

目次

加速能源转型与产业结构调整的环境健康协同效益评估:以京津冀鲁地区为例	杨玺, 孙奕生, 常世彦, 李胜悦, 郑昊天, 王书肖, 张希良 (3627)
基于不同电力需求的中国减排降碳协同增效路径	向梦宇, 王深, 吕连宏, 张楠, 白梓函 (3637)
城市碳达峰碳中和行动评估方法与应用	张保留, 白梓函, 张楠, 吕连宏, 阳平坚 (3649)
基于可解释性机器学习的城市 O ₃ 驱动因素挖掘	董佳奇, 胡冬梅, 闫雨龙, 彭林, 张辉辉, 牛月圆, 段小琳 (3660)
基于响应曲面法的臭氧生成敏感性分析	朱禹寰, 陈冰, 张雅茹, 刘晓, 李光耀, 舍静, 陈强 (3669)
基于 WRF-CMAQ/ISAM 模型的榆林市夏季 O ₃ 来源解析	王伊凡, 仝纪龙, 陈羽翔, 林鑫, 刘永乐, 敖丛杰, 刘浩天 (3676)
基于轻量级梯度提升机的南京大气臭氧浓度预测	朱珈莹, 安俊琳, 冯悦政, 贺婕, 张玉欣, 王俊秀 (3685)
2022 年广东省冬季一次臭氧污染过程的气象成因及潜在源区分析	李婷苑, 陈靖扬, 龚宇, 沈劲 (3695)
夏季对流层臭氧辐射强迫对华北地区天气和空气质量的影响	杜楠, 陈磊, 廖宏, 朱佳, 李柯 (3705)
气象、本地光化学生成和外围传输对长沙市 2018~2020 年臭氧污染趋势变化影响的识别	杨俊, 杨雷峰, 丁华, 谢丹平, 刘妍妍, 余涛, 吕明, 袁自冰 (3715)
2000~2021 年成渝城市群 PM _{2.5} 时空变化及驱动机制多维探测	徐勇, 郭振东, 郑志威, 戴强玉, 赵纯, 黄雯婷 (3724)
基于 GTWR-XGBoost 模型的四川省 PM _{2.5} 小时浓度估算	吴迪, 杜宁, 王莉, 吴宇宏, 张少磊, 周彬, 张显云 (3738)
2013~2021 年邢台 PM _{2.5} 重污染过程输送和增长特性	江琪, 盛黎, 靳雨晨, 王继康, 尤媛, 王飞 (3749)
基于高分辨率在线观测数据分析上海市城区秋冬季大气有机气溶胶化学特征及污染来源	朱书慧 (3760)
机动车尾气碳质气溶胶排放因子及其稳定碳同位素特征	于鸣媛, 王谦, 付明亮, 戈畅, 谢峰, 曹芳, 章炎麟 (3771)
沈阳工业区夏季 VOCs 组成特征及其对二次污染形成的贡献	关璐, 苏枫枫, 库盈盈, 胡建林, 于兴娜 (3779)
疫情管控期间深圳市城区 VOCs 的变化特征及减排效果评估	云龙, 林楚雄, 李成柳, 邱志诚, 古添发, 李光程, 张明棣, 郭健锋 (3788)
西安市冬季道路扬尘中有机质组成特征及其氧化潜势	王擎雯, 陈庆彩, 王超, 王瑞鹤, 刘国瑞, 李豪, 李艳广 (3797)
淮北孙疃矿区地表尘中多环芳烃类化合物的污染特征及致癌风险评价	徐振鹏, 钱雅慧, 洪秀萍, 罗钟庚, 高秀龙, 梁汉东 (3809)
雄安建设初期白洋淀水质时空差异及其对降雨和土地利用的响应	王子铭, 杨丽虎, 宋献方 (3820)
流域尺度污染溯源模拟-优化防控方法:以铜陵市顺安河流域为例	刘国王辰, 陈磊, 李佳奇, 张钰晨, 赵奕欣, 刘妍琪, 沈珍瑶 (3835)
南昌市浅层地下水水质评价及监测指标优化	郑紫吟, 储小东, 徐金英, 马志飞 (3846)
闪电河流域“三水”氢氧同位素特征及水体转换分析	杨丽娜, 贾德彬, 高瑞忠, 苏文旭, 卢方园, 郝玉胜 (3855)
金沙江丰富类和稀有类浮游真核微生物的分布特征与影响因素	燕炳成, 崔戈, 孙胜浩, 王沛芳, 王超, 吴程, 陈娟 (3864)
嘉陵江不同干扰断面河道沉积物细菌群落多样性	竹兰萍, 张拓, 李佳宁, 王佳颖, 郭伟亮, 徐飞, 张富斌 (3872)
水库水深变化对不同浮游微生物群落及网络互作关键种的影响	王洵, 廖琴, 王沛芳, 袁秋生, 胡斌, 邢小蕾, 徐浩森 (3881)
典型工业区地下水细菌群落多样性特征与环境因子响应初探	吴建强, 张书源, 王敏, 陈敏, 叶文娟, 熊丽君, 黄沈发 (3892)
太湖流域肥料施用策略调整对典型作物系统氮磷流失的影响	俞映倬, 王逸之, 杨根, 杨林章, 段婧婧, 韩雪梅, 薛利红 (3902)
基于机器学习的长江流域农田氮径流流失负荷估算	张有福, 潘哲祺, 陈丁江 (3913)
千岛湖地区上梧溪流域地表径流非点源氮污染分类识别	俞珂, 严璇, 唐张轩, 张方方, 何圣嘉, 姜培坤 (3923)
沱江和涪江水系干支流氮磷营养盐的空间分布特征	李子阳, 周明华, 徐鹏, 陈露, 刘祥龙, 林洪羽, 江南, 任兵, 张博文 (3933)
外秦淮河底泥污染及疏浚效果	张沐, 任增谊, 张曼, 赵琼, 尹洪斌 (3945)
新污染物多环芳烃衍生物的来源、分布与光化学行为	葛林科, 王子宇, 曹胜凯, 车晓佳, 朱超, 张蓬, 马宏瑞 (3957)
镉砷在针铁矿界面共吸附的相互作用机制	苏子贤, 刘赛红, 管玉峰, 陶亮 (3970)
环糊精键合 Fe-TAML 催化剂的制备及其活化 H ₂ O ₂ 氧化水中有机微污染物	刘清泉, 蔡本哲, 蔡喜运 (3978)
Co(II) 活化过一硫酸盐降解氨基三甲膦酸的性能及反应机制	朱敬林, 汪舒 (3990)
微塑料诱导下污泥造粒潜能变化及微生物富集特征	谢晴帆, 俞楠, 张妮, 谢周云, 单珂欣, 吴亦馨, 唐力, 夏静芬, 杨国靖 (3997)
中国农田土壤 Cd 累积分布特征及概率风险评价	王静, 魏恒, 潘波 (4006)
渝东南典型地质高背景区土壤重金属来源解析及污染评价	蒋玉莲, 余京, 王锐, 王佳彬, 李瑜, 余飞, 张云逸 (4017)
基于 PMF 模型的农田土壤重金属源暴露风险综合评价:以浙江省某电子垃圾拆解区为例	方嘉, 何影, 黄乃涛, 支裕优, 傅伟军 (4027)
乌鲁木齐市郊农田土壤及农作物中多环芳烃的污染特征及风险评价	范悦, 曹双瑜, 艾力江·努尔拉, 于芸云江·吗米提敏, 阿不都艾尼·阿不里, 谢宣宣, 古丽斯坦·阿不都拉, 刘河疆 (4039)
荒漠绿洲土壤抗生素抗性基因分布特征及驱动机制	黄福义, 周曙仡, 苏建强, 朱永官 (4052)
近 15 年我国土壤抗生素污染特征与生物修复研究进展	赵晓东, 乔青青, 秦宵睿, 李晓晶, 李永涛 (4059)
改性生物炭修复砷镉复合污染土壤研究进展	吕鹏, 李莲芳, 黄晓雅 (4077)
沼液还田对土壤-作物系统重金属累积的影响:Meta 分析	赵奇志, 杨志敏, 孔凡靖, 熊海灵, 朱康文, 陈玉成 (4091)
两种铁改性生物炭对微碱性砷镉污染土壤的修复效果	梁欣冉, 何丹, 郑墨华, 付庆灵, 胡红青, 朱俊 (4100)
秸秆离田对土壤 Cd 生物有效性及水稻 Cd 积累的影响	王子钰, 周航, 周坤华, 谭文韬, 蒋毅, 唐棋, 伍港繁, 辜娇峰, 曾鹏, 廖柏寒 (4109)
秸秆与脱硫石膏配施改良黄河三角洲盐碱地的理化性质	赵惠丽, 于金艺, 刘涛, 王丽, 赵英 (4119)
基于环境 DNA 的复合污染土壤生物评价和胁迫诊断	黄湘云, 钟文军, 刘训杰, 毕婉娟, 钱林皓, 张效伟 (4130)
地质高背景区土壤-玉米重金属综合质量评价	张传华, 王钟书, 刘力, 刘燕 (4142)
浙江省蔬菜生产系统重金属污染生态健康风险	张述敏, 刘翠玲, 杨桂玲, 邓美华 (4151)
生物炭配施磷肥对土壤养分、酶活性及紫花苜蓿养分吸收的影响	刘鑫裕, 王冬梅, 张泽洲, 张鹏, 樊桐桐 (4162)
低密度聚乙烯微塑料对空心菜生长和生理特征的影响	周颖, 蒋文婷, 刘训悦, 朱高荻, 唐荣贵, 章海波, 蔡延江 (4170)
沼液施用对麦茬口期土壤微生物群落结构特征及功能的影响	乔宇颖, 奚辉, 李娜, 陈喜靖, 沈阿林, 喻曼 (4179)
大同铅锌尾矿不同污染程度土壤细菌群落分析及生态功能特征	刘泽勋, 庄家尧, 刘超, 郑康, 陈玲 (4191)
马尾松采伐迹地火烧黑炭对土壤有机碳组分和碳转化酶活性的影响	姚智, 焦鹏宇, 吴晓生, 严强, 刘先, 胡亚林, 王玉哲 (4201)
《环境科学》征订启事(3648) 《环境科学》征稿简则(3659) 信息(3714, 4150, 4178)	

嘉陵江不同干扰断面河道沉积物细菌群落多样性

竹兰萍¹, 张拓^{1,2}, 李佳宁¹, 王佳颖¹, 郑伟亮¹, 徐飞^{1,3*}, 张富斌¹

(1. 西华师范大学环境科学与工程学院, 南充 637002; 2. 中国农业科学院农业环境与可持续发展研究所, 北京 100081; 3. 黑龙江省科学院自然与生态研究所, 哈尔滨 150040)

摘要: 为探究不同人为扰动对自然河流生态环境的影响, 以嘉陵江河道沉积物细菌群落为研究对象, 利用高通量测序技术分析工程干扰、支流干扰、采砂干扰、垦殖干扰和无干扰断面河道沉积物细菌的群落组成和功能变化。结果表明, 嘉陵江不同干扰断面河道沉积物理化性质和细菌群落多样性均具有显著差异 ($P < 0.05$)。无干扰断面细菌群落多样性最高, 同时, 采砂干扰和无干扰断面细菌群落均匀度最高, 而支流干扰和垦殖干扰均导致细菌群落多样性和均匀度降低。工程干扰对细菌群落组成的影响显著区别于其他 4 种干扰断面。细菌优势菌门为变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteriota)、酸杆菌门 (Acidobacteriota) 和绿弯菌门 (Chloroflexi), 优势菌纲为 γ -变形菌纲 (γ -Proteobacteria)、 α -变形菌纲 (α -Proteobacteria) 和 Vicinamibacteria 纲。采砂干扰导致放线菌门增加, 工程干扰促进了酸杆菌门的增加。含水率、有机碳、总氮和总磷是影响沉积物微生物群落变化的主要环境因子。细菌群落主要涉及新陈代谢、遗传信息处理、环境信息处理和细胞过程这 4 类一级代谢功能, 全局及概要图、碳水化合物代谢、氨基酸代谢、辅助因子和维生素的代谢和能量代谢功能等 18 类二级代谢功能。人为干扰导致能量代谢、辅助因子和维生素代谢、核苷酸代谢、复制和修复和翻译等功能发生显著变化 ($P < 0.05$)。综上所述, 人为干扰导致细菌群落多样性和功能发生异变, 破坏了嘉陵江沉积物微生物群落结构的稳定性。

关键词: 嘉陵江; 干扰断面; 沉积物; 细菌群落; 功能预测

中图分类号: X172; X522 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)07-3872-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.202208087

Bacterial Community Diversity in Channel Sediments of Different Disturbance Sections of the Jialing River

ZHU Lan-ping¹, ZHANG Tuo^{1,2}, LI Jia-ning¹, WANG Jia-ying¹, ZHENG Wei-liang¹, XU Fei^{1,3*}, ZHANG Fu-bin¹

(1. College of Environmental Science and Engineering, China West Normal University, Nanchong 637002, China; 2. Institute of Agricultural Environment and Sustainable Development, Chinese Academy of Agriculture Sciences, Beijing 100081, China; 3. Institute of Natural Resources and Ecology, Heilongjiang Academy of Sciences, Harbin 150040, China)

Abstract: In order to explore the impact of different anthropogenic disturbances on the ecological environment of natural rivers, the bacterial community in the channel sediments of the Jialing River was taken as the research object, and the high-throughput sequencing technique was used to analyze the community composition and functional changes of bacteria in the channel sediments of rivers with engineering disturbance, tributary disturbance, sand mining disturbance, reclamation disturbance, and undisturbed section. The results showed that there were significant differences in the physical and chemical properties of channel sediments and bacterial community diversity in different disturbance sections of the Jialing River ($P < 0.05$). The undisturbed section had the highest bacterial community diversity, whereas the sand mining disturbance and undisturbed section had the highest bacterial community uniformity, and tributary disturbance and reclamation disturbance both resulted in a decrease in bacterial community diversity and uniformity. The effect of engineering disturbance on bacterial community composition was significantly different from that of the other four disturbance sections. The dominant bacterial phyla were Proteobacteria, Actinobacteriota, Acidobacteriota, and Chloroflexi, and the dominant bacterial classes were γ -Proteobacteria, α -Proteobacteria, and Vicinamibacteria. Sand mining disturbance led to the increase in Actinobacteria, and engineering disturbance promoted the increase in Acidobacteria. Moisture content, total organic carbon, total nitrogen, and total phosphorus were the main environmental factors affecting the changes in sediment microbial communities. The bacterial communities mainly involved four categories of primary metabolic functions, including metabolism, genetic information processing, environmental information processing, and cellular processes, and 18 categories of secondary metabolic functions, such as global and overview maps, carbohydrate metabolism, amino acid metabolism, cofactor and vitamin metabolism, and energy metabolism. Human interference led to significant changes in energy metabolism, cofactor and vitamin metabolism, nucleotide metabolism, replication and repair, and translation ($P < 0.05$). In conclusion, anthropogenic disturbance led to the mutation of bacterial community diversity and function, which destroyed the stability of the microbial community structure in Jialing River sediments.

Key words: Jialing River; interference section; sediment; bacterial community; functional prediction

沉积物作为水生生态系统氮磷循环的重要场所, 是陆源污染物的“汇”, 同时也是水体各种污染物的“源”和“汇”^[1,2]。沉积物的内部环境相对稳定, 富含多种营养物质, 为微生物提供了良好的生存条件^[3]。细菌作为微生物的主要组成部分, 在河流沉积物中分布广泛, 且种类繁多。其在有机物分解矿化、污染物降解和物质合成等生物地球化学循环中

具有不可替代的作用^[4]。细菌群落多样性不仅可以指示环境污染状况, 还可作为衡量河流生态系统稳

收稿日期: 2022-08-10; 修订日期: 2022-09-17

基金项目: 四川省自然科学基金项目 (2022NSFSC1059); 长江生态环境保护修复联合研究项目 (2022-LHYJ-02-0509-09); 西华师范大学科研基金项目 (19E061)

作者简介: 竹兰萍 (1997 ~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为流域微生物学, E-mail: z1403279028@163.com

* 通信作者, E-mail: 29162038@qq.com

定性的潜在指标^[5,6]. 沉积物中细菌群落结构相对稳定,但对外界环境干扰和空间变化极其敏感^[7],营养物质、重金属和有机碳的输入都能影响沉积物中细菌群落结构和多样性^[8]. 在不同人为干扰断面和强度的影响下,河流沉积物中细菌群落多样性和结构也会随之发生相应的变化. 因此,全面系统地了解沉积物细菌在不同扰动状态下的群落组成和功能变化,对于评估河流生态功能和维持生态系统健康具有重要意义.

嘉陵江作为长江上游重要支流,全长1 345 km,流域面积达16万 km²,在长江众多支流中流域面积最大,为周边居民生存和生态环境保护提供了重要保障^[9]. 随着沿岸城市经济发展和城镇化模式逐渐扩大,生活污染、农业面源污染和工程建设等向河流输入大量的污染物,并改变了河道的生境条件,导致不同河段沉积物理化指标具有显著差异^[2]. 目前,有学者对嘉陵江流域沉积物中抗生素抗性基因的多样性^[10]、重金属和多环芳烃等污染物的分布、来源和生态风险^[11,12]等开展了详细的研究,但涉及人为干扰对嘉陵江河道沉积物细菌群落的研究报道仍然不足. 因此,在长江流域“共抓大保护,不搞大开发”的时代背景下,为了揭示不同人为干扰对嘉陵江流域河流生态系统的影响,本研究在嘉陵江选取不同人为干扰断面设置采样点,以自然河道断面为对照,利用高通量测序技术测定沉积物细菌16S基因,分析不同干扰断面对河道沉积物细菌群落结构和多样性的影响,并揭示细菌群落对沉积物环境因子变化的响应情况,以期丰富嘉陵江流域沉积物细菌群落分布情况和评价流域内生态环境状况提供资料,并为沿岸环境资源的合理利用和开发提供参考依据.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区域位于嘉陵江中下游(105°57'26"~106°23'32"E, 30°28'41"~31°36'57"N),该地区属亚热带季风气候,降雨量集中且强大,多年平均降水量达到了774.8 mm,平均径流量为2 120 m³·s⁻¹^[13]. 沿途接纳支流涉及东河、西河、西充河和构溪河等. 流域内农村人口稠密,近岸众多干扰,主要涉及水利工程、砂石厂、农业活动和生产建设. 由于降雨量大、人口密集和干扰断面复杂多样,资源分配不均,导致水土流失严重,进一步对流域生态环境造成破坏.

1.2 采样点布设与样品采集

在嘉陵江选取4种不同人为干扰下的河道断面设置采样点,并采集河道沉积物样品. 如图1所示,4

种不同干扰断面分别为:①受水利工程(拦河水坝)干扰的河道断面,简称工程干扰(project interference, PI); 2个采样断面分别是港航沙溪航电枢纽和青居电站,其中港航沙溪航电站位于研究区上游位置,河水宽度约708 m,装机容量8.7万 kW,年发电量3.98亿 kW·h; 青居电站位于研究区下游,河水宽度约323 m,装机容量13.6万 kW,年发电量5.46亿 kW·h; ②受污染型支流干扰的河道断面,简称支流干扰(tributary interference, TI), 2个采样断面分别是东河和西河,东河位于研究区上游,全长264 km,流域面积5 210 km²,支流汇入干流位置沿岸存在农田、景区和餐饮等活动,采样点距离排污口较近; 西河位于研究区中游,全长304.7 km,流域面积3 169 km²,支流汇入干流位置存在农田; ③受采砂干扰的河道断面,简称采砂干扰(sand extraction interference, SI); 2个砂石厂分别是汇丰砂石厂和锦辉砂石厂,位于研究区中游,均未在运行状态,采样点处于河流弯曲处,河流流速减慢,泥沙易堆积; ④受农业活动干扰的河道断面,简称垦殖干扰(reclamation interference, RI),位于研究区下游,农业用地规模超过80 hm². 以两岸为天然林的自然河道断面作为对照,被认为是无干扰(CK).

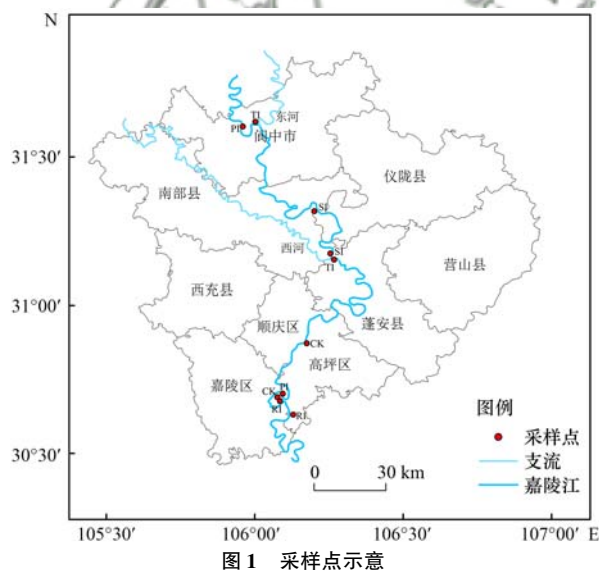


图1 采样点示意

于2021年10月,使用抓斗式采泥器采集干扰断面下游200~3 000 m河道沉积物样品. 每种干扰选取两个样地,每个样地随机采集3份样品,共计30份样品. 将同一样地的3份样品混合后,分成两部分,一部分重约1 kg,置于无菌自封袋中,冷冻干燥、研磨过筛,用于测定理化性质. 另一部分重约100 g,去除表面石块和植物残体后置于装有干冰的保温箱内,待后续测定沉积物细菌DNA. 样地具体信息如表1.

表 1 采样点具体信息
Table 1 Specific information of sampling sites

干扰断面	采样点坐标	干扰信息
工程干扰 (PI)	105°57'36"E, 31°36'10"N; 106°05'41"E, 30°42'07"N	水利工程、电站规模和河流位置
支流干扰 (TI)	106°00'07"E, 31°37'06"N; 106°16'01"E, 31°09'10"N	支流汇入、农业活动、风景区和餐饮公司
采砂干扰 (SI)	106°12'03"E, 31°18'59"N; 106°13'31"E, 31°13'10"N	采砂活动、河流弯曲情况和水生植被
垦殖干扰 (RI)	106°05'06"E, 30°40'37"N; 106°07'46"E, 30°37'52"N	农业活动和放牧活动
无干扰 (CK)	106°10'31"E, 30°52'21"N; 106°04'35"E, 30°41'26"N	无

1.3 沉积物理化指标与磷形态测定

采用电极电位法测定沉积物 pH 和 Eh(水土比为 2.5:1)^[14]; 通过烘干法测定沉积物含水率 (moisture content, MC)^[15]; 灼烧法测定有机碳 (total organic carbon, TOC) 含量^[16]; 总磷 (total phosphorus, TP) 和总氮 (total nitrogen, TN) 采用碱性过硫酸钾联合消解法测定^[17].

1.4 沉积物细菌 DNA 提取与 PCR 扩增

通过 E. Z. N. A.® Soil DNA 试剂盒 (Omega Bio-tek, Norcross, GA, U. S) 对沉积物细菌 DNA 进行提取, 使用紫外分光光度计 (NanoDrop2000) 对 DNA 浓度和纯度进行检测, 以满足下一步检测要求. PCR 扩增选用细菌 16S rRNA 通用引物 (338F/806R), 采用扩增反应为 TransGen AP221-02; TransStart Fastpfu DNA Polymerase, 反应体系 20 μL, PCR 仪为 ABI GeneAmp® 9700 型. 所有样本按照正式实验条件进行, 每个样本 3 个重复. 用 2% 琼脂糖凝胶电泳对 PCR 产物进行检测, 使用 AxyPrep DNA 凝胶回收试剂盒 (Axygen 公司) 对 PCR 产物进行切胶回收, 将各样品等浓度混合. 经过建库检测, 将合格的文库在上海美吉生物医药科技有限公司 Illumina MiSeq 平

台进行高通量测序.

1.5 数据处理与分析

使用 Microsoft Excel 2019 对数据进行初步处理, 通过 Qiime2 (v2020. 2) 软件对数据进行测试, 在相似度为 100% 情况下划分分类单元 ASV. 通过 mothur-1. 30 软件分析细菌群落的多样性指数 (Ace 指数、Chao1 指数、Simpson 指数和 Shannon even 指数). 采用 R 软件绘图, 通过 Bray-Curtis 距离算法对物种进行 PCoA 主坐标分析, 基于 DCA 分析结果进行 RDA 冗余分析. 使用 SPSS 23. 0 软件对数据进行单因素方差分析和 Pearson 相关性分析. 利用 Adobe Illustrator 2019 软件对图片进行修饰.

2 结果与分析

2.1 沉积物理化性质的分布特征

沉积物理化性质如表 2 所示, 沉积物总体呈现出弱碱环境. 不同干扰断面下沉积物 pH 和 Eh 均没有显著差异 ($P > 0. 05$), 支流干扰断面沉积物含水率和无干扰断面持平, 均显著高于工程干扰断面 ($P < 0. 05$). 沉积物有机碳、总氮和总磷含量在支流干扰断面最高, 无干扰断面次之, 采砂干扰断面最低.

表 2 沉积物基本理化性质¹⁾
Table 2 Basic physical and chemical properties of sediments

干扰断面	pH	Eh /mV	ω (MC) /%	ω (TOC) /%	ω (TN) /mg·kg ⁻¹	ω (TP) /mg·kg ⁻¹
PI	9. 11 ± 0. 19a	- 79. 70 ± 10. 89a	26. 90 ± 3. 56b	2. 85 ± 0. 32ab	501. 33 ± 87. 27b	323. 73 ± 56. 49ab
TI	9. 04 ± 0. 10a	- 75. 80 ± 5. 52a	38. 97 ± 1. 12a	4. 54 ± 1. 18a	1 048. 89 ± 339. 45a	425. 55 ± 50. 78a
SI	8. 88 ± 0. 36a	- 66. 60 ± 20. 08a	30. 90 ± 6. 12ab	1. 88 ± 0. 33b	443. 37 ± 212. 29b	191. 91 ± 102. 21b
RI	8. 91 ± 0. 23a	- 68. 65 ± 12. 52a	32. 15 ± 0. 35ab	2. 89 ± 0. 08ab	499. 16 ± 37. 14b	339. 79 ± 14. 69ab
CK	9. 08 ± 0. 16a	- 78. 25 ± 8. 98a	37. 06 ± 0. 82a	4. 00 ± 0. 73a	785. 25 ± 139. 60ab	343. 21 ± 59. 97ab

1) 数据为平均值 ± 标准差, 同列不同小写字母表示不同干扰断面之间差异显著 ($P < 0. 05$), 最大的平均值记为 a, 下同

2.2 沉积物细菌群落多样性

对不同干扰断面的沉积物细菌群落的 α 多样性指数进行比较, 以 Ace 和 Chao1 指数表征群落丰富度, Simpson 指数表征群落多样性, Shannon even 指数表征群落均匀度. 结果如表 3 所示, Ace 指数和 Chao1 指数在所有干扰断面中均没有显著差异 ($P > 0. 05$), 支流干扰断面的 Simpson 指数最高且显著高于无干扰断面 ($P < 0. 05$); 采砂干扰断面的 Shannon even 指数和无干扰断面持平, 均显著高于

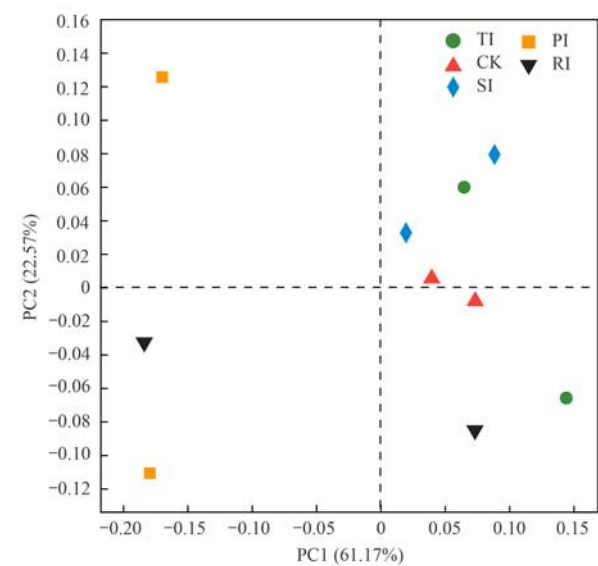
其他 3 种干扰 ($P < 0. 05$), 垦殖干扰断面的 Shannon even 指数最低.

基于 Bray-Curtis 距离对不同干扰断面沉积物细菌群落在门分类水平上进行主坐标分析, 研究不同样本群落组成的相似性和差异性. 如图 2 所示, 第 1 和第 2 主坐标的贡献率分别为 61. 17% 和 22. 57%, 约有 83. 74% 的细菌群落组成变异得到解释. 工程干扰断面和部分垦殖干扰断面沉积物细菌群落主要位于 PC1 的左半轴, 其他干扰断面下沉积物细菌群落主要

位于 PC1 的右半轴. 同时, 两个垦殖干扰和两个工程干扰断面细菌群落组成相似度最高, 同时采砂干扰断面和无干扰断面细菌群落样本点最为接近.

表 3 沉积物细菌群落 α 多样性指数

Table 3 The α diversity index of bacterial community in sediments				
干扰断面	Ace 指数	Chao1 指数	Simpson 指数	Shannon even 指数
PI	1 567.80 ± 278.82a	1 560.86 ± 272.80a	0.001 4 ± 0.000 2ab	0.944 1 ± 0.000 4bc
TI	1 250.72 ± 62.64a	1 249.68 ± 63.60a	0.001 6 ± 0.000 1a	0.947 1 ± 0.002 3b
SI	1 261.35 ± 40.52a	1 260.61 ± 41.57a	0.001 5 ± 0.000 0ab	0.950 2 ± 0.000 9a
RI	1 587.76 ± 56.46a	1 582.49 ± 56.41a	0.001 5 ± 0.000 0ab	0.943 4 ± 0.001 0c
CK	1 497.73 ± 195.00a	1 494.27 ± 195.15a	0.001 2 ± 0.000 1b	0.952 4 ± 0.000 2a



TI: 支流干扰; CK: 无干扰; SI: 采砂干扰;
PI: 工程干扰; RI: 垦殖干扰

图 2 不同干扰断面沉积物细菌群落门分类水平主坐标分析

Fig. 2 Principal coordinate analysis of bacterial community phylum classification level in sediments of different interference sections

2.3 沉积物细菌群落组成与结构分析

通过 Venn 图可直观表现出环境样品中独有的和共有的 ASV 数目. 如图 3 所示, 10 个样本共检测到 ASV 数目 8 751 个, 共有的 ASV 数有 177 个. 工程干扰断面沉积物细菌独有的 ASV 数目最多, 为 1 942 个, 占总数的 22. 19%. 采砂干扰断面和支流干扰断面的细菌独有的 ASV 数目最少, 分别占总数的 10. 90% 和 10. 51%. 5 种干扰断面沉积物细菌 ASV 数目由多到少依次为工程干扰、垦殖干扰、无干扰、采砂干扰和支流干扰.

在 10 个样本中共检测到 62 个门、180 个纲、394 个目、608 个科、1 069 个属和 2 134 个种. 选取在门水平上相对丰度前 8 的菌门进行柱状图分析(图 4). 从图 4 可知, 不同干扰断面主要优势菌门相对丰度占比情况为: 变形菌门 (Proteobacteria, 18. 47% ~ 35. 99%)、放线菌门 (Actinobacteriota, 11. 17% ~ 17. 98%)、酸杆菌门 (Acidobacteriota, 10. 37% ~ 16. 66%) 和 绿 弯 菌 门 (Chloroflexi, 9. 12% ~

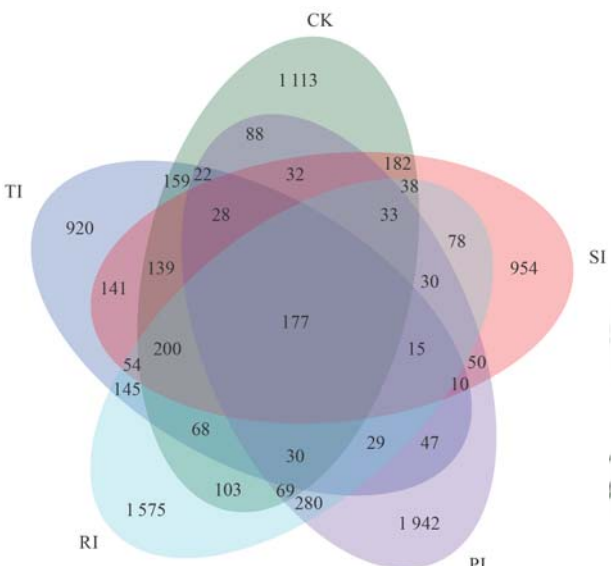


图 3 不同干扰断面沉积物细菌独有的和共有的 ASV 数量的 Venn 图

Fig. 3 Venn diagram of the unique and shared ASV numbers of bacteria in sediments of different interference sections

15. 28%). 变形菌门相对丰度在所有干扰中最高. 放线菌门相对丰度在采砂干扰断面下最高; 酸杆菌门和绿弯菌门相对丰度在工程干扰断面下最高.

选取在纲水平上相对丰度前 8 的菌纲进行柱状

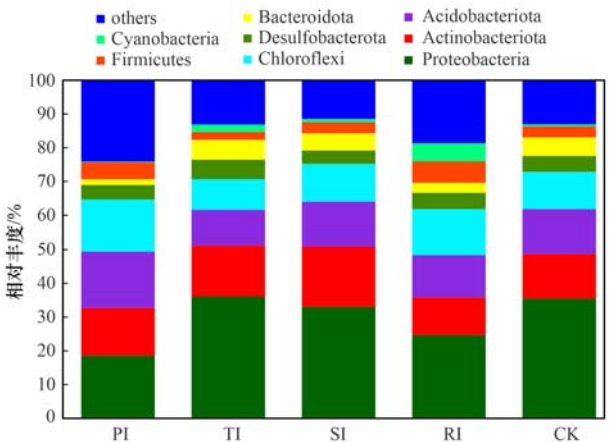


图 4 不同干扰断面沉积物细菌群落在门水平上的组成和相对丰度

Fig. 4 Composition and relative abundance of bacterial communities in sediments of different disturbance sections at phylum level

图分析(图5).从图5可知,不同干扰断面主要优势菌纲占比情况为 γ -变形菌纲(γ -Proteobacteria), 11.29%~20.39%)、 α -变形菌纲(α -Proteobacteria, 7.18%~16.81%)和 Vicinamibacteria 纲(7.37%~11.03%).在工程干扰下, α -变形菌纲相对丰度含量降低,而 Vicinamibacteria 纲相对丰度含量升高.放线菌纲(Actinobacteria)在采砂干扰下相对丰度最高.

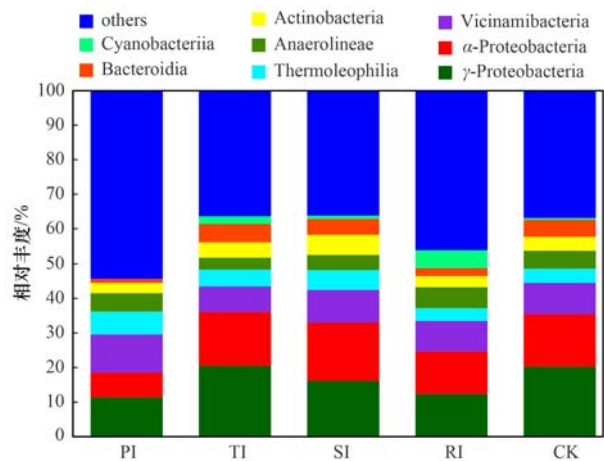


图5 不同干扰断面沉积物细菌群落 在纲水平上的组成和相对丰度

Fig. 5 Composition and relative abundance of bacterial communities in sediments of different interference sections at class level

2.4 沉积物细菌群落功能多样性

利用 PICRUSt 2 软件对沉积物细菌进行功能预测,并基于 KEGG 数据库获得每个样本的功能信息和丰度信息.10 个采样点所划分的 5 种干扰断面获得的一级代谢通路分别为新陈代谢 (metabolism)、遗传信息处理 (genetic information processing)、环境信息处理 (environmental information processing)、细胞过程 (cellular processes)、人类疾病 (human diseases) 和有机系统 (organismal systems).

各样点分析得出 46 类二级代谢通路,其中相对丰度 >1% 的有 18 类(表4).对应的一级功能名称包括新陈代谢(12 类)、遗传信息处理(3 类)、环境信息处理(2 类)和细胞过程(1 类).工程干扰断面沉积物细菌群落的全局及概要图功能,碳水化合物代谢功能,翻译功能,复制和修复功能,核苷酸代谢功能,折叠、分类和降解功能在 5 种断面中的相对丰度均最高.垦殖干扰断面的细菌能量代谢功能丰度最高且显著高于采砂干扰断面 ($P < 0.05$).垦殖干扰断面的辅助因子和维生素的代谢功能相对丰度显著高于无干扰 ($P < 0.05$),而采砂干扰断面辅助因子和维生素的代谢功能相对丰度和无干扰接近.

表4 不同干扰断面沉积物细菌群落的二级功能相对丰度信息

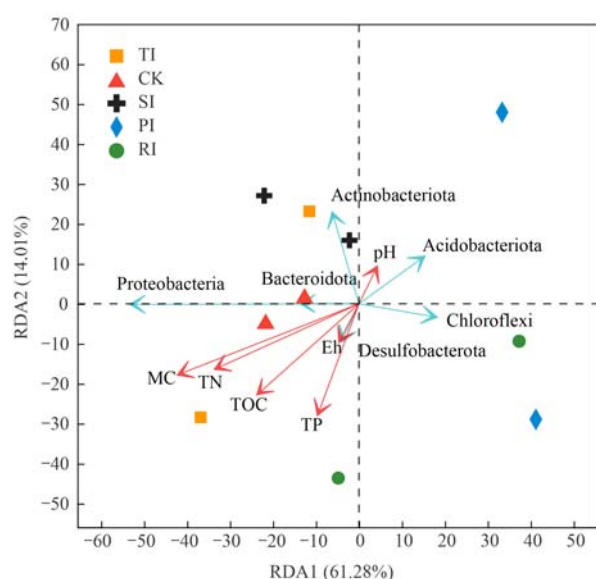
Table 4 Relative abundance information of secondary functions of bacterial communities in sediments of different interference sections

二级功能	PI	TI	SI	RI	CK
全局及概要图	0.409 3 ± 0.001 0a	0.401 7 ± 0.00 24b	0.402 8 ± 0.001 3ab	0.405 5 ± 0.004 7ab	0.402 0 ± 0.001 1b
碳水化合物代谢	0.090 7 ± 0.000 4a	0.087 8 ± 0.001 8a	0.089 3 ± 0.000 3a	0.089 1 ± 0.001 6a	0.088 6 ± 0.000 5a
氨基酸代谢	0.076 7 ± 0.002 5a	0.077 8 ± 0.000 9a	0.078 8 ± 0.000 7a	0.076 7 ± 0.000 5a	0.077 8 ± 0.000 2a
能量代谢	0.047 7 ± 0.001 2ab	0.047 1 ± 0.000 8ab	0.046 5 ± 0.000 3b	0.048 5 ± 0.000 7a	0.046 8 ± 0.000 0ab
辅助因子和维生素的代谢	0.044 0 ± 0.000 2ab	0.043 3 ± 0.000 6bc	0.042 7 ± 0.000 1c	0.044 0 ± 0.000 1a	0.042 9 ± 0.000 1c
翻译	0.033 9 ± 0.001 5a	0.030 0 ± 0.000 8b	0.029 7 ± 0.001 0b	0.031 5 ± 0.002 4ab	0.030 0 ± 0.000 3b
膜运输	0.025 5 ± 0.000 7a	0.027 7 ± 0.001 2a	0.027 9 ± 0.000 6a	0.027 0 ± 0.002 4a	0.027 6 ± 0.000 1a
复制和修复	0.026 4 ± 0.000 8a	0.024 6 ± 0.000 5ab	0.024 5 ± 0.00 05b	0.025 2 ± 0.001 0ab	0.024 6 ± 0.000 1ab
信号传导	0.023 2 ± 0.000 6a	0.024 9 ± 0.001 1a	0.024 4 ± 0.000 0a	0.024 3 ± 0.001 3a	0.025 2 ± 0.000 4a
细胞群落-原核生物	0.023 1 ± 0.000 7a	0.024 1 ± 0.000 9a	0.023 8 ± 0.000 3a	0.023 6 ± 0.000 6a	0.023 9 ± 0.000 1a
核苷酸代谢	0.024 5 ± 0.000 4a	0.023 2 ± 0.000 3b	0.023 3 ± 0.000 3b	0.023 7 ± 0.000 6ab	0.023 3 ± 0.000 2b
脂质代谢	0.020 6 ± 0.000 8b	0.021 6 ± 0.000 1ab	0.021 9 ± 0.000 4a	0.020 9 ± 0.000 1ab	0.021 6 ± 0.000 1ab
外源生物降解与代谢	0.014 4 ± 0.001 7b	0.017 9 ± 0.000 0a	0.018 4 ± 0.000 9a	0.016 0 ± 0.001 8ab	0.018 1 ± 0.000 3a
其它次生代谢产物的生物合成	0.015 5 ± 0.000 2a	0.015 3 ± 0.000 3a	0.015 4 ± 0.000 1a	0.015 5 ± 0.000 5a	0.015 3 ± 0.000 2a
折叠、分类和降解	0.015 4 ± 0.000 3a	0.014 4 ± 0.000 0b	0.014 2 ± 0.000 3b	0.014 9 ± 0.000 6ab	0.014 4 ± 0.000 1b
其他氨基酸代谢	0.013 7 ± 0.000 9a	0.014 9 ± 0.000 1a	0.015 1 ± 0.000 3a	0.014 4 ± 0.000 6a	0.014 9 ± 0.000 1a
聚糖生物合成与代谢	0.013 1 ± 0.000 5a	0.012 3 ± 0.000 3a	0.012 2 ± 0.000 4a	0.012 4 ± 0.000 6a	0.012 4 ± 0.000 1a
萜类和聚酮类化合物的代谢	0.011 1 ± 0.000 1a	0.011 1 ± 0.000 2a	0.011 2 ± 0.000 0a	0.011 0 ± 0.000 1a	0.011 0 ± 0.000 0a

2.5 沉积物理化因子与细菌群落的相关性分析

针对采样点环境因子指标和沉积物细菌群落相对丰度指标,进行 RDA 冗余分析.如图 6 所示,第一轴(RDA 1)与第二轴(RDA 2)环境因子累计解释变异量达到了 75.29%,说明前 2 个排序轴能较好地反映细菌群落结构和环境因子的相关性情况.含水率

对细菌群落结构的影响达到了显著水平 ($P < 0.05$),环境因子对沉积物细菌群落结构的影响大小顺序依次为:含水率、总氮、有机碳、总磷、Eh 和 pH.丰度最大的变形菌门和含水率、总氮、总磷和有机碳呈正相关关系,和 pH 呈负相关关系;放线菌门和酸杆菌门和 pH 呈正相关关系;拟杆菌门和 pH



不同颜色和形状的点表示不同干扰断面沉积物细菌样本组, 其中绿色箭头表示优势菌门, 红色箭头表示环境因子

图6 环境因子与沉积物细菌群落相对丰度的冗余分析

Fig. 6 Redundancy analysis of environmental factors and relative abundance of bacterial communities in sediment

呈负相关关系。

3 讨论

3.1 不同干扰断面沉积物细菌群落多样性的差异分析

α 多样性通过对样本中的统计学数字进行一系列分析,可直观反映物种群落的丰富度和多样性^[18]。通常微生物群落多样性越高,群落结构越稳定,抗外界干扰的能力也越强。嘉陵江作为长江流域重要的生态屏障,其沉积物中的微生物群落多样性对长江水生态系统和全流域的环境质量起着重要的影响作用^[19]。嘉陵江河道近岸干扰断面复杂多样,水利工程的建设使得天然河道的水文状况发生改变,水闸的开放导致泥沙不同程度的堆积。采砂过程选择性挑选泥沙使得大颗粒泥沙减少和小颗粒泥沙增加,导致床沙细化^[20]。沿岸存在城镇和农村,生活废水和农业废水直接排入河流的情况也屡见不鲜。众多干扰断面下沉积物受污染情况不同,导致微生物群落组成和多样性各异。本研究中,自然河道断面沉积物细菌群落多样性最高,同时,采砂干扰和无干扰断面沉积物细菌群落均匀度接近且显著高于其他干扰。李侠等^[21]的研究表明林地植被覆盖度高,凋落物丰富,土壤有机质积累速率大于分解速率,而大量有机质为微生物的生存提供了碳源,促进了微生物的生长繁殖。本研究区域自然河道生境为天然林地,受人为干扰最小,有利于土壤有机质的积累,在降雨径流冲刷作用下进入水体沉积物,从而为沉积

物中微生物的生存提供了丰富的碳源,提高了微生物物种多样性和均匀度。另外,本研究选取采砂厂均已废弃加上采样点位于河流弯曲处,水流速度降低,对沉积物扰动较小,因此,微生物群落不易受到强烈的干扰,细菌群落均匀度较高。通过PCoA主坐标分析得出工程干扰和2个点位之间的细菌群落组成和其他4种干扰断面的细菌群落具有较大差异。这与刘晓丹等^[22]在研究西藏尼洋河沉积物中微生物群落结构特征时得出水电站库区沉积物微生物群落结构和其他点位存在较大差异的结果相一致。拦河水坝因具有一定的拦污、截洪等特点,与其他点位相比,有着独特的水流速度和水文条件,水文条件的不同可能通过改变土壤中的营养物质含量,从而对微生物群落生长和代谢造成影响^[23]。本研究中的拦河水坝根据水量变化不间断进行开闸放水,对周边水文状况的波动较大,在对表层沉积物冲刷的同时也对微生物群落活动造成影响。杨艳芳等^[24]的研究发现,不同河段在干扰类型、水流速度和环境差异等方面各异,导致微生物群落多样性产生差异。工程干扰点位包括港航沙溪航电站和青居电站,水闸开启过程中对下游造成的冲击大于其他干扰断面;港航沙溪航电站位于研究区上游,青居电站位于研究区下游,2个电站规模差异大,加上河流宽度和水流速度不一。在这些环境条件共同作用下,水利工程干扰和其他干扰以及工程干扰2个点位之间河道沉积物细菌群落结构差异性较大。自然河道断面细菌群落组成相似度最高,进一步从侧面反映不同人为扰动和不同点位均会导致沉积物细菌群落组成产生差异。

3.2 不同干扰断面沉积物细菌群落结构特征以及对环境因子的响应分析

沉积物作为河流生态系统的重要组成部分,易受到农业、工业和旅游业等的干扰,导致沉积物中的环境发生变化^[25]。不同微生物对环境的适应能力不同,通过对优势物种进行研究,有助于深入了解微生物群落平衡特点^[26]。本研究发现,沉积物中的优势菌门包括变形菌门、放线菌门、酸杆菌门和绿弯菌门,优势菌纲包括 γ -变形菌纲、 α -变形菌纲和Vicinamibacteria纲,这和大多数研究基本一致^[27~29]。其中,变形菌门在所有干扰断面中相对丰度最高。变形菌是细菌中最大的门类,也是沉积物中具有代表性的群落分支,变形菌中含有较多的固氮细菌,其在脱氮除磷,降解污染物方面发挥重要作用,是水体自净的重要承担者^[22]。同时变形菌纲多为硝化或碳化微生物,这些微生物在碳氮循环和地球化学循环中具有重要作用^[30]。与自然河道断面沉

沉积物细菌群落结构相比,采砂干扰促进了放线菌门的增加,工程干扰促进了酸杆菌门的增加.有研究表明放线菌可分解许多有机物质,同时对重金属有一定的吸附作用,在污水和有机固体废物的处理中具有关键作用^[31,32].采砂过程可能会破坏沉积物原有的化学环境平衡,导致沉积物中的污染物质和微量金属受到扰动而释放^[33].酸杆菌门在新陈代谢过程中可能使沉积物形成酸性环境,加剧沉积物中稳态重金属的活化,进一步破坏水体环境,同时,其也可反映研究区域受污染情况^[28].拦河水坝开放闸门在带来营养物质的同时也会增加污染物质,使得沉积物受污染程度较大.采砂干扰和工程干扰均导致细菌群落结构发生较大变化,导致不同优势菌门相对丰度产生差异.

不同人为干扰下沉积物环境因子的差异对微生物群落结构变化具有重要影响.有研究表明,工业废水、生活污水以及农业径流的氮、磷、重金属和有机污染物显著影响着沉积物微生物群落结构^[34].本研究结果显示,含水率为主要影响细菌群落结构的环境因子,其次,有机碳、总氮和总磷对细菌群落也具有一定的影响.变形菌门与 pH、含水率、总氮、总磷和有机碳均具有相关关系.水分作为微生物代谢过程中必不可少的溶剂,有助于营养物质的溶解并被微生物吸收^[35].张弘杰等^[36]的研究发现,沉积物总氮、总磷和有机碳对沉积物细菌群落结构有显著影响,这与本研究结果相似.有机碳可以为微生物提供较多可利用的碳源,有助于细菌的繁殖生长;氮磷元素作为构成生物体的重要能源,在不同生境下的沉积物中,往往可作为影响细菌群落丰度和多样性最强的环境因子^[37].阴星望等^[38]的研究发现,变形菌门与沉积物 pH、有机质、总氮和总磷均具有显著相关性,这与本研究结果相似.变形菌门在营养条件较丰富的环境下含量较高,常用作评价土壤环境质量的重要指标,间接反映出研究区域工业废水、农田灌溉和生活污水的排放导致沉积物存在污染.

3.3 不同干扰断面沉积物细菌群落功能分析

微生物作为土壤中的重要活性成分,拥有大量高效的基因库,具有分解代谢功能和压力耐受潜能,对外界环境的变化较敏感,常用于指示土壤环境质量的好坏^[39].本研究通过对不同干扰断面沉积物细菌进行 PICRUSt 功能预测,得出 6 类一级代谢通路.其中,新陈代谢功能相对丰度最高,达到了 78%,这与杨浩等^[40]研究的结果相似.新陈代谢功能在细菌群落中丰富的比例说明沉积物中大量具有特定生态功能的微生物在进行着诸多与新陈代谢相关的活

动.二级功能预测中,相对丰度 > 1% 的达到了 18 类,相对丰度占比前 5 位的优势基因功能是全局及概要图、碳水化合物代谢、氨基酸代谢、辅助因子和维生素的代谢和能量代谢.氨基酸是蛋白质的主要成分,在调节离子转运、参与重金属解毒和影响酶的合成和活性等生理过程发挥着重要作用,同时,氨基酸是许多具有重要功能的次生代谢物的前体^[41].碳水化合物是生命细胞结构的主要成分,而碳水化合物代谢可以调节生物体内碳水化合物的合成、分解和转化^[29],该功能代谢旺盛说明微生物的生命活动较活跃.本研究中工程干扰断面细菌碳水化合物代谢功能,翻译功能,复制和修复功能,核苷酸代谢功能,折叠、分类和降解功能高于其余 4 种干扰,表明工程干扰能促进沉积物细菌进行碳水化合物和核苷酸代谢,有利于提高遗传信息的复制、翻译、分类和降解水平.同时,拦河水坝由于其独特的环境条件,在对沉积物进行扰动的同时也累积了大量营养物质,为微生物的生存繁殖提供了场所.能量代谢主要表现为细菌在进行有机物分解和无机物氧化中释放能量并通过底物磷酸化或氧化磷酸化合成 ATP 的过程^[42].垦殖干扰断面细菌能量代谢和辅助因子及维生素的代谢最高,表明农业活动加速了沉积物中有机物的降解和无机盐的转化,促进了水体生态系统的物质循环和能量流动.由于 PICRUSt 功能预测具有一定的局限性,因此在后续的分析中可结合宏基因组测序技术对沉积物细菌群落功能丰度差异进行深入探究.

4 结论

(1) 不同干扰断面沉积物理化性质和细菌群落多样性具有显著差异 ($P < 0.05$),无干扰断面沉积物细菌群落多样性最高,同时采砂干扰和无干扰断面沉积物细菌群落均匀度最高,群落结构最稳定.

(2) 沉积物细菌群落以变形菌门、放线菌门、酸杆菌门和绿弯菌门为主要菌门,以 γ -变形菌纲、 α -变形菌纲和 *Vicinamibacteria* 纲为主要菌纲,采砂干扰导致放线菌门的生长,工程干扰导致酸杆菌门的生长.含水率、有机碳、总氮和总磷是影响细菌群落结构的主要环境因子.

(3) 沉积物细菌群落主要涉及到新陈代谢、遗传信息处理、环境信息处理和细胞过程这 4 个一级代谢功能,二级代谢功能全局及概要图、碳水化合物代谢、氨基酸代谢、辅助因子和维生素的代谢和能量代谢功能表现活跃.人为干扰导致能量代谢、辅助因子和维生素代谢、核苷酸代谢、复制和修复和翻译等功能发生显著改变.

参考文献:

- [1] 王晓丽, 其勒格尔. 黄河内蒙古段表层沉积物细菌多样性及群落结构类型[J]. 生态学报, 2020, **40**(2): 578-589.
Wang X L, Qi L G E. Bacterial diversity and community structure in surface sediments of Yellow River from inner Mongolia section[J]. Acta Ecologica Sinica, 2020, **40**(2): 578-589.
- [2] 于彦, 张平究, 张经纬, 等. 城市河流沉积物微生物量分布和群落结构特征[J]. 环境科学学报, 2020, **40**(2): 585-596.
Yu X Y, Zhang P J, Zhang J W, et al. Characteristics of distribution patterns of microbial biomass and community structures in the sediments from urban river[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2020, **40**(2): 585-596.
- [3] 邹沈娟. 湖北省三座湖泊水体和沉积物微生物群落特征的研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2019.
Zou S J. Study on microbial community characteristics of water and sediments in three lakes of Hubei Province[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2019.
- [4] Yi Y J, Lin C Q, Wang W J, et al. Habitat and seasonal variations in bacterial community structure and diversity in sediments of a Shallow lake[J]. Ecological Indicators, 2021, **120**, doi: 10.1016/j.ecolind.2020.106959.
- [5] Huang H Q, Liu J H, Zhang F H, et al. Characteristics of planktonic and sediment bacterial communities in a heavily polluted urban river[J]. PeerJ, 2021, **9**, doi: 10.7717/peerj.10866.
- [6] Yuan Q S, Wang P F, Wang C, et al. Indicator species and co-occurrence pattern of sediment bacterial community in relation to alkaline copper mine drainage contamination[J]. Ecological Indicators, 2021, **120**, doi: 10.1016/j.ecolind.2020.106884.
- [7] Wang C, Liu S, Wang P F, et al. How sediment bacterial community shifts along the urban river located in mining city[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2021, **28**(31): 42300-42312.
- [8] Zhang L L, Shen L N, Ju Z J, et al. The key environmental influencing factors for the change of sediment bacterial community and antibiotics resistance genes in a long-term polluted lake, China[J]. Ecotoxicology, 2021, **30**(8): 1538-1549.
- [9] 李金阳. 嘉陵江南充段水质监测分析与综合评价[J]. 四川环境, 2014, **33**(4): 77-82.
Li J Y. Monitoring analysis and comprehensive evaluation of the water quality of Jialing River in section of Nanchong[J]. Sichuan Environment, 2014, **33**(4): 77-82.
- [10] 黄丽萍, 刘燕, 何燕, 等. 城市和农村段河流沉积物中抗性基因分布规律比较分析——以嘉陵江支流西河为例[J]. 西华师范大学学报(自然科学版), 2020, **41**(2): 125-133.
Huang L P, Liu Y, He Y, et al. Comparative analysis on the distribution pattern of antibiotic resistance genes in river sediments between rural and urban sections—a case study of Xihe stream of Jialing River[J]. Journal of China West Normal University (Natural Sciences), 2020, **41**(2): 125-133.
- [11] Zhang T, Li L J, Xu F, et al. Assessing the remobilization and fraction of cadmium and lead in sediment of the Jialing River by sequential extraction and diffusive gradients in films (DGT) technique[J]. Chemosphere, 2020, **257**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2020.127181.
- [12] 汤智, 廖海清, 张亮, 等. 成渝经济区河流表层沉积物中多环芳烃的分布、来源及生态风险评价[J]. 环境科学, 2011, **32**(9): 2639-2644.
Tang Z, Liao H Q, Zhang L, et al. Distribution, source and risk assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in river sediment of Cheng-Yu economic zone[J]. Environmental Science, 2011, **32**(9): 2639-2644.
- [13] 黄兴, 朱晓华, 杨艳, 等. 嘉陵江南充段枯水期叶绿素 a 与营养盐的空间分布特征[J]. 环境监测管理与技术, 2021, **33**(3): 41-44, 63.
Huang X, Zhu X H, Yang Y, et al. Spatial distribution of chlorophyll a and nutrients in dry season of Jialing River (Nanchong section)[J]. The Administration and Technique of Environmental Monitoring, 2021, **33**(3): 41-44, 63.
- [14] 温美娟, 杨思存, 王成宝, 等. 深松和秸秆还田对灌耕灰钙土土壤细菌多样性和群落结构的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2023, **40**(2): 423-433.
Wen M J, Yang S C, Wang C B, et al. Effects of subsoiling and the return of straw on soil bacterial diversity and community structure in an irrigated sierozem farmland[J]. Journal of Agricultural Resources and Environment, 2023, **40**(2): 423-433.
- [15] 靳海洋, 闫雅倩, 张德奇, 等. 秸秆还田下不同追氮量对麦田土壤真菌群落结构和生态网络的影响[J]. 环境科学, 2023, **44**(2): 1085-1094.
Jin H Y, Yan Y Q, Zhang D Q, et al. Effects of different topdressing nitrogen rate on soil fungal community structure and ecological network in wheat field under crop residue retention[J]. Environmental Science, 2023, **44**(2): 1085-1094.
- [16] 魏亚南, 张东升, 林青, 等. 3 种水质调控方式下参池沉积物酶活性的比较研究[J]. 水产科学, 2020, **39**(2): 193-199.
Wei Y N, Zhang D S, Lin Q, et al. Effect of three types of water quality control methods on sediment enzyme activity in sea cucumber pond[J]. Fisheries Science, 2020, **39**(2): 193-199.
- [17] 于佳佳, 尹洪斌, 高永年, 等. 太湖流域沉积物营养盐和重金属污染特征研究[J]. 中国环境科学, 2017, **37**(6): 2287-2294.
Yu J J, Yin H B, Gao Y N, et al. Characteristics of nutrient and heavy metals pollution in sediments of Taihu watershed[J]. China Environmental Science, 2017, **37**(6): 2287-2294.
- [18] 李鹏洋, 安启睿, 王新皓, 等. 辽河四平段流域河流沉积物微生物群落多样性和结构分析[J]. 环境科学, 2022, **43**(5): 2586-2594.
Li P Y, An Q R, Wang X H, et al. Analysis on diversity and structure of microbial community in river sediment of Siping section of Liaohe river[J]. Environmental Science, 2022, **43**(5): 2586-2594.
- [19] 薛玉琴, 徐飞, 刘坤和, 等. 面源污染诱导嘉陵江沉积物中细菌群落结构与功能异变[J]. 环境科学, 2022, **43**(5): 2595-2605.
Xue Y Q, Xu F, Liu K H, et al. Non-point source pollution (NPSP) induces structural and functional variation in bacterial communities in sediments of Jialing River[J]. Environmental Science, 2022, **43**(5): 2595-2605.
- [20] 陈坤, 刘超. 人类活动影响下长江上游水沙条件变化趋势[J]. 中国农村水利水电, 2021, (4): 126-131.
Chen K, Liu C. The impact of human activities on the variation of water and sediment conditions in the upper reaches of the Yangtze River[J]. China Rural Water and Hydropower, 2021, (4): 126-131.
- [21] 李侠, 马晓慧, 杜世杰, 等. 不同利用方式土地可培养微生物数量及其垂直分布特征[J]. 江苏农业科学, 2021, **49**(24): 246-250.
Li X, Ma X H, Du S J, et al. Study on quantity and vertical distribution characteristics of soil bacteria, fungi and actinomycetes under different land use patterns[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2021, **49**(24): 246-250.
- [22] 刘晓丹, 黄毅, 王永花, 等. 西藏尼洋河沉积物中微生物群落结构特征分析[J]. 环境科学, 2020, **41**(7): 3249-3256.

- Liu X D, Huang Y, Wang Y H, *et al.* Structural characteristics of microbial communities in the sediments of the Niyang River in Tibet[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(7): 3249-3256.
- [23] 邹锋, 李金前, 韩丽丽, 等. 鄱阳湖湿地土壤微生物活性对年际水文变化的响应[J]. *湖泊科学*, 2019, **31**(2): 551-559.
- Zou F, Li J Q, Han L L, *et al.* Response of soil microbial functional traits to annually hydrological changes in Lake Poyang wetlands[J]. *Journal of Lake Sciences*, 2019, **31**(2): 551-559.
- [24] 杨艳芳, 张秀娟, 于小彦. 巢湖十五里河不同河段沉积物古菌群落结构特征研究[J]. *土壤通报*, 2022, **53**(1): 106-115.
- Yang Y F, Zhang X J, Yu X Y. Characteristics of archaeal community structures in the different river reach sediments in the Shiwuli River, Caohu Lake basin[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2022, **53**(1): 106-115.
- [25] 李森森, 马大龙, 王璐璐, 等. 不同干扰方式下松江湿地沉积物细菌群落结构特征[J]. *应用与环境生物学报*, 2017, **23**(6): 1074-1080.
- Li S S, Ma D L, Wang L L, *et al.* Characteristics of bacterial communities in Songjiang wetland sediments subject to different disturbances[J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2017, **23**(6): 1074-1080.
- [26] 张雪, 陈婷, 牛艳慧, 等. Illumina 高通量测序揭示艾比湖湿地 6 种盐生植物根际土壤真菌群落组成及多样性[J]. *微生物学报*, 2021, **61**(12): 3965-3976.
- Zhang X, Chen T, Niu Y H, *et al.* Research on diversity of fungi community in rhizosphere soil of six halophytes in Ebinur Lake wetland[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2021, **61**(12): 3965-3976.
- [27] 刘坤和, 薛玉琴, 竹兰萍, 等. 嘉陵江滨岸带不同土地利用类型对土壤细菌群落多样性的影响[J]. *环境科学*, 2022, **43**(3): 1620-1629.
- Liu K H, Xue Y Q, Zhu L P, *et al.* Effect of different land use types on the diversity of soil bacterial community in the coastal zone of Jialing River[J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(3): 1620-1629.
- [28] 姚胜勋, 蒙江泉, 陆素芬, 等. 龙江河近岸沉积物细菌群落结构特征及其影响因素[J]. *微生物学通报*, 2022, **49**(7): 2470-2485.
- Yao S X, Meng J Q, Lu S F, *et al.* Characteristics of bacterial community structure in the nearshore sediments of Longjiang River and the environmental impact factors[J]. *Microbiology China*, 2022, **49**(7): 2470-2485.
- [29] 尹霞, 李思琦, 尚天微, 等. 黄河口潮间带沉积物细菌群落结构特征[J]. *生态学报*, 2021, **41**(21): 8496-8506.
- Yin X, Li S Q, Shang T W, *et al.* Characteristics of bacterial community structure in intertidal sediments of the Yellow River estuary[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2021, **41**(21): 8496-8506.
- [30] 谭雪, 董智, 张丽苗, 等. 三峡库区消落带落羽杉人工林土壤细菌群落结构多样性及动态变化[J]. *环境科学*, 2023, **44**(3): 1748-1757.
- Tan X, Dong Z, Zhang L M, *et al.* Structural diversity and its temporal variation of the soil bacterial community under plantations of *Taxodium distichum* in the riparian zone of the Three Gorges reservoir area[J]. *Environmental Science*, 2023, **44**(3): 1748-1757.
- [31] 李炯毅, 李素霞, 刘云霞. 茅尾海沉积物放线菌分布与重金属相关性分析[J]. *绿色科技*, 2018, (10): 45-47.
- Li J Y, Li S X, Liu Y X. Correlation analysis between the distribution of actinomycetes and heavy metals in MaoMei sea sediments[J]. *Journal of Green Science and Technology*, 2018, (10): 45-47.
- [32] 刘幸春, 王洪杰, 王亚利, 等. 府河水体及沉积物细菌群落结构分布特征及其影响因素[J]. *生态毒理学报*, 2021, **16**(5): 120-135.
- Liu X C, Wang H J, Wang Y L, *et al.* Distribution characteristics and influencing factors of bacteria community structure in water and sediments of Fuhe River[J]. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2021, **16**(5): 120-135.
- [33] Xu F, Jia Y T, Wang Y, *et al.* Does sand mining affect the remobilization of copper and zinc in sediments? —A case study of the Jialing River (China) [J]. *Environmental Research*, 2021, **200**, doi: 10.1016/j.envres.2021.111416.
- [34] Zhang M Z, Wu Z J, Sun Q Y, *et al.* The spatial and seasonal variations of bacterial community structure and influencing factors in river sediments[J]. *Journal of Environmental Management*, 2019, **248**, doi: 10.1016/j.jenvman.2019.109293.
- [35] 毛海芳, 何江, 吕昌伟, 等. 沉积物中微生物量与有机碳形态的相关性研究[J]. *农业环境科学学报*, 2010, **29**(12): 2406-2412.
- Mao H F, He J, Lv C W, *et al.* Correlation between microbial biomass and organic carbon forms in the sediments[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2010, **29**(12): 2406-2412.
- [36] 张弘杰, 徐慧敏, 过梓桐, 等. 水产养殖不同物种对水体和沉积物中细菌群落的影响[J]. *生态学报*, 2022, **42**(8): 3254-3266.
- Zhang H J, Xu H M, Guo Z X, *et al.* Effects of different aquacultural species on planktonic and sedimental bacterial communities[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, **42**(8): 3254-3266.
- [37] 刘睿, 周孝德. 水沙环境变化对季节性多沙河流沉积物菌群特征的影响[J]. *中国环境科学*, 2017, **37**(11): 4342-4352.
- Liu R, Zhou X D. Influences of sediment characteristics and overlying water quality on sediment bacterial communities in a seasonal sandy river[J]. *China Environmental Science*, 2017, **37**(11): 4342-4352.
- [38] 阴星望, 田伟, 丁一, 等. 丹江口库区表层沉积物细菌多样性及功能预测分析[J]. *湖泊科学*, 2018, **30**(4): 1052-1063.
- Yin X W, Tian W, Ding Y, *et al.* Composition and predictive functional analysis of bacterial communities in surface sediments of the Danjiangkou reservoir[J]. *Journal of Lake Sciences*, 2018, **30**(4): 1052-1063.
- [39] Wang Z G, Hu Y L, Xu W H, *et al.* Impacts of dimethyl phthalate on the bacterial community and functions in black soils[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2015, **6**, doi: 10.3389/fmicb.2015.00405.
- [40] 杨浩, 张国珍, 杨晓妮, 等. 典型集雨人饮地区窖水微生物群落多样性及差异解析[J]. *环境科学*, 2017, **38**(11): 4733-4746.
- Yang H, Zhang G Z, Yang X N, *et al.* Microbial community diversity and differences in cellar water of typical rainwater harvesting area[J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(11): 4733-4746.
- [41] Huang Y H. Illumina-based analysis of endophytic bacterial diversity of four *Allium* species[J]. *Scientific Reports*, 2019, **9**(1), doi: 10.1038/s41598-019-51707-7.
- [42] 颜彩宾, 赵亚, 胡福初, 等. 槟榔林下间作平托花生土壤细菌群落结构及多样性研究[J]. *中国土壤与肥料*, 2022, (2): 42-53.
- Yan C B, Zhao Y, Hu F C, *et al.* Community structure and diversity of soil bacteria in intercropping *Arachis pintoi* under *Areca Catechu* forest[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2022, (2): 42-53.

CONTENTS

Assessing the Environmental and Health Co-benefits of Accelerated Energy Transition and Industrial Restructuring: A Case Study of the BTHS Region	YANG Xi, SUN Yi-sheng, CHANG Shi-yan, <i>et al.</i> (3627)
Synergistic Paths of Reduced Pollution and Carbon Emissions Based on Different Power Demands in China	XIANG Meng-yu, WANG Shen, LÜ Lian-hong, <i>et al.</i> (3637)
Evaluation Method and Application for Urban Carbon Peaking & Neutrality Performance	ZHANG Bao-liu, BAI Zi-han, ZHANG Nan, <i>et al.</i> (3649)
Revealing Driving Factors of Urban O ₃ Based on Explainable Machine Learning	DONG Jia-qi, HU Dong-mei, YAN Yu-long, <i>et al.</i> (3660)
Sensitivity Analysis of Ozone Formation Using Response Surface Methodology	ZHU Yu-huan, CHEN Bing, ZHANG Ya-ru, <i>et al.</i> (3669)
Analysis of O ₃ Sources in Yulin City in Summer Based on WRF-CMAQ/ISAM Model	WANG Yi-fan, TONG Ji-long, CHEN Yu-xiang, <i>et al.</i> (3676)
Atmospheric Ozone Concentration Prediction in Nanjing Based on LightGBM	ZHU Jia-ying, AN Jun-lin, FENG Yue-zheng, <i>et al.</i> (3685)
Meteorological Formation Mechanisms and Potential Sources of an Ozone Pollution Process in Winter of 2022 in Guangdong Province	LI Ting-yuan, CHEN Jing-yang, GONG Yu, <i>et al.</i> (3695)
Impact of Summer Tropospheric Ozone Radiative Forcing on Meteorology and Air Quality in North China	DU Nan, CHEN Lei, LIAO Hong, <i>et al.</i> (3705)
Identification of Impacts from Meteorology and Local and Transported Photochemical Generation on Ozone Trends in Changsha from 2018 to 2020	YANG Jun, YANG Lei-feng, DING Hua, <i>et al.</i> (3715)
Spatio-temporal Variation and Multi-dimensional Detection of Driving Mechanism of PM _{2.5} Concentration in the Chengdu-Chongqing Urban Agglomeration from 2000 to 2021	XU Yong, GUO Zhen-dong, ZHENG Zhi-wei, <i>et al.</i> (3724)
Estimation of PM _{2.5} Hourly Concentration in Sichuan Province Based on GTWR-XGBoost Model	WU Di, DU Ning, WANG Li, <i>et al.</i> (3738)
Transmission and Growth Characteristics of Severe PM _{2.5} Pollution Events from 2013 to 2021 in Xingtai, Hebei	JIANG Qi, SHENG Li, JIN Yu-chen, <i>et al.</i> (3749)
Chemical Characteristics and Source Apportionment of Organic Aerosols in Urban Shanghai During Cold Season Based on High Time-resolution Measurements of Organic Molecular Markers	ZHU Shu-hui (3760)
Emission Factors of Carbonaceous Aerosol and Stable Carbon Isotope for In-use Vehicles	YU Ming-yuan, WANG Qian, FU Ming-liang, <i>et al.</i> (3771)
Composition Characteristics of Volatile Organic Compounds and Associated Contributions to Secondary Pollution in Shenyang Industrial Area in Summer	GUAN Lu, SU Cong-cong, KU Ying-ying, <i>et al.</i> (3779)
Characteristics of VOCs and Assessment of Emission Reduction Effect During the Epidemic Lockdown Period in Shenzhen Urban Area	YUN Long, LIN Chu-xiong, LI Cheng-liu, <i>et al.</i> (3788)
Characteristics of Organic Matter Composition and Oxidation Potential in Road Dust in Winter in Xi'an	WANG Qing-wen, CHEN Qing-cai, WANG Chao, <i>et al.</i> (3797)
Contamination Characteristics and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Compounds in Surface Dust of Suntuan Mining Area in Huaibei	XU Zhen-peng, QIAN Ya-hui, HONG Xiu-ping, <i>et al.</i> (3809)
Spatial-temporal Variation in Water Quality and Its Response to Precipitation and Land Use in Baiyangdian Lake in the Early Stage of the Construction of Xiong'an New Area	WANG Zi-ming, YANG Li-hu, SONG Xian-fang (3820)
Simulation of Pollution Apportionment and Optimization of Control Methods in Watershed Scale: A Case Study of the Shun'an Watershed in Tongling City	LIU Guo-wangchen, CHEN Lei, LI Jia-qi, <i>et al.</i> (3835)
Evaluation of Shallow Groundwater Quality and Optimization of Monitoring Indicators in Nanchang	ZHENG Zi-yin, CHU Xiao-dong, XU Jin-ying, <i>et al.</i> (3846)
Hydrogen and Oxygen Isotopic Characteristics and Influencing Factors of "Three Waters" in Shandian River Basin	YANG Li-na, JIA De-bin, GAO Rui-zhong, <i>et al.</i> (3855)
Distribution Characteristics and Influencing Factors of Abundant and Rare Planktonic Microeukaryotes in Jinsha River	YAN Bing-cheng, CUI Ge, SUN Sheng-hao, <i>et al.</i> (3864)
Bacterial Community Diversity in Channel Sediments of Different Disturbance Sections of the Jialing River	ZHU Lan-ping, ZHANG Tuo, LI Jia-ning, <i>et al.</i> (3872)
Effects of Reservoir Water Depth on Different Plankton Communities and Keystone Species of Network Interaction	WANG Xun, LIAO Qin, WANG Pei-fang, <i>et al.</i> (3881)
Correlation Between the Diversity Characteristics of Groundwater Bacterial Community and Environmental Factors in Typical Industrial Areas	WU Jian-qiang, ZHANG Shu-yuan, WANG Min, <i>et al.</i> (3892)
Effects of Fertilizer Application Strategy Adjustments on Nitrogen and Phosphorus Loss from Typical Crop Systems in Taihu Lake Region	YU Ying-liang, WANG Yi-zhi, YANG Bei, <i>et al.</i> (3902)
Estimation of Cropland Nitrogen Runoff Loss Loads in the Yangtze River Basin Based on the Machine Learning Approaches	ZHANG Yu-fu, PAN Zhe-qi, CHEN Ding-jiang (3913)
Classification and Identification of Non-point Source Nitrogen Pollution in Surface Flow of the Shangwu River Watershed in the Qiandao Lake Region	YU Ke, YAN Yan, TANG Zhang-xuan, <i>et al.</i> (3923)
Spatial Distribution of Nitrogen and Phosphorus Nutrients in the Main Stream and Typical Tributaries of Tuojiang River and Fujiang River	LI Zi-yang, ZHOU Ming-hua, XU Peng, <i>et al.</i> (3933)
Sediment Pollution and Dredging Effect of Waqinhui River	ZHANG Mu, REN Zeng-yi, ZHANG Man, <i>et al.</i> (3945)
Critical Review on Environmental Occurrence and Photochemical Behavior of Substituted Polycyclic Aromatic Hydrocarbons	GE Lin-ke, WANG Zi-yu, CAO Sheng-kai, <i>et al.</i> (3957)
Cadmium and Arsenic Interactions During Co-adsorption onto Goethite	SU Zi-xian, LIU Sai-hong, GUAN Yu-feng, <i>et al.</i> (3970)
Preparation of Catalyst Cyclodextrin-Fe-TAML to Activate H ₂ O ₂ and Oxidize Organic Micropollutants in Water	LIU Qing-quan, CAI Ben-zhe, CAI Xi-yun (3978)
Performance and Reaction Mechanism of Co(II) Mediated Activation of Peroxymonosulfate for Degrading Nitrilotris (Methylene Phosphonic Acid)	ZHU Jing-lin, WANG Shu (3990)
Change in Granulation Potential and Microbial Enrichment Characteristics of Sludge Induced by Microplastics	XIE Qing-fan, YU Nan, ZHANG Ni, <i>et al.</i> (3997)
Accumulation Characteristics and Probabilistic Risk Assessment of Cd in Agricultural Soils Across China	WANG Jing, WEI Heng, PAN Bo (4006)
Source Analysis and Pollution Assessment of Soil Heavy Metals in Typical Geological High Background Area in Southeastern Chongqing	JIANG Yu-lian, YU Jing, WANG Rui, <i>et al.</i> (4017)
Integrated Analysis on Source-exposure Risk of Heavy Metals in Farmland Soil Based on PMF Model: A Case Study in the E-waste Dismantling Area in Zhejiang Province	FANG Jia, HE Ying, HUANG Nai-tao, <i>et al.</i> (4027)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Farmland Soil and Crops in the Suburbs of Urumqi	FAN Yue, CAO Shuang-yu, Nuerla Ailijiang, <i>et al.</i> (4039)
Distribution and Driving Mechanisms of Antibiotic Resistance Genes in Desert-Oasis Continuum	HUANG Fu-yi, ZHOU Shu-yidan, SU Jian-qiang, <i>et al.</i> (4052)
Characteristics of Antibiotic Contamination of Soil in China in Past Fifteen Years and the Bioremediation Technology: A Review	ZHAO Xiao-dong, QIAO Qing-qing, QIN Xiao-rui, <i>et al.</i> (4059)
Modified Biochar for Remediation of Soil Contaminated with Arsenic and Cadmium: A Review	LÜ Peng, LI Lian-fang, HUANG Xiao-ya (4077)
Effect of Biogas Slurry Return to Field on Heavy Metal Accumulation in Soil-crop System: A Meta-analysis	ZHAO Qi-zhi, YANG Zhi-min, KONG Fan-jing, <i>et al.</i> (4091)
Remediation Effect of Two Iron-modified Biochars on Slightly Alkaline Arsenic and Cadmium Contaminated Soil	LIANG Xin-ran, HE Dan, ZHENG Zhao-hua, <i>et al.</i> (4100)
Effects of Straw Removal Measure on Soil Cd Bioavailability and Rice Cd Accumulation	WANG Zi-yu, ZHOU Hang, ZHOU Kun-hua, <i>et al.</i> (4109)
Application of Desulphurized Gypsum with Straw to Improve Physicochemical Properties of Saline-alkali Land in Yellow River Delta	ZHAO Hui-li, YU Jin-yi, LIU Tao, <i>et al.</i> (4119)
Biological Evaluation and Key Stress Factor Diagnosis of Compound Contaminated Soil Based on Environmental DNA	HUANG Xiang-yun, ZHONG Wen-jun, LIU Xun-jie, <i>et al.</i> (4130)
Comprehensive Quality Assessment of Soil-Maize Heavy Metals in High Geological Background Area	ZHANG Chuan-hua, WANG Zhong-shu, LIU Li, <i>et al.</i> (4142)
Ecological Risk and Health Risk of Heavy Metal Pollution in Vegetable Production System of Zhejiang Province	ZHANG Shu-min, LIU Cui-ling, YANG Gui-ling, <i>et al.</i> (4151)
Effect of Biochar with Phosphorus Fertilizer on Soil Nutrients, Enzyme Activity, and Nutrient Uptake of <i>Alfalfa</i>	LIU Xin-yu, WANG Dong-mei, ZHANG Ze-zhou, <i>et al.</i> (4162)
Effects of Low-density Polyethylene Microplastics on the Growth and Physiology Characteristics of <i>Ipomoea aquatica</i> Forsk	ZHOU Ying, JIANG Wen-ting, LIU Xun-jie, <i>et al.</i> (4170)
Effects of Biogas Slurry Application on Soil Microbial Communities Structure and Function During Wheat-rice Stubble Period	QIAO Yu-ying, XI Hui, LI Na, <i>et al.</i> (4179)
Analysis of Soil Bacterial Community Structure and Ecological Function Characteristics in Different Pollution Levels of Lead-zinc Tailings in Datong	LIU Ze-xun, ZHUANG Jia-yao, LIU Chao, <i>et al.</i> (4191)
Effect of Fire-deposited Charcoal on Soil Organic Carbon Pools and Associated Enzyme Activities in a Recently Harvested <i>Pinus massoniana</i> Plantation Subjected to Broadcast Burning	YAO Zhi, JIAO Peng-yu, WU Xiao-sheng, <i>et al.</i> (4201)