

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第37卷 第9期

Vol.37 No.9

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

1960~2013年我国霾污染的时空变化	符传博,唐家翔,丹利,何媛 (3237)
太原大气颗粒物中水溶性无机离子质量浓度及粒径分布特征	王璐,温天雪,苗红妍,高文康,王跃思 (3249)
石家庄秋季一次典型霾污染过程水溶性离子粒径分布特征	刘景云,刘子锐,温天雪,魏俊龙,黄小娟,乔宝文,王莉莉,杨洋,徐仲均,王跃思 (3258)
南京北郊大气颗粒物的粒径分布及其影响因素分析	吴丹,曹双,汤莉莉,夏俊荣,陆建刚,刘刚,杨孟,李凤英,盖鑫磊 (3268)
南京北郊黑碳气溶胶污染特征及影响因素分析	肖思晗,于兴娜,朱彬,何稼祺 (3280)
上海崇明地区大气分形态汞污染特征	李舒,高伟,王书肖,张磊,李智坚,王龙,郝吉明 (3290)
三峡库区典型农田系统大气汞浓度及不同自然界面释汞通量	王永敏,赵铮,孙涛,王娅,薛金平,张成,王定勇 (3300)
长白山背景站大气 VOCs 浓度变化特征及来源分析	吴方堃,孙杰,余晔,唐贵谦,王跃思 (3308)
铅冶炼厂无组织排放源不同颗粒物中铅含量特征	刘大钧,汪家权 (3315)
祁连山东段降水的水化学特征及离子来源研究	贾文雄,李宗省 (3322)
三峡库区(重庆—宜昌段)沉积物中钒的污染特征及生态风险评价	郭威,殷淑华,徐建新,徐东昱,高丽,郝红,高博 (3333)
太湖不同富营养化水域磷的分布特征及其环境影响因素	车霏霏,王大鹏,甄卓,颜昌宙,王灶生 (3340)
太湖表层沉积物中 PPCPs 的时空分布特征及潜在风险	张盼伟,周怀东,赵高峰,李昆,刘巧娜,任敏,赵丹丹,李东佼 (3348)
岩溶地下河系统中有机氯的分布特征与来源分析	张媚,孙玉川,谢正兰,余琴,徐昕 (3356)
西南典型岩溶地下河系统水文地球化学特征对比:以重庆市青木关、老龙洞为例	詹兆君,陈峰,杨平恒,任娟,张海月,刘黛薇,蓝家程,张宇 (3365)
不同水源补给情形的溪流沟渠沉积物磷形态及释放风险分析	李如忠,秦如彬,黄青飞,耿若楠 (3375)
滇池柱状沉积物磷形态垂向变化及对释放的贡献	李乐,王圣瑞,焦立新,余佑金,丁帅,王跃杰 (3384)
荧光光谱结合平行因子分析研究夏季周村水库溶解性有机物的分布与来源	黄廷林,方开凯,张春华,周石磊,曾明正,刘飞,夏超,丛海兵 (3394)
富营养化水体中黑水团的吸收及反射特性分析	张思敏,李云梅,王桥,朱利,王旭东,温爽 (3402)
基于微生物生物完整性指数的地下水生态系统健康评价:以包钢稀土尾矿库周边地下水生态系统为例	安新丽,陈廷廷,赵晗,张又弛,侯艳伟,蔡超 (3413)
于桥水库水源地水体沉积物重金属空间分异与景观格局的关系	王祖伟,王伟玮,侯迎迎,包姗姗,王子璐,王倩倩 (3423)
人工湿地构型对水产养殖废水含氮污染物和抗生素去除影响	刘佳,易乃康,熊永娇,黄翔峰 (3430)
共生细菌对盐生小球藻富集和转化硝酸盐的影响	许平平,刘聪,王亚,郑燕恒,张春华,葛滢 (3438)
模拟水体硝态氮对黄菖蒲生长及其氮吸收的影响	王兵,温奋翔,肖波 (3447)
对羟基联苯在黄河兰州段底泥上的吸附行为	周琦,蒋煜峰,孙航,慕仲峰,张振国,展惠英 (3453)
多级 A/O 工艺强化处理城市污水的效果研究	尹子华,盛晓琳,刘锐,陈吕军,张永明 (3460)
某微污染水源自来水管网的纳滤深度处理效果研究	吴玉超,陈吕军,兰亚琼,刘锐 (3466)
Fe ⁰ -PRB 去除Cr(VI)反应动力学及影响机制	卢欣,李森,唐翠梅,辛佳,林朋飞,刘翔 (3473)
EDTA-nSiO ₂ 纳米颗粒对 Cd ²⁺ 的吸附	蒋顺成,秦睿,李满林,李荣华,张增强,Amjad Ali,梁文 (3480)
硝酸-PPy/AQDS 联合处理改善阳极性能的分析表征	沈伟航,朱能武,尹富华,吴平霄,张彦鸿 (3488)
人工合成水铁矿对含磷废水的吸附性能	崔蒙蒙,王殿升,黄天寅,刘锋 (3498)
生物沸石人工湿地处理分散养猪冲洗水性能	牟锐,沈志强,周岳溪,陈学民,伏小勇,谭蕾蕾,瞿畏 (3508)
甘油基混合培养物合成 PHA 及其与 OUR 的关系	刘东,张小婷,张代钧,曾善文,卢培利 (3518)
光催化体系中噻虫胺降解动力学及机制	胡倩,阳海,石妮,胡乐天,易兵 (3524)
宁夏干旱地区工业区对农田土壤重金属累积的影响	王美娥,彭驰,陈卫平 (3532)
北方某大型钢铁企业表层土壤中多环芳烃污染特征与健康风险评价	董捷,黄莹,李永霞,张厚勇,高甫威 (3540)
红壤剖面重金属分布特征及对有机碳响应	贾广梅,马玲玲,徐殿斗,成杭新,周国华,杨国胜,罗敏,路雨楠,刘志明 (3547)
外源锌刺激下水稻对土壤镉的累积效应	辜娇峰,杨文骏,周航,张平,彭佩钦,廖柏寒 (3554)
改性生物炭材料对稻田原状和外源镉污染土钝化效应	杨兰,李冰,王昌全,刘倾城,张庆沛,肖瑞,李一丁 (3562)
生物淋滤联合类 Fenton 反应去除污染土壤中重金属的效果	周普雄,严颀,余震,王跃强,朱艺,周顺桂 (3575)
长期石油污染对盐碱化土壤中微生物群落分子生态网络的影响	赵慧慧,肖娴,裴孟,赵远,梁玉婷 (3582)
应用 PLFA 法分析氮沉降对缙云山马尾松林土壤微生物群落结构的影响	曾清苹,何丙辉 (3590)
三江平原不同退化阶段小叶章湿地土壤真菌群落结构组成变化	隋心,张荣涛,许楠,刘赢男,柴春荣,王继丰,付晓玲,钟海秀,倪红伟 (3598)
外源氮、硫添加对闽江河口湿地 CH ₄ 、CO ₂ 排放的短期影响	胡敏杰,任鹏,黄佳芳,仝川 (3606)
模拟条件下侵蚀-沉积部位土壤 CO ₂ 通量变化及其影响因素	杜兰兰,王志齐,王蕊,李如剑,吴得峰,赵慢,孙棋棋,高鑫,郭胜利 (3616)
太原晋祠地区果园土壤呼吸的年际变化及其温度敏感性	严俊霞,郝忠,荆雪镨,李洪建 (3625)
生物炭对壤土土壤温室气体及土壤理化性质的影响	王月玲,耿增超,王强,尚杰,曹胜磊,周凤,李鑫,刘福义,张萍 (3634)
氮沉降对臭氧胁迫下青杨光合特性和生物量的影响	辛月,尚博,陈兴玲,冯兆忠 (3642)
冠层辐射温度对冬小麦生态系统碳通量的影响	李洪建,杨艳,严俊霞 (3650)
堆肥过程水溶性有机物组成和结构演化研究	李丹,何小松,席北斗,高如泰,张慧,黄彩红,党秋玲 (3660)
酸碱改性活性炭及其对甲苯吸附的影响	刘寒冰,杨兵,薛南冬 (3670)
《环境科学》征订启事 (3517)	《环境科学》征稿简则 (3561)
信息 (3289,3321,3422)	

长期石油污染对盐碱化土壤中微生物群落分子生态网络的影响

赵慧慧¹, 肖娴^{2,3}, 裴孟¹, 赵远¹, 梁玉婷^{2*}

(1. 常州大学环境与安全工程学院, 常州 213164; 2. 中国科学院南京土壤研究所, 土壤与农业可持续发展国家重点实验室, 南京 210008; 3. 中国科学院大学, 北京 100049)

摘要: 长期石油污染改变了土壤微生物群落组成, 降低了群落多样性, 对生态系统造成严重的威胁. 为了探讨长期石油污染对盐碱化土壤中微生物物种间相互作用关系的影响, 采集胜利油田石油污染土壤和未污染土壤, 利用随机矩阵方法构建分子生态网络. 结果发现, 污染土壤和未污染土壤中微生物功能基因组的分子生态网络存在显著差异 ($P < 0.001$). 与未污染土壤相比, 污染土壤的网络节点数、连接数、平均连通度、模块数和模块性都显著降低, 说明在石油污染的影响下土壤微生物网络拓扑结构发生变化; 污染土壤和未污染土壤的模块枢纽基因、连接器基因均没有重叠, 模块枢纽基因和连接器基因的网络拓扑角色发生了变化. 通过构建烷烃、多环芳烃降解基因网络, 发现负相互作用的比例较大, 这可能反映了微生物功能群落间的竞争关系.

关键词: 微生物相互作用; 石油污染; 分子生态网络; 功能基因; 盐碱化土壤

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2016)09-3582-08 DOI: 10.13227/j.hjks.2016.09.041

Effect of Long-term Oil Contamination on the Microbial Molecular Ecological Networks in Saline-alkali soils

ZHAO Hui-hui¹, XIAO Xian^{2,3}, PEI Meng¹, ZHAO Yuan¹, LIANG Yu-ting^{2*}

(1. School of Environmental & Safety Engineering, Changzhou University, Changzhou 213164, China; 2. State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China; 3. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Abstract: Long-term oil contamination alters the structures of soil microbial communities, as well as decreases the community diversity, posing a great threat to the ecosystem. To determine the possible influence of long-term oil contamination on microbial interactions in saline-alkali soils, microbial functional molecular ecological networks were studied in both contaminated and uncontaminated soils from Shengli oil field by constructing random networks based on null model. The results demonstrated that the overall networks were significantly different between contaminated and uncontaminated soils ($P < 0.001$). Network size, links, average connectivity, modules and modularity were all decreased in soil with oil contamination, indicating that oil contamination altered the topological structure of microbial functional molecular ecological network. Module hub and connectors were different in contaminated and uncontaminated soils. The topological roles of the genes (module hub and connectors) were altered by oil contamination. Sub-networks of genes involved in alkane and polycyclic aromatic hydrocarbon degradation were also constructed. Negative co-occurrence patterns prevailed among functional genes, thereby indicating probable competition relationships among functional groups.

Key words: microbial interaction; oil contamination; molecular ecological network; functional genes; saline-alkali soils

随着经济的增长, 人们对石油资源的勘探和开采不断增加, 对全球环境造成严重的污染^[1]. 在一些石油污染严重的场地, 每克土壤中检测到的石油含量达到数百微克^[2]. 长期的石油污染改变了环境微生物群落的组成, 降低了微生物群落多样性, 对生态造成了严重的威胁^[3]. 污染历史悠久的重质有机污染土壤中, 易生物降解的低碳直链烷烃含量很低, 多为难降解的高碳烷烃(14~40碳数的正构和异构烷烃)、多环芳烃(萘、菲、芘、蒽、苯并芘及其烷基取代物)、胶质、沥青等^[2]. 这类复杂污染物的降解依赖于多种微生物的协同

作用. 因此, 需要深入研究污染土壤中功能微生物相互作用关系, 为开展石油污染土壤的生物修复奠定理论基础.

高通量测序技术^[4]和基因芯片技术^[5]的飞速发展为人们理解微生物群落的多样性和复杂性提供了检测平台. 但由于微生物的相互作用复杂

收稿日期: 2016-03-19; 修订日期: 2016-04-06

基金项目: 国家自然科学基金项目(41371256); 中国科学院青年创新促进会项目(2016284)

作者简介: 赵慧慧(1990~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为污染土壤生物修复, E-mail: yuke621@sina.com

* 通讯联系人, E-mail: ytliaang@issas.ac.cn

多变且难于观察,同时缺乏足够的数据和相应的数据挖掘方法,目前的研究主要集中在分析石油污染土壤中微生物群落多样性水平^[6]、各门类微生物分布特征和与环境因素的相互关系之上,而对有机污染土壤中微生物物种间相互作用关系的研究却很少.生态网络分析技术是一种基于随机矩阵理论分析生态系统中内在作用关系的系统分析方法,用于描绘和表征微生物群落的分子生态网络,为理解复杂的微生物群落的潜在相互作用提供了一种可靠的方法^[7].Liang 等^[8]运用这种方法构建了我国百色油田酸性土壤中微生物的分子生态网络,研究表明石油污染对酸性土壤微生物群落的相互作用产生显著影响.然而,我国有大面积的石油污染土壤为盐碱化土壤(如胜利油田、塔里木油田等),需要进一步探索石油污染对典型盐碱化土壤中微生物相互作用关系的影响.

本研究以胜利油田盐碱化土壤为对象,构建了石油污染土壤和未污染土壤中的微生物功能基因组的分子生态网络,探讨了典型盐碱化土壤中石油污染对微生物群落功能网络的影响,确定了网络结构中的“关键基因”以及在石油降解过程中物种之间的相互作用关系,以期为微生物修复盐碱化石油污染土壤提供理论依据.

表 1 石油污染土壤和未污染土壤的理化性质¹⁾

Table 1 Geochemical data of uncontaminated (U) and contaminated (C) soils														
项目	质地	pH	水	盐	油	TOC	TN	AN	TP	AP	Cu	Zn	Fe	Mn
SL-U	壤质黏土	7.67	19.6	0.926	—	1.16	903.6	39.1	581.6	5.06	0.064	0.007	2.13	0.53
SL-C	壤质黏土	7.84	20.1	0.897	7.96	5.83	1 108.3	13.1	588.8	4.11	0.165	0.006	1.91	0.61

1) “—”表示未检出;水和盐单位为%,油为 $\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}$,其余为 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$

1.2 网络构建与特征参数

为了阐明石油污染对整个微生物生态网络的影响,分别对污染土壤和未污染土壤构建了功能分子生态网络.构建网络和获取特征参数均在美国俄克拉荷马大学环境基因组学研究所网站(<http://ieg2.ou.edu/MENA>)上完成.本研究中使用的是功能基因芯片(GeoChip),含有24 243个50-mer的寡核苷酸基因探针,覆盖了10 000多个功能基因,用于编码多于150种碳、氮、硫、磷循环,金属还原和有机物降解相关的关键酶.选用该技术既可以从功能基因的角度研究石油污染对微生物生态功能的潜在影响,并将微生物的功能结构与其它环境因子联系起来;同时,本研究中使用的是功能基因芯片含有大量编码降解烷烃、苯、联苯、二甲苯、萘、蒽及多环芳烃代

1 材料与方法

1.1 样品采集与基因芯片杂交

胜利油田(37°28'N,118°29'E)地处山东北部渤海之滨的黄河三角洲地带,主要分布在东营、滨州、德州、济南、潍坊、淄博、聊城、烟台等8个城市的28个县(区)境内,工作范围约 $4.4\times10^4\text{ km}^2$,是中国的第二大油田.其年平均降水量为550 mm,属于温带大陆性半湿润季风气候.于2008年6月对胜利油田土壤(SL)进行样品采集,总共采集20个样品.其中10个石油污染土壤样品(SL-C),采自与原油抽油井邻近并且长期受污染的土壤;另外10个样品采自离污染场地5 km未受污染的土壤(SL-U).对于每个采样点,在面积为 0.015 m^2 、高10 cm的土壤上钻5个直径为2.5 cm的孔,收集这些土壤并混合均匀.采集的土壤样品一部分用于分析土壤的理化性质(见表1),污染土壤和未污染土壤的理化性质基本接近,另一部分用于土壤微生物的功能基因组成分析.采集的土壤样品密封在无菌真空采样袋里,并冷冻运回到实验室.

利用酚-氯仿-丁醇萃取法^[9, 10]提取土壤微生物基因组DNA.从每个DNA样品中取2 μg 进行标记,42℃条件下杂交12 h^[11, 12].获得的芯片数据进行数据标准化、信噪比等处理^[13].

谢中间产物儿茶酚、原儿茶酸等的功能基因,可以用以评价油田土壤微生物对污染物的降解能力.网络构建过程如下:将GeoChip功能基因芯片数据进行lg转换,构建皮尔逊相关性矩阵^[14],进一步转换成相似性矩阵;根据随机矩阵理论,通过施加合适的阈值从相似矩阵导出邻接矩阵,用邻接矩阵来编码每对节点之间的连接强度.可以通过分析相关矩阵特征值的最近邻间距分布预测生态群落.两个极端分布是高斯正交系综和泊松分布,高斯正交系综反映了一个复杂系统分布的随机性,泊松分布则反映复杂系统的特定性和非随机性^[15].阈值是从高斯正交系综到泊松分布的转变^[7].

用Cytoscape 2.6.0软件对网络进行可视化处理^[17],从而得到网络结构图和相关的信息.描述网络

的特征参数包括^[7],连通度即计算每个基因(节点)与其他连接着的基因之间的连接数之和,表示一个基因与其他基因的连通强度,是最常用的网络指标之一;路径长度即两个基因之间的最短距离;聚类系数即表示一个节点与其他节点之间连通程度的好坏;以及每个网络的模块性^[16],即描述分子生态网络中模块化特性,一个生态网络被分成多个模块,每个模块是生物系统的一个功能单元.节点*i*的作用由模块内连通度(Z_i)与模块间连通度(P_i)来表征^[17].

在石油污染环境中,参与某种化合物降解的微生物功能基因可以指示相应化合物的生物降解潜力和它们的生物利用度^[18].功能基因还可以用于监测污染物降解菌的动态变化和评估污染物的可生物降解性.为了进一步了解与石油污染物降解相关的功能微生物群落的相互作用,选择 GeoChip 的 *alk* 基因(*alkB*、*alkH*、*alkJ* 和 *alkK*)和多环芳烃降解功能基因(*bphA*、*bphB*、*bphC*、*bphD*、*dfbA*、*nahA*、*nahB*、*nahF*、*phdA*、*phdCI*、*phdJ*、*phdK* 和 *qorL*)构建了烷烃和多环芳烃降解功能分子生态网络,其构建过程与整体分子生态网络过程相同,并用 Cytoscape 2.6.0 软件进行可视化处理^[19].

表 2 石油污染土壤和未污染土壤的微生物群落的分子生态网络和随机分子生态网络的拓扑性质¹⁾

Table 2 Topological properties of the empirical molecular ecological networks (MENs) of microbial communities in uncontaminated (U) and contaminated (C) soils of the oil-contaminated site and their associated random MENs

群落	基因数量	分子生态网络							随机网络			
		阈值	节点数	连接数	<i>r</i>	平均连通度	平均路径长度	平均聚集系数	模块性 (模块数)	平均路径长度	平均聚集系数	模块性
SL-U	1434	0.96	615	6765	-0.87 *	22.00	2.514 *	0.413 *	0.37 * (55)	2.650	0.206	0.198
SL-C	871	0.96	436	3792	-0.83 *	17.39	2.495 *	0.407 *	0.31 * (33)	2.596	0.180	0.112

1) 基因数量是指参与构建网络的基因数量;*r* 是网络服从幂分布 $\lg[P(k)] \sim -\gamma \lg(k)$ 的回归相关系数,其中 $P(k)$ 是连通度 k 的分数, γ 是常数; * 表示 $P < 0.001$,代表污染土壤和未污染土壤的显著性差异

2.2 石油污染改变了网络节点的拓扑角色

通过计算污染土壤和未污染土壤的模块内连通度(Z_i)和模块间连通度(P_i)来分析石油污染对不同节点的拓扑学角色的影响(图 1).网络节点一般分为 4 类^[20]:①外围节点($Z_i \leq 2.5, P_i \leq 0.62$),连接数很少,且基本连接模块内的节点;②连接器($Z_i \leq 2.5, P_i > 0.62$),与一些模块高度相连;③模块枢纽($Z_i > 2.5, P_i \leq 0.62$),在模块内部与许多节点高度连接;④网络枢纽($Z_i > 2.5, P_i > 0.62$),既是模块枢纽又是连接器.模块枢纽基因、连接器详细信息见表 3 和表 4.污染土壤(98.6%)和未污染土壤(99.2%)中的大部分基因是外围节点,在模块内部有很多连接数.未污染土壤的分子生态网络中有 5 个模块枢纽,污染土壤分子生态网络结构中有 3 个

1.3 微生物相互作用网络与环境因子的关系

利用皮尔逊相关性分析微生物相互作用网络和环境因子之间的相关性.用污染土壤和未污染土壤的理化性质和石油含量作为环境因子.由于不同理化性质的测量单位不同,先把所有理化数据进行标准化再进行计算.

2 结果与分析

2.1 石油污染对盐碱化土壤微生物分子生态网络的影响

分别用 1 434 个和 871 个基因构建了石油未污染土壤和污染土壤的分子生态网络,研究石油污染对盐碱化土壤微生物功能群落相互作用关系的影响(表 2).用网络节点数(网络中的基因数)、连接数(不同基因之间的相互作用)、连通度和模块数等来表征污染土壤和未污染土壤中微生物分子生态网络结构的特征.结果表明,平均路径长度、平均聚类系数和模块性等这些网络指标在污染土壤和未受污染土壤之间显著不同($P < 0.001$).在长期石油污染的影响下,盐碱化土壤微生物群落的整体网络结构与未污染土壤明显不同.

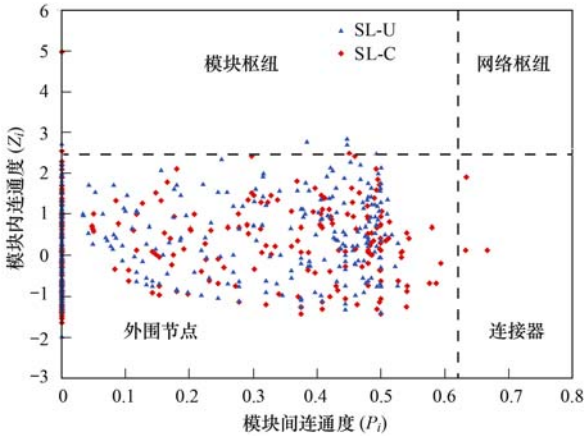


图 1 基于污染土壤和未污染土壤的拓扑学角色的基因分布

Fig. 1 The Z-P plot showing the distribution of genes in contaminated and uncontaminated soils based on their topological roles from SL

模块枢纽；未污染土壤中没有连接器基因,污染土壤中有 3 个连接器基因；在污染和未污染土壤中均没有网络枢纽基因. 在污染土壤和未污染土壤样品中,几乎没有模块枢纽基因与连接器基因重叠.

表 3 模块枢纽基因的信息

Table 3 Information of module hub genes							
项目	基因序列号	Z_i	P_i	基因名	基因类别	亚类别	来源
SL-U	118685870	2. 833	0. 447	<i>proO</i>	有机物降解	芳香烃	<i>Marinomonas</i> sp. MWYL1
	68201857	2. 763	0. 384	<i>CODH</i>	碳循环	固碳	<i>Frankia</i> sp. EAN1pec
	88778030	2. 709	0. 000	<i>endochitinase</i>	碳循环	碳降解	<i>Reinekea</i> sp. MED297
	109641682	2. 692	0. 447	<i>dmsA</i>	有机物降解	其他	<i>Desulfotobacterium hafniense</i> DCB-2
	73748096	2. 480	0. 493	<i>ArsC</i>	金属抗性	砷	<i>Dehalococcoides</i> sp. CBDB1
SL-C	152146172	4. 976	0. 000	<i>rubisco</i>	碳循环	固碳	<i>Beggiatoa</i> sp. SS
	6460527	2. 558	0. 000	<i>ArsC</i>	耐金属	砷	<i>Deinococcus radiodurans</i> R1
	149370135	2. 497	0. 450	<i>pcc</i>	碳循环	固碳	unidentified eubacterium

表 4 连接器基因的信息

Table 4 Information of connector genes							
	基因序列号	Z_i	P_i	基因名	基因类别	亚类别	来源
SL-U	—						
	3157562	0. 127	0. 667	<i>nifH</i>	氮	固氮	unidentified nitrogen-fixing bacteria
SL-C	82798482	1. 905	0. 634	<i>gyrB</i>	其他	系统进化标志	<i>Acholeplasma cavagenitalium</i>
	144943287	0. 127	0. 633	<i>hydrogenase</i>	产能过程	产能过程	<i>Geobacter bemidjiensis</i> Bem

2.3 烷烃、多环芳烃降解功能基因的分子生态网络

烷烃和多环芳烃是石油污染场地中原油污染的主要成分^[2, 21]. 为了进一步了解与降解烷烃和多环芳烃相关的微生物功能基因的相互作用,选择 GeoChip 的 *alk* 和多环芳烃降解功能基因构建了污染土壤分子生态网络,其可视化网络结构见图 2 和图 3. 在可视化网络中,不同颜色的节点代表不同的基因类别,节点上的数字代表基因序列号. 连接数、基因序列号、基因名、来源等详细信息见表 4 和表 5.

在污染土壤中检测到功能基因 *alkB*、*alkH*、*alkJ* 和 *alkK*,这些基因主要编码降解烷烃的关键酶. 烷烃降解基因中,有 68.5% 为负相互作用(图 2 和表 4),这可能反映了烷烃降解微生物功能群落的竞争行为. 连通性最高的功能基因为 *alkK* (68546649, *Corynebacterium* sp.),有 28 个连接数.

在石油污染场地检测到高浓度的多环芳烃,如萘、菲、芘、苯并芘以及它们的烷基衍生物,因此,

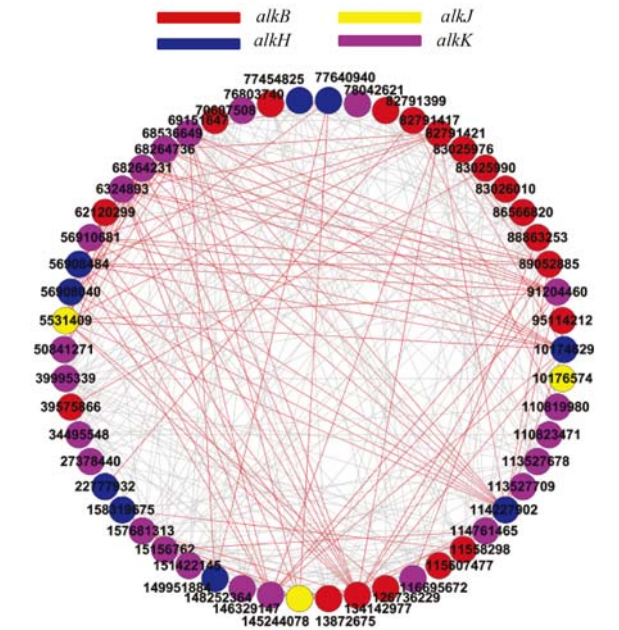


图 2 石油污染土壤中烷烃基因的网络相互作用
Fig. 2 Network interactions of the *alk* genes in oil contaminated soils

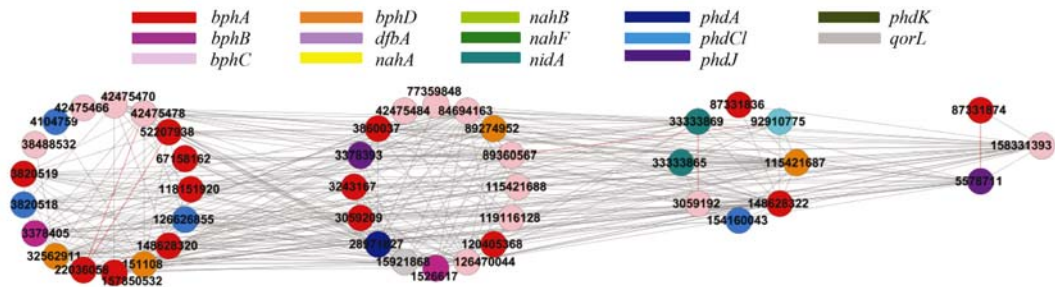


图 3 石油污染土壤中的多环芳烃基因的网络相互作用
Fig. 3 Network interactions of the PAH genes in oil contaminated soils

表 4 石油污染土壤中的烷烃基因节点信息

Table 4 Nodes information of the *alk* genes in oil contaminated soils

基因序列号	连接数	基因名	来源	基因序列号	连接数	基因名	来源
68536649	28	<i>alkK</i>	<i>Corynebacterium jeikeium</i> K411	10174629	13	<i>alkH</i>	<i>Bacillus halodurans</i> C-125
157681313	25	<i>alkK</i>	<i>Bacillus pumilus</i> SAFR-032	34495548	13	<i>alkK</i>	<i>Chromobacterium violaceum</i> ATCC 12472
114761465	24	<i>alkK</i>	<i>Roseovarius</i> sp. HTCC2601	68264736	13	<i>alkK</i>	<i>Corynebacterium jeikeium</i> K411
69151647	23	<i>alkB</i>	<i>Paracoccus denitrificans</i> PD1222	89052885	12	<i>alkB</i>	<i>Jannaschia</i> sp. CCS1
13872675	21	<i>alkB</i>	<i>Prauserella rugosa</i>	5531409	12	<i>alkJ</i>	<i>Pseudomonas putida</i>
15156762	21	<i>alkK</i>	<i>Agrobacterium tumefaciens</i> str. C58	145244078	12	<i>alkJ</i>	<i>Aspergillus niger</i>
82791399	19	<i>alkB</i>	uncultured bacterium	83025976	11	<i>alkB</i>	uncultured bacterium
113527678	19	<i>alkK</i>	<i>Ralstonia eutropha</i> H16	83025990	11	<i>alkB</i>	uncultured bacterium
116695672	19	<i>alkK</i>	<i>Ralstonia eutropha</i> H16	83026010	11	<i>alkB</i>	uncultured bacterium
39995339	19	<i>alkK</i>	<i>Geobacter sulfurreducens</i> PCA	110819980	11	<i>alkK</i>	<i>Rhodococcus</i> sp. RHA1
88863253	17	<i>alkB</i>	<i>Jannaschia</i> sp. CCS1	62120299	9	<i>alkB</i>	uncultured bacterium
134142977	16	<i>alkB</i>	uncultured bacterium	82791417	9	<i>alkB</i>	uncultured bacterium
11558298	15	<i>alkB</i>	<i>Oleiphilus messinensis</i>	126736229	9	<i>alkB</i>	<i>Roseobacter</i> sp. CCS2
39575866	15	<i>alkB</i>	<i>Bdellovibrio bacteriovorus</i> HD100	70607508	9	<i>alkK</i>	<i>Sulfolobus acidocaldarius</i> DSM 639
82791421	15	<i>alkB</i>	uncultured bacterium	56908040	8	<i>alkH</i>	<i>Bacillus clausii</i> KSM-K16
151422145	15	<i>alkK</i>	<i>Nitriruptor</i> sp. SB155-2	27378440	8	<i>alkK</i>	<i>Bradyrhizobium japonicum</i> USDA 110
56908484	14	<i>alkH</i>	<i>Bacillus clausii</i> KSM-K16	115607477	7	<i>alkB</i>	uncultured bacterium
77454825	14	<i>alkH</i>	<i>Rhodococcus erythropolis</i> PR4	77640940	7	<i>alkH</i>	<i>Alkaliphilus metalliredigens</i> QYMF
114227902	14	<i>alkH</i>	<i>Alkalilimnicola ehrlichei</i> MLHE-1	149951884	6	<i>alkH</i>	<i>Alkaliphilus metalliredigens</i> QYMF
6324893	14	<i>alkK</i>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	113527709	6	<i>alkK</i>	<i>Ralstonia eutropha</i> H16
56910681	14	<i>alkK</i>	<i>Bacillus clausii</i> KSM-K16	158319675	5	<i>alkH</i>	<i>Alkaliphilus oremlandii</i> OhILAs
68264231	14	<i>alkK</i>	<i>Corynebacterium jeikeium</i> K411	78042621	5	<i>alkK</i>	<i>Carboxydotherrus hydrogenoformans</i> Z-2901
91204460	14	<i>alkK</i>	<i>Candidatus Kuenenia stuttgartiensis</i>	110823471	5	<i>alkK</i>	<i>Rhodococcus</i> sp. RHA1
146329147	14	<i>alkK</i>	<i>Dichelobacter nodosus</i> VCS1703 A	50841271	3	<i>alkK</i>	<i>Propionibacterium acnes</i> KPA171202
148252364	14	<i>alkK</i>	<i>Bradyrhizobium</i> sp. BTai1	10176574	2	<i>alkJ</i>	<i>Bacillus halodurans</i> C-125
76803740	13	<i>alkB</i>	uncultured bacterium	95114212	1	<i>alkB</i>	<i>Gordonia</i> sp. Cg
86566820	13	<i>alkB</i>	<i>Frankia</i> sp. CcI3	22777932	1	<i>alkH</i>	<i>Oceanobacillus iheyensis</i> HTE831

表 5 石油污染土壤中多环芳烃 PAH 基因节点信息

Table 5 Nodes information of the PAH genes in oil contaminated soils

基因序列号	连接数	基因名	来源	基因序列号	连接数	基因名	来源
148628322	30	<i>bphA</i>	uncultured bacterium	52207938	16	<i>bphA</i>	<i>Sphingomonas</i> sp. CHY-1
115421687	30	<i>bphD</i>	<i>Bordetella avium</i> 197N	148628320	16	<i>bphA</i>	uncultured bacterium
126470044	26	<i>bphC</i>	<i>Rhodococcus rhodochrous</i>	42475478	16	<i>bphC</i>	<i>Rhodococcus rhodochrous</i>
32562911	26	<i>bphD</i>	<i>Bacillus</i> sp. JF8	3059209	15	<i>bphA</i>	<i>Rhodococcus erythropolis</i>
84694163	24	<i>bphC</i>	<i>Polaromonas naphthalenivorans</i> CJ2	1526617	15	<i>bphB</i>	<i>Pseudomonas putida</i>
158331393	24	<i>bphC</i>	<i>Azorhizobium caulinodans</i> ORS 571	42475470	14	<i>bphC</i>	<i>Rhodococcus rhodochrous</i>
15921868	23	<i>qorL</i>	<i>Sulfolobus tokodaii</i> str. 7	3860037	12	<i>bphA</i>	<i>Cycloclasticus pugetii</i>
151108	22	<i>bphD</i>	<i>Pseudomonas</i> sp.	120405368	12	<i>bphA</i>	<i>Mycobacterium vanbaalenii</i> PYR-1
3378405	21	<i>bphB</i>	<i>Novosphingobium aromaticivorans</i>	115421688	12	<i>bphC</i>	<i>Bordetella avium</i> 197N
89360567	20	<i>bphC</i>	<i>Xanthobacter autotrophicus</i> Py2	67158162	10	<i>bphA</i>	<i>Azotobacter vinelandii</i> AvOP
28971827	20	<i>phdA</i>	<i>Sphingomonas</i> sp. P2	119116128	9	<i>bphC</i>	uncultured bacterium
5578711	18	<i>phdJ</i>	<i>Sphingomonas xenophaga</i>	92910775	8	<i>phdG</i>	<i>Mycobacterium</i> sp. JLS
22036058	17	<i>bphA</i>	<i>Rhodococcus</i> sp. YK2	154160043	6	<i>phdCI</i>	<i>Xanthobacter autotrophicus</i> Py2
118151920	17	<i>bphA</i>	uncultured bacterium	77359848	5	<i>bphC</i>	<i>Pseudoalteromonas haloplanktis</i> TAC125
157850532	17	<i>bphA</i>	uncultured bacterium	33333865	5	<i>nidA</i>	<i>Mycobacterium</i> sp. S65
89274952	17	<i>bphD</i>	<i>Rhodococcus</i> sp. R04	42475484	4	<i>bphC</i>	<i>Rhodococcus rhodochrous</i>
33333869	17	<i>nidA</i>	<i>Mycobacterium</i> sp. S65	87331836	3	<i>bphA</i>	uncultured bacterium
3820518	17	<i>phdCI</i>	<i>Burkholderia</i> sp. RP007	87331874	2	<i>bphA</i>	uncultured bacterium
126626855	17	<i>phdCI</i>	<i>Marinobacter</i> sp. ELB17	3059192	2	<i>bphC</i>	<i>Rhodococcus erythropolis</i>
3378393	17	<i>phdJ</i>	<i>Novosphingobium aromaticivorans</i>	42475466	2	<i>bphC</i>	<i>Rhodococcus rhodochrous</i>
3243167	16	<i>bphA</i>	<i>Sphingomonas</i> sp. CB3	38488532	1	<i>bphC</i>	<i>Pseudomonas graminis</i>
3820519	16	<i>bphA</i>	<i>Burkholderia</i> sp. RP007	4104759	1	<i>phdCI</i>	<i>Pseudomonas stutzeri</i>

进一步探索参与降解多环芳烃的微生物功能基因的相互作用关系. 多环芳烃降解功能基因的所有相互作用中,98.1%为负相互作用关系. 功能基因 *bphA* (148628322, 未培养细菌) 和 *bphD* (115421687, *Bordetella* sp.) 的连通性最高, 分别有 30 个连接数 (图 3 和表 5).

2.4 网络结构与环境特性的关系

表 6 基因度与环境因子之间的相关性¹⁾

Table 6 Pearson correlations between gene degrees and environmental factors														
项目	石油	质地	TOC	TN	AN	TP	AP	pH	Fe	Mn	Cu	Zn	含水量	含盐量
SL-U	/	-0.25 **	-0.16 **	-0.14 **	-0.16 **	-0.14 **	0.11 **	0.14 **	0.17 **	-0.17 **	-0.09 *	0.14 **	0.07	-0.25 **
SL-C	-0.18 **	0.06	0.08	0.26 **	-0.19 **	-0.26 **	-0.08	-0.02	-0.13 **	0.00	0.11 *	-0.24 **	-0.28 **	-0.12 **

1) * * 表示 $P < 0.01$, * 表示 $P < 0.05$

3 讨论

3.1 整体微生物网络结构的改变

研究微生物群落的网络相互作用及其对环境因子的响应是从根本上研究石油污染对微生物生态系统的影响,而不是单一的分析物种的数量和丰度. 与未污染土壤相比,污染土壤样品中的网络属性发生了变化. 连通度在石油污染的影响下呈显著降低的趋势. 石油污染胁迫下,污染土壤的节点数比未污染土壤的节点数少,分别为 436 和 615,污染土壤每个节点的平均连接数也比未污染土壤少,说明石油污染使微生物之间的相互作用减少,使网络结构的复杂程度降低. 这表明石油污染不仅改变了微生物的群落结构,也改变了整体的网络结构^[22]. 石油污染可能会导致土壤微生物功能群落稳定性降低,改变微生物物种在生态系统中的角色,从而引起群落生态功能的潜在变化.

酸性石油污染土壤的分子生态网络的^[8]节点数为 256,连接数为 957,平均连通度为 7.48,模块性为 0.46,比盐碱性石油污染土壤分子生态网络的节点数、连接数多,而连通度、模块性少,这表明盐碱化石油污染土壤和酸性石油污染土壤的网络结构不同,盐碱化石油污染土壤和酸性污染土壤中微生物之间的相互作用方式不同.

通过运用分子生态网络方法,揭示了石油进入土壤中通过影响土壤环境因子来改变土壤微生物功能基因的网络结构,使对土壤微生物群落的认识从单纯的丰度和多样性提升到了结构的可视化水平.

3.2 潜在关键物种的确定

由于微生物的多样性较高且大多数微生物不可培养,因此很难确定一个群落的关键物种^[22]. 功能

为了分析微生物网络相互作用、石油污染和土壤理化性质之间的关系,对基因度和环境因子进行相关性分析 (表 6). 结果表明,污染土壤中的基因度和石油浓度呈显著负相关 ($P < 0.01$),这表明石油污染可能对盐碱化土壤微生物群落的网络相互作用产生显著的影响. 在污染土壤中,与基因度显著相关的理化性质比未污染土壤中的少.

分子生态网络提供了参考信息. 本研究定义了两种类型的关键基因. 其中一类是基于网络拓扑结构和它们的模块组成的关系,在整体网络中起着关键作用的基因 (如模块枢纽基因和连接器基因). 在胜利油田污染土壤中的模块枢纽基因比未污染土壤中的模块枢纽基因少,污染土壤中出现 3 个模块枢纽基因: *rubisco* (152146172, *Beggiatoa* sp. SS)、*ArsC* (6460527, *Deinococcus radiodurans* R1)、*pcc* (149370135, unidentified eubacterium),而未污染土壤中有 5 个模块枢纽基因: *proO* (118685870, *Marinomonas* sp. MWYL1)、*CODH* (68201857, *Frankia* sp. EAN1pec)、*endochitinase* (88778030, *Reinekea* sp. MED297)、*dmsA* (109641682, *Desulfitobacterium hafniense* DCB-2)、*ArsC* (73748096, *Dehalococcoides* sp. CBDB1),在污染土壤和未污染土壤中没有重叠基因. 石油污染引起土壤中碳氮比严重失衡,造成土壤微生物种间竞争关系增加,改变了整体生态网络,在长期石油污染胁迫下,石油污染土壤中的关键模块枢纽基因发生变化. 这些模块枢纽基因有些是参与碳循环的基因,如未污染土壤中来自于 *Frankia* sp. EAN1pec、*Reinekea* sp. MED297 的 *CODH*、*endochitinase* 基因和污染土壤中来自于 *Beggiatoa* sp. SS、unidentified eubacterium 的 *rubisco*、*pcc* 基因. 在污染和未污染土壤中,这些枢纽基因分别来自不同的微生物. 因此,由污染引起的关键模块枢纽基因的变化可能是微生物对环境胁迫的响应. 相反,在污染土壤中有 3 个连接器基因: *nifH* (3157562, unidentified nitrogen-fixing bacteria)、*gyrB* (82798482, *Acholeplasma cavigenitalium*)、*hydrogenase* (144943287, *Geobacter bemidjensis* Bem),而在未污染土壤中没有连接器基

因. 因此,石油污染改变了土壤生态网络中的关键基因.

Liang 等^[8]研究发现,酸性石油污染土壤中出现 2 个模块枢纽基因和 23 个连接器基因,只有基因 *nifH*、*gyrB* 在盐碱化和酸性石油污染土壤中作为连接器基因同时出现. 由此可见,盐碱化石油污染土壤中的关键物种与酸性石油污染土壤中的不同. 这些关键基因对于石油污染场地的微生物群落的网络结构和功能起着重要的作用.

第二类关键基因是参与降解烷烃、多环芳烃且在网络中高度连接的节点. 在功能分子生态网络中,高度连接的节点对于网络的稳定性有至关重要的作用. 如果高度连接的节点丢失,那么该网络将会发生巨大的变化. 因此,这些高度连接的节点可能类似于微生物的“关键物种”. 在盐碱化石油污染土壤中,排在前六位的烷烃基因是 *alkK* (68536649, 28 个节点)、*alkK* (157681313, 25 个节点)、*alkK* (114761465, 24 个节点)、*alkB* (69151647, 23 个节点)、*alkB* (13872675, 21 个节点)、*alkK* (15156762, 21 个节点). 烷烃降解基因网络中的许多基因来源于红球菌、副球菌、假单胞菌,这些微生物均能降解石油污染环境中的烷烃^[23~25]. 排在前六位的多环芳烃基因是 *bphA* (148628322, 30 个节点)、*bphD* (115421687, 30 个节点)、*bphC* (126470044, 26 个节点)、*bphD* (32562911, 26 个节点)、*bphC* (84694163, 24 个节点)、*bphC* (158331393, 24 个节点). 多环芳烃基因主要来源于鞘氨醇、结核分枝杆菌,这些微生物能够降解石油污染环境中的多环芳烃^[24, 27]. 本研究表明,这些关键功能基因对于保持生物网络的稳定性发挥着重要的作用.

在酸性石油污染土壤中,排在前六位的烷烃基因是 *alkB* (83025976)、*alkK* (89890831)、*alkK* (111018496)、*alkK* (39647387)、*alkB* (134142943)、*alkH* (154155441), 酸性石油污染土壤中节点数较多的烷烃降解基因与盐碱化石油污染土壤中的烷烃降解基因不同. 排在前六位的多环芳烃基因是 *nidA* (33333869)、*oxoH* (2072733)、*bphD* (115421687)、*bphA* (3820519)、*phdCI* (126626855)、*bphC* (84694163), 其中 *bphD* (115421687) 和 *bphC* (84694163) 在盐碱性石油污染土壤和酸性石油污染土壤中均为降解多环芳烃的关键基因^[7]. 由此可见,酸性石油污染土壤中的关键烷烃降解基因、关键多环芳烃降解基因与盐碱化石油污染土壤中的不同. 因此,在对石油污染土壤进行微生物修复时,盐

碱化土壤和酸性土壤应采取不同的措施,从而提高修复土壤的效率.

3.3 污染场地微生物分子生态网络的研究展望

分子生态网络为预测污染场地复杂的微生物群落相互作用关系提供了一条有效的途径. 不同污染场地的环境特性、土壤类型、微生物组成差异较大,因此,有必要比较不同污染类型土壤微生物的分子生态网络. 此外,大多数基于统计学的生态网络推理方法并不能完全反映真实状态下微生物的生态功能和相互作用^[22]. 需要构建微宇宙实验,模拟可控条件下物种多样性-生态系统功能关系,进一步验证污染对微生物群落的相互作用和功能过程的影响.

4 结论

本研究以盐碱化石油污染土壤为对象,利用高通量功能基因芯片分析方法和随机矩阵网络构建理论,分析了石油污染对不同物种间相互关系的影响. 结果表明:①石油污染降低了盐碱化土壤网络结构的复杂程度,土壤不同物种间的相互作用减少;②石油污染使在盐碱化土壤整体网络中起着关键作用的基因发生变化,即土壤中的关键物种发生变化;③确定了盐碱化石油污染中降解烷烃和多环芳烃的关键基因;④盐碱化石油污染土壤与酸性石油污染土壤的整体网络结构、在整体网络中起关键作用的基因以及降解烷烃、多环芳烃的关键基因不同.

参考文献:

- [1] 刘健, 宋雪英, 孙瑞莲, 等. 胜利油田采油区土壤石油污染状况及其微生物群落结构[J]. 应用生态学报, 2014, **25** (3): 850-856.
- [2] Liang Y T, Zhang X, Wang J, et al. Spatial variations of hydrocarbon contamination and soil properties in oil exploring fields across China[J]. Journal of Hazardous Materials, 2012, **241-242**: 371-378.
- [3] Liang Y T, Van Nostrand J D, Deng Y, et al. Functional gene diversity of soil microbial communities from five oil-contaminated fields in China[J]. The ISME Journal, 2011, **5**(3): 403-413.
- [4] Simon C, Daniel R. Metagenomic analyses: past and future trends[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2011, **77** (4): 1153-1161.
- [5] He Z L, Van Nostrand J D, Zhou J Z. Applications of functional gene microarrays for profiling microbial communities[J]. Current Opinion in Biotechnology, 2012, **23**(3): 460-466.
- [6] 杨萌青, 李立明, 李川, 等. 石油污染土壤微生物群落结构与分布特性研究[J]. 环境科学, 2013, **34**(2): 789-794.
- [7] Zhou J Z, Deng Y, Luo F, et al. Functional molecular ecological networks[J]. mBio, 2010, **1**(4): e00169-10.
- [8] Liang Y T, Zhao H H, Deng Y, et al. Long-term oil contamination alters the molecular ecological networks of soil microbial functional genes[J]. Frontiers in Microbiology, 2016,

- 7: 60.
- [9] Zhou J Z, Bruns M A, Tiedje J M. DNA recovery from soils of diverse composition [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1996, **62**(2): 316-322.
- [10] Montoya J M, Pimm S L, Solé R V. Ecological networks and their fragility[J]. *Nature*, 2006, **442**(7100): 259-264.
- [11] Liang Y T, He Z L, Wu L Y, *et al.* Development of a common oligonucleotide reference standard for microarray data normalization and comparison across different microbial communities [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, **76**(4): 1088-1094.
- [12] Wu L Y, Liu X D, Schadt C W, *et al.* Microarray-based analysis of subnanogram quantities of microbial community DNAs by using whole-community genome amplification [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, **72**(7): 4931-4941.
- [13] He Z L, Deng Y, Van Nostrand J D, *et al.* GeoChip 3.0 as a high-throughput tool for analyzing microbial community composition, structure and functional activity [J]. *The ISME Journal*, 2010, **4**(9): 1167-1179.
- [14] Horvath S, Dong J. Geometric interpretation of gene coexpression network analysis [J]. *PLoS Computational Biology*, 2008, **4**(8): e1000117.
- [15] Luo F, Yang Y F, Zhong J X, *et al.* Constructing gene co-expression networks and predicting functions of unknown genes by random matrix theory [J]. *BMC Bioinformatics*, 2007, **8**(1): 299.
- [16] Clauset A, Newman M E J, Moore C. Finding community structure in very large networks[J]. *Physical Review E*, 2004, **70**(6): 066111.
- [17] Guimerà R, Amaral L A N. Functional cartography of complex metabolic networks[J]. *Nature*, 2005, **433**(7028): 895-900.
- [18] 唐景春, 吕宏虹, 刘庆龙, 等. 石油烃污染及修复过程中的微生物分子生态学研究进展[J]. *微生物学通报*, 2015, **42**(5): 944-955.
- [19] Cline M S, Smoot M, Cerami E, *et al.* Integration of biological networks and gene expression data using Cytoscape[J]. *Nature Protocols*, 2007, **2**(10): 2366-2382.
- [20] 汪峰, Zhou J Z, 孙波. 我国东部土壤氮转化微生物的功能分子生态网络结构及其对作物的响应[J]. *科学通报*, 2014, **59**(4-5): 387-396.
- [21] 杨茜, 吴蔓莉, 聂麦茜, 等. 石油污染土壤的生物修复技术及微生物生态效应[J]. *环境科学*, 2015, **36**(5): 1856-1863.
- [22] Faust K, Raes J. Microbial interactions: from networks to models [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2012, **10**(8): 538-550.
- [23] 张玉秀, 蒙小俊, 柴团耀. 苯酚降解菌红球菌 (*Rhodococcus* sp.) P1 的鉴定及其在焦化废水中的应用[J]. *微生物学报*, 2013, **53**(10): 1117-1124.
- [24] 赵翠, 孙庆华, 柏耀辉, 等. 副球菌 BW001 的生理特性及其对吡啶的降解[J]. *环境污染与防治*, 2008, **30**(11): 17-22, 26.
- [25] 徐金兰, 黄廷林, 唐智新, 等. 高效石油降解菌的筛选及石油污染土壤生物修复特性的研究[J]. *环境科学学报*, 2007, **27**(4): 622-628.
- [26] 周丽沙, 李慧, 张颖, 等. 石油污染土壤鞘氨醇单胞菌遗传多样性[J]. *土壤学报*, 2011, **48**(4): 804-812.
- [27] Chaillan F, Le Flècheb A, Bury E, *et al.* Identification and biodegradation potential of tropical aerobic hydrocarbon-degrading microorganisms[J]. *Research in Microbiology*, 2004, **155**(7): 587-595.

CONTENTS

Temporal and Spatial Variation of Haze Pollution over China from 1960 to 2013	FU Chuan-bo, TANG Jia-xiang, DAN Li, <i>et al.</i> (3237)
Concentrations and Size Distributions of Water-soluble Inorganic Ions in Aerosol Particles in Taiyuan, Shanxi	WANG Lu, WEN Tian-xue, MIAO Hong-yan, <i>et al.</i> (3249)
Characteristics of the Size Distribution of Water Soluble Inorganic Ions During a Typical Haze Pollution in the Autumn in Shijiazhuang	LIU Jing-yun, LIU Zi-rui, WEN Tian-xue, <i>et al.</i> (3258)
Variation of Size Distribution and the Influencing Factors of Aerosol in Northern Suburbs of Nanjing	WU Dan, CAO Shuang, TANG Li-li, <i>et al.</i> (3268)
Characteristics of Black Carbon Aerosol and Influencing Factors in Northern Suburbs of Nanjing	XIAO Si-han, YU Xing-na, ZHU Bin, <i>et al.</i> (3280)
Characteristics of Speciated Atmospheric Mercury in Chongming Island, Shanghai	LI Shu, GAO Wei, WANG Shu-xiao, <i>et al.</i> (3290)
Total Gaseous Mercury and Mercury Emission from Natural Surface at One Typical Agricultural Region in Three Gorges Reservoir	WANG Yong-min, ZHAO Zheng, SUN Tao, <i>et al.</i> (3300)
Variation Characteristics and Sources Analysis of Atmospheric Volatile Organic Compounds in Changbai Mountain Station	WU Fang-kun, SUN Jie, YU Ye, <i>et al.</i> (3308)
Characterization of Particle Size Distributions of the No-organized Lead Emission for a Lead and Zinc Smelter	LIU Da-jun, WANG Jia-quan (3315)
Hydrochemical Characteristics and Sources of Ions in Precipitation at the East Qilian Mountains	JIA Wen-xiong, LI Zong-xing (3322)
Pollution Characteristics and Ecological Risk Assessment of Vanadium in Sediments of the Three Gorges Reservoir (Chongqing-Yichang Section)	GUO Wei, YIN Shu-hua, XU Jian-xin, <i>et al.</i> (3333)
Distributions of Arsenic Species in Different Eutrophic Waters of Lake Taihu and Their Relations to Environmental Factors	CHE Fei-fei, WANG Da-peng, ZHEN Zhuo, <i>et al.</i> (3340)
Spatial, Temporal Distribution Characteristics and Potential Risk of PPCPs in Surface Sediments from Taihu Lake	ZHANG Pan-wei, ZHOU Huai-dong, ZHAO Gao-feng, <i>et al.</i> (3348)
Distribution Characteristics and Source Identification of Organochlorine Pesticides in the Karst Groundwater System	ZHANG Mei, SUN Yu-chuan, XIE Zheng-lan, <i>et al.</i> (3356)
Comparison on the Hydrogeochemical Characteristics of Typical Karst Groundwater System in Southwest China, a Case of Qingmuguan and Laolongdong in Chongqing	ZHAN Zhao-jun, CHEN Feng, YANG Ping-heng, <i>et al.</i> (3365)
Fractions and Release Risk of Phosphorus in Surface Sediments of Three Headwater Streams with Different Styles of Water Supply	LI Ru-zhong, QIN Ru-bin, HUANG Qing-fei, <i>et al.</i> (3375)
Vertical Variation of Phosphorus Forms in Lake Dianchi and Contribution to Release	LI Le, WANG Sheng-rui, JIAO Li-xin, <i>et al.</i> (3384)
Analysis of Distribution Characteristics and Source of Dissolved Organic Matter from Zhoucun Reservoir in Summer Based on Fluorescence Spectroscopy and PARAFAC	HUANG Ting-lin, FANG Kai-kai, ZHANG Chun-hua, <i>et al.</i> (3394)
Absorption and Reflection Characteristics of Black Water Blooms in the Eutrophic Water	ZHANG Si-min, LI Yun-mei, WANG Qiao, <i>et al.</i> (3402)
Assessment of Ecosystem Health of Baogang Tailings Groundwater Based on Microbiome Index of Biotic Integrity (M-IBI)	AN Xin-li, CHEN Ting-ting, ZHAO Han, <i>et al.</i> (3413)
Relationship Between Landscape Pattern and Spatial Variation of Heavy Metals in Aquatic Sediments in Headwaters Area of Yuqiao Reservoir	WANG Zu-wei, WANG Yi-wei, HOU Ying-ying, <i>et al.</i> (3423)
Effect of Constructed Wetland Configuration on the Removal of Nitrogen Pollutants and Antibiotics in Aquaculture Wastewater	LIU Jia, YI Nai-kang, XIONG Yong-jiao, <i>et al.</i> (3430)
Effects of a Symbiotic Bacterium on the Accumulation and Transformation of Arsenate by <i>Chlorella salina</i>	XU Ping-ping, LIU Cong, WANG Ya, <i>et al.</i> (3438)
Effects of Nitrate in Water on the Growth of <i>Iris pseudacorus</i> L. and Its Adsorption Capacity of Nitrogen in a Simulated Experiment	WANG Bing, WEN Fen-xiang, XIAO Bo (3447)
Adsorption Behavior of <i>p</i> -hydroxy Biphenyl onto Sediment of the Yellow River in Lanzhou	ZHOU Qi, JIANG Yu-feng, SUN Hang, <i>et al.</i> (3453)
Enhanced Pollutants Removal in a Municipal Wastewater Treatment Plant with Multistage A/O Process	YIN Zi-hua, SHENG Xiao-lin, LIU Rui, <i>et al.</i> (3460)
Performance of Nanofiltration for Improving the Drinking Water Quality in a Water Supply Plant with Micropolluted Water Resource	WU Yu-chao, CHEN Li-jun, LAN Ya-qiong, <i>et al.</i> (3466)
Reaction Kinetics and Impacting Mechanism of Cr(VI) Removal in Fe ⁰ -PRB Systems	LU Xin, LI Miao, TANG Cui-mei, <i>et al.</i> (3473)
Adsorption Cd ²⁺ from Solution by EDTA-modified Silicate Nanoparticles	JIANG Shun-cheng, QIN Rui, LI Man-lin, <i>et al.</i> (3480)
Analysis and Characterization of Multi-modified Anodes via Nitric Acid and PPY/AQDS in Microbial Fuel Cells	SHEN Wei-hang, ZHU Neng-wu, YIN Fu-hua, <i>et al.</i> (3488)
Adsorption Characteristics of Phosphorus Wastewater on the Synthetic Ferrihydrite	CUI Meng-meng, WANG Dian-sheng, HUANG Tian-yan, <i>et al.</i> (3498)
Performance of Bio-zeolite Constructed Wetland in Dispersed Swine Wastewater Treatment	MOU Rui, SHEN Zhi-qiang, ZHOU Yue-xi, <i>et al.</i> (3508)
Polyhydroxyalkanoate (PHA) Synthesis by Glycerol-based Mixed Culture and Its Relation with Oxygen Uptake Rate (OUR)	LIU Dong, ZHANG Xiao-ting, ZHANG Dai-jun, <i>et al.</i> (3518)
Kinetics and Mechanistic Investigation of the Photocatalytic Degradation of Clothianidin	HU Qian, YANG Hai, SHI Ni, <i>et al.</i> (3524)
Impacts of Industrial Zone in Arid Area in Ningxia Province on the Accumulation of Heavy Metals in Agricultural Soils	WANG Mei-e, PENG Chi, CHEN Wei-ping (3532)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in the Surface Soils of a Large Steel enterprise in the North of China	DONG Jie, HUANG Ying, LI Yong-xia, <i>et al.</i> (3540)
Vertical Distribution of Heavy Metals and Its Response to Organic Carbon in Red Soil Profile	JIA Guang-mei, MA Ling-ling, XU Dian-dou, <i>et al.</i> (3547)
Provoking Effects of Exogenous Zn on Cadmium Accumulation in Rice	GU Jiao-feng, YANG Wen-tao, ZHOU Hang, <i>et al.</i> (3554)
Effect of Modified Biochars on Soil Cadmium Stabilization in Paddy Soil Suffered from Original or Exogenous Contamination	YANG Lan, LI Bing, WANG Chang-quan, <i>et al.</i> (3562)
Performance of Bioleaching Combined with Fenton-like Reaction in Heavy Metals Removal from Contaminated Soil	ZHOU Pu-xiong, YAN Xie, YU Zhen, <i>et al.</i> (3575)
Effect of Long-term Oil Contamination on the Microbial Molecular Ecological Networks in Saline-alkali soils	ZHAO Hui-hui, XIAO Xian, PEI Meng, <i>et al.</i> (3582)
Effect of Nitrogen Deposition on Soil Microbial Community Structure Determined with the PLFA Method Under the Masson Pine Forest from Mt. Jinyun, Chongqing	ZENG Qing-ping, HE Bing-hui (3590)
Fungal Community Structure of Different Degeneration <i>Deyeuxia angustifolia</i> Wetlands in Sanjiang Plain	SUI Xin, ZHANG Rong-tao, XU Nan, <i>et al.</i> (3598)
Short-term Effects of Nitrogen and Sulfate Addition on CH ₄ and CO ₂ Emissions in the Tidal Marsh of Min River Estuary	HU Min-jie, REN Peng, HUANG Jia-fang, <i>et al.</i> (3606)
Variation of Soil CO ₂ Flux and Environmental Factors Across Erosion-Deposition Sites Under Simulation Experiment	DU Lan-lan, WANG Zhi-qi, WANG Rui, <i>et al.</i> (3616)
Interannual Variations of Soil Respiration and Its Temperature Sensitivity in an Orchard in Jinci Region of Taiyuan City	YAN Jun-xia, HAO Zhong, JING Xue-kai, <i>et al.</i> (3625)
Influence of Biochar on Greenhouse Gases Emissions and Physico-chemical Properties of Loess Soil	WANG Yue-ling, GENG Zeng-chao, WANG Qiang, <i>et al.</i> (3634)
Effects of Elevated Ozone and Nitrogen Deposition on Photosynthetic Characteristics and biomass of <i>Populus cathayana</i>	XIN Yue, SHANG Bo, CHEN Xing-ling, <i>et al.</i> (3642)
Effects of Canopy Temperature on Carbon Dioxide Exchange of Winter Wheat in Taiyuan Basin	LI Hong-jian, YANG Yan, YAN Jun-xia (3650)
Composition and Evolution Characteristics of Dissolved Organic Matter During Composting Process	LI Dan, HE Xiao-song, XI Bei-dou, <i>et al.</i> (3660)
Effects of Acidic and Basic Modification on Activated Carbon for Adsorption of Toluene	LIU Han-bing, YANG Bing, XUE Nan-dong (3670)

《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9月15日 第37卷 第9期

ENVIRONMENTAL SCIENCE

(Monthly Started in 1976)

Vol. 37 No. 9 Sep. 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