

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

- 主办 中国科学院生态环境研究中心
- 出版 科学出版社



2019

Vol.40 No.8
第40卷 第8期

目次

2016年京津冀地区红色预警时段PM_{2.5}污染特征与浓度控制效果 张冲, 郎建奎, 程水源, 王晓琦 (3397)

北京地区秋冬季大气污染特征及成因分析 徐冉, 张恒德, 杨孝文, 程水源, 张天航, 江琪 (3405)

合肥市PM_{2.5}和PM₁₀中元素组成特征及重污染成因分析 刘可可, 张红, 刘桂建 (3415)

濮阳市秋冬季大气细颗粒物污染特征及来源解析 陈楚, 王体健, 李源昊, 马红磊, 陈璞琬, 王德羿, 张元勋, 乔琦, 李光明, 王文红 (3421)

关中地区细颗粒物碳组分特征及来源解析 康宝荣, 刘立志, 刘焕武, 李养养, 艾双双, 曹宁, 雷颖 (3431)

长春秋季节细颗粒物中有机气溶胶组成特征及来源 吴瑕, 曹芳, 翟晓瑶, 范美益, 张世春, 章炎麟 (3438)

中国城市扩张及空间特征变化对PM_{2.5}污染的影响 王桂林, 张炜 (3447)

不同湿法脱硫工艺对燃煤电厂PM_{2.5}排放的影响 邓建国, 马子珍, 李振, 段雷, 蒋靖坤 (3457)

浙江省合成革行业挥发性有机物污染特征及排放系数 徐佳琦, 王浙明, 宋爽, 徐志荣, 姚轶 (3463)

生活垃圾填埋场细菌气溶胶粒径分布及种群特征 马嘉伟, 杨凯雄, 柴风光, 王莹, 郭雪松, 李琳 (3470)

青岛近海生物气溶胶中总微生物的分布特征 官静, 祁建华, 李鸿涛 (3477)

广州饮用水水源地多环芳烃分布、来源及人体健康风险评价 宋玉梅, 王畅, 刘爽, 潘佳钊, 郭鹏然 (3489)

截污调水后滇池表层沉积物中16种PAHs的分布特征 胡昕怡, 高冰丽, 陈坦, 王洪涛, 金军, 饶竹, 朱雪芹, 王雪郡, 魏抱楷, 战楠, 刘彦廷, 戚敏 (3501)

黄河三角洲石油开采区盐渍化农田土壤多环芳烃的分布特征与源解析 邱慧, 刘月仙, 解小凡, 张萌, 王伟 (3509)

风场对太湖梅梁湾水华及营养盐空间分布的影响 余茂蕾, 洪国喜, 朱广伟, 权秋梅, 许海, 朱梦圆, 丁文浩, 李未, 吴挺峰 (3519)

向家坝水库营养盐时空分布特征及滞留效应 王耀耀, 吕林鹏, 纪道斌, 方海涛, 朱晓声, 张庆文, 霍静, 何金艳 (3530)

外源输入对底泥疏浚新生表层磷恢复及迁移的影响 李鑫, 耿雪, 王洪伟, 龚琬晴, 文帅龙, 钟继承, 李大鹏 (3539)

新疆喀什三角洲地下水SO₄²⁻化学特征及来源 魏兴, 周金龙, 乃尉华, 曾妍妍, 范薇, 李斌 (3550)

黄土区洛川塬地下水化学特征及影响因素分析 李洲, 李晨曦, 华琨, 李志 (3559)

北京市河流秋季浮游动物群落特征分析 王海邻, 刘玉飞, 任玉芬, 贺玉晓, 王思琪, 张红星, 王效科, 李紫鑫 (3568)

三峡水库干流底栖硅藻群落组成及其与环境因子的关系 刘黎, 贺新宇, 付君珂, 杨燕君, 米文梅, 施军琼, 吴忠兴 (3577)

渭河流域水体细菌群落的环境响应及生态功能预测 万甜, 何梦夏, 任杰辉, 闫幸幸, 程文 (3588)

汾河下游水体nirS型反硝化细菌群落组成与无机氮关系 汪银龙, 冯民权, 董向前 (3596)

饮用水快速砂滤池优势微生物群落的代谢功能解析 胡万超, 赵琛, 王巧娟, 刘锐平, 柏耀辉 (3604)

基于污水厂污泥资源化利用的粗放型绿色屋顶水质控制效果 彭航宇, 李田, 齐悦, 何云鹏, 黄楚玉, 张卓然 (3612)

植被对绿色屋顶径流量和水质影响 章孙逊, 张守红, 张英, 吴思婷 (3618)

光催化/活性炭/纳滤组合工艺处理二级出水及对膜污染的控制 范科文, 李星, 杨艳玲, 周志伟 (3626)

多种材料对水中氨氮的吸附特性 焦巨龙, 杨苏文, 谢宇, 金位栋, 闫玉红, 徐彬 (3633)

不同氨氮浓度对4株常见藻株生长及酶活性的影响 常婷, 许智慧, 程鹏飞, 徐继林, 周成旭 (3642)

3种基质材料对高浓度养殖废水处理效果及降解过程 刘铭羽, 夏梦华, 李远航, 陈坤, 赵聪芳, 李希, 李裕元, 吴金水 (3650)

铝污泥酸化提取液改性沸石的除磷特性及机制 韩芸, 胡玉洁, 连洁, 杨思哲, 齐泽宁 (3660)

缺氧MBBR耦合部分厌氧氨氧化强化城市生活污水深度脱氮 杨岚, 彭永臻, 李健伟, 高锐涛, 王茗, 李夕耀 (3668)

连续流系统中好氧段及沉淀段对污泥及其缺氧段脱氮能力的影响 薛欢婷, 袁林江, 刘小博, 孙恒锐 (3675)

FeS自养反硝化与厌氧氨氧化的耦合脱氮机制 马景德, 潘建新, 李泽敏, 王一显, 吴海珍, 韦朝海 (3683)

ANAMMOX体系中氨与硫酸盐的同步转化条件 董石语, 毕贞, 张文静, 黄勇 (3691)

全国城市污水处理厂中微生物群落的溯源分析 张冰, 吴林蔚, 文湘华 (3699)

不同溶解氧浓度下硝化工艺中微生物种群结构对比 刘文如, 顾广发, 宋小康, 杨殿海 (3706)

异养硝化细菌Acinetobacter junii NP1的同步脱氮除磷特性及动力学分析 杨奎, 陈宁, 任勇翔, 崔坤, 汪旭晖, 肖倩, 郭淋凯 (3713)

Type 0092丝状菌污泥微膨胀在短程硝化中的实现 高春娣, 安冉, 韩徽, 张娜, 任浩, 赵楠, 焦二龙, 彭永臻 (3722)

高盐高碱环境下硝化反硝化过程及N₂O产生特征 代伟, 赵剑强, 丁家志, 刘双 (3730)

生物炭对盐碱土壤氨挥发的影响 王一宇, 王圣森, 戴九兰 (3738)

两种土壤增效剂对稻田氨挥发排放的影响 周玉玲, 侯朋福, 李刚华, 王绍华, 杨林章, 薛利红, 丁艳锋 (3746)

承德市滦河流域土壤重金属地球化学基线厘定及其累积特征 孙厚云, 卫晓锋, 甘凤伟, 王恒, 何泽新, 贾凤超, 张竞 (3753)

厦门某旱地土壤垂直剖面中重金属迁移规律及来源解析 张炜华, 于瑞莲, 杨玉杰, 胡恭任, 崔建勇, 颜妍, 黄华斌 (3764)

宝鸡市区土壤重金属污染影响因子探测及其源解析 张军, 董洁, 梁青芳, 杨宁宁, 耿雅妮 (3774)

铁铈氧化物对土壤As(V)和P的稳定化效果 林龙勇, 阎秀兰, 杨硕 (3785)

铁锰氧化物在不同水分条件下对土壤As的稳定化作用 周海燕, 邓一荣, 林龙勇, 曹梦华, 钟立荣 (3792)

生物质炭对双季稻水稻土微生物生物量碳、氮及可溶性有机碳氮的影响 刘杰云, 邱虎森, 汤宏, 沈健林, 吴金水 (3799)

有机物料对紫色土微生物量碳、氮及氮素供应的影响 汪月, 张名豪, 赵秀兰 (3808)

土地利用方式对土壤团聚体稳定性和有机碳含量的影响 罗晓虹, 王子芳, 陆畅, 黄容, 王富华, 高明 (3816)

宁南山区退耕还林还草对土壤氮素组成及其转化酶活的影响 高涵, 肖礼, 牛丹, 倪银霞, 黄懿梅 (3825)

不同浸提剂条件下生物炭溶解性有机物的浸出规律 何晶晶, 张昊昊, 仇俊杰, 邵立明, 吕凡 (3833)

基于成组生物毒性测试的PM_{2.5}毒性 江晓栋, 薛银刚, 魏永, 许霞, 刘菲, 薛柯, 施昕澜, 顾铭 (3840)

《环境科学》征订启事(3587) 《环境科学》征稿简则(3595) 信息(3611, 3705, 3745)

渭河流域水体细菌群落的环境响应及生态功能预测

万甜, 何梦夏, 任杰辉, 闫幸幸, 程文

(西安理工大学水利水电学院, 西北旱区生态水利国家重点实验室, 西安 710048)

摘要: 流域水体中细菌群落多样性及其代谢功能研究对流域水污染整治及生态修复和水体健康评价具有重要价值. 基于 Illumina MiSeq 高通量测序技术研究渭河流域陕西境内综合治理后水体中细菌群落分布特性, 利用冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 方法分析了水体细菌群落与水环境因子的相关关系, 并采用 PICRUSt (phylogenetic investigation of communities by reconstruction of unobserved states) 方法预测和评价了渭河流域细菌群落生态功能. 研究结果显示, 变形菌门、放线细菌门、蓝藻门和拟杆菌门细菌是水体细菌群落中的主要菌门, 占整个细菌群落的相对丰度高达 85%, 这类细菌与水体中的 TP、 NO_2^- -N、 NO_3^- -N 和 TN 呈显著的正相关关系 ($P=0.02 < 0.05$); 灞河入渭口下游 (S5) 细菌群落丰度最高, 皂河 (S4) 细菌群落丰度最低; 渭河流域水体致使人类患传染性疾病的可能性较大, 且对生物体内分泌系统有较大的影响. 本研究成果可为渭河流域水环境健康有序发展提供理论基础.

关键词: 渭河流域; 细菌群落; 多样性; 冗余分析 (RDA); 代谢功能

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2019)08-3588-08 DOI: 10.13227/j.hjkk.201810072

Environmental Response and Ecological Function Prediction of Aquatic Bacterial Communities in the Weihe River Basin

WAN Tian, HE Meng-xia, REN Jie-hui, YAN Xing-xing, CHENG Wen

(State Key Laboratory of Eco-hydraulic in Northwest Arid Region, Institute of Water Resources and hydro-electric Engineering, Xi'an University of Technology, Xi'an 710048, China)

Abstract: The diversity of bacterial communities and their metabolic function in the waters of the Weihe River Basin are of great significance for water pollution remediation, ecological restoration, and water quality assessment. Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology was applied to study the bacterial community distribution characteristics after the comprehensive treatment of the Shaanxi part of the Weihe River Basin. Furthermore, the correlation between the bacterial communities and environmental factors was analyzed by redundancy analysis (RDA), and the PICRUSt method was adopted to evaluate the ecological function of the bacterial communities. The results showed that Proteobacteria, Actinobacteria, Cyanobacteria, and Bacteroidetes were the main bacterial communities in the water, accounting for 85% of the total microbial community. Additionally, these bacteria showed a significant positive correlation ($P=0.02, < 0.05$) with the TP, NO_2^- -N, NO_3^- -N, and TN. The bacteria community richness of water samples collected in Zaohe River was the lowest of all samples, while which in the downstream of the junction of Bahe river and Weihe river was the highest. In addition, water in the Weihe River Basin had great impact on the endocrine systems of aquatic organisms, and also had a possibility of infectious diseases for humans. Our research provides a theoretical basis for the safe and sustainable development of the water environment in the Weihe River Basin.

Key words: Weihe River Basin; bacterial community; diversity; redundancy analysis (RDA); metabolic function

渭河是黄河的最大支流, 流域面积为 13.48 万 km^2 , 河流长度 818 km. 是陕西、甘肃、宁夏地区的“母亲河”^[1]. 然而, 由于社会经济快速发展及人口数量逐年增加, 渭河流域生态环境遭到严重破坏, 许多地区丧失其作为饮用水源地、养育水生生物、水体自净等功能. 经相关方案的实施^[2], 渭河流域陕西境内进行了综合整治, 水体环境有所改观, 但流域水体健康安全方面尚缺乏数据支撑.

当前关于流域水体健康的研究主要集中在典型污染物、重金属的分布及控制, 水环境承载力评价以及浮游动植物、藻类群落结构与环境因子关系方面^[3-7]. 白海峰等^[8]利用典范对应分析 (CCA) 得出, 驱动渭河流域内浮游动物群落形成的水环境因子主要为水温、饱和度、流量和 pH. 闵文武等^[9]采

用 MRPP (多相应置换过程) 及 CCA 技术对渭河流域不同水期浮游植物群落组成和空间结构进行分析, 得出浮游植物群落结构具有较明显的时空差异, 并分析了主要影响群落结构的环境因子. 殷旭旺等^[10]探讨了渭河流域着生藻类的群落结构与水环境理化因子相互关系, 并用完整性评价指数 (P-IBI) 评价渭河流域水生态系统健康状况. 也有研究报道了渭河综合治理后水沙变化条件对菌群特征的影响^[11], 但对流域细菌群落及代谢功能预测的报

收稿日期: 2018-10-12; 修订日期: 2019-02-22

基金项目: 陕西省水利厅科技计划项目 (2016slkj-10); 国家自然科学基金青年科学基金项目 (51709224); 陕西省教育厅自然科学专项 (15JK1525)

作者简介: 万甜 (1984 ~), 女, 博士, 讲师, 主要研究方向为河流生态修复, E-mail: wantian@xaut.edu.cn

道较少。

事实上, 细菌作为水生生态系统中重要的组成部分, 在水生态功能指示及水体自净过程中起到极为重要的作用^[12]。随着水体环境更替与改变, 水体细菌群落结构及分布也会发生变化, 其生态功能也会受到影响^[13]。目前, 16S rDNA PCR-DGGE 和 16S rRNA 高通量测序分析技术被用来研究细菌群落结构特征及其关键驱动因子。薛银刚等^[14]认为营养盐水平、水温 and pH 值均能影响沉积物细菌群落结构, NO_3^- -N 和水温是微囊藻属的主要影响因子。水体中细菌大量繁殖, 死亡解体释放的内毒素会威胁水环境健康, 致使机体产生病理生理反应^[15]。Pham 等^[16]报道蓝藻毒素对淡水生态系统构成重大的、全球性的环境威胁, 被藻毒素污染的水体可能会导致食物链污染, 对生态健康造成相当大的风险。

因此, 探讨渭河流域水体细菌与水环境因子的响应关系, 探究其生态代谢功能, 对流域水环境治理及水体健康的可持续发展意义重大。本研究应用 Illumina MiSeq 高通量测序技术获取综合治理后渭河流域陕西段(从宝鸡峡水库至潼关段)水体中细菌群落结构信息, 分析水体中细菌群落结构的分布规律; 通过 RDA 技术分析细菌群落与关键环境因子之间的相关性, 以揭示水质参数与细菌分布的内在联系; 基于细菌菌群的代谢功能的预测与评价, 解析细菌菌群可能对环境 and 生物健康产生的生态影响, 以期对渭河流域水环境健康发展提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 样品采集及处理

渭河发源于甘肃省渭源县鸟鼠山, 流域涉及甘肃、宁夏和陕西三省(自治区), 流域面积约 13.5 万 km^2 。渭河支流繁多, 尤其是北岸拥有较多较大的支流, 有 14 条的支流的集水面积超过 1000 km^2 。渭河流经陕西境内的主要城市有宝鸡、咸阳、西安和渭南等。基于水质监测及河流采样点布设原则, 结合渭河流域陕西境内水环境现状, 对流域微生物采样点进行优化布设, 具体如图 1 所示, S1 ~ S7 采样点分别取自宝鸡峡渭河大桥、石头河入渭口后、咸阳上林大桥、皂河、灞河入渭口下游、灞河特大桥和渭河入黄河前, 涵盖了渭河流域典型支流及水环境特征。

水样于 2017 年 7 月中旬采集。使用采水器在水面下 20 cm 处取 1 000 mL 水样, 临时保存在 4℃ 以下的保温箱, 直至运送到实验室。在无菌条件



图 1 渭河流域采样点布设分布示意

Fig. 1 Distribution of sampling points in the Weihe River Basin

下, 使用 0.45 μm 聚醚砜滤膜过滤截留水样中的细菌, 将过滤的滤膜保存在 -20°C 以下, 直至进行细菌群落测序。样品预处理过程均在无菌环境中进行, 避免外界细菌对细菌样品的污染。

1.2 细菌 DNA 的提取及 PCR 扩增

1.2.1 DNA 的提取

水样中细菌 DNA 提取采用 PowerWater® DNA Isolation kit 试剂盒(强力水样 DNA 提取试剂盒, 深圳市安必胜科技有限公司), 详细步骤参考试剂盒提取说明。提取并纯化后的 DNA 样品采用 Nanodrop (NC2000, Thermo Scientific)、荧光光谱仪 (DC2000, Thermo Scientific)、凝胶电泳仪 (DYU-6C, 北京六一) 和 TBS380 荧光计 (E6090, PROMEGA) 分别进行紫外定量、荧光定量、浓度和纯度检测, 纯度及浓度达到检测要求方可进行后续基因 PCR 扩增及测序, 且 DNA 样品应储存在 -20°C 直至进一步分析。

1.2.2 PCR 扩增

采用聚合酶链反应 (PCR) (2720, ABI), 采用带 Barcode 的特异引物 5'-GTGCCAGCMGCCGCGTAA-3' 和 5'-CCGTCAATTCMTTTRAGTTT-3' 对 16S rRNA 的 V4 ~ V5 区扩增引物进行扩增。PCR 扩增过程: 98°C 初始变性 2 min, 98°C 变性 15 s, 55°C 退火 30 s, 72°C 延伸 30 s, 72°C 最终延伸 5 min。PCR 扩增产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳检测后, 用 AXYGEN 公司的凝胶回收试剂盒进行回收。使用 Illumina 公司的 TruSeq Nano DNA LT Library Prep Kit 构建测序文库, 文库经 Quant-iT PicoGreen dsDNA Assay Kit 定量和 Agilent Bioanalyzer 2100 系统质检合格后, 在 Illumina HiSeq 2500 平台(上海派森诺生物科技股份有限公司)上进行高通量测序。

1.3 水体理化指标测定

对渭河流域陕西段 7 个采样点的水体理化性质进行测定, 测定指标有水温、pH、DO、TOC、 NH_4^+ -N、 NO_2^- -N、 NO_3^- -N、TN 和 TP。其中, 水样水

温、pH 和 DO 采用便携式多参数水质测定仪 (HQ30d, HACH, USA) 现场测定, 水样 TOC 采用 TOC 分析仪测定, NH_4^+ -N、 NO_2^- -N、 NO_3^- -N、TN 和 TP 的测量方法遵循文献[17]的方法。

1.4 测序数据处理

采用 Illumina MiSeq 平台对群落 DNA 片段进行双端(Paired-end)测序, 原始双端测序数据经滑动窗口法进行质量筛查, 质量合格后使用 FLASH 软件 (v1.2.7, <http://ccb.jhu.edu/software/FLASH/>)对样品进行 reads 配对连接。运用 Qiime 软件 (Quantitative Insights Into Microbial Ecology, v1.8.0, <http://qiime.org/>) 识别疑问序列, 调用 Usearch (v5.2.236) 检查并剔除嵌合体序列。

调用 Qiime 软件中的 Uclust 工具, 对优质序列按相似度 97% 进行 OTUs 划分。在 Qiime 中将 OTUs 代表序列与对应数据库的模板序列相比对, 获取每个 OTU 所对应的分类学信息。注释数据库为: Greengenes 数据库 (Release 13.8, <http://greengenes.secondgenome.com/>); RDP (Ribosomal Database Project) 数据库 (Release 11.1); Silva 数据库 (Release 115); UNITE 数据库 (Release 5.0)。去除掉丰度值低于全体样本测序总量 0.001% 的 OTUs 和稀有 OTUs, 得到用于后续分析的 OTUs 丰度矩阵。

根据最低测序深度对 OTU 丰度矩阵中的样本进行随机重抽样。在 Qiime 软件中, 利用校正测序深度后的 OTUs 计算每个样品的 Chao、ACE、Shannon 和 Simpson 多样性指数。

1.5 PICRUST 功能预测分析

PICRUST 是由美国哈佛大学的 Curtis Huttenhower 课题组开发的菌群代谢功能预测工具。对已测微生物和其它未测物种基因组的基因功能谱

进行推断, 构建古菌和细菌域全谱系的基因功能预测谱^[18]。将测序得到的 16S rRNA 基因序列数据与 Greengenes 数据库比对, 找出最为相近的基因序列归为参考 OUTs, 并根据上述基因序列的 rRNA 基因拷贝数校正 OTUs 丰度矩阵。通过将现有的 16S rRNA 基因测序数据与代谢功能已知的微生物参考基因组数据库相对比, 实现对细菌代谢功能的预测。具体分析步骤基于在线平台 (<http://picrust.github.io/picrust/>)。

1.6 数据分析

利用 Canoco5.0 软件对细菌群落物种信息进行去趋势对应分析 (detrended correspondence analysis, DCA), 并结合 IBM SPSS Statistics 22 分析细菌群落结构和水环境因子间的相关性。 R^2 为相关系数, P 为显著性。

2 结果与讨论

2.1 渭河流域陕西段水质现状分布特征

表 1 为渭河流域 7 个采样点水体基本水质指标分布状况, 水体的温度分布在 20.0 ~ 23.0℃, 溶解氧 (DO) 分布在 6.58 ~ 9.07 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 且 pH 在 6.8 ~ 7.9 之间, 水体基本呈现中性或弱碱性。渭河流域水体水质指标显著高于文献[19]中 V 类水体标准, 主要是氮超标严重 (V 类水 TN 为 2.00 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$)。S4 和 S6 的 TOC 质量浓度显著高于其他采样点, 且 S4 的 NH_4^+ -N、TN 和 TP 质量浓度远高于其他采样点, 均达到劣 V 类。这主要由于皂河本身水环境恶化严重, 出现黑臭现象, 同时灞河属于城市的纳污河, 水体水质状况一直存在超标问题。流域各个采样位置的 NO_3^- -N 浓度均高于地表水 V 类水 TN 的限值, 这主要与水体的 DO 分布 ($\text{DO} \geq 5.58 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$) 和细菌的硝化过程有关^[20]。

表 1 渭河流域陕西境内 7 个采样点水体水质现状指标

Table 1 Water quality factor table for seven sampling points in the Weihe River Basin of Shaanxi

采样点	pH	水温 /℃	DO / $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	TOC / $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	NH_4^+ -N / $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	NO_3^- -N / $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	NO_2^- -N / $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	TN / $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	TP / $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$
S1	7.3	20.0	7.56	7.04	0.41	3.51	0.04	3.95	0.00
S2	7.8	21.2	7.92	8.60	0.77	11.61	0.37	12.74	0.08
S3	7.9	23.0	8.18	6.83	1.25	7.99	0.23	9.47	0.18
S4	6.8	22.5	7.09	20.20	7.91	8.79	0.27	16.98	0.57
S5	7.6	20.0	6.58	8.36	2.69	6.86	0.22	9.76	0.31
S6	7.6	21.5	7.15	19.14	1.35	5.56	0.20	7.10	0.05
S7	7.6	22.7	9.07	9.54	0.58	3.10	0.08	3.76	0.03

2.2 细菌群落多样性分析

细菌群落的丰度、丰富度可以统一称为微生物的相对丰度, 可用 Chao1 和 ACE 等相关指数表征^[21]。表 2 为渭河流域各采样点微生物多样性指数

分布结果, 其中 Chao1 和 ACE 指数越大表示丰富度越高, Shannon 和 Simpson 指数综合考虑了群落的丰富度和均匀度, 指数值数值越高表明群落的多样性越高。OTUs、Chao1、ACE、Simpson 和 Shannon 指数

表明,沿着河流流向水体中细菌多样性未呈现出规律性,多样性高低顺序为 S5 > S2 > S7 > S1 > S6 > S3 > S4. S5 位置的细菌 Chao1、ACE、Simpson 和 Shannon 指数明显高于其他采样点,表明 S5 采样点

的细菌相对丰度及多样性最高,这可能与灞河水体严重富营养化有关.然而,S4 的细菌 4 个指数显著低于其他采样点,主要由于皂河水体呈现黑臭现象,细菌的生长代谢活动可能受到抑制.

表 2 渭河流域水体细菌多样性指数

Table 2 Microbial diversity index for water bodies in the Weihe River Basin

样品	OTUs 数量	ACE 指数	Chao1 指数	Simpson 指数	Shannon 指数
S1	4 313	947	946	0.97	7.00
S2	5 404	1 179	1 179	0.98	7.89
S3	3 476	1 084	1 139	0.97	6.50
S4	3 900	864	864	0.95	6.68
S5	5 571	1 257	1 257	0.98	7.94
S6	4 020	886	886	0.97	6.99
S7	4 208	945	936	0.98	7.47

2.3 细菌群落结构的分布规律

2.3.1 流域水体细菌群落结构分布

图 2 为渭河流域各水样细菌在门水平的相对丰度分布结果,其中门水平最高可到 34 门.变形菌门(Proteobacteria)相对丰度(24.1%~42.1%)显著高于其他门类,属于优势菌群,其他的主导菌群依次为放线细菌门(Actinobacteria, 16.3%~37.9%)、蓝藻门(Cyanobacteria, 4.5%~37.9%)、拟杆菌门(Bacteroidetes, 1.7%~14.3%)、浮霉菌门(Planctomycetes, 0.1%~14.0%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 0.6%~11.9%)、绿菌门(Chlorobi, 0.1%~4.7%).这与水环境中细菌群落结果基本相似^[22].

在门分类水平上,S1~S7 水样的菌群丰度分布有所差异.S2 的变形菌门相对丰度最高,S3 的放线细菌门和拟杆菌门相对丰度最高,S4 的蓝藻门相对丰度最高,S7 的浮霉菌门相对丰度最高.变形菌门类细菌可以去除水体中磷,并将亚硝酸盐转化为硝酸盐^[23];放线菌由于其具有独特的物质代谢功能,对水生态修复及水质净化有很好地促进作用^[24];蓝藻门是水体富营养化主要指示生物^[25];浮霉菌门属于氨氧化细菌,可直接将 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 转化为 N_2 ^[26];拟杆菌门细菌属革兰氏阴性菌,对恶劣环境的耐受性较差^[27].各个样品中均具有相对较高的蓝藻门的分布,表明渭河流域存在潜在富营养化的风险.这些细菌的分布主要与流域水体水质及环境状况相关.

2.3.2 功能型细菌分布规律

变形菌门、放线菌门和蓝藻门在水质修复及水环境现状方面具有重要的作用,图 3 为流域水体 3 种主要功能型细菌在纲水平的分布结构.水样变形菌门中有: α 变形菌纲(α -Proteobacteria)、 β 变形菌纲(β -Proteobacteria)、 γ 变形菌纲(γ -

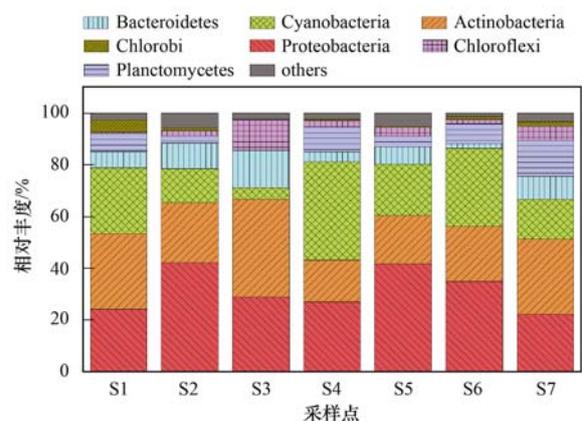


图 2 样品细菌群落结构分布

Fig. 2 Distribution of the microbial community structure in the water samples

Proteobacteria)、 δ 变形菌纲(δ -Proteobacteria)和 ϵ 变形菌纲(ϵ -Proteobacteria), β 变形菌纲相对丰度(8.7%~32.4%)显著高于其他纲类的变形菌. α 变形菌纲、 β 变形菌纲与脱氮除磷过程有关^[28],且 β 变形菌纲是生长和代谢阶段中质子和电子的主要供应者^[29].而 S4 点的这两类变形菌纲含量低于其他采样点,说明在该采样点能起到脱氮除磷效果的菌群较少,而从水样检测上也看出,S4 采样点总氮、总磷均高于其他采样点,进一步说明细菌群落与水体健康之间存在关联.

放线菌门作为水体净化重要微生物,其纲水平分布结果如图 3(b) 所示.7 组水样中放线细菌纲(Actinobacteria)是放线菌门丰度最大的菌群,其相对丰度约占 10.6%~30.8%,嗜热油菌纲(Thermoleophilia)的丰度较低,在 S1~S3 水样中几乎不存在,S4~S7 水样中仅占 0.1%~0.5%.S3 点的放线细菌纲的丰度最高(37.9%),这表明 S3 区域水环境生态修复及净化效果较优,主要由于该位置处于咸阳市中心,可能是水环境生态修复治理力度较大,从而使得水环境净化效果较好.蓝藻门

对水质污染具有指示作用,其在纲水平的分布沿河流呈现先降低后升高的趋势,而皂河(S4)和灞河(S6)的蓝藻相对丰度(37.9%和30.3%)显著高于其他点,这与皂河的水环境现状密切相关.

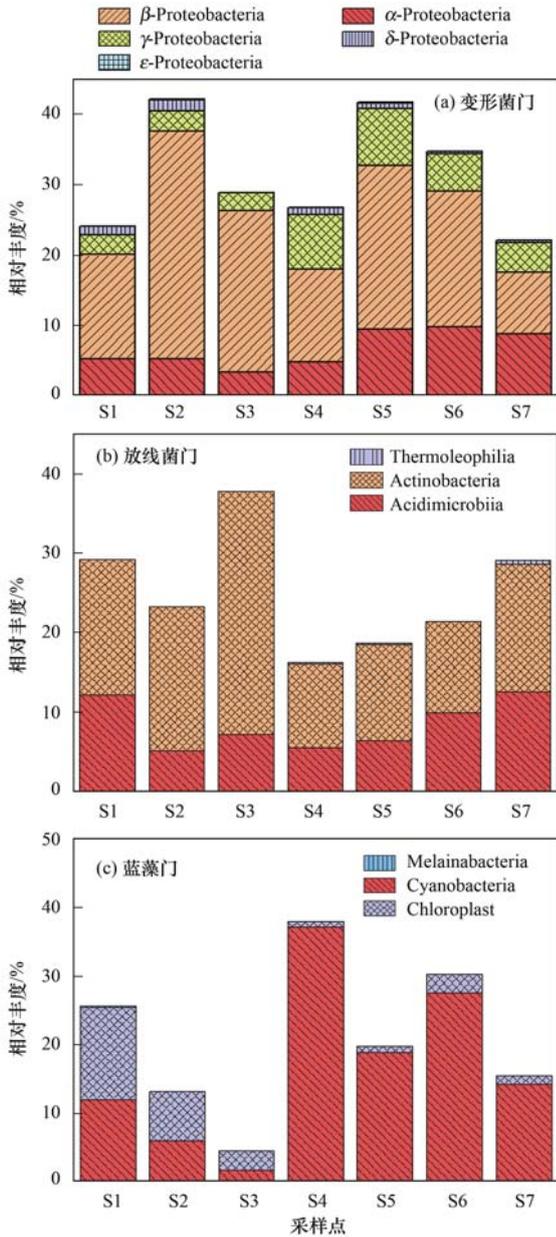


图3 典型功能型细菌群落 在纲类的分布

Fig. 3 Distribution of the typical functional bacterial communities by class

2.4 细菌群落与关键环境因子相关性分析

细菌功能及多样性与环境因子之间的联系对于促进水生生态系统健康和恢复力的发展至关重要,为此,本研究利用 Canoco5.0 软件对渭河流域水体中细菌门分类水平丰度进行除趋势对应分析,结果显示特征值分部部分的梯度长度值小于3,故选择线性模型 RDA 分析细菌群落结构与环境因子间的响应关系,结果如图4所示.所分析的环境因子中 TOC、TN、TP、氨氮、硝酸盐、亚硝酸盐与温度呈

现正相关,其相关系数分别为 0.65、0.86、0.89、0.66、0.67 和 0.49,达到显著正相关($P < 0.05$),与 DO 和 pH 均呈负相关,相关系数 -0.71 和 -0.52,达到显著差异水平($P < 0.05$).这些相关性分析进一步解析了渭河流域细菌群落结构与水质间的响应关系.

从细菌与环境因子关联性上来看,第一象限中,变形菌门与温度、TP、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、TN 和 TOC 之间呈显著相关关系($P < 0.05$),与 pH、DO 呈负相关关系.第二象限中,拟杆菌门、绿弯菌门和放线菌门与 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、TN、pH 和 DO 呈正相关关系,与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TOC 和 TP 之间呈负相关关系.第三象限中,浮霉菌门与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TOC 和 TP 呈正相关关系,与温度、TP、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、TN、pH 和 DO 呈负相关关系.第四象限中,蓝藻门与 TOC、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TP、温度、TN、 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 呈正相关关系,与 DO、pH 呈负相关关系.从水体水质分析可得,渭河流域 S4、S6 的表层水体中 TOC、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TP 和 TN 含量较高,且蓝藻门丰度较高,表明水体中蓝藻门细菌生长繁殖旺盛,水体富营养化情况严重;此外,蓝藻生长繁殖消耗水中溶解氧,这也是导致 S4 水体溶解氧浓度较低的原因.刘睿等^[11]通过 RDA 分析,得出渭河流域丰水期水体中氮磷比、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TSS、pH、碳氮比(DC/DN)和 PCY 对细菌群落变化解释度最高.这与本节得出的关键环境因子是氮磷营养盐($\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TP、TN、 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$),4轴对细菌群落变化解释度很高(99.27%)的分析结果一致.

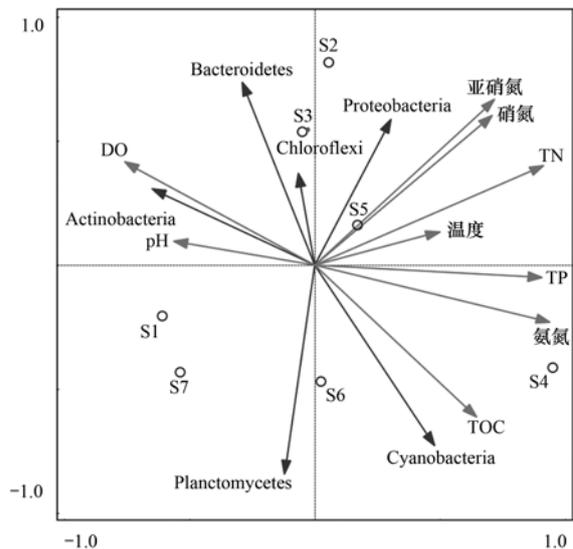


图4 水体细菌群落与关键环境因子的 RDA 分析

Fig. 4 RDA analysis of the bacterial communities and the key environmental factors of the water samples

2.5 细菌菌群生态功能预测

为获取渭河陕西段水体细菌的功能,本研究采用 PICRUSt 软件进行了预测.当前基于高通量测序的 PICRUSt 功能预测分析的相关研究主要通过微生物群落的 16r RNA 基因序列与以生物代谢通路分析为核心的 KEGG 数据库进行对比,进而推测细菌群落的代谢功能^[30-32].本研究利用该软件的功能,初步探讨了水体细菌菌群致病程度及其对生物体系统的影响,结果如图 5 所示.

图 5 对渭河流域细菌菌群致病程度进行了预测,主要关注的细菌菌群导致的疾病包括:神经退行性疾病(neurodegenerative diseases)、新陈代谢疾病(metabolic diseases)、传染性疾病(infectious diseases)、免疫系统疾病(immune system diseases)、心血管疾病(cardiovascular diseases)和癌症(cancers).在 7 组水样中,致使传染病的细菌菌落平均丰度最高,致使心血管疾病的细菌菌落平均丰度最低,这表明渭河流域水体致使人类患传染性疾病的风险较大,应加强传染性疾病的预防措施.

图 5 为使用 PICRUSt 分析渭河流域细菌菌群对生物体系统的影响,主要分析了对生物体的感觉系统(sensory system)、神经系统(nervous system)、免

疫系统(immune system)、环境适应系统(environmental adaptation)、内分泌系统(endocrine system)和消化系统(digestive system)这 6 大系统的影响结果.从中可以看出,7 组水样中细菌菌群对生物体的内分泌系统可能存在较大影响,对感觉系统影响最小.这表明渭河流域的水体生态治理中应注重显著影响生物体内分泌系统的细菌,为维持生态系统平衡提供技术与理论支撑.

3 结论

(1)利用 Illumina MiSeq 高通量测序平台,对渭河流域地区的 7 个采样点的水样进行测序,得出水样细菌的多样性高低顺序为 S5 > S2 > S7 > S1 > S6 > S3 > S4. S4 水体中蓝藻门细菌群落丰度最大,而 S6 水体中拟杆菌门细菌群落丰度很大.

(2)蓝藻门与水体 TP、NO₂⁻-N、NO₃⁻-N、TN、TOC 等呈正相关,放线菌门、变形菌门与 NO₂⁻-N、NO₃⁻-N、TN 之间也呈正相关,这些相关性解释了渭河流域水质分布的规律.

(3)在渭河流域水体中微生物引起患传染性疾病发生的风险较高,且微生物可能会对生物体的内分泌系统产生较大的影响,因此关于渭河流域的水环境生态健康应关注微生物可能存在的潜在风险,保障渭河流域水体健康可持续发展.

参考文献:

- [1] 刘铁龙,梁林江.陕西省渭河流域水生态环境状况调查评价[J].陕西水利,2016,(5):4-8.
- [2] 陕西省人民政府办公厅.陕西省人民政府办公厅关于印发渭河流域水污染防治三年行动方案(2012-2014年)的通知[R].陕西省人民政府公报,2011-12-01.
- [3] 杜娟,李怀恩,赵湘璧,等.基于 SWAT 模型的渭河流域污染控制效果模拟[J].生态与农村环境学报,2016,32(4):563-569.
- [4] Du J, Li H E, Zhao X B, et al. Simulation of pollution control effect in the Weihe River valley with SWAT model[J]. Journal of Ecology and Rural Environment, 2016, 32(4): 563-569.
- [5] 杨学福,关建玲,段晋明,等.渭河西安段水体重金属污染现状及其健康风险评价[J].水土保持通报,2014,34(2):152-156,162.
- [6] Yang X F, Guan J L, Duan J M, et al. Heavy metal pollution and related health risk of Weihe River in Xi'an section[J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 2014, 34(2): 152-156, 162.
- [7] 张成,杨建康.渭河流域陕西段水资源承载力分析[J].水资源与水工程学报,2014,25(5):165-168.
- [8] Zhang C, Yang J K. Analysis of water resources carrying capacity in Shaanxi section of Weihe River Basin[J]. Journal of Water Resources and Water Engineering, 2014, 25(5): 165-168.
- [9] 马丽丽.淡水生态环境中的浮游微生物检测及群落结构变化研究[D].天津:南开大学,2014.
- [10] Ma L L. Detection and Community Changes of microbial plankton in freshwater environments[D]. Tianjin: Nankai University, 2014.

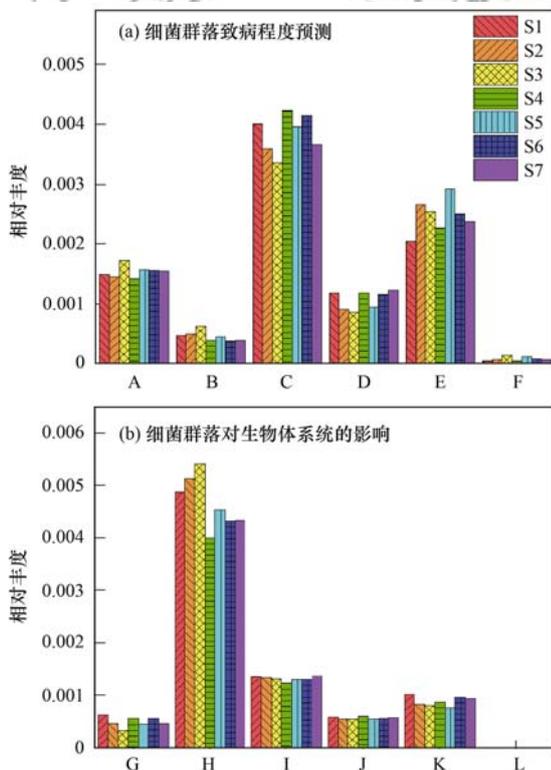


图 5 细菌菌群生态功能预测分布

Fig. 5 Distribution of the predicted ecological functions of the identified bacteria

- [7] 孙寓姣, 陈程, 丁爱中, 等. 官厅水库水质特征及水体微生物多样性的响应[J]. 中国环境科学, 2015, **35**(5): 1547-1553.
Sun Y J, Chen C, Ding A Z, *et al.* The corresponding of microbial diversity on water quality and environmental variables of Guanting reservoir[J]. China Environmental Science, 2015, **35**(5): 1547-1553.
- [8] 白海锋, 赵乃锡, 殷旭旺, 等. 渭河流域浮游动物的群落结构及其与环境因子的关系[J]. 大连海洋大学学报, 2014, **29**(3): 260-266.
Bai H F, Zhao N X, Yin X W, *et al.* Community structure and relationship with environmental factors in zooplankton in Weihe River Basin, Northwest China[J]. Journal of Dalian Fisheries University, 2014, **29**(3): 260-266.
- [9] 闵文武, 王培培, 李丽娟, 等. 渭河流域浮游植物功能群与环境因子的关系[J]. 环境科学研究, 2015, **28**(9): 1397-1406.
Min W W, Wang P P, Li L J, *et al.* Relationship between phytoplankton functional groups and environmental factors in the Wei River Basin [J]. Research of Environmental Sciences, 2015, **28**(9): 1397-1406.
- [10] 殷旭旺, 徐宗学, 鄢娜, 等. 渭河流域河流着生藻类的群落结构与生物完整性研究[J]. 环境科学学报, 2013, **33**(2): 518-527.
Yin X W, Xu Z X, Yan N, *et al.* Community structure and biological integrity of periphyton in the Weihe River Basin, China [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2013, **33**(2): 518-527.
- [11] 刘睿, 周孝德. 水沙环境变化对季节性多沙河流沉积物菌群特征的影响[J]. 中国环境科学, 2017, **37**(11): 4342-4352.
Liu R, Zhou X D. Influences of sediment characteristics and overlying water quality on sediment bacterial communities in a seasonal sandy river[J]. China Environmental Science, 2017, **37**(11): 4342-4352.
- [12] 程豹, 望雪, 徐雅倩, 等. 澜沧江流域浮游细菌群落结构特征及驱动因子分析[J]. 环境科学, 2018, **39**(8): 3649-3659.
Cheng B, Wang X, Xu Y Q, *et al.* Bacterioplankton community structure in the Lancang River basin and the analysis of its driving environmental factors [J]. Environmental Science, 2018, **39**(8): 3649-3659.
- [13] 陈兆进, 丁传雨, 朱静亚, 等. 丹江口水库枯水期浮游细菌群落组成及影响因素研究[J]. 中国环境科学, 2017, **37**(1): 336-344.
Cheng Z J, Ding C Y, Zhu J Y, *et al.* Community structure and influencing factors of bacterioplankton during low water periods in Danjiangkou reservoir[J]. China Environmental Science, 2017, **37**(1): 336-344.
- [14] 薛银刚, 刘菲, 江晓栋, 等. 太湖不同湖区冬季沉积物细菌群落多样性[J]. 中国环境科学, 2018, **38**(2): 719-728.
Xue Y G, Liu F, Jiang X D, *et al.* The diversity of bacterial communities in the sediment of different lake zones of lake Taihu in winter [J]. China Environmental Science, 2018, **38**(2): 719-728.
- [15] 张灿, 刘文君, 张明露, 等. 水中细菌内毒素污染特性及检测方法研究进展[J]. 环境科学, 2014, **35**(4): 1597-1601.
Zhang C, Liu W J, Zhang M L, *et al.* Review on characteristics and detecting assay of bacterial endotoxin contamination in water environment[J]. Environmental Science, 2014, **35**(4): 1597-1601.
- [16] Pham T L, Utsumi M. An overview of the accumulation of microcystins in aquatic ecosystems[J]. Journal of Environmental Management, 2018, **213**: 520-529.
- [17] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法[M]. (第四版). 北京: 中国环境科学出版社, 2002. 201, 211, 224, 227, 279.
- [18] Langille M G I, Zaneveld J, Caporaso J G, *et al.* Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences [J]. Nature Biotechnology, 2013, **31**(9): 814-821.
- [19] GB 3838-2002, 地表水环境质量标准[S].
- [20] Tan C, Ma F, Li A, *et al.* Evaluating the effect of dissolved oxygen on simultaneous nitrification and denitrification in polyurethane foam contact oxidation reactors [J]. Water Environment Research, 2013, **85**(3): 195-202.
- [21] 杨浩, 张国珍, 杨晓妮, 等. 16S rRNA 高通量测序研究集雨窖水中微生物群落结构及多样性[J]. 环境科学, 2018, **38**(4): 1704-1716.
Yang H, Zhang G Z, Yang X N, *et al.* Microbial community structure and diversity in cellar water by 16S rRNA high-throughput sequencing [J]. Environmental Science, 2017, **38**(4): 1704-1716.
- [22] 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.
- [23] Chen T, Peng T, Feng C P, *et al.* The feasibility of an up-flow partially aerated biological filter (U-PABF) for nitrogen and COD removal from domestic wastewater[J]. Bioresource Technology, 2016, **218**: 307-317.
- [24] 王俊华, 冯贵颖, 唐艳, 等. 放线菌处理皂河水体的应用研究[J]. 西北农业学报, 2007, **16**(1): 82-86.
Wang J H, Feng G Y, Tang Y, *et al.* An experiment on Zaohe water treated by Actinomyces [J]. Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 2007, **16**(1): 82-86.
- [25] 陈丙法, 冯慕华, 尚丽霞, 等. 聚积蓝藻不同打捞强度下藻源污染物释放特征研究[J]. 环境科学学报, 2016, **36**(11): 4077-4086.
Chen B F, Feng M H, Shang L X, *et al.* The release characteristics of algae-derived pollutants in different salvage intensities after cyanobacteria accumulation [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2016, **36**(11): 4077-4086.
- [26] Isanta E, Bezerra T, Fernández I, *et al.* Microbial community shifts on an anammox reactor after a temperature shock using 454-pyrosequencing analysis [J]. Bioresource Technology, 2015, **181**: 207-213.
- [27] Chakravarthy S S, Pande S, Kapoor A, *et al.* Comparison of denitrification between *Paracoccus* sp. and *Diaphorobacter* sp. [J]. Applied Biochemistry and Biotechnology, 2011, **165**(1): 260-269.
- [28] 刘芳, 杨跃寰. 细菌细胞壁肽聚糖的研究[J]. 四川理工学院学报(自然科学版), 2011, **24**(6): 628-631.
Liu F, Yang Y H. Research on peptidoglycan of bacterial cell wall [J]. Journal of Sichuan University of Science & Engineering (Natural Science Edition), 2011, **24**(6): 628-631.
- [29] Wang J, Wang Y, Bai J, *et al.* High efficiency of inorganic nitrogen removal by integrating biofilm-electrode with constructed wetland: autotrophic denitrifying bacteria analysis [J]. Bioresource Technology, 2017, **227**: 7-14.
- [30] 张菲, 田伟, 孙峰, 等. 丹江口库区表层浮游细菌群落组成与PICRUST功能预测分析[J]. 环境科学, 2019, **40**(3): 1252-1260.
Zhang F, Tian W, Sun F, *et al.* Community structure and predictive functional analysis of surface water bacterioplankton in

- the Danjiangkou reservoir[J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(3): 1252-1260.
- [31] 路璐. 深圳湾和大鹏湾微生物群落结构及其功能预测比较分析[J]. *西昌学院学报(自然科学版)*, 2018, **32**(2): 31-35.
- Lu L. Comparative analysis on the microbial community structure and function of Shenzheng bay and Dapeng bay[J]. *Journal of Xichang College (Natural Science Edition)*, 2018, **32**(2): 31-35.
- [32] Xu F, Cao F Q, Kong Q, *et al.* Electricity production and evolution of microbial community in the constructed wetland-microbial fuel cell [J]. *Chemical Engineering Journal*, 2018, **339**: 479-486.

《环境科学》征稿简则

1. 来稿报道成果要有创新性,论点明确,文字精炼,数据可靠.全文不超过8 000字(含图、表、中英文摘要及参考文献).国家自然科学基金项目、国家科技攻关项目、国际合作项目或其它项目请在来稿中注明(在首页以脚注表示).作者投稿时请先登陆我刊网站(www.hjxx.ac.cn)进行注册,注册完毕后以作者身份登录,按照页面给出的提示信息投稿即可.

2. 稿件请按 GB 7713-87《科学技术报告、学位论文和学术论文的编写格式》中学术论文的规范撰写.论文各部分的排列顺序为:题目;作者姓名;作者工作单位、地址、邮政编码;中文摘要;关键词;中图分类号;英文题目;作者姓名及单位的英译名;英文摘要;关键词;正文;致谢;参考文献.

3. 论文题目应简练并准确反映论文内容,一般不超过 20 字,少用副标题.

4. 中文摘要不少于 300 字,以第三人称写.摘要内容包括研究工作的目的、方法、结果(包括主要数据)和结论,重点是结果和结论.英文摘要与中文对应,注意人称、时态和语言习惯,以便准确表达内容.

5. 前言包括国内外前人相关工作(引文即可)和本工作的目的、特点和意义等.科普知识不必赘述.

6. 文中图表应力求精简,同一内容不得用图表重复表达,要有中英文对照题目.图应大小一致,曲线粗于图框,图中所有字母、文字字号大小要统一.表用三线表.图表中术语、符号、单位等应与正文一致.

7. 计量单位使用《中华人民共和国法定计量单位》(SI).论文中物理计量单位用字母符号表示,如 mg(毫克),m(米),h(小时)等.科技名词术语用国内通用写法,作者译的新名词术语,文中第一次出现时需注明原文.

8. 文中各级标题采用 1, 1. 1, 1. 1. 1 的形式,左起顶格书写,3 级以下标题可用(1), (2)……表示,后缩 2 格书写.

9. 文中外文字母、符号应标明其大小写,正斜体.生物的拉丁学名为斜体.缩略语首次出现时应给出中文全称,括号内给出英文全称和缩略语.

10. 未公开发表资料不列入参考文献,可在出现页以脚注表示.文献按文中出现的先后次序编排.常见文献书写格式为:

期刊:作者(外文也要姓名列名前).论文名[J].期刊名,年,卷(期):起页-止页.

图书:作者.书名[M].出版地:出版社,年.起页-止页.

会议文集:作者.论文名[A].见(In):编者.文集名[C].出版地:出版社(单位),年.起页-止页.

学位论文:作者.论文名[D].保存地:保存单位,年份.

报告:作者.论文名[R].出版地:出版单位,出版年.

专利:专利所有者.专利题名[P].专利国别:专利号,出版日期.

11. 来稿文责自负,切勿一稿多投.编辑对来稿可作文字上和编辑技术上的修改和删节.在 3 个月内未收到本刊选用通知,可来电询问.

12. 投稿请附作者单位详细地址,邮编,电话号码,电子邮箱等.编辑部邮政地址:北京市 2871 信箱;邮编:100085;电话:010-62941102,010-62849343;传真:010-62849343;E-mail:hjxx@cees.ac.cn;网址:www.hjxx.ac.cn

CONTENTS

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