

文章编号:1672-9250(2007)03-0223-05

硫同位素分馏中的生物作用及其环境效应

张 伟^{1,2}, 刘丛强¹, 梁小兵¹

(1. 中国科学院地球化学研究所环境地球化学国家重点实验室, 贵州 贵阳 550002;

2. 中国科学院研究生院, 北京 100039)

摘要:自然界中硫同位素组成变化范围较大(-65‰~+120‰)。许多环境过程可以引起硫同位素分馏,表生环境下微生物还原硫酸盐是最重要的硫同位素分馏过程。在≤50℃条件下,厌氧细菌使硫酸盐 SO_4^{2-} 还原成 H_2S ,后者与金属离子结合形成硫化物或直接从体系中逸出,这种硫循环过程是造成地球各层圈中硫的轻、重同位素变异的最主要原因。但生物成因的硫同位素分馏过程复杂,受诸多因素的限制。本文综述了由生物作用导致的硫同位素分馏的发生机理和影响因素,以及生物硫循环所导致的环境效应。

关键词: $\delta^{34}\text{S}$; 生物作用; 硫酸盐还原; 环境效应; 综述

中图分类号: X172

文献标识码: A

硫在地壳中的原子百分含量为0.03%,是组成生物体蛋白质的主要元素(占0%~4%),大约占干物质的1%,属相对分布较广的元素。硫在自然界中存在4种稳定性同位素: ^{32}S , ^{33}S , ^{34}S , ^{36}S ,其大致丰度为95.02%, 0.75%, 4.21%, 0.02%。根据其相对丰度通常以 $^{34}\text{S}/^{32}\text{S}$ 来表示硫同位素的分馏。硫同位素标准是CDT或V-CDT。 ^{34}S 和 ^{32}S 的相对质量差比H和C的同位素的相对质量差小,但 $\delta^{34}\text{S}$ 的变化范围可达180‰,可见S是自然界中同位素分馏最为有效的元素,原因在于硫的化学性质十分活泼,能以不同的价态(S^{2-} , S_2^{2-} , S^0 , S^{4+} , S^{6+} 等)和形式存在于自然界,不同价态含硫原子团富集 ^{34}S 的能力不同,导致硫同位素在环境介质中的分配发生改变^[1]。硫同位素分馏过程记录了各种环境信息,通过研究各种硫化物的 $^{34}\text{S}/^{32}\text{S}$ 比值,可以揭示生态系统中硫的来源、迁移和转化,有助于认识自然界中各种含硫物质的演化历史^[2-8]。

自然界许多过程可以引起环境中含硫化物的硫同位素分馏。如吸附过程^[9],土壤淋溶过程^[5],各

种硫化物之间的同位素交换反应以及涉及到硫的氧化还原反应等。硫同位素分馏既可由物理化学环境改变引起,也可是生物细菌的有机还原作用所致,并且生物细菌的作用往往能引起明显的硫同位素分馏^[9]。

1 生物作用引起的硫同位素分馏

自然条件下两个过程可引起明显的硫同位素分馏。一是硫酸盐无机还原为硫化物的过程;二是生物作用引起的硫酸盐异化还原形成有机硫,硫化物及挥发性含硫气体的过程。硫酸盐无机还原为硫化物的同位素动力学分馏效应比较明显,但这一过程需要较高的活化能,在自然界,只有在250℃以上才能由还原剂还原硫酸盐,因而有实际意义的反应多发生在约250℃以上的热液体系或地壳深部环境。吸附、淋溶以及硫化物的氧化反应虽然也有一定的硫同位素分馏产生,但分馏不明显^[5,9-11]。表生环境中主要的硫同位素分馏是由生物作用引起的。

硫是巯基(SH)氨基酸和各种辅酶的重要成分,是生物体的一种基本成分。在低温条件下,植物、藻类和许多微生物释放出相应的酶与硫酸根离子络合就能降低反应的临界温度,使硫酸盐在常温下经生物还原形成硫化氢,还原产物 H_2S 在细胞内被结合到细胞组分中并最终以一SH的形式参与半胱氨

收稿日期:2007-01-19;修回日期:2007-04-22

基金项目:国家重点基础研究发展计划(973)项目(2006CB403205)

第一作者简介:张伟(1980—),男,博士研究生,主要从事环境微生物地球化学研究。

酸、甲硫氨酸和辅酶的合成,这一过程称为同化硫酸盐还原。硫酸盐作为末端电子受体还原成不被同化的 H_2S ,称为异化硫酸盐还原,也称为反硫化作用。实验证明,生物同化作用造成的硫同位素分馏很小,其同位素组成只是略小于溶解硫酸盐源的 $\delta^{34}\text{S}$ 值,异化硫酸盐还原是引起硫同位素分馏的主要原因^[2,4,10,12-17]。

环境中溶解态硫酸盐经厌氧细菌异化还原作用,使硫酸盐 SO_4^{2-} 还原形成有机硫、硫化物和 H_2S ,由于还原过程中对重硫同位素的歧视效应,所形成的硫化物的硫同位素组成中将显著地亏损 ^{34}S 。并且这种生物参与的还原反应在较长时间内是不可逆的,随着生物硫循环过程反复进行,进而造成自然界中最大的硫同位素分馏^[9]。异化硫酸盐还原过程大致为四个步骤,其中 $^{32}\text{S}-\text{O}$ 键比 $^{34}\text{S}-\text{O}$ 键更容易破裂,所以 $\text{S}-\text{O}$ 键的破裂限制了反应速率,具体步骤如图 1 所示。

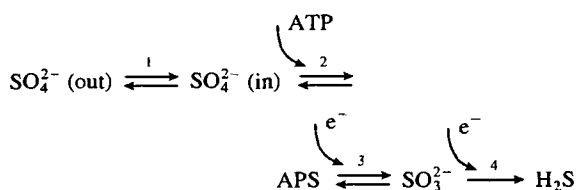


图 1 异化硫酸盐还原过程

Fig. 1. The process of dissimilatory sulfate reduction.

第一步,生物体摄入外界溶解态 SO_4^{2-} ,伴有大约 3‰ 的动力学分馏。

第二步, SO_4^{2-} 在生物体内有机络合: $\text{ATP} + \text{SO}_4^{2-} \rightarrow \text{APS} + \text{PP}$,其中 ATP 为三磷酸腺苷,APS 是腺苷酰硫酸。此时, $\text{S}-\text{O}$ 键未破裂,基本上没有分馏。

第三步, SO_4^{2-} 被还原为 SO_3^{2-} : $\text{APS} + 2\text{e}^- \rightarrow \text{AMP} + \text{SO}_3^{2-}$,其中 AMP 为单磷酸腺苷。

第四步,有机络合的亚硫酸盐还原为 H_2S : $\text{SO}_3^{2-} + 2\text{H}^+ \rightarrow \text{H}_2\text{S} \uparrow + \text{H}_2\text{O}$

第三步和第四步因有 $\text{S}-\text{O}$ 键的破裂各有大约 25% 的分馏^[15,18]。Rees 等^[13]采用稳态模型对此过程进行了数学处理,总分馏在 -3‰ ~ -46‰ 之间。若反应极快,步骤三和四均未达到平衡,总分馏为 -3‰;反应较快时,步骤三未达平衡,分馏由步骤四控制,总分馏将为 -25‰;反应较慢时,步骤三也达到平衡,总分馏可达到 -46‰。但研究发现,某些现代海洋沉积硫化物比共生的海相硫酸盐贫 ^{34}S 超过 46‰,甚至达到 70‰。这可以用反复氧化-还原解释,即在细菌异化硫酸盐还原作用之后,还原过程中

产生的中间产物,如 S^0 , $\text{S}_2\text{O}_3^{2-}$, SO_3^{2-} 等在微生物作用下发生进一步歧化反应所致^[9-10,19]。

总体来看,在硫酸盐通过细菌的还原作用形成硫化物时,硫同位素分馏的大小视参与反应的细菌种属、可利用的碳源类型、反应速率以及体系本身的条件而改变。

1.1 细菌种属的影响

不同种属的硫还原细菌导致不同路径和不同程度的硫同位素分馏。虽然绝大多数还原细菌在还原硫酸盐生成 H_2S 时使产物富集 ^{32}S ,但少数菌种也有异常行为。例如 *Clostridium* 导致的还原,最初阶段生成产物 H_2S 比初始 SO_3^{2-} 贫 ^{34}S ,当达到最小值 ($\Delta^{34}\text{S} = -20\text{‰}$) 后,产生的 H_2S 就逐渐变重,直到 $\delta^{34}\text{S}_{\text{H}_2\text{S}} > \delta^{34}\text{S}_{\text{SO}_3^{2-}}$, $\Delta^{34}\text{S}_{\text{SO}_3^{2-}-\text{H}_2\text{S}}$ 可达 -45‰。在由 SO_3^{2-} 形成 H_2S 的过程中, *Dvi sulfodismutans* 和 *Dca thiozymogenes* 引起的硫同位素分馏最高可相差 17‰。由 *Chromatium vinosum* 还原 S^0 到 H_2S 时,几乎没有同位素分馏 (0.3‰)^[1,10,20-22]。

一般来说,细菌氧化 H_2S , S^0 , $\text{S}_2\text{O}_3^{2-}$ 和 SO_3^{2-} 生成 S^0 或 SO_4^{2-} 过程中,没有或只有很小的分馏。但也有一些菌种有异常行为。如化能自养菌 *Thiobacillus concretivorous* 在氧存在条件下,通过呼吸作用把 S^{2-} 转化为 S^0 , $\text{S}_2\text{O}_3^{2-}$ 和 SO_4^{2-} ,此过程可引起较大的同位素分馏 (18‰)。在 H_2S 光合氧化形成 SO_3^{2-} 过程中, *Calothrix sp* 和 *Oscillatoria sp* 引起的硫同位素分馏程度以及中间产物的歧化反应与厌氧细菌相比又有很大不同^[1-2,10,20,23]。

1.2 碳源类型的影响

碳源不仅是微生物得以繁育的生长基质,而且还是硫酸盐还原过程中必要的电子供体,不同类型的碳源影响还原细菌的数量及活性,并进一步影响硫同位素分馏。Kleikemper 等^[14]的研究表明,在初始硫酸盐浓度相同而碳源不同的实验条件下,硫酸盐还原菌还原速率可有很大的不同,从 $(6 \pm 1) \text{ nmol} \cdot \text{cm}^{-3} \cdot \text{d}^{-1}$ 到 $(280 \pm 6) \text{ nmol} \cdot \text{cm}^{-3} \cdot \text{d}^{-1}$ 变化不等。硫同位素分馏的程度也有较大的差别,富集系数 ϵ 变化范围从 16.1‰ 到 36.0‰,在相同碳源的情况下,纯培养得到的菌株比从环境中富集培养的菌株引起的分馏更大。而相比有机酸类型的碳源,接种于富含石油烃基质的培养基中的硫同位素分馏更大。

1.3 反应速率的影响

硫酸盐还原作用引起的硫同位素分馏是一种动力学分馏,遵循动力学分馏的特征,即反应速度越

快,体系达到平衡的时间就越短,所引起的同位素分馏就越小。反之,当体系远离平衡,在较长时间内始终向一个方向进行不可逆的反应,则同位素分馏就很大。缓慢沉积环境下分馏明显,如黑海的深静海中,由近岸带到远海,沉积速率由 $0.15 \text{ mg}/(\text{d} \cdot \text{kg})$ 减少到 $0.01 \text{ mg}/(\text{d} \cdot \text{kg})$ 时, $\Delta^{34}\text{S}_{\text{SO}_4^{2-}-\text{H}_2\text{S}}$ 由 4.7% 增加到 50% ^[1]。Habicht 等^[15] 研究也发现还原速率与硫同位素分馏之间存在明显的负相关关系,即高的还原速率值对应着低的分馏值。当还原速率足够快时,甚至不再有分馏产生^[2]。反应速率转而又受到温度和介质中硫酸盐浓度的控制,温度高,硫酸盐浓度高,反应快,分馏小^[16,24]。

1.4 体系的开放与封闭

硫酸盐异化还原的过程是相当复杂的,视体系是开放或封闭而有很大不同。在对硫酸盐开放的体系中,硫酸盐得到源源不断的补充,即供给速率远大于还原速率,还原作用过程中 SO_4^{2-} 和 H_2S 浓度可基本保持不变,即 SO_4^{2-} 可以持续的供给, H_2S 与金属形成硫化物或得以释放,二者都不随反应进行而减少,此时只要环境条件不发生较大变化,动力同位素分馏可保持在一定范围内,硫酸盐的 $\delta^{34}\text{S}$ 可为常数,因此 $\Delta^{34}\text{S}_{\text{SO}_4^{2-}-\text{H}_2\text{S}}$ 也是常数。如黑海的海底淤泥中硫酸盐缓慢还原时,新鲜硫酸盐通过上覆水层不断扩散补给进来,这种环境下由现代海洋硫酸盐还原形成的硫化物的 $\delta^{34}\text{S}$ 大致在 $-20\% \sim -40\%$ 范围。如果原始硫酸盐的总量很小,或补充很缓慢,造成对硫酸盐封闭的环境,则可用瑞利分馏过程来描述硫同位素分馏。此时由于富 ^{32}S 的 H_2S 的产生, $\delta^{34}\text{S}_{\text{SO}_4^{2-}}$ 将增加,随后还原的 H_2S 及硫化物的 $\delta^{34}\text{S}$ 也会增大,当硫酸盐耗尽并转化为 H_2S 时,不再有分馏产生,总分馏将为 0% 。半封闭的浅海和半咸水环境就属于这种封闭体系^[1,9]。

2 环境效应

自然界中最大的硫库当属岩石圈,其次为海水中溶解的硫酸盐。这些物质中硫的惰性很大,参与硫循环的过程也很慢。活体和无生命的有机物中硫的含量虽低,但因其生物可利用性高而能活跃地参与循环。硫的生物地球化学循环包括:(1)还原态无机硫化物的氧化;(2)异化硫酸盐还原;(3)硫化氢的释放(脱硫作用);(4)同化硫酸盐还原。生物参与所有这些循环过程并有许多还原态的含硫气体产生,其中有 6 种最为常见和重要,它们是硫化氢(H_2S)

二硫化碳(CS_2),OCS(氧硫化碳), CH_3SH (甲基硫醇), CH_3SCH_3 (硫酸二甲脂)或者 DMS(二甲基硫)以及 DMDS(二甲基二硫)^[25]。其中海洋藻类作用产生的 DMS 被认为可能是硫从面积广阔的海洋向大气释放的主要物质^[26],因此在很大程度上影响了硫在全球范围的循环。此外,人类开采矿山和燃烧矿物燃料也使硫得以释放,但造成了环境污染。

有机硫的生成和矿化是构成硫循环的关键一环^[27]。硫酸盐还原形成的 HS^- 或 S^0 既可与有机质反应生成有机硫,也可与其他金属离子反应形成硫化物。若体系缺乏金属离子,有机质及 SO_4^{2-} 的含量相对充足,在适宜的条件下,必然会形成大量的 ^{34}S 亏损的有机硫和少量的硫化物^[6,28]。Novák 等人^[4,6]研究泥炭时发现,随着剖面垂直深度的变化,总硫 $\delta^{34}\text{S}$ 值和有机硫含量呈负相关关系。在近表层,由于大气中富 ^{34}S 的 SO_4^{2-} 输入和好氧菌对有机硫的矿化作用(释放出富 ^{32}S 的 DMS 和 H_2S 等挥发性气体),负相关关系不明显。而达到泥炭厌氧层深度时,此时厌氧细菌的硫酸盐异化还原作用强烈, ^{34}S 亏损的有机硫产物不断形成并积累下来,总硫 $\delta^{34}\text{S}$ 和有机硫含量就呈现明显的负相关关系。在成煤时期,由于硫酸盐生物还原作用导致的有机硫大量生成和积累可能也是海相或受海水影响较大的环境中形成高有机硫煤的主要原因^[29]。

在土壤和沉积底泥中,来自死亡动植物残体或细菌还原产生的有机硫化物,经生物矿化生成了硫醇和 H_2S 。在海洋环境中,有机硫的降解产物主要是 DMS(二甲基硫),另一降解产物是 H_2S ,这些产物都是挥发性的。进入大气中的二甲基硫化物、 H_2S 、硫醇在大气中被氧化形成 SO_2 气体, SO_2 与空气中的水分子结合随降雨回到地面就形成了酸雨,危害整个生态环境与健康。张鸿彬等^[30]研究表明,在华南珠江三角洲和湘桂走廊地区,生物成因硫已经成为南方酸雨的又一硫源,其重要性仅次于化石燃料的燃烧。尤其在夏季,生物硫对酸雨的贡献更加突出,这与该地区存在有利于生物还原的环境有关,如近海潮间带、天然湖泊、水库和河流的沉积物、一些湿地、水稻田等都是主要的还原环境。

硫的生物地球化学循环致使潮间带、沼泽、湖泊、土壤中通过细菌的硫酸盐还原产生的 H_2S 和有机硫的 $\delta^{34}\text{S}$ 的值分布在大约 $-30\% \sim +10\%$ 。沉积岩中硫同位素组成变化更大,可从 -40% 变化至 $+50\%$,表明细菌参与的还原造成了明显的硫同位

素分馏,这也是造成表生环境下硫同位素分馏的主要机制。如前所述,生物成因的硫同位素分馏的程度除与细菌的种属和新陈代谢速率有关外,还与体系性质紧密相关,以海洋硫酸盐-硫化物体系为例,开放环境下生成产物 H_2S 或硫化物的 $\delta^{34}S$ 低于海水硫酸盐,并基本保持不变;封闭环境下,随还原过程进行,残余海水硫酸盐及晚期形成的硫化物可达到极高的 $\delta^{34}S$ 值,比如 $+50\% \sim +70\%$ 以上。这种累积效应可使蒸发盆地海水的 $\delta^{34}S$ 值由底部向顶部逐渐增高^[1,2,9]。

3 小结

在环境科学中,硫同位素分析常用来判别硫的来源、汇关系,追踪导致其变异的自然过程,但必须考虑到硫同位素分馏过程的复杂性和多样性,收集尽

可能多的环境参数。自然环境中硫的 $\delta^{34}S$ 变化与其来源和循环过程中的生物分馏密切相关,但简单地根据某些硫化物的硫同位素组成变化大或者 $\delta^{34}S$ 偏离零值较远就认为是生物成因的观点是不可取的,硫酸盐的无机还原或热液硫演化也可导致 $\delta^{34}S$ 的较大变化。但若小范围(几厘米)内硫化物的 $\delta^{34}S$ 有明显的无规律的变化,则可以肯定经历过生物作用^[1]。因为即使在开放的体系中,一些微生境仍有可能保持封闭状态,生活在显微的封闭环境中的微生物本身活动范围有限,只能对其邻近小区域内的硫酸盐起作用,以致于小范围内 $\delta^{34}S$ 出现不规则变化。而硫酸盐的无机还原或热液硫演化需要较大的热源,所形成的硫化物也很难保存小范围的硫同位素组成的不均一性。

参 考 文 献

- [1] 郑永飞,陈江峰. 稳定同位素地球化学[M]. 北京:科学出版社,2000:218-231
- [2] Krouse H R, Grinenko V A. Stable Isotopes in the Assessment of Natural and Anthropogenic Sulphur in the Environment[M]. New York:John Wiley & Sons Ltd,1991:5-10
- [3] Mayer B, Prietzel J, Krouse H R. The influence of sulfur deposition rates on sulfate retention patterns and mechanisms in aerated forest soils[J]. Applied Geochemistry, 2001, 16:1003-1019
- [4] Novák M, Wiedner R K, Schell W R. Sulfur during early diagenesis in Sphagnum peat: Insights from $\delta^{34}S$ ratio profiles in ^{210}Pb -dated peat cores[J]. Limnol. Oceanogr., 1994, 39(5): 1172-1185
- [5] Norman A L, Giesemann A, Krouse H R, et al. Sulphur isotope fractionation during sulphur mineralization: results of an incubation - extraction experiment with a Black Forest soil[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2002, 34: 1425-1438
- [6] Novák M, Adamová M, Miličič J. Sulfur metabolism in polluted Sphagnum peat bogs: A combined ^{34}S - ^{35}S - ^{210}Pb study[J]. Water, Air, and Soil Pollution, 2003, 3: 181-200
- [7] Cross M M, Bottrell S H. Reconciling Experimentally Observed Sulphur Isotope Fractionation During Thermochemical Sulphate Reduction (TSR) with Field Data: A "Steady-State" Model of Isotopic Behaviour[J]. Journal of Conference Abstracts, 2000, 5(2): 325
- [8] Böttcher M E, Oelschläger B, Höpner T, et al. Sulfate reduction related to the early diagenetic degradation of organic matter and "black spot" formation in tidal sand-flats of the German Wadden Sea (southern North Sea): stable isotope (^{13}C , ^{34}S , ^{18}O) and other geochemical results[J]. Org. Geochem., 1998, 29(5): 1517-1530
- [9] 陈道公,支霞臣,杨海涛. 地球化学[M]. 合肥:中国科学技术大学出版社,1994:301-304
- [10] Habicht K S, Canfield D E, Rethmeier J. Sulfur isotope fractionation during bacterial reduction and disproportionation of thiosulfate and sulfite[J]. Geochimica et Cosmochimica Acta, 1998, 62(15): 2585-2595
- [11] Fry B, Cox J, Gest H, et al. Discrimination between $\delta^{34}S$ and ^{32}S during bacterial metabolism of inorganic sulfur compounds[J]. J. Bacteriol., 1986, 165: 328-330
- [12] Novák M, Bottrell S H, Piechová E. Sulfur isotope inventories of atmospheric deposition, spruce forest floor and living *Sphagnum* along a NW-SE transect across Europe[J]. Biogeochemistry, 2001, 53: 23-50
- [13] Rees C E. A steady-state model for sulphur isotope fractionation in bacterial reduction processes[J]. Geochimica et Cosmochimica Acta, 1973, 37: 1141-1162
- [14] Kleinkemper J, Schroth M H, Bernasconi S M, et al. Sulfur isotope fractionation during growth of sulfate-reducing bacteria on various carbon sources[J]. Geochimica et Cosmochimica Acta, 2004, 68 (23): 4891-4904

- [15] Habicht K S, Canfield D E. Sulfur isotope fractionation during bacterial sulfate reduction in organic-rich sediments[J]. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 1997, 61(24): 5351–5361
- [16] Canfield D E, Olesen C A, Cox R P. Temperature and its control of isotope fractionation by a sulfate-reducing bacterium[J]. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 2006, 70: 548–561
- [17] Schroth M H, Kleikemper J, Bolliger C, et al. In situ assessment of microbial sulfate reduction in a petroleum-contaminated aquifer using push – pull tests and stable sulfur isotope analyses[J]. *Journal of Contaminant Hydrology*, 2001, 51:179–195
- [18] 梁小兵,万国江. 硫循环的酶促反应机制及湖泊环境效应[J]. *地质地球化学*, 2000, 28(3): 33–36
- [19] Smock A M, Böttcher M E, Cypionka H. Fractionation of sulfur isotopes during thiosulfate reduction by *Desulfovibrio desulfuricans*[J]. *Arch Microbiol.*, 1998, 169: 460–463
- [20] Fry B, Gest H, Hayes J M. Isotope effects associated with the anaerobic oxidation of sulfide by the purple photosynthetic bacterium, *Chromatium vinosum*[J]. *FEMS Microbiol. Lett.*, 1984, 22: 283–287
- [21] Chambers L A, Trudinger P A, Smith J W, et al. A possible boundary condition in bacterial sulfur isotope fractionation [J]. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 1976, 40(10): 1191–1194
- [22] Detmers J, Brüchert V, Habicht K S, et al. Diversity of Sulfur Isotope Fractionations by Sulfate-Reducing Prokaryotes [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, 67(2): 888–894
- [23] 王家玲,李顺鹏,黄正. 环境微生物学[M]. 北京:高等教育出版社,2003:161–164
- [24] Habicht K S, Salling L, Thamdrup B, et al. The effect of low sulfate concentrations and lactate oxidation on isotope fractionation during sulfate reduction by *Archaeoglobus fulgidus* strain Z[J]. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2005, 71: 3770–3777
- [25] 韩兴国,李凌浩,黄建辉. 生物地球化学概论[M]. 北京:高等教育出版社,1999:265–267
- [26] Andreae M O, Raemdonck H. Dimethyl sulfur in the surface ocean and the marine atmosphere: A global view[J]. *Science*, 1983, 221: 744–747
- [27] Nziguheba G, Smolders E, Merckx R. Sulphur immobilization and availability in soils assessed using isotope dilution [J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2005, 37: 635–644
- [28] Zhao F J, Lehmann J, Solomon D, et al. Sulphur speciation and turnover in soils: evidence from sulphur K-edge XANES spectroscopy and isotope dilution studies[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2006, 38: 1000–1007
- [29] 雷加锦,任德贻,唐跃刚,等. 贵州超高有机硫煤硫的聚集模式[J]. *科学通报*, 1994, 39(15): 1405–1408
- [30] 张鸿斌,胡霁琴,卢承祖,等. 华南地区酸沉降的硫同位素组成及其环境意义[J]. *中国环境科学*, 2002, 22(2): 165–169

BIOLOGICAL FUNCTION IN SULFUR ISOTOPE FRACTIONATION AND ENVIRONMENTAL EFFECT

ZHANG Wei^{1,2}, LIU Cong-qiang¹, LIANG Xiao-bing¹

(1. State Key Laboratory of Environmental Geochemistry, Institute of Geochemistry, Chinese Academy of Sciences, Guiyang 550002, China; 2. Graduate University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100039, China)

Abstract

Sulfur isotopic composition varies in a wide range in nature ($-65\text{‰} \sim +120\text{‰}$). Many environmental processes can cause sulfur isotope fractionation. While microbial sulfate reduction plays a key role in sulfur isotope fractionation in surface environment. Anaerobic bacteria reduced SO_4^{2-} to H_2S at less than or equal to $50\text{ }^\circ\text{C}$, the latter was combined with metal ions to form sulfides or directly deviated from the system. This sulfur cycle is the most important reason for sulfur isotope variation in each sphere of the Earth. But the biogenic sulfur isotopic fractionation process was complicated by many factors. This paper reviewed the occurrence mechanism, affecting factors and the environment effect of biological function leading to sulfur isotope fractionation.

Key words: $\delta^{34}\text{S}$; biological function; sulfate reduction; environmental effect; review