中方知库
Eco-Environmental Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心
■ 出版 科学出版社

中国期刊方阵
双奖期刊
中华人民共和国新闻出版总署

2019
Vol.40 No.12
第40卷 第12期

环境科学
(HUANJING KEXUE)
ENVIRONMENTAL SCIENCE
第40卷 第12期
2019年12月15日

目 次(卷终)

研究报告
京津冀秋冬季 $PM_{2.5}$ 污染概况和预报结果评估 …… 朱媛媛,高愈霄,刘冰,王晓彦,朱莉莉,许荣,汪巍,丁俊男,李健军,段小丽(5191)
2016~2017年采暖期华北平原东部 $PM_{2.5}$ 组分特征及来源解析 …… 张逸琴,王杰,高健,徐仲均,车飞,马彤,杨艳,刘素,闫璐璐(5202)
霾不同发展阶段下污染气体和水溶性离子变化特征分析 …… 王振彬,刘安康,卢文,杨晓旻,王红磊,陈魁,夏丽(5213)
上海郊区家庭妇女 $PM_{2.5}$ 重金属组分暴露水平、来源与健康风险 …… 罗燃燃,戴海夏,张蕴晖,乔利平,马英歌,周敏,夏斌,朱清扬,赵迎亚,黄成(5224)
固定污染源可凝结颗粒物测量方法 …… 蒋靖坤,邓建国,王刚,张莹,李妍菁,段雷,郝吉明(5234)
家具企业挥发性有机物排放特征及其环境影响 …… 张嘉妮,曾春玲,刘锐源,姚懿娟,柯云婷,范丽雅,叶代启(5240)
抗生素企业 VOCs 排放清单及影响范围模拟 …… 竹涛,吕怡蓉,边文璟,牛文凤,袁前程,段二红,于洋,林军(5250)
新乡市机动车排放对道路灰尘中重金属与多环芳烃污染的影响 …… 李琦路,吴锦涛,张颖,孙玉静,乔泓钦,张子祎,裴梦园,张孟琼,任明浩(5258)
成都市道路积尘中全氟化合物的污染特征及暴露风险评估 …… 方淑红,朱和祥,叶芝祥,印红玲,孙静(5265)
祁连山北坡中段降水稳定同位素特征及水汽来源分析 …… 张百娟,李宗省,王昱,李永格,吕越敏,袁瑞丰,桂娟(5272)
长江南京段水源水中抗生素的赋存特征与风险评估 …… 封梦娟,张芹,宋宁慧,卜元卿,杨正标,刘艳华,郭瑞昕,陈建秋,张圣虎(5286)
夏秋季混凝剂对复合锰氧化膜去除地表水中氨氮和锰的影响 …… 程丽杰,黄廷林,程亚,张莎莎,阮昭意,卢磊(5294)
浙江省H市供水系统消毒副产物及其健康风险评价 …… 刘俊萍,于建全,李青松,马晓雁,杨玉龙,贾佳(5302)
三峡库区城镇化背景下河流 DOM 的吸收及荧光光谱特征 …… 陈昭宇,李思悦(5309)
川西高原河流水体 CDOM 的光化学降解特性 …… 刘堰杨,孙辉,刘琛,王小沁(5318)
三峡库区典型紫色土小流域径流及氮磷流失特征 …… 曹瑞霞,刘京,邓开开,先宇,王伟,方芳,欧阳文娟,郭劲松(5330)
九龙江流域河流磷输出对土地利用模式及水文状况的响应 …… 黄亚玲,唐莉,黄金良,肖才荣(5340)
不同尺度土地利用方式对鄱阳湖湿地水质的影响 …… 方娜,刘玲玲,游清徽,田娜,吴燕平,阳文静(5348)
太湖草藻型湖区磷赋存特征及其环境意义 …… 耿雪,文帅龙,孙培荣,徐楚天,李大鹏,黄勇(5358)
太湖竺山湾沉积物碳氮磷分布特征与污染评价 …… 方家琪,祁闯,张新厚,韩睿明,黄和笑,王卓森,王国祥(5367)
降雨强度对洱海流域凤羽河氮磷排放的影响 …… 李晓虹,雷秋良,周脚根,张亦涛,李影,胡万里,武淑霞,翟丽梅,王洪媛,刘宏斌(5375)
外源 Ca^{2+} 和 K^{+} 作用下河口区碱蓬水质净化效果和耐盐碱提高机制 …… 吴丹,孙萍,陈广琳,陈友媛,彭昌盛(5384)
泽泻(*Alisma orientale*)对全氟化合物的吸收和传输特征-浓度的影响 …… 王团团,李贝贝,王赛,华佩,陈军,应光国(5394)
复合人工湿地中反硝化除磷作用的发生及其稳定性 …… 刘冰,郑煜铭,李清飞,赵承美,魏巍,张凯(5401)
锆、镧和镧锆改性沸石添加控制底泥磷释放的对比 …… 刘婷,赵钰颖,林建伟,詹艳慧,秦琴(5411)
生物炭结构性质对氨氮的吸附特性影响 …… 陈梅,王芳,张德俐,易维明(5421)
溶解氧对悬浮与附着生长系统短程硝化反应的影响机制 …… 王嗣禹,刘灵婕,王芬,季民(5430)
间歇恒定/梯度曝气对 SNAD 工艺启动的影响 …… 李冬,刘志诚,徐贵达,李帅,张杰(5438)
共基质模式下铁盐脱氮反应器的运行性能及微生物学特征 …… 王茹,刘梦瑜,刘冰茵,赵治国,袁林江(5446)
阶梯曝气对城市污水好氧颗粒污泥系统的影响 …… 李冬,魏子清,劳会妹,李帅,张杰(5456)
酵母菌降解胞外聚合物提升剩余活性污泥的脱水性能 …… 俞心怡,向金豪,刘英,龚天翼,张彬辉,吕文洲(5465)
基于 GEE 的 1998~2018 年京津冀土地利用变化对生态系统服务价值的影响 …… 娄佩卿,付波霖,林星辰,闭璐,马瑞雪,唐廷元(5473)
基于 MDS 与 TOPSIS 模型的滨海滩涂围垦区土壤质量评价 …… 解雪峰,濮励杰,朱明,吴涛,许艳(5484)
淹水增加对闽江河口淡水潮汐湿地孔隙水地球化学特征及 CO_2 和 CH_4 排放通量的影响 …… 李敬,黄佳芳,罗敏,刘育秀,谭季,朱爱菊,王声钰,仝川(5493)
养殖塘 CH_4 排放特征及其影响因素 …… 王娇,肖薇,张秀芳,张弥,张文庆,刘强,陈争,董保华,李旭辉(5503)
施肥对高粱地土壤呼吸及其温度敏感性的影响 …… 严俊霞,张媛,焦晓燕(5515)
高硒高镉区土地安全区划方法 …… 王锐,侯宛苓,李雨潼,余涛,陈娟(5524)
不同配比复合材料对农田镉污染土壤的修复效果 …… 陈树兰,许晨阳,耿增超,王强,祝乐,龚园,拓卫卫(5531)
水铝钙石对不同镉污染农田重金属的钝化效果及机制 …… 吴秋梅,刘刚,王慧峰,胡文友,黄标(5540)
狮子山矿区不同土地利用类型对土壤微生物群落多样性的影响 …… 黄健,朱旭炎,陆金,孙雨,赵兴青(5550)
林地转型耕地对东北丘陵区白浆土 *cbbL* 细菌群落丰度和结构的影响 … 王蕊,吴宪,李刚,修伟明,王丽丽,张贵龙(5561)
粤港澳大湾区场地污染特征、治理修复与环境管理研究专辑
粤港澳大湾区污染场地土壤风险管控制度体系建设与思考 …… 常春英,董敏刚,邓一荣,肖荣波,刘丽丽(5570)
粤港澳大湾区土壤污染问题计量及可视化分析 …… 张宁,张盛,杨海超,张建通(5581)
城市生活垃圾填埋场的物质存量特征及其环境影响:以粤港澳大湾区为例 …… 马仕君,周传斌,杨光,赵志岚,刘懿颉(5593)
粤港澳大湾区丘陵地带某电镀场地重金属污染特征与迁移规律分析 …… 侯文隽,龚星,詹泽波,刘锋,黄子航,杨立宏,林晓琛(5604)
粤港澳大湾区典型化工场地苯系物污染特征及迁移规律 …… 邓一荣,陆海建,董敏刚,程洲,庄长伟,肖荣波,钟音,彭平安(5615)
针铁矿-富里酸复合材料对铅镉污染土壤的钝化修复性能 …… 刘千钧,李想,周阳媚,唐杰鹏,林亲铁,姚琨(5623)
广东大宝山矿区土壤植物体系重金属迁移过程及风险评价 …… 陈洁宜,刘广波,崔金立,肖唐付(5629)
Hydrus-1D 模型在推导基于保护地下水的土壤风险控制值中的应用 …… 林挺,罗飞,朱艳,杨坤,郗秀平(5640)
《环境科学》第40卷(2019年)总目录 …… (5649)
《环境科学》征订启事(5233) 《环境科学》征稿简则(5285) 信息(5357, 5420, 5429)

Eco-Environmental Knowledge Web

环 境 科 学
Environmental Science

第 40 卷 第 12 期 2019 年 12 月
Vol. 40, No. 12 Dec., 2019

林地转型耕地对东北丘陵区白浆土 *cbbL* 细菌群落丰度和结构的影响

王蕊, 吴宪, 李刚*, 修伟明*, 王丽丽, 张贵龙
(农业农村部环境保护科研监测所,天津 300191)

摘要: 土壤固碳细菌的 CO_2 同化作用能够将 CO_2 转化成有机质,是土壤碳循环的重要过程,然而对土地利用方式转变下土壤固碳细菌群落丰度和结构变化的了解却非常有限. 在此,采用 qPCR 和高通量测序技术研究了东北丘陵区林地转型耕地后白浆土 *cbbL* 细菌群落丰度和结构变化,并探讨了土壤理化因子在群落丰度和结构变化中的作用. 结果表明,耕地土壤细菌的 *cbbL* 基因丰度为 2.57×10^8 copies·g^{-1},显著低于林地土壤的 7.30×10^8 copies·g^{-1},但林地与耕地间 *cbbL*/16S rRNA 基因拷贝数比无显著差异. 与林地相比,耕地土壤 *cbbL* 细菌群落的 Shannon 和 Chao1 指数显著降低,而 Simpson 指数显著升高. 系统发育树分析和主坐标分析(principal co-ordinates analysis, PCoA)均表明林地转型耕地改变了土壤 *cbbL* 细菌群落组成. Pearson 相关分析表明,*cbbL* 基因丰度和 Shannon 指数均与 pH 极显著正相关,而与 AP 和 NO_3^- 显著负相关,证明了施肥导致的土壤 pH 和速效养分改变是造成土壤 *cbbL* 细菌群落丰度和多样性变化的主要原因. 典范对应分析(canonical correspondence analysis, CCA)显示,pH、NO_3^-、AP 和 NH_4^+ 与土壤 *cbbL* 细菌群落结构变化显著相关. 综上所述,了解土壤 *cbbL* 细菌群落对土地利用方式转变的响应及其微生物学机制将为加强我国东北丘陵区白浆土的可持续利用及生态环境重建提供新的见解.

关键词:丘陵区;白浆土;林地;耕地;*cbbL* 细菌群落
中图分类号: X172 **文献标识码**: A **文章编号**: 0250-3301(2019)12-5561-09 **DOI**: 10.13227/j.hjkx.201905201

Effects of Conversion of Forest to Arable Land on the Abundance and Structure of the *cbbL*-Harboring Bacterial Community in Albic Soil of the Hilly Region of Northeast China

WANG Rui, WU Xian, LI Gang*, XIU Wei-ming*, WANG Li-li, ZHANG Gui-long
(Agro-Environmental Protection Institute, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Tianjin 300191, China)

Abstract: Soil CO_2 fixer, which plays an important role in soil carbon cycling, can convert CO_2 into organic matter. However, the effect of land-use change on the abundance and community structure of soil CO_2 fixer is poorly understood. Examining the community of functional microbes that encode the large subunit of ribulose-1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase under the conversion of land-use patterns may provide valuable information for promoting soil carbon sequestration ability and sustainable use. In this study, we investigated how the abundance and community diversity of the CO_2-fixing bacteria responded to conversion of forest to arable land in the hilly region of Northeast China. We found that the abundance of soil *cbbL*-harboring bacteria was substantially lower in arable land (2.57×10^8 copies·g^{-1}, soil) compared to forest (7.30×10^8 copies·g^{-1}, soil), while the *cbbL*/16S rRNA gene ratio did not differ significantly between the two treatments. The values of the Shannon and Chao1 index decreased significantly with the conversion of forest to arable land, but the Simpson index was in contrast to these results. Neighbor-joining phylogenetic tree and principal coordinates analysis (PCoA) both demonstrated that the composition of the *cbbL*-harboring bacterial community was significantly affected by land-use change. Soil *cbbL* gene abundance and Shannon diversity significantly positively correlated with pH, and significantly negatively correlated with AP and NO_3^-, indicating that the changes in soil pH and available nutrients caused by land-use change greatly affected soil *cbbL* abundance and diversity. Meanwhile, pH, NO_3^-, available phosphorus (AP) and NH_4^+ significantly correlated with soil *cbbL*-harboring bacterial community structure. In conclusion, a 25-year long-term conversion of forest to arable land changed the community structure of soil *cbbL*-harboring bacteria, and soil pH, AP and available N played crucial roles in controlling the ecological properties of soil *cbbL*-harboring bacteria.

Key words: hilly region; albic soil; forest; arable land; *cbbL*-harboring bacterial community

全球土壤碳库约 $2.2 \times 10^3 \sim 3 \times 10^3$ Pg[1],是陆地生态系统最主要的碳汇,其封存的碳比陆地植被碳库和大气碳库高 3 和 4 倍[2~5]. 土壤碳库在陆地碳循环中占据重要地位,其细微变化会导致大气 CO_2 浓度的改变,造成全球碳平衡的变化,从而影响全球气候变化[6]. 自养土壤细菌具有同化 CO_2 的能力,能够将大气 CO_2 转化为其自身组分,在土壤碳固定中发挥重要的作用[7,8].

收稿日期: 2019-05-27; **修订日期**: 2019-07-18
基金项目: 转基因生物新品种培育科技重大专项(2015ZX08013002-004);公益性行业(农业)科研专项(201503121-04);国家自然科学基金项目(31200424);中国农业科学院科技创新工程项目
作者简介: 王蕊(1992~),女,硕士,研究实习员,主要研究方向为土壤碳和氮循环的微生物分子生态学, E-mail: wangrui920406@126.com
* 通信作者,E-mail:ligang06@caas.cn;xiuweiming@caas.cn

卡尔文(Calvin)循环是自养土壤细菌同化 CO_2 的主要途径之一,其固碳效率最高,此循环的第一步和限速步骤由核酮糖-1,5-二磷酸羧化酶/加氧酶(ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase,RubisCO)催化完成[9]. 目前共发现 4 种类型的 RubisCO(Form I-IV)[9]. 与其它类型相比,Form I 型 RubisCO 的丰度最高,且广泛存在于化能自养细菌及光能自养细菌中[9~11],在多种土壤环境中占优势[12]. Form I 型 RubisCO 的大亚基由 *cbbL* 基因编码,其作为生物标志物已广泛用于土壤环境中自养细菌的生态特征研究[13~16]. 基于 *cbbL* 基因的分子生物学研究及其与土壤环境因子的耦合分析表明土壤有机质、pH、氮和磷等是影响自养细菌活性和群落组成的主要因素[14,17~21]. 同时,土壤自养细菌对种植模式、灌溉、土地利用和耕作等环境变化和人类活动非常敏感[7,20,22,23].

土地利用方式转变是人类活动的主要方式,可以引起陆地生态系统中元素生物地球化学循环过程的变化[24]. 然而土地利用方式转变对主导土壤碳循环的自养细菌的影响却鲜有报道. 本课题组前期研究发现,东北丘陵区林地转型耕地后,土壤化学性质、微生物生物量碳以及细菌和真菌的碳源代谢活性和特征均发生了显著变化[25,26]. 因此,笔者推测对环境变化敏感的土壤自养细菌同样会因土地利用方式的转变而发生变化. 为了证明这种可能性,本研究采用 qPCR 和高通量测序技术分析了东北丘陵区林地转型耕地后白浆土 *cbbL* 细菌群落丰度和结构组成的变化,并耦合化学性质分析明确了影响 *cbbL* 细菌群落组成的关键因子,探索了土壤 *cbbL* 细菌群落对土地利用方式转变的响应,以期为东北丘陵地区土壤可持续利用及生态环境重建提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 试验地概况和土壤样品采集

试验地位于吉林省四平市伊通满族自治县的北京大北农生物技术有限公司试验示范基地和西苇林场(125°20′ N,43°15′ E),为典型丘陵区,土壤类型为白浆土,是东北地区重要的土壤资源[27]. 该地区为中温带湿润季风气候,年均降雨量和气温分别为 627.8 mm 和 4.6℃. 试验包括 2 个处理[林地(F)和耕地(A)];分别在林地和耕地中设置 15 m × 15 m 的样方和 10 m × 15 m 的小区,各 3 次重复. 林地的典型林分为红松(*Pinuskoraiensis*),林龄 50 年以上;耕地为农用坡耕地,紧邻林地,25 年前出于农业生产需要由林地转型而来,耕作制度采取玉米连作,仅施用化肥,近 5 年化肥(N∶P∶K = 15∶15∶15 复合肥)施用量平均为 750 $kg \cdot hm^{-2}$,以基肥形式一次性施入. 由于地处丘陵区,当地玉米生产采取人工种植和收获方式,其它田间管理措施按照当地常规操作进行.

2017 年 6 月底使用直径 3.5 cm 的土壤采样器在林地和耕地中采集土壤样品,采样深度为 0 ~ 15 cm. 在每个样方(小区)中依据 W 形多点采样法采集 15 个土芯,并将其充分混合形成一份土壤样品. 样品装入灭菌自封袋中于低温样品储藏箱中运送至实验室. 将每份土壤样品过筛(<2 mm)以去除根碎片和有机残骸,然后分为两份子样品,一份子样品于 -70℃保存用于 DNA 提取,另一份子样品风干后用于土壤理化性质分析. 土壤理化性质见表 1[26].

表 1 林地和耕地的土壤理化性质[1)]

Table 1 Soil properties of forest and arable land

项目	TN /g·kg^{-1}	TP /g·kg^{-1}	OM /g·kg^{-1}	AP /mg·kg^{-1}	NO_3^--N /mg·kg^{-1}	NH_4^+-N /mg·kg^{-1}	pH
F	0.77 ± 0.01a	0.28 ± 0.02b	33.13 ± 1.49a	2.49 ± 0.32b	5.88 ± 0.60b	1.16 ± 0.17b	5.58 ± 0.02a
A	0.74 ± 0.02a	0.52 ± 0.07a	26.39 ± 5.47a	79.32 ± 2.61a	126.46 ± 11.63a	2.72 ± 0.91a	4.72 ± 0.06b

1)数据为平均值 ± SD(n = 3);不同小写字母表示差异达到显著水平(P < 0.05);F 为林地;A 为耕地;TN 为总氮;TP 为总磷;OM 为有机质;AP 为速效磷;NO_3^--N为硝态氮;NH_4^+-N为铵态氮;pH 为土壤 pH 值,下同

1.2 土壤 DNA 提取和 qPCR

使用 PowerSoil™ Total DNA Isolation 试剂盒(Mo Bio Laboratories, Solana Beach, CA, USA)按照操作说明书从 0.25 g 土壤提取 DNA. 使用 NanoDrop ND-2000 分光光度计(NanoDrop Technologies, USA)测定提取 DNA 的浓度并评价其质量.

在 Stratagene Mx3005P Real-time PCR 仪上进行 qPCR 测定细菌 16S rRNA 基因和 *cbbL* 基因丰度,扩增引物分别为 515F/927R[28] 和 k2f/v2r[18]. 25 μL 的 PCR 反应混合体系包括 12.5 μL 的 SYBR Premix Ex *Taq*™ Buffer(2 ×)(TaKaRa, Bio Inc., Shiga, Japan),0.5 μL 的每种引物(10 $\mu mol \cdot L^{-1}$),0.5 μL 的 ROX Reference Dye II,0.05 μL 的 T4 gene 32 protein(Roche, Laval, Quebec, Canada)以及 1.0 μL

的土壤 DNA 模板(*cbbL* 和 16S rRNA 基因扩增前分别对 DNA 样品进行 10 倍和 20 倍稀释)或标准质粒. 细菌 16S rRNA 基因的扩增程序如下:95℃变性 2 min, 95℃变性 15 s, 55℃退火 30 s,72℃延伸 30 s,35 个循环. 细菌 *cbbL* 基因的扩增程序如下:95℃变性 2 min, 95℃变性 15 s,62℃退火 30 s,72℃延伸 30 s,35 个循环. 本试验中设置空白对照,空白对照和土壤 DNA 样品各 3 次重复. 通过熔解曲线和凝胶电泳分析以证实扩增的特异性. 采用 pGEM® -T Easy vector(Promega, USA)构建含目的基因的标准质粒,并通过测序予以验证,采用 10 倍系列稀释的质粒绘制标准曲线. 细菌 16S rRNA 基因和 *cbbL* 基因的扩增效率分别为 103.3% 和 88.2% ,R^2 分别为 0.997 和 1.000.

1.3　Illumina 高通量测序和数据分析

采用 Illumina MiSeq 平台和上述引物获得细菌 *cbbL* 基因的 PCR 产物. 为了区分不同土壤样品产生的扩增子,在 PCR 产物末端连接上 6 bp 的 barcode 序列. PCR 产物经琼脂糖凝胶电泳检测并用 Agencourt AMPure XP(Beckman Coulter, Inc. S. Kraemer Boulevard Brea, CA, USA)清洗. 采用 Qubit™ ssDNA Assay Kit(Invitrogen, Thermo Fisher Scientific, USA)测定纯化 PCR 产物的浓度. 然后将每个样品的 PCR 产物等量混合进行序列分析. 测序由生工生物工程(上海)有限公司完成.

分析前要去除短于 200 bp、含有任何模糊碱基以及平均质量值低于 20 的序列,同时去除标签或引物中的任何核酸错配. 采用 PEAR 根据 PE 序列之间的 overlap 关系,将成对的序列拼接成一条序列,之后按照 barcode 标签序列识别并区分样品得到相应样品数据. 使用 USEARCH 去除非特异扩增和嵌合体序列,并在 97% 的相似度水平上将高质量的核酸序列聚类到操作分类单元(operational taxonomic units, OTUs). 分析中也要排除具有单独序列的 OTU 以去除由于序列错误所差生的虚假 OTU. 在计算 *cbbL* 细菌群落的多样性指数(Chao 1、Shannon 和 Simpson 指数)前,采取重新抽样程序,按照土壤样品的最低序列数抽取序列以消除不均匀的序列偏差. 采用 BLAST 对照 GenBank 获得每个 OTU 的代表性序列,然后采用 Muscle 基于翻译的氨基酸序列的比对结果进行多序列比对,使用 MEGA 7 将所选序列(至少在一个样品中的序列丰度 > 1.0%)依照邻接法构建系统发育树,设置 1000 次引导重复. 将高通量测序获得的序列数据提交至 NCBI 的 GenBank 数据库,提取号为 SRR9302158.

1.4　数据分析

采用 SPSS 统计软件(version 20.0, IBM SPSS Inc.)进行 Pearson 相关分析和方差分析. 根据 OTU 表计算 Chao 1 丰富度、Shannon 多样性和 Simpson 优势度指数,采用基于 weighted unifrac 距离矩阵的主坐标分析(principal co-ordinates analysis, PCoA)确定 *cbbL* 细菌群落的组成差异. 采用 CANOCO for Windows 4.5.1 软件(Microcomputer Power, Inc., Ithaca. NY)进行典范对应分析(canonical correspondence analysis, CCA)以评价环境因子对 *cbbL* 细菌群落结构的影响. 使用 Monte Carlo 检验在 CCA 中执行手工预选变量程序以确定环境变量的显著性($P < 0.05$). 相关图采用 Origin 9.0 绘制.

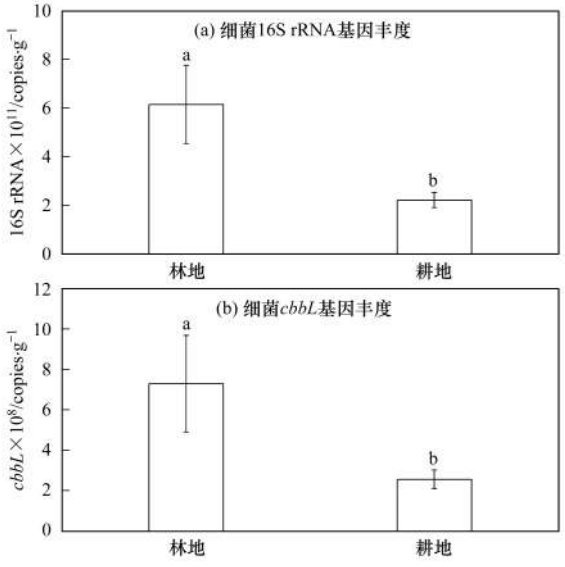
2　结果与分析

2.1　土壤细菌 16S rRNA 和 *cbbL* 基因丰度

林地和耕地土壤细菌 16S rRNA 基因拷贝数(以土质量计,下同)分别为 6.16×10^{11} 和 2.22×10^{11} copies·g^{-1}[图 1(a)],*cbbL* 基因拷贝数分别为 7.30×10^{8} 和 2.57×10^{8} copies·g^{-1}[图 1(b)],林地土壤细菌 16S rRNA 基因和 *cbbL* 基因丰度均显著高于耕地($P < 0.05$). 林地和耕地的 *cbbL*/16S rRNA 基因拷贝数比均为 0.12% ,差异不显著($P > 0.05$).

2.2　*cbbL* 细菌群落结构

所有土壤样品共获得 364,498 条高质量的 *cbbL* 基因序列,每个样品的序列数范围为 54 952 ~ 63 714,可聚类为 877 个 OTU. 为保证不同样品间



不同小写字母表明差异显著($P < 0.05$)

图 1　林地和耕地土壤细菌 16S rRNA 和 *cbbL* 基因丰度

Fig. 1　Abundance of bacterial 16S rRNA and *cbbL* genes in soils of forest and arable land

cbbL 细菌群落多样性指数和结构的可比性,笔者按照土壤样品的最低序列数(30 282条序列)进行重新抽样. 所有处理的覆盖度均大于0.99,表明 Illumina MiSeq 测序的结果可信. 耕地的 Shannon 和 Chao1 指数显著低于林地($P<0.05$),而 Simpson 指数显著高于林地($P<0.05$),见表2.

表2 林地和耕地土壤 *cbbL* 细菌群落的多样性指数

Table 2 Diversity indices of the *cbbL*-harboring bacterial community in soils of forest and arable land

项目	覆盖度	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
F	0.999 3 ± 0.001a	357.42 ± 16.29a	4.37 ± 0.33a	0.03 ± 0.02b
A	0.999 5 ± 0.003a	183.01 ± 16.31b	2.87 ± 0.14b	0.13 ± 0.03a

优势 *cbbL* 细菌的 OTU(>1%)共52个(图2),根据系统发育树,其隶属于变形菌门(Proteobacteria)的 α-变形菌纲(α-Proteobacteria)、β-变形菌纲(β-Proteobacteria)和 γ-变形菌纲(γ-Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)的放线菌纲(Actinobacteria)以及2个无法归类的簇,整体上可划分为 Form IA 和 Form IC 两类,其中 Form IA 类包括13个 OTU,Form IC 类包括39个 OTU(图3). 林地和耕地中 Form IC 类优势 OTU 分别占总丰度的57.34%和63.21%,而 Form IA 类优势 OTU 分别占4.89%和25.73%,与林地相比,耕地中 Form IA 类优势 OTU 的比例显著增加($P<0.05$),见图2. Form IC 类中,α-变形菌纲(α-Proteobacteria)在林地和耕地的相对丰度分别为11.59%和0.54%,β-变形菌纲(β-Proteobacteria)、γ-变形菌纲(γ-Proteobacteria)、放线菌纲(Actinobacteria)和 Unclassified cluster I 的相对丰度分别为28.29%和50.77%、1.00%和7.20%、13.72%和3.29%以及2.73%和1.42%;Form IA 类中,Unclassified cluster II 和 α-变形菌纲(α-Proteobacteria)在林地和耕地中的相对丰度分别为4.88%和0.01%以及0.01%和25.72%,除 Unclassified cluster I 外,各类群的相对丰度在林地和耕地间均发生显著变化. 对林地和耕地间优势 OTU 的相对丰度进行显著性分析发现(图4),22个 OTU 表现出显著差异($P>0.05$),与林地相比,耕地中 OTU185、OTU166、OTU32、OTU15、OTU33、OTU12、OTU113、OTU389、OTU106、OTU385、OTU60、OTU769、OTU56、OTU339 和 OTU51 的相对丰度显著升高($P>0.05$),而 OTU277、OTU817、OTU458、OTU571、OTU428、OTU565 和 OTU429 的相对丰度显著降低($P>0.05$). PCoA 分析表明,林地和耕地的 *cbbL* 细菌群落结构不同(图5). 综合以上结果说明林地转型耕地改变了 *cbbL* 细菌群落组成.

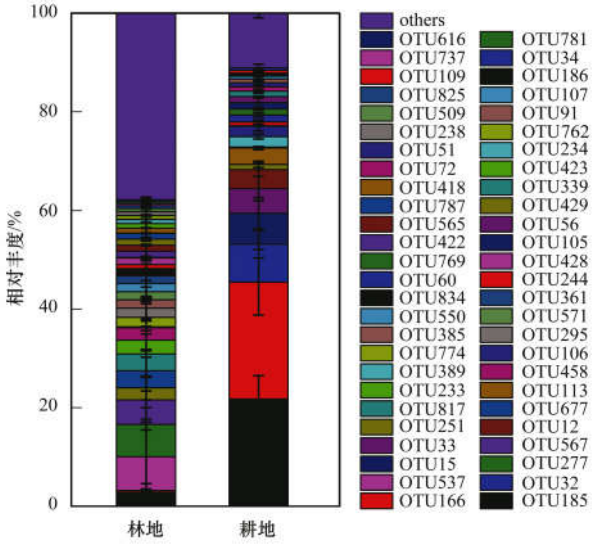


图2 林地和耕地土壤 *cbbL* 细菌群落的 OTU 组成

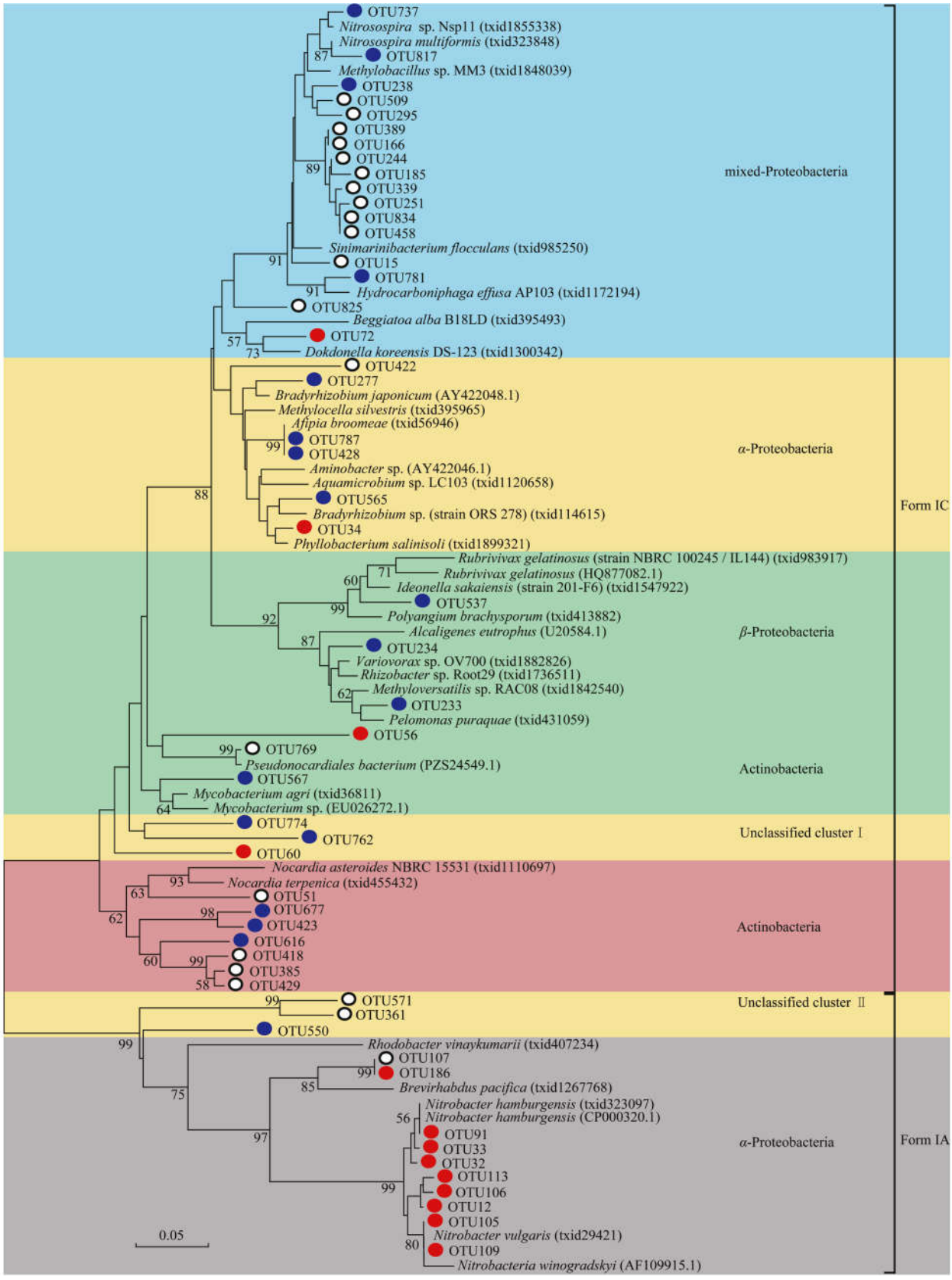
Fig. 2 OTU composition of the *cbbL*-harboring bacterial community in soils of forest and arable land

2.3 土壤理化性质、基因丰度及多样性的相关分析

将细菌 16S rRNA 基因丰度、*cbbL* 基因丰度、*cbbL* 细菌群落的 Shannon 多样性指数及关键理化因子(pH、OM、AP、NO_3^- 和 NH_4^+)进行 Pearson 相关分析,结果表明,细菌 16S rRNA 基因丰度、*cbbL* 基因丰度和 *cbbL* 细菌群落的 Shannon 多样性指数均与 pH 呈显著正相关关系,而与 AP 和 NO_3^- 呈显著负相关关系(表3),说明林地转型耕地后,长期施肥所导致的土壤 pH 降低及速效养分的增加对土壤细菌和 *cbbL* 细菌丰度以及 *cbbL* 细菌多样性有显著的负面影响. 同时发现,细菌 *cbbL* 基因丰度与 16S rRNA 基因丰度呈极显著正相关关系,表明固碳细菌的种群丰度变化与细菌整体丰度变化表现一致. 此外,*cbbL* 细菌群落的 Shannon 多样性指数与细菌 *cbbL* 基因丰度和 16S rRNA 基因丰度均呈极显著正相关关系.

2.4 土壤理化因子与 *cbbL* 细菌群落的 CCA 分析

采用 CCA 分析确定环境因子对土壤 *cbbL* 细菌群落组成的潜在影响(图6). 结果表明,Axis1 和 Axis2 可以分别解释土壤 *cbbL* 细菌群落变异的54.9%和21.8%. 林地和耕地沿 Axis1 分离,表明林地和耕地的 *cbbL* 细菌群落组成不同. 蒙特卡洛分析表明,pH($R^2=0.900$, $P=0.002$)、NO_3^-($R^2=$



仅列出相对丰度大于 1% 的 OUT；○为共有，●为林地特有，●为耕地特有

图 3　土壤 *cbbL* 细菌群落的系统发育树

Fig. 3　Phylogenetic tree of the soil *cbbL*-harboring bacterial community

0.895，$P=0.002$）、AP（$R^2=0.893$，$P=0.002$）和 NH_4^+（$R^2=0.646$，$P=0.002$）是影响 *cbbL* 细菌群落结构的主要因子，其中 pH 与林地土壤 *cbbL* 细菌群落显著正相关，而 NO_3^-、AP 和 NH_4^+ 与耕地土壤 *cbbL* 细菌群落显著正相关，并且 AP 和 NO_3^- 的影响程度大于 NH_4^+.

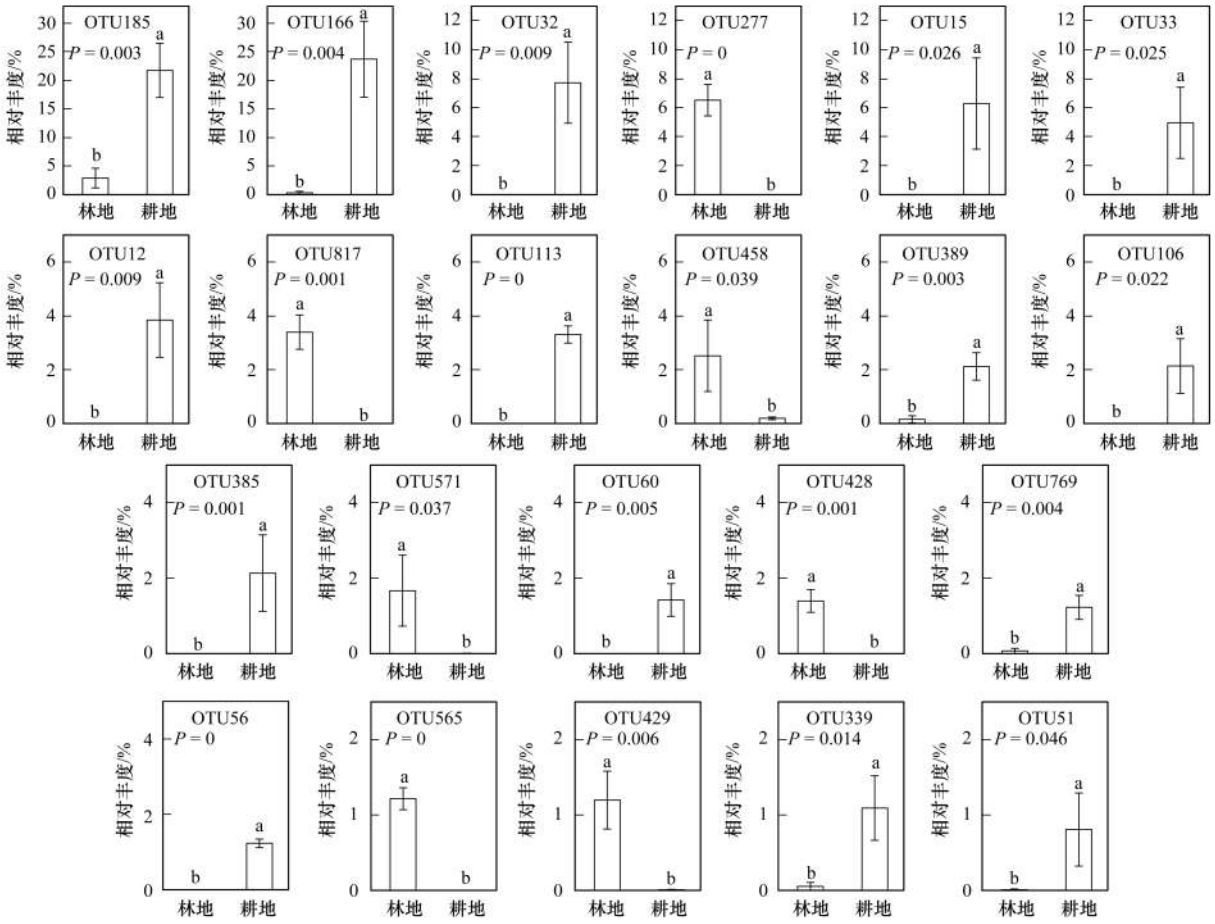


图 4 林地与耕地间 22 个相对丰度显著差异的优势 OTU

Fig. 4 The 22 dominant OTUs with significant differences in relative abundance between forest and arable land

表 3 林地和耕地土壤理化性质、细菌 16S rRNA 基因丰度、*cbbL* 基因丰度和 Shannon 多样性指数间的相关性[1)]

Table 3 Relationship between soil physicochemical parameters, bacterial 16S rRNA gene abundance, *cbbL* gene abundance, and Shannon diversity in soils of forest and arable land by Pearson correlation method

项目	丰度		*cbbL* 的 Shannon 多样性
	16S rRNA	*cbbL*	
pH	0.894 *	0.849 *	0.962 **
有机质	0.734	0.726	0.721
速效磷	−0.900 *	−0.860 *	−0.962 **
硝态氮	−0.891 *	−0.854 *	−0.949 **
铵态氮	−0.737	−0.717	−0.766
16S rRNA 基因丰度	1	0.995 **	0.967 **
cbbL 基因丰度	0.995 **	1	0.940 **
Shannon 多样性	0.967 **	0.940 **	1

1) * 表示 $P<0.05$; * * 表示 $P<<0.01$

3 讨论

通过 qPCR 分析在林地和耕地土壤中均检出较高丰度的 *cbbL* 基因,说明本研究的林地和耕地土壤中均存在相当数量的自养细菌. 土地利用方式的变化会影响微生物群落的数量和多样性[29]. 耕地土壤 16S rRNA 基因和 *cbbL* 基因数量均显著低于林地,说明这种土地利用类型的转变对土壤总体细菌和自养细菌丰度均产生显著影响. 但对 *cbbL*/16S rRNA 基因拷贝数比分析发现,林地和耕地间差异并不显著,说明林地转型耕地抑制了所有细菌的生长,而不仅仅是土壤 *cbbL* 细菌. 这与 Hu 等[30]在长期施肥对喀斯特土壤 *phoD* 细菌群落的影响的研究结果具有相似性. 多样性指数是评价不同土壤微生物群落多样性的有效手段[31],Shannon 指数和丰富度高表明微生物群落多样性高. 本研究发现,耕地的 Shannon 指数和 Chao1 指数均显著降低,而 Simpson 指数显著升高,说明相比于林地这种自然生

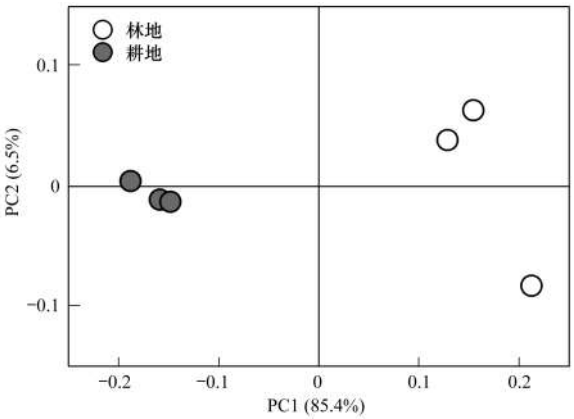


图 5　林地和耕地土壤 *cbbL* 细菌群落的 PCoA 分析

Fig. 5　PCoA analysis of the changes of the *cbbL*-harboring bacterial community in soils of forest and arable land

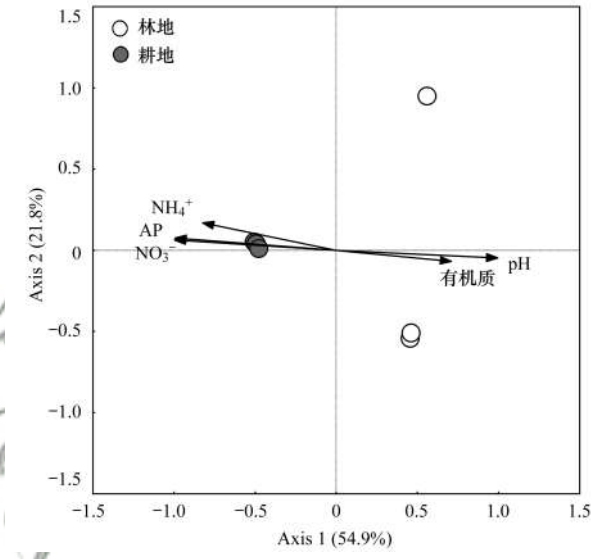


图 6　土壤 *cbbL* 细菌群落结构的典范对应分析

Fig. 6　Soil *cbbL*-harboring bacterial community structure by CCA analysis

态系统，耕地土壤的 *cbbL* 细菌多样性降低. 然而，Zhou 等[32]的研究发现，与对照不施肥处理相比，施肥处理显著提高了土壤 *cbbL* 基因的 α-多样性，说明施肥对土壤 *cbbL* 多样性具有积极的影响[18, 33]. 这与本研究的结果不同，分析发现这些研究的对象均为农田生态系统，而本研究的对象是 2 种截然不同生态系统（森林生态系统和农田生态系统），因此才会出现这种相反的研究结果.

高通量测序的结果表明林地和耕地土壤中大多数 *cbbL* OTUs 隶属于未知细菌门（分别占林地和耕地总 OTU 的 94% 和 98%），这与 Zhou 等[32]的研究结果一致. 进一步对高通量测序结果进行筛选，仅对可注释的含 *cbbL* 的门进行分析，结果表明变形菌门（Proteobacteria）的相对丰度最高（数据未列出），这与一些研究所报道的结果相一致[18, 32, 34~36]. 分析过程中发现 NCBI 的 GeneBank 数据库序列信息的限制是导致对大多数序列无法进行深度注释的原因，因此，本研究选取优势 *cbbL* 细菌的 OUT 并在氨基酸水平上重新进行分析和构建系统发育树（图 4），结果表明优势 *cbbL* 细菌的 OUT 可归入于 α-变形菌纲（α-Proteobacteria）、β-变形菌纲（β-Proteobacteria）、γ-变形菌纲（γ-Proteobacteria）、放线菌纲（Actinobacteria）以及 2 个无法归类的簇，这与 Lynn 等[19]和刘琼等[31]的研究结果相似. 这些 OUT 可归为 2 大类，即 Form IA 类和 Form IC 类. 从整体上看，Form IC 类的相对丰度在林地和耕地间差异不显著，而耕地的 Form IA 类的相对丰度显著升高，说明 Form IA 类 *cbbL* 细菌可能对林地转型耕地的响应更加强烈. 然而对这 2 大类中的每一小类的相对丰度在林地和耕地间差异分析发现，林地的 Form IC 类 α-变形菌纲（α-Proteobacteria）和放线菌纲（Actinobacteria）的相对丰度显著高于耕地，而 β-变形菌纲（β-Proteobacteria）和 γ-变形菌纲（γ-Proteobacteria）的相对丰度显著低于耕地，说明虽然整体上 Form IC 类 *cbbL* 细菌的相对丰度未发生显著变化，但在更深层次的分类水平上其群落组成发生了显著改变；而在 Form IA 类中，林地的 α-变形菌纲（α-Proteobacteria）的相对丰度却显著低于耕地，说明生物分类学水平相同的同一纲的 *cbbL* 细菌对林地向耕地的转型产生的应答不同，而林地的 Unclassified cluster II 的相对丰度显著高于耕地. 以上这些结果也均表明林地向耕地的转型过程中，土壤 *cbbL* 细菌的群落结构发生了显著变化. 同时，PCoA 分析（图 5）也进一步证明了林地转型耕地改变了土壤 *cbbL* 细菌群落组成. 本研究中，21 个林地和耕地共有优势 OTU 中的 18 个为 Form IC 类，3 个为 Form IA 类，18 个林地特有的优势 OTU 中的 17 个为 Form IC 类，1 个为 Form IA 类，13 个耕地特有的优势 OTU 中的 4 个为 Form IC 类，9 个为 Form IA 类. 显著性分析表明，22 个 OTU 表现出显著差异（$P > 0.05$），而笔者发现这个数值小于林地和耕地特有 OTU 数量以及存在显著差异共有 OTU 的数量的总和，分析认为土壤不均一性所导致的个别 OTU 在 3 次重复间差异很大是造成此结果的主要原因. 通过进化树对可归类到属的优势 OTU 进行分析发现，一些林地特有的 OTU 隶属于亚硝化螺菌属（*Nitrosospira*）（OTU737 和 OTU817）和慢生根瘤菌属（*Bradyrhizobium*）（OTU277），多数耕地特有的 OTU 隶属于硝化杆菌属（*Nitrobacter*）（OTU91、OTU33、OTU32、OTU113、OTU106、OTU12、OTU105 和 OTU109），亚硝化螺菌属（*Nitrosospira*）是氨氧化细菌，慢生根瘤菌属（*Bradyrhizobium*）是自由

生存的共生 N_2 固定微生物,硝化杆菌属(*Nitrobacter*)是亚硝酸盐氧化细菌,这些属的微生物可能在各自生态系统的土壤 C 和 N 循环耦合中发挥重要作用.

本研究中,耕地土壤 pH 显著低于林地,说明林地转型耕地后的长期施肥导致土壤酸化[37~39],相关分析显示细菌 16S rRNA 基因丰度和 *cbbL* 基因丰度均与 pH 显著正相关,证明了土壤 pH 的改变直接导致了土壤细菌总数量和固碳细菌数量的降低. 同时,细菌 16S rRNA 基因丰度和 *cbbL* 基因丰度与 AP 和 NO_3^- 显著负相关,说明化肥长期投入所带来的速效养分增加没有促进细菌总数量和固碳细菌数量的增加,相反却改变了土壤 *cbbL* 细菌种类,群落中优势种更加突出,群落的 Shannon 多样性指数降低. 这一结果同样与[18,32]的结果相反,再次说明施肥处理在农田生态系统和不同生态系统(森林生态系统和农田生态系统)间的影响不同. 相关性分析也发现,*cbbL* 细菌群落的 Shannon 多样性指数与细菌 *cbbL* 基因丰度极显著正相关,同样说明土壤 *cbbL* 细菌与整体细菌对土地利用方式转变的响应具有协同性. 同时,*cbbL* 细菌群落的 Shannon 多样性指数与细菌 *cbbL* 基因丰度和 16S rRNA 基因丰度也极呈极显著正相关,这与 Lynn 等[19]对 3 种自然生态系统中土壤固碳细菌多样性的研究结果一致. CCA 分析表明,林地转型耕地后的 26 年长期施肥改变了土壤 *cbbL* 细菌群落结构(图 6),这与 Yuan 等[18]、Lynn 等[19]以及 Zhou 等[32]的研究结果相似. 土壤 pH、NO_3^-、AP 和 NH_4^+ 是决定土壤 *cbbL* 群落结构的关键变量,这与一些研究的结果具有相似性[18,19,35,40]. 由此可见,林地转型后的 26 年长期施肥通过直接影响土壤的 pH 及速效养分含量从而改变了土壤 *cbbL* 细菌的生态特征. 而本研究中,OM 对土壤 *cbbL* 细菌群落结构的影响并不显著,分析认为可能的原因是本研究由于受地理条件的限制,玉米的种植和收获均采用人工方式,玉米生产结束后,仅地上部分移出农田外,其根茬仍全部保留在农田里,导致耕地土壤有机质含量较林地下降不显著.

本研究中未测定土壤固碳活性,因此无法评价林地转型耕地后土壤固碳活性的变化,在今后的研究中,要采取 qPCR、稳定同位素探针、RNA seq 等技术在 RNA 水平上对林地和耕地这 2 种生态系统的土壤固碳细菌的转录情况进行分析,并结合固碳酶活性的测定,深入探讨林地转型耕地对土壤固碳活性的影响及其微生物学机制.

4 结论

与林地相比,耕地土壤细菌 16S rRNA 和 *cbbL* 基因丰度显著降低. 26 年的长期耕作也显著降低了耕地土壤 *cbbL* 细菌的 Shannon 和 Chao1 指数,而 Simpson 指数显著增高. 林地转型耕地导致土壤化学性质的改变,其中 pH、AP 和 NO_3^- 是决定细菌 *cbbL* 基因丰度和 Shannon 指数的主要环境因子. 土壤 *cbbL* 细菌群落结构也因林地转型耕地而发生显著变化,pH、NO_3^-、AP 和 NH_4^+ 的变化共同引起了土壤 *cbbL* 细菌群落结构的改变. 通过对土壤化学性质的影响,林地转型耕地主要降低了土壤 *cbbL* 基因丰度,并引起了土壤 *cbbL* 细菌群落结构的变化.

参考文献:

[1] 曹煦彬, 林娣, 蔡璐, 等. 鄱阳湖南矶山湿地不同植被类型对土壤碳组分、羧化酶及 *cbbl* 基因的影响[J]. 土壤学报, 2017, **54**(5): 1269-1279.
Cao X B, Lin D, Cai L, *et al*. Effects of different vegetation communities on soil carbon fraction, RubisCO activity and *cbbl* genes in Nanjishan Wetland of Poyang Lake[J]. Acta Pedologica Sinica, 2017, **54**(5): 1269-1279.

[2] Lal R. Soil carbon sequestration impacts on global climate change and food security[J]. Science, 2004, **304**(5677): 1623-1627.

[3] McCarl B A, Metting F B, Rice C. Soil carbon sequestration [J]. Climatic Change, 2007, **80**(1-2): 1-3.

[4] Lacis A A, Schmidt GA, Rind D, *et al*. Atmospheric CO_2: principal control knob governing earth's temperature [J]. Science, 2010, **330**(6002): 356-359.

[5] Vicente-Vicente J L, García-Ruiz R, Francaviglia R, *et al*. Soil carbon sequestration rates under Mediterranean woody crops using recommended management practices: a meta-analysis [J]. Agriculture, Ecosystem & Environment, 2016, **235**: 204-214.

[6] Yousuf B, Keshri J, Mishra A, *et al*. Application of targeted metagenomics to explore abundance and diversity of CO_2-fixing bacterial community using *cbbl* gene from the rhizosphere of *Arachis hypogaea*[J]. Gene, 2012, **506**(1): 18-24.

[7] Dong Z, Layzell D B. H_2 oxidation, O_2 uptake and CO_2 fixation in hydrogen treated soils[J]. Plant and Soil, 2001, **229**(1): 1-12.

[8] Stein S, Selesi D, Schilling R, *et al*. Microbial activity and bacterial composition of H_2-treated soils with net CO_2 fixation [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2005, **37**(10): 1938-1945.

[9] Tabita F R. Microbial ribulose 1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase: a different perspective[J]. Photosynthesis Research, 1999, **60**(1): 1-28.

[10] Pichard S L, Campbell L, Paul J H. Diversity of the ribulose bisphosphate carboxylase/oxygenase form I gene (*rbcL*) in natural phytoplankton communities[J]. Applied Environment and Microbiology, 1997, **63**(9): 3600-3606.

[11] Shively J M, Van Keulen G, Meijer W G. Something from almost nothing: carbon dioxide fixation in chemoautotrophs[J]. Annual Review of Microbiology, 1998, **52**: 191-230.

[12] Tcherkez G G B, Farquhar G D, Andrews T J. Despite slow catalysis and confused substrate specificity, all ribulose bisphosphate carboxylases may be nearly perfectly optimized[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2006, **103**(19): 7246-7251.

[13] Paul J H, Alfreider A, Wawrik B. Micro-and macrodiversity in *rbcL* sequences in ambient phytoplankton populations from the southeastern Gulf of Mexico[J]. Marine Ecology Progress Series,

2000, **198**: 9-18.

[14] Tolli J, King G M. Diversity and structure of bacterial chemolithotrophic communities in pine forest and agroecosystem soils[J]. Applied Environment and Microbiology, 2005, **71**(12): 8411-8418.

[15] Selesi D, Pattis I, Schmid M, *et al*. Quantification of bacterial RubisCO genes in soils by *cbbL* targeted real-time PCR[J]. Journal of Microbiological Methods, 2007, **69**(3): 497-503.

[16] Xiao K Q, Bao P, Bao Q L, *et al*. Quantitative analyses of ribulose-1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase (RubisCO) large-subunit genes (*cbbL*) in typical paddy soils[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2013, **87**(1): 89-101.

[17] Miltner A, Kopinke F D, Kindler R, *et al*. Non-phototrophic CO_2 fixation by soil microorganisms[J]. Plant and Soil, 2005, **269**(1-2): 193-203.

[18] Yuan H Z, Ge T D, Wu X H, *et al*. Long-term field fertilization alters the diversity of autotrophic bacteria based on the ribulose-1, 5-biphosphate carboxylase/oxygenase (RubisCO) large-subunit genes in paddy soil[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2012, **95**(4): 1061-1071.

[19] Lynn T M, Ge T D, Yuan H Z, *et al*. Soil carbon-fixation rates and associated bacterial diversity and abundance in three natural ecosystems[J]. Microbial Ecology, 2017, **73**(3): 645-657.

[20] Wu X H, Ge T D, Yan W D, *et al*. Irrigation management and phosphorus addition alter the abundance of carbon dioxide-fixing autotrophs in phosphorus-limited paddy soil[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2017, **93**(12), doi: 10.1093/femsec/fix154.

[21] Huang X Z, Wang C, Liu Q, *et al*. Abundance of microbial CO_2-fixing genes during the late rice season in a long-term management paddy field amended with straw and straw-derived biochar[J]. Canadian Journal of Soil Science, 2018, **98**(2): 306-316.

[22] Yuan H Z, Ge T D, Zou S Y, *et al*. Effect of land use on the abundance and diversity of autotrophic bacteria as measured by ribulose-1, 5-biphosphate carboxylase/oxygenase (RubisCO) large subunit gene abundance in soils[J]. Biology and Fertility of Soils, 2013, **49**(5): 609-616.

[23] Ge T D, Wu X H, Liu Q, *et al*. Effect of simulated tillage on microbial autotrophic CO_2 fixation in paddy and upland soils[J]. Scientific Report, 2016, **6**: 19784.

[24] 孙瑞, 孙本华, 高明霞, 等. 长期不同土地利用方式下土土壤微生物特性的变化[J]. 植物营养与肥料学报, 2015, **21**(3): 655-663.
Sun R, Sun B H, Gao M X, *et al*. Changes of soil microbial characteristics under long-term different land use patterns on an anthropogenic loess soil[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2015, **23**(3): 655-663.

[25] 朱珂, 王蕊, 李刚, 等. 土地利用方式变化对白浆土微生物生物量碳及代谢特征的影响[J]. 农业环境科学学报, 2018, **37**(10): 2194-2201.
Zhu K, Wang R, Li G, *et al*. The response of microbial biomass carbon and metabolic characteristics of albic soil to land use change[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2018, **37**(10): 2194-2201.

[26] 王蕊, 朱珂, 李刚, 等. 东北丘陵区林地、耕地和草地土壤真菌群落代谢特征[J]. 农业环境科学学报, 2018, **37**(9): 1925-1932.
Wang R, Zhu K, Li G, *et al*. Metabolic characteristics of responses of soil fungi to land-use changes in the hilly regions of northeast China[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2018, **37**(9): 1925-1932.

[27] 孟庆英, 张春峰, 贾会彬, 等. 不同机械改土方式对白浆土物理特性及酶活性的影响[J]. 土壤学报, 2016, **53**(2): 552-559.
Meng Q Y, Zhang C F, Jia H B, *et al*. Effects of mechanical soil amelioration method on physical properties of and enzyme activity in planosol[J]. Acta Pedologica Sinica, 2016, **53**(2): 552-559.

[28] Ducey T F, Shriner A D, Hunt P G. Nitrification and denitrification gene abundances in swine wastewater anaerobic lagoons[J]. Journal of Environmental Quality, 2011, **40**(2): 610-619.

[29] 沈冰洁, 祝贞科, 袁红朝, 等. 不同种植方式对亚热带红壤微生物多样性的影响[J]. 环境科学, 2015, **36**(10): 3839-3844.
Shen B J, Zhu Z K, Yuan H Z, *et al*. Effects of different plantation type on the abundance and diversity of soil microbes in subtropical red soils[J]. Environmental Science, 2015, **36**(10): 3839-3844.

[30] Hu Y J, Xia Y H, Sun Q, *et al*. Effects of long-term fertilization on *phoD*-harboring bacterial community in Karst soils[J]. Science of the Total Environment, 2018, **628-629**: 53-63.

[31] 刘琼, 魏晓梦, 吴小红, 等. 稻田土壤固碳功能微生物群落结构和数量特征[J]. 环境科学, 2017, **38**(2): 760-768.
Liu Q, Wei X M, Wu X H, *et al*. Characteristic of abundances and diversity of carbon dioxide fixation microbes in paddy soils[J]. Environmental Science, 2017, **38**(2): 760-768.

[32] Zhou Z F, Wei W L, Shi X J, *et al*. Twenty-six years of chemical fertilization decreased soil RubisCO activity and changed the ecological characteristics of soil *cbbL*-carrying bacteria in an entisol[J]. Applied Soil Ecology, 2019, **141**: 1-9.

[33] Selesi D, Schmid M, Hartmann A. Diversity of green-like and red-like ribulose-1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large-subunit genes (*cbbL*) in differently managed agricultural soils[J]. Applied Environment and Microbiology, 2005, **71**(1): 175-184.

[34] Esparza M, Cárdenas J P, Bowien B, *et al*. Genes and pathways for CO_2 fixation in the obligate, chemolithoautotrophic *acidophile*, *Acidithiobacillus ferrooxidans*, carbon fixation in A. *ferrooxidans*[J]. BMC Microbiology, 2010, **10**: 229.

[35] Tang Z X, Fan F L, Wan Y F, *et al*. Abundance and diversity of RubisCO genes responsible for CO_2 fixation in arid soils of Northwest China[J]. Pedosphere, 2015, **25**(1): 150-159.

[36] Xiao H B, Li Z W, Chang X F, *et al*. Microbial CO_2 assimilation is not limited by the decrease in autotrophic bacterial abundance and diversity in eroded watershed[J]. Biology and Fertility of Soils, 2018, **54**(5): 595-605.

[37] Guo J H, Liu X J, Zhang Y, *et al*. Significant acidification in major Chinese croplands[J]. Science, 2010, **327**(5968): 1008-1010.

[38] Juo A S R, Dabiri A, Franzluebbers K. Acidification of a kaolinitic Alfisol under continuous cropping with nitrogen fertilization in West Africa[J]. Plant and Soil, 1995, **171**(2): 245-253.

[39] Matsuyama N, Saigusa M, Sakaiya E, *et al*. Acidification and soil productivity of allophanic Andosols affected by heavy application of fertilizers[J]. Soil Science and Plant Nutrition, 2005, **51**(1): 117-123.

[40] Long X E, Yao H Y, Wang J, *et al*. Community structure and soil pH determine chemoautotrophic carbon dioxide fixation in drained paddy soils[J]. Environmental Science & Technology, 2015, **49**(12): 7152-7160.

HUANJING KEXUE

Environmental Science (monthly)

Vol. 40 No. 12

Dec. 15, 2019

CONTENTS

Concentration Characteristics and Assessment of Model-Predicted Results of $PM_{2.5}$ in the Beijing-Tianjin-Hebei Region in Autumn and Winter ····· ZHU Yuan-yuan, GAO Yu-xiao, LIU Bing, *et al.* (5191)

Chemical Composition Characteristics and Source Apportionment of $PM_{2.5}$ During the Heating Period of 2016-2017 in the Eastern Part of the North China Plain ····· ZHANG Yi-qin, WANG Jie, GAO Jian, *et al.* (5202)

Change in Characteristics of Pollution Gas and Water-soluble Ions at Different Development Stages of Haze ····· WANG Zhen-bin, LIU An-kang, LU Wen, *et al.* (5213)

Exposure Levels, Sources, and Health Risks of Heavy Metal Components of $PM_{2.5}$ in Housewives in Rural Shanghai ····· LUO Ran-ran, DAI Hai-xia, ZHANG Yun-hui, *et al.* (5224)

Measuring the Condensable Particle Matter from a Stationary Source ····· JIANG Jing-kun, DENG Jian-guo, WANG Gang, *et al.* (5234)

Volatile Organic Compound Emission Characteristics of Furniture Manufacturing Enterprises and the Influence on the Atmospheric Environment ····· ZHANG Jia-ni, ZENG Chun-ling, LIU Rui-yuan, *et al.* (5240)

VOCs Emission Inventory and Impact Range Simulation of Antibiotic Enterprises ····· ZHU Tao, LÜ Yi-rong, BIAN Wen-jing, *et al.* (5250)

Effects of Vehicle Emissions on Heavy Metals and Polycyclic Aromatic Hydrocarbons Pollution in Road Dust in Xinxiang ····· LI Qi-lu, WU Jin-tao, ZHANG Ying, *et al.* (5258)

Pollution Characteristics and Exposure Risk Assessment of Perfluoroalkyl Substances in Road Dust, Chengdu ····· FANG Shu-hong, ZHU He-xiang, YE Zhi-xiang, *et al.* (5265)

Characteristics of Stable Isotopes and Analysis of Water Vapor Sources of Precipitation at the Northern Slope of the Qilian Mountains ····· ZHANG Bai-juan, LI Zong-xing, WANG Yu, *et al.* (5272)

Occurrence Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics in Source Water of the Nanjing Reach of the Yangtze River ····· FENG Meng-juan, ZHANG Qin, SONG Ning-hui, *et al.* (5286)

Effects of Different Coagulants on Co-manganese Oxides Filter Media for Removing Ammonium and Manganese from Surface Water in Summer and Autumn ····· CHENG Li-jie, HUNAG Ting-lin, CHENG Ya, *et al.* (5294)

Disinfection By-products and the Relevant Health Risk in the Water Supply System in H City of Zhejiang Province ····· LIU Jun-ping, YU Jian-quan, LI Qing-song, *et al.* (5302)

Absorption and Fluorescence Spectra of Dissolved Organic Matter in Rivers of the Three Gorges Reservoir Area Under the Background of Urbanization ····· CHEN Zhao-yu, LI Si-yue (5309)

Characteristics of Chromophoric Dissolved Organic Matter (CDOM) in Natural Rivers of Western Sichuan Plateau ····· LIU Yan-yang, SUN Hui, LIU Chen, *et al.* (5318)

Characteristics of Nitrogen and Phosphorus Losses and Runoff in a Typical Purple Soil Watershed in the Three Gorges Reservoir Area ····· CAO Rui-xia, LIU Jing, DENG Kai-kai, *et al.* (5330)

Responses of Riverine Phosphorus Exports to Land Use and Hydrological Regime in the Jiulong River Watershed ····· HUANG Ya-ling, TANG Li, HUANG Jin-liang, *et al.* (5340)

Effects of Land Use Types at Different Spatial Scales on Water Quality in Poyang Lake Wetland ····· FANG Na, LIU Ling-ling, YOU Qing-hui, *et al.* (5348)

Environmental Significance of Phosphorus Fractions of Phytoplankton-and Macrophyte-Dominated Zones in Taihu Lake ····· GENG Xue, WEN Shuai-long, SUN Pei-rong, *et al.* (5358)

Spatial Distribution and Pollution Evaluation of Carbon, Nitrogen, and Phosphorus in Sediments of Zhushan Bay at Taihu Lake ····· FANG Jia-qi, QI Chuang, ZHANG Xin-hou, *et al.* (5367)

Effect of Rainfall Intensity on the Content of Nitrogen and Phosphorus Components in Plateau Areas: A Case Study of the Fengyu River Watershed ····· LI Xiao-hong, LEI Qiu-liang, ZHOU Jiao-gen, *et al.* (5375)

Water Purification Effect and Saline-alkali Tolerance Improvement Mechanism of *Suaeda salsa* in the Estuary Area ····· WU Dan, SUN Ping, CHEN Guang-lin, *et al.* (5384)

Concentration-dependent Accumulation and Translocation of PFASs by Wetland Plant *Alisma orientale* ····· WANG Tuan-tuan, LI Bei-bei, WANG Sai, *et al.* (5394)

Occurrence of Denitrifying Dephosphatation in a Hybrid Constructed Wetland System and Its Stability ····· LIU Bing, ZHENG Yu-ming, LI Qing-fei, *et al.* (5401)

Comparison of the Control of Sedimentary Phosphorus Release Using Zirconium-, Lanthanum-, and Lanthanum/Zirconium-Modified Zeolites as Sediment Amendments ····· LIU Ting, ZHAO Yu-ying, LIN Jian-wei, *et al.* (5411)

Effect of Biochar Structure on Adsorption Characteristics of Ammonia Nitrogen ····· CHEN Mei, WANG Fang, ZHANG De-li, *et al.* (5421)

Effect of Dissolved Oxygen on Partial Nitrification of Suspended and Attached Growth Systems ····· WANG Si-yu, LIU Ling-jie, WANG Fen, *et al.* (5430)

Effects of Different Intermittent Aeration Strategies on the Start-up of SNAD Process ····· LI Dong, LIU Zhi-cheng, XU Gui-da, *et al.* (5438)

Operational Performance and Microbiological Characteristics of an Iron-Salt Denitrification Reactor in Co-substrate Mode ····· WANG Ru, LIU Meng-yu, LIU Bing-yin, *et al.* (5446)

Effect of Step Aeration on a Municipal Sewage Aerobic Granular Sludge System ····· LI Dong, WEI Zi-qing, LAO Hui-mei, *et al.* (5456)

Improvement of the Dewaterability of Excess Activated Sludge with Mixed Yeasts by Degrading Extracellular Polymeric Substances ····· YU Xin-yi, XIANG Jin-hao, LIU Ying, *et al.* (5465)

Influence of Land Use Change on Ecosystem Service Value Based on GEE in the Beijing-Tianjin-Hebei Region from 1998 to 2018 ····· LOU Pei-qing, FU Bo-lin, LIN Xing-chen, *et al.* (5473)

Assessment of Soil Quality in Coastal Tidal Flat Reclamation Areas Based on MDS-TOPSIS Model ····· XIE Xue-feng, PU Li-jie, ZHU Ming, *et al.* (5484)

Effect of Increasing Tidewater Inundation on Porewater Geochemistries and CO_2 and CH_4 Effluxes in the Tidal Freshwater Marshes of the Minjiang River Estuary, Southeast China ····· LI Jing, HUANG Jia-fang, LUO Min, *et al.* (5493)

Methane Emission Characteristics and Its Influencing Factors over Aquaculture Ponds ····· WANG Jiao, XIAO Wei, ZHANG Xiu-fang, *et al.* (5503)

Effect of Fertilization on Soil Respiration and Its Temperature Sensitivity in a Sorghum Field ····· YAN Jun-xia, ZHANG Yuan, JIAO Xiao-yan (5515)

Land Safety Zoning Method in High-Selenium and High-Cadmium Areas ····· WANG Rui, HOU Wan-ling, LI Yu-tong, *et al.* (5524)

Remediation Effects of Different Composite Materials on Cadmium-Contaminated Farmland Soil ····· CHEN Shu-lan, XU Chen-yang, GENG Zeng-chao, *et al.* (5531)

Hydrocalumite Passivation Effect and Mechanism on Heavy Metals in Different Cd-Contaminated Farmland Soils ····· WU Qiu-mei, LIU Gang, WANG Hui-feng, *et al.* (5540)

Effects of Different Land Use Types on Microbial Community Diversity in the Shizishan Mining Area ····· HUANG Jian, ZHU Xu-yan, LU Jin, *et al.* (5550)

Effects of Conversion of Forest to Arable Land on the Abundance and Structure of the *cbbL*-Harboring Bacterial Community in Albic Soil of the Hilly Region of Northeast China ····· WANG Rui, WU Xian, LI Gang, *et al.* (5561)

Thoughts on and Construction of a Risk Management and Control System for Contaminated Sites in the Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area ····· CHANG Chun-ying, DONG Min-gang, DENG Yi-rong, *et al.* (5570)

Visualized Quantitative Research of Soil Pollution in the Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area ····· ZHANG Ning, ZHANG Sheng, YANG Hai-chao, *et al.* (5581)

Characteristics and Environmental Impacts of Materials Stored in Municipal Solid Waste Landfills: A Case Study of the Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area ····· MA Shi-jun, ZHOU Chuan-bin, YANG Guang, *et al.* (5593)

Heavy Metal Contamination and Migration in Correspondence of an Electroplating Site on the Hilly Lands of the Guangdong-Hong Kong-Macau Greater Bay Area, China ····· HOU Wen-juan, GONG Xing, ZHAN Ze-bo, *et al.* (5604)

Pollution Characteristics and Migration of BTEX at a Chemical Contaminated Site in the Guangdong-Hong Kong-Macau Greater Bay Area ····· DENG Yi-rong, LU Hai-jian, DONG Min-gang, *et al.* (5615)

Immobilization Impact of Goethite-Fulvic Acid Composites on Pb-Cd Contaminated Soil ····· LIU Qian-jun, LI Xiang, ZHOU Yang-mei, *et al.* (5623)

Mobilization of Heavy Metals in a Soil-Plant System and Risk Assessment in the Dabaoshan Mine Area, Guangdong Province, China ····· CHEN Jie-yi, LIU Guang-bo, CUI Jin-li, *et al.* (5629)

Calculation of the Soil Risk Control Value through a Hydrus-1D Model for Groundwater Protection ····· LIN Ting, LUO Fei, ZHU Yan, *et al.* (5640)

INDEX HUANJING KEXUE CONTENTS 2019, Vol. 40 ····· (5659)