

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, 王玮玮, 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, 温春翔, 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, 慕仲锋, 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)

某微污染源自来水厂的纳滤深度处理效果研究 吴玉超, 陈吕军, 兰亚琼, 刘锐 (3466)

Fe⁰-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-nSiO₂ 纳米颗粒对 Cd²⁺ 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 CH₄、CO₂ 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 CO₂ 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, 荆雪雷, 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)

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^{1,2}, 张荣涛², 许楠², 刘赢男², 柴春荣², 王继丰², 付晓玲², 钟海秀², 倪红伟^{1,2*}

(1. 东北林业大学林学院, 哈尔滨 150040; 2. 黑龙江省科学院自然与生态研究所湿地与生态保育国家地方联合工程实验室, 哈尔滨 150040)

摘要: 为了了解三江平原小叶章湿地真菌群落结构及多样性变化, 探讨湿地水分下降对真菌群落结构的影响. 本研究采用高通量测序技术, 分析和比较了黑龙江省科学院自然与生态研究所三江平原野外试验研究站内 3 个不同退化阶段小叶章生态类型湿地真菌群落结构多样性, 探讨真菌群落改变的原因. 结果表明, 从小叶章沼泽湿地(w0)→小叶章沼泽化草甸湿地(w1)→小叶章草甸湿地(w2)的变化, 土壤 Shannon-Wiener 指数(H)呈现出逐步上升的规律, 即: $w0 < w1 < w2$. 序列比对结果显示, 不同小叶章湿地土壤真菌分别属于子囊菌(Ascomycota)、担子菌(Basidiomycota)、壶菌(Chytridiomycota)、未知菌(Fungi_unclassified)、接合菌(Zygomycota)这 5 个真菌类群, 优势菌门为未知菌门(75.12%)、子囊菌门(56.56%)、担子菌门(72.65%). 而且 Heatmap 分析也显示沼泽化草甸湿地和草甸湿地的真菌群落结构和组成比较接近. 真菌群落结构受到了土壤养分以及植物组成等影响, 其中土壤养分解释贡献率达 88.62%, 植物组成解释贡献率达到 9.85%. 三江平原小叶章湿地不同退化阶段湿地真菌群落结构存在较大差异, 土壤水分因子对真菌多样性影响较大. 这为研究三江平原湿地退化后的真菌群落多样性及空间异质性提供了科学依据.

关键词: 三江平原; 小叶章湿地; 高通量测序; 真菌多样性; 群落结构

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2016)09-3598-08 DOI: 10.13227/j.hjcx.2016.09.043

Fungal Community Structure of Different Degeneration *Deyeuxia angustifolia* Wetlands in Sanjiang Plain

SUI Xin^{1,2}, ZHANG Rong-tao², XU Nan², LIU Ying-nan², CHAI Chun-rong², WANG Ji-feng², FU Xiao-ling², ZHONG Hai-xiu², NI Hong-wei^{1,2*}

(1. College of Forestry, Northeast Forestry University, Harbin 150040, China; 2. National and Provincial Joint Engineering Laboratory of Wetlands and Ecological Conservation, Institute of Nature & Ecology, Heilongjiang Academy of Sciences, Harbin 150040, China)

Abstract: To understand the wetland soil fungal community structure and diversity in different degeneration *Deyeuxia angustifolia* wetlands, the topsoil (0-20) of three different degeneration *D. angustifolia* wetlands were collected in the Sanjiang Plain field experiment station of the Institute of Nature and Ecology, Heilongjiang Academy of Sciences. The distribution and variation of soil fungal diversity were assessed by high-throughput sequencing method. The results showed that Shannon-Wiener index increased from marsh *Deyeuxia angustifolia* wetland → marsh meadow *Deyeuxia angustifolia* wetland → meadow *Deyeuxia angustifolia* wetland. Sequence blast showed that the fungal taxonomy belonged to Ascomycota, Basidiomycota, Chytridiomycota, Fungi_unclassified, Zygomycota, which dominant fungi were Fungi_unclassified (75.12%), Ascomycetes (56.56%), Basidiomycetes (72.65%) in the three degeneration wetlands, respectively. The fungal structure compositions and diversities of marsh meadow *Deyeuxia angustifolia* wetland and meadow *Deyeuxia angustifolia* wetland were similar according to Heatmap analysis. The fungal community structure was influenced by soil nutrients (explained 88.62%) and plant composition (explained 9.85%) through the Variation partition analysis (VPA). In conclusion, the fungal community structure was significantly different, which was influenced by soil water content, in different degeneration *Deyeuxia angustifolia* wetlands in Sanjiang plain. The results may supply scientific basis for studying fungal diversity and spatial heterogeneity in degeneration wetlands.

Key words: Sanjiang Plain; *Deyeuxia angustifolia* wetland; high-throughput sequencing; fungal diversity; community structure

湿地是陆地上重要的生态系统, 占地球表面积的 5% ~ 8% 左右, 由于其兼有陆地和水体的双重特点, 因此是地球上生物多样性最丰富、生产力最高、生态系统服务功能最大的生态系统^[1-3]. 湿地生态系统对于减少温室气体排放、维持水分平衡、保护生物多样性方面具有非常重要的作用. 三江平原湿

收稿日期: 2016-03-14; 修订日期: 2016-04-15

基金项目: 国家自然科学基金项目(31470019, 31400429, 31500410); 黑龙江省财政应用技术专项(STJB16-01); 黑龙江省博士后基金项目(LBH-Z14184); 黑龙江省科研机构创新能力提升专项计划项目(GY2014KC0039)

作者简介: 隋心(1982~), 男, 博士, 副研究员, 主要研究方向为湿地生态学, E-mail: xinsui_cool@126.com

* 通讯联系人, E-mail: nihongwei2000@163.com

地是我国东北地区最大的淡水湿地,动植物种类丰富、生物多样性高、对于保持东北地区的生态平衡发挥了不可替代的作用。但是,近几十年来,由于农业发展的需要,大量的湿地被开垦成农田,使得三江平原湿地由建国初期的 80% 减少到目前的 20% 左右^[4]。小叶章湿地是三江平原分布最为普遍的湿地之一,由于农田耕作抽取大量的地下水,使得湿地水位的降低,小叶章湿地也由沼泽化湿地(原始)向沼泽化草甸湿地(过渡)以及草甸化湿地(退化)转变,进而引起了整个湿地生态系统结构和功能上的变化,尤其是土壤生态系统变化更为显著。

土壤微生物作为土壤生态系统的重要组成部分^[5],在凋落物分解、土壤营养元素的循环过程中起着重要的作用^[6,7],对维持生态系统稳定发挥着重要的作用^[8,9]。因此,研究土壤微生物对了解土壤元素转化、土壤温室气体排放、污染物分解、以及土壤质量保育过程具有重要意义^[10]。土壤微生物群落多样性主要是分析土壤微生物群落结构和组成之间的变化^[11],目前的研究主要集中在微生物在湿地生态系统功能发生变化后微生物结构和功能的变化,以及微生物在湿地生态系统中的作用,为湿地生态系统的保护提供理论基础等^[12~14]。因此,土壤微生物多样性对于研究不同环境条件下生态系统的功能具有重要意义^[15]。

由于小叶章湿地的重要生态学意义,国内外众多学者已经做了大量的研究,例如在小叶章湿地土壤微生物特征与土壤养分关系^[16]、温室气体排放^[17]和营养物质循环^[18]等,但截至目前对不同退化阶段小叶章湿地土壤真菌多样性的研究还未见报道。由此,选择 3 个不同退化阶段的小叶章湿地:小叶章沼泽湿地、小叶章沼泽化草甸湿地和小叶章草甸湿地,分析土壤真菌的结构和组成变化,提出假设如下:①随着湿地的退化,土壤真菌群落结构发生显著变化;②真菌群落结构组成受到植物多样性以及土壤理化因子的影响。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究样点设在黑龙江省科学院自然与生态研究所三江平原湿地生态定位研究站——洪河国家级自然保护区内(图 1)。研究站海拔 55 ~ 65 m,多年平均气温 1.9℃,≥10℃有效积温 2 165 ~ 2 624℃。多年平均降水量为 585 mm,50% ~ 70% 集中在 7 ~ 9 月,多年平均蒸发量为 1 166 mm。本研究选择该地

区典型的小叶章湿地作为样地,概况见表 1。



图 1 试验区位置洪河国家级自然保护区

Fig. 1 Location of sampling sites in the Sanjiang Plain-Honghe national nature reserve

表 1 研究样地概况

Table 1 General characteristic of the study areas

湿地类型	主要植物类型
小叶章草甸湿地(w0)	小叶章、草玉梅、毛水苏、小白花地榆、鼓囊苔草、山黧豆
小叶章沼泽化草甸湿地(w1)	小叶章、鼓囊苔草、驴蹄菜、小白花地榆、块根老鹳草
小叶章沼泽化湿地(w2)	小叶章、芦苇、毛果苔草、毛水苏、狭叶甜茅

1.2 样品采集

2014 年 6 月进行土壤样品采集,每一样地内按 S 型设置 10 个 5 m × 5 m 小样方,采用随机取样法,用直径为 4 cm 的土钻采集 0 ~ 20 cm 土壤,迅速置于自封袋中,用冰盒带回实验室。剔除土壤中的根系、石砾等杂物后,一部分保存在 4℃ 冰箱中,用于分析土壤微生物多样性。另一部分风干、用于测定土壤理化性质(表 2)。

1.3 土壤微生物总 DNA 的提取

土壤 DNA 提取采用 MOBIO12888-power extraction for soil 试剂盒,提取步骤按照说明书。每个样地的分别提取 5 个 DNA,然后将 DNA 溶解于 100 μL 去离子水中,取 2 μL DNA 检测其纯度和浓度。

1.4 土壤真菌的 ITS rRNA 基因测序

真菌 ITS rDNA 扩增引物采用真菌 ITS 区通用

引物(1737F/2043R),高通量测序由上海美吉生物 医药科技有限公司完成。

表 2 不同退化阶段小叶章湿地的土壤理化性质的比较¹⁾

Table 2 Soil physicochemical properties of different denegation wetland stages

类型	pH	有机碳 /g·kg ⁻¹	总氮 /g·kg ⁻¹	铵态氮 /mg·kg ⁻¹	硝态氮 /mg·kg ⁻¹	土壤含水量 /%
w0	5.56 ± 0.01 ^A	42.32 ± 0.12 ^A	2.27 ± 0.01 ^A	17.47 ± 0.56 ^A	4.25 ± 0.07 ^A	185 ± 0.11 ^C
w1	5.66 ± 0.02 ^B	44.23 ± 0.19 ^B	2.70 ± 0.02 ^B	18.51 ± 0.56 ^B	4.41 ± 0.08 ^B	86 ± 0.08 ^A
w2	5.82 ± 0.01 ^C	47.91 ± 0.16 ^C	2.88 ± 0.02 ^C	20.17 ± 0.56 ^C	5.15 ± 0.05 ^C	75 ± 0.10 ^A

1) 同列不同大写字母表示差异显著($P < 0.05$); w0、w1、w2 分别代表沼泽小叶章湿地、沼泽化草甸小叶章湿地、草甸小叶章湿地;下同

1.5 数据处理

1.5.1 有效序列和优化序列数据统计

试验采用双端(pair-end)测序,为了得到高质量及更精准的生物信息分析结果,应对序列进行质量控制. 丢弃长度短于 150 bp、含有模糊碱基、引物碱基含 2 个以上错配的序列,即得到优化序列,之后对优化序列进行数据统计获得最终用于分析的序列。

1.5.2 生物信息学分析

应用 Qiime (quantitative insights into microbial ecology) 软件,根据序列的相似度,将序列归为多个 OTU (operational taxonomic unit), OTU 的划分水平采用 98%. OTU 产出后,统计每个样品含有 OTU 数目及每个 OTU 中含有序列的数. 通过序列比对,得到每个 OTU 的分类学信息,在 98% 的相似度水平生成稀缺曲线,Alpha 多样性 (Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1、ACE) 利用 mothur 软件计算。

2 结果与分析

2.1 测序数据分析

通过 Miseq 高通量测序并优化后,3 个样地共获得 70 431 条序列,总碱基数为 17 688 468 bp,平均碱基长度为 251.14 bp,其中 201 ~ 300 bp 的碱基占总序列数的 98.74%,如表 3 所示。

表 3 真菌有效序列的数量及分布

Table 3 Numbers and distributions of efficient sequences of fungi

长度/bp	序列数	百分比/%
1 ~ 200	7	0.00
201 ~ 300	69 542	98.74
301 ~ 400	811	1.15
401 ~ 500	70	0.01

利用测序获得的序列进行随机抽样,将抽到的序列数所代表的 OTU 数目构建稀释性曲线,如图 2,从中可以看出,3 个样地的稀释性曲线均趋于平坦,表明测序数据接近饱和,测序的深度比较合理,增加测序数量对发现新的 OTU 贡献率较小。

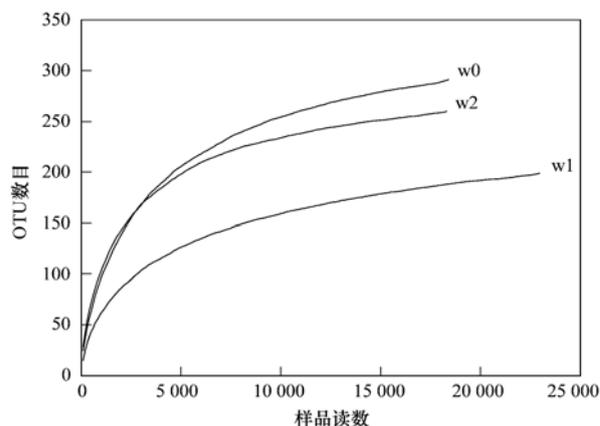


图 2 不同退化阶段土壤真菌 OTU 稀释曲线

Fig. 2 Rarefaction curves of fungi in different wetland denegation stages

2.2 不同退化阶段土壤真菌多样性指数

通过比较 DNA 序列的相似性,将相似性大于 98% 的序列归为同一种可操作分类单元 (OTU)^[19]. 对不同退化阶段小叶章湿地土壤真菌 ITS rDNA 多样性指数进行分析(表 4),w0、w1、w2 的 Shannon 指数分别为 2.33、3.25、3.49,丰富度指数分别为 199、291、260,随着沼泽-沼泽化草甸-草甸的变化规律,土壤真菌多样性逐渐升高,草甸湿地真菌多样性最高;而真菌的丰富度指数与多样性的变化不同,沼泽化草甸湿地真菌丰富度最高. 这表明不同退化阶段小叶章湿地土壤真菌的结构和丰富度均存在着差异,且土壤真菌的群落结构变化规律不同。

2.3 不同退化阶段土壤真菌 ITS rDNA 序列分析

将测序所得 ITS rDNA 序列在 UNITE ITS database 中进行比对,得到不同退化阶段小叶章湿地真菌的分类情况(表 5),可以看出不同退化阶段,湿地真菌的优势菌种并不相同,沼泽小叶章湿地真菌优势种群为未知菌群 (Fungi_unclassified),占该样品总序列数的 75.12%;沼泽化草甸小叶章湿地真菌优势种群为子囊菌 (Ascomycota),占该样品总序列数的 56.56%;草甸小叶章湿地真菌优势种群担子菌 (Basidiomycota),占该样品总序列数的

72.65%。可以看出不同退化阶段小叶章湿地土壤真菌的群落结构变异较大。

表 4 不用退化阶段小叶章湿地土壤真菌丰富度和多样性指数

Table 4 Soil fungal diversity indices and abundances in different wetland denegation stages

样点	OTU	Ace 指数	Chao 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
w0	199	213	206	2.33	0.090 2
w1	291	307	301	3.25	0.078 2
w2	260	270	268	3.49	0.076 2

随着沼泽湿地-草甸湿地的变化,土壤真菌从未知菌群(Fungi_unclassified)为主要群落类型转变为以担子菌(Basidiomycota)为主的群落结构。湿地退化为草甸湿地后,未知菌群(Fungi_unclassified)减少了 71.82% 而担子菌(Basidiomycota)增加了 70.63%。此外,沼泽湿地中真菌种类超过 5% 还包括子囊菌(Ascomycota),占该样品总序列数的 21.53%。沼泽化草甸中真菌种类超过 5% 还包括担子菌(Basidiomycota)和接合菌(Zygomycota),占该样品总序列数的 34.64% 和 5.13%。而草甸湿地

真菌种类超过 5% 的还包括子囊菌(Ascomycota),占该样品总序列数的 22.50%。

从表 5 可以看出,小叶章湿地真菌群落结构变异比较大的主要有子囊菌(Ascomycota)、担子菌(Basidiomycota)、未知菌群(Fungi_unclassified)。不同退化阶段的主要真菌群落并不相同,而且笔者也发现壶菌门(Chytridiomycota)在沼泽湿地比例 0.17%,但是在沼泽化草甸和草甸湿地却消失了,这说明湿地环境的变化对土壤真菌群落结构的影响非常明显。

表 5 不同退化湿地类型土壤真菌 ITS rDNA 序列分析

Table 5 Analysis of soil fungal ITS rDNA in different wetland denegation stages

种类	沼泽湿地(w0)		沼泽化草甸湿地(w1)		草甸湿地(w2)	
	序列数	比例/%	序列数	比例/%	序列数	比例/%
Ascomycota	3 957	21.53	10 349	56.56	5 164	22.50
Basidiomycota	371	2.02	6 338	34.64	16 675	72.65
Chytridiomycota	32	0.17	0	0.00	0	0.00
Fungi_unclassified	13 804	75.12	674	3.68	758	3.30
Zygomycota	211	1.15	938	5.13	356	1.55
总数	18 375	1	18 299	1	22 953	1

2.4 群落结构分析

Heatmap 图是利用属的分类水平对样品所含的菌属进行聚类,聚类后再对样品中不同 OUT 中所含的序列丰度进行作图,通过 Heatmap 图可以直接看出在属水平上各个样品真菌群落结构的差异性。从图 3 可见,根据土壤 ITS rDNA 真菌群落结构变化规律,可以分为 4 个 Clusters。真菌在 3 个湿地间的丰度变化比较明显,其中变化明显主要有几下真菌:毛霉菌(*Mucor*)、节枝孢菌(*Articulospora*)、隐球菌(*Cryptococcus*)、茎点霉菌(*Phoma*)、被孢霉菌(*Mortierella*)、黑附球菌(*Epicoccum*)、粒毛盘菌(*Lachnum*)、小球壳孢菌(*Microsphaeropsis*)、裂孔菌(*Schizopora*)、伞菌(*Agaricaceae*)、锤舌菌(*Leotiomyces*)、德福霉菌(*Devriesia*)、发菌(*Trichocomaceae*)、假裸囊菌(*Pseudogymnoascus*)、角担子菌(*Ceratobasidiaceae*)、梨形孢菌(*Piriformospora*)、盔孢伞菌(*Galerina*)、红冬孢酵母菌(*Rhodospiridium*)等。

Cluster 1 主要包括毛霉菌(*Mucor*)、节枝孢菌(*Articulospora*)、隐球菌(*Cryptococcus*)。在 Cluster 1 这类真菌的丰度变化沿着从沼泽湿地→沼泽化草甸湿地→草甸湿地退化的过程中逐渐降低。

Cluster 2 主要包括茎点霉菌(*Phoma*)、被孢霉菌(*Mortierella*)、黑附球菌(*Epicoccum*)、粒毛盘菌(*Lachnum*)、小球壳孢菌(*Microsphaeropsis*)等。从图 3 可见,沼泽化草甸小叶章湿地的真菌丰度高,而其他两种湿地的真菌丰度则较低,呈现出的是一种先升高后降低的趋势,这说明真菌群落的丰度变化是复杂的。

Cluster 3 主要包括裂孔菌(*Schizopora*)、伞菌(*Agaricaceae*)、锤舌菌(*Leotiomyces*)、德福霉菌(*Devriesia*)等。从图 3 可以看出,裂孔菌(*Schizopora*)、伞菌(*Agaricaceae*)这一簇真菌群落的丰度在沼泽湿地中低于沼泽化草甸和草甸化湿地;而锤舌菌(*Leotiomyces*)、德福霉菌(*Devriesia*)这一簇真菌群落的丰度在沼泽湿地和沼泽化草甸湿地要

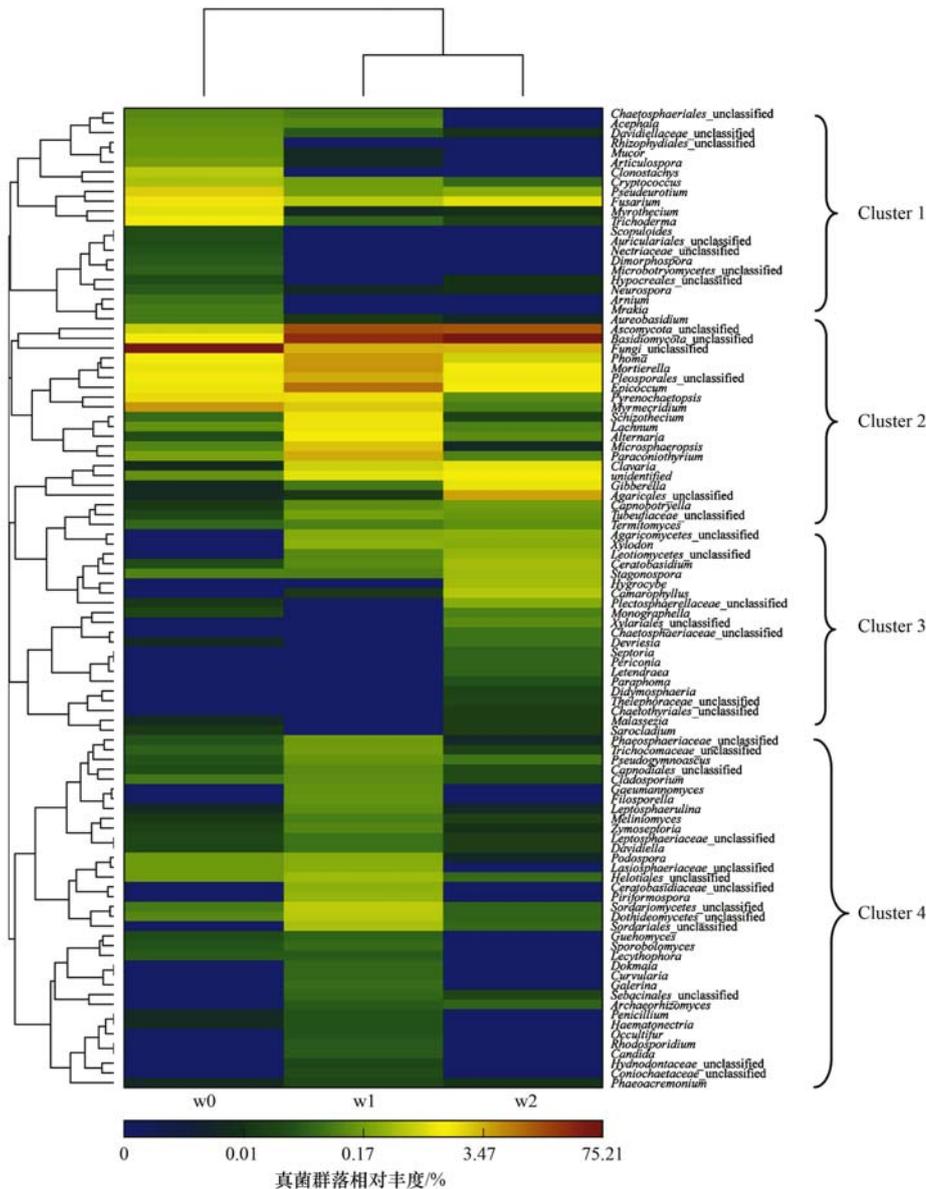


图 3 基于 ITS rDNA 序列构建的热图

Fig. 3 Heatmap based on ITS rDNA sequences

低于草甸湿地。

Cluster 4 主要包括发菌 (*Trichocomaceae*)、假裸囊菌 (*Pseudogymnoascus*)、角担子菌 (*Ceratobasidiaceae*)、梨形孢菌 (*Piriformospora*)、盗孢伞菌 (*Galerina*) 这 5 类真菌簇。从图 3 可以看出,这一类微生物的丰度变化主要呈现出沼泽化草甸湿地最高,沼泽化湿地和草甸化湿地丰度较低。

从总体来看,沼泽化草甸湿地和草甸湿地的真菌群落结构和组成比较接近,沼泽湿地的真菌结构和丰度变化比较大,这说明湿地退化为其它湿地后,土壤真菌结构的变化比较明显,这从图 3 可以明显看出。

2.5 土壤真菌多样性与环境因素和植物多样性的关系

利用方差分解分析 (VPA) 定量分析了土壤环境因子和植物多样性对微生物群落结构的贡献量。这 2 种变量因子总共可以解释 98.47% 的微生物群落变异格局 (图 4)。其中土壤 pH 值、有机碳、总氮、铵态氮、硝态氮和土壤含水量等土壤环境因子分别解释了 12.60%、11.76%、14.85%、13.14%、14.35%、21.92% 的微生物多样性变化,另外植物多样性解释了 9.85% 的微生物多样性变化,这说明土壤环境因子和植物多样性是形成微生物群落结构的重要影响因子。

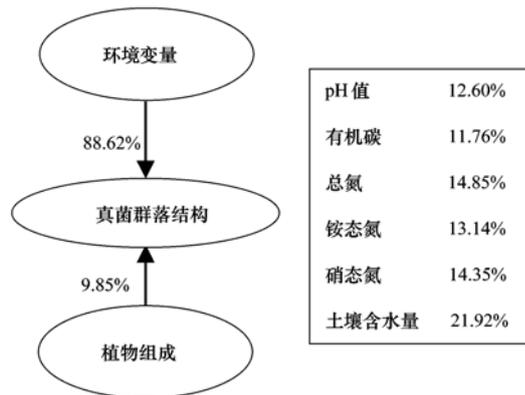


图4 环境变量对真菌群落结构影响的VPA分析

Fig. 4 Variation partition analysis of the effects of soil variables on the phylogenetic structure of fungal communities

3 讨论

3.1 土壤对小叶章湿地土壤真菌多样性指数的影响

微生物主要生活在土壤中,土壤养分条件、土壤的组成、阳离子交换量等都会对土壤微生物的群落结构产生影响^[20]。所以,土壤养分的不同会直接影响着土壤真菌的群落组成和结构变化。对3个不同类型的土壤真菌群落结构多样性分析可知,随着沼泽湿地→沼泽化草甸湿地→草甸湿地的变化,土壤真菌群落结构多样性指数逐渐增加,这表明,土壤养分对真菌群落结构有着重要的影响。沼泽湿地,常年处于积水状态,土壤含水量高、通气条件差,由于真菌属于需氧微生物,大量的积水抑制了真菌多样性。随着湿地水分的下降,沼泽化草甸湿地和草甸湿地土壤含水量低、通气条件好,为土壤真菌创造了一个良好的微环境,所以形成了较高的真菌多样性。通过VPA分析可知,土壤环境因子对真菌群落结构的解释度可达88.62%,其中土壤含水量的解释度为21.92%,也证明了湿地水文条件对土壤真菌结构具有显著的影响。陈会海等^[21]对三江湿地土壤真菌群落多样性的研究发现,湿地水文条件降低了土壤的氧气含量,不利用土壤真菌的生长。徐惠风等^[22]的研究也发现土壤含水量高会抑制真菌的多样性。这和本文的研究结果是一致的,说明湿地水位下降后,土壤的通气性得到改善,刺激真菌的生长,增加了真菌的群落多样性。

3.2 不同退化阶段湿地土壤真菌结构变化

土壤微生物结构会受到土壤理化性质、地上植物多样性和凋落物的种类及量等影响^[23]。通过对不同湿地土壤真菌ITS rDNA序列分析表明(表5),沼泽湿地、沼泽化草甸湿地和草甸湿地土壤的优势

种群并不相同,其中沼泽湿地的优势种群为未知菌群(Fungi_unclassified),占总测序数的75.12%;沼泽化草甸小叶章湿地真菌优势种群为子囊菌(Ascomycota),占总测序数的56.56%;草甸小叶章湿地真菌优势种群担子菌(Basidiomycota),占总测序数的72.65%。造成真菌优势种群的发生变化的原因可能有:①土壤养分不同,沼泽湿地常年积水,土壤透气差,所以其真菌的群落组成也以未知真菌为主,沼泽化草甸和草甸土壤含水量低、透气性好,主要种群也改变为子囊菌和担子菌;②地上植物组成不同,从表1可以看出,虽然3个湿地都以小叶章为主要建群种,但是沼泽化湿地植物种类少,凋落物单一,而且由于其土壤含水量高,凋落物分解慢,导致土壤真菌的优势种群也比较单一。而沼泽化草甸和草甸由于其土壤环境改善,植物种类增加,凋落物的种类也相应地增加、分解加快,所以导致了土壤真菌以子囊菌和担子菌为主。Tang等^[24]通过分析发现,不同海拔和植被类型,淹水时间是导致湿地土壤微生物群落改变的主要原因。赵庆节^[25]也发现种植不同植物的人工湿地土壤微生物结构存在明显差异。但是也有研究发现,植物群落结构的变化、土壤养分和凋落物的组成并不一定会导致土壤微生物结构发生变化^[26, 27]。所以对于影响真菌群落改变的因素目前还尚无统一论,需要进行长期的观测研究。

3.3 不同退化阶段湿地土壤真菌丰度的变化

三江平原小叶章湿地对水分变化极为敏感,当湿地水分发生改变时会对微生物的生物学特性产生影响^[28]。从本研究来看,土壤真菌的变化随着水分的变化,真菌的丰富度也发生了迅速的改变,比如Cluster 1中毛霉菌这类真菌一般喜欢生长在高湿度以及通风不良的环境中,所以当湿地水分降低后,毛霉菌的丰富度也降低(图2)。而有些真菌如Cluster 2中粒毛盘菌喜欢生长在潮湿的环境中^[29],所以笔者发现粒毛盘菌这类真菌在沼泽化草甸湿地的丰度最高,而在沼泽湿地和草甸湿地则相对较低。Cluster 3中锤舌菌属在沼泽湿地比较低,随着水位下降,在沼泽化草甸湿地和草甸湿地的丰度则相对较高。Cluster 4这一类群真菌丰度在沼泽化草甸湿地比较高,而在沼泽湿地和草甸湿地较低。真菌的丰度会受到多因素的影响,并不是单一因子控制的,所以本研究也发现,并不能完全用湿地水分多少来分析真菌的丰度变化,应该从多角度来进行分析。

一般来说,土壤中微生物群落结构越复杂、多

样性越高,则土壤生态系统越稳定,生态系统的生态功能越高,进而对外界环境变化的缓冲效应越强^[20]。从本研究的结果来看,湿地水分下降后,湿地从沼泽湿地像沼泽化草甸和草甸湿地退化,从土壤微生物结构来看,这反而是有利的。这里需要说明,湿地是陆地生态系统的一个重要的碳汇^[30],当湿地水位下降,出现退化之后,地表直接与大气接触,微生物由于从厌氧状态变成有氧状态,微生物活性增强,从而使得土壤中的碳以二氧化碳的形式释放到大气当中,造成温室气体排放的增加,这也是目前全球变化关心的问题之一。而且,湿地退化后,原有的植物(芦苇、小叶章)失去生存的环境,而以白桦林等为主的森林面积却逐渐增加,这也会对湿地生态系统功能造成明显的改变。所以湿地水位下降,发生退化,虽然可以短暂地增加土壤微生物的多样性,但是从长远来看,确实对生态系统造成不利的影 响,所以应该对湿地进行合理的管理和保护,发挥湿地的生态作用。

4 结 论

(1)湿地水量减少之后,小叶章沼泽湿地向小叶章草甸湿地退化后,土壤真菌群落多样性会逐渐增加,而且主要优势种群也发生变化,由未知菌群转变为担子菌群。

(2)通过对真菌类群的 heatmap 分析可知,3 个不同退化湿地阶段真菌的丰度是不同的,总体上可以分为 4 个 clusters,不同的类群之间丰度随着湿地的演替,呈现出分别不同的趋势。

(3)通过 VPA 分析可知,湿地退化后造成湿地土壤环境的不同以及地上植被组成上的改变会引起土壤微生物群落结构的改变。

参考文献:

- [1] Liu J J, Zheng C Y, Song C C, *et al.* Conversion from natural wetlands to paddy field alters the composition of soil bacterial communities in Sanjiang Plain, Northeast China[J]. *Annals of Microbiology*, 2014, **64**(3): 1395-1403.
- [2] Zheng C Y, Wang G H, Liu J J, *et al.* Characterization of the major capsid genes (*g23*) of T4-Type bacteriophages in the Wetlands of Northeast China[J]. *Microbial Ecology*, 2013, **65**(3): 616-625.
- [3] Taufik M, Setiawan B I, Van Lanen H A J. Modification of a fire drought index for tropical wetland ecosystems by including water table depth[J]. *Agricultural and Forest Meteorology*, 2015, **203**: 1-10.
- [4] Zhang Z Q, Xing W, Wang G P, *et al.* The peatlands developing history in the Sanjiang Plain, NE China, and its response to East Asian monsoon variation[J]. *Scientific Reports*, 2015, **5**: 1-10
- [5] Hu C J, Fu B J, Liu G H, *et al.* Vegetation patterns influence on soil microbial biomass and functional diversity in a hilly area of the Loess Plateau, China[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2010, **10**(6): 1082-1091.
- [6] Gryta A, Frac M, Oszust K. The application of the Biolog EcoPlate approach in ecotoxicological evaluation of dairy sewage sludge[J]. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, 2014, **174**(4): 1434-1443
- [7] Xiong Q L, Pan K, Zhang L, *et al.* Warming and nitrogen deposition are interactive in shaping surface soil microbial communities near the alpine timberline zone on the eastern Qinghai-Tibet Plateau, southwestern China[J]. *Applied Soil Ecology*, 2016, **101**: 72-83.
- [8] Yin R, Deng H, Wang H L, *et al.* Vegetation type affects soil enzyme activities and microbial functional diversity following revegetation of a severely eroded red soil in sub-tropical China[J]. *Catena*, 2014, **115**: 96-103.
- [9] 刘彩霞, 焦如珍, 董玉红, 等. 应用 PLFA 方法分析氮沉降对土壤微生物群落结构的影响[J]. *林业科学*, 2015, **51**(6): 155-162.
- [10] Dan D, Zhang D P, Liu W C, *et al.* Diversity analysis of bacterial community from permafrost soil of Mo-he in China[J]. *Indian Journal of Microbiology*, 2014, **54**(1): 111-113.
- [11] 鲁顺保, 张艳杰, 陈成榕, 等. 基于 BIOLOG 指纹解析三种不同森林类型土壤细菌群落功能差异[J]. *土壤学报*, 2013, **50**(3): 618-623.
- [12] Wang N N, Wang M J, Li S L, *et al.* Effects of variation in precipitation on the distribution of soil bacterial diversity in the primitive Korean pine and broadleaved forests[J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2014, **30**(11): 2975-2984.
- [13] 罗希茜, 郝晓晖, 陈涛, 等. 长期不同施肥对稻田土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. *生态学报*, 2009, **29**(2): 740-748.
- [14] 范瑞英, 杨小燕, 王恩姮, 等. 黑土区不同林龄落叶松人工林土壤微生物群落功能多样性的对比研究[J]. *北京林业大学学报*, 2013, **35**(2): 63-68.
- [15] Yoshitake S, Fujiyoshi M, Watanabe K, *et al.* Successional changes in the soil microbial community along a vegetation development sequence in a subalpine volcanic desert on Mount Fuji, Japan[J]. *Plant and Soil*, 2013, **364**(1-2): 261-272.
- [16] 肖焯, 黄志刚, 武海涛, 等. 三江平原典型湿地类型土壤微生物特征与土壤养分的研究[J]. *环境科学*, 2015, **36**(5): 1842-1848.
- [17] 刘景双, 王金达, 李仲根, 等. 三江平原沼泽湿地 N₂O 浓度与排放特征初步研究[J]. *环境科学*, 2003, **24**(1): 33-39.
- [18] 何太蓉, 李贤良, 杨达源, 等. 三江平原草甸白浆土 P、K 养分含量特征及影响因素[J]. *环境科学*, 2004, **25**(1): 133-137.
- [19] Stach J E M, Maldonado L A, Masson D G, *et al.* Statistical approaches for estimating actinobacterial diversity in marine sediments[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003, **69**(10): 6189-6200
- [20] 王光华, 金剑, 徐美娜, 等. 植物、土壤及土壤管理对土壤微生物群落结构的影响[J]. *生态学杂志*, 2006, **25**(5): 550-556.
- [21] 陈会海, 许修宏, 李洪涛. 应用 PCR-DGGE 分析三江湿地土

- 壤真菌群落结构的多样性[J]. 环境科学研究, 2012, **25**(11): 1272-1278.
- [22] 徐惠风, 刘兴土, 白军红. 长白山沟谷湿地乌拉苔草沼泽湿地土壤微生物动态及环境效应研究[J]. 水土保持学报, 2004, **18**(3): 115-117, 122.
- [23] 陈为峰, 史衍玺. 黄河三角洲新生湿地不同植被类型土壤的微生物分布特征[J]. 草地学报, 2010, **18**(6): 859-864.
- [24] Tang Y S, Wang L, Jia J W, *et al.* Response of soil microbial community in Jiuduansha wetland to different successional stages and its implications for soil microbial respiration and carbon turnover[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, **43**(3): 638-646.
- [25] 赵庆节. 种植不同植物的人工湿地土壤微生物群落研究[J]. 上海交通大学学报(农业科学版), 2011, **29**(3): 47-52.
- [26] Andersen R, Grasset L, Thormann M N, *et al.* Changes in microbial community structure and function following Sphagnum peatland restoration[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, **42**(2): 291-301.
- [27] Tscherko D, Hammesfahr U, Zeltner G, *et al.* Plant succession and rhizosphere microbial communities in a recently deglaciated alpine terrain[J]. *Basic and Applied Ecology*, 2005, **6**(4): 367-383.
- [28] 王洋, 刘景双, 窦晶鑫, 等. 三江平原典型小叶章湿地土壤微生物量碳的动态变化特征[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版), 2009, **35**(6): 691-698.
- [29] 陈辉, 叶明, 谭炜. 安徽大别山粒毛盘菌初探[J]. 生物学杂志, 2008, **25**(1): 26-27, 8.
- [30] 吕铭志, 盛连喜, 张立. 中国典型湿地生态系统碳汇功能比较[J]. 湿地科学, 2013, **11**(1): 114-120.

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 Ferrihydrate	CUI Meng-meng, WANG Dian-sheng, HUANG Tian-yin, <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 Jimci 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-juan, 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