

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.6
第40卷 第6期

目次

北京城区大气金属元素干湿沉降特征	张国忠, 潘月鹏, 田世丽, 王永宏, 熊秋林, 李广, 顾梦娜, 吕雪梅, 倪雪, 何月欣, 黄威, 刘博文, 王跃思	(2493)
北京城郊 PM _{2.5} 中金属元素的污染特征及潜在生态风险评价	徐静, 李杏茹, 张兰, 陈曦, 杨阳, 刘永桥, 赵清	(2501)
上海城区二次气溶胶的形成: 光化学氧化与液相反应对二次气溶胶形成的影响	高杰, 乔利平, 楼晟荣, 严茹莎, 周敏, 刘瑜存, 冯加良, 黄丹丹	(2510)
天津市 2017 年重污染过程二次无机化学污染特征分析	徐虹, 肖致美, 陈魁, 李立伟, 杨宁, 高璟赞, 李源, 孔君, 毕温凯, 邓小文	(2519)
典型非金属矿物制造工艺过程源成分谱特征	赵雪艳, 于高峰, 王信梧, 张向炎, 殷宝辉, 刘盈盈, 王歆华, 杨文, 赵若杰	(2526)
垃圾焚烧厂排放颗粒物组分粒径分布特征	余卓君, 吴建会, 张裕芬, 张进生, 冯银厂, 李蒲	(2533)
天津市春季样方法道路扬尘碳组分特征及来源分析	马妍, 姬亚芹, 国纪良, 赵静琦, 李越洋, 王士宝, 张蕾	(2540)
霾天气下城市气溶胶吸湿性的观测	杨素英, 田芷洁, 张铁凝, 于兴娜, 李艳伟, 安俊琳, 赵秀勇, 李岩, 王梓航, 吴尚	(2546)
宁东能源化工基地大气 PM _{2.5} 中硝基多环芳烃污染特征及呼吸暴露风险	刘攀亮, 剧媛丽, 毛蒲萱, 黄韬, 高宏, 马建民	(2556)
2014 ~ 2016 年间郑州市控制 PM ₁₀ 和 PM _{2.5} 污染的健康效益评估	韩士杰, 王佳, 燕启社, 杨留明, 赵庆炎, 王申博, 李晨, 张轶舜, 张瑞芹	(2565)
1990 ~ 2017 年中国地区气溶胶光学厚度的时空分布及其主要影响类型	刘莹, 林爱文, 覃文敏, 何利杰, 李霄	(2572)
北京春季一次霾-沙天气污染特性与成因分析	王耀庭, 李青春, 郑祚芳, 窦有俊	(2582)
江苏省内河船舶大气污染物排放清单及特征	徐文文, 殷承启, 许雪记, 张玮	(2595)
亚热带稻区大气 NO ₂ 、HNO ₃ 及硝态氮污染特征及干湿沉降	欧阳秀琴, 王波, 沈健林, 朱潇, 王杰飞, 李勇, 吴金水	(2607)
长江源区降水氢氧稳定同位素特征及水汽来源	汪少勇, 王巧丽, 吴锦奎, 何晓波, 丁永建, 王利辉, 胡召富	(2615)
基于高山湖泊沉积记录的贵州北部大气重金属污染历史重建	梁梦瑶, 刘恩峰, 张恩楼, 纪明, 李小林	(2624)
青岛 4 个海水浴场微塑料的分布特征	罗雅丹, 林千惠, 贾芳丽, 徐功娣, 李锋民	(2631)
鄱阳湖湿地候鸟栖息地微塑料污染特征	刘淑丽, 简敏菲, 周隆胤, 李文华, 吴希恩, 饶丹	(2639)
三峡库区消落带土壤溶解性有机质溯源: 基于氮/碳比值的线性双端元源负荷分析	江韬, Joeri Kaal, 梁俭, 刘江, 张耀玲, 王定勇, 魏世强, 赵铮	(2647)
水生生物光合作用对雪玉洞岩溶水体中 CDOM 的影响	范佳鑫, 蒋勇军, 贺秋芳, 王家楠, 何瑞亮, 张彩云, 马丽娜, 汪啟容	(2657)
水化学和环境同位素对济南东源饮用水源地地下水演化过程的指示	张雅, 苏春利, 马燕华, 刘伟江	(2667)
崇左响水地区地下水水质分析及健康风险评价	周巾枚, 蒋忠诚, 徐光黎, 覃小群, 黄奇波, 张连凯	(2675)
云南荞麦地流域地下水水化学特征及物质来源分析	张勇, 郭纯青, 朱彦光, 于爽	(2686)
鄱阳湖流域多尺度 C、N 输送通量及其水质参数变化特征	陆瑶, 高扬, 贾珺杰, 宋贤威, 陈世博, 马明真, 郝卓	(2696)
合流制面源污染传输过程与污染源解析	房金秀, 谢文霞, 朱玉玺, 沈雷, 马玉坤, 李佳, 姜智绘, 李叙勇, 赵洪涛	(2705)
强化浅基质层干植草沟对道路径流的脱氮效果	段进凯, 李田, 张佳炜	(2715)
水源水库暴雨径流过程水体锰的迁移及其影响	邓立凡, 黄廷林, 李楠, 李凯, 吕晓龙, 毛雪静	(2722)
巢湖十五里河沉积物磷吸收潜力及对外源碳的响应	李如忠, 鲍琴, 张瑞钢, 陈慧	(2730)
金盆水库沉积物磷的来源及分布特征	毛雪静, 黄廷林, 李楠, 徐金兰, 苏露, 吕晓龙, 邓立凡	(2738)
水库水体热分层的水质及细菌群落分布特征	王禹冰, 王晓燕, 庞树江, 杨晓明, 刘洋	(2745)
不同水温分层水库沉积物间隙水营养盐垂向分布与细菌群落结构的关系	王慎, 张思思, 许尤, 官卓宇, 杨正健, 刘德富, 马骏	(2753)
表面流人工湿地长期运行后的底泥营养盐累积特征与释放规律	朱伊梦, 姜翠玲, 朱立琴, 杜观超, 高旭, 陈红卫, 李峰东, 张海阔, 张雪, 秦文凯, 李一平	(2764)
针铁矿改性生物炭对砷吸附性能	朱司航, 赵晶晶, 尹英杰, 商建英, 陈冲, 瞿婷	(2773)
改性稻壳生物炭对水溶液中甲基橙的吸附效果与机制	史月月, 单锐, 袁浩然	(2783)
厌氧膜生物反应器处理含盐废水运行效能及膜污染特性	闫欢沙, 许振钰, 金春姬, 邵梦雨, 郭亮, 赵阳国	(2793)
污水处理厂出水有机磷污染特征及强化去除	王小东, 王子文, 陈明飞, 王燕, 王硕, 李激	(2800)
碱度对沸石序批式反应器亚硝化的影响	王瑞鑫, 陈婧, 汪晓军, 胡浩林, Karasuta Chayangkun	(2807)
活性污泥物理结构对呼吸过程的影响	郭耀, 李志华, 杨成建, 王慧娟, 李亚明, 姜阳	(2813)
好氧颗粒污泥处理畜禽养殖沼液污染物的特性	廖杰, 叶嘉琦, 曾志超, 刘琳, 徐开钦, 刘超翔	(2821)
快速城市化区河流温室内空气排放的时空特征及驱动因素	刘婷婷, 王晓峰, 袁兴中, 龚小杰, 侯春丽	(2827)
生物炭对潜流人工湿地污染物去除及 NO ₃ -N 排放影响	邓朝仁, 梁银坤, 黄磊, 方丹丹, 陈玉成, 杜刚	(2840)
曾用抗生素磺胺二甲嘧啶对稻田 N ₂ O 排放的影响及其微生物机制	吴杰, 李志琳, 徐佳迎, 王珏, 蒋静艳	(2847)
不同施氮水平对紫花苜蓿草地土壤呼吸和土壤生化性质的影响	胡伟, 张亚红, 李鹏, 张鹏, 李满友, 尤璟涛, 田水泉	(2858)
典型城市化区域土壤重金属污染的空间特征与风险评价	何博, 赵慧, 王铁宇, 孟晶, 肖荣波, 刘胜然, 周云桥, 史斌	(2869)
西南高锡地质背景区农田土壤与农作物的重金属富集特征	刘意章, 肖唐付, 熊燕, 宁增平, 双燕, 李航, 马良, 陈海燕	(2877)
基于 GIS 和受体模型的枸杞地土壤重金属空间分布特征及来源解析	白一茹, 张兴, 赵云鹏, 王幼奇, 钟艳霞	(2885)
喀斯特地区小尺度农业土壤砷的空间分布及污染评价	汪花, 刘秀明, 刘方, 唐启琳, 王世杰	(2895)
黄土高原不同植被带人工刺槐林土壤团聚体稳定性及其化学计量特征	瞿晴, 徐红伟, 吴旋, 孟敏, 王国梁, 薛蓑	(2904)
秸秆还田配施氮肥对喀斯特农田微生物群落及有机碳矿化的影响	徐学池, 苏以荣, 王桂红, 刘坤平, 胡亚军, 陈香碧, 郑小东, 何寻阳	(2912)
生物炭施用及老化对紫色土中抗生素吸附特征的影响	阴文敏, 关卓, 刘琛, 何杨, 杨飞, 唐翔宇	(2920)
稳定性同位素 DNA-SIP 示踪中性紫色土的氨氧化过程	刘天琳, 王智慧, 闫小娟, 赵永鹏, 贾仲君, 蒋先军	(2930)
纳米银和银离子对土壤中硝化微生物及其氨氧化速率的影响	伍玲丽, 张旭, 舒慧慧, 张丽, 司友斌	(2939)
农田沟道土壤中锰氨氧化 (Mn-ANAMMOX) 过程的探究	陈湜, 李正魁, 覃云斌, 丁帮环, 陈志浩	(2948)
污泥四环素含量对蚯蚓堆肥中氨氧化菌群的影响	吴颖, 黄魁, 夏慧, 陈景阳	(2954)
《环境科学》征订启事 (2929)	《环境科学》征稿简则 (2947)	信息 (2646, 2656, 2857)

兽用抗生素磺胺二甲嘧啶对稻田 N_2O 排放的影响及其微生物机制

吴杰, 李志琳, 徐佳迎, 王珏, 蒋静艳*

(南京农业大学资源与环境科学学院, 南京 210095)

摘要: 为研究磺胺类兽用抗生素对稻田 N_2O 排放的影响及其微生物机制, 采用田间原位观测试验, 对比分析不同浓度磺胺二甲嘧啶(sulfamethazine, SMZ)对稻田 N_2O 排放及硝化反硝化过程底物和相关功能基因丰度的影响。本试验共设5个处理, 分别为: 无肥料无抗生素(CK); 猪粪为基肥, 尿素为追肥, 分别添加0、5、15和30 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 的SMZ处理(SMZ0、SMZ5、SMZ15和SMZ30), 在整个水稻生长季定期采集和分析土壤和气体样品。结果表明, 不同浓度SMZ均未改变稻田 N_2O 排放的季节性规律, 整个观测期 N_2O 排放通量, 与SMZ0处理相比, SMZ15有显著差异($P < 0.05$), SMZ30和SMZ5无显著差异($P > 0.05$)。中、高浓度处理SMZ15和SMZ30在均值水平上增加了 N_2O 累积排放量, 分别是SMZ0处理的3.47和4.67倍, 且增加了土壤 NO_3^- -N含量。与SMZ0处理相比, 中、高浓度处理对土壤总细菌16S rRNA基因丰度、硝化过程中氨氧化古菌AOA *amoA*和氨氧化细菌AOB *amoA*基因丰度以及反硝化过程中的*nirK*、*nirS*和*nosZ*基因丰度均有明显的激活作用($P < 0.05$), 低浓度处理SMZ5对各基因丰度则有轻微抑制作用。具体表现为SMZ30、SMZ15与SMZ0处理的16S rRNA、AOA *amoA*、AOB *amoA*以及*nirK*、*nirS*、*nosZ*基因丰度比值的平均值分别为: 1.58、1.77、2.15、1.38、1.33、1.42和1.24、1.37、1.08、1.65、1.11、1.64, 而SMZ5与SMZ0处理的6个上述基因丰度比值均小于1, 仅分别为0.80、0.99、0.92、0.76、0.76和0.77。 N_2O 排放通量与*nirK*基因丰度呈极显著正相关($P < 0.01$), 表明SMZ通过影响反硝化菌活性进而对 N_2O 排放产生作用。因此, 兽用抗生素对农田的污染不可忽视, 应从源头上合理控制使用, 以减少其环境生态风险。

关键词: 磺胺二甲嘧啶(SMZ); 稻田; N_2O 排放; 猪粪; 硝化反硝化过程

中图分类号: X16 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2019)06-2847-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.201808073

Effects of the Veterinary Antibiotic Sulfamethazine on N_2O Emissions and the Associated Microbiological Mechanism in a Rice Field

WU Jie, LI Zhi-lin, XU Jia-ying, WANG Jue, JIANG Jing-yan*

(College of Resource and Environmental Sciences, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China)

Abstract: Veterinary antibiotics can enter into croplands with animal excrement and can have effects on nitrification and denitrification processes in the agricultural soils. A field experiment was conducted to evaluate the effect of sulfamethazine (SMZ) on N_2O emissions, nitrification, denitrification, and related functional gene abundances within a paddy field. Five treatments were used in the experiment, namely, no fertilizer and no antibiotics applied (CK), and pig manure used as basal fertilizer plus urea applied as topdressing with the addition of 0, 5, 15, and 30 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ SMZ (SMZ0, SMZ5, SMZ15, and SMZ30, respectively). Soil and gas samples were collected and analyzed periodically throughout the rice growing season. The results showed that the SMZ did not change the seasonal pattern of N_2O emissions. During the entire observation period, there was a significant difference in N_2O fluxes between the SMZ15 and SMZ0 treatment ($P < 0.05$), but there was no significant differences in N_2O fluxes between the SMZ30, SMZ5, and SMZ0 treatment ($P > 0.05$). Medium and high concentrations (SMZ15, SMZ30) increased the cumulative emissions of N_2O at the average level, and these values were 3.47 and 4.67 times higher than that of the SMZ0 treatment, respectively; the soil NO_3^- -N content also increased. Medium and high concentrations had a significant activation effect on the gene abundances of total soil bacteria 16S rRNA, ammonia-oxidizing archaea (AOA) *amoA*, and ammonia-oxidizing bacteria (AOB) *amoA* during the nitrification process and the gene abundances of *nirK*, *nirS*, and *nosZ* during the denitrification process ($P < 0.05$), while the SMZ treatment with a low concentration had a slight inhibitory effect on the abundance of each gene. The ratios of abundance copies of 16S rRNA, AOA *amoA*, AOB *amoA*, and the genes of *nirK*, *nirS*, and *nosZ* treated by SMZ30, SMZ15, and SMZ0 were 1.58, 1.77, 2.15, 1.38, 1.33, 1.42, and 1.24, 1.37, 1.08, 1.65, 1.11, 1.64, respectively, at the average level. The abundance ratios of the six above genes treated by SMZ5 and SMZ0 were less than one and only 0.80, 0.99, 0.92, 0.76, 0.76, and 0.77, respectively. The N_2O fluxes were significantly and positively correlated with the abundances of the *nirK* gene ($P < 0.01$), thus indicating that SMZ had an effect on N_2O emissions by influencing the activity of denitrifying bacteria. Therefore, the pollution of farmland by veterinary antibiotics should not be ignored, and the use of antibiotics should be controlled reasonably at the source, so as to reduce the environmental and ecological risks.

Key words: sulfamethazine(SMZ); paddy field; N_2O emissions; pig manure; nitrification and denitrification processes

收稿日期: 2018-08-08; 修订日期: 2018-12-27

基金项目: 国家自然科学基金项目(41675148, 41375150)

作者简介: 吴杰(1994~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为环境污染与全球变化, E-mail: wj2192296@qq.com

* 通信作者, E-mail: lilacjy@njau.edu.cn

氧化亚氮(N_2O)是重要的温室气体之一,其全球增温潜势是 CO_2 的265倍^[1],且在大气中滞留时间较长。 N_2O 浓度的增加不仅加剧了全球温室效应,而且参与大气中许多光化学反应,导致臭氧层的破坏与地面紫外线辐射增强^[2]。土壤硝化和反硝化微生物作用是 N_2O 产生的主要途径^[3]。

N_2O 在农业中的排放量占人类活动产生总量的65%^[4]。稻田排放的 N_2O 约占中国农田 N_2O 排放总量的7%~11%^[5]。 N_2O 是土壤氮循环的中间产物之一,现有研究已从分子生物学上表明 N_2O 产生的主要微生物学机制,硝化反硝化作用的一般过程如图1所示。

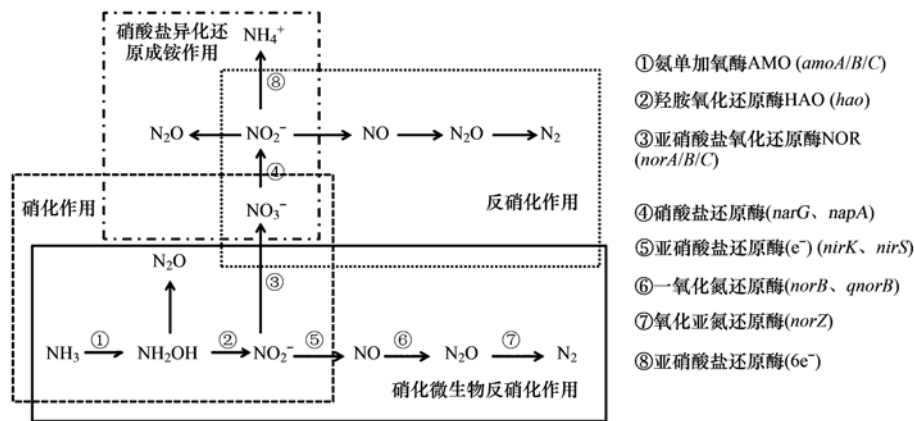


图1 土壤 N_2O 排放的微生物学过程^[6]

Fig. 1 Microbial processes of N_2O emissions

近年来随着集约化畜牧业的发展,使得大量兽用抗生素随畜禽粪尿进入环境^[7],对土壤中微生物、动物、植物产生直接或间接毒害作用,并且诱导抗性细菌及抗性基因出现,从而导致特殊的生态毒理效应,最终抗生素可以通过饮用水源以及植物吸收进入食物链威胁人类健康^[8]。抗生素能直接杀死土壤等环境介质中某些微生物或抑制相关微生物的生长,从而可能影响土壤中硝化、反硝化菌的代谢和繁殖^[9, 10]。各国的畜禽和畜牧养殖业广泛使用抗生素^[11],有研究表明,约30%~90%的抗生素不能被机体代谢而释放到环境中^[12]。由于抗生素的长期不断输入和土壤的吸附作用,导致抗生素在土壤中持久存在^[13]。抗生素母体化合物及其代谢产物进入并残留在土壤环境中,对土壤环境造成不同程度的污染^[14]。

磺胺类抗生素是一类在农业生产中应用最为广泛的化学合成抗菌药。在目前常用的几类兽用抗生素中,磺胺类抗生素具有较大的生态毒性和环境持久性^[15, 16]。我国学者研究发现,畜禽粪便中磺胺类药物的残留达到 $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 水平^[17, 18],甚至有报道表明,上海施用过猪粪的农田土壤磺胺类抗生素含量范围高达 $5.85 \sim 33.37 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ^[19]。Huang等^[20]的研究发现磺胺类药物在活性污泥系统对硝化过程的抑制作用与其取代基的结构特征有关。Ahmad等^[21]的研究发现金霉素和磺胺二甲嘧啶对地下水中的反硝化过程均有不同程度的抑制效果。进入土壤中的抗生素可影响土壤微生物的存活力、群落结

构、代谢功能、种群数量等,从而干扰食物链,使生物多样性水平降低,生物量和生物区系发生改变,甚至影响土壤生物学和养分循环过程及自净能力,最终影响土壤肥力和土壤养分平衡^[22]。农田土壤 N_2O 的产生是一个微生物参与的过程,任何影响到微生物活动的条件均能够影响土壤 N_2O 的产生和排放。因此,兽用抗生素磺胺二甲嘧啶在稻田土壤中的环境行为可能会对土壤硝化、反硝化微生物产生作用,进而影响稻田土壤 N_2O 的产生和排放。

近年来,国内外在稻田土壤 N_2O 排放方面开展了大量研究,但是大多数研究都集中在土壤理化性质对硝化、反硝化的影响^[23],有关抗生素的研究多集中在抗生素在土壤中降解、迁移等环境行为及对土壤微生物的影响^[24],关于随有机粪源大量进入农田的抗生素对土壤硝化反硝化过程产生的 N_2O 排放的影响研究鲜见报道。本文以磺胺类抗生素中的典型代表磺胺二甲嘧啶为研究对象,通过稻田原位观测试验,以未经抗生素污染的农家猪粪为基肥,分别添加不同浓度的SMZ,探究在不同浓度磺胺二甲嘧啶胁迫条件下稻田 N_2O 排放和硝化、反硝化功能基因的变化,以期了解磺胺二甲嘧啶对 N_2O 排放的影响及机制提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验田位于江苏省南京市江宁区淳化街道($118^{\circ}59'E$, $31^{\circ}57'N$),试验时间为2017年6~11

月. 年平均气温 22.68℃, 水稻生长季总降雨量为 890.6 mm. 土壤充水孔隙度(WFPS)和气温变化如图 2 所示. 试验田土壤有机碳含量为 29.39 g·kg⁻¹, 全氮为 1.93 g·kg⁻¹, pH 值为 7.67, 土壤容重为 1.30 g·cm⁻³.

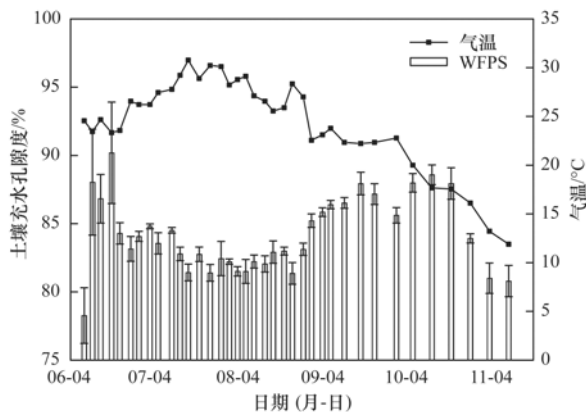


图 2 2017 年水稻生长季日均气温和土壤充水孔隙度

Fig. 2 Variation of the average daily temperature and soil water-filled-pore-space during the rice season in 2017

1.2 试验设计

本试验供试水稻品种为南粳 55 号. 供试抗生素为上海麦克林公司生产的磺胺二甲嘧啶(SMZ)试剂. 供试猪粪为经堆置的从未接触过任何抗生素的家猪排泄物, 全氮含量为 8.82 g·kg⁻¹, 有机质为 752.03 g·kg⁻¹. 试验共设 5 个处理, 分别为: 不施肥不添加抗生素(CK); 以猪粪为基肥, 尿素为追肥, 分别添加 0、5、15 和 30 mg·kg⁻¹的磺胺二甲嘧啶(SMZ0、SMZ5、SMZ15 和 SMZ30). SMZ 随基肥一次性施入, 追肥时不再添加.

试验田采用微区设计, 微区面积为 3 m×2 m, 每个处理设置随机排列的 3 个重复. 各小区之间设有用塑料薄膜覆盖的 80 cm 宽、30 cm 高的田埂, 各小区有各自独立的灌排水系统, 以防止水肥串流.

水稻于 2017 年 6 月 4 日播种, 2017 年 11 月 11 日收获. 除 CK 外, 其它处理施氮总量(以 N 计)均为 220 kg·hm⁻², 按基肥: 追肥 = 1:1 比例分别于 2017 年 6 月 4 日和 2017 年 7 月 29 日撒施. 整个水稻生育期 N:P₂O₅:K₂O 施肥比例为 2:1:1. 除肥料外, 试验田按照当地常规措施进行水药管理. 水稻生长季前期为持续淹水状态, 7 月 25~27 日为烤田期, 烤田之后为干湿交替状态.

1.3 样品采集及测定方法

1.3.1 农田系统N₂O的采集与测定方法

采用静态箱-气相色谱法进行采集与测定稻田 N₂O 的排放通量^[25]. 静态暗箱由不锈钢制成, 箱体高度随水稻高度而增加, 箱体顶部及四周密闭并包

有海绵和锡箔纸以起到反射阳光和保温的作用, 各微区埋有不锈钢底座, 底座上部有 3 cm 深凹槽. 采样时将采样箱罩在凹槽上, 并向凹槽内注水以保持采样箱密闭. 箱内顶部装有微型风扇, 在采样时启动, 以便于箱内气体一直保持混匀状态. 施肥后次日开始采样, 采样频率为一周两次, 采样时间为上午 08:00~12:00, 施加基肥与追肥后第一周加密采样一次, 2017 年 9 月 18 日之后每周采样一次. 每个采样点于箱子密封后的 0、10 和 20 min 时用注射器收集 150 mL 气体, 储存于铝箔气袋中, 并记录箱内温度. 使用气相色谱仪(Agilent 7890B)检测与分析气体样品. N₂O 测定所用载气为 99.999% 高纯氮; 检测器为电子捕获检测器(ECD), 检测温度为 300℃, 柱温为 50℃. 通过对每组 3 个样品 N₂O 浓度与相对应的采样间隔时间(0、10 和 20 min)进行线性回归, 可求得该采样点的 N₂O 排放通量. 根据气温、大气压力、普适气体常数、气体分子量、采样箱有效高度等, 求得单位面积的 N₂O 排放量, 具体计算公式如下:

$$F = \rho V \frac{dc}{dt} \frac{1}{A} = \frac{mp}{R(273 + T)} \times \frac{V}{A} \frac{dc}{dt} \\ = H \frac{mp}{R(273 + T)} \frac{dc}{dt}$$

式中, F 为气体排放通量, $\mu\text{g} \cdot (\text{m}^2 \cdot \text{h})^{-1}$; ρ 为气体密度, $\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$; R 为普适气体常数, $8.314 \text{ J} \cdot (\text{mol} \cdot \text{K})^{-1}$; A 为采样箱横截面积, m^2 ; H 为采样箱高度, m ; V 为箱内空气体积, $V = AH$, m^3 ; p 为采样点大气压力, 通常视为标准大气压 $1.013 \times 10^5 \text{ Pa}$; m 为气体摩尔质量, $\text{g} \cdot \text{mol}^{-1}$; T 为采样箱平均气温, $^{\circ}\text{C}$; dc/dt 为单位时间内温室气体浓度变化率, $\text{nL} \cdot (\text{L} \cdot \text{h})^{-1}$.

通过 3 个重复的观测值按时间加权平均后获得 N₂O 的季节排放总量, 计算公式如下:

$$M = \sum (F_{N+1} + F_N) \times 0.5 \times (t_{N+1} - t_N) \times 24$$

式中, M 为气体累积排放量, $\mu\text{g} \cdot \text{m}^{-2}$; N 为采样次数; t 为采样时间即距初次采样的天数, d ; F 为气体排放通量, $\mu\text{g} \cdot (\text{m}^2 \cdot \text{h})^{-1}$.

1.3.2 土壤样品的采集与测定方法

施肥后每周采集土样一次. 各小区采用梅花形布点法用土钻采集 0~10 cm 土壤样品, 制成混合样, 取好的土壤样品分别装入自封袋, 标记密封带回实验室后迅速过 2 mm 筛并置于 -20℃ 冰箱保存, 用于测定土壤 NH₄⁺-N、NO₃⁻-N 和基因丰度指标. 结合 N₂O 测定结果及施肥日期, 选取 6 月 9 日、6 月 22 日、7 月 6 日、7 月 21 日、8 月 4 日、8 月 24 日及收获日 11 月 11 日测定相关土壤微生物功能基

因丰度. 每次气体采样同时, 用 MP-406 III 型土壤水分温度测定仪(南通中天精密仪器有限公司)测定 5 cm 深度的土壤温度和土壤水分(体积比), 根据土壤容重将体积水分换算成土壤空隙含水量(WFPS); 土壤 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 测定方法为: 将土壤用 $2\text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 的氯化钾溶液浸提, 振荡过滤后用连续流动分析仪(型号: AA3, SEAL Analytical, 产地: 英国)进行测定. 土壤样品全基因组的提取采用 PowerSoil® DNA Isolation kit 强力土壤 DNA 提取试剂盒法. 所提取的土壤总 DNA 的浓度用 NanoDrop2000 超微量紫外分光光度计测定. 所有样

品的 DNA 浓度调节为 $10\text{ ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$ 后, 采用实时荧光定量 PCR 技术测定各基因丰度. 采用统一程序扩增所有的基因, PCR 扩增采用 $20\text{ }\mu\text{L}$ 反应体系: $6.8\text{ }\mu\text{L}$ ddH₂O; $0.4\text{ }\mu\text{L}$ Forward Primer ($10\text{ }\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$), $0.4\text{ }\mu\text{L}$ Reverse Primer ($10\text{ }\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$), 即正反向引物各 $0.4\text{ }\mu\text{L}$; $10\text{ }\mu\text{L}$ 扩增酶混合物 SYBR Premix Ex Taq™ ($2\times$); $0.4\text{ }\mu\text{L}$ ROX Reference Dye ($50\times$); $2\text{ }\mu\text{L}$ DNA 模板. 扩增程序为: 95°C 30 s; 95°C 5 s, 55°C 30 s, 72°C 1 min, 40 个循环; 95°C 15 s, 60°C 1 min, 95°C 15 s. 引物及相应扩增程序见表 1.

表 1 目的基因的引物序列

Table 1 Primer set for the target genes

功能基因	引物	引物序列 ¹⁾ (5'-3')	扩增片段长度/bp	文献
16S rRNA	F338 R518	CCTACGGGAGGCAGCAG ATTACCGCGGCTGCTGG	181	[26]
氨氧化古菌 AOA <i>amoA</i> 基因	CrenamoA23f CrenamoA616r	ATGGTCTGGCTWAGACG GCCATCCATCTGTATGTCCA	593	[27]
氨氧化细菌 AOB <i>amoA</i> 基因	amoA1F* amoA2R	GGGGHTTCTACTGCTGCT CCCCTCKGSAAGCCTTCTTC	491	[28]
<i>nirK</i>	nirKF1aCu nirKR3Cu	ATCATGCTSCTGCCGCG GCCTCGATCAGRTTGTGTT	473	[29]
<i>nirS</i>	nirSCd3aF nirSR3cd	GTSACGTSAAAGGARACSGG GASTTCGGRTGSGTCTTGA	425	[30]
<i>nosZ</i>	nosZ-F nosZ-R	AGAACGACCAGCTGATCGACA TCCATGCTGACGCCGTGGTTG	380	[31]

1) Y = C/T, S = C/G, V = A/C/G, W = A/T, H = A/C/T, K = G/T, R = A/G

1.3.3 土壤中磺胺二甲嘧啶残留量的测定方法^[32]

(1) 前处理 采集的新鲜土样经冷冻干燥机干燥后, 准确称取 1 g 土样, 置于 50 mL 离心管中, 加入 $V(\text{甲醇}):V(\text{EDTA-Mcllvaine 缓冲液})=1:1$ 混合液 5 mL, 振荡, 超声提取各 10 min, 离心并收集上清液, 按上述方法反复提取 3 次, 合并提取液, 浓缩至 5 mL. SPC 固相萃取柱(SAX 柱-HLB 柱串联)预先经过 6 mL 甲醇、6 mL 超纯水进行淋洗. 开启真空泵控制流速在 $3\sim5\text{ mL}\cdot\text{min}^{-1}$, 将浓缩液依次通过 SPC 固相萃取柱, 萃取富集后, 用 6 mL 超纯水对固相萃取柱进行淋洗, 继续抽真空, 除去柱中多余水分, 拆下 SAX 柱, 继续干燥 HLB 柱, 然后用 3 mL 甲醇洗脱 HLB 柱, 收集洗脱液并浓缩至近干, 最后用 2 mL 甲醇定容, 待测.

(2) 色谱条件 固定相为: ODS-反相 C18 柱; 流动相为: 乙腈(A):0.1% 甲酸溶液(B) = 17:83; 检测波长 270 nm; 检测器为紫外检测器; 柱温 25°C ; 流速 $0.8\text{ mL}\cdot\text{min}^{-1}$; 进样量 $20\text{ }\mu\text{L}$.

1.4 数据处理

本文采用 SPSS 19.0 和 Microsoft 2010 软件进行数据计算以及统计分析, 采用 OriginPro 9.1 软件对

数据进行作图.

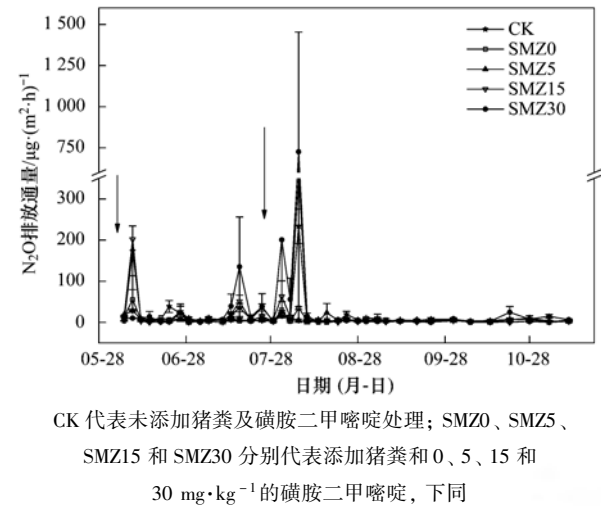
2 结果与分析

2.1 SMZ 对稻田 N_2O 排放通量、累积排放量及土壤 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 的影响

整个水稻观测期各处理 N_2O 排放通量如图 3 所示, 各处理动态变化趋势基本一致, 不同 SMZ 处理均未改变稻田 N_2O 的季节性排放规律, 水肥交互状况决定了 N_2O 排放通量峰值的出现(图 2 和图 3). 将整个水稻生长季分为基肥阶段(6 月 4 日~7 月 28 日)和追肥阶段(7 月 29 日~11 月 11 日). 各处理均在基肥期的第 5 d(6 月 9 日)达到一个峰值, 其中以 SMZ15 处理的 N_2O 排放通量峰值最大, 为 $202.03\text{ }\mu\text{g}\cdot(\text{m}^2\cdot\text{h})^{-1}$. 追肥后, 各处理在第 9 d(8 月 7 日)达到峰值时的 N_2O 排放通量大小为: SMZ30 > SMZ15 > SMZ0 > SMZ5, 其中以 SMZ30 排放通量最大, 为 $726.58\text{ }\mu\text{g}\cdot(\text{m}^2\cdot\text{h})^{-1}$. 各处理的 N_2O 排放通量均在达到峰值后迅速下降, 最终达到相对较低的稳定水平.

以各处理和每次独立观测时间对 N_2O 排放通量作二因子方差分析表明, 基肥和追肥阶段各处理之

间的N₂O排放通量无显著差异($P>0.05$),而每次独立观测时间之间的N₂O排放通量有极显著差异($P<0.01$).整个观测期,SMZ15与SMZ0之间具有显著差异($P<0.05$),SMZ30、SMZ5与SMZ0均无显著差异($P>0.05$).



CK 代表未添加猪粪及磺胺二甲嘧啶处理; SMZ0、SMZ5、SMZ15 和 SMZ30 分别代表添加猪粪和 0、5、15 和 30 mg·kg⁻¹ 的磺胺二甲嘧啶,下同

图 3 2017 年水稻季不同浓度 SMZ 处理N₂O季节排放动态变化

Fig. 3 Seasonal variation in N₂O emissions from different SMZ treatments during the rice season in 2017

不同观测阶段N₂O累积排放量如表 2 所示.结果表明,与 CK 相比,施加高有机质猪粪的 SMZ0 明显降低了N₂O的排放($P<0.1$),而 SMZ 的存在改变了此规律,中、高浓度 SMZ 处理与 CK 相比增加了N₂O的累积排放,尽管在统计学上未达显著性差异($P>0.1$).均值水平上整个水稻季 SMZ15 和 SMZ30 处理的N₂O累积排放量分别是 SMZ0 处理的 3.47 和 4.67 倍.

表 2 水稻季不同施肥处理N₂O-N 累积排放量¹⁾

处理	N ₂ O-N/kg·hm ⁻²		
	基肥阶段	追肥阶段	整个观测期
CK	0.18±0.02a	0.21±0.03a	0.39±0.05a
SMZ0	0.07±0.01b	0.08±0.01b	0.15±0.03b
SMZ5	0.06±0.01b	0.09±0.02b	0.14±0.03b
SMZ15	0.17±0.10ab	0.35±0.16ab	0.52±0.25ab
SMZ30	0.15±0.10ab	0.55±0.45ab	0.70±0.55ab

1) 同一纵栏相同字母表示差异不显著($P>0.1$)

图 4 为水稻季各处理的土壤NH₄⁺-N和NO₃⁻-N含量动态变化,整个观测期内各处理的土壤NH₄⁺-N和NO₃⁻-N均在施加追肥后出现最大峰值.土壤NH₄⁺-N在整体水平上明显高于NO₃⁻-N含量.以各处理和观测时间对土壤NH₄⁺-N和NO₃⁻-N含量作二因子方差分析,结果如下:在基肥期,与 SMZ0 处理相比,SMZ30 处理显著增加了土壤NH₄⁺-N和NO₃⁻-N含

量($P<0.05$),其与 SMZ0 处理NH₄⁺-N和NO₃⁻-N含量比值的平均值分别为 1.56 和 1.18; SMZ15、SMZ5 与 SMZ0 处理之间的NH₄⁺-N和NO₃⁻-N含量均无显著差异($P>0.05$).追肥期,与 SMZ0 处理相比,除 SMZ30 显著增加了土壤NO₃⁻-N含量($P<0.05$),SMZ15 极显著减少了土壤NH₄⁺-N含量($P<0.01$)外,其它处理与 SMZ0 之间的NH₄⁺-N和NO₃⁻-N含量均无显著差异($P>0.05$).

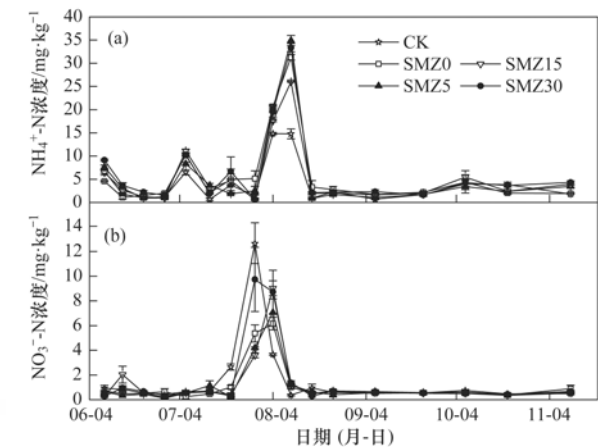


图 4 2017 年水稻季土壤NH₄⁺-N和NO₃⁻-N含量动态变化

Fig. 4 Dynamic variation of soil NH₄⁺-N and NO₃⁻-N contents during the rice season in 2017

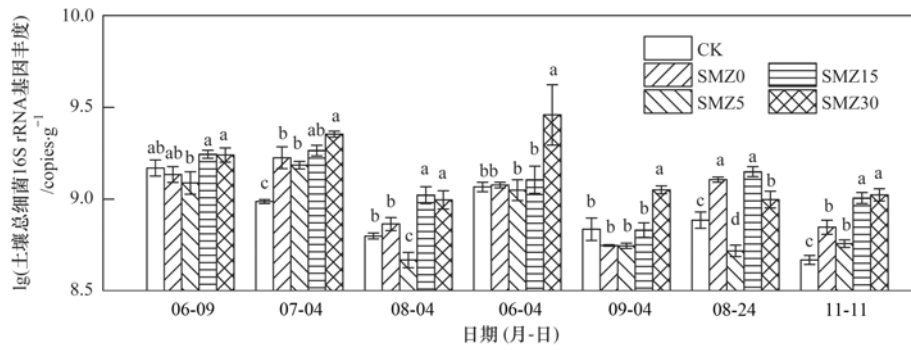
2.2 SMZ 对土壤总细菌 16S rRNA 及硝化反硝化相关功能基因丰度的影响

2.2.1 SMZ 对土壤总细菌 16S rRNA 及 AOA amoA、AOB amoA 基因丰度的影响

图 5 为各处理土壤总细菌 16S rRNA 基因丰度动态变化.整个观测期内,各处理土壤总细菌 16S rRNA 基因丰度变化趋势整体一致,在不同测定期各处理间差异性不同.除 SMZ30 处理在 7 月 21 日达到最大值外,其余处理均在 6 月 22 日达到峰值.施加追肥后的第 6 d(8 月 4 日),SMZ30 极显著增加了土壤总细菌 16S rRNA 基因丰度($P<0.01$),SMZ15 处理也起促进作用但未达到显著性差异($P>0.05$).

经二因子方差分析可得,整个观测期内,SMZ30、SMZ15、SMZ5 与 SMZ0 处理之间 16S rRNA 基因丰度有极显著差异($P<0.01$),且 SMZ30、SMZ15、SMZ5 与 SMZ0 处理的 16S rRNA 基因丰度拷贝数比值的平均值分别为:1.58、1.24 和 0.80,可知 SMZ30 和 SMZ15 处理对土壤总细菌 16S rRNA 有激活作用;SMZ5 对土壤总细菌 16S rRNA 有轻微抑制作用.

图 6 为各处理的土壤 AOA amoA 和 AOB amoA 基因丰度动态变化.不同处理的土壤 AOA amoA 和



相同字母表示该两者间差异性不显著 ($P > 0.05$), 不同字母表示差异性达到显著水平 ($P < 0.05$), 下同

图 5 2017 年水稻季土壤总细菌 16S rRNA 基因丰度动态变化

Fig. 5 Dynamic variation of the total soil bacterial 16S rRNA gene abundance during the rice season in 2017

AOB *amoA* 在整个观测期内变化幅度较大. 各处理 AOA *amoA* 和 AOB *amoA* 基因丰度在 6 月 22 日达到峰值, 之后整体呈现下降趋势并最终趋于稳定. 在 SMZ 施入后的第 5 d (6 月 9 日), SMZ30 和 SMZ15 处理极显著增加了土壤 AOA *amoA* 基因丰度 ($P < 0.01$). 施加追肥后的第 6 d (8 月 4 日), SMZ30 极显著增加了土壤 AOA *amoA* 和 AOB *amoA* 基因丰度 ($P < 0.01$).

经二因子方差分析可得, 整个观测期内, SMZ30 与 SMZ0 处理之间 AOA *amoA* 和 AOB *amoA* 基因丰度有极显著差异 ($P < 0.01$), SMZ15 与 SMZ0 处理之间 AOA *amoA* 基因丰度有显著差异 ($P < 0.05$), 且 SMZ30、SMZ15、SMZ5 与 SMZ0 处理的 AOA *amoA* 基因丰度拷贝数比值的平均值分别为: 1.77、1.37 和 0.99; AOB *amoA* 基因丰度拷贝数比值的平均值分别为: 2.15、1.08 和 0.92, 可知

SMZ30 和 SMZ15 处理对 AOA *amoA* 和 AOB *amoA* 基因均有激活作用.

2.2.2 SMZ 对土壤 *nirK*、*nirS* 和 *nosZ* 基因丰度的影响

图 7 为土壤 *nirK*、*nirS* 和 *nosZ* 基因丰度的动态变化. 各处理 *nirK* 基因丰度在施加 SMZ 后的第 5 d (6 月 9 日) 达到峰值, 且在此天和施加追肥后的第 6 d (8 月 4 日) SMZ30 和 SMZ15 处理均极显著促进了 *nirK* 基因丰度 ($P < 0.01$). 各处理的 *nirS* 基因丰度前期逐渐降低, 中后期趋于稳定, 8 月 24 日后各处理均升高; 在施加追肥后的第 6 d (8 月 4 日), SMZ30 处理显著促进了 *nirS* 基因丰度 ($P < 0.05$). 各处理的 *nosZ* 基因丰度在 6 月 22 日达到峰值, 在施加 SMZ 后的第 5 d (6 月 9 日), SMZ30 处理显著促进了 *nosZ* 基因丰度 ($P < 0.05$); 施加追肥后的第 6 d (8 月 4 日), SMZ30 与 SMZ15 处理显著增加了

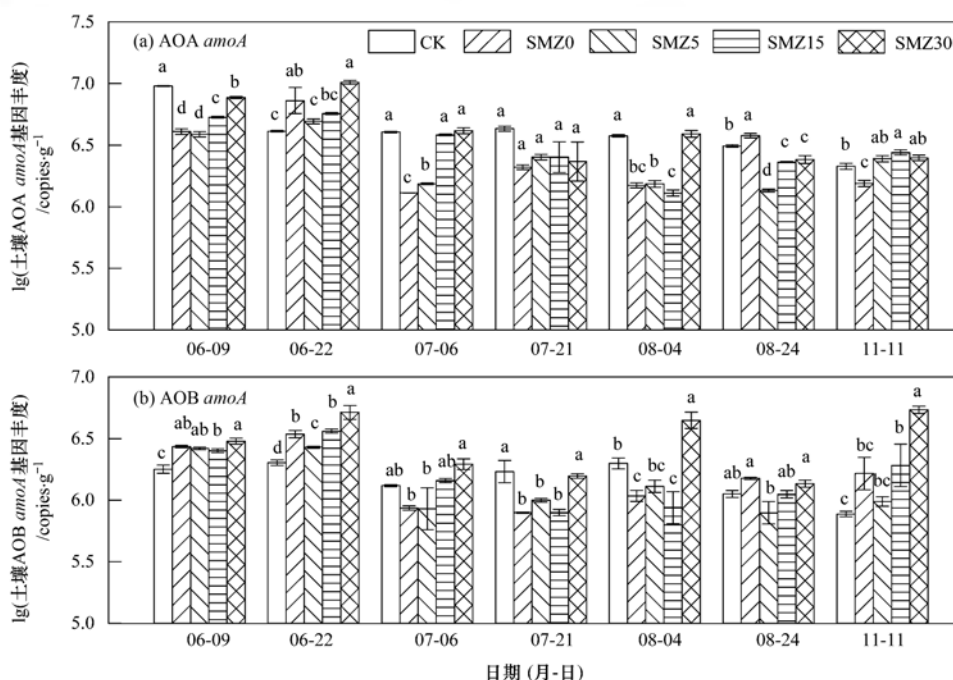


图 6 2017 年水稻季土壤 AOA *amoA* 和 AOB *amoA* 基因丰度动态变化

Fig. 6 Dynamic variation of the AOA *amoA* and AOB *amoA* genes abundance during the rice season in 2017

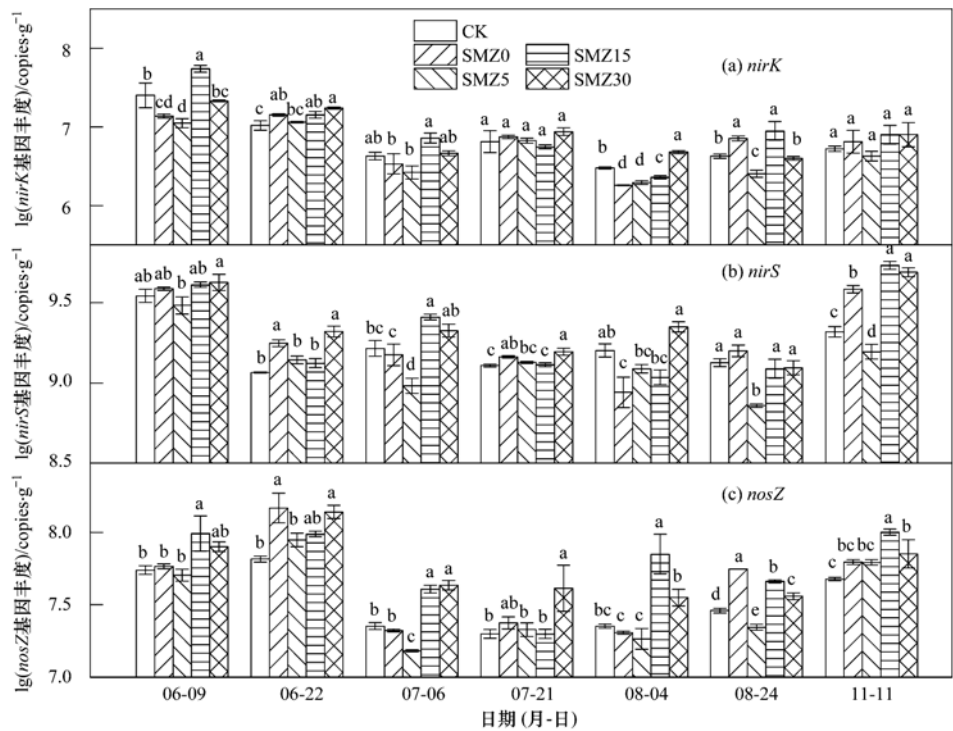


图 7 2017 年水稻季土壤 *nirK*、*nirS* 和 *nosZ* 基因丰度动态变化

Fig. 7 Dynamic variation of the soil *nirK*, *nirS*, and *nosZ* genes abundance during the rice season in 2017

nosZ 丰度 ($P < 0.05$).

经二因子方差分析可得, 整个观测期内, SMZ30 与 SMZ0 处理之间 *nirK*、*nirS* 和 *nosZ* 丰度均有显著差异 ($P < 0.05$), SMZ15 与 SMZ0 处理之间 *nosZ* 丰度有极显著差异 ($P < 0.01$), SMZ5 与 SMZ0 处理之间 *nirK*、*nirS* 和 *nosZ* 丰度均有极显著差异 ($P < 0.01$), 且 SMZ30、SMZ15、SMZ5 与 SMZ0 处理的 *nirK* 基因丰度拷贝数比值的平均值分别为: 1.38、1.65 和 0.76; *nirS* 基因丰度拷贝数比值的平均值分别为: 1.33、1.11 和 0.76, *nosZ* 基因丰度拷贝数比值的平均值分别为: 1.42、1.64 和 0.77. 可知, 整个观测期内 SMZ30 和 SMZ15 处理对 *nirK*、*nirS* 和 *nosZ* 基因丰度均有激活作用; SMZ5 对 *nirK*、*nirS* 和 *nosZ* 基因丰度均有一定的抑制作用.

因激活 *nirK* 和 *nirS* 有利于 N₂O 的产生, 而激活

nosZ 则反之, 故进一步计算整个水稻生长季不同浓度 SMZ 处理条件下 SMZ30/SMZ0, SMZ15/SMZ0 和 SMZ5/SMZ0 的 *nirK*/*nosZ* 与 *nirS*/*nosZ* 比值的商, 用于判定 SMZ 影响 N₂O 在反硝化作用中产生 (*nirK*, *nirS*) 和消耗 (*nosZ*) 的功能基因丰度在一定程度上的相对强弱. SMZ30/SMZ0, SMZ15/SMZ0 和 SMZ5/SMZ0 的 *nirK*/*nosZ* 比值的商分别为 1.02, 1.21 和 1.01; *nirS*/*nosZ* 比值的商分别为 1.00, 0.84 和 1.03, 说明除 SMZ15 的 *nirS*/*nosZ* 小于 1 外, 其余处理 SMZ 对 *nirK* 和 *nirS* 的作用较 *nosZ* 更强.

2.3 稻田 N₂O 排放通量与土壤总细菌 16S rRNA 及硝化反硝化相关功能基因丰度和土壤 NH₄⁺-N、NO₃⁻-N 相关性

将各处理的 N₂O 排放通量与各功能基因丰度进行相关性分析, 如表 3 所示, N₂O 排放通量与 *nirK*

表 3 水稻季 N₂O 排放与相关功能基因及土壤 NH₄⁺-N 和 NO₃⁻-N 的相关性¹⁾

Table 3 Correlation between N₂O emission and related functional genes and soil NH₄⁺-N and NO₃⁻-N during the rice season

	16S rRNA	AOA <i>amoA</i>	AOB <i>amoA</i>	<i>nirK</i>	<i>nirS</i>	<i>nosZ</i>	N ₂ O	NH ₄ ⁺ -N	NO ₃ ⁻ -N
16S rRNA	1								
AOA <i>amoA</i>	0.576 **	1							
AOB <i>amoA</i>	0.405 *	0.686 **	1						
<i>nirK</i>	0.463 *	0.540 **	0.353	1					
<i>nirS</i>	0.126	0.251	0.501 **	0.465 *	1				
<i>nosZ</i>	0.474 *	0.767 **	0.647 **	0.545 **	0.400 *	1			
N ₂ O	0.192	0.180	0.173	0.840 **	0.356	0.207	1		
NH ₄ ⁺ -N	-0.320	-0.270	-0.106	-0.221	-0.126	-0.368	0.072	1	
NO ₃ ⁻ -N	-0.323	-0.254	0.005	-0.290	-0.227	-0.182	0.029	0.324 **	1

1) * 表示显著相关 ($P < 0.05$), ** 表示极显著相关 ($P < 0.01$)

基因丰度呈极显著正相关($P < 0.01$),与其他基因则无显著相关性($P > 0.05$),表明本研究中含 *nirK* 的反硝化菌直接影响稻田 N_2O 排放。

3 讨论

磺胺二甲嘧啶水溶性较强,土壤表面对 SMZ 的吸附量较小,吸附率较低,进入土壤环境后容易迁移和渗漏。Pan 等^[33]研究了 5 种抗生素在土壤中的吸附性能,结果表明磺胺二甲嘧啶的移动性最强,在施肥过程中容易向下迁移。许静等^[34]的研究表明磺胺类抗生素在土壤中滞留期长,完全消解需要较长时间,且土壤中粪便的加入对磺胺类药物的降解性产生了较大影响,土壤加入粪便后,其有机质含量增大,促进了降解微生物的生长,进而加快了磺胺类药物在混合基质中的降解速率,同时其结果证明了微生物降解是磺胺类药物土壤降解的主导途径。本研究中,7 月 6 日即施入 SMZ 的第 32 d, SMZ5、SMZ15 和 SMZ30 处理土壤中的浓度分别为 0.07、0.28 和 1.36 $mg \cdot kg^{-1}$,母体去除率分别高达 98.5%、98.2% 和 95.5%;8 月 4 日即 SMZ 施入的第 61 d 其土壤中的浓度分别为 0.05、0.23 和 0.54 $mg \cdot kg^{-1}$,此阶段去除率分别达 99.0%、98.4% 和 98.2%;水稻收获时即 SMZ 施入的第 160 d 土壤中的浓度分别为 0.03、0.08 和 0.18 $mg \cdot kg^{-1}$,母体土壤残留率分别为 0.5%、0.5% 和 0.6%,不同浓度 SMZ 处理母体残留率接近一致。可见 SMZ 在施入水稻土壤后母体去除较快,尤其前期最快,可能与其水溶性强,迁移快、土壤淹水厌氧降解速率快有关。磺胺二甲嘧啶在土壤中虽然母体残留率并不高,但其降解产物有可能持久存在,有研究鉴定出磺胺二甲基嘧啶降解初级产物为 2-氨基-4,6-二甲基嘧啶和 4-氨基-羟基苯磺酰胺,前者永久存在于培养基中,后者可以进一步降解,最终分解为二氧化碳和水^[35]。Shan 等^[36]的培养试验也直接证实,较低浓度磺胺二甲嘧啶通过抑制硝酸盐还原菌降低硝酸盐的分解过程,随着抗生素浓度增加,*nirS*/*nosZ* 比值显著增大,对 N_2O 的产生有刺激作用。结合本研究中高浓度 SMZ 处理在 7 月 6 日和 8 月 4 日均增加了土壤 16S rRNA 基因丰度结果(图 5),说明磺胺二甲嘧啶母体及其初级降解产物都可能通过改变细菌活性和群落功能多样性进而对土壤硝化反硝化过程产生作用,并且这种影响可能较为持久。关于 SMZ 母体及其中间代谢产物的环境生态风险还需进一步研究。

本研究中,中、高浓度 SMZ 在整个水稻生长季均表现为对 N_2O 排放有促进作用,且对其产生的相

关微生物均有激活效应,而低浓度的 SMZ 作用效果不明显。Hou 等^[37]的结果表明 $\mu g \cdot L^{-1}$ 级低剂量抗生素水平下的磺胺甲嘧啶抑制了河口和海岸沉积物中的反硝化速率,却促进了 N_2O 的排放,与此结果存有不一致性,可能由于有机肥的施入使低浓度 SMZ 被土壤吸附,使其作用效果不显著,鲍陈燕^[38]的研究表明,猪粪的添加可增加土壤对抗生素的吸附强度,降低土壤中抗生素活性。Hao 等^[39]的研究表明,在饲料中添加 44 $mg \cdot kg^{-1}$ 的磺胺嘧啶和四环素可提高牛粪堆肥中 N_2O 排放量,与本研究中高浓度 SMZ 对 N_2O 促排效果基本一致。究其原因,可能在于 SMZ 对于 N_2O 产生过程的相关微生物活性有激活效应^[40],土壤硝化作用在高浓度抗生素残留中一直呈现“激活”的规律,这种激活效应可能因为磺胺类药物残留会刺激硝化细菌的生长,使其菌落群体活性增强导致。较高浓度(50 $mg \cdot kg^{-1}$)磺胺类药物对土壤反硝化细菌数量的影响也一直呈现“激活”的规律,这种激活作用可能是因为反硝化细菌对该药物表现出了免疫作用或是该药物进入到土壤后,发生了一定的物理化学变化,从而为反硝化细菌提供了碳源,促进其生长^[41]。Awad 等^[42]的研究发现,家禽粪便与 20 $mg \cdot kg^{-1}$ 的 SMZ 混施通过改变微生物群落组成,土壤硝化速率在短期内下降,而牛建平等^[43]的研究认为较高的土壤水分含量可加快 SMZ 残留的降解速率。

本研究中稻田长期淹水, N_2O 主要源于反硝化过程。且发现 N_2O 排放通量与 *nirK* 基因丰度呈极显著正相关($P < 0.01$)。作物类型、肥料类型及施用量、土地利用方式、温度、土壤含水量、pH 值等均会影响 *Nir* 酶的变化,且 *nirK* 基因比 *nirS* 基因对环境因子的响应更敏感^[44, 45],含 *nirK* 基因的反硝化细菌常被用来表征和预测 N_2O 的释放^[46, 47]。一般认为,有机质作为微生物的重要碳源,是控制反硝化速率的重要因子之一,本试验中肥源中有机质为 752.03 $g \cdot kg^{-1}$,含量相对较高,曾希柏等^[48]的研究表明,有机肥对 *nirK* 型反硝化细菌的影响显著。Kleineidam 等^[49]的研究表明,磺胺嘧啶与猪粪混施可增加土壤中 *nirK* 型反硝化菌含量。Kotzerke 等^[50]的研究表明,磺胺嘧啶可提高蚯蚓肠道中 *nirK* 型反硝化细菌的活性。Li 等^[51]的研究结果也表明, N_2O 排放通量和 *nirK* 丰度呈显著正相关,而与 *nosZ* 丰度呈负相关^[52],本研究与其基本一致。

反硝化作用是由相关功能基因和环境因素共同调节的复杂生态过程,具有不同功能基因型的反硝化细菌群落对环境因素的响应程度存在较大差异。并且,目前农业生产养殖所用抗生素类型较多,化

学结构差异较大, 抗生素单一及复合污染对反硝化过程的生物学效应可能不尽相同, 有待于进一步研究。

4 结论

不同浓度 SMZ 均未改变稻田 N_2O 的季节性排放规律, 但中、高浓度增加了 N_2O 排放, 也增加了土壤 NO_3^- -N 含量, 且对土壤总细菌 16S rRNA、AOA *amoA*、AOB *amoA*、*nirK*、*nirS* 和 *nosZ* 基因丰度均有显著激活作用, 且 SMZ 对 *nirK* 和 *nirS* 基因的作用效果较 *nosZ* 更强, 低浓度 SMZ 作用则不明显。此外, N_2O 排放通量与 *nirK* 基因丰度呈极显著正相关, 说明 SMZ 主要通过影响稻田土壤反硝化微生物活性进而影响 N_2O 的排放。

参考文献:

- [1] IPCC. Climate Change 2013: The physical science basis. Contribution of working group I to the fifth assessment report of the intergovernmental panel on climate change[R]. Cambridge: Cambridge University Press, 2013.
- [2] IPCC. Climate Change 2007: The physical science basis. Contribution of working group I to the fourth assessment report of the intergovernmental panel on climate change[R]. Cambridge: Cambridge University Press, 2007.
- [3] 李平, 郎漫. 硝化和反硝化过程对林地和草地土壤 N_2O 排放的贡献[J]. 中国农业科学, 2013, **46**(22): 4726-4732.
Li P, Lang M. Contribution of nitrification and denitrification to the nitrous oxide emission from forest and grassland soils[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2013, **46**(22): 4726-4732.
- [4] Nan W G, Yue S C, Li S Q, *et al.* Characteristics of N_2O production and transport within soil profiles subjected to different nitrogen application rates in China[J]. Science of the Total Environment, 2016, **542**: 864-875.
- [5] Zou J W, Huang Y, Zheng X H, *et al.* Quantifying direct N_2O emissions in paddy fields during rice growing season in mainland China: dependence on water regime[J]. Atmospheric Environment, 2007, **41**(37): 8030-8042.
- [6] 朱永官, 王晓辉, 杨小茹, 等. 农田土壤 N_2O 产生的关键微生物过程及减排措施[J]. 环境科学, 2014, **35**(2): 792-800.
Zhu Y G, Wang X H, Yang X R, *et al.* Key microbial processes in nitrous oxide emissions of agricultural soil and mitigation strategies[J]. Environmental Science, 2014, **35**(2): 792-800.
- [7] 金彩霞, 司晓薇, 王万峰, 等. 不同形态磺胺类药物在根-土界面的空间分布及毒性评价[J]. 环境科学, 2017, **38**(4): 1683-1688.
Jin C X, Si X W, Wang W F, *et al.* Forms distribution and ecotoxicity of three forms of sulfonamides in root-soil interface of maize[J]. Environmental Science, 2017, **38**(4): 1683-1688.
- [8] 赵方凯, 杨磊, 乔敏, 等. 土壤中抗生素的环境行为及分布特征研究进展[J]. 土壤, 2017, **49**(3): 428-436.
Zhao F K, Yang L, Qiao M, *et al.* Environmental behavior and distribution of antibiotics in soils: a review[J]. Soils, 2017, **49**(3): 428-436.
- [9] 刘款, 孙明明, 刘满强, 等. 土壤反硝化对磺胺嘧啶及抗性基因消减的影响[J]. 土壤, 2017, **49**(3): 482-491.
Liu K, Sun M M, Liu M Q, *et al.* Effects of anaerobic denitrification on the dissipation of sulfadiazine and resistance genes in soil[J]. Soils, 2017, **49**(3): 482-491.
- [10] 杨腾飞, 张小寒, 黄钰淇, 等. 磺胺甲恶唑和甲氧苄啶对生物脱氮过程的影响规律[J]. 环境化学, 2018, **37**(3): 471-479.
Yang T F, Zhang X H, Huang S Q, *et al.* Effect of sulfamethoxazole and trimethoprim on biological nitrogen removal[J]. Environmental Chemistry, 2018, **37**(3): 471-479.
- [11] 王娜, 王昝畅, 郭欣妍, 等. 兽药抗生素环境风险控制管理政策探析[J]. 生态与农村环境学报, 2017, **33**(7): 586-591.
Wang N, Wang Z C, Guo X Y, *et al.* Management policies for control of environmental risks of veterinary antibiotics[J]. Journal of Ecology and Rural Environment, 2017, **33**(7): 586-591.
- [12] Fang H, Han Y L, Yin Y M, *et al.* Variations in dissipation rate, microbial function and antibiotic resistance due to repeated introductions of manure containing sulfadiazine and chlortetracycline to soil[J]. Chemosphere, 2014, **96**: 51-56.
- [13] Tasho R P, Cho J Y. Veterinary antibiotics in animal waste, its distribution in soil and uptake by plants: a review[J]. Science of the Total Environment, 2016, **563-564**: 366-376.
- [14] Everts S. Drugs in the environment: Stakeholders consider ways to reduce the IMPACT of DRUGS that get past sewage treatment plants and into nature[J]. Chemical & Engineering News, 2010, **88**(13): 23-24.
- [15] Ma J W, Lin H, Sun W C, *et al.* Soil microbial systems respond differentially to tetracycline, sulfamonomethoxine, and ciprofloxacin entering soil under pot experimental conditions alone and in combination[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2014, **21**(12): 7436-7448.
- [16] Ding G C, Radl V, Schlöter-Hai B, *et al.* Dynamics of soil bacterial communities in response to repeated application of manure containing sulfadiazine[J]. PLoS One, 2014, **9**(3): e92958.
- [17] 邵义萍, 罗晓栋, 莫测辉, 等. 广东省畜牧粪便中喹诺酮类和磺胺类抗生素的含量与分布特征研究[J]. 环境科学, 2011, **32**(4): 1188-1193.
Tai Y P, Luo X D, Mo C H, *et al.* Occurrence of quinolone and sulfonamide antibiotics in swine and cattle manures from large-scale feeding operations of Guangdong province[J]. Environmental Science, 2011, **32**(4): 1188-1193.
- [18] 刘锋, 廖德润, 李可, 等. 畜禽养殖基地磺胺类喹诺酮类和大环内酯类抗生素污染特征[J]. 农业环境科学学报, 2013, **32**(4): 847-853.
Liu F, Liao D R, Li K, *et al.* Pollution characteristics of the sulfonamides, quinolones and macrolides in the samples collected from livestock and poultry feedlots[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2013, **32**(4): 847-853.
- [19] Ji X L, Shen Q H, Liu F, *et al.* Antibiotic resistance gene abundances associated with antibiotics and heavy metals in animal manures and agricultural soils adjacent to feedlots in Shanghai; China[J]. Journal of Hazardous Materials, 2012, **235-236**: 178-185.
- [20] Huang X F, Feng Y, Hu C, *et al.* Mechanistic model for interpreting the toxic effects of sulfonamides on nitrification[J]. Journal of Hazardous Materials, 2016, **305**: 123-129.
- [21] Ahmad M, Vithanage M, Kim K, *et al.* Inhibitory effect of veterinary antibiotics on denitrification in groundwater: a microcosm approach[J]. The Scientific World Journal, 2014, **2014**: 879831.
- [22] Vaclavik E, Halling-Sørensen B, Ingerslev F. Evaluation of

- manometric respiration tests to assess the effects of veterinary antibiotics in soil[J]. *Chemosphere*, 2004, **56**(7): 667-676.
- [23] Huang S H, Pant H K, Lu J. Effects of water regimes on nitrous oxide emission from soils[J]. *Ecological Engineering*, 2007, **31**(1): 9-15.
- [24] 贺纪正, 张丽梅. 土壤氮素转化的关键微生物过程及机制[J]. *微生物学通报*, 2013, **40**(1): 98-108.
He J Z, Zhang L M. Key processes and microbial mechanisms of soil nitrogen transformation[J]. *Microbiology China*, 2013, **40**(1): 98-108.
- [25] Wang Y S, Wang Y H. Quick measurement of CH₄, CO₂ and N₂O emissions from a short-plant ecosystem[J]. *Advances in Atmospheric Sciences*, 2003, **20**(5): 842-844.
- [26] Ovreås L, Forney L, Daae F L, *et al.* Distribution of bacterioplankton in meromictic lake saelenvannet, as determined by denaturing gradient gel electrophoresis of PCR-amplified gene fragments coding for 16S rRNA[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1997, **63**(9): 3367-3373.
- [27] Tournai M, Freitag T E, Nicol G W, *et al.* Growth, activity and temperature responses of ammonia-oxidizing archaea and bacteria in soil microcosms[J]. *Environmental Microbiology*, 2008, **10**(5): 1357-1364.
- [28] Stephen J R, Chang Y J, Macnaughton S J, *et al.* Effect of toxic metals on indigenous soil β -subgroup proteobacterium ammonia oxidizer community structure and protection against toxicity by inoculated metal-resistant bacteria [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1999, **65**(1): 95-101.
- [29] Henry S, Baudoin E, López-Gutiérrez J C, *et al.* Quantification of denitrifying bacteria in soils by *nirK* gene targeted real-time PCR[J]. *Journal of Microbiological Methods*, 2004, **59**(3): 327-335.
- [30] Braker G, Fesefeldt A, Witzel K P. Development of PCR primer systems for amplification of nitrite reductase genes (*nirK* and *nirS*) to detect denitrifying bacteria in environmental samples [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1998, **64**(10): 3769-3775.
- [31] Scala D J, Kerkhof L J. Nitrous oxide reductase (*nosZ*) gene-specific PCR primers for detection of denitrifiers and three *nosZ* genes from marine sediments[J]. *FEMS Microbiology Letters*, 1998, **162**(1): 61-68.
- [32] 李彦文, 莫渊辉, 赵娜, 等. 高效液相色谱法测定水和土壤中磺胺类抗生素[J]. *分析化学*, 2008, **36**(7): 954-958.
Li Y W, Mo C H, Zhao N, *et al.* Determination of sulfonamides antibiotics in water and soil using high performance liquid chromatography[J]. *Chinese Journal of Analytical Chemistry*, 2008, **36**(7): 954-958.
- [33] Pan M, Chu L M. Adsorption and degradation of five selected antibiotics in agricultural soil [J]. *Science of the Total Environment*, 2016, **545-546**: 48-56.
- [34] 许静, 王娜, 孔德洋, 等. 有机肥源磺胺类抗生素在土壤中的降解规律及影响因素分析[J]. *环境科学学报*, 2015, **35**(2): 550-556.
Xu J, Wang N, Kong D Y, *et al.* Dynamics and degradation mechanism of antibiotic sulfonamides in soils with organic manure amendment[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2015, **35**(2): 550-556.
- [35] 付袁芝. 磺胺二甲基嘧啶降解菌的筛选及降解特性研究[D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2018.
- [36] Shan J, Yang P P, Rahman M M, *et al.* Tetracycline and sulfamethazine alter dissimilatory nitrate reduction processes and increase N₂O release in rice fields[J]. *Environmental Pollution*, 2018, **242**: 788-796.
- [37] Hou L J, Yin G Y, Liu M, *et al.* Effects of sulfamethazine on denitrification and the associated N₂O release in estuarine and coastal sediments [J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, **49**(1): 326-333.
- [38] 鲍陈燕. 猪粪对抗生素在农田系统中行为的影响[D]. 杭州: 浙江大学, 2016.
- [39] Hao X, Xu S, Larney F J, *et al.* Inclusion of antibiotics in feed alters greenhouse gas emissions from feedlot manure during composting[J]. *Nutrient Cycling in Agroecosystems*, 2011, **89**(2): 257-267.
- [40] 国彬, 姚丽贤, 刘忠珍, 等. 磺胺类兽药对土壤生化功能及氮素的影响[J]. *土壤*, 2012, **44**(4): 596-600.
Guo B, Yao L X, Liu Z Z, *et al.* Effects of sulfonamide veterinary drugs on soil biochemical function and nitrogen[J]. *Soils*, 2012, **44**(4): 596-600.
- [41] 国彬, 姚丽贤, 刘忠珍, 等. 磺胺类兽药对土壤微生物数量的影响[J]. *环境化学*, 2012, **31**(7): 1009-1015.
Guo B, Yao L X, Liu Z Z, *et al.* The impact of sulfonamide veterinary drugs on soil microbes quantity [J]. *Environmental Chemistry*, 2012, **31**(7): 1009-1015.
- [42] Awad Y M, Ok Y S, Igalavithana A D, *et al.* Sulphamethazine in poultry manure changes carbon and nitrogen mineralisation in soils[J]. *Chemistry and Ecology*, 2016, **32**(10): 899-918.
- [43] 牛建平, 吴泽辉, 石起增. 磺胺二甲嘧啶在土壤中的降解动态研究[J]. *安徽农业科学*, 2009, **37**(4): 1767-1769.
Niu J P, Wu Z H, Shi Q Z. Research on the degradation dynamic of sulfamethazine in the soil [J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2009, **37**(4): 1767-1769.
- [44] Smith J M, Ogram A. Genetic and functional variation in denitrifier populations along a short-term restoration chronosequence[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2008, **74**(18): 5615-5620.
- [45] Yoshida M, Ishii S, Otsuka S, *et al.* *nirK*-harboring denitrifiers are more responsive to denitrification-inducing conditions in rice paddy soil than *nirS*-harboring bacteria [J]. *Microbes and Environments*, 2010, **25**(1): 45-48.
- [46] Szukics U, Hackl E, Zechmeister-Boltenstern S, *et al.* Contrasting response of two forest soils to nitrogen input: rapidly altered NO and N₂O emissions and *nirK* abundance[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2009, **45**(8): 855-863.
- [47] Morales S E, Cosart T, Holben W E. Bacterial gene abundances as indicators of greenhouse gas emission in soils[J]. *The ISME Journal*, 2010, **4**(6): 799-808.
- [48] 曾希柏, 王亚男, 王玉忠, 等. 施肥对设施菜地 *nirK* 型反硝化细菌群落结构和丰度的影响[J]. *应用生态学报*, 2014, **25**(2): 505-514.
Zeng X B, Wang Y N, Wang Y Z, *et al.* Effects of different fertilization regimes on abundance and community structure of the *nirK*-type denitrifying bacteria in greenhouse vegetable soils[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2014, **25**(2): 505-514.
- [49] Kleineidam K, Sharma S, Kotzerke A, *et al.* Effect of sulfadiazine on abundance and diversity of denitrifying bacteria by determining *nirK* and *nirS* genes in two arable soils [J]. *Microbial Ecology*, 2010, **60**(4): 703-707.
- [50] Kotzerke A, Klemer S, Kleineidam K, *et al.* Manure contaminated with the antibiotic sulfadiazine impairs the abundance of *nirK*- and *nirS*-type denitrifiers in the gut of the earthworm *Eisenia fetida* [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2010, **46**(4): 415-418.
- [51] Li S Q, Song L N, Jin Y G, *et al.* Linking N₂O emission from

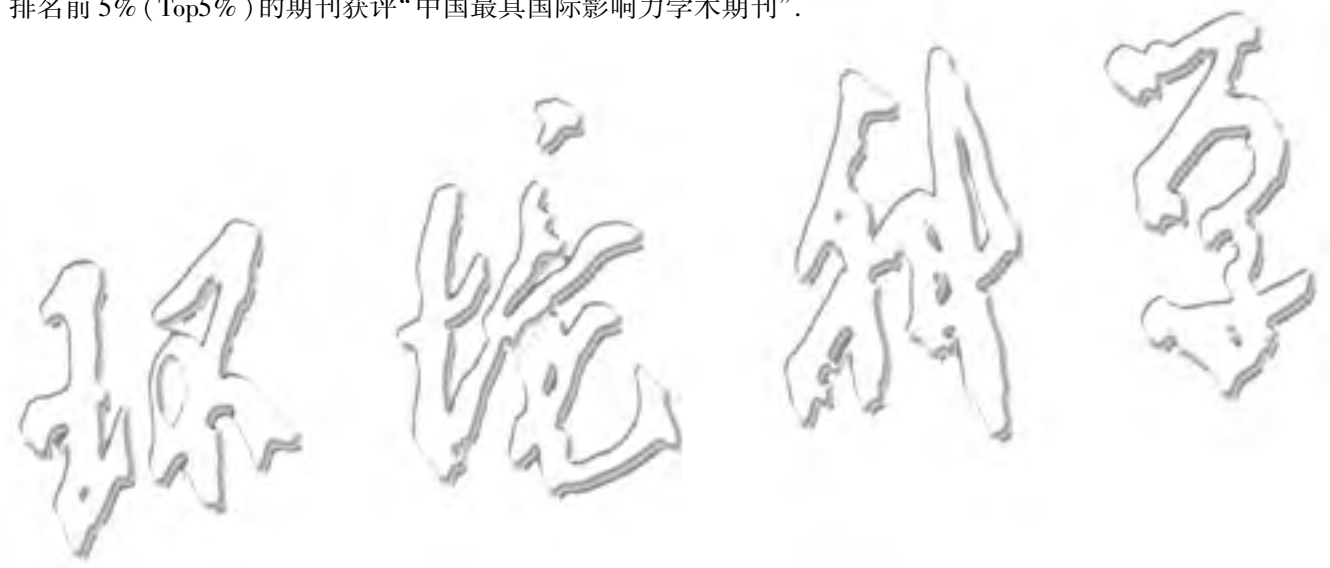
- biochar-amended composting process to the abundance of denitrify (*nirK* and *nosZ*) bacteria community[J]. *AMB Express*, 2016, **6**: 37.
- [52] 卢静, 刘金波, 盛荣, 等. 短期落干对水稻土反硝化微生物丰度和 N_2O 释放的影响[J]. *应用生态学报*, 2014, **25**(10):

2879-2884.

Lu J, Liu J B, Sheng R, *et al.* Effect of short-time drought process on denitrifying bacteria abundance and N_2O emission in paddy soil[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2014, **25**(10): 2879-2884.

《环境科学》连续 7 次荣获 “中国最具国际影响力学术期刊”称号

2018 年 12 月,中国学术期刊(光盘版)电子杂志社(CNKI)等机构发布“2018 中国最具国际影响力学术期刊”评选结果.《环境科学》荣获“2018 中国最具国际影响力学术期刊”称号,是唯一入选的环境科学与资源科学类中文期刊,也是自首次评选以来连续 7 次获此殊荣.评选以期刊国际影响力指数进行排序,遴选出排名前 5%(Top5%)的期刊获评“中国最具国际影响力学术期刊”.



CONTENTS

Concurrent Measurement of Wet and Bulk Deposition of Trace Metals in Urban Beijing	ZHANG Guo-zhong, PAN Yue-peng, TIAN Shi-li, <i>et al.</i> (2493)
Concentration and Ecological Risk Assessment of Heavy Metals in PM _{2.5} Collected in Urban and Suburban Areas of Beijing	XU Jing, LI Xing-ru, ZHANG Lan, <i>et al.</i> (2501)
Secondary Aerosol Formation in Urban Shanghai: Insights into the Roles of Photochemical Oxidation and Aqueous-Phase Reaction	GAO Jie, QIAO Li-ping, LOU Sheng-rong, <i>et al.</i> (2510)
Secondary Inorganic Pollution Characteristics During Heavy Pollution Episodes of 2017 in Tianjin	XU Hong, XIAO Zhi-mei, CHEN Kui, <i>et al.</i> (2519)
Characterization of PM ₁₀ and PM _{2.5} Source Profiles for Emissions from Nonmetal Mineral Products Manufacturing Processes	ZHAO Xue-yan, YU Gao-feng, WANG Xin-wu, <i>et al.</i> (2526)
Characteristics of Component Particle Size Distributions of Particulate Matter Emitted from a Waste Incineration Plant	YU Zhuo-jun, WU Jian-hui, ZHANG Yu-fen, <i>et al.</i> (2533)
Characteristics and Source Apportionment of Carbon Components in Road Dust PM _{2.5} and PM ₁₀ During Spring in Tianjin Derived by Using the Quadrat Sampling Method	MA Yan, JI Ya-qin, GUO Ji-liang, <i>et al.</i> (2540)
Urban Aerosol Hygroscopicity During Haze Weather	YANG Su-ying, TIAN Zhi-jie, ZHANG Tie-ning, <i>et al.</i> (2546)
Atmospheric Pollution Characteristics and Inhalation Exposure Risk of Nitrated Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in PM _{2.5} at the Ningdong Energy and Chemical Industry Base, Northwest China	LIU Pan-liang, JU Yuan-li, MAO Xiao-xuan, <i>et al.</i> (2556)
Health Benefit Evaluation for PM ₁₀ and PM _{2.5} Pollution Control in Zhengzhou, China, 2014-2016	HAN Shi-jie, WANG Jia, YAN Qi-she, <i>et al.</i> (2565)
Spatial-temporal Distribution of Aerosol Optical Depth and Its Main Influence Types in China During 1990-2017	LIU Ying, LIN Ai-wen, QIN Wen-min, <i>et al.</i> (2572)
Research on the Pollution Characteristics and Causality of Haze-sand Air Pollution in Beijing in Spring	WANG Yao-ting, LI Qing-chun, ZHENG Zuo-fang, <i>et al.</i> (2582)
Vessel Emission Inventories and Emission Characteristics for Inland Rivers in Jiangsu Province	XU Wen-wen, YIN Cheng-qi, XU Xue-ji, <i>et al.</i> (2595)
Atmospheric Nitrogen Dioxide, Nitric Acid, Nitrate Nitrogen Concentrations, and Wet and Dry Deposition Rates in a Double Rice Region in Subtropical China	OUYANG Xiu-qin, WANG Bo, SHEN Jian-lin, <i>et al.</i> (2607)
Characteristics of Stable Isotopes in Precipitation and Moisture Sources in the Headwaters of the Yangtze River	WANG Shao-yong, WANG Qiao-li, WU Jin-kui, <i>et al.</i> (2615)
Historical Trends of Atmospheric Trace Metal Pollution in Northern Guizhou Province as Reconstructed from Alpine Lake Sediments	LIANG Meng-yao, LIU En-feng, ZHANG En-lou, <i>et al.</i> (2624)
Distribution Characteristics of Microplastics in Qingdao Coastal Beaches	LUO Ya-dan, LIN Qian-hui, JIA Fang-li, <i>et al.</i> (2631)
Pollution Characteristics of Microplastics in Migratory Bird Habitats Located Within Poyang Lake Wetlands	LIU Shu-li, JIAN Min-fei, ZHOU Long-yin, <i>et al.</i> (2639)
Use of the Nitrogen/Carbon Ratio (N/C) and Two End-Member Sources Mixing Model to Identify the Origins of Dissolved Organic Matter from Soils in the Water-Level Fluctuation Zones of the Three Gorges Reservoir	JIANG Tao, JOERI Kaal, LIANG Jian, <i>et al.</i> (2647)
Effects of Photosynthesis of Submerged Aquatic Plants on CDOM in a Karst Water System: A Case Study from Xueyu Cave, Chongqing, China	FAN Jia-xin, JIANG Yong-jun, HE Qiu-fang, <i>et al.</i> (2657)
Indicators of Groundwater Evolution Processes Based on Hydrochemistry and Environmental Isotopes: A Case Study of the Dongyuan Drinking Water Source Area in Ji'nan City	ZHANG Ya, SU Chun-li, MA Yan-hua, <i>et al.</i> (2667)
Water Quality Analysis and Health Risk Assessment for Groundwater at Xiangshui, Chongzuo	ZHOU Jin-mei, JIANG Zhong-cheng, XU Guang-li, <i>et al.</i> (2675)
Chemical Characteristics of Groundwater and Material Sources Analysis in Buckwheat Field, Yunnan Province	ZHANG Yong, GUO Chun-qing, ZHU Yan-guang, <i>et al.</i> (2686)
C and N Transport Flux and Associated Changes of Water Quality Parameters from a Multiscale Subtropical Watershed in the Poyang Lake Area	LU Yao, GAO Yang, JIA Jun-jie, <i>et al.</i> (2696)
Pollutant Transport Analysis and Source Apportionment of the Entire Non-point Source Pollution Process in Combined Sewer Systems	FANG Jin-xiu, XIE Wen-xia, ZHU Yu-xi, <i>et al.</i> (2705)
Nitrogen Removal Efficiencies from Road Runoff by Dry Grass Swales with a Shallow Substrate Layer	DUAN Jin-kai, LI Tian, ZHANG Jia-wei (2715)
Migration Characteristics of Manganese During Rainfall Events and Its Impacts on Water Quality in a Drinking Water Source Reservoir	DENG Li-fan, HUANG Ting-lin, LI Nan, <i>et al.</i> (2722)
Potential for Phosphorus Uptake by Bed Sediments and Its Response to Carbon Additions in the Shiwuli River, Chaohu Lake Basin	LI Ru-zhong, BAO Qin, ZHANG Rui-gang, <i>et al.</i> (2730)
Sources and Distribution of Phosphorus in Sediments of the Jinpen Reservoir	MAO Xue-jing, HUANG Ting-lin, LI Nan, <i>et al.</i> (2738)
Water Quality Characteristics and Distribution of Bacterial Communities During Thermal Stratification in the Miyun Reservoir	WANG Yu-bing, WANG Xiao-yan, PANG Shu-jiang, <i>et al.</i> (2745)
Relationship Between the Vertical Distribution of Nutrients and Bacterial Community Structures in Sediment Interstitial Waters of Stratified Reservoirs with Different Water Temperatures	WANG Shen, ZHANG Si-si, XU You, <i>et al.</i> (2753)
Accumulation Characteristics and Release Regularity of Nutrients in Sediments of a Surface-flow Constructed Wetland After Long-term Operation	ZHU Yi-meng, JIANG Cui-ling, ZHU Li-qin, <i>et al.</i> (2764)
Application of Goethite Modified Biochar for Arsenic Removal from Aqueous Solution	ZHU Si-hang, ZHAO Jing-jing, YIN Ying-jie, <i>et al.</i> (2773)
Effects and Mechanisms of Methyl Orange Removal from Aqueous Solutions by Modified Rice Shell Biochar	SHI Yue-yue, SHAN Riu, YUAN Hao-ran (2783)
Performance and Membrane Fouling Properties in an Anaerobic Membrane Bioreactor for Salty Wastewater	YAN Huan-xi, XU Zhen-yu, JIN Chun-ji, <i>et al.</i> (2793)
Pollution Characteristics and Enhanced Removal of Organic Phosphorus in Effluent from a Wastewater Treatment Plant	WANG Xiao-dong, WANG Zi-wen, CHEN Ming-fei, <i>et al.</i> (2800)
Effects of Alkalinity on Partial Nitrification in a Zeolite Sequencing Batch Reactor	WANG Rui-xin, CHEN Jing, WANG Xiao-jun, <i>et al.</i> (2807)
Effects of the Physical Structure of Activated Sludge on Respiration Processes	GUO Yao, LI Zhi-hua, YANG Cheng-jian, <i>et al.</i> (2813)
Performance of an Aerobic Granular Reactor Treating Biogas Slurry from Pig Farm	LIAO Jie, YE Jia-qi, ZENG Zhi-chao, <i>et al.</i> (2821)
Spatial-temporal Characteristics and Driving Factors of Greenhouse Gas Emissions from Rivers in a Rapidly Urbanizing Area	LIU Ting-ting, WANG Xiao-feng, YUAN Xing-zhong, <i>et al.</i> (2827)
Influences of Biochar on Pollutant Removal Efficiencies and Nitrous Oxide Emissions in a Subsurface Flow Constructed Wetland	DENG Chao-ren, LIANG Yin-kun, HUANG Lei, <i>et al.</i> (2840)
Effects of the Veterinary Antibiotic Sulfamethazine on N ₂ O Emissions and the Associated Microbiological Mechanism in a Rice Field	WU Jie, LI Zhi-lin, XU Jia-ying, <i>et al.</i> (2847)
Effects of Different Levels of Nitrogen Fertilization on Soil Respiration Rates and Soil Biochemical Properties in an Alfalfa Grassland	HU Wei, ZHANG Ya-hong, LI Peng, <i>et al.</i> (2858)
Spatial Distribution and Risk Assessment of Heavy Metals in Soils from a Typical Urbanized Area	HE Bo, ZHAO Hui, WANG Tie-yu, <i>et al.</i> (2869)
Accumulation of Heavy Metals in Agricultural Soils and Crops from an Area with a High Geochemical Background of Cadmium, Southwestern China	LIU Yi-zhang, XIAO Tang-fu, XIONG Yan, <i>et al.</i> (2877)
Spatial Distribution Characteristics and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in Chinese Wolfberry Land Based on GIS and the Receptor Model	BAI Yi-ru, ZHANG Xing, ZHAO Yun-peng, <i>et al.</i> (2885)
Spatial Distribution and Pollution Assessment of As at a Small Scale in Agricultural Soils of the Karst Region	WANG Hua, LIU Xiu-ming, LIU Fang, <i>et al.</i> (2895)
Soil Aggregate Stability and Its Stoichiometric Characteristics in <i>Robinia pseudoacacia</i> Forest within Different Vegetation Zones on the Loess Plateau, China	QU Qing, XU Hong-wei, WU Xuan, <i>et al.</i> (2904)
Straw Returning Plus Nitrogen Fertilizer Affects the Soil Microbial Community and Organic Carbon Mineralization in Karst Farmland	XU Xue-chi, SU Yi-rong, WANG Gui-hong, <i>et al.</i> (2912)
Effects of Biochar Application and Ageing on the Adsorption of Antibiotics in Purple Soil	YIN Wen-min, GUAN Zhuo, LIU Chen, <i>et al.</i> (2920)
Ammonia Oxidation in a Neutral Purple Soil Measured by the ¹³ C-DNA-SIP Method	LIU Tian-lin, WANG Zhi-hui, YAN Xiao-juan, <i>et al.</i> (2930)
Effects of Silver Nanoparticles and Silver Ions on Soil Nitrification Microorganisms and Ammonoxidation	WU Ling-li, ZHANG Xu, SHU Kun-hui, <i>et al.</i> (2939)
Insight into the Process of Mn-ANAMMOX in Soils of Agricultural Drainage Ditches	CHEN Shi, LI Zheng-kui, QIN Yun-bin, <i>et al.</i> (2948)
Effects of Different Concentrations of Tetracycline in Sludge on Ammonia Oxidizers During Vermicomposting	WU Ying, HUANG Kui, XIA Hui, <i>et al.</i> (2954)