

目次

中国城市碳排放强度的时空演变、动态跃迁及收敛趋势 杨清可, 王磊, 朱高立, 李颖, 范业婷, 王雅竹 (1869)

交通运输业碳排放效率时空演变及趋势预测 郑琰, 蒋雪梅, 肖玉杰 (1879)

基于扩展STIRPAT模型LMDI分解的碳排放脱钩因素 张江艳 (1888)

基于LEAP模型的工业园区碳达峰路径:以南京某国家级开发区为例 李慧鹏, 李荔, 殷茵, 何文大, 宿杰, 赵秋月 (1898)

高校碳排放核算与分析:以北京A高校为例 曹睿, 封莉, 张立秋 (1907)

北京市制造业减排降碳协同效应分析和驱动因素 俞珊, 韩玉花, 牟洁, 张双, 张增杰 (1917)

碳排放权交易价格与全要素生产率:来自中国的证据 吴雪萍 (1926)

中国城市PM_{2.5}和PM₁₀时空分布特征和影响因素分析 李江苏, 段良荣, 张天娇 (1938)

2017~2021年苏皖鲁豫交界区域PM_{2.5}和O₃时空变化特征及影响因素 陈伟, 徐学哲, 刘文清 (1950)

疫情管控期西安PM_{2.5}和O₃污染特征及成因分析 原晓红, 张强, 李琦, 谢文豪, 刘跃廷, 樊亭亭, 姜旭朋 (1963)

苏南五市秋冬季PM_{2.5}化学组成特征和空间差异 冯蔚, 丁峰, 尚玥, 谢鸣捷 (1975)

湖北咸宁细颗粒物PM_{2.5}来源 罗怡, 朱宽广, 陈璞琬, 田军, 谢旻, 战杨志豪, 赵润琪 (1983)

邢台氨减排对京津冀PM_{2.5}改善的溢出效益 边泽君, 闻超玉, 郎建垒, 范晓茜, 夏祥晨, 周颖 (1994)

聊城市冬季PM_{2.5}载带金属元素污染特征、风险评价及来源分析 张敬巧, 朱瑶, 曹婷, 燕丽, 王淑兰, 刘铮 (2003)

高原城市拉萨典型VOCs排放源成分谱特征 郭淑政, 叶春翔, 林伟立, 陈熠, 曾立民, 尹晴晴, 刘雪莉 (2011)

北京市工业园区VOCs污染特征及健康风险评估案例:高新技术产业的环境影响 王洁, 姚震, 王敏燕, 陈速敏, 龙腾, 王海滨, 李红, 郭秀锐, 郝江虹, 聂磊 (2019)

高温极端天气影响下的成都平原一次典型臭氧污染过程分析 雷丽娟, 张懿, 罗伊娜, 张潇, 冯森 (2028)

水环境中抗病毒毒物的存在、行为与风险 葛林科, 李璇艳, 曹胜凯, 郑金帅, 张蓬, 朱超, 马宏瑞 (2039)

黄河小浪底水库地表水中重金属的时空变化与概率健康风险 王亮, 邓雪娇, 王潇磊, 李明, 刘奕尧, 姜亚敏, 涂响, 张坤锋 (2054)

藏东多曲河流域总富集水化学特征及控制因素 李敬杰, 连晟, 王明国, 张智印, 张涛 (2067)

西北内陆区降水稳定同位素时空分布特征及其水汽来源 张炎炎, 辛存林, 郭小燕, 张博, 陈宁, 史延飞 (2080)

基于水化学和氢氧同位素的泰安城区岩溶地下水补给来源及演化过程 孟令华 (2096)

丹江流域山区地表水-地下水水化学特征及其影响因素 张子燕, 伏永朋, 王宁涛, 谭建民, 刘亚磊 (2107)

金塔盆地鸳鸯池灌区地下水水化学特征及控制因素 王晓燕, 韩双宝, 张梦南, 尹德超, 吴呈, 安永会 (2118)

德阳市平原区浅层地下水水化学特征与健康风险评价 刘楠, 陈盟, 高东东, 吴勇, 王楠楠 (2129)

典型城市河网沉积物微塑料时空分布特征 许万璐, 范一凡, 钱新 (2142)

抚仙湖流域尺度氮排放清单构建及关键源解析 王延杰, 梁启斌, 王艳霞, 侯磊, 陈奇伯, 王伟, 李晓琳, 高俊淑 (2150)

过氧化钙/海泡石海藻酸钠缓释凝胶复合材料的制备及其对内源磷的控制性能 曲思彤, 单苏洁, 王崇铭, 吴玲子, 李大鹏, 黄勇 (2160)

矿物超细颗粒的形成机制、结构特征及其环境行为和效应 刘振海, 张展华, 袁语欣, 朱盼盼, 陈威, 张彤 (2171)

生物炭固定化菌复合材料在环境修复中的应用研究进展 孙淑玉, 黄梦鑫, 孔强, 张焕新, 刘继伟 (2185)

微塑料对沸石吸附水体氨氮的影响及其机制 练建军, 谢诗婷, 吴培, 孟冠军, 陈波 (2195)

紫外老化作用对纳米生物炭吸附环丙沙星的影响机制 马锋锋, 薛之一, 赵保卫 (2203)

土地利用影响下永定河流域浮游植物群落与环境因子响应 郭善嵩, 胡恩, 丁一桐, 张嘉渭, 孙长顺, 卢悦, 潘保柱 (2211)

鄱阳湖湿地细菌群落多样性和可培养细菌功能基因丰度 喻江, 王淳, 龙永, 刘贵花, 李春杰, 范国权, 于镇华 (2223)

典农河沉积物细菌群落结构特征及其与重金属的关系 刘双羽, 蒙俊杰, 邱小琼, 周瑞娟, 李霖 (2233)

污水处理厂尾水排放对受纳河流细菌和真菌微生物群落的影响 郭有顺, 余仲, 郝文彬, 孟凡刚 (2246)

宏基因组学分析深度处理阶段污水中细菌的赋存特征及其功能 胡健双, 王燕, 周政, 汪雅琴, 王秉政, 李激 (2259)

大别山区生境质量时空特征及自然-人为因素驱动机制 郑亚平, 张俊华, 田惠文, 朱航成, 刘舒, 丁亚鹏 (2268)

基于连续小波变换、SHAP和XGBoost的土壤有机质含量高光谱反演 叶森, 朱琳, 刘旭东, 黄勇, 陈蓓蓓, 李欢 (2280)

秸秆还田、覆膜和施氮对旱地麦田土壤质量的影响 叶子壮, 王松燕, 陆潇, 史多鹏, 吕慎强, 李嘉, 杨泽宇, 王林科 (2292)

长期施用有机肥对土壤微塑料赋存及迁移特征的影响 王长远, 马啸驰, 郭德杰, 刘新红, 马艳, 罗佳 (2304)

土壤盐分变化对N₂O排放影响:基于Meta分析 黄艺华, 余冬立, 史祯琦, 胡磊, 潘永春 (2313)

基于土地利用/覆被动态变化的粤港澳大湾区碳储量评价与预测 郑慧玲, 郑辉峰 (2321)

基于InVEST模型的伏牛山地区生态系统碳储量时空变化模拟 张哲, 时振钦, 朱文博, 孙梓欣, 赵体侠, 邓文萍, 刘志强 (2332)

防护林建设过程中土壤微生物养分限制与有机碳组分之间的关系 徐凤璟, 黄懿梅, 黄倩, 申继凯 (2342)

长期秸秆还田褐土有机碳矿化特征及其驱动力 赵宇航, 殷浩凯, 胡雪纯, 解文艳, 刘志平, 周怀平, 杨振兴 (2353)

冬绿肥覆盖对土壤团聚体及有机碳和AMF多样性的影响 鲁泽让, 陈佳钰, 李智贤, 李永梅, 罗志章, 杨锐, 田明洋, 赵吉霞, 范茂攀 (2363)

辽河流域氮素时空分布及其对土地利用和降雨的响应 周波, 李晓光, 童思陈, 吕旭波, 郭朝臣, 雷坤 (2373)

高强度农业种植区不同景观池塘氧化亚氮排放特征 张欣悦, 肖启涛, 谢晖, 刘臻婧, 邱银国, 罗菊花, 徐向华, 段洪涛 (2385)

生物炭与不同类型氮肥施肥对菜地土壤反硝化细菌群落的影响 柳晓婉, 刘杏认, 高尚洁, 李贵春 (2394)

大岳山不同林龄人工油松林土壤微生物特征 马义淑, 曹亚鑫, 牛敏, 张明昱, 程曼, 文永莉 (2406)

基于稀疏样点的土壤重金属含量模拟方法 张佳琦, 潘瑜春, 高世臣, 赵亚楠, 景胜强, 周艳兵, 郇允兵 (2417)

基于特定源-风险评估模型的兰州黄河风情线绿地土壤重金属污染优先控制源分析 李军, 李旭, 李开明, 焦亮, 台喜生, 臧飞, 陈伟, 脱新颖 (2428)

西南不同类型紫色土pH变化、重金属累积与潜在生态风险评估 张海琳, 张雨, 王顶, 谢军, 张跃强, 张宇亭, 王洁, 石孝均 (2440)

重庆某铁矿周边耕地土壤重金属污染评价及来源解析 廖泽源, 李杰芹, 沈智杰, 李彩霞, 罗程钟, 梅楠, 张成, 王定勇 (2450)

金属矿区周边农田土壤与农作物重金属健康风险评估 魏洪斌, 罗明, 向奎, 查理思 (2461)

赤泥基纳米零价铁对多金属污染土壤修复效果 刘龙宇, 杨世利, 赵黄诗雨, 常凯威, 余江 (2473)

施锌对碱性土壤-小麦幼苗体系累积镉的影响 张瑶, 王天齐, 牛硕, 杨阳, 陈卫平 (2479)

鄱阳湖湿地细菌群落多样性和可培养细菌功能基因丰度

喻江^{1,2}, 王淳¹, 龙永³, 刘贵花², 李春杰³, 范国权⁴, 于镇华^{2,3*}

(1. 哈尔滨商业大学食品工程学院, 哈尔滨 150028; 2. 江西师范大学地理与环境学院, 鄱阳湖湿地与流域研究教育部重点实验室, 南昌 330022; 3. 中国科学院东北地理与农业生态研究所, 黑土区农业生态重点实验室, 哈尔滨 150081; 4. 黑龙江省农业科学院经济作物研究所, 哈尔滨 150086)

摘要: 鄱阳湖湿地中蕴含着丰富的微生物资源, 参与并维持着湿地生态系统的物质循环和稳定. 为探明鄱阳湖湿地土壤细菌分布规律, 分析可培养细菌群落结构和功能特征, 采用 Illumina MiSeq 高通量测序技术分析了鄱阳湖湿地土壤全部细菌(AW)和湿地外围周边土壤全部细菌(AS)群落结构多样性特征; 又结合可培养方法和 qPCR 功能基因芯片技术, 分析了湿地可培养细菌(CW)和湿地外围周边土壤可培养细菌(CS)功能基因丰度差异. 研究发现鄱阳湖湿地土壤细菌多样性低于湿地外围周边土壤细菌, 变形菌门和酸杆菌门是两种土壤环境中共有的细菌优势菌门, 放线菌门、厚壁菌门、绿弯菌门和热脱硫杆菌门也是存在于两种土壤中的主要菌门, 但相对丰度均差异显著; 网络分析显示湿地土壤较周边土壤细菌网络结构更简单. 采用可培养方法获得的不同采样点土壤细菌群落多样性差异不明显. 但湿地土壤可培养细菌功能基因的拷贝数高于周边土壤, 其中参与氮循环的 *UreC* 基因和参与碳固定的 *acsE* 基因在两种土壤可培养细菌中相对丰度较高. 研究结果可为深入挖掘调控、维持湿地土壤养分循环和促进鄱阳湖湿地生态系统功能稳定性的潜在有益微生物提供理论依据.

关键词: 鄱阳湖湿地; 细菌多样性; Illumina MiSeq 高通量测序; 可培养细菌; 分子生态网络

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2024)04-2223-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202304001

Bacterial Community Diversity and Functional Gene Abundance of Culturable Bacteria in the Wetland of Poyang Lake

YU Jiang^{1,2}, WANG Chun¹, LONG Yong³, LIU Gui-hua², LI Chun-jie³, FAN Guo-quan⁴, YU Zhen-hua^{2,3*}

(1. School of Food Engineering, Harbin University of Commerce, Harbin 150028, China; 2. Key Laboratory of Poyang Lake Wetland and Watershed Research Ministry of Education, School of Geography and Environment, Jiangxi Normal University, Nanchang 330022, China; 3. Key Laboratory of Mollisols Agroecology, Northeast Institute of Geography and Agroecology, Chinese Academy of Sciences, Harbin 150081, China; 4. Crops Institute, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China)

Abstract: The microbial communities in the wetland of Poyang Lake are complex and diverse and participate in and maintain the material cycle and stability of the wetland ecosystem. In order to investigate the distribution pattern of the soil bacterial community and analyze the community structure and function characteristics of culturable bacteria, we analyzed the community structure characteristics of all soil bacteria and compared the differences between those in wetland soil (AW) and those in the periphery of the wetland soil (AS) using Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology. We also analyzed the characteristics of functional genes of the culturable bacteria in wetland soil (CW) and culturable bacteria in the periphery of the wetland soil (CS) using the traditional culturable method and qPCR functional gene chip technology. The results showed that the diversity of soil bacteria in the wetland of Poyang Lake soil was lower than that of soil bacteria in the periphery of the wetland soil, and Proteobacteria and Acidobacter were the dominant bacterial phyla in both soil environments. Actinobacteriota, Firmicutes, Chloroflexi, and Desulfobacterota were the main bacterial phyla, but their relative abundance varied significantly. The results of network structure abundance revealed that the bacterial network of wetland soil was simpler than that of the external environmental. Differences in the diversity of bacterial communities obtained were not significant at different sites. The copy numbers of functional genes of the culturable bacteria in wetland soil were higher than that in the periphery of the wetland soil. The *UreC* gene involved in nitrogen cycling and the *acsE* gene involved in the carbon fixation process were more abundant in the culturable bacteria of the wetland soil and surrounding soil. The results of this study provided a theoretical basis for further excavation of beneficial microorganisms that can regulate and maintain nutrient cycling in wetland soils and promote the functional stability of the Poyang Lake wetland ecosystem.

Key words: wetland of Poyang Lake; bacterial diversity; Illumina MiSeq high-through sequencing; culturable bacterial; network analysis

微生物在自然环境中种类丰富且功能多样, 是联系大气圈、水圈、生物圈和岩石圈物质与能量交换的重要纽带, 为人类社会经济发展提供了重要的资源保障. 土壤微生物是地球上最重要的物质分解者, 是驱动地球元素化学循环的“引擎”, 参与土壤有机质形成和转化, 其组成和功能与土壤质量和元素的生物地球化学循环, 乃至人类健康息息相关^[1-3]. 在湿地生态系统中, 土壤微生物不仅加速了

湿地植被凋落物和有机质的分解、驱动湿地土壤氮和磷等营养元素的循环转化, 推动了湿地化学能量和信息的流动, 同时还参与了污染物降解与湿地环

收稿日期: 2023-04-01; 修订日期: 2023-07-12

基金项目: 鄱阳湖湿地与流域研究教育部重点实验室(江西师范大学)开放基金项目(PK2021033); 江西省自然科学基金项目(20224BAB203034)

作者简介: 喻江(1983-), 女, 博士, 讲师, 主要研究方向为土壤微生物生态, E-mail: yuj0000@126.com

* 通信作者, E-mail: yuzhenhua@iga.ac.cn

境修复等过程,对维持湿地生态系统平衡与稳定起着重要作用^[4-8].

鄱阳湖是我国最大的淡水湖,湖泊湿地面积约 2 700 km²,是我国湿地生态系统中生物资源最丰富的地区之一,也是我国公布的首批国家湿地保护地之一,解析鄱阳湖湿地微生物多样性特征对于明晰微生物参与的湿地生物地球化学循环过程、保护长江流域生物多样性、解决湿地土壤重金属污染和水质污染等诸多挑战具有重要意义^[9,10].近年来高通量扩增子和宏基因组测序技术的飞速发展,使得鄱阳湖湿地中微生物群落结构和丰度特征多样性被更多地认知^[11-14].然而,仅通过分子生物学手段未能直接获得菌株,在一定程度上限制了对菌株生理功能和实际应用的开发,不利于进一步获得能够调控和维持湿地土壤养分循环、湿地环境修复和湿地生态系统功能稳定的微生物种质资源.目前对鄱阳湖湿地土壤微生物多样性研究主要集中在不同生境类型水文环境、不同地上植物和土壤物质循环等方面的特征^[15-18],对鄱阳湖湿地与其周边土壤可培养微生物的关注还不足.因此,若将分子生物学技术与可培养方法结合起来,不仅有利于明确与邻近的外围土壤与湿地土壤环境中的微生物资源特征,同时,又可进一步解析可培养微生物菌株参与的湿地土壤养分循环过程,为实现微生物功能菌株的定向调控和综合利用奠定基础.

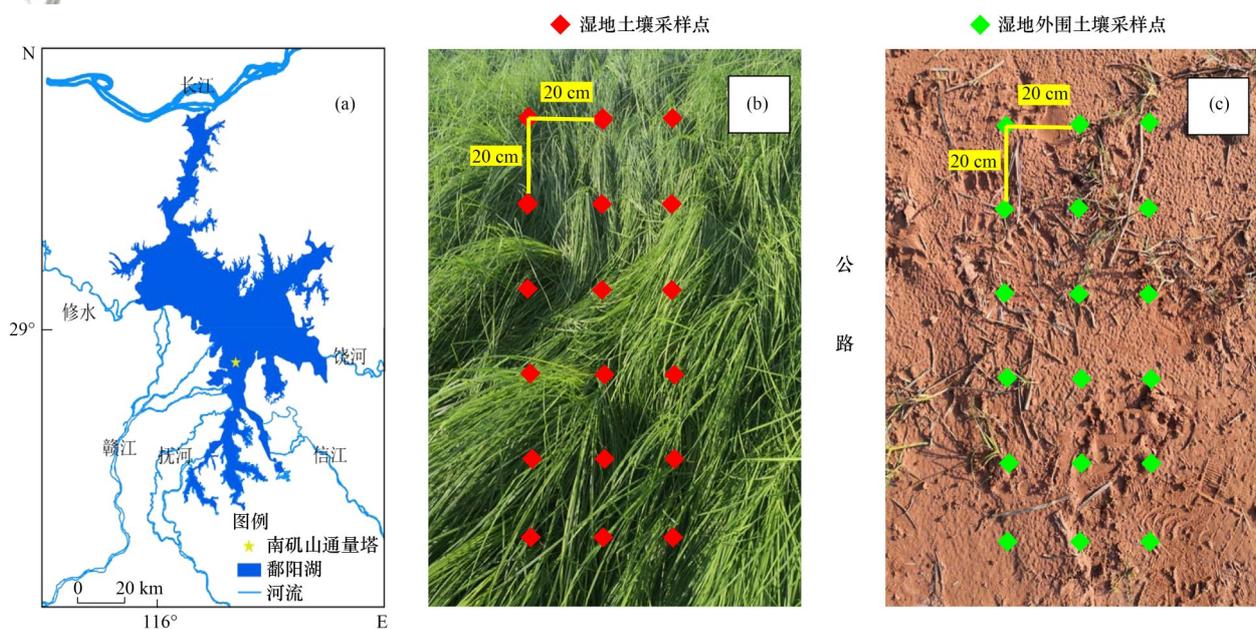
据此,本研究采集鄱阳湖湿地土壤和湿地外围周边土壤,利用 Illumina MiSeq 高通量测序方法对比探究了两种土壤生境下土壤全部细菌和可培养细菌

群落结构特征及网络关系,并利用高通量 qPCR 功能基因芯片技术解析了可培养细菌中参与湿地土壤碳、氮、磷和硫转化的功能基因丰度.本研究结果将明确湿地土壤不同于周边非湿地土壤的细菌群落结构特征,揭示湿地可培养细菌多样性及其在湿地土壤养分循环中的作用,以为发掘和利用湿地土壤中可以调控和维持湿地土壤养分循环、促进鄱阳湖湿地生态系统功能稳定的菌种资源提供理论基础.

1 材料与方法

1.1 研究区域概况和土壤样品采集

湿地土壤样品采集于南矶湿地野外综合试验站(28° 53' 51.46" ~ 28° 53' 51.53"N, 116° 19' 36" ~ 116° 19' 42.95"E),试验站属于亚热带季风湿润气候,年平均气温为 17.6°C,年平均降水量为 1 450~1 550 mm,地势低洼,水淹频繁,其中淹水时间为 3~5 个月,非淹水时间为 7~9 个月;土壤为草甸沼泽土, pH 5.0~5.6;主要植被是灰化藁草(*Carex cinerascens*)^[19].湿地周边土壤取自与湿地有一条公路间隔的 5~20 cm 土壤.土壤样品采集于 2021 年 4 月.首先在湿地内选取 18 个采样点,每两个样点之间的间距约 20 m,选取 5~20 mm 土层进行样品采集,随机将每 3 个样点的土样混合均匀作为一次重复,共计 6 次重复,用同样的方法在湿地外围采集 6 次重复的周边土壤样品,共计 12 份土壤样品(如图 1).采样地点和样点间距如图 1 所示.取样完成后,将土壤样品置于封口袋中用冰盒运回实验室,一部分置于



(a) 样品采集地; (b) 湿地土壤样品采集示意; (c) 湿地周边土壤样品采集示意

图 1 土壤样品采集地点示意

Fig. 1 Diagram of soil sample collection site

4℃冰箱中保存用于菌株分离试验, 一部分置于-80℃冰箱中保存, 用于后续DNA提取等分子生物学试验。

1.2 细菌培养、土壤微生物总DNA和菌体DNA提取

采用细菌通用培养基LB培养基(胰蛋白胨 $10\text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$, 酵母提取物 $10\text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$, NaCl $5\text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$, 琼脂粉 $15\text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$, pH 7.4)进行可培养细菌的分离。为了获得更多可培养细菌, 将4℃冰箱保存的土壤样品, 按照经典的稀释平板法, 选取 10^{-1} ~ 10^{-4} 稀释度涂布于1/10 LB固体培养基内, 每个稀释度3次重复, 将涂布完成的培养皿置于28℃培养箱中培养48 h。培养结束后综合菌落形态、大小和颜色, 选取 10^{-2} 稀释度平板用于土壤可培养细菌DNA提取。首先用无菌刮板刮取平板上所有细菌菌落后, 将每个平板的菌体收集到1.5 mL无菌离心管中, 再用无菌水多次冲洗刮板和培养基表面, 将冲洗后的菌悬液置于50 mL无菌离心管离心收集菌体, 与上述1.5 mL无菌离心管中的菌体合并, 将每一份土壤样品收集的菌体都合并到一起进行后续DNA提取, 共计获得与土壤样品对应的可培养菌体样品12份。利用Fast DNA SPIN Kit for Soil试剂盒(Qbiogene Inc., Carlsbad, CA, USA)提取土壤可培养细菌DNA和土壤微生物的总DNA, 具体操作按照试剂盒说明书进行。利用1%的琼脂糖凝胶电泳检测DNA提取质量, 使用紫外分光光度计(NanoDrop™ 2000)测定DNA浓度和纯度。将提取好的DNA样品放到-20℃冰箱保存备用。

1.3 PCR扩增和高通量测序

采用细菌的通用引物338F和806R进行PCR扩增^[20], 扩增前需在前端引物加上barcode序列以区分来源于不同样品的序列, 同时尽可能使用较低的循环数, 且不同样品扩增的循环数尽量保持一致。25 μL扩增体系如下: 5×FastPfu Buffer 5 μL, 2.5 mmol·L⁻¹ dNTPs 2.5 μL, 正反向引物($5\text{ }\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$)各1.0 μL, FastPfu Polymerase 0.5 μL, BSA 0.25 μL, 模板cDNA 12.5 ng, 剩余体积用超纯水补齐。PCR样品寄送至上海美吉生物医药科技有限公司, 利用公司的Illumina MiSeq PE300平台标准流程进行测序。试验过程中, 根据具体扩增效果进行调整或优化来提高测序质量, 方便为下游分析提供更多的群落结构信息。

1.4 高通量数据分析

高通量数据分析基于美吉生物云平台(<https://cloud.majorbio.com/>)。将序列同源性≥97%的序列归为同一类操作单元(OTU), 完成Ace指数、Chao1指数和Shannon指数计算, 物种群落结构分析、样本比

较分析。采用R软件(version 3.2.5)vegan数据包基于bray-curtis距离进行PCoA分析。使用R中的“igraph”包, 在Spearman相关的基础上保留出现超过30%的OTU用于网络构建。使用交互式平台Cytoscape 3.7.1来识别模块(生态集群)并生成网络图及获得相关信息, 包括节点数(Number of nodes)、连线数(link)、平均连通度(Avg. number of neighbors)、图密度(network density)、网络异构性(network heterogeneity)、平均路径长(average path length)、平均聚类系数(average clustering coefficient)和模块性(modularity)等。

1.5 可培养细菌功能基因丰度

以可培养细菌总DNA为模板, 利用美格基因公司的高通量qPCR功能基因芯片技术进行功能基因的丰度检测。用高通量自动微量加样设备分别将样品板和引物板试剂添加至高通量qPCR芯片的纳米孔中, 在SmartChip Real-Time PCR System中实行qPCR反应及荧光信号检测, 并自动生成扩增曲线和溶解曲线。使用Canco软件获得各基因在各样本中的检出情况和Ct值(扩增循环数), 并以16S rRNA作为内参对数据进行标准化, 得到每个基因在样本中的相对定量。根据Roche仪器检测获得16S rRNA基因的绝对定量信息, 经过换算获得其它基因的绝对定量信息。

1.6 数据分析

利用IBM Statistical Product and Service Solutions (SPSS) Statistics for Windows (Version 26)进行单因素ANOVA和Pearson相关性分析, 采用Duncan显著差异法分析处理间在 $P<0.05$ 水平上的差异显著性。

2 结果与分析

2.1 细菌群落α多样性

通过对鄱阳湖湿地土壤全部细菌(包括可培养和不可培养细菌, AW)、湿地周边土壤全部细菌(AS)、湿地可培养细菌(CW)和湿地周边土壤可培养细菌(CS)进行测序分析, 每个样品平均获得32 662~43 737条序列, 共计877 379条有效序列。基于最小序列数目对所有样品进行随机抽平后进行后续分析。如表1所示, 相同采样地点的土壤全部细菌群落的OTU数量是可培养细菌群落OTU数量的约20倍, 其α多样性指数也显著高于可培养细菌($P<0.05$)。比较湿地土壤和湿地周边土壤细菌多样性, 虽然湿地土壤全部细菌(AW)群落的Shannon指数和湿地周边土壤全部细菌(AS)差异表现不显著, 但湿地周边土壤细菌群落的Ace指数和Chao1指数分别显著高于湿地土壤细菌18.45%和18.35%; 比较不同

采样地点可培养细菌群落多样性指数, 湿地周边土壤可培养细菌(CS) Shannon 指数显著高于湿地可培

养细菌(CW)样品, 但不同取样地点的 Ace 指数和 Chao 1 指数差异不显著($P < 0.05$).

表 1 湿地和周边土壤全部细菌及可培养细菌 α 多样性指数¹⁾

Table 1 The α -diversity index of total soil bacterial and culturable bacterial communities in wetland soil and wetland surrounding soil

土壤样品	OTU 数量	细菌多样性指数		
		Ace	Chao 1	Shannon
土壤全部细菌	湿地土壤(AW)	897	899+103b	6.29+0.10a
	湿地周边土壤(AS)	1 060	1 065+187a	6.17+0.69a
可培养细菌	湿地土壤(CW)	41	40+4c	1.32+0.09c
	湿地周边土壤(CS)	51	51+3c	1.99+0.09b

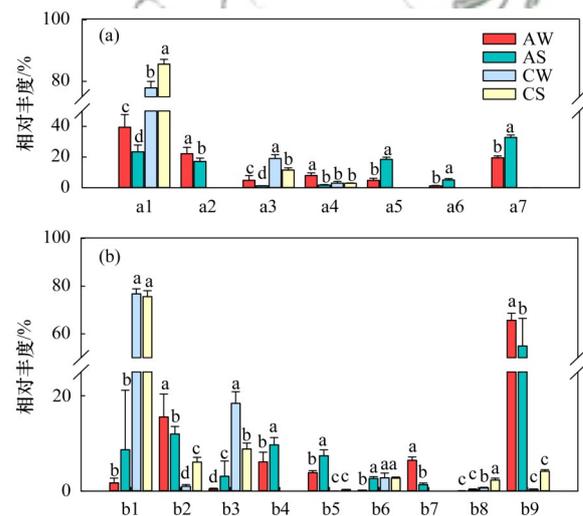
1) 同列数值后不同小写字母表示不同样品间差异显著($P < 0.05$)

2.2 土壤细菌群落结构组成和 β 多样性分析

基于门(phylum)水平分析鄱阳湖湿地土壤细菌群落结构组成发现[图 2(a)], 湿地土壤(AW)和湿地周边土壤(AS)中共有的细菌优势菌门(相对丰度 $> 10\%$) 为变形菌门(Proteobacteria, 39.43% 和 23.44%) 和酸杆菌门(Acidobacteriota, 22.25% 和 17.12%), 且这两个优势菌门在湿地土壤中的相对丰度均显著高于湿地周边土壤($P < 0.05$), 此外, 在湿地周边土壤中的优势菌门还包括绿弯菌门(Chloroflexi, 18.55%), 但在湿地土壤中 Chloroflexi 的相对丰度仅为 4.77%. 同时, 在湿地土壤中发现的主要菌门(相对丰度 $> 1\%$) 还包括放线菌门(Actinobacteriota, 8.00%)、厚壁菌门(Firmicutes, 4.80%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 4.77%) 和热脱硫杆菌门(Desulfobacterota, 1.20%); 在湿地周边土壤中获得的主要菌门与湿地土壤相同, 但相对丰度均表现差异显著, 其中 Actinobacteriota 和 Firmicutes 的相对丰度分别降低了 344% 和 300%, Desulfobacterota 相对丰度增加了 317%. 湿地土壤(CW)和湿地周边土壤(CS)可培养细菌群落的优势菌门中均含有 Proteobacteria、Firmicutes 和 Actinobacteriota, 相对丰度分别为 77.9% 和 85.6%、19.11% 和 11.52%、2.98% 和 2.86%. 其中, Proteobacteria 和 Firmicutes 在不同地点土壤样品中相对丰度存在显著差异, 而 Actinobacteriota 相对丰度表现差异不显著($P < 0.05$).

在目(order)水平上[图 2(b)], 湿地土壤(AW)中伯克氏菌目(Burkholderiales)、厌氧绳菌目(Anaerolineales)和酸杆菌目(Acidobacteriales)相对丰度最高, 分别为 15.54%、6.45% 和 6.12%, 而湿地周边土壤(AS)的优势菌目(相对丰度 $> 5\%$) 为 Burkholderiales、Acidobacteriales、假单胞菌目(Pseudomonadales)和根瘤菌目(Rhizobiales), 相对丰度分别为 11.97%、9.70%、8.67% 和 7.41%, 与湿地土壤差异显著($P < 0.05$). Pseudomonadales(76.79%)、

芽孢杆菌目(Bacillales, 18.41%)、微球菌目(Micrococcales, 2.77%) 和粘类芽孢杆菌目(Paenibacillales, 0.66%) 是湿地可培养细菌(CW)的优势菌目; 而湿地周边土壤(CS)细菌的优势菌目除 Pseudomonadales(75.62%)、Bacillales(8.83%)、Micrococcales(2.72%) 和 Paenibacillales(2.30%) 外, 还获得了伯克氏菌目(Burkholderiales, 6.08%).



(a) 门水平: a1. Proteobacteria, a2. Acidobacteriota, a3. Firmicutes, a4. Actinobacteriota, a5. Chloroflexi, a6. Desulfobacterota, a7. Others; (b) 目水平: b1. Pseudomonadales, b2. Burkholderiales, b3. Bacillales, b4. Acidobacteriales, b5. Rhizobiales, b6. Micrococcales, b7. Anaerolineales, b8. Paenibacillales, b9. Others; AW 表示湿地土壤全部细菌; AS 表示湿地周边土壤全部细菌; CW 表示湿地土壤可培养细菌; CS 表示湿地周边土壤可培养细菌; 不同小写字母表示不同采样地及不同方法获得的土壤细菌差异显著性($P < 0.05$)

图 2 湿地土壤和周边土壤主要细菌在门和目水平上的相对丰度
Fig. 2 Relative abundance of dominant bacteria at phylum and order levels in wetland soil and wetland surrounding soil

在属(genus)水平, AW、AS、CW 和 CS 分别有 430、605、27 和 36 个属. 湿地土壤和周边土壤主要细菌在属水平上的相对丰度如表 2 所示, 湿地土壤(AW)细菌优势菌属(相对丰度 $> 2\%$) 主要集中在 *Sideroxydans* (3.96%)、*HSB_OF53 - F07* (2.54%) 和 *Thiobacillus* (2.04%); 而湿地周边土壤(AS)的优势菌属主要表现为 *Pseudomonas* (8.50%)、

Rhodanobacter (3.55%)、*Bryobacter* (2.62%) 和 *Bacillus* (2.52%)。除 *Pseudomonas*、*Bacillus*、*Brevundimonas*、*Paenibacillus* 和 *Lysinibacillus* 外, 其余属的相对丰度均表现差异显著。此外, 在湿地土壤和周边土壤中还检测到了大量的 unclassified 和 norank 细菌, 其相对丰度在湿地土壤中高于在周边土壤, 湿地土壤中检测到的 *Sideroxydans* (3.96%) 和 *RBG-16-58-14* (1.01%) 在周边土壤中未检测到。但是在湿地土壤

中的 Others 菌属占 30.54%, 显著低于周边土壤 (43.65%)。对于可培养细菌, 湿地土壤 (CW) 和周边土壤 (CS) 中主要发现的属包括 *Pseudomonas* 和 *Bacillus*, 其相对丰度在两种土壤中分别占比 76.77% 和 75.62%, 16.46% 和 7.06%。除此还发现少量的 *Brevundimonas*、*Paenibacillus*、*Cupriavidus*、*Lysinibacillus* 属以及尚未确定的菌属 (unclassified) 和其他菌属 (Others)。

表 2 湿地土壤和周边土壤细菌在属水平上的相对丰度/%

Table 2 Relative abundance of dominant bacteria in wetland soil and wetland surrounding soil at genus level/%

项目	湿地土壤 (AW)	湿地周边土壤 (AS)	湿地土壤可培养细菌 (CW)	湿地周边土壤可培养细菌 (CS)
<i>Pseudomonas</i>	1.71b ¹⁾	8.50b	76.77a	75.62a
<i>Bacillus</i>	0.37c	2.52c	16.46a	7.06b
<i>Sideroxydans</i>	3.96	— ²⁾	—	—
<i>Rhodanobacter</i>	0.10b	3.55a	—	—
<i>Brevundimonas</i>	0.04b	0.02b	0.01b	3.57a
<i>Paenibacillus</i>	0.04c	0.26c	0.66b	2.28a
<i>Bryobacter</i>	0.51b	2.62a	—	—
<i>HSB_OF53-F07</i>	2.54a	0.21b	—	—
<i>Candidatus_Solibacter</i>	0.80b	1.90a	—	—
<i>Thiobacillus</i>	2.04a	0.15b	—	—
<i>Cupriavidus</i>	0.04c	0.18b	0.32b	1.58a
<i>Ellin6067</i>	0.35b	1.67a	—	—
<i>Bradyrhizobium</i>	0.75b	1.22a	—	—
<i>Lysinibacillus</i>	0.02c	0.16c	0.68b	0.92a
<i>Sh765B-TzT-35</i>	1.55a	0.22b	—	—
<i>Anaeromyxobacter</i>	1.43a	0.31b	—	—
<i>Spirochaeta</i>	1.60a	0.11b	—	—
<i>MND1</i>	0.29b	0.80a	—	—
<i>RBG-16-58-14</i>	1.01	—	—	—
<i>Massilia</i>	0.09b	0.89a	—	—
<i>Gemmatimonas</i>	0.04b	0.88a	—	—
unclassified ³⁾	11.90a	5.66b	2.79b	6.71b
norank ⁴⁾	38.28a	24.52b	—	—
Others	30.54b	43.65a	2.31c	2.26c

1) 不同小写字母表示不同处理之间细菌属的相对丰度差异显著 ($P < 0.05$); 2) “—”表示该属细菌未被检测到; 3) 未分类细菌属, 包括: *unclassified_f_Micrococcaceae*、*unclassified_k_norank_d_Bacteria*、*unclassified_f_Gallionellaceae*、*unclassified_o_Burkholderiales*、*unclassified_f_Geobacteraceae*、*unclassified_f_Xanthobacteraceae* 和 *unclassified_f_Comamonadaceae*; 4) 包括 *norank_f_norank_o_Acidobacteriales*、*norank_f_Anaerolineaceae*、*norank_f_norank_o_RBG-13-54-9*、*norank_f_norank_o_Vicinamibacteriales*、*norank_f_norank_o_Subgroup_2*、*norank_f_norank_o_norank_c_4-29-1*、*norank_f_norank_o_norank_c_norank_p_Sva0485*、*norank_f_norank_o_Rokubacteriales*、*norank_f_norank_o_Subgroup_7*、*norank_f_Xanthobacteraceae*、*norank_f_SC-1-84*、*norank_f_norank_o_norank_c_Thermodesulfonibionia*、*norank_f_norank_o_norank_c_norank_p_MBNT15*、*norank_f_Gemmatimonas*、*norank_f_norank_o_Gaiellales*、*norank_f_norank_o_norank_c_norank_p_Latescibacterota*、*norank_f_Gemmatimonadaceae*、*norank_f_Pirellulaceae*、*norank_f_norank_o_norank_c_norank_p_RCP2-54*、*norank_f_norank_o_norank_c_norank_p_Desulfobacterota*、*norank_f_norank_o_SBR1031*、*norank_f_BSV26* 和 *norank_f_norank_o_Subgroup_17*

基于 Bray-curits 距离在 OTU 水平上进行细菌群落的 PCoA 分析 (图 3), 可以看出, PCoA1 和 PCoA2 两者对鄱阳湖湿地及周边土壤细菌群落变异的解释度为 63.82%。不同样点分布较为分散, 表征微生物群落组间差异的 ANOSIM 和 ADONIS 参数也均体现为差异显著。

2.3 湿地土壤及周边土壤细菌群落网络分析

如图 4 所示, 对湿地土壤和周边土壤细菌群落的

网络关系进行构建, 并在门水平上将节点以不同颜色进行区分。网络参数分析可以看出, 各样品网络模块化指数均大于 0.4, 表明细菌群落结构具有模块结构。AS 细菌网络的节点数、连线数、平均连通度、网络密度、网络异构性和平均聚类系数均显著高于 AW, 但 AS 细菌网络结构的平均路径长度和模块性相对较小 (表 3)。与 AS 相比, AW 网络结构更为复杂。CW 和 CS 的网络节点数和连线数均明显小于 AW 和 AS。

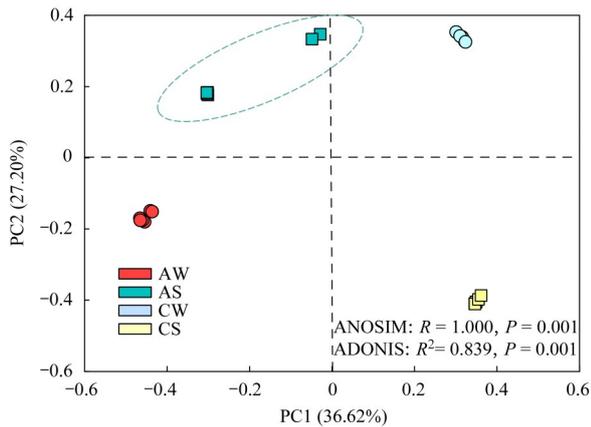


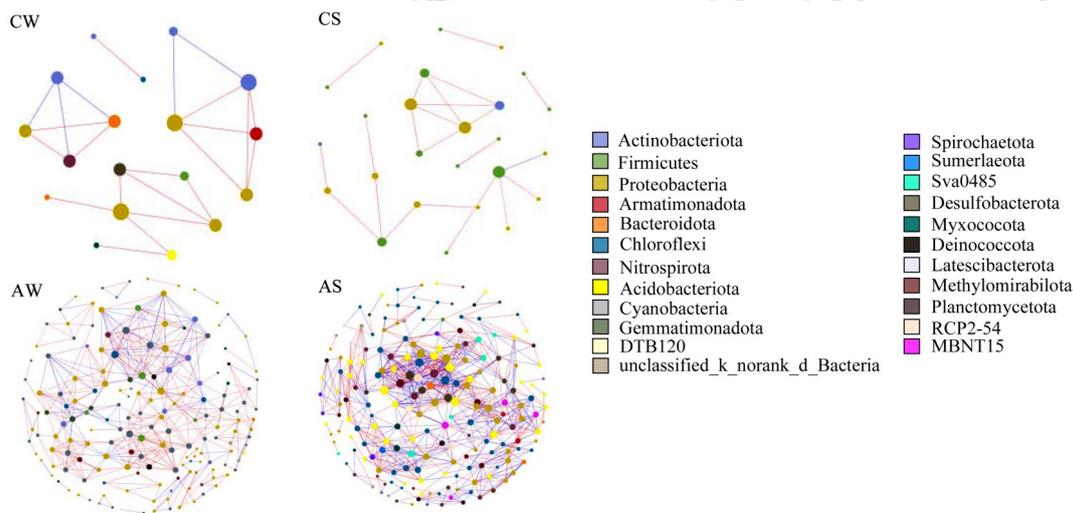
图3 湿地和周边土壤细菌及可培养细菌 PCoA 分析

Fig. 3 Principal coordinates analysis (PCoA) of total soil bacterial and the culturable bacterial communities in wetland soil and wetland surrounding soil

2.4 湿地土壤和周边土壤可培养细菌功能基因丰度

通过比较湿地土壤和湿地周边土壤可培养细菌的功能基因丰度发现, CW 和 CS 中参与 C 降解、C

固定、N 循环、P 循环、S 循环和甲烷代谢的功能基因丰度存在明显不同(图 5), 各功能基因丰度总体呈现 CW 高于 CS, 尤以参与 N 循环的 *nirS1* 基因、C 降解的 *abfA*、*isoP* 和 *amyX* 基因表现最为突出; 仅少数基因表现为 CS 高于 CW, 如 P 循环功能基因 *phoD* 基因丰度在 CS (8.5×10^6) 中明显高于 CW (1.4×10^6), 编码 S 循环基因中的 *SoxY* 拷贝数在 CS 中略高于 CW. 参与 CW 各循环的功能基因中, N 循环功能基因平均拷贝数 (2.76×10^6) 最多, 其次为 C 固定基因 (1.83×10^6) 和 P 循环基因 (7.45×10^5), 拷贝数最多的基因为编码 N 循环功能中的 *nirS1* 基因 (2.53×10^7)、*UreC* 基因 (2.18×10^7) 和 C 固定功能中的 *acsE* 基因 (6.27×10^6); 而在 CS 的功能基因中, 编码 P 循环基因平均拷贝数 (1.40×10^6) 最多, 其次为 N 循环基因 (8.54×10^5) 和 C 固定基因 (7.98×10^5), 拷贝数最多的基因为编码 N 循环功能中的 *UreC* 基因 (1.28×10^7)、P 循环功能中的 *phoD* 基因 (8.45×10^6) 和 C 固定功能中的 *acsE* 基因 (1.75×10^6).



每个节点代表 1 个 OTU; 不同颜色的节点表示不同细菌菌门

图4 鄱阳湖湿地土壤和周边土壤细菌网络结构

Fig. 4 Network structures of bacterial community in wetland soil of Poyang Lake soil and wetland surrounding soil

表3 鄱阳湖湿地土壤和周边土壤细菌群落网络参数

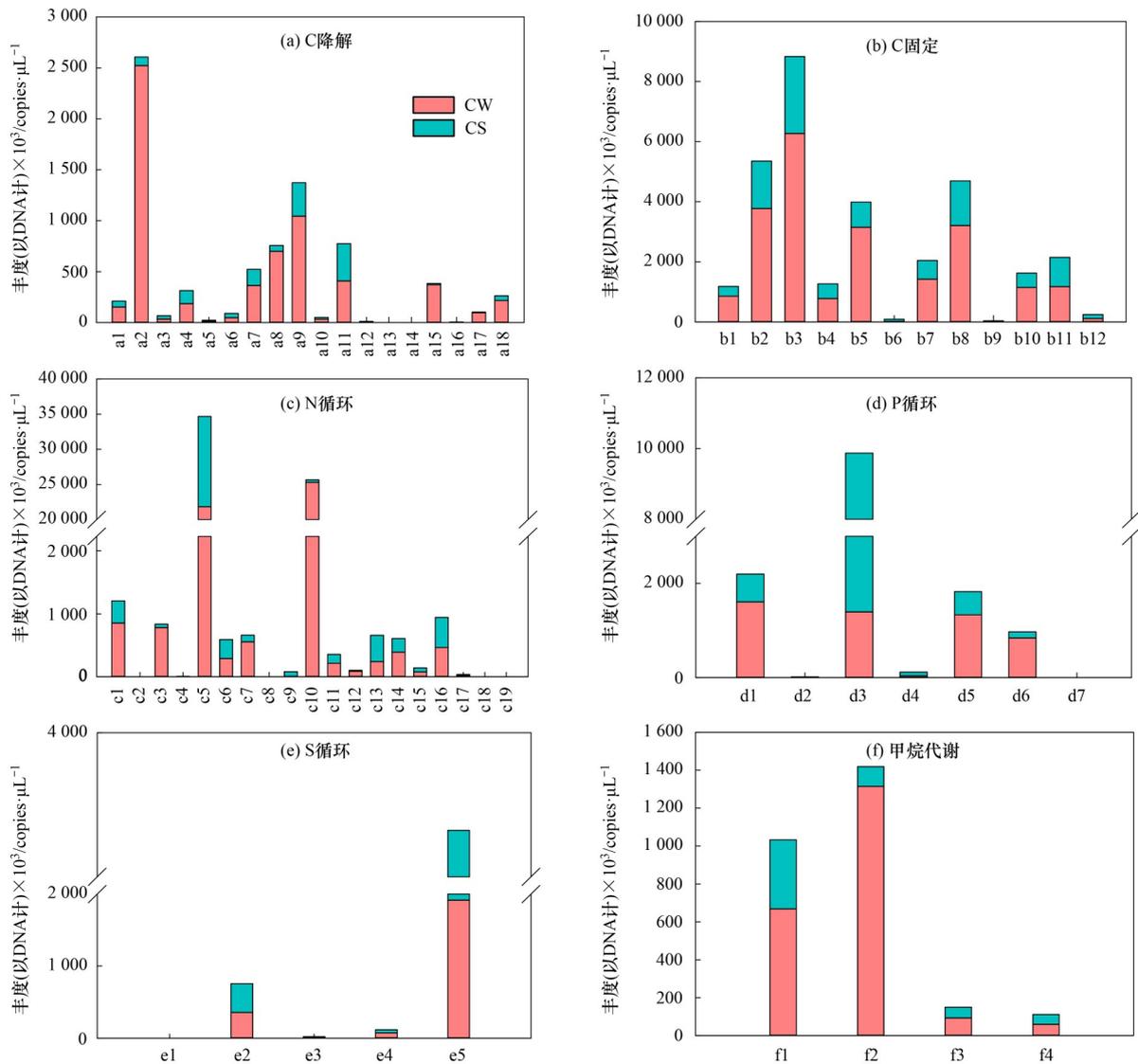
Table 3 Parameters of bacterial network in wetland soil of Poyang Lake soil and wetland surrounding soil

处理	节点数	连线数	平均连通度	网络密度	网络异构性	平均路径长	平均聚类系数	模块性
湿地土壤细菌(AW)	171	485	5.673	0.033	0.724	5.410	0.545	0.711
湿地周边土壤细菌(AS)	199	839	8.432	0.043	0.738	4.549	0.576	0.646
湿地土壤可培养细菌(CW)	18	23	2.556	0.150	0.396	1.579	0.774	0.688
湿地周边土壤可培养细菌(CS)	25	22	1.760	0.073	0.607	1.778	0.433	0.752

3 讨论

湿地是介于水生和陆生生态系统之间的一种特殊生态系统, 微生物在湿地生态系统中发挥着重要的作用. 为了探明鄱阳湖湿地土壤微生物多样性和

群落结构特征, 本研究选取湿地周边土壤为对照, 所选取的湿地外围周边土壤属于陆生生态系统, 与湿地土壤生态环境差异较大. 从研究结果看, 鄱阳湖湿地土壤细菌群落的 Ace 指数和 Chao1 指数显著低于湿地周边土壤, 在属水平上相对丰度表现较低



a1. *CDH*, a2. *abfA*, a3. *exg*, a4. *mnp*, a5. *gmGDH*, a6. *glx*, a7. *gam*, a8. *amyX*, a9. *manA*, a10. *chiA*, a11. *xylA*, a12. *exoPG*, a13. *pox*, a14. *naglu*, a15. *ispP*, a16. *apu*, a17. *amyA*, a18. *lig*, b1. *rbcL*, b2. *korA*, b3. *acsE*, b4. *accA*, b5. *mct*, b6. *cdaR*, b7. *aclB*, b8. *acsA*, b9. *acsB*, b10. *pccA*, b11. *smtA*, b12. *frdA*, c1. *narG*, c2. *nasA*, c3. *nirS2*, c4. *nirK1*, c5. *UreC*, c6. *nosZ1*, c7. *amoB*, c8. *nxrA*, c9. *napA*, c10. *nirS1*, c11. *nirS3*, c12. *nirK2*, c13. *gdh*, c14. *nifH*, c15. *niK3*, c16. *nosZ2*, c17. *hzsB*, c18. *amoA2*, c19. *hao*, d1. *phnK*, d2. *ppk3*, d3. *phoD*, d4. *bpp*, d5. *pqqC*, d6. *ppx*, d7. *phoX*, e1. *dsrB*, e2. *SoxY*, e3. *dsrA*, e4. *apsA*, e5. *YedZ*, f1. *pmoA*, f2. *emGDH*, f3. *mmoX*, f4. *mxa*; a13, a14, c2, c8, c18, c19, d7 and e1 在 CW 和 CS 中的相对丰度 $< 8 \times 10^3$ copies · μL⁻¹

图5 参与湿地土壤和湿地周边土壤碳氮磷硫循环的可培养细菌功能基因丰度

Fig. 5 Functional genes abundance of culturable bacteria involved in C/N/P/S cycling in wetland soil of Poyang Lake and surrounding soil

的 Others 在湿地周边土壤中也显著高于湿地土壤。可见, 湿地土壤的细菌多样性没有周边土壤丰富。同时, 从土壤细菌的网络结构分析也可以看出, 湿地土壤的细菌网络结构比周边土壤更为单一。陈伟等^[21]对青藏高原不同类型草地生态系统土壤可培养细菌多样性进行研究, 不同类型生态系统细菌多样性变化与相邻生态系统的差异性符合物种-区域的关系, 即微生物应对不同系统间的环境异质性表现出了特定的环境偏好。本研究结果表明, 环境异质性的偏好同样也会影响湿地土壤的细菌多样性。也有研究表明, 这种特异性的微生物群落可能是受湿地土壤的淹水频率驱动而形成的^[22,23]。

有学者对我国高原湿地、内陆湿地和滨海湿地的细菌群落研究发现, 在不同湿地中变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门、绿弯菌门、厚壁菌门和放线菌门等均表现为优势菌门^[24-26]。本研究采用了高通量测序方法对鄱阳湖湿地土壤细菌群落进行研究也获得了相似的结果。可见, 从微生物群落结构看, 鄱阳湖湿地土壤表现出了典型的湿地土壤细菌群落结构特征。变形菌门、酸杆菌门、放线菌门、厚壁菌门、绿弯菌门和热脱硫杆菌门在鄱阳湖湿地土壤和湿地周边土壤中均被发现, 且不同菌门在不同土壤环境中相对丰度均表现差异显著 ($P < 0.05$)。其中, 变形菌门和酸杆菌门属于两个土壤采集地点的优势菌

门. 变形菌门是细菌中最大的一个门, 在多种生态系统中广泛分布, 如在高寒、高温、高酸的土壤或是人体肠道中均有被发现, 且扮演着重要的生态角色, 不仅参与着环境中的碳、氮和硫等物质循环, 而且在污水处理、生物固氮和调节肠道菌群等方面也发挥着重要的作用^[27]. 值得一提的是, 在本研究中湿地土壤中表现丰度较高且与湿地周边土壤有显著差异的属 *Sideroxydans* (3.96%) 和 *Thiobacillus* (硫杆菌属, 2.04%) 均隶属于变形菌门、 γ 变形菌纲 (Gammaproteobacteria)、伯克氏菌目 (Burkholderiales), *Sideroxydans* 和 *Thiobacillus* 均属于环境中常见的功能菌属, *Sideroxydans* 与固氮紧密相关^[28, 29], *Thiobacillus* 在脱硫反硝化和除臭中发挥着重要作用, 在城市黑臭水体沉积物中常作为优势菌属出现^[30, 31], *Sideroxydans* 和 *Thiobacillus* 在湿地生态系统中发挥的具体功能有待于进一步研究. 酸杆菌门是土壤环境中仅次于变形菌门的第二大菌门, 其数量占土壤细菌总数的 20%, 甚至高达 50% 以上^[32, 33], 具有降解植物残体多聚物、参与光合作用和单碳化合物代谢等多种生态功能^[32]. 从本研究可以看出, 在湿地土壤这一特殊生态类型中酸杆菌门的相对丰度仍较高, 且高于周边陆地生态系统. 绿弯菌门和热脱硫杆菌门在湿地土壤中的相对丰度显著低于湿地周边土壤. 研究发现, 绿弯菌门和热脱硫杆菌门与环境中的降雨量或硫酸盐浓度等因素有关^[34]. 因此, 湿地周边土壤绿弯菌门和热脱硫杆菌门相对丰度的增加可能与其含水量和盐含量的差异有关. 在属水平上, 湿地周边土壤中的优势菌属 *Pseudomonas* (8.50%)、*Rhodanobacter* (3.55%)、*Bryobacter* (2.62%) 和 *Bacillus* (2.52%) 的相对丰度均显著高于在鄱阳湖湿地土壤中表现的丰度, 周边环境中的部分优势菌属为植物促生菌^[35-37], 可在植物生长过程中发挥着合成 IAA、解盐、降解乙烯等多种促生作用. 在湿地土壤中 unclassified 和 *norank* 细菌菌属相对丰度显著高于湿地周边土壤. 可见, 湿地环境具有更多的未知菌属有待进一步研究和开发. 综上, 湿地土壤因其特殊的生境已经逐渐演替成了与周边土壤分布完全不同的细菌菌群结构.

为了获得并利用土壤环境中的功能菌株, 目前仍然多采用传统的可培养方法, 即通过连续稀释将不同稀释度的土壤悬液均匀地涂布于固体培养基上, 待微生物生长繁殖形成肉眼可见的菌落后, 根据菌落的大小、形态、颜色等特点逐一挑取并培养. 但是可培养方法有一定的局限性, 一是在连续稀释的过程中, 数量上占弱势的微生物极可能被遗漏^[38], 二是在从培养基挑取单菌落的过程中, 往往

操作者会根据主观判断造成对部分菌株的忽视, 进而会失去部分菌落资源. 为了全面了解可培养微生物的分类和功能信息, 进一步有针对性地获得可培养功能细菌提供依据, 李凯凯等^[38]采用无菌水多次冲洗培养基表面, 再提取水溶液中的总 DNA 后进行高通量测序的方法. 本研究为了获得尽可能更多的菌体, 在可培养细菌菌体的收集上对前人所用的方法进行了综合. 同时, 鉴于有研究表明土壤环境中的绝大部分微生物可能处于“寡营养”生活状态^[38], 为了不丢失“寡营养”细菌的信息, 本研究将细菌通用 LB 培养基进行了“寡营养”处理, 培养过程中选用了 1/10 的 LB 培养基, 发现可培养法富集的细菌 OTU 数量约为土壤全部细菌数量的 5%, 而在获得的可培养细菌中, 除了常见的且广泛应用的 *Pseudomonas* 和 *Bacillus* 外, 在湿地周边土壤中还获得了 *Brevundimonas* (短波单胞菌属)、*Paenibacillus* (多粘类芽孢杆菌) 和 *Cupriavidus* (贫铜菌), 这 3 个菌种在环境治理和农业等领域也有应用^[39-42], 但本研究中这 3 种菌属在湿地土壤全部细菌或是湿地周边土壤全部细菌相对丰度中表现并不突出 (均 < 0.3%). 可见, 将高通量测序数据与传统的可培养方法结合更能全面、准确地反映土壤环境中的微生物特征. 本研究测序结果也发现酸杆菌门是丰度较高的门, 但其在可培养细菌中所占比例并不高, 再次印证了酸杆菌门虽在湿地土壤或周边土壤中广泛存在, 但具有难培养或不可培养的特点^[32]. 但为了获取更多的微生物菌种资源, 未来可优化获取可培养细菌的方法, 定向富集或筛选多样性更为丰富的特异微生物菌种, 开展更多关于湿地土壤环境中菌株生理特征、元素循环功能的研究.

进一步对湿地和周边土壤可培养细菌参与主要元素循环的功能基因丰度进行分析发现, 与可培养细菌多样性研究结果相反, 除极少几个功能基因外, 绝大多数功能基因在湿地中的丰度均明显高于周边土壤, 佐证了湿地土壤和周边土壤可能具有不同的养分循环过程. 其中, 参与 C 固定的功能基因丰度高于 C 降解的功能基因丰度, 但同时湿地参与甲烷代谢的功能基因丰度也较高. 因此, 目前湿地和周边土壤有机碳积累过程是否大于消耗过程尚未可知. 参与氮循环的功能基因中, 与氮矿化过程相关的 *UreC* 基因和反硝化过程相关的 *nirSI* 基因在湿地土壤中远高于周边非湿地土壤, 上述两个基因参与的氮循环过程均与氮的损耗有关, 表明湿地土壤比非湿地土壤可能会有更多的氮消耗. 张杰等^[43]的研究也表明, 与不同年限围垦土壤相比, 湿地土壤总氮含量最低. 参与 P 循环的 *phoD* 基因丰度在周

边土壤中明显高于湿地土壤, *phoD* 基因是碱性磷酸酶基因家族 3 种类型之一, 也被认为是土壤中最重要碱性磷酸酶基因, 其编码的碱性磷酸酶驱动土壤有机磷矿化并可释放生物有机磷, 因此, 该基因也可以作为监测生态系统中编码碱性磷酸酶细菌多样性和分布的标记基因^[44]. 参与 S 循环的功能基因主要有 *SoxY* 和 *YedZ*, 两者在湿地土壤和非湿地土壤中丰度差异不明显. 日后可进一步对可培养菌株进行分离纯化, 开展关于菌株生理功能、靶标基因和基因组学分析, 完善可培养细菌数据库, 从基因水平揭示其对元素循环所发挥的具体作用, 并将其应用到农业生产和环境修复等.

4 结论

(1) 湿地土壤细菌群落结构多样性低于周边土壤, 两种土壤生境下细菌群落结构组成存在一定差异, 湿地土壤的优势菌门为变形菌门和酸杆菌门, 优势菌目为伯克氏菌目、厌氧绳菌目和酸杆菌目, 且相比较周边土壤, 湿地土壤网络结果较简单.

(2) 采用可培养方法获得的两种土壤生境下细菌群落多样性差异不明显, 优势菌门中均含有变形菌门、厚壁菌门和放线菌门, 其中, 变形菌门和厚壁菌门在不同生境土壤样品中相对丰度存在显著差异, 而放线菌门相对丰度表现差异不显著.

(3) 大部分参与土壤 C/N/P/S 循环的功能基因在湿地中的丰度均明显高于在周边土壤的丰度, 预示了湿地土壤和周边土壤具有不同的养分循环过程.

参考文献:

- [1] Cao J J, Wang H R, Holden N M, *et al.* Soil properties and microbiome of annual and perennial cultivated grasslands on the Qinghai-Tibetan Plateau [J]. *Land Degradation & Development*, 2021, **32**(18): 5306-5321.
- [2] 王竹, 刘扬, 王芳, 等. 黑河上游不同植被类型土壤细菌群落多样性、功能及季节动态[J]. *环境科学*, 2023, **44**(11): 6339-6353.
Wang Z, Liu Y, Wang F, *et al.* Effects of vegetation types and seasonal dynamics on the diversity and function of soil bacterial communities in the upper reaches of the Heihe River [J]. *Environmental Science*, 2023, **44**(11): 6339-6353.
- [3] 朱永官, 沈仁芳. 中国土壤微生物组[M]. 杭州: 浙江大学出版社, 2022.
Zhu Y G, Shen R F. *China soil microbiome initiative* [M]. Hangzhou: Zhejiang University Press, 2022.
- [4] 马姣娇, 高常军, 易小青, 等. 广东海丰湿地生态恢复进程中不同生境的土壤微生物特征分析[J]. *环境科学*, 2023, **44**(5): 2908-2917.
Ma J J, Gao C J, Yi X Q, *et al.* Characteristics of soil microbial community in different habitats in the process of ecological restoration of Haifeng wetland in Guangdong [J]. *Environmental Science*, 2023, **44**(5): 2908-2917.
- [5] 王焯屹, 王瑞菲, 钟玮, 等. 黄河三角洲湿地土壤中功能微生物群落的结构特征和影响因素研究进展[J]. *湿地科学*, 2022, **20**(1): 111-118.
Wang H Y, Wang R F, Zhong W, *et al.* Advance in structural characteristics and influence factors of functional microbial communities in the soils of the wetlands in the Yellow River Delta [J]. *Wetland Science*, 2022, **20**(1): 111-118.
- [6] Li X, Cheng M Q, Jiao X X, *et al.* Advances in microbial electrochemistry-enhanced constructed wetlands[J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2022, **38**(12), doi: 10.1007/s11274-022-03413-2.
- [7] Deng J M, Xiao T F, Fan W J, *et al.* Relevance of the microbial community to Sb and As biogeochemical cycling in natural wetlands [J]. *Science of the Total Environment*, 2022, **818**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.151826.
- [8] Qu W D, Xie B H, Hua H, *et al.* Long-term nitrogen enrichment accelerates soil respiration by boosting microbial biomass in coastal wetlands[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2022, **175**, doi: 10.1016/j.soilbio.2022.108864.
- [9] 江玉梅, 张晨, 黄小兰, 等. 重金属污染对鄱阳湖底泥微生物群落结构的影响[J]. *中国环境科学*, 2016, **36**(11): 3475-3486.
Jiang Y M, Zhang C, Huang X L, *et al.* Effect of heavy metals in the sediment of Poyang Lake estuary on microbial communities structure base on Mi-seq sequencing [J]. *China Environmental Science*, 2016, **36**(11): 3475-3486.
- [10] 林春英, 李希来, 张玉欣, 等. 黄河源区高寒沼泽湿地土壤微生物群落结构对不同退化的响应[J]. *环境科学*, 2021, **42**(8): 3971-3984.
Lin C Y, Li X L, Zhang Y X, *et al.* Responses of different degradation stages of alpine wetland on soil microbial community in the Yellow River source zone [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(8): 3971-3984.
- [11] 王鹏, 陈波, 张华. 基于高通量测序的鄱阳湖典型湿地土壤细菌群落特征分析[J]. *生态学报*, 2017, **37**(5): 1650-1658.
Wang P, Chen B, Zhang H. High throughput sequencing analysis of bacterial communities in soils of a typical Poyang Lake wetland [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, **37**(5): 1650-1658.
- [12] Kou W B, Zhang J, Lu X X, *et al.* Identification of bacterial communities in sediments of Poyang Lake, the largest freshwater lake in China [J]. *SpringerPlus*, 2016, **5**(1), doi: 10.1186/s40064-016-2026-7.
- [13] 刘淑丽, 简敏菲, 邹龙, 等. 鄱阳湖白鹤保护区微塑料表面微生物群落结构特征[J]. *环境科学*, 2022, **43**(3): 1447-1454.
Liu S L, Jian M F, Zou L, *et al.* Microbial community structure on microplastic surface in the *Grus leucogeranus* reserve of Poyang Lake [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(3): 1447-1454.
- [14] 钟辉. 鄱阳湖水体和沉积物细菌群落时空动态与构建过程研究[D]. 南昌: 南昌大学, 2022.
Zhong H. *Spatial-temporal dynamics and assembly of bacterial communities in water and sediment of Poyang Lake* [D]. Nanchang: Nanchang University, 2022.
- [15] 刘亚军. 水文驱动下鄱阳湖湿地土壤有机碳存储和转化的微生物学机制研究[D]. 南昌: 南昌大学, 2022.
Liu Y J. *Microbiological Mechanism of soil organic carbon storage and transformation driven by hydrology in Poyang Lake wetland* [D]. Nanchang: Nanchang University, 2022.
- [16] 李秀清, 李晓红. 鄱阳湖湿地不同植物群落土壤养分及微生物多样性研究[J]. *生态环境学报*, 2019, **28**(2): 385-394.
Li X Q, Li X H. Variation of soil nutrients and microbial community diversity in the wetland of Poyang Lake [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2019, **28**(2): 385-394.
- [17] Jiang Y M, Chen J, Wang J F, *et al.* Linkage of soil organic matter composition and soil bacterial community structure as influenced by dominant plants and hydrological fluctuation in Poyang Lake [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2021, **21**(8): 2865-2881.
- [18] Ren Q, Yuan J H, Wang J P, *et al.* Water level has higher influence on soil organic carbon and microbial community in Poyang Lake wetland than vegetation type [J]. *Microorganisms*, 2022, **10**(1), doi: 10.3390/microorganisms10010131.
- [19] 黄琪, 方朝阳, 胡启武, 等. 鄱阳湖南矶湿地生态系统野外监测进展[J]. *湿地科学*, 2017, **15**(6): 781-788.

- Huang Q, Fang C Y, Hu Q W, *et al.* Progresses of wetland ecosystem field monitoring in Nanji wetland national nature reserve, south of Poyang Lake [J]. *Wetland Science*, 2017, **15** (6): 781-788.
- [20] Yu Y, Lee C, Kim J, *et al.* Group-specific primer and probe sets to detect methanogenic communities using quantitative real-time polymerase chain reaction [J]. *Biotechnology and Bioengineering*, 2005, **89**(6): 670-679.
- [21] 陈伟, 张威, 李师翁, 等. 青藏高原不同类型草地生态系统下土壤可培养细菌数量及多样性分布特征研究 [J]. *冰川冻土*, 2011, **33**(6): 1419-1426.
- Chen W, Zhang W, Li S W, *et al.* Features of soil cultivable microorganism quantity and diversity distribution under different alpine grassland ecosystems in Qinghai-Tibet plateau [J]. *Journal of Glaciology and Geocryology*, 2011, **33**(6): 1419-1426.
- [22] Rees G N, Watson G O, Baldwin D S, *et al.* Variability in sediment microbial communities in a semipermanent stream: impact of drought [J]. *Journal of the North American Benthological Society*, 2006, **25**(2): 370-378.
- [23] Mentzer J L, Goodman R M, Balsler T C. Microbial response over time to hydrologic and fertilization treatments in a simulated wet prairie [J]. *Plant and Soil*, 2006, **284**(1-2): 85-100.
- [24] An J X, Liu C, Wang Q, *et al.* Soil bacterial community structure in Chinese wetlands [J]. *Geoderma*, 2019, **337**: 290-299.
- [25] Song S S, Zhang C, Gao Y, *et al.* Responses of wetland soil bacterial community and edaphic factors to two-year experimental warming and *Spartina alterniflora* invasion in Chongming Island [J]. *Journal of Cleaner Production*, 2020, **250**, doi: 10.1016/j.jclepro.2019.119502.
- [26] Zhao D Y, Cao X Y, Huang R, *et al.* The heterogeneity of composition and assembly processes of the microbial community between different nutrient loading lake zones in Taihu Lake [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2017, **101**(14): 5913-5923.
- [27] 刘进, 冀瑞卿, 李冠霖, 等. 红松和蒙古栎菌根系统变形菌门细菌的群落多样性 [J]. *吉林农业大学学报*, 2023, doi:10.13327/j.jjlau.2023.0087.
- Liu J, Ji R Q, Li G L, *et al.* Diversity of Proteobacteria in the ectomycorrhizosphere of *Pinus koraiensis* and *Quercus mongolica* [J]. *Journal of Jilin Agricultural University*, 2023, doi:10.13327/j.jjlau.2023.0087.
- [28] Wang H H, Li X, Li X Y, *et al.* Community composition and co-occurrence patterns of diazotrophs along a soil profile in paddy fields of three soil types in China [J]. *Microbial Ecology*, 2021, **82** (4): 961-970.
- [29] 龚小雅, 石记博, 方凌, 等. 淹水对辣椒连作土壤化学性质与微生物群落结构的影响 [J]. *中国农业科学*, 2022, **55**(12): 2472-2484.
- Gong X Y, Shi J B, Fang L, *et al.* Effects of flooding on soil chemical properties and microbial community composition on farmland of continuous cropped pepper [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2022, **55**(12): 2472-2484.
- [30] Lu Q H, Liang Y Y, Fang W W, *et al.* Spatial distribution, bioconversion and ecological risk of PCBs and PBDEs in the surface sediment of contaminated urban rivers: A nationwide study in China [J]. *Environmental Science & Technology*, 2021, **55**(14): 9579-9590.
- [31] 程森, 路平, 冯启言. 渔业复垦塌陷地抗生素抗性基因与微生物群落 [J]. *环境科学*, 2021, **42**(5): 2541-2549.
- Cheng S, Lu P, Feng Q Y. Distribution of antibiotic resistance genes and microbial communities in a fishery reclamation mining subsidence area [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(5): 2541-2549.
- [32] 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展 [J]. *生物技术通报*, 2016, **32**(2): 14-20.
- Wang G H, Liu J J, Yu Z H, *et al.* Research progress of acidobacteria ecology in soils [J]. *Biotechnology Bulletin*, 2016, **32** (2): 14-20.
- [33] 刘彩霞, 董玉红, 焦如珍. 森林土壤中酸杆菌门多样性研究进展 [J]. *世界林业研究*, 2016, **29**(6): 17-22.
- Liu C X, Dong Y H, Jiao R Z. Research progress in acidobacteria diversity in forest soil [J]. *World Forestry Research*, 2016, **29**(6): 17-22.
- [34] Castro S P, Cleland E E, Wagner R, *et al.* Soil microbial responses to drought and exotic plants shift carbon metabolism [J]. *The ISME Journal*, 2019, **13**(7): 1776-1787.
- [35] 王沛媛. 混合菌共培养对聚乙烯地膜降解性研究及降解菌株 *Rhodanobacter soli* DCY45 全基因组序列分析 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2022.
- Wang P Y. Degradability of polyethylene mulching film by bacterial co-culture and whole genome sequence analysis of the degradative strain *Rhodanobacter soli* DCY45 [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2022.
- [36] 卢华丹. *Pseudomonas putida* Rs-198 的 IAA 合成途径探究及其与氮磷钾肥料协同促生特性研究 [D]. 石河子: 石河子大学, 2020.
- Lu H D. Study on IAA synthesis pathway of *Pseudomonas putida* Rs-198 and its synergistic properties with NPK fertilizer [D]. Shihezi: Shihezi University, 2020.
- [37] Wang A Q, Hua J, Wang Y Y, *et al.* Stereoisomers of nonvolatile acetylbutanediol metabolites produced by *Bacillus velezensis* WRN031 improved root elongation of maize and rice [J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2020, **68**(23): 6308-6315.
- [38] 李凯凯, 曹伟伟, 文昌丽, 等. 基于高通量测序的稀释平板计数细菌群落变化研究 [J]. *微生物学报*, 2022, **62**(11): 4447-4464.
- Li K K, Cao W W, Wen C L, *et al.* Assessment of differences between high-throughput sequencing and plate-dilution method for microbial ecology study of soils under distinct land use scenarios [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, **62**(11): 4447-4464.
- [39] 顾欣, 刘文辉, 杨环羽, 等. 有机磷农药广谱降解菌 A1A18 菌株 (*Brevundimonas* sp.) 的筛选、鉴定与降解特性分析 [J]. *西北农业学报*, 2019, **28**(11): 1896-1905.
- Gu X, Liu W H, Yang H Y, *et al.* Screening, identification and degradation characteristics of a broad-spectrum organophosphorus Pesticide-degrading bacteria strain A1A18 (*Brevundimonas* sp.) [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*, 2019, **28** (11): 1896-1905.
- [40] 顾欣, 刘艳薇, 王新谱, 等. 短波单胞菌 (*Brevundimonas* sp.) A1A18 对碱性土壤毒死蜱污染的修复 [J]. *生态环境学报*, 2019, **28**(1): 181-189.
- Gu X, Liu Y W, Wang X P, *et al.* Microbial remediation of chlorpyrifos by *Brevundimonas* sp. A1A18 in alkaline soil [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2019, **28**(1): 181-189.
- [41] Zhou C, Guo J S, Zhu L, *et al.* *Paenibacillus polymyxa* BFKC01 enhances plant iron absorption via improved root systems and activated iron acquisition mechanisms [J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2016, **105**: 162-173.
- [42] 陆鹏, 周慧, 袁梦. 菌株 *Cupriavidus* sp. DT-1 对液体和土壤中 TCP 的降解 [J]. *中国环境科学*, 2021, **41**(6): 2780-2787.
- Lu P, Zhou H, Yuan M. Biodegradation of 3, 5, 6-trichloro-2-pyridinol by *Cupriavidus* sp. DT-1 in liquid and soil environments [J]. *China Environmental Science*, 2021, **41**(6): 2780-2787.
- [43] 张杰, 胡维, 刘以珍, 等. 鄱阳湖湿地不同土地利用方式下土壤微生物群落功能多样性 [J]. *生态学报*, 2015, **35**(4): 965-971.
- Zhang J, Hu W, Liu Y Z, *et al.* Response of soil microbial functional diversity to different land-use types in wetland of Poyang Lake, China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, **35**(4): 965-971.
- [44] 孙婷婷, 黄涛, 刘雨昕, 等. 蓝藻生消对巢湖沉积物 *phoD* 碱性磷酸酶基因细菌群落结构的影响 [J]. *湖泊科学*, 2022, **34** (6): 1854-1865.
- Sun T T, Huang T, Liu Y X, *et al.* Effects of cyanobacterial growth and decline on the *phoD*-harboring bacterial community structure in sediments of Lake Chaohu [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2022, **34** (6): 1854-1865.

CONTENTS

Spatio-temporal Evolution, Dynamic Transition, and Convergence Trend of Urban Carbon Emission Intensity in China	YANG Qing-ke, WANG Lei, ZHU Gao-li, <i>et al.</i> (1869)
Spatio-temporal Evolution and Trend Prediction of Transport Carbon Emission Efficiency	ZHENG Yan, JIANG Xue-mei, XIAO Yu-jie (1879)
Research on Carbon Emission Decoupling Factors Based on STIRPAT Model and LMDI Decomposition	ZHANG Jiang-yan (1888)
Carbon Peak Pathways of Industrial Parks Based on the LEAP Model: A Case Study of a National Development Zone in Nanjing	LI Hui-peng, LI Li, YIN Yin, <i>et al.</i> (1898)
Accounting and Analysis of Carbon Emissions in Universities: A Case Study of Beijing A University	CAO Rui, FENG Li, ZHANG Li-qiu (1907)
Synergy Effects and Driving Factors of Pollution and Carbon Emission Reduction in Manufacturing Industry in Beijing	YU Shan, HAN Yu-hua, MU Jie, <i>et al.</i> (1917)
Carbon Emissions Trading Prices and Total Factor Productivity: Evidence from China	WU Xue-ping (1926)
Analysis of Spatio-temporal Distribution Characteristics and Influencing Factors of PM _{2.5} and PM ₁₀ in Chinese Cities	LI Jiang-su, DUAN Liang-rong, ZHANG Tian-jiao (1938)
Spatial-temporal Characteristics and Influencing Factors of PM _{2.5} and Ozone in the Border Area of Jiangsu, Anhui, Shandong, and Henan from 2017 to 2021	CHEN Wei, XU Xue-zhe, LIU Wen-qing (1950)
Analysis of the Characteristics and Causes of PM _{2.5} and O ₃ Pollution in Xi'an During the Epidemic Lockdown Period	YUAN Xiao-hong, ZHANG Qiang, LI Qi, <i>et al.</i> (1963)
PM _{2.5} Chemical Composition and Spatial Variability in the Five Cities of Southern Jiangsu During Fall and Winter	FENG Wei, DING Feng, SHANG Yue, <i>et al.</i> (1975)
Source Apportionment of Fine Particles in Xianning, Hubei	LUO Yi, ZHU Kuan-guang, CHEN Pu-long, <i>et al.</i> (1983)
Spillover Benefits of Ammonia Emission Reduction in Xingtai Area to the Improvement of Atmospheric PM _{2.5} Concentration in the Beijing-Tianjin-Hebei Region	BIAN Ze-jun, WEN Chao-yu, LANG Jian-lei, <i>et al.</i> (1994)
Characteristics, Risk Assessment, and Sources of the Polluted Metallic Elements in PM _{2.5} During Winter in Liaocheng City	ZHANG Jing-qiao, ZHU Yao, CAO Ting, <i>et al.</i> (2003)
Composition Characteristics of Typical VOCs Sources in the Highland City of Lhasa	GUO Shu-zheng, YE Chun-xiang, LIN Wei-li, <i>et al.</i> (2011)
VOCs Pollution Characteristics and Health Risk Assessment in Typical Industrial Parks in Beijing: Environmental Impact of High and New Technology Industries	WANG Jie, YAO Zhen, WANG Min-yan, <i>et al.</i> (2019)
Analysis of a Typical Ozone Pollution Process in the Chengdu Plain Under the Influence of High Temperature Extremes	LEI Li-juan, ZHANG Yi, LUO Yi-na, <i>et al.</i> (2028)
Presence, Behavior, and Risk of Antiviral Drugs in the Aqueous Environment	GE Lin-ke, LI Xuan-yan, CAO Sheng-kai, <i>et al.</i> (2039)
Spatio-temporal Variation and Probability Health Risk of Heavy Metals in Surface Water of Xiaolangdi Reservoir in the Yellow River	WANG Liang, DENG Xue-jiao, WANG Xiao-lei, <i>et al.</i> (2054)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Strontium Enrichment of the Duoqu River Basin in Eastern Xizang	LI Jing-jie, LIAN Sheng, WANG Ming-guo, <i>et al.</i> (2067)
Characteristics of Stable Isotopes in Precipitation and Its Moisture Sources in the Inland Regions of Northwest China	ZHANG Yan-yan, XIN Cun-lin, GUO Xiao-yan, <i>et al.</i> (2080)
Recharge Source and Evolution Process of Karst Groundwater in Tai'an Urban Area Based on Hydrochemistry and Hydrogen and Oxygen Isotopes	MENG Ling-hua (2096)
Hydrochemical Characteristics and Influencing Factors of Surface Water and Groundwater in the Mountainous Area of Danjiang River Basin	ZHANG Zi-yan, FU Yong-peng, WANG Ning-tao, <i>et al.</i> (2107)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Groundwater in Yuanyangchi Irrigation Area, Jinta Basin	WANG Xiao-yan, HAN Shuang-bao, ZHANG Meng-nan, <i>et al.</i> (2118)
Hydrochemical Characteristics and Health Risk Assessment of Shallow Groundwater in the Plain Zone of Deyang City	LIU Nan, CHEN Meng, GAO Dong-dong, <i>et al.</i> (2129)
Spatial and Temporal Distribution of Microplastics in the Sediments of Typical Urban River Network	XU Wan-lu, FAN Yi-fan, QIAN Xin (2142)
Construction of Nitrogen Emission Inventory at Sub-basin Scale and Analysis of Key Sources in Fuxian Lake Watershed	WANG Yan-jie, LIANG Qi-bin, WANG Yan-xia, <i>et al.</i> (2150)
Preparation of Lanthanum Crosslinked Calcium Peroxide/Sepiolite/Sodium Alginate Composite Hydrogels and Their Elimination Performance for Endogenous Phosphorus	QU Si-tong, SHAN Su-jie, WANG Chong-ming, <i>et al.</i> (2160)
Formation Mechanism, Structural Characteristics of Ultrafine Mineral Particles, and Their Environmental Effects	LIU Zhen-hai, ZHANG Zhan-hua, YUAN Yu-xin, <i>et al.</i> (2171)
Research Progress in Application of Biochar-immobilized Bacteria Composites in Environmental Remediation	SUN Shu-yu, HUANG Meng-xin, KONG Qiang, <i>et al.</i> (2185)
Effect of Microplastics on Ammonia Nitrogen Adsorption by Zeolite in Water and Its Mechanism	LIAN Jian-jun, XIE Shi-ting, WU Pei, <i>et al.</i> (2195)
Mechanism of Ultraviolet Aging Effect on the Adsorption of Ciprofloxacin by Nano-biochar	MA Feng-feng, XUE Zhi-yi, ZHAO Bao-wei (2203)
Response of Phytoplankton Communities and Environmental Factors Under the Influence of Land Use in the Wuding River Basin	GUO Shan-song, HU En, DING Yi-tong, <i>et al.</i> (2211)
Bacterial Community Diversity and Functional Gene Abundance of Culturable Bacteria in the Wetland of Poyang Lake	YU Jiang, WANG Chun, LONG Yong, <i>et al.</i> (2223)
Bacterial Community Structure and Its Relationship with Heavy Metals in Sediments of Diannong River	LIU Shuang-yu, MENG Jun-jie, QIU Xiao-cong, <i>et al.</i> (2233)
Impacts of Treated Wastewater on Bacterial and Fungal Microbial Communities in Receiving Rivers	GUO You-shun, YU Zhong, HAO Wen-bin, <i>et al.</i> (2246)
Metagenomics Reveals the Characteristics and Functions of Bacterial Community in the Advanced Wastewater Treatment Process	HU Jian-shuang, WANG Yan, ZHOU Zheng, <i>et al.</i> (2259)
Spatio-temporal Characteristics of Habitat Quality and Natural-human Driven Mechanism in Dabie Mountain Area	ZHENG Ya-ping, ZHANG Jun-hua, TIAN Hui-wen, <i>et al.</i> (2268)
Hyperspectral Inversion of Soil Organic Matter Content Based on Continuous Wavelet Transform, SHAP, and XGBoost	YE Miao, ZHU Lin, LIU Xu-dong, <i>et al.</i> (2280)
Effects of Straw Retention, Film Mulching, and Nitrogen Input on Soil Quality in Dryland Wheat Field	YE Zi-zhuang, WANG Song-yan, LU Xiao, <i>et al.</i> (2292)
Effects of Long-term Application of Organic Fertilizer on the Occurrence and Migration Characteristics of Soil Microplastics	WANG Chang-yuan, MA Xiao-chi, GUO De-jie, <i>et al.</i> (2304)
Effect of Different Soil Salinities on N ₂ O Emission: A Meta-analysis	HUANG Yi-hua, SHE Dong-li, SHI Zhen-qi, <i>et al.</i> (2313)
Assessment and Prediction of Carbon Storage Based on Land Use/Land Cover Dynamics in the Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area	ZHENG Hui-ling, ZHENG Hui-feng (2321)
Simulation of Temporal and Spatial Changes in Ecosystem Carbon Storage in Funiu Mountains Based on InVEST Model	ZHANG Zhe, SHI Zhen-qin, ZHU Wen-bo, <i>et al.</i> (2332)
Relationship Between Microbial Nutrient Limitation and Soil Organic Carbon Fraction During Shelterbelts Construction	XU Feng-jing, HUANG Yi-mei, HUANG Qian, <i>et al.</i> (2342)
Characteristics and Driving Forces of Organic Carbon Mineralization in Brown Soil with Long-term Straw Returning	ZHAO Yu-hang, YIN Hao-kai, HU Xue-chun, <i>et al.</i> (2353)
Effects of Winter Green Manure Mulching on Soil Aggregates, Organic Carbon, and AMF Diversity	LU Ze-rang, CHEN Jia-yan, LI Zhi-xian, <i>et al.</i> (2363)
Spatial and Temporal Distribution of Nitrogen in the Liaohu River Basin and Its Responses to Land Use and Rainfall	ZHOU Bo, LI Xiao-guang, TONG Si-chang, <i>et al.</i> (2373)
Nitrous Oxide Emissions from Ponds in Typical Agricultural Catchment with Intensive Agricultural Activity	ZHANG Xin-yue, XIAO Qi-tao, XIE Hui, <i>et al.</i> (2385)
Effects of Biochar Combined with Different Types of Nitrogen Fertilizers on Denitrification Bacteria Community in Vegetable Soil	LIU Xiao-wan, LIU Xing-ren, GAO Shang-jie, <i>et al.</i> (2394)
Investigation of Soil Microbial Characteristics During Stand Development in <i>Pinus tabulaeformis</i> Forest in Taiyue Mountain	MA Yi-shu, CAO Ya-xin, NIU Min, <i>et al.</i> (2406)
Simulation of Heavy Metal Content in Soil Based on Sparse Sample Sites	ZHANG Jia-qi, PAN Yu-chun, GAO Shi-chen, <i>et al.</i> (2417)
Identification Priority Source of Heavy Metal Pollution in Greenspace Soils Based on Source-specific Ecological and Human Health Risk Analysis in the Yellow River Custom Tourist Line of Lanzhou	LI Jun, LI Xu, LI Kai-ming, <i>et al.</i> (2428)
Heavy Metal Accumulation and Assessment of Potential Ecological Risk Caused by Soil pH Changes in Different Types of Purple Soils in Southwest China	ZHANG Hai-lin, ZHANG Yu, WANG Ding, <i>et al.</i> (2440)
Assessment and Source Analysis of Heavy Metal Pollution in Arable Land Around an Iron Ore Mining Area in Chongqing	LIAO Ze-yuan, LI Jie-qin, SHEN Zhi-jie, <i>et al.</i> (2450)
Health Risk Assessment of Heavy Metals in Farmland Soils and Crops Around Metal Mines	WEI Hong-bin, LUO Ming, XIANG Lei, <i>et al.</i> (2461)
Effect of Red Mud-based Nano Zero-valent Iron on Remediation of Polymetallic Contaminated Soil	LIU Long-yu, YANG Shi-li, ZHAO Huang-shi-yu, <i>et al.</i> (2474)
Effects of Zinc Application on Cadmium Accumulation in Alkaline Soil-Wheat Seedling Systems	ZHANG Yao, WANG Tian-qi, NIU Shuo, <i>et al.</i> (2480)