

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心
■ 出版 科学出版社



2020

Vol.41 No.5
第41卷 第5期

目次

上海大气 PM _{2.5} 来源解析对比: 基于在线数据运用 3 种受体模型	周敏 (1997)
不同浓度臭氧对单颗粒气溶胶化学组成的影响	吴梦曦, 成春雷, 黄渤, 李梅, 陈多宏 (2006)
二次有机气溶胶壳对氯化钠核吸湿性的影响: 基于单颗粒微观尺度	张淑佳, 徐亮, 郭新梅, 黄道, 李卫军 (2017)
城区与县区不同空气质量下碳组分污染特征对比分析	李欣悦, 张凯山, 邓林俐, 向铎鹏, 武文琪, 殷子渊 (2026)
临沂市 PM _{2.5} 和 PM ₁₀ 中元素分布特征及来源解析	陆平, 赵雪艳, 殷宝辉, 张楠, 王歆华, 余浩, 杨文, 王晓丽 (2036)
西安市秋冬季市区与山区微生物气溶胶组成特征及来源	谢雯文, 路瑞, 慕飞飞, 戚玉珍, 白文艳, 李彦鹏 (2044)
北京市典型餐饮企业大气污染物排放特征	何万清, 王天意, 邵霞, 聂磊, 石爱军 (2050)
基于随机森林模型的中国 PM _{2.5} 浓度影响因素分析	夏晓圣, 陈菁菁, 王佳佳, 程先富 (2057)
大气污染联合治理分区视角下的中国 PM _{2.5} 关联关系时空变异特征分析	杨文涛, 黄慧坤, 魏东升, 赵斌, 彭焕华 (2066)
基于地-空观测数据的粤港澳大湾区大气污染调查及时空演变特征	王耀庭, 梁加成, 郑祚芳, 李青春, 李威, 窦俊 (2075)
龙子祠泉域岩溶地下水水化学特征及成因	唐春雷, 郑秀清, 梁永平 (2087)
三峡水库总磷时空变化特征及滞留效应分析	唐小娅, 童思陈, 黄国鲜, 许光祥, 李丹 (2096)
三峡水库汛后蓄水期典型支流溶解氧与叶绿素 a 垂向分布特征	杨凡, 纪道斌, 王丽婧, 李虹, 李莹杰 (2107)
汉丰湖正式运行年水体营养盐分布特征	付适, 倪九派, 何丙辉, 李天阳, 唐毅, 钱田, 向可翠 (2116)
白洋淀水体富营养化和沉积物污染时空变化特征	刘鑫, 史斌, 孟晶, 周云桥, 可欣, 王铁宇 (2127)
新安江水库悬浮颗粒物时空分布、沉降通量及其营养盐效应	史鹏程, 朱广伟, 杨文斌, 许海, 朱梦圆, 刘明亮, 虞左明, 吴志旭, 郑文婷, 王裕成, 笄文怡, 胡林娜 (2137)
不同水文情景下高邮湖、南四湖和东平湖有色可溶性有机物的生物可利用性特征	张柳青, 石玉, 李元鹏, 郭燕妮, 周蕾, 周永强, 张运林, 杨艳 (2149)
水源水库藻类功能群落演替特征及水质评价	李衍庆, 黄廷林, 张海涵, 温成成, 杨尚业, 林子深, 高欣 (2158)
人工强制混合对金盆水库水体藻类群落结构时空演替的影响	王晨旭, 黄廷林, 李楠, 齐允之, 徐金兰, 司凡, 张晗, 路林超 (2166)
雄安新区-白洋淀冬季冰封期水体好氧反硝化菌群落空间分布特征及驱动因素	周石磊, 孙悦, 岳智丞, 张航, 王周强, 刘世崇, 彭瑞哲, 苑世超, 李再兴, 崔建升 (2177)
分层型水库水体好氧不产氧光合细菌时空演替特征	张海涵, 王燕, 黄廷林, 王晨旭, 路林超, 司凡, 李楠, 刘凯文, 闫苗苗, 苗雨甜 (2188)
大型通江湖泊有色可溶性有机物对不同水文情景的响应	郭燕妮, 李元鹏, 石玉, 张柳青, 周蕾, 周永强, 张运林, 韩龙飞 (2198)
秦岭北麓河流夏季有色溶解有机物分布特征及影响因素	林子深, 黄廷林, 杨尚业, 温成成, 李衍庆, 周石磊, 宋选社 (2210)
长江下游流水体中多环芳烃的分布及生态风险评估	贾天琪, 雷荣荣, 武小琳, 倪涛涛, 孙树睿, 郭伟, 刘文彬 (2221)
太湖水体中 NSAIDs 的时空分布规律和生态风险评价	廉杰, 李祎飞, 王晓喧, 叶彬, 邹华, 史红星 (2229)
8 种典型 PhACs 在水中的赋存、生态风险及其对大型溞的影响	徐鑫磊, 刘建超, 陆光华 (2239)
我国南方桉树人工林区水库沉积物污染物的分布特征及迁移规律	朱雅, 李一平, 罗凡, 李荣辉, 黄列, 程一鑫, 蒋裕丰 (2247)
基于连续监测的城市内河返黑返臭机制初探: 以南宁市二坑溪为例	李永新, 王威, 何妹, 申泰铭 (2257)
城郊流域源汇景观格局与水体抗生菌的关系	李敏, 唐剑峰, 陈利顶, 赵方凯, 冯青郁, 杨磊 (2264)
城市雨水径流中溶解性有机物的分子化学多样性	聂云汉, 陈浩, 李磊, 朱奔, 赵昕, 贾其隆, 徐慧婷, 叶建锋 (2272)
方解石/氯磷灰石混合物添加对水体内源磷迁移转化的调控效应和机制	柏晓云, 林建伟, 詹艳慧, 常明玥, 吴俊麟, 辛慧敏, 黄良君 (2281)
不同环境条件下铁矿物和针铁矿纳米颗粒稳定性	王智巧, 马杰, 陈雅丽, 翁莉萍, 顾亚陶, 李永涛 (2292)
向日葵秸秆生物炭强化 Fe(III)/S ₂ O ₈ ²⁻ 体系降解苯甲酸	孙鹏, 张凯凯, 张玉, 张延荣 (2301)
非活化单过硫酸盐降解柳氮磺胺吡啶: 动力学及机制	丁曦, 张学维, 周润生, 宋哲, 严佳颖, 周磊, 修光利 (2310)
贵州某规模化养猪场废水中抗生素的污染特征及去除效果	杨钊, 李江, 向福亮, 李彦澄, 马凯, 谢锋 (2320)
新型填料 A/O 生物滤池处理低碳氮比农村污水脱氮	赵远哲, 杨永哲, 王海燕, 储昭升, 常洋, 董伟羊, 闫国凯, 王欢, 李丛宇 (2329)
贫营养好氧反硝化菌株的脱氮特性及氮/碳平衡分析	文刚, 王彤, 黄廷林, 万琪琪, 曹瑞华, 寇莉青, 杨尚业 (2339)
连续流 SNAD 工艺处理猪场沼液启动过程中微生物种群演变及脱氮性能	秦嘉伟, 信欣, 鲁航, 张萍萍, 王露蓉, 邹长武, 郭俊元 (2349)
不同培养条件厌氧氨氧化颗粒污泥性质及微生物群落结构差异	姜澄, 郭萌蕾, 谢军祥, 常尧彬, 谢嘉玮, 陈重军, 沈耀良 (2358)
反硝化除磷耦合部分亚硝化-厌氧氨氧化一体式工艺的启动	陈亚, 印雯, 张星星, 张钰, 宋吟玲, 吴鹏, 徐乐中 (2367)
土壤环境承载力评价体系构建与应用	李笑诺, 丁寿康, 陈卫平, 王夏晖, 吕斯丹, 刘睿 (2373)
磁性生物炭的合成及对土壤重金属污染的钝化效果	王俊楠, 程珊珊, 展文豪, 任强, 马晓宇, 王洋洋 (2381)
还原增溶强化 EGTA 淋洗修复重金属污染土壤	张金永, 朱玉婷, 王明新, 韩堂, 葛嘉琦 (2390)
不同价态铬和土壤理化性质对大麦根系毒性阈值的影响	付平南, 贡晓飞, 罗丽韵, 王琪, 李花粉 (2398)
生物炭施用对紫色土旱坡地土壤氮流失形态及通量的影响	王舒, 王子芳, 龙翼, 严冬春, 慈恩, 徐国鑫, 李妍, 高明 (2406)
长期撂荒恢复土壤团聚体组成与有机碳分布关系	王兴, 钟泽坤, 张欣怡, 吴少君, 卢绪巧, 杨改河, 任成杰, 韩新辉 (2416)
施用生物炭对壤土土壤微生物代谢养分限制和碳利用效率的影响	王强, 耿增超, 许晨阳, 郭靖宇, 李倩倩, 刘莉丽, 赵汉红, 杜旭光 (2425)
间种高粱及施用大颗粒尿素对茶园 N ₂ O 排放的影响	张珂彬, 刘新亮, 康曼, 王毅, 沈健林, 李勇 (2434)
缙云山森林植被类型对土壤 N ₂ O 相关功能微生物的影响	王盛燕, 王富华, 罗东海, 吕盛, 王子芳, 高明 (2445)
咸水滴灌对棉田土壤 N ₂ O 排放和反硝化细菌群落结构的影响	郭慧楠, 马丽娟, 黄志杰, 李美琪, 侯振安, 阎伟 (2455)
有机质提升对酸性红壤氮循环功能基因及功能微生物的影响	储成, 吴赵越, 黄欠如, 韩成, 钟文辉 (2468)
模拟酸雨对毛竹阔叶林过渡带土壤真菌结构及其多样性的影响	王楠, 潘小承, 王传宽, 白尚斌 (2476)
海洋沉积物中细菌 DNA 和 RNA 水平群落差异	李明月, 杨雨虹, 米铁柱, 贺惠, 甄毓 (2485)
2003 ~ 2013 年中国湿地变化的空间格局与关联性	周婷, 马蛟蛟, 徐颂军 (2496)

雄安新区-白洋淀冬季冰封期水体好氧反硝化菌群落空间分布特征及驱动因素

周石磊, 孙悦, 岳胥丞, 张航, 王周强, 刘世崇, 彭瑞哲, 苑世超, 李再兴, 崔建升

(河北科技大学环境科学与工程学院, 河北省污染防治生物技术实验室, 石家庄 050018)

摘要: 为了定向精准地完成适于白洋淀低温期水体水质的好氧反硝化菌的筛选和分离, 本文结合水质调查和好氧反硝化功能基因(*napA*)高通量测序技术, 进行了水体水质、微生物群落 α 多样性、 β 多样性分析以及微生物网络分析。结果表明, 该时期白洋淀不同采样点的水体水质存在显著差异, 入淀河口区的氮素最高; 各采样点 α 多样性存在显著差异 ($P < 0.05$), 藻荇淀(ZZD)和瀑河(BH)的菌群丰富度和多样性最低; 与此同时, 该时期水体的 OTU 主要属于变形菌门(Proteobacteria)中的 α -Proteobacteria 纲、 β -Proteobacteria 纲和 γ -Proteobacteria 纲; 韦恩图分析(Venn)表明各采样点水体好氧反硝化菌群组成存在明显差异; 膨胀因子分析(VIF)和 RDA 分析显示, 温度、溶解氧、氨氮、硝氮、溶解性总磷以及氧化还原电位是影响菌群组成的主要环境因子; 网络分析表明, 该时期微生物网络中物种间以共生关系为主; Mantel test 分析得出温度、氧化还原电位、硝氮、氨氮、溶解性总磷以及铁锰是影响模块群落结构演变的关键环境因子。综上可知, 基于好氧反硝化功能基因(*napA*)进行高通量测序来研究白洋淀冬季冰封期水体好氧反硝化菌群落特征和环境驱动因素可行, 为实现适于该时期水体水质的好氧反硝化菌“定向-精准-高效”的筛选提供技术支撑。

关键词: 白洋淀; 好氧反硝化; 好氧反硝化功能基因(*napA*); 生物信息分析; 网络分析

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2020)05-2177-11 DOI: 10.13227/j.hjks.201910195

Spatial Distribution Characteristics and Driving Factors of Aerobic Denitrification Bacterial Community Structure from Baiyangdian Lake in Xiong'an New Area During the Winter Freezing Period

ZHOU Shi-lei, SUN Yue, YUE Ge-cheng, ZHANG Hang, WANG Zhou-qiang, LIU Shi-chong, PENG Rui-zhe, YUAN Shi-chao, LI Zai-xing, CUI Jian-sheng

(Pollution Prevention Biotechnology Laboratory of Hebei Province, School of Environmental Science and Engineering, Hebei University of Science and Technology, Shijiazhuang 050018, China)

Abstract: To isolate the aerobic denitrification bacteria suitable for water quality in the low-temperature period of Baiyangdian Lake, a water quality investigation and bioinformatics analysis of the aerobic denitrification bacterial community were carried out using a MiSeq high-throughput sequencing technique based on *napA*. Moreover, α -diversity, β -diversity, and network analyses were also carried out. The results showed significant differences in the water quality of different sampling sites in Baiyangdian Lake, and the estuary area exhibited the highest nitrogen concentration. α -diversity exhibited significant differences ($P < 0.05$), and the abundance and diversity of ZZD and BH were the lowest. The operational taxonomic units of the water body mainly belonged to Proteobacteria (α -Proteobacteria, β -Proteobacteria, and γ -Proteobacteria). Meanwhile, Venn diagram analysis indicated the community of aerobic denitrification bacteria exhibited significant differences, and variance inflation factor and redundancy analysis showed that temperature, dissolved oxygen, ammonia, nitrate, dissolved total phosphorus, and redox potential were the main environmental factors. Network analysis showed that symbiotic relationships accounted for a major proportion of the microbial network. Mantel test analysis shows that temperature, redox potential, nitrate, ammonia, dissolved total phosphorus, and iron and manganese are the key factors affecting the evolution of modular community structure. From all the results, the MiSeq high-throughput sequencing technique based on the *napA* gene was an effective tool to explore the changes of aerobic denitrification bacterial community structure, which could supply a reference to isolate the “directional-accurate-efficient” aerobic denitrification bacterial agent in the future.

Key words: Baiyangdian Lake; aerobic denitrification; *napA*; bioinformatics analysis; network analysis

20 世纪 80 年代, Robertson 等^[1]首次从废水脱硫和反硝化系统中分离出 1 株好氧反硝化菌(*Thiosphaera pantotropha*)。相比于传统生物脱氮, 好氧反硝化具有如下优势^[2]: ① 可在同一反应系统中实现硝化与反硝化过程, 降低生物脱氮的操作难度, 大大降低投资和运行成本; ② 硝化反应的产物可以直接作为反硝化反应的底物, 避免硝酸态氮的

积累对硝化反应过程的抑制, 加速脱氮的进程; ③ 反硝化反应产生的碱可以部分中和硝化过程产

收稿日期: 2019-10-26; 修订日期: 2019-12-13

基金项目: 国家自然科学基金项目(51909056); 河北科技大学引进人才科研启动基金项目(1181278); 河北省研究生创新项目(CXZZSS2018084)

作者简介: 周石磊(1987~), 男, 博士, 讲师, 主要研究方向为好氧反硝化菌脱氮机制与调控机制, E-mail: ZSLZhouShilei@126.com

生的酸,能够使整个系统的 pH 值相对稳定. 鉴于好氧反硝化菌的独特优势,近年来研究者从土壤生态系统^[3]、活性污泥系统^[4]、污水处理厂^[5,6]、湖泊^[7,8]以及水库^[2,9]等系统,分离了大量高效的好氧反硝化菌,并在污水^[6]、养殖废水^[10]和河道底泥修复^[11,12]等方面的研究越来越多.

由于天然水体独特的水质特征,目前针对天然水体应用好氧反硝化菌进行生物修复的应用鲜有报道. 随着在自然界环境中好氧反硝化现象的发现^[13,14],使天然水体在好氧条件下实现氮素削减提供了新的可能. 比如, Liu 等^[15]通过藻-菌生物膜法对改善富营养化水体水质进行了研究; Wen 等^[16]研究了不同分子量的天然有机物和藻类有机物对好氧反硝化菌株脱氮特性的影响规律和作用机制; Zhou 等^[17,18]利用扬水曝气技术对周村水库土著异养硝化-好氧反硝化菌进行原位强化,实现了水体氮素的高效去除. 然而,目前关于好氧反硝化菌的研究主要集中于高效菌株的分离以及在配水环境的脱氮特性研究,关于自然环境中好氧反硝化菌的分布特征以及影响因素的研究鲜见报道. 由于自然环境下好氧反硝化菌群的分布特征以及环境驱动机制,直接影响高效好氧反硝化菌的定向筛选以及高效菌的环境适应机制的研究,因此,基于 *napA* 功能基因进行生物标记物,开展天然环境中好氧反硝化菌群的分布特征以及影响因素的研究变得十分必要.

白洋淀作为华北地区最大的淡水湖泊,随着雄安新区的设立,被定义为“新三湖”,其生态系统健康与否直接关乎新区的建设. 历史上,白洋淀的水体环境一直受到上游外源输入和淀区生活、养殖以及旅游的综合影响,造成淀区水体水质恶化和污染严重. 2016~2018 年夏秋季河北省监测白洋淀淀区及入淀河流水质为劣 V 类,重度污染,特别是营养盐超标导致富营养化程度加剧. 白洋淀水体氮素和高锰酸盐指数超标严重,且氮素主要为氨氮和硝酸盐氮. 保持白洋淀水体生态系统的健康,首先要恢复水体的自然复氧功能,使水体呈现好氧状态. 因此,如何在好氧环境下实现“定向-精准-高效”的氮素削减是白洋淀水体自我修复功能恢复的关键. 白洋淀存在冬季冰封期,为了分离适应低温的高效好氧反硝化菌进行水体氮素削减;本文在该时期选取白洋淀典型区域(入淀河口区、自然区、旅游区、养殖区以及生活区)的水体样品,通过好氧反硝化菌功能基因(*napA*)的高通量测序来研究该时期水体好氧反硝化菌群分布特征;并结合网络分析等手段研究该时期好氧反硝化菌群分布的环境驱动因素,以期将来制定适应白洋淀不同典型区域水体特征的低温好氧

反硝化菌的高效定向筛选策略提供必要的技术支持.

1 材料与方法

1.1 研究区域与样品采集

结合前期研究^[19]和现场调研,白洋淀划分为 5 个典型区域,分别为入淀河口区、自然区、旅游区、养殖区以及生活区. 本文选取瀑河和府河两个采样点代表入淀河口区、藻荃淀采样点代表自然区、文化苑采样点代表旅游区、端村采样点代表养殖区以及捞王淀和北田庄采样点代表生活区,于 2019 年 1 月采集水样分析水体好氧反硝化菌群特征以及环境驱动因素,具体采样点如图 1 所示. 应用水质多功能测定仪 DS5 现场测定各采样点水体的温度(T)、溶解氧(DO)、pH、氧化还原电位(ORP)、电导率(EC)、叶绿素(Chl-a);水样中硝氮(nitrate, NO_3^-)、氨氮(ammonia, NH_4^+)、溶解性总氮(dissolved total nitrogen, TDN)、总氮(total nitrogen, TN)、总磷(total phosphorus, TDP)、高锰酸盐指数、总铁(Fe)和总锰(Mn)依据文献^[20]测定.

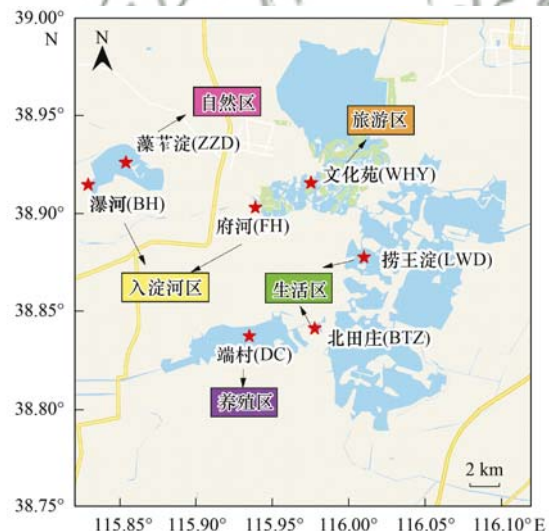


图 1 白洋淀冰封期采样点示意

Fig. 1 Distribution of the sampling sites in Baiyangdian Lake

1.2 DNA 提取与 PCR 扩增

各个采样点用 0.22 μm 的醋酸纤维滤膜过滤 2 L 水体样品,收集水体微生物,并通过 E. Z. N. A.® Water DNA Kit(OMEGA, 美国)提取滤膜上的总 DNA,用 NanoDrop ND 2000(NanoDrop Technologies, 美国)测定 DNA 的浓度,将提取的 DNA 样品置于 -80°C 保存,以备高通量测序. 前期研究表明,可以以 *napA* 功能基因为生物标记物来研究其群落特征^[21]. 因此,本文利用提取的水体总 DNA 样本利用引物 V66F: 5'-TAYTTYTTHSNAARATHATGTAYGG-3'和 V67R: 5'-DATNGGRTGCAT

YTCNGCCATRTT-3')^[22,23]对水体的 *napA* 基因进行 PCR 扩增,进而分析好氧反硝化菌微生物群落分布特征(上海美吉生物科技有限公司利用 MiSeq 进行高通量测序). 20 μL PCR 反应体系^[23]为: 5 × FastPfu Buffer 4 μL, 2.5 mmol·L⁻¹ dNTPs 2 μL, Forward Primer (5 μmol·L⁻¹) 0.8 μL, Reverse Primer (5 μmol·L⁻¹) 0.8 μL, FastPfu Polymerase 0.4 μL, BSA 0.2 μL, Template DNA 10 ng, ddH₂O 11.8 mL. 反应程序^[23]为: 预变性温度 95℃ 3.0 min; 95℃ 变性 30 s, 55℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 45 s, 循环 40 次; 72℃ 保温 10 min.

1.3 微生物生信分析

利用 R 语言分析微生物群落的 α 多样性以及 β 多样性分析 (<http://www.r-project.org/>). 具体包括:基于 R 语言的 *vegan* 包计算 Chao1 指数、ACE 指数和 Richness 指数来评估菌群丰度^[24], 采用香农指数(Shannon 指数)、辛普森指数(Simpson 指数)和 Pielou 指数来表征菌群的多样性^[25], 用覆盖率指数(coverage)来表征测序深度^[26];基于 R 语言的 *vegan* 包完成 Venn 图分析,来研究不同采样点好氧反硝化菌微生物群落的差异. 基于方差膨胀因子(variance inflation factor, VIF)分析筛选影响因素^[27],并通过冗余分析(redundancy analysis, RDA)得到环境因子与微生物群落之间的相关性^[28];采用 Mantel test 分析来探讨环境因子对微生物群落的影响程度^[29].

1.4 网络分析

通过 MENA 分析和 R 分析进行微生物网络的构建,利用 Gephi 软件进行微生物群落的网络可视化^[30],并依据“度(degree) > 5”以及“中介中心值(betweenness centrality value) < 1000”的准则来筛选节点作为关键物种^[31],并基于 Mantel test 分析以及

斯皮尔曼相关性分析探讨环境因子对网络模块的影响^[32,33]. 网络分析中对网络中节点进行如下分类^[34]:模块核心($Z_i \geq 2.5, P_i \leq 0.62$),网络核心($Z_i \geq 2.5, P_i > 0.62$),外围节点(普通节点)($Z_i < 2.5, P_i \leq 0.62$),连接点($Z_i < 2.5, P_i > 0.62$). 有研究表明^[35,36],除普通节点外均为网络中的关键节点,关键节点在模块内、模块间、全网络与其他节点的连接中发挥重要作用.

1.5 数据分析方法

本文中绘图所需的软件由 R 和 Origin 完成,数据统计分析由 SPSS 23 完成. 其中 *P* 值 < 0.05 表示存在显著差异, 0.001 < *P* 值 < 0.01 表示存在极显著差异, *P* 值 < 0.001 表示存在极其显著差异.

2 结果与讨论

2.1 水体水质分析

该时期各个采样点水体的环境因子和水质如表 1 和图 2 所示,其中表 1 为各采样点的温度、溶解氧、pH、氧化还原电位、电导率、铁和锰的变化情况;图 2 为水体氮磷以及有机物的变化情况. 该时期各个采样点的水体温度变化范围为 1.69 ~ 5.86℃,不同样点间存在差异,与该区域的水深以及入淀河流有关;溶解氧变化范围为 0.78 ~ 9.96 mg·L⁻¹,特别是捞王淀、北田庄以及府河采样点的溶解氧较低,可能与该地区冰封阻止水体大气复氧和沉积物的高耗氧有关;pH 变化范围不大维持在 9.65 ~ 9.98,偏碱性;氧化还原电位维持在 115 ~ 366 mV;府河采样点的电导率最高,为 10 198 μS·cm⁻¹;自然区的藻荇淀采样点总铁含量最高为 0.092 mg·L⁻¹,生活区的北田庄采样点总铁含量最低为 0.027 mg·L⁻¹;入淀河口区的瀑河采样点总锰含量最高为 0.072 mg·L⁻¹,生活区的北田庄采样点总铁含量最低为 0.032 mg·L⁻¹.

表 1 白洋淀冬季冰封期采样点的环境参数

Table 1 Environmental parameters at the sampling sites in Baiyangdian Lake

区域	样本	<i>T</i> /℃	DO/mg·L ⁻¹	pH	ORP/mV	EC/μS·cm ⁻¹	Fe/mg·L ⁻¹	Mn/mg·L ⁻¹
入淀河口区	府河	1.69	2.18	9.98	337	10 198	0.082	0.057
	瀑河	4.05	9.43	9.75	360	4 762	0.067	0.072
自然区	藻荇淀	3.67	9.31	9.95	319	3 602	0.092	0.057
旅游区	文化苑	3.90	9.96	9.82	366	9 049	0.047	0.047
养殖区	端村	3.70	7.66	9.65	288	6 450	0.082	0.037
生活区	捞王淀	5.86	0.78	9.72	347	7 024	0.042	0.052
	北田庄	4.60	3.05	9.78	115	6 598	0.027	0.032

入淀河口区的瀑河和府河采样点的硝氮浓度最高,达到 4.97 mg·L⁻¹和 5.76 mg·L⁻¹,生活区的捞王淀和北田庄采样点的硝氮浓度最低,为 0.70 mg·L⁻¹和 0.46 mg·L⁻¹;表明入淀河流是该时期硝

氮的主要来源,同时治理外源输入也是重中之重. 府河采样点的氨氮浓度最高,达到 0.45 mg·L⁻¹,与府河包含保定市生活污水有关. 总氮的变化情况和硝氮一致,入淀河口区的瀑河和府河采样点的浓度

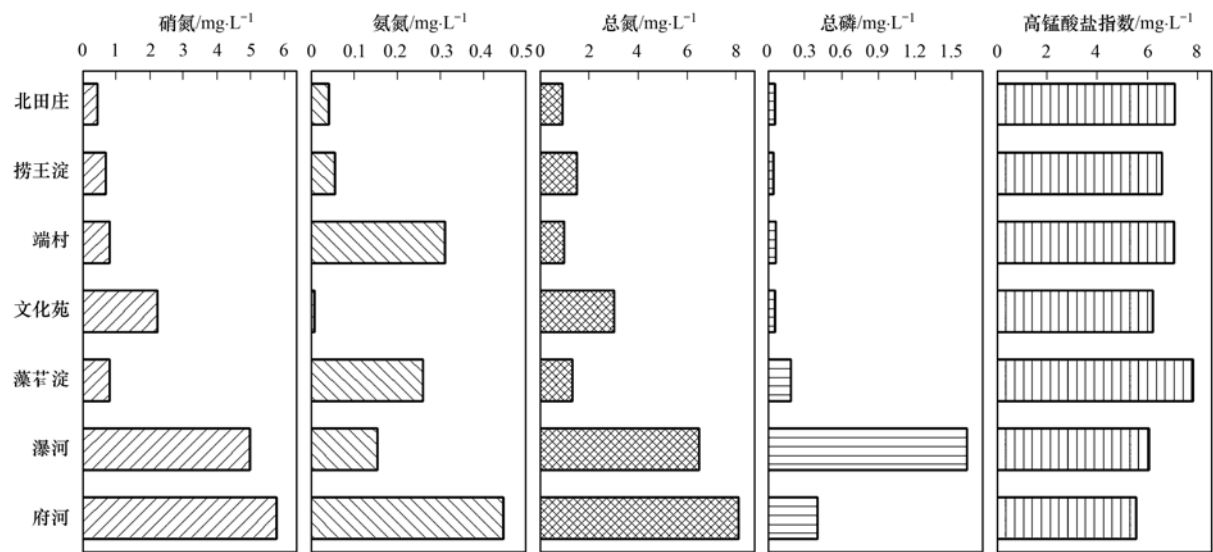


图 2 白洋淀冬季冰封期采样点水质的变化特征

Fig. 2 Changes in water quality of sampling sites in Baiyangdian Lake

最高,达到 $6.52\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 和 $8.13\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 远高于地表水环境质量标准 V 类水总氮的限制 ($2\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$). 总磷也是入淀河口区采样点最高, 达到 $1.62\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 和 $0.41\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 远高于地表水环境质量标准 V 类水总氮的限制 ($0.2\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$). 该时期高锰酸盐指数变化范围为 $5.56\sim7.82\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 除府河外其他采样点均高于地表水环境质量标准 III 类水限制 ($6.0\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$). 综上分析, 不同区域采样点的环境参数和水质指标存在较大差异, 基于该环境的好氧反硝化菌群是否存在差异需要进一步研究.

2.2 微生物 α 多样性分析

如表 2 所示, ACE 和 Chao1 指数反映微生物群落的丰富度, 对于 ACE 指数而言: 自然区的藻荇淀以及自然区的入淀河流瀑河采样点最小, 为 106.54 和 136.03; 其他采样点的 ACE 指数较高为 300.11 ~ 363.27, 旅游区的文化苑最高. Chao1 指数与 ACE

指数的变化特征相一致 ($R = 1.000, P < 0.001$), 也是藻荇淀最小, 文化苑最高. Richness 指数也是用来评估样本中被检查到的 OTU 量, 本研究中 Richness 指数呈现自然区的藻荇淀以及自然区的入淀河流瀑河采样点最小的特征. 各个采样点间覆盖率指数维持在 $0.9958\sim0.9991$ 之间, 表明测序深度能够很好地覆盖物种信息. 各个采样点的 Shannon、Simpson 以及 Pielou 指数中, 生活区捞王淀和北田庄采样点、养殖区端村采样点以及旅游区的文化苑采样点最高, 明显高于自然区和入淀河口区的采样点; 最高的为生活区北田庄采样点, Shannon、Simpson 以及 Pielou 指数达到 5.63、0.95 和 0.69; 最低的为瀑河采样点, Shannon、Simpson 以及 Pielou 指数达到 0.53、0.10 和 0.08. 综上, 无论是在菌群丰富度还是菌群多样性, 白洋淀冬季冰封期不同采样点间好氧反硝化菌群 α 多样性存在差异.

表 2 白洋淀冬季冰封期好氧反硝化菌群生物多样性指数

Table 2 Microbial community diversity of aerobic denitrification bacteria in Baiyangdian Lake

区域	样本	ACE 指数	Chao1 指数	Richness 指数	覆盖率指数	Shannon 指数	Simpson 指数	Pielou 指数
入淀河口区	府河	328.64	325.00	268	0.9958	1.70	0.35	0.21
	瀑河	136.03	135.53	106	0.9983	0.53	0.10	0.08
自然区	藻荇淀	106.54	105.75	87	0.9982	0.57	0.11	0.09
旅游区	文化苑	363.27	383.32	330	0.9961	3.95	0.73	0.47
养殖区	端村	300.86	299.24	272	0.9973	4.79	0.90	0.59
生活区	捞王淀	320.73	317.97	310	0.9991	5.13	0.91	0.62
	北田庄	300.11	299.00	286	0.9989	5.63	0.95	0.69

2.3 细菌群落组成及 β 多样性分析

将异养硝化-好氧反硝化菌富集驯化过程中的样本进行数据库比对, 同时分析在各个水平上的菌群结构. 结果显示属于 5 个门类 78 个属, 13 983 ~

23 980 个 OTU, 具体结果如图 3 所示. 该时期各个采样点的好氧反硝化菌群主要属于 3 个门类 (图 3), 分别是变形菌门 (Proteobacterice)、未分类 (unclassified_Bacteria) 和其他少数细菌门类, 其中

变形菌门为第一大门类,占比为 72.77%~99.41%;未分类菌在文化苑、端村以及北田庄采样点占比较高,达到 22.54%~27.12%。有研究表明在氮素的微生物代谢过程中变形菌门一直扮演重要的角色^[37]。在纲水平上, α -Proteobacteria 是最大的纲,其中在入淀河口区和自然区采样点中占比高达 81.37%~97.31%,在氮磷的代谢过程中发挥重要作用^[38];而 β -Proteobacteria 为第二大纲,在旅游区、养殖区以及生活区占比为 17.42%~54.40%,并且因发现其大多具有脱氮特征^[39],广泛存在于各种污废水的处理系统中^[40]。 γ -Proteobacteria 为第三大纲,在养殖区以及生活区占比为 10.08%~33.92%,并且被发现含盐废水反硝化过程中发挥关键作用^[41]。综上,在纲水平上各个采样点的差异性逐渐显现,不同样点间好氧反硝化菌群存在差异。

在属水平上,*Leisingera* 是第一属,占比范围为 13.49%~97.04%,入淀河口区和自然区最多(80.61%~97.04%),而且研究表明 *Leisingera daeponensis* DSM23529 具有 *napA* 基因,能够进行反硝化脱氮^[42]; *Thauera* 和 *Azoarcus* 在捞王淀占比最大,达到 26.71%和 1.53%,能够利用芳烃作为碳源进行反硝化^[21,43]; *Shewanella* 在端村和北田庄占比最大,达到 23.60%和 8.13%,研究中发现

Shewanella baltica OS678 具有好氧反硝化特性^[44],并且许多模式菌株包括 *Shewanella algae*、*Shewanella putrefaciens* 200 以及 *Shewanella violacea* DSS12 具有 *napA* 基因;*Aeromonas* 在端村、捞王淀以及北田庄采样点的丰度较高,占比为 4.43%~11.64%,能够利用各种碳水化合物为碳源进行反硝化脱氮^[45],在水库中被发现为主要的好氧反硝化菌^[23],而且研究发现 *Aeromonas* sp. VNT 是一个典型的耐低温高效异养硝化-好氧反硝化菌^[46]; *Leptothrix*_Burkholderiales 菌在北田庄采样点的占比最高为 9.11%; *Bordetella* 菌端村、捞王淀以及北田庄采样点的丰度较高,占比为 3.50%~6.29%; *Paraburkholderia* 菌在捞王淀中最高,为 4.51%; *Pseudomonas* 菌在旅游区和生活区采样点的占比较大,达到 1.36%~2.58%,作为典型好氧反硝化菌广泛分布于污废水系统^[6,47]和自然环境^[48],同时研究发现 *Pseudomonas* sp. VNT 是一个具有耐低温特性的好氧反硝化菌^[46]; *Janthinobacterium* 菌在端村和北田庄采样点的丰度最大,达到 1.90%~2.43%,与此同时,研究者从松花江分离了一株耐低温的异养硝化-好氧反硝化菌 *Janthinobacterium* sp. M-11,能够在 2℃ 下实现硝氮 89% 的去除^[49]。综合分析,白洋淀冬季冰封期自然区的藻荇淀及其入淀河流瀑河群落组成较相似,其他各

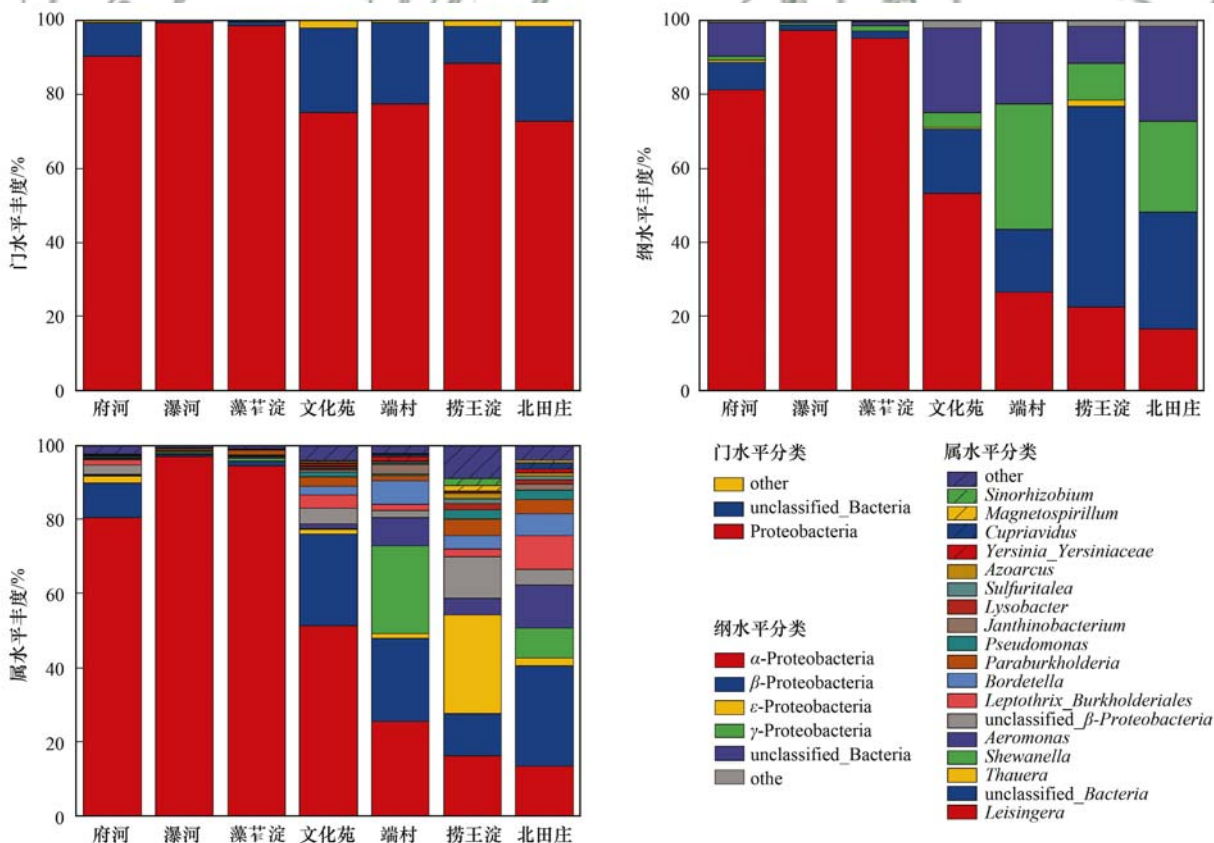


图3 白洋淀冬季冰封期好氧反硝化菌群组成分析

Fig. 3 Community composition of aerobic denitrification bacteria in Baiyangdian Lake

采样点间水体好氧反硝化菌群呈现显著差异。

与此同时,本文通过 RDA 分析以及韦恩图分析来研究冬季冰封期不同区域采样点水体好氧反硝化菌群的差异。RDA 分析结果显示 RDA1 和 RDA2 共同解释了总体变化的 73.66%,其中 RDA1 为 46.90%是决定菌群分布的主要因素;硝氮、氧化还原电位、氨氮、溶解氧以及溶解性总磷与 RDA1 的相关性为 $-0.53 \sim -1.00$,对采样点藻荇淀、瀑河、府河以及文化苑的排序影响大;温度与 RDA1 的相关性为 0.88,对采样点捞王淀、北田庄以及端村的排序影响大[图 4(a)]。韦恩图分析显示 7 个采样点间的 OTU 种类存

在显著差异,共有的 OTU 种类为 13 个,府河、瀑河、藻荇淀、文化苑、端村、捞王淀以及北田庄独有的 OTU 种类为 98 个、19 个、11 个、98 个、56 个、92 个以及 82 个;入淀河口区瀑河与府河共有的 OTU 种类为 54 个,瀑河与藻荇淀共有的 OTU 种类为 38 个,生活区捞王淀与北田庄共有的 OTU 种类为 129 个;其中瀑河与藻荇淀存在不少的共有 OTU 种类,与都位于同一区域有关;文化苑具有最高的 OTU 种类(330 个),自然区的藻荇淀具有最低的 OTU 种类(88 个)。显而易见,该时期不同区域采样点的好氧反硝化菌群存在显著差异[图 4(b)]。

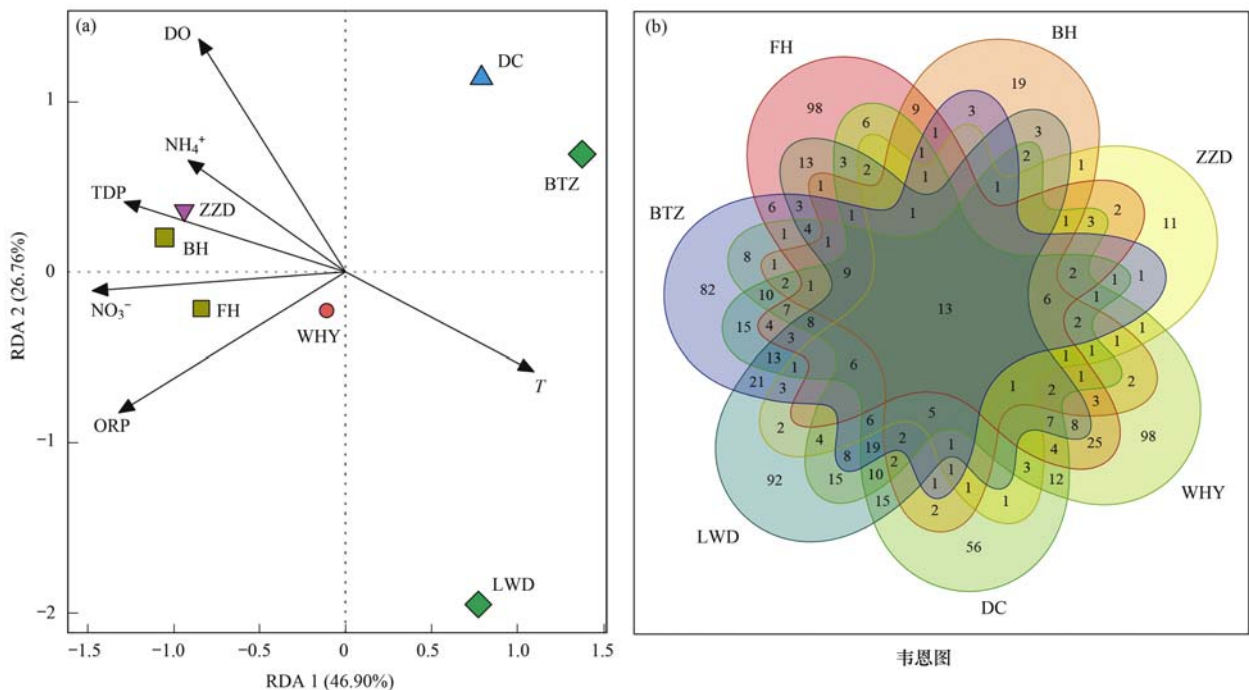


图 4 白洋淀冬季冰封期水体好氧反硝化菌群差异分析

Fig. 4 Bacterial community difference in aerobic denitrification bacteria in Baiyangdian Lake

2.4 微生物网络分析

基于丰度前 100 的 OTU,利用 R 完成物种间的相关性分析,选取物种(OTU 水平)间的斯皮尔曼相关性 $|r| > 0.8$,显著性 $P < 0.05$ 的物种,利用 Gephi 软件来构建白洋淀冬季冰封期水体好氧反硝化菌的微生物网络(图 5)。图 5 中节点大小与网络节点的度成比例,节点间边的颜色显示物种间的相关关系:红色为正向关系、绿色为负向关系,边的宽度与相关系数 $|r|$ 成比例。有研究发现^[36]:网络中的正负相关可以用于推断微生物之间的相互关系,正相关代表着生态位一致或共生关系,负相关代表着竞争或捕食关系。

微生物 OTU-OTU 网络结果表明:网络分析共得到 98 个节点 579 条边,正向边占比为 92.92%,负向相关的边所占比例为 7.08%,表明该时期水体好氧反硝化菌群物种间合作关系大于竞争关系[图 5

(a)];网络的平均度为 11.82、网络直径为 7、图密度为 0.122、平均加权度为 12.19、平均聚类系数为 0.65,模块性为 $0.48 > 0.4$ 、表明网络具有模块结构^[50];划分成 8 个模块,模块 0 占比 10.20%,模块 1 占比 24.49%,模块 2 占比 10.20%,模块 3 占比 6.12%,模块 4 占比 14.29%,模块 5 占比 16.33%,模块 6 占比 13.27%,模块 7 占比 5.10%。有节点的物种分类[图 5(b)],该网络分为 5 个模块,其中 Unclassified _ Bacteria 占比为 34.69%、 β -Proteobacteria 占比为 28.57%、 γ -Proteobacteria 占比为 25.51%、 α -Proteobacteria 占比为 10.20%、 ε -Proteobacteria 占比为 1.03%; β -Proteobacteria 和 γ -Proteobacteria 为主要的物种类别;结合模块分析,模块 1 中主要为未分类菌、 β -Proteobacteria 和 γ -Proteobacteria,模块 5 主要为 β -Proteobacteria 和 γ -Proteobacteria。与此同时,网络分析共得到 67 个关键

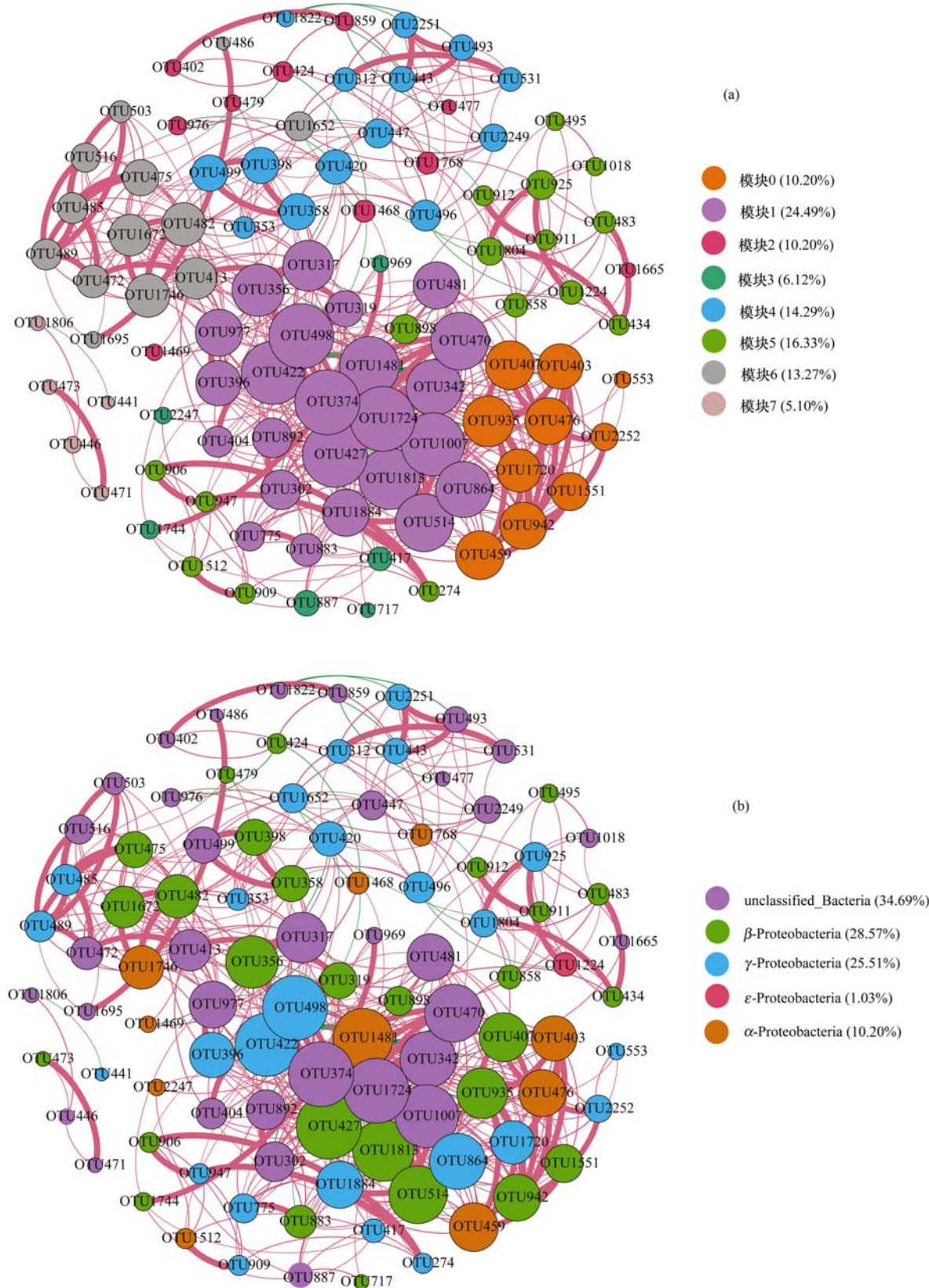


图5 白洋淀冬季冰封期水体好氧反硝化菌群微生物网络

Fig. 5 Network of aerobic denitrification bacteria in Baiyangdian Lake

物种 OTU, 隶属于 α -Proteobacteria 的占比为 10.45%、 β -Proteobacteria 的占比为 26.87%、 γ -Proteobacteria 的占比为 29.85% 以及 Unclassified_Bacteria 的占比为 29.85%, 隶属于模块 0 占比

13.43%、模块 1 占比 35.82%、模块 2 占比 2.99%、模块 3 占比 2.99%、模块 4 占比 19.40%、模块 5 占比 8.96%、模块 6 占比 16.70%, 主要为 *Aeromonas*、*Azospira*、*Bordetella*、*Pseudomonas*、*Janthinobacterium*、

Leisingera、*Shewanella*、*Sulfuritalea*、*Thauera* 等 20 个属。

网络分析依据各节点 Z_i 值和 P_i 值将所有节点划分为模块核心、网络核心、外围节点(普通节点)和连接点四类。如图 6 所示,本网络中仅包括普通节点和连接点。其中,本网络中共包括 32 个关键节点(表 3),隶属于 α -Proteobacteria 的节点占比为 18.75%、 β -Proteobacteria 占比为 28.13%、 γ -Proteobacteria 占比为 12.50% 和 Unclassified 占比为 4.62%。结合关键物种的 68 个 OTU,同时属于关键节点和关键物种的 OTU 共有 11 个,主要为 *Aeromonas*、*Azospira*、*Janthinobacterium*、*Leisingera*、*Lysobacter*、*Paraburkholderia*、*Rhodopseudomonas* 以及 *Shewanella* 属,其中除 OTU422 外,大多数的 OTU 丰度较低。

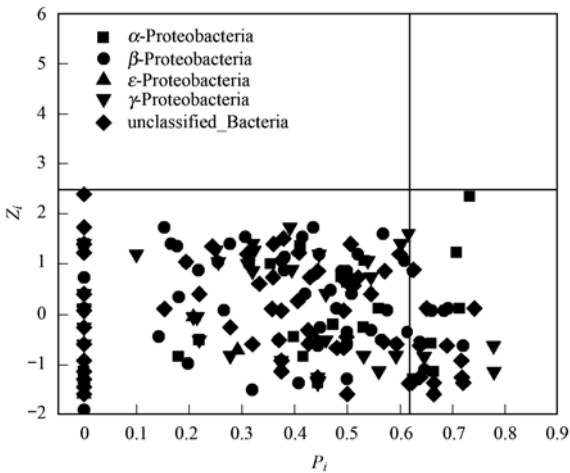


图 6 白洋淀冬季冰封期水体好氧反硝化菌群分子生态网络节点分布

Fig. 6 Distribution of nodes of molecular ecological network of aerobic denitrification bacteria in Baiyangdian Lake

表 3 白洋淀冬季冰封期好氧反硝化菌群关键节点信息

Table 3 Information on key connectors of aerobic denitrification bacteria in Baiyangdian Lake

关键节点	纲	属	丰度/%	模块	度	中介中心值
OTU1768	α -Proteobacteria	<i>Rhodopseudomonas</i>	0.01 ~ 0.36	2	6	199.35
OTU1468	α -Proteobacteria	<i>Leisingera</i>	0.01 ~ 0.78	2	6	127.06
OTU476	α -Proteobacteria	<i>Rhodopseudomonas</i>	0.01 ~ 0.48	0	20	53.85
OTU483	β -Proteobacteria	<i>Azospira</i>	0.01 ~ 0.21	5	6	16.25
OTU482	β -Proteobacteria	<i>Janthinobacterium</i>	0.01 ~ 1.87	6	18	126.70
OTU407	β -Proteobacteria	<i>Paraburkholderia</i>	0.19 ~ 4.51	0	21	210.85
OTU1884	γ -Proteobacteria	<i>Lysobacter</i>	0.01 ~ 1.13	1	20	45.31
OTU422	γ -Proteobacteria	<i>Aeromonas</i>	0.01 ~ 10.19	1	29	391.00
OTU353	γ -Proteobacteria	<i>Shewanella</i>	0.01 ~ 1.17	4	6	71.28
OTU887	unclassified	unclassified	0.01 ~ 0.27	3	8	75.28
OTU342	unclassified	unclassified	0.01 ~ 1.85	1	25	40.22

2.5 环境因子与微生物群落的关系

与此同时,本研究基于 Mantel test 分析环境因子对冬季好氧反硝化菌群落的影响。模块 0~3 以及模块 4~7 的物种群落与环境因子的关系分别如图

7 所示。其中显示环境因子温度 (T)、溶解氧 (DO)、硝氮 (NO_3^-)、氨氮 (NH_4^+) 和总铁 (Fe) 是影响模块 0 物种群落的主要因素,其中 T 、 DO 、 NO_3^- 、 NH_4^+ 和 Fe 与物种群落的相关系数为 0.60 ($P < 0.001$)、0.37

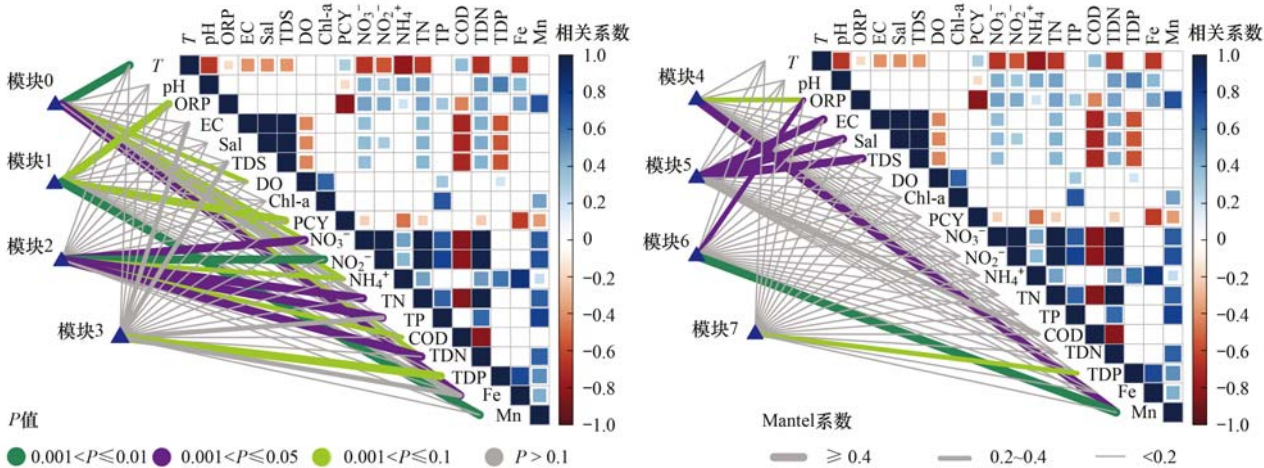


图 7 白洋淀冬季冰封期水体好氧反硝化菌群环境驱动因子分析

Fig. 7 Environmental drivers of aerobic denitrification bacteria in Baiyangdian Lake

($P=0.07$)、 0.31 ($P=0.09$)、 0.32 ($P=0.09$) 和 0.48 ($P<0.05$); 氧化还原电位 (ORP)、水体蓝绿藻 (PCY)、总铁以及总锰 (Mn) 是影响模块 1 物种群落的主要因素, 其与物种群落的相关系数为 0.48 ($P<0.05$)、 0.40 ($P=0.07$)、 0.31 ($P=0.11$) 和 0.61 ($P<0.01$); NO_3^- 、亚硝氮 (NO_2^-)、总氮 (TN)、总磷 (TP)、高锰酸盐指数 (COD) 和溶解性总氮 (TDN) 是影响模块 2 物种群落的主要因素, 其与物种群落的相关系数为 0.59 ($P<0.05$)、 0.63 ($P<0.01$)、 0.58 ($P<0.05$)、 0.42 ($P<0.05$)、 0.34 ($P=0.06$) 和 0.57 ($P<0.05$); 溶解性总磷 (TDP) 是影响模块 3 物种群落的主要因素, 其与物种群落的相关系数为 0.48 ($P=0.06$); Mn 是影响模块 4 物种群落的主要因素, 其与物种群落的相关系数为 0.41 ($P<0.05$); 电导率 (EC)、盐度 (Sal) 以及总溶解性固体 (TDS) 是影响模块 5 物种群落的主要因素, 其与物种群落的相关系数为 0.45 ($P<0.05$)、 0.44 ($P<0.05$) 和 0.46 ($P<0.05$); ORP 以及 Mn 是影响模块 6 物种群落的主要因素, 其与物种群落的相关系数为 0.24 ($P<0.05$) 和 0.71 ($P<0.05$); TDP 是影响模块 7 物种群落的主要因素, 其与物种群落的相关系数为 0.31 ($P=0.07$)。综上, 该时期的主要环境驱动因素为温度、氧化还原电位、硝氮、氨氮、溶解性总磷以及铁锰。不同区域采样点水质环境的不同造成了好氧反硝化菌群组成的差异, 因此以后需针对各自区域水质特征, 选取主要环境驱动因子定向筛选高效好氧反硝化脱氮菌株。

3 结论

(1) 冬季冰封期水体水质不同区域间存在显著差异, 其中入淀河口区的水体硝氮和总氮最高。冬季冰封期好氧反硝化菌群的 α 多样性存在显著差异, 其中藻荇淀以及瀑河的菌群丰富度以及多样性最小。

(2) 水体好氧反硝化菌共分为 5 个门类 78 个属, 各个采样点的菌群组成存在显著差异; 硝氮、氧化还原电位、氨氮、溶解氧、溶解性总磷以及温度是影响菌群分布的主要环境因子。并且物种间以正相关关系为主, 温度、氧化还原电位、硝氮、溶解性总磷以及铁锰是影响微生物不同模块群落的主要环境驱动因素。

参考文献:

- [1] Robertson L A, Kuenen J G. *Thiosphaera pantotropha* gen. nov. sp. nov., a facultatively anaerobic, facultatively autotrophic sulphur bacterium [J]. Microbiology, 1983, **129** (9): 2847-2855.
- [2] Huang T L, Zhou S L, Zhang H H, et al. Nitrogen removal characteristics of a newly isolated indigenous aerobic denitrifier from oligotrophic drinking water reservoir, *Zoogloea* sp. N299 [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2015, **16** (5): 10038-10060.
- [3] He T X, Li Z L, Sun Q, et al. Heterotrophic nitrification and aerobic denitrification by *Pseudomonas tolaasii* Y-11 without nitrite accumulation during nitrogen conversion [J]. Bioresource Technology, 2016, **200**: 493-499.
- [4] Lu Z Y, Gan L, Lin J J, et al. Aerobic denitrification by *Paracoccus* sp. YF1 in the presence of Cu(II) [J]. Science of the Total Environment, 2019, **658**: 80-86.
- [5] Yang J R, Wang Y, Chen H, et al. Ammonium removal characteristics of an acid-resistant bacterium *Acinetobacter* sp. JR1 from pharmaceutical wastewater capable of heterotrophic nitrification-aerobic denitrification [J]. Bioresource Technology, 2019, **274**: 56-64.
- [6] Zhao B, Cheng D Y, Tan P, et al. Characterization of an aerobic denitrifier *Pseudomonas stutzeri* strain XL-2 to achieve efficient nitrate removal [J]. Bioresource Technology, 2018, **250**: 564-573.
- [7] Su J F, Shi J X, Ma F. Aerobic denitrification and biomineralization by a novel heterotrophic bacterium, *Acinetobacter* sp. H36 [J]. Marine Pollution Bulletin, 2017, **116** (1-2): 209-215.
- [8] Li C E, Yang J S, Wang X, et al. Removal of nitrogen by heterotrophic nitrification-aerobic denitrification of a phosphate accumulating bacterium *Pseudomonas stutzeri* YG-24 [J]. Bioresource Technology, 2015, **182**: 18-25.
- [9] 周石磊, 黄廷林, 白士远, 等. 贫营养好氧反硝化菌的分离鉴定及其脱氮特性 [J]. 中国环境科学, 2016, **36** (4): 238-248.
- [10] Zhou S L, Huang T L, Bai S Y, et al. Isolation, Identification, and nitrogen removal characteristics of oligotrophic aerobic denitrifiers [J]. China Environmental Science, 2016, **36** (1): 238-248.
- [11] Padhi S K, Tripathy S, Mohanty S, et al. Aerobic and heterotrophic nitrogen removal by *Enterobacter cloacae* CF-S27 with efficient utilization of hydroxylamine [J]. Bioresource Technology, 2017, **232**: 285-296.
- [12] Tang Y Q, Li M, Zou Y N, et al. Mechanism of aerobic denitrifiers and calcium nitrate on urban river sediment remediation [J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2018, **126**: 119-130.
- [13] Tang Y Q, Li M, Xu D M, et al. Application potential of aerobic denitrifiers coupled with a biostimulant for nitrogen removal from urban river sediment [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2018, **25** (6): 5980-5993.
- [14] Gao H, Schreiber F, Collins G, et al. Aerobic denitrification in permeable Wadden Sea sediments [J]. The ISME Journal, 2010, **4** (3): 417-426.
- [15] Marchant H K, Ahmerkamp S, Lavik G, et al. Denitrifying community in coastal sediments performs aerobic and anaerobic respiration simultaneously [J]. The ISME Journal, 2017, **11** (8): 1799-1812.
- [16] Liu J Z, Wu Y H, Wu C X, et al. Advanced nutrient removal from surface water by a consortium of attached microalgae and bacteria: a review [J]. Bioresource Technology, 2017, **241**: 1127-1137.
- [17] Wen G, Wang T, Li K, et al. Aerobic denitrification performance of strain *Acinetobacter johnsonii* WGX-9 using different natural organic matter as carbon source: effect of

- molecular weight[J]. *Water Research*, 2019, **164**: 114956.
- [17] Zhou S L, Huang T L, Zhang H H, *et al.* Nitrogen removal characteristics of enhanced in situ indigenous aerobic denitrification bacteria for micro-polluted reservoir source water [J]. *Bioresource Technology*, 2016, **201**: 195-207.
- [18] Zhou S L, Huang T L, Ngo H H, *et al.* Nitrogen removal characteristics of indigenous aerobic denitrifiers and changes in the microbial community of a reservoir enclosure system via *in situ* oxygen enhancement using water lifting and aeration technology [J]. *Bioresource Technology*, 2016, **214**: 63-73.
- [19] 杜奕衡, 刘成, 陈开宁, 等. 白洋淀沉积物氮磷赋存特征及其内源负荷[J]. *湖泊科学*, 2018, **30**(6): 1537-1551.
- Du Y H, Liu C, Chen K N, *et al.* Occurrence and internal loadings of nitrogen and phosphorus in the sediment of Lake Baiyangdian [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2018, **30**(6): 1537-1551.
- [20] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法[M]. (第四版). 北京: 中国环境科学出版社, 2002.
- [21] Feng W W, Liu J F, Gu J D, *et al.* Nitrate-reducing community in production water of three oil reservoirs and their responses to different carbon sources revealed by nitrate-reductase encoding gene (*napA*) [J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2011, **65**(7): 1081-1086.
- [22] Abed R M M, Lam P, De Beer D, *et al.* High rates of denitrification and nitrous oxide emission in arid biological soil crusts from the Sultanate of Oman [J]. *The ISME Journal*, 2013, **7**(9): 1862-1875.
- [23] Zhou S L, Zhang Y R, Huang T L, *et al.* Microbial aerobic denitrification dominates nitrogen losses from reservoir ecosystem in the spring of Zhoucun reservoir [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **651**: 998-1010.
- [24] Rogers M B, Fire B, Shi M, *et al.* Disruption of the microbiota across multiple body sites in critically ill children [J]. *Microbiome*, 2016, **4**(1): 66.
- [25] Chen B S, Teh B-S, Sun C, *et al.* Biodiversity and activity of the gut microbiota across the life history of the insect herbivore *Spodoptera littoralis* [J]. *Scientific Reports*, 2016, **6**(1): 29505.
- [26] Xin X D, He J G, Wang Y F, *et al.* Role of aeration intensity on performance and microbial community profiles in a sequencing batch reaction kettle (SBRK) for wastewater nutrients rapid removal [J]. *Bioresource Technology*, 2016, **201**: 140-147.
- [27] Joshi D R, Zhang Y, Gao Y X, *et al.* Biotransformation of nitrogen- and sulfur-containing pollutants during coking wastewater treatment: correspondence of performance to microbial community functional structure [J]. *Water Research*, 2017, **121**: 338-348.
- [28] Kernan M R, Helliwell R C. Partitioning the variation within the acid neutralizing capacity of surface waters in Scotland in relation to land cover, soil and atmospheric depositional factors [J]. *Science of the Total Environment*, 2001, **265**(1-3): 39-49.
- [29] Groussin M, Mazel F, Sanders J G, *et al.* Unraveling the processes shaping mammalian gut microbiomes over evolutionary time [J]. *Nature Communications*, 2017, **8**(1): 14319.
- [30] Sun W M, Xiao E Z, Pu Z L, *et al.* Paddy soil microbial communities driven by environment- and microbe-microbe interactions: a case study of elevation-resolved microbial communities in a rice terrace [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **612**: 884-893.
- [31] Li Y, Wu H N, Shen Y, *et al.* Statistical determination of crucial taxa indicative of pollution gradients in sediments of Lake Taihu, China [J]. *Environmental Pollution*, 2019, **246**: 753-762.
- [32] De Menezes A B, Prendergast - Miller M T, Richardson A E, *et al.* Network analysis reveals that bacteria and fungi form modules that correlate independently with soil parameters [J]. *Environmental Microbiology*, 2015, **17**(8): 2677-2689.
- [33] Zhang B G, Zhang J, Liu Y, *et al.* Co-occurrence patterns of soybean rhizosphere microbiome at a continental scale [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **118**: 178-186.
- [34] Zhou J Z, Deng Y, Luo F, *et al.* Phylogenetic molecular ecological network of soil microbial communities in response to elevated CO₂ [J]. *mBio*, 2011, **2**(4): e00122-11.
- [35] Guimerà R, Sales-pardo M, Amaral L A N. Classes of complex networks defined by role-to-role connectivity profiles [J]. *Nature Physics*, 2007, **3**(1): 63-69.
- [36] 石文莉, 蒋如东, 马天海, 等. 太湖不同营养水平湖区沉积环境微生物分子生态网络特征及其环境响应分析 [J]. *南京大学学报(自然科学版)*, 2018, **54**(5): 1045-1056.
- Shi W L, Jiang R D, Ma T H, *et al.* Molecular ecological network analysis of sedimental microbial community and its response to environmental factors in different trophic status areas of Taihu Lake [J]. *Journal of Nanjing University (Natural Science)*, 2018, **54**(5): 1045-1056.
- [37] Hou L F, Zhou Q, Wu Q P, *et al.* Spatiotemporal changes in bacterial community and microbial activity in a full-scale drinking water treatment plant [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **625**: 449-459.
- [38] Zhu L J, Zhou H X, Xie X Y, *et al.* Effects of floodgates operation on nitrogen transformation in a lake based on structural equation modeling analysis [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **631-632**: 1311-1320.
- [39] Gao J, Duan Y, Liu Y, *et al.* Long- and short-chain AHLs affect AOA and AOB microbial community composition and ammonia oxidation rate in activated sludge [J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2019, **78**: 53-62.
- [40] Figuerola E L M, Leonardo E. Bacterial taxa abundance pattern in an industrial wastewater treatment system determined by the full rRNA cycle approach [J]. *Environmental Microbiology*, 2007, **9**(7): 1780-1789.
- [41] Miao Y, Liao R H, Zhang X X, *et al.* Metagenomic insights into salinity effect on diversity and abundance of denitrifying bacteria and genes in an expanded granular sludge bed reactor treating high-nitrate wastewater [J]. *Chemical Engineering Journal*, 2015, **277**: 116-123.
- [42] Dogs M, Teshima H, Petersen J, *et al.* Genome sequence of *Phaeobacter daeponensis* type strain (DSM 23529^T), a facultatively anaerobic bacterium isolated from marine sediment, and emendation of *Phaeobacter daeponensis* [J]. *Standards in Genomic Sciences*, 2013, **9**(1): 142-159.
- [43] Callaghan A V, Davidova I A, Savage-ashlock K, *et al.* Diversity of benzyl- and alkylsuccinate synthase genes in hydrocarbon-impacted environments and enrichment cultures [J]. *Environmental Science & Technology*, 2010, **44**(19): 7287-7294.
- [44] Caro-Quintero A, Auchtung J, Deng J, *et al.* Genome sequencing of five *Shewanella baltica* strains recovered from the oxic-anoxic interface of the Baltic Sea [J]. *Journal of Bacteriology*, 2012, **194**(5): 1236-1236.
- [45] Zhang P F, Peng Y K, Lu J L, *et al.* Microbial communities and functional genes of nitrogen cycling in an electrolysis augmented constructed wetland treating wastewater treatment plant effluent [J]. *Chemosphere*, 2018, **211**: 25-33.

- [46] Mohd Yasin N H, Sanchez-Torres V, MAEDA T. Enhanced reduction of waste activated sludge at a low temperature by locally isolated strains *Pseudomonas* sp. VNT and *Aeromonas* sp. VNT [J]. *Bioresource Technology*, 2014, **174**: 134-141.
- [47] Yang L, Wang X H, Cui S, *et al.* Simultaneous removal of nitrogen and phosphorous by heterotrophic nitrification-aerobic denitrification of a metal resistant bacterium *Pseudomonas putida* strain NP5 [J]. *Bioresource Technology*, 2019, **285**: 121360.
- [48] Huang T L, Guo L, Zhang H H, *et al.* Nitrogen-removal efficiency of a novel aerobic denitrifying bacterium, *Pseudomonas stutzeri* strain ZF31, isolated from a drinking-water reservoir[J]. *Bioresource Technology*, 2015, **196**: 209-216.
- [49] Yang M, Lu D W, Qin B D, *et al.* Highly efficient nitrogen removal of a coldness-resistant and low nutrient needed bacterium, *Janthinobacterium* sp. M-11 [J]. *Bioresource Technology*, 2018, **256**: 366-373.
- [50] 沈烽, 黄睿, 曾巾, 等. 分子生态网络分析研究进展[J]. *环境科学与技术*, 2016, **39**(S1): 94-98.
- Shen F, Huang R, Zeng J, *et al.* Progress of the molecular ecology network analysis [J]. *Environmental Science & Technology*, 2016, **39**(S1): 94-98.

《环境科学》征稿简则

1. 来稿报道成果要有创新性,论点明确,文字精炼,数据可靠.全文不超过8 000字(含图、表、中英文摘要及参考文献).国家自然科学基金项目、国家科技攻关项目、国际合作项目或其它项目请在来稿中注明(在首页以脚注表示).作者投稿时请先登陆我刊网站(www.hjkx.ac.cn)进行注册,注册完毕后以作者身份登录,按照页面给出的提示信息投稿即可.

2. 稿件请按GB 7713-87《科学技术报告、学位论文和学术论文的编写格式》中学术论文的规范撰写.论文各部分的排列顺序为:题目;作者姓名;作者工作单位、地址、邮政编码;中文摘要;关键词;中图分类号;英文题目;作者姓名及单位的英译名;英文摘要;关键词;正文;致谢;参考文献.

3. 论文题目应简练并准确反映论文内容,一般不超过20字,少用副标题.

4. 中文摘要不少于300字,以第三人称写.摘要内容包括研究工作的目的、方法、结果(包括主要数据)和结论,重点是结果和结论.英文摘要与中文对应,注意人称、时态和语言习惯,以便准确表达内容.

5. 前言包括国内外前人相关工作(引文即可)和本工作的目的、特点和意义等.科普知识不必赘述.

6. 文中图表应力求精简,同一内容不得用图表重复表达,要有中英文对照题目.图应大小一致,曲线粗于图框,图中所有字母、文字字号大小要统一.表用三线表.图表中术语、符号、单位等应与正文一致.

7. 计量单位使用《中华人民共和国法定计量单位》(SI).论文中物理计量单位用字母符号表示,如mg(毫克),m(米),h(小时)等.科技名词术语用国内通用写法,作者译的新名词术语,文中第一次出现时需注明原文.

8. 文中各级标题采用1, 1.1, 1.1.1的形式,左起顶格书写,3级以下标题可用(1), (2)……表示,后缩2格书写.

9. 文中外文字母、符号应标明其大小写,正斜体.生物的拉丁学名为斜体.缩略语首次出现时应给出中文全称,括号内给出英文全称和缩略语.

10. 未公开发表资料不列入参考文献,可在出现页以脚注表示.文献按文中出现的先后次序编排.常见文献书写格式为:

期刊:作者(外文也要姓列名前).论文名[J].期刊名,年,卷(期):起页-止页.

图书:作者.书名[M].出版地:出版社,年.起页-止页.

会议文集:作者.论文名[A].见(In):编者.文集名[C].出版地:出版社(单位),年.起页-止页.

学位论文:作者.论文名[D].保存地:保存单位,年份.

报告:作者.论文名[R].出版地:出版单位,出版年.

专利:专利所有者.专利题名[P].专利国别:专利号,出版日期.

11. 来稿文责自负,切勿一稿多投.编辑对来稿可作文字上和编辑技术上的修改和删节.在3个月内未收到本刊选用通知,可来电询问.

12. 投稿请附作者单位详细地址,邮编,电话号码,电子邮箱等.编辑部邮政地址:北京市2871信箱;邮编:100085;电话:010-62941102,010-62849343;传真:010-62849343;E-mail:hjkx@rcees.ac.cn;网址:www.hjkx.ac.cn

CONTENTS

Comparison of Three Receptor Models for Source Apportionment of PM _{2.5} in Shanghai: Using Hourly Resolved PM _{2.5} Chemical Composition Data	ZHOU Min (1997)
Impact of Differents in the Concentrations of Ozone on the Chemical Composition of Single Particles	WU Meng-xi, CHENG Chun-lei, HUANG Bo, <i>et al.</i> (2006)
Influence of Secondary Organic Coating on Hygroscopicity of a Sodium Chloride Core: Based on Micro-scale Single Particle Analysis	ZHANG Shu-jia, XU Liang, GUO Xin-mei, <i>et al.</i> (2017)
Comparative Analysis of Pollution Characteristics of Carbonaceous Aerosol Components in the Atmosphere Between Urban and Suburban Areas	LI Xin-yue, ZHANG Kai-shan, DENG Lin-li, <i>et al.</i> (2026)
Distribution Characteristics and Source Apportionment of Elements Bonded with PM _{2.5} and PM ₁₀ in Linyi	LU Ping, ZHAO Xue-yan, YIN Bao-hui, <i>et al.</i> (2036)
Characteristics and Sources of Microbial Aerosols in Urban and Mountainous Areas in Autumn and Winter in Xi'an, China	XIE Wen-wen, LU Rui, MU Fei-fei, <i>et al.</i> (2044)
Pollution Characteristics of Cooking Fumes, Particulates, and Non-methane Hydrocarbons in the Exhaust of Typical Beijing Restaurants	HE Wan-qing, WANG Tian-yi, SHAO Xia, <i>et al.</i> (2050)
PM _{2.5} Concentration Influencing Factors in China Based on the Random Forest Model	XIA Xiao-sheng, CHEN Jing-jing, WANG Jia-jia, <i>et al.</i> (2057)
Spatio-temporal Variation of PM _{2.5} Related Relationships in China from the Perspective of Air Pollution Regional Linkage Control and Prevention	YANG Wen-tao, HUANG Hui-kun, WEI Dong-sheng, <i>et al.</i> (2066)
Characteristics of Spatial and Temporal Evolution and Investigation of Air Pollution in Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area Based on Ground-Space Observation Data	WANG Yao-ting, LIANG Jia-cheng, ZHENG Zuo-fang, <i>et al.</i> (2075)
Hydrochemical Characteristics and Formation Causes of Ground Karst Water Systems in the Longzici Spring Catchment	TANG Chun-lei, ZHENG Xiu-qing, LIANG Yong-ping (2087)
Tempo-spatial and Retention Analysis of Total Phosphorus in the Three Gorges Reservoir	TANG Xiao-ya, TONG Si-chen, HUANG Guo-xian, <i>et al.</i> (2096)
Vertical Distribution Characteristics of Dissolved Oxygen and Chlorophyll a in Typical Tributaries During the Impoundment Period of the Three Gorges Reservoir	YANG Fan, JI Dao-bin, WANG Li-jing, <i>et al.</i> (2107)
Spatial-temporal Distribution of Nutrients in Hanfeng Lake After Official Operation	FU Shi, NI Jiu-pai, HE Bing-hui, <i>et al.</i> (2116)
Spatio-temporal Variations in the Characteristics of Water Eutrophication and Sediment Pollution in Baiyangdian Lake	LIU Xin, SHI Bin, MENG Jing, <i>et al.</i> (2127)
Spatial-temporal Distribution of Suspended Solids and Its Sedimentation Flux and Nutrients Effects in Xin'anjiang Reservoir, China	SHI Peng-cheng, ZHU Guang-wei, YANG Wen-bin, <i>et al.</i> (2137)
Bioavailability Characteristics of Chromophoric Dissolved Organic Matter in Lake Gaoyou, Lake Nansi, and Lake Dongping Under Different Hydrological Scenarios	ZHANG Liu-qing, SHI Yu, LI Yuan-peng, <i>et al.</i> (2149)
Succession Characteristics of Algae Functional Groups and Water Quality Assessment in a Drinking Water Reservoir	LI Yan-qing, HUANG Ting-lin, ZHANG Hai-han, <i>et al.</i> (2158)
Effect of Artificial Mixing on Temporal and Spatial Succession of Algae Community Structure in Jinpen Reservoir	WANG Chen-xu, HUANG Ting-lin, LI Nan, <i>et al.</i> (2166)
Spatial Distribution Characteristics and Driving Factors of Aerobic Denitrification Bacterial Community Structure from Baiyangdian Lake in Xiong'an New Area During the Winter Freezing Period	ZHOU Shi-lei, SUN Yue, YUE Ge-cheng, <i>et al.</i> (2177)
Spatial and Temporal Succession Characteristics of Aerobic Anoxygenic Photosynthesis Bacteria in a Stratified Reservoir	ZHANG Hai-han, WANG Yan, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (2188)
Response of Chromophoric Dissolved Organic Matter Dynamics to Different Hydrological Scenarios in the Two Largest Freshwater Lakes Connected to the Yangtze River	GUO Yan-mi, LI Yuan-peng, SHI Yu, <i>et al.</i> (2198)
Distribution Characteristics and Influencing Factors of Chromophoric Dissolved Organic Matter in a Northern-Side River of the Qinling Mountains in Summer	LIN Zi-shen, HUANG Ting-lin, YANG Shang-ye, <i>et al.</i> (2210)
Distribution, Sources, and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs) in Tributary Waters of the Lower Reaches of the Yangtze River, China	JIA Tian-qi, LEI Rong-rong, WU Xiao-lin, <i>et al.</i> (2221)
Temporal and Spatial Occurrence of NSAIDs in Taihu Lake and Relevant Risk Assessment	LIAN Jie, LI Yi-fei, WANG Xiao-xuan, <i>et al.</i> (2229)
Occurrence and Ecological Risk of Eight Typical PhACs in Surface Water and Its Impact on <i>Daphnia magna</i>	XU Xin-lei, LIU Jian-chao, LU Guang-hua (2239)
Distribution Characteristics and Migration Rules of Pollutants in Sediments of Reservoirs with <i>Eucalyptus</i> Plantation, Southern China	ZHU Ya, LI Yi-ping, LUO Fan, <i>et al.</i> (2247)
Mechanism of Urban Black Odorous Water Based on Continuous Monitoring: A Case Study of the Erkeng Stream in Nanning	LI Yong-xin, WANG Wei, HE Mei, <i>et al.</i> (2257)
Relationship Between Source-Sink Landscape Pattern and Antibiotics in Surface Water in Peri-urban Watershed	LI Min, TANG Jian-feng, CHEN Li-ding, <i>et al.</i> (2264)
Molecular Chemo-diversity of the Dissolved Organic Matter Occurring in Urban Stormwater Runoff	NIE Yun-han, CHEN Hao, LI Lei, <i>et al.</i> (2272)
Regulating Effect and Mechanism of Calcite/Chlorapatite Mixture Addition on Transformation and Transport of Phosphorus in Sediments	BAI Xiao-yun, LIN Jian-wei, ZHAN Yan-hui, <i>et al.</i> (2281)
Stability of Ferrihydrite and Goethite Nanoparticles Under Different Environmental Conditions	WANG Zhi-qiao, MA Jie, CHEN Ya-li, <i>et al.</i> (2292)
Sunflower-Staw-Derived Biochar-Enhanced Fe(III)/S ₂ O ₈ ²⁻ System for Degradation of Benzoic Acid	SUN Peng, ZHANG Kai-kai, ZHANG Yu, <i>et al.</i> (2301)
Non-activated Peroxymonosulfate-Induced Degradation of Sulfasalazine: Kinetics and Mechanism Investigations	DING Xi, ZHANG Xue-wei, ZHOU Run-sheng, <i>et al.</i> (2310)
Pollution Characteristics and Removal Effects of Antibiotics in Wastewater from Large-Scale Pig Farms in Guizhou	YANG Zhao, LI Jiang, XIANG Fu-liang, <i>et al.</i> (2320)
Nitrogen Removal in Low-C/N Rural Sewage Treatment by Anoxic/Oxic Biofilter Packed with New Types of Fillers	ZHAO Yuan-zhe, YANG Yong-zhe, WANG Hai-yan, <i>et al.</i> (2329)
Nitrogen Removal Performance and Nitrogen/Carbon Balance of Oligotrophic Aerobic Denitrifiers	WEN Gang, WANG Tong, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (2339)
Bacterial Community Shifts and Nitrogen Removal Characteristics for a SNAD Process Treating Anaerobic Digester Liquor of Swine Wastewater (ADLSW) in a Continuous-Flow Biofilm Reactor (CFBR)	QIN Jia-wei, XIN Xin, LU Hang, <i>et al.</i> (2349)
Characteristics of ANAMMOX Granular Sludge and Differences in Microbial Community Structure Under Different Culture Conditions	JIANG Ying, GUO Meng-lei, XIE Jun-xiang, <i>et al.</i> (2358)
Start-up of an Integrated Process of Denitrifying Phosphorus Removal Coupled with Partial Nitrification and Anaerobic Ammonium Oxidation	CHEN Ya, YIN Wen, ZHANG Xing-xing, <i>et al.</i> (2367)
Construction and Application of an Evaluation System for Soil Environmental Carrying Capacity	LI Xiao-nuo, DING Shou-kang, CHEN Wei-ping, <i>et al.</i> (2373)
Synthesis of Magnetic Biochar and Its Application in the Remediation of Heavy-Metal-Contaminated Soils	WANG Jun-nan, CHENG Shan-shan, ZHAN Wen-hao, <i>et al.</i> (2381)
Remediation of Heavy-Metal-Contaminated Soil by EDTA Washing Enhanced with Reduction Solubilization	ZHANG Jin-yong, ZHU Yu-ting, WANG Ming-xin, <i>et al.</i> (2390)
Toxicity of Chromium to Root Growth of Barley as Affected by Chromium Speciation and Soil Properties	FU Ping-nan, GONG Xiao-fei, LUO Li-yun, <i>et al.</i> (2398)
Effect of Fertilizer Reduction and Biochar Application on Soil Nitrogen Loss in Purple Upland	WANG Shu, WANG Zi-fang, LONG Yi, <i>et al.</i> (2406)
Relationship Between the Composition of Soil Aggregates and the Distribution of Organic Carbon Under Long-Term Abandoned Restoration	WANG Xing, ZHONG Ze-kun, ZHANG Xin-yi, <i>et al.</i> (2416)
Effects of Biochar Application on Soil Microbial Nutrient Limitations and Carbon Use Efficiency in Lou Soil	WANG Qiang, GENG Zeng-chao, XU Chen-yang, <i>et al.</i> (2425)
N ₂ O Emissions from Tea Plantations with Sorghum Intercropping and Application of Big Urea Pills	ZHANG Ke-bin, LIU Xin-liang, KANG Man, <i>et al.</i> (2434)
Effects of Different Forest Vegetation Types on Soil Nitrogen-Related Microbial Communities and Functions in Jinyun Mountain	WANG Ying-yang, WANG Fu-hua, LUO Dong-hai, <i>et al.</i> (2445)
Nitrous Oxide Emission and Denitrifying Bacterial Communities as Affected by Drip Irrigation with Saline Water in Cotton Fields	GUO Hui-nan, MA Li-juan, HUANG Zhi-jie, <i>et al.</i> (2455)
Effect of Organic Matter Promotion on Nitrogen-Cycling Genes and Functional Microorganisms in Acidic Red Soils	CHU Cheng, WU Zhao-yue, HUANG Qian-ru, <i>et al.</i> (2468)
Effects of Simulated Acid Rain on Soil Fungi Diversity in the Transition Zone of Moso Bamboo and Broadleaf Forest	WANG Nan, PAN Xiao-cheng, WANG Chuan-kuan, <i>et al.</i> (2476)
Differences Between DNA- and RNA-Based Bacterial Communities in Marine Sediments	LI Ming-yue, YANG Yu-hong, MI Tie-zhu, <i>et al.</i> (2485)
Spatial Patterns and Spatial Autocorrelations of Wetland Changes in China During 2003-2013	ZHOU Ting, MA Jiao-jiao, XU Song-jun (2496)