

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

南京北郊大气降水中水溶性无机氮和有机氮沉降特征

张佳颖, 于兴娜, 张毓秀, 丁铎, 侯思宇



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年7月

第43卷 第7期
Vol.43 No.7

目次

两种模式下中国未来发电行业发展情景及其环境效益分析	刘春景, 吕建毅, 赵汶畅, 徐卿, 金玉佳 (3375)
基于 LEAP 模型的兰州市道路交通温室气体与污染物协同减排情景模拟	庞可, 张芊, 马彩云, 祝禄祺, 陈恒葵, 孔祥如, 潘峰, 杨宏 (3386)
基于半级别的城市空气质量预报评估方法探讨	王晓彦, 朱莉莉, 许荣, 高愈霄, 朱媛媛, 汪巍, 刘冰 (3396)
厦门港大气 PM _{2.5} 中重金属污染特征及健康风险评价	肖思晗, 蔡美君, 李香, 黄屋, 王坚, 朱清墩, 吴水平 (3404)
南京北郊大气降水中水溶性无机氮和有机氮沉降特征	张佳颖, 于兴娜, 张毓秀, 丁铖, 侯思宇 (3416)
晋中盆地主要城市冬季 PM _{2.5} 传输特征分析	王小兰, 王雁, 闫世明, 岳江, 郭伟, 郝振荣 (3423)
鄂尔多斯市夏秋季黑碳气溶胶时间演变特征及其来源解析	孔祥晨, 张连霞, 张彩云, 王红磊, 许晶, 郑佳峰 (3439)
济源冬季 VOCs 污染特征、来源和 SOAP	王芳, 李利霞, 王红果, 赵宗生, 张建平, 张栋 (3451)
长株潭城区 8 月 VOCs 污染特征及来源分析	罗达通, 张青梅, 刘湛, 尤翔宇, 黄杰, 宋云飞, 张敬巧 (3463)
2019 年 7 月石家庄市 O ₃ 生成敏感性控制策略解析	朱家贤, 王晓琦, 欧盛菊, 张新宇 (3473)
华北平原 AOD 时空演化与影响因素	郭霖, 孟飞, 马明亮 (3483)
基于地基太阳光度计观测的长安区气溶胶光学特性变化及其与颗粒物浓度的关系	郑玉蓉, 王旭红, 崔思颖, 冯子豪, 张秀, 刘康 (3494)
基于长时序“地-星”数据的京津冀大气污染时空分布及演变特征	王耀庭, 殷振平, 郑祚芳, 李炬, 李青春, 孟春雷, 李威 (3508)
近十年洪泽湖富营养化状态变化趋势及原因分析	陈天宇, 刘常清, 史小丽, 李云, 范子武, 贾本有, 廖轶鹏 (3523)
高原湖泊周边浅层地下水: 磷素时空分布及驱动因素	杨恒, 李桂芳, 叶远行, 陈清飞, 崔荣阳, 张丹, 陈安强 (3532)
三峡水库不同支流库湾蓄水期溶解氧分层特性及差异性	纪道斌, 方娇, 龙良红, 杨正健, 赵星星, 杨霞, 郭亚丽 (3543)
典型喀斯特城市湖泊溶解性有机质成分特征及来源解析	倪茂飞, 周慧, 马永梅, 苏印, 王晓丹, 王志康 (3552)
骆马湖表层水和沉积物中全氟化合物赋存特征、来源及健康风险评估	黄家浩, 吴玮, 黄天寅, 陈书琴, 项颂, 庞燕 (3562)
千岛湖浮游植物群落结构的垂向分布特征及其影响因素	王吉毅, 霍翟, 国超旋, 朱广伟, 龚志军, 范亚文, 王建军 (3575)
泗河水系沉积物磷的存在形态及其空间分布特征	张子涵, 张鑫茹, 贾传兴, 甘延东, 王世亮 (3587)
降雨径流过程中土地利用优化配置对磷流失的影响	周豪, 陈方鑫, 罗义峰, 龙翼, 周继, 王小燕, 李丹丹, 陈晓燕 (3597)
典型生物滞留设施重金属累积分布特征与风险评价	储杨阳, 杨龙, 周媛, 王喜龙, 王嗣禹, 张敏 (3608)
筑坝蓄水对不同水深浮游微生物群落结构和种间互作模式的影响	王洵, 张佳佳, 袁秋生, 胡斌, 刘胜 (3623)
天津独流减河流域不同等级河流沉积物细菌区系及功能辨识	刘嘉元, 丰玥, 杨雪纯, 张彦, 李德生, 刘福德 (3635)
地表水悬浮态多环芳烃时空变化特征及主要输入源响应机制	彭珂醒, 李瑞飞, 周亦辰, 卓泽铭, 张晋, 李梅, 李雪 (3645)
北京市通州区河流中微塑料组成的空间分布及潜在来源解析	门聪, 李頔, 左剑恶, 邢薇, 刘梦瑶, 魏凡钦, 胡嘉敏, 谢珍雯, 邢鑫, 沈杨贵 (3656)
微塑料对鲫鱼生长、肝脏损伤和肠道微生物组成的影响	胡嘉敏, 左剑恶, 李金波, 张艳艳, 艾翔, 龚大惠, 张继文, 孙丁明 (3664)
不同类型脱水药剂对底泥固化效果和理化性质的影响	任俊, 殷鹏, 王威振, 唐婉莹, 尹洪斌, 朱丽娟 (3672)
微纳米粒径生物炭的结构特征及其对 Cd ²⁺ 吸附机制	马文艳, 裴鹏刚, 高歌, 孙约兵 (3682)
不同生物炭对磷的吸附特征及其影响因素	连宁海, 张树楠, 刘锋, 邢宏霖, 吴金水 (3692)
Mg-La-Fe/沸石复合材料的制备及其处理低浓度含磷废水的性能	印学杰, 宋小宝, 丁陈蔓, 冯彦房, 杨根, 何世颖, 薛利红 (3699)
一体式部分亚硝化-厌氧氨氧化工艺污泥膨胀发生和恢复过程中微生物群落演替及 PICRUS2 功能预测分析	李亚男, 闫冰, 郑蕊, 姚丽, 隋倩雯, 魏源送 (3708)
丝状菌膨胀污泥好氧颗粒化稳定性及微生物多样性	高春娣, 杨箫阳, 欧家丽, 韩颖璐, 程阳阳, 彭永臻 (3718)
2000~2020 年长江流域植被 NDVI 动态变化及影响因素探测	徐勇, 郑志威, 郭振东, 宴世卿, 黄雯婷 (3730)
近 40 年来福建省水稻土有效磷富集效应及潜在生态风险评估	陈中星, 邱龙霞, 陈瀚闾, 范协裕, 毋亭, 沈金泉, 邢世和, 张黎明 (3741)
土地利用变化对西南喀斯特土壤团聚体组成、稳定性以及 C、N、P 化学计量特征的影响	何宇, 盛茂根, 王轲, 王霖娇 (3752)
长江经济带矿山土壤重金属污染及健康风险评价	张浙, 卢然, 伍思扬, 贾智彬, 王宁 (3763)
煤矸石堆积区周边土壤重金属污染特征与植物毒性	尚誉, 桑楠 (3773)
燃煤工业区不同土地利用类型土壤汞含量污染评价	李强, 姚万程, 赵龙, 张朝, 张恩月, 苏迎庆, 刘庚 (3781)
广州市南沙区第四剖面镉富集特征及生物有效性	王芳婷, 包科, 黄长生, 赵信文, 顾涛, 曾敏 (3789)
黔西北山区耕地重金属健康风险评价及环境基准	徐梦琪, 杨文毅, 杨利玉, 陈勇林, 景灏楠, 吴攀 (3799)
土壤重金属生物可利用性影响因素及模型预测	张加文, 田彪, 罗晶晶, 吴凡, 张聪, 刘征涛, 王晓南 (3811)
添加有机物料对豫中烟田土壤呼吸的影响	鲁琪飞, 叶协锋, 韩金, 潘昊东, 张明杰, 王晶, 杨佳豪, 姚鹏伟, 李雪利 (3825)
不同稻作系统土壤的 CH ₄ 产生潜力与产生途径	沈皖豫, 黄琼, 马静, 张广斌, 徐华 (3835)
东部平原矿区复垦土壤微生物群落特征及其组装过程	马静, 董文雪, 朱燕峰, 肖栋, 陈浮 (3844)
同质环境下不同锦鸡儿属植物根际土壤细菌群落结构差异及其影响因素	李媛媛, 徐婷婷, 艾喆, 魏庐潞, 马飞 (3854)
岩溶与非岩溶区水稻土团聚体细菌群落结构和功能类群比较	肖筱怡, 靳振江, 冷蒙, 李雪松, 熊丽媛 (3865)
紫色土中微生物群落结构及功能特征对土壤 pH 的差异响应	王智慧, 蒋先军 (3876)
有机物料还田对稻田土壤 DOM 碳源代谢能力的影响	肖怡, 李峥, 黄容, 汤奥涵, 李冰, 王昌全 (3884)
《环境科学》征订启事 (3403) 《环境科学》征稿简则 (3462) 信息 (3493, 3655, 3834)	

天津独流减河流域不同等级河流沉积物细菌区系及功能辨识

刘嘉元¹, 丰玥¹, 杨雪纯¹, 张彦², 李德生¹, 刘福德^{1*}

(1. 天津理工大学环境科学与安全工程学院, 天津 300384; 2. 天津市生态环境科学研究院, 天津 300191)

摘要: 细菌群落对环境变化的敏感性较高,但在相似等级的生态条件下其代谢功能或具有趋同性. 为探讨微生物群落的这种环境属性并验证其用于流域功能单元划分方面的可行性,本文以天津市独流减河流域上游汇水段河流表层沉积物为研究对象,从河道干流(MS)、左岸支流(LT)和右岸支流(RT)这3个连续的空间单元入手,研究沉积物中细菌的多样性、结构和功能代谢丰度,并探讨其作为流域功能单元划分关键因子的可行性. 结果表明,不同等级河流沉积物之间细菌的 Shannon 指数和 Simpson 指数无显著差异($P > 0.05$),但 Chao1、Ace、Observed_species 和 PD_whole_tree 指数均呈现支流显著高于干流的现象($P < 0.05$). 细菌优势菌门的相对丰度在不同等级河流沉积物中差异不显著,但其功能代谢丰度则表现为干流显著高于支流($P < 0.05$),而不同支流之间差异不显著($P > 0.05$). 本研究发现,除可交换态磷和硝态氮之外,其他理化性质在不同河流空间单元之间差异不显著,但 pH 和铁铝结合态磷显著影响了细菌群落的结构组成,有机质和总氮则与细菌功能代谢密切相关. 研究同时发现,基于细菌代谢丰度可将河道干流和支流清晰地分成了 Level-1 和 Level-2 两个不同的功能单元,表明沉积物中细菌群落的功能代谢丰度可以作为流域功能单元划分的依据.

关键词: 独流减河流域; 表层沉积物; 细菌多样性; 代谢功能; 功能分区

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)07-3635-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202109105

Identification of Bacterial Flora and Metabolic Function of Sediments in Different Channels of Duliujian River Basin, Tianjin

LIU Jia-yuan¹, FENG Yue¹, YANG Xue-chun¹, ZHANG Yan², LI De-sheng¹, LIU Fu-de^{1*}

(1. School of Environmental Science and Safety Engineering, Tianjin University of Technology, Tianjin 300384, China; 2. Tianjin Academy of Eco-Environmental Sciences, Tianjin 300191, China)

Abstract: Bacterial communities are highly sensitive to environmental changes, but their metabolic functions may be convergent under similar ecological conditions. In order to test this environmental attribute of the bacterial community and verify the feasibility in using the bacterial metabolic data to divide functional units at the river basin scale, the surface sediments in three continuous spatial units of the main stream (MS), left tributary (LT), and right tributary (RT) of the Duliujian River basin were selected as the research objects. Therefore, 16S rDNA high-throughput sequencing and the PICRUSt platform were used to analyze the bacterial diversity and metabolic function of sediments in different units. The results showed that there were no significant differences for the Shannon and Simpson indices between the different river channels ($P > 0.05$); however, the bacterial diversity indices of Chao1, ACE, Observed_species, and PD_whole_tree of LT and RT were significantly higher than those of the MS ($P < 0.05$). Moreover, the dominant bacterial phyla were not significantly different among the different river channels. In the present study, a total of 41 metabolic pathways were predicted based on the KEGG database, among which 34 metabolic pathways such as membrane transport, amino acid metabolism, and carbohydrate metabolism were significantly different. The functional metabolic abundance was higher in MS than that in RT and LT ($P < 0.05$); however, there was no significant difference between those of RT and LT ($P > 0.05$). Except for exchangeable phosphorus and nitrate nitrogen, there were no significant differences in other physicochemical properties among the different river channels ($P > 0.05$). Furthermore, pH and iron/aluminum-phosphorus were found to significantly affect the bacterial structure, and SOM and TN were found to significantly affect the bacterial metabolic function. Overall, the sediments of MS and tributaries (LT and RT) of the river were clearly divided into level-1 and level-2 groups, indicating that the metabolic abundance of the bacterial community can be used as the key indicator in the division of functional units at the river basin scale. This study provided a theoretical basis and technical support for ecological functional division and management in coastal river basins.

Key words: Duliujian River basin; surface sediment; bacterial diversity; metabolism function; functional division

沉积物在水生态系统中发挥着重要作用,并可作为地球化学元素循环和细菌群落生存的场所以^[1-4]. 与上覆水不同,沉积物的特征不会在短时间内发生改变,能够储存并“记录”一段时间内生态系统的改变,有研究表明,沉积物作为细菌群落的生存场所是生态系统多样性的基础^[5-7]. 因此研究沉积物细菌多样性和功能代谢丰度的变化有助于深入了解水生态系统的功能特征及其影响因子.

细菌在生物地球化学循环过程中起着至关重要

的作用^[8-13]. 细菌群落的多样性、结构和功能代谢易受到环境变化和人为活动的影响,进而影响到生态系统的平衡状态. 例如,盐胁迫会使得细菌群落TAC循环、脂肪酸生物合成以及乙醛酸和二羧酸代

收稿日期: 2021-09-12; 修订日期: 2021-11-17

基金项目: 国家自然科学基金项目(41907336, 41303057); 天津市应用基础与前沿技术研究计划项目(14JCYBJC23000)

作者简介: 刘嘉元(1999~),男,硕士研究生,主要研究方向为流域水环境微生物生态学, E-mail: ljiy17695687200@163.com

* 通信作者, E-mail: lfdsy@tjut.edu.cn

谢等代谢途径进行重新匹配^[14]. 此外,不同生境条件对于细菌功能代谢的影响程度也不同. Lee 等^[15]研究了潮滩芦苇和碱蓬的根际和非根际的细菌群落的变化,发现沉积物环境条件的改变显著影响了细菌群落的多样性和结构; Su 等^[16]对杭州湾沉积物细菌的氮转化途径进行了研究,发现在人为干扰条件下磷素是影响细菌群落结构的关键因素,并且盐分 and 无机氮分别作为自然和人为因素也会对细菌的氮代谢功能产生显著影响.

近年来,细菌群落的某些代谢途径被用作生态系统健康评价和预测的手段之一^[17~20]. 有研究发现细菌可以通过脂质代谢和异生物素代谢等代谢途径,对持久性有机污染物进行降解,并以此来确保自身的结构和功能恢复到原始水平^[21,22]. 目前针对细菌群落结构和功能代谢途径的研究很多,但在水生生态功能分区领域尚无研究先例,沉积物中细菌群落的多样性、结构和功能代谢丰度能否反映研究区域生态因子和特色功能表达的区域单元划分尚不得而知. 同时有研究表明,细菌对环境变化的敏感性较高,当所处环境发生改变时,会通过自身的代谢途径做出应激性表达^[23],但细菌群落的代谢功能在相似等级的生态条件下,或具有趋同性^[24]. 因此,本文试图验证细菌群落的多样性、结构和代谢丰度在相同等级河流沉积物中是否具有趋同性,从而探讨细菌群落特征用于流域功能单元划分的可行性.

本文选择了天津独流减河流域上游汇水段作为研究区域,通过 16S rDNA 测序技术研究细菌群落多样性、结构和功能在不同级别河流沉积物中的变化特征和影响因子,并探讨以沉积物中细菌群落功能代谢丰度为依据进行功能单元划分的可行性,以期为我国水生态功能区划及流域空间管理提供理论

基础和技术支撑.

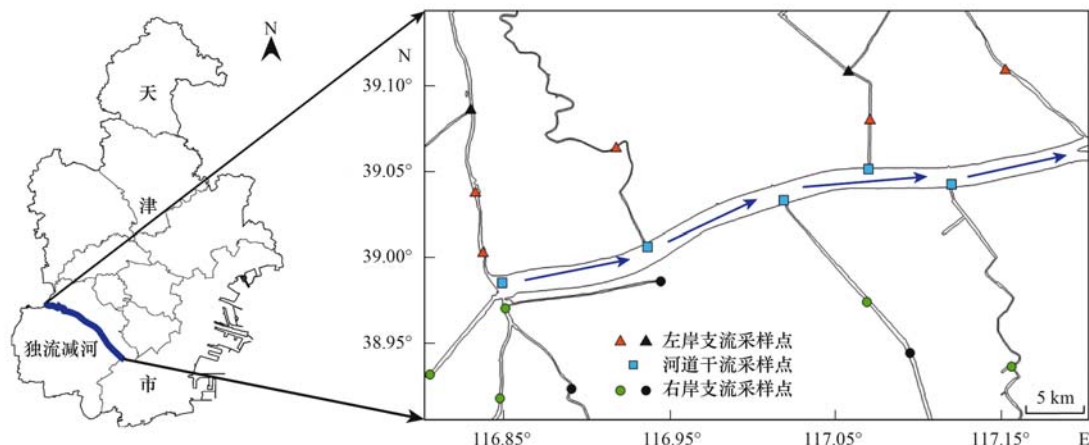
1 材料与方法

1.1 研究地点概况

独流减河属于海河水系,是海河南系下游最大的支流. 在上游汇水区,属于天津西青区和静海区的交接地带,由不同支流(子牙河、大清河和南运河)汇入组成,属于人工开挖泄洪河道,设计流量 $3\ 200\ \text{m}^3\cdot\text{s}^{-1}$,地处中纬度,受亚欧大陆和太平洋的影响,春季多风,干旱少雨;夏季炎热,雨水集中;秋季气爽,冷暖适中;冬季寒冷,干燥少雪. 区内无地带性特殊植被,主要以狗尾草、芦苇、芦竹、马唐和牛筋草等禾本科植物为主.

1.2 样品采集和处理

本研究沉积物样品采集于 2020 年 9 月,在独流减河汇水区进行布点采样(图 1),根据干流流向划分为左岸支流(left tributary, LT)、河道干流(main stream, MS)和右岸支流(right tributary, RT)3 个不同的空间单元. 根据河网密度和支流分布情况在每个空间单元各设置 5~7 个采样点,共设置了 20 个采样点,在每个采样点随机采集 3~4 个沉积物样品剔除杂物后混合均匀. 选择代表性样点(图 1 中彩色填充的样点,确保每条支流均有采样点布设)的部分样品装入离心管后立即放入干冰壶中保存,随后在上海中科新生命生物科技有限公司利用 Illumina MiSeq 测序平台进行 16S rDNA 测序. 剩余样品装入聚乙烯袋中带回实验室,一部分置于 $-20\ ^\circ\text{C}$ 冰箱中保存,用于测定沉积物的含水率和氮的形态指标;另一部分在自然状态下风干,用于测定沉积物的 pH、盐含量、有机质、总氮、总磷和磷形态指标.



彩色填充符号采样点沉积物进行理化性质测定和 16S rDNA 测序,黑色填充符号采样点沉积物

仅进行理化性质相关测定;蓝色箭头表示河流流向

图 1 研究区域沉积物采样点示意

Fig. 1 Sampling sites of sediments in this study

1.3 沉积物理化性质研究方法

本研究中,沉积物的 pH 和盐含量(salt)分别采用 pH 计(Delta320,梅特勒-托利多,瑞士)和电导率仪(DDSJ-308A,雷兹,中国)测定;有机质(SOM)采用重铬酸钾-外加热法测定;硝态氮(NO_3^- -N)、亚硝态氮(NO_2^- -N)和铵态氮(NH_4^+ -N)采用紫外分光光度法测定;总氮(TN)采用元素分析仪(Vario EL III,艾力蒙塔,德国)测定;总磷(TP)通过电感耦合等离子体原子发射光谱(VISTA-MPX,瓦里安,美国)测定;含水率(MC)采用烘干重法测定^[24];本研究采用欧盟计划的标准测量测试方法(SMT法)提取沉积物中的可交换态磷(Ex-P)、铁铝结合态磷(Fe/Al-P)和钙结合态磷(Ca-P),并用紫外分光光度法测定^[25]。

1.4 沉积物 DNA、提取及测序技术

采用 CTAB 方法对样本的基因组 DNA 进行提取,在 1% 琼脂糖凝胶上监测 DNA 浓度和纯度。根据测序区域的选择,使用带有 Barcode 的特异性引物在 V3 ~ V4 区域进行 PCR 扩增;使用 $0.2 \mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 的正向引物 ACTCCTACGGGAGGCAGCA 和反向引物 GGACTACHVGGGTWTCTAAT,以及约 10 ng 的模板 DNA。将 PCR 产物以等密度比混合,用 AxyPrepDNA 凝胶提取试剂盒(AXYGEN)纯化混合 PCR 产物。最后,使用 Illumina Novaseq6000 进行上机测序。

1.5 统计方法

本研究采用 Surfer 15 绘制研究区域采样点;采用“ggsignif”、“ggcor”、“factoextra”和“psych”R 包的统计方法对理化指标和微生物群落进行 ANOVA 检验、*T* 检验、Mantel 检验、Pearson 相关性分析、主成分分析和 Spearman 相关性分析,并通过软件 Gephi 0.9.2、“ggcor”和“ggplot2”R 包进行可视化展示。

2 结果与分析

2.1 沉积物理化性质变化

在左岸支流、干流和右岸支流这 3 个连续空间单元中,沉积物理化性质的变化范围大小不同(图 2),pH 变化范围为 6.66 ~ 7.26,含水率变化范围为 22.07% ~ 42.71%,含盐量变化范围为 0.010% ~ 0.047%, $\omega(\text{NH}_4^+ \text{-N})$ 的变化范围为 5.52 ~ 24.12 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, $\omega(\text{NO}_2^- \text{-N})$ 的变化范围为 0.16 ~ 1.10 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, $\omega(\text{Fe/Al-P})$ 的变化范围为 20.74 ~ 48.82 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, $\omega(\text{Ca-P})$ 的变化范围为 111.86 ~ 319.24 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, $\omega(\text{TN})$ 的变化范围为 515 ~ 2580 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, $\omega(\text{TP})$ 的变化范围为 181.35 ~ 1116.514

$\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, $\omega(\text{SOM})$ 的变化范围为 20.56 ~ 42.83 $\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}$ 。而 $\omega(\text{NO}_3^- \text{-N})$ 呈显著下降趋势($P < 0.01$),变化范围为 0.012 ~ 0.071 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$; $\omega(\text{Ex-P})$ 呈显著上升趋势($P < 0.01$),变化范围为 3.27 ~ 13.29 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。

2.2 细菌群落 α 多样性变化

细菌群落 α 多样性的分布特征如图 3 所示。方差分析显示,支流沉积物中细菌的 Ace、Chao1、Observed_species 和 PD_whole_tree 指数均显著大于干流($P < 0.05$)。然而,干流和支流细菌的 Shannon 指数和 Simpson 指数无显著差异($P > 0.05$)。

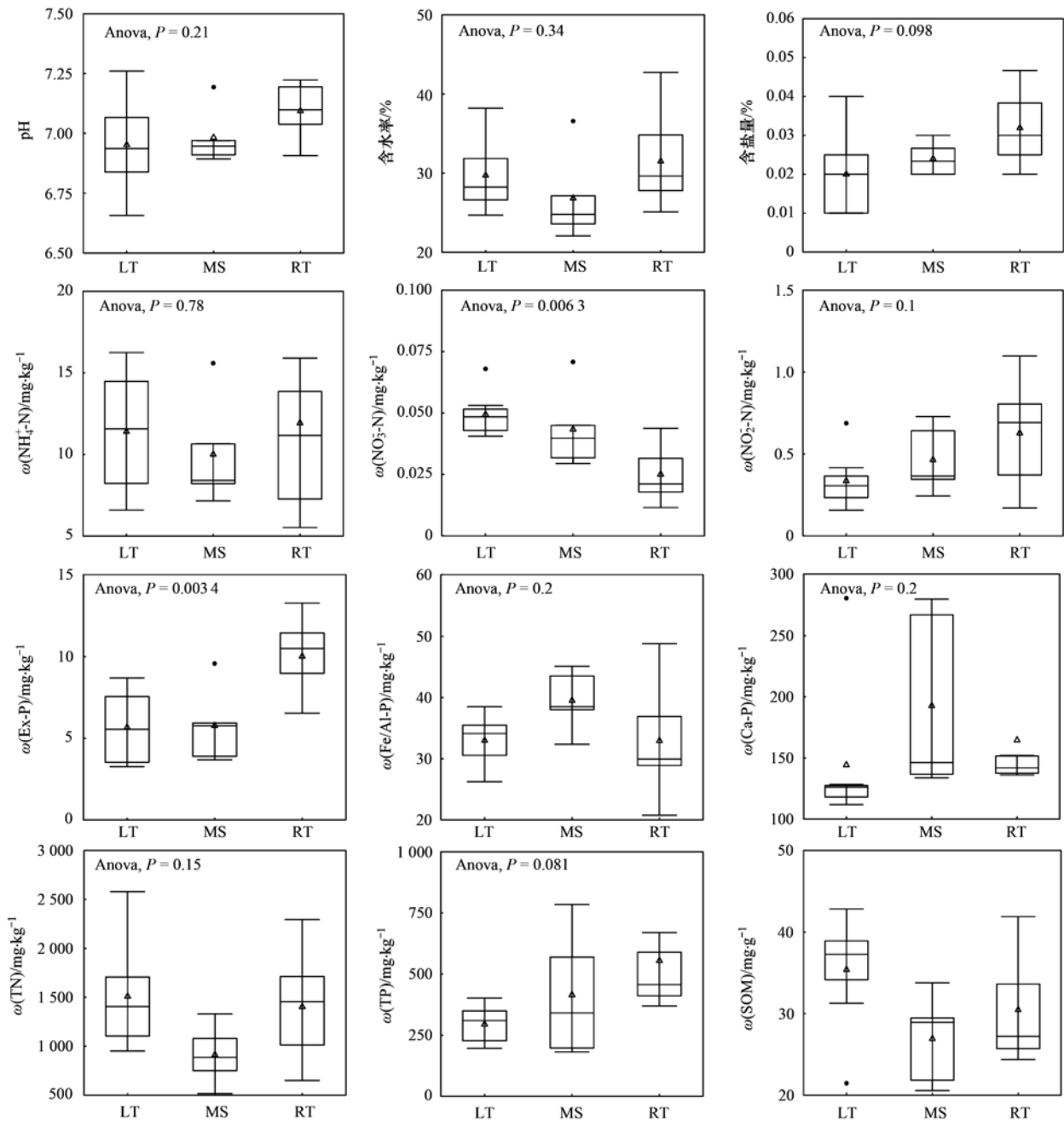
2.3 沉积物细菌群落优势门丰度变化特征

图 4 显示了独流减河干流和支流沉积物细菌群落优势门的相对丰度情况,根据其相对丰度的降序排列情况,这些细菌门被鉴定为 Proteobacteria (36.39%)、Actinobacteria (19.51%)、Chloroflexi (14.65%)、Acidobacteria (9.93%)、Bacteroidetes (6.09%)、Gemmatimonadetes (4.97%)、Firmicutes (3.12%)、Patescibacteria (1.37%)、Rokubacteria (0.84%)、Nitrospirae (0.80%) 和 others (2.34%),共占整个细菌群落的 97.66%。

除 others 以外,这些优势细菌门在不同空间单元之间均没有显著差异($P > 0.05$),但变化范围各不相同(图 4),Proteobacteria 的变化范围为 26.71% ~ 57.90%,Actinobacteria 的变化范围为 3.64% ~ 28.12%,Chloroflexi 的变化范围为 4.03% ~ 32.20%,Acidobacteria 的变化范围为 2.33% ~ 15.86%,Bacteroidetes 的变化范围为 1.86% ~ 10.44%,Gemmatimonadetes 的变化范围为 0.96% ~ 13.32%,Firmicutes 的变化范围为 0.64% ~ 14.32%,Patescibacteria 的变化范围为 0.33% ~ 3.70%,Rokubacteria 的变化范围为 0.20% ~ 1.61%,Nitrospirae 的变化范围为 0.13% ~ 4.45%。本研究发现 others 相对丰度表现为左支流显著高于右支流($P < 0.05$),变化范围为 0.85% ~ 3.77%。

2.4 沉积物中细菌群落 KEGG 数据库功能预测

基于 KEGG 数据库的预测结果,图 5 分别显示了干流与支流代谢丰度的差异,共包含了膜运输、氨基酸代谢、碳水化合物代谢、复制与修复、能量代谢、不良特征、转运、辅助因子和维生素的代谢、脂质代谢和外源生物降解与代谢等 41 条功能代谢途径。经 *T* 检验,共有 34 条代谢途径差异显著($P < 0.05$),其中,干流沉积物细菌的代谢丰度显著高于左岸支流[图 5(a), $P < 0.05$]和右岸支流[图 5(b), $P < 0.05$],但其在左右岸支流之间并无显著差异($P > 0.05$)。



空白三角形表示各空间单元沉积物中平均含量,黑色圆点表示各空间单元所存在的异常值

图2 独流减河流域不同等级河流沉积物中理化性质的变化

Fig. 2 Changes in physicochemical properties of sediments in different channels of Duliujian River basin

2.5 沉积物理化性质与细菌群落相互关系

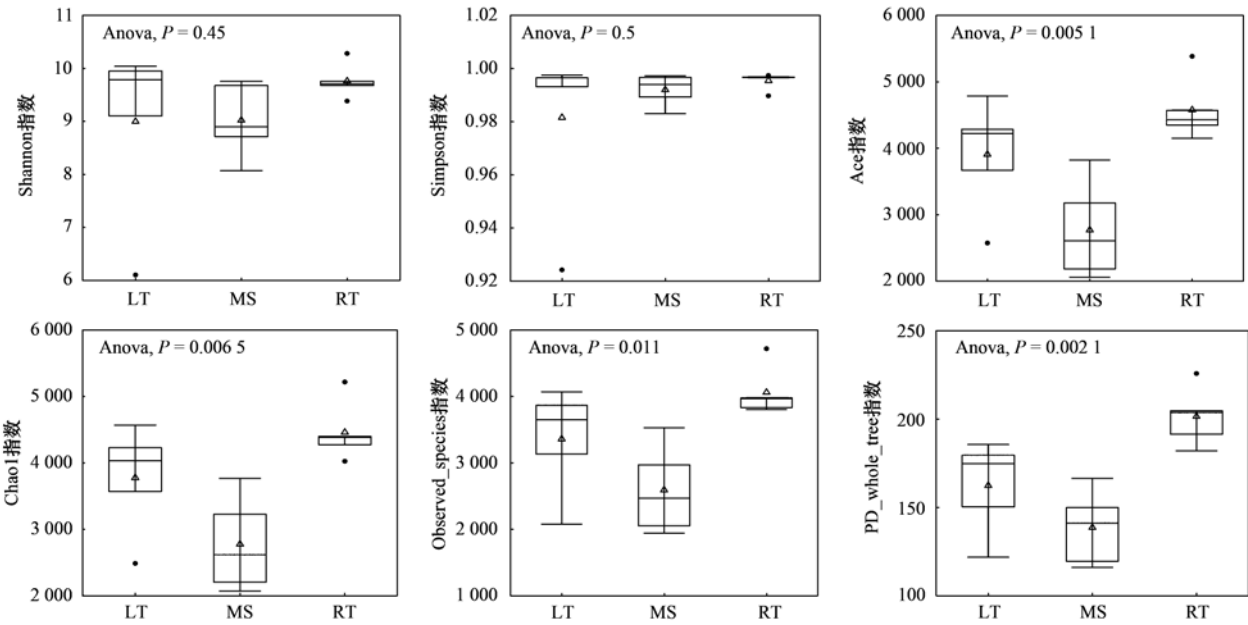
相关性热图显示了沉积物中理化性质和细菌参数的内部关系(图6). 所有理化性质按元素循环可以分为两大类,例如,在氮形态转化的过程中, NO_3^- -N和含盐量呈极显著正相关($P < 0.001$),含水率和TN呈显著正相关($P < 0.05$);而在磷循环的过程中,Fe/Al-P与含水率和TN呈显著负相关性($P < 0.05$),Ca-P和 NH_4^+ -N呈显著正相关性($P < 0.05$). 此外,SOM和TN呈显著正相关性($P < 0.01$). 当把细菌群落作为整体考虑其与沉积物理化性质的关系时,细菌群落的多样性参数几乎不受

沉积物理化性质的影响,而细菌群落的优势门受pH和Fe/Al-P影响显著,细菌群落的功能代谢则受TN和SOM影响显著.

2.6 细菌群落功能代谢丰度的网络联系

基于KEGG数据库预测的细菌功能代谢丰度进行主成分分析后发现,前两个主成分共解释了不同等级河流92.3%的差异变化,可以清晰地将干流和支流沉积物划分为Level-1和Level-2两个功能单元[图7(a)].

通过共现网络分析比较细菌群落代谢途径连接的复杂性,不同功能单元呈现出不同的网络组成和



空白三角形表示各空间单元沉积物中平均含量,黑色圆点表示各空间单元所存在的异常值

图3 独流减河流域不同等级河流沉积物细菌群落 α 多样性的变化

Fig. 3 Changes in α diversity of bacterial communities of sediments in different channels of Duliujian River basin

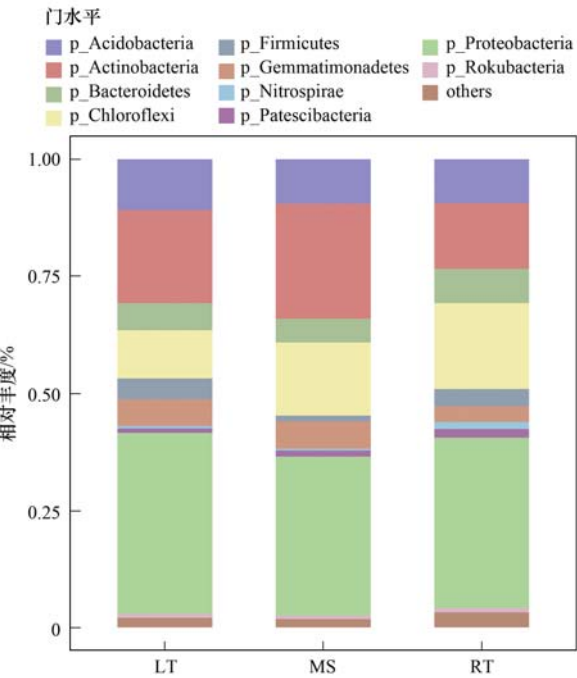


图4 独流减河流域不同等级河流沉积物中细菌群落在门水平上优势门的相对丰度

Fig. 4 Relative abundance of dominant phyla of bacterial communities of sediments in different channels of Duliujian River basin

拓朴特征. 基于 KEGG 数据库所预测的细菌代谢丰度之间的 Spearman 相关性导致了更复杂的代谢途径结构($R>0.6$; $P<0.05$), 即 Level-1[41 个节点, 57 条边, 平均度为 6.268, 图密度 0.157, 图 7(c)] 和 Level-2[41 个节点, 1079 条边, 平均度为 26.317, 图密度 0.658, 图 7(b)]. 总的来说, 支流相比于干流

拥有更为复杂的网络结构, 细菌代谢关联更为紧密.

3 讨论

沉积物作为流域生态系统的重要组成部分, 在一定程度上可以反映河流上覆水环境的时空变化特征^[26~29], 而沉积物主要通过理化性质和微生物组成的改变影响上覆水环境. 在流域污染防治过程中, 统筹上下游、左右岸和干支流的关系, 协同治理是关键. 在本研究中, 左岸支流沉积物中 $\text{NO}_3^- \text{-N}$ 的含量显著高于干流与右岸支流, 而右岸支流沉积物中 Ex-P 的含量显著高于干流和左岸支流. 河流一般具有“左凸右凹”(左岸堆积, 右岸侵蚀)的环境属性, 即受到地转偏向力等因素的影响时河流右岸容易呈现出河床加深、堆积的现象, 而这一过程促使沉积物发生“再悬浮”, 间隙水中更多的溶解氧被释放到上覆水中, 氧的释放有利于硝化反应过程中 $\text{NH}_4^+ \text{-N}$ 向 $\text{NO}_3^- \text{-N}$ 的转变, 从而导致右岸支流沉积物中 $\text{NO}_3^- \text{-N}$ 的含量较高. 磷属于典型的沉积型循环物质, 由外源输入或内源生物分解所产生的磷素, 在左岸冲刷作用下最终会在底泥中沉积, 增加了左岸支流沉积物中可交换磷的数量. 除 $\text{NO}_3^- \text{-N}$ 和 Ex-P 之外, 其他沉积物的理化性质在流域不同空间单元之间均无显著差异, 说明干流和支流的差异并非主要由沉积物理化性质的改变引起, 也可能与沉积物中细菌区系的变化有关. 有研究表明, 细菌群落可以反映流域生态系统的完整性特征, 并通过多样性和结构的改变适应外部环境的变迁^[30], 因此, 不同生境条件

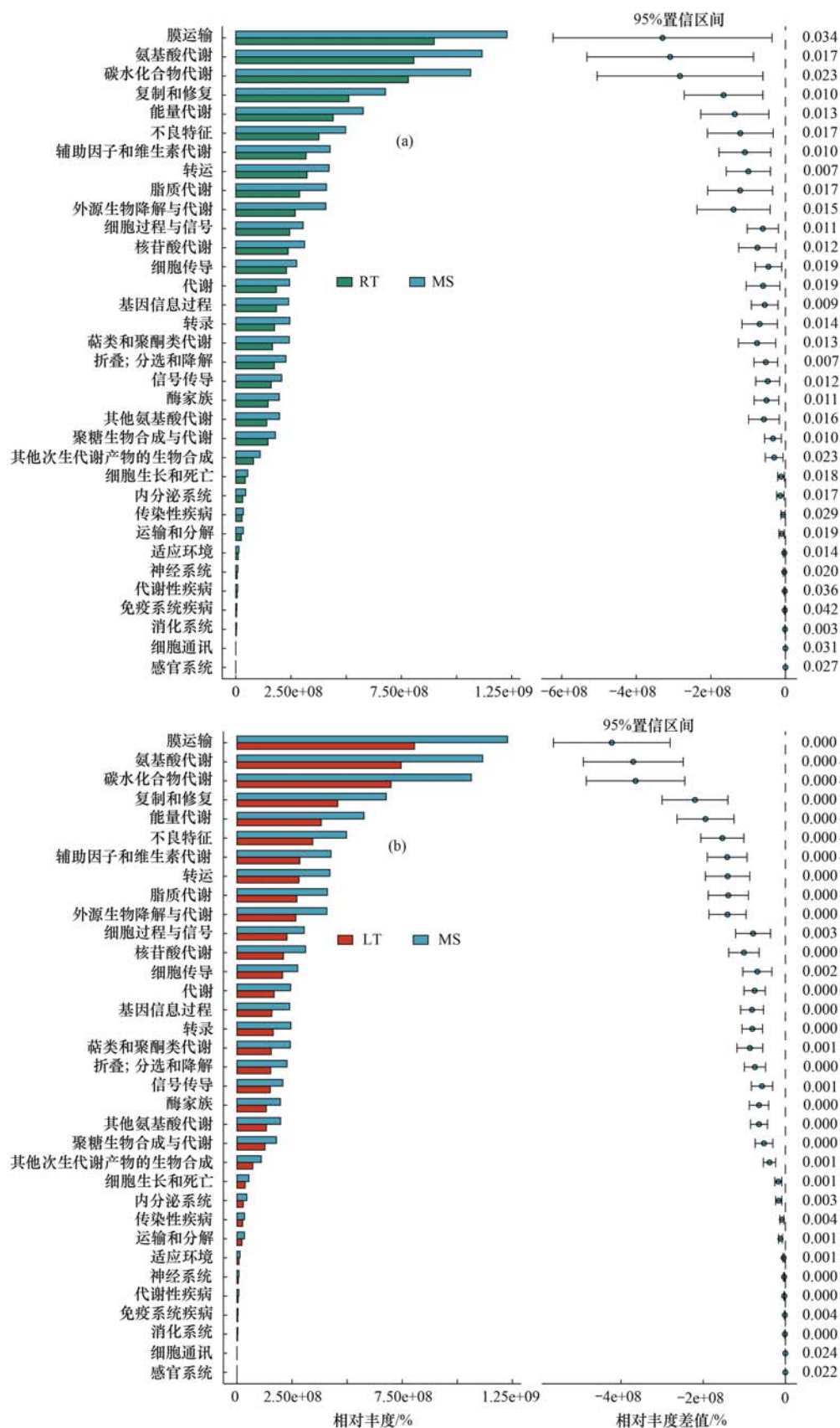
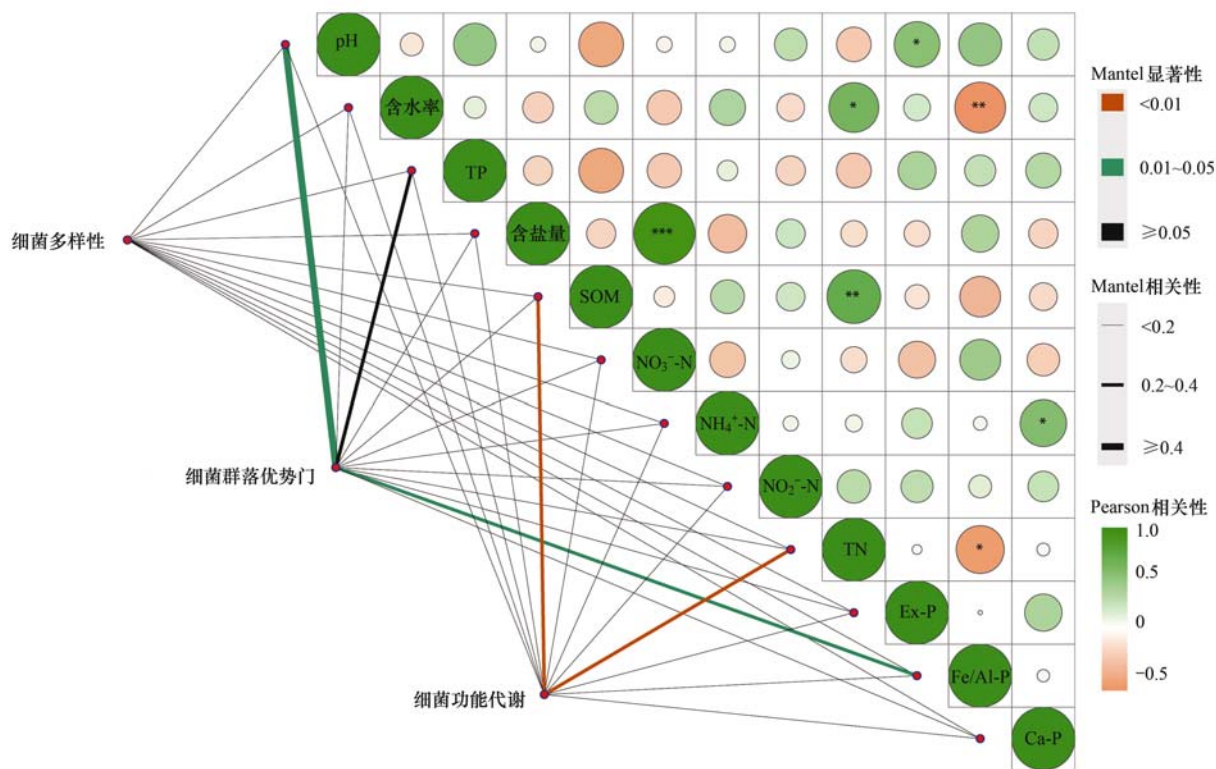


图 5 独流减河流域不同等级河流沉积物中基于 KEGG 数据库预测的细菌群落功能代谢丰度

Fig. 5 Functional metabolic abundance of bacterial community predicted by KEGG database in different channels of Duliujian River basin

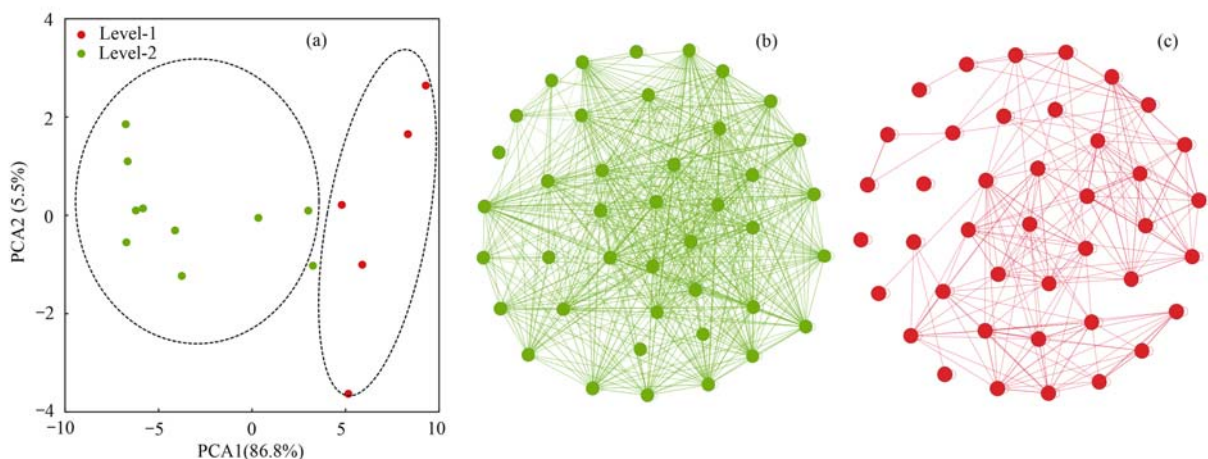
下细菌群落的差异是可预测的. 本研究发现,除细菌群落的 Simpson 指数和 Shannon 指数在不同空间单元之间无显著差异性变化外, Chao1、Ace、

Observed_species 和 PD_whole_tree 指数等均表现为支流显著高于干流的特征,可能和支流采样点的空间异质性更高有关,空间异质性越高越有利于细菌



圆圈大小表示 Spearman 相关系数大小；线条宽度表示 mantel test 相关系数大小；
***、** 和 * 分别代表在 0.001、0.01、和 0.05 水平上的显著性

图 6 沉积物理化性质与细菌群落多样性、细菌群落优势门和细菌代谢功能之间的相关热图
Fig. 6 Correlation heatmap of physicochemical properties, bacterial diversity, bacterial dominant phyla, and bacterial functional metabolism of sediments in different channels of Duliujian River basin



(a) Level-1 表示河道干流采样点, Level-2 表示左右岸支流各采样点; (b) 和 (c) 表示 网络模型之间通过 Spearman 相关 ($R > 0.6$, $P < 0.05$) 进行相互关联, 红色和绿色圆圈分别表示河道干流和左右岸支流沉积物中细菌群落代谢途径

图 7 基于 KEGG 数据库预测的细菌群落功能代谢丰度的主成分分析和网络共现分析

Fig. 7 Principal component analysis and network co-occurrence analysis based on the functional metabolic abundance of bacterial community predicted by KEGG database

种群结构的复杂性和多样性.

近年来,细菌及其代谢途径被广泛用作评判生态系统污染修复状况的关键指标^[31].因此,探索细菌群落组成、结构和代谢功能对于了解区域生态系统的健康和潜在生态修复能力具有重要意义.在本研究中,优势细菌门相对丰度之间并无显著差异.细

菌群落在应对环境变化的同时,能够利用环境中不同类型的营养物质^[32-34],应对环境变化所带来的扰动^[35],较为丰富的细菌群落会表现出相似的恢复力或抗性,并具有相似的特征丰度^[36].此外,细菌群落在应对某种环境变化时,通常会采取持久性休眠策略,休眠中的细菌可以承受环境变化的扰动^[37].因

此,河流沉积物中可能存在大量休眠细菌,这增加了不同空间单元中优势菌群的相似程度。

尽管细菌群落优势门的相对丰度差异不大,但细菌群落的代谢丰度具有显著差异。有研究表明,外界环境的变化会影响细菌群落的功能代谢^[38,39]。在本研究中,基于 KEGG 数据库预测的细菌不同代谢途径的丰度值均表现出河道干流显著高于支流的趋势,但支流之间并无显著差异,该发现也证实了细菌群落的代谢水平在相似等级的生态条件下具有趋同性^[24]。经 Mantel test 分析表明,沉积物中 TN 和 SOM 的含量对细菌群落的功能代谢影响显著,说明在河道干流中细菌群落可能通过更快的生命周转过程不断为自身提供营养物质,从而加快了该生境中细菌的代谢过程。另外,氨基酸代谢在细菌群落中一直占据主导地位,而氨基酸代谢可通过脱氮、转氨和联合脱氮作用,分解成细菌所需的能量和 CO₂^[40],河道干流沉积物中氨基酸代谢的丰度较高,从而提高了该生境中其他代谢途径的丰度值。细菌群落的功能代谢除了受到环境条件制约外,还会受到空间变量的限制,而且空间变量对细菌群落结构以及功能代谢的影响大于环境变量^[41]。流域汇水段不同河流空间单元的差异可能和细菌群落的生存习性密切相关,在相对狭小或流速较慢的空间单元内,细菌群落之间存在竞争模式,或与其他生物相互作用,如营养汲取、捕食等,不利于细菌群落的生长繁衍和功能性状的表达。此外,当生存空间的等级发生改变时,细菌群落可以通过代谢途径准确地对周围环境做出适应性和应激性表达,这些功能性状的表达同时会决定上覆水的健康状况^[42]。本研究发现,河道干流相比较左右岸支流,具有横截面宽、流速快和水深等特点(独流减河河道干流平均宽度为 720.02 m;左岸支流平均宽度为 57.56 m;右岸支流平均宽度为 25.70 m),更适合细菌群落的功能表达。因此,细菌群落功能代谢丰度的变化同时预示着不同空间单元的变迁,揭示了新的功能分区单元的形成。

Wood 等^[43]曾对湿地生态系统中细菌群落的代谢途径进行过研究,结果显示,在深度小于 75 cm 的水环境中进行有氧呼吸的细菌群落的相对丰度显著高于深度大于 75 cm 的水环境,细菌代谢途径的变化与垂直尺度上环境因子的改变是一致的。在本研究中,基于细菌群落代谢丰度数据的主成分分析可以清晰地将河道干流和左右岸支流划分为 Level-1 (河道干流)和 Level-2 (左右岸支流)两个不同的功能单元。其中,Level-1 反映了自然特征总体趋势和生态系统综合服务功能的格局;Level-2 是在 Level-

1 的划分基础上进一步细化的结果,能够更好地体现水系的功能特征^[44]。网络共现分析显示左右岸支流细菌群落的代谢途径之间关联性更紧密,呈现出比河道干流更复杂的网络特征,验证了基于细菌功能代谢丰度进行水生态功能区划分的合理性。此外,为消除样本数量对网络共现分析结果产生的影响,分别对 Level-2 的左右岸支流进行了共现分析,结果表明左岸和右岸支流的网络结构均比干流复杂(左岸支流包含 41 个节点,344 条边,平均度为 8.39,图密度为 0.21;右岸支流包含 41 个节点,615 条边,平均度为 15,图密度为 0.375)。因此,可以选择细菌群落的功能代谢丰度作为流域水生态功能分区的关键指标。但也应清醒地认识到本研究结论是基于小流域尺度上的探索性研究,未来需在更大尺度和更多流域空间单元中做进一步的验证和评估。总之,本研究是为提高流域水生态系统管理水平而进行的理论探索,结果反映流域尺度上特色功能单元划分的微生物学基础,同时可为我国水生态功能区及流域空间管理提供理论基础和技术支持。

4 结论

(1) 本研究发现支流沉积物中细菌群落的 Chao1、Ace、Observed_species 和 PD_whole_tree 指数均显著高于干流,但 Simpson 指数和 Shannon 指数在河道干流和左右岸支流之间无显著性差异。本研究同时发现,沉积物理化性质的变化对细菌群落的多样性无显著影响,故该类参数在流域功能单元划分中存在不确定性。

(2) 沉积物中优势菌门的相对丰度在不同等级河流中差异并不显著,但 pH 和 Fe/Al-P 显著影响了细菌群落优势菌门的分布,故河流沉积物中磷的异质性在其细菌群落的结构组成上占据一定的主导地位。

(3) 干流沉积物中细菌群落的功能代谢丰度显著高于支流,但不同支流之间差异并不显著,表明细菌群落的代谢丰度在同一等级的河道中具有趋同性,适合用作流域功能单元划分的关键参数。研究同时发现,细菌代谢功能受 SOM 和 TN 的影响显著,故流域管理中需关注氮的输入情况。

参考文献:

- [1] Long Y C, Jiang J, Hu X J, et al. The response of microbial community structure and sediment properties to anthropogenic activities in Caohai wetland sediments [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2021, **211**, doi: 10.1016/j.ecoenv.2021.111936.
- [2] 周石磊,孙悦,岳翥丞,等. 白洋淀养殖区春季沉积物垂向微生物群落特征及驱动因素[J]. *环境科学学报*, 2020, **40** (5): 1722-1733.

- Zhou S L, Sun Y, Yue G C, *et al.* Vertical distribution characteristics and driving factors of microbial community of spring culture area sediments in Baiyangdian Lake [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2020, **40**(5): 1722-1733.
- [3] 李明月, 杨雨虹, 米铁柱, 等. 海洋沉积物中细菌 DNA 和 RNA 水平群落差异[J]. *环境科学*, 2020, **41**(5): 2485-2495.
- Li M Y, Yang Y H, Mi T Z, *et al.* Differences between DNA- and RNA-based bacterial communities in marine sediments [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(5): 2485-2495.
- [4] 于小彦, 张平究, 张经纬, 等. 城市河流沉积物微生物量分布和群落结构特征[J]. *环境科学学报*, 2020, **40**(2): 585-596.
- Yu X Y, Zhang P J, Zhang J W, *et al.* Characteristics of distribution patterns of microbial biomass and community structures in the sediments from urban river [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2020, **40**(2): 585-596.
- [5] Zhang M Z, Wu Z J, Sun Q Y, *et al.* Response of chemical properties, microbial community structure and functional genes abundance to seasonal variations and human disturbance in Nanfei River sediments [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2019, **183**, doi: 10.1016/j.ecoenv.2019.109601.
- [6] Zhang L, Li X C, Fang W K, *et al.* Impact of different types of anthropogenic pollution on bacterial community and metabolic genes in urban river sediments [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **793**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.148475.
- [7] 雷远达, 燕鸿宇, 钟彩英, 等. 沉积物记录揭示的深圳湾红树林生态系统稳态转变[J]. *生态学报*, 2020, **40**(23): 8539-8548.
- Lei Y D, Yan H Y, Zhong C Y, *et al.* Regime shift recorded by sediments from the Futian mangrove ecosystem in the Shenzhen Bay [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, **40**(23): 8539-8548.
- [8] Sanyal S K, Brugger J, Etschmann B, *et al.* Metal resistant bacteria on gold particles: Implications of how anthropogenic contaminants could affect natural gold biogeochemical cycling [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **727**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.138698.
- [9] 余炎炎, 李梦莎, 刘啸林, 等. 大兴安岭典型永久冻土土壤细菌群落组成和多样性[J]. *微生物学通报*, 2020, **47**(9): 2759-2770.
- Yu Y Y, Li M S, Liu X L, *et al.* Soil bacterial community composition and diversity of typical permafrost in Greater Khingan Mountains [J]. *Microbiology China*, 2020, **47**(9): 2759-2770.
- [10] 孙峰, 田伟, 张菲, 等. 丹江口库区库滨带植被土壤细菌群落多样性及 PICRUSt 功能预测分析[J]. *环境科学*, 2019, **40**(1): 421-429.
- Sun F, Tian W, Zhang F, *et al.* Composition and predictive functional analysis of rhizosphere bacterial communities in riparian buffer strips in the Danjiangkou Reservoir, China [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(1): 421-429.
- [11] 李萍, 史荣久, 赵峰, 等. 大兴安岭落叶松林不同演替阶段土壤细菌群落结构与功能潜势[J]. *应用生态学报*, 2019, **30**(1): 95-107.
- Li P, Shi R J, Zhao F, *et al.* Soil bacterial community structure and predicted functions in the larch forest during succession at the Greater Khingan Mountains of Northeast China [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2019, **30**(1): 95-107.
- [12] 王蕊, 吴宪, 李刚, 等. 林地转型耕地对东北丘陵区白浆土 *cbfL* 细菌群落丰度和结构的影响[J]. *环境科学*, 2019, **40**(12): 5561-5569.
- Wang R, Wu X, Li G, *et al.* Effects of conversion of forest to arable land on the abundance and structure of the *cbfL*-harboring bacterial community in albic soil of the hilly region of Northeast China [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(12): 5561-5569.
- [13] 张双双, 靳振江, 贾远航, 等. 岩溶地区不同土地利用方式土壤固碳细菌群落结构特征[J]. *环境科学*, 2019, **40**(1): 412-420.
- Zhang S S, Jin Z J, Jia Y H, *et al.* Community structure of CO₂-fixing soil bacteria from different land use types in karst areas [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(1): 412-420.
- [14] Wang M, Zhao S W, Wang L F, *et al.* Salt stress-induced changes in microbial community structures and metabolic processes result in increased soil cadmium availability [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **782**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.147125.
- [15] Lee H, Heo Y M, Kwon S L, *et al.* Environmental drivers affecting the bacterial community of intertidal sediments in the Yellow Sea [J]. *Science of The Total Environment*, 2021, **755**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.142726.
- [16] Su Z G, Dai T J, Tang Y S, *et al.* Sediment bacterial community structures and their predicted functions implied the impacts from natural processes and anthropogenic activities in coastal area [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2018, **131**: 481-495.
- [17] 程豹, 望雪, 徐雅倩, 等. 澜沧江流域浮游细菌群落结构特征及驱动因子分析[J]. *环境科学*, 2018, **39**(8): 3649-3659.
- Cheng B, Wang X, Xu Y Q, *et al.* Bacterioplankton community structure in the Lancang River basin and the analysis of its driving environmental factors [J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(8): 3649-3659.
- [18] 万甜, 何梦夏, 任杰辉, 等. 渭河流域水体细菌群落的环境响应及生态功能预测[J]. *环境科学*, 2019, **40**(8): 3588-3595.
- Wan T, He M X, Ren J H, *et al.* Environmental response and ecological function prediction of aquatic bacterial communities in the Weihe River Basin [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(8): 3588-3595.
- [19] Hanif M A, Guo Z M, Moniruzzaman M, *et al.* Plant taxonomic diversity better explains soil fungal and bacterial diversity than functional diversity in restored forest ecosystems [J]. *Plants*, 2019, **8**(11), doi: 10.3390/plants8110479.
- [20] 张拓, 徐飞, 怀宝东, 等. 松花江下游沿江湿地土地利用变化对土壤细菌群落多样性的影响[J]. *环境科学*, 2020, **41**(9): 4273-4283.
- Zhang T, Xu F, Huai B D, *et al.* Effects of land use changes on soil bacterial community diversity in the riparian wetland along the downstream of Songhua River [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(9): 4273-4283.
- [21] Miao Y, Heintz M B, Bell C H, *et al.* Profiling microbial community structures and functions in bioremediation strategies for treating 1,4-dioxane-contaminated groundwater [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, **408**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2020.124457.
- [22] Zhao R X, Liu J, Feng J, *et al.* Microbial community composition and metabolic functions in landfill leachate from different landfills of China [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **767**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.144861.
- [23] Zhao L J, Huang Y X, Paglia K, *et al.* Metabolomics reveals the molecular mechanisms of copper induced cucumber leaf (*Cucumis sativus*) senescence [J]. *Environmental Science & Technology*,

- 2018, **52**(12): 7092-7100.
- [24] Liu F D, Mo X, Kong W J, *et al.* Soil bacterial diversity, structure, and function of *Suaeda salsa* in rhizosphere and non-rhizosphere soils in various habitats in the Yellow River Delta, China[J]. Science of the Total Environment, 2020, **740**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.140144.
- [25] 黄宏, 罗娜, 张硕. 海州湾海洋牧场表层沉积物中磷形态及释放通量[J]. 水产学报, 2020, **44**(6): 959-968.
Huang H, Luo N, Zhang S. Forms and releasing flux of phosphorus in the surface sediments in Haizhou Bay marine ranching[J]. Journal of Fisheries of China, 2020, **44**(6): 959-968.
- [26] Li M M, Kong F L, Li Y, *et al.* Impact of sub-watershed characteristics and changes on sediment DOM quantity and quality over Jiaozhou Bay[J]. Ecological Indicators, 2020, **118**, doi: 10.1016/j.ecolind.2020.106777.
- [27] 郝文超, 王从锋, 杨正健, 等. 氧化还原循环过程中沉积物磷的形态及迁移转化规律[J]. 环境科学, 2019, **40**(2): 640-648.
Hao W C, Wang C F, Yang Z J, *et al.* Speciation and transformation of phosphorus in sediments during the redox cycle [J]. Environmental Science, 2019, **40**(2): 640-648.
- [28] 杜先, 荀凡, 王亚蕊, 等. 蓝藻碎屑堆积对湖泊沉积物矿化特征的影响[J]. 湖泊科学, 2020, **32**(6): 1671-1682.
Du X, Xun F, Wang Y R, *et al.* Effects of algal-detritus accumulation on the mineralization characteristics of lake sediment[J]. Journal of Lake Sciences, 2020, **32**(6): 1671-1682.
- [29] 汤宁, 李如忠, 王聿庆, 等. 污水厂尾水受纳河段沉积物磷形态及释放风险效应[J]. 环境科学, 2020, **41**(2): 801-808.
Tang N, Li R Z, Wang Y Q, *et al.* Phosphorus forms and release risk of sediments in urban sewage treatment plant effluent and receiving stream reach[J]. Environmental Science, 2020, **41**(2): 801-808.
- [30] Liao H H, Yen J Y, Guan Y J, *et al.* Differential responses of stream water and bed sediment microbial communities to watershed degradation[J]. Environment International, 2020, **134**, doi: 10.1016/j.envint.2019.105198.
- [31] Obieze C C, Chikere C B, Selvarajan R, *et al.* Functional attributes and response of bacterial communities to nature-based fertilization during hydrocarbon remediation[J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2020, **154**, doi: 10.1016/j.ibiod.2020.105084.
- [32] Lee S A, Kim J M, Kim Y, *et al.* Different types of agricultural land use drive distinct soil bacterial communities[J]. Scientific Reports, 2020, **10**, doi: 10.1038/s41598-020-74193-8.
- [33] 吴玲. 富营养化太湖沉积物中微生物群落及对环境因子的响应[J]. 应用与环境生物学报, 2019, **25**(6): 1470-1476.
Wu L. Response of microbial community structure in eutrophic Taihu sediments to environmental factors[J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2019, **25**(6): 1470-1476.
- [34] 胡越航, 宣丽霞, 裴琼芬. 海水养殖尾水直排对河道沉积物细菌群落的影响[J]. 环境科学, 2019, **40**(9): 4185-4194.
Hu Y H, Xuan L X, Qiu Q F. Bacterial community composition in channel sediment in response to mariculture wastewater drainage[J]. Environmental Science, 2019, **40**(9): 4185-4194.
- [35] Giudice A L, Caruso G, Rizzo C, *et al.* Bacterial communities versus anthropogenic disturbances in the Antarctic coastal marine environment[J]. Environmental Sustainability, 2019, **2**(3): 297-310.
- [36] Jiao S, Wang J M, Wei G H, *et al.* Dominant role of abundant rather than rare bacterial taxa in maintaining agro-soil microbiomes under environmental disturbances [J]. Chemosphere, 2019, **235**: 248-259.
- [37] Xie G X, Kong X L, Kang J L, *et al.* Community-level dormancy potential regulates bacterial beta-diversity succession during the co-composting of manure and crop residues [J]. Science of the Total Environment, 2021, **772**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.145506.
- [38] Reddy B, Pandey J, Dubey S K. Assessment of environmental gene tags linked with carbohydrate metabolism and chemolithotrophy associated microbial community in River Ganga [J]. Gene, 2019, **704**: 31-41.
- [39] Cao H Y, Du Y J, Gao G L, *et al.* Afforestation with *Pinus sylvestris* var. *mongolica* remodelled soil bacterial community and potential metabolic function in the Horqin Desert [J]. Global Ecology and Conservation, 2021, **29**, doi: 10.1016/j.gecco.2021.e01716.
- [40] Mohsenpour S F, Hennige S, Willoughby N, *et al.* Integrating micro-algae into wastewater treatment: a review[J]. Science of the Total Environment, 2021, **752**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.142168.
- [41] Wang H H, Tian T, Gong Y, *et al.* Both environmental and spatial variables affect bacterial functional diversity in mangrove sediments at an island scale [J]. Science of the Total Environment, 2021, **753**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.142054.
- [42] Zhang L, Wang Z Y, Cai H, *et al.* Long-term agricultural contamination shaped diversity response of sediment microbiome [J]. Journal of Environmental Sciences, 2021, **99**: 90-99.
- [43] Wood J R, Burge O R, Bolstridge N, *et al.* Vertical distribution of prokaryotes communities and predicted metabolic pathways in New Zealand wetlands, and potential for environmental DNA indicators of wetland condition[J]. PLoS One, 2021, **16**(1), doi: 10.1371/journal.pone.0243363.
- [44] 李法云, 范志平, 张博, 等. 辽河流域水生生态功能一级分区指标体系与技术方法[J]. 气象与环境学报, 2012, **28**(5): 83-89.
Li F Y, Fan Z P, Zhang B, *et al.* An index system and a technical method for the first level aquatic ecoregion in the Liaohe River basin[J]. Journal of Meteorology and Environment, 2012, **28**(5): 83-89.

CONTENTS

Development Scenarios and Environmental Benefits Analysis of Future Power Generation Industry Under Two Modes in China	LIU Chun-jing, LÜ Jian-yi, ZHAO Wen-chang, <i>et al.</i>	(3375)
Forecasting of Emission Co-reduction of Greenhouse Gases and Pollutants for the Road Transport Sector in Lanzhou Based on the LEAP Model	PANG Ke, ZHANG Qian, MA Cai-yun, <i>et al.</i>	(3386)
Discussion of Air Quality Forecasting Evaluation for Cities Based on Half-level Method	WANG Xiao-yan, ZHU Li-li, XU Rong, <i>et al.</i>	(3396)
Characterization and Health Risk Assessment of Heavy Metals in PM _{2.5} in Xiamen Port	XIAO Si-han, CAI Mei-jun, LI Xiang, <i>et al.</i>	(3404)
Deposition Characteristics of Water-soluble Inorganic Nitrogen and Organic Nitrogen in Atmospheric Precipitation in the Northern Suburbs of Nanjing	ZHANG Jia-ying, YU Xing-na, ZHANG Yu-xiu, <i>et al.</i>	(3416)
Analysis of PM _{2.5} Transmission Characteristics in Main Cities of Jinzhong Basin in Winter	WANG Xiao-lan, WANG Yan, YAN Shi-ming, <i>et al.</i>	(3423)
Temporal Evolution and Source Apportionment of Black Carbon Aerosol in Ordos During Summer and Autumn 2019	KONG Xiang-chen, ZHANG Lian-xia, ZHANG Cai-yun, <i>et al.</i>	(3439)
Characteristics, Sources, and SOAP of VOCs During Winter in Jiyuan	WANG Fang, LI Li-xia, WANG Hong-guo, <i>et al.</i>	(3451)
Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds in August in the Chang-Zhu-Tan Urban Area	LUO Da-tong, ZHANG Qing-mei, LIU Zhan, <i>et al.</i>	(3463)
Ozone Sensitivity Analysis and Control Strategy in Shijiazhuang City in July 2019	ZHU Jia-xian, WANG Xiao-qi, OU Sheng-ju, <i>et al.</i>	(3473)
Spatiotemporal Variation and Influencing Factors of AOD in the North China Plain	GUO Lin, MENG Fei, MA Ming-liang	(3483)
Aerosol Optical Characteristics with Ground-based Measurements via Sun Photometer and Its Relationship with PM Particle Concentration in Chang'an	ZHENG Yu-rong, WANG Xu-hong, CUI Si-ying, <i>et al.</i>	(3494)
Spatial-temporal Distribution and Evolution Characteristics of Air Pollution in Beijing-Tianjin-Hebei Region Based on Long-term "Ground-Satellite" Data	WANG Yao-ting, YIN Zhen-ping, ZHENG Zuo-fang, <i>et al.</i>	(3508)
Ten-year Trend Analysis of Eutrophication Status and the Related Causes in Lake Hongze	CHEN Tian-yu, LIU Chang-qing, SHI Xiao-li, <i>et al.</i>	(3523)
Shallow Groundwater Around Plateau Lakes: Spatiotemporal Distribution of Phosphorus and Its Driving Factors	YANG Heng, LI Gui-fang, YE Yuan-hang, <i>et al.</i>	(3532)
Characteristics and Differences of Dissolved Oxygen Stratification in Different Tributaries of Three Gorges Reservoir During Impoundment Period	Ji Dao-bin, FANG Jiao, LONG Liang-hong, <i>et al.</i>	(3543)
Dissolved Organic Matter Component and Source Characteristics of the Metropolitan Lakes and Reservoirs in a Typical Karst Region	NI Mao-fei, ZHOU Hui, MA Yong-mei, <i>et al.</i>	(3552)
Characteristics, Sources, and Risk Assessment of Perfluoroalkyl Substances in Surface Water and Sediment of Luoma Lake	HUANG Jia-hao, WU Wei, HUANG Tian-yin, <i>et al.</i>	(3562)
Vertical Distribution Characteristics and Influencing Factors of Phytoplankton Community Structure in Qiandao Lake	WANG Ji-yi, HUO Di, GUO Chao-xuan, <i>et al.</i>	(3575)
Chemical Forms and Spatial Distribution of Phosphorus in the Sediment of Sihe River	ZHANG Zi-han, ZHANG Xin-ru, JIA Chuan-xing, <i>et al.</i>	(3587)
Influence of Optimal Land Use Allocation on Phosphorus Loss in the Process of Rainfall and Runoff	ZHOU Hao, CHEN Fang-xin, LUO Yi-feng, <i>et al.</i>	(3597)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Accumulated Heavy Metals in Bioretention Systems	CHU Yang-yang, YANG Long, ZHOU Yuan, <i>et al.</i>	(3608)
Effects of Damming and Impoundment on Planktonic Microbial Community Structure and Interspecific Interaction Patterns in Different Water Depths	WANG Xun, ZHANG Jia-jia, YUAN Qiu-sheng, <i>et al.</i>	(3623)
Identification of Bacterial Flora and Metabolic Function of Sediments in Different Channels of Duliujian River Basin, Tianjin	LIU Jia-yuan, FENG Yue, YANG Xue-chun, <i>et al.</i>	(3635)
Spatiotemporal Distribution and Source Apportionment of Suspended Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Surface Water	PENG Ke-xing, LI Rui-fei, ZHOU Yi-chen, <i>et al.</i>	(3645)
Spatial Variation and Potential Sources of Microplastics in Rivers in Tongzhou District, Beijing	MEN Cong, LI Di, ZUO Jian-e, <i>et al.</i>	(3656)
Effects of Microplastic Exposure on Crucian Growth, Liver Damage, and Gut Microbiome Composition	HU Jia-min, ZUO Jian-e, LI Jin-bo, <i>et al.</i>	(3664)
Influence of Different Types of Dewatering Agents on the Solidification Effect and Physical and Chemical Properties of Sediment	REN Jun, YIN Peng, WANG Wei-zhen, <i>et al.</i>	(3672)
Structural Characteristics of Micro-nano Particle Size Biochar and Its Adsorption Mechanism for Cd ²⁺	MA Wen-yan, PEI Peng-gang, GAO Ge, <i>et al.</i>	(3682)
Phosphorus Adsorption Characteristics of Different Biochar Types and Its Influencing Factors	LIAN Shen-hai, ZHANG Shu-nan, LIU Feng, <i>et al.</i>	(3692)
Development of Zeolite Loaded Mg-La-Fe Ternary (hydr)oxides for Treatment of Low Concentration Phosphate Wastewater	YIN Xue-jie, SONG Xiao-bao, DING Chen-man, <i>et al.</i>	(3699)
Succession and PICRUSt2-based Predicted Functional Analysis of Microbial Communities During the Sludge Bulking Occurrence and Restoration in One-stage Combined Partial Nitrification and ANAMMOX Process	LI Ya-nan, YAN Bing, ZHENG Rui, <i>et al.</i>	(3708)
Aerobic Granulation Stability and Microbial Diversity of Filamentous Bulking Sludge	GAO Chun-di, YANG Xiao-yang, OU Jia-li, <i>et al.</i>	(3718)
Dynamic Variation in Vegetation Cover and Its Influencing Factor Detection in the Yangtze River Basin from 2000 to 2020	XU Yong, ZHENG Zhi-wei, GUO Zhen-dong, <i>et al.</i>	(3730)
Enrichment and Ecological Risk Assessment of Available Phosphorus in Paddy Soil of Fujian Province Over Past 40 years	CHEN Zhong-xing, QIU Long-xia, CHEN Han-yue, <i>et al.</i>	(3741)
Effects of Land Use Change on Constitution, Stability, and C, N, P Stoichiometric Characteristics of Soil Aggregates in Southwest China Karst	HE Yu, SHENG Mao-yin, WANG Ke, <i>et al.</i>	(3752)
Heavy Metal Pollution and Health Risk Assessment of Mine Soil in Yangtze River Economic Belt	ZHANG Zhe, LU Ran, WU Si-yang, <i>et al.</i>	(3763)
Pollution Characteristics and Phytotoxicity of Heavy Metals in the Soil Around Coal Gangue Accumulation Area	SHANG Yu, SANG Nan	(3773)
Evaluation of Mercury Pollution in Soil of Different Land Use Types in Coal-fired Industrial Area	LI Qiang, YAO Wan-cheng, ZHAO Long, <i>et al.</i>	(3781)
Cadmium Enrichment and Bioavailability of Quaternary Profiles in Nansha District, Guangzhou, China	WANG Fang-ting, BAO Ke, HUANG Chang-sheng, <i>et al.</i>	(3789)
Health Risk Assessment and Environmental Benchmark of Heavy Metals in Cultivated Land in Mountainous Area of Northwest Guizhou Province	XU Meng-qi, YANG Wen-tao, YANG Li-yu, <i>et al.</i>	(3799)
Effect Factors and Model Prediction of Soil Heavy Metal Bioaccessibility	ZHANG Jia-wen, TIAN Biao, LUO Jing-jing, <i>et al.</i>	(3811)
Effect of Organic Material Amendments on Soil Respiration in Tobacco Fields of Central Henan	LU Qi-fei, YE Xie-feng, HAN Jin, <i>et al.</i>	(3825)
Methane Production Potential and Methanogenic Pathways in Paddy Soils Under Different Rice-based Cropping Systems	SHEN Wan-yu, HUANG Qiong, MA Jing, <i>et al.</i>	(3835)
Characteristics and Assembly Process of Reclaimed Soil Microbial Communities in Eastern Plain Mining Areas	MA Jing, DONG Wen-xue, ZHU Yan-feng, <i>et al.</i>	(3844)
Differences in Bacterial Community Structure in Rhizosphere Soil of Three <i>Caragana</i> Species and Its Driving Factors in a Common Garden Experiment	LI Yuan-yuan, XU Ting-ting, AI Zhe, <i>et al.</i>	(3854)
Comparison of Bacterial Community Structure and Functional Groups of Paddy Soil Aggregates Between Karst and Non-karst Areas	XIAO Xiao-yi, JIN Zhen-jiang, LENG Meng, <i>et al.</i>	(3865)
Contrasting Responses of the Microbial Community Structure and Functional Traits to Soil pH in Purple Soils	WANG Zhi-hui, JIANG Xian-jun	(3876)
Effects of Agricultural Organic Waste Incorporation on the Metabolic Capacity of Microbial Carbon Sources of Dissolved Organic Matter in Paddy Soil	XIAO Yi, LI Zheng, HUANG Rong, <i>et al.</i>	(3884)