

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第36卷 第10期

Vol.36 No.10

2015

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

基于细颗粒物来源追踪技术的2013年12月上海市严重污染过程中PM _{2.5} 的源贡献分析·····	李莉, 安静宇, 严茹莎 (3543)
华北地区乡村站点(曲周)夏季PM _{2.5} 中二次无机组分的生成机制与来源解析·····	陈仕意, 曾立民, 董华斌, 朱彤 (3554)
成都市大气PM _{2.5} 中有机磷阻燃剂的污染水平及来源·····	印红玲, 李世平, 叶芝祥, 杨迎春, 梁金凤, 游俊杰 (3566)
不同生物质燃烧排放多环芳烃及糖醇类化合物的模拟研究·····	黄帅, 黄欣怡, 吴水平, 胡清华, 陈晓秋 (3573)
北京地区大气消光特征及参数化研究·····	陈一娜, 赵普生, 何迪, 董璠, 赵秀娟, 张小玲 (3582)
光助芬顿反应催化降解气体中甲苯·····	郑思灿, 陈天虎, 刘海波, 邹雪华, 朱承驻, 陈冬 (3590)
遗体火化二噁英类排放水平及影响因素·····	尹文华, 于晓巍, 韩静磊, 冯桂贤, 付建平, 杨艳艳, 鞠勇明, 张素坤 (3596)
我国餐厨废物生化处理设施恶臭排放特征分析·····	张妍, 王元刚, 卢志强, 韩萌, 商彬彬, 曹阳, 张君 (3603)
太湖湖表反照率时空特征及影响因子·····	曹畅, 李旭辉, 张弥, 刘寿东, 肖薇, 肖启涛, 徐家平 (3611)
基于GOCI影像的太湖水体漫衰减系数遥感反演·····	王珊珊, 李云梅, 王桥, 吕恒 (3620)
河口盐度梯度下短叶茳苳沼泽湿地土壤间隙水溶解性甲烷时空特征·····	杨平, 张子川, 杜威宁, 黄佳芳, 全川 (3633)
石家庄市区土壤水分运移的稳定同位素特征分析·····	陈同同, 陈辉, 韩璐, 邢星, 付阳阳 (3641)
长寿湖水库垂直剖面不同形态汞的季节变化特征及其影响因素·····	白薇扬, 张成, 唐振亚, 赵铮, 王定勇 (3649)
三峡库区消落带4种典型植物根际土壤养分与氮素赋存形态·····	王晓峰, 袁兴中, 刘红, 张磊, 尉建军, 岳俊生 (3662)
湖泊水-沉积物界面DIC和DOC交换通量及耦合关系·····	王伟颖, 吕昌伟, 何江, 左乐, 颜道浩 (3674)
水体扰动条件下物质在沉积介质中的迁移·····	李邵龙, 陈道毅 (3683)
城市道路径流的排污特征·····	武俊良, 任玉芬, 王雪梅, 王效科, 陈利顶, 刘刚才 (3691)
杭州市余杭区典型农村暴雨径流污染特征·····	段圣辉, 赵钰, 单保庆, 唐文忠, 张文强, 张淑珍, 郎超 (3697)
海水淡化超滤-反渗透工艺沿程溴代消毒副产物变化规律·····	杨哲, 孙迎雪, 石娜, 胡洪管 (3706)
天然有机物和电解质对水中C ₆₀ 凝聚行为的影响·····	方华, 荆洁, 于江华, 王钰葶 (3715)
铅改性高岭土原位改良技术控制重污染河道底泥磷释放效果·····	王虹, 林建伟, 詹艳慧, 章喆, 王笛入 (3720)
污水管网中无机氮类营养盐变迁规律·····	金鹏康, 焦丁, 任武昂 (3730)
微好氧水解酸化在石化废水预处理中的应用研究·····	朱晨, 吴昌永, 周岳溪, 伏小勇, 陈学民, 邱延波, 吴晓峰 (3738)
倒置A ² /O-MBR组合工艺处理生活污水效能及膜污染特性·····	王旭东, 马亚斌, 王磊, 杨怡婷, 黄丹曦, 夏四清 (3743)
高氨氮对具有回流的PN-ANAMMOX串联工艺的脱氮影响·····	李祥, 崔剑虹, 袁砚, 黄勇, 袁怡, 刘忻 (3749)
苯甲酸盐厌氧驯化体系中三氯乙烯的还原脱氯特性·····	李姜维, 杨晓永, 胡安谊, 于昌平 (3756)
驯化污泥厌氧还原脱氯促进2,4,6-三氯酚矿化及胞外呼吸脱氯途径·····	宋佳秀, 李玲, 盛凡凡, 郭翠香, 张永明, 李祖元, 王天丽 (3764)
苯酚对厌氧氨氧化污泥脱氮效能长短期影响·····	杨朋兵, 李祥, 黄勇, 朱亮, 崔剑虹, 徐彬彬 (3771)
连续流好氧颗粒污泥系统处理低COD/N实际生活污水的工艺优化·····	鲁磊, 信欣, 鲁航, 朱辽东, 谢思建, 武勇 (3778)
FNA对好氧吸磷的长期抑制及污泥吸磷方式转化·····	马娟, 李璐, 俞小军, 孙雷军, 孙洪伟, 陈永志 (3786)
污水处理厂不同工艺的污泥脱水效能分析及其影响因素研究·····	刘吉宝, 李亚明, 吕鑑, 魏源送, 杨敏, 郁达伟 (3794)
残留过氧化氢对微波-过氧化氢-碱预处理后污泥水解酸化的影响·····	贾瑞来, 刘吉宝, 魏源送, 才兴 (3801)
大围山典型森林土壤有机氮垂直分布特征·····	丁咸庆, 马慧静, 朱晓龙, 陈珊, 侯红波, 彭佩钦 (3809)
缙云山不同土地利用方式对土壤活性有机碳、氮组分的影响·····	祁心, 江长胜, 郝庆菊, 李鉴霖 (3816)
三峡库区典型退耕还林模式土壤养分流失控制·····	吴东, 黄志霖, 肖文发, 曾立雄 (3825)
坡位与土层对喀斯特原生林土壤微生物生物量与丰度的影响·····	冯书珍, 苏以荣, 张伟, 陈香碧, 何寻阳 (3832)
不同种植方式对亚热带红壤微生物多样性的影响·····	沈冰洁, 祝贞科, 袁红朝, 葛体达, 王久荣, 陈明利, 吴晓英, 吴金水 (3839)
有色冶金区土壤-玉米系统汞累积及健康风险·····	纪小凤, 郑娜, 王洋, 刘强, 张静静 (3845)
改良剂对4种木本植物的铅锌耐性、亚细胞分布和化学形态的影响·····	陈永华, 张富运, 吴晓英, 梁希, 袁斯文 (3852)
菹草乙酸酯组分抑藻活性物质的分离纯化和鉴定·····	孙颖颖, 苏振霞, 浦寅芳, 肖辉, 王长海 (3860)
血吸虫病疫区水生生物体内氯苯化合物的污染特征与潜在风险·····	李昆, 赵高峰, 周怀东, 赵健, 张盼伟, 刘巧娜, 王兴勋, 刘晓茹 (3866)
生物传感细胞ADP1_pWHLux在水环境急性毒性检测中的应用·····	唐慧, 宋一之, 姜博, 陈光玉, 贾建丽, 张旭, 李广贺 (3872)
虹鳟鱼鳃及肝脏多种CYP1基因表达模式作为生物标志物监测海河水污染状况·····	高锴, 闫佩, 檀翠玲, 罗彦鹤, 孙静, Maria E. Jönsson, Ingvar Brandt, 唐运平 (3878)
纳米氧化锌对斑马鱼肝脏的毒性效应·····	刘林, 赵群芬, 金凯星, 朱帅旗, 王小飞, 吕佳昀 (3884)
黄连根茎浸提物对隆线蚤的急性毒性作用·····	陈亚楠, 袁玲 (3892)
发酵稻壳对亚铁离子和硫离子的吸附-解吸附特性·····	谢晓梅, 廖敏, 华嘉媛, 陈娜, 张楠, 徐培智, 解开治, 徐昌旭, 刘光荣 (3896)
搅拌棒吸附萃取-气相色谱-质谱联用测定海水中邻苯二甲酸酯·····	高晨晨, 李锋民, 卢伦, 孙玥 (3906)
COD组分分析的实验条件及结果可靠性分析·····	李志华, 张银, 韩杏, 余科, 李汝佳 (3913)
养猪废水和污泥中11种兽用抗生素的同时分析技术及其在生物降解过程的应用·····	丁佳丽, 刘锐, 郑炜, 余卫娟, 叶朝霞, 陈吕军, 张永明 (3918)
土壤微生物产电技术及其潜在应用研究进展·····	邓欢, 薛洪婧, 姜允斌, 钟文辉 (3926)
《环境科学》征订启事 (3553)	
《环境科学》征稿简则 (3589)	
信息 (3705, 3755, 3763, 3800)	

不同种植方式对亚热带红壤微生物多样性的影响

沈冰洁^{1,2}, 祝贞科², 袁红朝², 葛体达², 王久荣², 陈明利^{1*}, 吴晓芙¹, 吴金水²

(1. 中南林业科技大学环境科学与工程学院, 长沙 410004; 2. 中国科学院亚热带农业生态研究所, 亚热带农业生态过程重点实验室, 长沙 410125)

摘要: 土壤微生物在推动土壤碳循环过程方面发挥着重要作用, 然而种植方式的改变对土壤微生物多样性的影响机制还不十分清楚. 本研究采集湖南省盘塘县长期定位试验站红壤稻田 (PR)、旱地 (UC) 及水旱轮作 (PR) 这 3 种不同种植方式的土壤样品, 采用末端限制性酶切片长度多态性分析 (T-RFLP) 技术和实时荧光定量 (RT-PCR) 技术分析了土壤细菌 16S rRNA 基因的多样性和丰度, 研究种植方式改变对土壤微生物数量、群落结构及其多样性的影响. 结果表明, 3 种植方式的土壤细菌 16S rRNA 基因数量 (以干土计) 为 $2.5 \times 10^9 \sim 1.5 \times 10^{10}$ 拷贝 $\cdot g^{-1}$, 与 PR 相比, UP 和 UC 处理 16S rRNA 基因丰度显著下降 ($P < 0.05$). 同时, 3 种植方式下土壤细菌的优势类群为变形菌 (76、90 和 327 bp; 相对丰度 47% ~ 53%) 和绿弯菌 (65 bp; 相对丰度 10% ~ 12%). 冗余分析表明种植方式改变了土壤理化性质, 导致土壤细菌群落结构特征的显著变化, 而土壤理化性质中有机碳和全氮含量是影响土壤细菌群落结构的主要因子. 多样性指数分析 (香农指数和均匀度指数) 显示种植水稻的土壤细菌多样性最高, 显著高于水旱轮作和旱地土壤. 可见, 种植方式的改变对土壤群落组成和数量造成了深刻的影响, 而水稻种植是亚热带红壤可持续利用的一种有效方式, 其更有利于土壤有机质的累积, 土壤肥力及微生物多样性均较高.

关键词: 土壤微生物; 种植方式; 16S rRNA 基因; 群落结构; 多样性; T-RFLP

中图分类号: X171.1; X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2015)10-3839-06 DOI: 10.13227/j.hjks.2015.10.037

Effects of Different Plantation Type on the Abundance and Diversity of Soil Microbes in Subtropical Red Soils

SHEN Bing-jie^{1,2}, ZHU Zhen-ke², YUAN Hong-zhao², GE Ti-da², WANG Jiu-rong², CHEN Ming-li^{1*}, WU Xiao-fu¹, WU Jin-shui²

(1. College of Environmental Science and Engineering, Central South University of Forestry and Technology, Changsha 410004, China; 2. Key Laboratory of Agro-ecological Processes in Subtropical Region, Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha 410125, China)

Abstract: Soil microbe plays an important role in carbon cycling, however, the effect of land use on soil microbe remain unclear. In present study, soil samples were collected from a long-term field experiment (Pantang Agroecosystem) in subtropical China (established in 1989), including paddy-rice (PR), upland-crop (UC), and paddy rice-upland crop rotation (PU) on soil bacterial (bacteria and Archaea) community structures. The effects of long-term different land uses were determined using terminal restriction fragment length polymorphism (T-RFLP) and quantitative PCR (RT-PCR) of the 16S rRNA gene. The abundance of soil microbial 16S rRNA genes ranged from 2.5×10^9 - 1.5×10^{10} copies $\cdot g^{-1}$ dry soil. Compared with the PR, UP and UC led to a significant reduction in 16S rRNA genes abundance ($P < 0.05$). The soil microbial communities were dominated by bacteria such as Proteobacteria (76 and 90 and 327 bp; relative abundance of 47% - 53%) and Chloroflexi (65 bp; relative abundance of 10% - 12%). RDA statistical analyses demonstrated that there were significant differences in the microbial community composition in PR, UC, and PU treated soils. Soil organic carbon and total nitrogen content were the most highly statistically significant factors which positively influenced the soil microbial population. Taken together, our findings prove the long-term different land uses significantly influence the microbial diversity and community structure. The rice planting is an effective way of sustainable utilization of subtropical red soil, and it is more advantageous to the accumulation of soil organic matter, soil fertility and microbial diversity.

Key words: soil microbes; plantation type; 16S rRNA gene; community structure; diversity; T-RFLP

我国红壤丘陵面积约 $54.11 \times 10^4 \text{ km}^2$, 位于亚热带季风湿润气候区, 人口稠密, 水热资源丰富. 但丘陵区耕作容易发生水土流失, 发展适宜的农田耕作模式对于该区农业可持续发展有着重要意义. 以前的研究多集中于不同耕作方式对土壤肥力及物理结构的影响^[1,2], 而针对不同种植方式下, 土壤微生物种群差异的研究还很少. 土壤微生物是土壤重

要的活体成分, 是驱动土壤 C、N、P 等元素生物地球化学循环的引擎^[3], 在养分运转、有机质形成和

收稿日期: 2015-04-17; 修订日期: 2015-05-26

基金项目: 湖南省教育厅重点实验室开放基金项目 (12K071); 国家自然科学基金项目 (41301275, 41430860); 湖湘青年科技创新创业平台培养对象自选项目

作者简介: 沈冰洁 (1990 ~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向土壤碳氮循环, E-mail: gtd@isa.ac.cn

* 通讯联系人, E-mail: chenml18@163.com

分解、土壤结构维持、温室气体产生^[4,5]等方面的调节发挥着重要作用。同时,土壤微生物数量和群落结构受多种因素的影响,如水分、土壤质地、植被类型、施肥等管理制度等^[6~8]。特别是,由于种植方式的改变,作物种类和根系分泌物、水分管理等不同,导致土壤微生物群落结构和功能发生改变,进而对微生物介导的土壤碳过程(如固定、矿化等)产生影响^[9]。

土壤微生物群落其数量巨大、种类繁多,传统分离培养的方法难以反映土壤微生物群落的结构、多样性及其作用机制^[10]。20 世纪 90 年代后期,随着 PCR、DNA 测序、T-RFLP 和实时荧光定量 PCR (Real Time PCR) 等分子生物技术引入土壤微生物研究中,为生态系统微生物数量、群落结构及其多样性的研究开辟了一个全新的研究手段,而越来越多的研究采用这项技术揭示农田土壤微生物群落多样性及丰度特点^[11]。本研究采用 T-RFLP 与 Real-time PCR 技术相结合的方法研究亚热带红壤丘陵区稻田、水旱轮作和旱地土壤微生物群落结构及其多样性和数量,通过探讨不同种植方式下土壤细菌数量、群落结构及其多样性的变化及其主要影响因素,以期为该地区提高土壤肥力、合理利用土地资源提供数据支撑和科学依据。

1 材料与方法

1.1 供试土壤与采样

长期土地利用方式定位监测试验位于湖南省桃源县盘塘镇(111°28'~111°35'E, 29°10'~29°38'N),属于中亚热带北缘的红壤丘陵区,年均温 16.8℃,年均降雨量 1 400 mm,成土母质为第四纪红土。该长期土地利用方式定位监测试验始于 1989 年,开始前的主要种植方式为稻田(双季稻,耕作历史 >100 a)。本研究于 2010 年 3 月,采集长期定位试验中的稻田(PR)、水旱轮作(PU)和旱地(UC)这 3 种不同种植方式土壤样品。每个大田处理平分 3 个小区采样,小区面积为 33.3 m²,采用 5 点取样法取表层 0~15 cm 土壤并混匀。一部分土壤样品(约 200 g)用液氮冷冻后 -80℃ 保存,供分子生物学研究,另一部分土壤样品供常规分析,土壤样品的基本理化性状见表 1。

1.2 土壤微生物总 DNA 的提取

参照 Porteous 等^[12]的方法,采用 SDS-GITC-PEG 法,并作适当修改。对每个处理 3 个重复土壤样品分别进行 DNA 提取,共 9 个土壤样品 DNA 样

品所提取的土壤总 DNA 的浓度和纯度用紫外分光光度计测定(Nanodrop, PeqLab, Germany)。

1.3 T-RFLP 分析

根据不同种植方式下细菌 T-RFLP 图谱的差异研究种植方式对土壤微生物群落结构的影响^[13]。通用细菌 16S rRNA 基因上游 799 f^[14]: 5'-AACMGGATTAGATACCCKG- 3', 下游引物 1492r^[15]: 5'-GYTACCTTGTACGACTT- 3' (上海英骏生物技术有限公司合成),其中正向引物 5'端用 6-羧基二乙酸荧光素(FAM)标记,扩增目标片段长度为 700 bp 左右。50 μL 的 PCR 反应体系及扩增条件见文献^[15],扩增的 PCR 产物用 PCR 纯化试剂盒(天根,中国)纯化,方法按说明进行。纯化后的产物用 *Hha* I (TaKaRa)消化,反应体系 50 μL,限制性内切酶 20 U, 10 × buffer 5 μL, DNA 300 ng, ddH₂O 补水至 50 μL。37℃ 下酶切反应 2 h, 65℃ 下酶水浴 10 min 终止酶切反应。酶切产物送至上海桑尼生物技术有限公司进行自动测序分析 (Model 373A, Applied Biosystems, Weiterstadt, Germany)。

T-RFLP 图谱中每一个限制性片段(T-RF)作为一个 OTU (operational taxonomic unit), T-RFs 片段大小 ±1 bp 是同一个 OTU,其丰度按照 Lukow 的方法计算^[16],相对误差不差过 10%。T-RFLP 图谱中限制性片段(T-RF)范围在 50~550 bp,荧光值阈值超过 100 RFU,在平行试验的图谱中重复再现的峰纳入统计分析,片段相对丰度超过总 T-RFs 丰度的 10% 定义为该样品微生物的优势种群。根据图谱中 OTU 的数目对土壤微生物种群多样性进行分析,包括香农指数 (Shannon diversity, H') 和均匀度指数 (evenness index, E')。香农指数计算公式为:

$$H' = - \sum (P_i) (\ln P_i)$$

式中, P 为同一种 OTU 的克隆数占总克隆数的比例。以香农指数的计算结果为基础,均匀度指数的公式为:

$$E' = H'/H_{\max}$$

式中, $H_{\max} = \ln S$, 式中, S 为不同 OTU 的种类数^[13]。登录网站 <http://trflp.limnology.wisc.edu/index.jsp> 对 T-RFs 进行定性分析。

1.4 Real-Time PCR

用实时荧光定量 PCR 对不同种植方式土壤微生物(16S rRNA 基因)的丰度进行分析^[17]。反应体系和程序同 1.3 节。已知种属的质粒 DNA 经紫外吸收定量法 (D_{260}) 检测浓度后,将其进行 10 倍梯度

稀释,形成 $10^3 \sim 10^8$ 拷贝 $\cdot \mu\text{L}^{-1}$, 作为标准样品. 扩增反应体系及程序按 (TaKaRa) 试剂盒操作说明书进行两步法 SYBR I 荧光定量 PCR 扩增. 土壤微生物 DNA 样品需稀释 20 倍(约 $5 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$) 后作为模板,进行定量分析,反应程序和体系反应体系同上,所有土壤样品均做 3 次重复. 荧光定量实时 PCR 分析仪: ABI 7900(Foster City, CA, USA).

1.5 统计分析与作图

所有测定结果均为 3 次重复的平均值,不同种植方式下的土壤理化性质、细菌群落组成 (T-RFs)、多样性指数、微生物数量等数据处理和统计分析及作图采用 Microsoft Excel 2003 和 SPSS 13.0. 处理间差异显著性用 One-way ANOVA (单因素方差分析) 检验,多重比较采用 Duncan 法. 利

用 Canoca for windows 4.5 软件冗余分析 (Redundancy Analysis, RDA) 种植方式改变下土壤理化性状对细菌群落 (T-RFs) 的影响,并用 Canodraw 软件作图.

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质

长期不同种植方式下土壤理化性质发生了较大分异(表 1),其中有机碳(SOC)、总氮(TN)及微生物生物量碳(MBC)表现为稻田土壤(PR)最高,分别是旱地土壤(UC)的 2.5、2.2 和 4.9 倍. 而 DOC 含量则是 UC 土壤最高,分别为水旱轮作(PU)和 PR 土壤的 2.0 和 4.1 倍;水旱轮作土壤 pH 显著高于其他两种种植方式(表 1).

表 1 采样点基本情况与土壤基本理化性质¹⁾

Table 1 Basic situation of the sampling and the physiochemical properties of the soils

处理	种植方式	种植制度	pH	SOC/ $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	TN/ $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	DOC/ $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	MBC/ $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$
PR	稻田	稻-稻	$5.1 \pm 0.1\text{b}$	$15.6 \pm 0.1\text{a}$	$1.64 \pm 0.01\text{a}$	$20.6 \pm 1.2\text{c}$	$878.9 \pm 13.1\text{a}$
PU	水旱轮作	水稻-油菜	$5.6 \pm 0.1\text{a}$	$8.2 \pm 0.1\text{b}$	$1.02 \pm 0.13\text{b}$	$42.5 \pm 0.8\text{b}$	$182.1 \pm 13.1\text{b}$
UC	旱地	玉米-小麦	$5.2 \pm 0.1\text{b}$	$6.2 \pm 0.1\text{c}$	$0.76 \pm 0.08\text{c}$	$84.7 \pm 1.8\text{a}$	$178.1 \pm 6.2\text{b}$

1) 平均值 $\pm$ 标准偏差 ($n=3$), 不同小写字母表示处理间差异显著 ($P<0.05$); PR: 稻田; PU: 水旱轮作; UC: 旱地; 下同

2.2 不同种植方式对稻田土壤微生物数量的影响

3 种不同种植方式土壤 16S rRNA 基因拷贝数量(以干土计)为 $2.5 \times 10^9 \sim 1.5 \times 10^{10}$ 拷贝 $\cdot \text{g}^{-1}$ (图 1). 其中,PR 处理的土壤微生物数量最多,PU 处理的土壤次之,而 UC 处理土壤的微生物数量最少,仅为 PR 处理的 1/6. SPSS 统计软件分析结果显示 16S rRNA 基因数量与土壤有机质和全氮含量有显著的正相关关系 ($R>0.969, P<0.05, n=9$),其中与有机质的关系最为密切 ($R>0.992, P<0.01, n=9$). 3 种种植方式下,稻田土壤的有机质含量最高,因此其微生物数量最多.

2.3 不同种植方式对微生物群落结构的影响

本研究 3 种不同种植方式土壤细菌 16S rRNA 基因扩增后的目的片段经过 *Hha* I 酶切后,共检测到相对丰度 $>1\%$ 的 T-RF 片段 12 条(图 2). 不同种植方式土壤中均存在 4 个优势 T-RF 片段即 T-RFs 65 bp(相对丰度 $10\% \sim 12\%$)、76 bp(相对丰度 $10\% \sim 12\%$)、90 bp(相对丰度 $20\% \sim 36\%$) 和 327 bp T-RF(相对丰度 $12\% \sim 28\%$). 其中,T-RF 65bp 和 76 bp 在不同种植方式土壤中均有分布且相对丰度差异不显著 ($P<0.05$),而 90 bp T-RF 在旱地土壤中的相对丰度最高,而 327 bp T-RF 在稻田土壤中的相对丰度最高(图 1). 这 4 个限制性片段

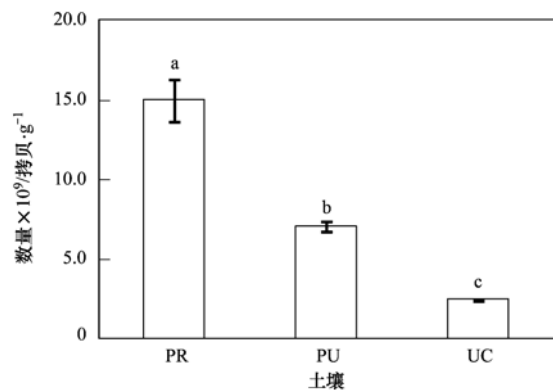


图 1 不同种植方式土壤微生物 16S rRNA 基因数量

Fig. 1 16S rDNA gene abundance quantified from the different plantation type soils

所代表的细菌类群在 3 种不同种植方式土壤中的总丰度均都超过 50%. 利用网络在线服务 (<http://trflp.limnology.wisc.edu/index.jsp>) 查询得知,T-RFs 65 bp 与 Uncultured Chloroflexi bacterium (绿弯菌)、T-RFs 76 bp 和 90 bp 分别与 *Thiorhodospira* sp. (γ -变形菌) 和 Uncultured Methylococcales bacterium(γ -变形菌)末端片段一致,T-RF 327 bp 与 Uncultured Burkholderiales bacterium(β -变形菌)末端片段一致. 此外,某些相对数量较少的 T-RF 片段也受种植方式的影响较大,其中 74 bp 仅在旱地和水

旱轮作处理中出现,而 190、390、590 bp 共 3 个 T-RFs 片段在稻田土壤中的丰度较高,其中 T-RFs 74 bp 与 *Bradyrhizobium* sp. (α -变形菌)其他的条带对应的均是不可培养的功能未知的微生物类群.

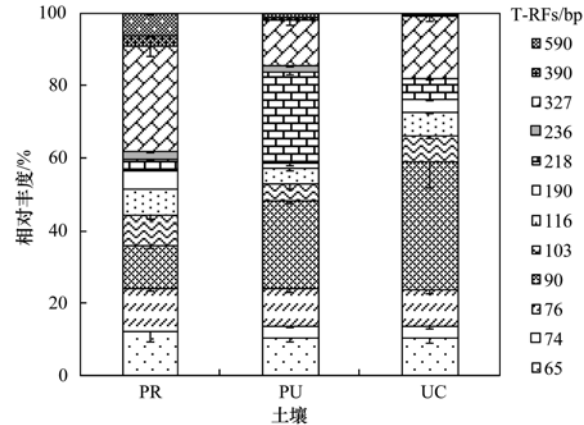


图2 不同种植方式下土壤微生物 16S rRNA 基因酶切后 (*Hha* I) 各限制性片段的相对丰度

Fig. 2 Average relative abundances of microbial 16S rDNA T-RFs with endonuclease *Hha* I from three plantation type soils

利用 Canoco 软件 RDA 分析土壤理化性状对土壤微生物的群落结构的影响(图 3),可以看出 3 种不同种植方式土壤微生物群落聚集于不同的区域,且样品重复性也较好,说明不同土地种植方式对土壤微生物群落结构产生了明显影响. 土壤理化性状的改变是影响细菌群落结构的主要原因,其中有机碳和全氮含量对土壤微生物群落结构影响最为显著 ($P = 0.002$ by Monte Carlo permutation test; 图 3).

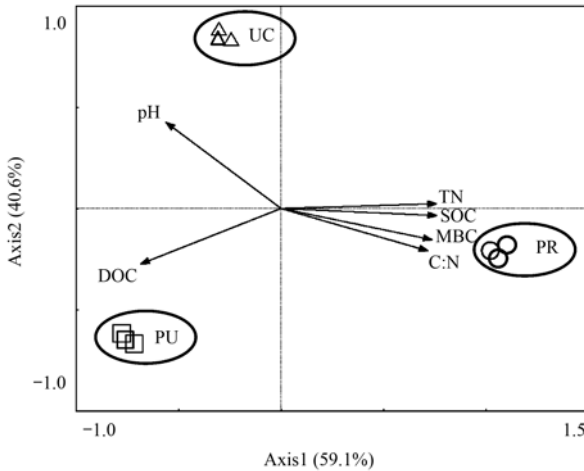


图3 RDA 分析土壤理化性状对土壤微生物的群落结构的影响

Fig. 3 RDA analyses of the T-RFLP profiles of microbial composition from the different plantation type soils

2.4 不同种植方式对微生物群落结构多样性的影响

根据末端限制性片断的数目及其相对峰高值,分别计算了 3 种不同种植方式的土壤细菌香农指数和均匀度指数. 其中香农指数介于 2.60 ~ 3.29 之间,均匀度指数分别为 0.79 ~ 0.90. 在 3 种不同种植方式土壤中,PR 处理土壤的微生物多样性指数和均匀度指数最高;而 UC 处理的多样性指数和均匀度指数均最低(图 4). 而稻田和水旱轮作土壤的均匀度指数无显著差异,但是均显著大于旱地土壤 ($P < 0.05$).

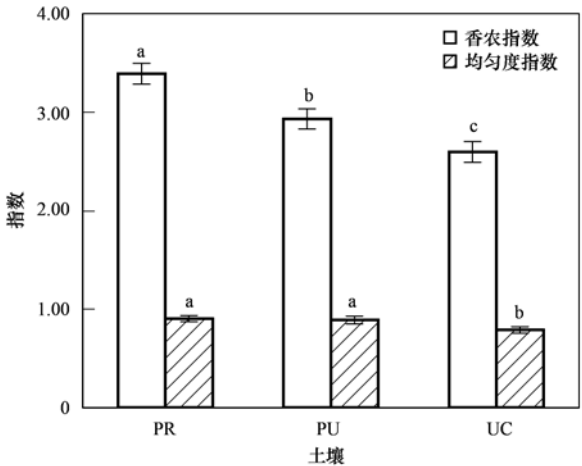


图4 T-RFLP 图谱分析不同处理土壤微生物香农指数和均匀度指数

Fig. 4 Shannon index and evenness index based on T-RFLP profiles

3 讨论

土地种植方式、水分、施肥等管理以及土壤环境状况对微生物数量、活性与种群结构有着较大影响. 随着土地种植方式的不同,土壤微生物数量和种群结构及其多样性也必然会存在某种程度的差别^[18,19]. 本研究采用 T-RFLP 技术,利用通用引物 799f-1492r 分析了土壤细菌群落结构及其对不同土地利用方式的响应. 研究发现土壤优势细菌类群为变形菌,其次为绿弯菌,它们在 3 种不同种植方式土壤中普遍存在,且两者相对丰度高达 60% 以上. 与前人的研究结果基本一致,如 Jangid 等^[20] 分析了不同类型的耕作土壤细菌种群结构,他们发现变形细菌占统治地位,其所占比例为 30.6% ~ 43.2%. 而 Ge 等^[21] 研究了长期施肥的农耕土壤细菌多样性,他们也发现包括 α -、 β -、 γ -变形细菌占细菌类群的 30.5%,为优势群落. 除变形菌外,绿弯菌在农田土壤中也占有绝对优势,这些研究结果丰富了人们对土壤细菌各门类分布情况及规律的认识.

另外,土地种植方式改变对土壤微生物群落结构和多样性产生显著影响,在旱地土壤中 α -变形菌和 γ -变形菌的相对丰度较高,而稻田土壤中 β -变形菌和甲烷菌的相对丰度较高。RDA 统计分析显示,微生物群落结构的差异是外界环境条件改变综合因素共同作用的结果,而土壤有机碳和全氮对土壤微生物群落结构影响最为显著。原稻田土壤改成水旱轮作和旱地土壤后,土壤有机质和全氮含量下降,土壤中 β -变形菌大部分类群为异养或者兼性营养菌,有机底物和养分的缺失导致这部分微生物类群的生长受到抑制^[22,23],另外,土壤有机质及矿物质颗粒共同参与土壤团聚体形成,能为土壤微生物提供良好的栖居环境,调控着土壤微生物群落的代谢功能和结构^[24],因此稻田土壤微生物多样性最高。相反,种植方式改变后,特别是田间水分管理由原来的淹水改为旱地,微生物介导的土壤呼吸作用增加^[25],不利于土壤有机质的累积。另外有研究表明土壤的水盐条件对土壤微生物活性有显著影响,其中水分含量与微生物活性呈正相关,盐分含量与微生物活性呈负相关^[26~28]。稻田改成旱地后土壤水分含量下降,盐分含量相对增加,抑制了土壤微生物活性,其多样性下降。

同样,土壤微生物种群数量也会随着土壤肥力以及土壤环境状况的不同而发生变化^[29]。本研究采用实时荧光定量 PCR 技术检测了不同种植方式下土壤微生物数量,其中稻田土壤微生物数量最多,高达 1.5×10^{10} 拷贝 $\cdot g^{-1}$,而旱地土壤最少仅为 2.5×10^9 拷贝 $\cdot g^{-1}$ 。这 3 种植方式下的土壤微生物丰度的差异可能由于不同种植方式由于根系分泌及其脱落物的投入的不同,影响了其土壤有机质含量和肥力条件,从而影响了土壤微生物的活性和数量^[30]。相关性分析也表明土壤微生物数量与土壤有机碳和总氮显著正相关。稻田土壤有机质含量较高,为微生物的生长和繁衍提供了丰富的碳源和能源,因此稻田土壤微生物数量高于旱地和水旱轮作土壤。

4 结论

稻田、旱地及水旱轮作种植方式土壤中优势细菌类群为变形菌,其次为绿弯菌。长期不同土地种植方式下土壤理化性状和肥力水平发生显著分异,并对土壤微生物数量、群落结构及其多样性产生显著的影响。稻田改旱地后,土壤有机质、微生物数量和多样性均有所下降。对于以上 3 种植方式,

种植水稻可能更有利于亚热带红壤有机质的累积,维持较高的微生物数量及其种群结构多样性,是亚热带红壤可持续利用的一种有效方式。

参考文献:

- [1] 李忠武,郭旺,王晓燕,等. 南方红壤丘陵区不同土地利用方式下土壤有机碳分布特征及其与草本生物量的关系[J]. 应用生态学报, 2012, **23**(4): 867-874.
- [2] 陈香碧,王媛华,胡乐宁,等. 红壤丘陵区水田和旱地土壤可溶性有机碳矿化对水分的响应[J]. 应用生态学报, 2014, **25**(3): 752-758.
- [3] 秦红灵,袁红朝,张慧,等. 红壤坡地利用方式对土壤细菌群落结构的影响[J]. 土壤学报, 2011, **48**(3): 594-602.
- [4] Brussaard L, de Ruiter P C, Brown G G. Soil biodiversity for agricultural sustainability [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2007, **121**(3): 233-244.
- [5] Zelles L. Fatty acid patterns of phospholipids and lipopolysaccharides in the characterisation of microbial communities in soil: a review[J]. Biology and Fertility of Soils, 1999, **29**(2): 111-129.
- [6] 盛荣,肖和艾,丁龙君,等. 施肥对红壤旱地和稻田土壤可培养微生物和微生物生物量磷的影响[J]. 农业现代化研究, 2010, **31**(5): 626-629.
- [7] 王光华,金剑,韩晓增,等. 不同土地管理方式对黑土土壤微生物量碳和酶活性的影响[J]. 应用生态学报, 2007, **18**(6): 1275-1280.
- [8] 郭萍,文庭池,董玲玲,等. 施肥对土壤养分含量、微生物数量和酶活性的影响[J]. 农业现代化研究, 2011, **32**(3): 362-366.
- [9] Butchart S H M, Walpole M, Collen B, et al. Global biodiversity: indicators of recent declines[J]. Science, 2010, **328**(5982): 1164-1168.
- [10] 钟文辉,蔡祖聪. 土壤微生物多样性研究方法[J]. 应用生态学报, 2004, **15**(5): 899-904.
- [11] 张瑞福,崔中利,李顺鹏. 土壤微生物群落结构研究方法进展[J]. 土壤, 2004, **36**(5): 476-480.
- [12] Porteous L A, Armstrong J L, Seidler R J, et al. An effective method to extract DNA from environmental samples for polymerase chain reaction amplification and DNA fingerprint analysis[J]. Current Microbiology, 1994, **29**(5): 301-307.
- [13] Clement B G, Kehl L E, DeBord K L, et al. Terminal restriction fragment patterns (TRFPs), a rapid, PCR-based method for the comparison of complex bacterial communities[J]. Journal of Microbiological Methods, 1998, **31**(3): 135-142.
- [14] Lucisne P, Echevarria G, Sterckeman T, et al. Effect of hyperaccumulating plant cover composition and rhizosphere-associated bacteria on the efficiency of nickel extraction from soil[J]. Applied Soil Ecology, 2014, **81**: 30-36.
- [15] Parsley L C, Linneman J, Goode A N M, et al. Polyketide synthase pathways identified from a metagenomic library are derived from soil *Acidobacteria*[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2011, **78**(1): 176-187.

- [16] Hill T C J, Walsh K A, Harris J A, *et al.* Using ecological diversity measures with bacterial communities [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2003, **43**(1): 1-11.
- [17] Singleton D R, Furlong M A, Rathbun S L, *et al.* Quantitative comparisons of 16S rRNA gene sequence libraries from environmental samples [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2001, **67**(9): 4374-4376.
- [18] Hansel C M, Fendorf S, Jardine P M, *et al.* Changes in bacterial and archaeal community structure and functional diversity along a geochemically variable soil profile [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2008, **74**(5): 1620-1633.
- [19] Nemergut D R, Costello E K, Hamady M, *et al.* Global patterns in the biogeography of bacterial taxa [J]. Environmental Microbiology, 2011, **13**(1): 135-144.
- [20] Jangid K, Williams M A, Franzluebbers A J, *et al.* Relative impacts of land-use, management intensity and fertilization upon soil microbial community structure in agricultural systems [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2008, **40**(11): 2843-2853.
- [21] Ge Y, Zhang J B, Zhang L M, *et al.* Long-term fertilization regimes affect bacterial community structure and diversity of an agricultural soil in northern China [J]. Journal of Soils and Sediments, 2008, **8**(1): 43-50.
- [22] Griffiths B S, Philippot L. Insights into the resistance and resilience of the soil microbial community [J]. FEMS Microbiology Reviews, 2013, **37**(2): 112-129.
- [23] Gabriel D, Sait S M, Hodgson J A, *et al.* Scale matters: the impact of organic farming on biodiversity at different spatial scales [J]. Ecology Letters, 2010, **13**(7): 858-869.
- [24] Wessén E, Nyberg K, Jansson J K, *et al.* Responses of bacterial and archaeal ammonia oxidizers to soil organic and fertilizer amendments under long-term management [J]. Applied Soil Ecology, 2010, **45**(3): 193-200.
- [25] 周志田, 成升魁, 刘允芬, 等. 中国亚热带红壤丘陵区不同土地利用方式下土壤 CO₂ 排放规律初探 [J]. 资源科学, 2002, **24**(2): 83-87.
- [26] 王龙昌, 玉井理. 水分和盐分对土壤微生物活性的影响 [J]. 北方水稻, 1998, (3): 40-42.
- [27] Neubauer S C. Ecosystem responses of a tidal freshwater marsh experiencing saltwater intrusion and altered hydrology [J]. Estuaries and Coasts, 2013, **36**(3): 491-507.
- [28] Ball B A, Levy J. The role of water tracks in altering biotic and abiotic soil properties and processes in a polar desert in Antarctica [J]. Journal of Geophysical Research Biogeosciences, 2015, **120**(2): 270-279.
- [29] Ellegaard K M, Klasson L, Näslund K, *et al.* Comparative genomics of Wolbachia and the bacterial species concept [J]. PLoS Genetics, 2013, **9**(4): e1003381.
- [30] 陈晓娟, 吴小红, 刘守龙, 等. 不同耕地利用方式下土壤微生物活性及群落结构特性分析: 基于 PLFA 和 MicroRespTM 方法 [J]. 环境科学, 2013, **34**(6): 2375-2382.

CONTENTS

Source Contribution Analysis of the Fine Particles in Shanghai During a Heavy Haze Episode in December, 2013 Based on the Particulate Matter Source Apportionment Technology	LI Li, AN Jing-yu, YAN Ru-sha (3543)
Transformation Mechanism and Sources of Secondary Inorganic Components in PM _{2.5} at an Agriculture Site (Quzhou) in the North China Plain in Summer	CHEN Shi-yi, ZENG Li-min, DONG Hua-bin, <i>et al.</i> (3554)
Pollution Level and Sources of Organic Phosphorus Esters in Airborne PM _{2.5} in Chengdu City	YIN Hong-ling, LI Shi-ping, YE Zhi-xiang, <i>et al.</i> (3566)
Simulation Study of the Emission of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons and Sugar Alcohols from Biomass Burning	HUANG Shuai, HUANG Xin-yi, WU Shui-ping, <i>et al.</i> (3573)
Characteristics and Parameterization for Atmospheric Extinction Coefficient in Beijing	CHEN Yi-na, ZHAO Pu-sheng, HE Di, <i>et al.</i> (3582)
Photocatalytic Degradation of Gaseous Toluene by a Photo-Fenton Reaction	ZHENG Si-can, CHEN Tian-hu, LIU Hai-bo, <i>et al.</i> (3590)
Emission of PCDD/Fs from Crematories and Its Influencing Factors	YIN Wen-hua, YU Xiao-wei, HAN Jing-lei, <i>et al.</i> (3596)
Odor Emission Characteristics from Biochemical Treatment Facilities of Kitchen Waste in China	ZHANG Yan, WANG Yuan-gang, LU Zhi-qiang, <i>et al.</i> (3603)
Temporal and Spatial Characteristics of Lake Taihu Surface Albedo and Its Impact Factors	CAO Chang, LI Xu-hui, ZHANG Mi, <i>et al.</i> (3611)
Remote Sensing Inversion of Diffuse Attenuation Coefficient in Lake Taihu Based on the GOCI Images	WANG Shan-shan, LI Yun-mei, WANG Qiao, <i>et al.</i> (3620)
Porewater Dissolved Methane in <i>Cyperus malaccensis</i> Marshes Along Salinity Gradient in the Minjiang River Estuary	YANG Ping, ZHANG Zi-chuan, DU Wei-ning, <i>et al.</i> (3633)
Stable Isotopes Characters of Soil Water Movement in Shijiazhuang City	CHEN Tong-tong, CHEN Hui, HAN Lu, <i>et al.</i> (3641)
Seasonal Variations in Vertical Profile of Hg Species and the Influential Factors in Changshou Reservoir	BAI Wei-yang, ZHANG Cheng, TANG Zhen-ya, <i>et al.</i> (3649)
Nutrient Characteristics and Nitrogen Forms of Rhizosphere Soils Under Four Typical Plants in the Littoral Zone of TGR	WANG Xiao-feng, YUAN Xing-zhong, LIU Hong, <i>et al.</i> (3662)
Exchange Fluxes and Coupling Relationship of Dissolved Inorganic Carbon and Dissolved Organic Carbon Across the Water-Sediment Interface in Lakes	WANG Wei-ying, LÜ Chang-wei, HE Jiang, <i>et al.</i> (3674)
Mass Transport in Porous Sediments During a Turbulent Disturbance	LI Shao-long, CHEN Dao-yi (3683)
Characterization of Pollutant Wash-off in the Urban Stormwater	WU Jun-liang, REN Yu-fen, WANG Xue-mei, <i>et al.</i> (3691)
Research of the Stormwater Runoff and Pollution Characteristics in Rural Area of Yuhang District, Hangzhou	DUAN Sheng-hui, ZHAO Yu, SHAN Bao-qing, <i>et al.</i> (3697)
Formation and Variation of Brominated Disinfection By-products in A Combined Ultrafiltration and Reverse Osmosis Process for Seawater Desalination	YANG Zhe, SUN Ying-xue, SHI Na, <i>et al.</i> (3706)
Effect of Natural Organic Matter and Electrolytes on the Aggregation of C ₆₀ Nanoparticles in Aquatic Systems	FANG Hua, JING Jie, YU Jiang-hua, <i>et al.</i> (3715)
Efficiency of Sediment Amendment with Zirconium-Modified Kaolin Clay to Control Phosphorus Release from Sediments in Heavily Polluted Rivers	WANG Hong, LIN Jian-wei, ZHAN Yan-hui, <i>et al.</i> (3720)
Transformation of Nitrogen Nutrients in the Urban Sewage Pipe Network	JIN Peng-kang, JIAO Ding, REN Wu-ang (3730)
Application of Micro-aerobic Hydrolysis Acidification in the Pretreatment of Petrochemical Wastewater	ZHU Chen, WU Chang-yong, ZHOU Yue-xi, <i>et al.</i> (3738)
Efficacy of A ² /O-MBR Combined Process in Wastewater Treatment and the Characteristics of Membrane Fouling	WANG Xu-dong, MA Ya-bin, WANG Lei, <i>et al.</i> (3743)
Effect of High Ammonium on Nitrogen Removal in an Partial Nitrification-ANAMMOX Process with Reflux System	LI Xiang, CUI Jian-hong, YUAN Yan, <i>et al.</i> (3749)
Reductive Dechlorination of Trichloroethylene by Benzoate-Enriched Anaerobic Cultures	LI Jiang-wei, YANG Xiao-yong, HU An-yi, <i>et al.</i> (3756)
2,4,6-Trichlorophenol Mineralization Promoted by Anaerobic Reductive Dechlorination of Acclimated Sludge and Extracellular Respiration Dechlorination Pathway	SONG Jia-xiu, LI Ling, SHENG Fan-fan, <i>et al.</i> (3764)
Short or Long Term Influence of Phenol on Nitrogen Removal Efficiency of ANAMMOX Sludge	YANG Peng-bing, LI Xiang, HUANG Yong, <i>et al.</i> (3771)
Process Optimization of Aerobic Granular Sludge Continuous-Flow System for the Treatment of Low COD/N Ratio Sewage	LU Lei, XIN Xin, LU Hang, <i>et al.</i> (3778)
Long-Term Inhibition of FNA on Aerobic Phosphate Uptake and Variation of Phosphorus Uptake Properties of the Sludge	MA Juan, LI Lu, YU Xiao-jun, <i>et al.</i> (3786)
Performance and Factors Analysis of Sludge Dewatering in Different Wastewater Treatment Processes	LIU Ji-bao, LI Ya-ming, LÜ Jian, <i>et al.</i> (3794)
Effect of Residual Hydrogen Peroxide on Hydrolysis Acidification of Sludge Pretreated by Microwave -H ₂ O ₂ -Alkaline Process	JIA Rui-lai, LIU Ji-bao, WEI Yuan-song, <i>et al.</i> (3801)
Vertical Distribution Characteristics of Typical Forest Soil Organic Nitrogen in Dawei Mountain	DING Xian-qing, MA Hui-jing, ZHU Xiao-long, <i>et al.</i> (3809)
Effects of Different Land Uses on Soil Active Organic Carbon and Nitrogen Fractions in Jinyun Mountain	QI Xin, JIANG Chang-sheng, HAO Qing-ju, <i>et al.</i> (3816)
Control of Soil Nutrient Loss of Typical Reforestation Patterns Along the Three Gorges Reservoir Area	WU Dong, HUANG Zhi-lin, XIAO Wen-fa, <i>et al.</i> (3825)
Effects of Slope Position and Soil Horizon on Soil Microbial Biomass and Abundance in Karst Primary Forest of Southwest China	FENG Shu-zhen, SU Yi-rong, ZHANG Wei, <i>et al.</i> (3832)
Effects of Different Plantation Type on the Abundance and Diversity of Soil Microbes in Subtropical Red Soils	SHEN Bing-jie, ZHU Zhen-ke, YUAN Hong-zhao, <i>et al.</i> (3839)
Accumulation of Mercury in Soil-maize System of Non-ferrous Metals Smelting Area and Its Related Risk Assessment	JI Xiao-feng, ZHENG Na, WANG Yang, <i>et al.</i> (3845)
Effects of Different Modifier Concentrations on Lead-Zinc Tolerance, Subcellular Distribution and Chemical Forms for Four Kinds of Woody Plants	CHEN Yong-hua, ZHANG Fu-yun, WU Xiao-fu, <i>et al.</i> (3852)
Isolation, Purification and Identification of Antialgal Activity Substances of Ethyl Acetate Extracts from the Submerged Macrophytes <i>Potamogeton crispus</i>	SUN Ying-ying, SU Zhen-xia, PU Yin-fang, <i>et al.</i> (3860)
Distribution Characteristics and Potential Risk of CBs in Aquatic Organisms from Typical Epidemic Areas of Schistosomiasis Prevalence	LI Kun, ZHAO Gao-feng, ZHOU Huai-dong, <i>et al.</i> (3866)
Application of Whole-cell Biosensor ADPI _p WHlux for Acute Toxicity Detection in Water Environment	TANG Hui, SONG Yi-zhi, JIANG Bo, <i>et al.</i> (3872)
Application of Rainbow Trout CYP1 Gene Expression Patterns in Gill and Liver for Haihe River Bio-monitoring	GAO Kai, YAN Pei, TAN Cui-ling, <i>et al.</i> (3878)
Toxic Effect of Nano-ZnO in Liver of Zebrafish	LIU Lin, ZHAO Qun-fen, JIN Kai-xing, <i>et al.</i> (3884)
Acute Toxicity of <i>Coptis chinensis</i> Rhizome Extracts to <i>Daphnia carinata</i>	CHEN Ya-nan, YUAN Ling (3892)
Adsorption-desorption Characteristics of Fermented Rice Husk for Ferrous and Sulfur Ions	XIE Xiao-mei, LIAO Min, HUA Jia-yuan, <i>et al.</i> (3896)
Application of Stir Bar Sorptive Extraction and Gas Chromatograph Mass Spectrometer to the Phthalic Acid Esters Analysis in Seawater	GAO Chen-chen, LI Feng-min, LU Lun, <i>et al.</i> (3906)
Experimental Conditions and Reliability Analysis of Results of COD Components	LI Zhi-hua, ZHANG Yin, HAN Xing, <i>et al.</i> (3913)
Method for Simultaneous Determination of 11 Veterinary Antibiotics in Piggery Wastewater and Sludge and Its Application in Biological Treatment	DING Jia-li, LIU Rui, ZHENG Wei, <i>et al.</i> (3918)
Research Progress in Technology of Using Soil Micro-organisms to Generate Electricity and Its Potential Applications	DENG Huan, XUE Hong-jing, JIANG Yun-bin, <i>et al.</i> (3926)

《环境科学》第6届编辑委员会

主 编: 欧阳自远

副主编: 赵景柱 郝吉明 田 刚

编 委: (按姓氏笔画排序)

万国江 王华聪 王凯军 王绪绪 田 刚 田 静 史培军
朱永官 刘志培 刘 毅 汤鸿霄 孟 伟 周宗灿 林金明
欧阳自远 赵景柱 姜 林 郝郑平 郝吉明 聂永丰 黄 霞
黄 耀 鲍 强 潘 纲 潘 涛 魏复盛

环 境 科 学

(HUANJING KEXUE)

(月刊 1976年8月创刊)

2015年10月15日 第36卷 第10期

ENVIRONMENTAL SCIENCE

(Monthly Started in 1976)

Vol. 36 No. 10 Oct. 15, 2015

主 管	中国科学院	Superintended	by	Chinese Academy of Sciences
主 办	中国科学院生态环境研究中心	Sponsored	by	Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences
协 办	(以参加先后为序) 北京市环境保护科学研究院 清华大学环境学院	Co-Sponsored	by	Beijing Municipal Research Institute of Environmental Protection School of Environment, Tsinghua University
主 编	欧阳自远	Editor-in-Chief		OUYANG Zi-yuan
编 辑	《环境科学》编辑委员会 北京市2871信箱(海淀区双清路 18号, 邮政编码:100085) 电话:010-62941102, 010-62849343 传真:010-62849343 E-mail: hjkx@rcees.ac.cn http://www.hjkx.ac.cn	Edited	by	The Editorial Board of Environmental Science (HUANJING KEXUE) P. O. Box 2871, Beijing 100085, China Tel: 010-62941102, 010-62849343; Fax: 010-62849343 E-mail: hjkx@rcees.ac.cn http://www.hjkx.ac.cn
出 版	科学出版社 北京东黄城根北街16号 邮政编码:100717	Published	by	Science Press 16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China
印刷装订	北京北林印刷厂	Printed	by	Beijing Bei Lin Printing House
发 行	科学出版社 电话:010-64017032 E-mail: journal@mail.sciencep.com	Distributed	by	Science Press Tel: 010-64017032 E-mail: journal@mail.sciencep.com
订 购 处	全国各地邮电局	Domestic		All Local Post Offices in China
国外总发行	中国国际图书贸易总公司 (北京399信箱)	Foreign		China International Book Trading Corporation (Guoji Shudian), P. O. Box 399, Beijing 100044, China

中国标准刊号: ISSN 0250-3301
CN 11-1895/X

国内邮发代号: 2-821

国内定价: 120.00元

国外发行代号: M 205

国内外公开发行