

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第39卷 第12期

Vol.39 No.12

2018

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次(卷终)

中国燃煤电厂大气污染物排放的健康影响特征	秦雨, 张强, 李鑫, 赵红艳, 同丹, 郑逸璇, 耿冠楠, 贺克斌 (5289)
基于 LUR 模型的中国 PM _{2.5} 时空变化分析	刘炳杰, 彭晓敏, 李继红 (5296)
长三角淳安地区二次颗粒物污染形成机制	黄丹丹, 周敏, 余传冠, 朱书慧, 王裕成, 乔利平, 楼晟荣, 陶士康, 杨强, 李莉 (5308)
春季沙尘过程北京市不同粒径大气气溶胶污染特征及来源分析	杨阳, 李杏茹, 陈曦, 刘水桥, 刘雨思, 徐静, 王莉莉, 陶明辉, 王格慧 (5315)
成都双流夏秋季环境空气中 VOCs 污染特征	邓媛元, 李晶, 李亚琦, 吴蓉蓉, 谢绍东 (5323)
佛山市典型铝型材行业表面涂装 VOCs 排放组成	李霞, 苏伟健, 黎碧霞, 龙森, 黎丽莉, 张洲, 于跃刚, 王云鹏, 王新明 (5334)
四川省人为源大气污染物排放清单及特征	周子航, 邓也, 谭钦文, 吴柯颖, 杨欣悦, 周小玲 (5344)
炼焦工序颗粒物排放特征	王彦辉, 赵亮, 孙文强, 叶竹, 蔡九菊 (5359)
小流域大气氮干湿沉降特征	王焕晓, 庞树江, 王晓燕, 樊彦波 (5365)
流域氮素主要输出途径及变化特征	李文超, 雷秋良, 翟丽梅, 刘宏斌, 胡万里, 刘申, 任天志 (5375)
生物炭配施缓控释肥对稻田田面水氮素动态变化及径流流失的影响	斯林林, 周静杰, 吴良欢, 胡兆平 (5383)
长江上游农业源溪流雨季中 N ₂ O 间接排放特征	田琳琳, 王正, 朱波 (5391)
不同氮污染特征河流 N ₂ O 浓度、释放通量与排放系数	王森, 李亚峰, 雷坤, 杨丽标 (5400)
多种同位素手段的硝酸盐污染源解析: 以会仙湿地为例	彭聪, 潘晓东, 焦友军, 任坤, 曾洁 (5410)
典型岩溶槽谷区土壤水 δD 和 δ ¹⁸ O 时空分布特征: 以重庆市中梁山岩溶槽谷为例	吴韦, 蒋勇军, 贾亚男, 彭学义, 段世辉, 刘九缠, 王正雄 (5418)
沁河冲洪积扇地下水水化学特征及成因分析	刘江涛, 蔡五田, 曹月婷, 蔡月梅, 边超, 吕永高, 陈远铭 (5428)
2017 年最大降水对再生水受水河道径流组成的影响	廖安然, 宋献方, 张应华, 杨丽虎, 卜红梅, 马英, 韩冬梅, 秦文婧, 杨胜天 (5440)
周村水库主库区水体热分层形成过程中沉积物间隙水 DOM 的光谱演变特征	周石磊, 张艺冉, 黄廷林, 李再兴, 罗晓 (5451)
三峡库区沉积物中镍污染特征评价	张伟杰, 殷淑华, 徐东昱, 高丽, 高博 (5464)
四面山大洪湖底泥/水界面汞的迁移转化规律	郭攀, 孙涛, 杨光, 马明 (5473)
大兴安岭南麓湿地类型对土壤中甲基汞分布的影响	周心劝, 刘玉荣, 李晶, 周志峰 (5480)
模拟三峡库区消落带土壤有机磷酸酯类水释放特征	杨婷, 何明靖, 杨志豪, 魏世强 (5487)
典型旅游城市河流水体及污水厂出水中全氟烷基酸类化合物的空间分布及其前体物的转化	王世亮, 孙建树, 杨月伟, 张敏 (5494)
4 种不同工况生物滤池净化效能与微生物特性分析	江肖良, 李孟, 张少辉, 张世羊 (5503)
微量元素锰对威氏海链藻生长及叶绿素荧光的影响	王木兰, 姜玥璐 (5514)
广东省水库拟柱胞藻 (<i>Cylindropermopsis raciborskii</i>) 的分布特征及影响因素分析	雷敏婷, 彭亮, 韩博平, 雷腊梅 (5523)
磁性壳聚糖接枝聚丙烯酰胺去除水体中腐殖酸	尤雯, 刘海成, 曹家玮, 沈耀良, 陈卫 (5532)
臭氧-生物活性炭对微污染原水中典型持久性有机物的去除效果	兰亚琼, 刘锐, 马正杰, 陈吕军 (5541)
水解酸化/AO 组合工艺处理印染废水色度去除与脱氮性能	顾梦琪, 尹启东, 刘爱科, 吴光学 (5550)
“异养-硫自养”组合工艺去除高浓度高氯酸盐特性	刘颖男, 陶华强, 宋圆圆, 张春青, 逯彩彩, 韩懿, 李海波, 郭建博 (5558)
静压快速启动亚硝酸盐依赖型甲烷厌氧氧化反应	王一因, 胡振, 茹东云, 姜丽萍, 刘华清 (5565)
多级 AO 耦合流离生化工艺流量分配比优化及脱氮机制	王帆, 李军, 边德军, 聂泽兵, 张莉, 孙艺齐 (5572)
主流条件下两级式 PN-ANAMMOX 工艺的高效能脱氮过程	刘文如, 杨殿海, 沈耀良, 王建芳, 吴鹏, 钱飞跃, 陈重军 (5580)
不同基质浓度对 ANAMMOX 菌短期储存的影响	高雪健, 张杰, 李冬, 曹正美, 郭跃洲, 李帅 (5587)
主流厌氧氨氧化工艺的优化及其微生物的群落变迁	付昆明, 李慧, 姜姗, 仇付国, 曹秀芹 (5596)
厌氧氨氧化污泥恢复过程中的颗粒特性	陈方敏, 顾澄伟, 胡羽婷, 黄勇, 李祥, 陆明羽, 方文辉, 金润 (5605)
低温反硝化菌——施氏假单胞菌 N3 的筛选及脱氮性能	路俊玲, 陈慧萍, 肖琳 (5612)
复垦工业场地土壤和周边河道沉积物重金属污染及潜在生态风险	吴健, 王敏, 张辉鹏, 黄宇驰, 徐志豪, 李青青, 陈昊, 黄沈发 (5620)
不同土地利用类型土壤重金属生态风险与人体健康风险	李春芳, 曹见飞, 吕建树, 姚磊, 吴泉源 (5628)
某大型神渣场土壤 As 污染特征及生态风险评价	刘庚, 石瑛, 田海金, 李豪, 张蕾, 牛俊杰, 郭观林, 张朝 (5639)
亚热带典型岩溶水库细菌丰度和细菌生产力及其与环境因子的关系	辛胜林, 梁月明, 彭文杰, 宋昂, 靳振江, 朱美娜, 李强 (5647)
岩溶区典型灌丛植物根系丛枝菌根真菌群落结构解析	梁月明, 苏以荣, 何寻阳, 陈香碧 (5657)
模拟氮沉降对干旱半干旱温带草原土壤细菌群落结构的影响	李宗明, 沈菊培, 张丽梅, 刘国平, 白文明, 贺纪正 (5665)
添加磷素对低磷稻田根际土壤固碳自养微生物数量的影响	柏菁, 李奕霏, 刘守龙, 祝贞科, 李科林, 彭佩钦, 吴小红, 葛体达, 吴金水 (5672)
长期不同施肥对稻田土壤有机碳矿化及激发效应的影响	马欣, 魏亮, 唐美玲, 徐福利, 祝贞科, 葛体达, 吴金水 (5680)
黄土丘陵区撂荒恢复过程中植物群落组成与土壤养分及酶活性变化的关系	乔文静, 戴银月, 张伟, 付淑月, 杨改河, 韩新辉, 陈正兴, 高德新, 冯永忠 (5687)
生活垃圾不同填埋阶段的富里酸对五氯苯酚的降解	刘思佳, 何小松, 张慧, 祖国峰, 席北斗, 李丹, 党秋玲 (5699)
CO ₂ 倍增条件下不同生育期水稻碳氮磷含量及其计量比特征	唐美玲, 肖谋良, 袁红朝, 王光军, 刘守龙, 祝贞科, 葛体达, 吴金水 (5708)
基于层次分析法的医疗废物处置技术评价	许晓芳, 谭全银, 刘丽丽, 李金惠 (5717)
中国农田畜禽粪尿氮负荷量及其还田潜力	刘晓永, 王秀斌, 李书田 (5723)
《环境科学》第 39 卷(2018 年) 总目录	(5740)
《环境科学》征订启事(5343) 《环境科学》征稿简则(5439) 信息(5595, 5619, 5638)	

模拟氮沉降对干旱半干旱温带草原土壤细菌群落结构的影响

李宗明^{1,2}, 沈菊培^{2,3*}, 张丽梅^{2,3}, 刘国平¹, 白文明⁴, 贺纪正^{2,3}

(1. 长江大学动物科学学院, 荆州 434025; 2. 中国科学院生态环境研究中心城市与区域国家重点实验室, 北京 100085; 3. 中国科学院大学, 北京 100049; 4. 中国科学院植物研究所, 北京 100093)

摘要: 随着社会发展, 活性氮源随人为活动逐年递增, 导致氮沉降相应增加, 由此带来的生态环境问题也日益严重. 本研究基于细菌 16S rRNA 基因高通量测序技术, 分析长期人工模拟氮沉降氮输入量为 0、1、4、8、32 g·(m²·a)⁻¹ 对干旱半干旱区草原土壤微生物群落结构的影响. 结果表明, 模拟氮沉降 7 a 增加了土壤中可利用氮含量, 引起草原土壤酸化. 高通量测序结果表明, 细菌 OTU (operational taxonomy unit) 数量随氮输入量的增加呈现增加的趋势, 高氮处理 [8 g·(m²·a)⁻¹ 和 32 g·(m²·a)⁻¹] 显著高于低氮和对照处理; 细菌 α 多样性指数呈现先增加后降低的趋势. 不同氮输入水平下土壤细菌群落结构差异显著, 且与土壤 pH 和氮的有效性显著相关. 不同细菌相对丰度在纲的水平对氮输入的响应趋势不同. 氮的长期大量输入可直接或间接通过改变土壤性状而影响草地土壤细菌群落结构和多样性.

关键词: 氮沉降; 细菌群落; 多样性; 高通量测序; 温带草原

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2018)12-5665-07 DOI: 10.13227/j.hjxx.201805043

Effects of Stimulated Nitrogen Deposition on the Bacterial Community Structure of Semiarid Temperate Grassland

LI Zong-ming^{1,2}, SHEN Ju-pei^{2,3*}, ZHANG Li-mei^{2,3}, LIU Guo-ping¹, BAI Wen-ming⁴, HE Ji-zheng^{2,3}

(1. College of Animal Science, Yangtze University, Jingzhou 434025, China; 2. State Key Laboratory of Urban and Regional Ecology, Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China; 3. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 4. Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100093, China)

Abstract: With the development of economics, the deposition of available nitrogen in the terrestrial ecosystem is increasing dramatically due to anthropic activities, which negatively impacts the sustainability of the ecosystem ecology. In this study, the effect of long-term stimulated nitrogen deposition [with nitrogen addition of 0, 1, 4, 8, and 32 g·(m²·a)⁻¹] on the microbial community structure of soil was investigated in a temperate steppe in Inner Mongolia using a pyrosequencing technique targeting the bacterial 16S rRNA gene. The results show that the available nitrogen in soil increases with increasing nitrogen addition, resulting in the decrease of the soil pH. The results of pyrosequencing indicate that soil bacterial OTU (operational taxonomy unit) numbers increase with increasing nitrogen deposition, while bacterial α diversity indices show an initial increase and subsequent decrease. Non-metric multidimensional scaling (NMDS) analysis indicates that the bacterial community structure significantly varies among treatments, which can be largely attributed to the changes in the soil pH and nitrogen content due to nitrogen deposition. At the class level, the relative abundance of different bacterial groups shows a varying trend depending on the nitrogen deposition. This study indicates that long-term nitrogen deposition significantly impacts the bacterial community by changing the soil properties.

Key words: nitrogen deposition; bacterial community; diversity; pyrosequencing technique; temperate steppe

自工业革命以来, 由工业生产、废弃物处理、化肥使用等人类活动产生的活性氮不断增加并以干、湿沉降的方式进入地球表面, 带来一系列的生态问题, 如土壤酸化、植物病虫害增加、海洋生态系统衰退等. 据估计, 2005 年全球氮沉降量为 25 ~ 40 Tg, 而到 2100 年将达 60 ~ 100 Tg^[1]. 由氮沉降引起的土壤生态环境问题已成为各国的研究热点. 中国当前的大气氮沉降远高于全球平均水平, 降水中硝酸根离子浓度与美国、日本相接近, 铵离子浓度则高于美国和日本^[2]. 在氮沉降增加背景下, 现

有的研究多关注森林生态系统的土壤微生物, 而对草原生态系统土壤微生物群落响应特征还知之甚少. 中国草地面积占全国国土面积的 41.7%^[3], 是人类活动和全球气候变化的直接承受者, 在全球碳

收稿日期: 2018-05-06; 修订日期: 2018-05-30

基金项目: 中国科学院战略性先导科技专项 (B 类) (XDB15020200); 政府间国际科技创新合作重点专项 (2017YFE0109800)

作者简介: 李宗明 (1993 ~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为环境干扰对土壤微生物的影响, E-mail: l_zongming@163.com

* 通信作者, E-mail: jpshen@rcees.ac.cn

氮循环和气候变化响应中发挥重要作用。

氮的有效性不仅是调控碳与气候变化反馈机制的重要因子,同时也是影响植物群落初级生产力和多样性的关键元素^[4]。氮的大量输入能够促进植物吸收,有利于提高地上部分生物量 and 生产力^[5,6];另有研究表明长期施肥引起草地生态系统物种丰富度下降^[7],并加剧其它元素对生产力的限制^[8]。另外,氮沉降通过影响氮有效性、pH、C/N 等直接或间接地影响土壤微生物群落结构和功能。Lovell 等发现^[9,10],在草地土壤中,短期施氮能提高土壤微生物量,而长期施氮则会降低。另外,有研究表明氮沉降会增加土壤有效氮含量,导致 C/N 降低,从而使得真菌与细菌生物量比值降低^[11~13]。氮的大量输入能够改变土壤碳氮比,进而影响微生物介导的碳氮循环过程^[14],降低土壤细菌多样性^[15,16],并改变细菌等微生物分布格局^[17,18]。

氮素是干旱半干旱草原生态系统的主要限制性因子之一^[5],对全球氮沉降的响应较为敏感。干旱半干旱地区草原的氮主要以降雨、降雪等脉冲式进入土壤中。据报道,中国内蒙古温带草原氮沉降量为 $3.43 \text{ g} \cdot (\text{m}^2 \cdot \text{a})^{-1}$,且有持续增加的趋势^[19]。因此,氮沉降的增加不仅影响干旱半干旱地区生态系统的生产力,对土壤氮转化过程、微生物的多样性也存在深远影响。本研究以人工施氮的方式模拟自然氮沉降,结合土壤化学性质,分析不同氮输入量对草原土壤细菌群落结构的影响,对认识地下生态系统对氮沉降的响应机制提供重要的参考。

1 材料与方法

1.1 实验地点与土壤采集

本实验地点位于内蒙古锡林郭勒盟多伦县的中国科学院植物研究所多伦恢复生态学实验示范研究站十三里滩研究基地的实验样地 ($116^{\circ}17'E$, $42^{\circ}2'N$)。多伦县属于典型温带半干旱大陆性季风气候,年平均气温为 2.1°C ,年平均降水量 385.5 mm 。实验样地的主要优势植物为克氏针茅 (*Stipa krylovii*),冷蒿 (*Artemisia frigida*),冰草 (*Agropyron cristatum*),糙隐子草 (*Cleistogenes squarrosa*),星毛委陵菜 (*Potentilla acaulis*) 和茵陈蒿 (*Artemisia capillaries*)^[20]。土壤类型为栗钙土,土壤机械组成分别为砂粒 62.8%、粉粒 20.3%、黏粒 17.0%,土壤容积密度为 $1.3 \text{ g} \cdot \text{cm}^{-3}$,pH 7.1。氮沉降模拟实验始于 2003 年,截至 2009 年 5 月采样,已持续 7a,具体的氮处理设置如文献所述^[21]。在本研究

中,选取其中 5 个施氮处理:0、1、4、8、32 $\text{g} \cdot (\text{m}^2 \cdot \text{a})^{-1}$ (分别标注为 N0、N1、N4、N8、N32),采集土壤样品,分析土壤细菌多样性。

每个样方用 5 cm 直径的土钻采取 0~10 cm 表层土壤,去除石砾和植物残根后,5 个土柱混合制样。装于无菌密封袋,置于冰上,运送至实验室。每个处理采集 3 个重复,共 15 个样品。过 2 mm 筛后,一部分保存于 4°C ,用于化学性质测定,另一部分保存于 -80°C ,用于 DNA 提取。

1.2 土壤化学性质测定

土壤 pH 以水土比 1:2.5,通过 DELTA 320 pH 仪测定。土壤中 NO_3^- -N 和 NH_4^+ -N 用 $2 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ KCl 浸提后,用连续流动分析仪 (SAN++ , Skalar, Holland) 测定。总碳 (total carbon, TC) 和总氮 (total nitrogen, TN) 用元素分析仪测定 (Vario EL III, Elementar, Germany)。土壤有效磷用 $0.5 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ NaHCO_3 (pH=8.5) 浸提后,用钼蓝比色法测定。土壤含水量用烘干法测定。

1.3 DNA 提取和测序

土壤基因组 DNA 用 MO BIO Power Soil DNA Isolation Kits 提取,具体步骤按说明书进行。所得 DNA 稀释 10 倍后进行 PCR 扩增,以降低对 PCR 反应的抑制作用。细菌使用引物 515F (5'-GTGCCAGCM GCCGCGGTAA-3') 和 806R (5'-GGACTACVSGGG TATCTAAT-3') 扩增细菌 16S rRNA V4 区,用于焦磷酸测序。515F 引物前端加 454 接头序列 A, 4-bp linker 序列 (TCAG) 和 10 个碱基的 MID barcodes; 806R 引物前端加 454 接头序列 B 和 4-bp linker 序列 (TCAG)^[22,23]。PCR 扩增体系 ($30 \mu\text{L}$): $1 \times$ PCR buffer, $3.0 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ MgCl_2 , $400 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$ dNTPs, 2.5 U Ex TaqTM DNA 聚合酶 (TaKaRa, Shiga, Japan), 含 barcodes 上下游引物各 $0.5 \mu\text{mol}$ 。PCR 扩增条件: 94°C 预变性 5 min, 34 个循环 95°C 变性 30 s, 53°C 退火 45 s, 72°C 延伸 60 s, 最后 72°C 再延伸 60 s。PCR 产物用 Wizard SV Gel and PCR Clean-Up System (Promega, Madison, WI) 进行纯化后,用 NanoDrop 1000 (Thermo Scientific, Wilmington, DE) 测定纯度和浓度,再用 Quant-iT dsDNA HS Assay Kits (Invitrogen, Eugene, OR) 进行 Qubit 荧光定量检测。等摩尔量的 PCR 产物混合后送至 Macrogen (Seoul, Korea), 用 Roche/454 GS FLX Titanium 平台测序。

1.4 测序结果分析

用 Mothur 1.30.1 软件对序列进行后续的处理

和分析^[24]. 用 Shhh. flows 对原始序列质量过滤后, 进行长度过滤并比齐, 具体步骤如文献[25]所述. 过滤后的序列与 SILVA 数据库进行比对^[26], 用 chimera. uchime 去除嵌合体, 而后用平均邻域法基于 97% 序列相似度挑选可操作分类单元 (operational taxonomy unit, OTU), 细菌代表序列用 RDP 分类方法基于 Greengenes 数据库进行分类, 置信度设置为 0.8. 绘制稀释曲线, 并计算 α 多样性指数 (Chao)^[27]. 为了降低取样误差, 每个样品用 Mothur 进行重取样 (每个样品按 1229 条序列重取样).

1.5 数据分析

使用 R 语言 Vegan 包, 基于 OTU Bray-Curtis 差异性矩阵和 UniFrac (系统发育距离) 距离来检验不同氮施加水平对细菌群落结构的影响; 用非度量多维尺度分析 (NMDS) 检验不同处理以及对照间细

菌群落组成的差异性. 用单因素方差分析 (One-way ANOVA, SPSS 19.0) 不同氮输入水平下细菌多样性的差异显著性 ($P < 0.05$), 采用 Spearman 相关系数计算细菌相对丰度和土壤理化性质的相关性, 用 Origin 8.0 对氮输入量和细菌多样性进行二元多项式回归分析.

2 结果与分析

2.1 土壤化学性质

土壤化学性质如表 1 所示, 施氮 7 a 草地土壤 pH 随氮施加量增加而显著降低, 由 7.04 降至 5.96. 处理 N1、N4 和 N8 土壤 NO_3^- -N 和 NH_4^+ -N 含量与 N0 处理相比无显著差异, 但处理 N32, 即当外源氮输入量为 $32 \text{ g} \cdot (\text{m}^2 \cdot \text{a})^{-1}$ 时则显著增加. 土壤 Pi、TC、TN 和 C/N 比在不同施氮处理间无显著差异.

表 1 不同施肥处理下土壤化学性质和细菌多样性¹⁾

Table 1 Soil chemical properties and bacterial OTU numbers under different amount of N deposition

指标	N0	N1	N4	N8	N32
含水量/%	16 ± 1 b	16 ± 1 b	15 ± 1 b	17 ± 1 ab	21 ± 1 a
pH	7.04 ± 0.01 a	7.02 ± 0.07 a	6.83 ± 0.08 a	6.54 ± 0.11 b	5.96 ± 0.12 c
Pi/mg·kg ⁻¹	9.19 ± 2.33	7.49 ± 0.66	8.65 ± 2.12	9.19 ± 0.94	8.21 ± 0.39
TC/g·kg ⁻¹	27.27 ± 0.53	22.47 ± 0.30	26.51 ± 1.66	26.77 ± 1.61	28.13 ± 10.56
TN/g·kg ⁻¹	3.05 ± 0.31	2.45 ± 0.18	2.77 ± 0.53	2.85 ± 0.57	2.98 ± 0.30
C/N	8.91 ± 0.54	9.15 ± 0.35	9.56 ± 0.15	9.42 ± 0.05	9.42 ± 0.25
NO_3^- -N/mg·kg ⁻¹	0.83 ± 0.53 b	0.62 ± 0.30 b	2.01 ± 1.66 b	3.42 ± 1.61 b	15.37 ± 10.56 a
NH_4^+ -N/mg·kg ⁻¹	2.06 ± 0.12 b	2.07 ± 0.77 b	2.76 ± 0.53 b	2.45 ± 0.75 b	5.87 ± 2.39 a
OTU/个	371 ± 17 b	383 ± 13 b	406 ± 23 b	449 ± 20 a	467 ± 11 a
Chao 指数	790 ± 106 b	966 ± 101 b	1027 ± 63 a	1048 ± 121 a	945 ± 98 b

1) Pi 为有效磷; TC 为总碳; TN 为总氮; TS 为总硫; C/N 为碳氮比; NO_3^- -N 为硝态氮; NH_4^+ -N 为铵态氮, 下同; 同一行不同字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$), 无字母标注说明不同处理间无显著差异

2.2 不同处理土壤细菌群落结构和组成

获取的土壤细菌序列经 Mothur 软件处理后得到 137 978 条高质量的 16S rRNA 基因序列, 97% 置信度下可分为 6 232 个 OTU, 且土壤样品中的 OTU 数呈现出随氮输入量的增加而上升的趋势 (表 1). 但土壤细菌 Chao 指数却随氮输入量的增加呈现抛物线的递增趋势 (图 1), 即在较低 [$1 \text{ g} \cdot (\text{m}^2 \cdot \text{a})^{-1}$] 和较高 [$32 \text{ g} \cdot (\text{m}^2 \cdot \text{a})^{-1}$] 氮输入时, 与对照无显著差异, 而在 4 和 8 $\text{g} \cdot (\text{m}^2 \cdot \text{a})^{-1}$ 时, Chao 指数则显著增加. 基于各处理土壤细菌群落结构的 NMDS 分析结果如图 2 (a) 所示, 可以发现所有氮添加的处理与对照处理的土壤细菌群落结构差别显著, 且低氮 (N1、N4 和 N8) 与高氮处理 (N32) 也分别聚集于不同排序区, 可见氮的输入对土壤细菌群落产生了显著影响.

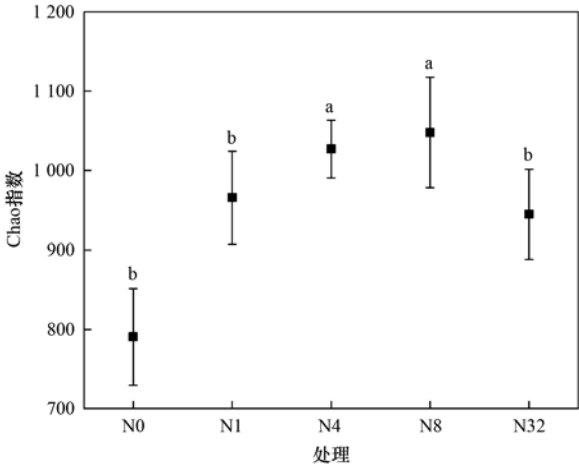
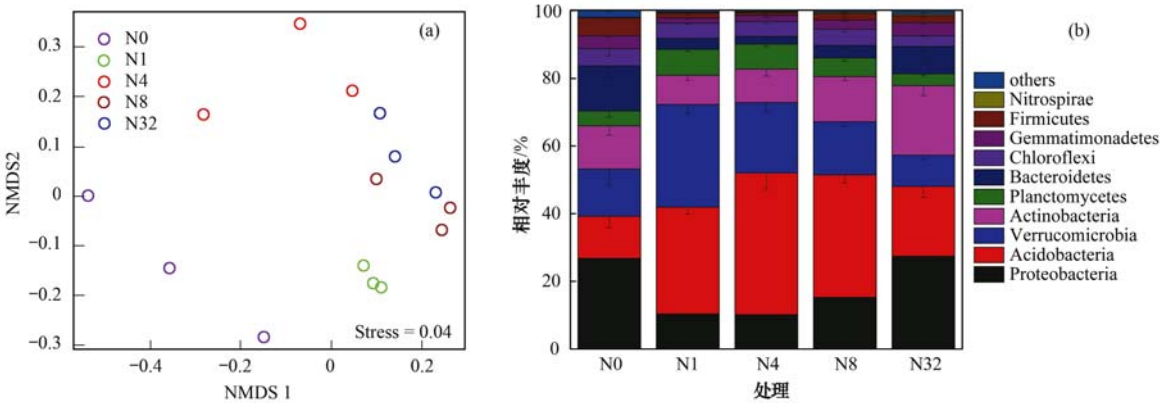


图 1 不同氮输入水平下的土壤细菌 Chao 指数
Fig. 1 Soil bacterial Chao index for different amounts of nitrogen addition



(a) 群落结构; (b) 群落组成
图 2 不同氮输入水平下土壤细菌群落结构及组成

Fig. 2 Soil bacterial community structure and composition under different amount of N deposition

基于各处理土壤细菌门水平的群落相对丰度组成分析如图 2 (b) 所示. 各样品中, 酸杆菌门 (Acidobacteria)、变形菌门 (Proteobacteria)、疣微菌门 (Verrucomicrobia) 和放线菌门 (Actinobacteria) 均为优势菌群, 平均相对丰度分别为 28.5%、18.1%、18.1% 和 13.1%, 另外 0.84% 的序列为未知序列. 其中, 变形菌门 (Proteobacteria) 相对丰度在 N1、N4、N8 处理中分别为 10.4%、10.2%、15.1%, 显著低于 N0 (26.8%) 和 N32 (27.4%), 即随氮输入量增加呈先降低后上升的趋势. 酸杆菌门 (Acidobacteria) 则相反, N1 处理显著高于 N0, 而 N4 处理中相对丰度最高, 达到 41.9%, N32 处理与 N0 处理无显著差异. 疣微菌门 (Verrucomicrobia) 随氮输入量增加其相对丰度变化趋势与酸杆菌门 (Acidobacteria) 类似. N1 和 N4 放

线菌门 (Actinobacteria) 相对丰度低于 N0, N8 和 N32 高于 N0, 且在 N32 达到最大值.

2.3 土壤基本性质与门水平细菌群落相对丰度的相关性

土壤细菌群落与土壤基本性质的相关性分析如表 2 所示. 从中可见, 氮输入量与疣微菌门 (Verrucomicrobia) 呈负相关 ($P = 0.028$), 与放线菌门 (Actinobacteria)、硝化螺旋菌门 (Nitrospirae) 相对丰度呈显著正相关 (分别为 $P = 0.002$ 、 $P = 0.020$). 其他环境因子中, 土壤 TN、TC 与疣微菌门呈正相关, 而与其他门水平细菌相对丰度无显著相关关系; NO_3^- -N 和 NH_4^+ -N 与放线菌门 (Actinobacteria) 呈显著正相关 ($P = 0.001$ 和 $P = 0.007$). pH 仅与疣微菌门 (Verrucomicrobia) 呈显著正相关 ($P = 0.022$), 而与其他细菌呈显著负相关

表 2 土壤细菌主要类群相对丰度与土壤基本性质的 Spearman 相关性¹⁾

Table 2 Spearman correlations between the relative abundance of bacterial groups and basic soil properties									
项目	N 输入量	含水量	Pi	NO_3^- -N	NH_4^+ -N	pH	TN	TC	C/N
变形菌门	—	0.535 *	—	—	—	—	—	—	—
α -变形菌纲	0.575 *	0.624 *	—	—	—	-0.533 *	—	—	—
β -变形菌纲	—	—	—	—	—	—	—	—	—
δ -变形菌纲	0.724 *	0.758 **	—	0.594 *	0.785 **	-0.719 **	—	—	—
γ -变形菌纲	—	—	—	—	—	—	—	—	—
酸杆菌门	—	—	—	—	—	—	—	—	—
疣微菌门	-0.565 *	-0.583 *	—	—	—	0.586 *	-0.524 *	-0.534 *	—
放线菌门	0.738 **	0.806 **	—	0.667 **	0.79 **	-0.676 **	—	—	—
浮霉菌门	—	-0.533 *	—	—	—	—	—	—	—
拟杆菌门	—	—	—	—	—	—	—	—	—
绿弯菌门	—	—	0.639 *	—	—	—	—	—	-0.527 *
厚壁菌门	—	—	—	—	—	—	—	—	—
硝化螺旋菌门	0.592 *	—	—	—	—	-0.682 **	—	—	—
OTU	0.701 **	0.632 *	—	0.528 *	0.573 *	-0.768 **	—	—	0.536 *
Chao 指数	—	—	—	—	—	—	—	—	0.568 *

1) 表中数据为相关系数, * 表示显著相关 ($P < 0.05$), ** 表示极显著相关 ($P < 0.01$), “—”表示无显著相关 ($P \geq 0.05$)

或无显著相关. 且与氮输入量和细菌相关的种类一致, 但相关性相反, 说明 N 施加通过改变 pH 从而间接地影响了多种细菌的丰度(图 3). 变形菌门(Proteobacteria)与土壤含水量呈正相关关系, 但其在纲水平却与多个化学因子显著相关, 例如 α -变形菌

纲与氮施加浓度、土壤含水量呈正相关, 与 pH 呈负相关; δ -变形菌纲与氮施加浓度、含水量、 NO_3^- -N、 NH_4^+ -N 呈显著正相关, 与 pH 呈负相关. 细菌 Chao 指数与碳氮比呈显著正相关, 与其他因子无显著相关性; OTU 数与氮输入量呈显著正相关.

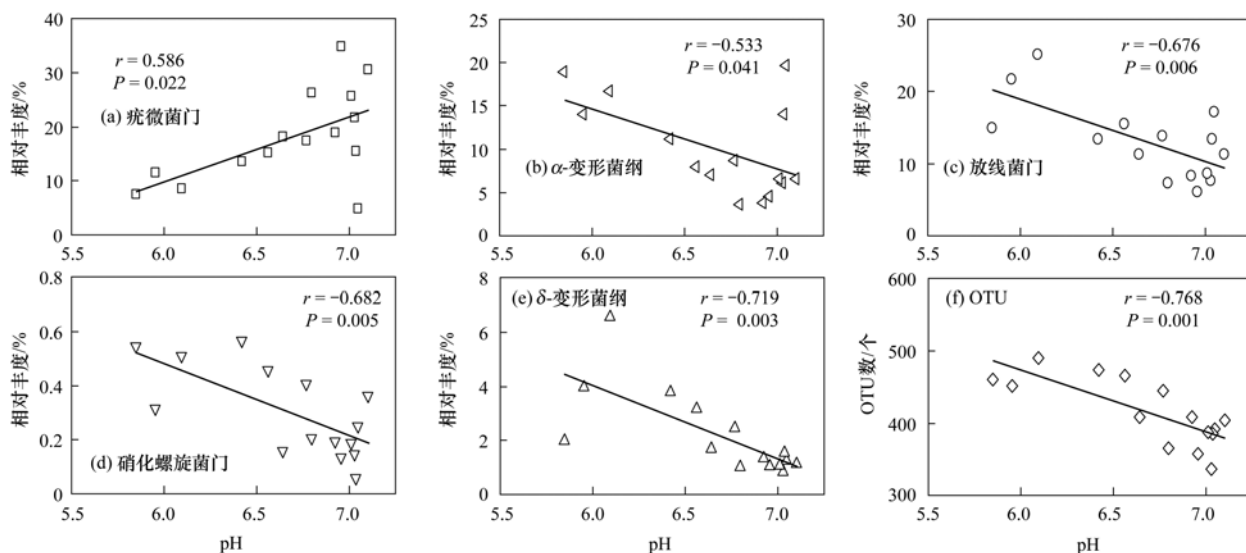


图 3 土壤 pH 与细菌不同类群相对丰度和 OTU 数的 Spearman 相关性

Fig. 3 Spearman correlation between the soil pH and bacterial groups at the phylum level and OTU numbers

3 讨论

氮沉降增加能直接或间接地影响地下生态过程, 包括土壤微生物的生长和繁殖. 土壤微生物是土壤的重要组成部分, 其群落结构的变化会影响土壤养分的有效性. 氮沉降增加会通过增加土壤含氮量, 从而促进土壤氮循环, 同时也会增加土壤细菌丰度. 有研究表明, 氮沉降增加会促进土壤氮素吸收、加快土壤有机质矿化速率和陆地生态系统硝化作用及反硝化作用^[28]. 本研究中, 氮施加虽然对土壤中 TN 含量无显著性影响, 但是会显著增加 NO_3^- -N 和 NH_4^+ -N 含量, 说明氮施加会促进土壤氮循环过程^[29,30]. 土壤 pH 与氮施加浓度呈显著负相关关系 ($P < 0.001$), 说明氮沉降增加会使土壤酸化, 这可能与氮施加浓度升高促进土壤硝化作用有关^[28]. 另外, 土壤酸化会改变土壤中金属离子的浓度, 例如土壤铁、锰含量. 因为在低 pH 条件下土壤锰含量增加, 进而促使了植物叶片锰含量的增多, 而锰的增多反过来抑制了植物对铁的吸收^[31], 进而影响叶片的光合作用, 导致土壤根系生长缓慢而影响土壤微环境, 从而间接影响土壤细菌群落结构^[14]. 长期氮添加条件下, 即使土壤 pH 变化不显著, 也可能会显著改变土壤微生物群落组成^[32]. 在

本研究中, 氮施加直接增加了土壤细菌 OTU 数且显著改变了细菌群落结构组成[图 2(a)], 不同细菌类群其相对丰度随氮施加浓度升高而出现不同的变化趋势; 同时降低土壤 pH, 间接地影响了土壤细菌丰度.

土壤细菌群落结构的改变与土壤相应的物质能量循环紧密相关, 不同细菌类型对环境资源的利用和适应性存在差异. k-生存策略细菌能代谢较难分解有机质, 能适应寡营养环境, 但生长繁殖缓慢, 短期内无法适应富营养环境. r-生存策略的细菌更倾向于利用易代谢有机质^[33, 34]. 在干旱半干旱区草原生态系统, 氮素是土壤微生物生长繁殖的主要限制因子之一^[35]. 当施加低浓度氮时, 缓解了细菌的氮限制, 细菌丰度和种类增加, 而当氮浓度过高时反而会抑制土壤细菌多样性^[36]. 有研究者发现, 施加高氮时, 变形菌门(Proteobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidetes)细菌丰度升高, 而酸杆菌门(Acidobacteria)和疣微菌门(Verrucomicrobia)细菌丰度降低, 这可能与后者在富营养条件下处于竞争劣势有关^[37~39]. 在本研究中, r-生存策略细菌如放线菌门(Actinobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)和厚壁菌门(Firmicutes)在低中浓度氮施加下, 相对丰度降低, 但当氮浓度较高时,

相对丰度与对照无显著差异。另外,同一门水平下不同纲的变化趋势不同,例如, α -变形菌纲、 β -变形菌纲和 γ -变形菌纲相对丰度与变形菌门(Proteobacteria)变化趋势一致,但 δ -变形菌纲相对丰度则随着氮施加浓度升高而升高。 k -生存策略细菌如酸杆菌门(Acidobacteria)、疣微菌门(Verrucomicrobia)相对丰度在低浓度氮施加下升高,整体随氮施加浓度升高而先上升后下降(图2)。这可能与施氮时间长短、数量多少有关,有研究表明在氮限制环境中,短时期施氮会增加细菌活性^[40],从而使土壤细菌丰度增加。

4 结论

(1)模拟氮沉降7 a增加了草地土壤可利用有效态氮含量,显著降低了土壤pH值,但对土壤总碳总氮和有效磷含量没有显著影响。

(2)氮输入量为4和8 g·(m²·a)⁻¹时,土壤细菌 α 多样性指数显著高于低氮或对照处理,但随着氮输入量的增加, α 多样性呈现下降的趋势。

(3)长期氮沉降对草地土壤细菌群落结构产生了显著影响,高氮处理[8 g·(m²·a)⁻¹和32 g·(m²·a)⁻¹]土壤细菌群落与低氮处理显著分开,可见氮的大量输入直接影响土壤细菌群落,而土壤微生物群落的变化反过来有可能对草地地上生态系统产生反馈作用,进而影响整个草地生态系统稳定和可持续发展。

参考文献:

- [1] Lamarque J F, Kiehl J T, Brasseur G P, *et al.* Assessing future nitrogen deposition and carbon cycle feedback using a multimodel approach: analysis of nitrogen deposition [J]. *Journal of Geophysical Research: Atmospheres*, 2005, **110** (D19): D19303.
- [2] Liu X J, Zhang Y, Han W X, *et al.* Enhanced nitrogen deposition over China [J]. *Nature*, 2013, **494** (7438): 459-462.
- [3] 刘红梅, 张爱林, 皇甫超河, 等. 氮沉降增加对贝加尔针茅草原土壤微生物群落结构的影响[J]. *生态环境学报*, 2017, **26**(7): 1100-1106.
Liu H M, Zhang A L, Huangfu C H, *et al.* Effects of increasing nitrogen deposition on soil microbial community structure of *Stipa baicalensis* steppe in Inner Mongolia, China [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2017, **26**(7): 1100-1106.
- [4] Niu S L, Yang H J, Zhang Z, *et al.* Non-additive effects of water and nitrogen addition on ecosystem carbon exchange in a temperate steppe [J]. *Ecosystems*, 2009, **12**(6): 915-926.
- [5] LeBauer D S, Treseder K K. Nitrogen limitation of net primary productivity in terrestrial ecosystems is globally distributed [J]. *Ecology*, 2008, **89**(2): 371-379.
- [6] Gough L, Osenberg C W, Gross K L, *et al.* Fertilization effects on species density and primary productivity in herbaceous plant communities [J]. *Oikos*, 2000, **89**(3): 428-439.
- [7] Clark J S, Dietze M, Chakraborty S, *et al.* Resolving the biodiversity paradox [J]. *Ecology Letters*, 2007, **10**(8): 647-659.
- [8] Menge D N L, Field C B. Simulated global changes alter phosphorus demand in annual grassland [J]. *Global Change Biology*, 2007, **13**(12): 2582-2591.
- [9] Lovell R D, Hatch D J. Stimulation of microbial activity following spring applications of nitrogen [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 1997, **26**(1): 28-30.
- [10] Lovell R D, Jarvis S C, Bardgett R D. Soil microbial biomass and activity in long-term grassland: effects of management changes [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1995, **27**(7): 969-975.
- [11] Leff J W, Jones S E, Prober S M, *et al.* Consistent responses of soil microbial communities to elevated nutrient inputs in grasslands across the globe [J]. *Proceeding of National Academy of Science of the United States of America*, 2015, **112** (35): 10967-10972.
- [12] Rousk J, Brookes P C, Bååth E. Fungal and bacterial growth responses to N fertilization and pH in the 150-year 'Park Grass' UK grassland experiment [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2011, **76**(1): 89-99.
- [13] van Diepen L T A, Lilleskov E A, Pregitzer K S, *et al.* Simulated nitrogen deposition causes a decline of intra- and extraradical abundance of arbuscular mycorrhizal fungi and changes in microbial community structure in northern hardwood forests [J]. *Ecosystems*, 2010, **13**(5): 683-695.
- [14] Singh B K, Bardgett R D, Smith P, *et al.* Microorganisms and climate change: terrestrial feedbacks and mitigation options [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2010, **8**(11): 779-790.
- [15] Campbell B J, Polson S W, Hanson T E, *et al.* The effect of nutrient deposition on bacterial communities in Arctic tundra soil [J]. *Environmental Microbiology*, 2010, **12**(7): 1842-1854.
- [16] Shen J P, Zhang L M, Guo J F, *et al.* Impact of long-term fertilization practices on the abundance and composition of soil bacterial communities in Northeast China [J]. *Applied Soil Ecology*, 2010, **46**(1): 119-124.
- [17] Nemergut D R, Townsend A R, Sattin S R, *et al.* The effects of chronic nitrogen fertilization on alpine tundra soil microbial communities; implications for carbon and nitrogen cycling [J]. *Environmental Microbiology*, 2008, **10**(11): 3093-3105.
- [18] Shen J P, Zhang L M, Zhu Y G, *et al.* Abundance and composition of ammonia-oxidizing bacteria and ammonia-oxidizing archaea communities of an alkaline sandy loam [J]. *Environmental Microbiology*, 2008, **10**(6): 1601-1611.
- [19] 张菊, 康荣华, 赵斌, 等. 内蒙古温带草原氮沉降的观测研究 [J]. *环境科学*, 2013, **34**(9): 3552-3556.
Zhang J, Kang R H, Zhao B, *et al.* Monitoring nitrogen deposition on temperate grassland in Inner Mongolia [J]. *Environmental Science*, 2013, **34**(9): 3552-3556.
- [20] Niu S L, Wan S Q. Warming changes plant competitive hierarchy in a temperate steppe in northern China [J]. *Journal of Plant Ecology*, 2008, **1**(2): 103-110.
- [21] Shen X Y, Zhang L M, Shen J P, *et al.* Nitrogen loading levels affect abundance and composition of soil ammonia oxidizing

- prokaryotes in semiarid temperate grassland[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2011, **11**(7): 1243-1252.
- [22] Lauber C L, Hamady M, Knight R, *et al.* Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, **75**(15): 5111-5120.
- [23] Bates B, Bunder M, Tognetti K. Self-matching bands in the paperfolding sequence[J]. *Applicable Analysis and Discrete Mathematics*, 2011, **5**(1): 46-54.
- [24] Schloss P D, Westcott S L, Ryabin T, *et al.* Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, **75**(23): 7537-7541.
- [25] Hu H W, Zhang L M, Dai Y, *et al.* pH-dependent distribution of soil ammonia oxidizers across a large geographical scale as revealed by high-throughput pyrosequencing[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2013, **13**(8): 1439-1449.
- [26] Klindworth A, Priesse E, Schweer T, *et al.* Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies[J]. *Nucleic Acids Research*, 2013, **41**(1): e1.
- [27] Wang Q, Garrity G M, Tiedje J M, *et al.* Naïve Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, **73**(16): 5261-5267.
- [28] Li L J, Zeng D H, Yu Z Y, *et al.* Soil microbial properties under N and P additions in a semi-arid, sandy grassland[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2010, **46**(6): 653-658.
- [29] 杨涵越, 张婷, 黄永梅, 等. 模拟氮沉降对内蒙古克氏针茅草原N₂O排放的影响[J]. *环境科学*, 2016, **37**(5): 1900-1907.
- Yang H Y, Zhang T, Huang Y M, *et al.* Effect of stimulated N deposition on N₂O emission from a *Stipa krylovii* steppe in Inner Mongolia, China[J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(5): 1900-1907.
- [30] 杜岩功, 曹莹芳, 周庚, 等. 模拟氮沉降和增水及其交互作用对高寒草甸N₂O排放的影响[J]. *中国草地学报*, 2017, **39**(5): 116-120.
- Du Y G, Cao Y F, Zhou G, *et al.* Effect of simulated nitrogen deposition and adding precipitation and its interaction on soil N₂O emissions in alpine meadow[J]. *Chinese Journal of Grassland*, 2017, **39**(5): 116-120.
- [31] Bai W M, Guo D L, Tian Q Y, *et al.* Differential responses of grasses and forbs led to marked reduction in below-ground productivity in temperate steppe following chronic N deposition[J]. *Journal of Ecology*, 2015, **103**(6): 1570-1579.
- [32] Kirchmann H, Schön M, Börjesson G, *et al.* Properties of soils in the Swedish long-term fertility experiments: VII. changes in topsoil and upper subsoil at Örja and Fors after 50 years of nitrogen fertilization and manure application[J]. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section B-Soil & Plant Science*, 2013, **63**(1): 25-36.
- [33] Ramirez K S, Craine J M, Fierer N. Consistent effects of nitrogen amendments on soil microbial communities and processes across biomes[J]. *Global Change Biology*, 2012, **18**(6): 1918-1927.
- [34] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. *Ecology*, 2007, **88**(6): 1354-1364.
- [35] Bai Y F, Wu J G, Clark C M, *et al.* Tradeoffs and thresholds in the effects of nitrogen addition on biodiversity and ecosystem functioning: evidence from inner Mongolia Grasslands[J]. *Global Change Biology*, 2010, **16**(1): 358-372.
- [36] Zeng J, Liu X J, Song L, *et al.* Nitrogen fertilization directly affects soil bacterial diversity and indirectly affects bacterial community composition[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, **92**: 41-49.
- [37] Fierer N, Lauber C L, Ramirez K S, *et al.* Comparative metagenomic, phylogenetic and physiological analyses of soil microbial communities across nitrogen gradients[J]. *ISME Journal*, 2012, **6**(5): 1007-1017.
- [38] Ramirez K S, Lauber C L, Knight R, *et al.* Consistent effects of nitrogen fertilization on soil bacterial communities in contrasting systems[J]. *Ecology*, 2010, **91**(12): 3463-3470.
- [39] Wallenstein M D, McNulty S, Fernandez I J, *et al.* Nitrogen fertilization decreases forest soil fungal and bacterial biomass in three long-term experiments[J]. *Forest Ecology and Management*, 2006, **222**(1-3): 459-468.
- [40] Schaeffer S M, Evans R D. Pulse additions of soil carbon and nitrogen affect soil nitrogen dynamics in an arid Colorado Plateau shrubland[J]. *Oecologia*, 2005, **145**(3): 425-433.

CONTENTS

Patterns of Mortality from Air Pollutant Emissions in China's Coal-fired Power Plants	QIN Yu, ZHANG Qiang, LI Xin, <i>et al.</i> (5289)
Analysis of the Temporal and Spatial Variation of PM _{2.5} in China Based on the LUR Model	LIU Bing-jie, PENG Xiao-min, LI Ji-hong (5296)
Physicochemical Properties of the Aerosol Particles and Their Impacts on Secondary Aerosol Formation at the Background Site of the Yangtze River Delta	 HUANG Dan-dan, ZHOU Min, YU Chuan-guan, <i>et al.</i> (5308)
Analysis of Different Particle Sizes, Pollution Characteristics, and Sources of Atmospheric Aerosols During the Spring Dust Period in Beijing	YANG Yang, LI Xing-ru, CHEN Xi, <i>et al.</i> (5315)
Characteristics of Ambient VOCs at the Shuangliu Site in Chengdu, China, During Summer and Autumn	DENG Yuan-yuan, LI Jing, LI Ya-qi, <i>et al.</i> (5323)
Source Profiles and Chemical Reactivity of Volatile Organic Compounds from Surface Coating of Aluminum Products in Foshan, China	LI Xia, SU Wei-jian, LI Bi-xia, <i>et al.</i> (5334)
Emission Inventory and Characteristics of Anthropogenic Air Pollutant Sources in the Sichuan Province	ZHOU Zi-hang, DENG Ye, TAN Qin-wen, <i>et al.</i> (5344)
Characteristics of Particulate Matter Emissions from the Coking Process	WANG Yan-hui, ZHAO Liang, SUN Wen-qiang, <i>et al.</i> (5359)
Dry and Wet Deposition of Atmospheric Nitrogen in Small Catchments	WANG Huan-xiao, PANG Shu-jiang, WANG Xiao-yan, <i>et al.</i> (5365)
Seasonal Changes of the Pathways of Nitrogen Export from an Agricultural Watershed in China	LI Wen-chao, LEI Qiu-liang, ZHAI Li-mei, <i>et al.</i> (5375)
Dynamics and Runoff Losses of Nitrogen in Paddy Field Surface Water Under Combined Application of Biochar and Slow/Controlled-Release Fertilizer	 SI Lin-lin, ZHOU Jing-jie, WU Liang-huan, <i>et al.</i> (5383)
Indirect Nitrous Oxide Emissions from an Agricultural Headwater Stream During the Rainy Season in the Upper Reach of the Yangtze River	TIAN Lin-lin, WANG Zheng, ZHU Bo (5391)
Concentration, Flux, and Emission Factor of N ₂ O in Rivers with Different Nitrogen Pollution Features	WANG Miao, LI Ya-feng, LEI Kun, <i>et al.</i> (5400)
Identification of Nitrate Pollution Sources Through Various Isotopic Methods: A Case Study of the Huixian Wetland	PENG Cong, PAN Xiao-dong, JIAO You-jun, <i>et al.</i> (5410)
Temporal and Spatial Distribution of the Soil Water δD and $\delta^{18}O$ in a Typical Karst Valley: A Case Study of the Zhongliang Mountains, Chongqing City	 WU Wei, JIANG Yong-jun, JIA Ya-nan, <i>et al.</i> (5418)
Hydrochemical Characteristics of Groundwater and the Origin in Alluvial-proluvial Fan of Qinhe River	LIU Jiang-tao, CAI Wu-tian, CAO Yue-ting, <i>et al.</i> (5428)
Impact of Maximum Precipitation in 2017 on the Runoff Component of Reclaimed Water-Intaking River	LIAO An-ran, SONG Xian-fang, ZHANG Ying-hua, <i>et al.</i> (5440)
Spectral Evolution Characteristics of DOM in Sediment Interstitial Water During the Formation Stage of Thermal Stratification in the Main Reservoir Area of the Zhoucun Reservoir	 ZHOU Shi-lei, ZHANG Yi-ran, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (5451)
Pollution Characteristic of Ni in Sediments in the Three Gorges Reservoir	ZHANG Wei-jie, YIN Shu-hua, XU Dong-yu, <i>et al.</i> (5464)
Migration and Transformation of Mercury at Sediment-Water Interface of the Dahong Lake Reservoir in the Simian Mountains	GUO Pan, SUN Tao, YANG Guang, <i>et al.</i> (5473)
Effects of Wetland Types on Distribution of Soil Methylmercury Based on the Region of Nanweng River in the Greater Xing'an Mountains	ZHOU Xin-quan, LIU Yu-rong, LI Jing, <i>et al.</i> (5480)
Simulation of the Migration and Release Characteristics of Organophosphate Esters in Fluctuation Zone Soil of the Three Gorges Reservoir During Flooding	 YANG Ting, HE Ming-jing, YANG Zhi-hao, <i>et al.</i> (5487)
Spatial Distribution of Perfluoroalkyl Acids and Transformation of Their Precursors in River Water Samples and Effluents of Wastewater Treatment Plants in a Typical Tourism City	 WANG Shi-liang, SUN Jian-shu, YANG Yue-wei, <i>et al.</i> (5494)
Purification Efficiency and Microbial Characteristics of Four Biofilters Operated Under Different Conditions	JIANG Xiao-liang, LI Meng, ZHANG Shao-hui, <i>et al.</i> (5503)
Effects of Manganese on the Growth and Fluorescence Induction Kinetics of <i>Conticribra weisflogii</i>	WANG Mu-lan, JIANG Yue-lu (5514)
Distribution and Factors Affecting <i>Cylindrospermopsis raciborskii</i> in Guangdong Reservoirs	LEI Min-ting, PENG Liang, HAN Bo-ping, <i>et al.</i> (5523)
Removal of Humic Acid from Water by Magnetic Chitosan-Grafted Polyacrylamide	YOU Wen, LIU Hai-cheng, CAO Jia-wei, <i>et al.</i> (5532)
Ozone-Biological Activated Carbon for Advanced Removal of Typical Persistent Organic Pollutants from Micro-Polluted Source Water in the Yangtze Delta Region	 LAN Ya-qiong, LIU Rui, MA Zheng-jie, <i>et al.</i> (5541)
Color and Nitrogen Removal from Synthetic Dye Wastewater in an Integrated Hydrolysis/Acidification and Anoxic/Aerobic Process	GU Meng-qi, YIN Qi-dong, LIU Ai-ke, <i>et al.</i> (5550)
Removal Characteristics of High Concentrations of Perchlorate Using a "Heterotrophic Sulfur Autotrophic" Combination Process	LIU Ying-nan, TAO Hua-qiang, SONG Yuan-yuan, <i>et al.</i> (5558)
Rapid Start-up of a Nitrite-Dependent Methane Anaerobic Oxidation Reaction Under Static Pressure Conditions	WANG Yi-nan, HU Zhen, RU Dong-yun, <i>et al.</i> (5565)
Optimization of the Flow Distribution Ratio and Mechanism of Nitrogen Removal in a Multi-level AO Coupled Flow Biochemical Process	WANG Fan, LI Jun, BIAN De-jun, <i>et al.</i> (5572)
High-rate Nitrogen Removal in a Two-stage Partial Nitrification-ANAMMOX Process Under Mainstream Conditions	LIU Wen-ru, YANG Dian-hai, SHEN Yao-liang, <i>et al.</i> (5580)
Effects of Different Substrate Concentrations on the Short-term Storage of ANAMMOX Bacteria	GAO Xue-jian, ZHANG Jie, LI Dong, <i>et al.</i> (5587)
Optimization of the Mainstream Anaerobic Ammonia Oxidation Process and Its Changes of the Microbial Community	FU Kun-ming, FU Chao, LI Hui, <i>et al.</i> (5596)
Granular Characteristics of Anaerobic Ammonia Oxidation Sludge During the Recovery Process	CHEN Fang-min, GU Cheng-wei, HU Yu-ting, <i>et al.</i> (5605)
Characterization of a Newly Isolated Strain <i>Pseudomonas</i> sp. N3 for Denitrification at Low Temperature	LU Jun-ling, CHEN Hui-ping, XIAO Lin (5612)
Heavy Metal Pollution and Potential Ecological Risk of Soil from Reclaimed Industrial Sites and Surrounding River Sediments	WU Jian, WANG Min, ZHANG Hui-peng, <i>et al.</i> (5620)
Ecological Risk Assessment of Soil Heavy Metals for Different Types of Land Use and Evaluation of Human Health	LI Chun-fang, CAO Jian-fei, LÜ Jian-shu, <i>et al.</i> (5628)
Soil Pollution Characteristics and Ecological Risk Assessment of As at a Large-scale Arsenic Slag-contaminated Site	LIU Geng, SHI Ying, TIAN Hai-jin, <i>et al.</i> (5639)
Relationship Between the Bacterial Abundance and Production with Environmental Factors in a Subtropical Karst Reservoir	XIN Sheng-lin, LIANG Yue-ming, PENG Wen-jie, <i>et al.</i> (5647)
Structure Analysis of Arbuscular Mycorrhizal in Roots from Different Shrubs in Karst Regions	LIANG Yue-ming, SU Yi-rong, HE Xun-yang, <i>et al.</i> (5657)
Effects of Stimulated Nitrogen Deposition on the Bacterial Community Structure of Semiarid Temperate Grassland	LI Zong-ming, SHEN Ju-pei, ZHANG Li-mei, <i>et al.</i> (5665)
Effect of Phosphorus Addition on the Abundance of Autotrophic CO ₂ -Fixation Microorganisms in Rhizospheric Soil from a Phosphorus-Limited Paddy Field	 BAI Jing, LI Yi-fei, LIU Shou-long, <i>et al.</i> (5672)
Effects of Varying Long-term Fertilization on Organic Carbon Mineralization and Priming Effect of Paddy Soil	MA Xin, WEI Liang, TANG Mei-liang, <i>et al.</i> (5680)
Relationship Between the Vegetation Community and Soil Nutrient and Enzyme Activity During the Restoration of Abandoned Land in the Loess Hilly Region	 QIAO Wen-jing, DAI Yin-yue, ZHANG Wei, <i>et al.</i> (5687)
Degradation of Pentachlorophenol by Fulvic Acid in a Municipal Solid Waste Landfill	LIU Si-jia, HE Xiao-song, ZHANG Hui, <i>et al.</i> (5699)
Effect of CO ₂ Doubling and Different Plant Growth Stages on Rice Carbon, Nitrogen, and Phosphorus and Their Stoichiometric Ratios	 TANG Mei-ling, XIAO Mou-liang, YUAN Hong-zhao, <i>et al.</i> (5708)
Assessment of Medical Waste Disposal Technologies Based on the AHP	XU Xiao-fang, TAN Quan-yin, LIU Li-li, <i>et al.</i> (5717)
Livestock and Poultry Faeces Nitrogen Loading Rate and Its Potential Return to Farmland in China	LIU Xiao-yong, WANG Xiu-bin, LI Shu-tian (5723)