

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心
■ 出版 科学出版社



2019

Vol.40 No.2
第40卷 第2期

目次

冬季山谷风和海陆风对京津冀地区大气污染分布的影响	李青春, 李炬, 郑祚芳, 王耀庭, 于淼 (513)
珠三角地区利用 PM _{2.5} 反演气溶胶数浓度谱方法	李菲, 谭浩波, 邓雪娇, 邹宇, 刘礼, 蔡明甫, 张芷言, 周声圳 (525)
广州冬季气溶胶中水溶性有机物和类腐殖质的吸光性和荧光光谱特性	范行军, 余旭芳, 操涛, 王艳, 肖新, 谢越, 李飞跃, 宋建中, 彭平安 (532)
扬州市 PM _{2.5} 中重金属来源及潜在健康风险评估	董世豪, 谢扬, 皇甫延琦, 史旭荣, 易睿, 史国良, 冯银厂 (540)
聊城市冬季 PM _{2.5} 中正构烷烃和糖类的污染特征及来源解析	刘晓迪, 孟静静, 侯战方, 衣雅男, 魏本杰, 伏梦璇 (548)
博斯腾湖流域大气多环芳烃污染特征、干沉降通量及来源	宋世杰, 黄韬, 赵留元, 毛潇萱, 穆熙, 高宏, 马建民 (558)
某集约化肉鸡饲养场 PM _{2.5} 中抗生素抗性基因的分布特征	刘菲, 许霞, 屠博文, 汪楚乔, 江晓栋, 王利平, 薛银刚 (567)
水汽源地和局地蒸发对大气降水氢氧稳定同位素组分的影响	胡勇博, 肖薇, 钱雨妃, 刘强, 谢成玉, 张秀芳, 张文庆, 温学发, 刘寿东, 李旭辉 (573)
滇池大气沉降氮磷形态特征及其入湖负荷贡献	任加国, 贾海斌, 焦立新, 王一茹, 杨苏文, 武倩倩, 高秋生, 崔志丹, 郝子峰 (582)
基于地统计学分析的太湖颗粒态和溶解态氮、磷营养盐时空分布特征及来源分析	吕伟伟, 姚昕, 张保华, 高光, 邵克强 (590)
湖泊蓝藻水华对连通河道水质的影响	余茂蕾, 洪国喜, 许海, 朱广伟, 朱梦圆, 权秋梅 (603)
异龙湖沉积物重金属人为污染与潜在生态风险	李小林, 刘恩峰, 于真真, 张恩楼, 王荣, 沈吉 (614)
珠江河口悬浮物中重金属时空变化特征及其影响因素	杜佳, 王永红, 黄清辉, 戴琦, 杨远东 (625)
北运河粪源微生物分布特征及健康风险评价	陈磊, 李蕾芳, 邱晓沙, 张普, 戴莹, 肖月晨, 沈珍瑶 (633)
氧化还原循环过程中沉积物磷的形态及迁移转化规律	郝文超, 王从锋, 杨正健, 刘德富, 纪道斌, 赵萍, 丹勇, 胡子龙 (640)
磁性赭铁改性膨润土添加对河道底泥磷迁移与形态转化的影响	王艳, 林建伟, 詹艳慧, 张宏华, 张志斌, 何思琪, 赵钰颖, 吴小龙, 俞阳 (649)
钙预处理对磁性赭铁改性膨润土吸附水中磷酸盐的影响	赵钰颖, 林建伟, 张宏华, 张志斌, 詹艳慧, 姜博汇, 何思琪, 俞阳, 吴小龙, 王艳, 陈璐, 李十盛 (658)
NH ₄ ⁺ 对镁改性生物炭除磷效果的影响	郭蒙蒙, 王鹏飞, 侯泽英, 曹晶, 储昭升, 杨永哲 (669)
3 种吸附剂对污水磷污染去除性能与机制比较	吴露, 刘锋, 龙睿, 罗沛, 肖润林, 陈向, 吴金水 (677)
硝酸纤维素膜光降解水中对硝基苯酚的机制	代志峰, 赵同谦, 阴永光, 余加平, 武俐, 邵超, 孙静阳, 罗玉俊 (685)
ZnTiO ₂ -TiO ₂ 复合光催化剂的制备及光催化降解有机污染物机制分析	张文海, 吉庆华, 兰华春, 李静 (693)
高指数晶面 TiO ₂ 对铬的吸附及光催化去除	钟德健, 张建峰, 李尧, 谢晓丹 (701)
Fe ⁰ /海藻酸钙微球还原-Fenton 氧化协同降解酸性红 B	张环, 李爽爽, 魏俊富, 傅敏, 李雪曦, 丁琦, 白蓉 (708)
不同滤料滤池启动期对铁锰离子的去除机制	蔡言安, 毕学军, 张嘉凝, 何静, 董杨, 王海港 (717)
SGO 改性复合纳滤膜的制备及分盐性能	张彦君, 张少峰, 赵长伟, 王军 (724)
一体式铝盐絮体-超滤膜净水效能与机制	薛文静, 李文江, 刘娟, 马百文 (730)
臭氧-CNT 膜改性联用工艺处理高盐废水及膜污染分析	王凯伦, 刘芳, 关羽琪, 祝学东, 董丹, 薛小雷, 马燕林, 栾桂荣, 郭瑾 (738)
多环芳烃及其衍生物在 SBR/MBBR 工艺中的分布与去除	刘淑惠, 周伟君, 周建仁, 赵婧, 王喆 (747)
微气泡曝气生物膜反应器处理低 C/N 比废水脱氮过程	刘春, 王聪聪, 陈晓轩, 张静, 张瑞娜, 张磊 (754)
从枝菌根强化型生态浮床处理煤化工模拟含盐废水	窦文清, 何皓, 宋文萍, 王曙光, 戴东伟 (761)
夏季高温下污水处理厂生物处理系统的硝化性能及强化方法	宋天伟, 盛晓琳, 王家德, 刘锐, 陈吕军 (768)
硝化包埋菌颗粒氨吸附性能及动力学特性	于德爽, 吕廷廷, 陈光辉, 王晓霞, 唐鹏, 黄硕, 刘诚诚, 杜世明 (774)
乙酸钠作为碳源不同污泥源短程反硝化过程亚硝酸盐积累特性	毕春雪, 于德爽, 杜世明, 王晓霞, 陈光辉, 王钧, 巩秀珍, 都叶奇 (783)
DPR-SNED 系统处理低 C/N 城市污水与硝酸盐废水的运行特性	杜世明, 于德爽, 毕春雪, 王晓霞, 陈光辉, 袁梦飞, 甄建国, 张帆, 吕廷廷 (791)
间歇曝气连续流反应器同步硝化反硝化除磷	赵智超, 黄剑明, 李健, 张为堂, 张力航, 吴雪晴, 陈永志 (799)
ABR-MBR 反硝化除磷工艺的启动及稳定运行	韦佳敏, 蒋志云, 程诚, 朱琳, 刘文如, 沈耀良 (808)
进水 C/N 对 SNEDPR 系统脱氮除磷的影响	都叶奇, 于德爽, 甄建国, 王晓霞, 陈光辉, 唐鹏, 王钧, 毕春雪, 巩秀珍, 黄硕, 刘诚诚 (816)
ABR 除碳-CANON 耦合工艺除碳脱氮特性	李田, 印雯, 王昕竹, 沈耀良, 吴鹏, 宋吟玲 (823)
不同曝气密度对 CANON 工艺启动的影响	李冬, 高雪健, 张杰, 曹正美, 郭跃洲, 李帅 (829)
调控温度和沉降时间实现 ANAMMOX 颗粒快速启动及其稳定运行	李海玲, 李冬, 张杰, 刘博, 李帅 (837)
C/N 和污泥浓度对以 pH 值调控的亚硝化系统影响	张敏, 韦佳敏, 黄慧敏, 姜滢, 郭萌蕾, 陈重军, 沈耀良 (845)
基于活性微生物特征的供水管壁生物膜生长特性	王杨, 朱斌, 童俊, 白晓慧 (853)
黄山土壤细菌群落和酶活性海拔分布特征	姚兰, 胡立煌, 张焕朝, 方炎明, 王良梅 (859)
基于高通量测序分析的生物修复石油污染土壤菌群结构变化	祁燕云, 吴蔓莉, 祝长成, 叶茜琼, 徐会宁 (869)
硝化作用对盐碱湿地 N ₂ O 排放的影响及其环境因子分析	杨曲, 高伟峰, 刘凤琴, 王文锋, 马建华, 徐卓, 梁红, 高大文 (876)
长期定位施用牛粪对夏玉米-冬小麦体系农田 N ₂ O 和 NO 排放的影响	聂皇华, 张家升, 和周明, 安梅, 杨学云, 顾江新 (885)
地膜覆盖和施氮对菜地 N ₂ O 排放的影响	倪雪, 郝庆菊, 陈世杰, 李晓茜, 石孝均, 江长胜 (893)
双季稻品种根际特征与甲烷排放差异及其关系	肖志祥, 傅志强, 徐华勤, 苏姗, 郭昱, 张浪, 唐剑武 (904)
多年施用生物炭对河南烤烟种植区土壤呼吸的影响	李亚森, 丁松爽, 殷全玉, 李佳轶, 周迪, 刘国顺 (915)
桂林毛村不同土地利用方式下土壤呼吸空间变异特征	丁梦凯, 胡晓农, 曹建华, 吴夏, 黄芬, 王奇岗, 闵佳 (924)
工业发达城市土壤重金属时空变异与源解析	李峰, 刘思源, 李艳, 史舟 (934)
膨润土对不同类型农田土壤重金属形态及生物有效性的影响	林海, 靳晓娜, 董颖博, 罗明科, 赵一鸣 (945)
缙云山不同林分下土壤有机碳及矿化特征	陈仕奇, 吕盛, 高明, 黄容 (953)
复杂地形条件下根系对土壤有机碳的贡献	张彦军, 郭胜利 (961)
不同水平外源碳在稻田土壤中转化与分配的微生物响应特征	王季斐, 童瑶瑶, 祝贞科, 陈珊, 邓扬悟, 葛体达, 吴金水 (970)
宝鸡市植被叶子重金属分布规律及生态风险评价	张俊辉, 林青, 姜珊, 刘滨, 李东兴, 王彦虎 (978)
生物炭对污泥堆肥及其利用过程重金属有效态的影响	周楫, 余亚伟, 蒋越, 杨雨滢, 张成 (987)
污泥停留时间对餐厨垃圾与剩余污泥中温厌氧混合发酵系统的影响	袁宏林, 马静, 邢保山, 温俊伟, 韩宇乐, 李倩, 王晓昌 (994)
热碱-分步酶水解-厌氧消化工艺处理秸秆畜禽粪混合物料及其甲烷高值化条件	卞爱琴, 远野, 张璐璐, 付强, 陈天明, 何磊, 丁成, 王爱杰 (1003)

黄山土壤细菌群落和酶活性海拔分布特征

姚兰¹, 胡立煌¹, 张焕朝^{1*}, 方炎明², 王艮梅¹

(1. 南京林业大学林学院, 南京 210037; 2. 南京林业大学生物与环境学院, 南京 210037)

摘要: 黄山具有保存较完整的生态系统及明显的地势高差, 为研究中亚热带森林生态系统土壤微生物群落海拔分布格局提供天然场所。本研究在黄山景区 670 ~ 1 870 m 按每 100 m 的间隔采集土样, 利用 Illumina MiSeq 高通量测序技术分析土壤细菌群落结构及多样性的海拔变化特征, 同时测定相关土壤理化性质和土壤酶活性。结果表明: ①土壤全氮、碱解氮、全钾和总有机碳含量均存在显著海拔差异 ($P < 0.01$), 且总体上随着海拔升高而增加; 土壤蔗糖酶活性存在显著海拔差异 ($P < 0.01$), 且总体上随海拔升高而增强, 但酸性磷酸酶和脲酶活性无显著海拔分异 ($P > 0.05$); ②将 12 个海拔梯度分为高中低 3 组(低海拔 670 ~ 875 m; 中海拔 1 080 ~ 1 370 m; 高海拔 1 460 ~ 1 780 m), 发现土壤细菌 OTU 数目: 中海拔 > 低海拔 > 高海拔, 但是高、中、低海拔的差异不明显; ③在 875 ~ 1 370 m 小范围海拔内, 土壤细菌群落多样性沿海拔呈单峰模式分布; 而在 670 ~ 1 780 m 整个海拔范围内, 土壤细菌群落多样性无明显海拔分布模式; ④所有样地中, 相对丰度大于 3% 的优势菌门共 7 个, 优势菌目共 15 个; ⑤相关性热图分析表明, 土壤 pH 对不同海拔土壤细菌群落结构差异性影响最大。Pearson 相关性分析和偏 Mantel 分析表明, 细菌群落 α 多样性 ($P < 0.01$) 和 β 多样性 (偏 Mantel $r = 0.560$, $P = 0.001$) 主要受土壤 pH 影响。因此, 土壤 pH 是决定黄山不同海拔土壤细菌群落结构及多样性的主要环境因子。

关键词: 黄山; 细菌群落结构; Illumina 高通量测序; 土壤 pH; 土壤酶活性

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2019)02-0859-10 DOI: 10.13227/j.hjks.201806056

Elevational Distribution Characteristics of Soil Bacterial Community and Enzyme Activities in Mount Huangshan

YAO Lan¹, HU Li-huang¹, ZHANG Huan-chao^{1*}, FANG Yan-ming², WANG Gen-mei¹

(1. College of Forestry, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China; 2. College of Biology and Environment, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China)

Abstract: Mount Huangshan has a well-preserved ecosystem and obvious differences in vertical geography, which provide a natural laboratory for studying the altitudinal distribution patterns of soil microbial communities in a mid-subtropical forest ecosystem. The soil bacterial community structure and diversity of the samples collected every 100 m from 670 to 1870 m on the south slope of Mount Huangshan were examined using Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology. The soil physicochemical properties and soil enzyme activities of the samples were also measured to explore the relationship between bacterial communities and soil properties as well as enzyme activities. The results showed that ① The contents of soil total nitrogen, available nitrogen, total potassium, and total organic carbon were significantly different across the altitudes ($P < 0.01$) and generally increased as altitude increased. The soil sucrose activities across altitudes were significantly different ($P < 0.01$), and generally increased as altitude increased. However, there was no significant difference in acid phosphatase and urease activities between different altitudes ($P > 0.05$). ② The 12 elevational gradients were divided into three groups: low altitude (670-875 m), medium altitude (1 080-1 370 m), and high altitude (1 460-1 780 m). The OTUs in low altitude sites were greater than in high altitude sites but lower compared to medium altitude sites. However, the differences in OTUs across altitude sites were not significant. ③ The soil bacterial community diversity showed a unimodal pattern in a small range of altitudes from 875-1 370 m, although no apparent trend was observed at the altitudes from 670-1 780 m. ④ There were 7 dominant phyla and 15 dominant orders with a relative abundance of more than 3% in all soil samples. ⑤ Correlation heat map analysis between the top 15 bacterial phyla and soil physicochemical properties as well as enzyme activities showed that soil pH had the greatest effect on the differences in soil bacterial community structure across the different altitudes. Pearson correlation analysis and Partial Mantel test also showed that bacterial community α -diversity ($P < 0.01$) and β -diversity (Partial Mantel $r = 0.560$, $P = 0.001$) were mainly affected by soil pH. Consequently, soil pH was the key environmental factor determining the soil bacterial community structure and diversity across the different altitudes on Mount Huangshan.

Key words: Mount Huangshan; bacterial community structure; Illumina high-throughput sequencing; soil pH; soil enzyme activity

山地生态系统是陆地系统组成部分之一, 具有重要的生态系统功能^[1]。在山地生态系统中, 植物、土壤、气候等环境条件随海拔梯度发生剧烈变化, 为研究生物群落海拔分布格局及其对环境变化的响应提供天然实验室^[2]。迄今为止, 动植物的海拔生物多样性分布模式已经被广泛研究, 表现为在

收稿日期: 2018-06-06; 修订日期: 2018-09-03

基金项目: 江苏省研究生科研与实践创新计划项目 (KYCX17_0855); 安徽省黄山区维管植物多样性观测项目 (2016-2017); 环境保护部-生物多样性保护专项 (021108024); 江苏省高校优势学科建设工程项目 (PAPD)

作者简介: 姚兰 (1993 ~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤微生物, E-mail: yaolanease@163.com

* 通信作者, E-mail: hezhang@njfu.edu.cn

低或中海拔多样性最高^[1]. 土壤微生物在生物地球化学循环和生态系统功能维持中起着重要作用^[3], 但是对其海拔分布格局的研究仍落后于动植物^[4]. 目前已有研究表明土壤微生物多样性的海拔分布模式有递减式^[5]、驼峰式^[6]、下凹式^[7]、阶梯式^[1]等, 也有研究发现土壤微生物呈无明显海拔分布模式^[8], 所有的这些研究都集中在一个较大的垂直间隔和对比鲜明的生态系统. 此外, 还有一些学者研究了较小尺度海拔范围内的土壤微生物, 发现土壤微生物在这些较小海拔范围内多具有明显的海拔分布模式^[9~11]. 可见, 目前在海拔梯度上没有统一的微生物多样性分布模式^[11].

关于微生物群落分布格局, Bass-Becking^[12]和 De Wit 等^[13]认为“微生物无处不在, 但受环境选择”, 虽然所有的微生物是世界性分布, 但是特定的环境中大多数物种只是潜在的; 而扩散限制假说则认为微生物生物地理学和大型生物相似, 存在着生物地理学模式^[14, 15], 但实际上往往是这两大观点的综合作用. 近年来研究结果显示, 土壤微生物群落的分布与土壤 pH^[16]、土壤养分含量^[3]、植被类型^[17]、海拔^[6]等环境因子密切相关, 支持微生物群落空间分布的环境选择作用. 因此, 在研究土壤微生物群落空间分布格局的形成和维持机制时, 应同时考虑当下环境因素(土壤理化性质)和历史因素(海拔)^[10].

黄山位于我国安徽省南部黄山市境内, 地处我国南北植物区系交替地带, 具有特殊的地理环境和局部小气候, 形成了明显的植被和土壤山地垂直分带^[18], 是研究微生物群落海拔分布特征的理想场所. 近年来, 国内外学者对该区域的动植物^[18, 19]和土壤真菌^[20]等方面进行了研究, 但是对土壤细菌海拔分布状况的研究较少. 因此, 本文分析了黄山 670~1 780 m 整个海拔梯度范围内的土壤细菌群落结构特征及其土壤环境影响因素, 以期对黄山土壤生态系统物种多样性的认识和保护提供依据.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

黄山(118°01'~118°17'E, 30°01'~30°18'N)位于安徽省南部, 主峰莲花峰高1 864 m, 景区面积为 154 km², 地处中亚热带区, 全年年均气温 7.8℃, 年均降雨量 2394.5 mm. 黄山植被海拔差异明显, 植被类型主要是喜暖性针叶林、常绿落叶阔叶混交林和山顶矮林草甸^[18]. 黄山土壤的海拔分布也较明显, 自下而上为黄红壤、黄壤、暗黄棕壤、酸性棕壤, 且局部分布着山地草甸土和山地草甸沼泽土^[19].

1.2 样品采集

2017 年 10 月, 在黄山景区内沿温泉、云谷寺、光明顶一线的南坡进行采样, 按约每 100 m 的海拔间隔设置一块样地, 样地基本情况见图 1 和表 1. 采样时尽量避开人为扰动较大的区域, 每块样地分别设置 3 个 20 m×20 m 的样方. 去除地表覆盖物后, 在每个样方内用直径 38 mm 的土钻按 S 型采集 10 个表层 10 cm 深的土样, 混匀后装入无菌自封

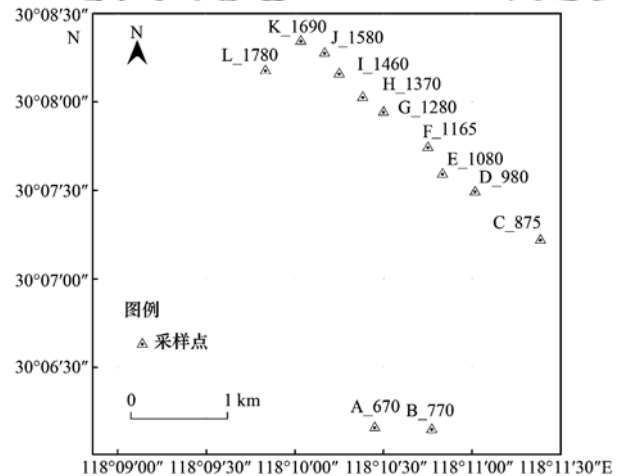


图 1 黄山研究样地分布

Fig. 1 Distribution of sampling sites in Mount Huangshan

表 1 样地概况

Table 1 Basic condition of sampling sites

海拔/m	编号	经度/(°)	纬度/(°)	坡度/(°)	坡向/(°)	植被类型	土壤类型
670	A	118.174	30.103	22	SW198	针阔混交林	黄壤
770	B	118.180	30.103	28	SE138	针阔混交林	黄壤
875	C	118.190	30.120	25	SE155	常绿阔叶林	黄壤
980	D	118.184	30.125	22	SE165	常绿落叶阔叶混交林	黄棕壤
1 080	E	118.181	30.127	20	SE159	常绿落叶阔叶混交林	黄棕壤
1 165	F	118.179	30.129	30	SW190	常绿落叶阔叶混交林	黄棕壤
1 280	G	118.175	30.132	21	SE166	常绿落叶阔叶混交林	黄棕壤
1 370	H	118.173	30.134	22	SE170	常绿落叶阔叶混交林	黄棕壤
1 460	I	118.171	30.136	20	SE150	常绿落叶阔叶混交林	黄棕壤
1 580	J	118.169	30.138	28	SE166	落叶阔叶林	黄棕壤
1 690	K	118.167	30.139	19	SE155	山地矮林	棕壤
1 780	L	118.164	30.136	22	NW310	山地草甸	草甸土

袋, 用冰盒运回实验室。剔除根系、石块等杂物后, 将土样分为两份: 一份保存于 -80°C 超低温冰箱用于土壤 DNA 提取; 一份风干后用于土壤理化性质和酶活性测定。

1.3 分析方法

1.3.1 土壤理化性质的测定

土壤含水率 (SM) 用烘干法测定; 土壤容重 (BD) 用环刀法测定; 土壤 pH 用电位法测定, 水土比 2.5:1; 全氮 (TN) 用半微量凯氏定氮法测定; 碱解氮 (AN) 用碱解扩散法测定; 全磷 (TP) 用酸溶-钼锑抗比色法测定; 有效磷 (AP) 用双酸浸提-钼锑抗比色法测定; 全钾 (TK) 用氢氧化钠碱熔-火焰光度法测定; 有效钾 (AK) 用乙酸铵浸提-火焰光度法测定; 总有机碳 (TOC) 用重铬酸钾氧化外加热法测定^[21]。

1.3.2 土壤酶的测定

土壤酸性磷酸酶 (ACP) 活性用磷酸苯二钠比色法测定, 取 5 g 风干土加入 2.5 mL 甲苯摇匀 15 min 后, 加入 20 mL 0.5% 磷酸苯二钠, 于 37°C 下培养 24 h, 酶活性以 24 h 后 1 g 土中释放出来的酚毫克数表示; 土壤脲酶 (UE) 活性用靛酚蓝比色法测定, 取 5 g 风干土加入 1 mL 甲苯, 反应 15 min 后再加入 10 mL 10% 尿素液和 20 mL 柠檬酸盐缓冲液 (pH 6.7) 于 37°C 培养 24 h, 酶活性以 24 h 后 1 g 土中 $\text{NH}_4^{+}\text{-N}$ 的毫克数表示; 土壤蔗糖酶 (SC) 活性用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定, 取 5 g 风干土加入 15 mL 8% 蔗糖溶液、5 mL 磷酸缓冲 (pH 5.5) 和 5 滴甲苯, 混匀后于 37°C 培养 24 h, 定时取样后加入 3,5-二硝基水杨酸, 沸水浴加热 5 min, 酶活性以 24 h 后 1 g 土中葡萄糖毫克数表示^[22]。

1.3.3 土壤 DNA 提取和高通量测序

用 E. Z. N. A. soil 试剂盒 (Omega Bio-tek, USA) 提取土壤总 DNA。对 V3 ~ V4 区进行 PCR 扩增, 引物为 338F (ACTCCTACGGGAGGCAGCAG) 和 806R (GGACTACHVGGGTWTCTAAT)。PCR 反应体系为 20 μL : 5 $\times$ FastPfu 缓冲液 4 μL , 2.5 mmol $\cdot\text{L}^{-1}$ dNTPs 2 μL , 正负向引物各 (5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$) 0.8 μL , FastPfu 聚合酶 0.4 μL , DNA 模板 1 μL 。PCR 扩增程序为: 95°C 预变性 3 min; 27 个循环 (95°C 变性 30 s, 55°C 退火 30 s, 72°C 延伸 30 s); 72°C 延伸 10 min。扩增后用 2% 琼脂糖凝胶回收 PCR 产物, 用 AxyPrep DNA 凝胶回收试剂盒 (Axygen Biosciences, USA) 纯化, Tris_HCl 洗脱, 2% 琼脂糖电泳检测。PCR 产物用 QuantiFluor™-ST 蓝色荧光定量系统 (Promega, USA) 检测定量。在上海美吉生物医药科技有限公司 Illumina Miseq

PE300 平台进行高通量测序。

1.3.4 序列数据分析

原始序列用 Trimmomatic 软件进行质控, 用 FLASH 软件进行拼接; 用 UPARSE 7.1 软件进行聚类, 按 97% 的相似度对序列进行聚类获得操作分类单元 (OTU)。用 RDP Classifier 2.2 对序列进行物种分类注释, 比对 Silva 数据库 (SSU128), 置信度阈值为 70%。按最小样本序列数统一抽取 38 702 条有效序列来研究土壤细菌群落结构。

1.4 数据分析

用 SPSS 20.0 进行单因素方差分析, Duncan 法用于显著性检验, 显著性水平为 $P < 0.05$ 。用 R 软件生成 Venn 图, 用于统计高、中、低海拔样本中所共有和独有的 OTU 数目。用 Mothur 1.30.1 计算土壤细菌群落的 α 多样性指数, 包括谱系多样性 PD 指数、Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1 指数、ACE 指数和 Good's 物种覆盖度。用 R 软件 pheatmap 包绘制丰度前 15 细菌门与各土壤理化性质和酶活性的 Spearman 相关性热图。用 Pearson 相关分析检验细菌群落 α 多样性 (Chao1 和 PD 指数) 与土壤理化性质和酶活性之间的相关性。基于 unweighted UniFrac 群落距离算法和 Bray-Curtis 环境因子距离算法, 用 Mantel 和偏 Mantel 检验 670 ~ 1 870 m 细菌 β 多样性和环境因子的关系 (permutations = 999)。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质及酶活性的海拔变化特征

2.1.1 土壤理化性质

如表 2 所示, 不同海拔土壤含水率差异显著, 最高海拔 1 780 m 的土壤平均含水率最大, 为 65.50%; 而不同海拔土壤容重无显著差异, 最低海拔 670 m 处的土壤容重最大, 为 1.27 $\text{g}\cdot\text{cm}^{-3}$ 。黄山土壤均为酸性, 海拔 1 370 m 的土壤酸性最强 (pH 4.10), 与 670 m (pH 5.31)、1 080 m (pH 5.78) 和 1 165 m (pH 5.64) 存在显著差异。不同海拔土壤养分之间存在不同程度的显著性差异。土壤全氮和碱解氮含量总体上随海拔升高而增大; 1 690 m 高山矮林的土壤全氮和碱解氮含量最高且明显高于其他海拔, 分别是 7.27 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 574.05 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。不同海拔土壤全磷和有效磷含量存在显著差异, 但无明显海拔变化规律, 且 1 690 m 的土壤全磷和有效磷含量最高, 分别为 0.80 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 4.35 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。土壤全钾含量随海拔升高而显著增大, 但有效钾含量无明显海拔分布规律。各海拔之间的土壤有机碳含量存在显著差异, 有机碳含量

总体上随海拔升高而增加。

2.1.2 土壤酶活性

不同海拔土壤蔗糖酶活性差异显著，而不同海拔土壤酸性磷酸酶、脲酶活性无显著差异(表2)。土壤蔗糖酶活性总体上随海拔升高而增强，1 690 m 山地矮林的蔗糖酶平均活性最高，达 89.39 mg·(g·d)⁻¹。最低海拔 670 m 的土壤酸性磷酸酶、

脲酶和蔗糖酶活性均最低。土壤理化性质和酶活性的相关性分析(表3)表明，土壤酸性磷酸酶活性只与土壤有效钾含量显著相关；土壤脲酶活性与土壤碱解氮、有效磷含量均显著正相关；土壤蔗糖酶活性与土壤含水率、全氮、碱解氮、全磷、全钾和总有机碳含量均显著正相关，与土壤容重显著负相关。

表 2 不同海拔土壤理化性质和酶活性¹⁾

Table 2 Soil physicochemical properties and soil enzyme activities across different altitudes														
海拔 /m	SM /%	BD /g·cm ⁻³	pH	TN /g·kg ⁻¹	AN /mg·kg ⁻¹	TP /g·kg ⁻¹	AP /mg·kg ⁻¹	TK /g·kg ⁻¹	AK /mg·kg ⁻¹	TOC /g·kg ⁻¹	ACP /mg·(g·d) ⁻¹	UE /mg·(g·d) ⁻¹	SC /mg·(g·d) ⁻¹	
670	27.95 c	1.27	5.31 ab	1.68 d	143.27 e	0.32 cd	1.94 d	17.90 de	137.10 a	25.45 e	1.85	0.52	5.58 d	
770	44.07 abe	0.85	4.76 bc	2.20 d	205.29 de	0.27 cd	2.15 cd	16.41 e	87.43 cde	25.82 e	2.34	0.94	17.24 cd	
875	29.42 bc	0.92	4.54 c	3.08 cd	240.68 de	0.33 cd	3.43 abcd	23.32 cde	55.62 f	44.15 de	2.24	1.24	27.59 bed	
980	43.47 abe	0.74	4.21 c	5.78 ab	425.7 bc	0.55 b	3.56 abc	28.46 c	97.53 bed	68.99 abc	2.11	1.01	43.14 bed	
1 080	28.31 c	0.84	5.78 a	3.00 cd	204.37 de	0.25 d	2.50 bed	30.12 c	62.73 ef	48.01 cd	2.17	0.84	38.54 bed	
1 165	24.97 c	0.88	5.64 a	5.16 b	323.43 bed	0.44 bc	2.78 bed	30.00 c	96.09 bed	78.61 ab	2.30	0.70	31.85 bed	
1 280	42.84 abe	0.78	4.81 bc	4.33 bc	335.14 bed	0.41 bed	2.36 cd	30.66 c	111.12 abc	66.71 bc	2.15	0.74	36.88 bed	
1 370	29.69 bc	1.01	4.10 c	5.50 b	462.50 ab	0.57 b	3.34 abcd	25.51 cd	104.91 bed	75.41 ab	2.08	0.79	39.04 bed	
1 460	49.60 abe	0.73	4.55 c	5.37 b	430.69 bc	0.55 b	4.04 ab	31.49 c	97.84 bed	61.27 bed	2.09	1.14	37.65 bed	
1 580	32.72 bc	0.90	4.73 bc	4.16 bc	308.59 cd	0.45 bc	2.69 bed	39.66 b	74.45 def	48.19 cd	2.23	0.81	50.17 bc	
1 690	54.03 ab	0.78	4.48 c	7.27 a	574.05 a	0.80 a	4.35 a	31.57 c	127.50 ab	89.66 a	2.00	1.06	89.39 a	
1 780	65.50 a	0.81	4.82 bc	5.05 b	416.72 bc	0.42 bed	2.31 cd	50.06 a	93.50 cde	58.26 bed	2.21	0.85	60.42 ab	
<i>F</i>	2.90	1.96	5.66	8.92	8.27	8.40	2.75	12.77	5.72	8.63	1.99	2.09	3.15	
<i>P</i>	*	NS	**	**	**	**	*	**	**	**	NS	NS	*	*

1) ** 表示 $P \leq 0.01$ ，* 表示 $0.01 < P \leq 0.05$ ，NS 表示 $P > 0.05$ ；同一列数据不同小写字母表示差异显著；SM 为含水率，BD 为容重，TN 为全氮，AN 为碱解氮，TP 为全磷，AP 为有效磷，TK 为全钾，AK 为有效钾，TOC 为总有机碳，ACP 为酸性磷酸酶，UE 为脲酶，SC 为蔗糖酶，下同

表 3 土壤理化性质和酶活性 Pearson 相关性¹⁾

Table 3 Pearson correlation between soil enzyme activities and soil physicochemical properties			
项目	ACP	UE	SC
SM	0.07	0.20	0.44 **
BD	-0.19	-0.22	-0.39 *
pH	0.05	-0.28	-0.23
TN	-0.08	0.30	0.57 **
AN	-0.10	0.34 *	0.58 **
TP	-0.20	0.32	0.50 **
AP	-0.22	0.62 **	0.21
TK	0.03	-0.07	0.46 **
AK	-0.42 *	-0.25	0.06
TOC	-0.06	0.17	0.53 **

1) ** 表示在 0.01 水平(双尾)上显著相关，* 表示在 0.05 水平(双尾)上显著相关，下同

2.2 16S rRNA 测序结果与多样性分析

本研究中，优化序列共2 043 838条，最多69 355条，最少49 151条。将 12 个海拔梯度分为 3 组：低海拔 A~D、中海拔 E~H 和高海拔 I~L(图 2)。低海拔共有4 305个 OTU，中海拔共有4 750个 OTU，高海拔共有4 445个 OTU。低海拔和中海拔共有的 OTU 为4 237个，低海拔和高海拔共有的 OTU 为3 978个，高海拔和中海拔共有的 OTU 为4 154个。低海拔特有的

OTU 为 122 个，中海拔特有的 OTU 为 251 个，高海拔特有的 OTU 为 65 个。3 组的 OTU 数一共为5 023 个，它们共有的 OTU 为3 892个。

单因素方差分析表明，670~1 780 m 各海拔梯度之间的 Shannon 指数差异显著 ($F = 2.43$, $P = 0.03$)，其余各指数差异均不显著 ($P > 0.05$)。PD 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数能反映各样品

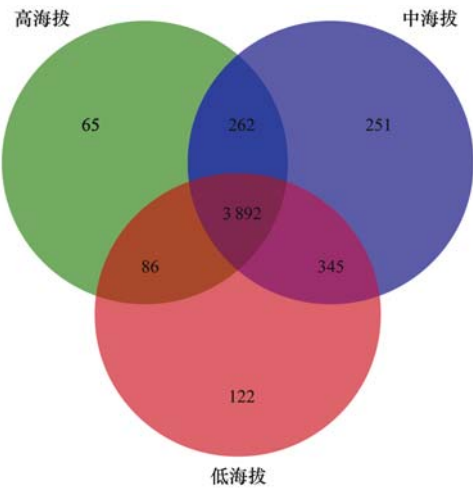


图 2 不同海拔土壤样品细菌 OTU 数量韦恩图

Fig. 2 Venn diagram of OTU number from soil samples at different altitudes

土壤微生物群落多样性. 海拔1 165 m 处的 Shannon 指数最大, Simpson 指数最小; 875 m 处的 Shannon 指数最小, Simpson 指数仅次于最大均值(770 m), 说明1 165 m 的细菌群落多样性最高, 875 m 的多样性最低. Chao1 和 ACE 指数反映群落丰富度. 1 165 m 处 Chao1 和 ACE 指数最大, 875 m 处的 Chao1 和 ACE 指数最小, 说明1 165 m 的土壤细菌总数和菌群丰富度最高. 覆盖度值越高, 样本中序列被测出

的概率越高, 没有被测出的概率越低, 反映测序结果是否代表样本中微生物的真实情况^[23]. 各海拔土壤样品测序的覆盖度为 98.26% ~ 98.65%, 说明本次测序结果能充分反映供试土样微生物的真实情况. 在 670 ~ 1 780 m 整个海拔范围内, 土壤细菌群落多样性无明显海拔分布规律; 875 ~ 1 370 m 小海拔范围内, 细菌群落多样性沿海拔梯度先增高后降低, 呈单峰模式(表 4).

表 4 细菌群落 α 多样性指数

Table 4 The α diversity indices of bacterial communities

海拔/m	PD 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	Chao1 指数	ACE 指数	覆盖度/%
670	175.45	6.58	0.005 39	3 189	3 162	98.38
770	152.31	6.17	0.007 96	2 788	2 790	98.48
875	133.04	5.95	0.007 64	2 522	2 485	98.60
980	147.06	6.17	0.006 54	2 776	2 741	98.47
1 080	173.56	6.59	0.004 72	3 140	3 088	98.44
1 165	194.92	6.81	0.003 58	3 457	3 462	98.26
1 280	155.00	6.28	0.005 66	2 785	2 736	98.55
1 370	138.89	6.11	0.006 45	2 549	2 554	98.61
1 460	160.23	6.29	0.006 33	2 919	2 925	98.40
1 580	164.61	6.40	0.004 87	3 091	3 044	98.31
1 690	150.62	6.32	0.005 31	2 694	2 658	98.63
1 780	148.80	6.25	0.005 48	2 605	2 594	98.65

2.3 细菌群落结构

本次测序共得到 34 门、85 纲、171 目、328 科、557 属. 相对丰度大于 3% 的优势细菌门共 7 个[图 3(a)], 分别是变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、浮霉菌门(Planctomycetes)、疣微菌门(Verrucomicrobia)和硝化螺旋菌门(Nitrospirae). 其中, 变形菌门(34.09% ~

42.71%)、酸杆菌门(20.48% ~ 42.71%)、放线菌门(9.69% ~ 15.89%)、绿弯菌门(8.50% ~ 15.50%)相对丰度较大. 相较于其他海拔, 1780 m 的变形菌门(34.09%)和放线菌门(9.69%)相对丰度最低, 绿弯菌门(15.50%)和浮霉菌门(7.06%)相对丰度最高.

各海拔土壤细菌目中相对丰度大于 3% 的有 15 个[图 3(b)]. 其中, 根瘤菌目(Rhizobiales,

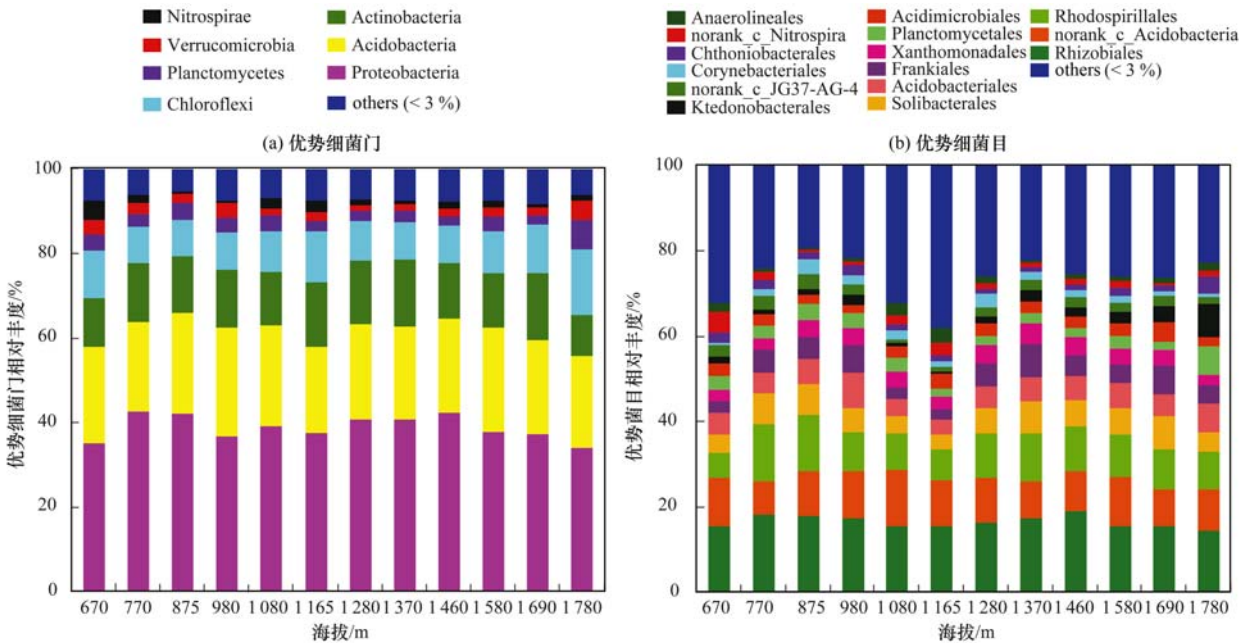


图 3 优势细菌门和优势细菌目相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of dominant bacterial phyla and dominant bacterial orders

14.50% ~ 19.21%)、红螺旋菌目(Rhodospirillales, 6.06% ~ 13.42%)、酸杆菌门下的未定种类(norank_c_Acidobacteria, 7.81% ~ 13.26%)和 Solibacterales (3.45% ~ 7.77%) 以及酸杆菌目(Acidobacteriales, 3.42% ~ 8.32%)、弗兰克氏菌目(Frankiales, 2.60% ~ 7.90%)的相对丰度较大. 黄单胞杆菌目(Xanthomonadales)在1370 m的相对丰度最高(4.65%). 纤线杆菌目(Ktedonobacterales, 7.97%)和浮霉状菌目(Planctomycetales, 6.80%)在1780 m的相对丰度最高. 醋微菌目(Acidimicrobiales)在1690 m的相对丰度最高(4.56%).

2.4 土壤性质和酶活性对细菌群落的影响

2.4.1 细菌群落结构与土壤性质及酶活性的相关性

土壤环境因子 pH、全氮 TN、总有机碳 TOC 与土壤细菌群落结构之间存在密切相关关系^[16]. 如图4所示, 土壤 pH 与硝化螺旋菌门($R=0.766$)、Latescibacteria ($R=0.855$) 及拟杆菌门(Bacteroidetes, $R=0.427$)呈极显著正相关关系($P<0.01$), 与绿弯菌门呈显著正相关关系($R=0.422$, $P<0.05$); 与厚壁菌门(Firmicutes, $R=-0.832$)和衣原体门(Chlamydiae, $R=-0.494$)呈极显著负相关关系($P<0.01$), 与酸杆菌门呈显著负相关关系($R=-0.355$, $P<0.05$). 土壤 TN 与厚壁菌门呈极显著正相关关系($R=0.477$, $P<0.01$), 与放线菌门($R=0.338$)、衣原体菌门($R=0.361$)和 Saccharibacteria($R=0.384$)呈显著正相关关系($P<0.05$); 与硝化螺旋菌门($R=-0.407$)和 Latescibacteria($R=-0.398$)呈显著负相关关系($P<0.05$). 土壤 TOC 与放线菌门呈极显著正相关关系($R=0.456$, $P<0.01$), 与厚壁菌门($R=0.374$)及 Saccharibacteria ($R=0.402$)呈显著正相关关系($P<0.05$); 与硝化螺旋菌门呈极显著负相关关系($R=-0.435$, $P<0.01$), 与 Latescibacteria 呈显著负相关关系($R=-0.384$, $P<0.05$). 上述结果表明, 土壤 pH 和碳氮养分含量对硝化菌门、厚壁菌门和 Latescibacteria 这3类菌群的影响均显著. 环境因子聚类分析表明, 土壤 pH 单独聚为一类, 对不同海拔土壤细菌群落结构差异性影响最大. 硝化螺旋菌门、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、厚壁菌门和衣原体菌门这些菌群主要起固氮和固碳作用^[24], 与脲酶和蔗糖酶活性显著相关($P<0.05$).

2.4.2 细菌群落多样性与土壤性质及酶活性的相关性

Pearson 相关性分析(表5)表明, 在670 ~

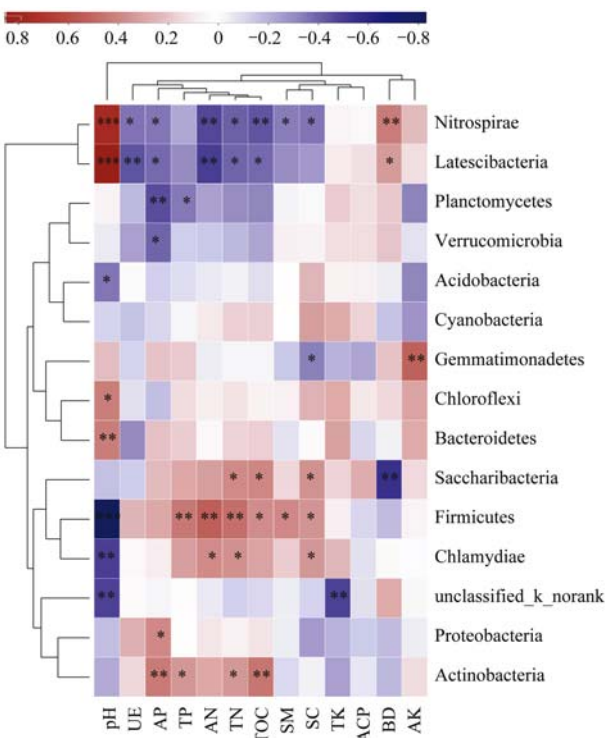


图4 总丰度前15细菌门与土壤理化性质及酶活性相关性热图
Fig. 4 Correlation heat map of the top 15 bacterial phyla and soil physicochemical properties as well as enzyme activities

1780 m, 土壤含水率和 pH 对土壤细菌群落谱系多样性(PD 指数)及丰富度(Chao1 指数)的影响均达显著水平($P<0.05$). 而在875 ~ 1370 m 相对较小的海拔范围内, 土壤 pH 和全钾是影响菌群谱系多样性及丰富度的主要环境因子($P<0.01$). 蔗糖酶和脲酶与微生物数量有关^[22], 本研究结果表明细菌群落丰富度与脲酶活性显著相关($P<0.05$), 与蔗糖酶活性无显著相关关系($P>0.05$).

表5 土壤理化性质及酶活性与细菌群落多样性 Pearson 相关性
Table 5 Pearson correlation between α -diversity indices and soil physicochemical properties as well as enzyme activities

项目	670 ~ 1780 m		875 ~ 1370 m	
	PD 指数	Chao1 指数	PD 指数	Chao1 指数
SM	-0.38 *	-0.46 **	-0.35	-0.40
BD	0.25	0.29	0.07	0.13
pH	0.74 **	0.69 **	0.75 **	0.69 **
TN	-0.22	-0.26	-0.17	-0.20
AN	-0.32	-0.36 *	-0.33	-0.35
TP	-0.16	-0.18	-0.28	-0.29
AP	-0.22	-0.19	-0.42	-0.37
TK	0.10	0.07	0.67 **	0.67 **
AK	0.21	0.15	0.21	0.17
TOC	-0.17	-0.23	-0.09	-0.16
ACP	0.05	0.04	0.34	0.30
UE	-0.42 **	-0.38 *	-0.60 **	-0.55 **
SC	-0.25	-0.30	-0.14	-0.18

Mantel 分析(表6)表明, 670 ~ 1780 m 海拔范围内, 土壤细菌群落与海拔、土壤 pH 和碳氮含量

具有显著相关性 ($P < 0.05$)。偏 Mantel 分析表明, 土壤 pH 对细菌 β 多样性在该海拔范围内的分布模式的贡献率最大。

表 6 细菌群落与环境因子的 Mantel 和偏 Mantel 检验

Table 6 Mantel and Partial Mantel test between bacterial communities and environmental factors

项目	Mantel 检验		偏 Mantel 检验	
	r	P	r	P
海拔	0.167	0.009	0.082	0.059
SM	0.087	0.105	0.076	0.094
BD	0.017	0.767	0.001	0.476
pH	0.679	0.001	0.560	0.001
TN	0.167	0.008	0.019	0.331
AN	0.205	0.004	0.141	0.009
TP	0.064	0.202	-0.021	0.632
AP	0.055	0.303	0.047	0.196
TK	0.055	0.359	-0.054	0.805
AK	0.058	0.342	0.043	0.204
TOC	0.112	0.029	-0.009	0.539

3 讨论

3.1 不同海拔土壤理化性质及酶活性特征

随着海拔梯度的变化, 土壤类型、植被类型、气候等发生变化, 从而造成土壤理化性质与养分供应情况的海拔差异^[25]。本研究发现, 土壤含水率呈显著海拔差异, 且 1780 m 草甸土的含水率最大, 而土壤容重无显著海拔差异。海拔升高导致气温下降、降雨量增大、空气湿度增加, 使土壤水分蒸发减弱, 因此土壤含水量随海拔升高而增大^[3]。草甸土表层草甸植物覆盖度较高, 根系较集中, 使表层水分渗透力较差^[26], 从而导致草甸土含水率较高。本研究中土壤全氮、碱解氮、全钾和总有机碳含量总体上随着海拔升高而增加。秦松等^[27]的研究结果也证明, 有机质、氮、磷、钾元素与海拔显著正相关。此外, 地形对土壤理化性质的影响也较明显, 海拔是主导因素, 坡度坡向等微地形条件造成山体起伏, 对土壤质地影响较大^[28]。黄山明显的海拔差异和特殊的地形条件, 导致土壤理化性质存在不同程度的海拔差异。

土壤酶活性与土壤性质、土壤类型等环境条件密切相关, 被广泛作为土壤质量和土壤生物活性的重要指标^[29]。本研究发现土壤蔗糖酶活性存在显著海拔差异, 且该酶活性总体上随着海拔升高而增强; 而土壤酸性磷酸酶和脲酶活性无显著海拔差异, 且该两种酶活性无明显的海拔分布特征 (表 2)。Chang 等^[30]研究了 600 ~ 1400 m 的人工毛竹林下土壤, 发现土壤脲酶和酸性磷酸酶活性均随海拔升高而增强。曹瑞等^[31]研究了川西 1563 ~ 3994 m 的 5 种不同海拔生态系统土壤, 发现随着海拔升

高, 有机层 (0 ~ 15 cm) 土壤蔗糖酶、脲酶和酸性磷酸酶活性均呈现出先增加后减少再增加的海拔变化趋势, 且存在显著的海拔差异。也有研究表明多数土壤酶活性沿海拔无显著变化情况^[32]。说明土壤酶活性的海拔分布情况因地而异。本研究发现, 土壤脲酶和蔗糖酶与土壤养分之间存在显著正相关关系 (表 3), 符合前人研究结果^[10,33]。磷酸酶参与磷酸单酯的水解^[34], 与土壤有机质、全氮、速效磷含量密切相关。但是本研究未发现酸性磷酸酶与土壤碳、氮、磷显著相关 (表 3)。将 670 m 的平均土壤有机质、全氮、全磷和有效磷的数据剔除后, 与平均酸性磷酸酶活性做 Pearson 双尾相关性检验, 发现平均土壤有机质 ($P = 0.022$)、全氮 ($P = 0.007$)、全磷 ($P = 0.004$) 及有效磷 ($P = 0.009$) 含量与酸性磷酸酶活性显著相关, 可能是因为 670 m 处的土壤养分含量较其他海拔偏低。

3.2 不同海拔土壤细菌群落结构及多样性

本研究利用 Illumina 高通量测序技术对黄山不同海拔土壤细菌群落组成进行探究, 发现随着海拔升高, 土壤细菌 OTU 数目: 中海拔 > 低海拔 > 高海拔; 但从整体来看高、中、低海拔的差异不明显, 细菌 OTU 组成重叠情况较明显, 共有 OTU 数高达 3892。本研究中, 变形菌门、酸杆菌门和放线菌门在各海拔土壤细菌群落中占绝对优势。Zhang 等^[35]研究沿海拔梯度常绿阔叶林、落叶阔叶林、针叶林和亚高山灌丛这 4 种植被类型下的土壤细菌群落, 发现酸杆菌门、放线菌门、变形菌门和疣微菌门占主要优势, 与本研究结果相似。变形菌门、酸杆菌门、放线菌门和疣微菌门主要起有机质分解作用^[24], 本区 670 ~ 1780 m 植被类型从针阔混交林过渡到山地草甸, 地表凋落物较多, 土壤养分较丰富, 因此土壤中分解有机质的微生物更具优势。就目水平而言, 本研究发现 1780 m 的细菌目相对丰度与其他海拔差异较大, 可能是因为 1780 m 的植被是草本植物, 而其他海拔样地的植被是木本植物。已有研究证明, 相较于其他植被类型, 天然草地的土壤细菌群落最丰富, 植被类型对土壤理化性质影响较大, 这种影响作用是基于植物凋落物及根系分泌物的不同, 从而影响土壤微生物群落组成^[36]。

揭示山地生态系统中群落演替和群落聚集的驱动力和机制对预测土壤生态服务功能对气候变化的响应至关重要^[37]。本研究发现, 土壤细菌群落多样性在 670 ~ 1780 m 海拔范围内呈无明显海拔分布模式, 在 875 ~ 1370 m 小海拔范围内呈单峰状分布。同时, 在 670 ~ 1780 m 海拔范围内, 与细菌群

落 α 多样性显著相关的环境因子土壤含水率、pH 和碱解氮含量均无明显海拔分布模式; 在 875 ~ 1 370 m 范围内, 土壤 pH 值和全钾含量总体上先增大后减小(表 2 和表 5). 本研究首次揭示了黄山景区内土壤细菌群落的海拔分布模式, 该研究结果与前人研究结果类似. 有研究发现, 长白山北坡 530 ~ 2 200 m 不同海拔的土壤细菌群落多样性呈无明显规律; 但是长白山苔原 2 000 ~ 2 500 m 的土壤细菌群落谱系多样性随海拔梯度呈单峰模式, 土壤碳氮含量是该细菌多样性海拔分布模式的主要影响因子^[9, 16]. Han 等^[10]研究了长白山原始红松林 699 ~ 1 177 m 土壤细菌群落多样性及组成结构, 发现细菌多样性随着海拔上升呈驼峰状曲线变化, 并推测可能的原因是土壤含水率和地上植被组成.

3.3 土壤细菌群落与土壤性质及酶活性的关系

本研究表明, 土壤 pH 对酸杆菌门、绿弯菌门和硝化螺旋菌门等优势菌群均影响显著, 且 pH 单独聚为一类, 对不同海拔菌群结构差异性影响最大(图 4). Pearson 相关性分析(表 5)表明 pH 对菌群 α 多样性的影响极显著($P < 0.01$), 且影响作用明显大于其他环境因子(相关系数最大). 偏 Mantel 分析表明细菌 β 多样性不受海拔地形因子的影响, 主要受土壤 pH 影响(表 6). 因此, 土壤 pH 是影响黄山土壤细菌群落海拔分布的主要环境因子. 近年来大量研究表明, 土壤 pH 是影响细菌群落的最关键因子. 土壤 pH 虽然不改变细菌群落本身, 但是直接或间接地和其他土壤变量, 如土壤养分有效性、含水量等相互作用, 从而对土壤细菌群落分布、组成和多样性等产生影响. Siles 等^[33]的研究发现, 土壤 pH 和土壤细菌丰富度无相关关系, 但是和细菌群落结构及多样性显著相关. Shen 等^[16]的研究证明, 土壤 pH 是长白山土壤细菌群落沿海拔空间分布的决定因素. Lauber 等^[39]研究 88 份来自美国南北的土壤, 发现土壤 pH 值与细菌群落组成、谱系多样性均显著相关, 从而证明土壤 pH 对陆地范围内的土壤细菌群落结构起决定作用. 本研究证明, 除了土壤 pH 外, 土壤氮含量、含水率等其他土壤化学性质也与细菌群落密切相关. Liu 等^[11]研究卧龙保护区 3 000 ~ 3 945 m 土壤细菌群落, 发现土壤 pH、全氮和含水量与整个细菌群落关系密切. Ren 等^[2]研究了太白山北坡不同海拔土壤细菌群落, 发现土壤细菌群落和土壤含水量及容重显著相关.

土壤酶是由微生物或根系通过水解或氧化降解特定的有机化合物而合成的^[40], 气候和土壤因子直接和间接地与森林类型相关, 从而显著影响土壤

酶活性^[34], 因此土壤性质、土壤酶、土壤微生物三者之间密切相关. 已有研究证明土壤酸性磷酸酶、脲酶活性与土壤细菌群落密切相关^[38]. 马转转等^[41]的研究表明, 土壤细菌群落的丰富度指数与土壤脲酶活性显著正相关, 均匀度指数与土壤蔗糖酶活性显著正相关, 土壤脲酶活性是该研究区内细菌群落组成与结构的重要驱动因子之一. 而本研究发现土壤脲酶、蔗糖酶活性与细菌群落结构组成和多样性密切相关, 而酸性磷酸酶与细菌群落无显著相关关系(图 4 和表 5). Xiao 等^[42]的研究发现, 福建天宝岩自然保护区 1 125 ~ 1 520 m 森林土壤酸性磷酸酶活性为 $0.504 \sim 0.637 \text{ mg} \cdot (\text{g} \cdot 24 \text{ h})^{-1}$. 因此, 推测可能的原因是本研究区各海拔的土壤酸性磷酸酶含量均较高, 无明显海拔分布差异.

此外, 土壤细菌群落组成和多样性对海拔高度的响应不能解释为对海拔的简单响应, 可能是由于土壤有机质含量、温度等多种因素之间的相互作用所致^[43]. 本研究区内, 随着海拔梯度升高森林植被类型也发生变化(表 1). 已有研究证明, 土壤性质特别是 pH 对土壤细菌群落起主要影响作用, 植被起间接影响作用^[44]. 本研究虽未直接研究地上植被对土壤细菌群落的影响, 但是不能排除植被通过改变土壤 pH 和氮含量等间接影响土壤细菌群落. 然而, 本研究结果证明土壤 pH 是影响黄山细菌群落的主要环境因子, 进一步说明环境选择作用^[45]显著影响该海拔梯度内的土壤细菌群落.

4 结论

(1) 黄山 670 ~ 1 780 m 存在保存较为完整的森林生态系统, 该海拔范围内土壤含水率、pH 和养分含量均存在显著差异. 土壤蔗糖酶活性存在极显著海拔差异, 而土壤酸性磷酸酶和脲酶活性无明显海拔差异.

(2) 黄山土壤细菌 OTU 数目: 中海拔 > 低海拔 > 高海拔, 但从整体来看高、中、低海拔的差异不明显, 细菌 OTU 组成重叠情况较明显. 各海拔样地共有 7 个优势细菌门和 15 个优势细菌目. 1 780 m 草甸土的土壤细菌目相对丰度与其他海拔的差异较大.

(3) 在 875 ~ 1 370 m 小海拔范围内, 土壤细菌群落多样性呈单峰式海拔分布模式; 而在 670 ~ 1 780 m 整个海拔范围内, 土壤细菌群落多样性无明显海拔分布模式. 土壤 pH 是影响黄山土壤细菌群落海拔分布的主要土壤环境因子, 说明环境选择作用显著影响该研究区域土壤细菌群落.

致谢: 感谢黄山风景区管委会园林局对本研究

土壤样本采集的支持。李卫正、李金彪、潘颖、王璐、曹莉、冯焱、杨瑞珍等在绘图、采样和实验方面提供帮助, 在此一并致谢!

参考文献:

- [1] Li J B, Shen Z H, Li C N, *et al.* Stair-step pattern of soil bacterial diversity mainly driven by pH and vegetation types along the elevational gradients of Gongga Mountain, China [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, **9**: 569.
- [2] Ren C J, Zhang W, Zhong Z K, *et al.* Differential responses of soil microbial biomass, diversity, and compositions to altitudinal gradients depend on plant and soil characteristics[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **610-611**: 750-758.
- [3] 宋贤冲, 郭丽梅, 田红灯, 等. 猫儿山不同海拔植被带土壤微生物群落功能多样性[J]. *生态学报*, 2017, **37**(16): 5428-5435.
Song X C, Guo L M, Tain H D, *et al.* Variation of soil microbial community diversity along an elevational gradient in the Mao'er Mountain forest [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, **37**(16): 5428-5435.
- [4] Delgado-Baquerizo M, Maestre F T, Reich P B, *et al.* Carbon content and climate variability drive global soil bacterial diversity [J]. *Ecological Monographs*, 2016, **86**(3): 373-390.
- [5] Wang J T, Cao P, Hu H W, *et al.* Altitudinal distribution patterns of soil bacterial and archaeal communities along Mt. Shengya on the Tibetan Plateau[J]. *Microbial Ecology*, 2015, **69**(1): 135-145.
- [6] Singh D, Takahashi K, Kim M, *et al.* A hump-backed trend in bacterial diversity with elevation on Mount Fuji, Japan [J]. *Microbial Ecology*, 2012, **63**(2): 429-437.
- [7] Singh D, Lee-Cruz L, Kim W S, *et al.* Strong elevational trends in soil bacterial community composition on Mt. Halla, South Korea[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **68**: 140-149.
- [8] Fierer N, McCain C M, Meir P, *et al.* Microbes do not follow the elevational diversity patterns of plants and animals[J]. *Ecology*, 2011, **92**(4): 797-804.
- [9] Shen C C, Ni Y Y, Liang W J, *et al.* Distinct soil bacterial communities along a small-scale elevational gradient in alpine tundra[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2015, **6**: 582.
- [10] Han D X, Wang N, Sun X, *et al.* Biogeographical distribution of bacterial communities in Changbai Mountain, Northeast China [J]. *Microbiologyopen*, 2018, **7**(2): e00529.
- [11] Liu D, Wu X, Shi S L, *et al.* A hollow bacterial diversity pattern with elevation in Wolong Nature Reserve, Western Sichuan Plateau[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2016, **16**(10): 2365-2374.
- [12] Baas-Becking L G M. *Geobiologie of inleiding tot de milieukunde* [M]. Netherlands: Van Stockum and Zoon, 1934.
- [13] De Wit R, Bouvier T. 'Everything is everywhere, but, the environment selects'; what did Baas Becking and Beijerinck really say? [J]. *Environmental Microbiology*, 2006, **8**(4): 755-758.
- [14] Yang T, Adams J M, Shi Y, *et al.* Fungal community assemblages in a high elevation desert environment: Absence of dispersal limitation and edaphic effects in surface soil[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, **115**: 393-402.
- [15] Martiny J B H, Bohannan B J M, Brown J H, *et al.* Microbial biogeography: putting microorganisms on the map[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2006, **4**(2): 102-112.
- [16] Shen C C, Xiong J B, Zhang H Y, *et al.* Soil pH drives the spatial distribution of bacterial communities along elevation on Changbai Mountain[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, **57**: 204-211.
- [17] Chen Y L, Xu T L, Veresoglou S D, *et al.* Plant diversity represents the prevalent determinant of soil fungal community structure across temperate grasslands in northern China[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, **110**: 12-21.
- [18] 王振中, 张友梅, 李忠武. 黄山森林生态系统土壤动物群落结构特征及其多样性[J]. *林业科学*, 2009, **45**(10): 168-173.
Wang Z Z, Zhang Y M, Li Z W. Structural characteristics and biodiversity of soil animal community in Huangshan forest systems [J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2009, **45**(10): 168-173.
- [19] 巩劼, 陆林, 晋秀龙, 等. 黄山风景区旅游干扰对植物群落及其土壤性质的影响[J]. *生态学报*, 2009, **29**(5): 2239-2251.
Gong J, Lu L, Jin X L, *et al.* Impacts of tourist disturbance on plant communities and soil properties in Huangshan Mountain scenic area[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2009, **29**(5): 2239-2251.
- [20] Yang A N, Lu L, Zhang N. The diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in the subtropical forest of Huangshan (Yellow Mountain), East-Central China [J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2011, **27**(10): 2351-2358.
- [21] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
Bao S D. *Soil and agricultural chemistry analysis* (3rd ed.) [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
- [22] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986.
- [23] 杨立宾, 隋心, 朱道光, 等. 大兴安岭兴安落叶松林土壤真菌群落特征研究[J]. *中南林业科技大学学报*, 2017, **37**(12): 76-84.
Yang L B, Sui X, Zhu D G, *et al.* Study on fungal communities characteristics of different *Larix gmelini* forest types in cold temperate zone [J]. *Journal of Central South University of Forestry & Technology*, 2017, **37**(12): 76-84.
- [24] 乔沙沙, 周永娜, 刘晋仙, 等. 关帝山针叶林土壤细菌群落结构特征[J]. *林业科学*, 2017, **53**(2): 89-99.
Qiao S S, Zhou Y N, Liu J X, *et al.* Characteristics of soil bacterial community structure in coniferous forests of Guandi Mountains[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2017, **53**(2): 89-99.
- [25] 李相楹, 张维勇, 刘峰, 等. 不同海拔高度下梵净山土壤碳、氮、磷分布特征[J]. *水土保持研究*, 2016, **23**(3): 19-24.
Li X Y, Zhang W Y, Liu F, *et al.* The distribution characteristics of soil carbon, nitrogen, phosphorus at different altitudes in Fanjingshan Mountain [J]. *Research of Soil and Water Conservation*, 2016, **23**(3): 19-24.
- [26] 刘月华, 位晓婷, 钟梦莹, 等. 甘南高寒草甸草原不同海拔土壤理化性质分析[J]. *草原与草坪*, 2014, **34**(3): 1-7.
Liu Y H, Wei X T, Zhong M Y, *et al.* Analysis on the soil physicochemical properties of alpine meadow at different altitudes in Gannan[J]. *Grassland and Turf*, 2014, **34**(3): 1-7.
- [27] 秦松, 樊燕, 刘洪斌, 等. 地形因子与土壤养分空间分布的相关性研究[J]. *水土保持研究*, 2008, **15**(1): 46-49, 52.
Qin S, Fan Y, Liu H B, *et al.* Study on the relations between topographical factors and the spatial distributions of soil nutrients [J]. *Research of Soil and Water Conservation*, 2008, **15**(1): 46-49, 52.
- [28] 王平, 任宾宾, 易超, 等. 轿子山自然保护区土壤理化性质垂直变异特征与环境因子关系[J]. *山地学报*, 2013, **31**(4): 456-463.
Wang P, Ren B B, Yi C, *et al.* The correlation between soil characteristics and environmental factors along altitude gradient of

- Jiaozi Mountain Nature Reserve[J]. Mountain Research, 2013, **31**(4): 456-463.
- [29] Liu G M, Zhang X C, Wang X P, *et al.* Soil enzymes as indicators of saline soil fertility under various soil amendments [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2017, **237**: 274-279.
- [30] Chang E H, Chen T H, Tian G, *et al.* The effect of altitudinal gradient on soil microbial community activity and structure in moso bamboo plantations[J]. Applied Soil Ecology, 2016, **98**: 213-220.
- [31] 曹瑞, 吴福忠, 杨万勤, 等. 海拔对高山峡谷区土壤微生物生物量和酶活性的影响[J]. 应用生态学报, 2016, **27**(4): 1257-1264.
- Cao R, Wu F Z, Yang W Q, *et al.* Effects of altitudes on soil microbial biomass and enzyme activity in alpine-gorge regions [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2016, **27**(4): 1257-1264.
- [32] 斯贵才, 袁艳丽, 王建, 等. 藏东南森林土壤微生物群落结构与土壤酶活性随海拔梯度的变化[J]. 微生物学通报, 2014, **41**(10): 2001-2011.
- Si G C, Yuan Y L, Wang J, *et al.* Microbial community and soil enzyme activities along an altitudinal gradient in Sejila mountains [J]. Microbiology China, 2014, **41**(10): 2001-2011.
- [33] Siles J A, Margesin R. Abundance and diversity of bacterial, archaeal, and fungal communities along an altitudinal gradient in alpine forest soils: what are the driving factors? [J]. Microbial Ecology, 2016, **72**(1): 207-220.
- [34] Zheng H F, Lin Y, Zhang J, *et al.* Factors influencing soil enzyme activity in China's forest ecosystems[J]. Plant Ecology, 2018, **219**(1): 31-44.
- [35] Zhang Y G, Cong J, Lu H, *et al.* Soil bacterial diversity patterns and drivers along an elevational gradient on Shennongjia Mountain, China[J]. Microbial Biotechnology, 2015, **8**(4): 739-746.
- [36] Xiao L, Liu G B, Xue S. Effects of vegetational type and soil depth on soil microbial communities on the Loess Plateau of China [J]. Archives of Agronomy and Soil Science, 2016, **62**(12): 1665-1677.
- [37] He Z, Van Nostrand J D, Deng Y, *et al.* Development and applications of functional gene microarrays in the analysis of the functional diversity, composition, and structure of microbial communities [J]. Frontiers of Environmental Science & Engineering in China, 2011, **5**(1): 1-20.
- [38] Zi H B, Hu L, Wang C T, *et al.* Responses of soil bacterial community and enzyme activity to experimental warming of an alpine meadow[J]. European Journal of Soil Science, 2018, **69**(3): 429-438.
- [39] Lauber C L, Hamady M, Knight R, *et al.* Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2009, **75**(15): 5111-5120.
- [40] Nottingham A T, Turner B L, Whitaker J, *et al.* Temperature sensitivity of soil enzymes along an elevation gradient in the Peruvian Andes [J]. Biogeochemistry, 2016, **127**(2-3): 217-230.
- [41] 马转转, 乔沙沙, 曹苗文, 等. 环境选择和扩散限制驱动温带森林土壤细菌群落的构建[J]. 应用生态学报, 2018, **29**(4): 1179-1189.
- Ma Z Z, Qiao S S, Cao M W, *et al.* Environmental selection and dispersal limitation drive the assemblage of bacterial community in temperate forest soils [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2018, **29**(4): 1179-1189.
- [42] Xiao S H, You H M, You W B, *et al.* Rhizosphere and bulk soil enzyme activities in a *Nothofagus longibracteata* forest in the Tianbaoyan National Nature Reserve, Fujian Province, China [J]. Journal of Forestry Research, 2017, **28**(3): 521-528.
- [43] Lin Y T, Whitman W B, Coleman D C, *et al.* Changes of soil bacterial communities in bamboo plantations at different elevations [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2015, **91**(5): fiv033.
- [44] Landesman W J, Nelson D M, Fitzpatrick M C. Soil properties and tree species drive β -diversity of soil bacterial communities [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, **76**: 201-209.
- [45] 乔沙沙, 周永娜, 柴宝峰, 等. 关帝山森林土壤真菌群落结构与遗传多样性特征[J]. 环境科学, 2017, **38**(6): 2502-2512.
- Qiao S S, Zhou Y N, Chai B F, *et al.* Characteristics of fungi community structure and genetic diversity of forests in Guandi Mountains [J]. Environmental Science, 2017, **38**(6): 2502-2512.

CONTENTS

Influence of Mountain Valley Breeze and Sea Land Breeze in Winter on Distribution of Air Pollutants in Beijing-Tianjin-Hebei Region	LI Qing-chun, LI Ju, ZHENG Zuo-fang, <i>et al.</i> (513)
A Method of Aerosol Particle Number Size Distribution Inversed by PM _{2.5} Mass Concentration in PRD	LI Fei, TAN Hao-bo, DENG Xue-jiao, <i>et al.</i> (525)
Light Absorption and Fluorescence Characteristics of Atmospheric Water-soluble Organic Compounds and Humic-like Substances During the Winter Season in Guangzhou	FAN Xing-jun, YU Xu-fang, CAO Tao, <i>et al.</i> (532)
Source Apportionment and Health Risk Quantification of Heavy Metals in PM _{2.5} in Yangzhou, China	DONG Shi-hao, XIE Yang, HUANGFU Yan-qi, <i>et al.</i> (540)
Pollution Characteristics and Source Analysis of <i>n</i> -alkanes and Saccharides in PM _{2.5} During the Winter in Liaohe City	LIU Xiao-di, MENG Jing-jing, HOU Zhan-fang, <i>et al.</i> (548)
Pollution Characteristics, Dry Deposition Fluxes, and Sources for Atmospheric Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in the Bosten Lake Watershed	SONG Shi-jie, HUANG Tao, ZHAO Liu-yuan, <i>et al.</i> (558)
Distribution Characteristics of Antibiotic Resistance Genes in PM _{2.5} of a Concentrated Broiler Feeding Operation	LIU Fei, XU Xia, TU Bo-wen, <i>et al.</i> (567)
Effects of Water Vapor Source and Local Evaporation on the Stable Hydrogen and Oxygen Isotopic Compositions of Precipitation	HU Yong-bo, XIAO Wei, QIAN Yu-fei, <i>et al.</i> (573)
Characteristics of Nitrogen and Phosphorus Formation in Atmospheric Deposition in Dianchi Lake and Their Contributions to Lake Loading ...	REN Jia-guo, JIA Hai-bin, JIAO Li-xin, <i>et al.</i> (582)
Temporal-spatial Distribution of Nitrogen and Phosphorus Nutrients in Lake Taihu Based on Geostatistical Analysis	LÜ Wei-wei, YAO Xin, ZHANG Bao-hua, <i>et al.</i> (590)
Effects of Cyanobacterial Blooms in Eutrophic Lakes on Water Quality of Connected Rivers	YU Mao-lei, HONG Guo-xi, XU Hai, <i>et al.</i> (603)
Contamination and Potential Ecological Risk Assessment of Heavy Metals in the Sediments of Yilong Lake, Southwest China	LI Xiao-lin, LIU En-feng, YU Zhen-zhen, <i>et al.</i> (614)
Temporal and Spatial Characteristics of Heavy Metals in Suspended Particulate Matter in Pearl River Estuary and Its Influencing Factors	DU Jia, WANG Yong-hong, HUANG Qing-hui, <i>et al.</i> (625)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Microorganism Pollutions in the Beiyun River	CHEN Lei, LI Lei-fang, ZHI Xiao-sha, <i>et al.</i> (633)
Speciation and Transformation of Phosphorus in Sediments During the Redox Cycle	HAO Wen-chao, WANG Cong-feng, YANG Zheng-jian, <i>et al.</i> (640)
Effect of Magnetic Zirconium/Iron-Modified Bentonite Addition on Phosphorus Mobilization and Species Transformation in River Sediments	WANG Yan, LIN Jian-wei, ZHAN Yan-hui, <i>et al.</i> (649)
Influence of Calcium Ion Pre-treatment on Phosphate Adsorption onto Magnetic Zirconium/Iron-modified Bentonite	ZHAO Yu-ying, LIN Jian-wei, ZHANG Hong-hua, <i>et al.</i> (658)
Effect of Nitrogen on Magnesium Modified Biochar Adsorption to Phosphorus	ZHI Meng-meng, WANG Peng-fei, HOU Ze-ying, <i>et al.</i> (669)
Removal Performance and Mechanism for Treating Phosphorus in Agricultural Wastewater by Three Adsorbents	WU Lu, LIU Feng, LONG Rui, <i>et al.</i> (677)
Photolysis Mechanism of <i>p</i> -Nitrophenol by Nitrocellulose Membrane in Aqueous Solution	DAI Zhi-feng, ZHAO Tong-qian, YIN Yong-guang, <i>et al.</i> (685)
Preparation of ZnTiO ₃ /TiO ₂ Photocatalyst and Its Mechanism on Photocatalytic Degradation of Organic Pollutants	ZHANG Wen-hai, JI Qing-hua, LAN Hua-chun, <i>et al.</i> (693)
Adsorption and Photocatalytic Removal of Chromium on High-index TiO ₂ Facet	ZHONG De-jian, ZHANG Jian-feng, LI Yao, <i>et al.</i> (701)
Reduction Cooperated Fenton Oxidation of Zero-valent Iron (ZVI) Immobilized in Alginate Microsphere for Degradation of Acid Red B	ZHANG Huan, LI Shuang-shuang, WEI Jun-fu, <i>et al.</i> (708)
Mechanism of Removing Iron and Manganese from Drinking Water Using Manganese Ore Sand and Quartz Sand as Filtering Material	CAI Yan-an, BI Xue-jun, ZHANG Jia-ning, <i>et al.</i> (717)
Preparation of Sulfonated Graphene Oxide Modified Composite Nanofiltration Membrane and Application in Salts Separation	ZHANG Yan-jun, ZHANG Shao-feng, ZHAO Chang-wei, <i>et al.</i> (724)
Purification Efficiency and Mechanism of Integrated Al Salt Flocculation-ultrafiltration Membrane Process	XUE Wen-jing, LI Wen-jiang, LIU Juan, <i>et al.</i> (730)
Threshold Flux and Membrane Fouling Analysis of the Hybrid Pre-ozonation and CNTs Membrane Modification Process	WANG Kai-lun, LIU Fang, GUAN Yu-qi, <i>et al.</i> (738)
Distribution and Removal of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons and Their Derivatives in SBR/MBBR Process	LIU Shu-hui, TIAN Wei-jun, ZHOU Jian-ren, <i>et al.</i> (747)
Biological Nitrogen Removal Process in a Microbubble-aerated Biofilm Reactor Treating Low C/N Wastewater	LIU Chun, WANG Cong-cong, CHEN Xiao-xuan, <i>et al.</i> (754)
Treatment of Simulated Saline Wastewater from the Coal Chemical Industry Using Ecological Floating Beds Enhanced with Arbuscular Mycorrhiza	DOU Wen-qing, HE Hao, SONG Wen-ping, <i>et al.</i> (761)
Nitrification and Bioaugmentation of Biological Treatment System of Sewage Treatment Plant at High Temperature in Summer	SONG Tian-wei, SHENG Xiao-lin, WANG Jia-de, <i>et al.</i> (768)
Characteristics of Ammonia Adsorption and Kinetics by Nitrifying Sludge Immobilized Pellets	YU De-shuang, LÜ Ting-ting, CHEN Guang-hui, <i>et al.</i> (774)
Nitrite Accumulation Characteristics of Partial Denitrification in Different Sludge Sources Using Sodium Acetate as Carbon Source	BI Chun-xue, YU De-shuang, DU Shi-ming, <i>et al.</i> (783)
Operating Characteristics of a DPR-SNED System Treating Low C/N Municipal Wastewater and Nitrate-containing Sewage	DU Shi-ming, YU De-shuang, BI Chun-xue, <i>et al.</i> (791)
Simultaneous Nitrification and Denitrifying Phosphorus Removal in Continuous Flow Reactor with Intermittent Aeration	ZHAO Zhi-chao, HUANG Jian-ming, LI Jian, <i>et al.</i> (799)
Start-up and Stable Operation of ABR-MBR Denitrifying Phosphorus Removal Process	WEI Jia-min, JIANG Zhi-yun, CHENG Cheng, <i>et al.</i> (808)
Effect of Influent C/N Ratio on the Nutrient Removal Characteristics of SNEDPR Systems	DU Ye-qi, YU De-shuang, ZHEN Jian-yuan, <i>et al.</i> (816)
Carbon and Nitrogen Removal Characteristics of ABR Decarbonization-CANON Coupling Process	LI Tian, YIN Wen, WANG Xin-zhu, <i>et al.</i> (823)
Effect of Aeration Density on Start-up of CANON Process	LI Dong, GAO Xue-jian, ZHANG Jie, <i>et al.</i> (829)
Adjusting Temperature and Settling Time to Achieve ANAMMOX Particles Rapid Start-up and Stable Operation	LI Hai-ling, LI Dong, ZHANG Jie, <i>et al.</i> (837)
Effect of C/N and Sludge Concentration on the pH-Regulated Nitrification System	ZHANG Min, WEI Jia-min, HUANG Hui-min, <i>et al.</i> (845)
Growth Features of Water Supply Pipeline Biofilms Based on Active Microorganisms	WANG Yang, ZHU Bin, TONG Jun, <i>et al.</i> (853)
Elevational Distribution Characteristics of Soil Bacterial Community and Enzyme Activities in Mount Huangshan	YAO Lan, HU Li-huang, ZHANG Huan-chao, <i>et al.</i> (859)
Microbial Community Structure Shift during Bioremediation of Petroleum Contaminated Soil Using High Throughput Sequencing	QI Yan-yun, WU Man-li, ZHU Chang-cheng, <i>et al.</i> (869)
Effect of Nitrification on N ₂ O Emissions and Their Environmental Factors in Saline-alkali Wetlands	YANG Qu, GAO Wei-feng, LIU Feng-qin, <i>et al.</i> (876)
Effect of Long-term Dairy Manure Amendment on N ₂ O and NO Emissions from Summer Maize-Winter Wheat Cropping Systems	NIE Huang-hua, ZHANG Jia-sheng, HE Zhou-ming, <i>et al.</i> (885)
Effects of Plastic Film Mulching and Nitrogen Fertilizer Application on N ₂ O Emissions from a Vegetable Field	NI Xue, HAO Qing-ju, CHEN Shi-jie, <i>et al.</i> (893)
Differences and Relationship Between Rhizosphere Characteristics and Methane Emissions of Double-cropping Rice Variety	XIAO Zhi-xiang, FU Zhi-qiang, XU Hua-qin, <i>et al.</i> (904)
Effect of Long-Term Biochar Application on Soil Respiration in Flue-Cured Tobacco Planting Fields in Henan Province	LI Ya-sen, DING Song-shuang, YIN Quan-yu, <i>et al.</i> (915)
Spatial Variability in Soil Respiration Under Different Land Use Patterns in Maocun Village, Guilin	DING Meng-kai, HU Xiao-nong, CAO Jian-hua, <i>et al.</i> (924)
Spatiotemporal Variability and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in a Industrially Developed City	LI Feng, LIU Si-yuan, LI Yan, <i>et al.</i> (934)
Effects of Bentonite on Chemical Forms and Bioavailability of Heavy Metals in Different Types of Farmland Soils	LIN Hai, JIN Xiao-na, DONG Ying-bo, <i>et al.</i> (945)
Characteristics of Soil Organic Carbon and Mineralization with Different Stands in Jinyun Mountain	CHEN Shi-qi, LÜ Sheng, GAO Ming, <i>et al.</i> (953)
Contribution of Root Biomass to Soil Organic Carbon Under Complex Landforms Conditions	ZHANG Yan-jun, GUO Sheng-li, <i>et al.</i> (961)
Transformation and Distribution of Soil Organic Carbon and the Microbial Characteristics in Response to Different Exogenous Carbon Input Levels in Paddy Soil	WANG Ji-fei, TONG Yao-yao, ZHU Zhen-ke, <i>et al.</i> (970)
Analysis of Heavy Metal Pollution and Ecological Risk Assessment on Vegetation Leaves in Baoji City	ZHANG Jun-hui, LIN Qing, JIANG Shan, <i>et al.</i> (978)
Effect of Biochar on Available Heavy Metals During Sewage Sludge Composting and Land Application of Compost	ZHOU Ji, YU Ya-wei, JIANG Yue, <i>et al.</i> (987)
Influence of Sludge Retention Time on the Performance and Stability of Mesophilic Anaerobic Co-digestion of Food Waste with Waste Activated Sludge	YUAN Hong-lin, MA Jing, XING Bao-shan, <i>et al.</i> (994)
Performance of Treating Straw and Animal Manure Mixture by an Integrated Process of Thermo-alkali-bi-enzyme Hydrolysis-anaerobic Digestion and Conditions of High Methane Yield	BIAN Ai-qin, YUAN Ye, ZHANG Lu-lu, <i>et al.</i> (1003)