

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第37卷 第10期

Vol.37 No.10

2016

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目 次

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

黄土高原不同植被类型下土壤细菌群落特征研究

刘洋, 黄懿梅*, 曾全超

(西北农林科技大学资源环境学院, 农业部西北植物营养与农业环境重点实验室, 杨凌 712100)

摘要: 研究黄土高原不同植被类型对土壤细菌微生物多样性的影响, 对发挥土壤潜在肥力、了解土壤健康状况, 实现植被的管理与可持续利用有着重要的意义. 本文选取黄土高原 4 种草原植被与 4 种乔木林植被的表层土壤 (0 ~ 5 cm) 为研究对象, 利用第二代高通量测序技术 454 HiSeq 对其进行 16S rDNA V1 ~ V3 可变区的高通量测序, 分析土壤细菌的 Alpha 多样性、物种组成和丰度, 并研究土壤性质对细菌群落结构的影响. 结果表明, 所测土壤样品中共检测到细菌的 36 个门, 84 个纲, 187 个目, 优势菌门为变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、绿弯菌 (Chloroflexi)、浮霉菌门 (Planctomycetes), 主要的优势菌纲为放线杆菌纲 (Actinobacteria)、 α -变形菌纲 (α -Proteobacteria)、酸杆菌纲 (Acidobacteria)、 β -变形菌纲 (β -Proteobacteria)、浮霉菌纲 (Planctomycetacia). 草原植被土壤分布更多的是 Actinobacteria, 森林植被土壤分布更多的是 Proteobacteria. Proteobacteria 与土壤有机质、全氮、全磷呈显著的相关性, 其相对丰富度主要受土壤碳氮磷含量的限制. Actinobacteria 的生长主要受土壤 pH、水分和土壤有机质的影响. 通过 RDA 分析发现, 影响黄土高原土壤细菌分布的主要土壤因子是土壤水分, 这些结果丰富了黄土高原土壤微生物多样性的理论知识, 而且可为黄土高原植被恢复模式的选择提供理论依据.

关键词: 黄土高原; 454 高通量测序; 不同植被类型; 土壤细菌; 环境因子

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2016)10-3931-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.2016.10.035

Soil Bacterial Communities Under Different Vegetation Types in the Loess Plateau

LIU Yang, HUANG Yi-mei*, ZENG Quan-chao

(Key Laboratory of Plant Nutrition and the Agri-environment of Northwest China, Ministry of Agriculture, College of Natural Resources and Environment, Northwest A&F University, Yangling 712100, China)

Abstract: In this study, we collected soil samples from four different arbor communities and four herb communities, which represented two vegetation ecosystems in the northwest of the Loess Plateau. Our objectives were to determine the diversity of soil bacterial communities and the affecting factors with the method of 454 high-throughput pyrosequencing technology. The results showed that the structures of the microbial communities differed in terms of both the predominant phylum and the relative abundance of each phylum. At the phylum level, the dominant phyla were Proteobacteria, Actinobacteria, Acidobacteria, Chloroflexi and Planctomycetes. At the class level, Actinobacteria, α -Proteobacteria, Acidobacteria, β -Proteobacteria and Planctomycetacia were predominant. The relative abundance of Actinobacteria in grass vegetation ecosystem was more abundant than that in forest vegetation ecosystem. Proteobacteria in forest vegetation ecosystem were more abundant. Soil pH was significantly correlated with the relative abundance of Actinobacteria. Soil organic matter, soil total N and soil total P were the key factors affecting soil Proteobacteria. These results will provide useful information for the diversity of soil bacteria and guide the practice of vegetation restoration in the Loess Plateau.

Key words: Loess Plateau; 454 high-throughput sequencing; different vegetation types; soil bacteria; environment factors

土壤微生物是土壤与植物的纽带, 对土壤的形成和发育起着重要的作用, 能够分解土壤中的有机质、矿物质, 并释放出营养元素, 供给植物利用, 最终形成腐殖质, 提高土壤的质量. 土壤微生物还参与土壤中碳、氮循环, 对于全球气候变化以及碳氮循环有着不容忽视的影响^[1,2]. 总之, 土壤微生物在土壤的物质和能量的输入与输出中扮演重要角色, 是物质循环生态链上的重要环节, 具有不可替代的作用. 由于土壤微生物的复杂性和固有特性, 土壤微生物的研究工作十分艰巨, 迄今为止仍在不断地发展和完善中. 土壤中可培养微生物仅占到土壤整

个微生物群落的 1% ~ 10%, 传统的分离培养方法仅限于对环境中的极少部分可培养微生物类群的研究, 不能准确全面地反映土壤微生物多样性特征^[3]. 随着生物化学和分子生物学地不断发展, 研究土壤微生物多样性的手段也在不断地更新, 从早期的微生物纯培养, 土壤酶活、微生物量以及基础

收稿日期: 2016-03-28; 修订日期: 2016-05-11

基金项目: 国家自然科学基金项目 (41030532, 41171226); 水利部公益性行业科研专项 (201501045)

作者简介: 刘洋 (1991 ~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为生态环境工程, E-mail: Roshanlx@163.com

* 通讯联系人, E-mail: ymhuang1971@nwsuaf.edu.cn

呼吸的测定到 BIOLOG 生理代谢图谱分析,磷脂脂肪酸生物标记以及分子生物学(核酸提取、PCR 特异性扩增和核酸探针)检测等,可以越来越准确地全面地提供土壤中微生物的相关信息.高通量测序技术作为二代测序方法,无需构建克隆,耗时少,通量高,能够准确全面地反映土壤微生物群落分布特征^[4],目前已经被广泛用于陆地生态系统土壤微生物多样性研究^[5~9].

黄土高原是中国乃至世界重大的侵蚀区,植被破坏严重,土壤肥力下降,生态系统稳定性低,已经对于人类的生存和发展产生了重要的影响.基于此,近年来开展了大规模的植树造林、退耕还林还草生态工程,土壤肥力和植被覆盖度得到了有效地改善^[10],而土壤微生物在这过程起着重要的作用.土壤微生物是土壤有机组分和生态系统中最活跃的部分,在促进土壤质量和植物健康方面发挥着重要的作用,被认为是最敏感的土壤质量生物学指标.因此应用土壤微生物可以很好地表征土壤质量对植被恢复的响应.目前,在黄土高原关于植被恢复中土壤微生物的研究主要采用的是传统的分离培养法^[11]、磷脂脂肪酸法^[12,13]和 PCR-RFLP 方法^[14],对于不同植被类型土壤中的微生物群落组成和多样性特征了解上不够全面真实.因此,本文选取黄土高原森林植被与草原植被区的土壤为研究对象,采用 454 焦磷酸高通量测序方法,分析其土壤微生物细菌多样性,探讨植被恢复对土壤微生物多样性的影响,以期为黄土高原植被恢复和生态系统构建提供理论依据.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

黄土高原森林植被区以处于黄土丘陵区腹地、跨陕西、甘肃两省的子午岭为代表.子午岭林区是目前保存较好的黄土丘陵区中部地带重要的次生原

始森林天然植被区.子午岭地理坐标为 107°30′~109°40′ E,33°50′~36°50′ N.地势南高北低,自西向东北倾斜,海拔为 1 300~1 700 m,相对高差 400 m,处于森林草原和半干旱草原的过渡区,气候温和湿润,其北小半部属陇中北部温带半干旱气候,南大半部属陇中南部温带半湿润气候,年平均气温为 7.4~8.5℃,极端最低温度为-27.7℃,极端最高气温为 36.7℃,≥10℃ 的活动积温 2 671.0℃,无霜期 110~150 d,平均降水量 548.3 mm,干燥度 0.97,平均相对湿度 63%~68%,地带性土壤以石灰性灰褐土为主.主要优势物种辽东栎(*Quercus liaotungensis*)、山杨(*Populus davidiana*)、侧柏(*Biota orientalis*)、油松(*Pinus tabulaeformis*)、刺槐(*Robinia pseudacacia*)、白桦(*Betula platyphylla*)等.

草原植被区位于陕西省安塞县镰刀湾,属典型的大陆性半干旱季风气候,夏秋多雨,冬季干寒.年日照时数 2 415.5 h,辐射总量 480.06 kJ·cm⁻²,无霜期 160~180 d,平均气温 10.3℃,≥10℃ 活动积温 3 177.4℃,多年平均降水量 499.2 mm.土壤类型以黄绵土为主,约占总面积的 95%,在黄土母质上发育的黄绵土,土壤瘠薄,保水保肥和抗侵蚀性差,有机质含量低,其有机质含量一般不足 1%.主要优势物种有长芒草(*Stipa bungeana*)、铁杆蒿(*Artemisia vestita*)、猪毛蒿(*Artemisia scoparia*)、阿尔泰狗娃花(*Heteropappu saltaicus*)、达乌里胡枝子(*Lespedeza davurica*)等.

1.2 样品采集

2013 年 8 月分别在草原植被区与森林植被区选择四种典型的优势物种为研究对象.样地基本信息见表 1.每种植被群落,都选择不同位置的 3 块样地作为野外重复,在各个样地内设置 3 个 20 m×20 m 的样方,在每一个样方内用直径 5 cm 的土钻按 S 形布点法选 5 个采样点,在每个点采集 0~5 cm 的土样,混匀后作为 1 个样方的土样.土壤采集后挑出石

表 1 不同植被类型下土壤样地的基本信息

Table 1 Description of sampling sites under different vegetation types								
植被类型	编号	地区	年均温度 /℃	年降雨量 /mm	经度 /(°)	纬度 /(°)	海拔 /m	物种类型
草原植被	G1	安塞	10.3	499.2	108.97	37.24	1 463	铁杆蒿、长芒草、芨蒿
	G2				108.99	37.18	1 341	铁杆蒿、长芒草、芨蒿
	G3				108.97	37.25	1 406	铁杆蒿、长芒草、芨蒿
	G4				109.25	36.75	1 166	铁杆蒿、长芒草、芨蒿
森林植被	F1	富县	9.5	548.3	109.15	36.06	1 333	侧柏、铁杆蒿、长芒草
	F2				109.15	36.06	1 327	辽东栎、长芒草、披针苔草
	F3				109.17	36.08	1 193	刺槐、铁杆蒿;长芒草
	F4				109.17	36.07	1 152	油松、长芒草

块、根系等杂物,分成3份,一份立即放入 -80°C 的冰箱里保存用于DNA的提取,一份存储于 4°C 冰箱中,用于测定土壤的微生物量碳,另一份风干过筛用于测定土壤的基本性质(pH、总氮、总磷)。

1.3 土壤基本特性分析

土壤有机质、全氮、总磷、含水率、pH均按标准方法进行测定^[15]。土壤微生物生物量碳采用氯仿熏蒸 $0.5\text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}\text{ K}_2\text{SO}_4$ 浸提法^[16,17]。其中浸提液中的溶解性碳(DOC)采用总有机碳分析仪(Phoenix 8000,美国)测定,由熏蒸与未熏蒸土样的DOC差值计算得到微生物生物量碳(MBC),转换系数为 $0.45^{[18]}$ 。所有指标每份土样测定3个平行。

1.4 土壤DNA的提取

土壤样品DNA提取后,利用1%琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组DNA。按指定测序区域(V1~V3),合成带有“5'454 A、B 接头-特异引物3'”的融合引物^[19]。为保证后续数据分析的准确性及可靠性,需满足以下两个条件:①尽可能使用低循环数扩增;②保证每个样品扩增的循环数一致。随机选取具有代表性的样品进行预实验,确保在最低循环数中使绝大多数样品能够扩增出浓度合适的产物。PCR采用TransGen AP221-02: TransStartFastpfu DNA Polymerase; PCR仪: ABI GeneAmp® 9700型;全部样品按照正式实验条件进行,每个样品3个重复,将同一样品的PCR产物混合后用2%琼脂糖凝胶电泳检测,使用AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒(AXYGEN公司)切胶回收PCR产物,Tris_HCl洗脱;2%琼脂糖电泳检测。参照电泳初步定量结果,将PCR产物用QuantiFluor™-ST蓝色荧光定量系统(Promega公司)进行检测定量,之后按照每个样品的测序量要求,进行相应比例的混合。最后用Roche GS FLX + Sequencing Method Manual_XLR70 kit进行上机测序。

1.5 数据处理

1.5.1 基本数据处理

所有数据经过Excel 2013处理,利用SPSS 20.0进行单因素方差分析(One-Way ANOVA)和最小显著差异法(LSD)比较,各个指标之间采用Pearson相关系数法进行相关性分析。土壤因子与细菌种群分布特征之间的关系利用Canoco 5.0进行冗余分析(RDA),研究土壤性质对细菌分布特征的影响。

1.5.2 测序数据的分析与处理

首先对有效序列进行去杂和修剪得到优化数据,使用软件Qiime (vsesion 1.17 <http://qiime.org/>)对数据去杂^[20]。通过归类操作,将序列按照彼此的相似性分归为许多小组,一个小组就是一个

OTU (operational taxonomic units)。可根据不同的相似度水平,对所有序列进行OTU划分,通常在97%的相似水平下的OTU进行生物信息统计分析。软件平台: Usearch (vsesion 7.1, <http://drive5.com/uparse/>)。采用RDP classifier 贝叶斯算法对97%相似水平的OTU代表序列进行分类学分析,并分别在各个分类水平: phylum(门)、class(纲)、order(目)统计各样本的群落组成。比对数据库: Silva (Release119, <http://www.arb-silva.de>); RDP (Release 11.1, <http://rdp.cme.msu.edu/>); Greengene (Release 13.5, <http://greengenes.secondgenome.com/>)。基于OUT基础上计算微生物群落的丰度和多样性指数(Chao、Ace、Simpson、Shannon、Coverage)。

对OTU列表中获得分类信息与丰度进行整理,在门与纲分类水平下对各样品进行物种丰度统计、RDA分析,可得到样品中群落组成结构以及群落结构与环境因子的关系。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质

不同植被区土壤的基本理化性质见表2。森林植被区与草原植被区土壤均为弱碱性,草原植被区土壤碱性更强,草原植被土壤pH显著高于森林植被土壤($P<0.05$)。土壤有机质在草原植被区的变化范围为 $7.78\sim12.18\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,均值为 $9.36\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$;在森林植被区的变化范围为 $18.34\sim44.77\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,均值为 $34.82\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。土壤全氮在草原植被区的变化范围为 $0.42\sim0.88\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,均值为 $0.61\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$;在森林植被区的变化范围为 $1.13\sim2.55\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,均值为 $1.81\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。土壤全磷在草原植被区变化范围为 $0.35\sim0.53\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,均值为 $0.49\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$;在森林植被区变化范围为 $0.51\sim0.62\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,均值为 $0.55\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。土壤微生物生物量碳在草原植被区变化范围为 $83.02\sim257.38\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$,均值为 $185.30\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$;在森林植被区变化范围为 $350.83\sim612.18\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$,均值为 $519.71\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。土壤碳磷比在草原植被区变化范围为 $9.96\sim13.35$,均值为 11.05 ;在森林植被区变化范围为 $18.67\sim50.14$,均值为 36.49 。除土壤全磷外,土壤含水率、土壤有机质、土壤全氮、土壤微生物量碳、碳磷比均表现为森林植被显著高于草原植被($P<0.05$)。

表 2 不同植被类型下土壤的基本特性¹⁾

Table 2 Soil biochemical properties under different vegetation types

类型	pH	土壤水分	土壤有机质 /g·kg ⁻¹	土壤全氮 /g·kg ⁻¹	土壤全磷 /g·kg ⁻¹	土壤微生物生物量碳 /mg·kg ⁻¹	土壤碳磷比
G1	8.22	0.08	8.96	0.57	0.48	83.02	10.75
G2	8.18	0.06	8.49	0.54	0.49	229.43	10.12
G3	8.26	0.04	7.78	0.42	0.45	171.37	9.96
G4	8.13	0.12	12.18	0.88	0.53	257.38	13.35
F1	7.84	0.15	49.89	2.55	0.62	612.18	46.93
F2	7.86	0.24	44.77	2.06	0.52	693.15	50.14
F3	7.90	0.16	26.31	1.52	0.51	422.67	30.20
F4	8.14	0.15	18.34	1.13	0.57	350.83	18.67
草原植被	8.20±0.06a	0.07±0.03b	9.36±1.95b	0.61±0.19b	0.49±0.03a	185.30±77.02b	11.05±1.57b
森林植被	7.93±0.14b	0.17±0.04a	34.82±14.95a	1.81±0.62a	0.55±0.05a	519.71±159.76a	36.49±14.75a

1) 不同字母表示不同植被类型之间存在显著的差异,下同

2.2 Alpha 多样性分析结果

如表3所示,所有样品的平均覆盖率为90%,且稀释曲线趋于平稳,表明该测序效果理想.在3%分类水平下,黄土高原不同植被类型下Chao、Ace、Simpson指数、Shannon指数、OTU数量有所差异.

OUT数目、Chao指数、Ace指数、Shannon指数均表现为:草原植被区>森林植被区,其中Shannon指数在不同植被类型下差异显著($P<0.05$),表明草原植被区细菌多样性更为丰富;Simpson指数大小顺序为:草原植被区<森林植被区,二者之间差异不显著.

表 3 不同植被类型下土壤细菌序列统计及多样性指数¹⁾

Table 3 Sequence statistics and diversity indexes of soil bacteria under different vegetation types

类型	读数	0.97 的分类水平					
		OTU	Ace 指数	Chao 指数	盖度	Shannon 指数	Simpson 指数
G1	10 112	2 833	4 083	3 921	0.89	7.29	0.001 5
G2	10 640	2 817	3 903	3 792	0.90	7.30	0.001 5
G3	9 435	2 780	4 113	4 015	0.87	7.34	0.001 3
G4	7 373	2 244	3 380	3 237	0.87	7.13	0.001 5
平均值	9 390±1 432a	2 669±284a	3 870±339a	3 741±348a	0.88±0.01a	7.27±0.09a	0.001 5±0.000 1a
F1	10 405	2 382	3 383	3 339	0.91	7.01	0.002
F2	8 500	1 969	2 731	2 734	0.91	6.76	0.003 5
F3	8 601	2 435	3 591	3 452	0.88	7.15	0.001 6
F4	9 306	2 363	3 469	3 340	0.89	6.94	0.002 9
平均值	9 203±878a	2 287±214a	3 294±385a	3 216±326a	0.90±0.01a	6.97±0.16b	0.002 5±0.000 9a

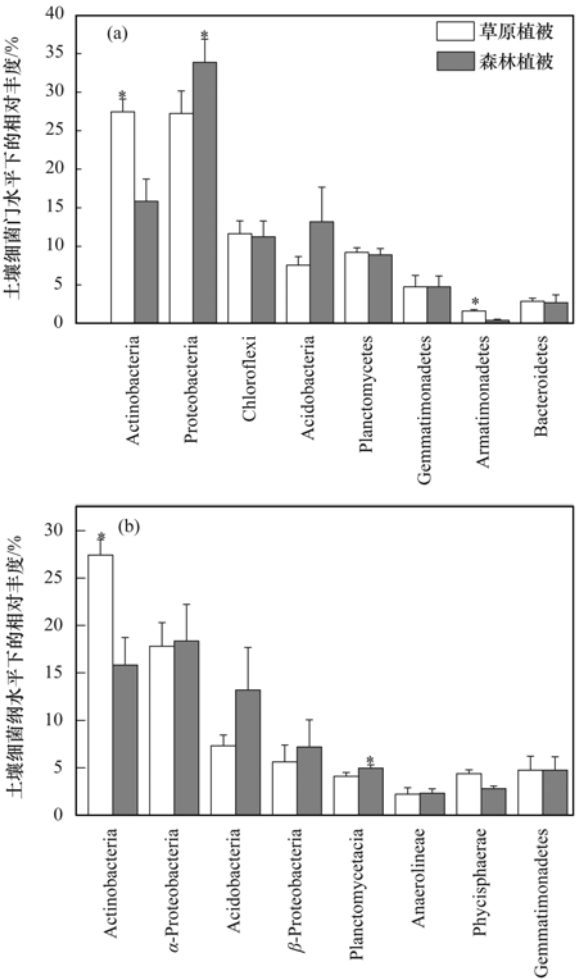
1) 不同字母表示不同植被类型间差异显著

2.3 群落结构组成分析

如图1(a)所示,通过454高通量测序发现黄土高原不同植被类型下的土壤中检测到的主要门有:放线菌门(Actinobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、浮霉菌门(Planctomycetes)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、装甲菌门(Armatimonadetes)等.变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、浮霉菌门是土壤中占主导地位的微生物,约占到了所有微生物总数的80%~85%以上.在森林植被区Actinobacteria的变化范围为12.66%~19.15%,均值为15.83%;Proteobacteria的变化范围为29.40%~37.90%,均值为33.86%;Chloroflexi的变化范围为9.25%~14.67%,均值为

11.25%; Acidobacteria 的变化范围为 8.51% ~ 20.21%,均值为 13.19%; Planctomycetes 的变化范围为 7.99% ~ 10.02%,均值为 8.89%. 草原植被区 Actinobacteria 的变化范围为 25.02% ~ 29.15%,均值为 27.41%; Proteobacteria 的变化范围为 23.72% ~ 30.57%,均值为 27.19%; Chloroflexi 的变化范围为 9.49% ~ 13.43%,均值为 11.55%; Acidobacteria 的变化范围为 5.66% ~ 8.54%,均值为 7.33%; Planctomycetes 的变化范围为 8.33% ~ 9.71%,均值为 9.01%.

如图1(b)所示,在纲分类水平上,两个植被区土壤主要的优势菌分别为放线杆菌纲(Actinobacteria)、 α -变形菌纲(α -Proteobacteria)、酸杆菌(Acidobacteria)、 β -变形菌纲(β -



* 表示不同植被类型间差异显著
图1 门和纲分类水平下的微生物群落组成
Fig. 1 Composition of bacterial community at phylum level and class level

Proteobacteria)、浮霉菌纲(Planctomycetacia)、放线杆菌纲(Actinobacteria)在森林植被区的变化范围为12.66%~19.15%,均值为15.83%;在草原植被区为25.02%~29.15%,均值为27.41%,草原植被区显著高于森林植被($P < 0.05$)。α-变形菌纲(α-Proteobacteria)在森林植被区的变化范围为15.00%~24.11%,均值为18.35%;在草原植被区为15.61%~22.06%,均值为17.80%,两个植被区差异不显著($P > 0.05$)。酸杆菌(Acidobacteria)在森林植被区的变化范围为8.51%~20.21%,均值为13.19%;在草原植被区为5.66%~8.54%,均值为7.33%,草原植被区与森林植被差异不显著($P > 0.05$)。β-变形菌纲(β-Proteobacteria)在森林植被区的变化范围为4.61%~11.68%,均值为7.20%;在草原植被区为4.00%~8.45%,均值为5.61%,草原植被区与森林植被差异不显著($P > 0.05$)。浮霉菌纲(Planctomycetacia)在森林植被区的变化范围为4.38%~5.36%,均值为4.96%;在草原植被区为3.71%~4.66%,均值为4.11%,草原植被区显著低于森林植被差异($P < 0.05$)。

2.4 环境因素对微生物群落的影响

如表4所示,相关性分析表明,Actinobacteria的相对丰富度与土壤pH值呈显著的正相关,与含水率、有机质、全氮呈显著的负相关。Proteobacteria与土壤全磷、全氮、有机质呈显著的正相关。土壤含水率与Acidobacteria的相对丰富度呈显著的负相关,与Actinobacteria、Armatimonadetes、Cyanobacteria的相对丰富度呈显著的正相关。土壤

表4 土壤基本性质与土壤细菌优势菌的相对丰富度的相关性分析¹⁾

Table 4 Correlation between soil properties and the relative abundance of soil bacteria phyla at the phylum level

优势菌	pH	SM	SOM	Total N	Total P
Actinobacteria	0.711 *	-0.888 **	-0.736 *	-0.753 *	-0.663
Proteobacteria	-0.682	0.674	0.759 *	0.801 *	0.917 **
Chloroflexi	0.501	-0.316	-0.451	-0.46	-0.221
Acidobacteria	-0.725 *	0.858 **	0.695	0.633	0.087
Planctomycetes	0.305	-0.452	-0.438	-0.44	-0.504
Bacteroidetes	0.138	0.106	-0.067	-0.188	-0.516
Gemmatimonadetes	0.141	-0.007	-0.27	-0.167	0.133
Armatimonadetes	0.655	-0.760 *	-0.776 *	-0.775 *	-0.696
Nitrospirae	0.080	0.198	-0.065	-0.001	0.356

1) * 表示存在显著相关($P < 0.05$), ** 表示存在极显著相关($P < 0.01$)

有机质、土壤全氮与Actinobacteria、Armatimonadetes的相对丰富度呈显著的负相关。

所有样品因环境因素的不同而聚类或分离的情况,从图2中可看出,特征根的 $F = 2.5$,轴1、轴2、

轴3和轴4的特征根的相关系数分别为0.94、0.97、0.87和0.99,到轴4的累计合理解释变量为86.2%。环境变量间夹角的余弦值表示二者的相关关系。森林植被区和草原植被区的微生物组成差异

较大,森林植被区位于二、三象限,草原植被区位于一、四象限,G1与G4土壤的微生物差异较小。Actinobacteria、Acidobacteria群落与pH显著正或负相关,Proteobacteria群落与TP、SOM、TN呈显著正相关。

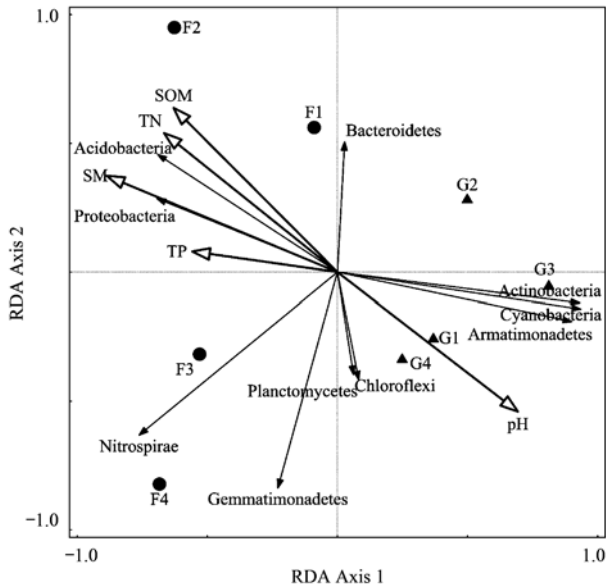


图2 基于土壤细菌种群分布和环境因子的冗余分析

Fig. 2 Redundancy analysis (RDA) based on soil bacteria community at phylum level and environmental factors of the soil

如图3所示,不同的土壤微生物群落受土壤性质的影响不一致。Actinobacteria能够被土壤环境因子的解释率为90.4%,其中土壤水分的解释率最高,高达77.3% ($P < 0.05$)。Proteobacteria能够被土壤环境因子的解释率为99.8%,其中土壤总磷的解释率最高,高达85.3%。其次为MBC (8.7%)。Chloroflexi能够被土壤环境因子的解释率为62.3%,其中土壤pH和MBC是影响其分布的主要影响因素。Acidobacteria能够被土壤环境因子的解释率为99.4%,其中土壤水分的解释率最高,高达72.9%。其次为MBC (16.6%)。Planctomycetes能够被土壤环境因子的解释率为63.5%,其中土壤pH与土壤总磷的解释率较高,分别为14.6%和25.5%。Bacteroidetes能够被土壤环境因子的解释率为73%,其中土壤水分与土壤总磷的解释率较高,分别为16.7%和27.6%。Gemmatimonadetes能够被土壤环境因子的解释率为97.4%,其中土壤水分、总氮、MBC的解释率较高,分别为42.6%、25.5%、17.6%。Armatimonadetes能够被土壤环境因子的解释率为78.9%,其中土壤水分较高,高达69.4%。Cyanobacteria能够被土壤环境因子的解释

率为99.2%,其中土壤水分、pH、SOM、TN解释率较高,分别为58.3%、10.4%、9.6%、9.1%。

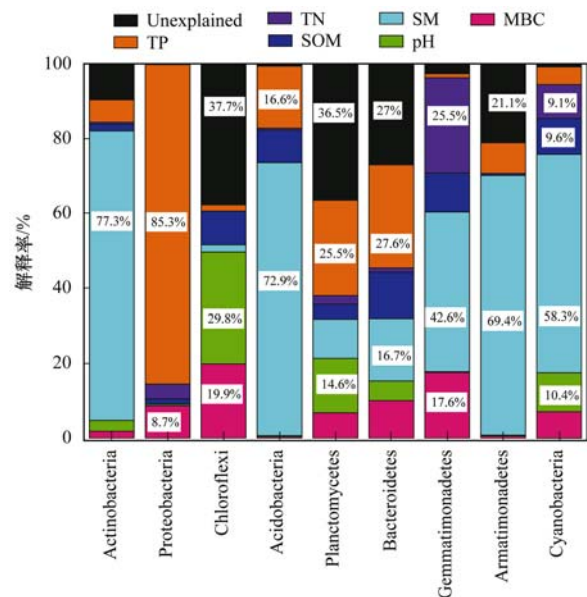


图3 在门水平上不同土壤性质对不同细菌群落的影响

Fig. 3 Individual contribution of each significant parameter to the proportion of variation explained in soil bacteria communities

3 讨论

黄土高原植被恢复已经对土壤的基本特性产生了显著的影响。大量的研究表明,植被恢复能有效地提高土壤的碳氮磷含量^[21],影响土壤微生物区系的组成^[22],促进土壤的团聚体的形成,提高土壤的稳定性^[23],在生态服务功能方面起着重要的作用。土壤微生物的生长又主要受土壤的基本特性与环境因子的影响。经过多年的植被恢复,植被组成、盖度均已经发生了重要的变化。土壤表层已经累积大量的枯枝落叶,微生物通过分解枯枝落叶对土壤养分循环与其自身多样性具有影响^[9]。Actinobacteria能够降解复杂的木质素^[24]与纤维素^[25],为土壤提供养分。森林植被区4种乔木林土壤Actinobacteria所占比例范围在12.66%~19.15%之间,与杨树人工林土壤较为一致^[8]。在Proteobacteria门中, α -Proteobacteria是最主要的亚门,其次是 β -Proteobacteria亚门,森林植被与草原植被区所占比例分别为43%~64%、13%~34%,这与韩亚飞等^[8]对杨树人工林等的研究一致,而Roesch等^[6]和Zhang等^[7]采用高通量测序方法等研究发现 β -Proteobacteria的丰富度大于 α -Proteobacteria。李新等^[26]研究发现变形菌门(α -变形菌纲、 β -变形菌纲、 γ -变形菌纲和 δ -变形菌纲)是盐碱土壤的主要类群。本研究中,变形菌门是最主要的优势菌门,而该地区

土壤呈弱碱性,也验证了变形菌门为碱性土壤中的主要优势群落。而4种草本植被土壤中分布最多的是放线菌门(*Actinobacteria*),其相对丰度显著高于森林植被区($P < 0.05$)。很多研究发现 pH 是影响微生物群落的主要影响因素^[27,28],这与本研究一致。pH 主要影响 *Chloroflexi* 门与 *Planctomycetes* 的分布。Liu 等^[4]运用高通量测序研究发现影响东北黑土土壤细菌生物地理学分布的关键因子是 pH。

此外,土壤肥力及土壤环境状况的不同,土壤微生物种群数量也会存在某种程度的差别。森林植被土壤有机质、总氮、总磷、微生物生物量碳氮显著高于草原植被土壤,而 *Acidobacteria*、*Bacteroidetes* 的相对丰富度也显著高于草原植被土壤,可能是养分差异所导致的。本研究中,土壤全磷是影响 *Proteobacteria* 分布的主要因子,解释率高达 85.3%。Liu 等^[29]研究发现在年龄较老的森林土壤中,土壤磷含量是影响土壤微生物种群结构的一个重要的环境因子,但是不是影响松树林里土壤微生物群落的主要因素。Cleveland 等^[30]在热带雨林里也发现土壤磷含量是影响土壤微生物群落结构的主要因子。也有研究发现土壤有机碳浓度是驱动土壤微生物生物地理学分布的主要原因^[4]。尽管不同植被类型下土壤的有机碳差异显著($P < 0.05$),但是 RDA 分析结果表明有机碳并不是影响该区域土壤细菌群落分布的主要因素。而土壤水分是影响黄土高原土壤细菌种群分布的主要原因,这与 Zhang 等^[31]的研究一致。本研究中,土壤水分对 *Acidobacteria* 的解释率高达 77.3%,对 *Acidobacteria* 的解释率为 72.9%,此外土壤水分也是影响 *Gemmatimonadetes*、*Armatimonadetes*、*Cyanobacteria* 分布的最主要的环境因子。表明在半干旱地区土壤水分是影响细菌分布的主要环境因子。

目前,很多学者应用测序研究土壤微生物的生物地理学分布^[4,5,27],探究土壤微生物是否像动物、植物那样随着纬度的差异而变化。有学者认为纬度是影响土壤微生物分布的重要因素^[32,33],也有学者认为纬度不是影响土壤微生物的主要因素^[18]。本研究中由于区域较小,纬度变化不是影响土壤细菌分布的主要因素。黄土高原作为退化生态系统的典型代表,植被生态系统变异性大,是否会对土壤微生物群落分布造成影响,目前还缺乏对其土壤微生物生物学地理分布的研究,探明退化生态系统下土壤微生物的地理分布,对评估黄土高原的生态恢复效益与土壤肥力的保育具有非常重要的意义。

4 结论

(1)454 高通量测序技术测序结果能够全面的反映土壤样品细菌群落的组成及结构。多样性指数表明草原植被土壤多样性高于森林植被土壤。

(2)两个植被区土壤中的优势菌门为变形菌门(*Proteobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteria*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)、绿弯菌(*Chloroflexi*)、浮霉菌门(*Planctomycetes*),主要的优势菌纲为放线杆菌纲(*Actinobacteria*)、 α -变形菌纲(α -*Proteobacteria*)、酸杆菌纲(*Acidobacteria*)、 β -变形菌纲(β -*Proteobacteria*)、浮霉菌纲(*Planctomycetacia*)。

(3)不同细菌群落受土壤环境因子的影响不一致,土壤水分是影响 *Acidobacteria* 和 *Actinobacteria* 分布的主要影响因素,土壤全磷是影响 *Proteobacteria* 分布的关键因子。总体来看,土壤水分是影响黄土高原土壤细菌群落分布的主要因素。

参考文献:

- [1] Harris J A. Measurements of the soil microbial community for estimating the success of restoration[J]. *European Journal of Soil Science*, 2003, **54**(4): 801-808.
- [2] 杨宁, 邹冬生, 杨满元, 等. 衡阳紫色土丘陵坡地恢复过程中土壤微生物生物量与土壤养分演变[J]. *林业科学*, 2014, **50**(12): 144-150.
- [3] 张洪霞, 谭周进, 张祺玲, 等. 土壤微生物多样性研究的 DGGE/TGGE 技术进展[J]. *核农学报*, 2009, **23**(4): 721-727.
- [4] Liu J J, Sui Y Y, Yu Z H, *et al.* High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of Northeast China [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **70**: 113-122.
- [5] Liu W H, Zhu J J, Jia Q Q, *et al.* Carbon sequestration effects of shrublands in three-north shelterbelt forest region, China[J]. *Chinese Geographical Science*, 2014, **24**(4): 444-453.
- [6] Roesch L F W, Fulthorpe R R, Riva A, *et al.* Pyrosequencing enumerates and contrasts soil microbial diversity[J]. *The ISME Journal*, 2007, **1**(4): 283-290.
- [7] Zhang T, Shao M F, Ye L. 454 pyrosequencing reveals bacterial diversity of activated sludge from 14 sewage treatment plants[J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(6): 1137-1147.
- [8] 韩亚飞, 伊文慧, 王文波, 等. 基于高通量测序技术的连作杨树人工林土壤细菌多样性研究[J]. *山东大学学报(理学版)*, 2014, **49**(5): 1-6.
- [9] 井赵斌, 程积民, 张宝泉, 等. 基于 454 焦磷酸测序法的典型草原土壤真核生物多样性[J]. *草业科学*, 2013, **30**(11): 1690-1697.
- [10] Deng L, Liu G B, Shanguan Z P. Land-use conversion and changing soil carbon stocks in China's 'grain-for-green' program: a synthesis [J]. *Global Change Biology*, 2014, **20**(11): 3544-3556.
- [11] 邢肖毅, 黄懿梅, 安韶山, 等. 黄土丘陵区不同植被土壤氮素转化微生物生理特征及差异[J]. *生态学报*, 2013, **33**

- (18): 5608-5614.
- [12] 胡婵娟, 郭雷, 刘国华. 黄土丘陵沟壑区不同植被恢复格局下土壤微生物群落结构[J]. 生态学报, 2014, **34**(11): 2986-2995.
- [13] 闫浩, 黄懿梅, 蒋跃利, 等. 宁南山区两种灌木林土壤矿化过程中 PLFA 指纹季节变化特征[J]. 环境科学学报, 2014, **34**(8): 2111-2120.
- [14] 刘桂婷, 程林, 王保莉, 等. 长期不同施肥对黄土旱塬黑垆土氨氧化细菌多样性的影响[J]. 中国农业科学, 2010, **43**(13): 2706-2714.
- [15] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [16] Sparling G P, West A W. Modifications to the flmigation - extraction technique to permit simultaneous extraction and estimation of soil microbial C and N[J]. Communications in Soil Science and Plant Analysis, 1988, **19**(3): 327-344.
- [17] Vance E D, Brookes P C, Jenkinson D S. An extraction method for measuring soil microbial biomass C[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1987, **19**(6): 703-707.
- [18] Jenkinson D S, Brookes P C, Powlson D S. Measuring soil microbial biomass[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2004, **36**(1): 5-7.
- [19] 唐霁旭, 王志伟, 马金星, 等. 454 高通量焦磷酸测序法鉴定膜生物反应器膜污染优势菌种[J]. 微生物学通报, 2014, **41**(2): 391-398.
- [20] Schloss P D, Westcott S L, Ryabin T, *et al.* Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2009, **75**(23): 7537-7541.
- [21] 曾全超, 李鑫, 董扬红, 等. 陕北黄土高原土壤性质及其生态化学计量的纬度变化特征[J]. 自然资源学报, 2015, **30**(5): 870-879.
- [22] Huang Y M, Michel K, An S S, *et al.* Changes in microbial-community structure with depth and time in a chronosequence of restored grassland soils on the Loess Plateau in northwest China [J]. Journal of Plant Nutrition and Soil Science, 2011, **174**(5): 765-774.
- [23] An S S, Mentler A, Mayer H, *et al.* Soil aggregation, aggregate stability, organic carbon and nitrogen in different soil aggregate fractions under forest and shrub vegetation on the loess plateau, China[J]. CATENA, 2010, **81**(3): 226-233.
- [24] Lynd L R, Weimer P J, Van Zyl W H, *et al.* Microbial cellulose utilization: fundamentals and biotechnology[J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 2002, **66**(3): 506-577.
- [25] Pankratov T A, Ivanova A O, Dedysh S N, *et al.* Bacterial populations and environmental factors controlling cellulose degradation in an acidic *sphagnum* peat [J]. Environmental Microbiology, 2011, **13**(7): 1800-1814.
- [26] 李新, 焦燕, 代钢, 等. 内蒙古河套灌区不同盐碱程度的土壤细菌群落多样性[J]. 中国环境科学, 2016, **36**(1): 249-260.
- [27] Fierer N, Jackson R B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2006, **103**(3): 626-631.
- [28] 袁红朝, 吴昊, 葛体达, 等. 长期施肥对稻田土壤细菌、古菌多样性和群落结构的影响[J]. 应用生态学报, 2015, **26**(6): 1807-1813.
- [29] Liu L, Gundersen P, Zhang T, *et al.* Effects of phosphorus addition on soil microbial biomass and community composition in three forest types in tropical China [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2012, **44**(1): 31-38.
- [30] Cleveland C C, Townsend A R, Schmidt S K. Phosphorus limitation of microbial processes in moist tropical forests: evidence from short-term laboratory incubations and field studies [J]. Ecosystems, 2002, **5**(7): 680-691.
- [31] Zhang X F, Zhao L, Xu S J Jr, *et al.* Soil moisture effect on bacterial and fungal community in Beilu River (Tibetan Plateau) permafrost soils with different vegetation types[J]. Journal of Applied Microbiology, 2013, **114**(4): 1054-1065.

CONTENTS

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

《环境科学》第6届编辑委员会

主 编: 赵进才

副主编: 赵景柱 郝吉明 田 刚

编 委: (按姓氏笔画排序)

万国江 王华聪 王凯军 王绪绪 田 刚 田 静 史培军
朱永官 刘志培 刘 毅 汤鸿霄 孟 伟 周宗灿 林金明
赵进才 赵景柱 姜 林 郝郑平 郝吉明 聂永丰 黄 霞
黄 耀 鲍 强 潘 纲 潘 涛 魏复盛

环 境 科 学

(HUANJING KEXUE)

(月刊 1976年8月创刊)

2016年10月15日 第37卷 第10期

ENVIRONMENTAL SCIENCE

(Monthly Started in 1976)

Vol. 37 No. 10 Oct. 15, 2016

主 管	中国科学院	Superintended	by	Chinese Academy of Sciences
主 办	中国科学院生态环境研究中心	Sponsored	by	Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences
协 办	(以参加先后为序) 北京市环境保护科学研究院 清华大学环境学院	Co-Sponsored	by	Beijing Municipal Research Institute of Environmental Protection School of Environment, Tsinghua University
主 编	赵进才	Editor-in -Chief		ZHAO Jin-cai
编 辑	《环境科学》编辑委员会 北京市2871信箱(海淀区双清路 18号, 邮政编码:100085) 电话:010-62941102, 010-62849343 传真:010-62849343 E-mail: hjkx@ rcees. ac. cn http://www. hjkx. ac. cn	Edited	by	The Editorial Board of Environmental Science (HUANJING KEXUE) P. O. Box 2871, Beijing 100085, China Tel:010-62941102, 010-62849343; Fax:010-62849343 E-mail: hjkx@ rcees. ac. cn http://www. hjkx. ac. cn
出 版	科 学 出 版 社 北京东黄城根北街16号 邮政编码:100717	Published	by	Science Press 16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China
印 刷 装 订	北京北林印刷厂	Printed	by	Beijing Bei Lin Printing House
发 行	科 学 出 版 社 电话:010-64017032 E-mail: journal@ mail. sciencep. com	Distributed	by	Science Press Tel:010-64017032 E-mail: journal@ mail. sciencep. com
订 购 处	全国各地邮电局	Domestic		All Local Post Offices in China
国外总发行	中国国际图书贸易集团有限公司 (北京399信箱)	Foreign		China International Book Trading Corporation (Guoji Shudian), P. O. Box 399, Beijing 100044, China

中国标准刊号: ISSN 0250-3301
CN 11-1895/X

国内邮发代号: 2-821

国内定价: 120.00元

国外发行代号: M 205

国内外公开发行