

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第38卷 第2期

Vol.38 No.2

2017

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

北京大气颗粒物和重金属铅干沉降通量及季节变化 姚利, 刘进, 潘月鹏, 田世丽, 王振波, 韦霞, 张国忠, 周保华, 王跃思 (423)

海西城市群 PM_{2.5} 中重金属元素的污染特征及健康风险评估 陈衍婷, 杜文娇, 陈进生, 徐玲玲 (429)

岷泗地区大气 PM_{2.5} 中汞形态污染及其与碳组分的关系 程娜, 钱冠磊, 段炼, 赵梦飞, 修光利 (438)

泰山夏季 PM_{2.5} 中二元羧酸类 SOA 的分子组成及来源 孟静静, 侯战方, 刘晓迪, 邢继钊 (445)

南京北郊大气 BTEX 变化特征和健康风险评估 张玉欣, 安俊琳, 王健宇, 王俊秀, 师远哲, 刘静达, 梁静舒 (453)

长株潭城市群人为源 VOCs 排放清单及其对环境的影响 尤翔宇, 罗达通, 刘湛, 苏艳蓉 (461)

南京城市交通甲烷排放特征 张雪, 胡凝, 刘寿东, 王淑敏, 高韵秋, 赵佳玉, 张圳, 胡勇博, 李旭辉, 张国君 (469)

2003~2014年东北三省气溶胶光学厚度变化分析 张宸赫, 赵天良, 王富, 徐祥德, 苏航, 程兴宏, 谭成好 (476)

基于增强回归树的城市 PM_{2.5} 日均值变化分析: 以常州为例 葛跃, 王明新, 孙向武, 齐今笛 (485)

重庆市燃煤电厂汞排放特征及排放量 张成, 张雅惠, 王永敏, 王定勇, 徐凤, 杨熹, 何秀清 (495)

几种可能来源对广东某地空气中二噁英的影响 付建平, 韩静磊, 于晓巍, 杨艳艳, 尹文华, 冯桂贤, 张素坤, 黄锦琼, 任明忠 (502)

养鸡场空气中抗性基因和条件致病菌污染特征 高敏, 仇天雷, 秦玉成, 王旭明 (510)

百年来滇池沉积物中不同形态氮分布及埋藏特征 吴亚林, 李帅东, 江俊武, 沈胤胤, 黄昌春, 黄涛, 杨浩, 余艳红, 罗玉 (517)

岩溶地下河补给的地表溪流溶解无机碳及其稳定同位素组成的时空变化 李丽, 蒲俊兵, 李建鸿, 张陶 (527)

三峡水库大宁河支流浮游植物演变过程及其驱动因素 张佳磊, 郑丙辉, 刘德富, 王丽婧, 谭纤茹 (535)

分层型水库夏季水质对极端厄尔尼诺事件的响应 邱晓鹏, 黄廷林, 曾明正, 史建超, 曹占辉 (547)

淹水-落干与季节性温度升高耦合过程对消落带沉积物氮矿化影响 林俊杰, 刘丹, 张帅, 于志国, 何立平, 余顺慧 (555)

湖泊水体中铁(III)-草酸络合物驱动有机磷光解释放磷酸根 蒋永参, 彭云霄, 刘广龙, 周易勇, 朱端卫 (563)

高效磷吸附剂 Mg/Al-LDO 的制备及除磷机制 王卫东, 郝瑞霞, 张晓娴, 万京京, 钟丽燕 (572)

改性沸石湿地脱氮除磷效能及机制 吴鹏, 陆爽君, 徐乐中, 梁奇奇, 沈耀良 (580)

几种水陆交错带植物对底质氮磷释放的抑制作用 姚程, 胡小贞, 卢少勇, 耿荣妹 (589)

模拟三峡库区消落带优势植物根系低分子量有机酸对土壤中铅的解吸动力学 何沅洁, 刘江, 江韬, 黄京晶, 成晴, 陈宏 (600)

TiO₂/膨润土复合材料对 Hg²⁺ 的吸附性能研究 唐兴萍, 周雄, 张金洋, 张成, 王定勇 (608)

氨氮及 H₂O₂ 对溴酸盐和消毒副产物控制的影响 王永京, 杜旭, 金萌, 冯思捷, 杨凯, 张明露, 于建伟 (616)

配水管网细菌活性影响因素 王晓丹, 赵新华 (622)

施氏矿物的化学合成及其对含 Cr(VI) 地下水吸附修复 朱立超, 刘元元, 李伟民, 牟海燕, 王婉玉, 石德智, 王涛 (629)

臭氧-混凝耦合工艺污水深度处理特性及其机制 侯瑞, 金鑫, 金鹏康, 王晓昌 (640)

单级和多级 A/O 工艺中氮的去除效果及 N₂O 的产生特性 郭昌梓, 张凤燕, 刘富宇, 朱超, 裴立影 (647)

有机碳源作用下厌氧氨氧化系统的脱氮效能 管勇杰, 于德爽, 李津, 齐泮晴, 魏思佳 (654)

完全混合式曝气系统运行特性及微生物群落结构解析 王硕, 徐巧, 张光生, 李激 (665)

颗粒+絮体污泥 CANON 工艺的启动与 SRT 影响研究 孙延芳, 韩晓宇, 张树军, 李星, 曹相生 (672)

游离氨调控对污泥高含固厌氧消化反应器性能的影响 戴晓虎, 何进, 严寒, 李宁, 丁月玲, 董滨, 戴翎翎 (679)

利用卷枝毛霉成球特性高效收获微藻 顾琼, 金文标, 陈远清, 郭仕达, 万超凡 (688)

零价铁对污泥高温厌氧消化过程中四环素抗性基因及第一类整合子的消减影响 魏欣, 薛顺利, 杨帆, 李响, 刘振鸿, 薛罡, 高品 (697)

沈抚新城不同土地利用类型多环芳烃含量、来源及人体健康风险评估 王静, 刘明丽, 张士超, 鲁垠涛, 姚宏 (703)

河南某市驾校地表灰尘多环芳烃组成、来源与健康风险 陈轶楠, 马建华, 段海静, 魏林恒 (711)

外源微生物对植物根系修复十溴联苯醚污染底泥的强化作用 杨雷峰, 尹华, 彭辉, 李跃鹏 (721)

微生物修复油污土壤过程中氮素的变化及菌群生态效应 叶茜琼, 吴蔓莉, 陈凯丽, 李炜, 袁婧 (728)

沼泽红假单胞菌 PSB06 对辣椒根际微生物群落结构的影响 罗路云, 金德才, 左晖, 张卓, 谭新球, 张德咏, 卢向阳, 刘勇 (735)

再生水补水对河道底泥细菌群落组成与功能的影响 邱琰茗, 王广煊, 黄兴如, 郭道宇 (743)

矿区不同植被复垦模式对土壤细菌群落结构的影响 贺龙, 李艳琴, 李彬春, 李君剑 (752)

稻田土壤固碳功能微生物群落结构和数量特征 刘琼, 魏晓梦, 吴小红, 袁红朝, 王久荣, 李裕元, 葛体达, 吴金水 (760)

不同温度制备的生物质炭对土壤有机碳及其组分的影响: 对土壤腐殖物质组成及性质的影响 赵世翔, 于小玲, 李忠徽, 杨艳, 张霞, 王旭东, 张阿凤 (769)

复合菌剂秸秆堆肥对土壤碳氮含量和酶活性的影响 聂文翰, 戚志萍, 冯海玮, 孙玉静, 支月娥, 张进忠, 张丹 (783)

秸秆/生物炭施用对关中地区小麦-玉米轮作系统净增温潜势影响的对比分析 成功, 陈静, 刘晶晶, 张阿凤, 王旭东, 冯浩, 赵英 (792)

1株氯苯高效降解菌的分离鉴定及降解特性 叶杰旭, 林彤晖, 骆煜昊, 陈东之, 陈建孟 (802)

1株异养反硝化硫细菌的分离鉴定及代谢特性 谭文勃, 马晓丹, 黄聪, 陈川, 王爱杰 (809)

连续施用污泥堆肥土壤剖面中重金属积累迁移特征及对小麦吸收重金属的影响 孙娜, 商和平, 茹淑华, 苏德纯 (815)

施氮对小麦(Ⅵ)吸收、转运和分配的影响 陈玉鹏, 彭琴, 梁东丽, 宋卫卫, 雷凌明, 喻大松 (825)

长期暴露下纳米二氧化钛对典型淡水藻体砷累积与生物转化的影响 李金丽, 王振红, 严雅萌, 黄兵, 罗专溪 (832)

不同热解温度制备的玉米芯生物炭对对硝基苯酚的吸附作用 马锋锋, 赵保卫 (837)

《环境科学》征稿简则(526) 《环境科学》征订启事(720) 信息(678, 696, 844)

再生水补水对河道底泥细菌群落组成与功能的影响

邸琰茗^{1,2}, 王广焯^{1,2}, 黄兴如^{1,2}, 郭道宇^{1,2*}

(1. 首都师范大学资源环境与旅游学院, 北京 100048; 2. 北京市城市环境过程与数字模拟重点实验室-省部共建国家重点实验室培育基地, 北京 100048)

摘要: 以北京市永定河麻峪湿地再生水补水河段河道底泥细菌群落为研究对象, 联合限制性片段长度多态性(T-RFLP)技术, 16S rRNA 基因克隆文库技术和实时荧光定量 qPCR 技术, 分析再生水补水口上游、补水口及补水口下游这 3 个断面的细菌群落组成与功能特征差异, 尝试解释再生水补水对河道底泥细菌群落组成和功能特征的影响。结果表明, 再生水中高浓度的碳氮磷含量是导致补水口细菌群落多样性显著升高和群落组成最为丰富的直接原因, 人工湿地对碳氮磷浓度有较高的去除效率, 净化后底泥细菌群落逐步恢复, 表现出上下游相似的细菌群落多样性和结构组成; 补水口处细菌群落的优势类群是变形菌门中 β -Proteobacteria 和 δ -Proteobacteria, 亚优势类群是 Planctomycetes 和 Actinobacteria, 而 ϵ -Proteobacteria、Chloroflexi、Spirochaetes 是补水口处的独有类群; 氮碳磷循环是再生水补水河道底泥主要的生物地化循环过程, 克隆文库中补水口以毛单胞菌属(*Comamonas* sp.) 为优势类群的 45.9% 的克隆子与氮循环相关, 其相对丰度高于上下游(27.7% 和 23.4%), 以溶杆菌属(*Lysobacter* sp.) 为优势类群的 17.9% 的克隆子与碳循环密切相关, 其相对丰度高于上下游(14.4% 和 12.9%); 再生水中携带的痕量病原菌和抗生素等, 在一定程度上改变了河道底泥细菌群落碳氮循环的转换方式, 表现为补水口处固氮作用主要是红环菌属(*Rhodocyclus* sp.) 通过光合作用实现, 上下游以对植物具有促生作用的伯克氏菌属(*Burkholderia* sp.) 为代表进行共生固氮。该研究结果为再生水补水河道人工湿地修复研究提供理论依据。

关键词: 再生水; 城市河道; 16S rRNA 克隆文库; 细菌组成; 功能基因; T-RFLP

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2017)02-0743-09 DOI: 10.13227/j.hj.kx.201606089

Effect of Reclaimed Water on Bacterial Community Composition and Function in Urban River Sediment

DI Yan-ming^{1,2}, WANG Guang-xuan^{1,2}, HUANG Xing-ru^{1,2}, GUO Xiao-yu^{1,2*}

(1. College of Resources Environment and Tourism, Capital Normal University, Beijing 100048, China; 2. Urban Environmental Processes and Digital Modeling Laboratory, Beijing 100048, China)

Abstract: In order to study the effect of reclaimed water on bacterial community composition and function in urban river sediment, the changes of bacteria community diversity, composition and function in Mayu wetland upon the supply of reclaimed water were investigated by a range of sophisticated procedures, including Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism (T-RFLP), 16S rRNA clone library technology, and Real-time Quantitative PCR Detecting System (qPCR). The results showed that carbon, nitrogen and phosphorus were major factors driving the variation of bacterial diversity and community structure in river sediment, and the bacteria were gradually recovered after purification in downstream under the effect of artificial wetland. In addition, the bacterial community in reclaimed water outfall was mainly constituted by β -Proteobacteria, δ -Proteobacteria, Bacteroidales and Cyanobacteriain, and ϵ -Proteobacteria, Chloroflexi and Spirochaetes were unique groups. Besides, the major biological geochemical cycle was nitrogen, carbon and phosphorus cycle in river sediment, which was closely related to functional genes. There were about 45.9% of the clones related to nitrogen cycle in reclaimed water outfall, such as *Comamonas* sp., higher than those of upstream and downstream (27.7% and 23.4%), 17.9% of the clones were closely related to the carbon cycle, such as *Lysobacter* sp., higher than those of upstream and downstream (14.4% and 12.9%). Furthermore, the trace of pathogenic bacteria and antibiotics in reclaimed water also changed the transformation pattern participating in carbon and nitrogen cycle, for example, *Rhodocyclus* sp. conducted nitrogen fixation by photosynthesis in reclaimed water outfall, whereas *Burkholderia* sp. fixes nitrogen by ways of plants symbiotic nitrogen fixation in upstream and downstream. This research provides theoretical reference for studies on remediation of reclaimed water supplying river by artificial wetland.

Key words: reclaimed water; urban river; 16S rRNA library; bacterial community; functional genes; T-RFLP

在用水需求日益扩张的今天, 再生水作为一种稳定的补充水源, 在保障城市用水需求, 维持河湖景观等方面发挥重要作用。近年来, 有关再生水的研究已不断成为人们关注的热点^[1,2]。许多研究证明, 再生水中富含的多形态氮素和大量有毒污染物, 是影

收稿日期: 2016-06-14; 修订日期: 2016-09-21

基金项目: 国家自然科学基金项目(40901281); 北京市教育委员会科技计划项目(KM201310028012)

作者简介: 邸琰茗(1991~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为水污染控制与管理, E-mail: diyanming123@sina.com

* 通信作者, E-mail: xiaoyucnu@126.com

响补水口下游氮相关功能菌群相对丰度增加和敏感类群相对丰度减少的关键变异因素^[3],尤其是补水口较高浓度的氨氮使水体中氨氧化细菌在下游大量消耗溶解氧,进而使参与氮生物地化循环相关的菌群在空间尺度上表现出较大的差异^[4].人工湿地最早是模拟自然湿地的人工生态系统,主要利用自然生态系统中的物理、化学和生物三重协同作用来实现对污水的净化^[5,6].城市人工湿地在有效去除碳、氮、磷、重金属氧化物、各种有机物质和病原体,以及在减少水中生化需氧量 BOD 和总悬浮固体 TSS 含量方面发挥重要作用^[7].目前,城市人工湿地已逐渐被广泛用于城市湖泊与河流景观的水质改善中^[8].

关于再生水补水对城市河道底泥细菌群落结构的研究已有相关报道. Wakelin 等^[9]通过 16S rRNA 基因克隆文库构建和 qPCR 相结合的方法分析了污水处理厂排污对澳大利亚 Hanhndorf 河道底泥固氮功能基因相对丰度的影响,表明河道底泥中 *amoA*、*narG* 和 *nifH* 基因相对丰度随补水口径向渐变过程呈现增加趋势; Baniulyte 等^[10]借助于 T-RFLP 和 16S rRNA 克隆文库相结合的方法分析了以碳、氮为主要污染源的污水河道补水对美国芝加哥水域生态系统的影响,结果表明污水作用下河道底泥 Bacteroidetes 类群相对丰度增加, Acidobacteria 类群相对丰度减少,与河道有机物降解呈现显著正相关关系; Liu 等^[11]研究结果同样表明污水排放显著增加了 Bacteroidetes、Bacilli、Clostridia 等类群的相对丰度,而 α -Proteobacteria 相对丰度呈现下降趋势.

本课题组前期研究利用 T-RFLP 技术较好地解释了再生水补水对河道底泥细菌群落多样性的影响,并解析导致微生物群落多样性空间变异的主要环境因子.关于再生水补水对城市河道底泥细菌群落组成及其功能特征研究仍未见相关报道.本研究联合 T-RFLP 技术和 16S rRNA 克隆文库技术对再生水补水河道底泥细菌群落多样性及结构组成进行解析,采用实时荧光定量 qPCR 技术探讨再生水补水口及上下游底泥细菌群落功能特征差异,阐明再生水补水对河道底泥微生物群落生物地化循环过程的影响,以期构建高效的湿地净化系统,改善和维护生态平衡提供科学参考.

1 材料与方法

1.1 区域概况

研究区位于欧亚大陆东部中纬度地带,东部湿

润区和西部干旱区之间,大陆性气候显著.区域平均年降雨量约为 556 ~ 560 mm,降雨多集中在 6 ~ 9 月,全年平均日照 2 470 h,气温日变化及年内变化大.麻峪湿地净化系统地处北京市西部,属于门头沟永定河段,湿地多年平均气温为 11.7℃,1 月为 -4.3℃,7 月达到 25.8℃.湿地内有污水处理厂,污水厂日处理能力为 40 000 m³.

1.2 样品采集

本研究以《永定河生态功能区划》为依据合理布点,于 2012 年 9 月在门头沟区永定河段麻峪湿地上游至下游处采集新鲜的河道底泥样品,采样点具体包括:补水口上游 300 m 处 MK、补水口断面中门寺处 MZ 和下游 2 000 m 处净化断面 MJ,具体位置见图 1.每一个采样点沿河道横断面从中间到两岸均匀采集 5 个平行样,采样深度距离河底 20 cm,每个样点采集约 500 g 底泥,置于干净密封的聚四氟乙烯塑料袋中,低温储藏带回实验室进行分析处理,并对样品进行编号.

编号后的样品分两部分,一部分进行常规理化指标分析:TN、TP、TOC 的测定采用国标法, NH₄⁺-N 的测定采用 2 mol·L⁻¹ KCl 浸提-靛酚蓝比色法,ORP (oxidation-reduction potential) 的测定采用 ORP 仪直接测量,重金属采用原子吸收光谱法测定.剩余底泥样品于 -4℃ 下保存,用于微生物群落多样性的 T-RFLP 分析.另一部分每个样点 5 个平

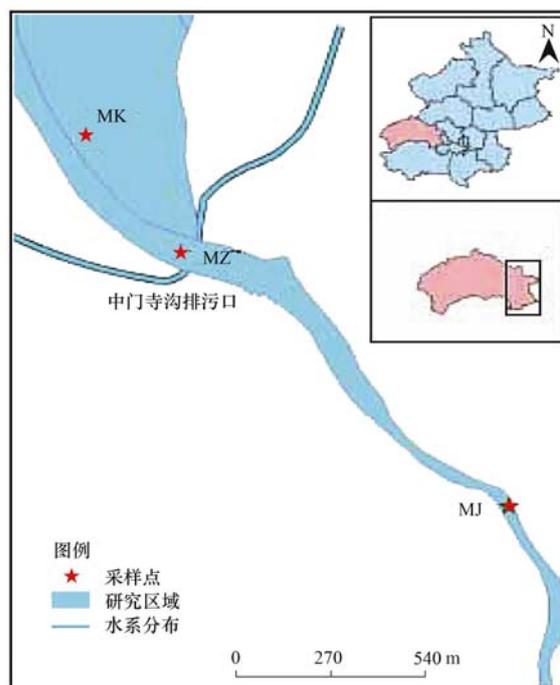


图 1 北京市麻峪湿地采样点分布示意

Fig. 1 Distribution of sample sites in Beijing Mayu wetland

行样共计 2 500 g, 土壤搅拌混匀提取约 500 g 作为一个样方并重新编号, 进行克隆文库分析。

1.3 基于 T-RFLP 技术的微生物多样性分析

1.3.1 DNA 提取

采用天根生化科技北京有限公司土壤样品试剂盒提取样品总 DNA, 按照说明书进行操作, 经质量分数 0.8% 的琼脂糖凝胶电泳检测鉴定, 收集到的样品放置于 -20℃ 条件下保存备用。

1.3.2 PCR 扩增

PCR 技术依据史青等^[12]应用 T-RFLP 技术分析滇池污染水体的细菌群落技术进行扩增。

1.3.3 末端限制性片段长度多态性 T-RFLP 分析

分别采用 *Msp*I、*Afa*I、*Hae* III 对荧光 PCR 产物进行酶切。在 37℃ 下放置 3 ~ 5 h。在 65℃ 条件下温浴 15 min 使酶失活。随后将酶切产物送至天根生物技术有限公司进行基因扫描 (Gene Scan), 得到 T-RFLP 图谱。舍去小于 50 bp 和大于 500 bp 的片段, 分别计算图谱中每一个峰的峰面积与所有峰总面积的比值, 形成了 3 个样品的 96 个原始数据矩阵, 每一个 T-RF 类型至少代表一种细菌类群, 以各 T-RF 类型的丰富度及其对应的相对丰度, 计算细菌群落的物种丰富度指数 (Margalef index)、多样性指数 (Shannon-Weaver index) 和均匀性指数 (Evenness index)。

1.4 基于克隆文库细菌群落结构组成分析

1.4.1 16S rRNA 基因克隆文库构建

该研究中 16S rRNA 基因克隆文库构建基于补水口和上下游的 3 个混合样点, PCR 条件与引物的选择同 T-RFLP 技术一致。将纯化后的 PCR 产物连接到 pMD18-T 载体, 转化大肠杆菌 DH5a, 用 Amp-Xgal IPTG 抗性筛选平板, 选择具有氨苄青霉素抗性的白色转化子, 构建 16S rDNA 克隆文库。运用 Muther 4.0 软件将每一个代表性序列在 NCBI 数据库中进行比对, 序列相似性 > 97% 的归为同一物种, 并选取同源性最高的菌株^[13]。

1.4.2 克隆文库覆盖度计算

通过 PCR 的检测方法, 将片段大小约为 1 643 bp 鉴定为阳性克隆。

$$C = 1 - n/N$$

式中, C 代表克隆文库的容量, N 代表阳性克隆子总数, n 代表仅含单个克隆子的数量。

1.5 典型功能基因的 qPCR 分析

qPCR 荧光定量, 也称实时定量, 是指在指数扩增期间通过连续检测荧光信号的强弱来即时测定特

异性产物的量, 并据此推断目的基因的初始量。所有反应在 Stratagene MX3000P 实时定量 PCR 仪中进行。mcrA 基因的量化基于 mcrA-1F 和 mcrA-2R * 引物对, 取 0.4 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 至 PCR 反应混合液中, 同时加入 5 μL DNA 相互反应, DNA 浓度为 20 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$, 启动热态激活, PCR 循环条件包括: 92℃ 2 min, 50℃ 1 min, 72℃ 45 s 下 40 次循环。nifH 基因量化主要基于 nifH-F 和 nifH-R 两种引物对。取 0.8 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 引物至 PCR 反应混合液中, 加入 5 μL DNA。启动热态激活, PCR 在 94℃ 45 s, 60℃ 45 s, 72℃ 45 s 条件下各完成 40 次循环。narG 基因定量使用 narG1960F 和 narG2650R 作为引物对, 取 0.8 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 引物至 PCR 反应混合液中, 加入 5 μL DNA。热循环条件基于 touch-down PCR, 在 60℃ 下进行 8 周期循环, 在 55℃ 条件下进行 30 周期循环^[9]。

2 结果与分析

2.1 底泥沉积物理化性质分析

基于 3 个研究断面 5 个平行样点的理化参数, 采用单因素方差分析对再生水补水口及上下游河道底泥理化性质进行差异性检验, 结果见表 1。TN、TP、ORP、TOC、 NH_4^+ -N、Zn、Fe 浓度在不同样点间差异显著。特别是 TP、TOC、TN 浓度在补水口处最高, 分别较上游增加 68%、53%、41%, 可能是由于补水口处再生水中含有丰富的营养物质沉积所致。而下游在人工湿地对碳氮磷的高效去除下, TP、TOC、TN 浓度呈显著下降趋势, 下降比率依次为 91%、77.34%、27.5%。ORP 是反映人工湿地中氧化还原状态的重要指标, 从补水口至下游依次增高的趋势, 表明在湿地植物根区有更强的氧化还原能力^[14]。与富营养化指标相比, 再生水影响下补水口

表 1 麻峪湿地不同样点底泥理化性质及重金属分布¹⁾

Table 1 Physicochemical properties and heavy metals distribution of sampling sites in Mayu wetland			
参数	补水口上游	补水口	补水口下游
TN/ $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	9.92 ± 0.014 ^a	17.03 ± 0.056 ^b	12.4 ± 0.106 ^c
TP/ $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	13.4 ± 0.014 ^a	42.2 ± 0.028 ^b	11.05 ± 0.084 ^c
ORP/mV	-29.4 ± 0.014 ^a	-90.9 ± 0.848 ^c	11.45 ± 0.07 ^b
TOC/ $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	2.605 ± 0.021 ^a	5.55 ± 0.07 ^b	0.48 ± 0.007 ^c
NH_4^+ -N/ $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	2.94 ± 0.007 ^a	5.01 ± 0.035 ^c	0.69 ± 0.099 ^b
Mn/ $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	1.16 ± 0.014 ^a	1.83 ± 0.014 ^a	1.15 ± 0.07 ^b
Fe/ $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	60.2 ± 0.141 ^a	65.8 ± 0.035 ^b	52.9 ± 0.028 ^c
Cu/ $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	0.04 ± 0.007 ^a	0.05 ± 0.014 ^a	0.04 ± 0.007 ^a
Zn/ $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	0.018 ± 0.021 ^a	1.53 ± 0.00 ^b	0.325 ± 0.007 ^c
Pb/ $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	0.02 ± 0.00 ^a	0.06 ± 0.014 ^a	0.04 ± 0.02 ^a

1) 给出的值是 3 次重复方法的标准偏差; 同一字母的值在 $P < 0.05$ 时无统计学意义

处略有增加的 Zn、Fe 等氧化还原活跃的元素,同样在下游湿地多种氧化还原梯度反应下去除^[15].

2.2 不同酶切下细菌多样性指数

根据 *MspI*、*HaeIII*、*AfaI* 这 3 种酶切下 T-RFLP 图谱中 T-RFs 数目及相对峰高和峰面积值,分别计算再生水补水口和上下游细菌群落的物种丰富度指数、综合多样性指数和均匀度指数(表 2).各酶切结果均显示 *MspI* 酶切样品微生物多样性略高于 *AfaI*、*HaeIII* 酶切,故后续分析采用 *MspI* 酶切结果^[16].以 *MspI* 为酶切的不同样点细菌类群多样性指数,均随再生水干扰

强度的增加依次表现补水口 > 上游 > 下游的变化趋势,即再生水补水口细菌群落多样性指数明显高于远离补水口的细菌群落.将 *MspI* 酶切结果做出 3 个样点的丰富度指数、多样性指数、均匀度指数与河道底泥理化指标的 Spearman 相关性分析(表 3).结果显示在置信度双侧为 0.01 时,物种丰富度指数、多样性指数、均匀度指数与 TN、TP、ORP、TOC、Mn、Fe 浓度显著相关,初步推测再生水中高浓度的碳氮磷含量是导致再生水补水口细菌群落多样性显著升高的直接原因.

表 2 不同酶切下的细菌群落多样性指数

样点	物种丰富度指数			综合多样性指数			均匀度指数		
	<i>MspI</i>	<i>HaeIII</i>	<i>AfaI</i>	<i>MspI</i>	<i>HaeIII</i>	<i>AfaI</i>	<i>MspI</i>	<i>HaeIII</i>	<i>AfaI</i>
补水口上游	9.4	5.64	6.62	3.33	2.58	3.31	0.882	0.85	0.79
补水口	14.99	13.46	14.05	3.62	3.56	3.78	0.907	0.86	0.88
补水口下游	6.297	3.69	4.41	3.35	2.35	3.31	0.84	0.83	0.84

表 3 多样性指数与理化指标的 Spearman 相关性分析¹⁾

指数	相关性	TN	TP	ORP	TOC	NH ₄ ⁺ -N	Mn	Fe	Cu	Zn	Pb
丰富度	相关系数	1.000**	1.000**	-1.000**	1.000**	0.5	1.000**	1.000**	-0.5	0.5	0.5
	Sig. (双侧)	0.01	0.01	0.01	0.01	0.667	0.01	0.01	0.667	0.667	0.667
多样性	相关系数	1.000**	1.000**	-1.000**	1.000**	0.5	1.000**	1.000**	-0.5	0.5	0.5
	Sig. (双侧)	0.01	0.01	0.01	0.01	0.667	0.01	0.01	0.667	0.667	0.667
均匀度	相关系数	1.000**	1.000**	-1.000**	1.000**	0.5	1.000**	1.000**	-0.5	0.5	0.5
	Sig. (双侧)	0.01	0.01	0.01	0.01	0.667	0.01	0.01	0.667	0.667	0.667

1) ** 表示在置信度双侧为 0.01 时,相关性是显著的

2.3 16S rRNA 克隆文库和 qPCR 分析各样点细菌群落组成与功能差异

2.3.1 各样点细菌群落组成差异

上游一共 132 个阳性克隆通过镶嵌检测,剩余 128 个单独的序列,通过 Muther4.0 软件将序列相似性大于 97% 的克隆子划分为 1 个 OTU,得到 50 个不同的 OTUs,克隆文库覆盖度为 71%.补水口处 156 个阳性克隆通过镶嵌检测删除后,剩余 93 个单独的序列,划分为 55 个不同的 OTUs,克隆文库的覆盖度为 89%.下游 103 个阳性克隆通过镶嵌检测删除后,剩余 59 个单独的序列,划分为 26 个不同的 OTUs,克隆文库的覆盖度为 88.33%.研究区的克隆文库中有很多不能精确到属的非培养物种,表明有很多未知的微生物资源(表 4).

测序结果包含了环境样品中主要的细菌种群,微生物多度比例结构图(图 2)显示,变形菌门(Proteobacteria)在 3 个克隆文库中均为优势类群(上游 32 个克隆,53%;补水口 29 个克隆,60%;下游 24 个克隆,63%).再生水补水口样点所构建克隆

文库中的亚优势类群,以浮霉菌门 Planctomycetes(6 个克隆,8.8%)和放线菌门 Actinobacteria(3 个克隆,6.7%)为代表.上下游样点所构建的克隆文库中亚优势类群与补水口存在较大差异,以蓝细菌门(Cyanobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidetes)为代表,其中 Cyanobacteria 在上下游中分别占到总克隆文库的 8.9% 和 5%,Bacteroidales 所占比例均为 6.5%.

变形菌中 β -Proteobacteria 是 3 个克隆文库中最丰富类群.补水口样点包含的 13 个克隆子中,有 3 个克隆子与硝化作用相关的 *Comamonas* sp. 相似性最高^[17],2 个克隆子与硝酸盐降解相关的 *Rhodocyclus* sp. 相似性最高^[18],1 个克隆子与分离自淡水湖中的菌株 *Sulfuricella* sp. 相似性最高.上下游包括 1 个克隆子与 *Ramlibacter* sp. 相似性最高,该菌属具有将硝酸根还原为亚硝酸的功能,4 个克隆子与来自矿区渗滤液中的 *Burkholderia* sp. 具高度同源性^[17],1 个克隆子与 *Thauera* sp. 具有最高相似性.其他克隆子与功能未知的非培养菌株具有高度相似性^[19].

表 4 16S rRNA 克隆文库检测各样点细菌群落组成

Table 4 Composition of bacterial community based on 16S rRNA clones detected from sediment in different samples

门	属	上游		补水口		下游	
		克隆子	百分比/%	克隆子	百分比/%	克隆子	百分比/%
α -Proteobacteria		4	4.4	1	2.2	5	8.2
	<i>Sphingomonas</i> sp.	2	2.2	1	2.2	4	6.6
	Unclassified	2	2.2	0	0	1	1.6
β -Proteobacteria		13	12.4	14	31.2	11	17.6
	<i>Burkholderia</i> sp.	2	2.2	0	0	4	6.6
	<i>Comamonas</i> sp.	0	0	3	6.6	0	0
	<i>Ramlibacter</i> sp.	1	1.1	0	0	1	1.1
	<i>Rhodocyclus</i> sp.	1	1.1	2	4.4	0	0
	<i>Sulfuricella</i> sp.	4	4.5	1	2.2	0	0
	<i>Thauera</i> sp.	0	0	0	0	1	6.6
	Unclassified	5	3.5	8	18	5	8.3
δ -Proteobacteria		12	13.3	7	11.7	3	5
	<i>Desulfocapsa</i> sp.	4	4.5	1	2.2	0	0
	<i>Desulfomicrobium</i> sp.	1	1.1	2	4.5	0	0
	<i>Desulfobacula</i> sp.	1	1.1	0	0	0	0
	<i>Syntrophus</i> sp.	0	0	1	2.2	0	0
	Unclassified	6	6.6	3	2.8	3	5
ε -Proteobacteria	<i>Arcobacter</i> sp.	0	0	2	4.5	0	0
η -Proteobacteria		2	2.2	5	11.2	5	8.8
	<i>Arenimonas</i> sp.	0	0	0	0	2	3.3
	<i>Cellvibrio</i> sp.	0	0	0	0	3	5
	<i>Lysobacter</i> sp.	0	0	2	4.4	0	0
	<i>Pseudomonas</i> sp.	1	1.1	1	2.2	0	0
	Unclassified	2	2.2	3	6.8	0	0
Acidobacteria	<i>Geothrix</i> sp.	0	0	1	2.2	0	0
Actinobacteria		2	2.2	3	6.7	2	2.2
	<i>Arthrobacter</i> sp.	2	2.2	0	0	2	2.2
	<i>Olsenella</i> sp.	0	0	2	4.5	0	0
	<i>Tessaracoccus</i> sp.	0	0	1	2.2	0	0
Bacteroidetes		4	6.5	4	9	4	6.6
	<i>Bacteroides</i> sp.	0	0	2	4.5	0	0
	<i>Flavobacterium</i> sp.	3	5	2	4.5	3	5
	<i>Flaviumibacter</i> sp.	1	1.1	0	0	1	1.6
Chloroflexi	<i>Chlorobium</i> sp.	0	0	3	1.8	0	0
Cyanobacteria		8	8.9	0	0	3	5
	<i>Cyanobium</i> sp.	4	4.5	0	0	1	1.6
	<i>Cylindrospermopsis</i> sp.	2	2.2	0	0	0	0
	<i>Raphidiopsis</i> sp.	2	2.2	0	0	0	0
Firmicutes	<i>Clostridium</i> sp.	1	1.1	1	2.2	0	0
Planctomycetes	<i>Pirellula</i> sp.	4	4.5	6	8.8	3	5
Spirochaetes		0	0	1	1.3	0	0
Verrucomicrobia		7	12	0	0	1	1.6

δ -Proteobacteria 是变形杆菌中上游和补水口克隆文库的次丰富类群。上游包含 4 个克隆子与甲烷降解功能有关的 *Desulfocapsa* sp. 相似性最高^[20], 1 个克隆子与除磷作用的古生球菌 *Desulfobacula* sp. 相似性最高^[21], 补水口 4 个克隆子与去除磷酸盐的磷酸微菌 *Desulfomicrobium* sp. 有关, 1 个克隆子与甲烷降解功能有关的 *Syntrophus* sp. 相似性最高^[22]。

η -Proteobacteria 主要分布在补水口和下游的克隆文库中, 补水口处 1 个克隆子与能产生绿色水溶

性色素的 *Pseudomonas* sp. 有较高相似性^[23], 2 个克隆子与植物的单株定植和抗药性有关的 *Lysobacter* sp. 相似性最高^[24], 下游包含 6 个克隆子与红树林中的单孢菌 *Arenimonas* sp. 和 *Cellvibrio* sp. 相似性最高^[25]。

非变形菌中, 拟杆菌门 (Bacteroidetes)、蓝细菌门 (Cyanobacteria)、和厚壁菌门 (Firmicutes) 为丰富类群。Bacteroidetes 是有机物质矿化的主要贡献者, 其多度变化与水域中有机物的降解呈现显著的正相

关关系^[26]. Cyanobacteria 与湿地碳氮循环具有密切的关系^[27]. Firmicutes 在补水口处有 1 个克隆子与 *Clostridium* sp. 相似性最高, 该菌属曾频繁出现在城市废水系统中, 主要来自于受污染的含水层和六价铬土壤泥沙中的提取物中^[28].

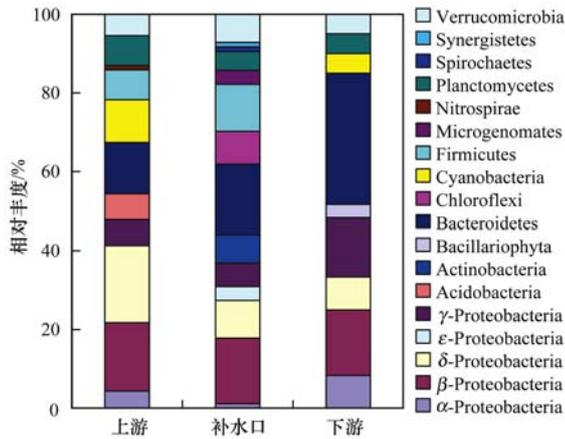


图 2 基于门水平的底泥细菌群落相对丰度分类柱状图

Fig. 2 Phylogenetic distribution of the OTUs in three clone libraries

2.3.2 各样点细菌群落功能结构差异

由于富营养化是补水口潜在的污染源, 功能基因的量化是微生物碳氮转换的一个重要佐证, 可从侧面证明微生物的生物地球化学循环. *mcrA* 基因作为目标基因用于产甲烷菌的系统发育分析, *nifH* 基因为固氮微生物所共有, *narG* 基因与反硝化功能有关, 将其作为 3 个代表性的功能基因, 对各基因数值取对数后, 进一步分析不同样点细菌群落功能差异和微生物间碳氮转换关系^[9]. 由图 3 可知, 各样点功能基因分布差异性显著 ($P < 0.001$). *narG* 基因在上游 MK 样点的拷贝数为 $4.95 \text{ copies} \cdot \text{ng}^{-1}$, 高于补水口 MZ 样点的拷贝数 $4.71 \text{ copies} \cdot \text{ng}^{-1}$ 和下游 MK

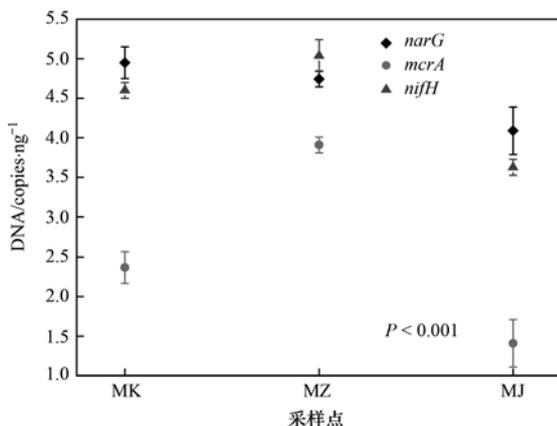


图 3 3 个典型氮碳循环功能基因的拷贝数在各样点分布

Fig. 3 Abundance distribution based on copies of three typical functional genes

样点的拷贝数 $4.12 \text{ copies} \cdot \text{ng}^{-1}$, 呈依次递减的变化趋势. *mcrA* 基因在补水口 MZ 样点的拷贝数为 $3.92 \text{ copies} \cdot \text{ng}^{-1}$, 显著高于上游 MK 样点的拷贝数 $2.42 \text{ copies} \cdot \text{ng}^{-1}$ 和下游 MJ 样点的拷贝数 $1.35 \text{ copies} \cdot \text{ng}^{-1}$. *nifH* 基因在补水口 MZ 样点的拷贝数为 $5.23 \text{ copies} \cdot \text{ng}^{-1}$, 同样显著高于上游 MK 样点的拷贝数 $4.62 \text{ copies} \cdot \text{ng}^{-1}$ 和下游样点 MJ 的拷贝数 $3.65 \text{ copies} \cdot \text{ng}^{-1}$. *mcrA* 基因与 *nifH* 基因相对丰度变化可能受再生水中碳氮含量影响, 均表现出在补水口高于上下游的特征.

3 讨论

3.1 再生水补水对河道底泥细菌群落多样性的影响

有研究表明微生物群落多样性是与环境长期响应的结果, 当细菌群落生境受再生水补水扰动时, 湿地净化系统中细菌群落多样性和组成特征均可产生时空变异^[29-31]. Spearman 相关性分析显示, 各样点微生物群落丰富度指数、多样性指数、均匀度指数分别与 TN、TP、ORP、TOC、Mn、Fe 浓度显著相关. 缓慢的水流和水体内部较长的更新周期, 使再生水中有有机物和营养物质沉积在补水口处, 导致补水口处底泥中碳氮磷浓度显著高于上下游^[32]; Mn、Fe 等金属含量在补水口处升高, 与上游河流沿岸的工业废水排放, 点源污染及农田径流非点源排放引发的重金属污染, 受自然营力作用下在水中沉淀有关^[33]. 再生水补水增加了补水口细菌群落结构中物种的多样性, 为应对再生水中丰富的氮磷等水质特性, 细菌群落结构与再生水水质特性密切联系的优势类群占有主导地位, 表明再生水作用下补水口处优势类群和非优势类群同时增多, 导致群落均匀度升高. 而补水口处的高克隆文库覆盖度, 和丰富的细菌群落多度比例结构, 表明再生水作用下对补水口处微生物细菌群落组成和结构的影响最为明显, 这同基于物种丰度计算出来的多样性指数结果具有一致性. 由于再生水中含有的碳、氮、磷、有机质等营养元素可提供微生物生长和繁殖的能量物质, 促进底泥中微生物的生长^[34], 因此再生水中高浓度的碳氮磷含量是导致补水口细菌群落多样性显著升高和群落组成最为丰富的直接原因. 微生物细菌群落多样性和相对丰度随着下游湿地净化作用呈现下降趋势, 氧化还原电位 (ORP) 因其控制着微生物的呼吸作用, 可通过有机氮的去除机制, 在脱氮群落结构变异中起重要作用^[5]. 随着再生水水质的不断净化及微生物群落生境的逐步稳定, 受影响的细菌群落

得以恢复.

3.2 再生水补水作用下对河道底泥微生物主要的环境效应

微生物群落结构的变化是对生态过程中碳、氮、磷、重金属等相关物质生物地化循环过程直接响应的结果,并在物质降解过程中发挥重要作用^[35]. 营养元素在环境中迁移、转化及归趋等环境行为与其所诱导的功能基因在环境中的传播,已经得到了学者普遍的认同^[36]. 再生水中富含多形态氮素,其中氮循环主要由湿地植物根际微生物固氮、硝化(氨氧化作用和亚硝化作用)、反硝化和氨化作用这4个过程推动^[13]. *nifH* 基因主要对河道底泥沉积物中存在的大量无机氮有很大贡献. 多文献借助于固氮所诱导的 *nifH* 功能基因相对丰度表征固氮生态过程. 补水口处占克隆文库的 31.2% 的克隆与水域生态系统中氮的固定有关,以绿菌门中的绿菌属(*Chlorobium* sp.) 为代表. 上下游仅有占克隆文库 12.4% 和 11.6% 的克隆与生态系统中氮的固定有关. *narG* 基因与氮循环中反硝化功能有关,主要反映微生物以氮氧化物为电子受体产生能量的过程. 氮素通过生物固氮作用进入生物圈,继而由反硝化作用重新回到大气中,实现整个自然界的氮素循环^[37]. 本研究中补水口克隆文库中 14.7% 的克隆与硝态氮的反硝化作用有关,以 β -Proteobacteria 中可还原硝酸盐的红环菌属(*Rhodocyclus* sp.) 和具有强反硝化功能的丛毛单胞菌属(*Comamonas* sp.) 为代表;上下游占 15.3% 和 10.5% 的克隆与 β -Proteobacteria 中具有较强脱氮功能的 *Thauera* sp. 和 *Ramlibacter* sp. 有关. 总体表现出补水口处占克隆文库的 45.9% 的克隆与氮循环密切相关,上下游仅 27.7% 和 23.4%.

湿地中高密度的植物种植及藻类生长发育过程中枯落物的累积是有机碳的主要来源. 补水口处丰富的 *mcrA* 基因与产甲烷功能有关. 甲烷是物质碳循环中典型的代谢产物之一,以微生物为介导的甲烷消耗被认为是氧化的主要途径,可能来自于底泥沉积物深层有机物中的无氧分解. 本研究中补水口处克隆文库以拟杆菌属(*Bacteroides* sp.)、溶杆菌属(*Lysobacter* sp.) 和互养菌属(*Syntrophus* sp.) 为代表的 17.9% 的克隆与碳循环密切相关,上下游以一些梭状芽胞杆菌中 *Desulfobacula* sp. 和 *Flavobacterium* sp. 可代谢碳水化合物的菌株为代表参与碳循环,仅占总克隆文库的 14.4% 和 12.9%^[38,39].

具有良好除磷作用的脱磷弧菌属

(*Desulfomicrobium* sp.), 在研究区磷生物循环过程发挥重要作用. 与磷生物地化循环有关的菌株在上游、补水口和下游克隆文库中所占的比例依次为 13.3%、11.7% 和 5%, 呈现显著下降趋势,主要原因归结于硝酸盐是较磷酸盐更为活跃的电子受体,补水口急剧增加的硝酸盐浓度减弱了生态系统中磷酸盐的生物转化过程. 本研究中未涉及硫磷功能基因循环之间的关系,有待于进一步深入研究.

总体来看,补水口附近与碳氮生物地化循环具密切关系的菌株比例高于上下游样点. 其次,与补水口样点克隆文库菌群结构相比较,上下游菌群结构更趋于相似,与多样性和群落组成结果一致. 这也是有机物浓度在上下游不具显著差异的重要原因.

3.3 再生水补水作用下对河道底泥微生物次要的环境效应

再生水含有残留的病原菌,抗生素等,在河道补给回用的过程中同样对微生物群落产生有害的影响^[40]. 补水口处独有的微生物类群 ϵ -Proteobacteria、Chloroflexi 和 Spirochaetes, 均属于有机厌氧类病原菌,常分布于水合物较少而有机质丰富的热液沉积物中^[41]. 补水口丰富的有机质为该细菌的生长提供了良好的生境. 再生水中可能含有一些能够与该类底泥菌属具有协同生长作用的微生物,也是导致细菌群落在补水口处发生变化的直接原因. 而补水口处 *Rhodocyclus* sp. 等与抗生素浓度有关^[42] 的菌属,抑制微生物的生长,群落相对丰度在下游显著下降至消失. 另一方面,与上下游以对植物具有促生作用的伯克氏菌属(*Burkholderia* sp.) 为代表的共生固氮作用相比较,补水口处固氮作用主要通过红环菌属(*Rhodocyclus* sp.) 中光合作用来实现湿地固氮作用. 微生物固氮方式和转换类群的变化,间接解释了再生水中累积物质对湿地中植物根际促生菌的毒害作用.

重金属作为底泥次要生物地化循环过程中仅在底泥理化性质统计分析中有所表现,采用克隆文库构建的细菌群落结构分析中,并未发现与重金属生物循环具有密切关系的代表性菌属,可能是由于克隆转化仅表现在细菌群落中优势类群的局限性所致^[43]. 结合基于 qPCR 功能基因相对丰度的分析结果,与 T-RFLP 细菌群落多样性的研究结果相比较,克隆文库方法在反映细菌群落优势种属的组成特性和其对应的功能特征方面具有显著优势. 而在二代测序成熟的今天,仅采用克隆文库的方法难以全面描述群落结构,基于高通量对细菌群落结构空间变

的分析将是后续工作中研究的重点。

4 结论

(1)再生水中高浓度的碳氮磷含量是导致补水口细菌群落多样性显著升高和群落结构最为丰富的直接原因,人工湿地对碳氮磷浓度有较高的去除效率,净化后底泥细菌群落逐步恢复,表现出上下游相似的细菌群落多样性和结构组成。

(2)补水口处细菌群落的优势类群是变形菌门中 β -Proteobacteria 和 δ -Proteobacteria,亚优势类群是非变形菌中浮霉菌门 Planctomycetes 和放线菌门 Actinobacteria。而 ε -Proteobacteria、Chloroflexi、Spirochaetes 是补水口处的独有类群。

(3)氮碳磷循环是再生水补水下河道底泥主要的生物地化循环过程,克隆文库中补水口以毛单胞菌属(*Comamonas* sp.)为优势类群的 45.9%的克隆子与氮循环相关,其相对丰度高于上下游(27.7%和 23.4%),以溶杆菌属(*Lysobacter* sp.)为优势类群的 17.9%的克隆子与碳循环具密切相关,其相对丰度高于上下游(14.4%和 12.9%)。

(4)再生水中携带的痕量病原菌和抗生素等,在一定程度上改变了河道底泥细菌群落碳氮循环的转换方式。表现为补水口处固氮作用主要是红环菌属(*Rhodocyclus* sp.)通过光合作用实现,上下游以对植物具有促生作用的伯克氏菌属(*Burkholderia* sp.)为代表进行共生固氮。

致谢:本实验的现场采样和实验工作由实验室同学马栋山等协助帮忙完成,在此表示感谢。

参考文献:

- [1] Zhao Y G, Ren N Q, Wang A J, et al. Influence of organic pollutants on the bacterial community in Songhua River drainage area[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2007, 47(2): 313-318.
- [2] Thurston J A, Foster K E, Karpiscak M M, et al. Fate of indicator microorganisms, *giardia* and *cryptosporidium* in subsurface flow constructed wetlands [J]. Water Research, 2001, 35(6): 1547-1551.
- [3] Sundberg C, Stendahl J S K, Tonderski K, et al. Overland flow systems for treatment of landfill leachates—potential nitrification and structure of the ammonia-oxidising bacterial community during a growing season [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2007, 39(1): 127-138.
- [4] Wang X Y, Wang C, Bao L L, et al. Abundance and community structure of ammonia-oxidizing microorganisms in reservoir sediment and adjacent soils [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2014, 98(4): 1883-1892.
- [5] Malecki-Brown L M, White J R, Reddy K R. Soil biogeochemical characteristics influenced by alum application in a municipal wastewater treatment wetland [J]. Journal of Environmental Quality, 2007, 36(6): 1904-1913.
- [6] 籍国东,倪晋仁. 人工湿地废水生态处理系统的作用机制[J]. 环境污染治理技术与设备, 2004, 5(6): 71-75.
- Ji G D, Ni J R. Mechanisms of constructed wetland wastewater ecological treatment systems[J]. Techniques and Equipment for Environmental Pollution Control, 2004, 5(6): 71-75.
- [7] Zhao S M, Hu N, Chen Z J, et al. Bioremediation of reclaimed wastewater used as landscape water by using the denitrifying bacterium *Bacillus cereus* [J]. Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology, 2009, 83(3): 337-340.
- [8] Cui F, Yuan B, Wang Y. Constructed wetland as an alternative solution to maintain urban landscape lake water quality: trial of Xing-Qing Lake in Xi'an city [J]. Procedia Environmental Sciences, 2011, 10: 2525-2532.
- [9] Wakelin S A, Colloff M J, Kookana R S. Effect of wastewater treatment plant effluent on microbial function and community structure in the sediment of a freshwater stream with variable seasonal flow [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2008, 74(9): 2659-2668.
- [10] Baniulyte D, Favila E, Kelly J J. Shifts in microbial community composition following surface application of dredged river sediments[J]. Microbial Ecology, 2009, 57(1): 160-169.
- [11] Liu C M, Aziz M, Kachur S, et al. BactQuant; an enhanced broad-coverage bacterial quantitative real-time PCR assay [J]. BMC Microbiology, 2012, 12: 56.
- [12] 史青,柏耀辉,李宗逊,等. 应用 T-RFLP 技术分析滇池污染水体的细菌群落[J]. 环境科学, 2011, 32(6): 1786-1792.
- Shi Q, Bai Y H, Li Z X, et al. Analysis of bacterial community in the polluted water of Dianchi Lake by using T-RFLP Technique [J]. Environmental Science, 2011, 32(6): 1786-1792.
- [13] Guo Y H, Gong H L, Guo X Y. Rhizosphere bacterial community of *Typha angustifolia* L. and water quality in a river wetland supplied with reclaimed water[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2015, 99(6): 2883-2893.
- [14] 付融冰,朱宜平,杨海真,等. 连续流湿地中 DO、ORP 状况及与植物根系分布的关系[J]. 环境科学学报, 2008, 28(10): 2036-2041.
- Fu R B, Zhu Y P, Yang H Z, et al. DO and ORP conditions and their correlation with plant root distribution in a continuous-flow constructed wetland treating eutrophic water [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2008, 28(10): 2036-2041.
- [15] 张虎成,田卫,俞穆清,等. 人工湿地生态系统污水净化研究进展[J]. 环境污染治理技术与设备, 2004, 5(2): 11-15.
- Zhang H C, Tian W, Yu M Q, et al. Study progress in constructed wetland ecosystems for sewage purification [J]. Techniques and Equipment for Environmental Pollution Control, 2004, 5(2): 11-15.
- [16] 牟文婷,张涛,孙建,等. 新疆特殊生境岩石内生细菌末端限制性片段长度多态性技术分析[J]. 微生物学报, 2012, 52(3): 381-388.
- Mou W T, Zhang T, Sun J, et al. Terminal restriction fragment length polymorphism analysis of endolithic bacteria community at special habitats in Xinjiang [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2012, 52(3): 381-388.
- [17] Yoshida M, Ishii S, Fujii D, et al. Identification of active denitrifiers in rice paddy soil by DNA-and RNA-based analyses [J]. Microbes and Environments, 2012, 27(4): 456-461.

- [18] Hougardy A, Klemme J H. Nitrate reduction in a new strain of *Rhodoferrax fermentans*[J]. Archives of Microbiology, 1995, **164**(5): 358-362.
- [19] Chen Y Y, Zhen Y, He H, *et al.* Diversity, abundance, and spatial distribution of ammonia-oxidizing β -Proteobacteria in sediments from Changjiang estuary and its adjacent area in East China Sea[J]. Microbial Ecology, 2014, **67**(4): 788-803.
- [20] Finster K, Liesack W, Thandrup B. Elemental sulfur and thiosulfate disproportionation by *Desulfocapsa sulfoexigens* sp. nov., a new anaerobic bacterium isolated from marine surface sediment[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1998, **64**(1): 119-125.
- [21] Euzéby J P. Taxonomic note: necessary correction of specific and subspecific epithets according to rules 12c and 13b of the international code of nomenclature of bacteria[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 1998, **48**: 1073-1075.
- [22] Mountfort D O, Brulla W J, Krumholz L R, *et al.* *Syntrophus buswellii* gen. nov., sp. nov.: a benzoate catabolizer from methanogenic ecosystems[J]. International Journal of Systematic Bacteriology, 1984, **34**(2): 216-217.
- [23] Bashan Y. Field dispersal of *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*, *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*, and *Alternaria macrospora* by animals, people, birds, insects, mites, agricultural tools, aircraft, soil particles, and water sources[J]. Canadian Journal of Botany, 1986, **64**(2): 276-281.
- [24] Christensen P, Cook F D. *Lysobacter*, a new genus of nonfruiting, gliding bacteria with a high base ratio [J]. International Journal of Systematic Bacteriology, 1978, **28**(3): 367-393.
- [25] Parker J L, Shaw J G. *Aeromonas* spp. clinical microbiology and disease[J]. Journal of Infection, 2011, **62**(2): 109-118.
- [26] Gupta R S. The phylogeny and signature sequences characteristics of *Fibrobacteres*, *Chlorobi*, and *Bacteroidetes*[J]. Critical Reviews in Microbiology, 2004, **30**(2): 123-143.
- [27] Komárek J, Kaštovský J, Mareš J, *et al.* Taxonomic classification of cyanoprokaryotes (cyanobacterial genera) 2014, using a polyphasic approach [J]. Preslia, 2014, **86**(4): 295-335.
- [28] Vierheilig J, Frick C, Mayer R E, *et al.* *Clostridium perfringens* is not suitable for the indication of fecal pollution from ruminant wildlife but is associated with excreta from nonherbivorous animals and human sewage [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2013, **79**(16): 5089-5092.
- [29] Truu M, Juhanson J, Truu J, *et al.* Microbial biomass, activity and community composition in constructed wetlands[J]. Science of the Total Environment, 2009, **407**(13): 3958-3971.
- [30] 李虎, 黄福义, 苏建强, 等. 浙江省瓯江氨氧化古菌和氨氧化细菌分布及多样性特征[J]. 环境科学, 2015, **36**(12): 4659-4666.
- Li H, Huang F Y, Su J Q, *et al.* Distribution and diversity of ammonium-oxidizing archaea and ammonium-oxidizing bacteria in surface sediments of Oujiang River[J]. Environmental Science, 2015, **36**(12): 4659-4666.
- [31] 曹新垲, 杨琦, 郝春博. 厌氧污泥降解禁动力学与生物多样性研究[J]. 环境科学, 2012, **33**(10): 3535-3541.
- Cao X K, Yang Q, Hao C B. Degradation kinetics of naphthalene by anaerobic sludge and analysis of the bacterial biodiversity[J]. Environmental Science, 2012, **33**(10): 3535-3541.
- [32] Yan Q Y, Yu Y H, Feng W S, *et al.* Plankton community composition in the Three Gorges Reservoir Region revealed by PCR-DGGE and its relationships with environmental factors[J]. Journal of Environmental Sciences, 2008, **20**(6): 732-738.
- [33] 陈明, 刘晓端, 魏连伟, 等. 永定河上游水体与底泥中污染物的分布规律[J]. 岩矿测试, 2001, **20**(2): 131-135, 141.
- Chen M, Liu X D, Wei L W, *et al.* Distribution of pollutants in water and silt along the upper Yongdinghe River[J]. Rock and Mineral Analysis, 2001, **20**(2): 131-135, 141.
- [34] 龚雪, 王继华, 关键飞, 等. 再生水灌溉对土壤化学性质及可培养微生物的影响[J]. 环境科学, 2014, **35**(9): 3572-3579.
- Gong X, Wang J H, Guan J F, *et al.* Impact of reclaimed water irrigation on soil chemical properties and culturable microorganisms [J]. Environmental Science, 2014, **35**(9): 3572-3579.
- [35] 刘克. 北京市典型河湖再生水补水生态环境效应研究[D]. 北京: 首都师范大学, 2012. 78-109.
- [36] 俞慎, 王敏, 洪有为. 环境介质中的抗生素及其微生物生态效应[J]. 生态学报, 2011, **31**(15): 4437-4446.
- Yu S, Wang M, Hong Y W. Antibiotics in environmental matrices and their effects on microbial ecosystems [J]. Acta Ecologica Sinica, 2011, **31**(15): 4437-4446.
- [37] Philippot L, Piutti S, Martin-Laurent F, *et al.* Molecular analysis of the nitrate-reducing community from unplanted and maize-planted soils [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2002, **68**(12): 6121-6128.
- [38] Li L Q, Wang D, Liu X Y, *et al.* Soil organic carbon fractions and microbial community and functions under changes in vegetation: a case of vegetation succession in karst forest [J]. Environmental Earth Sciences, 2014, **71**(8): 3727-3735.
- [39] Zhang Y, Xie X, Jiao N, *et al.* Diversity and distribution of *amoA* - type nitrifying and *nirS* - type denitrifying microbial communities in the Yangtze River estuary [J]. Biogeosciences, 2014, **11**(8): 2131-2145.
- [40] Geldreich E E, Litsky W. Fecal coliform and fecal streptococcus density relationships in waste discharges and receiving waters [J]. CRC Critical Reviews in Environmental Control, 1976, **6**(4): 349-369.
- [41] Drury B, Rosi-Marshall E, Kelly J J. Wastewater treatment effluent reduces the abundance and diversity of benthic bacterial communities in urban and suburban rivers [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2013, **79**(6): 1897-1905.
- [42] Strom P F, Matulewich V A, Finstein M S. Concentrations of nitrifying bacteria in sewages, effluents, and a receiving stream and resistance of these organisms to chlorination [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1976, **31**(5): 731-737.
- [43] Kemp P F, Aller J Y. Bacterial diversity in aquatic and other environments: what 16S rDNA libraries can tell us [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2004, **47**(2): 161-177.

CONTENTS

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

《环境科学》第6届编辑委员会

主 编: 赵进才

副主编: 赵景柱 郝吉明 田 刚

编 委: (按姓氏笔画排序)

万国江 王华聪 王凯军 王绪绪 田 刚 田 静 史培军
朱永官 刘志培 刘 毅 汤鸿霄 孟 伟 周宗灿 林金明
赵进才 赵景柱 姜 林 郝郑平 郝吉明 聂永丰 黄 霞
黄耀 鲍 强 潘 纲 潘 涛 魏复盛

环 境 科 学

(HUANJING KEXUE)

(月刊 1976年8月创刊)

2017年2月15日 第38卷 第2期

ENVIRONMENTAL SCIENCE

(Monthly Started in 1976)

Vol. 38 No. 2 Feb. 15, 2017

主 管	中国科学院	Superintended	by	Chinese Academy of Sciences
主 办	中国科学院生态环境研究中心	Sponsored	by	Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences
协 办	(以参加先后为序) 北京市环境保护科学研究院 清华大学环境学院	Co-Sponsored	by	Beijing Municipal Research Institute of Environmental Protection School of Environment, Tsinghua University
主 编	赵进才	Editor-in -Chief		ZHAO Jin-cai
编 辑	《环境科学》编辑委员会 北京市2871信箱(海淀区双清路 18号, 邮政编码:100085) 电话:010-62941102, 010-62849343 传真:010-62849343 E-mail: hjkx@rcees. ac. cn http://www. hjkx. ac. cn	Edited	by	The Editorial Board of Environmental Science (HUANJING KEXUE) P. O. Box 2871, Beijing 100085, China Tel:010-62941102, 010-62849343; Fax:010-62849343 E-mail: hjkx@rcees. ac. cn http://www. hjkx. ac. cn
出 版	科 学 出 版 社 北京东黄城根北街16号 邮政编码:100717	Published	by	Science Press 16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China
印 刷 装 订	北京宝昌彩色印刷有限公司	Printed	by	Beijing Baochang Color Printing Co., Ltd.
发 行	科 学 出 版 社 电话:010-64017032 E-mail: journal@ mail. sciencep. com	Distributed	by	Science Press Tel:010-64017032 E-mail: journal@ mail. sciencep. com
订 购 处	全国各地邮电局	Domestic		All Local Post Offices in China
国外总发行	中国国际图书贸易集团有限公司 (北京399信箱)	Foreign		China International Book Trading Corporation (Guoji Shudian), P. O. Box 399, Beijing 100044, China

中国标准刊号: ISSN 0250-3301
CN 11-1895/X

国内邮发代号: 2-821

国内定价: 140.00元

国外发行代号: M 205

国内外公开发行

ISSN 0250-3301



9 770250 330172