

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2019

Vol.40 No.8

第40卷 第8期

目次

2016年京津冀地区红色预警时段PM _{2.5} 污染特征与浓度控制效果	张冲, 郎建奎, 程水源, 王晓琦 (3397)
北京地区秋冬季大气污染特征及成因分析	徐冉, 张恒德, 杨孝文, 程水源, 张天航, 江琪 (3405)
合肥市PM _{2.5} 和PM ₁₀ 中元素组成特征及重污染成因分析	刘可可, 张红, 刘桂建 (3415)
濮阳市秋冬季大气细颗粒物污染特征及来源解析	陈楚, 王体健, 李源昊, 马红磊, 陈璞琰, 王德羿, 张元勋, 乔琦, 李光明, 王文红 (3421)
关中地区细颗粒物碳组分特征及来源解析	康宝荣, 刘立忠, 刘煥武, 李养养, 艾双双, 曹宁, 雷颖 (3431)
长春季细颗粒物中有机气溶胶组成特征及来源	吴瑕, 曹芳, 翟晓瑶, 范美益, 张世春, 章炎麟 (3438)
中国城市扩张及空间特征变化对PM _{2.5} 污染的影响	王桂林, 张炜 (3447)
不同湿法脱硫工艺对燃煤电厂PM _{2.5} 排放的影响	邓建国, 马子珍, 李振, 段雷, 蒋靖坤 (3457)
浙江省合成革行业挥发性有机物污染特征及排放系数	徐佳琦, 王浙明, 宋爽, 徐志荣, 姚轶 (3463)
生活垃圾填埋场细菌气溶胶粒径分布及种群特征	马嘉伟, 杨凯雄, 柴风光, 王莹, 郭雪松, 李琳 (3470)
青岛近海生物气溶胶中总微生物的分布特征	官静, 祁建华, 李鸿涛 (3477)
广州饮用水水源地多环芳烃分布、来源及人体健康风险评价	宋玉梅, 王畅, 刘爽, 潘佳钊, 郭鹏然 (3489)
截污调水后滇池表层沉积物中16种PAHs的分布特征	胡昕怡, 高冰丽, 陈坦, 王洪涛, 金军, 饶竹, 朱雪芹, 王雪郡, 魏抱楷, 战楠, 刘彦廷, 戚敏 (3501)
黄河三角洲石油开采区盐渍化农田土壤多环芳烃的分布特征与源解析	邱慧, 刘月仙, 解小凡, 张萌, 王伟 (3509)
风场对太湖梅梁湾水华及营养盐空间分布的影响	余茂蕾, 洪国喜, 朱广伟, 权秋梅, 许海, 朱梦圆, 丁文浩, 李未, 吴挺峰 (3519)
向家坝水库营养盐时空分布特征及滞留效应	王耀耀, 吕林鹏, 纪道斌, 方海涛, 朱晓声, 张庆文, 霍静, 何金艳 (3530)
外源输入对底泥疏浚新生表层磷恢复及迁移的影响	李鑫, 耿雪, 王洪伟, 龚琬晴, 文帅龙, 钟继承, 李大鹏 (3539)
新疆喀什三角洲地下水SO ₄ ²⁻ 化学特征及来源	魏兴, 周金龙, 乃尉华, 曾妍妍, 范薇, 李斌 (3550)
黄土区洛川塬地下水化学特征及影响因素分析	李洲, 李晨曦, 华琨, 李志 (3559)
北京市河流秋季浮游动物群落特征分析	王海邻, 刘玉飞, 任玉芬, 贺玉晓, 王思琪, 张红星, 王效科, 李紫鑫 (3568)
三峡水库干流底栖硅藻群落组成及其与环境因子的关系	刘黎, 贺新宇, 付君珂, 杨燕君, 米文梅, 施军琼, 吴忠兴 (3577)
渭河流域水体细菌群落的环境响应及生态功能预测	万甜, 何梦夏, 任杰辉, 闫幸幸, 程文 (3588)
汾河下游水体nirS型反硝化细菌群落组成与无机氮关系	汪银龙, 冯民权, 董向前 (3596)
饮用水快速砂滤池优势微生物群落的代谢功能解析	胡万超, 赵琛, 王巧娟, 刘锐平, 柏耀辉 (3604)
基于污水厂污泥资源化利用的粗放型绿色屋顶水质控制效果	彭航宇, 李田, 齐悦, 何云鹏, 黄楚玉, 张卓然 (3612)
植被对绿色屋顶径流量和水质影响	章孙逊, 张守红, 张英, 吴思婷 (3618)
光催化/活性炭/纳滤组合工艺处理二级出水及对膜污染的控制	范科文, 李星, 杨艳玲, 周志伟 (3626)
多种材料对水中氨氮的吸附特性	焦巨龙, 杨苏文, 谢宇, 金位栋, 闫玉红, 徐彬 (3633)
不同氨氮浓度对4株常见藻株生长及酶活性的影响	常婷, 许智慧, 程鹏飞, 徐继林, 周成旭 (3642)
3种基质材料对高浓度养殖废水处理效果及降解过程	刘铭羽, 夏梦华, 李远航, 陈坤, 赵聪芳, 李希, 李裕元, 吴金水 (3650)
铝污泥酸化提取液改性沸石的除磷特性及机制	韩芸, 胡玉洁, 连洁, 杨思哲, 齐泽宁 (3660)
缺氧MBBR耦合部分厌氧氨氧化强化城市生活污水深度脱氮	杨岚, 彭永臻, 李健伟, 高锐涛, 王茗, 李夕耀 (3668)
连续流系统中好氧段及沉淀段对污泥及其缺氧段脱氮能力的影响	薛欢婷, 袁林江, 刘小博, 孙恒锐 (3675)
FeS自养反硝化与厌氧氨氧化的耦合脱氮机制	马景德, 潘建新, 李泽敏, 王一显, 吴海珍, 韦朝海 (3683)
ANAMMOX体系中氨与硫酸盐的同步转化条件	董石语, 毕贞, 张文静, 黄勇 (3691)
全国城市污水处理厂中微生物群落的溯源分析	张冰, 吴林蔚, 文湘华 (3699)
不同溶解氧浓度下硝化工艺中微生物种群结构对比	刘文如, 顾广发, 宋小康, 杨殿海 (3706)
异养硝化细菌Acinetobacter junii NP1的同步脱氮除磷特性及动力学分析	杨奎, 陈宁, 任勇翔, 崔坤, 汪旭晖, 肖倩, 郭淋凯 (3713)
Type 0092丝状菌污泥微膨胀在短程硝化中的实现	高春娣, 安冉, 韩徽, 张娜, 任浩, 赵楠, 焦二龙, 彭永臻 (3722)
高盐高碱环境下硝化反硝化过程及N ₂ O产生特征	代伟, 赵剑强, 丁家志, 刘双 (3730)
生物炭对盐碱土壤氨挥发的影响	王一字, 王圣森, 戴九兰 (3738)
两种土壤增效剂对稻田氨挥发排放的影响	周玉玲, 侯朋福, 李刚华, 王绍华, 杨林章, 薛利红, 丁艳锋 (3746)
承德市滦河流域土壤重金属地球化学基线厘定及其累积特征	孙厚云, 卫晓峰, 甘凤伟, 王恒, 何泽新, 贾凤超, 张竞 (3753)
厦门某旱地土壤垂直剖面中重金属迁移规律及来源解析	张炜华, 于瑞莲, 杨玉杰, 胡恭任, 崔建勇, 颜妍, 黄华斌 (3764)
宝鸡市区土壤重金属污染影响因子探测及其源解析	张军, 董洁, 梁青芳, 杨宁宁, 耿雅妮 (3774)
铁铈氧化物对土壤As(V)和P的稳定化效果	林龙勇, 阎秀兰, 杨硕 (3785)
铁锰氧化物在不同水分条件下对土壤As的稳定化作用	周海燕, 邓一荣, 林龙勇, 曹梦华, 钟立荣 (3792)
生物炭对双季稻水稻土微生物生物量碳、氮及可溶性有机碳氮的影响	刘杰云, 邱虎森, 汤宏, 沈健林, 吴金水 (3799)
有机物料对紫色土微生物量碳、氮及氮素供应的影响	汪月, 张名豪, 赵秀兰 (3808)
土地利用方式对土壤团聚体稳定性和有机碳含量的影响	罗晓虹, 王子芳, 陆畅, 黄容, 王富华, 高明 (3816)
宁南山区退耕还林还草对土壤氮素组成及其转化酶活的影响	高涵, 肖礼, 牛丹, 倪银霞, 黄懿梅 (3825)
不同浸提剂条件下生物炭吸附性有机物的浸出规律	何品晶, 张昊昊, 仇俊杰, 邵立明, 吕凡 (3833)
基于成组生物毒性测试的PM _{2.5} 毒性	江晓栋, 薛银刚, 魏永, 许霞, 刘菲, 薛柯, 施昕澜, 顾铭 (3840)
《环境科学》征订启事 (3587)	
《环境科学》征稿简则 (3595)	
信息 (3611, 3705, 3745)	

汾河下游水体 *nirS* 型反硝化细菌群落组成与无机氮关系

汪银龙¹, 冯民权^{1*}, 董向前²

(1. 西安理工大学西北旱区生态水利国家重点实验室, 西安 710048; 2. 山西水利职业技术学院水利工程系, 运城 044000)

摘要: 为了探究汾河下游水体中 *nirS* 型反硝化细菌群落结构组成及其与无机氮的相互影响关系, 在分析河流 9 个水样水质指标的基础上, 运用 Illumina 高通量测序技术对水样中的 *nirS* 型反硝化细菌群落结构和多样性进行诊断, 并进行统计分析, 解析水体 *nirS* 型反硝化细菌群落与无机氮之间的关系。结果表明, 汾河下游无机氮污染严重, 整体水质为 V 类水标准。Shannon 指数变化范围为 3.36 ~ 7.54, 说明该流域反硝化细菌群落多样性较高; 水体中主导菌属相对丰度占总群落的 89.8%, 分别为红细菌属 *Rhodobacter*、假单胞菌属 *Pseudomonas* 和陶厄氏菌属 *Thauera*; DO、pH 值及无机氮含量是影响汾河下游水体反硝化细菌群落的主要因素; 优势菌属红细菌属 *Rhodobacter*、陶厄氏菌属 *Thauera* 与 NO_3^- -N、 NO_2^- -N 呈负相关, 与 NH_4^+ -N 呈正相关, 稷山、河津和入黄口这 3 处的主要菌属假单胞菌属 *Pseudomonas* 与 NO_3^- -N、 NO_2^- -N 呈负相关, 与 NH_4^+ -N 呈正相关。汾河下游水体中 *nirS* 型反硝化细菌中的主要菌属促进了反硝化作用, 对降低水体中硝态氮的含量有一定的影响。

关键词: 反硝化细菌; 群落结构; 无机氮; 微生物; 环境因子

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2019)08-3596-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.201901075

Community Composition of *nirS*-type Denitrifying Bacteria in the Waters of the Lower Reaches of the Fenhe River and Its Relationship with Inorganic Nitrogen

WANG Yin-long¹, FENG Min-quan^{1*}, DONG Xiang-qian²

(1. State Key Laboratory of Eco-hydraulic in Northwest Arid Region, Xi'an University of Technology, Xi'an 710048, China; 2. Department of Hydraulic Engineering, Shanxi Water Conservancy Technical College, Yuncheng 044000, China)

Abstract: In order to assess the waters of the lower reaches of the Fenhe River and the interaction with inorganic nitrogen, Illumina high-throughput sequencing technology was used to analyze samples based on the analysis of water quality indicators of nine rivers. The community structure and diversity of *nirS*-type denitrifying bacteria was diagnosed and statistical analysis was carried out to analyze the relationship between these communities and inorganic nitrogen content. The results show that the lower reaches of the Fenhe River are seriously polluted with inorganic nitrogen and the overall water quality standard was classified as V. The range of calculated Shannon index values was 3.36-7.54, indicating that the diversity of the denitrifying bacterial community is high in this basin. The relative abundance of the dominant genera represented 89.8% of the total community, which included *Rhodobacter*, *Pseudomonas*, and *Thauera*. The DO, pH, and inorganic nitrogen content were the main factors affecting the denitrifying bacterial community in the lower reaches of the Fenhe River. The dominant genus, *Rhodobacter*, and the genus *Thauera* were negatively correlated with NO_3^- -N and NO_2^- -N, and were positively correlated with NH_4^+ -N. *Pseudomonas* was the dominant genus in the Jishan and Hejin areas, and in the Fenhe River feeding into the Yellow River, and was negatively correlated with NO_3^- -N and NO_2^- -N but positively correlated with NH_4^+ -N. The dominant genera of *nirS*-type denitrifying bacteria in the lower reaches of the Fenhe River promote denitrification and play a role in reducing the content of nitrate nitrogen in the water.

Key words: denitrifying bacteria; community structure; inorganic nitrogen; microorganisms; environmental factors

河流在生态生源要素循环中起着至关重要作用^[1], 也是地表水的重要水源之一。近年来, 西北地区城市的工农业不断发展, 在城镇居民比较集中的地区有大量无机氮通过生活污水和人畜粪便排放进入水体, 在农业比较发达的地方, 无机氮通过化肥的使用排放到河流中, 致使河流中无机氮浓度逐年上升。目前, 自然水环境污染越来越严峻, 使得淡水资源日益短缺, 对人类的生活与生产发展构成了严重阻碍^[2, 3], 恶化的水体不仅使河流生态系统失去了自净功能, 而且导致了水环境中生物多样性的锐减^[4]。

微生物对自然河流生态系统的生化反应过程有较大影响, 包括氨氧化^[5]、硝化^[6]、硫酸盐还原以及甲烷的产生等。一般来说, 细菌种类繁多且很难培养, 传统技术较难分析细菌群落结构与功能。目前, 已有克隆文库法^[7]、变性梯度凝胶电泳技术^[8]、荧光定量 PCR 技术和高通量 DNA 测序^[9]等

收稿日期: 2019-01-08; 修订日期: 2019-03-11

基金项目: 国家自然科学基金项目(51679191); 山西省水利科学技术研究与推广项目(2017SZ02)

作者简介: 汪银龙(1992~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为污染源解析, E-mail: 1093620282@qq.com

* 通信作者, E-mail: mqfeng@xaut.edu.cn

技术用来分析细菌群落, 且大多用于湿地^[10]、湖泊^[11]、水库^[12]、河流^[13, 14]和海洋^[15]等水环境. 姚炎红等^[16]通过定量 PCR 及克隆文库结合 T-RFLP 研究了土壤中反硝化细菌的群落结构, 结果表明, 土壤中影响 *nirK* 型反硝化细菌群落的重要因子是 PAHs. 赵昕燕等^[17]利用聚合酶链式反应-变性梯度凝胶电泳技术 (PCR-DGGE) 对比分析了 MBBR 反应器的短程硝化生物膜中的微生物群落结构. 程建华等^[18]采用荧光定量 PCR 技术分析季节和污染类型对沉积物样品中硝化 (*amoA*) 和反硝化 (*nirS*、*nirK*) 功能基因丰度的影响. 由此可见, 学者们关于污染土壤、水源水库、河流沉积物等生态系统反硝化菌群结构的研究较多, 对于自然河流研究却鲜见报道. 因此研究自然河流的微生物 (反硝化细菌) 群落结构以及其与无机氮的相互影响关系, 对于改变水体中无机氮的含量并进一步缓解河流无机氮污染问题, 有着重要的意义.

汾河是山西第一大河, 位于山西省的中南部, 下游流域位于东经 $110^{\circ}30' \sim 112^{\circ}34'$, 北纬 $35^{\circ}20' \sim 36^{\circ}57'$, 河段全长 210.5 km, 流域面积 11 276 km². 随着汾河流域城市化进程的影响, 人类活动对于水质的影响逐渐加剧, 越来越多的学者对汾河下游无机氮进行了研究. 通常通过水质与土地类型相关性来分析水中无机氮污染源^[19], 近几年, 学者利用同位素来解析水体中无机氮的来源, 如孟志龙等^[20]基于氮、氧同位素对汾河下游硝酸盐污染源进行了解析. 对汾河下游水体中反硝化细菌群落结构与无机氮关系的研究鲜见报道. 本研究选取汾河下游 9 个采样点的水样作为对象, 在综合水质理化因子分析的基础上, 运用特定基因 DNA 测序技术分析汾河下游 *nirS* 型反硝化细菌群落结构, 探知汾河下游无机氮与反硝化细菌群落结构的相互联系, 以期为后期汾河下游环境检测以及无机氮治理提供科学的基础数据依据.

1 材料与方法

1.1 研究地点和样本采集

汾河是黄河的一级支流, 下游无机氮污染严重. 本研究沿汾河下游赵城镇到入黄口的 9 个点进行水样采集. 如图 1 所示, 分别为赵城镇 (M1, $36^{\circ}23'1.1''N$, $111^{\circ}39'43''E$)、洪洞 (M2, $36^{\circ}15'13.9''N$, $111^{\circ}38'17.7''E$)、临汾 (M3, $36^{\circ}4'49.7''N$, $111^{\circ}29'11.4''E$)、涝河口 (M4, $36^{\circ}7'39.2''N$, $111^{\circ}30'4.2''E$)、襄汾 (M5, $35^{\circ}52'42.3''N$, $111^{\circ}25'38.9''E$)、浍河口 (M6, $35^{\circ}35'27.6''N$, $111^{\circ}11'58.6''E$)、稷山 (M7, $35^{\circ}35'25.5''N$,

$110^{\circ}58'22.4''E$)、河津 (M8, $35^{\circ}33'23.5''N$, $110^{\circ}42'20.1''E$) 和入黄口 (M9, $35^{\circ}21'9.3''N$, $110^{\circ}28'41.1''E$). 用采样器在汾河下游河流中距离表面 0.2 m 处取水样, 并立即转移到无菌瓶中. 水样被带回实验室后, 首先通过 $0.45 \mu m$ 孔径滤膜过滤, 去除较大的悬浮颗粒, 然后于 $-4^{\circ}C$ 下冷藏保存.

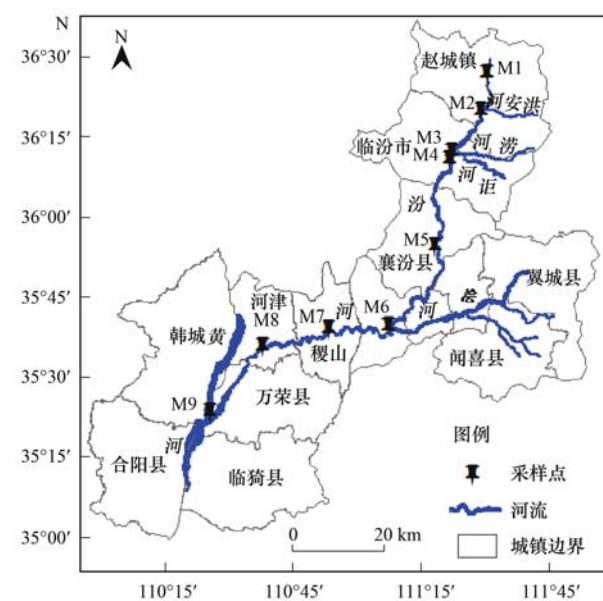


图 1 采样点示意

Fig. 1 Sampling point schematic

1.2 物理化学变量测定

使用便携式多参数分析仪 (HACH-HQ30d) 现场测定水样中的溶解氧 (dissolved oxygen, DO)、温度 T 和 pH 值. TN 、 $NO_3^- - N$ 采用紫外分光光度法 (HJ 636-2012) 测定; $NH_4^+ - N$ 采用纳氏试剂分光光度法 (HJ 535-2009) 测定; $NO_2^- - N$ 采用 N -(1-萘基)-乙二胺光度法测定.

1.3 DNA 提取与高通量测序

用 OMEGA Soil DNA Kit 提取截留在滤膜上的微生物 DNA, 并用 NanoDrop2000 分光光度计 (美国 Hudson, Thermo Fisher) 和琼脂糖凝胶电泳 (Resp) 检测 DNA 的浓度和完整性. DNA 电泳结果符合质量要求, 可以进行后续实验. 以提取的 DNA 为模板, 用引物 (Cd3Af/R3cd) 进行 PCR 扩增微生物 16S rRNA 基因 V3-V4 高变区. PCR 反应体系 (30 μL): $2 \times HiFi$ Hot Start Ready Mix 12.5 μL , 引物 cd3aF ($10 \mu mol \cdot L^{-1}$) 0.5 μL , 引物 R3cd ($10 \mu mol \cdot L^{-1}$) 0.5 μL , DNA 模板 12.5 ng. PCR 反应条件: $95^{\circ}C$ 3 min, $95^{\circ}C$ 30 s, $60^{\circ}C$ 30 s, $72^{\circ}C$ 30 s, 25 个循环; $72^{\circ}C$ 10 min. 然后检测 PCR 扩增产物的纯度, 检测后的产物使用磁珠纯化. 经过第 1 阶段 PCR 产物纯化后, 进行第二阶段 PCR 扩增, PCR 反应体系 (30 μL): $2 \times HiFi$ Hot Start Ready Mix

12.5 μL , 引物 cd3aF ($10 \mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$) 0.5 μL , 引物 R3cd ($10 \mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$) 0.5 μL , 第一轮 PCR 纯化产物 10 ng. PCR 反应条件: 95°C 3 min, 95°C 30 s, 55°C 30 s, 72°C 30 s, 8 个循环, 72°C 10 min. 并再次检测产物纯度, 检测后使用磁珠纯化, 对纯化后的 PCR 产物进行 Qubit 定量. 按照 PCR 产物的浓度进行等量混样, 在 Illumina MiSeq 测序平台上测序.

1.4 测序分析

使用 Trimmomatic 软件对原始双端序列进行去杂, 为保证结果的准确性, 可进行精准去杂, 精准去杂的参数为: 去掉含有 N 碱基的序列, 保留碱基质量分数 Q20 达到 75% 以上的序列. 去杂后的双端序列利用 FLASH 软件进行. 同时, 利用 UCHIME 检测序列. 在测序数据经预处理生成优质序列之后, 采用 Vsearch 软件, 根据序列的相似性, 将序列归为多个 OTUs (序列相似度 $\geq 97\%$). 使用 QIIME 软件包挑选出各个 OTUs 的代表序列, 将所有主要序列与数据库 Silva (version123)^[21] 比对后最终得到系统发育树和 OTUs 代表的分类信息, 并在属的水平上分析每个样品的群落结构组成.

1.5 统计分析

使用 SPSS 21.0 软件 (SPSS, USA) 对 9 个水样的环境参数的差异进行单因素方差分析 (ANOVA). 基于细菌群落组成及水体物理环境因子数据, 利用 CANOCO (Version 5.0) 进行主成分分析 (PCA) 及相关性分析, 探明汾河下游反硝化细菌群落与无机氮

的相互联系. PCA 分析图中, 主要解释变量在轴 PC1 与轴 PC2 上, 实心箭头表示不同水质因子, 向量长短表示相应水质指标对主轴的解释量. 采用 R 软件 (Version 2.1.1) 制作热图 (heat map), 通过颜色梯度反映不同采样点水体反硝化菌群在属水平上群落组成差异^[22, 23].

2 结果与分析

2.1 环境表征

汾河下游 9 个点采集水样的理化参数如表 1 所示. T 和 pH 值差异性不高 ($P > 0.05$), 属于正常的水环境指标范围. 溶解氧 (DO) 沿着河流明显降低, 在稷山、河津及入黄口这 3 个采样点的含量小于 $3 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ ($F = 98.8$, $P < 0.01$), 这可能由于下游水流缓慢, 有利于好氧微生物的生存, 消耗了大量水中溶解氧; 下游 9 个取样点的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度范围为 $(6.49 \pm 0.05) \sim (10.28 \pm 0.05) \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ ($F = 59.62$, $P < 0.01$), 均高于 V 类水标准 ($\leq 2.0 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$); $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 浓度范围为 $(9.24 \pm 0.08) \sim (14.27 \pm 0.05) \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ ($F = 63.58$, $P < 0.01$), 除了洪洞 (M2) 和临汾 (M3) 这 2 个点的 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 浓度未超过 $10 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 其余 7 个点均超出了国家水质标准 ($10 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$), 主要因为河流两岸分布大量城镇和农业用地, 导致含有 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的污水、粪肥进入到河流. 整体来看, 汾河下游无机氮污染较为严重, 水体水质属于 V 类水标准.

表 1 不同采样点水体水质指标分析¹⁾

Table 1 Analysis of water quality indicators at different sampling points

采样点	$T/^{\circ}\text{C}$	pH 值	$\text{DO}/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	$\text{NO}_3^-\text{-N}/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	$\text{NO}_2^-\text{-N}/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	$\text{NH}_4^+\text{-N}/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	$\text{TN}/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$
M1	16.58 ± 0.02	7.30 ± 0.01	7.59 ± 0.07	11.21 ± 0.05	0.62 ± 0.05	7.81 ± 0.11	28.52 ± 0.08
M2	15.80 ± 0.03	7.93 ± 0.02	7.96 ± 0.06	9.24 ± 0.08	0.78 ± 0.02	7.25 ± 0.05	21.71 ± 0.08
M3	16.43 ± 0.08	8.25 ± 0.03	8.90 ± 0.04	9.81 ± 0.04	0.91 ± 0.06	6.49 ± 0.05	23.78 ± 0.15
M4	16.60 ± 0.07	8.39 ± 0.07	7.96 ± 0.06	10.31 ± 0.08	0.84 ± 0.03	8.49 ± 0.09	25.63 ± 0.01
M5	14.49 ± 0.11	8.41 ± 0.08	6.58 ± 0.07	12.32 ± 0.08	0.72 ± 0.05	6.85 ± 0.03	24.60 ± 0.04
M6	16.82 ± 0.03	8.35 ± 0.06	6.22 ± 0.01	11.24 ± 0.01	0.62 ± 0.04	8.51 ± 0.05	22.46 ± 0.15
M7	17.81 ± 0.01	7.88 ± 0.06	2.96 ± 0.01	13.27 ± 0.06	0.81 ± 0.03	7.68 ± 0.05	24.73 ± 0.07
M8	15.35 ± 0.07	7.90 ± 0.01	2.32 ± 0.03	14.27 ± 0.05	0.59 ± 0.02	10.28 ± 0.05	32.26 ± 0.07
M9	13.77 ± 0.03	8.14 ± 0.02	2.91 ± 0.02	12.40 ± 0.11	0.88 ± 0.04	9.52 ± 0.05	26.80 ± 0.07
ANOVA	NS ¹⁾	NS	$P < 0.01$	$P < 0.01$	$P < 0.01$	$P < 0.01$	$P < 0.01$

1) NS 表示差异不显著

2.2 反硝化细菌群落结构

2.2.1 细菌群落多样性

通过 MiSeq 高通量测序, 汾河下游 9 个样点水样共得到高质量 16S rRNA 基因序列 290 364 条, 以 97% 的序列相似度对得到的基因序列进行 OTUs 划分, 共获得 4 440 条 OTUs, 单个样点水样的 OTUs 数量为 233 ~ 794 之间. 各样点的 OTUs 数量和多样性指数如表 2 所示, M8 点的 OTUs 数

目最多, 为 794; M2 点的 OTUs 数目最少, 为 233; 9 个点共有 76 个相同的 OTUs, 占 OTUs 总数的 6.29%, 表明汾河下游不同空间的水环境对反硝化细菌群落组成影响显著. 各样本文库的覆盖度 (coverage) 范围为 88.82% ~ 97.2%, 平均为 94.26%, 表明测序深度可以反映汾河下游水体中微生物群落的真实情况. 由 Chao1 丰度指数可知, M1 样点微生物丰度最高; M2、M3 样点 Chao1 指

数较低, 微生物丰度相对也较低. 9 个样点的 Simpson 指数在 0.81 ~ 0.98 之间, 其中 M1、M4 和 M5 样点 Simpson 指数值较高, 分别为 0.98、0.96 和 0.97, 与其它样点 Simpson 指数 (0.80 ~ 0.90) 有差异, 说明此 3 个样点水体较其他水体具有丰富的群落结构.

表 2 各取样点水体反硝化细菌群落多样性指数

Table 2 Denitrifying bacteria community diversity index for water samples at each sampling point						
采样点	序列数	OUTs 数量	覆盖度/%	Chao1 指数	Simpson 指数	Shannon 指数
M1	29 376	395	88.82	936	0.98	7.54
M2	34 829	233	97.20	397	0.81	3.36
M3	34 034	366	97.07	564	0.82	3.76
M4	31 541	469	92.32	896	0.96	6.55
M5	27 285	373	90.57	842	0.97	7.44
M6	34 564	375	96.37	532	0.85	4.08
M7	32 837	739	95.60	574	0.90	4.66
M8	33 775	794	95.11	551	0.94	5.52
M9	32 123	696	95.29	636	0.88	4.97

Shannon 指数反映了反硝化细菌的群落多样性. 如表 2 中, 汾河下游 9 个采样点的 Shannon 指数变化范围为 3.36 ~ 7.54, 平均值为 5.32, M1 样品 Shannon 指数最高, M2 样品 Shannon 指数最低, 说明 M1 处的反硝化细菌多样性最高, M2 处多样性最低. 在接近入黄口的 3 个点水样 Shannon 指数较均匀, 变化范围为 4.66 ~ 5.52, 说明入黄口处的反硝化细菌的多样性差异较小. 根据空间位置将采样点分为 3 个组, 非度量多维尺度分析 (nonmetric multidimensional scaling, NMDS) 表明 (图 2), 汾河下游组 2 内的 M4 和 M5 样点反硝化细菌群落结构具有极高的相似性, 组 3 内 M7、M8 和 M9 的反硝化细菌的群落结构组也具有一定的相似性, 而组 1 内的 M1、M2 和 M3 这 3 个样点的反硝化细菌的群落结构差异性较高. 说明靠近入黄口的 3 个采样点水流缓慢, 地势平坦, 周边土地类型主要为农业用地, 水中的无机氮主要来源于农业氮肥的使用, 且水中溶解氧均低于 $3\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 相似的水环境条件为反硝化细菌提供了一样的生存基础; 汾河下游前 3 个采样点 (M1、M2 和 M3) 周围分布有大量焦化厂以及矿场, 各种污水的排放使得水体中水环境有很大的不同, 致使不同空间的反硝化细菌群落结构有明显的差异性.

2.2.2 反硝化细菌群落组成和结构

对 97% 的相似水平下的 OUTs 进行生物信息统计分析, 结果表明 4 440 个 OUTs 主要 23 分为个属. 热图 (heat map) 可以直观地将数据的大小以定义的颜色深浅表示出来, 在属水平上对各样品中不同种属丰度做热图. 图 3 表明, 汾河下游水体具有丰富的反硝化细菌群落结构, 但主要菌群存在差异. M1 与 M5 样点水体具有较丰富的群落结构, M2 和 M3 样点水体的群落结构较单一, 这主要是因为 M1 和

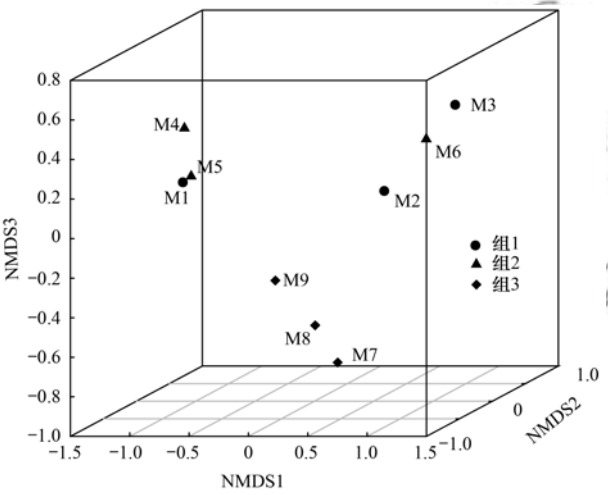


图 2 NMDS 分析
Fig. 2 NMDS analysis plot

M5 采样点分别接近赵城镇、襄汾县 (未流经), 河流流速缓慢, 周边生活、工厂废弃物排放严重, 使得水体水环境更为复杂, 水体中悬浮固体物较高, 为微生物生存提供了良好的环境. 相反, M2 和 M3 采样点位于洪洞县以及临汾市城中, 河流流经城市公园以及湿地保护区 (区域内有大量的植物) 时水体经过了简单的净化, 且周边严禁污水排放, 水体污染较小, 水环境适合少量的微生物生存. 从优势属来看, M1 采样点优势菌属为假单胞菌属 *Pseudomonas*, 占比为 23.3%, 主要菌属为红细菌属 *Rhodobacter* 及 *Paucibacter*, 分别占比 21.4% 和 19.9%. 假单胞菌属中多个种属于反硝化过程的典型菌株, 其中施氏假单胞菌种 *Pseudomonas stutzeri* 可以去除 97% 的硝酸盐氮^[24], 因此假单胞菌属作为优势属可能参与水体脱氮作用. 其余 8 个样点的优势菌属均为红细菌属 *Rhodobacter*, 在 M2 和 M3 样点中分别占比高达 99.6% 和 98.7%. 除了优势菌属外, 各样点的其他菌属差异性很大. 副球菌属

Paracoccus 更适合生存在总氮含量较高水环境中, 是一种好氧反硝化细菌, 对于促进反硝化作用具有较大影响. 在 M1 和 M8 样点总氮含量较高的水体中检测到副球菌属 *Paracoccus* 占了总菌属的 2.9% 和 2.6%, 而总氮浓度较低的其他样点的副球菌属 *Paracoccus* 占比很小, 甚至没有检测出; 假单胞菌属 *Pseudomonas* 不仅是 M1 样点的优势菌属, 而且在 M7、M8 和 M9 样点也占有较高的比例, 这为入

黄口处硝态氮转化为其他形态氮做出很大贡献; 在 M5 样点中检测到了大量变形菌门 *Proteobacteria* 中的红长命菌属 *Rubrivivax*^[25], 虽然不是优势菌属, 但是相对其他菌属也占了一定的比例, 对反硝化作用有很大的影响; 另外, 9 个样点中, 陶厄氏菌属 *Thauera* 占比也比较高, 对反硝化作用有着促进作用^[26], 其余菌属虽然占比不高, 但是对水体中反硝化作用也发挥了一定的作用.

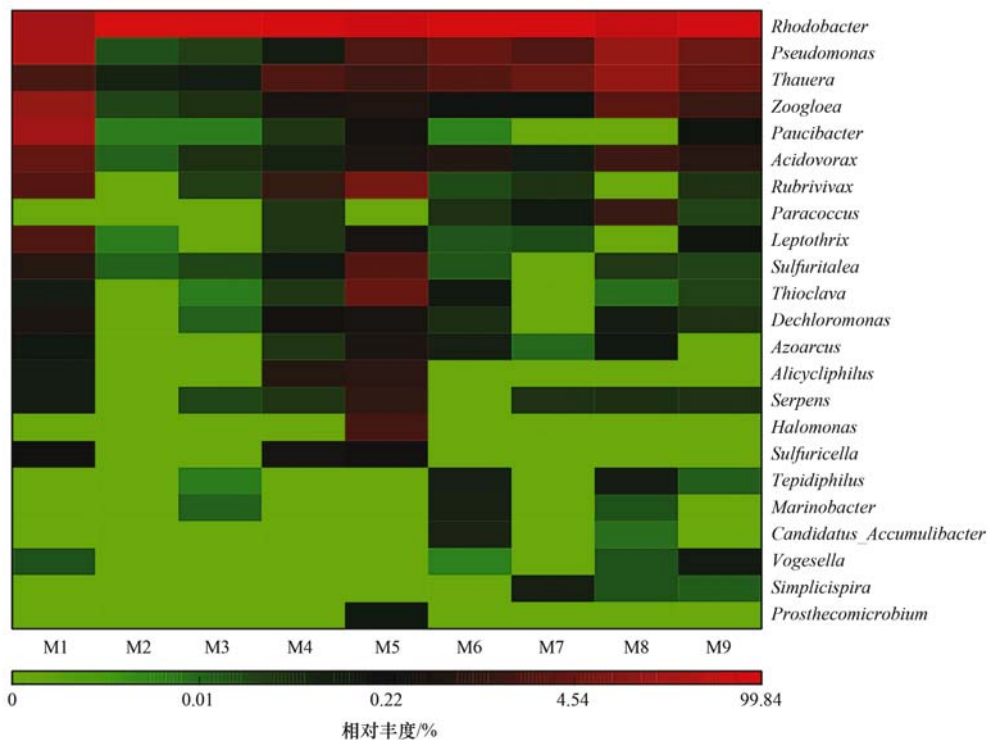


图 3 各样点优势菌属热图

Fig. 3 Heat map of the dominant bacteria

2.3 反硝化细菌群落与水体无机氮关系分析

基于反硝化细菌菌属类别及水体水质数据基础, 对细菌菌属群落与水体无机氮进行主成分分析 (principal component analysis, PCA) 及 Spearman 相关性分析. 主成分 (PC1 和 PC2) 可以解释菌属结构的 91.8%, 绝大多数 *nirS* 型反硝化细菌属显示在 PC1 轴上, PC1 解释总变异的 74.3%, PC2 解释总变异的 17.5%. 由图 4 可知, 9 个样点中 M3 与其他样点的反硝化细菌群落互异, 其他 8 个样点可分为相似度较高的 3 组群落结构, M1、M4 和 M5 样点水体反硝化细菌群落相似度极高, M2 和 M6 样点水体反硝化细菌群落相似度高, 同样, M7、M8 和 M9 样点水体也具有相似度较高的反硝化细菌菌属群落. 无机氮与不同反硝化细菌菌属群落有着较大的关联, 在反硝化细菌菌属群落具有相似度较高的 M7、M8 和 M9 样点水体中, TN、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 和 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 是反硝化细菌菌属群落的主要影

响因子, 红细菌属 *Rhodobacter*、假单胞菌属 *Pseudomonas* 以及陶厄氏菌属 *Thauera* 这 3 种菌属与无机氮的浓度显著关系; 温度 (*T*)、DO 是 M1、

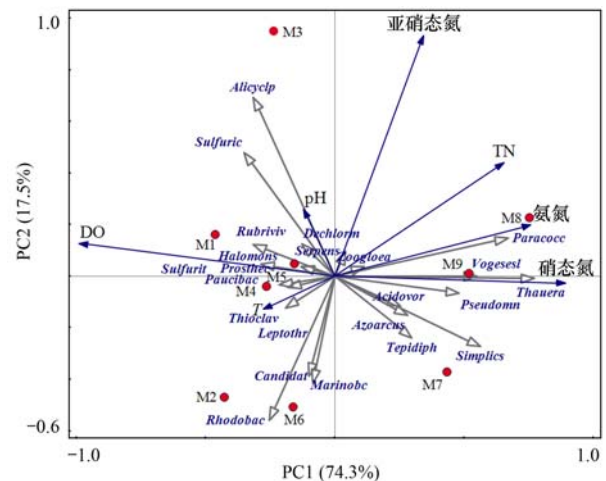


图 4 反硝化细菌群落的主成分分析

Fig. 4 Principal component analysis for the denitrifying bacterial populations

M4 和 M5 样点水体中的多种反硝化细菌菌属的主要影响因子, 而 TN 、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 与浮球菌属 *Paracoccus*、红细菌属 *Rhodobacter* 以及假单胞菌属 *Pseudomonas*、陶厄氏菌属 *Thauera* 呈负相关, 对降低无机氮浓度有一定促进作用; pH 值与 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 是 M3 样点水体中反硝化细菌菌属的主要环境影响因子。

由主要菌属与水质因子的 Spearman 相关性分析可知(表 3), 汾河下游水体中反硝化细菌的优势菌属红细菌属 *Rhodobacter* 与 T 、DO 和 pH 值呈正相关, 但相关性不高($|F| < 0.3$), 与 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 和 TN 等无机氮呈负相关, 且相关性较高($|F| > 0.5$)。M1、M4 和 M5 样点水体反硝化细菌群落结

构主要受 DO、 T 和 pH 值这 3 个水质因子影响($P < 0.05$), 其中 DO 的影响最为显著($P < 0.01$), 而无机氮 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 和 TN 等对群落结构几乎没有影响($P = \text{NS}$), 说明在 M1、M4 和 M5 样点水体中反硝化细菌对于无机氮的浓度没有明显影响; T 是 M2 和 M6 样点水体反硝化细菌群落结构的影响因子($P < 0.05$), 但影响显著性不高; 接近入黄口 M7、M8 和 M9 样点处, $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 和 TN 这 3 个水质因子对反硝化细菌群落结构的影响作用较高, 3 个水样中检测到了大量红细菌属 *Rhodobacter* 以及假单胞菌属 *Pseudomonas*、陶厄氏菌属 *Thauera*, 这 3 种 *nirS* 型反硝化菌属群落结构与盐度、氨氮和硝态氮浓度显著相关^[27]。

表 3 主要菌属与环境因子的 Spearman 相关性分析

Table 3 Spearman correlation analysis between the dominant bacteria and environmental factors							
项目	T	pH	DO	$\text{NO}_3^-\text{-N}$	$\text{NO}_2^-\text{-N}$	$\text{NH}_4^+\text{-N}$	TN
<i>Rhodobacter</i>	0.283	0.205	0.178	-0.413	-0.550	0.213	-0.584
<i>Pseudomonas</i>	0.014	-0.584	-0.428	-0.551	-0.220	0.637	0.779
<i>Thauera</i>	-0.046	-0.158	-0.721	-0.747	-0.198	0.761	0.695
<i>Zoogloea</i>	0.037	-0.841	-0.052	0.216	-0.054	0.260	0.669
<i>Paucibacter</i>	0.176	-0.802	0.241	-0.078	-0.203	-0.083	0.338
<i>Acidovorax</i>	0.024	-0.645	-0.219	0.346	-0.144	0.493	0.642
<i>Rubrivivax</i>	-0.031	-0.472	0.335	-0.030	-0.078	-0.282	0.236
<i>Paracoccus</i>	-0.133	-0.170	-0.582	0.654	0.304	0.674	0.754
<i>Leptothrix</i>	0.107	-0.787	0.201	-0.054	-0.204	-0.056	0.340
<i>Sulfuritalea</i>	-0.189	-0.339	0.290	0.045	-0.147	-0.331	0.198
<i>Thioclava</i>	-0.332	0.425	0.124	0.138	-0.199	-0.314	-0.222
<i>Dechloromonas</i>	0.167	-0.621	0.184	0.079	-0.026	0.133	0.505

3 讨论

汾河下游无机氮污染较为严重, 在 9 个采样点的水样中, 7 个点的 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量均超出了国家水质标准($10\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$), 占比为 78%, $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度均高于 V 类水标准($\leq 2.0\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$)。这主要因为所选取的 9 个取样点都是在城镇区以及河流交汇处, 在城镇区有工业以及生活污水排放, 如襄汾(M5)的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度较高, 主要和城内的生活污水大量排放有关。而河流交汇处, 很多 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 都是由支流汇流带进来的。浍河口处(M6)和稷山(M7)这 2 个点的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度分别为 $8.52\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 和 $7.63\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 。氨氮含量最高处河津市为 $9.64\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 其次为入黄口 $9.54\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 主要因为入黄口往上是万荣县, 该县城拥有大面积的农业耕地, 大量的农业化肥通过灌溉用水和雨水汇入河道, 造成 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的增加, 同时上游河津市的 3 个污水处理厂的排水也会影响该地区 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的浓度。另外, 7 月正处于农耕繁忙时期, 由于雨水的冲刷与汇入, 农田的化肥氮素($\text{NO}_3^-\text{-N}$ 为主)进入河流, 导致汾河河流水体中的

$\text{NO}_3^-\text{-N}$ 浓度快速增加, 同时在入黄口断面处, 黄河水流量过大就会产生河水倒灌, 稀释了河流交汇处 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 的浓度, 交汇处河道宽阔平坦, 水流速缓慢, $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 浓度由于微生物反硝化的降解作用有所降低^[28]。整体来看, 汾河下游无机氮污染较为严重, 水体水质属于 V 类水标准。

细菌多样性指数即 Shannon 多样性是反映多样性综合性指数, 既包含物种丰富度又包括均匀度^[29]。本研究中, 在 9 个水样中 Shannon 指数有很大的差异, 这主要是由于汾河下游周围环境不同, 各个样点处的水环境较为复杂, 给不同的反硝化细菌提供了良好的生存环境。M1 与 M2 样品 Shannon 指数相差最大, 说明 M1 处的反硝化细菌多样性较 M2 处多样性丰富。虽然 M1 与 M2 样点相距较近, 但是 M1 样点周围分布有大量的焦化厂以及煤场、矿场, 不同的废水排放致使河流水环境更为复杂, 且大量的煤粉、矿粉进入河流为微生物提供了良好的生存环境, 这与一些河流细菌多样性研究基本一致^[30]。9 个采样点中赵城镇(M1)水体中优势菌属为假单胞菌属 *Pseudomonas*, 其余 8 个点水体中优

势菌属均为红细菌属 *Rhodobacter*, 在 M2 和 M3 样品中分别占比高达 99.6% 和 98.7%, 是绝对的优势菌属. 另外, 9 个样点中, 陶厄氏菌属 *Thauera* 占比也比较高, 在 M7、M8 和 M9 样品中占比分别为 5.7%、13.5% 和 5.4%, 陶厄氏菌属 *Thauera* 能够很好地促进反硝化^[31], 对水体脱氮起很大的作用.

由优势菌属与水质指标间的主成分分析及 Spearman 相关性分析知, 汾河下游水体中优势菌属红细菌属 *Rhodobacter* 与 T 、DO 和 pH 值呈正相关, 与 NO_3^- -N、 NO_2^- -N 和 TN 等无机氮呈负相关, 相关系数均小于 -0.5 , 与 NH_4^+ -N 呈正相关. 另外, 稷山、河津和入黄口这 3 处的主要菌属假单胞菌属 *Pseudomonas* 与 NO_3^- -N 呈负相关关系 ($R = -0.551$, $P < 0.05$), 与 NO_2^- -N 呈负相关关系 ($R = -0.220$, $P < 0.05$), 与 NH_4^+ -N 呈正相关 ($R = 0.637$, $P < 0.05$), 陶厄氏菌属 *Thauera* 与 NO_3^- -N 和 NO_2^- -N 呈负相关关系. 这说明水体中发生了复杂的反硝化作用, 且红细菌属 *Rhodobacter* 和假单胞菌属 *Pseudomonas* 对脱氮有一定的促进作用, 陶厄氏菌属 *Thauera* 是一类革兰氏阴性菌, 可以参与反硝化作用. 在 M7、M8 和 M9 采样点处, 汾河地势平坦, 水流速度缓慢, DO 均低于 $3 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 有利用反硝化反应进行, 这对水体发生反硝化作用提供了一定的环境基础, 对河流中无机氮含量变化具有一定的影响.

4 结论

(1) 汾河下游无机氮污染较为严重, 河流整体水质为 V 类水标准, 其中 NH_4^+ -N 浓度均高于 $2.0 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 78% 的水体中 NO_3^- -N 含量均超出了国家水质标准 ($10 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$).

(2) 汾河下游不同空间水体中的 *nirS* 反硝化细菌群落结构差异显著. 赵城镇、涝河口、襄汾这 3 处水体群落结构相似, 稷山、河津、入黄口这 3 处也具有相似的群落结构, 但洪洞县、临汾、浍河口却与其他样点的群落结构相异. 9 个采样点中除赵城镇水体中优势菌属为假单胞菌属 *Pseudomonas* 外, 其余 8 个点水体中优势菌属均为红细菌属 *Rhodobacter*.

(3) 汾河下游赵城镇、临汾、襄汾水体中反硝化细菌群落结构主要受 DO、 T 、pH 值这 3 个水质因子影响 ($P < 0.05$), T 是洪洞、浍河口两处水体中反硝化细菌群落结构的影响因子, 但影响显著性不高; 下游的稷山、河津、入黄口水体中, NO_3^- -N、 NO_2^- -N 和 TN 是影响反硝化细菌群落结构的重要环

境因子 ($P < 0.05$). 各采样点处群落结构中的优势菌属红细菌属 *Rhodobacter*、假单胞菌属 *Pseudomonas*、陶厄氏菌属 *Thauera* 与 NO_3^- -N 和 NO_2^- -N 等无机氮呈负相关, 与 NH_4^+ -N 呈正相关, 对水体中无机氮的含量有一定的影响.

参考文献:

- [1] Williamson C E, Dodds W, Kratz T K, et al. Lakes and streams as sentinels of environmental change in terrestrial and atmospheric processes[J]. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 2008, 6(5): 247-254.
- [2] 秦伯强, 高光, 朱广伟, 等. 湖泊富营养化及其生态系统响应[J]. *科学通报*, 2013, 58(10): 855-864.
Qin B Q, Gao G, Zhu G W, et al. Lake eutrophication and its ecosystem response[J]. *Chinese Science Bulletin*, 2013, 58(9): 961-970.
- [3] 郝利霞, 孙然好, 陈利顶. 海河流域河流生态系统健康评价[J]. *环境科学*, 2014, 35(10): 3692-3701.
Hao L X, Sun R H, Chen L D. Health assessment of river ecosystem in haihe river basin, China[J]. *Environmental Science*, 2014, 35(10): 3692-3701.
- [4] Weijters M J, Janse J H, Alkemade R, et al. Quantifying the effect of catchment land use and water nutrient concentrations on freshwater river and stream biodiversity[J]. *Aquatic Conservation*, 2009, 19(1): 104-112.
- [5] Nam Y D, Sung Y, Chang H W, et al. Characterization of the depth-related changes in the microbial communities in Lake Hovsgol sediment by 16S rRNA gene-based approaches[J]. *The Journal of Microbiology*, 2008, 46(2): 125-136.
- [6] Xia X H, Zhou J S, Yang Z F. Nitrogen contamination in the Yellow River basin of China[J]. *Journal of Environmental Quality*, 2002, 31(3): 917-925.
- [7] Gao J, Hou L J, Zheng Y L, et al. *nirS*-Encoding denitrifier community composition, distribution, and abundance along the coastal wetlands of China[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2016, 100(19): 8573-8582.
- [8] Yasumoto J, Yasumoto-Hirose M, Kudeken T, et al. Microbial community analysis of groundwater related to the denitrification in Ryukyu limestone aquifer[J]. *Journal of Groundwater Hydrology*, 2015, 57(2): 153-169.
- [9] Wang Z, Zhang X X, Lu X, et al. Abundance and diversity of bacterial nitrifiers and denitrifiers and their functional genes in tannery wastewater treatment plants revealed by high-throughput sequencing[J]. *PLoS One*, 2014, 9(11): e113603.
- [10] 魏佳明, 崔丽娟, 李伟, 等. 表流湿地细菌群落结构特征[J]. *环境科学*, 2016, 37(11): 4357-4365.
Wei J M, Cui L J, Li W, et al. Characteristics of bacterial communities in surface-flow constructed wetlands[J]. *Environmental Science*, 2016, 37(11): 4357-4365.
- [11] 张雅洁, 李珂, 朱浩然, 等. 北海湖微生物群落结构随季节变化特征[J]. *环境科学*, 2017, 38(8): 3319-3329.
Zhang Y J, Li K, Zhu H R, et al. Community structure of microorganisms and its seasonal variation in Beihai Lake[J]. *Environmental Science*, 2017, 38(8): 3319-3329.
- [12] 陈兆进, 丁传雨, 朱静亚, 等. 丹江口水库枯水期浮游细菌群落组成及影响因素研究[J]. *中国环境科学*, 2017, 37(1): 336-344.
Chen Z J, Ding C Y, Zhu J Y, et al. Community structure and influencing factors of bacterioplankton during low water periods in Danjiangkou Reservoir[J]. *China Environmental Science*, 2017,

- 37(1): 336-344.
- [13] Staley C, Johnson D, Gould T J, *et al.* Frequencies of heavy metal resistance are associated with land cover type in the Upper Mississippi River[J]. *Science of the Total Environment*, 2015, **511**: 461-468.
- [14] 刘睿, 吴巍, 周孝德, 等. 渭河浮游细菌群落结构特征及其关键驱动因子[J]. *环境科学学报*, 2017, **37**(3): 934-944.
Liu R, Wu W, Zhou X D, *et al.* Bacterioplankton community structure in Weihe River and its relationship with environmental factors[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2017, **37**(3): 934-944.
- [15] 白洁, 刘小沙, 侯瑞, 等. 南海南部海域浮游细菌群落特征及影响因素研究[J]. *中国环境科学*, 2014, **34**(11): 2950-2957.
Bai J, Liu X S, Hou R, *et al.* Community structure and influencing factors of bacterioplankton in the southern South China Sea[J]. *China Environmental Science*, 2014, **34**(11): 2950-2957.
- [16] 姚炎红, 王明霞, 左小虎, 等. 典型油田多环芳烃污染对土壤反硝化微生物群落结构的影响[J]. *环境科学*, 2016, **37**(12): 4750-4759.
Yao Y H, Wang M X, Zuo X H, *et al.* Effects of PAHs pollution on the community structure of denitrifiers in a typical oilfield[J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(12): 4750-4759.
- [17] 赵昕燕, 卞伟, 侯爱月, 等. 季节性温度对短程硝化系统微生物群落的影响[J]. *中国环境科学*, 2017, **37**(4): 1366-1374.
Zhao X Y, Bian W, Hou A Y, *et al.* Characteristics of microbial community structure in the stable operation of the partial aut nitrification system with seasonal temperature [J]. *China Environmental Science*, 2017, **37**(4): 1366-1374.
- [18] 程建华, 窦智勇, 孙庆业. 铜陵市河流沉积物中硝化和反硝化微生物分布特征[J]. *环境科学*, 2016, **37**(4): 1362-1370.
Cheng J H, Dou Z Y, Sun Q Y. Distribution characteristics of nitrifiers and denitrifiers in the river sediments of Tongling City [J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(4): 1362-1370.
- [19] Chang C C Y, Kendall C, Silva S R, *et al.* Nitrate stable isotopes: tools for determining nitrate sources among different land uses in the Mississippi River Basin[J]. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 2002, **59**(12): 1874-1885.
- [20] 孟志龙, 杨永刚, 秦作栋, 等. 汾河下游流域水体硝酸盐污染过程同位素示踪[J]. *中国环境科学*, 2017, **37**(3): 1066-1072.
Meng Z L, Yang Y G, Qin Z D, *et al.* Isotopic tracing for nitrate pollution process of water body in the lower reaches of Fenhe River[J]. *China Environmental Science*, 2017, **37**(3): 1066-1072.
- [21] Quast C, Pruesse E, Yilmaz P, *et al.* The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools [J]. *Nucleic Acids Research*, 2013, **41** (D1): D590-D596.
- [22] Oberauner L, Zachow C, Lackner S, *et al.* The ignored diversity: complex bacterial communities in intensive care units revealed by 16S pyrosequencing[J]. *Scientific Reports*, 2013, **3**: 1413.
- [23] Jami E, Israel A, Kotser A, *et al.* Exploring the bovine rumen bacterial community from birth to adulthood [J]. *The ISME Journal*, 2013, **7**(6): 1069-1079.
- [24] Huang T L, Guo L, Zhang H H, *et al.* Nitrogen-removal efficiency of a novel aerobic denitrifying bacterium, *Pseudomonas stutzeri* strain ZF31, isolated from a drinking-water reservoir[J]. *Bioresource Technology*, 2015, **196**: 209-216.
- [25] 王春香, 刘常敬, 郑林雪, 等. 厌氧氨氧化耦合脱氮系统中反硝化细菌研究[J]. *中国环境科学*, 2014, **34**(7): 1878-1883.
Wang C X, Liu C J, Zheng L X, *et al.* Denitrifying bacteria of anaerobic ammonium-oxidizing denitrifying system [J]. *China Environmental Science*, 2014, **34**(7): 1878-1883.
- [26] Ma W J, Liu C S, Zhao D F, *et al.* Microbial characterization of denitrifying sulfide removal sludge using high-throughput amplicon sequencing method [J]. *China Petroleum Processing and Petrochemical Technology*, 2015, **17**(4): 89-95.
- [27] Yang J K, Cheng Z B, Li J, *et al.* Community composition of *nirS*-type denitrifier in a shallow Eutrophic Lake[J]. *Microbial Ecology*, 2013, **66**(4): 796-805.
- [28] Pardo L H, Kendall C, Pett-Ridge J, *et al.* Evaluating the source of streamwater nitrate using $\delta^{15}\text{N}$ and $\delta^{18}\text{O}$ in nitrate in two watersheds in New Hampshire, USA [J]. *Hydrological Processes*, 2004, **18**(14): 2699-2712.
- [29] 张华, 胡鸿钧, 晁爱敏, 等. 浙江紧水滩水库浮游植物群落结构季节变化特征[J]. *生态学报*, 2013, **33**(3): 944-956.
Zhang H, Hu H J, Chao A M, *et al.* Seasonal changes of phytoplankton community structure in Jinshuitan Reservoir, Zhejiang, China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2013, **33**(3): 944-956.
- [30] Xia N, Xia X H, Liu T, *et al.* Characteristics of bacterial community in the water and surface sediment of the Yellow River, China, the largest turbid river in the world[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2014, **14**(11): 1894-1904.
- [31] 洪璇, 洪有为, 陈仲巍, 等. 九龙江河口区 *nirS* 型反硝化细菌多样性及系统发育学分析[J]. *微生物学通报*, 2015, **42**(9): 1639-1650.
Hong X, Hong Y W, Chen Z W, *et al.* Phylogenetic diversity of *nirS*-type denitrifying bacteria in Jiulong River estuary [J]. *Microbiology China*, 2015, **42**(9): 1639-1650.

CONTENTS

Characteristics of PM _{2.5} Pollution and the Efficiency of Concentration Control During a Red Alert in the Beijing-Tianjin-Hebei Region, 2016	ZHANG Chong, LANG Jian-lei, CHENG Shui-yuan, <i>et al.</i> (3397)
Concentration Characteristics of PM _{2.5} and the Causes of Heavy Air Pollution Events in Beijing During Autumn and Winter	XU Ran, ZHANG Heng-de, YANG Xiao-wen, <i>et al.</i> (3405)
Elemental Composition Characteristics of PM _{2.5} and PM ₁₀ , and Heavy Pollution Analysis in Hefei	LIU Ke-ke, ZHANG Hong, LIU Gui-jian (3415)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Fine Particulate Matter in Autumn and Winter in Puyang, China	CHEN Chu, WANG Ti-jian, LI Yuan-hao, <i>et al.</i> (3421)
Pollution Characteristics and Sources of Carbonaceous Components in PM _{2.5} in the Guanzhong Area	KANG Bao-rong, LIU Li-zhong, LIU Huan-wu, <i>et al.</i> (3431)
Molecular Composition and Source Apportionment of Fine Organic Aerosols in Autumn in Changchun	WU Xia, CAO Fang, ZHAI Xiao-yao, <i>et al.</i> (3438)
Effects of Urban Expansion and Changes in Urban Characteristics on PM _{2.5} Pollution in China	WANG Gui-lin, ZHANG Wei (3447)
Effect of a Wet Flue Gas Desulphurization System on the Emission of PM _{2.5} from Coal-Fired Power Plants	DENG Jian-guo, MA Zi-zhen, LI Zhen, <i>et al.</i> (3457)
Pollution Characteristics and Emission Coefficients for Volatile Organic Compounds from the Synthetic Leather Industry in Zhejiang Province	XU Jia-qí, WANG Zhe-míng, SONG Shuang, <i>et al.</i> (3463)
Particle Size Distribution and Population Characteristics of Airborne Bacteria Emitted from a Sanitary Landfill Site	MA Jia-wei, YANG Kai-xiong, CHAI Feng-guang, <i>et al.</i> (3470)
Distribution of Total Microbes in Atmospheric Bioaerosols in the Coastal Region of Qingdao	GONG Jing, QI Jian-hua, LI Hong-tao (3477)
Distribution, Sources, and Health Risk Assessment of PAHs in Water Supply Source Regions of Guangzhou	SONG Yu-mei, WANG Chang, LIU Shang, <i>et al.</i> (3489)
Distribution of 16 Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Dianchi Lake Surface Sediments After the Integrated Water Environment Control Project	HU Xin-yi, GAO Bing-li, CHEN Tan, <i>et al.</i> (3501)
Distribution Characteristics and Source Analysis of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Salinized Farmland Soil from the Oil Mining Area of the Yellow River Delta	QIU Hui, LIU Yue-xian, XIE Xiao-fan, <i>et al.</i> (3509)
Wind Field Influences on the Spatial Distribution of Cyanobacterial Blooms and Nutrients in Meiliang Bay of Lake Taihu, China	YU Mao-lei, HONG Guo-xi, ZHU Guang-wei, <i>et al.</i> (3519)
Spatial and Temporal Distribution Characteristics and the Retention Effects of Nutrients in Xiangjiaba Reservoir	WANG Yao-yao, LÜ Lin-peng, JI Dao-bin, <i>et al.</i> (3530)
Effects of Exogenous Inputs on Phosphorus Recovery and Transport in Newborn Surface Layers from Sediment Dredging	LI Xin, GENG Xue, WANG Hong-wei, <i>et al.</i> (3539)
Chemical Characteristics and Sources of Groundwater Sulfate in the Kashgar Delta, Xinjiang	WEI Xing, ZHOU Jin-long, NAI Wei-hua, <i>et al.</i> (3550)
Groundwater Chemistry Characteristics and the Analysis of Influence Factors in the Luochuan Loess Tablelands	LI Zhou, LI Chen-xi, HUA Kun, <i>et al.</i> (3559)
Analysis of River Zooplankton Community Characteristics in Autumn in Beijing	WANG Hai-lin, LIU Yu-fei, REN Yu-fen, <i>et al.</i> (3568)
Benthic Diatom Communities in the Main Stream of Three Gorges Reservoir Area and Its Relationship with Environmental Factors	LIU Li, HE Xin-yu, FU Jun-ke, <i>et al.</i> (3577)
Environmental Response and Ecological Function Prediction of Aquatic Bacterial Communities in the Weihe River Basin	WAN Tian, HE Meng-xia, REN Jie-hui, <i>et al.</i> (3588)
Community Composition of <i>nirS</i> -type Denitrifying Bacteria in the Waters of the Lower Reaches of the Fenne River and Its Relationship with Inorganic Nitrogen	WANG Yin-long, FENG Min-quan, DONG Xiang-qian (3596)
Metabolic Functional Analysis of Dominant Microbial Communities in the Rapid Sand Filters for Drinking Water	HU Wan-chao, ZHAO Chen, WANG Qiao-juan, <i>et al.</i> (3604)
Control Measure Effects on the Effluent Quality from Extensive Green Roofs Based on Stabilized Sludge Recycling	PENG Hang-yu, LI Tian, QI Yue, <i>et al.</i> (3612)
Impacts of Vegetation on Quantity and Quality of Runoff from Green Roofs	ZHANG Sun-xun, ZHANG Shou-hong, ZHANG Ying, <i>et al.</i> (3618)
Organic Matter Removal and Membrane Fouling Control of Secondary Effluents Using a Combined Nanofiltration Process	FAN Ke-wen, LI Xing, YANG Yan-ling, <i>et al.</i> (3626)
Adsorption Properties of Ammonia Nitrogen in Aqueous Solution by Various Materials	JIAO Ju-long, YANG Su-wen, XIE Yu, <i>et al.</i> (3633)
Effects of Different Concentrations of Ammonia Nitrogen on the Growth and Enzyme Activity of Four Common Algae Strains	CHANG Ting, XU Zhi-hui, CHENG Peng-fei, <i>et al.</i> (3642)
Treatment of Highly Concentrated Swine Wastewater and Its Degradation Processes Using Three Matrix Materials	LIU Ming-yu, XIA Meng-hua, LI Yuan-hang, <i>et al.</i> (3650)
Phosphorus Removal Performance and Mechanism of Modified Zeolite Using Alum Sludge Acidified Extraction Liquid	HAN Yun, HU Yu-jie, LIAN Jie, <i>et al.</i> (3660)
Advanced Denitrification of Municipal Wastewater Achieved via Partial ANAMMOX in Anoxic MBBR	YANG Lan, PENG Yong-zhen, LI Jian-wei, <i>et al.</i> (3668)
Effect of an Aerobic Unit and a Sedimentation Unit on Sludge and Nitrogen Removal in an Anoxic Unit in a Continuous-flow System	XUE Huan-ting, YUAN Lin-jiang, LIU Xiao-bo, <i>et al.</i> (3675)
Performance and Mechanisms of Advanced Nitrogen Removal via FeS-driven Autotrophic Denitrification Coupled with ANAMMOX	MA Jing-de, PAN Jian-xin, LI Ze-min, <i>et al.</i> (3683)
Simultaneous Conversion Conditions of Ammonia and Sulfate in ANAMMOX Systems	DONG Shi-yu, BI Zhen, ZHANG Wen-jing, <i>et al.</i> (3691)
Potential Source Environments for Microbial Communities in Wastewater Treatment Plants (WWTPs) in China	ZHANG Bing, WU Lin-wei, WEN Xiang-hua (3699)
Comparison of the Microbial Community Structure in Nitrifying Processes Operating with Different Dissolved Oxygen Concentrations	LIU Wen-ru, GU Guang-fa, SONG Xiao-kang, <i>et al.</i> (3706)
Simultaneous Nitrogen and Phosphorus Removal and Kinetics by the Heterotrophic Nitrifying Bacterium <i>Acinetobacter junii</i> NP1	YANG Lei, CHEN Ning, REN Yong-xiang, <i>et al.</i> (3713)
Realization of Limited Filamentous Bulking with Type 0092 Filamentous Bacteria as the Dominant Filamentous Bacteria in Shortcut Nitrification	GAO Chun-di, AN Ran, HAN Hui, <i>et al.</i> (3722)
Nitrification, Denitrification, and N ₂ O Production Under Saline and Alkaline Conditions	DAI Wei, ZHAO Jian-qiang, DING Jia-zhi, <i>et al.</i> (3730)
Effect of Biochar on Ammonia Volatilization in Saline-Alkali Soil	WANG Yi-yu, WANG Sheng-sen, DAI Jiu-lan (3738)
Effect of Two Soil Synergists on Ammonia Volatilization in Paddy Fields	ZHOU Yu-ling, HOU Peng-fu, LI Gang-hua, <i>et al.</i> (3746)
Determination of Heavy Metal Geochemical Baseline Values and Its Accumulation in Soils of the Luanhe River Basin, Chengde	SUN Hou-yun, WEI Xiao-feng, GAN Feng-wei, <i>et al.</i> (3753)
Migration and Source Analysis of Heavy Metals in Vertical Soil Profiles of the Drylands of Xiamen City	ZHANG Wei-hua, YU Rui-lian, YANG Yu-jie, <i>et al.</i> (3764)
Heavy Metal Pollution Characteristics and Influencing Factors in Baoji Urban Soils	ZHANG Jun, DONG Jie, LIANG Qing-fang, <i>et al.</i> (3774)
Stabilizing Effects of Fe-Ce Oxide on Soil As(V) and P	LIN Long-yong, YAN Xiu-lan, YANG Shuo (3785)
Stabilization of Arsenic-Contaminated Soils Using Fe-Mn Oxide Under Different Water Conditions	ZHOU Hai-yan, DENG Yi-rong, LIN Long-yong, <i>et al.</i> (3792)
Effects of Biochar Amendment on Soil Microbial Biomass Carbon, Nitrogen and Dissolved Organic Carbon, Nitrogen in Paddy Soils	LIU Jie-yun, QIU Hu-sen, TANG Hong, <i>et al.</i> (3799)
Effects of Organic Amendments on Microbial Biomass Carbon and Nitrogen Uptake by Corn Seedlings Grown in Two Purple Soils	WANG Yue, ZHANG Ming-hao, ZHAO Xiu-lan (3808)
Effects of Land Use Type on the Content and Stability of Organic Carbon in Soil Aggregates	LUO Xiao-hong, WANG Zi-fang, LU Chang, <i>et al.</i> (3816)
Effects of Converting Farmland into Forest and Grassland on Soil Nitrogen Component and Conversion Enzyme Activity in the Mountainous Area of Southern Ningxia	GAO Han, XIAO Li, NIU Dan, <i>et al.</i> (3825)
Leaching Behavior of Dissolved Organic Matter in Biochar with Different Extracting Agents	HE Pin-jing, ZHANG Hao-hao, QIU Jun-jie, <i>et al.</i> (3833)
Toxicity of PM _{2.5} Based on a Battery of Bioassays	JIANG Xiao-dong, XUE Yin-gang, WEI Yong, <i>et al.</i> (3840)