

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第37卷 第10期

Vol.37 No.10

2016

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目 次

北京地区空气重污染下雾凇和偏东风对 PM _{2.5} 清除作用	孙兆彬, 廖晓农, 王占山, 李梓铭, 赵秀娟, 花丛 (3679)
降雨对不同粒径气溶胶粒子碰撞清除能力	董群, 赵普生, 陈一娜 (3686)
北京冬季雾霾频发期 VOCs 源解析及健康风险评价	刘丹, 解强, 张鑫, 王海林, 闫志勇, 杨宏伟, 郝郑平 (3693)
浙江省制鞋行业挥发性有机物污染特征及其排放系数	徐志荣, 姚轶, 蔡卫丹, 李嫣, 许明珠, 王浙明 (3702)
2014 年 APEC 期间北京市 PM ₁₀ 和 PM _{2.5} 氧化性损伤能力研究	郭茜, 邵龙义, 王文华, 侯聪, 赵承美, 幸娇萍, 马施民 (3708)
武汉市洪山区夏季 PM _{2.5} 浓度、水溶性离子与 PAHs 成分特征及来源分析	孙焰, 祁士华, 张莉, 邢新丽, 杨丹, 胡天鹏, 瞿程凯 (3714)
基于快速聚类方法分析常州市区 PM _{2.5} 的统计特性	王振, 余益军, 徐圆青, 李艳萍, 夏京, 殷磊 (3723)
PM _{2.5} 在线水溶性离子与滤膜采集-实验室检测的比对分析	杨懂艳, 刘保献, 石爱军, 张大伟, 丁萌萌, 周健楠, 富佳明, 景宽 (3730)
树木模拟燃烧排放烟尘中水溶性离子的组成	刘刚, 黄柯, 李久海, 徐慧 (3737)
轻型汽油车排放颗粒物数浓度和粒径分布特征	樊筱筱, 蒋靖坤, 张强, 李振华, 何立强, 吴烨, 胡京南, 郝吉明 (3743)
基于台架测试的我国船用柴油机废气排放因子	邢辉, 段树林, 黄连忠, 韩志涛, 刘勤安 (3750)
西安城区地表灰尘中邻苯二甲酸酯分布、来源及人群暴露	张文娟, 王利军, 王丽, 史兴民, 卢新卫 (3758)
生活垃圾焚烧厂垃圾的汞含量与汞排放特征研究	段振亚, 苏海涛, 王凤阳, 李智坚, 李韶璞, 王书肖 (3766)
三峡库区消落带土壤中硫酸盐还原菌对汞甲基化作用的影响	陈瑞, 陈华, 王定勇, 向玉萍, 申鸿 (3774)
城市化进程对地下河中溶解态正构烷烃来源的影响	廖昱, 孙玉川, 沈立成, 梁作兵, 王尊波 (3781)
基于 PMF 模型的长江流域水体中多环芳烃来源解析及生态风险评价	王成龙, 邹欣庆, 赵一飞, 李宝杰 (3789)
贡嘎山地区地表水化学特征及水环境质量评价	何晓丽, 吴艳宏, 周俊, 邴海健 (3798)
多元数理统计法研究太子河本溪城市段水体 DOM 紫外光谱特征	钱锋, 吴婕, 于会彬, 宋永会, 张美, 孔令昊, 何孟常 (3806)
地下水中溶解性有机物的垂直分布特征及成因	何小松, 张慧, 黄彩红, 李敏, 高如泰, 李丹, 席北斗 (3813)
昆明市不同功能区排水管道沉积物性质	常海东, 金鹏康, 付博文, 李雪兵, 贾锐珂 (3821)
滇池水生植物分布对沉积物间隙水磷浓度的影响	丁帅, 王圣瑞, 张蕊, 肖焱波, 焦立新, 李乐, 王忠诚, 尹诗诗 (3828)
紫色母岩覆盖层控制底泥磷释放的效果及机制	黄雪娇, 石纹豪, 倪九派, 李振轮 (3835)
排水循环灌溉下稻田磷素时空分布特征	焦平金, 许迪, 朱建强, 于颖多 (3842)
快速高效去除微囊藻的 GO/QPEI 复合纳米材料	李洁, 肖琳 (3850)
一体式生物净化-沉淀池对微污染水体污染物的强化去除性能	王文东, 刘荟, 马翠, 韩雨, 常妮妮 (3858)
生物粉末活性炭-超滤组合工艺对微污染水源水中臭味物质的去除效能及其微生物特性	宣雍祺, 周丽, 邓慧萍, 蔡宙, 李大鹏, 刘刚 (3864)
聚硅酸对不同形态铝沉积行为的影响	赵园园, 张玥, 李素英, 石宝友, 李贵伟, 孙改清 (3870)
典型南方水源氨基酸浓度变化与去除	刘伟, 蔡广强, 卢小艳, 刘丽君, 张金松, 刘嘉祺, 曲莹 (3877)
O ₃ /UV 降解含氮杂环化合物喹啉	陈傲蕾, 常凤民, 汪翠萍, 徐恒, 吴静, 左剑恶, 王凯军 (3884)
蒽醌-2-磺酸钠促进 <i>Klebsiella oxytoca</i> GS-4-08 脱色产氢机制与产能分析	胡金梅, 虞磊, 黄天寅 (3891)
2-丁烯醛生产废水中溶解性有机物的分级解析	孙秀梅, 宋广清, 席宏波, 周岳溪, 牛远方 (3899)
不同缺氧段硝酸盐氮浓度条件下连续流单污泥污水处理系统 PHA、TP 代谢	王晓玲, 员东丹, 白莉, 李紫棋, 余勇, 秦旭东, 张晓旭, 赵可 (3906)
长江口邻近海域沉积物中厌氧氨氧化细菌分布特征研究	付璐璐, 甄毓, 贺惠, 张玉, 米铁柱 (3914)
焦化废水活性污泥细菌菌群结构分析	蒙小俊, 李海波, 曹宏斌, 盛宇星 (3923)
黄土高原不同植被类型下土壤细菌群落特征研究	刘洋, 黄懿梅, 曾全超 (3931)
苯酚对活性污泥活性及微型动物群落结构的影响	胡小兵, 饶强, 唐素兰, 姜晶, 谢瑞桃, 郝文静, 钟梅英 (3939)
城市生活污水和生活垃圾渗滤液抗生素抗性基因污染的比较研究	黄福义, 李虎, 安新丽, 欧阳纬莹, 苏建强 (3949)
菌株 <i>Desulfovibrio</i> sp. CMX 的 DNRA 性能和影响因素	谢柄柯, 张玉, 王晓伟, 孙超越, 周集体 (3955)
生活污水灌溉对麦秸还田稻田氨挥发排放的影响	徐珊珊, 侯朋福, 范立慧, 薛利红, 杨林章, 王绍华, 李刚华 (3963)
模拟氮沉降对重庆缙云山马尾松林土壤呼吸和酶活性的季节性影响	曾清苹, 何丙辉, 李源, 夏力文, 杨龙龙, 邓雪梅, 李川 (3971)
生物炭添加和灌溉对温室番茄地土壤反硝化损失的影响	张文娟, 余冬立, Gamareldawla H. D. Agbna, 夏永秋 (3979)
土壤质地对自养固碳微生物及其同化碳的影响	王群艳, 吴小红, 祝贞科, 袁红朝, 隋方功, 葛体达, 吴金水 (3987)
土壤-作物系统中重金属元素吸收、迁移和积累过程模拟	施亚星, 吴绍华, 周生路, 王春辉, 陈浩 (3996)
组配改良剂对稻田系统 Pb、Cd 和 As 生物有效性的协同调控	王英杰, 邹佳玲, 杨文强, 周航, 廖柏寒 (4004)
几种有机物料对设施菜田土壤 Cd、Pb 生物有效性的影响	周贵宇, 姜慧敏, 杨俊诚, 张建峰, 张水勤, 梁雷 (4011)
蒙脱石对有机物料施入土壤磷形态和有效性的影响	宋贤威, 赵秀兰, 张进忠, 胡梦坤, 徐艳昭, 王明禹 (4020)
不同镉浓度及 pH 条件下纳米沸石对土壤镉形态及大白菜镉吸收的影响	秦余丽, 熊仕娟, 徐卫红, 赵婉伊, 王卫中, 陈永勤, 迟芬琳, 陈序根, 张进忠, 熊治庭, 王正银, 谢德体 (4030)
黑麦草和牵牛花对铬耐受能力和积累效果的指标表征研究	董冰冰, 陈友媛, 惠红霞, 陆维佳, 杨秀卿, 刘逸凡 (4044)
挥发性甲基硅氧烷的体外代谢行为	黎敏丹, 郑国贸, 万伟, 胡建英 (4054)
中药渣与城市污泥好氧共堆肥的效能	宿程远, 郑鹏, 阮祁华, 覃菁菁, 卢宇翔, 李俊兵 (4062)
《环境科学》征订启事 (3827) 《环境科学》征稿简则 (4053) 信息 (3736, 3930, 4043)	

土壤质地对自养固碳微生物及其同化碳的影响

王群艳¹, 吴小红^{2,3*}, 祝贞科³, 袁红朝³, 隋方功^{1*}, 葛体达³, 吴金水³

(1. 青岛农业大学资源与环境学院, 青岛 266109; 2. 中南林业科技大学生命科学与技术学院, 长沙 410018; 3. 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: 自养微生物可同化大气中的 CO₂ 并将其转化为土壤有机碳, 对提高农田土壤的碳吸收和碳储存有重要意义, 然而土壤质地对自养固碳微生物功能种群及其同化碳的影响机制还不清楚. 本研究选取亚热带地区同一母质发育而成的两种质地水稻土壤(壤质黏土和砂质黏壤土), 通过¹⁴C-CO₂ 连续标记技术结合室内模拟培养实验, 探讨土壤质地对自养微生物同化碳(¹⁴C-SOC)、自养微生物截留碳(¹⁴C-MBC)和自养微生物可溶性碳(¹⁴C-DOC)的影响. 以固碳功能基因(*cbbL* 基因)作为指示基因, 结合 PCR 和克隆测序技术, 分析不同质地土壤自养固碳微生物群落结构和多样性的差异. 结果表明, 壤质黏土¹⁴C-SOC、¹⁴C-MBC 和¹⁴C-DOC 平均含量分别为 133.81、40.16 和 8.10 mg·kg⁻¹, 均显著高于砂质黏壤土¹⁴C-SOC (104.95 mg·kg⁻¹)、¹⁴C-MBC (33.26 mg·kg⁻¹) 和¹⁴C-DOC (4.18 mg·kg⁻¹) 平均含量 ($P < 0.05$), 说明土壤质地显著影响了土壤自养微生物碳同化量以及自养微生物同化碳在土壤中的转化. 稀疏曲线、细菌 *cbbL* 基因文库覆盖度以及多样性指数分析结果显示壤质黏土固碳细菌群落多样性高于砂质黏壤土. 系统发育分析表明, 壤质黏土细菌 *cbbL* 基因序列与 *Rhodoblastus acidophilus*、*Blastochloris viridis*、*Thauera humireducens*、*Mehylibium* sp.、*Variovorax* sp. 等具有一定的同源性, 而砂质黏壤土 *cbbL* 基因序列主要与根瘤菌和放线菌同源. 可见, 土壤质地对自养固碳微生物群落结构和多样性产生了深刻的影响, 壤质黏土中较高的黏粒含量、土壤养分含量和阳离子交换量可能有利于维持更高的自养固碳微生物多样性和活性, 从而导致不同质地土壤自养微生物碳同化量及其转化存在显著差异.

关键词: 土壤质地; 固碳自养微生物; CO₂ 同化; *cbbL* 基因; 多样性; 群落结构

中图分类号: X144; X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2016)10-3987-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.2016.10.042

Effects of Soil Texture on Autotrophic CO₂ Fixation Bacterial Communities and Their CO₂ Assimilation Contents

WANG Qun-yan¹, WU Xiao-hong^{2,3*}, ZHU Zhen-ke³, YUAN Hong-zhao³, SUI Fang-gong^{1*}, GE Ti-da³, WU Jin-shui³

(1. College of Resources and Environment, Qingdao Agriculture University, Qingdao 266109, China; 2. College of Life Science and Technology, Central South University of Forestry and Technology, Changsha 410018, China; 3. Key Laboratory of Agro-Ecological Processes in Subtropical Region, Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha 410125, China)

Abstract: Autotrophic bacteria can assimilate atmospheric carbon dioxide (CO₂) and convert CO₂ into organic carbon. The CO₂ fixation by autotrophic bacteria is important for the improvement of carbon sequestration in agricultural soils. However, the effect of soil texture on autotrophic CO₂ fixation bacteria and their CO₂ fixation capacity is still unknown. Here, two paddy soils with different textures (loamy clay soil and sand clay loam soil) were incubated with continuous ¹⁴C-CO₂ in a glass chamber. The two soils were developed from the same parent. At the end of 110 days incubation, the ¹⁴C-CO₂ incorporated in soil organic carbon (¹⁴C-SOC), microbial biomass carbon (¹⁴C-MBC) and dissolved organic carbon (¹⁴C-DOC) were measured to explore the effects of soil texture on the autotrophic bacterial CO₂ fixation rates. The effect of soil texture on the composition and diversity of autotrophic CO₂ fixation bacterial community was investigated using cloning and sequencing of the *cbbL* gene, which encodes ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase (RubisCO) in the Calvin cycle. The results showed that the average contents of ¹⁴C-SOC, ¹⁴C-MBC and ¹⁴C-DOC were 133.81, 40.16 and 8.10 mg·kg⁻¹ in loamy clay soil, respectively, which were significantly higher than their corresponding contents in sand clay loam soil ($P < 0.05$). This suggested that soil texture not only affected the amounts of autotrophic bacteria CO₂ fixation but also had an effect on the transformation of microbial assimilated ¹⁴C in soil. The *cbbL* gene libraries of two soils were significantly different as revealed by libshuff analyses ($P < 0.05$). Phylogenetic analysis showed that *cbbL* sequences from the loamy clay soil were closely affiliated with known cultures such as *Rhodoblastus acidophilus*, *Blastochloris viridis*, *Thauera humireducens*, *Mehylibium* sp. and *Variovorax* sp., whereas these sequences belonging to the sand clay loam soil were related to branching lineages originating from *Rhizobiales* and *Actinomycetales*. Rarefaction curve, clone library coverage and diversity index

收稿日期: 2016-03-30; 修订日期: 2016-05-09

基金项目: 国家自然科学基金项目(41503081, 41430860)

作者简介: 王群艳(1989~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤微生物生态, E-mail: gtd@isa.ac.cn

* 通讯联系人, E-mail: wxh16403@163.com; fgsui@qau.edu.cn

analysis based on bacterial *cbbL* clone libraries indicated that the loamy clay soil had higher *cbbL* gene diversity compared to the sand clay loam soil. These results suggested that soil texture had a pronounced effect on the composition and diversity of autotrophic CO₂ fixation bacterial communities. The higher clay content, nutrient availability and cation exchange capacity may stimulate the growth and activity of autotrophic bacteria, and result in the higher amounts of ¹⁴C in loamy clay soil. These data broaden the understanding and knowledge of mechanisms of microbial carbon fixation and their influencing factors in agricultural soils.

Key words: soil texture; autotrophic bacteria; CO₂ assimilation, *cbbL* gene; diversity; community structure

自养微生物在农田土壤中广泛分布,它们具有同化 CO₂ 并将其转化为土壤有机碳的能力,对调节大气中 CO₂ 浓度和提高农田土壤的碳固定有着重要意义^[1,2]. 卡尔文循环(Calvi-Bussham cycle)是自养微生物同化 CO₂ 的主要途径,其中核酮糖-1,5-二磷酸羧化酶/加氧酶(RubisCO)是卡尔文循环中的关键酶,由 *cbbL* 基因编码^[3]. 近年来,利用 *cbbL* 基因对农田土壤自养微生物及其碳同化过程的研究已取得较大进展. 结合碳同位素示踪实验,研究者发现参与农田土壤碳同化的主要是兼性自养微生物,且农田土壤自养微生物多样性、群落结构及其碳同化量受土壤类型^[2,4,5]、施肥措施^[6,7]、土壤深度^[8]、根际效应^[9]和耕作制度^[10]等多种因素的影响. 这些因素通过改变土壤的物理化学性质而影响土壤自养微生物多样性和群落结构,进而对土壤自养固碳微生物介导的碳同化过程产生影响.

土壤质地是土壤较为重要的物理特性之一,一方面,土壤质地可直接影响土壤的孔隙状况,进而影响土壤的透光率和通气性^[11];另一方面,土壤质地还会影响土壤的营养状况和水分含量,从而影响微生物的生存环境及其代谢活性^[12,13]. 土壤通气透水以及土壤肥力水平是影响自养微生物碳同化过程的重要生态因子^[1,6,14],不同质地土壤中这些生态因子的差异可能对自养微生物群落结构及其碳同化过程产生重要影响,然而,目前有关土壤质地对自养微生物多样性、群落结构及其碳同化量影响的研究还鲜

见报道. 因此,本研究选取亚热带地区同一母质发育而成的两种质地水稻土壤(壤质黏土和砂质黏壤土),采用¹⁴C-CO₂连续标记技术结合室内模拟实验,量化不同质地土壤自养微生物同化碳(¹⁴C-SOC)、自养微生物截留碳(¹⁴C-MBC)和自养微生物可溶性碳(¹⁴C-DOC)的差异;同时采用分子生物学技术,基于细菌 *cbbL* 基因对土壤自养微生物群落结构和多样性进行分析,通过揭示不同质地稻田土壤自养微生物碳同化的机制,以期为更深入全面了解稻田土壤微生物固碳机制及其影响机制提供理论和数据支持.

1 材料与方法

1.1 供试土壤与前处理

供试土壤于 2010 年 10 月采自湖南省长沙县干杉镇水稻田,共采集壤质黏土和砂质黏壤土 2 种质地土壤,均为河流冲积物发育的水稻土. 采用直径为 5 cm 的不锈钢土钻采集 0~20 cm 耕作层土壤,去除石块和根系后运回实验室风干. 风干土壤过 0.25 mm 筛,混匀后分为两部分,一部分用于测定土壤基本理化性质(用于 SOC 测定的土壤过 0.149 mm 筛);剩余土壤用蒸馏水调节含水量至饱和田间持水量,分装于直径为 10 cm、高为 20 cm 的 PVC 盆钵,每钵装入量为 1.00 kg(以烘干后的质量计),装入高度为 17 cm,每种土壤设置 4 个重复,在 25℃ 预培养 14 d. 两种供试土壤的基本理化性质见表 1.

表 1 供试土壤基本理化性质

Table 1 Physical and chemical characteristics of the investigated soils								
土壤质地	机械组成			pH	理化性质			
	砂粒含量 /%	粉砂粒含量 /%	黏粒含量 /%		SOC /g·kg ⁻¹	TN /g·kg ⁻¹	TP /g·kg ⁻¹	CEC /cmol·kg ⁻¹
壤质黏土	39.04	21.20	39.76	6.15	21.89	2.64	1.05	11.79
砂质黏壤土	59.65	22.06	18.29	5.09	17.03	2.52	0.58	5.6

1.2 ¹⁴C-CO₂连续标记培养实验

将预培养后的装盆土壤转移至¹⁴C-CO₂标记箱进行连续标记培养,培养装置和方法参考 Ge 等^[15]建立的方法,连续标记培养时间为 110 d. ¹⁴C-CO₂由 ¹⁴C-NaHCO₃(1 mol·L⁻¹, 16.5 × 10³ Bq·mL⁻¹)和 HCl

(1 mol·L⁻¹)反应生成,通过调节¹⁴C-NaHCO₃和 HCl 溶液的加入量和加入次数使标记箱内 CO₂浓度维持在 350 μmol·mol⁻¹. 标记箱内温度白天为 31℃ ± 1℃,夜间为 24℃ ± 1℃,光照时间为 08:00~20:00(时间形式修改正确),相对湿度为 80%~

90%, 光照强度约为 $500 \text{ mmol} \cdot (\text{m}^2 \cdot \text{s})^{-1}$ PAR. 标记培养过程中, 及时补充去离子水维持土壤水层深度 1~2 cm.

110 d 连续标记培养结束后, 采集 PVC 钵内供试土壤样品并充分混匀. 一部分立即处理, 用于含水率、 ^{14}C -MBC 和 ^{14}C -DOC 的测定; 一部分室内自然风干后过 0.149 mm 筛, 用于 ^{14}C -SOC 含量的测定; 一部分 (约 100 g) 用液氮速冻后转移至 -80°C 冰箱, 用于固碳自养微生物群落组成分析.

1.3 测定和分析方法

1.3.1 土壤基本理化性质测定^[16]

以水为浸提剂, 采用水土比 2.5:1 测定土壤 pH; 土壤阳离子交换量采用 EDTA-铵盐快速滴定法测定; 土壤机械组成采用吸管法测定; 土壤有机碳 (SOC) 和全氮 (TN) 采用碳氮元素分析仪 (VARIO MAX, Germany) 测定; 土壤全磷采用碱熔-钼锑抗分光光度计法 (UV-2450, Japan) 测定.

1.3.2 土壤 ^{14}C 放射性强度测定

土壤总有机碳中 ^{14}C 放射性强度采用 Wu 等^[17] 方法: 称取 1.5 g 土壤样品至双颈烧瓶中, 向烧瓶加入 20 mL 重铬酸钾 ($0.2 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$) 溶液和体积比为 5:1 的浓硫酸-浓磷酸混合液 (30 mL) 作为氧化剂, 165°C 回流消化 8 min, 随后持续向双颈烧瓶中通入 O_2 , 继续消化 10 min, 消化过程中产生的 CO_2 经分离纯化后用 40 mL NaOH 溶液充分吸收 ($0.4 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$). 吸收液中 ^{14}C 放射性强度 (^{14}C -SOC) 采用液体闪烁仪 (LS-6500, Beckman) 测定. ^{14}C -SOC 含量计算方法参见文献^[18].

^{14}C -MBC 和 ^{14}C -DOC 含量测定参考 Wu 等^[19] 建立的氯仿熏蒸提取-碳自动分析法进行: 称取 4 份 10.00 g 新鲜土壤, 其中两份按 1:4 的土水比加入 K_2SO_4 浸提液 ($0.5 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$), 另两份在真空干燥器内用氯仿熏蒸 24 h, 去除氯仿后立即浸提. 浸提液中 ^{14}C 放射性强度采用液体闪烁仪 (LS-6500, Beckman) 测定, 根据不熏蒸土样浸提液中 ^{14}C 放射性强度计算 ^{14}C -DOC 含量, 根据熏蒸土样与不熏蒸土样浸提液 ^{14}C 放射性强度之差计算 ^{14}C -MBC 含量, 计算方法参见文献^[2, 18].

1.3.3 土壤细菌 *cbbL* 基因克隆、测序和系统发育分析

采用 FastDNA 土壤试剂盒 (Mpbio, USA) 分别提取壤土和砂土 DNA, 并利用紫外分光光度计 (Nanodrop, Germany) 测定 DNA 的浓度和纯度. 采用引物 K_{2f} ($5'$ -ACCA [C/T] CAAGCC [G/C] AAGCT

[C/G] GG-3') 和 V_{2r} ($5'$ -GCCTTC [C/G] AGCTTGCC [C/G] ACC [G/A] C-3') 分别扩增细菌 *cbbL* 基因片段^[20]. PCR 扩增反应体系配置如下: 12.5 μL $2 \times$ PCR MasterMix (天根, 中国), DNA 模板约 50 ng, 上下游引物各 0.1 $\mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$, 无菌水补至 25 μL . 扩增程序采用梯度降落 PCR 程序, 反应条件如下: 95°C 预变性 3 min, 5 个循环为 95°C 变性 30 s, $66 \sim 62^\circ\text{C}$ 退火 50 s, 72°C 延伸 90 s, 每次循环退火温度降低 1°C ; 后 30 个循环为 95°C 变性 45 s, 62°C 退火 50 s, 72°C 延伸 90 s; 72°C 最终延伸 10 min. PCR 扩增产物用 1.2% 琼脂糖电泳检测, 采用琼脂糖凝胶 DNA 回收试剂盒 (天根, 中国) 回收目标片段, 方法按说明书进行. 将 PCR 回收产物与 pGEM-Teasy (Promega, 德国) 载体连接后, 转入 *E. coli* DH5 α 感受态细胞, 构建重组质粒, 通过蓝白斑筛选, 随机挑选白色菌落, 采用载体通用引物 SP6 和 T7 鉴定阳性克隆, 筛选含目标片段的克隆送至华大基因公司测序, 分别建立壤土和砂土细菌 *cbbL* 基因文库. 利用 Mothur 软件对所获得的 *cbbL* 基因序列进行分析, 将相似性大于 95% 的序列归为同一个操作单元 (OTUs). 将 OTU 的代表性核苷酸序列翻译为氨基酸序列, 在 NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blastx>) 中进行同源性比对, 挑选相似度较高的同源氨基酸序列, 并利用 MEGA 6.0 中的邻接法 (Neighbor-joining) 构建系统发育树. 本研究所得序列在 EMBL 中的登录号为 LT559266-LT559471.

1.4 数据分析

采用 Microsoft Excel 2010 和 SPSS 16.0 对数据进行处理和统计分析, 不同质地土壤差异显著性采用独立样本 *t* 检验. 采用 Mothur 软件分析细菌 *cbbL* 克隆文库覆盖度 (Coverage)、物种丰富度指数 (Richness、ACE 和 Chao) 和物种多样性指数 (Simpson 和 Shannon). 利用 Mothur 软件中的 Libshuff 命令检验不同质地土壤自养微生物群落组成的差异显著性 ($P < 0.05$).

2 结果与分析

2.1 土壤质地对微生物同化碳含量的影响

连续标记培养 110 d 后, 不同质地土壤中均检测到了 ^{14}C -SOC. 壤质黏土 ^{14}C -SOC 含量范围为 $129.83 \sim 141.66 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 砂质黏壤土 ^{14}C -SOC 含量范围为 $95.80 \sim 112.91 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$. 两种质地土壤 ^{14}C -SOC 平均含量差异达显著水平, 表现为壤质黏土

高于砂质黏壤土(表2),说明土壤微生物同化碳含量受土壤质地的影响.壤质黏土¹⁴C-MBC和¹⁴C-DOC含量分别为37.82~59.35 mg·kg⁻¹和7.68~9.02 mg·kg⁻¹,砂质黏壤土¹⁴C-MBC和¹⁴C-DOC含量分别为

29.47~37.50 mg·kg⁻¹和3.60~4.79 mg·kg⁻¹,壤质黏土¹⁴C-MBC和¹⁴C-DOC平均含量均显著高于砂质黏壤土(表2),表明土壤质地影响了自养微生物同化碳在土壤中的转化过程.

表2 不同质地土壤¹⁴C-SOC、¹⁴C-MBC和¹⁴C-DOC含量¹⁾/mg·kg⁻¹

Table 2 Contents of ¹⁴C-SOC, ¹⁴C-MBC and ¹⁴C-DOC in soils with different texture/mg·kg⁻¹

土壤质地	¹⁴ C-SOC 含量	¹⁴ C-MBC 含量	¹⁴ C-DOC 含量
壤质黏土	133.81 ± 2.72a	49.16 ± 4.81a	8.10 ± 0.32a
砂质黏壤土	104.95 ± 4.15b	33.26 ± 1.69b	4.18 ± 0.34b

1)不同小写字母表示不同质地土壤之间差异显著(P<0.05)

2.2 土壤质地对自养固碳微生物多样性的影响

构建的两种质地土壤样品微生物的 *cbbL* 基因文库中共获得335条有效细菌 *cbbL* 基因序列.从表3可以看出,以95%序列相似度作为OTUs划分标准,从壤质黏土和砂质黏壤土中分别获得106和100个OTUs.两种质地土壤细菌 *cbbL* 基因克隆文库的覆盖度为50%~57.8%.稀疏曲线结果显示各个文库的稀疏曲线趋于平缓,进一步说明本研究建

立的克隆文库具有一定的代表性,能较好地反映土壤中自养微生物多样性(图1).通过对Richness、ACE和Shannon等多多样性指数进行分析,发现壤质黏土自养微生物多样性高于砂质黏壤土(表3).Libshuff分析结果显示,壤质黏土和砂质黏壤土细菌 *cbbL* 基因克隆文库存在显著性差异(P<0.05),说明土壤质地对含 *cbbL* 基因的自养微生物群落结构造成了显著影响.

表3 不同质地土壤细菌 *cbbL* 基因多样性

Table 3 Diversity of *cbbL*-containing bacteria in soils with different texture

土壤质地	克隆子数	覆盖度 ^[8] /%	Richness	ACE	Chao	Simpson 指数	Shannon 指数
壤质黏土	162	50	106	636	278	0.011 6	4.425
砂质黏壤土	173	57.8	100	501	289	0.011 7	4.348

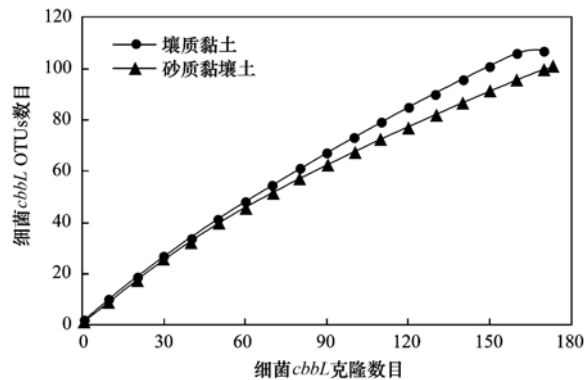


图1 不同质地土壤细菌 *cbbL* 克隆文库的稀疏曲线

Fig. 1 Rarefaction curves of bacterial *cbbL* genes in clone libraries from different texture soils

2.3 土壤质地对自养固碳微生物群落结构的影响

系统发育分析结果显示,本研究获得的206个 *cbbL* 基因型以兼性自养菌(FormIC)为主.两种质地土壤 *cbbL* 基因型在第X *cbbL* 基因簇分布较均匀,表明不同质地土壤严格自养菌组成差异不大(图2).壤质黏土中分别有23%和16%的 *cbbL* 基因型分布在第I和第II *cbbL* 基因簇,与嗜酸柏拉红菌 *Rhodoblastus acidophilus*、绿色绿芽菌 *Blastochloris*

viridis、腐殖质还原陶厄氏菌 *Thauera humireducens*、高效降解菌 *Mehylibium* sp.、贪噬菌 *Variovorax* sp.、伯克氏菌 *Burkholderiales bacterium* 等具有一定的同源性.壤质黏土中有28%的 *cbbL* 基因型为尚未被发现的新 *cbbL* 基因型,主要分布在第III和第VII *cbbL* 基因簇,说明壤质黏土中可能存在较多的新的自养固碳微生物.砂质黏壤土 *cbbL* 基因型主要分布在第V、第VIII和第IX *cbbL* 基因簇,分别占砂黏壤土 *cbbL* 基因型总数的11%、13%和24%,与 *Bradyrhizobium*、*Mesorhizobium* 和 *Nitrobacter* 等根瘤菌以及 *Mycobacterium* sp.、*Thermomonospora curvata*、*Actinobacteria*、*Nocardia brasiliensis* 等放线菌同源.这些结果表明壤质黏土和砂质黏壤土中含细菌 *cbbL* 基因的兼性自养微生物群落组成差异很大.

3 讨论

自养微生物在农田土壤中广泛存在,可以通过卡尔文循环固定大气中的CO₂,对提高农田生态系统的碳吸收和碳储存有着重要意义^[1,2].本研究对不同质地稻田土壤进行碳同位素连续标记培养实验,110 d培养结束后,两种质地土壤中均检测出了

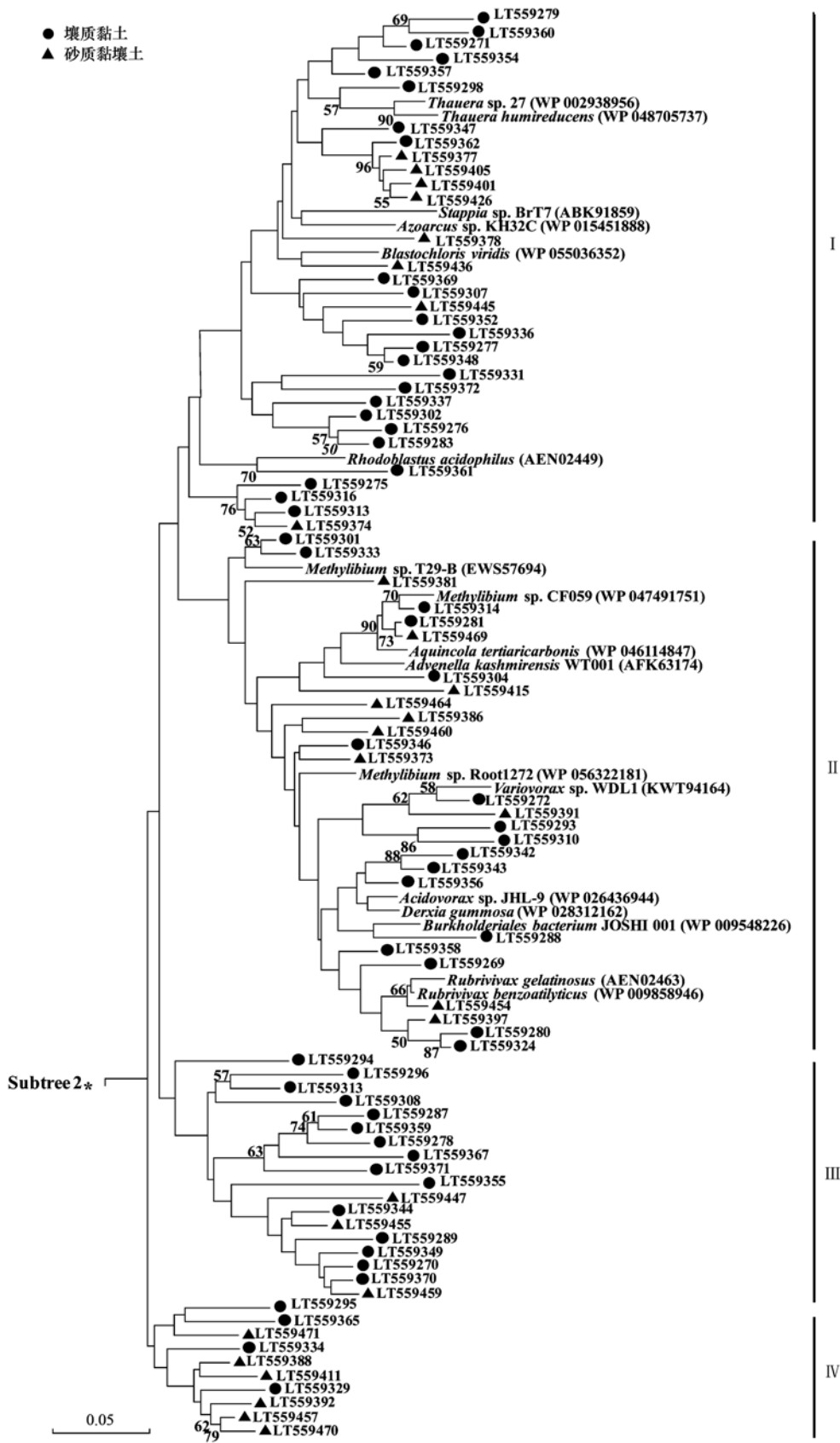
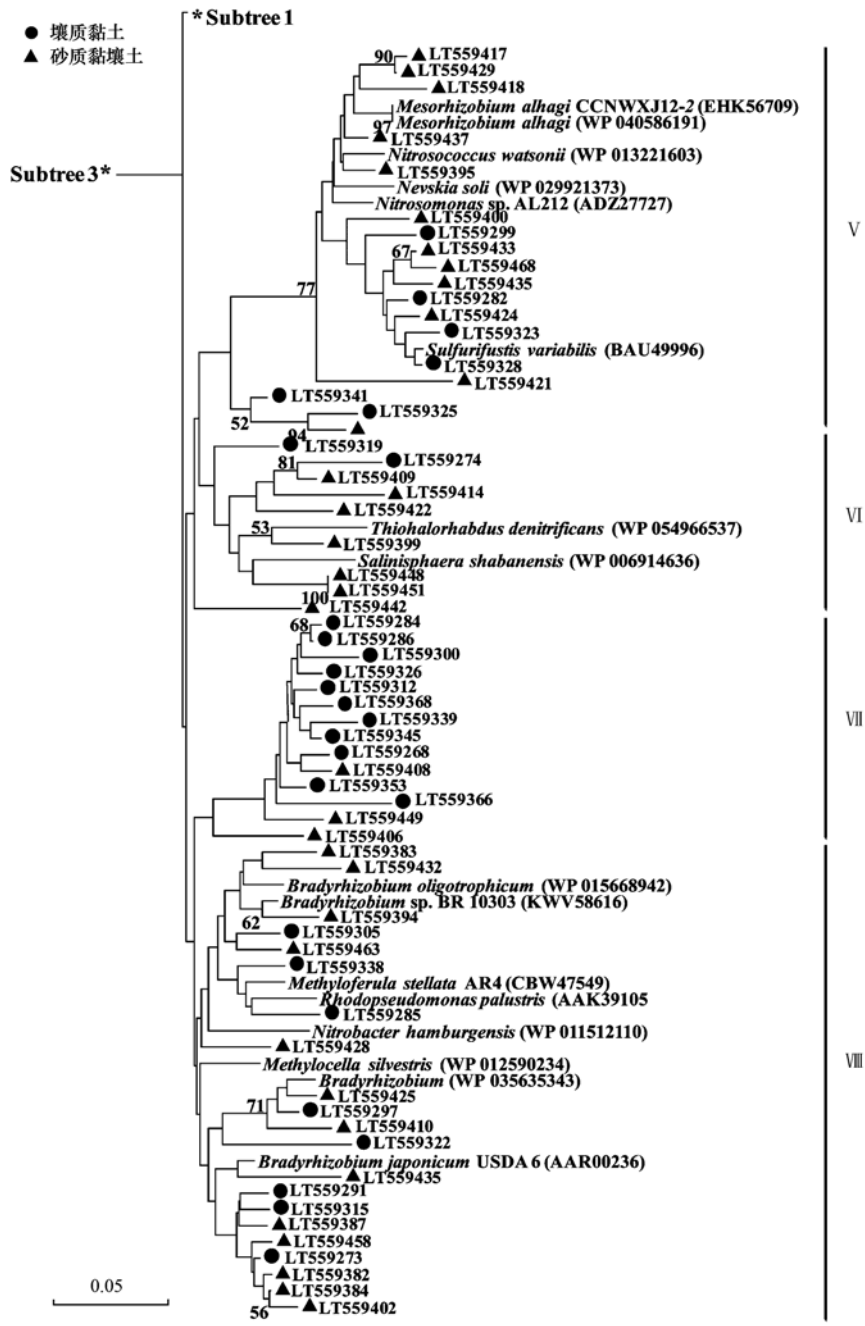


图 2 基于 *cbbL* 基因 164 个氨基酸序列片段构建的自养固碳微生物系统进化树

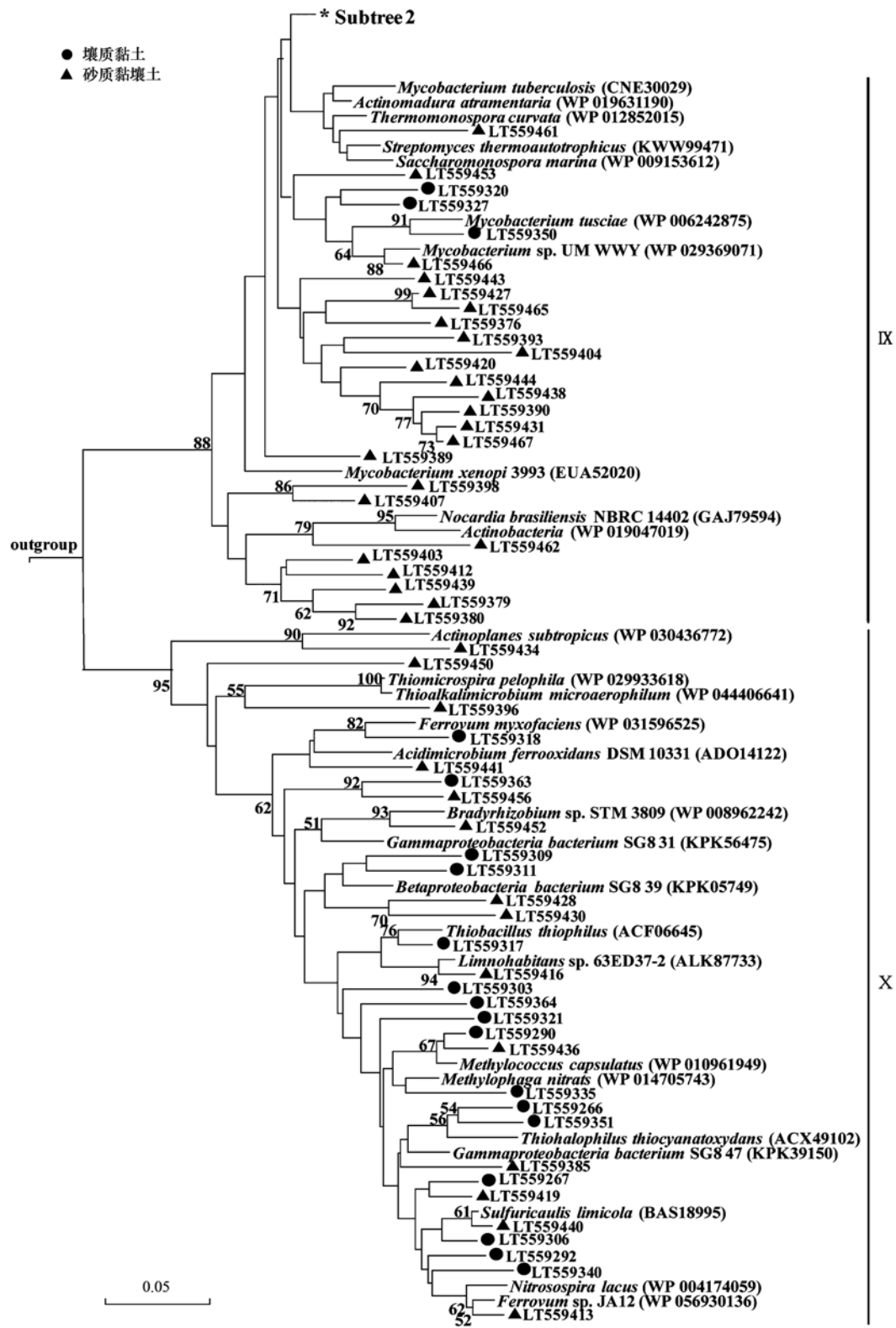
Fig. 2 Phylogenetic tree of *cbbL*-containing bacteria based on partial *cbbL* sequences (164 amino acids)



续图 2

较高的¹⁴C-SOC 含量,其含量介于 95.80 ~ 141.66 mg·kg⁻¹,高于 Yuan 等^[1]报道的稻田土壤自养微生物碳同化量(46.41 ~ 64.61 mg·kg⁻¹),这说明土壤微生物确实发挥了 CO₂ 同化能力. 以往的研究结果显示仅在光照培养土壤中检测到¹⁴C 标记碳,而在黑暗培养土壤中几乎检测不到¹⁴C^[1],说明在本实验条件(光照培养)下,两种质地土壤中的¹⁴C 主要由自养微生物固定. 但不同质地土壤¹⁴C 含量存在差异,壤质黏土¹⁴C-SOC 含量均显著高于砂质黏壤土,表明土壤质地显著影响自养微生物碳同化量,壤质黏土自

养微生物具有更高的固碳潜力,这可能与自养固碳微生物的多样性和群落结构有关. 与植物根际沉积碳相似^[21],土壤自养微生物同化碳(新碳)进入土壤后也向土壤微生物量碳库(MBC)和土壤可溶性碳库(DOC)活性碳库转化,但壤质黏土自养微生物同化碳向 MBC 和 DOC 转化的量(¹⁴C-MBC 和¹⁴C-DOC)高于砂质黏壤土,这表明土壤质地影响了自养微生物同化碳在土壤中的转化和稳定性. 与砂质黏壤土相比,壤质黏土养分含量较高,因而有利于维持更高的土壤微生物数量、代谢活性以及功能多样性,促



续图 2

进微生物对土壤新碳的转化利用^[2,8],使得壤质黏土¹⁴C-MBC和¹⁴C-DOC高于砂质黏壤。

质地不同的土壤其物理化学性质也不同,而土壤的理化性质又是影响自养固碳微生物数量、活性

和群落结构的重要生态因子^[1,7,9]。因此,土壤质地差异可能会引起自养固碳微生物群落结构及其多样性的变化,从而最终导致不同质地土壤自养固碳微生物碳同化量的差异。本研究通过构建 *cbbL* 基因克

隆文库和系统发育分析发现本研究土壤中自养固碳微生物以兼性自养菌为主,且土壤质地对自养固碳微生物群落结构和多样性产生了显著影响,壤质黏土比砂质黏壤土具有更高的自养固碳微生物多样性. 这可能与两种质地土壤理化性质不同有关. Xiao 等^[9]通过冗余分析发现土壤自养微生物群落结构是土壤环境因子综合作用的结果,土壤自养固碳微生物多样性受土壤黏粒含量、阳离子交换量和土壤有机质含量的显著影响. 黏粒含量和阳离子交换量越高,土壤中可溶性营养物质的积累越多,土壤养分越不容易流失^[22,23],越有利于自养固碳微生物(兼性自养微生物)的生长繁殖和活性的增强^[1,7,9]. 本研究中,两种质地土壤环境和养分含量差异较大,与砂质黏壤土相比,壤质黏土黏粒含量、土壤有机质、全氮含量和阳离子含量更高. 因此,壤质黏土可为土壤兼性自养微生物的生长提供更丰富的基质和能源物质,维持更高的自养固碳微生物的多样性,促进兼性自养菌的生长和代谢活性,因而壤质黏土自养微生物同化碳量较高;而砂质黏壤土黏粒组分含量低,营养物质和养分积累少,能为兼性自养菌提供的碳源和能源有限,自养固碳微生物多样性相对较低,生长代谢活动较弱,因而砂质黏壤土自养微生物同化碳量较低. 此外,运用 Libshuff 命令分析结果显示壤质黏土和砂质黏壤土的细菌 *cbbL* 基因文库存在显著性差异($P < 0.05$),说明土壤质地影响了细菌 *cbbL* 的群落结构. 壤质黏土 *cbbL* 基因序列与 *Rhodoblastus acidophilus*、*Blastochloris viridis*、*Thauera humireducens*、*Mehylibium* sp. 和 *Variovorax* sp. 等具有较高的同源性,而砂质黏壤土 *cbbL* 基因序列则与一些根瘤菌和放线菌同源. 稳定同位素核酸探针(DNA-SIP)分析结果表明,*Rhodoblastus acidophilus*(原 *Rhodopseudomonas*)、*Mehylibium* sp.、*Variovorax* sp. 和 *Bradyrhizobium* 等具有较强的 CO_2 同化能力,是参与稻田土壤 CO_2 固定的主要自养微生物类群^[24]. 目前对放线菌 CO_2 同化能力的研究较少,尽管许多放线菌全基因组序列中含有 *cbbL* 基因,不过,已证实的能通过卡尔文循环固定 CO_2 的放线菌菌群还非常少^[25~27]. 因此,不同质地土壤自养固碳微生物群落组成的差异可能是导致其碳同化量差异的另一重要原因,因为不同类型固碳细菌同化 CO_2 的能力不同.

4 结论

(1) ^{14}C - CO_2 连续标记培养 110 d 后,壤质黏土

^{14}C -SOC 含量范围为 $129.83 \sim 141.66 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,而砂质黏壤土 ^{14}C -SOC 含量范围为 $95.80 \sim 112.91 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,壤质黏土 ^{14}C -SOC 平均含量显著高于砂质黏壤土,说明壤质黏土有更高的固碳潜力.

(2) 土壤质地影响了土壤自养微生物同化碳在土壤中的转化, ^{14}C - CO_2 连续标记培养 110d 后,壤质黏土 ^{14}C -MBC 和壤质黏土 ^{14}C -DOC 平均含量分别为 $49.16 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 和 $8.10 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,显著高于砂质黏壤土 ^{14}C -MBC 和 ^{14}C -DOC 平均含量($33.21 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 和 $4.18 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$).

(3) 土壤质地改变了土壤自养固碳微生物群落结构($P < 0.05$)和多样性,壤质黏土具有更高的自养固碳微生物多样性.

参考文献:

- [1] Yuan H Z, Ge T D, Chen C Y, *et al.* Significant role for microbial autotrophy in the sequestration of soil carbon [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2012, **78**(7): 2328-2336.
- [2] Ge T D, Wu X H, Chen X J, *et al.* Microbial phototrophic fixation of atmospheric CO_2 in China subtropical upland and paddy soils [J]. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 2013, **113**: 70-78.
- [3] Tabita F R. Microbial ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase: a different perspective [J]. *Photosynthesis Research*, 1999, **60**(1): 1-28.
- [4] 陈晓娟, 吴小红, 简燕, 等. 农田土壤自养微生物碳同化潜力及其功能基因数量、关键酶活性分析 [J]. *环境科学*, 2014, **35**(3): 1144-1150.
- [5] 史然, 陈晓娟, 吴小红, 等. 土壤自养微生物同化碳向土壤有机碳库输入的定量研究: ^{14}C 连续标记法 [J]. *环境科学*, 2013, **34**(7): 2809-2814.
- [6] Selesi D, Schmid M, Hartmann A. Diversity of green-like and red-like ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large-subunit genes (*cbbL*) in differently managed agricultural soils [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, **71**(1): 175-184.
- [7] Yuan H Z, Ge T D, Wu X H, *et al.* Long-term field fertilization alters the diversity of autotrophic bacteria based on the ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase (RubisCO) large-subunit genes in paddy soil [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2012, **95**(4): 1061-1071.
- [8] Wu X H, Ge T D, Yuan H Z, *et al.* Changes in bacterial CO_2 fixation with depth in agricultural soils [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2014, **98**(5): 2309-2319.
- [9] Xiao K Q, Nie S A, Bao P, *et al.* Rhizosphere effect has no effect on marker genes related to autotrophic CO_2 fixation in paddy soils? [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2014, **14**(6): 1082-1087.
- [10] 沈冰洁, 祝贞科, 袁红朝, 等. 不同种植方式对亚热带红壤微生物多样性的影响 [J]. *环境科学*, 2015, **36**(10): 3839-3844.
- [11] 刘四义, 梁爱珍, 杨学明, 等. 不同部位玉米秸秆对两种质地黑土 CO_2 排放和微生物量的影响 [J]. *环境科学*, 2015,

- 36(7): 2686-2694.
- [12] Plante A F, Conant R T, Stewart C E, *et al.* Impact of soil texture on the distribution of soil organic matter in physical and chemical fractions[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2006, **70**(1): 287-296.
- [13] 苏永中, 杨晓, 杨荣. 黑河中游边缘荒漠-绿洲非饱和带土壤质地对土壤氮积累与地下水氮污染的影响[J]. *环境科学*, 2014, **35**(10): 3683-3691.
- [14] Videmšek U, Hagn A, Suhadolc M, *et al.* Abundance and diversity of CO₂-fixing bacteria in grassland soils close to natural carbon dioxide springs[J]. *Microbial Ecology*, 2009, **58**(1): 1-9.
- [15] Ge T D, Yuan H Z, Zhu H H, *et al.* Biological carbon assimilation and dynamics in a flooded rice-soil system[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2012, **48**: 39-46.
- [16] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2000.
- [17] Wu J, O'Donnell A G. Procedure for the simultaneous analysis of total and radioactive carbon in soil and plant materials[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1997, **29**(2): 199-202.
- [18] 聂三安, 周萍, 葛体达, 等. 水稻光合同化碳向土壤有机碳库输入的定量研究: ¹⁴C连续标记法[J]. *环境科学*, 2012, **33**(4): 1346-1351.
- [19] Wu J, Joergensen R G, Pommerening B, *et al.* Measurement of soil microbial biomass C by fumigation-extraction—an automated procedure[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1990, **22**(8): 1167-1169.
- [20] Tolli J, King G M. Diversity and structure of bacterial chemolithotrophic communities in pine forest and agroecosystem soils[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, **71**(12): 8411-8418.
- [21] Tavi N M, Martikainen P J, Lokko K, *et al.* Linking microbial community structure and allocation of plant-derived carbon in an organic agricultural soil using ¹³CO₂ pulse-chase labelling combined with ¹³C-PLFA profiling [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, **58**: 207-215.
- [22] Wang W J, Dalal R C, Moody P W, *et al.* Relationships of soil respiration to microbial biomass, substrate availability and clay content[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, **35**(2): 273-284.
- [23] 王德, 傅伯杰, 陈利顶, 等. 不同土地利用类型下土壤粒径分形分析——以黄土丘陵沟壑区为例[J]. *生态学报*, 2007, **27**(7): 3081-3089.
- [24] 钱明媚, 肖永良, 彭文涛, 等. 免耕水稻土固定 CO₂ 自养微生物多样性[J]. *中国环境科学*, 2015, **35**(12): 3754-3761.
- [25] Lee J H, Park D O, Park S W, *et al.* Expression and regulation of ribulose 1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase genes in *Mycobacterium* sp. strain JC1 DSM 3803 [J]. *The Journal of Microbiology*, 2009, **47**: 297.
- [26] Park S W, Hwang E H, Jang H S, *et al.* Presence of duplicate genes encoding a phylogenetically new subgroup of form I ribulose 1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase in *Mycobacterium* sp. strain JC1 DSM 3803 [J]. *Research in Microbiology*, 2009, **160**(2): 159-165.
- [27] Grostern A, Alvarez-Cohen L. RubisCO-based CO₂ fixation and C₁ metabolism in the actinobacterium *Pseudonocardia dioxanivorans* CB1190 [J]. *Environmental Microbiology*, 2013, **15**(11): 3040-3053.

CONTENTS

Scavenging Effect of Rime and East Wind on PM _{2.5} Under Air Heavy Pollution in Beijing	SUN Zhao-bin, LIAO Xiao-nong, WANG Zhan-shan, <i>et al.</i> (3679)
Impact of Collision Removal of Rainfall on Aerosol Particles of Different Sizes	DONG Qun, ZHAO Pu-sheng, CHEN Yi-na (3686)
Source Apportionment and Health Risk Assessment of VOCs During the Haze Period in the Winter in Beijing	LIU Dan, XIE Qiang, ZHANG Xin, <i>et al.</i> (3693)
Pollution Characteristics and Emission Coefficient of Volatile Organic Compounds from Shoe-making Industry in Zhejiang Province	XU Zhi-rong, YAO Yi, CAI Wei-dan, <i>et al.</i> (3702)
Oxidative Capacity of the PM ₁₀ and PM _{2.5} in Beijing During 2014 APEC	GUO Qian, SHAO Long-yi, WANG Wen-hua, <i>et al.</i> (3708)
Concentration, Water-Soluble Ionic and Polycyclic Aromatic Hydrocarbons Composition and Sources of PM _{2.5} During Summer in Hongshan District, Wuhan	SUN Yan, QI Shi-hua, ZHANG Li, <i>et al.</i> (3714)
Statistical Characteristics of Urban Changzhou PM _{2.5} Based on <i>k</i> -means Analysis	WANG Zhen, YU Yi-jun, XU Pu-qing, <i>et al.</i> (3723)
Comparison Test Between On-line Monitoring of Water-soluble Ions and Filter-based Manual Methods for PM _{2.5}	YANG Dong-yan, LIU Bao-xian, SHI Ai-jun, <i>et al.</i> (3730)
Chemical Composition of Water-soluble Ions in Smoke Emitted from Tree Branch Combustion	LIU Gang, HUANG Ke, LI Jiu-hai, <i>et al.</i> (3737)
Number Concentration and Size Distribution of Particles Emitted by Light-duty Gasoline Vehicles	FAN Xiao-xiao, JIANG Jing-kun, ZHANG Qiang, <i>et al.</i> (3743)
Testbed-Based Exhaust Emission Factors for Marine Diesel Engines in China	XING Hui, DUAN Shu-lin, HUANG Lian-zhong, <i>et al.</i> (3750)
Distribution, Source and Human Exposure of Phthalic Acid Esters (PAEs) in Surface Dust in Urban Area of Xi'an City, China	ZHANG Wen-juan, WANG Li-jun, WANG Li, <i>et al.</i> (3758)
Mercury Emission Characteristics and Mercury Concentrations of Municipal Solid Waste in Waste Incineration Plants	DUAN Zhen-ya, SU Hai-tao, WANG Feng-yang, <i>et al.</i> (3766)
Role of Sulfate-Reducing Bacteria in Mercury Methylation in Soil of the Water-Level-Fluctuating Zone of the Three Gorges Reservoir Area	CHEN Rui, CHEN Hua, WANG Ding-yong, <i>et al.</i> (3774)
Impact of Urbanization on the Sources of Dissolved <i>n</i> -alkane in Underground River	LIAO Yu, SUN Yu-chuan, SHEN Li-cheng, <i>et al.</i> (3781)
Source Apportionment and Ecological Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Surface Water from Yangtze River, China; Based on PMF Model	WANG Cheng-long, ZOU Xin-qing, ZHAO Yi-fei, <i>et al.</i> (3789)
Hydro-chemical Characteristics and Quality Assessment of Surface Water in Gongga Mountain Region	HE Xiao-li, WU Yan-hong, ZHOU Jun, <i>et al.</i> (3798)
UV-Visible Spectra Properties of DOM from Taizi River in Benxi City Section by Multivariable Analysis	QIAN Feng, WU Jie-yun, YU Hui-bin, <i>et al.</i> (3806)
Vertical Distribution Characteristics of Dissolved Organic Matter in Groundwater and Its Cause	HE Xiao-song, ZHANG Hui, HUANG Cai-hong, <i>et al.</i> (3813)
Sediment Characteristics of Sewer in Different Functional Areas of Kunming	CHANG Hai-dong, JIN Peng-kang, FU Bo-wen, <i>et al.</i> (3821)
Concentration of Phosphorus in Sediments Interstitial Water as Affected by Distribution of Aquatic Plants in Dianchi Lake	DING Shuai, WANG Sheng-rui, ZHANG Rui, <i>et al.</i> (3828)
Efficiency and Mechanism of Capping with Purple Parent Rocks to Control Phosphorus Release from Sediments	HUANG Xue-jiao, SHI Wen-hao, NI Jiu-pai, <i>et al.</i> (3835)
Temporal and Spatial Distribution of Phosphorus in Paddy Fields Under Cyclic Irrigation of Drainage Water	JIAO Ping-jin, XU Di, ZHU Jian-qiang, <i>et al.</i> (3842)
GO/QPEI Nanocomposite for Fast and High-capacity Removal of <i>M. Aeruginosa</i>	LI Jie, XIAO Lin (3850)
Enhanced Pollutant Removal Performance of an Integrated Biological Settling Tank from Micro-polluted Water Bodies	WANG Wen-dong, LIU Hui, MA Cui, <i>et al.</i> (3858)
Odorants Removal and Microbial Characteristics in Treatment of Micro-polluted Source Water with Biological Powdered Activated Carbon-Ultrafiltration Combined Process	XUAN Yong-qi, ZHOU Li, DENG Hui-ping, <i>et al.</i> (3864)
Effect of Polysilicic Acid on the Deposition Behavior of Different Aluminum Species	ZHAO Yuan-yuan, ZHANG Yue, LI Su-ying, <i>et al.</i> (3870)
Concentration Variation and Removal of Amino Acids in Typical Drinking Sources in the South of China	LIU Wei, CAI Guang-qiang, LU Xiao-yan, <i>et al.</i> (3877)
Degradation of the Nitrogenous Heterocyclic Compound Quinoline by O ₃ /UV	CHEN Ao-lei, CHANG Feng-min, WANG Cui-ping, <i>et al.</i> (3884)
Impact of Anthraquinone-2-sulfonic Acid on the MO Decolorization, Hydrogen Production and Energy Creation During Anaerobic Fermentation of <i>Klebsiella oxytoca</i> GS-4-08 with Sucrose	HU Jin-mei, YU Lei, HUANG Tian-yin (3891)
Classification and Analysis of Dissolved Organic Matter in 2-Buternal Manufacture Wastewater	SUN Xiu-mei, SONG Guang-qing, XI Hong-bo, <i>et al.</i> (3899)
Concentration of Nitrate in Main Anoxic Stage and PHA, TP Metabolism for Nitrogen and Phosphorus Removal in Single Sludge System with Continuous Flow	WANG Xiao-ling, YUAN Dong-dan, BAI Li, <i>et al.</i> (3906)
Distribution Characteristics of Anaerobic Ammonia Oxidation Bacteria in Sediments from the Adjacent Seas of Yangtze Estuary	FU Lu-lu, ZHEN Yu, HE Hui, <i>et al.</i> (3914)
Bacterial Community Composition of Activated Sludge from Coking Wastewater	MENG Xiao-jun, LI Hai-bo, CAO Hong-bin, <i>et al.</i> (3923)
Soil Bacterial Communities Under Different Vegetation Types in the Loess Plateau	LIU Yang, HUANG Yi-mei, ZENG Quan-chao (3931)
Effects of Phenol on Activity and Microfauna Community Structure of Activated Sludge	HU Xiao-bing, RAO Qiang, TANG Su-lan, <i>et al.</i> (3939)
Comparative Investigation of Antibiotic Resistance Genes Between Wastewater and Landfill Leachate	HUANG Fu-yi, LI Hu, AN Xin-li, <i>et al.</i> (3949)
Performance and Influencing Factors of Dissimilatory Nitrate Reduction to Ammonium Process by the Strain <i>Desulfonitrospira</i> sp. CMX	XIE Bing-ke, ZHANG Yu, WANG Xiao-wei, <i>et al.</i> (3955)
Effect of Straw Incorporation and Domestic Sewage Irrigation on Ammonia Volatilization from Paddy Fields	XU Shan-shan, HOU Peng-fu, FAN Li-hui, <i>et al.</i> (3963)
Seasonal Effect of Simulated Nitrogen Deposition on Soil Respiration and Soil Enzyme Activity in Masson Pine Forest in Mt. Jinyun, Chongqing, China	ZENG Qing-ping, HE Bing-hui, LI Yuan, <i>et al.</i> (3971)
Effects of Biochar Amendment and Irrigation on Denitrification Losses in Greenhouse Tomato Fields	ZHANG Wen-juan, SHE Dong-li, Gamareldawla H. D. Agbna, <i>et al.</i> (3979)
Effects of Soil Texture on Autotrophic CO ₂ Fixation Bacterial Communities and Their CO ₂ Assimilation Contents	WANG Qun-yan, WU Xiao-hong, ZHU Zhen-ke, <i>et al.</i> (3987)
Simulation of the Absorption, Migration and Accumulation Process of Heavy Metal Elements in Soil-crop System	SHI Ya-xing, WU Shao-hua, ZHOU Sheng-lu, <i>et al.</i> (3996)
Synergetic Control of Bioavailability of Pb, Cd and As in the Rice Paddy System by Combined Amendments	WANG Ying-jie, ZOU Jia-ling, YANG Wen-tao, <i>et al.</i> (4004)
Effects of Different Organic Materials on Bio-availability of Cd, Pb in a Contaminated Greenhouse Soil	ZHOU Gui-yu, JIANG Hui-min, YANG Jun-cheng, <i>et al.</i> (4011)
Effect of Montmorillonite on Fractions and Availability of Phosphorus in Soils Applied with Organic Fertilizer	SONG Xian-wei, ZHAO Xiu-lan, ZHANG Jin-zhong, <i>et al.</i> (4020)
Effect of Nano Zeolite on Chemical Fractions of Cd in Soil and Uptake by Chinese Cabbage at Different Soil pH and Cadmium Levels	QIN Yu-li, XIONG Shi-juan, XU Wei-hong, <i>et al.</i> (4030)
Characterization of Cr Tolerance and Accumulation in <i>Lolium perenne</i> L. and <i>Pharbitis purpurea</i> (L.) Voigt	DONG Bing-bing, CHEN You-yuan, HUI Hong-xia, <i>et al.</i> (4044)
<i>In vitro</i> Metabolism of Volatile Methyl Siloxanes	LI Min-dan, ZHENG Guo-mao, WAN Yi, <i>et al.</i> (4054)
Efficiency of Aerobic Co-composting of Urban Sludge and Chinese Medicinal Herbal Residues	SU Cheng-yuan, ZHENG Peng, RUAN Qi-hua, <i>et al.</i> (4062)

《环境科学》第6届编辑委员会

主 编: 赵进才

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
赵进才 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)

2016年10月15日 第37卷 第10期

ENVIRONMENTAL SCIENCE

(Monthly Started in 1976)

Vol. 37 No. 10 Oct. 15, 2016

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	赵进才	Editor-in -Chief		ZHAO Jin-cai
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	中国国际图书贸易集团有限公司 (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