

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

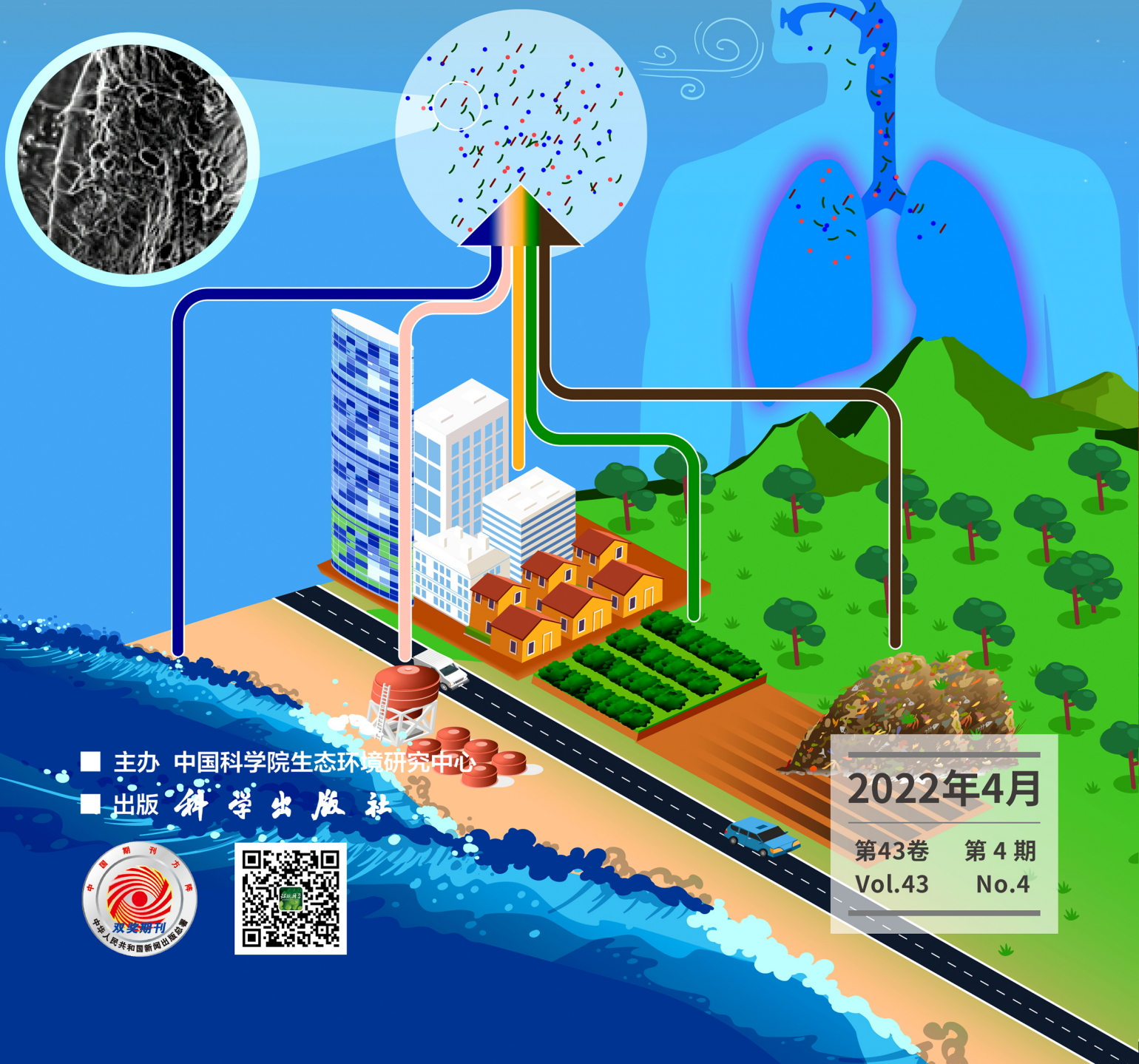
ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

大连海岸带夏、秋季大气沉降(微)塑料的赋存特征及其表面生物膜特性

涂晨, 田媛, 刘颖, 张馨宁, 骆永明



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年4月

第43卷 第4期
Vol.43 No.4

目次

2015~2019年河南省PM _{2.5} 时空特征与驱动因素分析	葛昱序, 刘岩, 杨洪, 郭恒亮 (1697)
郑州市大气PM _{2.5} 中重金属的污染特征、来源及健康风险评估: 基于高分辨数据	曲光辉, 孙俊苹, 王申博, 姜楠, 李利萍, 刘洋, 陈红阳, 马双良 (1706)
宁波市春节期间水溶性离子污染来源和特征分析	杨梦蓉, 潘勇, 黄仲文, 张晶晶, 黄显军, 何萌萌, 肖航 (1716)
上海城区PM _{2.5} 中有机组分及硝基芳香化合物分布特征	庄旻, 马英歌, 程玉璜, 周敏, 戴海夏, 黄成, 郁建珍, 朱书慧, 乔利平, 童张法 (1725)
南京北郊大气细粒子硝基苯酚类化合物污染特征与来源	陈美娟, 钱姿合, 顾陈娟, 张书萌, 刘智艺, 王新峰, 盖鑫磊 (1738)
春节与疫情管控期间珠三角VOCs的组成和来源变化	江明, 袁鸾, 温丽容, 张莹, 方洪波, 杨满芽, 李成柳 (1747)
重庆市主要工业源VOCs组分排放清单及其臭氧生成潜势	李陵, 李振亮, 方维凯, 王晓宸, 蒲茜, 汪凌韬, 袁睿, 张卫东, 翟崇治 (1756)
珠三角石化园区VOCs排放特征及影响评价	张雪驰, 沙青娥, 陆梦华, 王毓铮, 饶思杰, 明桂英, 李勤勤, 吴淑珠, 郑君瑜 (1766)
基于隧道测试的机动车VOCs排放特征及源解析	刘鑫会, 朱仁成, 金博强, 梅慧, 祖雷, 尹沙沙, 张瑞芹, 胡京南 (1777)
基于多通道分布式VOCs在线监测质谱系统精准识别企业污染源	韦啸, 张永杰, 王沛涛, 洪燕, 夏瑞, 高伟 (1788)
基于SOA和O ₃ 生成潜势的杭州市PM _{2.5} 和O ₃ 协同控制	林旭, 严仁婧, 金嘉佳, 许凯儿 (1799)
超低排放燃煤电厂中湿式电除尘器对可凝结颗粒物排放特性的影响	王鹏程, 袁畅, 梁胜文, 蒋鹭翔, 成海容, 许睿光, 虞晓晗, 王祖武 (1808)
西安市住宅室内空气污染物实测分析与叠加效应	王秀茹, 樊灏, 范洁, 沈振兴 (1814)
大连海岸带夏、秋季大气沉降(微)塑料的赋存特征及其表面生物膜特性	涂晨, 田媛, 刘颖, 张馨宁, 骆永明 (1821)
基于在线观测本地因子的长三角家禽养殖氨排放时空分布特征	高宗源, 徐昶, 倪远之, 沈根祥, 苗文亮, 王振旗, 付侃, 钱晓雍, 曹国民 (1829)
西宁市农牧源氨排放清单及其分布特征	杨益, 姬亚芹, 高玉宗, 林孜, 林宇, 马妍 (1844)
“三水”统筹视角下京津冀地区城市水生态环境保护策略分析	廖雅, 侯晓妹, 任晓红 (1853)
中国居民饮用水镉暴露非致癌风险的年龄分层权重	秦宁, 阿依博塔·吐尔逊别克, 刘运炜, 侯荣, 徐翔宇, 官家丞, 段小丽 (1863)
新疆博尔塔拉河流域平原区地表水与地下水水化学特征及转化关系	雷米, 周金龙, 张杰, 陈亚鹏, 滕杰, 吴彤, 徐东升, 孙英, 纪媛媛 (1873)
珠江源区小黄泥河流域地表水水化学组成特征及控制因素	涂春霖, 尹林虎, 和成忠, 寸得欣, 马一奇, 令狐昌卫 (1885)
河套灌区浅层地下水NO ₃ ⁻ -N时空变化及驱动因素	袁宏颖, 杨树青, 张万峰, 王波, 韩天凯, 丁雪华 (1898)
盐城地区地下水溶质来源及其成因分析	王建, 张华兵, 许君利, 李永山 (1908)
白洋淀不同水体氢氧同位素特征及其指示意义	王雨山, 尹德超, 祁晓凡, 徐蓉桢 (1920)
东部地区大型湖库有色可溶性有机物来源组成及潜在驱动因素	陈丽丽, 肖启涛, 俞晓琴, 陈慧敏, 周蕾, 周永强, 韩龙飞 (1930)
松花湖沉积物溶解性有机质荧光光谱特性	程云轩, 赵可, 张越, 张渝婷, 焦立新 (1941)
区域土地利用类型对水源水中溶解性有机物丰度和荧光组分的影响	高静, 蒲晓, 张玉虎, 程红光, 张瑞宁, 刘训良, 董雪, 许新瑶 (1950)
南北水调东线枢纽湖泊表层水体甲烷释放特征及潜在影响因素	朱俊羽, 彭凯, 李宇阳, 俞晓琴, 陈慧敏, 周蕾, 周永强, 丁艳青 (1958)
千岛湖水体中邻苯二甲酸酯(PAEs)的分布特征及健康风险评价	弥启欣, 国晓春, 卢少勇, 邓义祥, 卢洪斌, 李响, 刘晓贺, 陈金明 (1966)
蓝藻越冬期湖湾沉积物磷吸附特征和释放风险	靳郑海, 涂成琪, 王书航, 陈俊伊, 卢昶雨, 黄威 (1976)
基于植物多样性的北京市湿地生态质量评价	李果, 孙光, 赵梓伊, 刘冬梅, 肖能文, 赵志平, 罗遵兰 (1988)
小清河专项治理对莱州湾环境和浮游植物的影响	张晶晶, 王玉珏, 李凡, 刘珂, 王英, 于洋, 高彦洁, 肖晓彤, 吕振波 (1997)
不同曝气方式对人工湿地细菌多样性、代谢活性及功能的影响	王飞鹏, 黄亚玲, 张瑞瑞, 岳琛, 李飞翔, 张超月, 穆景利 (2007)
南宁市老城区降雨径流溯源及污染特征分析	岳桢钰, 李一平, 周玉璇, 郑可, 于珊, 伍彬 (2018)
老化作用对微塑料吸附铅的影响及其机制	王俊杰, 陈晓晨, 李权达, 金成俊, 黄艺佳, 范露健, 张剑宇, 刘宪华, 徐开钦 (2030)
碳化泡沫负载Co ₃ O ₄ 活化过硫酸盐降解罗丹明B	王渊源, 阎鑫, 艾涛, 李卓, 牛艳辉 (2039)
低总氮浓度下Fe ²⁺ 促进ANAMMOX生物膜反应器脱氮	郑旭文, 秦嘉富, 汪晓军, 陈浩川, 朱梓静, 陈振国 (2047)
污水管道增强通风作用下臭气气液传质特性	杨洲, 张志强, 杨静, 卢金锁 (2055)
长江经济带工业区土壤重金属污染特征与评价	张义, 周心功, 曾晓敏, 冯娇, 刘玉荣 (2062)
中国北方典型设施菜地土壤稀土元素分布特征及环境意义	王祖伟, 刘雅明, 王子璐, 苗钰婷 (2071)
贵州省典型铅锌矿区潜在有毒元素(PTEs)物源甄别、生态风险评价及控制因素	张富贵, 彭敏, 贺灵, 马宏宏 (2081)
地质高背景与污染叠加区不同土地利用方式下土壤重金属分布特征	王雪雯, 刘鸿雁, 顾小凤, 涂宇, 于恩江, 吴攀 (2094)
矿区周边农田土壤重金属分布特征及污染评价	王海洋, 韩玲, 谢丹妮, 胡慧娟, 刘志恒, 王祯 (2104)
农田-泥炭藓系统重金属富集特征与生态风险评价	朱迪, 张朝晖, 王智慧 (2115)
安顺市土壤pH空间变异及影响因素分析	陈清霞, 陆晓辉, 涂成龙 (2124)
方解石基组配钝化剂与低积累玉米协同修复效果	任超, 任或仲, 李竞天, 王浩, 朱利文, 肖建辉, 赵瑞, 杜倩倩 (2133)
伯克氏菌Y4对水稻幼苗损伤和镉吸收的影响	张雅荟, 刘月敏, 王常荣, 刘雅萍, 庞杰, 黄永春, 刘仲齐, 张长波 (2142)
我国长江中下游平原典型稻田含碳温室气体通量变化特性	刘硕, 甄晓杰, 刘钢, 冯兆忠 (2151)
地膜覆盖和生物炭添加对菜地N ₂ O排放的影响	胡剑, 江长胜, 陈鑫童, 熊艳芳, 郝庆菊 (2163)
氮肥运筹对稻田CH ₄ 和N ₂ O排放的影响	郑梅群, 刘娟, 姜培坤, 吴家森, 李永夫, 李松果 (2171)
松花江下游滨岸带典型植被根际土壤细菌群落结构与功能多样性	王露莹, 孙慧珍, 杨雪 (2182)
棉秆还田对咸水滴灌棉田土壤酶活性和细菌群落结构多样性的影响	周永学, 陈静, 李远, 侯振安, 阎伟 (2192)
pH对水稻土全程氨氧化细菌丰度和群落结构组成影响	马瑞, 赵永鹏, 王智慧, 蒋先军 (2204)
生物炭对紫色土坡耕地侵蚀性耕层土壤有机碳的影响	张健乐, 曾小英, 史东梅, 倪书辉, 夏蕊, 王荣浩 (2209)
有机肥替代化肥对旱地黄壤有机碳矿化及活性有机碳的影响	林仕芳, 王小利, 段建军, 皮义均, 郭琴波, 龙大勇, 徐彬, 杨宏伟 (2219)
九龙江河口潮滩湿地土壤有机碳储量、活性组分及稳定性沿淹水梯度的分布特征	黄小清, 全川, 罗敏, 杨洋, 谭凤凤, 潘哲妍, 刘娜, 陈欣, 黄佳芳 (2226)
碳中和战略下煤矿区生态碳汇体系构建及功能提升展望	刘祥宏, 阎永军, 刘伟, 黄占斌 (2237)
《环境科学》征订启事(1929)	《环境科学》征稿简则(1975)
信息(1996, 2029, 2080)	

松花江下游滨岸带典型植被根际土壤细菌群落结构与功能多样性

王露莹, 孙慧珍*, 杨雪

(东北林业大学林学院生态研究中心, 森林生态系统可持续经营教育部重点实验室, 哈尔滨 150040)

摘要: 通过分析松花江典型植被(芦苇、白杨、松江柳和修氏苔草)根际土壤细菌群落结构与功能的差异, 辨识不同类型植被修复受损滨岸带生境的潜力, 为松花江受损滨岸带生境修复和保护提供理论依据。使用 Illumina MiSeq PE300 二代高通量测序平台对松花江下游滨岸带的 4 种典型植被根际土壤细菌 16S rRNA 进行测序, 分析不同植被根际土壤细菌群落组成与功能的差异及其影响因素。结果表明, 芦苇根际土壤细菌多样性的 Ace、Chao1 和 Shannon 指数显著高于白杨($P < 0.05$), 与松江柳和修氏苔草的土壤细菌多样性差异不显著。主坐标轴分析和 ANOSIM 组间差异检验表明, 白杨与其它植被根际土壤细菌群落结构差异显著($P < 0.05$), 松江柳、修氏苔草和芦苇根际土壤细菌群落结构相近。4 种典型植被根际土壤细菌共划分为 38 个菌门, 其中, 酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、疣微菌门(Verrucomicrobia)和变形菌门(Proteobacteria)为各样地共有的优势菌门(相对丰度 $> 5\%$)。硝化螺旋菌门(Nitrospirae)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、厚壁菌门(Firmicutes)和己科河菌门(Rokubacteria)的相对丰度均超过 1%。4 种典型植被根际土壤细菌群落包括 6 类一级代谢通路, 43 类二级代谢通路, 其中主要的二级代谢通路(功能基因序列相对丰度 $> 1\%$) 包括 14 类。碳氮比、土壤 pH 和有机碳为影响不同植被根际土壤细菌多样性的关键环境因子。由此可见, 不同植被在修复滨岸带生境中的效果具有一定差异, 湿地植被(松江柳和修氏苔草)有利于土壤细菌多样性的提高和土壤生态系统功能的发挥。

关键词: 松花江; 植被类型; 土壤细菌; 群落结构; 功能预测

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)04-2182-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202106238

Structure and Functional Diversity of Bacterial Community in Rhizosphere Soil of Typical Vegetation in the Riparian Zone Along the Downstream of Songhua River

WANG Lu-ying, SUN Hui-zhen*, YANG Xue

(Key Laboratory of Sustainable Forest Ecosystem Management, Ministry of Education, Center for Ecological Research, School of Forestry, Northeast Forestry University, Harbin 150040, China)

Abstract: The aim of this study was to provide a reference for the riparian zone with protection and ecological restoration by analyzing the differences in typical vegetation (*Phragmites communis*, *Populus tomentosa*, *Salix sungkianica*, and *Carex schmidtii*) rhizosphere bacterial communities and their functions and identifying the potential of different types of vegetation to restore the damaged riparian zone in Songhua River. The 16S rRNA of rhizosphere soil bacteria in the four typical vegetation types of the riparian zone along the downstream of the Songhua River was sequenced using the Illumina MiSeq PE300 high-throughput sequencing platform. The community diversity, functional differences, and influencing factors of rhizosphere soil bacteria for different vegetation types were analyzed. The results showed that the Ace index, Chao1 index, and Shannon index of soil bacterial diversity in *P. communis* were significantly higher than those of *P. tomentosa* ($P < 0.05$), and there was no significant difference between the above two types of vegetation and *S. sungkianica* and *C. schmidtii*. There were significant differences between the soil bacterial community structure of *P. tomentosa* and that of the three other vegetation types ($P < 0.05$). The soil bacterial community structures of *S. sungkianica*, *C. schmidtii*, and *P. communis* were similar. Bacteria in the rhizosphere soil of the four typical vegetation types could be divided into 38 phyla. Acidobacteria, Actinobacteria, Chloroflexi, Verrucomicrobia, and Proteobacteria were the dominant phyla (relative abundance $> 5\%$), and the Nitrospirae, Gemmatimonadetes, Bacteroidetes, Firmicutes, and Rokubacteria of bacteria had a relative abundance greater than 1%. The bacterial community in the rhizosphere soil of the four typical vegetation types had 6 primary metabolic pathways and 43 secondary metabolic pathways, including 14 types of main secondary metabolic pathways (relative abundance $> 1\%$). Diversity in rhizosphere soil bacterial communities of different vegetation types was significantly influenced by the C/N ratio, soil pH, and moisture content. Hence, the effects of different vegetation types in repairing the degraded riparian zone were different, and wetland vegetation (*S. sungkianica* and *C. schmidtii*) was conducive to the improvement in soil bacterial diversity and soil ecosystem functions.

Key words: Songhua River; vegetation types; soil bacteria; community diversity; function prediction

土壤微生物驱动并影响生态系统过程, 包括土壤营养循环、生态系统的生产力和有机物分解等, 是生态系统中不可或缺的组分^[1~4], 其功能多样性和物种多样性对于维持生态系统的稳定起关键作用^[5]。根际微生物既是对植物群落变化最敏感的土壤微生物群体也是土壤和根系之间的营养调节器^[6], 其中根际细菌作为土壤中的重要因子, 在植物生长发育和环

境适应性等方面起着关键作用^[7,8]。因此研究根际土壤细菌群落多样性及其功能, 能够加深对植物和土壤微生物之间关系的理解, 对利用生物材料修复退化生

收稿日期: 2021-06-29; 修订日期: 2021-09-23

基金项目: 中央高校基本科研业务费专项(2572019CP14, 2572018BA05); 国家自然科学基金项目(32072666)

作者简介: 王露莹(1995~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为微生物生态学, E-mail: y940768151@163.com

* 通信作者, E-mail: sunhz-cf@nefu.edu.cn

态系统具有理论指导作用^[9]。

松花江下游不仅是三江平原湿地的集中分布区域,也是我国重要的粮食生产基地,对于区域生态平衡的维护和国家粮食安全保障方面有着重要作用^[10]。而滨岸带是河流和陆地生态系统之间进行物质循环、能量转化和信息交换的过渡地带,对保持流域景观稳定性等方面具有不可替代的作用^[11]。近年来,国家和地方对松花江流域的环保投入和环境保护的重视使得松花江流域水质逐渐趋于好转,生态环境植被有所恢复,但相比于 60~70 年代,滨岸带生物多样性降低和生境受损等生态系统退化问题仍然存在^[12],研究松花江典型植被根际土壤细菌群落结构和功能有利于修复受损滨岸带生境和恢复河流生态系统生物多样性。目前,国内外对河流生态系统生物多样性方面的研究具有一定基础,对松花江的研究主要集中在藻类生物多样性^[13]、浮游植物与环境因子的变化关系^[14]、木本植物群落树种组成与 α 多样性^[15] 和土地利用变化对土壤细菌群落多样性的影响^[16],但针对松花江滨岸带不同植被类型根际土壤微生物群落(尤其是细菌)方面的研究还鲜见报道。

高通量测序技术由于具有通量大且准确性高的优势,在微生物学领域得到广泛应用^[17,18]。本研究对 4 种典型植被根际土壤细菌进行 16S rRNA 基因测序,对松花江下游滨岸带 4 种典型植被根际土壤细菌群落的结构进行分析,同时研究土壤理化性质和根际细菌群落结构之间的相关性,并结合 KEGG (Kyoto encyclopedia of genes and genomes) 对各植被根际土壤细菌功能进行预测,通过识别不同植物修复受损滨岸带生境的潜力,以期对松花江受损滨岸

带生境保护和修复提供科学依据和数据基础。

1 材料与方法

1.1 研究地区概况

研究区域位于我国黑龙江省黑鱼泡自然保护区和黑龙江富锦国家湿地公园内,2 处地点直线距离约 80 km,松花江依次流经这 2 个保护区。该区域属于温带大陆性季风气候,海拔为 65~96 m,降雨量平均为 550 mm,蒸发量平均为 1 160 mm,无霜期平均为 131 d 左右。一年中至少有 5 个月平均气温在 0℃以下,多年平均气温维持在 2.3℃左右,1 月会出现全年最低气温,平均温度为 -19.3℃,7 月份的平均温度为 21.5℃,会出现全年最高气温。冻融期持续 7 个月,从每年 10 月中旬至次年 5 月中旬结束,冰封期 149 d。该区域内原生植被主要有灌木植被和湿生草本,间有人工林分布。该区域主要植被有松江柳 (*Salix sungkianica*)、卷边柳 (*Salix siuzevii*)、白杨 (*Populus tomentosa*)、芦苇 (*Phragmites communis*)、菖蒲 (*Acorus calamus* Linn)、修氏苔草 (*Carex schmidtii*) 和小叶章 (*Deyeuxia angustifolia*) 等。

1.2 样地调查与土壤采集

2019 年 7 月,对研究区域进行实地踏查,沿江选择 4 种典型植被,分别为松江柳 (SJL)、白杨 (BY)、修氏苔草 (XS) 和芦苇 (LW),在研究区内每种植被类型分别设置 3 块调查样地,共设置样地 12 块。其中,黑鱼泡自然保护区内设置松江柳样地 1 块,白杨样地 2 块,修氏苔草样地 2 块,芦苇样地 1 块,其余样地设置在富锦国家湿地公园内。样地具体信息如表 1。

表 1 样地的具体信息
Table 1 Location details of the sampling sites

生境类型	植被种类	优势种 ¹⁾	伴生种	样地编号
林地	乔木植被	BY	金色狗尾草、蒙古蒲公英、车前和榆树	BY1、BY2 和 BY3
灌木丛	灌木植被	SJL	小叶章和柳蒿	SJL1、SJL2 和 SJL3
湿地	草本植被	XS	东方蓼草、水蒿和腋囊苔草	XS1、XS2 和 XS3
湿地	草本植被	LW	菖蒲和水葱	LW1、LW2 和 LW3

1) BY: 白杨, *Populus tomentosa*; SJL: 松江柳, *Salix sungkianica*; XS: 修氏苔草, *Carex schmidtii*; LW: 芦苇, *Phragmites communis*,下同

样地调查后,将样地中草本和灌木的优势种连根拔起,采用抖根法对植物根际土壤进行收集,利用土钻直接收集乔木植物根际土壤后,再去除根系和凋落物。每样地收集土壤样品 6 份,其中 5 份土样各重 1.0 kg 左右,带回实验室风干,对其进行理化指标的测定。剩余 1 份约重 10.0 g,装入无菌封口袋后,放入干冰保温箱中保存,用于提取根际土壤细菌基因组 DNA。共获取用于测定土壤细菌和土壤理化性质的土样分别为 12 份和 60 份^[19]。

1.3 土壤理化指标的测定

土壤含水量 (soil moisture, SM) 利用重量分析法计算得出;土壤 pH 值使用 pH 分析仪 (HQ30d, HACH, U. S) 测定;总碳 (TC) 和总氮 (TN) 使用碳氮自动分析仪 (ElementarVarioMaxCN, Elementar, 德国) 按照操作程序测定;全磷采用碱熔-钼锑抗分光光度法;总有机碳 (TOC) 使用总有机碳分析仪 (TOC-CPH, SHIMADZU, 日本) 按照操作程序进行测定^[20];碳氮比 (C/N) 为总碳和总氮的比值。

1.4 土壤细菌 DNA 提取与 PCR 扩增

土壤细菌 DNA 使用土壤 DNA 提取试剂盒 (OMEGA, USA) 抽提, 采用 TransGen AP221-02; TransStart Fastpfu DNA Polymerase, 20 μ L 反应体系对细菌 16S rDNA 序列的 V4 ~ V5 区进行 PCR 扩增, PCR 仪: ABI GeneAmp[®] 9700 型^[21], 引物为 338F/806R^[22]. 使用 2% 的琼脂糖凝胶进行电泳检测 PCR 产物, 利用 Illumina MiSeq 平台构建测序文库. 基因测序由上海美吉生物医药科技有限公司提供技术支持.

1.5 生物信息统计与分析

在美吉云平台上使用 QIIME 软件过滤、拼接和去除嵌合体, 运算分类单位 (operational taxonomic units, OTU) 在 97% 的相似水平划分, 采用贝叶斯算法 (置信度阈值为 0.7) 对 OTU 代表序列通过比对 Silva 138/16S bacteria 数据库进行分类学分析. 根据最小样品的序列数抽平后计算 α 多样性指数, β 多样性的矩阵距离使用主成分分析法计算获得, 不同植被根际微生物优势物种的差异显著性利用非参数因子克鲁斯卡尔-沃利斯秩和检验分析^[23]. 采

用基于 KEGG 功能数据库的 PICRUST2 软件包 (version 1.1.0) 对细菌群落的 16S rRNA 基因序列进行功能通路预测^[24]. 单因素方差分析和置换检验使用 SPSS 版本软件统计.

2 结果与分析

2.1 不同植物根际土壤理化性质的差异

研究区 4 种典型植物根际土壤理化性质差异显著 ($P < 0.05$, 表 2). 其中 4 种植物根际土壤的 pH 值由高到低依次为: 白杨、松江柳、芦苇和修氏苔草. 3 种生境类型的土壤含水量、总碳和总有机碳差异显著 ($P < 0.05$), 含水量由高到低依次为: 草本湿地、松江柳灌木丛和白杨林地, 总碳和总有机碳的含量由高到低依次为: 白杨林地、草本湿地和松江柳灌木丛. 松江柳灌木丛根际土壤总氮显著大于草本湿地 ($P < 0.05$), 白杨林地根际土壤总磷显著大于草本湿地 ($P < 0.05$), 白杨林地根际土壤碳氮比显著大于其它植被类型 ($P < 0.05$). 根际土壤含水量、总氮、总碳、总有机碳和碳氮比在 2 种草本湿地植被之间差异并不显著.

表 2 滨岸带不同植被根际土壤理化性质的比较¹⁾

Table 2 Comparison of physicochemical properties in rhizosphere soil of different vegetation in riparian zone								
植被	pH	SM/%	ω (TC) /g·kg ⁻¹	ω (TOC) /g·kg ⁻¹	ω (TN) /g·kg ⁻¹	ω (TP) /mg·kg ⁻¹	C/N	
BY	6.85 ± 0.06a	22.71 ± 2.33c	78.64 ± 7.62a	70.21 ± 6.32a	3.56 ± 0.52ab	29.35 ± 2.81a	22.09 ± 4.12a	
SJL	6.51 ± 0.10b	31.22 ± 2.54b	36.85 ± 3.11c	29.83 ± 3.74c	2.51 ± 0.23b	25.65 ± 2.43ab	12.48 ± 1.01b	
XS	5.51 ± 0.09d	38.59 ± 3.37a	51.18 ± 5.68b	48.29 ± 4.44b	4.10 ± 0.11a	22.22 ± 1.22b	9.52 ± 0.71b	
LW	5.78 ± 0.08c	45.66 ± 3.81a	44.31 ± 4.32b	42.88 ± 1.97b	3.97 ± 0.21a	24.13 ± 1.96b	11.22 ± 0.38b	

1) pH: 酸碱度, potential hydrogen; SM: 土壤含水量, soil moisture; TC: 总碳, total carbon; TOC: 有机碳, total organic carbon; TN: 总氮, total nitrogen; TP: 总磷, total phosphorus; C/N: 碳氮比, ratio of carbon to nitrogen; 不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$); 数值为平均值 ± 标准差

2.2 不同植物根际土壤细菌 DNA 测序分析

利用 MiSeq 高通量测序自动过滤低质量序列, 4 种植被类型的 12 个根际土壤样品共检测到修剪序列 543 745 条, 碱基总数为 237 644 115 bp, 碱基长度平均为 437.05 bp. 全部样品检测到 4 105 个土壤细菌 OTU (图 1), 其中, 4 种植被共有 1 437 个 OTU, 约占 35.0%. 4 种植被类型根际土壤细菌 OTU 分布数目为: 松江柳 > 芦苇 > 修氏苔草 > 白杨, 即松江柳根际中独有的土壤细菌 OTU 分布数目多达 255 个, 白杨根际最少共 42 个, 分别占全部 OTU 分布的 6.2% 和 1.0%, 而芦苇和修氏苔草的 OTU 分布数是 132 个和 189 个, 在全部 OTU 分布中分别占比 3.2% 和 4.6%, 在 4 种植被中处于中间位置.

2.3 不同植物根际土壤细菌群落多样性

对 4 种根际土壤样品细菌群落的 α 多样性指数进行分析 (表 3). 除 Simpson 指数以外, 林地植被白杨根际土壤细菌 α 多样性显著低于其他 3 种植被类

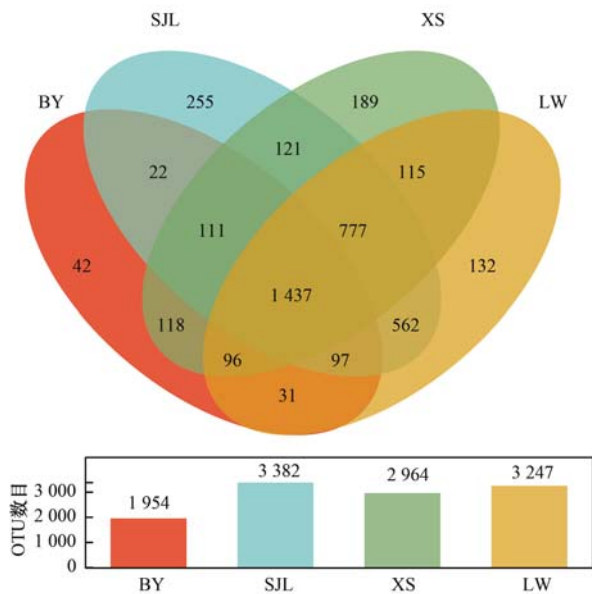


图 1 滨岸带不同植被根际的土壤细菌 OTU 比较

Fig. 1 Comparison of bacteria OTU in rhizosphere soil of different vegetation in riparian zone

表 3 不同植被根际土壤细菌 α 多样性指数¹⁾

Table 3 Soil bacterial α-diversity indexes in rhizosphere of different vegetation				
植被	Ace 指数	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
BY	1 732. 09 ± 179. 61b	1 788. 54 ± 193. 59b	5. 82 ± 0. 20b	0. 009 1 ± 0. 001 8a
SJL	2 453. 70 ± 948. 39ab	2 455. 25 ± 951. 71ab	6. 33 ± 0. 68ab	0. 005 0 ± 0. 003 7a
XS	2 381. 64 ± 200. 07ab	2 384. 04 ± 191. 21ab	6. 44 ± 0. 21ab	0. 005 7 ± 0. 004 5a
LW	3 184. 99 ± 58. 93a	3 204. 49 ± 57. 56a	6. 67 ± 0. 19a	0. 006 4 ± 0. 004 5a

1) 不同小写字母表示不同植被类型间差异显著 ($P < 0.05$), 数据为平均值 ± 标准差 ($n = 3$)

型 ($P < 0.05$), 湿地植被芦苇根际土壤细菌物种多样性值最高, 松江柳和修氏苔草居中, 并与其他植被的差异不显著。

采用皮尔森距离算法的主成分比较分析不同植被根际土壤细菌群落的差异性得到图 2, 第一轴和第二轴的累积解释变异量高达 70.25%, 各植被类型根际土壤细菌群落结构差异显著 ($P < 0.05$), 不同植物根际细菌群落相互之间没有明显重叠, 可相互分开. ANOSIM 组间差异检验表明 (图 3), 在 PC1 轴表征白杨与其它植被根际土壤细菌群落结构差异显著 ($P < 0.05$), 松江柳、修氏苔草和芦苇根际土壤细菌群落结构相近。

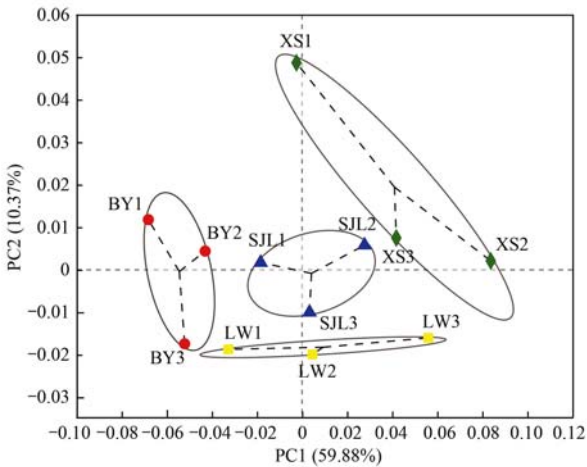


图 2 不同植被根际土壤细菌群落的主成分分析

Fig. 2 Principal coordinate analysis of bacterial communities in rhizosphere soil of different vegetation

2.4 不同植物根际土壤细菌群落组成及指示物种差异

对高通量测序结果分析表明, 12 个土壤样品中检测出的土壤细菌可划分为 38 门、102 纲、255 目、417 科、784 属和 1 614 种. 由图 4 可知, 在细菌门水平上, 相对丰度大于 5% 的菌门即各样地的优势菌群分别为: 变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、疣微菌门 (Verrucomicrobia). 另外, 相对丰度大于 1% 的主要菌门还包括: 芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes)、己科河菌门 (Rokubacteria)、厚壁菌门 (Firmicutes)、硝化螺旋

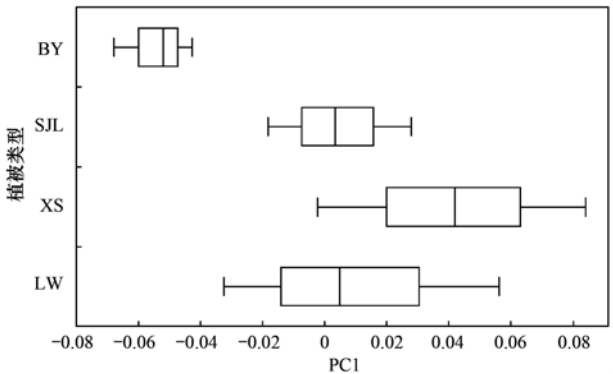


图 3 不同植被根际土壤细菌群落的 ANOSIM 组间差异检验

Fig. 3 ANOSIM difference test of bacterial community in rhizosphere soil of different vegetation

菌门 (Nitrospirae) 和拟杆菌门 (Bacteroidetes), 而在各样地中都少量存在的菌门为: 浮霉菌门 (Planctomycetes)、装甲菌门 (Armatimonadetes)、Patescibacteria 和匿杆菌门 (Latescibacteria), 蓝菌门 (Cyanobacteria) 和硝杆菌门 (Nitrospinae) 是湿地环境中的优势菌门, 在各样地相对丰度 $< 0.1\%$ 的菌门合并在一起, 在图例中归为其它 (others)。

利用非参数因子克鲁斯卡尔-沃利斯秩和检验分析不同植被类型土壤细菌各分类水平的显著差异特征 (LDA 阈值 3.5), 并构建群落进化分枝图 (图 5)^[25]. 结果表明, 在门分类水平上, 浮霉菌门 (Planctomycetes) 在修氏苔草根际与其它植被根际土壤之间的差异显著. 在纲分类水平上, γ -Proteobacteria 和 Clostridia 在芦苇根际和其它植被根际土壤之间的差异显著, 松江柳根际土壤中 Holophagae 的相对丰度显著大于其它植被, 厌氧绳菌纲 (Anaerolineae) 和 Planctomycetacia 在修氏苔草和其它植被根际土壤之间的差异显著. 在目分类水平上, Reyranellales 和 Solirubrobacterales 在白杨和其它植被根际土壤之间的差异显著, Caulobacterales 和 Micropepsales 在修氏苔草和其它植被根际土壤之间具有显著差异, Rhodobacterales 和 Clostridiales 在芦苇和其它植被根际土壤之间具有显著差异. 在科分类水平上, Xanthobacteraceae、Reyranellaceae、Haliangiaceae 和 Mycobacteriaceae 在白杨和其它植被根际土壤之间具有显著差异, 松江柳根际土壤中

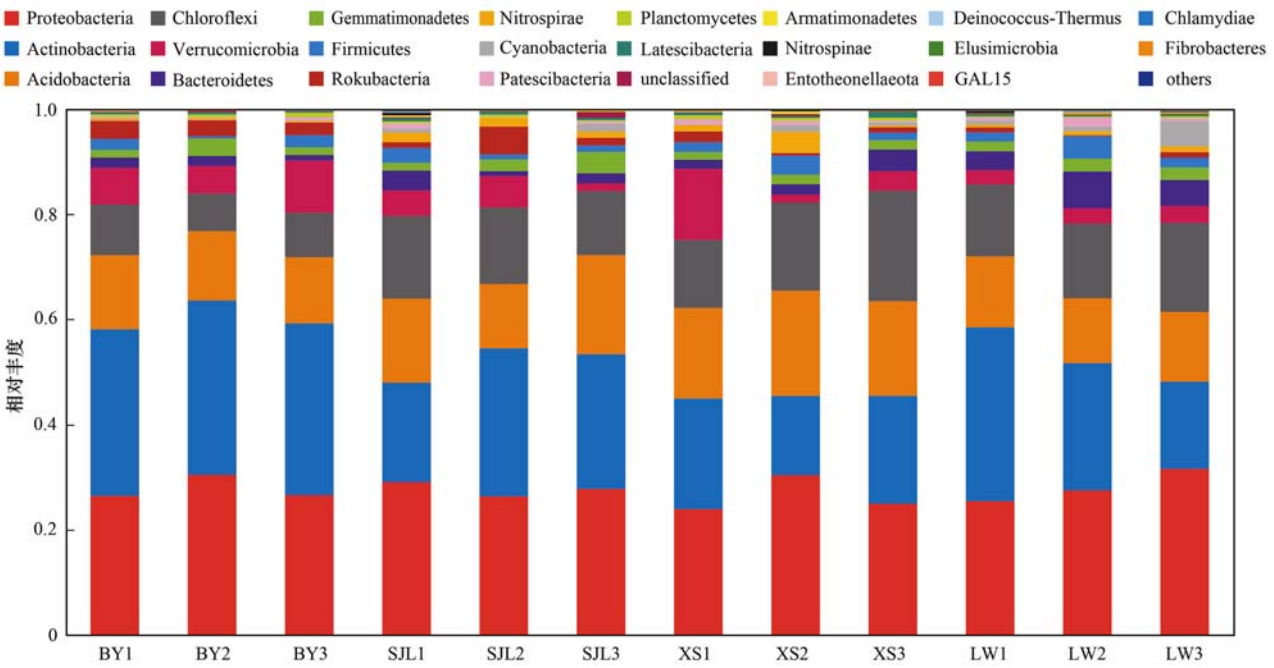


图 4 不同植被根际土壤细菌群落的结构柱状图

Fig. 4 Structure histogram of bacterial communities in rhizosphere soil of different vegetation

的 *Methylobacteriaceae*、修氏苔草根际土壤中的 *Caulobacteraceae*、*Micropepsaceae* 和芦苇根际土壤中的 *Rhodobacteraceae*、*Rhodocyclaceae*、*Gallionellaceae*、*Micrococcaceae*、*Clostridiaceae*-1 是各自植被根际土壤的优势菌科,且和其它植被之间具有显著差异.在属分类水平上,白杨根际土壤中的 *Bradyrhizobium*、*Reyranella*、*Haliangium*、*Acidibacter*、*Mycobacterium*、*Streptomyces*、*Pseudonocardia*; 松江柳根际土壤中的 *Conexibacter*; 芦苇根际土壤中 *Rhodoblastus*、*Rhodobacter*、*Gemmatimonas*、*Hymenobacter*、*Blastococcus*、*Terrabacter*、*Pseudarthroba* 是各自植被根际土壤的优势菌属,且和其它植被根际土壤之间存在显著差异.

2.5 不同植物根际土壤细菌的功能注释

4 种根际土壤细菌 OTU 在 KEGG 一级功能代谢通路的注释信息和各功能丰度信息见表 4,根际土壤细菌功能包括 6 类一级代谢通路,样本中各功能基因的相对丰度从高到低依次为: 新陈代谢 (metabolism)、环境信息处理 (environmental information processing)、遗传信息处理 (genetic information processing)、细胞过程 (cellular processes)、人类疾病 (human diseases) 和有机系统 (organismal systems). 其中,松江柳和修氏苔草根际土壤细菌的细胞过程和有机系统功能显著高于白杨 ($P < 0.05$),其它各植被种类根际土壤细菌的各一级功能代谢通路无显著差异.

表 4 土壤细菌群落的一级功能代谢通路在不同样地中的相对丰度信息¹⁾

Table 4 Variations in composition of soil bacterial functional communities in rhizosphere soil of different vegetation

植被	新陈代谢	环境信息处理	遗传信息处理	细胞过程	有机系统	人类疾病
BY	0.627 0 ± 0.011 1a	0.182 1 ± 0.003 4a	0.121 1 ± 0.002 2a	0.041 6 ± 0.004 4b	0.010 3 ± 0.000 2b	0.016 7 ± 0.000 5a
SJL	0.611 3 ± 0.000 9a	0.184 5 ± 0.004 5a	0.122 2 ± 0.002 5a	0.047 7 ± 0.001 2a	0.011 2 ± 0.000 4a	0.016 8 ± 0.000 5a
XS	0.621 5 ± 0.002 4a	0.182 1 ± 0.008 2a	0.124 9 ± 0.003 1a	0.048 3 ± 0.001 2a	0.011 1 ± 0.000 7a	0.016 2 ± 0.000 3a
LW	0.612 2 ± 0.005 4a	0.185 6 ± 0.006 1a	0.121 1 ± 0.001 2a	0.045 4 ± 0.003 4ab	0.010 6 ± 0.000 5ab	0.016 6 ± 0.000 3a

1) 不同小写字母表示不同植被类型间差异显著 ($P \leq 0.05$), 数据为平均值 ± 标准差 ($n = 3$)

不同植被类型根际土壤细菌功能包括 43 类二级代谢通路,其中主要的二级代谢通路(功能基因序列相对丰度 > 1%) 包括 14 类(表 5). 松江柳根际土壤细菌的碳水化合物代谢功能显著高于修氏苔草 ($P < 0.05$). 松江柳根际土壤细菌的脂肪代谢功能、外源生物降解与代谢功能和聚糖生物合成与代谢功能显著低于其它植被 ($P < 0.05$). 芦苇根际土壤细

菌的辅酶和维生素代谢、膜传输功能显著高于其它植被 ($P < 0.05$). 白杨根际土壤细菌的萜类和聚酮化合物代谢和能量代谢功能显著高于其它植被 ($P < 0.05$). 修氏苔草根际土壤细菌的复制和修复功能显著高于其它植被 ($P < 0.05$). 修氏苔草和芦苇根际土壤细菌的氨基酸代谢功能显著大于白杨林地,且白杨林地根际土壤细菌的氨基酸代谢功能显

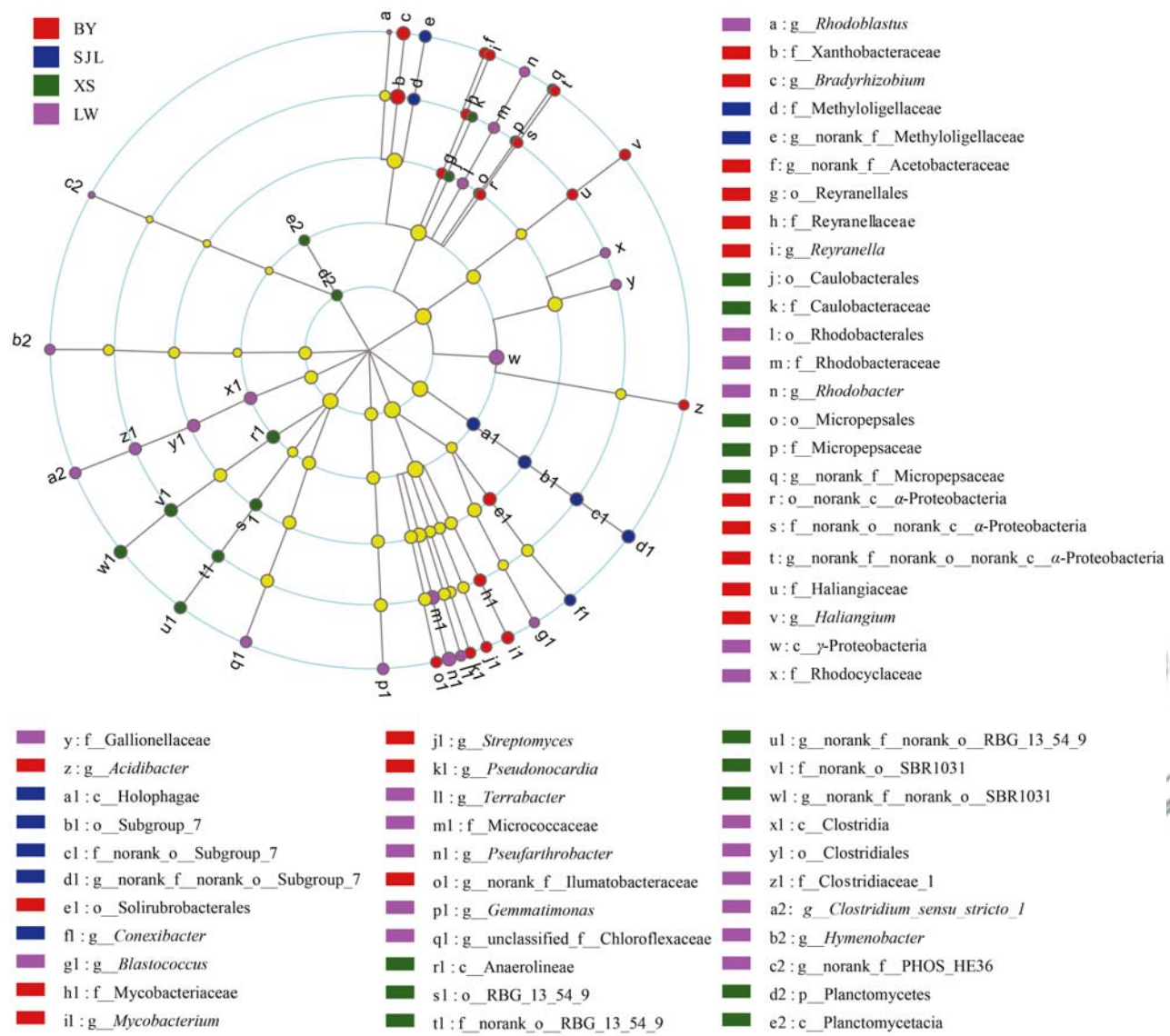


图 5 不同植被根际土壤细菌的进化分枝图

Fig. 5 Cladogram of soil bacterial community for rhizosphere soil of different vegetation

表 5 土壤细菌群落的二级功能在不同样地中的相对丰度信息¹⁾

二级功能类型	BY	SJL	XS	LW
碳水化合物代谢	0.127 7 ± 0.002 9ab	0.130 3 ± 0.001 9a	0.125 3 ± 0.003 1b	0.126 8 ± 0.001 8ab
脂肪代谢	0.039 9 ± 0.002 5a	0.034 4 ± 0.000 4b	0.039 1 ± 0.000 5a	0.038 6 ± 0.001 1a
辅酶和维生素代谢	0.071 3 ± 0.001 1a	0.072 8 ± 0.002 0a	0.072 0 ± 0.000 6a	0.067 4 ± 0.001 5b
能量代谢	0.081 5 ± 0.003 1a	0.074 1 ± 0.004 5b	0.069 7 ± 0.000 5b	0.070 0 ± 0.001 6b
核苷酸代谢	0.049 5 ± 0.000 2c	0.052 3 ± 0.000 2a	0.051 7 ± 0.000 3b	0.047 6 ± 0.000 6d
氨基酸代谢	0.121 3 ± 0.003 7b	0.113 6 ± 0.001 5c	0.128 9 ± 0.002 2a	0.127 8 ± 0.002 1a
萜类和聚酮化合物代谢	0.041 2 ± 0.001 8a	0.033 9 ± 0.010b	0.035 8 ± 0.002 6b	0.035 1 ± 0.001 4b
外源生物降解与代谢	0.046 6 ± 0.004 3a	0.038 8 ± 0.000 7b	0.044 7 ± 0.001 3a	0.046 5 ± 0.002 4a
聚糖生物合成与代谢	0.022 1 ± 0.001 5b	0.024 5 ± 0.000 9a	0.022 8 ± 0.000 6b	0.021 6 ± 0.001 2b
转化	0.044 4 ± 0.001 1c	0.049 3 ± 0.006a	0.046 1 ± 0.000 8b	0.043 4 ± 0.001 3c
膜传输	0.106 6 ± 0.005 6b	0.098 5 ± 0.004 5b	0.104 1 ± 0.006 6b	0.126 5 ± 0.007 2a
信号传导	0.078 9 ± 0.010 5a	0.087 6 ± 0.001 1a	0.077 7 ± 0.002 8a	0.079 1 ± 0.003 7a
折叠、分类和降解	0.024 4 ± 0.000 9b	0.026 4 ± 0.000 6a	0.024 4 ± 0.002b	0.022 9 ± 0.000 6c
复制和修复	0.042 3 ± 0.001 1b	0.044 2 ± 0.001 0b	0.044 4 ± 0.001 5a	0.040 1 ± 0.001 5b

1) 不同小写字母表示不同植被类型间差异显著 ($P < 0.05$), 数据为平均值 ± 标准差 ($n = 3$)

著大于松江柳($P < 0.05$). 松江柳根际土壤细菌的转化功能显著大于修氏苔草,且修氏苔草根际土壤细菌的转化功能显著大于白杨和芦苇($P < 0.05$). 松江柳根际土壤细菌的折叠、分类和降解功能显著大于白杨和修氏苔草,且白杨和修氏苔草根际土壤细菌的折叠、分类和降解功能显著大于芦苇($P < 0.05$). 4种植被根际土壤细菌的核苷酸代谢功能差异显著($P < 0.05$),表现为: SJL > XS > BY > LW.

表 6 土壤细菌 α 多样性指数与土壤理化性质的相关分析¹⁾

	pH	SM	TC	SOC	TN	TP	C/N
Ace 指数	-0.366	0.354	0.132	0.543 *	0.453	0.376	-0.546 *
Chao1 指数	-0.421	0.377	0.145	0.556 *	0.411	0.481	-0.551 *
Shannon 指数	-0.556 *	0.566 *	0.166	0.571 *	0.399	0.367	-0.624 *
Simpson 指数	0.271	-0.421	-0.258	-0.552 *	-0.255	-0.232	0.473

1) * 表示 0.05 水平相关显著

RDA 排序图反映了 4 种植被根际土壤细菌群落结构和土壤理化因子之间的关系(图 6),其中第一轴和第二轴可以反映出关键土壤环境因子对根际土壤细菌群落结构的影响,两个轴的累计解释变异量达 64.8%. 置换检验的结果表明,对不同植被根际土壤细菌群落变化产生关键作用的环境因子为:碳氮比(C/N , $r^2 = 0.546$, $P = 0.008$)、土壤 pH($r^2 = 0.374$, $P = 0.044$)和有机碳(SOC , $r^2 = 0.326$, $P = 0.046$).

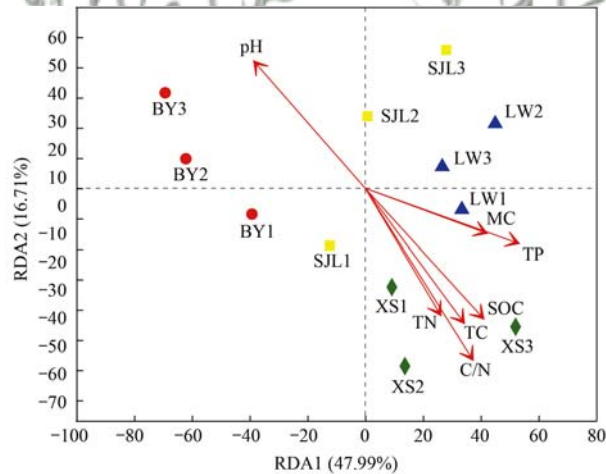


图 6 环境因子与植被根际土壤细菌群落之间的冗余分析

Fig. 6 RDA of soil bacterial community and environmental factors

3 讨论

3.1 不同植物根际土壤细菌群落多样性分析

植物微生物组是指和植物相关的微生物,在植物根际、内部和叶际广泛存在^[26],地上植被类型、组成和根系分泌物和其根际土壤微生物之间存在紧密联系. 不同植被类型对微生物群落结构和功能的影响有所差异^[27],这种差异对土壤生态系统健康状

2.6 土壤细菌群落多样性与土壤理化性质的关系

由土壤理化性质和根际土壤细菌 α 多样性之间的相关性可见(表 6), 4 个多样性指数与土壤有机碳含量显著相关,其中 Shannon、Ace 和 Chao1 指数与有机碳含量呈显著正相关($P < 0.05$),Simpson 指数和其呈显著负相关($P < 0.05$). Shannon 指数和土壤 pH 显著负相关,但和土壤含水量显著正相关. 此外,除 Simpson 以外的其他 3 个指数都和土壤碳氮比显著负相关.

况产生直接影响,改变了土壤环境适生性,重塑地上植被类型. 近年来,随着植物学与微生物组学的深入研究,尤其是高通量基因测序技术的发展,增加了研究人员对植物类型和微生物群落之间关系的理解,植物根际微生物研究取得了显著进展. 张仲富等^[28]的研究表明,不同植物群落类型对土壤细菌群落多样性产生显著影响,碧塔海湿地各植被根际微生物的优势菌门为酸杆菌门、拟杆菌门、绿弯菌门和变形菌门,总丰度高于 10%. 周强等^[29]的研究发现,双蕊兰根际土壤细菌中的优势菌门为放线菌门、酸杆菌门、疣微菌门和变形菌门,其中变形菌门和放线菌门具有较高的相对丰度. 陈影等^[30]的研究表明,放线菌门、变形菌门和绿弯菌门是辽河干流河岸带土壤细菌的第一优势门. 韩晓丽等^[31]的研究认为,变形菌门、绿弯菌门、厚壁菌门、浮霉菌门和放线菌门是文峪河上游河岸带植被类型的优势菌群. 其中变形菌门的相对丰度最高. 另外,放线菌门是文峪河上游河岸带灌木林中的优势菌门,这与本研究结果相似,以上菌门在松花江下游滨岸带各植被根际土壤中同样占据绝对优势. 这表明,环境中共同存在的优势微生物群落大多能和乡土植物建立良好的共生关系,在应对环境变化方面具有较高的适应性,并不会对某种类型植被过度依赖. 综上表明,即便不同土壤和植被类型会对土壤细菌多样性和其群落结构产生影响,但土壤中的优势菌门基本相似. 张瑞海等^[32]的研究发现,植被类型变化可以显著降低变形菌门中的微枝形杆菌属(*Microvirga*)、斯科曼氏菌属(*Skermanella*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)和酸杆菌门的 *Bryobacter* 属相对丰度. 这说明,放线

菌门和变形菌门的少部分菌属有不同的适生特征,环境要素发生改变时,某些菌属会敏感地发生相应变化,如本研究中浮霉菌门等菌门在植被类型发生变化时,其优势度发生显著变化,这说明浮霉菌门对苔草类植被有一定的依赖性,且对另外几类植被具有一定的互斥作用。这些现象反映出,环境中的某些菌属具有指示作用,能够表征生境质量状况的变化。本试验中,在门和属分类水平上,4种不同植被根际土壤细菌组成具有相似性,但其菌门和属的相对丰度有所不同,这可能和植物的根系分泌物不同有关,进而使细菌群落结构发生变化^[33]。

长期以来,植被类型和根际土壤细菌群落多样性被认为具有密切相关性^[34],某些固氮细菌的丰富度和豆科植物的关系比其他门类微生物更密切^[35]。本研究基于皮尔森距离算法的主坐标分析对4种不同类型植被根际土壤细菌群落结构的差异性进行比较。结果显示,芦苇、松江柳和修氏苔草根际土壤细菌群落结构具有相似性,这说明,植被类型的差异会对细菌群落多样性产生影响,而土壤细菌群落会发生变化的原因很可能是植物群落的改变所造成的,这跟前人研究结果相同^[36,37]。植物通过选择土壤中微生物组塑造土壤细菌群落^[34],利用凋落物等对土壤细菌群落多样性产生影响,植物残体是植物根际土壤细菌的主要营养来源,不同植物之间凋落物的数量和种类存在巨大差异,这可能是导致松花江滨岸带不同植被类型间根际土壤细菌差异显著的主要原因。

3.2 植被、微生物和土壤理化之间的关系

微生物群落多样性特征变化往往对地上植物群落和地下条件变化十分敏感,这些地上植物往往通过改变土壤理化性质特征制约着细菌群落多样性^[38]。大量研究充分证实,土壤细菌多样性受土壤理化性质的显著影响^[19,39]。张仲富等^[28]的研究表明,土壤含水率和酸杆菌门、芽单胞菌门和放线菌门显著负相关,而和螺旋体门、疣微菌门、Desulfobacterota和拟杆菌门显著正相关,这说明土壤细菌群落结构受土壤含水率显著影响。王静等^[40]的研究指出漓江河岸带土壤含水量对土壤细菌也有显著影响。在本研究中,根际土壤细菌的Shannon指数和土壤含水量显著正相关,这表明松花江滨岸带根际土壤细菌群落的差异和生态系统特殊的水文环境有关。此外,土壤细菌群落多样性受土壤pH显著影响^[41]。代金霞等^[42]利用高通量测序技术和分离培养等方法研究宁夏银北地区6种耐盐植物根际土壤细菌群落结构和多样性时,发现对盐渍化土壤中优势菌群产生显著影响的土壤环境因子是土壤pH。朱平等^[41]在研究祁连山4种不同植被类型对土壤

微生物的影响时也得到类似结论。本研究中土壤pH和4种不同植被类型根际土壤细菌 α 多样性显著相关($P < 0.05$),同样印证了土壤pH是对各植被根际土壤细菌群落分布有显著影响的关键因子。同时,4种植被类型根际土壤细菌 α 多样性、碳氮比和有机碳等土壤理化指标具有显著相关性,这和文献[43,44]的研究有相同之处,表明土壤理化性质是影响微生物多样性的关键因素。

松花江滨岸带水位频繁变化有助于营养物质的积累,造成了其细菌群落变化^[45]。微生物功能变化通常和结构变化密切相关^[27],松花江4种植被类型间的土壤养分组成的差异可能是造成细菌群落差异的因素。同样的,相关类群的变化和水位降低有密切关系,水分变化会影响土壤微生物过程^[24],使微生物功能群随之发生相应的变化。相关结果进一步指明,松花江滨岸带根际土壤细菌群落功能群的分异受到土壤理化性质、植物多样性和水文环境的共同影响。

4 结论

(1) 12个根际土壤样品共获得细菌4105个OTU,被划分为38门、102纲、255目、417科、784属和1614种。

(2) 4种典型植被共有的优势菌门(相对丰度>5%)为:酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、疣微菌门(Verrucomicrobia)和变形菌门(Proteobacteria)。

(3) 4种典型植被根际土壤细菌群落包括6类一级代谢通路,43类二级代谢通路,其中主要的二级代谢通路包括14类(功能基因序列相对丰度>1%)。

(4) RDA分析显示:对4种不同植被类型根际土壤细菌有主要影响的环境因子为土壤碳氮比、pH和土壤有机碳。

参考文献:

- [1] Tedersoo L, Bahram M, Pölme S, *et al.* Global diversity and geography of soil fungi[J]. *Science*, 2014, **346**(6213), doi: 10.1126/science.1256688.
- [2] Orgiazzi A, Dunbar M B, Panagos P, *et al.* Soil biodiversity and DNA barcodes: opportunities and challenges[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, **80**: 244-250.
- [3] 林婉奇, 薛立. 基于BILOG技术分析氮沉降和降水对土壤微生物功能多样性的影响[J]. *生态学报*, 2020, **40**(12): 4188-4197.
- Lin W Q, Xue L. Analysis of effects of nitrogen deposition and precipitation on soil microbial function diversity based on BILOG technique[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, **40**(12): 4188-4197.
- [4] Pérez-Jaramillo J E, De Hollander M, Ramírez C A, *et al.* Deciphering rhizosphere microbiome assembly of wild and modern common bean (*Phaseolus vulgaris*) in native and agricultural soils from Colombia[J]. *Microbiome*, 2019, **7**(1), doi: 10.

- 1186/s40168-019-0727-1.
- [5] Li C, Liu X, Meng M J, *et al.* The use of Biolog Eco microplates to compare the effects of sulfuric and nitric acid rain on the metabolic functions of soil microbial communities in a subtropical plantation within the Yangtze River Delta region[J]. CATENA, 2021, **198**, doi: 10.1016/j.catena.2020.105039.
- [6] 秦红, 李昌晓, 任庆水. 不同土地利用方式对三峡库区消落带土壤细菌和真菌多样性的影响[J]. 生态学报, 2017, **37**(10): 3494-3504.
- Qin H, Li C X, Ren Q S. Effects of different land use patterns on soil bacterial and fungal biodiversity in the hydro-fluctuation zone of the Three Gorges Reservoir region[J]. Acta Ecologica Sinica, 2017, **37**(10): 3494-3504.
- [7] Mahoney A K, Yin C T, Hulbert S H. Community structure, species variation, and potential functions of rhizosphere-associated bacteria of different winter wheat (*Triticum aestivum*) cultivars[J]. Frontiers in Plant Science, 2017, **8**, doi: 10.3389/fpls.2017.00132.
- [8] Etesami H, Maheshwari D K. Use of plant growth promoting rhizobacteria (PGPRs) with multiple plant growth promoting traits in stress agriculture: action mechanisms and future prospects[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2018, **156**: 225-246.
- [9] 刘若萱, 贺纪正, 张丽梅. 稻田土壤不同水分条件下硝化/反硝化作用及其功能微生物的变化特征[J]. 环境科学, 2014, **35**(11): 4275-4283.
- Liu R X, He J Z, Zhang L M. Response of nitrification/denitrification and their associated microbes to soil moisture change in paddy soil[J]. Environmental Science, 2014, **35**(11): 4275-4283.
- [10] 王宗明, 陈铭, 宋开山, 等. 三江平原原始洪河流域湿地农田化过程中湿地—农田景观梯度时空特征分析[J]. 水土保持学报, 2008, **22**(1): 194-198.
- Wang Z M, Chen M, Song K S, *et al.* Spatial and temporal analysis of wetland and cropland landscape gradient in process of conversion from wetland into cropland (CWC) in Bielalong Basin of Sanjiang Plain[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2008, **22**(1): 194-198.
- [11] González E, Felipe-Lucia M R, Bourgeois B, *et al.* Integrative conservation of riparian zones[J]. Biological Conservation, 2017, **211**: 20-29.
- [12] 罗遵兰, 赵志平, 孙光, 等. 松花江流域湿地生态系统健康评价[J]. 水土保持研究, 2015, **22**(1): 105-109, 114.
- Luo Z L, Zhao Z P, Sun G, *et al.* Assessment of wetland ecosystem health in Songhua River Basin[J]. Research of Soil and Water Conservation, 2015, **22**(1): 105-109, 114.
- [13] 李涛, 韩英. 松花江着生藻类生物多样性研究进展[J]. 黑龙江水产, 2021, **40**(1): 22-25.
- Li T, Han Y. Research progress on biodiversity of algae in Songhua River[J]. Northern Chinese Fisheries, 2021, **40**(1): 22-25.
- [14] 马煜, 陆欣鑫, 范亚文. 松花江哈尔滨段浮游植物群落格局及其与环境因子的相关性[J]. 生态学报, 2021, **41**(1): 224-234.
- Ma Y, Lu X X, Fan Y W. Correlation between phytoplankton community patterns and environmental factors in Harbin section of the Songhua River[J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, **41**(1): 224-234.
- [15] 马赛, 孙晓刚, 丁言. 吉林市松花江沿江绿地木本植物群落树种组成与 α 多样性[J]. 江西农业学报, 2015, **27**(8): 63-66, 70.
- Ma S, Sun X G, Ding Y. Species composition and alpha diversity of woody plant community in green space along Songhua River in Jilin City[J]. Acta Agriculturae Jiangxi, 2015, **27**(8): 63-66, 70.
- [16] 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.
- [17] 刘莹, 韩锰, 王文磊, 等. 高通量技术在微生物培养中的应用进展及分子测序对比分析[J]. 安徽农业科学, 2020, **48**(15): 16-19.
- Liu Y, Han M, Wang W L, *et al.* Application progress of high-throughput technology in microbial culture and comparative analysis of molecular sequencing[J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2020, **48**(15): 16-19.
- [18] You J, Wu G, Ren F P, *et al.* Microbial community dynamics in Baolige oilfield during MEOR treatment, revealed by Illumina MiSeq sequencing[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2016, **100**(3): 1469-1478.
- [19] 杨菁, 周国英, 田媛媛, 等. 降香黄檀不同混交林土壤细菌多样性差异分析[J]. 生态学报, 2015, **35**(24): 8117-8127.
- Yang J, Zhou G Y, Tian Y Y, *et al.* Differential analysis of soil bacteria diversity in different mixed forests of *Dalbergia odorifera*[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, **35**(24): 8117-8127.
- [20] 林耀奔, 叶艳妹, 杨建辉, 等. 土地整治对土壤微生物多样性的影响分析[J]. 环境科学学报, 2019, **39**(8): 2644-2653.
- Lin Y B, Ye Y M, Yang J H, *et al.* The effect of land consolidation on soil microbial diversity[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2019, **39**(8): 2644-2653.
- [21] 石烜, 田嘉盟, 任博, 等. 流态变化对污水管网沉积污染物分布及转化的影响[J]. 中国环境科学, 2021, **41**(7): 3275-3282.
- Shi X, Tian J M, Ren B, *et al.* Influence of flow regime changes on the distribution and transformation of sediment pollutants in sewer system[J]. China Environmental Science, 2021, **41**(7): 3275-3282.
- [22] 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.
- [23] Huhe, Chen X J, Hou F J, *et al.* Bacterial and fungal community structures in loess plateau grasslands with different grazing intensities[J]. Frontiers in Microbiology, 2017, **8**, doi: 10.3389/fmicb.2017.00606.
- [24] 孙建平, 刘雅辉, 左永梅, 等. 盐地碱蓬根际土壤细菌群落结构及其功能[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2020, **28**(10): 1618-1629.
- Sun J P, Liu Y H, Zuo Y M, *et al.* The bacterial community structure and function of *Suaeda salsa* rhizosphere soil[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2020, **28**(10): 1618-1629.
- [25] Tang R Q, Wei Y R, Li Y M, *et al.* Gut microbial profile is altered in primary biliary cholangitis and partially restored after UDCA therapy[J]. Gut, 2018, **67**(3): 534-541.
- [26] Pang Z Q, Chen J, Wang T H, *et al.* Linking plant secondary metabolites and plant microbiomes: a review[J]. Frontiers in

- Plant Science, 2021, **16**, doi: 10.3389/fpls.2021.621276.
- [27] 查美琴, 徐海东, 成向荣, 等. 不同林龄杉木 + 闽楠复层林土壤磷形态及微生物功能多样性变化[J]. 生态学报, 2020, **40**(19): 6938-6947.
- Zha M Q, Xu H D, Cheng X R, *et al.* Variations of soil phosphorus form and microbial functional diversity in *Cunninghumia lanceolata* + *Phoebe bournei* multi-layered mixed plantations of different ages[J]. Acta Ecologica Sinica, 2020, **40**(19): 6938-6947.
- [28] 张仲富, 喻庆国, 王行, 等. 植物群落和土壤理化性质对碧塔海湿地土壤细菌群落的影响[J]. 应用生态学报, 2021, **32**(6): 2199-2208.
- Zhang Z F, Yu Q G, Wang H, *et al.* Effects of plant community and soil properties on soil bacterial community in Bitahai Wetland, Southwest China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2021, **32**(6): 2199-2208.
- [29] 周强, 孙冬伟, 李海燕, 等. 珍稀濒危物种双蕊兰根际土壤细菌多样性研究[J]. 沈阳农业大学学报, 2020, **51**(6): 721-726.
- Zhou Q, Sun D W, Li H Y, *et al.* Study on bacterial diversity in rhizosphere soil of rare and endangered species *Diplandrorchis sinica*[J]. Journal of Shenyang Agricultural University, 2020, **51**(6): 721-726.
- [30] 陈影, 陈苏, 马鸿岳, 等. 辽河干流河岸带植物及微生物多样性研究[J]. 农业环境科学学报, 2020, **39**(9): 2048-2057.
- Chen Y, Chen S, Ma H Y, *et al.* Plant and microbial diversity in the riparian zone of the Liao River mainstream, China[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2020, **39**(9): 2048-2057.
- [31] 韩晓丽, 黄春国, 张芸香, 等. 文峪河上游河岸带不同植被类型土壤 nirS 反硝化菌群结构及功能[J]. 生态学报, 2020, **40**(6): 1977-1989.
- Han X L, Huang C G, Zhang Y X, *et al.* NirS-type denitrifiers community composition and function in different riparian vegetation types in upper Wenyuhe watershed [J]. Acta Ecologica Sinica, 2020, **40**(6): 1977-1989.
- [32] 张瑞海, 宋振, 付卫东, 等. 植被恢复对刺萼龙葵根际土壤细菌群落结构与功能的影响[J]. 环境科学, 2021, **42**(1): 433-442.
- Zhang R H, Song Z, Fu W D, *et al.* Effects of vegetation restoration on the structure and function of the rhizosphere soil bacterial community of *Solanum rostratum* [J]. Environmental Science, 2021, **42**(1): 433-442.
- [33] 孙倩, 吴宏亮, 陈卓, 等. 基于高通量测序的几种不同作物根际土壤细菌群落结构和多样性分析[J]. 农业生物技术学报, 2020, **28**(8): 1490-1498.
- Sun Q, Wu H L, Chen F, *et al.* Analysis of bacterial community structure and diversity in rhizosphere soil of several different crops based on high-throughput sequencing[J]. Journal of Agricultural Biotechnology, 2020, **28**(8): 1490-1498.
- [34] Falkowski P G, Fenchel T, Delong E F. The microbial engines that drive earth's biogeochemical cycles[J]. Science, 2008, **320**(5879): 1034-1039.
- [35] Liang Y M, Pan F J, He X Y, *et al.* Effect of vegetation types on soil arbuscular mycorrhizal fungi and nitrogen-fixing bacterial communities in a karst region[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2016, **23**(18): 18482-18491.
- [36] 丁新景, 敬如岩, 黄雅丽, 等. 黄河三角洲刺槐根际与非根际细菌结构及多样性[J]. 土壤学报, 2017, **54**(5): 1293-1302.
- Ding X J, Jing R Y, Huang Y L, *et al.* Bacterial structure and diversity of rhizosphere and bulk soil of *Robinia pseudoacacia* forests in Yellow River Delta[J]. Acta Pedologica Sinica, 2017, **54**(5): 1293-1302.
- [37] 杜滢鑫, 谢宝明, 蔡洪生, 等. 大庆盐碱地九种植物根际土壤微生物群落结构及功能多样性[J]. 生态学报, 2016, **36**(3): 740-747.
- Du Y X, Xie B M, Cai H S, *et al.* Structural and functional diversity of rhizosphere microbial community of nine plant species in the Daqing Saline-alkali soil region [J]. Acta Ecologica Sinica, 2016, **36**(3): 740-747.
- [38] 邱虎森, 甄博, 周新国. 高温对水稻根际细菌群落及功能代谢多样性的影响[J]. 灌溉排水学报, 2020, **39**(11): 97-103.
- Qiu H S, Zhen B, Zhou X G. The effects of thermal stress on diversity of rhizobacteria and functional genes of Rice rhizosphere [J]. Journal of Irrigation and Drainage, 2020, **39**(11): 97-103.
- [39] 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.
- [40] 王静, 王冬梅, 任远, 等. 漓江河岸带不同水文环境土壤微生物与土壤养分的耦合关系[J]. 生态学报, 2019, **39**(8): 2687-2695.
- Wang J, Wang D M, Ren Y, *et al.* Coupling relationships between soil microbes and soil nutrients under different hydrologic conditions in the riparian zone of the Lijiang River[J]. Acta Ecologica Sinica, 2019, **39**(8): 2687-2695.
- [41] 朱平, 陈仁升, 宋耀选, 等. 祁连山中部 4 种典型植被类型土壤细菌群落结构差异[J]. 生态学报, 2017, **37**(10): 3505-3514.
- Zhu P, Chen R S, Song Y X, *et al.* Soil bacterial community composition and diversity of four representative vegetation types in the middle section of the Qilian Mountains, China[J]. Acta Ecologica Sinica, 2017, **37**(10): 3505-3514.
- [42] 代金霞, 田平雅, 张莹, 等. 银北盐渍化土壤中 6 种耐盐植物根际细菌群落结构及其多样性[J]. 生态学报, 2019, **39**(8): 2705-2714.
- Dai J X, Tian P Y, Zhang Y, *et al.* Rhizobacteria community structure and diversity of six salt-tolerant plants in Yinbei saline soil[J]. Acta Ecologica Sinica, 2019, **39**(8): 2705-2714.
- [43] 邓娇娇, 周永斌, 殷有, 等. 辽东山区典型人工针叶林土壤细菌群落多样性特征[J]. 生态学报, 2019, **39**(3): 997-1008.
- Deng J J, Zhou Y B, Yin Y, *et al.* Soil bacterial community structure characteristics in coniferous forests of Montane Regions of eastern Liaoning Province, China[J]. Acta Ecologica Sinica, 2019, **39**(3): 997-1008.
- [44] Chu H Y, Sun H B, Tripathi B M, *et al.* Bacterial community dissimilarity between the surface and subsurface soils equals horizontal differences over several kilometers in the western Tibetan Plateau [J]. Environmental Microbiology, 2016, **18**(5): 1523-1533.
- [45] 戴雅婷, 闫志坚, 解继红, 等. 基于高通量测序的两种植被恢复类型根际土壤细菌多样性研究[J]. 土壤学报, 2017, **54**(3): 735-748.
- Dai Y T, Yan Z J, Xie J H, *et al.* Soil bacteria diversity in rhizosphere under two types of vegetation restoration based on high throughput sequencing[J]. Acta Pedologica Sinica, 2017, **54**(3): 735-748.

CONTENTS

Analysis on Spatial-temporal Characteristics and Driving Factors of PM _{2.5} in Henan Province from 2015 to 2019	GE Qi-xu, LIU Yan, YANG Hong, <i>et al.</i>	(1697)
Pollution Characterization, Source Identification, and Health Risks of Atmospheric Particle-Bound Heavy Metals in PM _{2.5} in Zhengzhou City: Based on High-resolution Data	QU Guang-hui, SUN Jun-ping, WANG Shen-bo, <i>et al.</i>	(1706)
Source Analysis and Composition Characteristics of Water-soluble Ions During Spring Festival in Ningbo	YANG Meng-rong, PAN Yong, HUANG Zhong-wen, <i>et al.</i>	(1716)
Characteristics of Nitroaromatic Compounds in PM _{2.5} in Urban Area of Shanghai	ZHUANG Min, MA Ying-ge, CHENG Yu-huang, <i>et al.</i>	(1725)
Characteristics and Sources of Nitrated Phenols in Atmospheric Fine Particles of Northern Suburban Nanjing	CHEN Mei-juan, QIAN Zi-he, GU Chen-juan, <i>et al.</i>	(1738)
Variety of the Composition and Sources of VOCs During the Spring Festival and Epidemic Prevention in the Pearl River Delta	JIANG Ming, YUAN Luan, WEN Li-rong, <i>et al.</i>	(1747)
Speciated Emission Inventory of VOCs from Industrial Sources and Their Ozone Formation Potential in Chongqing	LI Ling, LI Zhen-liang, FANG Wei-kai, <i>et al.</i>	(1756)
Volatile Organic Compound Emission Characteristics and Influences Assessment of a Petrochemical Industrial Park in the Pearl River Delta Region	ZHANG Xue-chi, SHA Qing-e, LU Meng-hua, <i>et al.</i>	(1766)
Characteristics and Source Apportionment of Vehicular VOCs Emissions in a Tunnel Study	LIU Xin-hui, ZHU Ren-cheng, JIN Bo-qiang, <i>et al.</i>	(1777)
Accurate Identification of Pollution Sources in a Chemical Enterprise Based on a Distributed Multi-channel VOCs Online Monitoring Mass Spectrometry System	WEI Xiao, ZHANG Yong-jie, WANG Pei-tao, <i>et al.</i>	(1788)
Coordinated Control of PM _{2.5} and O ₃ in Hangzhou Based on SOA and O ₃ Formation Potential	LIN Xu, YAN Ren-chang, JIN Jia-jia, <i>et al.</i>	(1799)
Effect of WESP on Emission Characteristics of Condensable Particulate Matter from Ultra-low Emission Coal-fired Power Plants	WANG Peng-cheng, YUAN Chang, LIANG Sheng-wen, <i>et al.</i>	(1808)
Measurement Analysis and Superposed Effect of Residential Indoor Air Pollutants in Xi'an	WANG Xiu-ru, FAN Hao, FAN Jie, <i>et al.</i>	(1814)
Occurrence of Atmospheric (Micro)plastics and the Characteristics of the Plastic Associated Biofilms in the Coastal Zone of Dalian in Summer and Autumn	TU Chen, TIAN Yuan, LIU Ying, <i>et al.</i>	(1821)
Spatiotemporal Distribution of Ammonia Emissions from Poultry Farming in the Yangtze River Delta Based on Online Monitoring Derived Local Emission Factors	GAO Zong-yuan, XU Chang, NI Yuan-zhi, <i>et al.</i>	(1829)
Agricultural Ammonia Emission Inventory and Its Distribution in Xining City	YANG Yi, JI Ya-qin, GAO Yu-zong, <i>et al.</i>	(1844)
Analysis of the Urban Water Eco-environment Protection Strategy in the Beijing-Tianjin-Hebei Region from "Three Waters" Overall Planning	LIAO Ya, HOU Xiao-shu, REN Xiao-hong	(1853)
Non-carcinogenic Risk Assessment of Cadmium Exposure Through Drinking Water in Chinese Residents Based on Age-stratification Weight	QIN Ning, Ayibota Tuexunbieke, LIU Yun-wei, <i>et al.</i>	(1863)
Hydrochemical Characteristics and Transformation Relationship of Surface Water and Groundwater in the Plain Area of Bortala River Basin, Xinjiang	LEI Mi, ZHOU Jin-long, ZHANG Jie, <i>et al.</i>	(1873)
Hydrochemical Composition Characteristics and Control Factors of Xiaohuangni River Basin in the Upper Pearl River	TU Chun-lin, YIN Lin-hu, HE Cheng-zhong, <i>et al.</i>	(1885)
Temporal and Spatial Variation Characteristics and Driving Factors of Nitrogen of Shallow Groundwater in Hetao Irrigation District	YUAN Hong-ying, YANG Shu-qing, ZHANG Wan-feng, <i>et al.</i>	(1898)
Provenance of Groundwater Solute and Its Controlling Factors in Yancheng Area	WANG Jian, ZHANG Hua-bing, XU Jun-li, <i>et al.</i>	(1908)
Hydrogen and Oxygen Isotopic Characteristics of Different Water and Indicative Significance in Baiyangdian Lake	WANG Yu-shan, YIN De-chao, QI Xiao-fan, <i>et al.</i>	(1920)
Optical Composition and Potential Driving Factors of Chromophoric Dissolved Organic Matter in Large Lakes and Reservoirs in the Eastern Region of China	CHEN Li-li, XIAO Qi-tao, YU Xiao-qin, <i>et al.</i>	(1930)
Fluorescence Spectral Characteristics of Dissolved Organic Matter in Songhua Lake Sediment	CHENG Yun-xuan, ZHAO Ke, ZHANG Yue, <i>et al.</i>	(1941)
Abundance and Fluorescent Components of Dissolved Organic Matter Affected by Land Use in a Drinking Water Source	GAO Jing, PU Xiao, ZHANG Yu-hu, <i>et al.</i>	(1950)
Emission of Methane from a Key Lake in the Eastern Route of the South-to-North Water Transfer Project and the Corresponding Driving Factors	ZHU Jun-yu, PENG Kai, LI Yu-yang, <i>et al.</i>	(1958)
Distribution Characteristics and Ecological and Health Risk Assessment of Phthalic Acid Esters in Surface Water of Qiandao Lake, China	MI Qi-xin, GUO Xiao-chun, LU Shao-yong, <i>et al.</i>	(1966)
Phosphorus Adsorption Characteristics and Loss Risk in Sediments of Lake Bay During the Overwinter Period of Cyanobacteria	JIN Zheng-hai, TU Cheng-qi, WANG Shu-hang, <i>et al.</i>	(1976)
Ecological Quality Assessment of the Wetlands in Beijing: Based on Plant Diversity	LI Guo, SUN Guang, ZHAO Zi-yi, <i>et al.</i>	(1988)
Effects of Pollution Control of Xiaqing River on Environment Factors and Phytoplankton Community in the Laizhou Bay	ZHANG Jing-jing, WANG Yu-jue, LI Fan, <i>et al.</i>	(1997)
Effects of Different Aeration Treatments on Bacterial Diversity, Metabolic Activity, and Function in Constructed Wetlands	WANG Fei-peng, HUANG Ya-ling, ZHANG Rui-rui, <i>et al.</i>	(2007)
Analysis on the Source Tracing and Pollution Characteristics of Rainfall Runoff in the Old Urban Area of Nanning City	YUE Zhen-wu, LI Yi-ping, ZHOU Yu-xuan, <i>et al.</i>	(2018)
Effects of Aging on the Cd Adsorption by Microplastics and the Relevant Mechanisms	WANG Jun-jie, CHEN Xiao-chen, LI Qian-da, <i>et al.</i>	(2030)
Carbonized Foam Supported Co ₃ O ₄ Activated Peroxymonosulfate Towards Rhodamine B Degradation	WANG Yuan-yuan, YAN Xin, AI Tao, <i>et al.</i>	(2039)
Promoting Nitrogen Removal in ANAMMOX Biofilm Reactor by Fe ²⁺ Under Low Nitrogen Concentration	ZHENG Xu-wen, QIN Jia-fu, WANG Xiao-jun, <i>et al.</i>	(2047)
Investigation on Oxygen Gas-liquid Mass Transfer in Sewage Pipelines Under Enhanced Ventilation	YANG Zhou, ZHANG Zhi-qiang, YANG Jing, <i>et al.</i>	(2055)
Characteristics and Assessment of Heavy Metal Contamination in Soils of Industrial Regions in the Yangtze River Economic Belt	ZHANG Yi, ZHOU Xin-quan, ZENG Xian-min, <i>et al.</i>	(2062)
Distribution and Environmental Significance of Rare Earth Elements in Typical Protected Vegetable Soil, Northern China	WANG Zu-wei, LIU Ya-ming, WANG Zi-lu, <i>et al.</i>	(2071)
Sources Identification, Ecological Risk Assessment, and Controlling Factors of Potentially Toxic Elements in Typical Lead-Zinc Mine Area, Guizhou Province, Southwest China	ZHANG Fu-gui, PENG Min, HE Ling, <i>et al.</i>	(2081)
Distribution Characteristics of Heavy Metals in Soils Affected by Different Land Use Types in a Superimposed Pollution Area with High Geological Background	WANG Xue-wen, LIU Hong-yan, GU Xiao-feng, <i>et al.</i>	(2094)
Distribution Characteristics of Heavy Metals in Farmland Soils Around Mining Areas and Pollution Assessment	WANG Hai-yang, HAN Ling, XIE Dan-ni, <i>et al.</i>	(2104)
Concentration Characteristics of Heavy Metals in Farmland-Sphagnum System and Ecological Risk Assessment	ZHU Di, ZHANG Zhao-hui, WANG Zhi-hui	(2115)
Spatial Variation and Influencing Factors of Soil pH in Anshun City	CHEN Qing-xia, LU Xiao-hui, TU Cheng-long	(2124)
Synergistic Repair Effect of Calcite-Based Passivator and Low-Accumulation Maize	REN Chao, REN Yu-zhong, LI Jing-tian, <i>et al.</i>	(2133)
Effects of <i>Burkholderia</i> sp. Y4 on Cadmium Damage and Uptake in Rice Seedlings	ZHANG Ya-hui, LIU Yue-min, WANG Chang-rong, <i>et al.</i>	(2142)
Changing Characteristics of Carbon-Based Greenhouse Gas Fluxes in Paddy Field in the Middle-Lower Yangtze Plain in China	LIU Shuo, ZHEN Xiao-jie, LIU Gang, <i>et al.</i>	(2151)
Effects of Plastic Film Mulching and Biochar Application on N ₂ O Emission from a Vegetable Field	HU Jian, JIANG Chang-sheng, CHEN Xin-tong, <i>et al.</i>	(2163)
Effects of Nitrogen Fertilizer Management on CH ₄ and N ₂ O Emissions in Paddy Field	ZHENG Mei-qun, LIU Juan, JIANG Pei-kun, <i>et al.</i>	(2171)
Structure and Functional Diversity of Bacterial Community in Rhizosphere Soil of Typical Vegetation in the Riparian Zone Along the Downstream of Songhua River	WANG Lu-ying, SUN Hui-zhen, YANG Xue	(2182)
Effects of Cotton Stalk Returning on Soil Enzyme Activity and Bacterial Community Structure Diversity in Cotton Field with Long-term Saline Water Irrigation	ZHOU Yong-xue, CHEN Jing, LI Yuan, <i>et al.</i>	(2192)
Effect of pH on the Abundance and Community Structure of Comammox <i>Nitrospira</i> in Paddy Soils	MA Rui, ZHAO Yong-peng, WANG Zhi-hui, <i>et al.</i>	(2204)
Effects of Biochar on Soil Organic Carbon of Eroded Cultivated Layer of Slope Farmland in Purple Hilly Area	ZHANG Jian-le, ZENG Xiao-ying, SHI Dong-mei, <i>et al.</i>	(2209)
Effects of Organic Fertilizer Replacing Chemical Fertilizer on Organic Carbon Mineralization and Active Organic Carbon in Dryland Yellow Soil	LIN Shi-fang, WANG Xiao-li, DUAN Jian-jun, <i>et al.</i>	(2219)
Soil Organic Carbon Storage, Active Component Contents, and Stability Along a Flooding Gradient in the Tidal Wetland of the Jiulong River Estuary	HUANG Xiao-qing, TONG Chuan, LUO Min, <i>et al.</i>	(2226)
System Construction and the Function Improvement of Ecological Carbon Sink in Coal Mining Areas Under the Carbon Neutral Strategy	LIU Xiang-hong, YAN Yong-jun, LIU Wei, <i>et al.</i>	(2237)