

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第38卷 第2期

Vol.38 No.2

2017

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

北京大气颗粒物和重金属铅干沉降通量及季节变化	姚利, 刘进, 潘月鹏, 田世丽, 王振波, 韦霞, 张国忠, 周保华, 王跃思 (423)
海西城市群 PM _{2.5} 中重金属元素的污染特征及健康风险评价	陈衍婷, 杜文娇, 陈进生, 徐玲玲 (429)
峨边地区大气 PM _{2.5} 中汞形态污染及其与碳组分的关系	程娜, 钱冠磊, 段炼, 赵梦飞, 修光利 (438)
泰山夏季 PM _{2.5} 中二元羧酸类 SOA 的分子组成及来源	孟静静, 侯战方, 刘晓迪, 邢继钊 (445)
南京北郊大气 BTEX 变化特征和健康风险评估	张玉欣, 安俊琳, 王健宇, 王俊秀, 师远哲, 刘静达, 梁静舒 (453)
长株潭城市群人为源 VOCs 排放清单及其对环境的影响	尤翔宇, 罗达通, 刘湛, 苏艳蓉 (461)
南京城市交通甲烷排放特征	张雪, 胡凝, 刘寿东, 王淑敏, 高韵秋, 赵佳玉, 张圳, 胡勇博, 李旭辉, 张国君 (469)
2003~2014 年东北三省气溶胶光学厚度变化分析	张宸赫, 赵天良, 王富, 徐祥德, 苏航, 程兴宏, 谭成好 (476)
基于增强回归树的城市 PM _{2.5} 日均值变化分析: 以常州为例	葛跃, 王明新, 孙向武, 齐今笛 (485)
重庆市燃煤电厂汞排放特征及排放量	张成, 张雅惠, 王永敏, 王定勇, 徐凤, 杨熹, 何秀清 (495)
几种可能来源对广东某地空气中二噁英的影响	付建平, 韩静磊, 于晓巍, 杨艳艳, 尹文华, 冯桂贤, 张素坤, 黄锦琼, 任明忠 (502)
养鸡场空气中抗性基因和条件致病菌污染特征	高敏, 仇天雷, 秦玉成, 王旭明 (510)
百年来滇池沉积物中不同形态氮分布及埋藏特征	吴亚林, 李帅东, 江俊武, 沈胤胤, 黄昌春, 黄涛, 杨浩, 余艳红, 罗玉 (517)
岩溶地下河补给的地表溪流溶解无机碳及其稳定同位素组成的时空变化	李丽, 蒲俊兵, 李建鸿, 张陶 (527)
三峡水库大宁河支流浮游植物演变过程及其驱动因素	张佳磊, 郑丙辉, 刘德富, 王丽婧, 谭纤茹 (535)
分层型水库夏季水质对极端厄尔尼诺事件的响应	邱晓鹏, 黄廷林, 曾明正, 史建超, 曹占辉 (547)
淹水-落干与季节性温度升高耦合过程对消落带沉积物氮矿化影响	林俊杰, 刘丹, 张帅, 于志国, 何立平, 余顺慧 (555)
湖泊水体中铁(III)-草酸络合物驱动有机磷光解释放磷酸根	蒋永参, 彭云霄, 刘广龙, 周易勇, 朱端卫 (563)
高效磷吸附剂 Mg/Al-LDO 的制备及除磷机制	王卫东, 郝瑞霞, 张晓娴, 万京京, 钟丽燕 (572)
改性沸石湿地脱氮除磷效能及机制	吴鹏, 陆爽君, 徐乐中, 梁奇奇, 沈耀良 (580)
几种水陆交错带植物对底质氮磷释放的抑制作用	姚程, 胡小贞, 卢少勇, 耿荣妹 (589)
模拟三峡库区消落带优势植物根系低分子量有机酸对土壤中铅的解吸动力学	何沅洁, 刘江, 江韬, 黄京晶, 成晴, 陈宏 (600)
TiO ₂ /膨润土复合材料对 Hg ²⁺ 的吸附性能研究	唐兴萍, 周雄, 张金洋, 张成, 王定勇 (608)
氨氮及 H ₂ O ₂ 对溴酸盐和消毒副产物控制的影响	王永京, 杜旭, 金萌, 冯思捷, 杨凯, 张明露, 于建伟 (616)
配水管网细菌活性影响因素	王晓丹, 赵新华 (622)
施氏矿物的化学合成及其对含 Cr(VI) 地下水吸附修复	朱立超, 刘元元, 李伟民, 牟海燕, 王婉玉, 石德智, 王涛 (629)
臭氧-混凝耦合工艺污水深度处理特性及其机制	侯瑞, 金鑫, 金鹏康, 王晓昌 (640)
单级和多级 A/O 工艺中氮的去除效果及 N ₂ O 的产生特性	郭昌梓, 张凤燕, 刘富宇, 朱超, 裴立影 (647)
有机碳源作用下厌氧氨氧化系统的脱氮效能	管勇杰, 于德爽, 李津, 齐泮晴, 魏思佳 (654)
完全混合式曝气系统运行特性及微生物群落结构解析	王硕, 徐巧, 张光生, 李激 (665)
颗粒+絮体污泥 CANON 工艺的启动与 SRT 影响研究	孙延芳, 韩晓宇, 张树军, 李星, 曹相生 (672)
游离氨调控对污泥高含固厌氧消化反应器性能的影响	戴晓虎, 何进, 严寒, 李宇, 丁月玲, 董滨, 戴翎翎 (679)
利用卷枝毛霉成球特性高效收获微藻	顾琼, 金文标, 陈远清, 郭仕达, 万超凡 (688)
零价铁对污泥高温厌氧消化过程中四环素抗性基因及第一类整合子的消减影响	魏欣, 薛顺利, 杨帆, 李响, 刘振鸿, 薛罡, 高品 (697)
沈抚新城不同土地利用类型多环芳烃含量、来源及人体健康风险评价	王静, 刘明丽, 张士超, 鲁垠涛, 姚宏 (703)
河南某市驾校地表灰尘多环芳烃组成、来源与健康风险	陈轶楠, 马建华, 段海静, 魏林恒 (711)
外源微生物对植物根系修复十溴联苯醚污染底泥的强化作用	杨雷峰, 尹华, 彭辉, 李跃鹏 (721)
微生物修复油污土壤过程中氮素的变化及菌群生态效应	叶茜琼, 吴蔓莉, 陈凯丽, 李炜, 袁婧 (728)
沼泽红假单胞菌 PSB06 对辣椒根际微生物群落结构的影响	罗路云, 金德才, 左晖, 张卓, 谭新球, 张德咏, 卢向阳, 刘勇 (735)
再生水补水对河道底泥细菌群落组成与功能的影响	邱琰茗, 王广煊, 黄兴如, 郭逍宇 (743)
矿区不同植被复垦模式对土壤细菌群落结构的影响	贺龙, 李艳琴, 李彬春, 李君剑 (752)
稻田土壤固碳功能微生物群落结构和数量特征	刘琼, 魏晓梦, 吴小红, 袁红朝, 王久荣, 李裕元, 葛体达, 吴金水 (760)
不同温度制备的生物质炭对土壤有机碳及其组分的影响: 对土壤腐殖物质组成及性质的影响	赵世翔, 于小玲, 李忠徽, 杨艳, 张霞, 王旭东, 张阿凤 (769)
复合菌剂秸秆堆肥对土壤碳氮含量和酶活性的影响	聂文翰, 戚志萍, 冯海玮, 孙玉静, 支月娥, 张进忠, 张丹 (783)
秸秆/生物炭施用对关中地区小麦-玉米轮作系统净增温潜势影响的对比分析	成功, 陈静, 刘晶晶, 张阿凤, 王旭东, 冯浩, 赵英 (792)
1 株氨基高效降解菌的分离鉴定及降解特性	叶杰旭, 林彤晖, 骆煜昊, 陈东之, 陈建孟 (802)
1 株异养反硝化硫细菌的分离鉴定及代谢特性	谭文勃, 马晓丹, 黄聪, 陈川, 王爱杰 (809)
连续施用污泥堆肥土壤剖面中重金属积累迁移特征及对小麦吸收重金属的影响	孙娜, 商和平, 茹淑华, 苏德纯 (815)
施氮对小麦(Ⅵ)吸收、转运和分配的影响	陈玉鹏, 彭琴, 梁东丽, 宋卫卫, 雷凌明, 喻大松 (825)
长期暴露下纳米二氧化钛对典型淡水藻体砷累积与生物转化的影响	李金丽, 王振红, 严雅萌, 黄兵, 罗专溪 (832)
不同热解温度制备的玉米芯生物炭对对硝基苯酚的吸附作用	马锋锋, 赵保卫 (837)
《环境科学》征稿简则(526) 《环境科学》征订启事(720) 信息(678, 696, 844)	

矿区不同植被复垦模式对土壤细菌群落结构的影响

贺龙¹, 李艳琴^{1*}, 李彬春¹, 李君剑²

(1. 山西大学生物技术研究所, 化学生物学与分子工程教育部重点实验室, 太原 030006; 2. 山西大学黄土高原研究所, 太原 030006)

摘要:以安太堡露天煤矿复垦区为研究对象, 用 PCR-DGGE 技术分析不同复垦植被(榆树、落叶松、杏树、云杉和刺槐)及复垦年限(15 年和 20 年)对土壤细菌的影响。土壤细菌多样性分析结果表明:复垦 20 年组, 榆树最高, 杏树最低, 其余 3 个植被无显著差异; 复垦 15 年组, 云杉显著高于刺槐; 刺槐随复垦年限延长, 其土壤细菌多样性显著增高, 而云杉却反之。相似性系数分析、聚类分析和 PCA 均显示, 相同复垦年限的土壤细菌群落结构相似性高。相关性分析表明细菌多样性指数和土壤 pH 显著正相关。优势和差异条带测序鉴定出 *Nitrospira*、*Sphingomonas*、*Arthrobacter*、*Brachybacterium*、*Rhizobium* 以及 *Mesorhizobium* 等或参与氮循环、或降解多环芳烃及杂环有机物的细菌属。本研究说明榆树和云杉有利于土壤细菌多样性的恢复; 复垦区土壤的优势菌种多为有利于污染土壤的生态修复和肥力恢复的功能细菌属。

关键词:PCR-DGGE; 复垦矿区; 植被复垦模式; 细菌群落结构和多样性; 功能细菌

中图分类号: X172; X53 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2017)02-0752-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.201607200

Effects of Different Vegetation Types and Reclamation Years on Soil Bacterial Community Structure in Reclaimed Mine Areas

HE Long¹, LI Yan-qin^{1*}, LI Bin-chun¹, LI Jun-jian²

(1. Key Laboratory of Chemical Biology and Molecular Engineering of Ministry of Education, Institute of Biotechnology, Shanxi University, Taiyuan 030006, China; 2. Institute of Loess Plateau, Shanxi University, Taiyuan 030006, China)

Abstract: Effects of different vegetation types (*Ulmus pumila*, *Larix gmelinii*, *Armeniaca vulgaris*, *Picea asperata* and *Robinia pseudoacacia*) and reclamation years (15 and 20 years) on soil bacterial community structure in reclaimed Antaibao opencast mine areas were investigated using polymerase chain reaction-denaturing gradient gel electrophoresis (PCR-DGGE) and clone sequencing. For 20-year reclaimed soils, the significantly highest and lowest bacterial diversity were found in *U. pumila* and *A. vulgaris* stand, respectively, whereas no significant differences were found between the other three vegetation types. Under 15-year plantations, soil bacterial diversity index of *P. asperata* was significantly higher than that of *R. pseudoacacia*. Soil bacterial diversity index significantly increased in *R. pseudoacacia* planted soils but decreased in *P. asperata* treatment with the increase of reclaimed years. No significant change of soil bacterial community structure was observed in the same reclamation years based on the similarity coefficient analysis, cluster analysis and principal component analysis (PCA). Pearson correlation analysis demonstrated that bacterial diversity index was significantly positively correlated with soil pH. *Nitrospira*, *Sphingomonas*, *Arthrobacter*, *Brachybacterium*, *Rhizobium* as well as *Mesorhizobium*, which play important roles in the nitrogen cycle, degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons and other organic matter, were identified by clone sequencing of the DGGE bands. Our results indicated that *U. pumila* and *P. asperata* were conducive to the recovery of soil bacterial diversity. The most dominant bacterial community from reclaimed mine soil would be beneficial for restoring wasteland contaminated soil and improving soil fertility.

Key words: PCR-DGGE; reclaimed mine areas; vegetation reclamation pattern; bacterial community structure and diversity; functional bacteria

土壤微生物是土壤肥力发展的主导因素, 可以合成、分解代谢有机质, 参与碳、氮、磷、钾等元素循环转化, 是污染物降解的“清洁工”^[1]。植物分布决定微生物的分布格局和种群结构, 微生物群落组成对地上植物群落的发展、丰度和生物多样性也有一定的影响。露天煤矿开采过程中直接挖掘表土、土石堆积而导致矿区植物覆盖被损毁、地形和地质结构改变、地表和地下水文特征破坏^[2]。并将适宜耕种的肥沃土地变为不毛之地, 造成严重的环境污染和生态破坏, 导致生物多样性、生态景观、经济

财富锐减^[3,4]。矿区生态修复已成为维持人类生存环境稳定、煤炭工业可持续发展的必要措施。王翔等^[5]研究发现人工植被恢复显著改善了土壤质量, 植被种植时间是影响复垦效果的重要因子, 植被恢复时间越长(约 18 年), 土壤质量改善效果越明显。

收稿日期: 2016-07-28; 修订日期: 2016-09-08

基金项目: 国家自然科学基金项目(41271530, 31400684); 山西省基础研究项目(2014021030-3); 山西大学引进人才建设项目(206533801001)

作者简介: 贺龙(1990~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为微生物生态, E-mail: 610166918@qq.com

* 通信作者, E-mail: yanqin@sxu.edu.cn

刘卫华等^[6]研究发现刺槐+油松混交林复垦 17 年后,土壤有机质、全氮、速效钾含量均接近或超过原地貌水平. Zhao 等^[7]研究了不同植被种类和复垦年限对土壤恢复的情况,涉及土壤理化特征和细菌、真菌、放线菌的平板计数,发现种植灌木、沙棘的样本可以提高微生物群落和总微生物量. 李君剑等^[8]研究发现不同植被方式对参与氮代谢的 3 类菌群(固氮菌、硝化细菌和反硝化细菌)均有显著影响. 目前对矿区研究主要集中在植被恢复、土壤改良涉及土壤理化性质、土壤养分、酶活性和土壤呼吸等方面,而对生态修复更为重要和敏感的土壤微生物的研究多集中在可培养微生物数量等方面,应用分子生物学方法的相关研究鲜见报道,其中对功能细菌的挖掘尤其少.

因此,本研究以安太堡露天矿区为对象,用聚合酶链式反应结合变性梯度凝胶电泳(polymerase chain reaction-denaturing gradient gel electrophoresis, PCR-DGGE)指纹图谱技术分析不同复垦植被及年限对土壤细菌群落结构和多

样性的影响,以便比较矿区再利用方式的效果,同时基于测序技术,挖掘一批能在营养贫瘠的环境下生长繁殖,参与碳、氮等元素循环,有效降解污染物等的功能细菌,以期对矿区生态修复,复垦植被筛选,提高复垦土壤肥力尤其是生物学指标等方面提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

矿区地处黄土高原东部晋陕蒙接壤的三角地带,山西省北部朔州市境内,地理坐标: 39°23'N ~ 39°37'N, 112°11'E ~ 113°30'E^[5]. 属于温带半干旱大陆性季风气候,年平均降水量约 450 mm,降水主要集中在 7 ~ 9 月,年均蒸发量约 2 160 mm; 年均温度 6.2℃,无霜期为 115 ~ 130 d; 年均风速为 2.3 ~ 4.7 m·s⁻¹,最大风速可达 20 m·s⁻¹^[8].

本研究包括 7 块复垦样地,其中有 5 种复垦植被类型、2 种复垦年限,以乔灌木为主,具体情况和基本理化特征见表 1.

表 1 各样地的植被复垦模式和理化特征¹⁾

Table 1 Restoration vegetation pattern and physiochemical characteristics of sample plots						
土样编号	复垦植被类型	复垦年限/a	pH	有机碳/g·kg ⁻¹	总氮/g·kg ⁻¹	土壤质地
1	榆树(<i>Ulmus pumila</i>)	20	8.22 ± 0.20a	4.56 ± 0.09a	0.38 ± 0.07a	沙壤土
2	落叶松(<i>Larix gmelinii</i>)	20	8.37 ± 0.22a	4.42 ± 0.11a	0.35 ± 0.04a	沙壤土
3	杏树(<i>Armeniaca vulgaris</i>)	20	7.96 ± 0.06a	11.17 ± 0.06c	0.92 ± 0.11d	沙壤土
4	云杉(<i>Picea asperata</i>)	20	8.33 ± 0.09a	4.60 ± 0.07a	0.37 ± 0.06a	沙壤土
5	刺槐(<i>Robinia pseudoacacia</i>)	20	8.32 ± 0.18a	3.95 ± 0.10a	0.65 ± 0.05c	沙壤土
6	刺槐(<i>R. pseudoacacia</i>)	15	7.85 ± 0.15a	5.35 ± 0.13ab	0.49 ± 0.07b	沙壤土
7	云杉(<i>P. asperata</i>)	15	8.16 ± 0.06a	4.15 ± 0.12a	0.40 ± 0.02a	沙壤土

1) 土样理化特征数据来自未发表文章; 数值为平均值 ± 标准偏差, 不同字母表示不同土样之间 $P < 0.05$ 水平上差异显著

1.2 土样采集

每个样地包括 3 个重复小区(5 m × 5 m), 小区采样方式为多点混合土样处理法, 去除地表植被和覆盖物, 6 个样点随机土钻取样(0 ~ 10 cm)并混匀, 过 2 mm 的筛备用^[6]. 一部分自然风干, 以测定土壤理化特征; 另一部分保存于 4℃ 用于提取土样总 DNA. 采样时间为 2014 年 9 月 14 日.

1.3 土样总 DNA 的提取及纯化

提取方法在参考文献[9]的基础上, 增加了 2 次酚-氯仿-异戊醇抽提和 1 次氯仿-异戊醇抽提, 沉淀 DNA 时, PEG-8000 终浓度改为 10%, NaCl 终浓度改为 0.8 ~ 1 mol·L⁻¹. 纯化 DNA 粗品采用 PVPP 柱层析法^[10].

1.4 PCR 扩增

扩增细菌 16S rRNA V3 可变区片段, 由 2 次

PCR 扩增组成. 先以总 DNA 为模板, V3 区通用引物(338 f 和 518 r)^[11]进行 Touchdown-PCR^[12]. 再以 Touchdown-PCR 产物为模板, 用带 GC 夹引物(338 f-GC 和 518 r), 进行 Reconditioning-PCR^[13]扩增.

1.5 DGGE 及条带的回收、克隆测序

采用 Bio-Rad 电泳系统. 变性梯度为 40% ~ 60% 的 8% 聚丙烯酰胺凝胶, PCR 产物上样量为 7 μL^[14]. 在 1 × TAE 缓冲液中, 60℃ 恒温、70 V 先预电泳 30 min, 上样后再正式电泳 14 h. 胶用银染, 图谱成像, 切胶回收优势、差异条带, 并克隆测序鉴定.

1.6 数据处理

DGGE 图谱采用 Quantity One 软件分析处理, 导出相似性系数和聚类分析结果, 数字化结果用于多

样性分析、主成分分析 (principal component analysis, PCA) 和冗余分析 (redundancy analysis, RDA).

使用 Shannon-Wiener 指数 (Shannon-Wiener Index, H) 描述土壤细菌群落多样性, 计算公式:

$$H = - \sum P_i \log_2 P_i = - \sum (n_i/N) \log_2 (n_i/N) \quad (1)$$

式中, n_i : 某个样品第 i 条带的灰度; N : 该样品所有条带的总灰度; P_i : 第 i 条带灰度占该泳道总灰度的比率.

DGGE 图谱数字化处理后, 获得相对亮度与条带迁移位置的二维矩阵, 运用 CANOCO 排序软件, 对细菌群落结构组成进行 PCA. 再对细菌群落结构和理化特征进行 RDA.

不同土样细菌的多样性指数的差异性比较, 在 SPSS 中进行单因素方差分析 (one-way ANOVA), 并采用最小显著差异法, 显著性水平为 $\alpha = 0.05$. 土样细菌多样性指数和理化特征间进行 Pearson 相关性分析. 所有数据统计分析均在 Excel 2016 和 SPSS 19.0 中进行.

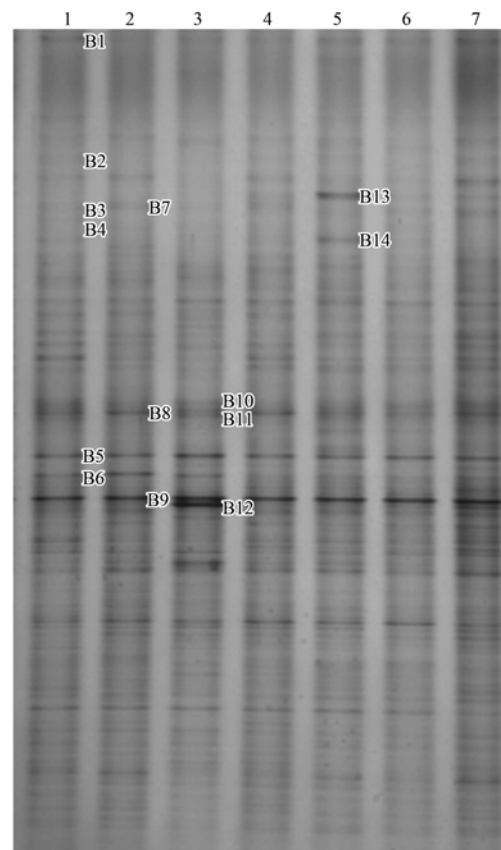
2 结果与分析

2.1 DGGE 图谱分析

通过对 7 个土样的细菌 16S rRNA V3 区进行 PCR-DGGE 指纹图谱 (图 1) 分析, 可以看到每个土样有近百条扩增产物, 说明了土壤细菌种类的复杂性. 条带 B1、B5、B8 和 B9 出现在所有土样中, 但亮度有差异; 另外, 不同土样中优势条带的迁移率也不一样, 表明土样之间的优势细菌种群不同. 如: 条带 B6 是土样 1、2 和 3 的优势条带, 条带 B13、B14 是土样 5 的优势条带等.

2.2 优势和差异条带的测序结果

为深入挖掘矿区土壤的优势细菌和功能菌属, 将 DGGE 图谱中标号的条带切胶回收、克隆, 每条带随机选取 6 个克隆测序, 并在 GenBank 数据库中 Blast 鉴定. 结果表明 (表 2): 共获得 46 条有效序列, 其中 1 条 (克隆编号 2-4) 与数据库中没有匹配, 其余 45 条 (有 2 条重复) 对比相似性为 92% ~ 100% 之间; 约 80.00% 为不可培养细菌 (36 条), 与土壤微生物多数为不可培养的理论有一致性. 这些序列在门水平上, 共分属 8 个分类单元. 其中有 1 个分类单元未能被鉴定 (克隆编号 5-6). 其它 7 个分别归属于变形菌门 (14 条)、放线菌门 (8 条)、酸杆菌门 (7 条)、绿弯菌门 (6 条)、拟杆菌门 (4 条)、硝化螺旋菌门



泳道编号同表 1 土样编号, 图谱中标号 B1 ~ B14 对应 14 个切胶回收克隆测序的条带

图 1 土样细菌的 16S rRNA V3 区 DGGE 图谱

Fig. 1 DGGE profile of bacterial 16S rRNA V3 region from soil samples

(3 条) 和厚壁菌门 (2 条).

在属水平上, 测序细菌共包括 39 个分类单元, 其中有 17 个 (23 条) 可鉴定到属. 在 DGGE 图谱中, 条带亮度高的即为优势条带, 其序列比对相似性高的种属可视为该土样的优势种属, 如: 共有优势条带 B5、B8 和 B9 鉴定出的 *Acidobacterium* (酸杆菌属)、*Iamia*、*Sphingomonas* (鞘氨醇单胞属) 和 *Nitrospira* (硝化螺旋菌属) 为所有土样的优势属. 条带 B11 鉴定的 *Arthrobacter* (节杆菌属) 为除土样 2 外其它土样的优势属. 条带 B13、B14 鉴定的 *Brachybacterium* (深海锰氧化细菌)、*Rhizobium* (根瘤菌属) 和 *Nitrospira* 为土样 5 的优势属等.

2.3 Shannon-Wiener 多样性指数分析

土样细菌 Shannon-Wiener 指数分析显示 (图 2): 复垦 20 年组, 榆树 (土样 1) 最高, 杏树 (土样 3) 最低, 其余 3 个植被没有显著差异; 复垦 15 年组, 云杉 (土样 7) 显著高于刺槐 (土样 6). 此外, 同

表 2 PCR-DGGE 条带序列比对结果¹⁾

Table 2 Results of sequence comparison of PCR-DGGE bands

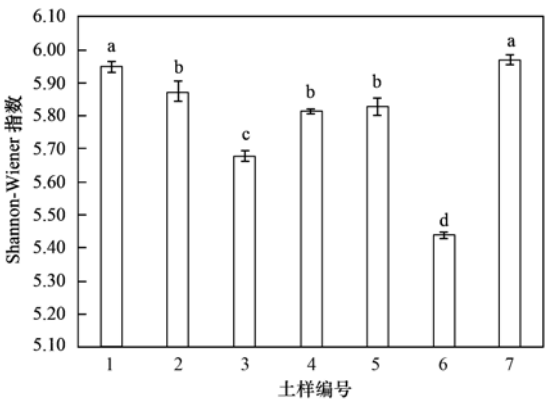
条带编号	克隆编号	序列长度/bp	GenBank 数据库中最相似序列的名称	序列号	相似性/%
B1	1-3	191	Uncultured Firmicutes bacterium clone GASP-KC3S3_G01	EU300353.1	98
	2-1	174	Uncultured Propionibacterineae bacterium clone HK05-H09	EU751360.1	99
	2-2	194	Uncultured β -Proteobacteria clone GASP-KC3W3_B11	EU300566.1	100
	2-3	190	Uncultured Saprospiraceae bacterium clone2B_15	HE860845.1	98
B2	2-4	217	—	—	—
	2-5	195	Uncultured Acidobacteria bacterium clone SEG_08_320	HQ597902.1	96
	2-6	189	Uncultured <i>Terrimonas</i> sp. clone S226	JN217083.1	98
	3-1	169	Uncultured Chloroflexi bacterium clone CNY_02699	JQ402372.1	99
B3	3-2	195	Uncultured Acidobacteriaceae bacterium clone CL2. C19	FM175366.1	97
	3-3	169	Uncultured <i>Actinobacterium</i> clone HG-B01220	JN409141.1	99
	3-4	169	Uncultured Chloroflexi bacterium clone HrhB42	AM159259.1	93
	3-5	194	Uncultured <i>Thermoleophilum</i> sp. clone BB66	KJ473551.1	99
B4	3-6	193	Uncultured Myxococcales bacterium clone CNY_00353	JQ400486.1	95
	4-1	195	Uncultured Acidobacteriaceae bacterium clone T302D11	HM438191.1	98
	4-2	169	<i>Mesorhizobium</i> sp. VG35Dpre	KU837071.1	98
	4-3	193	Uncultured Polyangiaceae bacterium clone Plot22-C04	EU665110.1	99
B5	4-4	188	Uncultured <i>Nocardioides</i> sp. clone T2A-08	GQ369173.1	95
	4-5	188	Uncultured Flexibacteraceae bacterium clone3A_41	HE860924.1	99
	4-6	193	Uncultured <i>Acidobacterium</i> sp. clone OF47	AJ538059.1	96
	5-2	169	Uncultured <i>Acidobacterium</i> sp. clone Wbfc91	JX945558.1	100
B6	5-3	169	Uncultured <i>Iamia</i> sp. clone R5C_084	KF041115.1	99
	5-4	169	Uncultured Rhizobiales bacterium clone ML6	KJ191973.1	99
	5-6	169	Uncultured bacterium clone GCSTWT_16S_2923	KT771313.1	95
	6-1	193	Uncultured Acidobacteria bacterium clone AU2229	KC631115.1	98
B7	6-2,6-3	169	Uncultured <i>Roseiflexus</i> sp. clone A9_24	AM940625.1	97
	6-5	194	Uncultured <i>Aquicella</i> sp. clone Cont1_41	JQ701270.1	92
	7-2	193	Uncultured <i>Methylococcus</i> sp. clone 165	GU245899.1	99
	7-3	194	Uncultured Burkholderiaceae bacterium clone AMIH7	AM935484.1	99
B8	7-4	169	Uncultured Acidobacteriaceae bacterium clone1B_19	HE860758.1	99
	7-5	169	<i>Devosia</i> sp. HM-198	KP152608.1	100
	7-6	189	<i>Terrimonas</i> sp. UBH14	KP398548.1	99
	8-2	169	<i>Sphingomonas</i> sp. DKC-5-1	KU312690.1	100
B9	9-1,9-3	184	Uncultured <i>Nitrospira</i> sp.	HM590696.1	99
	10-1	169	<i>Sphingomonas</i> sp. NA124	LN832007.1	100
	10-2	171	Uncultured <i>Caloramator</i> sp. clone aa7	KU366314.1	95
	10-3	169	Uncultured Rhodobiaceae bacterium clone6A_04	HE861175.1	100
B10	11-2	174	<i>Arthrobacter</i> sp. SLM13	KT221859.1	92
	11-3	170	Uncultured Caldilineaceae bacterium clone3B_29	HE860950.1	100
	12-1	171	Uncultured Chloroflexi bacterium clone S1P6053	KF145588.1	100
	12-3	169	Rhizobiales bacterium URHD0067	LN876469.1	100
B11	13-3	174	<i>Brachybacterium</i> sp. CC-LVL15-1	KT807954.1	99
	14-1	169	<i>Rhizobium</i> sp. strain CSB_B103	KU725961.1	99
	14-2	184	Uncultured <i>Nitrospira</i> sp. clone WWTP_Ingolstadt_16	KJ480894.1	100
	14-3	169	Uncultured Kineosporiaceae bacterium clone CNY_01730	JQ401584.1	99

1) 克隆 2-4 所得序列经 Blast 比对没有找到明显相似性的序列

为刺槐植被,复垦 20 年(土样 5)显著高于复垦 15 年(土样 6);然而同为云杉植被,复垦 20 年(土样 4)却显著低于复垦 15 年(土样 7)。可见,从土壤细菌多样性的角度来看,榆树和云杉有优势。

2.4 相似性系数分析

据 DGGE 图谱得到各土样细菌之间的相似性系数(表 3)。结果表明:土样 1、2、3 和 4 相似性较高,土样 6 和 7 相似性较高,可见,相同复垦年限的



数字编号对应表 1 土样编号,下同;数值为 3 个重复的平均值,垂直标线为标准误;不同字母表示不同土样之间 $P < 0.05$ 水平上差异显著

图 2 土样细菌多样性指数分析

Fig. 2 Shannon-Wiener index analysis of bacteria from soil samples

土壤细菌群落结构相似性高.然而土样 5 和 6 的相

似性亦较高,推测可能与复垦植被同为刺槐有关,还需进一步研究.

2.5 聚类分析

图 3 为 7 种土样细菌群落结构的聚类分析,土样 1、2、3 和 4,土样 5、6 和 7 分别聚为一类,聚为一类的土样之间的细菌群落结构相似性高,这与相似性系数分析的结果一致.

2.6 PCA 结果

PCA(图 4)显示不同土样细菌群落结构的差异.结果表明:PC1 和 PC2 分别解释了 49.7% 和 15.9% 的物种组成变化,共解释总变量的 65.6%.在 PC1 方向上,复垦 20 年的土样(1、2、3 和 4)和复垦 15 年的土样(6 和 7)分别聚在一起,且在 PC2 方向上复垦 20 年的土样(1、2 和 4)也聚在一起,聚在一起的土样之间的细菌群落结构相似度高,这一结果与相似性系数分析、聚类分析的结果相一致.

表 3 土样细菌的相似性系数

Table 3 Similarity coefficient analysis of bacteria from soil samples

相似性系数 /%	土样编号						
	1	2	3	4	5	6	7
1	100						
2	56.5	100					
3	54.4	48.6	100				
4	55.3	57.1	50.8	100			
5	37.5	33.8	34.2	44.6	100		
6	32.3	28.8	30.5	36.4	54	100	
7	37	33.7	30.5	37.8	41.3	49.2	100

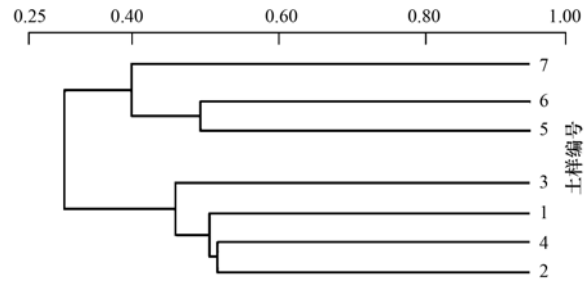


图 3 土样细菌的聚类分析

Fig. 3 Cluster analysis of bacteria from soil samples

2.7 土样检测指标间的相关性

土样理化特征和细菌多样性指数间的 Pearson 相关性分析(表 4)表明,土样细菌的多样性指数和土壤 pH 显著正相关,而与有机碳(organic carbon, OC)和总氮(total nitrogen, TN)没有显著相关性;土样有机碳和总氮显著正相关.

对土样细菌群落结构和理化特征进行 RDA(图 5)表明,Axis1 和 Axis2 分别解释了变量方差的

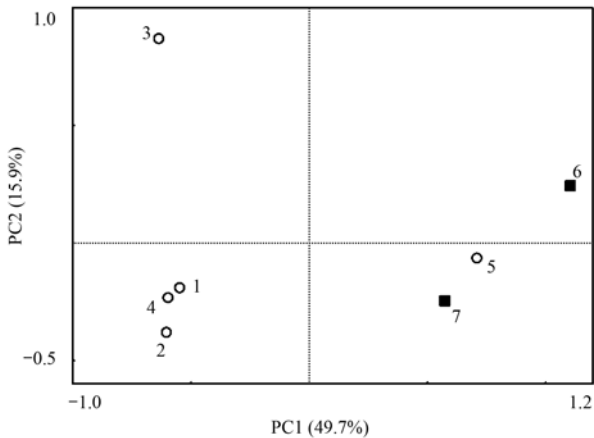


图 4 土样细菌群落结构的 PCA

Fig. 4 PCA of bacterial community structure of soil samples

46.9% 和 15.8%,共解释总变量的 62.7%.土壤 pH、有机碳和总氮对土样的细菌群落演替分布影响均不显著.

表 4 土壤理化特征和细菌多样性指数间 Pearson 相关性分析¹⁾

Table 4 Pearson correlation analysis for the linear regressions between soil physiochemical characteristics and bacterial Shannon-Wiener index of sample plots

	多样性指数	pH	有机碳
pH	0.771 *		
有机碳	-0.41	-0.579	
总氮	-0.396	-0.475	0.835 *

1) * 表示在 0.05 水平上相关(双侧)

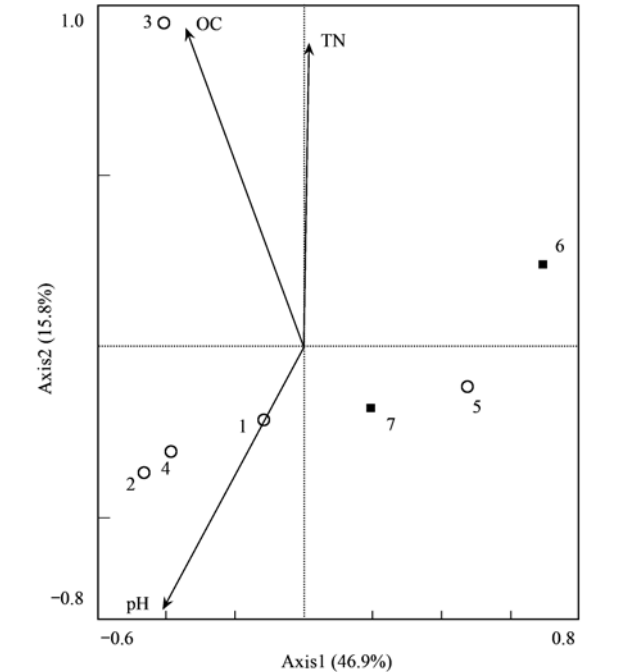


图 5 土壤细菌群落结构和理化特征间的 RDA

Fig. 5 RDA of bacterial community structure and physiochemical characteristics of soil samples

3 讨论

本研究结果表明：测序共获得 46 条有效序列，其中，1 条为 GenBank 数据库中没有的新菌株；约 80.00% 为不可培养细菌，这与本研究样品来源于土壤相一致。

值得关注的是所有土样的共有优势条带 B8 和 B9 所得序列分别与 *Sphingomonas* sp. DKC-5-1 (源于石油烃污染土壤) 和 *Nitrospira* sp. (源于铜尾矿复垦废弃地土壤) 的 16S rRNA 基因 100% 和 99% 相似。 *Sphingomonas* 属细菌具有特殊的生态分布和代谢特征，不仅能够在许多极端环境中生存，还能在营养贫瘠的自养环境下生长繁殖。 Hsueh 等^[15] 从水稻根茎中分离的 *Sphingomonas paucimobilis* 细菌不仅对植物致病菌有拮抗作用，还有固氮基因，参与氮循环。此外，该属细菌是清理土壤中有毒物质最有效

的微生物类群之一，能降解来源于煤、焦油和石油的苯系及杂环物质。在被有毒物质污染的土壤中， *Sphingomonas* 属细菌随毒物的空间分布而分布^[16]。 *Nitrospira* 属细菌为专性化能自养型，能将氨氧化成亚硝酸盐，参与氮循环，还能固定 CO₂ 以满足其能量和碳素的需要^[17]。条带 B10、B12 为杏树土样的优势条带，克隆 10-1 与 B8 的序列 99.41% 相似，同归于 *Sphingomonas* 属。

条带 B11 出现在除落叶松土样之外的其它土样中。克隆编号 11-2 与 *Arthrobacter* sp. SLM13 (源于矿区) 的 16S rRNA 基因 92% 相似。 *Arthrobacter* 属细菌为化能异养型，通常生长在简单营养加生物素的培养基上，进行氧化代谢。广泛分布于环境、主要是土壤中，是土壤中的优势细菌，至少用平板法估算是如此^[17]。 Li 等^[18] 从工业废水筛出 1 株 *Arthrobacter* sp. AD26 菌株，在富含莠去津的培养基上生长良好并表现出高效的莠去津降解率，对污染环境的生物修复有重要意义。

有趣的是在植被同为刺槐的情况下，条带 B13、B14 在复垦 20 年的土样中亮度很高，而复垦 15 年的土样却几乎看不到条带。 B13 所得序列与 *Brachybacterium* sp. CC-LVL15-1 (源于根际土壤) 的 16S rRNA 基因 99% 相似。 刘万利等^[19] 从冰川土壤中筛出 1 株产脂肪酶活力较高的 *Brachybacterium* sp. DB5 菌株。脂肪酶可用于环境如油污污染土壤的治理和生态环境修复^[20]。克隆编号 14-1 所得序列与 *Rhizobium* sp. strain CSB_B103 (源于根际土壤，内生细菌) 的 16S rRNA 基因 99% 相似。 *Rhizobium* 属细菌为有机化能营养，呼吸代谢。能利用多种碳水化合物，并以铵盐、硝酸盐和大多数氨基酸为氮源。该属的菌株能侵入豆科植物的根毛并刺激形成根瘤，与植物共生，并固氮供寄主植物利用^[17]。克隆编号 14-2 所得序列和 B9 的序列 98.91% 相似，同归于 *Nitrospira* 属。可见，种植刺槐 (豆科植物) 的复垦地，随复垦年限的延长， *Brachybacterium*、 *Rhizobium* 和 *Nitrospira* 等属的细菌相对丰度变大，更有利于矿区污染土壤的生态修复和土壤肥力的恢复。

条带 B4 只微弱存在于榆树土样中，克隆编号 4-2 所得序列和 *Mesorhizobium* sp. VC35Dpre (豆科植物根瘤菌) 的 16S rRNA 基因 98% 相似。 *Mesorhizobium* 属细菌是化能有机营养型，好氧、能固氮。 Nguyen 等^[21] 从刺槐根际土壤筛出一个新菌株 *Mesorhizobium soli* sp. nov.，在胰酪大豆琼脂斜面上

比同属相关菌株生长得好,且耐受重金属。Rangel 等^[22]研究发现 *Mesorhizobium* UFLA 01-765 菌株可以促进植物生长、耐受性强、与生长在多种污染土壤中的银合欢(*Leucaena leucocephala*)共生并高效固氮,对边缘土地的生物修复具有潜在的应用价值。

综上所述可知,露天煤矿复垦土壤中,优势细菌多为化能自养或化能异养型,对营养要求不严格,能在营养贫瘠的环境下生长繁殖,甚至还能在许多极端环境中生存,并固定 CO₂,参与氮循环,有的能与豆科植物共生固氮,以满足其能量和碳素的需要,这对于复垦土壤肥力恢复具有重要作用;不仅如此,它们还能有效降解多环芳烃、原油等有机物,对于土壤及海洋的污染治理,尤其是对露天煤矿的土壤修复、生态系统改善具有重要的利用价值。

本研究利用 Shannon-Wiener 指数直观地反映土壤细菌的多样性。结果表明,复垦 20 年组,土壤细菌多样性依次为榆树植被 > 落叶松 > 刺槐 > 云杉 > 杏树。胡婵娟等^[23]研究发现刺槐土壤微生物生物量碳和氮均显著高于杏树和沙棘,微生物多样性指数表现为刺槐林地 > 杏树 > 沙棘;杨晓娟等^[24]得出杏树土壤微生物数量低于樟子松、河北杨等其他林地的结论,这都与本文的研究结果类似。再者,刺槐随年限增加土壤细菌多样性恢复得更好,但云杉在较短年限时效果更好。江元明等^[25]研究发现云杉比油松的林地土壤肥力高、土壤微生物生物量高,因此云杉更有利于林地土壤生态服务功能的恢复,这与本文的研究结果类似。此外, Pearson 相关性分析表明土壤细菌的多样性指数和土壤 pH 显著正相关,这与刘丽等^[26]的研究结果一致。

Helingerová 等^[27]研究表明,复垦和未复垦土壤的微生物生物量都会随时间的延长而增大,并且,复垦土壤整体的微生物活性增长更快。而植被生长使得土壤细菌种类趋于丰富,群落多样性更高^[28]。本研究也有相似的结果,在相似性系数分析、聚类分析和 PCA 中均显示,相同复垦年限的土样细菌群落结构相似性高。这可能是随着复垦年限的增加,细菌生物量增大,同时植被生长使得土壤细菌种类更丰富,多样性更高。

不同植物种类的根系可影响土壤结构。发达的根系可以增强土壤团粒结构和提高土壤有机质的积累,从而导致发达的根际附近的微生物活性高。本研究中,植被同为刺槐但复垦年限不同的土壤细菌群落结构也比较相似,主要原因可能是刺槐表层根系较发达,有利于改善表层土壤结构,是根系和土壤

细菌相互作用的结果,还需进一步研究。

本研究也有一些不足之处,首先是实验条件的局限,实验设计未能如愿,主要是没有采到未复垦对照土样。再者实验样地不够丰富、复垦年限不够连续多样,样本量也不足够大,使研究结果存在一些误差。今后的研究应加大样本量,并在相同植被的样地长期跟踪研究,才能更好地反映复垦植被及年限对土壤细菌的影响规律。此外,由于 DGGE 技术本身的局限性,导致得到的数据分析结果个别反常、切胶回收的条带序列不一致等均给后续分析带来了困扰,下一步考虑通过高通量测序技术研究。

4 结论

(1)在土壤细菌多样性的恢复方面,榆树和云杉有优势。土壤细菌群落结构相似性方面,相同复垦年限的土样相似性高。

(2)细菌多样性指数和土壤 pH 之间存在显著正相关性。土壤 pH、有机碳和总氮对土壤的细菌群落演替分布均没有显著影响。

(3)露天煤矿复垦土壤的优势菌群多为 *Nitrospira*、*Sphingomonas*、*Arthrobacter*、*Brachybacterium*、*Rhizobium* 以及 *Mesorhizobium* 等或参与氮循环、或降解多环芳烃类有机物等有利于污染土壤的生态修复和土壤肥力恢复的功能细菌属。

参考文献:

- [1] 曲向荣. 土壤环境学[M]. 北京:清华大学出版社, 2010. 23-24.
- [2] Keskin T, Makineci E. Some soil properties on coal mine spoils reclaimed with black locust (*Robinia pseudoacacia* L.) and umbrella pine (*Pinus pinea* L.) in Agacli-Istanbul [J]. Environmental Monitoring and Assessment, 2009, **159** (1-4): 407-414.
- [3] Wong M H. Ecological restoration of mine degraded soils, with emphasis on metal contaminated soils[J]. Chemosphere, 2003, **50**(6): 775-780.
- [4] Miao Z, Marrs R. Ecological restoration and land reclamation in open-cast mines in Shanxi Province, China [J]. Journal of Environmental Management, 2000, **59**(3): 205-215.
- [5] 王翔, 李晋川, 岳建英, 等. 安太堡露天矿复垦地不同人工植被恢复下的土壤酶活性和肥力比较[J]. 环境科学, 2013, **34**(9): 3601-3606.
Wang X, Li J C, Yue J Y, et al. Comparison of soil fertility among open-pit mine reclaimed lands in Antaibao regenerated with different vegetation types [J]. Environmental Science, 2013, **34**(9): 3601-3606.
- [6] 刘卫华, 赵冰清, 白中科, 等. 干旱旱区露天矿生态复垦土壤养分与植物群落相关分析[J]. 生态学杂志, 2014, **33** (9): 2369-2375.
Liu W H, Zhao B Q, Bai Z K, et al. Correlation of soil nutrients and plant community in ecological reclamation of opencast coal

- mine in a semiarid area[J]. Chinese Journal of Ecology, 2014, **33**(9): 2369-2375.
- [7] Zhao Z Q, Shahroui I, Bai Z K, *et al.* Soils development in opencast coal mine spoils reclaimed for 1-13 years in the West-Northern Loess Plateau of China[J]. European Journal of Soil Biology, 2013, **55**: 40-46.
- [8] 李君剑, 刘峰, 周小梅. 矿区植被恢复方式对土壤微生物和酶活性的影响[J]. 环境科学, 2015, **36**(5): 1836-1841.
- Li J J, Liu F, Zhou X M. Effects of different reclaimed scenarios on soil microbe and enzyme activities in mining areas [J]. Environmental Science, 2015, **36**(5): 1836-1841.
- [9] 赵裕栋, 周俊, 何璟. 土壤微生物总 DNA 提取方法的优化[J]. 微生物学报, 2012, **52**(9): 1143-1150.
- Zhao Y D, Zhou J, He J. Optimization of soil microbial DNA isolation[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2012, **52**(9): 1143-1150.
- [10] 栗若兰, 郑智慧, 张华, 等. 从土壤中快速提取纯化 DNA 方法的建立[J]. 河北师范大学学报(自然科学版), 2008, **32**(1): 98-100, 122.
- Li R L, Zheng Z H, Zhang H, *et al.* Simple and rapid method of extracting and purifying DNA from soil [J]. Journal of Hebei Normal University (Natural Science Edition), 2008, **32**(1): 98-100, 122.
- [11] Muyzer G, De-Waal E C, Uitterlinden A G, *et al.* Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes coding for 16S rRNA [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1993, **59**(3): 695-700.
- [12] Korbie D J, Mattick J S. Touchdown PCR for increased specificity and sensitivity in PCR amplification [J]. Nature Protocols, 2008, **3**(9): 1452-1456.
- [13] Thompson J R, Marcelino L A, Polz M F. Heteroduplexes in mixed-template amplifications: formation, consequence and elimination by 'reconditioning PCR' [J]. Nucleic Acids Research, 2002, **30**(9): 2083-2088.
- [14] Oros-Sichler M, Gomes N C M, Neuber G, *et al.* A new semi-nested PCR protocol to amplify large 18S rRNA gene fragments for PCR-DGGE analysis of soil fungal communities[J]. Journal of Microbiological Methods, 2006, **65**(1): 63-75.
- [15] Hsueh P R, Teng L J, Yang P C, *et al.* Nosocomial infections caused by *Sphingomonas paucimobilis*: clinical features and microbiological characteristics[J]. Clinical Infectious Diseases, 1998, **26**(3): 676-681.
- [16] 胡杰, 何晓红, 李大平, 等. 鞘氨醇单胞菌研究进展[J]. 应用与环境生物学报, 2007, **13**(3): 431-437.
- Hu J, He X H, Li D P, *et al.* Progress in research of *Sphingomonas*[J]. Chinese Journal of Applied & Environmental Biology, 2007, **13**(3): 431-437.
- [17] 布坎南 R E, 等. 伯杰细菌鉴定手册[M]. 中国科学院微生物研究所《伯杰细菌鉴定手册》翻译组, 译. (第八版). 北京: 科学出版社, 1984. 341-859.
- [18] Li Q Y, Li Y, Zhu X K, *et al.* Isolation and characterization of atrazine-degrading *Arthrobacter* sp. AD26 and use of this strain in bioremediation of contaminated soil[J]. Journal of Environmental Sciences, 2008, **20**(10): 1226-1230.
- [19] 刘万利, 张国华, 陈强, 等. 冰川土壤来源 *Brachybacterium* sp. DB5 低温脂肪酶基因的克隆与表达[J]. 中国农业科技导报, 2009, **11**(6): 55-62.
- Liu W L, Zhang G H, Chen Q, *et al.* Gene cloning and expression of a cold-adapted lipase from *Brachybacterium* sp. DB5 isolated from glacier soil[J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2009, **11**(6): 55-62.
- [20] Parra L P, Reyes F, Acevedo J P, *et al.* Cloning and fusion expression of a cold-active lipase from marine Antarctic origin [J]. Enzyme and Microbial Technology, 2008, **42**(4): 371-377.
- [21] Nguyen T M, Pham V H T, Kim J. *Mesorhizobium soli* sp. nov., a novel species isolated from the rhizosphere of *Robinia pseudoacacia* L. in South Korea by using a modified culture method[J]. Antonie van Leeuwenhoek, 2015, **108**(2): 301-310.
- [22] Rangel W M, Thijs S, de Souza Moreira F M, *et al.* Draft genome sequence of *Mesorhizobium* sp. UFLA 01-765, a multitolerant, efficient symbiont and plant growth-promoting strain isolated from Zn-mining soil using *Leucaena leucocephala* as a trap plant [J]. Genome Announcements, 2016, **4**(2): e00050-16.
- [23] 胡婵娟, 傅伯杰, 靳甜甜, 等. 黄土丘陵沟壑区植被恢复对土壤微生物生物量碳和氮的影响[J]. 应用生态学报, 2009, **20**(1): 45-50.
- Hu C J, Fu B J, Jin T T, *et al.* Effects of vegetation restoration on soil microbial biomass carbon and nitrogen in hilly areas of Loess Plateau[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2009, **20**(1): 45-50.
- [24] 杨晓娟, 廖超英, 刘莉丽, 等. 毛乌素沙地不同植被对土壤有机质和生物学特性的影响[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2012, **40**(3): 77-83.
- Yang X J, Liao C Y, Liu L L, *et al.* Effect of different vegetations on soil organic matter and biological properties in Muus sandland [J]. Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition), 2012, **40**(3): 77-83.
- [25] 江元明, 庞学勇, 包维楷. 岷江上游油松与云杉人工林土壤微生物生物量及其影响因素[J]. 生态学报, 2011, **31**(3): 801-811.
- Jiang Y M, Pang X Y, Bao W K. Soil microbial biomass and the influencing factors under *Pinus tabulaeformis* and *Picea asperata* plantations in the upper Minjiang river [J]. Acta Ecologica Sinica, 2011, **31**(3): 801-811.
- [26] 刘丽, 徐明恺, 汪思龙, 等. 杉木人工林土壤质量演变过程中土壤微生物群落结构变化[J]. 生态学报, 2013, **33**(15): 4692-4706.
- Liu L, Xu M K, Wang S L, *et al.* Effect of different *Cunninghamia lanceolata* plantation soil qualities on soil microbial community structure[J]. Acta Ecologica Sinica, 2013, **33**(15): 4692-4706.
- [27] Helingerová M, Frouz J, Šantrůčková H. Microbial activity in reclaimed and unreclaimed post-mining sites near Sokolov (Czech Republic)[J]. Ecological Engineering, 2010, **36**(6): 768-776.
- [28] 夏北成, 周 J, Tiedje J M. 土壤细菌类克隆群落及其结构的生态学特征[J]. 生态学报, 2001, **21**(4): 574-578.
- Xia B C, Zhou J, Tiedje J M. Structures of bacteria cloning communities in the soil environment and their ecological characteristics[J]. Acta Ecologica Sinica, 2001, **21**(4): 574-578.

CONTENTS

Atmospheric Dry Deposition Fluxes and Seasonal Variations of Particulate Matter and Lead in Urban Beijing	YAO Li, LIU Jin, PAN Yue-peng, <i>et al.</i> (423)
Pollution Characteristics of Heavy Metals in PM _{2.5} and Their Human Health Risks Among the Coastal City Group Along Western Taiwan Straits Region, China	CHEN Yan-ting, DU Wen-jiao, CHEN Jin-sheng, <i>et al.</i> (429)
Correlation of Speciated Mercury with Carbonaceous Components in Atmospheric PM _{2.5} in Shengsi Region	CHENG Na, QIAN Guan-lei, DUAN Lian, <i>et al.</i> (438)
Compositions and Sources of Summertime Dicarboxylic Acids and Related SOA in PM _{2.5} from Mt. Taishan	MENG Jing-jing, HOU Zhan-fang, LIU Xiao-di, <i>et al.</i> (445)
Variation Characteristics and Health Risk Assessment of BTEX in the Atmosphere of Northern Suburb of Nanjing	ZHANG Yu-xin, AN Jun-lin, WANG Jian-yu, <i>et al.</i> (453)
Inventory and Environmental Impact of VOCs Emission from Anthropogenic Source in Chang-Zhu-Tan Region	YOU Xiang-yu, LUO Da-tong, LIU Zhan, <i>et al.</i> (461)
Characteristics of Methane Emission from Urban Traffic in Nanjing	ZHANG Xue, HU Ning, LIU Shou-dong, <i>et al.</i> (469)
Variations in Aerosol Optical Depth over Three Northeastern Provinces of China, in 2003-2014	ZHANG Chen-he, ZHAO Tian-liang, WANG Fu, <i>et al.</i> (476)
Variation Analysis of Daily PM _{2.5} Concentrations Based on Boosted Regression Tree: A Case Study in Changzhou	GE Yue, WANG Ming-xin, SUN Xiang-wu, <i>et al.</i> (485)
Characteristics of Mercury Emissions from Coal-fired Power Plants in Chongqing	ZHANG Cheng, ZHANG Ya-hui, WANG Yong-min, <i>et al.</i> (495)
Possible Sources of PCDD/Fs in Atmosphere of a Certain District in Guangdong	FU Jian-ping, HAN Jing-lei, YU Xiao-wei, <i>et al.</i> (502)
Sources and Pollution Characteristics of Antibiotic Resistance Genes and Conditional Pathogenic Bacteria in Concentrated Poultry Feeding Operations	GAO Min, QIU Tian-lei, QIN Yu-cheng, <i>et al.</i> (510)
Distribution and Burial Characteristics of Nitrogen Forms in Sediment of Dianchi Lake During Last Century	WU Ya-lin, LI Shuai-dong, JIANG Jun-wu, <i>et al.</i> (517)
Temporal and Spatial Variations of Dissolved Inorganic Carbon and Its Stable Isotopic Composition in the Surface Stream of Karst Groundwater Recharge	LI Li, PU Jun-bing, LI Jian-hong, <i>et al.</i> (527)
Succession Pattern of Phytoplankton of Daning River in the Three Gorges Reservoir and Its Driving Factors	ZHANG Jia-lei, ZHENG Bing-hui, LIU De-fu, <i>et al.</i> (535)
Response of the Water Quality of a Stratified Reservoir to an Extreme El Niño Event During Summer	QIU Xiao-peng, HUANG Ting-lin, ZENG Ming-zheng, <i>et al.</i> (547)
Effect of Coupling Process of Wetting-Drying Cycles and Seasonal Temperature Increasing on Sediment Nitrogen Minerization in the Water Level Fluctuating Zone	LIN Jun-jie, LIU Dan, ZHANG Shuai, <i>et al.</i> (555)
Photo-induced Phosphate Release from Organic Phosphorus Decomposition Driven by Fe(III)-oxalate Complex in Lake Water	JIANG Yong-can, PENG Yun-xiao, LIU Guang-long, <i>et al.</i> (563)
Preparation and Phosphorus Removal Mechanism of Highly Efficient Phosphorus Adsorbent Mg/Al-LDO	WANG Wei-dong, HAO Rui-xia, ZHANG Xiao-xian, <i>et al.</i> (572)
Efficiency and Mechanism of Nitrogen and Phosphorus Removal in Modified Zeolite Wetland	WU Peng, LU Shuang-jun, XU Le-zhong, <i>et al.</i> (580)
Repression of Nitrogen and Phosphorus Release from Lakeshore Sediment by Five Littoral-zone Plants	YAO Cheng, HU Xiao-zhen, LU Shao-yong, <i>et al.</i> (589)
Simulated Desorption Kinetics of Lead by the Dominant Plant Roots Released Low Molecular Weight Organic Acids from the Water-Level-Fluctuating Zone in the Three Gorges Reservoir	HE Yuan-jie, LIU Jiang, JIANG Tao, <i>et al.</i> (600)
Experimental Research of Hg ²⁺ Removal by TiO ₂ /Bentonite Composite	TANG Xing-ping, ZHOU Xiong, ZHANG Jin-yang, <i>et al.</i> (608)
Impact of Ammonia and H ₂ O ₂ on Bromate and Disinfection By-products Control	WANG Yong-jing, DU Xu, JIN Meng, <i>et al.</i> (616)
Influencing Factors of Bacterial Activity in Water Distribution Networks	WANG Xiao-dan, ZHAO Xin-hua, <i>et al.</i> (622)
Adsorptive Remediation of Cr(VI) Contaminated Groundwater with Chemically Synthesized Schwertmannite	ZHU Li-chao, LIU Yuan-yuan, LI Wei-min, <i>et al.</i> (629)
Characteristics and Mechanism of Hybrid Ozonation-Coagulation Process in Wastewater Reclamation	HOU Rui, JIN Xin, JIN Peng-kang, <i>et al.</i> (640)
Nitrogen Removal Effect and Conversion Characteristics of Nitrous Oxide in Single-stage and Multi-stage A/O Processes	GUO Chang-zi, ZHANG Feng-yan, LIU Fu-yu, <i>et al.</i> (647)
Nitrogen Removal Performance of ANAMMOX with Different Organic Carbon Sources	GUAN Yong-jie, YU De-shuang, LI Jin, <i>et al.</i> (654)
Operational Performance and Microbial Community Structure in a Completely Mixed Aeration System	WANG Shuo, XU Qiao, ZHANG Guang-sheng, <i>et al.</i> (665)
Start-up of Combined Floc-granule CANON Process and the Effects of SRT on Reactor Performance	SUN Yan-fang, HAN Xiao-yu, ZHANG Shun-jun, <i>et al.</i> (672)
Effects of Free Ammonia Regulation on the Performance of High Solid Anaerobic Digesters with Dewatered Sludge	DAI Xiao-hu, HE Jin, YAN Han, <i>et al.</i> (679)
Highly Efficient Bioflocculation of Microalgae Using <i>Mucor circinelloides</i>	GU Qiong, JIN Wen-biao, CHEN Yuan-qing, <i>et al.</i> (688)
Effect of Zero Valent Iron on the Decline of Tetracycline Resistance Genes and Class 1 Integrins During Thermophilic Anaerobic Digestion of Sludge	WEI Xin, XUE Shun-li, YANG Fan, <i>et al.</i> (697)
Concentration, Sources and Ecological Risks of PAHs of Different Land Use Types in Shenfu New City	WANG Jing, LIU Ming-li, ZHANG Shi-chao, <i>et al.</i> (703)
Compositions, Sources and Health Risks of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs) in Surface Dusts from Driving-schools in a City of Henan Province, China	CHEN Yi-nan, MA Jian-hua, DUAN Hai-jing, <i>et al.</i> (711)
Remediation of Decabromodiphenyl Ether Contaminated Sediment Through Plant Roots Enhanced by Exogenous Microbes	YANG Lei-feng, YIN Hua, PENG Hui, <i>et al.</i> (721)
Impacts of Bioremediation on Microbial Communities and Different Forms of Nitrogen in Petroleum Contaminated Soil	YE Xi-qiong, WU Man-li, CHEN Kai-li, <i>et al.</i> (728)
Effects of <i>Rhodopseudomonas palustris</i> PSB06 on Pepper Rhizosphere Microbial Community Structure	LUO Lu-yun, JIN De-cai, ZUO Hui, <i>et al.</i> (735)
Effect of Reclaimed Water on Bacterial Community Composition and Function in Urban River Sediment	DI Yan-ming, WANG Guang-xuan, HUANG Xing-ru, <i>et al.</i> (743)
Effects of Different Vegetation Types and Reclamation Years on Soil Bacterial Community Structure in Reclaimed Mine Areas	HE Long, LI Yan-qin, LI Bin-chun, <i>et al.</i> (752)
Characteristic of Abundances and Diversity of Carbon Dioxide Fixation Microbes in Paddy Soils	LIU Qiong, WEI Xiao-meng, WU Xiao-hong, <i>et al.</i> (760)
Effects of Biochar Pyrolyzed at Varying Temperatures on Soil Organic Carbon and Its Components: Influence on the Composition and Properties of Humic Substances	ZHAO Shi-xiang, YU Xiao-ling, LI Zhong-hui, <i>et al.</i> (769)
Straw Composts with Composite Inoculants and Their Effects on Soil Carbon and Nitrogen Contents and Enzyme Activity	NIE Wen-han, QI Zhi-ping, FENG Hai-wei, <i>et al.</i> (783)
Comparative Analysis on Effect of Wheat Straw and Its Biochar Amendment on Net Global Warming Potential Under Wheat-Maize Rotation Ecosystem in the Guanzhong Plain	CHENG Gong, CHEN Jing, LIU Jing-jing, <i>et al.</i> (792)
Isolation and Identification of a Chlorobenzene-degrading Bacterium and Its Degradation Characteristics	YE Jie-xu, LIN Tong-hui, LUO Yu-hao, <i>et al.</i> (802)
Isolation, Identification and Metabolic Characteristics of a Heterotrophic Denitrifying Sulfur Bacterial Strain	TAN Wen-bo, MA Xiao-dan, HUANG Cong, <i>et al.</i> (809)
Effects of Continuous Application of Sewage Sludge Compost on Heavy Metals Accumulation and Mobility Characteristics in Soil Profile and on Heavy Metals Uptake of Wheat	SUN Na, SHANG He-ping, RU Shu-hua, <i>et al.</i> (815)
Effects of Nitrogen Application on Selenium Uptake, Translocation and Distribution in Winter Wheat	CHEN Yu-peng, PENG Qin, LIANG Dong-li, <i>et al.</i> (825)
Accumulation and Biotransformation in Typical Freshwater Algae Species Influenced by Titanium Dioxide Nanoparticles Under Long-term Exposure	LI Jin-li, WANG Zhen-hong, YAN Ya-meng, <i>et al.</i> (832)
Sorption of <i>p</i> -Nitrophenol by Biochars of Corn cob Prepared at Different Pyrolysis Temperatures	MA Feng-feng, ZHAO Bao-wei, <i>et al.</i> (837)

《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)

2017年2月15日 第38卷 第2期

ENVIRONMENTAL SCIENCE

(Monthly Started in 1976)

Vol. 38 No. 2 Feb. 15, 2017

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	北京宝昌彩色印刷有限公司	Printed	by	Beijing Baochang Color Printing Co., Ltd.
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: 140.00元

国外发行代号: M 205

国内外公开发行人

ISSN 0250-3301



9 770250 330172