

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

- 主办 中国科学院生态环境研究中心
- 出版 科学出版社



2020

Vol.41 No.5
第41卷 第5期

目次

上海大气 PM_{2.5} 来源解析对比:基于在线数据运用3种受体模型 周敏(1997)

不同浓度臭氧对单颗粒气溶胶化学组成的影响 吴梦曦,成春雷,黄渤,李梅,陈多宏(2006)

二次有机气溶胶壳对氯化钠核吸湿性的影响:基于单颗粒微观尺度 张淑佳,徐亮,郭新梅,黄道,李卫军(2017)

城区与县区不同空气质量下碳组分污染特征对比分析 李欣悦,张凯山,邓林俐,向铎鹏,武文琪,殷子渊(2026)

临沂市 PM_{2.5} 和 PM₁₀ 中元素分布特征及来源解析 陆平,赵雪艳,殷宝辉,张楠,王歆华,余浩,杨文,王晓丽(2036)

西安市秋冬季市区与山区微生物气溶胶组成特征及来源 谢雯文,路瑞,慕云飞,戚玉珍,白文艳,李彦鹏(2044)

北京市典型餐饮企业大气污染物排放特征 何万清,王天意,邵霞,聂磊,石爱军(2050)

基于随机森林模型的中国 PM_{2.5} 浓度影响因素分析 夏晓圣,陈菁菁,王佳佳,程先富(2057)

大气污染联合治理分区视角下的中国 PM_{2.5} 关联关系时空变异特征分析 杨文涛,黄慧坤,魏东升,赵斌,彭焕华(2066)

基于地-空观测数据的粤港澳大湾区大气污染调查及时空演变特征 王耀庭,梁加成,郑祚芳,李青春,李威,窦有俊(2075)

龙子祠泉域岩溶地下水水化学特征及成因 唐春雷,郑秀清,梁永平(2087)

三峡水库总磷时空变化特征及滞留效应分析 唐小娅,童思陈,黄国鲜,许光祥,李丹(2096)

三峡水库汛后蓄水期典型支流溶解氧与叶绿素 a 垂向分布特征 杨凡,纪道斌,王丽婧,李虹,李莹杰(2107)

汉丰湖正式运行年水体营养盐分布特征 付适,倪九派,何丙辉,李天阳,唐毅,钱田,向可翠(2116)

白洋淀水体富营养化和沉积物污染时空变化特征 刘鑫,史斌,孟晶,周云桥,可欣,王铁宇(2127)

新安江水库悬浮颗粒物时空分布、沉降通量及其营养盐效应 史鹏程,朱广伟,杨文斌,许海,朱梦圆,刘明亮,虞左明,吴志旭,郑文婷,王裕成,笄文怡,胡林娜(2137)

不同水文情景下高邮湖、南四湖和东平湖有色可溶性有机物的生物可利用性特征 张柳青,石玉,李元鹏,郭燕妮,周蕾,周永强,张运林,杨艳(2149)

水源水藻类功能群落演替特征及水质评价 李衍庆,黄廷林,张海涵,温成成,杨尚业,林子深,高欣(2158)

人工强制混合对金盆水库水体藻类群落结构时空演替的影响 王晨旭,黄廷林,李楠,齐允之,徐金兰,司凡,张晗,路林超(2166)

雄安新区-白洋淀冬季冰封期水体好氧反硝化菌群落空间分布特征及驱动因素 周石磊,孙悦,岳智丞,张航,王周强,刘世崇,彭瑞哲,苑世超,李再兴,崔建升(2177)

分层型水库水体好氧不产氧光合细菌时空演替特征 张海涵,王燕,黄廷林,王晨旭,路林超,司凡,李楠,刘凯文,闫苗苗,苗雨甜(2188)

大型通江湖泊有色可溶性有机物对不同水文情景的响应 郭燕妮,李元鹏,石玉,张柳青,周蕾,周永强,张运林,韩龙飞(2198)

秦岭北麓河流夏季有色溶解有机物分布特征及影响因素 林子深,黄廷林,杨尚业,温成成,李衍庆,周石磊,宋选社(2210)

长江下游支流水体中多环芳烃的分布及生态风险评估 贾天琪,雷荣荣,武小琳,倪涛涛,孙树睿,郭伟,刘文彬(2221)

太湖水体中 NSAIDs 的时空分布规律和生态风险评估 廉杰,李祎飞,王晓喧,叶彬,邹华,史红星(2229)

8种典型 PhACs 在水中的赋存、生态风险及其对大型溞的影响 徐鑫磊,刘建超,陆光华(2239)

我国南方桉树人工林区水库沉积物污染物的分布特征及迁移规律 朱雅,李一平,罗凡,李荣辉,黄列,程一鑫,蒋裕丰(2247)

基于连续监测的城市内河返黑返臭机制初探:以南宁市二坑溪为例 李永新,王威,何妹,申泰铭(2257)

城郊流域源汇景观格局与水体抗生性的关系 李敏,唐剑锋,陈利顶,赵方凯,冯青郁,杨磊(2264)

城市雨水径流中溶解性有机物的分子化学多样性 聂云汉,陈浩,李磊,朱奕,赵昕,贾其隆,徐慧婷,叶建锋(2272)

方解石/氯磷灰石混合物添加对水体内源磷迁移转化的调控效应和机制 柏晓云,林建伟,詹艳慧,常明玥,吴俊麟,辛慧敏,黄良君(2281)

不同环境条件下水铁矿和针铁矿纳米颗粒稳定性 王智巧,马杰,陈雅丽,翁莉萍,顾亚陶,李永涛(2292)

向日葵秸秆生物炭强化 Fe(III)/S₂O₈²⁻ 体系降解苯甲酸 孙鹏,张凯凯,张玉,张延荣(2301)

非活化单过硫酸盐降解柳氯磺胺吡啶:动力学及机制 丁曦,张学维,周润生,宋哲,严佳颖,周磊,修光利(2310)

贵州某规模化养猪场废水中抗生素的污染特征及去除效果 杨钊,李江,向福亮,李彦澄,马凯,谢锋(2320)

新型填料 A/O 生物滤池处理低碳氮比农村污水脱氮 赵远哲,杨永哲,王海燕,储昭升,常洋,董伟羊,闫国凯,王欢,李丛宇(2329)

贫营养好氧反硝化菌株的脱氮特性及氮/碳平衡分析 文刚,王彤,黄廷林,万琪琪,曹瑞华,寇莉青,杨尚业(2339)

连续流 SNAD 工艺处理猪场沼液启动过程中微生物种群演变及脱氮性能 秦嘉伟,信欣,鲁航,张萍萍,王露蓉,邹长武,郭俊元(2349)

不同培养条件厌氧氨氧化颗粒污泥活性及微生物群落结构差异 姜滢,郭萌蕾,谢军祥,常尧枫,谢嘉玮,陈重军,沈耀良(2358)

反硝化除磷耦合部分亚硝化-厌氧氨氧化一体式工艺的启动 陈亚,印雯,张星星,张钰,宋吟玲,吴鹏,徐乐中(2367)

土壤环境承载力评价体系构建与应用 李笑诺,丁寿康,陈卫平,王夏晖,吕斯丹,刘睿(2373)

磁性生物炭的合成及对土壤重金属污染的钝化效果 王俊楠,程珊珊,展文豪,任强,马晓宇,王洋洋(2381)

还原增溶强化 EGTA 淋洗修复重金属污染土壤 张金永,朱玉婷,王明新,韩莹,葛嘉琦(2390)

不同价态铬和土壤理化性质对大麦根系毒性阈值的影响 付平南,贡晓飞,罗丽韵,王琪,李花粉(2398)

生物炭施用对紫色土旱坡地土壤氮流失形态及通量的影响 王舒,王子芳,龙翼,严冬春,慈恩,徐国鑫,李娇,高明(2406)

长期撂荒恢复土壤团聚体组成与有机碳分布关系 王兴,钟泽坤,张欣怡,吴少君,卢绪巧,杨改河,任成杰,韩新辉(2416)

施用生物炭对壤土土壤微生物代谢养分限制和碳利用效率的影响 王强,耿增超,许晨阳,郭靖宇,李倩倩,刘莉丽,赵汉红,杜旭光(2425)

间种高粱及施用大颗粒尿素对茶园 N₂O 排放的影响 张珂彬,刘新亮,康曼,王毅,沈健林,李勇(2434)

缙云山森林植被类型对土壤 N₂O 相关功能微生物的影响 王盛燕,王富华,罗东海,昌盛,王子芳,高明(2445)

咸水滴灌对棉田土壤 N₂O 排放和反硝化细菌群落结构的影响 郭慧楠,马丽娟,黄志杰,李美琪,侯振安,阎伟(2455)

有机质提升对酸性红壤氮循环功能基因及功能微生物的影响 储成,吴赵越,黄欠如,韩成,钟文辉(2468)

模拟酸雨对毛竹阔叶林过渡带土壤真菌结构及其多样性的影响 王楠,潘小承,王传宽,白尚斌(2476)

海洋沉积物中细菌 DNA 和 RNA 水平群落差异 李明月,杨雨虹,米铁柱,贺惠,甄毓(2485)

2003~2013年中国湿地变化的空间格局与关联性 周婷,马姣姣,徐颂军(2496)

《环境科学》征订启事(2086) 《环境科学》征稿简则(2187) 信息(2209,2263,2309)

分层型水库水体好氧不产氧光合细菌时空演替特征

张海涵, 王燕, 黄廷林*, 王晨旭, 路林超, 司凡, 李楠, 刘凯文, 闫苗苗, 苗雨甜

(西安建筑科技大学环境与市政工程学院, 陕西省环境工程重点实验室, 西北水资源与环境生态教育部重点实验室, 西安 710055)

摘要: 好氧不产氧光合细菌(aerobic anoxygenic photosynthesis bacteria, AAPB)以多样的群落结构及独特的代谢功能在水体物质循环中扮演着重要角色. 基于实时荧光定量PCR及Illumina MiSeq高通量DNA测序技术研究金盆水库水体中AAPB丰度及群落结构时空演替特征, 结合冗余分析揭示环境因子对其群落结构影响规律. 结果表明, 金盆水库水体AAPB丰度(以

pufM

基因计)变化范围为 $(6.70 \pm 0.43) \times 10^3 \sim (2.69 \pm 0.15) \times 10^4$ copies·mL⁻¹, 最大值出现于10月, 且随水深增加而减小. 样本主要归为19个属(除未分类菌属外), 优势AAPB菌属包括慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium* sp.)和甲烷菌属(*Methylobacterium* sp.), 两者隶属 α -变形菌(α -Proteobacteria), 其中慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium* sp.)占比于11月最高, 高达60%以上(除10 m外), 此外也发现了以低比例存在的红长命菌属(*Rubrivivax* sp.), 隶属 β -变形菌(β -Proteobacteria). AAPB不同属间存在较强的互作关系, 如红杆菌属(*Rhodobacter* sp.)与小红卵菌属(*Rhodovulum* sp.)呈正相关, 噬氢菌属(*Hydrogenophaga* sp.)与慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium* sp.)呈负相关等. AAPB种群结构组成及分布差异显著, 主要受 T 、TN、NO₃⁻-N和光照强度影响, 且由环境因素综合调控. 如10月水深0、5和15 m水体AAPB种群结构受水温(T)、总氮(TN)和总磷(TP)显著影响, 12月水深5 m水体AAPB种群结构受光照强度、pH、溶解氧(DO)和叶绿素a(Chl_a)显著影响等. 研究结果对解析分层型水库水体AAPB丰度和多样性的时空变化特征具有指导意义, 并为探索AAPB种群结构的水环境驱动因素提供理论依据.

关键词: 分层型水库; 好氧不产氧光合细菌(AAPB); *pufM* 基因; qPCR; 高通量测序; 种群结构

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2020)05-2188-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.201910055

Spatial and Temporal Succession Characteristics of Aerobic Anoxygenic Photosynthesis Bacteria in a Stratified Reservoir

ZHANG Hai-han, WANG Yan, HUANG Ting-lin*, WANG Chen-xu, LU Lin-chao, SI Fan, LI Nan, LIU Kai-wen, YAN Miao-miao, MIAO Yu-tian

(Key Laboratory of Northwest Water Resource, Environment and Ecology, Ministry of Education, Shaanxi Key Laboratory of Environmental Engineering, School of Environmental and Municipal Engineering, Xi'an University of Architecture and Technology, Xi'an 710055, China)

Abstract: Aerobic anoxygenic photosynthesis bacteria (AAPB) play a significant role in the material circulation of the hydrosphere, with diverse community structure and unique metabolic functions. To investigate the spatial and temporal succession characteristics of AAPB abundance and community structure in Jinpen Reservoir, a quantitative real-time polymerase chain reaction and Illumina MiSeq high-throughput sequencing technique targeting the *pufM* gene were applied. Furthermore, redundancy analysis was used to determine the influence of environmental factors on their community structure. The results showed that the AAPB abundance ranged from $(6.70 \pm 0.43) \times 10^3$ to $(2.69 \pm 0.15) \times 10^4$ copies·mL⁻¹, with the maximum value appearing in October, and decreased with an increase in water depth. Samples were mainly classified into 19 genera (except for the unclassified genus); the most abundant AAPB genera were *Bradyrhizobium* sp. and *Methylobacterium* sp., which were affiliated to the α -Proteobacteria, and the proportion of the *Bradyrhizobium* sp. was highest in November, accounting for more than 60% (except 10 m). Furthermore, *Rubrivivax* sp., belonging to β -Proteobacteria, was found to have a low proportion. There was a strong interaction relationship between AAPB genera. For example, *Rhodobacter* sp. was positively correlated with *Rhodovulum* sp., while *Hydrogenophaga* sp. was negatively correlated with *Bradyrhizobium* sp.. The community structure composition and distribution of AAPB were significantly different, mainly affected by temperature (T), total nitrogen (TN), NO₃⁻-N, and light intensity and comprehensively regulated by environmental factors. For instance, T , TN, and total phosphorus had a significant impact on the AAPB community structure of water samples at 0, 5, and 15 m in October, whereas light intensity, pH, DO, and chlorophyll-a were major structuring factors in the AAPB assemblages of water samples at 5 m in December. The results have guiding significance for parsing the spatial and temporal variability of AAPB abundance and diversity in stratified reservoirs, and simultaneously provide a theoretical basis for exploring the driving factors of AAPB population structure.

Key words: stratified reservoir; aerobic anoxygenic photosynthesis bacteria (AAPB); *pufM* gene; qPCR; high-throughput sequencing; community structure

收稿日期: 2019-10-09; 修订日期: 2019-12-05

基金项目: 国家自然科学基金项目(51978561, 51979217); 陕西省重点研发计划项目(2018ZDXM-SF-020, 2018KW-011)

作者简介: 张海涵(1981~), 男, 博士, 教授, 主要研究方向为水库功能微生物, E-mail: zhanghaihan@xauat.edu.cn

* 通信作者, E-mail: huangtinglin@xauat.edu.cn

好氧不产氧光合细菌 (aerobic anoxygenic photosynthesis bacteria, AAPB) 为近年来海洋中发现的重要功能菌群, 是浮游细菌的重要组成部分^[1,2]。它在好氧的条件下, 以还原性有机化合物作为电子供体, 通过其体内含有的细菌叶绿素 a (bacteriochlorophyll a, BChla) 来获得光能进行光合作用, 同时以环境中的有机质为营养物质来获取细胞生长及代谢所需的能量, 且这一过程不释放氧气^[3-9]。AAPB 通过光合作用产生部分能量用于细胞生长与代谢, 减少了其对有机质的消耗, 同时增加了进入细胞的溶解有机碳 (dissolved organic carbon, DOC) 的量, 这一潜能可能会促进河流及淡水环境中的物质循环^[10]。并且能够以自身较快的生长速率来应对原生生物及浮游动物的捕食, 这对大多数水环境透光层中溶解有机质的再生意义重大^[11]。在污染严重的富营养化湖泊中, AAPB 等功能种群的存在使得原本不稳定的生态系统得以维持和发展^[12]。此外, AAPB 对海洋、贫营养大洋及淡水等水环境中的生物量贡献重大, 在污染物降解、环境修复、生物除污等方面潜力巨大^[13]。它推动着碳、氮等元素的生物地球化学循环^[14-17], 在淡水生态系统元素循环中发挥着重大作用^[18-20]。

迄今为止, 对 AAPB 的研究主要集中于海洋^[2,6,9,21-27]、河流及河口^[10,28-30]、内陆盐湖^[31]、富营养化^[32]、淡水及季节性分层湖泊^[5,11,16,33,34]等。基于对光合基因 *pufM* 的系统发育分析, 大部分 AAPB 属于 α -、 β -及 γ -变形菌^[27,35-37], 其丰度及组成随栖息环境不同而呈现出较大的差异性^[38]。海洋环境中 AAPB 丰度较高, 其主要类群为 α -和 γ -变形菌^[24]。半/高咸湖泊中优势 AAPB 为 α -和 γ -变形菌, 但也发现了典型淡水环境中存在的 β -变形菌^[39]。内陆湖泊中 AAPB 呈现出高丰度、低多样性的特点, 其大多数也属于 α -和 γ -变形菌^[31]。关于分层型水库中 AAPB 种群结构及多样性的相关研究却鲜见报道。

近年来, 高通量测序技术发展迅速^[40], 可用于探究不同水环境中 AAPB 种群结构及多样性特征, qPCR (quantitative real-time PCR) 技术凭借其定量准确、重现性强等特点而被广泛应用于基因表达等相关分子生物学研究中^[41]。Du 等^[41]采用 qPCR 方法对海洋环境中 AAPB 的 *pufM* 功能基因数量进行了定量分析, 结果表明 AAPB 丰度较高, 并且遗传多样性较大。黄春萍等^[42]结合 *pufM*-qPCR 及克隆文库方法研究了川西高寒森林溪流环境中 AAPB 丰度和多样性变化及其环境影响因素, 认为其丰度、多样性及群落结构受环境因子共同调控, 且温度、DOC 及 Chla 为主要调控因子。Bibiloni-Isaksson 等^[43]结合

Illumina MiSeq 高通量 DNA 测序及 qPCR 技术研究了澳大利亚沿海区域 AAPB 种群结构的时空变化, 发现温度、光照及 Chla 含量为影响其分布及多样性的主要环境因子。然而, 关于分层型水库中 AAPB 种群结构和多样性的水环境驱动因素尚不明确。

本研究以陕西省西安市金盆水库上游为研究对象, 在水体混合期间, 采集水体垂向断面水深水样, 监测水质参数, 结合 qPCR 及 Illumina MiSeq 高通量测序技术对样本 *pufM* 功能基因进行绝对定量及种群结构解析, 探究水库水体 AAPB 种群结构及多样性的时空演替特征。利用共生网络分析方法评估 AAPB 不同菌属间直接或间接作用, 并采用 RDA (redundancy analysis) 分析方法调查 AAPB 群落与水质参数间的相关性, 揭示水质参数对其群落结构组成影响规律, 以期对分层型水库水体 AAPB 群落结构时空演替研究奠定科学基础。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况与水样采集

金盆水库坐落于陕西省西安市周至县 (107°43' ~ 108°24' E, 34°42' ~ 34°13' N), 属深水型峡谷型水库, 夏季和秋季处于分层状态, 冬季上下水体混合^[44]。金盆水库作为西安市主要给水来源, 坝址控制流域面积 1 418 km², 主库区最大水面面积 4.68 km², 最大库容 2.0 × 10⁸ m³, 平均每年向西安市供应饮用原水 3.0 × 10⁸ m³, 日平均供水量 7.8 × 10⁵ m³。水库最大水深 106 m, 最低水位 44 m, 平均水深 60 m, 夏、秋季水位波动显著^[45,46]。本研究于 2018 年 10 ~ 12 月每月月中对金盆水库上游 (108°11'10.71"E, 34°01'15.59"N) 进行水样的采集, 垂向采样深度分别为 0、5、10 和 15 m, 采用直立式有机玻璃取样器在各水深点采集水样 1 500 mL 装于聚乙烯瓶中, 24 h 内送回实验室进行测试分析。

1.2 水质参数测定

采用 Hydro-lab DS5 型 (HACH, 美国) 多参数水质分析仪对水温 (*T*)、pH、DO 和 Chla 进行原位监测^[46], 采用紫外-可见分光光度计 (UVmini-1240, 日本岛津) 测定总氮 (TN)、总磷 (TP)、硝氮 (NO₃⁻-N) 和氨氮 (NH₄⁺-N)^[47], 采用 TOC 测定仪 (Shimadzu, 日本) 测定溶解性有机碳 (DOC), 每个指标 3 次重复 (*n* = 3)。

1.3 水体微生物 DNA 提取及检测

将 500 mL 水样过滤到 0.22 μm 微孔滤膜上用于微生物 DNA 的提取, 具体步骤参考说明书。2% 琼脂糖凝胶电泳检测, 分离鉴定 DNA, 并使用

Nanodrop 2000(美国)超微量核酸定量仪对其浓度和质量进行检测,于 -20°C 保存、待用^[48].

1.4 实时荧光定量 PCR(qPCR)

运用 qPCR 技术对样品 *pufM* 功能基因(编码光化学反应中心的小亚基)进行绝对定量从而确定其丰度^[38],采用 ABI7300 型荧光定量 PCR 仪(Applied Biosystems,美国)和 ChamQ SYBR qPCR Master Mix 试剂对样品进行 PCR 扩增,样本扩增在上海美吉生物医药科技有限公司进行.扩增体系(20 μL):2 倍的 Taq Plus Master Mix 10 μL ,引物 *pufM*-557F(5'-CGCACCTGGACTGGAC-3')和 *pufM*-WAWR(5'-AYNGCRAACCACCANGCCCA-3')^[36,49]各 0.8 μL (5 $\mu\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$),DNA 模板 1 μL , ddH₂O 7.4 μL .扩增条件:95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min;95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 58 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 60 s,循环 35 次,扩增效率为 99.59%.扩增结束后分析 *pufM* 基因定量标准品扩增曲线和熔解曲线,检查扩增反应的特异性.对扩增得到的 *pufM* 基因产物进行纯化、质检,并与克隆载体连接.含有 *pufM* 基因序列的 pMD18-T 重组质粒经测序鉴定无误后用紫外分光光度计(Nano Drop2000, Hermo Fisher Scientific, 美国)测定质粒 D_{260} 的值,通过公式换算成拷贝数($\text{copies}\cdot\mu\text{L}^{-1}$),再以 10 倍梯度稀释,选取 *pufM* 标准品的 $10^{-2} \sim 10^{-7}$ 稀释液用于制备标准曲线.

1.5 AAPB 种群结构高通量测序

本研究采用 Illumina MiSeq 测序技术分析金盆水库上游 AAPB 种群结构的时空分布特征,样本测序在上海美吉生物医药科技有限公司进行.采用 AAPB 的 *pufM* 功能基因扩增引物 *pufM*-557F 和 *pufM*-WAWR 对样品 DNA 进行 PCR 扩增,扩增体系(20 μL):5 倍的 FastPfu Buffer 4 μL ,脱氧核苷 2.0 μL (2.5 $\text{mmg}\cdot\text{L}^{-1}$),正反引物各 0.8 μL (5 $\mu\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$),FastPfu 聚合酶 0.4 μL ,BSA 0.2 μL ,DNA 模板 10 ng,ddH₂O 补至 20 μL .扩增条件如下:95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min;95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 58 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 45 s,循环 35 次;72 $^{\circ}\text{C}$ 终延伸 10 min.全部样本按照上述实验条件进行,每个样本 3 次重复($n=3$).将同一样品的 PCR 产物混合,以 2% 琼脂糖凝胶电泳检测,对其进行分离纯化、回收及浓度测定.

1.6 数据分析

Illumina MiSeq 测序完成后,采用 Fast QC 软件对 *pufM* 功能基因测序的原始数据进行质量控制(序列去噪、嵌合体去除、修剪及长度过滤)^[50],得到 *pufM* 功能基因序列扩增长度为 244bp 的优质序列.为了得到每个可操作分类单元(operational

taxonomic units, OTU)对应的物种分类信息,使用 RDP classifier 贝叶斯算法对 97% 相似水平的 OTU 代表序列进行分类学分析,并分别在各个分类水平统计各样本的群落组成.*pufM* 基因序列的原始数据全部上传至 NCBI 数据库,登录号为 SRP200246.

基于 OTU 聚类分析结果,使用 Mothur 软件解析 AAPB 种群多样性指数,包括:丰度评估指数(Chao1 和 ACE)、多样性评估指数(Shannon 和 Simpson).其中,Chao1、ACE 值越大,表明群落中含有的 OTU 数越多,群落丰度越大,Shannon 值越大,群落多样性越高,而 Simpson 值越大,群落多样性则越低.此外,样本覆盖度(coverage)越高,表明其大部分序列被检测到,测序深度足够.

基于高通量测序结果,采用共生网络(Network)分析方法评估金盆水库不同月份各采样深度水体 AAPB 不同菌属间的共生关系^[51,52],并通过 RDA 方法^[53],运用 CANOCO4.5 软件探究金盆水库 AAPB 功能种群时空分布特征及其环境影响因子.在由主轴 RDA1 和主轴 RDA2 构成的二维平面中,向量的箭头所指方向为水质参数,其长短表明对应水质参数在主轴中的作用大小,其所在象限表示水质参数与轴间相关性的正负^[43].

2 结果与讨论

2.1 金盆水库水质参数

由表 1 分析可知,金盆水库水质参数时空变化显著.10、11 和 12 月采样期间,水体水温均在表层达到最高,且沿垂向方向逐渐降低,10 月水温最高,水体温度沿水深从表层为 17.05 $^{\circ}\text{C}$ 逐渐降低为 16.65 $^{\circ}\text{C}$.pH 变化范围为 7.61~7.88,垂向分布上随水深增加而减小,12 月水深 0 m 处值最大,为 7.88;DO 变化范围为 7.85~8.49 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$,两者均在水环境指标正常范围内.TN 质量浓度 10 月最高,最大值出现于水深 5 m 处,为(1.59 \pm 0.03) $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$;11 月最低,最小值出现于水深 10 m 处,为(1.10 \pm 0.15) $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$,这是由于 10 月初扬水曝气系统运行,且降雨较多,导致水体浊度升高,水质较差.TP、NO₃⁻-N 和 NH₄⁺-N 质量浓度($\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$)波动范围分别为:(0.01 \pm 0.00)~(0.03 \pm 0.00)、(0.67 \pm 0.01)~(0.78 \pm 0.01)和(0.03 \pm 0.00)~(0.06 \pm 0.01).Chla 及 DOC 质量浓度均在 12 月达到最高,Chla 质量浓度最大值为 4.31 $\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$,于表层最高,DOC 质量浓度最大值为(4.01 \pm 0.71) $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$,于水深 15 m 处最高.综上,金盆水库水体水质较好,且水质参数受气候变化及地理位置等条件影响.

表 1 金盆水库水质参数时空变化

Table 1 Spatial and temporal variations in water quality parameters in Jinpen Reservoir

月份	水深 /m	水温 /°C	pH	DO /mg·L ⁻¹	Chla /μg·L ⁻¹	TN /mg·L ⁻¹	TP /mg·L ⁻¹	NO ₃ ⁻ -N /mg·L ⁻¹	NH ₄ ⁺ -N /mg·L ⁻¹	DOC /mg·L ⁻¹
10	0	17.05	7.66	8.49	2.16	1.58 ± 0.01	0.02 ± 0.00	0.72 ± 0.01	0.06 ± 0.01	1.67 ± 0.01
	5	16.69	7.65	8.27	3.20	1.59 ± 0.03	0.02 ± 0.00	0.69 ± 0.01	0.06 ± 0.01	1.92 ± 0.01
	10	16.68	7.66	8.21	3.29	1.57 ± 0.03	0.02 ± 0.00	0.68 ± 0.00	0.03 ± 0.00	2.37 ± 0.04
	15	16.65	7.61	8.12	2.06	1.57 ± 0.01	0.03 ± 0.00	0.67 ± 0.01	0.06 ± 0.01	2.45 ± 0.08
11	0	14.36	7.67	7.85	3.65	1.18 ± 0.17	0.01 ± 0.00	0.78 ± 0.01	0.05 ± 0.01	3.69 ± 0.29
	5	14.41	7.66	7.97	3.39	1.16 ± 0.16	0.01 ± 0.00	0.72 ± 0.02	0.05 ± 0.01	3.32 ± 0.09
	10	14.43	7.66	7.86	3.55	1.10 ± 0.15	0.02 ± 0.00	0.70 ± 0.00	0.05 ± 0.00	3.34 ± 0.03
	15	14.43	7.62	7.86	3.51	1.13 ± 0.13	0.02 ± 0.00	0.78 ± 0.01	0.04 ± 0.00	3.49 ± 0.12
12	0	10.81	7.88	8.42	4.31	1.21 ± 0.07	0.01 ± 0.00	0.74 ± 0.02	0.05 ± 0.00	3.92 ± 0.62
	5	10.86	7.83	8.43	4.05	1.31 ± 0.01	0.02 ± 0.00	0.73 ± 0.01	0.05 ± 0.01	3.69 ± 0.76
	10	10.87	7.83	8.40	4.09	1.22 ± 0.02	0.02 ± 0.00	0.73 ± 0.02	0.05 ± 0.01	3.74 ± 0.09
	15	10.87	7.82	8.39	4.20	1.29 ± 0.04	0.02 ± 0.00	0.70 ± 0.03	0.06 ± 0.00	4.01 ± 0.71

有研究表明,光照对 AAPB 的生长具有一定的促进作用^[23],为探究光照对金盆水库水体 AAPB 影响机制,本研究于 2018 年 10~12 月每月月中上午(晴)采用照度计(Model ZDS-10W-2D,中国)原位监测上游水体垂向光照强度(每间隔 0.5 m 进行检测),如图 1 所示.可以看出垂向分布上,光照强度随水深增加呈逐渐减弱趋势,水深 16 m 处几乎趋于 0. 12 月水深 0 m 处光照强度达到最大,值为 19 200 lx. 比较 10 月和 11 月,光照强度强弱:10 月 > 11 月,并且光照强度在水深 0~5 m 间存在明显差异,在水深 5~15 m 间差异较小.

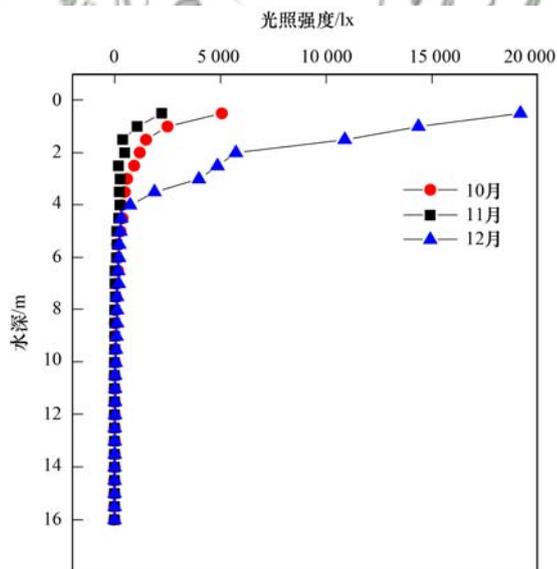


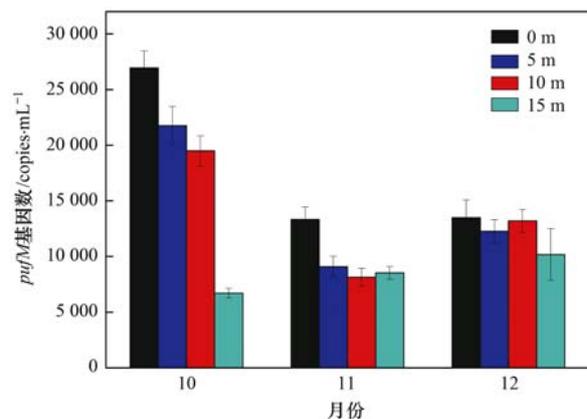
图 1 金盆水库水体光照强度垂向分布

Fig. 1 Vertical distribution of light intensity in Jinpen Reservoir

2.2 金盆水库水体 AAPB 丰度分布

有研究表明, AAPB 在淡水生态系统中意义重大^[54],其在分层型水源水库中的丰度却鲜见报道.本研究采用 qPCR 技术调查了金盆水库不同月份不同采样深度水体 AAPB 种群 *pufM* 基因丰度,如图 2

所示,水库水体 AAPB 丰度(以 *pufM* 基因计)范围为 $(6.70 \pm 0.43) \times 10^3 \sim (2.69 \pm 0.15) \times 10^4$ copies·mL⁻¹. 较 11 和 12 月而言, 10 月 AAPB 丰度较大(除水深 15 m 处),并且垂向分布上,丰度随水深增加而减小,最大值出现在水深 0 m 处,为 $(2.69 \pm 0.15) \times 10^4$ copies·mL⁻¹, 15 m 处减小至 $(6.70 \pm 0.43) \times 10^3$ copies·mL⁻¹. 11 月 AAPB 丰度最低,最大值出现在水深 0 m 处,为 $(1.33 \pm 0.11) \times 10^4$ copies·mL⁻¹, 10 m 处丰度最小,为 $(8.13 \pm 0.79) \times 10^3$ copies·mL⁻¹. 12 月各采样深度水体 AAPB 种群丰度差异较小,均值为 $(1.23 \pm 0.15) \times 10^4$ copies·mL⁻¹,水深 0 m 处丰度最大,为 $(1.35 \pm 0.16) \times 10^4$ copies·mL⁻¹. 结果表明金盆水库水体中 AAPB 丰度较大,且存在较明显的时空演替特征,即不同月份不同深度水体中 AAPB 丰度存在一定的差异性,这与不同时期各水层水体环境条件息息相关. Li 等^[15]采用 qPCR 技术对亚热带喀斯特流域地表水交换系统中 AAPB 丰度进行研究,发现 AAPB 丰度变化范围为 $4.01 \times 10^2 \sim 6.59 \times 10^4$ copies·mL⁻¹,且受 TN、DO 及 pH 显著影响. Bibiloni-Isaksson

图 2 金盆水库水体 *pufM* 基因丰度Fig. 2 Abundance of *pufM* gene copies in Jinpen Reservoir

等^[43]对澳大利亚沿海地区 AAPB 种群结构时空变化进行研究,发现 AAPB 丰度变化范围为 $1.1 \times 10^2 \sim 1.4 \times 10^5 \text{copies} \cdot \text{mL}^{-1}$,且温度、光照度为主要环境调控因子.这表明 AAPB 丰度随地理位置及气候变化影响,且与水体环境因素间关系密不可分.

2.3 金盆水库水体 AAPB 群落多样性

金盆水库水体 AAPB 的 OTUs 数及群落多样性指数解析见表 2,可以看出 AAPB 群落丰富度及多样性在时空分布上均有差异,群落覆盖度均达到 99%,表明测序深度满足要求,测序数据可靠,可用于 AAPB 多样性的评估.10 月水深 15 m 处 OTUs 数目最多,为 157,12 月水深 0 m 处 OTUs 数目最少,

为 103,表明水环境条件变化对 AAPB 群落组成影响显著.由 Chao1 指数可知,不同月份水体 AAPB 群落丰富度排序为:10 月 > 11 月 > 12 月,10 月水深 15 m 处 AAPB 丰富度最高,其 Chao1 指数为 187;11 月水深 10 m 处丰富度最低,其 Chao1 指数为 127;12 月 Chao1 指数范围为 133 ~ 135(除水深 5 m 外),表明 AAPB 丰富度较低.ACE 指数变化趋势与 Chao1 指数大致相同.水库水体 AAPB 群落 Shannon 指数变化范围为 2.32 ~ 3.13, Simpson 指数变化范围为 0.08 ~ 0.20,变幅较小,说明金盆水库不同月份不同水深水体中 OTUs 分布差异较小.12 月 AAPB 群落 Simpson 指数高于 10、11 月,表明种群多样性于 12 月最低.

表 2 金盆水库水体 AAPB 群落多样性指数解析¹⁾

Table 2 Analysis of AAPB community diversity index in Jinpen Reservoir

月份	水深/m	OTUs	97% 相似度水平				
			Chao1 指数	ACE 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	覆盖度/%
10	0	148	173 (168, 156, 196)	181 (176, 162, 205)	3.05 (3.05, 3.04, 3.07)	0.08 (0.08, 0.08, 0.09)	99.88
	5	128	166 (156, 138, 203)	151 (146, 136, 169)	2.96 (2.96, 2.94, 2.99)	0.10 (0.10, 0.10, 0.10)	99.83
	10	136	181 (171, 151, 221)	173 (168, 152, 199)	2.93 (2.93, 2.90, 2.96)	0.11 (0.11, 0.11, 0.11)	99.71
	15	157	187 (181, 167, 212)	196 (191, 175, 222)	3.13 (3.13, 3.10, 3.16)	0.10 (0.10, 0.09, 0.10)	99.71
11	0	129	155 (149, 137, 179)	168 (162, 145, 196)	2.92 (2.92, 2.90, 2.94)	0.09 (0.09, 0.09, 0.09)	99.88
	5	122	174 (163, 139, 219)	165 (159, 141, 196)	2.98 (2.98, 2.95, 2.30)	0.08 (0.08, 0.08, 0.08)	99.74
	10	117	127 (124, 119, 139)	136 (132, 123, 153)	3.00 (2.30, 2.98, 3.02)	0.09 (0.09, 0.08, 0.09)	99.88
	15	126	157 (150, 135, 186)	157 (152, 138, 181)	2.81 (2.81, 2.79, 2.83)	0.10 (0.10, 0.10, 0.11)	99.87
12	0	103	134 (126, 112, 165)	153 (148, 128, 182)	2.32 (2.32, 2.30, 2.34)	0.20 (0.20, 0.19, 0.20)	99.90
	5	106	170 (156, 126, 229)	197 (192, 160, 240)	2.64 (2.64, 2.62, 2.67)	0.13 (0.13, 0.12, 0.130)	99.75
	10	115	133 (127, 119, 152)	135 (131, 122, 153)	2.77 (2.77, 2.75, 2.79)	0.12 (0.12, 0.12, 0.12)	99.91
	15	122	135 (131, 125, 150)	137 (133, 126, 151)	2.70 (2.70, 2.68, 2.72)	0.13 (0.13, 0.13, 0.14)	99.93

1) 括号中数值代表每个指标 3 个平行($n=3$)

2.4 金盆水库水体 AAPB 群落结构组成

在 97% 的相似度水平下,对 OTU 进行生物信息统计分析,结果如图 3 所示.由分析可知,金盆水库样本主要归为 19 个属(除未分类菌属外),不同月份各水深水体中优势 AAPB 菌属均为慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium* sp.)和甲烷菌属(*Methylobacterium* sp.).10 月慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium* sp.)在水深 15 m 水体中最占优势(41.64%),甲烷菌属(*Methylobacterium* sp.)在水深 10 m 水体中最占优势(33.68%);11 月慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*

sp.)在水深 15 m 水体中最占优势(66.42%),甲烷菌属(*Methylobacterium* sp.)在水深 10 m 水体中则最占优势(50.55%);12 月慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium* sp.)在水深 5 m 水体中最占优势(43.95%),甲烷菌属(*Methylobacterium* sp.)在水深 0 m 水体中最占优势(42.49%).比较 10 和 11 月,尽管慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium* sp.)和甲烷菌属(*Methylobacterium* sp.)在不同月份存在于同一水深处,但其所占比例相差较大,造成这一结果的原因可能是不同水深水文条件及气候等环境因素差异显著.

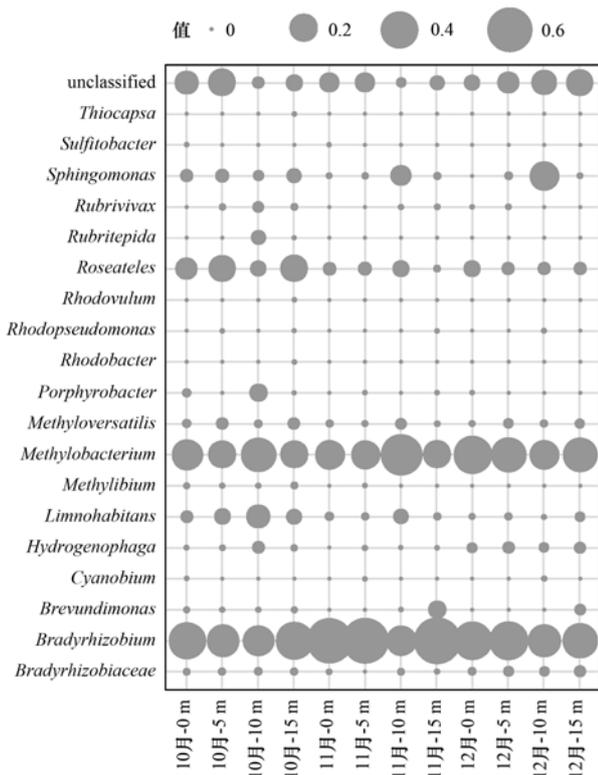


图3 金盆水库水体 AAPB 群落属水平结构组成
Fig. 3 Composition of AAPB community structure at the genus level in Jinpen Reservoir

除上述优势菌属外,在 10 月水深 0、5、10 和 15 m 水体中还发现了较为优势的 AAPB 菌属 *Roseateles* sp. (11.38%、18.29%、5.25% 和 18.59%)、*Limnohabitans* sp. (2.66%、5.49%、13.59% 和 4.93%) 和鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas* sp.) (2.81%、3.33%、1.75% 和 4.23%),其中 *Roseateles* sp. 优势相对较大.在 11 和 12 月各水深水体中也发现了 *Roseateles* sp.、

Limnohabitans sp. 和鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas* sp.) 的存在,通过比较这些菌属在 10、11 和 12 月不同水深中的优势大小发现,*Roseateles* sp. 在 10 月水深 15 m 水体中最占优势 (18.59%),*Limnohabitans* sp. 在 10 月水深 10 m 水体中最占优势 (13.59%),鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas* sp.) 在 12 月水深 10 m 水体中最占优势 (23.30%),而在水深 0 m 水体中未被检测到.研究表明,金盆水库水体 AAPB 种群结构组成及优势菌属分布存在显著的时空差异性,这可能是由于不同月份不同水深水体理化参数影响着细菌的组成及分布.此外,影响 AAPB 种群结构的因素复杂且较多,如 Auladell 等^[55]的研究发现部分 AAPB 菌群丰度与种群结构存在显著的季节性变化,且与浮游植物之间存在较强的互作关系(如甲藻),并已在各种海洋环境中观察到了大量附着型 AAPB.可见,微生物种群结构受各种因素综合调控.

Illumina MiSeq 高通量测序结果表明,大部分 AAPB 菌属隶属 α -变形菌 (α -Proteobacteria),但本研究也发现了以低优势存在的 β -变形菌——红长命菌属 (*Rubrivivax* sp.) (0.21 ~ 2.06%). Waidner 等^[56]的研究发现河流河口中大部分 AAPB 为 γ -变形菌,Lehours 等^[1]的研究发现海洋环境中 AAPB 主要为 γ -变形菌,Cox 等^[57]的研究发现海洋环境表层水体 AAPB 主要为 β -变形菌,这与本研究结果有所不同,可能是由于 AAPB 栖息环境的不同引起的.

采用热图 (Heatmap) 分析了金盆水库 15 个优势 AAPB 群落种水平上的组成及差异,如图 4 所示.由分析可知,优势 AAPB 菌种主要为 *Methylobacterium aquaticum*、*Limnohabitans*

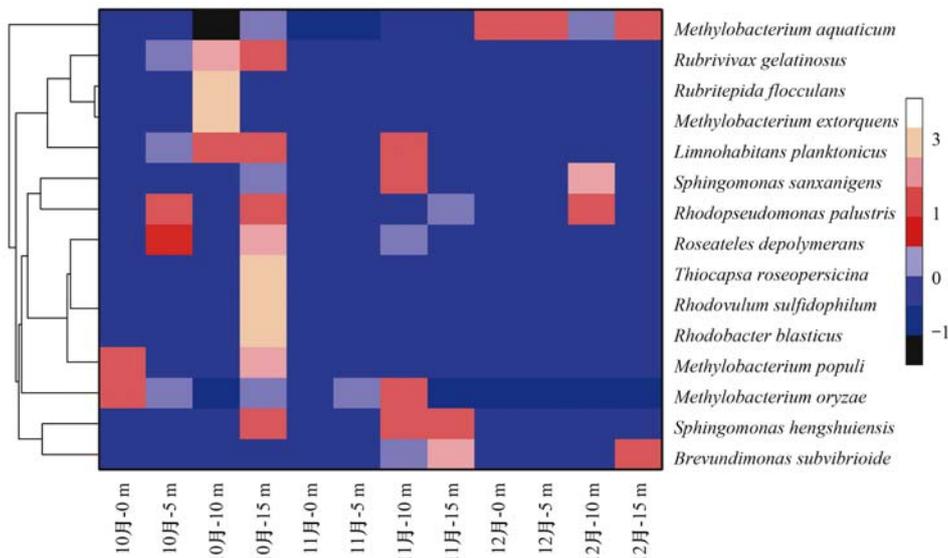


图4 金盆水库水体 AAPB 群落种水平热图分析

Fig. 4 AAPB community heatmap analysis at species level in Jinpen Reservoir

planktonicus、*Roseateles depolymerans* 和 *Sphingomonas sanxanigenis*, 且各自所占比例及分布随时间及水深的不同而差异显著。

菌种 *L. planktonicus* 于 10 月最占优势, 垂向分布上, *L. planktonicus* 所占比例随水深的增加而逐渐增大, 水深 0 m 水体中最小, 为 0.10%, 水深 15 m 水体中增大至 0.80%, 而在 11 和 12 月不同水深几乎检测不到 *L. planktonicus* 的存在。菌种 *M. aquaticum*、*R. depolymerans* 和 *S. sanxanigenis* 均存在于 10、11 和 12 月不同水深水体中。其中, 菌种 *M. aquaticum* 于 12 月最占优势, 垂向分布上, 随着水深的增加, *M. aquaticum* 所占比例呈先减小后增加趋势, 水深 0 m 水体中其所占比例最大, 为 1.68%, 水深 10 m 处减小至 1.21%, 随后显著增加, 水深 15 m 水体中增加至 1.61%。菌种 *R. depolymerans* 于 10 月最占优势, 并且在水深 15 m 水体中所占比例最大, 为 3.27%, 而在 11 和 12 月不同水深水体中所占比例相对较小。菌种 *S. sanxanigenis* 为 10 月水深 15 m 水体中优势菌种, 所占比例为 0.73%, 而此菌种在 11 和 12 月水深 10 m 水体中为优势菌种, 其所占比例分别为 1.25% 和 1.58%。可见, 优势菌种分布时空差异显著。

Boeuf 等^[18] 对波弗特海表层海水水体中 *pufM*

基因进行系统发育分析, 研究发现了 *Methylobacterium radiotolerans*、*Methylobacterium extorquens*、*Sphingomonas ursincola* 及 *Roseateles depolymerans* 的存在, Tarhriz 等^[58] 对湖泊生境中的 AAPB 菌属 *Tabrizicola aquatica* 进行了修订, Piwoz 等^[59] 对海洋生境中 AAPB 进行研究发现菌属 *Dinoroseobacter shibae* 的生长受辐照度显著影响, 这与本研究优势 AAPB 菌种有不同之处, 可能是由于 AAPB 这一类群对不同的水体环境响应不同, 且其组成及多样性随时间、环境因子的变化而变化。

采用共生网络分析方法进一步来推断金盆水库 10~12 月不同采样深度 AAPB 重要菌属间的共生模式, 表 3 为共生网络分析计算参数, 图 5 将菌属间共生关系可视化。通过共生网络关系可以看出, 金盆水库 10~12 月 AAPB 种群组成网络共 19 个节点(属), 被划分为四大模块, 每个模块有由不同颜色表示。模块 I 中除噬氢菌属(*Hydrogenophaga* sp.) 与慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium* sp.) 呈负相关外, 其余菌属间均呈正相关; 模块 II 与模块 III 中各均属间均呈较强正相关; 模块 IV 中红长命菌属(*Rubrivivax* sp.) 与 *Cyanobium* sp. 及其它未分类菌属间均呈明显负相关, 研究结果表明金盆水库水体 AAPB 群落存在不同层次上的共生现象。

表 3 金盆水库水体 AAPB 菌属网络分析计算参数

Table 3 Network analysis calculation parameters of AAPB in Jinpen Reservoir

平均度	平均加权长度	网络直径	图形密度	模块化	连接组件	平均聚类系数	平均路径长度	节点	边界
1.579	1.001	8	0.088	0.398	1	0.197	3.186	19	30

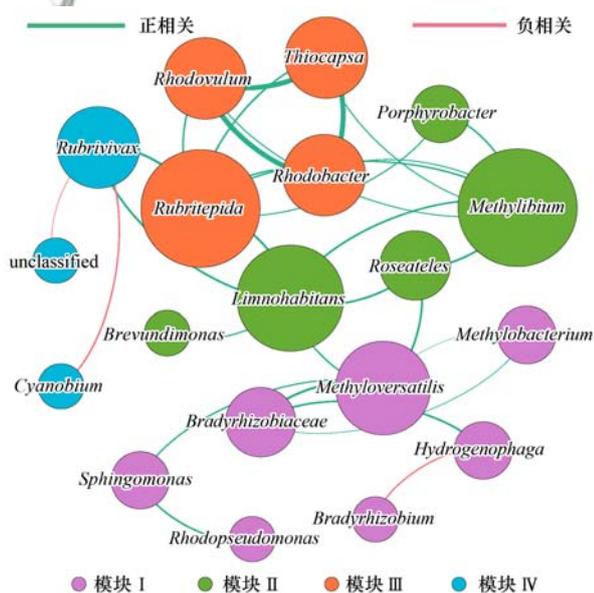


图 5 基于 Spearman 相关显著性分析的 AAPB 菌属共生网络分析

Fig. 5 Network of co-occurring AAPB bacterial genera based on Spearman's correlation significance analysis

2.5 AAPB 种群与水质参数关系

本研究通过 RDA 来评估金盆水库不同月份不同采样深度水质参数与 AAPB 种群间的关系。如图 6 所示, 前两主轴可以解释金盆水库 AAPB 种群总变异的 84.1%, RDA1 解释总变异的 53.9%, RDA2 解释总变异的 30.2%。分析可知, 金盆水库水体中 AAPB 种群结构主要受 T 、 TN 、 $NO_3^- - N$ 和光照强度显著影响, 并且不同月份不同采样深度水体中 AAPB 种群结构的主要环境影响因子及其影响程度也存在明显的差异。课题组前期相关研究也表明 T 、 TN 和 $NO_3^- - N$ 能够显著影响细菌及真菌种群结构^[46, 48, 60], 表明水质参数可以综合调控诱导细菌组成及分布。

10 月水深 0、5 和 15 m 水体中 AAPB 种群结构相似度高, 受 T 、 TN 和 TP 显著影响, 且与水深 10 m 水体中 AAPB 种群结构差异较大。11 月水深 0 和 5 m 水体中 AAPB 种群结构存在较高的相似度, $NO_3^- - N$ 质量浓度为主要的的环境影响因子, 而水深 10 m 水体中 AAPB 种群结构主要受 $NH_4^+ - N$ 质量浓度调

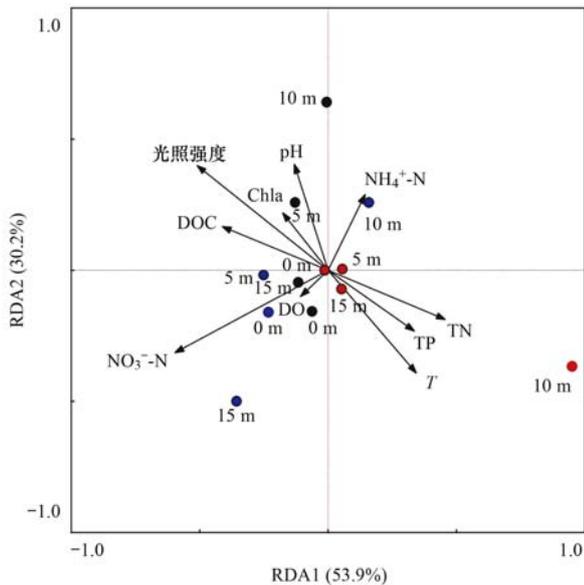


图6 盆水库水体 AAPB 群落结构与环境因子的 RDA 分析

Fig. 6 RDA of AAPB community and environmental factors of water samples in Jinpen Reservoir

控. 12 月, 光照强度、pH、DO 和 Chla 对水深 5 m 水体中 AAPB 群落结构影响较大. 所分析的环境因子中, T 、TN 和 TP 质量浓度与 DO、pH、光照强度及 DOC 呈负相关, NO_3^- -N 质量浓度和 Chla 呈负相关, TN 质量浓度与 NH_4^+ -N 质量浓度呈正相关, 与 NO_3^- -N 质量浓度呈负相关. 本研究结果表明, 不同月份各采样深度水质参数显著影响 AAPB 群落结构, 上述相关性进一步解析了金盆水库水体 AAPB 群落结构与环境参数的响应关系.

有研究报道, T 、光照强度及 Chla 为影响海洋环境中 AAPB 群落结构多样性的重要因素^[24,43], AAPB 在适宜温度下才表现出生长速率快, 活性高, 生存能力强等特点^[22], 这与本研究结果较为一致, T 、光照强度通过影响 AAPB 细胞代谢活性来影响其组成与分布. 因此不同环境条件下的 AAPB 种群结构差异较大. DO、TP 及 pH 对 AAPB 丰度影响也较大^[61], pH 和盐度为内陆湖泊中 AAPB 多样性与群落结构组成的主要调控因子^[31], 贫营养湖泊中 AAPB 丰度与群落组成受 pH、电导率及 NO_3^- -N 等环境因素显著影响^[62], 此外, AAPB 丰度还与水体 Chla、TP 及总细菌数呈正相关, 其种群结构组成受腐殖酸水平影响^[9]. 后续研究将重点分析金盆水库水体 AAPB 功能基因数量表达及种群结构组成变化特征, 并结合高通量测序及 qPCR 技术揭示 AAPB 种群在深水型水库中的时空演替规律及与水体环境参数间的偶联机制, 进一步探索人工外源增氧(如扬水曝气技术)对 AAPB 丰度及群落组成的调控机制.

3 结论

(1) AAPB 丰度变化范围为 $(6.70 \pm 0.43) \times 10^3 \sim (2.69 \pm 0.15) \times 10^4 \text{ copies} \cdot \text{mL}^{-1}$, 于 10 月达到最大, 且随水深增加而减小.

(2) 属水平上, 优势 AAPB 菌属为慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium* sp.) 和甲烷菌属 (*Methylobacterium* sp.), 大部分 AAPB 菌属隶属 α -变形菌 (α -Proteobacteria), 也发现了以低比例存在的 β -变形菌 (β -Proteobacteria)——红长命菌属 (*Rubrivivax* sp.). 种水平上, 优势 AAPB 菌种为 *M. aquaticum*、*L. planktonicus*、*R. depolymerans* 和 *S. sanxanigens*, 且时空分布差异显著.

(3) AAPB 不同属间存在较强的互作关系, 如红杆菌属 (*Rhodobacter* sp.) 与小红卵菌属 (*Rhodovulum* sp.) 呈正相关, 噬氢菌属 (*Hydrogenophaga* sp.) 与慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium* sp.) 呈负相关等.

(4) 金盆水库水体中 AAPB 种群结构主要受 T 、TN、 NO_3^- -N 和光照强度显著影响, 不同月份不同采样深度水体中 AAPB 种群结构组成及分布受环境因素综合调控, 并且存在较为明显的时空演替特征, 这为理解分层型水库中 AAPB 种群结构多样性水环境驱动因素提供理论依据.

参考文献:

- [1] Lehours A C, Cottrell M T, Dahan O, et al. Summer distribution and diversity of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria in the Mediterranean Sea in relation to environmental variables [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2010, 74(2): 397-409.
- [2] 张春鑫, 石峰, 明红霞, 等. 渤海夏季表层海水中好氧不产氧光合细菌多样性分析 [J]. 海洋环境科学, 2015, 34(2): 225-233.
Zhang C X, Shi F, Ming H X, et al. The diversity of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria in surface seawaters in Bohai and Yellow Sea in summer [J]. Marine Environmental Science, 2015, 34(2): 225-233.
- [3] Yurkov V V, Beatty J T. Aerobic anoxygenic phototrophic bacteria [J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 1998, 62(3): 695-724.
- [4] Yurkov V, Beatty J T. Isolation of aerobic anoxygenic photosynthetic bacteria from black smoker plume waters of the Juan de Fuca Ridge in the Pacific Ocean [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1998, 64(1): 337-341.
- [5] Mařín M, Čuperová Z, Hojerová E, et al. Distribution of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria in glacial lakes of northern Europe [J]. Aquatic Microbial Ecology, 2012, 66(1): 77-86.
- [6] Jiao N Z, Zhang Y, Zeng Y H, et al. Distinct distribution pattern of abundance and diversity of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria in the global ocean [J]. Environmental Microbiology, 2007, 9(12): 3091-3099.
- [7] Eiler A. Evidence for the ubiquity of mixotrophic bacteria in the upper ocean: implications and consequences [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2006, 72(12): 7431-7437.

- [8] Yurkov V, Csotonyi J T. New light on aerobic anoxygenic phototrophs[A]. In: Hunter C N, Daldal F, Thurnauer M C, *et al* (Eds.). The Purple Phototrophic Bacteria [C]. Dordrecht: Springer, 2009. 31-55.
- [9] Ritchie A E, Johnson Z I. Abundance and genetic diversity of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria of coastal regions of the Pacific Ocean [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2012, **78**(8): 2858-2866.
- [10] Hirose S, Matsuura K, Haruta S. Phylogenetically diverse aerobic anoxygenic phototrophic bacteria isolated from epilithic biofilms in Tama River, Japan [J]. Microbes and Environments, 2016, **31**(3): 299-306.
- [11] Cepáková Z, Hrouzek P, Žiškova E, *et al*. High turnover rates of aerobic anoxygenic phototrophs in European freshwater lakes [J]. Environmental Microbiology, 2016, **18**(12): 5063-5071.
- [12] 何一平, 曾永辉, 袁博, 等. 基于 *pufM* 基因的乌梁素海富营养化湖区好氧不产氧光合细菌系统发育多样性分析 [J]. 微生物学通报, 2010, **37**(8): 1138-1145.
He Y P, Zeng Y H, Yuan B, *et al*. Phylogenetic diversity of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria in eutrophic zone of lake Ulansuhai based on gene *pufM* [J]. Microbiology China, 2010, **37**(8): 1138-1145.
- [13] 焦念志, Sieracki M E, 张瑶, 等. 好氧不产氧光合异养细菌及其在海洋生态系统中的作用 [J]. 科学通报, 2003, **48**(6): 530-534.
Jiao N Z, Sieracki M E, Zhang Y, *et al*. Aerobic anoxygenic phototrophic bacteria and their roles in marine ecosystems [J]. Chinese Science Bulletin, 2003, **48**(11): 1064-1068.
- [14] Kolber Z S, Plumley F G, Lang A S, *et al*. Contribution of aerobic photoheterotrophic bacteria to the carbon cycle in the ocean [J]. Science, 2001, **292**(5526): 2492-2495.
- [15] Li Q, Song A, Peng W J, *et al*. Contribution of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria to total organic carbon pool in aquatic system of subtropical karst catchments, Southwest China: evidence from hydrochemical and microbiological study [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2017, **93**(6): fix065.
- [16] Garcia-Chaves M C, Cottrell M T, Kirchman D L, *et al*. Single-cell activity of freshwater aerobic anoxygenic phototrophic bacteria and their contribution to biomass production [J]. The ISME Journal, 2016, **10**(7): 1579-1588.
- [17] Koblížek M. Ecology of aerobic anoxygenic phototrophs in aquatic environments [J]. FEMS Microbiology Reviews, 2015, **39**(6): 854-870.
- [18] Boeuf D, Cottrell M T, Kirchman D L, *et al*. Summer community structure of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria in the western Arctic Ocean [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2013, **85**(3): 417-432.
- [19] Karl M D. Microbiological oceanography: hidden in a sea of microbes [J]. Nature, 2002, **415**(6872): 590-591.
- [20] Kolber Z S, Van Dover C L, Niederman R A, *et al*. Bacterial photosynthesis in surface waters of the open ocean [J]. Nature, 2000, **407**(6801): 177-179.
- [21] Lehours A C, Enault F, Boeuf D, *et al*. Biogeographic patterns of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria reveal an ecological consistency of phylogenetic clades in different oceanic biomes [J]. Scientific Reports, 2018, **8**(1): 4105.
- [22] Sato-Takabe Y, Hamasaki K, Suzuki S. High temperature accelerates growth of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria in seawater [J]. MicrobiologyOpen, 2019, **8**(5): e00710.
- [23] Ferrera I, Sánchez O, Kolářová E, *et al*. Light enhances the growth rates of natural populations of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria [J]. The ISME Journal, 2017, **11**(10): 2391-2393.
- [24] Kirchman D L, Stegman M R, Nikrad M P, *et al*. Abundance, size, and activity of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria in coastal waters of the West Antarctic Peninsula [J]. Aquatic Microbial Ecology, 2014, **73**(1): 41-49.
- [25] 胡耀华. 代表性海区好氧不产氧光合细菌的光合基因 (*pufM*) 生态分布特征 [D]. 厦门: 厦门大学, 2006.
Hu Y H. Genetic distribution of aerobic anoxygenic photosynthetic bacteria based on *pufM* gene in representative marine environments [D]. Xiamen: Xiamen University, 2006.
- [26] Cottrell M T, Mannino A, Kirchman D L. Aerobic anoxygenic phototrophic bacteria in the Mid-Atlantic Bight and the North Pacific Gyre [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2006, **72**(1): 557-564.
- [27] Yutin N, Suzuki M T, Teeling H, *et al*. Assessing diversity and biogeography of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria in surface waters of the Atlantic and Pacific Oceans using the Global Ocean Sampling expedition metagenomes [J]. Environmental Microbiology, 2007, **9**(6): 1464-1475.
- [28] Waidner L A, Kirchman D L. Aerobic anoxygenic phototrophic bacteria attached to particles in turbid waters of the Delaware and Chesapeake estuaries [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2007, **73**(12): 3936-3944.
- [29] Waidner L A, Kirchman D L. Aerobic anoxygenic photosynthesis genes and operons in uncultured bacteria in the Delaware River [J]. Environmental Microbiology, 2005, **7**(12): 1896-1908.
- [30] Ruiz-González C, Proia L, Ferrera I, *et al*. Effects of large river dam regulation on bacterioplankton community structure [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2013, **84**(2): 316-331.
- [31] Jiang H C, Dong H L, Yu B S, *et al*. Abundance and diversity of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria in saline lakes on the Tibetan Plateau [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2009, **67**(2): 268-278.
- [32] Shi L M, Cai Y F, Chen Z T, *et al*. Diversity and abundance of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria in two cyanobacterial bloom-forming lakes in China [J]. Annales de Limnologie-International Journal of Limnology, 2010, **46**(4): 233-239.
- [33] Ferrera I, Sarmento H, Prisco J C, *et al*. Diversity and distribution of freshwater aerobic anoxygenic phototrophic bacteria across a wide latitudinal gradient [J]. Frontiers in Microbiology, 2017, **8**: 175.
- [34] Song A, Peng W J, He R X, *et al*. Hydrochemistry characteristics in front of the Wulixia reservoir dam associated with feedback from aerobic anoxygenic phototrophic bacteria [J]. Rock and Mineral Analysis, 2017, **36**(2): 171-179.
- [35] Yutin N, Bèjà O. Putative novel photosynthetic reaction centre organizations in marine aerobic anoxygenic photosynthetic bacteria: insights from metagenomics and environmental genomics [J]. Environmental Microbiology, 2005, **7**(12): 2027-2033.
- [36] Bèjà O, Suzuki M T, Heidelberg J F, *et al*. Unsuspected diversity among marine aerobic anoxygenic phototrophs [J]. Nature, 2002, **415**(6872): 630-633.
- [37] Hu Y H, Du H L, Jiao N Z, *et al*. Abundant presence of the γ -like Proteobacterial *pufM* gene in oxic seawater [J]. FEMS Microbiology Letters, 2006, **263**(2): 200-206.
- [38] Schwalbach M S, Fuhrman J A. Wide-ranging abundances of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria in the world ocean revealed by epifluorescence microscopy and quantitative PCR [J]. Limnology and Oceanography, 2005, **50**(2): 620-628.
- [39] Salka I, Moulisová V, Koblížek M, *et al*. Abundance, depth

- distribution, and composition of aerobic bacteriochlorophyll *a*-producing bacteria in four basins of the central Baltic Sea [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2008, **74**(14): 4398-4404.
- [40] Loman N J, Constantinidou C, Chan J Z M, *et al.* High-throughput bacterial genome sequencing; an embarrassment of choice, a world of opportunity [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2012, **10**(9): 599-606.
- [41] Du H L, Jiao N Z, Hu Y H, *et al.* Real-time PCR for quantification of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria based on *pufM* gene in marine environment [J]. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 2006, **329**(1): 113-121.
- [42] 黄春萍, 吴福忠, 杨万勤, 等. 川西高寒森林溪流好氧不产氧光合细菌多样性 [J]. *中国环境科学*, 2017, **37**(6): 2332-2339.
- Huang C P, Wu F Z, Yang W Q, *et al.* The diversity of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria in a high-frigid forest stream of West Sichuan [J]. *China Environmental Science*, 2017, **37**(6): 2332-2339.
- [43] Bibiloni-Isaksson J, Seymour J R, Ingleton T, *et al.* Spatial and temporal variability of aerobic anoxygenic phototrophic bacteria along the east coast of Australia [J]. *Environmental Microbiology*, 2016, **18**(12): 4485-4500.
- [44] Zhang H H, Huang T L, Chen S N, *et al.* Spatial pattern of bacterial community functional diversity in a drinking water reservoir, Shaanxi Province, Northwest China [J]. *Journal of Pure and Applied Microbiology*, 2013, **7**(3): 1647-1654.
- [45] Huang T L, Li X, Rijnaarts H, *et al.* Effects of storm runoff on the thermal regime and water quality of a deep, stratified reservoir in a temperate monsoon zone, in Northwest China [J]. *Science of the Total Environment*, 2014, **485-486**: 820-827.
- [46] 马越, 郭庆林, 黄廷林, 等. 西安黑河金盆水库季节性热分层的水质响应特征 [J]. *水利学报*, 2013, **44**(4): 406-415.
- Ma Y, Guo Q L, Huang T L, *et al.* Response characteristics of water quality to the seasonal thermal stratification in Jin-pen reservoir along the Heihe river, Xi'an city in China [J]. *Journal of Hydraulic Engineering*, 2013, **44**(4): 406-415.
- [47] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法 [M]. (第四版). 北京: 中国环境科学出版社, 2002.
- [48] Zhang H H, Chen S N, Huang T L, *et al.* Vertical distribution of bacterial community diversity and water quality during the reservoir thermal stratification [J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2015, **12**(6): 6933-6945.
- [49] Yutin N, Suzuki M T, Béjà O. Novel primers reveal wider diversity among marine aerobic anoxygenic phototrophs [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, **71**(12): 8958-8962.
- [50] Hamady M, Walker J J, Harris J K, *et al.* Error-correcting barcoded primers for pyrosequencing hundreds of samples in multiplex [J]. *Nature Methods*, 2008, **5**(3): 235-237.
- [51] Beman J M, Steele J A, Fuhrman J A. Co-occurrence patterns for abundant marine archaeal and bacterial lineages in the deep chlorophyll maximum of coastal California [J]. *The ISME Journal*, 2011, **5**(7): 1077-1085.
- [52] Eiler A, Heinrich F, Bertilsson S. Coherent dynamics and association networks among lake bacterioplankton taxa [J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(2): 330-342.
- [53] Borcard D, Legendre P, Drapeau P. Partialling out the spatial component of ecological variation [J]. *Ecology*, 1992, **73**(3): 1045-1055.
- [54] Salka I, Cuperová Z, Mašín M, *et al.* *Rhodospirillum rubrum*-related *pufM* gene cluster dominates the aerobic anoxygenic phototrophic communities in German freshwater lakes [J]. *Environmental Microbiology*, 2011, **13**(11): 2865-2875.
- [55] Auladell A, Sánchez P, Sánchez O, *et al.* Long-term seasonal and interannual variability of marine aerobic anoxygenic phototrophic bacteria [J]. *The ISME Journal*, 2019, **13**(8): 1975-1987.
- [56] Waidner L A, Kirchman D L. Diversity and distribution of ecotypes of the aerobic anoxygenic phototrophy gene *pufM* in the Delaware estuary [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2008, **74**(13): 4012-4021.
- [57] Cox E F, Ribes M, Kinzie III R A. Temporal and spatial scaling of planktonic responses to nutrient inputs into a subtropical embayment [J]. *Marine Ecology Progress*, 2006, **324**: 19-35.
- [58] Tarhiz Y, Hirose S I, Fukushima S I, *et al.* Emended description of the genus *Tabrizicola* and the species *Tabrizicola aquatica* as aerobic anoxygenic phototrophic bacteria [J]. *Antonie van Leeuwenhoek*, 2019, **112**(8): 1169-1175.
- [59] Piwosz K, Kaftan D, Dean J, *et al.* Nonlinear effect of irradiance on phototrophic activity and growth of the aerobic anoxygenic phototrophic bacterium *Dinoroseobacter shibae* [J]. *Environmental Microbiology*, 2018, **20**(2): 724-733.
- [60] 商潘路, 陈胜男, 黄廷林, 等. 深水型水库热分层诱导水质及真菌种群结构垂向演替 [J]. *环境科学*, 2018, **39**(3): 1141-1150.
- Shang P L, Chen S N, Huang T L, *et al.* Vertical distribution of fungal community composition and water quality during the deep reservoir thermal stratification [J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(3): 1141-1150.
- [61] 赵本宣, 赵晟, 李汝伟, 等. 舟山海域好氧不产氧光合异养细菌群落结构分析 [J]. *海洋与湖沼*, 2017, **48**(1): 171-183.
- Zhao B X, Zhao S, Li R W, *et al.* Analysis of community structure of aerobic anoxygenic photosynthetic heterotrophic bacteria in Zhoushan sea area [J]. *Oceanologia et Limnologia Sinica*, 2017, **48**(1): 171-183.
- [62] Caliz J, Casamayor E O. Environmental controls and composition of anoxygenic phototrophs in ultraoligotrophic high-altitude lakes (Central Pyrenees) [J]. *Environmental Microbiology Reports*, 2014, **6**(2): 145-151.

CONTENTS

Comparison of Three Receptor Models for Source Apportionment of PM _{2.5} in Shanghai; Using Hourly Resolved PM _{2.5} Chemical Composition Data	ZHOU Min (1997)
Impact of Differents in the Concentrations of Ozone on the Chemical Composition of Single Particles	WU Meng-xi, CHENG Chun-lei, HUANG Bo, <i>et al.</i> (2006)
Influence of Secondary Organic Coating on Hygroscopicity of a Sodium Chloride Core; Based on Micro-scale Single Particle Analysis	ZHANG Shu-jia, XU Liang, GUO Xin-mei, <i>et al.</i> (2017)
Comparative Analysis of Pollution Characteristics of Carbonaceous Aerosol Components in the Atmosphere Between Urban and Suburban Areas	LI Xin-yue, ZHANG Kai-shan, DENG Lin-li, <i>et al.</i> (2026)
Distribution Characteristics and Source Apportionment of Elements Bonded with PM _{2.5} and PM ₁₀ in Linyi	LU Ping, ZHAO Xue-yan, YIN Bao-hui, <i>et al.</i> (2036)
Characteristics and Sources of Microbial Aerosols in Urban and Mountainous Areas in Autumn and Winter in Xi'an, China	XIE Wen-wen, LU Rui, MU Fei-fei, <i>et al.</i> (2044)
Pollution Characteristics of Cooking Fumes, Particulates, and Non-methane Hydrocarbons in the Exhaust of Typical Beijing Restaurants	HE Wan-qing, WANG Tian-yi, SHAO Xia, <i>et al.</i> (2050)
PM _{2.5} Concentration Influencing Factors in China Based on the Random Forest Model	XIA Xiao-sheng, CHEN Jing-jing, WANG Jia-jia, <i>et al.</i> (2057)
Spatio-temporal Variation of PM _{2.5} Related Relationships in China from the Perspective of Air Pollution Regional Linkage Control and Prevention	YANG Wen-tao, HUANG Hui-kun, WEI Dong-sheng, <i>et al.</i> (2066)
Characteristics of Spatial and Temporal Evolution and Investigation of Air Pollution in Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area Based on Ground-Space Observation Data	WANG Yao-ting, LIANG Jia-cheng, ZHENG Zuo-fang, <i>et al.</i> (2075)
Hydrochemical Characteristics and Formation Causes of Ground Karst Water Systems in the Longzici Spring Catchment	TANG Chun-lei, ZHENG Xiu-qing, LIANG Yong-ping (2087)
Tempo-spatial and Retention Analysis of Total Phosphorus in the Three Gorges Reservoir	TANG Xiao-ya, TONG Si-chen, HUANG Guo-xian, <i>et al.</i> (2096)
Vertical Distribution Characteristics of Dissolved Oxygen and Chlorophyll a in Typical Tributaries During the Impoundment Period of the Three Gorges Reservoir	YANG Fan, JI Dao-bin, WANG Li-jing, <i>et al.</i> (2107)
Spatial-temporal Distribution of Nutrients in Hanfeng Lake After Official Operation	FU Shi, NI Jiu-pai, HE Bing-hui, <i>et al.</i> (2116)
Spatio-temporal Variations in the Characteristics of Water Eutrophication and Sediment Pollution in Baiyangdian Lake	LIU Xin, SHI Bin, MENG Jing, <i>et al.</i> (2127)
Spatial-temporal Distribution of Suspended Solids and Its Sedimentation Flux and Nutrients Effects in Xin'anjiang Reservoir, China	SHI Peng-cheng, ZHU Guang-wei, YANG Wen-bin, <i>et al.</i> (2137)
Bioavailability Characteristics of Chromophoric Dissolved Organic Matter in Lake Gaoyou, Lake Nansi, and Lake Dongping Under Different Hydrological Scenarios	ZHANG Liu-qing, SHI Yu, LI Yuan-peng, <i>et al.</i> (2149)
Succession Characteristics of Algae Functional Groups and Water Quality Assessment in a Drinking Water Reservoir	LI Yan-qing, HUANG Ting-lin, ZHANG Hai-han, <i>et al.</i> (2158)
Effect of Artificial Mixing on Temporal and Spatial Succession of Algae Community Structure in Jinpen Reservoir	WANG Chen-xu, HUANG Ting-lin, LI Nan, <i>et al.</i> (2166)
Spatial Distribution Characteristics and Driving Factors of Aerobic Denitrification Bacterial Community Structure from Baiyangdian Lake in Xiong'an New Area During the Winter Freezing Period	ZHOU Shi-lei, SUN Yue, YUE Ge-cheng, <i>et al.</i> (2177)
Spatial and Temporal Succession Characteristics of Aerobic Anoxygenic Photosynthesis Bacteria in a Stratified Reservoir	ZHANG Hai-han, WANG Yan, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (2188)
Response of Chromophoric Dissolved Organic Matter Dynamics to Different Hydrological Scenarios in the Two Largest Freshwater Lakes Connected to the Yangtze River	GUO Yan-mi, LI Yuan-peng, SHI Yu, <i>et al.</i> (2198)
Distribution Characteristics and Influencing Factors of Chromophoric Dissolved Organic Matter in a Northern-Side River of the Qinling Mountains in Summer	LIN Zi-shen, HUANG Ting-lin, YANG Shang-ye, <i>et al.</i> (2210)
Distribution, Sources, and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs) in Tributary Waters of the Lower Reaches of the Yangtze River, China	JIA Tian-qi, LEI Rong-rong, WU Xiao-lin, <i>et al.</i> (2221)
Temporal and Spatial Occurrence of NSAIDs in Taihu Lake and Relevant Risk Assessment	LIAN Jie, LI Yi-fei, WANG Xiao-xuan, <i>et al.</i> (2229)
Occurrence and Ecological Risk of Eight Typical PhACs in Surface Water and Its Impact on <i>Daphnia magna</i>	XU Xin-lei, LIU Jian-chao, LU Guang-hua (2239)
Distribution Characteristics and Migration Rules of Pollutants in Sediments of Reservoirs with <i>Eucalyptus</i> Plantation, Southern China	ZHU Ya, LI Yi-ping, LUO Fan, <i>et al.</i> (2247)
Mechanism of Urban Black Odorous Water Based on Continuous Monitoring: A Case Study of the Erkeng Stream in Nanning	LI Yong-xin, WANG Wei, HE Mei, <i>et al.</i> (2257)
Relationship Between Source-Sink Landscape Pattern and Antibiotics in Surface Water in Peri-urban Watershed	LI Min, TANG Jian-feng, CHEN Li-ding, <i>et al.</i> (2264)
Molecular Chemo-diversity of the Dissolved Organic Matter Occurring in Urban Stormwater Runoff	NIE Yun-han, CHEN Hao, LI Lei, <i>et al.</i> (2272)
Regulating Effect and Mechanism of Calcite/Chlorapatite Mixture Addition on Transformation and Transport of Phosphorus in Sediments	BAI Xiao-yun, LIN Jian-wei, ZHAN Yan-hui, <i>et al.</i> (2281)
Stability of Ferrihydrite and Goethite Nanoparticles Under Different Environmental Conditions	WANG Zhi-qiao, MA Jie, CHEN Ya-li, <i>et al.</i> (2292)
Sunflower-Straw-Derived Biochar-Enhanced Fe(III)/S ₂ O ₈ ²⁻ System for Degradation of Benzoic Acid	SUN Peng, ZHANG Kai-kai, ZHANG Yu, <i>et al.</i> (2301)
Non-activated Peroxymonosulfate-Induced Degradation of Sulfasalazine; Kinetics and Mechanism Investigations	DING Xi, ZHANG Xue-wei, ZHOU Run-sheng, <i>et al.</i> (2310)
Pollution Characteristics and Removal Effects of Antibiotics in Wastewater from Large-Scale Pig Farms in Guizhou	YANG Zhao, LI Jiang, XIANG Fu-liang, <i>et al.</i> (2320)
Nitrogen Removal in Low-C/N Rural Sewage Treatment by Anoxic/Oxic Biofilter Packed with New Types of Fillers	ZHAO Yuan-zhe, YANG Yong-zhe, WANG Hai-yan, <i>et al.</i> (2329)
Nitrogen Removal Performance and Nitrogen/Carbon Balance of Oligotrophic Aerobic Denitrifiers	WEN Gang, WANG Tong, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (2339)
Bacterial Community Shifts and Nitrogen Removal Characteristics for a SNAD Process Treating Anaerobic Digester Liquor of Swine Wastewater (ADLSW) in a Continuous-Flow Biofilm Reactor (CFBR)	QIN Jia-wei, XIN Xin, LU Hang, <i>et al.</i> (2349)
Characteristics of ANAMMOX Granular Sludge and Differences in Microbial Community Structure Under Different Culture Conditions	JIANG Ying, GUO Meng-lei, XIE Jun-xiang, <i>et al.</i> (2358)
Start-up of an Integrated Process of Denitrifying Phosphorus Removal Coupled with Partial Nitrification and Anaerobic Ammonium Oxidation	CHEN Ya, YIN Wen, ZHANG Xing-xing, <i>et al.</i> (2367)
Construction and Application of an Evaluation System for Soil Environmental Carrying Capacity	LI Xiao-nuo, DING Shou-kang, CHEN Wei-ping, <i>et al.</i> (2373)
Synthesis of Magnetic Biochar and Its Application in the Remediation of Heavy-Metal-Contaminated Soils	WANG Jun-nan, CHENG Shan-shan, ZHAN Wen-hao, <i>et al.</i> (2381)
Remediation of Heavy-Metal-Contaminated Soil by EGTA Washing Enhanced with Reduction Solubilization	ZHANG Jin-yong, ZHU Yu-ting, WANG Ming-xin, <i>et al.</i> (2390)
Toxicity of Chromium to Root Growth of Barley as Affected by Chromium Speciation and Soil Properties	FU Ping-nan, GONG Xiao-fei, LUO Li-yun, <i>et al.</i> (2398)
Effect of Fertilizer Reduction and Biochar Application on Soil Nitrogen Loss in Purple Upland	WANG Shu, WANG Zi-fang, LONG Yi, <i>et al.</i> (2406)
Relationship Between the Composition of Soil Aggregates and the Distribution of Organic Carbon Under Long-Term Abandoned Restoration	WANG Xing, ZHONG Ze-kun, ZHANG Xin-yi, <i>et al.</i> (2416)
Effects of Biochar Application on Soil Microbial Nutrient Limitations and Carbon Use Efficiency in Lou Soil	WANG Qiang, GENG Zeng-chao, XU Chen-yang, <i>et al.</i> (2425)
N ₂ O Emissions from Tea Plantations with Sorghum Intercropping and Application of Big Urea Pills	ZHANG Ke-bin, LIU Xin-liang, KANG Man, <i>et al.</i> (2434)
Effects of Different Forest Vegetation Types on Soil Nitrogen-Related Microbial Communities and Functions in Jinyun Mountain	WANG Ying-yan, WANG Fu-hua, LUO Dong-hai, <i>et al.</i> (2445)
Nitrous Oxide Emission and Denitrifying Bacterial Communities as Affected by Drip Irrigation with Saline Water in Cotton Fields	GUO Hui-nan, MA Li-juan, HUANG Zhi-jie, <i>et al.</i> (2455)
Effect of Organic Matter Promotion on Nitrogen-Cycling Genes and Functional Microorganisms in Acidic Red Soils	CHU Cheng, WU Zhao-yue, HUANG Qian-ru, <i>et al.</i> (2468)
Effects of Simulated Acid Rain on Soil Fungi Diversity in the Transition Zone of Moso Bamboo and Broadleaf Forest	WANG Nan, PAN Xiao-cheng, WANG Chuan-kuan, <i>et al.</i> (2476)
Differences Between DNA- and RNA-Based Bacterial Communities in Marine Sediments	LI Ming-yue, YANG Yu-hong, MI Tie-zhu, <i>et al.</i> (2485)
Spatial Patterns and Spatial Autocorrelations of Wetland Changes in China During 2003-2013	ZHOU Ting, MA Jiao-jiao, XU Song-jun (2496)