

目次

河北南部城市臭氧和 VOCs 的污染特征及传输贡献 赵江伟, 聂赛赛, 于玉洁, 王帅, 崔建升, 王玮, 任晓伟, 朱烁 (4775)

基于卫星和地面监测的河西走廊 O₃ 浓度时空分布及潜在源区分析 李锦超, 曹春, 方锋, 唐千惠, 梁朕月 (4785)

海南岛臭氧污染时空变化及敏感性特征 符传博, 丹利, 佟金鹤, 徐文帅 (4799)

华东地区对流层 O₃ 和前体物 HCHO 及 NO₂ 的时空特征 王晓雯, 刘昊霞, 王扬, 宋宜凯 (4809)

2006 ~ 2020 年广东省大气甲醛排放演变特征 明桂英, 朱曼妮, 沙青娥, 张雪驰, 饶思杰, 陈诚, 刘慧琳, 郑君瑜 (4819)

淄博市涂装行业 VOCs 排放水平及减排潜力 黄玥润, 杨文, 王秀艳, 王雨燕, 程颖, 王帅 (4832)

西安市城市降尘和土壤尘 PM₁₀ 和 PM_{2.5} 中碳组分特征 沈利娟, 王红磊, 孙杰娟, 刘诗云, 刘焕武, 赵天良 (4843)

长江流域径流模拟及其对极端降雨的响应 高爽, 凌超普, 汤水荣, 王心亮, 王慧勇, 孟磊, 颜晓元 (4853)

黄河流域内蒙古段水化学同位素特征及水体转化关系 裴森森, 段利民, 苗平, 潘浩, 崔彩琪, 张波, 籍健勋, 罗艳云, 刘廷玺 (4863)

古堆泉域岩溶地下水水化学特征及成因 唐春雷, 申豪勇, 赵春红, 王志恒, 谢浩, 赵一, 梁永平 (4874)

华北平原典型城市(石家庄)地下水重金属污染源解析与健康风险评价 陈慧, 赵鑫宇, 常帅, 宋圆梦, 卢梦淇, 赵波, 陈昊达, 高赛, 王琳静, 崔建升, 张璐璐 (4884)

湖南东江湖表层沉积物重金属的空间分布、形态及生态风险 张同亮, 衣丽霞, 黎常成, 袁首枢, 豆奕轩, 田胜艳, 林尚璇 (4896)

太湖水华前表层水 CDOM 的光谱特征与来源解析 王永强, 卢少勇, 黄蔚, 韩镇阳, 国晓春 (4906)

白洋淀典型水域 COD 的组成及各组分贡献 李琦, 张超, 张文强, 温胜芳, 单保庆, 季恺悦 (4915)

白洋淀典型抗生素的源解析及其特定源风险评估 宋圆梦, 赵波, 卢梦淇, 赵鑫宇, 陈慧, 陈昊达, 高赛, 王琳静, 崔建升, 张璐璐 (4927)

雅鲁藏布江中游河流生态系统健康状态对水环境因子的响应 李晓东, 杨清, 刘惠秋, 巢欣, 杨胜烟, 巴桑 (4941)

鄱阳湖典型河湖交汇区浮游植物现状分析 于新平, 陈宇炜, 刘金福, 王俊颖, 徐光锋, 邹浩月, 陈楠, 夏雨 (4954)

不同臭黑程度下城市河道浮游植物群落结构、多样性和功能群 张琪琪, 曾劼, 尹卓, 冯杰, 刘静, 修宇鑫, 刘国, 许春阳 (4965)

反硝化脱氮对太湖蓝藻水华态势的影响 李昌杰, 许海, 詹旭, 张铮惠, 朱梦圆, 邹伟, 肖曼, 倪子怡, 朱慧 (4977)

密云水库入库河流微生物群落演替对氮素形态转化的影响 辛苑, 张耀方, 李添雨, 叶芝茵, 申佩弘, 魏源送, 高超龙, 宋舒兴, 张俊亚 (4985)

城市尾水氮代谢过程中芽孢杆菌对微藻作用机制 赵志瑞, 马超, 颜嘉晨, 李书缘, 李晴, 胡紫如, 呼庆, 刘硕, 万敬敏 (4996)

高效异养硝化-好氧反硝化菌 *Glutamicibacter* sp. WS1 低温下对多种氮源的脱氮特性及氮代谢机制 魏渤惠, 罗晓, 吕鹏翼, 马文凯, 苏金卫, 李伟, 崔建升 (5006)

大环内酯类抗生素在饮用水处理过程中的污染特征及其氯化反应机制 岑霞, 程思宇, 石宗民, 谢卓鸿, 张凌菱, 杨滨, 应光国 (5017)

不同堆肥工艺处理的城市污水污泥对滨海湿地土壤中养分释放特征和潜力的影响 贾培寅, 王馨, 花玉婷, 姜志翔 (5025)

淮河流域安徽段水体和沉积物微塑料赋存特征及风险评估 张海强, 高良敏, 葛娟, 赵兴兰, 张振, 慕明, 邱宇辉 (5036)

黄河三角洲湿地表层沉积物中微塑料的分布、来源和风险评估 耿娜, 赵广明, 张大海, 袁红明, 李先国 (5046)

固原市农田土壤微塑料的分布特征及风险评估 马贵, 丁家富, 周悦, 周炎炎, 廖影云, 海金涛, 王欢 (5055)

鄱阳湖湿地淹水与非淹水状态下微塑料表面细菌群落分布特征 赵俊凯, 陈旭, 胡婷婷, 廖轶颖, 邹龙, 简敏菲, 刘淑丽 (5063)

聚苯乙烯微塑料对铜绿假单胞菌生物膜形成和结构变化的影响 陶辉, 于多, 杨兰, 陈泽扬, 周灵沁, 罗雲鑫 (5071)

聚苯乙烯微塑料对小白菜生长、生理生化及冠层温度特性的影响 郭冰林, 丰晨晨, 陈悦, 林迪, 李岚涛 (5080)

聚乙烯与磺胺二甲噻啶复合胁迫对大豆种子萌发及幼苗生长生理特征的影响 赵肖琼, 张恒慧, 赵润柱, 张新梅 (5092)

离子类型、强度和铁氧化物影响下微塑料的迁移行为及模型计算 张然, 于可飞, 黄磊, 陈雅丽, 马杰, 徐莉萍, 李永涛 (5102)

土地利用和气候变化对农牧交错带生态系统服务的影响 徐文彬, 饶良懿 (5114)

有机碳流失对土壤侵蚀的响应及其驱动因素: 基于 Meta 分析 刘小岚, 黄金权, 齐瑜洁, 李威闻, 刘纪根, 陈燕飞, 高绣纺 (5125)

平衡施肥与秸秆覆盖对紫色土坡耕地养分及其化学计量的影响 张高宁, 徐绮雯, 何丙辉, 李天阳, 冯梦蝶, 梁珂 (5135)

稀土-重金属共污染土壤中真菌群落结构特征及主导影响因素 罗颖, 李敬伟, 袁浩, 包智华 (5145)

周年轮作休耕对土壤 AMF 群落和团聚体稳定性的影响 鲁泽让, 夏梓泰, 芦美, 赵吉霞, 李永梅, 王自林, 范茂攀 (5154)

华北平原典型城市土壤微生物群落时空变化规律及其驱动因子 赵鑫宇, 陈慧, 常帅, 宋圆梦, 赵波, 卢梦淇, 崔建升, 张璐璐 (5164)

高量秸秆还田配施芽孢杆菌对沙化土壤细菌群落及肥力的影响 聂扬眉, 步连燕, 陈文峰, 安德荣, 韦革宏, 王红雷 (5176)

基于大田试验的铅镉复合污染土壤中甜糯玉米低积累特性 唐乐斌, 李龙, 宋波, 董心月, 韦美溜 (5186)

不同阻控措施对生菜中镉铅累积及品质的影响 周洪印, 李嘉琦, 包立, 夏运生, 王晟, 吴龙华, 张乃明 (5196)

纳米氧化铜对镉胁迫下小油菜生理生化和重金属累积的影响 王诗琪, 孙约兵, 黄青青, 徐应明, 董如茵, 孟庆尧 (5204)

不同污染区巨菌草生物炭内源污染物分布及其生物毒性 刘莉雅, 崔红标, 刘笑生, 张雪, 董婷婷, 章腾, 周静 (5214)

CuFeO₂ 改性生物炭对四环素的吸附特性 刘国成, 张新旺, 信帅帅, 王倩文, 阎清华, 周成智, 辛言君 (5222)

基于 Meta 分析的全氟化合物对鱼类生态毒性效应 陆宏, 周锦阳, 杨帆, 王蓓莉, 程治文, 申哲民, 袁涛 (5231)

基于 PMF 模型的县域尺度土壤重金属来源分析及风险评估 郑永立, 温汉辉, 蔡立梅, 罗杰, 汤端阳, 武妙, 李慧, 李鼎 (5242)

基于 PMF-PCA/APCS 与 PERI 的菏泽油田牡丹种植区表层土壤重金属潜在来源识别及生态风险评估 赵庆令, 李清彩, 安茂国, 于林松, 万鑫, 曹付恒, 韩文撑, 陈娟, 王天鸽 (5253)

重庆市煤矸山周边农产品镉健康风险评价及土壤环境基准值推导 马杰, 余泽蕾, 王胜蓝, 邓力, 孙静, 刘萍, 徐敏 (5264)

安徽典型硫铁矿集中开采区土壤重金属污染特征及来源解析 贾晗, 刘军省, 王晓光, 鞠林雪, 何鑫, 周建伟, 张羲 (5275)

湘东北典型河源区土壤重金属分布特征、来源解析及潜在生态风险评估 杨振宇, 廖超林, 邹炎, 谢伍晋, 陈晓威, 张驭飞 (5288)

不同含量外源镉在土壤中的变化特征 周子阳, 庞瑞, 宋波 (5299)

CO₂ 泡沫混凝土碳封存潜力分析 张源, 他旭鹏, 覃述兵, 郝佑民 (5308)

综合环境社会经济指标的优先污染物筛选方法研究: 以电子废物拆解为例 陈源, 蔡震, 李金惠 (5316)

《环境科学》征订启事(4808) 《环境科学》征稿简则(4831) 信息(4842, 5124, 5153)

密云水库入库河流微生物群落演替对氮素形态转化的影响

辛苑^{1,2,3}, 张耀方⁴, 李添雨⁴, 叶芝茵⁴, 申佩弘³, 魏源送^{1,2}, 高超龙^{1,2}, 宋舒兴^{1,2}, 张俊亚^{1,2*}

(1. 中国科学院生态环境研究中心环境模拟与污染控制国家重点联合实验室, 北京 100085; 2. 中国科学院大学, 北京 100049; 3. 广西大学生命科学与技术学院, 亚热带农业生物资源保护与利用国家重点实验室, 南宁 530005; 4. 北京市水科学技术研究院, 北京 100048)

摘要: 密云水库是北京市重要的地表饮用水源地, 但近年来, 密云水库库区及入库河流中的总氮(TN)浓度呈现连年上升的趋势. 以密云水库上游典型入库河流牯牛河为例, 考察各形态氮素变化的空间分布规律, 并从微生物群落组成和功能预测的视角, 解析氮素形态的转化, 以为密云水库的氮污染治理提供科学依据. 结果表明, 密云水库上游除 TN 外, 其余水质理化指标均满足我国地表水环境质量标准(GB 3838-2002)的 II 类标准. 入库河流 TN 浓度显著高于库区($P < 0.05$), 且以 NO_3^- -N 为主, 占比为 77.7%~92.9%. 半城子水库库区的 C/N 较高, 有助于反硝化脱氮的发生, 表现出一定自净能力. 牯牛河水体和底质中微生物群落结构具有显著差异, 呈现一定的空间分布特征, 高 NO_3^- -N 浓度是影响微生物群落结构演替的主要环境因子. 牯牛河中大量硝化和反硝化功能微生物, 反硝化菌相对丰度高于硝化菌, 且均呈现出底质略高于水体的特点. 牯牛河优势硝化菌和反硝化菌分别为 *Nitrosopumilus* 和 *Pseudomonas*. PICRUS2 功能预测结果表明, 牯牛河微生物氮代谢以 NO_3^- -N 还原模块为主, 且主要发生于水体中; 硝化过程的功能基因在水体中的丰度最高, 主要为 *narGH*; 而参与 NO_3^- -N 还原反应的主要功能基因为底质中的异养反硝化菌(DNRA)所携带的 *nirBD*, 而反硝化模块的功能基因主要为 *nirK*.

关键词: 密云水库入库河流; 牯牛河; 微生物群落结构; 氮素转化; PICRUS2

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)09-4985-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.202210192

Effects of Nitrogen Speciation Transformation on Microbial Community Succession in Input Rivers of Miyun Reservoir

XIN Yuan^{1,2,3}, ZHANG Yao-fang⁴, LI Tian-yu⁴, YE Zhi-yin⁴, SHEN Pei-hong³, WEI Yuan-song^{1,2}, GAO Chao-long^{1,2}, SONG Shu-xing^{1,2}, ZHANG Jun-ya^{1,2*}

(1. State Key Joint Laboratory of Environmental Simulation and Pollution Control, Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 3. State Key Laboratory for Conservation and Utilization of Subtropical Agro-bioresources, College of Life Science and Technology, Guangxi University, Nanning 530005, China; 4. Beijing Water Science and Technology Institute, Beijing 100048, China)

Abstract: The Miyun Reservoir is the major source of surface drinking water in Beijing. However, the total nitrogen (TN) concentrations in the Miyun Reservoir and inflowing rivers have recently been increasing. In this study, the Mangniu River, a typical inflow river in the upper reaches of the Miyun Reservoir, was selected as the study area to investigate the spatial distribution and transformation of various nitrogen forms from the perspective of microbial community composition and predicting function, aiming at providing a scientific reference for nitrogen pollution control of the Miyun Reservoir. The results indicated that except for TN, all the other physical and chemical water quality indicators in the upper reaches of the Miyun Reservoir met the Class II criteria of the environmental quality standards for surface water in China (GB 3838-2002). Additionally, NO_3^- -N was the primary constituent of TN, ranging from 77.7% to 92.9%. Banchengzi Reservoir has a certain self-purification ability because its high C/N ratio promotes denitrification. Significant differences in microbial community structure were observed between the water and sediments of Mangniu River along with spatial distribution. High NO_3^- -N concentration was the major environmental factor affecting the succession of microbial community structure. Many nitrification and denitrification microorganisms existed in Mangniu River, and the relative abundance of denitrification bacteria (DNB) was higher than that of nitrification bacteria, and that in the sediments was slightly higher than that in the water. *Nitrosopumilus* and *Pseudomonas* were the dominant nitrification and denitrification bacteria in Mangniu River, respectively. The results of phylogenetic investigation of communities by the reconstruction of unobserved states (PICRUS2) showed that NO_3^- -N reduction module was the major nitrogen metabolism module, which primarily occurred in water. The abundance of the functional genes for nitrification (i.e., *narGH*) was the highest in water, and the major functional gene involved in NO_3^- -N reduction was *nirBD* of DNRA, which was primarily present in the sediments; however, the main functional gene involved in denitrification was *nirK*.

Key words: inflow river of Miyun Reservoir; Mangniu River; microbial community structure; nitrogen transformation; PICRUS2

河流生态系统的生态化学计量学特征根据污染程度不同,起主导作用的元素差别显著. 河流污染一般经过 3 个阶段: 黑臭治理阶段(有机物污染为主)、富营养化控制阶段(氮磷等无机物污染为主)和病原微生物控制阶段(生物污染为主), 污染阶段

不同, 关键化学元素亦有差异. 黑臭水体治理阶段,

收稿日期: 2022-10-18; 修订日期: 2022-11-29

基金项目: 北京市流域水环境与生态技术重点实验室开放基金项目 (BKL-KF-2021-005-ST5)

作者简介: 辛苑(1992~), 女, 博士研究生, 主要研究方向为河流微生物生态, E-mail: xinyuanxy53@163.com

* 通信作者, E-mail: jyzhang@cees.ac.cn

C 元素起主导作用,该阶段以控制 COD 为主^[1]. 随着我国“水污染防治行动计划”(水十条)的严格实施,以及连续 3 个“五年”水专项工作的贡献,有效控制了河流的黑臭问题. 而污水处理厂的增加和污水处理率的提高,污水由直排变为处理后通过尾水排放,大幅削减 C、N、P 等,河流污染的防治进入以氮磷等无机物为主的富营养化控制阶段.

密云水库是北京市的重要水源地,在保障首都水源安全中起着关键性枢纽作用. 2019 年 7 月 23 日密云水库最大蓄水量超过 26 亿 m^3 ,水质稳定在《地表水环境质量标准》(GB 3838-2002)II 类标准. 但 2008 ~ 2019 年密云水库及入库河流总氮指标总体呈现波动上升趋势, TN 指标超过地表水 II 类限值^[2,3]. 密云水库氮主要源于入库河流氮输入、大气氮沉降和消落区氮释放等, 2008 ~ 2019 年由入库河流带来的 TN 负荷平均占比达 85%, 远超其他来源; 而 COD 和 TP 等其它水质指标, 密云水库和入库河流均能稳定在地表水 II 类标准^[2,4]. 因此, TN 成为影响密云水库入库河流中生态化学计量学的关键因素.

微生物在自然界中氮素形态的转化起到了主导作用. 水体中由于硝化菌、反硝化菌和厌氧氨氧化菌等的广泛存在, N 元素存在不同形态之间的相互转化: $\text{NH}_4^+ - \text{N} \rightarrow \text{NO}_2^- - \text{N} \rightarrow \text{NO}_3^- - \text{N} \rightarrow \text{N}_2\text{O} \rightarrow \text{N}_2$. 而污水生物处理过程中的 N_2O 和 N_2 进入大气环境, 削减进入受纳水体中的 N^[5,6], 改变河流中的生态化学计量学特征^[7-9]. 相对水体, 河流底质中微生物数量和种类则更加丰富.

半城子水库位于密云水库上游入库河流牯牛河上, 每年可向密云水库输水约 300 万 m^3 , 对密云水库起着重要作用^[10]. 因此, 本文以密云水库上游典型入库河流牯牛河为例, 开展密云水库入库河流中“以氮元素为核心”的生态化学计量学研究, 考察各形态氮素变化的空间分布规律, 并明确河流中氮素形态转化与水体和底质中微生物群落间的相互关系, 从微生物群落组成和功能预测的角度, 解析氮素形态的转化, 以期为河流水体改善和氮素污染削减提供理论参考, 且对密云水库水质保障和水生态保护具有一定的理论价值和现实意义.

1 材料与方法

1.1 区域概况

研究区域为密云水库上游牯牛河流域(包含半城子水库在内). 牯牛河是半城子水库的主要入库河流, 长 19.9 km, 流域面积为 47.0 km^2 . 半城子水库位于密云区不老屯镇半城子村北, 在密云水库上游二、三级保护区范围内^[11]. 水库建于 1976 年, 总

库容 1 020 万 m^3 , 属于中型水库, 每年向密云水库输水约 300 万 m^3 ^[10]. 本研究于 2021 年 11 月对密云水库上游牯牛河流域进行采样, 为全面反映密云水库来源水质情况, 监测点名称和位置设置如图 1 所示. 干流和主要支流共设置 11 个采样点, 其中 S1 ~ S8 为牯牛河流域采样点, R1 ~ R3 为半城子水库采样点; 水体样品和底质样品取样地点一致, 半城子水库未收集底质样品.

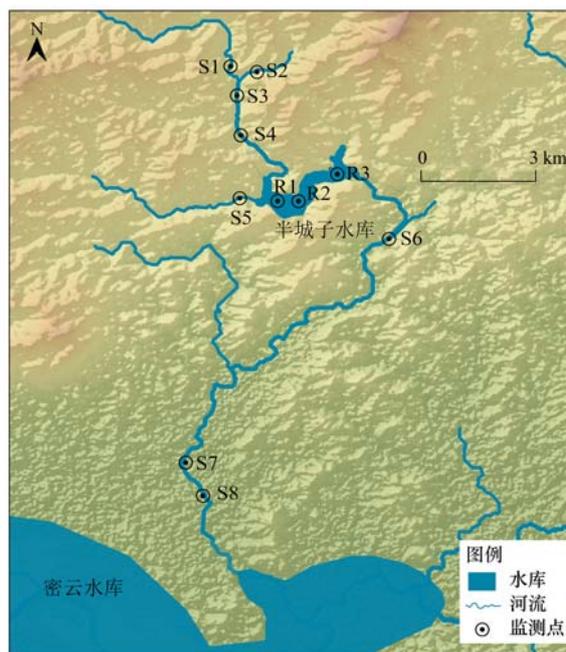


图 1 牯牛河采样点设置示意

Fig. 1 Sampling sites of Mangniu River

1.2 样品采集与水质分析

1.2.1 样品采集

于水面下 10 ~ 20 cm 处采集 2 L 水体样品; 同点位采集相应河流底质. 由于牯牛河流速较快, 底质冲刷较重, 河床底质以砾石为主. 本研究共采集了 11 个水体样品和 8 个底质样品. 水体样品命名为 S1_W ~ S8_W (河流) 和 R1_W ~ R3_W (库区), 底质样品命名为 S1_S ~ S8_S. 冷藏所有样品并于当天运回实验室, 于 4℃ 保存, 24 h 内测定相关指标. 样品的采集、保存按照《环境水质监测质量保证手册》(第二版) 要求进行.

1.2.2 常规指标检测

分析测定水质的 7 个常规指标: 总氮 (TN)、氨氮 ($\text{NH}_4^+ - \text{N}$)、硝氮 ($\text{NO}_3^- - \text{N}$)、总磷 (TP)、正磷酸盐 ($\text{PO}_4^{3-} - \text{P}$) 和化学需氧量 (COD) 等指标. 水质监测和分析方法按《地表水和污水检测技术规范》(HJ/T 91-2002) 规定的分析方法执行.

1.3 样品 DNA 提取和微生物群落结构分析

采用抽滤设备, 过滤 500 mL 水样于 0.22 μm 无菌滤膜, 剪碎滤膜置于 -80℃ 保存. 取 2 ~ 3 块底

质样品,采用浸润 PBS 的无菌棉签,擦拭底质样品表面,截取棉签头 -80°C 保存. 采用 FastDNA SPIN Kit for soil (MP Biomedicals, USA) 试剂盒进行 DNA 提取. 通过 1% 琼脂糖凝胶电泳和 NanoDrop 2000 对 DNA 提取效果进行质检和浓度测定. 本研究 DNA 样本交由上海美吉生物医药科技有限公司进行质量检测、扩增、纯化和测序. 采用引物 515F (5'-GGACAGAAAGACCCTATGAA-3') 和 806R (5'-TCAGCCTGTTATCCCTAGAG-3') 对微生物 16S rRNA 的 V3 ~ V4 区域进行 PCR 扩增,目标片段大小约为 290 bp^[12]. PCR 扩增产物经检测、纯化和定量分析后,构建 MiSeq 文库,利用 Illumina MiSeq (PE300) 测序平台进行高通量测序.

高通量测序原始数据使用 Fastp 软件^[13]进行质控后,每个样本平均有效读条 (reads) 为 149 932. 后续处理基于 QIIME2 2021.4 实现^[14]. 首先采用双末端合并方式将原始数据导入 QIIME2, 然后使用 DADA2 去除引物、降噪、拼接,获得扩增子序列变体 (ASV)^[15]. 比对 RDP 16S rRNA 数据库^[16]对每条 ASV 进行物种分类注释,得到各样本的物种分类信息.

1.4 统计分析

采样点分布地图基于 ArcGIS 10.3 (Esri, USA) 绘制. 本研究的图片制作通过 Origin 2018 (OriginLab, USA) 完成,所有试验数据采用 Excel 2016 (Microsoft, USA) 软件进行预处理和误差分

析; 运用 SPSS 26.0 (IBM, USA) 进行统计分析,组间差异性分析采用 one-way-ANOVA,显著性分析采用 *t* 检验. 使用 MOTHUR 软件计算各个样品的 α 多样性指标; 使用 HemI 1.0 (<http://hemi.biocuckoo.org/down.php>) 构建热图; 采用 Canoco 5.0 (Microcomputer Power, USA) 进行主成分分析 (PCA) 和冗余分析 (RDA); 网络结构分析基于微生物群落结构 (基于 ASV) 的 Spearman 相关关系,从中挑选具有显著相关的项 ($P < 0.05$),通过软件 Gephi (<https://gephi.org/users/download/gephi-0.9.2>) 绘图. 采用 PICRUST2 软件进行功能预测,参考 KEGG (kyoto encyclopedia of genes and genomes) 数据库,得到 KO (KEGG Orthology) 功能和 KEGG Module 的丰度预测.

2 结果与讨论

2.1 密云水库上游牯牛河水体理化性质解析

如图 2 所示,密云水库上游 $\rho(\text{TN})$ 高,整体均值为 $(6.62 \pm 2.17) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$,超地表水 III 类标准 $3.0 \sim 9.5$ 倍. 监测点 S2_W 和 S6_W 的 $\rho(\text{TN})$ 最高,分别为 $11.574 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $9.223 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$; S5_W 最低 ($3.325 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$). 以半城子水库为分界,库区 (R1_W ~ R3_W) 的 TN 浓度低于入库前 (S1_W ~ S5_W) 和入库后 (S6_W ~ S8_W),且 TN 中以 $\text{NO}_3^- \text{-N}$ 为主,占比为 $77.68\% \sim 92.94\%$,不同监测点的

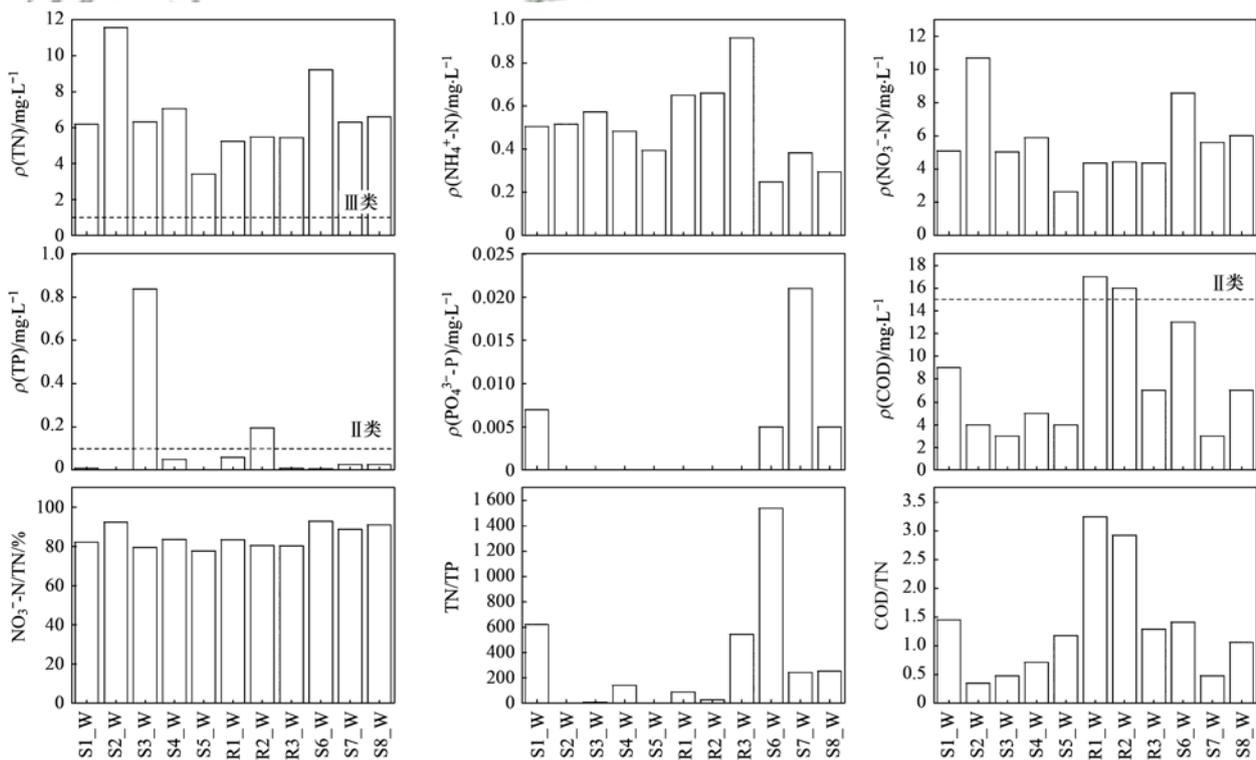


图 2 密云水库上游牯牛河取样点水质变化情况

Fig. 2 Changes in the water quality of Mangniu River located in the upstream of Miyun Reservoir

$\rho(\text{NO}_3^- - \text{N})$ 趋势与 TN 相同. 入库河流 TN 浓度显著高于库区, 这可能与大气沉降、河道土壤的冲刷导致氮素入河有关, 而河流自净能力不足以及时分解进入河流的氮营养盐, 导致河流氮的浓度较高^[17,18]. 同时, 库区 $\rho(\text{NH}_4^+ - \text{N})$ 最高 [(0.74 ± 0.15) $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$].

整体上 $\rho(\text{TP})$ 基本都低于地表水 II 类, 库区中游 R2_W 轻微超标 (0.196 $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$), 而 S3_W 的 $\rho(\text{TP})$ 则远超于标准, 达到了 0.838 $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$. N/P 是评价湖泊、水库等封闭性水体富营养化以及浮游植物生长研究的重要参数^[19], 而河流整体 N/P 较高 (平均值为 314.5), 显著高于浮游植物适宜生长的范围. 只有 S3_W 和 R2_W 的 N/P 小于 30, 适宜浮游植物生长^[20], 应注意防范富营养化风险.

除去 R1_W 和 R2_W 位点外, 整体上 COD 浓度均低于地表水 II 类. 库区的 C/N 较高, Xu 等^[21] 研究发现 C/N 低于 3 会降低污水中营养物的有效去除. Yan 等^[22] 研究发现, 污水中 C/N 为 2.5 时, 最有利于垂直潜流湿地去除 TN. 另外, 当 C/N 比处于 2.5 ~ 5 范围时, 可产生相对较低的温室气体. 显然, 本研究河段水体的 C/N 远低于这一水平, 较低的 C/N 会影响生物的反硝化过程, 只有 R1_W ~ R2_W 处于这个范围内. 这可能是库区的 TN 和 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 浓度低的原因之一.

2.2 密云水库上游牯牛河微生物群落 α 多样性分析

α 多样性指数中, Shannon 指数和 Simpson 指数反映微生物群落的多样性, 而 Chao 指数和 Ace 指数则反映微生物群落丰富度 (图 3). 根据水体微生物群落 α 多样性分析发现, S2_W 多样性最高; S5_W 多样性最低. 而 S2_W 丰富度最高, R1_W 丰富度最低. 整体上库区的微生物群落丰度都较低. 而 S2 是汇入支流, 携带大量的营养盐和微生物进入干流, 故 S2 的 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 浓度显著高于其他监测点, 并且微生物群落的多样性和丰富度较高. 根据底质微生物群落 α 多样性分析发现, S7_S 和 S8_S 的多样性和丰富度较高, 而 S4_S 的多样性和丰富度最低. 整体上, 底质的微生物群落多样性和丰富度高于水体.

2.3 密云水库上游牯牛河微生物群落结构演替

在门水平上 [图 4(a)], 水体和底质的主要优势菌门均为: Proteobacteria (变形菌门)、Bacteroidetes (拟杆菌门) 和 Cyanobacteria/Chloroplast (蓝藻/叶绿体), 它们在水体中的相对丰度分别为: (39.9 ± 16)%、(13.6 ± 7.1)% 和 (27 ± 16.2)%; 在底质中的相对丰度分别为: (44 ± 10)%、(19.3 ± 1.5)% 和 (11.5 ± 11)%. 水体中蓝藻/叶绿体菌门浓度更高, 而底质中则含有更多的变

形菌门和拟杆菌门. 除此之外, 部分菌门在底质中显著高于水质, 如 Verrucomicrobia (疣微菌门) 和 Acidobacteria (酸杆菌门).

在属水平上 [图 4(b)], 水体和底质中的主要优势菌属为 Bacillariophyta (硅藻属) 和 Flavobacterium (黄杆菌属). 它们在水体中占比分别为 (17.3 ± 16.8)% 和 (5.5 ± 4.9)%; 在底质中占比分别为 (10.6 ± 10.2)% 和 (6.0 ± 2.7)%. 硅藻是饮用水源中常见藻类菌属^[23], 而黄杆菌则在异化硝酸盐的过程中发挥着重要的作用^[24].

属水平上的 PCA 分析结果表明 [图 4(c)], 除了部分监测点外, 底质和水体的微生物群落具有显著差异性; 其中差异性最大为硅藻, 水体和底质中的相对丰度分别为 (17.3 ± 39.6)% 和 (10.6 ± 19.3)%. 而部分菌属水体中丰度较高 [图 4(b) 中 d1], 主要为变形菌门, 如: Acinetobacter、Brevundimonas、Chryseobacterium、Massilia、Porphyrobacter 和 Ralstonia 等. 其中 Acinetobacter、Brevundimonas 和 Ralstonia 是一类重要的氮代谢微生物^[25-27], 而 Acinetobacter 的部分物种属于条件致病菌^[28]. Chryseobacterium 也为污水中常见微生物, 是一种潜在的人类病原体^[29]. 而部分菌属则在底质中丰度较高 [图 4(b) 中 d2], 如 Luteolibacter、unclassified_Bacteroidetes、Arenimonas、GP6、unclassified_Cytophagales、unclassified_β-Proteobacteria、unclassified_γ-Proteobacteria 和 unclassified_Chitinophagaceae. Chlorobiales 与 COD 去除和反硝化显著相关^[30]. Chitinophagaceae 是沉积物和土壤中的常见物种^[31]. 有研究表明, β-变形菌门 (β-Proteobacteria) 在底质丰度更高, 易于生长于缺氧环境^[32]. PCA 结果发现, 库区样品相较于其它监测点有显著差异性, 这是因为库区独特的水文条件和理化性质, 进一步影响了微生物群落的组成和功能. 有些菌属在库区丰度显著低于其余监测点 [图 4(b) 中 d3], 主要为变形菌门和 Thaumarchaeota (奇古菌门), 如: Aeromonas、Cellvibrio、Gp6、unclassified_Rhodobacteraceae、Pseudomonas、Rheinheimera、Sphingorhabdus、unclassified_Bacteroidetes、unclassified_Burkholderiales、Nitrosopumilus 和 Luteolibacter, 其中 Aeromonas、Pseudomonas 和 Luteolibacter 均为潜在条件致病菌^[33], 可能由降雨冲刷入河导致丰度增加. 部分菌属在库区丰度显著高于其余监测点 [图 4(b) 中 d4], 如: Acidovorax、Arenimonas、Cryptomonadaceae、Ilumatobacter、unclassified_Cyanobacteria、unclassified_FamilyI、unclassified_Micrococcales 和

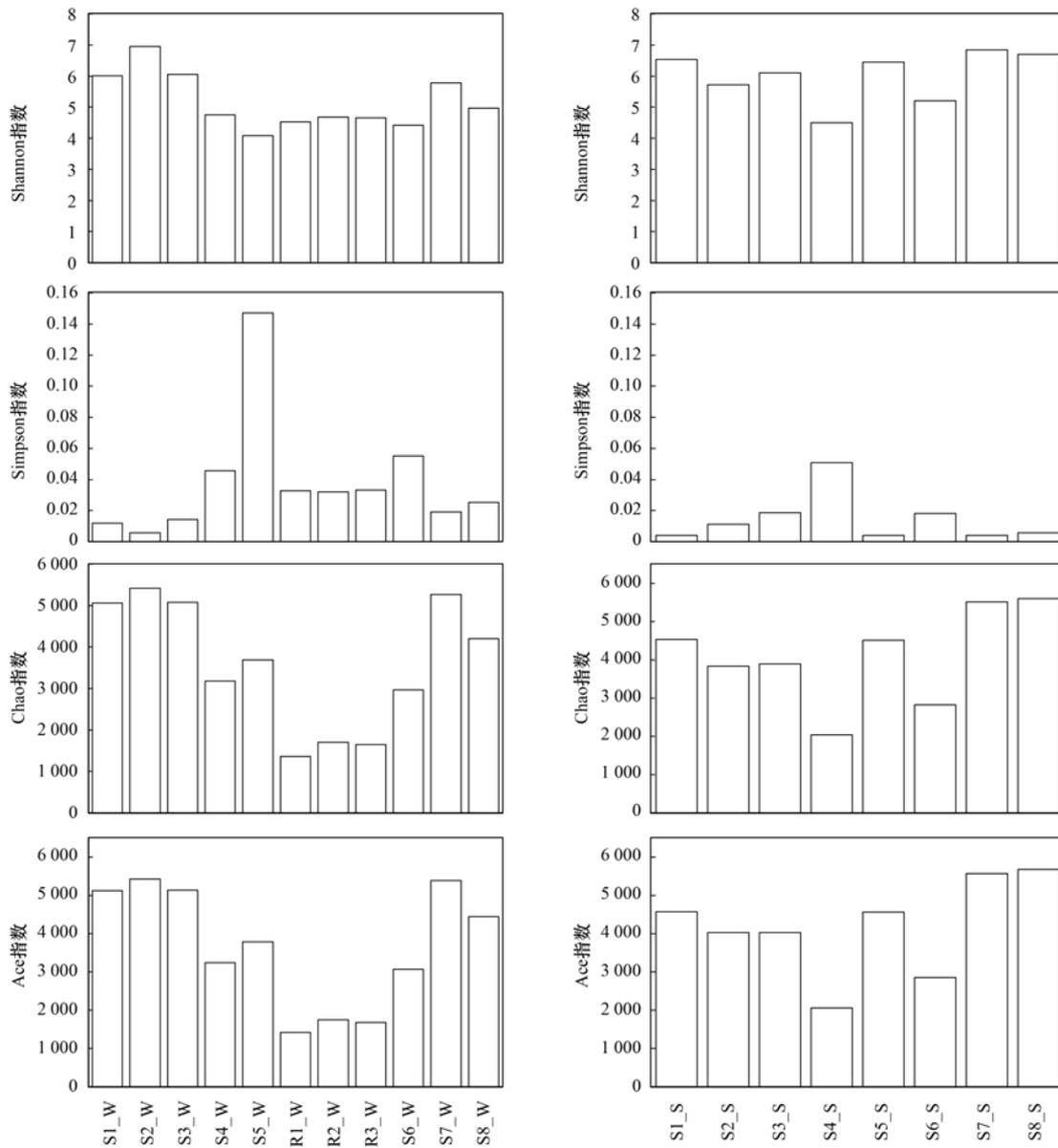


图3 密云水库上游牯牛河微生物群落 α 多样性指数

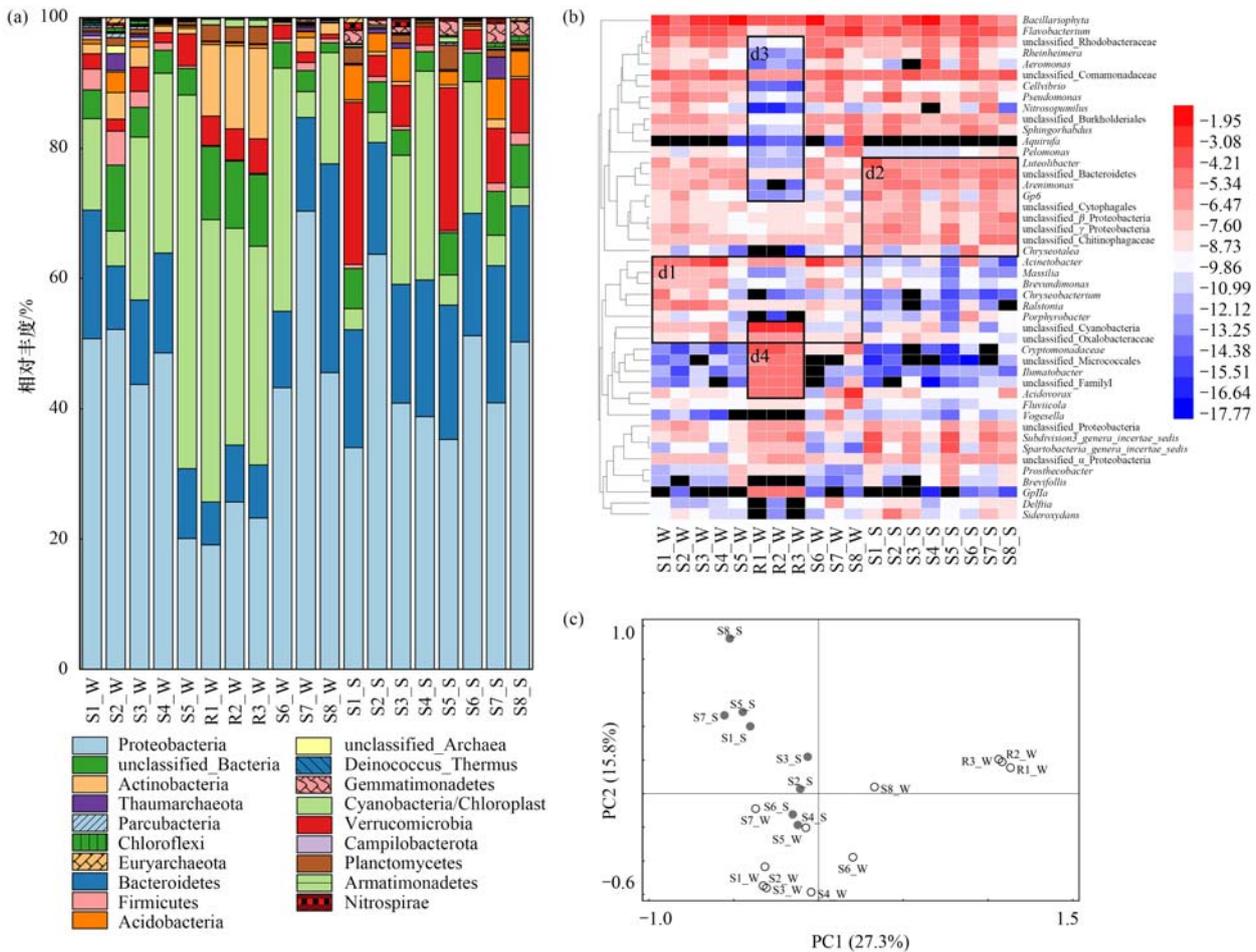
Fig. 3 Changes in the α diversity index analysis for the microbial community of Mangniu River located in the upstream of Miyun Reservoir

unclassified_Oxalobacteraceae 等,这些菌属大部分属于蓝藻/叶绿体菌门. 库区由于流速缓慢, N/P 适宜等水文水质条件, 易于藻类繁殖^[34,35]; 部分菌属, 如 *Acidovorax* 则与氮代谢相关, 而 *Arenimonas* 与磷代谢有关^[32], 也是一种重要的硫自养反硝化菌属^[36].

2.4 密云水库上游牯牛河微生物群落结构演替的环境因子分析

Mantel 检验结果表明, 水体和底质中微生物群落结构无显著相关性 ($P=0.4075$), 且微生物群落和环境因子也未发现有显著相关性 [水体微生物 ($P=0.5303$), 底质微生物 ($P=0.5174$)]. 而根据门水平上的 RDA 分析可知 [图 5(a)], 水体微生物的主要环境影响因子因监测点不同而具有差异性, 库区的主要环境影响因子为 NH_4^+ -N 和 COD, 而

其它监测点的主要环境影响因子为 NO_3^- -N 和 TN. 属水平上的网络结构分析结果表明 [图 5(c)], 核心微生物为 *Aeromonas*、*Chryseotalea*、*Chryseobacterium*、*Sideroxydans* 和 *Pseudomonas*. *Chryseotalea* 可以将产生的甲醇或脂肪酸转化为乙酸或氢, 作用于反硝化^[37]. *Sideroxydans* 是主要的亚硝酸盐还原优势微生物^[38]. *Pseudomonas* 是一种好氧反硝化菌^[39]. *Aeromonas* 和 *Chryseobacterium* 则是潜在的病原体微生物. 而属水平上的主要环境影响因子为 NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N, 且与相关微生物呈显著正相关; 其中 NH_4^+ -N 的主要影响微生物有 *Subdivision3_genera_incertain_sedis*、*Spartobacteria_genera_incertain_sedis*、unclassified_Burkholderiales 和 *Delftia* 等; NO_3^- -N 的主要影响微生物则为 *Vogesella* 和



(a) 门水平相对丰度堆积图; (b) 属水平 Heatmap 图, d1~d4 表示丰度变化区别性较强的区域; (c) 属水平 PCA 分析

图 4 密云水库上游牯牛河微生物群落组成和分布

Fig. 4 Changes in the microbial community in Mangniu River located in the upstream of Miyun Reservoir

unclassified_Burkholderiales. 其中, unclassified_Burkholderiales 和 *Vogesella* 可进行反硝化作用; 而 *Delftia* 可以有有机氮或无机氮为氮源进行化能营养生活^[40~42].

底质微生物群落的环境影响因子随监测点不同有所区别[图 5(b)]. 在属水平上, 主要影响作用的微生物为 *Rheinheimera*、*Massilia*、*Acinetobacter* 和 unclassified_Chitinophagaceae[图 5(d)]. 其中, 最主要的菌属 *Rheinheimera* 是一种反硝化菌属. 底质微生物群落的主要环境影响因子为 NO_3^- -N 和 COD, 其中 NO_3^- -N 的主要影响微生物有 *Pseudomonas*、*Massilia*、*Brevundimonas*、*Cellvibrio* 和 *Sphingorhabdus* 等. COD 的主要影响微生物则为 unclassified_Rhodobacteraceae、*Acinetobacter*、*Ralstonia*、*Vogesella*、*Chryseotalea* 和 *Porphyrobacter*; 同时, 这两部分微生物之间又相互作用. 水体和底质的主要作用微生物菌属不同, 相较水体微生物群落, 底质微生物群落与环境影响因子的相关性明显下降, 说明底质微生物群落稳定性强, 密云水库上游流域高

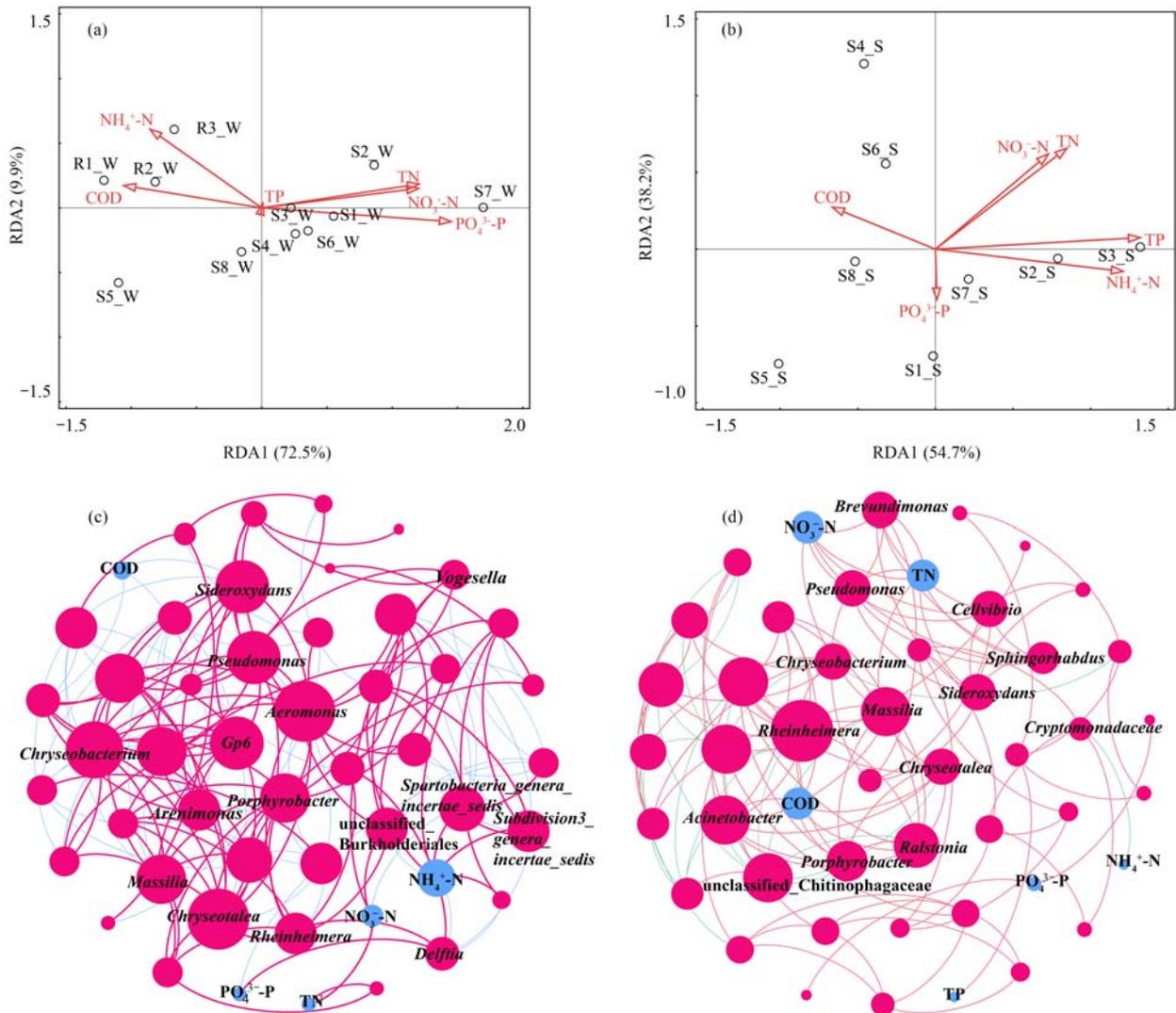
NO_3^- -N 的主要影响对象为水体微生物群落.

2.5 密云水库上游牯牛河氮素转化微生物组成和 PICRUSt2 功能预测分析

为明确牯牛河氮素转化的微生物学机制, 本研究对水体和底质中的硝化菌和反硝化菌的相对丰度进行分析(图 6), 结果发现, 整体上硝化菌相对丰度为 0.1%~4.0%, 反硝化菌相对丰度为 0.7%~21%, 反硝化菌相对丰度高于硝化菌.

硝化菌在水体和底质中的相对丰度分别为 $(0.5 \pm 2.9)\%$ 和 $(1.3 \pm 2.7)\%$, 底质高于水体. 水体中硝化菌相对丰度: S2_W 最高, R1_W~R3_W 最低; 底质中的硝化菌相对丰度: S7_S 最高. S2_W 和 S7_S 的主要硝化菌均为 *Nitrosopumilus*, 相对丰度分别为 1.8% 和 2.7%. *Nitrosopumilus* 是一种主要的氨氧化菌属^[43], 该菌属通过好氧产生亚硝酸盐^[44], 而氨氧化是硝化作用的第一个反应步骤, 也是限速步骤.

反硝化菌在水体和底质中的相对丰度分别为 $(6.2 \pm 14.8)\%$ 和 $(7.2 \pm 11.8)\%$, 无显著差异性.



(a) 水体微生物群落 RDA 分析; (b) 底质微生物群落 RDA 分析 (圆形为样品, 箭头为水环境因子);
(c) 水体微生物群落网络结构分析; (d) 底质微生物群落网络结构分析

图 5 密云水库上游微生物群落门水平上的 RDA 分析和属水平上的网络结构分析

Fig. 5 Analysis of RDA at phylum level and network structure at genus level of microbial community in the upper reaches of Miyun Reservoir

水体样品中反硝化菌相对丰度: S7_W 最高, R1_W ~ R3_W 最低, 但是库区的 *Thauera* 占比较高, *Thauera* 是典型的异养反硝化菌^[45], 可与 *Candidatus Kuenenia* 协同负责厌氧氨氧化中的碳氮代谢^[46]. 底质样品中的反硝化菌相对丰度: S6_S 最高, 其次为 S2_S. S7_以 *Rheinheimera* 为主, 相对丰度为 11.6%, S6_S 则以 unclassified_Rhodobacteraceae 为主, 相对丰度为 9.5%, S2_S 以 *Pseudomonas* 为主, 占比为 6.3%. 但 S2 和 S6 的 TN 和 NO_3^- -N 浓度较高. S2_S 的微生物群落丰富度和多样性较高, 但 COD 浓度较低. 而 S6_S 的 COD 浓度较高, 有助于反硝化的进行, 但是 S6_S 的微生物群落丰富度和多样性不高.

为了进一步研究氮代谢微生物作用机制, 通过 PICRUSt2 功能预测筛选出与氮代谢相关的功能基因. 具有相同功能的基因被归类到 KEGG Orthology 中, 每个 KO 代表具体的一个功能. 将参与同一过程

的多个 KO 划分在一起, 形成了 KEGG Module 数据库. KEGG Module 数据库中的每条记录代表一个功能单元, 是多个 KO 的集合, 通过大写字母 M 和数字进行标识. 本研究一共找到了 47 个参与氮代谢的功能基因, 其中有 26 个功能基因参与 5 个氮转化模块 (图 7 和图 8), 包括硝化、反硝化、异化硝酸盐还原 (DNRA)、同化硝酸盐还原 (ANRA) 和固氮模块, 其中硝化模块包括硝化和完全硝化模块, 但整体上反硝化模块的功能基因丰度高于硝化模块, 这与主要氮循环功能微生物的丰度结果是一致的.

硝化模块以完全硝化反应为主, 主要发生于底质. 底质中硝化模块的功能基因丰度最高为 S8_S, 而水体中则为 R1_W ~ R3_W. 反硝化模块以 DNRA 为主, 主要发生于水体. 水体中反硝化模块的功能基因丰度最高为 R1_W ~ R3_W, 而底质中则为 S8_S. 对映硝化反应丰度较高的监测点, 其反硝化反应丰

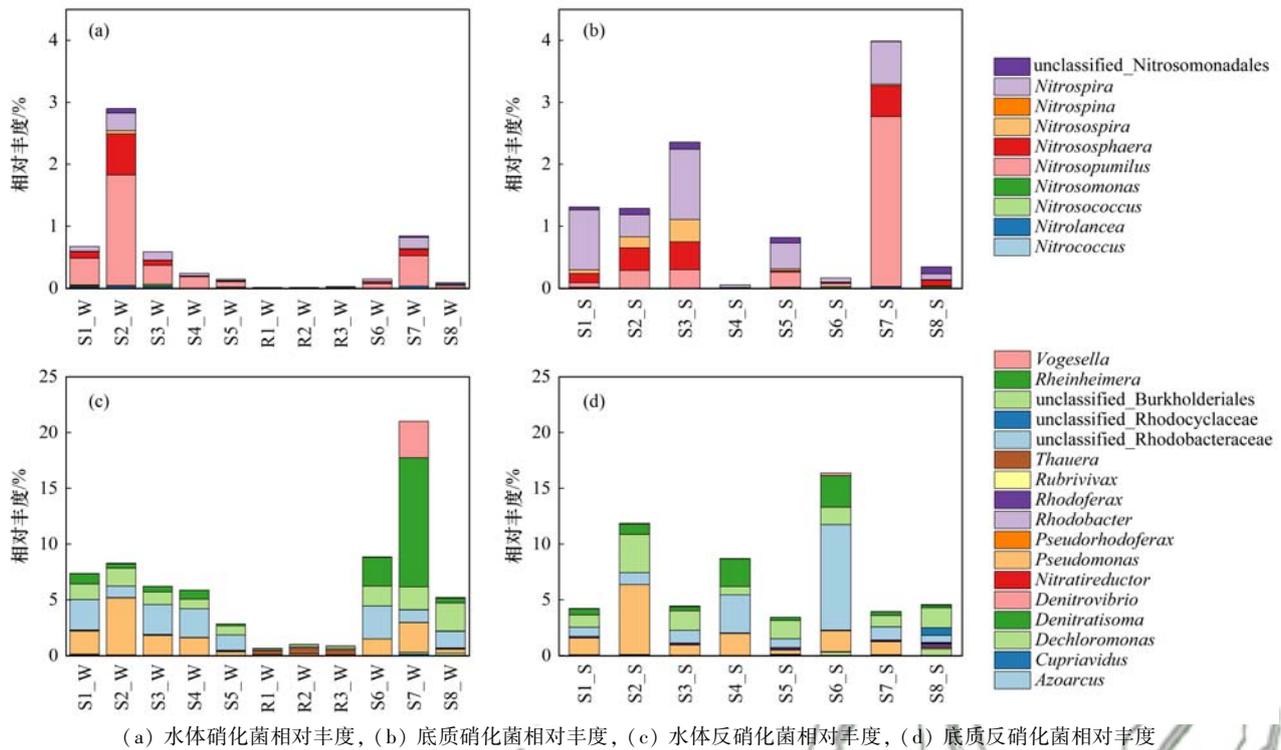


图 6 密云水库上游牝牛河硝化和反硝化功能微生物相对丰度分析

Fig. 6 Changes in the relative abundance of nitrifying and denitrifying bacteria in Mangniu River located in the upstream of Miyun Reservoir

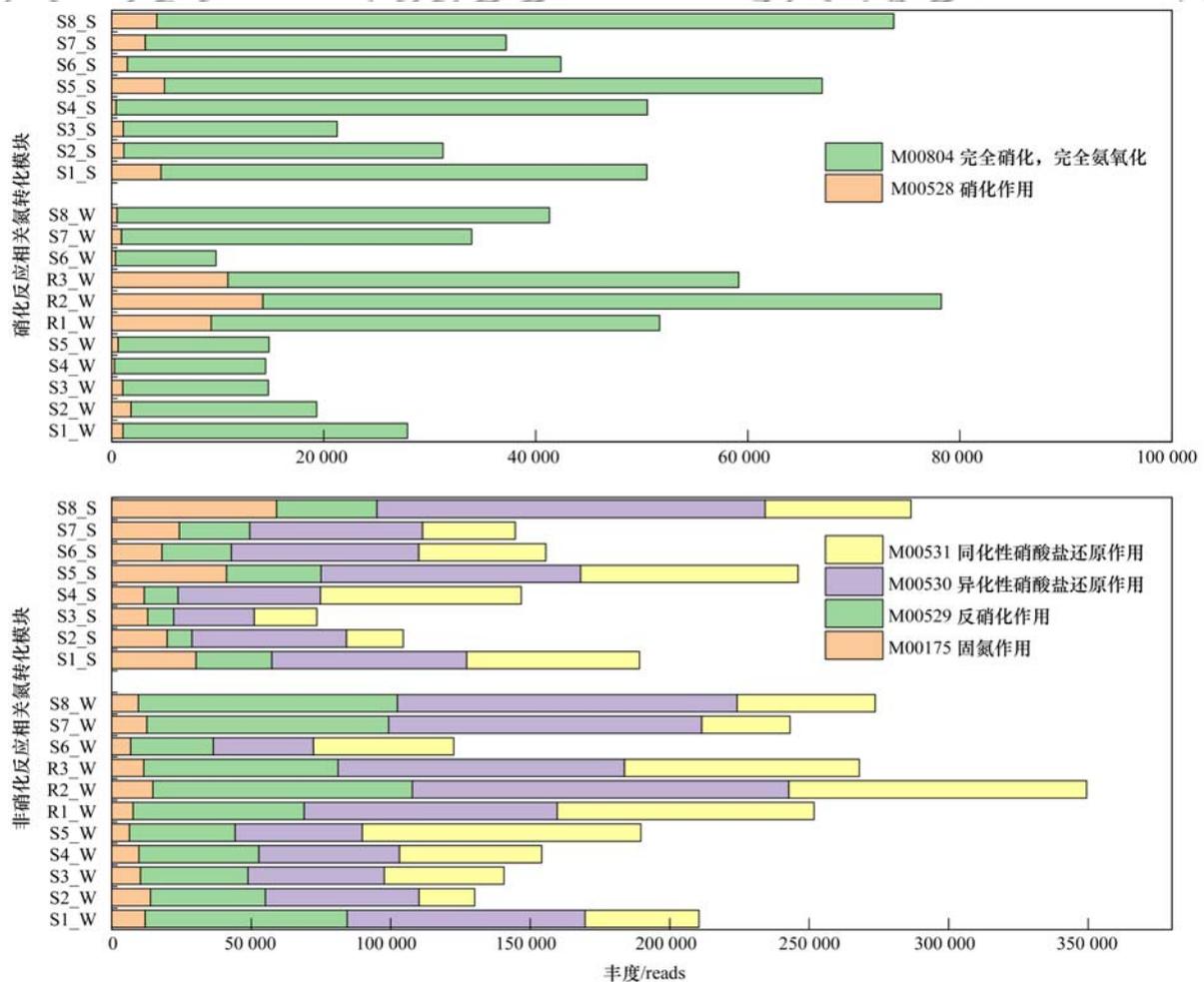


图 7 密云水库上游氮转化模块丰度

Fig. 7 Abundance values of nitrogen conversion process in the upstream of Miyun Reservoir

度也较高. Mantel 检验结果可知, 硝化模块和反硝化模块的 $P = 0.0074$, 具有极显著相关性.

微生物参与的硝化过程功能基因主要包括氨单加氧酶基因 (*pmoABC-amoABC*)、羟胺脱氢酶基因 (*hao*) 和亚硝酸盐氧化酶基因 (*narGH*). 而参与 NO_3^- -N 还原的则有 ANRA、DNRA 和反硝化反应. ANRA 主要功能酶基因为 *nasAB* 和 *nirA*, DNRA 主要功能酶基因为 *narI*、*napAB*、*nirBD* 和 *nrfAH*. 反硝化反应主要的功能酶基因为 *nirK*、*nirS*、*norBC* 和 *nosZ*. 参与固氮作用的主要功能酶基因为 *nifDKH*, 这些基因具体作用如图 8 所示.

硝化模块功能基因主要为 *narGH* 基因 (图 9), 该基因可将 NO_2^- -N 氧化为 NO_3^- -N, 其占比为 34.7%~49.9%. 在水体中, 该模块功能基因于 R1_W ~ R3_W 丰度最低, S7_W 和 S8_W 最高. 值得注意的是, 相应菌种和模块丰度的高低不一定决定主要功能基因丰度的高低, 上述研究结果可知, 库区硝化模块的功能基因丰度较高, 但其 NO_3^- -N 浓度低于 S7 ~ S8, 这可能与其主要功能酶基因的丰度较低有关. 同理, 虽然底质中的硝化菌和硝化模块的丰度高于水体, 但是其 *narGH* 丰度较水体低, 所以底质硝化微生物并不起主要的硝化作用. 整体上, 参与 NO_3^- -N 还原反应的功能基因, 主要源于底质并以 DNRA 为主, 其中 *nirBD* 丰度最高, 其负责将 NO_3^- 还原成 NH_4^+ . 而反硝化模块功能基因主要为 *nirK*, 该基因主要将 NO_2^- 还原为 NO , 在反硝化模块功能基因占比为

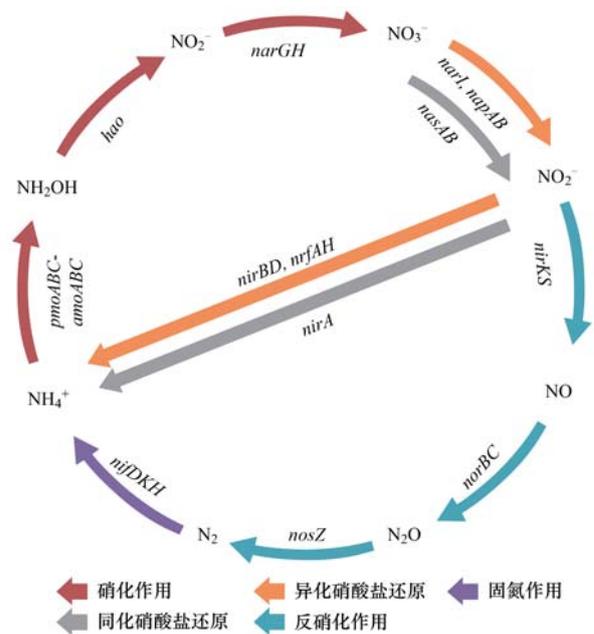


图 8 密云水库上游氮代谢路径
Fig. 8 Map of nitrogen metabolic pathways in the upper reaches of Miyun Reservoir

0.8%~23.1%. 在水体中, 参与 NO_3^- -N 还原反应的主要功能基因于 R1_W ~ R3_W 丰度最低, S7_W 和 S8_W 最高, 这与硝化反应功能基因相对应. 在底质中, 则是 S8_S 最高, 这与该位点较低的 NO_3^- -N 浓度有关. S2_S 的相关功能酶基因较高, 且 NO_3^- -N 还原菌相对丰度较高, 但其 NO_3^- -N 还原反应过程丰度较低, 这可能与其 COD 浓度较低有关. 较低 C/N 导致反硝化菌无法有效发挥作用.

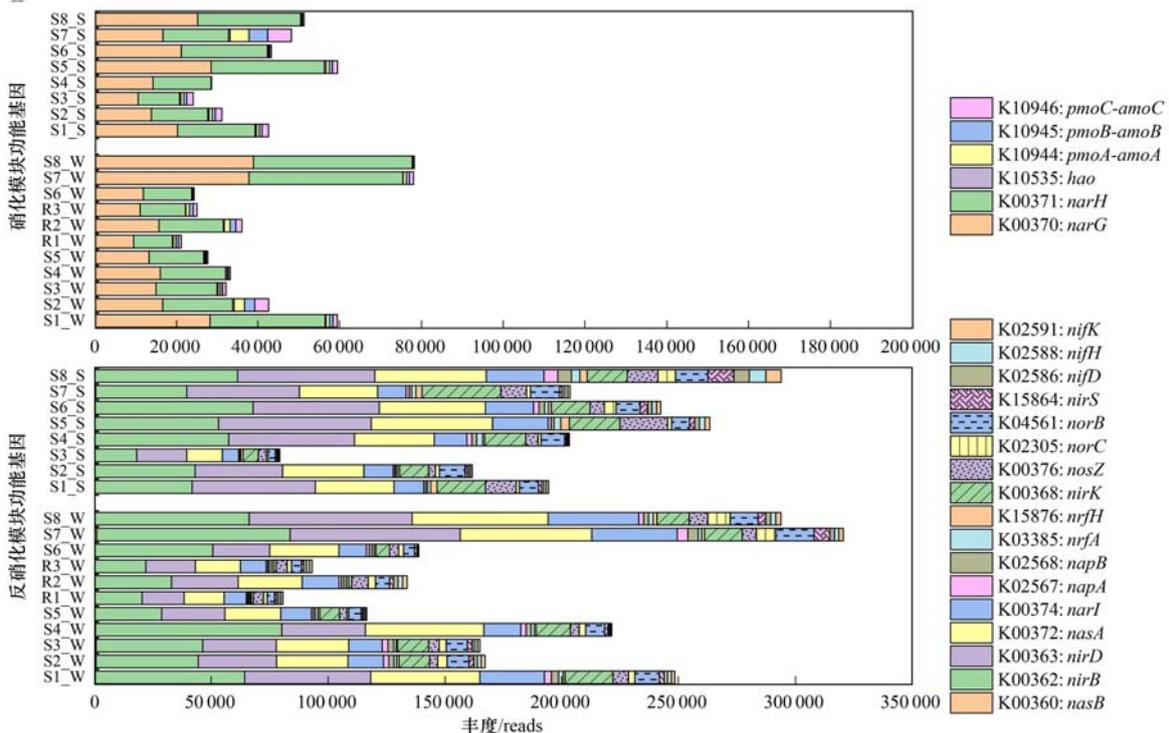


图 9 密云水库上游氮代谢相关 KO 基因相对丰度堆积

Fig. 9 Accumulation map of relative abundance of KO genes related to nitrogen metabolism in the upstream of Miyun Reservoir

3 结论

(1)密云水库上游入库河流——牯牛河存在 TN 超标问题,且 TN 以 NO_3^- -N 为主,占比达 77.68%~92.94%。

(2)牯牛河水体和底质中微生物群落结构具有显著差异,呈现一定的空间分布特征,高 NO_3^- -N 是影响微生物群落结构演替的主要环境因子。

(3)牯牛河中大量硝化和反硝化功能微生物,反硝化菌相对丰度均高于硝化菌,且均表现出底质高于水体。牯牛河优势硝化菌和反硝化菌分别为 *Nitrosopumilus* 和 *Pseudomonas*。

(4)氮代谢主要以 NO_3^- -N 还原模块为主,且主要发生于水体。硝化反应的主要功能基因 *narGH* 于水体中丰度最高。而参与 NO_3^- -N 还原反应的主要功能基因,主要位于底质,以 DNRA 的 *nirBD* 为主,而反硝化模块功能基因主要为 *nirK*。河流中较低 C/N 比是导致反硝化菌无法有效发挥作用的主要原因。

参考文献:

- [1] 王旭,王永刚,孙长虹,等. 城市黑臭水体形成机理与评价方法研究进展[J]. 应用生态学报, 2016, 27(4): 1331-1340.
Wang X, Wang Y G, Sun C H, et al. Formation mechanism and assessment method for urban black and odorous water body: A review[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2016, 27(4): 1331-1340.
- [2] 张新,赵龙,李亚楠,等. 密云水库主要入库河流氮磷营养盐输入现状分析[J]. 北京水务, 2021, (2): 21-25.
Zhang X, Zhao L, Li Y N, et al. Current situation analysis of nitrogen and phosphorus nutrient input in main inflow rivers of Miyun Reservoir[J]. Beijing Water, 2021, (2): 21-25.
- [3] 李文赞,李叙勇,王晓学. 20 年来密云水库主要入库河流总氮变化趋势和影响因素[J]. 环境科学学报, 2013, 33(11): 3047-3052.
Li W Z, Li X Y, Wang X X, et al. Trends in the total nitrogen concentration and the major influencing factors in the main rivers flowing into the Miyun Reservoir in recent 20 years[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2013, 33(11): 3047-3052.
- [4] 张雨航,孙长虹,范清,等. 基于 MIKE21 的密云水库总氮预测研究[J]. 干旱区资源与环境, 2021, 35(8): 122-131.
Zhang Y H, Sun C H, Fan Q, et al. Prediction of total nitrogen in Miyun Reservoir based on MIKE21[J]. Journal of Arid Land Resources and Environment, 2021, 35(8): 122-131.
- [5] Li J W, Peng Y Z, Zhang L, et al. Enhanced nitrogen removal assisted by mainstream partial-anammox from real sewage in a continuous flow A^2/O reactor [J]. Chemical Engineering Journal, 2020, 400, doi: 10.1016/j.cej.2020.125893.
- [6] Wang Z Y, Woo S G, Yao Y N, et al. Nitrogen removal as nitrous oxide for energy recovery: increased process stability and high nitrous yields at short hydraulic residence times[J]. Water Research, 2020, 173, doi: 10.1016/j.watres.2020.115575.
- [7] Hu Z, Lee J W, Chandran K, et al. Nitrous oxide (N_2O) emission from aquaculture: a review[J]. Environmental Science & Technology, 2012, 46(12): 6470-6480.
- [8] Colliver B B, Stephenson T. Production of nitrogen oxide and dinitrogen oxide by autotrophic nitrifiers [J]. Biotechnology Advances, 2000, 18(3): 219-232.
- [9] Ding B J, Qin Y B, Luo W Q, et al. Spatial and seasonal distributions of Feammox from ecosystem habitats in the Wanshan region of the Taihu watershed, China[J]. Chemosphere, 2020, 239, doi: 10.1016/j.chemosphere.2019.124742.
- [10] 秦斌,叶芝茵,朱昌,等. 半城子水库水生生态健康评价[J]. 北京水务, 2021, (5): 7-11.
Qin B, Ye Z H, Zhu C, et al. Assessment of water ecological health status of Banchengzi reservoir[J]. Beijing Water, 2021, (5): 7-11.
- [11] 叶芝茵,黄炳彬,常国梁,等. 密云水库上游半城子水库流域氮素时空变化特征及源解析研究[J]. 北京师范大学学报(自然科学版), 2021, 57(4): 533-538.
Ye Z H, Huang B B, Chang G L, et al. Concentration variations and sources of nitrogen in Banchengzi Reservoir watershed upstream of Miyun Reservoir [J]. Journal of Beijing Normal University (Natural Science), 2021, 57(4): 533-538.
- [12] Caporaso J G, Lauber C L, Walters W A, et al. Global patterns of 16S rRNA diversity at a depth of millions of sequences per sample[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2011, 108(S1): 4516-4522.
- [13] Chen S F, Zhou Y Q, Chen Y R, et al. fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor[J]. Bioinformatics, 2018, 34(17): i884-i890.
- [14] Bolyen E, Rideout J R, Dillon M R, et al. Author correction: Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2[J]. Nature Biotechnology, 2019, 37(9), doi: 10.1038/s41587-019-0252-6.
- [15] Callahan B J, McMurdie P J, Rosen M J, et al. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data [J]. Nature Methods, 2016, 13(7): 581-583.
- [16] Lan Y M, Wang Q, Cole J R, et al. Using the RDP classifier to predict taxonomic novelty and reduce the search space for finding novel organisms[J]. PLoS One, 2012, 7(3), doi: 10.1371/journal.pone.0032491.
- [17] 刘忱. 密云水库氮素分布特征及污染源解析研究[D]. 北京: 北京交通大学, 2021.
Liu C. Distribution characteristics of nitrogen and analysis of pollution sources in Miyun Reservoir [D]. Beijing: Beijing Jiaotong University, 2021.
- [18] 辛苑,李萍,吴晋峰,等. 强降雨对北运河流域沙河水库水质的影响[J]. 环境科学学报, 2021, 41(1): 199-208.
Xin Y, Li P, Wu J F, et al. Impacts of heavy rainfall on the water quality of Shahe Reservoir in the North Canal Basin [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2021, 41(1): 199-208.
- [19] Bergström A K. The use of TN; TP and DIN; TP ratios as indicators for phytoplankton nutrient limitation in oligotrophic lakes affected by N deposition[J]. Aquatic Sciences, 2010, 72(3): 277-281.
- [20] 李哲,郭劲松,方芳,等. 三峡水库小江回水区不同 TN/TP 水平下氮素形态分布和循环特点[J]. 湖泊科学, 2009, 21(4): 509-517.
Li Z, Guo J S, Fang F, et al. Potential impact of TN/TP ratio on the cycling of nitrogen in Xiaojiang backwater area, Three Gorges Reservoir[J]. Journal of Lake Sciences, 2009, 21(4): 509-517.
- [21] Xu B, Cheng P, Yan C, et al. The effect of varying LED light sources and influent carbon/nitrogen ratios on treatment of synthetic sanitary sewage using *Chlorella vulgaris* [J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2013, 29(7): 1289-1300.
- [22] Yan C, Zhang H, Li B, et al. Effects of influent C/N ratios on

- CO₂ and CH₄ emissions from vertical subsurface flow constructed wetlands treating synthetic municipal wastewater [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2012, **203-204**: 188-194.
- [23] Zhong Y P, Su Y P, Zhang D Y, *et al.* The spatiotemporal variations in microalgae communities in vertical waters of a subtropical reservoir [J]. *Journal of Environmental Management*, 2022, **317**, doi: 10.1016/j.jenvman.2022.115379.
- [24] Smith G J, Angle J C, Solden L M, *et al.* Members of the genus *methylobacter* are inferred to account for the majority of aerobic methane oxidation in oxic soils from a freshwater wetland [J]. *mBio*, 2018, **9**(6), doi: 10.1128/mBio.00815-18.
- [25] Wang Q, Lv R Y, Rene E R, *et al.* Characterization of microbial community and resistance gene (CzcA) shifts in up-flow constructed wetlands-microbial fuel cell treating Zn (II) contaminated wastewater [J]. *Bioresource Technology*, 2020, **302**, doi: 10.1016/j.biortech.2020.122867.
- [26] Kam M, Dueholm D, Nierychlo M, *et al.* MiDAS 4: A global catalogue of full-length 16S rRNA gene sequences and taxonomy for studies of bacterial communities in wastewater treatment plants [J]. *Nature Communications*, 2022, **13**, doi: 10.1038/s41467-022-29438-7.
- [27] Chen F, Li Z L, Ye Y, *et al.* Coupled sulfur and electrode-driven autotrophic denitrification for significantly enhanced nitrate removal [J]. *Water Research*, 2022, **220**, doi: 10.1016/j.watres.2022.118675.
- [28] 刘晓丹, 黄毅, 王永花, 等. 西藏尼洋河沉积物中微生物群落结构特征分析 [J]. *环境科学*, 2020, **41**(7): 3249-3256.
- Liu X D, Huang Y, Wang Y H, *et al.* Structural characteristics of microbial communities in the sediments of the Niyang River in Tibet [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(7): 3249-3256.
- [29] Zhang L, Fang W K, Li X C, *et al.* Strong linkages between dissolved organic matter and the aquatic bacterial community in an urban river [J]. *Water Research*, 2020, **184**, doi: 10.1016/j.watres.2020.116089.
- [30] García-Ruiz M J, Maza-Márquez P, González-López J, *et al.* Nitrogen removal capacity and bacterial community dynamics of a Canon biofilter system at different organic matter concentrations [J]. *Chemosphere*, 2018, **193**: 591-601.
- [31] Zhang L Y, Delgado-Baquerizo M, Shi Y, *et al.* Co-existing water and sediment bacteria are driven by contrasting environmental factors across glacier-fed aquatic systems [J]. *Water Research*, 2021, **198**, doi: 10.1016/j.watres.2021.117139.
- [32] Lu Q Q, Song Y H, Mao G N, *et al.* Spatial variation in bacterial biomass, community composition and driving factors across a eutrophic river [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2020, **205**, doi: 10.1016/j.ecoenv.2020.111113.
- [33] Zhang J Y, Yu D W, Dian L, *et al.* Metagenomics insights into the profiles of antibiotic resistome in combined sewage overflows from reads to metagenome assembly genomes [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, **429**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2022.128277.
- [34] 辛苑, 卢铁东, 申佩弘, 等. 强降雨对沙河水库的水质及其藻类群落结构的影响 [J]. *环境科学学报*, 2022, **42**(3): 6-19.
- Xin Y, Lu T D, Shen P H, *et al.* Effects of heavy rainfall on water quality and algal community structure in Shahe Reservoir [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2022, **42**(3): 6-19.
- [35] 朱利英, 陈媛媛, 刘静, 等. 温榆河水环境质量与浮游植物群落结构的时空变化及其相互关系 [J]. *环境科学*, 2020, **41**(2): 702-712.
- Zhu L Y, Chen Y Y, Liu J, *et al.* Spatio-temporal evolution and relationship of water environment quality and phytoplankton community in Wenyu River [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(2): 702-712.
- [36] Wu L, Wang L K, Wei W, *et al.* Sulfur-driven autotrophic denitrification of nitric oxide for efficient nitrous oxide recovery [J]. *Biotechnology and Bioengineering*, 2022, **119**(1): 257-267.
- [37] Liang L F, Sun C, Jin Z, *et al.* Magnetite-mediated electrically connected community for shortening startup of methane-dependent denitrification in a membrane biofilm reactor [J]. *Chemical Engineering Journal*, 2022, **428**, doi: 10.1016/j.cej.2021.132004.
- [38] 李爽, 李晓敏, 李芳柏. Fe(II)对反硝化过程及其功能微生物群落的影响 [J]. *中国环境科学*, 2018, **38**(1): 263-274.
- Li S, Li X M, Li F B. Effect of Fe(II) on denitrification and associated functional microbial communities [J]. *China Environmental Science*, 2018, **38**(1): 263-274.
- [39] 王慎, 张思思, 许尤, 等. 不同水温分层水库沉积物间隙水营养盐垂向分布与细菌群落结构的关系 [J]. *环境科学*, 2019, **40**(6): 2753-2763.
- Wang S, Zhang S S, Xu Y, *et al.* Relationship between the vertical distribution of nutrients and bacterial community structures in sediment interstitial waters of stratified reservoirs with different water temperatures [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(6): 2753-2763.
- [40] Duan J L, Sun J W, Ji M M, *et al.* Indicatory bacteria and chemical composition related to sulfur distribution in the river-lake systems [J]. *Microbiological Research*, 2020, **236**, doi: 10.1016/j.micres.2020.126453.
- [41] 黄兴如, 张琼琼, 张瑞杰, 等. 再生水补水对河流湿地香蒲根际细菌群落结构影响研究 [J]. *中国环境科学*, 2016, **36**(2): 569-580.
- Huang X R, Zhang Q Q, Zhang R J, *et al.* Influence of reclaimed water on bacterial community structure of cattail rhizosphere from riverine wetland [J]. *China Environmental Science*, 2016, **36**(2): 569-580.
- [42] 尹昌, 范分良, 李兆君, 等. 长期施用有机和无机肥对黑土 *nirS* 型反硝化菌种群结构和丰度的影响 [J]. *环境科学*, 2012, **33**(11): 3967-3975.
- Yin C, Fan F L, Li Z J, *et al.* Influences of long-term application of organic and inorganic fertilizers on the composition and abundance of *nirS*-type denitrifiers in black soil [J]. *Environmental Science*, 2012, **33**(11): 3967-3975.
- [43] Pester M, Schleper C, Wagner M, *et al.* The Thaumarchaeota: an emerging view of their phylogeny and ecophysiology [J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2011, **14**(3): 300-306.
- [44] Könneke M, Bernhard A E, De La Torre J R, *et al.* Isolation of an autotrophic ammonia-oxidizing marine archaeon [J]. *Nature*, 2005, **437**(7058): 543-546.
- [45] Zhang T Q, Yin Q D, Shi Y H, *et al.* Microbial physiology and interactions in anammox systems with the intermittent addition of organic carbons [J]. *Bioresource Technology*, 2021, **319**, doi: 10.1016/j.biortech.2020.124226.
- [46] 李亚男, 闫冰, 郑蕊, 等. 一体式部分亚硝化-厌氧氨氧化工艺污泥膨胀发生和恢复过程中微生物群落演替及 PICRUSt2 功能预测分析 [J]. *环境科学*, 2022, **43**(7): 3708-3717.
- Li Y N, Yan B, Zheng R, *et al.* Succession and PICRUSt2-based predicted functional analysis of microbial communities during the sludge bulking occurrence and restoration in one-stage combined partial nitrification and ANAMMOX process [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(7): 3708-3717.

CONTENTS

Pollution Characteristics and Transport contributions of Ambient Ozone and Volatile Organic Compounds in Southern Hebei Cities	ZHAO Jiang-wei, NIE Sai-sai, YU Yu-jie, <i>et al.</i> (4775)
Temporal and Spatial Distributions of O ₃ Concentration and Potential Source Area Analysis of Hexi Corridor Based on Satellite and Ground Monitoring	LI Jin-chao, CAO Chun, FANG Feng, <i>et al.</i> (4785)
Spatial and Temporal Variations in Ozone Pollution and Sensitivity Characteristics in Hainan Island	FU Chuan-bo, DAN Li, TONG Jin-he, <i>et al.</i> (4799)
Temporal and Spatial Characteristics of Troposphere O ₃ and Precursors HCHO and NO ₂ in East China	WANG Xiao-wen, LIU Min-xia, WANG Yang, <i>et al.</i> (4809)
Evolution Characteristics of Atmospheric Formaldehyde Emissions in Guangdong Province from 2006 to 2020	MING Gui-ying, ZHU Man-ni, SHA Qing-e, <i>et al.</i> (4819)
VOCs Emission Level and Emission Reduction Potential of Coating Industry in Zibo	HUANG Yue-run, YANG Wen, WANG Xiu-yan, <i>et al.</i> (4832)
Pollution Characteristics of Carbonaceous Components in PM ₁₀ and PM _{2.5} of Road Dust Fall and Soil Dust in Xi'an	SHEN Li-juan, WANG Hong-lei, SUN Jie-juan, <i>et al.</i> (4843)
Runoff Simulation and Its Response to Extreme Precipitation in the Yangtze River Basin	GAO Shuang, TI Chao-pu, TANG Shui-rong, <i>et al.</i> (4853)
Water Chemical Isotope Characteristics and Water Transformation Relationship in Mongolian Section of the Yellow River Basin	PEI Sen-sen, DUAN Li-min, MIAO Ping, <i>et al.</i> (4863)
Hydrochemical Characteristics and Formation Causes of Ground Karst Water Systems in Gudui Spring Catchment	TANG Chun-lei, SHEN Hao-yong, ZHAO Chun-hong, <i>et al.</i> (4874)
Source Analysis and Health Risk Assessment of Heavy Metals in the Groundwater of Shijiazhuang, a Typical City in North China Plain	CHEN Hui, ZHAO Xin-yu, CHANG Shuai, <i>et al.</i> (4884)
Spatial Distribution, Speciation, and Ecological Risk Assessment of Heavy Metals in Surface Sediments of Dongjiang Lake, Hunan Province	ZHANG Tong-liang, YI Li-xia, LI Chang-cheng, <i>et al.</i> (4896)
Spectral Characteristics and Source Analysis of Chromophoric Dissolved Organic Matter in Surface Water of Taihu Lake Before Cyanobacterial Blooming	WANG Yong-qiang, LU Shao-yong, HUANG Wei, <i>et al.</i> (4906)
Chemical Oxygen Demand(COD) Composition and Contribution in Typical Waters of Baiyangdian Lake	LI Qi, ZHANG Chao, ZHANG Wen-qiang, <i>et al.</i> (4915)
Source Apportionment and Source-specific Risk of Typical Antibiotics in Baiyangdian Lake	SONG Yuan-meng, ZHAO Bo, LU Meng-qi, <i>et al.</i> (4927)
Response of River Ecosystem Health Status to Water Environmental Factors in the Middle Reaches of Yarlung Zangbo River	LI Xiao-dong, YANG Qing, LIU Hui-qiu, <i>et al.</i> (4941)
Analysis on the Current Situation of Phytoplankton in the Typical River- Lake Ecotone of Lake Poyang	YU Xin-ping, CHEN Yu-wei, LIU Jin-fu, <i>et al.</i> (4954)
Phytoplankton Community Structure, Diversity, and Functional Groups in Urban River Under Different Black and Odorous Levels	ZHANG Qi-qi, ZENG Jie, YIN Zhuo, <i>et al.</i> (4965)
Influence of Denitrification on Cyanobacterial Blooms Trends in Lake Taihu, China	LI Chang-jie, XU Hai, ZHAN Xu, <i>et al.</i> (4977)
Effects of Nitrogen Speciation Transformation on Microbial Community Succession in Input Rivers of Miyun Reservoir	XIN Yuan, ZHANG Yao-fang, LI Tian-yu, <i>et al.</i> (4985)
Action Mechanism of <i>Bacillus</i> on Microalgae During Nitrogen Metabolism in Urban Tailwater	ZHAO Zhi-ni, MA Chao, YAN Jia-chen, <i>et al.</i> (4996)
Nitrogen Removal Characteristics and Metabolism Mechanism of High-Efficiency Cold-Tolerant Heterotrophic Nitrification-Aerobic Denitrification Bacterium <i>Glutamicibacter</i> sp. WS1 for Various Nitrogen Sources at Low Temperature	WEI Bo-hui, LUO Xiao, LÜ Peng-yi, <i>et al.</i> (5006)
Pollution Characteristics of Macrolide Antibiotics During Drinking Water Treatment and Their Chlorination Reaction Mechanism	CEN Xia, CHENG Si-yu, SHI Zong-min, <i>et al.</i> (5017)
Effects of Different Biochar and Effective Microorganism Agent Improvement Approaches on the Nutrient Release Characteristics and Potential of Compost	JIA Pei-yin, WANG Xin, HUA Yu-ting, <i>et al.</i> (5025)
Occurrence Characteristics and Risk Assessment of Microplastics in Water and Sediments of Anhui Section of Huaihe River Basin	ZHANG Hai-qiang, GAO Liang-min, GE Juan, <i>et al.</i> (5036)
Distribution, Sources, and Risk Assessment of Microplastics in Surface Sediments of Yellow River Delta Wetland	GENG Na, ZHAO Guang-ming, ZHANG Da-hai, <i>et al.</i> (5046)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Microplastics in Farmland Soil in Guyuan	MA Gui, DING Jia-fu, ZHOU Yue, <i>et al.</i> (5055)
Distribution Characteristics of Microplastic Surface Bacterial Communities Under Flooded and Non-flooded Conditions in Nanjishan Wetland of Poyang Lake	ZHAO Jun-kai, CHEN Xu, HU Ting-ting, <i>et al.</i> (5063)
Influence of Polystyrene Microplastics on the Formation and Structural Change of <i>Pseudomonas aeruginosa</i> Biofilm	TAO Hui, YU Duo, YANG Lan, <i>et al.</i> (5071)
Effects of Polystyrene Microplastics on Growth, Physiology, Biochemistry, and Canopy Temperature Characteristics of Chinese Cabbage Pakchoi (<i>Brassica chinensis</i> L.)	GUO Bing-lin, FENG Chen-chen, CHEN Yue, <i>et al.</i> (5080)
Effects of Combined Stress of Polyethylene and Sulfamethazine on Seed Germination, Seedling Growth, and Physiological Characteristics of Soybean	ZHAO Xiao-qiong, ZHANG Heng-hui, ZHAO Run-zhu, <i>et al.</i> (5092)
Transport and Model Calculation of Microplastics Under the Influence of Ionic Type, Strength, and Iron Oxide	ZHANG Ran, YU Ke-fei, HUANG Lei, <i>et al.</i> (5102)
Impacts of Land Use and Climate Change on Ecosystem Services in Agro-pastoral Ecotone	XU Wen-bin, RAO Liang-yi (5114)
Response of Organic Carbon Loss to Soil Erosion and Its Drivers; A Meta-analysis	LIU Xiao-lan, HUANG Jin-quan, QI Yu-jie, <i>et al.</i> (5125)
Effects of Balanced Fertilization and Straw Mulching on Soil Nutrients and Stoichiometry in Purple Soil Slope	ZHANG Gao-ning, XU Qi-wen, HE Bing-hui, <i>et al.</i> (5135)
Characteristics and Dominant Influencing Factors of the Fungal Community Structure in Soils Co-contaminated with Rare Earth Elements and Heavy Metals	LUO Ying, LI Jing-wei, YUAN Hao, <i>et al.</i> (5145)
Effects of Annual Crop Rotation and Fallow on Soil AMF Community and Aggregate Stability	LU Ze-rang, XIA Zi-tai, LU Mei, <i>et al.</i> (5154)
Spatial-temporal Changes and Driving Factors of Soil Microbial Communities in a Typical City of North China Plain	ZHAO Xin-yu, CHEN Hui, CHANG Shuai, <i>et al.</i> (5164)
Effect of High-volume Straw Returning and Applying <i>Bacillus</i> on Bacterial Community and Fertility of Desertification Soil	NIE Yang-mei, BU Lian-yan, CHEN Wen-feng, <i>et al.</i> (5176)
Low Accumulation Characteristics of Sweet-waxy Maize in Pb and Cd Complex Contaminated Soils Based on Field Trials	TANG Le-bin, LI Long, SONG Bo, <i>et al.</i> (5186)
Effects of Different Control Measures on Cadmium and Lead Accumulation and Quality in Lettuce	ZHOU Hong-yin, LI Jia-qi, BAO Li, <i>et al.</i> (5196)
Effects of Nano-copper Oxide on Physiobiochemical Properties of <i>Brassica chinensis</i> L. and Its Heavy Metal Accumulation Under Cadmium Stress	WANG Shi-qi, SUN Yue-bing, HUANG Qing-qing, <i>et al.</i> (5204)
Distribution and Biototoxicity of Endogenous Pollutants in <i>Pennisetum</i> sp. Biochar from Different Polluted Areas	LIU Li-ya, CUI Hong-biao, LIU Xiao-sheng, <i>et al.</i> (5214)
Adsorption Characteristics of Tetracycline by CuFeO ₂ -modified Biochar	LIU Guo-cheng, ZHANG Xin-wang, XIN Shuai-shuai, <i>et al.</i> (5222)
Ecological Toxic Effect of Perfluorinated Compounds on Fish Based on Meta-analysis	LU Hong, ZHOU Jin-yang, YANG Fan, <i>et al.</i> (5231)
Source Analysis and Risk Assessment of Heavy Metals in Soil of County Scale Based on PMF Model	ZHENG Yong-li, WEN Han-hui, CAI Li-mei, <i>et al.</i> (5242)
Potential Source Identification and Ecological Risk Assessment of Heavy Metals in Surface Soil of Heze Oil Peony Planting Area Based on PMF-PCA/APCS and PERI	ZHAO Qing-ling, LI Qing-cai, AN Mao-guo, <i>et al.</i> (5253)
Health Risk Assessment and Environmental Benchmark of Cadmium in Farmland Soils around the Gangue Heap of Coal Mine, Chongqing	MA Jie, SHE Ze-lei, WANG Sheng-lan, <i>et al.</i> (5264)
Pollution Characteristics and Sources of Heavy Metals in Soil of a Typical Pyrite Concentrated Mining Area in Anhui Province	JIA Han, LIU Jun-xing, WANG Xiao-guang, <i>et al.</i> (5275)
Distribution Characteristics, Source Analysis and Potential Ecological Risk Assessment of Soil Heavy Metals in Typical River Source Areas of Northeastern Hunan Province	YANG Zhen-yu, LIAO Chao-lin, ZOU Yan, <i>et al.</i> (5288)
Variation Characteristics of Exogenous Cadmium with Different Contents in Red Soil	ZHOU Zi-yang, PANG Rui, SONG Bo (5299)
Analysis of Carbon Storage Potential of CO ₂ Foamed Concrete	ZHANG Yuan, TA Xu-peng, QIN Shu-bing, <i>et al.</i> (5308)
Research on the Screening Method of Priority Pollutants with Integrated Environmental Socio-economic Indicators: Example of E-waste Dismantling	CHEN Yuan, CAI Zhen, LI Jin-hui (5316)