

跬步集

5

第五期 2015年5月



中国科学院广州地球化学研究所

有机地球化学国家重点实验室

张干研究组内部月刊

<http://goe.rol.escience.cn>

目 录

contents

- 01**/水溶性有机碳的主要来源（上）：二次源 莫扬之
- 04**/基于二代测序的微生物群落数据基本分析 江龙飞
- 06**/土壤微生物群落组成结构和多样性研究进展——研究方法 孙迎韬
- 09**/生物质燃烧标志物（上） 蒋昊余



水溶性有机碳的主要来源（上）：二次源

莫扬之

虽然在源样品分析和实际观测中发现一次源，如机动车尾气，会产生一定量的水溶性有机碳（WSOC），但在实际中一次源的WSOC占比较低，生物质燃烧（biomass burning, BB）与二次有机气溶胶源（SOA）仍然是水溶性有机碳的主要来源(Du et al., 2014; Hecobian et al., 2010; Peltier et al., 2007)。本文主要介绍近年来关于WSOC二次源的一些研究。

区分SOA和BB的WSOC，目前有两种方法。第一种假设当左旋葡聚糖 $<50\text{ng/m}^3$ 时，WSOC受到生物质燃烧的影响很少，此时认为基本来自于二次源。Zhang et al. (2012)用此方法研究发现二次源的WSOC在美国东南部十五个城市存在着均匀的分布，点与点之间的差异较小。尽管 SO_2 是点源排放，但 SO_4^{2-} 与WSOC一样有着广泛而均匀的分布，作者认为这是因为美国东南部气流不畅通，化学性质稳定的 SO_4^{2-} 和WSOC先在东南部各个点中积聚形成，再而广泛均匀的分布到美国东南部地区，所以此区域广泛均匀分布的WSOC并不仅仅由于广泛分布着生物质VOCs（isoprene的西高东低趋势也确实造成了WSOC在西部区域的浓度较高），还存在着人为源 SO_4^{2-} 的酸催化协同作用。另一种方法是总WSOC扣除 WSOC_{BB} 得出二次源的WSOC， WSOC_{BB} 可以由 $(\text{WSOC}/\text{levoglucosan})_{\text{BB}}$ 的值乘以levoglucosan的浓度得出，一般选择该区域最小的 $(\text{WSOC}/\text{levoglucosan})_{\text{BB}}$ 用于估算，该方法收到不同区域植被类型不同的影响。Feng et al. (2013)分别用EC-based、Tracer-based和WSOC-based估算上海市的SOC，WSOC-based估算SOC的量和季节性变化更加合理（SOC/OC：夏 $>$ 秋 $>$ 春 $>$ 冬），而EC-based估算的SOC由于受到BB产生的大量的POC影响，SOC在秋季的比例显著高于其他季节；Tracer-based估算的SOC远远低于其他两种方法，主要原因是用于计算SOC的tracers种类十分有限，无法估计其他未知tracers对SOC的贡献，且烟雾箱模拟与实际大气条件存在着一定程度上的差异。值得一提的是并不是所有的SOC

都是水溶的，在东京有研究通过用气溶胶质谱（AMS）与在线水萃取装置（PLIS）分别对氧化气溶胶（OOA）以及用其推算出氧化碳（OOC）、EC-based的SOC和WSOC进行对比研究。它们相互间的相关性十分好，此外WSOC/OOC与WSOC/SOC的值十分相近，这些表明WSOC，OOC，和SOC的化学性质十分相近，然而WSOC/OOC与WSOC/SOC的值都小于1，因此并不是所有SOC都是水溶的，一些高C/O的SOC可能是不溶于水归类于WINSOC；与此同时，WINSOC/POC的值大于1恰好也说明了这点。通过元素比守恒计算得出OOA当中有88%是水溶的，另外的12%是非水溶的。（Kondo et al., 2007; Miyazaki et al., 2007; Miyazaki et al., 2006）。

二次源WSOC的形成机理主要由以下几个方面：1. 光化学反应。二次源的WSOC易生成于紫外线强烈的中午和夏季，主要是各种挥发性和半挥发性的VOCs与大气中的 O_3 、 $\cdot OH$ 和 NO_3 等自由基发生光化学反应，从而使其极性基团增加，水溶性也随着增加从而转化为WSOC。日本东京夏季的WSOC在中午达到峰值，且与 O_3 有良好的相关性，所以认为其WSOC是光化学过程产生的；冬季则更多来自于远距离传输和交通一次源在夜间的积累。相似的现象在美国和北京也有发现（Du et al., 2014; Miyazaki et al., 2006; Zhang et al., 2012）。2. 水相反应。在冬季气温的下降和紫外线强度的降低均不利于光化学过程，但是许多对中国北方冬季的WSOC研究表明其二次源贡献依然十分高，主要原因为北方冬季低温高湿使得半挥发性VOCs更容易分配到颗粒态上与过氧化物和金属进行水相化学反应生成二次产物（Du et al., 2014; Zhang et al., 2015）。3. 酸催化。气溶胶的酸度分为总酸度和实际酸度，总酸度主要由各种水溶性离子的电荷守恒推出，而实际酸度则与颗粒的含水率（LWC）相关，不管哪种酸度都是控制二次气溶胶生成的重要因素。Pathak et al. (2011)研究了我国四个大城市WSOC与气溶胶酸度的关系，事实证明酸催化对WSOC的生成有着重要的作用。同样的，灰霾时期SOC的增加也认为是与颗粒的酸度相关（Fu et al., 2015）。

目前对二次源WSOC的研究还比较粗略，如容易把生物质燃烧产生的二次源排

除，实际中酸催化SOC的增长率远低于烟雾箱的模拟，有需更进一步的研究。

参考文献

- Du, Z., He, K., Cheng, Y., Duan, F., Ma, Y., Liu, J., Zhang, X., Zheng, M., Weber, R., 2014. A yearlong study of water-soluble organic carbon in Beijing I: Sources and its primary vs. secondary nature. *Atmospheric Environment* 92, 514-521.
- Feng, J., Li, M., Zhang, P., Gong, S., Zhong, M., Wu, M., Zheng, M., Chen, C., Wang, H., Lou, S., 2013. Investigation of the sources and seasonal variations of secondary organic aerosols in PM 2.5 in Shanghai with organic tracers. *Atmospheric Environment* 79, 614-622.
- Fu, X., Guo, H., Wang, X., Ding, X., He, Q., Liu, T., Zhang, Z., 2015. PM 2.5 acidity at a background site in the Pearl River Delta region in fall-winter of 2007–2012. *Journal of hazardous materials* 286, 484-492.
- Hecobian, A., Zhang, X., Zheng, M., Frank, N., Edgerton, E.S., Weber, R.J., 2010. Water-Soluble Organic Aerosol material and the light-absorption characteristics of aqueous extracts measured over the Southeastern United States. *Atmos Chem Phys* 10, 5965-5977.
- Kondo, Y., Miyazaki, Y., Takegawa, N., Miyakawa, T., Weber, R., Jimenez, J., Zhang, Q., Worsnop, D., 2007. Oxygenated and water-soluble organic aerosols in Tokyo. *Journal of Geophysical Research: Atmospheres* (1984–2012) 112.
- Miyazaki, Y., Kondo, Y., Han, S., Koike, M., Kodama, D., Komazaki, Y., Tanimoto, H., Matsueda, H., 2007. Chemical characteristics of water-soluble organic carbon in the Asian outflow. *Journal of Geophysical Research: Atmospheres* (1984–2012) 112.
- Miyazaki, Y., Kondo, Y., Takegawa, N., Komazaki, Y., Fukuda, M., Kawamura, K., Mochida, M., Okuzawa, K., Weber, R., 2006. Time-resolved measurements of water-soluble organic carbon in Tokyo. *Journal of Geophysical Research: Atmospheres* (1984–2012) 111.
- Pathak, R.K., Wang, T., Ho, K., Lee, S., 2011. Characteristics of summertime PM 2.5 organic and elemental carbon in four major Chinese cities: implications of high acidity for water-soluble organic carbon (WSOC). *Atmospheric Environment* 45, 318-325.
- Peltier, R.E., Sullivan, A.P., Weber, R.J., Wollny, A.G., Holloway, J.S., Brock, C.A., de Gouw, J.A., Atlas, E.L., 2007. No evidence for acid-catalyzed secondary organic aerosol formation in power plant plumes over metropolitan Atlanta, Georgia. *Geophys Res Lett* 34.
- Zhang, Q., Shen, Z., Cao, J., Zhang, R., Zhang, L., Huang, R.-J., Zheng, C., Wang, L., Liu, S., Xu, H., 2015. Variations in PM 2.5, TSP, BC, and trace gases (NO₂, SO₂, and O₃) between haze and non-haze episodes in winter over Xi'an, China. *Atmospheric Environment* 112, 64-71.
- Zhang, X., Liu, Z., Hecobian, A., Zheng, M., Frank, N., Edgerton, E., Weber, R., 2012. Spatial and seasonal variations of fine particle water-soluble organic carbon (WSOC) over the southeastern United States: implications for secondary organic aerosol formation. *Atmos Chem Phys* 12, 6593-6607.

基于二代测序的微生物群落数据基本分析

江龙飞

人类基因组计划完成后，人们对低成本高通量测序方法的需求日益强烈。终于，2005年，454公司率先推出了第一个基于焦磷酸测序原理的高通量基因组测序系统，成为核酸测序技术发展史上里程碑。此后，测序成本日益低廉，通量飞速提升，成为科研工作中的利器，使得基因组、转录组、宏基因组、宏转录组、微生物群落等研究迈进了新的时代。本文根据作者经验，对基于二代测序的微生物群落数据分析进行一下总结。

目前，微生物群落数据分析主要基于两个软件平台：QIIME (Quantitative Insights Into Microbial Ecology) (Caporaso et al., 2010)和mothur(Schloss et al., 2009)。这两个软件平台整合了几乎所有群落分析所需要的软件，并含有操作实例，使用方便。下面介绍基本分析流程：

1、碱基质量控制。我们从测序公司拿到的数据一般为fastq格式，其中包含序列名，序列以及每个碱基对应的质量值。一般将碱基质量小于20的碱基去除，可用fastqc软件检测最终质量是否合格。

2、序列拼接。相比常规测序，二代测序读长往往较短，难以满足微生物群落分析的需要，双端测序可以在一定程度上解决这一问题。双端测序后，一个run会获得两个相对应的文件，两个文件中的序列一一对应，可选用mothur中的make.congtigs命令进行拼接。

3、低质量序列去除。低质量序列去除包括多步：去除序列中过长，过短，模糊碱基含量多，单个碱基多聚体长度过长等序列，这些序列的去除方式相对简单。这一过程中需要强调的是嵌合体的检测和去除。嵌合体是指在PCR和测序过程中由于错配等原因形成的人造序列，会影响后续分析。目前，嵌合体检测方法很多，但多数只适合少量序列，在处理大量数据时一般采用UCHIME算法(Edgar et al., 2011)。

4、OTU计算。OTU计算时采用的算法选择十分重要。当序列数量少于10000条reads时可采用基于phylip距离矩阵的计算方法，得出的结果数据准确度高，但是该方法往往占用大量内存，计算速度慢，对于动辄几十万至上百万条序列的数据来说常常无力应对。Uclust算法通过不断添加代表序列至种子数据库中的方式对序列进行分类，具体可参考(http://www.drive5.com/uclust/uclust_userguide_1_1_579.html) (Edgar, 2010)。Uclust减少了对内存的依赖，加快了计算速度，但是也损失了精确度。当定义97%相似度为一个OTU时，得到的同一OTU内的序列相似度最低可以为94%。因此，当序列不多时建议使用基于距离矩阵的计算方式。

5、OTU进化种类鉴定。根据NCBI, RDP, GENGREEN等数据库中提供的数据对每个OTU进行分类。

完成OTU计算和分类后可以得到各样品中每一个OTU的丰度和种属分类信息。根据这些信息和实验目的便可进行个性化分析，得到所需结果。

Mothur和qiime平台提供的软件为我们分析数据提供了便利条件，但是在很多时候常常会出现bug，分析过程中要时常比较前后数据，结合历史经验判断结果是否可靠，同时需要分析者自己动手编写一些程序完成中间步骤。

参考文献

- Caporaso, J.G., Kuczynski, J., Stombaugh, J., Bittinger, K., Bushman, F.D., Costello, E.K., Fierer, N., Pena, A.G., Goodrich, J.K., Gordon, J.I., Huttley, G.A., Kelley, S.T., Knights, D., Koenig, J.E., Ley, R.E., Lozupone, C.A., McDonald, D., Muegge, B.D., Pirrung, M., Reeder, J., Sevinsky, J.R., Tumbaugh, P.J., Walters, W.A., Widmann, J., Yatsunenko, T., Zaneveld, J., Knight, R., 2010. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nat Methods* 7, 335-336.
- Edgar, R.C., 2010. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. *Bioinformatics* 26, 2460-2461.
- Schloss, P.D., Westcott, S.L., Ryabin, T., Hall, J.R., Hartmann, M., Hollister, E.B., Lesniewski, R.A., Oakley, B.B., Parks, D.H., Robinson, C.J., Sahl, J.W., Stres, B., Thallinger, G.G., Van Horn, D.J., Weber, C.F., 2009. Introducing mothur: Open-Source, Platform-Independent, Community-Supported Software for Describing and Comparing Microbial Communities. *Appl Environ Microb* 75, 7537-7541.

土壤微生物群落组成结构和多样性研究进展一

——研究方法

孙迎韬

土壤微生物研究大致可以概括为三个阶段：20世纪70年代前，主要是利用传统的分离培养技术分析研究微生物数量、种类和功能；20世纪70年代末期开始，采用微生物生物量表征种群大小的整体概念；20世纪80年代开始至今，采用分子学技术直接分析DNA研究土壤微生物群落结构和功能多样性（贺纪正等, 2015）。分子生物学技术的发展及在土壤微生物研究中应用，弥补传统培养方法无法认知土壤不可培养微生物的不足(Prosser, 2002)。常用的分子生物学技术主要有以下几种：荧光原位杂交技术（FISH）、梯度凝胶电泳（Denaturing gradient gel electrophoresis, DGGE）和温度梯度凝胶电泳（Temperature gradient gel electrophoresis, TGGE）、末端限制性片段长度多态性分析（Terminal restriction fragment length polymorphism, T-RFLP）、稳定同位素探针（SIP）、高通量测序技术（Next Generation sequencing, NGS）等技术，其优缺点及应用如表1所示。

表1 常见分子生物学方法优缺点及其应用

方法	优点	缺点	应用	参考
PLFA	实时、快捷	只能鉴定到属水平；只能监测活动状态微生物且受其生长状态影响	分析微生物群落结构；微生物群落的动态监测	Langworthy et al., 2002
FISH	快捷，可实时监测活体生物；	探针缺乏特异性和微生物有自身荧光会导致假阳性；革兰氏阳性菌容易产生假阴性	实时监测群落动态变化及功能菌落间相互作用	Jurgens et al., 2000; Jurgens et al., 2008
DGGE / TGGE	方便快捷、重复性好；可同时分析大量的样品；	存在共迁移现象；只能观察到优势物种	研究土壤微生物群落和功能多样性；检测DNA序列突变位点；	Knief et al., 2003; Hoppener-Ogawa et al., 2009;
T-RFLP	快捷、重复性好、灵敏度相对	只能观察到优势物种	研究细菌群落在空间和时间上的变化、微	Lukow et al., 2000; Tonin et al., 2001; Luo et al., 2009;
SIP	将微生物群落组成与功能研究相结合	可能存在交叉取食的风；	可以提供复杂群落中微生物相互作用及其代谢功能的相关信息；	Luo et al., 2009; Uhlík et al., 2009; Chen and Murrell, 2010;

高通量测序技术。高通量测序技术与PLFA、FISH和DGGE/TGGE等分子生物学方法相比, 具有高通量和信息量大等优点(Meyer et al., 2008; Quail et al., 2008), 使研究者更为深入探明土壤微生物群落结构和功能多样性, 促进了土壤微生物物种多样性、结构多样性、功能多样性和遗传多样性研究的迅猛发展(Delmont et al., 2011; Gomez-Alvarez et al., 2009)。第二代测序技术(Next Generation Sequencing, NGS)以Illumina公司的Solexa技术和Roche公司的454为主(Meyer et al., 2008; Quail et al., 2008)。Illumina公司测序方法主要优点是通量高、准确率高以及成本低, 基于Solexa技术的Hiseq和Miseq测序平台的错误率分别为0.26%和0.80%(Quail et al., 2012), 且目前Miseq读长已达到2×250 bp双向测序(PE)(Mason and Elemento, 2012)。相比较而言, Roche公司的测序方法的读厂更长, 最长读长可达到1000bp(Ning et al., 2013), 且错误率仅0.38%(Loman et al., 2012)。

参考文献

贺纪正, 陆雅海, 傅伯杰等. 土壤微生物学前沿. 科学出版社, 2015.

Chen, Y., Murrell, J.C., 2010. When metagenomics meets stable-isotope probing: progress and perspectives. *Trends Microbiol* 18, 157-163.

Delmont, T.O., Robe, P., Cecillon, S., Clark, I.M., Constancias, F., Simonet, P., Hirsch, P.R., Vogel, T.M., 2011. Accessing the Soil Metagenome for Studies of Microbial Diversity. *Applied and environmental microbiology* 77, 1315-1324.

Gomez-Alvarez, V., Teal, T.K., Schmidt, T.M., 2009. Systematic artifacts in metagenomes from complex microbial communities. *Isme Journal* 3, 1314-1317.

Hoppener-Ogawa, S., Leveau, J.H.J., Hundscheid, M.P.J., van Veen, J.A., de Boer, W., 2009. Impact of *Collimonas* bacteria on community composition of soil fungi. *Environmental microbiology* 11, 1444-1452.

Jurgens, G., Glockner, F.O., Amann, R., Saano, A., Montonen, L., Likolammi, M., Munster, U., 2000. Identification of novel Archaea in bacterioplankton of a boreal forest lake by phylogenetic analysis and fluorescent in situ hybridization. *FEMS microbiology ecology* 34, 45-56.

Knief, C., Lipski, A., Dunfield, P.F., 2003. Diversity and activity of methanotrophic bacteria in different upland soils. *Applied and environmental microbiology* 69, 6703-6714.

Langworthy, D.E., Stapleton, R.D., Sayler, G.S., Findlay, R.H., 2002. Lipid analysis of the response of a sedimentary microbial community to polycyclic aromatic hydrocarbons. *Microbial ecology* 43, 189-198.

Loman, N.J., Misra, R.V., Dallman, T.J., Constantinidou, C., Gharbia, S.E., Wain, J., Pallen, M.J., 2012. Performance comparison of benchtop high-throughput sequencing platforms. *Nat Biotechnol* 30, 434-+.

Lukow, T., Dunfield, P.F., Liesack, W., 2000. Use of the T-RFLP technique to assess spatial and temporal changes in the bacterial community structure within an agricultural soil planted with transgenic and non-transgenic potato plants. *FEMS microbiology ecology* 32, 241-247.

Luo, C.L., Xie, S.G., Sun, W.M., Li, X.D., Cupples, A.M., 2009. Identification of a Novel Toluene-Degrading Bacterium from the Candidate Phylum TM7, as Determined by DNA Stable Isotope Probing. *Applied and environmental microbiology* 75, 4644-4647.

Ning, J., Wang, M.X., Li, C.L., Sun, S., 2013. Transcriptome Sequencing and De Novo Analysis of the

Copepod *Calanus sinicus* Using 454 GS FLX. PloS one 8.

Prosser, J.I., 2002. Molecular and functional diversity in soil micro-organisms. *Plant Soil* 244, 9-17.

Quail, M.A., Kozarewa, I., Smith, F., Scally, A., Stephens, P.J., Durbin, R., Swerdlow, H., Turner, D.J., 2008. A large genome center's improvements to the Illumina sequencing system. *Nat Methods* 5, 1005-1010.

Quail, M.A., Smith, M., Coupland, P., Otto, T.D., Harris, S.R., Connor, T.R., Bertoni, A., Swerdlow, H.P., Gu, Y., 2012. A tale of three next generation sequencing platforms: comparison of Ion Torrent, Pacific Biosciences and Illumina MiSeq sequencers. *Bmc Genomics* 13.

Tonin, C., Vandenkoornhuyse, P., Joner, E.J., Straczek, J., Leyval, C., 2001. Assessment of arbuscular mycorrhizal fungi diversity in the rhizosphere of *Viola calaminaria* and effect of these fungi on heavy metal uptake by clover. *Mycorrhiza* 10, 161-168.

Uhlik, O., Jecna, K., Leigh, M.B., Mackova, M., Macek, T., 2009. DNA-based stable isotope probing: a link between community structure and function. *Sci Total Environ* 407, 3611-3619.



生物质燃烧标志物（上）

蒋昊余

天然产物中的有机化合物通过挥发或蒸发脱落和燃烧温度改变致使热量变化的方式产生进入烟雾中。对于烟雾颗粒物来说，尽管有机物质分子结构高度变化，分子示踪剂却仍然可以进行源的追溯。例如，脱氢纵酸是大气中用于示踪针叶树烟雾的典型的示踪物；生物聚合物的降解产物（如，纤维素中的左旋葡聚糖，木质素中的甲氧基苯酚）也是生物质燃烧很好的示踪物。烟雾里天然产物中的标志物被明确定义为可帮助和评价有机物质类型和生物质燃烧对气溶胶的输入。目前，生物质燃烧标志物示踪方法已成功用于研究周边气溶胶的化学性质和扩散行为以及与人类活动燃烧相关的烟气和自然气体混合物(Simoneit, 2002)。

为区分来源于自然背景中的生物碎屑（如植物蜡，微生物等）和人为引起的颗粒物排放（如油类，煤烟，人工合成材料，化合物等）等造成的燃烧污染，现如今常用的鉴别方法主要是有机碳OC/元素碳EC(Zhang et al., 2015)，有机化合物碳同位素¹⁴C分析(Liu et al., 2013)，以及有机组分和无机组分的分析(Simoneit, 2002; Simoneit et al., 2004)，即标志物分析。同时，对于生物质燃烧来说，研究发现泥煤，褐煤和较少程度的半沥青煤成分主要由碳水化合物，生物标记物，芳香类成分组成，与短时生物质燃烧非常相似(Simoneit, 2002)，我们也可以使用相似的方法进行研究。

生物源有机物质（主要有脂质，煤灰，腐植酸和富烯酸等），是大气中颗粒物的主要碳质成分。然而，与现有的对城市和乡村区域气溶胶的生物源和人为源研究对比，极性化合物分子信息资料较少，污染排放源的化学印记大多被用作区分点源的特定输入而不是气块与其相关区域起源的关系；同时，大部分的城市或工业区域产生的有机化合物和大气颗粒物均具有相关性(Rogge et al., 1993a)，植被的覆盖也显示出明显的区域特征和分子标记物(Elias et al., 1999; Rogge et al., 1993b)。因此，将来源于自然，生物质燃烧和人为源燃烧的分子生物源成分用作对流层化学的示踪物

非常可行的。

水溶性 K^+ 常常在受体模型中作为木材燃烧产生的烟雾标记物。然而， K^+ 也同样在其他城市区域中产生释放，如做饭（肉类）和垃圾焚烧。因此，必须证明并建立其他颗粒物来源的特定标志物，通过调查烟雾颗粒物的组成数据，进一步了解生物质燃烧排放至大气的化学成分和直接来源于生物质燃烧的有机成分表征。我们知道在燃烧过程中变化的温度条件能够决定分子的改变以及从生物质燃料中释放出来的有机化合物的变形程度。而且，加热的强度，曝气情况，阴烧的持续时间和燃烧的条件也能决定自然产物化合物对于烟雾中其他已发生变化的化合物的分配和比例。可见，生物质燃烧过程能够提供一种化学印记，使得我们可以在大气颗粒物样品的单一或多种植被种类中进行追溯(Simoneit, 2002)。

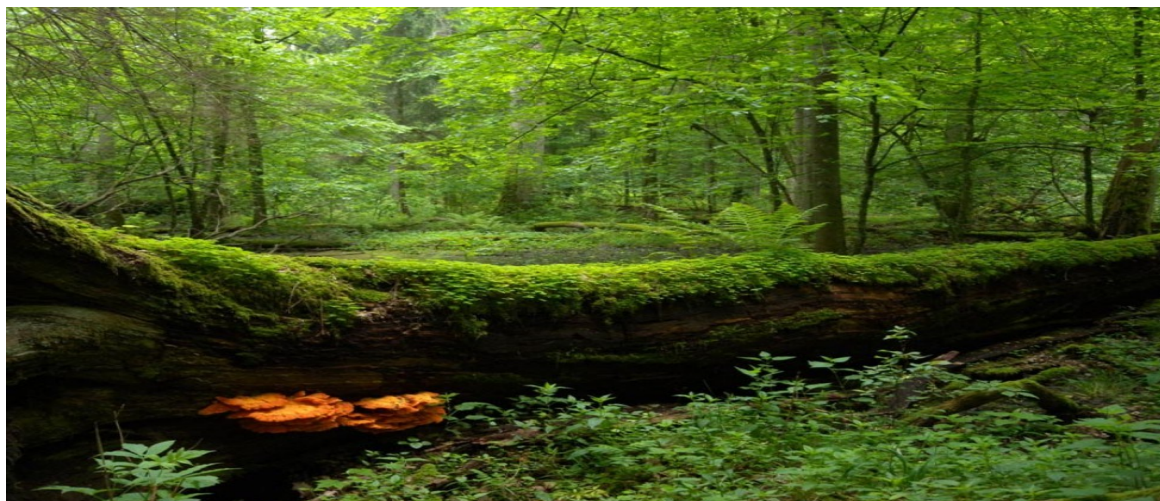
不同的物种的木质成分组成明显不同，但大部分都拥有以多种形式存在的木质素、纤维素和填充物。纤维素分子是一个长链的，由7000-12,000个D-葡萄糖单糖组成的线性聚合物，而半纤维素则主要是由葡萄糖，甘露糖，半乳糖，木糖和树胶醛糖衍生出来的多糖混合物，只由100-200个单糖组成。木质素生物聚合物主要是p-香豆基，松柏基和芥子基醇，主要包括茴香基，香草基（愈创木基）和紫丁香基核等。填充物则主要是丹宁酸，萜烯和其他木质组织中的化合物，大部分软木物种（裸子植物）包括松树，云杉，落叶杉和冷杉的油脂产物松香。脂质的组成与植物燃烧的烟雾组成相似，但随着不同溶解度，生物降解和雨中冲刷氧化迁移等过程会产生系列变化。呋喃衍生物（如，2-乙酰基呋喃，2-呋喃甲醇）是纤维素燃烧/产物分解产生的烟雾的成分之一(Simoneit, 2002)。

除上文提到的水溶性 K^+ 之外，常见的生物标志物有PAHs、水溶性分子标志物和脂溶性分子标志物(Simoneit, 2002)。PAHs主要在燃烧过程中通过高温分解和高温合成产生，大气中的PAHs主要来源于化石燃料和生物质燃烧。PAHs之间的比值可根据不同情况指示植物燃烧情况，如IcdP/(IcdP+BghiP)、BaP/BghiP、Phe/Phe+Ant和

MPhe/Phe可分别指示生物质燃烧、区分燃油源与生物质燃烧源、落叶林燃烧源和阔叶树燃烧源(王真真, 2008)。分子标志物主要包括以下: n-烷烃, n-烯烃、n-烷酸和n-烷醇; 木质素中的甲基酚醛树脂; 纤维素中的单糖衍生物; 甾类和萜类生物标志物(Simoneit, 2002)。我们接下来的综述将以三大全球植被生态系统(针叶林森林(裸子植物), 被子植物和草原(禾本科植物))为代表来进行详细解读以分析具体的分子标志物。

参考文献

- Elias, V.O., Simoneit, B.R.T., Pereira, A.S., Cabral, J.A., Cardoso, J.N., 1999. Detection of high molecular weight organic tracers in vegetation smoke samples by high-temperature gas chromatography-mass spectrometry. *Environmental Science & Technology* 33, 2369-2376.
- Liu, D., Li, J., Zhang, Y.L., Xu, Y., Liu, X., Ding, P., Shen, C.D., Chen, Y.J., Tian, C.G., Zhang, G., 2013. The Use of Levoglucosan and Radiocarbon for Source Apportionment of PM_{2.5} Carbonaceous Aerosols at a Background Site in East China. *Environmental Science & Technology* 47, 10454-10461.
- Rogge, W.F., Hildemann, L.M., Mazurek, M.A., Cass, G.R., Simoneit, B.R.T., 1993a. SOURCES OF FINE ORGANIC AEROSOL .3. ROAD DUST, TIRE DEBRIS, AND ORGANOMETALLIC BRAKE LINING DUST - ROADS AS SOURCES AND SINKS. *Environmental Science & Technology* 27, 1892-1904.
- Rogge, W.F., Hildemann, L.M., Mazurek, M.A., Cass, G.R., Simoneit, B.R.T., 1993b. SOURCES OF FINE ORGANIC AEROSOL .4. PARTICULATE ABRASION PRODUCTS FROM LEAF SURFACES OF URBAN PLANTS. *Environmental Science & Technology* 27, 2700-2711.
- Simoneit, B.R.T., 2002. Biomass burning - A review of organic tracers for smoke from incomplete combustion. *Applied Geochemistry* 17, 129-162.
- Simoneit, B.R.T., Elias, V.O., Kobayashi, M., Kawamura, K., Rushdi, A.I., Medeiros, P.M., Rogge, W.F., Didyk, B.M., 2004. Sugars - Dominant water-soluble organic compounds in soils and characterization as tracers in atmospheric particulate matter. *Environmental Science & Technology* 38, 5939-5949.
- Zhang, Y.L., Huang, R.J., El Haddad, I., Ho, K.F., Cao, J.J., Han, Y., Zotter, P., Bozzetti, C., Daellenbach, K.R., Canonaco, F., Slowik, J.G., Salazar, G., Schwikowski, M., Schnelle-Kreis, J., Abbaszade, G., Zimmermann, R., Baltensperger, U., Prevot, A.S.H., Szidat, S., 2015. Fossil vs. non-fossil sources of fine carbonaceous aerosols in four Chinese cities during the extreme winter haze episode of 2013. *Atmospheric Chemistry and Physics* 15, 1299-1312.
- 王真真. 广州市典型生物质燃烧源污染物排放清单及分子标志物的研究. 广州: 中国科学院广州地球化学研究所.





本期编辑： 蒋昊余
校对： 江龙飞 莫扬之