

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第39卷 第5期

Vol.39 No.5

2018

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

餐饮行业细颗粒物(PM _{2.5})排放测算方法:以上海市为例	王红丽, 景盛翱, 楼晟荣, 陶士康, 乔利平, 李莉, 黄成, 林立, 陈长虹 (1971)
上海夏季PM _{2.5} 中有机物的组分特征、空间分布和来源	高雅琴, 王红丽, 景盛翱, 乔利平, 李莉, 朱书慧, 楼晟荣, 陶士康, 冯加良, 李想, 陈长虹 (1978)
北京南郊区PM _{2.5} 中水溶性无机盐季节变化及来源分析	高韩钰, 魏静, 王跃思 (1987)
基于样方法的天津市春季道路扬尘PM ₁₀ 中水溶性离子特征及来源解析	赵静琦, 姬亚芹, 张蕾, 王士宝, 李越洋 (1994)
广州秋季HONO污染特征及夜间来源分析	田智林, 杨闻达, 虞小芳, 张曼曼, 张贺伟, 程丁, 程鹏, 王伯光 (2000)
基于硫氧同位素研究南京北郊夏季大气中硫酸盐来源及氧化途径	韩珣, 任杰, 陈善莉, 王瑾瑾, 沈潇雨, 魏英, 郭照冰, 朱彬 (2010)
区县尺度机动车高分辨率排放清单建立方法及应用	樊守彬, 郭津津, 李雪峰 (2015)
典型工业生物质锅炉多环芳烃排放特征	林玉君, 白莉, 王焕香, 肖文, 刘军, 向运荣, 张春林 (2023)
多时间尺度HSPF模型参数不确定性研究	庞树江, 王晓燕, 马文静 (2030)
氮氧同位素联合稳定同位素模型解析水源地氮源	金赞芳, 张文辽, 郑奇, 朱晨阳, 李非里 (2039)
白洋淀水体挥发性有机物污染特征与风险评价	高秋生, 赵永辉, 焦立新, 田自强, 杨柳, 杨苏文, 崔志丹, 郝子峰 (2048)
太湖颗粒态有机质的荧光特征及环境指示意义	吕伟伟, 姚昕, 张保华, 刘延龙, 李元鹏 (2056)
长江口滩涂表层沉积物中微塑料的分布及沉降特点	朱晓桐, 衣俊, 强丽媛, 程金平 (2067)
桂林五里峡水库丰水期溶解有机碳特征	卢晓漩, 李强, 靳振江, 彭文杰, 房君佳, 黄炳惠, 宋昂 (2075)
青藏高原多年冻土区典型植被下河流溶解性有机碳的生物可利用性	马小亮, 刘桂民, 吴晓东, 徐海燕, 叶琳琳, 张晓兰, 白炜 (2086)
城郊与城镇河流中溶解性有机质与重金属的相关性	梁梦琦, 邵美玲, 曹昌丽, 纵亚男, 唐剑锋 (2095)
溶解性有机质在岩溶水系统中的迁移转化及影响因素分析	张连凯, 刘朋雨, 覃小群, 单晓静, 刘文, 赵振华, 姚昕, 邵明玉 (2104)
三峡库区澎溪河回水区溶解态金属离子来源和时空分布特征分析	赵晓松, 蔚建军, 付莉, 姜伟, 周川, 李波, Douglas Haffner, Christopher Weisener, 张磊 (2117)
澜沧江流域沉积物间隙水-上覆水营养盐特征与交换通量分析	望雪, 程豹, 杨正健, 刘德富, 徐雅倩 (2126)
蓄水期三峡水库香溪河沉积物-水系统营养盐分布特征	苏青青, 刘德富, 纪道斌, 宋林旭, 崔玉洁, 李欣, 陈秀秀, 刘心愿 (2135)
两种沉水植物对上覆水和间隙水中各形态磷的影响	杨文斌, 高顺峰, 万锐, 孙祥, 王赢 (2145)
于桥水库沉积物-水界面氮磷剖面特征及交换通量	文帅龙, 龚琬晴, 吴涛, 郑小兰, 江雪, 李鑫, 钟继承 (2154)
岷江干流表层沉积物中磷形态空间分布特征	杨耿, 秦延文, 韩超南, 马迎群, 刘志超, 杨晨晨 (2165)
农业排水沟渠硝态氮吸收动力学特征及相关性分析	李如忠, 殷齐贺, 高苏蒂, 陈广洲 (2174)
不同合成条件对ZnAl-LDHs覆膜改性生物陶粒除磷效果的影响	向洋, 张翔凌, 雷雨, 方晨佳, 袁野, 姜应和, 徐舟影 (2184)
真空紫外/过二硫酸盐去除饮用水中嗅味物质	孙昕, 史路肖, 张燧, 杨煜, 唐晓 (2195)
石墨烯负载铁锰氧化物活化过一硫酸盐降解金橙G	夏文君, 刘峰, 郝尚斌, 黄天寅, 王忠明, 陈家斌 (2202)
载铜或铈生物炭吸附水体中As(V)的作用机制	李锦, 祖艳群, 李刚, 孙国新 (2211)
DOM不同相对分子质量组分在无机矿物上的吸附及其对卡马西平吸附的影响实验	梁雨, 何江涛, 张思 (2219)
污水处理厂中有机磷阻燃剂的污染特征	孙佳薇, 丁炜楠, 张占恩, 王俊霞, 顾海东 (2230)
低温污水前置强化混凝	刘海龙, 任宇霞, 张忠民 (2239)
印染废水反渗透脱盐系统运行性能及膜污堵特性	谭玉琨, 张泽田, 吴乾元, 姚颖, 胡洪营, 丘培文 (2249)
生物膜CANON反应器性能的优化:从FBBR到MBBR	付昆明, 李慧, 周厚田, 仇付国 (2256)
两次污泥颗粒化过程中微生物群落的动态变化	高景峰, 张丽芳, 张树军, 高永青, 王时杰, 樊晓燕, 潘凯玲 (2265)
铝、铁、钛3种金属盐基混凝剂调理污泥的性能比较	王晓萌, 王鑫, 杨明辉, 张淑娟 (2274)
热、热碱处理对污泥溶胞和溶解性有机物的影响	代勤, 张文哲, 于潘芬, 易皓, 刘俊新, 肖本益 (2283)
曝气时间比对亚硝化颗粒污泥形成的影响	李冬, 郭跃洲, 曹美忠, 劳会妹, 李帅, 张杰 (2289)
中国城市污泥中汞含量的时空分布特征	王宁, 刘清伟, 职音, 程柳, 麻冰涓, 毛宇翔 (2296)
夏季太湖湖/藻型湖区N ₂ O生成与迁移特征及其影响因素	郑小兰, 文帅龙, 李鑫, 龚琬晴, 刘德鸿, 钟继承 (2306)
太湖藻型湖区CH ₄ 、CO ₂ 排放特征及其影响因素分析	贾磊, 蒲旖旎, 杨诗俊, 苏荣明珠, 秦志昊, 张弥 (2316)
内蒙古典型草原季节性冻土区土壤剖面CO ₂ 、N ₂ O特征	李晋波, 姚楠, 李秀, 赵英, 张阿凤, 兰志龙, 范庭 (2330)
黄土高原成龄苹果园生态系统CO ₂ 通量特征	杨剑锋, 杨小妮, 王俊花, 段宇敏, 祁香宁, 张林森 (2339)
生物炭施用对紫色水稻土温室气体排放的影响	祁乐, 高明, 郭晓敏, 牛海东, 李婷, 孙涛, 曹群岭, 汤铭豪 (2351)
不同施肥处理对东北黑土温室气体排放的短期影响	李平, 郎漫, 李森, 魏玮, 李凯凯 (2360)
ITS高通量测序研究黄海微型真核浮游生物多样性及分布特征	张莉, 林佳宁, 张远, 王书平, 张晓娇 (2368)
不同排海方式城市尾水微生物扩散规律	郎秀璐, 宋志文, 徐爱玲, 牛成洁, 郭明月 (2380)
旅游活动对岩溶洞穴地下水中细菌群落的影响:以重庆丰都两个洞穴为例	吕现福, 贺秋芳, 王凤康, 赵瑞一, 张弘 (2389)
不同沼灌年限稻田土壤微生物群落分析	朱金山, 张慧, 马连杰, 廖敦秀, 杨星勇, 王龙昌, 王定勇 (2400)
生物炭对褐土理化特性及真菌群落结构的影响	阎海涛, 殷金玉, 丁松爽, 任天宝, 许家来, 宗浩, 高强, 刘国顺 (2412)
铅锌尾矿砂污染下的岩溶土壤微生物群落碳源代谢特征	房君佳, 李强, 刘畅, 靳振江, 梁月明, 黄炳惠, 卢晓漩, 彭文杰 (2420)
湖库沉积物好氧反硝化菌群脱氮特性及种群结构	康鹏亮, 张海涵, 黄廷林, 陈胜男, 商潘路, 冯稷, 贾亮宇 (2431)
反硝化菌群的蔡代谢与反硝化偶联机制	张泽宇, 王明霞, 程永毅, 周志峰 (2438)
广西西江流域土壤铅空间分布与污染评价	张云霞, 宋波, 陈同斌, 伏凤艳, 黄飞, 庞瑞, 潘惠妹 (2446)
三峡库区消落带农业活动对土壤汞变化的影响	陈秋禹, 孙松, 尹德良, 王永敏, 张成, 王定勇 (2456)
水稻不同生长时期不同组织中抗肿内生菌的筛选与鉴定	王伯勋, 王学东, 段桂兰 (2464)
汞在酸性紫色水稻土的转化与水稻汞富集特征	李雨岑, 孙涛, 邓晗, 张成, 王永敏, 王定勇 (2472)
华北平原不同生产模式设施蔬菜生命周期环境影响评价	徐强, 胡克林, 李季, 韩卉, 杨合法 (2480)
基于细菌毒性测试与小鼠肺基因转录分析的PM _{2.5} 健康效应	宋鹏程, 陆书玉, 魏永杰, 陈倩倩, 罗丽娟 (2489)
中国PM _{2.5} 污染空间分布的社会经济影响因素分析	段杰雄, 翟卫欣, 程承旗, 陈波 (2498)

不同排海方式城市尾水微生物扩散规律

郎秀璐, 宋志文, 徐爱玲*, 牛成洁, 郭明月

(青岛理工大学环境与市政工程学院, 青岛 266033)

摘要: 尾水中含有大量病原菌, 回用或排入自然水体后会对人群健康和生态安全构成威胁. 为了探究不同排海方式对微生物扩散规律的影响, 本研究利用高通量测序技术对春季污水处理厂尾水细菌群落结构、优势菌群、典型致病菌及其随扩散距离的变化进行研究. 结果发现, 先排河后排海的尾水物种更加丰富, 分布在 58 个菌纲, 相对丰度大于 1% 的细菌有 32 种, 而直接排海的尾水中仅有 41 个菌纲, 相对丰度大于 1% 的细菌有 28 种. 相对于直排过程, 间排方式微生物群落结构相对丰度更高, 说明尾水的直接排海使得微生物更易扩散. 同一污水处理厂优势菌门所占比例随着扩散距离的增大整体呈下降趋势, 蓝藻菌门(Cyanobacteria)等由于在自然水体中的高浓度出现随扩散距离增大整体上升的趋势. 两个系统的优势菌门都属于变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)及厚壁菌门(Firmicutes), 纲、种水平重合度较低, 但整体来讲排污口附近微生物多样性及丰度远高于海水(空白样品), 且污水处理相关菌种丰度较高. 另外, 尾水中存在一定量的致病菌和条件致病菌, 其中 *Pseudoalteromonas haloplanktis*、*Pseudomonas anguilliseptica* 致病性极强, 扩散后相对丰度仍然很高, 且弓形杆菌属(*Arcobacter* spp.) 与人类和动物的腹泻、菌血症等疾病密切相关. 因此, 尾水排放过程中应对这几种细菌重点监测.

关键词: 污水处理; 水体细菌; 群落结构; 扩散规律; 高通量测序

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2018)05-2380-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.201709075

Influence of Different Patterns of Discharge on Microbial Diffusion in Municipal Treated Wastewater

LANG Xiu-lu, SONG Zhi-wen, XU Ai-ling*, NIU Cheng-jie, GUO Ming-yue

(Institute of Environment and Municipal Engineering, Qingdao University of Technology, Qingdao 266033, China)

Abstract: Numerous pathogens exist in treated wastewater, leading to possible population health and ecological security risks when treated waste water is reused or discharged. To investigate the influence of different patterns of discharge on microbial diffusion in the municipal treated waste water, high-throughput sequencing technology was used to analyze the bacterial community structure, dominant flora, and typical pathogens. It was found that those bacteria were distributed in 58 classes. There were 32 species with a relative abundance of more than 1%. While there were only 41 classes in the water sample taken as a direct discharge to the sea, and there were 28 species with relative abundances of more than 1%. The water sample collected as a discharge to the sea through a river displayed higher bacterial diversity than the sample collected as a direct discharge to the sea, indicating that the microorganisms in the treated waste water was more likely to diffuse in when directly discharged to the sea. The relative abundance of dominant bacteria decreased with an increase in the diffusion distance, while the relative abundance of Cyanobacteria increased as the diffusion distance increased. The relative abundance in the water sample collected as a discharge to the sea through a river was higher. The dominant bacteria in the two systems are to Proteobacteria, Bacteroidetes, and Firmicutes. However, the dominant bacteria at the class and species levels quite dissimilar in the two systems. The bacterial diversities near the outfall were much higher than that in the seawater (blank sample), and the abundance was higher, which related to sewage treatment. In addition, there was a certain amount of pathogens and potential pathogens, including *Pseudoalteromonas haloplanktis* and *Pseudomonas anguilliseptica*, which were highly pathogenic. Their relative abundances were still higher after dilution. *Arcobacter* spp. was related to human and animal diarrhea and bacterial and other diseases. Therefore, the detection of these types of bacteria when the treated waste water is discharged is very important.

Key words: sewage treatment; bacteria in water; community structure; diffusion; high-throughput sequencing

近年来,随着社会生产力的不断提高,陆源入海排污口邻近海域的生态环境日益恶化^[1]. 陆源入海排污口将污水处理厂处理后的尾水直接排入天然水体,通过水体自净作用将其稀释. 然而,巨大的排放量远远超过天然水体的水环境容量,从而加剧水环境的污染. 因此,陆源入海排污问题引起的了社会各界的广泛关注,并针对其做了大量研

究^[2~4].

收稿日期: 2017-09-09; 修订日期: 2017-10-26

基金项目: 山东省重点研发计划项目(2017GSF220001); 山东省高等学校科技计划项目(J14LD05); 青岛市自主创新计划应用研究专项项目(15-9-1-64-jch); 国家自然科学基金项目(31570541, 31170509); 山东省自然科学基金项目(2015ZR01546)

作者简介: 郎秀璐(1992~), 女, 博士研究生, 主要研究方向为环境微生物学, E-mail: langxiulu@sina.com

* 通信作者, E-mail: xalcsu@sina.com

有研究发现入海的污染物很难得到较快的混合, 聚集在近海海域会对养殖、旅游、浴场及景观等海洋功能产生不良后果^[5]; 也有研究针对排污口附近的总异养菌群、总大肠杆菌群、粪大肠杆菌群、肠球菌进行检测^[6,7], 发现了大肠杆菌在排污口附近的明显分布规律^[8], 通过众多影响因素分析后建立了大肠杆菌的迁移模型, 以评价尾水排放对沿岸人群健康的影响^[9], 所采用的微生物指标主要集中在微生物总量和几种指示病原菌; 更有研究针对人工湿地的直排海尾水^[10]微生物群落结构进行探讨; 总之我国针对陆源入海排污口的研究主要局限于排海后对海水水质的影响、模拟和预测等方面的研究^[11,12], 尚没有对陆源排污口不同方式排海后的微生物群落结构扩散规律和致病菌的生物安全进行追踪的研究。

青岛位于山东半岛东南部沿海, 胶东半岛东部, 东、南濒临黄海, 隔海与朝鲜半岛相望, 拥有国际性海港和区域性枢纽空港。海域面积约 1.22 万 km², 其中领海基线以内海域面积 8 405 km²; 海岸线(含所属海岛岸线)总长为 816.98 km, 其中大陆岸线 710.9 km, 大陆岸线占山东省岸线的 1/4 强, 拥有 69 个海岛和 49 个海湾。目前青岛的 18 家污水处理厂均采用直接排海或先排河再排海的方式对其尾水进行处理, 处理稍有不当, 就会对青岛周围的海洋环境产生巨大威胁。因此研究陆源入海排污口排海扩散后的微生物群落变化规律和生物安全对城市发展、海洋环境、人类健康都有着重要的意义。本研究采用 Illumina MiSeq 高通量测序技术对不同排海方式的尾水细菌微生物群落结构进行分析, 探讨不同排海方式对微生物群落和功能微生物的影响, 以期为今后尾水排放的监测提供参考和依据。

1 材料与方法

1.1 水体样品采集

于 2016 年春季对青岛市不同尾水排海方式两污水处理厂距排污口不同距离处, 采用(距海岸线 20 m)GPS 定位仪定位, 使用击开式采水器采集排海水海水表层(距水面 0.5 m)水样, 采样点扇形布设取 5 处平行样并混合, 低温保存并在 2 h 内送至实验室进行抽滤, 抽滤后, 滤膜上的悬浮物用于基因组提取。其中, A 污水处理厂采用 Biostys 生物滤池处理工艺, 一期工程于 1999 年底建成投产, 设计规模为 10 万 m³·d⁻¹, 工程占地 1.71 hm², 污水经

预处理后通过 DN1000、长 1 030 m 的管道深海排放。二期汇水区域东西长约 20 km, 南北宽 1 ~ 3 km, 总面积 35 km², 沿途污水通过多级泵站提升进入处理厂, 尾水在排海口直接排入海中, 出水达到一级 B 标准, 取得的 4 个样品分别距排污口 0、50、500、1 000 m; B 污水处理厂采用 MSBR 处理工艺, 建于 1993 年, 是青岛市五大排水系统中最大的一个, 汇水面积 24 km², 服务人口 53 万人, 污水量占全市的 40% 左右, 其中工业废水约占 2/3, 加氯消毒后先排入海泊河后再进入胶州湾, 出水达到一级 A 标准, 取得的 3 个样品分别距排污口 20、100、500 m; 青岛第二海水浴场位于汇泉湾东侧的太平湾内与八大关别墅区相邻的一处沙滩浴场, 取得的水样设为空白样品。

1.2 总 DNA 提取与分析

采用“冻沸-溶菌酶-SDS”方法, 按照相应步骤对水体微生物的总 DNA 进行提取。随即用 Wizard DNA Clean-Up Kit (Omega) 试剂盒纯化样品 DNA, -70℃ 冻存待用。

通过德国 Implen 公司微量核酸蛋白分析仪对分离纯化后的 DNA 浓度与纯度进行检测, 全部水样 DNA 波长 260/280 值均在 1.7 ~ 1.9 间。检测合格的基因组 DNA 样品交由派森诺公司对其进行 Illumina MiSeq 高通量测序。

1.3 样品高通量测序及数据分析

1.3.1 PCR 扩增

PCR 的扩增区域为 16S rRNA 的 V3 ~ V4 区, 16S rRNA 扩增引物采用通用引物(338F/806R)。引物名称和引物序列分别为: 338F (ACTCCTACG GGAGGCAGCA) 和 806R (GGACTACHVGGGTWTC TAAT)。PCR 反应体系(25 μL)为: 5 × reaction buffer 5 μL, 5 × GC buffer 5 μL, dNTP (2.5 mmol·L⁻¹) 2 μL, Forward primer (10 μmol·L⁻¹) 1 μL, Reverse primer (10 μmol·L⁻¹) 1 μL, DNA Template 2 μL, ddH₂O 8.75 μL, Q5 DNA Polymerase 0.25 μL。PCR 反应条件为: 98℃ 预变性 2 min; 98℃ 变性 15 s, 55℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 30 s, 25 ~ 27 个循环; 最后 72℃ 延伸 5 min。用 AxyPrep DNA 凝胶回收试剂盒回收 PCR 产物, 经 Tris-HCl 洗脱后, 用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测。

根据 PCR 扩增图谱, 扩增后的条带比较清晰明显且条带位置一致, 背景干净, DNA 浓度达到了扩增要求, 可直接用于后续分析。委托上海派森诺生物科技有限公司进行 Illumina MiSeq 高通量测序。

1.3.2 测序数据优化处理

保证分析结果的准确性,运用 Qiime (version 1.9.0, <http://qiime.org/>) 进行数列过滤,数据过滤标准为:去除 5' 端引物错配碱基数 > 1 的序列;去除含有 N (模糊碱基) 的序列;去除含有连续相同碱基数 > 8 的序列;去除长度 ≤ 150 bp 的序列;去除嵌合体序列. 运用 Mothur 软件 (version 1.31.2, <http://www.mothur.org/>) 中 Uchime 的方法去除嵌合体序列,得到最终用于后续分析的优质序列.

1.3.3 OTU 聚类分析

在 Qiime 中调用 Uclust 的方法对优质序列按序列相似度 97% 进行聚类,选取每个类中最长的序列为代表序列. 在 Qiime 中调用 Blast 的方法对序列数据库进行比对,获得每个 OTU 代表序列的分类学信息. 注释数据库为: Greengene (Release 13.8, <http://greengenes.secondgenome.com>). 之后对 OTU 进行精简处理,去掉丰度值小于总的序列条数的 0.001% 的 OTU,得到后续分析使用精简后的 OTU 列表.

1.3.4 多样性及群落结构分析

根据 OTU 列表中的各样品物种丰度情况,应用软件 Mothur 中的 summary.single 命令,计算样品覆盖率 (coverage percentage),种群丰富度指数 Chao1 和 ACE,以及群落多样性指数 Shannon 和 Simpson. 组内 3 个平行样数据批量导入 Qiime 软件,对 OTU 表进行组间差异性分析,主要进行稀释曲线分析、多样性指数分析、门纲种属分类分析和致病分析.

2 结果与分析

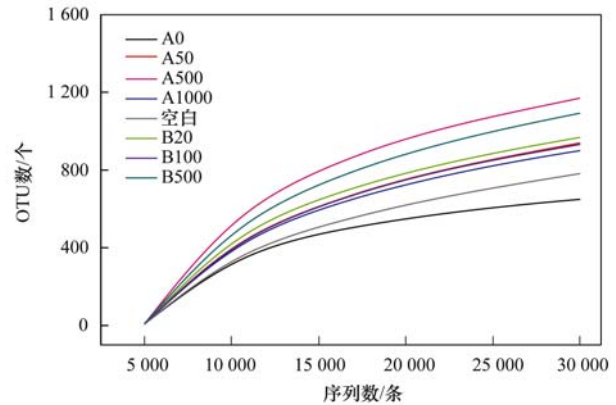
2.1 物种丰度

2.1.1 OTU 稀释性曲线

稀释曲线可以用来比较不同样本中的物种多样性情况,也可以来说明进行测序的样本的数据量和可行性. 如图 1,横坐标代表随机抽取的序列数量;纵坐标代表 OTU 数量. 当曲线趋向平坦时,说明测序趋于饱和,增加数据量对于获得新的 OTU 作用不大;反之则表明测序不饱和,增加数据量可以获得更多的 OTU. 由图 1 可知,随着测序深度的增加 8 个样品的稀释曲线趋于平缓,表明此时样品的测序数据量较为合理.

2.1.2 Shannon-Wiener 曲线

Shannon-Wiener 曲线是利用 Shannon 指数来进行绘制的,反映样品中微生物多样性的指数,利用



A. Biostys 生物滤池, B. MSBR 工艺, 下同

图 1 样品稀释曲线

Fig. 1 Dilution curve of samples

各样品的测序量在不同测序深度时的微生物多样性指数构建曲线,以此反映各样本在不同测序数量时的微生物多样性. 当曲线趋向平坦时,说明测序数据量足够大,可以反映样品中绝大多数的微生物物种信息. 由图 2 可知,随着测序深度的增加 8 个样品的 Shannon 指数曲线数值升高直至平滑,表明此时的测序深度足以覆盖样品中的大部分微生物即能基本反映尾水的微生物群落组成.

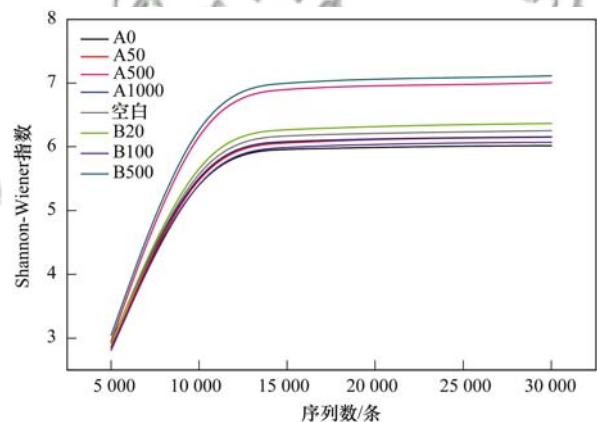


图 2 样品香农指数曲线

Fig. 2 Shannon-Wiener curves of samples

2.2 α 多样性分析

α 多样性是指一个特定区域或生态系统内的多样性,多样性指数是反映丰富度和均匀度的综合指标. 样品的丰富度指数 Chao、均匀度指数 ACE 和多样性指数 Simpson/Shannon 如表 1 所示.

Chao 和 ACE 是生态学中估计物种总数的常用指数,Chao/ACE 值越大群落丰富度越高, A、B 污水处理厂均在距排污口 500 m 处群落丰富度最高,除 A 污水处理厂出水口外,其余取样点群落丰富度均高于空白海水样品; A 污水处理厂群落丰富度随距排污口距离增加而增大,但在距排污口 1000 m

处大幅度减小; B 污水处理厂群落丰富度随着距排污口距离增加而增大. Simpson/Shannon 值用来估算样品中微生物多样性, Simpson 指数值越大, 群落多样性越低, Shannon 指数值越大, 群落多样性越高, A、B 污水处理厂 Simpson 指数均在 0.93 ~ 0.97 之间; 除 A 污水处理厂出水 and 距排污口 50 m 处样品外, 其余样品群落多样性均高于空白样品; 500 m 处样品群落多样性最高; A 污水处理厂群落多样性随距排污口距离的增加而增大, 但在距排污口 1 000 m 处大幅度减小; B 污水处理厂群落多样性并未表现出明显的变化规律, 但 2 个污水处理厂群落多样性均出现先增大后减小的趋势.

表 1 尾水排海过程中细菌高通量测序 α 多样性指数

Table 1 The α diversity index of high-throughput sequencing in treated waste water discharges							
取样点	距排污口距离 /m	OTUs	覆盖率/%	Chao 指数	ACE 指数	Simpson 指数	Shannon 指数
A 污水处理厂	0	2 265	97.01	608	644	0.96	5.99
	50	2 550	95.48	743	902	0.94	6.03
	500	4 107	95.35	1 027	1153	0.97	6.92
	1 000	2 959	95.90	783	888	0.94	6.17
B 污水处理厂	20	2 741	96.29	753	753	0.93	6.23
	100	2 734	95.98	724	863	0.94	5.94
	500	4 111	97.01	1071	1379	0.97	7.06
浴场	空白	2 205	96.17	646	756	0.95	6.07

2.3 样品群落结构门水平分析

对春季 3 个研究区域样品的微生物群落结构进行门水平的分类统计, 如图 3. 两个污水处理厂尾水扩散过程及空白样品共检测出 25 个菌门, 其中 A 污水处理厂检测到 25 个菌门, B 污水处理厂检测到 21 个菌门, 空白海水样品检测到 20 个菌门, 样品细菌群落结构在门分类水平上具有较高的多样性, 主要包括变形菌门(Proteobacteria)、浮霉菌门(Planctomycetes)、疣微菌门(Verrucomicrobia)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)、梭杆菌门(Fusobacteria)、

纤维杆菌门(Fibrobacteres)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、厚壁菌门(Firmicutes)等. 变形菌门(Proteobacteria)相对丰度分别为 88.01%、94.70%、83.70%、88.31%、62.76%、93.73%、93.54%、66.11%, 均在 60% 以上, 表现出绝对优势. 拟杆菌门(Bacteroidetes)、厚壁菌门(Firmicutes)在两个污水处理厂中也均表现出优势. 厚壁菌门(Firmicutes)所占比例在两个污水处理厂均随着扩散距离的增大而减少; A 污水处理厂, 纤维杆菌门(Fibrobacteres)所占比例随距离增大而降

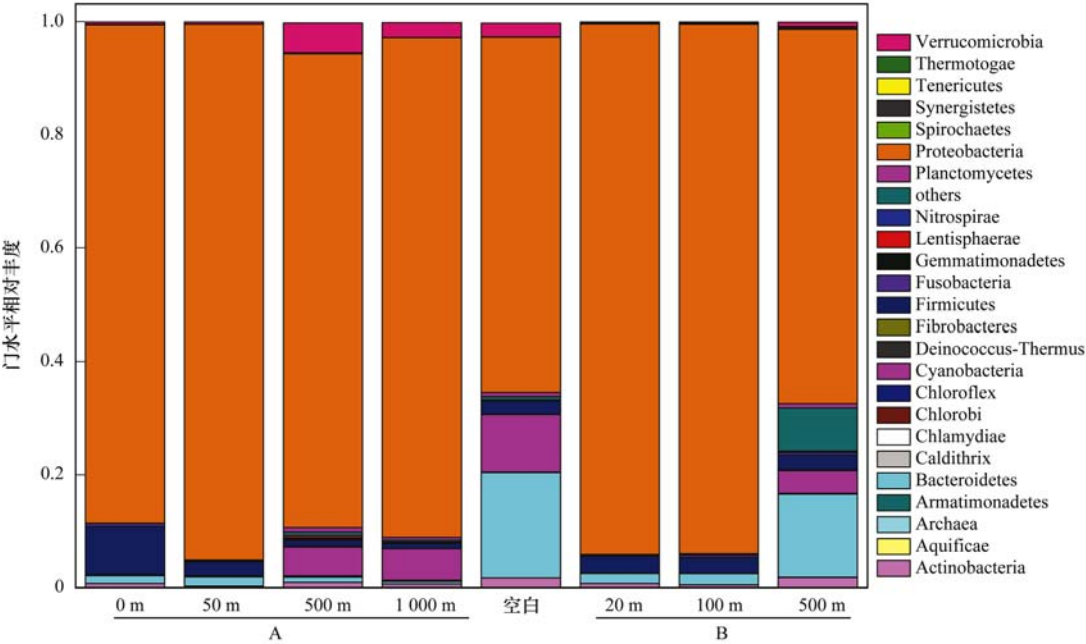


图 3 样品微生物群落结构门水平相对丰度分布

Fig. 3 Relative abundance of microbial community structure by phyla

低; B 污水处理厂, 变形菌门(Proteobacteria)所占比例随距离增大而降低, 而拟杆菌门(Bacteroidetes)、梭杆菌门(Fusobacteria)、浮霉菌门(Planctomycetes)、螺旋体门(Spirochaetes)、疣微菌门(Verrucomicrobia)所占比例均随距离增大而升高; 其他菌门在 A、B 两污水处理厂中均未表现出明显的规律性变化。

2.4 样品群落结构纲水平分析

对春季 3 个研究区域样品的微生物群落结构进行纲水平的分类统计, 如图 4。两个污水处理厂尾水扩散过程及空白样品共检测出 62 个菌纲, 其中 A 污水处理厂检测到 41 个菌纲, B 污水处理厂检测到 58 个菌纲, 空白海水样品检测到 41 个菌纲。A 污水处理厂检测到的 Synergistia 和 Leptospirales

在空白样品中并未发现; B 污水处理厂检测到的 Aquificales、Brocadiae、Chloracidobacteria 等 21 个菌纲在空白样品中并未发现。α-Proteobacteria、β-Proteobacteria、γ-Proteobacteria 在两水厂中表现出绝对优势。不同菌纲在 A、B 两污水处理厂的扩散规律表现出明显差异, Clostridia、Bacteroidia、Acidimicrobiia 等 7 个菌纲出现明显的扩散现象, 随着扩散距离的增大而减少; Einococci、Gemmatimonadetes、Nitrospira 等 14 个菌纲则随着扩散距离的增大而增大; 其他菌纲在 A、B 两污水处理厂中均未表现出明显的规律性变化。经过扩散稀释后, A 污水处理厂有 15 个菌纲相对丰度高于空白样品, B 污水处理厂则仍有 41 个菌纲相对丰度高于空白样品。

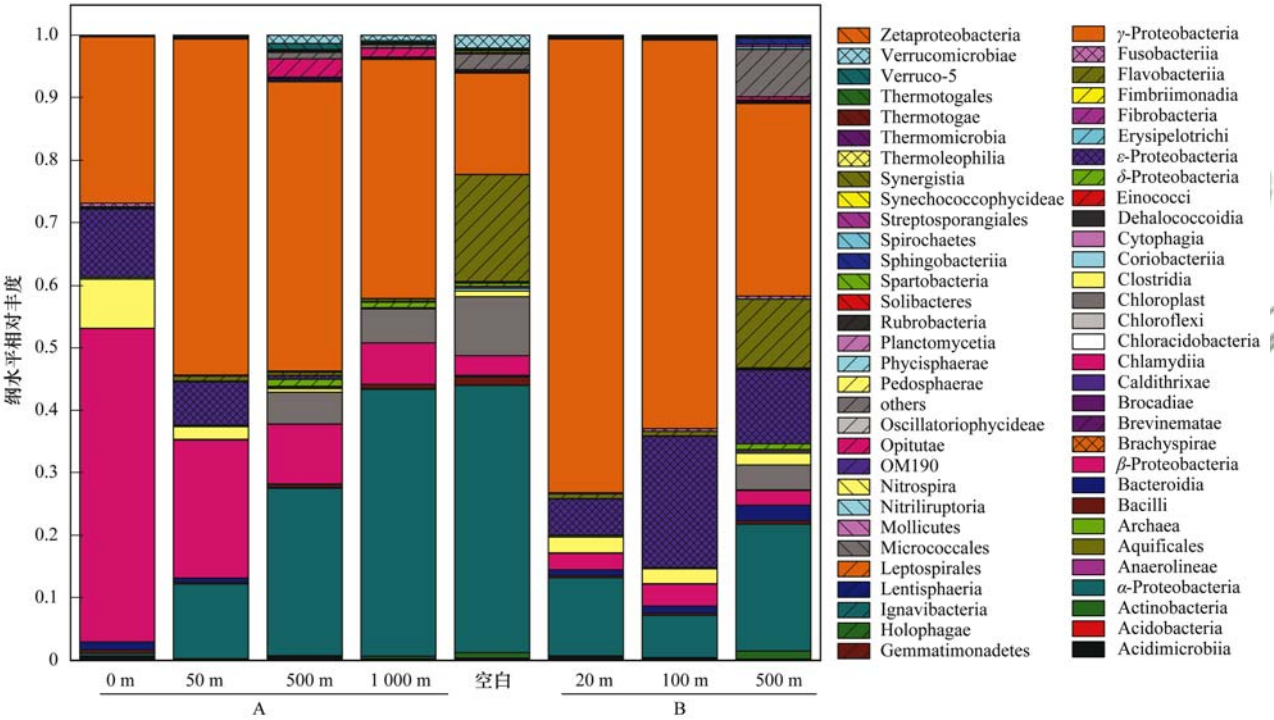


图 4 样品微生物群落结构纲水平相对丰度分布

Fig. 4 Relative abundance of microbial community structure by classes

2.5 样品微生物群落结构种水平分析

本文针对相对丰度大于 1% 的优势菌种进行分析, 如图 5。两个污水处理厂尾水扩散过程及空白样品共检测出优势菌种 53 种, 其中 A 污水处理厂检测出 28 种, B 污水处理厂检测出 32 种, 空白样品检测出 7 种, 相较于直接排海, 先排河后排海方式的微生物群落丰富度更高。Planktomarina temperata 在空白样品中相对丰度达到 14.31%, 表现出绝对优势; A 污水处理厂, Listonella anguillarum、Octadecabacter antarcticus 分别在距排

污口 50 m 和 1 000 m 处表现出相对优势, 相对丰度分别为 18.51% 和 20.99%; B 污水处理厂, Pseudoalteromonas haloplanktis 在距排污口 20 m、100 m 处表现出相对优势, 相对丰度分别为 22.25% 和 15.04%; 除了这 4 种菌外, 其余菌种相对丰度均小于 15%。A 污水处理厂有 11 种菌随扩散规律的增大而降低, 5 种菌随扩散规律的增大而升高; B 污水处理厂有 8 种菌随扩散规律的增大而降低, 12 种菌随扩散规律的增大而升高; 其他菌种并未随扩散距离表现出明显的规律性变化。经过扩散稀释后,

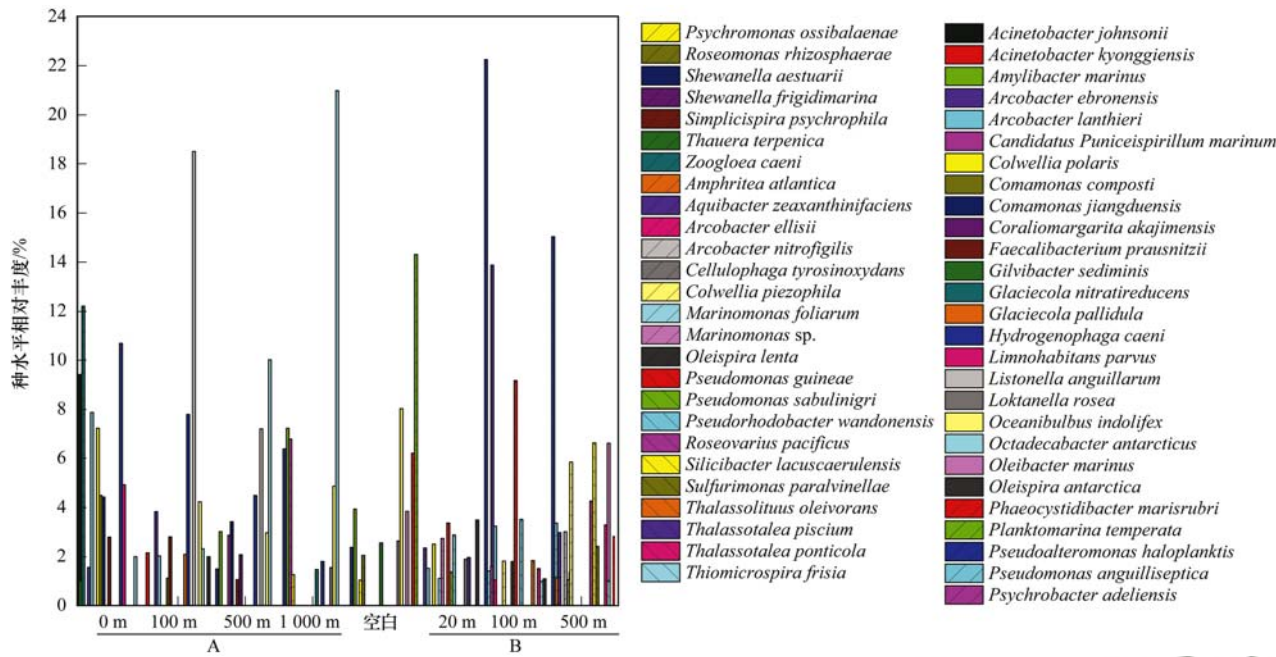


图 5 样品微生物群落结构种水平相对丰度大于 1% 分布

Fig. 5 Relative abundance of microbial community structure by genus for those at >1% abundance

A 污水处理厂有 7 种菌相对丰度仍高于空白样品, B 污水处理厂则仍有 13 种.

3 讨论

本文采用 Illumina MiSeq 高通量测序技术对不同排海方式排污口废水的细菌扩散规律进行研究, 发现变形菌门 (Proteobacteria) 相对丰度在 A、B 两污水处理厂中均大于 60%, 成为绝对优势菌门, 这与刘晓辉等在长江口及邻近海域表层海水发现的细菌群落结构相符^[13], 但与另外两优势菌门拟杆菌门 (Bacteroidetes)、厚壁菌门 (Firmicutes) 在海域表层海水中存在较少的现象有显著差异. 对比同一污水处理厂不同扩散距离可以发现, 优势菌门所占比例随着扩散距离的增大整体呈下降趋势; 比较 A、B 两污水处理厂发现, B 污水处理厂中存在少量古菌 (Archaea) 和热袍菌门 (Thermotogae), 造成这些现象的主要原因可能是尾水中含有大量的污水处理相关菌, 如脱氮除磷类细菌. 而变形菌门 (Proteobacteria) 细菌都为革兰氏阴性菌, 大量与氮循环相关的微生物都分布在变形菌门 (Proteobacteria)^[14], 其包括多种代谢种类, 大多数细菌营兼性或专性厌氧, 极少数好氧. 本研究中 A、B 两污水处理厂特有的好-厌氧工艺流程为微生物的生长提供了多样性的兼性有氧环境, 适宜变形菌的生长^[15]. 拟杆菌门 (Bacteroidetes) 作为另一优势菌群, 多数是化能有机营养细菌, 与污水的降解极

为密切, 主要降解复杂的有机物, 如拟杆菌能将淀粉、纤维素等水解为单糖, 进一步降解为乳糖、乙酸、甲酸等^[16]. 厚壁菌门 (Firmicutes) 中存在芽孢杆菌属 (*Bacillus* spp.) 等存在与污水处理有关的好氧反硝化菌, 且已有研究证实厚壁菌门 (Firmicutes) 广泛存在于粪便样品中^[17], 与 A、B 两污水处理厂中生活污水来源密切相关. 因此, 在排海过程中的扩散作用下其细菌浓度逐渐降低, 在每个样品中的占比随着扩散距离的增大整体呈下降趋势. 蓝藻菌门 (Cyanobacteria) 等出现随扩散距离增大整体上升的趋势, 则是由于其在自然水体中浓度更高造成的. B 污水处理厂中特有的古菌 (Archaea) 属于超嗜热微生物, 最适生长温度在 80 ~ 110℃^[18], 热袍菌门 (Thermotogae) 是一类嗜热微生物^[19], 这类菌门的存在可能与该厂的沼气发电工艺有关.

A、B 两污水处理厂中的优势菌纲均集中在变形菌门 (Proteobacteria), 主要由 α -变形菌纲 (α -Proteobacteria)、 β -变形菌纲 (β -Proteobacteria)、 γ -变形菌纲 (γ -Proteobacteria)、 ε -变形菌纲 (ε -Proteobacteria) 组成, 符合两种污水处理工艺中微生物群落结构的研究结果^[20]; 但是, 除优势菌纲外的其他大部分菌纲丰度极低, 这与尾水排放口附近的微生物群落结构组成存在一定差异^[21]. 优势菌纲中的 β -变形菌纲、 γ -变形菌纲、 ε -变形菌纲随扩散距离的增大整体呈下降趋势, 而 α -变形菌纲随扩散

距离的增大整体呈上升趋势. 造成这些变化的主要原因可能是 γ -变形菌纲、 β -变形菌纲多为兼具呼吸/发酵代谢方式的兼性异氧菌, 是污水处理系统中 COD 降解的主要参与者. ε -变形菌纲包括严格厌氧的一些种类, 同样具有降解 COD 的功能. 这类病原菌均来自污水处理流程, 由尾水排海引入. 因此, 越靠近排海口其丰度越高, 反之, 随着排海过程的扩散作用其细菌浓度逐渐降低, 使其在每个样品中的占比随扩散距离的增大整体呈下降趋势. 而 α -变形菌纲的细菌大多与动植物共生, 且广泛存在于海洋环境中. 因此, 该纲类细菌受尾水中其他微生物影响越小, 其在样品中的丰度越会增大. 除优势菌纲外的其他大部分菌纲数量从另一方面再次验证了尾水中的优势菌纲对受纳水体生物多样性造成的影响. 另外, 在 A 污水处理厂发现 3 种特定菌纲, B 污水处理厂发现 19 种特定菌纲, 说明不同污水处理工艺导致出水微生物群落结构差异, 因此不同地区应根据处理水来源、受纳水体特点选择适合的污水处理工艺. 空白水样存在的 Nitiliruptoria 在 A、B 污水处理厂中均未被发现, 之前在对南海深海沉积物的研究中 Nitiliruptoria 也曾被发现^[22], 表明其是深海一种特定菌群, 生活污水中并不存在.

A、B 污水处理厂中检测到大部分细菌在空白样品中并不存在. 其中仅在 A 污水处理厂检测到的 *Octadecabacter antarcticus* 随扩散距离的增大整体呈上升趋势, 出现这种反常现象的原因可能是因为该细菌主要附着并仅存在于海洋中的海藻植物表面, 而相较于 B 污水处理厂先排河后排海的污水排放方式, A 污水处理厂的尾水是直接排海过程, 因此, 随着扩散距离海洋环境越来越远, 相对丰度便呈现上升的趋势; 而在空白样品中并未检测出该细菌, 可能是由于第二海水浴场属于旅游景点, 常年接待大量游客, 导致海藻植物的生存环境受到污染难以生存. 相较于 A 污水处理厂尾水直接排海方式, B 污水处理厂先排河后排海的尾水排放过程中微生物群落结构相对丰度更高, 由此可见, 尾水的直接排海使得微生物更易扩散. 另外, 两污水处理厂检测到一些与污水处理相关细菌如: 约氏不动杆菌 (*Acinetobacter johnsonii*) 具有较强的聚磷能力, 处理废水的除磷率可高达 68.88%^[23]; 其在出水口所有菌种中占比最高, 而在 50 m 处占比下降较明显, 500 m 采样点基本不再出现. 类似的还有氢噬胞菌属好氧兼性嗜氢自养菌 (*Hydrogenophaga caeni*), 以氧为末端电子受体的氧化型的糖代谢, 具有厌氧硝

酸盐呼吸、反硝化作用^[24]; *Simplicispira psychrophila* 能够以铵盐和谷氨酸盐作氮源, 有脱氮作用^[25]; *Arcobacter trophiarum* 具有还原硝酸盐, 参与反硝化, 可水解羟基吡啶乙酸的作用; *Desulfomicrobium baculatum* 属硫酸盐还原菌, 可降解硫酸盐. 这些细菌在出水口占比均大于扩散后的其他采样点, 既表明了污水处理工艺中污水处理相关菌的重要性, 同时也体现了海水的稀释净化作用.

尾水样品中存在一定量的致病菌和条件致病菌. 如对鱼类存在致病性的 *Pseudoalteromonas haloplanktis* 海洋细菌^[26]; 具有广泛的致病性的 *Listonella anguillarum*、*Shewanella aestuarii*、*Shewanella frigidimarina*、*Pseudomonas anguilliseptica* 等重要水产动物病原菌; 引起肺炎、脑膜炎、败血症等感染的 *Arcobacter ellisii*^[27]、引起持续性腹泻、恶心、呕吐的 *Arcobacter ebronensis*^[28]、引起呼吸道感染、败血症、重则死亡的 *Acinetobacter kyonggiensis*^[29] 等人类致病菌, 大部分病原菌随着海水的稀释作用能控制在正常范围内, 并不会对人类健康产生影响. 但值得指出的是, *Pseudomonas anguilliseptica* 经过海水的稀释作用后相对丰度仍然很高, 该菌被称为病鳗假单胞菌, 于 1972 年由日本学者 Wakabayashi 分离得到, 容易引起鳗鲡红点病, 目前已经发展成为日本鳗鲡最具毁灭性的病害之一^[30,31], 入侵海洋后会对海洋生态造成影响, 也会对海水养殖造成损失. 另外, A、B 两污水处理厂样品中均检测到弓形杆菌属 (*Arcobacter* spp.), 这与李江宇等^[32]、田园等^[33] 发现的弓形杆菌属是海水浴场和城市污水生物絮凝池活性污泥中的优势菌群的结果相符. 该菌属是一种人畜共患的食源性和水源性病原菌, 在自然界中广泛存在, 主要分离自猪肉、牛肉、禽肉等动物性食品和水体, 与人类和动物的腹泻、菌血症等疾病密切相关, 致病性与弯曲菌相当, 且比弯曲菌更易存活^[34]. 因此, 相关部门应加强尾水排放中对这两种细菌的重点监测, 并完善宣传工作建立民众的食品安全意识.

4 结论

(1) 直接排海尾水中细菌分布在 25 个门、41 个纲, 相对丰度大于 1% 的有 28 种; 先排河后排海尾水中细菌分布在 21 个门、58 个纲, 相对丰度大于 1% 的有 32 种, 变形菌门均占绝对优势, 直接排海方式中细菌的相对丰度低于先排河后排海方式, 优势菌门所占比例随扩散距离增大呈下降趋势.

(2) 两污水处理厂尾水中均检测到弓形杆菌属 (*Arcobacter* spp.), 与人类和动物腹泻、菌血症等疾病相关; 直接排海尾水中特有的 *Acinetobacter kyonggiensis* 可引起人类呼吸道感染、败血症等疾病; 先排河后排海尾水中特有的 *Pseudomonas anguilliseptica* 可对海水养殖产生危害。

参考文献:

- [1] 姜南, 李春丽, 周君, 等. 宁波陆源入海排污口优势菌群的数量、组成分析与研究[J]. 宁波大学学报(理工版), 2013, 26(2): 22-27.
Jiang N, Li C L, Zhou J, et al. Diversity and distribution of dominant bacteria nearby Ningbo land-based drainage discharge outlets[J]. Journal of Ningbo University (NESS), 2013, 26(2): 22-27.
- [2] 柯盛, 赵利容, 孙省利. 湛江湾陆源入海排污口海域 PAHs 分布特征及来源[J]. 海洋环境科学, 2014, 33(1): 71-77.
Ke S, Zhao L R, Sun S L. Distribution characteristics and sources of PAHs in sea water of the land-based outlet of Zhanjiang bay[J]. Marine Environmental Science, 2014, 33(1): 71-77.
- [3] 马新东, 穆景利, 林忠胜, 等. 典型陆源入海排污对邻近海域富营养化及生物毒性的影响[J]. 中国环境监测, 2014, 30(1): 25-30.
Ma X D, Mu J L, Lin Z S, et al. The impact of sewage from typical land-based sources on the adjacent marine eutrophication and biological toxicity[J]. Environmental Monitoring in China, 2014, 30(1): 25-30.
- [4] 张崇森, 王晓昌, 周进宏, 等. 城市地表水中肠道病原微生物与粪便污染指示菌的关系研究[J]. 环境科学学报, 2012, 32(11): 2789-2794.
Zhang C M, Wang X C, Zhou J H, et al. Comparative study on enteric pathogens and their relations with fecal indicator bacteria in urban surface waters [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2012, 32(11): 2789-2794.
- [5] 沙远红, 李瑞杰, 肖千璐, 等. 不同污水排海方式对南通通州湾海域水质的影响[J]. 海洋环境科学, 2017, 36(5): 670-675.
Sha Y H, Li R J, Xiao Q L, et al. Effect of different sewage discharge methods on sea water quality of Tongzhou bay in Nantong[J]. Marine Environmental Science, 2017, 36(5): 670-675.
- [6] Pandey P K, Soupier M L, Haddad M, et al. Assessing the impacts of watershed indexes and precipitation on spatial in-stream *E. coli* concentrations[J]. Ecological Indicators, 2012, 23: 641-652.
- [7] Mendonça A, Losada M Á, Reis M T, et al. Risk assessment in submarine outfall projects; the case of Portugal[J]. Journal of Environmental Management, 2013, 116: 186-195.
- [8] 刘永军, 张崇森, 王晓昌, 等. 通用引物 PCR 方法在地表水病原菌检测中的应用[J]. 环境科学研究, 2007, 20(2): 89-93.
Liu Y J, Zhang C M, Wang X C, et al. Application of pathogenic bacteria detection in surface water by universal primer PCR method[J]. Research of Environmental Sciences, 2007, 20(2): 89-93.
- [9] 刘永军, 张崇森, 王晓昌, 等. 环境水体中肠道病原细菌的定量 PCR 检测[J]. 环境科学, 2008, 29(5): 1175-1180.
Liu Y J, Zhang C M, Wang X C, et al. Detection of enteric pathogenic bacteria from surface waters by quantitative polymerase chain reaction (QPCR) [J]. Environmental Science, 2008, 29(5): 1175-1180.
- [10] 徐爱玲, 任杰, 宋志文, 等. 污水处理厂尾水细菌群落结构分析[J]. 环境科学, 2014, 35(9): 3473-3479.
Xu A L, Ren J, Song Z W, et al. Microbial community of municipal discharges in a sewage treatment plant [J]. Environmental Science, 2014, 35(9): 3473-3479.
- [11] 孙婷婷, 张崇森, 王晓昌, 等. 城市生活污水中志贺氏菌 ipaH 毒力基因的定量 PCR 检测[J]. 环境工程学报, 2013, 7(5): 1631-1635.
Sun T T, Zhang C M, Wang X C, et al. Quantitative detection of ipaH gene of *Shigella* in municipal wastewater by real-time PCR [J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2013, 7(5): 1631-1635.
- [12] 张家泉, 胡天鹏, 邢新丽, 等. 大冶湖表层沉积物-水中多环芳烃的分布、来源及风险评价[J]. 环境科学, 2017, 38(1): 170-179.
Zhang J Q, Hu T P, Xing X L, et al. Distribution, sources and risk assessment of the PAHs in the surface sediments and water from the Daye Lake[J]. Environmental Science, 2017, 38(1): 170-179.
- [13] 刘晓辉, 王健鑫, 王帅兵, 等. 长江口及邻近海域表层海水细菌多样性及群落结构[J]. 海洋与湖沼, 2015, 46(6): 1531-1541.
Liu X H, Wang J X, Wang S B, et al. Bacterial diversity and community structure in surface seawater of Changjiang River estuary and adjacent areas [J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2015, 46(6): 1531-1541.
- [14] 王佳楠, 石妍云, 郑力燕, 等. 石油降解菌的分离鉴定及 4 株芽胞杆菌种间效应[J]. 环境科学, 2015, 36(6): 2245-2251.
Wang J N, Shi Y Y, Zheng L Y, et al. Isolation and identification of petroleum degradation bacteria and interspecific interactions among four *Bacillus* strains [J]. Environmental Science, 2015, 36(6): 2245-2251.
- [15] de Leeuw M, Baron M, Brenner A, et al. Genome analysis of a novel broad host range Proteobacteria phage isolated from a bioreactor treating industrial wastewater [J]. Genes, 2017, 8(1): 40.
- [16] 王伸, 邓良伟, 徐则, 等. 猪场废水厌氧消化液好氧处理过程酸化改进及菌群结构变化[J]. 中国沼气, 2017, 35(2): 15-23.
Wang S, Deng L W, Xu Z, et al. Improvement in acidification during aerobic treatment of digested swine wastewater and its microbial community variation[J]. China Biogas, 2017, 35(2): 15-23.
- [17] 陈秀, 张晓君, 李沁元, 等. 454 焦磷酸测序分析几种哺乳动物粪便细菌多样性[J]. 微生物学报, 2015, 55(6): 683-690.
Chen X, Zhang X J, Li Q Y, et al. Diversity of faecal bacteria in several mammals by 454 High-throughput sequencing[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2015, 55(6): 683-690.
- [18] 高晓威, 唐晓峰, 唐兵. 超嗜热古菌的 ATP 非依赖型蛋白酶和肽酶研究进展[J]. 微生物学报, 2017, 57(9): 1373-

- 1382.
- Gao X W, Tang X F, Tang B. ATP-independent proteases and peptidases from *Hyperthermophilic archaea* [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2017, **57**(9): 1373-1382.
- [19] 乔江涛, 郭荣波, 袁宪正, 等. 玉米秸秆厌氧降解复合菌系的微生物群落结构[J]. *环境科学*, 2013, **34**(4): 1531-1539.
- Qiao J T, Guo R B, Yuan X Z, *et al.* Phylogenetic analysis of methanogenic corn stalk degrading microbial communities [J]. *Environmental Science*, 2013, **34**(4): 1531-1539.
- [20] 王琳, 肖娇玲, 窦娜莎. Biostyr 曝气生物滤池的沿程微生物多样性[J]. *环境工程学报*, 2016, **10**(11): 6283-6289.
- Wang L, Xiao J L, Dou N S. Microorganism characteristics along Biostyr biological aerated filter [J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2016, **10**(11): 6283-6289.
- [21] Yang Y, Wang X, Shi J F, *et al.* The influence of the discharging sewage on microbial diversity in sludge from Dongting Lake [J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2012, **28**(2): 421-430.
- [22] 王晶晶, 陈志荣, 官颖颖, 等. 南海深海沉积物放线菌多样性分析[J]. *微生物学通报*, 2016, **43**(7): 1438-1447.
- Wang J J, Chen Z R, Guan Y Y, *et al.* Actinobacterial diversity in the deep-sea sediments of the South China Sea [J]. *Microbiology China*, 2016, **43**(7): 1438-1447.
- [23] Tian S J, Ali M, Xie L, *et al.* Genome-sequence analysis of *Acinetobacter johnsonii* MB44 reveals potential nematode-virulent factors[J]. *SpringerPlus*, 2016, **5**(1): 986.
- [24] Chang J S, Song J, Kim I S, *et al.* Eco-friendly remediation and odor control of a contaminated urban stream using beneficial microorganisms[J]. *The Korean Journal of Microbiology*, 2015, **51**(4): 389-397.
- [25] Fernandes M R, Pimenta A D. The multispiral protoconch of *Strobiligera torticula* (Dall, 1881) comb. nov. (Gastropoda, Triphoridae)[J]. *Journal of Conchology*, 2015, **42**(2): 213-216.
- [26] Parrilli E, Ricciardelli A, Casillo A, *et al.* Large-scale biofilm cultivation of Antarctic bacterium *Pseudoalteromonas haloplanktis* TAC125 for physiologic studies and drug discovery [J]. *Extremophiles*, 2016, **20**(2): 227-234.
- [27] Ziegler V, Vanier N L, Ferreira C D, *et al.* Changes in the bioactive compounds content of soybean as a function of grain moisture content and temperature during long-term storage[J]. *Journal of Food Science*, 2016, **81**(3): H762-H768.
- [28] Levican A, Rubio-Arcos S, Martinez-Murcia A, *et al.* *Arcobacter ebronensis* sp. nov. and *Arcobacter aquimarinus* sp. nov., two new species isolated from marine environment[J]. *Systematic and Applied Microbiology*, 2014, **38**(1): 30-35.
- [29] Al Atrouni A, Joly-Guillou M L, Hamze M, *et al.* Reservoirs of non-*baumannii* *Acinetobacter* species [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, **7**: 49.
- [30] Kang B J, Dharaneedharan S, Jang Y H, *et al.* Detection of *Pseudomonas anguilliseptica* from Olive flounder *Paralichthys olivaceus* using real-time PCR with a TaqMan fluorescent probe [J]. *Fish Pathology*, 2015, **50**(1): 1-7.
- [31] Sindhu M R, Potty V P. Biodegradation of cashew nut shell liquid by *Delftia acidovorans* and *Pseudomonas Aeruginosa* isolated from marine environment[J]. *International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology*, 2015, **8**(4): 837-846.
- [32] 李江宇, 樊景凤, 穆贵强, 等. 利用 PCR-DGGE 分析海水浴场细菌多样性[J]. *海洋环境科学*, 2013, **32**(4): 523-528.
- Li J Y, Fan J F, Mu G Q, *et al.* Analysis of bacterial community diversity of marine bathing beach water by PCR-DGGE [J]. *Marine Environmental Science*, 2013, **32**(4): 523-528.
- [33] 田园, 段亮, 宋永会, 等. 不同污泥龄膜生物反应器内微生物的群落结构特征[J]. *环境科学研究*, 2015, **28**(3): 453-459.
- Tian Y, Duan L, Song Y H, *et al.* Characteristics of microbial community structure in membrane reactors under different solid retention times[J]. *Research of Environmental Sciences*, 2015, **28**(3): 453-459.
- [34] 毕水莲, 孟赫诚. 致病性弓形杆菌属生物学特性及诊断研究进展[J]. *现代食品科技*, 2013, **29**(1): 211-214.
- Bi S L, Meng H C. Biological characteristics and diagnoses of pathogenic *Arcobacter* species [J]. *Modern Food Science and Technology*, 2013, **29**(1): 211-214.

CONTENTS

Estimation of Fine Particle ($PM_{2.5}$) Emission Inventory from Cooking: Case Study for Shanghai	WANG Hong-li, JING Sheng-ao, LOU Sheng-rong, <i>et al.</i> (1971)
Chemical Characterization, Spatial Distribution, and Source Identification of Organic Matter in $PM_{2.5}$ in summertime Shanghai, China	GAO Ya-qin, WANG Hong-li, JING Sheng-ao, <i>et al.</i> (1978)
Seasonal Variation and Source Analysis of Water-soluble Inorganic Salts in $PM_{2.5}$ in the Southern Suburbs of Beijing	GAO Han-yu, WEI Jing, WANG Yue-si (1987)
Characteristics and Source Apportionment of Water-soluble Inorganic Ions in Road Dust $PM_{2.5}$ During Spring in Tianjin Using the Quadrat Sampling Method	ZHAO Jing-qi, JI Ya-qin, ZHANG Lei, <i>et al.</i> (1994)
HONO Pollution Characteristics and Nighttime Sources During Autumn in Guangzhou, China	TIAN Zhi-lin, YANG Wen-da, YU Xiao-fang, <i>et al.</i> (2000)
Sulfur Sources and Oxidation Pathways in Summer Aerosols from Nanjing Northern Suburbs Using S and O Isotopes	HAN Xun, REN Jie, CHEN Shan-li, <i>et al.</i> (2010)
Methods for Determining and Applications of High-Resolution Vehicle Emission Inventory at County Scale	FAN Shou-bin, GUO Jin-jin, LI Xue-feng (2015)
Characteristics of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons Emitted from Typical Industrial Biomass Boilers	LIN Yu-jun, BAI Li, WANG Huan-xiang, <i>et al.</i> (2023)
Research of Parameter Uncertainty for the HSPF Model Under Different Temporal Scales	PANG Shu-jiang, WANG Xiao-yan, MA Wen-jing (2030)
Contribution of Nitrogen Sources in Water Sources by Combining Nitrogen and Oxygen Isotopes and SIAR	JIN Zan-fang, ZHANG Wen-liao, ZHENG Qi, <i>et al.</i> (2039)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Volatile Organic Compounds in Baiyangdian Lake	GAO Qiu-sheng, ZHAO Yong-hui, JIAO Li-xin, <i>et al.</i> (2048)
Fluorescent Characteristics and Environmental Significance of Particulate Organic Matter in Lake Taihu, China	LÜ Wei-wei, YAO Xin, ZHANG Bao-hua, <i>et al.</i> (2056)
Distribution and Settlement of Microplastics in the Surface Sediment of Yangtze Estuary	ZHU Xiao-tong, YI Jun, QIANG Li-yuan, <i>et al.</i> (2067)
Water Chemistry and Characteristics of Dissolved Organic Carbon During the Wet Season in Wulixia Reservoir, SW China	LU Xiao-xuan, LI Qiang, JIN Zhen-jiang, <i>et al.</i> (2075)
Bioavailability of Dissolved Organic Carbon in Rivers for Typical Vegetation Types in the Permafrost Regions on the Qinghai-Tibet Plateau	MA Xiao-liang, LIU Gui-min, WU Xiao-dong, <i>et al.</i> (2086)
Characteristics of Dissolved Organic Matter (DOM) and Relationship with Dissolved Heavy Metals in a Peri-urban and an Urban River	LIANG Meng-qi, SHAO Mei-ling, CAO Chang-li, <i>et al.</i> (2095)
Migration and Transformation of Dissolved Organic Matter in Karst Water Systems and an Analysis of Their Influencing Factors	ZHANG Lian-kai, LIU Peng-yu, QIN Xiao-qun, <i>et al.</i> (2104)
Source and Distribution of Dissolved Metal Ions in the Backwater Area of Pengxi River in Three Gorges Reservoir	ZHAO Xiao-song, YU Jian-jun, FU Li, <i>et al.</i> (2117)
Differences in Diffusive Fluxes of Nutrients from Sediment Between the Natural River Areas and Reservoirs in the Lancang River Basin	WANG Xue, CHENG Bao, YANG Zheng-jian, <i>et al.</i> (2126)
Nutrient Distribution Characteristics of the Sediment-water System in the Xiangxi River During the Impoundment of TGR	SU Qing-qing, LIU De-fu, JI Dao-bin, <i>et al.</i> (2135)
Effects of Submerged Macrophytes on Different Phosphorus Fractions in Overlying Water and Interstitial Water	YANG Wen-bin, GAO Shun-feng, WAN Rui, <i>et al.</i> (2145)
Distribution Characteristics and Fluxes of Nitrogen and Phosphorus at the Sediment-water Interface of Yuqiao Reservoir	WEN Shuai-long, GONG Wan-qing, WU Tao, <i>et al.</i> (2154)
Distribution of Phosphorus Fractions in Surface Sediments of Minjiang Mainstreams	YANG Geng, QIN Yan-wen, HAN Chao-nan, <i>et al.</i> (2165)
Nitrate Uptake Kinetics and Correlation Analysis in an Agricultural Drainage Ditch	LI Ru-zhong, YIN Qi-he, GAO Su-di, <i>et al.</i> (2174)
Influencing Factors for Phosphorus Removal by Modified Bio-ceramic Substrates Coated with ZnAl-LDHs Synthesized by Different Modification Conditions	XIANG Yang, ZHANG Xiang-ling, LEI Yu, <i>et al.</i> (2184)
Removal of Odorants in Drinking Water Using VUV/Persulfate	SUN Xin, SHI Lu-xiao, ZHANG Yi, <i>et al.</i> (2195)
Degradation of OG with Peroxymonosulfate Activated by a $MnFe_2O_4$ -graphene Hybrid	XIA Wen-jun, LIU Feng, HAO Shang-bin, <i>et al.</i> (2202)
Mechanism of As(V) Removal from Water by Lanthanum and Cerium Modified Biochars	LI Jin, ZU Yan-qun, LI Gang, <i>et al.</i> (2211)
Adsorption of Dissolved Organic Matter with Different Relative Molecular Masses on Inorganic Minerals and Its Influence on Carbamazepine Adsorption Behavior	LIANG Yu, HE Jiang-tao, ZHANG Si (2219)
Pollution Characteristics of Organophosphorus Flame Retardants in a Wastewater Treatment Plant	SUN Jia-wei, DING Wei-nan, ZHANG Zhan-en, <i>et al.</i> (2230)
Enhanced Coagulation as a Pretreatment for Low Temperature Wastewater	LIU Hai-long, REN Yu-xia, ZHANG Zhong-min (2239)
Operating Characteristics and Fouling Characteristics of a RO Membrane System for Desalination of Dyeing Wastewater	TAN Yu-jun, ZHANG Ze-tian, WU Qian-yuan, <i>et al.</i> (2249)
Optimization of the Nitrogen Removal Performance on the CANON Process in a Biofilm Reactor: From FBBR to MBBR	FU Kun-ming, LI Hui, ZHOU Hou-tian, <i>et al.</i> (2256)
Microbial Community Dynamics During Two Sludge Granulation Processes	GAO Jing-feng, ZHANG Li-fang, ZHANG Shu-jun, <i>et al.</i> (2265)
Sludge Conditioning Performance of Polyaluminum, Polyferric, and Titanium Xerogel Coagulants	WANG Xiao-meng, WANG Xin, YANG Ming-hui, <i>et al.</i> (2274)
Effects of Heat and Heat-alkaline Treatments on Disintegration and Dissolved Organic Matter in Sludge	DAI Qin, ZHANG Wen-zhe, YU Pan-fen, <i>et al.</i> (2283)
Effect of Different Ratios of Anaerobic Time and Aeration Time on the Formation of Partial Nitrification Granules	LI Dong, GUO Yue-zhou, CAO Mei-zhong, <i>et al.</i> (2289)
Spatial and Temporal Variation of Mercury in Municipal Sewage Sludge in China	WANG Ning, LIU Qing-wei, ZHI Yin, <i>et al.</i> (2296)
Characteristics of N_2O Release and Influencing Factors in Grass-type and Algae-type Zones of Taihu Lake During Summer	ZHENG Xiao-lan, WEN Shuai-long, LI Xin, <i>et al.</i> (2306)
Analysis of Greenhouse Gas Emission Characteristics and Their Influencing Factors in the Algae Zone of Lake Taihu	JIA Lei, PU Yi-ni, YANG Shi-jun, <i>et al.</i> (2316)
Dynamics of CO_2 and N_2O in Seasonal Frozen Soil Profiles for a Typical Steppe in Inner Mongolia	LI Jin-bo, YAO Nan, LI Xiu, <i>et al.</i> (2330)
Characteristics of CO_2 Flux in a Mature Apple (<i>Malus domestica</i>) Orchard Ecosystem on the Loess Plateau	YANG Jian-feng, YANG Xiao-ni, WANG Jun-hua, <i>et al.</i> (2339)
Effects of Biochar Application Rates on Greenhouse Gas Emissions in the Purple Paddy Soil	QI Le, GAO Ming, GUO Xiao-min, <i>et al.</i> (2351)
Short-Term Effects of Different Fertilization Treatments on Greenhouse Gas Emissions from Northeast Black Soil	LI Ping, LANG Man, LI Miao, <i>et al.</i> (2360)
Eukaryotic Micro-plankton Community Diversity and Characteristics of Regional Distribution in the Yellow Sea by ITS High-throughput Sequencing	ZHANG Li, LIN Jia-ning, ZHANG Yuan, <i>et al.</i> (2368)
Influence of Different Patterns of Discharge on Microbial Diffusion in Municipal Treated Wastewater	LANG Xiu-lu, SONG Zhi-wen, XU Ai-ling, <i>et al.</i> (2380)
Impact of Tourism on Bacterial Communities of Karst Underground River: A Case Study from Two Caves in Fengdu, Chongqing	LÜ Xian-fu, HE Qiu-fang, WANG Feng-kang, <i>et al.</i> (2389)
Diversity of the Microbial Community in Rice Paddy Soil with Biogas Slurry Irrigation Analyzed by Illumina Sequencing Technology	ZHU Jin-shan, ZHANG Hui, MA Lian-jie, <i>et al.</i> (2400)
Effect of Biochar Amendment on Physicochemical Properties and Fungal Community Structures of Cinnamon Soil	YAN Hai-tao, YIN Quan-yu, DING Song-shuang, <i>et al.</i> (2412)
Carbon Metabolism Characteristics of the Karst Soil Microbial Community for Pb-Zn Mine Tailings	FANG Jun-jia, LI Qiang, LIU Chang, <i>et al.</i> (2420)
Denitrification Characteristics and Community Structure of Aerobic Denitrifiers from Lake and Reservoir Sediments	KANG Peng-liang, ZHANG Hai-nan, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (2431)
Investigation of the Coupling Mechanism between Naphthalene Degradation and Denitrification of a Naphthalene Degraded Bacterial Consortium Under Denitrification	ZHANG Ze-yu, WANG Ming-xia, CHENG Yong-yi, <i>et al.</i> (2438)
Spatial Distribution Study and Pollution Assessment of Pb in Soils in the Xijiang River Drainage of Guangxi	ZHANG Yun-xia, SONG Bo, CHEN Tong-bin, <i>et al.</i> (2446)
Effects of Agricultural Activities on Soil Mercury Changes in the Water-Level-Fluctuating Zone of the Three Gorges Reservoir	CHEN Qiu-yu, SUN Song, YIN De-liang, <i>et al.</i> (2456)
Screening and Identification of Arsenic-resistant Endophytic Bacteria from Different Rice Tissues (<i>Oryza sativa</i> L.) in Different Growth Stages	WANG Bo-xun, WANG Xue-dong, DUAN Gui-lan (2464)
Characteristics of Mercury Transformation in Soil and Accumulation in Rice Plants in an Acidic Purple Paddy Soil Area	LI Yu-qin, SUN Tao, DENG Han, <i>et al.</i> (2472)
Life Cycle Environmental Impact Assessment on Different Modes of Greenhouse Vegetable Production in the North China Plain	XU Qiang, HU Ke-lin, LI Ji, <i>et al.</i> (2480)
Health Effects of $PM_{2.5}$ Based on Bacterial Toxicity Test and Transcriptional Analysis in Lungs of Mice	SONG Peng-cheng, LU Shu-yu, WEI Yong-jie, <i>et al.</i> (2489)
Socio-economic Factors Influencing the Spatial Distribution of $PM_{2.5}$ Concentrations in China: An Exploratory Analysis	DUAN Jie-xiong, ZHAI Wei-xin, CHENG Cheng-qi, <i>et al.</i> (2498)