

目次

“大气十条”实施期间南京市 PM _{2.5} 化学组成与来源的演变特征	陈培林, 郭蓉, 王勤耕 (1)
河南省北部区域霾污染过程中城市和农村点位 PM _{2.5} 组分差异	王申博, 王玲玲, 范相阁, 王楠, 马双良, 张瑞芹 (11)
廊坊市秋冬季大气细颗粒物污染特征及来源解析	朱淑贞, 佟洁, 鲍丰, 孙浩 (20)
天津市采暖季不同气团来向 PM _{2.5} 中重金属污染特征及健康风险评价	李立伟, 邓小文, 肖致美, 元洁, 杨宁, 郭小龙, 白宇 (30)
基于多属性决策方法的太原市冬季街道尘土中潜在有害元素关键来源解析	邓文博, 刘文娟 (38)
北京市 PM _{2.5} -O ₃ 复合污染数值响应解析	刘添强 (48)
长三角区域人为源活性挥发性有机物高分辨率排放清单	田俊杰, 丁祥, 安静宇, 李曼, 王鑫, 黄成 (58)
南京北郊工业乡村混合区秋季边界层 VOCs 垂直分布特征	王泰, 朱彬, 施双双, 安俊琳, 唐贵谦, 徐家平 (66)
广西柳城县 VOCs 组分特征、来源及其对臭氧生成的敏感性	吴影, 莫招育, 吴琴琴, 陆嘉晖, 毛敬英, 陈雪梅, 栗少丽, 覃纹, 刘慧琳, 韦敏 (75)
城市臭氧污染特征与高影响气象因子:以苏州为例	何琰, 林惠娟, 曹舒娅, 宋璟璐, 孙伟, 熊宇 (85)
华北平原周县人为源氨排放清单及分布特征	康嘉慧, 孟凡磊, 刘学军, 许稳 (94)
WRF 模式最优参数化方案在不同空气质量模式的应用	杨景朝, 蒋兴文, 伯鑫, 王刚, 冯勇 (104)
西安市春季生物气溶胶的分布特征和健康影响	魏军强, 杨柳, 沈振兴, 王秀茹 (118)
青岛近海不同天气下生物气溶胶中细菌浓度及存活率分布特征	魏文淑, 祁建华, 常成 (127)
中国沉积物多环芳烃的时空分布及驱动因子	黄柱良, 蔡家伟, 王儒威 (138)
长江口近岸地区抗生素抗性基因与微生物群落分布特征	徐秋鸿, 刘曙光, 娄厦, Larisa Dorzhieva Radnaeva, Elena Nikitina, Makhinov Aleksei Nikolavich, Araruna José Tavares, 金字辰, 李鑫 (158)
人类活动影响下的高原湿地四环素类抗生素抗性基因赋存与微生物群落共现性	秦荣, 喻庆国, 刘振亚, 王行 (169)
我国东南地区饮用水源地多种农药的赋存特征及健康风险评估	何姝, 董慧岭, 任南琪 (180)
珠海市中部主要供水水库沉积物重金属时空分布与风险评价	王思瑞, 张坤峰, 昌盛, 张茉莉, 付青 (189)
苏州水网地区河道底泥的重金属分布特征与污染风险	郑敏慧, 白冬锐, 张涛, 陈坦, 王洪涛, 杨婷, 张冰, 金军 (198)
长三角典型城郊流域生物可降解性有机质的分布及影响因素	吴文雨, 马菁晨, 杨磊, 李敏, 唐剑锋 (210)
过水性湖泊水质长期演变趋势及驱动因素:以骆马湖为例	黄雪滢, 高鸣远, 王金东, 王明明, 陈思恩, 龚志军, 王腊春, 蔡永久 (219)
渭河微塑料污染现状与风险评价	山泽萱, 张妍, 张成前, 时鹏, 张鑫 (231)
不同颜色聚碳酸酯塑料对附着藻类生长和群落结构的影响	王梦雪, 尹思成, 王振方, 陈锦贤, 张玮, 王丽卿 (243)
苦草叶表附和和水体浮游细菌群落多样性格局及其影响因素	张梅婷, 刘晋仙, 苏嘉贺, 柴宝峰 (252)
基于 16S rRNA 测序技术的青藏高原河流细菌群落多样性	璩伟卿, 张博美, 黄雪, 任泽, 高红凯 (262)
基于 eDNA 的硅藻群落时空异质性及生态健康评价	姜山, 张颜, 李飞龙, 张效伟 (272)
三峡库区澎溪河河段间水华程度差异及其机制	罗晓佼, 张钊, 黄伟, 胡鹏飞, 谭炳圆, 张磊 (282)
自然降雨下蔬菜地土壤侵蚀及氮素流失特征	宁嘉丽, 黄艳芬, 李桂芳, 陈钊柱, 王坚桦 (293)
绿色、蓝色和蓝-绿屋顶径流水质特征	章孙逊, 张守红, 闫婧, 王恺, 杨航, 王任重远, 张文龙, 李华林 (303)
基于地理探测器的山西省 2000 ~ 2020 年 NPP 时空变化特征及驱动力分析	邵嘉豪, 李晶, 闫星光, 马天跃, 张瑞 (312)
2000 ~ 2020 年西南地区植被 NDVI 时空变化及驱动机制探究	徐勇, 戴强玉, 黄雯婷, 盘钰春, 郑志威, 郭振东 (323)
青海湖周边地区表层土壤重金属含量和抗性基因丰度及相关性	胡石磊, 瞿剑里, 章丽, 赵美蓉 (336)
四川盆地典型农耕地土壤重金属含量、污染及其影响因素	刘属灵, 吴梅, 刘志远, 刘双燕, 刘永林, 赵家宇, 刘怡 (347)
宁夏引黄灌区农田土壤重金属生态风险评价及来源解析	陈林, 马琨, 马建军, 王金保, 李虹, 贾彪, 倪锦炉, 马进鹏, 梁翔宇 (356)
铜冶炼场地周边土壤重金属污染特征与风险评价	彭驰, 刘旭, 周子若, 姜智超, 郭朝晖, 肖细元 (367)
西南地区典型土壤酸化特征及其与重金属形态活性的耦合关系	凌云, 刘汉燧, 张小婷, 魏世强 (376)
外源 Cd 在不同类型土壤中的稳定化特征	王港, 余海英, 黄化刚, 张路, 左洪菊 (387)
基于有效硒的富硒土壤阈值及有效硒的影响因素	王莹, 马彦斌, 王泽晶 (395)
基于成土母质分区的土壤-作物系统重金属累积特征与健康风险评价	陈子万, 许晶, 侯召雷, 彭敏, 杨帆, 陈杰, 徐永强, 杨树云, 李家云, 于林松 (405)
贵州省旱地土壤和玉米 As 含量特征及其种植安全性评估	黄凤艳, 周浪, 宋波, 虎瑞, 吴勇, 王佛鹏, 张云霞 (415)
象草与苦楝/构树间作修复矿区重金属污染土壤潜力	王小慧, 肖细元, 郭朝晖, 彭驰, 王小燕 (426)
1 株高耐性肠杆菌的筛选及对铜、砷同步钝化	尹雪斐, 刘玉玲, 伍德, 黄薪铭, 张朴心, 铁柏清 (436)
黄土丘陵区人工刺槐林土壤有机碳矿化特征及其与有机碳组分的关系	朱玉帆, 刘伟超, 李佳欣, 苏玉博, 简俊楠, 杨改河, 任成杰, 冯永忠, 任广鑫, 王晓妍, 韩新辉 (444)
设施农业土壤磷素累积迁移转化及影响因素	方兵, 陈林, 王阳, 祝亚飞, 王瑞, 宋桂芳, 刘俊, 杨斌, 张世文 (452)
优化秸秆管理提高玉米农田碳氮效率与经济效益	王良, 钱欣, 高英波, 张慧, 刘开昌, 陈国庆, 李宗新 (463)
缓控释肥深施对黏性土壤麦田氮素去向的影响	侯朋福, 薛利祥, 袁文胜, 曹帅, 刘颖多, 薛利红, 杨林章 (473)
黄河下游冲积平原轮作休耕农田土壤真菌群落结构与功能	南镇武, 刘柱, 孟维伟, 代红翠, 徐杰, 王娜, 刘灵艳, 王旭清, 刘开昌 (482)
红壤区退化林地表土真菌群落结构对土壤改良措施的响应	管鸿智, 黄荣珍, 王金平, 朱丽琴, 邹显花, 姬绍晖, 林丽靖, 房焕英, 杨梦佳, 廖迎春 (494)
半干旱-亚湿润干旱沙区樟子松根内真菌群落结构和功能时空动态特征	赵珮杉, 郭米山, 高广磊, 丁国栋, 张英, 任悦 (502)
基于 QMEC 分析的青藏高原不同类型冰川前缘地土壤微生物功能潜力	张洁洁, Anders Priemé, 陈显轲, 周汉昌, 张沁唯, 庄绪亮, 秦翔, 庄国强, 马安周 (512)
中国主粮作物生物炭产量效应的 Meta 分析	于滨杭, 姬建梅, 王丽学, 刘静, 高欢, 刘丹 (520)
生物炭影响抗生素在土壤中环境行为的 Meta 分析	李经涵, 张建强, 夏丽琼, 郑世界, 杨红薇, 何杨 (531)
不同农作物秸秆原料制备生物炭特性及重金属浸出行为	李家康, 邱春生, 赵佳奇, 王晨晨, 刘楠楠, 王栋, 王少坡, 孙力平 (540)
中国县城碳排放时空演变与异质性	宋苑震, 曾坚, 王森, 梁晨 (549)
近 20 年重庆市主城区碳排放的时空动态演进及其重心迁移	向书江, 杨春梅, 谢雨琦, 王丹, 王子芳, 高明 (560)
中国 1991 ~ 2018 年突发环境事件时空特征及影响因素	余光辉, 王非凡, 刘贤赵, 李文慧, 向云波 (572)
季铵盐抗菌剂在环境中的迁移转化行为及其毒性效应	张利兰, 覃存立, 钱瑶, 易美玲 (583)
《环境科学》征订启事(29) 《环境科学》征稿简则(57) 信息(443, 481, 530)	

苦草叶表附生和水体浮游细菌群落多样性格局及其影响因素

张梅婷^{1,2}, 刘晋仙^{1,2*}, 苏嘉贺^{1,2}, 柴宝峰^{1,2}

(1. 山西大学黄土高原研究所, 太原 030006; 2. 山西省黄河实验室, 太原 030006)

摘要: 浮游与附生细菌群落在湿地氮污染物去除及其水质净化方面具有重要作用, 然而与湿地土壤细菌群落相比, 它们的群落动态还远未被了解. 以榆古桥人工湿地水体浮游细菌群落和常见沉水植物苦草 (*Vallisneria natans*) 叶表附生细菌群落为研究对象, 通过高通量测序的方法对浮游和附生细菌群落的组成、结构与功能多样性进行了比较分析. 结果表明, 浮游与附生细菌群落的组成具有显著差异, 相比浮游细菌群落, 附生细菌群落中存在更多的异养细菌和反硝化细菌. 浮游细菌群落的 α 多样性在 3 个采样点间存在显著差异, 而附生细菌群落的 α 多样性没有显著差异; 整体来看, 附生细菌群落的 OTU 指数与 Shannon 指数显著高于浮游细菌群落且二者存在明显的空间异质性. RDA 分析表明 DO、IC、TP、 NH_4^+ 和 TOC 对浮游和附生细菌群落的结构变化均具有重要影响, 但对浮游细菌群落的影响更大. 共现性网络分析表明附生细菌群落有更多的生态位分化, 网络更加稳定, 对外界干扰的抵抗力也更强. FAPROTAX 功能预测结果分析表明, 附生细菌群落的氮循环特别是反硝化作用显著大于浮游细菌群落. 研究结果揭示了浮游和附生细菌群落多样性维持的驱动机制, 可以为人工湿地建设中发掘和利用水体浮游细菌和附生细菌群落资源以提高净化水质效率提供科学依据.

关键词: 附生细菌; 浮游细菌; 多样性; 苦草; 湿地

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)01-0252-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202203247

Diversity Patterns and Influencing Factors of Epibiotic in *Vallisneria natans* and Planktonic Bacteria Communities

ZHANG Mei-ting^{1,2}, LIU Jin-xian^{1,2*}, SU Jia-he^{1,2}, CHAI Bao-feng^{1,2}

(1. Institute of Loess Plateau, Shanxi University, Taiyuan 030006, China; 2. Shanxi Yellow River Laboratory, Taiyuan 030006, China)

Abstract: Planktonic and epiphytic bacterial communities play an important role in wetland nitrogen pollutant removal and water purification, yet their community dynamics are far from understood compared with those of the wetland soil bacterial community. Taking the planktonic bacterial community in the Yuguqiao constructed wetland and the epiphytic bacterial community on the leaf surface of the common submerged plant *Vallisneria natans* as the research objects, the composition, structure, and functional diversity of planktonic and epiphytic bacterial communities were analyzed using high-throughput sequencing. The results showed that the compositions of the planktonic and epiphytic bacterial communities were significantly different, with more heterotrophic and denitrifying bacteria present in the epiphytic bacterial community than in the planktonic bacterial community. The α diversity of the planktonic bacterial community was significantly different among the three sampling sites but not in the epiphytic bacterial community. In general, the OTU index and Shannon index of the epiphytic bacterial community were significantly higher than those of the planktonic bacterial community, and they had obvious spatial heterogeneity. RDA analysis showed that DO, IC, TP, NH_4^+ , and TOC had important effects on the structural changes of both planktonic and epiphytic bacterial communities but had a greater impact on planktonic bacterial communities. Co-occurrence network analysis showed that the epiphytic bacterial community had more niche differentiation, a more stable network, and stronger resistance to external disturbance. The results of FAPROTAX functional prediction analysis showed that the nitrogen cycling, especially denitrification of the epiphytic bacterial community, was significantly greater than that of the planktonic bacterial community. The results of this study revealed the driving mechanism for maintaining the diversity of planktonic and epiphytic bacterial communities, which can provide a scientific basis for excavating and utilizing planktonic and epiphytic bacterial community resources in the construction of constructed wetlands to improve the efficiency of water purification.

Key words: epiphytic bacterial; planktonic bacterial; diversity; *Vallisneria natans*; wetland

近年来,从农业生产系统释放的氮与城市污水排入周围水体,再汇入湿地,造成水体生态系统严重退化,因此控制污染物入河,对受污染水体进行生态修复就显得尤为重要^[1,2]. 湿地在维护生物多样性、保持水土、涵养水源、调节气候和降解污染物等方面发挥着不容小觑的作用^[3]. 湿地生态系统中的沉水植物对废水过滤^[3]和有毒物质去除^[4]具有重要作用,是重要的污染净化体. 微生物可以维持生物圈生态系统的健康,促进生物地球化学循环和生态功能调节^[5]. 其中,细菌的数量众多,广泛存在于土壤和水体中,可以通过自身的代谢过程与生存的微环

境发生相互作用,从而快速响应和应对周围环境的干扰^[6],特别是水生植物附生细菌群落还可以将有机污染物(如碳、氮、磷和硫等有机营养物质)分解成无机化学成分,从而影响和调节水体质量,实现水质的净化^[7].

浮游微生物主要是自由生的水体微生物,而附

收稿日期: 2022-03-27; 修订日期: 2022-04-25

基金项目: 国家自然科学基金项目(31801962); 山西省基础研究项目(201901D211129, 201901D211457)

作者简介: 张梅婷(1997~),女,硕士研究生,主要研究方向为水生微生物生态学, E-mail: 894362914@qq.com

* 通信作者, E-mail: liujinxian@sxu.edu.cn

生微生物广泛分布于固体表面,如岩石、沉积物、池塘、河流、湿地、湖泊和海洋环境中的沉水植物表面,其中包括藻类、原生动物、真菌和细菌^[8]. 有研究表明,浮游细菌(planktonic bacterial, PB)群落的组成与附生细菌(epiphytic bacterial, EB)群落非常相似,只是在属或种的水平上有所不同^[9]. 浮游细菌可以沉降到沉水植物的表面,是附生细菌的重要来源,而从沉水植物释放的附生细菌也会影响浮游细菌的数量^[8,9]. 也有研究指出浮游和附生细菌群落二者之间既存在共有类群,也有各自的特有类群,且与周围的浮游细菌群落相比,附生细菌群落具有更大的多样性和独特的群落组成^[10]. 其原因是,不同植物叶片上复杂的物理和生化特征或同种植物不同生长阶段的分泌物塑造均会影响附生细菌群落的组成^[11]. 此外,环境因素如水流、光照、温度、pH、氧化还原电位和营养有效性等对附生细菌群落也有重要影响^[12,13]. 因此,浮游细菌与附生细菌群落之间存在着复杂的相互关系.

目前对浮游与附生细菌群落的研究大多集中在物种共有率方面,而二者在湿地中对环境变化的响应机制与功能多样性是否一致,鲜有研究. 因此,以榆古桥湿地为研究样地,选取湿地常见沉水植物苦草(*Vallisneria spiralis*)叶表附生细菌群落和水体浮游细菌群落为研究对象,探究浮游细菌和附生细菌群落组成和多样性分布格局,旨在揭示以下问题:①浮游与附生细菌群落的物种组成特征;②浮游与附生细菌群落多样性格局及其影响因素;③附生细菌群落功能及其生态意义. 本研究结果将为理解附生细菌群落多样性维持机制提供理论依据. 通过全面了解湿地生态系统中细菌群落组成和结构多样性、分布特征及其在生态系统中的作用,对于未来更好地运用附生微生物降解污染物和净化水质方面具有深远意义.

1 材料与方法

1.1 研究区概况与样品采集

选取太原市地表径流入汾河的河道湿地为研究区. 该河道湿地始建于2011年,位于汾河二坝桥南(112°23'03"E, 37°36'28"N),属北温带季风气候,年均降雨量456 mm,年均气温9.5℃. 研究区面积约0.2 km²,流经该湿地的水来自污水处理厂的出水、农田退水、部分郊区居民生活污水,经河道湿地处理后排入汾河. 主要湿地植物为菖蒲(*Acorus calamus*)、水葱(*Scirpus validus*)、睡莲(*Nymphaea tetragona*)和苦草等. 本实验于2020年9月中旬在该湿地的入水口、中段和出水口3个采样点采集水

体用于收集浮游细菌(PB1、PB2 和 PB3)群落,并在3个采样点采集苦草植株用于附生细菌(EB1、EB2 和 EB3)群落的收集,水体和植株在每一采样点均有3次重复. 采样所用工具、塑封袋或其他物品都经过事先灭菌. 采集的水体样品装入无菌塑料桶,植株样品装于无菌自封袋中,并迅速放在冷藏箱冷藏,当天运回实验室后置于4℃冰箱保存.

利用采水器在每个采样点收集水样3 L,运回实验室后通过微孔滤膜(0.2 μm, 50 mm diameter, Millipore, 津腾, 天津)过滤2.5 L,后将滤膜置于灭菌离心管中放于-20℃冰箱用于浮游细菌群落的DNA提取,剩余的0.5 L用于水体理化性质(W1、W2 和 W3)分析,一个月内进行相关的实验分析. 叶表附生细菌群落取样方法如下:①将采集的完整叶片称重后放入无菌管中,每g样本加入10 mL 0.1 mol·L⁻¹磷酸钾缓冲液(pH=8.0);②样本超声洗涤1 min,涡旋10 s,此步骤重复2次;③将洗涤后的样本取出,重复上述实验步骤①和②;④将两次洗涤液混合,过0.2 μm 滤膜,过滤后的滤膜用液氮速冻,转移至-20℃冰箱保存,用作后续附生细菌群落的DNA提取.

1.2 样品理化性质分析

水体的pH、溶解氧(DO)、电导率(EC)、硝态氮(NO₃⁻)和铵态氮(NH₄⁺)含量用便携式水质监测仪(Aquaread AP-2000, UK)原位测定;化学需氧量(COD)用重铬酸盐法测定;总碳(TC)、总有机碳(TOC)和无机碳(IC)含量用TOC分析仪(Shimadzu, TOC-VCPH, Japan)测定;总磷(TP)含量用全自动间断化学分析仪(Cleverchem Anna, DeChem-Tech, Germany)测定.

1.3 样品DNA提取及高通量测序

样品DNA提取:先用1×PBS缓冲液洗脱滤膜上的微生物,然后用Fast DNA SPIN(MP Biomedicals, Solon, OH, USA)试剂盒,参照说明书提取滤膜上微生物的DNA. 提取好的DNA样品测定浓度和纯度后进行PCR扩增,采用引物338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3')和806R(5'-GGAC TACHVGGGTWTCTAAT-3')扩增细菌16S rDNA的V3-V4高可变区. 扩增体系和反应条件参照Liu等^[14]的方法进行. PCR产物通过胶回收纯化后在Illumina MiSeq测序平台上进行高通量测序,生物信息学分析方法参照文献[14]描述的方法进行. 本研究在上海美吉生物科技有限公司完成测序和生物信息服务. 之后,将获得的原始序列在FLASH中进行合并,并使用QIIME去除嵌合体,按照97%的相似性进行操作分类单元(operational taxonomic units,

OTU)聚类,细菌序列使用 SILVA 库进行比对,置信阈值为 70%. 最后,按最小样本的序列数对所有样本进行抽平后进行后续统计分析.

1.4 数据分析

在统计分析之前先对不符合正态分布的水体理化参数做对数转化以保证方差齐性,在 SPSS 20.0 (IBM SPSS statistics, USA) 软件中对不同采样点的水体理化性质、浮游和附生细菌群落相对丰度以及 α 多样性指数的差异采用 one-way ANOVA 分析,并通过 Duncan 检验进行多重比较;在 Canoco (version 5.0, USA) 软件中通过 PCoA (principal co-ordinates analysis) 排序比较不同样点间浮游和附生细菌群落空间分布的相似性,并通过 (vegan) R 软件包中的 ANOSIM (analysis of similarities) 函数检验组间差异;为减小环境因子之间的共线性,对水体理化因子进行了方差膨胀因子筛选 (VIF),然后通过冗余分析 (RDA) 检验 $VIF < 10$ 的环境因子对细菌群落的影响程度;网络构建和网络性质参数获取均在

Molecular Ecological Network Analyses Pipeline (<http://ieg4.rccc.ou.edu/mena>) 网站上完成^[15]. 本研究以 0.930 为阈值构建浮游与附生细菌群落的网络,获得不同类群间的 Pearson 相关性之后,利用 Gephi 0.9.1 计算共现网络参数并对网络图可视化,根据节点的模块内连通性及模块间连通性可以将网络中节点的拓扑学作用分为 4 个类型^[16],利用 SigmaPlot 14.0 对分析结果进行可视化. 最后,通过 FAPROTAX 对各点间浮游及附生细菌群落做功能预测. 所有统计分析的置信区间均为 95%.

2 结果与分析

2.1 水体理化因子

本研究中大部分水体理化参数在 3 个采样点间均有显著差异. COD、EC、 NH_4^+ 、 NO_3^- 、TP、TC、TOC 和 IC 的浓度从入水口到出水口显著下降; pH 则呈现相反的趋势,从入水口到出水口显著增加; DO 浓度在中段达到最大(表 1).

表 1 水体理化参数¹⁾

Table 1 Physicochemical parameters of water			
采样点	入水口	中段	出水口
pH	7.44 ± 0.20c	7.85 ± 0.03a	8.03 ± 0.08a
$\rho(\text{DO})/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	3.45 ± 0.14c	9.44 ± 0.10a	7.68 ± 0.65b
$\rho(\text{COD})/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	98.33 ± 8.74a	73.33 ± 8.39b	60.67 ± 5.51b
$\text{EC}/\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$	1 352.67 ± 1.53a	1 089.67 ± 1.53b	969.00 ± 3.61c
$\rho(\text{NH}_4^+)/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	4.73 ± 1.70a	2.66 ± 0.53ab	1.60 ± 0.51b
$\rho(\text{NO}_3^-)/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	14.80 ± 1.45a	10.91 ± 1.18b	8.07 ± 1.44c
$\rho(\text{TP})/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	1.76 ± 0.09a	1.26 ± 0.06b	0.53 ± 0.11c
$\rho(\text{TC})/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	53.96 ± 6.29a	36.39 ± 8.74b	23.66 ± 3.51b
$\rho(\text{TOC})/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	24.87 ± 1.53a	14.95 ± 2.27b	11.89 ± 7.66b
$\rho(\text{IC})/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	29.09 ± 7.82a	21.44 ± 7.77ab	11.78 ± 4.52b

1) 数值为平均值 ± 标准差,不同小写字母表示在 3 个采样点差异显著 ($P < 0.05$)

2.2 细菌群落组成

本研究的浮游与附生细菌群落隶属于 57 个门, 167 个纲, 385 个目, 638 个科, 1 222 个属, 2 525 个种, 6 525 个 OTU. 这里将相对丰度大于 1% 的分类群定义为优势类群,其余则合并为其他 (others).

浮游和附生细菌群落的优势门分别有 9 个和 15 个,二者共同的优势门包括变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteriota)、拟杆菌门 (Bacteroidota)、蓝藻门 (Cyanobacteria)、疣微菌门 (Verrucomicrobiota)、蛭弧菌门 (Bdellovibrionota)、厚壁菌门 (Firmicutes) 和绿弯菌门 (Chloroflexi). 浮游细菌群落的优势门还包括 Armatimonadota, 附生细菌群落的优势门还包括酸杆菌门 (Acidobacteriota)、骸骨菌门 (Patescibacteria)、粘球菌门 (Myxococcota)、脱硫菌门 (Desulfobacterota)、硝化螺旋菌门 (Nitrospirota)、芽

单胞菌门 (Gemmatimonadota) 和浮霉菌门 (Planctomycetota) [图 1(a) 和图 1(b)].

浮游细菌群落的优势属有 40 个,相对丰度较高的前 10 个分别是湖栖菌属 (*Limnohabitans*)、*norank_f_Sporichthyaceae*、*norank_f_Rhizobiales_Incertae_Sedis*、*norank_f_norank_o_Chloroplast*、分枝杆菌属 (*Mycobacterium*)、*hgcI_clade*、*Armatimonas*、多核杆菌属 (*Polynucleobacter*)、红杆菌属 (*Rhodobacter*) 和乳酸杆菌属 (*Limnobacter*). 附生细菌群落的优势属有 37 个,相对丰度较高的前 10 个分别是红杆菌属 (*Rhodobacter*)、嗜甲基菌属 (*Methylophilus*)、*unclassified_f_Comamonadaceae*、*norank_f_norank_o_Chloroplast*、嗜热杆菌属 (*Exiguobacterium*)、黄杆菌属 (*Flavobacterium*)、甲基营养型反硝化菌属 (*Methylostenobacterium*)、鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingorhabdus*)、*norank_f_Caldilineaceae* 和气单

胞菌属(*Aeromonas*) [图 1(c) 和图 1(d)].

对浮游和附生细菌群落中优势类群在门和属水平上的相对丰度进行 Wilcoxon 秩和检验. 15 个优势细菌门中有 10 个优势门的相对丰度在浮游和附生细菌群落中存在显著差异. 其中, 变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门、髌骨菌门、粘球菌门、浮霉菌门、脱硫菌门和硝化螺旋菌门的相对丰度在附生细菌群落中较高. 而放线菌门和 *Armatimonadota* 则是在浮游细菌群落中较高 [图 1(e)].

在属水平, 40 个优势细菌属中有 30 个优势属的

相对丰度在浮游和附生细菌群落中存在显著差异. 在前 15 个中, 有 8 个优势属在浮游细菌群落中的相对丰度大于附生细菌群落, 包括湖栖菌属、*norank_f_Rhizobiales_Incertae_Sedis*、*norank_f_Sporichthyaceae*、分枝杆菌属、*hgcI_clade*、*Armatimonas*、多核杆菌属和乳酸杆菌属. 而有 7 个优势属在附生细菌群落中的相对丰度大于浮游细菌群落, 包括红杆菌属、鞘氨醇杆菌属、黄杆菌属、*unclassified_f_Comamonadaceae*、嗜甲基菌属、甲基营养型反硝化菌属和 *norank_f_Caldilineaceae* [图 1(f)].

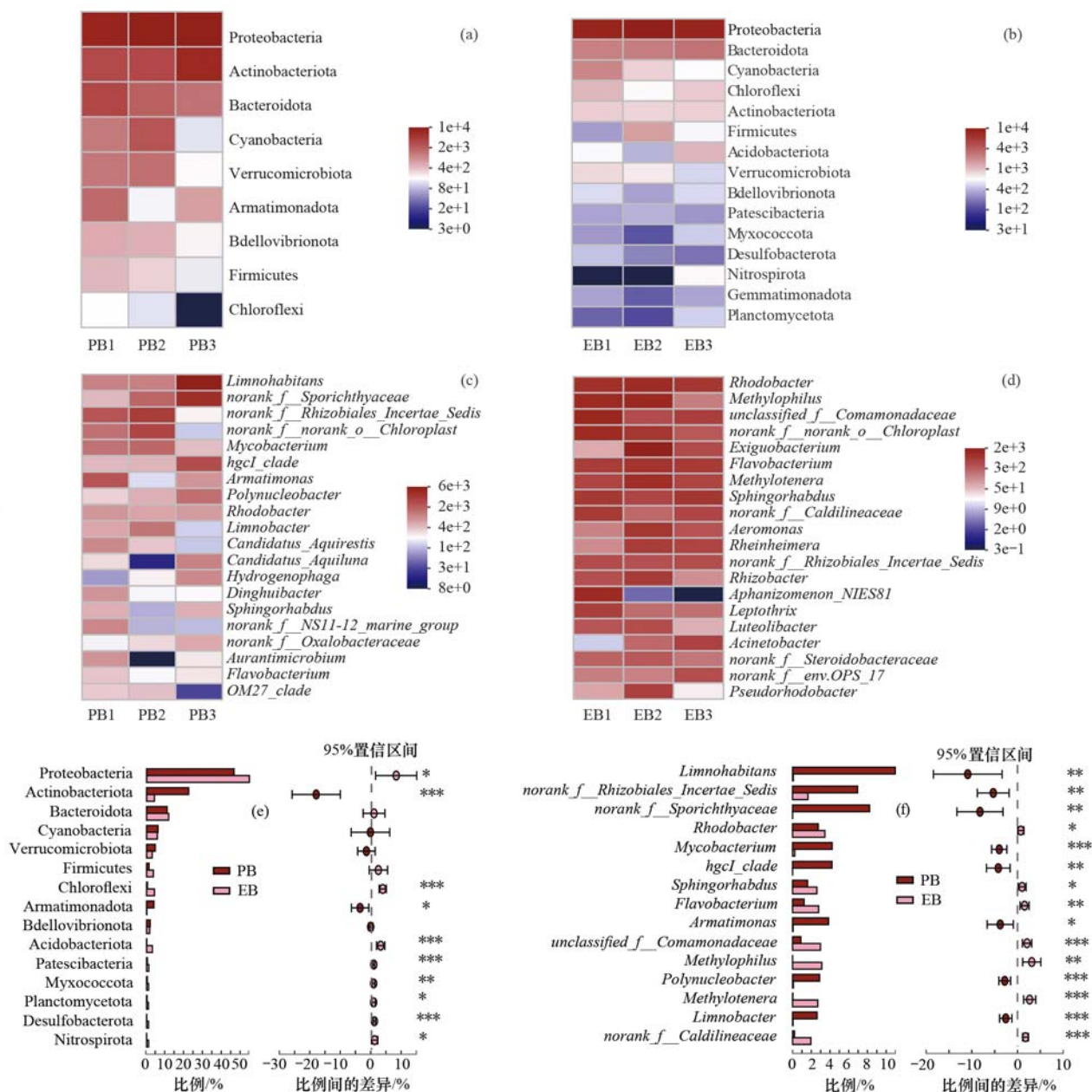


图 1 浮游与附生优势细菌群落组成及其组间差异

Fig. 1 Composition of planktonic and epiphytic dominant bacterial communities and their differences between groups

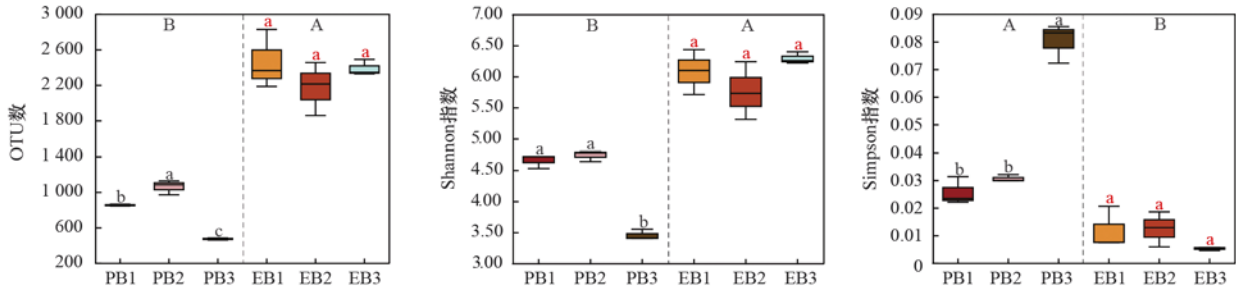
2.3 细菌群落的 α 多样性

浮游和附生细菌群落的 α 多样性存在显著

差异. 附生细菌群落的 OTU 数和 Shannon 指数显著高于浮游细菌群落 ($P < 0.05$), 而浮游细菌群

落的 Simpson 指数显著大于附生细菌群落 ($P < 0.05$). 浮游细菌群落的 α 多样性在 3 个采样点间存在显著差异, PB3 的 OTU 数与 Shannon 指数

最低, Simpson 指数达到最高, 而附生细菌群落的 α 多样性在各样点间均无显著差异 ($P > 0.05$, 图 2).



黑色小写字母表示不同采样点间浮游细菌群落的差异; 红色小写字母表示不同采样点间附生细菌群落的差异;

大写字母表示浮游和附生细菌群落之间的差异; 不同字母表示差异显著

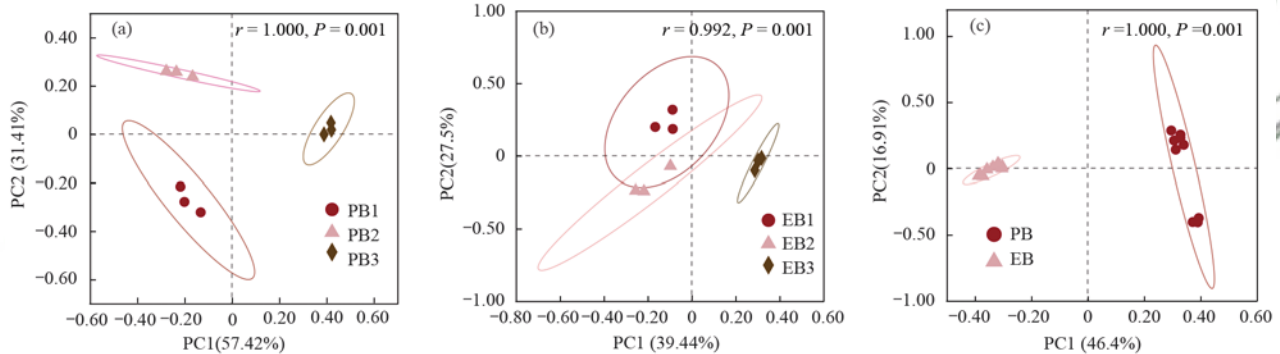
图 2 浮游与附生细菌群落的 α 多样性

Fig. 2 The α diversity of planktonic and epiphytic bacterial communities

2.4 细菌群落的空间分布格局及其影响因素

基于 Bray-Curtis 距离的 PCoA 分析可知浮游细菌群落和附生细菌群落的 β 多样性存在显著变化. 如图 3(a) 和图 3(b), 各样点间浮游 (ANOSIM, $r =$

1.000, $P < 0.01$) 和附生 (ANOSIM, $r = 0.992$, $P < 0.01$) 细菌群落在空间上存在显著分离. 从图 3(c) 可以看出, 浮游细菌群落和附生细菌群落具有明显的空间异质性 ($r = 1.000$, $P = 0.001$).



(a) 浮游细菌群落, (b) 附生细菌群落, (c) 浮游与附生细菌群落

图 3 不同采样点间细菌群落在 OTU 水平基于 Bray-Curtis 距离的 PCoA 排序

Fig. 3 PCoA ordination diagram of bacterial communities between different sampling sites at OTU level based on bray-Curtis distance

根据方差膨胀因子筛选出 VIF 小于 10 的环境因子, 通过冗余分析 (RDA) 确定了浮游和附生细菌群落空间结构变化的驱动因子. 水体 DO、IC、TP、

NH_4^+ 和 TOC 是导致细菌群落结构发生变化的重要因子 ($P < 0.05$). 浮游细菌群落 RDA 的前两个轴解释了 89.52% 的总变异 [图 4(a)], 附生细菌群落

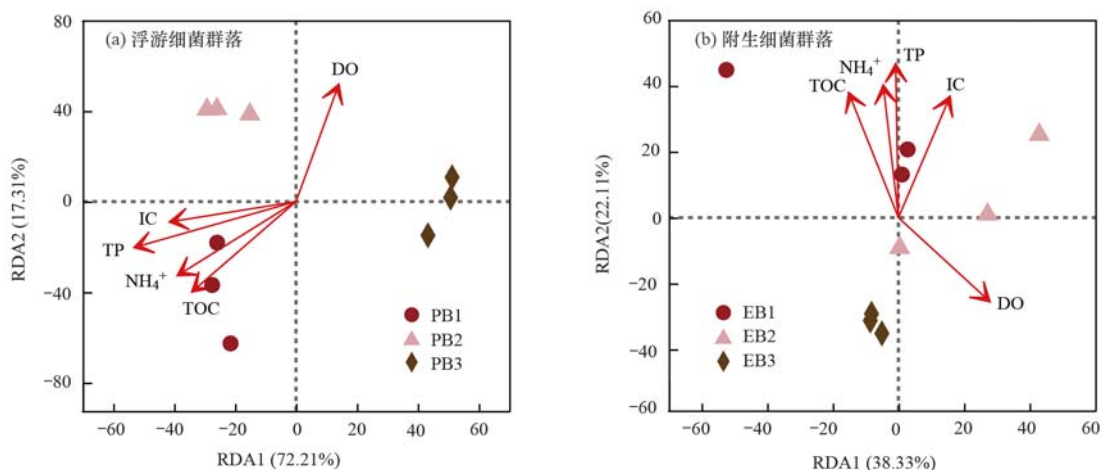


图 4 细菌群落与理化参数的 RDA 分析

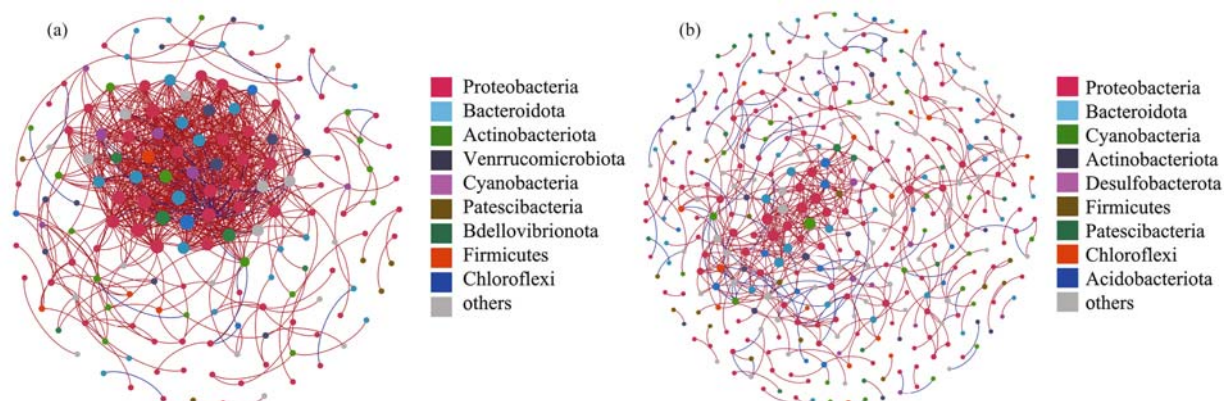
Fig. 4 RDA analysis of bacterial communities and physicochemical parameters

RDA 的前两个轴解释了 60.44% 的总变异[图 4 (b)],说明水体理化因子对浮游细菌群落的影响大于对附生细菌群落的影响。

2.5 浮游与附生细菌群落的共现网络

基于细菌属水平构建了浮游和附生细菌群落的共现性网络图,以探究浮游和附生细菌类群间的相互关系(图 5)。在浮游细菌群落中,包含 165 个节点及 851 条边,而在附生细菌群落中,包含 375 个节点及 564 条边,正相关边数分别为 93.890% 和 86.525%。相较而言,浮游细菌群落的平均度、平均聚

类系数、网络密度及连通性指数大于附生细菌群落,而浮游细菌群落的平均路径长度和模块化程度却远远小于附生细菌群落。大多数节点都属于外围节点,与不同模块间节点的连接较少($P_i = 0$)。共有 4 个细菌属可以被认为是关键类群,在细菌群落连接中具有重要作用。其中,在浮游细菌群落中有 3 个节点属于连接器,分别是隶属于拟杆菌门的 *norank_f_env.OPS_17*、厚壁菌门的 *Clostridium_sensu_stricto_1* 和变形菌门的 *UKL13-1*。在附生细菌群落中只有一个节点属于模块中心,为变形菌门的 *Bauldia*(图 6)。



(a) 浮游细菌群落的共现性网络, (b) 附生细菌群落的共现性网络; 基于属水平对浮游与附生细菌群落进行网络分析, 每个节点表示一个细菌属, 不同的颜色表示属于不同的门, 节点的大小和连接度成正比, 节点之间的连线表示两个细菌属之间存在显著相关性, 红色的边表示正相关, 蓝色的边表示负相关

图 5 细菌群落的共现性网络

Fig. 5 Co-occurrence networks of bacterial communities

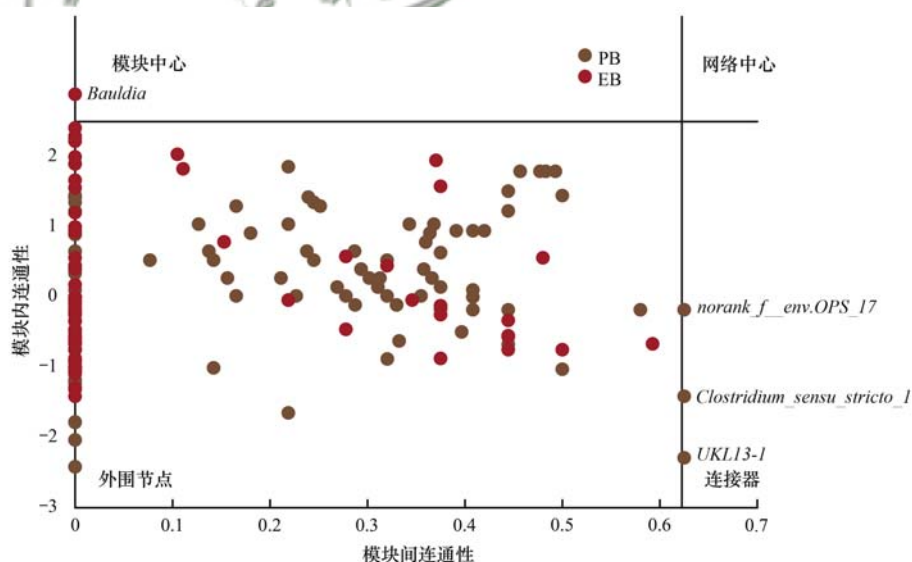


图 6 浮游与附生细菌群落共现性网络的拓扑学作用

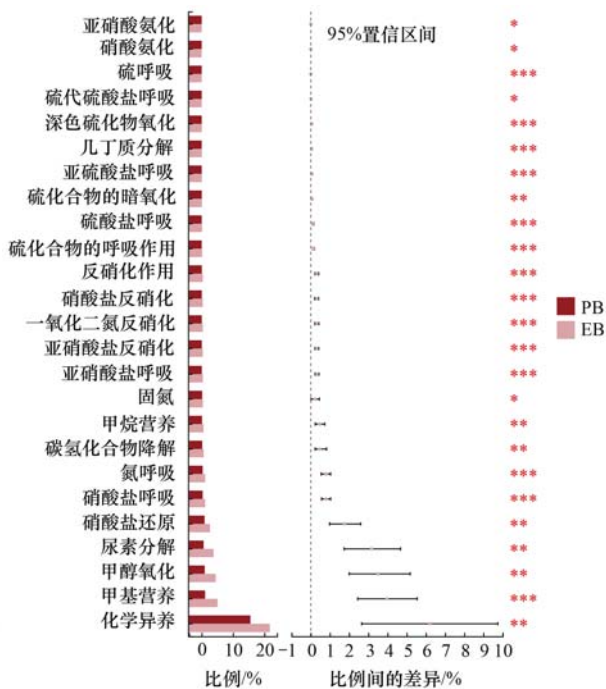
Fig. 6 Topological role of co-occurrence network of planktonic and epiphytic bacterial communities

2.6 功能预测

根据细菌群落的 16S 序列的分类结果, 利用 FAPROTAX 工具对微生物群落功能进行注释, 共获得 58 个功能类群, 这些功能类群维持着湿地生物地球化学循环。本研究中化学异养是最主要的功能, 在

附生和浮游细菌群落中分别占总 OTU 的 21.71% 和 15.51%。此外, 浮游与附生细菌群落在 C、N 和 S 循环方面具有显著性差异的共有 24 个功能类群, 且附生细菌功能群的相对丰度均显著高于浮游细菌功能群($P < 0.01$, 图 7)。有关 N 循环的功能有 12 个, 包

括尿素分解、硝酸盐还原、硝酸盐呼吸、氮呼吸、固氮、亚硝酸盐呼吸、亚硝酸盐反硝化、一氧化二氮反硝化、硝酸盐反硝化、反硝化作用、硝酸氨化和亚硝酸氨化;有关 C 循环的功能有 5 个,包括甲基营养、甲醇氧化、碳氢化合物降解、甲烷营养和几丁质分解;与 S 循环相关的功能有 7 个,包括硫化化合物的呼吸作用、硫酸盐呼吸、硫化化合物的暗氧化、亚硫酸盐呼吸、深色硫化物氧化、硫代硫酸盐呼吸和硫呼吸。



* 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$, *** 表示 $P < 0.001$

图7 浮游和附生细菌功能类群组成差异性

Fig. 7 Differences in the composition of functional groups of planktonic and epiphytic bacteria

3 讨论

3.1 浮游和附生细菌群落的物种组成

为了探索生态系统的结构和功能,有必要了解微生物类群的数量和种类^[17]. 在本研究中分析了微生境(即苦草叶表和水体)以及环境梯度(不同样点间)对细菌群落的影响. 优势物种通常被视为群落中具有重要功能的物种^[18]. 本研究发现优势细菌类群是典型的湿地细菌类群,与之前对红树林湿地的研究一致^[19],主要包括变形菌门、放线菌门、拟杆菌门、蓝藻门、疣微菌门、厚壁菌门和绿弯菌门[图1(a)和图1(b)]. 浮游与附生细菌群落在组成上存在明显差异,放线菌门在浮游细菌群落中相对丰度较高,这可能是因为在本研究区水体污染较严重,而放线菌有很好的耐受性. 此外,浮游细菌中几个优势属为湖栖菌属、*hgcI* clade、*Armatimonas* 和多核杆菌属,这些类群是典型的浮游细菌优势类群,它们是

水体专性菌,缺乏在某些界面(如沉水植物叶子表面)生活的能力^[20]. 附生细菌群落中变形菌门的相对丰度较高,该细菌类群在其他植物的附生细菌群落中也占主导地位^[21]. 其中特异性较高的细菌隶属于 α -变形菌 (α -Proteobacteria) 的红杆菌科 (*Rhodobacteraceae*),有研究表明,来自该群体的细菌是最初形成生物膜的关键成员^[22]. 此外,许多反硝化菌大量存在于附生细菌群落中,如假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、红杆菌属及嗜甲基菌属,这可能是因为在氮污染生境中(表1)促进了反硝化菌的增长^[23],同时在叶表形成了生物膜增加了群落多样性(图2),且细菌群落的密度远大于水体,从而它们的氮代谢效率更高,更有利于反硝化的进行. 因此,叶表附生细菌群落在氮污染物去除过程中发挥重要作用.

3.2 浮游和附生细菌群落的多样性及其影响因素

浮游细菌群落与附生细菌群落不论是 α 多样性还是 β 多样性均存在显著差异(图2和图3). 附生细菌群落的丰度和多样性显著高于浮游细菌群落,这与多数研究结果一致^[10,20,24]. 与许多陆生植物不同,沉水植物完全浸没于水体中,减少了紫外线的胁迫^[25],这可能为细菌的生存创造了理想的栖息地. 同时,植物叶表可以分泌多种化学物质,能为附生细菌提供更多的营养物质和微量元素,从而支持更多的细菌类群,是生产力和元素循环的热点区域^[10]. 值得注意的是,浮游细菌群落的 α 多样性在3个样点之间存在显著差异(图2),且浮游和附生细菌群落的 β 多样性在3个采样点均存在显著差异(图3),说明水体理化性质也是影响浮游和附生细菌群落空间分布格局的重要因素. 而附生细菌的 α 多样性在3个样点间没有显著差异,RDA 分析又进一步发现,理化因子对浮游细菌群落的影响大于附生细菌群落(图4),一定程度上说明了附生细菌群落生活的微环境即植物本身对外界环境的变化有一定的缓冲作用,且是附生细菌群落结构与多样性形成的重要驱动因素. 遗憾的是本研究仅测定了水体理化因素的一小部分,并没有包括水的流速、其他有机污染物及植物本身的物理和生化特征. 例如,水流可以调节附生生物膜的生物量、分布和细菌多样性^[26]. 叶片的厚薄度、叶龄和时空变异等因素也可能影响附生细菌群落的组成,以及不同微生物群落间的相互作用等,这些因素的相对重要性也不容忽视^[11],需要进一步研究.

3.3 浮游和附生细菌群落的共现性网络

相比研究单个物种,微生物共生网络能够在一定程度上对生物进行系统级分析. 生态网络可以代

表一个生态系统中各生物之间的相互作用,如捕食、竞争和互惠共生^[27],物种(节点)通过成对的相互作用连接在一起.正负相关表示正负交互,是网络中非常重要的特征^[15].正相关可能反映了物种之间的合作和生态位重叠,而负相关可能反映了物种之间的竞争和生态位分离^[28].相比浮游细菌群落,附生细菌群落的网络负边数比例较高(图5),表明附生细菌类群之间可能存在更大的竞争.这主要是由于浮游与附生细菌群落的栖息地类型不同,附生细菌群落生活在植物叶表,叶表通常会分泌多种营养物质,从而刺激附生细菌群落的生长,进而加剧对养分的争夺.而竞争可以稳定群落的共振荡,促进网络的稳定性,进而促进生态系统的稳定性^[15],从而表明附生细菌群落比浮游细菌群落的结构更稳定.

浮游细菌群落网络的平均度、网络密度及连通性指数较高,表明浮游细菌群落之间的连通性及相互作用程度较高.附生细菌群落网络的平均聚类系数、平均路径距离及模块化程度较高,表明其网络系统较为复杂,而复杂的网络具有更高的资源和信息传递效率,并支持更多的功能^[29].网络复杂度越高,微生物群落越稳定,它们对环境干扰的耐受力也就更强^[30].有研究将模块解释为生态位^[31,32],因此较高的模块化值可能与附生细菌群落中更强的生态位分化有关,这一结果与附生细菌群落网络中负边数较多从而存在较高的生态位分离相印证.微生物之间的相互作用可以快速响应环境因素的变化^[33],并且网络的路径长度越短表明可以在越短的时间将环境波动传递到整个网络^[34].与附生细菌群落的网络相比,浮游细菌群落网络的路径距离较短而连通性较高,意味着浮游细菌群落可能更容易受到外部干扰,而附生细菌群落网络的平均路径距离较长,表明附生细菌群落对外部干扰的抵抗能力较强.

在网络拓扑属性中,网络中心和连接器代表调节器、中介器或适配器^[35].模块中心可以被视为不同模块中的组成部分,可能会调节重要功能,但往往在整个群落中的较低级别发挥作用^[36].将集线器和连接器定义为关键物种,如果移除这些分类群,模块和网络也可能会分裂,因此,它们在网络结构中发挥着重要作用^[37].浮游细菌群落中有3个节点属于连接器,表明这3个节点在不同模块间具有高度连通性,附生细菌群落中只有一个节点属于模块中心,表明这个节点在模块内具有高度的连通性^[16].因此,浮游细菌群落的网络可能更加脆弱,这些在不同模块间具有高度连通性的关键物种丢失可能会导致整个网络的大规模崩溃,而附生细菌群落中的这个关

键节点由于属于模块中心,在模块内部连通性较强,它的缺失可能不容易影响到其他模块,因此,对整个网络造成的伤害可能较小.这一结论在一定程度上也再次证实了附生细菌群落的网络相对更稳定且更容易抵抗外界干扰.

3.4 浮游和附生细菌群落的功能特征

细菌群落的组成和多样性在一定程度上可以反映水体污染特征及其生态功能的演变^[38].本研究发现,浮游和附生细菌群落最丰富的功能是化学异养,且附生细菌群落的化学异养功能显著高于浮游细菌群落(图7).这一结果不难理解,在对细菌群落组成的研究中发现,变形菌、酸杆菌、黄杆菌及疣微菌的丰度在附生细菌群落中显著高于浮游细菌群落,而这些菌群都具有化学异养的功能^[20].异养细菌通常作为分解者,在湿地生态系统中负责有机物的原位污染修复和降解^[39].

值得注意的是,相对于浮游细菌群落来讲,附生细菌群落具有更高的氮循环功能如反硝化作用.这可能是由于参与氮循环过程的硝化螺旋菌门和反硝化细菌红杆菌在附生细菌群落中的相对丰度显著高于浮游细菌群落.氮浓度的增加会刺激附生微生物的生长,增加反硝化功能基因与硝化和反硝化细菌群落的相对丰度^[1],从而促进硝化与反硝化过程的进行.这一结果与前人的研究一致,沉水植物的附生细菌群落具有较高的反硝化功能,并构成反硝化的热点区域^[40].在脱氮过程中,沉水植物附生菌在硝化和反硝化过程中发挥着至关重要的作用,因为它们改变了湿地中有利于硝化菌和反硝化菌的pH和DO浓度^[1].因此,在湿地生态系统中,沉水植物叶表的多种微生物在水体脱氮过程中的影响不容忽视.这些微生物类群中,不同的微生物类群可能具有不同的功能特征,预测这些微生物的功能作用有助于构建集合群落,对废水微生物处理具有一定的指导作用.

4 结论

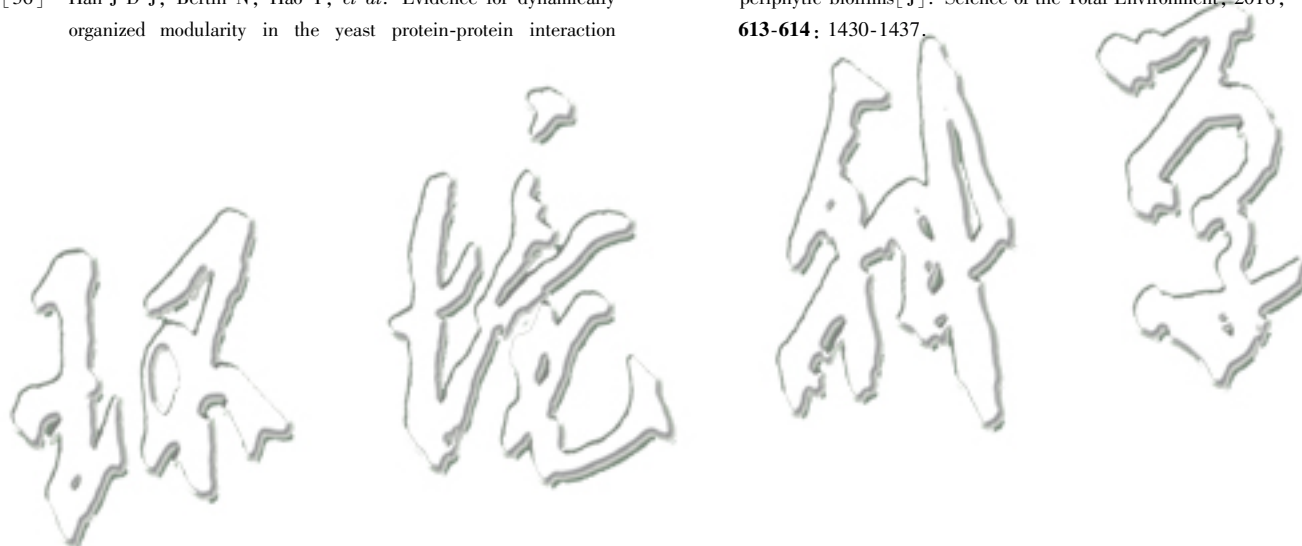
(1)在汾河二坝桥湿地,水体浮游细菌群落和苦草叶表附生细菌群落的组成和多样性存在显著差异.环境因子是主导水体浮游细菌群落组成和多样性变化的主要因素,而叶表特殊微环境是附生细菌群落组成和多样性形成的主要驱动力.

(2)附生细菌群落有更高的生态位分化,导致其更高的功能多样性.相较于浮游细菌群落,附生细菌群落中异养细菌和反硝化细菌类群的丰度更高,因此在湿地有机物降解与氮的去除过程中发挥更重要的作用.

参考文献:

- [1] Yan L Y, Zhang S H, Lin D, *et al.* Nitrogen loading affects microbes, nitrifiers and denitrifiers attached to submerged macrophyte in constructed wetlands [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **622-623**: 121-126.
- [2] 刘凤茹, 雒翠, 张扬, 等. 沉水植物水生态修复作用及应用边界条件[J]. *安徽农业科学*, 2021, **49**(9): 66-69, 94.
- [3] Liu F R, Luo C, Zhang Y, *et al.* Effects of submerged macrophytes on water ecological restoration and its application boundary conditions[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2021, **49**(9): 66-69, 94.
- [4] Rai U N, Sinha S, Tripathi R D, *et al.* Wastewater treatability potential of some aquatic macrophytes; removal of heavy metals [J]. *Ecological Engineering*, 1995, **5**(1): 5-12.
- [5] Mohamed Z A, Al Shehri A M. Differential responses of epiphytic and planktonic toxic cyanobacteria to allelopathic substances of the submerged macrophyte *Stratiotes aloides* [J]. *International Review of Hydrobiology*, 2010, **95**(3): 224-234.
- [6] Li J Y, Chen Q F, Li Q, *et al.* Influence of plants and environmental variables on the diversity of soil microbial communities in the Yellow River Delta Wetland, China [J]. *Chemosphere*, 2021, **274**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2021.129967.
- [7] 贺纪正, 王军涛. 土壤微生物群落构建理论与时空演变特征 [J]. *生态学报*, 2015, **35**(20): 6575-6583.
- [8] He J Z, Wang J T. Soil microbial community construction theory and spatiotemporal evolution characteristics [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, **35**(20): 6575-6583.
- [9] 任丽娟, 何聃, 邢鹏, 等. 湖泊水体细菌多样性及其生态功能研究进展 [J]. *生物多样性*, 2013, **21**(4): 422-433.
- [10] Ren L J, He D, Xing P, *et al.* Bacterial diversity and ecological function in lake water bodies [J]. *Biodiversity Science*, 2013, **21**(4): 422-433.
- [11] Rimes C A, Goulder R. Quantitative observations on the ability of epiphytic bacteria to contribute to the populations of suspended bacteria in two dissimilar headstreams [J]. *Freshwater Biology*, 1986, **16**(3): 301-311.
- [12] Rimes C A, Goulder R. A note on the attachment rate of suspended bacteria to submerged aquatic plants in a calcareous stream [J]. *Journal of Applied Bacteriology*, 1985, **59**(4): 389-392.
- [13] He D, Ren L J, Wu Q L. Contrasting diversity of epibiotic bacteria and surrounding bacterioplankton of a common submerged macrophyte, *Potamogeton crispus*, in freshwater lakes [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2014, **90**(3): 551-562.
- [14] He D, Ren L J, Wu Q L. Epiphytic bacterial communities on two common submerged macrophytes in Taihu Lake; diversity and host-specificity [J]. *Chinese Journal of Oceanology and Limnology*, 2012, **30**(2): 237-247.
- [15] Hao B B, Wu H P, Cao Y, *et al.* Comparison of periphyton communities on natural and artificial macrophytes with contrasting morphological structures [J]. *Freshwater Biology*, 2017, **62**(10): 1783-1793.
- [16] Boulétreau S, Salvo E, Lyautey E, *et al.* Temperature dependence of denitrification in phototrophic river biofilms [J]. *Science of the Total Environment*, 2012, **416**: 323-328.
- [17] Liu J X, Li C, Jing J H, *et al.* Ecological patterns and adaptability of bacterial communities in alkaline copper mine drainage [J]. *Water Research*, 2018, **133**: 99-109.
- [18] Zhou H, Gao Y, Jia X H, *et al.* Network analysis reveals the strengthening of microbial interaction in biological soil crust development in the Mu Us Sandy Land, northwestern China [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2020, **144**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.107782.
- [19] Shi S J, Nuccio E E, Shi Z J, *et al.* The interconnected rhizosphere: high network complexity dominates rhizosphere assemblages [J]. *Ecology Letters*, 2016, **19**(8): 926-936.
- [20] Shafi S, Kamili A N, Shah M A, *et al.* Aquatic bacterial diversity: magnitude, dynamics, and controlling factors [J]. *Microbial Pathogenesis*, 2017, **104**: 39-47.
- [21] Walker B, Kinzig A, Langridge J. Plant attribute diversity, resilience, and ecosystem function: the nature and significance of dominant and minor species [J]. *Ecosystems*, 1999, **2**(2): 95-113.
- [22] Padhy S R, Bhattacharyya P, Nayak S K, *et al.* A unique bacterial and archaeal diversity make mangrove a green production system compared to rice in wetland ecology: a metagenomic approach [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **781**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.146713.
- [23] Yan D B, Xia P H, Song X, *et al.* Community structure and functional diversity of epiphytic bacteria and planktonic bacteria on submerged macrophytes in Caohai Lake, southwest of China [J]. *Annals of Microbiology*, 2019, **69**(9): 933-944.
- [24] Fan Z, Han R M, Ma J, *et al.* Submerged macrophytes shape the abundance and diversity of bacterial denitrifiers in bacterioplankton and epiphyton in the Shallow Fresh Lake Taihu, China [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2016, **23**(14): 14102-14114.
- [25] Elifantz H, Horn G, Ayon M, *et al.* *Rhodobacteraceae* are the key members of the microbial community of the initial biofilm formed in Eastern Mediterranean coastal seawater [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2013, **85**(2): 348-357.
- [26] Manis E, Royer T V, Johnson L T, *et al.* Denitrification in agriculturally impacted streams: seasonal changes in structure and function of the bacterial community [J]. *PLoS One*, 2014, **9**(8), doi: 10.1371/journal.pone.0105149.
- [27] Liu Q, Liu M M, Zhang Q, *et al.* Epiphytic bacterial community composition on the surface of the submerged macrophyte *Myriophyllum spicatum* in a low-salinity sea area of Hangzhou Bay [J]. *Oceanological and Hydrobiological Studies*, 2019, **48**(1): 43-55.
- [28] Lindow S E, Brandl M T. Microbiology of the phyllosphere [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003, **69**(4): 1875-1883.
- [29] Han B, Zhang S H, Wang P F, *et al.* Effects of water flow on submerged macrophyte-biofilm systems in constructed wetlands [J]. *Scientific Reports*, 2018, **8**(1), doi: 10.1038/s41598-018-21080-y.
- [30] Zhou J Z, Deng Y, Luo F, *et al.* Phylogenetic molecular ecological network of soil microbial communities in response to elevated CO₂ [J]. *mBio*, 2011, **2**(4), doi: 10.1128/mBio.00122-11.
- [31] Deng Y, Zhang P, Qin Y J, *et al.* Network succession reveals the importance of competition in response to emulsified vegetable oil amendment for uranium bioremediation [J]. *Environmental Microbiology*, 2016, **18**(1): 205-218.
- [32] Morriën E, Hannula S E, Snoek L B, *et al.* Soil networks become more connected and take up more carbon as nature restoration progresses [J]. *Nature Communications*, 2017, **8**, doi: 10.1038/ncomms14349.
- [33] De Vries F T, Griffiths R I, Bailey M, *et al.* Soil bacterial networks are less stable under drought than fungal networks [J].

- Nature Communications, 2018, **9**(1), doi: 10.1038/s41467-018-05516-7.
- [31] Eiler A, Heinrich F, Bertilsson S. Coherent dynamics and association networks among lake bacterioplankton taxa[J]. The ISME Journal, 2012, **6**(2): 330-342.
- [32] Wu L W, Yang Y F, Chen S, *et al.* Long-term successional dynamics of microbial association networks in anaerobic digestion processes[J]. Water Research, 2016, **104**: 1-10.
- [33] Montoya J M, Pimm S L, Solé R V. Ecological networks and their fragility[J]. Nature, 2006, **442**(7100): 259-264.
- [34] Barranca V J, Zhou D, Cai D. Low-rank network decomposition reveals structural characteristics of small-world networks [J]. Physical Review E, 2015, **92**(6), doi: 10.1103/PhysRevE.92.062822.
- [35] Fan K K, Weisenhorn P, Gilbert J A, *et al.* Wheat rhizosphere harbors a less complex and more stable microbial co-occurrence pattern than bulk soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, **125**: 251-260.
- [36] Han J D J, Bertin N, Hao T, *et al.* Evidence for dynamically organized modularity in the yeast protein-protein interaction network[J]. Nature, 2004, **430**(6995): 88-93.
- [37] Olesen J M, Bascompte J, Dupont Y L, *et al.* The modularity of pollination networks[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2007, **104**(50): 19891-19896.
- [38] 寇文伯, 黄正云, 张杰, 等. 鄱阳湖湖泊细菌群落组成及结构——以松门山为例[J]. 生态学报, 2015, **35**(23): 7608-7614.
- Kou W B, Huang Z Y, Zhang J, *et al.* Bacterial community structure and composition in Lake Poyang: a case study in the Songmenshan Region, China[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, **35**(23): 7608-7614.
- [39] Wei Z Y, Liu Y Y, Feng K, *et al.* The divergence between fungal and bacterial communities in seasonal and spatial variations of wastewater treatment plants[J]. Science of the Total Environment, 2018, **628-629**: 969-978.
- [40] Zhao Y H, Xiong X, Wu C X, *et al.* Influence of light and temperature on the development and denitrification potential of periphytic biofilms[J]. Science of the Total Environment, 2018, **613-614**: 1430-1437.



CONTENTS

Evolution of PM _{2.5} Chemical Composition and Sources in Nanjing During the Implementation of the APPCAP	CHEN Pei-lin, GUO Rong, WANG Qin-geng (1)
Differences in PM _{2.5} Components Between Urban and Rural Sites During Heavy Haze Event in Northern Henan Province	WANG Shen-bo, WANG Ling-ling, FAN Xiang-ge, <i>et al.</i> (11)
Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric Fine Particles in Langfang in Autumn and Winter	ZHU Shu-zhen, TONG Jie, BAO Feng, <i>et al.</i> (20)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in PM _{2.5} of Different Air Masses During Heating Season in Tianjin	LI Li-wei, DENG Xiao-wen, XIAO Zhi-mei, <i>et al.</i> (30)
Analysis of Critical Source of Potentially Harmful Elements in Urban Road Dust During Winter in Taiyuan Based on Multiple Attribute Decision Making Method	DENG Wen-bo, LIU Wen-juan (38)
Numerical Response Analysis of PM _{2.5} -O ₃ Compound Pollution in Beijing	LIU Tian-qiang (48)
High-resolution Emission Inventory of Reactive Volatile Organic Compounds from Anthropogenic Sources in the Yangtze River Delta Region	TIAN Jun-jie, DING Xiang, AN Jing-yu, <i>et al.</i> (58)
Vertical Distribution Characteristics of Boundary Layer Volatile Organic Compounds in Autumn in the Mixed Industrial and Rural Areas over the Northern Suburb of Nanjing	WANG Tai, ZHU Bin, SHI Shuang-shuang, <i>et al.</i> (66)
Characterization of Ambient Volatile Organic Compounds, Source Apportionment, and the Ozone-NO _x -VOC Sensitivities in Liucheng County, Guangxi	WU Ying, MO Zhao-yu, WU Qin-qin, <i>et al.</i> (75)
Characteristics of Ozone Pollution and High-impact Meteorological Factors in Urban Cities: A Case of Suzhou	HE Yan, LIN Hui-juan, CAO Shu-ya, <i>et al.</i> (85)
Emission Inventory and Distribution Characteristics of Anthropogenic Ammonia in Quzhou County, North China Plain	KANG Jia-hui, MENG Fan-lei, LIU Xue-jun, <i>et al.</i> (94)
Application of WRF Optimal Parameterization Scheme for Different Air Quality Models	YANG Jing-chao, JIANG Xing-wen, BO Xin, <i>et al.</i> (104)
Distribution Characteristics and Health Effects of Bioaerosols in Spring over Xi'an City	WEI Jun-qiang, YANG Liu, SHEN Zhen-xing, <i>et al.</i> (118)
Distribution of Bacterial Concentration and Viability in Atmospheric Bioaerosols Under Different Weather Conditions in the Coastal Region of Qingdao	WEI Wen-shu, QI Jian-hua, CHANG Cheng (127)
Spatiotemporal Distribution and Driving Factors of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs) in Inland Sediments of China	HUANG Zhu-liang, CAI Jia-wei, WANG Ru-wei (138)
Distributions of Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in the Nearshore Area of the Yangtze River Estuary	XU Qiu-hong, LIU Shu-guang, LOU Sha, <i>et al.</i> (158)
Co-occurrence of Tetracycline Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in Plateau Wetlands Under the Influence of Human Activities	QIN Rong, YU Qing-guo, LIU Zhen-ya, <i>et al.</i> (169)
Occurrence and Health Risk Assessment of Multiple Pesticides in Drinking Water Sources of Southeast China	HE Shu, DONG Hui-yu, REN Nan-qi (180)
Spatiotemporal Distribution and Pollution Risk Assessment of Heavy Metals in Sediments of Main Water Supply Reservoirs in Central Zhuhai City	WANG En-rui, ZHANG Kun-feng, CHANG Sheng, <i>et al.</i> (189)
Distribution Characteristics and Pollution Risk of Heavy Metals in River Sediment of Suzhou Water Network Area, China	ZHENG Min-hui, BAI Dong-rui, ZHANG Tao, <i>et al.</i> (198)
Distribution of Biodegradable Dissolved Organic Matter and Its Affecting Factors in a Typical Peri-urban Watershed in Yangtze River Delta	WU Wen-yu, MA Jing-sheng, YANG Lei, <i>et al.</i> (210)
Long-term Succession Patterns and Driving Factors of Water Quality in a Flood-pulse System Lake: A Case Study of Lake Luoma, Jiangsu Province	HUANG Xue-ying, GAO Ming-yuan, WANG Jin-dong, <i>et al.</i> (219)
Microplastic Pollution Status and Ecological Risk Evaluation in Weihe River	SHAN Ze-xuan, ZHANG Yan, ZHANG Cheng-qian, <i>et al.</i> (231)
Effects of Different Colored Polycarbonate Plastics on Growth and Community Structure of Periphytic Algae	WANG Meng-xue, YIN Si-cheng, WANG Zhen-fang, <i>et al.</i> (243)
Diversity Patterns and Influencing Factors of Epibiotic in <i>Vallisneria natans</i> and Planktonic Bacteria Communities	ZHANG Mei-ting, LIU Jin-xian, SU Jia-he, <i>et al.</i> (252)
Bacterial Community and Diversity of River Ecosystems on the Qinghai-Tibet Plateau Based on 16S rRNA Gene Sequencing	QU Wei-qing, ZHANG Bo-mei, HUANG Xue, <i>et al.</i> (262)
Spatial and Temporal Heterogeneity and Ecological Health Evaluation of Diatom Community Based on eDNA	JIANG Shan, ZHANG Yan, LI Fei-long, <i>et al.</i> (272)
Severity Differences and Mechanisms of Algal Blooms Among Sections in Pengxi River of the Three Gorges Reservoir	LUO Xiao-jiao, ZHANG Xing, HUANG Wei, <i>et al.</i> (282)
Characteristics of Soil Erosion and Nitrogen Loss in Vegetable Field Under Natural Rainfall	NING Jia-li, HUANG Yan-hui, LI Gui-fang, <i>et al.</i> (293)
Effects of Green, Blue, and Blue-green Roofs on Runoff Quality	ZHANG Sun-xun, ZHANG Shou-hong, YAN Jing, <i>et al.</i> (303)
Analysis of Spatiotemporal Variation Characteristics and Driving Forces of NPP in Shanxi Province from 2000 to 2020 Based on Geodetector	SHAO Jia-hao, LI Jing, YAN Xing-guang, <i>et al.</i> (312)
Spatio-temporal Variation in Vegetation Cover and Its Driving Mechanism Exploration in Southwest China from 2000 to 2020	XU Yong, DAI Qiang-yu, HUANG Wen-ting, <i>et al.</i> (323)
Heavy Metal Content and Resistance Gene Abundance and Related Properties in the Surface Soil around Qinghai Lake	HU Shi-lei, QU Jian-li, ZHANG Li, <i>et al.</i> (336)
Soil Heavy Metal Content, Pollution, and Influencing Factors in Typical Farming Area of Sichuan Basin	LIU Shu-ling, WU Mei, LIU Zhi-yuan, <i>et al.</i> (347)
Risk Assessment and Sources of Heavy Metals in Farmland Soils of Yellow River Irrigation Area of Ningxia	CHEN Lin, MA Kun, MA Jian-jun, <i>et al.</i> (356)
Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metals in the Soil Around Copper Smelting Sites	PENG Chi, LIU Xu, ZHOU Zi-ruo, <i>et al.</i> (367)
Characteristics of Typical Soil Acidification and Effects of Heavy Metal Speciation and Availability in Southwest China	LING Yun, LIU Han-yi, ZHANG Xiao-ting, <i>et al.</i> (376)
Stabilization Characteristics of Exogenous Cd in Different Types of Soil	WANG Gang, YU Hai-ying, HUANG Hua-gang, <i>et al.</i> (387)
Threshold of Se-rich Soil Based on Available-Se and Influencing Factors of Available-Se	WANG Ying, MA Yan-bin, WANG Ze-jing (395)
Accumulation Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in Soil-Crop System Based on Soil Parent Material Zoning	CHEN Zi-wan, XU Jing, HOU Zhao-lei, <i>et al.</i> (405)
Characteristics and Planting Safety Assessment of As Content in Dryland Soil and Maize in Guizhou Province	HUANG Feng-yan, ZHOU Lang, SONG Bo, <i>et al.</i> (415)
Potential of Intercropping <i>Pennisetum purpureum</i> Schum with <i>Melia azedarach</i> L. and <i>Broussonetia papyrifera</i> for Phytoremediation of Heavy-metal Contaminated Soil around Mining Areas	WANG Xiao-hui, XIAO Xi-yuan, GUO Zhao-hui, <i>et al.</i> (426)
Inactivation of Cd and As by an <i>Enterobacter</i> Isolated from Cd and As Contaminated Farmland Soil	YIN Xue-fei, LIU Yu-ling, WU De, <i>et al.</i> (436)
Mineralization Characteristics of Soil Organic Carbon and Its Relationship with Organic Carbon Components in Artificial <i>Robinia pseudoacacia</i> Forest in Loess Hilly Region	ZHU Yu-fan, LIU Wei-chao, LI Jia-xin, <i>et al.</i> (444)
Accumulation, Migration, and Transformation of Soil Phosphorus in Facility Agriculture and Its Influencing Factors	FANG Bing, CHEN Lin, WANG Yang, <i>et al.</i> (452)
Optimizing Straw Management to Enhance Carbon and Nitrogen Efficiency and Economic Benefit of Wheat-Maize Double Cropping System	WANG Liang, QIAN Xin, GAO Ying-bo, <i>et al.</i> (463)
Effect of Deep Fertilization with Slow/Controlled Release Fertilizer on N Fate in Clayey Soil Wheat Field	HOU Peng-fu, XUE Li-xiang, YUAN Wen-sheng, <i>et al.</i> (473)
Structure and Function of Soil Fungal Community in Rotation Fallow Farmland in Alluvial Plain of Lower Yellow River	NAN Zhen-wu, LIU Zhu, MENG Wei-wei, <i>et al.</i> (482)
Response of Topsoil Fungal Community Structure to Soil Improvement Measures in Degraded Forest of Red Soil Region	GUAN Hong-zhi, HUANG Rong-zhen, WANG Jin-ping, <i>et al.</i> (494)
Temporal and Spatial Variations in Root-associated Fungi Associated with <i>Pinus sylvestris</i> var. <i>mongolica</i> in the Semi-arid and Dry Sub-humid Desertified Regions of Northern China	ZHAO Pei-shan, GUO Mi-shan, GAO Guang-lei, <i>et al.</i> (502)
QMEC-based Analysis of the Soil Microbial Functional Potentials across Different Tibetan Plateau Glacier Forelands	ZHANG Jie-jie, Anders Priemé, CHEN Xian-ke, <i>et al.</i> (512)
Meta Analysis on Yield Effect of Biochar for Staple Crops in China	YU Bin-hang, JI Jian-mei, WANG Li-xue, <i>et al.</i> (520)
Effects of Biochar on Antibiotic Environmental Behaviors in Soil: A Meta-analysis	LI Jing-han, ZHANG Jian-qiang, XIA Li-qiong, <i>et al.</i> (531)
Properties of Biochars Prepared from Different Crop Straws and Leaching Behavior of Heavy Metals	LI Jia-kang, QIU Chun-sheng, ZHAO Jia-qi, <i>et al.</i> (540)
Spatial-temporal Evolution and Heterogeneity of Carbon Emissions at County-level in China	SONG Yuan-zhen, ZENG Jian, WANG Sen, <i>et al.</i> (549)
Spatiotemporal Dynamic Evolution and Gravity Center Migration of Carbon Emissions in the Main Urban Area of Chongqing over the Past 20 Years	XIANG Shu-jiang, YANG Chun-mei, XIE Yu-qi, <i>et al.</i> (560)
Spatiotemporal Characteristics and Influencing Factors of Environment Emergency Incident in China from 1991 to 2018	YU Guang-hui, WANG Fei-fan, LIU Xian-zhao, <i>et al.</i> (572)
Migration, Transformation, and Toxicity of Quaternary Ammonium Antimicrobial Agents in the Environment	ZHANG Li-lan, QIN Cun-li, QIAN Yao, <i>et al.</i> (583)