

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第37卷 第11期

Vol.37 No.11

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

承德市大气污染源排放清单及典型行业对 PM_{2.5} 的影响 陈国磊,周颖,程水源,杨孝文,王晓琦(4069)

浙江省木制品行业挥发性有机物排放特征及排放系数 姚轶,王浙明,何志桥,徐志荣,顾震宇(4080)

山西省人为源 VOCs 排放清单及其对臭氧生成贡献 闫雨龙,彭林(4086)

某化工区典型高污染过程 VOCs 污染特征及来源解析 高松,崔虎雄,伏晴艳,高爽,田新愿,方方,衣学文(4094)

加油 VOCs 排放因子测试方法研究与应用 黄玉虎,常耀卿,任碧琪,秦建平,胡玮,刘明宇(4103)

北京市生活垃圾填埋场氨排放特征研究 崔彤,李金香,杨妍研,程刚(4110)

西安市人为源大气氨排放清单及特征 苏航,闫东杰,黄学敏,宋文斌,王惠琴,宋雪娟(4117)

佛山市冬夏季非甲烷烃污染特征研究 周雪明,项萍,段菁春,贺克斌,马永亮,邓思欣,司徒淑婷,谭吉华(4124)

天津市道路环境大气颗粒物水溶性无机离子分析 赵梦雪,吴琳,方小珍,杨志文,李凤华,毛洪钧(4133)

戴云山国家级自然保护区大气氮沉降特点 袁磊,李文周,陈文伟,张金波,蔡祖聪(4142)

青岛近海冬季大气生物气溶胶中微生物活性研究 孟祥斌,李孟哲,李鸿涛,高冬梅,祁建华(4147)

玉米秸秆烟尘中正构脂肪酸的分子与碳同位素组成 刘刚,孙丽娜,徐慧,李久海,李中平,李立武(4156)

极低风速条件下水-气界面甲烷气体传输速率分析 张成,吕新彪,龙丽,张军伟,穆晓辉,李迎晨,王圣瑞,张文丽,肖尚斌(4162)

典型水库型湖泊中 CDOM 吸收及荧光光谱变化特征:基于沿岸生态系统分析 陈雪霜,江韬,卢松,白薇扬,张成,王定勇,魏世强(4168)

西苕溪支流河口水体营养盐的特征及源贡献分析 陈诗文,袁旭音,金晶,李正阳,许海燕(4179)

周村水库主库区热分层初期氮素降低的驱动因子分析 张春华,黄廷林,方开凯,周石磊,夏超(4187)

太湖湖泛易发区沉积物中有机磷形态分布特征 董丹萍,章婷曦,张丁予,王巧云,李德芳,王国祥(4194)

多重扰动对湖泊内源磷迁移转化的影响 蔡顺智,李大鹏,王忍,刘焱见,徐垚,于胜楠,黄勇(4203)

丹江口库区覆膜耕作土壤氮素淋失随夏玉米生长期的变化 王伟,于兴修,汉强,刘航,徐苗苗,任瑞,张家鹏(4212)

营养盐恢复对氮磷饥饿铜绿微囊藻生长的影响 岳冬梅,李洁,肖琳(4220)

氯灭活地下水源中3种优势真菌的效能与机制 文刚,朱红,黄廷林,赵建超,任崑,徐向前(4228)

净水工艺对饮用水中微生物多重耐药性的影响与分析 马晓琳,陆洋,王钰,侯誉,白晓慧(4235)

单过硫酸氢钾复合粉在饮用水消毒过程中的副产物生成特性及遗传毒性变化 敖秀玮,李豪杰,刘文君,余京儒(4241)

三维有序介孔 Co₃O₄ 非均相活化单过硫酸氢钾降解罗丹明 B 冯善方,邓思萍,杜嘉雯,马晓雁,卢遇安,高乃云,邓靖(4247)

调控絮体形态强化电絮凝减缓膜污染 赵凯,杨春风,孙境求,李静,胡承志(4255)

初始 pH 值对序批式 CANON 工艺脱氮效果和 N₂O 释放的影响 付昆明,王会芳,苏雪莹,周厚田(4261)

3DBER-S-Fe 同步脱氮除磷及去除邻苯二甲酸酯的工艺特性 张娅,郝瑞霞,徐鹏程,徐忠强(4268)

基于反硝化脱氮的硫铁复合填料除磷机制 范军辉,郝瑞霞,李萌,朱晚霞,万京京(4275)

基于 ABR-MBR 组合工艺优化反硝化除磷性能的研究 程朝阳,赵诗惠,吕亮,吴鹏,沈耀良(4282)

中温变化对 PN-ANAMMOX 联合工艺脱氮效果的影响 袁砚,朱亮(4289)

生物活性炭对不同 C/N 比废水同步硝化反硝化脱氮效果的影响 崔延瑞,邱鑫,张庆荣,王琦,吴青,孙剑辉(4296)

ANAMMOX 菌利用零价铁还原硝酸盐脱氮研究 周健,完颜德卿,黄勇,刘忻,袁怡,李祥,姚鹏程,杨朋兵,薛鹏程(4302)

间歇曝气 SBR 与传统 SBR 处理养猪沼液的比较研究 董宝刚,宋小燕,刘锐,川岸朋树,张永明,陈吕军(4309)

应用解蛋白菌生物预水解剩余污泥 何晶晶,王颖,胡洁,吕凡,邵立明(4317)

应用环境多介质逸度模型研究废旧电器拆解区多溴联苯醚的迁移及归趋 薛南冬,陈宣宇,杨兵,秦普丰,龙雨(4326)

南宁市多环境介质中多环芳烃分布特征 苗迎,孔祥胜(4333)

杭州城区室内灰尘中多溴联苯醚的含量及人体暴露水平 金漫彤,滕丹丹,郑艳霞,胡张璇,沈学优,金赞芳(4341)

应用线性自由能关系估算药用活性化合物的生物碳质-水吸附系数 王佳怡,毕二平(4349)

表流湿地细菌群落结构特征 魏佳明,崔丽娟,李伟,雷茵茹,于菁菁,秦鹏,穆泳林,梁钊瑞(4357)

城市污水中硝化菌群落结构与性能分析 于莉芳,杜倩倩,傅学焘,张茹,李文江,彭党聪(4366)

DNA 和 cDNA 水平对比研究施肥对稻田土壤细菌多样性的影响 王聪,吴讷,侯海军,汤亚芳,沈健林,秦红灵(4372)

培养条件下双酚 A 对稻田土壤微生物群落特征的影响 刘畅,黄雅丹,张莹,靳振江,梁月明,宋昂,王腾,郭佳怡,李强(4380)

1 株兼具好、厌氧汞甲基化能力细菌的分离鉴定 陶兰兰,向玉萍,王定勇,黄曼琳,申鸿(4389)

北京地区菜田土壤抗生素抗性基因的分布特征 张兰河,王佳佳,哈雪姣,邱孟超,高敏,仇天雷,王旭明(4395)

梅花鹿养殖场抗生素抗性基因分布特征 黄福义,安新丽,陈青林,任红云,苏建强(4402)

几种高硅质矿物细颗粒的 A549 细胞毒性对比 霍婷婷,董发勤,邓建军,张青碧,贺小春,孙东平(4410)

添加复合吸附剂对土壤吸附非和 Cr(VI) 的影响 李文斌,孟昭福,吴琼,许绍娥,刘泽(4419)

生物炭对西北黄土吸附壬基酚的影响 张振国,蒋煜峰,慕仲锋,孙航,周琦,展惠英(4428)

集雨种植下不同沟垄比对土壤呼吸的影响及其对水热因子的响应 王昌江,施成晓,冯帆,陈婷,张磊,吕晓康,王伟,廖允成(4437)

秸秆还田与化肥减量配施对稻-菜轮作下土壤养分及酶活性的影响 黄容,高明,万毅林,田冬,陶睿,王芳丽(4446)

《环境科学》征稿简则(4161) 《环境科学》征订启事(4365) 信息(4123,4132,4409)

DNA 和 cDNA 水平对比研究施肥对稻田土壤细菌多样性的影响

王聪^{1,2}, 吴讷¹, 侯海军^{1,3}, 汤亚芳^{1,3}, 沈健林^{1,4}, 秦红灵^{1,3*}

(1. 中国科学院亚热带农业生态研究所, 亚热带农业生态过程重点实验室, 公共技术服务中心, 长沙 410125; 2. 中国科学院大学, 北京 100049; 3. 中国科学院亚热带农业生态研究所, 桃源农业生态试验站, 长沙 410125; 4. 中国科学院亚热带农业生态研究所, 长沙农业环境观测研究站, 长沙 410125)

摘要: 依托长沙农业环境观测研究站不同施肥方式长期定位试验, 直接从土壤中抽提总 DNA 和 RNA, 应用 T-RFLP 和 RT-PCR 技术在 DNA 和 cDNA 水平对比研究施肥对亚热带稻田土壤细菌丰度和群落结构的影响。结果表明, 施肥和秸秆还田显著改变了土壤细菌群落组成 (DNA 水平) 和转录组成 (cDNA 水平) 结构, 且不同处理中 DNA 水平的 T-RFLP 图谱与 cDNA 水平相差很大。施肥和秸秆还田降低了土壤中存在的细菌多样性, 对土壤中转录的细菌多样性没有影响。土壤 16S rRNA 基因丰度 (DNA 水平) 平均是其转录丰度 (cDNA 水平) 的 337 倍, 与不施氮肥处理 (N0) 相比, 平衡施肥 (NPK) 没有改变土壤细菌的数量, 在平衡施肥的基础上进行秸秆还田增加了土壤细菌的数量, 但高量与低量秸秆还田没有显著差异。RDA 分析表明, 稻田土壤中铵态氮含量是调控各处理土壤中存在及转录的细菌群落的关键因子。总体而言, 不管在 DNA 还是 cDNA 水平, 研究施肥对土壤细菌丰度的影响均是可行并可信的; 但只有在 cDNA 水平开展研究, 才能有效发现细菌群落对环境的适应性。

关键词: 施肥; 土壤细菌; cDNA; T-RFLP; RT-PCR

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2016)11-4372-08 DOI: 10.13227/j.hjcx.201604220

Effects of Fertilization on Soil Microbial Abundance and Community Structure at DNA and cDNA Levels in Paddy Soils

WANG Cong^{1,2}, WU Ne¹, HOU Hai-jun^{1,3}, TANG Ya-fang^{1,3}, SHEN Jian-lin^{1,4}, QIN Hong-ling^{1,3*}

(1. Public Service Technology Center, Key Laboratory of Agro-Ecological Processes in Subtropical Region, Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha 410125, China; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 3. Taoyuan Agro-ecosystem Research Station, Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha 410125, China; 4. Changsha Research Station for Agricultural & Environmental Monitoring, Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha 410125, China)

Abstract: Fertilizer applications have important effects on soil microbial abundance and community structure. In this study, total soil microbial DNA and RNA were directly extracted from paddy soils of N0 (control treatment, no nitrogen fertilizer), NPK (balanced fertilization), NPK + LS (balanced fertilization with additional 3.0 t·hm⁻² rice straw incorporation) and NPK + HS (balanced fertilization with additional 6.0 t·hm⁻² rice straw incorporation) treatments in a long-term fertilization experiment of double rice cropping system in Changsha County, Hunan Province. Soil bacteria community structures were evaluated by analyzing the 16S rRNA gene fragments at DNA and cDNA levels with Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism (T-RFLP) and quantitative PCR techniques. Balancing fertilization with chemical fertilizers and rice straw incorporation significantly changed the composition of bulk (DNA-based) and potentially active (mRNA-based) soil bacterial community as shown in T-RFLP profiles, and also reduced the bulk soil microbial diversity, but not the potentially active ones, as compared with the control treatment. The DNA-based abundance of 16S rRNA gene was on average 377 times as many as the m-RNA based population size. Compared to N0, balanced fertilization with rice straw incorporation (NPK + LS and NPK + HS) increased the bulk and active copy numbers of 16S rRNA gene, but not for balanced fertilization (NPK). The abundance and microbial community structure were not significantly different between the NPK + LS and NPK + HS treatments. Redundancy analysis (RDA) showed that soil ammonium was the key environmental factor determining the bulk and active soil microbial community structure among the treatments. In conclusion, the effect of fertilization on soil microbial abundance and community structure could be indicated at both DNA and cDNA levels; the cDNA information could better reflect the adaptability of bacterial community to the environmental stress.

Key words: fertilization; soil bacteria; cDNA; T-RFLP; RT-PCR

收稿日期: 2016-04-26; 修订日期: 2016-06-20

基金项目: 国家科技支撑计划项目(2012BAD14B03, 2013BAD11B02); 国家重点基础研究发展规划(973)项目(2012CB417106); 国家自然科学基金项目(41271280)

作者简介: 王聪(1989~), 男, 博士研究生, 主要研究方向为土壤生态学, E-mail: 405329753@qq.com

* 通讯联系人, E-mail: huniu@isa.ac.cn

中国是世界上种植水稻面积最大的国家,稻田总面积高达3 400万 hm^2 ,其中亚热带区域稻田面积占全国总面积的31.4%^[1]. 亚热带区域水稻秸秆资源丰富,约占全国秸秆总量的50%~60%^[2]. 水稻秸秆含氮量约 $6.0 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,含磷量约 $1.0 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,含钾量约 $15 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,含碳量 $400 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,是一种具有极高营养价值的可再生资源^[3]. 稻田秸秆还田既可以避免资源浪费和焚烧秸秆带来的环境污染^[4],也可以增加土壤有机质和土壤肥力^[5,6],并改善土壤结构^[7].

土壤微生物作为土壤生态系统重要的组成部分,在秸秆腐解和土壤养分循环过程中发挥重要的作用^[8]. 一方面秸秆覆盖增加了土壤微生物生物量,提高微生物的活性^[9],另一方面土壤微生物生物量及活性的提高也会加快秸秆的腐解^[10]. 生物多样性越高的生态系统越稳定的 Elton 假说,受到大多数学者的认同,保持土壤微群落的多样性及其驱动下的生态过程多样性是农业生产赖以生存的基础.

由于土壤微生物多样性相对稳定,只有长期持续的培肥地力,才会反映出具有相对稳定的土壤微生物多样性特征组分. 目前关于长期施肥和秸秆还田对土壤微生物群落结构和多样性的研究比较多,对微生物群落功能多样性产生显著影响的研究大多是基于长期施肥定位试验^[11,12]. 普遍认为短期施肥或秸秆还田对土壤微生物的影响有限,目前的研究也相对比较少. 有研究发现旱作农业系统,连续3 a^[13]、2 a^[14]或施肥1 a^[15]对土壤微生物区系的影响不显著. 从短期的不显著到长期的显著,土壤微生物受施肥影响而发生演变. 亚热带双季稻系统一年两熟,水肥管理也明显区别于旱作系统,同样是连续3 a施肥,也可能会造成土壤微生物的显著差异.

目前,对土壤微生物的研究大多在 DNA 水平开展. 与 DNA 相比, RNA 合成效率更快,可以在短时间快速响应外界环境变化^[16]. 而且,在 DNA 水平上检测到基因的存在并不意味着该基因得到了转录,而 RNA 的存在能在很大程度上表明微生物基因处于活性状态,并驱动着重要的生物地球化学过程^[17]. 短期施肥在 DNA 水平上对土壤微生物的影响不显著,也许在 RNA 水平会产生显著的差异.

因此,本研究以湖南金井不同施肥方式定位试验为平台,探索连续3 a不同施肥管理模式,双季稻田土壤微生物在 DNA 水平和 RNA 水平的差异以及对施肥的响应,以了解双季稻田土壤微生物演变

规律,以期为提高稻田土地生产力和可持续发展提供理论依据.

1 材料与方法

1.1 试验地概况

土壤样品采自中国科学院亚热带农业生态研究所所长沙农业环境观测研究站不同施肥方式长期定位试验站($113^{\circ}19'52''\text{E}$, $28^{\circ}33'04''\text{N}$). 该站位于湖南省长沙县金井镇,属于典型的亚热带湿润季风气候,海拔100 m,年均气温 17.5°C ,年均降雨量1 330 mm,无霜期约为300 d. 不同施肥方式长期定位试验开始于2012年早稻季,作物轮作为双季稻,一年两熟. 土壤类型为花岗岩发育的麻沙泥水稻土,试验前0~20 cm 耕层土壤基本理化性质见文献^[18]. 试验采取完全随机区组设计,4个处理: N0(不施氮肥), NPK(常规施肥), NPK + LS ($3.0 \text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$ 秸秆还田,以 LS 表示), NPK + HS ($6.0 \text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$ 秸秆还田,以 HS 表示). 所用的秸秆在还田前均切短至5~7 cm长,切短的秸秆在水稻移栽前按照前述的量全部一次性翻埋于土壤耕作层. 试验处理设置和各处理施肥量见表1. 过磷酸钙(以 P_2O_5 计)、氯化钾(以 K_2O 计)和硫酸锌(以 ZnSO_4 计)以基肥一次性施入,尿素(以 N 计)基肥和追肥比为5:5,追肥在水稻生长的分蘖中期、抽穗期按3:2的比例(追肥部分)追施. 其中秸秆还田处理的施肥量为秸秆中 N、P、K 养分输入量与化肥施用量之和,从而确保 NPK、NPK + LS 和 NPK + HS 这3个处理的 N、P、K 养分输入一致. 试验小区病虫害防治和杂草清除及其他田间管理措施均采用常规管理模式,且各小区完全一致.

1.2 样品采集

土壤样品采集于2014年9月初(晚稻分蘖期),S型多点采集0~20 cm 土壤样品. 土样在田间充分混匀,并剔除植物根、石块等杂物后,一部分(约100 g)用锡箔纸包好后立即用液氮速冻,存放于 -80°C 冰箱用于分子生物学试验;另一部分土样(约400 g)存于 4°C 冰箱,用于土壤理化性质测定.

1.3 土壤 DNA 和 mRNA 提取

土壤样品中微生物 DNA 提取方法参照文献^[19],采用 SDS-GITC-PEG 法. 土壤总 RNA 提取方法参照文献^[20,21],并作适当修改. 0.5 g 新鲜土壤样品从 -80°C 取出后,在解冻前迅速没入提取液中; $500 \mu\text{L}$ CTAB 提取液调整为 $250 \mu\text{L}$ 20% SDS 加 $250 \mu\text{L}$ CTAB 提取液,其他操作步骤基本不变.

表 1 田间小区试验处理设置和各处理施肥量/kg·hm⁻²
Table 1 Field plot experiment establishment and fertilizer application rate/kg·hm⁻²

项目	处理名称	处理代号	秸秆	N	过磷酸钙	氯化钾	硫酸锌
早稻	不施氮肥	NO	0	0	40	100	5
	常规施肥	NPK	0	120	40	100	5
	低量秸秆还田	NPK + LS	3 000	120	40	100	5
	高量秸秆还田	NPK + HS	6 000	120	40	100	5
晚稻	不施氮肥	NO	0	0	40	100	5
	常规施肥	NPK	0	100	40	100	5
	低量秸秆还田	NPK + LS	3 000	100	40	100	5
	高量秸秆还田	NPK + HS	6 000	100	40	100	5

提取的总 RNA 用 RNeasy MinElute™ Cleanup Kit (Qiagen, Germany) 纯化, 去除 5S RNA 和残留的盐分. 纯化过的 RNA 用 mRNA-ONLY™ Prokaryotic mRNA Isolation Kit (Epicentre Biotechnologies, USA) 进行 mRNA 富集. 使用 RevertAid™ First strand cDNA Synthesis Kit (Fermentas) 将 mRNA 反转录为 cDNA, 具体操作参照试剂盒说明书. 在反转录过程中插入两个对照, 一个不加 mRNA, 一个加 mRNA 但是不加反转录酶以检测在纯化及反转录过程中是否有 DNA 污染. 反转录使用引物为随机引物, PCR 检测反转录是否成功. 得到的 DNA 和 cDNA 直接用于后续的分析.

1.4 微生物与群落结构和基因丰度分析

T-RFLP 试验: 所使用的 PCR 仪器为 Eppendorf-6321, 采用通用引物 16S rDNA (8f/1492r)^[22], 正向引物 5' 端用 6-羧基二乙酸荧光素 (FAM) 标记. PCR 反应体系、反应程序同文献 [23]. 末端 FAM 标记的 PCR 纯化后产物用 *Msp* I 酶切, 酶切产物的 T-RFLP 分析由上海桑尼生物技术有限公司完成, 分析仪器为 ABI Prism 3100 Genetic Analyzer. 利用 PC-ORD (5.0) 软件计算 T-RFLP 图谱的 OUT 个数, 均匀度指数, 香农多样性指数和辛普森多样性指数. 利用 Canoco for windows (4.5) 软件做主成分分析 (principal components analysis, PCA) 和冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 研究土壤细菌群落结构以及土壤环境因子对群落结构的影响.

实时定量 PCR: 所用仪器为 ABI 7900 (Applied Biosystem), 引物为 16S 通用引物 341f/515r. 质粒 DNA *nde* I 酶切后 (线性化), 用 T7 体外反转录试剂盒 (Thermo) 反转录为 RNA, 再用 Dnase I (Promega) 降解多余的 DNA, 并用 RNeasy MinElute™ Cleanup Kit (Qiagen, Germany) 纯化 RNA. 纯化后的 RNA 用 RevertAid™ First strand

cDNA Synthesis Kit (Fermentas) 反转录为 cDNA, 10 倍梯度稀释, 作为 cDNA 标准样品 -20℃ 保存备用. 质粒 DNA, 标准曲线的制备同文献 [23]. DNA 水平标准曲线为 $c_t = -3.31 \lg c + 31.31$ ($R^2 = 0.996$), cDNA 水平的标准曲线为 $c_t = -3.23 \lg c + 41.31$ ($R^2 = 0.992$). c_t 是实时定量 PCR 反应的荧光信号到达设定的域值时所经历的循环数; c 是初始模板 DNA 或 cDNA 基因拷贝数. 稀释至 $5 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ 的 DNA, mRNA 稀释至 $10 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ 后反转录为 cDNA 样品作为模板进行 qRT-PCR 扩增.

1.5 数据分析

采用 SPSS 20.0 统计软件对数据进行单因素方差分析 (ANOVA), 差异显著性水平通过最小显著差数法 (LSD) 进行检验, 偏相关法分析相关关系.

2 结果与分析

2.1 不同处理对土壤基本理化性状的影响

定位试验结果表明, 不同处理改变了土壤中矿物质氮和微生物量碳、氮 (表 2). 与不施肥处理 (NO) 相比, 平衡施肥 (NPK) 增加了水稻生育期硝态氮和铵态氮的含量. 在平衡施肥的基础上进行秸秆还田增加了土壤微生物量碳、氮和铵态氮的含量, 并且高量秸秆还田处理 (NPK + HS) 铵态氮含量高于低量秸秆还田处理 (NPK + LS). 受试验年限的影响, 不同处理对土壤 pH、SOC、DOC 和土壤含水量均没有产生显著影响.

2.2 不同处理对土壤细菌群落结构的影响

从图 1 可见, 施肥和秸秆还田显著改变了土壤细菌群落组成 (DNA 水平) 和转录组成 (cDNA 水平) 结构, 且不同处理中 DNA 水平的 T-RFLP 图谱与 cDNA 水平相差很大. 在 DNA 水平上, 与不施肥处理 (NO) 相比, 平衡施肥 (NPK) 处理增加了 114 bp 和 210 bp t-RFs 的相对丰度, 分别增加了 11.77% 和 11.79%; 引起了 76、116、188、224、276 bp t-RFs

表 2 不同处理土壤理化性质¹⁾

Table 2 Soil biochemical properties in different treatments

处理	N0	NPK	NPK + LS	NPK + HS
土壤含水量(质量分数)/%	56.87 (6.27) a	54.34 (8.13) a	53.78 (2.51) a	62.89 (4.87) a
铵态氮/mg·kg ⁻¹	8.04 (1.04) d	12.23 (0.32) c	16.12 (0.94) b	26.27 (1.70) a
硝态氮/mg·kg ⁻¹	0.05 (0.03) b	0.11 (0.03) a	0.09 (0.02) ab	0.10 (0.04) a
可溶性有机碳/mg·kg ⁻¹	75.58 (3.75) a	67.82 (4.37) a	73.57 (9.30) a	68.96 (3.72) a
微生物量碳/mg·kg ⁻¹	498.83 (94.76) b	466.59 (50.53) b	674.46 (103.38) a	717.68 (96.50) a
微生物量氮/mg·kg ⁻¹	40.30 (8.20) bc	34.11 (2.83) c	48.00 (7.50) ab	56.84 (1.83) a
pH 值	5.21 (0.09) a	5.15 (0.07) a	5.19 (0.18) a	5.37 (0.14) a
土壤有机碳/g·kg ⁻¹	16.91 (1.05) a	16.92 (1.80) a	18.11 (2.37) a	18.07 (1.26) a

1) 每行不同字母表示 5% 的显著差异; 括号中数值为标准差

的消失. 与平衡施肥(NPK)处理相比, 秸秆还田平均减少了 114 bp、210 bp t-RFs 的相对丰度, 分别减少了 12.19% 和 12.20%; 增加了 116、224、404 bp t-RFs 相对丰度, 分别增加了 10.60%、10.53% 和 4.71%; 另外, 114 bp 和 210 bp t-RFs 只在低量秸秆还田处理出现, 而 404 bp t-RFs 只在高量秸秆还田处理出现.

从 cDNA 水平 T-RFLP 图谱(图 1)可以看出, 亚热带稻田土壤转录的细菌群落主要是 148 bp t-RFs, 不同处理相对丰度差别不大, 平均为 36.98%. 某些相对丰度较小的 t-RFs 受施肥方式的影响较大, 其变了 16S rRNA 基因群落组成和转录组成结构, 但不同秸秆量之间差异不大. 在 DNA 水平上, 平衡施肥

中不施肥处理(N0)和平衡施肥(NPK)处理对比分析发现, 126、152、160、166、168、194 bp t-RFs 只在平衡施肥(NPK)处理出现, 而 64、70、72、100、170、400 bp t-RFs 只在不施肥处理(N0)出现; 平衡施肥(NPK)处理和秸秆还田处理对比分析发现, 118、126、184 bp t-RFs 只在平衡施肥(NPK)处理出现, 100 bp、152 bp t-RFs 只在秸秆还田处理出现; 不同秸秆还田量对比分析发现, 74、168、260 bp t-RFs 只在低量秸秆还田处理出现, 而 136 bp、170 bp t-RFs 只在高量秸秆还田处理出现.

PCA 分析结果表明(图 2), 施肥和秸秆还田改(NPK)处理与不施肥处理(N0)和秸秆还田处理(NPK + LS, NPK + HS)与 16S rRNA 基因群落组成

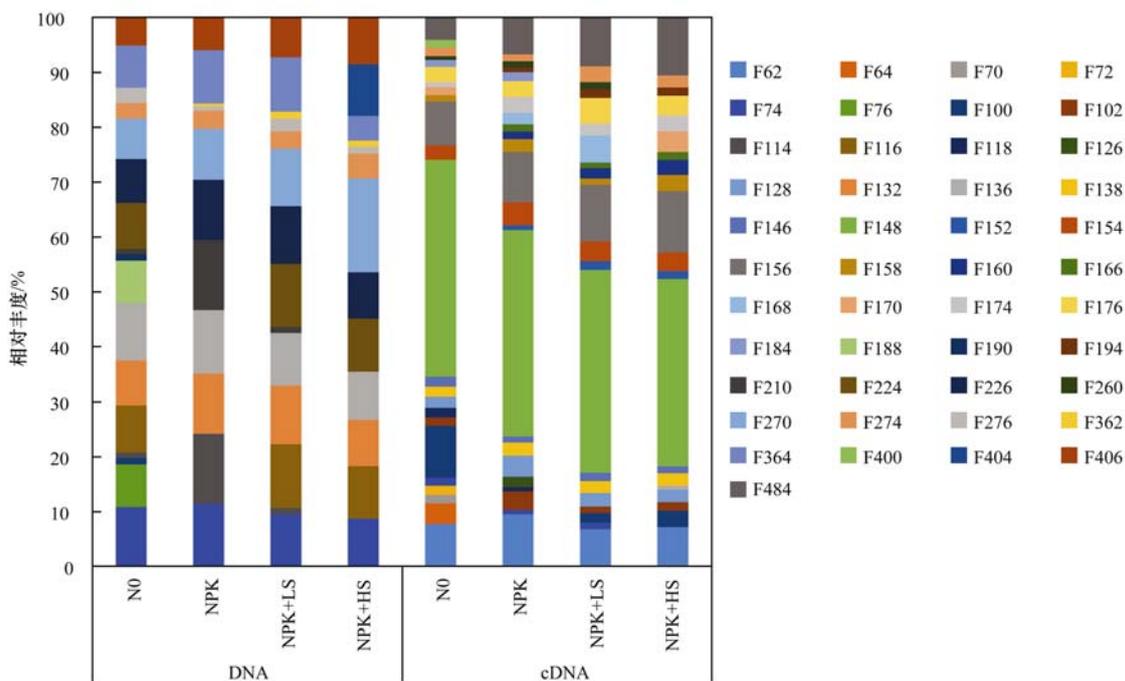


图 1 不同处理对 16S rRNA 基因群落组成和转录组成结构的影响

Fig. 1 Effects of fertilization and straw return on the community composition of 16S rRNA gene and gene transcripts

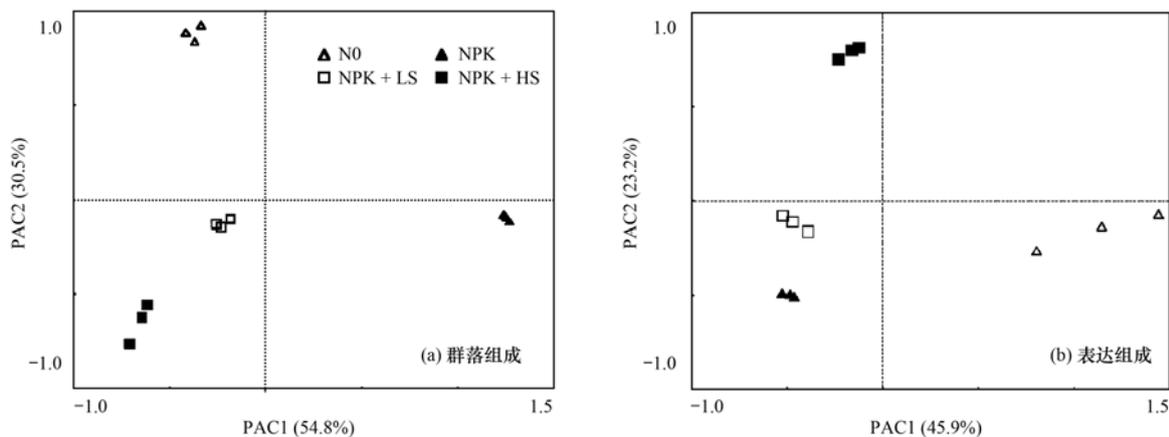


图 2 不同处理16S rRNA基因群落组成和转录组成结构的PCA分析

Fig. 2 PCA analysis of the composition of 16S rRNA gene and gene transcripts

在PCA 1轴上明显分开,且后3个处理在PCA 2轴上也明显分开. 在cDNA水平上,不平衡施肥(NO)处理与施肥处理(NPK)和秸秆还田处理(NPK + LS、NPK + HS)在PCA 1轴上明显分开,且后3个处理在PCA 2轴上也明显分开.

利用T-RFLP图谱进一步分析不同处理土壤细菌多样性指数(表3)可以看出,施肥和秸秆还田降低了土壤中存在的细菌多样性,对土壤中转录的细菌多样性没有影响. 在DNA水平上,与不施肥对

照(NO)相比,施肥和秸秆还田显著降低了土壤细菌物种数量和香农多样性指数,其中物种数量秸秆还田处理最低,多样性指数平衡施肥处理最低. 在cDNA水平上,不同处理只对物种均匀度指数产生影响. 与不施肥对照(NO)相比,高量秸秆还田增加了土壤中转录的细菌物种均匀度指数,其它处理之间没有差异. 另外,无论在DNA水平或cDNA水平,不同秸秆还田量对各多样性指标均没有产生显著影响.

表 3 不同处理土壤细菌多样性指数¹⁾

Table 3 Soil microbial diversity index based on T-RFLP profiles in different treatments

项目	OTU 个数	均匀度指数	香农多样性指数	辛普森多样性指数
DNA	NO	17.00 (0.00) a	0.92 (0.02) a	2.62 (0.05) a
	NPK	11.33 (1.15) b	0.95 (0.03) a	2.29 (0.04) c
	NPK + LS	14.00 (0.00) c	0.92 (0.01) a	2.42 (0.03) b
	NPK + HS	12.33 (1.15) c	0.95 (0.01) a	2.38 (0.08) bc
cDNA	NO	21.33 (1.53) a	0.76 (0.02) b	2.33 (0.05) a
	NPK	20.00 (3.61) a	0.79 (0.03) ab	2.35 (0.18) a
	NPK + LS	20.67 (0.58) a	0.78 (0.00) ab	2.37 (0.03) a
	NPK + HS	19.33 (1.15) a	0.81 (0.01) a	2.38 (0.08) a

1) 每列不同字母表示5%的显著差异

2.3 不同处理对土壤细菌丰度的影响

从图3可见,土壤16S rRNA基因丰度(DNA水平)平均是其转录丰度(cDNA水平)的337倍,在DNA和cDNA水平上施肥和秸秆还田对土壤细菌数量的影响相似. 与不施肥处理(NO)相比,平衡施肥(NPK)没有改变土壤细菌的数量,在平衡施肥的基础上进行秸秆还田增加了土壤细菌的数量,但高量秸秆还田与低量秸秆还田没有显著差异.

2.4 土壤环境因子与细菌丰度与群落结构的关系

通过RDA蒙特卡洛检验表明(图4),在DNA

水平上,土壤中存在细菌群落主要受到土壤中铵态氮含量、pH值和土壤微生物量氮的影响;在cDNA水平上,土壤中转录细菌群落主要受到铵态氮含量的影响. 相关分析表明,在DNA水平上,土壤存在的细菌数量与土壤铵态氮、微生物量碳以及微生物量氮含量密切相关;在cDNA水平上,土壤中转录的细菌数量与土壤微生物量氮和土壤有机质含量密切相关(表4). 说明亚热带稻田土壤中铵态氮的变化是驱动土壤中存在及转录的细菌群落结构和数量的关键因子.

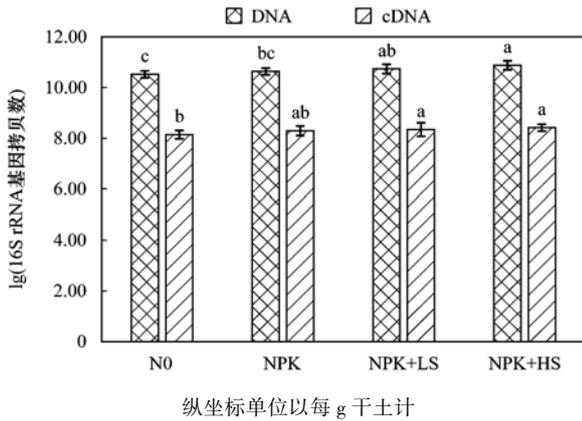


图3 不同处理土壤16S rRNA基因丰度(DNA水平)及其转录丰度(cDNA水平)

Fig. 3 Abundance of 16S rRNA gene (DNA level) and gene transcripts (cDNA level) in different treatments

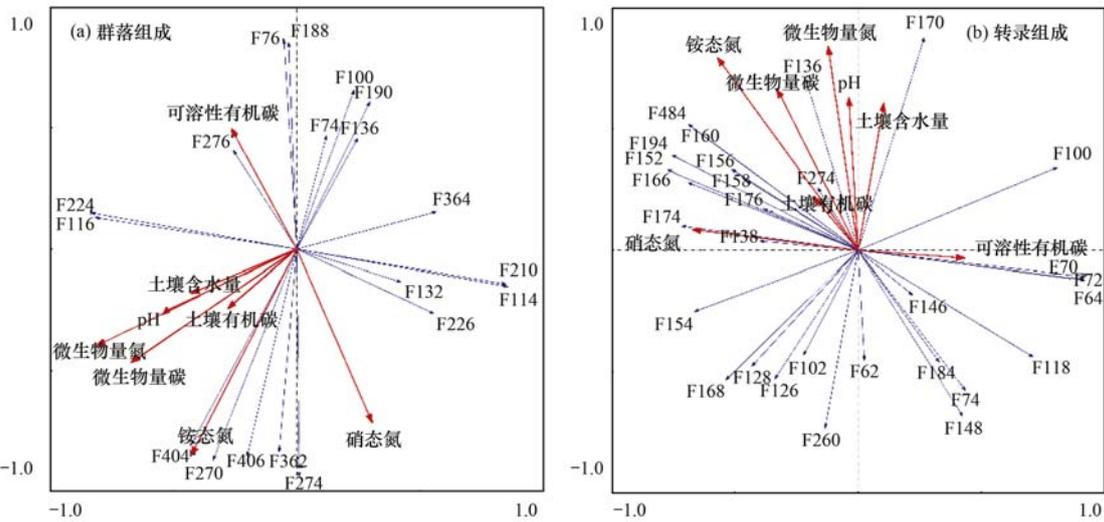


图4 不同处理16S rRNA基因群落组成和转录组成结构的RDA分析

Fig. 4 RDA analysis of the composition of 16S rRNA gene and gene transcripts in different treatments

DNA 水平上,细菌群落结构差异极大,不同处理细菌多样性的差异也只在 DNA 水平发现. 本研究 cDNA 水平上转录的细菌拷贝数只是 DNA 水平上存在的细菌拷贝数的 0.3%,比 Lee 等^[24] 针对产甲烷功能基因 *mcrA* 和甲烷氧化功能基因 *pmoA* 研究得到的转录的与存在的基因拷贝数比率低. 但在 cDNA 和 DNA 水平上,不同施肥方式对细菌丰度的影响趋势是一致的,在平衡施肥的基础上进行秸秆还田均增加了土壤细菌的数量. 大量的研究表明,秸秆还田显著增加了土壤微生物量碳和微生物量氮的含量^[25] 以及土壤微生物的物种丰富度指数和优势度指数^[26],但从 cDNA 水平研究施肥和秸秆还田对土壤细菌丰度的影响比较少. 本研究也发现,稻田土壤中存在及转录的细菌数量均与土壤微生物量氮含量密切相关,这与前人研究结果相一致^[27]. 同

时,本研究结果也表明,不管在 DNA 水平还是 cDNA 水平研究施肥对土壤细菌丰度的影响均是可行并可信的.

cDNA 和 DNA 水平上,细菌群落产生明显差异. 148 bp t-RFs 在 cDNA 水平 T-RFLP 图谱中,平均相对丰度高达 36.98%,但在 DNA 水平没有检测到. 利用网络在线服务 (<http://trflp.limnology.wisc.edu/index.jsp>) PAT 工具 (The T-RFLP Phylogenetic Assignment Tool) 可以得到,148 bp 与喜盐芽孢杆菌 (X62174,厚壁菌门) 末端片段一致^[28]. 可以推测,中国南方亚热带稻田土壤喜盐芽孢杆菌属 (*Halobacillus*) 细菌大量转录. Zhang 等^[29] 研究表明,在中国亚热带区域,Ca 离子通过径流大量流失. 陈同庆等^[30] 对 6 种不同土地利用 Ca 离子质量分数的调查研究表明,受降雨溶蚀作用的影响,稻田和积

表4 不同处理土壤细菌丰度与土壤理化性质之间的关系

Table 4 Correlation analysis between microbial community profile and environmental variables in different treatments

项目	DNA 水平		cDNA 水平	
	相关系数	ρ	相关系数	ρ
土壤含水量	0.13	0.69	0.33	0.30
铵态氮	0.72	0.01	0.48	0.11
硝态氮	0.30	0.34	0.48	0.12
可溶性有机碳	-0.03	0.92	0.09	0.78
微生物量碳	0.74	0.01	0.50	0.10
微生物量氮	0.69	0.01	0.58	0.05
pH 值	0.21	0.52	-0.45	0.14
土壤有机碳	0.05	0.87	0.65	0.02

3 讨论

对比研究发现,cDNA 和 DNA 水平上,不同施肥方式细菌丰度具有极高的一致性;然而,cDNA和

水洼地 Ca 离子被截留,使得水溶性钙和全钙含量均显著高于其他土地利用方式. 本课题组的研究表明,尽管在 DNA 水平喜盐芽孢杆菌属只有少量甚至监测不到,但 cDNA 水平却大量转录,证明了微生物对环境的适应性.

本研究依托的定位试验尽管只开展了 3 a,但不管在 DNA 水平还是 cDNA 水平,施肥和秸秆还田均对土壤细菌的丰度和群落结构产生了显著的影响. 相比较旱地而言,稻田土壤细菌对施肥的响应更迅速. 蒙特卡洛检验表明,稻田土壤铵态氮含量是调控土壤中存在及转录的细菌群落的关键因子. 水田环境中土壤氮素以铵态氮为主要存在形态^[31],本研究也表明施肥和秸秆还田增加了稻田土壤铵态氮含量,进一步影响了细菌群落结构. 施肥和秸秆还田不仅造成了细菌群落结构的分异,同时也在 DNA 水平上降低了土壤中存在的细菌多样性. 尽管化肥和有机物配合施用被认为是一种有效缓解大量化肥投入带来的不利影响的农业措施^[32],但本研究表明,稻田土壤在平衡施肥的基础上秸秆还田,虽然能够增加土壤肥力,但并不能缓解施肥对土壤细菌多样性产生的不利影响. 这也与孙瑞波等^[12]在旱作农田的研究结论相一致. 因此,对南方稻田土壤秸秆还田的利用方式还需要进一步地研究,以期达到农业生产效益和生态效益的并重.

4 结论

(1) DNA 和 cDNA 水平的对比研究,可以有效揭示土壤中存在以及转录的微生物对外界环境的响应,但细菌丰度和细菌群落分布对施肥的响应不同. DNA 和 cDNA 水平上,不同施肥方式对存在或转录的细菌丰度的影响趋势是一致的;但存在或转录的细菌群落产生明显分异,土壤中很少存在的某些种群(如喜盐芽孢杆菌属, *Halobacillus*)却大量转录,同时施肥和秸秆还田降低细菌多样性的现象也只在 DNA 水平发现. 此研究说明,不管在 DNA 水平还是 cDNA 水平,研究施肥对土壤细菌丰度的影响均是可行并可信的;但只有在 cDNA 水平开展研究,才能有效发现细菌群落对环境的适应性.

(2) 尽管本研究依托的定位试验只开展了 3 a,但亚热带稻田土壤存在及转录的细菌数量和群落均对施肥产生了明显的响应,此响应速度明显快过旱地农田系统. 稻田土壤中铵态氮含量是调控土壤中存在及转录的细菌群落的关键因子.

(3) 稻田土壤在平衡施肥的基础上秸秆还田,

虽然能够增加土壤肥力,但并不能缓解施肥对土壤细菌多样性产生的不利影响. 因此,对南方稻田土壤秸秆还田的利用方式还需要进一步的研究,以期达到农业生产效益和生态效益的并重.

参考文献:

- [1] Wu J. Carbon accumulation in paddy ecosystems in subtropical China: evidence from landscape studies [J]. *European Journal of Soil Science*, 2011, **62**(1): 29-34.
- [2] 朱奇宏, 黄道友, 刘守龙, 等. 红壤丘陵区农作物秸秆综合利用现状与展望[J]. *生态学杂志*, 2005, **24**(12): 1482-1486.
Zhu Q H, Huang D Y, Liu S L. *et al.* Status and prospects of crop straw comprehensive utilization in hilly red soil region[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2005, **24**(12): 1482-1486.
- [3] Ponnampetuma F N. Straw as a source of nutrients for wetland rice [A]. In: *Organic Matter and Rice* [C]. Philippines: International Rice Research Institute, 1982. 117-136.
- [4] 冯伟, 张利群, 何龙娟, 等. 基于循环农业的农作物秸秆资源化利用模式研究[J]. *安徽农业科学*, 2012, **40**(2): 921-923, 973.
Feng W, Zhang L Q, He L J, *et al.* A mode research of crop residues recycling based on circular agriculture theory [J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2012, **40**(2): 921-923, 973.
- [5] 刘守龙, 童成立, 吴金水, 等. 等氮条件下有机无机肥配比对水稻产量的影响探讨[J]. *土壤学报*, 2007, **44**(1): 106-112.
Liu S L, Tong C L, Wu J S, *et al.* Effect of ratio of organic manure/chemical fertilizer in fertilization on rice yield under the same N condition [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2007, **44**(1): 106-112.
- [6] 张国荣, 李菊梅, 徐明岗. 等. 长期不同施肥对水稻产量及土壤肥力的影响[J]. *中国农业科学*, 2009, **42**(2): 543-551.
Zhang G Y, Li J M, Xu M G, *et al.* Effects of chemical fertilizer and organic manure on rice yield and soil fertility [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2009, **42**(2): 543-551.
- [7] 何七勇, 吕卫光, 郑宪清, 等. 不同机械耕作方式对稻田秸秆还田土壤理化性状及产量的影响[J]. *上海农业学报*, 2015, **31**(5): 66-69.
He Q Y, Lv W G, Zheng X Q, *et al.* Effects of different mechanical tillage methods on soil physical and chemical properties and rice yield with straw returning [J]. *Acta Agriculturae Shanghai*, 2015, **31**(5): 66-69.
- [8] Steenwerth K L, Jackson L E, Calderón F J, *et al.* Soil microbial community composition and land use history in cultivated and grassland ecosystems of coastal California [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, **34**(11): 1599-1611.
- [9] Yu C Y, Liu H, Xing Y D, *et al.* Bioconversion of rice straw into a soil-like substrate [J]. *Acta Astronautica*, 2008, **63**(7-10): 1037-1042.
- [10] Bowen R M, Harper S H T. Decomposition of wheat straw and related compounds by fungi isolated from straw in arable soils [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1990, **22**(3): 393-399.
- [11] Luo P Y, Han X R, Wang Y, *et al.* Influence of long-term fertilization on soil microbial biomass, dehydrogenase activity,

- and bacterial and fungal community structure in a brown soil of Northeast China[J]. *Annals of Microbiology*, 2015, **65**(1): 533-542.
- [12] 孙瑞波, 郭熙盛, 王道中, 等. 长期施用化肥及秸秆还田对砂姜黑土细菌群落的影响[J]. *微生物学通报*, 2015, **42**(10): 2049-2057.
- Sun R B, Guo X S, Wang D Z, *et al.* The impact of long-term application of chemical fertilizers and straw returning on soil bacterial community[J]. *Microbiology*, 2015, **42**(10): 2049-2057.
- [13] 樊晓刚, 金轲, 李兆君, 等. 不同施肥和耕作制度下土壤微生物多样性研究进展[J]. *植物营养与肥料学报*, 2010, **16**(3): 744-751.
- Fan X G, Jin K, Li G J, *et al.* Soil microbial diversity under different fertilization and tillage practices: a review[J]. *Plant Nutrition and Fertilizer Science*, 2010, **16**(3): 744-751.
- [14] Ben L. The quality of exogenous organic matter: short term influence on the phospholipid fatty acid (PLFA) composition of the soil microbiota [D]. Gent Belgium: Gent University, 2006. 121-134.
- [15] Calbrix R, Barray S, Chabrierie O, *et al.* Impact of organic amendments on the dynamics of soil microbial biomass and bacterial communities in cultivated land [J]. *Applied Soil Ecology*, 2007, **35**(3): 511-512.
- [16] Ostle N, Whiteley A S, Bailey M J, *et al.* Active microbial RNA turnover in a grassland soil estimated using a $^{13}\text{C}_2$ spike [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, **35**(7): 877-885.
- [17] Jia Z J, Conrad R. Bacteria rather than *Archaea* dominate microbial ammonia oxidation in an agricultural soil [J]. *Environmental Microbiology*, 2009, **11**(7): 1658-1671.
- [18] 王聪, 沈健林, 郑亮, 等. 猪粪化肥配施对双季稻田 CH_4 和 N_2O 排放及其全球增温潜势的影响[J]. *环境科学*, 2014, **35**(8): 3120-3127.
- Wang C, Shen J L, Zheng L, *et al.* Effects of combined applications of pig manure and chemical fertilizers on CH_4 and N_2O emissions and their global warming potentials in paddy fields with double-rice cropping[J]. *Environmental Science*, 2014, **35**(8): 3120-3127.
- [19] Chen Z, Luo X Q, Hu R G, *et al.* Impact of long-term fertilization on the composition of denitrifier communities based on nitrite reductase analyses in a paddy soil [J]. *Microbial Ecology*, 2010, **60**(4): 850-861.
- [20] Griffiths R I, Whiteley A S, O'Donnell A G, *et al.* Rapid method for coextraction of DNA and RNA from natural environments for analysis of ribosomal DNA-and rRNA-based microbial community composition [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2000, **66**(12): 5488-5491.
- [21] Chen X B, Su Y R, He X Y, *et al.* Comparative analysis of basidiomycetous laccase genes in forest soils reveals differences at the cDNA and DNA levels[J]. *Plant and Soil*, 2013, **366**(1-2): 321-331.
- [22] Saikaly P E, Stroot P G, Oerther D B. Use of 16S rRNA gene terminal restriction fragment analysis to assess the impact of solids retention time on the bacterial diversity of activated sludge[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, **71**(10): 5814-5822.
- [23] 秦红灵, 袁红朝, 张慧, 等. 红壤坡地利用方式对土壤细菌群落结构的影响[J]. *土壤学报*, 2011, **48**(3): 594-602.
- Qin H L, Yuan H Z, Zhang H, *et al.* Soil bacteria community structure in upland red soil in relation to land use pattern[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2011, **48**(3): 594-602.
- [24] Lee H J, Kim Sang Y, Kim P J, *et al.* Methane emission and dynamics of methanotrophic and methanogenic communities in a flooded rice field ecosystem [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2014, **88**(1): 195-212.
- [25] 李卉, 李宝珍, 邹冬生, 等. 水稻秸秆不同处理方式对亚热带农田土壤微生物生物量碳、氮及氮素矿化的影响[J]. *农业现代化研究*, 2015, **36**(2): 303-308.
- Li H, Li B Z, Zou D S, *et al.* Impacts of rice straw and its biochar product on the amounts of soil microbial biomass carbon and nitrogen and the mineralization of soil organic nitrogen in subtropical croplands [J]. *Research of Agricultural Modernization*, 2015, **36**(2): 303-308.
- [26] 兰木岭, 高明. 不同秸秆翻理还田对旱地和水田土壤微生物群落结构的影响[J]. *环境科学*, 2015, **36**(11): 4252-4259.
- Lan M L, Gao M. Influence of different straws returning with landfill on soil microbial community structure under dry and water farming[J]. *Environmental Science*, 2015, **36**(11): 4252-4259.
- [27] 郁培义, 朱凡, 宿少锋, 等. 氮素添加对樟树林红壤微生物的影响[J]. *环境科学*, 2013, **34**(8): 3231-3237.
- Yu P Y, Zhu F, Su X M, *et al.* Effects of nitrogen addition on red soil microbes in the cinnamomum camphora plantation[J]. *Environmental Science*, 2013, **34**(8): 3231-3237.
- [28] 余素林, 吴晓磊, 钱易. 环境微生物群落分析的 T-RFLP 技术及其优化措施[J]. *应用与环境生物学报*, 2006, **12**(6): 861-868.
- Yu S L, Wu X L, Qian Y. Application and optimization of T-RFLP method for microbial community analysis [J]. *Chinese Journal of Applied & Environmental Biology*, 2006, **12**(6): 861-868.
- [29] Zhang W Z, Yin C M, Chen C L, *et al.* Estimation of long-term Ca^{2+} loss through outlet flow from an agricultural watershed and the influencing factors [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2016, **23**(11): 10911-10921.
- [30] 陈同庆, 魏兴琥, 关共凑, 等. 粤北岩溶区不同土地利用方式对土壤钙离子的影响[J]. *热带地理*, 2014, **34**(3): 337-343.
- Chen T Q, Wei X H, Guan H C, *et al.* Impact of different land use types on soil calcium in northern Guangdong [J]. *Tropical Geography*, 2014, **34**(3): 337-343.
- [31] 殷晓燕, 徐阳春, 沈其荣, 等. 直播旱作水稻的吸氮特征与土壤氮素表观盈亏[J]. *生态学报*, 2004, **24**(8): 1575-1581.
- Yin X Y, Xu Y C, Shen Q R, *et al.* Absorption and apparent budget of nitrogen by direct-seeding rice cultivated in aerobic soil with or without mulching[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2004, **24**(8): 1575-1581.
- [32] 王伏伟, 王晓波, 李金才, 等. 施肥及秸秆还田对砂姜黑土细菌群落的影响[J]. *中国生态农业学报*, 2015, **23**(10): 1302-1311.
- Wang F W, Wang X B, Li J C, *et al.* Effects of fertilization and straw incorporation on bacterial communities in lime concretion black soil [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2015, **23**(10): 1302-1311.

CONTENTS

Air Pollutant Emission Inventory and Impact of Typical Industries on PM _{2.5} in Chengde	CHEN Guo-lei, ZHOU Ying, CHENG Shui-yuan, <i>et al.</i> (4069)
Pollution Characteristics and Emission Coefficient of Volatile Organic Compounds from Woodwork-making Industry in Zhejiang Province	YAO Yi, WANG Zhe-ming, HE Zhi-qiao, <i>et al.</i> (4080)
Emission Inventory of Anthropogenic VOCs and Its Contribution to Ozone Formation in Shanxi Province	YAN Yu-long, PENG Lin (4086)
Characteristics and Source Apportionment of VOCs of High Pollution Process at Chemical Industrial Area in Winter of China	GAO Song, CUI Hu-xiong, FU Qing-yan, <i>et al.</i> (4094)
Study and Application of Test Method for VOCs Emission Factor of Refueling in Service Station	HUANG Yu-hu, CHANG Yao-qing, REN Bi-qi, <i>et al.</i> (4103)
NH ₃ Emission Characteristics in Landfill Sites in Beijing	CUI Tong, LI Jin-xiang, YANG Yan-yan, <i>et al.</i> (4110)
Inventory and Characteristics of Anthropogenic Ammonia Emission in Xi'an	SU Hang, YAN Dong-jie, HUANG Xue-min, <i>et al.</i> (4117)
Pollution Characteristics of Non-methane Hydrocarbons During Winter and Summer in Foshan City	ZHOU Xue-ming, XIANG Ping, DUAN Jing-chun, <i>et al.</i> (4124)
Water-soluble Inorganic Ions in the Road Ambient Atmospheric Particles of Tianjin	ZHAO Meng-xue, WU Lin, FANG Xiao-zhen, <i>et al.</i> (4133)
Characteristics of Nitrogen Deposition in Daiyun Mountain National Nature Reserve	YUAN Lei, LI Wen-zhou, CHEN Wen-wei, <i>et al.</i> (4142)
Microbial Activity in Bioaerosols in Winter at the Coastal Region of Qingdao	MENG Xiang-bin, LI Meng-zhe, LI Hong-tao, <i>et al.</i> (4147)
Molecular and Carbon Isotopic Compositions of <i>n</i> -Alkanoic Acids in Smoke from Maize Straw Combustion	LU Gang, SUN Li-na, XU Hui, <i>et al.</i> (4156)
Gas Transfer Velocity of CH ₄ at Extremely Low Wind Speeds	ZHANG Cheng, LÜ Xin-biao, LONG Li, <i>et al.</i> (4162)
Spectral Characteristics of Chromophoric Dissolved Organic Matter (DOM) from a Typical Reservoir Lake from Inland of Three Gorges Reservoir Areas: In the View of Riparian Ecosystem Analysis	CHEN Xue-shuang, JIANG Tao, LU Song, <i>et al.</i> (4168)
Characteristics and Pollution Source Analysis of Nutrients in Tributary Outlets of Xitaoxi Watershed	CHEN Shi-wen, YUAN Xu-yin, JIN Jing, <i>et al.</i> (4179)
Analysis of Driving Factors on the Nitrogen Decrease in the Early Stage of the Thermal Stratification in Main Area of Zhoucun Reservoir	ZHANG Chun-hua, HUANG Ting-lin, FANG Kai-kai, <i>et al.</i> (4187)
Characteristics of Organic Phosphorus Fractions in the Sediments of the Black Water Aggregation in Lake Taihu	DONG Dan-ping, ZHANG Ting-xi, ZHANG Ding-yu, <i>et al.</i> (4194)
Impacts of Multiple Disturbance on Migration and Transformation of Endogenous Phosphorus in Lake	CAI Shun-zhi, LI Da-peng, WANG Ren, <i>et al.</i> (4203)
Change of Soil Nitrogen Leaching with Summer Maize Growing Periods Under Plastic Film Mulched Cultivation in Danjiangkou Reservoir Area, China	WANG Wei, YU Xing-xiu, HAN Qiang, <i>et al.</i> (4212)
Nutrients Recovery on the Growth of Nitrogen and Phosphorus Starved <i>Microcystis aeruginosa</i>	YUE Dong-mei, LI Jie, XIAO Lin (4220)
Inactivation Efficiency and Mechanism of Three Dominant Fungal Spores in Drinking Groundwater by Chlorine	WEN Gang, ZHU Hong, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (4228)
Effect of Water Treatment Process on the Bacterial Multidrug Resistance in Drinking Water	MA Xiao-lin, LU Yang, WANG Yu, <i>et al.</i> (4235)
Characteristics of Disinfection By-products and Genotoxicity During Drinking Water Disinfection with Potassium Monopersulfate Compound Powder	AO Xiu-wei, LI Hao-jie, LIU Wen-jun, <i>et al.</i> (4241)
Heterogeneous Activation of Peroxymonosulfate with Three-dimensional Ordered Mesoporous Co ₃ O ₄ for the Degradation of Rhodamine B	FENG Shan-fang, DENG Si-ping, DU Jia-wen, <i>et al.</i> (4247)
Enhanced Mitigation of Membrane Fouling by Regulations on Floc Morphology in Electrocoagulation	ZHAO Kai, YANG Chun-feng, SUN Jing-qiu, <i>et al.</i> (4255)
Effect of Initial pH on Nitrogen Removal Performance and N ₂ O Emission of a Sequencing Batch CANON Reactor	FU Kun-ming, WANG Hui-fang, SU Xue-ying, <i>et al.</i> (4261)
Operational Characteristics of the Simultaneous Nitrogen and Phosphorus Removal and Removal of Phthalate Esters by Three-dimensional Biofilm-electrode Coupled with Iron/Sulfur Reactor	ZHANG Ya, HAO Rui-xia, XU Peng-cheng, <i>et al.</i> (4268)
Phosphorus Removal Mechanism of Sulfur/Sponge Iron Composite Fillers Based on Denitrification	FAN Jun-hui, HAO Rui-xia, LI Meng, <i>et al.</i> (4275)
Optimization of Denitrifying Phosphorus Removal Performance Based on ABR-MBR Combined Process	CHENG Chao-yang, ZHAO Shi-hui, LÜ Liang, <i>et al.</i> (4282)
Effect of Moderate and Room Temperature on Nitrogen Removal in PN-ANAMMOX Process	YUAN Yan, ZHU Liang (4289)
Influence of Biological Activated Carbon on Simultaneous Nitrification and Denitrification in Inflow with Different C/N Ratios	CUI Yan-rui, QIU Xin, ZHANG Qing-rong, <i>et al.</i> (4296)
Biotransformation of Nitrate to Nitrogen Gas Driven by ANAMMOX Microbes via Zero-valent Iron Under Anaerobic Conditions	ZHOU Jian, WANYAN De-qing, HUANG Yong, <i>et al.</i> (4302)
A Comparative Study on Performance of an Intermittent Aeration SBR and a Traditional SBR for Treatment of Digested Piggyery Wastewater	DONG Bao-gang, SONG Xiao-yan, LIU Rui, <i>et al.</i> (4309)
Biological Pre-treatment of Surplus Sludge Using the Protease-secreting Bacteria	HE Pin-jing, WANG Ying, HU Jie, <i>et al.</i> (4317)
Transfer and Fate of Polybrominated Diphenyl Ethers in an Electrical Equipment Dismantling Area Using a Multimedia Fugacity Model	XUE Nan-dong, CHEN Xuan-yu, YANG Bing, <i>et al.</i> (4326)
Distribution Characteristics of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Environmental Media in Nanning City	MIAO Ying, KONG Xiang-sheng (4333)
PBDEs Levels in House Dust and Human Exposure to PBDEs via Dust Ingestion in Hangzhou	JIN Man-tong, TENG Dan-dan, ZHENG Yan-xia, <i>et al.</i> (4341)
Evaluating Biochar-Water Sorption Coefficients of Pharmaceutically Active Compounds by Using a Linear Free Energy Relationship	WANG Jia-yi, BI Er-ping (4349)
Characteristics of Bacterial Communities in Surface-flow Constructed Wetlands	WEI Jia-ming, CUI Li-juan, LI Wei, <i>et al.</i> (4357)
Community Structure and Activity Analysis of the Nitrifiers in Raw Sewage of Wastewater Treatment Plants	YU Li-fang, DU Qian-qian, FU Xue-tao, <i>et al.</i> (4366)
Effects of Fertilization on Soil Microbial Abundance and Community Structure at DNA and cDNA Levels in Paddy Soils	WANG Cong, WU Ne, HOU Hai-jun, <i>et al.</i> (4372)
Effects of Bisphenol A on Characteristics of Paddy Soil Microbial Community Under Different Cultural Conditions	LIU Chang, HUANG Ya-dan, ZHANG Ying, <i>et al.</i> (4380)
Identification of a Facultative Bacterium Strain with the Ability to Methylate Mercury Under Both Aerobic and Anaerobic Conditions	TAO Lan-lan, XIANG Yu-ping, WANG Ding-yong, <i>et al.</i> (4389)
Distribution Characteristics of Antibiotic Resistance Genes in Vegetable Soils in Beijing	ZHANG Lan-he, WANG Jia-jia, HA Xue-jiao, <i>et al.</i> (4395)
Distribution Characteristics of Antibiotic Resistance Genes in Sika Deer Farm	HUANG Fu-yi, AN Xin-li, CHEN Qing-lin, <i>et al.</i> (4402)
Comparison of Toxic Effect of Siliceous Mineral Dusts on Lung Epithelial A549 Cells	HUO Ting-ting, DONG Fa-qin, DENG Jian-jun, <i>et al.</i> (4410)
Effect of Adding Compound Adsorbent on Phenanthrene and Cr(VI) Absorption by Lou Soil	LI Wen-bin, MENG Zhao-fu, WU Qiong, <i>et al.</i> (4419)
Effect of Biochar on Adsorption Behavior of Nonylphenol onto Loess Soil in Northwest China	ZHANG Zhen-guo, JIANG Yu-feng, MU Zhong-feng, <i>et al.</i> (4428)
Soil Respiration in Response to Different Ridge/Furrow Ratios and Its Relationship with Soil Moisture and Temperature Under Ridge-Furrow Planting Patterns	WANG Chang-jiang, SHI Cheng-xiao, FENG Fan, <i>et al.</i> (4437)
Effects of Straw in Combination with Reducing Fertilization Rate on Soil Nutrients and Enzyme Activity in the Paddy-Vegetable Rotation Soils	HUANG Rong, GAO Ming, WAN Yi-lin, <i>et al.</i> (4446)

《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11月15日 第37卷 第11期

ENVIRONMENTAL SCIENCE

(Monthly Started in 1976)

Vol. 37 No. 11 Nov. 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