

百方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心
■ 出版 科学出版社



2019

Vol.40 No.1
第40卷 第1期

目次

2015~2016年北京市3次空气重污染红色预警PM_{2.5}成因分析及效果评估..... 吕喆,魏巍,周颖,程水源,王晓琦(1)

长三角地区重点源减排对PM_{2.5}浓度的影响..... 于燕,王泽华,崔雪东,陈锋,徐宏辉(11)

上海市实施清洁空气行动计划的健康收益分析..... 戴海夏,安静宇,李莉,黄成,严茹莎,朱书慧,马英歌,宋伟民,阚海东(24)

京津冀及周边地区PM_{2.5}时空变化特征遥感监测分析..... 陈辉,厉青,李莹,张连华,毛慧琴,周伟,刘伟汉(33)

MODIS C006气溶胶光学厚度产品在京津冀典型环境背景下的适用性..... 王海林,刘琼,陈勇航,孙冉,李霞,张华,魏刚,胡俊,刘统强(44)

气象因素对香港地区臭氧污染的影响..... 赵伟,高博,刘明,卢清,马社霞,孙家仁,陈米国,范绍佳(55)

天津夏季边界层低层大气中PAN和O₃的输送特征分析..... 姚青,马志强,林伟立,刘敬乐,王晓佳,蔡子颖,韩素芹(67)

成都冬季PM_{2.5}化学组分污染特征及来源解析..... 吴明,吴丹,夏俊荣,赵天良,杨清健(76)

郑州市冬季天气PM_{2.5}传输路径和潜在源分析..... 段时光,姜楠,杨留明,张瑞芹(86)

常州春季PM_{2.5}中WSOC和WSON的污染特征与来源解析..... 李清,黄雯倩,马帅帅,黄红缨,叶招莲,陈敏东(94)

天津隧道机动车VOCs污染特征与排放因子..... 孙露娜,刘妍,赵静波,孙世达,宋从波,张静,李悦宁,林应超,王婷,毛洪钧(104)

机动车源大气颗粒物粒径分布及碳组分特征..... 梅德清,朱宗宁,孙天硕,王向丽,梅丛蔚,肖政臻(114)

超低排放路线下燃煤烟气可凝结颗粒物在WFGD、WESP中的转化特性..... 杨柳,张斌,王康慧,麻丁仁,盛文(121)

超低排放燃煤电厂颗粒物脱除特性..... 阮仁晖,谭厚章,段钰锋,杜勇乐,刘鹤欣,萧嘉繁,杨富鑫,张朋(126)

北京建筑施工裸地时空变化及扬尘污染排放..... 张立坤,李令军,姜磊,赵文慧,鹿海峰,王新辉,邱昀(135)

SCR装置对焦炉煤气燃烧废气中PCDD/Fs、PCBs和PCNs的协同脱除..... 任美慧,樊芸,王胜,许亮,张宁,张雪萍,陈吉平,张海军(143)

古浪河流域大气降水稳定同位素的时空特征及其环境意义..... 桂娟,李宗省,冯起,卫伟,李永格,吕越敏,袁瑞丰,张百娟(149)

夏季闽江CDOM的空间分布与降解特征..... 程琼,庄婉娥,王辉,陈菁,杨丽阳(157)

亚热带河口陆基养虾塘水体CDOM三维荧光光谱平行因子分析..... 朱爱菊,孙东耀,谭季,黄佳芳,罗敏(164)

基于UV-vis及EEMs解析周村水库夏秋季降雨不同相对分子质量DOM的光谱特征及来源..... 周石磊,张艺冉,黄廷林,刘艳芳,张磊,李贵霞,岳琳,罗晓(172)

分层型水源水库溶解性有机物质及其膜污染特性..... 李凯,王晓东,黄廷林,李舒,刘双(185)

重庆西部山区典型湖泊水-气界面CO₂交换通量及其影响因素..... 罗佳宸,倪茂飞,李思悦(192)

基于稀疏表达的水体遥感反射率高光谱重构及其应用..... 李渊,李云梅,郭宇龙,张运林,张毅博,胡耀霖,夏忠(200)

巢湖十五里河河床地貌单元沉积物硝化速率及污染特征..... 李如忠,阙凤翔,熊鸿斌,王莉(211)

特大城市河流表层沉积物磷形态分布及有效性:以成都市为例..... 丁瑶,欧阳莉莉,石清,高平川,赖承钺,陈舒平,贾滨洋,姚刚(219)

黄河中游(渭南—郑州段)全/多氟烷基化合物的分布及通量..... 李琦路,程相会,赵祯,郭萌然,袁梦,华夏,方祥光,孙红文(228)

重工业城市岩溶地下水中多环芳烃污染特征及来源..... 苗迎,孔祥胜,李成展(239)

沈抚新城地下水中PAHs的污染特征及健康风险评价..... 张士超,姚宏,向鑫鑫,刘殷佐,刘明利,鲁根涛,于晓华(248)

多环芳烃及其衍生物在北京纳污河流中的分布及健康风险..... 付璐婧,李一兵,乔梦,赵旭(256)

原水性质对新型含Ca²⁺复合混凝剂混凝过程的影响..... 曲江东,徐慧,徐建坤,段晋明,门彬,王东升(263)

水体中磺胺甲噁唑间接光降解作用..... 李聪鹤,车潇炜,白莹,石晓勇,苏荣国(273)

MoS₂/BiOI复合光催化剂制备及其光催化氧化还原性能..... 张亮,赵朝成,高先瑶,闫青云,王帅军,董培,侯亚璐(281)

纳米零价铜活化分子氧降解水中恩诺沙星..... 倪永炯,程永清,徐梦苑,邱春根,马晓雁,李军,邓靖(293)

不同类型LDHs负载改性麦饭石对Cr(VI)吸附性能..... 张翔凌,邓礼楚,方晨佳,雷雨,何春艳,高晨光,赵双杰,向洋(300)

单层硅烷负载磁铁矿纳米颗粒的制备及除磷性能..... 邢明超,谢强,陈守慧,吴德意(310)

新生态型聚硅酸铁锰处理染料废水的优化..... 唐立朋,魏群山,吕强,张弛,刘亚男,柳建设(318)

不同外加电压下自养型生物阴极还原硫酸盐的性能及生物膜群落响应..... 胡佳萍,曾翠平,骆海萍,刘广立,张仁铎,卢耀斌(327)

碳源对O/A-F/F模式积累内源聚合物及反硝化的影响..... 崔有为,金常林,王好韩,李晶(336)

进水C/P对SNEDPR系统脱氮除磷性能的影响..... 甄建园,于德爽,王晓霞,陈光辉,都叶奇,袁梦飞,杜世明(343)

不同污泥龄(SRT)对SNEDPR系统脱氮除磷影响..... 王晓霞,甄建园,赵骥,于德爽,都叶奇,杜世明,袁梦飞,张帆(352)

后置短程反硝化AOA-SBR工艺实现低C/N城市污水的脱氮除磷..... 巩秀珍,于德爽,袁梦飞,王晓霞,陈光辉,王钧,毕春雪,都叶奇(360)

缺氧-好氧连续流亚硝化颗粒污泥反应器的启动及稳定运行..... 李冬,郭跃洲,劳会妹,曹美忠,张杰(369)

低温SNAD颗粒污泥工艺启动方式..... 李冬,崔雅倩,赵世勋,刘志诚,张杰(376)

不同取样尺度和数量下针阔混交林土壤呼吸的空间异质性..... 严俊霞,孙琦,李君剑,李洪建(383)

轮作方式对冬水田温室气体排放的影响..... 冯夕,江长胜,彭小乐,李彦沛,郝庆菊(392)

紫色土N₂O排放及氨氧化微生物群落结构对玉米秸秆与化肥减量配施的响应..... 黄容,高明,王莹燕,黎嘉成,徐国鑫,罗梅,徐畅(401)

岩溶地区不同土地利用方式土壤固碳细菌群落结构特征..... 张双双,靳振江,贾远航,李强(412)

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..... 孙峰,田伟,张菲,陈彦,任学敏,庞发虎,李玉英,姚伦广,陈兆进(421)

硫酸盐还原菌介导的吸附态砷的迁移转化..... 贾欠欠,李伟,王亚男,段晋明,刘玉灿(430)

铅锌冶炼厂周边农田土壤重金属污染空间分布特征及风险评估..... 王洋洋,李方方,王笑阳,杨志辉,韩科,阮心玲(437)

新疆干旱区某矿冶场对周围土壤重金属累积的影响..... 杨伟光,王美娥,陈卫平(445)

九龙江流域水稻土重金属赋存形态及污染评价..... 林承奇,黄华斌,胡恭任,于瑞莲,郝春莉,林颖(453)

草海典型高原湿地食物链中汞同位素组成特征..... 许议元,何天容(461)

Cd、Zn交互作用对三七景天根系形态和重金属吸收积累的影响..... 郭俊梅,杨俊兴,杨军,陈同斌,李厚恩,徐铁兵,周小勇,叶勇,于豹(470)

不同浓度镉处理对铅胁迫下玉米生长和铅吸收的影响..... 王起凡,郭伟,常青,潘亮,周昕南,杨亮,李娥(480)

广西龙江鱼类镉含量分布特征及生物积累特性分析..... 王俊能,赵学敏,胡国成,钟松雄,姚玲爱,马千里,许振成(488)

6种消解方法对荧光测定生物体内聚苯乙烯微塑料的影响..... 邹亚丹,徐擎擎,张智,李富云,李锋民(496)

一种负载功能型微生物的营养缓释填料的制备及性能评价..... 冯克,徐丹华,成卓韦,於建明,陈建孟(504)

《环境科学》征订启事(113) 《环境科学》征稿简则(238) 信息(93, 262, 342)

岩溶地区不同土地利用方式土壤固碳细菌群落结构特征

张双双^{1,2}, 靳振江^{1,2,3,4*}, 贾远航^{1,2}, 李强^{5*}

(1. 桂林理工大学环境科学与工程学院, 桂林 541004; 2. 桂林理工大学岩溶地区水污染控制与用水安全保障协同创新中心, 桂林 541004; 3. 桂林理工大学广西矿冶与环境科学实验中心, 桂林 541004; 4. 桂林理工大学广西环境污染控制理论与技术重点实验室, 桂林 541004; 5. 中国地质科学院岩溶地质研究所, 自然资源部/广西壮族自治区岩溶动力学重点实验室, 桂林 541004)

摘要: 固碳细菌是土壤碳循环重要的微生物群落, 研究其群落结构特征对认识土壤生态系统的固碳机制具有重要意义. 以桂林毛村岩溶实验场的岩溶区、混合区与非岩溶区为研究样区, 采集稻田、玉米和柑橘园表层土壤, 以 *cbbLR* 为固碳细菌的指示基因, 采用高通量测序方法, 对比在三类区域土壤中固碳细菌的群落丰度、组成及多样性特征的异同. 结果表明, 三类区域土壤中固碳细菌属于变形菌门和放线菌门. 其中, 变形菌门的 α -变形菌纲 (α -Proteobacteria, 24.6%) 为三类区域土壤中的优势纲, 以根瘤菌为主的兼性自养菌是主要的固碳细菌. 在岩溶区, 伯克氏菌目 (Burkholderiales)、红假单胞菌属 (*Rhodopseudomonas*)、固氮螺菌属 (*Azospirillum*)、费氏根瘤菌 (*Sinorhizobium fredii* HH103)、豌豆根瘤菌 (*Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii*) 等微生物的丰度均高于混合区与非岩溶区; 而慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*) 为混合区与非岩溶区土壤中的优势种群. 冗余分析 (redundancy analysis) 表明, pH、土壤有机碳 (SOC)、可溶性有机碳 (DOC)、总氮 (TN) 和阳离子交换量 (CEC) 等土壤因子是影响固碳细菌群落结构差异的主要生态因子. 以上结果表明, 岩溶区的土壤特性对固碳细菌的群落结构有显著影响.

关键词: 岩溶区; 固碳细菌; *cbbLR* 基因; 根瘤菌; 高通量测序

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2019)01-0412-09 DOI: 10.13227/j.hjkt.201804123

Community Structure of CO₂-fixing Soil Bacteria from Different Land Use Types in Karst Areas

ZHANG Shuang-shuang^{1,2}, JIN Zhen-jiang^{1,2,3,4*}, JIA Yuan-hang^{1,2}, LI Qiang^{5*}

(1. College of Environmental Science and Engineering, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China; 2. Collaborative Innovation Center for Water Pollution Control and Water Safety in Karst Area, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China; 3. Guangxi Scientific Experiment Center of Mining, Metallurgy and Environment, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China; 4. Guangxi Key Laboratory of Environmental Pollution Control Theory and Technology, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China; 5. Key Laboratory of Karst Dynamics, Ministry of Natural Resources&Guangxi, Institute of Karst Geology, Chinese Academy of Geological Sciences, Guilin 541004, China)

Abstract: Carbon dioxide (CO₂)-fixing bacteria are important microbial communities of the soil carbon cycle. It is important to study their community structure characteristics in karst areas to understand the carbon-sequestration mechanism of the soil ecosystem. The top soil samples of paddy fields, maize fields, and citrus orchards were collected in a karst area, mixed zone, and non-karst area at the Maocun karst experimental site in Guilin. The community abundance, composition, and diversity of CO₂-fixing bacteria were analyzed using high-throughput sequencing technology with *cbbLR* as indicating gene. The results show that most of the CO₂-fixing bacteria can only be classified as the shallow taxonomic group including bacteria and actinomycetes. The α -Proteobacteria of Proteobacteria was the dominant class in the three areas. Facultative autotrophic bacteria dominated by rhizobia were the main CO₂-fixing bacteria. The abundances of Burkholderiales, *Rhodopseudomonas*, *Azospirillum*, *Sinorhizobium fredii* HH103, *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii* were higher in the karst area than in the other two areas. However, *Bradyrhizobium* is the dominant species in the mixing and non-karst areas. The redundancy analysis shows that the pH, soil organic carbon, soluble organic carbon, cation exchange capacity, and total nitrogen are the main ecological factors affecting the community structure of CO₂-fixing bacteria. The above-mentioned results show that the soil properties in the karst area can significantly affect the community structure of CO₂-fixing bacteria.

Key words: karst area; CO₂-fixing bacteria; *cbbLR* gene; *Bradyrhizobium*; high-throughput sequencing

收稿日期: 2018-04-16; 修订日期: 2018-07-05

基金项目: 国家自然科学基金项目(41867008, 41361054, 41003038); 广西自然科学基金项目(2011GXNSFA01018006); 桂林理工大学博士启动基金项目(2004041); 广西高等学校高水平创新团队及卓越学者计划项目(002401013001)

作者简介: 张双双(1992~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为环境微生物, E-mail: 2318041835@qq.com

* 通信作者, E-mail: zhenjiangjin@163.com; glqiangli@163.com

二氧化碳是影响“温室效应”最主要的气体,因此,降低大气中二氧化碳浓度有利于降低温室效应给地球生态系统带来的负面影响.在陆地生态系统中,土壤微生物是物质循环和能量流动的重要参与者,是地球表层系统最活跃的组成部分^[1].其中,具有固碳功能的细菌分布广泛,且环境适应能力很强,因此在降低大气二氧化碳浓度中的作用值得重视^[2,3].农田生态系统因为受人类活动的干扰强度较高,土壤中的固碳细菌群落结构极有可能产生较大变化,进而影响其固碳功能,并最终在一定程度上改变陆地生态系统的碳库^[4,5].

在岩溶生态系统中,由于强烈的岩溶作用,土壤中的 CO₂ 浓度是非岩溶区的 10 ~ 300 倍^[6],因此,在较高二氧化碳浓度的岩溶区,固碳细菌群落结构就更值得关注.目前,对土壤中固碳细菌群落的研究主要集中在植被类型^[7,8]、土地利用^[9]、凋落物输入^[10]、施肥^[11]和根际环境^[12,13]对其群落结构的影响,以及农田土壤固碳细菌群落的固碳潜力研究^[5,14-16]等方面.王腾等^[17]采用荧光定量 PCR 和基因克隆技术研究了固碳细菌的群落结构,但是这些技术得出的微生物信息量相对有限.因此,本研究以岩溶区、混合区与非岩溶区为样点,选取样点内稻田、玉米和柑橘园这 3 种典型的土地利用类型土壤,以具有高度保守性的编码基因 *cbbLR* 作为“Green-like”的指示基因,采用能够得出较高信息

量的高通量测序技术,分析岩溶土壤的固碳细菌群落结构特征,以期深入认识岩溶土壤中固碳细菌群落结构.

1 材料与方法

1.1 供试土壤采集与前处理

本研究的长期定位实验点是位于广西壮族自治区桂林市东南的灵川县潮田乡的毛村岩溶实验场.本实验场分为岩溶区、混合区和非岩溶区土壤,岩溶区土壤为棕色石灰土,母岩为石灰岩和白云岩,非岩溶区土壤是母岩为砂页岩的地带性红壤,岩溶区和非岩溶区之间有一些过渡性的土壤,作为混合区^[17].选取不同区域内稻田、玉米、柑橘园的土壤为供试土壤,共选取 9 个土壤样地.岩溶区样地 3 个,分别为稻田(YD)、玉米(YY)、柑橘园(YG);混合区样地 3 个,分别为稻田(HD)、玉米(HY)、柑橘园(HG);非岩溶区样地 3 个,分别为稻田(FD)、玉米(FY)、柑橘园(FG).采集耕层土壤(0 ~ 20 cm),每个样地中随机采集 3 个等量土样,混为一个样品.去除植物根系和碎片等侵入体,一部分研磨过 2 mm 筛,放在 -20℃ 冰箱储存,以备提取土壤微生物 DNA;另一部分自然风干后研磨,分别过 0.85、0.25 和 0.15 mm 筛,用于测定土壤理化性质.土壤理化性质见表 1.

表 1 岩溶区、混合区、非岩溶区的不同土地利用方式下土壤理化性质

Table 1 Physical and chemical soil properties of three land use types in karst, mixed, and non-karst areas

土地利用	采样区域	pH/H ₂ O	SOC /g·kg ⁻¹	DOC /mg·kg ⁻¹	TN /g·kg ⁻¹	AN /mg·kg ⁻¹	C/N /%	CEC /cmol·kg ⁻¹
稻田	岩溶区	7.98	32.40	223.75	1.82	26.26	17.77	8.17
	混合区	6.06	30.58	191.63	1.34	151.70	22.78	9.73
	非岩溶区	5.76	24.89	189.49	1.21	156.28	20.60	9.54
玉米	岩溶区	8.15	32.75	225.25	1.67	36.20	19.57	15.32
	混合区	5.90	22.11	202.80	1.16	147.49	19.08	8.55
	非岩溶区	5.14	20.04	201.61	1.07	150.33	18.69	9.53
柑橘	岩溶区	7.73	40.13	264.97	1.70	38.85	23.56	19.58
	混合区	6.23	21.12	186.23	0.98	118.46	21.47	8.36
	非岩溶区	4.85	27.24	181.69	0.96	131.26	28.24	12.47

1.2 土壤理化性质测定

分析方法参照文献^[18]进行. pH 值采用精密 pH 计直接测定;土壤有机碳(SOC)采用浓硫酸-重铬酸钾外加热法测定;土壤可溶性有机碳(DOC)采用水土振荡提取法,再用 TOC 总有机碳分析仪测定;土壤总氮(TN)采用浓硫酸消煮-凯氏定氮法测定;碱解氮(AN)采用碱解扩散法测定;阳离子交换量(CEC)采用 EDTA-铵盐快速法测定.

1.3 土壤 DNA 提取

土壤微生物总 DNA 使用 DNA 快速提取试剂盒(Power Soil, Mo Bio 公司)提取,采用微量紫外分光光度计(Quawell 5000, 美国)测定 DNA 浓度和纯度.

1.4 高通量测序

本实验对固碳功能基因 *cbbLR* 进行 PCR 扩增获得目标 DNA 片段,引物对为:*cbbLR*-F (5'-AAG GAY GAC GAC AAC ATC-3'); *cbbLR*-R (5'-TGC

AGS ATC ATG TCR TT-3'). 扩增体系(25 μ L):模板 DNA(稀释到 5 ng $\cdot\mu$ L⁻¹)1 μ L, 上下游引物各 1 μ L, Go Taq[®] Green Master Mix 12.5 μ L, 补无菌 ddH₂O 至 25 μ L. 反应条件为:95 $^{\circ}$ C 预变性 3 min; 91 $^{\circ}$ C 变性 1 min; 52.5 $^{\circ}$ C 退火 1 min; 72 $^{\circ}$ C 延伸 2 min, 32 个循环; 68 $^{\circ}$ C 终延伸 10 min.

对 PCR 产物进行纯化, 取纯化产物进行高通量测序. Illumina MiSeq 测序技术平台通量高, 数据完整, 并且经济快速, 因此测序工作交由华大基因采用 Illumina MiSeq 测序技术平台进行, 下机数据选择 Silva 数据库进行对比得出分类鉴定结果.

1.5 数据分析

数据处理采用 Excel 2010 和 SPSS 19.0, 稀释曲线采用 ORIGIN 绘图软件, 群落多样性和环境因子的关系采用 Canoco 5 软件分析, 基于 DCA 的结果选用 RDA 进行关联分析.

2 结果与分析

2.1 *cbbLR* 固碳基因的多样性分析

本研究中, YD、YY、YG、HD、HY、HG、FD、FY 和 FG 等 9 个测序样品分别测了 60230、81526、

80535、73832、50791、63632、87160、70267 和 74962 条序列, 共获得 642935 条序列, 8348 个 OTU. 将测序结果在 97% 相似度下进行聚类, 得到 OTU 的代表序列, 并与数据库比对进行物种注释, 置信度阈值设为 0.8. 通过绘制稀释曲线可间接反映土壤样品中物种的丰富程度, 当曲线趋于平缓时可认为测序深度已经基本覆盖到样品中所有的物种. 图 1 是分别用 Chao 指数和 Shannon 指数多样性指标来进行稀释曲线的制作. 结果显示, 每个样品的稀释曲线都趋于平缓, 表明所测序列已经基本覆盖到土壤样品中的所有物种.

通过 Chao 指数、Ace 指数来分析样品中细菌群落的丰富度, Shannon 指数和 Simpson 指数是分析样品中细菌群落的多样性(Simpson 指数与生物多样性成反比, 值越大, 生物多样性越低), OTU 个数和序列数均可以显示土壤细菌群落的丰富度和多样性, 结果见表 2. 从中可知, 各项指数的变化规律不一致, 但序列数更能表示土壤细菌群落多样性, 在岩溶区玉米和柑橘园土壤的序列数最大, 可以在一定程度上表明岩溶区土壤的固碳细菌群落多样性高于非岩溶区和混合区.

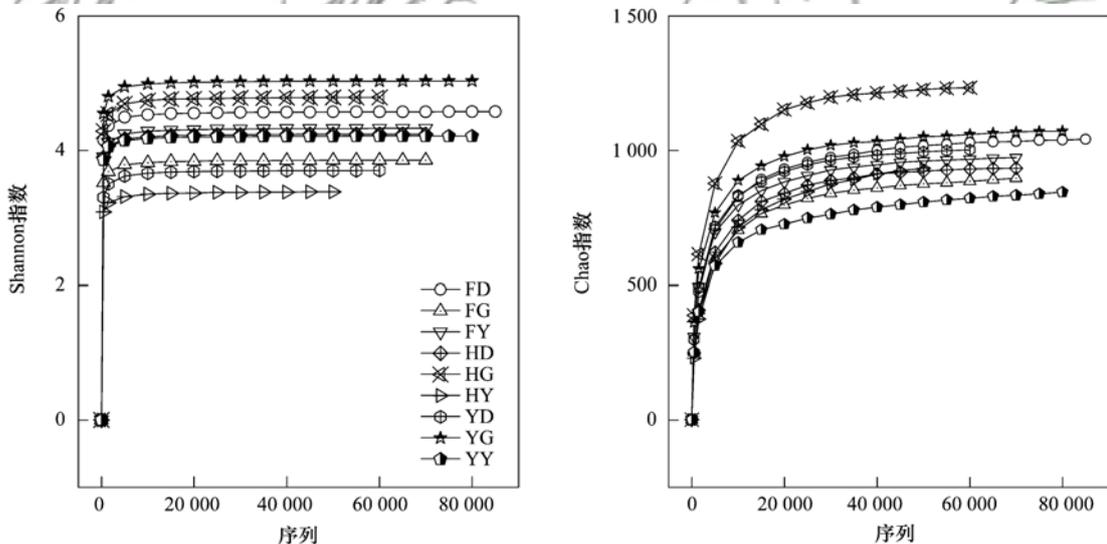


图 1 各土壤样品稀释曲线

Fig. 1 Rarefaction curve for each soil sample

表 2 基于 *cbbLR* 基因序列的固碳细菌群落结构分析

Table 2 Community structure analysis of CO₂-fixing bacteria based on the *cbbLR* gene sequence

样品	Chao 指数	Ace 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	OTU	序列	数量 ¹⁾				
							门	纲	目	科	属
YD	1003	1000	3.70	0.154	942	60230	2(1)	4(2)	7(3)	11(4)	15(8)
HD	934	940	4.24	0.040	880	73832	2(1)	4(2)	6(2)	10(3)	14(6)
FD	1043	1041	4.58	0.032	991	87160	3(2)	5(3)	8(3)	11(5)	14(6)
YY	847	826	4.21	0.047	779	81526	3(2)	5(3)	8(3)	12(5)	16(9)
HY	934	938	3.38	0.115	802	50791	3(2)	5(3)	8(3)	12(5)	15(7)
FY	974	971	4.33	0.057	922	70267	3(2)	5(3)	11(5)	16(7)	19(9)
YG	1072	1064	5.03	0.019	1025	80535	3(2)	5(3)	9(3)	13(5)	17(9)
HG	1238	1240	4.79	0.041	1173	63632	2(1)	4(2)	8(4)	15(8)	20(12)
FG	903	894	3.86	0.084	834	74962	3(2)	5(3)	10(5)	13(6)	15(7)

1) 括号内数字表示已知的细菌类群

聚类 OTU (operational taxonomic units) 是微生物群落分析的核心环节, α 多样性评估可以用 OTU 个数来反映物种的丰富度^[12]. 利用大于 0.5% 的 OTU 分类表格数据, 对各样点固碳细菌群落做成热图 (图 2) 并使用样点内 OTU 数的差异性来聚类分析.

基于固碳细菌群落多样性的聚类可以发现, 前 10 种 OTU 是岩溶区土壤的优势菌群, 而其余的 OTU 则是非岩溶区和混合区土壤的优势菌群. 岩溶区的 3 种土地利用方式可以很好地聚在一起, 而非

岩溶区和混合区不能很好地分开, 而且 HY、HG、FY 和 FG 能很好地聚在一起. 这个结果表明, 对于固碳细菌群落结构而言, 岩溶土壤地质背景的影响要大于土地利用方式, 说明土壤地质相似的生境更可以孕育出具有相同结构的群落类型^[19]. 而从土地利用方式的角度, 可以看出 YY 和 YG、HY 和 HG、FY 和 FG 这 3 组土壤均能很好地聚在一起, 而分别于 YD、HD、FD 分开, 可以说明水分管理也能使得土壤微生物群落结构产生差异.

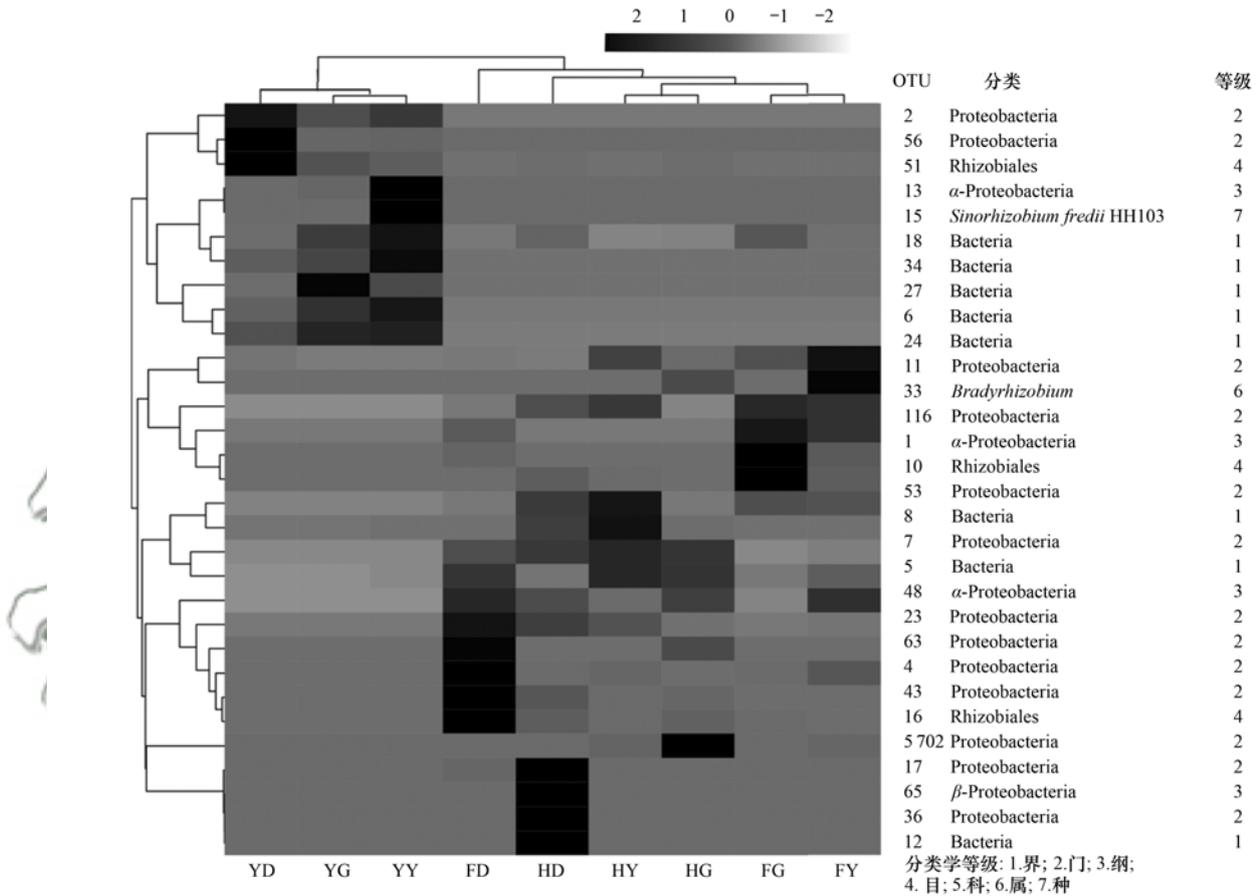


图 2 基于固碳细菌群落多样性的热图
Fig. 2 CO₂-fixing bacterial community diversity based on the image

2.2 cbbLR 固碳基因群落组成

本研究所得序列被归为 3 个门、5 个纲、11 个目、19 个科和 25 个属, 且这些微生物大多只能归类到分类水平比较浅的变形菌门 (Proteobacteria) 和放线菌门 (Actinobacteria) 的细菌类群中. 由图 3 可知, 变形菌门 (Proteobacteria) 为优势菌门, 占有所有门的比例为 45.8%. 序列数大于 0.5% 的 OTU 被视为优势 OTU, 在这些 OTU 中, 有 26.0% 的 Bacteria 未能进一步分类, α -变形菌纲 (α -Proteobacteria)、 β -变形菌纲 (β -Proteobacteria)、根瘤菌目 (Rhizobiales)、慢生根瘤菌科 (Bradyrhizobiaceae) 和慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*) 所占比例分别为 24.6%、1.1%、7.2%、1.2% 和 1.5%, 还有 1.6%

的微生物不能被分类, 其余微生物所占比例均不足 1.0%.

由图 3 可知, 慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*) 在所有土壤中均存在, 且在混合区与非岩溶区土壤中均是优势种群; 在玉米和柑橘园土壤中, 分类到较低水平的 Bacteria、Proteobacteria 等微生物在岩溶区的丰度高于混合区和非岩溶区; 在 3 种土地利用方式中, 在岩溶区土壤的伯克氏菌目 (*Burkholderiales*)、红假单胞菌属 (*Rhodopseudomonas*)、固氮螺菌属 (*Azospirillum*)、费氏根瘤菌 (*Sinorhizobium fredii* HH103) 和豌豆根瘤菌 (*Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii*) 等的微生物丰度均高于混合区和非岩溶区.

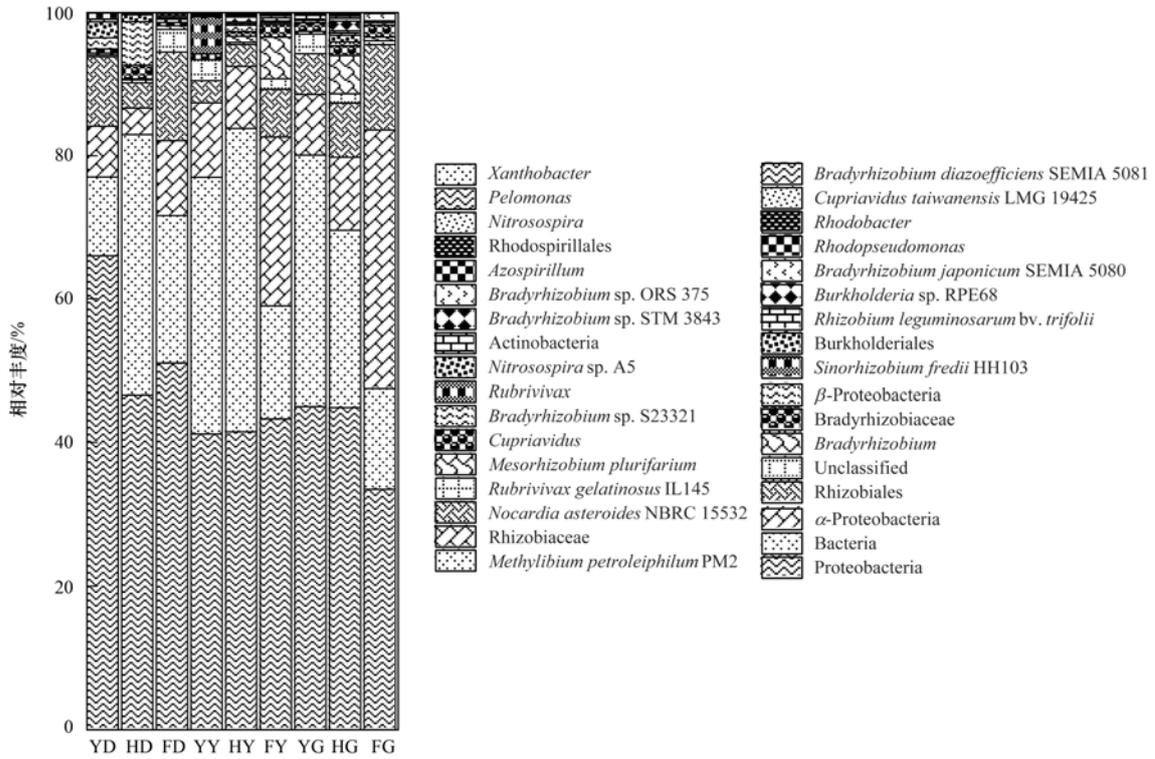


图 3 不同样点固碳细菌群落组成

Fig. 3 Composition of the CO₂-fixing bacterial community

2.3 岩溶与非岩溶土壤固碳细菌相关性分析

为分析土壤固碳细菌群落组成的差异,以土壤样品的 OTU 数为依据,分别以稻田、柑橘园、玉米分组,对同一土地利用方式下的岩溶区、混合区和非岩溶区土壤固碳细菌菌种构建韦恩图(图 4)进行多样性分析.图 4(b)中数据是根据图 4(a)中 OTU 数换算的 OTU 比例,稻田、玉米和柑橘园这三种土地利用方式下的土壤样品共有 OTU 比例分别为

2.3%、1.5%和0.8%,在稻田、玉米和柑橘园土壤样品中,岩溶与非岩溶土壤共有 OTU 比例分别为 2.0%、0.5%和 0.2%,岩溶与混合区土壤共有 OTU 比例为 3.7%、2.0%和 5.8%,非岩溶与混合区土壤共有 OTU 比例为 11.5%、14.0%和 28.0%.以上数据表明,与非岩溶区土壤和混合区土壤相比,岩溶区土壤固碳细菌的群落结构与前两者有较大差异.

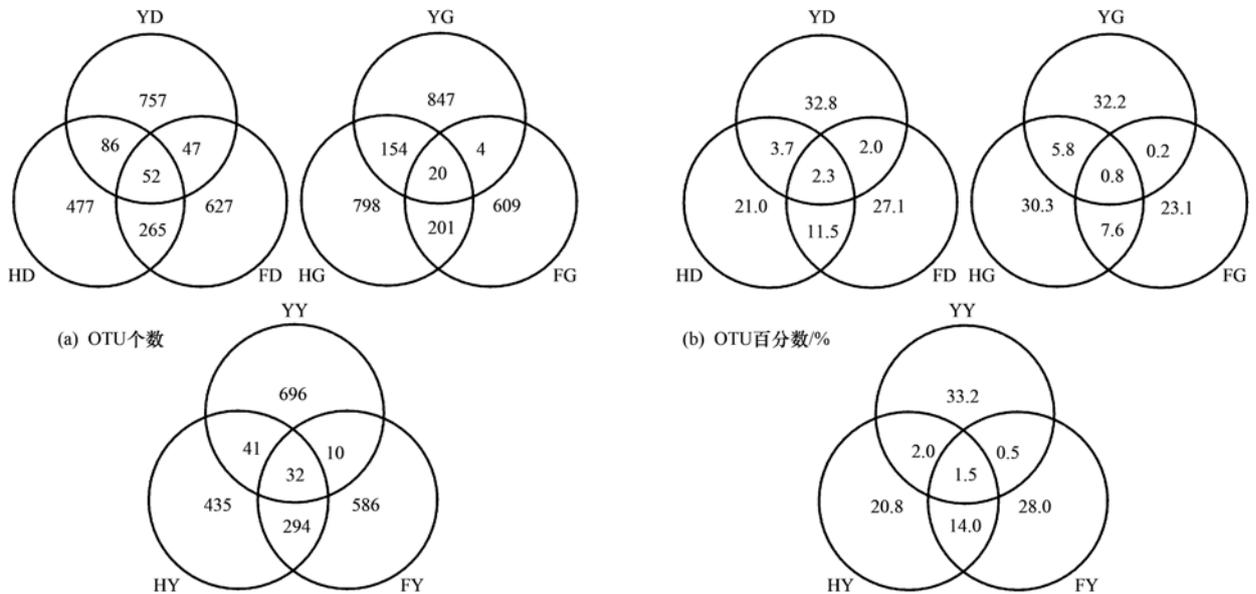


图 4 各样地土壤固碳细菌 OTU 韦恩图

Fig. 4 OTU Veen of soil CO₂-fixing bacteria in all types of soil

2.4 固碳细菌群落结构与土壤理化因子的冗余分析

为分析固碳细菌群落结构与土壤理化因子的关系，以具有代表性的优势 OTU 及其丰度作为物种数据，土壤理化数据作为土壤环境变量，进一步分析各土壤微生物与环境因子之间的关系，用 Canoco 5 软件作图(图 5)。由表 3 可得，统计得到轴 1、2、3 和 4 的特征值分别为 0.79、0.09、0.05 和 0.03，

所有微生物数据变化的累计解释率为 94.45%，微生物群落变化与环境因子关系综合累计解释率为 96.89%，包含了大部分微生物群落信息和土壤环境信息，能够很好地解释因素间的关系，排序轴与环境因子间的线性结构程度能够较好地反映物种与环境间的关系，即排序图基本上可完整地反映土壤微生物群落丰度与环境信息，排序结构可靠，可表达固碳细菌群落结构与土壤理化因子的关系。

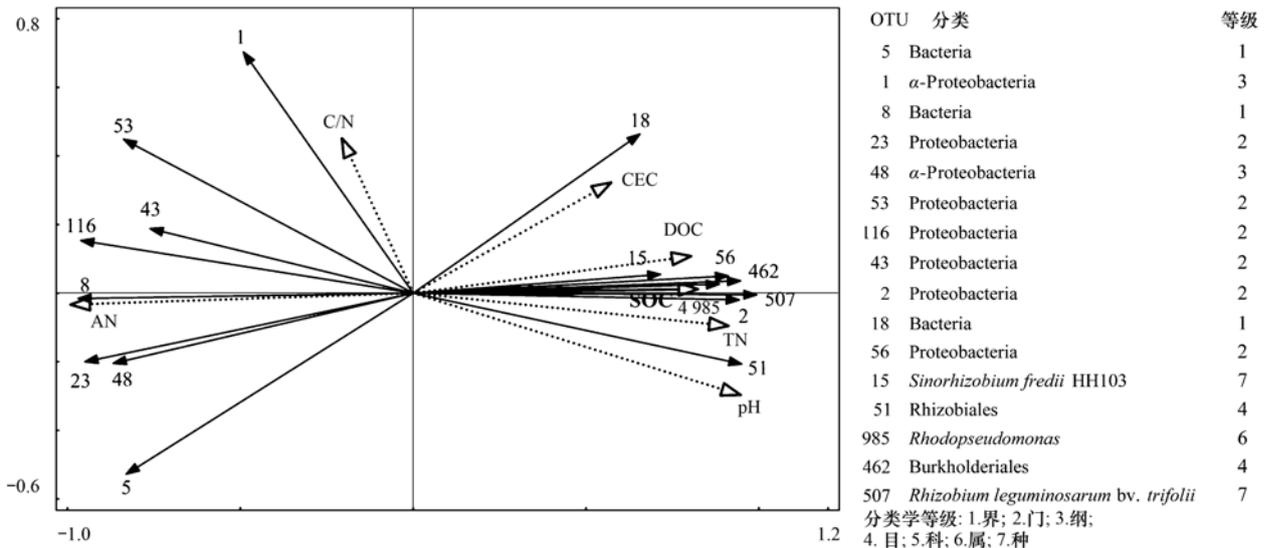
表 3 固碳细菌群落结构差异的解释变量冗余分析

Table 3 Explanatory variable redundancy analysis for diverse CO₂-fixing bacterial community structures

项目	Axis 1	Axis 2	Axis 3	Axis 4
特征值	0.79	0.09	0.05	0.03
微生物群落变化累计解释率/%	78.64	87.30	91.84	94.45
微生物群落变化与环境因子相关性	1.00	0.99	0.97	0.95
微生物群落变化与环境因子关系综合累计解释率/%	80.68	89.56	94.22	96.89

由图 5 可知，OTU 为 15、56、462、507、2、4985 和 51 的微生物之间呈显著正相关，且与 pH、土壤有机碳(SOC)、可溶性有机碳(DOC)、总氮(TN)、阳离子交换量(CEC)等环境因子呈显著正相关，与 AN 环境因子呈显著负相关。OTU 为 5、1、8、23、48、53、43 和 116 的微生物之间呈显著正相关，且与 pH、SOC、DOC、TN、CEC 等环境因子呈显著负相关。其中丰度较高的 Bacteria、Proteobacteria 等分类水平较低 9 种的微生物与环

境因子的关系截然不同，说明土壤中含有某种固碳微生物因技术受限而不能被准确归类和分析，OTU 为 462 (Burkholderiales, 伯克氏菌目)、51 (Rhizobiales, 根瘤菌目)、15 (*Sinorhizobium fredii* HH103, 费氏根瘤菌属)、4985 (*Rhodospseudomonas*, 红假单胞菌属)和 507 (*Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii*, 豌豆根瘤菌)的微生物均与环境因子关系相同，且 OTU 为 15、4985、507 和 51 的微生物均属于根瘤菌。



实心箭头代表属水平上的固碳细菌 OTU，两个箭头夹角的余弦值代表两个微生物类群间的相关性，空心箭头代表环境因子，用实心箭头和空心箭头夹角的余弦值代表该微生物类群与环境因子间的关系

图 5 固碳细菌与环境因子的冗余分析

Fig. 5 Redundancy analysis for CO₂ fixing bacteria and environmental factor

2.5 主成分分析

为了分析各土壤样品之间细菌组成差异，对不同样品 OTU 进行 PCA 分析(见图 6)。由图 6 可知，岩溶区与其它 2 类区域的土壤能很好地分开来，表

明岩溶区土壤中微生物群落结构与其它两类区域有显著差异。岩溶区的土壤样品距离较近，物种组成较相似；非岩溶区 FD 土壤样品与其它非岩溶区土壤样品相隔距离较远，而与混合区土壤聚在一起，

不能明显分开. 这个结果与图 2 的结果一致, 再次说明岩溶区固碳细菌群落结构的独特性.

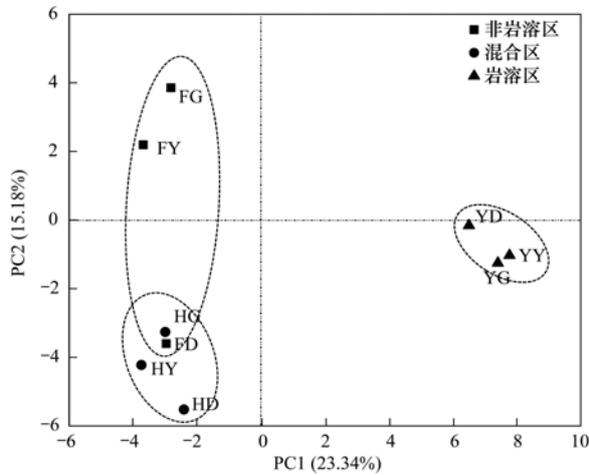


图 6 基于 OTU 丰度的 PCA 分析

Fig. 6 PCA analysis based on the OTU abundance

3 讨论

3.1 环境因子对固碳细菌群落的影响

有研究表明, SOC 与固碳微生物种群结构显著相关, 是影响该种群结构的主要环境因子^[14]. 在本研究中, 不同区域类型和土地利用方式造成的土壤环境差异也影响了土壤中固碳细菌的群落结构差异, 并且较高的土壤养分含量和 CEC 有利于固碳细菌的生长繁殖^[20], 并维持更高的土壤固碳细菌的多样性^[21]. OTU15 等 6 个 OTU 与 pH、SOC、DOC、TN 和 CEC 等环境因子呈显著正相关. 表明这些土壤因子是影响固碳细菌的群落结构的主要生态因子. 在位于亚热带气候的格鲁吉亚的松林土壤与花生、棉花农田土壤中, 固碳细菌的群落结构差异较大, 推测可能与不同土地利用类型和植被类型引起的土壤含水量、温度与有机碳差异有关^[9], 这与本研究的结论有一致的地方. 本研究中, *Sinorhizobium fredii* HH103、*Rhodopseudomonas*、*Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii*、Burkholderiales 和 Rhizobiales 等固碳细菌之间呈正相关关系, 与 pH、SOC、DOC、TN 和 CEC 等环境因子均呈显著的正相关关系. 岩溶区土壤呈弱碱性, 上述 5 个土壤因子均高于非岩溶区. 本研究中, *Sinorhizobium fredii* HH103、*Rhodopseudomonas*、*Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii*、Burkholderiales 和 Rhizobiales 等菌群在岩溶区土壤中相对丰度较高, 慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*) 等菌群在岩溶区土壤中相对丰度较低, 表明环境因子对土壤中固碳细菌群落在岩溶与非岩溶区存在差异具有很大的贡献. 这与图 2 的结果相一致, 对于固碳细菌群落结

构而言, 岩溶土壤地质背景的影响要大于土地利用方式, 土壤地质相似的生境更可以孕育出具有相同结构的群落类型

ICPP 第 4 次评估报告指出^[22], 改进水稻种植技术, 有效使用化肥, 提高作物产量, 增加土壤碳储存等技术措施对减缓 CO₂ 浓度有不可忽视的作用. 对中国南方红壤水稻土^[23] 和黄泥土水稻土^[11] 进行研究, 结果均表明氮磷钾 (NPK) 配施与 NPK 配施秸秆还田均提高了固碳细菌丰度和多样性, 施肥措施可以直接或间接地为土壤中固碳细菌提供能量物质, 既促进水稻生长增加碳储存, 又增加固碳细菌对大气中 CO₂ 的固定. 这两个结果说明, 培肥土壤能够增加土壤有机碳的含量, 提高了土壤固碳细菌群落的丰度与多样性.

3.2 已知分类优势固碳细菌群落结构与环境因子的关系

本文所获得的所有菌群均属于两大门: 变形菌门和放线菌门. 变形菌门在所有土壤中均占最大比例, 与其他研究学者的结论一致^[15, 24]. 在本研究中, 变形菌门的 α -变形菌纲 (α -Proteobacteria, 32.2%) 和 β -变形菌纲 (β -Proteobacteria, 2.0%) 为土壤中的优势纲, 这与许多研究土壤微生物多样性的结论一致^[15, 25], 而在研究海洋表层海水的微生物多样性时发现, 变形菌门的优势纲为 γ -变形菌纲和 β -变形菌纲^[24], 而非 α -变形菌纲. 在海洋表层海水中发现外硫红螺菌属是 γ -变形菌纲中最多的属, 它能利用光能, 固定 CO₂; 而在农田土壤中, 兼性自养微生物最多, 在植被修复和长期施肥过程中发现, α -变形菌纲的丰度不断上升^[25], 这表明 α -变形菌纲的丰度可能与营养物质丰富的土壤有关, 因此, 肥沃的农田土壤中 α -变形菌纲为优势纲.

Bradyrhizobium 在所有土壤中均存在, 是混合区与非岩溶区土壤中的优势种群, 这是因为 *Bradyrhizobium* 喜好酸性土壤^[26], 而在碱性相对较高的岩溶区土壤中并不占优势. *Bradyrhizobium* 为化能自养型固碳细菌^[27], 能够利用还原态的无机物作为能源, 这些无机物包括铵盐、亚硝酸、硫、硫化氢、氢和亚铁化合物等. 在光照无法达到的非表层土壤中, 这些还原态无机物将成为固碳微生物的主要能源物质. 化能自养微生物又可以分为严格化能自养菌和兼性化能自养菌, 氢细菌^[28] 是生长速度最快的兼性化能自养菌, 因其可以吸收外源有机物而作为异养细菌生长, 因此比严格化能自养菌能适应更多的环境条件. 在农业生态系统不同土层深度的土壤中化能自养菌的群落结构研究发现, 许多 RubisCO I 的新基因型都来源于典型的兼性化

能自养菌^[9]。本研究中, 中华根瘤菌属 (*Sinorhizobium*)、根瘤菌属 (*Rhizobium*)、固氮螺菌属 (*Azospirillum*) 和 *Methylibium* 等微生物也均属兼性化能自养菌, 且这些菌属在岩溶区土壤中的相对丰度远远高于非岩溶区土壤, 表明这些微生物可能在岩溶区土壤氮循环中具有重要的作用。此外, 农田生态系统的土壤会受到人为影响, 比如施肥和秸秆还田等措施均能提高土壤有机碳的含量从而会提高固碳细菌群落多样性和丰度^[11, 29], 即不同土地类型的种植和管理方式带来土壤有机质等重要土壤因子的变动差异, 进而影响土壤微生物群落结构。

中华根瘤菌属 (*Sinorhizobium*) 是一类生活在土壤中的革兰氏阴性杆状细菌, 它可以在合适的条件下侵染豆科植物并与之进行共生结瘤固氮, 且有研究发现它的最佳生长环境是: 温度 25 ~ 30℃ (10 ~ 35℃), pH 6.0 ~ 8.0 (5.0 ~ 10.5)^[30]。本研究中发现, 中华根瘤菌属是岩溶区玉米地土壤 (YY) 的特有优势菌属, 可能原因有以下两点: 第一, YY 采样点的植被是玉米, 但有少量大豆套种; 第二, 岩溶区弱碱性环境适宜中华根瘤菌属微生物的生存, 因此具有很高的丰度。

4 结论

α -Proteobacteria 为土壤中的优势纲, 且 *Bradyrhizobium*、*Sinorhizobium* 和 *Rhizobium* 等为主要的固碳细菌类群。在岩溶区的稻田、玉米和柑橘园 3 种土地利用方式土壤中, *Sinorhizobium fredii* HH103、Burkholderiales、*Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii*、*Rhodopseudomonas*、*Azospirillum* 等微生物的丰度均高于混合区和非岩溶区; *Bradyrhizobium* 为混合区与非岩溶区土壤中的优势种群。分析表明, pH、SOC、DOC、TN 和 CEC 等土壤因子是影响固碳细菌群落结构差异的主要生态因子。

参考文献:

- [1] 翟心心. 岩溶区土壤 CO₂ 浓度和土壤酶活性的变化规律及其关系——以重庆青木关岩溶槽谷为例[D]. 重庆: 西南大学, 2011.
- [2] Elsaied H, Naganuma T. Phylogenetic diversity of ribulose-1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large-subunit genes from deep-sea microorganisms [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2001, **67**(4): 1751-1765.
- [3] 潘根兴, 李恋卿, 郑聚锋, 等. 土壤碳循环研究及中国稻田土壤固碳研究的进展与问题[J]. 土壤学报, 2008, **45**(5): 901-914.
Pan G X, Li L Q, Zheng J F, et al. Perspectives on cycling and sequestration of organic carbon in paddy soils of China[J]. Acta Pedologica Sinica, 2008, **45**(5): 901-914.
- [4] Smith P. Carbon sequestration in croplands: the potential in Europe and the global context [J]. European Journal of Agronomy, 2004, **20**(3): 229-236.
- [5] 韩冰, 王效科, 欧阳志云. 中国农田生态系统土壤碳库的饱和水平及其固碳潜力[J]. 农村生态环境, 2005, **21**(4): 6-11.
Han B, Wang X K, Ouyang Z Y. Saturation levels and carbon sequestration potentials of soil carbon pools in farmland ecosystems of China [J]. Rural Eco-Environment, 2005, **21**(4): 6-11.
- [6] 袁道先. 论岩溶环境系统[J]. 中国岩溶, 1988, **7**(3): 179-186.
Yuan D X. On the karst environmental system [J]. Carsologica Sinica, 1988, **7**(3): 179-186.
- [7] Wu X H, Ge T D, Yuan H Z, et al. Changes in bacterial CO₂ fixation with depth in agricultural soils [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2014, **98**(5): 2309-2319.
- [8] Xiao K Q, Nie S A, Bao P, et al. Rhizosphere effect has no effect on marker genes related to autotrophic CO₂ fixation in paddy soils? [J]. Journal of Soils and Sediments, 2014, **14**(6): 1082-1087.
- [9] 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.
- [10] 禹飞, 梁俊峰, 史静龙, 等. 林冠受损对小坑林场土壤固碳微生物群落结构的影响[J]. 微生物学通报, 2017, **44**(10): 2297-2306.
Yu F, Liang J F, Shi J L, et al. Effects of canopy damage on soil CO₂ fixation bacterial community structure in Xiaokeng forest farm [J]. Microbiology China, 2017, **44**(10): 2297-2306.
- [11] 靳振江, 潘根兴, 刘晓雨, 等. 太湖地区长期不同施肥水稻土 N₂ 和 CO₂ 固定细菌群落结构的特征与差异[J]. 植物营养与肥料学报, 2013, **19**(1): 82-92.
Jin Z J, Pan G X, Liu X Y, et al. Community structure characters and differences of N₂-fixing and CO₂-fixing bacteria under long-term fertilization in paddy soils of Taihu Lake region, China [J]. Plant Nutrition and Fertilizer Science, 2013, **19**(1): 82-92.
- [12] 陈泽斌, 李冰, 王定康, 等. 应用 Illumina MiSeq 高通量测序技术分析玉米内生细菌多样性[J]. 现代食品科技, 2016, **32**(2): 113-120.
Chen Z B, Li B, Wang D K, et al. Study on the diversity of endophytic bacteria in maize using Illumina MiSeq High-throughput sequencing system [J]. Modern Food Science and Technology, 2016, **32**(2): 113-120.
- [13] Yousuf B, Keshri J, Mishra A, et al. Application of targeted metagenomics to explore abundance and diversity of CO₂-fixing bacterial community using *cbhL* gene from the rhizosphere of *Arachis hypogaea* [J]. Gene, 2012, **506**(1): 18-24.
- [14] 葛体达, 袁红朝, 吴小红, 等. 典型农田土壤微生物碳同化潜力及其功能种群研究[A]. 见: 面向未来的土壤科学(中册)——中国土壤学会第十二次全国会员代表大会暨第九届海峡两岸土壤肥料学术交流研讨会论文集[C]. 成都: 中国土壤学会, 2012. 3.
- [15] 刘琼, 魏晓梦, 吴小红, 等. 稻田土壤固碳功能微生物群落结构和数量特征[J]. 环境科学, 2017, **38**(2): 760-768.
Liu Q, Wei X M, Wu X H, et al. Characteristic of abundances and diversity of carbon dioxide fixation microbes in paddy soils [J]. Environmental Science, 2017, **38**(2): 760-768.
- [16] 简燕. 土壤自养微生物固碳量及其同化碳在土壤理化组分中的含量与分配特征[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2015.
- [17] 王腾, 靳振江, 郭家怡, 等. 岩溶与非岩溶区稻田土壤 CO₂ 固定细菌的丰度比较[J]. 中国岩溶, 2018, **37**(1): 74-80.

- [18] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科学出版社, 1999.
- [19] 张灿. 夏季北极加拿大海盆浮冰区微生物区系组成及多样性[D]. 合肥: 中国科学技术大学, 2016.
- [20] 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-biphosphate carboxylase/oxygenase (RubisCO) large-subunit genes in paddy soil [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2012, **95**(4): 1061-1071.
- [21] 王群艳, 吴小红, 祝贞科, 等. 土壤质地对自养固碳微生物及其同化碳的影响[J]. *环境科学*, 2016, **37**(10): 3987-3995.
Wang Y Q, Wu X H, Zhu Z K, *et al.* Effects of soil texture on autotrophic CO₂ fixation bacterial communities and their CO₂ assimilation contents [J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(10): 3987-3995.
- [22] Parry M L, Canziani O F, Palutikof J P, *et al.* Climate Change 2007: Impacts, Adaptation and Vulnerability: Contribution of Working Group II to the Fourth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change [M]. Cambridge: Cambridge University Press, 2007.
- [23] 袁红朝, 秦红灵, 刘守龙, 等. 长期施肥对稻田土壤固碳功能菌群落结构和数量的影响[J]. *生态学报*, 2012, **32**(1): 183-189.
Yuan H Z, Qin H L, Liu S L, *et al.* Abundance and composition of CO₂ fixing bacteria in relation to long-term fertilization of paddy soils [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2012, **32**(1): 183-189.
- [24] 季风云, 明红霞, 李洪波, 等. 南海表层海水参与卡尔文循环的固碳基因多样性研究[J]. *环境科学学报*, 2016, **36**(11): 4037-4043.
Ji F Y, Ming H X, Li H B, *et al.* Diversity of CO₂ fixation gene in the surface waters of northern South China Sea in the Calvin cycle [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2016, **36**(11): 4037-4043.
- [25] 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.
- [26] 姚尧. 中国南方广东广西慢生根瘤菌系统发育及全基因组分析[D]. 北京: 中国农业大学, 2015.
- [27] 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.
Qian M M, Xiao Y L, Peng W T, *et al.* Diversities of autotrophic CO₂-fixing microbes in no-tillage paddy soils [J]. *China Environmental Science*, 2015, **35**(12): 3754-3761.
- [28] 周集体, 王竞, 杨凤林. 微生物固定 CO₂ 的研究进展[J]. *环境科学进展*, 1999, **7**(1): 1-9.
Zhou J T, Wang J, Yang F L. A review of carbon dioxide fixation by microorganisms [J]. *Advances in Environmental Science*, 1999, **7**(1): 1-9.
- [29] 靳振江. 耕作和长期施肥对稻田土壤微生物群落结构及活性的影响[D]. 南京: 南京农业大学, 2013.
- [30] 蒲强, 谭志远, 彭桂香, 等. 根瘤菌分类的新进展[J]. *微生物学通报*, 2016, **43**(3): 619-633.
Pu Q, Tan Z Y, Peng G X, *et al.* Advances in rhizobia taxonomy [J]. *Microbiology China*, 2016, **43**(3): 619-633.

CONTENTS

Cause and Effect Evaluation of PM _{2.5} During Three Red Alerts in Beijing from 2015 to 2016	LÜ Zhe, WEI Wei, ZHOU Ying, <i>et al.</i> (1)
Effects of Emission Reductions of Key Sources on the PM _{2.5} Concentrations in the Yangtze River Delta	YU Yan, WANG Ze-hua, CUI Xue-dong, <i>et al.</i> (11)
Health Benefit Analyses of the Clean Air Action Plan Implementation in Shanghai	DAI Hai-xia, AN Jing-yu, LI Li, <i>et al.</i> (24)
Monitoring and Analysis of the Spatio-temporal Change Characteristics of the PM _{2.5} Concentration Over Beijing-Tianjin-Hebei and Its Surrounding Regions Based on Remote Sensing	CHEN Hui, LI Qing, LI Ying, <i>et al.</i> (33)
Applicability of MODIS C006 Aerosol Products in a Typical Environmental Area of the Beijing-Tianjin-Hebei Region	WANG Hai-lin, LIU Qiong, CHEN Yong-hang, <i>et al.</i> (44)
Impact of Meteorological Factors on the Ozone Pollution in Hong Kong	ZHAO Wei, GAO Bo, LIU Ming, <i>et al.</i> (55)
Transport Characteristics of PAN and O ₃ in the Lower Atmosphere of the Boundary Layer in Tianjin in Summer	YAO Qing, MA Zhi-qiang, LIN Wei-li, <i>et al.</i> (67)
Analysis of Pollution Characteristics and Sources of PM _{2.5} Chemical Components in Chengdu in Winter	WU Ming, WU Dan, XIA Jun-rong, <i>et al.</i> (76)
Transport Pathways and Potential Sources of PM _{2.5} During the Winter in Zhengzhou	DUAN Shi-guang, JIANG Nan, YANG Liu-ming, <i>et al.</i> (86)
Characteristics and Sources of Water-soluble Organic Carbon/Nitrogen in PM _{2.5} During Spring in Changzhou	LI Qing, HUANG Wen-qian, MA Shuai-shuai, <i>et al.</i> (94)
Pollution Characteristics and Emission Factors of VOCs from Vehicle Emissions in the Tianjin Tunnel	SUN Lu-na, LIU Yan, ZHAO Jing-bo, <i>et al.</i> (104)
Size Distribution and Carbon Component Characteristics of Atmospheric Particulate Matter from Motor Vehicles	MEI De-qing, ZHU Zong-ning, SUN Tian-shuo, <i>et al.</i> (114)
Conversion Characteristics of Combustible Particles from Coal-fired Flue Gas in WFGD and WESP	YANG Liu, ZHANG Bin, WANG Kang-hui, <i>et al.</i> (121)
Particle Removal Characteristics of an Ultra-low Emission Coal-fired Power Plant	RUAN Ren-hui, TAN Hou-zhang, DUAN Yu-feng, <i>et al.</i> (126)
Spatial and Temporal Distribution Characteristics and Fugitive Dust Emission of Building Sites in Beijing	ZHANG Li-kun, LI Ling-jun, JIANG Lei, <i>et al.</i> (135)
Simultaneous Removal of Polychlorinated Dibenzo- <i>p</i> -dioxins/dibenzofurans, Polychlorinated Biphenyls, and Polychlorinated Naphthalenes From Flues Gases From Coke Gas Burning Using Selective Catalytic Reduction Equipment	REN Mei-hui, FAN Yun, WANG Sheng, <i>et al.</i> (143)
Space-Time Characteristics and Environmental Significance of the Stable Isotopes in Precipitation in the Gulang River Basin	GUI Juan, LI Zong-xing, FENG Qi, <i>et al.</i> (149)
Spatial Distribution and Degradation of CDOM in the Minjiang River in Summer	CHENG Qiong, ZHUANG Wan-e, WANG Hui, <i>et al.</i> (157)
Parallel Factor Analysis of Fluorescence Excitation Emission Matrix Spectroscopy of CDOM from the Mid-culture Period of Shrimp Ponds in a Subtropical Estuary	ZHU Ai-ju, SUN Dong-yao, TAN Ji, <i>et al.</i> (164)
Spectral Characteristics and Sources of Dissolved Organic Matter With Different Relative Molecular Weight from Rainwater From Summer and Autumn in the Zhoucun Reservoir Based on UV-Vis and EEMs	ZHOU Shi-lei, ZHANG Yi-ran, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (172)
Characteristics and Fouling Potential of Dissolved Organic Matter in a Stratified Source Water Reservoir	LI Kai, WANG Xiao-dong, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (185)
Water-Air Interface CO ₂ Exchange Flux of Typical Lakes in a Mountainous Area of the Western Chongqing and Their Influencing Factors	LUO Jia-chen, NI Mao-fei, LI Si-yue (192)
Reconstruction of Water Hyperspectral Remote Sensing Reflectance Based on Sparse Representation and Its Application	LI Yuan, LI Yun-mei, GUO Yu-long, <i>et al.</i> (200)
Nitrification Rates and Pollution Characteristics of Sediments with Different Geomorphic Features in the Shiwuli Stream, Chaohu Lake Basin	LI Ru-zhong, QUE Feng-xiang, XIONG Hong-bin, <i>et al.</i> (211)
Distribution and Bioavailability of Phosphorus in Surface Sediments in Megalopolis: A Case Study of Chengdu	DING Yao, OUYANG Li-li, SHI Qing, <i>et al.</i> (219)
Distribution and Fluxes of Perfluoroalkyl and Polyfluoroalkyl Substances in the Middle Reaches of the Yellow River (Weinan-Zhengzhou Section)	LI Qi-lu, CHENG Xiang-hui, ZHAO Zhen, <i>et al.</i> (228)
Distribution and Sources of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in a Karst Groundwater System in a Strongly Industrial City	MIAO Ying, KONG Xiang-sheng, LI Cheng-zhan (239)
Pollution Characteristic and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in the Groundwater of Shen-Fu New City in the Hunhe River Basin	ZHANG Shi-chao, YAO Hong, XIANG Xin-xin, <i>et al.</i> (248)
Distribution and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons and Their Derivatives in Wastewater-Receiving Rivers in Beijing	FU Lu-jing, LI Yi-bing, QIAO Meng, <i>et al.</i> (256)
Influence of the Coagulation Mechanism on the Coagulation Performances Using New Composite Coagulants: Role of the Raw Water Characteristics	QU Jiang-dong, XU Hui, XU Jian-kun, <i>et al.</i> (263)
Indirect Photodegradation of Sulfamethoxazole in Water	LI Cong-he, CHE Xiao-wei, BAI Ying, <i>et al.</i> (273)
Fabrication of the Heterojunction Photocatalyst MoS ₂ /BiOI and Its Investigation of Its Photocatalytic Reduction and Oxidation Activities	ZHANG Liang, ZHAO Chao-cheng, GAO Xian-yao, <i>et al.</i> (281)
Nanoscale Zero-valent Copper-Activated Molecular Oxygen for the Degradation of Enrofloxacin in Water	NI Yong-jiong, CHENG Yong-qing, XU Meng-yuan, <i>et al.</i> (293)
Adsorption of Cr(VI) in Water by Malfanite Modified with Different LDHs Coatings	ZHANG Xiang-ling, DENG Li-chu, FANG Chen-jia, <i>et al.</i> (300)
Preparation of the Silane Monolayer on Magnetite Nanoparticles and Its Performance with Respect to Phosphate Removal from Water	XING Ming-chao, XIE Qiang, CHEN Shou-hui, <i>et al.</i> (310)
Optimization of Dyeing Wastewater Treatment with New Eco-friendly Polysilicate Ferromanganese	TANG Li-peng, WEI Qun-shan, LÜ Qiang, <i>et al.</i> (318)
Sulfate Reduction and Microbial Community of Autotrophic Biocathode in Response to Externally Applied Voltage	HU Jia-ping, ZENG Cui-ping, LUO Hai-ping, <i>et al.</i> (327)
Effect of Carbon Sources on the Accumulation of Endogenous Polymers and Denitrification in the O/A-F/F Mode	CUI You-wei, JIN Chang-lin, WANG Hao-han, <i>et al.</i> (336)
Effect of the Influent C/P Ratio on the Nutrient Removal Characteristics of the SNEDPR System	ZHEN Jian-yuan, YU De-shuang, WANG Xiao-xia, <i>et al.</i> (343)
Effect of Different Sludge Retention Time (SRT) Operations on the Nutrient Removal Characteristics of a SNEDPR System	WANG Xiao-xia, ZHEN Jian-yuan, ZHAO Ji, <i>et al.</i> (352)
Denitrification and Phosphorus Removal from Low C/N Urban Sewage Based on a Post-Partial Denitrification AOA-SBR Process	GONG Xiu-zhen, YU De-shuang, YUAN Meng-fei, <i>et al.</i> (360)
Startup and Stabilization of Nitrosation in an Anoxic-aerobic Continuous-flow Reactor with Granules	LI Dong, GUO Yue-zhou, LAO Hui-mei, <i>et al.</i> (369)
Startup Strategies for the SNAD Granular Sludge Process at Low Temperature	LI Dong, CUI Ya-qian, ZHAO Shi-xun, <i>et al.</i> (376)
Effect of the Sampling Scale and Number on the Heterogeneity of Soil Respiration in a Mixed Broadleaf-conifer Forest	YAN Jun-xia, SUN Qi, LI Jun-jian, <i>et al.</i> (383)
Effects of the Crop Rotation on Greenhouse Gases from Flooded Paddy Fields	FENG Xi, JIANG Chang-sheng, PENG Xiao-le, <i>et al.</i> (392)
Response of the Soil N ₂ O Emission and Ammonia-oxidizing Microorganism Community to the Maize Straw Return with Reducing Fertilizer in Purple Soil	HUANG Rong, GAO Ming, WANG Ying-yan, <i>et al.</i> (401)
Community Structure of CO ₂ -fixing Soil Bacteria from Different Land Use Types in Karst Areas	ZHANG Shuang-shuang, JIN Zhen-jiang, JIA Yuan-hang, <i>et al.</i> (412)
Composition and Predictive Functional Analysis of Rhizosphere Bacterial Communities in Riparian Buffer Strips in the Danjiangkou Reservoir, China	SUN Feng, TIAN Wei, ZHANG Fei, <i>et al.</i> (421)
Migration and Transformation of Adsorbed Arsenic Mediated by Sulfate Reducing Bacteria	JIA Qian-qian, LI Wei, WANG Ya-nan, <i>et al.</i> (430)
Spatial Distribution and Risk Assessment of Heavy Metal Contamination in Surface Farmland Soil Around a Lead and Zinc Smelter	WANG Yang-yang, LI Fang-fang, WANG Xiao-yang, <i>et al.</i> (437)
Effect of a Mining and Smelting Plant on the Accumulation of Heavy Metals in Soils in Arid Areas in Xinjiang	YANG Wei-guang, WANG Mei-e, CHEN Wei-ping (445)
Assessment of the Speciation and Pollution of Heavy Metals in Paddy Soils from the Jiulong River Basin	LIN Cheng-qi, HUANG Hua-bin, HU Gong-ren, <i>et al.</i> (453)
Characteristics of Stable Mercury Isotopic Compositions in the Food Web of the Caohai Lake	XU Yi-yuan, HE Tian-rong (461)
Interaction of Cd and Zn Affecting the Root Morphology and Accumulation of Heavy Metals in <i>Sedum aizoon</i>	GUO Jun-mei, YANG Jun-xing, YANG Jun, <i>et al.</i> (470)
Effects of Different Concentrations of Lanthanum on the Growth and Uptake of Pb by Maize Grown Under Moderate Lead Stress	WANG Qi-fan, GUO Wei, CHANG Qing, <i>et al.</i> (480)
Distribution and Bioaccumulation Characteristics of Cadmium in Fish Species from the Longjiang River in the Guangxi Autonomous Region	WANG Jun-neng, ZHAO Xue-min, HU Guo-cheng, <i>et al.</i> (488)
Influence of Six Digestion Methods on the Determination of Polystyrene Microplastics in Organisms Using the Fluorescence Intensity	ZOU Ya-dan, XU Qing-qing, ZHANG Ge, <i>et al.</i> (496)
Preparation of a Nutritional Slow-release Packing Material with Function Microorganisms and Its Characteristics Evaluation	FENG Ke, XU Dan-hua, CHENG Zhuo-wei, <i>et al.</i> (504)