

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.11
第41卷 第11期

目次

中国工业源挥发性有机物排放清单 梁小明, 孙西勃, 徐建铁, 叶代启, 陈来国(4767)

中国水泥排放清单及分布特征 汤铃, 薛晓达, 伯鑫, 郭静, 王鹏, 翟文慧, 崔维庚, 汪寿阳, 李时蓓, 董广霞(4776)

环境空气 PM_{2.5} 化学组分监测数据审核指标的建立:以长三角地区为例 张哲, 乔利平, 周敏, 朱书慧, 郭会琴, 王红丽, 楼晟荣, 陶士康, 陈长虹(4786)

南京江北新区大气颗粒物化学组分的粒径分布特征 张毓秀, 于兴娜, 刘偲嘉, 安俊琳, 张程(4803)

郑州市 PM_{2.5} 化学组分的季节变化特征及来源解析 张剑飞, 姜楠, 段时光, 孙有昌, 郝祺, 张瑞芹(4813)

山西大学城 PM_{2.5} 中元素特征、来源及健康风险评估 李雪梅, 牟玲, 田妹, 郑利荣, 李杨勇(4825)

2000~2019年中国 PM_{2.5} 时空演化特征 夏晓圣, 汪军红, 宋伟东, 程先富(4832)

北京地区偏南风 and 偏东风条件下污染特征差异 尹晓梅, 乔林, 朱晓婉, 郭恒, 刘湘雪, 熊亚军(4844)

基于天气背景天津大气污染输送特征分析 蔡子颖, 杨旭, 韩素芹, 姚青, 刘敬乐(4855)

基于天气分型的上甸子大气本底站臭氧污染气象条件 吴进, 李琛, 马志强, 孙兆彬, 朱晓婉, 董璠(4864)

基于环境空气中 VOCs 在线监测数据精准识别化工园区 VOCs 排放源 孙佳宁, 谢绍东(4874)

芜湖市大气挥发性有机物污染特征、大气反应活性及源解析 高亢, 章慧, 刘梦迪, 赵晓宇, 吴婷, 贾其娜(4885)

密云水库上游白河地表水质对不同空间尺度景观格局特征的响应 张微微, 李晓娜, 王超, 赵春桥, 史瑞双(4895)

北京密云水库流域水体夏季 DOC 和 DIC 质量浓度及同位素组成初探 陈吉吉, 郭婧, 徐苏士, 陶蕾, 荆红卫(4905)

2009~2018年太湖湖泛强度变化及其影响因素 辛华荣, 朱广伟, 王雷松, 李骏, 陆隽(4914)

雷州半岛岭北地区地下水水文地球化学特征 张宏鑫, 吴亚, 罗炜宇, 陈雯, 刘怀庆(4924)

基于多环境介质氮素和同位素的滦平盆地地下水硝酸盐来源示踪 孙厚云, 卫晓锋, 贾凤超, 李多杰, 李健, 李霞, 殷志强(4936)

会仙岩溶湿地水体金属元素分布与健康风险评价 李军, 邹胜章, 梁永平, 林永生, 周长松, 赵一(4948)

太白山自然保护区水体 CDOM 吸收与三维荧光特征 张文浩, 赵铎霖, 王晓毓, 郝强州, 李喜梅, 高鹏程(4958)

强降雨对平原河网区入湖河道氮、磷影响 连心桥, 朱广伟, 杨文斌, 朱梦圆, 许海(4970)

长江流域淡水生态系统内分泌干扰物、药物和个人护理品的风险排序 苏超, 崔严(4981)

嘉兴市城市河网区多环芳烃污染源解析及生态风险评价 杨延梅, 赵航晨, 孟睿, 何连生, 赵昊, 杜士林, 丁婷婷(4989)

污水处理厂对漓江桂林市河段淡水生物中微塑料累积的影响 谢元沅, 张清科, 张漓杉, 钟山, 刘俊勇, 侯晓映, 王华, 冯静培, 梁祖鸿, 陈舞阳(4999)

村镇生活污水处理设施抗生素浓度分布规律 卢亚楠, 郭雅妮, 王坤, 陆伟东, 王拓, 柴玉峰, 柳蒙蒙, 钟慧, 陈梅雪, 魏源送(5008)

冬季小流域水体微生物多样性及影响因素 朱金山, 秦海兰, 孙启耀, 王宝珍, 高润霞, 郭锐利, 李武斌(5016)

水库热分层期沉积物中有机物特性及对好氧反硝化细菌脱氮的影响 王彤, 文刚, 黄廷林, 司凡, 王晨旭, 路林超, 林薇(5027)

长三角地区 MBBR 泥膜复合污水厂低温季节微生物多样性分析 韩文杰, 吴迪, 周家中, 何强, 阚渝姣(5037)

类群划分方法对南亚热带水库夏季浮游植物群落与环境响应关系的影响 郭芳, 顾继光, 赵剑, 余华章, 肖利娟(5050)

基于决策树的城市黑臭水体遥感分级 李玲玲, 李云梅, 吕恒, 徐杰, 杨子谦, 毕顺, 许佳峰(5060)

纳米零价铁强化微生物电催化-厌氧膜生物组合反应器抗膜污染能力及其调控机制 潘阳, 牛承鑫, 支忠祥, 王建辉, 陆雪琴, 戴金山, 甄广印, 孙彤彤, 康娜英(5073)

温度和基质浓度对厌氧氨氧化工艺中 N₂O 释放的影响 王丝可, 于恒, 左剑恶(5082)

以污泥发酵液与尾水混合液为补给碳源的 A²/O 污染物去除特性 荣懿, 邵劲博, 于优城, 石恒, 金鹏康(5089)

不同曝气比对连续流亚硝化颗粒污泥运行的影响 张杰, 劳会妹, 李冬, 魏子清(5097)

中温厌氧消化与高温厌氧消化对污泥重金属风险及稳定性的影响 田中科, 王芬, 闫钊(5106)

基于 PMF 模型及地统计的土壤重金属健康风险定量评价 韩琳, 徐夕博(5114)

再开发利用工业场地土壤重金属含量分布及生态风险 沈城, 刘霞雯, 吴健, 黄沈发, 王敏, 黄波涛(5125)

有机改性蒙脱土对苯的吸附机制和影响因素 侯静雯, 施维林, 高娟(5133)

硫酸亚铁和硝酸铁施用对根际土壤-水稻系统中镉迁移的影响 李义纯, 陈勇, 唐明灯, 李林峰, 林晓扬, 王艳红, 许迪豪, 艾绍英(5143)

叶用油菜和孔雀草间作对植物生长和镉累积的影响 闫秀秀, 徐应明, 王林, 陶雪莹, 孙约兵, 梁学峰(5151)

重金属固定细菌调控土壤铁氧化物阻控小麦 Cd 吸收效应 王晓宇, 韩辉(5160)

油-稻轮作模式下修复材料对土壤铜修复的持续性影响 赵颖颖, 李虹川, 胡宏祥, 薛中俊, 刘娜, 吴孟君(5168)

氮肥使用对北方夏玉米季氨挥发的影响 张薇, 倪邦, 许秀春, 杨轩, 孟凡乔(5176)

生物炭影响下土壤呼吸温度敏感性及细菌群落结构的变化 曹坤坤, 张沙沙, 胡学玉, 黄洋(5185)

铜尾矿白羊草重金属含量对叶际和根际真菌群落的影响 贾彤, 郭婷艳, 王瑞宏, 柴宝峰(5193)

典型水环境微生物源异味物研究进展 张海涵, 苗雨甜, 黄廷林, 刘凯文, 刘祥, 黄鑫, 杨尚业, 司凡, 李程遥(5201)

广告:国家微生物科学数据中心 (前插)

《环境科学》征订启事(4785) 《环境科学》征稿简则(4947) 信息(5015, 5124, 5132)

冬季小流域水体微生物多样性及影响因素

朱金山^{1,2}, 秦海兰², 孙启耀^{1,2}, 王宝珍^{1,2}, 高润霞³, 郭锐利⁴, 李武斌^{1,2*}

(1. 长江师范学院三峡库区环境监测与灾害防治工程技术研究中心, 重庆 408100; 2. 长江师范学院绿色智慧环境学院, 重庆 408100; 3. 重庆地质矿产研究院, 重庆 400042; 4. 濮阳市环境保护科学研究所, 濮阳 457000)

摘要: 小流域是农业面源、工业源发生和汇集的源头, 小流域的水质状况将直接影响着整个流域的水质安全。本文以重庆市涪陵区李渡新区小流域为研究对象, 结合高通量测序技术分析了小流域内径流及受纳水体微生物的群落特征, 考察了水体理化因子对水体中微生物多样性的影响。结果表明, 李渡新区小流域是受纳水体中亚硝态氮和溶解性有机碳的重要来源。小流域内流经不同污染源的水体微生物丰富度和多样性没有呈现显著的差异性, 微生物多样性指数与水体总磷 (r 为 $-0.79 \sim -0.84$, $P \leq 0.01$) 和磷酸盐 (r 为 $-0.71 \sim -0.80$, $P \leq 0.01$) 含量均呈极显著负相关关系。门水平上, 流经农业区的径流以放线菌门 ($37.33\% \pm 14.69\%$) 占比最大, 其次是变形菌门 ($32.53\% \pm 7.18\%$)、蓝细菌门 ($14.65\% \pm 22.64\%$) 和拟杆菌门 ($8.50\% \pm 3.67\%$) 等; 流经工业区的径流以变形菌门 ($43.67\% \pm 10.80\%$) 占比最大, 其次是拟杆菌门 ($25.33\% \pm 11.97\%$)、放线菌门 ($24.17\% \pm 14.66\%$) 和厚壁菌门 ($2.53\% \pm 0.72\%$) 等。属水平上, 流经农业区的径流以 *hgcI* clade ($19.08\% \pm 13.46\%$) 占比最大, 其次是 *CL500-29_marine_group* ($7.40\% \pm 4.44\%$) 和 *Limnohabitans* ($7.05\% \pm 3.14\%$) 等; 流经工业区的径流以黄杆菌属 ($20.40\% \pm 12.37\%$) 占比最大, 其次是 *hgcI* clade ($15.30\% \pm 11.11\%$) 和不动杆菌属 ($9.33\% \pm 11.50\%$) 等, 径流水体中的黄杆菌属可能与流域内工业源的输入有关。亚硝态氮、总磷、磷酸盐、pH 和 Zn^{2+} 等是影响小流域水体微生物群落的主要环境因子, 对微生物群落的解释量分别为 0.26、0.21、0.20、0.15 和 0.14。DOC、硝态氮、 Cu^{2+} 、 Zn^{2+} 、 Mn^{2+} 和 As^{3+} 等也与水体中某些微生物菌属的占比存在一定的相关关系。

关键词: 小流域; 水体; 微生物群落; 多样性; 来源; 影响因素

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2020)11-5016-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.202003045

Microbial Diversity and Influencing Factors in a Small Watershed in Winter

ZHU Jin-shan^{1,2}, QIN Hai-lan², SUN Qi-yao^{1,2}, WANG Bao-zhen^{1,2}, GAO Run-xia³, GUO Rui-li⁴, LI Wu-bin^{1,2*}

(1. Research Center for Environmental Monitoring, Hazard Prevention of Three Gorges Reservoir, Yangtze Normal University, Chongqing 408100, China; 2. Green Intelligence Environmental School, Yangtze Normal University, Chongqing 408100, China; 3. Chongqing Institute of Geology and Mineral Resources, Chongqing 400042, China; 4. Puyang Institute of Environmental Protection Sciences, Puyang 457000, China)

Abstract: The water quality of a small watershed will directly affect the water quality safety of the entire watershed. The Lidu small watershed of the Fulin District in Chongqing was selected for this study. The characteristics of runoff and the microbial community in the receiving water body were analyzed by high-throughput sequencing technology. The effects of the physical and chemical factors of the water body on the microbial diversity in the water body were also investigated. The results showed that the small watershed of Lidu was an important source of nitrite and dissolved organic carbon for the receiving water. There was no significant difference in the microbial richness and diversity of the water flowing through different pollution sources in the small watershed, and the microbial diversity index was negatively correlated with the total phosphorus ($r = -0.79 \sim -0.84$, $P \leq 0.01$) and phosphate ($r = -0.71 \sim -0.80$, $P \leq 0.01$) of the water. At the phylum level, Actinobacteria ($37.33\% \pm 14.69\%$) accounted for the largest proportion of runoff flowing through the agricultural area, followed by Proteobacteria ($32.53\% \pm 7.18\%$), Cyanobacteria ($14.65\% \pm 22.64\%$), Bacteroidetes ($8.50\% \pm 3.67\%$), and others. Proteobacteria ($43.67\% \pm 10.80\%$) accounted for the largest proportion of runoff flowing through the industrial area, followed by Bacteroidetes ($25.33\% \pm 11.97\%$), Actinobacteria ($24.17\% \pm 14.66\%$), Firmicutes ($2.53\% \pm 0.72\%$), and others. At the genus level, *hgcI* clade ($19.08\% \pm 13.46\%$) accounted for the largest proportion of runoff flowing through the agricultural area, followed by *CL500-29_marine_group* ($7.40\% \pm 4.44\%$), *Limnohabitans* ($7.05\% \pm 3.14\%$), and others. *Flavobacterium* ($20.40\% \pm 12.37\%$) accounted for the largest proportion of runoff flowing through the industrial area, followed by *hgcI* clade ($15.30\% \pm 11.11\%$), *Acinetobacter* ($9.33\% \pm 11.50\%$), and others. The *Flavobacterium* in the runoff water may be related to the input of industrial sources in the watershed. Nitrous nitrogen, total phosphorus, phosphate, pH, and Zn^{2+} were the main environmental factors that affected the microbial community in the small watershed. They can explain the variance of microbial community 0.26, 0.21, 0.20, 0.15, and 0.14, respectively. DOC, nitrate nitrogen, and heavy metal ions such as Cu^{2+} , Zn^{2+} ,

收稿日期: 2020-03-04; 修订日期: 2020-05-22

基金项目: 国家自然科学基金项目(41401594); 重庆市科委基础与前沿项目(CSTC2018JCYJAX0303); 重庆市教委青年项目(KJQN201801422); 长江师范学院科研资助项目(2017KYQD51); 重庆市教委高校创新研究群体-三峡库区生态变化智能监控与修复创新群体项目(CXQT19030)

作者简介: 朱金山(1983~), 男, 博士, 副研究员, 主要研究方向为污染生态学, E-mail: jszhu@163.com

* 通信作者, E-mail: liwubin@163.com

Mn^{2+} , and As^{3+} were also related to the proportion of some microorganisms in the water.

Key words: small watershed; water; microbial community; diversity; source; influence factor

微生物是水域生态系统的重要组成部分,既受到水域水质因子的影响,又对水域水质有着反作用^[1],因此,水域微生物群落状况与水质状况有着密切的联系^[2],并能够反映特定水体的水质状况^[3].小流域是农业面源、工业源发生和汇集的源头,小流域的水质状况将直接影响着整个流域的水质安全.目前关于小流域的研究主要集中在对小流域径流氮磷输出^[4]、盐基离子排放^[5]、抗生素污染分布^[6]和溶解性碳的来源特征等^[7],而对小流域水体微生物群落特征及影响因素的研究还未见报道.长江流域水系发达,小流域众多,因此,小流域在整个长江流域生态环境保护中起着不可或缺的作用,而随着长江上游生态保护屏障建设上升为国家战略,对长江上游小流域污染的防控与治理就显得更为迫切.因此,本文以长江上游典型的小流域——重庆市涪陵区李渡新区小流域为研究对象,对小流域内流经不同污染源的水体断面进行采样分析,并结合高通量测序技术(Illumina)分析了小流域内径流水体及接纳水体微生物的群落特征,考察了微生物的群落特征与水体理化因子的关系,并探讨小流域水体微生物组成对接纳水体微生物组成的可能影响,其结果对小流域水环境质量和生态保护具有重要的指导意义,同时也对长江上游水环境保护及管理提供重要借鉴.

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

李渡新区位于涪陵西部,距涪陵主城 12 km,是涪陵规划的新城区和工业园区,属中亚热带湿润气候,地势由西北向东南升高.常年平均气温 18.1℃,平均降水量 1 072 mm,海拔 175 ~ 980 m 之间,沿江优势明显,土壤以灰棕紫色水稻土为主.农作物主要为水稻、玉米和红苕等^[8].李渡工业园区重点发展食品医药、新材料、装备制造等.

1.2 样品的采集与制备

本文结合涪陵李渡新区小流域不同河段流经区域的污染物排放特征分别在支流水体流经农业耕作区、工业园区、入江口等水域设置采样点,并根据采样位点对采集的水样进行分类,采样点上游河段仅流经农业耕作区的归入 A 组,包括 XLY1、XLY2、XLY4 和 XLY6 等 4 个采样点位.采样点上游河段先流经农业耕作区又流经工业园区的归入 B 组,包括 XLY3、XLY10 和 XLY11 等 3 个采样点位.由于支流

河段水深小于 1 m,且河宽小于 5 m,因此只在河中央水面下 0.5 m 处采集水样.在入江口干支流汇集后采集的样品归入 C 组,包括 XLY5、XLY7、XLY8 和 XLY9 等 4 个采样点位.入江口每个采样点位分别在水面下 0.5 m 处、河底以上 0.5 m 处采样水样,混合后代表该采样点位的水样.采样时间为 2018 年 11 月 29 ~ 30 日,采样时段为下午 14:00 ~ 17:00.采样点分布见图 1.样品采集时,使用灭菌的聚四氟乙烯塑料瓶在水面下 0.5 m 处采集水样,用于微生物分析的水样通过 0.22 μm 的滤膜进行抽滤,过滤好后的滤膜放置在无菌离心管中于 -80℃ 保存,并使用 15 kg 干冰送测.测定溶解性有机碳(dissolved organic carbon, DOC)的水样经 0.45 μm 的滤膜过滤后,装入普通玻璃样品瓶中,冷藏避光保存.测定水体理化性质水样用尼龙筛网过滤去除杂质后,冷藏保存待测.

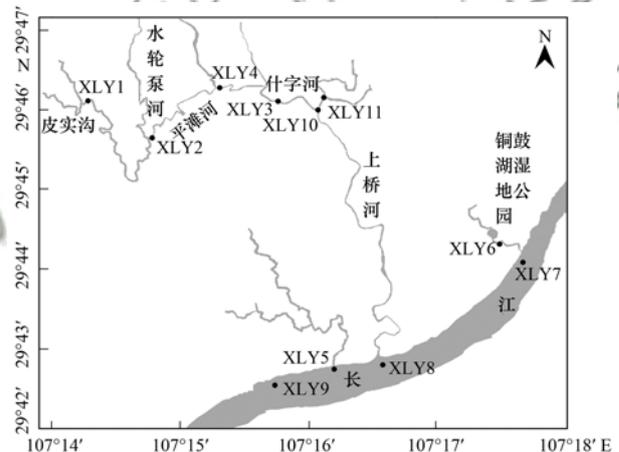


图 1 李渡新区小流域水体采样点示意

Fig. 1 Schematic diagram of water sampling points in the small watershed of the Lidu New Area

1.3 样品理化性质的测定

水样 pH 采用 pH 计直接测定,铵态氮、硝态氮和亚硝态氮采用紫外分光光度法测定.水样经消解后,用电感耦合等离子体发射光谱仪(ICP-3000)测定水样中 Mn^{2+} 、 As^{3+} 、 Fe^{3+} 、 Cd^{2+} 、 Zn^{2+} 、 Pb^{2+} 、 Cu^{2+} 、 Ni^{2+} 和 Cr^{6+} 的质量浓度.水样化学需氧量(chemical oxygen demand, COD)采用化学需氧量消解仪法测定.水样 DOC 采用总有机碳分析仪测定.

1.4 样品微生物分析

用于微生物分析的样品送到上海派森诺生物科技股份有限公司进行微生物组总 DNA 提取,目标片段 PCR 扩增,扩增区域为标准细菌 16S V3-V4,引物为 338F (ACTCCTACGGGAGGCAGCA) 和

806R (GGACTACHVGGGTWTCTAAT), 产物回收纯化、荧光定量、文库制备及 Illumina MiSeq 高通量测序。

1.5 数据分析

序列数据统计: 首先对样品进行平行测序, 随后采用滑动窗口法对双端序列做质量初筛, 利用 FLASH 软件对重叠碱基进行配对连接, 运用 QIIME 软件识别疑问序列, 调用 USEARCH 工具剔除嵌合体序列, 从而获得样本有效序列, 最后对其进行生物信息统计分析。

OTU 分析数据: 运用 QIIME 软件, 调用 UCLUST 这一序列比对工具, 对取得的序列按相似度为 97% 的序列进行归并和 OTU 划分, 并选取每个 OTU 中丰度最高的序列作为该 OTU 的代表序列, 进行生物信息统计分析。对 OTU 丰度矩阵中的全体样本按最低测序深度水平进行随机重抽样, 用 QIIME 软件获得每个样本 Chao1、ACE、Simpson 和 Shannon 指数。使用 QIIME 软件, 获取各样本在门、纲、目、科和属

水平上的组成和丰度。

典型对应分析 (canonical correspondence analysis, CCA) 通过 CANOCO FOR WINDOWS 4.5 进行。相关性分析采用 SPSS13.0 进行。数据和图表采用 Excel 及 CANOCO FOR WINDOWS 4.5 进行, 多重比较采用 LSD 法检验。

2 结果与讨论

2.1 水体理化性质分析

A、B 和 C 这 3 组水样的基本理化性质见表 1。总体上水质偏弱碱性, 水体总磷均大于 $0.02 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 且水体中仅硝态氮的浓度就已经大于 $0.2 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 的临界值。说明 3 个区域水体均存在水体富营养化的风险。刘远模^[8]对李渡新区主要农作物的施肥情况进行的调查也发现, 该区域氮肥施用过多, 部分氮素养分随径流进入水体, 引起水体富营养化。同时, 城镇生活污水的排放, 也加剧了小流域水体富营养化的进程。

表 1 水体的基本理化性质¹⁾

Table 1 Basic physical and chemical properties of the water samples

项目	A 组	B 组	C 组
pH	8.26 ± 0.25a	8.61 ± 0.51a	8.21 ± 0.38a
氨氮/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.11 ± 0.02a	0.08 ± 0.05ab	0.07 ± 0.01b
硝态氮/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.88 ± 0.16a	0.99 ± 0.40a	0.82 ± 0.54a
亚硝态氮/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.06 ± 0.01a	0.11 ± 0.03b	0.03 ± 0.01c
总磷/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.09 ± 0.08a	0.10 ± 0.07a	0.04 ± 0.02a
磷酸盐/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.06 ± 0.05a	0.07 ± 0.05a	0.02 ± 0.01a
硫化物/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.02 ± 0.01a	0.03 ± 0.02a	0.02 ± 0.01a
DOC/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	5.94 ± 3.67ab	6.19 ± 2.12b	3.39 ± 1.28a
Mn^{2+} / $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.07 ± 0.09a	0.03 ± 0.01a	0.02 ± 0.01a
As^{3+} / $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.01 ± 0.01a	0.02 ± 0.02a	0.01 ± 0.02a
Fe^{3+} / $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.22 ± 0.19ab	0.13 ± 0.04a	0.35 ± 0.23b
Zn^{2+} / $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.03 ± 0.01a	0.01 ± 0.00b	0.03 ± 0.02a
Pb^{2+} / $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.02 ± 0.01a	0.02 ± 0.02ab	0.03 ± 0.01b
Cu^{2+} / $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.00 ± 0.00a	0.00 ± 0.00a	0.00 ± 0.00a
Ni^{2+} / $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.01 ± 0.00a	0.00 ± 0.00b	0.00 ± 0.00b
Cr^{6+} / $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.01 ± 0.00a	0.01 ± 0.01a	0.00 ± 0.00a

1) a、b 和 c 表示组间差异是否显著, 相同字母表示组间差异不显著, 不同字母表示组间差异显著

水体理化性质在 A 组和 B 组样品之间存在显著性差异的因子为亚硝态氮、 Zn^{2+} 和 Ni^{2+} , 其中 $A > B$ 的因子为 Zn^{2+} 和 Ni^{2+} , 说明 Zn^{2+} 和 Ni^{2+} 主要来源于农业源的贡献。A < B 的因子为亚硝态氮, 说明亚硝态氮主要来源于工业源的贡献。 Zn^{2+} 是水稻、玉米等农作物不可或缺的微量元素, 流域内粪肥和专用锌肥的施用增加了 Zn^{2+} 通过地表径流进入临近水体的风险^[9]。此外, 粪肥、化肥及农药的施用, 也增加了农区土壤中 Ni^{2+} 的积累^[10]。水体理化性质在 B 组和 C 组样品之间存在显著性差异的因子为亚硝态氮、DOC、 Fe^{3+} 和 Zn^{2+} 。B > C 的因子包括亚硝态

氮和 DOC, 说明李渡新区小流域是长江干流水体中亚硝态氮和 DOC 的重要来源。水体理化性质如 pH、硝态氮、总磷、磷酸盐、硫化物、 Mn^{2+} 、 As^{3+} 、 Cu^{2+} 和 Cr^{6+} 在 A、B 和 C 组水样之间无显著差异, 而亚硝态氮含量存在显著性差异 ($P_{AB} = 0.03$; $P_{AC} = 0.02$; $P_{BC} = 0.02$)。

2.2 OTU 及多样性分析

样品中 OTU 交叠情况见图 2。从中可以看出, 3 组水样中含有的微生物种类分别为 3 724 个、2 610 个和 2 993 个。A 组和 B 组共有种类 1 678 个, A 组和 C 组共有种类 1 662 个, B 组和 C 组共有种类 1 254

个, A、B 和 C 组共有种类 1 011 个. 去除丰度值低于全体样本测序总量 0. 001% 的 OTUs, 分类出的 OTUs 包含 16 220 个门、16 200 个纲、15 885 个目、14 490 个科和 12 328 个属.

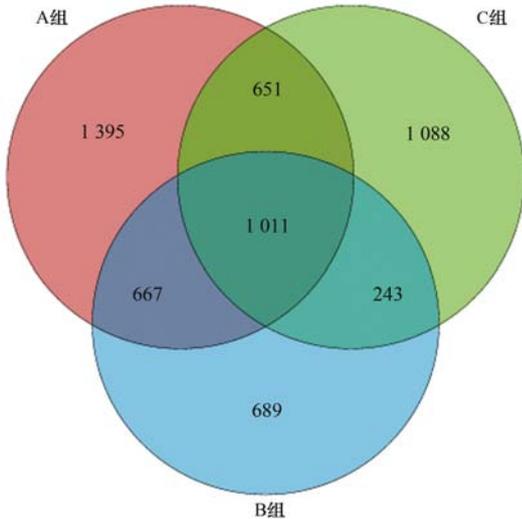


图 2 OTUs 重叠 Venn 图

Fig. 2 OTUs overlapping Venn diagram

3 组水样中微生物占比数据对采样点分组的 PLS-DA 偏最小二乘法判别分析的结果见图 3, 其中每个样点代表一个样本, 颜色相同的样点属于同一分组, 相同分组的样点以椭圆标出. 同一分组的样点彼此之间距离越近, 同时不同分组的样点之间的距离越远, 表明分组效果越好. 从图 3 中可以看出, A 组内 XLY1 与其他 3 个样点差异较大, B 组内 XLY3 与其他两个样点差异较大, 但总体上分组效果较好. A、B 和 C 组之间存在显著的差异.

由图 4(a) 可知, Chao1 指数和 ACE 指数表现为 $A < C < B$, 也即 3 组水样微生物的丰富度表现为 $A < C < B$. 由图 4(b) 可知, 由 Simpson 指数和 Shannon 指数表征的微生物多样性, 均表现为 $A < B < C$.

但 T-test 检验的结果表明, A、B 和 C 组水体微

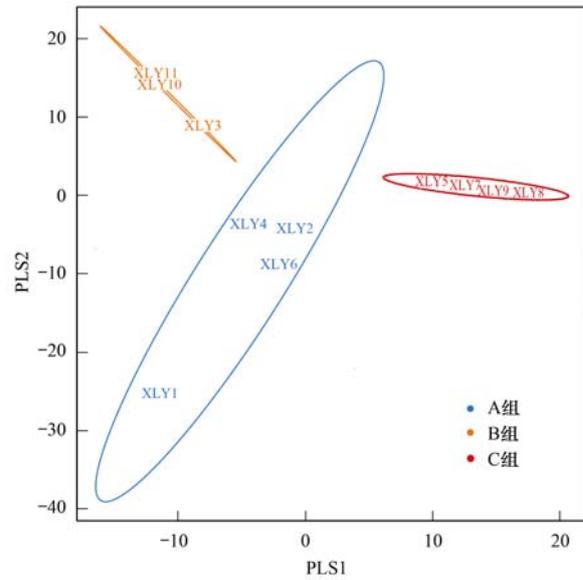


图 3 采样点分组的 PLS-DA 偏最小二乘法判别分析

Fig. 3 Partial least squares discriminant analysis of the sample grouping

生物的 Simpson 指数 ($P_{AB} = 0.33$; $P_{AC} = 0.21$; $P_{BC} = 0.14$)、Shannon 指数 ($P_{AB} = 0.28$; $P_{AC} = 0.37$; $P_{BC} = 0.33$)、Chao1 指数 ($P_{AB} = 0.29$; $P_{AC} = 0.26$; $P_{BC} = 0.47$) 和 ACE 指数 ($P_{AB} = 0.49$; $P_{AC} = 0.46$; $P_{BC} = 0.43$) 差异不显著.

表 2 列出了群落多样性指数与环境因子之间 Spearman 相关性分析的结果. 从表 2 中可以看出, 总磷 (r 为 $-0.79 \sim -0.84$, $P \leq 0.01$) 和磷酸盐含量 (r 为 $-0.71 \sim -0.80$, $P \leq 0.01$) 均与生物多样性指数呈极显著负相关关系. 其他环境因子与水体微生物群落多样性指数之间相关关系不显著.

2.3 微生物群落分析

门水平上 (见表 3), A 组水样中占比最大的微生物菌门是放线菌门, 其次是变形菌门、蓝细菌门和拟杆菌门等, B 组水样中占比最大的是变形菌门, 其次是拟杆菌门、放线菌门和厚壁菌门等, C 组水样中

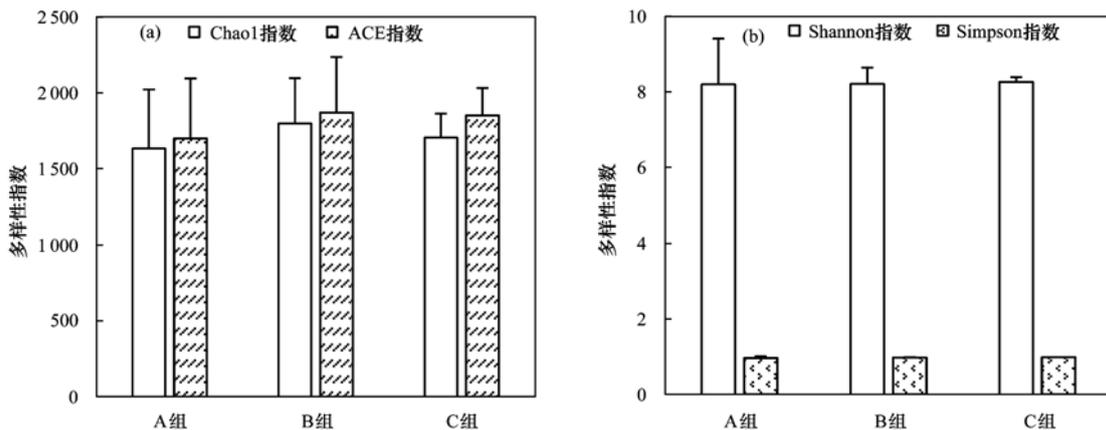


图 4 多样性指数之间的对比

Fig. 4 Comparison of diversity indexes

表 2 群落多样性与环境因子的关系¹⁾

Table 2 Spearman correlation analysis of diversity index and environmental factors

项目	Simpson 指数		Chao1 指数		ACE 指数		Shannon 指数	
	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>
pH	-0.34	0.31	-0.46	0.15	-0.52	0.10	-0.39	0.24
磷酸盐	-0.80	0.00	-0.71	0.01	-0.78	0.01	-0.76	0.01
氨氮	0.10	0.77	0.22	0.51	0.26	0.44	0.34	0.30
硝态氮	0.10	0.77	-0.04	0.91	-0.07	0.84	0.12	0.72
亚硝态氮	-0.28	0.41	-0.14	0.69	-0.21	0.53	-0.22	0.51
总磷	-0.84	0.00	-0.79	0.00	-0.84	0.00	-0.83	0.00
硫化物	0.17	0.62	-0.12	0.73	-0.11	0.75	0.09	0.79
Mn ²⁺	0.24	0.48	0.05	0.89	-0.03	0.92	0.48	0.14
As ³⁺	0.24	0.47	0.22	0.51	0.24	0.48	0.22	0.51
Fe ³⁺	0.30	0.37	0.07	0.84	0.14	0.69	0.30	0.38
Zn ²⁺	0.12	0.74	0.01	0.97	0.10	0.76	0.18	0.60
Pb ²⁺	0.27	0.43	0.26	0.48	0.31	0.36	0.15	0.65
Cu ²⁺	-0.32	0.33	-0.37	0.26	-0.47	0.15	-0.30	0.37
Ni ²⁺	-0.27	0.42	-0.03	0.94	-0.05	0.89	-0.09	0.80
Cr ⁶⁺	0.18	0.59	0.45	0.17	0.50	0.12	0.32	0.34
DOC	-0.01	0.98	0.08	0.81	-0.04	0.91	0.21	0.54

1) $P < 0.05$ 表示二者存在显著相关性; $P < 0.01$ 表示二者存在极显著相关性

表 3 水体微生物在门水平上所占的比例¹⁾/%

Table 3 Proportion of bacteria in the water at a phylum level/%

项目	A 组	B 组	C 组
变形菌门 (Proteobacteria)	32.53 ± 7.18a	43.67 ± 10.80a	37.13 ± 13.42a
放线菌门 (Actinobacteria)	37.33 ± 14.69a	24.17 ± 14.66a	33.93 ± 11.90a
蓝细菌门 (Cyanobacteria)	14.65 ± 22.64ab	0.63 ± 0.45b	18.18 ± 9.12a
拟杆菌门 (Bacteroidetes)	8.50 ± 3.67a	25.33 ± 11.97b	4.20 ± 1.12c
浮霉菌门 (Planctomycetes)	1.83 ± 1.77a	0.30 ± 0.17b	1.68 ± 0.64a
绿弯菌门 (Chloroflexi)	2.25 ± 3.14ab	0.03 ± 0.06a	0.30 ± 0.08b
厚壁菌门 (Firmicutes)	0.20 ± 0.20a	2.53 ± 0.72b	0.38 ± 0.25a
装甲菌门 (Armatimonadetes)	0.13 ± 0.13a	0.00 ± 0.00b	2.03 ± 1.32c
酸杆菌门 (Acidobacteria)	1.20 ± 1.50a	0.03 ± 0.06b	0.88 ± 0.13a
梭杆菌门 (Fusobacteria)	0.10 ± 0.08a	1.60 ± 2.34ab	0.00 ± 0.00b
Epsilonbacteraeota	0.10 ± 0.08a	1.20 ± 0.52b	0.13 ± 0.05a
疣微菌门 (Verrucomicrobia)	0.28 ± 0.29ab	0.10 ± 0.10a	0.40 ± 0.29b
芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes)	0.23 ± 0.17a	0.03 ± 0.06b	0.25 ± 0.13a
硝化螺旋菌门 (Nitrospirae)	0.25 ± 0.50ab	0.00 ± 0.00a	0.13 ± 0.10b
Patescibacteria	0.10 ± 0.12a	0.10 ± 0.00a	0.25 ± 0.37a
互养菌门 (Synergistetes)	0.03 ± 0.05a	0.10 ± 0.00b	0.00 ± 0.00a

1) a、b 和 c 表示组间差异是否显著,相同字母表示组间差异不显著,不同字母表示组间差异显著

占比最大的是变形菌门,其次是放线菌门、蓝细菌门和拟杆菌门等.微生物占比在 A 组和 B 组水样之间存在显著性差异的菌门为拟杆菌门、浮霉菌门、厚壁菌门、装甲菌门、酸杆菌门、Epsilonbacteraeota、芽单胞菌门和互养菌门.其中 $A > B$ 的菌门包括浮霉菌门、装甲菌门、酸杆菌门和芽单胞菌门,说明这些菌门主要来源于农业源的贡献.其中, $A < B$ 的菌门包括拟杆菌门、厚壁菌门、Epsilonbacteraeota 和互养菌门,说明这些菌门主要来源于工业源的贡献.本文中流经工业园区的 B 组水样中厚壁菌门的占比是其他两组水样的 6.66 ~ 12.65 倍, T -test 检验的结果也表明, B 组与 A 和 C 组之间均存在显著性差异.同

时,拟杆菌门、Epsilonbacteraeota 和互养菌门的占比也表现为 B 组水样最大, B 组与 A 和 C 组之间均存在显著性差异.

微生物占比在 B 组和 C 组水样之间存在显著性差异的菌门为蓝细菌门、拟杆菌门、浮霉菌门、绿弯菌门、厚壁菌门、装甲菌门、酸杆菌门、Epsilonbacteraeota、疣微菌门、芽单胞菌门、硝化螺旋菌门和互养菌门.其中 $B > C$ 的菌门包括拟杆菌门、厚壁菌门、Epsilonbacteraeota 和互养菌门,说明李渡新区小流域是长江干流水体这些微生物菌门的重要来源.微生物占比在 A、B 和 C 组水样之间无显著性差异的菌门包括变形菌门、放线

菌门和 Patescibacteria 等. 在 A、B 和 C 之间均存在显著性差异的菌门包括拟杆菌门和装甲菌门等.

属水平上(见表 4), A 组水样中占比最大的微生物菌属是 *hgcl_clade*, 其次是 *CL500-29_marine_group*、*Limnohabitans*、红育菌属、黄杆菌属和 *Polynucleobacter* 等, B 组水样中占比最大的是黄杆菌属, 其次是 *hgcl_clade*、不动杆菌属、*Limnohabitans*、红育菌属、假单胞菌属和噬氢菌属等, C 组水样中占比最大的是 *hgcl_clade*, 其次是 *CL500-29_marine_group*、*Limnohabitans*、红育菌属和 *Polynucleobacter* 等. B 组水样中黄杆菌属的占比是 A 组水样的 4.55 倍, 是 C 组水样的 21.47 倍. 但 B 组水样中 *CL500-29_marine_group* 的占比是 A 组水样

的 1/5, 是 C 组水样的 1/8. 而在 A、B 和 C 这 3 组水样中占比较大的 *hgcl_clade*、*Limnohabitans* 和红育菌属等菌属间无显著性差异. 与 A 和 C 两组水样相比较, B 组水样中占比明显增大的菌属是黄杆菌属和噬氢菌属等.

属水平上, 微生物占比在 A 组和 B 组水样之间存在显著性差异的菌属为黄杆菌属、*CL500-29_marine_group*、Chloroplast 目某属、噬氢菌属、*Virgulinema_fragilis* 和 *Armatimonas*. 其中 A > B 的菌属包括 *CL500-29_marine_group*、Chloroplast 目某属、*Virgulinema_fragilis* 和 *Armatimonas*, 说明这些菌属主要来源于农业源的贡献. 其中, A < B 的菌属包括黄杆菌属和噬氢菌属, 也进一步说明这些菌属主要来源于工业源的贡献.

表 4 水体微生物在属水平上所占的比例¹⁾/%

Table 4 Proportion of bacteria in the water at a genus level/%

项目	A 组	B 组	C 组
<i>hgcl_clade</i>	19.08 ± 13.46a	15.30 ± 11.11a	18.43 ± 10.86a
<i>Limnohabitans</i>	7.05 ± 3.14a	7.73 ± 1.62a	9.28 ± 6.24a
黄杆菌属 (<i>Flavobacterium</i>)	4.48 ± 2.93a	20.40 ± 12.37b	0.95 ± 0.29c
<i>CL500-29_marine_group</i>	7.40 ± 4.44a	1.50 ± 1.31b	12.23 ± 1.31c
Chloroplast 目某属	10.70 ± 18.64ab	0.10 ± 0.10b	8.13 ± 3.97a
红育菌属 (<i>Rhodoferrax</i>)	4.58 ± 2.93a	6.90 ± 2.52a	3.70 ± 5.07a
<i>Polynucleobacter</i>	4.28 ± 3.33a	3.37 ± 3.07a	3.50 ± 3.23a
不动杆菌属 (<i>Acinetobacter</i>)	0.45 ± 0.83a	9.33 ± 11.50a	2.18 ± 2.64a
Chloroplast 目某属	1.83 ± 2.00a	0.20 ± 0.10b	6.45 ± 3.86c
假单胞菌属 (<i>Pseudomonas</i>)	0.88 ± 1.48ab	4.07 ± 3.37a	0.28 ± 0.10b
<i>Pseudarcicella</i>	1.70 ± 1.50ab	2.20 ± 1.06a	0.58 ± 0.42b
<i>Aurantimicrobium</i>	2.25 ± 2.28a	1.57 ± 0.31a	0.25 ± 0.17b
Microbacteriaceae 科某属	1.93 ± 1.96a	1.83 ± 0.61a	0.10 ± 0.08b
噬氢菌属 (<i>Hydrogenophaga</i>)	0.63 ± 0.66a	3.17 ± 2.22b	0.38 ± 0.24a
食酸菌属 (<i>Acidovorax</i>)	1.20 ± 0.91a	1.27 ± 0.35a	0.90 ± 1.07a
Burkholderiaceae 科某属	1.08 ± 0.60a	0.77 ± 0.15a	0.85 ± 0.25a
<i>Virgulinema_fragilis</i>	0.50 ± 0.59a	0.03 ± 0.06b	1.83 ± 1.31c
<i>Rhodoluna</i>	1.60 ± 2.02ab	0.80 ± 0.53a	0.18 ± 0.15b
Burkholderiaceae 科某属	0.80 ± 0.37a	0.53 ± 0.12a	1.10 ± 0.18b
Rhizobiales_Incertae_Sedis 科某属	1.58 ± 1.82a	0.20 ± 0.00a	0.45 ± 0.06b
Gemmataceae 科某属	0.90 ± 1.21a	0.23 ± 0.12a	1.10 ± 0.45b
<i>Armatimonas</i>	0.13 ± 0.13a	0.00 ± 0.00b	2.00 ± 1.36c
分枝杆菌属 (<i>Mycobacterium</i>)	1.13 ± 0.43a	0.80 ± 0.40a	0.30 ± 0.14b
Sporichthyaceae 科某属	0.55 ± 0.50a	0.67 ± 0.55a	0.43 ± 0.39a
<i>Tabrizicola</i>	0.55 ± 1.03ab	0.07 ± 0.06a	0.88 ± 0.64b
<i>Pseudorhodobacter</i>	0.40 ± 0.32a	0.50 ± 0.20a	0.60 ± 0.37a
<i>Candidatus_Planktoluna</i>	0.83 ± 0.97a	0.40 ± 0.20a	0.20 ± 0.40a
<i>Sediminibacterium</i>	0.43 ± 0.29a	0.37 ± 0.38a	0.50 ± 0.26a

1) a、b 和 c 表示组间差异是否显著, 相同字母表示组间差异不显著, 不同字母表示组间差异显著

微生物占比在 B 和 C 组水样之间存在显著性差异的菌属为黄杆菌属、*CL500-29_marine_group*、Chloroplast 目某属、Chloroplast 目某属、假单胞菌属、*Pseudarcicella*、*Aurantimicrobium*、Microbacteriaceae 科某属、噬氢菌属、*Virgulinema_fragilis*、*Rhodoluna*、Burkholderiaceae 科某属、Rhizobiales_Incertae_Sedis

科某属、Gemmataceae 科某属、*Armatimonas*、分枝杆菌属和 *Tabrizicola*. 其中 B > C 的菌属包括黄杆菌属、假单胞菌属、*Pseudarcicella*、*Aurantimicrobium*、Microbacteriaceae 科某属、噬氢菌属、*Rhodoluna* 和分枝杆菌属, 说明李渡新区小流域是长江干流水体这些微生物菌属的重要来源. 微生物占比在 A、B 和 C

之间无显著性差异的菌属为 *hgcl_clade*、*Limnohabitans*、红育菌属、*Polynucleobacter*、不动杆菌属、食酸菌属、Burkholderiaceae 科某属、Sporichthyaceae 科某属、*Pseudorhodobacter*、*Candidatus_Planktoluna* 和 *Sediminibacterium* 等。在 A、B 和 C 之间均存在显著性差异的菌属为黄杆菌属 *Flavobacterium*、*CL500-29_marine_group*、Chloroplast 目某属、*Virgulina* 属 *fragilis* 和 *Armatimonas*。

2.4 环境因子与微生物群落的相关性分析

利用 CANOCO 软件,将属水平上占比大于 1% 的微生物菌属与水体的 pH、总磷、磷酸盐和铵态氮等 17 个环境因子进行 Forward 分析和 CCA 分析,结果如图 5 和图 6 所示。从图 5 中可以看出,总磷和磷酸盐与第一主轴和第二主轴均呈正相关, Pb^{2+} 、 Fe^{3+} 、 Zn^{2+} 和 Ni^{2+} 与第一主轴呈正相关,与第二主轴呈负相关,亚硝态氮、硝态氮、pH、DOC、硫化物、 Cu^{2+} 和 As^{3+} 与第一主轴呈负相关,与第二主轴呈正相关。氨氮、 Cr^{6+} 和 Mn^{2+} 与第一主轴及第二主轴均呈负相关。亚硝态氮、总磷、磷酸盐、pH 和 Zn^{2+} 对微生物群落的解释量分别为 0.26、0.21、0.20、0.15 和 0.14,对水体中微生物群落分布有较大的影响。图 5 中箭头连线的长度表示环境变量与微生物分布的相关程度,连线越长,相关性越大,反之相关性越小^[11]。从图 5 中可以看出,箭头连线最长的是总磷,其次是磷酸盐,这与群落多样性与环境因子的相关性分析的结果相一致。

各样点与环境因子的夹角(锐角表示正相关,

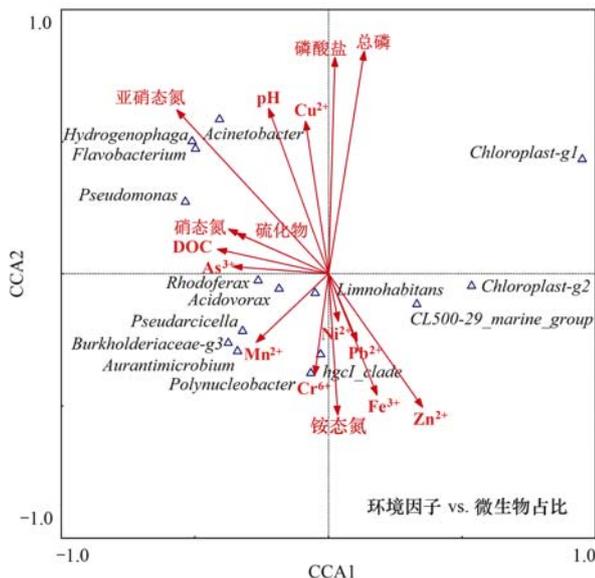


图 5 环境因子与属水平上微生物占比的 CCA 分析

Fig. 5 Canonical correspondence analysis of environmental factors and microbial proportions at genus level in the water samples from different sources

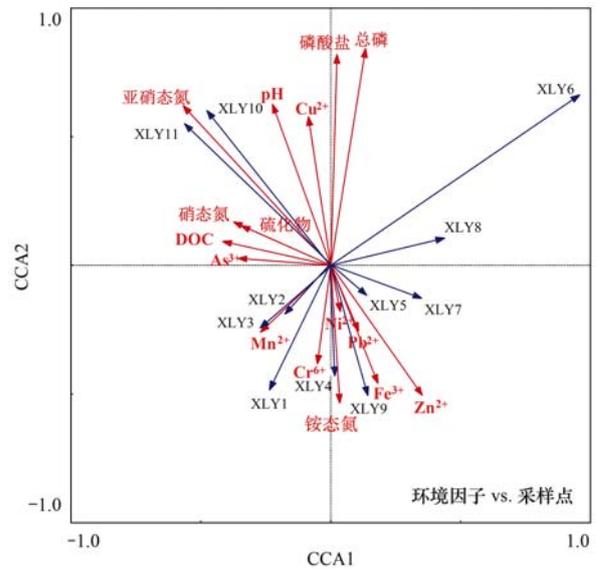


图 6 环境因子与属水平上微生物占比的 CCA 分析

Fig. 6 Canonical correspondence analysis of environmental factors and microbial proportions at genus level in the water samples from different sources

钝角表示负相关)可以看出^[11](如图 6):B 组的大部分样点如 XLY10 和 XLY11 的微生物群落组成与硝态氮、总磷及磷酸盐正相关,与 Zn^{2+} 、 Fe^{3+} 和铵态氮负相关;A 组的大部分样点如 XLY1、XLY2、XLY4 和 C 组的大部分样点如 XLY5、XLY7 和 XLY9 的微生物群落组成与 Zn^{2+} 、 Fe^{3+} 和铵态氮等正相关,与硝态氮、总磷及磷酸盐负相关。将代表环境因子的箭头延长,样点垂直投射于射线上,沿着箭头方向,环境因子对样点微生物群落的影响程度增大。XLY6 样点微生物群落组成受总磷及磷酸盐的影响程度最大,XLY10 和 XLY11 样点微生物群落组成受硝态氮的影响程度最大,XLY1 和 XLY9 样点微生物群落组成受铵态氮的影响程度最大。

属水平优势菌属与环境因子的 Spearman 相关性分析的结果见表 5。从中可以看出,*Limnohabitans*、*Rhodoferrax* 和 *Acidovorax* 与硝态氮呈显著正相关关系。*Flavobacterium*、*Polynucleobacter*、*Pseudarcicella* 和 *Hydrogenophaga* 与亚硝态氮呈正相关关系,而 *CL500-29_marine_group* 与亚硝态氮呈负相关关系。*Microbacteriaceae* 科某属和 *Hydrogenophaga* 与总磷呈正相关关系。*Flavobacterium* 和 *Pseudomonas* 与硫化物含量呈正相关关系,*Aurantimicrobium* 和 *Microbacteriaceae* 科某属与 Mn^{2+} 呈极显著正相关关系,*Limnohabitans*、*Rhodoferrax* 和 *Acidovorax* 与 As^{3+} 呈显著正相关关系,*Aurantimicrobium* 和 *Microbacteriaceae* 科某属与 DOC 呈显著正相关关系,*CL500-29_marine_group* 与 DOC 呈显著负相关关系。*Limnohabitans* 与 Cu^{2+} 呈显著正相关关系。

表 5 属水平优势菌属与环境因子的 Spearman 相关性分析¹⁾

Table 5 Spearman correlation analysis of dominant bacteria at genus level and environmental factors

项目	pH	硝态氮	亚硝态氮	总磷	硫化物	Mn ²⁺	As ³⁺	DOC	Cu ²⁺
<i>hgcI_clade</i>	0.05	-0.35	-0.15	0.14	-0.33	-0.16	-0.13	-0.18	-0.42
<i>Limnohabitans</i>	-0.30	0.61*	0.03	0.03	-0.48	0.08	0.57*	-0.02	0.61*
<i>Flavobacterium</i>	0.66*	0.42	0.90**	0.49	0.62*	-0.03	0.32	0.21	0.17
<i>CL500-29_marine_group</i>	-0.62*	-0.01	-0.81**	-0.42	-0.32	-0.40	-0.07	-0.72*	-0.34
Chloroplast 目某属	-0.34	-0.15	-0.37	-0.18	0.17	-0.24	-0.37	-0.24	-0.17
<i>Rhodospirillum rubrum</i>	0.06	0.84**	-0.62*	0.30	-0.01	0.26	0.80**	0.15	0.55
<i>Polynucleobacter</i>	0.02	-0.37	0.79**	-0.24	-0.22	0.51	-0.09	0.42	-0.23
<i>Acinetobacter</i>	0.26	-0.21	0.38	0.14	-0.08	-0.15	-0.24	0.31	0.55
Chloroplast 目某属	-0.04	-0.49	0.22	-0.17	0.04	-0.32	-0.52	-0.47	-0.21
<i>Pseudomonas</i>	0.55	0.51	0.36	0.36	0.68*	-0.05	0.55	-0.06	-0.20
<i>Pseudarcicella</i>	0.16	0.08	0.76**	-0.09	0.05	0.60	0.45	0.53	-0.09
<i>Aurantimicrobium</i>	0.15	0.04	0.29	0.05	-0.12	0.87**	0.29	0.78**	0.29
Microbacteriaceae 科某属	0.23	-0.03	0.58	0.66*	-0.08	0.75**	0.18	0.78**	0.28
<i>Hydrogenophaga</i>	0.57	0.34	0.66*	0.99**	0.35	-0.09	0.18	0.26	0.40
<i>Acidovorax</i>	-0.15	0.67*	-0.01	-0.23	-0.36	-0.09	0.57*	-0.20	0.52

1) * 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$

3 讨论

李渡新区小流域是长江干流水体中亚硝态氮、DOC 的重要来源。亚硝酸盐因其具有着色、防腐和抗氧化等作用,在食品加工领域广泛应用。而以榨菜为特色的食品工业是李渡工业园区重点发展的领域。榨菜加工过程中产生的高盐废水会影响污水处理过程中亚硝态氮的硝化过程,使硝化反应不完全,导致水体中亚硝态氮积累^[12]。崔燕^[13]对小清河口亚硝酸盐来源研究也发现,水体中亚硝态氮主要是硝化细菌利用铵态氮进行硝化反应的过程中产生。也有学者认为亚硝酸盐积累很可能是由于体系内无机碳源不足所造成的^[14]。水体 DOC 的来源众多,如城市雨水径流^[15]、工业废水排放和以坡耕地为主的农业源径流输入等^[16]。DOC 是水体溶解性有机物的重要组成部分,王齐磊等^[17]对临近农业小流域——重庆涪陵区王家沟水体溶解性有机物的研究也表明,临近稻田是小流域水体中溶解性有机物重要来源。而城镇化程度较高的河流水体溶解性有机物的含量也较高^[18]。

一般地,干流水体流速快,而支流处于相对缓流的状态,易于微生物的聚集和增殖,但干流水体由于汇入支流的多样性,增加了干流水体中稀有微生物出现的概率,因此支流水体生物多样性小于干流。本文中,随着径流流经区域类型多样,径流水体微生物的多样性也逐渐增大。同时,由于工业园区生产环境的极端性及工业废水处理过程中特异性菌群的加入,使表征物种丰富度的 Chao1 指数和 ACE 指数表现为 $C < B$ 。但从总体上看,小流域内流经不同污染源的水体微生物丰富度和多样性并没有呈现显著的

差异性。3 组水样的生物多样性指数与水体总磷和磷酸盐含量均呈极显著负相关关系,主要原因在于磷是水体富营养化的重要限制因子,水体中过量总磷和磷酸盐的存在,使水中优势菌群大量繁殖,充分占据了非优势菌群的生态位,使非优势菌群的种群和数量明显减少,进而降低了水体中微生物的多样性。吴霖^[19]的研究也发现,黄渤海河口区浮游细菌丰度与磷酸盐浓度呈显著负相关关系。

邹沈娟^[20]对以农业面源为主要污染源的梁子湖微生物群落结构研究发现,水体中最丰富的微生物菌门是放线菌门,其次是变形菌门、拟杆菌门和蓝细菌门等,这与本研究的结果相一致,这可能与农田径流中农药和抗生素代谢有关^[21]。王鹏等^[22]对河道水体黑臭前后微生物种群变化研究发现,厚壁菌门是影响黑臭的关键门,本文中工业园区径流的输入是小流域水体朝黑臭水体转变的主要原因所在。乔江涛等^[23]发现互养菌门是秸秆厌氧发酵的优势菌群,属于严格厌氧菌,来源于工业源排放的可能性较大。拟杆菌门以肠道菌群居多,主要来源于小流域生活污水及人畜粪污的排放,厚壁菌门与废水及废弃物的厌氧处理有关^[24],主要来源于工业有机废水的排放。梁杰超等^[3]对长江中游枯水季水体菌群的测序结果也表明,变形菌门为水体微生物优势菌门,其次是放线菌门、拟杆菌门及蓝细菌门,这与本文的结果相一致,这可能与变形菌门包含了绝大多数反硝化功能菌群有关^[25]。

黄锦等^[26]对不同施肥模式下的稻田水体微生物测序的结果发现,稻田水体主要优势菌属为 *hgcI_clade* 等。李建柱等^[27]对鱼菜共生体系水体微生物测序的结果也发现,*hgcI_clade* 和 *CL500-29_marine_*

group 是水体主要的优势菌群,这与本文的结果相一致,二者可能通过促进水环境碳、氮循环等途径改善水质.黄杆菌属和噬氢菌属属于典型的反硝化菌属^[27, 28].噬氢菌属具有耐高温耐盐嗜油的特性,通常也是城市污水及工业废水处理活性污泥中优势菌群^[29~31].宋淑芬等^[32]的研究也表明黄杆菌属、假单胞菌属的出现可能与水体富营养程度有关,黄杆菌属是常见的好氧反硝化细菌,假单胞菌属、嗜氢菌属为异养硝化-好氧反硝化菌,同时,假单胞菌属还是一种反硝化聚磷菌,在磷的转化和循环过程中也有重要作用^[33].此外,黄杆菌属和分枝杆菌属也是潜在的水源性病原菌属^[2].

一方面,从水样的理化性质来看,亚硝态氮是3组水样之间唯一存在显著性差异的因子,另一方面,属水平占比较大且在3组水样之间存在显著差异的 *CL500-29_marine_group* 和黄杆菌属等菌属均与亚硝态氮呈极显著相关关系.其中,黄杆菌属、*Pseudarcicella*、噬氢菌属与亚硝态氮呈正相关关系,这可能与该区域亚硝酸盐的外源输入有关.而 *CL500-29_marine_group*、红育菌属与亚硝态氮呈负相关关系. *CL500-29_marine_group* 在促进水体碳、氮循环有一定作用^[27],而碳氮比对短程反硝化过程中亚硝态氮的生成和转化有重要影响^[34].红育菌属 (*Rhodoferrax*) 属于异养脱氮菌^[35],且冬季较低的水温有利于其生长^[36],因而其占比与亚硝态氮呈负相关关系.王欢等^[37]的研究也表明,亚硝态氮是影响碧流河水库细菌群落结构的主要环境因子之一.Zhang 等^[38]的研究表明,磷酸盐有利于厌氧氨氧化代谢反应,增加水体中氮的去除.随着总磷浓度的增加,水体中产毒微藻的丰度和占比也随之增加,使水中微生物群落丰度降低^[39].DOC 与 *Aurantimicrobium*、Microbacteriaceae 科某属呈显著正相关关系,可能是水体中溶解性有机碳给微生物生长提供了充足的碳源,而 *CL500-29_marine_group* 菌属参与了水中溶解性有机碳的降解^[27],因而与 DOC 呈显著负相关关系. *Flavobacterium*、*Pseudomonas* 与硫化物含量呈正相关关系,可能与二者具有相同的输入源有关.重金属对水体微生物的影响具有两面性.本文中3组水样 Cu^{2+} 、 Zn^{2+} 、 Mn^{2+} 和 As^{3+} 的含量均较低,且都分别与水体中某些微生物的占比呈显著正相关关系.一方面,金属离子如 Cu^{2+} 和 Zn^{2+} 是微生物酶的重要组成部分,另一方面,低浓度的重金属可刺激微生物生长,增加微生物的生物量碳^[40].水体 pH 是影响水体微生物群落结构的重要因素,可通过影响微生物的生命代谢活动等对微生物的群落结构产生影响.刘峰等^[11]的研究表明,pH

是汾河入黄口水体微生物群落结构的主要影响因子之一. pH 值与黄杆菌属占比呈显著正相关关系,芦燕等^[28]的研究也表明,黄杆菌属等反硝化菌属是水生和湿生生境共有的优势菌且与 pH 值呈正相关关系.于景丽等^[41]的研究也表明,黄杆菌属更喜欢 pH 值相对高的生境. *CL500-29_marine_group* 与 pH 呈负相关关系,这可能与 pH 值影响了细菌内酶的活性有关^[42]. *Rhodoferrax* 菌属中的某些菌株具有硝化功能^[35],可以通过同化作用利用氨生成硝酸盐. *Limnohabitans* 与氮循环相关,能够分解水中的水华和蓝藻^[43],使有机氮转变成无机氮如硝酸盐氮等. *Acidovorax* 菌属是典型的反硝化脱氮菌属^[44],充足的硝酸盐可能为 *Acidovorax* 菌属的生长提供了充足的氮源.因而水体中 *Limnohabitans*、*Rhodoferrax* 和 *Acidovorax* 菌属的占比与硝态氮呈显著正相关关系.

4 结论

(1)李渡新区小流域是受纳水体中亚硝态氮、DOC 的重要来源,亚硝态氮可能与流域内工业源的输入有关.

(2)小流域内流经不同污染源的水体微生物丰富度和多样性没有呈现显著的差异性,微生物多样性指数与水体总磷和磷酸盐含量均呈极显著负相关关系.

(3)门水平上,流经农业区的径流以放线菌门占比最大;流经工业区的径流以变形菌门占比最大.属水平上,流经农业区的径流以 *hgcI_clade* 占比最大;流经工业区的径流以黄杆菌属占比最大,黄杆菌属也可能与流域内工业源的输入有关.

(4)亚硝态氮、总磷、磷酸盐、pH 和 Zn^{2+} 等是影响小流域水体微生物群落的主要环境因子,DOC、硝态氮和重金属离子(如 Cu^{2+} 、 Zn^{2+} 、 Mn^{2+} 和 As^{3+} 等)也与水体中某些微生物菌属的占比存在相关性.

参考文献:

- [1] 郭秋平. 鄱阳湖河湖交错带丰水期微生物群落特征研究 [D]. 南昌:江西师范大学,2017.
Guo Q P. Study on microbial community structure in lake-river beotone of Poyang lake [D]. Nanchang: Jiangxi Normal University, 2017.
- [2] 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.
- [3] 梁杰超,季斌,陈威,等. 基于 Miseq 测序的长江中下游枯水季水体菌群结构[J]. 科学技术与工程,2019, 19 (14): 84-

89.
Liang J C, Ji B, Chen W, *et al.* The water microbial community structure in dry season of the middle reaches of Yangtze River based on MiSeq sequencing [J]. *Science Technology and Engineering*, 2019, **19**(14): 84-89.
- [4] 张林, 黄志霖, 肖文发, 等. 三峡库区兰陵溪小流域径流氮磷输出及其降雨径流过程特征[J]. *环境科学*, 2018, **39**(2): 792-799.
Zhang L, Huang Z L, Xiao W F, *et al.* Characteristics of nitrogen and phosphorus output in runoff and rainfall runoff in Lanlingxi watershed, three gorges reservoir area [J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(2): 792-799.
- [5] 窦添元, 龙娟, 廖宇琴, 等. 三峡库区农业小流域盐基离子排放特征研究[J]. *农业环境科学学报*, 2020, **39**(6): 1321-1331.
Dou T Y, Long J, Liao Y Q, *et al.* Characteristics of salt-based ion release from small agricultural watersheds in the Three Gorges Reservoir area[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2020, **39**(6): 1321-1331.
- [6] 纵亚男, 邵美玲, 梁梦琦, 等. 长三角某城镇典型小流域水体抗生素的污染分布特征[J]. *农业环境科学学报*, 2018, **37**(5): 965-973.
Zong Y N, Shao M L, Liang M Q, *et al.* Occurrence and distribution of antibiotics in the surface water of a typical urban river in the Yangtze river delta[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2018, **37**(5): 965-973.
- [7] 孟永霞, 程艳, 李琳, 等. 西北内陆小流域水体 DOM 三维荧光光谱特征[J]. *环境科学与技术*, 2019, **42**(9): 134-141.
Meng Y X, Cheng Y, Li L, *et al.* Three-dimensional fluorescence spectral characteristics of DOM in waters of inland small watersheds in northwest China[J]. *Environmental Science & Technology*, 2019, **42**(9): 134-141.
- [8] 刘远模. 浅议合理施肥对重庆市涪陵区农业生态的影响[J]. *南方农业*, 2016, **10**(7): 67-69.
- [9] 孙国峰, 盛婧, 张丽萍, 等. 基于稻麦轮作农田土壤累积的猪粪安全施用量[J]. *植物营养与肥料学报*, 2017, **23**(1): 174-180.
Sun G F, Sheng J, Zhang L P, *et al.* Safety dosage of pig manure based on zinc accumulation in rice and wheat rotated farmland[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizer*, 2017, **23**(1): 174-180.
- [10] 闫巧俐, 华震宇, 何伟忠, 等. 枣果中重金属镍来源途径探究[J]. *食品与机械*, 2020, **36**(1): 95-99.
Yan Q L, Hua Z Y, He W Z, *et al.* Study on the sources of nickel in jujube fruit[J]. *Food & Machinery*, 2020, **36**(1): 95-99.
- [11] 刘峰, 冯民权, 王毅博. 汾河入黄口夏季微生物群落结构分析[J]. *微生物学通报*, 2019, **46**(1): 54-64.
Liu F, Feng M Q, Wang Y B. Microbial community structure of estuary of the Fenhe River into the Yellow River in summer[J]. *Microbiology China*, 2019, **46**(1): 54-64.
- [12] 王佳乐. 高盐废水强化多路径耦合脱氮技术及机理研究[D]. 重庆: 重庆大学, 2018.
Wang J L. The multi-path coupled technologies and mechanisms in nitrogen removal process treating saline wastewater [D]. Chongqing: Chongqing University, 2018.
- [13] 崔燕. 小清河口水质污染现状与亚硝酸盐分布趋势及其来源[D]. 青岛: 中国海洋大学, 2012.
Cui Y. Study on the water pollution situation and nitrite distribution and its origin in the Xiaoqing River estuary [D]. Qingdao: Ocean University of China, 2012.
- [14] 张衍. 化工园区废水排放对杭州湾纳污区域微生物群落影响研究[D]. 北京: 清华大学, 2014.
Zhang Y. The influence of effluent discharged from a chemical industrial park on microbial communities of the Hangzhou Bay [D]. Beijing: Tsinghua University, 2014.
- [15] 聂云汉, 陈浩, 李磊, 等. 城市雨水径流中溶解性有机物的分子化学多样性[J]. *环境科学*, 2020, **41**(5): 2272-2280.
Nie Y H, Chen H, Li L, *et al.* Molecular chemo-diversity of the dissolved organic matter occurring in urban stormwater runoff[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(5): 2272-2280.
- [16] 赵夏婷, 李珊, 王兆炜, 等. 黄河兰州段水体中有色溶解性有机质组成、空间分布特征及来源分析[J]. *环境科学*, 2018, **39**(9): 4105-4113.
Zhao X T, Li S, Wang Z W, *et al.* Composition, spatial distribution characteristics and source analysis of chromophoric dissolved organic matter in the Lanzhou reach of the Yellow River [J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(9): 4105-4113.
- [17] 王齐磊, 江韬, 赵铮, 等. 三峡库区典型农业小流域水体中溶解性有机质的光谱特征[J]. *环境科学*, 2016, **37**(6): 2082-2092.
Wang Q L, Jiang T, Zhao Z, *et al.* Spectral characteristics of dissolved organic matter (DOM) in waters of typical agricultural watershed of Three Gorges Reservoir areas [J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(6): 2082-2092.
- [18] 梁梦琦, 邵美玲, 曹昌丽, 等. 城郊与城镇河流中溶解性有机质与重金属的相关性[J]. *环境科学*, 2018, **39**(5): 2095-2103.
Liang M Q, Shao M L, Cao C L, *et al.* Characteristics of dissolved organic matter (DOM) and relationship with dissolved heavy metals in a Peri-urban and an urban river [J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(5): 2095-2103.
- [19] 吴霖. 黄渤海河口区浮游细菌丰度和多样性的季节变化及其影响因素[D]. 烟台: 烟台大学, 2019.
Wu L. Seasonal variation of bacterioplankton in the Yellow sea and Bohai sea estuary and its influencing factors [D]. Yantai: Yantai University, 2019.
- [20] 邹沈娟. 湖北省三座湖泊水体和沉积物微生物群落特征的研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2019.
Zou S J. Study on microbial community characteristics of water and sediments in three lakes of Hubei Province [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2019.
- [21] 朱孝文. 改进型快速渗滤法对面源农田废水深度净化研究[D]. 桂林: 广西师范大学, 2019.
Zhu X W. Research on deep purification of surface source farmland wastewater by improved rapid infiltration method [D]. Guilin: Guangxi Normal University, 2019.
- [22] 王鹏, 刘梅, 翁益松, 等. 河道水体黑臭前后微生物种群变化研究[J]. *安徽农业科学*, 2019, **47**(22): 47-51.
Wang P, Liu M, Weng Y S, *et al.* Study on change of microbial population before and after black and odorous in river water [J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2019, **47**(22): 47-51.
- [23] 乔江涛, 郭荣波, 袁宪正, 等. 玉米秸秆厌氧降解复合菌系的微生物群落结构[J]. *环境科学*, 2013, **34**(4): 1531-1539.
Qiao J T, Guo R B, Yuan X Z, *et al.* Phylogenetic analysis of methanogenic corn stalk degrading microbial communities [J]. *Environmental Science*, 2013, **34**(4): 1531-1539.
- [24] 张旭. 淡水水体底泥微生物群落特征及微生物指标评价研究[D]. 上海: 上海大学, 2016.
Zhang X. Microbial community characteristics and microbial indicators evaluation study in fresh water sediment [D]. Shanghai: Shanghai University, 2016.

- [25] 李恩超. 焦化纳滤浓水的生物脱氮及其微生物菌群结构分析[J]. 环境工程学报, 2019, **13**(10): 2461-2467.
Li E C. Biological denitrifying processes and microbial communities analysis in a sequencing batch reactor treating NF concentrate from coking wastewater [J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2019, **13**(10): 2461-2467.
- [26] 黄锦, 成永旭, 王海锋, 等. 不同施肥模式下的稻-克氏原螯虾田块水体菌群初探[J]. 上海海洋大学学报, 2020, **29**(4): 516-525.
Huang J, Cheng Y X, Wang H F, *et al.* A preliminary study on the water bacteria of rice-crayfish coculture paddy field under different fertilization modes [J]. Journal of Shanghai Ocean University, 2020, **29**(4): 516-525.
- [27] 李建柱, 侯杰, 张鹏飞, 等. 空心菜浮床对鱼塘水质和微生物多样性的影响[J]. 中国环境科学, 2016, **36**(10): 3071-3080.
Li J Z, Hou J, Zhang P F, *et al.* Influence on water quality and microbial diversity in fish pond by ipomoea aquatica floating-bed [J]. China Environmental Science, 2016, **36**(10): 3071-3080.
- [28] 芦燕, 曾静, 赵吉, 等. 典型草原区不同生境反硝化菌群的空间特征[J]. 微生物学通报, 2019, **46**(4): 707-720.
Lu Y, Zeng J, Zhao J, *et al.* Spatial characteristics of denitrifying bacterial communities in different habitats from typical steppe [J]. Microbiology China, 2019, **46**(4): 707-720.
- [29] 支尧, 张光生, 郑凯凯, 等. 生物吸附/A²O组合工艺处理城市污水效能及其微生物群落结构[J]. 应用与环境生物学报, 2017, **23**(5): 892-899.
Zhi Y, Zhang G S, Zheng K K, *et al.* Operation performance and microbial structure in a combined biological adsorption/A²O system [J]. Chinese Journal of Applied & Environmental Biology, 2017, **23**(5): 892-899.
- [30] 何荣. 环氧丙烷皂化废水活性污泥中微生物群落分析及利用剩余污泥合成聚羟基脂肪酸酯(PHA)[D]. 济南: 济南大学, 2017.
He R. Microbial community analysis of propylene oxide saponification wastewater activated sludge and biosynthesis of polyhydroxyalkanoates (PHA) by using residual sludge [D]. Ji'nan: University of Ji'nan, 2017.
- [31] 黄雪. 高温高盐石油采出水中石油烃的生物降解及嗜油功能微生物特性研究[D]. 北京: 北京交通大学, 2019.
Huang X. Studies on the biodegradation of petroleum hydrocarbons and characteristics of petroleum-degrading microbes in high temperature and high salt oilfield-produced wastewater [D]. Beijing: Beijing Jiaotong University, 2019.
- [32] 宋淑芬, 杨帆, 高绣纺, 等. 湿地法处理生活污水对仙桃湿地地表水微生物群落结构的影响[J]. 微生物学通报, 2019, **46**(3): 512-521.
Song S F, Yang F, Gao X F, *et al.* Effects of sewage treatment on microbial community structure of surface water in Xiantao wetland [J]. Microbiology China, 2019, **46**(3): 512-521.
- [33] Zhang T, Shao M F, Lin Y. 454 Pyrosequencing reveals bacterial diversity of activated sludge from 14 sewage treatment plants [J]. The ISME Journal, 2012, **6**(6): 1137-1147.
- [34] 巩有奎, 王淑莹, 王莎莎, 等. 碳氮比对短程反硝化过程中N₂O产生的影响[J]. 化工学报, 2011, **62**(7): 2049-2054.
Gong Y K, Wang S Y, Wang S S, *et al.* Effect of C/N ratio on N₂O accumulation and reduction during nitrite denitrification process [J]. CIESC Journal, 2011, **62**(7): 2049-2054.
- [35] 梁沪莲, 郭小雅, 刘洋, 等. 基于高通量测序的4种硝化细菌富集培养物微生物群落结构分析[J]. 微生物学通报, 2017, **44**(9): 2112-2119.
Liang H L, Guo X Y, Liu Y, *et al.* Microbial community of four nitro bacteria enrichments by high-throughput sequencing [J]. Microbiology China, 2017, **44**(9): 2112-2119.
- [36] Song Z W, Li T, Wang Q X, *et al.* Influence of microbial community structure of seed sludge on the properties of aerobic nitrifying granules [J]. Journal of Environmental Sciences, 2015, **35**: 144-150.
- [37] 王欢, 赵文, 谢在刚, 等. 碧流河水库细菌群落结构特征及其关键驱动因子[J]. 环境科学, 2018, **39**(8): 3660-3669.
Wang H, Zhao W, Xie Z G, *et al.* Bacterial community structure characteristics in the Biliuhe reservoir and its key driving factors [J]. Environmental Science, 2018, **39**(8): 3660-3669.
- [38] Zhang Z Z, Hu H Y, Xu J J, *et al.* Effects of inorganic phosphate on a high-rate anammox system: performance and microbial community [J]. Ecological Engineering, 2017, **101**: 201-210.
- [39] Rinta-Kanto J M, Saxton M A, DeBruyn J M, *et al.* The diversity and distribution of toxigenic *Microcystis* spp. in present day and archived pelagic and sediment samples from Lake Erie [J]. Harmful Algae, 2009, **8**(3): 385-394.
- [40] Fließbach A, Martens R, Reber H H. Soil microbial biomass and microbial activity in soils treated with heavy metal contaminated sewage sludge [J]. Soil Biology and Biochemistry, 1994, **26**(9): 1201-1205.
- [41] 于景丽, 范雅慧, 高晓霞, 等. 高通量技术解析锡林河底泥反硝化菌群组成及丰度[J]. 微生物前沿, 2014, **3**(3): 70-78.
Yu J L, Fan Y H, Gao X X, *et al.* Pyrosequencing analysis reveals abundance and community composition of denitrifying bacteria in Xilin River sludge [J]. Advances in Microbiology, 2014, **3**(3): 70-78.
- [42] 吴晓冰, 叶飞, 姜毅, 等. 长江干流浮游细菌群落结构及影响因素[J]. 长江流域资源与环境, 2019, **28**(7): 1652-1662.
Wu X B, Ye F, Jiang Y, *et al.* Bacterioplankton community structure in the mainstream of Yangtze River and driving factors [J]. Resources and Environment in the Yangtze Basin, 2019, **28**(7): 1652-1662.
- [43] 陈辉, 陈跃安, 余丽娟, 等. 黄浦江原水中土臭素冬季超标机制研究[J]. 环境科学学报, 2019, **39**(4): 1134-1139.
Chen H, Chen Y A, Yu L J, *et al.* Mechanism of geosmin over-limitation in winter in the raw water of Huangpu River [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2019, **39**(4): 1134-1139.
- [44] 王建超, 郝瑞霞, 孟成成, 等. 3DBER-S反硝化脱氮性能及其菌群特征[J]. 环境科学研究, 2015, **28**(2): 310-317.
Wang J C, Hao R X, Meng C C, *et al.* Study on performance and bacterial community of coupling 3-dimensional biofilm-electrode with sulfur autotrophic denitrification [J]. Research of Environmental Sciences, 2015, **28**(2): 310-317.

CONTENTS

Industrial Volatile Organic Compounds (VOCs) Emission Inventory in China	LIANG Xiao-ming, SUN Xi-bo, XU Jian-tie, <i>et al.</i> (4767)
Contribution of Emissions from Cement to Air Quality in China	TANG Ling, XUE Xiao-da, BO Xin, <i>et al.</i> (4776)
Audit Indicators and Suggested Ranges for Data Validation of Chemical Components in Ambient PM _{2.5} : A Case Study of the Yangtze River Delta ZHANG Zhe, QIAO Li-ping, ZHOU Min, <i>et al.</i> (4786)
Size Distribution of Particulate Chemical Components in Nanjing Jiangbei New Area	ZHANG Yu-xiu, YU Xing-na, LIU Si-jia, <i>et al.</i> (4803)
Seasonal Chemical Composition Characteristics and Source Apportionment of PM _{2.5} in Zhengzhou	ZHANG Jian-fei, JIANG Nan, DUAN Shi-guang, <i>et al.</i> (4813)
Characteristics, Sources, and Health Risks of Elements in PM _{2.5} in Shanxi University Town	LI Xue-mei, MU Ling, TIAN Mei, <i>et al.</i> (4825)
Spatio-temporal Evolution of PM _{2.5} Concentration During 2000-2019 in China	XIA Xiao-sheng, WANG Jun-hong, SONG Wei-dong, <i>et al.</i> (4832)
Differences in Pollution Characteristics Under the Southerly and Easterly Wind in Beijing	YIN Xiao-mei, QIAO Lin, ZHU Xiao-wan, <i>et al.</i> (4844)
Transport Characteristics of Air Pollution in Tianjin Based on Weather Background	CAI Zi-ying, YAN Xu, HAN Su-qin, <i>et al.</i> (4855)
Influence of Meteorological Conditions on Ozone Pollution at Shangdianzi Station Based on Weather Classification	WU Jin, LI Chen, MA Zhi-qiang, <i>et al.</i> (4864)
Accurate Identification of Ambient VOCs Emission Sources in an Industrial Park Using On-Line Monitoring Data	SUN Jia-ning, XIE Shao-dong (4874)
Characteristics, Atmospheric Reactivity, and Source Apportionment of Ambient Volatile Organic Compounds in Wuhu	GAO Kang, ZHANG Hui, LIU Meng-di, <i>et al.</i> (4885)
Water Quality Response to Landscape Pattern at Different Spatial Scales in Baihe River in the Upper Reaches of the Miyun Reservoir	ZHANG Wei-wei, LI Xiao-na, WANG Chao, <i>et al.</i> (4895)
Concentration and Carbon Isotope Composition of DOC and DIC in the Miyun Reservoir Watershed in Summer	CHEN Ji-ji, GUO Jing, XU Su-shi, <i>et al.</i> (4905)
Variation and Driving Factors of Black Water Event Intensity in Lake Taihu During 2009 to 2018	XIN Hua-rong, ZHU Guang-wei, WANG Xue-song, <i>et al.</i> (4914)
Hydrogeochemical Investigations of Groundwater in the Lingbei Area, Leizhou Peninsula	ZHANG Hong-xin, WU Ya, LUO Wei-yu, <i>et al.</i> (4924)
Source of Groundwater Nitrate in Luanping Basin Based on Multi-environment Media Nitrogen Cycle and Isotopes	SUN Hou-yun, WEI Xiao-feng, JIA Feng-chao, <i>et al.</i> (4936)
Metal Distributions and Human Health Risk Assessments on Waters in the Huixian Karst Wetland, China	LI Jun, ZOU Sheng-zhang, LIANG Yong-ping, <i>et al.</i> (4948)
Absorption and Three Dimensional Fluorescence Spectra of CDOM in the Water of the Taibaishan Nature Reserve	ZHANG Wen-hao, ZHAO Duo-lin, WANG Xiao-yu, <i>et al.</i> (4958)
Effect of Heavy Rainfall on Nitrogen and Phosphorus Concentrations in Rivers at River-net Plain	LIAN Xin-qiao, ZHU Guang-wei, YANG Wen-bin, <i>et al.</i> (4970)
Risk Ranking of Endocrine Disrupting Compounds, Pharmaceuticals, and Personal Care Products in the Aquatic Environment of the Yangtze River Basin	SU Chao, CUI Yan (4981)
Sources and Ecological Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in the Jiaxing River Network	YANG Yan-mei, ZHAO Hang-chen, MENG Rui, <i>et al.</i> (4989)
Impact of a Sewage Treatment Plant on the Accumulation of Microplastics in Freshwater Organisms in the Lijiang River of the Guilin Urban Section XIE Yuan-shan, ZHANG Qing-ke, ZHANG Li-shan, <i>et al.</i> (4999)
Distribution of Antibiotic Concentration in Domestic Wastewater Treatment Facilities in Villages and Towns	LU Ya-nan, GUO Ya-ni, WANG Kun, <i>et al.</i> (5008)
Microbial Diversity and Influencing Factors in a Small Watershed in Winter	ZHU Jin-shan, QIN Hai-lan, SUN Qi-yao, <i>et al.</i> (5016)
Characteristics of Organic Matter in Sediments During the Thermal Stratification of a Reservoir and Effects on an Aerobic Denitrifier	WANG Tong, WEN Gang, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (5027)
Microbial Diversity Analysis of WWTPs Based on Hybrid-MBBR Process in a Low Temperature Season in the Yangtze River Delta	HAN Wen-jie, WU Di, ZHOU Jia-zhong, <i>et al.</i> (5037)
Effects of Phytoplankton Classifications on the Relationship Between Phytoplankton Community and Environment in Summer Subtropical Reservoirs, Southern China GUO Fang, GU Ji-Guang, ZHAO Jian, <i>et al.</i> (5050)
Remote Sensing Classification of Urban Black-odor Water Based on Decision Tree	LI Ling-ling, LI Yun-mei, LÜ Heng, <i>et al.</i> (5060)
Enhanced Membrane Anti-fouling Ability of Anaerobic Membrane Bioreactor Equipped with Bio-electrochemical System Using Nano-zero-valent Iron and Its Regulation Mechanism PAN Yang, NIU Cheng-xin, ZHI Zhong-xiang, <i>et al.</i> (5073)
Effects of Temperature and Substrate Concentration on N ₂ O Release of ANAMMOX Process	WANG Si-ke, YU Heng, ZUO Jian-e (5082)
Characteristics of Nutrient Removal in a Pilot-scale A ² /O with Mixture of Sludge Fermentation Liquor and Tail Water as External Carbon Source RONG Yi, SHAO Jin-bo, YU You-cheng, <i>et al.</i> (5089)
Effect of Different Ratios of Anaerobic Time and Aeration Time on the Operation of a Continuous-Flow Reactor with Partial Nitrification Granules ZHANG Jie, LAO Hui-mei, LI Dong, <i>et al.</i> (5097)
Effects of Mesophilic Anaerobic Digestion and Thermophilic Anaerobic Digestion on the Risk and Stability of Heavy Metals in Sludge	TIAN Zhong-ke, WANG Fen, YAN Zhao (5106)
Quantitative Evaluation of Human Health Risk of Heavy Metals in Soils Based on Positive Matrix Factorization Model and Geo-statistics	HAN Lin, XU Xi-bo (5114)
Distribution and Ecological Risk of Heavy Metals in the Soil of Redevelopment Industrial Sites	SHEN Cheng, LIU Fu-wen, WU Jian, <i>et al.</i> (5125)
Investigating Adsorption of Naphthalene to Organo-Modified Montmorillonites and Influencing Factors	HOU Jing-wen, SHI Wei-lin, GAO Juan (5133)
Effects of Ferrous Sulfate and Ferric Nitrate on Cadmium Transportation in the Rhizosphere Soil-Rice System	LI Yi-chun, CHEN Yong, TANG Ming-deng, <i>et al.</i> (5143)
Effects of Intercropping of <i>Brassica chinensis</i> L. and <i>Tagetes patula</i> L. on the Growth and Cadmium Accumulation of Plants	YAN Xiu-xiu, XU Ying-ming, WANG Lin, <i>et al.</i> (5151)
Effects of Heavy Metal-immobilizing Bacteria on Reducing Wheat Uptake Cd by Regulation Soil Iron Oxides	WANG Xiao-yu, HAN Hui (5160)
Sustained Effects of Remediation Materials on Soil Copper Remediation Under Oil-Rice Rotation	ZHAO Ying-ying, LI Hong-chuan, HU Hong-xiang, <i>et al.</i> (5168)
Impacts of Nitrogen Application on Ammonia Volatilization During Maize Season in Northern China	ZHANG Wei, NI Bang, XU Xiu-chun, <i>et al.</i> (5176)
Effect of Biochar on Changes of the Temperature Sensitivity of Soil Respiration and Bacterial Community Structure	CAO Kun-kun, ZHANG Sha-sha, HU Xue-yu, <i>et al.</i> (5185)
Effects of Heavy Metal Contents on Phyllosphere and Rhizosphere Fungal Communities for <i>Bathriochloa ischaemum</i> in Copper Tailings Area JIA Tong, GUO Ting-yan, WANG Rui-hong, <i>et al.</i> (5193)
Advances in Microbe-Derived Taste and Odor Compounds in Typical Aquatic Ecosystems	ZHANG Hai-han, MIAO Yu-tian, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (5201)