

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第36卷 第7期

Vol.36 No.7

2015

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

2013年12月中国中东部地区严重灰霾期间上海市颗粒物的输送途径及潜在源区贡献分析	李莉, 蔡蓓琳, 周敏 (2327)
长三角冬季一次霾过程气溶胶及其水溶性离子的区域分布特征	王曼婷, 朱彬, 王红磊, 薛国强, 何俊, 徐宏辉, 曹锦飞 (2337)
北京城区大气 PM _{2.5} 主要化学组分构成研究	刘保献, 杨懂艳, 张大伟, 陈添, 赵红帅, 陈圆圆, 陆皓昀 (2346)
2014年春季山东省 PM _{2.5} 跨界输送研究	贾海鹰, 程念亮, 何友江, 陈云波, 杜晓惠, 单晓丽 (2353)
燃煤电厂产生和排放的 PM _{2.5} 中水溶性离子特征	马子珍, 李振, 蒋靖坤, 叶芝祥, 邓建国, 段雷 (2361)
南京夏季城市冠层大气 CO ₂ 浓度时空分布规律的观测	高韵秋, 刘寿东, 胡凝, 王淑敏, 邓力琛, 于洲, 张圳, 李旭辉 (2367)
北京市机动车尾气排放因子研究	樊守彬, 田灵娣, 张东旭, 曲松 (2374)
北京不同污染地区园林植物对空气颗粒物的滞纳能力	张维康, 王兵, 牛香 (2381)
长三角地区火电行业主要大气污染物排放估算	丁青青, 魏伟, 沈群, 孙予罕 (2389)
基于区域循环模型 IAP-N 的安徽省农用地 N ₂ O 排放量估算	韩云芳, 韩圣慧, 严平 (2395)
不同源汇信息提取方法对区域 CO ₂ 源汇估算及其季节变化的影响评估	张芳, 周凌晔, 王玉诏 (2405)
实测/预测辽河铬(VI)水生生物基准与风险评估	王晓南, 闫振广, 刘征涛, 张聪, 王伟莉 (2414)
博尔塔拉河河水、表层底泥及河岸土壤重金属的污染和潜在危害评价	张兆永, 吉力力·阿不都外力, 姜逢清 (2422)
岩溶泉水化学性质及 δ ¹³ C _{DIC} 影响因素	赵瑞一, 吕现福, 刘子琦, 吕春艳 (2430)
柳江流域柳州断面水化学特征及无机碳汇通量分析	原雅琼, 何师意, 于爽, 孙平安, 王艳雪, 武招云, 李新桂, 谢明鲜, 刘文, 李瑞, 张华生 (2437)
重庆市主城区次级河流总氮总磷污染特征分析及富营养化评价	庆旭瑶, 任玉芬, 吕志强, 王效科, 庞容, 邓睿, 孟龄, 马慧雅 (2446)
三峡库区消落带土壤邻苯二甲酸二丁酯静态释放特征	王法, 王强, 木志坚, 杨志丹, 宋娇艳 (2453)
干湿循环对三峡支流消落带沉积物中可转化态氮及其形态分布的影响	林俊杰, 张帅, 杨振宇, 何立平, 周依, 张倩茹 (2459)
天山天池夏季叶绿素 a 的分布及富营养化特征研究	王斌, 马健, 王银亚, 尹湘江 (2465)
西大海湖沉积物营养盐垂直分布特征变化分析	段木春, 肖海丰, 臧淑英 (2472)
草街水库蓄水后嘉陵江浮游植物群落特征及水质评价	杨敏, 张晟, 刘朔孺 (2480)
宁波三江口水域原核生物群落结构分析	胡安谊, 李姜维, 杨晓永, 王弘杰, 于昌平 (2487)
全氟化合物对表层沉积物中细菌群落结构的影响	孙雅君, 王铁宇, 彭霞薇, 王佩 (2496)
菹草腐解-金鱼藻生长耦合作用对水质及植物生长的影响	马月, 王国祥, 曹勤, 王小云, 马杰 (2504)
生物滞留设施对城市地表径流低浓度磷吸附基质研究	李立青, 龚燕芳, 颜子钦, 单保庆 (2511)
复合填料生物渗滤系统处理城市雨水径流的研究	王晓璐, 左剑恶, 千里里, 邢薇, 缪恒峰, 阮文权 (2518)
3种典型消毒副产物对细菌抗生素抗性的影响	吕露, 张梦露, 王春明, 林惠荣, 于鑫 (2525)
基于透射光法探讨水流流速对 DNAPL 运移分布的影响	高燕维, 郑菲, 施小清, 孙媛媛, 徐红霞, 吴吉春 (2532)
BDD 和 PbO ₂ 电极电化学氧化苯并三氮唑的对比研究	伍娟丽, 张佳维, 王婷, 倪晋仁 (2540)
开放系统下方解石对邻苯二甲酸的吸附	李振炫, 黄利东, 陈艳芳, 缪晔, 刘大刚, 许正文 (2547)
碳纳米管-羟磷灰石对铅的吸附特性研究	张金利, 李宇 (2554)
刚果红分子印迹聚合物纳米微球的合成及吸附性能	常自强, 陈复彬, 张玉, 时作龙, 杨春艳, 章竹君 (2564)
碱热-酸热法合成二氧化钛-钛酸纳米管复合纳米材料对 Cd(II) 和苯酚的同步去除	雷立, 晋银佳, 王婷, 赵泉, 晏友, 刘文 (2573)
固定化菌剂对污水和牛粪中雌二醇和己烯雌酚的去除作用	李欣, 凌婉婷, 刘静娴, 孙敏霞, 高彦征, 刘娟 (2581)
PN-ANAMMOX 一体化反应器处理电子行业 PCB 废水	袁琬, 李祥, 周呈, 陈宗姮 (2591)
Fenton 氧化深度处理石化废水厂二级出水研究	王翼, 吴昌永, 周岳溪, 张雪, 董波, 陈学民 (2597)
制革废水和印染废水的综合毒性评估及鉴别	黄利, 陈文艳, 万玉山, 郑国娟, 赵远, 蔡强 (2604)
不同溶解氧条件下 A/O 系统的除碳脱氮效果和细菌群落结构变化	陈燕, 刘国华, 范强, 汪俊妍, 齐鲁, 王洪臣 (2610)
利用主要缺氧段 ORP 作为连续流单污泥污水脱氮除磷系统调控参数	王晓玲, 宋铁红, 殷宝勇, 李静文, 李紫棋, 余勇 (2617)
连续流态下以实际低基质生活污水培养好氧颗粒污泥及其脱氮性能	姚力, 信欣, 鲁航, 朱辽东, 谢思建 (2626)
广东清远电子垃圾拆解区农田土壤重金属污染评价	张金莲, 丁疆峰, 卢桂宇, 党志, 易筱筠 (2633)
山东省临沂市土壤有机氯农药滴滴涕残留量与空间分布特征	喻超, 王增辉, 王红晋, 代杰瑞, 庞绪贵, 赵西强, 刘华峰 (2641)
金华市萤石矿区土壤氟污染评价	叶群峰, 周小玲 (2648)
土壤碳收支对秸秆与秸秆生物炭还田的响应及其机制	侯亚红, 王磊, 付小花, 乐毅全 (2655)
黄土区果园和刺槐林生态系统土壤有机碳变化及影响因素	李如剑, 王蕊, 李娜娜, 姜继韶, 张彦军, 王志齐, 刘庆芳, 吴得峰, 郭胜利 (2662)
缙云山土地利用方式对土壤轻组及颗粒态有机碳氮的影响	雷利国, 江长胜, 郝庆菊 (2669)
塔里木河上游典型绿洲土壤酶活性与环境因子相关分析	朱美玲, 贡璐, 张龙龙 (2678)
不同部位玉米秸秆对两种质地黑土 CO ₂ 排放和微生物量的影响	刘四义, 梁爱珍, 杨学明, 张晓平, 贾淑霞, 陈学文, 张士秀, 孙冰洁, 陈升龙 (2686)
1株对叔丁基邻苯二酚降解菌的筛选鉴定及响应面法优化其降解	贺强礼, 刘文斌, 杨海君, 彭晓霞, 关向杰, 黄水娥 (2695)
耐高浓度沼液产油小球藻的分离鉴定与特征分析	杨周, 王文国, 马丹炜, 汤晓玉, 胡启春 (2707)
水介质中 C ₆₀ 纳米晶体颗粒与 Cu ²⁺ 对小鼠腹腔巨噬细胞的复合毒性研究	于叶, 卞为林, 张慧敏, 张波, 何义亮 (2713)
地表水体中同时分析 18 种糖皮质激素方法的建立	郭文景, 常红, 孙德智, 吴丰昌, 杨浩 (2719)
《环境科学》征订启事 (2553) 《环境科学》征稿简则 (2640) 信息 (2546, 2609, 2616, 2647)	

宁波三江口水域原核生物群落结构分析

胡安谊^{1,2}, 李姜维^{1,2}, 杨晓永^{1,2}, 王弘杰^{1,2,3}, 于昌平^{1,2}

(1. 中国科学院城市环境研究所, 城市污染物转化重点实验室, 厦门 361021; 2. 中国科学院宁波城市环境观测研究站, 宁波 315800; 3. 中国科学院大学, 北京 100049)

摘要:首次应用16S rRNA基因-Illumina Miseq高通量测序技术对甬江流域宁波三江口区域的表层水体原核生物群落进行了分析,共获得215 504条高质量序列. 多样性指数分析表明,该流域的水体原核生物群落具有较高的遗传多样性和丰富度. 菌群分类分析发现, β -变形菌纲(β -Proteobacterium)、放线菌门(Actinobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidetes)是主要的优势菌群,其相对丰度占总群落的78.88%. 对比不同站位的原核生物群落,发现水文环境可能是影响三江口水域原核生物群落组成和结构的重要因素之一. 与以往报道对比分析表明,甬江流域分布有多种污水和粪便污染指示菌,其中余姚江污染指示菌的丰度最高,说明其受污染的风险可能较高. 病原菌BLASTN分析表明,在种和亚种水平上,分别检出76和18种潜在病原菌,占序列总量的2.19%和0.40%. 本研究为系统认识甬江流域原核生物群落结构及生态功能提供了重要基础数据.

关键词:甬江流域; 原核生物群落; 16S rRNA基因-Illumina Miseq测序; 污染指示菌; 潜在病原菌; 生物信息分析

中图分类号: X174; X522 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2015)07-2487-09 DOI: 10.13227/j.hjks.2015.07.022

Analysis of Prokaryotic Community Structure in River Waters of the Ningbo Sanjiang Mouth

HU An-yi^{1,2}, LI Jiang-wei^{1,2}, YANG Xiao-yong^{1,2}, WANG Hong-jie^{1,2,3}, YU Chang-ping^{1,2}

(1. Key Laboratory of Urban Pollutant Conversion, Institute of Urban Environment, Chinese Academy of Sciences, Xiamen 361021, China; 2. Ningbo Urban Environment Observation and Research Station, Chinese Academy of Sciences, Ningbo 315800, China; 3. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Abstract: The prokaryotic community structure in river waters of the Ningbo Sanjiang Mouth was analyzed for the first time using 16S rRNA gene based-Illumina Miseq high-throughput sequencing. A total of 215 504 high-quality sequences were obtained, and the results of alpha-diversity analysis revealed that Yongjiang River Watershed (YRW) harbored high diversity and richness of prokaryotic communities. Taxonomic assignment analysis indicated that β -Proteobacterium, Actinobacteria and Bacteroidetes dominated in the river water of YRW, and accounted for 78.88% of the total prokaryotic communities. Hydrological condition may play an important role in influencing the composition and structure of YRW prokaryotic community. In addition, several kinds of sewer- and fecal-pollution indicator bacterial groups were observed in this area with the highest abundance of pollution indicator bacteria occurring in the water sample of Yuyao River, implying that the Yuyao River might have a high potential risk of sewer- and fecal-pollution. Moreover, a total of 76 species and 18 subspecies of potential pathogenic bacteria, which accounted for 2.19% and 0.40% of total sequences respectively, were identified using BLASTN analysis with a local pathogenic bacteria database. Overall, this study provided an important basic data for shedding light on the structure and ecological function of YRW prokaryotic community.

Key words: Yongjiang River Watershed; prokaryotic community; 16S rRNA gene based-Illumina Miseq sequencing; pollution indicator bacteria; potential pathogenic bacteria; bioinformatics analysis

河流不仅是全球水循环的重要环节,也是人类工农业生产和生活用水的重要水源之一. 由于河流生态系统在全球生源要素循环中起着重要作用,因此其可为全球环境质量状况提供早期预警^[1]. 近30年来,随着我国人口增长、经济发展和城市化进程加快,大量氮、磷及有机污染物等排放到河流水体,促使生态环境污染问题日益严峻,进一步加剧了水资源短缺,对人类的健康与社会发展构成了严重威胁^[2-4]. 生态环境恶化会导致水生生物(藻类、无脊椎动物和鱼类)的物种灭绝和生物多样性减少,进而造成生态系统生态功能衰退^[5,6].

原核生物是水域生态系统的重要组成部分,在生源要素循环、有机物分解和污染物净化等方面起着非常重要的作用^[7,8]. 全面了解原核生物群落在河流生态系统中的时空分布特征及其生态功能作用,对于管理和维护河流生态环境具有深远意义. 基于16S rRNA基因的水生细菌群落研究表明,放线

收稿日期: 2014-12-12; 修订日期: 2015-02-02

基金项目: 国家自然科学基金项目(41106096); 宁波市科技计划项目(2013A610174, 2012C5011); 中国科学院知识创新工程青年人才领域前沿项目(IUEQN201307)

作者简介: 胡安谊(1981~),男,博士,副研究员,主要研究方向为环境微生物技术, E-mail: ayhu@iue.ac.cn

菌门 (Actinobacteria)、变形菌门 (Proteobacterium) 中的 α -、 β -及 γ -Proteobacterium、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、蓝细菌门 (Cyanobacteria) 和疣微菌门 (Verrucomicrobia) 等类群在淡水生境中广泛分布, 且分化为适应淡水生境的特有种群, 被统称为“典型淡水细菌类群” (typical freshwater bacteria)^[8, 9]. 然而, 这一研究结果主要是基于对湖泊浮游细菌群落的调查, 目前对河流细菌群落结构和多样性的认识还较为不足. 由于水生细菌群落演替与生态系统的环境质量变化息息相关, 因此可替代水环境监测的传统指示生物^[10-13]. 然而, 有关人为扰动 (人类活动导致的环境变迁) 影响河流细菌群落结构和多样性的研究还较少.

甬江水系是浙江省八大水系之一, 是宁波的“母亲河”, 流域面积 4 572 km²^[14]. 甬江流域主要包括余姚江、奉化江和甬江干流: 前两者汇合于宁波市区三江口, 构成甬江干流, 全长 26 km, 向东于镇海流入东海^[14] (图 1). 随着快速城市化进程的影响, 人类活动对甬江流域水环境影响加剧, 因此极有必要全面评估甬江水系的健康状况并了解该生态系统的关键组分. 然而以前研究多关注于甬江流域的水文状况^[15, 16]、理化因子分析^[14]以及浮游植物群落特征^[17], 尚未有甬江流域原核生物群落研究的报道.

近年来, 随着高通量测序技术的迅速发展, 基于原核生物 16S rRNA 基因 PCR 扩增-高通量测序联用技术极大地促进了环境微生物学研究的深度和广度^[11, 18]. 本研究综合水质理化因子分析、16S rRNA 基因-Illumina Miseq 高通量测序和生物信息分析等技术, 首次分析了甬江流域宁波三江口区域的水体原核生物群落, 以期为后续甬江流域的环境监测和污染治理提供重要基础数据.

1 材料与方法

1.1 样品采集及环境参数测定

三江口地处宁波市闹市区, 是该市的主要景观水体之一. 因此, 三江口区域的水体环境质量监测与评价对于城市的可持续发展显得尤为重要. 为了填补三江口水域原核生物群落参数这一空白, 于 2014 年 4 月采集该区域甬江 (Yongjiang River, 站位 YJ1 和 YJ2)、余姚江 (Yuyao River, 站位 YY1) 和奉化江 (Fenghua River, 站位 FH1) 的表层水体 (0.5 m) 样品, 开展原核生物群落分析. 采样站位的地理位置见图 1. 水样用 20 μ m 筛绢 (Millipore 公司) 预

过滤后, 用 0.22 μ m Sterivex-GP 过滤器 (美国 Millipore 公司) 收集微生物, 样品带回实验室后置于 -80℃ 冰箱保存. 同时采集水样用于水体营养盐测定, 包括总氮 (total nitrogen, TN)、总磷 (total phosphorus, TP)、 NH_4^+ -N、 NO_2^- -N、 NO_3^- -N 和溶解态反应磷 (soluble reactive phosphorus, SRP). 表层水体的温度、盐度、电导、pH 和溶氧 (dissolved oxygen, DO) 用 YSI 650MDS 型水质分析仪 (美国 YSI 公司) 现场测定. 测定营养盐的水样经 0.45 μ m 醋酸纤维滤膜过滤后, 用 QC8500 型流动注射分析仪 (美国 Lachat 公司) 测定, 测定方法及数据处理参见文献^[19].



图 1 甬江、余姚江和奉化江采样站示意图

Fig. 1 Location of Yongjiang River, Yuyao River and Fenghua River sampling stations

1.2 DNA 提取、16S rRNA 基因 V4-V5 区 PCR 扩增及 Illumina Miseq 测序

滤膜 DNA 用 FastDNA Spin kit for Soil 试剂盒 (美国 MP Biomedicals 公司) 提取, 提取步骤参考配套说明书. DNA 的质量和浓度用 0.8% 的琼脂糖凝胶电泳和 Nanodrop ND-1000 分光光度计 (美国 Thermo Fisher 公司) 测定.

原核生物 16S rRNA 基因 V4-V5 高变区用通用引物 515F (5'-GTG YCA GCM GCC GCG GTA-3')/907R (5'-CCG YCA ATT YMT TTR AGT TT-3') 扩增^[20], 515F 引物 5'端带有独特的序列标签用于样品区分. PCR 反应程序如下: 94℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 45 s, 50℃ 退火 60 s, 72℃ 延伸 90 s, 共 25 个循环; 72℃ 延伸 10 min. PCR 产物用胶纯化试剂盒 (Promega 公司) 纯化. 回收产物浓度用 Qubit® dsDNA BR Assay Kit (Life Technologies 公司) 精确定

量、等量混合后,送至上海美吉生物医药科技有限公司用 Illumina Miseq 平台进行高通量测序 (PE250)。

1.3 生物信息分析

Miseq 高通量测序数据用 Mothur V1.33.3^[21] 和 QIIME V1.70 软件^[22] 分析。为保证生物信息学分析质量,首先用 Mothur 软件的“Make.contigs”对 Miseq 双向测序数据进行匹配组装,并去除含有模糊碱基 N 以及 PCR 引物和识别标签有错的序列。操作分类单元 (operational taxonomic unit, OTU) 以 97% 序列相似度划分,并用 QIIME 软件的“alpha_diversity.py”计算多样性指数 (Faith’ PD, Chao1, Shannon-Wiener index 和 Gini index)。“beta_significance.py”模块用于比较不同样品原核生物群落的差异 (UniFrac significance test)。序列用 RDP Classifier 算法 (80% 置信度) 基于 Greengenes v13_08 数据库^[23] 进行种属分类,叶绿体 (Chloroplast) 的 16S rRNA 序列被剔除于后续分析之外。

本地病原菌数据库的构建参见本课题组已建立

的方法,共收集 283 个代表性病原细菌的 16S rRNA 基因序列^[24]。甬江流域 Miseq 测序数据,经 BLASTN 序列同源性比对 (设定参数: e value ≤ 1e-10; ≥95% coverage),与病原菌参考数据库进行匹配分析,选取与数据库中病原菌 16S rRNA 基因序列相似度大于 97% (种) 和 99% (亚种) 的序列。

2 结果与讨论

2.1 理化因子分析

研究结果表明,在 2014 年 4 月,奉化江、余姚江和甬江这 4 个采样站位表层水体的水温范围为 17.97 ~ 18.61℃,余姚江的水温略高。奉化江、余姚江站位的水体 pH 值分别为 7.18 和 7.40,明显高于甬江站位的水体 pH 值;但甬江的水体电导率略高于奉化江和余姚江,这可能预示了潮汐导致的海水入侵已经影响到了宁波城区的甬江水体 (表 1)。总体上,采样站位的水体 DO 和 DO 饱和度 (%) 均较低,其浓度范围分别为 2.65 ~ 5.35 mg·L⁻¹ 和 28.50% ~ 58.20%。

表 1 甬江、余姚江和奉化江站位的表层水体环境参数及原核生物多样性指数
Table 1 Environmental parameters and alpha-diversity index of prokaryotic community
in the surface water of Yongjiang River, Yuyao River and Fenghua River

项目	参数	FH1	YY1	YJ1	YJ2
经纬度	经度/(°)	121.555	121.550	121.559	121.566
	纬度/(°)	29.866	29.882	29.883	29.892
环境参数	温度/℃	18.01	18.61	17.97	18.01
	pH	7.18	7.40	6.52	6.90
	电导率/mS·cm ⁻¹	0.545	0.48	0.808	0.828
	溶氧/mg·L ⁻¹	3.23	5.35	2.65	3.53
	溶氧饱和度/%	34.20	58.20	28.50	37.60
	序列数	59 949	45 398	54 955	55 202
多样性指数	OTU 数量	3 851	3 177	4 463	3 043
	Faith's PD 指数	207	176	226	174
	Chao1 指数	10 665	9 017	13 984	6 671
	Shannon 指数	8.07	8.01	8.25	7.96
	Gini 指数	0.98	0.98	0.97	0.98

营养盐分析结果表明,采样站位的水体 TN 浓度范围为 14.75 ~ 17.32 mg·L⁻¹,其中溶解无机氮 (dissolved inorganic nitrogen, DIN) 约占总氮的 54.10% ± 11.70%。奉化江 FH1 站的 DIN、NH₄⁺-N 和 NO₃⁻-N 浓度最高,分别为 11.44、3.28 和 7.87 mg·L⁻¹;而余姚江的 DIN 浓度最低,但其 NH₄⁺-N 浓度略高于甬江 [图 2(a)]。在甬江 YJ1 和 YJ2 站, NO₃⁻-N 是水体 DIN 的主要形态 (>85%)。采样站位的水体 TP 浓度范围为 0.59 ~ 0.98 mg·L⁻¹,其中奉化江 FH1 站最高,甬江 YJ2 站最低。SRP 的浓度

范围为 0.11 ~ 0.20 mg·L⁻¹,仅占 TP 的 22.89% ± 8.04% [图 2(b)]。与以往研究对比分析发现,甬江流域的水体营养盐浓度与包薇红等^[14] 在甬江开展的营养盐监测数据相近^[14],要略高于长江流域^[25],稍低于与国内污染河流,如子牙河^[26]、神定河^[27]、北运河^[28] 和九龙江^[19] 的水体营养盐浓度。

2.2 甬江流域原核生物群落多样性及种群组成

Miseq 高通量测序共获得 215 504 条高质量原核生物 16S rRNA 基因序列,奉化江 FH1、余姚江 YY1、甬江 YJ1 和 YJ2 站位分别获得 59 949、45 398、

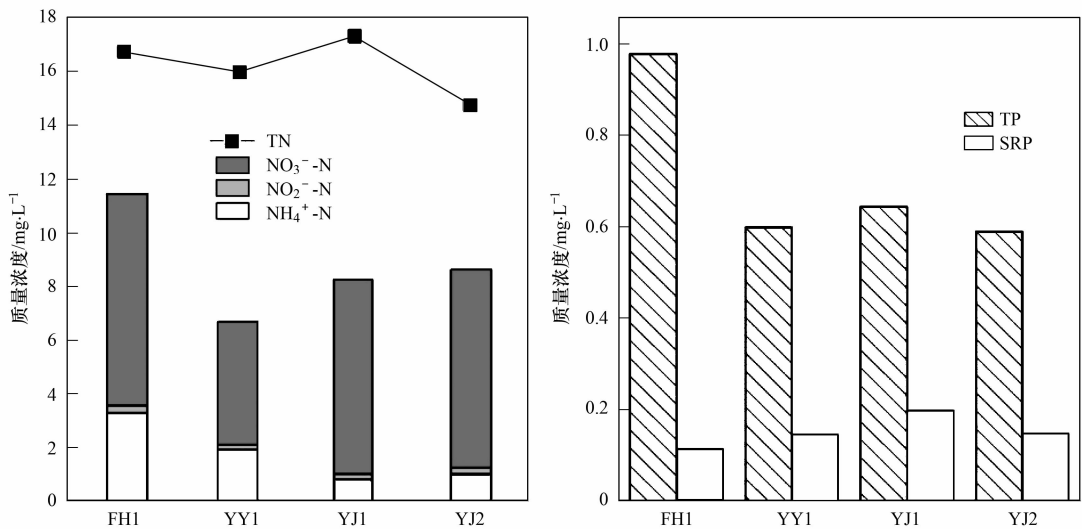


图 2 甬江流域表层水体的营养盐浓度

Fig. 2 Nutrient concentrations in surface waters of the Yongjiang River Watershed

54 955和55 202条序列. 为避免测序深度不一导致分析误差,每个样本随机挑取40 000条序列进行多样性指数计算和群落结构比较分析. 以97%序列相似度为 OTU 划分标准,共获得9 756个 OTUs,每个样品平均获得(3 633 ± 656)个 OTUs. 多样性指数分析表明,甬江 YJ1 站的原核生物群落遗传多样性(Shannon 指数)和丰富度(Chao1 和 Faith's PD 指数)最高,而甬江 YJ2 站的原核生物群落多样性和丰富度最低(表 1). 由于与其他研究的测序深度不

一致,因此难以比较不同河流原核生物群落的多样性及丰富度的差异. 然而,计算 OTUs/Chao1 指数比值发现,OTUs 指数(获得 OTU 数)仅占 Chao1 指数(预测 OTU 数)的 37.22% ± 5.88%(表 1),说明甬江流域的原核生物群落多样性较高,本研究获得的海量序列数据依旧未完全揭示覆盖三江口水域分布的全部原核生物种群.

RDP Classifier 分析表明,甬江水体原核生物群落由 68 个细菌门和 3 个古菌门构成(图 3). 细菌

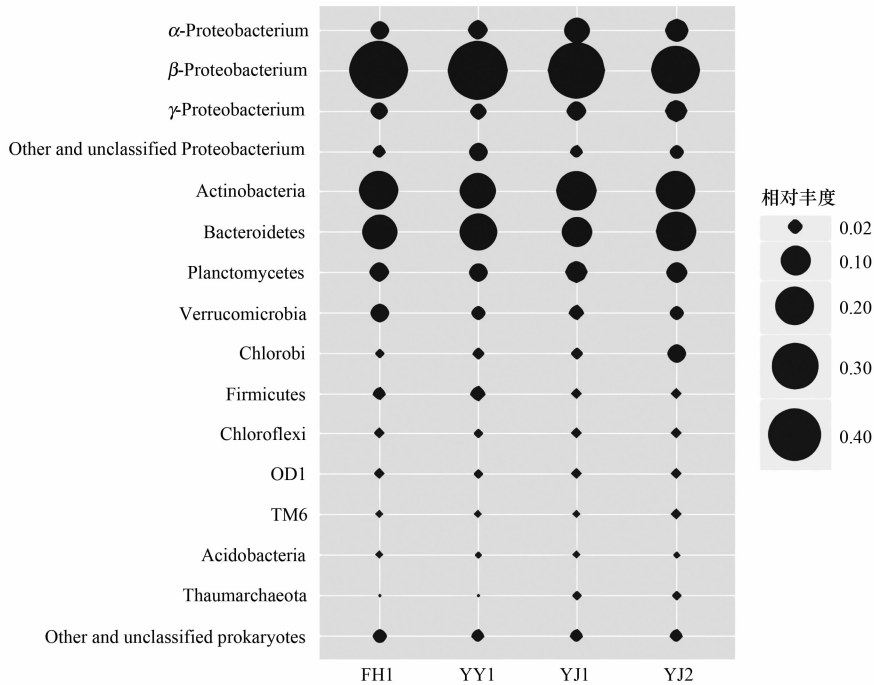


图 3 甬江流域水体原核生物群落组成

Fig. 3 Relative abundance of dominant bacterial groups in water samples obtained from the Yongjiang River Watershed

门类数目远超过九龙江及其他河流,这可能是由于 16S rRNA 基因 Greengenes 数据库大幅更新而导致的^[23]. 总体上, β -Proteobacterium、Actinobacteria 和 Bacteroidetes 是相对丰度最高的 3 个门(或纲),分别占总序列的 43.09%、19.97% 和 15.82% (图 3). α -Proteobacterium、浮霉菌门(Planctomycetes)、 γ -Proteobacterium、Verrucomicrobia、绿菌门(Chlorobi) 和厚壁菌门(Firmicutes)是甬江流域原核生物群落的次优势类群,其相对丰度分别占总群落的 4.87%、4.10%、3.47%、1.96%、1.55%、1.33% 和 1.04% (图 3). 其他的细菌门及古菌门的相对丰度均低于 1%.

深入分析表明,甬江流域原核生物的群落组成与其水体环境特征是相对应的: β -Proteobacterium 和 Actinobacteria 是典型的淡水细菌门,已有众多学者观测到这两个细菌门在不同淡水生境中有着较高丰度的分布^[8]. 此外,甬江水体中分布的高丰度 Bacteroidetes 则与一些河流^[29-31]、湖泊^[32, 33] 原核生物的研究报道也基本一致. 以往研究已证实, Bacteroidetes 多倾向于附着生长^[8],甬江水体中含有的大量泥沙或悬浮颗粒物可能为 Bacteroidetes 提供了良好的附着微环境. 虽然本研究在此并未测定甬江水体中的悬浮颗粒物含量,但相对较低的溶解态营养盐(DIN 和 SRP)比例(表 1),现场采样时的实时观测,以及前人的研究工作^[15, 16] 都间接反映了这一特征. 然而, Jackson 等^[34] 比较了 Mississippi 河浮游和颗粒附着细菌群落发现,浮游群落中的 Bacteroidetes 比例更高,因此对于 Bacteroidetes 在河流中原位分布状况还有待于进一步的研究. 对比 4 个站位的原核生物群落发现, β -Proteobacterium 随着河流流向,其相对丰度逐渐减低,而奇古菌(Thaumarchaeota,在海洋中的丰度较高)的分布趋势则与其相反,沿河流流向(电导率升高),其相对丰度逐渐增大(图 4),这可能反映海水入侵导致了甬江流域水体原核群落组成的演替. 实际上,通过分析 Thaumarchaeota 不同类群的分布提供了更为充足的证据. 以往研究表明, Thaumarchaeota 已分化为适应不同生境的类群,例如, *Nitrosopumilus* 属(别名: Group 1.1a) 和 *Nitrososphaera* 属(别名: Group 1.1b) 分别主要分布于海水和土壤环境^[35]. 在甬江流域, *Nitrososphaera* 属仅在奉化江 FH1 站有微量检出,而 *Nitrosopumilus* 属在高电导率(相对于 FH1 和 YY1 站位而言)甬江 YJ1 和 YJ2 站的相对丰度明显高于奉化江 FH1 和余姚江 YY1 站(图 4).

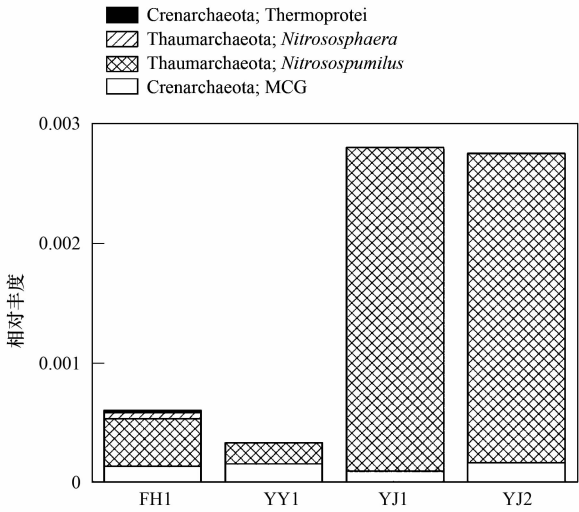


图 4 甬江流域水体 Thaumarchaeota 和 Crenarchaeota 群落组成
Fig. 4 Relative abundance of Thaumarchaeota and Crenarchaeota in water samples obtained from the Yongjiang River Watershed

2.3 甬江流域原核生物的群落结构

维恩分析表明,共有 817 个 OTU 在 4 个采样站位均有分布,仅占 OTU 总数的 8.37%,但其所代表的序列可占总序列量的 88.97% (图 5). 两两样品对比分析表明,两两站位之间共有 OTU 数约为 $1\,304 \pm 96$,约占总序列的 $46.00\% \pm 0.24\%$; 而任意 3 个站位之间的共有 OTU 数约为 964 ± 38 ,其代表序列约占总原核生物群落的 $67.53\% \pm 0.17\%$ (图 5). 站位之间的稳定的共有 OTU 及共有序列数量(标准偏差波动较小),说明奉化江 FH1、余姚江 YY1、甬江 YJ1 和 YJ2 站的原核生物群落之间的相似度较高.

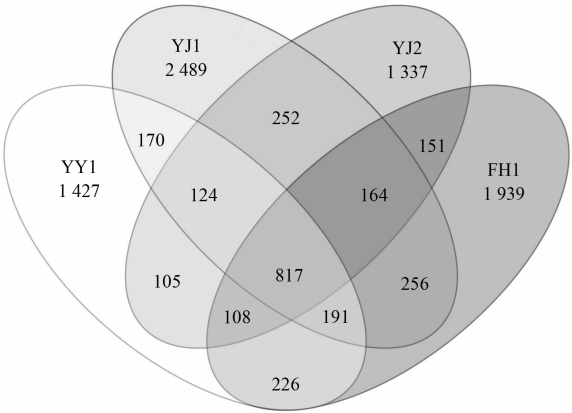


图 5 维恩分析展示奉化江、余姚江、甬江这 4 个站位原核生物群落的共有 OTU 数量
Fig. 5 Venn diagrams showing the number of OTUs shared among four sampling stations of the Yongjiang River Watershed

Weighted UniFrac 显著性检验进一步证实了维

恩分析的结果:仅甬江 YJ1 和 YJ2 站位的原核生物群落之间存在显著差异($P < 0.001$),其他站位之间均无统计差异($P < 0.1$,表 2). 这与 Jackson 等^[34]的研究结果不太一致,他们发现 Mississippi 河的支流细菌群落与主干流的细菌群落组成显著不同. 此外,Portillo 等^[29]分析了科罗拉多山脉 Boulder Creek 流域的支流细菌群落发现,不同站位的细菌群落组成差异较大. 而本课题组在九龙江西溪、北溪开展研究的表明,两个支流的细菌生物群落结构之间存在统计差异 (ANOSIM analysis, $R = 0.8$, $P < 0.001$)^[11]. 但对于本研究,由于采样站位之间的距离较近(约为 0.89 ~ 3.15 km),上游河流站位(FH1 和 YY1)的原核生物可能会在较短时间内被水流输送到下游站位(YJ1). 此外,由于甬江受不规则半日潮影响,涨潮带来的海水侵入会推动下游江水“逆流”,会促使上下游江水的混合,从而导致邻近站位 FH1、YY1 和 YJ1 原核生物群落的同质化,但海水侵入也会导致河流原核生物群落的淡水特征逐渐向海水特征转换,这可能是甬江 YJ1 和 YJ2 站原核生物群落存在统计差异的重要因素之一,也印证了群落组成的分析结果. 然而,同样由于本研究选择的站位较为临近,因此可能并未完全解析奉化江、余姚江和甬江各自的原核生物群落,因此进一步扩大采样区域,并开展季节研究,是揭示甬江流域原核生物群落时空分布特征的重要基础.

表 2 甬江流域 4 个站位原核生物群落结构的 Weighted UniFrac 显著性检验

Table 2 Weighted UniFrac significance test of prokaryotic community structure in the surface water of Yongjiang River, Yuyao River and Fenghua River

	FH1	YY1	YJ1	YJ2
FH1	—			
YY1	> 0.5	—		
YJ1	> 0.5	> 0.1	—	
YJ2	> 0.1	> 0.1	< 0.001	—

2.4 甬江流域污染指示菌及潜在病原菌的分布

最近,美国威斯康星大学 McLellan 研究组通过比较分析人类、动物肠道及污水细菌群落的宏基因组数据研究发现,不动杆菌属(*Acinetobacter*)、弓杆菌属(*Arcobacter*)和束毛球菌属(*Trichococcus*)是污水细菌群落的核心类群,而拟杆菌科(*Bacteroidaceae*)、紫单胞菌科(*Porphyromonadaceae*)、梭菌科(*Clostridiaceae*)、毛螺旋菌科(*Lachnospiraceae*)和瘤胃菌科(*Ruminococcaceae*)在人类肠道微生物群落中稳定

存在^[36-39]. 因此,它们可分别作为污水(sewer)和粪便(fecal)污染的指示菌群. 在甬江流域的 4 个站位,除 *Acinetobacter* 外,其他污染指示菌在各个站位均有检出,其中余姚江 YY1 站的污水和粪便指示菌相对丰度最高,分别占总原核生物群落的 2.41% 和 2.77%; 奉化江 FH1 站的粪便指示菌的相对丰度次高,约为 1.35%,但该站位污水指示菌的相对丰度最低(0.12%,图 6).

McLellan 研究组在美国密歇根湖的研究表明,污染水体的污水和粪便指示菌在总群落中的相对丰度一般高于 2%^[39]. 而在甬江流域,仅余姚江 YY1 站的污水和粪便指示菌的相对比例略高于 2% (图 6),这远低于九龙江水体中分布的污染指示菌群^[11],说明宁波城区甬江水体的受污水和粪便污染的风险程度较低,但余姚江水质状况需要进一步评估. 进一步通过定量 PCR 技术获得污染指示菌的绝对丰度数据,是进行该流域水体环境质量风险评估的重要基础之一.

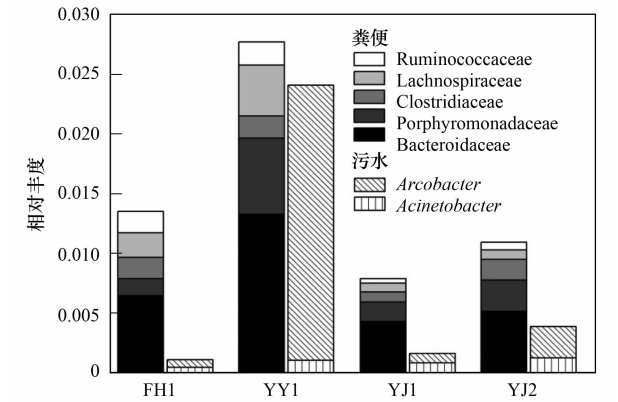


图 6 甬江采样站位水体中分布的粪便和污水指示菌群

Fig. 6 Relative abundance of sewer- and fecal-associated bacterial indicators in waters of Yongjiang River Watershed

为考察甬江流域潜在病原菌的分布状况,以本实验室已构建的病原菌 16S rRNA 基因数据库^[24]为查询数据库,对甬江 Miseq 高通量测序数据进行 BLASTN 同源性比对分析. 分析结果表明,甬江流域共有 4 729 和 857 条序列与病原菌数据库参考序列的相似度高于 97% (种水平)和高于 99% (亚种水平),约占总序列的 2.19% 和 0.40% (图 7). 奉化江 FH1、余姚江 YY1、甬江 YJ1 和 YJ2 站分别有 1.92%、2.44%、2.42% 和 2.06% 的序列可比对到种水平,而在亚种水平,这 4 个站位分别比对到 0.24%、0.39%、0.58% 和 0.40% 的序列.

总体上,甬江流域在种和亚种水平上分别检出

76 和 18 种潜在病原菌,主要隶属于 7 个门或纲,包括 Actinobacteria、Bacteroidetes、Firmicutes、Fusobacteria、 α -、 β -、 ε -和 γ -Proteobacterium(图 7). 在种水平, *Mycobacterium fortuitum*、*Delftia acidovorans*、*Bordetella parapertussis*、*Legionella pneumophila* 和 *Mycobacterium malmoense* 的丰度最高,分别检测到1 259、696、502、461 和 456 条序列(图 7). 在亚种水平上, *Mycobacterium malmoense*、*Aeromonas hydrophila*、*Mycobacterium fortuitum*、*Enterobacter aerogenes* 和 *Bacteroides fragilis* 是最丰富的 5 个种,与种水平不完全一致,分别检测到 383、284、68、43 和 28 条序列. 这些潜在病原菌多属于第三类危害程度的病原微生物^[40].

与以往研究对比分析表明,甬江流域检测到的潜在病原菌种和亚种的种类均高于本课题组之前在九龙江的研究报道,且其潜在病原菌的序列总量和相对丰度也略高于九龙江样品^[24]. 此外,甬江流域检测到的潜在病原菌种类也与九龙江分布的潜在病

原菌不完全一致,说明河流潜在病原菌的分布可能与当地的人类活动和气候环境有一定的联系. Ye 等^[41] 基于 16S rRNA 基因 454 焦磷酸测序技术分析 了 14 个污水处理厂污泥细菌群落,发现约有 1.30% 的细菌 16S rRNA 基因序列与已知病原菌序列的相似度高于 97%. 与此相似,Cai 等^[42] 分析了 24 个污水处理厂进水、出水及污泥宏基因组数据的研究表明,约有 1.0% ~ 2.3% 污泥和 4.3% ~ 7.6% 进水、出水样品的细菌 16S rRNA 基因序列可能隶属于潜在病原菌. 因此,甬江的潜在病原菌相对丰度与污泥中分布的潜在病原菌比例相当,但低于污水处理厂进水和出水. 虽然病原菌的致病性在很大程度上取决于其基因组中含有的毒力因子,基于 16S rRNA 而非毒力因子基因的病原菌可能并不能反映实际病原菌的分布,然而 Cai 等^[42] 的研究结果表明,基于 16S rRNA 基因的分析与基于毒力基因的分析是基本吻合的,验证了这一分析的有效性.

3 结论

- (1) 本研究采用 16S rRNA 基因-Illumina Miseq 高通量测序技术,首次分析了甬江流域宁波三江口区域的水体原核生物群落,结果表明该流域原核生物群落的遗传多样性较高. β -Proteobacterium、Actinobacteria 和 Bacteroidetes 是该流域的主要优势类群. 其中 β -Proteobacterium 的相对丰度随着河流流向逐渐减低,而奇古菌,尤其是海洋 *Nitrosopumilus* 属在高电导率甬江站位的比例较高,说明潮汐带来的海水入侵可能影响了甬江流域的微生物群落组成.
- (2) 维恩分析表明,宁波三江口区域的水体原核生物群落相似度较高,共有 817 个 OTU (代表 88.97% 的序列) 同分布于 4 个采样站位. UniFrac 显著性检验分析的结果与维恩分析大体上相互印证.
- (3) 甬江流域分布有多种污水和粪便污染指示菌,其中余姚江受污染的风险较高. 与病原菌参考数据库对比分析表明,甬江流域分布有 76 和 18 种潜在病原菌种和亚种,约占总序列量的 2.19% 和 0.40%. *Mycobacterium fortuitum*、*Delftia acidovorans*、*Bordetella parapertussis*、*Legionella pneumophila* 和 *Mycobacterium malmoense* 是种水平上最为丰富的 5 个潜在病原菌.

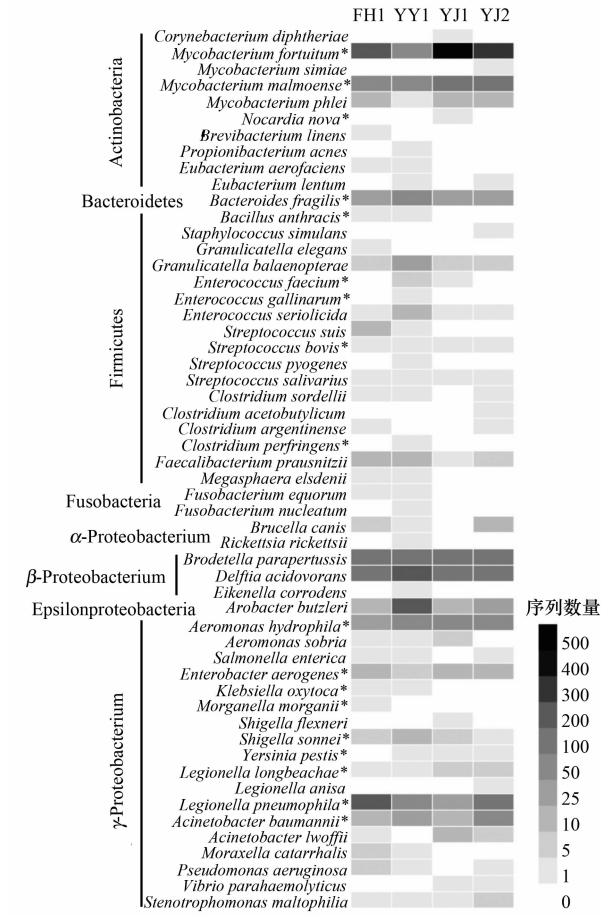


图 7 甬江流域水体中检测到的潜在病原菌(种水平)序列数量

Fig. 7 Reads number of potential pathogenic bacteria recovered in the sampling stations of the Yongjiang River Watershed

致谢:感谢侯丽媛硕士在营养盐测定方面的帮助.

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.

[3] Yan W J, Mayorga E, Seitzinger S P, *et al.* Increasing anthropogenic nitrogen inputs and riverine DIN exports from the Changjiang River basin under changing human pressures[J]. *Global Biogeochemical Cycles*, 2010, **24**(4): GB0A06.

[4] 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.

[5] 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: Marine and Freshwater Ecosystems*, 2009, **19**(1): 104-112.

[6] Villéger S, Blanchet S, Beauchard O, *et al.* Homogenization patterns of the world's freshwater fish faunas[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2011, **108**(44): 18003-18008.

[7] 任丽娟, 何聃, 邢鹏, 等. 湖泊水体细菌多样性及其生态功能研究进展[J]. *生物多样性*, 2013, **21**(4): 421-432.

[8] Newton R J, Jones S E, Eiler A, *et al.* A guide to the natural history of freshwater lake bacteria [J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2011, **75**(1): 14-49.

[9] Zwart G, Crump B C, Agterveld M P K V, *et al.* Typical freshwater bacteria: an analysis of available 16S rRNA gene sequences from plankton of lakes and rivers [J]. *Aquatic Microbial Ecology*, 2002, **28**(2): 141-155.

[10] Lear G, Boothroyd I K G, Turner S J, *et al.* A comparison of bacteria and benthic invertebrates as indicators of ecological health in streams[J]. *Freshwater Biology*, 2009, **54**(7): 1532-1543.

[11] Hu A Y, Yang X Y, Chen N W, *et al.* Response of bacterial communities to environmental changes in a mesoscale subtropical watershed, Southeast China [J]. *Science of the Total Environment*, 2014, **472**: 746-756.

[12] Korajkic A, Parfrey L W, McMinn B R, *et al.* Changes in bacterial and eukaryotic communities during sewage decomposition in Mississippi river water[J]. *Water Research*, 2015, **69**(1): 30-39.

[13] Sims A, Zhang Y Y, Gajraj S, *et al.* Toward the development of microbial indicators for wetland assessment [J]. *Water Research*, 2013, **47**(5): 1711-1725.

[14] 包薇红, 杨国靖, 滕丽华, 等. 甬江干流水体主要理化因子的时空变化及水质评价[J]. *华南农业大学学报*, 2013, **34**(3): 324-329.

[15] 陈珺, 嵇敏, 张洪记, 等. 甬江洪枯季水沙特性分析[J]. *水利水运工程学报*, 2012, (5): 48-54.

[16] 严文武. 宁波三江河道水沙特性及冲淤变化规律[J]. *水利水运工程学报*, 2012, (4): 143-148.

[17] 宋贤英, 张捷, 白春节, 等. 甬江干流浮游植物的群落结构及其季节变化[J]. *应用与环境生物学报*, 2013, **19**(4): 663-669.

[18] Caporaso J G, Lauber C L, Walters W A, *et al.* Global patterns of 16S rRNA diversity at a depth of millions of sequences per sample[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2011, **108**(Supplement 1): 4516-4522.

[19] 候丽媛, 胡安谊, 于昌平. 九龙江-河口表层水体营养盐含量的时空变化及潜在富营养化评价[J]. *应用海洋学学报*, 2014, **33**(3): 369-378.

[20] Li C H, Yan K, Tang L S, *et al.* Change in deep soil microbial communities due to long-term fertilization [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **75**: 264-272.

[21] Schloss P D, Westcott S L, Ryabin T, *et al.* Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, **75**(23): 7537-7541.

[22] Caporaso J G, Kuczynski J, Stombaugh J, *et al.* QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data [J]. *Nature Methods*, 2010, **7**(5): 335-336.

[23] McDonald D, Price M N, Goodrich J, *et al.* An improved Greengenes taxonomy with explicit ranks for ecological and evolutionary analyses of bacteria and archaea [J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(3): 610-618.

[24] 候丽媛, 胡安谊, 马英, 等. 九龙江流域潜在病原菌污染分析[J]. *环境科学*, 2014, **35**(5): 1742-1749.

[25] 江涛, 俞志明, 宋秀贤, 等. 长江水体溶解态无机氮和磷现状及长期变化特点[J]. *海洋与湖沼*, 2012, **43**(6): 1067-1075.

[26] 赵钰, 单保庆, 张文强, 等. 子牙河水系河流氮素组成及空间分布特征[J]. *环境科学*, 2014, **35**(1): 143-149.

[27] 雷沛, 张洪, 单保庆. 丹江口水库典型入库支流氮磷动态特征研究[J]. *环境科学*, 2012, **33**(9): 3038-3045.

[28] 单保庆, 菅宇翔, 唐文忠, 等. 北运河下游典型河网区水体中氮磷分布与富营养化评价[J]. *环境科学*, 2012, **33**(2): 352-358.

[29] Portillo M C, Anderson S P, Fierer N. Temporal variability in the diversity and composition of stream bacterioplankton communities[J]. *Environmental Microbiology*, 2012, **14**(9): 2417-2428.

[30] Crump B C, Peterson B J, Raymond P A, *et al.* Circumpolar synchrony in big river bacterioplankton[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2009, **106**(50): 21208-21212.

[31] Liu Z H, Huang S B, Sun G P, *et al.* Phylogenetic diversity, composition and distribution of bacterioplankton community in the Dongjiang River, China [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2012, **80**(1): 30-44.

[32] Eiler A, Heinrich F, Bertilsson S. Coherent dynamics and

association networks among lake bacterioplankton taxa[J]. The ISME Journal, 2012, **6**(2): 330-342.

[33] Jones S E, Newton R J, McMahon K D. Evidence for structuring of bacterial community composition by organic carbon source in temperate lakes [J]. Environmental Microbiology, 2009, **11**(9): 2463-2472.

[34] Jackson C R, Millar J J, Payne J T, *et al.* Free-Living and Particle-Associated Bacterioplankton in Large Rivers of the Mississippi River Basin Demonstrate Biogeographic Patterns[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2014, **80**(23): 7186-7195.

[35] Stahl D A, de la Torre J R. Physiology and diversity of ammonia-oxidizing archaea [J]. Annual Review of Microbiology, 2012, **66**: 83-101.

[36] Koskey A M, Fisher J C, Eren A M, *et al.* Blautia and Prevotella sequences distinguish human and animal fecal pollution in Brazil surface waters [J]. Environmental Microbiology Reports, 2014, **6**(6): 696-704.

[37] 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.

[38] VandeWalle J L, Goetz G W, Huse S M, *et al.* Acinetobacter, Aeromonas and Trichococcus populations dominate the microbial community within urban sewer infrastructure[J]. Environmental Microbiology, 2012, **14**(9): 2538-2552.

[39] Newton R J, Bootsma M J, Morrison H G, *et al.* A microbial signature approach to identify fecal pollution in the waters off an urbanized coast of Lake Michigan[J]. Microbial Ecology, 2013, **65**(4): 1011-1023.

[40] 中华人民共和国卫生部. 常见人类病原微生物[R]. 北京：中华人民共和国卫生部，2006. 1-14.

[41] Ye L, Zhang T. Pathogenic bacteria in sewage treatment plants as revealed by 454 pyrosequencing[J]. Environmental Science & Technology, 2011, **45**(17): 7173-7179.

[42] Cai L, Zhang T. Detecting human bacterial pathogens in wastewater treatment plants by a high-throughput shotgun sequencing technique[J]. Environmental Science & Technology, 2013, **47**(10): 5433-5441.

CONTENTS

Potential Source Contribution Analysis of the Particulate Matters in Shanghai During the Heavy Haze Episode in Eastern and Middle China in December, 2013	LI Li, CAI Jun-lin, ZHOU Min (2327)
Composition and Regional Characteristics of Atmosphere Aerosol and Its Water Soluble Ions over the Yangtze River Delta Region in a Winter Haze Period	WANG Man-ting, ZHU Bin, WANG Hong-lei, <i>et al.</i> (2337)
Chemical Species of PM _{2.5} in the Urban Area of Beijing	LIU Bao-xian, YANG Dong-yan, ZHANG Da-wei, <i>et al.</i> (2346)
Numerical Study on the Characteristics of Regional Transport of PM _{2.5} in Shandong Province During Spring in 2014	JIA Hai-ying, CHENG Nian-liang, HE You-jiang, <i>et al.</i> (2353)
Characteristics of Water-Soluble Inorganic Ions in PM _{2.5} Emitted from Coal-Fired Power Plants	MA Zi-zhen, LI Zhen, JIANG Jing-kun, <i>et al.</i> (2361)
Direct Observation on the Temporal and Spatial Patterns of the CO ₂ Concentration in the Atmospheric of Nanjing Urban Canyon in Summer	GAO Yun-qiu, LIU Shou-dong, HU Ning, <i>et al.</i> (2367)
Emission Factors of Vehicle Exhaust in Beijing	FAN Shou-bin, TIAN Ling-di, ZHANG Dong-xu, <i>et al.</i> (2374)
Adsorption Capacity of the Air Particulate Matter in Urban Landscape Plants in Different Polluted Regions of Beijing	ZHANG Wei-kang, WANG Bing, NIU Xiang (2381)
Major Air Pollutant Emissions of Coal-Fired Power Plant in Yangtze River Delta	DING Qing-qing, WEI Wei, SHEN Qun, <i>et al.</i> (2389)
Estimation of N ₂ O Emission from Anhui Croplands by Using a Regional Nitrogen Cycling Model IAP-N	HAN Yun-fang, HAN Sheng-hui, YAN Ping (2395)
Evaluation on the Impacts of Different Background Determination Methods on CO ₂ Sources and Sinks Estimation and Seasonal Variations	ZHANG Fang, ZHOU Ling-xi, WANG Yu-zhao (2405)
Measured and Predicted Aquatic Life Criteria and Risk Assessment of Chromium (VI) in Liaohe River	WANG Xiao-nan, YAN Zhen-guang, LIU Zheng-tao, <i>et al.</i> (2414)
Pollution and Potential Ecology Risk Evaluation of Heavy Metals in River Water, Top Sediments on Bed and Soils Along Banks of Bortala River, Northwest China	ZHANG Zhao-yong, Jilili Abuduwaile, JIANG Feng-qing (2422)
Influencing Factors for Hydrochemistry and $\delta^{13}\text{C}_{\text{DIC}}$ of Karst Springs	ZHAO Rui-yi, LÜ Xian-fu, LIU Zi-qi, <i>et al.</i> (2430)
Hydrochemical Characteristics and the Dissolved Inorganic Carbon Flux in Liuzhou Section of Liujiang Basin	YUAN Ya-qiong, HE Shi-yi, YU Shi, <i>et al.</i> (2437)
Characteristics of Total Nitrogen and Total Phosphorus Pollution and Eutrophication Assessment of Secondary River in Urban Chongqing	QING Xu-yao, REN Yu-fen, LÜ Zhi-qiang, <i>et al.</i> (2446)
Static Migration and Release of Dibutyl-Phthalate in the Fluctuating Zone of Three Gorges Reservoir	WANG Fa, WANG Qiang, MU Zhi-jian, <i>et al.</i> (2453)
Effect of Drought and Subsequent Re-wetting Cycles on Transferable Nitrogen and Its Form Distribution in the Sediment of Water Level Fluctuating Zone in the Tributary of Three Gorge Reservoir Areas	LIN Jun-jie, ZHANG Shuai, YANG Zhen-yu, <i>et al.</i> (2459)
Distribution of Chlorophyll-a and Eutrophication State in Tianchi Lake of Tianshan Mountains in Summer	WANG Bin, MA Jian, WANG Yin-ya, <i>et al.</i> (2465)
Vertical Distribution Characteristics and Analysis in Sediments of Xidaihai Lake	DUAN Mu-chun, XIAO Hai-feng, ZANG Shu-ying (2472)
Phytoplankton Community Structure and Water Quality Assessment in Jialing River After the Impoundment of Caojie Reservoir	YANG Min, ZHANG Sheng, LIU Shuo-ru (2480)
Analysis of Prokaryotic Community Structure in River Waters of the Ningbo Sanjiang Mouth	HU An-yi, LI Jiang-wei, YANG Xiao-yong, <i>et al.</i> (2487)
Effects of Perfluoroalkyl Substances on the Microbial Community Structure in Surface Sediments of Typical River, China	SUN Ya-jun, WANG Tie-yu, PENG Xia-wei, <i>et al.</i> (2496)
Coupling Effects of Decomposed <i>Potamogeton crispus</i> and Growing <i>Ceratophyllum demersum</i> on Water Quality and Plant Growth	MA Yue, WANG Guo-xiang, CAO Xun, <i>et al.</i> (2504)
Bioretention Media Screening for the Removal of Phosphorus in Urban Stormwater	LI Li-qing, GONG Yan-fang, YAN Zi-qin, <i>et al.</i> (2511)
Treatment of Urban Runoff Pollutants by a Multilayer Biofiltration System	WANG Xiao-lu, ZUO Jian-e, GAN Li-li, <i>et al.</i> (2518)
Effect of Three Typical Disinfection Byproducts on Bacterial Antibiotic Resistance	LÜ Lu, ZHANG Meng-lu, WANG Chun-ming, <i>et al.</i> (2525)
Laboratory Investigation of DNAPL Migration Behavior and Distribution at Varying Flow Velocities Based on Light Transmission Method	GAO Yan-wei, ZHENG Fei, SHI Xiao-qing, <i>et al.</i> (2532)
Comparative Study of Benzotriazole Electrochemical Oxidation at Boron-doped Diamond and PbO ₂ Anodes	WU Juan-li, ZHANG Jia-wei, WANG Ting, <i>et al.</i> (2540)
Sorption of <i>o</i> -Phthalate onto Calcite in Open-System	LI Zhen-xuan, HUANG Li-dong, CHEN Yan-fang, <i>et al.</i> (2547)
Adsorption Behaviors of Lead on Multi-Walled Carbon Nanotube-Hydroxyapatite Composites	ZHANG Jin-li, LI Yu (2554)
Synthesis and Study on Adsorption Property of Congo Red Molecularly Imprinted Polymer Nanospheres	CHANG Zi-qiang, CHEN Fu-bin, ZHANG Yu, <i>et al.</i> (2564)
Simultaneous Removal of Cd(II) and Phenol by Titanium Dioxide-Titanate Nanotubes Composite Nanomaterial Synthesized Through Alkaline-Acid Hydrothermal Method	LEI Li, JIN Yin-jia, WANG Ting, <i>et al.</i> (2573)
Immobilization of Estrogen-degrading Bacteria to Remove the 17 β -estradiol and Diethylstilbestrol from Polluted Water and Cow Dung	LI Xin, LING Wan-ting, LIU Jing-xian, <i>et al.</i> (2581)
Optoelectronic PCB Wastewater Treatment by Partial Nitrification-ANAMMOX Integrative Reactor	YUAN Yan, LI Xiang, ZHOU Cheng, <i>et al.</i> (2591)
Treatment of Petrochemical Treatment Plant Secondary Effluent by Fenton Oxidation	WANG Yi, WU Chang-yong, ZHOU Yue-xi, <i>et al.</i> (2597)
Comprehensive Toxicity Evaluation and Toxicity Identification Used in Tannery and Textile Wastewaters	HUANG Li, CHEN Wen-yan, WAN Yu-shan, <i>et al.</i> (2604)
Carbon/nitrogen Removal and Bacterial Community Structure Change in an A/O Activated Sludge System Under Different Dissolved Oxygen Conditions	CHEN Yan, LIU Guo-hua, FAN Qiang, <i>et al.</i> (2610)
ORP in the Main Anoxic Stage as the Control Parameter for Nitrogen and Phosphorus Removal in the Single Sludge System with a Continuous Flow	WANG Xiao-ling, SONG Tie-hong, YIN Bao-yong, <i>et al.</i> (2617)
Cultivation of Aerobic Granular Sludge with Real Low Concentration Domestic Wastewater and Its Denitrification Performances Under the Continuous Flow	YAO Li, XIN Xin, LU Hang, <i>et al.</i> (2626)
Heavy Metal Contamination in Farmland Soils at an E-waste Disassembling Site in Qingyuan, Guangdong, South China	ZHANG Jin-lian, DING Jiang-feng, LU Gui-ning, <i>et al.</i> (2633)
Residues and Spatial Distribution Characteristics of Organochlorine Pesticides DDTs in Soil of Linyi City, Shandong Province	YU Chao, WANG Zeng-hui, WANG Hong-jin, <i>et al.</i> (2641)
Assessment of Soil Fluorine Pollution in Jinhua Fluorite Ore Areas	YE Qun-feng, ZHOU Xiao-ling (2648)
Response of Straw and Straw Biochar Returning to Soil Carbon Budget and Its Mechanism	HOU Ya-hong, WANG Lei, FU Xiao-hua, <i>et al.</i> (2655)
Changes of Soil Organic Carbon and Its Influencing Factors of Apple Orchards and Black Locusts in the Small Watershed of Loess Plateau, China	LI Ru-jian, WANG Rui, LI Na-na, <i>et al.</i> (2662)
Impacts of Land Use Changes on Soil Light Fraction and Particulate Organic Carbon and Nitrogen in Jinyun Mountain	LEI Li-guo, JIANG Chang-sheng, HAO Qing-ju (2669)
Soil Enzyme Activities and Their Relationships to Environmental Factors in a Typical Oasis in the Upper Reaches of the Tarim River	ZHU Mei-ling, GONG Lu, ZHANG Long-long (2678)
Effects of Different Residue Part Inputs of Corn Straws on CO ₂ Efflux and Microbial Biomass in Clay Loam and Sandy Loam Black Soils	LIU Si-yi, LIANG Ai-zhen, YANG Xue-ming, <i>et al.</i> (2686)
Isolation, Identification of a <i>p</i> - <i>tert</i> -Butylcatechol-Degrading Strains and Optimization for Its Degradation by Response Surface Methodology	HE Qiang-li, LIU Wen-bin, YANG Hai-jun, <i>et al.</i> (2695)
Isolation, Identification and Characteristic Analysis of an Oil-producing <i>Chlorella</i> sp. Tolerant to High-strength Anaerobic Digestion Effluent	YANG Chuang, WANG Wen-guo, MA Dan-wei, <i>et al.</i> (2707)
Coupled Cytotoxicity of C ₆₀ Nano-Crystal Particle with Cu ²⁺ to the Mouse Peritoneal Microphage RAW 264. 7	YU Ye, BIAN Wei-lin, ZHANG Hui-min, <i>et al.</i> (2713)
Simultaneous Analysis of 18 Glucocorticoids in Surface Water	GUO Wen-jing, CHANG Hong, SUN De-zhi, <i>et al.</i> (2719)

《环境科学》第 6 届编辑委员会

主 编：欧阳自远
副主编：赵景柱 郝吉明 田 刚
编 委：（按姓氏笔画排序）

万国江 王华聪 王凯军 王绪绪 田 刚 田 静 史培军
朱永官 刘志培 刘 毅 汤鸿霄 孟 伟 周宗灿 林金明
欧阳自远 赵景柱 姜 林 郝郑平 郝吉明 聂永丰 黄 霞
黄 耀 鲍 强 潘 纲 潘 涛 魏复盛

环 境 科 学

(HUANJING KEXUE)

(月刊 1976 年 8 月创刊)

2015 年 7 月 15 日 第 36 卷 第 7 期

ENVIRONMENTAL SCIENCE

(Monthly Started in 1976)

Vol. 36 No. 7 Jul. 15, 2015

主 管	中国科学院	Superintended	by	Chinese Academy of Sciences
主 办	中国科学院生态环境研究中心	Sponsored	by	Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences
协 办	(以参加先后为序) 北京市环境保护科学研究院 清 华 大 学 环 境 学 院	Co-Sponsored	by	Beijing Municipal Research Institute of Environmental Protection School of Environment, Tsinghua University
主 编	欧 阳 自 远	Editor-in -Chief		OUYANG Zi-yuan
编 辑	《 环 境 科 学 》 编 辑 委 员 会 北京市 2871 信箱 (海淀区双清路 18 号, 邮政编码: 100085) 电话: 010-62941102, 010-62849343 传真: 010-62849343 E-mail: hjkx@ rcees. ac. cn http://www. hjkx. ac. cn	Edited	by	The Editorial Board of Environmental Science (HUANJING KEXUE) P. O. Box 2871, Beijing 100085, China Tel: 010-62941102, 010-62849343; Fax: 010-62849343 E-mail: hjkx@ rcees. ac. cn http://www. hjkx. ac. cn
出 版	科 学 出 版 社 北京东黄城根北街 16 号 邮政编码: 100717	Published	by	Science Press 16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China
印 刷 装 订	北京北林印刷厂	Printed	by	Beijing Bei Lin Printing House
发 行	科 学 出 版 社 电话: 010-64017032 E-mail: journal@ mail. sciencecp. com	Distributed	by	Science Press Tel: 010-64017032 E-mail: journal@ mail. sciencecp. com
订 购 处	全国各地邮电局	Domestic		All Local Post Offices in China
国外总发行	中国国际图书贸易总公司 (北京 399 信箱)	Foreign		China International Book Trading Corporation (Guoji Shudian), P. O. Box 399, Beijing 100044, China

中国标准刊号: ISSN 0250-3301 国内邮发代号: 2-821
CN 11-1895/X

国 内 定 价: 120.00 元 国外发行代号: M 205

国 内 外 公 开 发 行