

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第39卷 第10期

Vol.39 No.10

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

我国典型城市环境大气挥发性有机物特征比值 王鸣, 陈文泰, 陆思华, 邵敏 (4393)

2015年北京大气VOCs时空分布及反应活性特征 张博韬, 安欣欣, 王琴, 闫贺, 刘保献, 张大伟 (4400)

北京市建筑类涂料VOCs排放清单编制技术方法及应用 邓子钰, 高美平, 王庆玮, 聂磊 (4408)

基于实测的建筑类涂料挥发性有机物(VOCs)含量水平及组分特征 高美平, 邓子钰, 聂磊, 邵霞, 安小栓 (4414)

2014~2016年京津冀沿山城市空气质量首要污染物特征分析 王晓彦, 王帅, 朱莉莉, 许荣, 李健军 (4422)

北京市大气环境PM_{2.5}和PM₁₀及其碳质组分季节变化特征及来源分析 樊啸辰, 郎建垒, 程水源, 王晓琦, 吕喆 (4430)

南京春季北郊地区大气PM_{2.5}中主要化学组分及碳同位素特征 周一鸣, 韩珣, 王瑾瑾, 陈善莉, 沈潇雨, 章炎麟, 朱彬, 郭照冰 (4439)

热脱附法快速分析大气细颗粒物中非极性有机物 马英歌, 吴霞, 彭梦梦, 冯加良, 郁建珍, 乔利平, 周敏, 朱书慧, 李莉 (4446)

杭州市空气细颗粒物浓度与哮喘就诊人次的关系 王安旭, 陈曦, 宋从波, 应颂敏, 李倩, 吴琳, 毛洪钧 (4457)

基于远程通讯技术的混动公交车SCR系统运行及NO_x排放特征 杨强, 胡馨遥, 黄成, 陈昀, 刘佳栋, 李莉, 熊忠亮, 唐伟 (4463)

基于环境风险排序的流域优先污染物筛选 李奇锋, 吕永龙, 王佩, 张悦清 (4472)

重庆远郊丰都雪玉洞流域大气无机氮湿沉降变化特征与来源分析 段世辉, 蒋勇军, 张远瞩, 胡刘婵, 曾泽, 吕现福 (4479)

黑龙江凉水国家级自然保护区大气氮沉降特征 宋蕾, 田鹏, 张金波, 金光泽 (4490)

脱甲河水系N₂O关键产生过程及氮素来源探讨 赵强, 吕成文, 秦晓波, 吴红宝, 万运帆, 廖育林, 鲁艳红, 李健陵 (4497)

生物炭添加对曝气人工湿地脱氮及氧化亚氮释放的影响 王宁, 黄磊, 罗星, 梁岩, 王燕, 陈玉成 (4505)

黑麦草对水体中镉-壬基酚复合污染的生理响应及修复 史广宇, 李中义, 张路, 程媛媛, 陈宏伟, 施维林 (4512)

城市黑臭水体的吸收特性分析 丁潇蕾, 李云梅, 吕恒, 朱利, 温爽, 雷少华 (4519)

岷江上游水体中DOM光谱特征的季节变化 范诗雨, 秦纪洪, 刘堰杨, 孙辉 (4530)

防渗型生物滞留中试系统降雨径流水质与三维荧光特征 林修咏, 王书敏, 李强, 谢云成 (4539)

基于δ¹⁵N和δ¹⁸O的农业区地下水河硝酸盐污染来源 盛婷, 杨平恒, 谢国文, 洪爱花, 曹聪, 谢世友, 时伟宇 (4547)

垃圾填埋场地下水溶解性有机物光谱特征 彭莉, 虞敏达, 何小松, 刘思佳, 张鹏 (4556)

铅负载颗粒沸石改良底泥对水中磷酸盐的吸附行为 梁舒静, 林建伟, 詹艳慧, 汪振华, 李雅灵, 何思琪, 陈海洋, 唐凤霞, 李志强 (4565)

基于紫外光谱分析的腐殖质混凝控制 张北辰, 张晓蕾, 秦兰兰, 黄海鸥 (4576)

AAO工艺联合臭氧削减污水中微量有机污染物及遗传毒性 李默, 汪震哲, 陈志强, 温沁雪 (4584)

抗生素抗性基因在两级废水处理系统中的分布和去除 李奥林, 陈吕军, 张衍, 代天娇, 田金平, 刘锐, 温东辉 (4593)

磁性壳聚糖凝胶球固定厌氧氨氧化菌对废水氨氮去除的影响 刘志文, 陈琛, 彭晓春, 谢武明, 黄镇扬, 韩庆吉 (4601)

海藻糖强化厌氧氨氧化耦合反硝化工艺处理高盐废水的脱氮除碳效能 杨振琳, 于德爽, 李津, 王晓霞, 冯莉 (4612)

低温下A²/O-BAF反硝化除磷脱氮特性 黄剑明, 赵智超, 郑隆举, 邵兆伟, 安芳娇, 陈永志 (4621)

O₃-BAC深度处理石化废水厂尾水的特性及菌群结构分析 张超, 单明皓, 许丹宁, 古明哲, 代蓓蓓, 纪轩, 孙井梅 (4628)

基于MBR不同种泥短程硝化启动的微生物群落结构分析 吴鹏, 陈亚, 张婷, 沈耀良, 徐乐中 (4636)

3种不同工艺切换下活性污泥菌群结构及代谢产物对污泥沉降性能的影响 温丹丹, 袁林江, 陈希, 王洋, 申童童, 刘小博 (4644)

硫酸盐还原菌活性污泥胞外聚合物对环丙沙星的吸附机制 张会群, 贾妍艳, 方荷婷, 阴琳婉, 吕慧 (4653)

包埋活性污泥反硝化性能的快速提高及群落分析 杨宏, 徐富, 孟琛, 苏姗, 袁星 (4661)

中国粮食主产区耕地土壤重金属时空变化与污染源分析 尚二萍, 许尔琪, 张红旗, 黄彩红 (4670)

典型区土壤重金属空间插值方法与污染评价 马宏宏, 余涛, 杨忠芳, 侯青叶, 曾庆良, 王锐 (4684)

秸秆与化肥减量配施对菜地土壤温室气体排放的影响 黄容, 高明, 黎嘉成, 徐国鑫, 吕盛, 罗梅 (4694)

不同肥料施用对设施蔬菜地NH₃挥发和N₂O排放的影响 山楠, 韩圣慧, 刘继培, 陈清, 袁玉玲, 王立刚, 李虎 (4705)

施肥类型和水热变化对农田土壤氮素矿化及可溶性有机氮动态变化的影响 田飞飞, 纪鸿飞, 王乐云, 郑西来, 辛佳, 能惠 (4717)

长期不同施肥量对全程氨氧化细菌丰度的影响 王梅, 王智慧, 石孝均, 蒋先军 (4727)

典型绿洲不同土壤类型有机碳含量及其稳定碳同位素分布特征 陈新, 贡璐, 李杨梅, 安申群, 赵晶晶 (4735)

凹凸棒石及其改性材料对土壤镉生物有效性的影响与机制 陈展祥, 陈传胜, 陈卫平, 焦文涛 (4744)

天然有机物活化过硫酸盐降解土壤有机污染物效果 刘琼枝, 廖晓勇, 李尤, 龚雪刚, 曹红英, 罗俊鹏 (4752)

水分管理和外源硒对水稻吸收累积铅的影响 万亚男, 刘哲, Aboubacar Younoussa Camara, 余垚, 王琪, 李花粉 (4759)

窖水中微生物降解污染物的关键细菌 杨浩, 杨晓妮, 张国珍, 王宝山, 张翔, 李健 (4766)

砷氧化菌对胡敏酸络合As(III)的氧化作用 李泽姣, 崔岩山, 尹乃毅, 蔡晓琳, 都慧丽, 王鹏飞 (4778)

海域高温油田1株耐高温耐盐硫酸盐还原菌的筛选与生理特性及活性抑制 杨春璐, 苑美玉, 史荣久, 闫鹏举, 赵峰, 韩斯琴, 张颖 (4783)

1株耐盐异养硝化-好氧反硝化菌Zobellella sp. B307的分离及脱氮特性 白洁, 陈琳, 黄潇, 胡春辉, 赵阳国, 李岩然 (4793)

1株镰刀菌属KY123915的分离及其对17β-雌二醇的降解特性 吴蔓莉, 祝长成, 祁燕云, 时艺馨, 徐会宁, 杨瑾如 (4802)

氟喹诺酮对垂直流人工湿地性能及微生物群落的影响 李新慧, 郑权, 李静, 王晓慧, 海热提 (4809)

林可霉素菌渣堆肥微生物群落多样性分析 任省涛, 郭夏丽, 芦阿度, 张倩倩, 郭笑盈, 王岩, 王连忠, 张元宝 (4817)

DEP对蚯蚓抗氧化酶系的影响及DNA损伤 平令文, 李现旭, 张翠, 宋佩佩, 王金花, 朱鲁生, 王军 (4825)

生活垃圾焚烧飞灰矿物学特性及重金属分布 李建陶, 曾鸣 (4834)

《环境科学》征订启事 (4429) 《环境科学》征稿简则 (4471) 信息 (4529, 4777, 4816)

窖水中微生物降解污染物的关键细菌

杨浩^{1,2}, 杨晓妮³, 张国珍^{1,2*}, 王宝山^{1,2}, 张翔¹, 李健¹

(1. 兰州交通大学环境与市政工程学院, 兰州 730070; 2. 寒旱地区水资源综合利用教育部工程研究中心, 兰州 730070; 3. 甘肃农业大学资源与环境学院, 兰州 730070)

摘要: 为探究以氮、磷及有机物污染为主要特征的、窖水中参与污染物降解的关键细菌及它们之间潜在的相关关系, 基于 16S rRNA 的微生物组学截面数据, 分析了窖水中细菌群落结构与功能及其与水质因子间的相关性, 并通过微生物物种的同现或相关种间作用推断模型, 构建了 7 个微生物菌属间的共现性关联网络. 结果表明, 窖水中存在具有相对特定生态功能的细菌, 进行着诸多活跃的与新陈代谢功能基因相关的代谢活动; 窖水微生物类群共现性关联网络中大部分节点的菌属互利共生类型的生态关系; *Lacibacter*、*Arthrobacter*、*Candidatus Protochlamydia*、*Methylocaldum*、*Sulfuritalea*、*Mycobacterium*、*Aquirestis*、*Rhodobacter*、*Methylotenera* 等菌属拥有较高的点度中心度; 较强的相互作用发生在 *Sulfuritalea-Rhodobacter*、*Azospirillum-Rhodobacter*、*Methylocaldum-Rhodobacter*、*Arthrobacter-Rhodobacter*、*Rhodoplanes-Rhodobacter*、*Candidatus Protochlamydia-Rhodobacter*、*Methylotenera-Rhodobacter*、*Rhodobacter-Aquirestis*、*Mycobacterium-Rhodobacter*、*Planctomyces-Candidatus Solibacter*、*Planctomyces-Legionella*、*Hymenobacter-Adhaeribacter*、*Luteolibacter-Crenothrix* 之间. 综合分析节点微生物相关性、点度中心度及菌属间的互作强度, 认为 *Rhodobacter*、*Methylocaldum*、*Methylotenera*、*Acinetobacter*、*Novosphingobium*、*Planctomyces*、*Hymenobacter*、*Luteolibacter* 为参与窖水污染物微生物降解的关键细菌, *Rhodobacter* 为关键细菌的代表属. 研究结果加深了对窖水中污染物微生物降解机制的认识.

关键词: 集雨窖水; 细菌群落组成; 群落基因功能; 微生物共现性关联网络; 关键细菌

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2018)10-4766-12 DOI: 10.13227/j.hjkk.201711123

Key Bacteria for the Microbial Degradation of Pollutants in Cellar Water

YANG Hao^{1,2}, YANG Xiao-ni³, ZHANG Guo-zhen^{1,2*}, WANG Bao-shan^{1,2}, ZHANG Xiang¹, LI Jian¹

(1. School of Environmental and Municipal Engineering, Lanzhou Jiaotong University, Lanzhou 730070, China; 2. Engineering Research Center for Cold and Arid Regions Water Resource Comprehensive Utilization, Ministry of Education, Lanzhou 730070, China; 3. College of Natural Resources and Environment, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China)

Abstract: The study aimed to identify the key bacteria and the potential interactions among these bacteria during the degradation of pollutants in cellar water. The main pollution characteristics were nitrogen, phosphorus and organic pollution. The structure and function of the bacterial community and its correlation with water quality variables were analyzed. A network of seven associations of microbial co-occurrence was set up, based on 16S rRNA and the model for inferring co-occurrence or interspecific interactions of microbial species. This showed that there were a large number of microorganisms with relatively specific ecological functions in the cellar water, and that many metabolic activities were involved. The ecological relationships of most bacteria in the association network were a form of mutualism. The most prominent genera included *Lacibacter*, *Arthrobacter*, *Candidatus Protochlamydia*, *Methylocaldum*, *Sulfuritalea*, *Mycobacterium*, *Aquirestis*, *Rhodobacter*, and *Methylotenera*. The strong associations were observed between following bacteria: *Sulfuritalea-Rhodobacter*, *Azospirillum-Rhodobacter*, *Methylocaldum-Rhodobacter*, *Arthrobacter-Rhodobacter*, *Rhodoplanes-Rhodobacter*, *Candidatus Protochlamydia-Rhodobacter*, *Methylotenera-Rhodobacter*, *Rhodobacter-Aquirestis*, *Mycobacterium-Rhodobacter*, *Planctomyces-Candidatus Solibacter*, *Planctomyces-Legionella*, *Hymenobacter-Adhaeribacter*, and *Luteolibacter-Crenothrix*. It was considered that *Rhodobacter*, *Methylocaldum*, *Methylotenera*, *Acinetobacter*, *Novosphingobium*, *Planctomyces*, *Hymenobacter*, and *Luteolibacter* were the key bacteria involved in microbial degradation of cellar water pollutants, and *Rhodobacter* was the representative genus of the key bacteria. The authors concluded that the research results improved understanding of the microbial degradation mechanism of pollutants in cellar water.

Key words: cellar water; community complexity; microbial community functional gene; association network of microbial co-occurrence; key bacteria

污染物进入水体后, 由于水体的自净作用, 污染物浓度会发生衰减. 自净过程中污染物浓度衰减主要是由于发生了物理反应(如沉降、稀释等), 化学反应(如氧化还原反应、水解反应等)及生物反应(如微生物的新陈代谢、浮游植物的吸收等). 其中

生化反应能使污染物实现真正降解^[1], 有助于减少

收稿日期: 2017-11-14; 修订日期: 2018-03-27

基金项目: 国家自然科学基金项目(51768031, 51368029)

作者简介: 杨浩(1980~), 男, 博士研究生, 讲师, 主要研究方向为水源水体水质修复, E-mail: haoyang7614236@163.com

* 通信作者, E-mail: guozhenzhang126@126.com

水体中的污染物总量, 生物降解过程是生化反应的主要方面^[2]. 在水生态系统中, 作为污染物生物降解的主要承担者, 微生物群落通过新陈代谢的方式, 降解水体中的各种污染物.

然而, 微生物生态系统是一个比单一物种复杂得多的系统, 大部分的微生物只参加一种或两种反应, 表现出一种或两种生理功能, 少数微生物则参与多种反应, 表现出多种生理功能^[3]. 除此之外, 在微生物生态系统中, 虽然优势菌是影响群落功能的主要因素, 但是近年来诸多研究表明低丰度菌也对群落功能有着巨大贡献, 起到关键作用的并不仅仅是丰度较高的优势菌, 还包括大量的低丰度菌^[4,5]. 因此, 如何从众多的微生物菌群中筛选出参与生物降解的关键类群及了解其生态互作关系, 是理解污染物微生物降解机理的关键问题之一. 目前, 将 16S rRNA 的测序技术获得的大量微生物组学数据与种间相互作用推断模型相结合, 通过构建微生物之间的共现性网络, 已经成为研究和预测土壤、海洋及活性污泥等环境中微生物群落的关键物种^[6,7]、演替^[8-10]、生态互作关系^[3,11,12]等的主流方法.

经研究, 在窖水的自净过程中, 表征污染物的各项水质指标均出现下降趋势, 影响窖水水质变化的主要因素有泥沙物理沉降和微生物的生物降解作用, 其中微生物的生物降解发挥了重要的作用. 本文拟通过构建窖水微生物类群的共现性关联网络, 筛选参与生物降解的关键类群并预测其生态互作关系, 以期揭示窖水水质变化机制提供依据.

1 材料与方法

1.1 水样采集及处理

窖水样品取自我国干旱半干旱典型集雨地区同一个自然村的农家庭院, 针对不同集流面和水窖类型组合现场取样, 水窖结构及采样点布设情况如图 1 所示. 其中, 1、2、3 号为黄土地集流面 + 红黏土水窖模式(A), 4、5、6 号为黄土地集流面 + 混凝土水窖模式(B), 7、8、9 号为混凝土集流面 + 混凝土水窖模式(C), 10、11、12 号为混凝土集流面 + 红黏土水窖模式(D). 水样置于冰盒中带回实验室, 取 400 mL 的水样经 0.22 μm 聚碳酸酯膜负压过滤, 收集滤膜, 用事先灭菌且经过 75% 的酒精消毒的医用剪刀剪碎后, 置于 2 mL 的无菌离心管中, 于 -80°C 的超低温冰箱中保存至 DNA 提取.

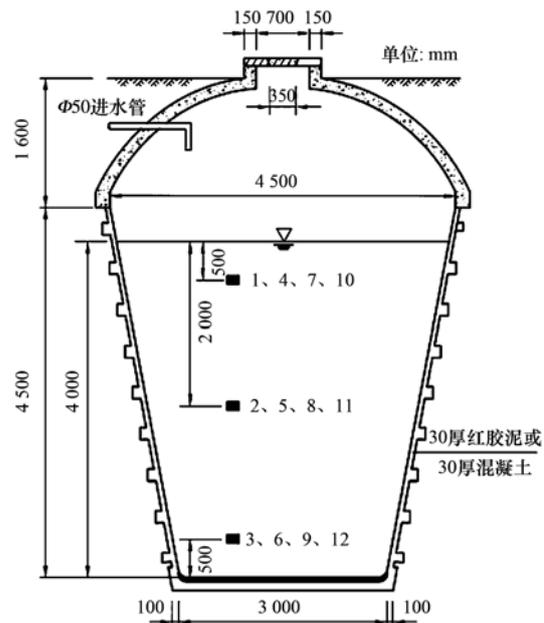


图 1 水窖结构及采样点布设示意

Fig. 1 Structure of cellar water and sample layout

1.2 细菌基因组 DNA 的提取及测序

窖水水样的细菌基因组 DNA 采用 Water DNA Isolation Kit 试剂盒提取. 待 DNA 完全溶解后, 使用超微量紫外可见分光光度计 (美国 Quawell Q5000) 检测其浓度, 并根据 D_{260}/D_{280} 的值检测其纯度, 在凝胶成像系统上拍照观察分析 DNA 样品的完整性.

以 12 个 DNA 原液作为 PCR 模板, 利用细菌 16S rDNA 通用引物进行 V4 区扩增, 反应结束后配制 2% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物. 经检测, PCR 扩增图谱条带清晰明显, 且条带位置一致, 背景干净, 符合后续分析要求. 委托上海派森诺生物科技有限公司, 使用 Illumina MiSeq 对 V4 区进行高通量测序.

1.3 生物信息学分析

使用 Qiime 对原始数据进行聚类分析, 主要步骤包括双末端序列装配、去除低质量序列、去重复, 运用 Mothur 软件去嵌合体, 得到优质序列. 对优质序列按序列相似度 0.97 进行聚类, 选取每个类中最长的序列为代表序列, 使用 Greengene 注释数据库对获得的 OTUs 代表序列进行分类学鉴定, 获得每个 OTU 代表序列的分类学信息. 之后对 OTU 进行精简处理, 去掉丰度值小于总序列条数 0.001% 的 OTU, 得到精简后的 OTU 列表. 利用 Mothur 软件中的 summary. single 命令, 计算菌群 Chao、ACE、Shannon、Simpson 多样性指数. 计算各

OTUs 在各样品中的相对丰度并分别在纲、属水平上进行汇总,使用 R 语言,对丰度前 50 位的属进行聚类分析并绘制热图. 基于 16S rRNA 基因序列,利用预测宏基因组功能基因的生物信息学软件包 (PICRUSt),进行窖水细菌群落基因功能预测,并统计分析与新陈代谢相关的功能基因. 基于 OTUs 相对丰度,使用 Mothur 软件,计算相对丰度前 50 位的优势菌属之间的 Spearman 等级相关系数,对 $\rho > 0.6$ 且 P 值 < 0.01 的相关优势菌属构建关联网络,并导入 Cytoscape 软件进行可视化.

表 1 窖水物理化学指标

Table 1 Physico-chemical parameters of cellar water

样品	温度/°C	pH	浊度 /NTU	高锰酸盐指数 /mg·L ⁻¹	BOD ₅ /mg·L ⁻¹	NH ₄ ⁺ -N /mg·L ⁻¹	NO ₂ ⁻ -N /mg·L ⁻¹	NO ₃ ⁻ -N /mg·L ⁻¹	TN /mg·L ⁻¹	TP /mg·L ⁻¹	UV ₂₅₄
1	10.0	7.85	5.10	3.360	0.000	0.140	0.000	0.060	1.140	0.100	0.061
2	10.0	7.74	5.00	3.342	0.587	0.145	0.009	0.058	1.150	0.105	0.057
3	10.0	7.62	4.90	3.375	0.782	0.142	0.002	0.061	1.143	0.107	0.065
4	8.00	7.85	5.60	3.890	1.300	0.150	0.010	0.340	1.620	0.120	0.094
5	8.00	7.76	5.50	3.725	1.280	0.158	0.015	0.309	1.618	0.115	0.091
6	8.00	7.71	5.70	3.857	1.340	0.146	0.012	0.354	1.634	0.131	0.102
7	10.0	7.84	3.10	2.390	1.600	0.350	0.040	0.350	1.980	0.180	0.036
8	10.0	7.82	3.54	2.380	1.650	0.340	0.041	0.340	1.970	0.182	0.035
9	10.0	7.86	3.02	2.391	1.589	0.350	0.042	0.335	1.950	0.175	0.037
10	10.0	7.79	13.6	4.260	2.800	0.290	0.010	0.000	0.850	0.120	0.075
11	10.0	7.75	12.8	4.240	2.740	0.310	0.014	0.001	0.840	0.124	0.074
12	10.0	7.62	13.4	4.280	2.910	0.280	0.009	0.000	0.860	0.118	0.073

水质评价过程中往往涉及众多水质指标,且各指标之间存在着紧密的联系. 在涉及水质多指标综合评价的过程中,可能会因为指标间存在共线性问题而无法客观地对水质污染状况进行评价,具有一定的局限性. 为了进一步辨识反映窖水水质污染状况的关键因子,解析污染成因,对窖水水质指标数据进行主成分分析(表 2).

通过降维(特征值 > 1.0)提取了 3 个主成分,其累积贡献率达到了 93.559%,体现了水质指标的绝大多数信息(表 2). 第一主成分 PC1 的贡献率为 51.413%,反应的信息量最大,NO₂⁻-N(0.923)、NO₃⁻-N(0.744)、TN(0.896)、TP(0.909)正相关程度较高,浊度(-0.716)、高锰酸盐指数(-0.928)、UV₂₅₄(-0.713)负相关程度较高,主要反映窖水水质受氮、磷污染的状况;第二主成分 PC2 的贡献率为 26.846%,反映的信息量较大,浊度(0.604)、BOD₅(0.748)、NH₄⁺-N(0.797)正相关程度较大,反映泥沙、可生物降解有机物、氨氮等对窖水水质的影响;第三主成分 PC3 的贡献率为 15.300%,反映的信息量较小,BOD₅(0.636)正相关程度较高,温度(-0.619)负相关程度较高,反

2 结果与分析

2.1 窖水水质特性分析及评价

窖水各水样水质指标有所不同(表 1). 集雨窖水作为生活饮用水水源地,属地表水,应根据《地表水环境质量标准》(GB 3838-2002)中的Ⅲ类水质标准进行评价. 窖水水质类别主要以Ⅱ类(高锰酸盐指数、NH₄⁺-N)和Ⅲ类(TP、高锰酸盐指数)为主,其中超标水质指标为 TN,总体达到Ⅳ~Ⅴ类水质标准,超标率为 75%.

表 2 窖水水质主成分荷载矩阵

Table 2 Water quality of principal component loading matrix of cellar water

监测指标	主成分		
	PC1	PC2	PC3
温度	0.128	0.772	-0.619
pH	0.629	-0.124	0.047
浊度	-0.716	0.604	0.322
高锰酸盐指数	-0.928	0.042	0.352
BOD ₅	-0.167	0.748	0.636
NH ₄ ⁺ -N	0.546	0.797	0.247
NO ₂ ⁻ -N	0.923	0.277	0.228
NO ₃ ⁻ -N	0.744	-0.507	0.425
TN	0.896	-0.377	0.209
TP	0.909	0.290	0.255
UV ₂₅₄	-0.713	-0.469	0.514
特征值	5.655	2.953	1.683
贡献率/%	51.413	26.846	15.300
累计贡献率/%	51.413	78.259	93.559

映可生物降解有机物对窖水水质的影响.

2.2 窖水微生物多样性及群落组成

2.2.1 微生物多样性

经过质控和筛选,12 个样品共获得 201 240 条序列,优质率为 92.99%;在 97% 的相似水平上共

获得1 605条 OTUs. 各样品 OTU 稀释性曲线见图 2, 趋于平坦, 但仍未达到饱和. 但香农指数稀释曲线(图 3)平坦, 代表覆盖率水平的 Good's coverage 指数均大于 96%, 说明测序获取了绝大多数样本信息, 能够反映窖水的微生物群落的多样性. 从 OTU 稀释曲线可以直观地看出样品间微生物 α 多样性的差异.

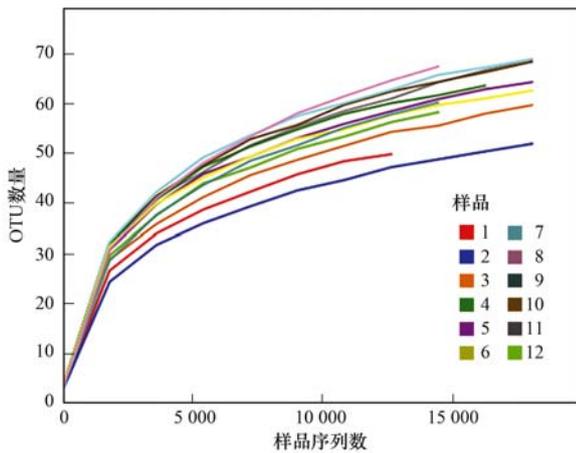


图 2 OTU 稀释曲线

Fig. 2 Rarefaction curve of OTUs

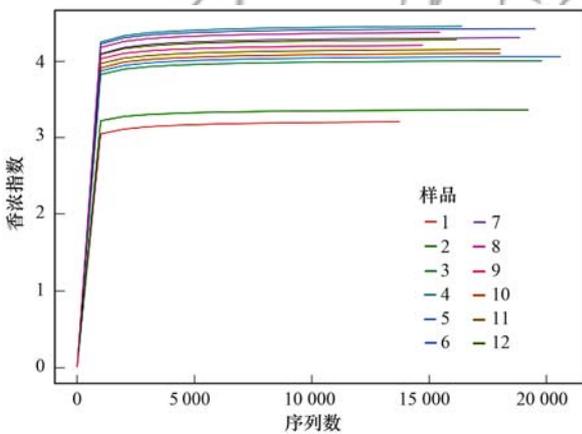


图 3 香农指数稀释曲线

Fig. 3 Rarefaction curve of Shannon

根据样品间微生物的进化信息及丰度信息进行 Unifrac 分析, 得到样品差异的距离矩阵, 并在距离矩阵的基础上采用无度量多维尺度指数 (NMDS) 进行 β 多样性分析. 基于 Unifrac 的非加权 NMDS (图 4) 分析显示, 同类型的集流面和水窖组合模式的不同深度窖水样品的点与点间的距离较小, 能聚为一类, 表明不同深度处窖水的微生物类群结构在进化关系上相似度高; 而不同类型的集流面和水窖组合模式的各窖水样品的点与点距离较大, 表明不同集流面与水窖组合模式间窖水微生物群落结构在进化关系上差异较大. 基于 Unifrac 的加权 NMDS (图 5)

分析, 由于同时计算了微生物的进化信息及丰度信息, 各样品点虽然仍能实现组内聚类, 但各样品点的距离明显较只计算进化关系要大, 尤其是组间的 5、6、7、8 号样品点出现交叠现象, 表明窖水各样品微生物菌落相对丰度信息在组内及组间存在较为明显的差异.

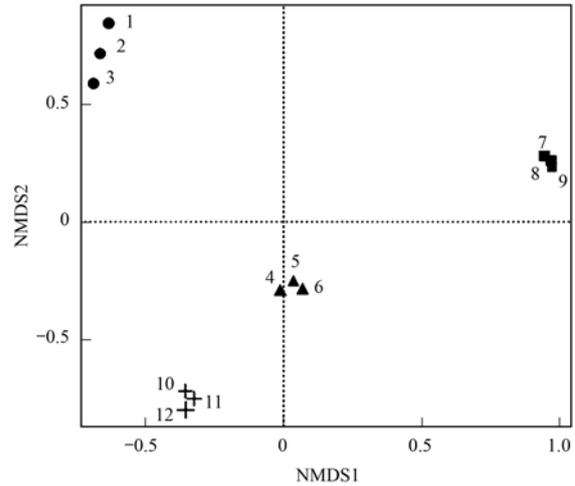


图 4 样品群落结构 Unifrac 非加权无度量多维尺度分析图

Fig. 4 Unweighted Unifrac non-metric multidimensional scaling of sample

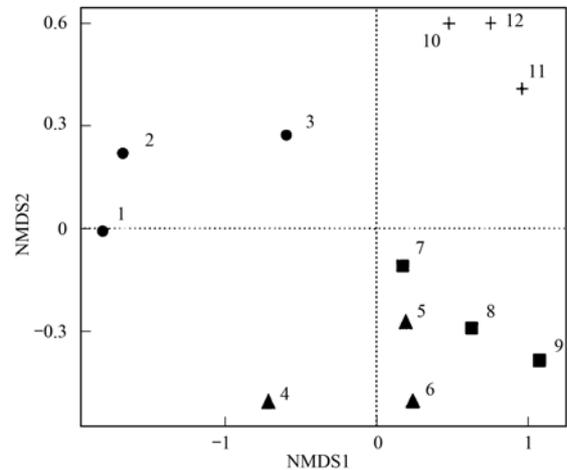


图 5 样品群落结构 Unifrac 加权无度量多维尺度分析图

Fig. 5 Weighted Unifrac non-metric multidimensional scaling of sample

2.2.2 微生物群落分布特征

窖水样品中微生物在纲水平上的群落结构及分布特征如下: 酸微菌纲 (Acidimicrobiia)、放线菌纲 (Actinobacteria)、噬纤维菌纲 (Cytophagia)、黄杆菌纲 (Flavobacteriia)、鞘脂杆菌纲 (Sphingobacteriia)、[Saprospirae]、ZB2、 α -变形菌纲 (α -Proteobacteria)、 β -变形菌纲 (β -Proteobacteria)、 δ -变形菌纲 (δ -Proteobacteria)、 ϵ -变形菌纲 (ϵ -Proteobacteria)、 γ -

变形菌纲 (γ -Proteobacteria)、丰收神菌纲 (Opitutae)、疣微菌纲 (Verrucomicrobiae)、[Pedosphaerae]、芽单胞菌纲 (Gemmatimonadetes)、浮霉状菌纲 (Planctomycetia) 是各样品中相对丰度较大的优势菌 (相对丰度 $\geq 1.00\%$), 构成了纲层次

上的微生物基本群落结构, 其差异主要体现在优势菌群地位及其相对丰度的变化 (图 6); 而数量众多的相对丰度较小 (相对丰度 $< 1.00\%$) 的 35 种非优势菌在各样品中的组成及相对丰度各不相同, 个别非优势菌出现在特定的窖水水样中。

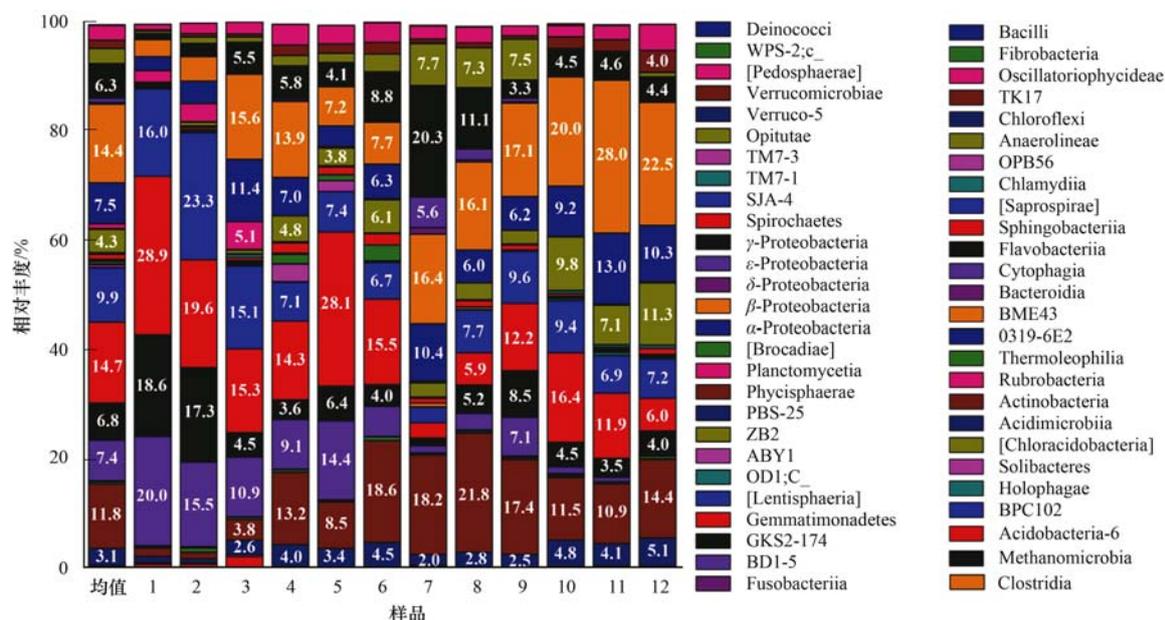


图 6 纲水平的细菌群落结构及分布

Fig. 6 Bacterial communities and their distributions at class level.

属水平上, 将相对丰度前 50 位的微生物类群进行相似性聚类分析, 并绘制热图 (图 7), 通过颜色梯度及相似程度来反映窖水各样品在属分类水平上群落组成的相似性和差异性。从热图纵向表示的各样品的聚类情况显示, 特定集流面和水窖组合模式收集和贮存的窖水, 其样品虽然取样深度不同, 但能聚为一类, 而不同的集流面和水窖组合模式收集和贮存的窖水样品无法聚类, 表明窖水属分类水平上群落组成的组内相似性及组间差异性。这种相似性与差异性主要表现在各样品优势菌属的组成及丰度: A 模式的水样 (1、2、3) 主要以 *Flavobacterium* (12.2%、17.2%、4.50%)、*Sediminibacterium* (8.10%、12.6%、7.90%)、*Hydrogenophaga* (0.80%、1.10%、5.80%)、*Planctomyces* (1.80%、3.20%、5.00%)、*Acidovorax* (1.00%、2.10%、6.00%)、*Elizabethkingia* (6.10%、0.00%、0.00%) 等 13 种菌属为主; B 模式的水样 (4、5、6) 则主要以 *Emticicia* (5.00%、8.00%、2.90%)、*Prostheco bacter* (1.00%、0.90%、1.20%)、*Crenothrix* (4.50%、2.50%、2.30%)、*Chryseobacterium* (0.00%、2.40%、0.00%) 等 9 种菌属为主; C 模式的水样 (7、8、9) 主要以 *Opitutus*

(2.30%、2.80%、2.20%)、*Acinetobacter* (9.40%、7.50%、0.10%)、*Klebsiella* (8.10%、0.50%、0.30%)、*Arcobacter* (5.40%、1.90%、0.60%)、*Polynucleobacter* (5.70%、6.20%、6.30%)、*Comamonas* (1.80%、2.00%、1.90%) 等 13 种菌属为主; D 模式的水样 (10、11、12) 主要以 *Acidovorax* (5.70%、8.60%、5.60%)、*Rhodobacter* (3.40%、5.00%、4.90%)、*Mycobacterium* (2.40%、2.80%、3.00%)、*Runella* (0.70%、0.40%、0.20%)、*Aquiestis* (7.90%、5.90%、6.30%)、*Lacibacter* (0.60%、0.40%、0.30%)、*Prostheco bacter* (1.00%、1.00%、2.00%)、*Crenothrix* (2.40%、2.90%、3.00%) 等 17 种菌属为主。

2.3 窖水细菌群落及其新陈代谢功能基因与水质因子的相关性

2.3.1 功能基因及与水质因子的相关性

环境样品中微生物功能基因具有高度的多样性, 通过分析 KO level 2 层次上与新陈代谢相关的基因功能分类 (图 8), 表明窖水中微生物新陈代谢相关的功能主要表现为氨基酸代谢 (20.95%)、碳水化合物代谢 (20.20%)、能量代谢 (11.04%) 及

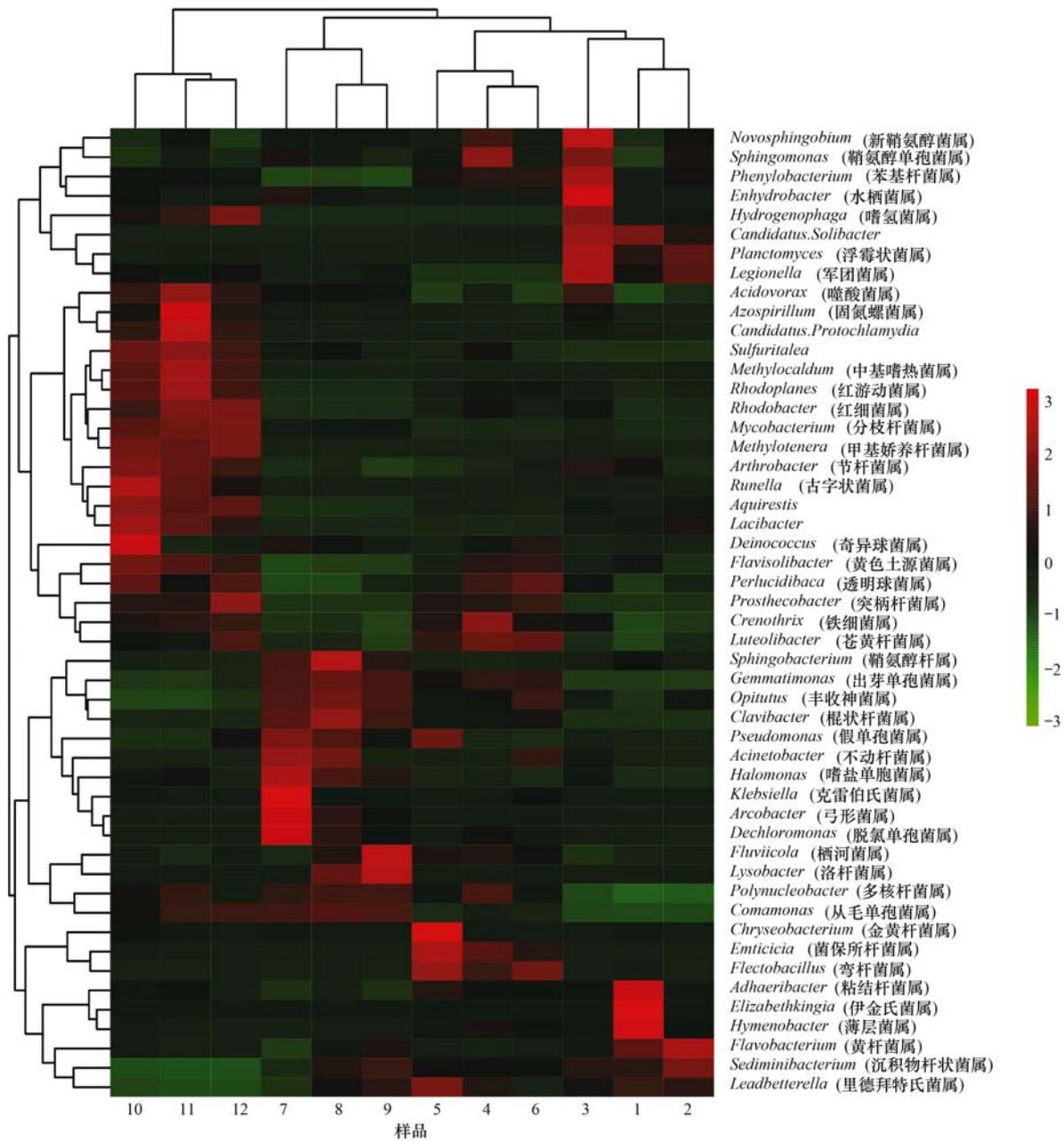


图7 属水平上的热图和聚类分析

Fig. 7 Heatmap and clustering tree analysis of dominant genera

脂类代谢(8.02%)。而聚类热图(图8)颜色梯度的变化,则反映了窖水各样品中微生物新陈代谢功能基因数量在不同功能分类水平上的相似性和差异性。

微生物对环境的作用主要是通过微生物群落代谢功能特性的差异来实现,了解窖水中细菌群落的与新陈代谢相关的功能特性与水环境因子的相关性,对更好地理解细菌群落对水质因子的响应具有重要作用。根据窖水中表征细菌群落的、与新陈代谢相关的基因功能类别与水质因子的 RDA 分析

(图9)表明,反映窖水氮、磷水平的指标 TN、 NO_2^- -N、 NO_3^- -N、TP 与基因功能类别 M-1 ~ M-12 呈正相关关系; NH_4^+ -N、 BOD_5 与基因功能类别 M-1 ~ M-9 正相关,与 M-10 ~ M-12 负相关; UV_{254} 与基因功能类别 M-1 ~ M-12 呈负相关关系。

2.3.2 细菌群落与水质因子的相关性

表征细菌群落的、与新陈代谢相关的基因功能类别,是窖水中具备相应特定生态功能的菌群分布特征在基因层面上的阐释,表明在窖水中存在大量的、具有相对特定生态功能的细菌,进行着诸多活

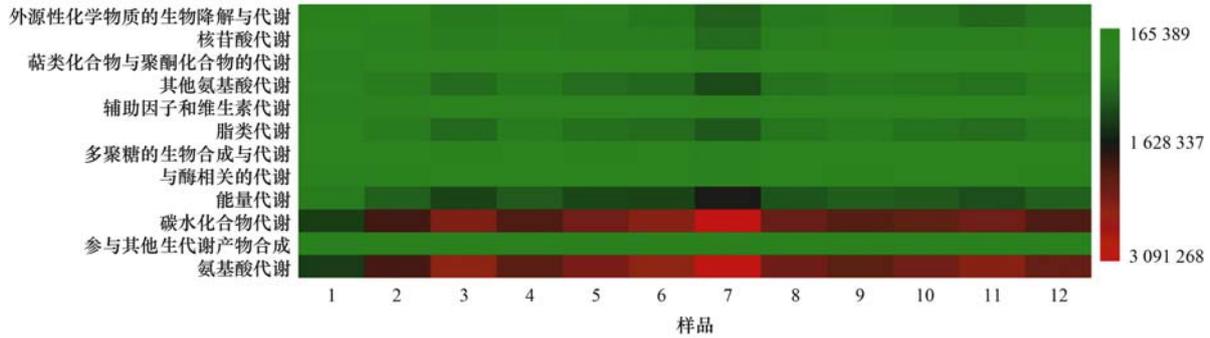


图 8 微生物新陈代谢功能基因聚类热图

Fig. 8 Heat map and clustering analysis of metabolism functional genes

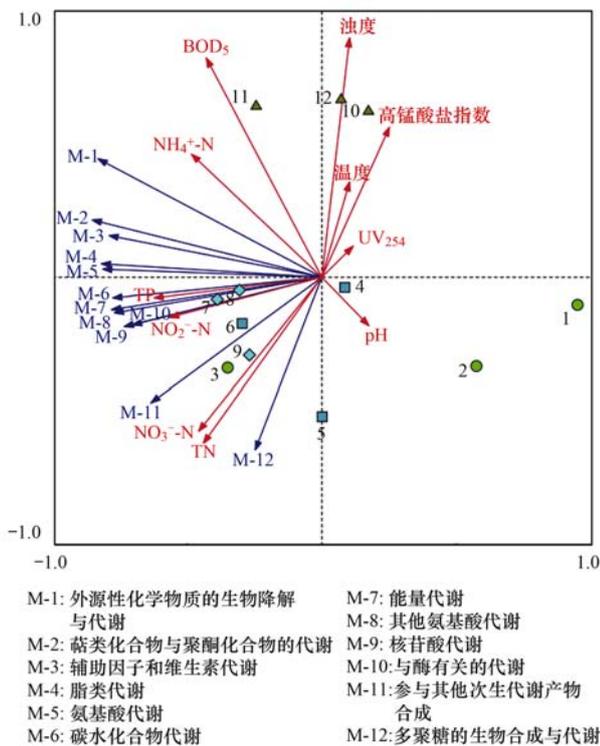


图 9 微生物与新陈代谢相关的功能基因和水质因子的 RDA 分析

Fig. 9 RDA analysis of water parameters and microbial metabolism functional genes

跃的与新陈代谢相关活动. 根据相对丰度前 50 位的细菌菌群和水质因子的 RDA 分析, 可以把主要菌群分为 3 组(I、II、III), 见图 10. 第 I 组中的 *Comamonas*、*Polynucleobacter*、*Dechloromonas*、*Clavibacter*、*Gemmatimonas*、*Acinetobacter*、*Sphingobacterium*、*Deinococcus* 等 21 种细菌属与反映窖水氮、磷水平的指标 TN、NO₂⁻-N、NO₃⁻-N、TP、NH₄⁺-N 及 pH 值呈显著性正相关; 第 II 组中的 *Novosphingobium*、*Methylocaldum*、*Rhodobacter*、*Methylotenera*、*Arthrobacter*、*Azospirillum*、*Rhodoplanes* 等 20 种细菌属与反映窖水有机物污染的指标高锰

酸盐指数、BOD₅、UV₂₅₄ 及浊度呈显著性正相关; 而第 III 组中的 *Sphingomonas*、*Leadbetterella*、*Sediminibacterium*、*Hymenobacter*、*Elizabethkingia*、*Candidatus. Solibacter*、*Legionella*、*Planctomyces*、*Flavobacterium* 共 9 种细菌与 TN、NO₂⁻-N、NO₃⁻-N、TP、NH₄⁺-N、pH、高锰酸盐指数、BOD₅、UV₂₅₄、浊度呈负相关关系.

2.4 优势微生物类群的关联网络分析

为进一步从具有相对特定生态功能的细菌中, 筛选出参与窖水中污染物微生物降解的关键类群, 了解其生态互作关系, 本研究借助窖水中相对丰度前 50 位的优势菌属的丰度数据, 基于菌属间的 Spearman 等级相关系数, 通过共现性网络分析, 构建了 7 个共现性网络(I ~ VII), 见图 11.

相关研究表明, 通过不同微生物之间的共现性网络可以推测微生物之间的相互作用^[13-15], 具有共生关系的微生物在丰度上有一定的相关性, 譬如处于互利共生关系的微生物的丰度会呈正相关关系^[16], 而处于竞争关系的微生物的丰度会呈现负相关关系^[17]. 分析所构建的窖水中优势菌属之间的共现性网络各节点的菌属间的 Spearman 等级相关系数(图 11、表 3)可知, 除 *Sediminibacterium* 与 *Sulfuritalea* 呈显著负相关(-0.812 125)外, 其余菌属均呈现显著正相关(Spearman 系数 > 0.800 000) 关系, 说明窖水中 *Sediminibacterium* 与 *Sulfuritalea* 营竞争关系, 其余节点的菌属营互利共生关系.

除此之外, 可以通过微生物之间的共现性网络的拓扑属性推测关键的微生物类群^[18] 及不同分类微生物类群之间的生态互作关系^[13,15]. 微生物共现性网络的拓扑属性主要指点度中心度, 即与单个网络节点直接相连的其他节点的数量, 具有较高点度中心度的节点定义为大于网络总节点数的 1/2 的节点数(引入 HN 值评价). 共现性网络中两个节点之

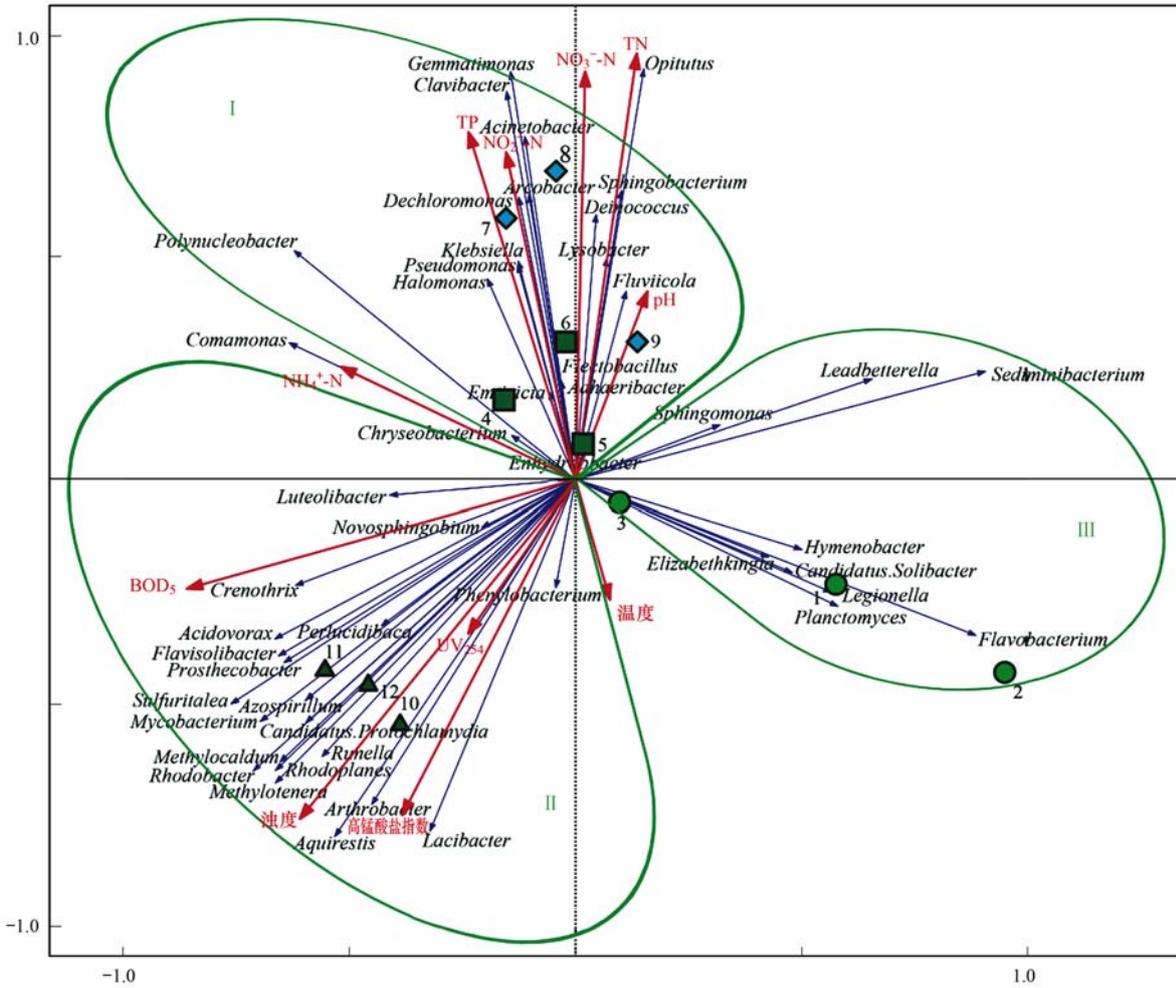


图 10 微生物群落与水质因子的 RDA 分析

Fig. 10 RDA analysis of water parameters and microbial community

间的连线(即边)来代表微生物类群间的生态互作关系,其互作强度可以用一条边连接的两个微生物类群之间存在的相关 OTUs 的数量^[19],较强的互作强度定义为大于网络中的边涉及的 OTUs 总数与总边数的比值的 OTUs 数目(引入 SE 值衡量).共现性网络 I [图 11(a)]共得到 16 个有效的节点和 60 个边,HN 及 SE 均为 8. 则具有较高点度中心度的菌属(HN)为: *Rhodoplanes* (12)、*Arthrobacter* (9)、*Candidatus Protochlamydia* (10)、*Methylocaldum* (11)、*Sulfuritalea* (11)、*Mycobacterium* (10)、*Aquirestis* (10)、*Rhodobacter* (9)、*Methylo tenera* (10); 互作强度较高的菌属的边(SE)为: *Sulfuritalea-Sediminibacterium* (13)、*Sulfuritalea-Aquirestis* (9)、*Sulfuritalea-Rhodobacter* (20)、*Azospirillum-Rhodobacter* (18)、*Methylocaldum-Rhodobacter* (17)、*Arthrobacter-Rhodobacter* (18)、*Rhodoplanes-Aquirestis* (10)、*Rhodoplanes-Rhodobacter* (21)、*Rhodoplanes-Mycobacterium* (9)、*Rhodoplanes-Methylocaldum* (9)、

Perluclidibaca-Flavisolibacter (13)、*Candidatus Protochlamydia-Rhodobacter* (17)、*Methylo tenera-Aquirestis* (10)、*Methylo tenera-Rhodobacter* (21)、*Methylo tenera-Mycobacterium* (9)、*Methylo tenera-Sulfuritalea* (9)、*Methylo tenera-Rhodoplanes* (10)、*Rhodobacter-Aquirestis* (21)、*Mycobacterium-Aquirestis* (9)、*Mycobacterium-Rhodobacter* (20)、*Flavisolibacter-Rhodoplanes* (16); 共现性网络 II [图 11(b)]共得到 9 个有效的节点和 13 个边,HN 及 SE 分别为 5、7. 网络中菌属的点度中心度较低(HN < 5), 互作强度较高的菌属的边(SE)为: *Acinetobacter-Arcobacter* (10)、*Acinetobacter-Dechloromonas* (10)、*Acinetobacter-Clavibacter* (10)、*Optitutus-Clavibacter* (18)、*Optitutus-Gemmatimonas* (18); 共现性网络 III [图 11(c)]共得到 4 个有效的节点和 3 个边,HN 及 SE 分别为 2、5. 具有较高点度中心度的菌属(HN)为 *Novosphingobium* (3), 互作强度较高的菌属的边(SE)为 *Novosphingobium-*

表 3 关联网 (a) 相关参数¹⁾

Table 3 Parameters of association network about(a)

关联菌属(Spearman 相关系数)	关联菌属(Spearman 相关系数)
<i>Sulfuritalea</i> <i>Sediminibacterium</i> ⁽¹³⁾ (-0.812 125) <i>Aquirestis</i> ⁽⁹⁾ (0.858 674) <i>Rhodobacter</i> ⁽²⁰⁾ (0.894 138) <i>Mycobacterium</i> ⁽⁸⁾ (0.928 848)	<i>Lacibacter</i> <i>Aquirestis</i> ⁽⁷⁾ (0.959 493) <i>Mycobacterium</i> ⁽⁶⁾ (0.829 26) <i>Sulfuritalea</i> ⁽⁶⁾ (0.824 04) <i>Methylocaldum</i> ⁽³⁾ (0.867 85)
<i>Azospirillum</i> <i>Acidovorax</i> ⁽³⁾ (0.845 585) <i>Rhodobacter</i> ⁽¹⁸⁾ (0.816 599) <i>Sulfuritalea</i> ⁽⁶⁾ (0.802 238)	<i>Runella</i> <i>Aquirestis</i> ⁽⁶⁾ (0.917 837) <i>Mycobacterium</i> ⁽⁵⁾ (0.825 537) <i>Sulfuritalea</i> ⁽⁵⁾ (0.872 691) <i>Methylocaldum</i> ⁽⁵⁾ (0.859 429) <i>Lacibacter</i> ⁽³⁾ (0.951 477)
<i>Methylocaldum</i> <i>Aquirestis</i> ⁽⁶⁾ (0.896 55) <i>Rhodobacter</i> ⁽¹⁷⁾ (0.919 924) <i>Mycobacterium</i> ⁽⁵⁾ (0.931 907) <i>Sulfuritalea</i> ⁽⁵⁾ (0.948 348) <i>Azospirillum</i> ⁽³⁾ (0.900 13)	<i>Candidatus Protochlamydia</i> <i>Acidovorax</i> ⁽²⁾ (0.811 777) <i>Aquirestis</i> ⁽⁶⁾ (0.805 969) <i>Rhodobacter</i> ⁽¹⁷⁾ (0.896 825) <i>Mycobacterium</i> ⁽⁵⁾ (0.877 418) <i>Sulfuritalea</i> ⁽⁵⁾ (0.900 248) <i>Azospirillum</i> ⁽³⁾ (0.968 581) <i>Methylocaldum</i> ⁽²⁾ (0.978 403)
<i>Arthrobacter</i> <i>Aquirestis</i> ⁽⁷⁾ (0.917 76) <i>Rhodobacter</i> ⁽¹⁸⁾ (0.839 512) <i>Mycobacterium</i> ⁽⁶⁾ (0.819 912) <i>Methylocaldum</i> ⁽³⁾ (0.845 641) <i>Lacibacter</i> ⁽⁴⁾ (0.870 773) <i>Runella</i> ⁽³⁾ (0.868 646) <i>Candidatus Protochlamydia</i> ⁽³⁾ (0.804 034)	<i>Methylotenera</i> <i>Aquirestis</i> ⁽¹⁰⁾ (0.967 432) <i>Rhodobacter</i> ⁽²¹⁾ (0.931 035) <i>Mycobacterium</i> ⁽⁹⁾ (0.978 369) <i>Sulfuritalea</i> ⁽⁹⁾ (0.913 493) <i>Methylocaldum</i> ⁽⁶⁾ (0.928 544) <i>Lacibacter</i> ⁽⁷⁾ (0.892 031) <i>Runella</i> ⁽⁶⁾ (0.875 907) <i>Candidatus Protochlamydia</i> ⁽⁶⁾ (0.853 644) <i>Arthrobacter</i> ⁽⁷⁾ (0.880 986) <i>Rhodoplanes</i> ⁽¹⁰⁾ (0.919 615)
<i>Rhodoplanes</i> <i>Aquirestis</i> ⁽¹⁰⁾ (0.904 625) <i>Rhodobacter</i> ⁽²¹⁾ (0.945 57) <i>Mycobacterium</i> ⁽⁹⁾ (0.901 942) <i>Sulfuritalea</i> ⁽⁹⁾ (0.933 571) <i>Azospirillum</i> ⁽⁷⁾ (0.885 234) <i>Methylocaldum</i> ⁽⁹⁾ (0.986 226) <i>Lacibacter</i> ⁽⁷⁾ (0.857 423) <i>Runella</i> ⁽⁶⁾ (0.853 926) <i>Candidatus Protochlamydia</i> ⁽⁶⁾ (0.964 249) <i>Arthrobacter</i> ⁽⁷⁾ (0.864 961)	<i>Rhodobacter</i> <i>Aquirestis</i> ⁽²¹⁾ (0.887 96) <i>Mycobacterium</i> <i>Aquirestis</i> ⁽⁹⁾ (0.903 939) <i>Rhodobacter</i> ⁽²⁰⁾ (0.913 951)
<i>Perlucidibaca</i> <i>Flavisolibacter</i> ⁽¹³⁾ (0.859 333)	<i>Flavisolibacter</i> <i>Rhodoplanes</i> ⁽¹⁶⁾ (0.818 452)

1) 细菌的拉丁文学名后括号中数字表示优势菌属之间的 Spearman 等级相关系数, 细菌的拉丁文学名后上标括号中的数字代表两个节点之间所涉及到的 OUT 的数量

Sphingobium(6); 共现性网络 IV [图 11(d)] 共得到 3 个有效的节点和 3 个边, HN 及 SE 分别为 2、14. 网络中菌属的点度中心度较低 (HN = 2), 互动强度较高的菌属的边 (SE) 为 *Planctomyces-Candidatus Solibacter* (18)、*Planctomyces-Legionella* (19); 共现性网络 V [图 11(e)] 共得到 3 个有效的节点和 3 个边, HN 及 SE 分别为 2、23. 网络中菌属的点度中心度较低 (HN = 2), 互动强度较高的菌属的边 (SE) 为 *Hymenobacter-Adhaeribacter* (33); 共现性网络 VI [图 11(f)] 共得到 3 个有效的节点和 2 个边, HN 及 SE 分别为 2、5. 网络中菌属的点度中心度 (HN = 2) 及互动强度 (SE ≤ 5) 均较低; 共现性网络 VII [图 11(g)] 共得到 3 个有效的节点和 2 个边, HN 及 SE 分别为 2、14. 网络中菌属的点度中心度较低 (HN ≤ 2), 互动强度较高的菌属的边 (SE) 为 *Luteolibacter-Crenothrix* (18).

综合分析窖水共现性网络的节点微生物相关性、点度中心度及菌属间的互动强度, 认为窖水中的关键的微生物类群为 *Rhodobacter*、*Methylocaldum*、*Methylotenera*、*Acinetobacter*、*Novosphingobium*、*Planctomyces*、*Hymenobacter*、*Luteolibacter*, 其中最为重要的微生物类群为 *Rhodobacter*.

3 讨论

3.1 细菌群落及功能基因多样性与水质因子的相关性

阐释微生物群落中微生物多样性与功能之间的联系是微生物生态学领域研究的难点之一, 主要体现在以下两个层面: ①虽然环境中的微生物分类学多样性与功能多样性有密切的联系, 但由于细菌微生物群落中广泛存在的功能冗余现象, 致使二者在

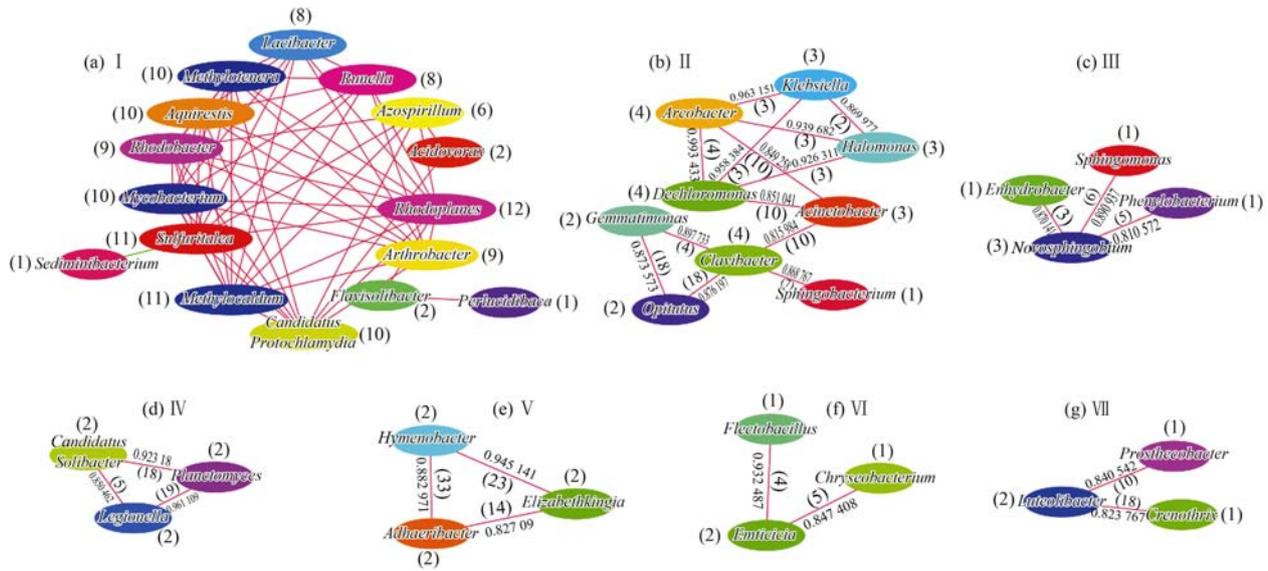


图 11 优势菌属的共现性网络

Fig. 11 Correlation network of co-occurring microbial genera

不同颜色标识的节点代表各菌属，节点旁边的括号中的数字表示与该节点连接的节点数量；节点之间的连线表明两个菌属之间的相关关系，红线表示正相关，绿线表示负相关，连线之间的数字表示优势菌属之间的 Spearman 等级相关系数，连线之间的括号中的数字表示两个节点之间所涉及到的 OUT 的数量；通过某节点的连线越多，表明该菌属与菌群中其它成员的关联越多

大多数情况下并未呈现显著相关关系。即在水环境污染胁迫作用下，水环境某特定位点及某区域范围内的微生物群落发生了较大幅度改变，而其功能却未发生显著变化或表现出响应滞后现象^[20-22]；②尽管有多种方法，如可利用美国 Biolog 公司的 Biolog-Eco 板来表征微生物局部代谢多样性、利用宏基因组和宏转录组测序等高通量技术来全面了解微生物群落功能的潜力和活力、或是利用基于 16S rRNA 基因序列的 PICRUST 生物信息学工具来预测对应细菌和古菌的代谢功能图谱，可以对微生物群落功能进行表征和研究。但是，目前分子生物学方法还无法就基于微生物遗传多样性的指标与基于微生物活动的功能多样性的指标之间建立联系，甚至对于如何描述微生物的功能多样性也不是很清楚^[23]。

虽然存在诸多困难，使得人们无法就基于微生物遗传多样性的指标与基于微生物活动的功能多样性的指标之间建立有效、直接的联系，但这并不妨碍从另一个角度来探讨两者之间潜在的密切联系。通过细菌与新陈代谢相关的功能基因和水质因子间的相关性分析(图 9)发现，表征窖水氮、磷、有机物污染的多数指标均和细菌与新陈代谢相关的功能基因呈正相关关系，进一步通过细菌群落和水质因子间的相关性分析(图 10)显示，窖水不同水质因子对细菌菌落的影响存在明显的分组，即组内菌属

生态功能的相似性及组间菌属生态功能的差异性，说明在窖水中存在具有相对特定生态功能的细菌，进行着诸多活跃的与新陈代谢功能基因相关的代谢活动。

3.2 优势微生物类群的关联网络分析

本研究基于 16S rRNA 基因的序列分析和数据统计学分析发现，细菌群落组成(图 6、7)及具有相对特定生态功能的微生物基因序列(图 8)多样性丰富。绝大多数的微生物类群具备脱氮、除磷、降解有机物的相对特定生态功能，其中 15 种是具有脱氮、除磷功能的异养硝化-好氧反硝化菌^[24]，说明微生物是窖水中氮、磷及有机物等主要污染物降解的主要驱动者。由于微生物主要以群落的水平在特定的环境下承担特定的生态功能，群落中的微生物之间存在复杂相互作用。因此借助共现性关联网络分析，筛选参与窖水中污染物微生物降解的关键类群并预测窖水中微生物之间的生态互作关系，对加深窖水中污染物微生物降解机制的认识至关重要。

通过综合分析窖水微生物类群共现性关联网络的节点微生物相关性、点度中心度及菌属间的互动强度，获悉窖水微生物类群共现性关联网络中大部分节点的菌属营互利共生类型的生态关系，认为：*Rhodobacter*、*Methylocaldum*、*Methylotenera*、*Acinetobacter*、*Novosphingobium*、*Planctomyces*、*Hymenobacter*、*Luteolibacter* 的点度中心度较高，与

其他菌属的互作强度较高,为参与窖水污染物微生物降解的关键类群,且以 *Rhodobacter* 最为重要.值得注意的是,研究通过高通量测序截面数据,基于 Spearman 等级相关系数推断得到的菌属生态互作关系,并不是物种间相互作用的本质,不能有效地区分窖水中微生物类群之间的关系是直接相关(功能互补)还是间接相关(有相似的环境要求),增加了分析的复杂性并给分析网络的拓扑属性带来了较大的误差.虽研究结果很难区分出以氮、磷及有机物污染为主要特征的窖水中微生物菌属之间相互作用的本质,但仍然在很大程度上阐释了潜在的菌属相互作用.由于时间序列数据能更好地捕捉到物种间相互作用导致的种群数量的动态变化,更有利于推断物种间相互作用的方向和强度^[25],因此本研究为进一步通过时间序列数据研究窖水菌种之间的相互作用、更准确地筛选关键微生物类群提供了依据.

4 结论

本研究基于 16S rRNA 的高通量测序微生物组学截面数据与微生物物种的同现或相关种间作用推断模型,构建了以氮、磷及有机物污染为主要特征的窖水中微生物菌属间的共现性关联网络,并依据所构建的共现性关联网络的拓扑属性筛选出了关键的微生物类群,推断与预测了窖水中微生物菌属间潜在的生态互作关系.表明窖水微生物类群共现性关联网络中大部分节点的菌属营互利共生类型的生态关系,关键的微生物菌属为: *Rhodobacter*、*Methylocaldum*、*Methylotenera*、*Acinetobacter*、*Novosphingobium*、*Planctomyces*、*Hymenobacter*、*Luteolibacter*. *Rhodobacter* 为关键细菌的代表属.

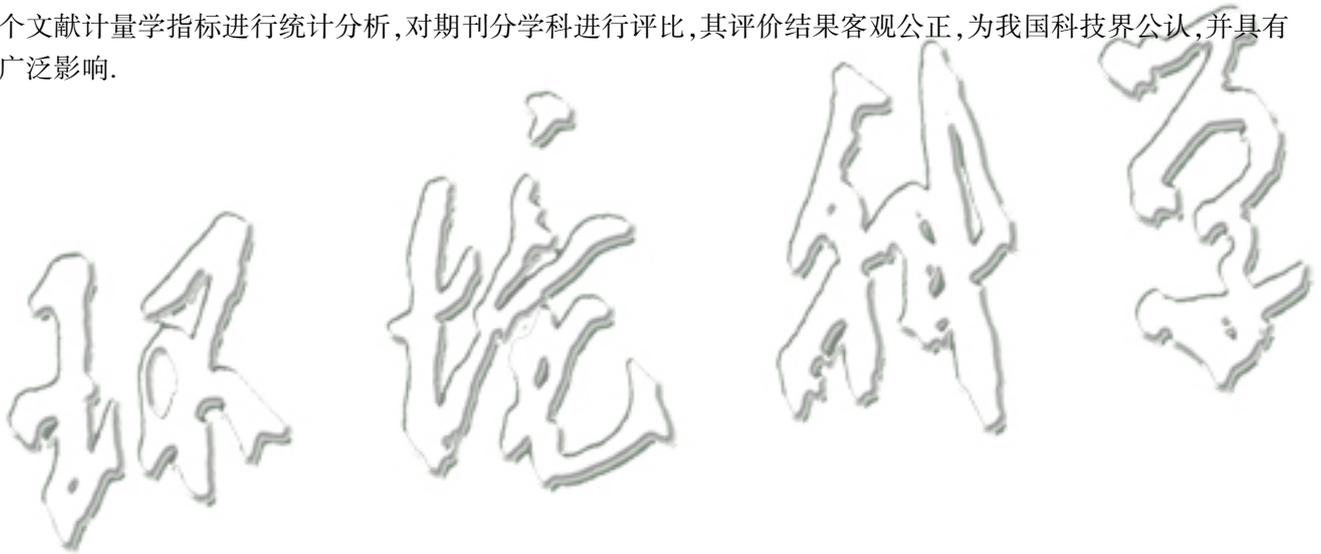
参考文献:

- [1] 冯帅,李叙勇,邓建才.平原河网典型污染物生物降解系数的研究[J].环境科学,2016,37(5):1724-1733.
Feng S, Li X Y, Deng J C. Biodegradation coefficients of typical pollutants in the plain rivers network [J]. Environmental Science, 2016, 37(5): 1724-1733.
- [2] Ostroumov S A. Polyfunctional role of biodiversity in processes leading to water purification: current conceptualizations and concluding remarks[J]. Hydrobiologia, 2002, 469(1-3): 203-204.
- [3] Lupatini M, Suleiman A K A, Jacques R J S, et al. Network topology reveals high connectance levels and few key microbial genera within soils [J]. Frontiers in Environmental Science, 2014, 2: 1-11.
- [4] Adam I K, Duarte M, Pathmanathan J, et al. Microbial communities in pyrene amended soil-compost mixture and fertilized soil [J]. AMB Express, 2017, 7: 7.
- [5] 王斌,陈庆彩,胡晓珂.微生物降解过程中的关键细菌[J].微生物学报,2017,57(6):856-866.
Wang B, Chen Q C, Hu X K. Key bacteria during microbial degradation of pyrene [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2017, 57(6): 856-866.
- [6] Trosvik P, de Muinck E J. Ecology of bacteria in the human gastrointestinal tract-identification of keystone and foundation taxa [J]. Microbiome, 2015, 3: 44.
- [7] Fisher C K, Methhta P. Identifying keystone species in the human gut microbiome from metagenomic timeseries using sparse linear regression [J]. PLoS One, 2014, 9(7): e102451.
- [8] Shi S J, Nuccio E E, Shi Z J, et al. The interconnected rhizosphere: high network complexity dominates rhizosphere assemblages [J]. Ecology Letters, 2016, 19(8): 926-936.
- [9] Dethlefsen L, Eckburg P B, Bik E M, et al. Assembly of the human intestinal microbiota [J]. Trends in Ecology & Evolution, 2006, 21(9): 517-523.
- [10] Marino S, Baxter N T, Huffnagle G B, et al. Mathematical modeling of primary succession of murine intestinal microbiota [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2014, 111(1): 439-444.
- [11] Fuhrman J A. Microbial community structure and its functional implications [J]. Nature, 2009, 459(7244): 193-199.
- [12] Ju F, Xia Y, Guo F, et al. Taxonomic relatedness shapes bacterial assembly in activated sludge of globally distributed wastewater treatment plants [J]. Environmental Microbiology, 2014, 16(8): 2421-2432.
- [13] Faust K, Raes J. Microbial interactions: from networks to models [J]. Nature Reviews Microbiology, 2012, 10(8): 538-550.
- [14] Barberán A, Bates S T, Casamayor E O, et al. Using network analysis to explore co-occurrence patterns in soil microbial communities [J]. The ISME Journal, 2012, 6(2): 343-351.
- [15] Fuhrman J A, Cram J A, Needham D M. Marine microbial community dynamics and their ecological interpretation [J]. Nature Reviews Microbiology, 2015, 13(3): 133-146.
- [16] Molloy S. Environmental microbiology: disentangling syntrophy [J]. Nature Reviews Microbiology, 2014, 12(1): 7.
- [17] Hibbing M E, Fuqua C, Parsek M R, et al. Bacterial competition: surviving and thriving in the microbial jungle [J]. Nature Reviews Microbiology, 2010, 8(1): 15-25.
- [18] Zhou J Z, Deng Y, Luo F, et al. Phylogenetic molecular ecological network of soil microbial communities in response to elevated CO₂ [J]. MBio, 2011, 2(4): e00122-11.
- [19] Vályi K, Mardhiah U, Rillig M C, et al. Community assembly and coexistence in communities of Arbuscular mycorrhizal fungi [J]. The ISME Journal, 2016, 10(10): 2341-2351.
- [20] Comte J, del Giorgio P A. Linking the patterns of change in composition and function in bacterioplankton successions along environmental gradients [J]. Ecology, 2010, 91(5): 1466-1476.
- [21] Baho D L, Peter H, Tranvik L J. Resistance and resilience of microbial communities-temporal and spatial insurance against Perturbations [J]. Environmental Microbiology, 2012, 14(9): 2283-2292.
- [22] Berga M, Székely A J, Langenheder S. Effects of disturbance intensity and frequency on bacterial community composition and

- function[J]. *PLoS One*, 2012, **7**(5): e36959.
- [23] 李晶, 刘玉荣, 贺纪正, 等. 土壤微生物对华宁胁迫的响应机制[J]. *环境科学学报*, 2013, **4**(33): 959-967.
- Li J, Liu Y R, He J Z, *et al.* Insights into the responses of soil microbial community to the environmental disturbances[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2013, **4**(33): 959-967.
- [24] 杨浩, 张国珍, 杨晓妮, 等. 16S rRNA 高通量测序研究集雨窖水中微生物群落结构及多样性[J]. *环境科学*, 2017, **4**(38): 1704-1716.
- Yang H, Zhang G Z, Yang X Y, *et al.* Microbial community structure and diversity in cellar water by 16s rna high-throughput sequencing[J]. *Environmental Science*, 2017, **4**(38): 1704-1716.
- [25] Faust K, Lahti L, Gonze D, *et al.* Metagenomics meets time series analysis: unraveling microbial community dynamics[J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2015, **25**: 56-66.

《环境科学》再获“百种中国杰出学术期刊”称号

2017年10月31日,中国科技论文统计结果发布会在北京举行,会议公布了“百种中国杰出学术期刊”获奖名单.《环境科学》连续16次荣获“百种中国杰出学术期刊”称号.“百种中国杰出学术期刊”是根据中国科技学术期刊综合评价指标体系进行评定.该体系利用总被引频次、影响因子、基金论文比、他引总引比等多个文献计量学指标进行统计分析,对期刊分学科进行评比,其评价结果客观公正,为我国科技界公认,并具有广泛影响.



CONTENTS

Ratios of Volatile Organic Compounds in Ambient Air of Various Cities of China	WANG Ming, CHEN Wen-tai, LU Si-hua, <i>et al.</i> (4393)
Temporal Variation, Spatial Distribution, and Reactivity Characteristics of Air VOCs in Beijing 2015	ZHANG Bo-tao, AN Xin-xin, WANG Qin, <i>et al.</i> (4400)
Research and Application of the Technical Method for the Compilation of VOCs Emission Inventories from Architectural Coatings in Beijing	DENG Zi-yu, GAO Mei-ping, WANG Qing-wei, <i>et al.</i> (4408)
Content Levels and Compositions Characteristics of Volatile Organic Compounds(VOCs) Emission from Architectural Coatings Based on Actual Measurement	GAO Mei-ping, DENG Zi-yu, NIE Lei, <i>et al.</i> (4414)
Characteristics of Primary Pollutants of Air Quality in Cities Along the Taihang Mountains in Beijing-Tianjin-Hebei Region During 2014-2016	WANG Xiao-yan, WANG Shuai, ZHU Li-li, <i>et al.</i> (4422)
Seasonal Variation and Source Analysis for PM _{2.5} , PM ₁ and Their Carbonaceous Components in Beijing	FAN Xiao-chen, LANG Jian-lei, CHENG Shui-yuan, <i>et al.</i> (4430)
Chemical Constitution and Carbon Isotopic Compositions of PM _{2.5} in the Northern Suburb of Nanjing in Spring	ZHOU Yi-ming, HAN Xun, WANG Jin-jin, <i>et al.</i> (4439)
Analysis of Non-polar Organic Compounds in PM _{2.5} by Rapid Thermo-desorption Method Coupled with GC/MS	MA Ying-ge, WU Xia, PENG Meng-meng, <i>et al.</i> (4446)
Association Between Fine Particulate Matter and Asthma Hospital Outpatient Visits in Hangzhou	WANG An-xu, CHEN Xi, SONG Cong-bo, <i>et al.</i> (4457)
Hybrid Electric Bus SCR System Operation and NO _x Emission Characteristics Based on Remote Communication Technology	YANG Qiang, HU Qing-yao, HUANG Cheng, <i>et al.</i> (4463)
Selection of Priority Contaminants in a Watershed Using Risk Ranking Methodology	LI Qi-feng, LÜ Yong-long, WANG Pei, <i>et al.</i> (4472)
Characteristics and Sources of Atmospheric Inorganic Nitrogen Wet Deposition in Xueyu Cave Watershed, Outer Suburbs of Chongqing City	DUAN Shi-hui, JIANG Yong-jun, ZHANG Yuan-zhu, <i>et al.</i> (4479)
Characteristics of Nitrogen Deposition in Heilongjiang Liangshui National Nature Reserve	SONG Lei, TIAN Peng, ZHANG Jin-bo, <i>et al.</i> (4490)
Key Production Process of Nitrous Oxide and Nitrogen Sources in Tuojia River	ZHAO Qiang, LÜ Cheng-wen, QIN Xiao-bo, <i>et al.</i> (4497)
Impact of Biochar on Nitrogen Removal and Nitrous Oxide Emission in Aerated Vertical Flow Constructed Wetland	WANG Ning, HUANG Lei, LUO Xing, <i>et al.</i> (4505)
Physiological Responses of Ryegrass in Cadmium-Nonylphenol Co-contaminated Water and the Phytoremediation Effects	SHI Guang-yu, LI Zhong-yi, ZHANG Lu, <i>et al.</i> (4512)
Analysis of Absorption Characteristics of Urban Black-odor Water	DING Xiao-lei, LI Yun-mei, LÜ Heng, <i>et al.</i> (4519)
Seasonal Variations of DOM Spectral Characteristics in the Surface Water of the Upstream Minjiang River	FAN Shi-yu, QIN Ji-hong, LIU Yan-yang, <i>et al.</i> (4530)
Water Quality and Three-Dimensional Fluorescence of Stormwater Runoff from Lined Bioretention Field Cells	LIN Xiu-yong, WANG Shu-min, LI Qiang, <i>et al.</i> (4539)
Nitrate-Nitrogen Pollution Sources of an Underground River in Karst Agricultural Area Using ¹⁵ N and ¹⁸ O Isotope Technique	SHENG Ting, YANG Ping-heng, XIE Guo-wen, <i>et al.</i> (4547)
Spectral Characteristics of Dissolved Organic Matter in Landfill Groundwater	PENG Li, YU Min-da, HE Xiao-song, <i>et al.</i> (4556)
Adsorption Behavior of Phosphate from Water on Zirconium-loaded Granular Zeolite-amended Sediment	LIANG Shu-jing, LIN Jian-wei, ZHAN Yan-hui, <i>et al.</i> (4565)
Control of Coagulant Dosing for Humic Substances Based on Ultraviolet Spectrum Analysis	ZHANG Bei-chen, ZHANG Xiao-lei, QIN Lan-lan, <i>et al.</i> (4576)
Reduction of Wastewater Organic Micro-pollutants and Genotoxicity in a Hybrid Process Involving Anaerobic-anoxic-oxic and Ozonation Treatments	LI Mo, WANG Zhen-zhe, CHEN Zhi-qiang, <i>et al.</i> (4584)
Distribution and Removal of Antibiotic Resistance Genes in Two Sequential Wastewater Treatment Plants	LI Ao-lin, CHEN Li-jun, ZHANG Yan, <i>et al.</i> (4593)
Effect of Magnetic Chitosan Hydrogel Beads with Immobilized Feamox Bacteria on the Removal of Ammonium from Wastewater	LIU Zhi-wen, CHEN Chen, PENG Xiao-chun, <i>et al.</i> (4601)
Enhanced Nitrogen and Carbon Removal Performance of Simultaneous ANAMMOX and Denitrification (SAD) with Trehalose Addition Treating Saline Wastewater	YANG Zhen-lin, YU De-shuang, LI Jin, <i>et al.</i> (4612)
Characteristics of Denitrifying Phosphorus Removal by A ² /O-BAF at Low Temperatures	HUANG Jian-ming, ZHAO Zhi-chao, ZHENG Long-ju, <i>et al.</i> (4621)
Characteristics of Advanced Treatment of Treated Petrochemical Water by O ₃ -BAC and Analysis of Consortium Structure	ZHANG Chao, SHAN Ming-hao, XU Dan-ning, <i>et al.</i> (4628)
Microbial Community Characteristics of Shortcut Nitrification Start-up in Different MBR-Inoculated Sludges	WU Peng, CHEN Ya, ZHANG Ting, <i>et al.</i> (4636)
Effect of Microbial Community Structure and Metabolites on Sludge Settling Ability Under Three Different Switching Condition Processes	WEN Dan-dan, YUAN Lin-jiang, CHEN Xi, <i>et al.</i> (4644)
Adsorption Mechanisms of Ciprofloxacin by Extracellular Polymeric Substances of Sulfate-reducing Bacteria Sludge	ZHANG Hui-qun, JIA Yan-yan, FANG He-ting, <i>et al.</i> (4653)
Rapid Improvement of Denitrification Performance of Embedded Activated Sludge and Community Analysis	YANG Hong, XU Fu, MENG Chen, <i>et al.</i> (4661)
Spatial-Temporal Trends and Pollution Source Analysis for Heavy Metal Contamination of Cultivated Soils in Five Major Grain Producing Regions of China	SHANG Er-ping, XU Er-qi, ZHANG Hong-qi, <i>et al.</i> (4670)
Spatial Interpolation Methods and Pollution Assessment of Heavy Metals of Soil in Typical Areas	MA Hong-hong, YU Tao, YANG Zhong-fang, <i>et al.</i> (4684)
Effect of Straw Residues in Combination with Reduced Fertilization Rate on Greenhouse Gas Emissions from a Vegetable Field	HUANG Rong, GAO Ming, LI Jia-cheng, <i>et al.</i> (4694)
Emission of NH ₃ and N ₂ O from Spinach Field Treated with Different Fertilizers	SHAN Nan, HAN Sheng-hui, LIU Ji-pei, <i>et al.</i> (4705)
Effects of Various Combinations of Fertilizer, Soil Moisture, and Temperature on Nitrogen Mineralization and Soluble Organic Nitrogen in Agricultural Soil	TIAN Fei-fei, JI Hong-fei, WANG Le-yun, <i>et al.</i> (4717)
Long-term Fertilization Effects on the Abundance of Complete Ammonia Oxidizing Bacteria(<i>Comammox Nitrospira</i>) in a Neutral Paddy Soil	WANG Mei, WANG Zhi-hui, SHI Xiao-jun, <i>et al.</i> (4727)
Spatial Variation of Soil Organic Carbon and Stable Isotopes in Different Soil Types of a Typical Oasis	CHEN Xin, GONG Lu, LI Yang-mei, <i>et al.</i> (4735)
Effect and Mechanism of Attapulgite and Its Modified Materials on Bioavailability of Cadmium in Soil	CHEN Zhan-xiang, CHEN Chuan-sheng, CHEN Wei-ping, <i>et al.</i> (4744)
Persulfate Oxidation Effect of Soil Organic Pollutants by Natural Organic Matters	LIU Qiong-zhi, LIAO Xiao-yong, LI You, <i>et al.</i> (4752)
Lead Uptake and Accumulation in Rice (<i>Oryza sativa</i> L.) with Water Management and Selenite Fertilization	WAN Ya-nan, LIU Zhe, Aboubacar Younoussa Camara, <i>et al.</i> (4759)
Key Bacteria for the Microbial Degradation of Pollutants in Cellar Water	YANG Hao, YANG Xiao-ni, ZHANG Guo-zhen, <i>et al.</i> (4766)
Oxidation of Humic Acid Complexing As(III) by As(III)-Oxidizing Bacteria	LI Ze-jiao, CUI Yan-shan, YIN Nai-yi, <i>et al.</i> (4778)
A Thermotolerant and Halotolerant Sulfate-reducing Bacterium in Produced Water from an Offshore High-temperature Oilfield in Bohai Bay, China; Isolation, Phenotypic Characterization, and Inhibition	YANG Chun-lu, YUAN Mei-yu, SHI Rong-jiu, <i>et al.</i> (4783)
Isolation and Nitrogen Removal Characteristics of Salt-tolerant Heterotrophic Nitrification and Aerobic Denitrification Bacteria <i>Zobellella</i> sp. B307	BAI Jie, CHEN Lin, HUANG Xiao, <i>et al.</i> (4793)
Isolation, Identification and Degradation Characteristics of a 17β-estradiol Degrading Strain <i>Fusarium</i> sp. KY123915	WU Man-li, ZHU Chang-cheng, QI Yan-yun, <i>et al.</i> (4802)
Effect of Fluoroquinolones on Performance and Microbial Community of a Vertical Flow Constructed Wetland	LI Xin-hui, ZHENG Quan, LI Jing, <i>et al.</i> (4809)
Microbial Community Diversity Analysis During Composting of Lincomycin Mycelia Dreg with Manure	REN Sheng-tao, GUO Xia-li, LU A-qian, <i>et al.</i> (4817)
Oxidative Stress and DNA Damage Induced by DEP Exposure in Earthworms	PING Ling-wen, LI Xian-xu, ZHANG Cui, <i>et al.</i> (4825)
Mineralogy Characteristics and Heavy Metal Distribution of MSWI Fly Ash	LI Jian-tao, ZENG Ming (4834)