

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

环境DNA宏条形码监测湖泊真核浮游植物的精准性

张丽娟, 徐杉, 赵峥, 周小华, 冯庆, 杨江华, 李飞龙, 王志浩, 张效伟



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年2月

第42卷 第2期
Vol.42 No.2

目次

2013~2017年中国PM_{2.5}污染防治的健康效益评估 张梦娇, 苏方成, 徐起翔, 张瑞芹, 魏煜, 谢刘震(513)

区域气象条件和减排对空气质量改善的贡献评估 武文琪, 张凯山(523)

2016年1月京津冀地区大气污染特征与多尺度传输量化评估 姚森, 张晗宇, 王晓琦, 杨书申(534)

广州市2020年春节烟花爆竹燃放对空气质量的影响 裴成磊, 王宇骏, 毕燕茹, 廉秀峰, 周倩妮, 王在华, 马理, 李梅(546)

长三角地区一次区域污染过程中细颗粒物的来源解析及其光学特性 夏丽, 朱彬, 王红磊, 康汉青(556)

南京市不同天气过程下颗粒物中水溶性离子分布特征及其来源解析 张杨, 王红磊, 刘安康, 陈魁, 张艺馨, 刘思晗(564)

天津市冬季气溶胶吸湿因子的粒径分布特征 丁净, 张裕芬, 郑乃源, 张会涛, 余卓君, 李立伟, 元洁, 唐森, 冯银厂(574)

输送、滞留叠加海上回流的长时间沙尘天气影响判断及贡献分析 张哲, 乔利平, 周敏, 黄丹丹, 安静宇, 郭会琴, 王红丽, 黄成, 董赵鑫, 王书肖(584)

洛阳市秋冬季PM_{2.5}中多环芳烃的污染特征、来源解析及健康风险评价 齐静文, 张瑞芹, 姜楠, 李利萍, 苗青青(595)

郑州市臭氧污染变化特征、气象影响及输送源分析 王旭东, 尹沙沙, 杨健, 袁明浩, 张瑞芹, 李亚松, 卢轩(604)

基于正交试验的臭氧及其前体物的非线性响应及控制方案 李光耀, 陈强, 郭文凯, 张瑞欣, 夏佳琦(616)

汽车工业区大气挥发性有机物(VOCs)变化特征及来源解析 叶露, 邵菁菁, 俞华明(624)

兰州市高分辨率人为源排放清单建立及在WRF-Chem中应用评估 郭文凯, 李光耀, 陈冰, 夏佳琦, 张瑞欣, 刘晓, 朱玉凡, 陈强(634)

2010~2017年四川省机动车污染物排放趋势分析 李媛, 石嘉诚, 陈军辉, 潘玉瑾, 周虹辉, 范武波, 叶宏, 钱骏, 刘政(643)

珠江三角洲海陆交互沉积物中镉生物有效性及生态风险评价 王芳婷, 包科, 陈植华, 黄长生, 张彩香, 赵信文, 刘学浩(653)

乌梁素海流域地表水中全氟化合物分布、来源及其生态风险 史锐, 毛若愚, 张梦, 吕永龙, 宋帅, 赵纪新(663)

乌梁素海冰盖中微塑料的分布特征及其与盐度、叶绿素a的响应关系 王志超, 杨建林, 杨帆, 杨文焕, 李卫平, 李兴(673)

张家口清水河拦沙坝对磷输移、滞留的影响 王维, 李叙勇(681)

三峡水库典型支流磷素赋存形态特征及其成因 杨凡, 王丽婧, 纪道斌, 李虹, 李莹杰, 李鑫, 许杨, 田盼, 吴雅婷(688)

巢湖沉积物氮磷分布及污染评价 王艳平, 徐伟伟, 韩超, 胡维平(699)

巢湖南淝河口底泥污染特征及疏浚决策 杨盼, 杨春晖, 马鑫雨, 尹洪斌(712)

氧化强化对氢氧化钙原位固磷效果的影响 徐楚天, 李大鹏, 岳薇, 吴宇涵, 孙培荣, 汤尧禹, 黄勇(723)

降雨径流事件对三峡水库香溪河库湾甲烷释放的影响 陈敏, 许浩霆, 王雪竹, 肖尚斌(732)

典型喀斯特河流气-水界面二氧化碳交换特性及其营养调控因素 刘睿, 张静, 陈祖胜, 倪茂飞, 刘文胜(740)

江苏省代表性水源地抗生素及抗性基因赋存现状 王龙飞, 程逸群, 胡晓东, 朱金鑫, 李轶(749)

尾矿库水体环境抗生素抗性基因的分布特征 黄福义, 朱永官, 苏建强(761)

涡河流域中部地区地下水化学特征及其成因分析 郑涛, 焦团理, 胡波, 龚建师, 侯香梦, 王赫生(766)

天津七里海湿地水化学组成及主要离子来源分析 何明霞, 张兵, 夏文雪, 崔旭, 王中良(776)

秸秆覆盖与氮减施对土壤氮分布及地下水氮污染影响 张万锋, 杨树青, 孙多强, 靳亚红, 姜帅, 刘鹏(786)

环境DNA宏条形码监测湖泊真核浮游植物的精准性 张丽娟, 徐杉, 赵峥, 周小华, 冯庆, 杨江华, 李飞龙, 王志浩, 张效伟(796)

浮游植物群落及粒径结构对光吸收特性的影响 黄新, 施坤, 张运林, 朱广伟, 周永强(808)

松花江干流2014~2019年夏季着生藻类群落结构特征及其对环境因子的响应 于宗良, 陈威, 赵然, 李中宇, 董英莉, 张蕊, 王业耀, 金小伟(819)

汛期前后老鹳河干流人类干扰下浮游细菌多样性及功能预测 韩雪梅, 龚子乐, 杨晓明, 李玉英, 陈兆进, 朱会会, 王凡梅(831)

两种典型PPCPs在潜流人工湿地中的季节性去除效果及降解产物 李超予, 杨怡潇, 张宁, 谢惠君, 胡振, 张建(842)

人工生态系统对城市河流中抗生素和ARGs的去除 周海东, 黄丽萍, 陈晓萌, 李丹妍, 李昕, 崔锦裕(850)

紫外氯胺组合消毒供水系统中病毒微生物的分布特征 韩雪, 孙坚伟, 张力, 王哲明, 白晓慧(860)

高炉水渣负载硫化纳米零价铁对水中土霉素的去除 孙秋楠, 张荣斌, 邓曼君, 李远, 王学江(867)

胺硫改性生物炭对水溶液中不同重金属离子的吸附特性及吸附稳定性 汪存石, 何敏霞, 周峰, 陈靓, 祝建中(874)

电凝聚臭氧氧化耦合工艺的有机物处理特性及去除机制解析 谢新月, 许建军, 张少华, 刘雨果, 金鑫, 金鹏康(883)

微米零价铁对剩余活性污泥和餐厨垃圾厌氧联合消化的加强效果及机制 陈圣杰, 姚福兵, 皮洲洁, 侯坤杰, 何丽, 李小明, 王东波, 杨麒(891)

河南省典型工业区周边农田土壤重金属分布特征及风险评价 孟晓飞, 郭俊梅, 杨俊兴, 杨军, 郑国砥, 乔鹏炜, 卞建林, 陈同斌(900)

南京市绿地土壤重金属分布特征及其污染评价 陈佳林, 李仁英, 谢晓金, 王红, 徐静, 邵京, 简静, 阿克居里·乌尔曼, 沈嘉, 央宗(909)

复合改良剂FZB对砷污染土壤的修复效果 丁萍, 贺玉龙, 何欢, 余江(917)

石灰配施有机物料修复酸性Cd污染稻田 李光辉, 成晴, 陈宏(925)

叶面喷施纳米MnO₂对水稻富集镉的影响机制 周一敏, 黄雅媛, 刘晓月, 李冰玉, 刘羽翼, 李卓晴, 王薪琪, 雷鸣(932)

典型喀斯特地区土壤-作物系统镉的富集特征与污染评价 王锐, 邓海, 贾中民, 严明书, 周蛟, 董金秀, 王佳彬, 余飞(941)

辣椒果实高中低镉积型对镉的富集、转运特性及在亚细胞分布特点比较 邵晓庆, 贺章味, 徐卫红(952)

4种草本植物对镉的富集特征 陈迪, 李伯群, 杨永平, 和兆荣, 李雄(960)

不同施肥条件下紫色土旱坡地可溶性有机碳流失特征 熊子怡, 郑杰炳, 王丹, 王富华, 王莹燕, 王子芳, 高明(967)

降雨变化对荒漠草原植物群落多样性与土壤C:N:P生态化学计量特征的影响 高江平, 赵锐锋, 张丽华, 王军锋, 谢忠奎(977)

水分管理对水稻生长与根际激发效应的影响特征 林森, 肖谋良, 江家彬, 魏亮, 李科林, 刘守龙, 祝贞科, 葛体达, 吴金水(988)

铜胁迫对小麦根系微域微生物群落的影响 葛艺, 徐国民, 徐绍辉, 徐艳(996)

臭氧污染、氮沉降和干旱胁迫交互作用对杨树叶和细根非结构性碳水化合物化合物的影响 李品, 周慧敏, 冯兆忠(1004)

颗粒物有机源示踪物的筛选与应用综述 李源速, 吴爱华, 童梦雪, 栾胜基, 李鸷(1013)

《环境科学》征订启事(522) 《环境科学》征稿简则(722) 信息(748, 899, 924)

铜胁迫对小麦根系微域微生物群落的影响

葛艺¹, 徐民民², 徐绍辉¹, 徐艳^{1*}

(1. 青岛大学环境科学与工程学院, 青岛 266071; 2. 山东省环境保护科学研究设计院有限公司, 济南 250100)

摘要: 小麦是我国主要的粮食作物, 土壤重金属污染会严重威胁作物生长和粮食安全. 大量研究表明根际微生物在调控作物发育和抗逆性方面具有非常重要的作用. 因此, 本研究通过高通量测序技术研究铜胁迫条件下小麦根际微生物群落的变化, 从微生物学角度揭示铜污染胁迫对小麦根际的影响作用. 采用盆栽培养试验对铜污染处理中小麦非根际、根际以及根内微生物进行测序后, 分别比较小麦不同根系分区环境中的微生物群落结构和多样性. 结果发现, 所有处理中小麦的根内微生物多样性均显著 ($P < 0.001$) 低于根际和非根际微生物多样性, 表明根表作为微生物进入根内环境的门户, 对根内微生物的定殖起着过滤和筛选的作用. 铜污染胁迫降低了根际土壤环境中的微生物多样性, 且差异显著 ($P < 0.05$); 而在非根际和根内环境中, 尽管铜污染胁迫降低了对应根系分区中的微生物多样性, 但差异不显著 ($P > 0.05$). 变形菌门 (Proteobacteria) 和放线菌门 (Actinobacteria) 是小麦根际和非根际环境中的共有优势菌群, 通过比较发现铜污染胁迫对这两种优势菌门的影响作用较小. 另外, 芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、假黄色单胞菌属 (*Pseudoxanthomonas*) 和鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 等菌属具有较强的抗逆性, 能够在铜污染胁迫下存活且能够为植物提供营养物质.

关键词: 铜污染; 小麦; 根际微生物; 微生物多样性; 高通量测序

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)02-0996-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.202005252

Effects of Copper Pollution on Microbial Communities in Wheat Root Systems

GE Yi¹, XU Min-min², XU Shao-hui¹, XU Yan^{1*}

(1. School of Environmental Science and Engineering, Qingdao University, Qingdao 266071, China; 2. Shandong Academy of Environmental Sciences Company Limited, Jinan 250100, China)

Abstract: Wheat is the main food crop in China while at the same time, heavy metals pose a significant threat to crop growth and food security. Many studies indicate that rhizospheric microorganism play an important role in regulating crop development and stress resistance. In this study, the variation in wheat root-associated microbial communities under copper pollution was studied using high-throughput sequencing. The microbial community structure and diversity among different wheat rhizocompartments were compared after sequencing of microbial communities in the bulk soil, rhizosphere, and endosphere of wheat under copper pollution in combination with pot-based experiments. The results showed that the microbial diversity of the endosphere was significantly lower than in the rhizosphere and bulk soil ($P < 0.001$), indicating that root surfaces serve as a gateway for microorganisms to enter into the interior root environment, and play a role in filtering root colonization. Copper pollution significantly reduced the microbial diversity of the rhizosphere ($P < 0.05$). In the bulk soil and endosphere environments, although copper pollution reduced microbial diversity in the corresponding rhizocompartment, the difference was not significant ($P > 0.05$). Proteobacteria and Actinobacteria were the dominant bacteria groups in the rhizosphere and the bulk soil under copper pollution. In addition, microbes such as *Bacillus*, *Pseudoxanthomonas*, and *Sphingomonas* show strong stress resistance and can provide nutrients for plants.

Key words: copper pollution; wheat; root-associated microbial community; microbial diversity; high-throughput sequencing

小麦作为现今世界上最重要的粮食作物, 在世界农业生产中占据着极为重要的地位. 然而随着现代工业的发展, 我国的土壤重金属污染问题相当严重, 每年因重金属污染而减产的粮食达1 000多万 t^[1], 重金属污染改变土壤质量, 影响作物生长还会通过食物链进入人体, 进而危害人体身体健康^[2,3], 因此如何保障粮食生产和安全问题是制约农业发展的关键因素.

土壤微生物作为农田生态系统的重要组成部分, 其在土壤养分循环和有机质降解等生物化学过程中扮演着重要角色, 对根际土壤有机污染物的自净和重金属的迁移转化等过程发挥重要的作用. 目前基于农田土壤微生物的研究, 如开展作物根际与

非根际理化性质、作物根际效应、根际微生物组成以及土壤重金属的生物修复研究工作已广泛开展. 已有研究发现小麦根际和非根际微生物群落结构差异显著^[4], 如华北平原小麦根际土中固氮菌网络结构与非根际环境相比结构相对简单但更加稳定^[5]. 重金属污染会导致土壤中微生物多样性减少^[6], Zhang等^[7]的研究发现内生细菌可以提高植株抗氧化酶系统的防御能力, 从而有效抵抗重金属引起的氧化胁迫. Wei等^[8]的研究发现野生豆类根部的根瘤菌

收稿日期: 2020-05-24; 修订日期: 2020-08-17

基金项目: 山东省自然科学基金项目 (ZR2019YQ18); 山东省高等学校青创人才引育计划项目 (DC200000961)

作者简介: 葛艺 (1992~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤微生物学, E-mail: 15610047992@163.com

* 通信作者, E-mail: yanxu@qdu.edu.cn

和土壤杆菌对铅、铜、镉和锌重金属都具有抗性。综上所述,重金属污染条件下根际微生物群落组成会发生显著变化,而且根际微生物在调控植物抗逆性方面起着非常重要的作用。

因此,本研究通过高通量测序技术,开展铜污染胁迫条件下小麦根际微生物群落结构组成,通过分析铜污染处理组与非污染处理组小麦根际微生物种群变化,比较非根际、根际以及根内环境中微生物群落结构、丰富度和多样性差异,深入探究铜胁迫对小麦根际微生物群落的影响作用。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试土壤采自山东省滕州市农田的表层土壤(0~20 cm),土样采集后保存于塑封袋中带回实验室,置于通风处自然风干后过2 mm筛。供试小麦(*Triticum aestivum* L.)品种为济麦22,购买于山东省星科种业有限公司。

污染土壤制备:称取1.00 kg风干过筛土壤置于通风橱中,将氯化铜粉末(8.44 g)溶于去离子水中后少量多次加入供试土壤中并充分混合均匀,制备铜污染土壤。将制备完成的铜污染土壤置于无菌塑料袋中平衡7 d后,通过氢氟酸-高氯酸溶法消煮并采用ICP-MS测定污染土壤中铜的含量。经测定,供试土壤中原始铜含量为 $0.82 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,制备所得污染土壤中的铜含量为 $344 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 。

1.2 盆栽培养

选择大小一致,颗粒饱满的小麦种子用无菌水洗净之后依次用75%的乙醇浸种30 s和10%次氯酸钠溶液浸种10 min进行种子表面杀菌,然后用超纯无菌水彻底清洗。将种子转移至湿润的无菌石英砂上,于30℃恒温黑暗环境中培养5 d,待种子萌芽后转移至霍格兰营养液中继续培养1周,然后转移至土壤中进行盆栽试验。每盆装入供试铜污染土壤约120 g,选择长势相近的小麦苗2株进行移植。同时以种植小麦的非污染培养和未种植小麦的铜污染培养作为对照,所有处理设置4个重复。整个小麦生长期间用灭菌蒸馏水浇灌,保持田间持水量的60%。盆栽放置于温室中,每10 d将盆栽的位置随机移动一次,尽量保证盆栽的环境保持一致。

在小麦生长至60 d时进行采样,分别采集小麦根系和根际土壤,同时采集未种植小麦的对照处理作为非根际土壤。将整株小麦从盆中取出,通过抖落摇晃至小麦根部约附着1 mm厚度土壤,经过涡旋振荡将附着于根系表面的土壤清洗至灭菌的去离子水中,该部分土样即为根际土壤;将清洗过的小

麦根系继续超声3次后清洗根系表面直至洗净,保存小麦根系用于提取根内微生物;而未种植小麦的对照土壤即为非根际土壤。将所得样品置于-20℃保存用于后续DNA样品提取。

1.3 DNA样品提取及高通量测序

采用Fast DNA Spin Kit for Soil (MP Biomedicals, LLC)试剂盒分别对根际土、非根际土壤(新鲜土样0.25 g)和小麦根系(新鲜样品0.10 g)样品进行DNA提取^[9]。采用PCR反应体系对16S rRNA基因的V3~V4区域进行扩增,引物为338F和806R。同时,为了区分不同的样品,在338F前端加入不同barcode序列。PCR的反应条件为:98℃ 30 s;27个循环×(98℃ 30 s, 50℃ 30 s, 72℃ 30 s);72℃ 5 min。扩增后DNA经纯化和混匀后上机测定(Illumina MiSeq, USA),高通量测序由上海美吉生物医药科技有限公司完成。

1.4 统计分析

用Majorbio平台(<http://www.majorbio.com/>)进行小麦不同根系分区(根内、根际、非根际)的微生物群落分析。为了得到每个OTU(operational taxonomic unit)对应的物种分类信息,采用RDP classifier贝叶斯算法对97%相似水平的OTU序列进行分类学分析,细菌16S rRNA数据库为Silva (Release132 <http://www.arb-silva.de>)。利用R软件进行物种Venn图、Circos图、热图和PCoA图绘制。

2 结果与分析

2.1 铜污染胁迫下小麦根际微生物群落的 α 多样性

通过表1可以看出,在所有处理中根际土与非根际土中微生物群落的均匀度(Shannon)和丰富度(ACE、Chao)远远高于根内微生物,差异达到极显著水平($P < 0.001$)。然而,在非污染处理中,根际土壤中的微生物多样性与非根际土壤微生物多样性

表1 小麦根系不同分区微生物群落 α 多样性指数
Table 1 The α diversity indexes of the microbial communities in different rhizocompartments of wheat

样品 ¹⁾	Shannon 指数	ACE 指数	Chao 指数
ECu	2.62	200.75	190.64
RCu	4.80	1306.82	1049.78
NCu	4.95	1191.19	1174.99
ECK	2.78	310.40	302.80
RCK	5.31	849.59	847.49
NCK	5.42	837.83	834.40

1) ECu:铜污染处理中根内微生物群落; RCu:铜污染处理中根际土壤微生物群落; NCu:铜污染处理中非根际土壤微生物群落; ECK:非污染处理中根内微生物群落; RCK:非污染处理中根际土壤微生物群落; NCK:非污染处理中非根际土壤微生物群落

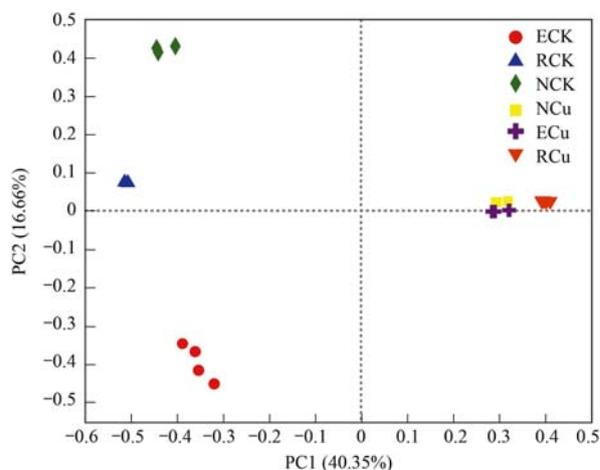
相比,差异并未达到显著水平($P > 0.05$). 同时比较铜污染与非污染处理中的微生物多样性发现,铜污染胁迫降低了根际环境中的微生物多样性且差异显著($P < 0.05$);在非根际和根内环境中,尽管铜污染胁迫降低了对应根系分区中的微生物多样性,但差异并未达到显著水平($P > 0.05$).

2.2 铜污染胁迫下小麦根际微生物群落的 β 多样性

根据各样品的细菌物种组成数据(OTUs)计算 bray_curtis 距离,基于 bray_curtis 距离矩阵进行主坐标分析(PCoA)分析(图1). 从结果可以看出主成分1(PC1)和主成分2(PC2)是共解释了57.01%的微生物结构差异性,贡献率分别为40.35%和16.66%. 基于图1可知铜污染胁迫处理与非污染对照组微生物群落差异明显. 且与对照组小麦根际土、非根际土和根内微生物群落的相对分散程度不同,铜污染胁迫处理中小麦非根际土、根际土和根内的微生物群落较为集中,说明铜污染胁迫能够显著改变微生物群落结构,且能够缩小不同根系分区中的微生物群落差异.

2.3 铜污染胁迫下小麦不同根系分区中的微生物 OTUs 数量

从 Venn 图(OTU 水平)中可以看出在非污染对照组中[图2(a)],小麦非根际土(NCK)、根际土(RCK)和根内(ECK)环境中分别测得微生物 OTU



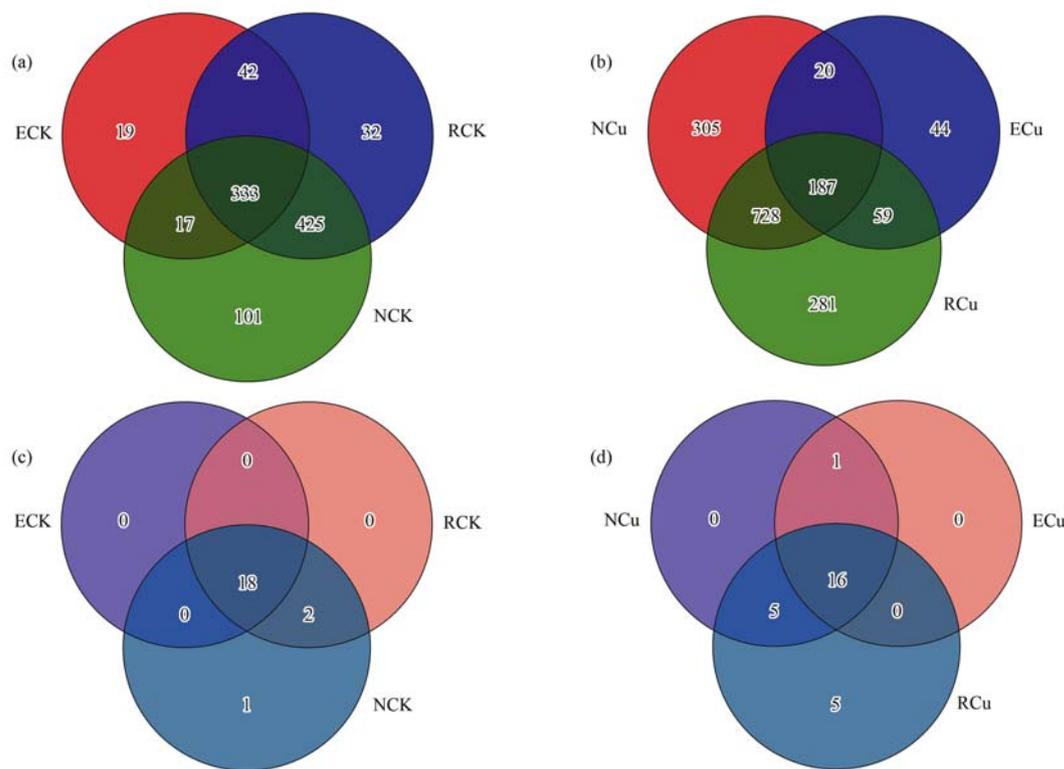
图例缩写与表1相同,下同

图1 小麦不同根系分区的微生物群落 PCoA 分析

Fig. 1 PCoA analysis of microbial communities in different rhizocompartments of wheat

个数为876、832和411. 其中非根际,根际和根内三者共有的 OTU 个数为333,分别占非根际、根际和根内 OTU 总数的38.01%、40.02%和81.02%. 从门水平的 Venn 图可以看出[图2(c)],非污染处理非根际、根际和根内微生物分别包含21、20和18个菌门. 根内与根际环境中共有菌门18个.

从 Venn 图(OTU 水平)中可以看出在铜污染试验组中小麦非根际土(NCu)、根际土(RCu)和根内



(a)和(b)OTU水平;(c)和(d)门水平

图2 不同处理中小麦不同根系分区的微生物群落在 OTU 水平和门水平的 Venn 图

Fig. 2 Venn diagram of microbial communities in different rhizocompartments of wheat under different treatments at the OTU and phylum level

(ECu)环境中分别测得微生物 OTU 个数为 1240、1255、310 [图 2(b)]. 其中非根际, 根际和根内环境中共有的 OTU 个数为 187, 分别占非根际、根际和根内 OTU 总数的 15.08%、14.90% 和 60.32%. 从门水平的 Venn 图可以看出, 铜污染试验组 [图 2(d)] 非根际、根际和根内微生物分别包含 22、26 和 17 个菌门. 根内与根际环境中共有菌门 16 个. 从结果中可以看出, 与非污染对照相比, 铜污染试验组中小麦非根际、根际、根内环境中共有 OTU 的个数降低, 而特有 OTU 的个数增加, 表明铜污染胁迫改变了小麦根系微域中的微生物组成, 能够显著促进或抑制部分微生物的生长, 而且使得微生物群落差异显著.

2.4 铜污染胁迫下小麦不同根系分区中微生物菌门组成

通过图 3 可以看出, 在铜污染处理下, 非根际土环境中变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria) 和厚壁菌门 (Firmicutes) 是优势菌群, 相对丰度分别为 25%、30% 和 28%; 根际土壤中变形菌门和放线菌门是优势菌群, 相对丰度分别为 54% 和 19%; 根内组分中的优势菌群则为变形菌门和拟杆菌门 (Bacteroidetes) 其相对丰度分别为 73% 和 19%. 另外, 结果发现厚壁菌门、放线菌门、芽单孢菌门 (Gemmatimonadetes) 和绿弯菌门 (Chloroflexi) 的相对丰度沿非根际、根际、根内呈现

逐渐递减的趋势, 变形菌门和拟杆菌门的丰度变化趋势则正好相反. 在非污染对照组中, 变形菌门、放线菌门和绿弯菌门是非根际土中的优势菌群, 相对丰度分别为 22%、17% 和 48%; 变形菌门和放线菌门是根际环境中的优势菌群, 相对丰度分别为 57% 和 23%; 而根内组分中的优势菌群为变形菌门, 其相对丰度为 84%. 绿弯菌门、厚壁菌门、芽单孢菌门、酸杆菌门 (Acidobacteria) 和浮霉菌门 (Planctomycetes) 相对丰度由非根际、根际和根内呈现出逐渐递减的趋势, 而变形菌门和拟杆菌门与之相反.

2.5 铜污染胁迫下小麦不同根系分区中微生物菌纲组成

通过柱形图分析小麦不同根系分区 (非根际、根际和根内) 微生物在纲水平上的组成差异 (图 4). 其中 α 变形菌纲 (α -Proteobacteria) 和 γ 变形菌纲 (γ -Proteobacteria) 在铜污染处理和非污染处理中均存在. 其中, 铜污染处理中 γ 变形菌纲在根内 (65.55%) 和根际 (36.24%) 环境中的相对丰度远远高于非根际环境 (11.11%); 而在非污染处理中, 类似地, 根内 (56.62%) 和根际 (27.80%) 环境中的 γ 变形菌纲相对丰度也远高于根内环境 (8.75%).

与非污染处理相比, 在根际环境中, 铜污染处理显著促进了 γ 变形菌纲、杆菌纲 (Bacilli)、拟杆菌纲 (Bacteroidia) 和芽单孢菌纲 (Gemmatimonadetes) 相对

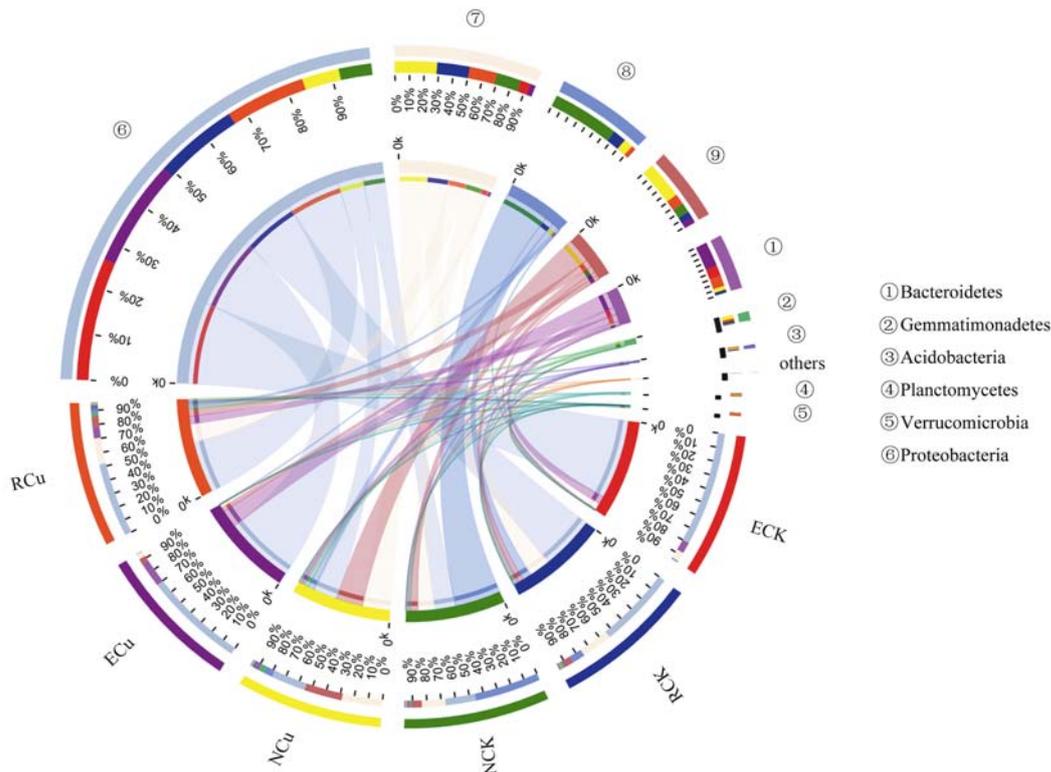


图 3 不同处理下小麦不同根系分区中的微生物菌门 Circos 图

Fig. 3 Circos diagram of microbial communities in different rhizocompartments of wheat at the phylum level under different treatments

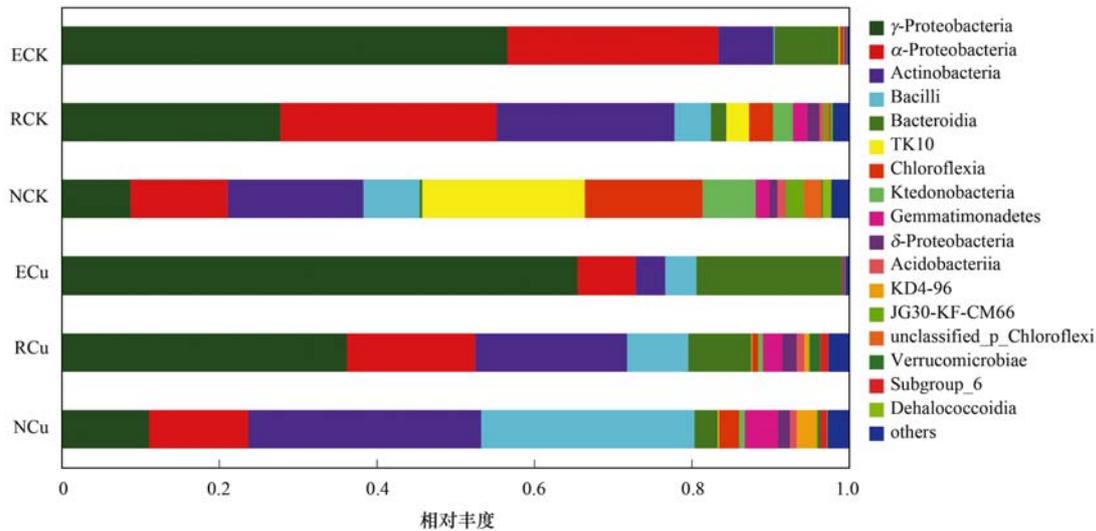


图4 不同处理小麦不同根系分区中的微生物菌纲柱形图

Fig. 4 Bar chart of microbial communities in different rhizocompartments of wheat at the class level under different treatments

丰度的增加,而 α 变形菌纲、放线菌纲(Actinobacteria)、TK10、绿弯菌纲(Chloroflexia)和纤线杆菌纲(Ktedonobacteria)的相对丰度降低;在根内环境中,铜污染处理促进了 γ 变形菌纲、杆菌纲和拟杆菌纲的生长,而抑制了 α 变形菌纲和放线菌纲的生长;在非根际环境中,铜污染处理中放线菌纲、杆菌纲、 γ 变形菌纲和芽单孢菌纲的相对丰度增加,而TK10、绿弯菌纲和纤线杆菌纲的相对丰度减少。

2.6 铜污染胁迫下小麦不同根系分区中微生物菌属组成

从图5结果中可以明显看出小麦不同根系分区(非根际、根际和根内)在不同处理中的微生物群落组成差异显著且区分明显。铜污染处理条件下,在根内环境中,相对丰度较高的菌属主要是戴氏菌属(*Dyella*)、青枯菌属(*Ralstonia*)、农研丝杆菌属(*Niastella*)、假黄色单胞菌属(*Pseudoxanthomonas*)、马赛菌属(*Massilia*)、热单胞菌属(*Thermomonas*)和*Herbaspirillum*;根际环境中,相对丰度较高的菌属包括戴氏菌属、青枯菌属、芽孢杆菌属、产黄杆菌属(*Rhodanobacter*)和*Angustibacter*;在非根际环境中,相对丰度较高的菌属主要包括芽孢杆菌属(*Bacillus*)、*Angustibacter*、多变芽孢杆菌属(*Effusibacillus*)、苯甲基杆菌属(*Phenyllobacterium*)、芽球菌属(*Blastococcus*)和李斯特氏菌属(*Ammoniphilus*)。非根际群落中的优势属包括芽孢杆菌属、苯甲基杆菌属、李斯特氏菌属、类诺氏菌属(*Nocardioidea*)和多变芽孢杆菌属。

3 讨论

3.1 小麦根际微生物群落的筛选作用

有研究表明,植物根内微生物群落的结构组成

与根际相比具有高度的特异性,微生物多样性显著降低,说明植物根系对进入其根内的微生物具有选择作用^[10-13]。Bulgarelli等^[14]利用木碎片模拟植物根系细胞壁,结果发现在拟南芥根内微生物组的形成过程中约有60%是宿主植物自身决定的。Lundberg等^[15]通过研究600种拟南芥的根际微生物组发现,拟南芥根内微生物的Shannon多样性远远低于根际和土壤中的群落多样性。本研究结果中发现无论在铜污染胁迫处理中还是非污染处理中,小麦根内微生物多样性均远低于根际和非根际环境,说明仅有部分微生物种类能够进入到小麦根内环境中定殖生长。Coleman-Derr等^[16]的研究发现绝大部分在根内富集的微生物也同时富集在根际和非根际环境中。本研究发现无论是铜污染处理还是非污染处理,小麦根内和根际环境中共同包含变形菌门、放线菌门、厚壁菌门和拟杆菌门等多个菌门。此外发现在铜污染处理条件下根内与根际环境中的共有微生物占根内总微生物的79.35%,而且大部分在根际环境中丰度较低的微生物在根内环境中的丰度也较低。综上说明,根表作为微生物进入根内环境的门户,对于根内微生物的定殖起着过滤和筛选的作用。

3.2 铜污染胁迫对小麦根际微生物群落的影响

通常情况下,由于植物根系代谢为根际微生物提供较多的碳源,使得根际土壤中的微生物数量和多样性高于非根际环境中,如杨树人工林中的根际细菌多样性高于非根际环境中^[17]。Peiffer等^[18]通过高通量测序分析发现,玉米根际与周围土壤中的微生物群落在多样性和丰富度方面存在显著差异,植物根际区域中的微生物活性更高。而在本研究中,无论是铜污染处理还是非污染处理中小麦根际

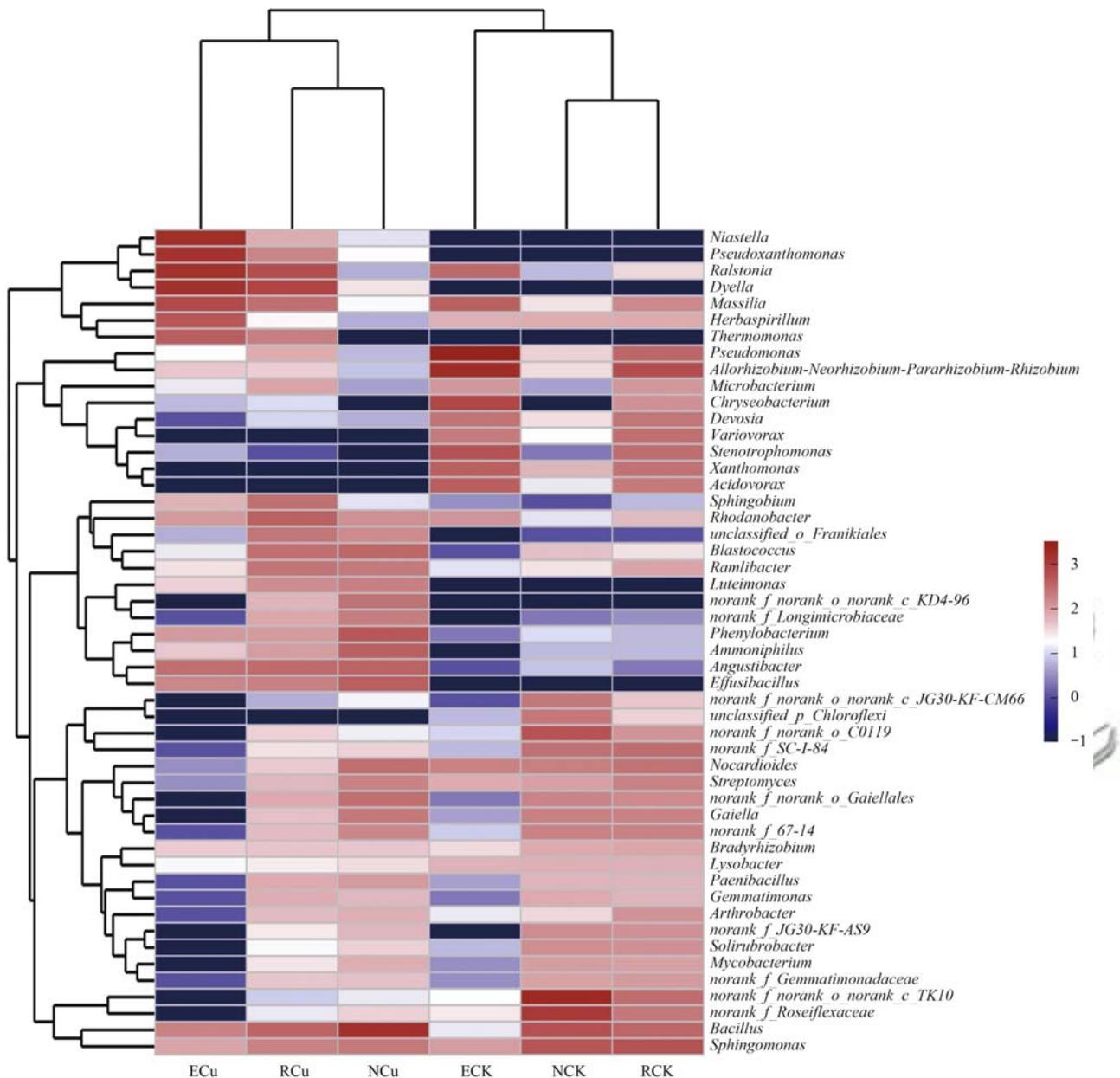


图5 不同处理小麦不同根系分区中的微生物菌属热图

Fig. 5 Heat map of microbial communities in different rhizocompartments of wheat at the genus level under different treatments

环境中的微生物多样性与非根际环境差异未达到显著水平. 与非污染处理相比, 铜污染处理中小麦根内、根际和非根际环境中微生物 Shannon 多样性均有所降低. 在根际环境中, 根系分泌物螯合酸类物质能够活化土壤中的重金属, 从而使得重金属对微生物的毒性增强, 部分微生物不能在铜污染的环境下生存, 因此使得其小麦根际土壤微生物的多样性降低, 抵消了根际分泌物对根际微生物的正激发效应.

优势微生物在土壤中相对丰度较高且在生态功能调控中发挥着重要作用^[19]. 变形菌门和放线菌门在根际和非根际环境中富集, 这与其强适应能力有关. 其中变形菌门可以在大多数环境中生存并

繁殖成为优势菌是因为其外膜主要由脂多糖组成, 可以保护其内部遗传物质不受外部干扰^[20,21]. 在非根际环境中, 铜污染处理中厚壁菌门的相对丰度显著高于非污染处理中, 而绿弯菌门在非污染处理中的相对丰度显著高于铜污染处理, 这表明重金属铜对绿弯菌门具有抑制作用, 而厚壁菌门则对铜污染有较好的适应能力.

根系分泌物是根系-微生物相互影响关系的重要媒介, 对根际定殖微生物种类具有选择作用^[22~25]. 铜污染处理中, 在非根际环境中, 厚壁菌门的相对丰度远远高于根际和根内环境; 在非污染处理中, 绿弯菌门在非根际环境中的相对丰度远远高于根际和根内环境, 而在两组处理中, 变形菌门

(Proteobacteria)在根际土中的相对丰度均远高于非根际土,这可能是由于小麦根系分泌物产生的根际效应所导致.铜污染胁迫条件下,杆菌纲和 γ 变形杆菌纲在根内、根际、非根际环境中的丰度显著提高,表明这些菌群在铜污染环境中更具竞争力,可以在铜污染环境中较好地生存.

与非污染处理相比,铜污染处理中丰度较高的菌属包括芽孢杆菌属、假黄色单胞菌属、多变芽孢杆菌属、*Angustibacter*、苯甲基杆菌属、*Ammoniphilus*、藤黄色单胞菌属(*Luteimonas*)、芽球菌属、*Ramlibacter*和罗河杆菌属(*Rhodanobacter*).其中芽孢杆菌属能够形成高抗性芽孢,定殖能力和抗逆性能力非常强;假黄色单胞菌属和鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)对土壤中的有毒物质具有一定的降解能力,且与植物联系非常密切,在根际环境中可以分泌糖类营养物质促进植物生长^[26,27].以上说明这些菌属具有较强的抗逆性,能够在铜污染胁迫下存活且能够为植物提供营养物质.

4 结论

(1)根表作为微生物进入根内环境的门户,对于根内微生物的定殖起着过滤和筛选的作用.

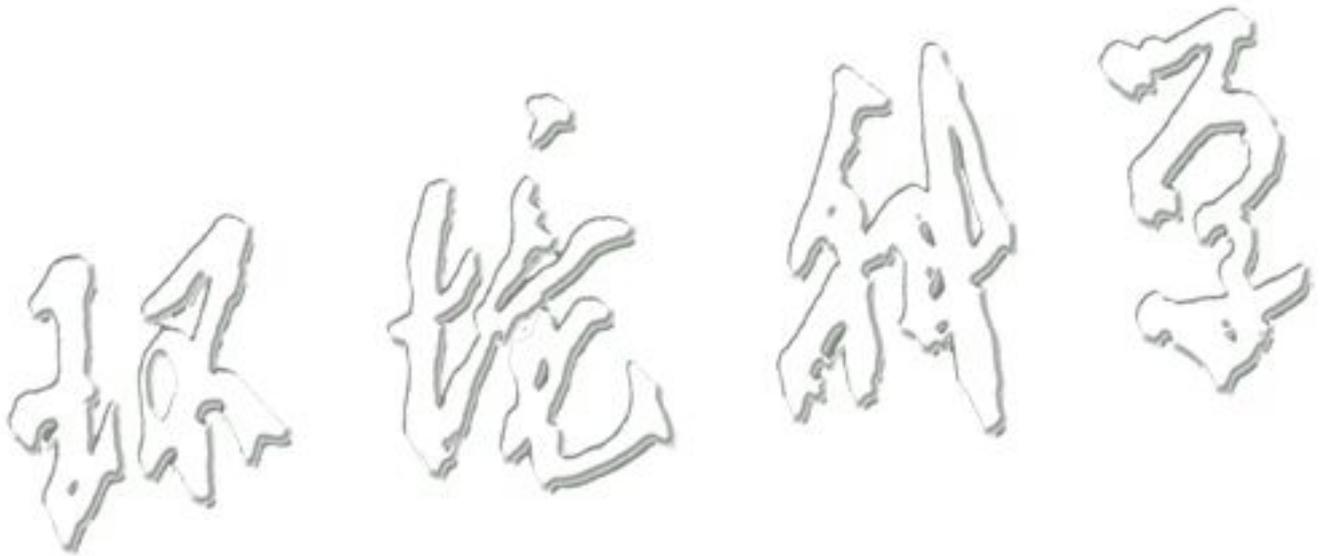
(2)与非污染对照相比,在铜污染胁迫条件下,小麦非根际土和根际土中的优势菌门为变形菌门和放线菌门,这与其强环境适应能力有关.

(3)芽孢杆菌属、假黄色单胞菌属、多变芽孢杆菌属、*Angustibacter*、苯甲基杆菌属、*Ammoniphilus*、藤黄色单胞菌属、芽球菌属、*Ramlibacter*和罗河杆菌属具有较强的耐铜能力.

参考文献:

- [1] 贾夏,周春娟,董岁明. Pb^{2+}/Cd^{2+} 处理对冬小麦幼苗根际微生物种群数量的影响[J]. 沈阳农业大学学报, 2011, **42**(4): 443-448.
Jia X, Zhou C J, Dong S M. Effects of Pb^{2+}/Cd^{2+} on the number of microorganisms in the rhizosphere of winter wheat seedlings [J]. Journal of Shenyang Agricultural University, 2011, **42**(4): 443-448.
- [2] Mahar A, Wang P, Ali A, et al. Challenges and opportunities in the phytoremediation of heavy metals contaminated soils: a review [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2016, **126**: 111-121.
- [3] 黄健,朱旭炎,陆金,等. 狮子山矿区不同土地利用类型对土壤微生物群落多样性的影响[J]. 环境科学, 2019, **40**(12): 5550-5560.
Huang J, Zhu X Y, Lu J, et al. Effects of different land use types on microbial community diversity in the Shizishan mining area[J]. Environmental Science, 2019, **40**(12): 5550-5560.
- [4] 王晓婷,陈瑞蕊,井忠旺,等. 水稻和小麦根际效应及细菌群落特征的比较研究[J]. 土壤学报, 2019, **56**(2): 443-453.
Wang X T, Chen R R, Jing Z W, et al. Comparative study on rhizosphere effects and bacterial communities in the rhizospheres of rice and wheat [J]. Acta Pedologica Sinica, 2019, **56**(2): 443-453.
- [5] Fan K K, Weisenhorn P, Gilbert J A, et al. Soil pH correlates with the co-occurrence and assemblage process of diazotrophic communities in rhizosphere and bulk soils of wheat fields [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, **121**: 185-192.
- [6] Khan S, Hesham A E L, Qiao M, et al. Effects of Cd and Pb on soil microbial community structure and activities [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2010, **17**(2): 288-296.
- [7] Zhang X X, Li C J, Nan Z B. Effects of cadmium stress on growth and anti-oxidative systems in *Achnatherum inebrians* symbiotic with *Neotyphodium gansuense* [J]. Journal of Hazardous Materials, 2010, **175**(1-3): 703-709.
- [8] Wei G H, Fan L M, Zhu W F, et al. Isolation and characterization of the heavy metal resistant bacteria CCNWR533-2 isolated from root nodule of *Lespedeza cuneata* in gold mine tailings in China [J]. Journal of Hazardous Materials, 2009, **162**(1): 50-56.
- [9] Xu Y, Ge Y, Song J X, et al. Assembly of root-associated microbial community of typical rice cultivars in different soil types [J]. Biology and Fertility of Soils, 2020, **56**(2): 249-260.
- [10] Edwards J, Johnson C, Santos-Medellin C, et al. Structure, variation, and assembly of the root-associated microbiomes of rice [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2015, **112**(8): E911-E920.
- [11] Vandenkoornhuyse P, Quaiser A, Duhamel M, et al. The importance of the microbiome of the plant holobiont [J]. New Phytologist, 2015, **206**(4): 1196-1206.
- [12] Philippot L, Raaijmakers J M, Lemanceau P, et al. Going back to the roots: the microbial ecology of the rhizosphere [J]. Nature Reviews Microbiology, 2013, **11**(11): 789-799.
- [13] Hardoim P R, van Overbeek L S, van Elsas J D. Properties of bacterial endophytes and their proposed role in plant growth [J]. Trends in Microbiology, 2008, **16**(10): 463-471.
- [14] Bulgarelli D, Rott M, Schlaeppi K, et al. Revealing structure and assembly cues for *Arabidopsis* root-inhabiting bacterial microbiota [J]. Nature, 2012, **488**(7409): 91-95.
- [15] Lundberg D S, Lebeis S L, Paredes S H, et al. Defining the core *Arabidopsis thaliana* root microbiome [J]. Nature, 2012, **488**(7409): 86-90.
- [16] Coleman-Derr D, Desgareignes D, Fonseca-Garcia C, et al. Plant compartment and biogeography affect microbiome composition in cultivated and native *Agave* species [J]. New Phytologist, 2016, **209**(2): 798-811.
- [17] 汪其同,朱婉芮,刘梦玲,等. 基于高通量测序的杨树人工林根际和非根际细菌群落结构比较[J]. 应用与环境生物学报, 2015, **21**(5): 967-973.
Wang Q T, Zhu W R, Liu M L, et al. Comparison on bacterial community of rhizosphere and bulk soil of poplar plantation based on pyrosequencing [J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2015, **21**(5): 967-973.
- [18] Peiffer J A, Spor A, Koren O, et al. Diversity and heritability of the maize rhizosphere microbiome under field conditions [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2013, **110**(16): 6548-6553.
- [19] 王燕,程东会,檀文炳,等. 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[J]. 环境科学, 2020, **41**(9): 4253-4261.
Wang Y, Cheng D H, Tan W B, et al. Different responses of soil

- microbial community structure to irrigation with treated wastewater from domestic and industrial sources [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(9): 4253-4261.
- [20] Song H G, Kim O S, Yoo J J, *et al.* Monitoring of soil bacterial community and some inoculated bacteria after prescribed fire in microcosm[J]. *Journal of Microbiology*, 2004, **42**(4): 285-291.
- [21] Whalley W R, Riseley B, Leeds-Harrison P B, *et al.* Structural differences between bulk and rhizosphere soil [J]. *European Journal of Soil Science*, 2005, **56**(3): 353-360.
- [22] Haichar F E Z, Marol C, Berge O, *et al.* Plant host habitat and root exudates shape soil bacterial community structure[J]. *The ISME Journal*, 2008, **2**(12): 1221-1230.
- [23] Berg G, Smalla K. Plant species and soil type cooperatively shape the structure and function of microbial communities in the rhizosphere[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2009, **68**(1): 1-13.
- [24] Grayston S J, Wang S, Campbell C D, *et al.* Selective influence of plant species on microbial diversity in the rhizosphere[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1998, **30**(3): 369-378.
- [25] Grayston S J, Griffith G S, Mawdsley J L, *et al.* Accounting for variability in soil microbial communities of temperate upland grassland ecosystems[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, **33**(4-5): 533-551.
- [26] 汪娅婷, 付丽娜, 姬广海, 等. 基于高通量测序技术研究云南玉米根际微生物群落多样性[J]. *江西农业大学学报*, 2019, **41**(3): 491-500.
Wang Y T, Fu L N, Ji G H, *et al.* A study of the microbial community diversity of corn rhizosphere in Yunnan Province based on high-throughput sequencing technique [J]. *Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis*, 2019, **41**(3): 491-500.
- [27] 胡杰, 何晓红, 李大平, 等. 鞘氨醇单胞菌研究进展[J]. *应用与环境生物学报*, 2007, **13**(3): 431-437.
Hu J, He X H, Li D P, *et al.* Progress in research of *Sphingomonas*[J]. *Chinese Journal of Applied & Environmental Biology*, 2007, **13**(3): 431-437.



CONTENTS

Health Impact Attributable to the Control of PM _{2.5} Pollution in China During 2013-2017	ZHANG Meng-jiao, SU Fang-cheng, XU Qi-xiang, <i>et al.</i> (513)
Contributions of Emissions Reduction and Regional Meteorological Conditions to Air Quality Improvement	WU Wen-qi, ZHANG Kai-shan (523)
Air Pollution Characteristics and Quantitative Evaluation of Multi-scale Transport in the Beijing-Tianjin-Hebei Region in January, 2016	YAO Sen, ZHANG Han-yu, WANG Xiao-qi, <i>et al.</i> (534)
Influence of Burning Fireworks on the Atmosphere During the Spring Festival in Guangzhou in 2020	PEI Cheng-lei, WANG Yu-jun, BI Yan-ru, <i>et al.</i> (546)
Source Apportionment and Optical Properties of Fine Particles Associated with Regional Pollution in the Yangtze River Delta	XIA Li, ZHU Bin, WANG Hong-lei, <i>et al.</i> (556)
Distribution Characteristics and Source Analysis of Water-soluble Ions in Particulate Matter Under Different Weather Processes in Nanjing	ZHANG Yang, WANG Hong-lei, LIU An-kang, <i>et al.</i> (564)
Size Distribution of Aerosol Hygroscopic Growth Factors in Winter in Tianjin	DING Jing, ZHANG Yu-fen, ZHENG Nai-yuan, <i>et al.</i> (574)
Time-Determination and Contribution Analysis of Transport, Retention, and Offshore Backflow to Long-Term Sand-Dust Coupling	ZHANG Zhe, QIAO Li-ping, ZHOU Min, <i>et al.</i> (584)
Characterization, Sources, and Health Risks of PM _{2.5} -bound PAHs During Autumn and Winter in Luoyang City	QI Jing-wen, ZHANG Rui-qin, JIANG Nan, <i>et al.</i> (595)
Characteristics, Meteorological Influences, and Transport Source of Ozone Pollution in Zhengzhou City	WANG Xu-dong, YIN Sha-sha, WANG Jian, <i>et al.</i> (604)
Nonlinear Response Characteristics and Control Scheme for Ozone and Its Precursors Based on Orthogonal Experimental Methods	LI Guang-yao, CHEN Qiang, GUO Wen-kai, <i>et al.</i> (616)
Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds (VOCs) in the Automobile Industrial Park of Shanghai	YE Lu, TAI Qing-qing, YU Hua-ming (624)
Establishment of a High-resolution Anthropogenic Emission Inventory and Its Evaluation Using the WRF-Chem Model for Lanzhou	GUO Wen-kai, LI Guang-yao, CHEN Bing, <i>et al.</i> (634)
Trends in Vehicle Emissions in Sichuan Province, 2010-2017	LI Yuan, SHI Jia-cheng, CHEN Jun-hui, <i>et al.</i> (643)
Bioavailability and Ecological Risk Assessment of Cadmium in the Sea-Land Interaction Sediments of the Pearl River Delta	WANG Fang-ting, BAO Ke, CHEN Zhi-hua, <i>et al.</i> (653)
Distribution, Sources, and Ecological Risks of Polyfluoroalkyl Substances in the Surface Water of the Wuliangshai Watershed	SHI Rui, MAO Ruo-yu, ZHANG Meng, <i>et al.</i> (663)
Distribution Characteristics of Microplastics in Ice Sheets and Its Response to Salinity and Chlorophyll a in the Lake Wuliangshai	WANG Zhi-chao, YANG Jian-lin, YANG Fan, <i>et al.</i> (673)
Effect of Check Dam on Phosphorus Transport and Retention in the Qingshui River, in Zhangjiakou City	WANG Wei, LI Xu-yong (681)
Characteristics of Phosphorus Speciation and Genesis in Typical Tributaries of the Three Gorges Reservoir	YANG Fan, WANG Li-jing, JI Dao-bin, <i>et al.</i> (688)
Distribution of Nitrogen and Phosphorus in Lake Chaohu Sediments and Pollution Evaluation	WANG Yan-ping, XU Wei-wei, HAN Chao, <i>et al.</i> (699)
Sediment Pollution Characteristics and Dredging in the Nanfei River Estuary, Chaohu Lake	YANG Pan, YANG Chun-hui, MA Xin-yu, <i>et al.</i> (712)
Effect of Oxidation Strengthening on In-situ Phosphorus Immobilization of Calcium Hydroxide	XU Chu-tian, LI Da-peng, YUE Wei, <i>et al.</i> (723)
Impact of Rainfall-Runoff Events on Methane Emission from Xiangxi Bay of the Three Gorges Reservoir	CHEN Min, XU Hao-ting, WANG Xue-zhu, <i>et al.</i> (732)
Water-air Carbon Dioxide Exchange and Nutritional Controls in a Typical Karst River	LIU Rui, ZHANG Jin, CHEN Zu-sheng, <i>et al.</i> (740)
Occurrence of Antibiotics and Antibiotic Resistance Genes in Representative Drinking Water Resources in Jiangsu Province	WANG Long-fei, CHENG Yi-qun, HU Xiao-dong, <i>et al.</i> (749)
Diversity and Abundance of Antibiotic Resistance Genes in Tailings Ponds	HUANG Fu-yi, ZHU Yong-guan, SU Jian-qiang (761)
Hydrochemical Characteristics and Origin of Groundwater in the Central Guohe River Basin	ZHENG Tao, JIAO Tuan-li, HU Bo, <i>et al.</i> (766)
Hydrochemical Characteristics and Analysis of the Qilihai Wetland, Tianjin	HE Ming-xia, ZHANG Bing, XIA Wen-xue, <i>et al.</i> (776)
Effects of Straw Mulching and Nitrogen Reduction on the Distribution of Soil Nitrogen and Groundwater Nitrogen Pollution	ZHANG Wan-feng, YANG Shu-qing, SUN Duo-qiang, <i>et al.</i> (786)
Precision of eDNA Metabarcoding Technology for Biodiversity Monitoring of Eukaryotic Phytoplankton in Lakes	ZHANG Li-juan, XU Shan, ZHAO Zheng, <i>et al.</i> (796)
Effect of Phytoplankton Community Composition and Size Structure on Light Absorption Properties	HUANG Xin, SHI Kun, ZHANG Yun-lin, <i>et al.</i> (808)
Periphytic Algae Community Structure and Its Relation to Environment Factors in the Main Stream of the Songhua River from 2014 to 2019	YU Zong-ling, CHEN Wei, ZHAO Ran, <i>et al.</i> (819)
Diversity and Function Prediction of Bacterioplankton Under Human Disturbance in the Main Stream of the Laoguan River Before and After the Flood Season	HAN Xue-mei, GONG Zi-le, YANG Xiao-ming, <i>et al.</i> (831)
Seasonal Removal Efficiency and Degradation Products of Two Typical PPCPs in Subsurface Flow Constructed Wetlands	LI Chao-yu, YANG Yi-xiao, ZHANG Ning, <i>et al.</i> (842)
Removal of Antibiotics and Antibiotic Resistance Genes from Urban Rivers Using Artificial Ecosystems	ZHOU Hai-dong, HUANG Li-ping, CHEN Xiao-meng, <i>et al.</i> (850)
Distribution Characteristics of Viruses Microorganisms in a Water Supply System with Combined Ultraviolet Chloramine Disinfection	HAN Xue, SUN Jian-wei, ZHANG Li, <i>et al.</i> (860)
Removal of Oxytetracycline from Water Using Blast Furnace Slag Loaded Sulfide Nanoscale Zero-valent Iron	SUN Qiu-nan, ZHANG Rong-bin, DENG Man-jun, <i>et al.</i> (867)
Heavy Metal Ion Adsorption Properties and Stability of Amine-sulfur Modified Biochar in Aqueous Solution	WANG Cun-shi, HE Min-xia, ZHOU Feng, <i>et al.</i> (874)
Characteristics and Removal Mechanism of an Electro-Hybrid Ozonation-Coagulation System in the Treatment of Organic Matters	XIE Xin-yue, XU Jian-jun, ZHANG Shao-hua, <i>et al.</i> (883)
Enhancement Effects and Mechanisms of Microscale Zero Valent Iron on the Performance of Anaerobic Co-digestion of Waste Activated Sludge and Food Waste	CHEN Sheng-jie, YAO Fu-bing, PI Zhou-jie, <i>et al.</i> (891)
Spatial Distribution and Risk Assessment of Heavy Metal Pollution in Farmland Soils Surrounding a Typical Industrial Area of Henan Province	MENG Xiao-fei, GUO Jun-mei, YANG Jun-xing, <i>et al.</i> (900)
Distribution Characteristics and Pollution Evaluation of Heavy Metals in Greenbelt Soils of Nanjing City	CHEN Jia-lin, LI Ren-ying, XIE Xiao-jin, <i>et al.</i> (909)
Remediation Effect of Compound Modifier FZB on Arsenic and Cadmium Contaminated Soil	DING Ping, HE Yu-long, HE Huan, <i>et al.</i> (917)
Remediation of Cd Contaminated Acidic Rice Fields Using the Combined Application of Lime and Organic Matter	LI Guang-hui, CHENG Qing, CHEN Hong (925)
Effect and Mechanism of Foliar Application Nano-MnO ₂ on Cadmium Enrichment of Rice	ZHOU Yi-min, HUANG Ya-yuan, LIU Xiao-yue, <i>et al.</i> (932)
Characteristics of Cadmium Enrichment and Pollution Evaluation of a Soil-Crop System in a Typical Karst Area	WANG Rui, DENG Hai, JIA Zhong-min, <i>et al.</i> (941)
Comparison of Enrichment and Transport of Cadmium in the Fruit of High and Low Enrichment Pepper Varieties and Its Distribution in Subcells	SHAO Xiao-qing, HE Zhang-mi, XU Wei-hong (952)
Cadmium Accumulation Characteristics of Four Herbs	CHEN Di, LI Bo-qun, YANG Yong-ping, <i>et al.</i> (960)
Characteristics of Dissolved Organic Carbon Loss in Purple Soil Sloping Fields with Different Fertilization Treatments	XIONG Zi-yi, ZHENG Jie-bing, WANG Dan, <i>et al.</i> (967)
Effects of Precipitation Changes on Plant Community Diversity and Soil C:N:P Ecological Stoichiometric Characteristics in a Desert Steppe of China	GAO Jiang-ping, ZHAO Rui-feng, ZHANG Li-hua, <i>et al.</i> (977)
Effect of Water Management on Rice Growth and Rhizosphere Priming Effect in Paddy Soils	LIN Sen, XIAO Mou-liang, JIANG Jia-bin, <i>et al.</i> (988)
Effects of Copper Pollution on Microbial Communities in Wheat Root Systems	GE Yi, XU Min-min, XU Shao-hui, <i>et al.</i> (996)
Ozone Pollution, Nitrogen Addition, and Drought Stress Interact to Affect Non-structural Carbohydrates in the Leaves and Fine Roots of Poplar	LI Pin, ZHOU Hui-min, FENG Zhao-zhong (1004)
Review of Screening and Applications of Organic Tracers in Fine Particulate Matter	LI Yuan-ju, WU Ai-hua, TONG Meng-xue, <i>et al.</i> (1013)