

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)	

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*

(西南大学资源环境学院, 重庆 400715)

摘要: 为明确紫色土中 pH 对土壤微生物群落结构和功能的影响, 选取 3 种发育于相同母质但 pH 不同的紫色旱地土为研究对象, 通过宏基因组测序技术来研究不同 pH 紫色土中微生物群落的结构和功能特征的差异. 结果表明, 宏基因组测序总共发现 89 门、222 纲、527 目、1 009 科、2 769 属和 14 354 种. 不管是从门还是属分类水平, 3 种不同 pH 紫色土的微生物群落结构都有显著差异. RDA 结果佐证了 3 种不同 pH 紫色土中微生物群落结构差异显著, 且测定的土壤性质对微生物群落结构都具有显著的影响, 其中土壤 pH 对微生物群落结构的影响最大 ($R^2 = 0.998\ 5$, $P = 0.001$). 然而, 对微生物群落功能的研究发现, 3 种不同 pH 紫色土中微生物群落的功能代谢过程都主要涉及功能未知、全局和总览、氨基酸代谢、碳水化合物代谢和氨同化过程等. 不管是 COG/KEGG 功能分类数据库还是氮循环功能数据库, 3 种不同 pH 紫色土中注释到同一功能途径的微生物相对丰度基本都没有显著差异, 说明土壤微生物群落水平的总体功能是相对保守的, 不容易受环境因子的影响.

关键词: pH; 紫色土; 群落结构; 功能特征; 宏基因组学

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)07-3876-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.202111055

Contrasting Responses of the Microbial Community Structure and Functional Traits to Soil pH in Purple Soils

WANG Zhi-hui, JIANG Xian-jun*

(College of Resources and Environment, Southwest University, Chongqing 400715, China)

Abstract: To clarify the effect of pH on the structure and functional traits of soil microbial communities in purple soils, three purple upland soils developed from the same parent material that differed in pH were selected as the research objects, and metagenomic shotgun sequencing was used to investigate the structure and functional traits of the microbial communities among different pH soils. The shotgun sequencing identified a total of 89 phyla, 222 classes, 527 orders, 1 009 families, 2 769 genera, and 14 354 species in these soils. Regardless of the phylogenetic classification level, the microbial community structures of these three purple soils with different pHs were significantly different. RDA results corroborated the highly significant difference in the microbial community structures among the three purple soils with different pHs, and the soil properties tested here all had significant correlations with soil microbial community structure, in which the soil pH had the greatest effect ($R^2 = 0.998\ 5$, $P = 0.001$). However, the results of investigating the microbial community functions revealed that the main metabolic processes of the three purple soils were all involved in unknown functions, global and overview maps, amino acid metabolism, carbohydrate metabolism, ammonia assimilation, etc. There was almost no significant difference in the relative abundance of microbes in the three purple soils annotated with the same function regardless of the COG/KEGG functional database and nitrogen cycling functional database, indicating that the overall function trait of soil microbial community was relatively conservative and not easily affected by environmental factors.

Key words: pH; purple soil; community structure; functional trait; metagenomic

土壤是一个结构复杂的非均质系统, 具有复杂的营养相互作用, 为微生物种群提供了巨大的多样性的可能^[1]. 土壤中的微生物包括细菌、古菌和真菌等, 种类繁多, 数量巨大, 据估算 1 g 土壤中就有超过千万种微生物, 数量达到几亿到几十亿个^[2~4]. 它们之间相互作用, 共同主导土壤中的物质和养分循环, 是土壤生态系统的核心^[5, 6]. 土壤微生物被认为是生物地球化学循环的引擎^[7], 对于维持土壤生态系统功能不可或缺, 同时它也在有机物分解、植物生长和土壤污染物的生物修复等过程中扮演着重要的角色^[8~10]. 研究土壤微生物群落结构及其功能特征对于更好地优化土壤微生物功能以服务于农业生产是至关重要的.

以往在多种不同尺度下的研究都表明, 土壤 pH 是影响土壤微生物群落结构多样性的主要因

子^[11~13]. 在 2009 年, Lauber 等^[14]首次使用高通量测序法对美国从北到南 88 个土壤样品细菌群落结构进行了研究, 发现土壤 pH 与土壤细菌的群落结构多样性和系统发育多样性之间存在显著相关性, 相关系数分别达到 0.79 和 0.71. 在对极端环境条件下的土壤微生物群落结构的研究中也证实了土壤 pH 值可以预测土壤微生物群落结构^[15]. 已有研究指出微生物群落多样性及结构是影响生态系统功能的主要因子^[16~18]. 但是, 以往的研究主要通过分析 16S rRNA 基因或 18S rRNA 基因来研究微生物的群落结构, 而无法提供重要的功能信息, 故 pH 对于土

收稿日期: 2021-11-05; 修订日期: 2021-11-29

基金项目: 国家自然科学基金项目(42077035, 41671232)

作者简介: 王智慧(1991~), 女, 博士研究生, 主要研究方向为土壤微生物生态及功能, E-mail: 759045919@qq.com

* 通信作者, E-mail: jiangxj@swu.edu.cn

壤微生物群落生态功能的影响还有待进一步的研究. 宏基因组测序技术直接从环境样品中提取的总 DNA,能覆盖在数量上占少数的微生物群落,相比于扩增子测序,其不仅能够更加全面、真实和精确地反映微生物群落的结构变化,还能提供微生物功能信息,进一步提高对微生物群落及其在环境中功能的认识^[19-22],因此成为了环境微生物学的重要研究手段.

紫色土矿质元素丰富,肥力较高,广泛分布于我国四川盆地,是该地区重要的农业土壤资源^[23]. 本试验所用土壤样品采自川渝地区 3 种由相近母质发育而来但 pH 经长期环境或人为因素影响差异显著的紫色土,前期基于这 3 种不同 pH 紫色土的研究已经发现,长期的 pH 改变对土壤硝化功能微生物有明显影响,如 pH 的长期改变显著影响土壤的硝化活性,改变了土壤中氨氧化微生物的数量和组成^[24, 25],但目前尚不清楚 pH 对微生物群体水平上各种功能代谢的影响. 本试验选取相同土壤样品,提取微生物总 DNA,进行宏基因组测序,然后通过生物信息学分析,来探究 pH 对土壤中微生物的整体群落结构及功能特征的影响,旨在为揭示紫色土中微生物的群落功能和生态机制提供理论参考.

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

酸性和中性紫色土采集于重庆永川,碱性紫色土采集于中国科学院盐亭紫色土农业生态试验站. 3 种不同 pH 紫色土的种植制度相同,均为传统三熟模式——小麦/玉米/红薯间套作. 研究区域属亚热带湿润季风气候区,具体的采样地区域气候类型和土壤基本理化性质等参照文献^[26].

1.2 土壤样品采集和性质测定

土壤样品采集于 2014 年 10 月,在每个采样地取 0~20 cm 表层耕作土混合样 3 个,放入冰盒中尽快带回实验室. 一部分新鲜土样过 2 mm 筛后置于 4℃ 冰箱中保存用于 DNA 的提取;一部分土样自然风干后过 1 mm 筛用于土壤基本性质的测定,具体测定方法参照文献^[26].

1.3 土壤微生物总 DNA 的提取和宏基因组测序

采用 FastDNA® SPIN Kit for Soil(安倍医疗有限公司,美国)试剂盒提取新鲜土样总 DNA,按照试剂盒说明进行具体操作. 对提取的土壤总 DNA 进行质量检测后送样测序,宏基因组测序部分由上海美吉生物医药科技有限公司完成.

1.4 数据处理

采用 Seqprep 和 Sickle 对原始测序数据进行去接头、质量剪切和去除污染等优化处理,然后使用软件 SOAPdenovo 对优质 reads 进行拼接组装,筛选大于 300 bp 的 contigs 用于下一步分析. 使用 MetaGene^[27]对组装出的 contig 进行开放型阅读框预测,再采用 CD-HIT^[28]对所有基因序列进行聚类,构建非冗余基因集,最后使用 SOAPaligner 软件,分别将每个样品的优质 reads 与非冗余基因集进行比对,统计基因在对应样品中的丰度信息. 使用 BLASTP 将非冗余基因集与 NR 数据库进行比对获得物种在各个分类学水平上的注释信息,使用物种对应的基因丰度总和计算该物种的相对丰度^[29]. 使用 BLASTP 将非冗余基因集与 COG/KEGG 数据库和氮循环功能数据库进行比对,计算对应功能类别的相对丰度. 采用 Canoco 5.0 软件对土壤因子与微生物群落结构进行冗余分析(redundancy analysis, RDA). 采用 SPSS 18.0 进行统计分析,单因素方差分析检验处理间均值差异的显著性(显著水平 $P < 0.05$)并用 Turkey 法进行多重比较.

2 结果与分析

2.1 土壤宏基因组测序基本结果

宏基因组测序总共发现 89 门、222 纲、527 目、1 009 科、2 769 属和 14 354 种微生物. 3 种不同 pH 紫色土微生物单元总数见表 1, 3 种紫色土中细菌都是占绝对的主导地位,所占总体微生物群落的 90% 以上,甚至在酸性和碱性土中达到 98%,而古菌和真菌的占比仅仅在 0.13%~8.33% 之间. 在酸性和碱性紫色土中细菌和真菌的占比显著高于中性紫色土($P < 0.05$);而中性紫色土中的古菌占比(8.33%)显著高于酸性紫色土和碱性紫色土,分别为 1.57% 和 0.26% ($P < 0.05$). 此外,通过宏基因

表 1 高通量测序技术检测到的 3 种不同 pH 紫色土微生物单元总数¹⁾
Table 1 Microbial taxon number of three purple soils with different pH via high-throughput sequencing

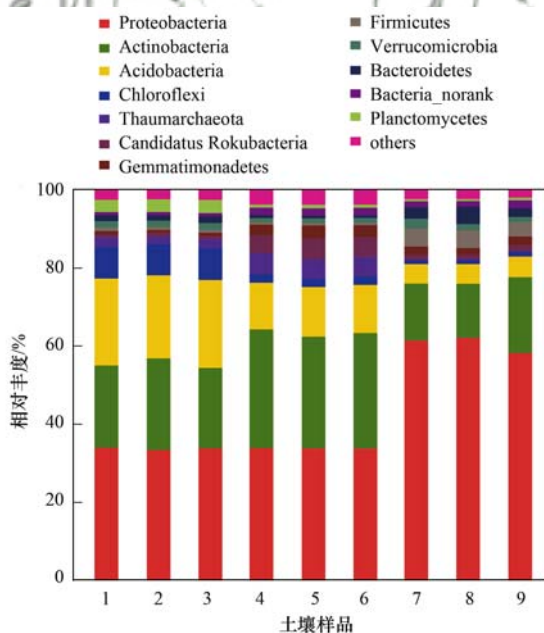
土壤类型	门	纲	目	科	属	种	占比/%			
							细菌	古菌	真菌	病毒
酸性紫色土	87a	196a	446a	841a	2 430a	11 735a	98.12a	1.57b	0.23a	0.08b
中性紫色土	88a	200a	445a	795a	2 332b	11 034b	91.49b	8.33a	0.13b	0.05b
碱性紫色土	87a	202a	460a	836a	2 402a	11 429a	98.04a	0.26c	0.33a	1.37a

1) 同列不同小写字母表示在 0.05 水平上差异显著

组测序还检测到了源于病毒的基因信息,在酸性、中性和碱性紫色土中病毒占总体微生物群落的比例分别为 0.08%、0.05% 和 1.37%。酸性和中性紫色土中病毒的占比没有显著差异 ($P > 0.05$),但其都显著低于碱性紫色土中病毒的占比 ($P < 0.05$)。

2.2 不同 pH 紫色土微生物群落结构特征

在门水平上各样品微生物群落结构如图 1,其中只展示相对丰度 $> 0.7\%$ 的优势门类群,低于 0.7% 的合并为 others。酸性、中性和碱性紫色土分别发现了 12、13 和 11 个优势菌门,分别占土壤微生物总量的 98%、96% 和 95.5%。虽然 3 种紫色土中的优势菌门基本都相同,但各个优势菌门在不同 pH 土壤中的相对丰度有显著差异。例如,Proteobacteria(变形菌门)和 Acidobacteria(酸杆菌门)在酸性、中性及碱性紫色土中的相对丰度分别为 35.37% 和 20.49%、37.71% 和 5.18% 及 67.42% 和 1.50%。本研究结果表明变形菌门与土壤 pH 呈显著正相关,而酸杆菌门与土壤 pH 呈显著负相关,表明变形菌门更适宜在高 pH 值的土壤中生长,而酸杆菌门更适宜在酸性条件下生长。某些土壤中还有特殊的优势菌群,如中性紫色土中 Nitrospirae(硝化螺菌门)是优势菌门,相对丰度为 1.71%,而在酸性和碱性紫色土中其相对丰度分别只有 0.37% 和 0.15%。



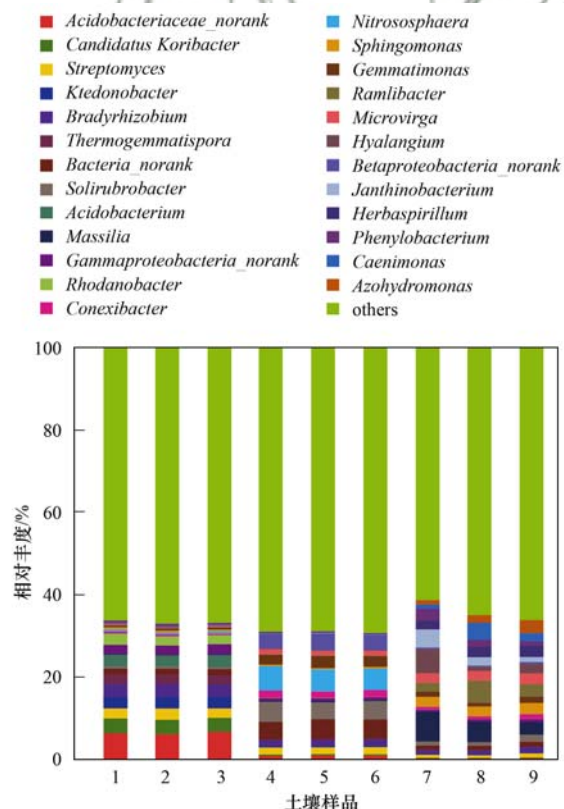
1~3 表示酸性紫色土, 4~6 表示中性紫色土, 7~9 表示碱性紫色土

图 1 3 种不同 pH 紫色土微生物在门分类水平上的群落结构

Fig. 1 Microbial community structure at phylum level in three purple soils with different pH

在属水平上各样本微生物群落结构如图 2,其中只展示相对丰度 $> 2\%$ 的优势属类群,低于 2% 的

合并为 others。酸性、中性和碱性紫色土分别发现了 9、5 和 8 个优势菌属,分别占土壤总微生物的 27.93%、20.94% 和 24.28%。相对于门水平,3 种不同 pH 土壤微生物群落在属水平上的差异更显著,3 种土壤中的相对丰度前三的微生物属完全不同;酸性紫色土中 Acidobacteriaceae_norank 属最多,其次是嗜酸类群 Candidatus Koribacter 属和 Bradyrhizobium 属,相对丰度依次为 6.32%、3.53% 和 3.16%;中性紫色土中 Nitrososphaera 属最多,其次是 Solirubrobacter 属和 Betaproteobacteria_norank 属,相对丰度依次为 5.50%、4.63% 和 4.38%;而在碱性紫色土中 Massilia 属最多,其次是 Ramlibacter 属和 Hyalanguium 属,相对丰度依次为 5.23%、3.54% 和 3.13%。中性紫色土中发现了高丰度的 Nitrososphaera 属,该属是被人们熟知的氨氧化古菌,并被证实大多数农业土壤硝化作用中起主导作用^[30, 31],由此推测 Nitrososphaera 属在此中性紫色土中生长繁盛并可能主导土壤氨氧化过程。



1~3 表示酸性紫色土, 4~6 表示中性紫色土, 7~9 表示碱性紫色土

图 2 3 种不同 pH 紫色土微生物在属分类水平上的群落结构

Fig. 2 Microbial community structure at genus level in three purple soils with different pH

2.3 不同 pH 紫色土微生物群落功能特征

3 种不同 pH 紫色土共注释到 24 种 COG 功能类型,图 3(a)中仅展示相对丰度前 20 的功能类型。3 种不同 pH 紫色土中都是注释到功能未知和功能

预测的 ORFs 最多,这两类功能的相对丰度加起来约为 31.90%。其次是氨基酸转运与代谢、能量产生与转化和转录,这 3 个功能的相对丰度在 6.51%~9.04% 之间。除氨基酸转运与代谢和胞间运输、分泌和包膜运输这两类功能,其他功能类型在 3 种不同 pH 紫色土中均无显著差异($P>0.05$)。

3 种不同 pH 紫色土共注释到 42 条 KEGG 生物学通路,图 3(b)中仅展示相对丰度前 20 的功能通路。3 种紫色土中注释到最多的 KEGG 功能分类都是全局和总览,平均约占所有功能通路的

27.76%。其次是氨基酸代谢、碳水化合物代谢和能量代谢,这 3 类功能的相对丰度在 7.24%~9.57% 之间。不同 pH 紫色土中的微生物功能代谢均非常一致,几乎所有通路的相对丰度均无显著差异,仅能量代谢、膜运输和糖的生物合成与代谢这 3 类功能在 3 种不同 pH 紫色土中差异显著:能量代谢和膜运输功能在碱性土中的相对丰度显著大于酸性和中性土($P<0.05$);糖的生物合成与代谢功能在酸性土中的相对丰度显著大于中性和碱性土($P<0.05$)。

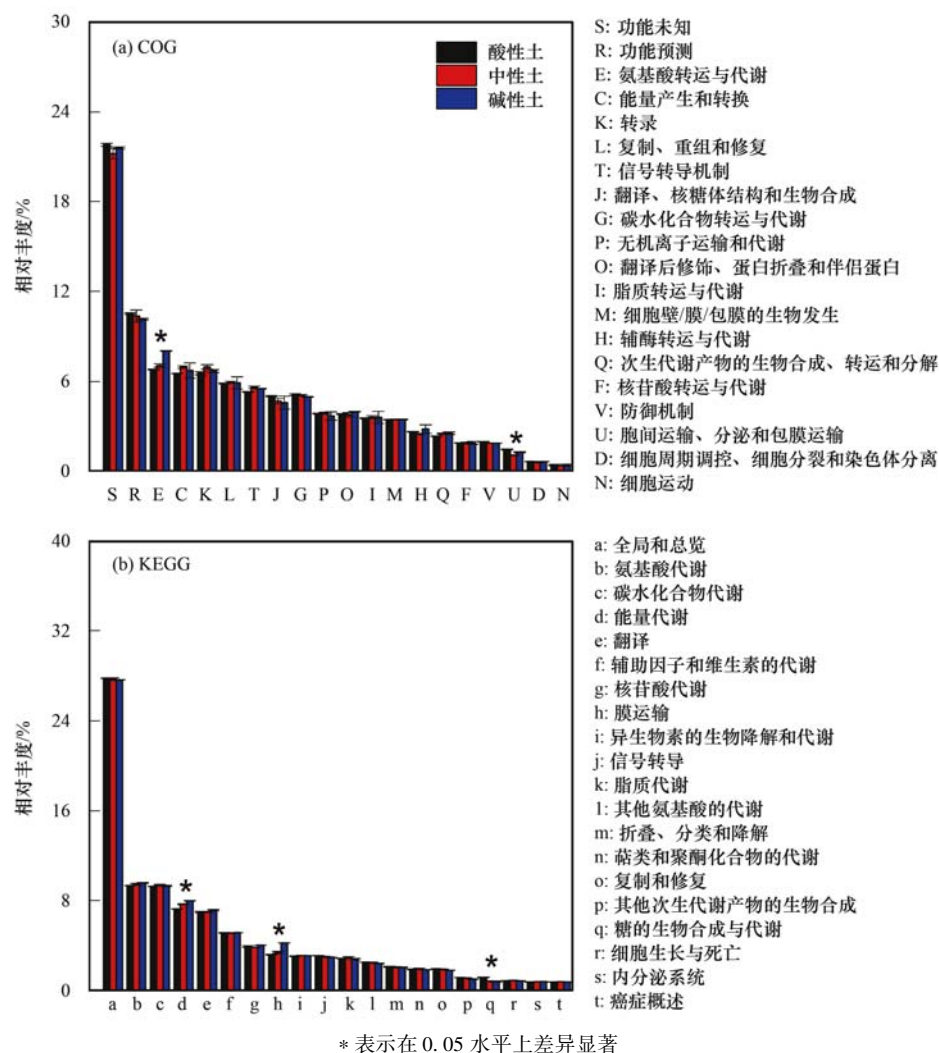


图 3 3 种不同 pH 紫色土 COG 和 KEGG(二级)数据库比对相对丰度

Fig. 3 Relative abundances of COG and KEGG (level 2) function in metagenomes of three purple soils with different pH

通过和氮循环功能数据库进行比对,获得涉及氮循环的途径 6 条(图 4),3 种土壤中均未比对到涉及厌氧氨氧化途径的功能基因。3 种紫色土中注释到最多的氮循环途径是氨同化,其次是硝酸盐异化还原和硝酸盐同化还原,固氮途径是 6 条氮循环途径中占比最少的,不同 pH 紫色土中的微生物氮循环途径特征相同。不同 pH 紫色土中的微生物氮循环功能途径相对丰度除硝化作用有显著差异(P

<0.05),其他 5 条氮循环途径的相对丰度在不同 pH 紫色土中均无显著差异($P>0.05$)。

2.4 土壤微生物群落结构与土壤因子的相关性分析

Venn 图被用来展示不同 pH 紫色土中微生物群落之间的重叠情况[图 5(a)]。结果发现所有样本共有的微生物有 7 704 种,占总微生物的 50%,说明大多数微生物都能在不同 pH 环境条件下生存,具有较宽泛的生态位。在酸性紫色土中,有 877 种微

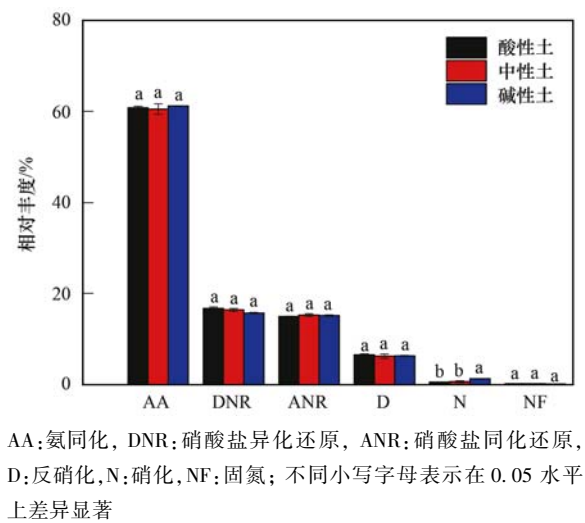
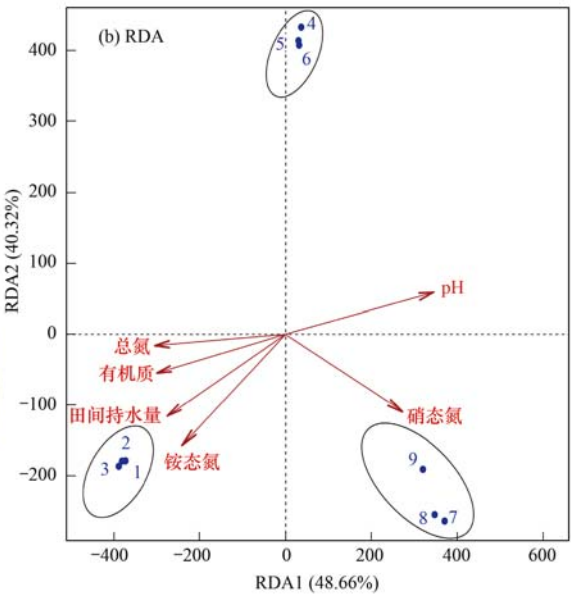
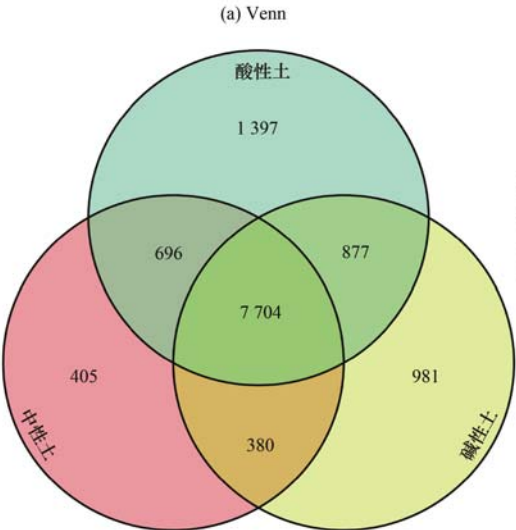


图 4 3 种不同 pH 紫色土中氮循环途径相对丰度
Fig. 4 Relative abundances of N cycling pathways in metagenomes of three purple soils with different pH



(a) 不同颜色圆圈表示 3 种不同 pH 土壤样品; (b) 1~3 表示酸性紫色土, 4~6 表示中性紫色土, 7~9 表示碱性紫色土, 箭头表示土壤性质
图 5 微生物分类水平维恩图和微生物群落结构与土壤性质的冗余分析

Fig. 5 Venn map of microbial community structure at species level and RDA between microbial community structure and soil properties

中,铵态氮和持水量对酸性紫色土微生物群落结构影响最大,pH 和硝态氮对碱性紫色土微生物群落结构影响最大.环境因子对微生物群落结构的相关性分析也表明,土壤的 6 个理化因子与土壤微生物的

表 2 土壤因子与微生物群落结构的相关性¹⁾

Table 2 Correlations between soil properties and microbial communities		
变量	R^2	P
pH	0.998 5	0.001 ***
有机质	0.994 6	0.002 **
总氮	0.970 3	0.004 **
铵态氮	0.996 9	0.002 **
田间持水量	0.931 1	0.014 *
硝态氮	0.895 2	0.020 *

1) * 表示在 0.05 水平上差异显著, ** 表示在 0.01 水平上差异显著, *** 表示在 0.001 水平上差异显著

生物和碱性紫色土共享,而在中性紫色土中没有被检测到,比酸性土和中性土及中性土和碱性土的特有共享微生物多(分别为 696 和 380),这个结果说明酸性土和碱性土更具有相似性,而它们与中性土有显著差异,这与上述的结果是一致的.

RDA 分析结果显示第一和第二排序轴分别解释了 48.66% 和 40.32% 的微生物群落结构变异[图 5(b)],说明本研究所选取的环境因子具有一定的代表性,一共解释了接近 90% 的微生物群落结构的差异.从 3 种不同 pH 土壤样点在图 5(b)中的分布可知,3 种不同 pH 紫色土微生物群落结构差异显著,酸性和碱性紫色土样点分布在距离相对较近的位置,说明两者微生物群落结构较为相似,与维恩图的结果一致.本研究所选取的 6 个理化因子对于土壤微生物群落结构都有显著影响,且各不相同,其

群落结构都具有显著的相关性(表 2),且土壤 pH 与微生物群落结构的相关性最大($R^2 = 0.998 5$, $P = 0.001$).

3 讨论

本研究对发育于相同母质但 pH 不同的 3 种紫色旱地土壤进行 shotgun 宏基因组测序,共发现 89 门、222 纲、527 目、1 009 科、2 769 属和 14 354 种微生物.3 种不同 pH 紫色土中都是细菌占绝对的主导地位,占总体微生物群落的 90% 以上,而古菌和真菌的占比仅仅在 0.13%~8.33% 之间,这与以往对各种生境如土壤、沉积物和工程系统中微生物的研究结果是一致的^[32~34].3 种不同 pH 紫色土中都有

Proteobacteria (变形菌门)、Acidobacteria (酸杆菌门)、Actinobacteria (放线菌门) 和 Chloroflexi (绿弯菌门) 等优势微生物,这与笔者之前通过 16S rRNA 扩增子测序的结果是一致的^[25]. 由于 16S rRNA 扩增子测序时 PCR 扩增可能存在偏差^[35],两种不同测序方法所获得的相对比例存在一定的差异,但优势微生物菌门在不同土壤中的丰度排序并没有很大的差异. 变形菌门在所有土壤中占比都是最多的,其次是酸杆菌门和放线菌门,这与以往的很多研究结果是相同的^[11,33]. 虽然 3 种紫色土中的优势菌门基本都相同,但各个优势菌门在不同 pH 土壤中的相对丰度却有显著差异. 本研究结果表明变形菌门与土壤 pH 呈显著正相关,而酸杆菌门与土壤 pH 呈显著负相关,表明变形菌门更适宜在高 pH 值的土壤中生长,而酸杆菌门更适宜在酸性条件下生长. Zhalnina 等^[36]对英国公园草地土壤的研究也发现 pH 显著影响土壤微生物群落,其中变形菌门的相对丰度随着 pH 的增加而增多. 酸杆菌门作为土壤中仅次于变形菌门的第二大微生物类群,其广泛分布于各种土壤环境中^[37,38],已有研究证明其丰度和组成受 pH 值影响较大^[39]. Männistö 等^[40]对芬兰土壤细菌群落的研究结果表明酸杆菌丰度与 pH 呈显著负相关,这与本研究的结果一致. 3 种不同 pH 紫色土微生物群落在属水平上差异更显著,3 种土壤的优势菌属完全不同. 本研究结果表明,不管是在门分类水平还是属分类水平,3 种不同 pH 紫色土中的微生物群落结构均有极显著的差异.

RDA 结果佐证了 3 种不同 pH 紫色土中微生物群落结构的显著差异,土壤因子对土壤微生物的群落结构都具有显著的影响,且土壤 pH 的影响是最大的,这与许多以往的研究结果是相符的^[14,33,36]. Bahram 等^[33]的研究通过对全球 189 个不同地点的 7 560 余份土壤样本的宏基因组和扩增子测序数据进行分析,结果发现细菌和真菌都表现出全球性的生态位分化,且与土壤 pH 和降水量密切相关, pH 是影响细菌群落结构和多样性的最主要的因素. 虽然 pH 被认为是解释土壤中微生物群落变化的最重要因素,但 pH 以外的其他因素也会影响微生物的结构,如有机质含量、水分、养分有效性和土地利用方式等^[16,41,42]. 在本研究中,除了 pH 外,土壤有机质、氮素和水分也都对微生物群落结构有一定影响. 在美国不同土地利用方式土壤中,利用鸟枪法测序也发现微生物群落结构与土壤某些性质密切相关,如在森林土壤中,微生物群落结构与土壤有机质和土壤潜在酸度(H + Al)显著相关;而在农业土壤和牧场土壤中,微生物群落结构与 pH、Cu、硝态氮

含量和碱基饱和度显著相关^[16].

由于微生物群落内部存在高度的功能冗余,因此群落结构并不一定决定了微生物群落的功能^[43],应同时进行微生物分类学和功能分析,以便更好地理解土壤微生物这个“黑匣子”. 于是,本研究通过与 COG/KEGG 和氮循环功能数据库进行比对,将功能基因进行分类注释,来确定微生物群落组成差异是否会影响微生物群落水平的功能变化. 令人意外的是,尽管这 3 种数据库的分类原则和分类层次不尽相同,但分析结果都表明:即使 3 种理化性质迥异的紫色土中微生物群落结构差异显著,但微生物群落的总体功能代谢特征是一致的,说明微生物的总体功能相对保守,不容易受环境因子的影响. 已有研究获得了与此相似的结果,如对草地土壤微生物的宏基因组测序发现,土壤微生物的功能几乎不受季节和土壤深度的影响^[44];同样地,在一项对密西西比河进行宏基因组测序的研究中发现,微生物的“核心功能特性(core functional traits)”是保守的^[45]. 田美等^[46]对两个不同的活性污泥宏基因组进行研究,发现存在巨大差异的两个微生物群落居然具有相似的功能分配,甚至在两个理化性质存在极大差异的生态系统中,如海洋和人类消化道,也有超过 73% 的功能是这两个系统微生物菌群共有的^[47],所以在同一生态系统中微生物群落功能没有显著差异也不足为奇. Ye 等^[34]的研究也表明不同反应器中微生物整体功能代谢途径相似,但特定代谢途径中的基因序列是不同的,说明在不同的环境条件下,可能是由不同的微生物种类来执行特定代谢途径,从而维持生态系统功能的稳定. 本研究中土壤微生物群落结构随土壤性质发生显著变化,但是功能代谢却相对保守,说明本研究所用的 3 种农业土壤中微生物多样性较高,并且具有较高的功能冗余性,所以其在环境扰动的情況下仍能维持生态系统的功能稳定.

4 结论

(1)应用宏基因组测序,在 3 种不同 pH 紫色土中共发现 89 门、222 纲、527 目、1 009 科、2 769 属和 14 354 种微生物,初探土壤 pH 对紫色土微生物群落结构和功能特征的影响.

(2)不管是从门分类水平还是属分类水平,3 种不同 pH 紫色土的微生物群落结构都有显著差异,通过冗余分析发现土壤 pH 对微生物群落结构的影响最大.

(3)不管是 COG/KEGG 功能分类数据库还是氮循环功能途径,3 种不同 pH 紫色土微生物群落

的功能特征一致,土壤微生物群落的总体功能是对保守的,不容易受环境因子的影响。

参考文献:

- [1] Nannipieri P, Ascher J, Ceccherini M T, *et al.* Microbial diversity and soil functions [J]. *European Journal of Soil Science*, 2003, **54**(4): 655-670.
- [2] Gans J, Wolinsky M, Dunbar J. Computational improvements reveal great bacterial diversity and high metal toxicity in soil[J]. *Science*, 2005, **309**(5739): 1387-1390.
- [3] Torsvik V, Øvreås L. Microbial diversity and function in soil: from genes to ecosystems[J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2002, **5**(3): 240-245.
- [4] Curtis T P, Sloan W T, Scannell J W. Estimating prokaryotic diversity and its limits[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2002, **99**(16): 10494-10499.
- [5] 姬洪飞, 王颖. 分子生物学方法在环境微生物生态学中的应用研究进展[J]. *生态学报*, 2016, **36**(24): 8234-8243.
- Ji H F, Wang Y. Advances in molecular approach applications in microbial ecology studies[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, **36**(24): 8234-8243.
- [6] 宋长青, 吴金水, 陆雅海, 等. 中国土壤微生物学研究 10 年回顾[J]. *地球科学进展*, 2013, **28**(10): 1087-1105.
- Song C Q, Wu J S, Lu Y H, *et al.* Advances of soil microbiology in the last decade in China[J]. *Advances in Earth Science*, 2013, **28**(10): 1087-1105.
- [7] Falkowski P G, Fenchel T, Delong E F. The microbial engines that drive earth's biogeochemical cycles[J]. *Science*, 2008, **320**(5879): 1034-1039.
- [8] 王朱珺, 王尚, 刘洋炎, 等. 宏基因组技术在氮循环功能微生物分子检测研究中的应用[J]. *生物技术通报*, 2018, **34**(1): 1-14.
- Wang Z J, Wang S, Liu Y Y, *et al.* The applications of metagenomics in the detection of environmental microbes involving in nitrogen cycle[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2018, **34**(1): 1-14.
- [9] Van Der Heijden M G A, Bardgett R D, Van Straalen N M. The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems[J]. *Ecology Letters*, 2008, **11**(3): 296-310.
- [10] Paul D, Pandey G, Pandey J, *et al.* Accessing microbial diversity for bioremediation and environmental restoration [J]. *Trends in Biotechnology*, 2005, **23**(3): 135-142.
- [11] Cheng J M, Zhao M X, Cong J, *et al.* Soil pH exerts stronger impacts than vegetation type and plant diversity on soil bacterial community composition in subtropical broad-leaved forests[J]. *Plant and Soil*, 2020, **450**(1-2): 273-286.
- [12] Rousk J, Bååth E, Brookes P C, *et al.* Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil[J]. *The ISME Journal*, 2010, **4**(10): 1340-1351.
- [13] Fierer N, Jackson R B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2006, **103**(3): 626-631.
- [14] Lauber C L, Hamady M, Knight R, *et al.* Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, **75**(15): 5111-5120.
- [15] Chu H Y, Fierer N, Lauber C L, *et al.* Soil bacterial diversity in the Arctic is not fundamentally different from that found in other biomes[J]. *Environmental Microbiology*, 2010, **12**(11): 2998-3006.
- [16] Mendes L W, Tsai S M, Navarrete A A, *et al.* Soil-borne microbiome: linking diversity to function[J]. *Microbial Ecology*, 2015, **70**(1): 255-265.
- [17] Wagg C, Bender S F, Widmer F, *et al.* Soil biodiversity and soil community composition determine ecosystem multifunctionality [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2014, **111**(14): 5266-5270.
- [18] Balvanera P, Pfisterer A B, Buchmann N, *et al.* Quantifying the evidence for biodiversity effects on ecosystem functioning and services[J]. *Ecology Letters*, 2006, **9**(10): 1146-1156.
- [19] 吴波, 冯凯, 职晓阳, 等. 环境微生物组多样性及功能研究进展[J]. *中山大学学报(自然科学版)*, 2017, **56**(5): 1-11.
- Wu B, Feng K, Zhi X Y, *et al.* Progresses in environmental microbiome diversity and function research[J]. *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Sunyatseni*, 2017, **56**(5): 1-11.
- [20] 邓晔, 冯凯, 魏子艳, 等. 宏基因组学在环境工程领域的应用及研究进展[J]. *环境工程学报*, 2016, **10**(7): 3373-3382.
- Deng Y, Feng K, Wei Z Y, *et al.* Recent studies and applications of metagenomics in environmental engineering[J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2016, **10**(7): 3373-3382.
- [21] 马海霞, 张丽丽, 孙晓萌, 等. 基于宏组学方法认识微生物群落及其功能[J]. *微生物学通报*, 2015, **42**(5): 902-912.
- Ma H X, Zhang L L, Sun X M, *et al.* Understanding microbial communities and their functions by meta-omics approaches[J]. *Microbiology China*, 2015, **42**(5): 902-912.
- [22] Streit W R, Schmitz R A. Metagenomics-the key to the uncultured microbes [J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2004, **7**(5): 492-498.
- [23] 中国科学院成都分院土壤研究室. 中国紫色土-上篇[M]. 北京: 科学出版社, 1991.
- [24] Wang Z H, Meng Y, Zhu-Barker X, *et al.* Responses of nitrification and ammonia oxidizers to a range of background and adjusted pH in purple soils [J]. *Geoderma*, 2019, **334**: 9-14.
- [25] 曹彦强, 闫小娟, 罗红燕, 等. 不同酸碱性紫色土的硝化活性及微生物群落组成[J]. *土壤学报*, 2018, **55**(1): 194-202.
- Cao Y Q, Yan X J, Luo H Y, *et al.* Nitrification activity and microbial community structure in purple soils with different pH [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2018, **55**(1): 194-202.
- [26] 王智慧. 不同 pH 紫色土中硝化作用及硝化微生物宏基因组研究[D]. 重庆: 西南大学, 2017.
- Wang Z H. Metagenomic research of nitrifying microorganisms and nitrification in purple soil with different pH[D]. Chongqing: Southwest University, 2017.
- [27] Noguchi H, Park J, Takagi T. MetaGene: prokaryotic gene finding from environmental genome shotgun sequences [J]. *Nucleic Acids Research*, 2006, **34**(19): 5623-5630.
- [28] Li W Z, Godzik A. Cd-hit: a fast program for clustering and comparing large sets of protein or nucleotide sequences [J]. *Bioinformatics*, 2006, **22**(13): 1658-1659.
- [29] 常尧枫, 郭萌蕾, 谢军祥, 等. 基于宏基因组解析厌氧氨氧化脱氮除碳功能菌群结构及代谢途径[J]. *中国环境科学*, 2022, **42**(3): 1138-1145.
- Chang Y F, Guo M L, Xie J X, *et al.* Metagenomic-based to analyzing the structure and metabolic pathway of functional

- bacteria for nitrogen and carbon removal in Anammox[J]. *China Environmental Science*, 2022, **42**(3): 1138-1145.
- [30] Kong Y L, Ling N, Xue C, *et al.* Long-term fertilization regimes change soil nitrification potential by impacting active autotrophic ammonia oxidizers and nitrite oxidizers as assessed by DNA stable isotope probing[J]. *Environmental Microbiology*, 2019, **21**(4): 1224-1240.
- [31] Wang B Z, Zhao J, Guo Z Y, *et al.* Differential contributions of ammonia oxidizers and nitrite oxidizers to nitrification in four paddy soils[J]. *The ISME Journal*, 2015, **9**(5): 1062-1075.
- [32] Ceccon D M, Faoro H, Lana P D C, *et al.* Metataxonomic and metagenomic analysis of mangrove microbiomes reveals community patterns driven by salinity and pH gradients in Paranaguá Bay, Brazil[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **694**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.133609.
- [33] Bahram M, Hildebrand F, Forslund S K, *et al.* Structure and function of the global topsoil microbiome[J]. *Nature*, 2018, **560** (7717): 233-237.
- [34] Ye L, Zhang T, Wang T T, *et al.* Microbial structures, functions, and metabolic pathways in wastewater treatment bioreactors revealed using high-throughput sequencing [J]. *Environmental Science & Technology*, 2012, **46** (24): 13244-13252.
- [35] Acinas S G, Sarma-Rupavtarm R, Klepac-Ceraj V, *et al.* PCR-induced sequence artifacts and bias: insights from comparison of two 16S rRNA clone libraries constructed from the same sample [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, **71** (12): 8966-8969.
- [36] Zhalnina K, Dias R, De Quadros P D, *et al.* Soil pH determines microbial diversity and composition in the park grass experiment [J]. *Microbial Ecology*, 2014, **69**(2): 395-406.
- [37] Foesel B U, Nägele V, Naether A, *et al.* Determinants of *Acidobacteria* activity inferred from the relative abundances of 16S rRNA transcripts in German grassland and forest soils [J]. *Environmental Microbiology*, 2014, **16**(3): 658-675.
- [38] Janssen P H. Identifying the dominant soil bacterial taxa in libraries of 16S rRNA and 16S rRNA genes[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, **72**(3): 1719-1728.
- [39] Jones R T, Robeson M S, Lauber C L, *et al.* A comprehensive survey of soil acidobacterial diversity using pyrosequencing and clone library analyses [J]. *The ISME Journal*, 2009, **3** (4): 442-453.
- [40] Männistö M K, Tirola M, Häggblom M M. Bacterial communities in Arctic fjelds of Finnish Lapland are stable but highly pH-dependent [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2007, **59**(2): 452-465.
- [41] Fierer N, Leff J W, Adams B J, *et al.* Cross-biome metagenomic analyses of soil microbial communities and their functional attributes[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2012, **109**(52): 21390-21395.
- [42] Kuramae E E, Yergeau E, Wong L C, *et al.* Soil characteristics more strongly influence soil bacterial communities than land-use type[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2012, **79**(1): 12-24.
- [43] Frossard A, Gerull L, Mutz M, *et al.* Disconnect of microbial structure and function: enzyme activities and bacterial communities in nascent stream corridors[J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(3): 680-691.
- [44] Delmont T O, Prestat E, Keegan K P, *et al.* Structure, fluctuation and magnitude of a natural grassland soil metagenome [J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(9): 1677-1687.
- [45] Staley C, Gould T J, Wang P, *et al.* Core functional traits of bacterial communities in the Upper Mississippi River show limited variation in response to land cover [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2014, **5**, doi: 10.3389/fmicb.2014.00414.
- [46] 田美, 刘汉湖, 申欣. 基于新一代测序技术的 A²O 与 BIOLAK 活性污泥宏基因组比较分析[J]. *环境科学*, 2016, **37**(2): 638-646.
- Tian M, Liu H H, Shen X. Comparative metagenomics of BIOLAK and A²O activated sludge based on next-generation sequencing technology [J]. *Environmental Science*, 2016, **37** (2): 638-646.
- [47] Sunagawa S, Coelho L P, Chaffron S, *et al.* Structure and function of the global ocean microbiome[J]. *Science*, 2015, **348** (6237), doi: 10.1126/science.1261359.

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)