

双奖期刊

2022年9月
第43卷 第9期
Vol.43 No.9

环境科学
(HUANJING KEXUE)
ENVIRONMENTAL SCIENCE
第43卷 第9期
2022年9月15日

目 次

2000~2018年我国大气重金属沉降通量时空变化特征 …… 陈其永, 郜允兵, 倪润祥, 潘瑜春, 阎跃观, 杨晶, 刘孝阳, 顾晓鹤(4413)
面向二/三维城市形态指标的$PM_{2.5}$浓度调控模拟 …… 李莎, 邹滨, 刘宁, 冯徽徽, 陈军, 张鸿辉(4425)
减排背景下成都大气$PM_{2.5}$碳质组分特征 …… 陈璐瑶, 于阳春, 黄小娟, 董贵明, 张军科(4438)
青岛秋冬季PM_1中金属元素污染特征及健康风险评估 …… 刘子杨, 张宜升, 张厚勇, 马子轸, 陶文鑫, 王娇, 薛莲, 彭倩倩, 杜金花, 赵娇娇, 彭亮, 孙英杰(4448)
港口地区大气$PM_{2.5}$中多环芳烃污染特征及来源分析 …… 王鹏程, 杨凌霄, 别淑君, 黄琦, 齐安安, 庹雄, 王浥铭, 徐鹏, 张天琪, 王文兴(4458)
天津市冬季道路颗粒物粒径分布及来源解析 …… 张国涛, 殷宝辉, 白雯宇, 郭丽瑶, 王智宇, 张楠, 郑镇森, 张利文, 杨文, 韩斌, 白志鹏(4467)
北京市生物源一次气溶胶数浓度变化特征及影响因素 …… 梁林林, 刘畅, 刘旭艳, 徐婉筠, 张根, 程红兵, 刘雨思(4475)
北京市城区夏季VOCs变化特征分析与来源解析 …… 孟祥来, 孙扬, 廖婷婷, 张琛, 张成影(4484)
东莞工业集中区夏季臭氧污染与非污染期间VOCs组分特征及其来源 …… 周振, 肖林海, 费蕾蕾, 余纬, 林满, 黄筠钧, 张智胜, 陶俊(4497)
生活垃圾填埋场恶臭污染的时空变化与膜阻隔效果 …… 何品晶, 李健晨, 吕凡, 章骅, 邵立明(4506)
不同年份太湖水域全氟化合物健康风险源解析对比 …… 武婷, 孙善伟, 樊境朴, 鲁富蕾, 郭昌胜, 徐建(4513)
沱江流域典型及新兴全氟/多氟化合物的污染特征及来源解析 …… 宋娇娇, 汪艺梅, 孙静, 方淑红(4522)
白洋淀不同类型水体表层沉积物重金属的赋存形态及风险 …… 许梦雅, 张超, 单保庆, 刘操(4532)
喹诺酮类抗生素在城市典型水环境中的分配系数及其主要环境影响因子 …… 剧泽佳, 付雨, 赵鑫宇, 陈慧, 宋圆梦, 赵波, 张纪媛, 卢梦淇, 崔建升, 张璐璐(4543)
石家庄地下水中喹诺酮类抗生素生态风险及其与环境因子的相关性 …… 陈慧, 剧泽佳, 赵鑫宇, 付雨, 崔建升, 张璐璐(4556)
不同淹水环境下湖泊沉积物DOM的特征与来源 …… 陈佳, 李忠武, 金昌盛, 文佳骏, 聂小东, 王磊(4566)
晋城市沁河流域秋季浮游植物群落结构特征及其与环境因子的关系 …… 高梦蝶, 李艳粉, 李艳利, 孙昂, 田爽, 张春晖, 耿亚平, 李林霞(4576)
不同配置绿色屋顶径流水质特征及综合评价 …… 章孙逊, 张守红, 闫婧, 王任重远, 杨航(4587)
紫外活化过硫酸盐降解磷酸氯喹 …… 李阳, 许玻琿, 邓琳, 罗伟(4597)
微气泡臭氧化预处理实际制药废水去除SS和有机物性能 …… 刘春, 陈蕊, 张静, 杨旭, 陈晓轩, 郭延凯, 武明泽, 庞勃(4608)
废水排放对近海环境中抗生素抗性基因和微生物群落的影响 …… 陈嘉瑜, 苏志国, 姚鹏城, 黄备, 张永明, 温东辉(4616)
生物炭和秸秆还田对微咸水滴灌棉田土壤真菌群落结构多样性的影响 …… 郭晓雯, 陈静, 鲁晓宇, 李远, 陶一凡, 闵伟(4625)
有机物料投入对喀斯特地区土壤磷素赋存形态与含*phoD*基因细菌群落的影响 …… 夏鑫, 乔航, 孙琪, 刘坤平, 陈香碧, 何寻阳, 胡亚军, 苏以荣(4636)
煤矿矿区复垦植被类型对土壤微生物功能基因和酶活的影响 …… 宁岳伟, 刘勇, 张红, 李君剑(4647)
生物炭施用对黄壤土壤养分及酶活性的影响 …… 袁访, 李开钰, 杨慧, 邓承佳, 梁红, 宋理洪(4655)
黄河源区斑块化退化高寒草甸土壤细菌群落多样性变化 …… 孙华方, 李希来, 金立群, 赵玉蓉, 李成一, 张静, 宋梓涵, 苏晓雪, 刘凯(4662)
模拟氮沉降对三江平原小叶章湿地土壤微生物碳源利用能力的影响 …… 翁晓虹, 隋心, 李梦莎, 刘赢男, 张荣涛, 杨立宾(4674)
石家庄市土壤中喹诺酮类抗生素空间分布特征及其与微生物群落相关性 …… 赵鑫宇, 剧泽佳, 陈慧, 付雨, 宋圆梦, 赵波, 张纪媛, 卢梦淇, 崔建升, 张璐璐(4684)
典型氧化还原环境中微塑料表面的微生物群落组成特征与构建机制 …… 龚志伟, 马杰, 苏超, 林亚楠, 董鑫磊, 周立昌, 王宗平, 郭刚(4697)
作物秸秆材料处理养殖废水中氮的周年去除效果及其对氮循环微生物丰度的影响 …… 刘铭羽, 夏梦华, 蒋磊, 彭健, 陈坤, 赵聪芳, 李希, 孟岑, 曾睿, 王栋, 李裕元, 吴金水(4706)
不同外碳源对尾水极限脱氮性能及微生物群落结构的影响 …… 王伟, 赵中原, 张鑫, 由志鹏, 黄子晋, 彭永臻(4717)
总氮提标改造工程的微生物群落结构分析 …… 李海松, 王柯丹, 陈晓蕾, 阎登科, 许子聪, 胡培基(4727)
IFAS工艺处理南方低碳源污水的泥膜微生物互作规律分析 …… 赫俊国, 江伟勋, 何卓义, 刘新平, 吴世华, 储昭瑞, 冯杰(4736)
黄土高原土地利用方式对微塑料丰度和形态分布的影响 …… 郝永丽, 胡亚鲜, 白晓雄, 郭胜利(4748)
南方丘陵区土壤重金属含量、来源及潜在生态风险评价 …… 王玉, 辛存林, 于爽, 薛红蕾, 曾鹏, 孙平安, 刘凡(4756)
兰州市耕地"五毒"重金属的风险评价与归因分析 …… 张利瑞, 彭鑫波, 马延龙, 康乐, 张妍娥, 王泉灵, 张松林(4767)
石家庄市栾城区农田土壤重金属分布特征及作物风险评价 …… 孟晓飞, 郭俊姆, 杨俊兴, 郑国砥, 陈同斌, 刘杰(4779)
典型城市土壤中重金属锑(Sb)的含量分布特征及风险评价 …… 沈城, 叶文娟, 钱诗颖, 吴健, 朱旭东, 王敏(4791)
有色金属矿业城市典型村镇土壤重金属污染评价及来源解析 …… 汪峰, 黄言欢, 李如忠, 吴鸿飞(4800)
柠檬酸及刈割强化象草修复镉污染土壤的效应 …… 唐棋, 伍港繁, 辜娇峰, 周航, 曾鹏, 廖柏寒(4810)
稻田落干过程砷甲基化效率变化与关键影响因素分析 …… 张玥, 李令仪, 文炯, 曾希柏, 苏世鸣(4820)
外源茉莉酸对水稻幼苗根系砷积累及抗逆应答效应 …… 李颜, 黄益宗, 保琼莉, 黄永春, 张盛楠(4831)
秸秆还田配施化肥对土壤养分及冬小麦产量的影响 …… 宋佳杰, 徐郗阳, 白金泽, 于琦, 程伯豪, 冯永忠, 任广鑫(4839)
冬季绿肥对黄土高原旱作春玉米农田土壤温室气体排放的影响 …… 张少宏, 王俊, 方震文, 付鑫(4848)
庞泉沟自然保护区土壤呼吸空间分异性影响因素探测 …… 李晓敏, 严俊霞, 杜自强, 王琰(4858)
小型养殖塘水体中CH_4、CO_2和N_2O浓度的时空变化特征及影响因素 …… 石婕, 张弥, 邱吉丽, 万梓文, 赵若男, 谢燕红, 陈明健, 赵佳玉, 肖薇, 刘寿东(4867)
丁基黄药对选矿区土壤吸附铅镉的影响 …… 胡志浩, 郭朝晖, 冉洪珍, 肖细元, 彭驰, 李钰滢(4878)
秸秆生物炭吸附对乙酰氨基酚的机制及其位能分布特征 …… 商岑尧, 顾若婷, 张强, 谢慧芳, 王冰玉(4888)
黄土高原地区生态脆弱性时空变化及其驱动因子分析 …… 张良侠, 樊江文, 张海燕, 周德成(4902)
植物促生菌在重金属生物修复中的作用机制及应用 …… 马莹, 王玥, 石孝均, 陈新平, 李振轮(4911)
《环境科学》征订启事(4512) 《环境科学》征稿简则(4735) 信息(4696, 4790, 4887)

Eco-Environmental Knowledge Web
环 境 科 学
Environmental Science
第43卷第9期 2022年9月
Vol.43,No.9 Sep.,2022

生物炭和秸秆还田对微咸水滴灌棉田土壤真菌群落结构多样性的影响

郭晓雯, 陈静, 鲁晓宇, 李远, 陶一凡, 闵伟*
(石河子大学农学院, 绿洲生态农业兵团重点实验室, 石河子 832003)

摘要: 微咸水灌溉增加土壤盐分,改变土壤环境,进而影响土壤真菌的结构和多样性. 在长期微咸水灌溉的基础上,分别添加生物炭和秸秆(采用等碳量设计,分别为3.7 t·hm^{-2}和6 t·hm^{-2}),探究生物炭和秸秆对土壤理化性质和真菌群落结构多样性的影响. 结果表明:与不施生物炭和秸秆(对照)相比,生物炭施用显著增加土壤的pH、全碳、速效钾和速效磷含量,但显著降低土壤电导率,降低幅度为20.71%; 秸秆处理显著增加土壤的速效钾和速效磷含量,但显著降低土壤容重和电导率,降低幅度为4.17%和64.50%. 生物炭和秸秆处理对真菌群落Chao1指数和ACE指数有增加趋势,对Shannon指数和Simpson指数有降低趋势. 土壤优势真菌门类为子囊菌门、被孢霉门、担子菌门、壶菌门和球囊菌门; 优势真菌属为毛壳菌属、赤霉菌属、镰刀菌属、*Idriella*和被孢霉属. 施加生物炭和秸秆提高子囊菌门、被孢霉门、担子菌门、球囊菌门和毛壳菌属的相对丰度; 但降低壶菌门、赤霉菌属和*Idriella*的相对丰度. LEfSe分析表明,施用生物炭和秸秆还田降低真菌群落潜在生物标志物数量. RDA结果显示,土壤真菌群落结构与$EC_{1:5}$和TN显著相关. 微咸水灌溉给土壤带来了不利影响,其中$EC_{1:5}$和TN是驱动土壤真菌群落结构变化的主要因子,土壤真菌群落通过生物炭和秸秆对土壤的改良作用来适应盐胁迫环境.

关键词:微咸水; 生物炭; 秸秆还田; 真菌群落结构多样性; 高通量测序
中图分类号: X172 **文献标识码**: A **文章编号**: 0250-3301(2022)09-4625-11 **DOI**: 10.13227/j.hjkx.202201093

Effects of Biochar and Straw Returning on Soil Fungal Community Structure Diversity in Cotton Field with Long-term Brackish Water Irrigation

GUO Xiao-wen, CHEN Jing, LU Xiao-yu, LI Yuan, TAO Yi-fan, MIN Wei*
(Key Laboratory of Oasis Eco-Agriculture, College of Agriculture, Shihezi University, Shihezi 832003, China)

Abstract: Brackish water irrigation increases soil salinity and changes the soil environment, which affects the structure and diversity of soil fungi. In this study, the effects of biochar and straw (3.7 t·hm^{-2} and 6 t·hm^{-2}, respectively) on soil physical and chemical properties and fungal community structure diversity were investigated on the basis of long-term brackish water irrigation. The results showed that compared to the absence of biochar and straw application (control), biochar application significantly increased pH and the contents of total carbon, available potassium, and available phosphorus in soil but significantly decreased the soil conductivity by 20.71%. Straw treatment significantly increased the content of available potassium and phosphorus but significantly decreased the soil bulk density and conductivity by 4.17% and 64.50%, respectively. The biochar and straw treatment showed an increasing trend in the Chao1 index and ACE index of the fungal community but a decreasing trend in the Shannon index and Simpson index. The dominant fungal phyla in the soil were Ascomycota, Mortierellomycota, Basidiomycota, Chytridiomycota, and Glomeromycota. The dominant fungal genera were *Chaetomium*, *Gibberella*, *Fusarium*, *Idriella*, and *Mortierella*. Biochar and straw were applied to increase the relative abundance of Ascomycota, Mortierellomycota, Basidiomycota, Glomeromycota, and *Chaetomium*. However, the relative abundance of Chytridomycota, *Gibberella*, and *Idriella* decreased. LEfSe analysis showed that biochar application and straw returning decreased the number of potential biomarkers in fungal communities. RDA results showed that soil fungal community structure was significantly correlated with $EC_{1:5}$ and TN. Brackish irrigation had adverse effects on soil, in which $EC_{1:5}$ and TN were the main factors driving the change in soil fungal community structure. The soil fungal community adapted to a salt-stress environment through the improvement of soil by biochar and straw.

Key words: brackish water; biochar; straw returning; diversity of fungal community structure; high-throughput sequencing

西北干旱地区属于温带大陆性气候,年降水量少,蒸发强度大,淡水资源匮乏,但有较为丰富的微咸水资源,可以缓解农业用水短缺的问题[1,2]. 微咸水灌溉对土壤理化性质和微生物群落的影响已有大量研究,这为农业生产合理利用微咸水资源提供了科学依据. 有研究表明,微咸水灌溉短期内对土壤影响较小,但长期灌溉会向土壤中输入大量可溶性盐分,随着高强度的土面蒸发和植物蒸腾,盐分向土表聚集,逐年累积形成盐渍化土壤[3],此外,盐分离子Na^+和Cl^-等进入土壤会使土壤容重增加,孔隙度降低,通气透水性变差,易板结,pH升高[4,5],影响土壤对大量元素的转移和吸收利用,降低土壤有机质含量,恶化土壤环境,危害作物生长[6]. 真菌群落在土壤生态平衡、氮素转化、养分循环和能量传递过程中起着重要作用[7,8]. 土壤真菌群落结构多样性依赖于土壤环境,盐渍化土壤会直接影响真菌群落活性和结构组成[9,10]. 有研究表明,土壤pH、含水量及其养分能通过改变土壤理化性质影响真菌群

收稿日期: 2022-01-11; **修订日期**: 2022-01-28
基金项目: 国家自然科学基金项目(32160742); 兵团中青年科技创新领军人才项目(2020CB020)
作者简介: 郭晓雯(1998~),女,硕士研究生,主要研究方向为土壤肥力与调控,E-mail:guoxiaowen1031@163.com
* 通信作者,E-mail:minwei555@126.com

落结构多样性[7].

施用生物炭和秸秆还田是改善土壤盐渍化和提高土壤真菌活性的重要措施. 生物炭作为常用土壤改良材料,含碳量高,比表面积大,容重小,孔隙度丰富,具有良好的吸附性能[11,12],为真菌生存提供栖息地,利于真菌生长繁殖[13]. 生物炭施用可降低土壤容重,有效提升土壤速效钾、速效磷和有机碳含量,在一定程度上改变土壤养分含量[14~16]. 我国秸秆资源丰富,作物秸秆中含有多种营养元素,可以较好地为土壤提供养分,粉碎秸秆与土壤颗粒间形成的大孔隙,可调节土壤水、肥、气、热状况[17],秸秆还田增加土壤有机碳含量,利于有机质胶结,促进良好土壤结构形成,降低土壤容重,进而为土壤真菌营造良好的生存环境[18,19],也有研究表明秸秆还田能有效缓解滥用氮肥对土壤造成的一系列问题[20]. 生物炭和秸秆中都含有机碳,而有机碳作为改善土壤环境的主要因子,可对真菌群落产生激发效应,从而促进土壤养分循环,提高土壤真菌群落活性.

目前,微咸水灌溉方面,研究大多集中在水盐运移与作物产量,生物炭和秸秆方面,主要研究施用其对土壤理化性质和真菌群落结构多样性的影响,而在微咸水灌溉条件下,生物炭和秸秆的施用对土壤真菌群落结构多样性影响相关的研究还很少. 本研究通过分析微咸水灌溉条件下,施用生物炭和秸秆还田对土壤理化性质、真菌群落结构的影响,阐明生物炭和秸秆还田对微咸水灌溉土壤的改良作用,以期为干旱区合理利用微咸水资源、有效培肥改良土壤和提高农业生产力提供科学的依据.

1 材料与方法

1.1 试验点概况

本研究在石河子大学农学院试验站(44°18′ N, 86°02′ E)进行,试验站土壤类型为灰漠土,种植作物为新陆早 52 号棉花. 该地区水资源短缺,典型的干旱荒漠气候,年均蒸发量(1 000 ~ 1 500 mm)远大于年均降水量(180 ~ 270 mm). 本研究开展前(2009 年)土壤基础理化性质如下:土壤电导率($EC_{1:5}$)为 0.13 dS · m^{-1},土壤 $pH_{1:2.5}$ 为 7.9,容重为 1.27 g·cm^{-3}, ω(速效钾)为 253 mg·kg^{-1}, ω(全氮)为 1.1 g·kg^{-1}, ω(速效磷)为 25.9 mg·kg^{-1}, ω(有机质)为 16.8 g·kg^{-1}.

1.2 试验设计

本研究开始前已连续开展多年微咸水田间滴灌试验(2009 ~ 2018 年),灌溉水盐度(电导率)均为 4.61 dS·m^{-1}(表示微咸水灌溉水质). 于 2019 年开始向土壤中添加棉花秸秆生物炭和棉花秸秆,其中棉花秸秆生物炭和棉花秸秆的用量采用等碳量设计,棉花秸秆生物炭用量为 3.7 t·hm^{-2},棉花秸秆用量为 6 t·hm^{-2},以微咸水灌溉作为对照,施用生物炭和秸秆作为不同处理(分别用 CK、BC 和 ST 表示). 微咸水通过向淡水中添加 NaCl 和 $CaCl_2$(质量比 1∶1)获得,各处理氮肥施用量(以 N 计)为 360 kg·hm^{-2}. 本试验为完全随机区组试验设计,每个处理重复 3 次,共计 9 个试验小区,每个试验小区面积 25 m^2.

在每年 4 月中旬采用干播湿出法种植棉花, 9 月中下旬收获,栽培过程一般是采用覆膜栽培,一膜 3 管 6 行,行距配置为(60 + 10) cm,播种密度 22.2 万株· hm^{-2}. 本次试验于 2020 年 4 月 25 日播种,为保证棉花正常出苗,播种后向每个处理滴出苗水 30 mm. 在棉花整个生育期内共灌水 9 次,灌水时间从 6 月中旬开始至 8 月下旬结束,灌水周期为 7 ~ 10 d,灌溉定额为 450 mm. 在棉花生长期间共施肥 6 次,各处理施氮、磷、钾肥用量一致,其中磷、钾肥全部用做基肥,磷(P_2O_5)施用量为 105 kg·hm^{-2},钾(K_2O)施用量为 60 kg·hm^{-2}; 氮肥(尿素 N ≥ 46.4%)随水滴施,其它田间管理措施参照当地大田生产.

1.3 样品采集与处理

2020 年在棉花花铃期采集耕层(0 ~ 30 cm)土壤样品,在每个试验小区的棉花行内分别随机选择 3 个采样点,土样均匀混合并去除细根、杂物. 采集的土壤样品分为两个部分,一部分为新鲜土壤样品,置于冰盒中,立即带回实验室,放入 -80℃冰箱中储存,用于土壤真菌群落多样性的测定,另一部分土壤样品用于盐分、pH 值、容重、速效钾、速效磷、全碳和全氮的测定.

1.4 土壤理化性质测定

土壤电导率($EC_{1:5}$)测定采用电导法,土壤容重测定采用环刀法,土壤 pH 测定采取 pH 计法(土水比 1∶2.5),土壤全碳采用 MultiN/C2100TOC/TN 仪测定,土壤全氮采用半自动凯氏定氮仪测定,土壤速效磷采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法测定,土壤速效钾采用醋酸铵浸提-火焰光度计法测定.

1.5 土壤真菌群落多样性的测定

1.5.1 DNA 提取和 PCR 扩增

将保存于 -80℃冰箱中的土壤样品取出,称 0.25 g 于 Power soil DNA 分离试剂盒中 (MoBio San Diego, USA),根据操作说明,提取土壤真菌总 DNA,用紫外可见分光光度计对 DNA 的数量测定,DNA 质量用琼脂糖凝胶电泳法测定,提取的 DNA 要保存在 -20℃,防止其降解. 真菌主要是基于 ITS 区,使用 Unite 数据库,分析真菌群落的分类学组

成，选择 18S rRNA 基因的整个区域进行扩增，并对 PCR 产物进行高通量测序. 用正向引物 ITS5-1737F (5-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3) 和反向引物 ITS2-2043R (5-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3) 对真菌内部转录间隔区 (ITS) 进行 PCR 扩增. 通过制备模板的 PCR 反应体系进行 3 次 PCR 反应，PCR 反应过程：在 94℃ 温度下初始变性 10 min，再变性 1 min，温度为 55℃ 时退火 1 min，温度为 72℃ 时进行延伸 2 min，共进行 25 个循环，循环结束后在 72℃ 温度下进行最终延伸 10 min[21].

1.5.2 Illumina MiSeq 测序

DNA 提取和 PCR 扩增结束后对其产物进行纯化、定量和均一化处理，使其形成测序文库，建好的文库先进行质检，对合格的文库用紫外分光光度计进行测序. 通过碱基识别转化为原始序列，再进行拼接、质控过滤操作，得到高质量的 Tags 数据，去除嵌合体，最终得到有效数据.

1.6 数据分析

通过 SPSS 统计软件包 (version SPSS. 26. 0) 进行相关性分析和方差分析，显著水平为 0. 05，用 Duncan 法 ($P < 0.05$) 对处理间进行多重比较，采用 Tukey 检验确定组间有显著性差异 ($P < 0.05$). 使用 UPARSE 软件 (version 7. 1)，在相似度为 97% 的水平进行 OTU 聚类；使用 UCHIME 软件 (v4. 2) 获得最终有效数据，并对数据均一化处理，对土壤真菌群落多样性分析，用 QIIME 在 97% 的相似度水平下进行聚类分析，并基于 UNITE 数据库，对 OTU 进行注释，并分析 β 多样性；使用 Mothur 软件分析真菌样品 α 多样性并将样品所含序列数进行标准化处理；通过视觉基因组学计算线性判别分析 (LDA) 效应大小 (LEfSe) 确定差异物种分类[22]；使用 R 语言 vegan 包对真菌群落进行 NMDS 和 RDA 分析.

2　结果与分析

2.1 生物炭和秸秆还田对理化性质的影响

生物炭和秸秆还田显著改变土壤理化性质 (表 1). 与 CK 处理相比，BC 处理显著增加土壤 pH、全碳 (TC)、速效钾 (AK) 和速效磷 (AP) 含量，分别增加 0. 64%、9. 52%、5. 52% 和 116. 12%，但显著降低土壤电导率 ($EC_{1:5}$)，降低 20. 71%；ST 处理显著增加 AK 和 AP 的含量，分别增加 2. 61% 和 79. 01%，但显著降低土壤容重 (BD) 和 $EC_{1:5}$，分别降低 4. 17% 和 64. 50%.

表 1　不同处理对土壤理化性质的影响[1)]

Table 1　Effects of different treatments on soil physical and chemical properties

处理	BD/g·cm^{-3}	$EC_{1:5}$/dS·m^{-1}	pH	ρ (TC)/g·kg^{-1}	ρ (TN)/g·kg^{-1}	ρ (AK)/mg·kg^{-1}	ρ (AP)/mg·kg^{-1}
CK	1. 20a	1. 061a	7. 77b	23. 43b	0. 75a	191c	33. 07c
BC	1. 18ab	0. 879b	7. 82a	25. 66a	0. 79a	202a	71. 47a
ST	1. 15b	0. 645c	7. 79b	24. 96ab	0. 76a	196b	59. 20b

1) 同一列不同小写字母表示不同处理差异达到显著水平 ($P < 0.05$)；$EC_{1:5}$ 表示土壤水溶性盐是强电解质，溶液中含有各种阴、阳离子，具有导电作用，可通过测土壤水溶液电导率，来衡量土壤水溶性盐浓度 (通常选用 1∶5 的土水比)

2.2 生物炭和秸秆还田对土壤真菌群落多样性的影响

在微咸水灌溉的条件下，CK 和 BC、ST 处理土壤的 OTUs 覆盖了 99% 以上的土壤真菌，能较真实地反映土壤真菌群落的多样性 (表 2). 与 CK 处理相比，施用生物炭和秸秆一定程度上降低 Shannon 和 Simpson 指数，增加 Chao1 和 ACE 指数，说明施用生物炭和秸秆对土壤真菌群落物种多样性有降低趋势，对土壤真菌群落物种丰富度有增加趋势.

表 2　不同处理的土壤真菌群落丰富度和多样性指数[1)]

Table 2　Richness and diversity index of soil fungal community in different treatments

处理	Coverage 指数	observed_species 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	Chao1 指数	ACE 指数
CK	0. 995 1	1 001	5. 96a	0. 943 1a	1 203a	1 227a
BC	0. 993 8	971	5. 66a	0. 926 3a	1 351a	1 332a
ST	0. 994 2	991	5. 61a	0. 913 1a	1 266a	1 289a

1) 同一列不同小写字母表示不同处理差异达到显著水平 ($P < 0.05$)

CK、BC 和 ST 处理总 OTUs 数为 2916，共有 OTUs 数为 768，占总 OTUs 的 26. 34% (图 1). CK 处理具有特异的 OTUs 个数为 567，占总 OTUs 的 19. 44%，BC 处理具有特异的 OTUs 个数为 377，占总 OTUs 的 12. 93%，ST 处理具有特异的 OTUs 个数为 538，占总 OTUs 的 18. 45%. 3 个处理中担子菌门 (Basidiomycota)、子囊菌门 (Ascomycota)、壶菌门 (Chytridiomycota)、被孢霉门 (Mortierellomycota)、球

囊菌门(Glomeromycota)和罗兹菌门(Rozellomycota)是共有 OTUs 和特有 OTUs 中的优势菌门,Aphelidiomycota 是 CK 和 ST 处理所特有的菌门,Basidiobolomycota 是 BC 和 ST 处理所特有的菌门.

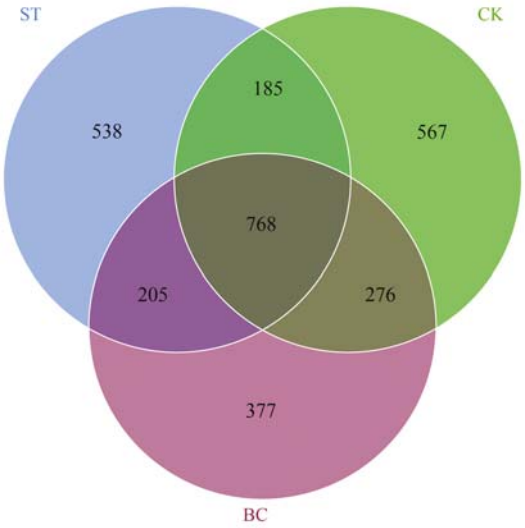

图 1 土壤真菌群落 OTUs 的维恩图

Fig. 1 Venn diagram of OTUs of the soil fungal communities

非度量多维尺度分析(NMDS)揭示了微咸水灌溉条件下,土壤真菌群落在施入生物炭、秸秆以及对照水平上的变化(图 2). 压力值(stress)为 0.101,表明排序结果良好,从处理分布看,ST 处理位于第一、四象限,CK 和 BC 处理位于第二、三象限,在第 1 主成分上,CK 和 BC 处理间样本有交叉,而与 ST 处理分离,说明不同处理间土壤真菌群落有相似性,也存在差异性.

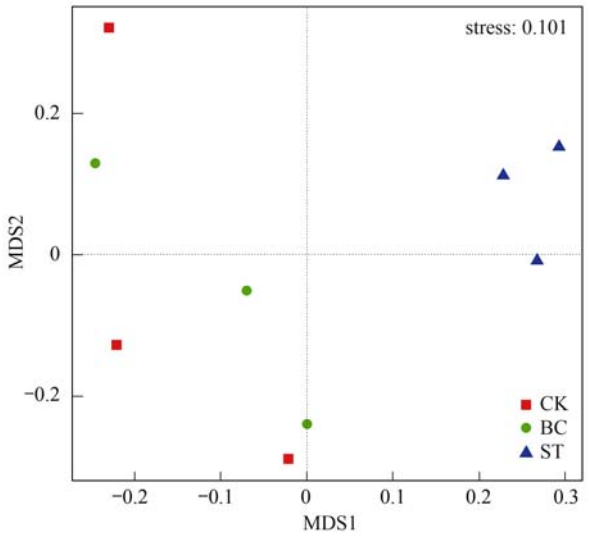

图 2 土壤真菌群落的主成分分析(NMDS)

Fig. 2 Analysis of NMDS in fungal communities

2.3 生物炭和秸秆还田对土壤真菌群落门水平的影响

通过对土壤真菌群落在门水平上进行分类(图 3),其优势菌门为:子囊菌门(Ascomycota)(平均值[1)] 为 72.45%),其次是被孢霉门(Mortierellomycota)(平均值为 4.61%)、担子菌门(Basidiomycota)(平均值为 3.82%)、壶菌门(Chytridiomycota)(平均值为 1.44%)、球囊菌门(Glomeromycota)(平均值为 1.16%). 与 CK 处理相比,BC 处理增加子囊菌门(Ascomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和球囊菌门(Glomeromycota)的相对丰度,分别增加 3.93%、14.41%、3.08% 和 17.13%,降低壶菌门(Chytridiomycota)的相对丰度,降低 5.80%;ST 处理增加子囊菌门(Ascomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和球囊菌门(Glomeromycota)的相对丰度,分别增加了 0.81%、19.24%、29.37% 和 120.92%,降低壶菌门(Chytridiomycota)的相对丰度,降低 15.63%.

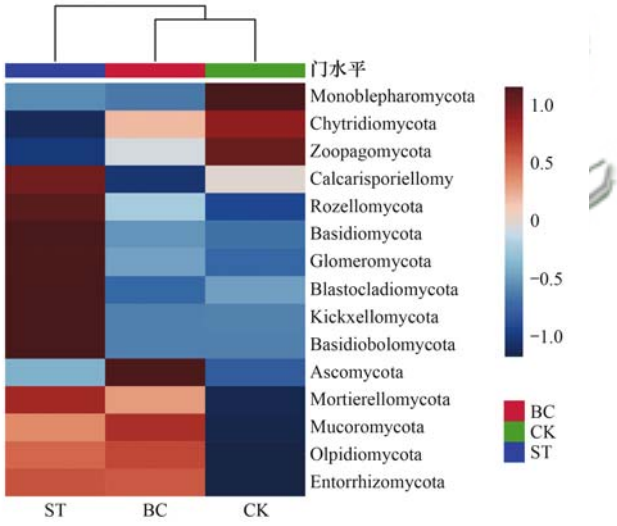

图 3 土壤真菌群落门水平热图

Fig. 3 Heatmap of dominant fungal phyla in soil under different treatments

对非土壤真菌优势菌门而言,与 CK 处理相比,BC 处理显著增加土壤真菌根肿菌门(Entorrhizomycota)、油壶菌门(Olpidiomycota)和毛霉亚门(Mucoromycota)的相对丰度,但显著降低单毛壶菌门(Monoblepharomycota)和 Zoopagomycota 的相对丰度;ST 处理显著增加土壤真菌芽枝霉门(Blastocladiomycota)、根肿菌门(Entorrhizomycota)、油壶菌门(Olpidiomycota)、毛霉亚门(Mucoromycota)、罗兹菌门(Rozellomycota)、Calcarisporiellomycota 和 Kickxellomycota 的相对丰度,但显著降低单毛壶菌门(Monoblepharomycota)和 Zoopagomycota 的相对丰度.

通过分析优势真菌门与土壤理化性质间的相关性(表 3),仅球囊菌门(Glomeromycota)与土壤容重

表 3　土壤优势真菌门与土壤理化性质相关性[1)]

Table 3　Correlation between soil dominant fungi and soil physicochemical properties

真菌门	BD	$EC_{1:5}$	pH	TC	TN	AK	AP
子囊菌门(Ascomycota)	0.26	−0.004	0.254	0.12	−0.477	0.23	0.237
被孢霉门(Mortierellomycota)	−0.549	−0.198	−0.02	−0.039	0.574	0.025	0.132
担子菌门(Basidiomycota)	0.109	−0.298	0.042	0.235	−0.543	0.044	0.116
球囊菌门(Glomeromycota)	−0.680*	−0.427	−0.159	0.072	0.406	0.014	0.129
壶菌门(Chytridiomycota)	0.327	0.156	0.179	0.239	0.565	0.168	−0.082

1) * 表示 $P<0.05$

呈显著负相关关系.

2.4　生物炭和秸秆还田对土壤真菌群落属水平的影响

通过对土壤真菌群落在属水平上进行分类(图 4),其优势菌属为:毛壳菌属(*Chaetomium*)(平均值为 16.79%)、赤霉菌属(*Gibberella*)(平均值为 15.19%),其次是 *Nectriaceae_unidentified*(平均值为 5.93%)、镰刀菌属(*Fusarium*)(平均值为 3.97%)、*Idriella*(平均值为 3.67%)、被孢霉属(*Mortierella*)(平均值为 3.64%). 与 CK 处理相比,BC 处理增加毛壳菌属(*Chaetomium*)、*Nectriaceae-unidentified* 和镰刀菌属(*Fusarium*)的相对丰度,分别增加 14.18%、87.44% 和 17.88%,降低赤霉菌属(*Gibberella*)、*Idriella* 和被孢霉属(*Mortierella*)的相对丰度,分别降低 0.52%、60.97% 和 0.20%;ST 处理增加毛壳菌属(*Chaetomium*)和被孢霉属(*Mortierella*)的相对丰度,分别增加 115.45% 和 28.47%,降低赤霉菌属(*Gibberella*)、*Nectriaceae-unidentified*、*Idriella* 和镰刀菌属(*Fusarium*)的相对丰度,分别降低 38.57%、11.66%、94.62% 和 32.77%.

对非土壤真菌优势菌属而言,与 CK 处理相比,BC 处理显著降低土壤葡萄穗霉属(*Stachybotrys*)、*Pseudombrophila* 和弯孢菌属(*Curvularia*)的相对丰度,但显著增加 *Preussia*、*Mycena* 和 *Ascobolus* 的相对丰度;ST 处理显著降低土壤葡萄穗霉属(*Stachybotrys*)、*Pseudombrophila*、弯孢菌属(*Curvularia*)、链格孢属(*Alternaria*)、*Rhizophlyctis* 和 *Sarocladium* 的相对丰度;但显著增加 *Preussia*、*Mycena*、*Ceratocystidaceae_unidentified*、*Coemansia*、*Chaetomiaceae_unidentified*、*Glomeraceae_unidentified* 和 *Psathyrellaceae_Coprinellus* 的相对丰度.

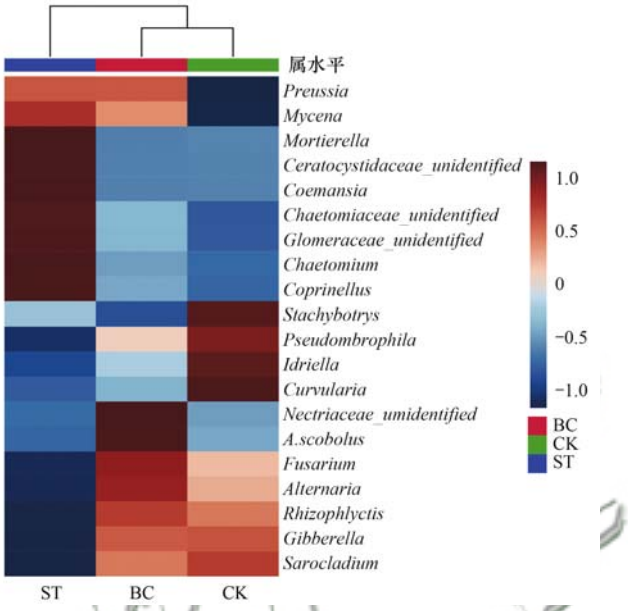

图 4　土壤真菌群落属水平热图

Fig. 4　Heatmap of dominant fungal genera in soil under different treatments

通过分析优势真菌属与土壤理化性质间的相关性(表 4),赤霉菌属(*Gibberella*)仅与土壤电导率呈显著正相关关系;*Idriella* 与容重和电导率呈显著正相关关系,而与速效磷含量呈显著负相关关系.

表 4　土壤优势真菌属与土壤理化性质相关性[1)]

Table 4　Correlation between soil dominant fungi and soil physicochemical properties

	BD	$EC_{1:5}$	pH	TC	TN	AK	AP
毛壳菌属(*Chaetomium*)	−0.234	−0.501	0.022	0.067	−0.533	0.028	0.19
赤霉菌属(*Gibberella*)	0.663	0.790*	−0.033	−0.145	−0.049	0.04	−0.226
Nectriaceae_unidentified	−0.006	0.076	0.486	0.469	0.593	0.489	0.397
Idriella	0.714*	0.893**	−0.434	−0.453	−0.078	−0.498	−0.740*
被孢霉属(*Mortierella*)	−0.656	−0.273	−0.194	−0.143	0.432	−0.105	0.043
镰刀菌属(*Fusarium*)	0.405	0.448	0.381	0.255	0.563	0.298	0.089

1) * 表示 $P<0.05$, ** 表示 $P<0.01$

2.5　土壤真菌群落的 LEfSe 差异分析

使用 LEfSe 分析(LDA 得分 >3.5, $P<0.05$)进行组间比较(图 5),红色节点代表对照(CK)组别中起重要作用的类群,绿色节点代表秸秆还田组别中

起重要作用的类群,在 LDA 得分 > 3.5 时,不显示 BC 组别的差异类群. 微咸水灌溉条件下,土壤真菌共有 11 个显著差异物种,其中 CK 组别 6 个, ST 组别 5 个,表明施用生物炭和秸秆降低土壤真菌潜在的生物标志物数量. CK 组别中的主要判别真菌类群是目水平的 Xylariales,科水平的 Microdochiaceae,属水平的 *Curvularia* 和 *Idriella*,种水平的 *Curvularia*_sp 和 *Idriella*_sp; ST 组别的主要判别真菌类群是纲水平的 Kickxellomycetes,目水平的 Kickxellales,属水平的 *Coemansia* 和 *Mrakia*, 种水平的 *Coemansia* _ *interrupta*.

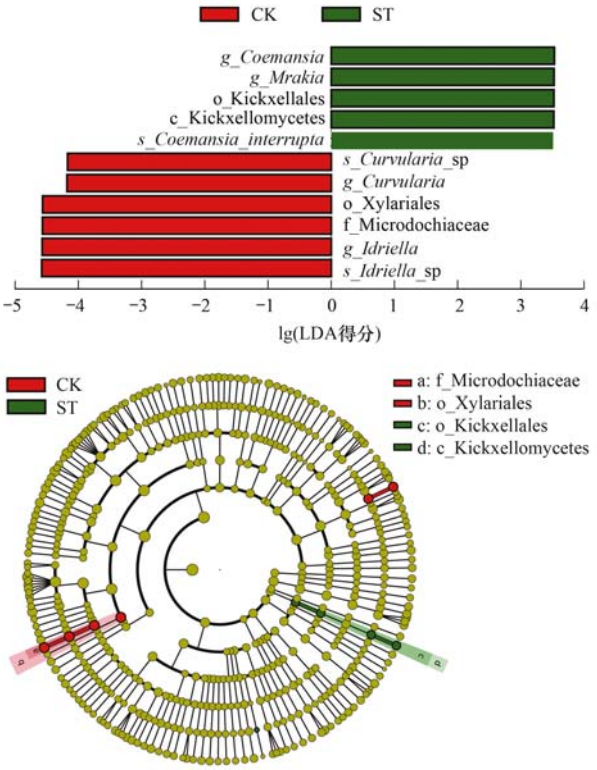

图 5 土壤真菌群落的 LEfSe 差异分析

Fig. 5 LEfSe analysis of soil fungal communities

2.6 RDA 分析

对土壤环境因子和真菌群落门水平进行 RDA 分析,第一轴的解释变异量为 60.44%,第二轴的解释变异量为 20.62%,两轴共解释总变异的 81.06%(图 6). 环境因子方面,土壤容重与土壤电导率和 pH 呈锐角,属于正相关关系,与土壤全碳、全氮、速效钾和速效磷呈钝角,属于负相关关系. 真菌群落与土壤理化性质方面,球囊菌门(Glomeromycota)和 Kickxellomycota 与土壤容重呈显著负相关关系; Zoopagomycota 与土壤全氮呈显著负相关关系; Monoblepharomycota 与土壤速效钾呈显著负相关关系.

对土壤环境因子和真菌群落属水平进行 RDA 分析,第一轴的解释变异量为 66.49%,第二轴的解

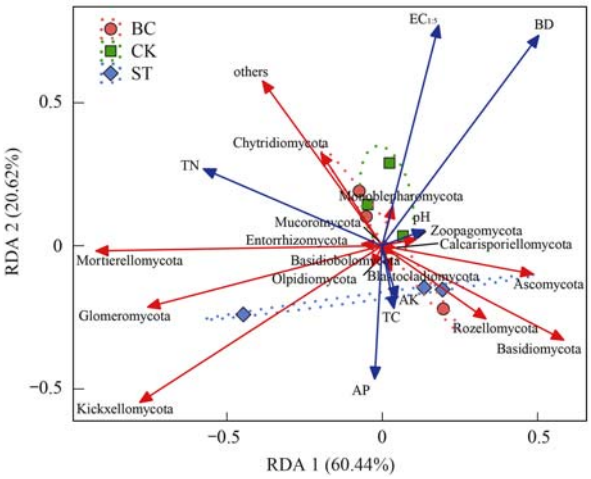

图 6 土壤真菌门水平群落结构与土壤理化性质间 RDA 分析

Fig. 6 RDA analysis of soil fungal phylum communities and soil environmental factors

释变异量为 20.62%,两轴共解释总变异的 87.11%(图 7). 环境因子方面,土壤容重与土壤电导率和 pH 呈锐角,属于正相关关系,与土壤全碳、全氮、速效钾和速效磷呈钝角,属于负相关关系. 真菌群落与土壤理化性质方面,赤霉菌属(*Gibberella*)与土壤电导率呈显著正相关关系; *Idriella* 与土壤容重呈显著正相关关系,与土壤电导率呈极显著正相关关系,但与土壤速效磷含量呈显著负相关关系; *Chaetomiaceae-unidentified* 与土壤电导率呈极显著负相关关系; 链格孢属(*Alternaria*)与土壤全氮呈显著正相关关系; 弯孢菌属(*Curvularia*)与土壤电导率呈极显著正相关关系,与土壤速效钾和速效磷呈显著负相关关系; *Coemansia* 与土壤容重呈显著负相关关系. 真菌群落属水平结构与土壤电导率(解释度 27.79%, $P = 0.048$)和土壤全氮(解释度 8.19%, $P = 0.046$)存在显著相关关系,与其他理化

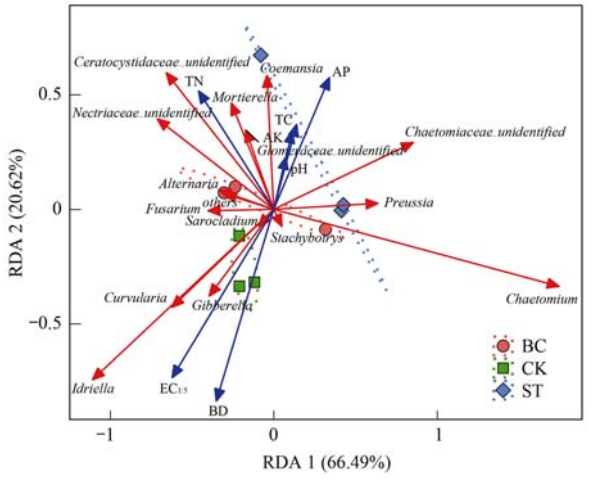

图 7 土壤真菌属水平群落结构与土壤理化性质间 RDA 分析

Fig. 7 RDA analysis of soil fungal genus communities and soil environmental factors

性质无显著相关关系.

3　讨论

3.1　生物炭和秸秆还田对土壤理化性质的影响

微咸水作为灌溉用水,缓解淡水资源不足给农业生产带来的压力,但长期微咸水灌溉会使土壤盐渍化程度加重,危害土壤生态系统健康,最终影响作物产量. 施用生物炭和秸秆还田可以降低长期微咸水灌溉对土壤的危害,本研究发现施用生物炭降低土壤电导率,可能是生物炭的多孔结构,使盐离子吸附在其表面或孔隙中,降低土壤含盐量,也可能是生物炭改变了土壤孔隙状况,提高土壤透水性,促进盐分淋洗,从而降低土壤含盐量[23]. 本研究表明施用生物炭增加土壤 pH、全碳、速效钾和速效磷含量,原因是生物炭中含有碱性物质,一般呈碱性,且特殊的结构能将盐基离子吸附在表面,使土体中含有较多碳酸盐和碳酸氢盐,水解后产生 OH^-,从而提高土壤 pH[24]; 全碳含量增加是因为生物炭中有机质碳含量高且属于惰性碳库,不易分解[25]; 速效磷含量增加,是因为生物炭较强的吸附性和阳离子交换作用能减少土壤中磷的转移[26,27],速效钾含量增加可能是生物炭施入土壤产生的正负电荷,降低养分的淋洗损失,将养分滞留在土壤中所致[28,29]. 本研究中秸秆还田降低土壤容重和电导率,可能是秸秆还田增加土壤孔隙度,创造了疏松耕层,秸秆分解产生的腐殖酸类物质促进团粒结构的形成,从而降低容重[30]; 但增加土壤速效钾和速效磷含量,是因为秸秆还田为土壤带来大量活性碳和氮,有效防止盐分在表土积聚[31],形成良好土体结构,增加保肥性能[32],秸秆分解产生有机酸等物质,可以提高磷素在土壤中有效性,且存在离子态钾素,易被淋洗补给土壤,增加土壤速效钾含量[33,34].

3.2　生物炭和秸秆还田对土壤真菌群落结构的影响

施用生物炭和秸秆还田能够通过改变土壤理化性质,改善土壤结构,进而调节土壤真菌群落结构和多样性. 本研究表明,施用生物炭和秸秆对土壤真菌群落丰富度有增加趋势,而对真菌群落多样性有降低趋势,可能是生物炭结构稳定,主要成分为芳香烃,属惰性碳库,不易分解,对土壤真菌作用较为缓慢[35,36],也可能是秸秆中大量含碳物质,改变土壤的碳氮比,土壤中没有充足的氮,使农作物和真菌出现“争氮”现象,从而限制真菌生长[37~39].

真菌具有很强的分解能力,能分解糖类和纤维素等物质,从而积累土壤中的有机质,还能改变植物根际微环境,增加作物的抗病性[40,41]. 本研究发现子囊菌门、被孢霉门、担子菌门、壶菌门和球囊菌门为土壤真菌优势菌门,施用生物炭均使土壤真菌优势菌门相对丰度增加,秸秆还田降低壶菌门的相对丰度,阎海涛等[42]也发现子囊菌门和担子菌门是土壤真菌优势菌门,且生物炭的添加增加子囊菌门的相对丰度. 本研究表明毛壳菌属、赤霉菌属、镰刀菌属、*Idriella* 和被孢霉属是土壤真菌群落的优势菌属,施用生物炭和秸秆还田均增加毛壳菌属相对丰度,降低赤霉菌属和 *Idriella* 相对丰度,此外,生物炭还增加镰刀菌属相对丰度,降低被孢霉属相对丰度,而秸秆还田降低镰刀菌属的相对丰度,增加被孢霉属的相对丰度. 本研究发现在微咸水灌溉条件下 *Monoblepharomycota*、*Chytridiomycota*、*Zoopagomycota*、*Stachybotrys*、*Pseudombrophila*、*Idriella* 和 *Curvularia* 为丰度较高的菌种,其中,壶菌门作为有益菌,可促进土壤有机质增加,这很好地解释了前文中微咸水灌溉下土壤有机质较初始值有增高的现象,而葡萄穗霉属和弯孢菌属是土壤有害真菌,葡萄穗霉属菌株在纤维和钙质较多的潮湿环境分布较多,是能产生多种毒素的腐生菌[43],弯孢菌属是一类植物病原菌,种类繁多,主要危害禾本科作物[44].

土壤真菌对土壤微生态以及植物的生长起着重要作用. 本研究通过分析土壤真菌群落与理化性质间的相关关系,发现真菌球囊菌门与土壤容重呈显著负相关关系,球囊菌门主要通过菌根与作物根系共生,帮助植物吸收利用土壤中氮、磷等养分,缓解不利环境对作物生长的危害,提高作物对土传病害和干旱等生物及非生物胁迫的耐受性[45,46]; 赤霉菌属与电导率呈显著正相关关系,赤霉菌属是病原真菌,能够危害作物生长[47]; *Idriella* 与容重呈显著正相关关系,与电导率呈极显著正相关关系,与速效磷含量呈显著负相关关系; 子囊菌门与土壤 pH 呈正相关关系,有研究表明子囊菌门与土壤 pH 呈正相关关系[48],也有研究发现与土壤 pH 呈负相关关系[49],这可能与当地土壤类型及土壤理化性质不同有关,子囊菌门以腐生菌为主,在土壤中以多种营养方式生存,可将土壤中的有机物质分解成已被作物吸收的养分,增加土壤有机质含量,供作物吸收利用,此外,土壤中难以分解的纤维素和木质素也主要依赖于子囊菌[50,51]; 担子菌门中的一些菌群易分解碳氮比高的木质素,木质素含量升高会增加其相对丰度,秸秆中富含较多的木质素,通过激发作用,增加担子菌门相对丰度[52]; 壶菌门的数量与高碳含量有较大相关性,该菌种可以分解植物残体,为土壤提供有机颗粒,加强土壤养分循环[53]; 被孢霉是有益菌种,可补充氮素、溶磷,有机碳,能促进植株生

长,提高作物抗病性[54];油壶菌门作为微咸水灌溉处理特有菌门,可在植株根部进行寄生和释放有毒物质[55];根肿菌门作为秸秆还田处理的特有菌门,可在作物根部形成瘿瘤,危害作物生长[56].此外,还发现镰刀菌属是重要作物病原菌之一,其产生有毒物质会对作物产生不利影响[57,58];毛壳菌属具有高效降解纤维素的能力,在土壤碳循环和土壤改良中起重要作用[59,60].由此说明施用生物炭和秸秆还田对多数微生物有积极影响,但也存在增加土壤病害的风险.

本研究表明微咸水灌溉和施用生物炭两处理与秸秆还田处理真菌群落有明显的分离,原因是生物炭和秸秆的输入改变了土壤环境,进而影响真菌群落分布[61,62],这一结果说明秸秆还田对土壤真菌群落结构产生影响更大,这与生物炭和秸秆性质有关.本研究发现施用生物炭和秸秆降低土壤真菌群落的潜在生物标志物的数量,可能是生物炭和秸秆还田对土壤真菌既有直接作用又有间接作用,可以为真菌提供良好生存条件,直接影响真菌群落结构,也可以通过改变土壤理化性质和质量,进而影响真菌群落结构[63,64].

4 结论

长期施用生物炭显著提高土壤 pH、TC、AK 和 AP 含量,显著降低土壤 $EC_{1:5}$;秸秆还田显著增加土壤 AK 和 AP 含量,显著降低土壤 BD 和 $EC_{1:5}$.与微咸水灌溉处理相比,生物炭和秸秆还田改变土壤真菌的群落结构,提高子囊菌门、被孢霉门、担子菌门和球囊菌门的相对丰度,降低壶菌门的相对丰度,降低潜在生物标志物数量.真菌群落与土壤理化性质相关性分析揭示了土壤 $EC_{1:5}$ 和 TN 是影响真菌群落结构的主要驱动力.本试验探究了生物炭施用和秸秆还田对微咸水灌溉土壤理化性质及真菌群落结构的影响,为干旱区农业发展及合理利用微咸水资源提供理论依据.

参考文献:

[1] 刘雪艳, 丁邦新, 白云岗, 等. 微咸水膜下滴灌对棉花生长及产量的影响[J]. 干旱区研究, 2020, **37**(6): 1627-1634.
Liu X Y, Ding B X, Bai Y G, *et al*. Effect of drip irrigation under brackish water film on cotton growth and yield[J]. Arid Zone Research, 2020, **37**(6): 1627-1634.

[2] 杨文杰, 王振华, 任作利, 等. 微咸水膜下滴灌对土壤水盐分布及加工番茄产量的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2019, **37**(6): 117-123, 131.
Yang W J, Wang Z H, Ren Z L, *et al*. Effects of drip irrigation under brackish water mulch on soil water and salt distribution and processing tomato yield[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2019, **37**(6): 117-123, 131.

[3] 董欢欢, 李梅桢, 谷强远, 等. 微咸水补灌对黄河三角洲小麦旗叶衰老及产量构成的影响[J]. 山东农业科学, 2021, **53**(11): 21-27.
Dong H H, Li M Z, Gu Q Y, *et al*. Effects of supplementary irrigation with brackish water on flag leaf senescence and yield components of wheat in the Yellow River Delta[J]. Shandong Agricultural Sciences, 2021, **53**(11): 21-27.

[4] 吴雨晴, 郑春莲, 孙景生, 等. 长期咸水灌溉对棉田土壤水稳性团聚体的影响[J]. 灌溉排水学报, 2020, **39**(9): 58-64, 107.
Wu Y Q, Zheng C L, Sun J S, *et al*. The effects of long-term saline water irrigation on stability of soil aggregates in a cotton field[J]. Journal of Irrigation and Drainage, 2020, **39**(9): 58-64, 107.

[5] 翟红梅, 冯俊霞, 韩伟, 等. 微咸水富氧灌溉对番茄生长、品质及土壤微生物的影响[J]. 江苏农业科学, 2017, **45**(12): 85-88.

[6] 杨劲松, 姚荣江, 王相平, 等. 中国盐渍土研究: 历程、现状与展望[J]. 土壤学报, 2022, **59**(1): 10-27.
Yang J S, Yao R J, Wang X P, *et al*. Research on salt-affected soils in China: history, status quo and prospect[J]. Acta Pedologica Sinica, 2022, **59**(1): 10-27.

[7] 张雪, 陈婷, 牛艳慧, 等. Illumina 高通量测序揭示艾比湖湿地 6 种盐生植物根际土壤真菌群落组成及多样性[J]. 微生物学报, 2021, **61**(12): 3965-3976.
Zhang X, Chen T, Niu Y H, *et al*. Research on diversity of fungi community in rhizosphere soil of six halophytes in Ebinur lake wetland[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2021, **61**(12): 3965-3976.

[8] 李媛媛, 徐婷婷, 艾喆, 等. 半干旱区锦鸡儿属植物根际土壤真菌群落多样性及驱动因素[J]. 应用生态学报, 2021, **32**(12): 4289-4297.
Li Y Y, Xu T T, Ai Z, *et al*. Fungal community diversity and driving factors in rhizosphere soil of *Caragana* species across semi-arid regions[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2021, **32**(12): 4289-4297.

[9] 林耀奔, 杨建辉, 叶艳妹. 盐碱地不同土地利用方式下土壤细菌群落结构多样性差异分析[J]. 环境科学学报, 2019, **39**(4): 1266-1273.
Lin Y B, Yang J H, Ye Y M. Analysis on diversity of soil bacterial community under different land use patterns in saline-alkali land[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2019, **39**(4): 1266-1273.

[10] Wang J T, Zheng Y M, Hu H W, *et al*. Soil pH determines the alpha diversity but not beta diversity of soil fungal community along altitude in a typical Tibetan forest ecosystem[J]. Journal of Soils and Sediments, 2015, **15**(5): 1224-1232.

[11] 何甜甜, 王静, 符云鹏, 等. 等碳量添加秸秆和生物炭对土壤呼吸及微生物生物量碳氮的影响[J]. 环境科学, 2021, **42**(1): 450-458.
He T T, Wang J, Fu Y P, *et al*. Effects of adding straw and biochar with equal carbon content on soil respiration and microbial biomass carbon and nitrogen[J]. Environmental Science, 2021, **42**(1): 450-458.

[12] 李茂森, 王丽渊, 杨波, 等. 生物炭对烤烟成熟期根际真菌群落结构的影响及功能预测分析[J]. 农业资源与环境学报, doi: 10.13254/j.jare.2021.0318.
Li M S, Wang L Y, Yang B, *et al*. Effect of biochar on fungal community structure and function on flue cured tobacco[J]. Journal of Agricultural Resources and Environment, doi: 10.13254/j.jare.2021.0318.

[13] 王丹丹, 杨泽平, 赵远, 等. 生物炭对施粪肥土壤中根际真

菌群落多样性及相互作用的影响[J]. 环境科学, 2018, **39**(11): 5163-5169.
Wang D D, Yang Z P, Zhao Y, *et al*. Effect of biochar addition on the diversity and interaction of rhizosphere fungi in manure-fertilized soil [J]. Environmental Science, 2018, **39**(11): 5163-5169.

[14] 况帅, 段焰, 刘芮, 等. 油菜秸秆生物炭对植烟红壤养分及细菌群落多样性的影响[J]. 中国烟草科学, 2021, **42**(1): 20-26.
Kuang S, Duan Y, Liu R, *et al*. Effects of straw biochar on soil nutrients and diversity of bacterial communities in tobacco-planting red soil[J]. Chinese Tobacco Science, 2021, **42**(1): 20-26.

[15] 杨彩迪, 卢升高. 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[J]. 环境科学, 2020, **41**(9): 4246-4252.
Yang C D, Lu S G. Dynamic effects of direct returning of straw and corresponding biochar on acidity, nutrients, and exchangeable properties of red soil[J]. Environmental Science, 2020, **41**(9): 4246-4252.

[16] Luo Y, Durenkamp M, De Nobili M, *et al*. Microbial biomass growth, following incorporation of biochars produced at 350℃ or 700℃, in a silty-clay loam soil of high and low pH[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2013, **57**: 513-523.

[17] 吴凤芝, 沈彦辉, 周新刚, 等. 添加小麦和燕麦秸秆对连作黄瓜生长及土壤微生物群落结构的调节作用[J]. 中国农业科学, 2015, **48**(22): 4585-4596.
Wu F Z, Shen Y H, Zhou X G, *et al*. Regulation effect of wheat and oat residue on growth of continuous cucumber cropping and soil microbial community structure [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2015, **48**(22): 4585-4596.

[18] 邓华, 高明, 龙翼, 等. 生物炭和秸秆还田对紫色土旱坡地土壤团聚体与有机碳的影响[J]. 环境科学, 2021, **42**(11): 5481-5490.
Deng H, Gao M, Long Y, *et al*. Effects of biochar and straw return on soil aggregate and organic carbon on purple soil dry slope land[J]. Environmental Science, 2021, **42**(11): 5481-5490.

[19] 张海晶, 王少杰, 田春杰, 等. 玉米秸秆及其生物炭对东北黑土溶解有机质特性的影响[J]. 水土保持学报, 2021, **35**(2): 243-250.
Zhang H J, Wang S J, Tian C J, *et al*. Effects of maize straw and its biochar on the dissolved organic matter characteristics of black soil in northeastern China[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2021, **35**(2): 243-250.

[20] 李琳, 向丹, 武亚芬, 等. 长期不同施肥方式对日光温室番茄土壤养分和微生物群落结构的影响[J]. 应用生态学报, doi: 10.13287/j.1001-9332.202202.027.
Li L, Xiang D, Wu Y F, *et al*. Effects of different long-term fertilization patterns on soil nutrients and microbial community structure of tomato in a solar greenhouse[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, doi: 10.13287/j.1001-9332.202202.027.

[21] 郑雪芳, 蓝江林, 曹宜, 等. 瓜类作物枯萎病病原菌的分类鉴定及其 ITS 序列差异性分析[J]. 中国农业科学, 2008, **41**(12): 4077-4084.
Zheng X F, Lan J L, Cao Y, *et al*. Identification and ITS sequence analysis of *Fusarium* wilt pathogens from the cucurbits crops[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2008, **41**(12): 4077-4084.

[22] Segata N, Izard J, Waldron L, *et al*. Metagenomic biomarker discovery and explanation[J]. Genome Biology, 2011, **12**(6), doi: 10.1186/gb-2011-12-6-r60.

[23] 刘淼, 王志春, 杨福, 等. 生物炭在盐碱地改良中的应用进展[J]. 水土保持学报, 2021, **35**(3): 1-8.
Liu M, Wang Z C, Yang F, *et al*. Application progress of biochar in amelioration of saline-alkaline soil[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2021, **35**(3): 1-8.

[24] 王正, 孙兆军, El-Sawy S, 等. 浒苔生物炭与木醋液复配改良碱化土壤效果及提高油葵产量[J]. 环境科学, 2021, **42**(12): 6078-6090.
Wang Z, Sun Z J, El-Sawy S, *et al*. Effects of *Enteromorpha prolifera* biochar and wood vinegar co-application on takyric solonetz improvement and yield of oil sunflower [J]. Environmental Science, 2021, **42**(12): 6078-6090.

[25] 王强, 耿增超, 许晨阳, 等. 施用生物炭对塿土土壤微生物代谢养分限制和碳利用效率的影响[J]. 环境科学, 2020, **41**(5): 2425-2433.
Wang Q, Geng Z C, Xu C Y, *et al*. Effects of biochar application on soil microbial nutrient limitations and carbon use efficiency in Lou soil [J]. Environmental Science, 2020, **41**(5): 2425-2433.

[26] 张雪莲, 廖洪, 李昌伟, 等. 田间条件下生物炭与化肥配施对土壤氮磷纵向迁移、结球生菜产量品质及土壤微生物数量的影响[J]. 环境科学学报, 2021, **41**(1): 21-28.
Zhang X L, Liao H, Li C W, *et al*. Effects of simultaneous application of biochar and chemical fertilizer on the vertical migration of nitrogen and phosphorus, lettuce yield and quality and soil microbial quantity under field conditions [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2021, **41**(1): 21-28.

[27] Liang B Q, Lehmann J, Sohi S P, *et al*. Black carbon affects the cycling of non-black carbon in soil[J]. Organic Geochemistry, 2010, **41**(2), 206-213.

[28] 唐行灿, 陈金林. 生物炭对土壤理化和微生物性质影响研究进展[J]. 生态科学, 2018, **37**(1): 192-199.
Tang X C, Chen J L. Review of effect of biochar on soil physi-chemical and microbial properties [J]. Ecological Science, 2018, **37**(1): 192-199.

[29] 陈懿, 吴春, 李彩斌, 等. 炭基肥对植烟黄壤细菌、真菌群落结构和多样性的影响[J]. 微生物学报, 2020, **60**(4): 653-666.
Chen Y, Wu C, Li C B, *et al*. Effect of biochar-based fertilizer on bacterial and fungal community composition, diversity in tobacco-planting yellow soil [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2020, **60**(4): 653-666.

[30] 董建新, 丛萍, 刘娜, 等. 秸秆深还对黑土亚耕层土壤物理性状及团聚体分布特征的影响[J]. 土壤学报, 2021, **58**(4): 921-934.
Dong J X, Cong P, Liu N, *et al*. Effects of deep straw incorporation on subsoil physical properties and aggregate distribution in black soil[J]. Acta Pedologica Sinica, 2021, **58**(4): 921-934.

[31] 许建新, 孙文彦, 李燕青, 等. 秸秆还田对微咸水补灌的土壤盐分抑制及作物产量的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2012, (6): 29-33.
Xu J X, Sun W Y, Li Y Q, *et al*. The effect of supplementary irrigation with slight salt water and straw returned to field on soil salt content dynamic and grain yield [J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2012, (6): 29-33.

[32] 安丰华, 王志春, 杨帆, 等. 秸秆还田研究进展[J]. 土壤与作物, 2015, **4**(2): 57-63.
An F H, Wang Z C, Yang F, *et al*. The research progress of straw returning[J]. Soils and Crops, 2015, **4**(2): 57-63.

[33] 赵海成, 郑桂萍, 靳明峰, 等. 连年秸秆与生物炭还田对盐碱土理化性状及水稻产量的影响[J]. 西南农业学报, 2018, **31**(9): 1836-1844.
Zhao H C, Zheng G P, Jin M F, *et al*. Effects of successive straw and biochar residue incorporation on physical and chemical characters of saline alkali soil and rice yield[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2018, **31**(9): 1836-1844.

[34] 李红宇, 王志君, 范名宇, 等. 秸秆连续还田对苏打盐碱水稻土养分及真菌群落的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2021, **39**(2): 15-23.
Li H Y, Wang Z J, Fan M Y, *et al*. Effects of continuous straw returning on nutrients of soda saline-alkaline paddy soil and fungal community[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2021, **39**(2): 15-23.

[35] Lucheta A R, de Souza Cannavan F, Roesch L F W, *et al*. Fungal community assembly in the Amazonian Dark Earth[J]. Microbial Ecology, 2016, **71**(4): 962-973.

[36] Hammes K, Smernik R J, Skjemstad J O, *et al*. Characterisation and evaluation of reference materials for black carbon analysis using elemental composition, colour, BET surface area and ^{13}C NMR spectroscopy[J]. Applied Geochemistry, 2008, **23**(8), 2113-2122.

[37] Peng C J, Lai S S, Luo X S, *et al*. Effects of long term rice straw application on the microbial communities of rapeseed rhizosphere in a paddy-upland rotation system[J]. Science of the Total Environment, 2016, **557-558**: 231-239.

[38] Yang S H, Xiao Y N, Xu J Z, *et al*. Effect of straw return on soil respiration and NEE of paddy fields under water-saving irrigation[J]. PLoS One, 2018, **13**(10), doi: 10.1371/journal.pone.0204597.

[39] 张婷婷, 王丽芳, 张德健, 等. 不同小麦秸秆还田覆盖度对旱作农田土壤微生物群落多样性的影响[J]. 北方农业学报, 2021, **49**(1): 77-87.
Zhang T T, Wang L F, Zhang D J, *et al*. Effect of different wheat straw return coverage on the diversity of soil microbial communities in dry farmland[J]. Journal of Northern Agriculture, 2021, **49**(1): 77-87.

[40] 王芳, 图力古尔. 土壤真菌多样性研究进展[J]. 菌物研究, 2014, **12**(3): 178-186.
Wang F, Bau T. Research advances in the diversity of soil fungi[J]. Journal of Fungal Research, 2014, **12**(3): 178-186.

[41] 黄艳飞, 吴庆丽, 万群, 等. 丛枝菌根真菌的研究进展[J]. 现代农业, 2019, (12): 9-12.

[42] 阎海涛, 殷全玉, 丁松爽, 等. 生物炭对褐土理化特性及真菌群落结构的影响[J]. 环境科学, 2018, **39**(5): 2412-2419.
Yan H T, Yin Q Y, Ding S S, *et al*. Effect of biochar amendment on physicochemical properties and fungal community structures of cinnamon soil[J]. Environmental Science, 2018, **39**(5): 2412-2419.

[43] 钟文文, 张海娟, 赵志龙, 等. 中国东部地区黑葡萄穗霉(*Stachybotrys chartarum*)菌多样性分析及其生态位研究[J]. 生态科学, 2019, **38**(1): 79-86.
Zhong W W, Zhang H J, Zhao Z L, *et al*. Analysis and study on the diversity and the species spatial ecology of *Stachybotrys chartarum* in the eastern part of China[J]. Ecological Science, 2019, **38**(1): 79-86.

[44] 何世芳, 桑维钧, 曹毅, 等. 烟草弯孢菌叶斑病病原菌鉴定及生物学特性研究[J]. 中国烟草科学, 2021, **42**(5): 50-56.
He S F, Sang W J, Cao Y, *et al*. Identification and biological characterization of *Curvularia clavata* causing the Tobacco leaf spot disease[J]. Chinese Tobacco Science, 2021, **42**(5): 50-56.

[45] 刘震, 徐玉鹏, 黄伟, 等. 苜蓿连作对盐碱土壤微生物群落结构的影响[J]. 作物研究, 2020, **34**(6): 557-562, 567.
Liu Z, Xu Y P, Huang W, *et al*. Effects of alfalfa continuous cropping on microbial community structure in saline-alkali soil[J]. Crop Research, 2020, **34**(6): 557-562, 567.

[46] 萨如拉, 杨恒山, 郜继承, 等. 玉米秸秆还田对盐碱地土壤真菌多样性的影响[J]. 土壤通报, 2017, **48**(4): 937-942.
Sa R L, Yang H S, Tai J C, *et al*. Effect of maize straw returning on soil fungal diversity in saline alkali soil[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2017, **48**(4): 937-942.

[47] 崔云凤, 黄云, 蒋伶活. 农业生产上几种重要的赤霉属真菌研究进展[J]. 中国农学通报, 2007, **23**(7): 441-446.
Cui Y F, Huang Y, Jiang L H. Research progress on Gibberella species of agricultural importance[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2007, **23**(7): 441-446.

[48] 靳玉婷, 李先藩, 蔡影, 等. 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[J]. 环境科学, 2021, **42**(8): 3985-3996.
Jin Y T, Li X F, Cai Y, *et al*. Effects of straw returning with chemical fertilizer on soil enzyme activities and microbial community structure in rice-rape rotation[J]. Environmental Science, 2021, **42**(8): 3985-3996.

[49] 杨虎, 马巧蓉, 杨君珑, 等. 宁夏南部生态移民迁出区不同恢复模式土壤微生物群落特征[J]. 应用生态学报, 2022, **33**(1): 219-228.
Yang H, Ma Q R, Yang J L, *et al*. Characteristics of soil microbial communities in different restoration models in the ecological immigrants' emigration area in southern Ningxia, China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2022, **33**(1): 219-228.

[50] Xu L H, Ravnskov S, Larsen J, *et al*. Soil fungal community structure along a soil health gradient in pea fields examined using deep amplicon sequencing[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2012, **46**: 26-32.

[51] 陈海生, 刘守平, 梁国钱. 水旱轮作对滩涂绿花椰菜根际土壤真菌群落结构的影响[J]. 菌物学报, 2021, **40**(9): 2254-2265.
Chen H S, Liu S P, Liang G Q. Effects of paddy rice-upland crop rotation on fungal community structure and diversity in the rhizosphere of *Brassica oleracea* var. *italica*[J]. Mycosystema, 2021, **40**(9): 2254-2265.

[52] 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.

[53] 刘晋仙, 李毳, 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.

[54] 宁琪, 陈林, 李芳, 等. 被孢霉对土壤养分有效性和秸秆降解的影响[J]. 土壤学报, 2022, **59**(1): 206-217.
Ning Q, Chen L, Li F, *et al*. Effects of *Mortierella* on nutrient

availability and straw decomposition in soil[J]. Acta Pedologica Sinica, 2022, **59**(1): 206-217.

[55] 覃仁柳, 庞师婵, 唐小付, 等. 番茄嫁接植株根系内生细菌和真菌群落的组成特征[J]. 西南农业学报, 2021, **34**(5): 1062-1072.
Qin R L, Pang S C, Tang X F, *et al*. Characteristics of endophytic microbial diversity and community structure in roots of grafted tomatoes[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2021, **34**(5): 1062-1072.

[56] 吕贝贝, 张贵云, 张丽萍, 等. 油菜根际及生物熏蒸对连作土壤真菌群落的影响[J]. 北方园艺, 2020, (10): 95-103.
Lv B B, Zhang G Y, Zhang L P, *et al*. Effects of rape rhizosphere and biofumigation on the community of continuous cropping soil fungi[J]. Northern Horticulture, 2020, (10): 95-103.

[57] 罗扬, 刘书影, 周柳婷, 等. 连栽杉木根际土壤镰刀菌属真菌群落变化规律[J]. 生态学杂志, 2020, **39**(9): 2921-2929.
Luo Y, Liu S Y, Zhou L T, *et al*. Fusarium community variation in rhizosphere soil of continuous planting Chinese fir plantation [J]. Chinese Journal of Ecology, 2020, **39**(9): 2921-2929.

[58] 马欣, 罗珠珠, 张耀全, 等. 黄土高原雨养区不同种植年限紫花苜蓿土壤真菌群落的分布特征[J]. 干旱地区农业研究, 2021, **39**(3): 162-170.
Ma X, Luo Z Z, Zhang Y Q, *et al*. Distribution characteristics of soil fungal community in alfalfa field with different standing ages on the rain-fed loess plateau[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2021, **39**(3): 162-170.

[59] 薄国栋, 申国明, 张继光, 等. 秸秆还田对植烟土壤养分及真菌群落多样性的影响[J]. 土壤通报, 2016, **47**(1): 137-142.
Bo G D, Shen G M, Zhang J G, *et al*. Effects of straw returning on soil nutrients and fungal diversity in tobacco planting field [J]. Chinese Journal of Soil Science, 2016, **47**(1): 137-142.

[60] 李德会, 李相君, 吴庆贵, 等. 柏木人工林林窗位置对香椿细根分解及土壤真菌群落多样性的影响[J]. 生态学报, 2022, **42**(7): 2784-2797.
Li D H, Li X J, Wu Q G, *et al*. Effects of gap locations on the decomposition of fine root of *Toona sinensis* and soil fungal community diversity in cypress plantation forest [J]. Acta Ecologica Sinica, 2022, **42**(7): 2784-2797.

[61] 纪程, 孙玉香, 孟圆, 等. 稻麦轮作体系长期秸秆还田对土壤真菌群落结构及秸秆降解潜力的影响[J/OL]. 农业环境科学学报: 1-9, https://kns.cnki.net/kcms/detail/12.1347.S.20211009.1912.011.html, 2022-01-25.
Ji C, Sun Y X, Meng Y, *et al*. Effects of long-term straw incorporation on soil fungal community structure and straw decomposition potential in a rice-wheat rotation system[J/OL]. Journal of Agro-Environment Science: 1-9, https://kns.cnki.net/kcms/detail/12.1347.S.20211009.1912.011.html, 2022-01-25.

[62] 陈坤, 徐晓楠, 彭靖, 等. 生物炭及炭基肥对土壤微生物群落结构的影响[J]. 中国农业科学, 2018, **51**(10): 1920-1930.
Chen K, Xu X N, Peng J, *et al*. Effects of biochar and biochar-based fertilizer on soil microbial community structure [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2018, **51**(10): 1920-1930.

[63] 王义祥, 黄家庆, 叶菁, 等. 生物炭对酸化茶园土壤性状和真菌群落结构的影响[J]. 茶叶科学, 2021, **41**(3): 419-429.
Wang Y X, Huang J Q, Ye J, *et al*. Effects of biochar application on soil properties and fungi community structure in acidified tea gardens[J]. Journal of Tea Science, 2021, **41**(3): 419-429.

[64] 张翰林, 白娜玲, 郑宪清, 等. 秸秆还田与施肥方式对稻麦轮作土壤细菌和真菌群落结构与多样性的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2021, **29**(3): 531-539.
Zhang H L, Bai N L, Zheng X Q, *et al*. Effects of straw returning and fertilization on soil bacterial and fungal community structures and diversities in rice-wheat rotation soil[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2021, **29**(3): 531-539.

HUANJING KEXUE

Environmental Science (monthly)

Vol. 43 No. 9

Sep. 15, 2022

CONTENTS

Temporal and Spatial Variation Characteristics of Heavy Metal in Atmospheric Deposition in China from 2000 to 2018 ····· CHEN Qi-yong, GAO Yun-bing, NI Run-xiang, *et al.* (4413)

Simulation of $PM_{2.5}$ Concentration Based on Optimized Indexes of 2D/3D Urban Form ····· LI Sha, ZOU Bin, LIU Ning, *et al.* (4425)

Characteristics of Carbonaceous Species in $PM_{2.5}$ in Chengdu Under the Background of Emission Reduction ····· CHEN Lu-yao, YU Yang-chun, HUANG Xiao-juan, *et al.* (4438)

Characteristics and Health Risk Assessment of Trace Elements in Atmospheric PM_1 During Autumn and Winter in Qingdao ····· LIU Zi-yang, ZHANG Yi-sheng, ZHANG Hou-yong, *et al.* (4448)

Pollution Characteristics and Source Analysis of Atmospheric $PM_{2.5}$-bound Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in a Port Area ····· WANG Peng-cheng, YANG Ling-xiao, BIE Shu-jun, *et al.* (4458)

Size Distribution and Source Appointment of Road Particles During Winter in Tianjin ····· ZHANG Guo-tao, YIN Bao-hui, BAI Wen-yu, *et al.* (4467)

Characteristics and Impact Factors of Number Concentration of Primary Biological Aerosol Particles in Beijing ····· LIANG Lin-lin, LIU Chang, LIU Xu-yan, *et al.* (4475)

Characteristic Analysis and Source Apportionment of VOCs in Urban Areas of Beijing in Summer ····· MENG Xiang-lai, SUN Yang, LIAO Ting-ting, *et al.* (4484)

Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds (VOCs) in a Typical Industrial Area in Dongguan During Periods of Ozone and Non-ozone Pollution in Summer ····· ZHOU Zhen, XIAO Lin-hai, FEI Lei-lei, *et al.* (4497)

Temporal and Spatial Variation in Odor Pollution and Membrane Barrier Effect in Municipal Solid Waste Landfill ····· HE Pin-jing, LI Jian-chen, LÜ Fan, *et al.* (4506)

Comparison of Health Risk from Sources of Perfluoroalkyl Substances in Taihu Lake for Different Years ····· WU Ting, SUN Shan-wei, FAN Jing-pu, *et al.* (4513)

Pollution Characteristics and Source Apportionment of Typical and Emerging Per- and Polyfluoroalkylated Substances in Tuojiang River Basin ····· SONG Jiao-jiao, WANG Yi-mei, SUN Jing, *et al.* (4522)

Speciation and Risk of Heavy Metals in Surface Sediments of Different Types of Water Bodies in Baiyangdian Lake ····· XU Meng-ya, ZHANG Chao, SHAN Bao-qing, *et al.* (4532)

Distribution Coefficient of QNs in Urban Typical Water and Its Main Environmental Influencing Factors ····· JU Ze-jia, FU Yu, ZHAO Xin-yu, *et al.* (4543)

Ecological Risk Assessment of Quinolones Antibiotics and the Correlation Analysis Between QNs and Physical-Chemical Parameters in Groundwater, Shijiazhuang City ····· CHEN Hui, JU Ze-jia, ZHAO Xin-yu, *et al.* (4556)

Characteristics and Sources of DOM in Lake Sediments Under Different Inundation Environments ····· CHEN Jia, LI Zhong-wu, JIN Chang-sheng, *et al.* (4566)

Characteristics of Phytoplankton Community Structure and Their Relationships with Environmental Factors in Autumn in Qinhe River Basin of Jincheng Region ····· GAO Meng-die, LI Yan-fen, LI Yan-li, *et al.* (4576)

Integrated Assessment of Runoff Quality from Green Roofs with Different Configurations ····· ZHANG Sun-xun, ZHANG Shou-hong, YAN Jing, *et al.* (4587)

Degradation of Chloroquine Phosphate by UV-activated Persulfate ····· LI Yang, XU Bo-hui, DENG Lin, *et al.* (4597)

Removal Performance of Suspended Solid (SS) and Organic Compounds in the Pre-treatment of Actual Pharmaceutical Wastewater by Microbubble Ozonation ····· LIU Chun, CHEN Rui, ZHANG Jing, *et al.* (4608)

Effects of Wastewater Discharge on Antibiotic Resistance Genes and Microbial Community in a Coastal Area ····· CHEN Jia-yu, SU Zhi-guo, YAO Peng-cheng, *et al.* (4616)

Effects of Biochar and Straw Returning on Soil Fungal Community Structure Diversity in Cotton Field with Long-term Brackish Water Irrigation ····· GUO Xiao-wen, CHEN Jing, LU Xiao-yu, *et al.* (4625)

Effects of Organic Materials on Phosphorus Fractions and *phoD*-harboring Bacterial Community in Karst Soil ····· XIA Xin, QIAO Hang, SUN Qi, *et al.* (4636)

Effects of Different Vegetation Types on Soil Microbial Functional Genes and Enzyme Activities in Reclaimed Coal Mine ····· NING Yue-wei, LIU Yong, ZHANG Hong, *et al.* (4647)

Effects of Biochar Application on Yellow Soil Nutrients and Enzyme Activities ····· YUAN Fang, LI Kai-yu, YANG Hui, *et al.* (4655)

Changes in Soil Bacterial Community Diversity in Degraded Patches of Alpine Meadow in the Source Area of the Yellow River ····· SUN Hua-fang, LI Xi-lai, JIN Li-qun, *et al.* (4662)

Effects of Simulated Nitrogen Deposition on Soil Microbial Carbon Metabolism in *Calamagrostis angustifolia* Wetland in Sanjiang Plain ····· WENG Xiao-hong, SUI Xin, LI Meng-sha, *et al.* (4674)

Spatial Distribution of Quinolone Antibiotics and Its Correlation Relationship with Microbial Community in Soil of Shijiazhuang City ····· ZHAO Xin-yu, JU Ze-jia, CHEN Hui, *et al.* (4684)

Composition Characteristics and Construction Mechanism of Microbial Community on Microplastic Surface in Typical Redox Environments ····· GONG Zhi-wei, MA Jie, SU Qu, *et al.* (4697)

Annual Nitrogen Removal Efficiency and Change in Abundance of Nitrogen Cycling Microorganisms in Swine Wastewater Treated by Crop Straw Materials ····· LIU Ming-yu, XIA Meng-hua, JIANG Lei, *et al.* (4706)

Effects of External Carbon Sources on Ultimate Nitrogen Removal Performance and Microbial Community in Secondary Effluent Treating Process ····· WANG Wei, ZHAO Zhong-yuan, ZHANG Xin, *et al.* (4717)

Microbial Community Structure of Activated Sludge for Total Nitrogen Upgrading Project ····· LI Hai-song, WANG Ke-dan, CHEN Xiao-lei, *et al.* (4727)

Analysis of Microbial Interaction Law of Mud Membrane in IFAS Process for Treating Low Carbon Source Sewage in South China ····· HE Jun-guo, JIANG Wei-xun, HE Zhuo-yi, *et al.* (4736)

Abundances and Morphology Patterns of Microplastics Under Different Land Use Types on the Loess Plateau ····· HAO Yong-li, HU Ya-xian, BAI Xiao-xiong, *et al.* (4748)

Evaluation of Heavy Metal Content, Sources, and Potential Ecological Risks in Soils of Southern Hilly Areas ····· WANG Yu, XIN Cun-lin, YU Shi, *et al.* (4756)

Risk Assessment and Attribution Analysis of "Five Toxic" Heavy Metals in Cultivated Land in Lanzhou ····· ZHANG Li-rui, PENG Xin-bo, MA Yan-long, *et al.* (4767)

Distribution Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metal Pollution in Farmland Soils and Crops in Luancheng, Shijiazhuang City ····· MENG Xiao-fei, GUO Jun-mei, YANG Jun-xing, *et al.* (4779)

Distribution Characteristics and Risk Assessment of Antimony in Typical Urban Soil ····· SHEN Cheng, YE Wen-juan, QIAN Shi-ying, *et al.* (4791)

Contamination Assessment and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in Typical Villages and Towns in a Nonferrous Metal Mining City ····· WANG Feng, HUANG Yan-huan, LI Ru-zhong, *et al.* (4800)

Effect of Citric Acid and Mowing on Enhancing the Remediation of Cadmium Contaminated Soil by Napier Grass (*Pennisetum purpureum* Schum) ····· TANG Qi, WU Gang-fan, GU Jiao-feng, *et al.* (4810)

Arsenic Methylation Efficiency Changes During Paddy Soil Drying and Its Key Influencing Factors Analysis ····· ZHANG Yue, LI Ling-yi, WEN Jiong, *et al.* (4820)

Effects of Exogenous Jasmonic Acid on Arsenic Accumulation and Response to Stress in Roots of Rice Seedlings ····· LI Yan, HUANG Yi-zong, BAO Qiong-li, *et al.* (4831)

Effects of Straw Returning and Fertilizer Application on Soil Nutrients and Winter Wheat Yield ····· SONG Jia-jie, XU Xi-yang, BAI Jin-ze, *et al.* (4839)

Effect of Winter Cover Cropping on Soil Greenhouse Gas Emissions in a Dryland Spring Maize Field on the Loess Plateau of China ····· ZHANG Shao-hong, WANG Jun, FANG Zhen-wen, *et al.* (4848)

Detection of Influencing Factors of Spatial Variability of Soil Respiration in Pangquangou Nature Reserve ····· LI Xiao-min, YAN Jun-xia, DU Zi-qiang, *et al.* (4858)

Temporal and Spatial Variation Characteristics of Methane, Carbon Dioxide, and Nitrous Oxide Concentrations and the Influencing Factors in Small Aquaculture Pond ····· SHI Jie, ZHANG Mi, QIU Ji-li, *et al.* (4867)

Effect of Butyl Xanthate on Pb^{2+} and Cd^{2+} Adsorption by Soil Around a Dressing Plant ····· HU Zhi-hao, GUO Zhao-hui, RAN Hong-zhen, *et al.* (4878)

Sorption Mechanism and Site Energy Distribution of Acetaminophen on Straw-derived Biochar ····· SHANG Cen-yao, GU Ruo-ting, ZHANG Qiang, *et al.* (4888)

Spatial-temporal Variations and Their Driving Forces of the Ecological Vulnerability in the Loess Plateau ····· ZHANG Liang-xia, FAN Jiang-wen, ZHANG Hai-yan, *et al.* (4902)

Mechanism and Application of Plant Growth-Promoting Bacteria in Heavy Metal Bioremediation ····· MA Ying, WANG Yue, SHI Xiao-jun, *et al.* (4911)