

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第39卷 第8期

Vol.39 No.8

2018

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

我国城市 PM _{2.5} 污染的健康风险及经济损失评价	李惠娟, 周德群, 魏永杰 (3467)
冬季电力行业对长江中游城市群空气质量影响	孙晓伟, 郭秀锐, 程水源 (3476)
基于区域传输矩阵和 PM _{2.5} 达标约束的大气容量计算方法	李敏辉, 廖程浩, 杨柳林, 曾武涛, 唐喜斌 (3485)
利用 SPAMS 研究天津市夏季环境空气中细颗粒物化学组成特征	温杰, 史旭荣, 田瑛泽, 徐娇, 史国良, 冯银厂 (3492)
重庆市北碚城区气溶胶中有机碳和元素碳的污染特征	彭小乐, 郝庆菊, 温天雪, 吉东生, 刘子锐, 王跃思, 陈建博, 江长胜 (3502)
杭甬地区大气中含碳气溶胶特征及来源分析	徐宏辉, 徐婧莎, 何俊, 浦静姣, 齐冰, 杜荣光 (3511)
城市生活垃圾露天焚烧 PM _{2.5} 及其组分排放特征	王艳, 郝伟伟, 程珂, 支国瑞, 易鹏, 樊静, 张洋 (3518)
民用燃煤排放分级颗粒物中碳组分排放因子	杨国威, 孔少飞, 郑淑睿, 吴剑, 郑明明, 郑煌, 严沁, 刘海彪, 王伟, 吴方琪, 程溢 (3524)
大连地区夏季非甲烷烃 (NMHC) 特征及其来源解析	纪德钰 (3535)
“十三五”挥发性有机物总量控制情景分析	张嘉妮, 陈小方, 梁小明, 柯云婷, 范丽雅, 叶代启 (3544)
浙江省包装印刷行业挥发性有机物排放特征及排放系数	王家德, 吕建璋, 李文娟, 顾震宇, 缪孝平 (3552)
有机溶剂使用企业挥发性恶臭有机物排放特征及特征物质识别	翟增秀, 孟洁, 王巨, 翟友存, 曹阳, 邹克华 (3557)
基于 MODIS_C006 的乌鲁木齐 10 年气溶胶光学厚度变化特征	胡俊, 亢燕铭, 陈勇航, 刘鑫, 李霞, 刘琼 (3563)
基于路网车流量的北京城市副中心机动车污染控制情景	樊守彬, 郭津津, 李雪峰 (3571)
北京典型跑步区域空气污染特征及跑步者呼吸暴露	陶双成, 高硕吟, 熊新竹, 姚嘉林, 邓顺熙 (3580)
丹江口水库调水前后表层沉积物营养盐和重金属时空变化	李冰, 王亚, 郑钊, 许信, 辛英督, 黄进, 郭诗君, 毕升阁, 胡兰群, 陈兆进, 李玉英 (3591)
太湖北部湖区春、冬季节天然有机质的荧光特征及环境意义	吕伟伟, 姚昕, 张保华 (3601)
太湖重点区域水环境中邻苯二甲酸酯的污染水平及生态风险评价	朱冰清, 高占啟, 胡冠九, 王骏飞, 于南洋, 韦斯 (3614)
台风强降雨输入水源水库悬浮泥沙的氮磷吸附特性	姚玲爱, 赵学敏, 马千里, 梁荣昌, 夏北成, 卓琼芳 (3622)
珠江三角洲高碑地下水赋存环境特征及成因分析	张昌延, 何江涛, 张小文, 倪泽华 (3631)
有机污染物对杭州湾海域浮游细菌群落的影响	宣丽霞, 戴文芳, 郁维娜, 周素明, 欧昌荣, 熊金波 (3640)
澜沧江流域浮游细菌群落结构特征及驱动因子分析	程豹, 望雪, 徐雅倩, 杨正健, 刘德富, 马骏 (3649)
碧流河水库细菌群落结构特征及其关键驱动因子	王欢, 赵文, 谢在刚, 魏杰, 姜洋 (3660)
浑河底泥反硝化厌氧甲烷氧化菌群落多样性的时空分布特征及其与环境因子关系分析	张亚迪, 宋永会, 彭剑桥, 张剑桥, 张盼月, 刘瑞霞, 石国强 (3670)
人类活动对河流沉积物中反硝化厌氧甲烷氧化菌群落特征的影响	刘洋, 陈永娟, 王晓燕, 许康利 (3677)
外源氮输入对不同土地利用排水沟底泥反硝化和 N ₂ O 排放影响	余冬立, 陈心逸, 高雪梅, 张文娟, 夏永秋 (3689)
雨水管道沉积物沉淀特性及主要污染物含量分布	尚宇, 周毅, 廖安意, 方正 (3696)
水体中 Cr(VI) 对不同混凝剂混凝过程的影响	高倩, 张大为, 徐慧, 徐建坤, 张崇森, 王东升 (3704)
Co ₃ O ₄ /BiVO ₄ 复合阳极活化过一硫酸盐强化光电催化降解双酚 A	李蒋, 王雁, 张秀芳, 赵旭 (3713)
海藻酸钙/生物炭复合材料的制备及其对 Pb(II) 的吸附性能和机制	于长江, 董心雨, 王苗, 林强 (3719)
磁性生物炭对水中 CIP 和 OFL 的吸附行为和机制	赵华轩, 郎印海 (3729)
污水中新精神活性物质的分析方法优化及验证	陈培培, 杜鹏, 周子雷, 徐泽琼, 高婷婷, 李喜青 (3736)
臭氧-CNT 膜改性联用工艺对 PVDF 中空纤维膜污染进程的缓解	关羽琪, 王凯伦, 祝学东, 董丹, 薛小雷, 马艳林, 栾桂荣, 郭瑾 (3744)
阴离子交换树脂生物再生去除硝酸盐氮	叶婷, 张光, 王珂, 双陈冬, 李爱民 (3753)
普鲁士蓝@酵母菌催化剂的合成及其 Fenton 性能	陈思, 白波, 王洪林, 索有瑞 (3759)
PN/A 双菌层系统的构建及其脱氮性能	许静怡, 杜俊, 杨一峰, 吕峰, 夏四清 (3767)
苯酚对 EBPR 系统除磷性能的抑制作用	马娟, 王瑾, 俞小军, 周猛, 李光银, 孙洪伟 (3775)
反硝化-短程硝化-厌氧氨氧化工艺处理晚期垃圾渗滤液的脱氮除碳性能	王凡, 陆明羽, 殷记强, 李祥, 黄勇 (3782)
好/厌氧条件下反硝化细菌脱氮特性与功能基因	康鹏亮, 陈胜男, 黄廷林, 张海涵, 商潘路, 刘珍芳, 王跃, 谭欣林 (3789)
苯并[a]芘厌氧降解的苯酚共基质协同作用与污泥微生物特性	吴海珍, 胡肖怡, 王鸣, 韦景悦, 范一文, 韦朝海, 钟练文, 彭亚环 (3797)
污泥超高温堆肥过程中 DOM 结构的光谱分析	刘晓明, 余震, 周普雄, 罗海林, 王跃强, 廖汉鹏, 周顺桂 (3807)
生物炭对华北农田土壤 N ₂ O 通量及相关功能基因丰度的影响	刘杏认, 赵光昕, 张晴雯, 田秀平 (3816)
设施菜田土壤 N ₂ O 产生对 O ₂ 的响应	陈吉吉, 宋贺, 曹文超, 王乙然, 王敬国 (3826)
利用 μ -XRF 和 XANES 研究铅锌矿区土壤铅形态及其生物有效性	孙晓艳, 柳检, 罗立强 (3835)
南京市铅锌矿采矿场土壤重金属污染评价及优势植物重金属富集特征	李俊凯, 张丹, 周培, 刘群录 (3845)
Fe-Al 改性硅藻土的制备及其对土壤 Cd 污染固定化效果	杨雨中, 朱健, 肖媛媛, 谭蓉, 王平, 陈润华, 徐海音, 杨雄 (3854)
基于稳定碳同位素技术的干旱区绿洲土壤有机碳向无机碳的转移	李杨梅, 贡璐, 安申群, 孙力, 陈新 (3867)
生境过滤驱动庞泉沟华北落叶松林土壤真菌群落的构建过程	赵鹏宇, 李鑫, 柴宝峰 (3876)
转 cry1Ab 和 epsps 基因玉米 C0030.3.5 对土壤固氮细菌丰度和群落结构的影响	王蕊, 朱珂, 李刚, 刘惠芬, 王晶, 修伟明, 赵建宁, 杨殿林 (3885)
脱硫石膏对稻田 CH ₄ 释放及其功能微生物种群的影响	胡翔宇, 向秋洁, 木志坚 (3894)
长期施肥对不同深度稻田土壤碳氮水解酶活性的影响特征	杜林森, 唐美铃, 祝贞科, 魏亮, 魏晓梦, 周萍, 葛体达, 王久荣, 邹冬生, 吴金水 (3901)
黄河口滨岸潮滩湿地泥沙沉积及外源 Cd 输入对碱蓬物质量分配及抗氧化酶活性的影响	宋红丽, 王立志, 郁万妮, 吴希媛 (3910)
黄河下游开封段引黄灌区小麦中重金属污染特征及健康风险评价	康国华, 张鹏岩, 李颜颜, 杨丹, 庞博, 何坚坚, 闫宇航 (3917)
氧化石墨烯对邻苯二甲酸二丁酯藻毒性的影响	涂海峰, 刘成, 王宇擎, 储祺, 侯晓冬, 李锋民 (3927)
有机物对厌氧氨氧化微生物燃料电池脱氮产电性能的影响	祖波, 马兰, 刘波, 卢培利, 许君 (3937)
中国氢燃料电池车燃料生命周期的化石能源消耗和 CO ₂ 排放	林婷, 吴焯, 何晓婧, 张少君, 郝吉明 (3946)
气溶胶水相反应生成二次有机气溶胶研究进展	叶招莲, 瞿珍秀, 马帅帅, 盖鑫磊 (3954)
《环境科学》征订启事 (3543)	
《环境科学》征稿简则 (3570)	
信息 (3600, 3728, 3844)	

有机污染物对杭州湾海域浮游细菌群落的影响

宣丽霞¹, 戴文芳^{1,2}, 郁维娜^{1,2}, 周素明¹, 欧昌荣¹, 熊金波^{1,2*}

(1. 宁波大学海洋学院, 宁波 315211; 2. 浙江海洋高效健康养殖协同创新中心, 宁波 315211)

摘要: 杭州湾海域剧烈的人为干扰及大量的陆源输入, 导致有机物污染严重, 是我国近海污染最严重的海域之一。微生物在污染物降解过程中发挥着关键作用并能作为评价污染程度的生物标记, 但对于浮游细菌群落如何响应有机污染物尚不清楚。因此, 本研究从杭州湾采集了 13 个站点的表层水样(水下 0.5 m), 并采集了邻近外海 8 个站点的水样作为对照, 利用 Illumina MiSeq 测序技术测定细菌 16S rRNA 基因, 研究不同有机污染程度对浮游细菌群落的影响。结果表明杭州湾有机污染值 $A(13.2 \pm 1.6)$ 显著 ($P < 0.001$) 高于邻近外海 (5.4 ± 3.0), 且两区域浮游细菌分布和多样性存在显著差异。杭州湾浮游细菌群落优势菌群为 γ -变形菌纲(γ -Proteobacteria, $24.4\% \pm 5.5\%$)、 α -变形菌纲(α -Proteobacteria, $16.5\% \pm 7.7\%$)和浮霉菌门(Planctomycetes, $13.9\% \pm 8.6\%$), 邻近海域主要优势菌群为蓝细菌(Cyanobacteria, $20.1\% \pm 7.5\%$)、拟杆菌(Bacteroidetes, $18.4\% \pm 1.5\%$)、放线菌门(Actinobacteria, $17.5\% \pm 4.2\%$)、 γ -变形菌纲($16.6\% \pm 1.2\%$)和 α -变形菌纲($14.3\% \pm 1.7\%$)。多元回归树(multivariate regression tree, MRT)分析表明: 悬浮颗粒(suspended particulates, SP)、亚硝酸盐(NO_2^-)、油污(oil)、有机污染是影响浮游细菌群落多样性的最主要因素, 分别解释了 22.0%、6.5%、6.0% 和 5.5% 的多样性变异。冗余分析(redundancy analysis, RDA)表明: 驱动浮游细菌群落变异的环境因子有机污染、化学需氧量(COD)、叶绿素 a(Chla)、总氮(TN)、硝酸盐(NO_3^-)和盐度对物种分布的总解释量为 71.0%, 而有机污染作为单因子控制了 6.5% 的群落变异, 高于其它单一因子。此外, 采用指示值方法共挑选出了 35 个敏感物种, 这些物种相对丰度与有机污染显著相关, 可用来指示近海有机污染水平。综上, 浮游细菌群落对环境污染敏感, 为评价海洋有机污染水平提供了敏感的生物学指标。

关键词: 有机污染; 浮游细菌群落; 多样性; 冗余分析; 指示物种

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2018)08-3640-09 DOI: 10.13227/j.hjks.201712186

Effects of Organic Pollutants on the Bacterioplankton Community in Hangzhou Bay

XUAN Li-xia¹, DAI Wen-fang^{1,2}, YU Wei-na^{1,2}, ZHOU Su-ming¹, OU Chang-rong¹, XIONG Jin-bo^{1,2*}

(1. School of Marine Sciences, Ningbo University, Ningbo 315211, China; 2. Collaborative Innovation Center for Zhejiang Marine High-Efficiency and Healthy Aquaculture, Ningbo 315211, China)

Abstract: Hangzhou Bay suffers from intensive anthropogenic disturbances and a huge amount of terrestrial inputs, and thus has become one of the most seriously contaminated coastal zones in China. There is evidence that microbes play a dominant role in pollutant biodegradation and serve as biomarkers for pollution levels. However, it remains unclear how the bacterioplankton communities respond to organic contaminants. To fill this knowledge gap, we collected surface water samples (0.5 m below the surface layer) from 13 sites across Hangzhou Bay and 8 control sites across its adjacent offshore areas. Using Illumina sequencing based on analysis of the bacterial 16S rRNA gene, we explored the effects of increasing organic pollution levels on the bacterioplankton community compositions (BCCs). The results revealed that the organic pollution level (A) in Hangzhou Bay (13.2 ± 1.6) was significantly ($P < 0.001$) higher than in the control zone (5.4 ± 3.0). The distribution and diversity of bacterioplankton communities were significantly distinct between the two zones. The dominant bacterioplankton lineages in Hangzhou Bay were γ -Proteobacteria ($24.4\% \pm 5.5\%$), α -Proteobacteria ($16.5\% \pm 7.7\%$), and Planctomycetes ($13.9\% \pm 8.6\%$), whereas those in the adjacent zones were Cyanobacteria ($20.1\% \pm 7.5\%$), Bacteroidetes ($18.4\% \pm 1.5\%$), Actinobacteria ($17.5\% \pm 4.2\%$), γ -Proteobacteria ($16.6\% \pm 1.2\%$), and α -Proteobacteria ($14.3\% \pm 1.7\%$). Multivariate regression tree (MRT) analysis showed that the bacterioplankton community diversity was primarily affected by suspended particulates (SP), nitrite, oil, and organic pollutants, which respectively explained 22.0%, 6.5%, 6.0%, and 5.5% of the variance in diversity. Redundancy analysis (RDA) illustrated that the bacterioplankton community distribution was controlled by organic pollutants, COD, Chla, TN, nitrate, and salinity, which cumulatively governed 71.0% of the variation in BCCs. Organic pollutants alone controlled 6.5% variance, which was higher than any other single factor. Additionally, 35 sensitive species were identified via the indicator value method and their relative abundances were significantly associated ($P < 0.05$ in each case) with the organic pollution level, thereby indicating their potential for evaluating coastal pollution. Collectively, our work demonstrates that BCCs are sensitive to coastal pollution and provides biomarkers for elevated pollution levels.

收稿日期: 2017-12-22; 修订日期: 2018-01-22

基金项目: 浙江省自然科学基金项目(LY15D060002)

作者简介: 宣丽霞(1993~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为海洋环境科学, E-mail: xuan_lxia@163.com

* 通信作者, E-mail: xiongjinbo@nbu.edu.cn

Key words: organic pollution; bacterioplankton community; diversity; redundancy analysis; bio-indicator species

沿海城市工、农业和水产养殖业日益增加的排放, 导致沿海环境受到越来越严重的有机污染和营养盐的威胁, 给生态环境带来严重危害^[1, 2]. 有机污染物能促进病原微生物的繁殖, 导致养殖环境生态系统失衡, 威胁沿海渔业发展. 此外, 有机污染物导致水华的发生, 藻类分泌的毒素能够对浮游动物和底栖生物造成毒害作用. 微生物起着原位生物传感器的作用, 能够用于评估自然或人为活动对环境的影响^[3]. 因此, 微生物对污染状况的响应一直是研究者关注的焦点.

微生物在全球生物地球化学循环中起关键作用, 为其它生产者和消费者提供了营养^[4]. 同时, 微生物群落通常是环境扰动的首要响应者, 能快速响应环境压力^[5], 是最为敏感并极易受环境影响的生物类群^[6]. 即使污染物本身已经完全降解, 微生物指示的应用也可系统地反映和记录生物和非生物(包括未测量和不可观察因素)的压力^[7]. 例如, 在近海水产养殖中, 微生物群落结构和多样性有可能作为评价海水养殖生态系统健康和稳定的重要指标^[8]. 此外, 有研究表明在养殖排放的有机污染物条件下, 潜在条件致病菌黄杆菌(*Flavobacteriaceae*) 在养殖环境中大量存在, 可能导致虾病的暴发^[9], 弧菌(*Vibrionaceae*)、交替假单胞菌(*Pseudoalteromonas*) 等致病菌, 可以用作指示菌预测水产养殖病害状况^[10]. 因此, 研究浮游细菌群落对污染响应既是重要的环境问题又是重要的水产养殖问题.

浙江北部沿海水域毗邻中国最发达的两个区域(浙江和上海), 是长三角经济区的主体. 杭州湾海域是典型的海陆过渡带, 自然变化剧烈, 人为干扰严重. 随着人口的快速增长和海湾工业的集约发展, 渔业、海洋运输业以及勘探开采等带来的污染, 造成杭州湾水生生态系统健康严重恶化^[11]. 大量陆地生物投入, 增加水体营养成分的同时, 降低了盐碱度. 此外, 关于长江口及其邻近海域富营养化、生物多样性、浮游植物、重金属分布等报道相对较多^[12, 13]. 有研究表明人类活动和陆源输入是影响浮游细菌分布的决定性因素^[14], 而针对有机污染对浮游细菌群落的影响还有待进一步研究. 因此, 本文通过 Illumina MiSeq 测序技术分析杭州湾及其邻近外海共 21 个站点不同有机污染程度对浮游细菌群落的影响, 利用有机污染指示值(A)评价海域污染状况. 以期回答以下问题: ①揭示不同有

机污染程度对浮游细菌群落组成和多样性的影响; ②探讨浮游细菌群落与环境因子间的关系; ③能否筛选出敏感浮游细菌指示海域有机污染程度.

1 材料与方法

1.1 实验设计与采样

杭州湾海域位于浙江东北部, 每年有大量的有机污染物输入, 造成沿径流的污染物梯度. 为研究有机污染物对浮游细菌群落的影响, 本文选取了 21 个站点(30.37°~30.83°N, 121.21°~122.65°E), 其中包括杭州湾 13 个站点(H10、H11、H12、H20、H21、H24、H25、H27、H28、H31、H33、H36、H42)及其邻近外海 8 个站点(Z3、Z7、Z8、Z9、Z14、Z22、Z23、Z30). 样品的采集、贮存、运输和预处理均按《海洋调查规范》(GB/T 12763-2007)和《海洋监测规范》(GB 17378-2007)中规定的标准方法进行.

1.2 海水理化指标测定

现场测定海水温度、pH、溶解氧(DO)和盐度, 其它指标均按《海洋监测规范》(GB 17378.4-2007)所规定的标准方法进行: 化学需氧量(COD)用碱性高锰酸钾法、悬浮颗粒(SP)用重量法、硝酸盐(NO_3^-)用铈-镉还原法、磷酸盐(PO_4^{3-})用抗坏血酸还原磷钼蓝法、氨盐(NH_4^+)用次溴酸钠氧化法、亚硝酸盐(NO_2^-)用重氮-偶氮法、油类用紫外分光光度法、总有机碳(TOC)用总有机碳仪器法、总氮(TN)和总磷(TP)用过硫酸钾氧化法、硅酸盐(SiO_3^{2-})用硅钼蓝法、砷和汞用原子荧光法、铜铅镉锌都用火焰原子吸收分光光度法连续测定、用二苯碳酰二肼分光光度法测定铬, 叶绿素 a(Chla)用丙酮萃取分光光度法.

1.3 DNA 提取, 细菌 16S 扩增和 Illumine MiSeq 测序

水样经 100 μm 孔径的尼龙网预过滤, 然后用 0.22 μm 孔径的聚碳酸酯膜(Millipore, Boston, MA, USA)负压抽滤收集微生物. 滤膜用无菌剪刀剪碎后用 Power Soil® DNA 试剂盒(MO BIO Laboratories, Carlsbad, CA, USA)提取总 DNA. NanoDrop ND-1000 分光光度计测定 DNA 的浓度和纯度, 抽提后的 DNA 于 -80℃ 保存备用.

每个样品取 100 ng 的 DNA 作为模板, 用 F515 (5'-GTGCCAGCMGCCGCGTAA-3') 和 R806 (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 引物扩增细菌 16S rRNA 基因的 V4 区, 正向引物 5'端带有 6 bp 的

Barcode 序列. 每个样品设置 3 个 PCR 重复, 以降低扩增造成的偏差. PCR 的反应条件如下: 94℃ 变性 3 min, 34 个循环, 94℃ 变性 30 s, 55℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 30 s, 最后在 72℃ 延伸 8 min. 扩增产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测, 得到与扩增预期大小一致且没有非特异性条带后, 用 PCR 片段纯化试剂盒 (Takara Biotech, Japan) 进行纯化. 通过分光光度计测定浓度后, 每个样品取等量的 PCR 产物混合, 并用 MiSeq 双末端测序平台测序 (Illumina, San Diego, USA).

1.4 Illumina 数据处理

下机测序数据用 FLASH 软件拼接二端序列^[15], 利用 Qiime (quantitative insights into microbial ecology, <http://qiime.org/>) 流程分析, 包括去嵌合体和质控^[16]. 简言之, 剪接掉 3 个以上的连续且质控分小于 20 的碱基, 保留 >300 bp 的长序列, 然后用 UCHIME 去掉嵌合体. 用 UCLUST 在 97% 的相似性水平聚类为分类操作单元 (operational taxonomic unit, OTUs)^[17]. 选取每个 OTU 中丰度和覆盖度最高的序列作为代表序列, 用 PyNAST 在 Greengenes 13.8 数据库中比对, 获得 OTUs 的物种分类信息^[18,19], 去除古菌、叶绿体、不属于细菌和在所有样品中只出现一次的序列. 为避免测序深度不同造成多样性估计的偏差, 每个样品随机选取 10 000 条序列 (最低测序深度) 进行后续分析.

1.5 有机污染

采用有机污染综合指数法 (A) 对该海域的污染状况进行评估, 有机污染指数计算公式为:

$$A = \frac{\text{COD}_i}{\text{COD}_s} + \frac{\text{DIN}_i}{\text{DIN}_s} + \frac{\text{DIP}_i}{\text{DIP}_s} - \frac{\text{DO}_i}{\text{DO}_s}$$

式中, A 为有机污染指数, COD_i 、 DIN_i 、 DIP_i 、 DO_i 分别为化学需氧量、无机氮 (包括铵态氮、硝态氮和亚硝态氮)、活性磷酸盐和溶解氧的实测值, COD_s 、 DIN_s 、 DIP_s 、 DO_s 分别为相应要素的一类海水其值依次为 2.0、0.2、0.015 和 $6.0 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ^[20].

1.6 统计分析

用 SPSS 13.0 做独立样本 t 检验比较杭州湾及其邻近外海环境参数、浮游细菌多样性的差异显著性. 基于 Bray-Curtis 距离通过非度量多维尺度分析 (non-metric multidimensional scaling, NMDS) 不同站位点浮游细菌群落间的差异; 一般采用压力系数来评定所得到的多维构型与实际数据之间的适合度, 压力系数越小, 表示适合度越高^[21]. 多元回归树筛选影响细菌多样性的环境因子^[22]. 利用 BioEnv 分析筛选出对浮游细菌群落变异最相关的环境因子组合, 并用冗余分析表征环境因子与细菌群落变异的相关性^[23]. 本研究主要关注有机污染对浮游细菌组成和多样性的影响, 利用 R 软件中的 “labdsv” 软件包筛选指示不同有机污染程度的敏感浮游细菌群落, 进一步通过 Pearson 相关性分析挑选出的指示群与有机污染间的差异显著性, 并用热图 (Heatmap) 显示在各站点中的分布.

2 结果与分析

2.1 杭州湾及其邻近外海海水环境参数

检测的海水环境参数显示营养盐 ($P < 0.05$, 除氨氮外) 分布从近岸向外海逐渐递减, 有机污染 A 、悬浮颗粒、盐度、总有机碳、油类均有显著差异 ($P < 0.05$, 表 1), 且杭州湾海域的悬浮颗粒高于其邻近外海约 10 倍, 使得其成为最大的浊度带.

表 1 独立样本 t 检验分析杭州海域及其邻近外海环境参数的差异¹⁾

Table 1 Independent sample t test analysis of the difference in environmental parameters in Hangzhou Bay and the adjacent sea areas

环境参数	杭州湾	邻近外海	P	环境参数	杭州湾	邻近外海	P
有机污染	13.20 ± 1.56	5.41 ± 3.04	<0.001	总有机碳/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	1.36 ± 0.24	1.61 ± 0.15	0.009
盐度/‰	15.90 ± 3.51	26.70 ± 2.16	<0.001	总氮/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	1.86 ± 0.27	1.14 ± 0.53	0.006
pH	8.10 ± 0.05	8.23 ± 0.21	0.133	总磷/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	0.24 ± 0.13	0.06 ± 0.02	<0.001
溶解氧/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	6.93 ± 0.31	7.50 ± 1.74	0.382	硅酸盐/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	2.55 ± 0.40	1.47 ± 0.42	<0.001
化学需氧量/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	1.15 ± 0.13	1.02 ± 0.54	0.519	砷/ $\mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$	1.80 ± 0.33	1.54 ± 0.16	0.026
悬浮颗粒/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	508.60 ± 277.2	49.80 ± 14.1	<0.001	镉/ $\mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$	0.10 ± 0.03	0.12 ± 0.03	0.139
硝酸盐/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	1.72 ± 0.27	0.81 ± 0.49	0.001	汞/ $\mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$	0.02 ± 0.002	0.02 ± 0.002	0.397
磷酸盐/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	0.08 ± 0.01	0.03 ± 0.01	<0.001	铅/ $\mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$	0.38 ± 0.16	0.41 ± 0.26	0.794
氨氮/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	0.02 ± 0.005	0.02 ± 0.008	0.198	铜/ $\mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$	2.73 ± 0.62	2.33 ± 0.48	0.117
亚硝酸盐/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	0.01 ± 0.002	0.02 ± 0.005	0.002	锌/ $\mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$	15.50 ± 1.60	16.20 ± 1.06	0.294
叶绿素 a / $\mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$	7.10 ± 7.18	19.80 ± 16.3	0.069	铬/ $\mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$	0.54 ± 0.05	0.43 ± 0.15	0.096
油类/ $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$	0.04 ± 0.005	0.04 ± 0.006	0.001				

1) 表中的数据为平均值 ± 标准偏差; 黑体字为组间差异显著 ($P < 0.05$, t 检验), 下同

2.2 浮游细菌群落组成和结构分析

杭州湾海域及其邻近外海水体中主要细菌类群为： α -变形菌纲 (α -Proteobacteria)、 β -变形菌纲 (β -Proteobacteria)、 γ -变形菌纲 (γ -Proteobacteria)、 δ -变形菌纲 (δ -Proteobacteria)、浮霉菌门 (Planctomycetes)、放线菌门 (Actinobacteria)、蓝细菌门 (Cyanobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)，对应杭州湾平均相对丰度分别为 16.5%、5.8%、24.4%、4.9%、13.9%、9.4%、1.1%、6.9%，合计占总细菌序列数的 82.9%；邻近外海平均相对丰度分别为 14.3%、1.7%、16.6%、1.4%、4.1%、17.5%、20.1%、18.4%，合计占总细菌序列数的 94.1% (图 1)。杭州湾的浮霉菌门、 β -变形菌纲显著 ($P < 0.001$, t 检验, 下同) 高于邻近外海，而放线菌门 ($P = 0.012$)、蓝细菌门 ($P = 0.002$) 和拟杆菌门 ($P = 0.017$) 的相对丰度则显著较低。

2.3 浮游细菌群落空间分布及多样性差异

基于样品中检测到的 OTUs 丰度，NMDS 分析表明浮游细菌群落按站位点聚类，杭州湾水域与对照区浮游细菌群落组成有明显差异 [图 2(a)]。同时群落相似性检验表明两区域浮游细菌组成差异显著 ($r = 0.916$, $P < 0.001$)。此外，回归拟合分析表明细菌群落距离与有机污染程度显著相关 ($P < 0.001$) [图 2(b)]，表明细菌群落的变化取决于有机污染所产生的选择压力。

杭州湾海域浮游细菌群落的多样性，包括物种多样性 (observed species)、香农多样性 (Shannon diversity) 和系统发育多样性 (phylogenetic diversity) 均显著 ($P < 0.001$) 高于邻近外海对照区 (表 2)。浮游细菌多样性差异主要与悬浮颗粒、硝酸盐、磷酸盐、总磷和有机污染有关，其中与有机污染和悬浮

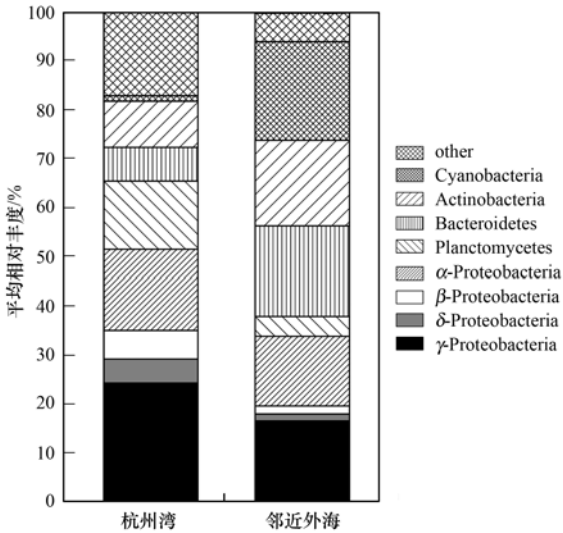


图 1 杭州湾及其邻近外海主要优势菌群平均相对丰度
Fig. 1 Relative abundances of the dominant communities in Hangzhou Bay and its adjacent offshore sea

表 2 浮游细菌群落多样性指数			
Table 2 Diversity indices of bacterioplankton community			
站点点	物种多样性	香农多样性	系统发育多样性
杭州湾	2 353.8 ± 368.2	8.55 ± 0.88	265.5 ± 32.7
邻近外海	1 452.5 ± 241.7	6.67 ± 0.49	166.4 ± 28.8
P	< 0.001	< 0.001	< 0.001

颗粒的相关性最高 (表 3)。利用多元回归树分析发现悬浮颗粒、油污、亚硝酸盐、叶绿素 a 是影响浮游细菌群落多样性的主要因素 (分别解释了 22.0%、6.0%、6.5%、4.5% 的多样性变异)，其次为 pH、有机污染 A 和化学需氧量 (分别解释了 4.1%、5.5%、4.8% 的多样性变异) (图 3)。

2.4 浮游细菌群落与环境因子间的关系

对环境因子进行标准化处理，Mantel 检验

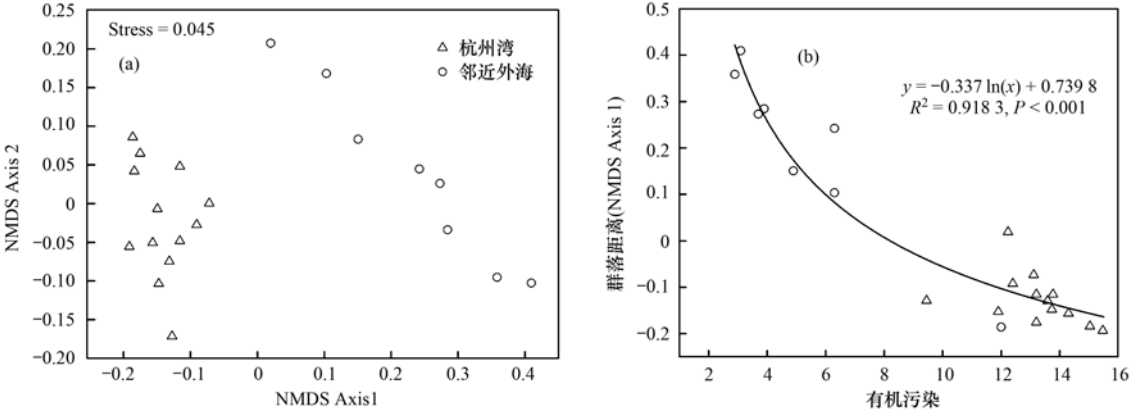


图 2 非度量多维尺度分析浮游细菌群落组成以及群落距离与有机污染的对数拟合
Fig. 2 Nonmetric multidimensional scaling analysis of bacterioplankton community composition and logarithm regression of community distance and organic pollution

表 3 浮游细菌多样性或群落组成与环境因子间的相关性分析¹⁾

环境参数	香农指数		系统发育多样性		群落组成	
	Pearson <i>r</i>	<i>P</i>	Pearson <i>r</i>	<i>P</i>	Mantel <i>r</i>	<i>P</i>
有机污染	0.71	<0.001	0.824	<0.001	-0.942	<0.001
盐度	-0.588	0.005	-0.687	0.001	0.869	<0.001
pH	-0.521	0.016	-0.58	0.006	0.717	<0.001
溶解氧	-0.468	0.032	-0.512	0.018	0.525	0.015
化学需氧量	-0.064	0.783	-0.067	0.771	0.079	0.735
悬浮颗粒	0.819	<0.001	0.802	<0.001	-0.680	0.001
硝酸盐	0.626	0.002	0.755	<0.001	-0.867	<0.001
磷酸盐	0.702	<0.001	0.783	<0.001	-0.935	<0.001
氨氮	-0.184	0.425	-0.24	0.295	0.382	0.087
亚硝酸盐	-0.496	0.022	-0.641	0.002	0.795	<0.001
叶绿素 a	-0.527	0.014	-0.62	0.003	0.705	<0.001
油类	-0.345	0.126	-0.45	0.041	0.659	0.001
总有机碳	-0.597	0.004	-0.587	0.005	0.381	0.088
总氮	0.502	0.002	0.661	0.001	-0.805	<0.001
总磷	0.665	0.001	0.684	0.001	-0.555	0.009
硅酸盐	0.668	0.001	0.754	<0.001	-0.832	<0.001

1) *r* 为多样性与环境变量间的相关性系数; 黑体字表示显著相关 ($P < 0.05$)

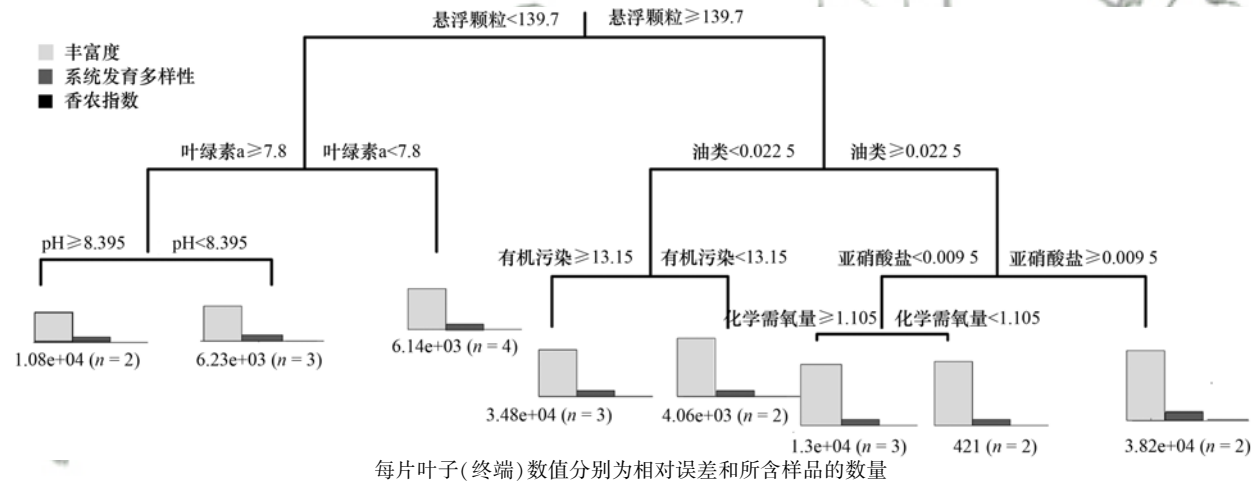


图 3 多元回归树分析影响浮游细菌多样性的环境因子

Fig. 3 Multiple regression tree analysis for identification of factors shaping the bacterioplankton diversity

(Mantel test, permutation = 999) 分析表明杭州湾海域及邻近外海微生物群落组成与有机污染最相关($r = -0.942$, $P < 0.001$) (表 3). 采用 BioEnv 筛选出对群落变异最相关($r = 0.82$) 的环境因子组合为有机污染 A、化学需氧量、叶绿素 a、总氮、硝酸盐和盐度. 冗余分析第一排序轴 (RDA 1) 的主要环境因子为有机污染 A (负相关, $r = -0.95$)、硝酸盐 (负相关, $r = -0.92$)、总氮 (负相关, $r = -0.93$)、叶绿素 a (正相关, $r = 0.70$); 第二排序轴 (RDA 2) 的主要环境因子为盐度 (正相关, $r = 0.86$)、化学需氧量 (负相关, $r = -0.61$), 这些因子共同解释了 71% 的群落变异. 有机污染作为单因子控制了 6.5%, 浮游细菌群落变异较大 (图 4).

2.5 基于有机污染程度筛选指示站点敏感浮游细菌

采用指示值法共挑选出 35 个敏感物种 (在 OTUs 水平), 利用热图显示指示物种的分布特征, 结果显示各样本能够按站点进行聚类 (图 5), 区分效果与 NMDS 分析相类似 [图 2(a)]. 杭州湾海域主要指示物种为立克次氏体 (Rickettsiales)、浮霉菌门、硝化螺旋菌科 (Nitrospiraceae)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、甲基球菌科 (Methylococcaceae) 和黄单胞杆菌目 (Xanthomonadales), 而 OM60、红杆菌科 (Rhodobacteraceae)、黄杆菌科、螳螂杆状体科 (Cryomorphaceae) 和放线菌门在其邻近外海相对丰度较高. 此外, Pearson 相关性分析表明指示群相对

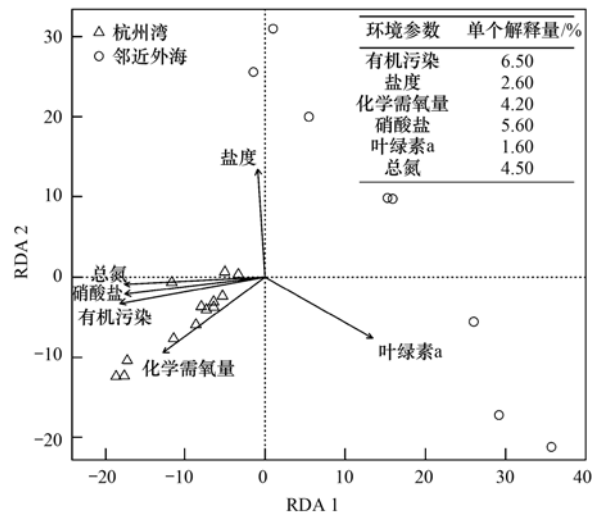


图 4 浮游细菌群落及其变异驱动的主要环境因子 RDA 双向排序图

Fig. 4 Redundancy analysis (RDA) ordination biplot showing the factors that drive the variations in bacterial community

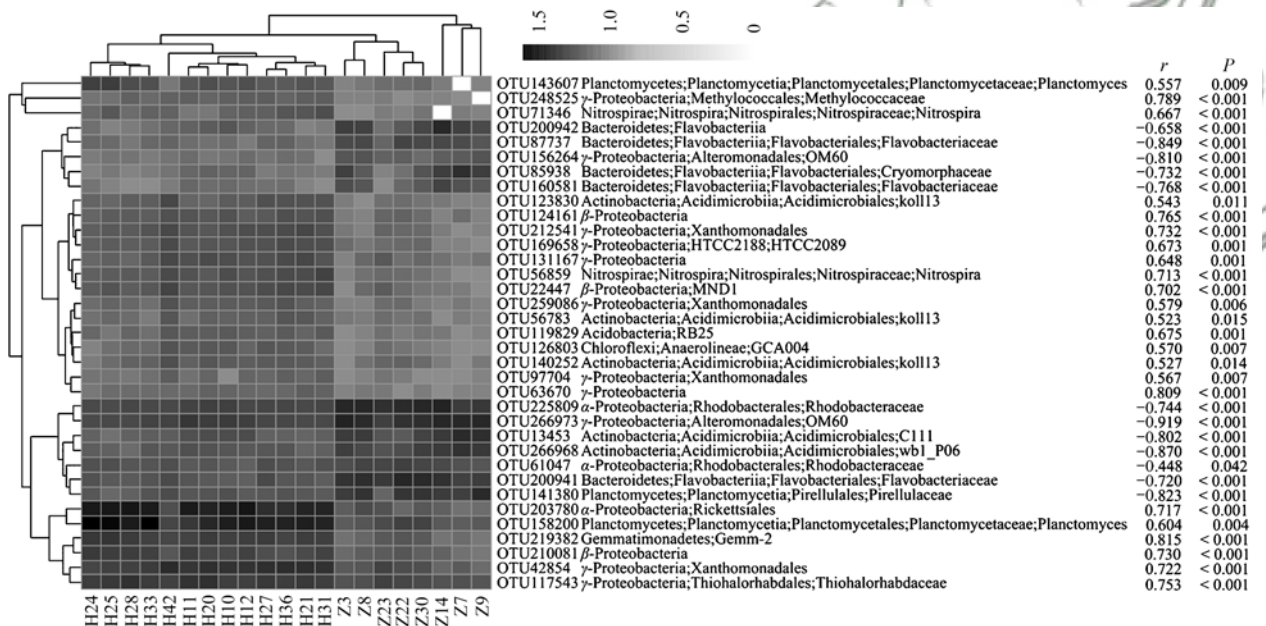


图 5 与有机污染显著相关的 35 个指示物种

Fig. 5 Indicator species significantly associated with the organic pollution index

这与其在寡营养环境的邻近外海相对丰度较高相一致(图 1)。因此, α -变形菌纲、 γ -变形菌纲、蓝细菌和拟杆菌的相对丰度对水质变化敏感, 可能对于指示和评估海域养殖有机污染引起的生态效应有一定的作用。多元回归树分析表明悬浮颗粒解释了 22% 的多样性变异, 是最主要的驱动因子(图 3), 这与悬浮颗粒与多样性指数强相关性结果相一致(表 3)。有研究表明, 悬浮颗粒在不同的微生境存在不同的可用基质, 而更高的多样性可能与微生物相关的生态位丰富度增加有关, 解释了本研究中浮游细

菌多样性与悬浮颗粒的最强耦合^[27]。

3 讨论

3.1 有机污染对浮游细菌多样性与组成的影响

有机污染物严重的杭州湾海域与邻近外海对照区的浮游细菌群落组成差异显著, 有机污染程度随群落距离的增加而减少(图 2), 但细菌多样性随有机污染的增加而增加。其主要优势菌群为 α -变形菌纲、 γ -变形菌纲、蓝细菌和拟杆菌(图 1)。其它研究也发现拟杆菌门和变形菌门等异养细菌在海洋中占较高比例^[24, 25]。随着有机污染程度增加, α -变形菌纲、 γ -变形菌纲和浮霉菌门的相对丰度也随之上升, 而拟杆菌和蓝细菌恰好相反。拟杆菌能够降解复杂有机物, 是有机物质的主要降解者^[26],

3.2 影响浮游细菌群落的主要环境因子

杭州湾地处径流带及主要工业区, 工业废水和生活污水大量入海, 再加上两河流域大量水和泥沙排放, 水体中的悬浮颗粒物及死亡的动植物及代谢产物等通过一系列降解矿化成无机盐, 同时也造成了一定的石油类和金属污染, 其邻近水域有机污染严重程度不断增加。本检测结果也发现营养盐(除氨氮)、悬浮颗粒、油等在杭州湾海域显著($P < 0.05$)高于邻近外海对照区(表 1)。主要营养盐分

布从近岸向外海逐渐递减,而该海域大量营养盐的输入,使浮游植物种间相互作用增加,导致群落结构改变,优势种形成^[11].丰富的营养盐也会使藻类过度生长,与本研究在邻近外海检测到的较高叶绿素 a 浓度结果一致.在中、低盐度区域,如杭州湾,高浓度的悬浮颗粒对磷酸盐表现出吸附-解吸的“缓冲”现象^[28].悬浮物对海域叶绿素 a 的分布有直接影响,悬浮物含量低的海域叶绿素 a 浓度相对较高^[11].而邻近海域叶绿素 a 含量高也可能是由于蓝细菌相对丰度较高(图 1).

利用 BioEnv 分析表明有机污染物、化学需氧量、叶绿素 a、总氮、硝酸盐和盐度是影响浮游细菌群落的主要环境因子组合.有研究发现细菌群落的分布与有机污染程度相关^[29],这与本研究的结果相一致,且相比于其他环境因子,有机污染作为单一因子解释了 6.5% 的群落变异,对浮游细菌群落变化影响较大(图 4).化学需氧量是衡量水中有机物质含量多少的一个综合指标,水体中的溶解性有机物是异养细菌生长繁殖和生命活动最基本的营养源^[30].而近海高密度海水养殖,往往忽视了例如未被利用的饵料、养殖水生生物自身的代谢产物等会产生大量有机质,造成化学需氧量不同而影响浮游细菌群落.类似地,营养盐浓度随排放距离逐渐降低,其中硝酸盐和硅酸盐变化差异显著(表 1).有大量的研究证实,营养盐浓度的动态变化会使某些浮游植物成为优势种,种间竞争压力增加^[11].此外,高密度水产养殖也会引起海水环境中 N、P 等营养元素的增加,影响浮游细菌群落组成,促进了条件致病菌的增殖和水产养殖病害的发生.在全球范围内,盐度已被认为是海洋环境中浮游细菌群落组成的主要决定因素^[31];大量研究报道了在不同河口盐度降低会导致 β -变形杆菌数量的增加^[32, 33];在沿海环境中盐度可能有助于物理分离水体及其驻留细菌群落的密度梯度^[34].

3.3 与有机污染相关的敏感指示物种

微生物能够综合地反映环境污染造成的长期影响^[6],同时发现浮游细菌群落的组成差异与有机污染程度显著相关(图 2).因此,提出利用敏感的浮游细菌作为评价有机污染水平的生物指标.采用指示值法筛选出 35 个指示细菌种(OTUs 水平),各指示种的相对丰度均与有机污染浓度显著相关($P < 0.05$)(图 5),且各指示种的变化与其已知的生态功能一致.这些指示种主要来源于 α -变形菌纲(立克次氏体、红杆菌科)、浮霉菌门和 γ -变形菌纲.

立克次氏体的相对丰度在杭州湾海域较高,与有机污染正相关,并可能与水产养殖病害发生有密切关系.有研究表明立克次氏体和红细菌可能导致对虾的大量死亡^[35].某些分类群(包括红杆菌科、弧菌属和黄杆菌科)过多也会导致细菌群落状态从健康转为患病^[36].浮霉菌门和 δ -变形杆菌富集为群落中的黏附颗粒,可能解释了这些分类群与悬浮颗粒之间的正相关性.拟杆菌为严格的厌氧菌,自由生活并附着于有机聚集体,与海洋植物或动物残体降解相关,是沿海远洋栖息地中最丰富的细菌群^[37].邻近外海的拟杆菌如黄杆菌科、螳螂杆状体科较丰富.有报道表明黄杆菌具有降解复杂有机物质和纤维素、几丁质等生物聚合物的特殊能力^[38, 39],且黄杆菌科能抑制弧菌的生长繁殖,减缓了水产养殖病害的发生,这可能使其海水有机污染程度比杭州湾小.黄杆菌还表现出作为藻类衍生代谢物消费者的潜在作用^[37].有研究表明,OM60 和黄杆菌富集于硝酸盐修饰的寡营养环境中,且 OM60 的相对丰度与叶绿素 a 含量正相关^[40, 41],这与笔者观察的结果相一致.除此之外,酸杆菌和芽单胞杆菌是土壤中最丰富的细菌门;因此,从钱塘江到海岸大量陆地投入可以使这些菌在杭州湾相对丰度较高.硝化螺旋菌在杭州湾的主导地位对于生物地球化学氮循环至关重要,而硝化细菌会随着环境(如温度、pH、溶氧量等)的不断变化而产生很大差异.此外,未鉴定的 β -变形菌相对丰度与有机污染严重程度正相关,但缺乏物种相关信息,目前不能推测其对生态功能的影响^[42].这些敏感的细菌类群均与有机污染显著相关,是有机污染环境的敏感响应者,可能作为评估海水有机污染水平的生物学指标.

4 结论

(1) 杭州湾海域人为活动及陆源输入导致有机污染程度增加,导致好营养型的 α -变形菌纲、 γ -变形菌纲的相对丰度增加,而寡营养型的蓝细菌和拟杆菌的相对丰度减少.

(2) 有机污染主要通过改变海水理化性质的间接作用影响浮游细菌群落组成,其中营养盐、悬浮颗粒、盐度等差异显著,导致浮游细菌群落组成发生变化,此外潜在病原菌丰度增加,可能威胁邻近海域的水产养殖.

(3) 浮游细菌群落组成差异与有机污染水平显著相关,表明微生态系统对环境污染敏感,可作为评价海洋有机污染水平敏感的生物学指标.

参考文献:

- [1] Fodelianakis S, Papageorgiou N, Pitta P, *et al.* The pattern of change in the abundances of specific bacterioplankton groups is consistent across different nutrient-enriched habitats in Crete[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2014, **80**(13): 3784-3792.
- [2] Xiong J B, Chen H P, Hu C J, *et al.* Evidence of bacterioplankton community adaptation in response to long-term mariculture disturbance [J]. *Scientific Reports*, 2015, **5**: 15274.
- [3] Dai T J, Zhang Y, Tang Y S, *et al.* Identifying the key taxonomic categories that characterize microbial community diversity using full-scale classification: a case study of microbial communities in the sediments of Hangzhou Bay [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2016, **92**(10): fiw150.
- [4] Hanson C A, Fuhrman J A, Horner-Devine M C, *et al.* Beyond biogeographic patterns: processes shaping the microbial landscape [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2012, **10**(7): 497-506.
- [5] Labbate M, Seymour J R, Lauro F, *et al.* Editorial: anthropogenic impacts on the microbial ecology and function of aquatic environments[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, **7**: 1044.
- [6] Dai W F, Zhang J J, Tu Q C, *et al.* Bacterioplankton assembly and interspecies interaction indicating increasing coastal eutrophication[J]. *Chemosphere*, 2017, **177**: 317-325.
- [7] Smith M B, Rocha A M, Smillie C S, *et al.* Natural bacterial communities serve as quantitative geochemical biosensors [J]. *mBio*, 2015, **6**(3): e00326-15.
- [8] Van der Gucht K, Cottenie K, Muylaert K, *et al.* The power of species sorting: local factors drive bacterial community composition over a wide range of spatial scales[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2007, **104**(51): 20404-20409.
- [9] 王春忠, 林国荣, 严涛, 等. 长毛对虾海水养殖环境以及虾肠道微生物群落结构研究[J]. *水产学报*, 2014, **38**(5): 706-712.
- Wang C Z, Lin G R, Yan T, *et al.* Microbial community in the shrimp (*Penaeus penicillatus*) intestine and its culture environment[J]. *Journal of Fisheries of China*, 2014, **38**(5): 706-712.
- [10] 胡常巨, 熊金波, 陈和平, 等. 象山港网箱养殖区与非养殖区的细菌群落分布[J]. *生态学报*, 2015, **35**(24): 8053-8061.
- Hu C J, Xiong J B, Chen H P, *et al.* Distribution of bacterioplankton communities in cage culture and non-cultured areas of Xiangshan Bay, Ningbo, China[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, **35**(24): 8053-8061.
- [11] 李云, 李道季, 唐静亮, 等. 长江口及毗邻海域浮游植物的分布与变化[J]. *环境科学*, 2007, **28**(4): 719-729.
- Li Y, Li D J, Tang J L, *et al.* Phytoplankton distribution and variation in the Yangtze River Estuary and its adjacent sea[J]. *Environmental Science*, 2007, **28**(4): 719-729.
- [12] 柴超, 俞志明, 宋秀贤, 等. 长江口水域富营养化特性的探索性数据分析[J]. *环境科学*, 2007, **28**(1): 53-58.
- Chai C, Yu Z M, Song X X, *et al.* Exploratory data analysis to the study of eutrophication in the Yangtze River Estuary, China [J]. *Environmental Science*, 2007, **28**(1): 53-58.
- [13] 柴小平, 胡宝兰, 魏娜, 等. 杭州湾及邻近海域表层沉积物重金属的分布、来源及评价[J]. *环境科学学报*, 2015, **35**(12): 3906-3916.
- Chai X P, Hu B L, Wei N, *et al.* Distribution, sources and assessment of heavy metals in surface sediments of the Hangzhou Bay and its adjacent areas[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2015, **35**(12): 3906-3916.
- [14] 王新, 李志江, 郑天凌. 海洋浮游细菌在东海赤潮高发区的分布与活性[J]. *环境科学*, 2010, **31**(2): 287-295.
- Wang X, Li Z J, Zheng T L. Distribution and activity of marine bacterioplankton at frequent HAB area of East China Sea[J]. *Environmental Science*, 2010, **31**(2): 287-295.
- [15] Magoč T, Salzberg S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. *Bioinformatics*, 2011, **27**(21): 2957-2963.
- [16] Caporaso J G, Kuczynski J, Stombaugh J, *et al.* QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data [J]. *Nature Methods*, 2010, **7**(5): 335-336.
- [17] Edgar R C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST[J]. *Bioinformatics*, 2010, **26**(19): 2460-2461.
- [18] Caporaso J G, Bittinger K, Bushman F D, *et al.* PyNAST: a flexible tool for aligning sequences to a template alignment[J]. *Bioinformatics*, 2010, **26**(2): 266-267.
- [19] DeSantis T Z, Hugenholtz P, Larsen N, *et al.* Greengenes, a chimera-checked 16S rRNA gene database and workbench compatible with ARB [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, **72**(7): 5069-5072.
- [20] 徐国锋, 龙绍桥, 秦铭俐, 等. 乐清湾养殖区富营养化现状分析与评价[J]. *海洋环境科学*, 2009, **28**(S1): 59-61.
- Xu G F, Long S Q, Qin M L, *et al.* Analysis and assessment on eutrophication status in culture zone of Yueqing Bay[J]. *Marine Environmental Science*, 2009, **28**(S1): 59-61.
- [21] 刘乐冕, 杨军, 余小青, 等. 厦门后溪流域沿城乡梯度浮游细菌多样性及其与环境因子的关系[J]. *应用与环境生物学报*, 2012, **18**(4): 591-598.
- Liu L M, Yang J, Yu X Q, *et al.* Bacterioplankton diversity in Xiamen Houxi River watershed along an urban-rural gradient and its relation to environmental factors [J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2012, **18**(4): 591-598.
- [22] De'ath G. Multivariate regression trees: a new technique for modeling species-environment relationships[J]. *Ecology*, 2002, **83**(4): 1105-1117.
- [23] Ramette A, Tiedje J M. Multiscale responses of microbial life to spatial distance and environmental heterogeneity in a patchy ecosystem[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2007, **104**(8): 2761-2766.
- [24] Murray A G, Jackson G A. Viral dynamics: a model of the effects of size, shape, motion and abundance of single-celled planktonic organisms and other particles [J]. *Marine Ecology Progress Series*, 1992, **89**: 103-116.
- [25] Cottrell M T, Kirchman D L. Community composition of marine bacterioplankton determined by 16S rRNA gene clone libraries and fluorescence in situ hybridization [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2000, **66**(12): 5116-5122.
- [26] Fernández-Gómez B, Richter M, Schüller M, *et al.* Ecology of marine Bacteroidetes: a comparative genomics approach [J]. *ISME Journal*, 2013, **7**(5): 1026-1037.

- [27] Ganesh S, Parris D J, DeLong E F, *et al.* Metagenomic analysis of size-fractionated picoplankton in a marine oxygen minimum zone[J]. *ISME Journal*, 2014, **8**(1): 187-211.
- [28] 高生泉, 陈建芳, 金海燕, 等. 杭州湾及邻近水域营养盐的时空分布与富营养化特征[J]. *海洋学研究*, 2011, **29**(3): 36-47.
- Gao S Q, Chen J F, Jin H Y, *et al.* Characteristics of nutrients and eutrophication in the Hangzhou Bay and its adjacent waters [J]. *Journal of Marine Sciences*, 2011, **29**(3): 36-47.
- [29] Jiao S, Chen W M, Wang E T, *et al.* Microbial succession in response to pollutants in batch-enrichment culture[J]. *Scientific Reports*, 2016, **6**: 21791.
- [30] 杨季芳, 王海丽, 陈福生, 等. 象山港海域细菌的分布特征及其环境影响因素[J]. *生态学报*, 2011, **31**(14): 4007-4018.
- Yang J F, Wang H L, Chen F S, *et al.* Distribution of marine bacteria and their environmental factors in Xiangshan Bay [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2011, **31**(14): 4007-4018.
- [31] Lozupone C A, Knight R. Global patterns in bacterial diversity [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2007, **104**(27): 11436-11440.
- [32] Bouvier T C, del Giorgio P A. Compositional changes in free-living bacterial communities along a salinity gradient in two temperate estuaries[J]. *Limnology and Oceanography*, 2002, **47**(2): 453-470.
- [33] Cottrell M T, Kirchman D L. Contribution of major bacterial groups to bacterial biomass production (thymidine and leucine incorporation) in the Delaware estuary [J]. *Limnology and Oceanography*, 2003, **48**(1): 168-178.
- [34] Fortunato C S. Spatial and temporal variability of bacterioplankton communities across river to ocean environmental gradients [D]. College Park, MD: University of Maryland, 2012.
- [35] Zhang D M, Wang X, Xiong J B, *et al.* Bacterioplankton assemblages as biological indicators of shrimp health status[J]. *Ecological Indicators*, 2014, **38**: 218-224.
- [36] Xiong J B, Zhu J Y, Dai W F, *et al.* Integrating gut microbiota immaturity and disease-discriminatory taxa to diagnose the initiation and severity of shrimp disease [J]. *Environmental Microbiology*, 2017, **19**(4): 1490-1501.
- [37] Alonso C, Warnecke F, Amann R, *et al.* High local and global diversity of *Flavobacteria* in marine plankton[J]. *Environmental Microbiology*, 2007, **9**(5): 1253-1266.
- [38] Kirchman D L. The ecology of *Cytophaga-Flavobacteria* in aquatic environments [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2002, **39**(2): 91-100.
- [39] Williams T J, Wilkins D, Long E, *et al.* The role of planktonic *Flavobacteria* in processing algal organic matter in coastal East Antarctica revealed using metagenomics and metaproteomics[J]. *Environmental Microbiology*, 2013, **15**(5): 1302-1317.
- [40] Goldberg S J, Nelson C E, Viviani D A, *et al.* Cascading influence of inorganic nitrogen sources on DOM production, composition, lability and microbial community structure in the open ocean [J]. *Environmental Microbiology*, 2017, **19**(9): 3450-3464.
- [41] Yan S, Fuchs B M, Lenk S, *et al.* Biogeography and phylogeny of the NOR5/OM60 clade of *Gammaproteobacteria* [J]. *Systematic and Applied Microbiology*, 2009, **32**(2): 124-139.
- [42] 戴文芳, 郭永豪, 郁维娜, 等. 三门湾近海有机污染对浮游细菌群落的影响 [J]. *环境科学*, 2017, **38**(4): 1414-1422.
- Dai W F, Guo Y H, Yu W N, *et al.* Effects of coastal organic pollution on bacterioplankton community in Sanmen Bay [J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(4): 1414-1422.

CONTENTS

An Assessment of PM _{2.5} -Related Health Risks and Associated Economic Losses in Chinese Cities	LI Hui-juan, ZHOU De-qun, WEI Yong-jie (3467)
Impact of the Electric Power Industry on Air Quality in Winter of Urban Agglomerations Along the Middle Reaches of the Yangtze River ...	SUN Xiao-wei, GUO Xiu-rui, CHENG Shui-yuan (3476)
Capacity Simulation Method Based on Regional Transfer Matrix and PM _{2.5} Concentration Target Constraint	LI Min-hui, LIAO Cheng-hao, YANG Liu-lin, <i>et al.</i> (3485)
Analysis of Chemical Composition of the Fine Particulate Matter in Summer in Tianjin City via a Single Particle Aerosol Mass Spectrometer (SPAMS)	WEN Jie, SHI Xu-rong, TIAN Ying-ze, <i>et al.</i> (3492)
Pollution Characteristics of Organic Carbon and Elemental Carbon in Atmospheric Aerosols in Beibei District, Chongqing	PENG Xiao-le, HAO Qing-ju, WEN Tian-xue, <i>et al.</i> (3502)
Characteristics and Source Analysis of Atmospheric Carbonaceous Aerosols in the Cities of Hangzhou and Ningbo	XU Hong-hui, XU Jing-sha, HE Jun, <i>et al.</i> (3511)
Emission Characteristics and Chemical Components of PM _{2.5} from Open Burning of Municipal Solid Waste	WANG Yan, HAO Wei-wei, CHENG Ke, <i>et al.</i> (3518)
Size-resolved Emission Factors of Carbonaceous Particles from Domestic Coal Combustion in China	YANG Guo-wei, KONG Shao-fei, ZHENG Shu-ni, <i>et al.</i> (3524)
Characteristics and Source Analysis of Non-methane Hydrocarbons (NMHC) in Dalian	Ji De-yu (3535)
Scenario Analyses of the Volatile Organic Compound Emission Allowance and Allocation in the 13th Five-Year Period	ZHANG Jia-ni, CHEN Xiao-fang, LIANG Xiao-ming, <i>et al.</i> (3544)
Pollution Characteristics and Emission Coefficients of Volatile Organic Compounds from the Packaging and Printing Industry in Zhejiang Province	WANG Jia-de, LÜ Jian-zhang, LI Wen-juan, <i>et al.</i> (3552)
Emission Characteristics and Characteristic Substance Identification of Volatile Odorous Organic Compounds in Industries Using Organic Solvents	ZHAI Zeng-xiu, MENG Jie, WANG Gen, <i>et al.</i> (3557)
Analysis of Aerosol Optical Depth Variation Characteristics for 10 years in Urumqi Based on MODIS_C006	HU Jun, KANG Yan-ming, CHEN Yong-hang, <i>et al.</i> (3563)
Motor Vehicle Pollution Control Scenarios of Beijing Subsidiary Administrative Center Based on Road Traffic Flow	FAN Shou-bin, GUO Jin-jin, LI Xue-feng (3571)
Air Pollution Characteristics and Jogger Inhalation Exposure in Typical Running Area of Beijing	TAO Shuang-cheng, GAO Shuo-han, XIONG Xin-zhu, <i>et al.</i> (3580)
Temporal and Spatial Changes in Sediment Nutrients and Heavy Metals of the Danjiangkou Reservoir Before and After Water Division of the Mid-route Project	LI Bing, WANG Ya, ZHENG Zhao, <i>et al.</i> (3591)
Fluorescence Characteristics and Environmental Significance of Organic Matter in the Northern Part of Lake Taihu in Spring and Winter	LÜ Wei-wei, YAO Xin, ZHANG Bao-hua (3601)
Contamination Levels and Ecological Risk Assessment of Phthalate Esters (PAEs) in the Aquatic Environment of Key Areas of Taihu Lake	ZHU Bing-qing, GAO Zhan-qi, HU Guan-jiu, <i>et al.</i> (3614)
Nitrogen and Phosphorous Adsorption Characteristics of Suspended Solids Input into a Drinking Water Reservoir via Typhoon Heavy Rainfall	YAO Ling-ai, ZHAO Xue-min, MA Qian-li, <i>et al.</i> (3622)
Geochemical Characteristics and Genesis Analyses of High-arsenic Groundwater in the Pearl River Delta	ZHANG Chang-yan, HE Jiang-tao, ZHANG Xiao-wen, <i>et al.</i> (3631)
Effects of Organic Pollutants on the Bacterioplankton Community in Hangzhou Bay	XUAN Li-xia, DAI Wen-fang, YU Wei-na, <i>et al.</i> (3640)
Bacterioplankton Community Structure in the Lancang River Basin and the Analysis of Its Driving Environmental Factors	CHENG Bao, WANG Xue, XU Ya-qian, <i>et al.</i> (3649)
Bacterial Community Structure Characteristics in the Biliuhe Reservoir and Its Key Driving Factors	WANG Huan, ZHAO Wen, XIE Zai-gang, <i>et al.</i> (3660)
Analysis of the Temporal and Spatial Distribution of the Diversity of the Denitrifying Anaerobic Methane-Oxidizing Bacterial Community in the Sediments of the Hunhe River and Its Relationship with Environmental Factors	ZHANG Ya-di, SONG Yong-hui, PENG Jian-feng, <i>et al.</i> (3670)
Influences of Anthropogenic Activities on the Community Structure of N-DAMO Bacteria in the North Canal	LIU Yang, CHEN Yong-juan, WANG Xiao-yan, <i>et al.</i> (3677)
Impact of Exogenous Nitrogen Import on Sediment Denitrification and N ₂ O Emissions in Ditches Under Different Land Uses	SHE Dong-li, CHEN Xin-yi, GAO Xue-mei, <i>et al.</i> (3689)
Sedimentation Characteristics and Pollutant Content Distribution of Storm Drainage Sediments	SHANG Yu, ZHOU Yi, LIAO An-yi, <i>et al.</i> (3696)
Effect of Cr(VI) on Coagulation Process of Different Coagulants	GAO Qian, ZHANG Da-wei, XU Hui, <i>et al.</i> (3704)
Enhancement of Photoelectrocatalytic Degradation of Bisphenol A with Peroxymonosulfate Activated by a Co ₃ O ₄ /BiVO ₄ Composite Photoanode	LI Jiang, WANG Yan, ZHANG Xiu-fang, <i>et al.</i> (3713)
Preparation and Characterization of a Calcium Alginate/Biochar Microsphere and Its Adsorption Characteristics and Mechanisms for Pb(II)	YU Chang-jiang, DONG Xin-yu, WANG Miao, <i>et al.</i> (3719)
Behaviors and Mechanisms of CIP and OFL Adsorption by Magnetic Biochar	ZHAO Hua-xuan, LANG Yin-hai (3729)
Optimization and Validation of the Analytical Method to Detect New Psychoactive Substances in Wastewater	CHEN Pei-pei, DU Peng, ZHOU Zi-lei, <i>et al.</i> (3736)
Effect of Hybrid Process of Pre-ozonation and CNT Modification on Hollow Fiber Membrane Fouling Control	GUAN Yu-qi, WANG Kai-lun, ZHU Xue-dong, <i>et al.</i> (3744)
Bioregeneration of Anion Exchange Resin Used in Nitrate Removal	YE Ting, ZHANG Guang, WANG Ke, <i>et al.</i> (3753)
Preparation of Prussian Blue@Yeast Catalyst and Its Heterogeneous Fenton Performance	CHEN Si, BAI Bo, WANG Hong-lun, <i>et al.</i> (3759)
Nitrogen Removal of Double-bacteria-layer System via PN/A Process	XU Jing-yi, DU Jun, YANG Yi-feng, <i>et al.</i> (3767)
Inhibitory Effect of Phenol on Phosphorus Removal Performance of an EBPR System	MA Juan, WANG Jin, YU Xiao-jun, <i>et al.</i> (3775)
Treatment of Old Landfill Leachate via a Denitrification-Partial Nitritation-ANAMMOX Process	WANG Fan, LU Ming-yu, YIN Ji-qiang, <i>et al.</i> (3782)
Denitrification Characteristics and Functional Genes of Denitrifying Bacteria Under Aerobic or Anaerobic Conditions	KANG Peng-liang, CHEN Sheng-nan, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (3789)
Characteristic of Benzo[a]pyrene Anaerobic Degradation by Phenol Co-substrate and Microbial Communities from Two Types of Sludge	WU Hai-zhen, HU Xiao-yi, WANG Ming, <i>et al.</i> (3797)
Spectroscopic Characterization of DOM During Hyperthermophilic Composting of Sewage Sludge	LIU Xiao-ming, YU Zhen, ZHOU Pu-xiong, <i>et al.</i> (3807)
Effects of Biochar on Nitrous Oxide Fluxes and the Abundance of Related Functional Genes from Agriculture Soil in the North China Plain	LIU Xing-ren, ZHAO Guang-xin, ZHANG Qing-wen, <i>et al.</i> (3816)
Nitrous Oxide Production in Response to Oxygen in a Solar Greenhouse Vegetable Soil	CHEN Ji-ji, SONG He, CAO Wen-chao, <i>et al.</i> (3826)
Comprehensive Study of Lead Speciation and Its Bioavailability in Soils From a Lead/Zinc Mining Area by Micro X-Ray Fluorescence and X-Ray Absorption Near-Edge Structure	SUN Xiao-yan, LIU Jian, LUO Li-qiang (3835)
Assessment of Heavy Metal Pollution in Soil and Its Bioaccumulation by Dominant Plants in a Lead-Zinc Mining Area, Nanjing	LI Jun-kai, ZHANG Dan, ZHOU Pei, <i>et al.</i> (3845)
Preparation of Iron-Aluminum Modified Diatomite and Its Immobilization in Cadmium-Polluted Soil	YANG Yu-zhong, ZHU Jian, XIAO Yuan-yuan, <i>et al.</i> (3854)
Transfer of Soil Organic Carbon to Inorganic Carbon in Arid Oasis Based on Stable Carbon Isotope Technique	LI Yang-mei, GONG Lu, AN Shen-qun, <i>et al.</i> (3867)
Environmental Filters Drive the Assembly of the Soil Fungal Community in the <i>Larix principis-rupprechtii</i> Forests of the Guandi Mountains	ZHAO Peng-yu, LI Cui, CHAI Bao-feng (3876)
Effects of Transgenic Maize with <i>cry1Ab</i> and <i>Epsps</i> Genes C0030.3.5 on the Abundance and Community Structure of Soil Nitrogen-fixing Bacteria	WANG Rui, ZHU Ke, LI Gang, <i>et al.</i> (3885)
Effects of Gypsum on CH ₄ Emission and Functional Microbial Communities in Paddy Soil	HU Xiang-yu, XIANG Qiu-jie, MU Zhi-jian (3894)
Effects of Long-term Fertilization on Enzyme Activities in Profile of Paddy Soil Profiles	DU Lin-sen, TANG Mei-ling, ZHU Zhen-ke, <i>et al.</i> (3901)
Effects of Sediment Burial and Exogenous Cd Input on Biomass Allocation and Antioxidative Enzyme Activities of <i>Suaeda salsa</i> in the Coastal Wetland of the Yellow River Delta	SONG Hong-li, WANG Li-zhi, YU Wan-ni, <i>et al.</i> (3910)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in Wheat Grains Cultivated in Kaifeng Irrigation Area of the Yellow River	KANG Guo-hua, ZHANG Peng-yan, LI Yan-yan, <i>et al.</i> (3917)
Effect of Graphene Oxide on Algal Toxicity of Dibutyl Phthalate	TU Hai-feng, LIU Cheng, WANG Yu-qing, <i>et al.</i> (3927)
Effects of Organic Substrates on ANAMMOX-MFC Denitrification Electrogenesis Performance	ZU Bo, MA Lan, LIU Bo, <i>et al.</i> (3937)
Well-to-Wheels Fossil Energy Consumption and CO ₂ Emissions of Hydrogen Fuel Cell Vehicles in China	LIN Ting, WU Ye, HE Xiao-yi, <i>et al.</i> (3946)
Secondary Organic Aerosols from Aqueous Reaction of Aerosol Water	YE Zhao-lian, QU Zhen-xiu, MA Shuai-shuai, <i>et al.</i> (3954)