

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



2019

Vol.40 No.1
第40卷 第1期

目次

2015~2016年北京市3次空气重污染红色预警PM _{2.5} 成因分析及效果评估	吕喆, 魏巍, 周颖, 程水源, 王晓琦	(1)
长三角地区重点源减排对PM _{2.5} 浓度的影响	于燕, 王泽华, 崔雪东, 陈锋, 徐宏辉	(11)
上海市实施清洁空气行动计划的健康收益分析	戴海夏, 安静宇, 李莉, 黄成, 严茹莎, 朱书慧, 马英歌, 宋伟民, 阚海东	(24)
京津冀及周边地区PM _{2.5} 时空变化特征遥感监测分析	陈辉, 厉青, 李莹, 张连华, 毛慧琴, 周伟, 刘伟汉	(33)
MODIS C006气溶胶光学厚度产品在京津冀典型环境背景下的适用性	王海林, 刘琼, 陈勇航, 孙冉, 李霞, 张华, 魏刚, 胡俊, 刘统强	(44)
气象因素对香港地区臭氧污染的影响	赵伟, 高博, 刘明, 卢清, 马社霞, 孙家仁, 陈来国, 范绍佳	(55)
天津夏季边界层低层大气中PAN和O ₃ 的输送特征分析	姚青, 马志强, 林伟立, 刘敬乐, 王晓佳, 蔡子颖, 韩素芹	(67)
成都冬季PM _{2.5} 化学组分污染特征及来源解析	吴明, 吴丹, 夏俊荣, 赵天良, 杨清健	(76)
郑州市冬季PM _{2.5} 传输路径和潜在源分析	段时光, 姜楠, 杨留明, 张瑞芹	(86)
常州春季PM _{2.5} 中WSOC和WSN的污染特征与来源解析	李清, 黄雯倩, 马帅帅, 黄红缨, 叶招莲, 陈敏东	(94)
天津隧道机动车VOCs污染特征与排放因子	孙露娜, 刘妍, 赵静波, 孙世达, 宋从波, 张静, 李悦宁, 林应超, 王婷, 毛洪钧	(104)
机动车源大气颗粒物粒径分布及碳组分特征	梅德清, 朱宗宁, 孙天硕, 王向丽, 梅丛蔚, 肖政臻	(114)
超低排放路线下燃煤烟气可凝颗粒物在WFGD、WESP中的转化特性	杨柳, 张斌, 王康慧, 麻丁仁, 盛重义	(121)
超低排放燃煤电厂颗粒物脱除特性	阮仁晖, 谭厚章, 段钰锋, 杜勇乐, 刘鹤欣, 萧嘉繁, 杨富鑫, 张朋	(126)
北京建筑施工裸地时空变化及扬尘污染排放	张立坤, 李令军, 姜磊, 赵文慧, 鹿海峰, 王新辉, 邱昀	(135)
SCR装置对焦炉煤气燃烧废气中PCDD/Fs、PCBs和PCNs的协同脱除	任美慧, 樊芸, 王胜, 许亮, 张宁, 张雪萍, 陈吉平, 张海军	(143)
古浪河流域大气降水稳定同位素的时空特征及其环境意义	桂娟, 李宗省, 冯起, 卫伟, 李永格, 吕越敏, 袁瑞丰, 张百娟	(149)
夏季闽江CDOM的空间分布与降解特征	程琼, 庄婉娥, 王辉, 陈苇, 杨丽阳	(157)
亚热带河口陆基养虾塘水体CDOM三维荧光光谱平行因子分析	朱爱菊, 孙东耀, 谭季, 黄佳芳, 罗敏	(164)
基于UV-vis及EEMs解析周村水库夏秋季降雨不同相对分子质量DOM的光谱特征及来源	周石磊, 张艺冉, 黄廷林, 刘艳芳, 张磊, 李贵霞, 岳琳, 罗晓	(172)
分层型水源水库溶解性有机物性质及其膜污染特性	李凯, 王晓东, 黄廷林, 李舒, 刘双	(185)
重庆西部山区典型湖泊水-气界面CO ₂ 交换通量及其影响因素	罗佳宸, 倪茂飞, 李思悦	(192)
基于稀疏表达的水体遥感反射率高光谱重构及其应用	李渊, 李云梅, 郭宇龙, 张运林, 张毅博, 胡耀躲, 夏忠	(200)
巢湖十五里河河床地貌单元沉积物硝化速率及污染特征	李如忠, 阙凤翔, 熊鸿斌, 王莉	(211)
特大城市河流表层沉积物磷形态分布及有效性:以成都市为例	丁瑶, 欧阳莉莉, 石清, 高平川, 赖承钺, 陈舒平, 贾滨洋, 姚刚	(219)
黄河中游(渭南—郑州段)全/多氟烷基化合物的分布及通量	李琦路, 程相会, 赵祯, 郭萌然, 袁梦, 华夏, 方祥光, 孙红文	(228)
重工业城市岩溶地下水中多环芳烃污染特征及来源	苗迎, 孔祥胜, 李成展	(239)
沈抚新城地下水中PAHs的污染特征及健康风险评价	张士超, 姚宏, 向鑫鑫, 刘殷佐, 刘明丽, 鲁根涛, 于晓华	(248)
多环芳烃及其衍生物在北京纳污河流中的分布及健康风险	付璐婧, 李一兵, 乔梦, 赵旭	(256)
原水性质对新型含Ca ²⁺ 复合混凝剂混凝过程的影响	曲江东, 徐慧, 徐建坤, 段晋明, 门彬, 王东升	(263)
水体中磺胺甲噁唑间接光降解作用	李聪鹤, 车潇炜, 白莹, 石晓勇, 苏荣国	(273)
MoS ₂ /BiOI复合光催化剂制备及其光催化氧化还原性能	张亮, 赵朝成, 高先瑶, 闫青云, 王帅军, 董培, 侯亚璐	(281)
纳米零价铜活化分子氧降解水中恩诺沙星	倪永炯, 程永清, 徐梦苑, 邱春根, 马晓雁, 李军, 邓靖	(293)
不同类型LDHs负载改性麦饭石对Cr(VI)吸附性能	张翔凌, 邓礼楚, 方晨佳, 雷雨, 何春艳, 高晨光, 赵双杰, 向洋	(300)
单层硅烷负载磁铁矿纳米颗粒的制备及除磷性能	邢明超, 谢强, 陈守慧, 吴德意	(310)
新生态型聚硅酸铁锰处理染料废水的优化	唐立朋, 魏群山, 吕强, 张弛, 刘亚男, 柳建设	(318)
不同外加电压下自养型生物阴极还原硫酸盐的性能及生物膜群落响应	胡佳萍, 曾翠平, 骆海萍, 刘广立, 张仁铎, 卢耀斌	(327)
碳源对O/A-F/F模式积累内源聚合物及反硝化的影响	崔有为, 金常林, 王好韩, 李晶	(336)
进水C/P对SNEDPR系统脱氮除磷性能的影响	甄建园, 于德爽, 王晓霞, 陈光辉, 都叶奇, 袁梦飞, 杜世明	(343)
不同污泥龄(SRT)对SNEDPR系统脱氮除磷影响	王晓霞, 甄建园, 赵骥, 于德爽, 都叶奇, 杜世明, 袁梦飞, 张帆	(352)
后置短程反硝化AOA-SBR工艺实现低C/N城市污水的脱氮除磷	巩秀珍, 于德爽, 袁梦飞, 王晓霞, 陈光辉, 王钧, 毕春雪, 都叶奇	(360)
缺氧-好氧连续流亚硝化颗粒污泥反应器的启动及稳定运行	李冬, 郭跃洲, 劳会妹, 曹美忠, 张杰	(369)
低温SNAD颗粒污泥工艺启动方式	李冬, 崔雅倩, 赵世勋, 刘志诚, 张杰	(376)
不同取样尺度和数量下针阔混交林土壤呼吸的空间异质性	严俊霞, 孙琦, 李君剑, 李洪建	(383)
轮作方式对冬水田温室气体排放的影响	冯夕, 江长胜, 彭小乐, 李彦沛, 郝庆菊	(392)
紫色土N ₂ O排放及氨氧化微生物群落结构对玉米秸秆与化肥减量配施的响应	黄容, 高明, 王莹燕, 黎嘉成, 徐国鑫, 罗梅, 徐畅	(401)
岩溶地区不同土地利用方式土壤固碳细菌群落结构特征	张双双, 靳振江, 贾远航, 李强	(412)
丹江口库区库滨带植被土壤细菌群落多样性及PICRUSt功能预测分析	孙峰, 田伟, 张菲, 陈彦, 任学敏, 庞发虎, 李玉英, 姚伦广, 陈兆进	(421)
硫酸盐还原菌介导的吸附态砷的迁移转化	贾欠欠, 李伟, 王亚男, 段晋明, 刘玉灿	(430)
铅锌冶炼厂周边农田土壤重金属污染空间分布特征及风险评估	王洋洋, 李方方, 王笑阳, 杨志辉, 韩科, 阮心玲	(437)
新疆干旱区某矿冶场对周围土壤重金属累积的影响	杨伟光, 王美娥, 陈卫平	(445)
九龙江流域水稻土重金属赋存形态及污染评价	林承奇, 黄华斌, 胡恭任, 于瑞莲, 郝春莉, 林颖	(453)
草海典型高原湿地食物链中汞同位素组成特征	许议元, 何天容	(461)
Cd、Zn交互作用对三七景天根系形态和重金属吸收积累的影响	郭俊梅, 杨俊兴, 杨军, 陈同斌, 李厚恩, 徐铁兵, 周小勇, 叶勇, 于豹	(470)
不同浓度镉处理对铅胁迫下玉米生长和铅吸收的影响	王起凡, 郭伟, 常青, 潘亮, 周昕南, 杨亮, 李娥	(480)
广西龙江鱼类镉含量分布特征及生物积累特性分析	王俊能, 赵学敏, 胡国成, 钟松雄, 姚玲爱, 马千里, 许振成	(488)
6种消解方法对荧光测定生物体内聚苯乙烯微塑料的影响	邹亚丹, 徐擎擎, 张智, 李富云, 李锋民	(496)
一种负载功能微生物的营养缓释填料的制备及性能评价	冯克, 徐丹华, 成卓韦, 於建明, 陈建孟	(504)
《环境科学》征订启事(113)		
《环境科学》征稿简则(238)		
信息(93, 262, 342)		

丹江口库区库滨带植被土壤细菌群落多样性及PICRUSt功能预测分析

孙峰¹, 田伟², 张菲¹, 陈彦³, 任学敏¹, 庞发虎¹, 李玉英¹, 姚伦广¹, 陈兆进^{1*}

(1. 南阳师范学院农业工程学院, 南水北调中线水源区水安全河南省协同创新中心, 南阳 473061; 2. 环境保护部南京环境科学研究所, 南京 210042; 3. 南阳师范学院生命科学院, 南阳 473061)

摘要: 微生物是土壤元素生物地球化学循环的主要驱动力, 目前库滨带植物截留和消减污染物质过程中细菌群落及其功能研究尚未清楚. 本研究选取适宜丹江口库区库滨带生长的4种典型植物(草本植物香根草、芦苇、乔木植物杜梨和灌木植物假包叶), 采用16S rDNA Miseq高通量测序技术研究根际细菌群落组成, 发现其主要由变形菌门、拟杆菌门、放线菌门等31个门、343个属的细菌组成, 表现出群落组成的丰富性. 细菌群落分析表明香根草和芦苇细菌群落结构较为相似, 但和杜梨细菌群落结构差异最大. PICRUSt功能预测分析表明, 库滨带植物根际细菌主要涉及次生产物代谢的生物合成、转录、多糖生物合成和代谢、细胞生长和死亡等38个子功能, 表现出功能上的丰富性. 库滨带植物根际细菌代谢能力整体趋势为假包叶 > 芦苇 > 香根草 > 杜梨. 本研究初步探讨了丹江口库区库滨带不同植物根际细菌群落和功能, 为丹江口水库库滨带植被构建及其水环境保护提供了参考依据.

关键词: 丹江口水库; 库滨带; 细菌群落组成; 高通量测序; PICRUSt分析

中图分类号: X172 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3301(2019)01-0421-09 **DOI:** 10.13227/j.hjks.201805086

Composition and Predictive Functional Analysis of Rhizosphere Bacterial Communities in Riparian Buffer Strips in the Danjiangkou Reservoir, China

SUN Feng¹, TIAN Wei², ZHANG Fei¹, CHEN Yan³, REN Xue-min¹, PANG Fa-hu¹, LI Yu-ying¹, YAO Lun-guang¹, CHEN Zhao-jin^{1*}

(1. Collaborative Innovation Center of Water Security for Water Source Region of Mid-route Project of South-North Water Diversion of Henan Province, School of Agricultural Engineering, Nanyang Normal University, Nanyang 473061, China; 2. Nanjing Institute of Environmental Sciences, Ministry of Environmental Protection, Nanjing 210042, China; 3. School of Life Science and Technology, Nanyang Normal University, Nanyang 473061, China)

Abstract: Microbial communities play crucial roles in the global biogeochemical nitrogen cycle. To our knowledge, the compositions and functions of rhizosphere communities in riparian buffer strips have not been reported. In this study, rhizosphere soil samples were collected from herbs (*Vetiveria zizanioides* and *Phragmites australis*), trees (*Pyrus betulifolia*), and shrubs (*Discocleidion rufescens*) in the Danjiangkou Reservoir in June 2017. High-throughput sequencing was performed to analyze the community structure and diversity of bacteria. Phylogenetic analysis based on 16S rDNA sequences shows that the bacterial communities can be divided into 31 major phylogenetic groups. The dominant phylogenetic groups include Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria, Gemmatimonadetes, and Acidobacteria. Phylogenetic investigation of communities by reconstruction of unobserved states (PICRUSt) was used to determine the metabolic and functional abilities of the observed bacterial communities. Our results reveal a wide genetic diversity of organisms involved in various essential processes such as biosynthesis of other secondary metabolites, transcription, Glycan biosynthesis and metabolism, cell growth and death, and carbohydrate metabolism. Based on the 16S rRNA gene copy number of the detected phylotype, the bacterial rhizospheres of plants in riparian buffer strips can be ranked as follows: *Discocleidion rufescens* > *Phragmites australis* > *Vetiveria zizanioides* > *Pyrus betulifolia*. We analyzed the differences of different plants from the perspective of bacterial community composition and function and provide a foundation for vegetation construction and water environmental protection in riparian buffer strips of the Danjiangkou Reservoir.

Key words: Danjiangkou Reservoir; riparian buffer strips; bacterial community structure; high-throughput sequencing; PICRUSt analysis

库滨带或缓冲带(riparian buffer strips)是陆地生态系统和水域生态系统的过渡带, 通过库滨带植物及其土壤微生物拦截、吸收、分解污染物质, 能有效遏制水土流失、防止水体富营养化^[1, 2]. 长期监测表明, 由于存在农业面源、村镇生活污水等污染, 造成丹江口库区承载着较大的氮、磷负荷^[3, 4]. 有研究表明白茅、狗牙根、刺槐、苘麻、蛇床群丛

等典型库滨带植物在氮、磷等元素的截留和消减过

收稿日期: 2018-05-10; 修订日期: 2018-07-21

基金项目: 国家自然科学基金项目(41601332); 河南省科技攻关计划项目(172102110259, 182102110468); 河南省教育厅高等学校重点科研项目(16A210012); 河南省南水北调中线水源区水生态安全创新型科技团队专项(17454)

作者简介: 孙峰(1992~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为环境微生物, E-mail: 961774647@qq.com

* 通信作者, E-mail: Zhaojin_chen@163.com

程中起到重要作用^[5-8]. 微生物是土壤元素生物化学地球循环的主要驱动力, 目前库滨带植物截留和消减氮、磷等元素过程中微生物群落组成和功能研究较少开展^[9, 10]. 王萃等^[11]研究了北京密云水库芦苇、杂草等不同植被的库滨带土壤中氨氧化细菌(AOB)的多样性和丰度特征. 梁菊等^[12]对太湖竺山湾缓冲带人工草林土壤反硝化势和反硝化细菌数量进行了测定. 高通量测序技术(high throughput sequencing)能获取大量微生物 16S rRNA 基因相关的种群信息, 可较全面地了解生物群落组成特征, 目前国内外研究者已采用该方法研究各种土壤微生物群落组成、分布特征及其影响因素等^[13-17], 但目前其在库滨带植物土壤微生物群落组成研究中应用较少. 同时, 之前高通量测序数据主要关注于微生物群落结构(α 和 β 多样性), 无法开展其功能研究. PICRUST (phylogenetic investigation of communities by reconstruction of unobserved states)是一款菌群功能和代谢的预测软件, 可以通过 16S rRNA 基因序列预测对应的细菌代谢功能谱^[18]. PICRUST 功能预测分析已在植物根际土壤^[19, 20]、湖泊沉积物^[21]、海水^[22]等多种生境中成功应用, 初步分析了微生物功能. 目前, 基于高通量测序的 PICRUST 功能预测分析在库滨带微生物研究中鲜见报道, 该方法的运用将为探明库滨带微生物群落组成和功能提供重要帮助.

本研究选取丹江口库区库滨带人工种植的 4 种典型植物(草本植物香根草、芦苇、乔木植物杜梨和灌木植物假麦包叶), 采用 16S rDNA MiSeq 高通量测序技术(Illumina 公司 MiSeq PE300 测序平台)研究根际细菌群落多群落组成, 结合 PICRUST 分析预测根际细菌功能, 从微生物群落和功能角度分析不同植物截留和消减氮、磷等元素的差异, 以期对丹江口水库库滨带植被构建及其水环境保护提供参考依据.

1 材料与方法

1.1 样品采集与理化指标测定

选取构建于丹江口库区库滨带种植资源圃(坐标: 32°34'22.85"N, 111°31'32.67"E)的草本植物香根草(*Vetiveria zizanioides*, 后文图注中缩写为 VZ)、芦苇(*Phragmites australis*, PA)、乔木植物杜梨(*Pyrus betulifolia*, PB)和灌木植物假麦包叶(*Discocleidion rufescens*, DR). 根据之前研究, 这些植物在丹江口库区库滨带具有良好的生存能力, 并具有净化水质、拦截污染物和泥沙等功能^[6, 7]. 于 2017 年 6 月采用抖落法收集植物根际土壤样品, 每

样品设置 3 个生物学重复. 将收集的土壤样品置于预先灭菌容器中存于冰盒, 运回实验室用于提取细菌总 DNA, 剩余土壤样品用于理化指标测定. 所采土壤样品带回实验室于阴凉处室温风干, 测定土壤样品 pH 值、有机质总量(SOM)、总氮(TN)、总磷(TP)、总钾(TK)、铵态氮(NH_4^+ -N)和硝态氮(NO_3^- -N)等理化指标.

1.2 样品总 DNA 提取

根际细菌总 DNA 采用美国 MP 公司 FastDNA® Spin Kit for Soil 试剂盒提取, 提取步骤参照说明书. 将提取得到的根际细菌总 DNA 通过微量紫外分光光度计(NanoDrop® ND-1000, Wilmington, DE, USA)测定 DNA 浓度和纯度^[14].

1.3 高通量测序

采用通用引物(338F/806R)对细菌 16S rRNA 基因的 V3~V4 区进行 PCR 扩增, 扩增体系为 5 × FastPfu Buffer 4 μL 、2.5 mmol·L⁻¹ dNTPs 2 μL 、Forward Primer (5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$) 0.8 μL 、Reverse Primer (5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$) 0.8 μL 、FastPfu Polymerase 0.4 μL 、DNA 模板 10 ng, 补充 ddH₂O 至 20 μL . PCR 扩增的反应条件为: 94℃, 5 min; 30 × (94℃, 30 s; 54℃, 30 s; 72℃, 45 s); 72℃, 10 min^[4, 23]. 修饰后的通用引物含有不同的 Tag 标签用以区分不同样品, 利用上海美吉生物医药科技有限公司的 MiSeq PE300 测序仪(Illumina Inc, San Diego, CA, USA)完成序列测定.

1.4 数据分析

1.4.1 高通量数据分析

高通量数据的生物信息学分析采用 QIIME (quantitative insights into microbial ecology)进行, 根据序列的相似度, 将序列归为多个 OTU (operational taxonomic unit), OTU 产出后, 统计各个样品含有 OTU 情况及每个 OTU 中含有序列的数目, 得到每个 OTU 的分类学信息^[24]. 选取相似度在 97% 条件下的 OTU 生成预期的稀释曲线^[25]. 利用非度量多维尺度(NMDS)、Correlation 聚类法分别进行数据处理、细菌群落分布、聚类分析. 采用 LEfSe 在线工具寻找组与组之间有统计学差异的生物标志物^[26].

1.4.2 PICRUST 功能预测分析

功能和代谢途径预测采用 PICRUST 软件进行分析, 利用 QIIME 获得的 colsed OTU Table 与 COG、KEGG 数据库进行比对, 获得不同的数据库功能预测信息, 具体分析步骤基于在线分析平台(<http://picrust.github.io/picrust/>)^[18]. 预测基因丰度采用 Heml heat map illustrator program (版本 1.0.3) 软件进行热图绘制^[27].

1.4.3 统计分析

土壤理化性质、高通量测序结果及多样性指数等数据分析在 SPSS 17.0 中进行, 组间差异性检验采用 *t* 检验和单因素方差分析。

2 结果与分析

2.1 丹江口库区库滨带植物根际土壤理化性质

对所采集 4 种人工种植的库滨带植物土壤理化性质进行测定, 结果如表 1 所示。4 种植物根际土壤 pH 值较为相近, 介于 7.20 ~ 7.91 之间。总氮、

总磷含量方面芦苇样品最高, 分别为 0.65 g·kg⁻¹ 和 0.80 g·kg⁻¹, 显著高于其他样品 (*P* < 0.05), 假麦包叶总氮最低, 为 0.24 g·kg⁻¹, 香根草总磷含量最低, 为 0.58 g·kg⁻¹。4 种土壤样品中除香根草外 (95.12 mg·kg⁻¹), 硝态氮含量均超过 100 mg·kg⁻¹, 其中假麦包叶样品最高 (为 129.82 mg·kg⁻¹)。铵态氮含量也是假麦包叶样品最高, 为 77.38 mg·kg⁻¹, 香根草次之, 为 68.19 mg·kg⁻¹。土壤有机质介于 20.58 ~ 27.46 g·kg⁻¹ 之间, 杜梨和芦苇样品高于其他样品。

表 1 各样品土壤主要理化参数¹⁾

Table 1 Main physical and chemical properties of different samples							
样品	pH 值	总氮 /g·kg ⁻¹	总磷 /g·kg ⁻¹	总钾 /g·kg ⁻¹	硝态氮 /mg·kg ⁻¹	铵态氮 /mg·kg ⁻¹	有机质 /g·kg ⁻¹
香根草	7.20 ± 0.08a	0.37 ± 0.03b	0.58 ± 0.04a	5.46 ± 0.12d	95.12 ± 4.39a	68.19 ± 5.97a	22.71 ± 3.10
芦苇	7.78 ± 0.09b	0.65 ± 0.04c	0.80 ± 0.04b	4.57 ± 0.08a	103.83 ± 5.13ab	63.77 ± 3.81a	25.20 ± 3.47
假麦包叶	7.91 ± 0.37b	0.24 ± 0.03a	0.66 ± 0.05a	5.26 ± 0.06c	129.82 ± 8.13c	77.38 ± 4.63b	20.58 ± 4.48
杜梨	7.32 ± 0.11a	0.27 ± 0.04a	0.60 ± 0.05a	4.49 ± 0.09a	108.73 ± 8.76b	65.62 ± 4.20a	27.46 ± 5.31

1) 表中数值为平均值 ± 标准偏差 (*n* = 3), 同一列不同小写字母表示处理在 *P* < 0.05 水平达到显著

2.2 不同植物根际细菌群落结构分析

2.2.1 高通量测序结果及多样性的评估

高通量测序结果表明, 样品平均测序序列条数为 37344, 样品的文库覆盖率 (good's coverage) 高于 97.35%, 在测序条数达到 30 000 条以上时稀释性曲线趋向平稳, 表明测序数据量合理, 能够代表物种的丰富度 (表 2)。采用群落丰富度指数 Chao1 和

ACE、群落多样性指数 Shannon、Simpson 和文库覆盖率等对丹江口库区库滨带植物根际细菌群落进行评估, 结果表明样品具有丰富的群落组成, 其群落多样性均较高 (表 2)。综合 Sobs、丰富度指数 Chao1 和 Ace 以及多样性指数 Simpson、Shannon、文库覆盖率, 4 种植物根际细菌群落多样性排序为: 芦苇 > 香根草 > 假麦包叶 > 杜梨。

表 2 不同样品根际细菌群落多样性评估¹⁾

Table 2 Estimation of the rhizobacteria community diversity in different samples							
样品	序列条带数	Sobs 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	Ace 指数	Chao 1 指数	文库覆盖率/%
香根草	35 071 ± 1 449	2 810.67 ± 76.07b	6.65 ± 0.02ab	0.003 8 ± 0.000 2ab	36 69.61 ± 66.53c	3 650.76 ± 61.98b	97.35 ± 0.11
芦苇	37 837 ± 4 578	3 082.00 ± 154.54c	6.77 ± 0.16c	0.003 4 ± 0.000 6a	3 940.37 ± 175.21d	3 953.5 ± 177.73c	97.35 ± 0.35
假麦包叶	39 203 ± 7 597	2 693.67 ± 149.37ab	6.63 ± 0.02ab	0.003 6 ± 0.000 2a	3 322.32 ± 147.81b	3 347.15 ± 140.93a	98.02 ± 0.47
杜梨	32 776 ± 6 650	2 512.67 ± 86.82a	6.55 ± 0.04a	0.004 5 ± 0.000 5b	3 049.54 ± 85.17a	3 135.3 ± 154.06a	97.81 ± 0.83

1) 数据数值为平均值 ± 标准偏差 (*n* = 3), 同一列不同小写字母表示处理在 *P* < 0.05 水平达到显著

2.2.2 细菌群落组成及 Beta 多样性分析

高通量测序结果表明, 4 种库滨带植物根际细菌由 31 个门组成, 包括变形菌门 (Proteobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、放线菌门 (Actinobacteria)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、硝化螺旋菌门 (Nitrospirae)、疣微菌门 (Verrucomicrobia) 等 (图 1)。属于变形菌门、拟杆菌门、放线菌门、芽单胞菌门、酸杆菌门和绿弯菌门的序列总和占全部序列的 77.79% ~ 90.68%, 这些细菌为优势种群 (图 1)。其中, 变形菌门是所有样品中含量最高的门, 占比为 28.01% ~ 48.53%; 酸杆菌门为香根草、芦苇和假麦包叶的含量第二高

的门, 占比 10.82 ~ 16.52%, 放线菌门为杜梨含量第二高的门, 占比为 19.04%。对其他分类单元细菌进行分析, 香根草样品包含 22 门、43 纲、81 目、134 科、212 属; 芦苇样品包含 23 门、45 纲、89 目、156 科、229 属; 假麦包叶样品包含 26 门、49 纲、97 目、163 科、229 属; 杜梨样品包含 23 门、47 纲、91 目、145 科、213 属 (图 2)。

非度量多维尺度 (NMDS) 和 UPGMA 聚类分析均能描述不同样品间群落差异, 如果两个样品距离较近, 表示这两个样品的物种组成较相似。丹江口库区库滨带植物根际细菌群落 NMDS 分析 (OTUs 水平) 结果如图 3 所示, NMDS 排序的胁强系数 (Stress) 为 0.10, 可用 NMDS 的二维点图表示。在

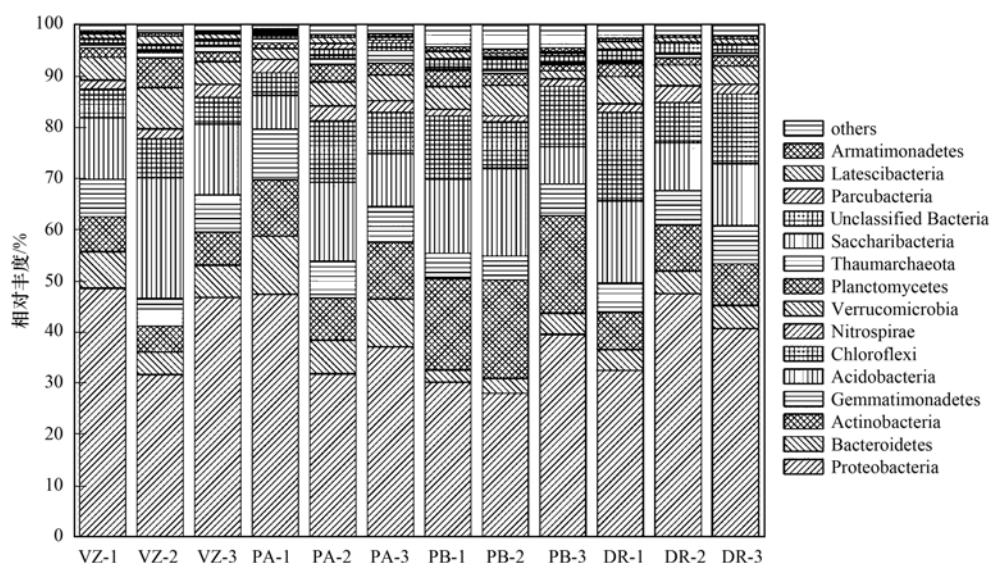


图 1 不同样品门水平上物种相对丰度分布

Fig. 1 Relative read abundance of rhizobacteria community structures at the phylum level in different samples

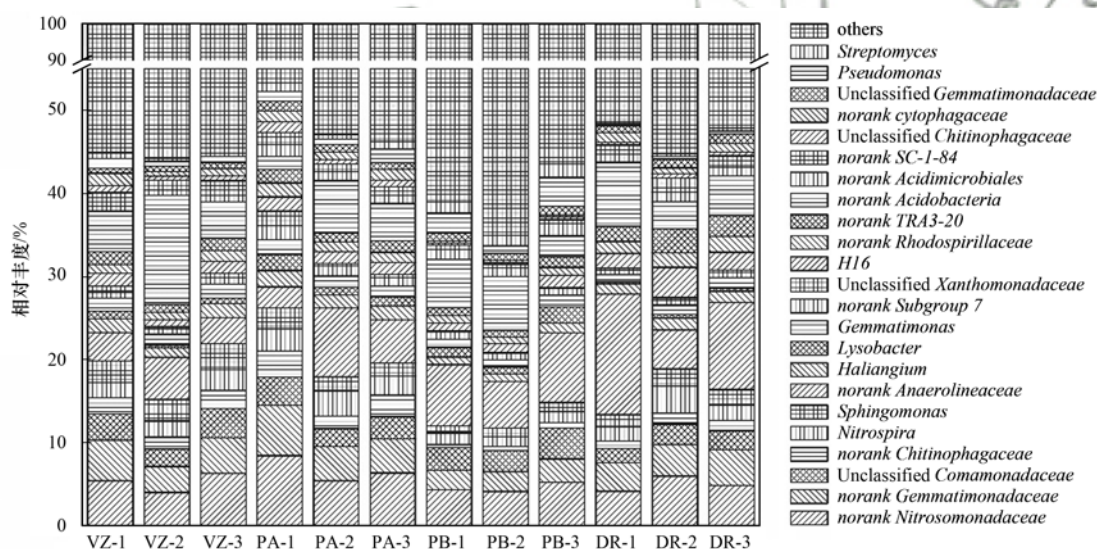


图 2 不同样品属水平上物种相对丰度分布

Fig. 2 Relative read abundance of rhizobacteria community structures at the genus level in different samples

NMDS 图中香根草聚集于图右侧, 芦苇样品聚集于图下侧, 假麦包叶样品聚集于图上侧, 杜梨样品聚集于图左侧, 以上结果表明不同植物类型根际细菌群落结构有所差异。基于 unweighted unifracs 的 UPGMA 聚类分析结果与 NMDS 分析结果类似, 在 0.176 的相似性水平上, 4 组样品分为 4 大组, 其中香根草和芦苇群落结构在 0.215 相似性水平上聚集于一起, 表明群落结构较其他样品更为相似(图 4)。

2.2.3 不同样品差异细菌分析

采用在线统计工具 LEfSe 来寻找宏基因组生物标志物, 结果用饼形图表示(图 5)^[18], 其中最内圈表示门水平的差异, 依次往外的圈表示纲、目、科、属, 不同颜色扇形面积表示在此范围内的菌均有差

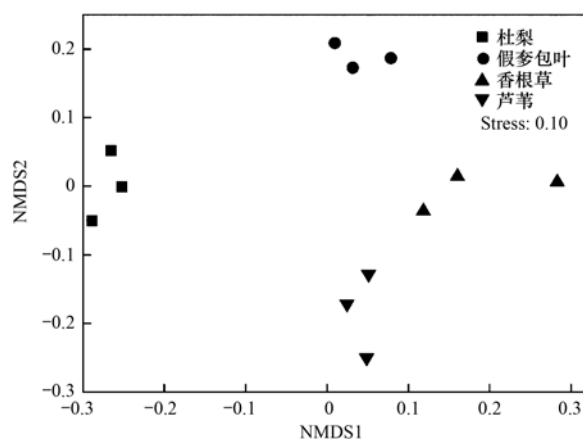


图 3 不同植物根际土壤细菌多样性的 NMDS 分析

Fig. 3 NMDS results for the rhizobacteria community diversity in different plants

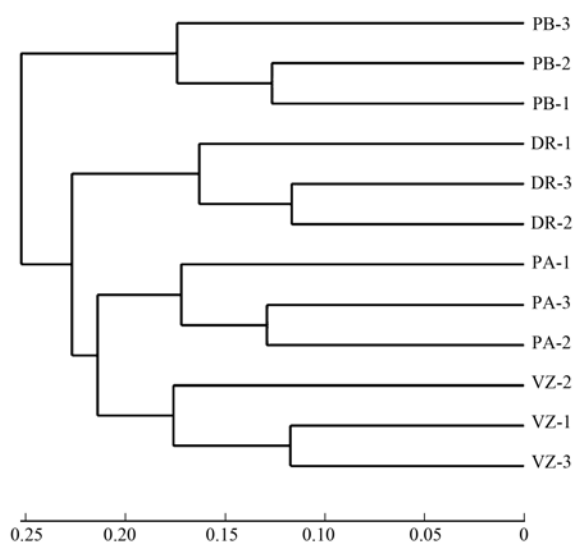


图4 不同样品 UPGMA 聚类图

Fig. 4 UPGMA clusters of different bacterial communities

异. 在门的水平上, 香根草样品中 2 个门 (Zixibacteria 和 TM6) 的细菌存在显著差异, 芦苇样品中 4 个门 (Candidatus Berkelbacteria、Chloroflexi、Parcubacteria 和 Saccharibacteria) 的细菌存在显著差异, 假麦包叶样品中 1 个门 (Ignavibacteriae) 的细菌存在显著差异, 杜梨样品中 4 个主要的门 (Actinobacteria、Firmicutes、Spirochaetae 和 Synergistetes) 的细菌存在显著差异. 在属的水平上,

香根草样品中变形菌门的 *Devosia*、*Acidocella*、*Roseomonas*、*Sphingobium*, 酸杆菌门的 *Acidicapsa*, 放线菌门的 *Frankia*, 拟杆菌门的 *Pedobacter* 等共 34 个属的细菌存在显著差异; 芦苇样品中变形菌门的 *Phenylobacterium*、*Defluviococcus*、*Ferrovibrio*、*Achromobacter*, 酸杆菌门的 *Bifidobacterium*、*Actinoplanes*、*Kibdelosporangium*, 拟杆菌门的 *Adhaeribacter*、*Sporocytophaga*、*Flavihumibacter*、*Niabella*, 厚壁菌门的 *Faecalibaculum*, *Synergistetes* 的 *Thermovirga*, 疣微菌门的 *Alterococcus*、*Pedosphaera* 等共 59 属的细菌存在显著差异; 假麦包叶样品中变形菌门的 *Rhizorhapis*、*Magnetospirillum*、*Sulfurifustis*, 酸杆菌门的 *Bryobacter*、*Paludibaculum*, 拟杆菌门的 *Emticicia*, 厚壁菌门的 *Domibacillus* 等共 43 属的细菌存在显著差异; 杜梨样品中放线菌门 *Nocardia*、*Tsukamurella*、*Jatrophihabitans*、*Blastococcus*, 酸杆菌门的 *Terriglobus*, 拟杆菌门的 *Lentimicrobium*、*Solitalea*, 蓝细菌门的 *Synechococcus*、*Leptolyngbya*, 厚壁菌门的 *Paenibacillus*、*Staphylococcus*、*Streptococcus*, 变形菌门的 *Pleomorphomonas*、*Mesorhizobium*、*Shinella*、*Parvibaculum* 等共 81 属的细菌存在显著差异 (图 5).

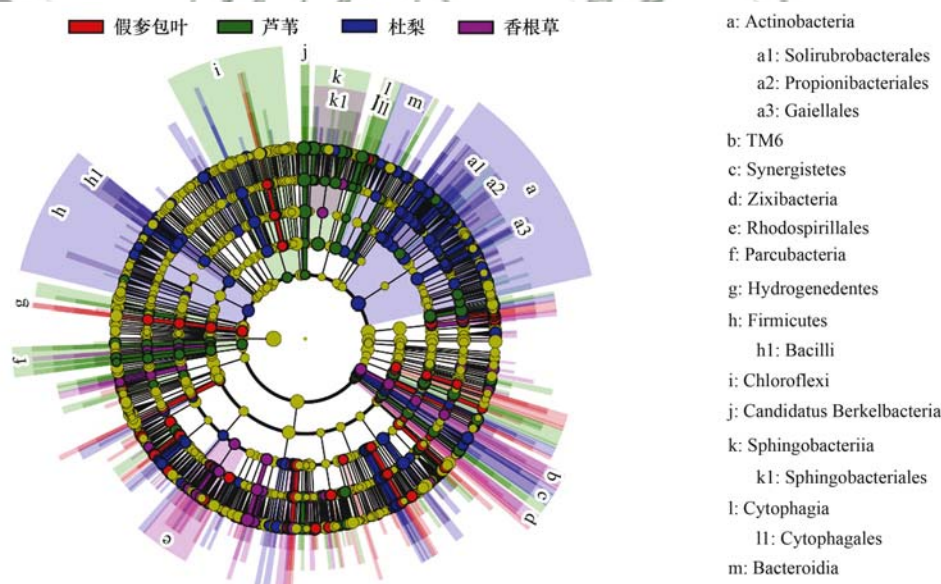


图5 不同样品差异细菌分布

Fig. 5 Taxon with statistical differences between different bacterial communities

2.3 PICRUSt 功能预测分析

为了获得不同植被土壤细菌的功能, 本研究采用 PICRUSt 软件进行菌群预测分析. 利用 PICRUSt 预测微生物的功能时, 可以采用 weighted nearest sequenced taxon index (weighted NSTI) 指数来评估每个给定的样品中的序列与已知数据库中测定基因的

加权平均距离^[18]. NSTI 指数的数值越小, 说明预测样品中的微生物组成与已知的数据库匹配度越高. 不同植被土壤细菌功能预测的 NSTI 指数如图 6 所示, 香根草样品 NSTI 指数为 0.18 ~ 0.23, 芦苇样品 NSTI 指数为 0.18 ~ 0.22, 杜梨样品 NSTI 指数为 0.17 ~ 0.19, 假麦包叶样品 NSTI 指数为 0.20 ~

0.22, 该结果与 Langille 等^[18]研究的土壤样品 NSTI 指数相近(平均 NSTI 值为 0.17)。

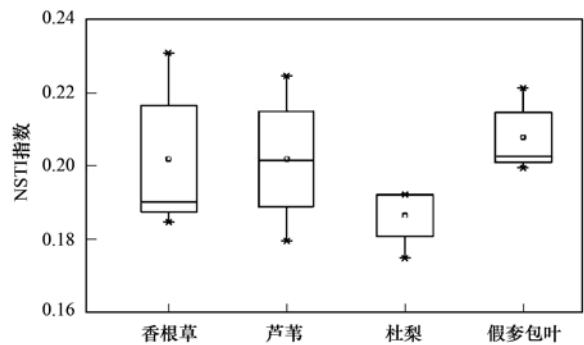
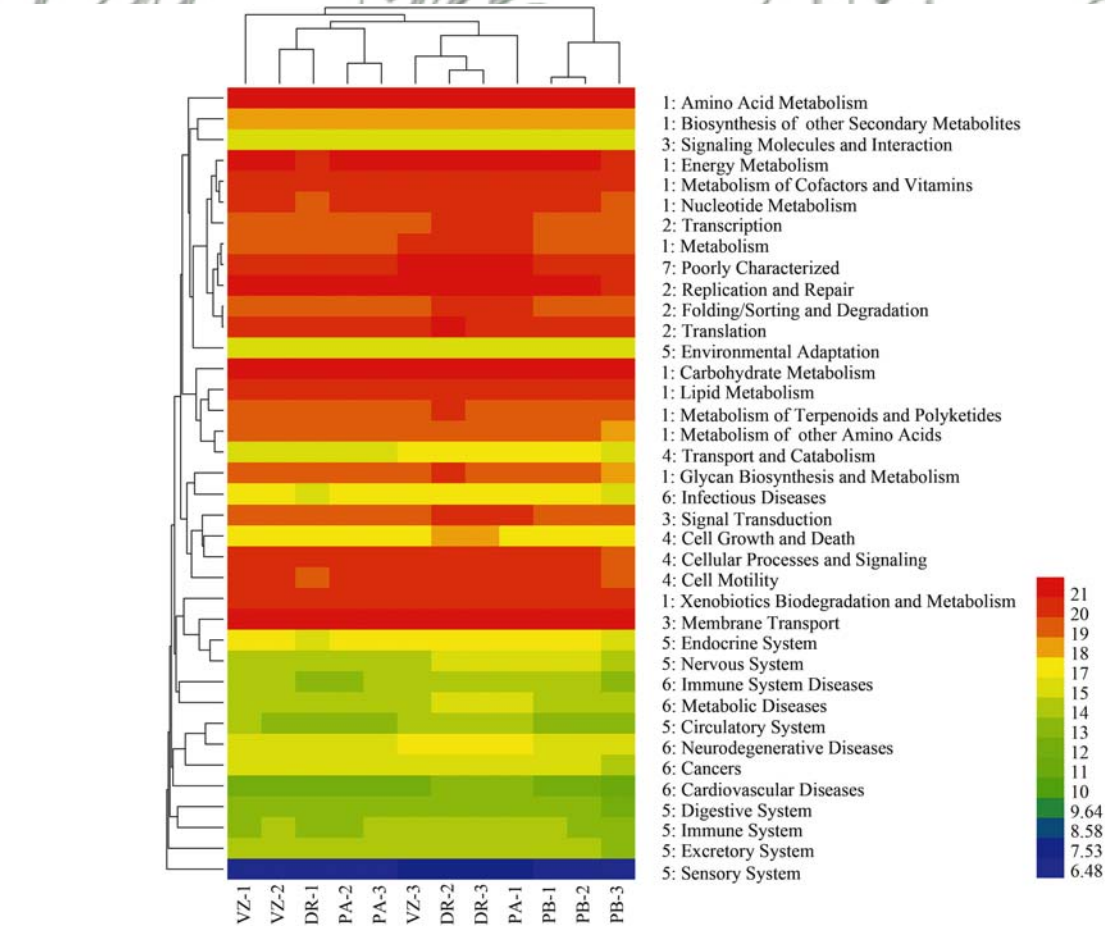


图 6 Picrust 功能预测指标 NSTI
Fig. 6 NSTI of picrust predictive functional profiling

通过对 KEGG 数据库 (Kyoto encyclopedia of genes and genomes) 进行比对, 共获得 6 类生物代谢通路功能分析 (一级功能层): 代谢 (metabolism)、遗传信息处理 (genetic information processing)、环境信息处理 (environmental information processing)、细胞过程 (cellular processes)、有机系统 (organismal systems) 和人类疾病 (human diseases) (图 7)。其中代谢、遗传信

息处理和环境信息处理为其主要组成, 占比分别为 51.59% ~ 52.20%、15.76% ~ 16.31% 和 12.58% ~ 13.57%。不同植被土壤细菌群落功能预测比较表明, 代谢、遗传信息处理、环境信息处理和有机系统 4 个一级功能层预测基因拷贝数顺序为假麦包叶 > 芦苇 > 香根草 > 杜梨, 剩余的 2 个一级功能层 (细胞过程和人类疾病) 预测基因拷贝数为假麦包叶 > 香根草 > 芦苇 > 杜梨。同时对预测基因二级功能层进行分析, 发现其由次生产物代谢的生物合成 (biosynthesis of other secondary metabolites)、转录 (transcription)、多糖生物合成和代谢 (glycan biosynthesis and metabolism)、细胞生长和死亡 (cell growth and death) 等 38 个子功能组成 (图 7)。对二级功能层预测基因拷贝数进行分析, 发现碳水化合物代谢 (carbohydrate Metabolism)、氨基酸代谢 (amino Acid Metabolism)、次生产物代谢的生物合成、维生素及辅因子代谢 (metabolism of cofactors and vitamins)、细胞生长和死亡等 20 个子功能预测基因拷贝数顺序为假麦包叶 > 芦苇 > 香根草 > 杜梨; 多糖生物合成和代谢、信号转导 (signal



图中数字代表一级功能层分布, 1 为代谢, 2 为遗传信息处理, 3 为环境信息处理, 4 为细胞过程, 5 为有机系统, 6 为人类疾病

图 7 不同样品预测功能基因二级功能层热图

Fig. 7 Heat map of predicted functional profiles predicted for different plants (hierarchy level 2)

Transduction) 等 8 个子功能预测基因拷贝数顺序为假芨芨草 > 香根草 > 芦苇 > 杜梨; 38 个子功能组成中, 除异生素生物降解和代谢 (xenobiotics biodegradation and metabolism)、膜运输 (membrane transport)、免疫系统疾病 (immune system diseases) 之外, 杜梨样品预测基因拷贝数均为最低。

3 讨论

3.1 丹江口库区库滨带植物根际细菌群落

目前库滨带植物根际微生物群落组成和功能研究较少开展^[9, 10]。王萃等^[11]采用末端限制性片段长度多态性 (T-RFLP) 结合定量 PCR 的方法研究了北京密云水库沉积物和芦苇、杂草等不同植被的库滨带土壤中氨氧化细菌 (AOB) 的多样性和丰度特征, 发现沉积物与其他土壤样品 AOB 多样性有明显差异。任庆水等^[28]采用 T-RFLP 技术研究了人工植被 (牛鞭草与狗牙根) 重建过程对三峡库区消落带土壤细菌群落结构的影响。以上研究, 鉴于实验方法的局限性, 均未对群落组成进行鉴定, 与 T-RFLP 等方法相比, 高通量测序技术能获取大量微生物 16S rRNA 基因相关的种群信息, 能更全面地了解生物群落组成特征^[13]。针对丹江口库区库滨带植物根际土壤微生物群落组成研究较少开展的现状, 本实验采用 Illumina 公司 MiSeq 测序平台对 4 种人工种植的库滨带植物根际土壤细菌群落组成进行了研究, 发现其主要由变形菌门、拟杆菌门、放线菌门、芽单胞菌门等 31 个门, *Nitrospira*、*Sphingomonas*、*Haliangium*、*Lysobacter*、*Gemmatimonas*、*Pseudomonas* 等 343 个属的细菌组成, 表现出群落组成的丰富性。有研究表明, 植物根系通过产生分泌物和脱落物为根际区土壤微生物提供有效碳源和氮源, 导致根际土壤化学性质和生物学特性显著不同于非根际土壤, 即表现出根际效应^[29, 30]。本研究对丹江口库区库滨带 4 种植物根际土壤理化性质和细菌群落进行了分析, 结果表明不同植物类型根际土壤理化性质和生物学特性具有差异。细菌群落组成的 NMDS 分析表明, 2 种草本植物香根草和芦苇细菌群落结构较为相似, 灌木植物假芨芨草细菌群落结构介于乔木植物杜梨与草本植物之间, 乔木植物杜梨细菌群落结构差异最大 (表 2、图 3 和图 4)。研究表明不同植物类型对根际细菌群落组成具有显著影响, 该结果与此结论一致^[31~34]。综合 Sobs、多样性指数和文库覆盖率分析, 4 种植物根际细菌群落多样性排序为: 芦苇 > 香根草 > 假芨芨草 > 杜梨。通过以上研究, 初步探

明了丹江口库区库滨带不同植物根际细菌群落组成和影响因素。

3.2 库滨带植物根际细菌功能预测分析

之前关于土壤细菌群落的高通量测序分析主要关注于细菌群落结构 (α 和 β 多样性), 对其功能的研究开展较少^[10, 14~16]。基于高通量测序的 PICRUSt 功能预测分析相较于宏基因组研究, 更方便快捷, 成本也更低, 同时预测效果可靠性较高^[18]。目前该方法已在土壤、水体微生物等不同生境中得到良好地应用, 为探明其功能提供了帮助^[22, 35~37]。董志颖等^[22]采用 PICRUSt 功能预测分析过量氮输入对细菌群落代谢潜力的影响, 发现氮输入在一定程度上影响了微宇宙中的固氮、硝化、异化硝酸盐还原、反硝化、异化硝酸盐还原到铵和同化硝酸盐还原途径的关键基因。目前 PICRUSt 功能预测分析在库滨带微生物研究中鲜见报道, 为了探明丹江口库区库滨带不同植物根际细菌功能, 本研究将 MiSeq 高通量测序结果进行 PICRUSt 功能预测分析。结果表明, 丹江口库区库滨带根际细菌主要涉及代谢、遗传信息处理等 6 个生物代谢通路, 次生产物代谢的生物合成、转录、多糖生物合成和代谢、细胞生长和死亡等 38 个子功能, 表现出功能上的丰富性。为了比较不同植物根际细菌功能差异, 对不同植物根际细菌预测基因拷贝数进行分析, 发现一级功能层和二级功能层预测基因拷贝数整体趋势均为假芨芨草 > 芦苇 > 香根草 > 杜梨。该结果初步分析了丹江口库区库滨带不同植物根际细菌功能的差异, 但鉴于 PICRUSt 功能预测分析的局限性, 后续需要结合宏基因组测序和氮磷等元素循环功能基因分析, 从而准确掌握库滨带植物截留和消减氮、磷等元素过程中微生物群落功能。

4 结论

(1) 本研究采用 MiSeq 测序的方法研究了 4 种人工种植的库滨带植物根际土壤细菌群落组成, 发现其主要由变形菌门、拟杆菌门、放线菌门等 31 个门, *Nitrospira*、*Sphingomonas*、*Haliangium* 等 343 个属的细菌组成, 表现出群落组成的丰富性。

(2) 细菌群落分析表明不同植物类型对细菌群落组成具有显著影响, 草本植物香根草和芦苇细菌群落结构较为相似, 灌木植物假芨芨草细菌群落结构介于乔木植物杜梨与草本植物之间, 乔木植物杜梨细菌群落结构差异最大。细菌群落多样性排序为: 芦苇 > 香根草 > 假芨芨草 > 杜梨。

(3) PICRUSt 功能预测分析表明, 库滨带植物根际细菌主要涉及代谢、遗传信息处理等 6 个生物

代谢通路,次生产物代谢的生物合成、转录、多糖生物合成和代谢、细胞生长和死亡等 38 个子功能,表现出功能上的丰富性。丹江口库区库滨带植物根际细菌代谢能力整体趋势为假麦包叶 > 芦苇 > 香根草 > 杜梨。

参考文献:

- [1] Stutter M I, Chardon W J, Kronvang B. Riparian buffer strips as a multifunctional management tool in agricultural landscapes: introduction[J]. *Journal of Environmental Quality*, 2012, **41**(2): 297-303.
- [2] 王晓锋, 袁兴中, 刘红, 等. 三峡库区消落带 4 种典型植物根际土壤养分与氮素赋存形态[J]. *环境科学*, 2015, **36**(10): 3662-3673.
Wang X F, Yuan X Z, Liu H, *et al.* Nutrient characteristics and nitrogen forms of rhizosphere soils under four typical plants in the littoral zone of TGR[J]. *Environmental Science*, 2015, **36**(10): 3662-3673.
- [3] Chen P, Li L, Zhang H B. Spatio-temporal variations and source apportionment of water pollution in Danjiangkou Reservoir basin, central China[J]. *Water*, 2015, **7**(6): 2591-2611.
- [4] 陈兆进, 丁传雨, 朱静亚, 等. 丹江口水库枯水期浮游细菌群落组成及影响因素研究[J]. *中国环境科学*, 2017, **37**(1): 336-344.
Chen Z J, Ding C Y, Zhu J Y, *et al.* Community structure and influencing factors of bacterioplankton during low water periods in Danjiangkou Reservoir[J]. *China Environmental Science*, 2017, **37**(1): 336-344.
- [5] 占海歌, 蒋娟, 郝好鑫, 等. 丹江口水库库滨带典型植物群落氮矿化特征[J]. *中国水土保持科学*, 2017, **15**(1): 43-50.
Zhan H G, Jiang J, Hao H X, *et al.* Soil nitrogen mineralization characteristics on typical vegetation community of riparian buffer strip in Danjiangkou Reservoir[J]. *Science of Soil and Water Conservation*, 2017, **15**(1): 43-50.
- [6] 刘瑞雪, 陈龙清, 史志华. 丹江口水库水滨带植物群落空间分布及环境解释[J]. *生态学报*, 2015, **35**(4): 1208-1216.
Liu R X, Chen L Q, Shi Z H. Spatial distribution of plant communities and environmental interpretation in the riparian zone of Danjiangkou Reservoir[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, **35**(4): 1208-1216.
- [7] 曾祉祥, 雷沛, 张洪, 等. 丹江口水库典型消落区土壤氮磷赋存形态及释放特征研究[J]. *环境科学学报*, 2015, **35**(5): 1383-1392.
Zeng Z X, Lei P, Zhang H, *et al.* Nitrogen and phosphorus fractions and releasing characteristics of the soils from the representative water-level-fluctuating zone of Danjiangkou Reservoir[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2015, **35**(5): 1383-1392.
- [8] 滕泽栋, 李敏, 朱静, 等. 野鸭湖湿地芦苇根际微生物多样性与磷素形态关系[J]. *环境科学*, 2017, **38**(11): 4589-4597.
Teng Z D, Li M, Zhu J, *et al.* Effects of soil microbial diversity on the phosphate fraction in the rhizosphere of phragmites communis in the Yeyahu wetland in Beijing, China[J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(11): 4589-4597.
- [9] Falkowski P G, Fenchel T, Delong E F. The microbial engines that drive earth's biogeochemical cycles[J]. *Science*, 2008, **320**(5879): 1034-1039.
- [10] Rich J J, Myrold D D. Community composition and activities of denitrifying bacteria from adjacent agricultural soil, riparian soil, and creek sediment in Oregon, USA[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2004, **36**(9): 1431-1441.
- [11] 王萃, 鲍林林, 王晓燕. 密云水库底泥和库滨区土壤中氨氧化细菌的多样性和丰度[J]. *环境科学学报*, 2013, **33**(12): 3334-3340.
Wang C, Bao L L, Wang X Y. Diversity and abundance of ammonia oxidizing bacteria (AOB) communities in sediment and riparian soil around Miyun Reservoir[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2013, **33**(12): 3334-3340.
- [12] 梁菊, 叶春, 李春华, 等. 太湖竺山湾缓冲带两种人工草林土壤反硝化作用比较[J]. *环境科学研究*, 2017, **30**(5): 744-754.
Liang J, Ye C, Li C H, *et al.* Comparison of soil denitrification in two kinds of planted forests in the buffer zone of Zhushan bay, Taihu lake[J]. *Research of Environmental Sciences*, 2017, **30**(5): 744-754.
- [13] van Dijk E L, Auger H, Jaszczyszyn Y, *et al.* Ten years of next-generation sequencing technology[J]. *Trends in Genetics*, 2014, **30**(9): 418-426.
- [14] 丁传雨, 郑远, 任学敏, 等. 能源植物修复土壤镉污染过程中细菌群落分析[J]. *环境科学学报*, 2016, **36**(8): 3009-3016.
Ding C Y, Zheng Y, Ren X M, *et al.* Changes in bacterial community composition during the remediation of Cd-contaminated soils of bioenergy crops[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2016, **36**(8): 3009-3016.
- [15] 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.
- [16] Žifčáková L, Větrovský T, Howe A, *et al.* Microbial activity in forest soil reflects the changes in ecosystem properties between summer and winter[J]. *Environmental Microbiology*, 2016, **18**(1): 288-301.
- [17] Yang Y, Wang N, Guo X Y, *et al.* Comparative analysis of bacterial community structure in the rhizosphere of maize by high-throughput pyrosequencing[J]. *PLoS One*, 2017, **12**(5): e0178425.
- [18] Langille M G I, Zaneveld J, Caporaso J G, *et al.* Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences[J]. *Nature Biotechnology*, 2013, **31**(9): 814-821.
- [19] Pii Y, Borruso L, Brusetti L, *et al.* The interaction between iron nutrition, plant species and soil type shapes the rhizosphere microbiome[J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2016, **99**: 39-48.
- [20] Jiang L F, Song M K, Yang L, *et al.* Exploring the influence of environmental factors on bacterial communities within the rhizosphere of the Cu-tolerant plant, *Elsholtzia splendens*[J]. *Scientific Reports*, 2016, **6**: 36302.
- [21] 阴星望, 田伟, 丁一, 等. 丹江口库区表层沉积物细菌多样性及功能预测分析[J]. *湖泊科学*, 2018, **30**(4): 1052-1063.
Yin X W, Tian W, Ding Y, *et al.* Composition and predictive functional analysis of bacterial communities in surface sediments of the Danjiangkou Reservoir[J]. *Journal of Lake Sciences*, 2018, **30**(4): 1052-1063.
- [22] 董志颖, 洪慢, 胡哈静, 等. 过量氮输入对寡营养海水细菌群落代谢潜力的影响[J]. *环境科学学报*, 2018, **38**(2): 457-466.

- Dong Z Y, Hong M, Hu H J, *et al.* Effect of excess nitrogen loading on the metabolic potential of the bacterial community in oligotrophic coastal water [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2018, **38**(2): 457-466.
- [23] Chen Z J, Zheng Y, Ding C Y, *et al.* Integrated metagenomics and molecular ecological network analysis of bacterial community composition during the phytoremediation of cadmium-contaminated soils by bioenergy crops [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2017, **145**: 111-118.
- [24] Caporaso J G, Kuczynski J, Stombaugh J, *et al.* Q II ME allows analysis of high-throughput community sequencing data [J]. *Nature methods*, 2010, **7**(5): 335-336.
- [25] 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.
- [26] Segata N, Izard J, Waldron L, *et al.* Metagenomic biomarker discovery and explanation [J]. *Genome Biology*, 2011, **12**(6): R60.
- [27] Deng W K, Wang Y B, Liu Z X, *et al.* HemI: a toolkit for illustrating heatmaps [J]. *PLoS One*, 2014, **9**(11): e111988.
- [28] 任庆水, 马朋, 李昌晓, 等. 三峡库区消落带两种草本植被土壤细菌群落多样性 [J]. *生态学报*, 2016, **36**(11): 3261-3272.
- Ren Q S, Ma P, Li C X, *et al.* Evaluation of bacterial diversity under different herb vegetation types in the hydro-fluctuation zone of the Three Gorges Reservoir in China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, **36**(11): 3261-3272.
- [29] Bais H P, Weir T L, Perry L G, *et al.* The role of root exudates in rhizosphere interactions with plants and other organisms [J]. *Annual Review of Plant Biology*, 2006, **57**: 233-266.
- [30] Sánchez-Cañizares C, Jorrín B, Poole P S, *et al.* Understanding the holobiont: the interdependence of plants and their microbiome [J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2017, **38**: 188-196.
- [31] 刘洋, 黄懿梅, 曾全超. 黄土高原不同植被类型下土壤细菌群落特征研究 [J]. *环境科学*, 2016, **37**(10): 3931-3938.
- Liu Y, Huang Y M, Zeng Q C. Soil bacterial communities under different vegetation types in the Loess Plateau [J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(10): 3931-3938.
- [32] 朱平, 陈仁升, 宋耀选, 等. 祁连山中部 4 种典型植被类型土壤细菌群落结构差异 [J]. *生态学报*, 2017, **37**(10): 3505-3514.
- Zhu P, Chen R S, Song Y X, *et al.* Soil bacterial community composition and diversity of four representative vegetation types in the middle section of the Qilian Mountains, China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, **37**(10): 3505-3514.
- [33] Marschner P, Yang C H, Lieberei R, *et al.* Soil and plant specific effects on bacterial community composition in the rhizosphere [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, **33**(11): 1437-1445.
- [34] Tkacz A, Cheema J, Chandra G, *et al.* Stability and succession of the rhizosphere microbiota depends upon plant type and soil composition [J]. *The ISME Journal*, 2015, **9**(11): 2349-2359.
- [35] Zarraonaindia I, Owens S M, Weisenhorn P, *et al.* The soil microbiome influences grapevine-associated microbiota [J]. *mBio*, 2015, **6**(2): e02527-14.
- [36] Sun D Q, Meng J, Xu E G, *et al.* Microbial community structure and predicted bacterial metabolic functions in biochar pellets aged in soil after 34 months [J]. *Applied Soil Ecology*, 2016, **100**: 135-143.
- [37] Zhu S S, Vivanco J M, Manter D K. Nitrogen fertilizer rate affects root exudation, the rhizosphere microbiome and nitrogen-use-efficiency of maize [J]. *Applied Soil Ecology*, 2016, **107**: 324-333.

CONTENTS

Cause and Effect Evaluation of PM _{2.5} During Three Red Alerts in Beijing from 2015 to 2016	LÜ Zhe, WEI Wei, ZHOU Ying, <i>et al.</i> (1)
Effects of Emission Reductions of Key Sources on the PM _{2.5} Concentrations in the Yangtze River Delta	YU Yan, WANG Ze-hua, CUI Xue-dong, <i>et al.</i> (11)
Health Benefit Analyses of the Clean Air Action Plan Implementation in Shanghai	DAI Hai-xia, AN Jing-yu, LI Li, <i>et al.</i> (24)
Monitoring and Analysis of the Spatio-temporal Change Characteristics of the PM _{2.5} Concentration Over Beijing-Tianjin-Hebei and Its Surrounding Regions Based on Remote Sensing	CHEN Hui, LI Qing, LI Ying, <i>et al.</i> (33)
Applicability of MODIS C006 Aerosol Products in a Typical Environmental Area of the Beijing-Tianjin-Hebei Region	WANG Hai-lin, LIU Qiong, CHEN Yong-hang, <i>et al.</i> (44)
Impact of Meteorological Factors on the Ozone Pollution in Hong Kong	ZHAO Wei, GAO Bo, LIU Ming, <i>et al.</i> (55)
Transport Characteristics of PAN and O ₃ in the Lower Atmosphere of the Boundary Layer in Tianjin in Summer	YAO Qing, MA Zhi-qiang, LIN Wei-li, <i>et al.</i> (67)
Analysis of Pollution Characteristics and Sources of PM _{2.5} Chemical Components in Chengdu in Winter	WU Ming, WU Dan, XIA Jun-rong, <i>et al.</i> (76)
Transport Pathways and Potential Sources of PM _{2.5} During the Winter in Zhengzhou	DUAN Shi-guang, JIANG Nan, YANG Liu-ming, <i>et al.</i> (86)
Characteristics and Sources of Water-soluble Organic Carbon/Nitrogen in PM _{2.5} During Spring in Changzhou	LI Qing, HUANG Wen-qian, MA Shuai-shuai, <i>et al.</i> (94)
Pollution Characteristics and Emission Factors of VOCs from Vehicle Emissions in the Tianjin Tunnel	SUN Lu-na, LIU Yan, ZHAO Jing-bo, <i>et al.</i> (104)
Size Distribution and Carbon Component Characteristics of Atmospheric Particulate Matter from Motor Vehicles	MEI De-qing, ZHU Zong-ning, SUN Tian-shuo, <i>et al.</i> (114)
Conversion Characteristics of Combustible Particles from Coal-fired Flue Gas in WFGD and WESP	YANG Liu, ZHANG Bin, WANG Kang-hui, <i>et al.</i> (121)
Particle Removal Characteristics of an Ultra-low Emission Coal-fired Power Plant	RUAN Ren-hui, TAN Hou-zhang, DUAN Yu-feng, <i>et al.</i> (126)
Spatial and Temporal Distribution Characteristics and Fugitive Dust Emission of Building Sites in Beijing	ZHANG Li-kun, LI Ling-jun, JIANG Lei, <i>et al.</i> (135)
Simultaneous Removal of Polychlorinated Dibenzo- <i>p</i> -dioxins/dibenzofurans, Polychlorinated Biphenyls, and Polychlorinated Naphthalenes From Flues Gases From Coke Gas Burning Using Selective Catalytic Reduction Equipment	REN Mei-hui, FAN Yun, WANG Sheng, <i>et al.</i> (143)
Space-Time Characteristics and Environmental Significance of the Stable Isotopes in Precipitation in the Gulang River Basin	GUI Juan, LI Zong-xing, FENG Qi, <i>et al.</i> (149)
Spatial Distribution and Degradation of CDOM in the Minjiang River in Summer	CHENG Qiong, ZHUANG Wan-e, WANG Hui, <i>et al.</i> (157)
Parallel Factor Analysis of Fluorescence Excitation Emission Matrix Spectroscopy of CDOM from the Mid-culture Period of Shrimp Ponds in a Subtropical Estuary	ZHU Ai-ju, SUN Dong-yao, TAN Ji, <i>et al.</i> (164)
Spectral Characteristics and Sources of Dissolved Organic Matter With Different Relative Molecular Weight from Rainwater From Summer and Autumn in the Zhoucun Reservoir Based on UV-Vis and EEMs	ZHOU Shi-lei, ZHANG Yi-ran, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (172)
Characteristics and Fouling Potential of Dissolved Organic Matter in a Stratified Source Water Reservoir	LI Kai, WANG Xiao-dong, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (185)
Water-Air Interface CO ₂ Exchange Flux of Typical Lakes in a Mountainous Area of the Western Chongqing and Their Influencing Factors	LUO Jia-chen, NI Mao-fei, LI Si-yue (192)
Reconstruction of Water Hyperspectral Remote Sensing Reflectance Based on Sparse Representation and Its Application	LI Yuan, LI Yun-mei, GUO Yu-long, <i>et al.</i> (200)
Nitrification Rates and Pollution Characteristics of Sediments with Different Geomorphic Features in the Shiwuli Stream, Chaohu Lake Basin	LI Ru-zhong, QUE Feng-xiang, XIONG Hong-bin, <i>et al.</i> (211)
Distribution and Bioavailability of Phosphorus in Surface Sediments in Megalopolis: A Case Study of Chengdu	DING Yao, OUYANG Li-li, SHI Qing, <i>et al.</i> (219)
Distribution and Fluxes of Perfluoroalkyl and Polyfluoroalkyl Substances in the Middle Reaches of the Yellow River (Weinan-Zhengzhou Section)	LI Qi-lu, CHENG Xiang-hui, ZHAO Zhen, <i>et al.</i> (228)
Distribution and Sources of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in a Karst Groundwater System in a Strongly Industrial City	MIAO Ying, KONG Xiang-sheng, LI Cheng-zhan (239)
Pollution Characteristic and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in the Groundwater of Shen-Fu New City in the Hunhe River Basin	ZHANG Shi-chao, YAO Hong, XIANG Xin-xin, <i>et al.</i> (248)
Distribution and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons and Their Derivatives in Wastewater-Receiving Rivers in Beijing	FU Lu-jing, LI Yi-bing, QIAO Meng, <i>et al.</i> (256)
Influence of the Coagulation Mechanism on the Coagulation Performances Using New Composite Coagulants: Role of the Raw Water Characteristics	QU Jiang-dong, XU Hui, XU Jian-kun, <i>et al.</i> (263)
Indirect Photodegradation of Sulfamethoxazole in Water	LI Cong-he, CHE Xiao-wei, BAI Ying, <i>et al.</i> (273)
Fabrication of the Heterojunction Photocatalyst MoS ₂ /BiOI and Its Investigation of Its Photocatalytic Reduction and Oxidation Activities	ZHANG Liang, ZHAO Chao-cheng, GAO Xian-yao, <i>et al.</i> (281)
Nanoscale Zero-valent Copper-Activated Molecular Oxygen for the Degradation of Enrofloxacin in Water	NI Yong-jiong, CHENG Yong-qing, XU Meng-yuan, <i>et al.</i> (293)
Adsorption of Cr(VI) in Water by Malfanite Modified with Different LDHs Coatings	ZHANG Xiang-ling, DENG Li-chu, FANG Chen-jia, <i>et al.</i> (300)
Preparation of the Silane Monolayer on Magnetite Nanoparticles and Its Performance with Respect to Phosphate Removal from Water	XING Ming-chao, XIE Qiang, CHEN Shou-hui, <i>et al.</i> (310)
Optimization of Dyeing Wastewater Treatment with New Eco-friendly Polysilicate Ferromanganese	TANG Li-peng, WEI Qun-shan, LÜ Qiang, <i>et al.</i> (318)
Sulfate Reduction and Microbial Community of Autotrophic Biocathode in Response to Externally Applied Voltage	HU Jia-ping, ZENG Cui-ping, LUO Hai-ping, <i>et al.</i> (327)
Effect of Carbon Sources on the Accumulation of Endogenous Polymers and Denitrification in the O/A-F/F Mode	CUI You-wei, JIN Chang-lin, WANG Hao-han, <i>et al.</i> (336)
Effect of the Influent C/P Ratio on the Nutrient Removal Characteristics of the SNEDPR System	ZHEN Jian-yuan, YU De-shuang, WANG Xiao-xia, <i>et al.</i> (343)
Effect of Different Sludge Retention Time (SRT) Operations on the Nutrient Removal Characteristics of a SNEDPR System	WANG Xiao-xia, ZHEN Jian-yuan, ZHAO Ji, <i>et al.</i> (352)
Denitrification and Phosphorus Removal from Low C/N Urban Sewage Based on a Post-Partial Denitrification AOA-SBR Process	GONG Xiu-zhen, YU De-shuang, YUAN Meng-fei, <i>et al.</i> (360)
Startup and Stabilization of Nitrosation in an Anoxic-aerobic Continuous-flow Reactor with Granules	LI Dong, GUO Yue-zhou, LAO Hui-mei, <i>et al.</i> (369)
Startup Strategies for the SNAD Granular Sludge Process at Low Temperature	LI Dong, CUI Ya-qian, ZHAO Shi-xun, <i>et al.</i> (376)
Effect of the Sampling Scale and Number on the Heterogeneity of Soil Respiration in a Mixed Broadleaf-conifer Forest	YAN Jun-xia, SUN Qi, LI Jun-jian, <i>et al.</i> (383)
Effects of the Crop Rotation on Greenhouse Gases from Flooded Paddy Fields	FENG Xi, JIANG Chang-sheng, PENG Xiao-le, <i>et al.</i> (392)
Response of the Soil N ₂ O Emission and Ammonia-oxidizing Microorganism Community to the Maize Straw Return with Reducing Fertilizer in Purple Soil	HUANG Rong, GAO Ming, WANG Ying-yan, <i>et al.</i> (401)
Community Structure of CO ₂ -fixing Soil Bacteria from Different Land Use Types in Karst Areas	ZHANG Shuang-shuang, JIN Zhen-jiang, JIA Yuan-hang, <i>et al.</i> (412)
Composition and Predictive Functional Analysis of Rhizosphere Bacterial Communities in Riparian Buffer Strips in the Danjiangkou Reservoir, China	SUN Feng, TIAN Wei, ZHANG Fei, <i>et al.</i> (421)
Migration and Transformation of Adsorbed Arsenic Mediated by Sulfate Reducing Bacteria	JIA Qian-qian, LI Wei, WANG Ya-nan, <i>et al.</i> (430)
Spatial Distribution and Risk Assessment of Heavy Metal Contamination in Surface Farmland Soil Around a Lead and Zinc Smelter	WANG Yang-yang, LI Fang-fang, WANG Xiao-yang, <i>et al.</i> (437)
Effect of a Mining and Smelting Plant on the Accumulation of Heavy Metals in Soils in Arid Areas in Xinjiang	YANG Wei-guang, WANG Mei-e, CHEN Wei-ping (445)
Assessment of the Speciation and Pollution of Heavy Metals in Paddy Soils from the Jiulong River Basin	LIN Cheng-qi, HUANG Hua-bin, HU Gong-ren, <i>et al.</i> (453)
Characteristics of Stable Mercury Isotopic Compositions in the Food Web of the Caohai Lake	XU Yi-yuan, HE Tian-rong (461)
Interaction of Cd and Zn Affecting the Root Morphology and Accumulation of Heavy Metals in <i>Sedum aizoon</i>	GUO Jun-mei, YANG Jun-xing, YANG Jun, <i>et al.</i> (470)
Effects of Different Concentrations of Lanthanum on the Growth and Uptake of Pb by Maize Grown Under Moderate Lead Stress	WANG Qi-fan, GUO Wei, CHANG Qing, <i>et al.</i> (480)
Distribution and Bioaccumulation Characteristics of Cadmium in Fish Species from the Longjiang River in the Guangxi Autonomous Region	WANG Jun-neng, ZHAO Xue-min, HU Guo-cheng, <i>et al.</i> (488)
Influence of Six Digestion Methods on the Determination of Polystyrene Microplastics in Organisms Using the Fluorescence Intensity	ZOU Ya-dan, XU Qing-qing, ZHANG Ge, <i>et al.</i> (496)
Preparation of a Nutritional Slow-release Packing Material with Function Microorganisms and Its Characteristics Evaluation	FENG Ke, XU Dan-hua, CHENG Zhuo-wei, <i>et al.</i> (504)