万方知库
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.9
第41卷 第9期

环境科学
(HUANJING KEXUE)
ENVIRONMENTAL SCIENCE
第41卷 第9期
2020年9月15日

目 次

环 境 科 学
Environmental Science
第41卷第9期 2020年9月
Vol.41, No.9 Sep., 2020

金泽水库库区细菌群落构建过程与关键驱动因子分析

刘明坤[1], 童俊[2], 朱慧峰[2], 白晓慧[1*]
(1. 上海交通大学生命科学技术学院, 微生物代谢国家重点实验室, 上海 200240; 2. 上海市供水调度监测中心, 上海 200080)

摘要: 为探究微污染水生态系统中细菌群落对人为干扰响应所依赖的生态机制,基于生态零模型(ecological null model),应用拟合分析(fitting analysis)研究了环境因子与金泽水库来水及库区不同区域间细菌群落构建过程的关系. 结果表明,细菌群落在系统发育上的聚类比预期要分散得多(SES. MNTD 的单样本 t 检验 95% 置信下限为 9.79). 温度是影响群落系统发育的重要因子. 随机性过程(stochastic processes)和确定性过程(deterministic processes)在不同样品细菌群落演替中的相对重要性呈明显的季节性特征. 春、夏和秋季样品细菌群落演替由随机性过程主导,冬季则由随机性过程和确定性过程共同主导. NH_4^+-N 是影响随机性过程和确定性过程相对重要性的主要环境因子. NH_4^+-N浓度为 0.06 ~ 0.40 mg·L^{-1}时,由随机性过程主导; NH_4^+-N浓度为 0.40 ~ 0.80 mg·L^{-1}时,则由随机性过程和确定性过程共同主导. 分散限制(61.68%)和异质选择(26.65%)在研究区域中不同采样点之间细菌群落变化中起到重要作用.

关键词: 金泽水库; 细菌群落; 系统发育; 生态零模型; 随机性过程
中图分类号: X172 **文献标识码**: A **文章编号**: 0250-3301(2020)09-4062-07 **DOI**: 10.13227/j.hjkx.202002207

Phylogenetic Processes and Key Driving Factors of Bacterial Communities in Jinze Reservoir

LIU Ming-kun[1], TONG Jun[2], ZHU Hui-feng[2], BAI Xiao-hui[1*]
(1. State Key Laboratory of Microbial Metabolism, School of Life Sciences and Biotechnology, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai 200240, China; 2. Shanghai Municipal Water Supply Control & Monitoring Center, Shanghai 200080, China)

Abstract: To investigate the ecological mechanisms of the bacterial response to human disturbance in micro-polluted water ecosystems, we studied the relationship between the environmental factors and bacterial community development in the incoming water and various areas of a reservoir based on an ecological null model. The results showed that the phylogenetic clustering of bacterial communities was more dispersed than expected (the single-sample t-test of SES. MNTD has a 95% lower confidence limit of 9.79). Temperature is an important environmental factor affecting community phylogeny. The relative importance of stochastic and deterministic processes in the bacterial community succession of different samples showed seasonal characteristics. The bacterial community succession in spring, summer, and autumn samples was dominated by random and deterministic processes. NH_4^+-N is the main environmental factor affecting the relative importance of random and deterministic processes. When the concentration of NH_4^+-N is 0.06-0.40 mg·L^{-1}, the bacterial community succession is dominated by random processes; when the concentration is 0.40-0.80 mg·L^{-1}, it is dominated by both random and deterministic processes. Dispersal limitation (61.68%) and heterogeneous selection (26.65%) played important roles in bacterial community changes at different sampling points in the study area.

Key words: Jinze Reservoir; bacterial community; phylogeny; ecological null model; random processes

作为水生生态系统中数量最庞大、种类最丰富的生物,微生物在能量循环和营养物质循环中起到重要作用[1,2]. 虽然细菌群落的分布对于水体污染物降解有重要影响[2],但目前关于水体生态系统细菌群落的研究主要集中在组成和功能的变化上[3,4],关于水体细菌群落构建过程的研究仍然较少.

有研究表明,微生物群落构建因素包括确定性过程和随机性过程[5]. 确定性过程是指:细菌物种出现在具有其适合生态位的环境中[6],影响不同环境之间群落组成差异的因素是可预测的,包括环境因素和生物因素[7,8]. 随机性过程是指许多物种由于相互作用紧密而出现在具有相同或重叠生态位的环境中,影响不同环境之间群落组成差异的因素是偶然的,包括物种随机的出生,死亡和扩散速率[9]. 有研究表明,实际流体生态系统中微生物群落构建中两种过程均有影响, 然而关于两种过程的相对重要性仍有争议[5,10].

近年来,基于零模型的定量生态框架可确定细菌群落结构中确定性过程和随机过程的相对重要性[5]. 模型包括最近种间平均进化距离(mean-nearest-taxon-distance, MNTD)、最近种间亲缘关系指数(nearest-taxon-index, NTI)、β-种间平均进化距离(β-MNTD)、β-最近种间亲缘关系指数(β-NTI)和

收稿日期: 2020-02-28; **修订日期**: 2020-03-28
基金项目: 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2017ZX07207-003); 国家自然科学基金项目(51878406)
作者简介: 刘明坤(1996 ~),男,硕士研究生,主要研究方向为饮用水水质生物学,E-mail: liumingkun@sjtu.edu.cn
* 通信作者,E-mail: xhbai@sjtu.edu.cn

raup-crick(RC_{bray}). 通常,使用 MNTD 和 NTI 推测控制单群落组成的生态过程,使用 β-MNTD 和 β-NTI 计算两个不同群落中 OTU 之间的系统发生距离,推断跨越一定环境梯度的细菌群落组成变化的生态过程, RC_{bray}用来衡量不同细菌群落组成相似程度. 该模型已用于比较随机性过程和随机过程在土壤[11]、地下水[5]和沉积物[12]细菌群落构建过程中的作用. 然而在水生生态系统中,尤其是存在明显环境梯度的水生生态系统中,关于确定性过程和随机过程的研究相对较少.

金泽水库位于上海青浦区金泽镇西部、太浦河北岸,占地面积约 2.7 km^2,总库容约 910 万 m^3,其中应急库容约 525 万 m^3. 金泽水库原水来自太湖流域水质最优的东太湖. 原水顺太浦河进入水库,在主库区经过净化措施处理后,作为源水供给上海西南五区各水厂. 东太湖水域水质较优,人类活动干扰较小. 太浦河作为太湖流域防洪、排涝、供水和航运的骨干河道,人类活动干扰严重,水质相比于东太湖有明显恶化[13]. 水体进入主库区后,封闭的环境和库区净化措施使水质有一定程度的好转.

本文利用定量生态框架探究金泽水库上游来水及库区细菌群落变化的生态过程,分析了确定性过程和随机过程的相对重要性和关键驱动因子. 本文加深了对金泽水库及相似水体环境中细菌群落对人为干扰响应的生态机制的认识,以期为保障金泽水库生态平衡和生物多样性提供科学依据.

1　材料与方法

1.1　样品采集

采样点位置如图 1,其中上游断面采样点太浦闸为东太湖出水,沿程河道断面采样点为平望大桥、芦墟大桥和入库口; 库区断面为环桥中心、生态岛和出库口. 上游太浦闸至入库口沿河水质会受到各种城市污水、地表面源污染及航运等移动风险源影响,河水经过水库净化措施(曝气、水下生物膜载体和水生植物吸收等)处理后作为原水供给自来水厂. 从 2017 年 10 月至 2018 年 9 月,以每月一次的频率定期采样.

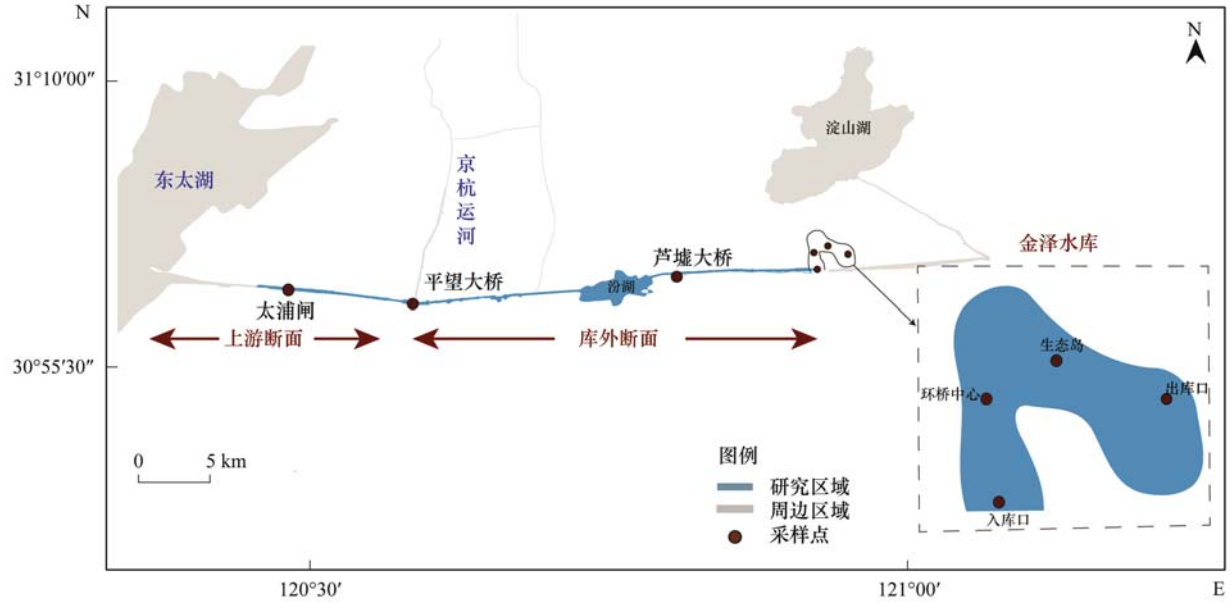


图 1　太浦河沿程及库区采样点分布示意

Fig. 1　Sampling sites along the Taipu River and the Jinze Reservoir

1.2　水样处理及水质参数测定

水温、溶解氧和 pH 由多参数分析仪(美国哈希)现场测定,采用 TOC 仪(日本岛津)检测 TOC,其余指标依据生活饮用水标准检验方法(GB/T 5750-2006)测得. 样品经过孔径 0.22 μm 的 Millipore 聚碳酸酯滤膜过滤后,进行 DNA 提取和高通量测序.

1.3　DNA 提取和高通量测序

采用 CTAB 法对样本基因组 DNA 进行提取,利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测抽提 DNA. 利用引物扩增 16S rRNA 基因的 V3 ~ V4 高变区,引物序列为 338F (5′-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3′) 和 806R (5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3′). PCR 扩增条件为: 95℃, 2 min; (95℃, 30 s; 55℃, 30 s; 72℃, 30 s), 60 个循环; 72℃, 5 min. 获得扩增产物后,使用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒(Axygen 公司) 切胶纯化,混合后用 TrisHCl 洗脱. 进一步通过 2% 琼脂糖电泳检测 PCR 产物纯化效果,测定纯化后 PCR 产物的浓度. 参照电泳初步定量结果,将 PCR 产物用 QuantiFluor TM-ST 蓝色荧光定量系统(Promega 公

司)进行检测定量,按照每个样本的测序量要求,进行相应比例的混合. 在上海美吉生物医药科技有限公司 Illumina MiseqPE300 平台进行测序.

1.4 生态零模型分析

基于生态零模型的分析框架可用于分析细菌群落构建过程[5]. 对于单群落,计算平均最近分类群距离的标准化效应量度(SES. MNTD), SES. MNTD 较低(<0)表示细菌群落发生系统聚类(OTU 之间的共存关系比预期更为紧密),较高(>0)表示细菌群落发生过度分散(OTU 之间的共存关系比预期更远). 此外,该框架将不同细菌群落系统构建过程分为 5 类[5]: ① 群落间趋同结构的均质选择(homogenizing selection); ②群落间趋异结构的异质选择(heterogeneous selection); ③ 分散限制(dispersal limitation); ④ 均质分散(homogenizing dispersal); ⑤未被控制(undominated). 群落之间的系统发育转换通过使用加权的 β-MNTD 进行量化. β-NTI 为观察到的 β-MNTD 与之前提到的零分布均值(999 个随机化)之间的差. 分别将 β-NTI(>2)和(< −2)值确定为均质选择和变量选择的影响. 之后, $|\beta\text{-NTI}|$ (< 2) 但 RC_{bray} > 0.95 的分数和 < −0.95被确定为分散限制和均质分散的影响. 其余部分($|\beta\text{-NTI}|$ <2 且 $|RC_{bray}|$ < 0.95)被认为是未被控制过程的影响.

1.5 数据处理

对各季节不同水质因子进行数学处理,以各水质因子平均值除以对应指标检测到的最大值,以此比值绘制水质因子分布热图. 最近分类群距离的标准化效应量度(SES. MNTD)使用 R 包中函数“picante”的零模型“taxa. labels”(999 个随机数)计算[5]. 相同季节细菌群落的 β-NTI 和 RC_{bray} 在微生物数据分析网站(http://mem. rcees. ac. cn:8080)完成. 采用 SPSS22. 0 进行平均值比较(单样本 t 检验,显著性水平为 P < 0.05)、相关性分析、单因素方差分析(one-way ANOVA, 多重差异检验方法为 Tukey test)和拟合分析. 方差分析结果中显著性差异标记原则:具有相同字母标记的组间(如 a 组间或 ab 组间)为差异不显著(P > 0.05),具有不同字母标记的组间(如 a 组和 b 组间)为差异显著(P < 0.05). 图形绘制在 Origin 2018 完成.

2 结果与讨论

2.1 金泽水库上游来水及库区水质变化规律

测定金泽水库上游来水及库区各采样点地表水环境质量标准(GB 3838-2002)中的基本项目和水源地补充项目及 TOC. 研究区域主要污染物为氮、磷、有机物和石油类污染物[13]. 部分重要水质因子的分布规律如图 2 所示. 重要污染物的分布具有明显的

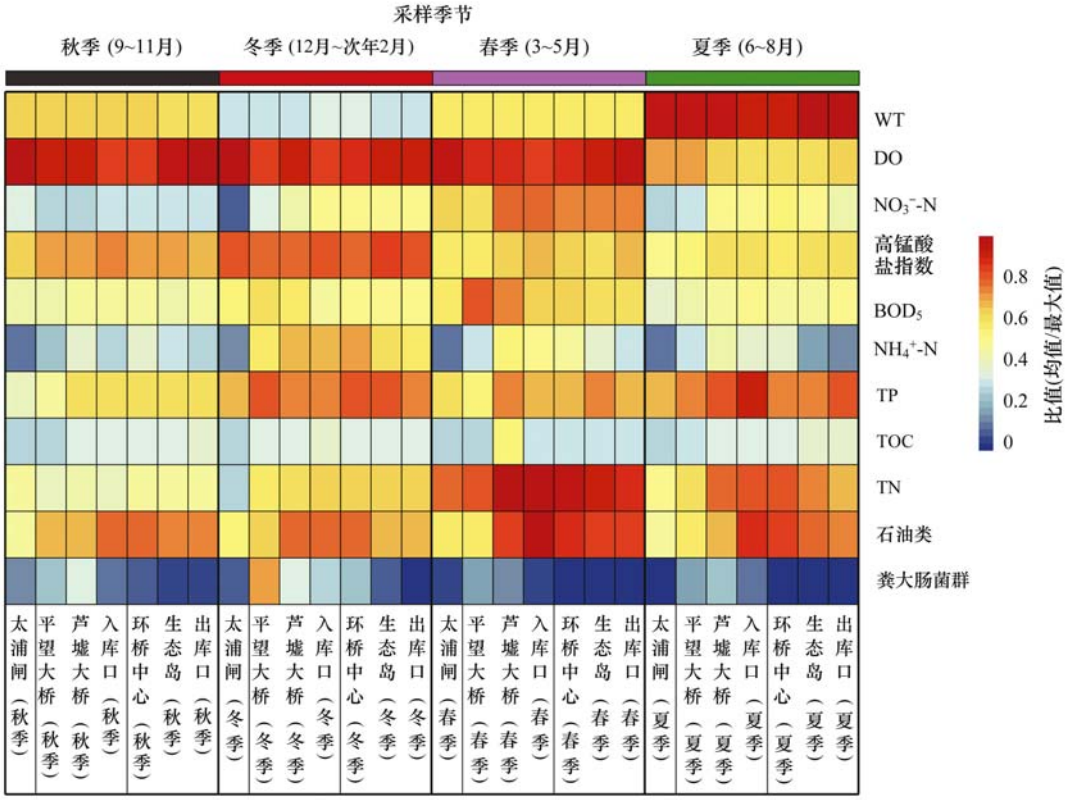


图 2 不同季节金泽水库来水及库区采样点水质因子分布热图

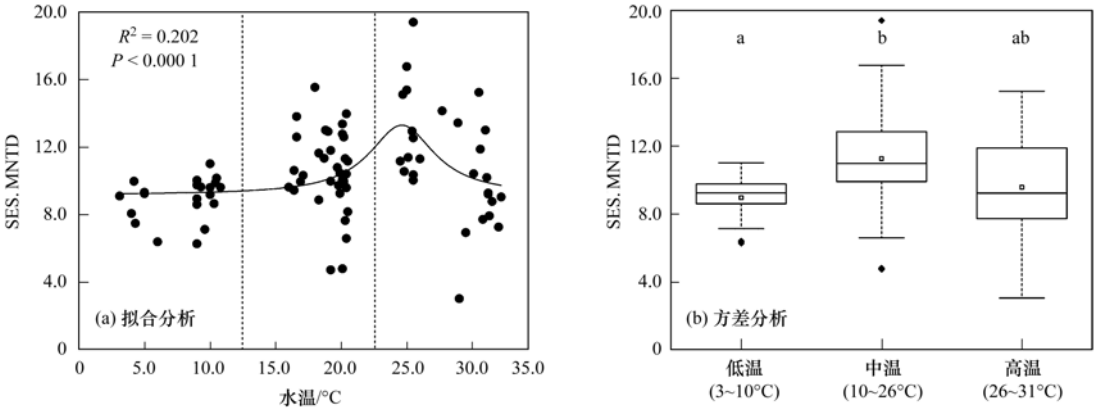
Fig. 2 Heat map of water quality factors of Jinze Reservoir water and reservoir area in different seasons

时空特征. 空间上，NO_3^--N、高锰酸盐指数、BOD_5、NH_4^+-N、TN、石油类、TOC 和粪大肠菌群呈现上游低而下游高趋势，太浦河沿程水质变化明显，主库区对水质有一定改善作用. 季节上，高锰酸盐指数、NH_4^+-N、TP 和粪大肠菌群，呈现冬季较高，其余季节略低的趋势，而 TN 和石油类则呈现春夏季较高，而秋冬季较低的趋势.

2.2　单一细菌群落系统发育程度

图 3 为样本 SES. MNTD 的分析结果. 所有样本中 SES. MNTD 平均值显著大于 2.0（单样本 t 检验 95% 置信下限为 9.79），这表明在各样本细菌群落中，细菌群落在系统发育上的聚类比预期分散得多. 此外，对水质因子和 SES. MNTD 进行相关性分析，结果表明：所有水质因子中，只有水温（$P<0.001$）与 SES. MNTD 有显著的相关关系，可解释 20.2% 的 SES. MNTD 方差，且非线性拟合效果显著（$P<0.0001$）. 如图 3（a），水温从 3.2℃ 增加到 26℃ 时，SES. MNTD 从 4.8 增加至 19.4，在水温大于 26℃ 时呈现下降趋势. 图 3（b）中，单因素方差分析结果表明：中温（10～26℃）样本 SES. MNTD 显著大于低温样本（3～10℃）（$P<0.05$），高温样本（26～31℃）介于中温和低温之间. 该结果表明水体温度是影响细菌群落系统发育程度的关键因子.

SES. MNTD 和温度的关系可能与外界干扰程度有关. 细菌群落在水温较低时（3～10℃），SES. MNTD 相对较低，群落物种共存关系更紧密，表示群落受到环境干扰程度更强. 一方面温度较低时，细菌代谢活性低，对环境变化耐受能力较差[14]. 另一方面，冬季生活用水量减少，高锰酸盐指数、NH_4^+-N和粪大肠菌群更高，显示更强的人类活动干扰.



图内小写字母表示相关性差异，下同

图 3　细菌群落 SES. MNTD 和水温的关系

Fig. 3　Relationship between bacterial community SES. MNTD and water temperature

2.3　确定性过程和随机性过程相对重要性的影响因素

研究细菌群落 β-NTI 的时空分布特征，空间上：β-NTI 均值分布为河道断面 > 上游断面 > 库内断面［图 4（a）］，但各组之间无显著性差异（$P>0.05$）. 季节上：冬季 > 夏季 > 秋季 > 春季［图 4（b）］，冬季和春季之间存在显著性差异（$P<0.05$）. 表明 β-NTI 季节性特征强于空间特征. 此外，对水质因子和 β-NTI 进行相关性分析，结果表明：所有水质因子中，NH_4^+-N（$P<0.001$）、NO_3^--N、TP、TN 及石油类（$P<0.01$）和 β-NTI 有显著的相关关系. 其中，NH_4^+-N和 β-NTI 的相关关系最强，可解释 16.8% 的 β-NTI 方差，且非线性拟合效果显著（$P<0.001$）［图 5（a）］. 从拟合模型来看，NH_4^+-N 浓度从 0.06 mg·L^{-1} 增加至 0.40 mg·L^{-1}时，β-NTI 较为平稳，细菌群落构建过程以随机性过程为主；NH_4^+-N浓度从 0.40 mg·L^{-1} 增加至 0.80 mg·L^{-1}时，β-NTI 呈现先增加后降低的趋势，细菌群落构建过程以确定性过程为主［图 5（a）］. 随着 NH_4^+-N浓度的增加，细菌群落主要生态过程从随机性过程过渡为确定性过程［图 5（b）］.

确定性过程和随机性过程的相对重要性可能与环境扰动有关. 环境扰动分为两类[15]：一类是营养物质的输入（包括：富营养化和原油污染），另一类是会减少生物量、增加死亡率的干扰作用（有毒物质汇入、极端温度和 pH）. 营养物质输入被认为可以通过刺激群落生长和降低群落生态位选择作用，进而提升随机性过程的相对重要性[16]. 干扰作用则会充当选择因子，提升确定性过程的相对重要性[17]. 本研究区域中，上游断面至河道断面，以工业废水为主的外源污染增加了两种环境干扰的作用强度，干扰作用对群落生态过程的影响大于养分输入［图 4（a）］，确定性过程的相对重要性略微增加. 河道断面至库内区域，封闭的环境和库区净化措施同时降低了两种环境扰动. 其中，干扰作用对群落生态过程的影响下降更为明显，随机性过程的相对重要

性略微增加[图4(a)]. 此外,干扰作用对细菌群落生态过程的影响还与季节有关[图4(b)]. 冬季由于水温较低,细菌活性差[14],干扰对细菌群落影响最明显,确定性过程相对重要性最高. 水体中 NH_4^+-N往往是新近污染的重要标志[18]. 与其他生态系统类似[10,19],当外源污染程度超过一定水平时(NH_4^+-N浓度 >0.40 mg·L^{-1}),随机性过程相对重要性会明显下降[图5(b)].

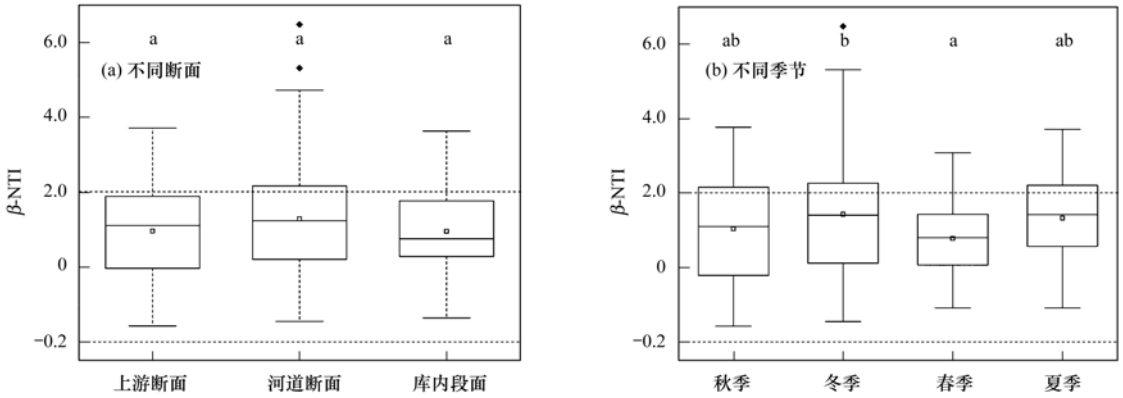


图4 β-NTI 在不同断面和季节样品分布

Fig. 4 Distribution of β-NTI in different sections and seasons

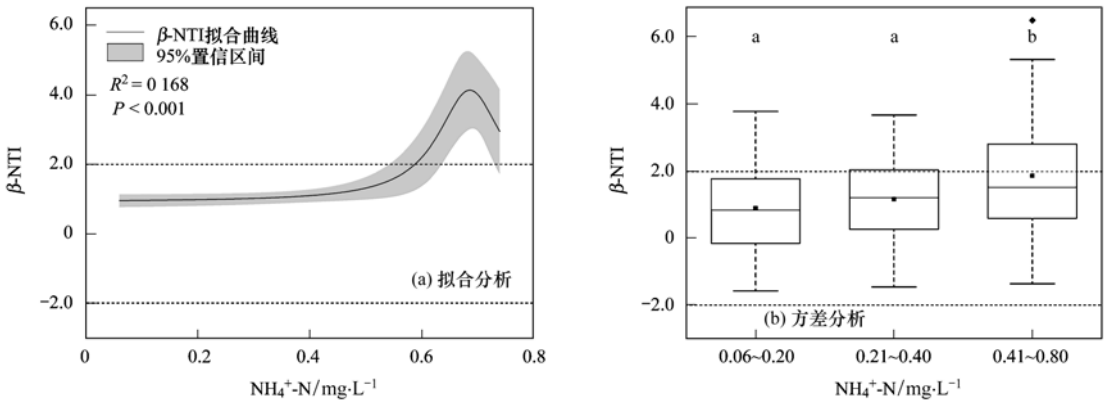


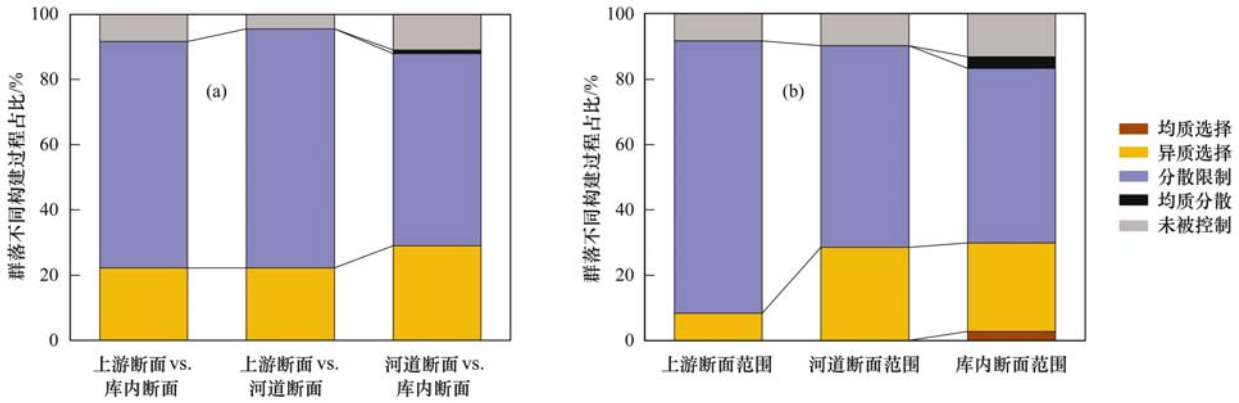
图5 细菌群落β-NTI 和NH_4^+-N的关系

Fig. 5 Relationship between β-NTI and NH_4^+-N in bacterial community

2.4 细菌群落构建过程

图6表明,控制研究区域采样点细菌群落变化的构建过程以分散限制(61.68%)和异质选择(26.65%)为主. 其中异质选择过程主要控制河道区域与库内断面间细菌群落组成的变化[图6(a)],而均质选择和均质分散过程主要控制库内断面范围内细菌群落组成的变化[图6(b)].

定量生态框架结果表明:控制细菌群落组成变



(a) 相同断面;(b) 不同断面

图6 金泽水库来水及库区不同群落之间生态过程

Fig. 6 Ecological process of the bacterial community in Jinze Reservoir water and reservoir area

化的生态过程主要为分散限制和异质选择. 采样点之间较大的空间距离(972 ~ 18 143 m)使得分散限制为细菌群落主要构建过程,这与厦门城市池塘生态系统[4]和新西兰高山池塘生态系统[20]的研究结果一致. 此外,关于流体生态系统中生态演替过程的模型表明[10]:养分输入可以通过刺激微生物生长增加随机性过程的重要性. 值得注意的是,异质选择也是控制细菌群落的重要构建过程,这可能与外源污染的汇入有关. 工业废水是太浦河主要的入河废水[13],废水的汇入会带来大量有机和无机污染物,极大地改变细菌群落的栖息环境[14]; 废水中存在的持久性有机污染物(POP)[21]、药品[22]、重金属[23]和个人护理产品[24]等干扰因素可能会增加死亡率和降低生物量,减少区域物种库的大小; 废水中还会带来大量的异源微生物[25],异源微生物进入水体后如果仍保持活性的话,则会对细菌群落组成产生较大影响[18]. 上述因素都可能增加确定性过程在细菌群落构建过程中的重要性.

3　结论

(1)金泽水库来水及区域细菌群落在系统发育上较为分散,相比于中温(10 ~ 26℃)水体,细菌群落在低温(3 ~ 10℃)水体中共生关系更为密切. 水体温度是影响细菌群落系统发育程度的重要环境因子.

(2)金泽水库来水及库区细菌群落确定性过程和随机性过程季节特征比空间特征更显著,确定性过程在冬季比夏季更为重要. 所有水质因子中,NH_4^+-N是影响两种过程相对重要性的关键因子,且与β-NTI 非线性拟合效果显著($P < 0.05$). 从拟合模型来看,NH_4^+-N浓度在 0.06 ~ 0.40 mg·L^{-1}时,细菌群落构建过程以随机性过程为主,NH_4^+-N浓度在 0.40 ~ 0.80 mg·L^{-1}时,细菌群落主要构建过程从随机性过程过渡为确定性过程.

(3)金泽水库来水及库区不同采样点之间细菌群落构建过程主要是分散限制(61.68%)和异质选择(26.65%).

参考文献:

[1] 杨浩, 张国珍, 杨晓妮, 等. 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[J]. 环境科学, 2017, **38**(4): 1704-1716.
Yang H, Zhang G Z, Yang X N, *et al*. Microbial community structure and diversity in cellar water by 16S rRNA high-throughput sequencing[J]. Environmental Science, 2017, **38**(4): 1704-1716.

[2] Newton R J, Jones S E, Eiler A, *et al*. A guide to the natural history of freshwater lake bacteria [J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 2011, **75**(1): 14-49.

[3] 杨浩, 杨晓妮, 张国珍, 等. 窖水中微生物降解污染物的关键细菌[J]. 环境科学, 2018, **39**(10): 4766-4777.
Yang H, Yang X N, Zhang G Z, *et al*. Key bacteria for the microbial degradation of pollutants in cellar water [J]. Environmental Science, 2018, **39**(10): 4766-4777.

[4] Hu A Y, Li S, Zhang L P, *et al*. Prokaryotic footprints in urban water ecosystems: a case study of urban landscape ponds in a coastal city, China[J]. Environmental Pollution, 2018, **242**: 1729-1739.

[5] Stegen J C, Lin X J, Konopka A E, *et al*. Stochastic and deterministic assembly processes in subsurface microbial communities[J]. The ISME Journal, 2012, **6**(9): 1653-1664.

[6] Shi Y, Li Y T, Xiang X J, *et al*. Spatial scale affects the relative role of stochasticity versus determinism in soil bacterial communities in wheat fields across the North China Plain[J]. Microbiome, 2018, **6**(1): 27.

[7] Fargione J, Brown C S, Tilman D. Community assembly and invasion: an experimental test of neutral versus niche processes [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2003, **100**(15): 8916-8920.

[8] Chesson P. Mechanisms of maintenance of species diversity[J]. Annual Review of Ecology and Systematics, 2000, **31**: 343-366.

[9] Hubbell S P. The unified neutral theory of biodiversity and biogeography[M]. Princeton, NJ: Princeton University Press, 2001.

[10] Zhou J Z, Deng Y, Zhang P, *et al*. Stochasticity, succession, and environmental perturbations in a fluidic ecosystem [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2014, **111**(9): E836-E845

[11] Tripathi B M, Stegen J C, Kim M, *et al*. Soil pH mediates the balance between stochastic and deterministic assembly of bacteria [J]. The ISME Journal, 2018, **12**(4): 1072-1083.

[12] Stegen J C, Lin X J, Fredrickson J K, *et al*. Quantifying community assembly processes and identifying features that impose them[J]. The ISME Journal, 2013, **7**(11): 2069-2079.

[13] 刘明坤, 童俊, 胡波, 等. 金泽水库上游来水及库区水质变化时空分布特征[J]. 环境科学, 2019, **40**(10): 4461-4468.
Liu M K, Tong J, Hu B, *et al*. Spatio-temporal distribution characteristics of the water quality in the Jinze reservoir and its inflow[J]. Environmental Science, 2019, **40**(10): 4461-4468.

[14] García-Armisen T, Inceoğlu Ö, Ouattara N K, *et al*. Seasonal variations and resilience of bacterial communities in a sewage polluted urban river[J]. PLoS One, 2014, **9**(3): e92579.

[15] Houseman G R, Mittelbach G G, Reynolds H L, *et al*. Perturbations alter community convergence, divergence, and formation of multiple community states[J]. Ecology, 2008, **89**(8): 2172-2180.

[16] Chase J M, Myers J A. Disentangling the importance of ecological niches from stochastic processes across scales[J]. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences, 2011, **366**(1576): 2351-2363.

[17] Chase J M. Drought mediates the importance of stochastic community assembly[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2007, **104**(44): 17430-17434.

[18] Li P Y, Wu J H, Qian H. Hydrochemical appraisal of groundwater quality for drinking and irrigation purposes and the major influencing factors: a case study in and around Hua County, China[J]. Arabian Journal of Geosciences, 2016, **9**(1): 15.

[19] Zuo R, Chen X J, Li X B, *et al*. Distribution, genesis, and pollution risk of ammonium nitrogen in groundwater in an arid loess plain, northwestern China [J]. Environmental Earth Sciences, 2017, **76**(17): 629.

[20] Santillan E, Seshan H, Constancias F, *et al*. Frequency of disturbance alters diversity, function, and underlying assembly mechanisms of complex bacterial communities[J]. npj Biofilms and Microbiomes, 2019, **5**(1): 8.

[21] Lear G, Bellamy J, Case B S, *et al*. Fine-scale spatial patterns in bacterial community composition and function within freshwater ponds[J]. The ISME Journal, 2014, **8**(8): 1715-1726.

[22] Echeveste P, Dachs J, Berrojalbiz N, *et al*. Decrease in the abundance and viability of oceanic phytoplankton due to trace levels of complex mixtures of organic pollutants [J]. Chemosphere, 2010, **81**(2): 161-168.

[23] Jie S Q, Li M M, Gan M, *et al*. Microbial functional genes enriched in the Xiangjiang River sediments with heavy metal contamination[J]. BMC Microbiology, 2016, **16**(1): 179.

[24] Hu A Y, Ju F, Hou L Y, *et al*. Strong impact of anthropogenic contamination on the co-occurrence patterns of a riverine microbial community[J]. Environmental Microbiology, 2017, **19**(12): 4993-5009.

[25] Shanks O C, Newton R J, Kelty C A, *et al*. Comparison of the microbial community structures of untreated wastewaters from different geographic locales [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2013, **79**(9): 2906-2913.

环境科学

HUANJING KEXUE Vol. 41 No. 9
Environmental Science (monthly) Sep. 15, 2020

CONTENTS