

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



2020

Vol.41 No.9
第41卷 第9期

目次

2020年天津市两次重污染天气污染特征分析·····	肖致美,徐虹,蔡子颖,李鹏,刘彬,元洁,郑乃源,唐遨,陈魁,邓小文(3879)
基于高分辨率MARGA分析成都市PM _{2.5} 中水溶性离子污染特征·····	尹寒梅,陈军辉,冯小琼,姜涛,钱骏,刘政(3889)
宿迁市PM _{2.5} 中水溶性无机离子的季节特征和来源分析·····	马红璐,赵欣,陆建刚,王辉,许纯领,欧阳琰,朱新胜,殷堂兵,漆丹,陆亚秋,汪玖阳,陆声兴(3899)
鼎湖山大气颗粒物中OC与EC的浓度特征及粒径分布·····	李安娜,温天雪,华维,杨员,孟泽,胡波,辛金元(3908)
鞍山市道路扬尘碳组分特征及来源解析·····	林孜,姬亚芹,林宇,国纪良,马妍,赵静琦(3918)
西安市冬季PM _{2.5} 中WSOC的光谱特性和来源解析·····	杨毅,张亚楠,刘焕武,田萍萍,李亚飞,雷颖,王一博(3924)
长三角地区气溶胶光学性质与新粒子生成观测·····	杜盈盈,陈军,张家洛,甘桂城,刘瑜存,苏明旭,楼晟荣,周敏,陶士康,乔利平(3932)
连云港市挥发性有机化合物的组分特征及来源解析·····	崔金梦,王体健,李秋潼,董立文,黄丛丞,曹云擎(3941)
成都市城区大气VOCs季节污染特征及来源解析·····	王成辉,陈军辉,韩丽,徐晨曦,王波,李英杰,刘政,钱骏(3951)
德州市夏季臭氧敏感性特征及减排方案·····	严茹莎(3961)
超低改造下中国火电排放清单及分布特征·····	屈加豹,王鹏,伯鑫,薛晓达,董广霞,崔磊,康明雄,王彤,汤铃,朱法华,李时蓓(3969)
浙江省人为源氨排放清单建立及分布特征·····	赵睿东,于兴娜,侯新红,沈丽(3976)
垃圾焚烧烟气中二噁英控制技术的评估与筛选·····	赵思岚,奚鹏飞,郭凤艳,邓双,贾建丽(3985)
兰州市两场典型降水事件稳定同位素特征及其水汽来源·····	韩婷婷,张明军,王圣杰,杜勤勤,马转转,郭蓉,曹晏风(3993)
然乌湖流域地表水水化学特征及控制因素·····	张涛,王明国,张智印,刘廷,何锦(4003)
河套灌区地下水化学演变特征及形成机制·····	崔佳琪,李仙岳,史海滨,孙亚楠,安海军,邢进平(4011)
石期河流域地下水化学特征及物质来源分析·····	李笑,于爽,李亮,郭永丽(4021)
长江中下游湖泊水体氮磷时空变化特征及其影响因素·····	季鹏飞,许海,詹旭,朱广伟,邹伟,朱梦圆,康丽娟(4030)
2016~2017年长荡湖流域湖库系统营养盐时空分布机制分析·····	李新艳,李恒鹏,姜三元,马培,赖锡军,邓建才,陈东强,耿建伟(4042)
菹草对湖泊水质及浮游植物群落结构的影响·····	康丽娟,许海,邹伟,朱广伟,朱梦圆,季鹏飞,陈洁(4053)
金泽水库库区细菌群落构建过程与关键驱动因子分析·····	刘明坤,童俊,朱慧峰,白晓慧(4062)
典型氟工业园周边河流沉积物中全(多)氟化合物的分布特征·····	孙琳婷,赵祯,唐建辉(4069)
微塑料对河水抗生素抗性基因的影响·····	周昕原,王言仔,苏建强,黄福义(4076)
莲花水库水体中抗生素污染特征及生态风险评价·····	廖杰,魏晓琴,肖燕琴,李青松,范洪勇,刘学军,庄马展,刘超翔(4081)
拟柱孢藻生长及碱性磷酸酶活性对不同磷浓度和磷形态响应的株系间差异·····	叶金梅,赵莉,罗旭,彭亮,雷腊梅(4088)
奶水河湿地植物作用及调水水质响应模拟·····	李亚娟,杜彦良,毕二平,王亮,陈翠柏(4095)
浅基质层干植草沟运行效果的现场实验·····	张佳炜,李田,张庭秀(4105)
海绵城市地块汇水区颗粒污染物的传输·····	李佳,谢文霞,姜智绘,单溪环,廖云杰,赵洪涛,李叙勇(4113)
天然黄铁矿吸附去除水中Sb(V):性能与机制·····	石松,吴乾元,李新正,黄满红(4124)
过硫酸盐氧化处理含苯磺酸废水·····	章晋门,卢钧,刘晓琛,陈泉源(4133)
温度对城市污水厌氧生物滤池运行效果与菌群结构的影响·····	刘智斌,刘秀红,周桐,章世勇,李健敏,杨庆(4141)
ABR-MBR耦合工艺启动及优化反硝化除磷性能·····	缪新年,汪倩,郭凯成,刘文如,沈耀良(4150)
低温下全自养脱氮颗粒污泥适应低基质效能·····	刘雨馨,王建芳,钱飞跃,陈倩苗,乔伟,沈聪(4161)
雄安新区土壤重金属地球化学监测关键问题探讨·····	郭志娟,周亚龙,杨峥,赵传冬,成杭新,孔牧,彭敏(4169)
基于土壤重金属及PAHs来源的人体健康风险定量评价:以北京某工业污染场地为例·····	吴志远,张丽娜,夏天翔,贾晓洋,李慧颖,王世杰(4180)
基于乡镇尺度的西南重金属高背景区土壤重金属生态风险评价·····	张富贵,彭敏,王惠艳,马宏宏,徐仁廷,成晓梦,侯召雷,陈子万,李括,成杭新(4197)
云南兰坪铅锌矿区优势植物重金属富集特性及应用潜力·····	张龙,张云霞,宋波,吴勇,周子阳(4210)
水培试验下水稻Pb吸收累积关键生育期·····	胡雨丹,周航,辜娇峰,霍洋,邓鹏辉,魏宾纭,刘俊,廖柏寒(4218)
田间条件下养分调控八宝景天Cd修复效率·····	郭俊梅,杨俊兴,杨军,郑国砥,周小勇,陈同斌,卞建林,孟晓飞,李玉峰(4226)
桉树枝条生物炭输入对桂北桉树人工林酸化土壤的作用效果·····	段春燕,沈育伊,徐广平,滕秋梅,张德楠,何成新,张中峰,周龙武,孙英杰(4234)
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·····	杨彩迪,卢升高(4246)
土壤微生物群落结构对生活源和工业源再生水灌溉的差异化响应·····	王燕,程东会,檀文炳,余红,席北斗,姜永海,党秋玲(4253)
粪肥和有机肥施用对稻田土壤微生物群落多样性影响·····	理鹏,吴建强,沙晨燕,叶春梅,黄沈发(4262)
松花江下游沿江湿地土地利用变化对土壤细菌群落多样性的影响·····	张拓,徐飞,怀宝东,杨雪,隋文志(4273)
黄土高原草地土壤细菌群落结构对于降水变化的响应·····	李娜,王宝荣,安韶山,焦峰,黄倩(4284)
土地利用方式对会仙岩溶湿地土壤真菌群落和功能类群的影响·····	程跃扬,靳振江,王晓彤,贾远航,袁武,周军波(4294)
黑土真菌群落互作及其与梯度有机质碳分子结构的关系·····	尚秋彤,黄瑞林,倪浩为,隋跃宇,孙波,梁玉婷(4305)
贵州茂兰喀斯特森林不同演替下土壤真核微生物多样性·····	王显,龙健,李娟,刘灵飞,廖洪凯,李宜蓉,杨睿(4314)
玉米秸秆生物炭固化细菌对镉砷吸附·····	刘玉玲,朱虎成,彭鸥,李丹阳,杨蕊嘉,彭晶,铁柏清(4322)
无机态氮素转化机制及水土体氮源识别方法·····	梁杏,孙立群,张鑫,张洁,付鹏宇(4333)
《环境科学》征订启事(4061)	
《环境科学》征稿简则(4132)	
信息(4233, 4293, 4304)	

贵州茂兰喀斯特森林不同演替下土壤真核微生物多样性

王显¹, 龙健^{1*}, 李娟², 刘灵飞¹, 廖洪凯¹, 李宜蓉¹, 杨睿¹

(1. 贵州师范大学贵州省山地环境信息系统与生态环境保护重点实验室, 贵阳 550001; 2. 贵州师范大学地理与环境科学学院, 贵阳 550001)

摘要: 真核微生物是茂兰喀斯特森林土壤微生物中的重要组成部分, 在生态系统物质循环和能量流动中扮演着重要角色. 为了解茂兰喀斯特森林不同演替阶段下土壤真核微生物群落组成及其多样性, 利用 18S rDNA 高通量测序技术研究了原生林 (YSL)、灌木林 (GML)、灌木丛 (GMC) 和草地 (CD) 这 4 种演替阶段下土壤真核微生物群落多样性. 结果表明, 在不同分类水平下, 不同演替阶段土壤真核微生物群落组成相似. α 多样性指数存在显著差异, Shannon 指数与 Simpson 指数在不同演替阶段表现为: YSL > GMC > GML > CD. NMDS 分析表明不同演替阶段土壤真核微生物群落结构存在差异; LEfSe 分析表明, YSL 中差异指示种数量高于 GML、GML 和 CD. 本研究结果为研究不同演替阶段下土壤真核微生物提供了理论基础.

关键词: 茂兰喀斯特森林; 不同演替; 18S rDNA; 真核微生物; 多样性

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2020)09-4314-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.202001010

Diversity of Soil Eukaryotic Microbes in Different Succession Stages in Maolan Karst Forest of Guizhou

WANG Xian¹, LONG Jian^{1*}, LI Juan², LIU Ling-fei¹, LIAO Hong-kai¹, LI Yi-rong¹, YANG Rui¹

(1. Guizhou Provincial Key Laboratory for Information System of Mountainous Areas and Protection of Ecological Environment, Guizhou Normal University, Guiyang 550001, China; 2. School of Geography and Environmental Science, Guizhou Normal University, Guiyang 550001, China)

Abstract: As an indispensable part of the Maolan karst forest soil microorganisms, eukaryotic microbes play an important role in ecosystem material and energy flow. To investigate the composition and diversity of soil eukaryotic microbial communities under different succession stages in the Maolan karst forest, we explored the diversity and composition of soil eukaryotic microbes under four succession stages of primary forests (YSL), shrub forests (GML), bushes (GMC), and grassland (CD) via high-throughput sequencing (HTS) of the 18S rDNA. The results showed that the composition of soil eukaryotic microbial communities was similar in different succession stages under different classification levels. There was a significant difference in α diversity, Shannon, and Simpson's indices at different stages of succession as follows: YSL > GMC > GML > CD. The non-metric multidimensional scaling analysis showed that there were differences in the soil eukaryotic microbial community structure at different succession stages. The linear discriminant analysis effect size (LEfSe) analysis showed that the number of differential indicator species in YSL was higher than in GML, GML, and CD. The results of our study provide a theoretical basis for further research on soil eukaryotic microorganisms in different succession stages.

Key words: Maolan karst forest; succession stage; 18S rDNA; eukaryotic microbes; diversity

喀斯特生态环境作为我国西南山区的一个独特生态环境系统, 维持着丰富的微生物多样性. 茂兰喀斯特森林是目前世界上同纬度地区喀斯特原生性森林分布面积最大的地区^[1], 具有重要的研究价值, 但是人类社会的发展逐渐破坏了原生林的原始性, 导致新的演替出现, 改变地上植被群落的分布组成, 从而引起地上生态系统和地下生态系统的物质循环发生改变^[2]. Stone 等^[3]的研究认为植被类型是土壤微生物多样性的主要驱动者, 植被多样性越高, 土壤微生物的营养来源越丰富, 微生物的种类就越多. 近年来, 针对茂兰喀斯特森林的研究主要集中在土壤肥力^[4]、石漠化过程^[5]和土壤微生物活性^[6]等方面, 但是有关茂兰喀斯特森林土壤真核微生物的研究甚少, 目前, 尚未见到对该地区不同植被演替阶段土壤真核微生物群落结构及多样性方面的研究报道.

土壤是一个复杂的环境, 蕴含着大量的微生物, 研究表明 1 g 土壤中就包含有几千种微生物^[7], 其中包括原核微生物与真核微生物, 真核微生物主要包括原生生物与真菌^[8,9]. 目前对微生物多样性的研究往往偏向于原核微生物, 如 Fierer 等^[10]对细菌群落多样性与地理环境的研究; DeLong 等^[11]对北美洲近海岸地表水环境中古菌分布的研究. 而对真

收稿日期: 2020-01-02; 修订日期: 2020-04-02

基金项目: 国家自然科学基金项目(41661045); 贵州省科技厅科技平台及人才团队计划项目(黔科合平台人才[2018]5609); 贵州师范大学 2017 年度学术新苗培养及创新探索专项(黔科合平台人才[2017]5726-55); 贵州省喀斯特生态环境保护与治理人才基地项目; 贵州省百层次创新人才项目(黔科合平台人才[2020]6010); 贵州省科学技术基金重点项目(黔科合基础[2020]12036)

作者简介: 王显(1996~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤食物网结构, E-mail: wx1996ll@163.com

* 通信作者, E-mail: longjian22@163.com

核微生物的研究相对较少,先前的研究表明,植被演替对细菌、真菌的分布有着极大的影响^[12,13]。白丽等^[14]在对黄土高原草地次生演替的研究中发现,随着植被演替的进行,细菌微生物多样性整体出现显著增加的趋势;还有研究在对森林、草地和农田土壤中真核微生物的分布研究中发现,森林土壤中真核微生物的丰富度要远远高于灌木林和草地土壤^[15]。真核微生物是土壤生态系统中的重要组成部分,其作为消费者、分解者在生物地球化学循环中扮演着不可或缺的重要角色^[16~18],是土壤肥力的一个重要要素^[19]。真核微生物多样性组成不仅影响植物与土壤环境之间的关系,还对地上植被的生长有着重要意义^[20~22]。

随着分子生物学技术的迅速发展,高通量测序技术在真核微生物多样性的研究也日渐增多。目前,无论是陆地生态系统还是海洋生态系统中都有不少应用^[23,24]。Mahé等^[25]利用高通量技术研究了热带雨林中土壤原生生物的多样性,发现 Parasites 是热带雨林中最多样化的原生生物。秦文韬等^[26]研究了城市污水处理系统中真核微生物群落特征,揭示了在 Supergroup 分类水平和 Division 分类水平下真核微生物的差异性分布。因此,本文以茂兰喀斯特森林为研究对象,利用 18S rDNA 测序手段结合生态学方法对茂兰喀斯特森林不同演替过程中土壤真核微生物群落组成及多样性进行分析,通过对茂兰喀斯特森林土壤真核微生物群落的认识,以期为进一步研究茂兰自然保护区森林生态系统提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况及土样采集

茂兰喀斯特森林位于贵州省荔波县南部,与广西木论国家级自然保护区毗邻,地理位置为 25°09'20"~25°20'50"N, 107°52'10"~108°45'40"E。森林覆盖率达 87.3%,平均海拔 500~800 m,年平均气温 18.3℃,年平均相对湿度为 70% 左右,属中亚热带季风湿润气候。土壤以黑色石灰土为主,土层浅薄且不连续,土壤富钙和富盐基化,pH 值在 6.5~8.0 之间,有机质含量高,被誉为典型的喀斯特生境^[27]。

于 2019 年 10 月下旬,在茂兰自然保护区及周边选择原生林(YSL)、灌木林(GML)、灌木丛(GMC)和草地(CD)这 4 种演替阶段类型土壤进行采集,每种类型选取 10 m×10 m 的 3 个样方,在每个样方内随机采取 3 份土样,采土深度为 0~5 cm,共 12 个土样。现场采集的土样分为两份:一份取约 20 g 装入无菌采样袋,放入含生物冰袋的泡沫箱内,用于 18S rDNA 测序;另一份取约 1 kg 带回实验室

储存于 4℃ 冰箱备用。

1.2 土样总 DNA 的提取与检测

DNA 提取及质量控制:根据 E. Z. N. A soil 试剂盒(Omega Bio-tek, Norcross, GA, U. S)说明书进行总 DNA 抽提,DNA 浓度和纯度利用 NanoDrop2000 进行检测,利用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 提取质量。

1.3 土壤真核微生物 18S rDNA 的扩增和文库的构建

根据文献[28,29],用 547F (5'-CCAGCASCY GCGGTAATTCC-5') 和 952R (5'-ACTTTCGTTCTT GATYRA-3') 引物对 V4 可变区进行 PCR 扩增,本研究的文库构建采用两步 PCR 扩增的方法,首先采用特异引物扩增目的片段,将目的片段进行胶回收,而后再将回收产物作为模板进行二次 PCR 扩增。目的是将 Illumina 平台测序所需的接头、测序引物和 barcode 添加到目的片段的两端。

第一步扩增反应体系:5xBuffer 10 μL, 10 mmol·L⁻¹ dNTP 1 μL, DNA 酶 1 U, DNA 模板 5~50 ng, 10 μmol·L⁻¹ 正向、反向引物各 1 μL,补水至 50 μL。PCR 扩增条件:94℃ 预变性 2 min, 94℃ 变性 30 s, 55℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 30 s,共 33 个循环,72℃ 延伸 5 min。冷却至 10℃。

第二步扩增反应体系:5xBuffer 8 μL, 10 mmol·L⁻¹ dNTP 1 μL, DNA 酶 0.8 U, DNA 模板 5 μL, 10 μmol·L⁻¹ 正向、反向引物各 1 μL,补水至 50 μL。PCR 扩增条件:94℃ 预变性 2 min, 94℃ 变性 30 s, 56℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 30 s,共 33 个循环,72℃ 延伸 5 min,冷却至 10℃。

同时每个样品做 3 个技术重复,将同一样品 PCR 产物混合后经 2% 琼脂糖凝胶回收 PCR 产物、割胶纯化、浓度检测等操作后。根据 Illumina MiSeq 平台标准操作规程将纯化后的扩增片段构建 PE2 × 300 的文库。(上海美吉生物医药科技有限公司)。

1.4 序列生物信息学分析

通过 VSEARCH 2.14.1^[30] 进行双端合并并且除引物,去冗余;基于 USEARCH10^[31] 的 UNOISE3^[32] 进行聚类生成 OTU;基于 SILVA 128^[33] 去除嵌合体;PR2 数据库^[34] 注释的置信值为 0.6。同时,对 OTU 进行丰度、α 多样性和 Venn 图 etc 分析;利用 R 语言 ggplot2 包、vegan 包进行 NMDS 分析及物种分布扇形图;利用 Python2.0 软件进行 LEfSe 分析(LDA Effect Size)。

2 结果与分析

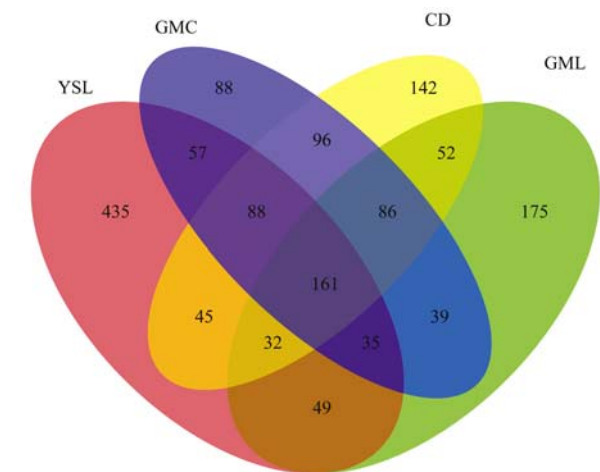
2.1 不同演替阶段真核微生物 OTU 分布

对土壤真核微生物 18S rDNA 的 V4 高变区

PCR 扩增, 进行 Illumina MiSeq 测序, 4 种演替阶段土壤样品共获得 192 157 条优化序列, 基于 USEARCH 10 的 UNOISE3 进行聚类分析, 结果共获得 1 580 个 OTU. 4 种演替阶段土壤真核微生物 OTU 分布如图 1 所示, 4 种演替阶段下 1580 个 OTU 中共有的 OTU 个数为 161, 占总 OTU 数量的 10. 18%. 4 种演替阶段下 OTU 个数分别为: 902、629、652 和 702. 其中, YSL 中特有的 OTU 为 435 个, 占总 OTU 数量的 27. 53%; GML 中特有的 OTU 为 175 个, 占总 OTU 数量的 11. 08%; GMC 中特有的 OTU 为 88 个, 占总 OTU 数量的 5. 57%; CD 中特有的 OTU 为 142 个, 占总 OTU 数量的 8. 99%. 以上结果表明 4 种演替阶段土壤中真核微生物的群落结构存在一定差异.

2.2 不同演替阶段真核微生物群落 α 多样性

ACE 指数和 Chao1 指数是两种用于估计群落中含 OTU 数目的微生物多样性指数的方法, 在生态学中常用来估计物种的总数. 由表 1 可知, ACE 指数和 Chao1 指数由大至小表现为 YSL > GMC > GML > CD. 表明原生林中真核微生物群落丰富度大于灌



YSL 表示原生林; GML 表示灌木林;
GMC 表示灌木丛; CD 表示草地,下同
图 1 不同演替阶段下真核微生物 OTU 维恩图

Fig. 1 OTU Venn of eukaryotic microbes
in different stages of succession

木林和草地; Shannon 指数可以估算样本中微生物多样性, Shannon 指数由大至小表现为 YSL > GMC > GML > CD, 表明原生林中真核微生物群落多样性大于灌木林和草地.

表 1 不同演替阶段下真核微生物群落 α 多样性指数¹⁾

Table 1 The α diversity indices of eukaryotic microbial community in different stages of succession

演替阶段	Chao1 指数	Simpson 指数	Shannon 指数	均匀度	ACE 指数
原生林	419. 82 ± 41. 91	0. 05 ± 0. 02	6. 32 ± 0. 64	0. 73 ± 0. 06	412. 52 ± 43. 22
灌木林	282. 22 ± 54. 13	0. 21 ± 0. 03	3. 92 ± 0. 29	0. 49 ± 0. 02	278. 25 ± 54. 51
灌木丛	305. 41 ± 74. 04	0. 15 ± 0. 06	4. 43 ± 0. 87	0. 54 ± 0. 09	297. 25 ± 73. 62
草地	251. 12 ± 41. 07	0. 37 ± 0. 20	3. 32 ± 1. 42	0. 04 ± 0. 16	250. 21 ± 41. 25

1) 数值表示均值 ± 标准误差

2.3 不同演替阶段真核微生物群落物种组成

本研究从 Supergroup 和 Division 两个水平对 1 580 个 OTU 进行了物种分析. 图 2(a) 展示了在 Supergroup 水平下, 1 580 个 OTU 分属于 8 个 Supergroup. 其中, Opisthokonta 的相对丰度最高, 为 45. 03%; Alveolata 次之, 为 14. 52%; 图 2(b) 展示了在 Division 水平下, 3 794 个 OTU 分属于 19 个 Division. 其中, 相对丰度大于 1% 的有 12 个, 它们的累积相对丰度已高达 99%. 具体地, 62. 62% 的 OTU 属于 Fungi、Cercozoa 和 Streptophyta, 其中, 相对丰度最高的是 Fungi 为 43. 06%, 其次是 Cercozoa 和 Streptophyta, 相对丰度分别为 13. 92% 和 5. 62%, 还有 14. 48% 的 OTU 属于未被培养的物种.

4 种演替阶段 Division 水平下[图 2(c)]. 原生林土壤中真核微生物主要群落为 Fungi、Apicomplexa、Streptophyta 和 Cercozoa, 其相对丰度占 58. 97%; 灌木林土壤中真核微生物主要群落为 Fungi、Cercozoa 和 Chlorophyta, 其相对丰度为

83. 51%; 灌木丛土壤中真核微生物主要群落为 Fungi 和 Cercozoa, 其相对丰度为 41. 41%; 草地土壤中真核微生物主要群落为 Fungi 和 Cercozoa. 其相对丰度为 77. 89%. 以上结果表明, Fungi 是 4 种植被演替阶段土壤中的优势种群, 且在草地演替阶段中相对丰度最高(达到了群落结构的 68. 73%), 在原生林演替阶段中最低(达到了群落结构的 17. 90%).

2.4 不同演替阶段下真核微生物 NMDS 分析

基于 Bray-Curtis 建立样品间的非相似性矩阵, 采用非度量多维尺度分析(non-metric multidimensional scaling, NMDS)得到不同演替阶段下的土壤真核微生物群落结构组成. 结果如图 3 所示, 根据植被演替阶段可以划分为 4 个聚集区, 来自 YSL、GML、GMC 和 CD 这 4 个演替阶段中的真核微生物群落各自聚为一类, 表明 4 种演替阶段下的真核微生物群落结构存在差异, 相异性分析非参数检验方法 ADONIS、ANOSIM 的结果也为 4 种不同

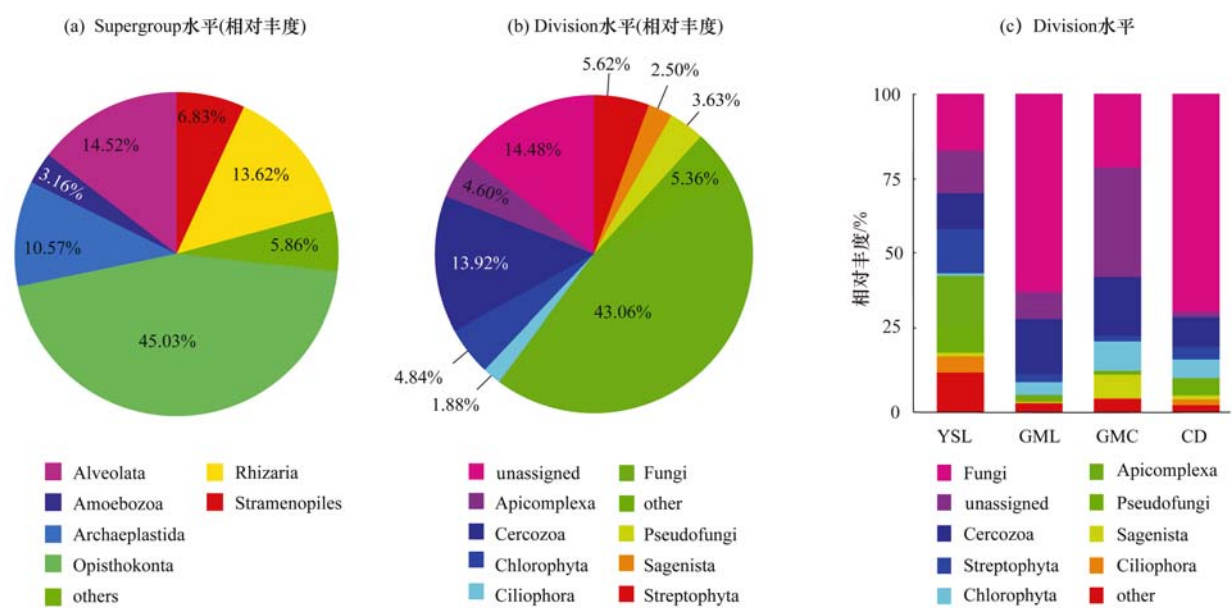


图2 不同水平下不同演替阶段真核微生物群落组成

Fig. 2 Composition of eukaryotic microbial community in different stages of vegetation succession at different levels

植被演替下土壤真核微生物群落结构存在差异提供了佐证($P < 0.05$). Stress(胁迫系数) < 0.2 时,说明NMDS可以准确反映样品间的差异程度. 综合分析发现,YSL与CD距离最远,说明其土壤真核微生物群落组成结构差异最大,GMC与CD距离最近,说明其土壤真核微生物群落组成结构最相似. 总体来说,各样地两两之间距离不同,各样地土壤真核微生物群落组成结构均不同,同时两两之间差异大小也不相同.

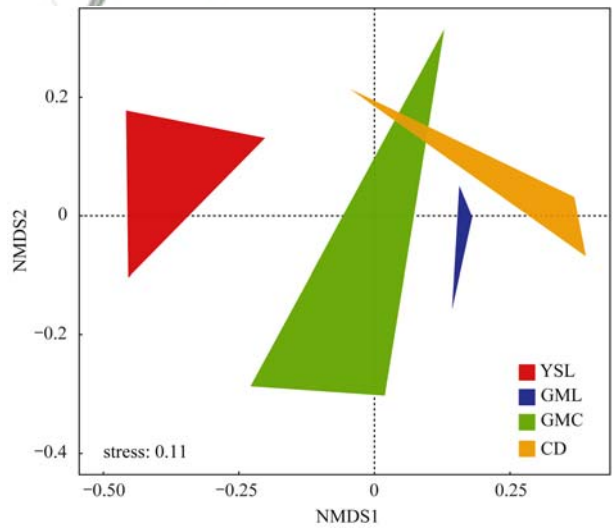


图3 基于NMDS的不同演替阶段下真核微生物群落结构分析

Fig. 3 Structure analysis using NMDS of eukaryotic microbial community in different stages of succession

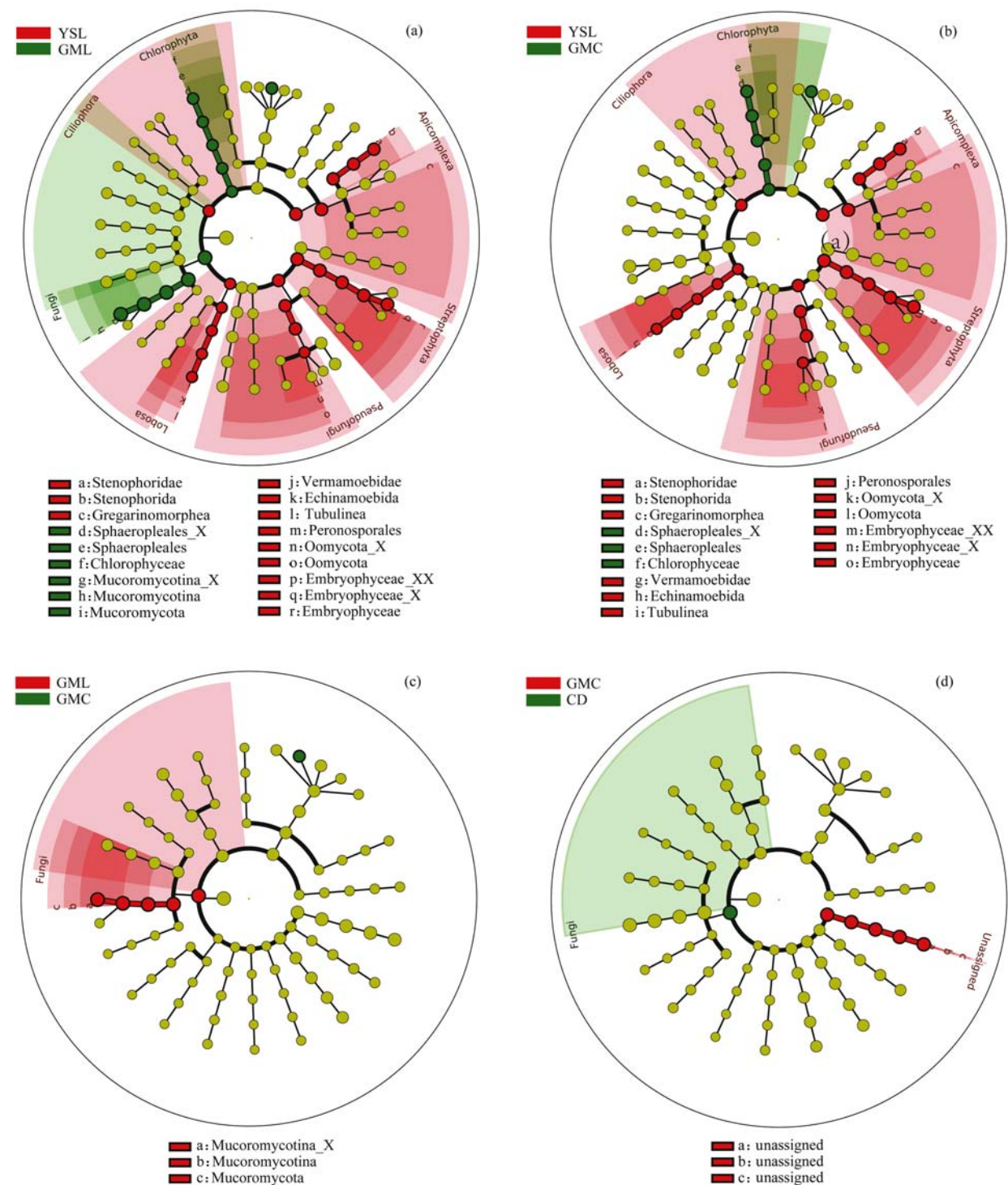
2.5 不同演替阶段真核微生物群落差异性分析

4个样地LEfSe分析进化如图4所示,在真核微生物属水平上作LEfSe分析,仅展示得分值 > 2.0 的物种. 原生林与灌木林中共发现31个差异种,其

中原生林20个,灌木林11个;原生林与灌木丛中 共发现26个差异种,其中原生林20个,灌木丛6个;灌木林与灌木丛中 共发现6个差异种,其中灌木林5个,灌木丛1个;灌木丛与草地中共发现6个差异种,其中灌木丛5个,草地1个. 原生林中的差异种主要有 Stenophoridae (科)、Stenophorida (目)、Gregarinomorphea (纲)、Tubulinea (纲)、Peronosporales (科)、Oomycota (纲) 和 Embryophyceae (纲); 灌木林中的差异种主要有 Mortierella (属)、Fungi (门)、Sphaeropleales (科)、Chlorophyceae (科) 和 Mucoromycotina (目); 灌木丛中的差异种主要有 Chlorophyta (门)、Chlorophyceae (科) 和 Sphaeropleales (科); 草地的差异种主要有 Fungi (门).

3 讨论

目前,对茂兰喀斯特自然保护区动植物群落结构和土壤理化性质等方面已有比较深入的研究^[35,36],而针对真核微生物的研究主要集中在海洋真核微生物^[37~39],而对土壤真核微生物的研究较少. 本研究发现 Shannon 和 Chao1 指数在不同植被演替阶段土壤中存在差异,最低的是草地土壤,最高的是原生林土壤. 这表明随着正向演替的进行,土壤微生物多样性在不断增加,这一结果可能是因为:①原生林土壤养分肥沃,为微生物的生存提供了较好的环境^[40]. 并且随着演替的进行,植被逐渐趋于成熟阶段,植物生产力与凋落物的增加提高了土壤有机质含量^[41],研究表明有机质含量的差异是影响微生物多样性的主要因素^[42],而原生林土壤有机质往



(a) 表示原生林与灌木林之间的差异指示种; (b) 表示原生林与灌木丛之间的差异指示种; (c) 表示灌木林与灌木丛之间的差异指示种; (d) 表示灌木丛与草地之间的差异指示种; 图中小写字母(a~r)代表真核生物从门到属水平的差异指示种

图 4 不同演替阶段下真核微生物群落 LefSe 分析

Fig. 4 LefSe analysis of eukaryotic microbial community in different stages of succession

往高于草地,因此原生林土壤物种多样性较草地土壤高.②原生林植被类型的丰富和多样性导致了土壤微生物利用资源异质性增加,从而增加了土壤生物^[43]. Jangid 等^[44]的研究发现,随着演替的进行,演替后期土壤微生物群落多样性指数会高于早期演替阶段,这与本研究结果一致. 同样地, De Quadros 等^[45]的研究发现,原生林微生物群落多样性略高于

草地土壤微生物多样性. NMDS 分析表明,原生林、灌木林、灌木丛和草地演替阶段下土壤真核微生物群落可以明显区分,这与 Zhao 等^[28]的研究结果相一致. 其原因可能是随着植被演替的进行,植被类型也会随之改变,这种改变会影响凋落物的数量和组成,进而对土壤微生物的分布和组成产生间接影响^[46~48].

土壤微生物多样性受植被、土壤类型、温度、水分和土地利用方式等因素影响^[49]。本研究发现,在不同演替阶段中真核微生物组成相似,主要优势群落为 Fungi、Cercozoa 和 Streptophyta。Fungi 是 4 种演替阶段下的优势物种。这与很多研究结果相似,如 Müller 等^[50]在使用高通量测序对大西洋森林土壤真核微生物的研究中发现,Fungi 和 Metazoa 是最多的物种;Jing 等^[49]通过对不同植被恢复类型土壤中真核微生物的研究也发现,Fungi 和 Metazoa 是主要的群落;还有研究者认为土壤微生物会随着地上植被的演替发生变化,大量不同种类的植物凋落物提供了丰富的营养物质来源^[51]。植被组成的不同也会导致进入到土壤中的有机质、根系分泌物等发生变化,改变根系对土壤的营养物质输入,从而影响土壤真菌的群落组成和多样性分布^[52,53]。王韵等^[54]的研究发现在整个植被演替的过程中,植被类型改变了土壤养分、微生物群落多样性等。土壤养分越充足,越有利于土壤微生物的生长发育。LEfSe 分析还表明,4 种演替阶段土壤中真核微生物的差异种明显不同,原生林中真核微生物差异种最多,草地阶段差异种最少,表明随着正向演替的进行差异指示种数量在不断增加,这可能是因为原生林土壤有机质、总碳和总氮等理化因子较其他 3 种演替阶段而言土壤肥力较高^[55],各种土壤理化因子的综合作用使得原生林演替阶段差异指示种数量最多。

4 结论

(1) 不同分类水平下,不同演替阶段土壤真核微生物群落优势种群组成相似,在 Supergroup 水平上,群落优势种群主要由后鞭毛生物 (Opisthokonta)、囊泡虫类 (Alveolata) 和有孔虫类 (Rhizaria) 组成。

(2) 不同演替阶段下土壤真核微生物多样性存在差异,Shannon 指数与 Simpson 指数在不同演替阶段表现为:YSL > GMC > GML > CD。

(3) 利用 NMDS 分析和 LEfSe 分析探讨茂兰喀斯特地区真核微生物群落分布,结果表明不同演替阶段下真核微生物群落结构存在差异。

参考文献:

- [1] 吴求生, 龙健, 李娟, 等. 茂兰喀斯特森林小生境类型对土壤微生物群落组成的影响[J]. 生态学报, 2019, **39**(3): 1009-1018.
Wu Q S, Long J, Li J, et al. Effects of different microhabitat types on soil microbial community composition in the Maolan karst forest in southwest China[J]. Acta Ecologica Sinica, 2019, **39**(3): 1009-1018.
- [2] 吴鹏, 陈骏, 崔迎春, 等. 茂兰喀斯特植被主要演替群落土壤有机碳研究[J]. 中南林业科技大学学报, 2012, **32**(12): 1181-1186.
- [3] Stone M M, Kan J J, Plante A F. Parent material and vegetation influence bacterial community structure and nitrogen functional genes along deep tropical soil profiles at the Luquillo Critical Zone observatory[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2015, **80**: 273-282.
- [4] 黄宗胜, 符裕红, 喻理飞, 等. 喀斯特森林植被自然恢复中土壤团聚体有机碳含量与团聚体分形特征[J]. 林业科学研究, 2015, **28**(2): 277-283.
Huang Z S, Fu Y H, Yu L F, et al. Studies on organic carbon content and fractal features of soil aggregates with the process of natural restoration of karst forest vegetation[J]. Forest Research, 2015, **28**(2): 277-283.
- [5] 刘方, 王世杰, 刘元生, 等. 喀斯特石漠化过程土壤质量变化及生态环境影响评价[J]. 生态学报, 2005, **25**(3): 639-644.
Liu F, Wang S J, Liu Y S, et al. Changes of soil quality in the process of karst rocky desertification and evaluation of impact on ecological environment[J]. Acta Ecologica Sinica, 2005, **25**(3): 639-644.
- [6] 龙健, 李娟, 江新荣, 等. 贵州茂兰喀斯特森林土壤微生物活性的研究[J]. 土壤学报, 2004, **41**(4): 597-602.
Long J, Li J, Jiang X R, et al. Soil microbial activities in Maolan karst forest, Guizhou province[J]. Acta Pedologica Sinica, 2004, **41**(4): 597-602.
- [7] Rappé M S, Giovannoni S J. The uncultured microbial Majority[J]. Annual Review of Microbiology, 2003, **57**: 369-394.
- [8] Anderson R, Wylezich C, Glaubitz S, et al. Impact of protist grazing on a key bacterial group for biogeochemical cycling in Baltic Sea pelagic oxic/anoxic interfaces[J]. Environmental Microbiology, 2013, **15**(5): 1580-1594.
- [9] Falkowski P G, Fenchel T, Delong E F. The microbial engines that drive Earth's biogeochemical cycles[J]. Science, 2008, **320**(5879): 1034-1039.
- [10] Fierer N, Jackson R B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2006, **103**(3): 626-631.
- [11] DeLong E F. Archaea in coastal marine environments[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1992, **89**(12): 5685-5689.
- [12] Felske A, Wolterink A, Van Lis R, et al. Response of a soil bacterial community to grassland succession as monitored by 16S rRNA levels of the predominant ribotypes[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2000, **66**(9): 3998-4003.
- [13] Nüsslein K, Tiedje J M. Soil bacterial community shift correlated with change from forest to pasture vegetation in a tropical soil[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1999, **65**(8): 3622-3626.
- [14] 白丽, 范席德, 王洁莹, 等. 黄土高原草地次生演替过程中微生物群落对植物群落的响应[J]. 生态环境学报, 2018, **27**(10): 1801-1808.
Bai L, Fan X D, Wang J Y, et al. Responses of microbial communities to plant communities during secondary succession of grassland in Loess Plateau[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2018, **27**(10): 1801-1808.
- [15] Seppý C V W, Singer D, Dumack K, et al. Distribution

- patterns of soil microbial eukaryotes suggests widespread algivory by phagotrophic protists as an alternative pathway for nutrient cycling[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, **112**: 68-76.
- [16] Caron D A, Countway P D, Jones A C, *et al.* Marine protistan diversity[J]. *Annual Review of Marine Science*, 2012, **4**(1): 467-493.
- [17] Van Der Wal A, Geydan T D, Kuyper T W, *et al.* A thready affair: linking fungal diversity and community dynamics to terrestrial decomposition processes [J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2013, **37**(4): 477-494.
- [18] Worden A Z, Follows M J, Giovannoni S J, *et al.* Rethinking the marine carbon cycle: factoring in the multifarious lifestyles of microbes[J]. *Science*, 2015, **347**(6223): 1257594.
- [19] Verni F, Gualtieri P. Feeding behaviour in ciliated protists[J]. *Micron*, 1997, **28**(6): 487-504.
- [20] Bartelt-Ryser J, Joshi J, Schmid B, *et al.* Soil feedbacks of plant diversity on soil microbial communities and subsequent plant growth [J]. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics*, 2005, **7**(1): 27-49.
- [21] Tedersoo L, Bahram M, Cajthaml T, *et al.* Tree diversity and species identity effects on soil fungi, protists and animals are context dependent[J]. *The ISME Journal*, 2015, **10**(2): 346-362.
- [22] Tedersoo L, Bahram M, Dickie I A. Does host plant richness explain diversity of ectomycorrhizal fungi? Re-evaluation of Gao *et al.* (2013) data sets reveals sampling effects[J]. *Molecular Ecology*, **23**(5): 992-995.
- [23] Geisen S. Thorough high-throughput sequencing analyses unravels huge diversities of soil parasitic protists [J]. *Environmental Microbiology*, 2016, **18**(6): 1669-1672.
- [24] Lepère C, Domaizon I, Hugoni M, *et al.* Diversity and dynamics of active small microbial eukaryotes in the anoxic zone of a freshwater meromictic lake (Pavin, France) [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, **7**: 130.
- [25] Mahé F, De Vargas C, Bass D, *et al.* Parasites dominate hyperdiverse soil protist communities in Neotropical rainforests [J]. *Nature Ecology & Evolution*, 2017, **1**(4), doi: 10.1038/s41559-017-0091.
- [26] 秦文韬, 张冰, 孙晨翔, 等. 城市污水处理系统真核微生物群落特性与地域性差异[J]. *环境科学*, 2019, **40**(5): 2368-2374.
- Qin W T, Zhang B, Sun C X, *et al.* Characteristics and regional heterogeneity of eukaryotic microbial community in wastewater treatment Plant[J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(5) 2368-2374.
- [27] 覃弦, 龙翠玲. 茂兰喀斯特森林不同演替阶段优势乔木种群结构与分布格局[J]. *贵州师范大学学报(自然科学版)*, 2016, **34**(6): 33-38.
- Qin X, Long C L. Analysis on structure and distribution pattern of dominant arbor population at different succession stages of karst forest in Maolan natural reserve[J]. *Journal of Guizhou Normal University(Natural Sciences)*, 2016, **34**(6): 33-38.
- [28] Zhao H, Li XZ, Zhang ZM, *et al.* Drivers and assemblies of soil eukaryotic microbes among different soil habitat types in a semi-arid mountain in China[J]. *PeerJ*, 2018, **6**, doi: 10.7717/peerj.6042.
- [29] Logares R, Audic S, Bass D, *et al.* Patterns of rare and abundant marine microbial eukaryotes [J]. *Current Biology*, 2014, **24**(8): 813-821.
- [30] Rognes T, Flouri T, Nichols B, *et al.* VSEARCH: A versatile open source tool for metagenomics[J]. *PeerJ*, 2016, **4**, doi: 10.7717/peerj.2584.
- [31] Edgar R C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST[J]. *Bioinformatics*, 2010, **26**(19): 2460-2461.
- [32] Edgar R C. UNOISE2: improved error-correction for Illumina 16S and ITS amplicon sequencing[J]. *BioRxiv*, 2016, doi: 10.1101/003723.
- [33] Quast C, Pruesse E, Yilmaz P, *et al.* The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools [J]. *Nucleic Acids Research*, 2012, **41**(D1): D590-D596.
- [34] Guillou L, Bachar D, Audic S, *et al.* The Protist ribosomal reference database (PR²): a catalog of unicellular eukaryote Small Sub-Unit rRNA sequences with curated taxonomy [J]. *Nucleic Acids Research*, 2013, **41**(D1): D597-D604.
- [35] 俞国松, 王世杰, 容丽, 等. 茂兰喀斯特森林主要演替群落的凋落物动态[J]. *植物生态学报*, 2011, **35**(10): 1019-1028.
- Yu G S, Wang S J, Rong L, *et al.* Litter dynamics of major successional communities in Maolan karst forest of China[J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2011, **35**(10): 1019-1028.
- [36] 赵畅, 龙健, 李娟, 等. 茂兰喀斯特原生林不同坡向及分解层的凋落物现存量 and 养分特征[J]. *生态学杂志*, 2018, **37**(2): 295-303.
- Zhou C, Long J, Li J, *et al.* Litter stock and nutrient characteristics of decomposing litter layers in Maolan Karst primary forest in different slope directions[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2018, **37**(2): 295-303.
- [37] Debross D, Domaizon I, Humbert J F, *et al.* Overview of freshwater microbial eukaryotes diversity: a first analysis of publicly available metabarcoding data[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2017, **93**(4), doi: 10.1093/femsec/fix023.
- [38] Leray M, Knowlton N. Censusing marine eukaryotic diversity in the twenty-first century [J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2016, **371**(1702), doi: 10.1098/rstb. 2015.0331.
- [39] Comeau A M, Lagunas M G, Scarcella K, *et al.* Nitrate Consumers in arctic marine eukaryotic communities: comparative diversities of 18S rRNA, 18S rRNA genes, and nitrate reductase genes [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2019, **85**(14), doi: 10.1128/AEM.00247-19.
- [40] Moghimian N, Hosseini S M, Kooch Y, *et al.* Impacts of changes in land use/cover on soil microbial and enzyme activities [J]. *Catena*, 2017, **157**: 407-414.
- [41] Kramer C, Gleixner G. Variable use of plant- and soil-derived carbon by microorganisms in agricultural soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, **38**(11): 3267-3278.
- [42] 吴则焰, 林文雄, 陈志芳, 等. 武夷山自然保护区不同植被类型土壤微生物群落特征[J]. *应用生态学报*, 2013, **24**(8): 2301-2309.
- Wu Z Y, Lin W X, Chen Z F, *et al.* Characteristics of soil microbial community under different vegetation types in Wuyishan national nature reserve, East China [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2013, **24**(8): 2301-2309.
- [43] Zhou X Q, Guo Z Y, Chen C R, *et al.* Soil microbial community structure and diversity are largely influenced by soil pH and nutrient quality in 78-year-old tree plantations [J]. *Biogeosciences*, 2017, **14**(8): 2101-2111.
- [44] Jangid K, Williams M A, Franzluebbers A J, *et al.* Land-use history has a stronger impact on soil microbial community composition than aboveground vegetation and soil properties[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, **43**(10): 2184-2193.

- [45] De Quadros P D, Zhalnina K, Davis-Richardson A G, *et al.* Coal mining practices reduce the microbial biomass, richness and diversity of soil[J]. *Applied Soil Ecology*, 2015, **98**: 195-203.
- [46] Zou X M, Ruan H H, Fu Y, *et al.* Estimating soil labile organic carbon and potential turnover rates using a sequential fumigation-incubation procedure[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2005, **37**(10): 1923-1928.
- [47] 刘爽, 王传宽. 五种温带森林土壤微生物生物量碳氮的时空格局[J]. *生态学报*, 2010, **30**(12): 3135-3143.
Liu S, Wang C K. Spatio-temporal patterns of soil microbial biomass carbon and nitrogen in five temperate forest ecosystems [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, **30**(12): 3135-3143.
- [48] 周桔, 雷霆. 土壤微生物多样性影响因素及研究方法的现状与展望[J]. *生物多样性*, 2007, **15**(3): 306-311.
Zhou J, Lei T. Review and prospects on methodology and affecting factors of soil microbial diversity [J]. *Biodiversity Science*, 2007, **15**(3): 306-311.
- [49] Jing Z B, Cheng J M, Jin J W, *et al.* Revegetation as an efficient means of improving the diversity and abundance of soil eukaryotes in the Loess Plateau of China [J]. *Ecological Engineering*, 2014, **70**: 169-174.
- [50] Müller C A, De Mattos Pereira L, Lopes C, *et al.* Meiofaunal diversity in the Atlantic forest soil: a quest for nematodes in a native reserve using eukaryotic metabarcoding analysis [J]. *Forest Ecology and Management*, 2019, **453**: 117591.
- [51] Martínez-García L B, Pugnaire F I. Arbuscular mycorrhizal fungi host preference and site effects in two plant species in a semiarid environment[J]. *Applied Soil Ecology*, 2011, **48**(3): 313-317.
- [52] Daniel G F, Nilsson T, Singh A P. Degradation of lignocelluloses by unique tunnel-forming bacteria[J]. *Canadian Journal of Microbiology*, 1987, **33**(10): 943-948.
- [53] Kourtev P S, Ehrenfeld J G, Häggblom M. Exotic plant species alter the microbial community structure and function in the soil [J]. *Ecology*, 2002, **83**(11): 3152-3166.
- [54] 王韵, 王克林, 邹冬生, 等. 广西喀斯特地区植被演替对土壤质量的影响[J]. *水土保持学报*, 2007, **21**(6): 130-134.
Wang Y, Wang K L, Zou D L, *et al.* Effects of vegetation succession on soil quality in karst region of Guangxi, China[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2007, **21**(6): 130-134.
- [55] 赵畅. 茂兰喀斯特森林凋落物—土壤系统的养分动态变化及其相互影响机制[D]. 贵阳: 贵州师范大学, 2018.
Zhao C. Dynamic changes and mutual effects of litter-soil system in Maolan karst forest [D]. Guiyang: Guizhou Normal University, 2018.



CONTENTS

Characterization of Two Heavy Pollution Episodes in Tianjin in 2020	XIAO Zhi-mei, XU Hong, CAI Zi-ying, <i>et al.</i> (3879)
Analysis of Characteristics of Water-soluble Ions in PM _{2.5} in Chengdu Based on the MARGA	YIN Han-mei, CHEN Jun-hui, FENG Xiao-qiong, <i>et al.</i> (3889)
Seasonal Characteristics and Source Analysis of Water-soluble Inorganic Ions in PM _{2.5} in Suqian City	MA Hong-lu, ZHAO Xin, LU Jian-gang, <i>et al.</i> (3899)
Characterization and Size Distribution of Carbonaceous Aerosols at Mountain Dinghu	LI An-na, WEN Tian-xue, HUA Wei, <i>et al.</i> (3908)
Characteristics and Source Apportionment of Carbon Components in Road Dust in Anshan	LIN Zi, JI Ya-qin, LIN Yu, <i>et al.</i> (3918)
Spectral Characteristics and Source Analysis of WSOC of PM _{2.5} in Winter of Xi'an	YANG Yi, ZHANG Ya-nan, LIU Huan-wu, <i>et al.</i> (3924)
Observation of Aerosol Optical Properties and New Particle Formation in the Yangtze River Delta	DU Ying-ying, CHEN Jun, ZHANG Jia-luo, <i>et al.</i> (3932)
Component Characteristics and Source Appointment of Volatile Organic Compounds in Lianyungang City	CUI Jin-meng, WANG Ti-jian, LI Qiu-tong, <i>et al.</i> (3941)
Seasonal Pollution Characteristics and Analysis of the Sources of Atmospheric VOCs in Chengdu Urban Area	WANG Cheng-hui, CHEN Jun-hui, HAN Li, <i>et al.</i> (3951)
Ozone Sensitivity Analysis and Emission Controls in Dezhou in Summer	YAN Ru-sha (3961)
Inventory and Distribution Characteristics of China's Thermal Power Emissions Under Ultra-Low Reconstruction	QU Jia-bao, WANG Peng, BO Xin, <i>et al.</i> (3969)
Establishment and Spatial Distribution of Anthropogenic Ammonia Emission Inventory in Zhejiang Province	ZHAO Rui-dong, YU Xing-na, HOU Xin-hong, <i>et al.</i> (3976)
Evaluation and Screening of Dioxin Control Technology in Waste Incineration Flue Gas	ZHAO Si-lan, XI Peng-fei, GUO Feng-yan, <i>et al.</i> (3985)
Characteristics of Stable Isotopes and Moisture Sources of Two Typical Precipitation Events in Lanzhou City	HAN Ting-ting, ZHANG Ming-jun, WANG Sheng-jie, <i>et al.</i> (3993)
Hydrochemical Characteristics and Possible Controls of the Surface Water in Ranwu Lake Basin	ZHANG Tao, WANG Ming-guo, ZHANG Zhi-yin, <i>et al.</i> (4003)
Chemical Evolution and Formation Mechanism of Groundwater in Hetao Irrigation Area	CUI Jia-qi, LI Xian-yue, SHI Hai-bin, <i>et al.</i> (4011)
Chemical Characteristics of Groundwater and Material Sources Analysis in Shiqi River Basin	LI Xiao, YU Shi, LI Liang, <i>et al.</i> (4021)
Spatial-temporal Variations and Driving of Nitrogen and Phosphorus Ratios in Lakes in the Middle and Lower Reaches of Yangtze River	JI Peng-fei, XU Hai, ZHAN Xu, <i>et al.</i> (4030)
Spatiotemporal Variations in Nutrient Loads in River-lake System of Changdang Lake Catchment in 2016-2017	LI Xin-yan, LI Heng-peng, JIANG San-yuan, <i>et al.</i> (4042)
Influence of <i>Potamogeton crispus</i> on Lake Water Environment and Phytoplankton Community Structure	KANG Li-juan, XU Hai, ZOU Wei, <i>et al.</i> (4053)
Phylogenetic Processes and Key Driving Factors of Bacterial Communities in Jinze Reservoir	LIU Ming-kun, TONG Jun, ZHU Hui-feng, <i>et al.</i> (4062)
Distribution Characteristics of Per-/polyfluoralkyl Substances in River Sediments Around Typical Fluorine Industrial Parks	SUN Lin-ting, ZHAO Zhen, TANG Jian-hui (4069)
Microplastics-Induced Shifts of Diversity and Abundance of Antibiotic Resistance Genes in River Water	ZHOU Xin-yuan, WANG Yan-zi, SU Jian-qiang, <i>et al.</i> (4076)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics in Lianhua Reservoir	LIAO Jie, WEI Xiao-qin, XIAO Yan-qin, <i>et al.</i> (4081)
Intraspecific Variation in Growth and Alkaline Phosphatase Activity of <i>Cylindrospermopsis raciborskii</i> Strains in Response to Different Phosphorus Concentrations and Sources	YE Jin-mei, ZHAO Li, LUO Xu, <i>et al.</i> (4088)
Simulation of Water Quality Response of Guishui River Wetland Plants and Water Diversion	LI Ya-juan, DU Yan-liang, BI Er-ping, <i>et al.</i> (4095)
Performance Assessment of Field-scale Dry Grass Swale with Shallow Substrate Layer	ZHANG Jia-wei, LI Tian, ZHANG Ting-xiu (4105)
Transition of Particulate Pollutant in the Parcel-based Catchment of Sponge City	LI Jia, XIE Wen-xia, JIANG Zhi-hui, <i>et al.</i> (4113)
Adsorption of Sb(V) in Water by Natural Pyrite: Performance and Mechanism	SHI Song, WU Qian-yuan, LI Xin-zheng, <i>et al.</i> (4124)
Treatment of Wastewater Containing Naphthalene Sulfonic Acid by Persulfate Oxidation	ZHANG Jin-men, LU Jun, LIU Xiao-chen, <i>et al.</i> (4133)
Effect of Temperature on Performance and Microbial Community Structure of Anaerobic Biofilter-Treated Domestic Wastewater	LIU Zhi-bin, LIU Xiu-hong, ZHOU Tong, <i>et al.</i> (4141)
Start-up and Optimization of Denitrifying Phosphorus Removal in ABR-MBR Coupling Process	MIAO Xin-nian, WANG Qian, GUO Kai-cheng, <i>et al.</i> (4150)
Adaptability of Completely Autotrophic Nitrogen Removal over Granular Sludge to Low-Strength at Low Temperature	LIU Yu-xin, WANG Jian-fang, QIAN Fei-yue, <i>et al.</i> (4161)
Discussion on Key Issues of Geochemical Monitoring of Soil Heavy Metal in Xiongan New District	GUO Zhi-juan, ZHOU Ya-long, YANG Zheng, <i>et al.</i> (4169)
Quantitative Assessment of Human Health Risks Based on Soil Heavy Metals and PAHs Sources: Take a Polluted Industrial Site of Beijing As an Example	WU Zhi-yuan, ZHANG Li-na, XIA Tian-xiang, <i>et al.</i> (4180)
Ecological Risk Assessment of Heavy Metals at Township Scale in the High Background of Heavy Metals, Southwestern, China	ZHANG Fu-gui, PENG Min, WANG Hui-yan, <i>et al.</i> (4197)
Potential of Accumulation and Application of Dominant Plants in Lanping Lead-zinc Mine, Yunnan Province	ZHANG Long, ZHANG Yun-xia, SONG Bo, <i>et al.</i> (4210)
Key Growth Stage of Pb Accumulation in Rice Through a Hydroponic Experiment with Pb Stress	HU Yu-dan, ZHOU Hang, GU Jiao-feng, <i>et al.</i> (4218)
Effect of Nutrient Regulation and Control on Cd Accumulation Efficiency of <i>Hylotelephium spectabile</i> Under Field Conditions	GUO Jun-mei, YANG Jun-xing, YANG Jun, <i>et al.</i> (4226)
Effects of <i>Eucalyptus</i> Branches Biochar Application on Soil Physicochemical Properties of Acidified Soil in a <i>Eucalyptus</i> plantation in Northern Guangxi	DAUN Chun-yan, SHEN Yu-yi, XU Guang-ping, <i>et al.</i> (4234)
Dynamic Effects of Direct Returning of Straw and Corresponding Biochar on Acidity, Nutrients, and Exchangeable Properties of Red Soil	YANG Cai-di, LU Sheng-gao (4246)
Different Responses of Soil Microbial Community Structure to Irrigation with Treated Wastewater from Domestic and Industrial Sources	WANG Yan, CHENG Dong-hui, TAN Wen-bing, <i>et al.</i> (4253)
Effects of Manure and Organic Fertilizer Application on Soil Microbial Community Diversity in Paddy Fields	LI Peng, WU Jian-qiang, SHA Chen-yan, <i>et al.</i> (4262)
Effects of Land Use Changes on Soil Bacterial Community Diversity in the Riparian Wetland Along the Downstream of Songhua River	ZHANG Tuo, XU Fei, HUAI Bao-dong, <i>et al.</i> (4273)
Response of Soil Bacterial Community Structure to Precipitation Change in Grassland of Loess Plateau	LI Na, WANG Bao-rong, AN Shao-shan, <i>et al.</i> (4284)
Effect of Land-use on Soil Fungal Community Structure and Associated Functional Group in Huixian Karst Wetland	CHENG Yue-yang, JIN Zhen-jiang, WANG Xiao-tong, <i>et al.</i> (4294)
Interactions of Fungi Community and Relationship with the Carbon Structure in Arable Mollisols with Gradient Organic Matter Content	SHANG Qiu-tong, HUANG Rui-lin, NI Hao-wei, <i>et al.</i> (4305)
Diversity of Soil Eukaryotic Microbes in Different Succession Stages in Maolan Karst Forest of Guizhou	WANG Xian, LONG Jian, LI Juan, <i>et al.</i> (4314)
Adsorption of Cadmium and Arsenic by Corn Stalk Biochar Solidified Microorganism	LIU Yu-ling, ZHU Hu-cheng, PENG Ou, <i>et al.</i> (4322)
Mechanism of Inorganic Nitrogen Transformation and Identification of Nitrogen Sources in Water and Soil	LIANG Xing, SUN Li-qun, ZHANG Xin, <i>et al.</i> (4333)