

目次

基于时间序列分解的京津冀区域PM _{2.5} 和O ₃ 空间分布特征	姚青, 丁净, 杨旭, 蔡子颖, 韩素芹 (2487)
基于随机森林的北京城区臭氧敏感性分析	周红, 王鸣, 柴文轩, 赵昕 (2497)
基于随机森林模型的四川盆地臭氧污染预测	杨晓彤, 康平, 王安怡, 臧增亮, 刘浪 (2507)
海口市臭氧浓度统计预报模型的构建与效果评估	符传博, 林建兴, 唐家翔, 丹利 (2516)
京津冀地区2015~2020年臭氧浓度时空分布特征及其健康效益评估	高冉, 李琴, 车飞, 张艳平, 祖永刚, 刘芬 (2525)
2022年北京市城区PM _{2.5} 水溶性离子含量及其变化特征	陈圆圆, 崔迪, 赵泽熙, 常森, 景宽, 沈秀娥, 刘保献 (2537)
郑州市冬春季PM _{2.5} 中金属元素污染特征、来源及健康风险评估	陶杰, 闫慧姣, 徐艺斐, 荆海涛 (2548)
淄博市供暖前后PM _{2.5} 中多环芳烃及其衍生物污染特征、来源及健康风险	孙港立, 吴丽萍, 徐勃, 高玉宗, 赵雪艳, 姬亚芹, 杨文 (2558)
西安市采暖季过渡期高时间分辨率细颗粒物组分特征及来源解析	李萌津, 张勇, 张倩, 田杰, 李丽, 刘卉昆, 冉伟康, 王启元 (2571)
天津冬季两个典型污染过程高浓度无机气溶胶成因及来源分析	卢苗苗, 韩素芹, 刘可欣, 唐晓, 孔磊, 丁净, 樊文雁, 王自发 (2581)
基于空间尺度效应的山东省PM _{2.5} 浓度时空变化及空间分异地理探测	徐勇, 韦梦新, 邹滨, 郭振东, 李沈鑫 (2596)
我国典型化工行业VOCs排放特征及其对臭氧生成潜势	武婷, 崔焱文, 肖威德, 翟增秀, 韩萌 (2613)
廊坊秋季大气污染过程中VOCs二次气溶胶生成潜势及来源分析	张敬巧, 刘铮, 丁文文, 朱瑶, 曹婷, 凌德印, 王淑兰, 王宏亮 (2622)
景观格局对河流水质影响的尺度效应Meta分析	王玉仓, 杜晶晶, 张禹, 吴昊, 胡敏敏, 陈丁江 (2631)
白洋淀夏季汛期入淀河流水体溶解性有机物的光谱特征及来源	孟佳靖, 宴红, 陈哲, 周石磊, 底怡玲, 武辰彬, 王晨光, 张家丰, 崔建升 (2640)
北京市丰台区永定河以东浅层地下水水化学演变规律及成因分析	胡昱欣, 周瑞静, 宋炜, 杨全合, 王鑫茹 (2651)
庐庐断裂带(安徽段)浅层地下水水化学特征、控制因素及水质评价	刘海, 魏伟, 宋阳, 徐洁, 管政亭, 黄健敏, 赵国红 (2665)
农药施用对兴凯湖水中农药残留的影响及其风险评价	王蔚青, 徐雄, 刘权震, 林利华, 吕婧, 王东红 (2678)
黄河兰州段河岸带土壤中微生物与耐药基因的赋存特征	韦程宸, 魏枫沂, 夏慧, 黄魁 (2686)
基于多源数据的巢湖蓝藻水华时空分布及驱动因素分析	金晓龙, 邓学良, 戴睿, 徐倩倩, 吴月, 范裕祥 (2694)
再生水构建水环境中沉水植物附着细菌群落特征	贺赞, 李雪梅, 李宏权, 魏琳琳, 姜春晖, 姜大伟, 李魁晚 (2707)
水位波动和植被恢复对三峡水库消落带土壤原核微生物群落结构的交互影响	梅渝, 黄平, 王鹏, 朱凯 (2715)
银川市典型湖泊沉积物细菌群落结构及其对重金属的响应关系	蒙俊杰, 刘双羽, 邱小琼, 周娟娟 (2727)
热水解时间对污泥厌氧消化系统微生物群落结构影响分析	张含, 张涵, 王佳伟, 高金华, 文洋, 李相昆, 任征然 (2741)
市政污水中吗啡来源辨析	邵雪婷, 赵悦彤, 蒋冰, 裴伟, 李彦莹, 谭冬芹, 王德高 (2748)
滦河流域生态环境动态遥感评价	李艳翠, 袁金国, 刘博涵, 郭豪 (2757)
黄河流域生态系统服务价值时空演化及影响因素	王奕洪, 孙学堂 (2767)
基于贝叶斯网络的生态系统服务权衡协同关系强度及其空间格局优化:以汾河流域为例	蔡进, 危小建, 江平, 梁玉琦 (2780)
贵州高原典型喀斯特县域生境质量时空演变及定量归因	李月, 冯霞, 吴路华, 罗光杰, 罗红芬 (2793)
2000~2021年黄土高原生态分区NEP时空变化及其驱动因子	周怡婷, 严俊霞, 刘菊, 王瑛 (2806)
基于SSP-RCP情景的黄土高原土地变化模拟及草原碳储量	崔伟, 董燕, 张露尹, 王荣臻 (2817)
京津冀城市群建设用地扩张多情景模拟及其对生态系统碳储量的影响	武爱彬, 陈辅国, 赵艳霞, 秦彦杰, 刘欣, 郭小平 (2828)
西南岩溶区土地利用变化对团聚体稳定性及其有机碳的影响	江可, 贾亚男, 杨琰, 陈坚淇, 禹朴家 (2840)
不同土地利用方式下土壤有机质分子组成变化的整合分析	黄世威, 赵一锴, 朱馨雨, 刘贺雷, 刘姣姣, 陈稍, 陈佳永, 张阿凤 (2848)
基于改进麻雀搜索算法优化BP神经网络的土壤有机质空间分布预测	胡志瑞, 赵万伏, 宋根先, 王芳, 林妍敏 (2859)
不同有机物料施用对菜地磷累积和转化的影响	孙凯, 崔玉涛, 李顺晋, 魏冰丽, 王媛, 杨宏博, 王孝忠, 张伟 (2871)
集约化柑橘种植抑制土壤磷循环微生物活性	周连吴, 曾全超, 梅唐英泽, 汪明霞, 谭文峰 (2881)
控释掺混肥对麦玉米轮作体系作物产量和温室气体排放的影响	高玮, 王学霞, 谢建治, 陈延华, 倪小会, 王甲辰, 董艳芳, 李子双, 曹兵 (2891)
生物炭对黄绵土中NO ₃ -N运移过程影响及模拟	白一茹, 刘旭, 张钰涵, 张睿媛, 马艳, 王幼奇 (2905)
中国农田土壤重金属污染分析与评价	杨雳, 白宗旭, 薄文浩, 林静, 杨俱佳, 陈涛 (2913)
城市土壤和地表灰尘重金属污染研究进展与展望	王晓雨, 刘恩峰, 杨祥梦, 王碧莲, 林锦阔, 颜梦霞, 毕世杰 (2926)
场地重金属污染土壤固化及MICP技术研究进展	陈玥如, 高文艳, 陈虹任, 薛生国, 吴川 (2939)
黄河流域山东段近河道煤矿区土壤重金属污染特征及源解析	戴文婷, 张晖, 吴霞, 钟鸣, 段桂兰, 董霁红, 张培培, 樊洪明 (2952)
拒马河流域河流沉积物与土壤重金属含量及风险评价	韩双宝, 袁磊, 张秋霞, 郑焰, 李甫成 (2962)
银川市黄河滩区土壤重金属污染特征、生态风险评估及来源解析	于路加, 马海军, 王翠平 (2971)
基于源导向和蒙特卡罗模型的广东省某城市土壤重金属健康风险评估	陈莲, 邹子航, 张培珍, 王雨菡, 王振江, 林森, 唐翠明, 罗国庆, 钟建武, 李智毅, 王圆 (2983)
西南典型碳酸盐岩高地背景区农田重金属化学形态、影响因素及回归模型	唐瑞玲, 徐进力, 刘彬, 杜雪苗, 顾雪, 于林松, 毕婧 (2995)
贵州省水田土壤-水稻Hg含量特征与安全种植区划	韦美溜, 周浪, 黄燕玲, 庞瑞, 王佛鹏, 宋波 (3005)
柠檬酸辅助甜高粱对南方典型母质土壤的镉修复效应	刘梦宇, 罗绪锋, 辜娇峰, 易轩韬, 周航, 曾鹏, 廖柏寒 (3016)
改性酒糟生物炭对紫色土壤镉形态及水稻吸收镉的影响	肖乃川, 王子芳, 杨文娜, 谢永红, 代文才, 高明 (3027)
生物炭对四环素和铜复合污染土壤生菜生长及污染物累积的影响	郑晨格, 裴欢欢, 张亚珊, 李嘉欣, 刘奋武, 乔星星, 秦俊梅 (3037)
基于Meta分析的蚯蚓堆肥对堆肥质量和重金属的影响效应	姜继韶, 侯睿, 崔慧林, 闫广轩, 刘栋 (3047)
微塑料对土壤N ₂ O排放及氮素转化的影响研究进展	刘一戈, 杨安琪, 陈舒欣, 牛英奕, 卢瑛, 李博 (3059)
土地利用对洱海罗时江小流域土壤微塑料污染的影响	戴柳云, 侯磊, 王化, 符立松, 王艳霞, 李晓琳, 王万宾, 梁启斌 (3069)
养殖海湾淤泥质海岸沉积物微塑料污染特征	宋可心, 贺金成, 李昌文, 解思琦, 刘宝堃, 黄伟, 冯志华 (3078)
聚乙烷微塑料对盐渍化土壤微生物群落的影响	李志超, 李哲, 李嘉晨, 屈忠义, 杨文煊, 李卫平 (3088)
鄱阳湖候鸟栖息地微塑料表面细菌群落结构特征与生态风险预测	俞锦丽, 赵俊凯, 罗思琦, 朱颖婷, 张文慧, 胡启武, 刘淑丽 (3098)
粤闽浙沿海重点城市道路交通节能减排路径	徐艺诺, 翁大维, 王硕, 胡喜生, 王占永, 张园园, 张兰怡 (3107)
电动重卡替代柴油重卡的全生命周期碳减排效益分析	徐圆圆, 龚德鸿, 黄正光, 杨浪 (3119)

再生水构建水环境中沉水植物附着细菌群落特征

贺赞^{1,2}, 李雪梅^{3*}, 李宏权⁴, 魏琳琳^{1,2}, 姜春晖¹, 姜大伟^{1,2}, 李魁晓^{1,2}

(1. 北京城市排水集团有限责任公司, 北京 100044; 2. 北京市污水资源化工程技术研究中心, 北京 100124; 3. 中国人民大学实验室管理与教学条件保障处, 北京 100872; 4. 北京北排科技有限公司, 北京 100044)

摘要: 沉水植物茎、叶附着生物膜对再生水构建水环境的水质改善具有重要作用. 为探究再生水水质及沉水植物种类对附着生物膜细菌群落特征的影响, 选取再生水构建的水环境中不同种类沉水植物为研究对象, 采用16S rRNA高通量测序技术对其附着生物膜及周围环境样本的细菌群落结构和功能基因进行分析. 结果表明, 再生水水体中氮磷营养物质在水环境中得到了20%~35%的吸收利用, 下游水体中COD、浊度和色度呈现升高趋势. 沉水植物附着生物膜中细菌群落与周围环境(土壤、底泥和水体)及再生水处理厂活性污泥的细菌群落存在差异: 在群落多样性上, 其丰富度和多样性显著低于土壤和底泥中细菌但高于水中浮游细菌; 在群落结构上, 其优势菌属及对应相对丰度与其它样本不同, 主要优势菌属有鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、气单胞菌属(*Aeromonas*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)和不动杆菌属(*Acinetobacter*), 分别占比7%~40%. 沉水植物种类和再生水水质(BOD₅、TN、NH₄⁺-N和TP)均会影响植物附着细菌群落, 但水质对附着细菌群落的影响大于植物种类, 且水质也会影响沉水植物附着细菌群落功能基因相对丰度, 氮磷浓度较高区域氮循环与磷循环功能基因相对丰度较高. 研究结果为揭示沉水植物附着细菌群落特征和优选沉水植物种植种类提供科学依据.

关键词: 再生水; 沉水植物; 附着细菌; 群落结构; 群落多样性

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2024)05-2707-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.202305178

Characteristics of Epiphytic Bacterial Community on Submerged Macrophytes in Water Environment Supplemented with Reclaimed Water

HE Yun^{1,2}, LI Xue-mei^{3*}, LI Hong-quan⁴, WEI Lin-lin^{1,2}, JIANG Chun-hui¹, JIANG Da-wei^{1,2}, LI Kui-xiao^{1,2}

(1. Beijing Drainage Group Co., Ltd., Beijing 100044, China; 2. Beijing Engineering Research Center of Wastewater Resource, Beijing 100124, China; 3. Office of Laboratory Management and Teaching Facilities Development, Renmin University of China, Beijing 100872, China; 4. Beijing BeiPai Science & Technology Co., Ltd., Beijing 100044, China)

Abstract: Biofilms attached to submerged macrophytes play an important role in improving the water quality of the water environment supplemented with reclaimed water. In order to explore the effects of reclaimed water quality and submerged macrophyte species on the characteristics of an epiphytic bacterial community, different types of submerged macrophytes were selected as research objects in this study. 16S rRNA high-throughput sequencing technology was used on the epiphytic bacteria and the surrounding environmental samples to analyze the bacterial community structure and functional genes. The results showed that approximately 20%-35% of the nitrogen and phosphorus nutrients were absorbed and utilized in the water environment supplemented with reclaimed water. However, the COD, turbidity, and chroma of the downstream water were significantly increased. The bacterial community of the biofilms attached to submerged macrophytes was significantly different from that in the surrounding environment (soil, sediment, and water body) and in the activated sludge that was treated by reclaimed water. In terms of bacterial community diversity, the richness and diversity were significantly lower than those of soil and sediment but higher than those of plankton bacteria in water. In terms of bacterial community composition, dominant genera and corresponding abundances were also different from those of other samples. The main dominant bacterial genera were *Sphingomonas*, *Aeromonas*, *Pseudomonas*, and *Acinetobacter*, accounting for 7%-40%, respectively. Both macrophyte species and the quality of reclaimed water (BOD₅, TN, NH₄⁺-N, and TP) could affect the bacterial community. However, the effect of water quality of the bacterial community was greater than that of macrophytes species. Additionally, the quality of reclaimed water also affected the abundance of functional genes in the bacterial community, and the relative abundance of nitrogen and phosphorus cycling functional genes was higher in areas with higher nitrogen and phosphorus concentrations.

Key words: reclaimed water; submerged macrophytes; epiphytic bacteria; community structure; community diversity

再生水是污水经过一系列工艺处理后达到一定水质标准和可再次利用的水资源^[1]. 由于再生水来源广泛、水质水量稳定和便于收集处理, 其已成为城市用水的重要组成部分^[2,3]. 北京作为天然水匮乏的地区, 2021年再生水利用量达到12.0亿m³, 约占全市总供水量的30%, 其中93%用于人工生态环境补水^[3]. 再生水作为水源补给河湖景观, 在水环境构建与生态修复等方面提供重要生态支撑^[4,5].

沉水植物不仅提升了水环境观赏性还是水环境修复的重要载体, 发挥着重要生态功能^[6,7], 其叶表为微生物生长繁殖提供附生区, 其上附着的细菌主

导着营养物、污染物代谢降解或再循环^[6,8,9], 包括固氮作用、硝化作用和反硝化作用等氮循环过程^[10,11], 具有提高氧含量、促进氮循环、吸附沉积物、抑制藻类和富集微生物等作用^[6,7,12].

沉水植物附着细菌群落的形成与宿主植物及周围水体环境密切相关^[13,14]. 先前的研究表明, 沉水植物附着细菌和水中浮游细菌之间既存在共有微生物又存在

收稿日期: 2023-05-19; 修订日期: 2023-08-08

作者简介: 贺赞(1992~), 女, 硕士, 工程师, 主要研究方向为污水微生物学与资源化利用, E-mail: heyun1116@163.com

* 通信作者, E-mail: 20150023@ruc.edu.cn

各自特有微生物^[9,14]，但是对附着细菌群落结构和功能的理解仍然受限，缺乏再生水水质及沉水植物种类相关性研究. 本文以再生水构建水环境中的不同沉水植物为研究对象，对其附着细菌及周围环境样本进行16S rRNA 基因测序，分析沉水植物附着细菌群落及其周边环境细菌群落结构特征及差异，探究再生水水质及植物种类对附着细菌群落及功能的影响关系，以期为揭示沉水植物附着细菌群落特征和优选沉水植物种植种类提供科学依据及理论基础.

1 材料与方法

1.1 样品采集

再生水构建的水环境区域位于北京市西南部，总面积约 15 万 m²，其中水面面积约 4 万 m²，补给水为某市政再生水处理厂出水，水质满足北京市城镇污水处理厂水污染物排放标准(DB11/890-2012). 根据水流方向，从进水口到出水口共设 6 个采样点(图 1).

活性污泥样、水样、土壤样、底泥样和植物样(苦草、龙须眼子菜、大茨藻、铜钱草)均在 2022 年 7 月完成一批采样. 因水环境不同区域沉水植物生长

种类不一，为便于对比分析，在 7 月初选取苦草、龙须眼子菜和大茨藻洗涤后通过 1m² 无底的种植框(种植框内外的水及营养物质等均可自由交换)分别种植在 3 号和 6 号点，8 月中旬植物挂膜成功后再采集植物样一批.

样品采集方法如下：活性污泥样品在再生水处理厂生物池采集 1 L，水环境中各个采样点分别采集水样(1 L)、底泥样(1 kg)、土壤样(1 kg)和每种植物样(4~6 株)，以上样品均取 3 个重复样. 将各样品置于无菌采样袋并放入冰盒中，立即运回实验室进行后续处理，样品具体信息及编号见表 1.

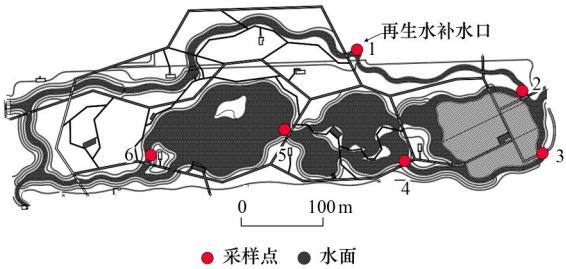


图 1 再生水构建水环境平面及采样点分布示意
Fig. 1 Plan and sampling site settings of the water environment supplemented with reclaimed water

表 1 采集样品信息¹⁾
Table 1 Information on collecting samples

组间分组 编号	组内分组 编号	样本编号	样本描述	组间分组 编号	组内分组 编号	样本编号	样本描述
A	A	A1~A3	水厂活性污泥样	N	N4	N41~N43	4 号点底泥样
S	S1	S11~S13	1 号点水样	N	N5	N51~N53	5 号点底泥样
S	S2	S21~S23	2 号点水样	N	N6	N61~N63	6 号点底泥样
S	S3	S31~S33	3 号点水样	Z	Z1	Z1T1~Z1T3	1 号点铜钱草样
S	S4	S41~S43	4 号点水样	Z	Z2	Z2K1~Z2K3	2 号点苦草样
S	S5	S51~S53	5 号点水样	Z	Z3	Z3L1~Z3L3	3 号点龙须眼子菜样
S	S6	S61~S63	6 号点水样	Z	Z4	Z4C1~Z4C3	4 号点大茨藻样
T	T1	T11~T13	1 号点岸边土壤样	Z	Z5	Z5C1~Z5C3	5 号点大茨藻样
T	T2	T21~T23	2 号点岸边土壤样	Z	Z6	Z6L1~Z6L3	6 号点龙须眼子菜样
T	T3	T31~T33	3 号点岸边土壤样	ZZ3/ZL	ZZ3L	ZZ3L1~ZZ3L3	3 号点种植框龙须眼子菜样
T	T4	T41~T43	4 号点岸边土壤样	ZZ3/ZK	ZZ3K	ZZ3K1~ZZ3K3	3 号点种植框苦草样
T	T5	T51~T53	5 号点岸边土壤样	ZZ3/ZC	ZZ3C	ZZ3C1~ZZ3C3	3 号点种植框大茨藻样
T	T6	T61~T63	6 号点岸边土壤样	ZZ6/ZL	ZZ6L	ZZ6L1~ZZ6L3	6 号点种植框龙须眼子菜样
N	N1	N11~N13	1 号点底泥样	ZZ6/ZK	ZZ6K	ZZ6K1~ZZ6K3	6 号点种植框苦草样
N	N2	N21~N23	2 号点底泥样	ZZ6/ZC	ZZ6C	ZZ6C1~ZZ6C3	6 号点种植框大茨藻样
N	N3	N31~N33	3 号点底泥样	—	—	—	—

1) ZZ3/ZL 表示样本可以归为 ZZ3 组也可以归为 ZL 组, 以此类推; “—”表示此处无内容

1.2 理化指标检测

在 2022 年 6~8 月多次在采样点检测水质. 采样点水体 pH 值和溶解氧(DO)等指标用多参数水质仪(Multi3630, WTW, 德国)现场测定, 化学需氧量(COD)测定用快速消解分光光度法(DR3900, HACH, USA), 总氮(TN)测定参考 GB/T 11894-1989, 氨氮(NH₄⁺-N)测定参考 HJ 535-2009, 总磷

(TP)测定参考 GB/T 11893-1989, 正磷酸盐(PO₄³⁻-P)测定参考 CJ/T 51(34.1)-2004, 五日生化需氧量(BOD₅)测定参考 HJ 505-2009, 浊度测定参考 GB/T 13200, 色度测定使用色度仪(SD9012A, XINRUI, 中国上海), 余氯测定使用余氯检测仪(DR300, HACH, USA), 粪大肠菌群测定参考 HJ/T 347-2007.

1.3 样品预处理及高通量测序

水样经过 0.45 μm 微孔滤膜进行抽滤，收集滤膜。植物样经蒸馏水洗涤 3 遍经液氮冷冻后研磨，收集植物碎片。土壤及底泥样品剔除杂物后，冷冻干燥研磨备用。活性污泥样离心收集沉淀备用。从滤膜、植物碎片、土壤、底泥和活性污泥中分别提取样品总 DNA，采用引物对 338F(5'-ACTCCTACGGG AGGCAGCA-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGT WTCTAAT-3')对样品的 16S rRNA 进行扩增，通过 Illumina MiSeq 测序平台完成样品测序。

1.4 数据分析

将测序所得序列进行聚类，并划分操作分类单元(operational taxonomic units, OTUs, 相似性大于 0.97)，有效序列与 SILVA 数据库(<http://www.arb-silva.de>)进行比对并对 OTUs 进行分类学注释，相关分析使用上海美吉生物云平台(www.majorbio.com)^[15]。群落结构柱状图及 Venn 图基于 R(version 3.3.1)语言工具作图。主要坐标分析(principal coordinates analysis, PCoA)基于 R 语言 PCoA 统计分析和作图。环境因子关联分析的典型相关分析

(canonical correlation analysis, CCA)基于 R 语言 vegan 包中 CCA 分析和作图。细菌功能基因分析通过 PICRUSt2 软件包根据 KEGG 数据库的信息分析并计算各功能基因相对丰度。

2 结果与讨论

2.1 再生水构建水环境水质变化规律

再生水构建水环境水质理化指标检测结果见表 2。再生水补水的 COD、TN、NH₄⁺-N 和 TP 等指标均符合《城市污水再生利用 景观环境用水水质》(湖、库)(GB/T 18921-2019)的要求。随着水流方向下游 6 号点 TN、NH₄⁺-N、TP 和 PO₄³⁻-P 较补水口分别减少了 34%、32%、23% 和 64%，表明水体中氮磷营养物质在水环境中得到了吸收利用，这在一定程度上可改善水体水质^[7,8,12]。下游水体中 COD、BOD₅、浊度和色度较上游呈现升高趋势，6 号点较补水口的 COD 增加 149%、BOD₅ 增加 5.3 mg·L⁻¹、浊度增加 2.67 NTU 和色度增加 13.3，原因可能是水中营养物质被藻类吸收刺激藻类繁殖，藻类生长使水中有机物、浊度和色度升高^[16, 17]。

表 2 再生水构建水环境水质参数¹⁾

Table 2 Water quality parameters of water environment supplemented with reclaimed water

采样点	$\rho/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$							pH	浊度 /NTU	色度	粪大肠菌群 /个·L ⁻¹
	COD	BOD ₅	TN	NH ₄ ⁺ -N	TP	PO ₄ ³⁻ -P	DO				
再生水补水点	11.67	未检出	3.21	0.25	0.13	0.11	10.47	7.05	0.20	6.87	<3
1	12.10	1.18	3.58	0.24	0.16	0.14	10.93	7.13	0.22	7.10	—
2	13.47	1.56	4.52	0.17	0.19	0.13	11.70	7.23	1.37	7.67	—
3	14.37	1.56	4.91	0.21	0.14	0.09	8.77	7.24	4.45	11.67	—
4	20.70	3.82	3.03	0.15	0.13	0.02	11.44	7.52	4.94	23.70	—
5	27.93	5.56	2.83	0.18	0.09	0.01	10.97	8.58	3.54	21.90	—
6	29.10	5.30	2.13	0.17	0.10	0.04	9.98	8.73	2.87	20.17	—

1) “—”表示未检测,“再生水补水点”表示某市政再生水处理厂出水补给水环境的补给点,水质参数为 2022 年 6~8 月水质平均值

2.2 再生水构建水环境细菌群落特征

2.2.1 再生水构建水环境细菌群落多样性

细菌群落 α 多样性结果见表 3。水环境中所有样本 Coverage ≥ 0.98，表明本次测序深度足够、结果可靠。Observed OTUs 和 Chao 指数用来表征物种的丰富度^[18]，Observed OTUs 和 Chao 指数数值越大表明群落丰富度越高；Shannon 指数用来表征物种的多样性^[19]，其数值越大表明群落多样性越高。植物附着细菌群落的 Observed OTUs (2 235)、Chao 指数 (2 967)和 Shannon 指数 (4.83)显著低于土壤样和底泥样，其显著高于水样且分别为水样的 4.8、4.5 和 1.4 倍。结果表明，植物附着细菌群落的丰富度和多样性显著低于土壤样和底泥样，相较土壤和底泥植物附着细菌形成了适于水环境的更专一的生态功能^[20, 21]；同时，植物附着细菌群落的丰富度和多样

性显著高于水中细菌，这与多数研究结果一致^[9,14,22]，相较水体植物叶表为细菌提供了良好的附着基质从而支持更丰富的细菌类群^[9,14]。

2.2.2 再生水构建水环境细菌群落结构

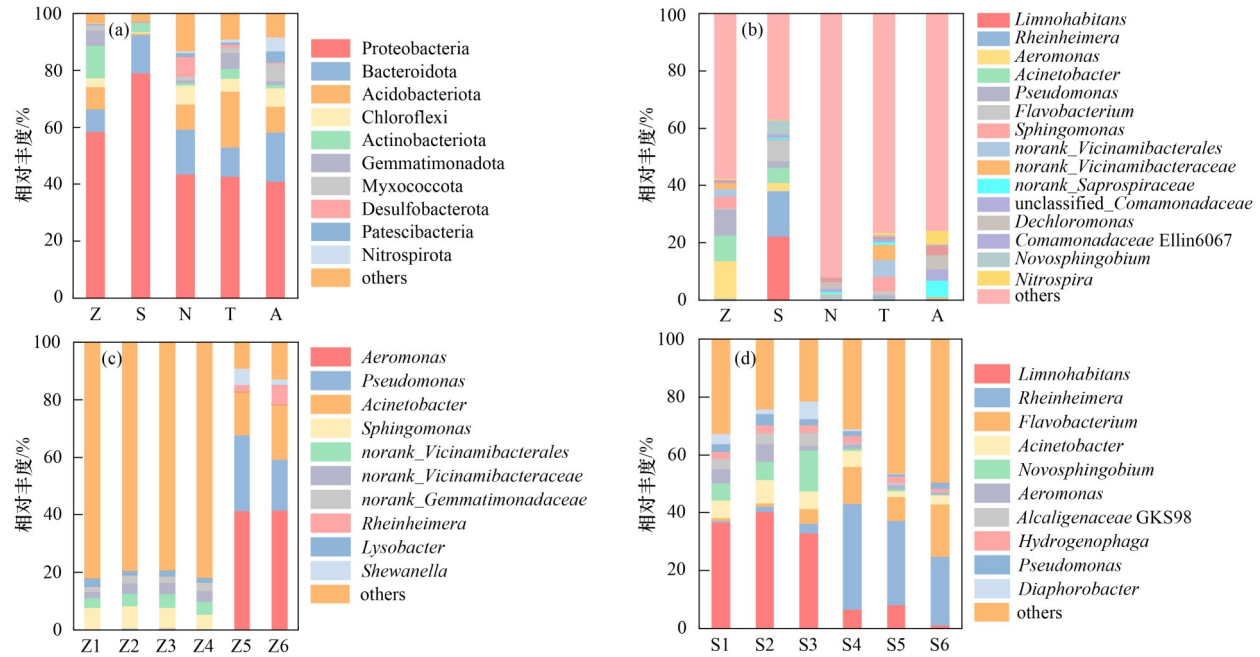
再生水构建水环境中细菌群落结构见图 2，在门水平上，变形菌门(Proteobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidota)之和在 5 组样本中占比均超过 55%，甚至在水体中占比超过 90%。变形菌门和拟杆菌门是水环境系统优势菌群且在有机物降解和氮循环过程中起重要作用^[22,23]。在属水平上，上游(1~4 号点)植物附着细菌群落相似，优势菌属鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)相对丰度约 7%，下游(5、6 点)植物附着细菌群落中优势菌属气单胞菌属(*Aeromonas*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)和不动杆菌属(*Acinetobacter*)之和的相对丰度约 80%；上游(1~3 号

表 3 细菌群落 α 多样性¹⁾

Table 3 The α diversity of bacterial community

组间分组编号	样本	Coverage	Observed OTUs	Chao 指数	Shannon 指数
Z	植物样	0.99 ± 0.007 0a	2 235 ± 1 387a	2 967 ± 1 672a	4.83 ± 2.13a
S	水样	0.99 ± 0.000 5b	470 ± 84b	661 ± 106b	3.47 ± 0.50b
T	岸边土壤样	0.98 ± 0.003 5c	3 499 ± 556c	4 566 ± 702c	6.59 ± 0.45c
N	底泥样	0.98 ± 0.003 7c	3 508 ± 502c	4 683 ± 665c	6.32 ± 0.21d
A	活性污泥样	0.99 ± 0.000 2b	2 342 ± 4a	2 745 ± 25d	5.91 ± 0.01e

1) 各列小写字母表示统计分析的显著性,相同字母表示不显著,不同字母表示在 $P=0.05$ 水平上显著 (Kruskal-Wallis 秩和检验)



(a) 5 种生境-门水平, (b) 5 种生境-属水平, (c) 沉水植物附着细菌-属水平, (d) 水中浮游细菌-属水平; (b) 相对丰度排名 15 以后的归为 others, 其余群落结构图中相对丰度排名 10 以后的归为 others, 下同; 未知物种归为 unclassified, 未归类物种归为 norank, 下同; Z 表示植物样, S 表示水样, N 表示底泥样, T 表示岸边土壤样, A 表示活性污泥样; Z1~Z6 分别表示 1~6 号点植物样; S1~S6 分别表示 1~6 号点水样

图 2 再生水构建水环境中细菌群落结构

Fig. 2 Bacterial community structure in water environment supplemented with reclaimed water

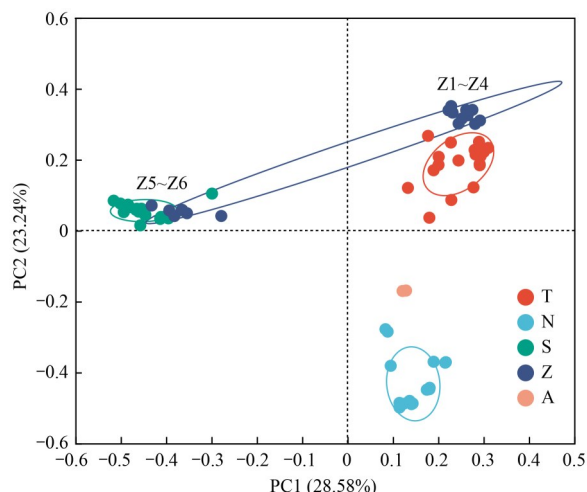
点) 水中浮游细菌中优势菌属栖湖菌属 (*Limnohabitans*) 的相对丰度超过 33%, 下游(4~6 号点) 水中浮游细菌优势菌属莱茵海默氏菌属 (*Rheinheimera*) 相对丰度超过 24%; 底泥、土壤和活性污泥中细菌多样性较高(表 3), 每种优势菌属占比均不超过 6%. 这些优势菌属中, 栖湖菌属在硝酸盐还原^[24,25]、莱茵海默氏菌属在氮的固定^[26]过程起作用, 鞘氨醇单胞菌属、气单胞菌属、假单胞菌属和不动杆菌属在有机物降解、氮循环和重金属吸附^[27~29]等过程起作用. 结果表明植物附着细菌群落结构与周围环境细菌群落(沉积物细菌和水体中浮游细菌等)存在差异, 这与 Yan 等^[22]和 Liu 等^[23]的研究结果一致, 因为生境条件会影响细菌群落结构^[30,31]; 上下游不同水域细菌群落结构也存在差异, 水质是影响上下游菌差异的主要原因^[32,33]; 水环境与活性污泥中细菌群落结构存在差异, 再生水处理厂通过消毒工艺控制出水微生物^[34], 因此水环境中细菌来源为自然环境而不是再生水补水所以差异较大.

2.2.3 再生水构建水环境细菌群落差异

水环境中各组样本细菌群落的相似性及差异性, 岸边土壤、底泥、水体、活性污泥和沉水植物附着的细菌群落分别形成 5 组各自聚集在一起的细菌群落(图 3), 进一步表明植物附着细菌群落与周围环境及再生水厂活性污泥细菌群落存在差异, 这与 2.2.2 节及 Yan 等^[22]和 Liu 等^[23]的研究结果一致. 上下游植物附着细菌群落各自聚集在一起, 表明水质影响植物附着细菌群落. 上游水体中有机物相对较少 [$\rho(\text{COD})$ 10~20 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$], 下游水体中有机物相对较多 [$\rho(\text{COD})$ 约为 30 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$], 水体环境因子包括氮磷营养盐、溶解性有机物等都会对细菌群落造成影响^[32,33].

2.3 植物种类对沉水植物附着细菌群落影响

8 月 3 种植物附着细菌群落结果见图 4, 大茨藻、苦草和龙须眼子菜附着生物膜中主要优势菌属有红杆菌属 (*Rhodobacter*)、井杆菌属 (*Phreatobacter*) 和丛毛单胞菌科未知属 (*unclassified_Comamonadaceae*), 其中大茨藻附着的丛毛单胞菌科未知属相对丰度为

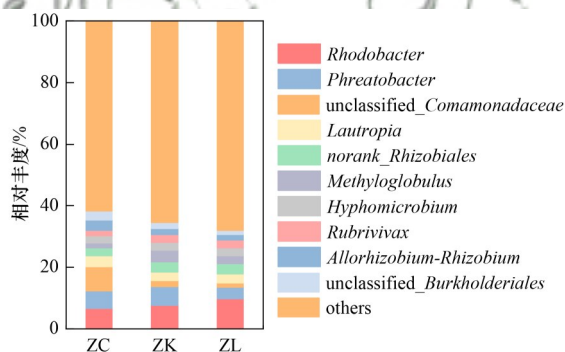


$R=0.7007$, $P=0.0010$; Z表示植物样, S表示水样, N表示底泥样, T表示岸边土壤样, A表示活性污泥样; Z1~Z6分别表示1~6号点植物样

图3 基于PCoA的再生水构建水环境中细菌群落差异

Fig. 3 PCoA-based analysis of bacterial community differences in water environment supplemented with reclaimed water

8%, 显著高于苦草与龙须眼子菜($P < 0.05$, Kruskal-Wallis 秩和检验). 各植物样附着细菌群落结构详见附件1(图3和图4). 红杆菌属是好氧反硝化菌^[35,36]、丛毛单胞菌科中大部分菌属可分解有机污染物^[7,37], 相较苦草和龙须眼子菜推测大茨藻自身及其叶表为丛毛单胞菌科提供了更适宜的附着生长条件^[20,38]. 结果表明植物种类会影响附着细菌群落, 同一水域不同种类植物附着细菌群落组成相似但在相对丰度上存在差异, 因为不同植物提供的附着微环境存在差异^[20,38].



ZC表示水环境中大茨藻样, ZK表示水环境中苦草样, ZL表示水环境中龙须眼子菜样

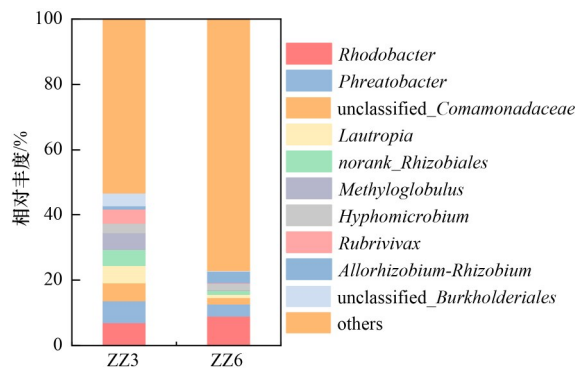
图4 属水平不同植物种类沉水植物附着细菌群落结构

Fig. 4 Community structure of epiphytic bacteria on different submerged macrophytes at the genus level

2.4 水质对沉水植物附着细菌群落影响

2.4.1 不同水质沉水植物附着细菌群落结构

8月不同水质植物附着细菌群落结构见图5, 选取3号和6号点分别代表上游和下游进行分析, 相对丰度前10的优势菌属中除红杆菌属、生丝微菌属(*Hyphomicrobium*)和异根瘤菌属-根瘤菌属(*Allorhizobium-Rhizobium*)的相对丰度在3号和6号点



ZZ3表示3号点种植框植物样, ZZ6表示6号点种植框植物样

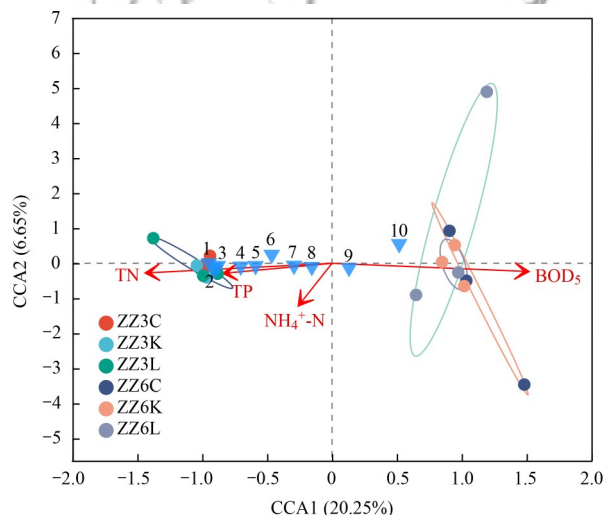
图5 属水平不同水质沉水植物附着细菌群落结构

Fig. 5 Community structure of epiphytic bacteria on submerged macrophytes of differing water quality at the genus level

无显著差异, 其它7种优势菌属在3号点的相对丰度显著高于6号点($P < 0.05$, Wilcoxon 秩和检验). 结果表明水质会影响附着细菌群落, 不同水质下植物附着细菌群落组成相似但在相对丰度上存在显著差异, 结果与2.2.2节的一致, 上下游水质不同例如氮磷营养盐、溶解性有机物等都会对细菌群落造成影响^[32,33]. 同时, 因7月与8月水温变化较大, 植物样品与2.2.2节的植物附着细菌群落也存在差异, 佐证了前述结果, 环境因子的改变会影响微生物群落^[32,33,38].

2.4.2 不同水质沉水植物附着细菌群落差异

反映细菌群落与环境因子之间关系 CCA 结果见图6. 经过方差膨胀因子检验, COD、BOD₅、TN、



红色箭头表示环境因子; 蓝色三角表示优势菌属, 显示相对丰度前10的物种: 1. *Methyloglobulus*, 2. *unclassified_Burkholderiales*, 3. *Rubrivivax*, 4. *Lautropia*, 5. *norank_Rhizobiales*, 6. *unclassified_Comamonadaceae*, 7. *Phreatobacter*, 8. *Hyphomicrobium*, 9. *Rhodobacter*, 10. *Allorhizobium-Rhizobium*; ZZ3C表示3号点种植框大茨藻样, ZZ3K表示3号点种植框苦草样, ZZ3L表示3号点种植框龙须眼子菜样, ZZ6C表示6号点种植框大茨藻样, ZZ6K表示6号点种植框苦草样, ZZ6L表示6号点种植框龙须眼子菜样

图6 属水平的细菌群落与水环境因子的 CCA 分析

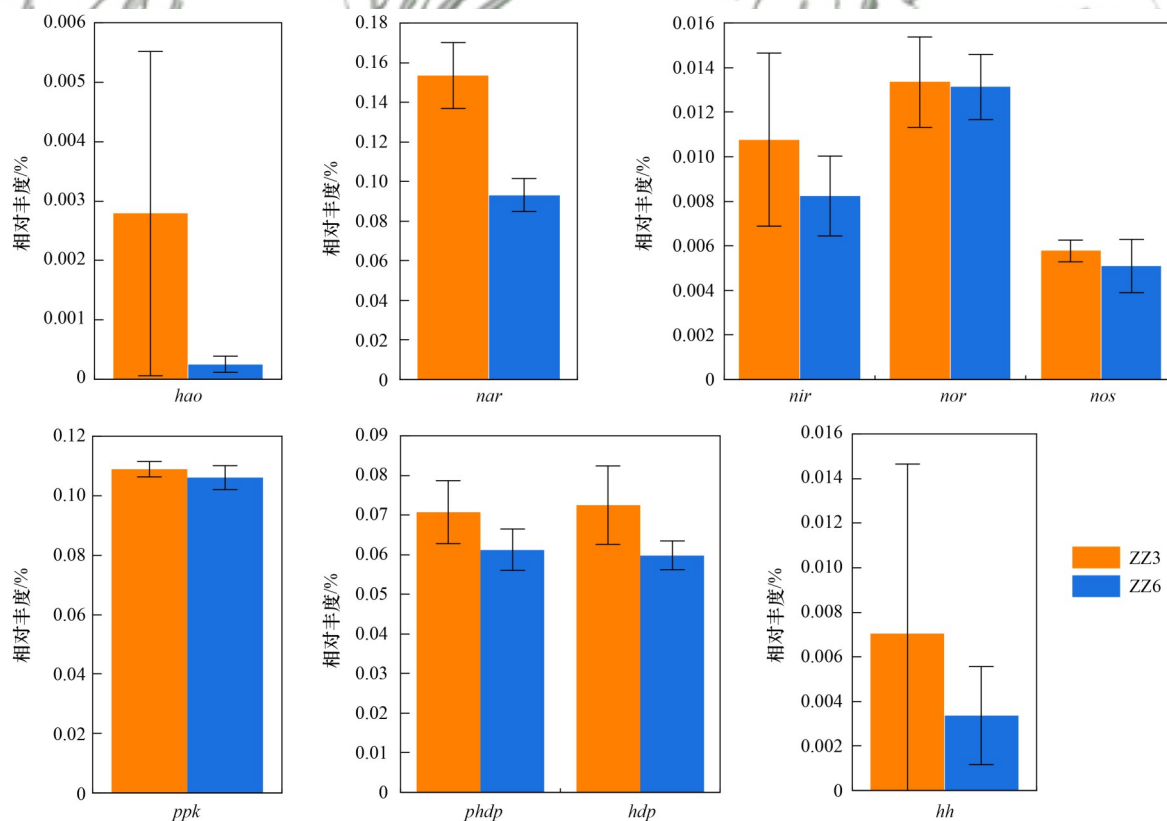
Fig. 6 CCA analysis of bacterial community and water environmental factors at the genus level

$\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TP、 $\text{PO}_4^{3-}\text{-P}$ 、pH 和 DO 这 8 个环境因子中 BOD_5 、TN、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 TP 能影响微生物群落, 这与其他学者对影响沉水植物附着细菌群落关键环境因子的研究一致^[22,30,38]. 从细菌与环境因子的关联性上看, 异根瘤菌属-根瘤菌属和红杆菌属与 BOD_5 呈正相关, 与 TN、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 TP 呈负相关, 因为可能是根瘤菌属参与氮循环^[39]、红杆菌属可分解有机污染物两者均可在高有机质环境生存^[35]; 甲基藻属 (*Methyloglobulus*)、红长命菌属 (*Rubrivivax*) 和伯克氏菌目未知属 (*unclassified_Burkholderiales*) 等菌属与 TN、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 TP 呈正相关、与 BOD_5 呈负相关, 这些菌属与氮磷去除相关^[7,18,40]. 从细菌群落之间的距离上看, 3 号和 6 号点样本分别聚集在一起, 而同一种类植物在不同水质下样本距离较远. 前述分析表明, 不同沉水植物附着细菌群落在 1~4 号点较相似, 在 5~6 号点较相似 [图 2(c)]; 不同沉水植物形成了上游 (1~4 号点) 和下游 (5~6 号点) 各自聚集在一起的细菌群落 (图 3); 同一水域不同种类植物附着细菌群落组成相似, 植物种类对细菌群落的影响主要为细菌的相对丰度 (图 4); 不同水质下植物附着细菌群落组成相似但在相对丰度上存在显著差异

(图 5). 结合前述分析及聚类分析结果表明, 水质和植物种类均会影响附着细菌群落, 且水质对附着细菌群落的影响大于植物种类, 朱亮等^[38] 和 Knief 等^[41] 的研究也表明, 相对于植物类型, 周围环境等因素会对附着细菌群落造成更大的影响.

2.4.3 不同水质沉水植物附着细菌功能基因分析

沉水植物附着细菌的基因组中含有大量功能基因^[20,42], 以上基因在氮磷循环中起到关键作用, 例如涉及硝化作用 (*hao*)、反硝化作用 (*nar*、*nir*、*nor*、*nos*) 和磷循环 (*ppk*、*phdp*、*hdp*、*hh*) 等的功能基因^[43]. 图 7 显示了基于 PICRUST2 预测的与氮磷去除相关的功能基因相对丰度. 关于氮去除, 与氨氧化细菌相关的羟胺氧化酶基因 (*hao*) 和反硝化基因 (硝酸还原、亚硝酸盐还原、一氧化氮还原、一氧化二氮还原基因) 的相对丰度在 3 号点样本中较高. 关于磷循环, 3 号点样本中多磷酸盐形成和 PHB 降解相关的基因的相对丰度更高. 结果表明, 再生水水质也会影响细菌群落功能基因相对丰度, 氮磷浓度较高区域 (3 号点) 氮循环与磷循环功能基因相对丰度较高, 氮磷浓度增加会刺激相关氮磷循环功能基因相对丰度^[33,44,45].



硝化作用: *hao* 表示羟胺氧化酶基因; 反硝化作用: *nar* 表示硝酸还原酶基因, *nir* 表示亚硝酸盐还原酶基因, *nor* 表示一氧化氮还原酶基因, *nos* 表示一氧化二氮还原酶基因; 多磷酸盐形成: *ppk* 表示多磷酸盐激酶基因; 聚 3-羟基丁酸酯 (PHB) 降解: *phdp* 表示聚- β -羟丁酸去聚合酶基因, *hdp* 表示 3-羟基丁酸脱氢酶基因, *hh* 表示羟基丁酸二聚体水解酶基因; ZZ3 表示 3 号点种植框植物样, ZZ6 表示 6 号点种植框植物样

图 7 不同水质沉水植物附着细菌 9 种功能基因相对丰度

Fig. 7 Relative abundance of five functional genes of epiphytic bacteria on submerged macrophytes of differing water quality

3 结论

(1)再生水构建水环境中,接近出水口的TN、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TP和 $\text{PO}_4^{3-}\text{-P}$ 较补水口分别减少了34%、32%、23%和64%,水体中氮磷营养物质在水环境中得到了吸收利用;下游水体COD、浊度和色度呈现升高趋势。

(2)沉水植物附着生物膜中细菌群落与周围环境(土壤、底泥和水体)及再生水处理厂活性污泥的细菌群落存在显著差异:在群落多样性上,其丰富度和多样性显著低于土壤和底泥中细菌但高于水中浮游细菌;在群落结构上,其优势菌属及对应相对丰度与其它样本不同,主要优势菌属有鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、气单胞菌属(*Aeromonas*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)和不动杆菌属(*Acinetobacter*),分别占比7%~40%。

(3)沉水植物种类和再生水水质(BOD_5 、TN、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和TP)均会影响植物附着细菌群落,但水质对附着细菌群落的影响大于植物种类,且水质也会影响沉水植物附着细菌群落功能基因相对丰度,氮磷浓度较高区域氮循环与磷循环功能基因相对丰度较高。

参考文献:

- [1] 张馨怡,魏东斌,杜宇国.再生水水质稳定性评价指标与体系[J].环境科学,2022,43(2):586-596.
Zhang X Y, Wei D B, Du Y G. Evaluation parameters and system for reclaimed water quality stability[J]. Environmental Science, 2022, 43(2): 586-596.
- [2] 张田媛,谭倩,王淑萍.北京市清水与再生水协同利用优化模型[J].环境科学,2019,40(7):3223-3232.
Zhang T Y, Tan Q, Wang S P. Model-based optimization for the coordinated supply of clear and reclaimed water in the central districts of Beijing, China[J]. Environmental Science, 2019, 40(7): 3223-3232.
- [3] 北京市水务局.2021年北京市水资源公报[R].北京:北京市水务局,2022.
- [4] Yu Y L, Ma M Y, Zheng F D, et al. Spatio-temporal variation and controlling factors of water quality in Yongding river replenished by reclaimed water in Beijing, North China[J]. Water, 2017, 9(7), doi: 10.3390/w9070453.
- [5] 袁训超,王敏,郭道宇,等.再生水河道浮游微生物多样性季节变化分析:以北运河为例[J].环境科学,2022,43(8):4097-4107.
Yuan X C, Wang M, Guo X Y, et al. Analysis of the seasonal changes in planktonic microbial diversity in urban river supplied with reclaimed water: a case study of the north canal river[J]. Environmental Science, 2022, 43(8): 4097-4107.
- [6] Paice R L, Chambers J M, Robson B J. Outcomes of submerged macrophyte restoration in a shallow impounded, eutrophic river[J]. Hydrobiologia, 2016, 778(1): 179-192.
- [7] 李琳,岳春雷,张华,等.不同沉水植物净水能力与植株体细菌群落组成相关性[J].环境科学,2019,40(11):4962-4970.
Li L, Yue C L, Zhang H, et al. Correlation between water purification capacity and bacterial community composition of different submerged macrophytes[J]. Environmental Science, 2019, 40(11): 4962-4970.
- [8] 吕小央,张松贺,刘凯辉,等.水生植物-生物膜体系的生态功

- 能与互作机制研究进展[J].水资源保护,2015,31(2):20-25.
Lyu X Y, Zhang S H, Liu K H, et al. Advances in ecological function and interaction mechanism of aquatic macrophyte-biofilm system[J]. Water Resources Protection, 2015, 31(2): 20-25.
- [9] He D, Ren L J, Wu Q L. Contrasting diversity of epibiotic bacteria and surrounding bacterioplankton of a common submerged macrophyte, *Potamogeton crispus*, in freshwater lakes[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2014, 90(3): 551-562.
- [10] Battin T J, Besemer K, Bengtsson M M, et al. The ecology and biogeochemistry of stream biofilms[J]. Nature Reviews Microbiology, 2016, 14(4): 251-263.
- [11] Coci M, Nicol G W, Pilloni G N, et al. Quantitative assessment of ammonia-oxidizing bacterial communities in the epiphyton of submerged macrophytes in shallow lakes[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2010, 76(6): 1813-1821.
- [12] 渠晓东,余杨,张敏,等.城市河流沉水植物与大型底栖动物群落的关系[J].环境科学,2018,39(2):783-791.
Qu X D, Yu Y, Zhang M, et al. Relationship between macrophyte communities and macroinvertebrate communities in an urban stream[J]. Environmental Science, 2018, 39(2): 783-791.
- [13] 昂正强,孙晓健,曹新益,等.不同沉水植物叶片附着细菌群落多样性及网络结构差异[J].湖泊科学,2022,34(4):1234-1249.
Ang Z Q, Sun X J, Cao X Y, et al. Diversity and network structure of epiphytic bacterial communities on different submerged macrophytes[J]. Journal of lake sciences, 2022, 34(4): 1234-1249.
- [14] 张梅婷,刘晋仙,苏嘉贺,等.苦草叶表附生和水体浮游细菌群落多样性格局及其影响因素[J].环境科学,2023,44(1):252-261.
Zhang M T, Liu J X, Su J H, et al. Diversity patterns and influencing factors of epibiotic in *Vallisneria natans* and planktonic bacteria communities[J]. Environmental Science, 2023, 44(1): 252-261.
- [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] 何腾,熊家晴,王晓昌,等.不同再生水补水比例下景观水体的水质变化[J].环境工程学报,2016,10(12):6923-6927.
He T, Xiong J Q, Wang X C, et al. Quality variations of landscape water with different ratio of reclaimed water supply[J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2016, 10(12): 6923-6927.
- [17] 罗丽,杨彤,楼程浩,等.两种水质标准的再生水及补给后景观水对典型绿藻生长及物质的影响[J].环境科学学报,2023,43(6):280-289.
Luo L, Yang T, Lou C H, et al. Effect of reclaimed water from two different water quality standards and their replenished landscape water on the growth and biomass of typical green algae[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2023, 43(6): 280-289.
- [18] 蒋旭瑶,吉喜燕,黄德英,等.不同植物类型复合垂直流人工湿地根系微生物群落结构的研究[J].农业环境科学学报,2019,38(1):176-183.
Jiang X Y, Ji X Y, Huang D Y, et al. Microbial community structure in the roots of three kinds of plants in integrated vertical flow constructed wetlands[J]. Journal of Agro-Environmental Science, 2019, 38(1): 176-183.
- [19] 王佳,彭剑峰,宋永会,等.浑河底泥微生物群落季节性变化特征[J].环境科学研究,2016,29(2):202-210.
Wang J, Peng J F, Song Y H, et al. Seasonal changes of microbial community distribution in sediments of Hun River[J]. Research of Environmental Sciences, 2016, 29(2): 202-210.
- [20] 何响,任丽娟,邢鹏,等.沉水植物附着细菌群落结构及其多样性研究进展[J].生命科学,2014,26(2):161-168.
He D, Ren L J, Xing P, et al. Research progress of diversity and community structure of epiphytic bacteria on submerged

- macrophytes[J]. Chinese Bulletin of Life Sciences, 2014, **26**(2): 161-168.
- [21] 彭柯, 董志, 邸琰茗, 等. 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[J]. 环境科学, 2021, **42**(11): 5424-5432.
- Peng K, Dong Z, Di Y M, *et al.* Contrasting analysis of microbial community composition in the water and sediments of the north canal based on 16s rRNA high-throughput sequencing [J]. Environmental Science, 2021, **42**(11): 5424-5432.
- [22] Yan D B, Xia P H, Song X, *et al.* Community structure and functional diversity of epiphytic bacteria and planktonic bacteria on submerged macrophytes in Caohai Lake, southwest of China [J]. Annals of Microbiology, 2019, **69**(9): 933-944.
- [23] Liu Q, Liu M M, Zhang Q, *et al.* Epiphytic bacterial community composition on the surface of the submerged macrophyte *Myriophyllum spicatum* in a low-salinity sea area of Hangzhou Bay [J]. Oceanological and Hydrobiological Studies, 2019, **48**(1): 43-55.
- [24] 朱金山, 秦海兰, 孙启耀, 等. 冬季小流域水体微生物多样性及影响因素[J]. 环境科学, 2020, **41**(11): 5016-5026.
- Zhu J S, Qin H L, Sun Q Y, *et al.* Microbial diversity and influencing factors in a small watershed in winter [J]. Environmental Science, 2020, **41**(11): 5016-5026.
- [25] 王敏, 张雨桐, 黄晨, 等. 西安市景观湖泊水体细菌群落结构分析与代谢功能预测[J]. 环境科学, 2023, **44**(2): 847-856.
- Wang M, Zhang Y T, Huang C, *et al.* Bacterial community structure and the prediction of metabolic function in landscape lake water in Xi'an [J]. Environmental Science, 2023, **44**(2): 847-856.
- [26] Thajudeen J, Yousuf J, Veetil V P, *et al.* Nitrogen fixing bacterial diversity in a tropical estuarine sediments [J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2017, **33**(2), doi: 10.1007/s11274-017-2205-x.
- [27] Wu Y H, Li T L, Yang L Z. Mechanisms of removing pollutants from aqueous solutions by microorganisms and their aggregates: A review[J]. Bioresource Technology, 2012, **107**: 10-18.
- [28] 陆开宏, 胡智勇, 梁晶晶, 等. 富营养水体中 2 种水生植物的根际微生物群落特征[J]. 中国环境科学, 2010, **30**(11): 1508-1515.
- Lu K H, Hu Z Y, Liang J J, *et al.* Characteristics of rhizosphere microbial community structure of two aquatic plants in eutrophic waters [J]. China Environmental Science, 2010, **30**(11): 1508-1515.
- [29] 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.
- [30] 张伟, 王敏, 郭道宇. 典型城市河流上覆水和沉积物细菌群落分析[J]. 中国环境科学, 2023, **43**(7): 3688-3695.
- Zhang W, Wang M, Guo X Y. Characteristic analysis of bacterial community in water and sediment in typical urban rivers[J]. China Environmental Science, 2023, **43**(7): 3688-3695.
- [31] Cai X L, Gao G, Tang X M, *et al.* The response of epiphytic microbes to habitat and growth status of *Potamogeton malaianus* Miq. in Lake Taihu [J]. Journal of Basic Microbiology, 2013, **53**(10): 828-837.
- [32] Ren L J, He D, Zeng J, *et al.* Bacterioplankton communities turn unstable and become small under increased temperature and nutrient-enriched conditions [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2013, **84**(3): 614-624.
- [33] 邸琰茗, 王广焯, 黄兴如, 等. 再生水补水对河道底泥细菌群落组成与功能的影响[J]. 环境科学, 2017, **38**(2): 743-751.
- Di Y M, Wang G X, Huang X R, *et al.* Effect of reclaimed water on bacterial community composition and function in urban river sediment[J]. Environmental Science, 2017, **38**(2): 743-751.
- [34] 徐傲, 巫寅虎, 陈卓, 等. 北京市城镇污水再生利用现状与潜力分析[J]. 环境工程, 2021, **39**(9): 1-6, 47.
- Xu A, Wu Y H, Chen Z, *et al.* Municipal wastewater reclamation in Beijing: state-of-the-art and future potential [J]. Environmental Engineering, 2021, **39**(9): 1-6, 47.
- [35] 张松贺, 王佳阳, 牟小颖, 等. 不同水体沉水植物叶面微生物群落特征[J]. 河海大学学报(自然科学版), 2022, **50**(6): 66-74.
- Zhang S H, Wang J Y, Mu X Y, *et al.* Characteristics of microbial community on leaf surface of submerged plants in different water bodies [J]. Journal of Hohai University (Natural Sciences), 2022, **50**(6): 66-74.
- [36] He D, Ren L J, Wu Q L. Growing season drives the compositional changes and assembly processes of epiphytic bacterial communities of two submerged macrophytes in Taihu Lake [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2020, **96**(4), doi: 10.1093/femsec/fiaa025.
- [37] 王广焯, 王鹏程, 张琼琼, 等. 再生水补给湿地香蒲根际细菌群落多样性分析[J]. 天津师范大学学报(自然科学版), 2017, **37**(4): 46-53.
- Wang G X, Wang P C, Zhang Q Q, *et al.* Analysis of rhizosphere bacterial diversity of *Typha orientalis* in reclaimed water river wetland [J]. Journal of Tianjin Normal University (Natural Science Edition), 2017, **37**(4): 46-53.
- [38] 朱亮, 谈悦, 陈琳, 等. 库区植物塘水生植物附着细菌群落季节演替特征及影响因素[J]. 河海大学学报(自然科学版), 2019, **47**(3): 202-208.
- Zhu L, Tan Y, Chen L, *et al.* Seasonal succession characteristics and influencing factors of bacterial community attached to aquatic plants in reservoir plant pond [J]. Journal of Hohai University (Natural Sciences), 2019, **47**(3): 202-208.
- [39] 胡万超, 赵琛, 王巧娟, 等. 饮用水快速砂滤池优势微生物群落的代谢功能解析[J]. 环境科学, 2019, **40**(8): 3604-3611.
- Hu W C, Zhao C, Wang Q J, *et al.* Metabolic functional analysis of dominant microbial communities in the rapid sand filters for drinking water [J]. Environmental Science, 2019, **40**(8): 3604-3611.
- [40] 柳晓东, 朱海珍, 姜民志, 等. 北京龙形水系三种沉水植物根际及叶际微生物群落特征[J]. 生物工程学报, 2021, **37**(10): 3663-3674.
- Liu X D, Zhu H Z, Jiang M Z, *et al.* Characteristics of the rhizosphere and phyllosphere microbial community of three submerged plants in the dragon-shaped water system of Beijing [J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2021, **37**(10): 3663-3674.
- [41] Knief C, Ramette A, Frances L, *et al.* Site and plant species are important determinants of the *Methylobacterium* community composition in the plant phyllosphere [J]. The ISME Journal, 2010, **4**(6): 719-728.
- [42] 刘敏, 张松贺, 张丽莎, 等. 两种氮浓度对轮叶黑藻(*Hydrilla verticillata*)腐解过程营养盐释放及附着生物膜内氮循环基因丰度的影响[J]. 湖泊科学, 2021, **33**(3): 749-760.
- Liu M, Zhang S H, Zhang L S, *et al.* Impacts of two nitrogen concentrations on nutrients release and nitrogen cycle genes abundance in biofilm during *Hydrilla verticillata* decomposition [J]. Journal of Lake Sciences, 2021, **33**(3): 749-760.
- [43] Fang D X, Zhao G, Xu X Y, *et al.* Microbial community structures and functions of wastewater treatment systems in plateau and cold regions [J]. Bioresource Technology, 2018, **249**: 684-693.
- [44] Yan L Y, Zhang S H, Lin D, *et al.* Nitrogen loading affects microbes, nitrifiers and denitrifiers attached to submerged macrophyte in constructed wetlands [J]. Science of the Total Environment, 2018, **622-623**: 121-126.
- [45] 康鹏亮, 黄廷林, 张海涵, 等. 西安市典型景观水体水质及反硝化细菌种群结构[J]. 环境科学, 2017, **38**(12): 5174-5183.
- Kang P L, Huang T L, Zhang H H, *et al.* Water quality and diversity of denitrifier community structure of typical scenic water bodies in Xi'an [J]. Environmental Science, 2017, **38**(12): 5174-5183.

CONTENTS

Spatial Distribution Characteristics of PM _{2.5} and O ₃ in Beijing-Tianjin-Hebei Region Based on Time Series Decomposition	YAO Qing, DING Jing, YANG Xu, <i>et al.</i>	(2487)
Ozone Sensitivity Analysis in Urban Beijing Based on Random Forest	ZHOU Hong, WANG Ming, CHAI Wen-xuan, <i>et al.</i>	(2497)
Prediction of Ozone Pollution in Sichuan Basin Based on Random Forest Model	YANG Xiao-tong, KANG Ping, WANG An-yi, <i>et al.</i>	(2507)
Establishment and Effective Evaluation of Haikou Ozone Concentration Statistical Prediction Model	FU Chuan-bo, LIN Jian-xing, TANG Jia-xiang, <i>et al.</i>	(2516)
Spatial and Temporal Distribution Characteristics of Ozone Concentration and Health Benefit Assessment in the Beijing-Tianjin-Hebei Region from 2015 to 2020	GAO Ran, LI Qin, CHE Fei, <i>et al.</i>	(2525)
Water-soluble Inorganic Ion Content of PM _{2.5} and Its Change Characteristics in Urban Area of Beijing in 2022	CHEN Yuan-yuan, CUI Di, ZHAO Ze-xi, <i>et al.</i>	(2537)
Pollution Characteristics, Source, and Health Risk Assessment of Metal Elements in PM _{2.5} Between Winter and Spring in Zhengzhou	TAO Jie, YAN Hui-jiao, XU Yi-fei, <i>et al.</i>	(2548)
Characteristics, Sources Apportionment, and Health Risks of PM _{2.5} -bound PAHs and Their Derivatives Before and After Heating in Zibo City	SUN Gang-li, WU Li-ping, XU Bo, <i>et al.</i>	(2558)
Components Characteristic and Source Apportionment of Fine Particulate Matter in Transition Period of Heating Season in Xi'an with High Time Resolution	LI Meng-jin, ZHANG Yong, ZHANG Qian, <i>et al.</i>	(2571)
Source and Cause Analysis of High Concentration of Inorganic Aerosol During Two Typical Pollution Processes in Winter over Tianjin	LU Miao-miao, HAN Su-qin, LIU Ke-xin, <i>et al.</i>	(2581)
Spatial-temporal Variation and Spatial Differentiation Geographic Detection of PM _{2.5} Concentration in the Shandong Province Based on Spatial Scale Effect	XU Yong, WEI Meng-xin, ZOU Bin, <i>et al.</i>	(2596)
Characteristics of VOCs Emissions and Ozone Formation Potential for Typical Chemicals Industry Sources in China	WU Ting, CUI Huan-wen, XIAO Xian-de, <i>et al.</i>	(2613)
Formation Potential of Secondary Organic Aerosols and Sources of Volatile Organic Compounds During an Air Pollution Episode in Autumn, Langfang	ZHANG Jing-qiao, LIU Zheng, DING Wen-wen, <i>et al.</i>	(2622)
Scale Effects of Landscape Pattern on Impacts of River Water Quality: A Meta-analysis	WANG Yu-cang, DU Jing-jing, ZHANG Yu, <i>et al.</i>	(2631)
Spectral Characteristics and Sources of Dissolved Organic Matter in Inflow Rivers of Baiyangdian Lake Water in Summer Flood Season	MENG Jia-jing, DOU Hong, CHEN Zhe, <i>et al.</i>	(2640)
Analysis on Hydrochemical Evolution of Shallow Groundwater East of Yongding River in Fengtai District, Beijing	HU Yu-xin, ZHOU Rui-jing, SONG Wei, <i>et al.</i>	(2651)
Hydrochemical Characteristics, Controlling Factors and Water Quality Evaluation of Shallow Groundwater in Tan-Lu Fault Zone (Anhui Section)	LIU Hai, WEI Wei, SONG Yang, <i>et al.</i>	(2665)
Effects of Pesticides Use on Pesticides Residues and Its Environmental Risk Assessment in Xingkai Lake (China)	WANG Wei-qing, XU Xiong, LIU Quan-zhen, <i>et al.</i>	(2678)
Characteristics of Microorganisms and Antibiotic Resistance Genes of the Riparian Soil in the Lanzhou Section of the Yellow River	WEI Cheng-chen, WEI Feng-yi, XIA Hui, <i>et al.</i>	(2686)
Analysis of the Spatiotemporal Distribution of Algal Blooms and Its Driving Factors in Chaohu Lake Based on Multi-source Datasets	JIN Xiao-long, DENG Xue-liang, DAI Rui, <i>et al.</i>	(2694)
Characteristics of Epiphytic Bacterial Community on Submerged Macrophytes in Water Environment Supplemented with Reclaimed Water	HE Yun, LI Xue-mei, LI Hong-quan, <i>et al.</i>	(2707)
Effects of Water Level Fluctuations and Vegetation Restoration on Soil Prokaryotic Microbial Community Structure in the Riparian Zone of the Three Gorges Reservoir	MEI Yu, HUANG Ping, WANG Peng, <i>et al.</i>	(2715)
Bacterial Community Structure of Typical Lake Sediments in Yinchuan City and Its Response to Heavy Metals	MENG Jun-jie, LIU Shuang-yu, QIU Xiao-cong, <i>et al.</i>	(2727)
Effect of Thermal Hydrolysis Pretreatment Time on Microbial Community Structure in Sludge Anaerobic Digestion System	ZHANG Han, ZHANG Han, WANG Jia-wei, <i>et al.</i>	(2741)
Source Apportionment of Morphine in Wastewater	SHAO Xue-ting, ZHAO Yue-tong, JIANG Bing, <i>et al.</i>	(2748)
Ecological Environment Dynamical Evaluation of Hutuo River Basin Using Remote Sensing	LI Yan-cui, YUAN Jin-guo, LIU Bo-han, <i>et al.</i>	(2757)
Spatiotemporal Evolution and Influencing Factors of Ecosystem Service Value in the Yellow River Basin	WANG Yi-qi, SUN Xue-ying	(2767)
Ecosystem Service Trade-off Synergy Strength and Spatial Pattern Optimization Based on Bayesian Network: A Case Study of the Fenhe River Basin	CAI Jin, WEI Xiao-jian, JIANG Ping, <i>et al.</i>	(2780)
Spatial-temporal Evolution and Quantitative Attribution of Habitat Quality in Typical Karst Counties of Guizhou Plateau	LI Yue, FENG Xia, WU Lu-hua, <i>et al.</i>	(2793)
Spatio-temporal Variation in NEP in Ecological Zoning on the Loess Plateau and Its Driving Factors from 2000 to 2021	ZHOU Yi-ting, YAN Jun-xia, LIU Ju, <i>et al.</i>	(2806)
Land Change Simulation and Grassland Carbon Storage in the Loess Plateau Based on SSP-RCP Scenarios	CUI Xie, DONG Yan, ZHANG Lu-yin, <i>et al.</i>	(2817)
Multi-scenario Simulation of Construction Land Expansion and Its Impact on Ecosystem Carbon Storage in Beijing-Tianjin-Hebei Urban Agglomeration	WU Ai-bin, CHEN Fu-guo, ZHAO Yan-xia, <i>et al.</i>	(2828)
Effects of Land Use Change on Soil Aggregate Stability and Soil Aggregate Organic Carbon in Karst Area of Southwest China	JIANG Ke, JIA Ya-nan, YANG Yan, <i>et al.</i>	(2840)
Integrated Analysis of Soil Organic Matter Molecular Composition Changes Under Different Land Uses	HUANG Shi-wei, ZHAO Yi-kai, ZHU Xin-yu, <i>et al.</i>	(2848)
Prediction Spatial Distribution of Soil Organic Matter Based on Improved BP Neural Network with Optimized Sparrow Search Algorithm	HU Zhi-rui, ZHAO Wan-fu, SONG Yin-xian, <i>et al.</i>	(2859)
Effects of Application of Different Organic Materials on Phosphorus Accumulation and Transformation in Vegetable Fields	SUN Kai, CUI Yu-tao, LI Shun-jin, <i>et al.</i>	(2871)
Intensive Citrus Cultivation Suppresses Soil Phosphorus Cycling Microbial Activity	ZHOU Lian-hao, ZENG Quan-chao, MEI Tang-ying-ze, <i>et al.</i>	(2881)
Effects of Controlled-release Blended Fertilizer on Crop Yield and Greenhouse Gas Emissions in Wheat-maize Rotation System	GAO Wei, WANG Xue-xia, XIE Jian-zhi, <i>et al.</i>	(2891)
Effect of Biochar on NO ₃ ⁻ -N Transport in Loessial Soil and Its Simulation	BAI Yi-ru, LIU Xu, ZHANG Yu-han, <i>et al.</i>	(2905)
Analysis and Evaluation of Heavy Metal Pollution in Farmland Soil in China: A Meta-analysis	YANG Li, BAI Zong-xu, BO Wen-hao, <i>et al.</i>	(2913)
Critical Review on Heavy Metal Contamination in Urban Soil and Surface Dust	WANG Xiao-yu, LIU En-feng, YANG Xiang-meng, <i>et al.</i>	(2926)
Research Progress on Solidification and MICP Remediation of Soils in Heavy Metal Contaminated Site	CHEN Yue-ru, GAO Wen-yan, CHEN Hong-ren, <i>et al.</i>	(2939)
Pollution Characteristics and Source Analysis of Soil Heavy Metal in Coal Mine Area near the Yellow River in Shandong	DAI Wen-ting, ZHANG Hui, WU Xia, <i>et al.</i>	(2952)
Heavy Metal Content and Risk Assessment of Sediments and Soils in the Juma River Basin	HAN Shuang-bao, YUAN Lei, ZHANG Qiu-xia, <i>et al.</i>	(2962)
Characteristics, Ecological Risk Assessment, and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in the Yellow River Floodplain of Yinchuan City	YU Lu-jia, MA Hai-jun, WANG Cui-ping	(2971)
Health Risk Assessment of Heavy Metals in Soils of a City in Guangdong Province Based on Source Oriented and Monte Carlo Models	CHEN Lian, ZOU Zi-hang, ZHANG Pei-zhen, <i>et al.</i>	(2983)
Chemical Speciation, Influencing Factors, and Regression Model of Heavy Metals in Farmland of Typical Carbonate Area with High Geological Background, Southwest China	TANG Rui-ling, XU Jin-li, LIU Bin, <i>et al.</i>	(2995)
Hg Content Characteristics and Safe Planting Zoning of Paddy Soil and Rice in Guizhou Province	WEI Mei-liu, ZHOU Lang, HUANG Yan-ling, <i>et al.</i>	(3005)
Cadmium Phytoremediation Effect of Sweet Sorghum Assisted with Citric Acid on Typical Parent Soil in Southern China	LIU Meng-yu, LUO Xu-feng, GU Jiao-feng, <i>et al.</i>	(3016)
Effects of Modified Distillers' Grains Biochar on Cadmium Forms in Purple Soil and Cadmium Uptake by Rice	XIAO Nai-chuan, WANG Zi-fang, YANG Wen-na, <i>et al.</i>	(3027)
Effects of Biochar on Growth and Pollutant Accumulation of Lettuce in Soil Co-contaminated with Tetracycline and Copper	ZHENG Chen-ge, PEI Huan-huan, ZHANG Ya-shan, <i>et al.</i>	(3037)
Effects of Vermicomposting on Compost Quality and Heavy Metals: A Meta-analysis	JIANG Ji-shao, HOU Rui, CUI Hui-lin, <i>et al.</i>	(3047)
Advances in the Effects of Microplastics on Soil N ₂ O Emissions and Nitrogen Transformation	LIU Yi-ge, YANG An-qi, CHEN Shu-xin, <i>et al.</i>	(3059)
Effects of Land Use Patterns on Soil Microplastic Pollution in the Luoshijiang Sub-watershed of Erhai Lake Basin	DAI Liu-yun, HOU Lei, WANG Hua, <i>et al.</i>	(3069)
Characteristics of Microplastic Pollution in Sediment of Silty Coast in Culture Bay	SONG Ke-xin, HE Jin-cheng, LI Chang-wen, <i>et al.</i>	(3078)
Effect of Polyethylene Microplastics on the Microbial Community of Saline Soils	WANG Zhi-chao, LI Zhe, LI Jia-chen, <i>et al.</i>	(3088)
Characterization of Microplastic Surface Bacterial Community Structure and Prediction of Ecological Risk in Poyang Lake, China	YU Jin-li, ZHAO Jun-kai, LUO Si-qi, <i>et al.</i>	(3098)
Energy-saving and Emission Reduction Path for Road Traffic in Key Coastal Cities of Guangdong, Fujian and Zhejiang	XU Yi-nuo, WENG Da-wei, WANG Shuo, <i>et al.</i>	(3107)
Life Cycle Carbon Reduction Benefits of Electric Heavy-duty Truck to Replace Diesel Heavy-duty Truck	XU Yuan-yuan, GONG De-hong, HUANG Zheng-guang, <i>et al.</i>	(3119)