

方知库  
Eco-Environmental  
Knowledge Web

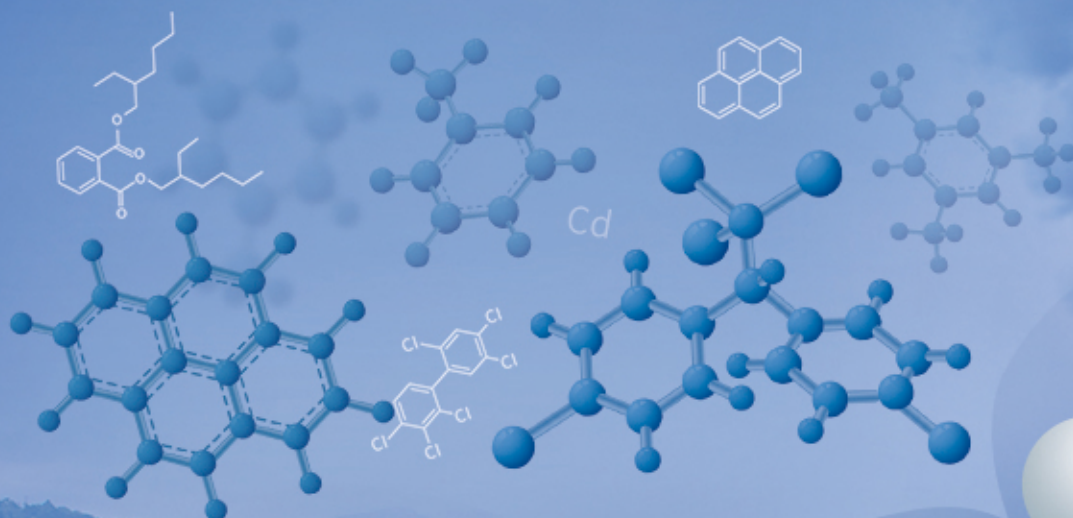
# 环境科学

## ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV  
HUANJING KEXUE

### 升金湖水体优先污染物筛选与风险评价

龚雄虎, 丁琪琪, 金苗, 薛滨, 张路, 姚书春, 王兆德, 卢少勇, 赵中华



PAHs

VOCs

HMs

PCBs

PAEs

OCPs

ANTs

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年10月

第42卷 第10期  
Vol.42 No.10

目次

|                                                                                  |                                                           |
|----------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------|
| PM <sub>2.5</sub> 化学组分连续观测在污染事件源解析中的应用 .....                                     | 蔡凡涛, 尚玥, 戴维, 谢鸣捷 (4575)                                   |
| 汾渭平原 PM <sub>2.5</sub> 空间分布的地形效应 .....                                           | 黄小刚, 赵景波, 孙从建, 汤慧玲, 梁旭琦 (4582)                            |
| 华中地区冬季灰霾天气下 PM <sub>2.5</sub> 中重金属污染特征及健康风险评价: 以湖北黄冈为例 .....                     | 李星谕, 毛瑶, 陈展乐, 刘威杰, 程铖, 石明明, 许安, 苏业旺, 胡天鹏, 祁士华, 邢新丽 (4593) |
| 华北区域大气中羰基化合物体积分数水平及化学反应活性 .....                                                  | 黄禹, 陈曦, 王迎红, 刘子锐, 唐贵谦, 李杏茹 (4602)                         |
| 成都市春季 O <sub>3</sub> 污染特征及关键前体物识别 .....                                          | 韩丽, 陈军辉, 姜涛, 徐晨曦, 李英杰, 王成辉, 王波, 钱骏, 刘政 (4611)             |
| 基于边界观测的长三角某工业区 O <sub>3</sub> 来源特征 .....                                         | 黄晴, 黄银芝, 张珊, 金丹, 高松, 修光利 (4621)                           |
| 廊坊开发区 8~9 月 O <sub>3</sub> 污染过程 VOCs 污染特征及来源分析 .....                             | 张敬巧, 王宏亮, 方小云, 刘锐泽, 丁文文, 凌德印, 王淑兰 (4632)                  |
| 广东省家具行业基于涂料类型的 VOCs 排放特征及其环境影响 .....                                             | 曾春玲, 邵霞, 刘锐源, 姚懿娟, 李银松, 侯墨, 刘洋, 范丽雅, 叶代启 (4641)           |
| 厦门湾空气质量对新冠疫情管控的响应 .....                                                          | 徐超, 吴水平, 刘怡靖, 钟雪芬 (4650)                                  |
| 北京平原和延庆地区山谷风异同及对污染的影响 .....                                                      | 吴进, 李琛, 马志强, 孙兆彬, 韩婷婷, 邱雨露, 马小会, 李颖若, 朱晓娟 (4660)          |
| 两湖盆地冬季区域大气颗粒物污染特征及独特的风场和下垫面影响 .....                                              | 朱燕, 赵天良, 白永清, 徐家平, 孙晓芸, 胡未央, 常嘉成, 杨婕, 朱从祯 (4669)          |
| 燃煤电厂颗粒物中硫酸根与硝酸根离子的转化规律 .....                                                     | 杨柳, 何晴, 盛重义 (4678)                                        |
| 长江流域主要干/支流化学特征及外源酸的影响 .....                                                      | 王琪, 于爽, 蒋萍萍, 孙平安 (4687)                                   |
| 土地利用对太湖入湖河道营养盐的影响 .....                                                          | 连心桥, 朱广伟, 杨文斌, 康丽娟, 朱梦圆, 许海 (4698)                        |
| 基于 eDNA 技术的渭河浮游动物多样性及关键种生态位特征 .....                                              | 梁东, 夏军, 宋进喜, 常剑波, 吴琼, 程丹东, 张怡恒, 孔飞鹤, 任源鑫 (4708)           |
| 三亚市水体中 PPCPs 的污染水平、分布特征及生态风险评价 .....                                             | 任丙南, 耿静 (4717)                                            |
| 升金湖水体优先污染物筛选与风险评价 .....                                                          | 龚雄虎, 丁琪琪, 金苗, 薛滨, 张路, 姚书春, 王兆德, 卢少勇, 赵中华 (4727)           |
| 天目湖沙河水库水生态安全状况长期变化及影响因素 .....                                                    | 杨文斌, 段文秀, 崔扬, 朱广伟, 吴天浩, 许海, 朱梦圆 (4739)                    |
| 华中地区供水水库抗生素抗性基因的季节变化及影响因素 .....                                                  | 张凯, 辛蕊, 李观家, 王倩, 王亚南, 许智恒, 崔向超, 魏巍 (4753)                 |
| 快速城镇化进程中珠江三角洲硝酸型地下水赋存特征及驱动因素 .....                                               | 吕晓立, 刘景涛, 韩占涛, 朱亮, 张玉玺 (4761)                             |
| 盐城地区地表水化学空间特征及控制因素分析 .....                                                       | 王建, 张华兵, 许君利, 彭俊 (4772)                                   |
| 基于沉积物中总氮和总磷垂向分布与吸附解吸特征的白洋淀清淤深度 .....                                             | 周亚婷, 陈兴宏, 李立青, 张伟军, 张美一, 王东升, 王洪杰 (4781)                  |
| 硼酸和磷酸对 PMS/Co <sup>2+</sup> 均相催化氧化有机物的影响因素与机制 .....                              | 万琪琪, 陈铸昊, 曹瑞华, 王静怡, 文刚 (4789)                             |
| 磁性生物炭负载 α-MnO <sub>2</sub> 活化过一硫酸盐降解 2,2',4,4'-四溴联苯醚 .....                       | 李鑫, 尹华, 罗昊昱, 欧阳晓芳, 刘航, 祝铭韩 (4798)                         |
| 紫外活化过硫酸钠灭活水中噬菌体 MS2 的特性及机制 .....                                                 | 张崇森, 杨昊明, 王真 (4807)                                       |
| 铈改性水葫芦生物炭对磷酸盐的吸附特性 .....                                                         | 王光泽, 曾薇, 李帅帅 (4815)                                       |
| 低温地下水净化工艺中氨氮去除性能及机制 .....                                                        | 李冬, 刘孟浩, 张瑞苗, 曾辉平, 张杰 (4826)                              |
| 我国城市污泥中重金属的赋存形态与生态风险评价 .....                                                     | 耿源濂, 张传兵, 张勇, 黄豆豆, 闫姝晓, 孙腾飞, 程柳, 王静, 毛宇翔 (4834)           |
| 不同气候类型下污水厂活性污泥中微生物群落比较 .....                                                     | 杨思航, 秦泽生, 梁漫春 (4844)                                      |
| 部分亚硝化-厌氧氨氧化协同反硝化处理生活污水脱氮除碳 .....                                                 | 秦彦荣, 袁忠玲, 张明, 张民安, 刘安迪, 付雪, 马娟, 陈永志 (4853)                |
| 同步短程硝化-厌氧氨氧化-短程反硝化颗粒污泥培育过程及其性能 .....                                             | 周峰, 刘勇弟, 厉巍 (4864)                                        |
| 多种微塑料提取方法在中国典型土壤中的应用 .....                                                       | 赵小丽, 刘子涵, 从辰宇, 韩剑桥 (4872)                                 |
| 柴达木盆地表土重金属污染与来源分析 .....                                                          | 陈亮, 张西营, 唐启亮, 耿盛, 王二龙, 李姜瑶 (4880)                         |
| 快速城市化区域不同用地类型土壤重金属含量分布特征及生态风险 .....                                              | 李梦婷, 沈城, 吴健, 黄沈发, 李大雁, 王敏 (4889)                          |
| 广西都安县典型水田土壤地球化学特征及影响因素 .....                                                     | 刘飞, 杨柯, 徐仁廷, 唐世琪 (4897)                                   |
| 炭化苹果枝通过减少土壤 DTPA-Cd 降低苹果砷木镉积累和镉伤害 .....                                          | 邓波, 荀咪, 张玮玮, 杨洪强 (4908)                                   |
| 海南省集约化种植园中谷物、蔬菜和水果中重金属累积程度及健康风险 .....                                            | 杨剑洲, 王振亮, 高健翁, 严慧, 胡树起, 唐世新, 龚晶晶 (4916)                   |
| 环境中抗生素抗性基因丰度与抗生素和重金属含量的相关性分析: 基于 Web of Science 数据库检索 .....                      | 苗荪, 陈磊, 左剑恶 (4925)                                        |
| 银川市农田土壤中四环素类抗生素的污染特征及生态风险评估 .....                                                | 张小红, 陶红, 王亚娟, 马志义, 周泽英 (4933)                             |
| 施用不同来源粪肥对土壤中抗生素淋溶的影响 .....                                                       | 李斌绪, 朱昌雄, 宋婷婷, 马金莲, 张治国, 李红娜 (4942)                       |
| 我国典型森林土壤微生物驱动的氮代谢途径特征解析 .....                                                    | 吕雪丽, 赵永鹏, 林清火, 彭显龙, 尹云锋, 蒋先军 (4951)                       |
| 青藏高原高寒湿地春夏两季根际与非根际土壤反硝化速率及 nirS 型反硝化细菌群落特征分析 .....                               | 李玉倩, 马俊伟, 高超, 霍守亮, 夏星辉 (4959)                             |
| 松嫩平原芦苇湿地退化与修复过程中土壤细菌和甲烷代谢微生物的群落结构 .....                                          | 王秋颖, 王娜, 刘颖, 陈功, 何辉, 高婕, 庄绪亮, 庄国强 (4968)                  |
| 不同轮作休耕下潮土细菌群落结构特征 .....                                                          | 南镇武, 刘柱, 代红翠, 张磊, 王娜, 徐杰, 刘开昌, 孟维伟, 王旭清 (4977)            |
| 稻田土壤光合细菌群落对镉污染的响应 .....                                                          | 罗路云, 金德才, 王殿东, 陈昂, 张德咏, 曾军, 匡炜, 张卓, 刘勇 (4988)             |
| 铁尾矿芦苇根际微生物和根内生菌群落分布及其限制性因子解析 .....                                               | 曹曼曼, 王飞, 周北海, 陈辉伦, 袁蓉芳 (4998)                             |
| 有机无机氮配施对不同程度盐渍土硝化和反硝化作用的影响 .....                                                 | 周慧, 史海滨, 张文聪, 王维刚, 苏永德, 闫妍 (5010)                         |
| 水稻产量、稻田 CH <sub>4</sub> 和 N <sub>2</sub> O 排放对长期大气 CO <sub>2</sub> 浓度升高的响应 ..... | 于海洋, 宋开付, 黄琼, 王天宇, 张广斌, 马静, 朱春梧, 徐华 (5021)                |
| 原料和热解温度对生物炭中可溶性有机质的影响 .....                                                      | 闫代红, 马亚培, 宋凯悦, 马红亮, 高人, 尹云锋 (5030)                        |
| 中国 84 个主要城市大气热岛效应的时空变化特征及影响因素 .....                                              | 李宇, 周德成, 闫章美 (5037)                                       |
| 室内建筑装饰装修材料气味物质及其释放研究进展 .....                                                     | 张万众, 张彭义 (5046)                                           |
| 《环境科学》征订启事 (4814)      《环境科学》征稿简则 (4871)      信息 (4907, 5009, 5029)              |                                                           |

# 我国典型森林土壤微生物驱动的氮代谢途径特征解析

吕雪丽<sup>1</sup>, 赵永鹏<sup>1</sup>, 林清火<sup>2</sup>, 彭显龙<sup>3</sup>, 尹云锋<sup>4</sup>, 蒋先军<sup>1\*</sup>

(1. 西南大学资源环境学院, 重庆 400715; 2. 中国热带农业科学院橡胶研究所, 海口 571101; 3. 东北农业大学资源与环境学院, 哈尔滨 150030; 4. 福建师范大学湿润亚热带山地生态国家重点实验室培育基地, 福州 350007)

**摘要:** 微生物介导的氮代谢途径对生态系统结构和功能稳定性的维持起着重要作用, 阐明微生物群落与氮代谢途径之间的关系可以从微观水平上扩展对氮代谢途径的理解。然而, 微生物的基因水平转移使得基于分类学的方法并不能说明两者之间的关系。有研究表明, 功能性状影响着群落构建和生态系统功能, 将基于功能性状的研究方法应用于土壤微生物能更好地说明氮代谢途径的特征。因此, 本文选择 5 种我国典型森林土壤, 包括黑土(黑龙江哈尔滨)、暗棕壤(吉林长白山)、黄棕壤(湖北武汉)、红壤(福建福州)和砖红壤(海南乐东), 利用可以量化微生物功能性状的宏基因组技术对不同森林土的氮代谢途径特征进行了研究, 主要包括氨同化、硝酸盐异化还原、硝酸盐同化还原、反硝化、硝化、固氮和厌氧氨氧化过程。结果表明, 细菌序列在宏基因组文库中占主导地位, 占所有序列的 98.02%, 且所涉及的几种氮代谢途径在细菌中都被检测到。5 种森林土有着相同的氮代谢途径特征, 即氨同化是细菌中检出频率最高的氮代谢途径, 每百万个带注释的细菌序列平均检测到 2 830 个氨同化途径的功能基因, 固氮和厌氧氨氧化代谢途径检出频率较低, 每百万个序列分别只检测到 28.3 和 10.7 个功能基因。不同森林土壤中同一氮代谢过程可由不同的微生物参与, 且负责整个氮代谢途径的微生物的群落结构不完全相同。

**关键词:** 森林土; 氮代谢途径; 微生物群落结构; 功能性状; 宏基因组

中图分类号: X171 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)10-4951-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.202101250

## Analysis of the Traits of Nitrogen Metabolism Pathways for Several Forest Soils in Eastern China

LÜ Xue-li<sup>1</sup>, ZHAO Yong-peng<sup>1</sup>, LIN Qing-huo<sup>2</sup>, PENG Xian-long<sup>3</sup>, YIN Yun-feng<sup>4</sup>, JIANG Xian-jun<sup>1\*</sup>

(1. College of Resources and Environment, Southwest University, Chongqing 400715, China; 2. Rubber Research Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou 571101, China; 3. College of Resources and Environment, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China; 4. State Key Laboratory of Subtropical Mountain Ecology, Fujian Normal University, Fuzhou 350007, China)

**Abstract:** Nitrogen metabolism pathways mediated by microorganisms play an important role in maintaining the structure and functional stability of soil ecosystems. Clarifying the relationships between microbial communities and nitrogen metabolism pathways can expand our understanding of nitrogen metabolism pathways at a microscopic level. However, the horizontal gene transfer of microorganisms means that taxonomy-based methods cannot be easily applied. A growing number of studies have shown that functional traits affect community construction and ecosystem functions. Using methods based on functional traits to study soil microbial communities can, therefore, better characterize nitrogen metabolism pathways. Here, five typical forest soils in China, namely black soil (Harbin, Heilongjiang), dark-brown earth (Changbaishan, Jilin), yellow-brown earth (Wuhan, Hubei), red earth (Fuzhou, Fujian), and humid-thermo ferrallitic soil (Ledong, Hainan), were selected to study the traits of nitrogen metabolism pathways using metagenomic technology combined with the trait-based methods. The studied nitrogen metabolism pathways were ammonia assimilation, nitrate dissimilatory reduction, nitrate assimilatory reduction, denitrification, nitrification, nitrogen fixation, and anaerobic ammonia oxidation. The results showed that bacteria dominated the metagenomic library, accounting for 98.02% of all the sequences. Across all domains, the most common pathway was ammonia assimilation. For example, an average of 2 830 ammonia assimilation pathway genes were detected for every million annotated bacterial sequences. In comparison, nitrogen fixation and anaerobic ammonia oxidation were the least detected pathways, accounting for 28.3 and 10.7 per million sequences, respectively. Different microorganisms can participate in a same nitrogen metabolism pathway, and the community structure of different soils was variable. The five typical forest soils in China show the same microbial nitrogen metabolism pathway traits; however, the community structure of the microorganisms mediating these processes was found to vary.

**Key words:** forest soils; nitrogen metabolism pathways; microbial community structure; function traits; metagenome

氮是构成生命的基础物质,是合成蛋白质和核酸的重要元素,在生命新陈代谢和遗传进化中扮演着重要的角色<sup>[1]</sup>。地球大气组成中约 80% 是氮,但大多以不可直接利用的 N<sub>2</sub> 的形态存在,需要固氮作用才能将其转化为活性氮。无论是生物固氮还是非生物固氮,都需要经微生物作用才能促进氮素的转化<sup>[2]</sup>。因此,微生物是不同形态的氮素转化的引擎,其对生态系统结构和功能稳定性的维持起着重要作用<sup>[3]</sup>。

然而人们对微生物驱动的生化反应过程和机制仍缺乏足够的认识,对微生物群落和生态系统功能

之间的关系主要是基于分类学的研究框架,即通过测量由标记基因方法衍生出的群落组成的变化进行推断<sup>[4]</sup>。但是这种方法并不能说明它们之间的关系,这主要是因为微生物之间存在水平基因转移,致使不同的微生物可以执行相同的代谢功能,其群落通常表现出较高的“功能冗余”。对两者之间关系的

收稿日期: 2021-01-26; 修订日期: 2021-03-30

基金项目: 国家自然科学基金项目(42077035, 41671232)

作者简介: 吕雪丽(1997~),女,硕士研究生,主要研究方向为土壤微生物生态, E-mail: 756361989@qq.com

\* 通信作者, E-mail: jiangxj@swu.edu.cn

研究需要进一步表征微生物在生态系统中的功能作用<sup>[5]</sup>. 微生物性状是指与其存活、生长和繁殖密切相关的一系列核心属性, 这些属性恰好体现了它们在生态系统中的功能作用, 将基于微生物性状的功能生态学研究框架应用于土壤微生物有助于增强将微生物群落与生态系统过程联系起来的能力<sup>[6]</sup>.

微生物的基因型性状编码微生物的功能潜力, 而宏基因组测序技术是一种量化微生物基因型性状的方法, 它不依赖于扩增, 直接对环境样品中提取的 DNA 进行深度测序, 不仅更加全面、真实和精确地反映微生物群落的遗传信息, 也为发现新的微生物或功能酶提供可能<sup>[7]</sup>. 采用宏基因组测序技术发掘基因组进化和功能信息阐明氮循环微生物功能基因多样性、相对丰度与土壤氮素循环之间的关系<sup>[8]</sup>, 进而揭示土壤中氮素的循环过程, 成为重新评价土壤质量与功能的新方法.

微生物的群落结构会随各种生物或非生物因素的干扰而发生不同程度的变化, 然而它们对微生物功能的影响却很小<sup>[9~12]</sup>. 氮循环对生态系统来说如此重要, 而森林土又是受扰动较少的一类土壤, 那么不同类型森林土壤是否具有相同的氮转化特征? 对同一氮转化途径来说, 不同森林土壤的微生物群落结构是否相似?

为了回答上述科学问题, 本研究选取 5 种我国典型森林土壤, 包括黑土(黑龙江哈尔滨)、暗棕壤(吉林长白山)、黄棕壤(湖北武汉)、红壤(福建福州)和砖红壤(海南乐东), 利用宏基因组测序技术对氮代谢途径的微生物群落进行全面分析, 探究不同类型森林土壤的氮代谢途径特征. 本研究有利于增强微观尺度上对 5 种典型森林土壤氮循环机制的理解.

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

供试土壤样品来自中国 5 个不同纬度的典型森林土样品, 样点按纬度从高到低排序依次为黑龙江哈尔滨、吉林长白山、湖北武汉、福建福州和海南乐东.

哈尔滨森林土(N45°28'02"、E127°06'41")采自黑龙江省哈尔滨市阿城区全店村, 该区属中温带大陆性季风气候, 海拔 168 m, 年均温度在 3.4℃, 年降水量 553.2 mm. 主要植被类型有水曲柳、黄檗和蒙古栎等纯林与混交林<sup>[13]</sup>. 土壤以黑土和草甸黑土为主, 本研究所采集的土壤类型为黑土.

吉林森林土(N41°44'、E127°39')采自吉林省长白山自然保护区附近, 该区属温带大陆性山地气候, 海拔 748 m, 年均温度为 4.3℃, 年降水量为 745

mm. 主要树种为蒙古栎、紫椴和红松等. 土壤为由火山灰发育而来的暗棕色土壤<sup>[14]</sup>.

武汉森林土(N30°33'08"、E114°24'28"), 采自武汉磨山地区, 该区域属亚热带季风气候, 海拔 58 m, 年均气温 15.8℃, 年降水量维持在 1 100 mm 左右. 主要植被类型为常绿阔叶林和落叶阔叶林组成的混交林<sup>[15]</sup>. 主要土壤类型有棕壤、黄棕壤, 本研究所采集的土壤类型为黄棕壤.

福州森林土(N25°58'58"、E119°10'06"), 该区属亚热带季风气候, 海拔 224 m, 年平均气温为 16~20℃, 年平均降水量为 900~2 100 mm, 主要树种有马尾松、杉木和榕树等. 土壤以红壤、赤红壤和黄壤为主, 呈酸性<sup>[16]</sup>, 本研究所采集的土壤类型为红壤.

海南森林土(N19°11'35"、E69°28'19"), 采自位于海南省乐东尖峰岭国家森林公园, 该区域属热带海洋性季风气候, 光照充足, 热量丰富, 雨量充沛, 轻风无霜, 为湿润气候区, 海拔 1 006 m, 年平均温度 24℃, 年降水量 1 600 mm. 主要植被类型有橡胶林、椰子林和桉树林等. 土壤类型有砖红壤和滨海沙壤等<sup>[17]</sup>, 本研究所采集的土壤类型为砖红壤.

### 1.2 土壤样品采集

土壤采集于 2017 年 6 月, 每个土壤类型随机选择 3 个面积为 25 m<sup>2</sup> 的小区, 每个小区之间至少相隔 10 m, 每个小区采取一个样品, 按照梅花形布点方式用直径 2.5 cm 的土钻分别钻取 0~1、9~10 和 19~20 cm 处的土壤, 将所有样品放到含有干冰的盒子中带回实验室. 去除采回土样的枯枝落叶等杂物, 一部分土样完全风干后过 1 mm 筛用于土壤基本理化性质的测定(将每个采样小区 3 个深度的土壤样品都均匀混合, 即每个土壤类型共 3 个测定土样, 共 15 个测定土样); 对 5 种森林土壤样品进行的 16S rRNA 测序结果表明, 每种森林土壤 3 种重复之间微生物群落结构相差不大, 加上以往有研究表明宏基因组测序不做重复也有很好的重现性<sup>[18]</sup>, 此外, 考虑到宏基因组测序的成本问题, 因此未对 5 种森林土壤样品进行宏基因组重复测序. 另一小部分样品放置于 -80℃ 冰箱保存用于后续 DNA 提取及宏基因组测序(对于每个采样小区, 取 0.5 g 各深度的样品, 将 3 个深度的样品均匀混合后取混合后的样品 0.5 g, 最后再将 3 个小区的土壤样品混合后取 0.5 g 作为该土壤类型最终用于宏基因组测序的样品, 共 5 个宏基因组测序样品).

### 1.3 分析测定方法

土壤 pH 值采用梅特勒 LE438 复合电极(Mettler Toledo, 中国上海)测定(土水比 1:2.5); 总氮和土壤有机质分别采用改进后的克氏法及重铬酸钾氧化容

量法( $K_2Cr_2O_7-H_2SO_4$  法)进行测定<sup>[19]</sup>; 土壤田间持水量测定方法参照国家农业行业标准测定; 总磷的测定使用消解钼锑抗分光光度法, 土壤全钾采用火焰光度法测定<sup>[20]</sup>. 土壤基本理化性质见表 1.

表 1 实验土壤样品基本理化性质<sup>1)</sup>

| Table 1 Basic physical and chemical properties of the soil samples |             |                           |                           |                           |                            |              |                             |                             |
|--------------------------------------------------------------------|-------------|---------------------------|---------------------------|---------------------------|----------------------------|--------------|-----------------------------|-----------------------------|
| 样点                                                                 | pH          | 全氮<br>/g·kg <sup>-1</sup> | 全磷<br>/g·kg <sup>-1</sup> | 全钾<br>/g·kg <sup>-1</sup> | 有机质<br>/g·kg <sup>-1</sup> | 土壤含水量<br>/%  | 硝态氮<br>/mg·kg <sup>-1</sup> | 铵态氮<br>/mg·kg <sup>-1</sup> |
| 黑土(黑龙江)                                                            | 6.30±0.50a  | 8.86±1.61a                | 1.21±0.15a                | 5.14±1.78a                | 44.50±9.85a                | 20.01±3.42b  | 5.41±2.19a                  | 4.57±1.07a                  |
| 暗棕壤(吉林)                                                            | 6.08±0.60ab | 3.69±1.83b                | 1.09±0.32a                | 7.10±2.37a                | 41.05±7.72a                | 39.82±14.87a | 1.58±1.00b                  | 4.44±2.20a                  |
| 黄棕壤(湖北)                                                            | 6.14±0.55ab | 4.01±1.77ab               | 0.61±0.43b                | 2.12±0.14b                | 17.94±2.26b                | 21.45±4.01b  | 4.37±2.65ab                 | 1.39±0.73b                  |
| 红壤(福建)                                                             | 5.05±5.70c  | 3.14±1.76b                | 0.34±0.08bc               | 1.54±0.59b                | 21.32±2.03b                | 30.15±3.29ab | 2.01±1.27ab                 | 3.24±1.58ab                 |
| 砖红壤(海南)                                                            | 5.23±0.18bc | 2.50±0.78b                | 0.13±0.09c                | 0.78±0.49b                | 33.03±5.02a                | 32.08±3.32ab | 2.64±1.32ab                 | 1.63±0.88b                  |

1) 不同小写字母之间有显著性差异( $P<0.05$ )

1.4 土壤总 DNA 提取及宏基因组测序

采用 FastDNA® SPIN Kit for Soil (MP Biomedicals, LLC, USA) 试剂盒提取土壤微生物总 DNA, 具体操作严格按照试剂盒说明进行. 对所提取的总 DNA 进行质量检测: 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 完整性; 超微量分光光度计 NanoDrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, 美国) 检测 DNA 浓度. 后续的宏基因组测序和生物信息学部分由上海凌恩生物科技有限公司利用高通量测序仪 HiSeq® 2000 System (Illumina, 美国) 完成. 宏基因组测序原始数据已经提交 NCBI 的 SRA 数据库, 登录号待公布.

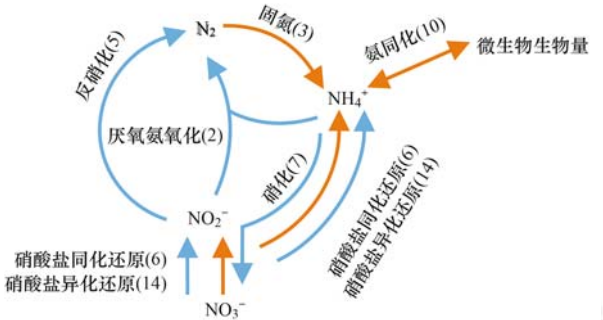
1.5 数据处理

宏基因组测序数据分析从下机原始序列开始, 首先用软件 Seqprep 和 Sickle 对下机原始数据进行去接头、质量剪切以及去污染等优化处理, 然后使用拼接软件 SOVPdenovo 和 MetaGene 分别对优质序列进行拼接组装和基因预测, 对得到的基因进行物种及功能上的注释以及分类. 使用 BLASP (BLASTVersion2.2.28 +, <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) 将基因集与 NR 数据库进行比对 (BLAST 比对参数设置期望值 e-value 为  $1E-05$ ), 并通过 NR 数据库对应的分类学信息数据库获得 N 循环微生物物种注释, 然后使用物种对应的基因丰度总和计算物种的相对丰度<sup>[21]</sup>. 用 Origin 8.6 作氮代谢途径的发生频率图; 用 SPSS 17.0 进行单因素方差分析 (one-way ANOVA); 用 R 语言的 ggplot2 包绘制属水平上的微生物群落结构图; 可以按照前人的研究将氮代谢途径分为同化途径和异化途径, 此方法可以较完整地代表整个氮代谢途径<sup>[22]</sup>. 这样, 本研究共选择 7 种氮代谢途径, 氮同化、硝酸盐同化还原和固氮途径可归为同化途径, 而硝酸盐异化还原、硝化、反硝化及厌氧氨氧化可归为异化途径, 并用 CorelDRAW 2019 绘制氮转化途径, 如图 1 所示.

2 结果与分析

2.1 宏基因组测序基本数据

如表 2 所示, 经过 HiSeq 高通量测序, 黑土、暗



橙色表示同化途径, 蓝色表示异化途径. 括号中的数字表示氮代谢途径所涉及的功能基因种类数, 氮同化途径所涉及的功能基因有: *ansB*、*gdh\_k00260*、*gdh\_k00261*、*gdh\_k00262*、*gdh\_k15371*、*gs\_k00264*、*gs\_k00265*、*gs\_k00266*、*gs\_k00284* 和 *glnA*; 硝酸盐异化还原途径所涉及的功能基因有: *napA*、*napB*、*napC*、*narG*、*narH*、*narI*、*narJ*、*narY*、*narZ*、*nirB*、*nirD*、*nrfA*、*nrfC* 和 *nrfD*; 硝酸盐同化还原途径所涉及的功能基因有: *narB*、*narC*、*nasA*、*nasB*、*nirA* 和 *NR*; 反硝化途径所涉及的功能基因有: *nirK*、*nirS*、*norB*、*norC*、*nosZ*; 硝化途径所涉及的功能基因有: *amoA\_A*、*amoB\_A*、*amoB\_B*、*amoC\_A*、*amoC\_B*、*haoH* 和 *nxB*; 固氮途径所涉及的功能基因有: *nifD*、*nifH* 和 *nifK*; 厌氧氨氧化途径所涉及的功能基因有: *hzsB* 和 *hzsC*; 改自文献<sup>[22]</sup>

图 1 本研究涉及的氮代谢途径

Fig. 1 Nitrogen metabolism pathways considered in this study

棕壤、黄棕壤、红壤和砖红壤分别产生大约 15、17、15、14 和 12 Gb 的数据量, 原始序列经过滤, 去除低质量序列、模糊序列和嵌合体序列后, 分别得到 95 609 856、106 343 106、78 277 612、102 388 778 和 116 190 398 条 clean reads. 宏基因组测序几乎涵盖了环境样品中的全部微生物, 所有样品的覆盖度基本都在 97% 以上, 说明结果能够比较全面真实地反映土壤微生物群落组成.

2.2 氮代谢途径功能基因的检出频率

为了使测序深度标准化, 本研究将每个氮途径的基因丰度报告为其在样品中的检出频率 (图 2), 细菌在 5 种森林土的各氮代谢途径中都被检测到, 其序列在宏基因组文库中占主导位置, 占所有序列的 98.02%, 其次是古菌 (1.84%) 和真菌 (0.09%). 氮同化是检出频率最高的氮代谢途径, 每百万个带注释的细菌序列平均检测到 2 830 个功能基因, 相比之下, 固

氮和厌氧氨氧化途径是最不常见的途径,每百万个序 列分别只检测到 28.3 和 10.7 个功能基因.

表 2 土壤基因组 DNA 测序数据统计

| 采样点     | 原始数据        |                | 清除后数据       |                | 比例/% |
|---------|-------------|----------------|-------------|----------------|------|
|         | 序列条数        | 总序列长度/bp       | 序列条数        | 总序列长度/bp       |      |
| 黑土(黑龙江) | 96 936 994  | 14 540 549 100 | 95 609 856  | 14 256 710 696 | 98.6 |
| 暗棕壤(吉林) | 107 176 488 | 16 076 473 200 | 106 343 106 | 15 849 288 089 | 99.2 |
| 黄棕壤(湖北) | 85 141 604  | 12 771 240 600 | 78 277 612  | 11 600 536 033 | 91.9 |
| 红壤(福建)  | 103 892 698 | 15 583 904 700 | 102 388 778 | 15 261 179 858 | 98.6 |
| 砖红壤(海南) | 117 819 506 | 17 672 925 900 | 116 190 398 | 17 327 557 901 | 98.6 |

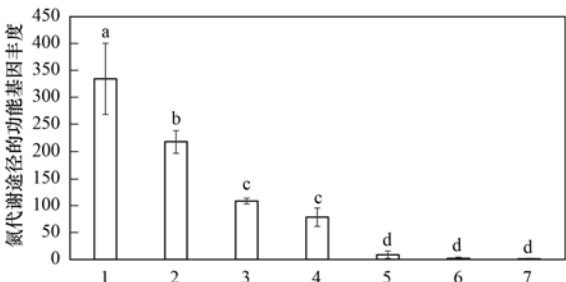
2.3 氮代谢途径的功能基因丰度

对 5 种森林土样品所涉及的 7 种氮代谢途径的功能基因丰度进行单因素方差分析(one-way ANOVA)后得到如图 3 所示的结果.从中可知,氨同化途径功能基因的丰度是最高的,且显著高于其他氮代谢途径;而硝化、固氮和厌氧氨氧化途径功能基因的丰度较低,且显著低于其他氮代谢途径.

2.4 氮代谢途径的微生物群落结构

2.4.1 门水平

各氮代谢途径中,每种森林土都有自己独特的微生物群落结构(图 4).氨同化、硝酸盐同化还原、



1 表示氨同化途径, 2 表示硝酸盐同化还原途径, 3 表示反硝化途径, 4 表示硝酸盐异化还原途径, 5 表示硝化途径, 6 表示固氮途径, 7 表示厌氧氨氧化途径; a、b、c 和 d 为差异显著性标注,不同小写字母之间差异显著( $P < 0.05$ );纵坐标值是从每百万个基因序列中检测到的目标功能基因的相对丰度

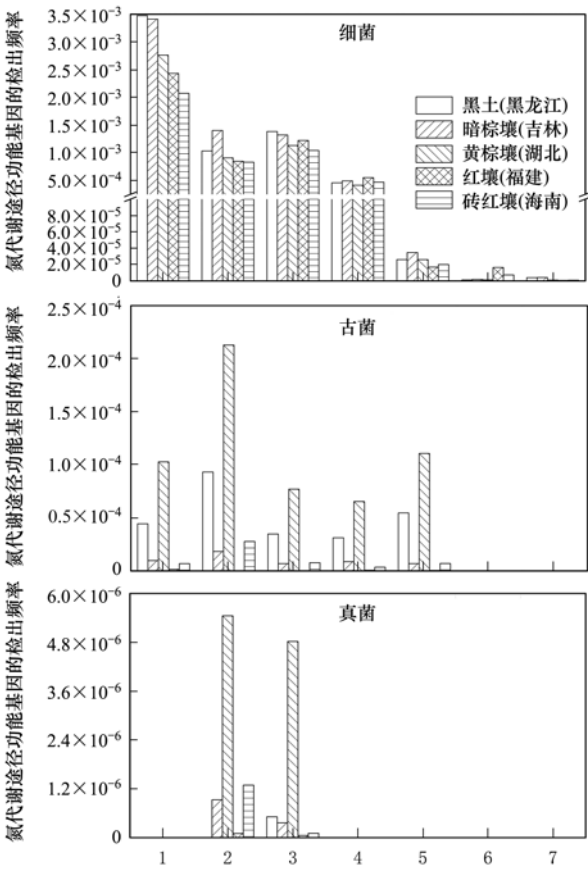
图 3 氮代谢途径的功能基因丰度

Fig. 3 Functional gene abundance of nitrogen metabolic pathways

硝酸盐异化还原和反硝化途径的优势菌门主要有变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、疣微菌门(Verrucomicrobia)和奇古菌门(Thaumarchaeota)等.硝化途径微生物的群落结构在 5 种森林土壤中差异最为明显,其中,黑土和黄棕壤中占比最高的微生物都属于奇古菌门(Thaumarchaeota),其在黄棕壤中的比例明显高于其他类型土壤,为 77.06%;暗棕壤和红壤中占比最高的微生物分别属于硝化螺旋菌门(Nitrospirae)和浮霉菌门(Planctomycetes),比例明显高于其他类型土壤,分别为 77.97% 和 51.14%;砖红壤中占比最高的微生物属于酸杆菌门(Acidobacteria),其比例是 5 种森林土中最高的,为 39.94%;此外,放线菌门(Actinobacteria)只在红壤中检测到,比例为 3.87%.固氮途径涉及 4 种门水平上的微生物,为酸杆菌门(Acidobacteria)、浮霉菌门(Planctomycetes)、变形菌门(Proteobacteria)和 Candidate division AD3 门,但黑土和黄棕壤中未检测到变形菌门(Proteobacteria)的微生物.厌氧氨氧化途径只检测到 2 种门水平上的微生物,即变形菌门(Proteobacteria)和疣微菌门(Verrucomicrobia).

2.4.2 属水平

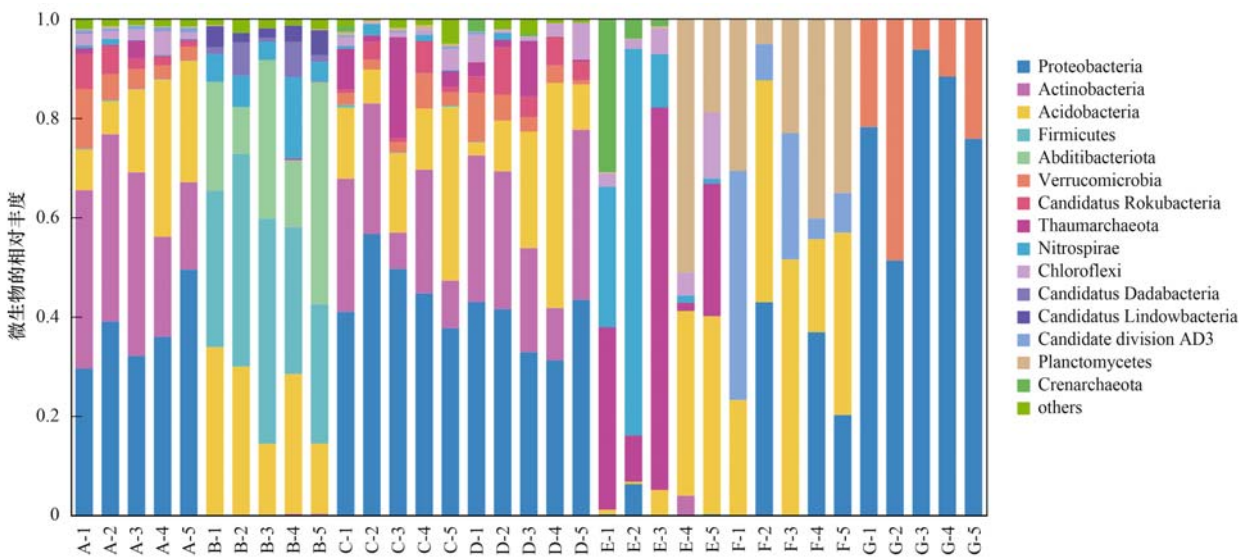
如图 5 所示,除了固氮和厌氧氨氧化途径,其他氮代谢途径都检测到了古菌,而 *Nitrososphaera* 和 *Candidatus Nitrosocosmicus* 是这些途径共有的古菌.



1 表示氨同化途径, 2 表示硝酸盐异化还原途径, 3 表示硝酸盐同化还原途径, 4 表示反硝化途径, 5 表示硝化途径, 6 表示固氮途径, 7 表示厌氧氨氧化途径

图 2 细菌、古菌和真菌氮代谢途径功能基因的检出频率

Fig. 2 Detection frequency of functional genes for each nitrogen metabolic pathway in bacteria, archaea, and fungi



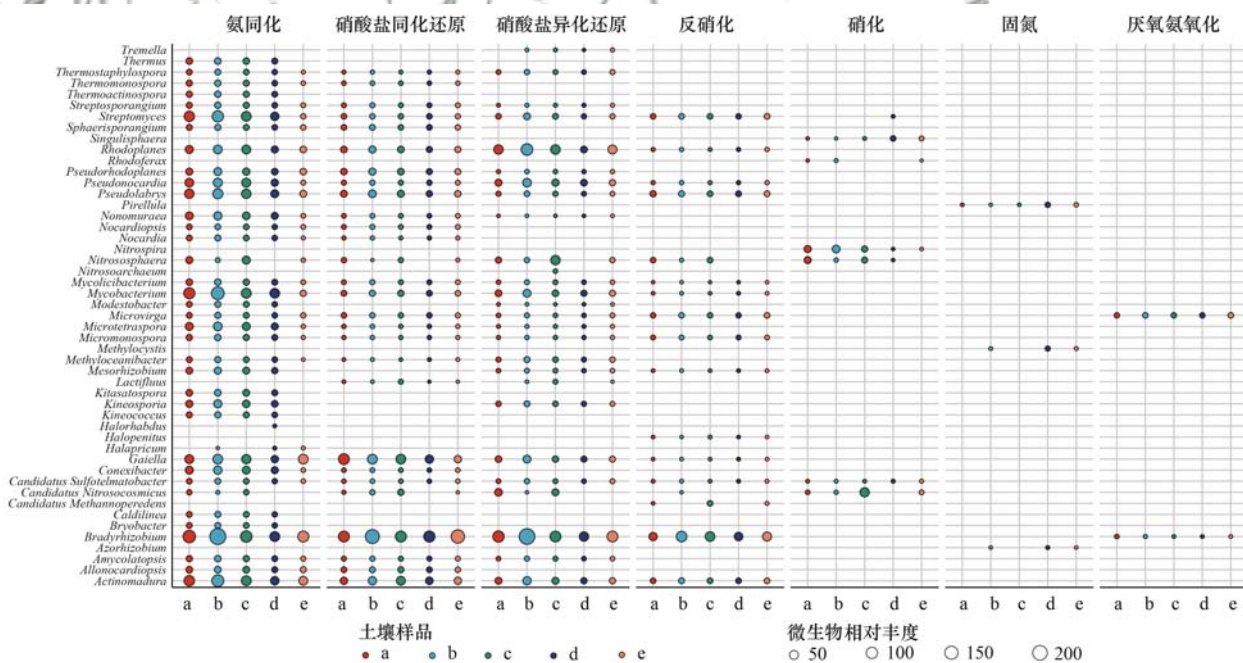
A 表示氨同化途径, B 表示硝酸盐同化还原途径, C 表示硝酸盐异化还原途径, D 表示反硝化途径, E 表示硝化途径, F 表示固氮途径, G 表示厌氧氨氧化途径; 1 表示黑土, 2 表示暗棕壤, 3 表示黄棕壤, 4 表示红壤, 5 表示砖红壤

图 4 氮代谢途径的微生物群落结构(门水平)

Fig. 4 Microbial community structure of nitrogen metabolic pathways at the phylum level

此外,氨同化途径还检测到 2 种古菌,为 *Halapricum* 和 *Halorhabdus*,后者只存在于红壤中;红壤未检测到任何与硝酸盐异化还原和硝酸盐同化还原途径有关的古菌,*Nitrosoarchaeum* 只参与黄棕壤的硝酸盐异化还原;反硝化途径额外检测到的 2 种古菌,为 *Candidatus Methanoperedens* 和 *Halopenitus*, 5 种森林土中都发现了 *Halopenitus*, 而 *Candidatus*

*Nitrosocosmicus* 只参与暗棕壤的反硝化;*Nitrososphaera* 和 *Candidatus Nitrosocosmicus* 分别不参与砖红壤和红壤的硝化途径.真菌只在硝酸盐异化还原和硝酸盐同化还原途径中被发现,其中,只有 1 种真菌(*Lactifluus*)参与了硝酸盐同化还原途径;除了 *Lactifluus*,*Tremella* 也参与了硝酸盐异化还原途径,但黑土中未发现参与硝酸盐异化还原途径的真菌.



a 表示黑土, b 表示暗棕壤, c 表示黄棕壤, d 表示红壤, e 表示砖红壤; 圆圈代表的值是以百万为基准得到的物种相对丰度

图 5 氮代谢途径的微生物群落结构(属水平)

Fig. 5 Microbial community structure of nitrogen metabolic pathways at the genus level

### 3 讨论

以往对微生物功能方面的研究指标常常是由物

种所代表的群落功能群的数量<sup>[23]</sup>,但这种基于物种水平划分功能群的不足之处在于划分属于一个功能群的物种就不能再划分到另一个功能群中<sup>[24]</sup>,而属

于同一分类群的物种可能同时具有多种功能.正如本研究结果所示(图4),变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)和酸杆菌门(Acidobacteria)的微生物可以同时参与氨同化、硝酸盐异化还原和硝酸盐同化还原等多种氮代谢途径,体现出氮代谢功能多样性;而不同功能群的物种也可能具有相同的功能,如图4所示,疣微菌门(Verrucomicrobia)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)和绿弯菌门(Chloroflexi)的微生物可以同时参与同一氮代谢途径,如氨同化等.越来越多的研究表明,功能性状影响着群落构建和生态系统功能<sup>[25]</sup>,为深入理解微生物群落和生态系统功能之间的关系提供了可能.而本研究正是基于微生物的基因型性状开展的.

总的来说,5种森林土壤中,氨同化是检出频率最高的氮代谢途径,且显著高于其他氮代谢途径,而固氮和厌氧氨氧化途径的检出频率较低,这与Nelson等<sup>[22]</sup>对全球范围内微生物介导的氮代谢途径进行的宏基因组测序结果相似,表明本研究所涉及的5种森林土有着相同的氮代谢途径特征.

已有的研究发现,微生物群落的分布并非是均匀的,而是呈现少量的优势物种和大量的稀有物种的规律,并且少数常见菌群的丰度较高<sup>[26]</sup>.例如,孙迎韬<sup>[27]</sup>对我国森林土壤细菌群落地理分布的研究发现仅有少数细菌丰度较高. Delgado-Baquerizo等<sup>[28]</sup>的研究对全球范围内土壤细菌群落进行的16S rRNA测序表明只有2%的细菌占优势,而且这部分细菌的相对丰度占有所有细菌的41%.而本研究结果表明(图5),介导5种森林土壤各氮代谢途径发生且丰度较高的微生物同样属于那些常见的微生物,如 *Bradyrhizobium*、*Mycobacterium*、*Actinomadura*、*Streptomyces* 和 *Pseudolabrys* 等.

对于本研究所涉及各氮代谢途径,微生物群落结构在5种森林土壤中各不相同,这种差异在硝化途径中尤为明显.在硝化途径中,黑土(图4中E-1)和黄棕壤(图4中E-3)中氨氧化古菌比例远高于氨氧化细菌,黑土中氨氧化古菌数量占有所有氨氧化微生物数量的69.75%,而黄棕壤中这一比例更高,达到83.24%.大量分子生态学研究表明,那些广泛分布于海洋、湖泊、土壤等环境中的氨氧化古菌数量通常远远高于氨氧化细菌<sup>[29]</sup>,进一步预示氨氧化古菌在黑土和暗棕壤的硝化作用中可能起重要作用.此外,暗棕壤中参与硝化作用的亚硝酸盐氧化细菌与氨氧化细菌的比值达到了9.15,这意味着全程氨氧化微生物在黑土的硝化作用中占据重要地位.

固氮微生物广泛分布于细菌和古菌域,但不同地区的优势类群存在显著差异,如一项对寒旱区湖

泊沉积物中固氮微生物的研究表明,分类水平上属于蓝藻门、厚壁菌门和变形菌门的固氮菌占优势<sup>[30]</sup>. Chen等<sup>[31]</sup>对我国亚热带常绿阔叶林土壤的研究也发现优势固氮菌分布于疣微菌门和变形菌门.本研究也表明,门水平上的优势固氮菌在5种森林土中也有所差异,如在黑土(图4中F-1)中为Candidate division AD3门;暗棕壤(图4中F-2)中为酸杆菌门和变形菌门;黄棕壤(图4中F-3)中为酸杆菌门;红壤(图4中F-4)中为浮霉菌门和变形菌门;砖红壤(图4中F-5)中为浮霉菌门和酸杆菌门.由于不同微生物类群对环境变化的响应和适应能力存在差别,因此优势固氮微生物类群的差异可能是不同森林土生物固氮功能对环境变化作出差别响应的驱动因子.

迄今为止,伯杰氏手册中收录的厌氧氨氧化细菌都属于浮霉菌门(Planctomycetes),是一类严格厌氧菌,广泛存在于海洋和陆地生态系统<sup>[32]</sup>.在陆地生态系统,其多存在于氧气含量较低的环境如植物根际、水稻土和沉积物等<sup>[33~35]</sup>.对本研究而言,5种旱地森林土较低的含水量并未造成厌氧的环境,因此,未在5种森林土中检测到属于浮霉菌门(Planctomycetes)的厌氧氨氧化菌,然而本研究结果却显示参与厌氧氨氧化的微生物属于变形菌门和疣微菌门(图4),这种现象可用厌氧氨氧化联合体来解释. Zhao等<sup>[36]</sup>用宏基因组学技术对厌氧氨氧化微生物的研究发现,装甲菌门(Armatimonadetes)和变形菌门(Proteobacteria)等菌门的微生物可以为厌氧氨氧化细菌提供生长因子或进行厌氧氨氧化代谢物的清除,以利于其活性和生长.这些对厌氧氨氧化细菌有利的微生物连同厌氧氨氧化细菌共存于一个厌氧氨氧化联合体中,且绿弯菌门(Chloroflexi)、变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿菌门(Chlorobi)和拟杆菌门(Bacteroidetes)的微生物占厌氧氨氧化联合体的30%~70%.因此,对本研究而言,丰度相对较高的变形菌门和疣微菌门的微生物作为厌氧氨氧化联合体的成员而被检测到.

有研究表明,土壤pH可能是影响氨氧化细菌与古菌分布的主要影响因子,且低pH土壤中,氨氧化作用由氨氧化古菌主导<sup>[37]</sup>.而本研究结果显示,在一些低pH土壤中,氨氧化古菌在所有氨氧化微生物中的比例并不高,如红壤(图4中E-4)为3.73%,砖红壤(图4中E-5)为39.51%;这与于涌杰<sup>[38]</sup>对中国东南部红壤的氮转化的研究结果类似.土壤是一个复杂的异质体系,除了pH外,土壤养分含量、植被等都会对微生物的群落结构造成影响.如叶磊等<sup>[39]</sup>对白洋淀湖滨湿地岸边带氨氧化古菌

与氨氧化细菌分布特性的研究表明,氨氧化过程并不是完全由氨氧化古菌主导完成,在氨氮浓度较低的区域确实是氨氧化古菌占主导地位,而在氨氮水平较高的区域,氨氧化古菌并非起主要作用。路璐等<sup>[40]</sup>的研究表明,植被因素也是影响土壤微生物群落结构的重要因素之一,不同林分土壤的氨氧化微生物群落结构存在明显的分异特征。

有研究指出微生物的群落构建是基于功能基因而非物种<sup>[41]</sup>。从基于功能基因的性状角度考虑微生物的群落构建,驱动群落物种之间共存的主要过程是环境过滤和相似性限制,那么群落构建则是区域物种库中的物种经过多层环境过滤和生物相互作用形成局域物种库的筛选过程<sup>[42]</sup>。环境因子和生物相互作用两个基本驱动力共同形成土壤微生物的群落结构并维持着群落物种多样性,具体影响因素仍有待进一步探究。

此外,除了生态过程,群落内现有的物种组成还是进化过程的结果,利用系统发育树可以从进化角度深入地分析群落物种的组成现状和原因,这主要是通过比较群落内物种间的谱系距离与随机模型下的谱系距离是否有显著差异来揭示群落的构建机制<sup>[43]</sup>,若结果表现为谱系聚集,则环境过滤占主导地位,若为谱系发散,则相似性限制占主导地位。因此,未来可以整合功能性状和系统发育分析,以更好地解释群落构建成因。

#### 4 结论

(1)5种森林土虽然相隔甚远,且土壤理化性质各不相同,但却有着相同的氮代谢途径特征,即氨同化过程是检出频率最高的氮转化途径,而固氮和厌氧氨氧化是检出频率较低的氮代谢途径。

(2)不同森林土中参与同一氮代谢途径的微生物的群落结构不尽相同。

#### 参考文献:

- [1] 郭建华, 彭永臻. 异养硝化、厌氧氨氧化及古菌氨氧化与新的氮循环[J]. 环境科学学报, 2008, **28**(8): 1489-1498.  
Guo J H, Peng Y Z. Heterotrophic nitrification, anaerobic ammonia oxidation and archaeal ammonia oxidation in a new nitrogen cycle[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2008, **28**(8): 1489-1498.
- [2] 林伟, 李玉中, 李昱佳, 等. 氮循环过程的微生物驱动机制研究进展[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, **26**(6): 1146-1155.  
Lin W, Li Y Z, Li Y J, et al. Advances in the mechanism of microbe-driven nitrogen cycling[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2020, **26**(6): 1146-1155.
- [3] Kuypers M M M, Marchant H K, Kartal B. The microbial nitrogen-cycling network[J]. Nature Reviews Microbiology, 2018, **16**(5): 263-276.
- [4] Lajoie G, Kembel S W. Making the most of trait-based approaches for microbial ecology[J]. Trends in Microbiology, 2019, **27**(10): 814-823.
- [5] Wang J T, Egidio E, Li J, et al. Linking microbial diversity with ecosystem functioning through a trait framework[J]. Journal of Biosciences, 2019, **44**(5): 109.
- [6] 孟凡凡, 胡益, 王建军. 微生物性状揭示物种分布格局、群落构建机制和生态系统功能[J]. 微生物学报, 2020, **60**(9): 1784-1800.  
Meng F F, Hu A, Wang J J. Microbial traits shed light on species distributions, assembly processes and ecosystem functions[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2020, **60**(9): 1784-1800.
- [7] Sun S, Badgley B D. Changes in microbial functional genes within the soil metagenome during forest ecosystem restoration[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2019, **135**: 163-172.
- [8] 王朱珺, 王尚, 刘洋炎, 等. 宏基因组技术在氮循环功能微生物分子检测研究中的应用[J]. 生物技术通报, 2018, **34**(1): 1-14.  
Wang Z J, Wang S, Liu Y Y, et al. The applications of metagenomics in the detection of environmental microbes involving in nitrogen cycle[J]. Biotechnology Bulletin, 2018, **34**(1): 1-14.
- [9] Zhong D Y, Listmann L, Santelia M E, et al. Functional redundancy in natural pico-phytoplankton communities depends on temperature and biogeography[J]. Biology Letters, 2020, **16**(8), doi: 10.1098/rsbl.2020.0330.
- [10] Martínez A, Lirio A V, Febrá I, et al. Functional redundancy in leaf-litter-associated aquatic hyphomycetes: fine sediment alters community composition but hardly decomposer activity[J]. International Review of Hydrobiology, 2020, **105**(1-2): 44-51.
- [11] Jia Y, Whalen J K. A new perspective on functional redundancy and phylogenetic niche conservatism in soil microbial communities[J]. Pedosphere, 2020, **30**(1): 18-24.
- [12] Galand P E, Pereira O, Hochart C, et al. A strong link between marine microbial community composition and function challenges the idea of functional redundancy[J]. The ISME Journal, 2018, **12**(10): 2470-2478.
- [13] 段文靖, 段文标, 陈立新, 等. 不同质量浓度铵态氮浇灌下城市森林土壤淋滤液无机氮及土壤氮素变化——以哈尔滨市为例[J]. 北京林业大学学报, 2020, **42**(1): 84-93.  
Duan W J, Duan W B, Chen L X, et al. Changes of inorganic nitrogen in the leachates of urban forest soil and its soil nitrogen under the irrigation of different mass concentrations of ammonium nitrogen: taking Harbin City of northeastern China as an example[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2020, **42**(1): 84-93.
- [14] 杨静怡, 王旭, 孙立飞, 等. 氮磷添加对长白山温带森林土壤微生物群落组成和氨基糖的影响[J]. 应用生态学报, 2020, **31**(6): 1948-1956.  
Yang J Y, Wang X, Sun L F, et al. Effects of nitrogen and phosphorus addition on soil microbial community and amino sugar in a temperate forest on Changbai Mountain, Northeast China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2020, **31**(6): 1948-1956.
- [15] 高扬. 磨山风景区景观生态研究及保护[D]. 武汉: 华中农业大学, 2006.  
Gao Y. Studies on landscape ecology and protection in Moshan scenic spot[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2006.
- [16] 马军, 刘爱琴, 侯晓龙, 等. 福州城市边缘区森林土壤重金属污染特征及评价[J]. 环境科学与技术, 2011, **34**(3): 149-153.  
Ma J, Liu A Q, Hou X L, et al. A survey of heavy metal pollution of forest soils in urban fringe of Fuzhou City[J]. Journal of Environmental Science & Technology, 2011, **34**(3): 149-153.
- [17] 詹道华, 陈祥泽, 王小燕, 等. 海南乐东3种不同森林类型样地土壤化学性质分析[J]. 安徽农业科学, 2018, **46**(12):

- 127-130.
- Zhan D H, Chen X Z, Wang X Y, *et al.* Analysis on soil chemical properties of three different forest types in Ledong of Hainan province [J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2018, **46**(12): 127-130.
- [18] Fierer N, Lauber C L, Ramirez K S, *et al.* Comparative metagenomic, phylogenetic and physiological analyses of soil microbial communities across nitrogen gradients [J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(5): 1007-1017.
- [19] 杨剑虹, 王成林, 代亨林. 土壤农化分析与环境监测 [M]. 北京: 中国大地出版社, 2008.
- [20] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法 [M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.
- [21] 王智慧. 不同 pH 紫色土中硝化作用及硝化微生物宏基因组研究 [D]. 重庆: 西南大学, 2017.
- Wang Z H. Metagenomic research of nitrifying microorganisms and nitrification in purple soils with different pH [D]. Chongqing: Southwest University, 2017.
- [22] Nelson M B, Martiny A C, Martiny J B H. Global biogeography of microbial nitrogen-cycling traits in soil [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2016, **113**(29): 8033-8040.
- [23] Trukhanova I S, Conn P B, Boveng P L. Taxonomy-based hierarchical analysis of natural mortality: polar and subpolar phocid seals [J]. *Ecology and Evolution*, 2018, **8**(21): 10530-10541.
- [24] Herben T, Goldberg D E. Community assembly by limiting similarity vs. competitive hierarchies: testing the consequences of dispersion of individual traits [J]. *Journal of Ecology*, 2014, **102**(1): 156-166.
- [25] Pillar V D, Sabatini F M, Jandt U, *et al.* Revealing the functional traits linked to hidden environmental factors in community assembly [J]. *Journal of Vegetation Science*, 2021, **32**(1), doi: 10.1111/jvs.12976.
- [26] McGill B J, Etienne R S, Gray J S, *et al.* Species abundance distributions: moving beyond single prediction theories to integration within an ecological framework [J]. *Ecology Letters*, 2007, **10**(10): 995-1015.
- [27] 孙迎韬. 我国森林土壤细菌群落地理分布及其驱动机制研究 [D]. 广州: 中国科学院大学(中国科学院广州地球化学研究所), 2020.
- Sun Y T. Study on the geographical distribution and driving mechanism of forest soil bacterial community in China [D]. Guangzhou: Guangzhou Institute of Geochemistry, Chinese Academy of Sciences, 2020.
- [28] Delgado-Baquerizo M, Oliverio A M, Brewer T E, *et al.* A global atlas of the dominant bacteria found in soil [J]. *Science*, 2018, **359**(6373): 320-325.
- [29] Chen C H, Liang H, Gao D W. Community diversity and distribution of ammonia-oxidizing archaea in marsh wetlands in the black soil zone in North-East China [J]. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 2019, **13**(4): 123-138.
- [30] 杨文焕, 张元, 王志超, 等. 寒旱区湖泊沉积物中固氮微生物群落特征——以包头南海湖为例 [J]. *中国环境科学*, 2020, **40**(6): 2674-2682.
- Yang W H, Zhang Y, Wang Z C, *et al.* Community characteristics of nitrogen-fixing microorganisms in lake sediment—taking Nanhaihu lake as example [J]. *China Environmental Science*, 2020, **40**(6): 2674-2682.
- [31] Chen J, Shen W J, Xu H, *et al.* The composition of nitrogen-fixing microorganisms correlates with soil nitrogen content during reforestation: a comparison between legume and non-legume plantations [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, **10**, doi: 10.3389/fmicb.2019.00508.
- [32] 朱辰, 张乃方, 徐陈超, 等. 厌氧氨氧化研究的分子生态学进展 [J]. *浙江大学学报(农业与生命科学版)*, 2019, **45**(2): 135-142.
- Zhu C, Zhang N F, Xu C C, *et al.* Molecular ecology progress of anaerobic ammonia oxidation reaction [J]. *Journal of Zhejiang University(Agriculture and Life Sciences)*, 2019, **45**(2): 135-142.
- [33] Ding B J, Zhang H, Luo W Q, *et al.* Nitrogen loss through denitrification, anammox and Feammox in a paddy soil [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **773**, doi: 10.1016/J.SCI.TOTENV.2021.145601.
- [34] 徐栎亚, 赵雪, 庄林杰, 等. 基于 hzsB 功能基因研究典型湿地沉积物中厌氧氨氧化细菌的群落结构 [J]. *环境科学学报*, 2017, **37**(12): 4636-4645.
- Xu L Y, Zhao X, Zhuang L J, *et al.* Community structure analysis of anaerobic ammonium oxidation bacteria in wetland sediments based on hydrazine synthase  $\beta$ -subunit [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2017, **37**(12): 4636-4645.
- [35] Zhou X H, Zhang J P, Wen C Z. Community composition and abundance of anammox bacteria in cattail rhizosphere sediments at three phenological stages [J]. *Current Microbiology*, 2017, **74**(11): 1349-1357.
- [36] Zhao Y P, Liu S F, Jiang B, *et al.* Genome-centered metagenomics analysis reveals the symbiotic organisms possessing ability to cross-feed with anammox bacteria in anammox consortia [J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, **52**(19): 11285-11296.
- [37] Nicol G W, Leininger S, Schleper C, *et al.* The influence of soil pH on the diversity, abundance and transcriptional activity of ammonia oxidizing archaea and bacteria [J]. *Environmental Microbiology*, 2008, **10**(11): 2966-2978.
- [38] 于涌杰. 土地利用方式对中国东南部红壤微生物特性及氮转化作用的影响 [D]. 南京: 南京师范大学, 2012.
- Yu Y J. Effect of land-use types on microbial properties and nitrogen transformation in red soils of Southeastern China [D]. Nanjing: Nanjing Normal University, 2012.
- [39] 叶磊, 祝贵兵, 王雨, 等. 白洋淀湖滨湿地岸边带氨氧化古菌与氨氧化细菌的分布特性 [J]. *生态学报*, 2011, **31**(8): 2209-2215.
- Ye L, Zhu G B, Wang Y, *et al.* Abundance and biodiversity of ammonia-oxidizing archaea and bacteria in littoral wetland of Baiyangdian Lake, North China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2011, **31**(8): 2209-2215.
- [40] 路璐, 何燕. 不同林分土壤中氨氧化微生物的群落结构和硝化潜势差异及其驱动因子 [J]. *南方农业学报*, 2018, **49**(11): 2169-2176.
- Lu L, He Y. The difference of ammonia-oxidizing microorganism communities structure and nitrification potential in soils of different forest stands and their driving factors [J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2018, **49**(11): 2169-2176.
- [41] Burke C, Steinberg P, Rusch D, *et al.* Bacterial community assembly based on functional genes rather than species [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2011, **108**(34): 14288-14293.
- [42] Kraft N J B, Cornwell W K, Webb C O, *et al.* Trait evolution, community assembly, and the phylogenetic structure of ecological communities [J]. *The American Naturalist*, 2007, **170**(2): 271-283.
- [43] Zhang J X, Swenson N G, Liu J M, *et al.* A phylogenetic and trait-based analysis of community assembly in a subtropical forest in central China [J]. *Ecology and Evolution*, 2020, **10**(15): 8091-8104.

## CONTENTS

|                                                                                                                                                                                                             |                                                                |        |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------|--------|
| Continuous PM <sub>2.5</sub> Composition Measurements for Source Apportionment During Air Pollution Events                                                                                                  | CAI Fan-tao, SHANG Yue, DAI Wei, <i>et al.</i>                 | (4575) |
| Orographic Influences on the Spatial Distribution of PM <sub>2.5</sub> on the Fen-Wei Plain                                                                                                                 | HUANG Xiao-gang, ZHAO Jing-bo, SUN Cong-jian, <i>et al.</i>    | (4582) |
| Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in PM <sub>2.5</sub> Under Winter Haze Conditions in Central China: A Case Study of Huanggang, Hubei Province                                    | LI Xing-yu, MAO Yao, CHEN Zhan-le, <i>et al.</i>               | (4593) |
| Concentration and Reactivity of Carbonyl Compounds in the Atmosphere of North China                                                                                                                         | HUANG Yu, CHEN Xi, WANG Ying-hong, <i>et al.</i>               | (4602) |
| Characteristics of O <sub>3</sub> Pollution and Key Precursors in Chengdu During Spring                                                                                                                     | HAN Li, CHEN Jun-hui, JIANG Tao, <i>et al.</i>                 | (4611) |
| O <sub>3</sub> Source Characteristics of an Industrial Area in the Yangtze River Delta Based on Boundary Observations                                                                                       | HUANG Qing, HUANG Yin-zhi, ZHANG Shan, <i>et al.</i>           | (4621) |
| Characteristics and Source of VOCs During O <sub>3</sub> Pollution Between August to September, Langfang Development Zones                                                                                  | ZHANG Jing-qiao, WANG Hong-liang, FANG Xiao-yun, <i>et al.</i> | (4632) |
| Coating-derived VOCs Emission Characteristics and Environmental Impacts from the Furniture Industry in Guangdong Province                                                                                   | ZENG Chun-ling, SHAO Xia, LIU Rui-yuan, <i>et al.</i>          | (4641) |
| Response of Air Quality to COVID-19 Lockdown in Xiamen Bay                                                                                                                                                  | XU Chao, WU Shui-ping, LIU Yi-jing, <i>et al.</i>              | (4650) |
| Similarities and Differences of Valley Winds in the Beijing Plain and Yanqing Areas and Its Impact on Pollution                                                                                             | WU Jin, LI Chen, MA Zhi-qiang, <i>et al.</i>                   | (4660) |
| Characteristics of Atmospheric Particulate Matter Pollution and the Unique Wind and Underlying Surface Impact in the Twain-Hu Basin in Winter                                                               | ZHU Yan, ZHAO Tian-liang, BAI Yong-qing, <i>et al.</i>         | (4669) |
| Conversion Characterizations of Sulfate Ion and Nitrate Ion in Particulate Matter from Coal-fired Power Plants                                                                                              | YANG Liu, HE Qing, SHENG Zhong-yi                              | (4678) |
| Water Chemical Characteristics and Influence of Exogenous Acids in the Yangtze River Basin                                                                                                                  | WANG Qi, YU Shi, JIANG Ping-ping, <i>et al.</i>                | (4687) |
| Effects of Land Use on Nutrient Concentrations in the Inflow River of Lake Taihu, China                                                                                                                     | LIAN Xin-qiao, ZHU Guang-wei, YANG Wen-bin, <i>et al.</i>      | (4698) |
| Diversity of Zooplankton and Niche Characteristics of Keystone Species in the Weihe River Based on eDNA                                                                                                     | LIANG Dong, XIA Jun, SONG Jin-xi, <i>et al.</i>                | (4708) |
| Occurrence, Distribution, and Ecological Risk Assessment of Pharmaceutical and Personal Care Products in the Aquatic Environment of Sanya City, China                                                       | REN Bing-nan, GENG Jing                                        | (4717) |
| Screening of Priority Pollutants and Risk Assessment for Surface Water from Shengjin Lake                                                                                                                   | GONG Xiong-hu, DING Qi-qi, JIN Miao, <i>et al.</i>             | (4727) |
| Long-term Changes and Drivers of Ecological Security in Shahe Reservoir, China                                                                                                                              | YANG Wen-bin, DUAN Wen-xiu, CUI Yang, <i>et al.</i>            | (4739) |
| Seasonal Variation and Influencing Factor Analysis of Antibiotic Resistance Genes in Water Supply Reservoirs of Central China                                                                               | ZHANG Kai, XIN Rui, LI Kuang-jia, <i>et al.</i>                | (4753) |
| Geochemical Characteristics and Driving Factors of NO <sub>3</sub> -Type Groundwater in the Rapidly Urbanizing Pearl River Delta                                                                            | LÜ Xiao-li, LIU Jing-tao, HAN Zhan-tao, <i>et al.</i>          | (4761) |
| Spatial Hydrochemical Characteristics and Controlling Factors of Surface Water in the Yancheng Area                                                                                                         | WANG Jian, ZHANG Hua-bing, XU Jun-li, <i>et al.</i>            | (4772) |
| Identification of Dredging Depths Based on Sediment Vertical Distribution Profiles of Total Nitrogen and Total Phosphorus and Their Adsorption-desorption Equilibria                                        | ZHOU Ya-ting, CHEN Xing-hong, LI Li-qing, <i>et al.</i>        | (4781) |
| Role of Borate and Phosphate Buffers in the Degradation of Organic Compounds in a PMS/Co <sup>2+</sup> System: Influencing Factors and Mechanisms                                                           | WAN Qi-qi, CHEN Zhu-hao, CAO Rui-hua, <i>et al.</i>            | (4789) |
| Degradation 2,2',4,4'-Tetrabromodiphenyl Ether by Activated Peroxymonosulfate Using Magnetic Biochar Supported $\alpha$ -MnO <sub>2</sub>                                                                   | LI Xin, YIN Hua, LUO Hao-yu, <i>et al.</i>                     | (4798) |
| Characteristics and Mechanisms of Bacteriophage MS2 Inactivation in Water by UV Activated Sodium Persulfate                                                                                                 | ZHANG Chong-miao, YANG Hao-ming, WANG Zhen                     | (4807) |
| Adsorption Characteristics of Phosphate on Cerium Modified Water Hyacinth Biochar                                                                                                                           | WANG Guang-ze, ZENG Wei, LI Shuai-shuai                        | (4815) |
| Removal Efficiency and Mechanism of Ammonia Nitrogen in a Low Temperature Groundwater Purification Process                                                                                                  | LI Dong, LIU Meng-hao, ZHANG Rui-miao, <i>et al.</i>           | (4826) |
| Speciation and Ecological Risk Assessment of Heavy Metal(loid)s in the Municipal Sewage Sludge of China                                                                                                     | GENG Yuan-meng, ZHANG Chuan-bing, ZHANG Yong, <i>et al.</i>    | (4834) |
| Meta-analysis of Microbial Communities in the Activated Sludge of Wastewater Treatment Plants Under Different Climate Types                                                                                 | YANG Si-hang, QIN Ze-sheng, LIANG Man-chun                     | (4844) |
| Partial Nitrification and Anaerobic Ammonia Oxidation Synergistic Denitrification to Remove Nitrogen and Carbon from Domestic Sewage                                                                        | QIN Yan-rong, YUAN Zhong-ling, ZHANG Ming, <i>et al.</i>       | (4853) |
| Cultivation and Performance Analysis of Simultaneous Partial Nitrification, ANAMMOX, and Denitrification Granular Sludge                                                                                    | ZHOU Feng, LIU Yong-di, LI Wei                                 | (4864) |
| Application of Various Methods to Extract Microplastic from Typical Soils in China                                                                                                                          | ZHAO Xiao-li, LIU Zi-han, CONG Chen-yu, <i>et al.</i>          | (4872) |
| Evaluation and Sources of Heavy Metal Pollution in the Surface Soil of the Qaidam Basin                                                                                                                     | CHEN Liang, ZHANG Xi-ying, TANG Qi-liang, <i>et al.</i>        | (4880) |
| Content and Ecological Risks of Heavy Metals in Soil with Different Land Uses in a Rapidly Urbanizing Area                                                                                                  | LI Meng-ting, SHEN Cheng, WU Jian, <i>et al.</i>               | (4889) |
| Selenium Geochemical Characteristics and Influencing Factors of Paddy Fields in Du'an County, Guangxi                                                                                                       | LIU Fei, YANG Ke, XU Ren-ting, <i>et al.</i>                   | (4897) |
| Carbonized Apple Branches Decrease the Accumulation and Damage of Cadmium on Apple Rootstock by Reducing DTPA-Cd in Soil                                                                                    | DENG Bo, XUN Mi, ZHANG Wei-wei, <i>et al.</i>                  | (4908) |
| Accumulation and Health Risk of Heavy Metals in Cereals, Vegetables, and Fruits of Intensive Plantations in Hainan Province                                                                                 | YANG Jian-zhou, WANG Zhen-liang, GAO Jian-weng, <i>et al.</i>  | (4916) |
| Correlation Analysis among Environmental Antibiotic Resistance Genes Abundance, Antibiotics Concentrations, and Heavy Metals Concentrations Based on Web of Science Searches                                | MIAO Sun, CHEN Lei, ZUO Jian-e                                 | (4925) |
| Pollution Characteristics and Risk Assessment of Tetracycline Antibiotics in Farmland Soil in Yinchuan                                                                                                      | ZHANG Xiao-hong, TAO Hong, WANG Ya-juan, <i>et al.</i>         | (4933) |
| Effect of Manure from Different Sources on the Leaching of Antibiotics in Soil                                                                                                                              | LI Bin-xu, ZHU Chang-xiong, SONG Ting-ting, <i>et al.</i>      | (4942) |
| Analysis of the Traits of Nitrogen Metabolism Pathways for Several Forest Soils in Eastern China                                                                                                            | LÜ Xue-li, ZHAO Yong-peng, LIN Qing-huo, <i>et al.</i>         | (4951) |
| Denitrification Rates and <i>nirS</i> -type Denitrifying Bacteria Community Structure Characteristics of Bulk and Rhizosphere Soil in Spring and Summer in the Alpine Wetlands of the Qinghai-Tibet Plateau | LI Yu-qian, MA Jun-wei, GAO Chao, <i>et al.</i>                | (4959) |
| Microbial Community Structure of Soil Methanogens and Methanotrophs During Degradation and Restoration of Reed Wetlands in the Songnen Plain                                                                | WANG Qiu-ying, WANG Na, LIU Ying, <i>et al.</i>                | (4968) |
| Characteristics of Bacterial Community Structure in Fluvio-aquic Soil Under Different Rotation Fallow                                                                                                       | NAN Zhen-wu, LIU Zhu, DAI Hong-cui, <i>et al.</i>              | (4977) |
| Response of Photosynthetic Bacterial Community to Cadmium Contamination in Paddy Soil                                                                                                                       | LUO Lu-yun, JIN De-cai, WANG Dian-dong, <i>et al.</i>          | (4988) |
| Community Distribution of the Rhizospheric and Endophytic Bacteria of <i>Phragmites australis</i> and Their Limiting Factors in Iron Tailings                                                               | CAO Man-man, WANG Fei, ZHOU Bei-hai, <i>et al.</i>             | (4998) |
| Effects of Combination of Organic and Inorganic Nitrogen on Nitrification and Denitrification in Two Salinized Soils                                                                                        | ZHOU Hui, SHI Hai-bin, ZHANG Wen-cong, <i>et al.</i>           | (5010) |
| Response of Yield, CH <sub>4</sub> , and N <sub>2</sub> O Emissions from Paddy Fields to Long-term Elevated CO <sub>2</sub> Concentrations                                                                  | YU Hai-yang, SONG Kai-fu, HUANG Qiong, <i>et al.</i>           | (5021) |
| Effects of Feedstock Material and Pyrolysis Temperature on Dissolved Organic Matter in Biochars                                                                                                             | YAN Dai-hong, MA Ya-pei, SONG Kai-yue, <i>et al.</i>           | (5030) |
| Spatiotemporal Variations in Atmospheric Urban Heat Island Effects and Their Driving Factors in 84 Major Chinese Cities                                                                                     | LI Yu, ZHOU De-cheng, YAN Zhang-mei                            | (5037) |
| Research Progress in the Odorants and Their Emissions from Indoor Building Decoration Materials                                                                                                             | ZHANG Wan-zhong, ZHANG Peng-yi                                 | (5046) |