

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
李勣之, 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, 庞发虎, 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) 信息(685, 935, 956)

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

(河北科技大学环境科学与工程学院, 河北省污染防治生物技术实验室, 石家庄 050018)

摘要: 景观水体作为城市水系的重要组成部分, 氮素超标是影响其生态功能的主要因素。为了探究城市景观水体反硝化菌群落特征和驱动因素, 利用 *nirS* 功能基因研究石家庄市主城区 4 个公园的景观水体和沉积物的反硝化菌群落分布特征, 结合水体和沉积物氮素指标对景观水体反硝化菌群落演变的驱动因子进行分析。结果表明, 景观水体水质参数季节差异显著 ($P < 0.001$), 沉积物氮素指标空间差异显著 ($P < 0.001$); 水体以及沉积物的 α 多样性季节和空间差异都不显著 ($P > 0.05$), 电导率 (EC) 和强氧化剂浸取态氮 (SOEF-NH₄⁺-N) 是影响水体以及沉积物的 α 多样性的主要环境因素; 景观水体反硝化菌主要为变形菌门 (Proteobacteriaceae) 中的 *Dechloromonas*、*Rhodocyclaceae*、*Pseudomonas*、*Rhodobacter* 和 *Thauera*; 主坐标分析 (PCoA) 表明水体和沉积物反硝化菌群组成空间差异显著 ($P < 0.001$), 水体关键反硝化物种也呈现出显著的空间差异 ($P < 0.001$); 冗余分析 (RDA) 和随机森林分析 (RF) 指出, 高锰酸盐指数和总磷 (TP) 是影响水体反硝化菌群和关键物种组成的主要环境因子, SOEF-NH₄⁺-N、离子交换态氮 (IEF-NH₄⁺-N) 和弱酸浸取态硝氮 (WAEF-NO₃⁻-N) 是影响沉积物反硝化菌群和关键物种组成的主要环境因子。综上可知, 通过对景观水体和沉积物反硝化菌群落分布特征和驱动因素的分析, 为进一步认识景观水体氮素和反硝化菌群的互作机制提供借鉴。

关键词: 景观水体; 沉积物; 高通量测序; *nirS*; 生物信息分析

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)02-0813-13 DOI: 10.13227/j.hjxx.202104341

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, ZHOU Shi-lei*, ZHANG Yi-ran, DONG Wan-jia, YU Ming-hui, ZHANG Yi-fan, ZHANG Jia-feng

(Pollution Prevention Biotechnology Laboratory of Hebei Province, School of Environmental Science and Engineering, Hebei University of Science and Technology, Shijiazhuang 050018, China)

Abstract: Landscape water is an important part of urban water systems, and excessive nitrogen affects its ecological functions. This study aimed to investigate the temporal and spatial distribution characteristics and driving factors of the community structure of denitrifying bacteria from landscape water. The functional gene *nirS* was used as a functional marker to explore the community of denitrifying bacteria in the water and sediment of landscape water. Based on parameters of the water and sediment, the temporal and spatial distribution characteristics and driving factors of the community of denitrifying bacteria were studied. The results showed significant seasonal differences in water parameters and spatial differences in sediment nitrogen ($P < 0.001$). No significant difference ($P > 0.05$) was observed in α -diversity; the EC and SOEF-NH₄⁺-N were important factors affecting the α -diversity of the water and sediment. Denitrifying bacteria mainly belonged to the phylum Proteobacteria and the genera *Dechloromonas*, *Rhodocyclaceae*, *Pseudomonas*, *Rhodobacter*, and *Thauera*. Principal coordinate analysis revealed that the community of denitrifying bacteria in the water and sediment exhibited significant spatial differences ($P < 0.001$); keystone denitrifying bacteria in the water also exhibited significant spatial differences ($P < 0.001$). RDA and RF analysis showed that the permanganate index and TP were the main environmental factors affecting the total and keystone denitrifying bacteria in the water; SOEF-NH₄⁺-N, IEF-NH₄⁺-N, and WAEF-NO₃⁻-N were the main environmental factors affecting the total and keystone denitrifying bacteria in the sediment. These findings could serve as a reference to understand the interaction mechanism between nitrogen and denitrification bacterial communities in landscape water.

Key words: landscape water; sediment; high-throughput sequencing; *nirS*; bioinformatics analysis

河北省大部分城市分布于相对平坦的平原地区, 省会石家庄市中心城区景观水体是城市水系重要的组成部分, 在维护城市生态功能上发挥着重要的作用^[1]。但是, 一方面由于景观水体流动性差和水体自净能力弱^[1,2]; 另一方面, 景观水体受到城市面源污染、生活点源和降雨冲刷等污染的威胁^[3], 过量的氮素输入造成了景观水体富营养化严重和水质水质的恶化^[4]。众所周知, 景观水体微生物与水

质间存在密切的关系, 功能微生物介导下的特定元素的迁移转化是景观水体中水质演变的重要作

收稿日期: 2021-04-30; 修订日期: 2021-08-02

基金项目: 国家自然科学基金项目(51909056); 河北省自然科学基金项目(E2021208011); 河北省高等学校科学技术研究青年基金项目(QN2021064); 河北科技大学引进人才科研启动基金项目(1181278)

作者简介: 陈召莹(1997~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为好氧反硝化菌脱氮及调控机制, E-mail: chenzyaoing777@163.com

* 通信作者, E-mail: ZSLZhouShilei@126.com

用^[5]. 因此,开展景观水体氮素功能微生物菌群与水体水质的相关分析,有助于进一步认识景观水体氮素功能微生物介导下的水体氮素演变机制.

景观水体氮素超标是引发水体富营养化的主要原因^[5],反硝化作用是氮素削减的重要途径,由于 *nirS* 基因在反硝化过程发挥重要作用^[6],因此大多研究者以此为标记基因研究反硝化群落演变. 目前涉及到的领域主要包括:土壤^[7]、河口沉积物^[8]、湖泊^[9]和河流^[10]等环境. 其中,梁伟光等^[11]的研究发现李家河水库春季分层期 *nirS* 型反硝化菌群分布主要受水温、溶解氧和氮素驱动;杨文焕等^[12]的研究发现南海湖 *nirS* 型反硝化细菌主要为假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 和红杆菌属 (*Rhodobacter*) 为主,且与硝氮和总磷呈正相关;康鹏亮等^[5]研究了西安市典型景观水体 *nirS* 型反硝化细菌的种群结构,得到环境因子综合调控 *nirS* 型反硝化细菌种群的组成和分布. 然而,对于景观水体在季节演变过程中水体以及沉积物中反硝化群落的演变特征和驱动因素未见系统性的研究.

如何实现城市景观水体氮素削减和完成城市水环境的水质提升,是水体自我修复功能恢复的关键,同时也是实现城市生态文明建设的重要体现. 本文选择石家庄市中心城区典型公园的景观水体作为研究对象,同时结合前期春季水体反硝化菌群落数据^[13],分析水体和沉积物中 *nirS* 型反硝化菌群

落演变特征以及与水质的相互关系,以期探究城市景观水体反硝化功能菌群结构演变以及与氮素的互作机制提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 研究区域与样品采集

本研究于 2018 年冬季 (1 月)、春季 (4 月)、夏季 (7 月) 和秋季 (10 月) 采集石家庄主城区 4 个代表性景观水体的水样和沉积,具体采样点如图 1 所示. 4 个采样点分别为裕华区的世纪公园 (SJ),长安区的长安公园 (CA),新华区的水上公园 (SS) 和桥西区的裕西公园 (YX). 其中,选取各个公园中心区域用浮漂定位,用有机玻璃取水器在每个采样点采集 3 次 2 L 的表层水样 (水面以下 0.2 m) 混合后为该采样点水样,用彼得森抓泥斗采集 3 次各采样点的沉积物,并收集混合 3 次表层沉积物为该采样点的表层沉积物样品 (0 ~ 2 cm)^[12];水样和沉积物置于放有冰袋的箱子里运回实验室,用于相关水质指标的测定. 与此同时,各采样点的环境指标用 HACH Hydrolab DS5 型多参数水质仪现场测定,包括温度 (*T*)、溶解氧 (*DO*)、pH、氧化还原电位 (*ORP*) 和电导率 (*EC*);用塞式盘测定水体透明度 (*SD*);水样中硝氮 ($\text{NO}_3^- - \text{N}$)、氨氮 ($\text{NH}_4^+ - \text{N}$)、高锰酸盐指数、铁 (*Fe*) 和锰 (*Mn*) 等

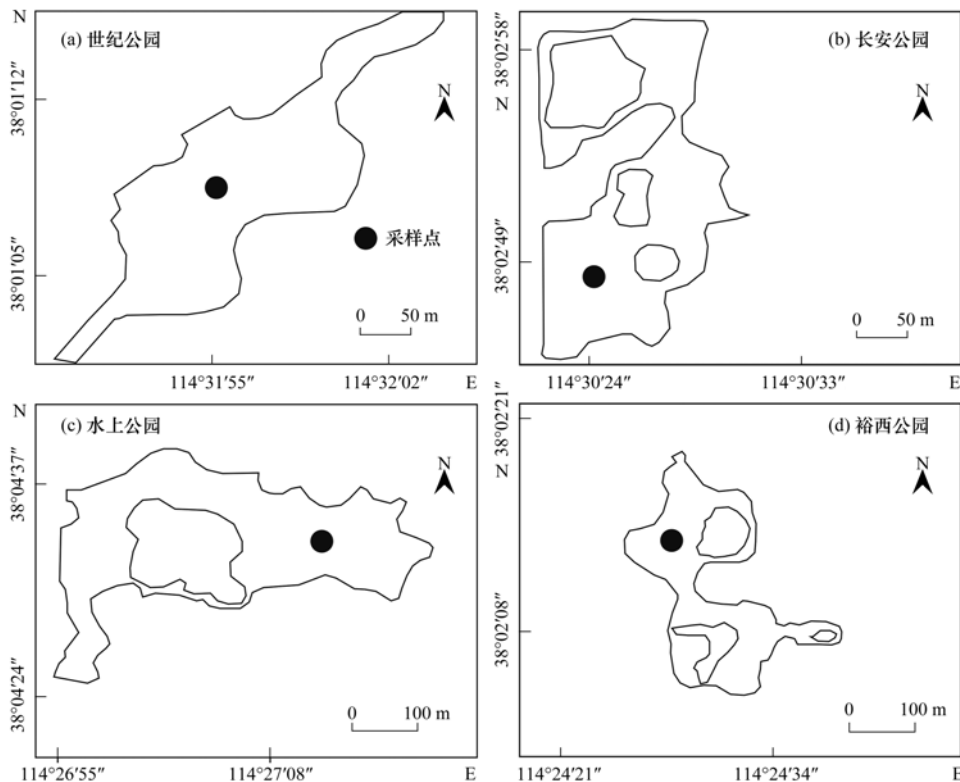


图 1 景观水体采样点示意

Fig. 1 Distribution of the sampling sites in landscape water

水质参数依据文献 [14] 的方法测定. 沉积物的氮分级依据文献 [15] 的方法测定, 并划分为离子交换态 (IEF)、弱酸可浸取态 (WAEF)、强碱可浸取态 (SAEF) 和强氧化剂可浸取态 (SOEF), 并测定不同形态氮——氨氮、硝氮、亚硝氮和总氮来进一步分析与反硝化群落的相关关系.

1.2 DNA 提取与高通量测序

将各采样点采集到的 1 L 水体样品用 0.22 μm 的醋酸纤维滤膜过滤, 并将滤膜和沉积物样品送至上海美吉生物科技有限公司进行水体和沉积物微生物反硝化群落的高通量测序. 本文利用 *nirS* 的引物为 cd3aF (5'-GTS AACGTS AAGGARACSGG- 3') 和 R3cdR (5'-GASTTCGRTGSGTCTTGA- 3') 对水体和沉积物的 *nirS* 基因进行 PCR 扩增^[16], PCR 反应体系和反应程序参照文献 [13] 执行. 微生物原始测序数据上传至 NCBI 的 SRA 登录号为 PRJNA647208.

1.3 微生物生信分析

使用 *vegan* 包计算 α 多样性的 Chao1 指数和 ACE 指数^[17], 香农指数和辛普森指数^[18] 和覆盖率指数^[19]; 通过主坐标分析 (PCoA) 和 Venn 图分析研究反硝化菌微生物群落的分布和差异; 基于方差膨胀因子 (VIF) 分析来判断环境因子的共线性, 筛选环境因子^[20], 并通过冗余分析 (RDA) 研究所选环境因子与微生物的关系^[21]; 基于层次聚类分析 (HP) 定量环境因子对微生物种群的影响^[22]. 选取 OTU 水平间的斯皮尔曼相关性 $|r| > 0.9$ 和显著性 $P < 0.001$ 的物种, 进行微生物群落的网络分析^[23], 并依据网络结构的相关参数来筛选关键物种^[24], 同时基于斯皮尔曼相关性分析探讨环境因子与微生物各个网络模块的关系^[25,26].

1.4 数据分析

本文使用 R 和 Rstudio 软件进行数据统计和绘图分析, 利用 Gephi 软件进行网络可视化绘图. 非参数多因素方差分析 (Adonis)、相似性分析 (Anosim) 和多响应置换过程分析 (MRPP) 来研究不同分组间微生物群落差异. 随机森林分析 (random forest analysis) 筛选影响微生物群落分布的关键环境因子.

2 结果与讨论

2.1 水体水质及沉积物氮素分析

景观水体各个季节主要水质参数和沉积物氮素如表 1 所示. 结果显示, 各个采样点水体 TN 季节间不存在显著差异, 但是同一季节内不同采样点差异较大; 其中春季 ρ (TN) 的均值最大, 达到 7.32 mg·L⁻¹; 夏季 ρ (TN) 的均值最小, 达到 3.14 mg·L⁻¹. 春季高锰酸盐指数的均值最大, 达到 8.51 mg·L⁻¹; 冬季高锰酸盐指数的均值最小, 达到 5.41 mg·L⁻¹. ρ (TP) 夏季最小 (0.02 mg·L⁻¹), 与春季和冬季存在显著差异 ($P < 0.05$); ω (IEF-TN)、 ω (SAEF-TN) 和 ω (SOEF-TN) 都不存在显著的季节差异, 其中 ω (IEF-TN) 夏季最小 (均值, 85.82 mg·kg⁻¹)、冬季最大 (均值, 403.68 mg·kg⁻¹), ω (SAEF-TN) 秋季最小 (均值, 259.95 mg·kg⁻¹)、春季最大 (均值, 335.62 mg·kg⁻¹), ω (SOEF-TN) 夏季最小、秋季最大. WAEF-TN 秋季与春季和冬季呈现显著差异 ($P < 0.05$), ω (WAEF-TN) 在氮分级中占比较高. 水体水质季节间存在显著差异 (Adonis, MRPP 和 Anosim, $P < 0.001$). 沉积物氮素在采样点间存在显著差异 (Adonis, MRPP 和 Anosim, $P < 0.01$).

表 1 景观水体主要水质参数和沉积物氮素指标¹⁾

Table 1 Water parameters and sediment nitrogen in landscape water							
季节	ρ (TN) /mg·L ⁻¹	ρ (TP) /mg·L ⁻¹	高锰酸盐指数 /mg·L ⁻¹	ω (IEF-TN) /mg·kg ⁻¹	ω (WAEF-TN) /mg·kg ⁻¹	ω (SAEF-TN) /mg·kg ⁻¹	ω (SOEF-TN) /mg·kg ⁻¹
春	7.32 ± 4.38a	0.08 ± 0.06a	8.51 ± 2.47a	159.18 ± 93.02a	2 463.3 ± 73.36a	335.62 ± 148.03a	1 173.38 ± 353.36a
夏	3.14 ± 1.07a	0.02 ± 0.01b	6.73 ± 2.81a	85.82 ± 35.58a	2 600.4 ± 44.46bc	286.15 ± 126.30a	1 094.73 ± 425.41a
秋	5.34 ± 2.08a	0.11 ± 0.15ab	7.27 ± 2.83a	359.86 ± 235.51a	2 623.7 ± 27.29c	259.95 ± 110.78a	1 384.56 ± 451.47a
冬	5.19 ± 4.15a	0.04 ± 0.02a	5.41 ± 2.20a	403.68 ± 251.84a	2 513.3 ± 51.71ab	262.01 ± 114.56a	1 302.74 ± 365.79a

1) 不同小写字母表示存在显著差异 ($P < 0.05$)

2.2 微生物 α 多样性分析

本研究进行了基于 α 多样性的主坐标分析、冗余分析以及层次聚类分析. 水体和沉积物 α 多样性的 PCoA 分析结果如图 2(a) 和图 2(b) 所示, 前两轴共同解释了总体变化的 70.45% 和 65.92%, 其中 PCoA1 起主要作用; 各季节和各采样点间不存在差异显著 ($P > 0.05$). 基于 VIF 分析筛选出影响

水体 α 多样性分布的主要环境因子为: T (VIF = 4.52)、 pH (VIF = 2.01)、 EC (VIF = 3.61)、 DO (VIF = 2.60)、 SD (VIF = 2.65) 和 NH_4^+-N (VIF = 2.57). 基于水体 α 多样性的 RDA 结果 [图 2(c)], RDA1 解释了总体变化的 62.98%, 在解释水体采样点 α 多样性分布中起主要作用, 其中环境因子 EC 、 DO 、 SD 以及 NH_4^+-N 与 RDA1 呈负相关 (相

关性系数为 $-0.92 \sim -0.97$); 环境因子 T 和 pH 与 $RDA1$ 呈正相关 (相关性系数为 $0.85 \sim 0.99$). 基于 VIF 分析筛选出影响沉积物 α 多样性分布的主要环境因子为 $WAEF-NH_4^+-N$ ($VIF = 1.01$) 和 $SOEF-NH_4^+-N$ ($VIF = 1.01$). 基于沉积物 α 多样性的 RDA 结果 [图 2(d)], $RDA1$ 解释了总体变化的 31.10%, 在解释沉积物采样点 α 多样性分布中起主要作用, 其中环境因子 $SOEF-NH_4^+-N$ 与 $RDA1$ 呈

正相关 (相关性系数为 0.98); 环境因子 $WAEF-NH_4^+-N$ 与 $RDA2$ 呈正相关 (相关性系数为 0.98). HP 分析显示影响水体 α 多样性分布的环境因子排序为: EC (20.6%) $> SD$ (16.2%) $> pH$ (10%) $> DO$ (7.6%) $> T$ (7.5%) $> NH_4^+-N$ (5.3%) [图 2(e)]; 影响沉积物 α 多样性分布的环境因子排序为: $SOEF-NH_4^+-N$ (29.8%) $> WAEF-NH_4^+-N$ (2%) [图 2(f)].

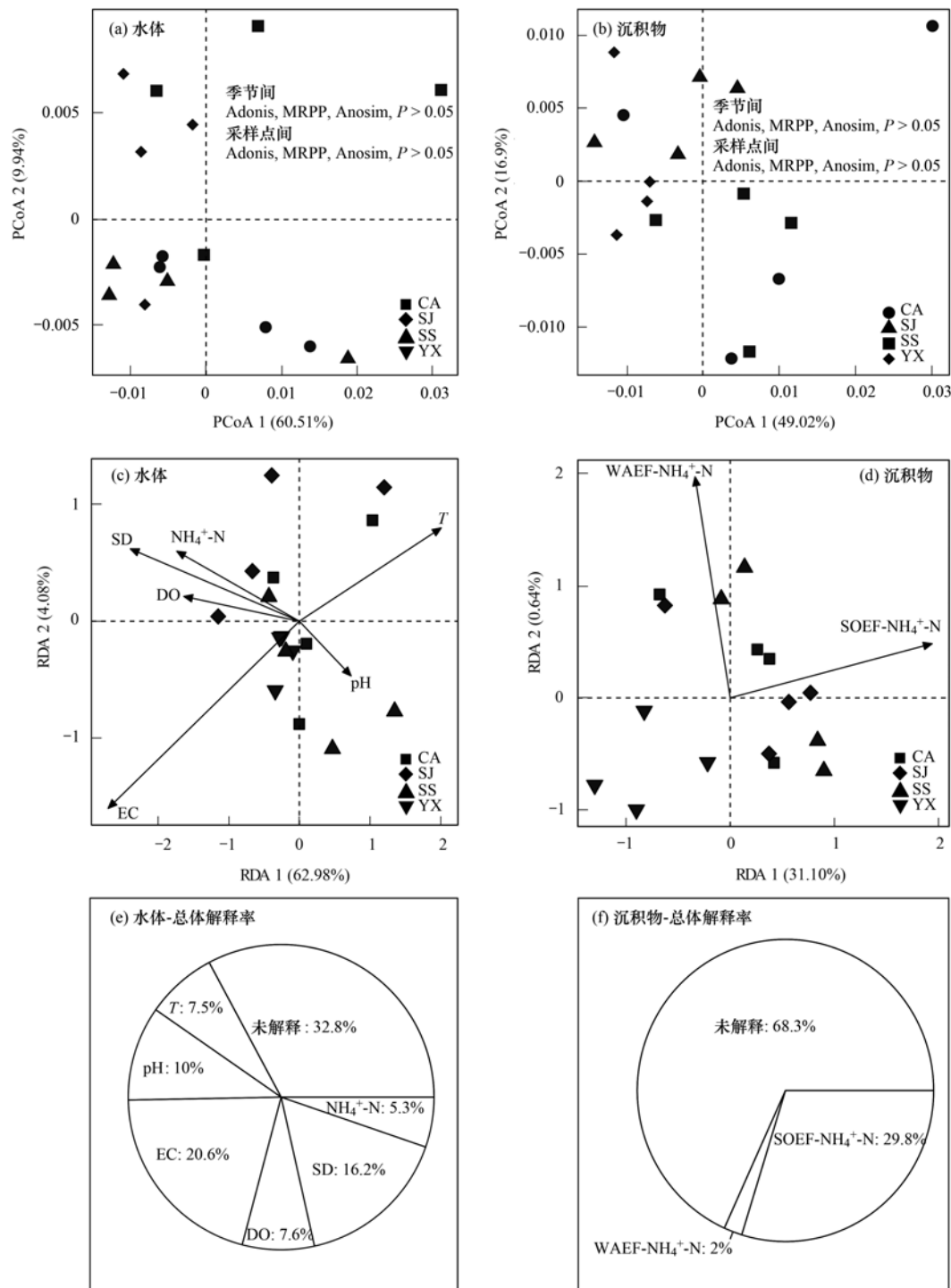


图 2 景观水体和沉积物 α 多样性的主坐标分析、冗余分析和层次聚类分析

Fig. 2 PCoA, RDA, and HP of the α -diversity of water and sediment in landscape water

2.3 细菌群落组成及 β 多样性分析

水体和沉积物反硝化菌都主要隶属于变形菌门 (Proteobacteria)、未分类 (unclassified_Bacteria) 和环境样本 (environmental_samples)。其中变形菌门在水体和沉积物中占比为 9.79% ~ 90.33% 和 20.51% ~ 87.51%。与此同时, 有研究表明变形菌门在氮素的物质循环中发挥重要作用^[27]。在变形菌门的纲水平上, β -Proteobacteria 为景观水体和沉积物中的主要类别, 占比为 3.05% ~ 49.07% 和 8.89% ~ 63.91%, 并且已有的研究表明大多反硝化脱氮菌隶属于 β -Proteobacteria^[28]。其次为 γ -Proteobacteria, 在景观水体和沉积物中的占比为 0% ~ 66.04% 和 0% ~ 15.02%, 并且被发现含盐废水反硝化过程中发挥关键作用^[29]。在属水平上 (图 3), *Dechloromonas* 是水体和沉积物中主要的属, 占比达到 0.17% ~ 28.22% 和 0.23% ~ 19.59%; *Pseudomonas* 在水体和沉积物中占比为 0% ~ 66.04% 和 0% ~ 15.02%; 未分类的占比较高, 包括 unclassified_ β -Proteobacteria (水体: 2.02% ~ 32.92%; 沉积物: 3.00% ~ 43.05%), unclassified_ Proteobacteria (水体: 5.31% ~ 33.08%; 沉积物: 2.39% ~ 69.64%), unclassified_ Bacteria (水体: 8.83% ~ 72.86%; 沉积物: 8.41% ~ 56.83%) 和 unclassified_ Rhodocyclaceae (水体: 0.30% ~ 10.33%; 沉积物: 1.91% ~ 15.50%);

environmental_samples 在水体和沉积物中占比为 0.83% ~ 31.96% 和 0.31% ~ 25.25%。此外丰度较低的物种还包括, 在水体 *Azospira* (0% ~ 1.39%)。在沉积物中: *Thauera* (0% ~ 4.62%)、*Rhodobacter* (0% ~ 15.05%)、*Rubrivivax* (0% ~ 7.28%)、*Leptothrix* (0% ~ 17.35%)、unclassified_ *Burkholderiales* (0% ~ 15.58%) 和 *Cupriavidus* (0% ~ 2.58%)。

Dechloromonas 是污水中生物脱氮的常见菌属^[30, 31], 比如, 在固相腐殖质的低温反硝化中 *Dechloromonas* 起着关键作用^[32]; 人工湿地反硝化中的主要菌^[33]; 水产养殖水处理系统中主要的好氧反硝化菌^[34]。*Thauera* 和 *Azoarcus* 能够利用芳烃作为碳源进行反硝化^[35, 36]; *Rubrivivax gelatinosus* 可以将亚硝态氮还原为氮气的反硝化菌^[37]; *Rhodobacter* 是活性污泥中重要的反硝化菌^[38]; *Azoarcus* 与 TN 的去除呈现显著正相关^[39]; *Burkholderiales* 是新型反硝化生物反应器中重要的反硝化菌^[40]; *Cupriavidus* sp. S1 是 1 株新型耐重金属的好氧反硝化菌^[41], *Cupriavidus* sp. HY129 是一种混合营养反硝化细菌, 可以修复地下水中的锰和硝酸盐^[42]; *Pseudomonas* 作为具有耐低温、耐贫营养和高脱氮效率的典型反硝化菌被广泛报道^[41, 43]。综上分析, 景观水体和沉积物中的主要菌属都为典型的反硝化菌。

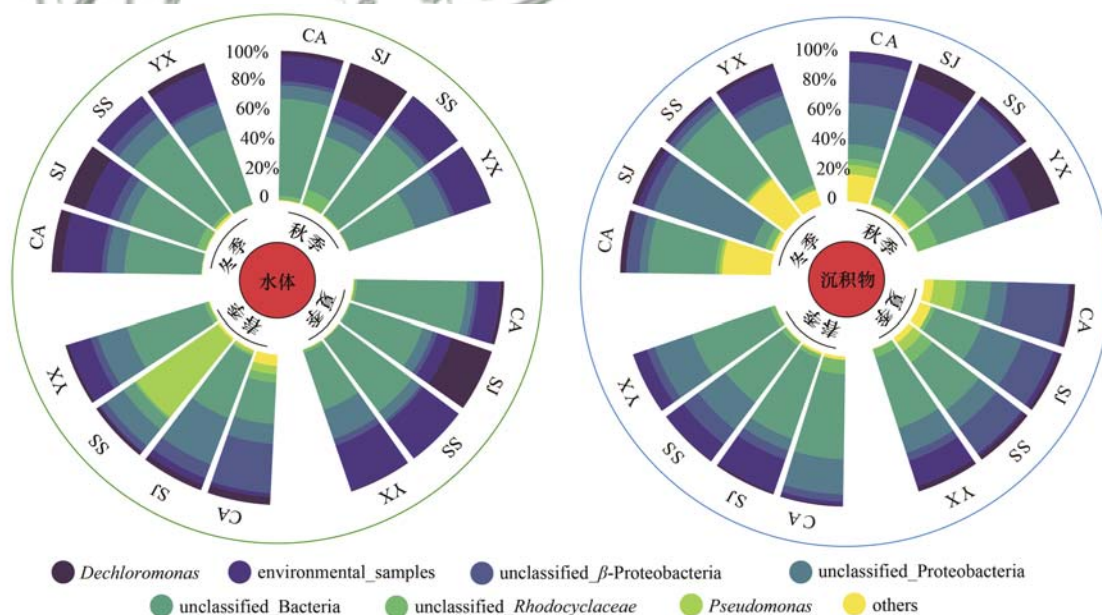


图3 景观水体和沉积物反硝化菌组成 (属水平)

Fig. 3 Community composition of denitrification bacteria for water and sediment in landscape water

与此同时, 本文通过韦恩图分析来研究景观水体和沉积物不同采样点反硝化菌群的差异。对水体反硝化菌来说 [图 4(a)]: 各个公园共有的 OTU 在季节间差异明显, 春季共有的 OTU 种类最多、达到

130 个, 夏季共有的 OTU 种类为 62 个, 秋季共有的 OTU 种类为 69 个, 冬季共有的 OTU 种类为 95 个; 春季各采样点独有的 OTU 种类排序为: YX > SJ > CA > SS, 夏季各采样点独有的 OTU 种类排序为:

YX > SJ > CA > SS, 秋季各采样点独有的 OTU 种类排序为: SJ > YX > CA > SS, 冬季各采样点独有的 OTU 种类排序为: SJ > YX > SS > CA. 对沉积物反硝化菌来说[图 4(b)]: 各个公园共有的 OTU 在季节间差异明显, 春季共有的 OTU 种类最多、达到 136 个, 夏季共有的 OTU 种类为 21 个, 秋季共有的 OTU 种类为 51 个, 冬季共有的 OTU 种类为 16 个; 春季各采样点独有的 OTU 种类排序为: SJ > YX > CA > SS, 夏季各采样点独有的 OTU 种类排序为: YX > SJ > SS > CA, 秋季各采样点独有的 OTU 种类排序为: YX > CA > SS > SJ, 冬季各采样点独有的 OTU

种类排序为: YX > SJ > SS > CA.

不同季节间反硝化菌差异分析见图 5, 水体反硝化菌不同季节间独有的 OTU 种类差异明显, 春季独有的 OTU 种类为 532 个, 夏季独有的 OTU 种类为 27 个, 秋季独有的 OTU 种类为 67 个, 冬季独有的 OTU 种类为 122 个, 各个季节共有的 OTU 种类为 653 个. 沉积物反硝化菌不同季节间独有的 OTU 种类差异明显, 春季独有的 OTU 种类为 436 个, 夏季独有的 OTU 种类为 287 个, 秋季独有的 OTU 种类为 180 个, 冬季独有的 OTU 种类为 132 个, 各个季节共有的 OTU 种类为 461 个.

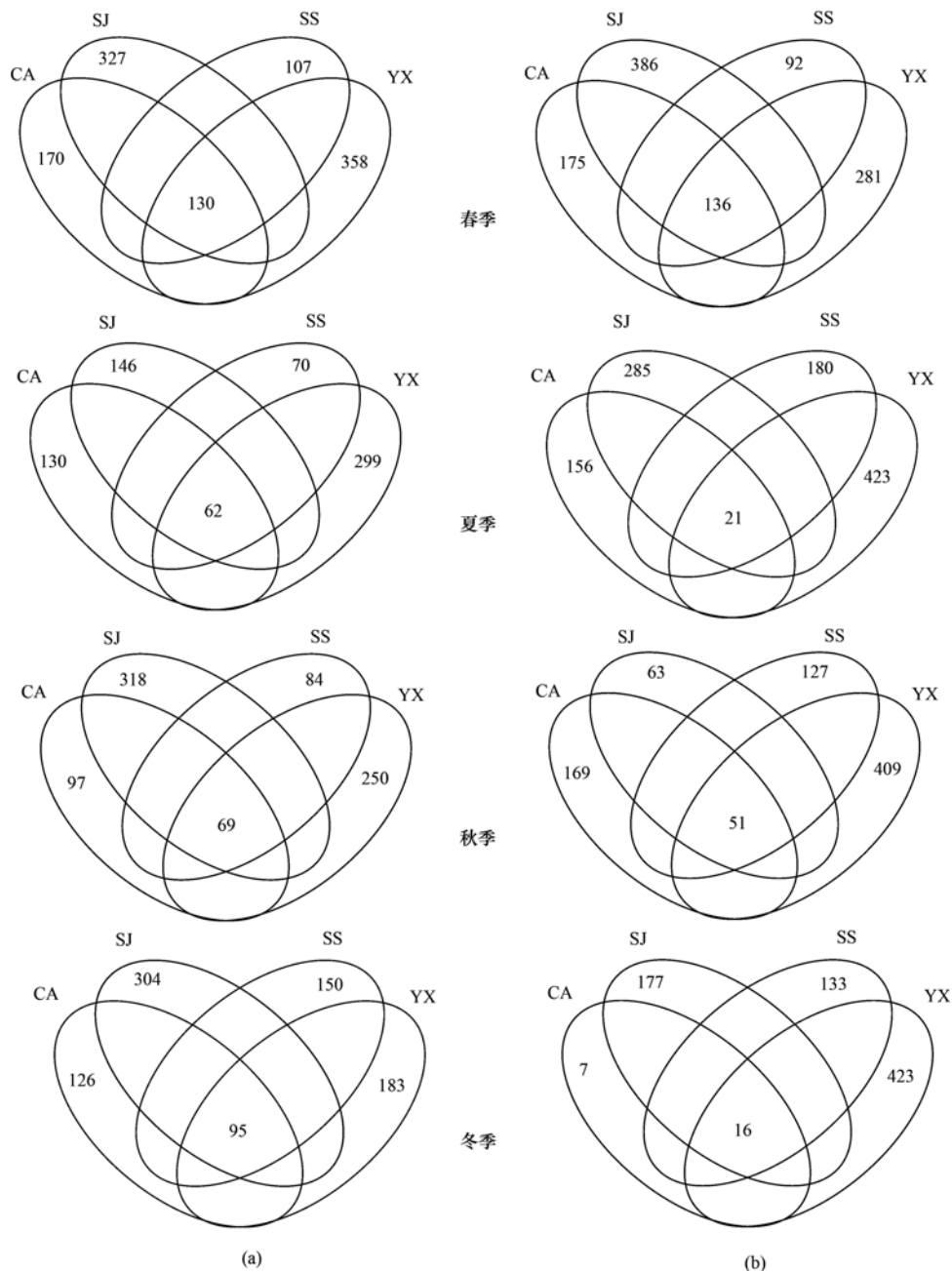


图 4 景观水体和沉积物反硝化菌的韦恩图分析

Fig. 4 Venn analysis of different sampling sites for water and sediment denitrification bacteria in landscape water

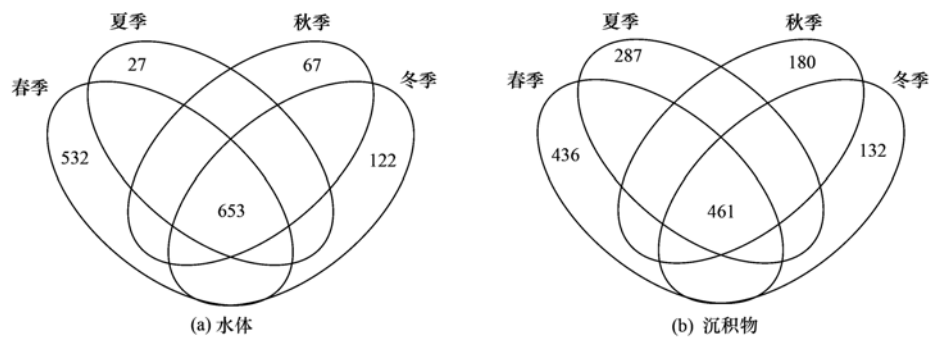


图5 景观水体和沉积物反硝化菌季节间韦恩图分析

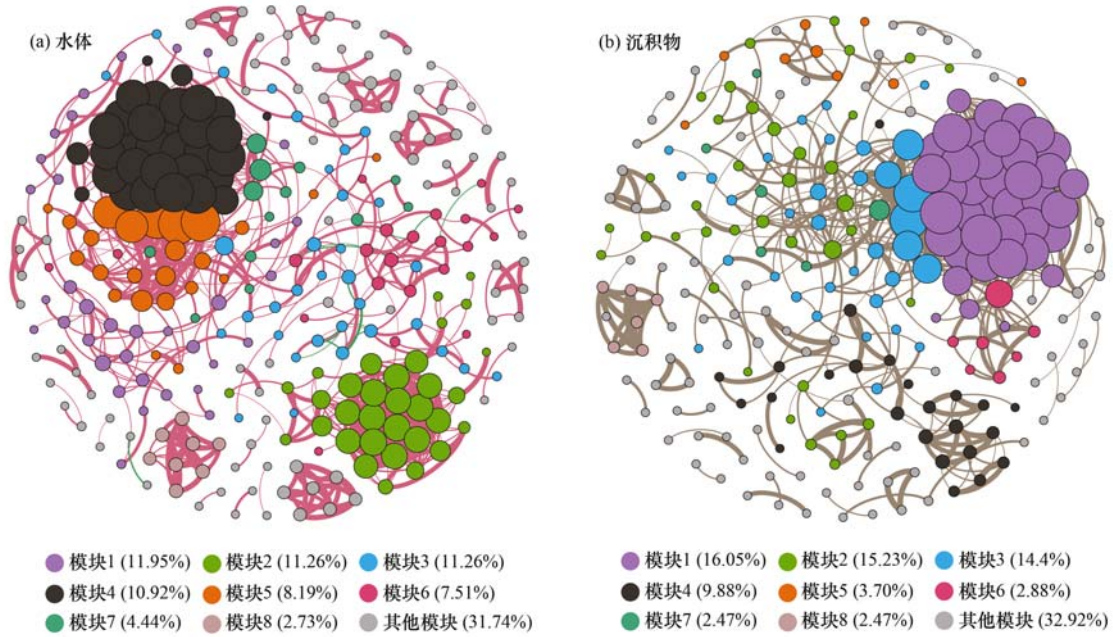
Fig. 5 Venn analysis of different seasons for water and sediment denitrification bacteria in landscape water

2.4 微生物网络分析

水体微生物网络结果表明 [图 6(a)]: 水体反硝化微生物网络结构中包含 293 个节点和1 127 条边, 其中正向作用的边占比最大(98.85%); 网络结构的模块性为 0.66, 大于 0.4 表明构建的水体反硝化微生物网络具有良好的模块结构^[44]; 本网络相关模块的物种占比如图 6(a)所示, 其中模块 1 占比最大 (11.95%)。网络分析各模块与水质参数的相关性分析显示 [图 7(a)], 大多环境因子与模块呈现负相关, 高锰酸盐指数与模块 1、模块 2、模块 4、模块 5 和其他模块呈现显著负相关 ($P < 0.05$), 与模块 3、模块 6、模块 7 和模块 8 呈现显著正相关 ($P < 0.01$)。与此同时, 网络分析共得到 99 个关键物种 OTU, 依据关键物种 OTU 占比各模块的排序为: 模块 4 (30 个) > 模块 2 (22 个) > 模块 5 (16 个) > 模块 8 (8 个) = 其他模块 (8 个) > 模块 1 (7

个) > 模块 6 (3 个) = 模块 7 (3 个) > 模块 3 (1 个)。关键物种 OTU 主要为 *Dechloromonas*、*Pseudomonas*、*Rhodobacter*、*unclassified_Rhodocyclaceae*、*unclassified_Burkholderiales*、*unclassified_Betaproteobacteria*、*environmental_samples*、*unclassified_Bacteria* 和 *unclassified_Proteobacteria*。关键物种的 PCoA 分析显示 [图 8(a)], PCoA1 和 PCoA2 共解释了总体变化的 65.51%, 季节间不存在显著差异, 采样点间存在显著差异 (Adonis, MRPP 和 Anosim, $P < 0.001$)。

沉积物微生物网络结果表明 [图 6(b)]: 沉积物反硝化微生物网络结构中包含 243 个节点和 1060 条边, 其中正向作用的边占比达到 100%; 网络结构的模块性为 0.42, 表明构建的沉积物反硝化微生物网络也具有良好的模块结构; 本网络相关模块的物种占比如图 6(b)所示, 其中模块 1 占比最大



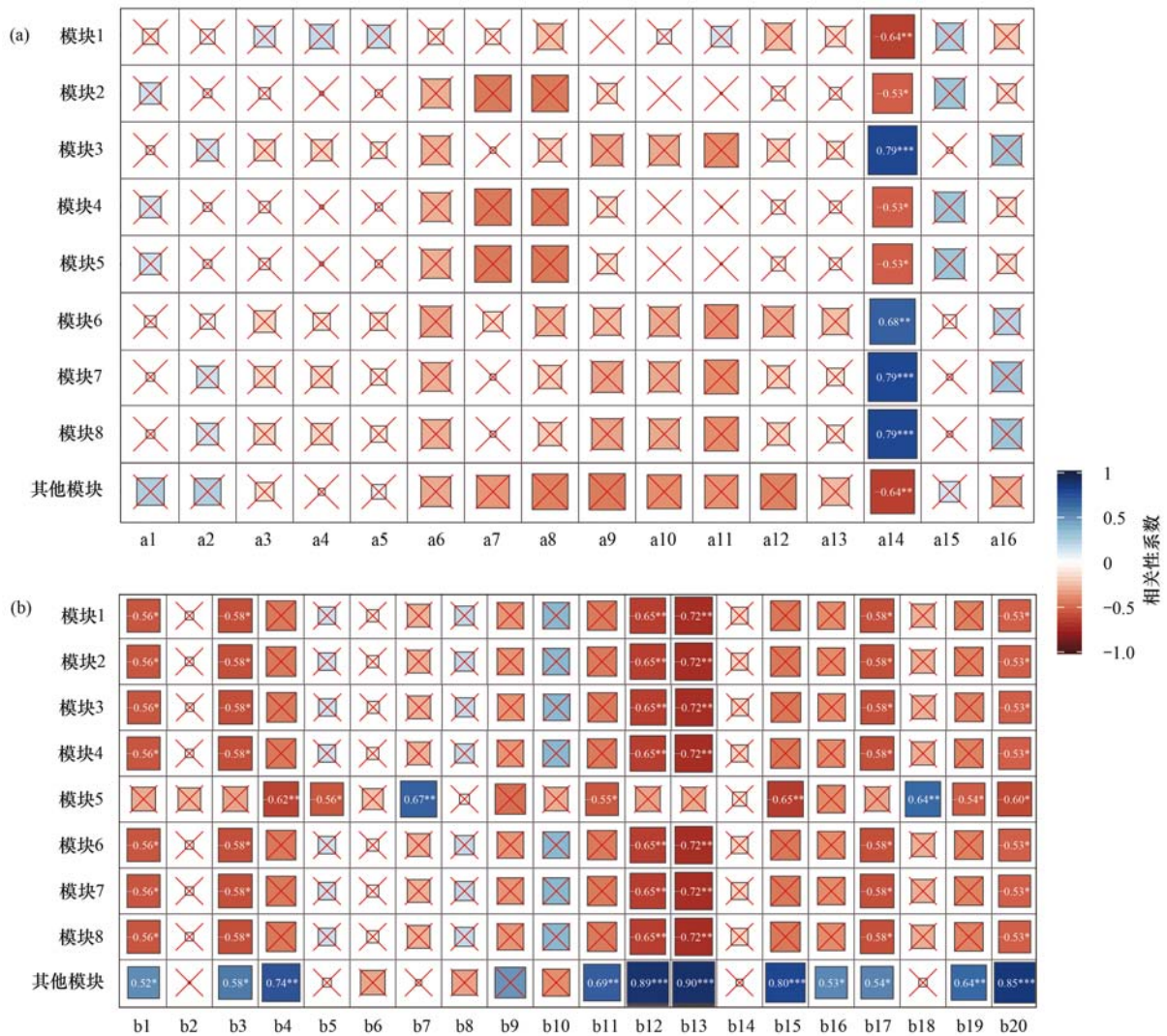
网络中节点的大小正比于网络结构中节点的度, 节点间红色的线表示两节点相关关系为正, 节点间绿色的线表示两节点相关关系为负, 节点间线的宽度正比于两节点的相关系数的绝对值

图6 景观水体和沉积物反硝化菌微生物网络分析

Fig. 6 Network analysis of denitrification bacteria for water and sediment in landscape water

(16.05%)。网络分析各模块与沉积物氮素的相关性分析显示 [图 7(b)], 大多环境因子与模块呈现负相关, IEF-NH₄⁺-N、IEF-NO₃⁻-N、SAEF-OrgN、SOEF-NH₄⁺-N、IEF-TN 和 SOEF-TN 与模块 1、模块 2、模块 3、模块 4、模块 6、模块 7 和模块 8 呈现显著负相关 (R 为 0.53 ~ 0.72, $P < 0.05$), 模块 5 与 IEF-OrgN、WAEF-NH₄⁺-N、SAEF-NO₃⁻-N、SOEF-NO₃⁻-N、SAEF-TN 和 SOEF-TN 呈现显著负相关 ($P < 0.01$), 其他模块与沉积物氮素呈现显著正相关 ($P < 0.05$)。与此同时, 网络分析共得到 63 个关键

物种 OTU, 依据关键物种 OTU 占比各模块的排序为: 模块 1(37 个) > 模块 4(9 个) > 模块 3(8 个) > 模块 2(5 个) > 模块 6(3 个) > 模块 7(1 个)。关键物种 OTU 主要为 *unclassified_Rhodocyclaceae*、*Dechloromonas*、*environmental_samples*、*unclassified_Betaproteobacteria*、*unclassified_Bacteria* 和 *unclassified_Proteobacteria*。关键物种的 PCoA 分析显示 [图 8(b)], PCoA1 和 PCoA2 共解释了总体变化的 55.44%, 季节间不存在显著差异 ($P > 0.05$), 采样点间也不存在显著差异 ($P > 0.05$)。



(a) 水体, a1. T , a2. pH , a3. ORP , a4. EC , a5. DO , a6. SD , a7. NH_4^+ -N, a8. NO_2^- -N, a9. NO_3^- -N, a10. TN , a11. TDN , a12. TP , a13. TDP , a14. 高锰酸盐指数, a15. Fe , a16. Mn ; (b) 沉积物, b1. IEF-NH₄⁺-N, b2. IEF-NO₂⁻-N, b3. IEF-NO₃⁻-N, b4. IEF-OrgN, b5. WAEF-NH₄⁺-N, b6. WAEF-NO₂⁻-N, b7. WAEF-NO₃⁻-N, b8. WAEF-OrgN, b9. SAEF-NH₄⁺-N, b10. SAEF-NO₂⁻-N, b11. SAEF-NO₃⁻-N, b12. SAEF-OrgN, b13. SOEF-NH₄⁺-N, b14. SOEF-NO₂⁻-N, b15. SOEF-NO₃⁻-N, b16. SOEF-OrgN, b17. IEF-TN, b18. WAEF-TN, b19. SAEF-TN, b20. SOEF-TN; * 表示差异水平 $P < 0.05$, ** 表示差异水平 $P < 0.01$, *** 表示差异水平 $P < 0.001$

图 7 景观水体和沉积物反硝化菌微生物网络模块与环境因子相关性分析

Fig. 7 Correlation analysis between microbial modules of denitrification bacteria for water and sediment and environment factors in landscape water

2.5 环境因子与微生物群落的关系

本研究基于 OTU 水平的 RDA 分析研究环境因

子对景观水体和沉积物反硝化菌群落的影响。RDA 结果表明 [图 9(a)], T ($VIF = 1.95$)、 NH_4^+ -N

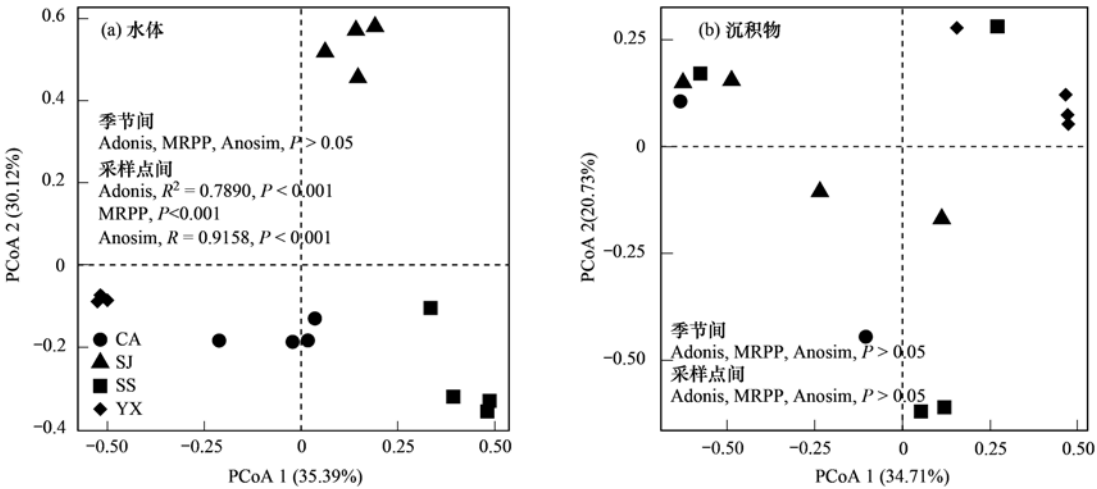


图 8 景观水体和沉积物反硝化菌关键物种的主坐标分析

Fig. 8 PCoA of keystone denitrification bacteria for water and sediment in landscape water

(VIF = 2.44)、 NO_3^- -N (VIF = 1.41)、TP (VIF = 1.29)、高锰酸盐指数 (VIF = 1.87) 和总锰 (VIF = 1.78) 是影响水体反硝化群落分布的主要因素，RDA1 和 RDA2 共解释了总体变化的 39.38%，其

中环境因子 NO_3^- -N 与 RDA1 呈正相关 (相关性系数为 0.91)；各影响因子中高锰酸盐指数和 TP 的影响最大，达到 19.7% 和 10.3%。如图 9(b) 所示，SAEF- OrgN (VIF = 3.07)、WAEF- NO_3^- -N (VIF =

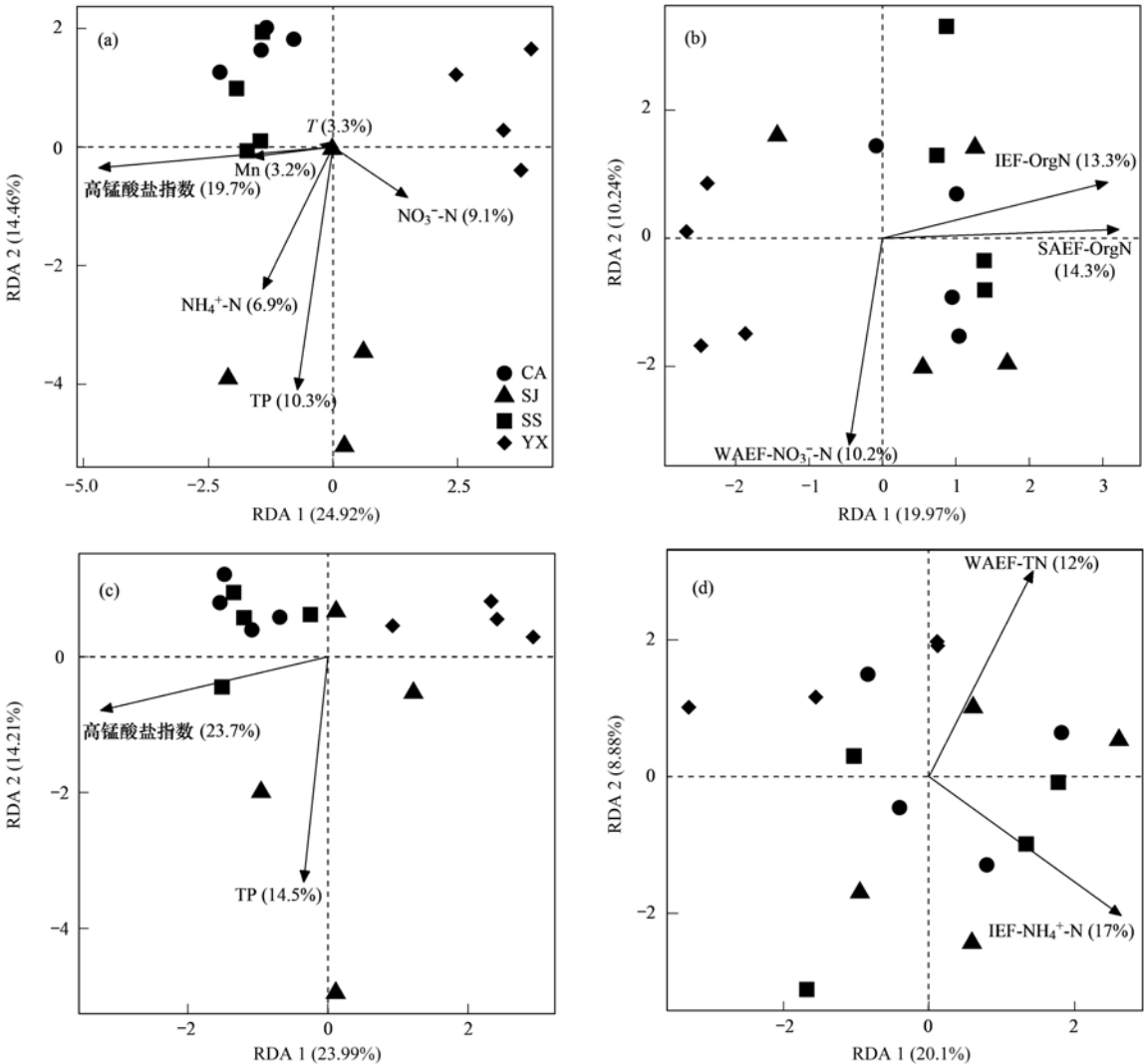


图 9 景观水体和沉积物全部和关键物种反硝化菌与环境因子的冗余分析

Fig. 9 RDA of whole and keystone denitrification bacteria for water and sediment in landscape water

1.11) 和 IEF-OrgN ($VIF = 3.23$) 是影响沉积物反硝化群落分布的主要因素; RDA1 和 RDA2 共解释了总体变化的 30.21%, 其中环境因子 IEF-OrgN 和 SAEF-OrgN 与 RDA1 呈正相关 (相关性系数为 0.97 ~ 1.00), WAEF- NO_3^- -N 与 RDA2 呈负相关 (相关性系数为 -0.99); 其中影响程度排序为: SAEF-OrgN (14.3%) > IEF-OrgN (13.3%) > WAEF- NO_3^- -N (10.2%)。

与此同时, 本文探讨了环境因子对水体和沉积物反硝化菌群中关键物种的影响。结果显示: 水体反硝化菌关键群落 RDA1 和 RDA2 共同解释了总体变化的 38.2%, 高锰酸盐指数 ($VIF = 1.13$) 和 TP ($VIF = 1.13$) 是其主要的环境因子, 其解释率达到 23.7% 和 14.5% [图 9(c)]; 沉积物反硝化菌关键群落 RDA1 和 RDA2 共同解释了总体变化的 28.98%, IEF- NH_4^+ -N ($VIF = 1.05$) 和 WAEF-TN ($VIF = 1.05$) 是其主要的环境因子, 其解释率达到 17% 和 12% [图 9(d)]。

随机森林结果显示, NO_3^- -N ($P < 0.05$) 是影响水体 α 多样性中 ACE 的主要环境因子, 高锰酸盐指数是影响水体 α 多样性中 Shannon ($P > 0.05$) 和 β 多样性中 PCoA1 ($P < 0.05$) 的主要环境因子, TP ($P < 0.05$) 是影响水体 β 多样性中 PCoA2 的主要环境因子 [图 10(a)]。与 RDA 分析得出高锰酸盐指数和 TP 是影响水体反硝化菌群分布的主要结论相一致。该结论与康鹏亮等^[5, 45] 的研究指出高锰酸盐指数是影响新纪元公园和木塔寺公园水体 *nirS* 型反硝化细菌种群结构的显著因素, TP 是影响劳动公园和丰庆公园水体 *nirS* 型反硝化细菌的种群结构的显著因素相一致; 同时, TP 作为影响水体反硝化菌群分布的重要因素与包头南海湖中的结论相吻合^[12]; 但是, 本文结论与影响汾河下游水体 *nirS* 型反硝化细菌群落的主要影响因子为无机氮的结论不同^[10]。对于沉积物而言, SOEF- NH_4^+ -N ($P < 0.05$)、IEF-OrgN ($P < 0.05$) 和 IEF- NH_4^+ -N ($P < 0.05$) 是影响水体 α 多样性中 ACE 的主要环境因

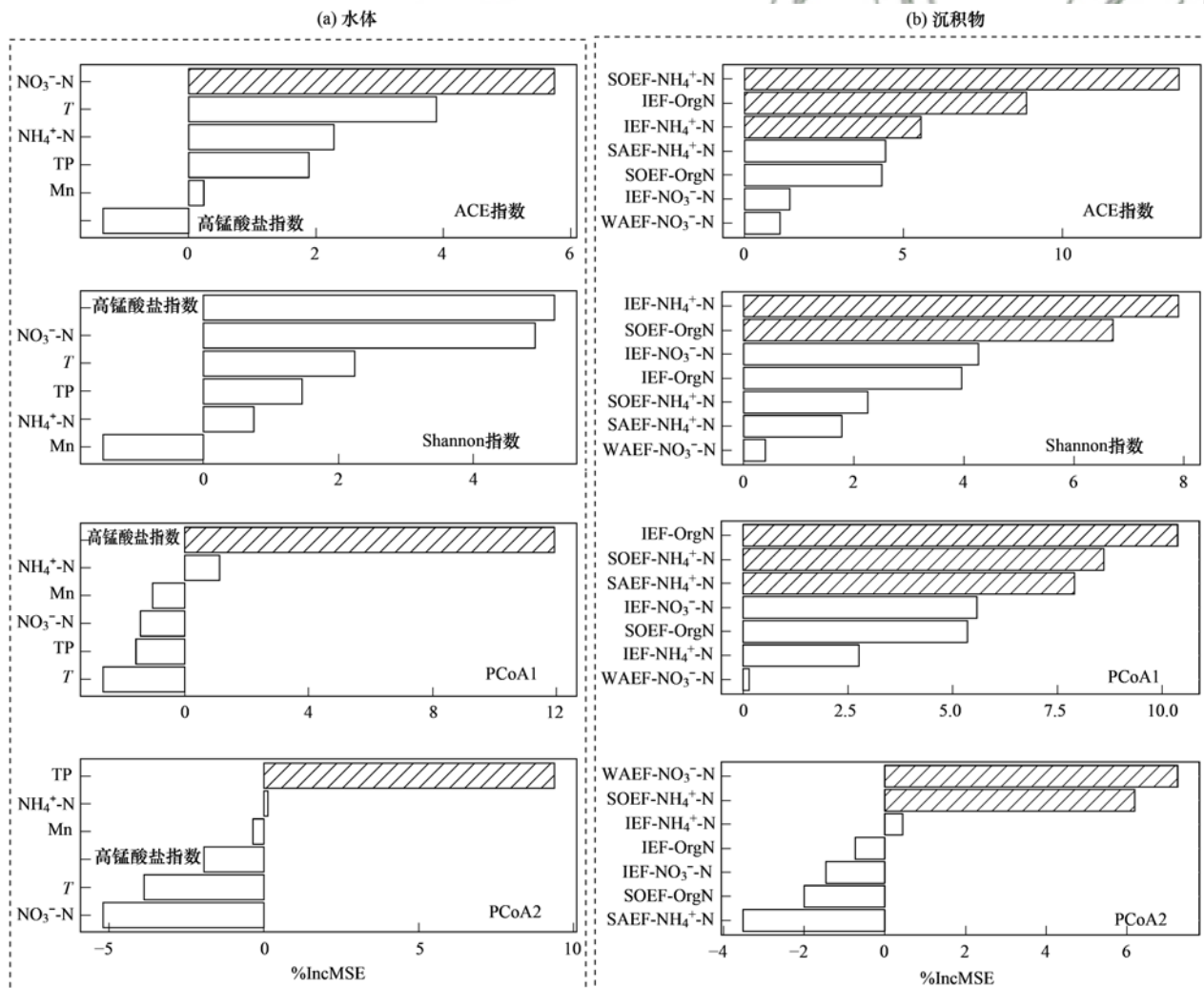


图 10 景观水体和沉积物反硝化菌的随机森林分析

Fig. 10 Random forest analysis of denitrification bacteria for water and sediment in landscape water

子, IEF-NH₄⁺-N ($P < 0.05$) 和 SOEF-OrgN ($P < 0.05$) 是影响水体 α 多样性中 Shannon 的主要环境因子, IEF-OrgN ($P < 0.05$)、SOEF-NH₄⁺-N ($P < 0.05$) 和 SAEF-NH₄⁺-N ($P < 0.05$) 是影响沉积物 β 多样性中 PCoA1 的主要环境因子, WAEF-NO₃⁻-N ($P < 0.05$) 和 SOEF-NH₄⁺-N ($P < 0.05$) 是影响沉积物 β 多样性中 PCoA2 的主要环境因子 [图 10 (b)]. 与 RDA 分析得出 IEF-NH₄⁺-N 以及 WAEF-NO₃⁻-N 是影响沉积物反硝化菌群落分布的重要环境因子的结论相吻合. 张欣泉等^[46]的研究发现, 沉积物总氮含量是影响沉积物反硝化菌丰度的重要因素, 间接说明了氮素是影响反硝化菌的重要环境因素. 毛铁墙等^[47]的研究发现硝酸盐显著影响湛江湾反硝化细菌群落结构. 以上相关研究说明氮素对反硝化菌群落存在重要影响, 本文得到的离子提取态氮和弱酸浸取态氮对沉积物反硝化菌群落影响较大, 可能与这两种氮作为可转化氮, 易被微生物利用有关, 对于本文结论会在将来的研究中进一步分析发生的内在机制.

3 结论

(1) 景观水体水质参数空间差异不显著 ($P > 0.05$), 季节差异显著 ($P < 0.001$); 沉积物氮素空间差异显著 ($P < 0.001$), 季节差异不显著 ($P > 0.05$). 水体和沉积物 α 多样性的季节差异和空间差异都不显著 ($P > 0.05$), EC 和 SOEF-NH₄⁺-N 分别是影响水体和沉积物 α 多样性分布的主要环境因子.

(2) 景观水体和沉积物的反硝化菌主要包括: *Dechloromonas*、*Rhodocyclaceae*、*Pseudomonas*、*Rhodobacter* 和 *Thauera*. 水体和沉积物反硝化菌呈现出显著的空间差异 ($P < 0.001$). 高锰酸盐指数与水体微生物网络模块呈现显著相关; 沉积物各氮素与沉积物微生物网络模块大多呈现负相关; 筛选得到的水体关键物种呈现显著的空间差异 ($P < 0.001$).

(4) RDA 以及随机森林分析表明, 高锰酸盐指数和 TP 是影响水体反硝化群落和关键物种的主要环境因子; SOEF-NH₄⁺-N、IEF-NH₄⁺-N 和 WAEF-NO₃⁻-N 是影响水体反硝化群落和关键物种的主要环境因子.

参考文献:

[1] 李如忠, 陈慧, 刘超, 等. 合肥环城公园景观水体水质特征及环境质量评价[J]. 环境科学学报, 2020, **40**(3): 1121-1129.
Li R Z, Chen H, Liu C, et al. Water quality characteristics and environmental quality assessment of landscape water in the round-

city-park in Hefei[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2020, **40**(3): 1121-1129.
[2] 汪嘉杨, 郭倩, 余静, 等. 城市景观水体富营养化评价的升半 Γ 型分布指数公式[J]. 环境科学学报, 2017, **37**(3): 1162-1168.
Wang J Y, Guo Q, Yu J, et al. Eutrophication evaluation for urban landscape waters based on semi- Γ type distribution function [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2017, **37**(3): 1162-1168.
[3] 李飞鹏, 张海平, 陈玲. 小型封闭水体环境因子与叶绿素 a 的时空分布及相关性研究[J]. 环境科学, 2013, **34**(10): 3854-3861.
Li F P, Zhang H P, Chen L. Temporal and spatial distribution of environmental factors and chlorophyll-a and their correlation analysis in a small enclosed lake[J]. Environmental Science, 2013, **34**(10): 3854-3861.
[4] 李励, 郭兴芳, 郑兴灿, 等. 城市景观水环境监测及富营养化评价——以天津市 5 处景观水体为例[J]. 环境保护科学, 2020, **46**(6): 129-132, 148.
Li M, Guo X F, Zheng X C, et al. Environment monitoring and eutrophication evaluation of urban scenic water body——Taking five scenic water bodies in Tianjin as examples [J]. Environmental Protection Science, 2020, **46**(6): 129-132, 148.
[5] 康鹏亮, 黄廷林, 张海涵, 等. 西安市典型景观水体水质及反硝化细菌种群结构[J]. 环境科学, 2017, **38**(12): 5174-5183.
Kang P L, Huang T L, Zhang H H, et al. Water quality and diversity of denitrifier community structure of typical scenic water bodies in Xi'an[J]. Environmental Science, 2017, **38**(12): 5174-5183.
[6] 张旭志, 杨倩倩, 赵俊, 等. 反硝化功能基因 *nirS* 和 *nirK* 及其检测技术研究进展[J]. 微生物学杂志, 2018, **38**(4): 84-91.
Zhang X Z, Yang Q Q, Zhao J, et al. Advances in denitrification functional gene *nirS* and *nirK* and their detection technology[J]. 2018, **38**(4): 84-91.
[7] 曹乾斌, 王邵军, 陈国昆, 等. 不同恢复阶段热带森林土壤 *nirS* 型反硝化微生物群落结构及多样性特征[J]. 生态学报, 2021, **41**(2): 626-636.
Cao Q B, Wang S J, Chen M K, et al. The structure and diversity of *nirS*-denitrifying microbial community across three restoration stages of Xishuangbanna tropical forests [J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, **41**(2): 626-636.
[8] Fozia, Zheng Y L, Hou L J, et al. Community dynamics and activity of *nirS*-harboring denitrifiers in sediments of the Indus River Estuary[J]. Marine Pollution Bulletin, 2020, **153**, doi: 10.1016/j.marpolbul.2020.110971.
[9] Zhang H H, Zhao Z F, Chen S N, et al. Geographical patterns of denitrifying bacterial communities associated with different urban lakes[J]. RSC Advances, 2018, **8**(31): 17079-17090.
[10] 汪银龙, 冯民权, 董向前. 汾河下游水体 *nirS* 型反硝化细菌群落组成与无机氮关系[J]. 环境科学, 2019, **40**(8): 3596-3603.
Wang Y L, Feng M Q, Dong X Q. Community composition of *nirS*-type denitrifying bacteria in the waters of the lower reaches of the Fenhe river and its relationship with inorganic nitrogen[J]. Environmental Science, 2019, **40**(8): 3596-3603.
[11] 梁伟光, 黄廷林, 张海涵, 等. 李家河水库春季分层期 *nirS* 型反硝化菌群特征分析[J]. 环境科学, 2022, **43**(1): 306-313.
Liang W G, Huang T L, Zhang H H, et al. Characteristic

- analysis of *nirS* denitrifying bacteria community in lijiahe reservoir during stratification[J]. Environmental Science, 2022, **43**(1): 306-313.
- [12] 杨文焕, 石大钧, 张元, 等. 高原湖泊沉积物中反硝化微生物的群落特征——以包头南海湖为例[J]. 中国环境科学, 2020, **40**(1): 431-438.
- Yang W H, Shi D J, Zhang Y, *et al.* Community characteristics of denitrifying microorganisms in plateau lake sediments—taking Nanhaihu lake as example [J]. China Environmental Science, 2020, **40**(1): 431-438.
- [13] 张艺冉, 李再兴, 孙悦, 等. 石家庄市春季景观水体 *nirS* 型反硝化细菌群落特征分析[J]. 环境科学, 2019, **40**(7): 3295-3303.
- Zhang Y R, Li Z X, Sun Y, *et al.* Community structure characteristics of *nirS* denitrifying bacteria of spring typical parkland waterbodies in Shijiazhuang city [J]. Environmental Science, 2019, **40**(7): 3295-3303.
- [14] 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.
- [15] Zhou S L, Sun Y, Li Z X, *et al.* Characteristics and driving factors of the aerobic denitrifying microbial community in Baiyangdian Lake, Xiong'an New Area [J]. Microorganisms, 2020, **8**(5), doi: 10.3390/microorganisms8050714.
- [16] Palmer K, Biasi C, Horn M A. Contrasting denitrifier communities relate to contrasting N_2O emission patterns from acidic peat soils in arctic tundra[J]. The ISME Journal, 2012, **6**(5): 1058-1077.
- [17] Rogers M B, Firek B, Shi M, *et al.* Disruption of the microbiota across multiple body sites in critically ill children [J]. Microbiome, 2016, **4**(1): 66.
- [18] Chen B S, Teh B S, Sun C, *et al.* Biodiversity and activity of the gut microbiota across the life history of the insect herbivore *Spodoptera litoralis*[J]. Scientific Reports, 2016, **6**, doi: 10.1038/srep29505.
- [19] Xin X D, He J G, Wang Y F, *et al.* Role of aeration intensity on performance and microbial community profiles in a sequencing batch reaction kettle (SBRK) for wastewater nutrients rapid removal[J]. Bioresource Technology, 2016, **201**: 140-147.
- [20] Joshi D R, Zhang Y, Gao Y X, *et al.* Biotransformation of nitrogen-and sulfur-containing pollutants during coking wastewater treatment: correspondence of performance to microbial community functional structure[J]. Water Research, 2017, **121**: 338-348.
- [21] Kernan M R, Helliwell R C. Partitioning the variation within the acid neutralizing capacity of surface waters in Scotland in relation to land cover, soil and atmospheric depositional factors [J]. Science of the Total Environment, 2001, **265**(1-3): 39-49.
- [22] Lai J S, Peres-Neto P. Rdacca. hp: Hierarchical partitioning for canonical analysis. R package version 0. 1. 0 [EB/OL]. <https://CRAN.R-project.org/package=rdacca.hp>, 2020-12-04.
- [23] Sun W M, Xiao E Z, Pu Z L, *et al.* Paddy soil microbial communities driven by environment- and microbe-microbe interactions: a case study of elevation-resolved microbial communities in a rice terrace [J]. Science of the Total Environment, 2018, **612**: 884-893.
- [24] Li Y, Wu H N, Shen Y, *et al.* Statistical determination of crucial taxa indicative of pollution gradients in sediments of Lake Taihu, China [J]. Environmental Pollution, 2019, **246**: 753-762.
- [25] De Menezes A B, Prendergast-Miller M T, Richardson A E, *et al.* Network analysis reveals that bacteria and fungi form modules that correlate independently with soil parameters [J]. Environmental Microbiology, 2015, **17**(8): 2677-2689.
- [26] Zhang B G, Zhang J, Liu Y, *et al.* Co-occurrence patterns of soybean rhizosphere microbiome at a continental scale [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, **118**: 178-186.
- [27] Hou L F, Zhou Q, Wu Q P, *et al.* Spatiotemporal changes in bacterial community and microbial activity in a full-scale drinking water treatment plant [J]. Science of the Total Environment, 2018, **625**: 449-459.
- [28] Gao J, Duan Y, Liu Y, *et al.* Long-and short-chain AHLs affect AOA and AOB microbial community composition and ammonia oxidation rate in activated sludge [J]. Journal of Environmental Sciences, 2019, **78**: 53-62.
- [29] Miao Y, Liao R H, Zhang X X, *et al.* Metagenomic insights into salinity effect on diversity and abundance of denitrifying bacteria and genes in an expanded granular sludge bed reactor treating high-nitrate wastewater [J]. Chemical Engineering Journal, 2015, **277**: 116-123.
- [30] Wang W H, Wang Y, Fan P, *et al.* Effect of calcium peroxide on the water quality and bacterium community of sediment in black-odor water [J]. Environmental Pollution, 2019, **248**: 18-27.
- [31] 李雨平, 姜莹莹, 刘宝明, 等. 过氧化钙 (CaO_2) 联合生物炭对河道底泥的修复 [J]. 环境科学, 2020, **41**(8): 3629-3636.
- Li Y P, Jiang Y Y, Liu B M, *et al.* Restoration of river sediment by calcium peroxide (CaO_2) combined with biochar [J]. Environmental Science, 2020, **41**(8): 3629-3636.
- [32] Xiao Z X, Zhang L, Li Z L, *et al.* Enhanced low-temperature denitrification by microbial consortium using solid-phase humin [J]. Environmental Research, 2021, **196**, doi: 10.1016/j.envres.2020.110392.
- [33] Fan C Z, He S B, Wu S Q, *et al.* Improved denitrification in surface flow constructed wetland planted with *calamus* [J]. Journal of Cleaner Production, 2021, **291**, doi: 10.1016/j.jclepro.2021.125944.
- [34] Deng M, Li L, Dai Z L, *et al.* Aerobic denitrification affects gaseous nitrogen loss in biofloc-based recirculating aquaculture system [J]. Aquaculture, 2020, **529**, doi: 10.1016/j.aquaculture.2020.735686.
- [35] Callaghan A V, Davidova I A, Savage-Ashlock K, *et al.* Diversity of benzyl-and alkylsuccinate synthase genes in hydrocarbon-impacted environments and enrichment cultures [J]. Environmental Science & Technology, 2010, **44**(19): 7287-7294.
- [36] Feng W W, Liu J F, Gu J D, *et al.* Nitrate-reducing community in production water of three oil reservoirs and their responses to different carbon sources revealed by nitrate-reductase encoding gene (*napA*) [J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2011, **65**(7): 1081-1086.
- [37] 张千, 吉芳英, 付旭芳, 等. 气水比对后置固相反硝化滤池工艺脱氮及微生物群落影响 [J]. 环境科学, 2018, **39**(7): 3297-3305.
- Zhang Q, Ji F Y, Fu X F, *et al.* Effects of gas/water ratio on the characteristics of nitrogen removal and the microbial community in post solid-phase denitrification biofilter process [J]. Environmental Science, 2018, **39**(7): 3297-3305.
- [38] Benyoucef N, Pauss A, Abdi N, *et al.* Enhancement of the denitrification performance of an activated sludge using an electromagnetic field in batch mode [J]. Chemosphere, 2021, **262**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2020.127698.

- [39] Wang L M, Xu W W, Yu J H, *et al.* Response of denitrobacteria involved in nitrogen removal for treatment of simulated livestock wastewater using a novel bioreactor[J]. *Ecological Engineering*, 2020, **147**, doi: 10.1016/j.ecoleng.2020.105762.
- [40] Zhang Y M, Wang L M, Han W, *et al.* Nitrate removal, spatiotemporal communities of denitrifiers and the importance of their genetic potential for denitrification in novel denitrifying bioreactors [J]. *Bioresource Technology*, 2017, **241**: 552-562.
- [41] Sun Z Y, Lv Y K, Liu Y X, *et al.* Removal of nitrogen by heterotrophic nitrification-aerobic denitrification of a novel metal resistant bacterium *Cupriavidus* sp. S1 [J]. *Bioresource Technology*, 2016, **220**: 142-150.
- [42] Bai Y H, Su J F, Wen Q, *et al.* Characterization and mechanism of Mn (II)-based mixotrophic denitrifying bacterium (*Cupriavidus* sp. HY129) in remediation of nitrate (NO_3^- -N) and manganese (Mn (II)) contaminated groundwater [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, **408**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2020.124414.
- [43] Huang T L, Guo L, Zhang H H, *et al.* Nitrogen-removal efficiency of a novel aerobic denitrifying bacterium, *Pseudomonas stutzeri* strain ZF31, isolated from a drinking-water reservoir[J]. *Bioresource Technology*, 2015, **196**: 209-216.
- [44] 沈烽, 黄睿, 曾巾, 等. 分子生态网络分析研究进展 [J]. *环境科学与技术*, 2016, **39**(S1): 94-98, 173.
- Shen F, Huang R, Zeng J, *et al.* Progress of the molecular ecology network analysis [J]. *Environmental Science & Technology*, 2016, **39**(S1): 94-98, 173.
- [45] 康鹏亮. 湖库水体好氧反硝化菌种群结构及其脱氮特性研究 [D]. 西安: 西安建筑科技大学, 2018.
- [46] 张欣泉, 吴晓雅, 甄毓, 等. 长江口及邻近海域沉积物中硝化与反硝化细菌分布特征研究 [J]. *海洋环境科学*, 2020, **39**(5): 746-752.
- Zhang X Q, Wu X Y, Zhen Y, *et al.* Distribution characteristics of nitrifiers and denitrifiers in sediments from Changjiang Estuary and adjacent sea area[J]. *Marine Environmental Science*, 2020, **39**(5): 746-752.
- [47] 毛铁墙, 董宏坡, 陈法锦, 等. 湛江湾沉积物中反硝化和厌氧氨氧化细菌的丰度、多样性及分布特征 [J]. *海洋与湖沼*, 2020, **51**(1): 59-74.
- Mao T Q, Dong H P, Chen F J, *et al.* Abundance, diversity, and distribution of denitrifier and anammox bacteria in zhanjiang bay sediments[J]. *Oceanologia et limnologia Sinica*, 2020, **51**(1): 59-74.



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)