

水处理周期中微生物群落结构的变化

章霞, 徐志进*, 李伟业, 殷小龙, 马雪彬, 陈爽 (浙江省舟山市水产研究所, 浙江舟山 316000)

摘要 [目的]探究水处理周期中微生物群落的动态变化情况。[方法]采用EPS泡沫滤珠作为生物滤料开展水处理试验,通过水质指标氨氮、亚硝酸盐、TOC的测定来评估其水质处理效果,另采用Illumina miseq高通量进行水体中细菌的16S rRNA基因V3+V4区的测序,通过分析微生物群落结构及多样性来探究整个水处理周期中的微生物群落结构变化。[结果]在10 d的水处理过程中,氨氮、亚硝酸盐、TOC的最终去除率分别可达98.0%、99.0%和95.0%以上,在第5天时水质情况趋于稳定。分析不同时间水体中细菌丰度及多样性的变化发现,水体中的微生物丰富度在第9天最高,群落多样性在第5天最高。整个周期中优势细菌在门分类上变化不大,变形菌门在水体中占主要优势,在前3 d占比达95.00%以上,第5天之后从77.79%逐渐下降至63.57%;在属分类层面上,水体中细菌丰富度属类差异较大,其中弧菌属在第1天占比为2.97%,第3天迅速增殖至98.07%,第5天下降至8.38%,蛭弧菌属在前3 d呈现低占比(0.08%~0.16%),第5天呈现一个峰值,占比为18.53%,第7天后逐渐下降。[结论]EPS水循环系统水处理效果良好,且推测在前5 d的水处理过程中,变形菌门和蛭弧菌属在水处理过程中发挥重要作用。

关键词 水处理;微生物群落;动态变化

中图分类号 X172 **文献标识码** A

文章编号 0517-6611(2022)20-0054-05

doi: 10.3969/j.issn.0517-6611.2022.20.015



开放科学(资源服务)标识码(OSID):

Changes of Microbial Community Structure during Water Treatment Cycle

ZHANG Xia, XU Zhi-jin, LI Wei-ye et al (Zhoushan Fisheries Research Institute of Zhejiang Province, Zhoushan, Zhejiang 316000)

Abstract [Objective] To explore the dynamic change of microbial community in water treatment cycle. [Method] The EPS foam filter beads was used as biological filter material for water treatment test. Through the water quality index ammonia nitrogen, nitrite nitrogen, TOC to evaluate its water quality treatment effect, and using Illumina miseq high throughput of bacteria 16S rRNA gene V3+V4 region sequencing in water, to analyze the structure and diversity of microbial community structure throughout the water treatment cycle. [Result] The final removal rates of ammonia nitrogen, nitrite nitrogen and TOC could reach more than 98.0%, 99.0% and 95.0% in the 10-day water treatment process, the water quality situation stabilized on the 5th day. By analyzing the changes of bacterial abundance and diversity in water at different times, it was found that the microbial richness in water was the highest on the 9th day, the community diversity was the highest on the 5th day. In the whole cycle, the dominant bacteria had little change in phylum classification, and the Proteobacteria had a major advantage in water. In the first three days, it accounted for more than 95.00%, and after the fifth day, it gradually decreased from 77.79% to 63.57%. On the level of genus classification, the bacterial richness in water was significantly different among genera. *Vibrio* accounted for 2.97% on the first day, rapidly increased to 98.07% on the third day, and decreased to 8.38% on the fifth day. *Bdellovibrio* showed a low proportion of (0.08%–0.16%) in the first three days, and a peak of 18.53% in the fifth day, and gradually decreased after the seventh day. [Conclusion] The treatment effect of EPS water circulation system is good. It is speculated that Proteobacteria and *Bdellovibrio* plays an important role in the water treatment in the first 5 days.

Key words Water treatment; Microbial community; Dynamic changes

水产养殖总产量和集约化程度日益增加,我国养殖产量已占世界养殖产量的60%以上^[1-2],随之而来的尾水处理问题已经成为研究的焦点。在目前的工厂化循环水养殖中,生物滤池是重要的水处理环节。而微生物群落结构是影响生物滤池的水处理效果的重要因素^[3],这使得研究水处理周期中的微生物群落结构变化具有重要意义。

水处理系统中微生物群落结构与养殖环境因子息息相关。陈琛等^[4]研究发现养殖密度会显著影响凡纳滨对虾养殖水体中微生物群落特征。程璐璐等^[5]研究发现缓释碳源生态基质的添加可使系统优势菌属生物占比发生变化,假单胞菌(*Pseudomonas*)占比增加,脱氮效果得到提高;包鹏等^[6]研究发现低溶解氧可以引起较高的生物多样性,而高溶解氧则更利于硝化功能菌(*Proteobacteria* 菌门的 *Nitrosomonas* 菌属、*Nitrospirae* 菌门的 *Nitrospira* 菌属)的富集。以上研究表明,养殖环境因子不仅会影响养殖对象的生理状态,也会改

变养殖环境中微生物群落结构。

碳源的添加方式是反应器运行效果的影响因素之一。Ciggin等^[7]研究表明分次添加碳源的方式比连续添加更加能促进微生物的生长。张万友等^[8]研究表明分次添加碳源的处理方式在处理序批次反应器(sequencing batch reactor, SBR)中更加有利于提高反硝化效率。张兰河等^[9]对碳源投加方式对SBR工艺脱氮速率的影响的研究结果也表明分次添加碳源能够提高有机物质的反应速率和总氮去除率。而碳源添加后在水处理周期对微生物群落多样性结构的影响鲜见报道。该研究拟通过对配置黑石斑循环水人工废水的水处理效果和微生物群落的动态变化进行研究,为今后深入开展微生物菌落调控水处理效果提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料 选取聚苯乙烯泡沫滤珠(EPS)作为生物滤料,放置在自行设计的简易的循环水系统,进行生物挂膜水处理。装置上部为40 L的滤料桶(直径25 cm,高81.6 cm),其中装有20 L滤料,下部为直径120 cm、高70 cm的蓄水桶,盛放水体约400 L,通过水泵(流量2 600 L/h)实现下进水、上出水循环,滤料:水体体积比为1:20。滤料图和水处理装置图见图1~2。

基金项目 浙江省重点研发计划(2019C02048);浙江省基础公益研究计划(LGN19C190001, LGN22C190011)。

作者简介 章霞(1989—),女,浙江兰溪人,工程师,硕士,从事海水增养殖研究。*通信作者,高级工程师,硕士,从事海水增养殖研究。

收稿日期 2021-04-13



图1 滤料聚苯乙烯泡沫滤珠数码摄像

Fig.1 Digital camera figure of EPS

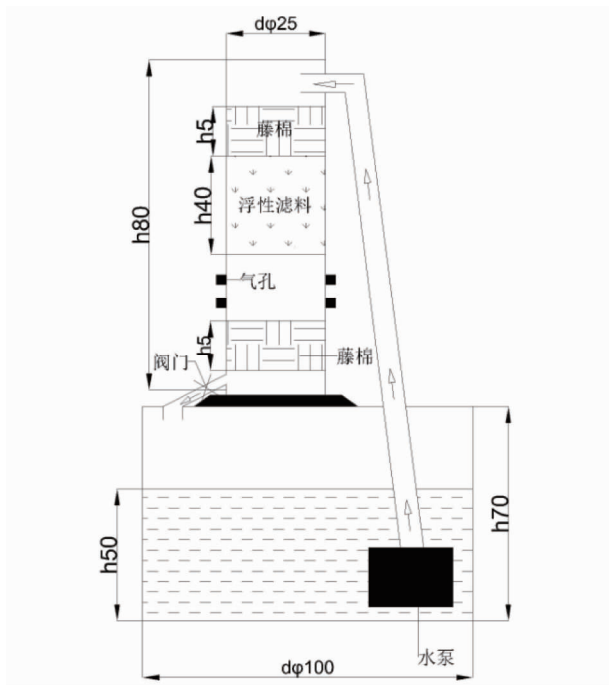


图2 水处理装置(单位:cm)

Fig.2 Water treatment unit

1.2 试验方法

1.2.1 水处理试验。根据前期水处理挂膜试验条件配置黑石斑循环水人工废水 400 L^[10],使得水体指标初始值氨氮(NH_4^+-N)约为 2.5 mg/L,亚硝酸盐(NO_2^--N)约为 5 mg/L,磷酸盐($\text{PO}_4^{3-}-\text{P}$)约为 0.5 mg/L,硝酸盐(NO_3^--N)约为 0.5 mg/L。添加葡萄糖 71 g 使得水体中总有机碳(TOC)约为 80 mg/L(TOC-葡萄糖配制标准曲线 $y=460.32x-1.9221$, $R^2=0.9993$),初始碳氮比设置为 TOC:无机氮 $\approx 10:1$,设置 3 个重复开展水处理试验,试验过程中不换水,试验周期为 11 d。

1.2.2 水质测定。前 6 d 每天统一时间取样测定水体中氨氮和亚硝酸盐,后 4 d,每隔 1 d 测定水中氨氮和亚硝酸盐。氨氮测定采用 GB 17378.4—2007 次溴酸盐氧化法,亚硝酸盐测定采用 GB 17378.4—2007 萘乙二胺分光光度法,采用总有机碳分析仪 TOC-LCPH CN200 测定水体中 TOC 浓度。

1.2.3 水体中微生物多样性检测。每隔 1 d 取滤膜测定微生物多样性。水体微生物取样:每个桶各取水样 2 L,经 0.22 μm 滤膜过滤,每组混合为 1 个样本。样本记录为 D_1 、 D_3 、 D_5 、 D_7 、 D_9 、 D_{11} 。

DNA 提取并扩增测序分析:采用 DNeasy PowerSoil Kit (50) (MoBio) 试剂盒提取 DNA,并采用引物进行 16S rDNA V4 高可变区的 PCR 扩增,具体扩增方法参考文献[10],扩增产物送至上海欧易生物医学科技有限公司进行测序。

1.3 数据分析 水质试验数据采用 Excel 2007 和 SPSS 19.0 软件进行数据分析和差异显著性检验($\alpha=0.05$)。测序数据由 Illumina miseq 测序获得原始双端测序数据,先需要进行去杂、拼接、嵌合体序列处理,获得较为优质的序列 valid tags,再进行分类 OTU、系统发育树、Alpha 和 Beta 多样性等分析。

2 结果与分析

2.1 水体中氨氮、亚硝酸盐、TOC 的变化 由图 3 可知,在水处理过程中,氨氮出现 2 个波峰,分别在第 1 天和第 3 天,在第 2 天氨氮的去除率可达 63.0%,在第 4 天后氨氮趋于稳定,最终去除率可达 98.0% 以上;亚硝酸盐和 TOC 浓度呈下降趋势,在第 1 天时下降速率最快,到第 4 天有轻微的增长,后续下降后趋于稳定,在第 2 天亚硝酸盐去除率可达 81.2%,TOC 去除率为 73.4%,最终去除率分别可达 99.0% 和 95.0% 以上。

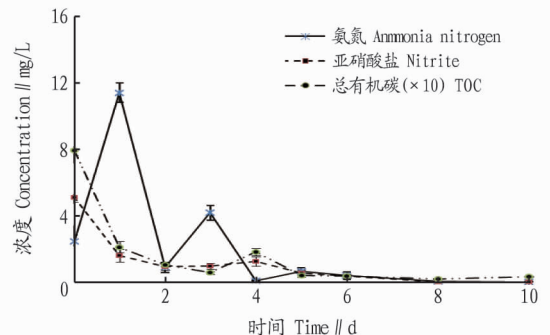


图3 水体中氨氮、亚硝酸盐、TOC 浓度变化

Fig.3 Concentration changes of ammonia nitrogen, nitrite nitrogen and TOC in water

2.2 不同时间水体中细菌丰度及多样性的变化 从表 1 可以看出,在循环水处理周期中,微生物原始序列呈增长再平缓最后下降的趋势,有效序列在第 3 天(D_3)显著高于其他各组;操作分类单元数量在第 3 天最少,为 128,第 5 天(D_5)之后为 730 以上,显著高于第 3 天;通过比较 3 个样品细菌丰富度情况,从 Chao 指数可以看出微生物丰富度在第 9 天(D_9)最高,从 Shannon 指数、Simpson 指数发现群落多样性在第 5 天最高,最低的为第 3 天。

2.3 不同时间水体微生物 Alpha 多样性指数分析和物种间相似性的变化 从 Rank Abundance 曲线可以看出样品所含物种的丰富程度和均匀程度。曲线在横轴上的长度越宽表示物种组成越丰富,而在纵轴上跨度越小、曲线越平坦表示物种组成均匀程度越高。图 4 表明, D_3 的微生物物种组成相

较于其他各组最为丰富,最为均匀,其次是 D_1 、 D_9 。根据 OTU 注释结果,绘制 6 个样本的微生物物种间相似性的聚类

图包括样本间聚类关系树(图 5),可以看出自第 5 天之后,水体中物种相似性越来越高。

表 1 不同时间水处理系统中细菌丰度情况

Table 1 Bacterial abundance of water treatment cycle at different time

样本 Sample	原始序列 Clean tags	有效序列 Valid tags	有效序列 百分比 Valid//%	操作分类 单元数量 OUT counts	Chao 指数 Chao index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index
D_1	52 846	43 380	82.09	415	486.82	2.63	0.51
D_3	61 617	58 528	94.99	128	173.07	0.98	0.27
D_5	59 493	45 909	77.17	731	798.21	5.37	0.91
D_7	60 465	47 464	78.50	739	798.62	4.66	0.82
D_9	58 863	45 786	77.78	763	838.61	4.78	0.79
D_{11}	55 110	40 950	74.31	731	807.48	5.10	0.82

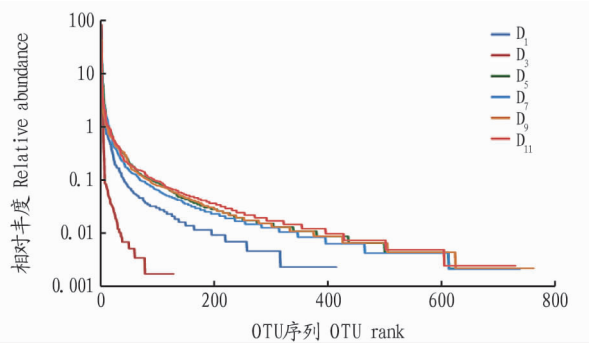


图 4 不同时间运行系统中细菌的丰富程度比较

Fig.4 Comparison of the abundance of bacteria in operation system at different times

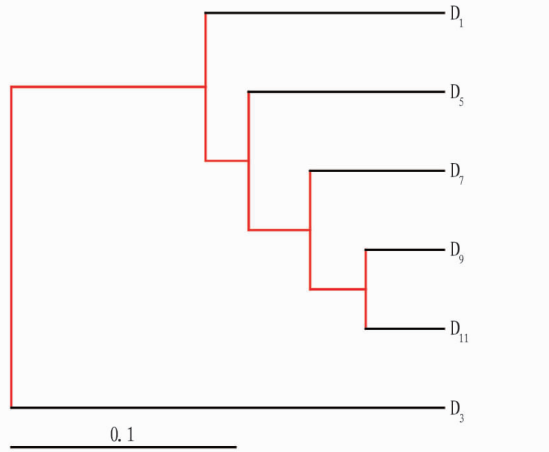


图 5 不同时间循环水中微生物 DNA 样本的相似性聚类

Fig.5 Similarity clustering of microbial DNA samples in circulating water at different times

2.4 不同时间水体微生物在门、属分类层面的变化

2.4.1 在门分类层面的变化。从表 2 可以看出,整个周期中,随着水处理时间的延长,各个时间段的优势细菌在门分类上变化不大,变形菌门在水体中占主要优势,拟杆菌门、厚壁菌门、放线菌门不同时间点有所差异。第 1 天(D_1)细菌丰度排列前 5 的门类为变形菌门、放线菌门、拟杆菌门、酸杆菌门、芽单胞菌门;第 3 天(D_3)细菌丰度排列前 5 的门类为变形菌门、拟杆菌门、厚壁菌门、放线菌门、TM6;第 5 天

(D_5)细菌丰度排列前 5 的门类为变形菌门、拟杆菌门、放线菌门、TM6、蓝藻菌门;第 7 天(D_7)细菌丰度排列前 5 的门类为变形菌门、拟杆菌门、放线菌门、TM6、Gracilibacteria;第 9 天(D_9)细菌丰度排列前 5 的门类为变形菌门、厚壁菌门、拟杆菌门、放线菌门、TM6;第 11 天(D_{11})细菌丰度排列前 5 的门类为变形菌门、厚壁菌门、拟杆菌门、放线菌门、Gracilibacteria。在水处理周期内,微生物群落组成占比呈现一定的变化趋势。水体中的变形菌门在前 3 d 占比达 95.00% 以上,第 5 天之后从 77.79% 逐渐下降至 63.67%;拟杆菌门在第 5 天时急剧增长,并在后续时间段波动维持;厚壁菌门在第 7 天后呈现增长态势,第 9 天约为第 7 天的 32 倍。放线菌门先下降后上升再下降,在第 3 天占比最低,第 7 天最高;TM6 呈先升高后降低的趋势,在第 5 天最高。

2.4.2 在属分类层面的变化。从表 3 可以看出,水体中细菌丰度属类差异较大。第 1 天(D_1),细菌丰度排列前 5 的属类依次为远洋杆菌属、发光杆菌属、弧菌属、*Candidatus_Aquiluna*、*Owenweeksia*;第 3 天(D_3),细菌丰度排列前 5 的属类依次为弧菌属、远洋杆菌属、蛭弧菌属、*Fabibacter*、发光杆菌属;第 5 天(D_5),细菌丰度排列前 5 的属类依次为远洋杆菌属、蛭弧菌属、弧菌属、*Fabibacter*、*Candidatus_Aquiluna*;第 7 天(D_7),细菌丰度排列前 5 的属类依次为远洋杆菌属、弗朗西斯氏菌属、弧菌属、*Candidatus_Aquiluna*、蛭弧菌属;第 9 天(D_9),细菌丰度排列前 5 的属类依次为远洋杆菌属、弗朗西斯氏菌属、拟杆菌属、粪杆菌属、*Owenweeksia*;第 11 天(D_{11}),细菌丰度排列前 5 的属类依次为远洋杆菌属、拟杆菌属、粪杆菌属、*Owenweeksia*、弗朗西斯氏菌属。在水处理周期内,微生物群落组成占比呈现一定的变化趋势。远洋杆菌素在第 1 天时占比最高,为 69.76%,第 3 天迅速下降,第 5 天后逐渐升高,到第 11 天占比为 40.83%,低于第 1 天;弧菌属在第 1 天占比为 2.97%,第 3 天迅速增至 98.07%,第 5 天下降至 8.38%,到第 11 天占比仅为 0.47%;蛭弧菌属在前 3 d 呈现低占比,为 0.08%~0.16%,第 5 天呈现一个峰值,占比为 18.53%,第 7 天后逐渐下降;弗朗西斯氏菌属前 9 d 呈现增长态势,第 11 天下降;拟杆菌属在第 9 天有所增长,第 11 天占比达 6.87%。

表 2 不同时间水处理中细菌(门)的群落组成相对百分比

Table 2 Relative percentages of community composition of bacteria (phylum) in water treatment of different time

%

门 Phylum	D ₁	D ₃	D ₅	D ₇	D ₉	D ₁₁
变形菌门 Proteobacteria	95.11	99.68	77.79	77.18	72.47	63.67
拟杆菌门 Bacteroidetes	1.24	0.22	11.75	14.79	10.81	13.60
厚壁菌门 Firmicutes	0.06	0.05	0.36	0.38	12.08	19.04
放线菌门 Actinobacteria	2.57	0.03	5.06	5.50	2.88	1.21
TM6	0.07	0.02	2.84	0.69	0.80	0.43
Gracilibacteria	0.03	0.00	0.37	0.57	0.51	1.22
Chlamydiae	0.00	0.00	0.40	0.30	0.06	0.13
酸杆菌门 Acidobacteria	0.56	0.00	0.15	0.06	0.03	0.08
疣微菌门 Verrucomicrobia	0.02	0.00	0.29	0.24	0.03	0.04
蓝藻菌门 Cyanobacteria	0.04	0.01	0.41	0.01	0.01	0.00
绿菌门 Chlorobi	0.07	0.00	0.04	0.06	0.07	0.04
芽单胞菌门 Gemmatimonadetes	0.12	0.00	0.03	0.03	0.02	0.07
脱铁杆菌门 Deferribacteres	0.02	0.00	0.03	0.03	0.03	0.05
硝化螺旋菌门 Nitrospirae	0.03	0.00	0.00	0.00	0.04	0.07
浮霉菌门 Planctomycetes	0.01	0.00	0.02	0.02	0.01	0.02

表 3 不同时间水处理中细菌(属)的群落组成相对百分比

Table 3 Relative percentages of community composition of bacteria (genus) in water treatment of different time

%

属 Genus	D ₁	D ₃	D ₅	D ₇	D ₉	D ₁₁
远洋杆菌属 <i>Candidatus_Pelagibacter</i>	69.76	0.26	22.37	40.35	43.89	40.83
弧菌属 <i>Vibrio</i>	2.97	98.07	8.38	2.35	0.63	0.47
蛭弧菌属 <i>Bdellovibrio</i>	0.08	0.16	18.53	1.39	0.45	0.31
弗朗西斯氏菌属 <i>Francisella</i>	0.00	0.00	0.10	2.63	6.10	3.10
拟杆菌属 <i>Bacteroides</i>	0.02	0.01	0.07	0.06	4.61	6.87
发光杆菌属 <i>Photobacterium</i>	5.43	0.06	0.40	0.33	0.05	0.08
粪杆菌属 <i>Faecalibacterium</i>	0.00	0.00	0.05	0.04	1.87	3.47
<i>Owenweeksia</i>	0.13	0.01	0.12	0.50	1.32	3.19
<i>Candidatus_Aquiluna</i>	0.70	0.00	1.25	1.53	0.71	0.16
<i>Fabibacter</i>	0.03	0.09	2.43	0.74	0.10	0.02
布劳特氏菌属 <i>Blautia</i>	0.01	0.00	0.02	0.01	1.25	2.16
罕见小球菌属 <i>Subdoligranulum</i>	0.00	0.00	0.01	0.01	1.18	1.96
厚壁菌属 <i>Christensenellaceae_R_7_group</i>	0.00	0.00	0.02	0.02	0.87	1.47
红菌属 <i>Rhodobium</i>	0.06	0.01	0.92	0.43	0.02	0.00
黄杆菌属 <i>Tenacibaculum</i>	0.03	0.03	0.03	0.23	0.67	0.38

3 讨论与结论

变形菌门(Proteobacteria)通常是水环境中主要的原核生物,包含了光营养型、化能自养型和化能异养型细菌,这类细菌在水环境中普遍存在,相关报道指出在湿地、养殖废水和深海沉积物等环境中以第一优势门存在^[11-12]。从该试验结果来看,在整个水处理过程中,变形菌门都保持第一优势菌门的存在(占比 63.67%~99.68%);而在 11 d 的水处理中,水体中的拟杆菌门和厚壁菌门呈快速增长,变形菌门占比逐渐下降,由变形菌门、厚壁菌门和拟杆菌门构成了水体中的优势菌,有研究表明厚壁菌门和拟杆菌门存在一种相互促进的共生关系,且能降解水体中的蛋白质、糖类等物质^[13-14]。推测是水体中的糖类促进了厚壁菌门和拟杆菌门的生长,而氮元素比例的减少,是变形菌门相对丰度下降的主要原因^[15]。此外水体中蓝藻菌门在第 5 天占比达到峰值,之后则占比逐渐下降,推测蓝藻菌门与水体中的氮元素有密切关

系,前期可能是因为水体中丰富的氮磷营养盐为蓝细菌的生长繁殖提供了便利^[16],后期是因为水体中碳源、氮源的消耗而造成其相对丰度下降。

众所周知,弧菌病是海水养殖中最常见、流行广、危害大的一类疾病^[17]。例如,哈维氏弧菌(*Vibrio harveyi*)可以感染海洋脊椎动物和无脊椎动物,引发鱼虾感染发病,造成大量死亡^[18]。而在此次试验中,在水处理的第 3 天,水体中弧菌属暴发性的增长,细菌(属)的群落组成相对百分比为 98.07%,此时水体中氨氮也达到了第二次峰值,推测水体中弧菌属细菌的生长与氨氮浓度之间具有密切相关关系;在第 5 天和第 7 天,所占百分比分别为 8.38%和 2.35%,第 9 天和第 11 天分别为 0.63%和 0.47%。蛭弧菌属在第 5 天群落占比最高,在 7 d 后逐渐下降。蛭弧菌是一种短时间内侵染和裂解弧菌、气单胞菌等革兰氏阴性致病菌的小型寄生性细菌,同时可有效控制水体中氨氮、亚硝酸盐、硫化物等有害物

质的含量,达到改良水质的目的^[19-20]。

综上所述,由EPS泡沫滤珠作为生物滤料构建的水处理系统具有较好的废水处理能力,氨氮、亚硝酸盐、TOC的最终去除率分别可达98.0%、99.0%和95.0%以上。系统处理第5天后,水质情况趋于稳定。而在该试验条件运行中,发现水体中的微生物丰富度在第9天最高,群落多样性在第5天最高,整个周期中优势细菌在门分类上变化不大,变形菌门在水体中占主要优势,推测其在水处理过程中发挥重要作用。

参考文献

- [1] 马昊楠.现实与理性的选择——业内资深人士谈水产养殖业抗生素使用问题[J].首都食品与医药,2015,22(3):37-38.
- [2] 农业部渔业渔政管理局.中国渔业统计年鉴 2015[M].北京:中国农业出版社,2015:28-29,56.
- [3] 张皓天,宋协法,刘兴震,等.斑石鲷循环水养殖系统生物滤池微生物群落对水质变化的动态响应[J].环境工程学报,2020,14(8):2176-2185.
- [4] 陈琛,闫茂仓,张翔,等.凡纳滨对虾不同养殖密度高位池水体细菌群落动态[J].中国水产科学,2016,23(4):985-993.
- [5] 程璐璐,于鲁冀,李廷梅,等.缓释碳源生态基质添加比例对河水脱氮效果及微生物影响[J].环境工程,2017,35(11):1-5,46.
- [6] 包鹏,王淑莹,高瑶远,等.利用高通量测序技术分析不同溶解氧条件下硝化活性污泥的菌群结构特性[J].北京工业大学学报,2017,43(5):801-808.
- [7] CIGGIN A S, ORHON D, CAPITANI D, et al. Aerobic metabolism of mixed carbon sources in sequencing batch reactor under pulse and continuous feeding[J]. Bioresource technology, 2013, 129: 118-126.
- [8] 张万友,张兰河,杨涛,等.不同有机碳源对SBR工艺同步硝化反硝化影响[J].化工进展,2010,29(12):2395-2399.

- [9] 张兰河,丘晓春,张宇,等.碳源投加方式对SBR工艺脱氮速率的影响[J].环境工程学报,2015,9(2):731-736.
- [10] 章霞,徐志进,柳敏海,等.循环水养殖系统中不同滤料生物挂膜水处理效果及微生物群落分析[J].大连海洋大学学报,2020,35(4):528-535.
- [11] LI L, KATO C, HORIKOSHI K. Microbial diversity in sediments collected from the deepest cold-seep area, the Japan trench[J]. Marine biotechnology, 1999, 1(4): 391-400.
- [12] STEVENS H, STÜBNER M, SIMON M, et al. Phylogeny of *Proteobacteria* and *Bacteroidetes* from oxic habitats of a tidal flat ecosystem[J]. FEMS microbiology ecology, 2005, 54(3): 351-365.
- [13] COTTRELL M T, KIRCHMAN D L. Natural assemblages of marine proteobacteria and members of the *Cytophaga-Flavobacter* cluster consuming low- and high-molecular-weight dissolved organic matter[J]. Applied and environmental microbiology, 2000, 66(4): 1692-1697.
- [14] ROSSELLÓ-MORA R, THAMDRUP B, SCHÄFER H, et al. The response of the microbial community of marine sediments to organic carbon input under anaerobic conditions[J]. Systematic and applied microbiology, 1999, 22(2): 237-248.
- [15] 王慧颖,徐明岗,周宝库,等.黑土细菌及真菌群落对长期施肥响应的差异及其驱动因素[J].中国农业科学,2018,51(5):914-925.
- [16] 姚延丹,李谷,陶玲,等.复合池塘循环水养殖系统微生物群落结构分析[J].中国水产科学,2011,18(2):407-415.
- [17] 王凤青,孙玉增,任利华,等.海水养殖中水产动物主要致病弧菌研究进展[J].中国渔业质量与标准,2018,8(2):49-56.
- [18] 倪蒙,高强,原居林,等.不同盐度罗氏沼虾育苗水体水质及微生物群落结构研究[J].江西农业大学学报,2019,41(5):976-985.
- [19] 陈康勇,钟为铭,高志鹏.蛭弧菌在水产养殖中应用研究进展[J].水产科学,2018,37(2):283-288.
- [20] 林茂,杨先乐,薛晖,等.蛭弧菌 BDH21-02 对鱼类细胞及病原菌的作用[J].微生物学通报,2006,33(1):7-11.

(上接第53页)

流动沙丘的成土过程和碳氮的固定,但需要加强管理过度干扰对表层土壤的破坏。

参考文献

- [1] LÜ X P, GAO H J, ZHANG L, et al. Dynamic responses of *Haloxylon ammodendron* to various degrees of simulated drought stress[J]. Plant physiology and biochemistry, 2019, 139: 121-131.
- [2] TRUMBORE S E. Potential responses of soil organic carbon to global environmental change[J]. Proceedings of the national academy of science, 1997, 94(16): 8284-8291.
- [3] TRUMBORE S E, CHADWICK O A, AMUNDSON R. Rapid exchange between soil carbon and atmospheric carbon dioxide driven by temperature change[J]. Science, 1996, 272(5260): 393-396.
- [4] JENKINSON D S, ADAMS D E, WILD A. Model estimates of CO₂ emissions from soil in response to global warming[J]. Nature, 1991, 351(6324): 304-306.
- [5] 张鹏,张涛,陈年来.祁连山北麓山体垂直带土壤碳氮分布特征及影响因素[J].应用生态学报,2009,20(3):518-524.
- [6] 李东,黄耀,吴琴,等.青藏高原高寒草甸生态系统土壤有机碳动态模拟研究[J].草业学报,2010,19(2):160-168.
- [7] 刘刚,沈守云,闫文德,等.洪湖湿地生态系统土壤有机碳及养分含量特征[J].生态学报,2011,31(24):7625-7631.
- [8] 张明园,魏燕华,孔凡磊,等.耕作方式对华北农田土壤有机碳储量及温室气体排放的影响[J].农业工程学报,2012,28(6):203-209.
- [9] 王丹丹,岳书平,林芬芳,等.东北地区旱地土壤全氮空间变异性对幅度拓展的响应[J].土壤学报,2012,49(4):625-635.

- [10] 张振明,余新晓,王友生,等.森林不同土壤层全氮空间变异特征[J].生态学报,2011,31(5):1213-1220.
- [11] 杨东,刘强.河西地区土壤全氮及有机质空间变异特征分析:以张掖市甘州区为例[J].干旱地区农业研究,2010,28(4):183-187.
- [12] 雷能忠,蒋锦刚,黄大鹏.杭埠河流域土壤全氮和有机质的空间变异特征[J].厦门大学学报(自然科学版),2008,47(2):300-304.
- [13] 贺敬滢,张桐艳,李光录.丹江流域土壤全氮空间变异特征及其影响因素:以陕南张地沟小流域为例[J].中国水土保持科学,2012,10(3):81-86.
- [14] 张忠启,李保杰,于法展,等.基于地统计学的苏北县域土壤全氮空间变异研究[J].安徽农业科学,2012,40(26):12843-12844,12851.
- [15] 丁越岩,杨勤,宋炳煜,等.不同植被类型对毛乌素沙地土壤有机碳的影响[J].草业学报,2012,21(2):18-25.
- [16] 徐薇薇,乔木.干旱区土壤有机碳含量与土壤理化性质相关分析[J].中国沙漠,2014,34(6):1558-1561.
- [17] 贾晓红,李新荣,李元寿.干旱沙区植被恢复中土壤碳氮变化规律[J].植物生态学报,2007,31(1):66-74.
- [18] 崔永琴,马剑英,刘小宁,等.人类活动对土壤有机碳库的影响研究进展[J].中国沙漠,2011,31(2):407-414.
- [19] 房飞,胡玉昆,公延明,等.荒漠土壤微生物碳垂直分布规律对有机碳库的表征作用[J].中国沙漠,2013,33(3):777-781.
- [20] POEPLAU C, DON A, VESTERDAL L, et al. Temporal dynamics of soil organic carbon after land-use change in the temperate zone-carbon response functions as a model approach[J]. Global change biology, 2011, 17(7):2415-2427.
- [21] HONTORIA C, SAA A, RODRÍGUEZ-MURILLO J C. Relationships between soil organic carbon and site characteristics in peninsular Spain[J]. Soil science society of America journal, 1999, 63(3):614-621.