

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

中国主要城市土壤重金属累积特征与风险评价

彭驰, 何亚磊, 郭朝晖, 肖细元, 张严



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年1月

第43卷 第1期
Vol.43 No.1

目次

中国主要城市土壤重金属累积特征与风险评价	彭驰, 何亚磊, 郭朝晖, 肖细元, 张严 (1)
植物生长调节剂在土壤中的环境行为综述	陈亮, 侯杰, 胡晓蕾, 张纪兆, 王浩达 (11)
基于铁泥的磁性水处理材料制备及应用进展	曾辉平, 翟龙雪, 李冬, 张杰 (26)
不同臭氧度量指标对我国人群总死亡影响的 Meta 分析	阮芳芳, 刘纪新, 陈芷薇, 曾贤刚 (37)
北京市海坨山冬季不同污染过程下气溶胶化学组分及其潜在来源分析	赵德龙, 王飞, 刘丹彤, 田平, 盛久江, 周崑, 肖伟, 杜远谋, 卢俐, 黄梦宇, 何晖, 丁德平 (46)
武汉冬季大气 PM _{2.5} 小时分辨率源贡献识别及潜在影响域分析	蒋书凝, 孔少飞, 郑煌, 曾昕, 陈楠, 祁士华 (61)
运城市 PM _{2.5} 时空分布特征和潜在源区季节分析	王姝涛, 张强, 温肖宇, 冀乃超, 赵文婷, 罗淑贞, 陈志, 翟程凯 (74)
中国东部冷锋推进中的 PM _{2.5} 三维结构变化特征	牟南南, 朱彬, 卢文 (85)
粤港澳大湾区大气中硝基多环芳烃污染特征与风险评估	李彦希, 谢丹平, 黎玉清, 金梦, 丁紫荣, 闫雅楠, 赵波 (93)
西南地区大型综合工业区和周边区域大气 VOCs 污染特征及健康风险评估	李陵, 张丹, 胡伟, 徐芹, 吴虹, 袁睿, 蒲茜, 郝宇杭, 唐志欣, 赖明敏 (102)
拉萨市挥发性有机物的组成特征、季节变化和来源解析	余家燕, 韩燕, 陈木兰, 张惠芳, 陈阳, 刘建国 (113)
杭州 COVID-19 期间大气 VOCs 体积分数变化特征	林旭, 严仁娣, 金嘉佳, 许凯儿, 何曦, 叶辉, 何纪平 (123)
上海城郊夏季大气 VOCs 在臭氧生成中的作用	金丹 (132)
铜川市秋冬季大气 VOCs 特征及其 O ₃ 和 SOA 形成潜势分析	易宵霄, 李姜豪, 李光华, 路珍珍, 孙智钢, 高健, 邓顺熙 (140)
电子垃圾拆解回收 VOCs 排放特征与排放因子	谢丹平, 黄忠辉, 刘旺, 聂鹏, 黄钟坤, 贺辉, 陈晓燕 (150)
不同传输通道下珠江三角洲臭氧与前体物非线性响应关系	伍永康, 陈伟华, 颜丰华, 毛敬英, 袁斌, 王伟文, 王雪梅 (160)
淄博市城郊臭氧污染特征及影响因素分析	王雨燕, 杨文, 王秀艳, 王帅, 白瑾丰, 程颖 (170)
昭通市周边扬尘重金属污染特征及健康风险	庞晓晨, 韩新宇, 史建武, 包宇斋, 宁平, 张朝能, 向峰 (180)
城市路面积尘微塑料污染特征	方芹, 牛司平, 陈予东, 于江华 (189)
塔里木河流域东部降水稳定同位素特征与水汽来源	宋洋, 王圣杰, 张明军, 石玉东 (199)
赤水河流域水体抗生素污染特征及风险评估	吴天宇, 李江, 杨爱江, 李彦澄, 陈瑀, 何强, 马凯, 胡霞, 王斌, 艾佳, 钟雄 (210)
无定河流域地表水地下水的水化学特征及控制因素	李书鉴, 韩晓, 王文辉, 李志 (220)
白洋淀府河影响区沉积物营养盐和重金属污染特征及风险评估	陈兴宏, 李立青, 张美一, 张伟军, 王东升, 王洪志 (230)
九龙江口红树林湿地表层沉积物中微塑料赋存特征与重金属的关系	刘倡君, 罗专溪, 闫钰, 林惠荣, 胡恭任, 于瑞莲 (239)
北京市北运河水系底栖动物群落与水环境驱动因子的关系及水生态健康评价	胡小红, 左德鹏, 刘波, 黄振芳, 徐宗学 (247)
城市河道再生水特征水质因子空间变异机制分析	刘全忠, 彭柯, 苏振华, 邸琰茗, 郭道宇 (256)
苏州景观河道表层沉积物间隙水-上覆水中 DOM 特性分析	李超男, 何杰, 朱学惠, 李学艳 (267)
苏州城区雨水管道沉积物典型污染物分布特征	叶蓉, 盛铭军, 姜永波, 武宇圣, 黄天寅 (277)
信号分子强化改性挂膜沸石持续抑制沉积物中氨氮释放	徐金兰, 许洋, 李修民, 国森, 刘成海 (285)
三峡水库调度对支流水体叶绿素 a 和环境因子垂向分布的影响	田盼, 李亚莉, 李莹杰, 李虹, 王丽婧, 宋林旭, 纪道斌, 赵星星 (295)
李家水库春季分层期 nirS 型反硝化菌群特征分析	梁伟光, 黄廷林, 张海涵, 杨尚业, 刘凯文, 李程遥, 温成成, 李伟涛, 蔡晓春 (306)
岗南水库沉积物好氧反硝化菌群落时空分布特征	张紫薇, 陈召莹, 张甜娜, 周石磊, 崔建升, 罗晓 (314)
宁夏地区地下水金属元素分布特征及健康风险评估	王晓东, 田伟, 张雪艳 (329)
快速城镇化三角洲地区高碘地下水赋存特征及驱动因素;以珠江三角洲为例	吕晓立, 刘景涛, 韩占涛, 周冰, 李备 (339)
长三角一体化示范区青浦区水环境中 22 种 PPCPs 的多介质分布特征及风险评估	张智博, 段艳平, 沈嘉豪, 俞文韬, 罗鹏程, 涂耀仁, 高峻 (349)
洞庭湖及入湖河流中 209 种多氯联苯同类物分布特征与风险评估	黄智峰, 郑丙辉, 尹大强, 崔婷婷, 赵兴茹 (363)
基于流量和溶存浓度的河流水系氧化亚氮释放量估算	李冰清, 胡敏鹏, 王铭烽, 张育福, 吴昊, 周佳, 吴铭彬, 戴之舟, 陈丁江 (369)
三峡库区万州段河流水-气界面 CO ₂ 通量支干流对比及影响机制初探	秦宇, 欧阳常悦, 王雨潇, 方鹏 (377)
功能化凹凸棒吸附材料的制备及其对重金属废水中 Pb ²⁺ 的吸附行为	廖晓峰, 钟静萍, 陈云嫩, 邱廷省, 任嗣利 (387)
铁氮共掺杂生物炭对二级水溶解性有机物的吸附特性与长效性评价	吴晨曦, 许路, 金鑫, 石烜, 金鹏康 (398)
沸石悬浮填料生物移动床的亚硝化特性	邓翠兰, 郭露, 汪晓军, 陈振国 (409)
温度对 ANAMMOX 生物膜工艺的脱氮影响与菌群结构分析	吴珊, 王淑雅, 王芬, 季民 (416)
填料对 ANAMMOX 污泥活性恢复的影响及菌群特征	罗景文, 杨津津, 李绍康, 赵昕宇, 杨一飞, 韩嘉琛, 李翔 (424)
基于 PMF 模型的宁南山区小流域土壤重金属空间分布及来源解析	夏子书, 白一茹, 王幼奇, 高小龙, 阮晓晗, 钟艳霞 (432)
浙中典型硫铁矿农田土壤重金属含量特征及健康风险	成晓梦, 孙彬彬, 吴超, 贺灵, 曾道明, 赵辰 (442)
农产品视角的城郊黑土地农田重金属风险分区	吴松泽, 王冬艳, 李文博, 王兴佳, 闫卓冉 (454)
基于 DGT 技术的广西碳酸盐岩区稻米镉含量主控因素	宋波, 肖乃川, 马丽钧, 李龙, 陈同斌 (463)
调理剂耦合水分管理对双季稻镉和铅累积的阻控效应	李林峰, 王艳红, 李义纯, 唐明灯, 李奇, 艾绍英 (472)
设施叶菜类蔬菜重金属镉、铅和砷累积特征及健康风险评估	董俊文, 高培培, 孙洪欣, 周昶, 张香玉, 薛培英, 刘文菊 (481)
电子垃圾拆解固废-土壤-蔬菜中多氯联苯污染特征与健康风险评估	张亚萍, 吕占禄, 王先良, 张峰, 郭凌川, 丁秀丽, 张金良 (490)
雷州半岛南部典型农用地土壤-作物的有机氯农药残留特征和健康风险评估	梁晓晖, 解启来, 郑芊, 杨北辰, 叶金明, 唐成金 (500)
重金属含量对城市土壤真菌群落结构的影响	郭大陆, 张建, 申思, 余子洁, 杨军顺, 罗红燕 (510)
长期施肥对黄土高原梯田土壤养分特征和微生物资源限制的影响	吴春晓, 高小峰, 闫本帅, 梁彩群, 陈佳瑞, 王国梁, 刘国彬 (521)
土地利用变化后不同种植年限香榧土壤微生物群落的组成及多样性	姜宽雯, 梁辰飞, 张勇, 蒋仲龙, 董佳琦, 吴家森, 傅伟军 (530)
化肥和有机肥配施生物炭对土壤磷酸酶活性和微生物群落的影响	杨文娜, 余添, 罗东海, 熊子怡, 王莹燕, 徐曼, 王子芳, 高明 (540)
秦岭中段撂荒地植被恢复过程中土壤微生物代谢特征	薛悦, 康海斌, 杨航, 冰德叶, 晁志, 张凯, 王得祥 (550)
全生物降解地膜原料颗粒对土壤性质、小麦生长和养分吸收转运的影响	闫文豪, 王春丽, 王莉玮, 易廷辉, 卞京军, 支梅, 孙琪惠, 宿锦锦, 赵秀兰 (560)
秸秆还田对冬小麦-夏玉米农田土壤固碳、氧化亚氮排放和全球增温潜势的影响	万小楠, 赵珂悦, 吴雄伟, 白鹤, 杨学云, 顾江新 (569)

岗南水库沉积物好氧反硝化菌群落时空分布特征

张紫薇, 陈召莹, 张甜娜, 周石磊*, 崔建升, 罗晓

(河北科技大学环境科学与工程学院, 河北省污染防治生物技术实验室, 石家庄 050018)

摘要: 为研究岗南水库沉积物中好氧反硝化菌群的时空分布特征, 运用好氧反硝化功能基因(*napA*)高通量测序技术, 进行了 α -多样性分析、微生物群落组成分析、微生物群落差异分析以及微生物网络分析。结果表明, α -多样性分析显示 Chao1 指数、Observed species 指数和 Shannon 指数秋冬季均高于春夏季, 即秋冬季采样点丰富度和多样性均较高。空间分布上, 过渡区采样点的菌群的 Chao1 指数、Observed species 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数均高于入库区和主库区采样点, 即过渡区采样点菌群丰富度和多样性最高。岗南水库沉积物的好氧反硝化菌群主要属于变形菌门(Proteobacteria), 第一优势纲为 β -Proteobacteria 纲, 第一优势属为陶厄氏菌属(*Thauera*)。韦恩图分析(Venn)表明岗南水库沉积物各采样点好氧反硝化菌群分布均存在明显的时空差异。从空间水平基于 LEfSe 分析得到的差异物种比在季节水平的多。随机森林分析筛选得到标志物种中, *Comamonas* 在所有空间分组采样点贡献程度最高, *Pectobacterium* 在所有季节分组采样点贡献程度最高。网络分析表明存在 9 个主要模块包含 297 个节点 565 个边, 关键物种分析得到 47 个关键物种 OTUs。主坐标分析(principal co-ordinates analysis)显示关键物种的空间分布差异显著(Adonis, $P < 0.001$)。综上, 通过对岗南水库沉积物好氧反硝化菌群组成结构及分布规律的研究, 为后期高效好氧反硝化菌分离鉴定提供了科学依据。

关键词: 岗南水库; 沉积物; 好氧反硝化; 网络分析; 生物多样性分析

中图分类号: X172; X524 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)01-0314-15 DOI: 10.13227/j.hjxx.202104196

Spatial and Temporal Distribution of Aerobic Denitrification Bacterial Community in Sediments of Gangnan Reservoir

ZHANG Zi-wei, CHEN Zhao-ying, ZHANG Tian-na, ZHOU Shi-lei*, CUI Jian-sheng, LUO Xiao

(Pollution Prevention Biotechnology Laboratory of Hebei Province, College of Environmental Sciences and Engineering, Hebei University of Science and Technology, Shijiazhuang 050018, China)

Abstract: In order to study the spatial and temporal distribution characteristics of aerobic denitrification bacteria in the sediments of Gangnan Reservoir, the aerobic denitrification bacterial community was analyzed using a MiSeq high-throughput sequencing technique based on the *napA* gene. Moreover, the composition, diversity, difference, and network analysis of the aerobic denitrification bacterial community were investigated. The results showed higher α -diversity (Chao1 index, Observed species index, and Shannon index) in autumn and winter than that in spring and summer; that is, the richness and diversity of sampling sites in autumn and winter were higher. In terms of spatial distribution, the Chao1 index, Observed species index, Shannon index, and Simpson index of the bacterial community in the sampling sites in the transition zone were higher than those in the sampling sites in the inflow area and the main reservoir area, indicating that the richness and diversity of the bacterial community in the sampling sites in the transition zone were the highest. The aerobic denitrifying bacteria in the sediments of Gangnan Reservoir mainly belong to Proteobacteria. The first dominant class was β -Proteobacteria, and the first dominant genus was *Thauera*. A Venn diagram analysis indicated that the community of aerobic denitrification bacteria exhibited significant spatial and temporal differences. At the spatial level, there were higher numbers of different species based on LEfSe analysis than that at the seasonal level. Among the marker species screened by random forest analysis, *Comamonas* had the highest contribution in all spatial sampling sites, whereas *Pectobacterium* had the highest contribution in all seasonal sampling sites. Network analysis showed that there were nine modules, including 565 edges of 297 nodes; 47 keystone species were obtained based on the indicator OTUs analysis and network analysis. The principal co-ordinates analysis revealed that keystone species in the spatial distribution exhibited significant differences (Adonis, $P < 0.001$). The results of this study provide scientific basis for the separation and identification of efficient aerobic denitrifying bacteria.

Key words: Gangnan Reservoir; sediment; aerobic denitrification; network analysis; biodiversity analysis

随着我国对城市地下水开采的限制, 水库成为城市的主要供水水源^[1], 到目前为止, 水源水库都存在一定程度的水质污染或富营养化问题, 例如, 缓丘地带黄城镇水库^[2]、大连碧流河水库^[3]、山东周村水库^[4]和三峡水库^[5], 严重的已经丧失作为供水水源的功能。从而导致水厂处理难度加大、制水成本与水质超标风险大幅提高, 严重威胁到城市的饮用水安全。水库中的沉积物是水生态系统中氮素物质的汇集地^[6-8], 对污染物迁移转化发挥重要作用。沉积物中氮素的去除对水库内源污染控制有十分重要的意义。

岗南水库作为石家庄的饮用水源地, 其水库沉积物中富含大量微生物, 且微生物在水-沉积物的物质循环中起重要作用^[9], 因此沉积物中的微生物与内源污染负荷关系紧密。好氧反硝化菌群的出现,

收稿日期: 2021-04-19; 修订日期: 2021-06-25

基金项目: 中国科学院饮用水科学与技术重点实验室专项(20K04KLDWST); 国家自然科学基金项目(51909056); 河北省高等学校科学技术研究青年基金项目(QN2021064); 河北科技大学引进人才科研启动基金项目(1181278)

作者简介: 张紫薇(1998~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为天然水体水质演变及污染源特征解析, E-mail: hbkjzw@163.com

* 通信作者, E-mail: ZSLZhouShilei@126.com

对水源水库氮素的消减和水体功能恢复有指导意义. Robertson 等^[10]的研究在废水脱硫和反硝化系统中首次分离出 1 株好氧反硝化菌 *Thiosphaera pantotropha* (脱氮副球菌, *Paracoccus denitrificans*), 该菌群不仅可以降低氮素含量和去除有机污染物^[11], 还可以同时进行硝化和反硝化, 在水体内源污染的控制过程中发挥重要作用. 近年来, 国内外学者对好氧反硝化菌群已经进行了大量的研究^[11,12], 其中针对水源水库沉积物中好氧反硝化菌群的研究主要集中在高效菌株的筛选分离^[13]和脱氮效率^[14], 但实验室培养基驯化的高效菌株不适用于实际应用, 很大程度是因为不清楚实际环境中好氧反硝化菌的分布特征以及驱动自然界好氧反硝化群落演变的影响因子. 而沉积物是好氧反硝化菌群的聚集地, 目前对水源水库沉积物好氧反硝化微生物时空分布特征分析较少, 因此探明岗南水库沉积物好氧反硝化菌群实际分布特征, 可以为高效好氧反硝化菌的定向筛选提供数据支持, 对污染负荷环境的脱氮以及富营养化控制有十分重要的意义.

本课题组前期基于好氧反硝化功能基因 (*napA*) 的高通量测序^[15,16], 研究了岗南水库沉积物好氧反硝化微生物群落特征. 本文以岗南水库沉积物为研究对象, 通过好氧反硝化功能基因 (*napA*) 的测序技术探究从入库河口到坝前主库区沉积物中好氧反硝化菌群的时空分布特征, 本文应用 α -多样性分析、韦恩分析、LEfSe 分析和随机森林分析阐明岗南水库沉积物好氧反硝化菌群结构组成、多样性和差异性, 结合微生物网络分析解析好氧反硝化菌群落演变的关键物种, 以期为进一步研究水源水库氮素消除、水质改善和饮用水水质保障提供参考.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

岗南水库位于河北省平山县滹沱河干流, 是一座防洪灌溉、发电及库区养鱼等综合利用的大型水利枢纽工程. 水库于 1962 年竣工, 总库容 15.71 亿 m^3 , 控制流域面积 15 900 km^2 , 流域属大陆性气候, 多年平均降雨量在地区分布上相差较大, 且 80% 以上集中在汛期 6 ~ 9 月, 多年平均气温为 12.9 ~ 4.1 $^{\circ}\text{C}$, 多年平均蒸发量 1 239 mm, 多年平均风速为 1.7 ~ 9.0 $\text{m}\cdot\text{s}^{-1}$; 多年平均径流量为 16.6 亿 m^3 .

1.2 样品的采集与测定

本研究自入库河口到坝前主库区共选取 6 个代表性采样点采集沉积物样品, 根据水库空间位置, 将岗南水库划分为 3 个区域, 分别为入库区、过渡区和主库区. 本文选取 1 号采样点代表入库区, 2 号和 3 号采样点代表过渡区, 4 号、5 号和 6 号采样点代表主库区, 采样点位区域如图 1 所示. 分别于 2018 年 9 月 (秋季)、2018 年 12 月 (冬季)、2019 年 3 月 (春季) 和 2019 年 6 月 (夏季) 用彼得森采泥器采集表层沉积物 (0 ~ 2 cm), 来研究岗南水库沉积物好氧反硝化菌群时空分布特征.

1.3 DNA 提取和测序

沉积物在派森诺生物公司进行微生物群落多样性分析, 基于 *napA* 功能基因对 24 个沉积物样品测序, 用 V66F: 5'-TAYTTYTNSNAARATHATGTA YGG-3' 和 V67R: 5'-DATNGGRTGCATYTCNGCCAT RTT-3' 对水库的 *napA* 基因进行扩增^[16]. 进而分析岗南水库沉积物基于功能基因 (*napA*) 的好氧反硝化细菌的群落组成. 采用 QIIME2 对原始数据进行



图1 岗南水库沉积物采样点分布示意

Fig. 1 Distribution of sediment sampling sites in Gangnan Reservoir

拼接、过滤和去除嵌合体,得到有效数据,并将有效序列按照 97% 的一致性聚类成为 OTU,并采样 Nt 数据库对 OTU 进行注释,用 Vsearch 进行数据分析.

1.4 测序分析

应用 Chao1 指数、Observed species 指数、香农指数 (Shannon index)、辛普森指数 (Simpson index)、覆盖度 (Goods coverage) 指数和 Pielou 指数进行 α -多样性分析. 在派森诺基因云平台,根据 OTU 丰度绘制 Venn 图^[17],进行物种差异性分析. 基于 LESe 分析得到差异物种,基于随机森林分析筛选标志物种.

1.5 网络分析

应用微生物网络可视化分析水源水库沉积物在不同时期好氧反硝化群落演变特征以及筛选出关键物种^[18,19]. 应用 PCoA (Principal co-ordinates analysis) 分析关键物种,研究关键物种组成的相似性和差异性^[20]. 利用置换多因素方差分析 (Adonis analysis) 研究关键物种在季节和空间分组在统计学上的差异^[21].

1.6 数据分析方法

使用 QIIME2 软件对原始数据进行处理. 使用 ArcGIS 软件完成采样图的绘制. 数据由派森诺基因云平台完成. 用 Excel 软件完成指数相关计算. 通过 R 分析进行微生物网络的构建,研究物种群落间相互协作关系.

2 结果与分析

2.1 微生物多样性分析

2.1.1 不同季节好氧反硝化细菌群生物多样性分析

本研究采用 α -多样性来表征好氧反硝化细菌生物多样性. 其中 Chao1 指数和 Observed species 指数均表征菌群丰富度,指数越大说明菌群丰度越高. 从季节的角度来看 (图 2), Chao1 指数呈现了一直上升过程,从春季的 $2\,616.03 \pm 164.55$ 上升到夏季的 $2\,623.28 \pm 361.52$, 上升到秋季的 $2\,690.25 \pm 449.72$, 继续上升到冬季的 $2\,775.43 \pm 211.69$. Observed species 指数呈现了先下降后上升再下降的过程,从春季的 $1\,730.05 \pm 84.23$, 下降到夏季的

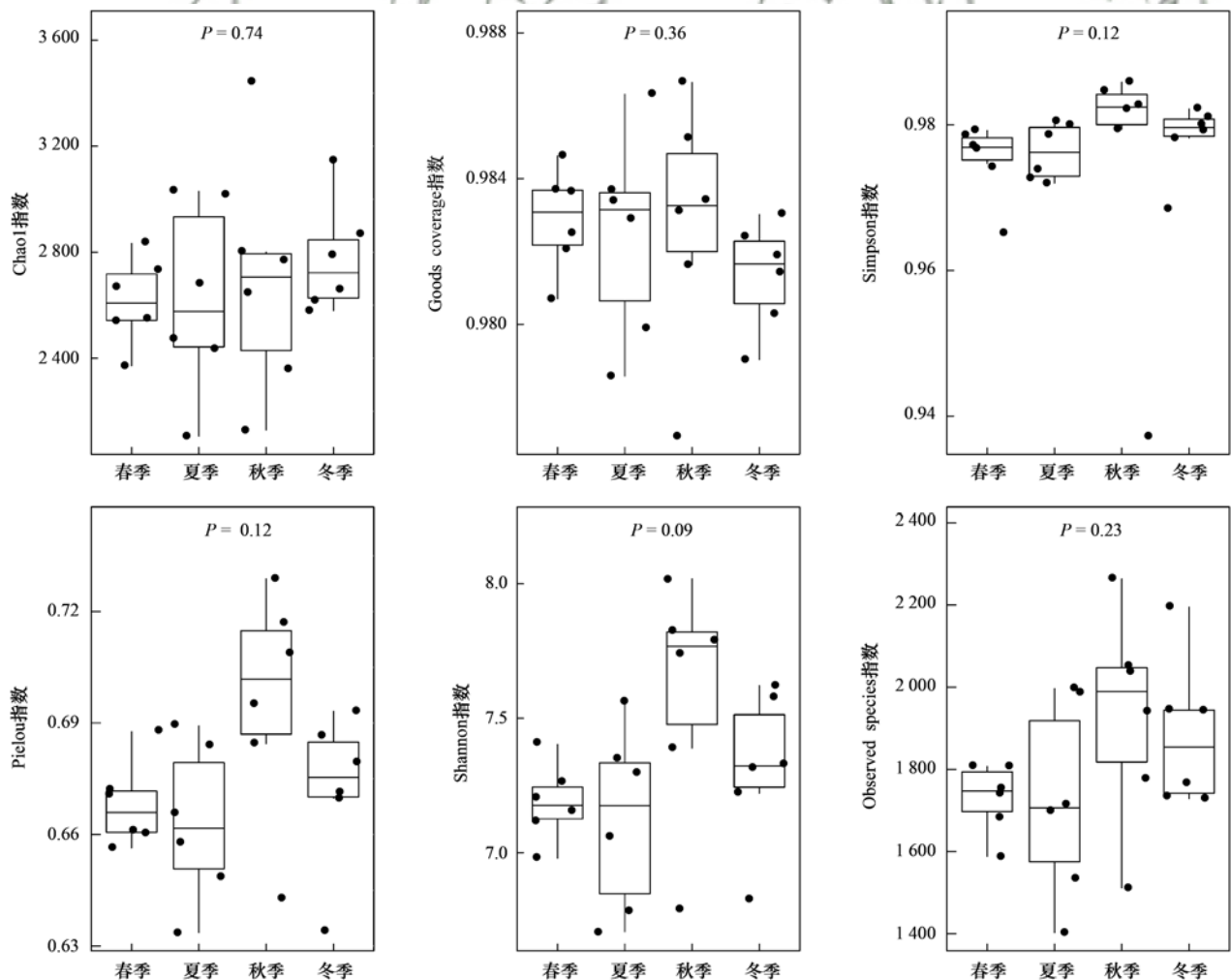


图 2 岗南水库沉积物不同季节好氧反硝化细菌群生物多样性指数

Fig. 2 Microbial community diversity of aerobic denitrification bacteria in different seasons in sediments of Gangnan Reservoir

$1\,722.18 \pm 238.52$, 再上升到秋季的 $1\,930.37 \pm 259.91$, 再下降到冬季的 $1\,885.48 \pm 181.76$. 秋冬季要比春夏季指数高, 表明秋冬季菌群丰富度更高. 两个指数均没有显著差异 ($P > 0.05$). 表征菌群多样性的 Shannon 指数从季节分布上看, 秋冬季指数高于春夏季, 其中秋季指数最高, 夏季最低, 表明秋季好氧反硝化菌群多样性最多, 夏季最低. Simpson 指数在 4 个季节没有显著差异 ($P > 0.05$). 说明岗南水库沉积物好氧反硝化菌群在秋季有稳定的生存环境. Goods coverage 指数用来评估测序对群落中物种的覆盖度, 4 个季节的指数均维持在 0.98 以上, 表明测序可以很好地覆盖物种信息; Pielou 指数表征好氧反硝化菌群的均匀性, 4 个季节指数季节差异为: 秋季 > 冬季 > 春季 > 夏季, 说明秋季物种分布最均匀, 反之, 夏季最低. 由此可以看出岗南水库好氧

反硝化细菌多样性季节演替显著, 且不同库区菌群多样性季节演替存在差异.

水库主库区采样点的 Chao1 指数变化趋势为: 秋季 ($2\,643.04$) > 春季 ($2\,624.45$) > 冬季 ($2\,617.55$) > 夏季 ($2\,523.19$). Observed species 指数变化趋势为: 秋季 ($1\,955.27$) > 冬季 ($1\,742.90$) > 春季 ($1\,674.47$) > 夏季 ($1\,640.77$). Shannon 指数的变化趋势为秋季 (7.73) > 冬季 (7.12) > 春季 (7.10) > 夏季 (6.93). Simpson 指数变化趋势为秋季 > 春季 > 冬季 > 夏季. Pielou 指数显示秋季最高, 夏季最低. 说明主库区好氧反硝化菌群在秋季丰富度和多样性均最高, 夏季均最低. 主库区的季节演替规律与岗南水库整体季节演替规律有重合点, 都是秋季多样性最高, 夏季最低.

2.1.2 不同空间好氧反硝化细菌群生物多样性分析

从空间的角度看 (图 3), 过渡区采样点的菌群

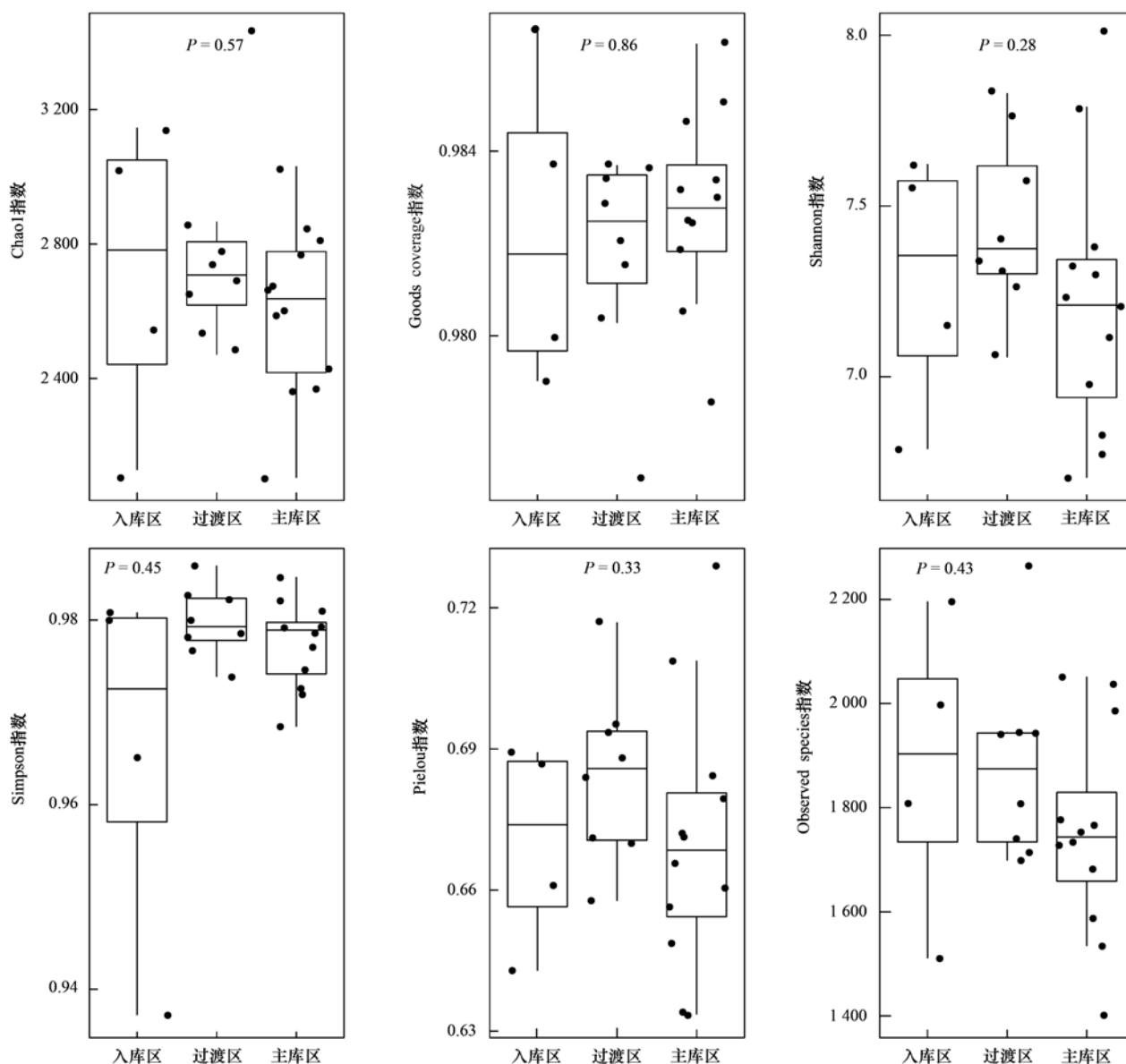


图 3 岗南水库沉积物不同空间好氧反硝化细菌群生物多样性指数

Fig. 3 Microbial community diversity of aerobic denitrification bacteria in different areas in sediments of Gangnan Reservoir

的 Chao1 指数和 Observed species 指数均高于入库区和主库区采样点,入库区的 $2\,709.66 \pm 465.68$ 和 $1\,878.20 \pm 291.72$ 上升到过渡区的 $2\,770.83 \pm 299.11$ 和 $1\,881.94 \pm 187.01$,下降到主库区的 $2\,602.06 \pm 252.98$ 和 $1\,753.35 \pm 197.72$,说明过渡区菌群丰富度最高,主库区最低.表征菌群多样性的 Shannon 指数和 Simpson 指数均呈现先上升后下降的趋势,过渡区采样点指数均为最高,主库区最低.说明岗南水库沉积物过渡区好氧反硝化菌群多样性最高,主库区最低. Goods coverage 指数均维持在 0.98 以上.表征好氧反硝化菌群的均匀性的 Pielou 指数,在过渡区最高,入库区最低.水库的不同空间位置,沉积物微生物丰富度和多样性也不同.

2.2 微生物物种组成分析

通过物种注释,水库水体 4 个季节 24 个样品共有 9 582 个 OTU,主要的门类有 10 个,分别为变形菌门 (Proteobacteria)、异常球菌-栖热菌门 (Deinococcus-Thermus)、脊索动物门 (Chordata)、放线菌 (Actinobacteria)、厚壁菌门 (Firmicutes)、硝化螺旋菌门 (Nitrospirae)、浮霉菌门 (Planctomycetes)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、蓝细菌门 (Cyanobacteria) 和疣微菌门 (Verrucomicrobia).变形菌门 (Proteobacteria) 和异常球菌-栖热菌门 (Deinococcus-Thermus) 在不同季节的 24 个采样点都有出现.其中变形菌门 (Proteobacteria) 均为优势菌门,所占比例为 86.29%~99.57% (图 4),与黄小

兰等^[22]研究的鄱阳湖河交错带水体细菌群落和王欢等^[23]、冯亮等^[24]研究的碧流河水库优势菌门的结果一致.从空间分布上看,变形菌门含量从入库区 (93.73%) 增长到过渡区 (94.75%) 再增长到主库区 (97.66%),整体呈递增的趋势.从季节分布上来看,夏季占比最高为 98.12%,春季最低占 94.82%.在纲水平,主要以 β -Proteobacteria、 γ -Proteobacteria、 α -Proteobacteria 和 δ -Proteobacteria 为主. β -Proteobacteria 是最大的纲,所占比例为 39.42%~51.75%,其中在入库区的点位,分别在秋季达到最高值,在冬季达最低值.从入库区到主库区含量变化呈现先降低后增高的趋势,整体上含量减少,入库区含量最高,过渡区最低.在季节分布上 β -Proteobacteria 春季含量最高,冬季最低.第二优势纲为 γ -Proteobacteria,所占比例为 7.87%~20.89%. γ -Proteobacteria 从入库区到主库区含量变化呈现先增高后降低的趋势,整体上水流进入主库区含量降低;在季节分布上,春季含量最高,夏季最低.第三优势纲为 α -Proteobacteria,从入库区到主库区含量呈下降趋势,水流进入主库区含量呈现最低值;在季节分布上,秋季含量最高,夏季含量最低.不同季节不同空间微生物的组成不同,这与环境因素密切相关^[25].

在属水平 (图 5),陶厄氏菌属 (*Thauera*) 为第一优势属,所占比例为 7.02%~18.84%,水流在进入水库主库区的过程中,含量逐渐降低;季节分布上

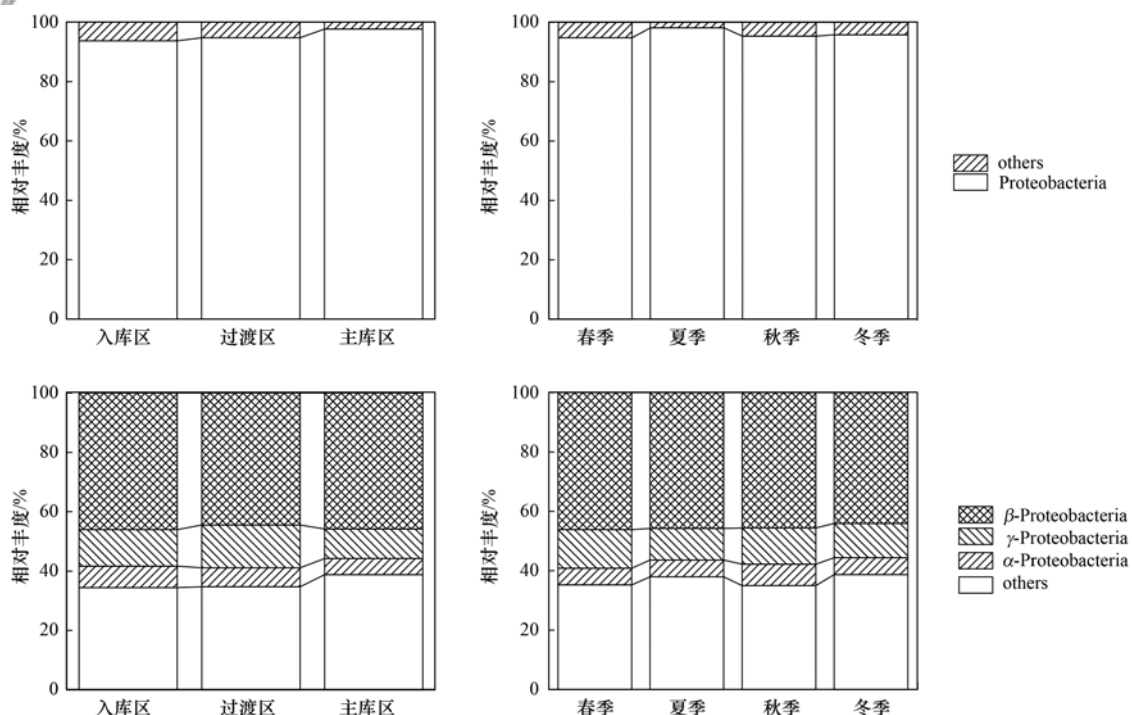


图 4 好氧反硝化菌群门、纲水平群落结构及分布

Fig. 4 Community structure and distribution of aerobic denitrifying bacteria at the phylum and class level

含量变化趋势为:春季 > 夏季 > 冬季 > 秋季. 第二优势属为贪铜菌属(*Cupriavidus*), 空间上, 从入库区到主库区, 含量呈递减的趋势, 入库区的 1 号点位在秋季含量偏高, 占 23.65%; 季节分布上的趋势为:秋季 > 夏季 > 春季 > 冬季, 秋季较其他季节含量明显

偏高, 占 9.41%. 第一、二优势属均从属于 β -Proteobacteria. 第三优势属为 *Sutterella*, 季节分布上含量变化为:夏季 > 冬季 > 春季 > 秋季. 岗南水库沉积物好氧反硝化菌群结构组成在不同季节不同空间菌群含量均存在差异.

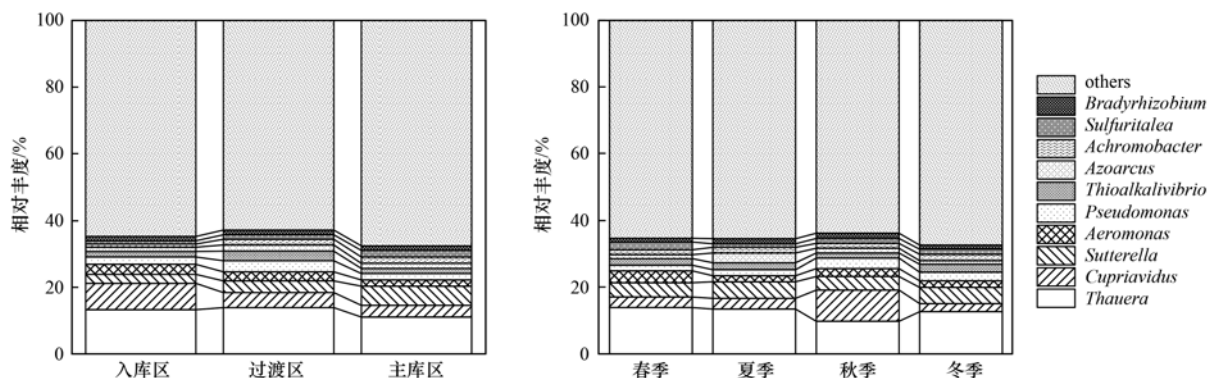


图 5 好氧反硝化菌群属水平群落结构及分布

Fig. 5 Community structure and distribution of aerobic denitrification bacteria at the genus level

2.3 好氧反硝化菌群组成差异性分析

图 6 显示同一空间位置不同季节采样点的 OTU 种类的差异性. 入库区所有采样点中, 4 个季节共有的 OTU 种类为 482 个, 春季、夏季、秋季和冬季独有的 OTU 种类为 544、700、460 和 812 个. 过渡区所有采样点中, 4 个季节共有的 OTU 种类为 841 个, 春季、夏季、秋季和冬季独有的 OTU 种类为 709、621、1 211 和 817 个. 主库区所有采样点中, 4 个季节共有的 OTU 种类为 1 162 个, 春季、夏季、秋季和冬季独有的 OTU 种类为 683、740、1 202 和 707 个. 同一空间位置不同季节采样点共有 OTU 个数从入库区到过渡区再到主库区逐渐增多, 主库区最多. 过渡区 4 个季节独有的 OTU 个数偏高. 秋季独有的 OTU 种类在过渡区和主库区采样点均为最高, 在入库区为最低. 这与多样性分析结果主库区多样性在秋季最高相一致. 夏季和秋季独有的 OTU 个数在过渡区最高, 在入库区最低. 说明夏秋季热分层现象对过渡区好氧反硝化菌群的组成影响较大. 综上, 说明岗南水库沉积物好氧反硝化菌群同一位置不同季节分布存在显著差异.

图 7 显示同一季节不同空间位置采样点的 OTU 种类的差异性, 春季所有采样点中, 3 个位置共有的 OTU 个数为 853 个, 入库区、过渡区和主库区独有的 OTU 个数为 494、1 002 和 1 488 个. 夏季 3 个位置共有的 OTU 个数为 884 个, 入库区、过渡区和主库区独有的 OTU 种类为 606、846 和 1 480 个; 秋季 3 个位置共有的 OTU 个数为 776 个, 入库区、过渡区和主库区独有的 OTU 种类为 414、1 116 和 1 694 个. 冬季 3 个位置共有的 OTU 个数为 944 个, 入库

区、过渡区和主库区独有的 OTU 种类为 648、1 010 和 1 416 个. 每个季节主库区采样点独有的 OTU 种类个数均为最多, 入库区均为最少. 每个季节不同分区共有的 OTU 数目, 在冬季最多, 秋季最少. 综上, 说明岗南水库沉积物好氧反硝化菌群在同一季节不同空间分布存在显著差异.

用 LEfSe 分析岗南水库沉积物中不同分组间好氧反硝化菌群差异性, 研究与物种层级关系相一致的差异物种. 其中图 8 显示样本群落中从门到属 (从内圈到外圈) 主要分类单元的分类等级关系. 表 1 从空间角度显示了岗南水库沉积物好氧反硝化细菌的 LEfSe 分析 LDA 得分值, LDA 值越高说明该分类单元的差异越显著, 即该菌群对组间差异性贡献越大.

在空间分组中, 入库区采样点分组中差异物种在纲水平的菌群为 ϵ -Proteobacteria; 在目水平的菌群有 Alteromonadales、Oceanospirillales 和 Campylobacteriales; 在科水平的菌群有 Chromatiaceae、Campylobacteraceae、Ferrimonadaceae、Thiobacillaceae、Sphingomonadaceae 和 Rhizobiaceae; 在属水平的菌群有 *Oceanithermus*、*Photobacterium*、*Thiocystis*、*Sulfurospirillum*、*Geobacter*、*Campylobacter*、*Sulfuritortus*、*Novosphingobium*、*Agrobacterium* 和 *Ferrimonas*. 过渡区采样点分组差异物种为 γ -Proteobacteria、Gallionellaceae 和 *Sulfuricella*. 主库区采样点分组差异物种为门水平的差异性菌群为 Proteobacteria; 目水平的菌群有 Nitrosomonadales; 科水平的菌群有 Budviciaceae、Comamonadaceae、Rhodocyclaceae、Sutterellaceae 和 Sterolibacteriaceae;

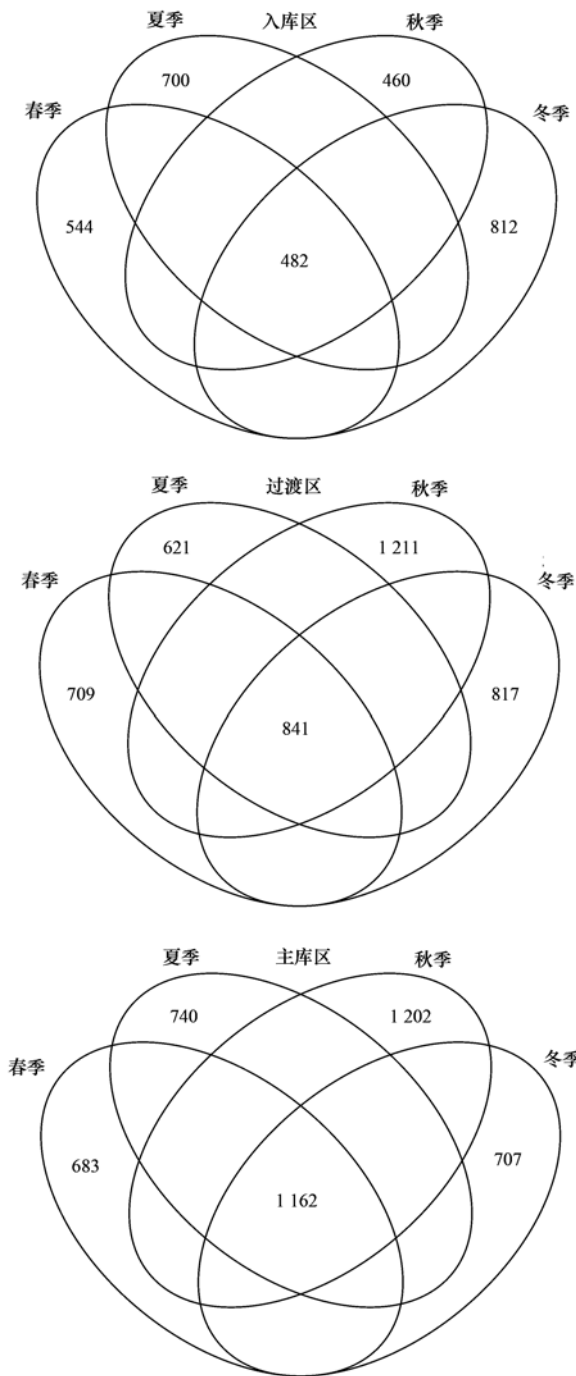


图6 岗南水库沉积物在同一位置不同季节 OTU 分布的 Venn 分析

Fig. 6 Venn analysis in sediment OTU distribution in the same location in different seasons in Gangnan Reservoir

属水平的菌群有 *Lysobacter*、*Serratia*、*Yangia*、*Comamonas*、*Azospira* 和 *Sutterella*。所有差异物种对组间差异性贡献最大的是主库区中的 *Proteobacteria*，贡献最低的为入库区的 *Oceanithermus*。其中入库区对组间贡献最大的菌群为 *Alteromonadales*、最小的为 *Oceanithermus*。过渡区中对组间贡献最大的菌群为 γ -*Proteobacteria*，最低的为 *Sulfuricella*。且 γ -*Proteobacteria* 在过渡区对数得

分值最高。主库区对组间贡献最大的菌群为 *Proteobacteria*，最小的为 *Lysobacter*。

在季节分组中，差异物种出现在夏季和秋季。在夏季分组中在科水平的差异物种为 *Pectobacteriaceae*，在属水平的差异物种为 *Pectobacterium*。在秋季分组中在科水平的差异物种为 *Yersiniaceae*、*Burkholderiaceae*，在属水平的差异物种为 *Cupriavidus*、*Salmonella*、*Rhodopseudomonas* 和 *Tardiphaga*。所有差异物种对组间差异性贡献最大的为秋季分组中 *Burkholderiaceae* 和 *Cupriavidus*，贡献最低的为秋季分组 *Tardiphaga*。其中贡献最大的科为 *Burkholderiaceae*，最低的科为 *Yersiniaceae*。贡献最大的属为 *Cupriavidus*，最低的属为 *Tardiphaga*。从空间分布的水平 LEfSe 分析的结果比在季节分布水平的差异物种多，不同季节、空间分析的差异物种不同。

用随机森林分析寻找不同分组下的标志物种，从目、科和属这 3 个分类水平列举了重要性排名靠前的菌群。图 9 显示在属水平标志物种的重要性排名。从上到下，物种对分类模型的重要性依次递减，其中重要性靠前的物种是组间差异的标志物种。

在空间分组中，在目水平，*Cellvibrionales* 贡献程度最高，在过渡区含量较高。在科水平 *Chromatiaceae* 贡献最高，在入库区含量最多。在属水平，*Comamonas* 贡献最高，在主库区含量较多。其中 *Thiocystis*、*Sulfuricella*、*Agrobacterium*、*Saccharophagus*、*Oceanithermus*、*Campylobacter*、*Geobacter*、*Sulfuritortus*、*Azospirillum*、*Salmonella*、*Laribacter*、*Cupriavidus*、*Photobacterium* 和 *Ferrimonas* 在入库区和过渡区含量较高，主库区含量低。*Comamonas* 在所有空间分组采样点贡献程度最高。

在季节分组中，在目水平 *Enterobacterales* 贡献程度最大，在春夏季含量较高。在科水平中，*Shewanellaceae*、*Pectobacteriaceae*、*Yersiniaceae* 和 *Methylobacteriaceae* 贡献程度较高，其中 *Shewanellaceae* 贡献程度最大，在春季丰度较高。*Pectobacteriaceae* 在春夏季丰度较高，*Methylobacteriaceae* 和 *Yersiniaceae* 在秋季含量较高。在属水平 *Pectobacterium*、*Shewanella*、*Sinorhizobium*、*Salmonella*、*Edwardsiella*、*Burkholderia* 和 *Pluralibacter* 贡献程度较高，即差异解释率较大。其中 *Pectobacterium* 贡献程度最高，其在春季和夏季丰度均较高。在空间分组中和季节分组中，丰度值的变化均比较显著。结果表明随机森林分析的标志物种与 LEfSe 分析结果的差异物种有交叉相同的物种，但差异贡献程度最高物种不同。

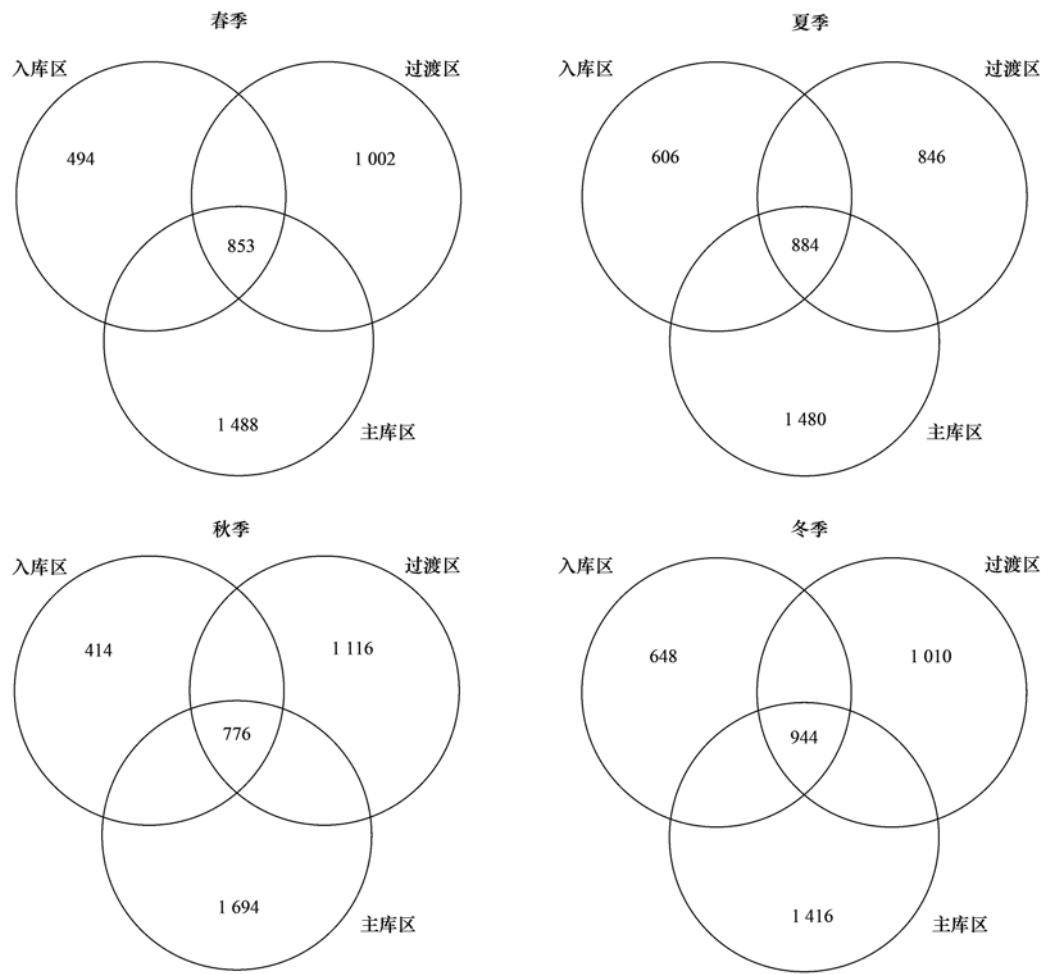


图 7 岗南水库沉积物在同一季节不同位置 OTU 分布的 Venn 分析

Fig. 7 Venn analysis in sediment OTU distribution at different locations in the same season in Gangnan Reservoir

表 1 岗南水库沉积物好氧反硝化细菌的 LEfSe 分析 LDA 得分值

Table 1 LDA score value of LEfSe analysis of aerobic denitrifying bacteria in sediments of Gangnan Reservoir

种类	分组	LDA 得分值	种类	分组	LDA 得分值
<i>f__Campylobacteraceae</i>	入库区	2. 84	<i>g__Photobacterium</i>	入库区	2. 65
<i>c__Epsilonproteobacteria</i>	入库区	2. 84	<i>g__Campylobacter</i>	入库区	2. 81
<i>g__Oceanithermus</i>	入库区	2. 49	<i>f__Sterolibacteriaceae</i>	主库区	4. 24
<i>g__Ferrimonas</i>	入库区	3. 74	<i>g__Sutterella</i>	主库区	4. 20
<i>g__Sulfuritortus</i>	入库区	3. 04	<i>f__Comamonadaceae</i>	主库区	3. 26
<i>f__Rhizobiaceae</i>	入库区	3. 57	<i>g__Yangia</i>	主库区	2. 99
<i>g__Thiocystis</i>	入库区	2. 73	<i>p__Proteobacteria</i>	主库区	4. 49
<i>f__Chromatiaceae</i>	入库区	2. 75	<i>o__Nitrosomonadales</i>	主库区	4. 19
<i>o__Alteromonadales</i>	入库区	3. 77	<i>f__Budviciaceae</i>	主库区	2. 63
<i>g__Sulfurospirillum</i>	入库区	2. 74	<i>g__Comamonas</i>	主库区	3. 27
<i>g__Geobacter</i>	入库区	2. 78	<i>f__Rhodocyclaceae</i>	主库区	3. 74
<i>f__Ferrimonadaceae</i>	入库区	3. 75	<i>g__Azospira</i>	主库区	3. 75
<i>f__Thiobacillaceae</i>	入库区	3. 08	<i>f__Sutterellaceae</i>	主库区	4. 18
<i>f__Sphingomonadaceae</i>	入库区	3. 13	<i>g__Lysobacter</i>	主库区	2. 55
<i>o__Campylobacteriales</i>	入库区	2. 82	<i>g__Serratia</i>	主库区	2. 57
<i>g__Agrobacterium</i>	入库区	3. 41	<i>g__Sulfuricella</i>	过渡区	2. 98
<i>g__Novosphingobium</i>	入库区	3. 17	<i>f__Campylobacteraceae</i>	过渡区	4. 35
<i>o__Oceanospirillales</i>	入库区	2. 66	<i>f__Gallionellaceae</i>	过渡区	3. 05

2.4 微生物网络分析

选取物种(OTU)间的斯皮尔曼相关系数 $|r| >$

0. 9,显著性 $P < 0. 001$ 的物种来构建微生物 OTU-OTU 网络,研究岗南水库沉积物好氧反硝化菌物种

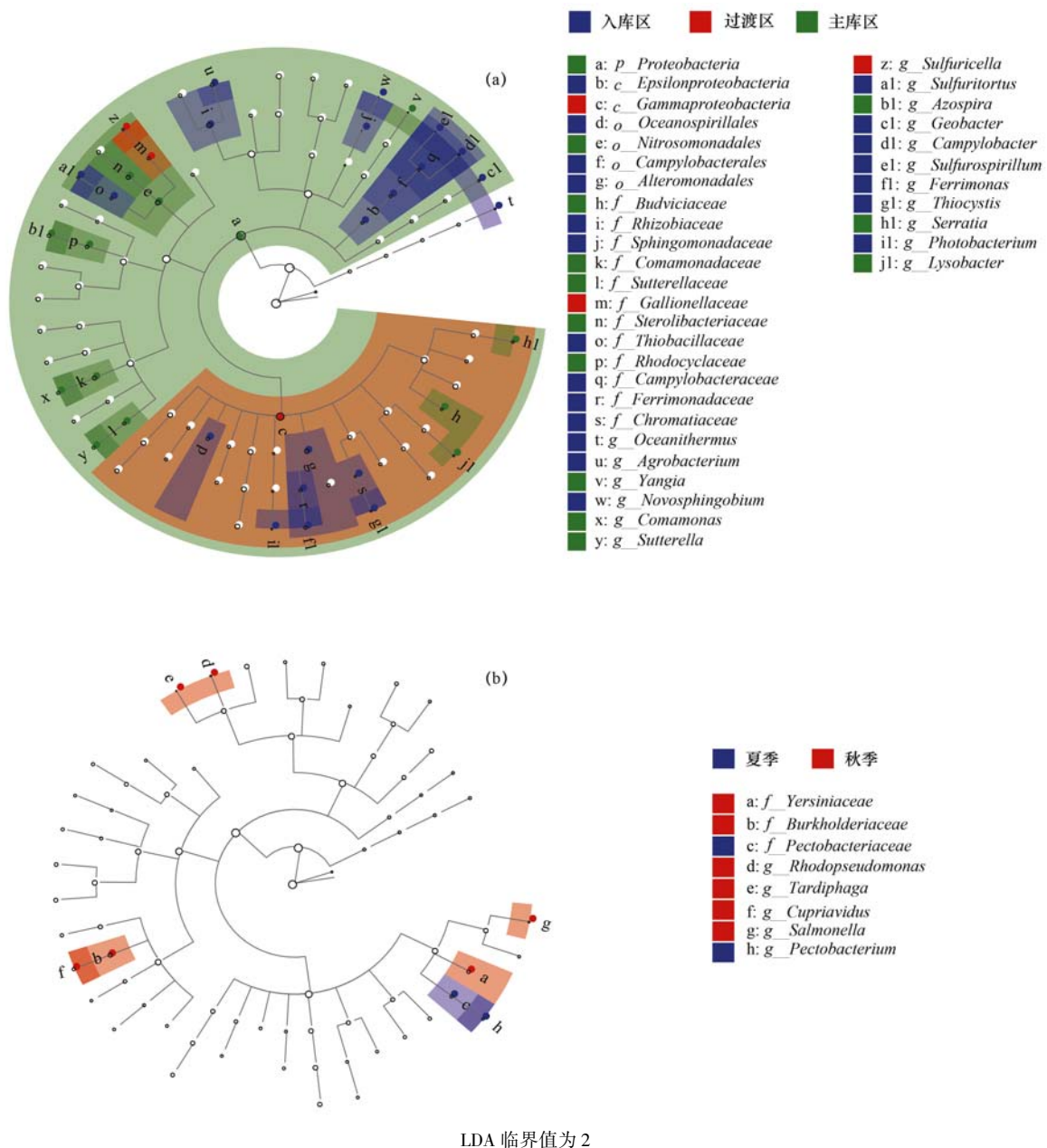


图 8 岗南水库沉积物好氧反硝化细菌的 LEfSe 分析

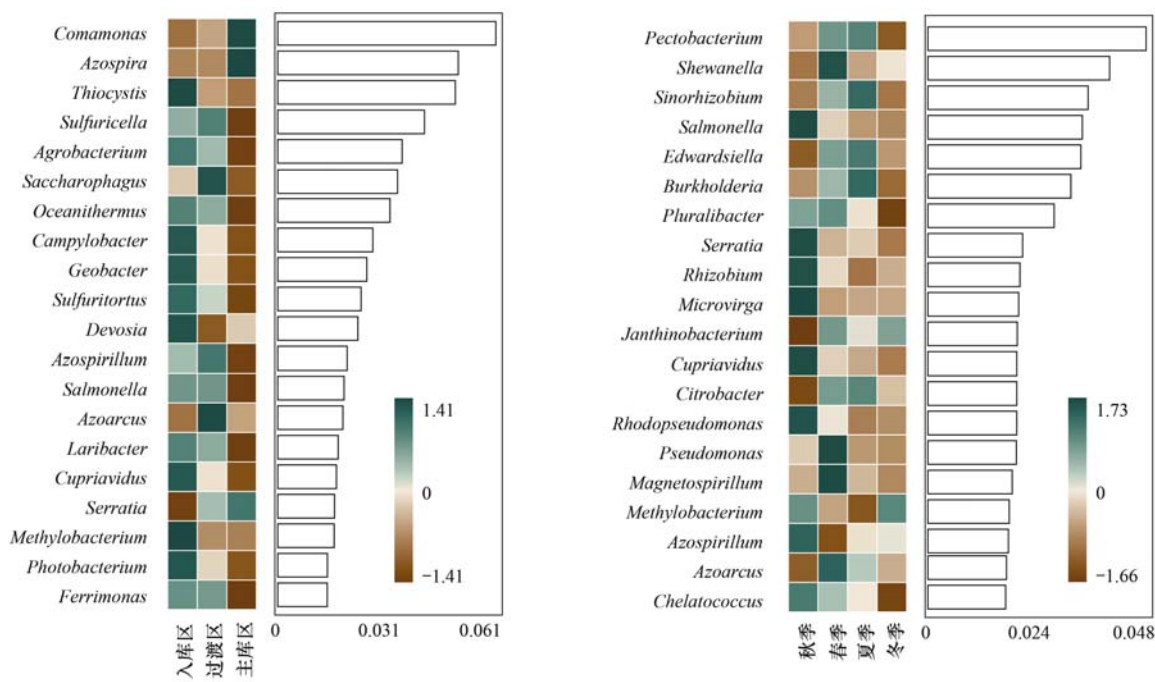
Fig. 8 LEfSe analysis of aerobic denitrifying bacteria in sediments of Gangnan Reservoir

间的关系,网络分析结果见表 2,图 10(a)表示物种间网络模块结构,图 10(b)表示有关节点的物种分类,图中节点大小与网络节点的度成比例,节点与节点间边的颜色显示了物种间的作用关系:红色为正向关系,绿色为负向关系,边的宽度与相关系数 $|r|$ 成比例。微生物 OTU-OTU 网络结果表明显示,正向边占比大于负向边,说明岗南水库沉积物好氧反硝化菌群物种间合作关系大于竞争关系^[16]。模块化值高于 0.4 认为网络具有模块结构^[26],如图 10(a)划分为 9 个模块,即有 9 个相似的生态位^[26]。其中模块 1 占比 13.47%,模块 2 占比 11.78%,模块 3 占比 11.11%,模块 4 占比 10.10%,模块 5 占比 8.75%,模块 6 占比 6.06%,模块 7 占比 3.03%,模

块 8 占比 2.69%,模块 9 占比 33.01%。图 10(b)中未分类的菌群占 42.76%、 β -Proteobacteria 占 32.66%、 γ -Proteobacteria 占 13.13%、 α -Proteobacteria 占 10.77%、 ε -Proteobacteria 占 0.34% 和 δ -Proteobacteria 占 0.34%。

由节点数据可知占比较高的模块中模块 9 包括未分类菌群(44.90%)、 β -Proteobacteria(29.60%)、 α -Proteobacteria (15.30%) 和 γ -Proteobacteria (10.20%);模块 1 包括未分类菌群(47.50%)、 β -Proteobacteria (27.50%)、 α -proteobacteria (12.50%) 和 γ -Proteobacteria(12.50%)。

基于节点度大于 5 和中介中心值小于 1 000 的标准^[11],得到 47 个关键物种 OTU,分布在模块 1 中



柱状图横坐标表示物种对分类模型的重要性打分值,热图显示了物种在各分组的丰度分布

图9 岗南水库沉积物好氧反硝化细菌的随机森林分析(属水平)

Fig. 9 Random forest analysis of aerobic denitrifying bacteria in sediments of Gangnan Reservoir

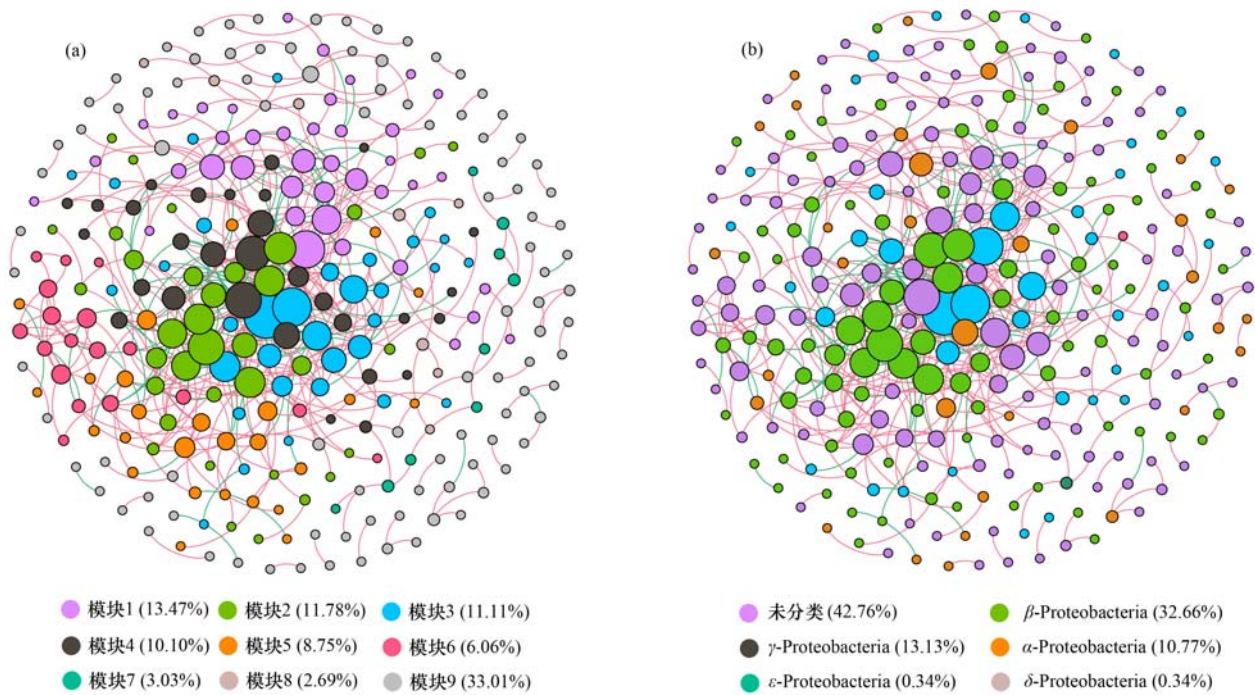


图10 岗南水库沉积物好氧反硝化菌群微生物网络

Fig. 10 Network of aerobic denitrification bacteria in sediments of Gangnan Reservoir

表2 微生物 OTO-OTU 网络分析结果

Table 2 Microbial OTO-OTU network analysis results

项目	数值	项目	数值
节点	297	正相关边占比/%	74.69
边	565	负相关边占比/%	25.31
图密度	0.013	平均聚类系数	0.337
模块化	0.65	网络平均度	3.805
网络直径	15	平均加权度	3.972
连接部件	37	平均路径长度	4.442

的有 7 个 OTU,分布在模块 2 中的有 13 个 OTU,分布在模块 3 中的有 7 个 OTU,分布在模块 4 中的有 7 个 OTU,分布在模块 5 中的有 6 个 OTU,分布在模块 6 中的有 6 个 OTU,分布在模块 9 中的有 1 个 OTU. 关键物种 OTU 如下:9、13、14、18、27、30、31、41、43、59、82、91、116、131、167、200、209、215、238、306、310、315、335、351、355、427、

459、460、509、518、727、732、749、750、764、864、1 012、1 035、1 073、1 141、1 366、1 512、1 564、1 612、2 331、2 473和3 015. 其中分为未分类菌群 (44.68%)、 β -Proteobacteria (36.17%)、 γ -Proteobacteria (12.77%) 和 α -Proteobacteria (6.38%), 主要有 13 个属, 分别为 *Thauera*、*Azoarcus*、*Azospira*、*Azospirillum*、*Citrobacter*、*Comamonas*、*Pseudomonas*、*Shewanella*、*Sinorhizobium*、*Sulfuricella*、*Sulfuritalea*、*Thioalkalivibrio* 和 unclassified. 除去未分类菌群, *Thauera* 含量最多.

应用 PCoA 分析对关键物种 OTU 进一步分析, 根据图 11 可知岗南水库沉积物好氧反硝化菌群中 47 个关键物种在时空分布存在一定差异性, PCoA1 和 PCoA2 分别解释了整体 46.62% 和 9.60%, 总共解释整体的 56.22%, PCoA1 占主体. 不同季节采样点基于 Adonis 分析 ($R^2 = 0.12019$, $P > 0.05$) 显示季节差异性不明显. 不同空间采样点基于 Adonis 分析 ($R^2 = 0.55922$, $P < 0.001$) 显示空间分布差异性显著. 其中入库区采样点主要分布在第一、三象限, 其中春季采样点主要分布在第一象限, 夏秋冬季主要分布在第三象限. 过渡区的采样点主要分布在第一、二和三象限, 其中秋季主要分布在第二象限, 春季分布在第一象限, 夏冬季主要分布在第三象限. 主库区采样点主要分布在第二四象限, 其中秋季主要分布在第二象限, 春夏冬季主要分布在第四象限. 入库区采样点与过渡区采样点较聚集, 说明关键物种在入库区和过渡区菌群结构有相似性, 与主库区的菌群组成差异性明显. 春夏冬季的采样点较聚集, 说

明春夏冬季菌群结构相似, 秋季采样点较分散表明秋季采样点菌群结构差异性明显. 说明不同空间和不同时间对好氧反硝化菌群中的关键物种有一定的选择性^[27].

3 讨论

3.1 好氧反硝化菌群多样性的时空分布特征

从岗南水库入库河口到坝前主库区沉积物中好氧反硝化菌群丰富度和多样性呈现先上升后下降的趋势, 过渡区菌群丰富度和多样性最高. 黄小兰等^[22]的研究发现鄱阳湖河交汇处细菌比湖区内丰富度高. 刘晓丹等^[28]的研究发现尼洋河沉积物上游、中游和下游不同河段沉积物微生物差异性明显. 陈星等^[29]的研究发现三峡水库库中生物多样性指数高于库首和库尾. 说明微生物的多样性和丰富度与湖库所处的地理环境和空间位置都有关系, 岗南水库不同的空间位置沉积物好氧反硝化菌群的丰富度和多样性均不同. 在季节分布上, 好氧反硝化菌群丰富度和多样性在秋季最高, 其中秋季水库存在热分层现象, 上下层水体物质交换受阻, 会进一步影响到沉积物中微生物的分布及多样性^[30]. 后续可深入探究热分层条件下好氧反硝化菌群垂向分布特征, 为热分层时期水库水质改善提供科学依据. 谭八梅等^[31]的研究指出海刺参养殖池塘水体菌群秋季丰富度和多样性均为最低, 与本研究结果相反. 王欢等^[23]的研究指出全年碧流河水库细菌多样性秋季最高, 与本研究的結果一致. 菌群的多样性与所处的环境密切相关^[31], 所以研究结果各不相同. 本文单独对主库区的采样点进行研究, 发现主库区采样点水样好氧反硝化菌群演替规律和水库整体演替规律有重合点, 都是秋季多样性最高, 夏季最低. 这与秦宇等^[32]在三峡库区中段水体中微生物多样性夏季较低的研究结果一致. 说明秋季的水力环境可能更有利于好氧反硝化菌群的繁殖^[33]. 综上, 不同季节和空间均会对好氧反硝化菌群的多样性产生影响.

3.2 好氧反硝化菌群组成的时空分布特征

岗南水库的好氧反硝化菌群主要以变形菌门为主, 与白洋淀好氧反硝化菌群组成^[34]和密云水库入库河流水体反硝化菌群^[35]的研究结果一致, 说明可能淡水湖泊中主要好氧反硝化菌群均为变形菌门^[24], 且变形菌门可能与沉积物中含氮有机物等营养物质有紧密关系^[36~38]. 变形菌门在氮素消除和有机物的降解中发挥重要作用, 且大部分在厌氧条件下可以进行反硝化^[39~42], 是水生态系统污染恢复的重要参与者. Rom  rez 等^[43]的研究发现墨西哥湾西北部的表层沉积物中变形菌门受深度、距海岸线

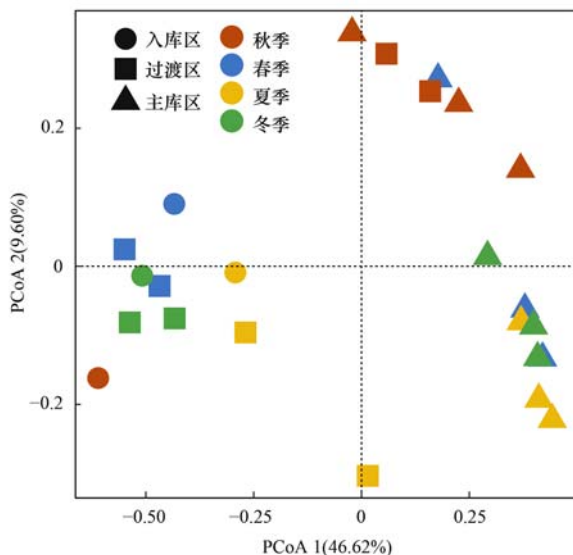


图 11 关键物种不同时空主成分分析

Fig. 11 Principal component analysis of key species in different time and space

的距离和温度溶解氧等影响,且不同细菌在不同位置占优势, δ -Proteobacteria 在内陆架、 γ -Proteobacteria 在上坡沉积物占优势,菌群分布受环境影响显著. Tang 等^[44]的研究发现温度和变形菌门的协同作用可能是厌氧/缺氧/好氧(A^2O)污水处理中出水有机物季节变化的机制. Ke 等^[45]的研究发现长期风化的铝土矿渣处置区中 pH 和电导率的改变对变形菌门的多样性丰度均有影响,人类可以干预处置区进行生态重建. 已有研究均表明沉积物中好氧反硝化菌组成结构是与环境相适应的结果.

从空间分布上看,变形菌门(优势菌门)在主库区含量最高,从季节分布上来看,夏季占比最高. 与多样性的分布特征有明显差异. 在纲水平,主要以 β -Proteobacteria、 γ -Proteobacteria 和 α -Proteobacteria 为主. 研究表明变形菌纲包含大多数反硝化菌群^[46,47]. β -Proteobacteria 是最大的纲,入库区含量最高. 在季节分布上,春季含量最高. 第二和三优势纲为 γ -Proteobacteria 和 α -Proteobacteria, 3 种优势纲中存在可以进行异养或自养反硝化的反硝化菌群^[48],将 NO_3^- 最终转化为 N_2 ,在氮循环水质净化过程中扮演着很重要的角色. 岗南水库沉积物中存在的主要纲类与国内外研究沉积物反硝化菌群结果一致^[49-51]. 优势属为陶厄氏菌属(*Thauera*),其反硝化活性较高^[52],能有效地去除氮素^[53,54],对有机物有较强的降解能力. 第二优势属贪铜菌属(*Cupriavidus*),空间上入库区含量最高,季节分布上秋季较其他季节含量明显偏高. 第一、二优势属均从属于 β -Proteobacteria. 第三优势属为 *Sutterella*,空间上含量变化与贪铜菌属(*Cupriavidus*)一致,季节分布上含量变化为夏季含量最高. *Aeromonas*(气单胞菌属)能引起鱼类得急性传染病,对水产养殖业有潜在风险^[55]. 贪铜菌属(*Cupriavidus*)有异养硝化和好氧反硝化的能力,可高效利用硝态氮和亚硝态氮,有一定的耐金属特性,在处理焦化废水中发挥着重要作用^[56]. 其中 *Pseudomonas*(假单胞菌属)春季含量偏高,有研究表明,其对硝酸盐氮有较好的去除效果,是比较大的反硝化细菌的类群^[47]. *Aeromonas*(气单胞菌属)还被鉴定为具有理想性能的关键反硝化聚磷菌^[57]. 岗南水库沉积物好氧反硝化菌群结构组成在不同季节不同空间菌群含量均存在差异,与 OTU 水平的韦恩分析相互印证.

3.3 差异物种与关键物种分析

不同季节和不同空间基于 LEfSe 分析的差异物种不同. 随机森林分析得到的标志物种与 LEfSe 分析的差异物种相互印证,除差异解释率最大的物种外大部分差异物种和标志物种相同. 本研究结果发

现 *Azospira*、*Azospirillum*、*Comamonas*、*Shewanella*、*Sinorhizobium* 和 *Sulfuricella* 既是差异物种和标志物种又是关键物种. 因此这些菌群在岗南水库好氧反硝化菌群中占重要地位,在今后应加强对这些菌群的研究. 其中 *Azospira* sp. KJ 可还原高氯酸盐,有高效脱氯的效果^[58]. *Azospirillum lipoferum* AL-3 可以帮助马铃薯植物对抗早疫病,从而降低环境污染^[59]. *Sinorhizobium* 的存在可以提高畜牧饲料的产量和有效地低温固氮^[60]. *Comamonas* 可以降解多环芳烃和杂环芳烃等污染物^[61],对邻-甲醛和对-甲酚也有降解特性^[62]. 不同的差异物种、标志物种和关键物种对不同的环境因素适应能力不同,比如一些菌群与光照和温度相关. Saejung 等^[63]的研究发现,不同光照条件可以提高 *Rhodopseudomonas faecalis* PA2 的生物量和类胡萝卜素等有价值物质产生. *Rhodopseudomonas* 有较高温度的适应性,生物产氢速率也得到了提高^[64]. Zhang 等^[65]的研究发现 *Pseudomonas* sp. Y39-6 在低温条件可去除废水中的硝酸盐. Adyasari 等^[66]的研究发现海底地下水中的 Burkholderiaceae 主要存在于低盐度样品中. 不同环境因素会造成差异物种、标志物种和关键物种的不同. 综上,不同空间、不同季节和各种环境因素都会引起水库沉积物好氧反硝化菌群组成的改变,进而对水库水质演变产生影响. 基于差异物种和关键物种的解析,可以为将来研究水库微生物驱动的氮素循环提供必要的技术支持.

4 结论

(1) α -多样性分析显示从季节分布上看,秋冬季菌群丰富度和多样性均较高,其中秋季好氧反硝化菌群多样性最高;从空间上看,过渡区的好氧反硝化菌群丰富度和多样性均为最高. 岗南水库好氧反硝化细菌的优势菌门为变形菌门(Proteobacteria),所占比例为 86.29%~99.57%. 在纲水平,主要以 β -Proteobacteria、 γ -Proteobacteria 和 α -Proteobacteria 为主. 第一优势属为陶厄氏菌属(*Thauera*).

(2) Venn 图显示岗南水库沉积物好氧反硝化菌群时空分布存在显著差异. LEfSe 分析显示在季节分组中,差异物种出现在夏季和秋季. 所有差异物种对组间差异性贡献最大的为秋季分组中 Burkholderiaceae 和 *Cupriavidus*,贡献最低的为秋季分组的 *Tardiphaga*. 在空间分组中,所有差异物种对组间差异性贡献最大的为主库区的 Proteobacteria,贡献最低的为入库区的 *Oceanithermus*. 随机森林分析显示在季节分组中, *Pectobacterium* 贡献程度最

高,差异解释率最大,其在春季和夏季丰度均较高。在空间分组中,*Comamonas* 贡献程度最高,在主库区丰度较高。

(3) 网络分析显示好氧反硝化菌群物种间合作关系大于竞争关系。得到 47 个关键物种 OTU,已分类的菌群中 *Thauera* 含量最多。应用主成分分析对关键物种进一步分析表明,关键物种中秋季采样点菌群组成与其他季节差异性明显,而春季、夏季和冬季菌群组成有一定的相似性。主库区关键物种采样点菌群组成与入库区和过渡区差异性明显。

参考文献:

- [1] 黄廷林. 水源水库水质污染原位控制与改善是饮用水水质安全保障的首要前提[J]. 给水排水, 2017, **43**(1): 1-3, 69.
- [2] 文新宇, 谌书, 杨远坤, 等. 缓丘地带黄河流域水库微生物群落多样性特征[J]. 应用与环境生物学报, 2021, **27**(6): 1-10.
Wen X Y, Chen S, Yang Y K, *et al.* Characteristics of microbial community diversity in the gentle hilly area-Huanghe Town Reservoir[J]. Chinese Journal of Applied & Environmental Biology, 2021, **27**(6): 1-10.
- [3] 原晖. 大连市大型水库富营养化状况及影响因素研究[J]. 水资源开发与管理, 2021, (2): 12-16.
Yuan H. Study on eutrophication status and influencing factors of large reservoirs in Dalian[J]. The Global Seabuckthorn Research and Development, 2021, (2): 12-16.
- [4] 黄廷林, 曾明正, 邱晓鹏, 等. 温带季节性分层水库浮游植物功能类群的时空演替[J]. 中国环境科学, 2016, **36**(4): 1157-1166.
Huang T L, Zeng M Z, Qiu X P, *et al.* Phytoplankton functional groups and their spatial and temporal distribution characteristics in a temperate seasonally stratified reservoir [J]. China Environmental Science, 2016, **36**(4): 1157-1166.
- [5] 王顺天, 雷俊山, 贾海燕, 等. 三峡水库 2003~2017 年水质变化特征及成因分析[J]. 人民长江, 2020, **51**(10): 47-53, 127.
Wang S T, Lei J S, Jia H Y, *et al.* Water quality characteristics and causes analysis of Three Gorges Reservoir from 2003 to 2017 [J]. Yangtze River, 2020, **51**(10): 47-53, 127.
- [6] 康丽娟, 许海, 朱广伟, 等. 太湖主要环湖河道沉积物反硝化潜力及其控制因子[J]. 环境科学学报, 2021, **41**(4): 1393-1400.
Kang L J, Xu H, Zhu G W, *et al.* Sediment denitrification potential and its influencing factors in the main rivers of Lake Taihu[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2021, **41**(4): 1393-1400.
- [7] Gardner W S, Yang L Y, Cotner J B, *et al.* Nitrogen dynamics in sandy freshwater sediments (Saginaw Bay, Lake Huron)[J]. Journal of Great Lakes Research, 2001, **27**(1): 84-97.
- [8] Gross A, Boyd C E, Wood C W. Nitrogen transformations and balance in channel catfish ponds[J]. Aquacultural Engineering, 2000, **24**(1): 1-14.
- [9] 屈建航, 李宝珍, 袁红莉. 沉积物中微生物资源的研究方法及其进展[J]. 生态学报, 2007, **27**(6): 2636-2641.
Qu J H, Li B Z, Yuan H L. Methodology in studies of microbial resource in sediment[J]. Acta Ecologica Sinica, 2007, **27**(6): 2636-2641.
- [10] Robertson L A, Kuenen J G. *Thiosphaera pantotropha* gen. nov. sp. nov., a facultatively anaerobic, facultatively autotrophic sulphur bacterium [J]. Microbiology, 1983, **129**(9): 2847-2855.
- [11] 汤茵琪, 李阳, 常素云, 等. 好氧反硝化菌强化生态浮床对水体氮与有机物净化机理[J]. 生态学杂志, 2017, **36**(2): 569-576.
Tang Y Q, Li Y, Chang S Y, *et al.* Mechanisms of nitrogen and organic matter removal from water bodies by aerobic denitrifiers enhanced ecological floating bed [J]. Chinese Journal of Ecology, 2017, **36**(2): 569-576.
- [12] 李炳堂, 周志勤, Naidu R, 等. 锁磷剂联合好氧反硝化菌修复富营养化水体[J]. 环境科学, 2021, **42**(4): 1861-1869.
Li B T, Zhou Z Q, Naidu R, *et al.* Combined remediation of eutrophic water by phoslock (R) and aerobic denitrifying bacteria [J]. Environmental Science, 2021, **42**(4): 1861-1869.
- [13] 王慎, 张思思, 许尤, 等. 水库沉积物贫营养型好氧反硝化菌(*Pseudomonas* sp.)分离及其对微污染水体脱氮效率分析[J]. 环境科学学报, 2020, **40**(3): 915-921.
Wang S, Zhang S S, Xu Y, *et al.* Isolation of aerobic denitrifying bacteria (*Pseudomonas* sp.) from reservoir sediments and analysis of its denitrification efficiency in micro-polluted water[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2020, **40**(3): 915-921.
- [14] 蒋云霞. 水源水库沉积物中好氧反硝化菌群筛选及脱氮特性研究[D]. 西安: 西安建筑科技大学, 2020.
- [15] 周石磊, 张艺冉, 孙悦, 等. 异养硝化-好氧反硝化菌富集驯化过程中微生物种群演变特征——典型城市景观水系[J]. 中国环境科学, 2019, **39**(11): 4831-4839.
Zhou S L, Zhang Y R, Sun Y, *et al.* Characteristics of bacterial community structure during the enrichment and domestication of heterotrophic nitrification-aerobic denitrification bacteria based on the typical city landscape water [J]. China Environmental Science, 2019, **39**(11): 4831-4839.
- [16] 周石磊, 孙悦, 岳胥丞, 等. 雄安新区-白洋淀冬季冰封期水体好氧反硝化菌群落空间分布特征及驱动因素[J]. 环境科学, 2020, **41**(5): 2177-2187.
Zhou S L, Sun Y, Yue G C, *et al.* Spatial distribution characteristics and driving factors of aerobic denitrification bacterial community structure from Baiyangdian Lake in Xiong'an New Area during the winter freezing period [J]. Environmental Science, 2020, **41**(5): 2177-2187.
- [17] 寄博华, 李玮, 常军军, 等. 滇池湖滨湿地不同挺水植物区沉积物细菌群落结构特征[J]. 生态与农村环境学报, 2020, **36**(3): 390-398.
Ji B H, Li W, Chang J J, *et al.* Characteristics of bacterial community structure in sediments with different emergent plants in Dianchi Lake-side Wetland[J]. Journal of Ecology and Rural Environment, 2020, **36**(3): 390-398.
- [18] Li Y, Wu H N, Shen Y, *et al.* Statistical determination of crucial taxa indicative of pollution gradients in sediments of Lake Taihu, China[J]. Environmental Pollution, 2019, **246**: 753-762.
- [19] Zhang B G, Zhang J, Liu Y, *et al.* Co-occurrence patterns of soybean rhizosphere microbiome at a continental scale[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, **118**: 178-186.
- [20] 周石磊, 孙悦, 岳胥丞, 等. 白洋淀养殖区春季沉积物垂向微生物群落特征及驱动因素[J]. 环境科学学报, 2020, **40**(5): 1722-1733.
Zhou S L, Sun Y, Yue G C, *et al.* Vertical distribution characteristics and driving factors of microbial community of spring culture area sediments in Baiyangdian Lake [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2020, **40**(5): 1722-1733.
- [21] Anderson M J, Ellingsen K E, Mcardle B H. Multivariate

- dispersion as a measure of beta diversity[J]. *Ecology Letters*, 2006, **9**(6): 683-693.
- [22] 黄小兰, 简正军, 叶长盛, 等. 鄱阳湖河湖交错带枯水期水体细菌群落空间分布[J]. *微生物学通报*, 2021, **48**(6): 1862-1873.
- Huang X L, Jian Z J, Ye C S, *et al.* Spatial distribution of bacterial community in River-lake ecotone of Poyang Lake during dry season[J]. *Microbiology China*, 2021, **48**(6): 1862-1873.
- [23] 王欢, 赵文, 谢在刚, 等. 碧流河水库细菌群落结构特征及其关键驱动因子[J]. *环境科学*, 2018, **39**(8): 3660-3669.
- Wang H, Zhao W, Xie Z G, *et al.* Bacterial community structure characteristics in the Biliuhe Reservoir and its key driving factors[J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(8): 3660-3669.
- [24] 冯亮, 袁春燕, 杨超, 等. 好氧反硝化生物脱氮技术的研究进展[J]. *微生物学通报*, 2020, **47**(10): 3342-3354.
- Feng L, Yuan C Y, Yang C, *et al.* Research progress in nitrogen removal by aerobic denitrification[J]. *Microbiology China*, 2020, **47**(10): 3342-3354.
- [25] 朱婷婷, 田从魁. 水库底泥中微生物多样性及其与环境因子相关性分析[J]. *北京大学学报(自然科学版)*, 2018, **54**(3): 625-632.
- Zhu T T, Tian C K. Analysis on Microbial diversity in the sediments and its relationship with environmental factors in a reservoir[J]. *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Pekinensis*, 2018, **54**(3): 625-632.
- [26] 沈烽, 黄睿, 曾巾, 等. 分子生态网络分析研究进展[J]. *环境科学与技术*, 2016, **39**(S1): 94-98, 173.
- Shen F, Huang R, Zeng J, *et al.* Progress of the molecular ecology network analysis[J]. *Environmental Science & Technology*, 2016, **39**(S1): 94-98, 173.
- [27] 韩文杰, 吴迪, 周家中, 等. 长三角地区 MBBR 泥膜复合污水处理厂低温季节微生物多样性分析[J]. *环境科学*, 2020, **41**(11): 5037-5049.
- Han W J, Wu D, Zhou J Z, *et al.* Microbial diversity analysis of WWTPs based on Hybrid-MBBR process in a low temperature season in the Yangtze River Delta[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(11): 5037-5049.
- [28] 刘晓丹, 黄毅, 王永花, 等. 西藏尼洋河沉积物中微生物群落结构特征分析[J]. *环境科学*, 2020, **41**(7): 3249-3256.
- Liu X D, Huang Y, Wang Y H, *et al.* Structural characteristics of microbial communities in the sediments of the Niyang River in Tibet[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(7): 3249-3256.
- [29] 陈星, 叶麟, 谭路, 等. 三峡水库蓄水后期香溪河库湾浮游甲壳动物群落结构[J]. *水生生物学报*, 2020, **44**(5): 1070-1079.
- Chen X, Ye L, Tan L, *et al.* Crustacean zooplankton community in Xiangxi bay during the later impoundment period of The Three Gorges Reservoir[J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2020, **44**(5): 1070-1079.
- [30] 王丽娜, 陈辉煌, 刘乐冕, 等. 亚热带分层水库固氮微生物时空分布格局[J]. *生态学报*, 2016, **36**(18): 5827-5837.
- Wang L N, Chen H H, Liu L M, *et al.* Spatiotemporal patterns of diazotrophic microorganisms in a subtropical stratified reservoir[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, **36**(18): 5827-5837.
- [31] 谭八梅, 王萃, 裴泓霖, 等. 不同季节刺参养殖池塘水体菌群结构与功能特征研究[J]. *渔业科学进展*, 2021, **42**(3): 77-88.
- Tan B M, Wang L, Pei H L, *et al.* The seasonal structural and functional characteristics of bacterial community in *Apostichopus japonicus* culture pond water[J]. *Progress in Fishery Sciences*, 2021, **42**(3): 77-88.
- [32] 秦宇, 张曦, 王紫薇, 等. 三峡水库中段水体微生物群落结构季节变化[J/OL]. *水生态学杂志*, 2020, <https://kns.cnki.net/kcms/detail/42.1785.X.20201104.1212.002.html>, 2020-11-06.
- Qin Y, Zhang X, Wang Z W, *et al.* Community structure of microorganisms and seasonal variation characteristics in the middle of the Three Gorges Reservoir[J/OL]. *Journal of Hydroecology*, 2020, <https://kns.cnki.net/kcms/detail/42.1785.X.20201104.1212.002.html>, 2020-11-06.
- [33] 圣平, 于一尊, 王东升, 等. 通过 PCR-DGGE 技术分析鄱阳湖不同河口底泥中微生物多样性[J]. *江西科学*, 2015, **33**(3): 312-317, 329.
- Sheng P, Yu Y Z, Wang D S, *et al.* Analysis of bacterial diversities in different estuarine sediments of Poyang Lake by PCR-DGGE[J]. *Jiangxi Science*, 2015, **33**(3): 312-317, 329.
- [34] 周石磊, 张甜娜, 陈召莹, 等. 输水情景下白洋淀好氧反硝化菌群落对溶解性有机物的响应[J]. *环境科学*, 2021, **42**(9): 4319-4331.
- Zhou S L, Zhang T N, Chen Z Y, *et al.* Response of aerobic denitrification bacterial community structure to dissolved organic matter in Baiyangdian lake during the water delivery period[J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(9): 4319-4331.
- [35] 李垒, 孟庆义, 叶飞, 等. 密云水库入库河流水体总细菌和反硝化菌群落组成与结构[J]. *水生态学杂志*, 2018, **39**(6): 44-51.
- Li L, Meng Q Y, Ye F, *et al.* Microbial community structures of total bacteria and denitrifying bacteria in the tributaries of Miyun reservoir[J]. *Journal of Hydroecology*, 2018, **39**(6): 44-51.
- [36] 刘鹄, 孟婷, 王敏, 等. 水源水库沉积物中营养盐与微生物群落的空间分布特征[J]. *水土保持通报*, 2016, **36**(3): 24-29, 37.
- Liu H, Meng T, Wang M, *et al.* Spatial distribution of nutrients and bacterial communities in sediments of water resource reservoir[J]. *Bulletin of Soil and Water Conservation*, 2016, **36**(3): 24-29, 37.
- [37] 邱莹, 靳燕, 苏振华, 等. 城市再生水河道沉积物细菌群落空间变化分析: 以京津冀北运河为例[J]. *环境科学*, 2021, **42**(5): 2287-2295.
- Qiu Y, Jin Y, Su Z H, *et al.* Analysis of the spatial changes in bacterial communities in urban reclaimed water channel sediments: a case study of the North Canal River[J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(5): 2287-2295.
- [38] 于妍, 王悦悦, 方社贤, 等. 白洋淀表层沉积物细菌多样性及影响因素[J]. *环境工程学报*, 2021, **15**(3): 1121-1130.
- Yu Y, Wang Y Y, Fang S X, *et al.* Bacterial diversity in surface sediments of Baiyangdian Lake and its influencing factors[J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2021, **15**(3): 1121-1130.
- [39] McLellan S L, Newton R J, Vandewalle J L, *et al.* Sewage reflects the distribution of human faecal *Lachnospiraceae*[J]. *Environmental Microbiology*, 2013, **15**(8): 2213-2227.
- [40] Wu W Z, Yang L H, Wang J L. Denitrification performance and microbial diversity in a packed-bed bioreactor using PCL as carbon source and biofilm carrier[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2013, **97**(6): 2725-2733.
- [41] Hou L F, Zhou Q, Wu Q P, *et al.* Spatiotemporal changes in bacterial community and microbial activity in a full-scale drinking water treatment plant[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **625**: 449-459.
- [42] 陈倩茹, 夏雪, 王川, 等. 沙颍河下游城市黑臭内河沉积物微生物群落季节变化特征[J]. *水生生物学报*, 2021, **45**(1): 182-189.

- Chen Q R, Xia X, Wang C, *et al.* Seasonal variation characteristics of microbial communities in the sediments of urban black-odorous river in lower reaches of Shaying River[J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2021, **45**(1): 182-189.
- [43] Ramírez D, Vega-Alvarado L, Taboada B, *et al.* Bacterial diversity in surface sediments from the continental shelf and slope of the North West gulf of Mexico and the presence of hydrocarbon degrading bacteria[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2020, **150**, doi: 10.1016/j.marpolbul.2019.110590.
- [44] Tang G, Zheng X, Li X L, *et al.* Variation of effluent organic matter (EfOM) during anaerobic/anoxic/oxic (A²O) wastewater treatment processes[J]. *Water Research*, 2020, **178**, doi: 10.1016/j.watres.2020.115830.
- [45] Ke W S, Zhang X C, Zhu F, *et al.* Appropriate human intervention stimulates the development of microbial communities and soil formation at a long-term weathered bauxite residue disposal area[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, **405**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2020.124689.
- [46] 唐婧, 徐小蓉, 商传禹, 等. 南明河城区河段细菌多样性与环境因子的关系[J]. *微生物学报*, 2015, **55**(8): 1050-1059.
- Tang J, Xu X R, Shang C Y, *et al.* Association of bacterial diversity in city area of Nanming River with environmental factors[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2015, **55**(8): 1050-1059.
- [47] 杨文焕, 石大钧, 张元, 等. 高原湖泊沉积物中反硝化微生物的群落特征——以包头南海湖为例[J]. *中国环境科学*, 2020, **40**(1): 431-438.
- Yang W H, Shi D J, Zhang Y, *et al.* Community characteristics of denitrifying microorganisms in plateau lake sediments[J]. *China Environmental Science*, 2020, **40**(1): 431-438.
- [48] Schreier H J, Mirzoyan N, Saito K. Microbial diversity of biological filters in recirculating aquaculture systems[J]. *Current Opinion in Biotechnology*, 2010, **21**(3): 318-325.
- [49] Jiang X L, Yao L, Guo L D, *et al.* Multi-scale factors affecting composition, diversity, and abundance of sediment denitrifying microorganisms in Yangtze lakes[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2017, **101**(21): 8015-8027.
- [50] 康鹏亮, 黄廷林, 张海涵, 等. 西安市典型景观水体水质及反硝化细菌种群结构[J]. *环境科学*, 2017, **38**(12): 5174-5183.
- Kang P L, Huang T L, Zhang H H, *et al.* Water quality and diversity of denitrifier community structure of typical scenic water bodies in Xi'an[J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(12): 5174-5183.
- [51] 吴玲. 富营养化太湖沉积物中微生物群落及对环境因子的响应[J]. *应用与环境生物学报*, 2019, **25**(6): 1470-1476.
- Wu L. Response of microbial community structure in eutrophic Taihu sediments to environmental factors[J]. *Chinese Journal of Applied & Environmental Biology*, 2019, **25**(6): 1470-1476.
- [52] 徐富强, 桂梦瑶, 杜俊逸, 等. 典型工业污染物对好氧反硝化菌群脱氮性能及群落结构的影响[J]. *环境工程学报*, 2019, **13**(10): 2442-2450.
- Xu F Q, Gui M Y, Du J Y, *et al.* Effects of typical industrial pollutants on the denitrification performance and the community structure of aerobic denitrifying bacteria[J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2019, **13**(10): 2442-2450.
- [53] 鲍林林, 王晓燕, 陈永娟, 等. 北运河沉积物中主要脱氮功能微生物的群落特征[J]. *中国环境科学*, 2016, **36**(5): 1520-1529.
- Bao L L, Wang X Y, Chen Y J, *et al.* Diversity, abundance and distribution of *nirS*-type denitrifiers and Anammox bacteria in sediments of Beiyun River[J]. *China Environmental Science*, 2016, **36**(5): 1520-1529.
- [54] 杜瑞芳, 李靖宇, 赵吉. 乌梁素海湖滨湿地细菌群落结构多样性[J]. *微生物学报*, 2014, **54**(10): 1116-1128.
- Du R F, Li J Y, Zhao J. Bacterial diversity in littoral wetland of Wuliangsuhai Lake[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2014, **54**(10): 1116-1128.
- [55] 马富平. 主养草鱼池塘微生物群落结构分析及嗜水气单胞菌拮抗菌筛选[D]. 重庆: 西南大学, 2017.
- [56] 孙智毅. 一株异养硝化—好氧反硝化 *Cupriavidus* sp. S1 的筛选及降解特性研究[D]. 太原: 太原理工大学, 2017.
- [57] Zhang X X, Bahtiar F, Wang Y, *et al.* Achieving simultaneous biological nutrient removal and sludge minimization from marine ship sewage based on an innovative landscape integrated ecological treatment system (LIETS) [J]. *Ecological Engineering*, 2020, **156**, doi: 10.1016/j.ecoleng.2020.105989.
- [58] Puigserver D, Herrero J, Parker B L, *et al.* Natural attenuation of pools and plumes of carbon tetrachloride and chloroform in the transition zone to bottom aquitards and the microorganisms involved in their degradation [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **712**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.135679.
- [59] Mehmood T, Li G H, Anjum T, *et al.* *Azospirillum lipoferum* strain AL-3 reduces early blight disease of potato and enhance yield[J]. *Crop Protection*, 2021, **139**, doi: 10.1016/j.cropro.2020.105349.
- [60] Robin C, Sultan-Tubeileh K, Obaton M, *et al.* Nitrogen fixation and growth of annual Medicago-Sinorhizobium associations at low temperature[J]. *European Journal of Agronomy*, 2005, **22**(3): 267-275.
- [61] 王乔, 郑瑞, 孙学婷, 等. 羧基酮丛毛单胞菌对羊草根际土壤 PAHs 降解及细菌群落结构的影响[J]. *生物工程学报*, 2020, **36**(12): 2657-2673.
- Wang Q, Zheng R, Sun X T, *et al.* Effects of *Comamonas testosteroni* on PAHs degradation and bacterial community structure in *Leymus chinensis* rhizosphere soil [J]. *Chinese Journal of Biotechnology*, 2020, **36**(12): 2657-2673.
- [62] 张立志, 余思彤, 袁欣, 等. 丛毛单胞菌对邻甲酚及对甲酚的降解特性[J]. *环境污染与防治*, 2020, **42**(7): 820-825, 832.
- Zhang L Z, Yu S T, Yuan X, *et al.* Degradation characteristics of o-cresol and p-cresol by *Comamonas* sp. [J]. *Environmental Pollution and Control*, 2020, **42**(7): 820-825, 832.
- [63] Saejung C, Chanthakhot T. Single-phase and two-phase cultivations using different light regimes to improve production of valuable substances in the anoxygenic photosynthetic bacterium *Rhodospseudomonas faecalis* PA2 [J]. *Bioresource Technology*, 2021, **328**, doi: 10.1016/j.biortech.2021.124855.
- [64] Du Toit J P, Pott R W M. Heat-acclimatised strains of *Rhodospseudomonas palustris* reveal higher temperature optima with concomitantly enhanced biohydrogen production rates [J]. *International Journal of Hydrogen Energy*, 2021, **46**(21): 11564-11572.
- [65] Zhang D Y, Liu Y, Han Y X, *et al.* Nitrate removal from low C/N wastewater at low temperature by immobilized *Pseudomonas* sp. Y39-6 with versatile nitrate metabolism pathways [J]. *Bioresource Technology*, 2021, **326**, doi: 10.1016/j.biortech.2021.124794.
- [66] Adyasari D, Hassenrück C, Oehler T, *et al.* Microbial community structure associated with submarine groundwater discharge in northern Java (Indonesia)[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **689**: 590-601.

CONTENTS

Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metals in Urban Soils of Major Cities in China	PENG Chi, HE Ya-lei, GUO Zhao-hui, <i>et al.</i> (1)
Environmental Behaviors of Plant Growth Regulators in Soil: A Review	CHEN Liang, HOU Jie, HU Xiao-lei, <i>et al.</i> (11)
Preparation and Application of Magnetic Water Treatment Materials Based on Iron Sludge	ZENG Hui-ping, ZHAI Long-xue, LI Dong, <i>et al.</i> (26)
Meta-analysis of the Impact of Different Ozone Metrics on Total Mortality in China	RUAN Fang-fang, LIU Ji-xin, CHEN Zhi-wei, <i>et al.</i> (37)
Variation Characteristics and Potential Sources of the Mt. Haituo Aerosol Chemical Composition in Different Pollution Processes During Winter in Beijing, China	ZHAO De-long, WANG Fei, LIU Dan-tong, <i>et al.</i> (46)
Real-time Source Apportionment of PM _{2.5} and Potential Geographic Origins of Each Source During Winter in Wuhan	JIANG Shu-ning, KONG Shao-fei, ZHENG Huang, <i>et al.</i> (61)
Spatiotemporal Distribution and Seasonal Characteristics of Regional Transport of PM _{2.5} in Yuncheng City	WANG Yun-tao, ZHANG Qiang, WEN Xiao-yu, <i>et al.</i> (74)
Three-dimensional Structure Variation of PM _{2.5} During Cold Front Advance in Eastern China	MOU Nan-nan, ZHU Bin, LU Wen (85)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Nitrated Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in the Atmosphere of Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area	LI Yan-xi, XIE Dan-ping, LI Yu-qing, <i>et al.</i> (93)
Atmospheric VOCs Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Large-scale Integrated Industrial Area and Surrounding Areas in Southwest China	LI Ling, ZHANG Dan, HU Wei, <i>et al.</i> (102)
Characteristics and Source Apportionment of Ambient VOCs in Lhasa	YU Jia-yan, HAN Yan, CHEN Mu-lan, <i>et al.</i> (113)
Variation Characteristics of Ambient Volatile Organic Compounds (VOCs) Volume Fraction During Hangzhou COVID-19 Period	LIN Xu, YAN Ren-chang, JIN Jia-jia, <i>et al.</i> (123)
Role of Atmospheric VOCs in Ozone Formation in Summer in Shanghai Suburb	JIN Dan (132)
Characteristics of VOCs and Formation Potentials of O ₃ and SOA in Autumn and Winter in Tongchuan, China	YI Xiao-xiao, LI Jiang-hao, LI Guang-hua, <i>et al.</i> (140)
Emission Characteristics and Emission Factors of Volatile Organic Compounds from E-waste Dismantling and Recycling Processes	XIE Dan-ping, HUANG Zhong-hui, LIU Wang, <i>et al.</i> (150)
Nonlinear Response Relationship Between Ozone and Precursor Emissions in the Pearl River Delta Region Under Different Transmission Channels	WU Yong-kang, CHEN Wei-hua, YAN Feng-hua, <i>et al.</i> (160)
Characteristics of Ozone Pollution and Influencing Factors in Urban and Suburban Areas in Zibo	WANG Yu-yan, YANG Wen, WANG Xiu-yan, <i>et al.</i> (170)
Pollution Characteristics and Health Risk of Heavy Metals in Fugitive Dust Around Zhaotong City	PANG Xiao-chen, HAN Xin-yu, SHI Jian-wu, <i>et al.</i> (180)
Characteristics of Microplastic Present in Urban Road Dust	FANG Qin, NIU Si-ping, CHEN Yu-dong, <i>et al.</i> (189)
Stable Isotopes of Precipitation in the Eastern Tarim River Basin and Water Vapor Sources	SONG Yang, WANG Sheng-jie, ZHANG Ming-jun, <i>et al.</i> (199)
Characteristics and Risk Assessment of Antibiotic Contamination in Chishui River Basin, Guizhou Province, China	WU Tian-yu, LI Jiang, YANG Ai-jiang, <i>et al.</i> (210)
Hydrochemical Characteristics and Controlling Factors of Surface Water and Groundwater in Wuding River Basin	LI Shu-jian, HAN Xiao, WANG Wen-hui, <i>et al.</i> (220)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Nutrients and Heavy Metals in Sediments of the Fuhe River Influenced Area, Baiyangdian Lake	CHEN Xing-hong, LI Li-qing, ZHANG Mei-yi, <i>et al.</i> (230)
Occurrence Characteristics of Microplastics in Mangrove Sediments in the Jiulong River Estuary and the Association with Heavy Metals	LIU Chang-jun, LUO Zhuan-xi, YAN Yu, <i>et al.</i> (239)
Quantitative Analysis of the Correlation Between Macrobenenthos Community and Water Environmental Factors and Aquatic Ecosystem Health Assessment in the North Canal River Basin of Beijing	HU Xiao-hong, ZUO De-peng, LIU Bo, <i>et al.</i> (247)
Analysis on the Spatial Variability Mechanism of the Characteristic Water Quality Factors of Urban River Channel Reclaimed Water	LIU Quan-zhong, PENG Ke, SU Zhen-hua, <i>et al.</i> (256)
DOM Characteristics Analysis of Surface Sediment-overlying Water in Suzhou Landscape River Course	LI Chao-nan, HE Jie, ZHU Xue-hui, <i>et al.</i> (267)
Distribution of Typical Pollutants from Rainwater Sewer Sediments in Suzhou City	YE Rong, SHENG Ming-jun, JIANG Yong-bo, <i>et al.</i> (277)
Persistent Inhibition of Ammonium Released from Contaminated Sediments Through a Modified Zeolite and Biofilm System Enhanced by Signaling Molecules	XU Jin-lan, XU Yang, LI Xiu-min, <i>et al.</i> (285)
Effects of the Three Gorges Reservoir Operation on Vertical Distribution of Chlorophyll a and Environmental Factors in Tributaries	TIAN Pan, LI Ya-li, LI Ying-jie, <i>et al.</i> (295)
Characteristic Analysis of <i>nirS</i> Denitrifying Bacterial Community in Lijiahe Reservoir During Stratification	LIANG Wei-guang, HUANG Ting-lin, ZHANG Hai-han, <i>et al.</i> (306)
Spatial and Temporal Distribution of Aerobic Denitrification Bacterial Community in Sediments of Gangnan Reservoir	ZHANG Zi-wei, CHEN Zhao-ying, ZHANG Tian-na, <i>et al.</i> (314)
Distribution Characteristics and Health Risk Assessment of Metal Elements for Groundwater in the Ningxia Region of China	WANG Xiao-dong, TIAN Wei, ZHANG Xue-yan (329)
Geochemical Characteristics and Driving Factors of High-Iodine Groundwater in Rapidly Urbanized Delta Areas: A Case Study of the Pearl River Delta	LU Xiao-li, LIU Jing-tao, HAN Zhan-tao, <i>et al.</i> (339)
Multimedia Distribution Characteristics and Risk Assessment of 22 PPCPs in the Water Environment of Qingpu District, Yangtze River Delta Demonstration Area	ZHANG Zhi-bo, DUAN Yan-ping, SHEN Jia-hao, <i>et al.</i> (349)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of 209 Polychlorinated Biphenyls in Dongting Lake and the Inflow Rivers	HUANG Zhi-feng, ZHENG Bing-hui, YIN Da-qiang, <i>et al.</i> (363)
Estimation of Nitrous Oxide Emission from River System Based on Water Discharge and Dissolved Nitrous Oxide Concentration	LI Bing-qing, HU Min-peng, WANG Ming-feng, <i>et al.</i> (369)
Comparison Between Tributary and Main Stream and Preliminary Influence Mechanism of CO ₂ Flux Across Water-air Interface in Wanzhou in the Three Gorges Reservoir Area	QIN Yu, OUYANG Chang-yue, WANG Yu-xiao, <i>et al.</i> (377)
Preparation of Functional Attapulgite Composite and Its Adsorption Behaviors for Congo Red	LIAO Xiao-feng, ZHONG Jing-ping, CHEN Yun-nen, <i>et al.</i> (387)
Adsorption Characteristics and Long-term Effectiveness Evaluation of Iron-nitrogen Co-doped Biochar for Secondary Water-Soluble Organic Matter	WU Chen-xi, XU Lu, JIN Xin, <i>et al.</i> (398)
Nitrification Performance of Zeolite Moving Bed Biofilm Reactor for Ammonium Wastewater Treatment	DENG Cui-lan, GUO Lu, WANG Xiao-jun, <i>et al.</i> (409)
Effect of Temperature on ANAMMOX Process in Sequencing Batch Biofilm Reactors: Nitrogen Removal Performance and Bacterial Community	WU Shan, WANG Shu-ya, WANG Fen, <i>et al.</i> (416)
Effects of Carriers on ANAMMOX Sludge Activity Recovery and Microbial Flora Characteristics	LUO Jing-wen, YANG Jin-jin, LI Shao-kang, <i>et al.</i> (424)
Spatial Distribution and Source Analysis of Soil Heavy Metals in a Small Watershed in the Mountainous Area of Southern Ningxia Based on PMF Model	XIA Zi-shu, BAI Yi-ru, WANG You-qi, <i>et al.</i> (432)
Heavy Metal Concentration Characteristics and Health Risks of Farmland Soils in Typical Pyrite Mining Area of the Central Zhejiang Province, China	CHENG Xiao-meng, SUN Bin-bin, WU Chao, <i>et al.</i> (442)
Risk Zoning of Heavy Metals in a Peri-urban Area in the Black Soil Farmland Based on Agricultural Products	WU Song-ze, WANG Dong-yan, LI Wen-bo, <i>et al.</i> (454)
Main Control Factors of Cadmium Content in Rice in Carbonate Rock Region of Guangxi Based on the DGT Technique	SONG Bo, XIAO Nai-chuan, MA Li-jun, <i>et al.</i> (463)
Inhibitory Effects of Soil Amendment Coupled with Water Management on the Accumulation of Cd and Pb in Double-Cropping Rice	LI Lin-feng, WANG Yan-hong, LI Yi-chun, <i>et al.</i> (472)
Characteristics and Health Risk Assessment of Cadmium, Lead, and Arsenic Accumulation in Leafy Vegetables Planted in a Greenhouse	DONG Jun-wen, GAO Pei-pe, SUN Hong-xin, <i>et al.</i> (481)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Polychlorinated Biphenyls in E-waste Disposal Residue-Soil-Vegetable	ZHANG Ya-ping, LÜ Zhan-lu, WANG Xian-jiang, <i>et al.</i> (490)
Soil-crop Distribution and Health Risk Assessment of Organochlorine Pesticides on Typical Agricultural Land in Southern Leizhou Peninsula	LIANG Xiao-hui, XIE Qi-lai, ZHENG Qian, <i>et al.</i> (500)
Effects of Heavy Metal Content on Fungal Community Structure in Urban Soil	GUO Da-lu, ZHANG Jian, SHEN Si, <i>et al.</i> (510)
Effects of Long-term Fertilization on Soil Nutrient Characteristics and Microbial Resource Restrictions in a Terrace on the Loess Plateau	WU Chun-xiao, GAO Xiao-feng, YAN Ben-shuai, <i>et al.</i> (521)
Microbial Composition and Diversity in Soil of <i>Torreya grandis</i> cv. <i>Merrillii</i> Relative to Different Cultivation Years After Land Use Conversion	JIANG Ni-wen, LIANG Chen-fei, ZHANG Yong, <i>et al.</i> (530)
Effect of Combined Application of Biochar with Chemical Fertilizer and Organic Fertilizer on Soil Phosphatase Activity and Microbial Community	YANG Wen-na, YU Luo, LUO Dong-hai, <i>et al.</i> (540)
Extracellular Enzyme Stoichiometry and Microbial Metabolism Limitation During Vegetation Restoration Process in the Middle of the Qinling Mountains, China	XUE Yue, KANG Hai-bin, YANG Hang, <i>et al.</i> (550)
Effects of Biodegradable Film Raw Material Particles on Soil Properties, Wheat Growth, and Nutrient Absorption and Transportation	MIN Wen-hao, WANG Chun-li, WANG Li-wei, <i>et al.</i> (560)
Effects of Stalk Incorporation on Soil Carbon Sequestration, Nitrous Oxide Emissions, and Global Warming Potential of a Winter Wheat-Summer Maize Field in Guanzhong Plain	WAN Xiao-nan, ZHAO Ke-yue, WU Xiong-wei, <i>et al.</i> (569)