

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

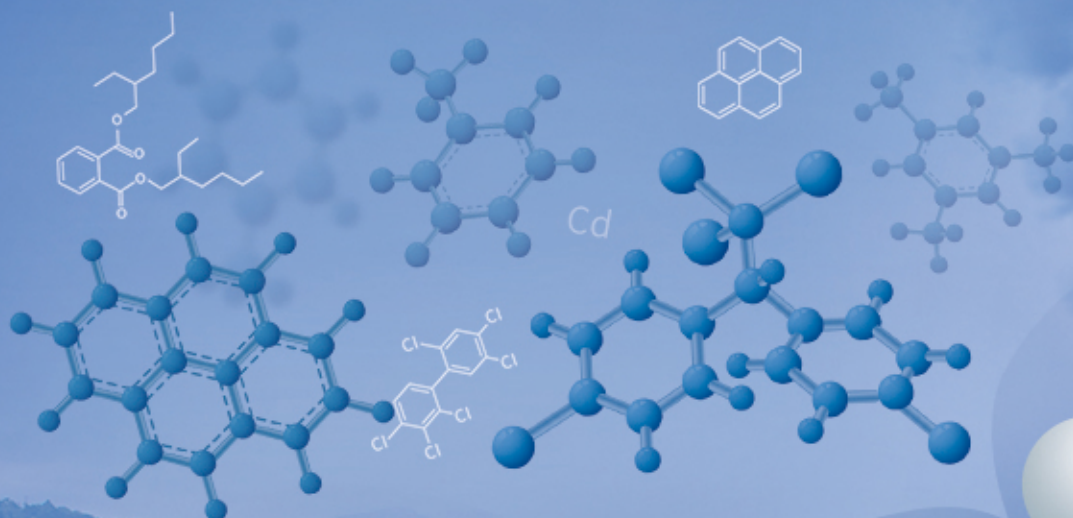
环境科学

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 _{2.5} 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 _{2.5} 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 _{2.5} 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 ₃ 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 ₃ 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 ₃ 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 ²⁺ 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 ₂ 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 ₄ 和 N ₂ O 排放对长期大气 CO ₂ 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)	

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^{1,2}, 王娜^{1,2}, 刘颖^{1,3}, 陈功⁴, 何辉⁴, 高婕^{1,2*}, 庄绪亮^{1,2}, 庄国强^{1,2}

(1. 中国科学院生态环境研究中心环境生物技术重点实验室, 北京 100085; 2. 中国科学院大学资源与环境学院, 北京 101408; 3. 中国科学技术大学生命科学学院, 合肥 230026; 4. 中国地质大学水资源与环境学院, 北京 100083)

摘要: 湿地是全球 CH₄ 重要的源与汇. 受人为活动和气候条件影响, 我国湿地退化严重, 相关部门近年来已逐步开展湿地生态修复的工作. 为研究湿地退化与修复过程中细菌和甲烷代谢微生物群落结构的响应, 以松嫩平原芦苇湿地为研究对象, 采集原始未退化芦苇湿地土壤、退化的和正在修复的芦苇湿地土壤, 采用基于细菌 16S rRNA 基因、产甲烷菌 *mcrA* 基因和甲烷氧化菌 *pmoA* 基因的高通量测序技术研究细菌和甲烷代谢微生物的多样性和群落组成. 结果表明, 芦苇湿地退化导致土壤细菌和产甲烷菌的 α 多样性降低, 甲烷氧化菌的 α 多样性升高, 而细菌和产甲烷菌的 α 多样性与土壤含水率呈显著正相关关系, 含水率越高的湿地土壤产甲烷菌的多样性也越高. 原始未退化芦苇湿地土壤中细菌 Rhizobiales 和产甲烷菌 Methanobacteriaceae 的相对丰度较高; 湿地退化导致根际促生菌 Rhizobiales 的相对丰度下降, 致病菌 Burkholderiaceae、耐污染细菌 *Sphingomonas*、抗辐射细菌 *Rubrobacter* 以及 Type I 型耐受极端环境的甲烷好氧氧化菌 *Methylobacter*、*Methylomonas* 和 *Methylococcus* 的相对丰度上升; 正在修复的芦苇湿地土壤中细菌 *Bacillus* 和产甲烷菌 Methanosarcinaceae、Methanomicrobiaceae 以及 Type II 型甲烷好氧氧化菌 *Methylocystis* 的相对丰度较高. 因此, 不同的芦苇湿地状态可以间接改变土壤性状进而改变湿地甲烷代谢菌群落结构.

关键词: 湿地; 退化; 修复; 甲烷代谢微生物; 细菌群落结构

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)10-4968-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.202102172

Microbial Community Structure of Soil Methanogens and Methanotrophs During Degradation and Restoration of Reed Wetlands in the Songnen Plain

WANG Qiu-ying^{1,2}, WANG Na^{1,2}, LIU Ying^{1,3}, CHEN Gong⁴, HE Hui⁴, GAO Jie^{1,2*}, ZHUANG Xu-liang^{1,2}, ZHUANG Guo-qiang^{1,2}

(1. Key Laboratory of Environmental Biotechnology, Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China; 2. College of Resources and Environment, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 101408, China; 3. School of Life Sciences, University of Science and Technology of China, Hefei 230026, China; 4. School of Water Resources and Environment, China University of Geosciences, Beijing 100083, China)

Abstract: Wetlands are an important global source and sink of methane. However, human activities and climatic conditions are causing serious degradation of wetlands in China. In response to this, the relevant departments have progressively carried out wetland restoration projects over the past few years. To investigate the response of microbial communities of bacteria, methanogens, and methanotrophs during degradation and restoration of wetlands, soil samples were collected from undegraded reed wetlands, degraded reed wetlands, and restored reed wetlands in the Songnen Plain. Microbial diversity and community composition were studied by high-throughput sequencing based on the 16S rRNA gene of bacteria, the *mcrA* gene of methanogens, and the *pmoA* gene of methanotrophs. The results indicate that the degradation of reed wetlands results in a decrease in bacterial and methanogenic α -diversity and an increase in methanotrophic α -diversity. Bacterial α -diversity and methanogenic α -diversity were both significantly positively correlated with soil water content. At different taxonomic levels, higher relative abundances of Rhizobiales and Methanobacteriaceae were detected in the undegraded wetland soils. Wetland degradation decreased the relative abundance of Rhizobiales but increased that of the pathogenic bacteria Burkholderiaceae and microorganisms resistant to harsh and extreme environments including *Sphingomonas*, *Rubrobacter*, *Methylobacter*, *Methylomonas*, and *Methylococcus*. In the restored wetland soils, the relative abundances of *Bacillus*, Methanosarcinaceae, Methanomicrobiaceae, and the type II methanotroph *Methylocystis* were higher. Therefore, different wetland conditions can indirectly change soil properties and, consequently, change the community structure of methanogens and methanotrophs.

Key words: wetland; degradation; restoration; methanogens and methanotrophs; bacterial community structure

甲烷(CH₄)是大气中第二大重要的温室气体,其全球变暖潜力是二氧化碳(CO₂)的34倍,自前工业时代以来,全球变暖大约有20%是由CH₄排放造成的^[1].湿地是全球CH₄最大的自然来源^[2],大气中CH₄的浓度取决于土壤中CH₄生成和氧化之间的平衡,产甲烷菌和甲烷氧化菌是驱动CH₄生成和氧化过程的关键微生物,在湿地甲烷循环过程中发挥重要作用^[3-5].产甲烷菌是严格厌氧的古细菌,目前发现的产甲烷菌全部属于广古菌门;甲烷氧化菌包括甲烷好氧氧化菌和甲烷厌氧氧化菌,甲烷好氧氧化菌主

要由变形菌门和疣微菌门组成,甲烷厌氧氧化菌则主要由甲烷厌氧氧化古菌(anaerobic methanotrophic archaea, ANME)、NC10门细菌和未培养细菌(marine benthic group D, MBGD)组成^[6].有研究表明,微生物群落对外界环境因子的变化非常敏感,湿地产甲烷菌

收稿日期: 2021-02-25; 修订日期: 2021-03-22

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

作者简介: 王秋颖(1995~),女,博士研究生,主要研究方向为环境微生物学, E-mail: am.q.ing@qq.com

* 通信作者, E-mail: jiecao@rcees.ac.cn

和甲烷氧化菌群落结构易受温度、pH、有机质、水位和植被等多种环境因子的影响^[5,6]。

松嫩平原地处半干旱半湿润气候区^[7], 是中国内陆盐碱湿地的集中分布区之一, 其盐碱湿地面积约为 $160 \times 10^4 \text{ hm}^2$ ^[8]。芦苇湿地是松嫩平原湿地的主要类型, 然而, 长期气候干旱及人类活动导致芦苇湿地出现了不同程度的退化^[9~12]。湿地植被退化会影响土壤微生物多样性并使湿地生态系统功能发生改变^[13], 同时, 湿地的退化将直接导致控制湿地甲烷产生和排放的环境因素和生物因素的改变^[14], 将对湿地 CH_4 排放产生重要影响。近几年相关部门在松嫩平原扎龙、向海、科尔沁和莫莫格等重要湿地实施了局部生态修复和重建项目^[10,15], 目前对于松嫩平原退化湿地及修复湿地的相关研究, 主要集中在植被多样性保护、湿地功能提升等方面, 而针对土壤微生物群落结构、多样性差异及甲烷代谢微生物组成变化等方面的研究则鲜见报道。

本研究基于细菌 16S rRNA 基因、产甲烷菌 *mcrA* 基因和甲烷氧化菌 *pmoA* 基因的高通量测序, 解析松嫩平原原始未退化芦苇湿地土壤、退化的和正在修复的芦苇湿地土壤中细菌和甲烷代谢微生物的群落结构特征, 并探究细菌和甲烷代谢微生物多样性与环境因子之间的关系, 旨在为了解我国东北地区典型湿地退化与修复过程中的土壤质量演变和微生物动态变化提供参考。

1 材料与方法

1.1 土壤采集与处理

本研究所采集土壤位于松嫩平原 ($43^\circ 13' \sim 48^\circ 40' \text{N}$, $121^\circ 30' \sim 127^\circ 00' \text{E}$), 采样地地上植被均为芦苇, 根据湿地不同状态, 选择 3 种湿地土壤作为研究对象: ①BL ($47^\circ 11' 55.58'' \text{N}$, $124^\circ 14' 8.20'' \text{E}$), 原始未退化湿地土壤, 位于扎龙自然保护区, 芦苇为优势种, 以原生型沼泽土和泥炭土为主; ②HL ($47^\circ 22' 33.68'' \text{N}$, $123^\circ 21' 2.47'' \text{E}$), 退化的芦苇湿地土壤, 位于哈拉海湿地保护区外缘, 因农田灌溉排水导致湿地土壤干旱, 中生植物蒿子入侵芦苇湿地; ③ML ($45^\circ 54' 0.80'' \text{N}$, $123^\circ 36' 38.06'' \text{E}$), 正在实施修复的芦苇湿地土壤, 位于莫莫格自然保护区, 曾因农耕导致土壤退化和旱生植物入侵。采样时间为 2018 年 8 月, 每种湿地土壤选取 3 个采样点作为生物学重复, 每个采样点为 $5 \text{ m} \times 5 \text{ m}$ 的样方。按照“L”字形采样路线多点采集各样点表层 ($0 \sim 15 \text{ cm}$) 土壤并混合均匀作为一份样本, 共计 9 份样本。将新鲜土壤样本在 4°C 保存下运送至实验室, 称取大约 5 g 土样置于 -80°C 冰箱中待提取 DNA 及后续实

验, 剩余的土壤储存于 -20°C 冰箱中用于土壤理化性质测定。

1.2 土壤基本理化性质测定

土壤 pH 根据电位法利用 pH 计测定, 总碳 (total carbon, TC) 和总氮 (total nitrogen, TN) 利用元素分析仪进行测定, 土壤含水率 (soil water content, SWC) 通过烘干法进行测定。

1.3 土壤 DNA 提取与高通量测序

土壤总 DNA 的提取使用 FastDNA SPIN 试剂盒 (MP Biomedicals, Santa Ana, California, USA), 按照说明书进行操作。DNA 的提取质量通过 1% 的琼脂糖凝胶电泳进行检测, DNA 的浓度及纯度使用 NanoDrop 2000 (Thermo scientific, Wilmington, DE, USA) 进行测定。

使用通用引物 338F ($5' \text{-ACTCCTACGGGAGGC AGCA-} 3'$) 和 806R ($5' \text{-GGACTACHVGGGTWTCTA AT-} 3'$) 扩增原核生物 16S rRNA 基因的 V3-V4 高可变区^[16]; 使用引物 MLF ($5' \text{-GGTGGTGTGTTGAT TCACACARTAYGCWACAGC-} 3'$) 和 MLrR ($5' \text{-TTCATTGCRTAGTTWGGRTAGTT-} 3'$) 扩增产甲烷菌 *mcrA* 基因^[17]; 使用引物 A189F ($5' \text{-GGNGACTGG GACTTCTGG-} 3'$) 和 mb661R ($5' \text{-CCGGMGCA ACGTCYTTACC-} 3'$) 扩增甲烷氧化菌 *pmoA* 基因^[18]。PCR 反应体系为: $5 \times \text{TransStart FastPfu}$ 缓冲液 $4 \mu\text{L}$, $2.5 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ dNTPs $2 \mu\text{L}$, 上游引物 ($5 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$) $0.8 \mu\text{L}$, 下游引物 ($5 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$) $0.8 \mu\text{L}$, *TransStart FastPfu* DNA 聚合酶 $0.4 \mu\text{L}$, 模板 DNA 10 ng , ddH_2O 补足至 $20 \mu\text{L}$ 。每个样本 3 个重复。PCR 扩增程序依次为: 95°C 预变性 3 min , 95°C 变性 30 s , 52°C 退火 30 s (*mcrA* 基因和 *pmoA* 基因退火温度为 60°C), 72°C 延伸 30 s , 循环 30 次, 之后 72°C 稳定延伸 10 min 。将同一样本的 PCR 产物混合后使用 2% 琼脂糖凝胶回收 PCR 产物, 利用 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit (Axygen Biosciences, Union City, CA, USA) 进行回收产物纯化, 2% 琼脂糖凝胶电泳检测, 并用 QuantusTM Fluorometer (Promega, USA) 对回收产物进行检测定量。使用 NEXTFLEX[®] Rapid DNA-Seq Kit 进行建库, 利用 Illumina 公司的 MiSeq PE300 平台进行测序 (上海美吉生物医药科技有限公司)。

1.4 测序结果处理

使用 Fastp 软件 (<https://github.com/OpenGene/fastp>, version 0.20.0)^[19] 对原始测序序列进行质控, 使用 FLASH 软件 (<http://www.cbcb.umd.edu/software/flash>, version 1.2.7)^[20] 进行拼接, 使用 UPARSE 软件 (<http://drive5.com/uparse/>, version 7.1)^[21] 根据 97% 的相似度对序列进行 OTU

聚类并剔除嵌合体^[21,22]. 利用 RDP classifier (<http://rdp.cme.msu.edu/>, version 2.2)^[23]对每条序列进行物种分类注释, 16S rRNA 基因序列比对 SILVA 数据库 (<https://www.arb-silva.de/>, version 132)^[23], *mcrA* 和 *pmoA* 基因序列比对 FunGene 数据库 (<http://www.fungene-db.fr/>, version 9.6)^[24], 设置比对阈值为 70%.

1.5 统计分析

本研究使用 Galaxy 数据分析平台 (<http://mem.rcees.ac.cn:8080/>)^[25]和 Origin 软件 (version 2018)对测序数据进行分析处理, 分析项目包括 α 多样性分析、环境因子与 α 多样性的关联分析和群落结构组间差异分析.

采用 Shannon 指数和 Simpson 指数表征微生物 α 多样性^[26], Shannon 指数与微生物 α 多样性呈正相关, Simpson 指数与微生物 α 多样性呈负相关^[27]. 采用单因素方差分析 (ANOVA) 检验样品各项理化因子以及 α 多样性指数的组间差异是否显著. 对土壤理化因子和 α 多样性指数进行 Pearson 相关性分析, 以确定土壤理化性质与土壤细菌、产甲烷菌和甲烷氧化菌 α 多样性之间的相关性^[28]. 基于 OTU

水平对微生物群落进行 PCoA 分析, 利用 ANOSIM 检验方法判断群落组间差异是否显著^[29]. 在不同分类学水平上统计各样品的物种丰度, 采用 ANOVA 方法检验优势菌群组间差异是否显著, 并采用 LEfSe (linear discriminant analysis effect size) 分析方法寻找细菌群落组间具有显著性差异的物种^[30].

2 结果与讨论

2.1 土壤理化性质

3 组湿地土壤样品的基本理化性质如表 1 所示. 各样本土壤 pH 均为碱性, 其中, 修复中的芦苇湿地土壤 pH 最高, 其次是原始湿地土壤, 退化湿地的土壤 pH 最低. 原始湿地土壤总碳、总氮指标显著高于退化湿地, 这可能与退化湿地地表植物生物量降低导致土壤有机质含量降低有关. 原始湿地芦苇生长于淹水沼泽, 故含水率最高, 平均含水率为 67.41%; 退化的湿地由于植被退化导致湿地蓄水能力弱, 因此含水率下降, 平均含水率为 44.54%; 同样, 修复湿地的芦苇土壤样品由于长期植被覆盖退化造成表土含水率显著低于原始芦苇湿地土壤样品, 平均值为 24.3%.

表 1 土壤样品基本理化性质¹⁾

Table 1 Basic physical and chemical properties of the soil samples				
样品编号	pH	TC/g·kg ⁻¹	TN/g·kg ⁻¹	SWC/%
BL	8.77 ± 0.11a	27.57 ± 2.66a	1.52 ± 0.17a	67.41 ± 4.89a
HL	8.38 ± 0.03b	15.82 ± 2.06b	0.81 ± 0.25b	44.54 ± 0.95b
ML	8.85 ± 0.08a	19.7 ± 0.78b	1.2 ± 0.07ab	24.3 ± 3.02c

1) 数据为平均值 ± 标准偏差, $n=3$, 不同小写字母表示差异性显著水平

2.2 土壤细菌和甲烷代谢微生物 α 多样性

各土壤样品细菌、产甲烷菌和甲烷氧化菌的 Shannon 指数和 Simpson 指数如表 2 所示. 原始湿地土壤的细菌和产甲烷菌群落 Shannon 指数高于退化湿地和修复湿地土壤样品; 对于甲烷氧化菌群落, 退化土壤的 Shannon 指数最高, 原始土壤次之, 修复

土壤最低. 而细菌群落的 Simpson 指数变化趋势与 Shannon 指数相反. 结果表明湿地退化导致土壤细菌和产甲烷菌的多样性降低, 甲烷氧化菌的多样性增加. Pearson 相关性分析表明, 细菌和产甲烷菌的 α 多样性与土壤含水率呈显著正相关关系 (表 3), 这可能是由于土壤含水率越高, 厌氧程度越大, 而产

表 2 土壤样品微生物 α 多样性¹⁾

Table 2 Values of α -diversity in microbial communities of the soil samples						
样品编号	细菌		产甲烷菌		甲烷氧化菌	
	Shannon	Simpson $\times 10^{-3}$	Shannon	Simpson $\times 10^{-3}$	Shannon	Simpson $\times 10^{-3}$
BL	6.68 ± 0.06a	3.37 ± 0.81a	3.8 ± 0.17a	51.29 ± 13.83a	3.06 ± 0.11a	113.54 ± 7.62a
HL	6.46 ± 0.04b	3.64 ± 0.4a	3.48 ± 0.17ab	73.18 ± 25.04a	3.2 ± 0.17a	90.24 ± 17.41a
ML	5.25 ± 0.39b	20.25 ± 9.52a	3.05 ± 0.22b	85.32 ± 24.32a	2.19 ± 0.84a	298.45 ± 207.35a

1) 数据为平均值 ± 标准偏差, $n=3$, 不同小写字母表示差异性显著水平

表 3 土壤理化性质与微生物 α 多样性的 Pearson 相关性¹⁾

Table 3 Pearson correlation coefficients for environmental factors and microbial α -diversity						
项目	细菌		产甲烷菌		甲烷氧化菌	
	Shannon	Simpson	Shannon	Simpson	Shannon	Simpson
pH	-0.462	0.496	-0.234	-0.00975	-0.457	0.446
TC	0.31	-0.193	0.508	-0.542	0.023 2	-0.016 4
TN	0.083 4	0.001 67	0.313	-0.477	-0.169	0.166
SWC	0.862 **	-0.727 *	0.858 **	-0.568	0.601	-0.569

1) * 和 ** 表示差异性显著水平, * 为 $P < 0.05$, ** 为 $P < 0.01$

甲烷菌属于严格厌氧菌,因此含水率越高的土壤产甲烷菌的多样性也越高^[2,31].

2.3 土壤细菌和甲烷代谢微生物的群落组成

PCoA 分析结果(图 1)显示 3 组样本的微生物

群落结构存在显著差异($P < 0.05$). 细菌群落的 PCoA 分析结果如图 1(a)所示,PC1 和 PC2 分别解释了 66.29% 和 24.02% 的群落结构差异. 产甲烷菌群落的 PCoA 分析结果如图 1(b)所示,PC1 和 PC2 分别解释了 51.62% 和 32.98% 的群落结构差异. 甲烷好氧化菌群落的 PCoA 分析结果如图 1(c)所示,PC1 和 PC2 分别解释了 55.28% 和 30.33% 的群落结构差异.

3 组土壤样本门水平细菌群落组成如图 2 所示. 各样本相对丰度超过 1% 的菌门为 Proteobacteria (变形菌门)、Actinobacteria(放线菌门)、Chloroflexi (绿弯菌门)、Acidobacteria(酸杆菌门)、Firmicutes (厚壁菌门)、Bacteroidetes (拟杆菌门)、Gemmatimonadetes(芽单胞菌门)、Rokubacteria 和 Nitrospirae(硝化螺菌门),其中相对丰度最高的是 Proteobacteria,其次是 Actinobacteria,这两种菌门总相对丰度超过 50%,与已有的我国东北湿地细菌群落结构研究结果相符^[32,33]. 但退化湿地土壤中 Proteobacteria 和 Actinobacteria 的相对丰度低于原始土壤和修复土壤, Acidobacteria 的相对丰度高于原始土壤和修复土壤. Proteobacteria 在营养元素含量高的土壤中相对丰度更高^[34,35],因此由于湿地退化导致土壤总碳、总氮水平降低, Proteobacteria 的相对丰度也降低. 而在修复中的芦苇湿地样品中,地上植物凋落物的水解及转化会使土壤总碳、总氮水平升高, Proteobacteria 的相对丰度也相应升高. 而 Acidobacteria 相对丰度的变化可能与土壤 pH 有关,有研究表明土壤中 Acidobacteria 的相对丰度与 pH 呈显著负相关^[36],因此在 pH 相对较低的退化土壤

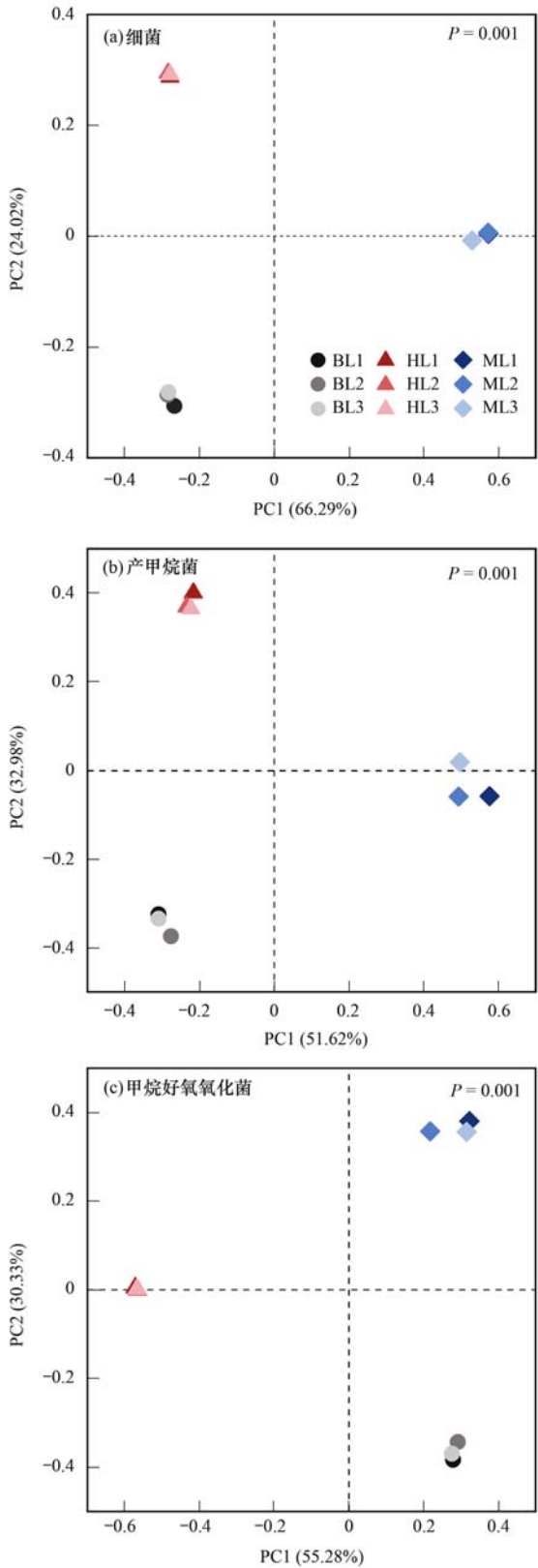


图 1 基于 OTU 水平的微生物群落的 PCoA 分析
Fig. 1 Principal coordinates analysis(PCoA) for microbial communities based at the OTU level

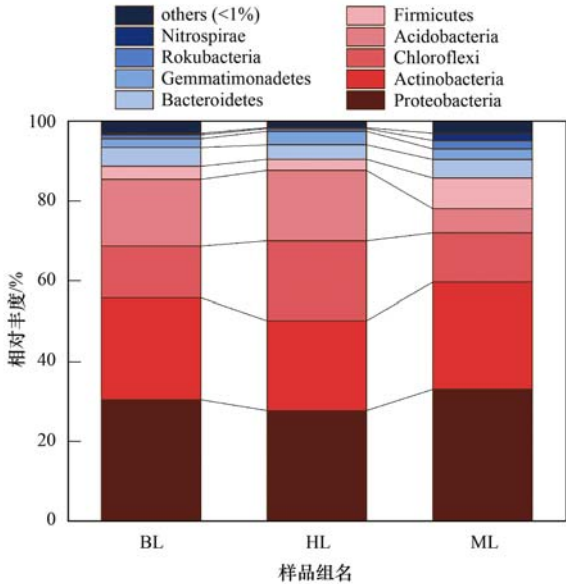
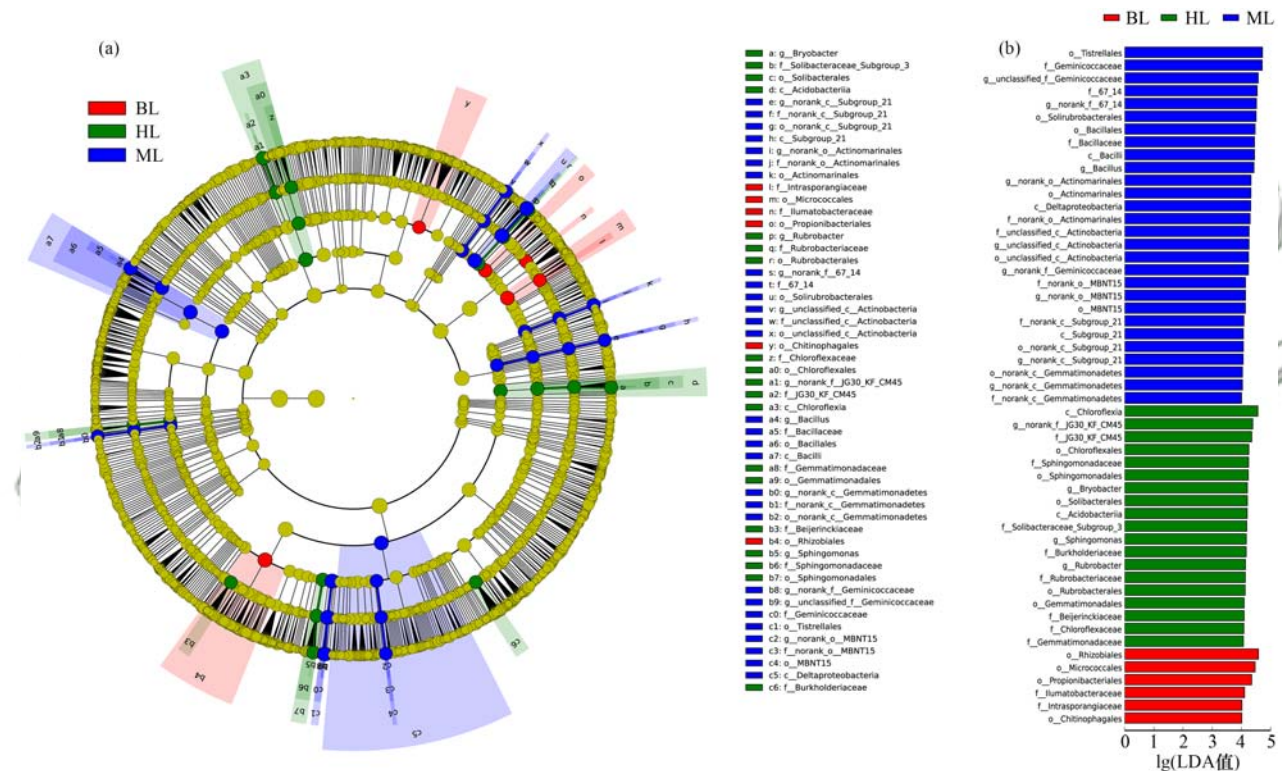


图 2 细菌门水平群落组成
Fig. 2 Community composition of bacteria at the phylum level

中其相对丰度较高。

在纲水平至属水平上, 3 组样本细菌群落组成差异显著(图 3)。原始芦苇湿地土壤的差异优势物种包括 4 目 2 科, 退化土壤的差异优势物种包括 2 纲 5 目 8 科 4 属, 修复土壤的差异优势物种包括 3 纲 8 目 8 科 9 属。在这些差异优势物种中, Rhizobiales(根瘤菌目)和 *Bacillus*(芽孢杆菌属)属于根际促生菌, 是一类能直接或间接促进植物生长及吸收营养物质的根际有益微生物^[37]; 而 Burkholderiaceae(伯克氏菌科)中包含众多动植物病原菌如 *Burkholderia*(伯克氏菌属)和 *Ralstonia*(青枯菌属)^[38]。原始芦苇湿地土壤中含有相对丰度较高的

的 Rhizobiales, 退化湿地土壤中含有相对丰度较高的 Burkholderiaceae, 修复湿地土壤中则含有相对丰度较高的 *Bacillus*, 表明湿地退化导致部分根际促生菌相对丰度下降, 致病菌相对丰度上升。此外, 退化湿地土壤中含有相对丰度较高的 *Sphingomonas*(鞘氨醇单胞菌属)和 *Rubrobacter*(红色杆菌属), *Sphingomonas* 可以利用多环芳烃等有机污染物作为碳源和能源^[39], *Rubrobacter*(红色杆菌属)具有耐受高强度辐射的特性, 可以生长在极端高辐射环境中^[40]。由于人类活动造成的松嫩平原湿地退化以及土壤污染、植被覆盖度下降和土壤贫瘠化^[10], 而使这些抗逆性强的微生物的相对丰度增加。



(a) 差异物种进化分支, (b) 差异物种 LDA 值
图 3 基于 LEfSe 分析的细菌群落差异物种进化分支和 LDA 值

Fig. 3 Cladogram and LDA scores of different bacterial communities based on LEfSe analysis

各样地产甲烷菌科水平群落组成如图 4 所示。3 组样本共同的产甲烷菌优势菌科为 Methanosarcinaceae(甲烷八叠球菌科)和 Methanobacteriaceae(甲烷杆菌科), 在其他关于湿地产甲烷菌群落的研究中, 这两种产甲烷菌科也占据优势地位^[41]。但 3 组样本产甲烷菌优势菌科的相对丰度存在差异(图 5)。原始湿地土壤中 Methanobacteriaceae 相对丰度最高, 约为 63%, 其次是 Methanosarcinaceae, 约为 30%。退化的和正在修复的芦苇湿地土壤中 Methanosarcinaceae 相对丰度最高, 分别为 48% 和 46%, 而 Methanobacteriaceae 相对丰度差异较大, 分别为 24% 和 12%。此外, 修复土

壤中还出现了相对丰度较高的 Methanomicrobiaceae(甲烷微菌科), 该菌科在修复土壤中相对丰度为 16%, 而在原始土壤和退化土壤中的相对丰度很低, 均为 1% 左右。在这些优势菌科中, Methanomicrobiaceae 属于氢型产甲烷菌, Methanobacteriaceae 同时具有氢型和甲基型产甲烷的活性, Methanosarcinaceae 则可以利用氢型、乙酸型和甲基型这 3 种主要途径产甲烷^[42]。目前的研究发现只有 Methanosarcinaceae 和 Methanosaetaceae(鬃毛甲烷菌科)能够利用乙酸途径产甲烷^[6], 表明湿地退化导致乙酸型产甲烷菌的相对丰度上升。根据上述 3 类产甲烷菌在 3 个样地中的相对丰度情

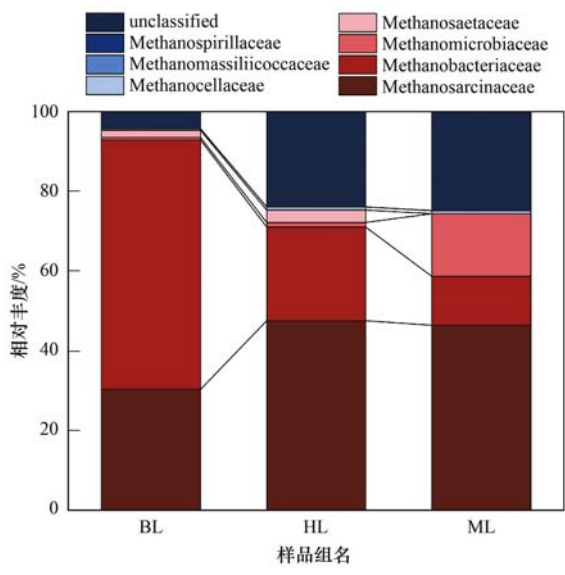


图 4 产甲烷菌科水平群落组成

Fig. 4 Community composition of methanogens at the family level

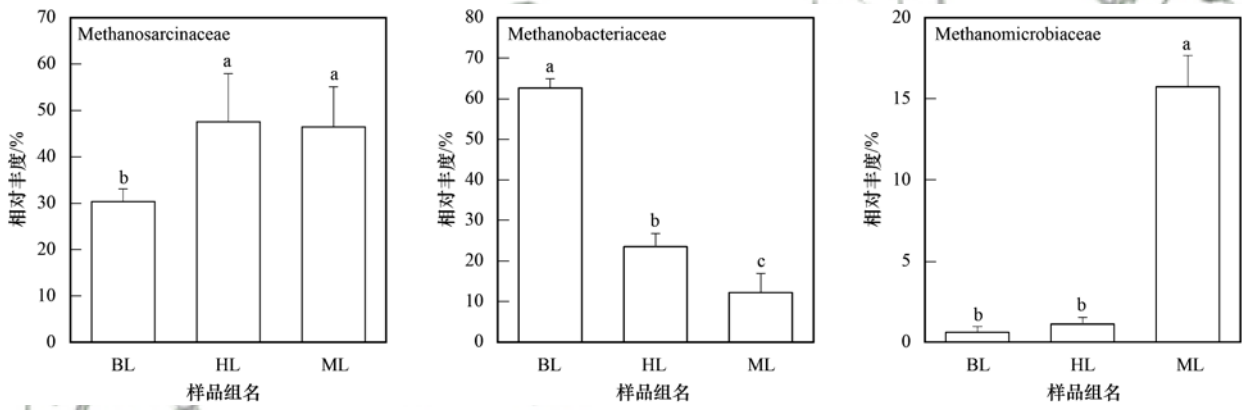


图 5 产甲烷菌优势菌科相对丰度

Fig. 5 Relative abundances of dominant methanogens at the family level

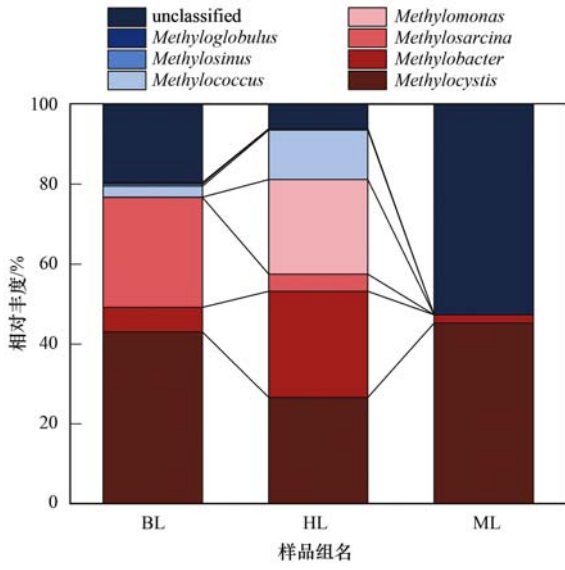


图 6 甲烷好氧化菌属水平群落组成

Fig. 6 Community composition of methanotrophs at the genus level

为 43% 和 28%。退化湿地土壤中优势菌属为 *Methylocystis*、*Methylobacter* (甲基杆菌属)、

况,氢型营养代谢路径为湿地产甲烷菌基本的甲烷产生代谢路径^[43]。Methanosarcinaceae 由于具有较高合成效率和低能耗的乙酸型代谢路径能够在自然环境中占据优势生态位^[44],是松嫩平原芦苇湿地产甲烷菌群落的重要组成部分;Methanobacteriaceae 相对丰度的变化则可能归因于其以水作为代谢底物氧化甲基化合物的甲基型甲烷产生代谢路径^[45],原始的、退化的和正在修复的芦苇湿地土壤的含水率依次降低,Methanobacteriaceae 的相对丰度也由此依次下降;Methanomicrobiaceae 可能因与Methanobacteriaceae 存在竞争关系而只在修复的湿地土壤中相对丰度有所上升。

各样地甲烷好氧化菌属水平群落组成如图 6 所示,优势菌属相对丰度差异如图 7 所示。原始湿地土壤中优势菌属为 *Methylocystis* (甲基孢囊菌属) 和 *Methylosarcina* (甲基八叠球菌属),相对丰度分别约

Methylobacter (甲基杆菌属) 和 *Methylococcus* (甲基球菌属),相对丰度分别约为 27%、27%、24% 和 12%。修复湿地土壤中优势菌属为 *Methylocystis* (甲基孢囊菌属),相对丰度约为 45%。*Methylocystis* 属于 Type II 型甲烷好氧化菌,普遍存在于湿地等多种生态系统中^[22,46,47],该菌属是 3 组湿地土壤样本的共同优势菌属。*Methylocystis* 能够在非常低的甲烷浓度下生长,是贫营养型甲烷氧化菌,某些 *Methylocystis* 菌株甚至可以在大气中氧化甲烷长达 3 个月^[48],并且 *Methylocystis* 在周期性排水的生态系统中普遍存在。因此,Type II 型甲烷好氧化菌在松嫩平原芦苇湿地中发挥着重要作用。*Methylosarcina* 属于 Type I 型甲烷好氧化菌,最初分离自垃圾填埋场土壤^[49],在已有的关于松嫩平原湿地甲烷氧化菌的研究中,该菌属不占据主要地位^[50],然而在本研究中,*Methylosarcina* 在原始芦苇湿地土壤中占优势地位,在退化湿地土壤和修复湿地土壤中的相对丰度较低。原始湿地土壤中出现高

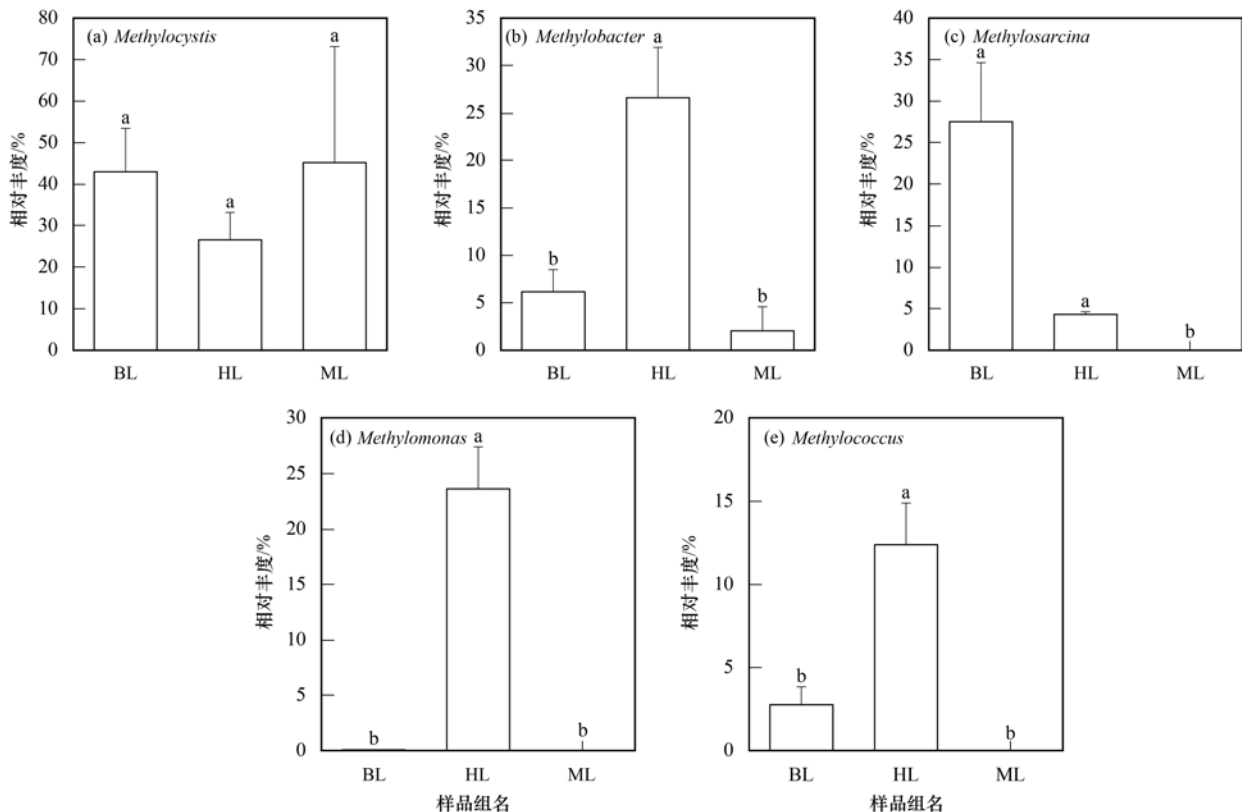


图7 甲烷好氧氧化菌优势菌属相对丰度

Fig. 7 Relative abundances of dominant methanotrophs at the genus level

丰度的 *Methylosarcina* 可能与样地土壤理化性质及土壤性状有关,这种甲烷好氧氧化指示菌可能是该湿地区域潜在的发挥碳汇作用的微生物资源。

此外,在退化湿地样品中占优势地位的 *Methylobacter*、*Methylomonas* 和 *Methylococcus* 其相对丰度均显著高于原始湿地和修复湿地。这3种菌属均属于 Type I 型甲烷好氧氧化菌。其中, *Methylobacter* 和 *Methylomonas* 可以适应极端低温环境^[51],研究者在西伯利亚永久冻土和高寒湿地中检测到了大量的 *Methylobacter*^[52,53], *Methylomonas* 分类下也已经分离到了能在深层地下水中生存的嗜冷菌株^[54]。 *Methylococcus* 则可以耐受极端高温环境,有研究者从热泉中发现了该属下的嗜热菌株^[55]。可见,芦苇湿地退化会导致耐受极端环境的甲烷氧化菌属的相对丰度增加。

3 结论

(1)与原始芦苇湿地相比,松嫩平原退化的芦苇湿地土壤理化性质发生了变化。具体表现为:退化湿地土壤总碳、总氮和土壤含水率均显著降低。

(2)芦苇湿地退化导致土壤细菌和产甲烷菌的 α 多样性降低,甲烷氧化菌的 α 多样性升高,而细菌和产甲烷菌的 α 多样性与土壤含水率呈显著正相关关系,含水率越高的湿地土壤产甲烷菌的多样性

也越高。

(3)湿地退化导致根际促生菌 Rhizobiales 的相对丰度下降,致病菌 Burkholderiaceae、耐污染细菌 *Sphingomonas*、抗辐射细菌 *Rubrobacter* 以及 Type I 型耐受极端环境的甲烷好氧氧化菌 *Methylobacter*、*Methylomonas* 和 *Methylococcus* 的相对丰度上升。而在原始及修复的芦苇湿地中优势菌属为 Type II 型甲烷好氧氧化菌 *Methylocystis*。因此,不同的湿地状态可以间接改变土壤性状进而改变湿地甲烷代谢菌群落结构。

致谢:中国科学院沈阳应用生态研究所及中国科学院东北地理与农业生态研究所在野外考察及采样方面提供帮助,在此一并致谢!

参考文献:

- [1] Kirschke S, Bousquet P, Ciais P, et al. Three decades of global methane sources and sinks [J]. Nature Geoscience, 2013, 6 (10): 813-823.
- [2] Aronson E L, Allison S D, Helliker B R. Environmental impacts on the diversity of methane-cycling microbes and their resultant function [J]. Frontiers in Microbiology, 2013, 4, doi: 10.3389/fmicb.2013.00225.
- [3] Le Mer J, Roger P. Production, oxidation, emission and consumption of methane by soils: a review [J]. European Journal of Soil Biology, 2001, 37(1): 25-50.
- [4] Laskar F, Das Purkayastha S, Sen A, et al. Diversity of methanogenic archaea in freshwater sediments of lacustrine ecosystems [J]. Journal of Basic Microbiology, 2018, 58(2):

- 101-119.
- [5] Peltoniemi K, Laiho R, Jouttonen H, *et al.* Responses of methanogenic and methanotrophic communities to warming in varying moisture regimes of two boreal fens[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, **97**: 144-156.
- [6] 李思琦, 臧昆鹏, 宋伦. 湿地甲烷代谢微生物产甲烷菌和甲烷氧化菌的研究进展[J]. *海洋环境科学*, 2020, **39**(3): 488-496.
- Li S Q, Zang K P, Song L. Review on methanogens and methanotrophs metabolised by methane in wetland[J]. *Marine Environmental Science*, 2020, **39**(3): 488-496.
- [7] 郭跃东, 何艳芬. 松嫩平原湿地动态变化及其驱动力研究[J]. *湿地科学*, 2005, **3**(1): 54-59.
- Guo Y D, He Y F. The dynamics of wetland landscape and its driving forces in Songnen Plain[J]. *Wetland Science*, 2005, **3**(1): 54-59.
- [8] 杨富亿, 李秀军, 刘兴土, 等. 松嫩平原退化芦苇湿地恢复模式[J]. *湿地科学*, 2009, **7**(4): 306-313.
- Yang F Y, Li X J, Liu X T, *et al.* Recovery pattern of degraded saline-alkali reed wetland in the Songnen Plain[J]. *Wetland Science*, 2009, **7**(4): 306-313.
- [9] 白军红, 邓伟, 王庆改, 等. 松嫩平原湿地环境问题及整治方略[J]. *湿地科学*, 2008, **6**(1): 1-6.
- Bai J H, Deng W, Wang Q G, *et al.* Environmental problems and protection countermeasures for the wetlands in Songnen Plain, Northeast China[J]. *Wetland Science*, 2008, **6**(1): 1-6.
- [10] 佟守正, 吕宪国. 松嫩平原重要湿地恢复研究进展[J]. *地理科学*, 2007, **27**(1): 127-128.
- Tong S Z, Lv X G. The progress of important wetland rehabilitation research in Songnen Plain [J]. *Scientia Geographica Sinica*, 2007, **27**(1): 127-128.
- [11] 刘睿, 汤洁. 盐碱芦苇湿地土壤活性有机碳组分垂直分布及相关性分析[J]. *科学技术与工程*, 2020, **20**(5): 1760-1766.
- Liu Q, Tang J. Vertical distribution and correlation analysis of soil active organic carbon components in saline-alkali reed wetland[J]. *Science Technology and Engineering*, 2020, **20**(5): 1760-1766.
- [12] 韩勤, 赵岭, 刘新宇, 等. 松嫩平原湿地退化特征及平原内陆盐碱类型湿地的恢复[J]. *防护林科技*, 2010, (6): 80-82.
- Han Q, Zhao L, Liu X Y, *et al.* Wetland degradation characteristics of Songnen Plain & restoration of saline wetland of inland plains [J]. *Protection Forest Science and Technology*, 2010, (6): 80-82.
- [13] Yu Y, Wang H, Liu J, *et al.* Shifts in microbial community function and structure along the successional gradient of coastal wetlands in Yellow River Estuary[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2012, **49**: 12-21.
- [14] 孙晓新, 宋长春, 王宪伟, 等. 多年冻土退化对湿地甲烷排放的影响研究进展[J]. *生态学报*, 2011, **31**(18): 5379-5386.
- Sun X X, Song C C, Wang X W, *et al.* Effect of permafrost degradation on methane emission in wetlands: a review[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2011, **31**(18): 5379-5386.
- [15] Jiang H B, Wen Y, Zou L F, *et al.* The effects of a wetland restoration project on the Siberian crane (*Grus leucogeranus*) population and stopover habitat in Momoge National Nature Reserve, China[J]. *Ecological Engineering*, 2016, **96**: 170-177.
- [16] Yu Y, Lee C, Kim J, *et al.* Group-specific primer and probe sets to detect methanogenic communities using quantitative real-time polymerase chain reaction [J]. *Biotechnology and Bioengineering*, 2005, **89**(6): 670-679.
- [17] Luton P E, Wayne J M, Sharp R J, *et al.* The *mcrA* gene as an alternative to 16S rRNA in the phylogenetic analysis of methanogen populations in landfill[J]. *Microbiology*, 2002, **148**(11): 3521-3530.
- [18] Kolb S, Knief C, Stubner S, *et al.* Quantitative detection of methanotrophs in soil by novel *pmoA*-targeted real-time PCR assays[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003, **69**(5): 2423-2429.
- [19] Chen S F, Zhou Y Q, Chen Y R, *et al.* fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor[J]. *Bioinformatics*, 2018, **34**(17): i884-i890.
- [20] Magoč T, Salzberg S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. *Bioinformatics*, 2011, **27**(21): 2957-2963.
- [21] Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. *Nature Methods*, 2013, **10**(10): 996-998.
- [22] Zhang Y F, Cui M M, Duan J B, *et al.* Abundance, rather than composition, of methane-cycling microbes mainly affects methane emissions from different vegetation soils in the Zoige alpine wetland[J]. *Microbiology Open*, 2019, **8**(4), doi: 10.1002/mbo3.699.
- [23] Wang Q, Garrity G M, Tiedje J M, *et al.* Naïve Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, **73**(16): 5261-5267.
- [24] Fish J A, Chai B L, Wang Q, *et al.* FunGene: the functional gene pipeline and repository[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2013, **4**, doi: 10.3389/fmicb.2013.00291.
- [25] Feng K, Zhang Z J, Cai W W, *et al.* Biodiversity and species competition regulate the resilience of microbial biofilm community [J]. *Molecular Ecology*, 2017, **26**(21): 6170-6182.
- [26] Müller A K, Westergaard K, Christensen S, *et al.* The diversity and function of soil microbial communities exposed to different disturbances[J]. *Microbial Ecology*, 2002, **44**(1): 49-58.
- [27] Hill T C J, Walsh K A, Harris J A, *et al.* Using ecological diversity measures with bacterial communities [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2003, **43**(1): 1-11.
- [28] Yang W, Zhang D, Cai X W, *et al.* Significant alterations in soil fungal communities along a chronosequence of *Spartina alterniflora* invasion in a Chinese Yellow Sea coastal wetland[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **693**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.07.354.
- [29] Chae S S, Warde W D. Effect of using principal coordinates and principal components on retrieval of clusters[J]. *Computational Statistics & Data Analysis*, 2006, **50**(6): 1407-1417.
- [30] Segata N, Izard J, Waldron L, *et al.* Metagenomic biomarker discovery and explanation[J]. *Genome Biology*, 2011, **12**(6), doi: 10.1186/gb-2011-12-6-r60.
- [31] 王洁, 袁俊吉, 刘德燕, 等. 滨海湿地甲烷产生途径和产甲烷菌研究进展[J]. *应用生态学报*, 2016, **27**(3): 993-1001.
- Wang J, Yuan J J, Liu D Y, *et al.* Research progresses on methanogenesis pathway and methanogens in coastal wetlands [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2016, **27**(3): 993-1001.
- [32] 王娜, 高婕, 魏静, 等. 三江平原湿地开垦对土壤微生物群落结构的影响[J]. *环境科学*, 2019, **40**(5): 2375-2381.

- Wang N, Gao J, Wei J, *et al.* Effects of wetland reclamation on soil microbial community structure in the Sanjiang Plain [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(5): 2375-2381.
- [33] Wei J, Gao J, Wang N, *et al.* Differences in soil microbial response to anthropogenic disturbances in Sanjiang and Momoge Wetlands, China [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2019, **95**(8), doi: 10.1093/femsec/fiz110.
- [34] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological classification of soil bacteria [J]. *Ecology*, 2007, **88**(6): 1354-1364.
- [35] Gu Y F, Bai Y, Xiang Q J, *et al.* Degradation shaped bacterial and archaeal communities with predictable taxa and their association patterns in Zoige wetland at Tibet plateau [J]. *Scientific Reports*, 2018, **8**(1), doi: 10.1038/s41598-018-21874-0.
- [36] 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展[J]. *生物技术通报*, 2016, **32**(2): 14-20.
Wang G H, Liu J J, Yu Z H, *et al.* Research progress of *Acidobacteria* ecology in soils [J]. *Biotechnology Bulletin*, 2016, **32**(2): 14-20.
- [37] Ahmad F, Ahmad I, Khan M S. Screening of free-living rhizospheric bacteria for their multiple plant growth promoting activities [J]. *Microbiological Research*, 2008, **163**(2): 173-181.
- [38] diCenzo G C, Mengoni A, Perrin E. Chromids aid genome expansion and functional diversification in the family *Burkholderiaceae* [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2019, **36**(3): 562-574.
- [39] Roggo C, Coronado E, Moreno-Forero S K, *et al.* Genome-wide transposon insertion scanning of environmental survival functions in the polycyclic aromatic hydrocarbon degrading bacterium *Sphingomonas wiltchii* RW1 [J]. *Environmental Microbiology*, 2013, **15**(10): 2681-2695.
- [40] Chen M Y, Wu S H, Lin G H, *et al.* *Rubrobacter taiwanensis* sp. nov., a novel thermophilic, radiation-resistant species isolated from hot springs [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2004, **54**(5): 1849-1855.
- [41] Zhang K, Luo H B, Zhu Z Y, *et al.* CH₄ flux and methanogen community dynamics from five common emergent vegetations in a full-scale constructed wetland [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2018, **25**(26): 26433-26445.
- [42] Nazaries L, Murrell J C, Millard P, *et al.* Methane, microbes and models: fundamental understanding of the soil methane cycle for future predictions [J]. *Environmental Microbiology*, 2013, **15**(9): 2395-2417.
- [43] Thauer R K, Kaster A K, Seedorf H, *et al.* Methanogenic archaea: ecologically relevant differences in energy conservation [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2008, **6**(8): 579-591.
- [44] Liu Y C, Whitman W B. Metabolic, phylogenetic, and ecological diversity of the methanogenic archaea [J]. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 2008, **1125**(1): 171-189.
- [45] Thauer R K. Biochemistry of methanogenesis: a tribute to Marjory Stephenson; 1998 marjory stephenson prize lecture [J]. *Microbiology*, 1998, **144**(Pt 9): 2377-2406.
- [46] Chen Y, Dumont M G, Cébron A, *et al.* Identification of active methanotrophs in a landfill cover soil through detection of expression of 16S rRNA and functional genes [J]. *Environmental Microbiology*, 2007, **9**(11): 2855-2869.
- [47] Kip N, van Winden J F, Pan Y, *et al.* Global prevalence of methane oxidation by symbiotic bacteria in peat-moss ecosystems [J]. *Nature Geoscience*, 2010, **3**(9): 617-621.
- [48] Cai Y F, Zheng Y, Bodelier P L E, *et al.* Conventional methanotrophs are responsible for atmospheric methane oxidation in paddy soils [J]. *Nature Communications*, 2016, **7**, doi: 10.1038/ncomms11728.
- [49] Wise M G, McArthur J V, Shimkets L J. *Methylosarcina fibrata* gen. nov., sp. nov. and *Methylosarcina quisquiliarum* sp. nov., novel type I methanotrophs [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2001, **51**(2): 611-621.
- [50] Yun J L, Yu Z S, Li K, *et al.* Diversity, abundance and vertical distribution of methane-oxidizing bacteria (methanotrophs) in the sediments of the Xianghai wetland, Songnen Plain, Northeast China [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2013, **13**(1): 242-252.
- [51] 邓永翠, 车荣晓, 吴伊波, 等. 好氧甲烷氧化菌生理生态特征及其在自然湿地中的群落多样性研究进展 [J]. *生态学报*, 2015, **35**(14): 4579-4591.
Deng Y C, Che R X, Wu Y B, *et al.* A review of the physiological and ecological characteristics of methanotrophs and methanotrophic community diversity in the natural wetlands [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, **35**(14): 4579-4591.
- [52] Liebner S, Rublack K, Stuehrmann T, *et al.* Diversity of aerobic methanotrophic bacteria in a permafrost active layer soil of the Lena Delta, Siberia [J]. *Microbial Ecology*, 2009, **57**(1): 25-35.
- [53] Yun J L, Zhuang G Q, Ma A Z, *et al.* Community structure, abundance, and activity of methanotrophs in the zoige wetland of the Tibetan Plateau [J]. *Microbial Ecology*, 2012, **63**(4): 835-843.
- [54] Kalyuzhnaya M G, Khmelenina V N, Kotelnikova S, *et al.* *Methylomonas scandinavica* sp. nov., a new methanotrophic psychrotrophic bacterium isolated from deep igneous rock ground water of Sweden [J]. *Systematic and Applied Microbiology*, 1999, **22**(4): 565-572.
- [55] Whittenbury R, Phillips K C, Wilkinson J F. Enrichment, isolation and some properties of methane-utilizing bacteria [J]. *Journal of General Microbiology*, 1970, **61**(2): 205-218.

CONTENTS

Continuous PM _{2.5} 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 _{2.5} 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 _{2.5} 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 ₃ Pollution and Key Precursors in Chengdu During Spring	HAN Li, CHEN Jun-hui, JIANG Tao, <i>et al.</i> (4611)
O ₃ 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 ₃ 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 ₃ -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 ²⁺ 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 α -MnO ₂	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 Fluvo-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 ₄ , and N ₂ O Emissions from Paddy Fields to Long-term Elevated CO ₂ 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)