

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区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)	

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^{1,2}, 董文雪², 朱燕峰³, 肖栋⁴, 陈浮^{1,3,*}

(1. 河海大学公共管理学院, 南京 211100; 2. 中国矿业大学化工学院, 徐州 221116; 3. 中国矿业大学环境与测绘学院, 徐州 221116; 4. 中国矿业大学中阿微生物采矿与土壤生态修复联合研究中心, 徐州 221116)

摘要: 复垦对恢复矿区土壤生产力极为重要, 但复垦土壤生产力重建的微生物学机制尚不清晰. 为此, 采集复垦 8 a、复垦 11 a、复垦 14 a 和复垦 17 a 这 4 个复垦时长和 1 个未复垦对照共 75 个表层土样进行 16S rRNA 扩增子高通量测序, 分析微生物群落组成、潜在功能及其组装机制. 结果表明: ①群落丰富度随复垦时间增加而增加, 且高于对照样. 但群落多样性和均匀度却随复垦时间增加而降低 ($P < 0.05$); ②复垦土壤中酸杆菌门 (Acidobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、变形菌门 (Proteobacteria) 和拟杆菌门 (Bacteroidetes) 占主导地位, 且前两者相对丰度显著高于对照样 ($P < 0.05$), 后两者则相反 ($P < 0.05$); ③复垦土壤中辅酶转运与代谢、翻译、核糖体结构与生物发生等 8 种功能呈正向演替, 随复垦时长不断增强; ④平原矿区微生物群落生态网络模块性良好, 且关键类群多属酸杆菌门和拟杆菌门. 群落组装以确定性过程为主导, 同质性选择贡献最大, 主要受当地特殊环境操控. 这些发现为改善复垦土壤生产力和生态服务提供了理论依据.

关键词: 土地复垦; 微生物群落; 生态网络; 关键类群; 群落组装

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)07-3844-10 DOI: 10.13227/j.hjks.202110018

Characteristics and Assembly Process of Reclaimed Soil Microbial Communities in Eastern Plain Mining Areas

MA Jing^{1,2}, DONG Wen-xue², ZHU Yan-feng³, XIAO Dong⁴, CHEN Fu^{1,3,*}

(1. School of Public Administration, Hohai University, Nanjing 211100, China; 2. School of Chemical Engineering and Technology, China University of Mining and Technology, Xuzhou 221116, China; 3. School of Environmental and Spatial Informatics, China University of Mining and Technology, Xuzhou 221116, China; 4. CUMT-UCASAL Joint Research Center for Biomining and Soil Ecological Restoration, China University of Mining and Technology, Xuzhou 221116, China)

Abstract: Understanding how soil microorganisms respond to land reclamation is essential to evaluating the success of ecological restoration actions in disturbed mine soil. However, the microbiological mechanism referred to as productivity reconstruction of the reclaimed soil is still unclear. To shed light on this mechanism, a total of 75 soil samples were collected for 16S rRNA amplicon high-throughput sequencing. The five sampling sites contained four reclamation plots (reclaimed 8 a, 11 a, 14 a, and 17 a) and 1 non-reclaimed plot, which served as the control sampling site. The microbial community composition, potential functions, and assembly mechanisms were also analyzed. The results showed that: ①the richness of the microbial community increased with the reclamation time and was higher than that of the control site. However, the community diversity and evenness decreased with the increasing reclamation year ($P < 0.05$). ②Acidobacteria, Chloroflexi, Proteobacteria, and Bacteroidetes dominated in the reclaimed soil, and the relative abundances of the first two phyla were significantly higher than that of the control ($P < 0.05$), whereas the latter two presented the opposite trends ($P < 0.05$). ③Eight functions, including coenzyme transport and metabolism, translation, ribosomal structure, and biogenesis, showed a positive succession in the reclamation sites and enhanced with increasing reclamation years. ④The molecular ecological networks of the microbial community in the plain mining area were well modular, whereas the key microbial groups belonged to the Acidobacteria and Bacteroidetes. The microbial communities were dominantly assembled with the deterministic process, and the homogeneous selection contributed the most, which might have been mainly controlled by the local special environment. The results presented herein will undoubtedly aid in the establishment of success indicators of ecological restoration activities in disturbed mining soil. These findings also provide the theoretical basis for improving the productivity and ecological services of reclaimed soil.

Key words: land reclamation; microbial community; ecological network; key species; community assembly

2020 年中国生产了 38.4 亿 t 煤炭, 占全球的 51.0%. 其中: 井工开采占比超 90.0%^[1], 它极易产生裂隙和塌陷, 对地表造成不可逆转地破坏, 从而影响了农业生产和生态环境的可持续性. 目前, 我国井工开采土地损毁约为 $0.1 \sim 0.3 \text{ hm}^2 \cdot (10^4 \text{ t})^{-1}$, 东部平原矿区尤为严重^[1]. 该区煤粮复合和潜水位高^[2], 开采沉降后极易积水成湖, 并向湿地转变, 不但破坏了大量优质耕地, 还形成农田下水直排入湖导致水体富营养化, 彻底改变农田物质循环和水土资源平衡, 威胁国家粮食安全和区域生态安全^[1]. 为减缓上述威胁, 东部平原矿区复垦的主要方向为

农田^[3], 但复垦农田土壤肥力低且种植效益差, 一直限制着地方复垦和农户种植的积极性.

平原矿区复垦主要采取固废充填、表土回填、上覆压实^[1,4]和重构土体^[5]. 但复垦土壤往往质地砂、肥力低、盐碱重、结构散^[6,7]和保水保肥能力差, 严重制约着土地利用方式和农田作物产量^[8]. 复垦土壤的自然恢复十分缓慢^[5], 主要归结于复垦

收稿日期: 2021-10-05; 修订日期: 2021-11-16

基金项目: 国家自然科学基金项目 (41907405, 51974313); 江苏省自然科学基金项目 (BK20180641)

作者简介: 马静 (1982 ~), 女, 博士, 副研究员, 主要研究方向为矿区生态修复, E-mail: jingma2013@cumt.edu.cn

* 通信作者, E-mail: chenfu@cumt.edu.cn

土壤一般受风蚀、水蚀或污染等持续干扰^[1], 缺少激发机制和恢复力. 微生物作为土壤系统中最活跃的组分, 在物质循环和养分转化等过程中起关键催化作用^[9,10]. 先前矿区复垦侧重于田块平整和农田配套工程, 忽视土壤生态功能保育和恢复力重建, 造成复垦后一些土壤性状不受控, 从而导致土壤微生物群落关键功能丧失^[11]. 因此, 激发微生物功能成为评估复垦土壤恢复是否成功的重要标准^[12]. 但评估需要长期监测, 责任矿山不愿投入和农户无力持续投入, 导致复垦土壤生物群落多样性及其功能的长期监测科学数据的缺失^[13]. 尽管有少数研究已关注这一问题^[12,14], 但无法填补复垦土壤微生物群落及组装机制知识缺失的鸿沟^[15].

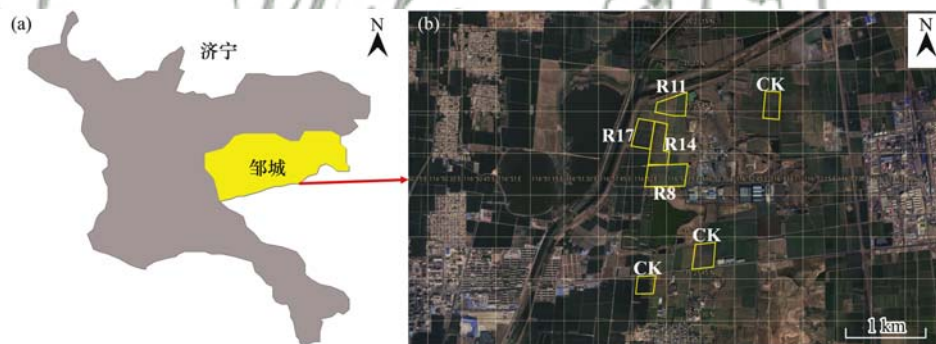
当前, 高通量测序已成为打开微生物黑箱的常规方法, 但如何将测序结果转化为新的实用知识仍具一定的挑战性^[11]. 分子生态网络分析方法能识别微生物菌群间相互作用和关键种群^[16], 对监测和评估微生物关键类群及相关生态功能变化十分有益^[17,18]. 此外, 复杂的复垦土壤环境如何影响微生物群落组装? 这一过程又受何种机制操控? 目前尚未见复垦土壤关键类群变化及组装机制的相关报道. 为此, 本文选择山东邹城矿复垦土壤为研究对

象, 采集 4 个复垦时长和 1 个对照共 75 个土样, 利用高通量测序和分子生态网络分析方法, 探索复垦时长对土壤微生物群落结构和功能的影响, 揭示关键类群间相互作用及组装机制, 以期科学评估复垦土壤发育和矿山扰动土壤恢复提供新见解.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

山东邹城市位于东经 116°44'30" ~ 117°28'54"、北纬 35°09'12" ~ 35°32'54" (图 1), 属于暖温带季风气候, 年降水量为 777.1 mm, 年均气温为 14.1℃. 土壤为棕色潮土, 砂、壤和黏分别占 22.3%、65.9% 和 11.8%. 从 2001 年起, 利用煤矸石充填、客土回填, 再机械压实复垦沉陷地, 一般充填 200 ~ 400 cm, 客土回填 80 cm^[4], 4 个复垦地块均采用相同复垦模式, 且客土来源相同. 依据不同复垦年限时长, 分别记为 R17 (复垦 17 a)、R14 (复垦 14 a)、R11 (复垦 11 a) 和 R8 (复垦 8 a), 复垦后由专业公司统一耕作, 主要种植小麦和大豆一年两熟, 本研究选择的样地除复垦时长不同外, 地形、气候、种植模式、耕作和施肥方式等均保持一致, 形成良好的复垦序列.



R8 表示复垦 8a, R11 表示复垦 11 a, R14 表示复垦 14 a, R17 表示复垦 17 a, CK 表示对照, 下同

图 1 研究区位置和采样点示意

Fig. 1 Location of the study area and sampling sites

1.2 样品采集与处理

2019 年 5 月 4 日, 从 4 块复垦区 (R_x) 随机 5 点法采集各 15 个 0 ~ 10 cm 表土样, 并从附近选取 3 块未受采矿影响的农田随机 5 点法采集各 5 个 0 ~ 10 cm 表土样作为对照 (CK), 总共 75 个样品. 样品采集后现场剔除植物根系、砾石等, 并将土样充分混合均匀, 无菌密封保存于 4℃ 车载冰箱, 返回实验室后储存于 -20℃ 冰箱, 用于微生物高通量测序分析.

1.3 高通量测序分析

使用 Fast DNA SPIN kit (MP Biomedicals, 美国), 并遵循试剂盒说明, 从 75 个新鲜土样中分别

提取 DNA, 使用 NanoDrop one 测量 DNA 浓度和纯度. 引物 515F (5'-GTGCCAGCCGCTAA-3') 和 907R (CCGTCAATTCMTTTRAGTT) 用来扩增细菌 16S rRNA 基因的 V4 ~ V5 区域. PCR 反应使用 BioRad S1000 仪器 (伯乐, 美国) 进行. 50 μ L 体积的 PCR 混合物含有 25 μ L Taq 复合物 (宝生物, 大连)、每个引物 1 μ L (10 μ mol·L⁻¹) 和 3 μ L DNA 模板 (20 ng· μ L⁻¹). PCR 扩增程序如下: ① 94℃ 5 min 初始化; ② 30 个循环, 94℃ 30 s 变性, 52℃ 30 s 退火, 72℃ 30 s 延伸; ③ 72℃ 10 min 最终延伸. 利用 GeneTools Analysis Software (Version 4.03.05.0, SynGene) 对 PCR 产物进行浓度对比后, 按照质量分

数计算各样品所需体积,将各 PCR 产物进行混合. 使用 E. Z. N. A.® Gel Extraction Kit 凝胶回收试剂盒回收 PCR 混合产物, TE 缓冲液洗脱回收目标 DNA 片段. 按照 NEBNext® Ultra™ DNA Library Prep Kit for Illumina® 标准流程进行建库操作. 使用 Illumina HiSeq 2500 平台对构建的扩增子文库进行 PE250 测序(美格基因,深圳).

测序数据处理包括:利用 Trimmomatic 软件分别对双端的 Raw Reads 数据进行质量过滤;利用 FLASH 软件对每对 PE reads 进行拼接,将成对的 reads 拼成一条序列;根据序列首尾两端的 barcode 和引物信息等,利用 Mothur 软件将序列分配至相应的样品中,最终得到有效的拼接片段^[7]. 利用 usearch V10 软件对所有样品的全部 Clean Tags 进行聚类,默认以 97% 的一致性将序列聚类成为 OTU. 在聚类的时候,用 usearch 剔除嵌合体 and singleton 序列,然后进行代表性序列物种注释^[15]. 16S rRNA 基因的原始序列数据已保存在 NCBI 数据库中,登记号为 PRJNA674491.

1.4 分子生态网络分析

本研究采用 MENA 平台(<http://ieg4.recc.ou.edu/mena>)构建分子生态网络,具体方法如下:将所得 OTUs 数据进行 lg 转换,计算相关矩阵,并基于斯皮尔曼相关系数,转化为相似性矩阵^[16]. 根据随机矩阵理论,选择最优相似阈值从相似矩阵倒数邻接矩阵,用邻接矩阵编码每对节点之间的连接强度,通过分析相关矩阵特征值的最近邻间距分布预测生态群落^[19]. 生态网络中 OTU 作为节点,边表示节点间的连接,当网络内一组 OTUs 之间的连接较多,且与组外的连接较少时,可将这组 OTUs 视为一个模块,模块化(modularity)表示网络中所有能被划分为模块的 OTUs 所占比例,模块化程度越高说明网络冗余越少^[20]. Z - P 图表达模块中基于拓扑角色的 OTUs 分布状况,每个点代表数据集中的 OTU,根据模块内连接度(Z_i)和模块间连接度(P_i)散点图确定各 OTU 的拓扑作用,识别模块枢纽(module hubs),连接节点(connectors)和网络枢纽(network hubs),其中, $Z_i \geq 2.5$ 的 OTUs 被视为模块枢纽, $P_i \geq 0.62$ 的 OTUs 被视为网络中的连接节点,同时满足这两个条件的被视为网络枢纽^[21]. 微生物分子生态网络图采用 Gephi 软件(v0.9.2)进行可视化,同时计算生态网络拓扑参数.

1.5 数据统计与分析

微生物信息分析在美格基因云平台(<http://www.magichand.online/h5-BioCloud-site/>)上进行分析,包含 Pan(泛)和 Core(核心)物种分析、 α 多样

性指数、 β 多样性分析(NMDS、PCA)和 16S COG 功能预测分析. 所得数据采用 SPSS 20.0 (IBM, 美国)进行单因素方差分析(ANOVA)、 T -检验、wilcoxon 和 Kruskal-Wallis 秩和检验,利用 Origin 9.0 (Origin Lab, 美国)绘制丰度雷达图、功能柱状图和生态网络 Z - P 散点图. 在 Hplot 平台(<https://hplot.com.cn/>)上传数据后自动运行获得箱式图和弦图. 在 Galaxy/DengLab 平台上(<http://mem.rcees.ac.cn:8080/>)利用零模型解析微生物群落生态过程^[22],探究微生物群落组装方式. 先计算获得 β -nearest taxon index(β -最近物种指数, β NTI)和 Raup-Crick 矩阵(RC_{bray})等参数,当 $|\beta$ NTI| 值 > 2 时,表示群落组装过程为确定性过程; $|\beta$ NTI| 值 < 2 时,表示群落组装以随机性过程为主^[23]. 同时,当 RC_{bray} 值 $> +0.95$ 、 RC_{bray} 值 < -0.95 及 $|\beta$ NTI| 值 < 0.95 时,分别表示随机性过程为扩散限制、同质扩散和不明过程^[23].

2 结果与分析

2.1 不同复垦时长下土壤微生物群落多样性变化

从 75 个样品测序中共取得 2 942 739 条有效序列,在 97% 序列相似度水平上聚类为 194 073 个 OTUs, CK 低于 Rx 且在 5% 水平上显著差异[图 2(a)和 2(b)]. OTU 水平上 α 多样性结果显示: Rx 的 Chao1 指数高于 CK,且随复垦时长增加呈逐渐上升的趋势[图 2(c)], R17 和 R14 的 Chao1 指数极显著高于 CK ($P < 0.01$). Rx 的 Shannon 指数低于 CK[图 2(d)],尤其是 R17 和 R14 显著低于 CK ($P < 0.05$). Simpson 指数呈现与 Shannon 指数相似的趋势[图 2(e)]. Rx 的 Pielou 均匀度指数低于 CK,尤其是 R17 和 R14 最为显著 ($P < 0.01$)[图 2(f)]. 这说明复垦改变了土壤微生物物种数,复垦时长增加物种的相对丰度. 但 α 多样性和均匀度均下降,说明新物种的产生改变了群落物种水平.

OTU 水平上 β 多样性结果显示:PCA 分析中除 CK 与 R8 组少数样点外,不同组间分离明显且组内相对紧密. R14 和 R17 组样点较紧密,但与 CK 距离远, R8 和 R11 组样点沿 y 轴与 CK 部分重合[图 3(a)]. PCA 两轴样本间差异的总解释度为 89%,充分解释了不同组样本间的差异和相似度. NMDS 分析中 CK 和 R17 在 x 轴上与其它组存在距离, R8、R11 和 R14 在 x 轴上微生物系统发育更为接近. 与此同时, R8 和 R11 在 y 轴上与 R14 产生距离[图 3(b)]. 这表明不同复垦时长及 CK 之间微生物群落多样性存在差异.

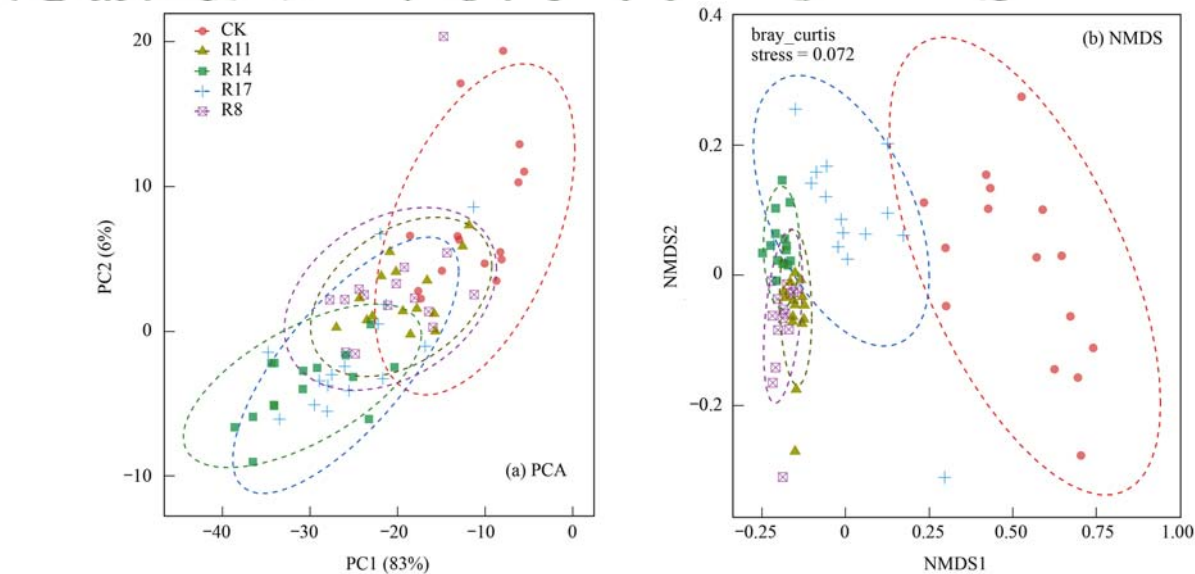
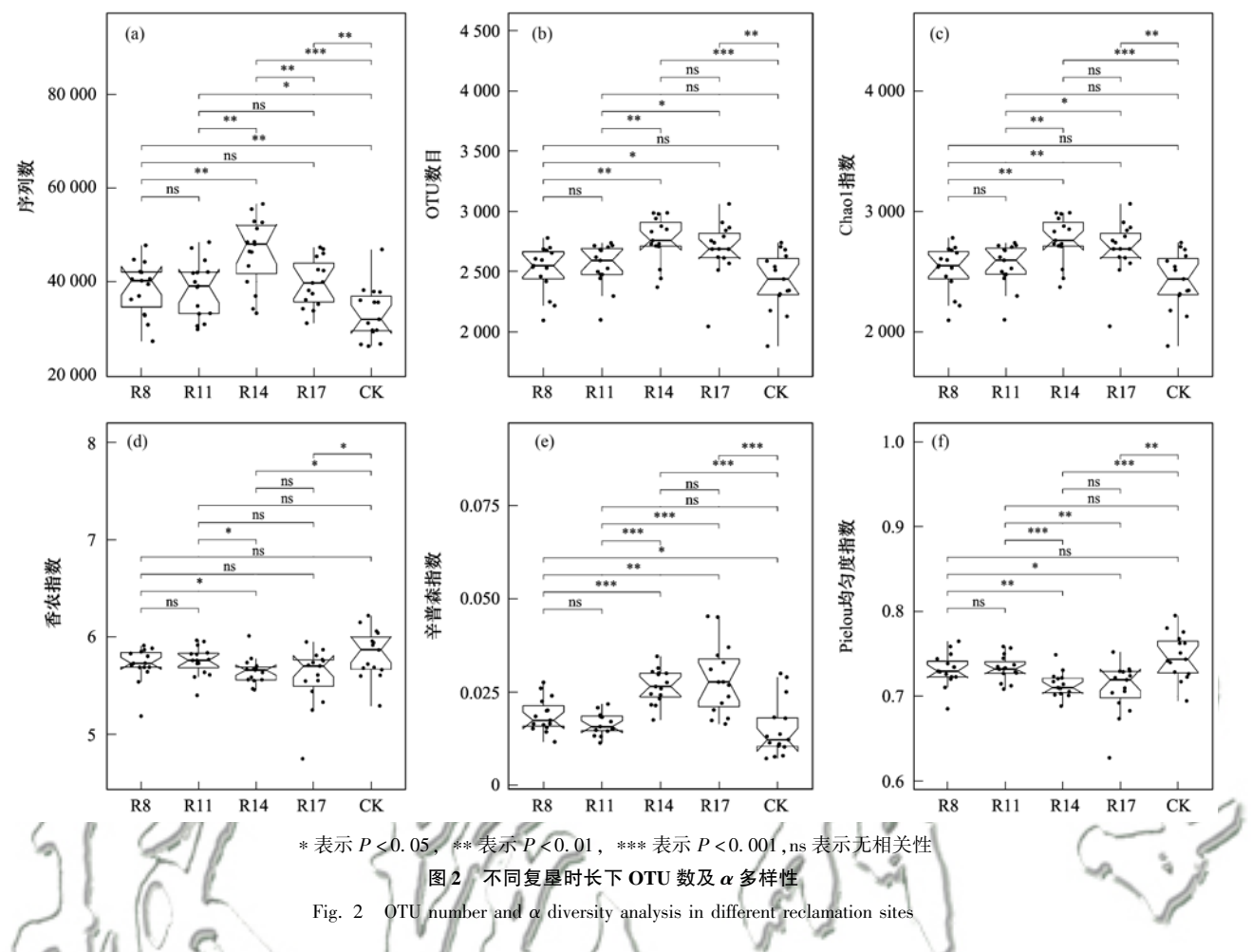


Fig. 3 The β diversity analysis in different reclamation sites

2.2 不同复垦时长下土壤微生物群落组成与功能预测

复垦土壤中占主导地位菌门有拟杆菌门 (Bacteroidetes)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、变形菌门 (Proteobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi) 和浮霉菌门 (Planctomycetes), 分别占 $23.0\% \pm 3.6\%$ 、 $23\% \pm$

1.8% 、 $18\% \pm 2.1\%$ 、 $15.8\% \pm 3.5\%$ 和 $6.5\% \pm 0.5\%$ [图 4(a)]. Rx 中酸杆菌门和绿弯菌门极显著高于 CK ($P < 0.01$), 而拟杆菌门和变形菌门则完全相反 ($P < 0.01$). 属水平上 *RB41* 在复垦土壤中占主导地位, 相对丰度为 $11\% \pm 1.3\%$, 且 Rx 极显著高于相对丰度约为 5.7% 的 CK 样本 ($P < 0.01$). 然

而,鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、黄色土源菌属(*Flavisolibacter*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、马赛菌属(*Massilia*)和地杆菌属(*Pedobacter*)等5个丰

富菌属则完全相反,CK中相对丰度显著高于Rx样点[$P < 0.05$,图4(b)],这表明5个丰富菌属对复垦引发的环境变化相对敏感.

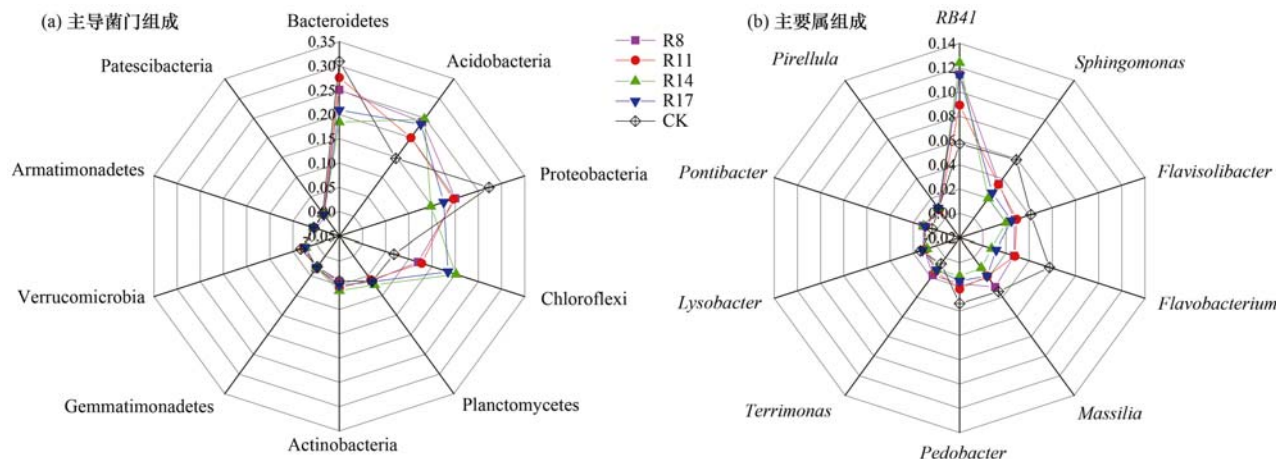


图4 不同复垦时长下主导菌门和属的物种组成

Fig. 4 Dominating compositions of microbial communities on the phylum and genus level in different reclamation sites

16S COG 功能预测分析表明 Rx 微生物群落具有相似的功能特征,功能基因包括4个一级功能层和25个二级功能层.20个二级功能层的相对丰度 $>1\%$ (图5),主要包含翻译、核糖体结构和生物发生,氨基酸转运与代谢等功能,最主要的14种功能相对丰度 $>80\%$,Rx相对丰度略高于CK.此外,Rx在辅酶转运与代谢,翻译、核糖体结构与生物发生等8种功能上与CK存在差异,这些功能随复垦时长正向变化,在Rx环境下不断增强.而碳水化合物转运与代谢,脂质转运与代谢,无机离

子转运与代谢等9种功能则在Rx环境下有所减弱.

2.3 不同复垦时长下微生物群落分子生态网络特征变化

共发生网络分析表明:CK网络结构远比Rx更加复杂[图6(e)],R8、R11、R14和R17网络分别由186、234、280、313个OTU节点和262、349、319、637条边构成[图6(a)~6(d)],远低于CK(337个节点和1002条边).拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、变形菌门(*Proteobacteria*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)、浮霉菌门(*Planctomycetes*)、放线菌门(*Actinobacteria*)、疣微菌门(*Verrucomicrobia*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*)和芽单胞菌门(*Gemmatimonadetes*)等8个菌门占共发生网络OTU节点 $>90\%$,其中:*Bacteroidetes* ($26.1\% \pm 3.3\%$)和*Proteobacteria* ($16.2\% \pm 4.2\%$)始终占据主导地位.Rx网络节点之间正向关系显著高于CK,菌群之间更趋向于合作[图6(a)~6(d)].

一般将模块内连接度 $Z_i \geq 2.5$ 或模块间连接度 $P_i \geq 0.62$ 的节点视为关键物种^[21],从图7可知: $>97\%$ 的节点为外围节点,R8有3个模块枢纽节点,包括OTU178、OTU2和OTU5380.R11有3个模块枢纽节点,分别为OTU225、OTU47和OTU7.R14、R17和CK各有4个模块枢纽节点.但不同处理中连接节点数差异显著,R8(5个)、R11(5个)、R14(4个)和R17(8个)远低于CK(16个)(图7).这些模块枢纽和连接节点可认为是关键物种,Rx的关键物种与CK之间存在显著差异,且不同复垦时长生态网络的关键物种也明显区分.

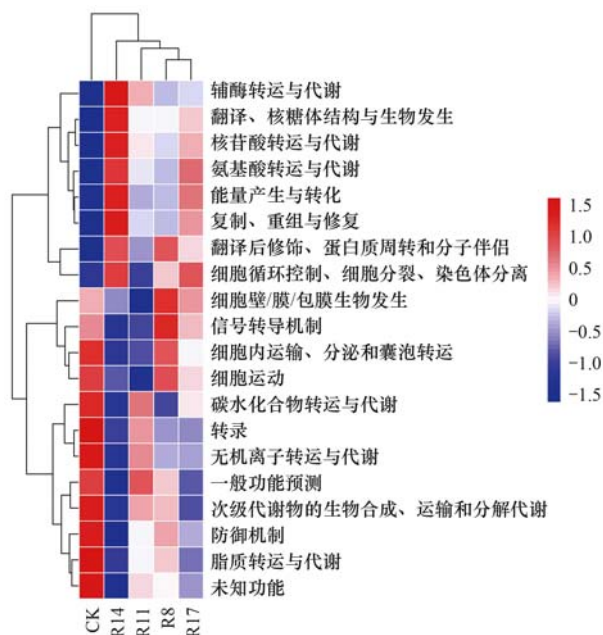


图5 16S COG 最重要20个二级功能层分析热图

Fig. 5 Heatmap of the 20 key functions on the hierarchy level 2 of the relative abundances of 16S COG predicted gene functions

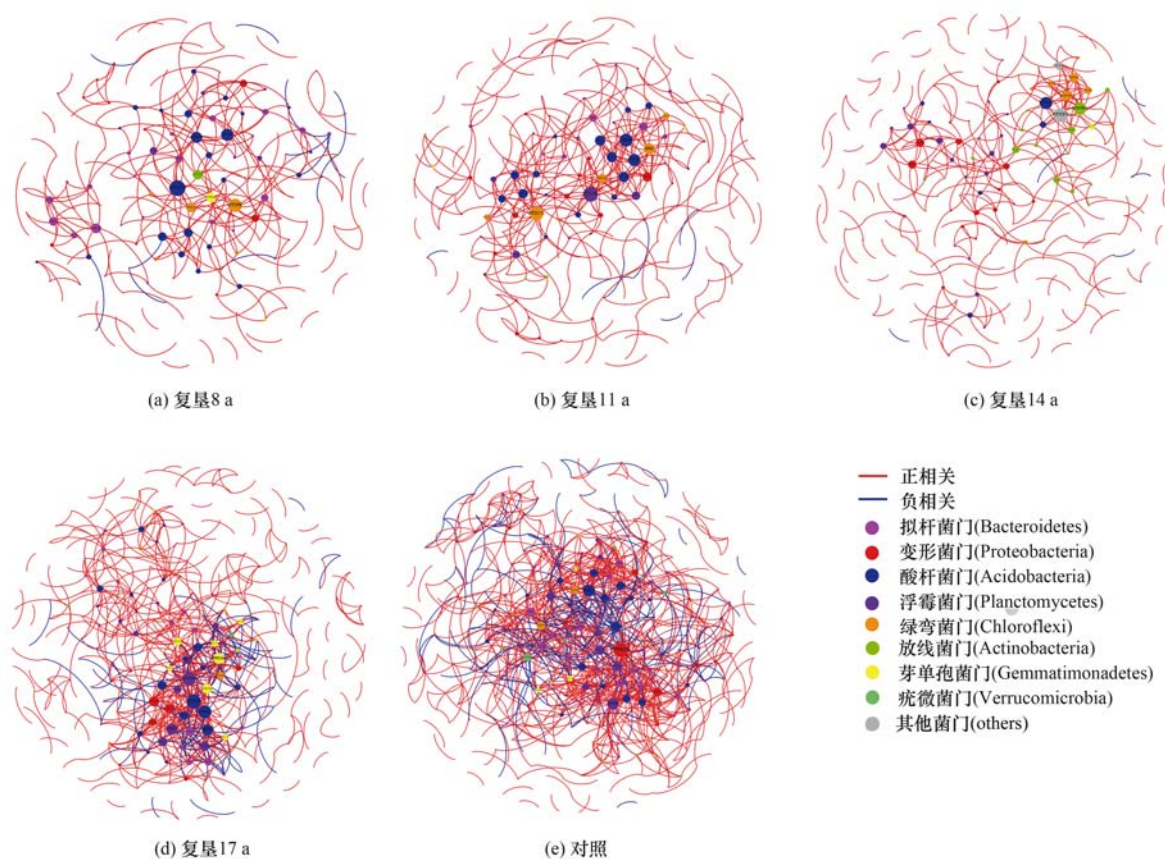


图6 不同复垦时长下土壤微生物群落共发生网络

Fig. 6 Co-occurrence molecular ecological networks retrieved from sampling plots subjected to different land reclamation times

2.4 不同复垦时长下土壤微生物群落组装过程

从不同复垦时长 $|\beta NTI|$ 值来看, R_x 和 CK 微生物群落构建以确定性组装为主导, 贡献率 $>80\%$ [图8(a)]. 除 R8 外, 其余 R_x 和 CK 的 βNTI 值呈显著性差异($P<0.05$). 为进一步深入了解组装机制, 计算 $|\beta NTI|$ 值 <2 的条件下 $|RC_{bray}|$ 值 [图8(b)], 发现 R_x 和 CK 之间微生物群落随机性组装过程存在显著差异($P<0.05$), 以不明确过程为主($|RC_{bray}|$ 值 <0.95). 其中: R8、R11、R14 和 CK 之间微生物群落随机性组装过程存在极显著差异($P<0.01$), R17 群落随机性组装过程十分接近 CK, 这说明随复垦时间延长, 环境胁迫因子逐渐消除, 土壤微生物群落构建逐渐由确定性组装向随机性组装过渡.

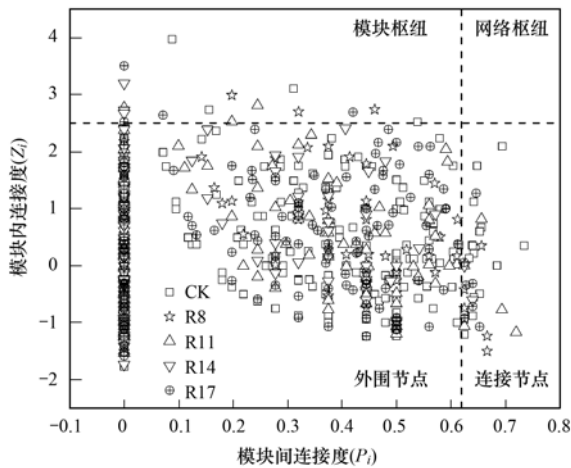
所有样品确定性组装过程占主导 (图9), R8、R11、R14、R17 和 CK 贡献率分别为 89.5%、94.3%、83.8%、86.7% 和 82.9%, 同时 $\beta NTI>2$, 即为同质选择. 随机性组装过程贡献小, 但不同复垦时长下随机性组装机制不一, 扩散限制仅在 R17 和 CK 中有贡献 (RC_{bray} 值 >0.95), 分别占 1.0% 和 4.8%; 同质扩散仅在 R_x 中有贡献 (RC_{bray} 值 <-0.95), 对 R8、R11、R14 和 R17 的贡献分别为 6.7%、4.8%、9.5% 和 3.8%; 不明确过程对所有

样地均有贡献 ($|RC_{bray}|$ 值 <0.95), 其中: CK 中贡献相对较大, 为 12.4%.

3 讨论

3.1 复垦时长对微生物群落结构与功能的影响

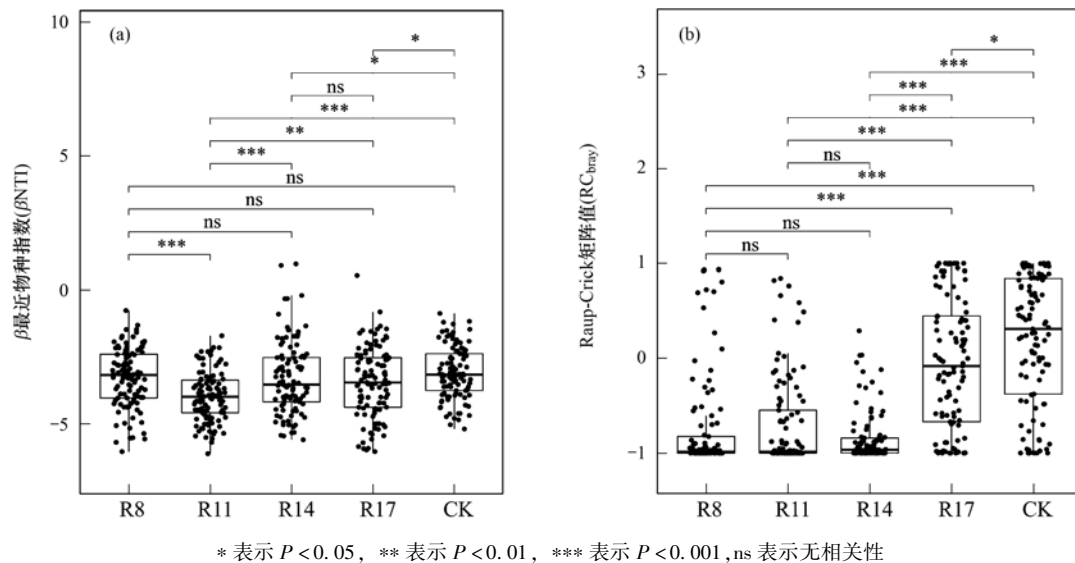
矿区复垦改善了土壤环境胁迫状况, 从而促进土壤微生物群落区系发育^[15,24]. 本研究显示 R_x 物种丰富度随复垦时长增加, 多样性和均匀度随复垦时长下降 (图2). 这与 Zhang 等^[20] 的研究观察到沙化草地复垦土壤微生物群落均匀度较低相一致, 主要归结于随时间增加复垦土壤发育的空间异质性也变大, 群落均匀度下降. 但物种相对丰度却随环境胁迫消除得到发展, 或那些能够适应特殊环境的菌种受到激发^[12,20]. 复垦土壤 β 多样性在 R_x 序列上存在显著变化, CK 样点远离 R14 和 R17 组, 与 R8 和 R11 组距离近, 第1轴解释度高达 83%, 所解释的样本间关系是可信的 [图3(a)]. 但 CK 与距离较近的 R8 和 R11 群落组成明显不同, CK 组在第2轴上距 R8、R11、R14 和 R17 组样点呈越来越远的趋势 [图3(b)]. 这表明随复垦时长增加, R_x 群落组成与 CK 越相似. 这与 Helingerová 等^[25] 的研究发现长期复垦后场地可为微生物创造更为理想的生存条件的结论相一致. 微生物群落结构在 R_x 序列上的变化也



连接节点数: R8 有 5 个, 其中酸杆菌门 1 个, 拟杆菌门 2 个, 绿弯菌门 2 个; R11 有 5 个, 其中酸杆菌门 2 个, 拟杆菌门 1 个, 浮霉菌门 1 个, 变形菌门 1 个; R14 有 4 个, 其中酸杆菌门 2 个, 浮霉菌门 1 个, 变形菌门 1 个; R17 有 8 个, 其中酸杆菌门 2 个, 拟杆菌门 2 个, 绿弯菌门 1 个, *Dependentiae* 1 个, 迷踪菌门 1 个, 浮霉菌门 1 个; CK 有 16 个, 酸杆菌门 3 个, 放线菌门 1 个, 拟杆菌门 4 个, 芽单胞菌门 1 个, 骺骨细菌门 1 个, 浮霉菌门 3 个, 变形菌门 2 个, 疣微菌门 1 个。模块枢纽数: R8 有 3 个, 均属于酸杆菌门; R11 有 3 个, 均属于拟杆菌门; R14 有 4 个, 其中酸杆菌门 1 个, 拟杆菌门 1 个, 硝化螺旋菌门 1 个, 浮霉菌门 1 个; R17 有 4 个, 其中拟杆菌门 2 个, 芽单胞菌门 1 个, 浮霉菌门 1 个; CK 有 4 个, 其中酸杆菌门 1 个, 绿弯菌门 1 个, 浮霉菌门 1 个, 变形菌门 1 个。

图 7 不同复垦时长下土壤微生物群落分子生态网络 Z-P 图

Fig. 7 The Z-P plot of different microbial molecular ecological networks in different reclamation sites



* 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$, *** 表示 $P < 0.001$, ns 表示无相关性

图 8 不同复垦时长下微生物群落 β NTI 值和 RC_{bray} 值

Fig. 8 The β NTI and RC_{bray} values of microbial communities in different reclamation sites

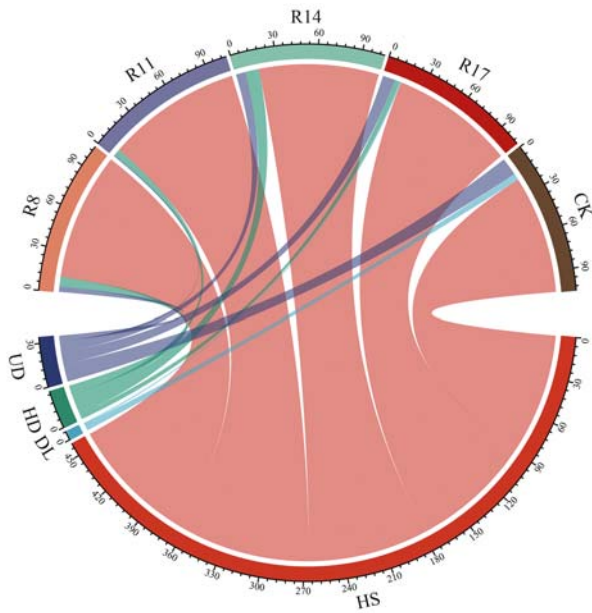
属,其在好氧条件下易产生过氧化氢酶,具有较强的芳香族化合物降解能力^[32,33]。黄杆菌属是一类以产生黄色素为特征的革兰氏阴性杆菌菌属,可降解碳水化合物,分解脂肪和蛋白质,亦具有耐盐性^[34,35]。

进一步证实,土壤微生物可能会复苏或恢复直至接近原始水平,Li 等^[26]的研究也取得过类似的结论。

CK 和 Rx 组微生物群落在门和属水平上分布明显不同,表明复垦及时长对微生物群落组成产生了影响^[7]。本研究中拟杆菌门、变形菌门和疣微菌门相对丰度在 Rx 时序上降低,且丰度低于 CK; 酸杆菌门、绿弯菌门和放线菌门相对丰度在 Rx 时序上增加,且高于 CK[图 4(a)]。这与 Li 等^[27]的研究发现并不一致,主要原因是平原矿区潜水位高,复垦后田块每年反复返碱,从而影响了土壤 pH 值。本研究观察到所有 Rx 样品中酸杆菌门一直为主要门类[图 4(a)],其丰度与 pH 值存在正向关系。这与 Griffiths 等^[28]的研究报道完全不同,酸杆菌门相对丰度并没随 pH 值增加而下降。此外,Rx 序列高 pH 值也解释了放线菌门丰度的增长[图 4(a)],与碱性土有较大亲和力。一般干旱半干旱矿区复垦土壤中放线菌门最为丰富^[29],本研究中相对丰度仅排第 7,可能与高土壤湿度密切相关。事实上,本研究观察到绿弯菌门相对丰度随 Rx 时序增长,主要与高的潜水位有关^[30],并与浮霉菌门丰度正向关系,浮霉菌门一般是存在于微咸水中的水生细菌^[31]。同时,也与复垦土壤保水能力不断改善密切相关。细菌群落在属水平上更能体现出演替方向的区别,而且环境选择作用在属水平上体现地更加明显[图 4(b)]^[13]。其中,作为革兰氏阴性菌的鞘氨醇单胞菌

二者在复垦活动后丰度下降,说明复垦活动可能对其好氧生存环境造成挑战,且在一定程度上限制了其能源需求^[36]。

土壤微生物群落结构改变必定影响其功能,本



HS 表示同质选择, HD 表示同质扩散, DL 表示扩散限制,
UD 表示不明确过程

图9 不同复垦时长下不同生态过程对微生物群落组装的贡献

Fig. 9 Contribution of different ecological processes to microbial assembly processes in different reclamation sites

研究中微生物代谢功能活跃(相对丰度 > 40%),这与复垦土壤环境胁迫防御及与其它生物互作等密切相关(图5)。复垦土壤相对贫瘠,微生物加大碳水化合物转运与代谢功能,促进固氮、溶磷,强化自身对养分的吸收和利用。变形菌门相对丰度在 Rx 序列上呈减少趋势,可能与复垦土壤污染状态减少有关。众所周知,变形菌门是一系列有机污染的高效降解菌,假单胞菌、伯克霍尔德氏菌等含 PAHs 降解基因^[37~39]。这些功能蛋白表达的活跃不仅改善了贫瘠土壤的营养循环,也反映了群落功能对长期复垦土壤农业生产的响应,彰显微生物群落对外界刺激的差异化生存策略。

3.2 复垦时长对微生物菌群间相互作用及组装过程的影响

关键类群对复垦土壤微生物组装至关重要,本研究利用共发生网络和 Z-P 图探索 Rx 和 CK 组物种的变化,发现不同复垦时长微生物菌群间相互作用发生了显著变化(图6和图7)。随复垦时间延长,网络连接节点、模块枢纽或网络枢纽增加,表明微生物群落间相互作用不断紧密,抗干扰能力持续增加^[40~42]。CK 几乎未受任何扰动,因此网络间互作最为复杂, R17 次之。这说明随复垦时间延长,微生物群落稳定性越来越好,互作越来越紧密,复垦时长显著地影响菌群间相互作用^[7,15]。此外,5 个网络中微生物物种有较大差异,优势类群在复垦时序上也发生了较大变化(图6)。有研究报道了不同环境中

的关键类群^[17],但矿区复垦土壤中关键类群如何演化的研究几乎是空白。本研究发现不同复垦时长下关键类群有差异(图6和图7),拟杆菌门和酸杆菌门占主导地位,但一些相对丰度低的菌门,如浮霉菌门,除 R8 外,它与酸杆菌门和变形菌门始终显示为关键类群。事实上,随复垦时长变化,高丰度类群消失,这也意味着物种相对丰度与关键类群并不直接相关,之间并没有直接相关关系。优势菌门的变化可能导致土壤功能的变化^[24],考察不同复垦时长下微生物群落网络相互作用和功能的变化,发现土壤生态系统随复垦时长向更复杂稳定系统方向演化。

本研究发现复垦土壤微生物群落组装以确定性过程为主导(图8和图9),表明群落结构与功能受当地特定环境选择操控。这样的同质性选择可能与高潜水位地区长期耕作管理及其形成的特定农田土壤环境有关,从该区水稻土微生物群落组装也获得类似的结论^[43],也表明复垦并未改变群落组装机制,仍取决于立地环境条件的自然选择。有报道指出深海极端寡营养环境和隧道黑暗无光极端环境下群落组装以异质性确定性过程为主导^[44,45],也说明了群落所处环境条件决定了组装过程。虽然以确定性组装过程为主导,但 Rx 贡献比高于 CK。随机性组装过程中扩散限制对 R17 和 CK 有贡献,不明确过程在 CK 贡献最高。这些结果表明复垦及时长确实影响了微生物群落组装。随机性组装过程中同质扩散仅在 Rx 序列中有贡献,表明复垦后有微生物类群可能通过变异或水平基因转移等方式获取新的表型来适应复垦扰动。

4 结论

(1) 土壤微生物群落多样性随复垦时长的变化存在显著差异,复垦及时长影响着土壤微生物群落结构变化,提高了群落丰富度,降低了群落多样性和均匀度。

(2) 微生物群落分子生态网络随复垦时间延长更加稳定和复杂,复垦及时长不仅改善了土壤环境胁迫,还增强了微生物群落的环境适应性。

(3) 当地所有样地土壤群落构建过程均以同质性选择确定性过程为主导,主要归结于东部平原地区高潜水特征和长期耕作管理实践及形成的特定农田土壤环境。

参考文献:

- [1] 胡振琪. 我国土地复垦与生态修复 30 年: 回顾、反思与展望[J]. 煤炭科学技术, 2019, 47(1): 25-35.
- Hu Z Q. The 30 years' land reclamation and ecological restoration in China: Review, rethinking and prospect[J]. Coal Science and Technology, 2019, 47(1): 25-35.

- [2] Qu J F, Tan M, Hou Y L, *et al.* Effects of the stability of reclaimed soil aggregates on organic carbon in coal mining subsidence areas[J]. *Applied Engineering in Agriculture*, 2018, **34**(5): 843-854.
- [3] 卞正富, 雷少刚, 金丹, 等. 矿区土地修复的几个基本问题[J]. *煤炭学报*, 2018, **43**(1): 190-197.
Bian Z F, Lei S G, Jin D, *et al.* Several basic scientific issues related to mined land remediation[J]. *Journal of China Coal Society*, 2018, **43**(1): 190-197.
- [4] Qu J F, Hou Y L, Ge M Y, *et al.* Carbon dynamics of reclaimed coal mine soil under agricultural use: A chronosequence study in the Dongtan mining area, Shandong Province, China[J]. *Sustainability*, 2017, **9**(4), doi: 10.3390/su9040629.
- [5] 白中科, 周伟, 王金满, 等. 再论矿区生态系统恢复重建[J]. *中国土地科学*, 2018, **32**(11): 1-9.
Bai Z K, Zhou W, Wang J M, *et al.* Rethink on ecosystem restoration and rehabilitation of mining areas[J]. *China Land Science*, 2018, **32**(11): 1-9.
- [6] Ahirwal J, Maiti S K. Assessment of soil properties of different land uses generated due to surface coal mining activities in tropical Sal (*Shorea robusta*) forest, India[J]. *Catena*, 2016, **140**: 155-163.
- [7] Luo Z B, Ma J, Chen F, *et al.* Adaptive development of soil bacterial communities to ecological processes caused by mining activities in the Loess Plateau, China[J]. *Microorganisms*, 2020, **8**(4), doi: 10.3390/microorganisms8040477.
- [8] Zhao Z Q, Wang L H, Bai Z K, *et al.* Development of population structure and spatial distribution patterns of a restored forest during 17-year succession (1993-2010) in Pingshuo opencast mine spoil, China[J]. *Environmental Monitoring and Assessment*, 2015, **187**(7), doi: 10.1007/s10661-015-4391-z.
- [9] Novianti V, Marrs R H, Choesin D N, *et al.* Natural regeneration on land degraded by coal mining in a tropical climate: Lessons for ecological restoration from Indonesia[J]. *Land Degradation & Development*, 2018, **29**(11): 4050-4060.
- [10] Moradi J, John K, Vicentini F, *et al.* Vertical distribution of soil fauna and microbial community under two contrasting post mining chronosequences: Sites reclaimed by alder plantation and unreclaimed regrowth[J]. *Global Ecology and Conservation*, 2020, **23**, doi: 10.1016/j.gecco.2020.e01165.
- [11] Delgado-Baquerizo M, Bardgett R D, Vitousek P M, *et al.* Changes in belowground biodiversity during ecosystem development[J]. *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America*, 2019, **116**(14): 6891-6896.
- [12] Yuan C Y, Li F Y, Yuan Z Q, *et al.* Response of bacterial communities to mining activity in the alpine area of the Tianshan Mountain region, China[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2021, **28**(13): 15806-15818.
- [13] Ngugi M R, Dennis P G, Neldner V J, *et al.* Open-cut mining impacts on soil abiotic and bacterial community properties as shown by restoration chronosequence[J]. *Restoration Ecology*, 2018, **26**(5): 839-850.
- [14] Li J, Xin Z, Yan J, *et al.* Physicochemical and microbiological assessment of soil quality on a chronosequence of a mine reclamation site[J]. *European Journal of Soil Science*, 2018, **69**(6): 1056-1067.
- [15] Ma J, Lu Y Q, Chen F, *et al.* Molecular ecological network complexity drives stand resilience of soil bacteria to mining disturbances among typical damaged ecosystems in China[J]. *Microorganisms*, 2020, **8**(3), doi: 10.3390/microorganisms8030433.
- [16] Deng Y, Zhang P, Qin Y J, *et al.* Network succession reveals the importance of competition in response to emulsified vegetable oil amendment for uranium bioremediation[J]. *Environmental Microbiology*, 2016, **18**(1): 205-218.
- [17] Ramirez K S, Geisen S, Morriën E, *et al.* Network analyses can advance above-belowground ecology[J]. *Trends in Plant Science*, 2018, **23**(9): 759-768.
- [18] Banerjee S, Walder F, Büchi L, *et al.* Agricultural intensification reduces microbial network complexity and the abundance of keystone taxa in roots[J]. *The ISME Journal*, 2019, **13**(7): 1722-1736.
- [19] Zhou J Z, Deng Y, Luo F, *et al.* Phylogenetic molecular ecological network of soil microbial communities in response to elevated CO₂[J]. *MBio*, 2011, **2**(4), doi: 10.1128/mBio.00122-11.
- [20] Zhang Q, Ma J, Yang Y J, *et al.* Mining subsidence-induced microtopographic effects alter the interaction of soil bacteria in the sandy pasture, China[J]. *Frontiers in Environmental Science*, 2021, **9**, doi: 10.3389/fenvs.2021.656708.
- [21] 马静, 卢永强, 张琦, 等. 黄土高原采煤沉陷对土壤微生物群落的影响[J]. *土壤学报*, 2021, **58**(5): 1278-1288.
Ma J, Lu Y Q, Zhang Q, *et al.* Effects of coal mining subsidence on soil microbial community in the Loess Plateau[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2021, **58**(5): 1278-1288.
- [22] Feng K, Zhang Z J, Cai W W, *et al.* Biodiversity and species competition regulate the resilience of microbial biofilm community[J]. *Molecular Ecology*, 2017, **26**(21): 6170-6182.
- [23] Luan L, Liang C, Chen L J, *et al.* Coupling bacterial community assembly to microbial metabolism across soil profiles[J]. *mSystems*, 2020, **5**(3), doi: 10.1128/mSystems.00298-20.
- [24] Delgado-Baquerizo M, Oliverio A M, Brewer T E, *et al.* A global atlas of the dominant bacteria found in soil[J]. *Science*, 2018, **359**(6373): 320-325.
- [25] Helingerová M, Frouz J, Šantrůčková H. Microbial activity in reclaimed and unreclaimed post-mining sites near Sokolov (Czech Republic)[J]. *Ecological Engineering*, 2010, **36**(6): 768-776.
- [26] Li X H, Lei S G, Liu F, *et al.* Analysis of plant and soil restoration process and degree of refuse dumps in open-pit coal mining areas[J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2020, **17**(6), doi: 10.3390/ijerph17061975.
- [27] Li Y Y, Chen L Q, Wen H Y, *et al.* 454 Pyrosequencing analysis of bacterial diversity revealed by a comparative study of soils from mining subsidence and reclamation areas[J]. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2014, **24**(3): 313-323.
- [28] Griffiths R I, Thomson B C, James P, *et al.* The bacterial biogeography of British soils[J]. *Environmental Microbiology*, 2011, **13**(6): 1642-1654.
- [29] Bastida F, Hernández T, Albaladejo J, *et al.* Phylogenetic and functional changes in the microbial community of long-term restored soils under semiarid climate[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, **65**: 12-21.
- [30] Chen F, Zhang W Y, Ma J, *et al.* Experimental study on the effects of underground CO₂ leakage on soil microbial consortia[J]. *International Journal of Greenhouse Gas Control*, 2017, **63**: 241-248.
- [31] Lindsay M R, Webb R I, Strous M, *et al.* Cell compartmentalisation in planctomycetes: Novel types of structural organisation for the bacterial cell[J]. *Archives of Microbiology*,

- 2001, **175**(6): 413-429.
- [32] 张颖, 杨悦, 韦庆慧, 等. 鞘氨醇单胞菌的特性及应用研究进展[J]. 化学与生物工程, 2021, **38**(3): 6-13.
Zhang Y, Yang Y, Wei Q H, *et al.* Research progress in characteristic and application of *Sphingomonas*[J]. Chemistry & Bioengineering, 2021, **38**(3): 6-13.
- [33] 徐文杰, 赵泉林, 罗明汉, 等. 2,4-二硝基甲苯磺酸盐降解菌株的分离、鉴定及降解特性研究[J]. 北京大学学报(自然科学版), 2021, **57**(4): 733-738.
Xu W J, Zhao Q L, Luo M H, *et al.* Isolation and identification of a 2,4-dinitroresylate degrading strain and its degradation characteristics [J]. Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Pekinensis, 2021, **57**(4): 733-738.
- [34] Menon R R, Kumari S, Viver T, *et al.* *Flavobacterium pokkali* sp. nov., a novel plant growth promoting native rhizobacteria isolated from pokkali rice grown in coastal saline affected agricultural regions of southern India, Kerala [J]. Microbiological Research, 2020, **240**, doi: 10.1016/j.micres.2020.126533.
- [35] 朱金山, 秦海兰, 孙启耀, 等. 冬季小流域水体微生物多样性及影响因素[J]. 环境科学, 2020, **41**(11): 5016-5026.
Zhu J S, Qin H L, Sun Q Y, *et al.* Microbial diversity and influencing factors in a small watershed in winter [J]. Environmental Science, 2020, **41**(11): 5016-5026.
- [36] 王鹤茹, 杨琳琳, 王蕊, 等. 基于不同能源底物和营养水平的酸性矿山废水产生机制研究[J]. 环境科学学报, 2021, **41**(10): 4056-4063.
Wang H R, Yang L L, Wang R, *et al.* Study on the mechanisms of acid mine drainage generation based on different energy substrates and nutrient levels[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2021, **41**(10): 4056-4063.
- [37] 李鹏洋, 安启睿, 王新皓, 等. 辽河四平段流域河流沉积物微生物群落多样性和结构分析[J]. 环境科学, 2022, **43**(5): 2586-2594.
Li P Y, An Q R, Wang X H, *et al.* Analysis on diversity and structure of microbial community in river sediment of Siping section of Liaohe River[J]. Environmental Science, 2022, **43**(5): 2586-2594.
- [38] Dong C, Bai X, Sheng H, *et al.* Distribution of PAHs and the PAH-degrading bacteria in the deep-sea sediments of the high-latitude Arctic Ocean[J]. Biogeosciences, 2015, **12**(7): 2163-2177.
- [39] Guarino C, Zuzolo D, Marziano M, *et al.* Investigation and Assessment for an effective approach to the reclamation of Polycyclic Aromatic Hydrocarbon (PAHs) contaminated site: SIN Bagnoli, Italy [J]. Scientific Reports, 2019, **9**, doi: 10.1038/s41598-019-48005-7.
- [40] Hunt D E, Ward C S. A network-based approach to disturbance transmission through microbial interactions [J]. Frontiers in Microbiology, 2015, **6**, doi: 10.3389/fmicb.2015.01182.
- [41] Ma J, Gonzalez-Ollauri A, Zhang Q, *et al.* Ecological network analysis to assess the restoration success of disturbed mine soil in Zoucheng, China[J]. Land Degradation & Development, 2021, doi: 10.1002/ldr.4116.
- [42] 陈兆进, 林立安, 李英军, 等. 镉胁迫对芒草根际细菌群落结构、共发生网络和功能的影响[J]. 环境科学, 2021, **42**(8): 3997-4004.
Chen Z J, Lin L A, Li Y J, *et al.* Shifts in rhizosphere bacterial community structure, co-occurrence network, and function of *Miscanthus* following cadmium exposure [J]. Environmental Science, 2021, **42**(8): 3997-4004.
- [43] Jiao S, Lu Y H. Soil pH and temperature regulate assembly processes of abundant and rare bacterial communities in agricultural ecosystems[J]. Environmental Microbiology, 2020, **22**(3): 1052-1065.
- [44] Starnawski P, Bataillon T, Ettema T J G, *et al.* Microbial community assembly and evolution in subseafloor sediment[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2017, **114**(11): 2940-2945.
- [45] 王伟琦, 程晓钰, 向兴, 等. 四川锦屏隧道细菌群落特征及其组装过程[J]. 第四纪研究, 2021, **41**(4): 1216-1228.
Wang W Q, Cheng X Y, Xiang X, *et al.* Bacterial community and their assembly process in Jinping Tunnel, Sichuan Province [J]. Quaternary Sciences, 2021, **41**(4): 1216-1228.

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)