

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心
■ 出版 科学出版社



2020

Vol.41 No.3
第41卷 第3期

目次

长江经济带 PM _{2.5} 分布格局演变及其影响因素	黄小刚, 赵景波, 曹军骥, 辛未冬 (1013)
中国东海近海岛屿冬季与夏季气溶胶中水溶性离子化学组分特征及来源解析	方言, 曹芳, 范美益, 章炎麟 (1025)
阳泉市秋冬季 PM _{2.5} 化学组分及来源分析	王成, 闫雨龙, 谢凯, 李如梅, 徐扬, 彭林 (1036)
泰安市夏季 PM _{2.5} 中正构烷烃和糖类化合物的化学组成及其来源	衣雅男, 侯战方, 杨千才, 刘晓迪, 李政, 孟静静, 燕丽, 魏本杰, 伏梦璇 (1045)
黄山秋季大气颗粒物理化特性	卞逸舒, 银燕, 王红磊, 陈魁 (1056)
北碚区气溶胶光学厚度特征及其与颗粒物浓度的相关性	曾唯, 郝庆菊, 赵仲婧, 熊维霞, 陈俊江, 辛金元, 江长胜 (1067)
淄博市重点工业行业 VOCs 排放特征	王雨燕, 王秀艳, 杜森, 白瑾丰, 杨文 (1078)
鄂州市大气 VOCs 污染特征及来源解析	付昱萌, 杨红刚, 卢民瑜, 曾颜, 邹迎新 (1085)
浙江省汽车整车制造业挥发性有机物产排污系数	滕富华, 杨忠平, 董事壁, 付超, 缪孝平, 顾震宇 (1093)
基于工艺过程的金属包装业 VOCs 污染特征	王迪, 聂磊, 赵文娟, 张玮琦, 党鸿雁, 邵霞, 张新民 (1099)
薪柴和经济作物秸秆燃烧 VOCs 排放特征	牛真真, 孔少飞, 严沁, 郑淑睿, 郑煌, 曾昕, 姚立全, 吴剑, 张颖, 吴方琪, 程溢, 覃思, 刘玺, 燕莹莹, 祁士华 (1107)
精细化工园区工艺过程 VOCs 产生量核算方法	叶茵韵, 田金平, 陈吕军 (1116)
2017 年春季常州 HONO 观测及对大气氧化能力影响的评估	施晓雯, 戈逸峰, 张玉婵, 马嫣, 郑军 (1123)
中国工程机械使用特征及其尾气排放趋势	庞凯莉, 张凯山, 马帅, 王帆 (1132)
京津冀机场群飞机 LTO 大气污染物排放清单	韩博, 孔魏凯, 姚婷玮, 王愚 (1143)
在用汽油和柴油车排放颗粒物的粒径分布特征实测	王瑞宁, 胡馨遥, 任洪娟, 马冬, 徐冲, 赵玺乾, 王孟昊, 徐为标, 安静宇, 黄成 (1151)
参数选取对畜禽养殖业大气氨排放的影响: 以长三角地区为例	张琪, 黄凌, 殷司徒, 王倩, 李红丽, 王杨君, 王军, 陈勇航, 李莉 (1158)
乌海市煤矿区及周边春季降尘污染特征及来源分析	吴红璇, 史常青, 张艳, 赵廷宁, 胡平, 刘韵, 陈童 (1167)
长江中下游地区丰水期河、湖水氢氧同位素组成特征	李静, 吴华武, 周永强, 赵中华, 王晓龙, 蔡永久, 贺斌, 陈雯, 孙伟 (1176)
伊洛河流域河水来源及水化学组成控制因素	刘松韬, 张东, 李玉红, 杨锦媚, 邹霜, 王永涛, 黄兴宇, 张忠义, 杨伟, 贾保军 (1184)
城镇化进程中新疆塔城盆地浅层地下水化学演变特征及成因	吕晓立, 刘景涛, 韩占涛, 周冰, 朱亮, 陈坚 (1197)
基于 Sentinel-2 MSI 影像的河湖系统水体悬浮物空间分异遥感监测: 以安徽省升金湖与连接长江段为例	王行行, 王杰, 崔玉环 (1207)
黄土高原高浑浊水体 CDOM 光学特性及影响因素	梁晓文, 郇田田, 王涛 (1217)
人工强制混合充氧及诱导自然混合对水源水库水质改善效果分析	温成成, 黄廷林, 李楠, 张海涵, 林子深, 李衍庆, 杨尚业, 董亚军 (1227)
滤速与水质对低温含铁锰氨地下水中氨去除的影响	张杰, 梅宁, 刘孟浩, 叶雪松, 李冬 (1236)
太湖梅梁湾浮游动物群落结构长期变化特征 (1997~2017 年)	杨佳, 周健, 秦伯强, 权秋梅, 黎云祥 (1246)
汤旺河水生硅藻群落及其与环境因子的关系	薛浩, 王业耀, 孟凡生, 郑丙辉, 张铃松, 程佩璋 (1256)
盐龙湖水源生态净化系统 FG 和 MBFG 演替特征及水质响应性评价	王莲, 李璇, 马卫星, 邹立航, 赵强强, 丁成, 刘向阳 (1265)
三峡库区石盘丘小流域氮磷输出形态及流失通量	陈仕奇, 龙翼, 严冬春, 高明, 黎嘉成, 徐国鑫, 黄容 (1276)
化肥减量配施生物炭对紫色土坡耕地磷流失的影响	罗东海, 王子芳, 龙翼, 严冬春, 徐国鑫, 李娇, 高明 (1286)
利用铁改性方解石作为活性覆盖材料控制水体内源磷的释放	柏晓云, 林建伟, 詹艳慧, 常明玥, 辛慧敏, 吴俊麟 (1296)
茶渣生物炭制备及其对溶液中四环素的去除特性	范世锁, 刘文浦, 王锦涛, 胡红梅, 杨伊宁, 周娜 (1308)
3 种典型多孔高温改性固废材料对磺胺二甲嘧啶的吸附特性	王静, 朱晓丽, 韩自玉, 胡健, 秦之瑞, 焦文涛 (1319)
新制和老化微塑料对多溴联苯醚的吸附	徐鹏程, 郭健, 马东, 葛蔚, 周震峰, 柴超 (1329)
三峡库区支流汝溪河沉积物重金属空间分布及生态风险	方志青, 王永敏, 王训, 谢德体, 王定勇 (1338)
固城湖及出入湖河道表层水体、沉积物和鱼体中有机氯农药分布及风险评估	阚可聪, 谷孝鸿, 李红敏, 陈辉辉, 毛志刚, 曾庆飞 (1346)
衡水湖沉积物中典型持久性有机污染物污染特征与风险评估	张嘉雯, 魏健, 吕一凡, 段亮, 刘利, 王俭, 孟淑锦 (1357)
北京某污水处理厂及接纳水体中典型有机磷酸酯的污染特征和风险评估	张振飞, 吕佳佩, 裴莹莹, 王春英, 郭昌胜, 徐建 (1368)
基于短程反硝化厌氧氨氧化的低碳源城市污水深度脱氮特性	马斌, 许鑫鑫, 高茂鸿, 委燕, 彭永臻 (1377)
PD-DPR 系统处理城市污水与高硝酸盐废水实现稳定亚硝酸盐积累和磷去除的特性	王秋颖, 于德爽, 赵骥, 王晓霞, 袁梦飞, 巩秀珍, 楚光玉, 何彤晖 (1384)
中试 MBBR 反应器启动 CANON 工艺及其短程硝化	付昆明, 杨宗珏, 廖敏辉, 靳怡然, 张晓航 (1393)
抗生素对耐药型反硝化菌反硝化过程及微生物群落结构的影响	代莎, 李彭, 彭五庆, 刘玉学, 王拯, 何义亮, 亮根祥, 胡双庆 (1401)
多次进水-曝气的好氧颗粒污泥系统实验	张杰, 王玉颖, 李冬, 刘志成, 曹思雨 (1409)
剩余污泥碱性发酵产物对硝化过程及性能的影响	邱圣杰, 刘瑾瑾, 李夕耀, 彭永臻 (1418)
硫酸盐对污泥高级厌氧消化过程中甲基汞迁移转化的影响	何湘琳, 刘吉宝, 阴永光, 谭颖锋, 朱爱玲, 左壮, 高山, 解立平, 魏源送 (1425)
工业城市农田土壤重金属时空变异及来源解析	李艳玲, 卢一富, 陈卫平, 杨阳, 蔡斌 (1432)
耕地土壤重金属健康风险空间分布特征	姬超, 侯大伟, 李发志, 包广静, 邓爱萍, 沈红军, 孙华 (1440)
黄河三角洲盐碱土根际微环境的微生物多样性及理化性质分析	赵娇, 谢慧君, 张建 (1449)
不同土地利用方式对土壤细菌分子生态网络的影响	李冰, 李玉双, 魏建兵, 宋雪英, 史荣久, 侯永侠, 刘△瑶 (1456)
红壤丘陵区土壤有机碳组分对土地利用方式的响应特征	章晓芳, 郑生猛, 夏银行, 胡亚军, 苏以荣, 陈香碧 (1466)
有机肥与无机肥配施对潮土 N ₂ O 排放的影响	孙赫阳, 万忠梅, 刘德燕, 廖霞, 丁维新 (1474)
冬小麦吸收重金属特征及与影响因素的定量关系	王怡雯, 芮玉奎, 李中阳, 苏德纯 (1482)
钙镁磷肥对石灰、海泡石组配修复镉污染稻田土壤的影响	鄢德梅, 郭朝晖, 黄凤莲, 冉洪珍, 张鹏 (1491)
桉树遗态磷灰石材料对铅污染土壤的钝化修复效应	方雅莉, 朱宗强, 赵宁宁, 朱义年, 李超, 张立浩 (1498)
外源亚精胺对 As ⁵⁺ 胁迫下水稻种子萌发和 As 吸收积累的影响	刘书锦, 黄益宗, 保琼莉, 黄永春, 张盛楠, 韩廿, 刘玉荣, 胡红青 (1505)
《环境科学》征订启事 (1024) 《环境科学》征稿简则 (1092) 信息 (1226, 1264, 1417)	

不同土地利用方式对土壤细菌分子生态网络的影响

李冰^{1,2}, 李玉双^{1*}, 魏建兵¹, 宋雪英¹, 史荣久², 侯永侠¹, 刘△瑶¹

(1. 沈阳大学区域污染环境生态修复教育部重点实验室, 沈阳 110044; 2. 中国科学院沈阳应用生态研究所, 沈阳 110016)

摘要: 利用 16S rDNA 基因 Illumina MiSeq 高通量测序技术结合分子生态网络方法, 测定了 4 种利用类型土地中的细菌群落组成, 并分别构建了可视化的细菌网络. 结果表明, 旱田和水田土壤细菌网络的平均路径长度与模块性较小, 而节点数、连接数、平均连通度和聚类系数较高; 4 个细菌网络均以正相关关系占优, 天然林地负相关比例较高; 酸杆菌门、厚壁菌门和变形菌门中的部分菌群在土壤细菌网络中起着重要的连接作用; 4 个细菌网络的部分关键节点所属的菌群相对丰度较低 (<1%), 并非本研究区域的主体细菌; 旱田土壤菌群主要受 TP 显著影响 ($P < 0.05$); 水田土壤菌群主要受黏粒、粉粒和含水量显著影响 ($P < 0.05$); 天然林地和城市绿地土壤菌群主要受 C/N 显著影响 ($P < 0.05$). 以上研究结果表明, 旱田土壤细菌网络规模更大, 物种间关系更加复杂, 不同利用类型土地中的细菌均以协同合作关系为主, 天然林地土壤细菌之间存在更强的竞争作用. 水田和旱田土壤细菌对外界环境因子的扰动更加敏感, 响应迅速, 群落结构更易发生变化; 部分细菌在网络间存在角色转化现象, 低丰度菌群在构建土壤细菌网络中具有重要作用.

关键词: 不同土地利用方式; 土壤细菌群落; 细菌分子生态网络; 细菌相互作用; Illumina MiSeq 高通量测序

中图分类号: X172 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3301(2020)03-1456-10 **DOI:** 10.13227/j.hjxx.201907179

Effects of Different Land Use Typess on the Molecular Ecological Network of Soil Bacteria

LI Bing^{1,2}, LI Yu-shuang^{1*}, WEI Jian-bing¹, SONG Xue-ying¹, SHI Rong-jiu², HOU Yong-xia¹, LIU Si-yao¹

(1. Key Laboratory of Regional Polluted Environment Ecological Restoration, Ministry of Education, Shenyang University, Shenyang 110044, China; 2. Institute of Applied Ecology, Chinese Academy of Sciences, Shenyang 110016, China)

Abstract: The bacterial community composition in four land-use types was determined and the visualized bacterial network was constructed by 16S rDNA Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology and a molecular ecological network method. The results show that Proteobacteria, Acidobacteria, Bacteroidetes, Chloroflexi, Actinobacteria, Planctomycetes, Verrucomicrobia, Cyanobacteria, Gemmatimonadetes, Firmicutes, Nitrospirae, and Chlorobi are the main bacteria in this area. The number of nodes of urban green land, paddy field, and dry field bacteria networks is higher, and that of natural forest land is lower. The number of connections and average connectivity of dry fields are the highest; following are those of urban green land and paddy field, and those of natural forest land are the lowest. The four bacterial networks are dominated by positive correlation, and the ratio of competition relationship is $TL > LD > HT > ST$. The average network path and modularity of the soil bacteria networks of paddy field and dry land are small, while the average connectivity and clustering coefficient are higher. Some flora of Acidobacteria, Firmicutes, and Proteobacteria play an important role in the soil bacterial network in this area. The classification of operational taxonomic units is different among the key nodes of different bacterial molecular ecological networks, and there is almost no overlap. The relative abundance of bacteria of some key nodes in the four bacterial networks is low (<1%), and these are not the main bacteria in this area. The soil microflora in dry land are mainly affected by TP ($P < 0.05$), the soil microflora in paddy field were mainly affected by clay, silt, and water content ($P < 0.05$), and that in natural forest land and urban green land were mainly affected by C/N ($P < 0.05$). The above results show that different land-use patterns lead to changes in soil physical and chemical properties and the interaction between soil bacteria species. The bacterial network of dry land soil is larger and the relationship between species is more complex. The bacteria in different land-use types are mainly cooperative, and the competition is weak. Compared with other land-use types, there is stronger competition between the bacteria in natural forest soil. The soil bacteria in paddy field and dry land are the most sensitive to the external environment, respond more quickly, and the community structure is easier to change. The response of soil bacteria in natural forest land and urban green land is slower, and the disturbance of environmental factors does not affect the whole bacterial ecological network in a short time, and thus the community structure is more stable. Some bacteria have the phenomenon of species role transformation between networks. The abundance and community distribution of microorganisms cannot indicate the strength of their connectivity between network nodes; low-abundance bacteria in soil play an important role in the construction of bacterial networks.

Key words: different land use types; soil bacterial community; bacterial molecular ecological network; bacterial interaction; Illumina MiSeq high-throughput sequencing

收稿日期: 2019-07-21; 修订日期: 2019-10-17

基金项目: 国家自然科学基金青年科学基金项目(21307084); 国家自然科学基金项目(21377139, 41571092, 41771200, 41171399)

作者简介: 李冰(1993~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为有机污染物的土壤污染生态效应, E-mail: 709332593@qq.com

* 通信作者, E-mail: ysls_yu@163.com

伴随着经济的快速发展,我国正经历着大规模的城市化过程.土地利用方式及地表覆被状况不断发生变化,人为扰动强度增加.旱田和水田等农业用地更替为城市绿化用地或天然林地更替为农业用地,意味着作物种植和收获的年周期与相当长的森林周期相互取代^[1].植被类型、植物源养分(凋落物、根系分泌物)的输入以及养分的分解、转化和积累等物质循环过程的差异在很大程度上会对土壤理化性质及生态过程产生影响^[2,3],进一步导致土壤微生物的多样性与特异性分布.

相比土壤质量的相对稳定性,土壤生物学特性则可以更加敏感地表示出土壤内外环境的变化.土壤细菌是土壤微生物的主要组成部分,探究其群落结构及分布特征是了解其生态功能的关键,也是标记土壤质量变化,合理利用土地资源,促进区域土壤生态系统可持续发展的有效切入点^[4].有研究表明,植物残体(凋落物和根系)在造林过程中发生了变化,进而影响土壤生物活性及微生物生物量^[5].蔡进军等^[6]的研究发现,不同土地利用方式对土壤微生物功能多样性变化的影响较大,总体趋势为林地>天然草地>耕地,土壤全氮、有机质、速效磷和速效氮对土壤微生物功能多样性具有显著影响.近年来,高通量测序技术的飞速发展为人们研究土壤中的微生物及其群落结构提供了技术手段,但由于微生物之间存在复杂的相互作用,主要研究内容集中在土壤微生物的多样性水平,微生物在不同分类学水平上的分布特征及其与环境因子的相关性等方面.生态网络分析技术是基于随机矩阵原理来研

究生态系统内作用关系的一种方法,有助于进一步了解微生物种间的交互作用关系、微生物群落结构变化引起的生态系统功能演变及生态系统的稳定性^[7,8].该方法广泛用于土壤、沉积物等环境中微生物分子生态网络的构建,具有良好的降噪能力和稳定性^[9,10].赵慧慧等^[11]通过构建分子生态网络,表明石油污染导致土壤微生物网络的拓扑结构发生变化,负相互作用比例增加,微生物功能群落间的竞争关系加强.胡晓婧等^[12]比较了东北黑土区不同纬度农田土壤的真菌分子生态网络,发现北部地区真菌网络更加复杂且物种之间存在更多竞争关系,南部地区真菌网络更不稳定,易受外界环境扰动.

然而,针对城市扩张区不同利用类型土地中细菌生态网络的互作分析还鲜有报道.沈阳市沈北新区是“国家可持续发展试验区”,近年来城市化发展迅速,大量农业用地转变为城建用地,是我国城市扩张的典型区域.本文以沈阳市沈北新区全境为研究区域,采用16S rDNA 基因 Illumina MiSeq 高通量测序技术结合分子生态网络方法,通过测定土壤细菌群落组成,揭示了不同利用类型土地的细菌组成特征、网络结构以及土壤理化性质对细菌群落结构的影响,以期为深入了解城市化对土壤环境质量的影响提供了理论基础和科学依据.

1 材料与方法

1.1 供试土壤分布及样品采集

采用均匀网格布点法在沈阳市沈北新区全境设置 101 个采样点(图 1),经纬度范围为:

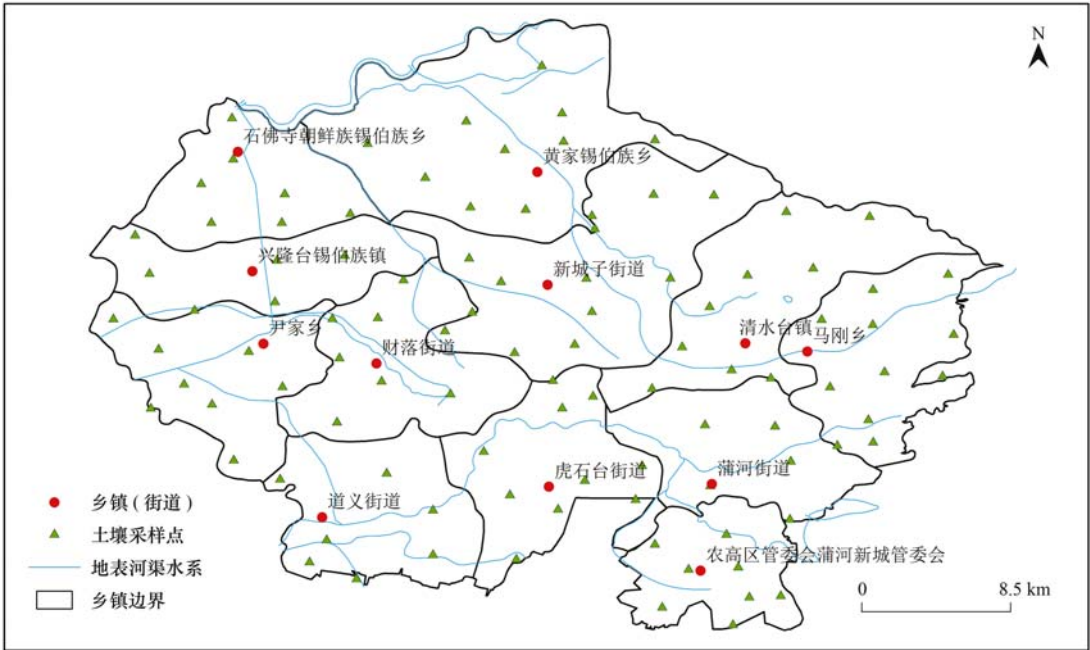


图 1 沈北新区土壤采样点分布示意

Fig. 1 Location of sampling sites in Shenyang North New Area

123°16′44.45″E ~ 123°42′44.27″E, 41°52′47.04″N ~ 42°10′4.33″N. 采样时间为 2015 年 9 月 15 日 ~ 2015 年 10 月 6 日,期间以晴和多云天气为主. 采样点按土地利用类型分为旱田 (HT)、城市绿地 (LD)、天然林地 (TL) 和水田 (ST). 其中,旱田采样点 47 个,种植作物以玉米 (34 个,已收割) 为主、其它为萝卜、胡萝卜、西红柿和黄瓜等蔬菜 (成熟期) 及苜蓿; 城市绿地采样点 17 个,植被种类主要为杨树、山毛桃、火炬树、灌丛、草坪草及杂草; 天然林地采样点 15 个,植被包括油松、榆树、槭树、蒙古栎和杨树; 水田采样点 22 个,种植作物为水稻. 在每个样点设置 200 m × 200 m 的区域,采用梅花布点法采集 5 个位置 (区域内中心点及 4 个顶点) 土壤表层 (0 ~ 20 cm) 的土壤样品,除去动植物残体及石块,混合均匀带回实验室,一部分于 -20℃ 冷冻保存用于土壤细菌高通量测序,另一部分于 4℃ 条件下保存用于土壤理化性质测定.

1.2 土壤理化性质测定

采用激光粒度仪测定土壤机械组成^[13],分别测定土壤组分中 0.01 ~ 2 μm 粒径 (黏粒)、2 ~ 20 μm 粒径 (粉粒) 和 20 ~ 200 μm 粒径 (砂粒) 的含量; 环刀法测定土壤容重; 烘干法测定土壤含水量; 玻璃电极法测定土壤 pH (土: 水 = 1: 2.5); 重铬酸钾-外加热法测定土壤有机质 (TOC) 含量; 重铬酸钾-硫酸消化法测定总氮 (TN); 高氯酸和硫酸-钼锑抗比色法测定总磷 (TP)^[14]. 每个样品 3 次重复.

1.3 高通量测序及分析

选用 Powersoil DNA Isolation Kit (MoBio, USA) 试剂盒提取土壤基因组 DNA, 利用 Nanodrop 2000 (Thermo, UAS) 测定 DNA 浓度及纯度, 通过扩增 (引物序列 515F: 5′-GTGCCAGCMGCCGCGG-3′ 和 909R: 5′-CCCCGYCAATTCMTTTRAGT-3′)、纯化、质控后, 建立 Illumina 测序文库, 采用 Illumina MiSeq 平台进行 Paired-end 250 bp 测序, 测序工作委托中国科学院成都生物研究所完成. 测序结果 (.fastq) 经拼接并去除低质量序列和嵌合体后, 以最少的序列数为标准进行样品序列的重取样. 然后生成 OTU 表 (采用序列相似度阈值 97%), 与细菌 16S rRNA 基因序列数据库 Greengenes 进行比对, 获得各个 OTU 的物种分类信息.

1.4 网络构建及分析

对高通量测序获得的样品的 OTU 数据进行 lg 标准化处理, 在 Molecular Ecological Network Analyses Pipeline (MENA) 网站上传数据后, 构建 Pearson 相关性矩阵, 基于随机矩阵理论 (random matrix theory, RMT) 通过设置合适的阈值, 构建 4 种

利用类型土地的细菌分子生态网络 (pMENs, phylogenetic molecular ecology networks), 获取并下载网络性质参数文件^[9,15]. 利用 Cytoscape 3.7.1 软件对细菌网络进行可视化处理, 得到网络结构.

节点即群落中的物种; 节点之间的连线即物种之间的相互关系, 包括正相关和负相关; 路径长度即两个节点之间的最短距离; 连通度即某个节点与其它节点之间连线的数量; 聚类系数即表示一个节点与其它节点之间连通程度的好坏; 模块性即表征分子生态网络中的模块化特性, 一个生态网络被分成多个模块, 每个模块是生物系统的一个功能单元, 节点的作用由模块间连通度 (P_i) 和模块内连通度 (Z_i) 表征^[12,16].

1.5 统计分析

利用 ArcGIS 10.2 绘制采样点位; 采用 SPSS 19 软件进行样地间土壤理化性质和细菌丰度数据的单因素方差分析, 采用 LSD 进行差异显著性分析; 利用 Origin 8.5 绘制 4 种利用类型土地的细菌网络的拓扑角色分布及关键菌群在门水平上的分布.

2 结果与分析

2.1 不同土地利用类型土壤理化性质

沈北新区不同利用类型土地理化性质如表 1 所示, 除城市绿地土壤 pH 呈中性外, 旱田、天然林地和水田土壤 pH 均呈弱酸性, 其中旱田和天然林地土壤 pH 显著低于水田; 旱田、城市绿地和天然林地含水量相近, 显著低于水田; 水田土壤容重最大, 显著高于旱田和天然林地; 水田土壤黏粒和粉粒含量显著高于其他 3 种土地利用类型, 而砂粒含量最低; 天然林地有机质和总氮含量最高; 旱田土壤总磷含量显著高于天然林地和城市绿地; 旱田土壤的碳氮比 (C/N) 显著低于天然林地和城市绿地的; 天然林地的碳磷比 (C/P) 和氮磷比 (N/P) 显著高于城市绿地, 旱田和水田则显著低于城市绿地.

2.2 细菌在门水平的群落结构及分布特征

如图 2 所示, 沈北新区 4 种不同利用类型土地中共有的优势菌群 (相对丰度 > 5%) 有: 变形菌门 (Proteobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes) 和绿弯菌门 (Chloroflexi), 其中变形菌门在 4 类土壤中的相对丰度均较高 (27.39% ~ 29.60%), 差异不显著; 酸杆菌门在天然林地中的相对丰度 (22.06%) 较高, 在城市绿地 (15.82%) 和旱田 (14.78%) 中次之, 而在水田 (6.36%) 中较低; 拟杆菌门在旱田 (14.96%)、城市绿地 (14.02%) 和水田 (11.25%) 中的相对丰度显著高于天然林地 (6.47%) ($P < 0.05$); 绿弯菌门在水田 (25.76%)

表 1 沈北新区 4 种不同利用类型土地理化性质¹⁾

Table 1 Soil physical and chemical properties offour utilization types of land in Shenyang North New Area						
类型	pH	含水量/%	容重/ $\text{g}\cdot\text{cm}^{-3}$	黏粒/%	粉粒/%	砂粒/%
TL	5.48 ± 0.92c	14.12 ± 7.16b	1.32 ± 0.18c	1.20 ± 0.53c	7.95 ± 2.04b	90.73 ± 2.54a
LD	7.03 ± 0.51a	17.29 ± 3.59b	1.48 ± 0.14ab	1.43 ± 0.31bc	7.86 ± 1.65b	90.85 ± 1.92a
ST	6.27 ± 0.71b	35.01 ± 10.35a	1.54 ± 0.13a	2.06 ± 0.46a	11.87 ± 2.90a	85.94 ± 3.09b
HT	5.58 ± 0.92c	18.35 ± 7.44b	1.44 ± 0.14b	1.65 ± 0.33b	8.67 ± 1.37b	89.69 ± 1.67a
类型	TOC/ $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	TN/ $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	TP/ $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	C/N	C/P	N/P
TL	47.77 ± 17.98a	2.23 ± 0.76a	0.22 ± 0.09bc	21.31 ± 3.41a	263.00 ± 162.61a	11.91 ± 6.14a
LD	28.46 ± 9.39b	1.36 ± 0.41b	0.15 ± 0.07c	21.08 ± 3.04a	204.04 ± 77.86b	9.62 ± 2.90b
ST	29.00 ± 5.56b	1.44 ± 0.25b	0.26 ± 0.05ab	20.20 ± 1.80ab	115.29 ± 29.92c	5.68 ± 1.27c
HT	25.30 ± 10.34b	1.34 ± 0.44b	0.30 ± 0.16a	18.84 ± 2.90b	94.45 ± 37.50c	4.97 ± 1.65c

1) 不同小写字母表示差异性显著 ($P < 0.05$)

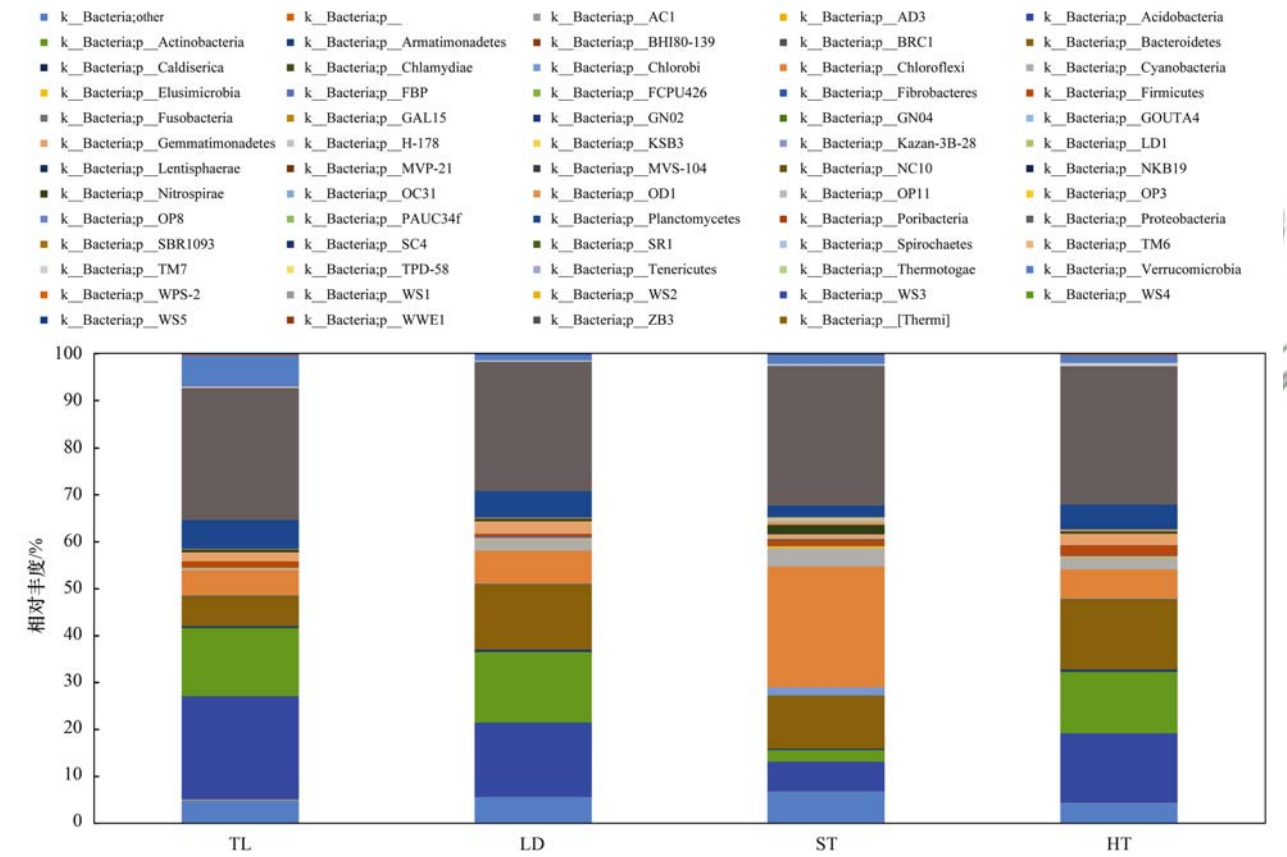


图 2 土壤细菌在门水平上的群落结构及分布情况

Fig. 2 Bacterial community structure and distribution of the soil samples at phylum level

中的相对丰度显著高于城市绿地(6.92%)、旱田(6.18%)和天然林地(5.29%) ($P < 0.05$). 放线菌门(Actinobacteria 13.06% ~ 15.07%)和浮霉菌门(Planctomycetes 5.30% ~ 6.20%)是天然林地、城市绿地和旱田中的优势微生物;疣微菌门(Verrucomicrobia)是天然林地中(6.59%)的优势微生物. 另外,土壤中部分菌群的相对丰度小于5%而大于1%,也属于主要菌群;蓝藻菌门(Cyanobacteria)在天然林地、水田和旱田中占优势(2.46% ~ 3.92%);芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)在天然林地、城市绿地和旱田中占优势(1.91% ~ 2.68%);厚

壁菌门(Firmicutes)在天然林地、水田和旱地中占优势(1.21% ~ 2.13%);硝化螺旋菌门(Nitrospirae 1.87%)和绿菌门(Chlorobi 1.70%)在水田中占优势,显著高于其他3种利用类型土壤($P < 0.05$). 上述优势菌群和主要菌群在4类土壤中的相对丰度之和达到了土壤细菌总相对丰度的89.22% ~ 93.20%,是本研究区域土壤细菌的主体.

2.3 细菌分子生态网络特征分析

分别基于4种利用类型土地中细菌的测序结果构建分子生态网络(图3),网络特征参数见表2,4个网络的节点连通度分布均符合幂定律(Power

Law), 阈值自动被确定为 0.96、0.87、0.89 和 0.71, R^2 分别为 0.88、0.92、0.91 和 0.89, 且平均路径长度、平均聚集系数和模块性均大于随机网络的相应数值, 说明本文构建的细菌分子生态网络复合无标度、小世界、模块化等基本网络特征, 可用于进一步分析^[7].

在分子生态网络中, 节点代表群落中的物种, 连接代表物种之间的关系^[17,18]. 网络节点数、连接数及平均连通度用来指示网络的规模和复杂程度, 平均连通度越大表明网络节点之间具有更为复杂的联系^[8]. 城市绿地、水田和旱田的节点数较高, 天然林地的节点数最低, 其中旱田的连接数和平均连通度最高, 城市绿地和水田次之, 天然林地最低, 表明旱田土壤细菌网络规模更大, 物种间关系更加复杂. 网络中物种间的相互关系可描述为正相关和负相关,

正相关表示物种的生态位相同或具有共生关系, 负相关代表着竞争或捕食关系^[19]. 本研究构建的 4 个网络均以正相关关系占优, 表明了不同利用类型土地中的细菌之间均以协同合作关系为主, 竞争关系较弱, 竞争关系比例大小为 TL > LD > HT > ST, 相比其它利用类型土地, 天然林地土壤细菌之间存在更强的竞争作用.

网络平均路径越短意味着物种间传递物质、能量和信息的效率越高^[9]. 在本研究所构建的 4 个细菌分子生态网络中, 水田和旱田的平均网络路径和模块性较小, 而平均连通度和聚类系数较高, 表明其土壤细菌对外界环境最敏感, 响应迅速, 群落结构更易发生变化; 天然林地和城市绿地土壤细菌响应速度较慢, 环境因子的扰动并不会在短时间内影响整个细菌生态网络, 群落结构更加稳定.

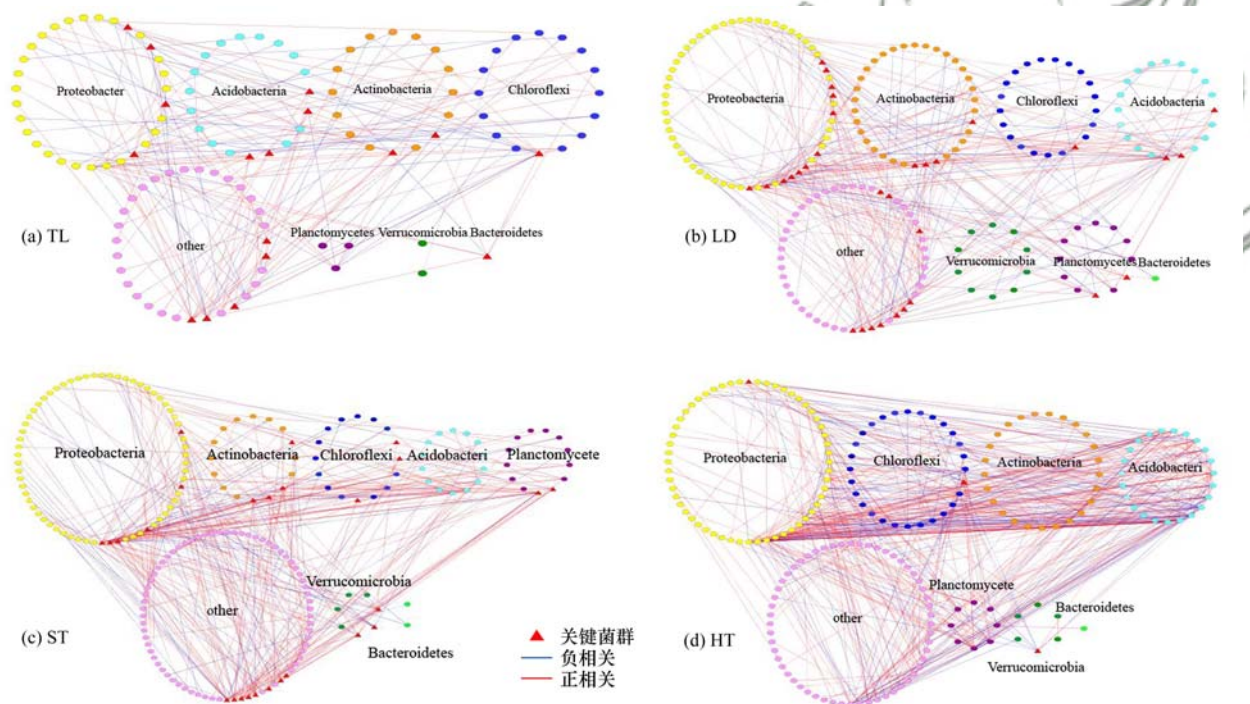


图 3 沈北新区 4 类土壤样品中细菌菌群间的网络相互作用

Fig. 3 Network interaction of bacterial flora in four soil samples in Shenyang North New Area

表 2 细菌分子生态网络特征参数

Table 2 Characteristic parameters of the molecular ecological network of soil bacteria

类型	分子生态网络										随机网络		
	阈值	节点数	连接数	R^2	平均连通度	平均路径长度	平均聚类系数	负相关比例/%	模块数	模块性	平均路径长度	平均聚集系数	模块性
TL	0.96	119	169	0.88	2.84	4.04	0.07	37.28	15	0.60	4.02	0.03	0.58
LD	0.87	206	322	0.92	3.13	4.10	0.08	31.99	18	0.61	4.00	0.02	0.56
ST	0.89	206	343	0.91	3.33	3.90	0.08	24.20	17	0.57	3.78	0.04	0.54
HT	0.71	203	585	0.89	5.76	3.84	0.25	30.09	26	0.44	3.12	0.09	0.35

2.4 细菌分子生态网络关键节点特征分析

在细菌分子生态网络中, 可以利用节点的模块内连通度 (Z_i) 和模块间连通度 (P_i) 确定关键物种,

分析土地利用方式对不同节点的拓扑学性质的影响 (图 4), 进一步揭示细菌在分子生态网络中的连接作用^[8].

网络节点包括: ①外围节点 ($Z_i \leq 2.5, P_i \leq 0.62$), 主要与模块内的节点相连, 连接数很少; ②模块枢纽 ($Z_i > 2.5, P_i \leq 0.62$), 与模块内的节点高度连接; ③连接器 ($Z_i \leq 2.5, P_i > 0.62$), 与其它模块高度相连; ④网络枢纽 ($Z_i > 2.5, P_i > 0.62$), 兼具模块枢纽和连接器的作用^[9]. 一般将 $Z_i \geq 2.5$

或 $P_i \geq 0.62$ 的节点定为关键节点, 在各自的模块内和模块间与其他节点的连接中具有重要作用^[15].

本研究所构建的 4 个分子生态网络中, 共有节点 500 个 (不含重复), 大部分节点 (84.47% ~ 98.52%) 是外围节点 (图 4), 只有 37.6% 的节点出现在 2 个及以上的网络中 (图 5), 说明不同分子生

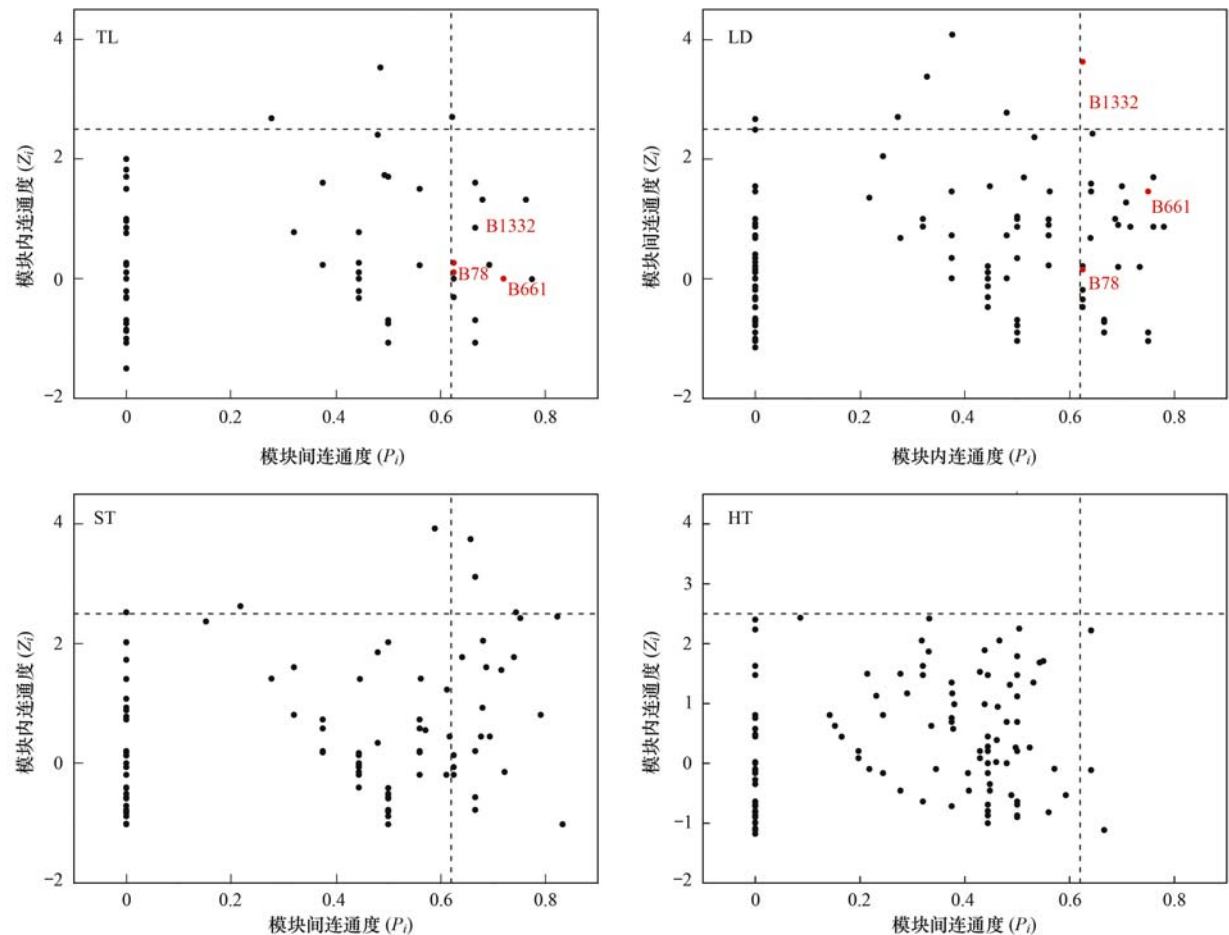


图 4 4 类样地土壤细菌网络的拓扑角色分布
Fig. 4 Topological role distribution map of bacterial networks in four types of soil

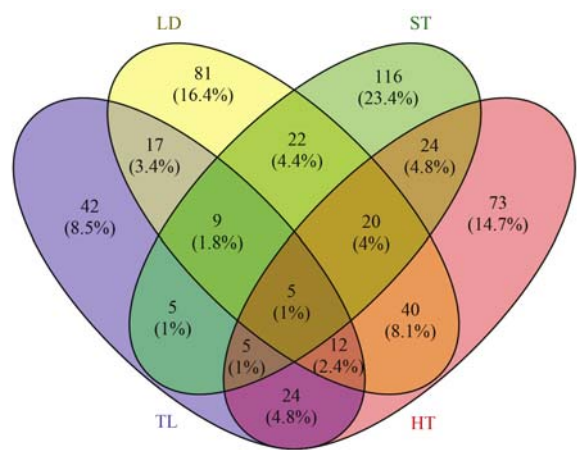


图 5 节点分布韦恩图
Fig. 5 Node distribution Venn diagram

态网络的节点组成的差异性较高. 天然林地共有 18 个关键节点, 其中有 1 个网络枢纽、2 个模块枢纽和

15 个连接器; 城市绿地共有 32 个关键节点包括 1 个网络枢纽、5 个模块枢纽和 26 个连接器; 水田共有 26 个关键节点包括 3 个网络枢纽、4 个模块枢纽和 19 个连接器; 旱田共有 3 个关键节点均为连接器. 在所识别的关键节点中, 仅有 3 个 OTU 作为关键节点分别在天然林地和城市绿地网络间重复出现, 分别为 B78 (*p*_Acidobacteria; *c*_iii1-8)、B661 (*p*_Firmicutes; *g*_Alicyclobacillus) 和 B1332 (*p*_Proteobacteria; *g*_Legionella), 显示出酸杆菌门、厚壁菌门和变形菌门中的部分菌群在本研究区域的土壤细菌网络中起着重要的连接作用, 其中 B1332 OTU 在 2 个网络中出现的位置不同, 说明该类细菌在不同利用类型土地中发挥的连接作用具有差异, 而 B78 OTU 和 B661 OTU 在天然林地和城市绿地土壤细菌网络中发挥着相似的作用. 不同细菌分子生

态网络间的关键节点 OTU 所属分类不同,模块枢纽 OTU、网络枢纽 OTU 和连接器 OTU 几乎没有重叠,表明不同土地利用方式导致细菌种间的交互作用发生转变,存在物种角色转化现象^[11]。

根据 4 种不同利用类型土地中的关键菌群在门水平上的分布情况(图 6),天然林地土壤中的关键菌群分别属于 9 个菌门,变形菌门和酸杆菌门所占比例最大,均达到 23.53%;城市绿地土壤中的关键菌群分别属于 10 个菌门,以变形菌门和放线菌门为

主,特有的菌门为蓝藻菌门和 Elusimicrobia;水田土壤含有 11 个门的关键菌群,主要包括变形菌门、放线菌门、疣微菌门和绿弯菌门,特有的菌门较多,分别为 Chlamydiae、GN02、硝化螺旋菌门和疣微菌门;旱田土壤中的关键菌群仅属于 3 个菌门,分别为绿弯菌门、变形菌门和 WPS-2,各菌门所占比例一致,特有的菌门为 WPS-2。其中,Armatimonadetes、Elusimicrobia、Chlamydiae、GN02 和 WPS-2 均不属于本研究区域的主体菌门。

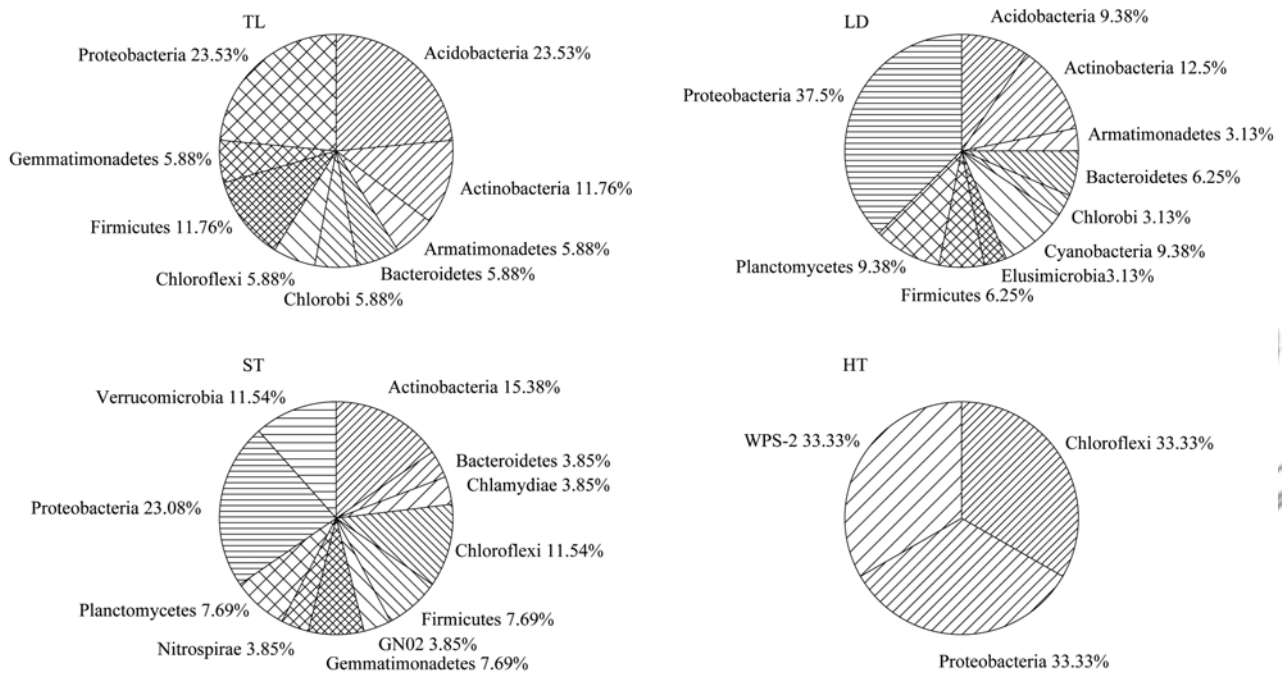


图 6 关键菌群在门水平上的分布情况

Fig. 6 Distribution of key flora at phylum level

2.5 环境因子对细菌群落结构的影响

基于 RDA 分析对土壤理化性质与细菌群落进行解析(图 7),环境因子对细菌群落的总解释量为 39.4%,轴一和轴二的解释量分别为 31.40% 和 3.34%,旱田土壤菌群主要受 TP 影响;水田土壤菌群主要受黏粒、粉粒和含水量的影响;天然林地和城市绿地土壤菌群主要受 N/P、C/P、TOC、TN 和 C/N 的影响。其中,含水量 (20.6%, $F = 25.6$, $P < 0.01$)、粉粒 (7.3%, $F = 9.9$, $P < 0.01$)、黏粒 (2.7%, $F = 3.8$, $P < 0.01$)、TP (2.2%, $F = 3.2$, $P < 0.01$) 和 C/N (1.5%, $F = 2.1$, $P < 0.05$) 对细菌群落结构影响显著,而 N/P、C/P、TN 和 TOC 的作用不显著。

3 讨论

土壤细菌是土壤生态系统的主要组成部分,其群落结构及分布情况在一定程度上反映了土壤环境的质量状况。在自然环境中,物种通过形成复杂的网

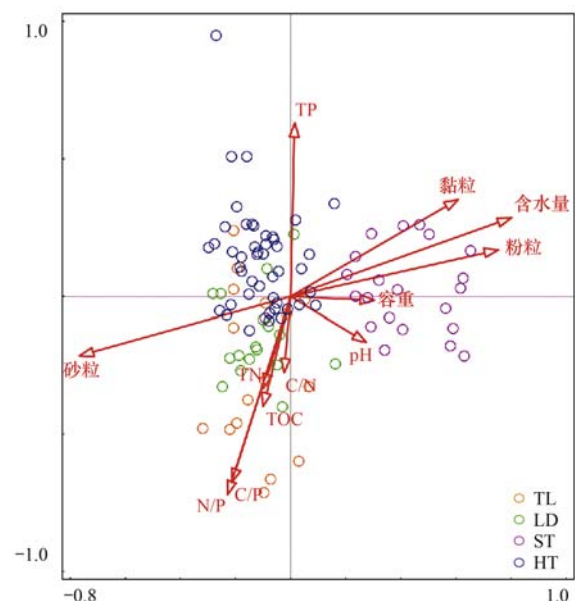


图 7 不同土地利用类型土壤整体细菌群落与土壤理化性质的 RDA 分析

Fig. 7 RDA analysis of soil bacterial community and soil physical and chemical properties in different land-use types

络系统在物质循环、能量流动、环境污染指示和净化过程中发挥着重要作用^[20,21]. 本文通过构建细菌分子生态网络,在可视化水平上揭示了不同利用类型土地中的细菌的网络结构. 网络节点的拓扑学特征分析表明,不同利用类型土地中的细菌交互模式有差异,在整体网络中起着关键作用的 OTU(如模块枢纽 OTU、网络枢纽 OTU 和连接器 OTU)在各利用类型土地中的丰富度和多样性也不相同.

水田和旱田的节点数、连接数和平均连通度高于天然林地和城市绿地,表明其土壤中的细菌网络规模更大,物种间关系更为复杂. 城市化过程中,不同利用方式的土地由于管理措施和覆被状况的差异可能导致土壤理化性质发生变化,进而影响土壤中的细菌群落结构的独特性和多样性. 微生物量、群落结构与功能的演变与土壤 C、N 和 P 元素的含量息息相关,且其中一个元素可能限制微生物对其它元素的吸收利用^[8]. 本研究中,旱田土壤中的 TP 含量较高,与北方旱地作物需磷较多而导致的人类长期的施肥活动相关,从而影响了细菌的群落结构^[22]. 土壤碳、氮含量的变化受到有机物输入量的影响^[23,24]. 土壤覆被状况不同会导致土壤细菌群落结构发生变化. 地上植物多样性的变化能够通过改变凋落物和根系分泌物直接或间接地促进或抑制土壤微生物的生长,刺激土壤微生物群落间的物种特异性转变^[25,26]. 相比水田和旱田,天然林地和城市绿地植被的物种多样性和群落结构较为复杂,具有更高的凋落物量、根系生物量及根系分泌物量,从而促进了碳和氮的积累,为土壤微生物提供了丰富的养分,有利于维持其群落的结构和功能. 有研究表明,林地、草地和农田有机物的输入量分别为 242.5、28.0 和 20.1 t·hm⁻²,且不同土层中 SOC 和 TN 的高低与根系生物量的分布基本一致^[27,28]. 此外,林地和草地土壤 C/N 高于农田,也与有机物的性质及碳和氮元素的累积速度有关^[29]. 林地和草地根系的木质素含量要高于农作物. 同时, SOC 的累积速率快于 TN,土壤 C/N 随时间升高^[30,31]. 而农田系统是向外输出能量的系统,尤其是旱田土壤频繁的干湿交替促进了土壤有机碳的分解,导致 C/N 表现出降低的趋势^[32,33]. 土壤含水量对土壤细菌群落结构的多样性有重要影响^[34]. 稻田淹水能增加土壤微生物对底物的利用能力,加快土壤碳素的周转速度,促进微生物生长^[35]. 耕作活动有利于促进水和肥相协调,也是提高农业用地土壤复杂化的重要因素.

在 4 种不同利用类型土地的细菌网络结构中并未发现共有节点,仅天然林地和城市绿地之间存在 3 个共有节点,进一步说明 4 类样地土壤细菌网络

之间存在很大的差异. 另外,水田和旱田土壤的平均网络路径和模块性较小而平均连通度和聚类系数较大,表明其土壤细菌的敏感性强,当外界环境发生变化时,环境因子的扰动会在短时间内影响整个细菌生态网络,网络结构的不稳定性增加^[36];而天然林地和城市绿地土壤细菌的响应速度较慢,群落结构更加稳定.

4 种利用类型土地的细菌群落中,变形菌门的相对丰度最高,细菌网络中也发现该菌门是唯一 4 类土样所共有的占关键节点最多的物种,说明变形菌门是土壤中普遍存在的重要细菌. 这可能与本研究区域土壤有机质含量较高有关,也可能由于采样期为作物成熟期、凋落物较多. 有研究表明,土壤养分如有机碳含量的差异是驱动土壤微生物生物地理分布的重要因素^[37]. 通常认为 α -Proteobacteria、 γ -Proteobacteria、Bacteroidetes 和 Firmicutes 是富营养型细菌,在含碳量丰富的环境中具有较高的生长速率^[38,39]. 相比其他 3 类土壤,旱田土壤有机质含量较低,且其关键节点中不含拟杆菌门和厚壁菌门,与上述研究结论相一致. 细菌在土壤中的分布也和细菌的生态幅有关^[40]. 物种的生态幅越宽,受环境因素的影响越小,其占有的资源和分布范围更广泛且多度更高^[41]. 然而,微生物的丰度及群落分布情况无法表示它们在网络节点间起到的连接作用的强弱^[11],本研究中酸杆菌门和拟杆菌门的相对丰度在水田(11.25%、6.36%)和旱田(14.78%、15.00%)土壤中较高,但这 2 个菌门的菌群在土壤细菌网络结构的关键节点中均未出现,说明水田和旱田土壤中的酸杆菌门和拟杆菌门菌群与其它菌群的连接关系较弱. 城市绿地土壤中的绿弯菌门(6.92%)和天然林地土壤中的浮霉菌门(6.20%)及疣微菌门(6.59%)也同样属于高丰度的非关键菌群. 另外,在 4 类样地土壤中,细菌网络的部分关键节点所属的菌群相对丰度较低(<1%),并非本研究区域的主体细菌,表明土壤中低丰度细菌在构建细菌网络中具有重要的作用. 探明这些低丰度菌群在土壤物质循环和能量流动中的作用以及是否可以将其中某些菌群视作土壤生态环境质量变化的指示菌群还需要在未来综合同位素示踪、高通量测序等技术在分子水平上进一步探究.

4 结论

旱田土壤菌群主要受 TP 显著影响;水田土壤菌群主要受黏粒、粉粒和含水量显著影响;天然林地和城市绿地土壤菌群主要受 C/N 显著影响. 不同利用类型土地中的细菌均以协同合作关系为主. 其

中,旱田土壤细菌网络规模更大,物种间关系更加复杂;天然林地土壤细菌之间存在更强的竞争作用.酸杆菌门、厚壁菌门和变形菌门中的部分菌群在本研究区域的土壤细菌网络中起着重要的连接作用.土地利用方式不同导致土壤细菌种间的交互作用发生转变,低丰度细菌在构建细菌网络中也具有关键作用.就农业用地而言,若将旱田或水田转变为城市绿地,土壤细菌受环境干扰的响应速度减慢,群落稳定性和抗干扰能力增强;而将天然林地转变为农业用地后,土壤细菌对环境因子波动的敏感性增加,更易受到影响.

参考文献:

- [1] Ren C J, Kang D, Wu J P, *et al.* Temporal variation in soil enzyme activities after afforestation in the Loess Plateau, China [J]. *Geoderma*, 2016, **282**: 103-111.
- [2] Deng L, Liu G B, Shangguan Z P. Land-use conversion and changing soil carbon stocks in China's 'grain-for-green' program: a synthesis [J]. *Global Change Biology*, 2014, **20** (11): 3544-3556.
- [3] Burns R G, DeForest J L, Marxsen J, *et al.* Soil enzymes in a changing environment: current knowledge and future directions [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, **58**: 216-234.
- [4] 杨浩, 张国珍, 杨晓妮, 等. 16S rRNA 高通量测序研究集雨窖水中微生物群落结构及多样性[J]. *环境科学*, 2017, **38** (4): 1704-1716.
Yang H, Zhang G Z, Yang X N, *et al.* Microbial community structure and diversity in cellar water by 16S rRNA high-throughput sequencing [J]. *Environmental Science*, 2017, **38** (4): 1704-1716.
- [5] Gisbert M, Emran M, Pardini G, *et al.* The impact of land management and abandonment on soil enzymatic activity, glomalin content and aggregate stability [J]. *Geoderma*, 2013, **202-203**, 51-61.
- [6] 蔡进军, 董立国, 李生宝, 等. 黄土丘陵区不同土地利用方式土壤微生物功能多样性特征[J]. *生态环境学报*, 2016, **25** (4): 555-562.
Cai J J, Dong L G, Li S B, *et al.* The characteristics of soil microbe function diversity in semi-arid Loess Hilly Region [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2016, **25** (4): 555-562.
- [7] Zhou J Z, Deng Y, Luo F, *et al.* Functional molecular ecological networks [J]. *mBio*, 2010, **1** (4): e00169-10.
- [8] 石文莉, 蒋如东, 马天海, 等. 太湖不同营养水平湖区沉积环境微生物分子生态网络特征及其环境响应分析[J]. *南京大学学报(自然科学)*, 2018, **54** (5): 1045-1056.
Shi W L, Jiang R D, Ma T H, *et al.* Molecular ecological network analysis of sedimental microbial community and its response to environmental factors in different trophic status areas of Taihu Lake [J]. *Journal of Nanjing University (Natural Science)*, 2018, **54** (5): 1045-1056.
- [9] 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): e00122-11.
- [10] Jeanbille M, Gury J, Duran R, *et al.* Response of core microbial consortia to chronic hydrocarbon contaminations in coastal sediment habitats [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, **7**: 1637.
- [11] 赵慧慧, 肖娴, 裴孟, 等. 长期石油污染对盐碱化土壤中微生物群落分子生态网络的影响[J]. *环境科学*, 2016, **37** (9): 3582-3589.
- [12] Zhao H H, Xiao X, Pei M, *et al.* Effect of long-term oil contamination on the microbial molecular ecological [J]. *Environmental Science*, 2016, **37** (9): 3582-3589.
- [12] 胡晓婧, 刘俊杰, 魏丹, 等. 东北黑土区不同纬度农田土壤真菌分子生态网络比较[J]. *应用生态学报*, 2018, **29** (11): 3802-3810.
- [13] Hu X J, Liu J J, Wei D, *et al.* Comparison on fungal molecular ecological networks of agricultural soils with different latitudes in the black soil region of Northeast China [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2018, **29** (11): 3802-3810.
- [13] 王丽英, 李红丽, 董智, 等. 沙柳沙障对沙丘沙粒组成与特征的影响[J]. *中国水土保持科学*, 2013, **11** (4): 53-59.
- [14] Wang L Y, Li H L, Dong Z, *et al.* Effects of *Salix psammophila* checkerboard sand barrier on dune sand grain size composition and characteristics [J]. *Science of Soil and Water Conservation*, 2013, **11** (4): 53-59.
- [14] 苗慧, 沈峥, 蒋豫, 等. 巢湖表层沉积物氮、磷、有机质的分布及污染评价[J]. *生态环境学报*, 2017, **26** (12): 2120-2125.
- [15] Miao H, Shen Z, Jiang Y, *et al.* Distribution characteristics and pollution assessment of nitrogen, phosphorus and organic matter in surface sediments of Chaohu Lake [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2017, **26** (12): 2120-2125.
- [15] Deng Y, Jiang Y H, Yang Y F, *et al.* Molecular ecological network analyses [J]. *BMC Bioinformatics*, 2012, **13**: 113.
- [16] Liang Y T, Zhao H H, Deng Y, *et al.* Long-term oil contamination alters the molecular ecological networks of soil microbial functional genes [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, **7**: 60.
- [17] Bascompte J. Networks in ecology [J]. *Basic and Applied Ecology*, 2007, **8** (6): 485-490.
- [18] Montoya J M, Pimm S L, Solé R V. Ecological networks and their fragility [J]. *Nature*, 2006, **442** (7100): 259-264.
- [19] Layeghifard M, Hwang D M, Guttman D S. Disentangling interactions in the microbiome: a network perspective [J]. *Trends in Microbiology*, 2017, **25** (3): 217-228.
- [20] 律泽, 胡筱敏, 安婧, 等. 佳乐麝香与镉复合污染对土壤微生物群落功能和丰度的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2017, **36** (1): 66-75.
- [21] Lv Z, Hu X M, AN J, *et al.* Joint effects of galaxolide and cadmium on soil microbial community function and abundance [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2017, **36** (1): 66-75.
- [21] Freilich S, Kreimer A, Meilijson I, *et al.* The large-scale organization of the bacterial network of ecological co-occurrence interactions [J]. *Nucleic Acids Research*, 2010, **38** (12): 3857-3868.
- [22] 严登华, 王刚, 金鑫, 等. 滦河流域不同土地利用类型土壤微生物量 C、TN、TP 垂直分异规律及其影响因素研究 [J]. *生态环境学报*, 2010, **19** (8): 1844-1849.
- [23] Yan D H, Wang G, Jin X, *et al.* Study on vertical distribution regularity of soil microbial biomass C, TN, TP from different landuse patterns and their influencing factors in Luan River basin [J]. *Ecology and Environment*, 2010, **19** (8): 1844-1849.
- [23] Rovira P, Vallejo V R. Labile and recalcitrant pools of carbon and nitrogen in organic matter decomposing at different depths in soil: an acid hydrolysis approach [J]. *Geoderma*, 2002, **107** (1-2): 109-141.
- [24] 张彦军, 郭胜利, 南雅芳, 等. 黄土丘陵区小流域土壤碳氮

- 比的变化及其影响因素[J]. 自然资源学报, 2012, **27**(7): 1214-1223.
- Zhang Y J, Guo S L, Nan Y F, *et al.* The changes and influencing factors of soil C:N ratio in small watershed of hilly region of Loess Plateau[J]. *Journal of Natural Resources*, 2012, **27**(7): 1214-1223.
- [25] Loranger-Merciris G, Barthes L, Gastine A, *et al.* Rapid effects of plant species diversity and identity on soil microbial communities in experimental grassland ecosystems [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, **38**(8): 2336-2343.
- [26] Uren N C. Types, amounts, and possible functions of compounds released into the rhizosphere by soil-grown plants[A]. In: Willig S, Varanini Z, Nannipieri P (Eds.). *The Rhizosphere: Biochemistry and Organic Substance at the Soil-Plant Interface* [M]. Boca Raton: CRC Press, 2007.
- [27] Bach L H, Grytnes J A, Halvorsen R, *et al.* Tree influence on soil microbial community structure [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, **42**(11): 1934-1943.
- [28] Monti A, Zatta A. Root distribution and soil moisture retrieval in perennial and annual energy crops in Northern Italy [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2009, **132**(3-4): 252-259.
- [29] O'Brien S L, Jastrow J D, Grimley D A, *et al.* Moisture and vegetation controls on decadal-scale accrual of soil organic carbon and total nitrogen in restored grasslands [J]. *Global Change Biology*, 2010, **16**(9): 2573-2588.
- [30] Dignac M F, Bahri H, Rumpel C, *et al.* Carbon-13 natural abundance as a tool to study the dynamics of lignin monomers in soil: an appraisal at the Closeaux experimental field (France) [J]. *Geoderma*, 2005, **128**(1-2): 3-17.
- [31] Tong C L, Xiao H A, Tang G Y, *et al.* Long-term fertilizer effects on organic carbon and total nitrogen and coupling relationships of C and N in paddy soils in subtropical China[J]. *Soil and Tillage Research*, 2009, **106**(1): 8-14.
- [32] 彭佩钦, 吴金水, 黄道友, 等. 洞庭湖区不同利用方式对土壤微生物生物量碳氮磷的影响[J]. *生态学报*, 2006, **26**(7): 2261-2267.
- Peng P Q, Wu J S, Huang D Y, *et al.* Microbial biomass C, N, P of farmland soils in different land uses and cropping systems in Dongting Lake region [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2006, **26**(7): 2261-2267.
- [33] 张燕燕, 曲来叶, 陈利顶, 等. 黄土丘陵沟壑区不同植被类型土壤微生物特性[J]. *应用生态学报*, 2010, **21**(1): 165-173.
- Zhang Y Y, Qu L Y, Chen L D, *et al.* Soil microbial properties under different vegetation types in Loess hilly region [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2010, **21**(1): 165-173.
- [34] Fierer N, Jackson R B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2006, **103**(3): 626-631.
- [35] 陈晓娟, 吴小红, 刘守龙, 等. 不同耕地利用方式下土壤微生物活性及群落结构特性分析: 基于 PLFA 和 MicroResp™ 方法[J]. *环境科学*, 2013, **34**(6): 2375-2382.
- Chen X J, Wu X H, Liu S L, *et al.* Microbial activity and community structure analysis under the different land use patterns in farmland soils: based on the methods PLFA and MicroResp™ [J]. *Environmental Science*, 2013, **34**(6): 2375-2382.
- [36] Wang Y, Zhang R, Zheng Q, *et al.* Bacterioplankton community resilience to ocean acidification: evidence from microbial network analysis [J]. *ICES Journal of Marine Science*, 2016, **73**(3): 865-875.
- [37] Liu J J, Sui Y Y, Yu Z H, *et al.* High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of northeast China [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **70**: 113-122.
- [38] Sun R B, Dsouza M, Gilbert J A, *et al.* Fungal community composition in soils subjected to long-term chemical fertilization is most influenced by the type of organic matter [J]. *Environmental Microbiology*, 2016, **18**(12): 5137-5150.
- [39] Eilers K G, Lauber C L, Knight R, *et al.* Shifts in bacterial community structure associated with inputs of low molecular weight carbon compounds to soil [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, **42**(6): 896-903.
- [40] 丁新景, 黄雅丽, 敬如岩, 等. 基于高通量测序的黄河三角洲 4 种人工林土壤细菌结构及多样性研究[J]. *生态学报*, 2018, **38**(16): 5857-5864.
- Ding X J, Huang Y L, Jing R Y, *et al.* Bacterial structure and diversity of four plantations in the Yellow River Delta by high-throughput sequencing [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, **38**(16): 5857-5864.
- [41] 袁秀, 马克明, 王德. 黄河三角洲植物生态位和生态幅对物种分布-多度关系的解释[J]. *生态学报*, 2011, **31**(7): 1955-1961.
- Yuan X, Ma K M, Wang D. Explaining the abundance-distribution relationship of plant species with niche breadth and position in the Yellow River Delta [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2011, **31**(7): 1955-1961.

CONTENTS

Evolution of the Distribution of PM _{2.5} Concentration in the Yangtze River Economic Belt and Its Influencing Factors	HUANG Xiao-gang, ZHAO Jing-bo, CAO Jun-ji, <i>et al.</i>	(1013)
Chemical Characteristics and Source Apportionment of Water-Soluble Ions in Atmosphere Aerosols over the East China Sea Island During Winter and Summer	FANG Yan, CAO Fang, FAN Mei-yi, <i>et al.</i>	(1025)
Analysis of Chemical Components and Sources of PM _{2.5} During Autumn and Winter in Yangquan City	WANG Cheng, YAN Yu-long, XIE Kai, <i>et al.</i>	(1036)
Chemical Compositions and Sources of <i>n</i> -Alkanes and Saccharides in PM _{2.5} from Taian City During the Summer	YI Ya-nan, HOU Zhan-fang, YANG Qian-cai, <i>et al.</i>	(1045)
Physical and Chemical Characteristics of Atmospheric Particles in Autumn in Mt. Huangshan	BIAN Yi-shu, YIN Yan, WANG Hong-lei, <i>et al.</i>	(1056)
Characteristics of Aerosol Optical Depth in the Urban Area of Beibei and Its Correlation with Particle Concentration	ZENG Wei, HAO Qing-ju, ZHAO Zhong-jing, <i>et al.</i>	(1067)
Emission Characteristics of Volatile Organic Compounds from Typical Industries in Zibo	WANG Yu-yan, WANG Xiu-yan, DU Miao, <i>et al.</i>	(1078)
Analysis of Pollution Characteristics and Sources of Atmospheric VOCs in Ezhou City	FU Yu-meng, YANG Hong-gang, LU Min-yu, <i>et al.</i>	(1085)
Producing Coefficients and Emission Coefficients of Volatile Organic Compounds from the Automobile Manufacturing Industry in Zhejiang Province	TENG Fu-hua, YANG Zhong-ping, DONG Shi-bi, <i>et al.</i>	(1093)
Pollution Characteristics of Volatile Organic Compounds Emission from the Metal Packaging Industry Based on Analysis of Process	WANG Di, NIE Lei, ZHAO Wen-juan, <i>et al.</i>	(1099)
Profile Characteristics of VOCs from Wood and Economic Crop Burning	NIU Zhen-zhen, KONG Shao-fei, YAN Qin, <i>et al.</i>	(1107)
Accounting Methods of VOCs Emission Associated with Production Processes in a Fine Chemical Industrial Park	YE Han-yun, TIAN Jin-ping, CHEN Lü-jun	(1116)
HONO Observation and Assessment of the Effects of Atmospheric Oxidation Capacity in Changzhou During the Springtime of 2017	SHI Xiao-wen, GE Yi-feng, ZHANG Yu-chan, <i>et al.</i>	(1123)
Analysis of Activity and Its Emissions Trend for Construction Equipment in China	PANG Kai-li, ZHANG Kai-shan, MA Shuai, <i>et al.</i>	(1132)
Air Pollutant Emission Inventory from LTO Cycles of Aircraft in the Beijing-Tianjin-Hebei Airport Group, China	HAN Bo, KONG Wei-kai, YAO Ting-wei, <i>et al.</i>	(1143)
Particle Size Distribution of PM Emission from In-use Gasoline and Diesel Vehicles	WANG Rui-ning, HU Qing-yao, REN Hong-juan, <i>et al.</i>	(1151)
Impact of Parameterization on the Estimation of Ammonia Emissions: A Case Study over the Yangtze River Delta	ZHANG Qi, HUANG Ling, YIN Si-jia, <i>et al.</i>	(1158)
Characteristics and Source Apportionment of Dustfall Pollution in the Coal Mine Area and Surrounding Areas of Wuhai City in Spring	WU Hong-xuan, SHI Chang-qing, ZHANG Yan, <i>et al.</i>	(1167)
Variations of Stable Oxygen and Deuterium Isotopes in River and Lake Waters During Flooding Season Along the Middle and Lower Reaches of the Yangtze River Regions	LI Jing, WU Hua-wu, ZHOU Yong-qiang, <i>et al.</i>	(1176)
Water Sources and Factors Controlling Hydro-chemical Compositions in the Yiluo River Basin	LIU Song-tao, ZHANG Dong, LI Yu-hong, <i>et al.</i>	(1184)
Chemical Evolution of Groundwater in the Tacheng Basin of Xinjiang in the Process of Urbanization	LÜ Xiao-li, LIU Jing-tao, HAN Zhan-tao, <i>et al.</i>	(1197)
Remote Sensing Monitoring on Spatial Differentiation of Suspended Sediment Concentration in a River-Lake System Based on Sentinel-2 MSI Imaging: A Case for Shengjin Lake and Connected Yangtze River Section in Anhui Province	WANG Hang-hang, WANG Jie, CUI Yu-huan	(1207)
CDOM Optical Characteristics and Related Environmental Factors of High-turbidity Waters on the Loess Plateau	LIANG Xiao-wen, SHAO Tian-tian, WANG Tao	(1217)
Effects of Artificial Destratification and Induced-natural Mixing on Water Quality Improvement in a Drinking Water Reservoir	WEN Cheng-cheng, HUANG Ting-lin, LI Nan, <i>et al.</i>	(1227)
Effect of Filter Speed and Water Quality on Ammonia Removal in Groundwater Containing Iron, Manganese, and Ammonia at Low Temperature	ZHANG Jie, MEI Ning, LIU Meng-hao, <i>et al.</i>	(1236)
Long-term Variation Characteristics of Zooplankton Community Structure in Meiliang Bay, Lake Taihu	YANG Jia, ZHOU Jian, QIN Bo-qiang, <i>et al.</i>	(1246)
Community of Benthic Diatoms and Their Relationship with Aquatic Environmental Factors in the Tangwang River, China	XUE Hao, WANG Ye-yao, MENG Fan-sheng, <i>et al.</i>	(1256)
Succession Characteristics and Water Quality Responsiveness Evaluation of FG and MBFG in Yanlong Lake Water Source Ecological Purification System	WANG Lian, LI Xuan, MA Wei-xing, <i>et al.</i>	(1265)
Characteristics of Nitrogen and Phosphorus Output and Loss Flux in the Shipanqiu Watershed, Three Gorges Reservoir Area	CHEN Shi-qi, LONG Yi, YAN Dong-chun, <i>et al.</i>	(1276)
Effect of Optimized Fertilization and Biochar Application on Phosphorus Loss in Purple Soil Sloping Farmland	LUO Dong-hai, WANG Zi-fang, LONG Yi, <i>et al.</i>	(1286)
Use of Iron-modified Calcite as an Active Capping Material to Control Phosphorus Release from Sediments in Surface Water Bodies	BAI Xiao-yun, LIN Jian-wei, ZHAN Yan-hui, <i>et al.</i>	(1296)
Preparation of Tea Waste Biochar and Its Application in Tetracycline Removal from Aqueous Solution	FAN Shi-suo, LIU Wen-pu, WANG Jing-tao, <i>et al.</i>	(1308)
Adsorption Characteristics of Sulfamethazine on Three Typical Porous High-temperature Modified Solid Waste Materials	WANG Jing, ZHU Xiao-li, HAN Zi-yu, <i>et al.</i>	(1319)
Sorption of Polybrominated Diphenyl Ethers by Virgin and Aged Microplastics	XU Peng-cheng, GUO Jian, MA Dong, <i>et al.</i>	(1329)
Spatial Distribution and Risk Assessment of Heavy Metals in Sediments of the Ruxi Tributary of the Three Gorges Reservoir	FANG Zhi-qing, WANG Yong-min, WANG Xun, <i>et al.</i>	(1338)
Distribution and Risk Assessment of OCPs in Surface Water, Sediments, and Fish from Lake Gucheng and Inflow and Outflow Rivers	KAN Ke-cong, GU Xiao-hong, LI Hong-min, <i>et al.</i>	(1346)
Occurrence and Ecological Risk Assessment of Typical Persistent Organic Pollutants in Hengshui Lake	ZHANG Jia-wen, WEI Jian, LÜ Yi-fan, <i>et al.</i>	(1357)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Typical Organophosphate Esters in Beijing Municipal Wastewater Treatment Plant and the Receiving Water	ZHANG Zhen-fei, LÜ Jia-pei, PEI Ying-ying, <i>et al.</i>	(1368)
Advanced Nitrogen Removal Characteristics of Low Carbon Source Municipal Wastewater Treatment via Partial-denitrification Coupled with ANAMMOX	MA Bin, XU Xin-xin, GAO Mao-hong, <i>et al.</i>	(1377)
Stable Nitrite Accumulation and Phosphorus Removal from High-nitrate and Municipal Wastewaters in a Combined Process of Partial Denitrification and Denitrifying Phosphorus Removal (PD-DPR)	WANG Qiu-ying, YU De-shuang, ZHAO Ji, <i>et al.</i>	(1384)
Start-up of CANON Process and Short-cut Nitrification in a Pilot-scale MBBR Reactor	FU Kun-ming, YANG Zong-yue, LIAO Min-hui, <i>et al.</i>	(1393)
Influence of Antibiotics on the Denitrification Process of Antibiotic Resistant Denitrifying Bacteria and the Analysis of Microbial Community Structure	DAI Sha, LI Peng, PENG Wu-qing, <i>et al.</i>	(1401)
Aerobic Granular Sludge System with Multiple Influent-Aeration Operation Strategy	ZHANG Jie, WANG Yu-ying, LI Dong, <i>et al.</i>	(1409)
Effect of Alkaline Sludge Fermentation Products on the Nitrification Process and Performance	QIU Sheng-jie, LIU Jin-jin, LI Xi-yao, <i>et al.</i>	(1418)
Effect of Sulfate on the Migration and Transformation of Methylmercury in Advanced Anaerobic Digestion of Sludge	HE Xiang-lin, LIU Ji-bao, YIN Yong-guang, <i>et al.</i>	(1425)
Spatial-temporal Variation and Source Change of Heavy Metals in the Cropland Soil in the Industrial City	LI Yan-ling, LU Yi-fu, CHEN Wei-ping, <i>et al.</i>	(1432)
Assessment and Spatial Characteristics Analysis of Human Health Risk of Heavy Metals in Cultivated Soil	JI Chao, HOU Da-wei, LI Fa-zhi, <i>et al.</i>	(1440)
Microbial Diversity and Physicochemical Properties of Rhizosphere Microenvironment in Saline-alkali Soils of the Yellow River Delta	ZHAO Jiao, XIE Hui-jun, ZHANG Jian	(1449)
Effects of Different Land Use Types on the Molecular Ecological Network of Soil Bacteria	LI Bing, LI Yu-shuang, WEI Jian-bing, <i>et al.</i>	(1456)
Responses of Soil Organic Carbon Fractions to Land Use Types in Hilly Red Soil Regions, China	ZHANG Xiao-fang, ZHENG Sheng-meng, XIA Yin-hang, <i>et al.</i>	(1466)
Effect of Organic Fertilizer and Inorganic Fertilizer Application on N ₂ O Emissions from Fluvo-aquic Soil in the North China Plain	SUN He-yang, WAN Zhong-mei, LIU De-yan, <i>et al.</i>	(1474)
Characteristics of Heavy Metal Absorption by Winter Wheat and Its Quantitative Relationship with Influencing Factors	WANG Yi-wen, RUI Yu-kui, LI Zhong-yang, <i>et al.</i>	(1482)
Effect of Calcium Magnesium Phosphate on Remediation Paddy Soil Contaminated with Cadmium Using Lime and Sepiolite	YAN De-mei, GUO Zhao-hui, HUANG Feng-lian, <i>et al.</i>	(1491)
Passivation and Remediation Effects and Mechanisms of Plant Residual Modified Materials on Lead-Contaminated Soils	FANG Ya-li, ZHU Zong-qiang, ZHAO Ning-ning, <i>et al.</i>	(1498)
Effects of Exogenous Spermidine on Seed Germination and As Uptake and Accumulation of Rice Under As ⁵⁺ Stress	LIU Shu-jin, HUANG Yi-zong, BAO Qiong-li, <i>et al.</i>	(1505)