

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第38卷 第4期

Vol.38 No.4

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

西宁近郊大气氮干湿沉降研究	许稳, 金鑫, 罗少辉, 冯兆忠, 张霖, 潘月鹏, 刘学军 (1279)
兰州春夏季 PM ₁₀ 碳组分昼夜变化特征与来源分析	马丽, 余晔, 王博, 赵素平, 李刚 (1289)
海南三亚大气颗粒物中水溶性无机离子浓度及其粒径分布特征	王璐, 刘子锐, 温天雪, 苗红妍, 王跃思 (1298)
2015年北京城区大气 PM _{2.5} 中 NH ₄ ⁺ 、NO ₃ ⁻ 、SO ₄ ²⁻ 及前体气体的污染特征	丁萌萌, 周健楠, 刘保献, 王焱, 张博韬, 石爱军, 杨懂艳, 常森 (1307)
北京市某垃圾焚烧厂周边大气二噁英污染特征及暴露风险	齐丽, 任玥, 刘爱民, 黄业茹, 赵震, 王江, 李泓 (1317)
北京和保定地区大气细颗粒物中可培养细菌的种群特征	胡亚东, 马安周, 吕鹏翼, 张扬, 庄国强 (1327)
基于实时交通数据的南京市主次干道机动车排放特征分析	李笑语, 吴琳, 邹超, 张意, 毛洪钧, 荆博宇 (1340)
过渡金属掺杂对铜锡烧绿石催化碳烟燃烧性能的影响	李曦峰, 孙宇琦, 王仲鹏, 牟宗刚, 崔兆杰 (1348)
南水北调中线北京段水质状况分析	徐华山, 赵磊, 孙昊苏, 任玉芬, 丁涛, 常帅, 王海东, 李森, 果钊 (1357)
三峡前置库汉丰湖试运行年水文水质变化特征	杨兵, 何丙辉, 王德宝 (1366)
基于偏最小二乘模型的河流水质对土地利用的响应	李琳琳, 张依章, 唐常源, 郑磊, 孟伟, 卢少勇, 敦宇 (1376)
抚仙湖夏季热分层时期水温及水质分布特征	王琳杰, 余辉, 牛勇, 牛远, 张有林, 刘倩, 吉正元 (1384)
千岛湖溶解氧与浮游植物垂向分层特征及其影响因素	俞焰, 刘德富, 杨正健, 张佳磊, 徐雅倩, 刘晋高, 严广寒 (1393)
高通量测序技术研究辽河真核浮游藻类的群落结构特征	王靖淇, 王书平, 张远, 林佳宁, 高欣, 臧小苗, 赵茜 (1403)
三门湾近海有机污染对浮游细菌群落的影响	戴文芳, 郭永豪, 郁维娜, 熊金波 (1414)
沉积物-水界面氮的源解析和硝化反硝化	金赞芳, 龚嘉临, 施伊丽, 金漫彤, 李非里 (1423)
广州南沙红树林湿地水体和沉积物中有机氯农药的残留特征	丁洋, 黄焕芳, 李绘, 罗杰, 郑煌, 孙焰, 杨丹, 张原, 祁士华 (1431)
太湖西岸河网沉积物中重金属污染特征及风险评价	边博, 周燕, 张琴 (1442)
锁磷剂对杭州西湖底泥磷释放的控制效果	朱广伟, 李静, 朱梦圆, 龚志军, 许海, 杨桂军, 张运林, 秦伯强 (1451)
超滤处理东江水不可逆膜污染物的识别和活性炭对其吸附去除	杨海燕, 王灿, 鄢忠森, 李冬平, 赵焱, 瞿芳术, 梁恒, 徐叶琴, 李圭白 (1460)
UV/SPS 降解水中三氯生的效能及动力学	李青松, 李学艳, 姚宁波, 骆靖宇, 李国新, 陈国元, 高乃云 (1467)
真空紫外-亚硫酸盐法降解 PFOS 影响因素	韩慧丽, 王宏杰, 董文艺 (1477)
g-C ₃ N ₄ 协同光催化还原 Cr(VI) 及氧化磺基水杨酸	李莉莉, 陈翠柏, 兰华春, 刘菲, 安晓强 (1483)
锆改性硅藻土吸附水中磷的研究	范艺, 王哲, 赵连勤, 吴德意 (1490)
3种常规消毒方法对磺胺类抗性基因削减效果的比较	郑吉, 周振超, 陈芳, 陈涛, 魏媛媛, 韩玥, 陈红 (1497)
典型生活污水处理工艺对雌激素效应的去除	张秋亚, 马晓妍, 王晓昌, 游猛 (1506)
SRT 对酵母-SBR 处理油脂废水稳定性的影响	吕文洲, 张树林, 乔宇祥, 刘英 (1513)
分散染料 neocron black (NB) 的生物降解特性	杨波, 丁凤友, 徐辉, 李方, 田晴, 马春燕 (1520)
多聚磷酸盐激酶基因在污水生物除磷中的功能	南亚萍, 周国标, 袁林江 (1529)
生物膜短程硝化系统的恢复及其转化为 CANON 工艺的过程	付昆明, 周厚田, 苏雪莹, 王会芳 (1536)
厌氧氨氧化反应器脱氮性能及细菌群落多样性分析	曹雁, 王桐屿, 秦玉洁, 韩彬, 任君怡 (1544)
内环境调节层对厌氧生物反应器填埋场中氮转化的影响	何正坤, 宋博宇, 朱南文, 董军 (1551)
矿化垃圾中 Fe(III) 还原耦合 CH ₄ 厌氧去除特性	王立立, 何婷, 龙焰, 刘常宝 (1558)
应用铅同位素示踪研究泉州某林地垂直剖面土壤中重金属污染及来源解析	孙境蔚, 于瑞莲, 胡恭任, 苏光明, 王晓明 (1566)
畜禽粪便有机肥中重金属在土壤剖面中积累迁移特征及生物有效性差异	何梦媛, 董同喜, 茹淑华, 苏德纯 (1576)
山东省农田土壤多环芳烃的污染特征及源解析	葛蔚, 程琪琪, 柴超, 曾路生, 吴娟, 陈清华, 朱祥伟, 马东 (1587)
江汉平原典型土壤环境中有机磷农药的分布特征及影响因素	王建伟, 张彩香, 潘真真, 廖小平, 刘媛, 吕曲, 汤蜜 (1597)
基于生物有效性的农田土壤磷素组分特征及其影响因素分析	蔡观, 胡亚军, 王婷婷, 袁红朝, 王久荣, 李巧云, 葛体达, 吴金水 (1606)
秸秆还田对外源氮在土壤中转化及其微生物响应的影响	陈珊, 丁咸庆, 祝贞科, 王娟, 彭佩钦, 葛体达, 吴金水 (1613)
生物炭输入对城郊农业区农田地表反照率及土壤呼吸的影响	张阳阳, 胡学玉, 邹娟, 张迪, 陈威, 王向前, 陈窈君, 刘扬 (1622)
淹水水稻土消耗 N ₂ O 能力及机制	王玲, 邢肖毅, 秦红灵, 刘毅, 魏文学 (1633)
不同污水处理工艺非二氧化碳温室气体的释放	李惠娟, 彭党聪, 刘文博, 姚倩, 卓杨 (1640)
施用不同污泥堆肥品对土壤温室气体排放的影响	杨雨滢, 易建婷, 张成, 陈宏, 木志坚 (1647)
不同镉水平下纳米沸石对土壤 pH、CEC 及 Cd 形态的影响	迟苏琳, 徐卫红, 熊仕娟, 王卫中, 秦余丽, 赵婉伊, 张春来, 李彦华, 李桃, 张进忠, 熊治庭, 王正银, 谢德体 (1654)
不同作物对外源硒动态吸收、转运的差异及其机制	彭琴, 李哲, 梁东丽, 王梦柯, 郭璐 (1667)
褪黑素对水稻幼芽镍胁迫的缓解作用	刘仕翔, 黄益宗, 罗泽娇, 黄永春, 蒋航 (1675)
不同形态磺胺类药物在根-土界面的空间分布及毒性评价	金彩霞, 司晓薇, 王万峰, 王春峰, 王子英, 张琴文, 王婉 (1683)
三峡库区消落带沉积物对鱼体富集率的影响	孙松, 李楚娴, 张成, 王永敏, 王定勇 (1689)
重庆市居民头发重金属富集特征及相关性分析	何明靖, 李琦, 王登祥, 赵佳渊, 杨婷 (1697)
16S rRNA 高通量测序研究集雨窖水中微生物群落结构及多样性	杨浩, 张国珍, 杨晓妮, 武福平, 赵炜, 张洪伟, 张翔 (1704)
石墨烯掺杂聚苯胺阳极提高微生物燃料电池性能	黄力华, 李秀芬, 任月萍, 王新华 (1717)
美国污染场地清理的风险评估简介及政策制定	容跃 (1726)
《环境科学》征稿简则 (1505) 《环境科学》征订启事 (1682) 信息 (1339, 1459, 1612)	

三门湾近海有机污染对浮游细菌群落的影响

戴文芳^{1,2}, 郭永豪¹, 郁维娜^{1,2}, 熊金波^{1,2*}

(1. 宁波大学海洋学院, 宁波 315211; 2. 浙江海洋高效健康养殖协同创新中心, 宁波 315211)

摘要: 近海污染问题日趋严重, 因此亟需评价污染对海洋环境造成的潜在影响。微生物作为对环境变化的首要响应者, 可能作为评价污染水平的指示生物。为此, 本文采集三门湾和邻近鱼山保护区共 21 个站点的表层海水, 利用 Illumina 技术测定细菌 16S rRNA 基因, 对比研究有机污染对浮游细菌群落的影响。三门湾的有机污染 (A) 为 4.57 ± 2.41 , 显著 ($P < 0.001$) 高于鱼山保护区 0.43 ± 0.74 。三门湾和鱼山保护区的浮游细菌多样性和群落结构差异显著, 其中三门湾水域的放线菌门 (Actinobacteria)、 α -变形菌纲 (α -Proteobacteria)、 β -变形菌纲 (β -Proteobacteria)、SAR406 的相对丰度显著高于鱼山保护区, 而拟杆菌门 (Bacteroidetes)、蓝细菌门 (Cyanobacteria)、浮霉菌门 (Planctomycetes) 的相对丰度低于鱼山保护区。多元回归树分析 (multivariate regression tree, MRT) 发现浮游细菌多样性主要受 pH、有机污染和叶绿素 a (Chl- a) 的影响, 分别控制了 27.7%、15.6% 和 6.7% 的多样性变异。冗余分析 (redundancy analysis) 结果表明驱动细菌群落变异环境因子为有机污染、pH 和盐度 (salinity), 共解释了 14.8% 的群落变异。同时, 空间距离与细菌群落组成显著相关, 解释了 4.42% 的变异, 表明浮游细菌的空间分布不是随机的。此外, 本研究筛选到与有机污染状况显著相关的 23 个细菌科, 各科相对丰度的变化与其已知的生态功能特征相吻合, 因此可以作为潜在的有机污染指示种群。本实验结果表明近海有机污染显著地改变了浮游细菌群落结构, 特别是潜在病原菌丰度的增加; 此外, 筛选到敏感指示种群用于评估有机污染程度。

关键词: 近海有机污染; 浮游细菌群落; 冗余分析; 指示细菌科; 驱动因子

中图分类号: X55; X826 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2017)04-1414-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.201610003

Effects of Coastal Organic Pollution on Bacterioplankton Community in Sanmen Bay

DAI Wen-fang^{1,2}, GUO Yong-hao¹, YU Wei-na^{1,2}, XIONG Jin-bo^{1,2*}

(1. School of Marine Sciences, Ningbo University, Ningbo 315211, China; 2. Collaborative Innovation Center for Zhejiang Marine High-Efficiency and Healthy Aquaculture, Ningbo 315211, China)

Abstract: Coastal organic pollution has become a serious problem, thus it is imperative to assess the potential effects on the marine environment. The microbes are generally the first responders to environmental perturbation, which may serve as biological indicators for pollution levels. In this study, we collected surface seawater samples from Sanmen Bay and adjacent Yushan Reserve. Using an Illumina sequencing based analysis of bacterial 16S rRNA gene, we explored the effect of organic pollution on the bacterioplankton community compositions (BCCs). The results showed that the organic pollution (A) was 4.57 ± 2.41 at Sanmen Bay, which was significantly higher ($P < 0.001$) than that in Yushan Reserve (0.43 ± 0.74). The bacterial diversity and community compositions differed significantly between the two locations. Specifically, the relative abundance of Actinobacteria, α -Proteobacteria, β -Proteobacteria, SAR406 in Sanmen Bay was significantly higher than that in Yushan Reserve, while Bacteroidetes, Cyanobacteria, Planctomycetes exhibited an opposite change pattern. A multivariate regression tree analysis showed that the bacterial diversity was primarily affected by water pH, organic pollution and chlorophyll a levels, which respectively explained 27.7%, 15.6% and 6.7% variance in bacterial diversity. A redundancy analysis (RDA) revealed that the bacterioplankton community was significantly controlled by pH, salinity and organic pollution, which cumulatively explained 14.8% of the variation in BCCs. In addition, the geographic distance was significantly ($P < 0.001$) correlated with BCCs, accounting for 4.42% variance, which suggested that the spatial distribution of bacterioplankton community was non-random. Moreover, this study screened 23 sensitive bacterial families, whose relative abundances were significantly associated the organic pollution. For a given bacterial family, the change pattern of relative abundance was consistent with its known function, thus holding the potential for indicating organic pollution levels. To conclude, this study showed that the increasing coastal organic pollution had altered BCCs, and enriched the relative abundances of potential pathogens. Furthermore, the sensitive bio-indicators were screened for evaluating the increasing organic pollution level.

Key words: coastal organic pollution; bacterioplankton community compositions; redundancy analysis; bio-indicative bacterial family; driving factor

收稿日期: 2016-10-02; 修订日期: 2016-11-19

基金项目: 浙江省自然科学基金项目 (LY15D060002); 浙江省新苗人才计划项目 (2015R40506)

作者简介: 戴文芳 (1991 ~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为海洋环境科学, E-mail: daiwenfang6283@163.com

* 通信作者, E-mail: xiongjinbo@nbu.edu.cn

近年来,由于工业废水的不达标排放、农业过度施肥的淋溶及海湾养殖业的迅速发展,导致近海环境富营养化程度和水域面积扩大,给近海生态环境带来了严重危害^[1]。此外,营养盐浓度的增加能够促进条件致病菌的致病能力^[2],进一步威胁近海养殖业健康的发展。因此,沿海水域水环境状况一直是海洋环境监测部门和研究者关注的重点。传统的水质监测为海水的富营养化程度提供了重要依据,但不能综合反映环境因子的叠加、协同和拮抗等效应对生物体的影响^[3]。

海水环境中存在着大量的微生物,这些微生物既是各种有机物的分解者和转化者,又能够将能量通过食物链传递到更高级的消费者,因此在物质循环和能量流动中具有核心的基础作用^[4, 5]。目前认为微生物群落是对环境变化的首要响应者,能够通过反馈作用加剧或缓冲环境变化对生态功能的影响^[6]。微生物主要以群落水平承担着重要的生态功能,且整体的群落变化可以全面综合地反映环境的扰动情况^[7]。微生物由于代时短,能够对外部环境变化敏感^[8, 9],如微生物群落结构能对 pH 值、溶解氧、氨氮、磷酸盐和化学需氧量等环境因子的变化产生快速响应^[10~13]。有研究认为将微生物群落响应整合到生态模型中能够更好地预测环境变化可能造成的影响^[14, 15]。且微生物指示种的应用能全面系统地反映和记录环境扰动对微生物产生的生物和非生物(包括未测定因子)的压力^[12]。此外,环境中营养盐的浓度和微生物的群落组成决定着外源物种的入侵定殖能力^[16]和病原菌的致病能力^[2]。因此,在近海生态系统中,浮游细菌的群落结构和多样性有可能作为评价海水生态系统健康和稳定的重要指标^[9]。

三门湾海域地理位置优越,作为“三门湾次经济圈”贯通温台沿海产业带和杭州湾产业带,在电力、航道和渔业养殖等方面已形成较大产业,同时也造成海域环境的污染。为此,行政部门在距离三门湾约 100 km 的地方设置了鱼山保护区,为保护环境和评价近海污染和人为活动的干扰提供了对照区域。两个区域在营养盐水平已出现显著差异,为人们评价有机污染物水平对细菌群落的影响提供了天然的、原位的实验条件。在该区域的现有研究主要通过形态鉴定关注底栖动物、浮游动物,发现盐度、温度等是影响底栖动物、浮游动物分布的主要环境因子^[17, 18]。然而,针对有机污染与细菌群落之间关系的研究报道相对较少。随着微生物研究方法的发展,

高通量测序成本迅速降低,能够同时分析批量样品,研究可培养及不可培养细菌,更全面地反映细菌群落组成。基于此,本文同时采集三门湾 9 个站点和鱼山保护区 12 个站点点(作为对照组)(图 1),采用 Illumina 测定细菌 16S rRNA 基因序列,研究有机污染对三门湾海域浮游细菌群落的影响,通过回答以下问题:①近海污染是否会影响浮游细菌群落结构及多样性;②影响浮游细菌群落结构的主要环境因子;③能否筛选到与有机污染程度相关的指示细菌科,以期评估近海污染的微生态效应提供敏感的生物学指标,并为环境生态修复提供基础信息和理论依据。

1 材料与方法

1.1 实验设计和水样采集

2013 年 8 月随宁波市海洋环境监测中心监测船分别采集三门湾和鱼山保护区表层海水(水深 0.5 m),其中三门湾取了 9 个(记为 S107、S109、S110、S111、S112、S113、S114、S115、S118)和鱼山 12 个(记为 Y117、Y119、Y121、Y122、Y123、Y124、Y125、Y126、Y127、Y128、Y129、Y130)站点水样,共计 21 个样品。由于鱼山保护区是海洋生态特别保护区,人类活动干扰较小,因此海水有机污染和富营养化水平均较低(表 1),所以本研究将鱼山保护区作为对照区(图 1)。采样时现场利用 Multi 350i 多功能便携式水质检测仪(Sea-Bird)测定海水水温、pH、盐度(salinity)、溶解氧(DO)等水质指标,并记录采样站点经纬度坐标。样品的采集、贮存、运输和预处理均按《海洋调查规范》(GB/T 12763-2007)和《海洋监测规范》(GB 17378-2007)中规定的方法进行。

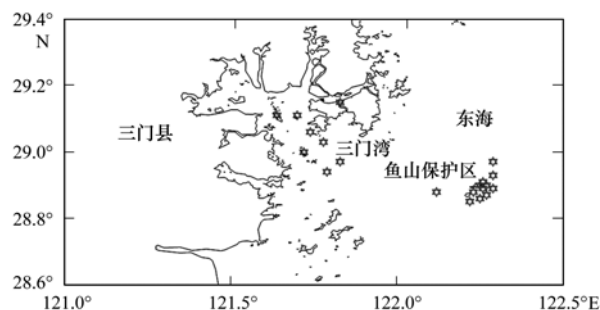


图 1 采样站点示意图

Fig. 1 Distribution map of sampling sites

1.2 水体理化性质测定

海水温度、pH、溶解氧和盐度进行现场测定。其它水质理化指标根据《海洋监测规范》(GB

17378-2007)的标准方法测定;如用锌镉还原法测定硝酸盐(NO_3^- -N);用重氮-偶氮法测定亚硝酸盐(NO_2^- -N);用次溴酸钠氧化法测定铵态氮(NH_4^+ -N);用抗坏血酸还原磷钼蓝法测定磷酸盐(PO_4^{3-} -P);用碱性高锰酸钾法测定化学需氧量(COD);采用丙酮萃取分光光度法测定叶绿素 a (Chl-a),且用分光光度计分别测定波长在 647 nm 和 665 nm 的吸光值,根据公式 $\text{Chl-a} = 12.70A_{665} - 2.79A_{647}$ 计算叶绿素 a 浓度^[19].

1.3 DNA 的提取和纯化

采集的水样先经 100 μm 灭菌尼龙筛绢预过滤,然后经 0.2 μm 孔径的滤膜(Millipore, Boston, MA, USA)抽滤收集微生物. 过滤的滤膜用无菌剪刀剪碎后,利用 Power Soil® DNA 试剂盒(MO BIO Laboratories, Carlsbad, CA, USA)按照操作说明提取微生物总 DNA,并用 NanoDrop ND-1000 分光光度计(NanoDrop Technologies, Wilmington, USA)测定 DNA 浓度和纯度. DNA 样品于 -80°C 冰箱保存备用.

1.4 细菌16S rRNA基因扩增及 Illumina 测序

取每个样品纯化后的 DNA 50 ng 作为模板,用引物 515F (5'-GTGCCAGCMGCC-GCGGTAA-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 扩增 16S rRNA 基因的 V4 可变区^[20]. 引物的 5'端带有用于 Illumina 测序的接头和区分样品来源的 6 碱基的 Barcode 序列. PCR 反应条件如下:30 个循环,98 $^\circ\text{C}$ 变性 10 s,50 $^\circ\text{C}$ 退火 30 s,72 $^\circ\text{C}$ 延伸 30 s,最后 72 $^\circ\text{C}$ 延伸 5 min. 每个样品 PCR 重复 3 次以减少扩增过程造成的偏差. PCR 产物经凝胶电泳检测,得到与扩增预期大小一致且无非特异性的条带后,再用 PCR 片段纯化试剂盒纯化(TaKaRa Biotech, Japan). 利用 NanoDropND-1000 测定浓度后,每个样品取等量的 PCR 产物混合,在 MiSeq 双末端测序平台测序(Illumina, San Diego, CA, USA).

1.5 Illumina 数据处理

下机后的数据用 FLASH 软件拼接二端序列^[21],然后用 Qiime (quantitative insights into microbial ecology) 流程分析,包括质控和去嵌合体^[22]. 简言之,剪接掉 3 个以上的连续且质控分子小于 20 的碱基,保留 >300 个碱基的长序列,然后用 UCHIME 去掉嵌合体^[23]. 用 UCLUST 将序列在 97% 的相似性水平聚类为 OTUs (operational taxonomic units,分类操作单元);挑选在每个 OTU 里丰度和覆盖度最高的序列为代表序列,用

PyNAST 在 Greengenes (13.5 版)数据库中比对,获得 OTUs 的物种分类信息^[24, 25]. 随后去掉古菌、叶绿体和不属于细菌的 OTUs. 为了消除样品间由于测序深度造成的偏差,通过随机取样,每个样品 12 000 条序列(样品中最低测序深度)进行后续分析.

1.6 有机污染

为了全面地反映近海污染状况,本文采用有机污染(A)^[26]表征海水有机物污染状况. 有机物污染的计算公式如下:

$$A = C/C_0 + N/N_0 + P/P_0 - D/D_0$$

式中,C、N、P、D 分别为水体中 COD、DIN、DIP 和 D_0 的实测浓度;其中 C 是化学需氧量 COD 的含量($\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$);N 是水体溶解总无机氮含量,即铵态氮(NH_4^+ -N)、硝态氮(NO_3^- -N)、亚硝态氮(NO_2^- -N)的含量总和($\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$),记为 DIN;P 是溶解的无机磷含量(PO_4^{3-} -P)($\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$);D 是水体溶氧量 DO 的含量($\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$). C_0 、 N_0 、 P_0 、 D_0 则分别为相应要素一类海水水质标准,其值分别为 2.0、0.20、0.015、6.0 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ ^[26, 27].

1.7 统计分析

利用不成对双尾 T 检验(unpaired T test, two-tail)比较三门湾和鱼山保护区环境因子、细菌主要种群相对丰度和多样性的差异显著性. 在 Bray-Curtis 距离评估群落结构的整体差异,并用主坐标分析(principal coordinates analysis, PCoA)将各样品的细菌群落组成在二维图上可视化. 采用多元回归树聚类法(multivariate regression tree, MRT)筛选影响细菌多样性的环境因子^[28]. 利用 BioEnv 筛选出与群落变异显著相关的环境因子组合,用偏冗余分析(partial redundancy analysis, pRDA)表征环境因子与细菌群落变异的相关性^[29]. 本研究主要关注有机污染对浮游细菌组成和多样性的影响,因此,利用 Pearson 相关性分析挑选丰度与有机污染显著相关的种群,作为指示有机污染评价的指示种,并用热图(heatmap)显示在各样品中的分布.

2 结果与分析

2.1 三门湾、鱼山保护区水体理化指标

在检测的理化指标中,盐度(salinity)、pH、溶解氧(DO)、磷酸盐(PO_4^{3-} -P)、悬浮颗粒(SP)、硝酸盐(NO_3^- -N)、亚硝酸盐(NO_2^- -N)、无机氮(DIN)、有机污染(A)在三门湾、鱼山保护区均存在显著差异($P < 0.05$),其中三门湾的悬浮颗粒、

硝酸盐、亚硝酸盐、无机氮、有机污染均显著高于鱼山对照区,但溶解氧显著低于鱼山对照区(表1).值得注意的是:三门湾的有机污染为4.57,高出鱼山保护区0.43的10倍(表1),表明人为活动造成了近海环境的富营养化.

表1 T 检验分析三门和鱼山环境因子间的差异性¹⁾

Table 1 The T test analysis of the difference of environmental parameters in Sanmen Bay and Yushan Reserve

理化指标	三门湾	鱼山保护区	P
盐度/‰	33.06 ± 0.39	33.65 ± 0.07	0.002
pH	8.03 ± 0.04	8.33 ± 0.02	<0.001
溶解氧/mg·L ⁻¹	6.00 ± 0.3	9.60 ± 0.35	<0.001
磷酸盐/mg·L ⁻¹	0.03 ± 0.01	0.01 ± 0.01	<0.001
化学需氧量/mg·L ⁻¹	0.92 ± 0.15	0.96 ± 0.26	0.675
悬浮颗粒/mg·L ⁻¹	83.07 ± 8.40	41.86 ± 11.13	<0.001
硝酸盐/mg·L ⁻¹	0.56 ± 0.44	0.12 ± 0.10	0.003
铵态氮/mg·L ⁻¹	0.03 ± 0.01	0.03 ± 0.01	0.715
亚硝酸盐/mg·L ⁻¹	0.02 ± 0.003	0.003 ± 0.002	<0.001
叶绿素 a/μg·L ⁻¹	6.42 ± 2.16	6.84 ± 4.38	0.776
无机氮/mg·L ⁻¹	0.61 ± 0.44	0.15 ± 0.10	0.002
有机污染	4.57 ± 2.41	0.43 ± 0.74	<0.001

1) 表中的数据为平均值 ± 标准偏差;黑体字为组间差异显著 ($P < 0.05$, T 检验),下同

2.2 浮游细菌群落结构及多样性差异

为比较三门湾、鱼山保护区的浮游细菌群落结构差异,对三门湾、鱼山保护区的浮游细菌群落作了主坐标分析(principal coordinates analysis, PCoA).其中第一轴主坐标(PCoA 1)的贡献率为75.21%,第二轴主坐标(PCoA2)贡献率为6.35%

(图2),两者累积贡献率为81.56%,因此能客观反映微生物群落结构上的差异.群落差异性分析结果表明二个区域的浮游细菌群落差异显著($P < 0.001$).三门湾浮游细菌群落的多样性,包括香农多样性(Shannon-Wiener diversity)及系统发育多样性(Phylogenetic diversity)均显著($P < 0.001$)高于鱼山保护区多样性(表2).细菌多样性差异主要与水体溶解无机氮(DIN)、亚硝酸盐(NO_2^- -N)、磷酸盐(PO_4^{3-} -P)及有机污染有关(表3).利用多元回归树分析发现pH、有机污染是影响浮游细菌群落多样性的首要因素(图3),分别解释了27.7%和15.6%的多样性变异,其次为叶绿素a(6.7%).

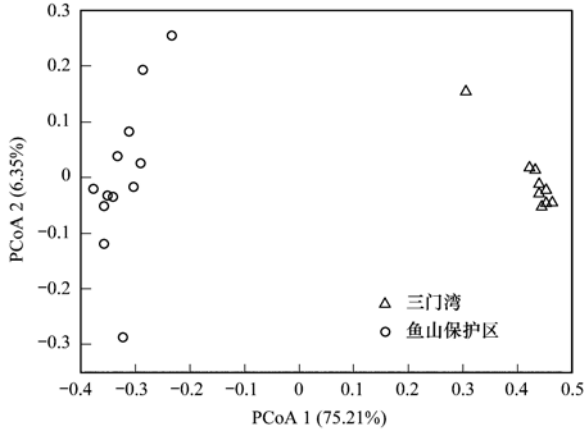
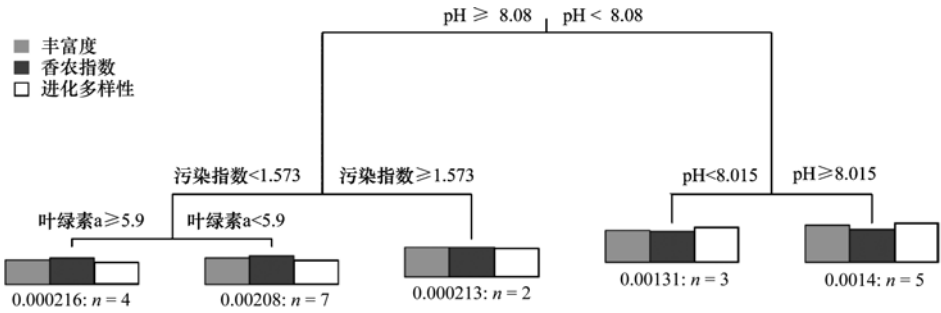


图2 三门湾鱼山保护区样品浮游细菌群落主成分分析(PCoA)
Fig. 2 Principal coordinates analysis (PCoA) plot derived from the Bray-Curtis distances between samples from Sanmen Bay and Yushan Reserve



每片叶子(终端)数值分别为相对误差和所含样品的数量

图3 多元回归树分析控制浮游细菌群落多样性的环境因子

Fig. 3 Multiple regression tree analysis for identification of factors shaping the bacterioplankton diversity

表2 浮游细菌群落多样性指数

Table 2 Diversity indices of bacterial community

站点点	Shannon-Wiener 指数	Phylogenetic 指数
三门湾	6.37 ± 0.34	154.46 ± 17.47
鱼山保护区	5.67 ± 0.31	102.96 ± 9.32
P	<0.001	<0.001

2.3 浮游细菌群落组成和结构分析

三门湾和鱼山保护区主要细菌类群为放线菌门(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、蓝细菌门(Cyanobacteria)、浮霉菌门(Planctomycetes)、 α -变形菌纲(α -Proteobacteria)、 γ -变形菌纲(γ -Proteobacteria),对应三门湾的平均相对丰度分别为

30.7%、11.2%、4.6%、6.8%、32.0%、8.3%，合计占总细菌序列数的 93.6%；对应鱼山保护区的平均相对丰度分别为 2.9%、52.7%、9.5%、9.7%、18.5%、6.4%，合计占总细菌序列数的 99.7%（图 4）。尽管主要的组成类群相似，但这些主要的门/纲的相对丰度在二个区域差异显著，如三门湾中的放线菌门（ $P < 0.001$, t 检验, 下同）、 α -变形菌纲（ $P < 0.001$ ）、 β -变形菌纲（ $P < 0.001$ ）、SAR406（ $P < 0.001$ ）的相对丰度显著高于鱼山保护区；而拟杆菌门（ $P < 0.001$ ）、蓝细菌门（ $P = 0.088$ ）、浮霉菌门（ $P < 0.001$ ）的相对丰度低于鱼山保护区。

表 3 浮游细菌多样性与环境因子间的相关性分析¹⁾

Table 3 Pearson correlation between bacterioplankton

环境变量	Shannon-Wiener 指数		Phylogenetic 指数	
	r	P	r	P
盐度	-0.825	<0.001	-0.857	<0.001
pH	-0.720	<0.001	-0.886	<0.001
溶解氧	-0.731	<0.001	-0.900	<0.001
化学需氧量	-0.019 7	0.932	0.018 2	0.937
悬浮颗粒	0.740	<0.001	0.791	<0.001
硝酸盐	0.428	0.053	0.499	0.021
磷酸盐	0.643	0.0016	0.834	<0.001
铵态氮	-0.194	0.399	-0.199	0.387
亚硝酸盐	0.754	<0.001	0.864	<0.001
叶绿素 a	-0.232	0.311	-0.207	0.367
无机氮	0.440	0.046	0.512	0.017
有机污染	0.580	0.006	0.708	<0.001

1) 表中 r 为多样性 (包括香农多样性和系统发育多样性) 与环境变量间的相关性系数; 黑体字表示显著相关 ($P < 0.05$, Pearson 相关性分析)

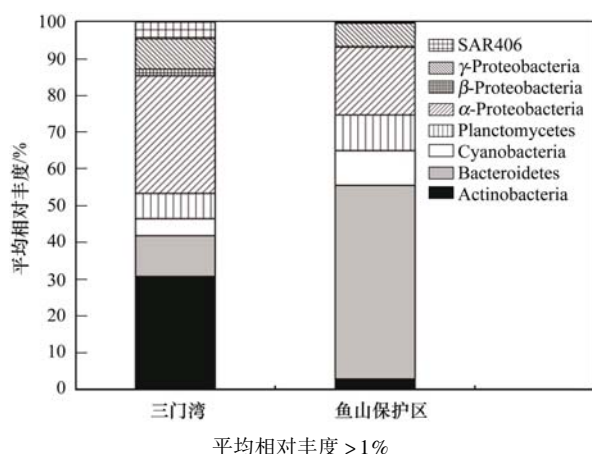


图 4 三门湾鱼山保护区主要细菌门

Fig. 4 Relative abundance of the dominant bacteria in Sanmen Bay samples and Yushan Reserve samples at phylum level

2.4 浮游细菌群落与空间距离、环境因子间的关系
本研究首先对环境因子进行标准化处理,以消

除各环境因子间量纲的差异。随后,采用 BioEnv 筛选出与群落变异显著最相关的环境因子组合。结果表明 pH ($P < 0.001$)、盐度 ($P < 0.001$) 和有机污染 ($P = 0.001$)、空间距离 ($P < 0.001$) 与细菌群落变异的相关性最高 ($r = 0.673$, $P < 0.001$)。将这些环境因子用于后续的 RDA 分析,结果表明有机污染与三门湾浮游细菌群落呈现正相关性,而 pH、盐度与鱼山保护区呈负相关性[图 5(a)]。进一步利用变异分配分析评估空间距离 (作为扩散限制的指标) 和水体理化性质 (pH、盐度和有机污染) 对浮游细菌群落变异的相对贡献,这些因子共控制了 31.5% 的群落变异,剩余 68.5% 的群落变异未被解释[图 5(b)]。其中,空间距离解释了 4.42%,环境因子共解释了 14.8%,二者的交互作用解释了 12.28% 的群落变异。有机污染作为单一因子只控制了 2.79%,细菌群落变异较低[图 5(b)]。

2.5 筛选指示站点有机污染程度的敏感浮游细菌科

同一细菌科具有相似的生态功能,因此本研究利用相关性检验在科水平挑出与有机污染显著相关的细菌科,并将这些指示科在各样品间的分布特征 (相对丰度取平方根) 用热图显示,结果表明样品能够按来源的区域聚类 (图 6),与主坐标分析有类似的区分效果 (图 2)。同时,这些科的相对丰度与有机污染显著相关,因此可能用于评价近海水体环境有机污染状况。鱼山保护区主要指示种群为黄杆菌科 (Flavobacteriaceae),其相对丰度较高;三门湾主要为红杆菌科 (Rhodobacteraceae)、酸微菌目 (Acidimicrobiales)。在筛选到的 23 个细菌科中,黄杆菌科、红杆菌科和海洋螺菌科 (Oceanospirillaceae) 与有机污染成负相关,其余 19 个科均与有机污染程度成正相关,如硝化螺旋菌科 (Nitrospiraceae)、互营杆菌科 (Syntrophobacteraceae) 和立克次氏体 (Rickettsiales) (图 6)。

3 讨论

近海环境营养盐污染已经对环境造成严重的负面影响,如赤潮暴发频率的增加和无氧区范围的扩大等。因此,对近海污染的环境监测及评价一直是海洋环境监测和管理部门关注的焦点问题。目前海洋监测部门主要监测近海环境的理化因子或单一潜在病原菌 (如可培养大肠杆菌) 的计数,而缺乏在细菌群落水平对环境污染程度的评价指标。近年来,大量研究结果表明细菌群落的结构特征是细菌与环

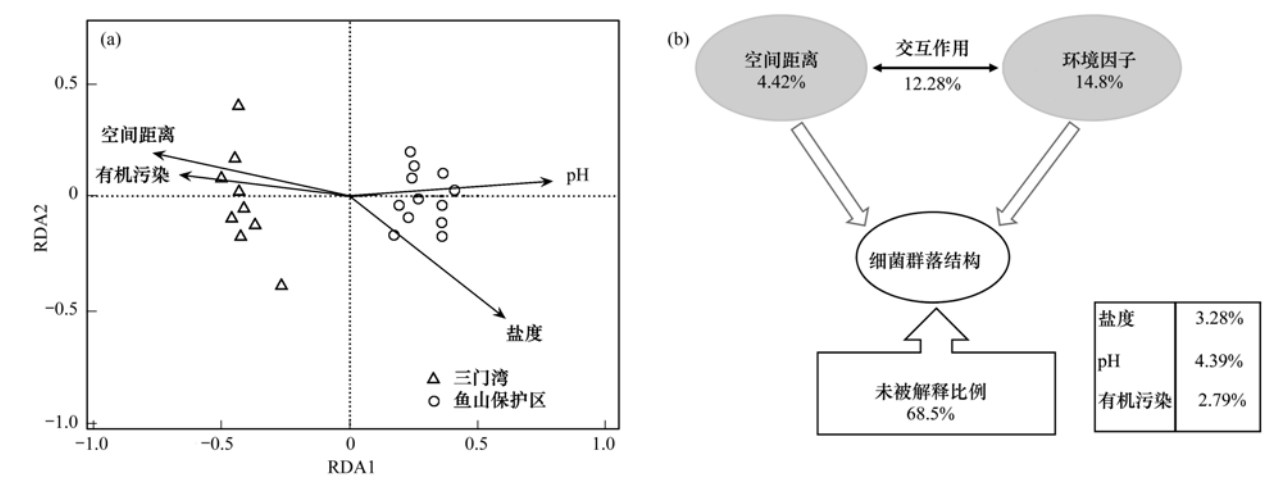
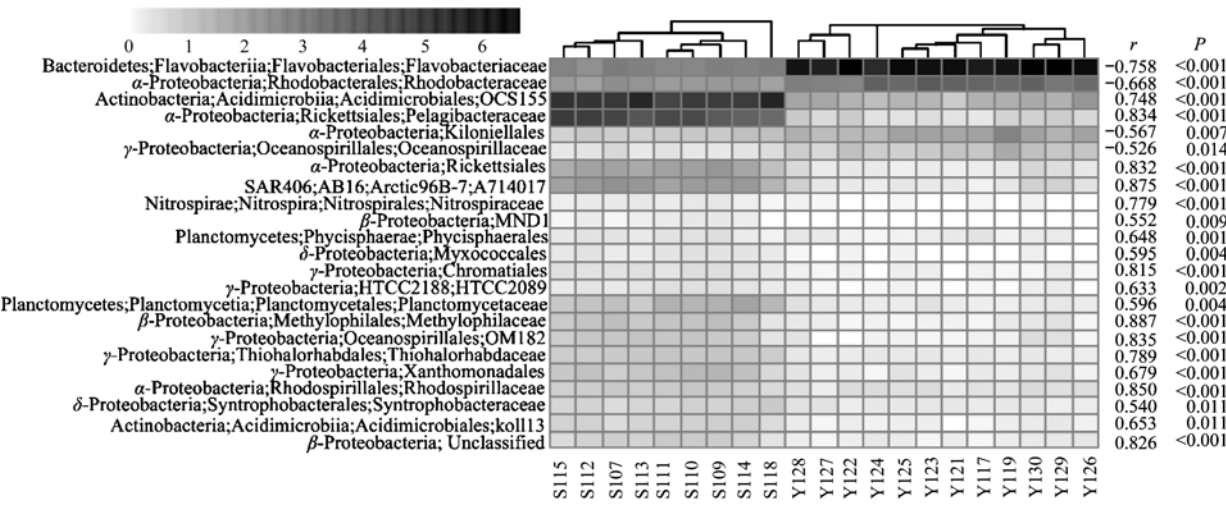


图5 RDA双向排序图分析细菌群落及其变异驱动的主要环境因子和相对贡献

Fig. 5 Partial redundancy analysis (pRDA) ordination biplot showing the main environmental factors and relative contributions driving the variations of bacterial community



r 和 P 为有机污染与该科相对丰度的相关性分析

图6 与有机污染显著相关的23个细菌科

Fig. 6 Indicator bacterial families associated with organic pollution (A) in Sanmen Bay and Yushan Reserve

境因子长期相互响应的结果。三门湾水域由于养殖及人为干扰导致水域环境的变化,进而影响浮游细菌群落。细菌群落的动态变化可以作为评价水域污染程度的指标,因此研究环境因子与细菌群落的关系尤为重要。

3.1 近海有机污染对浮游细菌群落多样性和组成的影响

三门湾海域长期受人为养殖、工农业排放等活动的干扰,导致该海域有机污染浓度显著增加,而溶解氧浓度显著降低(表1),进而影响海水中的浮游细菌群落多样性。细菌多样性在维持群落的稳定性、拮抗外源菌株的定殖等方面起到重要作用^[30]。与有毒污染物导致的多样性降低不一致^[31],本研究发现细菌多样性在三门湾海域显著增加,其中叶绿

素 a、pH、有机污染是影响浮游细菌多样性的主要环境因子(图3)。叶绿素作为表征浮游植物生物量的指标,能够为细菌提供底物,降低细菌的种群间竞争,从而提高细菌群落的多样性^[32]。工农业废水的排放造成近海环境的富营养化,同时稀释海水导致盐度和 pH 降低。细菌对 pH 的耐受范围窄,在中性 pH 值条件下具有较高的活性^[33]。因此,三门湾海域较小的 pH 变化能够促进细菌群落多样性的增加。有机污染物浓度的增加为异养细菌提供底物^[34],降低细菌种间竞争,导致细菌多样性的增加。因此,现有的利用监测可培养细菌多样性来评估近海有机污染状况的方法值得商榷。

在地中海东部沿岸海水发现主要的优势类群为放线菌门、拟杆菌门、蓝细菌门、浮霉菌门、 α -变

形菌纲、 γ -变形菌纲^[35]。类似的,在南太平洋的表层海水中也检测到拟杆菌门、 α -变形菌纲、 γ -变形菌纲为优势菌^[36]。这些结论均与本研究结果一致,说明在不同海区浮游细菌群落的主要种群分布具有相似性。尽管主要细菌类群相似,但相对丰度在不同区域也存在显著的差异。例如:与鱼山保护区相比,三门湾中的放线菌门(α -变形菌纲和 β -变形菌纲)的相对丰度显著增高;而拟杆菌门、蓝细菌门的相对丰度显著降低(图4)。来源于 α -变形菌纲和 β -变形菌纲的种群为好营养型菌,在受人为污染的三门湾具有较高丰度与其生理特征相吻合。拟杆菌能够降解复杂有机物^[37],因此在寡营养环境具有竞争优势而具有较高的相对丰度。可见,今后针对近海有机污染区域可以通过检测浮游细菌主要群落的变化来反馈海域有机污染程度。

3.2 影响浮游细菌群落结构的环境因子

有研究表明在不同营养状态下(如富营养和寡营养)细菌群落会有所差异^[38]。本研究结果也证实了近海有机污染能够显著地改变细菌的群落组成。浮游细菌在海洋环境中作为生产者或分解者,在物质循环过程中发挥着核心的生态功能^[39]。因此,明确影响细菌群落结构的环境因子极其重要。空间距离、pH、盐度、有机污染是影响浮游细菌群落结构的主要环境因子[图5(a)]。营养盐的输入能够调控细菌群落组成^[7],如细菌在缺乏硝酸盐的水体中容易成为休眠体,而硝酸盐的增加有可能刺激休眠细菌的活性,最终影响细菌的群落组成^[40, 41]。类似地,有研究显示细菌群落的分布与有机污染程度相关^[42],与本研究结果具有一致性[图5(a)]。长期受人为活动的干扰,导致海域营养盐浓度显著增加,溶解氧浓度降低,同时由于营养盐排放导致的海水酸化及盐度稀释,从而影响细菌群落的组成,包括潜在病原菌的增加(图6)。细菌群落改变能够导致生态系统功能发生变化^[34, 43]。本研究发现环境因子组合解释了14.8%细菌群落变异,相比而言,有机污染对浮游细菌群落的直接影响较低,仅解释了2.79%[图5(b)]。因此,沿海环境的富营养化主要通过改变水体的理化性质,如pH和盐度,间接地影响浮游细菌的群落组成。这些结果支持以前研究的结论,认为pH接近中性的环境通过降低对微生物的选择,促进物种多样性和均匀度(表2),从而进一步改变群落组成^[44]。而盐度越低、营养盐浓度越高的环境,由于不同细菌具有不同的最适生长盐度和营养条件偏好,在特定的条件下对环境有最大适应

力的物种会成为优势种,这种竞争优势最终导致细菌群落结构发生变化^[34]。空间距离也是影响细菌群落组成的重要因素,意味着浮游细菌的扩散速率低于环境因子对细菌的选择压力,表现为受扩散限制(dispersal limitation)的非随机的空间分布(即使在高度流通和人为扰动的表层水体环境)。该结果进一步表明细菌群落能够对有机污染产生敏感的响应。较高的未被解释的群落变异可能是由于其它未测定的因子造成,如有机污染引起的捕食速率增加^[45]。此外,本研究采用高通量测序,由于数据降维分析时造成的信息损失也能够导致较低的解释比例。因此,今后可以通过监测浮游细菌的动态变化评估海域有机污染程度,为监测近海污染生态功能提供新的补充评价指标。

3.3 指示有机污染状况的细菌指示科

研究有机污染对浮游细菌群落的影响,最终期望能够利用敏感的细菌种群来指示和评估有机污染对海域的影响。本研究在科水平筛选到了23个与有机污染显著相关的潜在细菌科,各个科的相对丰度均与有机污染浓度显著相关($P < 0.05$)。重要的是这些细菌科的相对丰度与各科已知的生态功能相吻合。例如,红杆菌科在三门湾具有较高的丰度。这是因为红杆菌科是一种好营养菌,富营养化的环境促进了这类菌的生长。同样在养殖污染的环境下也发现这类菌丰度的增加^[7]。海洋螺菌科和黄杆菌科在海洋环境中广泛存在,其较高的相对丰度可能是由于鱼山保护区寡营养的环境限制了其它好营养型菌株的增殖,而来源于这些科的菌株降解复杂碳源的能力促进了这些菌群的生长^[46]。硝化螺旋菌科具有异养硝化功能,水体中如果缺少这种菌,氮循环体系就会被中断,将导致水生环境破坏,进而对养殖造成一定危害。因此在氮循环中发挥着重要作用^[47]。其丰度显著增高与三门湾较高的亚硝酸盐浓度一致(表1),可能是较高浓度的底物促进了这类菌的增殖。虽然细菌群落多样性可以维持生态系统的多样性,但长期人为干扰导致促进了病原菌的增殖^[48]。类似的,本研究发现常见的条件致病菌立克次氏体^[49]和红杆菌科^[50]在三门湾具有相对较高丰度,其丰度与有机污染正相关(图6)。值得注意的是,有培养实验发现营养盐浓度的增加能够促进病原菌的丰度和致病能力^[2]。因此,这些潜在病原菌相对丰度的增加可能对三门湾海域渔业养殖造成潜在的负面影响。此外,未被鉴定的 β -变形菌的相对丰度随有机污染程度增加,由于缺乏这些种群相

关的物种信息,因此不能推测这些未被鉴定物种丰度的增加可能对生态功能的影响。考虑到这些潜在指示细菌科相对丰度与有机污染的显著相关性,可以为海域有机污染程度提供一定的指示作用。同时本研究也为浮游细菌群落对有机污染做出响应提供了基础数据。

4 结论

(1)近海人为活动导致有机污染浓度增加,而溶解氧浓度降低,导致浮游细菌群落发生变化;同时促进潜在病原菌增殖,可能对邻近水域渔业养殖产生潜在威胁。

(2)筛选到敏感的浮游细菌指示科,其丰度的变化与有机污染显著相关,可以评价有机污染对浮游细菌的影响并预测对生态功能可能的影响。为评价近海有机污染对环境的影响提供了敏感的生物学指标。

参考文献:

- [1] 国家海洋局. 2014 年中国海洋环境状况公报[R]. 北京: 国家海洋局, 2015.
State Oceanic Administration. Bulletin of marine environmental status of China 2014 [R]. Beijing: State Oceanic Administration, 2015.
- [2] Penttinen R, Kinnula H, Lipponen A, *et al.* High nutrient concentration can induce virulence factor expression and cause higher virulence in an environmentally transmitted pathogen[J]. *Microbial Ecology*, 2016, **72**(4): 955-964.
- [3] Fränzle O. Complex bioindication and environmental stress assessment[J]. *Ecological Indicators*, 2006, **6**(1): 114-136.
- [4] Madoni P, Braghiroli S. Changes in the ciliate assemblage along a fluvial system related to physical, chemical and geomorphological characteristics [J]. *European Journal of Protistology*, 2007, **43**(2): 67-75.
- [5] Xu H L, Zhu M Z, Jiang Y, *et al.* Temporal species distributions of planktonic protist communities in semi-enclosed mariculture waters and responses to environmental stress [J]. *Acta Oceanologica Sinica*, 2010, **29**(3): 74-83.
- [6] Labbate M, Seymour J R, Lauro F, *et al.* Editorial: anthropogenic impacts on the microbial ecology and function of aquatic environments[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, **7**: 1044.
- [7] Fodelianakis S, Papageorgiou N, Pitta P, *et al.* The pattern of change in the abundances of specific bacterioplankton groups is consistent across different nutrient-enriched habitats in Crete[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2014, **80**(13): 3784-3792.
- [8] Lindström E S, Langenheder S. Local and regional factors influencing bacterial community assembly [J]. *Environmental Microbiology Reports*, 2012, **4**(1): 1-9.
- [9] Van der Gucht K, Cottenie K, Muylaert K, *et al.* The power of species sorting: local factors drive bacterial community composition over a wide range of spatial scales[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2007, **104**(51): 20404-20409.
- [10] 吕明姬, 汪杰, 范铮, 等. 滇池浮游细菌群落组成的空间分布特征及其与环境因子的关系[J]. *环境科学学报*, 2011, **31**(2): 299-306.
Lv M J, Wang J, Fan Z, *et al.* The spatial variations of bacterioplankton community composition in lake Dianchi and their relation to environmental factors [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2011, **31**(2): 299-306.
- [11] 宋洪宁, 杜秉海, 张明岩, 等. 环境因素对东平湖沉积物细菌群落结构的影响[J]. *微生物学报*, 2010, **50**(8): 1065-1071.
Song H N, Du B H, Zhang M Y, *et al.* Effect of environmental factors on bacterial community in lake Dongping sediment [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2010, **50**(8): 1065-1071.
- [12] Xiong J B, Chen H P, Hu C J, *et al.* Evidence of bacterioplankton community adaptation in response to long-term mariculture disturbance [J]. *Scientific Reports*, 2015, **5**: 15274.
- [13] 冯胜, 秦伯强, 高光. 细菌群落结构对水体富营养化的响应[J]. *环境科学学报*, 2007, **27**(11): 1823-1829.
Feng S, Qin B Q, Gao G. Response of bacterial communities to eutrophic water in lake Taihu [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2007, **27**(11): 1823-1829.
- [14] Treseder K K, Balser T C, Bradford M A, *et al.* Integrating microbial ecology into ecosystem models: challenges and priorities [J]. *Biogeochemistry*, 2012, **109**(1-3): 7-18.
- [15] Zhou J Z, Xue K, Xie J P, *et al.* Microbial mediation of carbon-cycle feedbacks to climate warming[J]. *Nature Climate Change*, 2012, **2**(2): 106-110.
- [16] Van Nevel S, De Roy K, Boon N. Bacterial invasion potential in water is determined by nutrient availability and the indigenous community [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2013, **85**(3): 593-603.
- [17] 廖一波, 寿鹿, 曾江宁, 等. 三门湾大型底栖动物时空分布及其与环境因子的关系[J]. *应用生态学报*, 2011, **22**(9): 2424-2430.
Liao Y B, Shou L, Zeng J N, *et al.* Spatiotemporal distribution of macrobenthic communities and its relationships with environmental factors in Sanmen Bay [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2011, **22**(9): 2424-2430.
- [18] 徐晓群, 曾江宁, 陈全震, 等. 浙江三门湾浮游动物优势种空间生态位[J]. *应用生态学报*, 2013, **24**(3): 818-824.
Xu X Q, Zeng J N, Chen Q Z, *et al.* Spatial niches of dominant zooplankton species in Sanmen Bay, Zhejiang province of east china [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2013, **24**(3): 818-824.
- [19] Inskeep W P, Bloom P R. Extinction coefficients of chlorophyll a and b in *N*, *N*-dimethylformamide and 80% acetone[J]. *Plant Physiology*, 1985, **77**(2): 483-485.
- [20] Lundberg D S, Yourstone S, Mieczkowski P, *et al.* Practical innovations for high-throughput amplicon sequencing[J]. *Nature Methods*, 2013, **10**(10): 999-1002.
- [21] Magoč T, Salzberg S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. *Bioinformatics*, 2011, **27**(21): 2957-2963.
- [22] Caporaso J G, Kuczynski J, Stombaugh J, *et al.* QIIME allows

- analysis of high-throughput community sequencing data [J]. *Nature Methods*, 2010, **7**(5): 335-336.
- [23] Edgar R C, Haas B J, Clemente J C, *et al.* UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection[J]. *Bioinformatics*, 2011, **27**(16): 2194-2200.
- [24] Caporaso J G, Bittinger K, Bushman F D, *et al.* PyNAST: a flexible tool for aligning sequences to a template alignment[J]. *Bioinformatics*, 2010, **26**(2): 266-267.
- [25] DeSantis T Z, Hugenholtz P, Larsen N, *et al.* Greengenes, a chimera-checked 16S rRNA gene database and workbench compatible with ARB [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, **72**(7): 5069-5072.
- [26] 蒋岳文, 王永强, 尚龙生. 大连湾海水营养盐的含量及有机污染状况的分析[J]. *海洋通报*, 1991, **10**(1): 100-103.
- Jiang Y W, Wang Y Q, Shang L S. Analysis of nutrient content and organic pollution status in seawater in Dalian Bay [J]. *Marine Science Bulletin*, 1991, **10**(1): 100-103.
- [27] GB 3097-1997, 海水水质标准[S].
- [28] De'ath G. Multivariate regression trees: a new technique for modeling species-environment relationships[J]. *Ecology*, 2002, **83**(4): 1105-1117.
- [29] Ramette A, Tiedje J M. Multiscale responses of microbial life to spatial distance and environmental heterogeneity in a patchy ecosystem[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2007, **104**(8): 2761-2766.
- [30] Girvan M S, Campbell C D, Killham K, *et al.* Bacterial diversity promotes community stability and functional resilience after perturbation[J]. *Environmental Microbiology*, 2005, **7**(3): 301-313.
- [31] Chodak M, Gołębiewski M, Morawska-Płoskonka J, *et al.* Diversity of microorganisms from forest soils differently polluted with heavy metals[J]. *Applied Soil Ecology*, 2013, **64**: 7-14.
- [32] Teeling H, Fuchs B M, Bennke C M, *et al.* Recurring patterns in bacterioplankton dynamics during coastal spring algae blooms [J]. *eLife*, 2016, **5**: e11888.
- [33] Bååth E, Kritzberg E. pH Tolerance in freshwater bacterioplankton; trait variation of the community as measured by leucine incorporation [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2015, **81**(21): 7411-7419.
- [34] Mason O U, Canter E J, Gillies L E, *et al.* Mississippi river plume enriches microbial diversity in the northern Gulf of Mexico [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, **7**: 1048.
- [35] Elifantz H, Horn G, Ayon M, *et al.* *Rhodobacteraceae* are the key members of the microbial community of the initial biofilm formed in eastern mediterranean coastal seawater [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2013, **85**(2): 348-357.
- [36] Obernosterer I, Catala P, Lami R, *et al.* Biochemical characteristics and bacterial community structure of the sea surface microlayer in the South Pacific Ocean [J]. *Biogeosciences*, 2008, **5**(3): 693-705.
- [37] Fernández-Gómez B, Richter M, Schüller M, *et al.* Ecology of marine Bacteroidetes: a comparative genomics approach[J]. *The ISME Journal*, 2013, **7**(5): 1026-1037.
- [38] Lindström E S. Bacterioplankton community composition in five lakes differing in trophic status and humic content[J]. *Microbial Ecology*, 2000, **40**(2): 104-113.
- [39] Azam F, Malfatti F. Microbial structuring of marine ecosystems [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2007, **5**(10): 782-791.
- [40] 任玲, 杨军. 海洋中氮营养盐循环及其模型研究[J]. *地球科学进展*, 2000, **15**(1): 58-64.
- Ren L, Yang J. Nitrogen nutrients cycling in marine environment and its modeling research [J]. *Advance in Earth Sciences*, 2000, **15**(1): 58-64.
- [41] Teeling H, Fuchs B M, Becher D, *et al.* Substrate-controlled succession of marine bacterioplankton populations induced by a phytoplankton bloom [J]. *Science*, 2012, **336**(6081): 608-611.
- [42] Jiao S, Chen W M, Wang E T, *et al.* Microbial succession in response to pollutants in batch-enrichment culture[J]. *Scientific Reports*, 2016, **6**: 21791.
- [43] Hou M H, Xiong J B, Wang K, *et al.* Communities of sediment ammonia-oxidizing bacteria along a coastal pollution gradient in the East China Sea[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2014, **86**(1-2): 147-153.
- [44] Ren L J, Jeppesen E, He D, *et al.* pH influences the importance of niche-related and neutral processes in lacustrine bacterioplankton assembly [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2015, **81**(9): 3104-3114.
- [45] Zwirgmaier K, Keiz K, Engel M, *et al.* Seasonal and spatial patterns of microbial diversity along a trophic gradient in the interconnected lakes of the Osterseen Lake District, Bavaria[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2015, **6**: 1168.
- [46] Satomi M, Fujii T. The family *Oceanospirillaceae* [A]. In: Rosenberg E, DeLong E F, Lory S, *et al* (Eds.). *The Prokaryotes*[M]. Berlin Heidelberg: Springer, 2014. 491-527.
- [47] Daims H. The family *Nitrospiraceae* [A]. In: Rosenberg E, DeLong E F, Lory S, *et al* (Eds.). *The Prokaryotes* [M]. Berlin Heidelberg: Springer, 2014. 733-749.
- [48] Jekel M, Ruhl A S, Meinel F, *et al.* Anthropogenic organic micro-pollutants and pathogens in the urban water cycle: assessment, barriers and risk communication (ASKURIS) [J]. *Environmental Sciences Europe*, 2013, **25**(1): 20.
- [49] Fryer J L, Lannan C N. Rickettsial and Chlamydial infections of freshwater and marine fishes, bivalves, and crustaceans [J]. *Zoological Studies*, 1994, **33**(2): 95-107.
- [50] Zhang D M, Wang X, Xiong J B, *et al.* Bacterioplankton assemblages as biological indicators of shrimp health status[J]. *Ecological Indicators*, 2014, **38**(38): 218-224.

CONTENTS

Dry and Bulk Nitrogen Deposition in Suburbs of Xining City	XU Wen, JIN Xin, LUO Shao-hui, <i>et al.</i> (1279)
Day-Night Variation and Source Apportionment of Carbonaceous Aerosols in PM ₁₀ During Spring and Summer of Lanzhou	MA Li, YU Ye, WANG Bo, <i>et al.</i> (1289)
Characteristics of the Size Distribution of Water Soluble Inorganic Ions in Sanya, Hainan	WANG Lu, LIU Zi-rui, WEN Tian-xue, <i>et al.</i> (1298)
Pollution Characteristics of NH ₄ ⁺ , NO ₃ ⁻ , SO ₄ ²⁻ in PM _{2.5} and Their Precursor Gases During 2015 in an Urban Area of Beijing	DING Meng-meng, ZHOU Jian-nan, LIU Bao-xian, <i>et al.</i> (1307)
Pollution Characteristics of PCDD/Fs in Ambient Air and Exposure Risk Assessment Around a Municipal Solid Waste Incinerator in Beijing	QI Li, REN Yue, LIU Ai-min, <i>et al.</i> (1317)
Community Characteristics of Cultivable Bacteria in Fine Particles (PM _{2.5}) of Beijing and Baoding	HU Ya-dong, MA An-zhou, LÜ Peng-yi, <i>et al.</i> (1327)
Emission Characteristics of Vehicle Exhaust in Artery and Collector Roads in Nanjing Based on Real-time Traffic Data	LI Xiao-yu, WU Lin, ZOU Chao, <i>et al.</i> (1340)
Catalytic Combustion of Soot Particulates over Rare Earth Pyrochlore Oxides Doped with Transition Metals	LI Xi-feng, SUN Yu-qi, WANG Zhong-peng, <i>et al.</i> (1348)
Water Quality Analysis of Beijing Segment of South-to-North Water Diversion Middle Route Project	XU Hua-shan, ZHAO Lei, SUN Hao-su, <i>et al.</i> (1357)
Hanfeng Pre-reservoir Commissioning Time Variation Feature of the Hydrology and Water Quality in Three Gorges Reservoir	YANG Bing, HE Bing-hui, WANG De-bao (1366)
Modeling of Water Quality Response to Land-use Patterns in Taizi River Basin Based on Partial Least Squares	LI Lin-lin, ZHANG Yi-zhang, TANG Chang-yuan, <i>et al.</i> (1376)
Distribution Characteristics of Water Temperature and Water Quality of Fuxian Lake During Thermal Stratification Period in Summer	WANG Lin-jie, YU Hui, NIU Yong, <i>et al.</i> (1384)
Vertical Stratification Characteristics of Dissolved Oxygen and Phytoplankton in Thousand-Island Lake and Their Influencing Factors	YU Yan, LIU De-fu, YANG Zheng-jian, <i>et al.</i> (1393)
Community Structure Characteristics of Eukaryotic Planktonic Algae in Liaoh River Through High-throughput Sequencing	WANG Jing-qi, WANG Shu-ping, ZHANG Yuan, <i>et al.</i> (1403)
Effects of Coastal Organic Pollution on Bacterioplankton Community in Sanmen Bay	DAI Wen-fang, GUO Yong-hao, YU Wei-na, <i>et al.</i> (1414)
Nitrate Source Identification and Nitrification-denitrification at the Sediment-water Interface	JIN Zan-fang, GONG Jia-lin, SHI Yi-li, <i>et al.</i> (1423)
Residues of Organochlorine Pesticides (OCPs) in Water and Sediments from Nansha Mangrove Wetland	DING Yang, HUANG Huan-fang, LI Hui, <i>et al.</i> (1431)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metals from River Network Sediment in Western Area of Taihu Lake	BIAN Bo, ZHOU Yan, ZHANG Qin (1442)
Efficacy of Phoslock® on the Reduction of Sediment Phosphorus Release in West Lake, Hangzhou, China	ZHU Guang-wei, LI Jing, ZHU Meng-yuan, <i>et al.</i> (1451)
Identification and PAC Adsorption of Foulants Responsible for Irreversible Fouling During Ultrafiltration of Dongjiang River Water	YANG Hai-yan, WANG Can, YAN Zhong-sen, <i>et al.</i> (1460)
Efficiency and Kinetics of Triclosan Degradation in Aqueous Solution by UV/Sodium Persulfate	LI Qing-song, LI Xue-yan, YAO Ning-bo, <i>et al.</i> (1467)
Influencing Factors on the Degradation of PFOS Through VUV-SO ₃ ²⁻	HAN Hui-li, WANG Hong-jie, DONG Wen-yi (1477)
Simultaneous Photocatalytic Reduction of Cr(VI) and Oxidation of SSA by Carbon Nitride	LI Li-li, CHEN Cui-hai, LAN Hua-chun, <i>et al.</i> (1483)
Modification of Diatomite by Zirconium and Its Performance in Phosphate Removal from Water	FAN Yi, WANG Zhe, ZHAO Lian-qin, <i>et al.</i> (1490)
Reducing Effect of Three Disinfection Technologies for Sulfonamides Resistance Genes	ZHENG Ji, ZHOU Zhen-chao, CHEN Fang, <i>et al.</i> (1497)
Removal of Estrogenic Effect by Typical Domestic Wastewater Treatment Processes	ZHANG Qiu-ya, MA Xiao-yan, WANG Xiao-chang, <i>et al.</i> (1506)
Effect of SRT on Stability of Yeast-SBR in Treating Oil-containing Wastewater	LÜ Wen-zhou, ZHANG Shu-lin, QIAO Yu-xiang, <i>et al.</i> (1513)
Degradation of the Disperse Dye Neocron Black(NB) by Biological Treatment	YANG Bo, DING Feng-you, XU Hui, <i>et al.</i> (1520)
Function of Polyphosphate Kinase Gene in Biological Phosphate Removal During the Wastewater Treatment Process	NAN Ya-ping, ZHOU Guo-biao, YUAN Lin-jiang (1529)
Short-cut Nitrification Recovery and Its Transformation into CANON Process in a Biofilm Reactor	FU Kun-ming, ZHOU Hou-tian, SU Xue-ying, <i>et al.</i> (1536)
Nitrogen Removal Characteristics and Diversity of Microbial Community in ANAMMOX Reactor	CAO Yan, WANG Tong-yu, QIN Yu-jie, <i>et al.</i> (1544)
Effect of Environment Adjustment Layers on Nitrogen Transformation in Anaerobic Bioreactor Landfills	HE Zheng-kun, SONG Bo-yu, ZHU Nan-wen, <i>et al.</i> (1551)
Characteristics of Anaerobic Methane Removal Coupled to Fe(III) Reduction in Aged Refuse	WANG Li-li, HE Ting, LONG Yan, <i>et al.</i> (1558)
Assessment of Heavy Metal Pollution and Tracing Sources by Pb & Sr Isotope in the Soil Profile of Woodland in Quanzhou	SUN Jing-wei, YU Rui-lian, HU Gong-ren, <i>et al.</i> (1566)
Accumulation and Migration Characteristics in Soil Profiles and Bioavailability of Heavy Metals from Livestock Manure	HE Meng-yuan, DONG Tong-xi, RU Shu-hua, <i>et al.</i> (1576)
Pollution Characteristics and Source Analysis of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Agricultural Soils from Shandong	GE Wei, CHENG Qi-qi, CHAI Chao, <i>et al.</i> (1587)
Distribution Characteristics and Influencing Factors of Organophosphorus Pesticides in Typical Soil Environment of Jiangnan Plain	WANG Jian-wei, ZHANG Cai-xiang, PAN Zhen-zhen, <i>et al.</i> (1597)
Characteristics and Influencing Factors of Biologically-based Phosphorus Fractions in the Farmland Soil	CAI Guan, HU Ya-jun, WANG Ting-ting, <i>et al.</i> (1606)
Effect of Straw Application on the Dynamics of Exogenous Nitrogen and Microbial Activity in Paddy Soil	CHEN Shan, DING Xian-qing, ZHU Zhen-ke, <i>et al.</i> (1613)
Effects of Biochar on Surface Albedo and Soil Respiration in Suburban Agricultural Soil	ZHANG Yang-yang, HU Xue-yu, ZOU Juan, <i>et al.</i> (1622)
N ₂ O Consumption Ability of Submerged Paddy Soil and the Regulatory Mechanism	WANG Ling, XING Xiao-yi, QIN Hong-ling, <i>et al.</i> (1633)
Non-CO ₂ Greenhouse Gas Release from Different Biological Wastewater Treatment Processes	LI Hui-juan, PENG Dang-cong, LIU Wen-bo, <i>et al.</i> (1640)
Effect of Application of Sewage Sludge Composts on Greenhouse Gas Emissions in Soil	YANG Yu-han, YI Jian-ting, ZHANG Cheng, <i>et al.</i> (1647)
Effect of Nano Zeolites on pH, CEC in Soil and Cd Fractions in Plant and Soil at Different Cadmium Levels	CHI Sun-lin, XU Wei-hong, XIONG Shi-juan, <i>et al.</i> (1654)
Dynamic Differences of Uptake and Translocation of Exogenous Selenium by Different Crops and Its Mechanism	PENG Qin, LI Zhe, LIANG Dong-li, <i>et al.</i> (1667)
Alleviation Effects of Exogenous Melatonin on Ni Toxicity in Rice Seedlings	LIU Shi-xiang, HUANG Yi-zong, LUO Ze-jiao, <i>et al.</i> (1675)
Forms Distribution and Ecotoxicity of Three Forms of Sulfonamides in Root-Soil Interface of Maize	JIN Cai-xia, SI Xiao-wei, WANG Wan-feng, <i>et al.</i> (1683)
Effect of Sediments on Bioaccumulation of Mercury in Fish Body in the Water-Level-Fluctuating Zone of the Three Gorges Reservoir Area	SUN Song, LI Chu-xian, ZHANG Cheng, <i>et al.</i> (1689)
Bioaccumulation and Correlation of Heavy Metals in Human Hairs From Urban and Rural Areas of Chongqing	HE Ming-jing, LI Qi, WANG Deng-xiang, <i>et al.</i> (1697)
Microbial Community Structure and Diversity in Cellar Water by 16S rRNA High-throughput Sequencing	YANG Hao, ZHANG Guo-zhen, YANG Xiao-ni, <i>et al.</i> (1704)
Performance Improvement of Microbial Fuel Cell with Polyaniline Doped Graphene Anode	HUANG Li-hua, LI Xiu-fen, REN Yue-ping, <i>et al.</i> (1717)
Brief Introduction of Pollution Sites Remediation and Risk Assessment and Its Policy Making in United States	RONG Yue (1726)