

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

不同国家农用地土壤环境标准比较与启示
李勖之, 姜璐, 王国庆, 陈玉东, 龙涛, 林玉锁

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年2月

第43卷 第2期
Vol.43 No.2

目次

综述

- 不同国家农用地土壤环境标准比较与启示 李勛之, 姜蓉, 王国庆, 陈玉东, 龙涛, 林玉锁 (577)
- 再生水水质稳定性评价指标与体系 张馨怡, 魏东斌, 杜宇国 (586)

研究报告

- 兰州市采暖期和非采暖期大气降尘重金属的分布特征及来源 黄文, 王胜利 (597)
- 基于多种新型受体模型的 $PM_{2.5}$ 来源解析对比 王振宇, 李永斌, 郭凌, 宋志强, 许艳玲, 王丰, 梁维青, 史国良, 冯银厂 (608)
- 华中地区夏季 $PM_{2.5}$ 中水溶性离子污染特征及来源分析 苏业旺, 刘威杰, 毛瑶, 程铨, 石明明, 许安, 李星谕, 胡天鹏, 祁士华, 邢新丽 (619)
- 淄博2021年元宵节 $PM_{2.5}$ 水溶性离子污染特征 陈巧, 吴丽萍, 徐勃, 张向炎, 李梦辉, 赵雪艳, 杨文 (629)
- 浙江省大气颗粒物 $PM_{2.5}$ 中全氟化合物污染特征分析及健康风险评估 李冰洁, 陈金媛, 刘铮铮, 王静, 何士冲 (639)
- 2001~2019年气象条件对江苏省 $PM_{2.5}$ 分布的影响 潘晨, 康志明 (649)
- 基于神经网络和数值模型的重点区域 $PM_{2.5}$ 预报比较分析 高愈霄, 汪巍, 黄永海, 王晓彦, 朱媛媛, 朱莉莉, 许荣, 李健军 (663)
- 2015~2020年海南省臭氧时空变化及其成因分析 符传博, 徐文帅, 丹利, 佟金鹤 (675)
- 济南市城区夏季臭氧污染过程及来源分析 孙晓艳, 赵敏, 申恒青, 刘杨, 杜明月, 张文娟, 许宏宇, 范国兰, 公华林, 李青松, 李大秋, 高晓梅, 张丽娜 (686)
- 山东临沂大气夏季典型时段臭氧污染特征及其控制因素分析 杨雪, 安馨悦, 刘玉启, 江春美, 张鹏程, 李灵婕, 赵世阳, 张书源 (696)
- 基于气团老化程度对挥发性有机物分类改善 PMF 源解析效果 朱玉凡, 陈强, 刘晓, 张瑞欣, 郭文凯 (707)
- 日照市夏季 VOCs 物种空间分布特征及其对臭氧生成的影响 姚维杰, 王大玮, 谢付堂, 朱宏伟, 孟祥宇, 田雨, 刘航, 刘晓咏, 张宇婷, 雷山东, 孙业乐, 吴林, 潘小乐, 王自发 (714)
- 泰山大气卤代烃的长期变化趋势与来源 赵峰, 陈天舒, 董灿, 李洪勇, 刘子璐, 毕于健, 国兆新, 王新锋, 杨凌霄, 王韬, 王文兴, 薛丽坤 (723)
- 典型内燃叉车尾气挥发性有机物与正构烷烃的排放特征 周文钦, 李成, 刘俊文, 朱曼妮, 桂小亮, 余飞, 廖松地, 姜帆, 李光辉, 蒋斌, 郑君瑜 (735)
- 2000~2020年黄河流域植被时空演化驱动机制 田智慧, 任祖光, 魏海涛 (743)
- 西南喀斯特流域土地利用对河流溶解无机碳及其同位素的影响 徐森, 李思亮, 钟君 (752)
- 生物炭添加对太湖滨岸带土壤氮矿化和淋失特征的影响 熊钰婷, 袁旭音, 周慧华, 高一丹, 汪宜敏 (762)
- 不同降雨条件下北运河河岸带类型对径流污染削减效果的影响 朱利英, 赵凯, 张俊亚, 王春荣, 魏源送 (770)
- 雨源型城市河流污染特征及水质联合评价:以深圳龙岗河为例 毕业亮, 王华彩, 夏兵, 姜参参, 吴伟业, 李志林, 李诗敏, 宿辉, 白志辉, 徐圣君, 庄绪亮 (782)
- 廊坊市区径流污染时空分布特征及来源解析 潘欣荣, 左剑恶, 张宇, 门聪, 张丽萍, 黄守斌 (795)
- 北运河京津冀段河道浮游微生物群落多样性变化分析 郭芝芝, 苏振华, 邱琰茗, 郭道宇 (803)
- 河北省典型景观水体反硝化菌群落时空分布特征及驱动因素:以石家庄为例 陈召莹, 张紫薇, 张甜娜, 周石磊, 张艺冉, 董宛佳, 于明会, 张一凡, 张家丰 (813)
- 青海湖流域有色可溶性有机物来源与特征分析 俞晓琴, 孟先强, 吴华武, 陈慧敏, 李宇阳, 朱俊羽, 郭燕妮, 姚磊 (826)
- 鄱阳湖丰枯情景对有色可溶性有机物生物可利用性及收支平衡的影响 郭燕妮, 姚晓龙, 陈慧敏, 俞晓琴, 李宇阳, 朱俊羽, 韩龙飞, 周蕾, 周永强 (837)
- 鄱阳湖沉积物溶解性有机质光谱特征 罗燕清, 万智巍, 晏彩霞, 聂明华, 丁明军, 鞠民, 刘赞 (847)
- 汤逊湖表层沉积物重金属污染与潜在生态风险评价 李星谕, 李朋, 苏业旺, 石明明, 胡天鹏, 毛瑶, 刘力, 张雅, 邢新丽, 祁士华 (859)
- 基于核密度估计的城市基础要素与街尘营养元素含量特征关联 王子娇, 李叙勇 (867)
- 新冠疫情下武汉典型饮用水水源中 DBPs 污染特征与风险评估 张坤峰, 昌盛, 涂响, 付青, 杨光, 樊月婷, 孙兴滨 (878)
- 铁改性石英砂过滤协同控制饮用水含氮消毒副产物和条件致病菌 齐鹏, 胡春, 邢学群, 毕志浩, 李泽松 (887)
- 氮掺杂生物炭催化臭氧对于布洛芬的降解特性与机制 柴铨, 许路, 金鑫, 石炬, 吴晨曦, 金鹏康 (896)
- 环糊精多孔聚合物对水中染料分子的吸附性能及主客效应 赵传靓, 王子婕, 闫仪, 徐慧, 周俊垣, 杨利伟, 王东升 (907)
- 冷冻 PN/A 颗粒污泥快速活化过程中的污泥形态与菌群演化特征分析 黄子恒, 张立, 崔舒惠, 张琦英, 文言, 钱飞跃 (920)
- 不同阳离子聚丙烯酰胺有机脱水剂对污泥脱水性能的影响 冯齐云, 高宝玉, 岳钦艳, 石伟杰, 冯春晖, 周继柱, 王国瑞 (928)
- 云南某矿区小流域土壤重金属健康风险评价 刘洋, 何朝辉, 牛学奎, 张迪, 潘波 (936)
- 山地平原过渡带耕地土壤重金属空间特征及潜在生态风险因素探析 张丁, 黄容, 高雪松 (946)
- 地累积指数法评价多金属环境质量的方法优化探索:以农业发达地区为例 鞠铁男, 雷梅 (957)
- 西南地质高背景区蔬菜 Pb 的安全生产阈值与土地质量类别划分 穆德苗, 孙约兵 (965)
- 典型锰矿区周边农田土壤-农作物重金属污染特征及生态风险评价 黄钟霆, 易盛炜, 陈贝贝, 彭锐, 石雪芳, 李峰 (975)
- 矿业废弃地不同生态修复模式下植物多样性及重金属富集迁移特征 周鹏飞, 张世文, 罗明, 魏洪斌, 宋强, 方兵, 庄红娟, 陈弘扬 (985)
- 不同种植年限蔬菜大棚土壤特性、重金属累积和生态风险 任强, 孙瑞玲, 郑凯旋, 刘祎丹, 阮心玲, 王洋洋 (995)
- 温室与大田种植方式对胡萝卜生长过程中重金属吸收的影响 曹春, 任丹, 吕贞英, 张鹏, 李锦超, 陈勋文, 王俊坚 (1004)
- 两种淹水模式下施用钝化材料对镉污染农田水稻安全性的影响 王港, 余海英, 李廷轩, 唐婵 (1015)
- 复合淋洗条件下农用地耕作层土壤去镉效率及其功能调节 曹坤坤, 张沙沙, 胡学玉, 张敏, 胡晓晓, 王子劲 (1023)
- 产多胺细菌调控根际细菌群落阻控小麦 Cd 吸收效应 李晓哲, 覃善梅, 陈兆进, 张君, 姚伦广, 李娜, 虎发虎, 韩辉 (1031)
- 土壤 *phoC* 和 *phoD* 微生物群落对化肥和有机肥配施生物炭的响应 杨文娜, 余冻, 罗东海, 熊子怡, 王莹燕, 王子芳, 高明 (1040)
- 刺槐林恢复过程中土壤微生物碳降解酶的变化及与碳库组分的关系 李文杰, 张颖皎, 赵雅萍, 许森平, 任成杰, 杨改河, 冯永忠, 任广鑫, 王晓娟, 韩新辉 (1050)
- 中亚热带不同林龄马尾松林土壤酶学计量特征 焦鹏宇, 郭文, 陈泽龙, 刘先, 胡亚林, 王玉哲 (1059)
- 稻田与旱地土壤中真菌和细菌对秸秆碳的利用特征 邓少虹, 郑小东, 毛婉琼, 陈香碧, 胡亚军, 程爱武, 何寻阳, 苏以荣 (1069)
- 模拟及实际根系分泌物对苤蓝土壤微生物群落的影响 韩博远, 张闻, 胡芳雨, 赵庆庆, 卢媛, 孔学, 吕俊岗 (1077)
- 德兴铜矿区抗生素抗性基因污染特征及其驱动因子 韩柳, 楼倩, 乔敏, 刘梦婷, 钟家有, 丁惠君 (1089)
- 陕西渭北旱塬区农田土壤有机质空间预测方法 尉芳, 刘京, 夏利恒, 徐仲伟, 龙小翠 (1097)
- 长三角农田轮作系统氨排放特征、转化机制和减排潜力 徐昶, 苗文亮, 倪远之, 沈根祥, 钱晓雍, 付侃, 高宗源, 王振旗 (1108)
- 《环境科学》征订启事(618) 《环境科学》征稿简则(761) 信息(685, 935, 956)

北运河京津冀段河道浮游微生物群落多样性变化分析

郭芝芝¹, 苏振华², 邸琰茗³, 郭道宇^{1*}

(1. 首都师范大学资源环境与旅游学院, 北京 100048; 2. 中国制浆造纸研究院, 北京 100020; 3. 北京市北运河管理处, 北京 101100)

摘要: 再生水在缓解城市水资源短缺方面发挥重要作用, 但再生水中痕量污染物质与病原体对受纳水体中浮游微生物群落产生影响。基于 OTUs 和门水平的片段数量和片段丰度的浮游微生物数据矩阵探究北运河京津冀河道微生物群落多样性空间变化机制, 结果表明, 再生水的频繁汇入引起的物理和化学扰动改变了水体的水文和水质, 使浮游微生物群落沿地理尺度分为中上游 (MUC) 和下游 (DC) 两个不同的类群。基于 OTUs 数据矩阵的多样性指数的分析显示 DC 类群物种多样性显著高于 MUC 类群, 丰度分布及均匀度则呈现相反的趋势; 物种丰富度主要由偶见菌群的片段多样性决定, 而均匀度则主要由优势菌群的丰度变化决定; 不同丰度等级的亚群落结构对空间变化的敏感性依次为: 非优势菌群 > 偶见菌群 > 优势菌群。基于门水平的数据矩阵的多样性分析同样显示 DC 类群物种多样性显著高于 MUC 类群, 丰度变化趋势相反; 敏感微生物类群为非优势菌门, 偶见菌门次之, 优势菌门最不敏感; 基于门水平片段数量的数据矩阵对环境变化的响应比基于门水平的丰度数据矩阵的响应更加敏感。与微生物类群显著相关的环境因子为排污口尺度的浊度 (Turb)、高锰酸盐指数、氧化还原电位 (ORP)、大环内酯类抗生素 (MLs)、四环素类抗生素 (TCs) 响应因子和盐类离子、碳素、无机氮物质等区域尺度的响应因子两大类, 其中, 丰度和多样性方面, DC 类群显著高于 MUC 类群的菌门与 MLs 显著负相关, 而与 TCs 正相关显著; MUC 类群显著高于 DC 类群的菌门则与 MLs 显著正相关。研究成果可为以再生水为主要补给水源的城市河道生态修复提供理论依据和技术指导。

关键词: 浮游微生物; 空间变化; 群落组成; 多样性; 环境解释

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301 (2022) 02-0803-10 DOI: 10.13227/j.hjkk.202106013

Analysis on Diversity of Plankton Microbial Community in the Beijing-Tianjin-Hebei Section of the North Canal River

GUO Zhi-zhi¹, SU Zhen-hua², DI Yan-ming³, GUO Xiao-yu^{1*}

(1. College of Resources Environment and Tourism, Capital Normal University, Beijing 100048, China; 2. China National Pulp and Paper Research Institute, Beijing 100020, China; 3. Beijing North Canal Manage Office, Beijing 101100, China)

Abstract: Reclaimed water plays an important role in alleviating the shortage of urban water resources; however, the trace pollutants and pathogens in reclaimed water have an effect on the plankton community in the receiving water. This study investigated the spatial variation mechanism of microbial community diversity in the Beijing-Tianjin-Hebei reach of the North Canal River based on the OTUs and phylum level fragment number and fragment abundance data matrix. The results showed that the physical and chemical disturbance caused by the frequent inflow of reclaimed water changed the hydrology and water quality of the water body, and the plankton community could be divided into two different groups along the geographical scale: the medium and upstream clustering (MUC) and the downstream clustering (DC). The analysis of diversity index based on the OTUs data matrix showed that the species diversity of the DC group was significantly higher than that of the MUC group, and the abundance distribution and evenness showed the opposite trend. The species richness was mainly determined by the fragment diversity of the occasional microflora; the evenness was mainly determined by the variation of the abundance of the dominant microflora; the sensitivity of the subcommunity structure with different abundance levels to spatial change was in the order of non-dominant microflora > occasional microflora > dominant microflora. The diversity analysis of the data matrix based on phylum level also showed that the species diversity of the DC group was significantly higher than that of the MUC group, and the change trend of abundance was the opposite; the most sensitive microflora group was the non-dominant phyla, followed by the occasional phyla, and the dominant phyla group was the least sensitive. The data matrix based on the number of level segments of the gate was more sensitive to environmental changes than the multi-degree data matrix based on the level of the gate. The environmental factors significantly related to microbial community were turbidity; permanganate index; oxidation-reduction potential (ORP); macrolide (MLs); tetracycline antibiotic (TCs); and regional response factors of salt ions, carbon, and inorganic nitrogen. In the aspect of abundance and diversity, these phyla that the DC group was significantly more than the MUC group were more significantly negatively correlated with MLs, whereas they were positively correlated with TCs, and these phyla that the MUC group was significantly more than the DC group was more significantly positively correlated with MLs. The research results can provide a theoretical basis and technical guidance for the ecological rehabilitation of urban river courses with reclaimed water as their main water supply source.

Key words: planktonic microorganisms; spatial variability; community composition; diversity; environmental interpretation

再生水是指对污水处理厂出水、工业排水和生活污水等水源进行回收, 处理后达到一定水质标准并在一定范围内重复利用的水资源。这类非常规水源具有水量稳定可靠和处理技术成熟等特点, 为缓解城市水资源短缺问题开辟了新的途径^[1]。作为北京市第二大水源, 再生水回用主要用于工业、农业

灌溉、城市绿化和河道补水等, 在北京城市建设和和

收稿日期: 2021-06-01; 修订日期: 2021-07-27

基金项目: 北京市自然科学基金-北京市教委联合重点项目 (KZ20190028042)

作者简介: 郭芝芝 (1995 ~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为环境微生物, E-mail: 15735159263@163.com

* 通信作者, E-mail: xiaoyucnu@126.com

生态用水方面发挥重要作用^[2]。

受污水处理厂污水处理技术限制,排放的再生水中富含较高浓度的无机氮磷、微量有毒有害物质和多种病原微生物等物质^[3]。再生水水质特征决定了再生河湖补给用水时,受纳景观水体常常存在潜在的河流富营养风险^[4]。病原微生物与受纳景观水体中的水生生物产生竞争,影响微生物群落结构组成,进而影响水生生态系统生物地球化学循环^[5]。而微量有毒有害污染物则会抑制受纳水体中敏感微生物类群的活性,进而对水生生态系统造成影响,并可通过多种途径富集对人体造成伤害^[6]。如污水处理厂常规污水处理技术难以有效去除的痕量持久性抗生素,在污水处理厂出水和再生水中可被频繁检出,这类抗生素因而不易被降解可长久存在且具有毒性,构成了对生态安全和人类健康的潜在威胁^[7]。再生水中富含的盐离子也会引起水体污染^[8]。此外,再生水汇入影响河流水动力条件,引起流量和流速变化,改变河流水体自净能力^[9]。再加上再生水厂排污口处较高的水温会对排污点小尺度范围内的浮游微生物形成温度选择压力进而对其产生温度选择作用^[10],进而加剧再生水补给对受纳河道生物群落的影响。

北运河京津冀河段是北运河的主体河段,其中北京段主河道长 90 km,流域面积涵盖本市人口总量的 70%,承载着北京 90% 的排水任务,流域经济总量占全市 80% 以上,是北京市人口最集中、产业最聚集和城市化水平最高的流域^[11]。以再生水为主要补给水源的高度人工化的北运河不但承担北京市防洪排涝的任务,也发挥了城市生态景观和休闲娱乐的功能^[12]。目前学者对北运河水体的研究大多集中在对浮游植物、底栖动物、浮游微生物等群落空间分布特征与水质关系的研究^[13~15]。王泊^[13]的研究通过显微镜计数法发现北运河不同季节浮游植物群落结构多样性和功能类群多样性具有春季>夏季>秋季的季节动态变化规律,TP、TP 和 TN、TP 和高锰酸盐指数分别是影响研究区春、夏、秋季浮游植物群落结构的主要水环境因子。杨柏贺等^[14]的研究发现春季影响北运河水系大型底栖动物功能摄食类群的主要环境因子是氨氮和 pH,夏季和秋季则分别是氨氮和水温。于洋等^[15]的研究通过 16S rDNA 末端限制性片段长度多态性 (T-RFLP) 手段对浮游微生物多样性分析表明,夏季细菌丰度高于冬季,水体流动性降低、支流汇入和污染源的汇入都会引起微生物群落结构在空间上的改变,总磷、溶解性有机碳和温度对北运河微生物群落结构影响较大。辨析以再生水为主要补给水源的城市河道中,浮游微

生物群落与再生水典型水质特征因子的互作机制的研究未见报道。基于此,本文拟以北运河水体浮游微生物群落为研究对象,深入分析浮游微生物群落空间变化模式与再生水水质特征因子的相互关系,以期城市河道水生态恢复管理措施的提出提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

北运河源于北京市昌平区和海淀区一带,后向南流入通州区,流经河北,在天津市汇入海河,全长 260 km。流域总面积为 6 166 km²,其中,山区面积 952 km²,占 16%,平原面积 5 214 km²,占 84%。研究区多年平均降雨量 643 mm,降雨主要集中在 6~9 月,约占全年的 84%^[16]。作为京杭大运河的重要组成部分,北运河主要流经城市化水平高的北京、天津,人口、产业密集,是海河流域骨干行洪排涝河道之一。北运河河道污染源差异导致河流地理空间尺度上存在潜在环境梯度,目前北运河的污染源主要为非常规水源的汇入与降雨。上游流经北京城区,93% 的水源来源于城市人口消耗的经处理废水,4% 是未经处理的废水;下游地区进入天津地区,接受来自天津经处理和未处理的废水。从上游到下游的过程中地势逐渐平缓,水流速度缓慢致使水流中裹挟的浊物逐步沉淀,形成河道淤积。水体理化性质和浮游微生物群落分布与组成也随之发生变化。

1.2 采样点布设与样品采集

采样时间定为北运河汛期,2019 年 9 月初在研究区按照均匀布点并兼顾考虑流域尺度点源与非点源污染类型分布原则设置采样点并采集水样。如图 1 所示,其中,按照水流方向从上游到下游分别记为 1~15。同时采用全球定位系统 (GPS, Garmin Legend, Garmin USA) 记录采样位置和沿线将再生水排入北运河的污水处理厂的位置,使用多参数水质检测仪 (AP-7000) 进行水温 (T)、浊度 (turbidity, Turb) 和氧化还原电位 (ORP) 等指标的测定,同时记录采样点周围环境。采集的水样低温保存并尽快运回实验室。

为防止水中污染物质随时间发生变化从而导致较大的实验误差,带回室内的水质于 24 h 内完成理化指标的测定。参考国家标准方法对水体进行常规理化监测分析,水中高锰酸盐指数采用滴定法测定;氨氮 (NH_4^+-N) 采用纳氏试剂分光光度法测定;硝酸盐氮 (NO_3^--N) 采用紫外分光光度法测定;亚硝酸盐氮 (NO_2^--N) 采用 N -(1-萘基)-乙二胺分光光度法测定;总氮 (TN) 采用过硫酸钾消解紫外分光光度

法测定;总磷(TP)采用钼酸盐分光光度法测定;总有机碳(TOC)和总碳(TC)采用 TOC 测定仪测定,阴阳离子(Na^+ 、 NH_4^+ 、 K^+ 、 Mg^{2+} 、 Ca^{2+} 、 Cl^- 、 NO_3^- 和 SO_4^{2-})采用离子色谱仪测定,抗生素采用液相萃取-质谱联用法进行测定,测定了大环内酯类抗生素(macrolides, MLs)、四环素类抗生素(tetracyclines, TCs)、氟喹诺酮类抗生素(fluoroquinolones, FQs)和磺胺类抗生素(sulfonamides, SAs)四大类抗生素。

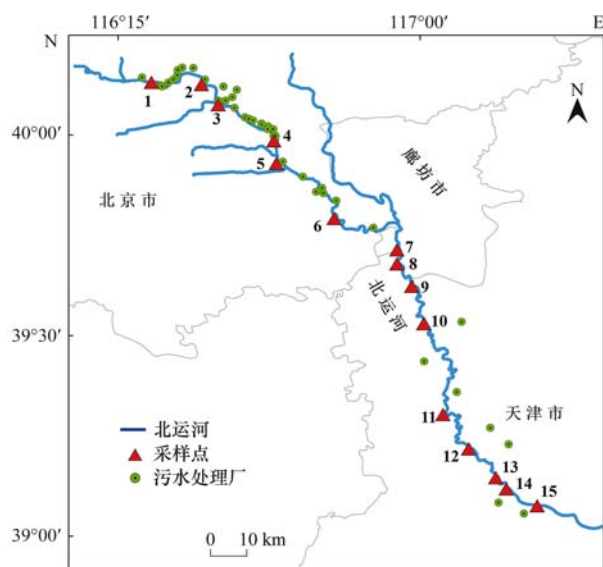


图1 北运河样点分布示意

Fig. 1 Sampling locations in the North Canal River

1.3 微生物高通量测序

将已过滤好采样点水样的 $0.22 \mu\text{m}$ 的滤膜送至诺禾致源科技有限公司,进行 PCR 扩增和 16S rRNA 高通量测序分析. 扩增引物为(CCTAYGG GRBGCASCAG, GGACTACNNGGTATCTAAT), V3 ~ V4 区为扩增区域。

1.4 数据预处理与分析

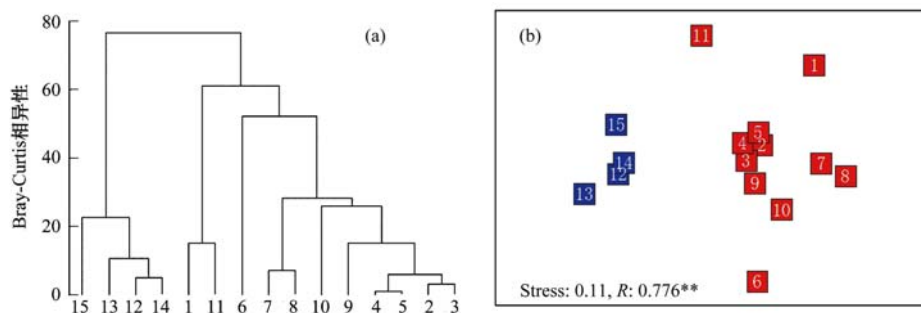
将测序得到的分类操作单元(operational taxonomic units, OTUs)序列按 97% 的序列相似度对有效序列进行比对. 定义片段数量为物种包含的

OTUs 数量,也就是片段多样性,片段丰度为物种丰度. Bray-Curtis 相异性矩阵常用于微生物 OTUs 群落相异性分析,非度量多维尺度分析(non-metric multidimensional scaling, NMDS)则用于样点间微生物群落相似性或相异性在空间距离上的分布,二者可用 Primer 5 计算得到,结合可知浮游微生物群落在空间上的分布情况;Chao1 指数用于表征系统中的物种总数,Observed-richness 指数用于表征物种丰富度, Simpson 指数则用来表征物种分布的均匀度,可借助 Galaxy 微生物数据分析平台(<http://mem.reces.ac.cn:8080/>)计算和 OriginPro 2021(学习版)绘制不同空间类群间多样性差异;群落差异性物种组成变化分析利用 SPSS 进行单因素 ANOVA 分析检验,采用 Word 2019 绘制三线表,揭示微生物群落物种组成的差异;微生物群落与环境因子之间的 Spearman 相关性热图借助 OriginPro 2021(学习版)获得,由此可知推动微生物群落发生多样性变化的环境机制。

2 结果与分析

2.1 北运河京津冀段河道浮游微生物群落分类与排序

为分析北运河浮游微生物群落空间变化规律,绘制基于 OTUs 水平的 Rank Disimilarity 分类和 NMDS 排序, NMDS 压力系数(Stress = 0.11)显示其配合度适宜. 结合聚类结果[图 2(a)]和排序结果[图 2(b)],浮游微生物划分为包含了采样点 1 ~ 11 的中上游类群(medimun and unstream clustering, MUC)和包含了采样点 12 ~ 15 的下游类群(downstream clustering, DC)两大类, Global t -test 检验显示 MUC 类群和 DC 类群间差异显著(Global $R = 0.776$, $P = 0.001$). MUC 区域采样点在排序上具有较广的分布范围和格局,主要是由于 MUC 区域密布的再生水厂非常规再生水补给频繁汇入过程对河道产生物理和化学扰动,进而直接或间接影响河道



(a) 横坐标表示采样点; (b) ** 表示 $P < 0.01$, 图中红色方形表示 MUC, 蓝色方形表示 DC

图2 基于 OTUs 的群落结构聚类分析与 NMDS 排序分析

Fig. 2 Cluster analysis of community structure and NMDS sequence analysis based on OTUs

水文和水质状况,从而导致 MUC 类群具有水环境波动幅度较大的特点. DC 区域样点在排序图上分布较为集中,表明这些样点具有较为相似的分布格局和范围.

2.2 北运河京津冀段河道浮游微生物多样性变化分析

进一步采用群落多样性指数并结合 ANOVA 检

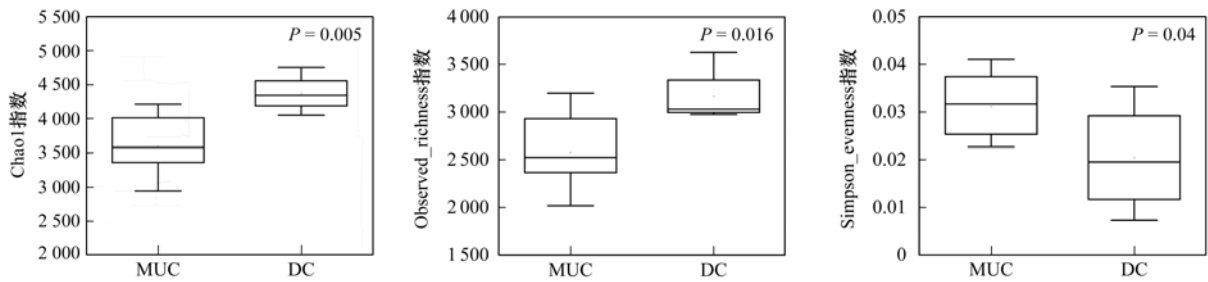


图3 基于不同空间类群多样性指数分析

Fig. 3 Diversity index analysis based on different spatial groups

为进一步分析引起群落多样性空间变化的原因,定义片段丰度值 >0.01 的 OTUs 为优势菌群,而片段丰度 <0.001 的 OTUs 为偶见菌群,其余为非优势菌群^[17, 18]. 基于片段数和片段丰度分析 OTUs 不同等级亚群落多样性空间变化(表1). 总的来看, DC 类群和 MUC 类群结构差异是由微生物片段丰度变化和片段类型的有无综合作用所致. 从片段数的变化看,优势菌群的片段数在两类群间无显著差异($P > 0.01$),而非优势菌群的片段数均表现出 MUC 类群显著高于 DC 类群的变化趋势($P < 0.01$),偶见类群则呈现与非优势类群相反的显著变化趋势($P < 0.01$). 从片段丰度的变化看, MUC

验对不同类群的多样性变化进行检验(图3). 从中可以看出, DC 类群的 Chao1 指数和丰富度指数均显著高于 MUC 类群($P < 0.05$),但 Simpson 均匀度指数则显著低于 MUC 类群($P < 0.05$). 表明 DC 类群较 MUC 类群虽物种更加丰富,但群落中物种的分布均匀性较差,即群落丰富度与均匀度在 MUC 类群与 DC 类群之间呈现相反的变化趋势.

类群的优势和偶见菌群丰度均显著低于 DC 类群($P < 0.01$),但其非优势菌群丰度则呈现 MUC 类群显著高于 DC 类群的变化趋势($P < 0.01$).

基于不同等级亚群落相比较可知,非优势菌群的片段多样性和片段丰度具有较高的敏感性,其次是偶见菌群的片段数和相对丰度的变化,优势菌群的敏感程度最低. 偶见类群的片段数在 MUC 类群和 DC 类群中分别占到了 89% 和 94%,表明物种丰富度主要由偶见菌群的片段多样性决定. DC 类群仅包含两个 OTU 片段的优势菌群丰度占到了群落总丰度 14%,较高丰度的优势菌群是决定 DC 类群均匀度显著低于 MUC 类群的主要原因.

表1 不同空间类群浮游微生物群落多样性变化分析¹⁾

Table 1 Diversity analysis of planktonic microorganism community in different space groups

多样性表征参数	分类	空间类群		F	P
		MUC	DC		
片段数量	优势菌群	0 ± 0	2 ± 0	—	—
	非优势菌群	299 ± 8	191 ± 0.5	690.728	**
	偶见菌群	2 398 ± 396	3 086 ± 240	10.400	**
片段丰度	优势菌群	0 ± 0	0.14 ± 0.06	62.904	**
	非优势菌群	0.81 ± 0.04	0.59 ± 0.06	65.594	**
	偶见菌群	0.19 ± 0.04	0.27 ± 0.04	12.202	**

1) ** 表示在 0.01 级别(双尾),相关性极显著; “—”表示无法计算自由度与显著性差异

2.3 北运河京津冀段河道浮游微生物组成变化分析

为进一步识别导致多样性空间变异的微生物类群,采用 ANOVA 分析对门水平 OTUs 片段数和片段丰度进行差异检验(表2). 基于片段数量的分析结果显示,门水平 17 个菌群片段数量在 MUC 类群和 DC 类群间显著差异($P < 0.05$). 除偶见菌群中的 Parcubacteria 菌门外,非优势菌门的绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteria)、硝化螺旋

菌门(Nitrospirae)、匿杆菌门(Latescibacteria)、螺旋体门(Spirochaetes)等菌群和迷踪菌门(Elusimicrobia)、食氢菌门(Hydrogenedentes)、纤维杆菌门(Fibrobacteres)、Synergistetes 等偶见菌群均表现为 DC 类群显著高于 MUC 类群($P < 0.05$). 基于相对丰度的分析结果显示,门水平 8 个菌群片段相对丰度在 MUC 类群和 DC 类群间显著差异($P < 0.05$),包括了疣微菌门(Verrucomicrobia)、异常

球菌-栖热菌门(Deinococcus-Thermus)、浮霉菌门(Planctomycetes)、装甲菌门(Armatimonadetes)在内的非优势菌群在 MUC 类群的丰度显著高于 DC 类群($P < 0.05$),而非优势菌群中的硝化螺旋菌门(Nitrospirae)、河床菌门(Zixibacteria)、硝化刺菌门(Nitrospinae)和偶见菌群中的纤维杆菌门(Fibrobacteres)则表现为在 DC 类群的丰度显著高于 MUC 类群($P < 0.05$).

基于门水平的分析结果同样表明非优势菌群是表征北运河微生物空间变化的敏感菌群类型,其次是偶见菌群,优势菌群的敏感性最低,与基于 OTUs 水平的分析结果相一致. 在 MUC 类群和 DC 类群中,片段多样性和丰度有显著差异的

门类分别有 17 个和 8 个,在片段多样性和丰度上有差异性门类的数量表明片段数对环境的响应比丰度对环境的响应更加敏感,不同微生物类群相比较,硝化螺旋菌门(Nitrospirae)、河床菌门(Zixibacteria)和纤维杆菌门(Fibrobacteres)的片段数量和片段丰度均发生显著变化,而绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteria)、匿杆菌门(Latescibacteria)和螺旋体门(Spirochaetes)等菌门只表现为片段数量的显著变化,疣微菌门(Verrucomicrobia)、异常球菌-栖热菌门(Deinococcus-Thermus)、浮霉菌门(Planctomycetes)和装甲菌门(Armatimonadetes)等菌门只表现为片段丰度的显著变化.

表 2 不同空间类群基于门水平 OTUs 多样性变化分析¹⁾

Table 2 Analysis of OTUs fragment number diversity of different spatial groups based on gate level

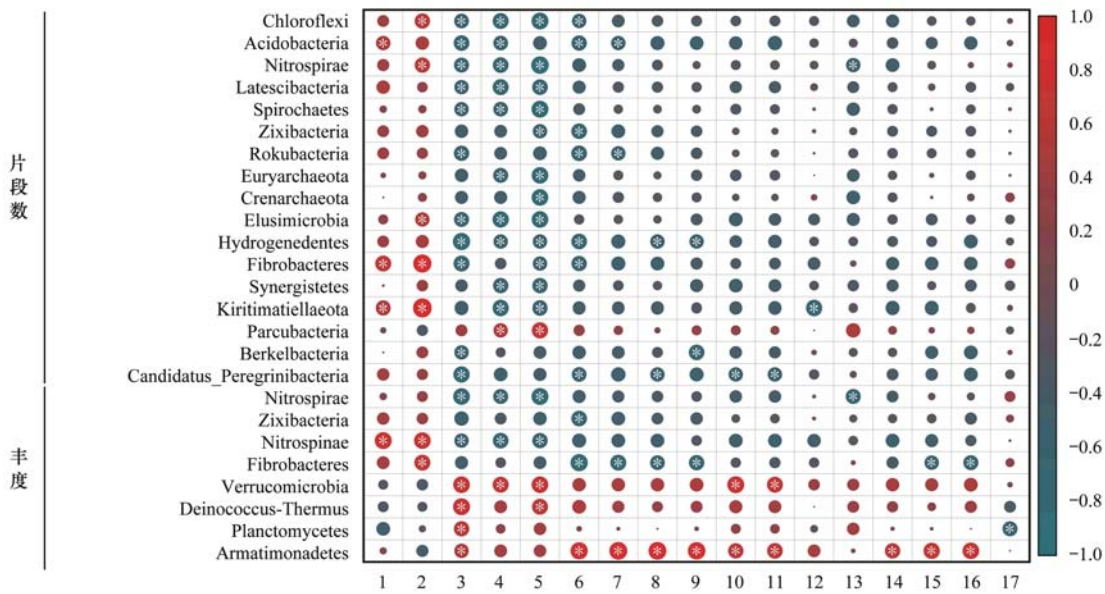
多样性表征参数	物种	属性	空间类群		<i>F</i>	<i>P</i>
			MUC	DC		
片段数量	Chloroflexi	非优势	240 ± 59	349 ± 56	10.463	**
	Acidobacteria	非优势	167 ± 49	246 ± 2	9.42	**
	Nitrospirae	非优势	28 ± 9	40 ± 5	6.328	*
	Latescibacteria	非优势	23 ± 10	37 ± 4	6.732	*
	Spirochaetes	非优势	22 ± 10	36 ± 5	6.604	*
	Zixibacteria	非优势	13 ± 6	23 ± 4	7.853	*
	Rokubacteria	非优势	10 ± 3	15 ± 3	6.801	*
	Euryarchaeota	非优势	5 ± 4	11 ± 4	6.76	*
	Crenarchaeota	非优势	3 ± 3	12 ± 12	5.571	*
	Elusimicrobia	偶见	6 ± 4	13 ± 4	8.922	*
	Hydrogenedentes	偶见	4 ± 3	8 ± 1	7.717	*
	Fibrobacteres	偶见	3 ± 2	9 ± 1	27.087	**
	Synergistetes	偶见	2 ± 2	4 ± 1	6.208	*
	Kiritimatiellaeota	偶见	2 ± 1	4 ± 1	9.892	**
	Parcubacteria	偶见	1 ± 1	0 ± 1	5.185	*
	Berkelbacteria	偶见	1 ± 1	2 ± 1	5.881	*
	Candidatus_Peregrinibacteria	偶见	1 ± 1	3 ± 1	14.272	**
片段丰度	Verrucomicrobia	非优势	0.051 ± 0.014	0.017 ± 0.004	21.317	**
	Deinococcus-Thermus	非优势	0.003 ± 0.002	8 × 10 ⁻⁴ ± 5 × 10 ⁻⁴	5.777	*
	Planctomycetes	非优势	0.002 ± 8 × 10 ⁻⁴	0.001 ± 4 × 10 ⁻⁴	6.3	*
	Armatimonadetes	非优势	0.001 ± 4 × 10 ⁻⁴	5 × 10 ⁻⁴ ± 3 × 10 ⁻⁴	4.887	*
	Nitrospirae	非优势	0.005 ± 0.004	0.011 ± 0.004	7.5	*
	Zixibacteria	非优势	6 × 10 ⁻⁴ ± 4 × 10 ⁻⁴	0.001 ± 3 × 10 ⁻⁴	7.788	*
	Nitrospinae	非优势	4 × 10 ⁻⁴ ± 2 × 10 ⁻⁴	9 × 10 ⁻⁴ ± 2 × 10 ⁻⁴	18.502	**
	Fibrobacteres	偶见	1 × 10 ⁻⁴ ± 9 × 10 ⁻⁵	3 × 10 ⁻⁴ ± 1 × 10 ⁻⁴	10.952	**

1) * 表示在 0.05 级别(双尾),相关性显著, ** 表示在 0.01 级别(双尾),相关性极显著; “—”表示无法计算自由度和显著性差异

2.4 北运河京津冀段河道浮游微生物组成与环境相关关系

为识别导致微生物类群多样性空间变异的环境机制,将地理空间上片段多样性和丰度有显著差异的菌门与环境因子进行 Spearman 相关性分析并绘制热图(图 4). 总的来看,无论是基于片段多样性还是基于相对丰度的数据矩阵,均表现为 DC 类群丰度和多样性显著高于 MUC 类群的菌门均与 ORP 和 TCs 呈现正相关关系,与其它环境因子负相关. 而

MUC 类群多样性与丰度显著高于 DC 类群的菌门则与 ORP 和 TCs 呈负相关,与其他环境因子呈正相关. 基于片段多样性和基于相对丰度的数据矩阵的对比分析可见,与片段数量变化具有显著相关的环境因子主要包括了 ORP、TCs、MLs、高锰酸盐指数和 Turb 这 5 大环境因子,且不同类型的微生物菌门对环境因子的响应模式趋于相似或相同. 与相对丰度变化具有显著相关的因子除 MLs、高锰酸盐指数、Turb、TCs 和 ORP 之外,还受包括 K⁺、Mg²⁺、



* 表示在 0.05 级别(双尾),相关性显著; 1. ORP, 2. TCs, 3. MLs, 4. 高锰酸盐指数, 5. Turb, 6. K^+ , 7. Mg^{2+} , 8. Na^+ , 9. TN, 10. TC, 11. TOC, 12. TDS, 13. pH, 14. FQs, 15. Ca^{2+} , 16. NO_3^- -N, 17. NH_4^+ -N

图 4 多样性差异物种环境显著热图

Fig. 4 Heatmap of diversity differences between species and environment

Na^+ 、 Ga^{2+} 、TN、 NO_3^- -N和 NH_4^+ -N等在内的 10 个环境因子影响,且不同类型的微生物菌门对环境因子的响应模式存在较大的差异。

3 讨论

3.1 北运河京津冀河道浮游微生物在地理空间尺度上的变化模式

浮游微生物群落是河流的重要组成部分,参与水生生态系统物质交换和能量流动过程,在水生态系统中占据重要地位,它们在维持水生生态系统平衡中发挥着重要作用,也是水体污染情况的指示生物^[19]。本研究基于高通量测序所得到的北运河京津冀河道浮游微生物测序结果在地理空间尺度上的变化分析,显示再生水对河道浮游微生物的影响导致群落在上下游地理空间尺度上表现出显著的空间变化模式^[20]。MUC 类群区域受河道密布的再生水补给水源的汇入,频繁汇入过程中对水体产生物理和化学扰动,进而直接或间接影响河道水文和水质状况,从而导致 MUC 类群浮游微生物具有水环境波动幅度较大的立地条件,进而具有较宽的生态幅度。DC 类群再生水汇入少导致水体扰动小,浮游微生物就有相似的分布格局和范围。基于集合群落的浮游微生物群落空间分布模式与该群落核心组分的空间分布模式一致,但有别于特有组分的空间分布模式^[10]。

3.2 北运河京津冀河道浮游微生物群落组成空间变化分析

北运河生态环境具有较为脆弱、易受外界因素

影响的特征。水体流动性降低、支流汇入或者污染源的汇入都会引起微生物群落结构在空间上的改变。频繁再生水汇入引起的水文水质条件的变化使得北运河浮游微生物群落表现为 MUC 类群与 DC 类群显著差异。相对丰度等级亚群落对再生水汇入后水文水质条件的敏感程度依次为:非优势菌群 > 偶见菌群 > 优势菌群。优势菌群具有较强的环境适应能力,在维持生态系统的稳定性方面发挥重要作用^[21,22]。与优势菌群相比较,非优势菌群和偶见菌群更容易受再生水干扰^[23],并在 MUC 区域再生水频繁汇入的情况下最终表现为 MUC 类群片段数减少而丰度显著增大的变化趋势。偶见菌群具有较低的丰度和较高的片段类型,已有文献表明偶见菌群与优势菌群的生态策略存在较大差异,更能适应各种极端环境^[24],从而对环境条件的变化较优势菌群更为敏感。片段数对再生水汇入后水文水质条件的变化响应敏感度高于丰度变化,这是由于影响片段多样性分布的只有少数几个排污口尺度的环境因子,丰度分布同样也受这些环境因子影响,除此之外还受盐离子、无机氮和碳素等多个因素的影响。丰度分布由于受多个环境因子影响而对含有污染物质的再生水抵抗能力较强,片段多样性则对其更为敏感。

3.3 再生水汇入水文水质条件对浮游微生物群落的影响

北运河北京段遍布再生水补给口,集中补给后流经下游与海河汇流。城市河道水流缓慢导致沉积

物和其吸附携带的污染物大量淤积. MUC 区域频繁的再生水补给过程影响河流水动力条件,引起流量和流速变化,扰动河道底部含有大量污染物的底泥,使表层污泥中的污染物向上覆水体释放,引起河道水体浊度增加和高锰酸盐指数的变化. 其次,再生水汇入致其河道水温上升已经得到普遍公认^[25],温度对水体的氧化还原体系有较大影响,影响水中不稳定变价元素进而进一步反馈促进氧化还原体系空间变异^[26],最终使得 T 、ORP、pH、Turb 和高锰酸盐指数等呈现显著的排污口尺度效应^[27]. 水中各种有机、无机物种的存在和迁移,氧化还原反应都起着关键性的作用,ORP 值随着 pH 和 T 升高而降低^[28]. 本研究中影响片段数量变化的环境因子包括了因再生水汇入导致的排污口尺度效应的 ORP、Turb 和高锰酸盐指数,佐证了再生水汇入作为浮游微生物群落物种“源”很大程度上决定城市河道浮游微生物群落的物种类型. TCs 吸附能力较强^[29],可随再生水扰动过程携带的悬浮颗粒物或水生生物吸附^[30],从而与排污口尺度物理扰动二次释放的浊度具有较强的负协同效应,随颗粒物协同扩散至下游沉淀. MLs 是一类弱碱性的抗生素,具有亲脂性,同时在酸性环境下稳定性相对较差,不具有较强的代谢力^[31],因而极易受到河流 pH 的影响,从而与排污口尺度效应中的 pH 具有较高的协同效应,表现为局域尺度的变异特征.

盐分离子是再生水中一类典型表征因子,主要包括 K^+ 、 Na^+ 、 Ca^{2+} 、 Mg^{2+} 、 Cl^- 和 SO_4^{2-} 等离子. 水体中微生物对其利用程度不高且降解速率很小导致在水体中具有较强的稳定性,在河流中的迁移主要依靠扩散作用^[32]. 再生水中的无机氮是造成水体富营养化污染的指标之一,较高浓度的无机氮对水生生物具有毒害作用. 与盐分离子的生物利用性不同,无机氮可通过微生物的硝化作用、反硝化作用和厌氧氨氧化等过程参与水体氮素的生物地球化学循环^[33]. 再生水中的 TC 和 TOC 除供应以碳为主要能源物质的微生物之外,还供给碳循环和硫循环微生物能量,有研究表明,碳物质是影响浮游微生物群落结构重要的环境因子^[34]. FQs 在水体中的迁移转化途径为吸附与降解,降解效率最佳 pH 为弱碱性,过高或过低的 pH 都会限制微生物的活性,导致生物降解速率降低. 抗生素去除率随着初始浓度的增加而增大,达到峰值继而缓慢降低,过高或过低的初始浓度均不利于抗生素的吸附和降解^[35]. 研究区域 MUC 频繁的再生水汇入引起水体发生强烈的动力学扰动,含有大量上述物质的再生水排入水体,导致污染物质在水体中的扩散能力比再生水汇入少的

DC 区域强得多,高浓度盐分离子、无机氮物质、碳物质和 FQs 在排污口上下游之间发生源汇同质化效应,随水流扩散再次发生混合,导致与再生水厂分布较少的下游产生显著性差异. 最终呈现显著的区域尺度效应.

环境因子是导致微生物群落空间异质性的重要原因,驱动了微生物群落的适应性演变机制^[36]. 受再生水补给过程水文特征影响,产生的排污口尺度的水环境因子变异机制是影响 MUC 类群浮游微生物群落片段数和相对丰度显著低于 DC 类群的直接原因. 再生水补给过程富含的水化学特征因子,在较强的源汇同质化和扩散过程影响下表现的区域尺度的变异机制是影响 MUC 类群浮游微生物群落片段数和相对丰度显著高于 DC 类群的主要原因. 其中,疣微菌门 (Verrucomicrobia) 和装甲菌门 (Armatimonadetes) 大多都是异养菌,前者利用各种糖(包括多糖)和纤维素作为生长底物^[37,38],属于肠道微生物,易影响机体对疾病的易感性,甚至直接诱发结直肠癌等病理状态,后者利用各种糖类和酵母提取物作为营养物质^[39]. 这与本文疣微菌门生长发育与水体中排污口尺度的含碳指标高锰酸盐指数显著正相关,并呈现 MUC 类群丰度显著高于 DC 类群的结论一致.

硝化螺旋菌门 (Nitrospira) 是存在于污水处理厂和实验室反应器中主要的亚硝酸氧化菌. 硝化螺旋菌门 (Nitrospirae) 与硝化刺菌门 (Nitrospinae) 均与亚硝酸盐氧化过程有关,并可借助于亚硝酸盐氧化过程中产生的能量固定部分无机碳^[40]. 同时也有大量文献表明硝化螺旋菌门 (Nitrospirae) 与硝化刺菌门 (Nitrospinae) 均对抗生素是极其敏感的^[41],这与本文水体中 MLs 与硝化螺旋菌门 (Nitrospirae) 与硝化刺菌门 (Nitrospinae) 呈现显著负相关结果相一致. 纤维杆菌门 (Fibrobacteres) 常见于反刍动物瘤胃中,瘤胃细胞周质中含有的纤维素酶可促进纤维杆菌门微生物分解纤维素,赵佳琦^[42]的研究结果表明,抗生素的存在可使纤维杆菌对纤维素的降解效率降低. 来源于再生水补给的 TCs 具有较强的吸附特征,容易被水体中悬浮颗粒物吸附并随颗粒物沉降到底泥中,因而与硝化刺菌门 (Nitrospinae) 和纤维杆菌门 (Fibrobacteres) 呈现显著正相关关系,并表现为 DC 类群丰度显著高于 MUC 类群.

绿弯菌门 (Chloroflexi) 属兼性厌氧菌,可在亚硝酸盐氧化的同时固定 CO_2 ,同时可以参与以厌氧产乙酸过程为主的有机质降解过程^[43]. 匿杆菌门 (Latescibacteria) 属腐生菌门,具有降解蛋白质、脂质和多糖的功能,是分支杆菌-叶绿细菌-拟杆菌属

(FCB)的成员.广泛分布于自然界和动物体内的螺旋体门(Spirochaetes)营腐生或寄生生活,腐生者多在河流、池塘、湖泊、海洋或淤泥中生存,通过寄生引起人和动物疾病,属于致病菌.迷踪菌门(Elusimicrobia)可以依靠硝酸盐和亚硝酸盐来实现异养生活方式,或以有机化合物和红细菌固氮(Rnf)作用产乙酸^[44].食氢菌门(Hydrogenedentes)主要的生理功能包含了氮还原,亚硫酸盐氧化,硫酸盐还原等过程,参与了关键的地球化学过程^[45].这些微生物类群多为致病菌或与水体中氮的生物地化循环过程有关的微生物类群.抗生素不仅能够影响微生物类群的丰度,还能杀死致病菌与参与氮循环的微生物类群,导致片段多样性降低^[46].本研究结果表明这些敏感微生物类群片段多样性与排污口尺度的ORP和TCs呈显著正相关关系,并与Turb、高锰酸盐指数和MLs呈现显著负相关,并在空间上表现为DC区域的微生物类群的片段多样性显著高于MUC区域的变化规律.

4 结论

(1)北运河京津冀河段浮游微生物群落空间聚类呈现出MUC类群和DC类群两大类.MUC区域密布的再生水补给口,汇水过程产生的物理和化学扰动改变了河道水文和水质状况,形成波动幅度较大的水环境立地条件,进而表现出具有较宽的分布范围和生态幅度的微生物类群.DC区域浮游微生物样点集中,具有相似的分布格局和范围.

(2)MUC类群物种丰富度显著低于DC类群,物种均匀度和丰度在空间上呈现与丰富度相反的趋势.偶见类群的片段多样性决定DC类群物种丰富度显著高于MUC类群,较高丰度的优势菌群决定DC类群均匀度显著低于MUC类群.不同相对丰度等级的亚群落对再生水汇入后水文水质条件最敏感的是非优势菌群,偶见菌群次之,优势菌群敏感性最低.

(3)绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteria)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)、匿杆菌门(Latescibacteria)和螺旋体门(Spirochaetes)等16个菌门MUC类群的片段数显著低于DC类群,Parcubacteria菌门表现相反的变化趋势.疣微菌门(Verrucomicrobia)、异常球菌-栖热菌门(Deinococcus-Thermus)、浮霉菌门(Planctomycetes)和装甲菌门(Armatimonadetes)4类菌门的丰度在MUC区域显著高于DC区域.基于片段数的变化对环境的响应比基于丰度的变化更敏感.

(4)基于门水平片段类型多样性数据矩阵识别

出的空间环境因子包括了表征再生水补给口水动力学特征影响的Turb、高锰酸盐指数、ORP、MLs和TCs,基于门水平相对丰度数据矩阵识别出的空间变化的环境因子包括了再生水补给口水动力学特征影响的Turb、高锰酸盐指数、ORP、MLs、TCs和受源汇同质化效应和扩散作用的影响属于区域尺度的盐类离子、碳素、无机氮物质两大类.

参考文献:

- [1] 叶得万. 城市再生水利用途径和选择分析[J]. 农村经济与科技, 2021, 32(4): 10-11.
- [2] 马东春, 唐摇影, 于宗绪. 北京市再生水利用发展对策研究[J]. 西北大学学报(自然科学版), 2020, 50(5): 779-786. Ma D C, Tang Y Y, Yu Z X. The countermeasures for the development of reclaimed water utilization in Beijing[J]. Journal of Northwest University (Natural Science Edition), 2020, 50(5): 779-786.
- [3] 刘莉. 再生水景观水体中富营养化的时空变化[D]. 重庆: 西南大学, 2008. Liu L. Temporal and spatial distribution of eutrophication in landscape water body[D]. Chongqing: Southwest University, 2008.
- [4] 马丽媛. 再生水补给的景观河道水质与富营养化状态评价[J]. 水资源开发与管理, 2021, (2): 7-11. Ma L Y. Recycled water quality in landscape rivers and eutrophication status assessment[J]. The Global Seabuckthorn Research and Development, 2021, (2): 7-11.
- [5] 胡月, 胡尔, 于鑫, 等. 千岛湖水源水微生物安全性评价[J]. 环境科学学报, 2021, 41(2): 634-640. Hu Y, Hu D, Yu X, et al. Evaluation for source water biosafety in Qiandao Lake, China[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2021, 41(2): 634-640.
- [6] 李启元. 再生水回用中微量有机物的削减及引起的健康风险[D]. 西安: 西安建筑科技大学, 2018. Li Q Y. The reduction of trace organic pollutants in reclaimed water producing and reuse system and their health risk[D]. Xi'an: Xi'an University of Architecture and Technology, 2018.
- [7] 杨肖肖, 张昱, 李久义, 等. 再生水回用的环境系统中抗生素、抗药菌与抗性基因分布的研究进展[J]. 生态毒理学报, 2020, 15(6): 43-56. Yang X X, Zhang Y, Li J Y, et al. Distribution of antibiotics, antibiotic resistant bacteria, antibiotic resistance genes in environmental system with reclaimed water irrigation: a review[J]. Asian Journal of Ecotoxicology, 2020, 15(6): 43-56.
- [8] 张扬, 熊家晴, 王晓昌, 等. 盐度对再生水补水水体水质变化影响的研究[J]. 环境科技, 2016, 29(6): 17-21. Zhang Y, Xiong J Q, Wang X C, et al. Effect of salinity on water quality variations of the pond replenished by reclaimed water[J]. Environmental Science and Technology, 2016, 29(6): 17-21.
- [9] 胡明, 刘心远, 薛娇, 等. 水深和扰动对北运河沉积物释放的模拟研究[J]. 环境科学学报, 2021, 41(1): 174-180. Hu M, Liu X Y, Xue J, et al. Water depth and disturbance impact on pollutants release from sediment in Beiyun River[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2021, 41(1): 174-180.
- [10] 靳燕, 邱莹, 董志, 等. 北运河浮游细菌菌类群落空间变化的环境解释[J]. 中国环境科学, 2021, 41(3): 1378-1386. Jin Y, Qiu Y, Dong Z, et al. Environmental interpretation of spatial variation of planktonic bacterial communities in the North

- Canal River[J]. *China Environmental Science*, 2021, **41**(3): 1378-1386.
- [11] 胡玉萍, 石天姣. 北京水资源人口承载力分析[J]. *中国国情国力*, 2021, (3): 65-68.
- [12] 王莉娜. 基于生态环境保护下的北运河综合治理[J]. *河北水利*, 2020, (5): 36-37.
- [13] 王汨, 杨柏贺, 马思琦, 等. 北运河水系浮游植物功能群与水体环境因子的关系[J]. *水产学杂志*, 2020, **33**(2): 70-76.
- Wang M, Yang B H, Ma S Q, *et al.* Relationship between phytoplankton functional groups and environmental factors in North Canal in Beijing[J]. *Chinese Journal of Fisheries*, 2020, **33**(2): 70-76.
- [14] 杨柏贺, 马思琦, 王汨, 等. 北运河水系大型底栖动物摄食功能群多样性及时空分布特征[J]. *河南师范大学学报(自然科学版)*, 2019, **47**(1): 105-111.
- Yang B H, Ma S Q, Wang M, *et al.* Diversity and temporal-spatial dynamics of macroinvertebrate functional feeding group in North Canal in Beijing[J]. *Journal of Henan Normal University (Natural Science Edition)*, 2019, **47**(1): 105-111.
- [15] 于洋, 王晓燕, 张鹏飞. 北运河水体浮游细菌群落的空间分布特征及其与水质的关系[J]. *生态毒理学报*, 2012, **7**(3): 337-344.
- Yu Y, Wang X Y, Zhang P F. Spatial distribution of planktonic bacterial community and its relationship to water quality in Beiyun River[J]. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2012, **7**(3): 337-344.
- [16] 梁灵君. 北运河运河核心区地表水资源状况分析[J]. *北京水务*, 2021, (1): 22-26.
- Liang L J. Analysis of surface water resources in the core area of the North Canal[J]. *Beijing Water*, 2021, (1): 22-26.
- [17] Liu L M, Yang J, Yu Z, *et al.* The biogeography of abundant and rare bacterioplankton in the lakes and reservoirs of China[J]. *The ISME Journal*, 2015, **9**(9): 2068-2077.
- [18] 杜蕾. 达里诺尔湖浮游细菌群落冬夏季演变特征及影响因素分析[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2020.
- [19] 高玉千, 李凤娟, 李秋原, 等. 郑州市金水河水体中粪源性污染指示微生物的分布及抗生素抗性特征研究[J]. *河南农业大学学报*, 2013, **47**(5): 600-604.
- Gao Y Q, Li F J, Li Q Y, *et al.* Study on the distribution and antibiotic resistance of fecal indicator bacteria in water of Jinshui River in Zhengzhou City[J]. *Journal of Henan Agricultural University*, 2013, **47**(5): 600-604.
- [20] 黄迪, 熊薇, 刘克, 等. 典型再生水人工湿地净化系统水质时空变异研究——以北京市奥林匹克森林公园人工湿地为例[J]. *环境科学学报*, 2014, **34**(7): 1738-1750.
- Huang D, Xiong W, Liu K, *et al.* Temporal-spatial variations of water quality in a reclaimed-water-supplied constructed wetland purification system: a case study in Olympic Forest Park of Beijing[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2014, **34**(7): 1738-1750.
- [21] 张典业, 彭云峰, 李飞, 等. 优势物种性状和功能多样性的相反作用决定生态系统生产力对氮富集响应[A]. 见: 中国植物学会八十五周年学术年会论文摘要汇编(1993-2018)[C]. 昆明: 云南省科学技术协会, 2018. 416.
- [22] Shannon P, Markiel A, Ozier O, *et al.* Cytoscape: a software environment for integrated models of biomolecular interaction networks[J]. *Genome Research*, 2003, **13**(11): 2498-2504.
- [23] 王雨路, 袁丹妮, 袁国庆, 等. 武汉东湖夏冬两季浮游动物物种多样性及群落结构研究[J]. *水生生物学报*, 2020, **44**(4): 877-894.
- Wang Y L, Yuan D N, Yuan G Q, *et al.* Species diversity and community structure of zooplankton in summer and winter in the East Lake, Wuhan[J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2020, **44**(4): 877-894.
- [24] 周文嵩. 海南铜鼓岭热带常绿季雨矮林偶见种分布格局及其对生物多样性计算的影响研究[D]. 海口: 海南大学, 2014.
- [25] 张永春. 再生水回用于城市景观水体的基础研究[D]. 西安: 西安建筑科技大学, 2013.
- Zhang Y C. The study of reclaimed water used as water source of urban landscape water bodies[D]. Xi'an: Xi'an University of Architecture and Technology, 2013.
- [26] 蔚枝沁. 水生植被恢复对城市水体沉积物磷素形态与释放的影响[D]. 上海: 华东师范大学, 2012.
- Wei Z Q. Effects of aquatic re-vegetation on phosphorus fractions in and release from the sediments in urban rivers[D]. Shanghai: East China Normal University, 2012.
- [27] 王泽铭, 李传虹, 马巧丽, 等. 湿度盐度 pH 协同驱动锡林河景观疣微菌群空间异质性[J]. *微生物学报*, 2021, **61**(6): 1728-1742.
- Wang Z M, Li C H, Ma Q L, *et al.* Moisture, salinity and pH co-driving spatial heterogeneity of *Verrucomicrobial* populations in Xilin River landscape[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2021, **61**(6): 1728-1742.
- [28] 温丹妮. 氧化还原电位的研究进展及相关应用[J]. *轻工科技*, 2017, **33**(7): 101-103.
- [29] 汤睿, 张寒冰, 陆彩妹, 等. 有机磁性膨润土对环丙沙星和四环素的吸附性能[J]. *化工进展*, 2021, **40**(11): 6235-6245.
- Tang R, Zhang H B, Lu C M, *et al.* Adsorption of ciprofloxacin and tetracycline by organically modified magnetic bentonite[J]. *Chemical Industry and Engineering Progress*, 2021, **40**(11): 6235-6245.
- [30] 敖蒙蒙, 魏健, 陈忠林, 等. 四环素类抗生素环境行为及其生态毒性研究进展[J]. *环境工程技术学报*, 2021, **11**(2): 314-324.
- Ao M M, Wei J, Chen Z L, *et al.* Research progress on environmental behaviors and ecotoxicity of tetracycline antibiotics[J]. *Journal of Environmental Engineering Technology*, 2021, **11**(2): 314-324.
- [31] 吴秀茹. 大环内酯类抗生素的厌氧降解及其生态毒性研究[D]. 开封: 河南大学, 2018.
- Wu X R. Study on anaerobic degradation and ecotoxicity of macrolide antibiotics[D]. Kaifeng: Henan University, 2018.
- [32] 张杨. 不同盐度、底泥及扰动条件下再生水补水景观水体水质变化[D]. 西安: 西安建筑科技大学, 2017.
- Zhang Y. Effect of different salinity, sediment and change rule on water quality variations of the pond replenished by reclaimed water[D]. Xi'an: Xi'an University of Architecture and Technology, 2017.
- [33] 夏绮文, 李炳华, 何江涛, 等. 潮白河再生水生态补给河道区浅层地下水氮转化[J]. *环境科学研究*, 2021, **34**(3): 618-628.
- Xia Q W, Li B H, He J T, *et al.* Nitrogen transformation of shallow groundwater in river area of ecological recharge of reclaimed water in Chaobai River[J]. *Research of Environmental Sciences*, 2021, **34**(3): 618-628.
- [34] 罗芳, 鲁伦慧, 李哲, 等. 基于宏基因组学的三峡库区重庆主城区水体浮游微生物群落的组成和功能分析[J]. *三峡生态环境监测*, 2019, **4**(3): 1-10.
- Luo F, Lu L H, Li Z, *et al.* Composition and functions of planktonic microbial communities based on metagenomic

- approach: a case study in Chongqing urban section of the three gorges reservoir[J]. Ecology and Environmental Monitoring of Three Gorges, 2019, **4**(3): 1-10.
- [35] 孔慧敏, 杨四福, 迟宝明, 等. 喹诺酮类抗生素在水环境中降解和吸附影响因素[J]. 科学技术与工程, 2021, **21**(3): 1196-1201.
- Kong H M, Yang S F, Chi B M, *et al.* Factors influencing the degradation and absorption of quinolone antibiotics in aqueous environment[J]. Science Technology and Engineering, 2021, **21**(3): 1196-1201.
- [36] 石伟. 河套灌区抗生素抗性基因空间分异与细菌群落多样性适应机制[D]. 太原: 山西大学, 2020.
- Shi W. Spatial variation of antibiotic resistance genes and adaptation mechanism of bacterial community diversity in Hetao Irrigation District[D]. Taiyuan: Shanxi University, 2020.
- [37] Pitt A, Schmidt J, Koll U, *et al.* *Rariglobus hedericola* gen. nov., sp. nov., belonging to the *Verrucomicrobia*, isolated from a temperate freshwater habitat [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2020, **70**(3): 1830-1836.
- [38] Sichert A, Corzett C H, Schechter M S, *et al.* *Verrucomicrobia* use hundreds of enzymes to digest the algal *Polysaccharide fucoïdan*[J]. Nature Microbiology, 2020, **5**(8): 1026-1039.
- [39] Li J, Kudo C, Tonouchi A. *Capsulimonas corticalis* gen. nov., sp. nov., an aerobic capsulated bacterium, of a novel bacterial order, *Capsulimonadales* ord. nov., of the class *Armatimonadida* of the phylum *Armatimonadetes* [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2019, **69**(1): 220-226.
- [40] 洪义国, 焦黎静, 吴佳鹏, 等. 海洋亚硝酸盐氧化细菌的多样性分布及其生态功能研究进展[J]. 热带海洋学报, 2021, **40**(2): 139-146.
- Hong Y G, Jiao L J, Wu J P, *et al.* Progress on the community distribution and ecological functions of nitrite-oxidizing bacteria [J]. Journal of Tropical Oceanography, 2021, **40**(2): 139-146.
- [41] 李玲玲, 肖向前. 抗生素对污水生物处理系统脱氮性能影响的研究进展[J]. 中国抗生素杂志, 2021, **46**(6): 501-508.
- Li L L, Xiao X Q. Advance research on the effects of antibiotics on biological nitrogen removal performance in biological wastewater treatment system[J]. Chinese Journal of Antibiotics, 2021, **46**(6): 501-508.
- [42] 赵佳琦. 沙星对牦牛瘤胃微生物结构和 CAZy 酶的影响及 3 种因子对 ARGs 的作用[D]. 成都: 西南民族大学, 2020.
- Zhao J Q. Effects of difloxacin on rumen microbial structure and CAZy for yak and the effects of three stimulating factors on their ARGs[D]. Chengdu: Southwest Minzu University, 2020.
- [43] 赵立君, 刘云根, 王妍, 等. 典型高原湖滨带底泥细菌群落结构及多样性特征[J]. 微生物学通报, 2020, **47**(2): 401-410.
- Zhao L J, Liu Y G, Wang Y, *et al.* Bacterial community structure and diversity of sediments in a typical plateau lakeshore [J]. Microbiology China, 2020, **47**(2): 401-410.
- [44] Méheust R, Castelle C J, Carnevali P B M, *et al.* Groundwater *Elusimicrobia* are metabolically diverse compared to gut microbiome *Elusimicrobia* and some have a novel nitrogenase paralog[J]. The ISME Journal, 2020, **14**(12): 2907-2922.
- [45] Momper L, Aronson H S, Amend J P. Genomic description of ‘*Candidatus Abyssobacteria*,’ a novel subsurface lineage within the candidate phylum hydrogenedentes [J]. Frontiers in Microbiology, 2018, doi: 10.3389/FMICB.2018.01993.
- [46] 于晓雯, 索全义, 史李萍. 外源四环素类抗生素对土壤微生物多样性的影响[J]. 北方园艺, 2021, (2): 91-96.
- Yu X W, Suo Q Y, Shi L P. Effects of exogenous tetracycline antibiotics on soil microbial diversity[J]. Northern Horticulture, 2021, (2): 91-96.

CONTENTS

A Comparative Study of Soil Environmental Standards for Agricultural Land Among Different Countries and Its Implication for China	LI Xu-zhi, JIANG Rong, WANG Guo-qing, <i>et al.</i> (577)
Evaluation Parameters and System for Reclaimed Water Quality Stability	ZHANG Xin-yi, WEI Dong-bin, DU Yu-guo (586)
Distribution Characteristics and Sources of Heavy Metals in Atmospheric Deposition During Heating and Non-heating Period in Lanzhou	HUANG Wen, WANG Sheng-li (597)
PM _{2.5} Source Apportionment Based on a Variety of New Receptor Models	WANG Zhen-yu, LI Yong-bin, GUO Ling, <i>et al.</i> (608)
Characteristics and Source Analysis of Water-soluble Inorganic Pollution in PM _{2.5} During Summer in Central China	SU Ye-wang, LIU Wei-jie, MAO Yao, <i>et al.</i> (619)
Pollution Characteristics of Water-soluble Ions in PM _{2.5} During the Lantern Festival of 2021 in Zibo City	CHEN Qiao, WU Li-ping, XU Bo, <i>et al.</i> (629)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Perfluorinated Compounds in PM _{2.5} in Zhejiang Province	LI Bing-jie, CHEN Jin-yuan, LIU Zheng-zheng, <i>et al.</i> (639)
Impact of Meteorological Conditions on PM _{2.5} in Jiangsu Province from 2001 to 2019	PAN Chen, KANG Zhi-ming (649)
Comparison and Analysis of PM _{2.5} Forecast in Key Areas Based on the Neural Network Model and Numerical Model	GAO Yu-xiao, WANG Wei, HUANG Yong-hai, <i>et al.</i> (663)
Temporal and Spatial Variations in Ozone and Its Causes over Hainan Province from 2015 to 2020	FU Chuan-bo, XU Wen-shuai, DAN Li, <i>et al.</i> (675)
Ozone Formation and Key VOCs of a Continuous Summertime O ₃ Pollution Event in Ji'nan	SUN Xiao-yan, ZHAO Min, SHEN Heng-qing, <i>et al.</i> (686)
Pollution Characteristic and Control Factor Analysis of Atmospheric Ozone During Summer Typical Periods in Linyi, Shandong	YANG Xue, AN Xin-yue, LIU Yu-qi, <i>et al.</i> (696)
Improved Performance of PMF Source Apportionment for Volatile Organic Compounds Based on Classification of VOCs' Aging Degree in Air Mass	ZHU Yu-fan, CHEN Qiang, LIU Xiao, <i>et al.</i> (707)
Spatial Distribution Characteristics of VOCs and Its Impact on Ozone Formation Potential in Rizhao City in Summer	YAO Wei-jie, WANG Da-wei, XIE Fu-ying, <i>et al.</i> (714)
Long-term Trends and Sources of Atmospheric Halocarbons at Mount Taishan, Northern China	ZHAO Feng, CHEN Tian-shu, DONG Can, <i>et al.</i> (723)
Emission Characteristics of VOCs and <i>n</i> -alkanes from Diesel Forklifts	ZHOU Wen-qin, LI Cheng, LIU Jun-wen, <i>et al.</i> (735)
Driving Mechanism of the Spatiotemporal Evolution of Vegetation in the Yellow River Basin from 2000 to 2020	TIAN Zhi-hui, REN Zu-guang, WEI Hai-tao (743)
Effects of Land Use on Riverine Dissolved Inorganic Carbon (DIC) and $\delta^{13}\text{C}_{\text{DIC}}$ in a Karst River Basin, Southwestern China	XU Sen, LI Si-liang, ZHONG Jun (752)
Effects of Biochar Addition on Soil Nitrogen Mineralization and Leaching Characteristics in Riparian Zone of Taihu Lake	XIONG Yu-ting, YUAN Xu-yin, ZHOU Hui-hua, <i>et al.</i> (762)
Impacts of Riparian Buffer Zone Type on Reduction in Runoff Pollution in the North Canal River Under Different Rainfall Events	ZHU Li-ying, ZHAO Kai, ZHANG Jun-ya, <i>et al.</i> (770)
Pollution Characterization and Comprehensive Water Quality Assessment of Rain-source River: A Case Study of the Longgang River in Shenzhen	BI Ye-liang, WANG Hua-cai, XIA Bing, <i>et al.</i> (782)
Temporal and Spatial Distribution Characteristics and Source Apportionment of Runoff Pollution in Langfang City	PAN Xin-rong, ZUO Jian-e, ZHANG Yu, <i>et al.</i> (795)
Analysis on Diversity of Plankton Microbial Community in the Beijing-Tianjin-Hebei Section of the North Canal River	GUO Zhi-zhi, SU Zhen-hua, DI Yan-ming, <i>et al.</i> (803)
Temporal and Spatial Distribution Characteristics and Driving Factors of Denitrification Bacterial Community Structure from Landscape Water in Hebei Province: Taking Shijiazhuang as Example	CHEN Zhao-ying, ZHANG Zi-wei, ZHANG Tian-na, <i>et al.</i> (813)
Source and Optical Dynamics of Chromophoric Dissolved Organic Matter in the Watershed of Lake Qinghai	YU Xiao-qin, MENG Xian-qiang, WU Hua-wu, <i>et al.</i> (826)
Influences of Hydrological Scenarios on the Bioavailability, Fate, and Balance of Chromophoric Dissolved Organic Matter in Lake Poyang	GUO Yan-ni, YAO Xiao-long, CHEN Hui-min, <i>et al.</i> (837)
Spectral Characteristics of Dissolved Organic Matter in Sediments from Poyang Lake	LUO Yan-qing, WAN Zhi-wei, YAN Cai-xia, <i>et al.</i> (847)
Pollution and Potential Ecological Risk Assessment of Heavy Metals in Surface Sediments of Tangxun Lake	LI Xing-yu, LI Peng, SU Ye-wang, SHI Ming-ming, <i>et al.</i> (859)
Identifying Relationship Between Nutrient Contents in Road-Deposited Sediment and Urban Basic Elements Based on Kernel Density Estimation	WANG Zi-qiao, LI Xu-yong (867)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of DBPs in Typical Drinking Water Sources in Wuhan Under the COVID-19 Pandemic	ZHANG Kun-feng, CHANG Sheng, TU Xiang, <i>et al.</i> (878)
Synergistic Control of Nitrogenous Disinfection By-products and Opportunistic Pathogens in Drinking Water by Iron-Modified Quartz Sand Filtration	QI Peng, HU Chun, XING Xue-ci, <i>et al.</i> (887)
Degradation Characteristics and Mechanism of Ibuprofen by Ozone Catalyzed by Nitrogen-Doped Biochar	CHAI Cheng, XU Lu, JIN Xin, <i>et al.</i> (896)
Adsorption Properties and Host-guest Effects of Porous Cyclodextrin Polymers for Dye Molecules in Water	ZHAO Chuan-liang, WANG Zi-jie, YAN Yi, <i>et al.</i> (907)
Characterization of Sludge Morphology and Bacterial Community Evolution in the Rapid Activation of Freeze-stored PV/A Granular Sludge	HUANG Zi-heng, ZHANG Li, CUI Shu-hui, <i>et al.</i> (920)
Effect of Different Cationic Polyacrylamide Organic Dehydrating Agents on Sludge Dewatering Performance	FENG Qi-yun, GAO Bao-yu, YUE Qin-yan, <i>et al.</i> (928)
Health Risk Assessment of Soil Heavy Metals in a Small Watershed of a Mining Area in Yunnan	LIU Yang, HE Zhao-hui, NIU Xue-kui, <i>et al.</i> (936)
Spatial Characteristics and Potential Ecological Risk Factors of Heavy Metals in Cultivated Land in the Transition Zone of a Mountain Plain	ZHANG Ding, HUANG Rong, GAO Xue-song (946)
Geo-accumulation Index Method to Optimize the Evaluation Method of Polymetallic Environment Quality: Taking Developed Agricultural Areas as an Example	JU Tie-nan, LEI Mei (957)
Safety Production Threshold and Land Quality Classification of Vegetable Pb in High Geological Background Area of Southwest China	MU De-miao, SUN Yue-bing (965)
Pollution Properties and Ecological Risk Assessment of Heavy Metals in Farmland Soils and Crops Around a Typical Manganese Mining Area	HUANG Zhong-ting, YI Sheng-wei, CHEN Bei-bei, <i>et al.</i> (975)
Characteristics of Plant Diversity and Heavy Metal Enrichment and Migration Under Different Ecological Restoration Modes in Abandoned Mining Areas	ZHOU Peng-fei, ZHANG Shi-wen, LUO Ming, <i>et al.</i> (985)
Soil Properties, Heavy Metal Accumulation, and Ecological Risk in Vegetable Greenhouses of Different Planting Years	REN Qiang, SUN Rui-ling, ZHENG Kai-xuan, <i>et al.</i> (995)
Effects of Greenhouse and Open-field Cultivation on Heavy Metal Uptake During Carrot Growth	CAO Chun, REN Dan, LÜ Zhen-ying, <i>et al.</i> (1004)
Effects of Different Amendments on Cadmium Accumulation in Rice Safety in Cadmium-Contaminated Farmland Under Two Flooding Treatments	WANG Gang, YU Hai-ying, LI Ting-xuan, <i>et al.</i> (1015)
Effect of Composite Leaching on Cadmium Removal Efficiency in Plow Layer Soil of Agricultural Land and Its Functional Regulation	CAO Kun-kun, ZHANG Sha-sha, HU Xue-yu, <i>et al.</i> (1023)
Polyamine-producing Bacteria Regulated the Community Structure of Rhizosphere Bacteria and Reduced the Absorption of Cd in Wheat	LI Xiao-zhe, QIN Shan-mei, CHEN Zhao-jin, <i>et al.</i> (1031)
Responses of Soil <i>PhoC</i> and <i>PhoD</i> Gene Microbial Communities to the Combined Application of Biochar with Chemical Fertilizers and Organic Fertilizers	YANG Wen-na, YU Luo, LUO Dong-hai, <i>et al.</i> (1040)
Changes in Soil Microbial Carbon-Degrading Enzymes and Their Relationships with Carbon Pool Components During the Restoration Process of <i>Robinia pseudoacacia</i>	LI Wen-jie, ZHANG Zhen-jiao, ZHAO Ya-ping, <i>et al.</i> (1050)
Soil Enzyme Stoichiometric Characteristics of <i>Pinus massoniana</i> Plantations at Different Stand Ages in Mid-subtropical Areas	JIAO Peng-yu, GUO Wen, CHEN Ze-long, <i>et al.</i> (1059)
Characteristics of Microbial Utilization for Crop Residue-Derived C in Paddy and Upland Soils	DENG Shao-hong, ZHENG Xiao-dong, MAO Wan-qiong, <i>et al.</i> (1069)
Influence of Artificial Root Exudates and Actual Root Exudates on the Microbial Community in Pyrene-contaminated Soil	HAN Bo-yuan, ZHANG Wen, HU Fang-yu, <i>et al.</i> (1077)
Pollution Characteristics and Driving Factors of Antibiotic Resistance Genes in Dexing Copper Mine	HAN Liu, LOU Qian, QIAO Min, <i>et al.</i> (1089)
Spatial Prediction Method of Farmland Soil Organic Matter in Weiwei Dryland of Shaanxi Province	WEI Fang, LIU Jing, XIA Li-heng, <i>et al.</i> (1097)
Emission Characteristics, Transformation Mechanism, and Reduction Potential of Ammonia Emissions from a Crop Rotation System in Yangtze River Delta	XU Chang, MIAO Wen-liang, NI Yuan-zhi, <i>et al.</i> (1108)