

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

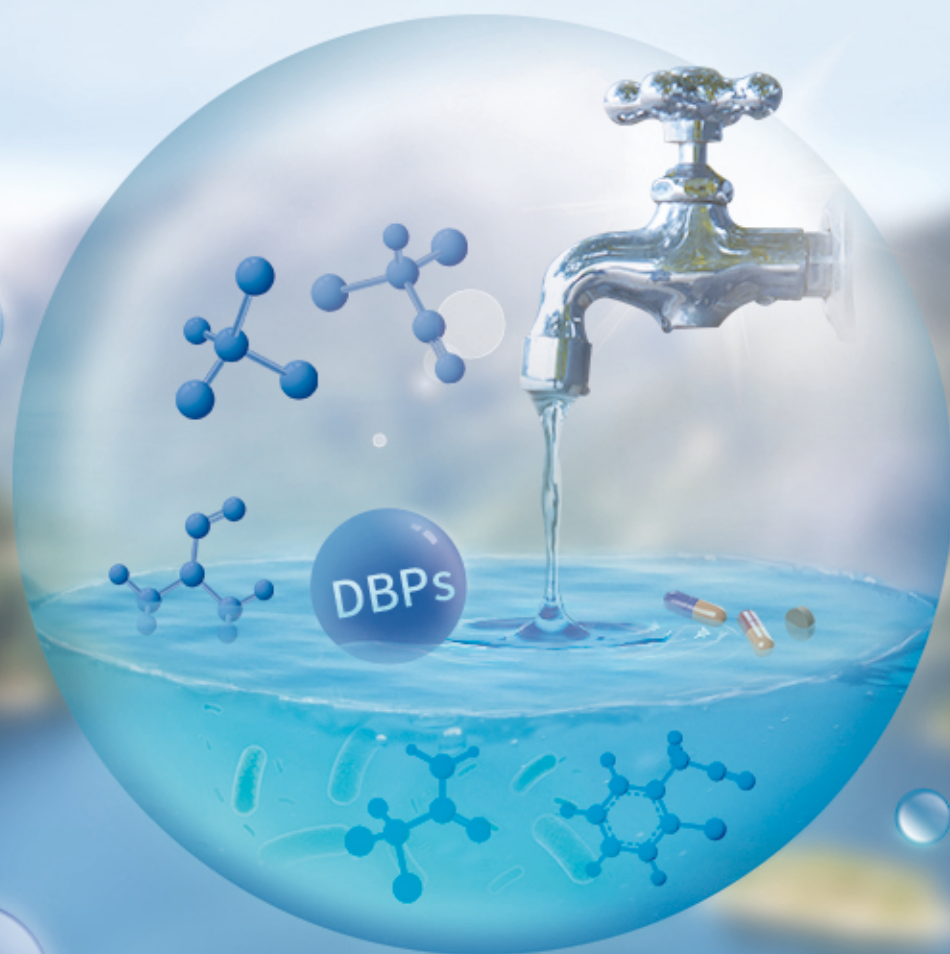
环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

饮用水中的消毒副产物及其控制策略

楚文海, 肖融, 丁顺克, 张瑞华



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年11月

第42卷 第11期
Vol.42 No.11

目次

综述与专论

- 饮用水中的消毒副产物及其控制策略 楚文海, 肖融, 丁顺克, 张瑞华 (5059)
生物炭吸附硫化氢机制与影响因素研究进展 徐期勇, 梁铭坤, 许文君, 黄丹丹 (5086)

研究报告

- 1998~2016 中国八大经济区植被覆盖对 $PM_{2.5}$ 浓度时空分布的影响 杨玉莲, 杨昆, 罗毅, 喻臻钰, 孟超, 李岑 (5100)
COVID-19 疫情期间北京市两次重霾污染过程大气污染物演变特征及潜在源区分析 赵德龙, 田平, 周崑, 肖伟, 盛久江, 王飞, 杜远谋, 黄梦宇, 何晖, 丁德平 (5109)
汾渭平原临汾市 2019 年春节期间大气污染特征与来源解析 刘威杰, 胡天鹏, 毛瑶, 许安, 苏业旺, 李星谕, 程铖, 石明明, 梁莉莉, 邢新丽, 张家泉, 祁士华 (5122)
石家庄市大气污染物的季节性时空特征及潜在源区 聂赛赛, 王帅, 崔建升, 刘大喜, 陈静, 田亮, 贺博文, 沈梦宇 (5131)
天津市冬季空气湿度对 $PM_{2.5}$ 和能见度的影响 丁净, 唐颖潇, 郝天依, 姚青, 蔡子颖, 张裕芬, 韩素芹 (5143)
承德市 $PM_{2.5}$ 中碳质组分的季节分布特征及来源解析 贺博文, 聂赛赛, 王帅, 冯亚平, 姚波, 崔建升 (5152)
中国生活源挥发性有机物排放清单 梁小明, 陈来国, 沈国锋, 卢清, 刘明, 陆海涛, 任璐, 孙西勃, 林奎, 梁明易, 叶代启, 陶澍 (5162)
2011~2019 年中国工业源挥发性有机物排放特征 刘锐源, 钟美芳, 赵晓雅, 卢诗文, 田俊泰, 李银松, 侯墨, 梁小明, 黄皓旻, 范丽雅, 叶代启 (5169)
基于 LHS-MC 青岛市工业源 VOCs 排放清单及不确定性 徐琬莹, 付飞, 吕建华, 李瑞凡, 邵蕊, 和慧, 李淑芬, 左华 (5180)
典型橡胶制品业 VOCs 排放特征及对周边环境的影响 王海林, 辛国兴, 朱立敏, 薛松, 聂磊, 郝润 (5193)
沈阳市不同功能区挥发性有机物分布特征及臭氧生成潜势 库盈盈, 任万辉, 苏枫棋, 于兴娜 (5201)
天津城区夏冬季典型污染过程中 BTEX 变化特征及其健康风险评估 韩婷婷, 李颖若, 蒲维维, 姚青, 刘敬乐, 吴进, 张楠楠, 李梓铭, 马志强 (5210)
郑州市大气氨排放清单及驱动力分析 计尧, 王琛, 卢轩, 张欢, 尹沙沙 (5220)
基于 GAMs 模型分析成都市气象因子交互作用对 O_3 浓度变化的影响 张莹, 倪长健, 冯鑫媛, 王式功, 张小玲, 张家熙, 李运超 (5228)
长江干流表层水体悬浮物的空间变化特征及遥感反演 李建鸿, 黄昌春, 查勇, 王川, 尚娜娜, 郝维月 (5239)
河北省夏季降雨溶解性有机物光谱特征的空间分布、来源解析及氮素响应 张紫薇, 周石磊, 陈召莹, 张甜娜, 董宛佳, 甄瑞吟, 张馨童, 姚波, 崔建升 (5250)
城镇与城郊污染河道中 DOM 成分分布与影响因素 朱奔, 陈浩, 丁国平, 孙晓楠, 刘辉, 叶建锋 (5264)
北京城市河流河水和沉积物中微塑料的组成与分布 胡嘉敏, 左剑恶, 李颀, 谢珍雯, 陈磊 (5275)
太湖西岸地表水中极性有机污染物非靶向筛查与生态风险评估 卢昕妍, 王菲, 张丽敏, 任晓鸣, 于南洋, 韦斯 (5284)
河水-地下水交互带沉积物中抗生素和代谢产物提取方法优化及其分布特征 李玉琼, 童蕾, 严涵, 尤悦, 卢钰茜, 刘慧 (5294)
白洋淀清淤示范区沉积物中抗生素和多环芳烃的分布特征与风险评估 王同飞, 张伟军, 李立青, 张美一, 廖桂英, 王东升 (5303)
雄安新区唐河污水库残留污染物对地下水水化学动态的作用机制 张志雄, 王仕琴, 张依章, 冯文钊 (5312)
基于时间序列模型的饮用水源地重金属健康风险分析与预测 姬超, 侯大伟, 谢丽, 孙华, 李发志, 周宇, 邓爱萍, 沈红军, 包广静, 王逸南 (5322)
千河下游水体-沉积物重金属空间分布、风险及影响因素 高煜, 王国兰, 金梓函, 张军, 耿雅妮 (5333)
巢湖流域丰水期可溶态重金属空间分布及污染评价 何苗, 刘桂建, 吴蕾, 齐翠翠 (5346)
洪泽湖围栏养殖对表层沉积物重金属含量影响与生态风险评估 瞿鑫源, 张鸣, 谷孝鸿, 阚可聪, 毛志刚, 陈辉辉, 曾庆飞 (5355)
成都市地表水天然水化学变化特征及影响因素 许秋瑾, 赖承钺, 丁瑶, 王照丽, 程中华, 于涛 (5364)
雷州半岛地下水化学特征及控制因素分析 彭红霞, 侯清芹, 曾敏, 黄长生, 师环环, 皮鹏程, 潘羽杰 (5375)
粤港澳大湾区陆源氮污染来源结构与空间分布 董斯齐, 黄翀 (5384)
红壤丘陵区小流域典型土地利用的面源氮磷输出特征 房志达, 苏静君, 赵洪涛, 胡炼, 李叙勇 (5394)
减氮条件下不同施肥模式对稻田氮素淋溶流失的影响 姜海斌, 张克强, 邹洪涛, 马璇骏, 渠清博, 谷艳茹, 沈仕洲 (5405)
互花米草入侵对胶州湾湿地土壤磷赋存形态的影响 沙梦乔, 柴娜, 赵洪涛, 刘春井, 丁文超, 谢文霞 (5414)
基于 16S rRNA 高通量测序的北运河水体及沉积物微生物群落组成对比分析 彭柯, 董志, 邱琰茗, 郭道宇 (5424)
硅改性花生壳生物炭对水中磷的吸附特性 赵敏, 张小平, 王梁嵘 (5433)
高锰酸钾改性松木生物炭对 Pb(II) 的吸附特性 莫贞林, 曾鸿鹄, 林华, Asfandiyar Shahab, 石清亮, 张华 (5440)
混合金属氧化物/碳复合材料的制备及其对 Pb(II) 的吸附性能 卢予沈, 宗莉, 于惠, 牟斌, 王爱勤 (5450)
负载型钛凝胶的制备及其吸附去除三价砷的性能 孙晔洋, 周畅, 甘永海, 吴兵党, 张淑娟 (5460)
一体式短程硝化-厌氧氨氧化工艺启动过程的亚硝酸盐调控 左富民, 郑蕊, 隋倩雯, 钟慧, 陈彦霖, 魏源送 (5472)
生物炭和秸秆还田对紫色土旱坡地土壤团聚体与有机碳的影响 邓华, 高明, 龙翼, 赖佳鑫, 王莹燕, 王子芳 (5481)
紫色土旱坡地不同坡位土壤有机碳组分含量对施肥管理的响应 徐曼, 余添, 王富华, 王丹, 王莹燕, 杨文娜, 高明, 王子芳 (5491)
南阳盆地东部山区土壤重金属分布特征及生态风险评估 赖书雅, 董秋瑶, 宋超, 杨振京 (5500)
城郊农田土壤多环芳烃污染特征及风险评估 张秀秀, 卢晓丽, 魏宇宸, 朱昌达, 潘剑君 (5510)
我国东部沿海地区蔬菜中重金属累积分布特征及居民膳食暴露评估 孙帅, 耿柠波, 郭崔崔, 张保琴, 卢宪波, 张海军, 陈吉平 (5519)
典型矿区周边农业用地农产品安全风险及影响因素 霍彦慧, 王美娥, 谢天, 姜蓉, 陈卫平 (5526)
稻田土壤 Cd 污染与安全种植分区: 以重庆市某区为例 曹淑珍, 母悦, 崔敬鑫, 刘安迪, 程先, 符远航, 魏世强, 张进忠 (5535)
镉污染大田条件下不同品种水稻镉积累的特征及影响因素 王宇豪, 杨力, 康愉晨, 陈小红, 彭杰, 李佳欣, 陈文清 (5545)
纳米膜覆盖对畜禽粪便好氧堆肥进程及恶臭气体排放的影响 李永双, 孙波, 陈菊红, 彭霞薇, 白志辉, 庄绪亮 (5554)
《环境科学》征订启事 (5108) 《环境科学》征稿简则 (5151) 信息 (5249, 5263, 5283)

基于 16S rRNA 高通量测序的北运河水体及沉积物微生物群落组成对比分析

彭柯¹, 董志², 邸琰茗³, 郭逍宇^{1*}

(1. 首都师范大学资源环境与旅游学院, 北京 100048; 2. 北京大学生命科学学院, 北京 100871; 3. 北京市北运河管理处, 北京 101100)

摘要: 微生物群落在沉积物和水生态系统中的物质循环中发挥重要作用, 是水生态系统与沉积物之间污染物质交换的桥梁。但非常规补给水源扰动和闸坝、衬砌截流为主的城市河道水体和沉积物微生物对比研究并不多见, 基于此以高度人工化的北运河京津冀段为研究区域, 尝试利用高通量测序结果对水体和沉积物微生物群落组成差异进行分析。结果表明, 北运河沉积物较水体具有更高的微生物群落 α 多样性, β 多样性则表现为水体中微生物群落较沉积物群落的相似性更高。变形杆菌门 (Proteobacteria) 丰度在水体与沉积物中无显著差异, 且在两种生境条件下均为优势类群。 α 变形杆菌纲 (α -Proteobacteria)、放线杆菌门 (Actinobacteria)、蓝藻门 (Cyanobacteria) 和疣微菌门 (Verrucomicrobia) 在水体中的丰度较高, 而 γ 变形杆菌纲 (γ -Proteobacteria)、 δ 变形杆菌纲 (δ -Proteobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、厚壁菌门 (Firmicutes) 和酸杆菌门 (Acidobacteria) 则在沉积物中有着更高丰度。好氧或兼性厌氧菌为主的水体类群和厌氧菌为主的沉积物类群体现出两者生境差异, 沉积物中蕴含的病原菌存在二次释放到水体中的危险。研究结果为揭示高度人工化的、非常规补给水源补充下的和城市河道污染胁迫下的微生物群落变化机制提供科学依据。

关键词: 微生物; 水体; 沉积物; 多样性; 群落结构; LEISe 组间差异

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)11-5424-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.202104122

Contrasting Analysis of Microbial Community Composition in the Water and Sediments of the North Canal Based on 16S rRNA High-Throughput Sequencing

PENG Ke¹, DONG Zhi², DI Yan-ming³, GUO Xiao-yu^{1*}

(1. College of Resource Environment and Tourism, Capital Normal University, Beijing 100048, China; 2. School of Life Sciences, Peking University, Beijing 100871, China; 3. Beijing North Canal Management Division, Beijing 101100, China)

Abstract: As the bridge of pollutant exchange between sediments and aquatic ecosystems, microorganisms play an important role in material circulation. However, there are few comparative studies of microorganisms in water and sediment of urban rivers with unconventional water supply, sluice dam, and lining closure. The highly artificial area of Beijing-Tianjin-Hebei section of the North Canal was chosen for this study. We analyze the differences of microbial community composition in water and sediment using high-throughput sequencing. The results show that the microbial communities in the sediments of the North Canal have higher α -diversity than those in the water. With regards to β -diversity, the similarity of microbial communities in the water is higher than that in the sediment. There is no significant difference in the abundance of Proteobacteria between water and sediments. The abundance of α -Proteobacteria, Actinobacteria, Cyanobacteria, and Verrucomicrobia was higher in water than that of sediment, while the abundance of γ -Proteobacteria, δ -Proteobacteria, Chloroflexi, Firmicutes, and Acidobacteria was higher in sediments than that of water. Aerobic or facultative anaerobes dominated the microbial aquatic system, while anaerobes dominated the sediments. The risk of bacteria releasing pathogens from the sediment into the water habitat is high. The research results provide a scientific basis for revealing the mechanism of microbial community change under river pollution risk in highly artificial reclaimed water.

Key words: microbiology; water; sediment; diversity; community structure; linear discriminant analysis of effect size

随着城市化程度不断提高、区域社会经济的快速发展和人口数量的急剧增加, 工业废水和生活污水排放量不断增加, 同时环境基础设施建设相对落后, 大量未经有效处理的污水排入北运河, 河流水体和沉积物的污染状况日益严峻^[1]。进入水系的污染物主要在水体沉积物中富集, 并通过水-沉积物交换反应在液相与固相间迁移^[2]。进入水体中的部分污染物绝大部分迅速由水溶物转入固相, 与悬浮物和沉积物结合并随水搬运, 当负荷超过搬运能力时, 沉积下来进入沉积物, 降低水质的污染程度^[3]。当外界条件发生改变, 沉积物里的污染物会重新释放出来, 影响上覆水体的水质, 造成内源污染的现象, 尤

其是使水体中氮磷等营养盐浓度增加, 加剧水体的富营养化程度和藻类水华暴发的机会^[4]。沉积物和水是河流生态系统中最重要两个组成部分, 从来都不是孤立的, 微生物群落是紧密联系沉积物和水生态系统的不可或缺的部分, 在沉积物和水物质循环和能量流动中起着至关重要的作用^[5]。

与水体相比, 沉积物中不仅蕴含有比水柱中更

收稿日期: 2021-04-13; 修订日期: 2021-05-06

基金项目: 北京市自然科学基金-北京市教委联合重点项目 (KZ20190028042)

作者简介: 彭柯 (1997 ~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为环境微生物, E-mail: 1369614155@qq.com

* 通信作者, E-mail: xiaoyucnu@126.com

为多样和丰富的微生物^[6,7],而且蕴含有大量病原微生物和大量未知的细菌资源^[8].目前关于水体及沉积物微生物群落组成的对比研究尚不多见. Abia 等^[9]的研究表明,南非豪登省人们高度利用的阿皮斯河(Apies River)的水和沉积物中含有大量指示生物和病原微生物.河流流域中不同土地利用类型的微生物种群的多样性存在着明显的差异,其中非正式定居点对阿皮斯河的水体和沉积物中的细菌多样性影响最大.据 Perkins 等^[7]的研究报道,沉积物含有比水柱更多的营养物质,可以保护细菌免受阳光的影响,并保护细菌免受捕食,这些优势使得沉积物中的微生物比水柱中的微生物更为多样和丰富.北运河水系分布在北京城区及城市下游的平原区,承担北京市防洪排涝任务,承担着中心城区 90% 的排水任务,沙河、清河、通惠河和凉水河等几大支流的降雨污水均由北运河下泄,同时水系水源主要来源于再生水非常规补给水源,全流域污水排放量约 $300 \text{ 万 t} \cdot \text{d}^{-1}$,是北京市污染最严重的河流,也是病原微生物健康风险较大的河流^[10,11].基于此,本文拟探讨北运河水体和沉积物微生物群落组成差异,为揭示高度人工化的再生水补给河道污染胁迫下的微生物群落变化机制提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 样品采集

2019 年 9 月在研究区按照均匀布点并兼顾考虑流域尺度点源与非点源污染类型分布原则设置并采集河道水样与新鲜沉积物(图 1).同时采用多参数水质测定仪(AP-7000)测定 pH、溶解性总固体(TDS)、温度(T)、氧化还原电位(ORP)、电导率(EC)和浊度(turbidity).每个采样点采集平行的 2 L 混合均匀的水样 2 个,将采集的新鲜沉积物放入预先灭菌的铝盒中,冰袋低温保存并快运回实验室.参考国标方法对水体及沉积物进行常规理化监测分析,对北运河流域各样点的理化指标进行测定.

1.2 微生物数据测定

将采集的水样过 $0.22 \mu\text{m}$ 的滤膜,沉积物装入 1.5 mL 离心管,送至北京诺禾致源科技股份有限公司进行微生物 PCR 扩增和 16S rRNA 高通量测序.扩增引物为: 314F (CCTAYGGGRBGCASCAG); 806R (GGAC TACNNGGTATCTAAT),扩增区间为 V3-V4 区.

1.3 数据处理与分析

Chao1 指数用于评估样点的微生物丰度,Shannon 指数用于评估样点的微生物多样性,Pielou 指数用于评估样点的微生物均匀度,研究借助

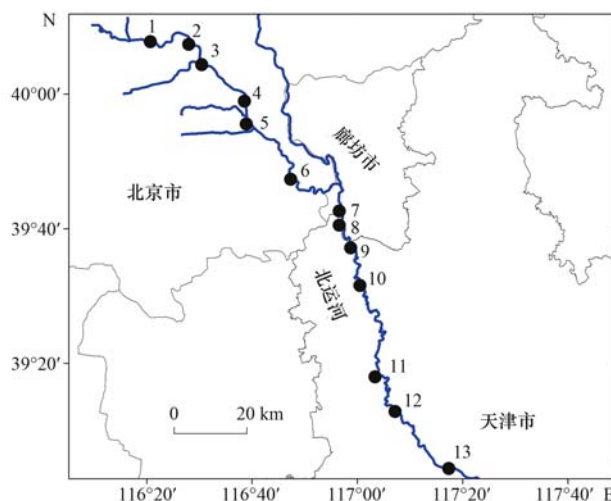


图 1 北运河采样点分布示意

Fig. 1 Sampling locations in the North Canal River

Galaxy 微生物数据分析平台进行 (<http://mem.recees.ac.cn:8080/>) 水体和沉积物微生物群落 3 种多样性指数的计算.

Bray-Curtis 相似性矩阵被认为是生态学研究中最稳定的相似系数之一^[12],应用于微生物 OTU (operational taxonomic units) 群落分析.非度量多维尺度分析 (non-metric multidimensional scaling, NMDS) 被运用于不同点微生物群落的差异分析.Global R 相似性分析通过计算组间和组内平均秩相似性的差异,从而显示组间的分离程度. $R = 1$ 表示完全分离,而 $R = 0$ 表示没有分离.为了评估北运河水体与底泥中微生物群落的差异,采用 Primer5.0 计算水体与沉积物微生物群落的 Bray-Curtis 相似性矩阵,NMDS 分析水体和沉积物中的微生物群落功能,进一步结合 Global 检验,揭示两者微生物群落结构的差异.借助 SPSS 与 Origin 软件,采用 Spearman 秩相关法分析细菌群落的 Bray-Curtis 相似性与样点地理距离的关系.

对水体和沉积物分组进行 LEfSe (linear discriminant analysis effect size) 即线性判别分析,其可以实现两个或者多个分组之间的比较,借助 Galaxy 微生物数据分析平台进行水体和沉积物微生物群落差异分析,从而找到组间不同分类水平中在丰度上具有显著差异的物种.

2 结果与分析

2.1 水体及沉积物微生物群落多样性

2.1.1 水体及沉积物微生物群落 α 多样性

在高通量测序的基础上,经过序列过滤和去除嵌合体序列,两种生境特征的样品分别得到了 776 979 条和 746 788 条序列,在 97% 的相似性度下将其聚类为用于物种分类的 OTU^[13-15],水体和沉

沉积物两种生境特征各获得了8 912条和10 433条 OTU 片段数. 进一步生成从门到种的分类矩阵(表 1). 从表 1 可以看出水体8 912条片段隶属于 47 门 77 纲 161 目 302 科 728 属和 560 种, 而沉积物10 433 条 OTU 片段数隶属于 49 门、81 纲、168 目、312 科、766 属和 601 种. 不同分类单元下的沉积物微生物区系多样性均较水体更为丰富.

进一步计算两种生境特征的 α 多样性指数, 从中可以看出, 沉积物 Chao1 丰富度指数和 Shannon

综合多样性指数均高于水体 ($P < 0.01$), 进一步说明沉积物较水体蕴含更为丰富的微生物物种. 从两种生境特征的 α 多样性的差异看, 沉积物样点的平均 Chao1 指数为 5 771. 23, 较水体样点升高了 49. 66%, 而沉积物样点的平均 Shannon 指数为 9. 30, 较水体样点升高了 14. 40%. 生境特征差异对丰富度的影响明显高于综合多样性的影响, 沉积物群落具有较水体群落相对更高的均匀度是导致二者综合多样性差异减小的主要原因.

表 1 北运河水体及沉积物微生物不同分类水平 16S rRNA 序列数和多样性指数

Table 1 Abundance of 16S rRNA gene in different classification levels and diversity indexes of bacteria in water and sediment in the North Canal River

项目	序列数	OTU	门	纲	目	科	属	种	Chao1 指数	Shannon 指数	Pielou 指数
水体	63 864 ± 4 109	3 206 ± 562	40 ± 3	59 ± 4	126 ± 5	226 ± 12	458 ± 40	261 ± 33	3 856 ± 536	8. 129 ± 0. 349	0. 709 ± 0. 023
沉积物	61 743 ± 4 938	4 632 ± 547	44 ± 2	66 ± 3	138 ± 5	248 ± 9	515 ± 25	317 ± 26	5 771 ± 559	9. 299 ± 0. 767	0. 774 ± 0. 055

2. 1. 2 水体及沉积物微生物群落 β 多样性

使用 Primer 中的 NMDS 分析法对水体及沉积物中微生物 β 多样性进行分析, 以便清晰直观地体现出不同生境特征群落组成差异(图 2). 从图 2 可以看出, 水生态系统内样点间分布集中, 且水体样点与沉积物样点间具有清晰的分布界限, 而沉积物样点在 NMDS 图中具有更广泛的分布格局和范围, 说明水生态系统群落结构的相似性明显高于沉积物群落结构. 源汇同质化效应和较强的扩散能力是导致水生态系统群落结构相似性较高的主要原因. 与水体相比较, 沉积物的扩散能力较弱, 再加上研究区域内河道底部不连续衬砌导致河道生境异质性特征明显, 进而驱动河道沉积物微生物物种的 β 多样性更加多样. 采用 Global R 值变化进一步表征不同分类单元水体与沉积物微生物群落差异的显著性, 分析结果表明不同分类单元水体和沉积物微生物群落均存在显著差异. 值

得注意的是, 除界分类水平之外, 其他分类单元的 R 值基本上呈现了随着分类单元的降低, 群落结构相似性逐渐减小的变化趋势. 表明生境特征的差异对高级分类单元的影响较低级分类单元更为显著.

为进一步解释造成水体与沉积物的 β 多样性差异的原因, 基于不同分类水平下微生物群落的 Bray-Curtis 相似性与地理距离进行 Spearman 相关性分析, 结果如图 3 所示. 从中可以看出, 水体和沉积物系统均表现为随着分类单元的降低, 距离衰减模型的 r 值逐渐增大, 模型的显著性增强的变化趋势. 但不同生境特征距离衰减对分类单元的敏感性不同, 对水体而言, 从门到 OTU 水平均具有显著的地理衰减规律 ($P < 0.05$), 而沉积物则在从目到 OTU 水平表现为显著的地理衰减规律 ($P < 0.05$). 对比反映不同生境类型物种周转率的 K 值变化, 可以看到沉积物的 K 值大多高于水体, 进一步证明了水生态系

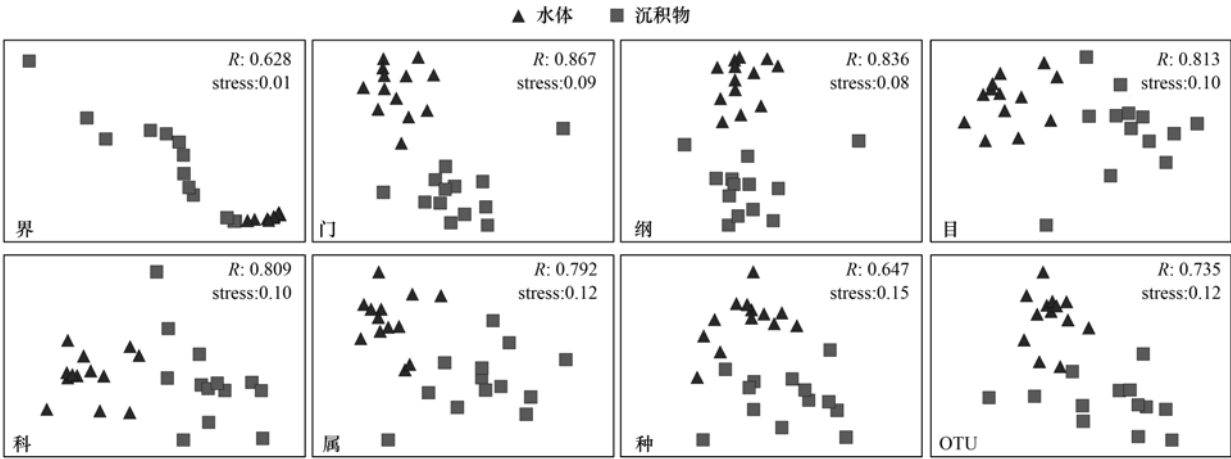


图 2 北运河水体及沉积物微生物群落不同分类水平 NMDS 分析

Fig. 2 NMDS analysis of different classification levels of microbial communities in the water and sediments of North Canal River

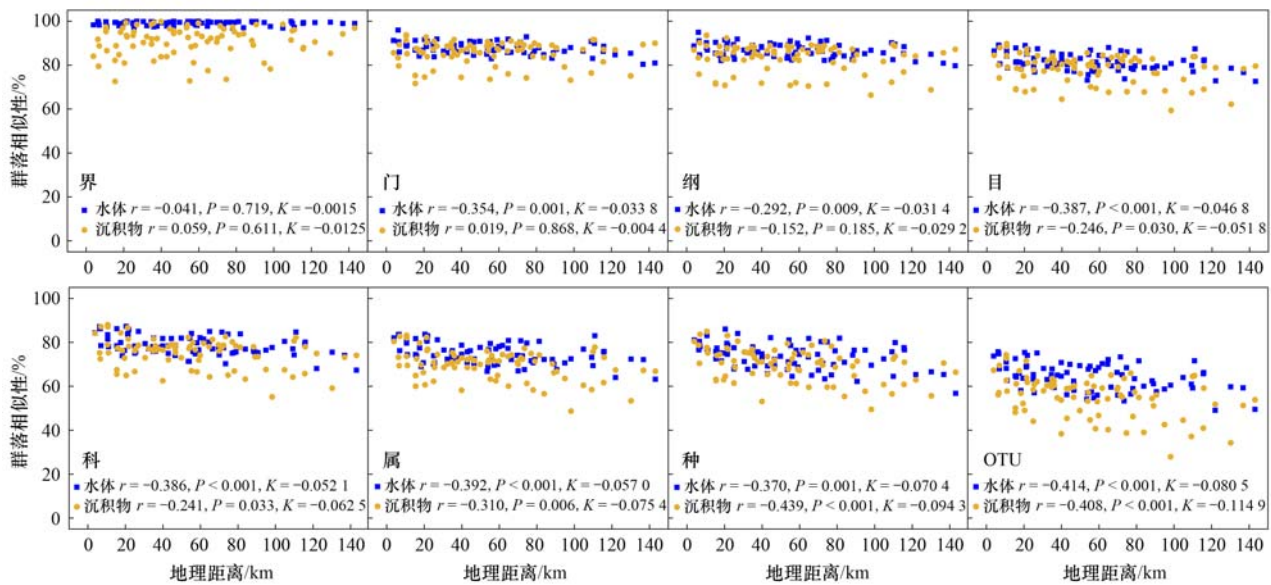


图3 微生物群落不同分类水平地理距离与群落相似性的斯皮尔曼相关性

Fig. 3 Spearman's rank correlations between the Bray-Curtis similarity of microbial community and geographical distance in different classification levels

统沉积物系统中扩散能力差异是引起二者 β 多样性差异较大的主要原因。

2.2 水体及沉积物微生物的群落组成

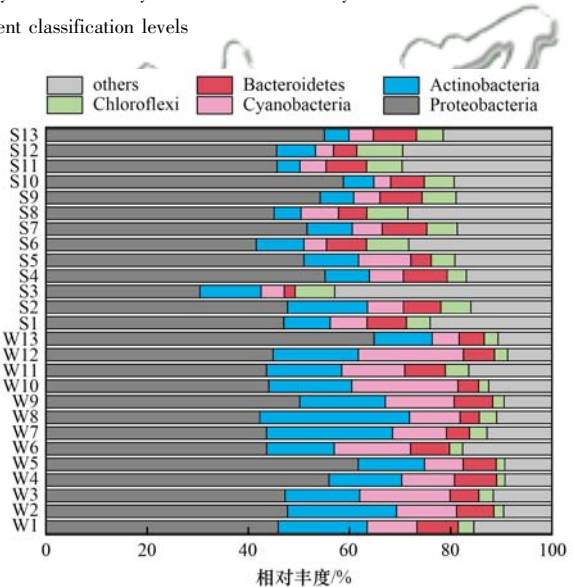
2.2.1 水体与沉积物微生物群落优势门组成

定义片段相对丰度值 >0.01 为优势菌群, 相对丰度值 <0.001 为偶见菌群, 其余则为非优势菌群. 沉积物特有的门为谢克曼菌门 (Schekmanbacteria) 和丙盐古菌门 (Diapherotrites), 其相对丰度均 <0.001 , 属于偶见菌群. 水体无特有门存在. 水体和沉积物共有的 47 个门中, 有 5 个门属于优势门, 而 42 个属于偶见门.

绘制基于门水平的水体和沉积物微生物群落相对丰度前 5 的类群组成柱形图 (图 4). 从图 4 可以看出, 两种生境条件下前 5 优势门均相同, 但各类群相对丰度占比有所差异. 变形杆菌门 (Proteobacteria) 在水体和沉积物样本中均属于相对丰度占比最高的门, 分别占到生境群落的 48.9%、48.3%. 放线杆菌门 (Actinobacteria)、蓝藻门 (Cyanobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes) 和绿弯菌门 (Chloroflexi) 为两种生境中亚优势门. 这 5 类优势类群在水体样点的相对丰度约为 82.4% ~ 91.2%, 而在沉积物中的相对丰度仅为 70.3% ~ 84.1%, 表明沉积物样本的均匀度较水体样本更为稳定.

2.2.2 水体与沉积物微生物群落优势门水平差异

在此基础上, 采用 ANOVA 方差检验的方法分析 47 个门水平微生物类群在水体和沉积物生境特征中的丰度差异, 结果显示 29 个门在沉积物与水体样点中的相对丰度存在显著差异 (表 2). 这 29 个门



W1 ~ W13 为水体 1 ~ 13 号样点, S1 ~ S13 为沉积物 1 ~ 13 号样点

图4 门水平相对丰度前 5 的微生物门类

Fig. 4 Top five microbial groups in relative abundance at phylum level

中, 有 3 组属于两种生境条件下极显著差异 ($P < 0.001$) 的优势类群, 分别为放线杆菌门 (Actinobacteria), 蓝藻门 (Cyanobacteria) 和绿弯菌门 (Chloroflexi). 22 组属于非优势类群, 其中相对丰度较高并且极其显著的有疣微菌门 (Verrucomicrobia), 迷踪菌门 (Elusimicrobia), 己科河菌门 (Rokubacteria), 螺旋体门 (Spirochaetes), 硝化螺旋菌门 (Nitrospirae) 和酸杆菌门 (Acidobacteria) 等. 4 组偶见类群包括了伯克利菌门 (Berkelbacteria), Kiritimatiellaeota, 暗黑菌门 (Atribacteria) 和食氢菌门 (Hydrogenedentes). 除 Kiritimatiellaeota 外, 其余 3 组均在两种生境条件下

极显著差异 ($P < 0.001$). 从结果可知, 水体和沉积物微生物群落的差异主要体现在共有类群丰度的变化, 而在共有类群中优势类群和非优势类群的丰度差异较偶见类群对群落组成的影响更大.

表 2 基于 ANOVA 检验的水体与沉积物中具有显著差异的门

Table 2 Analysis of significant difference between water and sediment based on ANOVA test

类群	相对丰度/%		显著性	属性
	水体	沉积物		
Actinobacteria	17.375	8.468	0.000	优势
Cyanobacteria	12.804	5.846	0.000	优势
Chloroflexi	2.692	6.414	0.000	优势
Verrucomicrobia	4.535	2.119	0.000	非优势
Deinococcus-Thermus	0.279	0.07	0.001	非优势
Planctomycetes	0.226	0.15	0.012	非优势
unidentified_Archaea	0.002	0.029	0.017	非优势
Fibrobacteres	0.021	0.066	0.000	非优势
Acetothermia	0.017	0.066	0.011	非优势
Thaumarchaeota	0.009	0.06	0.040	非优势
Elusimicrobia	0.024	0.076	0.000	非优势
Synergistetes	0.027	0.096	0.034	非优势
Calditrichaeota	0.027	0.130	0.008	非优势
Caldiserica	0.033	0.140	0.036	非优势
Nitrospinae	0.05	0.158	0.000	非优势
Rokubacteria	0.072	0.247	0.000	非优势
Zixibacteria	0.072	0.261	0.000	非优势
unidentified_Bacteria	0.155	0.463	0.000	非优势
Spirochaetes	0.126	0.471	0.000	非优势
Latescibacteria	0.108	0.478	0.000	非优势
Gemmatimonadetes	0.419	0.995	0.013	非优势
Nitrospirae	0.546	1.659	0.000	非优势
Euryarchaeota	0.037	2.201	0.004	非优势
Firmicutes	2.202	4.471	0.023	非优势
Acidobacteria	1.655	4.686	0.000	非优势
Berkelbacteria	0.005	0.019	0.000	偶见
Kiritimatiellaeota	0.007	0.024	0.002	偶见
Atribacteria	0.004	0.022	0.000	偶见
Hydrogenedentes	0.016	0.046	0.000	偶见

2.3 水体及沉积物微生物群落组成差异

为对水体与沉积物中具有显著差异的物种更深入地分析其组成与差异, 利用 Galaxy 平台进行了 LEfSe 分析, 其采用线性回归分析 (LDA) 来估算每个组分 (物种) 丰度对差异效果影响的大小. 设置 LDA 指数为 3.6, 其结果如图 5 所示.

从图 5 可以看出在水体与沉积物样点中具有显著性差异的物种, 包括 14 个纲、23 个目、19 个科和 9 个属. 其中蓝藻纲 (Cyanobacteria)、放线杆菌纲 (Actinobacteria)、酸微菌纲 (Acidimicrobiia)、疣微菌纲 (Verrucomicrobiae)、 α 变形杆菌纲 (α -Proteobacteria) 这 5 个纲在水体样点中的丰度显著高于沉积物样点, 而 γ 变形杆菌纲 (γ -Proteobacteria)、 δ 变形杆菌纲 (δ -Proteobacteria)、梭菌纲 (Clostridia) 等 9 个纲在沉积物样点中的丰度更高. 其中 α 变形杆菌纲、 γ 变形杆菌纲和 δ 变形杆菌纲的 LDA 指数较高, 这表明虽然变形杆菌门在水体与沉积物中无明显差异, 但 α 变形杆菌纲在水体中的丰度显著高于沉积物, 其中包括 α 变形杆菌目、

根瘤菌目 (Rhizobiaies)、红杆菌目 (Rhodobacteraies)、鞘脂单胞菌目 (Sphingomonadaies) 这 4 个菌目的细菌, 而 γ 变形杆菌纲, δ 变形杆菌纲则在沉积物中有着更高的丰度, 其中包括脱硫杆菌目 (Desulfobacteraies)、互营杆菌目 (Syntrophobacteraies)、肠杆菌目 (Enterobacteraies)、 γ 变形杆菌目 (γ -Proteobacteria) 这 4 个菌目, 值得一提的是, 伯克氏菌科 (Burkholderiaceae) 和黄单胞菌科 (Xanthomonadaceae) 虽然属于 γ 变形杆菌, 但其在水体中的丰度更高. 在属水平中, 红杆菌属 (Rhodobacter)、酸微菌属在水体中的丰度更高. 而分枝杆菌 (Mycobacterium)、泉古菌门、产甲烷菌 (Methanosaeta)、肠杆菌属 (Enterobacteriaceae)、 γ 变形杆菌属、硫杆菌属 (Thiobacillus) 和 (Dechloromonas) 菌属则在沉积物中丰度更高. 另外产甲烷菌 (Methanomicrobia) 和泉古菌纲 (Crenarchaeota) 为其中具有显著差异的古菌, 其在沉积物中的丰度皆显著高于水体.

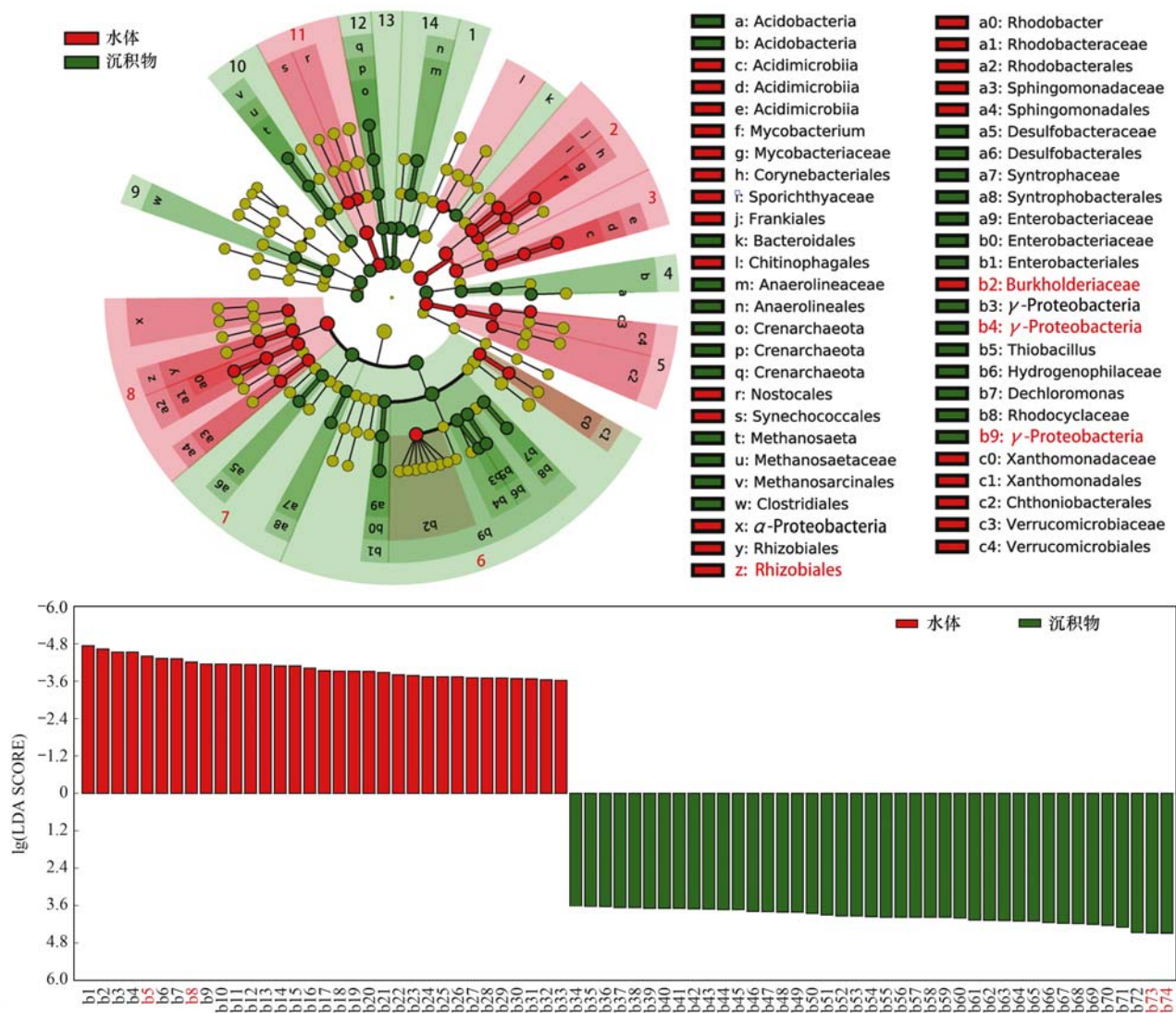


图 5 水与沉积物微生物群落的线性判别分析分支图与直方图

Fig. 5 Linear discriminant analysis effect size histograms and cladograms for the comparisons of water community versus sediment community

3 讨论

越来越多基于高通量测序技术的研究揭示了生活在水生态环境中的细菌群落的多样性,但以往关于微生物群落多样性的研究大多只针对水体

或沉积物^[16,17]. 本研究以北京典型的再生水补给河流——北运河作为研究对象,使用多种统计方法对水体及沉积物中的微生物群落进行对比分析,探讨两种生境条件下的群落多样性和组成结构之间的差异.

3.1 不同分类单元的划分对微生物多样性分析的影响

生物的不同结构层次上都存在着多样性^[18]. 物种是生物分类系统的基本单元,随着结构层次的升高,物种的分辨率降低. 很多文献在探究不同分类单元多样性评估的可能性工作^[19~21]. 如邱莹等^[17]的研究发现水生态系统中随着生物分类单元的降低,基于 β 多样性的微生物群落差异性增强,物种分离程度变大. Botnen 等^[22]基于文献统计数据的研究结果发现,不同的阈值划分对于微生物群落结构及其 β 多样性的分析结果不存在影响. 本研究的结果表明水体与沉积物的群落 β 多样性的差异性随分类水平的降低而降低,可能原因亟待进一步地解释.

3.2 水体及沉积物微生物群落多样性差异分析

在本研究中,沉积物有着比水体更丰富的微生物群落,水体样点的多样性指数与丰富度指数均低于沉积物样点,这与目前存在的大多数研究的结论一致^[7,23,24]. Fries 等^[5]对纽斯河口 (Neuse River Estuary) 中附着于颗粒的细菌在水柱和沉积物床之间的交换进行研究,发现沉积物再悬浮是水柱细菌的一个重要来源. Fang 等^[25]的研究利用宏基因组学对我国赛里木湖浮游细菌和沉积细菌的多样性进行了分析比较,结果表明,沉积物共有 413 个菌属,而水中只有 134 个,沉积物细菌群落表现出更高的系统发育多样性. 而本研究中,水体与沉积物的 α 多样性的差异较小,其样点中的微生物群落存在着大量相同的微生物,说明研究区域内的水体与沉积物的微生物发生频繁的交流,这可能是由于北运河作为高度人工化的河流,其大部分河道存在底砌,影响了沉积物与地下水之间的交互,并增强了外界扰动情况下对水体与沉积物稳定性的影响.

除此之外,本研究中水体样点的微生物群落有着更高的同质性,这很大可能是由于水体的流动性更强,不同样点间的微生物存在着交换关系. 何浩然^[26]对渭河的研究表明,渭河水体浮游微生物相异性与地理距离相关性显著,而沉积物微生物相异性与地理距离相关性不显著,张凯^[27]对河口沉积物的研究同样发现了沉积物空间分布差异较小,其季节性变化更加明显. 说明水体中微生物群落受水平扩散影响显著,而沉积物的微生物群落对比水平扩散,环境因素的影响更大. 水体拥有比沉积物更高的水平扩散能力,其导致了沉积物有着比水体更多样化的生境特征,造成了两者 β 多样性的差异. 沉积物样点的 β 多样性显著高于水体,说明其生境类型更加的多样. Wang 等^[28]的研究表明不同生境类型间的系统发育差异显著高于同一生境类型内的系统发育

差异,群落按其原始生境类型聚集. 而多样的生境类型可以支持更多种类的物种生存,从而导致沉积物的 α 多样性同样高于水体.

3.3 水体及沉积物微生物群落组成差异分析

本研究中变形杆菌门是所有研究样点中占比最高的微生物门类,这与已有研究发现的规律保持一致^[29,30]. Abia 等^[29]对同样受人为因素严重影响的阿皮斯河 (Apies River) 水体及沉积物的研究中发现,变形杆菌门 (69.8%)、蓝藻门 (4.3%)、拟杆菌门 (2.7%) 和放线杆菌门 (2.7%) 是丰度最高的门. 而在变形杆菌门中, α 变形杆菌纲在水体中的丰度显著高于沉积物,属于 α 变形杆菌纲的红杆菌属是革兰氏阴性兼光合营养型菌, Suresh 等^[31]的研究表明其广泛分布于水体的好氧/缺氧区,它们作为初级生产者、固氮剂发挥着重要作用,有助于生物地球化学循环. 而大多数 γ 变形杆菌是化能营养菌,它们通过氢、硫或铁的氧化作用获得代谢所需能量^[32]. γ 变形杆菌还包括肠道细菌,它含有大量人、动物和植物病原体,如沙门氏菌属、志贺氏菌属、军团菌属、弧菌属和假单胞菌属等. Mwanamoki 等^[8]对刚果民主共和国 (DRC) 金沙萨西部的一个受保护的多用途湖泊水库——马瓦莱湖 (Lake Ma Vallée) 的研究发现,沉积物可以构成一个病原微生物的库,使得这些病原微生物可以在湖中持续存在. δ 变形杆菌纲大部分成员生存于厌氧环境,并且存在严格厌氧的细菌^[33],而其中在沉积物中的丰度显著高于水体的肠杆菌属,是医院和社区常见的病原体^[34].

除此之外,本研究中放线杆菌门、蓝藻门、疣微菌门在水体中丰度较高,这与文新宇等^[30]对内江黄镇水库的研究结果类似,其研究中水体中含量较高的菌门有变形杆菌门、拟杆菌门、蓝藻门、放线杆菌门和疣微菌门. 并且放线杆菌门、蓝藻门两个菌门是本研究中的优势菌门,其相对丰度对比沉积物样点存在着显著差异. 酸微菌纲 (Acidimicrobiia) 隶属于放线杆菌门,在本研究中发现其中微生物在水体中含有较高的丰度,何媛秋等^[35]的研究认为,目前发现的酸微菌都能进行异养生长,为好氧或兼性厌氧菌,并且在海洋和陆地环境的微生物类群中占有一定比例. 而蓝藻门作为典型的光能自养菌是这个地球上最早的生物群体之一,其在水体中对溶解氧的平衡中起了关键作用^[36]. 疣微菌的分离株代谢多样,包括需氧菌、兼性厌氧菌和专性厌氧菌,它们大多是异养菌,利用各种单糖、寡糖和多糖进行生长,其在淡水和海洋环境中都普遍存在,并被认为是多糖降解中起着关键作用^[37].

而沉积物中酸杆菌门 (Acidobacteria)、厚壁菌

门(Firmicutes)、绿弯菌门的相对丰度显著高于水中,其中绿弯菌门为优势菌门,同样在于小彦等^[38]对同样富营养化现象严重的十五里河的研究中,变形杆菌门、绿弯菌门、拟杆菌门、厚壁菌门、放线杆菌门在沉积物中的相对丰度较高。酸杆菌门细菌难于分离培养,但针对细菌 16S rRNA 序列分析表明,酸杆菌门细菌在各种生境中都存在,特别是在土壤环境中其丰度更高^[39],并且在土壤生态过程中起到重要的作用^[40]。芽孢杆菌(Bacilli)和梭菌(Clostridia)构成了厚壁菌门的主体,而梭菌纲一般为专性厌氧菌,主要分布在动物肠道、高温堆肥以及沼气发酵系统等无氧环境,往往具有很强的降解能力和代谢活性^[41]。厌氧绳菌纲(Anaerolineae)、脱卤球菌纲(Dehalococcoidia)等菌纲均属于绿弯菌门,其具有极其多样的营养方式,包括光能自养、光能异养、化能自养、化能异养和混合营养等,参与了 C、N、S 等元素的生物地球化学循环,是这些环境中生态学过程的重要参与者^[42]。

4 结论

(1)北运河水体和沉积物群落具有较高的相似性,共有物种在不同分类单元的所有物种中占比高达 86%~95%。多再生水补给口物理扰动、水深和衬砌等特点使得城市河道水体和沉积物的微生物较其它水生态系统中更易发生交换。

(2)北运河沉积物中的微生物群落比水体有着更高的 α 多样性, β 多样性表现为水体中微生物群落较沉积物群落的相似性更高。生境特征的差异对高级分类单元的影响较低级分类单元更为显著。

(3)变形杆菌门是水体与沉积物占比最高的门类,且在两种生境中并无显著差异。包含大量光营养菌的 α 变形杆菌纲在水体中的丰度显著高于沉积物,而包含多种大量的病原微生物 γ 变形杆菌纲和 δ 变形杆菌纲则在沉积物中有着更高的丰度。沉积物中大量的病原菌存在再次释放到水体威胁水质和人体健康的风险。

(4)放线杆菌门、蓝藻门和疣微菌门等好氧或兼性厌氧菌在水体样点的相对丰度大于沉积物样点,而厌氧的绿弯菌门、厚壁菌门和酸杆菌门微生物在沉积物样点中的相对丰度大于水体样点。

参考文献:

[1] 张晓娇. 北运河底泥污染特征及内源污染控制技术研究[D]. 大连: 大连海洋大学, 2018.

[2] 赵锁志, 刘丽萍, 王喜宽, 等. 黄河内蒙古段上覆水、悬浮物和底泥重金属特征及生态风险研究[J]. 现代地质, 2008, 22(2): 304-312.

Zhao S Z, Liu L P, Wang X K, et al. Characteristics and ecological risk of heavy metals in overlying water, suspended

particles and bed mud in the inner Mongolia stretch of the Yellow River[J]. Geoscience, 2008, 22(2): 304-312.

[3] 原居林, 李明, 杨元杰, 等. 义乌市岩口水库底泥特征、营养盐含量及污染现状分析[J]. 浙江海洋学院学报(自然科学版), 2015, 34(3): 255-262.

Yuan J L, Li M, Yang Y J, et al. Analysis of characterization, nutrient content and pollution status of sediment in Yankou Reservoir, Yiwu City[J]. Journal of Zhejiang Ocean University (Natural Science), 2015, 34(3): 255-262.

[4] 陈文松, 宁寻安, 李萍, 等. 底泥污染物的环境行为研究进展[J]. 水资源保护, 2007, 23(4): 1-5.

Chen W S, Ning X A, Li P, et al. Environmental behavior of pollutants in sediments[J]. Water Resources Protection, 2007, 23(4): 1-5.

[5] Fries J S, Characklis G W, Noble R T. Sediment-water exchange of *Vibrio* sp. and fecal indicator bacteria: implications for persistence and transport in the Neuse River Estuary, North Carolina, USA[J]. Water Research, 2008, 42(4-5): 941-950.

[6] Jamieson R, Gordon R, Joy D, et al. Assessing microbial pollution of rural surface waters: a review of current watershed scale modeling approaches[J]. Agricultural Water Management, 2004, 70(1): 1-17.

[7] Perkins T L, Clements K, Baas J H, et al. Sediment composition influences spatial variation in the abundance of human pathogen indicator bacteria within an estuarine environment[J]. PLoS One, 2014, 9(11), doi: 10.1371/journal.pone.0112951.

[8] Mwanamoki P M, Devarajan N, Thevenon F, et al. Assessment of pathogenic bacteria in water and sediment from a water reservoir under tropical conditions (Lake Ma Vallée), Kinshasa Democratic Republic of Congo[J]. Environmental Monitoring and Assessment, 2014, 186(10): 6821-6830.

[9] Abia A L K, Ubomba-Jaswa E, Momba M N B. Prevalence of pathogenic microorganisms and their correlation with the abundance of indicator organisms in riverbed sediments[J]. International Journal of Environmental Science and Technology, 2016, 13(12): 2905-2916.

[10] 荆红卫, 张志刚, 郭婧. 北京北运河水系水质污染特征及污染源分析[J]. 中国环境科学, 2013, 33(2): 319-327.

Jing H W, Zhang Z G, Guo J. Water pollution characteristics and pollution sources of Bei Canal river system in Beijing[J]. China Environmental Science, 2013, 33(2): 319-327.

[11] Zhi X S, Chen L, Shen Z Y. Impacts of urbanization on regional nonpoint source pollution: case study for Beijing, China[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2018, 25(10): 9849-9860.

[12] Kent M. Vegetation description and data analysis: a practical approach(2nd ed)[M]. Chichester: John Wiley & Sons, 2012.

[13] 赵炜, 李杰, 谢慧娜, 等. 兰州市春季微生物气溶胶浓度、粒径及细菌群落结构分布特性[J]. 环境科学, 2021, 42(4): 1668-1678.

Zhao W, Li J, Xie H N, et al. Concentration and particle size distribution characteristics of microbial aerosol and bacterial community structure during spring in Lanzhou City, China[J]. Environmental Science, 2021, 42(4): 1668-1678.

[14] 王晓瞳, 杨宏. 基于粒径分化的厌氧氨氧化污泥性能与微生物多样性分析[J]. 环境科学, 2021, 42(4): 1930-1938.

Wang X T, Yang H. Analysis of performance and microbial diversity of ANAMMOX sludge based on particle size differentiation[J]. Environmental Science, 2021, 42(4): 1930-1938.

[15] 贺赞, 李魁晓, 王佳伟, 等. 不同季节城市污水处理厂微生

- 物群落特性[J]. 环境科学, 2021, **42**(3): 1488-1495.
- He Y, Li K X, Wang J W, *et al.* Microbial community structure of waste water treatment plants in different seasons [J]. Environmental Science, 2021, **42**(3): 1488-1495.
- [16] 靳燕, 邱莹, 董志, 等. 北运河浮游细菌集合群落空间变化的环境解释[J]. 中国环境科学, 2021, **41**(3): 1378-1386.
- Jin Y, Qiu Y, Dong Z, *et al.* Environmental interpretation of spatial variation of planktonic bacterial communities in the North Canal River[J]. China Environmental Science, 2021, **41**(3): 1378-1386.
- [17] 邱莹, 靳燕, 苏振华, 等. 城市再生水河道沉积物细菌群落空间变化分析: 以京津冀北运河为例[J]. 环境科学, 2021, **42**(5): 2287-2295.
- Qiu Y, Jin Y, Su Z H, *et al.* Analysis of the spatial changes in bacterial communities in urban reclaimed water channel sediments: a case study of the North Canal River [J]. Environmental Science, 2021, **42**(5): 2287-2295.
- [18] Cleary D F R, Smalla K, Mendonça-Hagler L C S, *et al.* Assessment of variation in bacterial composition among microhabitats in a mangrove environment using DGGE fingerprints and barcoded pyrosequencing [J]. PLoS One, 2012, **7**(1), doi: 10.1371/journal.pone.0029380.
- [19] Tikhonov M, Leach R W, Wingreen N S. Interpreting 16S metagenomic data without clustering to achieve sub-OTU resolution[J]. The ISME Journal, 2015, **9**(1): 68-80.
- [20] Yamamoto N, Bibby K. Clustering of fungal community internal transcribed spacer sequence data obscures taxonomic diversity [J]. Environmental Microbiology, 2014, **16**(8): 2491-2500.
- [21] Lekberg Y, Gibbons S M, Rosendahl S. Will different OTU delineation methods change interpretation of arbuscular mycorrhizal fungal community patterns? [J]. New Phytologist, 2014, **202**(4): 1101-1104.
- [22] Botnen S S, Davey M L, Halvorsen R, *et al.* Sequence clustering threshold has little effect on the recovery of microbial community structure[J]. Molecular Ecology Resources, 2018, **18**(5): 1064-1076.
- [23] Ekwanzala M D, Abia A L K, Ubomba-Jaswa E, *et al.* Genetic relatedness of faecal coliforms and enterococci bacteria isolated from water and sediments of the Apies River, Gauteng, South Africa[J]. AMB Express, 2017, **7**(1), doi: 10.1186/s13568-016-0319-4.
- [24] Characklis G W, Dilts M J, Simmons III O D, *et al.* Microbial partitioning to settleable particles in stormwater [J]. Water Research, 2005, **39**(9): 1773-1782.
- [25] Fang L, Chen L, Liu Y, *et al.* Planktonic and sedimentary bacterial diversity of Lake Sayram in summer [J]. MicrobiologyOpen, 2015, **4**(5): 814-825.
- [26] 何浩然. 渭干干流和秦岭北麓典型支流浮游及沉积微生物群落结构与分子生态网络研究[D]. 西安: 西安理工大学, 2020.
- [27] 张凯. 河口区沉积微生物对水体富营养化过程的响应研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2018.
- [28] Wang J J, Shen J I, Wu Y C, *et al.* Phylogenetic beta diversity in bacterial assemblages across ecosystems: deterministic versus stochastic processes[J]. The ISME Journal, 2013, **7**(7): 1310-1321.
- [29] Abia A L K, Alisoltani A, Keshri J, *et al.* Metagenomic analysis of the bacterial communities and their functional profiles in water and sediments of the Apies River, South Africa, as a function of land use[J]. Science of the Total Environment, 2018, **616-617**: 326-334.
- [30] 文新宇, 谌书, 杨远坤, 等. 缓丘地带黄河镇水库微生物群落多样性特征[J]. 应用与环境生物学报, 2021, **27**(6): 1-10.
- Wen X Y, Chen S, Yang Y K, *et al.* Characteristics of microbial community diversity in the gentle hilly area-Huanghe Town Reservoir[J]. Chinese Journal of Applied & Environmental Biology, 2021, **27**(6): 1-10.
- [31] Suresh G, Sailaja B, Ashif A, *et al.* Description of *Rhodobacter azollae* sp. nov. and *Rhodobacter lacus* sp. nov. [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2017, **67**(9): 3289-3295.
- [32] Kersters K, De Vos P, Gillis M, *et al.* Introduction to the proteobacteria[A]. In: Dworkin M, Falkow S, Rosenberg E, *et al.* (Eds.). The Prokaryotes: Volume 5: Proteobacteria: Alpha and Beta Subclasses[M]. New York: Springer, 2006.
- [33] 姜磊, 涂月, 侯英卓, 等. 植被恢复的岩溶湿地沉积物细菌群落结构和多样性分析[J]. 环境科学研究, 2020, **33**(1): 200-209.
- Jiang L, Tu Y, Hou Y Z, *et al.* Bacterial community structure and diversity of sediments in a karst vegetation restoration wetland[J]. Research of Environmental Sciences, 2020, **33**(1): 200-209.
- [34] Perez F, Bonomo R A. Carbapenem-resistant Enterobacteriaceae: global action required [J]. The Lancet Infectious diseases, 2019, **19**(6): 561-562.
- [35] 何媛秋, 龙丽娟, 田新朋. 酸微菌纲(*Acidimicrobiota*)的研究概况[J]. 微生物学通报, 2020, **47**(6): 1945-1957.
- He Y Q, Long L J, Tian X P. Recent advances in the class *Acidimicrobiia*[J]. Microbiology China, 2020, **47**(6): 1945-1957.
- [36] Mulikidjanian A Y, Koonin E V, Makarova K S, *et al.* The cyanobacterial genome core and the origin of photosynthesis[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2006, **103**(35): 13126-13131.
- [37] He S M, Stevens S L R, Chan L K, *et al.* Ecophysiology of freshwater Verrucomicrobia inferred from metagenome-assembled genomes[J]. mSphere, 2017, **2**(5), doi: 10.1128/mSphere.00277-17.
- [38] 于小彦, 张平究, 张经纬, 等. 城市河流沉积物微生物量分布和群落结构特征[J]. 环境科学学报, 2020, **40**(2): 585-596.
- Yu X Y, Zhang P J, Zhang J W, *et al.* Characteristics of distribution patterns of microbial biomass and community structures in the sediments from urban river[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2020, **40**(2): 585-596.
- [39] Jones R T, Robeson M S, Lauber C L, *et al.* A comprehensive survey of soil acidobacterial diversity using pyrosequencing and clone library analyses [J]. The ISME Journal, 2009, **3**(4): 442-453.
- [40] 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展[J]. 生物技术通报, 2016, **32**(2): 14-20.
- Wang G H, Liu J J, Yu Z H, *et al.* Research progress of *Acidobacteria* ecology in soils[J]. Biotechnology Bulletin, 2016, **32**(2): 14-20.
- [41] 宋兆齐, 王莉, 刘秀花, 等. 云南和西藏四处热泉中的厚壁菌门多样性[J]. 生物技术, 2015, **25**(5): 481-486, 436.
- Song Z Q, Wang L, Liu X H, *et al.* Diversities of *Firmicutes* in four hot springs in Yunnan and Tibet[J]. Biotechnology, 2015, **25**(5): 481-486, 436.
- [42] 鲜文东, 张满樨, 李文均. 绿弯菌的研究现状及展望[J]. 微生物学报, 2020, **60**(9): 1801-1820.
- Xian W D, Zhang X T, Li W J. Research status and prospect on bacterial phylum Chloroflexi [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2020, **60**(9): 1801-1820.

CONTENTS

Disinfection By-products in Drinking Water and Their Control Strategies: A Review	CHU Wen-hai, XIAO Rong, DING Shun-ke, <i>et al.</i> (5059)
Advances in Mechanism and Influencing Factors Affecting Hydrogen Sulfide Adsorption by Biochar	XU Qi-yong, LIANG Ming-shen, XU Wen-jun, <i>et al.</i> (5086)
Effect of Vegetation Coverage on the Temporal and Spatial Distribution of PM _{2.5} Concentration in China's Eight Major Economic Regions from 1998 to 2016	YANG Yu-lian, YANG Kun, LUO Yi, <i>et al.</i> (5100)
Evolution and Potential Source Apportionment of Atmospheric Pollutants of Two Heavy Haze Episodes During the COVID-19 Lockdown in Beijing, China	ZHAO De-long, TIAN Ping, ZHOW Wei, <i>et al.</i> (5109)
Characteristics and Origin Analysis of Air Pollution During the Spring Festival in Linfen, Fenwei Plain	LIU Wei-jie, HU Tian-peng, MAO Yao, <i>et al.</i> (5122)
Spatio-Temporal Characteristics and Potential Source Areas of Seasonal Atmospheric Pollution in Shijiazhuang	NIE Sai-sai, WANG Shuai, CUI Jian-sheng, <i>et al.</i> (5131)
Impact of Air Humidity on PM _{2.5} Mass Concentration and Visibility During Winter in Tianjin	DING Jing, TANG Ying-xiao, HAO Tian-yi, <i>et al.</i> (5143)
Seasonal Variation and Source Apportionment of Carbonaceous Species in PM _{2.5} in Chengde	HE Bo-wen, NIE Sai-sai, WANG Shuai, <i>et al.</i> (5152)
Volatile Organic Compounds (VOCs) Emission Inventory from Domestic Sources in China	LIANG Xiao-ming, CHEN Lai-guo, SHEN Guo-feng, <i>et al.</i> (5162)
Characteristics of Industrial Volatile Organic Compounds (VOCs) Emission in China from 2011 to 2019	LIU Rui-yuan, ZHONG Mei-fang, ZHAO Xiao-ya, <i>et al.</i> (5169)
VOCs Emission Inventory and Uncertainty Analysis of Industry in Qingdao Based on Latin Hypercube Sampling and Monte Carlo Method	XU Wan-ying, FU Fei, LÜ Jian-hua, <i>et al.</i> (5180)
Emission Characteristics and Environment Impacts of VOCs from Typical Rubber Manufacture	WANG Hai-lin, XIN Guo-xing, ZHU Li-min, <i>et al.</i> (5193)
Pollution Characteristics and Ozone Formation Potential of Ambient VOCs in Different Functional Zones of Shenyang, China	KU Ying-ying, REN Wan-hui, SU Cong-cong, <i>et al.</i> (5201)
Characteristics of BTEX and Health Risk Assessment During Typical Pollution Episodes in Summer and Winter in Tianjin Urban Area	HAN Ting-ting, LI Ying-ruo, PU Wei-wei, <i>et al.</i> (5210)
Atmospheric NH ₃ Emission Inventory and Analysis of the Driving Force in Zhengzhou City	JI Yao, WANG Chen, LU Xuan, <i>et al.</i> (5220)
Interactive Effects of the Influencing Factors on the Changes of O ₃ Concentrations Based on GAMs Model in Chengdu	ZHANG Ying, NI Chang-jian, FENG Xin-yuan, <i>et al.</i> (5228)
Spatial Variation Characteristics and Remote Sensing Retrieval of Total Suspended Matter in Surface Water of the Yangtze River	LI Jian-hong, HUANG Chang-chun, ZHA Yong, <i>et al.</i> (5239)
Spatial Distribution Characteristics of the Spectrum, Source Analysis, and Nitrogen Response of Dissolved Organic Matter in Summer Rainfall in the Hebei Province	ZHANG Zi-wei, ZHOU Shi-lei, CHEN Zhao-ying, <i>et al.</i> (5250)
Distribution and Influencing Factors of DOM Components in Urban and Suburban Polluted Rivers	ZHU Yi, CHEN Hao, DING Guo-ping, <i>et al.</i> (5264)
Composition and Distribution of Microplastics in the Water and Sediments of Urban Rivers in Beijing	HU Jia-min, ZUO Jian-e, LI Di, <i>et al.</i> (5275)
Nontarget Screening and Ecological Risk Assessment of Polar Organic Pollutants in Surface Water on the West Bank of Taihu Lake	LU Xin-yan, WANG Fei, ZHANG Li-min, <i>et al.</i> (5284)
Optimization of Extraction Methods and Distribution Characteristics of Antibiotics and Metabolites in Sediments of a River Water-Groundwater Interaction Zone	LI Yu-qiong, TONG Lei, YAN Han, <i>et al.</i> (5294)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics and Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in the Sediments of Desilting Demonstration Area in Baiyangdian Lake	WANG Tong-fei, ZHANG Wei-jun, LI Li-qing, <i>et al.</i> (5303)
Dynamic Mechanisms of Groundwater Quality by Residual Contaminants of the Tanghe Wastewater Reservoir in Xiong'an New Area	ZHANG Zhi-xiong, WANG Shi-qin, ZHANG Yi-zhang, <i>et al.</i> (5312)
Analysis and Prediction of Health Risk from Heavy Metals in Drinking Water Sources Based on Time Series Model	JI Chao, HOU Da-wei, XIE Li, <i>et al.</i> (5322)
Spatial Distribution, Risk, and Influencing Factors of River Water-Sediment Heavy Metals in the Lower Reaches of the Qianhe River	GAO Yu, WANG Guo-lan, JIN Zi-han, <i>et al.</i> (5333)
Spatial Distribution and Pollution Assessment of Dissolved Heavy Metals in Chaohu Lake Basin During the Wet Season	HE Miao, LIU Gui-jian, WU Lei, <i>et al.</i> (5346)
Impact of Enclosure Culture on Heavy Metal Content in Surface Sediments of Hongze Lake and Ecological Risk Assessment	ZI Xin-yuan, ZHANG Ming, GU Xiao-hong, <i>et al.</i> (5355)
Natural Water Chemistry Change in the Surface Water of Chengdu and Impact Factors	XU Qiu-jin, LAI Cheng-yue, DING Yao, <i>et al.</i> (5364)
Hydrochemical Characteristics and Controlling Factors of Groundwater in the Leizhou Peninsula	PENG Hong-xia, HOU Qing-qin, ZENG Min, <i>et al.</i> (5375)
Land-based Nitrogen Pollution Source Structure and Spatial Distribution in Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area	DONG Si-qi, HUANG Chong (5384)
Output Characteristics of Nitrogen and Phosphorus from Non-Point Source Pollution of Typical Land Use in A Micro-Watershed in Hilly Red Soil Region	FANG Zhi-da, SU Jing-jun, ZHAO Hong-tao, <i>et al.</i> (5394)
Effects of Different Fertilization Patterns on Nitrogen Leaching Loss from Paddy Fields Under Reduced Nitrogen	JIANG Hai-bin, ZHANG Ke-qiang, ZOU Hong-tao, <i>et al.</i> (5405)
Effects of <i>Spartina alterniflora</i> Invasion on Soil Phosphorus Forms in the Jiaozhou Bay Wetland	SHA Meng-qiao, CHAI Na, ZHAO Hong-tao, <i>et al.</i> (5414)
Contrasting Analysis of Microbial Community Composition in the Water and Sediments of the North Canal Based on 16S rRNA High-Throughput Sequencing	PENG Ke, DONG Zhi, DI Yan-ming, <i>et al.</i> (5424)
Characteristics of Phosphorus Adsorption in Aqueous Solution by Si-modified Peanut Shell Biochar	ZHAO Min, ZHANG Xiao-ping, WANG Liang-rong (5433)
Adsorption Characteristics of Pb(II) on Eucalyptus Biochar Modified by Potassium Permanganate	MO Zhen-lin, ZENG Hong-hu, LIN Hua, <i>et al.</i> (5440)
Preparation of Mixed Metal Oxide/Carbon Composites and Its Adsorption Performance for Pb(II)	LU Yu-shen, ZONG Li, YU Hui, <i>et al.</i> (5450)
Fabrication of Supported Titanium Xerogel Adsorbent and Performance Evaluation for Arsenite Removal	SUN Ye-yang, ZHOU Chang, GAN Yong-hai, <i>et al.</i> (5460)
Nitrite Regulation During Start-up of Combined Partial Nitrification and ANAMMOX Process	ZUO Fu-min, ZHENG Rui, SUI Qian-wen, <i>et al.</i> (5472)
Effects of Biochar and Straw Return on Soil Aggregate and Organic Carbon on Purple Soil Dry Slope Land	DENG Hua, GAO Ming, LONG Yi, <i>et al.</i> (5481)
Response of Soil Organic Carbon Content in Different Slope Positions to Fertilization Management in Purple Soil Sloping Fields	XU Man, YU Luo, WANG Fu-hua, <i>et al.</i> (5491)
Distribution Characteristics and Ecological Risk Assessment of Soil Heavy Metals in the Eastern Mountainous Area of the Nanyang Basin	LAI Shu-ya, DONG Qiu-yao, SONG Chao, <i>et al.</i> (5500)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in a Suburban Farmland Soil	ZHANG Xiu-xiu, LU Xiao-li, WEI Yu-chen, <i>et al.</i> (5510)
Accumulation Characteristics and Dietary Exposure Estimation of Heavy Metals in Vegetables from the Eastern Coastal Region of China	SUN Shuai, GENG Ning-bo, GUO Cui-cui, <i>et al.</i> (5519)
Security Risk and Influencing Factors of Agro-Products in Farmland Soil Around a Typical Mining Smelter	HUO Yan-hui, WANG Mei-e, XIE Tian, <i>et al.</i> (5526)
Cd Pollution and Safe Planting Zoning in Paddy Soils: A Case Study in a District of Chongqing	CAO Shu-zhen, MU Yue, CUI Jing-xin, <i>et al.</i> (5535)
Characteristics and Influencing Factors of Cadmium Accumulation in Different Rice Varieties Under Cadmium Contaminated Field Conditions	WANG Yu-hao, YANG Li, KANG Yu-chen, <i>et al.</i> (5545)
Effects of Nano-membrane on Aerobic Composting Process and Odor Emission of Livestock Manure	LI Yong-shuang, SUN Bo, CHEN Ju-hong, <i>et al.</i> (5554)