

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第39卷 第3期

Vol.39 No.3

2018

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

长三角典型站点冬季大气 PM_{2.5} 中 OC、EC 污染特征 康晖, 朱彬, 王红磊, 施双双 (961)

南京北郊能见度变化中二次无机盐消光的重要作用 于超, 于兴娜, 赵天良, 张蕾, 马国煦, 王咏薇 (972)

常州夏冬季 PM_{2.5} 中无机组分昼夜变化特征与来源解析 刘佳澍, 顾远, 马帅帅, 苏亚兰, 叶招莲 (980)

天津市春季道路降尘 PM_{2.5} 和 PM₁₀ 中的元素特征 王士宝, 姬亚芹, 李树立, 张伟, 张蕾 (990)

北京、新乡夏季大气颗粒物中重金属的粒径分布及人体健康风险评价 张鑫, 赵小曼, 孟雪洁, 王小颖, 杨帅, 许骜鹏, 王书亭, 谷超, 王梦蕾, 任浩, 张子洋, 闫广轩, 曹治国, 王跃思 (997)

山西省武乡县城大气 PM_{2.5} 痕量重金属的生态和健康风险分析 郭墨霞, 耿红, 张晋宏, 周欢, 彭妍, 翟帅莹, 李金磊, 陈雨杉 (1004)

隧道中机动车排放颗粒物及无机元素特征 李凤华, 张衍杰, 张静, 袁远, 吴琳, 毛洪钧 (1014)

河南省 2013 年大气氨排放清单建立及分布特征 王琛, 尹沙沙, 于世杰, 卫军华, 谷幸珂, 官密秘, 张瑞芹 (1023)

城市道路行道树池裸地扬尘排放特征 李贝贝, 秦建平, 祁丽荣, 杨涛, 曲松, 石爱军, 黄玉虎 (1031)

DOC 和 CDPF 对柴油公交车颗粒物组分影响 楼狄明, 耿小雨, 宋博, 谭丕强, 胡志远, 刘继跃 (1040)

南水北调中线工程总干渠河南段原水中消毒副产物前体物变化规律 黄飘逸, 徐斌, 郭东良 (1046)

广州市流溪河水体中 6 种内分泌干扰素时空分布特征与环境风险 樊静静, 王赛, 唐金鹏, 戴玉女, 王林, 龙胜兴, 何文祥, 刘帅磊, 王佳希, 杨扬 (1053)

西藏拉萨河流域河水主要离子化学特征及来源 张清华, 孙平安, 何师意, 文化, 刘明隆, 于爽 (1065)

太子河下游河流硝酸盐来源及其迁移转化过程 李艳利, 杨梓睿, 尹希杰, 孙伟 (1076)

海南岛北部海湾沉积物重金属来源、分布主控因素及生态风险评价 曾维特, 杨永鹏, 张东强, 刘兵, 张航飞, 吴多誉, 王晓林 (1085)

天津农田重金属污染特征分析及降雨沥浸影响 许萌萌, 刘爱凤, 师荣光, 蓝靖, 田永, 赵宗山 (1095)

太湖出入湖河道与湖体水质季节差异分析 查慧铭, 朱梦圆, 朱广伟, 杨周生, 许海, 沈睿杰, 钟春妮 (1102)

春季敏感时期三峡水库典型支流沉积物-水界面氮释放特性 李欣, 宋林旭, 纪道斌, 刘德富, 苏青青, 吕林鹏, 王雄, 黄亚男, 吴庆 (1113)

不同湖泊入湖河流沉积物可转化态氮的空间分布及其影响因素 周睿, 袁旭音, Marip Ja Bawk, 于辉辉, 章琪, 唐豆豆 (1122)

水文气象因素对东南山区水库硅藻异常增殖的影响 孙祥, 朱广伟, 笄文怡, 余茂蕾, 杨文斌, 朱梦圆, 许海, 国超旋, 余丽 (1129)

深水型水库热分层诱导水质及真菌种群结构垂向演替 商潘路, 陈胜男, 黄廷林, 张海涵, 康鹏亮, 王跃, 钊珍芳, 刘彤彤 (1141)

太湖竺山湾春季浮游细菌群落结构及影响因素 薛银刚, 刘菲, 孙萌, 江晓栋, 耿金菊, 滕加泉, 谢文理, 张皓, 陈心一 (1151)

分层型水源水库沉积物需氧量特性 苏露, 黄廷林, 李楠, 张海涵, 文刚, 李扬, 陈家炜, 王晓江 (1159)

污水氮浓度和 NH₄⁺/NO₃⁻ 比对粉绿狐尾藻去氮能力和植物体氮组分的影响 马永飞, 杨小珍, 赵小虎, 胡承孝, 谭启玲, 孙学成, 吴金水 (1167)

水体氮营养负荷对苦草净化能力和光合荧光特性的影响 周裔文, 许晓光, 韩睿明, 周晓红, 冯德友, 李致春, 王国祥 (1180)

化学预氧化耦合生物锰氧化对水中有机物的去除 菅之舆, 常洋洋, 王立新, 梁金松, 柏耀辉 (1188)

铜铁氧体法处理模拟染料废水 韩志勇, 韩昆, 郝昊天, 于建伟, 石宝友, 庄媛, 孔岩 (1195)

草酸根对 α-FeOOH 多相 UV-Fenton 催化能力的增效实验 苗笑增, 戴慧旺, 陈建新, 蒋柏泉, 龚烟 (1202)

生物基纳米 HZO 杂化材料的研制及其除磷特性 邱慧, 秦智峰, 刘凤玲, 梁晨, 宋明霞, 许正文, 管益东 (1212)

铁锰氧化物/生物炭复合材料对水中硝酸根的吸附特性 郑晓青, 韦安磊, 张一璇, 史良干, 张潇 (1220)

PAAm/HACC 半互穿网络水凝胶的制备及其对水中腐殖酸的吸附性能 刘泽瑛, 周少奇, 马福臻 (1233)

二氧化钛对地下水中砷硅的吸附及再生回用 马文静, 阎莉, 张建锋 (1241)

一体式絮体-超滤工艺去除腐殖酸效能与机制 李文江, 于莉芳, 苗瑞, 马百文 (1248)

中国城镇污水处理厂温室气体排放时空分布特征 闫旭, 邱德志, 郭东丽, 齐星昊, 郑仕侃, 程轲, 孙剑辉, 刘建伟 (1256)

硝化耦合 CANON 的铁锰生物净化工艺启动与运行 李冬, 曹瑞华, 杨航, 王艳菊, 吕赛赛, 张杰 (1264)

纤维载体的生物膜 CANON 反应器的启动特性 顾澄伟, 陈方敏, 李祥, 黄勇, 尤星怡, 金润, 张文静, 董石语 (1272)

DO/NH₄⁺-N 实现短程硝化过程中生物膜特性 赵青, 卞伟, 李军, 王文啸, 孙艺齐, 梁东博, 张舒燕 (1278)

AUSB 中置曝气对 CANON 颗粒污泥工艺的影响 成朔, 李冬, 张杰, 李帅, 曹瑞华, 吕赛赛 (1286)

有机碳源对启动及运行 CANON 颗粒污泥工艺的影响 李冬, 王艳菊, 吕育锋, 曹瑞华, 李帅, 张杰 (1294)

中试一体式部分亚硝化-厌氧氨氧化反应器的启动与区域特性 周正, 王凡, 林兴, 董石语, 朱强, 李祥, 黄勇 (1301)

硝化液回流比对 ABR-MBR 工艺反硝化除磷效能的影响 吕亮, 尤雯, 张敏, 吴鹏, 沈耀良 (1309)

磁性纳米铁对厌氧颗粒污泥特性及其微生物群落的影响 宿程远, 郑鹏, 卢宇翔, 袁秋红, 赵力剑, 廖黎明, 黄智 (1316)

好氧颗粒污泥系统中溶解性微生物代谢产物的特征及主要组分 杨丹, 刘东方, 杜丽琼, 黄文力 (1325)

环丙沙星对膜生物反应器中微生物群落及抗性基因的影响 戴琦, 刘锐, 梁玉婷, 舒小铭, 徐灿灿, 陈昌军 (1333)

CEM-UF 组合膜-硝化/反硝化系统处理低 C/N 废水及种群结构分析 邢金良, 张岩, 陈昌明, 张博康, 郭威, 马翔山 (1342)

磷对混养反硝化污泥活性和微生物群落结构的影响 王佩琦, 周伟丽, 何圣兵, 黄荣振 (1350)

甲烷厌氧氧化协同硝酸盐还原菌群驯化及其群落特征 薛松, 张梦竹, 李琳, 刘俊新 (1357)

城市尾水排海过程中微生物及主要致病菌扩散规律 徐爱玲, 牛成洁, 宋志文, 郎秀璐, 郭明月 (1365)

氧四环素的微生物燃料电池处理及微生物群落 严伟富, 肖勇, 王淑华, 丁蕊, 赵峰 (1379)

近 30 年余干县耕地土壤碳氮比时空变异特征及其影响因素 江叶枫, 钟珊, 李婕, 王澜珂, 郭熙 (1386)

中宁枸杞土壤碳组分分布特征及其空间异质性 王幼奇, 赵云鹏, 白一茹, 张兴 (1396)

滨海滩涂围垦区不同围垦年限土壤酶活性变化及其与理化性质关系 解雪峰, 濮励珊, 王琪琪, 朱明, 王小涵 (1404)

青藏高原中东部表层土壤中多环芳烃的分布特征、来源及生态风险评价 周雯雯, 李军, 胡健, 朱兆洲 (1413)

基于 UNMIX 模型的矿区周边农田土壤重金属源解析 卢鑫, 胡文友, 黄标, 李元, 祖艳群, 湛方栋, 邝荣禧 (1421)

铁锰双金属材料在不同 pH 条件下对土壤 As 和重金属的稳定化作用 费琦, 阎秀兰, 李永华 (1430)

我国 3 个城市人体血清中新型溴代阻燃剂水平趋势及分布特征 王庆华, 袁浩东, 金军, 李鹏, 马玉龙, 王英 (1438)

《环境科学》征订启事(979) 《环境科学》征稿简则(996) 信息(1022, 1064, 1293)

城市尾水排海过程中微生物及主要致病菌扩散规律

徐爱玲, 牛成洁, 宋志文*, 郎秀璐, 郭明月

(青岛理工大学环境与市政工程学院, 青岛 266033)

摘要: 城市污水处理厂产生的尾水中含有大量微生物尤其是致病菌, 排海后不仅对周围人群产生危害而且对海洋生态安全构成威胁. 本研究以青岛市麦岛污水处理厂为研究对象, 采用高通量测序技术, 研究尾水排海过程中的微生物群落结构, 分析尾水中致病菌在排海过程中的动态分布及季节变化规律. 结果表明, 尾水微生物分布在 20~27 个菌门, 优势菌门为变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和拟杆菌门(Bacteroidetes), 主要分布在 44~65 个纲, 其中优势菌纲主要分布在变形菌门(Proteobacteria); 尾水排海过程中的主要致病菌有 55 种, 致病基因与癌症、心血管、免疫系统、传染性、新陈代谢、神经变性等疾病相关, 其中, 引起人类和动物腹泻、菌血症相关的弓形杆菌属(*Arcobacter* spp.)、引发院内感染的条件致病菌不动杆菌属(*Acinetobacter* spp.)及对海产品养殖和捕捞带来威胁的 *Shewanella hafniensis* 等占比例较大.

关键词: 尾水; 排海; 扩散规律; 微生物; 致病菌

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2018)03-1365-14 DOI: 10.13227/j.hjcx.201705075

Diffusion of Microorganism and Main Pathogenic Bacteria During Municipal Treated Wastewater Discharged into Sea

XU Ai-ling, NIU Cheng-jie, SONG Zhi-wen*, LANG Xiu-lu, GUO Ming-yue

(Institute of Environment and Municipal Engineering, Qingdao University of Technology, Qingdao 266033, China)

Abstract: Numerous microorganisms, especially pathogens, exist in treated wastewater, which leads to possible risk to population health and marine ecological security when treated wastewater is discharged into the sea. This study selects Maidaow municipal sewage treatment plant as the location. The microbial community and the dynamic distribution and seasonal variation of pathogens are analyzed by high-throughput sequencing technology. The results showed that the microbes in the discharge were distributed into 20 to 27 phyla, and the dominant phyla were Proteobacteria, Firmicutes, and Bacteroidetes, which were mainly distributed in 44 to 65 classes. The predominant pathogens are mainly composed of Gammaproteobacteria, Betaproteobacteria, and Epsilonproteobacteria in the Proteobacteria category. The proportion of most dominant phyla and classes in the sample decreased with an increase in diffusion distance. There were mainly 55 species pathogenic bacteria in the water discharging into the sea. The pathogenic genes in the discharge were mainly related to cancer, cardiovascular disease, immune system diseases, infectious diseases, metabolic diseases, and neurodegenerative diseases. When compared with the blank samples, it was found that the biomass of pathogenic bacteria decreased sharply with the diffusion by the seawater, and most of the pathogens were not detected 1000 m away from the seashore. *Arcobacter* spp. caused human and animal diarrhea and bacteremia, *Acinetobacter* spp. caused nosocomial infections, and *Shewanella hafniensis* posed a threat to seafood farming and fishing. The three species of pathogenic bacteria mentioned above occupied a fairly large proportion of the discharge into the sea.

Key words: municipal treated wastewater; discharge into the sea; diffusion; microbial community structure; pathogens

生活污水中含志贺氏菌属(*Shigella* spp.)、沙门氏菌属(*Salmonella* spp.)、弓形杆菌属(*Arcobacter* spp.)、埃希氏杆菌(*Escherichia coli*)、霍乱弧菌(*Vibrio cholerae*)、金黄色葡萄球菌(*Staphylococcus aureus*)等多种病原菌^[1,2]. 尾水经过城市污水处理厂二、三级处理后微生物数量能够降低 99.9% 即可达到排放标准, 但部分病原菌生存能力强, 尤其是当紫外线消毒过程中的辐射强度不足时难以完全去除^[3]. 多数与污水处理相关的致病菌或者潜在致病菌是肠道致病菌^[4], 排入海洋后不仅威胁附近人群健康而且危害海洋海水养殖^[5~7]. 所以, 全面系统地研究尾水排海过程中的微生物尤其是致病菌的扩

散规律非常重要.

国外学者在尾水排海微生物安全领域开展了一些工作, 涉及排水口位置选择对尾水微生物扩散影响^[8], 排水口附近总大肠杆菌、总异养菌、肠球菌、粪大肠杆菌的检测^[9], 新病原指示微生物的探寻^[10]. 研究发现, 尾水排水口附近大肠杆菌的分布存在明显规律^[11], 在分析众多影响因素后建立了

收稿日期: 2017-05-09; 修订日期: 2017-08-15

基金项目: 山东省自然科学基金项目(2015ZR01546); 山东省重点研发计划项目(2017GF220001); 国家自然科学基金项目(31570541, 31170509); 山东省高校科技计划项目(J14LD05); 青岛市基础研究计划项目(15-9-1-64-jch)

作者简介: 徐爱玲(1982~), 女, 博士, 副教授, 主要研究方向为环境微生物, E-mail: xalcsu@sina.com

* 通信作者, E-mail: songzhiwen@qtech.edu.cn

大肠杆菌的迁移模型,以评估尾水排放对周围人群健康的影响^[12].但这些研究的不足之处主要表现在选取的微生物指标为微生物总量和几种指示病原菌,如总大肠杆菌、粪大肠杆菌、肠球菌等,未关注其他病原菌.另外,现有的研究未涉及尾水排海后对海洋微生物群落结构的影响,因此无法全面评价尾水排海过程中可能存在的风险.国内对于尾水排海安全的研究起步较晚,目前仅限于尾水排海对海水水质的影响、模拟和预测等方面的研究^[13,14],虽然中国海洋大学的团队在研究山东近岸海域的细菌时发现排污口附近海域大肠杆菌、异养菌和致病弧菌污染现象严重^[15],但却未系统地研究尾水排海的生物安全.

青岛是中国东部沿海重要的经济文化中心,沿海的数十个海水浴场每年吸引着近三千万的游客,近海的几十个海水养殖场是青岛市农业的支柱产业,两者均对青岛的发展做出了巨大贡献.目前青岛有 18 家污水处理厂,每年的尾水排放量达 4 亿 t,这将对青岛的海水浴场和海水养殖产生巨大威胁,因此研究青岛市污水处理厂尾水微生物排海安全对人类健康和经济发展具有重要意义.本文以青岛市麦岛污水处理厂排海尾水为研究对象,采用高通量测序技术,分析尾水排海过程中的微生物群落结构,确定其中具有特定功能及致病性的菌种,揭示尾水排海过程中微生物群落结构和致病菌的动态分布及季节差异规律.

1 材料与方法

1.1 研究区域和样品采集

麦岛污水处理厂位于青岛市前海地区,一期工程于 1999 年底建成投产,设计规模为 10 万

$m^3 \cdot d^{-1}$,工程占地 1.71 hm^2 ,污水经预处理后通过 DN1000、长 1 030 m 的管道深海排放(图 1).二期汇水区域东西长约 20 km,南北宽 1~3 km,总面积 35 km^2 ,沿途污水通过多级泵站提升进入处理厂.扩建后污水处理流程高效,构筑物结构紧凑,尾水在排海口直接排入海中.青岛第二海水浴场是位于汇泉湾东侧的太平湾内与八大关别墅区相邻的一处沙滩浴场(设为空白对照).

采用 GPS 定位仪定位,使用击开式采水器沿污水扩散方向依次采集污水厂距排海口 0 m(即出水口)、50 m、500 m、1 000 m 处表层(距水面 0.5 m)水样(表 1),每个采样点扇形布设取 5 处平行样并混合;同时,在第二海水浴场采集水样作空白对照.

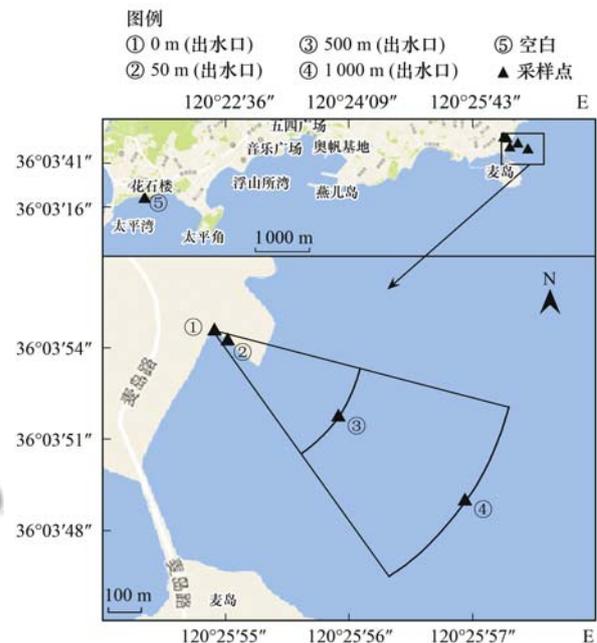


图 1 四季尾水排海过程中的采样点示意

Fig. 1 Sampling point diagram in for water discharge during four seasons

表 1 样品采集信息

Table 1 Sample collection information

季节	采样日期	采样时间	采样体积/L	采样气温/°C	采样水温/°C	季风情况
冬季	2016-01-05	12:00	1	1.2	2.9	西北向
春季	2016-04-06	12:00	3	13.2	12.4	西南向
夏季	2016-07-05	12:00	3	28.7	23.5	东南向
秋季	2016-10-09	12:00	3.5	18.5	20.3	南向

1.2 水质理化指标测定

使用便携式水质分析仪现场监测得到盐度、pH(酸碱度)和 DO(溶解氧)浓度.其他理化指标即 NH_4^+-N (氨氮)、 $NO_3^- -N$ (硝氮)、 $PO_4^{3-} -P$ (可溶性磷酸盐)则在水样带回实验室的 24 h 内完成(表 2).

1.3 主要仪器与试剂

仪器:10、100、200、1 000 μL 移液枪(德国 Eppendorf),便携式水质分析仪(美国 Hach),循环水式多用真空泵 SHB-III A(上海豫康),恒温水槽 DK-8D(上海齐欣),高压蒸汽灭菌锅(日本 SANYO),HaierBCD-201 冰箱(青岛海尔),台式离

表 2 四季各采样点水质的理化指标

Table 2 Physical and chemical indexes of water quality at each sampling point in the four seasons

季节	采样点	盐度/‰	pH	DO /mg·L ⁻¹	NH ₄ ⁺ -N /mg·L ⁻¹	NO ₃ ⁻ -N /mg·L ⁻¹	PO ₄ ³⁻ -P /mg·L ⁻¹
冬季	出水口	0.86	7.1	1.21	5.4145	0.3762	0.0078
	50 m	20.25	7.2	2.13	0.9582	0.2342	0.0133
	500 m	29.45	7.3	8.12	0.2941	0.2231	0.0162
	1 000 m	31.22	7.8	8.35	0.2152	0.1876	0.0154
	空白	30.58	7.8	6.87	0.2089	0.1955	0.0155
春季	出水口	1.09	7.1	0.33	4.0552	0.3285	0.0094
	50 m	25.72	7.1	0.78	0.5421	0.2106	0.0138
	500 m	30.56	7.2	6.90	0.8855	0.1525	0.0165
	1 000 m	32.04	7.4	7.16	0.1823	0.1394	0.0184
	空白	31.86	7.3	5.23	0.1984	0.1236	0.0179
夏季	出水口	1.67	7.2	0.48	4.4092	0.1377	0.0085
	50 m	27.88	7.3	0.98	0.8837	0.2514	0.0126
	500 m	31.05	7.4	7.12	0.3405	0.2124	0.0157
	1 000 m	31.98	7.7	7.48	0.2676	0.1895	0.0162
	空白	32.01	7.6	5.55	0.2872	0.1914	0.0159
秋季	出水口	1.46	7.1	0.95	4.9485	0.2247	0.0091
	50 m	28.05	7.1	1.88	0.6569	0.1645	0.0129
	500 m	31.98	7.3	7.64	0.1926	0.1405	0.0163
	1 000 m	32.18	7.8	7.88	0.1891	0.1278	0.0191
	空白	32.21	7.5	6.34	0.2056	0.1357	0.0188

离心机(美国 Thermo Scientific), 微型离心机(德国 SIGMA), 旋涡混合器 MS3 basic(德国 IKA), 超微量分光光度计(德国 Nanophotometer), PCR 仪(Applied Biosystems 2720 Thermal cycler), 凝胶成像系统(美国 Bio-Rad).

试剂: E. Z. N. A. Soil DNA Kit 试剂盒(美国 OMEGA 公司), AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒(美国 Axygen 公司), Tris-HCl, 异丙醇, 琼脂糖, 纳氏试剂, 盐酸溶液, 硝酸根标准贮备溶液, 硝酸根标准溶液, 混合试剂(3 mol·L⁻¹ H₂SO₄ 50 mL、3% 钼酸铵 20 mL、5.4% 抗坏血酸 20 mL、0.136% 酒石酸锶钾 10 mL), 磷酸盐标准溶液.

1.4 实验方法

1.4.1 DNA 的提取与检测

采集的样品于 24 h 内经 0.22 μm 微孔滤膜过滤, 浓缩的菌泥于 -20℃ 保存. 使用 E. Z. N. A. Soil DNA Kit 试剂盒按照说明书提供的操作步骤提取水体微生物的总 DNA. 用超微量分光光度计检测其纯度与浓度.

麦岛污水处理厂四季尾水排海过程中沿扩散方向在各采样点采集的样品以及第二海水浴场采集的空白样品, 提取 DNA 的 A₂₆₀/A₂₈₀ 值均在 1.7 ~ 2.0 之间(表 3), 说明提取的 DNA 纯度符合要求, 可用于高通量测序.

表 3 DNA 的提取情况

Table 3 DNA extraction purity and concentration

地点	采样点	A ₂₆₀ /A ₂₈₀				DNA 浓度/ng·μL ⁻¹			
		冬季	春季	夏季	秋季	冬季	春季	夏季	秋季
麦岛污水处理厂	出水口	1.862	1.847	1.857	1.907	297	326	478	706
	50 m	1.828	1.714	1.855	1.952	130	58.8	105	201
	500 m	1.818	1.842	1.890	1.824	98	85.8	272	83.3
	1 000 m	2.000	1.800	1.865	1.783	53.9	88.2	304	53.9
第二海水浴场	空白	1.786	1.778	1.935	1.870	61.3	39.2	206	316

1.4.2 高通量测序及数据分析

(1) PCR 扩增

PCR 的扩增区域为 16S rRNA 的 V3-V4 区, 16S rRNA 扩增引物采用通用引物(338F/806R). 引物名称和引物序列分别为: 338F(ACTCCTACGGGAGC CAGCA) 和 806R(GGACTACHVGGGTWTCTAAT).

PCR 反应体系(25 μL)为: 5 × reaction buffer 5 μL, 5 × GC buffer 5 μL, dNTP (2.5 mmol·L⁻¹) 2 μL, Forward primer(10 μmol·L⁻¹) 1 μL, Reverse primer(10 μmol·L⁻¹) 1 μL, DNA Template 2 μL, ddH₂O 8.75 μL, Q5 DNA Polymerase 0.25 μL. PCR 反应条件为: 98℃ 预变性 2 min; 98℃ 变性 15 s, 55℃ 退火 30 s,

72℃ 延伸 30 s, 25 ~ 27 个循环; 最后 72℃ 延伸 5 min. 用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒回收 PCR 产物, 经 Tris-HCl 洗脱后, 用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测.

根据 PCR 扩增图谱, 扩增后的条带比较清晰明显且条带位置一致, 背景干净, DNA 浓度达到了扩增要求, 可直接用于后续分析. 委托上海派森诺生物科技有限公司进行 Illumina MiSeq 高通量测序.

(2) 测序数据优化处理

保证分析结果的准确性, 运用 Qiime (version 1.9.0, <http://qiime.org/>) 进行数列过滤, 数据过滤标准为: 去除 5' 端引物错配碱基数 > 1 的序列; 去除含有 N (模糊碱基) 的序列; 去除含有连续相同碱基数 > 8 的序列; 去除长度 ≤ 150bp 的序列; 去除嵌合体序列. 运用 Mothur 软件 (version 1.31.2, <http://www.mothur.org/>) 中 Uchime 的方法去除嵌合体序列, 得到最终用于后续分析的优质序列.

(3) OTU 聚类分析

在 Qiime 中调用 Uclust 的方法对优质序列按序列相似度 97% 进行聚类, 选取每个类中最长的序列为代表序列. 在 Qiime 中调用 Blast 的方法对序列数据库进行比对, 获得每个 OTU 代表序列的分类学信息. 注释数据库为: Greengene (Release 13.8, <http://greengenes.secondgenome.com>). 之后对 OTU 进行

精简处理, 去掉丰度值小于总的序列条数的 0.001% 的 OUT, 得到后续的分析使用精简后的 OTU 列表.

(4) 多样性及群落结构分析

根据 OTU 列表中的各样品物种丰度情况, 应用软件 Mothur 中的 summary.single 命令, 计算样品覆盖率 (coverage percentage), 种群丰富度指数 Chao 1 指数和 ACE 指数, 以及群落多样性指数 Shannon 指数和 Simpson 指数. 组内 3 个平行样数据批量导入 Qiime 软件, 对 OTU 表进行组间差异性分析, 主要进行稀释曲线分析、多样性指数分析、门纲种属分类分析和致病分析.

2 结果与分析

2.1 物种丰度

2.1.1 OTU 稀释性曲线

采用对测序序列进行随机抽样的方法, 以抽到的序列数与它们所能代表 OUT 的数目构建曲线, 即稀释性曲线. 当曲线趋于平坦时, 说明测序数据量合理, 更多的数据量对发现新 OUT 的边际贡献很小; 反之则表明继续测序还可能产生较多新的 OUT. 由图 2 可知, 随着测序深度的增加 20 个样品的稀释曲线趋于平缓, 表明此时样品的测序数据量较为合理.

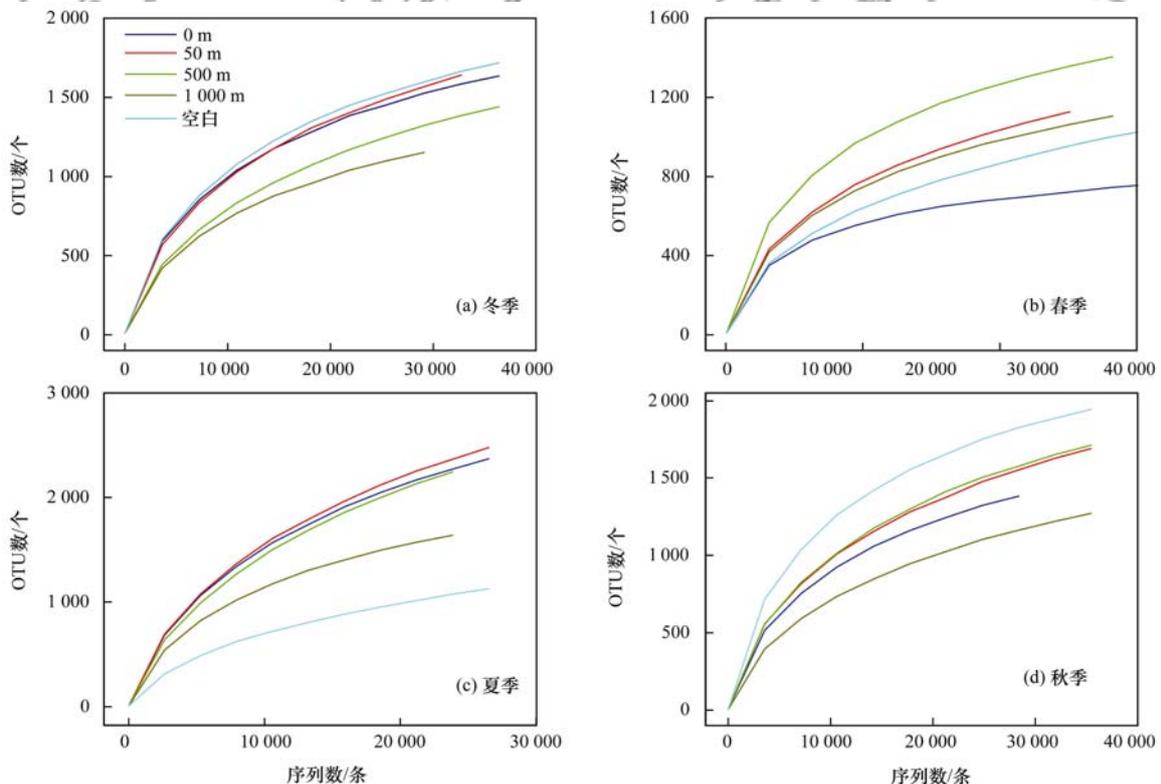


图 2 四季尾水排海过程中样品的 OTU 稀释性曲线

Fig. 2 Rarefaction curves of samples in the process of water discharge in the four seasons

2.1.2 Shannon-Wiener 曲线

Shannon-Wiener 曲线, 是利用 Shannon 指数来进行绘制的, 反映样品中微生物多样性的指数, 利用各样品的测序量在不同测序深度时的微生物多样性指数构建曲线, 以此反映各样本在不同测序数量时的微生物多样性. 当曲线趋向平坦时,

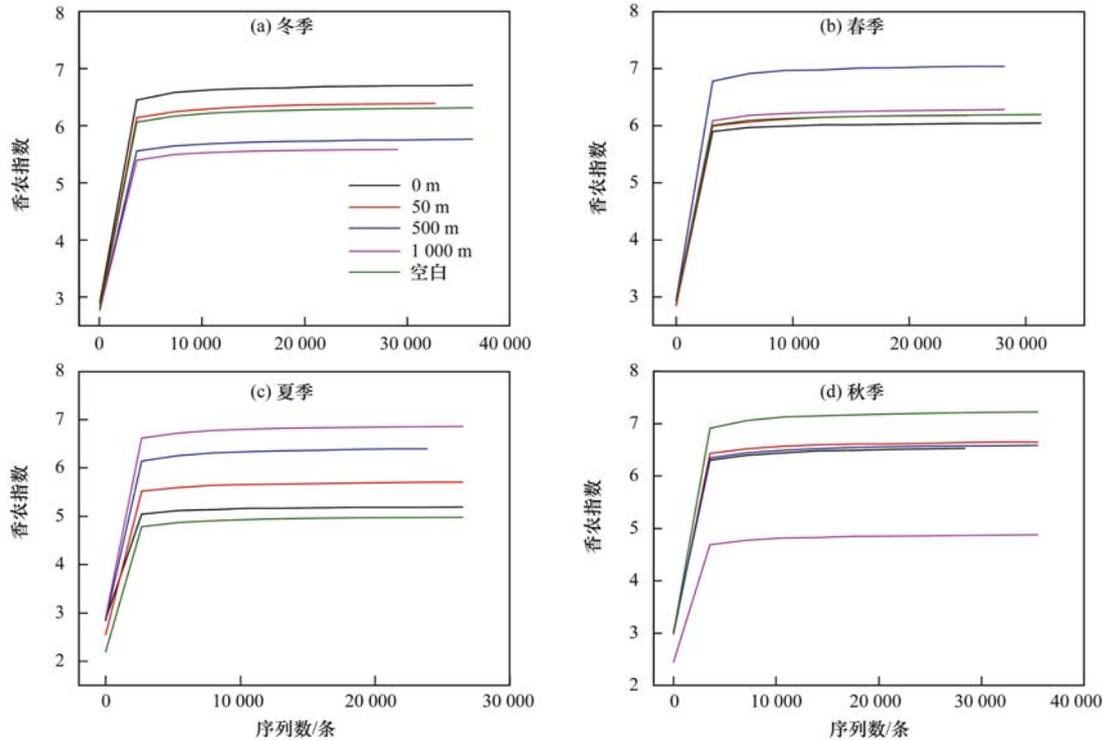


图3 四季尾水排海过程中样品的香农指数曲线

Fig. 3 Shannon-Wiener curves of samples in the process of water discharge in the four seasons

2.1.3 α 多样性分析

α 多样性是指一个特定区域或生态系统内的多样性, 多样性指数是反映丰富度和均匀度的综合指标, 包括表示样品群落丰富度的 Chao 1 指数和 ACE 指数, 呈现群落多样性的 Shannon 指数和 Simpson 指数.

由表 4 可知, 20 个样品的覆盖率均在 95% 以上, 表明本研究中构建的序列库可以覆盖细菌群落的多样性. 尾水扩散过程中的细菌样品 Chao 1 和 ACE 指数均高于出水口细菌样品, 说明尾水的扩散过程中细菌群落丰富度增加; Shannon 指数也遵循尾水的扩散过程中细菌样品整体高于出水口细菌样品的结果, 说明尾水的扩散过程中细菌群落多样性增大; Simpson 指数所表现的多样性规律与 Shannon 指数结果基本一致. 对表 4 进行纵向季节对比发现, 表示群落丰富度的 Chao 1 和 ACE 指数冬季和夏季最高, 秋季次之, 春季最低.

2.2 门水平分析

麦岛污水处理厂四季排海尾水微生物在门水平

说明测序数据量足够大, 可以反映样品中绝大多数的微生物物种信息. 由图 3 可知, 随着测序深度的增加 20 个样品的香农指数曲线数值升高直至平滑, 表明此时的测序深度足以覆盖样品中的大部分微生物即能基本反映尾水的微生物群落组成.

上的扩散规律如图 4 ~ 7.

麦岛污水处理厂四季排海尾水微生物由变形菌门 (Proteobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、放线菌门 (Actinobacteria)、厚壁菌门 (Firmicutes)、浮霉菌门 (Planctomycetes) 和疣微菌门 (Verrucomicrobia) 为主体的 20 ~ 27 个菌门组成, 其中作为优势菌门的变形菌门 (Proteobacteria) 四季中每个样品的占比均在 40% 以上. 通过横向距离对比发现, 变形菌门 (Proteobacteria)、厚壁菌门 (Firmicutes) 和拟杆菌门 (Bacteroidetes) 在每个样品中的占比随着扩散距离的增大整体呈下降趋势, 而放线菌门 (Actinobacteria)、浮霉菌门 (Planctomycetes) 和疣微菌门 (Verrucomicrobia) 在每个样品中的占比随着扩散距离的增大整体呈上升趋势. 通过纵向季节对比发现, 变形菌门 (Proteobacteria) 在细菌样品中的占比春夏季明显高于秋冬季; 绿弯菌门 (Chloroflexi) 在细菌样品中的占比春季高于夏秋季; 放线菌门 (Actinobacteria) 和拟杆菌门 (Bacteroidetes) 在细菌

表 4 四季尾水排海过程中细菌高通量测序 α 多样性指数

Table 4 Diversity index of high-throughput sequencing α in the process of water discharge in the four seasons

季节	采样点	OTUs	覆盖率	Chao 1 指数	ACE 指数	Simpson 指数	Shannon 指数
冬季	出水口	4714	0.959 838	1 347	1 264	0.94	5.92
	50 m	3727	0.966 963	2 052	2 011	0.97	6.87
	500 m	3015	0.956 805	2 377	2 387	0.93	5.93
	1 000 m	2689	0.959 543	2 197	2 152	0.93	6.31
	空白	4189	0.951 049	1 544	1 569	0.92	5.59
春季	出水口	2266	0.970 139	608	644	0.96	5.99
	50 m	2551	0.954 767	743	902	0.94	6.03
	500 m	4108	0.953 526	1 027	1 153	0.97	6.92
	1 000 m	2960	0.959 041	783	888	0.94	6.17
	空白	2206	0.961 698	646	756	0.95	6.07
夏季	出水口	5089	0.959 022	1 314	1 324	0.96	6.53
	50 m	4867	0.952 257	2 293	2 323	0.95	6.69
	500 m	4342	0.954 551	1 838	1 983	0.9	5.61
	1 000 m	4003	0.966 293	1 767	1 830	0.87	5.11
	空白	1959	0.961 741	2 148	2 197	0.97	7.16
秋季	出水口	1437	0.991 118	647	692	0.87	5.27
	50 m	1724	0.988 408	954	954	0.82	5.14
	500 m	1720	0.988 081	1 292	1 576	0.9	6.04
	1 000 m	1396	0.991 467	1 453	1 691	0.94	7.09
	空白	1962	0.990 983	887	1 135	0.85	4.74

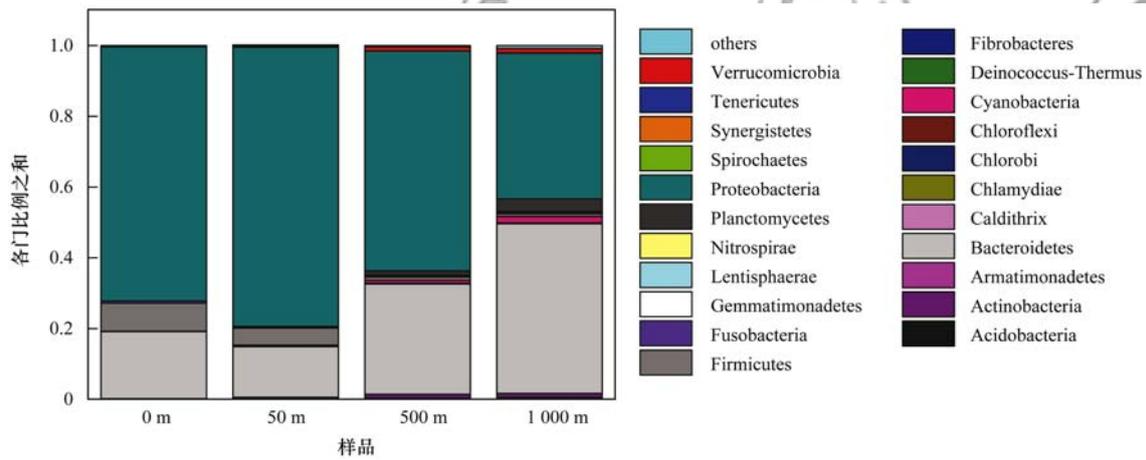


图 4 冬季麦岛污水处理厂尾水微生物在门水平上的扩散规律

Fig. 4 Dispersive discipline of microorganisms from sewage disposal plant discharge at the phylum level in winter

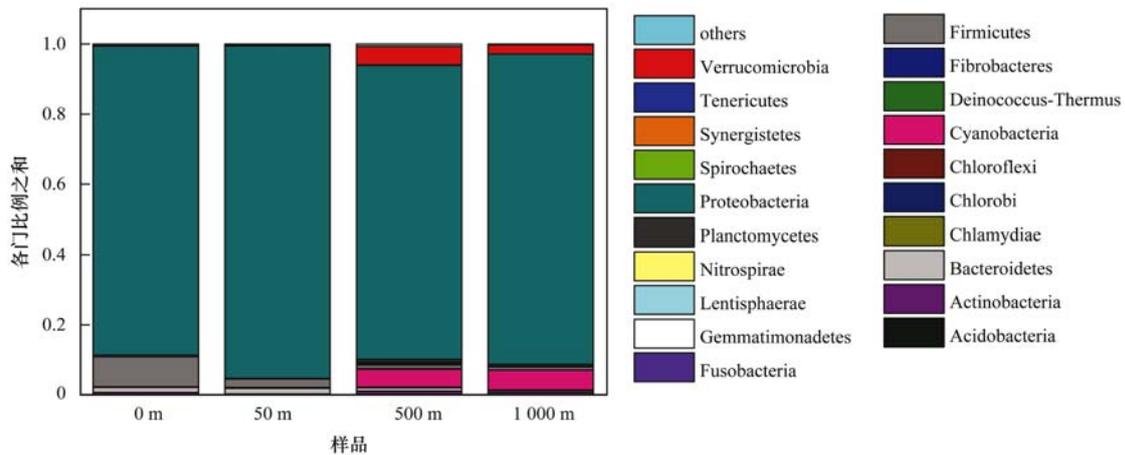


图 5 春季麦岛污水处理厂尾水微生物在门水平上的扩散规律

Fig. 5 Dispersive discipline of microorganism from sewage disposal plant discharge at the phylum level in spring

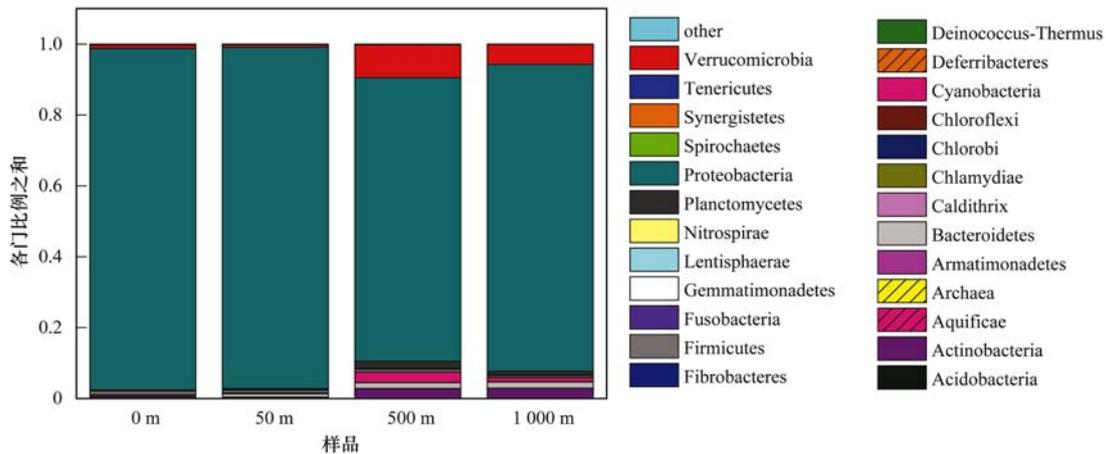


图 6 夏季麦岛污水处理厂尾水微生物在门水平上的扩散规律

Fig. 6 Dispersive discipline of microorganisms from sewage disposal plant discharge at the phylum level in summer

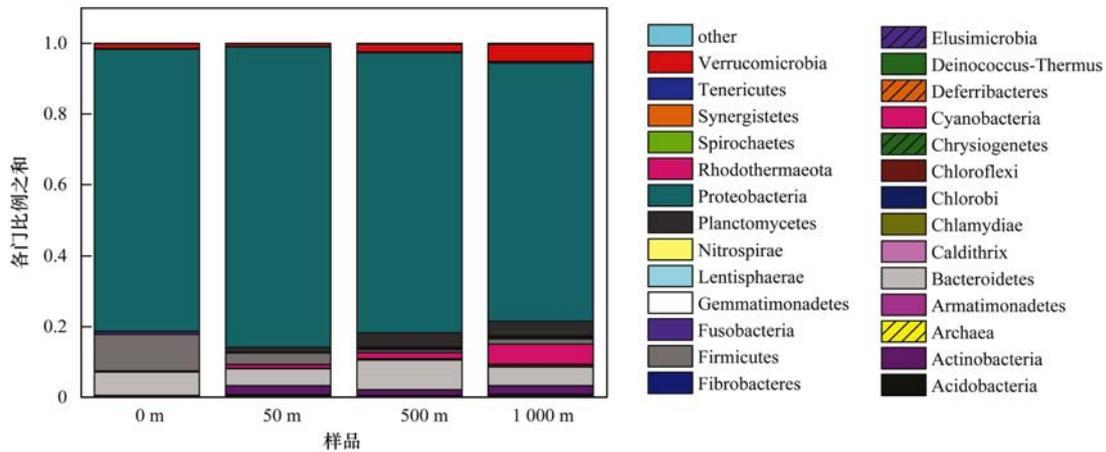


图 7 秋季麦岛污水处理厂尾水微生物在门水平上的扩散规律

Fig. 7 Dispersive discipline of microorganisms from sewage disposal plant discharge at the phylum level in autumn

样品中的占比均在夏季出现了骤降现象。

2.3 纲水平分析

麦岛污水处理厂四季排海尾水微生物在纲水平上的扩散规律如图 8 ~ 11.

麦岛污水处理厂四季排海尾水微生物优势菌纲主要集中在变形菌门, 由 γ -变形菌纲 (γ -Proteobacterium)、 β -变形菌纲 (β -Proteobacterium)、 ε -变形菌纲 (ε -Proteobacterium)、 α -变形菌纲 (α -Proteobacterium) 和黄杆菌纲 (Flavobacteriia) 为主体的 44 ~ 65 个菌纲组成. 通过横向距离对比发现, γ -变形菌纲 (γ -Proteobacterium)、 β -变形菌纲 (β -Proteobacterium)、 ε -变形菌纲 (ε -Proteobacterium) 在每个细菌样品中的占比随着扩散距离的增大整体呈下降趋势, 而黄杆菌纲 (Flavobacteriia) 和 α -变形菌纲 (α -Proteobacterium) 在每个细菌样品中的占比随着扩散距离的增大变化不大. 通过纵向季节对比发现, β -变形菌纲 (β -Proteobacterium) 在细菌样品中的

占比春季呈现优势; δ -变形菌纲 (δ -Proteobacterium) 在细菌样品中的占比随着温度的升高逐渐增加, 且在温度、盐度较高的夏季达到最大; 与之相反的黄杆菌纲 (Flavobacteria) 在细菌样品中的占比随着温度的降低逐渐增加, 且在温度、盐度较低的冬季达到最大.

2.4 属的分类和致病分析

在 Qiime 中调用 Blast 的方法比对序列比例的前 0.1%, 确定菌种信息后进行整理统计, 运用 NCBI homepage (National Center for Biotechnology Information, 美国国立生物技术信息中心) 数据库进行致病性分析, 得到麦岛各取样点细菌样品致病菌的四季分布如表 5 ~ 8.

麦岛污水处理厂四季排海尾水中的致病菌共有 55 种, 其中春季的致病菌种类最多, 主要是引起菌血症、腹泻相关的弓形杆菌属 (*Arcobacter* spp.)、引发院内感染的条件致病菌不动杆菌属 (*Acinetobacter*

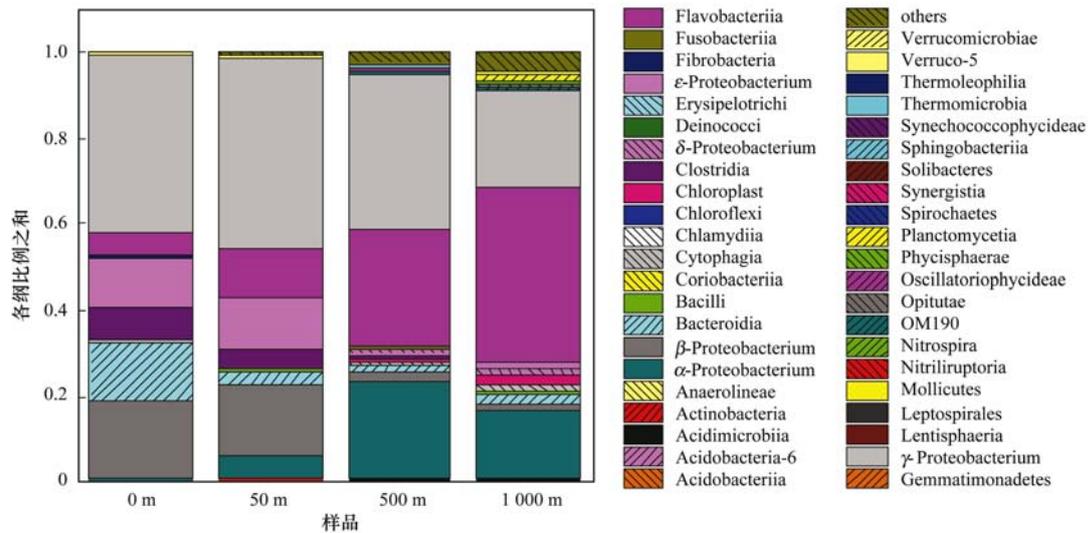


图 8 冬季青岛污水处理厂尾水微生物在纲水平上的扩散规律

Fig. 8 Dispersive discipline of microorganisms from sewage disposal plant discharge at the Class level in winter

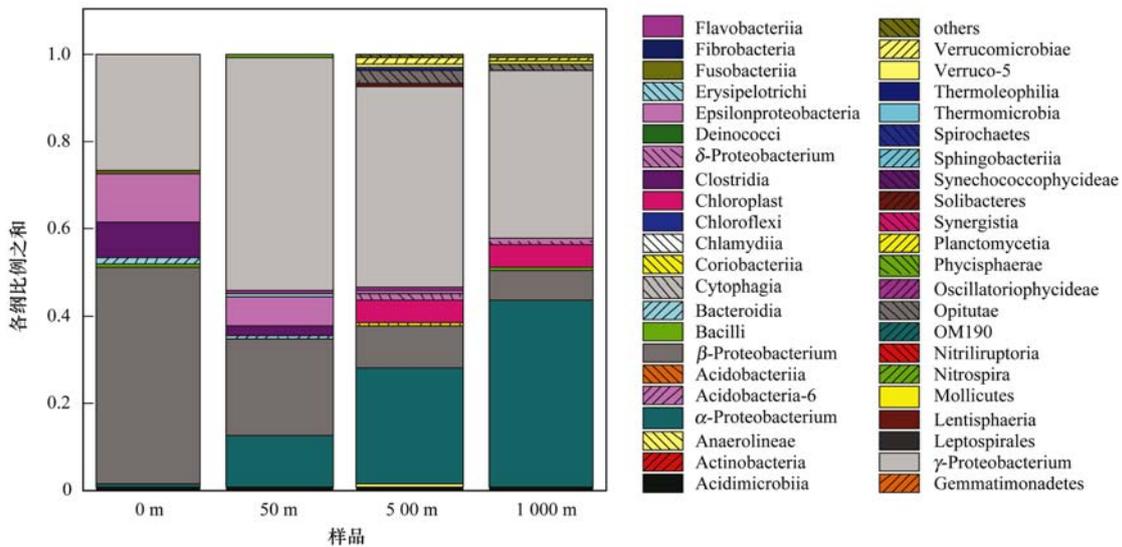


图 9 春季青岛污水处理厂尾水微生物在纲水平上的扩散规律

Fig. 9 Dispersive discipline of microorganisms from sewage disposal plant discharge at the Class level in spring

spp.)和引发术后感染的假单胞菌属(*Pseudomonas* spp.), 冬季的致病菌种类较多, 主要是与引发呼吸道感染相关的细菌 *Acinetobacter kyonggiensis* 和引起院内感染相关的假单胞菌属 (*Pseudomonas* spp.), 其余季节出现的致病菌种类较少, 主要是夏季出现的与获得性肺炎相关的细菌 *Klebsiella quasipneumoniae* 和秋季出现的与肺部感染相关的细菌 *Acinetobacter johnsonii*. 通过与空白样品的对照发现, 随着排海距离的增加, 海水的稀释扩散作用使得致病菌生物量大大降低, 在距排海口 1000m 处的样品中大部分致病菌未被检测出.

3 讨论

由于人类活动的影响近海海域受到有机物的污

染, 海洋微生物因此获得了大量的营养物质, 导致近海海洋微生物的密度增大^[16]. 本研究发现城市污水处理厂出水口和距离出水口 50 m 处相较于扩散后(距离出水口 500 m、1 000 m)的群落丰富度与多样性低的结果与其他研究一致^[17,18]. 显示群落丰富度的 Chao 1 和 ACE 指数冬季和夏季最高, 秋季次之, 春季最低, 但这与张喆在山东近岸海域浮游细菌多样性的研究中春夏季细菌群落丰富度明显高于秋冬季规律存在显著差异^[15], 主要原因可能是冬季气温低, 城市用水量较少, 水质更新速度慢, 污水处理厂的日平均污水处理量减少, 导致单位水体细菌浓度高, 而夏季气温高, 细菌生长繁殖速度加快, 即使日平均污水处理量增大, 但对单

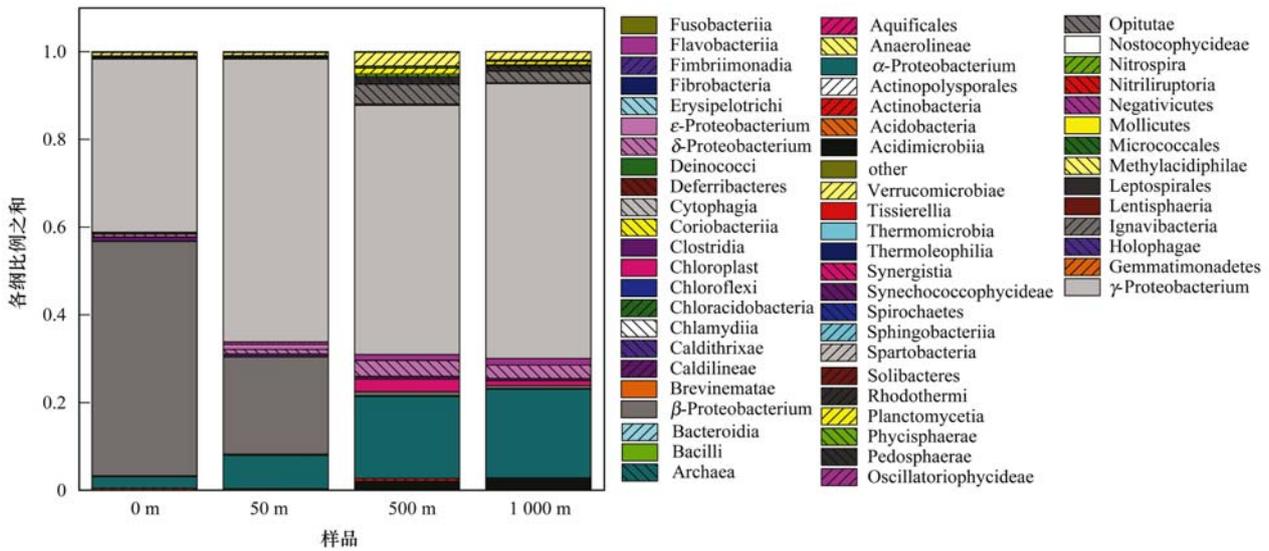


图 10 夏季麦岛污水处理厂尾水微生物在纲水平上的扩散规律

Fig. 10 Dispersive discipline of microorganisms from sewage disposal plant discharge at the Class level in summer

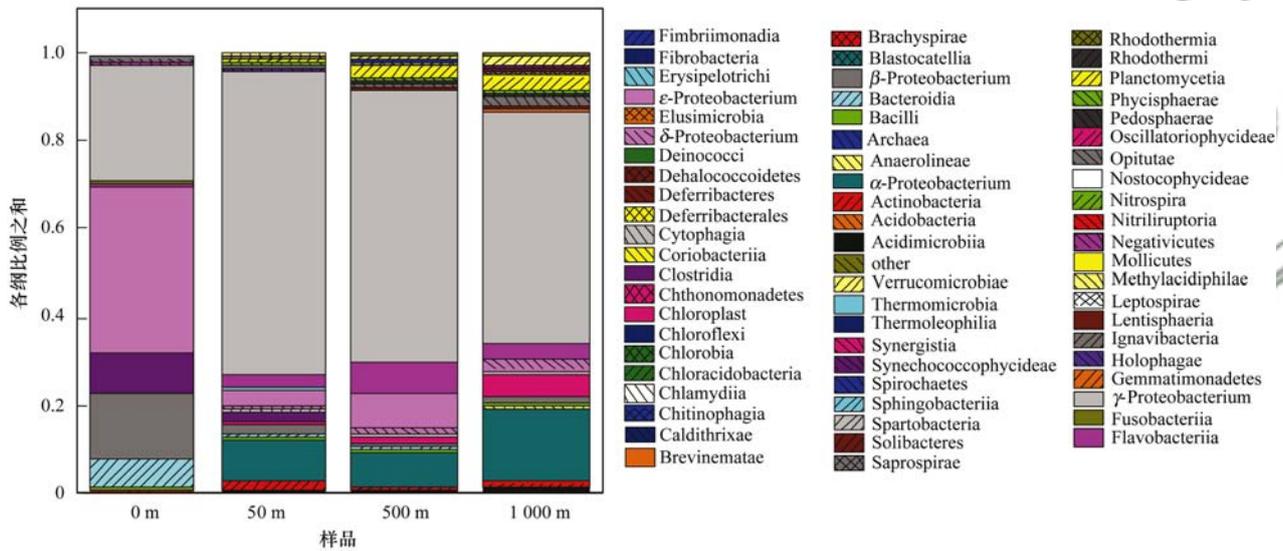


图 11 秋季麦岛污水处理厂尾水微生物在纲水平上的扩散规律

Fig. 11 Dispersive discipline of microorganisms from sewage disposal plant discharge at the Class level in autumn

位水体中细菌浓度的影响较小，因此，冬季和夏季细菌群落丰富度偏高；虽然春季气温依然不高，耐寒菌种相对较少且生长缓慢，但是用水量相对冬季有所增高，使得日平均污水处理量增加，水质更新速度加快，导致细菌不能长时间滞留，所以单位水体中细菌浓度较其他三季低，因此，春季细菌群落丰富度最低。

变形菌门 (Proteobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes) 和厚壁菌门 (Firmicutes) 是四季尾水中的主要优势菌门，其中变形菌门 (Proteobacteria) 在四季中每个样品的占比均高于 40%，成为绝对优势菌门，这与窦娜莎等^[19]对 Biostyr 曝气生物滤池工艺处理城市污水的细菌多样性研究结果一致。对

比同一季节不同扩散距离可以发现，优势菌门所占比例随着扩散距离的增大呈下降趋势；对比不同季节可以发现，放线菌门 (Actinobacteria) 和拟杆菌门 (Bacteroidetes) 在细菌样品中的占比均在夏季出现了骤降现象，这与寇文伯^[20]等研究的鄱阳湖表层水体细菌群落春冬季显著低于夏秋季的结果截然相反。造成这些现象的主要原因可能是排污口尾水中氮磷营养盐浓度较高(如表 2)，使得脱氮除磷类污水处理相关菌聚集。而变形菌门细菌都为革兰氏阴性菌，大量与氮循环相关的微生物都分布在变形菌门。变形菌门包括多种代谢种类，大多数细菌营兼性或专性厌氧，极少数好氧。本研究中的 Biostyr 曝气生物滤池特有的好-厌氧工艺流程为微生物的生

表 5 冬季麦岛各取样点及空白水样致病菌比例¹⁾

Table 5 Proportion of pathogenic bacteria at each sampling point and in the blank water samples in winter

致病菌	冬季各采样点占比/%					致病性
	0 m	50 m	500 m	1 000 m	空白	
<i>Acinetobacter kyonggiensis</i>	10.9	2.01	—	—	—	呼吸道感染, 败血症, 重则死亡
<i>Arcobacter cryaerophilus</i>	8.77	0.11	0.29	0.71	—	菌血症和腹泻
<i>Arcobacter anaerophilus</i>	0.66	7.41	—	—	—	持续性腹泻, 恶心, 呕吐
<i>Arcobacter butzleri</i>	0.55	0.87	—	—	—	菌血症、心内膜炎、腹膜炎和腹泻
<i>Arcobacter suis</i>	0.54	0.35	0.11	0.17	—	持续性腹泻, 恶心, 呕吐
<i>Pseudomonas anguilliseptica</i>	3.43	3.98	—	—	—	较强的抗药性, 高剂量致死
<i>Pseudomonas caeni</i>	1.08	0.54	—	—	—	具有很强抗药性
<i>Pseudomonas guangdongensis</i>	0.32	0.33	—	—	—	较强抗药性, 高剂量致死
<i>Pseudomonas hussainii</i>	0.52	0.27	—	—	—	较强抗药性, 高剂量致死
<i>Pseudomonas protegens</i>	0.58	0.38	—	—	—	较强抗药性, 高剂量致死
<i>Bacteroides coprocola</i>	1.16	0.18	0.14	0.12	—	与大肠杆菌混合感染
<i>Bacteroides uniformis</i>	0.28	—	—	—	—	与大肠杆菌混合感染
<i>Bacteroides stercoris</i>	0.29	—	—	—	—	与大肠杆菌混合感染
<i>Bacteroides plebeius</i>	1.02	0.25	0.21	0.21	—	与大肠杆菌混合感染
<i>Bacteroides vulgates</i>	1.12	0.33	—	0.2	—	与大肠杆菌混合感染
<i>Flavobacterium aquaticum</i>	0.49	0.25	0.26	0.16	—	呼吸道感染
<i>Flavobacterium succinicans</i>	0.19	—	—	—	—	呼吸道感染
<i>Flavobacterium psychrolimnae</i>	0.41	0.1	—	—	—	引起腹泻
<i>Leptotrichia goodfellowii</i>	0.28	—	—	—	—	造成牙周病
<i>Weeksella virosa</i>	0.14	—	—	—	—	脑脓肿和脑脊髓膜炎
<i>Shewanella putrefaciens</i>	0.13	—	—	—	—	条件致病菌, 多见于临床感染
<i>Shewanella denitrificans</i>	—	5.41	—	—	—	条件致病菌, 多见于临床感染
<i>Shewanella putrefaciens</i>	—	0.81	—	—	—	条件致病菌, 多见于临床感染
<i>Shewanella frigidimarina</i>	—	1.83	—	—	—	主要腐败鱼虾
<i>Leucothrix mucor</i>	—	0.2	—	—	—	丝状致病菌
<i>Phaeocystidibacter luteus</i>	—	—	13.7	20	—	溶血性, 产生毒素, 危害藻类
<i>Listonella anguillarum</i>	—	—	3.39	2.73	—	鱼类贝类等水产动物致病菌
<i>Pseudoalteromonas haloplanktis</i>	—	—	—	—	10.18	鱼类致病菌

1) “—”表示相关菌未被检测到, 下同

长提供了多样性的兼性有氧环境, 易于变形菌的生长^[19]。拟杆菌门 (Bacteroidetes) 作为另一优势菌群, 多数是化能有机营养细菌, 与污水的降解至为密切, 主要降解复杂的有机物, 如拟杆菌能将淀粉、纤维素等水解为单糖, 进一步降解为乳糖、乙酸、甲酸等^[21]。厚壁菌门 (Firmicutes) 中的芽孢杆菌属 (*Bacillus* spp.) 等存在与污水处理紧密相关的好氧反硝化菌。因此, 在排海过程中的扩散作用下其细菌浓度逐渐降低, 在每个样品中的占比随着扩散距离的增大整体呈下降趋势。而放线菌门 (Actinobacteria)、浮霉菌门 (Planctomycetes) 和疣微菌门 (Verrucomicrobia) 广泛存在于近海海域中, 这与刘吉文^[22]在典型海域微生物群落结构的研究一致。因此, 其在每个样品中的占比随着扩散距离的增大整体呈上升趋势。大多数放线菌门 (Actinobacteria) 的细菌都是嗜中温菌, 最适生长温度在 5 ~ 25℃ 之间, 且多数细菌对盐度的耐受有限, 盐度过高时会造成菌类死亡现象^[23], 而夏季气温

高, 海水蒸发速度加快, 使得海洋盐度增高, 且夏季生活污水比例大, 餐饮废水中盐度高 (如表 2), 导致夏季放线菌门 (Actinobacteria) 在细菌样品中的占比骤然下降。与此相似的拟杆菌门 (Bacteroidetes) 也曾被报道 8 月出现过下降的趋势^[24], 主要原因可能是该菌门的细菌不耐高温, 因此在夏季细菌样品中存在比例偏小。由此可见, 不同的生态区域, 细菌群落季节性变化是不同的, 这也是细菌群落结构空间差异的一种体现, 至于其变化规律有待进一步的研究。

尾水细菌样品群落优势菌纲多集中在变形菌门 (Proteobacteria), γ -变形菌纲 (γ -Proteobacterium)、 β -变形菌纲 (β -Proteobacterium) 和 ϵ -变形菌纲 (ϵ -Proteobacterium), 符合王琳^[25]等对 Biostyr 曝气生物滤池沿程微生物多样性的研究结果。横向对比发现, 优势菌纲在每个样品中的占比随着扩散距离的增大整体呈下降趋势; 纵向对比发现, 春季时 β -变形菌纲 (β -Proteobacterium) 在细菌样品中的占比呈

表 6 春季麦岛各取样点及空白水样致病菌比例

Table 6 Proportion of pathogenic bacteria at each sampling point and in the blank water samples in spring

致病菌	春季各采样点占比/%					致病性
	0 m	50 m	500 m	1 000 m	空白	
<i>Acinetobacter kyonggiensis</i>	5.40	0.76	—	—	—	条件致病菌, 当机体抵抗力降低时易引起机体感染, 是引起医院内感染的重要机会致病菌之一. 可引起呼吸道感染、败血症、脑膜炎、心内膜炎、伤口及皮肤感染、泌尿生殖道感染等.
<i>Acinetobacter lwoffii</i>	0.38	0.17	—	—	—	
<i>Acinetobacter tandoii</i>	0.67	—	—	—	—	
<i>Acinetobacter gernerii</i>	0.12	—	—	—	—	
<i>Arcobacter lanthieri</i>	7.88	2.03	0.14	—	—	引起人类菌血症、腹泻, 对常见抗生素有较强抗药性, 高剂量致死
<i>Arcobacter ebronensis</i>	1.56	3.83	—	—	—	
<i>Arcobacter butzleri</i>	0.56	0.44	—	—	—	菌血症、心内膜炎、腹膜炎和腹泻
<i>Arcobacter venerupis</i>	0.43	0.13	—	—	—	
<i>Pseudomonas caeni</i>	1.73	0.41	—	—	—	条件致病菌, 可引起术后伤口感染、褥疮、脓肿、化脓性中耳炎等. 此菌引发菌血症和败血症. 具有很强的抗药性.
<i>Pseudomonas guguanensis</i>	0.79	0.12	—	—	—	
<i>Pseudomonas anguilliseptica</i>	0.37	0.22	0.28	—	—	
<i>Pseudomonas pseudoalcaligenes</i>	0.31	0.13	—	—	—	
<i>Pseudomonas pohangensis</i>	—	0.83	—	—	—	
<i>Prevotella copri</i>	0.5	0.28	—	—	—	牙周病, 上呼吸道感染, 脑脓肿
<i>Erwinia oleae</i>	0.32	—	—	—	—	寄生于植物并引起腐病
<i>Leptotrichia goodfellowii</i>	0.28	—	—	—	—	组织坏死, 败血症, 阴道炎
<i>Bacteroides coprocola</i>	0.11	—	—	—	—	与大肠杆菌混合感染
<i>Bacteroides plebeius</i>	0.23	—	—	—	—	与大肠杆菌混合感染
<i>Klebsiella quasipneumoniae</i>	0.21	—	—	—	—	获得性肺炎常见病原体
<i>Succinivibrio dextrinosolvens</i>	0.21	—	—	—	—	主要见于牛、羊胃部感染
<i>Escherichia coli</i>	0.15	—	—	—	—	肠道外感染, 严重可引起腹泻
<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	0.15	—	—	—	—	口腔, 呼吸道, 肠道等部位致病菌
<i>Shewanella hafniensis</i>	0.1	—	—	—	—	特定腐败菌, 腐败鱼类、贝类、甲壳类
<i>Shewanella aestuarii</i>	—	3.42	—	—	—	
<i>Shewanella japonica</i>	—	0.47	—	—	—	
<i>Shewanella vesiculosa</i>	—	0.34	—	—	—	
<i>Listonella anguillarum</i>	—	18.51	7.2	0.87	—	水产动物致病菌, 对鱼类贝类等具有较强的致病性
<i>Vibrio toranzoniae</i>	—	0.14	0.16	—	0.44	肠道疾病, 如霍乱
<i>Leucothrix mucor</i>	—	0.35	0.12	—	—	河蟹育苗幼体活动力下降甚至死亡
<i>Pseudoalteromonas haloplanktis</i>	—	1.5	6.39	2.38	0.38	鱼类致病菌

表 7 夏季麦岛各取样点及空白水样致病菌比例

Table 7 Proportion of pathogenic bacteria at each sampling point and in the blank water samples in summer

致病菌	夏季各采样点占比/%					致病性
	0 m	50 m	500 m	1 000 m	空白	
<i>Acinetobacter gernerii</i>	0.13	—	—	—	—	呼吸道感染, 败血症, 重症者死亡
<i>Aeromonas lacus</i>	0.15	0.82	—	—	—	可引起人类腹泻, 败血症等多种感染
<i>Arcobacter ebronensis</i>	—	0.5	—	—	—	引起人类菌血症、腹泻, 对常见抗生素有较强抗药性, 高剂量可致死
<i>Arcobacter lanthieri</i>	—	0.19	—	—	—	
<i>Clostridium sticklandii</i>	0.15	—	—	—	—	可引起人体各部组织和器官感染, 混合感染为多见, 如腹腔、盆腔、阴道感染、肝脓肿、肺部、胸膜感染、颅内感染及皮肤和软组织感染等.
<i>Enterococcus hirae</i>	—	—	—	—	0.1	肠球菌为院内感染的重要病原菌. 不仅可引起尿路感染, 皮肤软组织感染, 还可引起危及生命的腹腔感染, 败血症, 心内膜炎和脑膜炎.
<i>Flavobacterium aquaticum</i>	—	0.16	—	—	—	引起呼吸道感染
<i>Klebsiella quasipneumoniae</i>	1.05	0.14	—	—	—	获得性肺炎常见病原体
<i>Pseudomonas guangdongensis</i>	0.11	—	—	—	—	较强的抗药性, 高剂量致死
<i>Stenotrophomonas nitritireducens</i>	0.22	—	—	—	—	条件致病菌, 主要引起院内感染, 最常见的是: 呼吸道感染、尿道感染、伤口感染, 也可引起脑膜炎、菌血症、医源性败血症、心内膜炎等.
<i>Stenotrophomonas koreensis</i>	0.18	—	—	—	—	
<i>Vibrio toranzoniae</i>	—	0.21	—	—	0.13	肠道疾病, 如霍乱

表 8 秋季麦岛各取样点及空白水样致病菌比例

Table 8 Proportion of pathogenic bacteria at each sampling point and in the blank water samples in autumn

致病菌	秋季各采样点占比/%					致病性
	0 m	50 m	500 m	1 000 m	空白	
<i>Acetobacter malorum</i>	—	—	—	0.28	—	引起菠萝的粉红病和苹果、梨的腐烂
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	8.28	—	0.11	—	—	引发肺部感染
<i>Aeromonas lacus</i>	2.10	—	—	—	—	引起人类腹泻, 败血症等多种感染
<i>Arcobacter lanthieri</i>	7.22	4.67	1.86	—	0.49	对常见抗生素有较强抗药性, 高剂量可致死
<i>Arcobacter suis</i>	0.19	—	—	—	—	持续性腹泻, 恶心, 呕吐
<i>Bacteroides coprocola</i>	0.23	—	—	—	—	与大肠杆菌混合感染
<i>Bacteroides plebeius</i>	0.85	—	—	—	—	与大肠杆菌混合感染
<i>Bacteroides stercoris</i>	0.10	—	—	—	—	与大肠杆菌混合感染
<i>Bacteroides uniformis</i>	0.21	—	—	—	—	与大肠杆菌混合感染
<i>Bacteroides vulgatus</i>	0.55	—	—	—	—	与大肠杆菌混合感染
<i>Enterococcus hirae</i>	—	—	—	0.17	—	院内感染的重要病原菌. 不仅可引起尿路感染, 皮肤软组织感染, 还可引起危及生命的腹腔感染, 败血症, 心骨膜炎和脑膜炎.
<i>Klebsiella quasipneumoniae</i>	0.69	—	—	—	—	获得性肺炎常见病原体
<i>Phaeocystidibacter luteus</i>	—	0.31	1.12	0.24	2.12	溶血性, 产生毒素, 危害藻类.
<i>Pseudomonas guangdongensis</i>	0.28	—	—	—	—	较强的抗药性, 高剂量致死
<i>Vibrio toranzoniae</i>	—	0.46	1.31	—	2.34	肠道疾病, 如霍乱

现优势; 黄杆菌纲 (Flavobacteria) 在细菌样品中秋冬季比例都很高, 这与张乾^[26]报道的胃肠道疾病比较容易在冬季发难的现象相符. 造成这些变化的主要原因可能是 γ -变形菌纲 (γ -Proteobacterium)、 β -变形菌纲 (β -Proteobacterium) 多为兼具呼吸/发酵代谢方式的兼性异养菌, 是污水处理系统中 COD 降解的主要参与者. ϵ -变形菌纲 (ϵ -Proteobacterium) 包括严格厌氧的一些种类, 同样具有降解 COD 的功能. 这类病原菌均来自污水处理流程, 由尾水排海引入. 因此, 越靠近排海口其丰度越高, 反之, 随着排海过程的扩散作用其细菌浓度逐渐降低, 使其在每个样品中的占比随扩散距离的增大整体呈下降趋势. 而黄杆菌纲 (Flavobacteriia) 主要存在于水生环境中, 多数对人无害. α -变形菌纲 (α -Proteobacterium) 则是变形菌门中非主要致病菌纲, 且该菌纲细菌大多与动植物共生. 因此, 这两种纲类细菌受尾水扩散的影响较小, 数量也不会如其他病原菌一样随扩散距离明显减少. β -变形菌纲 (β -Proteobacterium) 的细菌易受盐度与温度变化的影响, 且盐度对它的影响最大^[27], 而本研究取样的麦岛污水处理厂近海, 夏季时季风气候显著且生活污水的比例偏高, 使得污水厂的进水盐度升高, 因此夏季其在细菌样品中的占比较春季低; 而在秋冬季节主要影响因素可能变为温度, 低温使得细菌的生长繁殖速度变缓, 因此秋冬季在细菌样品中的占比也较春季低; 而春季气温回升, 盐度适中, 此时盐度与温度两个影响因子均处于较

适状态, 因此, 春季时 β -变形菌纲 (β -Proteobacterium) 在细菌样品中的占比呈现优势.

尾水细菌样品中含有一定量的致病菌, 如引发呼吸道、肺部感染相关的不动杆菌属 (*Acinetobacter* spp.)、引起院内感染相关的假单胞菌属 (*Pseudomonas* spp.) 等人类致病菌; 引起菌血症、腹泻相关的弓形杆菌属 (*Arcobacter* spp.) 的人畜共患致病菌以及 *Shewanella hafniensis*、*Listonella anguillarum*、*Pseudoalteromonas haloplanktis*、*Leucothrix mucor* 等水产动物致病菌, 通过与空白样品的对照发现, 在海水的稀释扩散作用下致病菌生物量急剧下降, 在距排海口 1 000 m 处的样品中大部分致病菌未被检测出. 但是, 4 个季节尾水中均检测到弓形杆菌属 (*Arcobacter* spp.) 且在秋冬季距排海口 1 000 m 的细菌样品中依旧存在, 这与王祖忠^[28]等在宁波沿海排污口研究的弓形杆菌属易存活的特点一致, 并与孔晓^[29]等发现的弓形杆菌属是污水膜生物反应器系统中的优势菌群的结果相关. 该菌属是一种人畜共患的食源性和水源性病原菌, 在自然界中广泛存在, 主要分离自猪肉、牛肉、禽肉等动物性食品和水体, 与人类和动物的腹泻、菌血症等疾病密切相关, 致病性与弯曲菌相当, 且比弯曲菌更易存活^[30]. 冬春季出现的 *Acinetobacter kyonggiensis* 作为条件致病菌当机体抵抗力降低时可引起呼吸道感染、败血症、脑膜炎、心内膜炎、伤口及皮肤感染、泌尿生殖道感染等^[31]. 经检测发现该致病菌在排海口细菌样品中的占比超过 5%,

可能会对附近海水浴场人群的健康造成威胁。另外,尾水中存在的水产动物致病菌可能对海产品的养殖和捕捞带来威胁,导致近海部分渔民生存空间遭遇严峻挑战。该类水产致病菌与已报道的位于渤海口的山东省长岛县店子村的扇贝养殖周期明显增长且产量与个头明显减小的状况有极大的关联^[32]。建议相关部门首先加强对城市尾水的微生物学的安全研究,建立完整的检测污水处理尾水典型致病微生物指标,并加强海水浴场的致病菌检测工作以排除对人体健康构成的威胁;进一步加强宣传工作,建立民众关注食品安全、购买正规销售商售卖的各种肉制品、饮用干净卫生饮水意识,防止感染病菌。

4 结论

(1)4个季节尾水中的细菌分属于20~27个菌门,优势菌门中的变形菌门、厚壁菌门和拟杆菌门主要是与污水处理的相关菌,其在每个样品中占的比例随着扩散距离的增大整体呈下降趋势。4个季节尾水中的细菌分属于44~65个菌纲,其中 γ -变形菌纲、 β -变形菌纲、 ϵ -变形菌纲在每个样品中占的比例随着扩散距离的增大整体呈下降趋势。

(2)4个季节尾水中含有的致病菌共55种,通过与空白样品的对照发现,随着排海距离的增加,海水的稀释扩散作用使得致病菌生物量大大降低,在距排海口1000m处的样品中大部分致病菌未被检测出。但冬春季出现的 *Acinetobacter kyonggiensis* 作为条件致病菌在排海口细菌样品中的占比超过5%,可能会对附近海水浴场人群的健康造成威胁。因此针对该种致病菌的监测力度亟需加强。

参考文献:

- [1] Alhamlan F S, Al-Qahtani A A, Al-Ahdal M N A. Recommended advanced techniques for waterborne pathogen detection in developing countries[J]. The Journal of Infection in Developing Countries, 2015, **9**(2): 128-135.
- [2] Heimersson S, Harder R, Peters G M, et al. Including pathogen risk in life cycle assessment of wastewater management. 2. Quantitative comparison of pathogen risk to other impacts on human health[J]. Environmental Science & Technology, 2014, **48**(16): 9446-9453.
- [3] 徐爱玲,任杰,宋志文,等. 污水处理厂尾水细菌群落结构分析[J]. 环境科学, 2014, **35**(9): 3473-3479.
Xu A L, Ren J, Song Z W, et al. Microbial community of municipal discharges in a sewage treatment plant [J]. Environmental Science, 2014, **35**(9): 3473-3479.
- [4] Okoh A I, Ojadjare E E, Igbinosa E O, et al. Wastewater treatment plants as a source of microbial pathogens in receiving watersheds[J]. African Journal of Biotechnology, 2007, **6**(25): 2932-2944.
- [5] Ferrer A, Nguyen-Viet H, Zinsstag J. Quantification of diarrhea risk related to wastewater contact in Thailand [J]. EcoHealth, 2012, **9**(1): 49-59.
- [6] Betancourt W Q, Duarte D C, Vásquez R C, et al. *Cryptosporidium* and *Giardia* in tropical recreational marine waters contaminated with domestic sewage: Estimation of bathing-associated disease risks[J]. Marine Pollution Bulletin, 2014, **85**(1): 268-273.
- [7] Nelson K Y, McMartin D W, Yost C K, et al. Point-of-use water disinfection using UV light-emitting diodes to reduce bacterial contamination [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2013, **20**(8): 5441-5448.
- [8] Stark J S, Corbett P A, Dunshea G, et al. The environmental impact of sewage and wastewater outfalls in Antarctica: An example from Davis station, East Antarctica. [J]. Water Research, 2016, **105**: 602-614.
- [9] Price W D, Burchell II M R, Hunt W F, et al. Long-term study of dune infiltration systems to treat coastal stormwater runoff for fecal bacteria[J]. Ecological engineering, 2013, **52**: 1-11.
- [10] Praveen C, Jesudhasan P R, Reimers R S, et al. Electron beam inactivation of selected microbial pathogens and indicator organisms in aerobically and anaerobically digested sewage sludge [J]. Bioresource Technology, 2013, **144**: 652-657.
- [11] Pandey P K, Soupir M L, Haddad M, et al. Assessing the impacts of watershed indexes and precipitation on spatial in-stream *E. coli* concentrations [J]. Ecological Indicators, 2012, **23**: 641-652.
- [12] Mendonça A, Losada M á, Reis M T, et al. Risk assessment in submarine outfall projects: The case of Portugal [J]. Journal of Environmental Management, 2013, **116**: 186-195.
- [13] 林雪萍,胡泽建,张永强,等. 董家口尾水排海环境影响数值预测及排放口比选研究[J]. 应用海洋学学报, 2017, **36**(1): 31-40.
Lin X P, Hu Z J, Zhang Y Q, et al. Study on predicting environmental impact of marine sewage discharge project and selecting the effluent discharge points in Dongjiakou [J]. Journal of Applied Oceanography, 2017, **36**(1): 31-40.
- [14] Wang Y, Xin L. Analysis of pollutants of sewage of oceanic outfall on the water quality [J]. Energy Procedia, 2012, **16**: 1009-1013.
- [15] 张喆. 山东近岸海域浮游细菌、病毒生态学调查及沉积物细菌多样性研究[D]. 青岛:中国海洋大学, 2008. 35-84.
Zhang Z. Distribution characteristics of bacterioplankton and virioplankton and bacterial diversity in sediments in coastal lines of Shandong [D]. Qingdao: Ocean University of China, 2008. 35-84.
- [16] 李伟,郑伟,郑天凌. 海洋微生物多样性及其分子生态学研究进展[J]. 微生物学通报, 2013, **40**(4): 655-668.
Li Y, Zheng W, Zheng T L. Advances in research of marine microbial diversity and molecular ecology [J]. Microbiology China 2013, **40**(4): 655-668.
- [17] Yang Y, Wang X, Shi J, et al. The influence of the discharging sewage on microbial diversity in sludge from Dongting Lake [J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2012, **28**(2): 421-430.
- [18] Lu X M, Lu P Z. Characterization of bacterial communities in

- sediments receiving various wastewater effluents with high-throughput sequencing analysis [J]. *Microbial Ecology*, 2014, **67**(3): 612-623.
- [19] 窦娜莎, 王琳. 16S rDNA 克隆文库法分析 Biostyr 曝气生物滤池处理城市污水的细菌多样性研究[J]. *环境科学学报*, 2011, **31**(10): 2117-2124.
- Dou N S, Wang L. Bacteria diversity in a biostyr biological aerated filter of municipal wastewater by 16S rDNA [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2011, **31**(10): 2117-2124.
- [20] 寇文伯, 黄正云, 张杰, 等. 鄱阳湖湖泊细菌群落组成及结构——以松门山为例[J]. *生态学报*, 2015, **35**(23): 7608-7614.
- Kou W B, Huang Z Y, Zhang J, *et al.* Bacterial community structure and composition in Lake Poyang: a case study in the Songmenshan Region, China [J]. *Acta Ecologica Sinica* 2015, **35**(23): 7608-7614.
- [21] Hashimoto K, Matsuda M, Inoue D, *et al.* Bacterial community dynamics in a full-scale municipal wastewater treatment plant employing conventional activated sludge process [J]. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 2014, **118**(1): 64-71.
- [22] 刘吉文. 典型海域微生物群落结构及其生物地球化学意义 [D]. 青岛: 中国海洋大学, 2014. 16-47.
- Liu J W. Studies on microbial community structure in typical sea areas and their biogeochemical implications [D]. Qingdao: Ocean University of China, 2014. 16-47.
- [23] Liu Y, Jin J H, Liu H C, *et al.* *Dokdonella immobilis* sp. nov., isolated from a batch reactor for the treatment of triphenylmethane dye effluent [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2013, **63**(4): 1557-1561.
- [24] 王中华, 徐茂琴, 谢利, 等. 宁波沿海陆源排污口拟杆菌 (Bacteroidetes) 分布的特点 [J]. *海洋与湖沼*, 2014, **45**(5): 1030-1036.
- Wang Z H, Xu M Q, Xie L, *et al.* Distribution of Bacteroidetes in Ningbo Coastal sewage outlets [J]. *Oceanologia Et Limnologia Sinica*, 2014, **45**(5): 1030-1036.
- [25] 王琳, 肖娇玲, 窦娜莎. Biostyr 曝气生物滤池的沿程微生物多样性 [J]. *环境工程学报*, 2016, **10**(11): 6283-6289.
- Wang L, Xiao J L, Dou N S. Microorganism characteristics along Biostyr biological aerated filter [J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2016, **10**(11): 6283-6289.
- [26] 张乾. 肠胃病患者冬季用药指南 [J]. *家庭科技*, 2016, (12): 30-31.
- [27] 戴文芳, 郭永豪, 郁维娜, 等. 三门湾近海有机污染对浮游细菌群落的影响 [J]. *环境科学*, 2017, **38**(4): 1414-1422.
- Dai W F, Guo Y H, Yu W N, *et al.* Effects of coastal organic pollution on bacterioplankton community in Sanmen Bay [J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(4): 1414-1422.
- [28] 王祖忠, 王朝阳, 张迪骏, 等. 宁波沿海陆源排污口弓形杆菌属 (*Arobacter* sp.) 和梭菌属 (*Clostridium* sp.) 的分布特点 [J]. *海洋与湖沼*, 2016, **47**(4): 862-868.
- Wang Z Z, Wang Z Y, Zhang D J, *et al.* *Arobacter* and *Clostridium* distribution in sewage outlets along Ningbo Coast [J]. *Oceanologia et Limnologia Sinica*, 2016, **47**(4): 862-868.
- [29] 孔晓, 崔丙健, 金德才, 等. 农村污水膜生物反应器系统中微生物群落解析 [J]. *环境科学*, 2015, **36**(9): 3329-3338.
- Kong X, Cui B J, Jin D C, *et al.* Analysis of microbial community in the membrane bio-reactor (MBR) rural sewage treatment system [J]. *Environmental Science*, 2015, **36**(9): 3329-3338.
- [30] 毕水莲, 孟赫诚. 致病性弓形杆菌属生物学特性及诊断研究进展 [J]. *现代食品科技*, 2013, **29**(1): 211-214.
- Bi S L, Meng H C. Biological characteristics and diagnoses of pathogenic arcobacter species [J]. *Modern Food Science and Technology*, 2013, **29**(1): 211-214.
- [31] Suri A, Mahapatra A K, Kapil A. Acinetobacter infection in neurosurgical intensive care patients [J]. *National Medical Journal of India*, 2000, **13**(6): 296-300.
- [32] 佚名. 近海工业污染威胁海产养殖 [J]. *水产养殖*, 2012, (10): 53-54.

CONTENTS

Characterization and Variation of Organic Carbon (OC) and Elemental Carbon (EC) in PM _{2.5} During the Winter in the Yangtze River Delta Region, China	KANG Hui, ZHU Bin, WANG Hong-lei, <i>et al.</i>	(961)
Important Effect of Secondary Inorganic Salt Extinction on Visibility Impairment in the Northern Suburb of Nanjing	YU Chao, YU Xing-na, ZHAO Tian-liang, <i>et al.</i>	(972)
Day-Night Differences and Source Apportionment of Inorganic Components of PM _{2.5} During Summer-Winter in Changzhou City	LIU Jia-shu, GU Yuan, MA Shuai-shuai, <i>et al.</i>	(980)
Characteristics of Elements in PM _{2.5} and PM ₁₀ in Road Dust Fall During Spring in Tianjin	WANG Shi-bao, JI Ya-qin, LI Shu-li, <i>et al.</i>	(990)
Particle Size Distribution and Human Health Risk Assessment of Heavy Metals in Atmospheric Particles from Beijing and Xixiang During Summer	ZHANG Xin, ZHAO Xiao-man, MENG Xue-jie, <i>et al.</i>	(997)
Ecological and Health Risks of Trace Heavy Metals in Atmospheric PM _{2.5} Collected in Wuxiang Town, Shanxi Province	GUO Zhao-xia, GENG Hong, ZHANG Jin-hong, <i>et al.</i>	(1004)
Characteristics of Particulate and Inorganic Elements of Motor Vehicles Based on a Tunnel Environment	LI Feng-hua, ZHANG Yan-jie, ZHANG Jing, <i>et al.</i>	(1014)
A 2013-based Atmospheric Ammonia Emission Inventory and Its Characteristic of Spatial Distribution in Henan Province	WANG Chen, YIN Sha-sha, YU Shi-jie, <i>et al.</i>	(1023)
Emission Characteristics of Wind Erosion Dust from Topsoil of Urban Roadside-Tree Pool	LI Bei-bei, QIN Jian-ping, QI Li-rong, <i>et al.</i>	(1031)
Particulate Component Emission Characteristic from a Diesel Bus with DOC and CDPF	LOU Di-ming, GENG Xiao-yu, SONG Bo, <i>et al.</i>	(1040)
Water Quality in the Henan Intake Area of the South-to-North Water Diversion Project	HUANG Piao-yi, XU Bin, GUO Dong-liang	(1046)
Spatio-Temporal Patterns and Environmental Risk of Endocrine Disrupting Chemicals in the Liuxi River	FAN Jing-jing, WANG Sai, TANG Jin-peng, <i>et al.</i>	(1053)
Fate and Origin of Major Ions in River Water in the Lhasa River Basin, Tibet	ZHANG Qing-hua, SUN Ping-an, HE Shi-yi, <i>et al.</i>	(1065)
Identification of Nitrate Sources and the Fate of Nitrate in Downstream Areas: A Case Study in the Taizi River Basin	LI Yan-li, YANG Zi-rui, YIN Xi-jie, <i>et al.</i>	(1076)
Sources, Distribution of Main Controlling Factors, and Potential Ecological Risk Assessment for Heavy Metals in the Surface Sediment of Hainan Island North Bay, South China	ZENG Wei-te, YANG Yong-peng, ZHANG Dong-qiang, <i>et al.</i>	(1085)
Characteristics of Heavy Metals Pollution of Farmland and the Leaching Effect of Rainfall in Tianjin	XU Meng-meng, LIU Ai-feng, SHI Rong-guang, <i>et al.</i>	(1095)
Seasonal Difference in Water Quality Between Lake and Inflow/Outflow Rivers of Lake Taihu, China	ZHA Hui-ming, ZHU Meng-yuan, ZHU Guang-wei, <i>et al.</i>	(1102)
Characteristics of Nitrogen Release at the Sediment-Water Interface in the Typical Tributaries of the Three Gorges Reservoir During the Sensitive Period in Spring	LI Xin, SONG Lin-xu, JI Dao-bin, <i>et al.</i>	(1113)
Spatial Distributions of Transferable Nitrogen Forms and Influencing Factors in Sediments from Inflow Rivers in Different Lake Basins	ZHOU Rui, YUAN Xu-yin, Marip Ja Bawk, <i>et al.</i>	(1122)
Effects of Hydrological and Meteorological Conditions on Diatom Proliferation in Reservoirs	SUN Xiang, ZHU Guang-wei, DA Wen-yi, <i>et al.</i>	(1129)
Vertical Distribution of Fungal Community Composition and Water Quality During the Deep Reservoir Thermal Stratification	SHANG Pan-lu, CHEN Sheng-nan, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i>	(1141)
Community Structure and Influencing Factors of Bacterioplankton in Spring in Zhushan Bay, Lake Taihu	XUE Yin-gang, LIU Fei, SUN Meng, <i>et al.</i>	(1151)
Characteristics of Sediment Oxygen Demand in a Drinking Water Reservoir	SU Lu, HUANG Ting-lin, LI Nan, <i>et al.</i>	(1159)
Effects of Wastewater Nitrogen Concentrations and NH ₄ ⁺ /NO ₃ ⁻ on Nitrogen Removal Ability and the Nitrogen Component of <i>Myriophyllum aquaticum</i> (Vell.) Verde	MA Yong-fei, YANG Xiao-zhen, ZHAO Xiao-hu, <i>et al.</i>	(1167)
Effect of Nutrient Loadings on the Regulation of Water Nitrogen and Phosphorus by <i>Vallisneria spiralis</i> and Its Photosynthetic Fluorescence Characteristics	ZHOU Yi-wen, XU Xiao-guang, HAN Rui-ming, <i>et al.</i>	(1180)
Removal of Organic Matter from Water by Chemical Preoxidation Coupled with Biogenic Manganese Oxidation	JIAN Zhi-yu, CHANG Yang-yang, WANG Li-xin, <i>et al.</i>	(1188)
Treating Simulated Dye Wastewater by an <i>In Situ</i> Copper Ferrite Process	HAN Zhi-yong, HAN Kun, HAO Hao-tian, <i>et al.</i>	(1195)
Experiment to Enhance Catalytic Activity of α -FeOOH in Heterogeneous UV-Fenton System by Addition of Oxalate	MIAO Xiao-zeng, DAI Hui-wang, CHEN Jian-xin, <i>et al.</i>	(1202)
Fabrication of a Biomass-Based Hydrous Zirconium Oxide Nanocomposite for Advanced Phosphate Removal	QIU Hui, QIN Zhi-feng, LIU Feng-ling, <i>et al.</i>	(1212)
Characteristic of Nitrate Adsorption in Aqueous Solution by Iron and Manganese Oxide/Biochar Composites	ZHENG Xiao-qing, WEI An-lei, ZHANG Yi-xuan, <i>et al.</i>	(1220)
Preparation of PAAm/HACC Semi-Interpenetrate Network Hydrogel and Its Adsorption Properties for Humic Acid from Aqueous Solution	LIU Ze-jun, ZHOU Shao-qi, MA Fu-zhen	(1233)
Groundwater Arsenic and Silicate Adsorption on TiO ₂ and the Regeneration of TiO ₂	MA Wen-jing, YAN Li, ZHANG Jian-feng	(1241)
Removal Efficiency and Mechanism of Removal by Humic Acid of the Integrated Flocc-ultrafiltration Process	LI Wen-jiang, YU Li-fang, MIAO Rui, <i>et al.</i>	(1248)
Emission Inventory of Greenhouse Gas from Urban Wastewater Treatment Plants and Its Temporal and Spatial Distribution in China	YAN Xu, QIU De-zhi, GUO Dong-li, <i>et al.</i>	(1256)
Start-up and Operation of Biofilter Coupled Nitrification and CANON for the Removal of Iron, Manganese and Ammonia Nitrogen	LI Dong, CAO Rui-hua, YANG Hang, <i>et al.</i>	(1264)
Analysis of CANON Process Start-up with Fiber Carrier	GU Cheng-wei, CHEN Fang-min, LI Xiang, <i>et al.</i>	(1272)
Characteristics of Biofilm During the Transition Process of Complete Nitrification and Partial Nitrification	ZHAO Qing, BIAN Wei, LI Jun, <i>et al.</i>	(1278)
Effect of Intermediate-Setting Aeration on the CANON Granular Sludge Process in the AUSB Reactor	CHENG Shuo, LI Dong, ZHANG Jie, <i>et al.</i>	(1286)
Effect of Organic Carbon Source on Start-up and Operation of the CANON Granular Sludge Process	LI Dong, WANG Yan-ju, LÜ Yu-feng, <i>et al.</i>	(1294)
Start-Up and Regional Characteristics of a Pilot-scale Integrated PN-ANAMMOX Reactor	ZHOU Zheng, WANG Fan, LIN Xing, <i>et al.</i>	(1301)
Effect of NO _x ⁻ -N Recycling Ratio on Denitrifying Phosphorus Removal Efficiency in the ABR-MBR Combined Process	LÜ Liang, YOU Wen, ZHANG Min, <i>et al.</i>	(1309)
Effects of Magnetic Fe ₃ O ₄ Nanoparticles on the Characteristics of Anaerobic Granular Sludge and Its Interior Microbial Community	SU Cheng-yuan, ZHENG Peng, LU Yu-xiang, <i>et al.</i>	(1316)
Characterization Composition of Soluble Microbial Products in an Aerobic Granular Sludge System	YANG Dan, LIU Dong-fang, DU Li-qiong, <i>et al.</i>	(1325)
Influence of Ciprofloxacin on the Microbial Community and Antibiotics Resistance Genes in a Membrane Bioreactor	DAI Qi, LIU Rui, LIANG Yu-ting, <i>et al.</i>	(1333)
Analysis of Low C/N Wastewater Treatment and Structure by the CEM-UF Combined Membrane-Nitrification/Denitrification System	XING Jin-liang, ZHANG Yan, CHEN Chang-ming, <i>et al.</i>	(1342)
Effects of Phosphorus on the Activity and Bacterial Community in Mixotrophic Denitrification Sludge	WANG Pei-qi, ZHOU Wei-li, HE Sheng-bing, <i>et al.</i>	(1350)
Acclimatization and Community Structure Analysis of the Microbial Consortium in Nitrate-Dependent Anaerobic Methane Oxidation	XUE Song, ZHANG Meng-zhu, LI Lin, <i>et al.</i>	(1357)
Diffusion of Microorganism and Main Pathogenic Bacteria During Municipal Treated Wastewater Discharged into Sea	XU Ai-ling, NIU Cheng-jie, SONG Zhi-wen, <i>et al.</i>	(1365)
Oxytetracycline Wastewater Treatment in Microbial Fuel Cells and the Analysis of Microbial Communities	YAN Wei-fu, XIAO Yong, WANG Shu-hua, <i>et al.</i>	(1379)
Spatial and Temporal Variability of Soil C-to-N Ratio of Yugan County and Its Influencing Factors in the Past 30 Years	JIANG Ye-feng, ZHONG Shan, LI Jie, <i>et al.</i>	(1386)
Spatial Heterogeneity of Soil Carbon and its Fractions in the Wolfberry Field of Zhongning County	WANG You-qi, ZHAO Yun-peng, BAI Yi-ru, <i>et al.</i>	(1396)
Response of Soil Enzyme Activities and Their Relationships with Physicochemical Properties to Different Aged Coastal Reclamation Areas, Eastern China	XIE Xue-feng, PU Li-jie, WANG Qi-qi, <i>et al.</i>	(1404)
Distribution, Sources, and Ecological Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs) in Soils of the Central and Eastern Areas of the Qinghai-Tibetan Plateau	ZHOU Wen-wen, LI Jun, HU Jian, <i>et al.</i>	(1413)
Source Apportionment of Heavy Metals in Farmland Soils Around Mining Area Based on UNMIX Model	LU Xin, HU Wen-you, HUANG Biao, <i>et al.</i>	(1421)
Stabilization Effects of Fe-Mn Binary Oxide on Arsenic and Heavy Metal Co-contaminated Soils Under Different pH Conditions	FEI Yang, YAN Xiu-lan, LI Yong-hua	(1430)
Concentration and Distribution of Novel Brominated Flame Retardants in Human Serum from Three Chinese Cities	WANG Qing-hua, YUAN Hao-dong, JIN Jun, <i>et al.</i>	(1438)