

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.5
第40卷 第5期

目次

2016年10~11月期间北京市大气颗粒物污染特征与传输规律 张晗宇,程水源,姚森,王晓琦,张俊峰(1999)
餐饮排放有机颗粒物的质量浓度、化学组成及排放因子特征 王红丽,景盛翱,乔利平(2010)
泰山顶(1534 m)夏季气溶胶粒径分布特征 沈利娟,王红磊,银燕,陈魁,陈景华,施双双(2019)
郑州-新乡冬季PM_{2.5}中元素浓度特征及其源分析 闫广轩,张朴真,黄海燕,高雅,张靖雯,宋鑫,张佳羽,李怀刚,曹治国,姜继韶,樊静,王跃思,金彩霞(2027)
我国PM_{2.5}浓度分阶段改善目标情景分析 贺晋瑜,燕丽,王彦超,雷宇,汪旭颖(2036)
安阳市典型工业源PM_{2.5}排放特征及减排潜力估算 杜小申,燕丽,贺晋瑜,汪旭颖,王克,张瑞芹(2043)
郑州市典型工业炉窑细颗粒物排放特征及清单 赵庆炎,韩士杰,张轶舜,杨留明,张瑞芹,燕启社(2052)
2015年南京市城区挥发性有机物组成特征及大气反应活性 乔月珍,陈凤,赵秋月,刘倩(2062)
兰州市化石燃料燃烧源排放VOCs的臭氧及二次有机气溶胶生成潜势 刘镇,朱玉凡,郭文凯,刘晓,陈强(2069)
12种常见落叶果树BVOCs排放清单和排放特征 李双江,袁相洋,李琦,冯兆忠(2078)
我国典型陆地生态系统水化学离子特征及空间分布 黄丽,张心昱,袁国富,朱治林,唐新斋,孙晓敏(2086)
我国典型区域地表水环境中抗生素污染现状及其生态风险评价 刘昔,王智,王学雷,李珍,杨超,厉恩华,位慧敏(2094)
我国七大流域水体多环芳烃的分布特征及风险评价 范博,王晓南,黄云,李霖,高祥云,李雯雯,刘征涛(2101)
大连海域入海污染源中PFASs的赋存、输入通量和季节特征 陈虹,韩建波,张灿,程嘉熠(2115)
干旱内陆河流域降水稳定同位素的时空特征及环境意义 袁瑞丰,李宗省,蔡玉琴,邹海明(2122)
柳林泉域岩溶地下水区域演化规律及控制因素 黄奇波,覃小群,刘朋雨,程瑞瑞,李腾芳(2132)
崇左响水地区岩溶地下水主要离子特征及控制因素 周巾枚,蒋忠诚,徐光黎,覃小群,黄奇波,张连凯(2143)
三峡水库水体溶解磷与颗粒磷的输移转化特征分析 秦延文,韩超南,郑丙辉,马迎群,杨晨晨,刘志超,张雷,赵艳民(2152)
三峡水库蓄水至175 m后干流沉积物磷蓄积特征及释放潜力 黎睿,潘婵娟,汤显强,肖尚斌,李青云,杨文俊(2160)
不同水期洞庭湖水体中磷分布特征及影响因素 李莹杰,王丽婧,李虹,欧阳美凤(2170)
巢湖十五里河沉积物磷平衡浓度对外源磷的响应及释放风险 李如忠,鲍琴,戴源(2178)
闽江上游溪流沉积物有机磷空间分布及其环境意义分析 徐健,袁旭音,叶宏萌,张晓辉,周慧华,韩年(2186)
生态工程综合治理系统对农业小流域氮磷污染的治理效应 蒋倩文,刘锋,彭英湘,王华,姚燃,李红芳,罗沛,刘新亮,吴金水(2194)
太湖流域河流沉积物重金属分布及污染评估 张杰,郭西亚,曾野,邓建才(2202)
三峡水库支流汝溪河口水体汞的时空变化特征 马尉斌,陈秋禹,尹德良,孙涛,王永敏,王定勇(2211)
多功能型城市人工湿地水体汞分布特征及其量变分析 刘伟豪,王永敏,樊宇飞,吕东威,王定勇(2219)
不同类型城市人工湿地水体汞的分布特征 樊宇飞,刘伟豪,孙涛,苑萌,吕东威,李先源,王永敏,王定勇(2226)
微塑料对河口沉积物抗生素抗性基因的影响 黄福义,杨凯,张子兴,苏建强,朱永官,张娟(2234)
上海市郊道路地表径流多环芳烃污染特征对比及源解析 吴杰,熊丽君,吴健,沙晨燕,唐浩,林匡飞,李大雁,沈城(2240)
异龙湖不同湖区浮游植物群落特征及其与环境因子的关系 王振方,张玮,杨丽,徐玉萍,赵凤斌,王丽卿(2249)
水库热分层期藻类水华与温跃层厌氧成因分析 刘雪晴,黄廷林,李楠,杨尚业,李扬,徐进,王涵玥(2258)
绿狐尾藻对铜绿微囊藻和羊角月牙藻的抑藻效应 毕业亮,吴诗敏,周思宁,吴尚华,宿辉,白志辉,徐圣君(2265)
紫外/亚硫酸钠还原降解三氯乙酰胺的效能 伏芝萱,郭迎庆,楚文海(2271)
UV降解水溶液中拉法辛的影响因素及机制 吕娟,许志伟,王言(2278)
铝代水铁矿协同吸附砷的机制 黄博,郭朝晖,肖细元,彭驰,朱惠文,史磊,阳安迪(2287)
新型材料磁性氧化铁的除氯效能 方文侃,李小娣,方菁,吴德意(2295)
羧基改性阴极对微生物电合成系统产乙酸性能的影响机制 祁家欣,曾翠平,骆海萍,刘广立,张仁铎,卢耀斌(2302)
基于分区供氧与溶解氧调控的低C/N比污水短程硝化反硝化 吴春雷,荣懿,刘晓鹏,史会欣,章武首,金鹏康,马文伟(2310)
不同COD浓度下低基质厌氧氨氧化的启动特征 马艳红,赵智超,安芳娇,黄利,师晓娟,慕浩,陈永志(2317)
15°C SBBR短程硝化快速启动和稳定运行性能 孙艺齐,卞伟,李军,赵青,王文啸,梁东博,吴耀东(2326)
长期低聚磷条件对AO-SBR系统Accumulibacter代谢特性的影响 王少坡,李柱,赵乐丹,于静洁,赵明,郑胜达,孙力平(2333)
厌氧氨氧化颗粒污泥EPS及其对污泥表面特性的影响 杨明明,刘子涵,周杨,祁菁,赵凡,郭劲松,方芳(2341)
HN-AD菌生物强化接触氧化工艺处理猪场沼液 刘向阳,张千,吴恒,李宸,唐健泓,封丽,肖芃颖,赵天涛(2349)
温度对自养型同步脱氮工艺处理猪场废水厌氧消化液性能及微生物群落的影响 黄方玉,邓良伟,杨红男,杨含,肖友乾,王兰(2357)
城市污水处理系统真核微生物群落特性与地域性差异 秦文韬,张冰,孙晨翔,陈湛,文湘华(2368)
三江平原湿地开垦对土壤微生物群落结构的影响 王娜,高婕,魏静,刘颖,庄绪亮,庄国强(2375)
亚高山湖群中真菌群落的分布格局和多样性维持机制 刘晋仙,李鑫,罗正明,王雪,暴家兵,柴宝峰(2382)
生物质炭对双季稻田土壤反硝化功能微生物的影响 刘杰云,邱虎森,王聪,沈健林,吴金水(2394)
地膜覆盖和施氮对菜地CH₄排放的影响 倪雪,江长胜,陈世杰,李晓茜,石孝均,郝庆菊(2404)
亏缺灌溉对冬小麦农田温室气体排放的影响 王晓云,蔡焕杰,李亮,徐家屯,陈慧(2413)
不同施肥模式对热区晚稻田CH₄和N₂O排放的影响 田伟,伍延正,汤水荣,胡玉麟,赖倩倩,文冬妮,孟磊,吴川德(2426)
周期性变温对紫色土有机碳矿化的影响 曾蔓蔓,慈思,樊晶晶,李江文,翁昊璐,李松(2435)
广西高镉异常区水田土壤Cd含量特征及生态风险评价 宋波,王佛鹏,周浪,吴勇,庞瑞,陈同斌(2443)
超富集植物藿香蓟(Ageratum conyzoides L.)对镉污染农田的修复潜力 张云霞,宋波,宾娟,周子阳,陈记玲,陈同斌(2453)
种植油菜评价多环芳烃污染土壤的农用风险 焦海华,郭佳佳,张婧旻,张晓霞,茹文明,白志辉(2460)
土壤重金属累积对土地利用与景观格局的响应 舒心,李艳,李锋,冯靖仪,沈嘉瑜,史舟(2471)
某区生活垃圾焚烧发电厂周边及厂区内土壤中重金属元素的污染特征及评价 吕占禄,张金良,陆少游,邹天森,刘凯,张晗,谷亚亚(2483)

《环境科学》征订启事(2018) 《环境科学》征稿简则(2042) 信息(2114, 2348, 2393)

三江平原湿地开垦对土壤微生物群落结构的影响

王娜^{1,2}, 高婕^{1,2*}, 魏静^{1,2}, 刘颖^{1,3}, 庄绪亮^{1,2}, 庄国强^{1,2}

(1. 中国科学院生态环境研究中心, 中国科学院环境生物技术重点实验室, 北京 100085; 2. 中国科学院大学资源与环境学院, 北京 101408; 3. 中国科学技术大学生命科学学院, 合肥 230026)

摘要: 过度开垦会导致湿地生态系统的快速退化, 湿地土壤微生物能够敏感地反映湿地土壤质量及湿地生态系统功能的演变. 为研究土地利用变化对湿地微生物群落结构的影响, 以黑龙江抚远三江湿地保护区为研究对象, 采集其中的原始泥炭湿地、开垦后改种豆科植物及水稻的3种湿地土壤. 采用基于细菌16S rRNA基因的高通量测序技术研究上述土壤细菌的群落结构, 并探讨其与土壤环境因子间的关系. 结果表明, 不同土地利用方式湿地土壤中的优势菌门均为变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)及酸杆菌门(Acidobacteria), 但土地利用方式明显改变了湿地土壤细菌属的组成. 改种豆科植物土壤中 *Blastocatella*、*Coxiella*、*Rickettsia* 丰度较高, 水稻田土中 *Massilia*、*Nitrosomonas*、*Bradyrhizobium* 聚集较多, 而泥炭湿地中含较高丰度的 *Rhizomicrobium*、*Arthrobacter*、*Bacillus*. 结合 Chao 值与 Shannon 指数, 水稻田土微生物多样性高于改种豆科植物土壤及泥炭湿地土壤, 而后两种土壤细菌群落多样性则未见明显差异. 相关性分析表明, 土壤 pH 及含水率是影响微生物群落组成的重要驱动因子, 说明湿地土壤开垦后改变了土壤 pH、含水率及土壤养分, 从而对微生物群落结构产生影响.

关键词: 三江湿地; 土地开垦; 高通量测序; 微生物群落; 环境因子

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2019)05-2375-07 DOI: 10.13227/j.hjxx.201809204

Effects of Wetland Reclamation on Soil Microbial Community Structure in the Sanjiang Plain

WANG Na^{1,2}, GAO Jie^{1,2*}, WEI Jing^{1,2}, LIU Ying^{1,3}, ZHUANG Xu-liang^{1,2}, ZHUANG Guo-qiang^{1,2}

(1. CAS Key Laboratory of Environmental Biotechnology, Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China, 2. College of Resources and Environment, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 101408, China, 3. School of Life Sciences, University of Science and Technology of China, Hefei 230026, China)

Abstract: Excessive reclamation leads to rapid degradation of wetland ecosystems. Microbial changes in wetland soils under the influence of human activities can sensitively indicate degradation of soil quality and ecosystem functions. To study the effects of different land use patterns on microbial community structure of wetlands, the Sanjiang Wetland Protected Area of Fuyuan, Heilongjiang Province, was selected as the research area. Soil samples were collected from replanting legume crop area, rice wetland, and primitive peat wetland. Then, the bacterial community structure in the soil was investigated with high-throughput sequencing based on the 16S rRNA gene. The relationship between bacterial community and environmental factors was further explored. The results indicated that, based on the bacterial phylum, there are no significant differences between the microbial community structures of soils under different land use patterns. Nevertheless, at the genus level, higher abundance of *Blastocatella*, *Coxiella*, and *Rickettsia* were detected in the legume rhizospheric soil. In the paddy soil, the relative abundances of *Massilia*, *Nitrosomonas*, and *Bradyrhizobium* are higher, while in the peatland soil, the higher contents are of *Rhizomicrobium*, *Arthrobacter*, and *Bacillus*. The results of Chao1 and Shannon index indicate that the microbial diversity of the paddy soil was higher than in the legume rhizospheric soil and peatland soils. However, no significant differences on bacterial diversity between the legume rhizospheric soil and peatland soils were observed. The results of the correlation analysis indicate that soil reclamation triggers a shift in microbial community mainly because of its influence on soil pH, moisture, and nutrients.

Key words: Sanjiang wetland; soil reclamation; high-throughput sequencing; microbial community; environmental factors

湿地生态系统(wetland ecosystem)是湿地植物、栖息于湿地的动物、微生物及其环境组成的统一整体. 由于湿地生态系统兼具水生环境和陆生环境双重特性, 是全球生态和社会价值最高的生态系统^[1]. 湿地的资源丰富性和复杂性, 使其对生态系统平衡、气候调节等方面具有重要意义^[2], 因此有“地球之肾”之称. 近年来, 由于自然环境条件变化、人类活动扰动或者两者兼而有之, 大面积的湿地退化严重^[3]. 湿地退化主要是指由于人类活动的

破坏, 导致湿地一种或多种功能受损、减弱或破坏^[4]. 与自然湿地生态系统相比, 退化湿地系统通常表现出湿地面积减少、物种多样性丧失、生物生产量下降等生态恶化现象^[5~7].

收稿日期: 2018-09-27; 修订日期: 2018-12-05

基金项目: 国家重点研发计划项目(2016YFC0500401, 2017YFC0505803-01)

作者简介: 王娜(1994~), 女, 博士研究生, 主要研究方向为环境微生物学, E-mail: zang09220601@163.com

* 通信作者, E-mail: jiecao@rcees.ac.cn

在湿地生态系统中,土壤微生物通过复杂的代谢活动产生能量,同化营养元素,是湿地功能的关键承担者,在元素循环、物质转化、能量流动及生态修复等生态过程中发挥着不可替代的作用^[8,9],微生物的活动对湿地生态系统的功能是至关重要的^[10].有研究表明,微生物作为湿地生态系统物质循环与转化的重要驱动力,其群落数量的变化可作为表征生境与生物演变的重要指标^[11-14].

目前,有关我国农田或森林生态系统土壤微生物功能的研究较多,但是对湿地生态系统的相关研究相对缺乏^[15].湿地土壤微生物群落在人类活动的影响下将如何变化,从而如何影响湿地生态系统结构和功能,都需要进一步研究.因此探讨土地利用变化导致的湿地土壤微生物群落演替,对了解湿地土壤质量演变特征及深入探讨湿地生态系统结构和功能,进而有效保护湿地生态系统具有重要意义.

本文通过选取开垦后改种豆科植物的湿地土壤、水稻田土壤及原始泥炭湿地土壤作为研究对象,通过高通量测序技术及土壤环境要素相关性分析,探讨三江平原退化湿地的土壤微生物群落特征,旨在为阐明湿地退化的生物地球化学过程及其

中微生物活动机制提供重要的基础资料和信息依据.

1 材料与方法

1.1 土样采集

黑龙江三江平原湿地保护区位于黑龙江及乌苏里江交汇处,是一个以泥炭沼泽湿地为主要保护对象地自然保护区.泥炭沼泽湿地一般是指有机碳含量大于 12% 的土壤,是湿地资源的重要组成部分,也是陆地生态系统中的重要碳库.本研究所用土壤采集于三江湿地保护区内,根据不同土地利用方式,湿地退化程度,共选取 3 个采样点,分别为 PW:泥炭湿地土壤(47°29'42"N, 134°25'30"E);SS:种植大豆土壤(48°04'4.08"N, 134°32'06"E);PS:水稻土(47°29'49.20"N, 134°24'39.6"E).于 2016 年 11 月,多点采集各样点表层土壤,采集到的样品分装于自封袋中,放于采样箱中运回.采集样点具体信息见图 1.图 1(a)红点分别代表位于黑龙江抚远三江湿地的 3 个采样点;图 1(b)~1(d)为采样点放大示意,依次为改种豆科植物土壤(SS)、泥炭湿地土壤(PW)、水稻田土(PS).

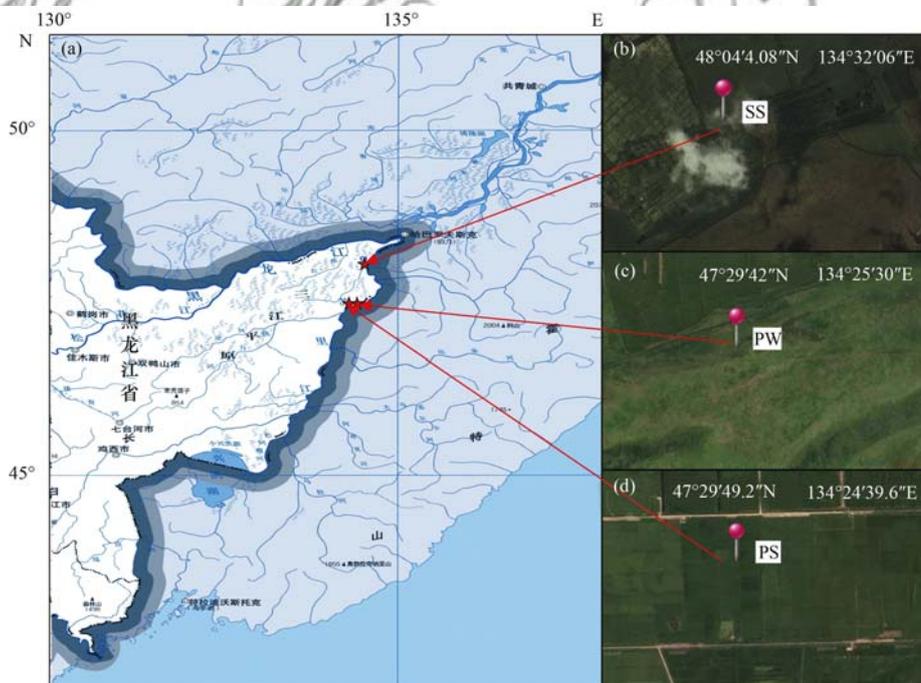


图 1 三江湿地保护区及采样点分布示意

Fig. 1 Map of the Sanjiang wetland protection area and distribution of the sampling sites

1.2 土壤基本理化性质测定

分别测定采集土壤样品的 pH、总碳、总氮、总磷和含水率 5 项理化性质.土壤 pH 使用电位法测定^[16],按水:土比 2.5:1 的比例配制悬液,静置 30min,使用校正过的 pH 计测定悬液的 pH 值;总碳采用元素分析法测定;总氮采用凯氏法测定;含

水率采用烘干法进行测定.以上 5 项理化性质的测定均按照国标进行.

1.3 土壤 DNA 提取及测序

本研究土壤样品 DNA 的提取,采用 Fast DNA[®] SPIN Kit for Soil (MP Biomedicals, USA) 试剂盒进行.提取步骤参照试剂盒说明书进行.提取

得到的总 DNA, 采用 (Nanodrop 2000) 测定浓度及纯度, 保存于 -20°C . 细菌 16S rRNA 基因 V3-V4 区的扩增采用细菌 16S rRNA 通用引物^[17] 341F: 5'-CCTAYGGGRBGCASCAG-3' 和 806R: 5'-GGACTA CNNGGTATCTAAT-3', 合成带有 barcode (6 个核苷酸) 的上述引物进行 PCR 扩增. 反应使用 New England Biolabs 公司的 Phusion[®] High-Fidelity PCR Master Mix with GC Buffer, 和高效高保真酶进行 PCR, 确保扩增效率和准确性. 得到的产物使用 2% 浓度的琼脂糖凝胶进行电泳检测, 对目的条带使用 Qiagen 公司提供的胶回收试剂盒回收产物. 根据所扩增的 16S 区域特点, 基于 Illumina HiSeq 测序平台, 使用 TruSeq[®] DNA PCR-Free Sample Preparation Kit 文库试剂盒进行文库构建, 构建好的文库经过 Qubit 和 Q-PCR 定量, 文库合格后, 使用 HiSeq2500 PE250 进行上机测序.

1.4 测序数据的处理及多样性分析

为了使信息分析的结果更加准确、可靠, 首先采用 QIIME (V1.7.0, http://qiime.org/scripts/split_libraries_fastq.html)^[18] 对原始数据 (raw data) 进行 Reads 拼接、Tags 过滤, 嵌合体去除, 得到有效数据 (clean data). 将有效序列按照 97% 的一致性聚类成为 OTUs (operational taxonomic units), 并采用 SILVA 数据库 (<http://www.arb-silva.de/>)^[19] 对 OTUs 进行注释.

微生物群落 α 多样性采用 Chao1 丰富度估计量 (Chao1 richness estimator)、香农-威纳指数 (Shannon-wiener index) 来表征^[20]. Chao1 可反映样本内丰富度, Shannon-Weiner index 是综合了物种丰

度及物种分布均匀性两方面的多样性指数, 通常 Chao1 及香农-威纳指数越高, 代表样本内物种多样性越高^[21].

1.5 微生物群落组间差异分析

使用 ADONIS, 一种基于距离矩阵 (Bray-Curtis) 的非参数多元方差分析方法^[22], 对分组的统计学意义进行显著性分析. 并采用 LEfSe (LDA Effect Size) 分析方法寻找组间具有统计学差异的 Biomarker^[23], 即组间差异显著的物种.

1.6 CCA 分析

利用 vegan 软件包在 R 语言中, 以基于细菌 OTU 组成及土壤环境因子 (PH、总碳、总氮、总磷及含水率) 的矩阵进行 CCA (canonical correlation analysis) 分析^[24], 以解析不同湿地利用土壤中细菌群落结构与土壤环境因子间的关系.

2 结果与讨论

2.1 土壤理化性质

3 种湿地土壤的理化性质如表 1 所示. 各样本土壤的 pH 均为中性偏酸, 其中, SS 的 pH 值最低, PS 居中, PW 则趋近于中性; 改种豆科植物土壤总氮含量明显高于其他两样本, 可能与施肥及豆科植物固氮有关; 与改种豆科植物土壤 (平均含水率 16.29%) 及水稻田土壤 (平均含水率 17.58%) 相比, 泥炭湿地土壤 (平均含水率为 21.46%) 含水率更高. 可见, 水分含量是湿地退化的敏感指标, 湿地开垦为农田的土壤含水率明显低于泥炭湿地; 而湿地开垦也会导致土壤 pH 的降低. 由于耕作施肥, SS 及 PS 土壤的总氮、总碳和总磷含量均较 PW 有所增加.

表 1 土壤样本基本理化性质¹⁾ (平均值 \pm 标准偏差)

Table 1 Basic physical and chemical properties of soil samples (Mean \pm SD)

项目	pH	总氮/ $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	总碳/ $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	总磷/ $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	含水率/%
SS	6.12 \pm 0.37	3.07 \pm 0.22	12.1 \pm 2.3	2.02 \pm 0.08	16.29 \pm 0.56
PW	6.89 \pm 0.14	1.65 \pm 0.4	11.06 \pm 1.46	1.95 \pm 0.21	21.46 \pm 1.65
PS	6.62 \pm 0.21	1.57 \pm 0.58	12.6 \pm 1.82	2.02 \pm 0.18	17.58 \pm 0.63

1) 表中数据为平均数 \pm 标准偏差, $n=3$

2.2 微生物群落结构分析

通过 Illumina HiSeq 测序平台得到的下机数据 (Raw PE), 经原始处理后, 结果如表 2 所示, 得到有效数据 45 080 ~ 56 860 条, 其中 Q_{20} 和 Q_{30} 都在 96% 以上, 说明获得的数据质量较高, 可用于后续分析.

各土壤样品细菌的 Chao1 和 Shannon 指数如表 3 所示. 可见, 水稻田土微生物群落的多样性略高于泥炭湿地和种植大豆土壤. 可能是因为水稻田干湿交替, 引起土壤结构、养分供给的变化^[25], 好氧

与厌氧环境交替频繁^[26], 微生物群落多样性较高. 而泥炭湿地与种植大豆土壤微生物群落多样性则未见明显差异.

由物种注释结果 (图 2) 可知, 由于土地利用方式发生改变, 微生物优势程度也随之变化. 但总的来说, 3 种土壤样本中的优势菌门均为变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria), 它们可占各样本细菌群落总量的 75% 以上. 这也与已有的土壤微生物群落结构研究结果相符^[27,28].

表 2 数据预处理统计及质控¹⁾

Table 2 Pre-processing statistics and quality control data

项目	Raw PE	Clean Tags	Effective Tags	Base (nt)	Q ₂₀ /%	Q ₃₀ /%	E/%
PS1	75 523	58 913	55 313	22 944 933	98.04	96.01	73.24
PS2	77 118	60 262	56 860	23 561 837	98.09	96.12	73.73
PS3	71 449	55 072	52 693	21 823 287	98.06	96.07	73.75
PW1	65 256	50 982	48 262	19 996 310	98.1	96.11	73.96
PW2	73 962	58 049	56 124	23 267 132	98.1	96.14	75.88
PW3	64 663	50 602	45 255	18 744 531	98.05	96.00	69.99
SS1	77 571	60 339	53 414	22 255 794	98.16	96.31	68.86
SS2	60 047	46 956	45 080	18 703 971	98.09	96.14	75.07
SS3	75 223	59 003	56 493	23 402 189	98.13	96.19	75.1

1) Raw PE 表示原始下机的 PE reads; Clean Tags 是指 Tags 过滤低质量和短长度后的序列; Effective Tags 是指过滤嵌合体后, 最终用于后续分析的 Tags 序列; Base 是指最终 Effective Data 的碱基数目, nt 表示 nucleotide, 代表核苷酸数/碱基数; Q₂₀ 和 Q₃₀ 是指 Effective Tags 中碱基质量值大于 20(测序错误率小于 1%) 和 30(测序错误率小于 0.1%) 的碱基所占的百分比; E 表示 Effective Tags 的数目与 Raw PE 数目的百分比

表 3 样品 α 多样性¹⁾ (平均值 ± 标准偏差)

Table 3 Values of α-diversity in bacterial communities of soil samples (Mean ± SD)

指数	SS	PS	PW
Shannon	8.81 ± 0.86	9.36 ± 0.14	9.11 ± 0.18
Chao1	2 920.9 ± 300.52	3 162.14 ± 78.05	3 029.4 ± 348.19

1) 表中数据为平均数 ± 标准偏差, n = 3

相比于水稻田土及泥炭湿地土壤样本, 种植大豆的土壤中 Proteobacteria 门含量较高, 其相对丰度超过 40%; 而泥炭湿地土壤中 Actinobacteria 门的相对丰度(约占总量 26%) 明显高于大豆土壤(约占总量 17.5%) 和水稻田土(约占总量 21%), 主要原因可能是 Actinobacteria 门细菌通常更喜欢中性偏碱环境, 由于大豆及水稻作物的种植, 造成其土壤理化性质与泥炭湿地产生了较大差异, 尤其是土壤 pH 明显下降, 因此 Actinobacteria 门细菌丰度降低。

而在属水平上, 3 组样本的微生物群落组成却出现了很大差异。为了对各样本属水平的优势物种组成有更加直观、系统地了解, 本研究根据样品在

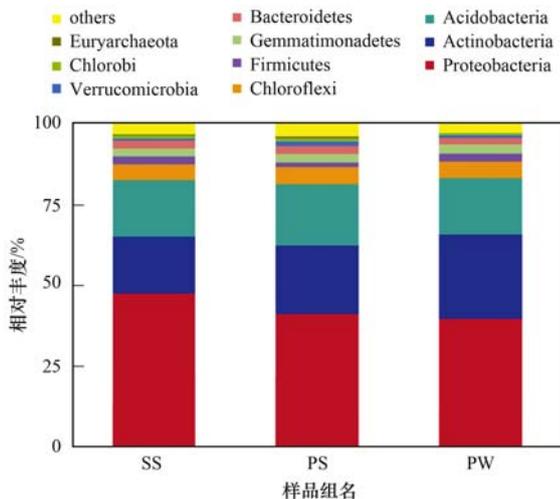


图 2 各样本微生物群落结构组成(门水平)

Fig. 2 Microbial community composition of different phyla samples

属水平的物种注释及丰度信息, 选取丰度排名为前 35 的属, 在物种和样品两个层面进行聚类, 绘制物种丰度聚类热图(图 3), 对样品中的物种类别差异进行全面直观地分析。从图 3 可看出, 3 种不同利用方式湿地土壤中的细菌群落在属水平上差异明显。大豆土壤 *Blastocatella*、*Coxiella* (科克斯氏体属)、*Rickettsia* (立克次氏体属)、*Acidothermus* (酸热

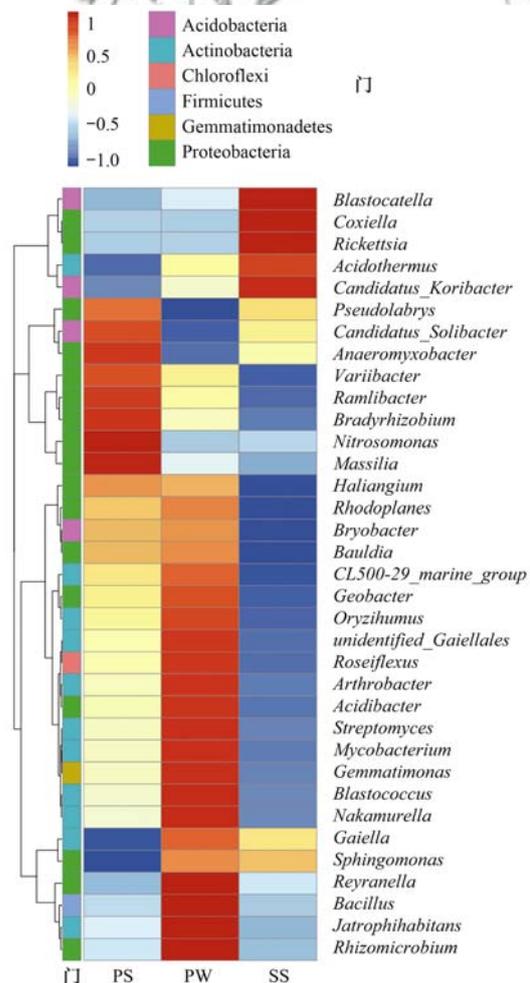


图 3 基于各样品细菌优势属组成的热图

Fig. 3 Cluster heatmap of genus abundance

菌属)、*Koribacter* 聚集较多; 水稻田土中 *Massilia* (马赛菌属)、*Nitrosomonas* (亚硝化单胞菌属)、*Bradyrhizobium* (慢生根瘤菌属)、*Ramlibacter*、*Anaeromyxobacter* (厌氧黏细菌属) 等丰度较高; 泥炭湿地中则 *Rhizomicrobium*、*Bacillus* (芽孢杆菌属)、*Arthrobacter*、*Streptomyces* (链霉菌属)、*Reyranella* 等聚集较多。*Rhizomicrobium*、*Bacillus*、*Arthrobacter* 属于根际促生菌, 这是一类可促进植物生长及其对矿物质营养的吸收和利用, 并能抑制有害生物的有益菌^[29]; *Massilia* 和 *Bradyrhizobium* 是常见的根际微生物^[30], *Massilia*、*Bradyrhizobium* 和 *Nitrosomonas* 在水稻田土中聚集较多, 可能是与水稻田施肥耕作有关^[31-32]。另外, 有研究表明, *Massilia* 丰度与土壤重金属污染呈正相关关系^[33]。改种大豆土壤中 *Coxiella*、*Rickettsia* 聚集较多, 则可能是放牧过程中, 牛羊粪便中携带的致病菌污染了原有土壤环境。

以上结果表明, 不同土地利用方式土壤中的优势细菌门没有变化, 但细菌属的组成发生了极大地改变。由于人类活动的扰动, 湿地土壤中有益菌丰度减少, 而致病菌的丰度显著增加。

2.3 各湿地土壤细菌群落差异菌属分析

采用 Adonis 方法对 3 组样本两两对比, 进行组间差异分析, 结果如表 4 所示。从中可见, PW-SS 组间差异分析 P 值为 0.001 389, 说明原始泥炭湿地土壤样本与改种豆科植物土壤样本存在显著性差异。

表 4 Adonis 组间差异分析¹⁾

Table 4 Adonis analysis			
项目	F	R^2	P
PS-PW	1.852 9	0.316 58	0.2
PS-SS	1.389 5	0.257 82	0.301 4
PW-SS	1.951 7	0.327 92	0.001 389

1) F 表示 F 检验值; R^2 表示不同分组对样品差异的解释度, 即分组方差与总方差的比值, R^2 越大表示分组对差异的解释度越高; P 值, 小于 0.05 说明本次检验的可信度高

LDA score 大于 4 的差异物种如图 4 所示, 其展示了不同组中丰度差异显著的物种, 柱状图的长度代表差异物种的影响大小(即为 LDA score)。进化分支如图 5 所示, 进化分支图的圆圈由内至外代表了由门至属(种)的分类级别, 不同分类级别上的每一个圆圈代表该水平下的一个分类, 圆圈的直径大小与物种相对丰度大小呈正比; 红色表示在 PW 组中丰度高的物种, 绿色代表在 SS 组中丰度高的物种。在泥炭湿地土壤中主要差异优势物种为 *Arthrobacter*, 在改种豆科植物土壤中的主要差异优势物种为 *Coxiella*。*Coxiella* 属于致病微生物, 可引发 Q 热病和斑疹伤寒^[34, 35]。这可能是由于开垦后人类活动的干扰促进了土壤中有害细菌的增长, 并且会引入新的致病菌。不同土地利用方式会影响土壤微生物群落组成, 由于湿地环境受到人为活动的破坏, 导致有益菌丰度降低, 而有害菌丰度增加, 病原菌丰度增加或许能在一定程度上反映土壤受到人为干扰。

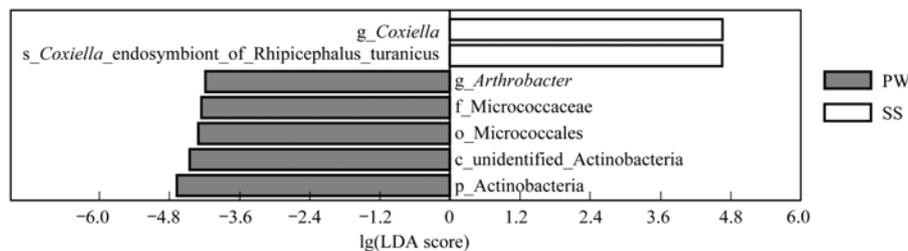


图 4 差异物种的 LDA 值分布

Fig. 4 LDA score for different species between groups

2.4 CCA 分析

基于各样品细菌 OTU 组成及基本性质的 CCA 分析如图 6 所示。可见, pH 是影响土壤样品群落结构的主要因素 ($P = 0.002$, $F = 3.309$)。泥炭湿地样本结构差异与土壤 pH 及含水率呈正相关, 与总碳、总氮、总磷呈负相关。总磷含量则与改种豆科植物样本及水稻田土样本结构差异呈正相关。湿地水环境条件及土壤 pH 是影响湿地植物、微生物代谢生长的重要条件, 水分条件及土壤 pH 的变化必然会导致微生物群落结构的改变。已有研究表明^[36], 土

壤 pH 与微生物群落多样性有极好的相关性。因为不同细菌对环境 pH 要求不同, 即使是环境 pH 的细微变化, 也会对微生物群落结构产生显著影响。而湿地土壤水分会影响土壤氧化还原电位、氮磷等养分分布, 也是影响土壤微生物群落结构的重要因素之一^[37]。还有研究表明^[38], 在富营养条件下, 磷元素对原有微生物群落的限制作用被大大削弱了, 微生物的代谢活动发生变化, 进而可能会改变微生物的种类组成。由此看来, 湿地土壤开垦后改变了土壤 pH, 含水率及土壤养分, 从而对微生物群

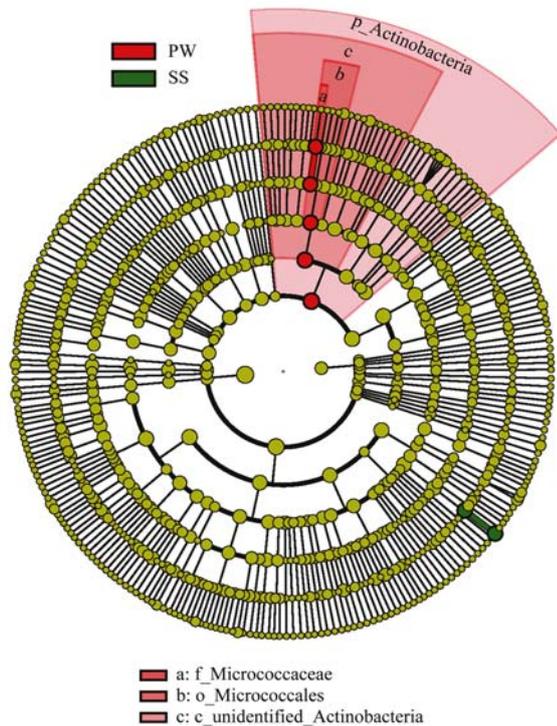


图 5 差异物种进化分支

Fig. 5 Cladogram of different microbes between two groups

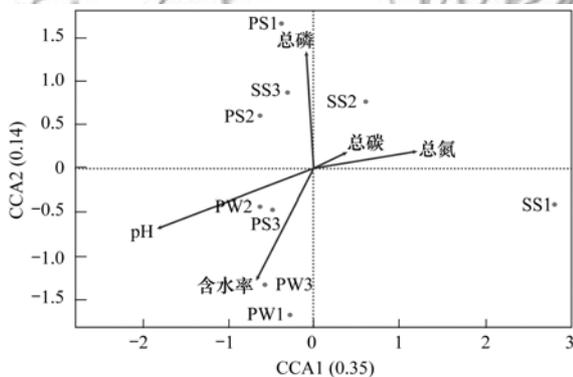


图 6 微生物群落与环境因子 CCA 分析

Fig. 6 CCA analysis of bacterial community based on the OTU composition and soil properties

落结构产生影响。

3 结论

(1) 三江平原湿地开垦后, 土壤理化性质的改变主要表现为土壤含水率降低, pH 下降, 土壤理化性质的改变对土壤微生物群落结构产生了影响。

(2) 水稻田土及改种豆科植物土壤微生物群落组成明显受到人为活动干扰。相较开垦后土壤微生物组成, 泥炭湿地土壤富含 *Rhizomicrobium*、*Bacillus*、*Arthrobacter* 等种类的根际促生细菌; 而改种豆科植物土壤中 *Coxiella*、*Rickettsia* 两种致病菌的丰度显著增加。

参考文献:

[1] 王莹. 秃尾河河源区退化湿地土壤理化性质特征研究[D].

咸阳: 西北农林科技大学, 2009. 7-9.

[2] 王洪, 王立, 马维伟, 等. 尕斯库勒湖退化过程中土壤微生物生物量碳、氮的动态变化[J]. 甘肃农业大学学报, 2017, **52**(4): 103-109.

Wang Q, Wang L, Ma W W, *et al.* Dynamic changes of soil microbial biomass C and N during degradation process of the wetland in Gahai[J]. Journal of Gansu Agricultural University, 2017, **52**(4): 103-109.

[3] Jiang T T, Pan J F, Pu X M, *et al.* Current status of coastal wetlands in China: degradation, restoration, and future management[J]. Estuarine, Coastal and Shelf Science, 2015, **164**: 265-275.

[4] 韩大勇, 杨永兴, 杨杨, 等. 湿地退化研究进展[J]. 生态学报, 2012, **32**(4): 1293-1307.

Han D Y, Yang Y X, Yang Y, *et al.* Recent advances in wetland degradation research[J]. Acta Ecologica Sinica, 2012, **32**(4): 1293-1307.

[5] Cui L L, Li G S, Ouyang N L, *et al.* Analyzing coastal wetland degradation and its key restoration technologies in the coastal area of Jiangsu, China[J]. Wetlands, 2018, **38**(3): 525-537.

[6] Ma Z J, Melville D S, Liu J G, *et al.* Rethinking China's new great wall[J]. Science, 2014, **346**(6212): 912-914.

[7] Murray N J, Clemens R S, Phinn S R, *et al.* Tracking the rapid loss of tidal wetlands in the Yellow Sea[J]. Frontiers in Ecology and the Environment, 2014, **12**(5): 267-272.

[8] Prasse C E, Baldwin A H, Yarwood S A. Site history and edaphic features override the influence of plant species on microbial communities in restored tidal freshwater wetlands[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2015, **81**(10): 3482-3491.

[9] 刘银银, 李峰, 孙庆业, 等. 湿地生态系统土壤微生物研究进展[J]. 应用与环境生物学报, 2013, **19**(3): 547-552.

Liu Y Y, Li F, Sun Q Y, *et al.* Review on the study of soil microorganisms in wetland ecosystems[J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2013, **19**(3): 547-552.

[10] Lv X F, Yu J B, Fu Y Q, *et al.* A meta-analysis of the bacterial and archaeal diversity observed in wetland soils[J]. The Scientific World Journal, 2014, **2014**: 437684.

[11] Ma Z W, Zhang M X, Xiao R, *et al.* Changes in soil microbial biomass and community composition in coastal wetlands affected by restoration projects in a Chinese delta[J]. Geoderma, 2017, **289**: 124-134.

[12] Xu S Q, Zhang B, Ma L N, *et al.* Effects of marsh cultivation and restoration on soil microbial communities in the Sanjiang Plain, Northeastern China[J]. European Journal of Soil Biology, 2017, **82**: 81-87.

[13] Douerelo I, Goulder R, Lillie M. Soil microbial community response to land-management and depth, related to the degradation of organic matter in English wetlands: implications for the *in situ* preservation of archaeological remains[J]. Applied Soil Ecology, 2010, **44**(3): 219-227.

[14] Hartman W H, Richardson C J, Vilgalys R, *et al.* Environmental and anthropogenic controls over bacterial communities in wetland soils[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2008, **105**(46): 17842-17847.

[15] 杨阳, 张亦. 我国湿地研究现状与进展[J]. 环境工程, 2014, **32**(7): 43-48, 78.

Yang Y, Zhang Y. Progress and development of wetland in China[J]. Environmental Engineering, 2014, **32**(7): 43-48, 78.

[16] ISO 10390: 2005, Soil quality-determination of pH[S].

- [17] Yu Y, Lee C, Kim J, *et al.* Group-specific primer and probe sets to detect methanogenic communities using quantitative real-time polymerase chain reaction [J]. *Biotechnology and Bioengineering*, 2005, **89**(6): 670-679.
- [18] Caporaso J G, Kuczynski J, Stombaugh J, *et al.* QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data [J]. *Nature Methods*, 2010, **7**(5): 335-336.
- [19] Wang Q, Garrity G M, Tiedje J M, *et al.* Naive Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, **73**(16): 5261-5267.
- [20] Müller A K, Westergaard K, Christensen S, *et al.* The diversity and function of soil microbial communities exposed to different disturbances[J]. *Microbial Ecology*, 2002, **44**(1): 49-58.
- [21] 滕泽栋, 李敏, 朱静, 等. 野鸭湖湿地芦苇根际微生物多样性与磷素形态关系[J]. *环境科学*, 2017, **38**(11): 4589-4597.
- Teng Z D, Li M, Zhu J, *et al.* Effects of soil microbial diversity on the phosphate fraction in the rhizosphere of phragmites communis in the Yeyahu wetland in Beijing, China [J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(11): 4589-4597.
- [22] Anderson M J, Ellingsen K E, McArdle B H. Multivariate dispersion as a measure of beta diversity [J]. *Ecology Letters*, 2006, **9**(6): 683-693.
- [23] Segata N, Izard J, Waldron L, *et al.* Metagenomic biomarker discovery and explanation[J]. *Genome Biology*, 2011, **12**(6): R60.
- [24] Ter Braak C J F. Canonical correspondence analysis: a new eigenvector technique for multivariate direct gradient analysis [J]. *Ecology*, 1986, **67**(5): 1167-1179.
- [25] 刘岳燕. 水分条件与水稻土壤微生物生物量、活性及多样性的关系研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2009. 93-95.
- [26] 刘岳燕, 姚槐应, 黄昌勇. 水分条件对水稻土壤微生物群落多样性及活性的影响[J]. *土壤学报*, 2006, **43**(5): 828-834.
- Liu Y Y, Yao H Y, Huang C Y. Influence of soil moisture regime on microbial community diversity and activity in a paddy soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2006, **43**(5): 828-834.
- [27] Doran J W, Zeiss M R. Soil health and sustainability: managing the biotic component of soil quality [J]. *Applied Soil Ecology*, 2000, **15**(1): 3-11.
- [28] Ansola G, Arroyo P, Sáenz de Miera L E. Characterisation of the soil bacterial community structure and composition of natural and constructed wetlands [J]. *Science of the Total Environment*, 2014, **473-474**: 63-71.
- [29] Compant S, Clément C, Sessitsch A. Plant growth-promoting bacteria in the rhizo- and endosphere of plants: Their role, colonization, mechanisms involved and prospects for utilization [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, **42**(5): 669-678.
- [30] 王茹华, 张启发, 周宝利, 等. 浅析植物根分泌物与根际微生物的相互作用关系[J]. *土壤通报*, 2007, **38**(1): 167-172.
- Wang R H, Zhang Q F, Zhou B L, *et al.* Analysis on the interaction between root exudates and rhizosphere microbes [J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2007, **38**(1): 167-172.
- [31] 冯海玮, 王大欣, 毛亮, 等. 有机种植对麦田土壤微生物群落影响[J]. *上海交通大学学报(农业科学版)*, 2016, **34**(5): 68-75.
- Feng H W, Wang D X, Mao L, *et al.* Influence of organic cultivation on soil microbial community in cornfield [J]. *Journal of Shanghai Jiaotong University (Agricultural Science)*, 2016, **34**(5): 68-75.
- [32] 喻江, 于镇华, Ikenaga M, 等. 施用有机肥对侵蚀黑土玉米苗期根内生细菌多样性的影响[J]. *应用生态学报*, 2016, **27**(8): 2663-2669.
- Yu J, Yu Z H, Ikenaga M, *et al.* Effects of manure application on the diversity of corn root endophytic bacterial communities at seedling stage in eroded Mollisols [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2016, **27**(8): 2663-2669.
- [33] 肖文丹. 典型土壤中铬迁移转化规律和污染诊断指标[D]. 杭州: 浙江大学, 2014. 9-12.
- [34] McCaughey C, Murray L J, McKenna J P, *et al.* *Coxiella burnetii* (Q fever) seroprevalence in cattle [J]. *Epidemiology & Infection*, 2009, **138**(1): 21-27.
- [35] Vander T, Medvedovsky M, Valdman S, *et al.* Facial paralysis and meningitis caused by *Rickettsia typhi* infection [J]. *Scandinavian Journal of Infectious Diseases*, 2003, **35**(11-12): 887-888.
- [36] 唐杰, 徐青锐, 王立明, 等. 若尔盖高原湿地不同退化阶段的土壤细菌群落多样性[J]. *微生物学通报*, 2011, **38**(5): 677-686.
- Tang J, Xu Q R, Wang L M, *et al.* Soil bacterial community diversity under different stages of degradation in Zoige wetland [J]. *Microbiology China*, 2011, **38**(5): 677-686.
- [37] 牛佳, 周小奇, 蒋娜, 等. 若尔盖高寒湿地干湿土壤条件下微生物群落结构特征[J]. *生态学报*, 2011, **31**(2): 474-482.
- Niu J, Zhou X Q, Jiang N, *et al.* Characteristics of soil microbial communities under dry and wet condition in Zoige alpine wetland [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2011, **31**(2): 474-482.
- [38] Corstanje R, Reddy K R, Prenger J P, *et al.* Soil microbial eco-physiological response to nutrient enrichment in a sub-tropical wetland [J]. *Ecological Indicators*, 2007, **7**(2): 277-289.

CONTENTS

Pollution Characteristics and Regional Transport of Atmospheric Particulate Matter in Beijing from October to November, 2016	ZHANG Han-yu, CHENG Shui-yuan, YAO Sen, <i>et al.</i> (1999)
Chemical Compositions, Mass Concentrations, and Emission Factors of Particulate Organic Matters Emitted from Catering	WANG Hong-li, JING Sheng-ao, QIAO Li-ping (2010)
Size Distributions of Aerosol During the Summer at the Summit of Mountain Taishan (1534 m) in Central East China	SHEN Li-juan, WANG Hong-lei, YIN Yan, <i>et al.</i> (2019)
Concentration Characteristics and Source Analysis of PM _{2.5} During Wintertime in Zhengzhou-Xinxiang	YAN Guang-xuan, ZHANG Pu-zhen, HUANG Hai-yan, <i>et al.</i> (2027)
Scenario Analysis of PM _{2.5} Concentration Targets and Milestones in China	HE Jin-yu, YAN Li, WANG Yan-chao, <i>et al.</i> (2036)
PM _{2.5} Emission Characteristics and Estimation of Emission Reduction Potential from Typical Industrial Sources in Anyang	DU Xiao-shen, YAN Li, HE Jin-yu, <i>et al.</i> (2043)
Emission Characteristics and List of Inorganic Elements in Fine Particles of Typical Industrial Kilns in Zhengzhou City	ZHAO Qing-yan, HAN Shi-jie, ZHANG Yi-shun, <i>et al.</i> (2052)
Composition and Atmospheric Reactivity of Ambient Volatile Organic Compounds(VOCs) in the Urban Area of Nanjing, China	QIAO Yue-zhen, CHEN Feng, ZHAO Qiu-yue, <i>et al.</i> (2062)
Formation Potential of Ozone and Secondary Organic Aerosol of VOCs from Fossil Fuel Combustion in Lanzhou City	LIU Zhen, ZHU Yu-fan, GUO Wen-kai, <i>et al.</i> (2069)
Inventory and Characteristics of Biogenic Volatile Organic Compounds (BVOCs) for 12 Deciduous Fruit Trees	LI Shuang-jiang, YUAN Xiang-yang, LI Qi, <i>et al.</i> (2078)
Ion Concentrations and Their Spatial Variability in Underground Water and Surface Water in Typical Terrestrial Ecosystems in China	HUANG Li, ZHANG Xin-yu, YUAN Guo-fu, <i>et al.</i> (2086)
Status of Antibiotic Contamination and Ecological Risks Assessment of Several Typical Chinese Surface-Water Environments	LIU Xi, WANG Zhi, WANG Xue-lei, <i>et al.</i> (2094)
Distribution and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Water Bodies in Seven Basins of China	FAN Bo, WANG Xiao-nan, HUANG Yun, <i>et al.</i> (2101)
Occurrence, Input, and Seasonal Variations of Poly-and Perfluoroalkyl Substances (PFASs) in Rivers and Drain Outlets from the Dalian Coastal Area, China	CHEN Hong, HAN Jian-bo, ZHANG Can, <i>et al.</i> (2115)
Space-time Characteristics and Environmental Significance of Stable Isotopes in Precipitation at an Arid Inland River Basin	YUAN Rui-feng, LI Zong-xing, CAI Yu-qin, <i>et al.</i> (2122)
Regional Evolution and Control Factors of Karst Groundwater in Liulin Spring Catchment	HUNAG Qi-bo, QIN Xiao-qun, LIU Peng-yu, <i>et al.</i> (2132)
Major Ionic Characteristics and Controlling Factors of Karst Groundwater at Xiangshui, Chongzuo	ZHOU Jin-mei, JIANG Zhong-cheng, XU Guang-li, <i>et al.</i> (2143)
Analysis of Transport and Transformation Characteristics Between Dissolved Phosphorus and Particulate Phosphorus in Water of the Three Gorges Reservoir	QIN Yan-wen, HAN Chao-nan, ZHENG Bing-hui, <i>et al.</i> (2152)
Vertical Distribution Profiles and Release Potential of Mainstream Column Sediments in the Three Gorges Reservoir After Impoundment to 175 m	LI Rui, PAN Chan-juan, TANG Xian-qiang, <i>et al.</i> (2160)
Distribution Characteristics and Influencing Factors of Phosphorus in the Dongting Lake at Different Water Periods	LI Ying-jie, WANG Li-jing, LI Hong, <i>et al.</i> (2170)
Effects of Exogenous Carbon Addition on Equilibrium Phosphate Concentration and Risk of Phosphorus Release from Sediments in the Shiwuli River, Chaohu Lake Basin	LI Ru-zhong, BAO Qin, DAI Yuan (2178)
Spatial Distribution of Organic Phosphorus in Sediment and Its Environmental Implication in the Upper Stream of Minjiang River	XU Jian, YUAN Xu-yin, YE Hong-meng, <i>et al.</i> (2186)
Nitrogen and Phosphorus Removal by Integrated Ecological Engineering Treatment System in a Small Agricultural Watershed	JIANG Qian-wen, LIU Feng, PENG Ying-xiang, <i>et al.</i> (2194)
Spatial Distribution and Pollution Assessment of Heavy Metals in River Sediments from Lake Taihu Basin	ZHANG Jie, GUO Xi-ya, ZENG Ye, <i>et al.</i> (2202)
Temporal and Spatial Variation of Mercury in the Water of the Ruxi River Estuary, a Typical Tributary of the Three Gorges Reservoir Area	MA Wei-bin, CHEN Qiu-yu, YIN De-liang, <i>et al.</i> (2211)
Mercury Distribution Characteristics and Its Mass Balance in a Multifunctional Urban Wetland	LIU Wei-hao, WANG Yong-min, FAN Yu-fei, <i>et al.</i> (2219)
Distribution Characteristics of Mercury in Different Urban Constructed Wetlands	FAN Yu-fei, LIU Wei-hao, SUN Tao, <i>et al.</i> (2226)
Effects of Microplastics on Antibiotic Resistance Genes in Estuarine Sediments	HUANG Fu-yi, YANG Kai, ZHANG Zi-xing, <i>et al.</i> (2234)
Comparison and Source Apportionment of PAHs Pollution of Runoff from Roads in Suburb and Urban Areas of Shanghai	WU Jie, XIONG Li-jun, WU Jian, <i>et al.</i> (2240)
Characteristics of Phytoplankton Community and Its Relationship with Environmental Factors in Different Regions of Yilong Lake, Yunnan Province, China	WANG Zhen-fang, ZHANG Wei, YANG Li, <i>et al.</i> (2249)
Algal Bloom and Mechanism of Hypoxia in the Metalimnion of the Lijiahe Reservoir During Thermal Stratification	LIU Xue-qing, HUANG Ting-lin, LI Nan, <i>et al.</i> (2258)
Allelopathic Effects and Allelochemicals of <i>Myriophyllum elatinoideis</i> on <i>Microcystis aeruginosa</i> and <i>Selenastrum capricornutum</i>	BI Ye-liang, WU Shi-min, ZHOU Si-ning, <i>et al.</i> (2265)
Removal Efficiency of Trichloroacetamide by UV/Sodium Sulfite	FU Zhi-xuan, GUO Ying-qing, GUO Wen-hai (2271)
Influencing Factors and Transformation Mechanism of Venlafaxine Degradation by UV	LÜ Juan, XU Zhi-wei, WANG Yan (2278)
Mechanism of Synergistic Adsorption of Arsenic and Cadmium by Aluminium-substituted Ferrihydrites	HUANG Bo, GUO Zhao-hui, XIAO Xi-yuan, <i>et al.</i> (2287)
Fluoride Removal Efficiency of Novel Material: Magnetite Core/Zirconia Shell Nanocomposite	FANG Wen-kan, LI Xiao-di, FANG Jing, <i>et al.</i> (2295)
Impact Mechanisms of Carboxyl Group Modified Cathode on Acetate Production in Microbial Electrosynthesis Systems	QI Jia-xin, ZENG Cui-ping, LUO Hai-ping, <i>et al.</i> (2302)
Partial Nitrification and Denitrification of Low C/N Ratio Sewage Based on Zoning Oxygen and Dissolved Oxygen Control	WU Chun-lei, RONG Yi, LIU Xiao-peng, <i>et al.</i> (2310)
Start-up Performance of Low-substrate Anaerobic Ammonium Oxidation Under Different COD Concentrations	MA Yan-hong, ZHAO Zhi-chao, AN Fang-jiang, <i>et al.</i> (2317)
Partial Nitrification Fast Start-up and Stable Performance of 15°C SBBR	SUN Yi-qi, BIAN Wei, LI Jun, <i>et al.</i> (2326)
Effects of Long-term Poly-P Deficiency on the Metabolic Properties of <i>Accumulibacter</i> in AO-SBR System	WANG Shao-po, LI Zhu, ZHAO Le-dan, <i>et al.</i> (2333)
Extracellular Polymeric Substances of ANAMMOX Granular Sludge and Its Effects on Sludge Surface Characteristics	YANG Ming-ming, LIU Zi-han, ZHOU Yang, <i>et al.</i> (2341)
Treatment of Piggery Biogas Slurry by Enhanced Biological Contact Oxidation with HN-AD Bacteria	LIU Xiang-yang, ZHANG Qian, WU Heng, <i>et al.</i> (2349)
Effect of Different Temperatures on the Performance of Autotrophic Nitrogen Removal and Microbial Community from Swine Wastewater	HUANG Fang-yu, DENG Liang-wei, YANG Hong-nan, <i>et al.</i> (2357)
Characteristics and Regional Heterogeneity of Eukaryotic Microbial Community in Wastewater Treatment Plants	QIN Wen-tao, ZHANG Bing, SUN Chen-xiang, <i>et al.</i> (2368)
Effects of Wetland Reclamation on Soil Microbial Community Structure in the Sanjiang Plain	WANG Na, GAO Jie, WEI Jing, <i>et al.</i> (2375)
Distribution Pattern and Diversity Maintenance Mechanisms of Fungal Community in Subalpine Lakes	LIU Jin-xian, LI Cui, LUO Zheng-ming, <i>et al.</i> (2382)
Influence of Biochar Amendment on Soil Denitrifying Microorganisms in Double Rice Cropping System	LIU Jie-yun, QIU Hu-sen, WANG Cong, <i>et al.</i> (2394)
Effects of Plastic Film Mulching and Nitrogen Fertilizer Application on CH ₄ Emissions from a Vegetable Field	NI Xue, JIANG Chang-sheng, CHEN Shi-jie, <i>et al.</i> (2404)
Effects of Water Deficit on Greenhouse Gas Emission in Wheat Field in Different Periods	WANG Xiao-yun, CAI Huan-jie, LI Liang, <i>et al.</i> (2413)
Effects of Different Fertilization Modes on Greenhouse Gas Emission Characteristics of Paddy Fields in Hot Areas	TIAN Wei, WU Yan-zheng, TANG Shui-rong, <i>et al.</i> (2426)
Effects of Cyclical Temperature Fluctuations on Organic Carbon Mineralization in Purple Soil	ZENG Man-man, CI En, FAN Jing-jing, <i>et al.</i> (2435)
Cd Content Characteristics and Ecological Risk Assessment of Paddy Soil in High Cadmium Anomaly Area of Guangxi	SONG Bo, WANG Fo-peng, ZHOU Lang, <i>et al.</i> (2443)
Remediation Potential of <i>Ageratum conyzoides</i> L. on Cadmium Contaminated Farmland	ZHANG Yun-xia, SONG Bo, BIN Juan, <i>et al.</i> (2453)
Evaluation of the Potential Agricultural Risks of Polycyclic Aromatic Hydrocarbon Contaminated Soil by Planting <i>Lactuca sativa</i> L.	JIAO Hai-hua, GUO Jia-jia, ZHANG Jing-min, <i>et al.</i> (2460)
Impacts of Land Use and Landscape Patterns on Heavy Metal Accumulation in Soil	SHU Xin, LI Yan, LI Feng, <i>et al.</i> (2471)
Pollution Characteristics and Evaluation of Heavy Metal Pollution in Surface Soil Around a Municipal Solid Waste Incineration Power Plant	LÜ Zhan-lu, ZHANG Jin-liang, LU Shao-you, <i>et al.</i> (2483)