

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

基于高分影像的城市水体遥感综合分级方法

杨子谦, 刘怀庆, 吕恒, 李云梅, 朱利, 周亚明, 李玲玲, 毕顺



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年5月

第42卷 第5期

Vol.42 No.5

目次

北京冬季PM_{2.5}中有机气溶胶的化学特征和来源解析 徐楠,王甜甜,李晓,唐荣志,郭松,胡敏 (2101)

北京地区2019年2~3月供暖结束后两次污染过程特征分析 尹晓梅,蒲维维,王继康,刘湘雪,乔林 (2110)

北京2019年冬季一次典型霾污染特征与成因分析 廉涵阳,杨欣,张普,陈义珍,杨小阳,赵好希,何友江,赵丹婷 (2121)

青岛沿海地区夏季和冬季新粒子生成特征对比 孙悦,朱玉姣,孟赫,刘兵,刘玉虹,董灿,姚小红,王文兴,薛丽坤 (2133)

太原市城乡居民采暖季室内灰尘中重金属的污染特征及其生态风险评价 黄浩,徐子琪,严俊霞,赵秀阁,王丹璐 (2143)

西安市新装修公共场所空气污染物浓度分析及健康风险评价 范洁,樊灏,沈振兴,党文鹏,郑伟,王志华,付毅 (2153)

超低排放典型燃烧源颗粒物及水溶性离子排放水平与特征 胡月琪,王铮,郭建辉,冯亚君,丁萌萌,颜旭 (2159)

合肥市夏季大气颗粒物中微生物群落的高通量测序分析 姜少毅,孙博文,代海涛,王润芳,马大卫,朱仁斌 (2169)

郑州市细颗粒物时空差异及管控措施影响 董喆,袁明浩,苏方成,张剑飞,孙佳侯,张瑞芹 (2179)

2016~2019年江西省臭氧污染特征与气象因子影响分析 钱悦,许彬,夏玲君,陈燕玲,邓力琛,王欢,张根 (2190)

天山北坡城市群气溶胶光学特性时空分布特征 张喆,丁建丽,王瑾杰,陈香月,刘兴涛,阿提干·吾斯曼 (2202)

基于高分影像的城市水体遥感综合分级方法 杨子谦,刘怀庆,吕恒,李云梅,朱利,周亚明,李玲玲,毕顺 (2213)

太湖水体Chl-a预测模型ARIMA的构建及应用优化 李娜,李勇,冯家成,单雅洁,钱佳宁 (2223)

松花湖水水质空间差异及富营养化空间自相关分析 丁洋,赵进勇,张晶,付意成,彭文启,陈渠昌,李艳艳 (2232)

会仙岩溶湿地丰平枯水期地表水污染及灌溉适用性评价 朱丹尼,邹胜章,李军,樊连杰,赵一,谢浩,朱天龙,潘民强,徐利 (2240)

京杭大运河中下游段天然水化学变化特征及驱动因素 程中华,邓义祥,卓小可,代丹,于涛 (2251)

次降雨过程中不同土地利用配置对径流中氮流失的影响 罗义峰,陈方鑫,周豪,龙翼,严冬春,谭文浩,李丹丹,陈晓燕 (2260)

碳氮同位素解析典型岩溶流域地下水中硝酸盐来源与归趋 任坤,潘晓东,梁嘉鹏,彭聪,曾洁 (2268)

冰封状态下达里湖冰-水中浮游细菌群落结构差异 李文宝,杨旭,田雅楠,杜蕾 (2276)

城市再生水河道沉积物细菌群落空间变化分析:以京津冀北运河为例 邱莹,靳燕,苏振华,邱琰若,赵栋梁,郭道宇 (2287)

太湖春夏两季反硝化与厌氧氨氧化速率的空间差异及其影响因素 赵锋,许海,詹旭,朱广伟,郭宇龙,康丽娟,朱梦圆 (2296)

三峡库区典型支流水库浮游动植物群落结构特征及其与环境因子的关系 陈莎,谢青,付梅,江韬,王永敏,王定勇 (2303)

铁硫改性生物炭去除水中的磷 桑倩倩,王芳君,赵元添,周强,蔡雨麒,邓颖,田文清,陈永志,马娟 (2313)

钢渣对水体中磷的去除性能及机制解析 罗晓,张峻搏,何磊,杨雪晶,吕鹏翼 (2324)

BS-18两性修饰膨润土对四环素和诺氟沙星复合污染的吸附 王新欣,孟昭福,刘欣,王腾,胡啸龙,孙秀贤 (2334)

Ag₃PO₄/g-C₃N₄复合光催化剂的制备及其可见光催化性能 高闯闯,刘海成,孟无霜,郝双玲,薛婷婷,陈国栋,Joseph Acquah (2343)

可见光驱动下罗丹明B自活化过硫酸盐降解双酚A 张怡晨,白雪,石娟,金鹏康 (2353)

铁钛共掺杂氧化铝诱发表面双反应中心催化臭氧氧化去除水中污染物 张帆,宋阳,胡春,吕来 (2360)

硫化铁铜双金属复合材料的制备及除铬机制 屈敏,王源,陈辉霞,王兴润,徐红彬 (2370)

电催化-生物电化学耦合系统处理青霉素废水的机制 曲有鹏,吕江维,董跃,冯玉杰,张杰 (2378)

缺氧/好氧交替连续流的生活污水好氧颗粒污泥运行及污染物去除机制 李冬,杨敬畏,李悦,李帅,张诗睿,王文强,张杰 (2385)

反硝化除磷污泥聚集体内原位除磷活性及有机物浓度的影响 吕永涛,姜晓童,徒彦,王旭东,潘永宝,刘爽,崔双科,王磊 (2396)

基于臭氧旁路处理的污泥原位减量技术工艺 薛冰,刘宾寒,韦婷婷,王先恺,陈思思,董滨 (2402)

活性炭对城市有机固废厌氧消化过程抗生素抗性基因行为特征的影响 马佳莹,王盼亮,汪冰寒,苏应龙,谢冰 (2413)

6种农业废弃物初期碳源及溶解性有机物释放机制 凌宇,闫国凯,王海燕,董伟羊,王欢,常洋,李丛宇 (2422)

中国典型农田土壤有机碳密度的空间分异及影响因素 李成,王让会,李兆哲,徐扬 (2432)

不同水分条件和微生物生物量水平下水稻土有机碳矿化及其影响因子特征 刘琪,李宇虹,李哲,魏晓梦,祝贞科,吴金水,葛体达 (2440)

青藏高原林地土壤的氮转化特征及其影响因素分析:以祁连山和藏东南地区为例 何芳,张丽梅,申聪聪,陈金全,刘四义 (2449)

基于物元可拓模型的兰州市主城区公园表土重金属污染评价 胡梦瑶,李春艳,李娜娜,吉天琪,郑登友 (2457)

长期施用化肥和有有机肥对稻田土壤重金属及其有效性的影响 夏文建,张丽芳,刘增兵,张文学,蓝贤瑾,刘秀梅,刘佳,刘光荣,李祖章,王萍 (2469)

川南山区土壤与农作物重金属特征及成因 韩伟,王成文,彭敏,王乔林,杨帆,徐仁廷 (2480)

宁东能源化工基地核心区表层土壤中多环芳烃的空间分布特征、源解析及风险评价 杨帆,罗红雪,钟艳霞,王幼奇,白一茹 (2490)

重金属钝化剂阻控生菜Cd吸收的功能稳定性和适用性 鹿发虎,吴雪姣,孔雪菲,曾亮,王晓宇,陈兆进,姚伦广,韩辉 (2502)

典型污染稻田水分管理对水稻镉累积的影响 张雨婷,田应兵,黄道友,张泉,许超,朱挥华,朱奇宏 (2512)

油茶果壳改性生物炭吸附性能及其耦合淹水对土壤Cd形态影响 蔡彤,杜辉辉,刘孝利,铁柏清,杨宇 (2522)

土地利用变化对松花江下游湿地土壤真菌群落结构及功能的影响 徐飞,张拓,怀宝东,隋文志,杨雪 (2531)

渔业复垦塌陷地抗生素抗性基因与微生物群落 程森,路平,冯启言 (2541)

3种常用除草剂对细菌抗生素耐药性的影响 李曦,廖汉鹏,崔鹏,白玉丹,刘晨,刘畅,周顺桂 (2550)

污水再生利用微生物控制标准及其制定方法探讨 陈卓,崔琦,曹可凡,陆韻,巫寅虎,胡洪营 (2558)

《环境科学》征订启事(2439) 《环境科学》征稿简则(2479) 信息(2152, 2231, 2286)

城市再生水河道沉积物细菌群落空间变化分析：以京津冀北运河为例

邱莹¹, 靳燕¹, 苏振华², 邸琰茗³, 赵栋梁¹, 郭逍宇^{1*}

(1. 首都师范大学资源环境与旅游学院, 北京 100048; 2. 中国制浆造纸研究院, 北京 100020; 3. 北京市北运河管理处, 北京 101100)

摘要: 沉积物细菌因其在能量流动和污染物循环转化中发挥重要作用. 关注沉积物细菌空间分布格局变化是深入了解其多样性产生和维持机制的前提. 基于此, 本文以流经京津冀地区以再生水为补给水源的北运河为研究区, 对沉积物细菌群落界、门、纲、目、科、属、种和 OTUs (operational taxonomic units) 等不同分类水平空间变化模式及其形成机制进行分析. 结果表明, 较高的分类水平上, 中、下游样点具有更均质化的分布格局, 而较低分类水平样点具有更加清晰的分布界限和范围; 不同地理空间尺度下的群落结构差异性随分类水平的降低呈组间差异逐渐增大和组内相似性逐渐减小的变化趋势. 以弗兰克氏目 (Frankiales) 和红细菌目 (Rhodobacterales) 为代表的典型根际微生物呈现上游显著富集、中游次之、下游显著减少模式, 以厌氧绳菌目 (Anaerolineales) 和脱硫杆菌目 (Desulfobacterales) 为代表的与碳、氮和硫循环相关的微生物集中呈现中游显著富集、下游次之、上游显著减少模式, 以苯基杆菌属 (*Phenylobacterium*) 为代表的菌属在上游显著富集、中游次之、下游显著减少模式, 以产气梭状芽孢杆菌 (*Clostridium_gasigenes*) 和奥斯陆莫拉菌 (*Moraxella_osloensis*) 为代表的致病菌呈现中游显著富集的模式. 沉积物中 Ca^{2+} 、 SO_4^{2-} 和 TOC 表现为下游浓度高于上游和中游地区. 下游未处理和经处理废水排放导致沉积物中盐分离子和 TOC 显著升高, 而高度人工化的城市河道生态修复工程对水质和沉积物的净化作用是导致上、中游盐分离子和 TOC 显著降低的间接原因. 环境选择为主、地理扩散为辅的共同作用模式决定了北运河沉积物细菌群落空间变化模式.

关键词: 北运河; 沉积物; 细菌群落; 多样性; 空间变化

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)05-2287-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.202008246

Analysis of the Spatial Changes in Bacterial Communities in Urban Reclaimed Water Channel Sediments: A Case Study of the North Canal River

QIU Ying¹, JIN Yan¹, SU Zhen-hua², DI Yan-ming³, ZHAO Dong-liang¹, GUO Xiao-yu^{1*}

(1. College of Resources Environment and Tourism, Capital Normal University, Beijing 100048, China; 2. China National Pulp and Paper Research Institute, Beijing 100020, China; 3. Beijing North Canal Manage Office, Beijing 101100, China)

Abstract: Sediment bacteria have attracted much attention because of their important roles in energy flow and pollutant cycle transformation. The changes in the spatial distribution pattern of bacteria are the basis for research on the biodiversity generation and maintenance mechanisms. However, there are few studies on the spatial variation in benthic microorganisms and its biogeographic models. The highly artificial North Canal River across the Beijing-Tianjin-Hebei area was chosen as the research area in this study. The spatial variation in the different classification levels of the Kingdom, Phylum, Class, Order, Family, Genus, Species, and operational taxonomic units and their diversity formation mechanisms were analyzed. The results showed that the samples at different classification levels had a more homogeneous distribution pattern. There were clearer distribution boundaries at the low classification levels than at the high classification levels. The significance of the bacterial community variation increased as the classification level of the bacterial community decreased. Furthermore, the difference between groups increased and the similarities within groups decreased as the classification level of the bacterial community decreased. The typical rhizosphere microorganisms represented by Frankiales and Rhodobacterales showed significant enrichment in the upstream samples, followed by the midstream samples and a significant decrease in the downstream samples. Microorganisms related to the carbon, nitrogen, and sulfur cycles represented by Anaerolineales and Desulfobacterales showed significant enrichment in the midstream, followed by the downstream and a significant reduction in the upstream. The genus *Phenylobacterium* was significantly enriched in the upstream followed by the midstream, and was significantly reduced in the downstream. The pathogenic bacteria represented by *Clostridium_gasigenes* and *Moraxella_osloensis* showed a significant enrichment pattern in the midstream. The contents of Ca^{2+} , SO_4^{2-} , and total organic carbon (TOC) in the downstream samples were significantly higher than those in the upstream and midstream samples. The discharge of untreated wastewater downstream increased the salt and TOC contents in the sediment. The ecological restoration project in the sediment of the riparian zone decreased the salt and TOC contents in the upstream and midstream samples. Environmental selection was the main driving factor of the pattern of spatial variation in the bacterial communities in the sediments of the North Canal River.

收稿日期: 2020-08-24; 修订日期: 2020-11-16

基金项目: 北京市自然科学基金-北京市教委联合重点项目 (KZ20190028042)

作者简介: 邱莹 (1994 ~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为环境微生物, E-mail: qiuying407@163.com

* 通信作者, E-mail: xiaoyucnu@126.com

Key words: North Canal River; sediment; the bacterial community; diversity; spatial change

沉积物细菌是水生生态系统重要组成部分^[1], 具有极其丰富的基因多样性, 并在能量流动^[2,3]和碳、氮、硫、有毒有害污染物分解和转化过程中发挥重要作用^[4-8]. 沉积物细菌群落结构的分布格局变化是深入研究沉积物生物多样性产生和维持机制的前提^[9]. 环境选择和扩散过程是水生生态系统细菌群落结构多样性构建的两个基本竞争过程, 二者对细菌在空间变化的贡献率随研究尺度的变化, 结论有所差异^[10-15]. 不同于大型动植物生物地理学模式研究, 沉积物中细菌的多样性在空间尺度及其构建机制方面的研究非常有限^[16].

再生水在缓解城市河湖用水方面发挥重要作用, 但再生水向淡水生态系统的释放很大程度上改变了受纳水体的生物多样性及其地理分布格局^[17,18]. 这种非常规水源携带的污染物通过低剂量和长期暴露方式影响河流生态系统生物多样性^[19,20], 导致鱼类和底栖动物等高级营养结构逐渐退化, 作为分解者的细菌群落高度发达的特点^[21,22]. 这种由于再生水引起的物种多样性丧失的现象在特大聚集城市和城市下游集约化农业区的河道尤为严重^[23]. 已有研究证明扩散作用在较小地理尺度下的自然河流中占主导, 但在高度人工化的水生生态系统中, 再生水通过补给口与上游来水汇流, 形成小尺度地理空间上明显的环境梯度, 物种分类作用增强^[15]. 基于污染环境下的精细地理尺度的沉积物细菌结构空间变化分析较少. 基于此, 本文利用高通量测序技术分析京津冀精细地理尺度下的北运河沉积物细菌群落结构空间变化规律, 通过揭示高度人工化的再生水补给河道沉积物细菌在污染胁迫下的群落变化机制, 以为城市河道水生态恢复提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

北运河源于北京市昌平区及海淀区一带, 后向南流入通州区, 流经河北, 在天津市汇入海河, 全长 260 km. 流域总面积为 6 166 km², 其中, 山区面积 952 km², 占 16%, 平原面积 5 214 km², 占 84%. 研究区多年平均降雨量 643 mm, 降雨主要集中在 6~9 月, 约占全年的 84%^[24]. 作为京杭大运河的重要组成部分, 北运河主要流经城市化水平高的北京、天津, 人口、产业密集, 是海河流域骨干行洪排涝河道之一^[24]. 北运河流域土地利用类型和污染源差异导致河流地理空间尺度上存在潜在环境梯度, 其次, 上

游流经北京城区, 93% 的水源来源于城市人口消耗的经处理废水, 4% 是未经处理的废水; 位于京津之间的中游地区主要流经农田, 农业化肥和农药污染是中游地区主要的污染物; 下游进入天津地区, 接受来自天津经处理和未处理的废水^[25]. 由于地处平原地区, 水流流速缓慢致使水流中裹挟的浊物逐步沉淀, 最终导致河道淤积严重^[26].

1.2 采样点布设与样品采集

2019 年 9 月在研究区按照均匀布点并兼顾考虑流域尺度点源与非点源污染类型分布原则设置并采集河道新鲜沉积物 (图 1). 其中, 1~5 号为上游样点 (upstream samples, US)、6~10 号中游样点 (midstream samples, MS) 和 11~14 号为下游样点 (downstream samples, DS). 同时采用全球定位系统 (GPS, Garmin Legend, Garmin USA) 记录采样点位置. 将采集的新鲜沉积物放入预先灭菌的铝盒中, 冰袋保存立即带回室内. 沉积物样品冷冻干燥后, 剔除植物、昆虫和石块杂质, 混合均匀后研磨, 过 60 目筛, 装入自封袋中, -20℃ 避光保存备用.

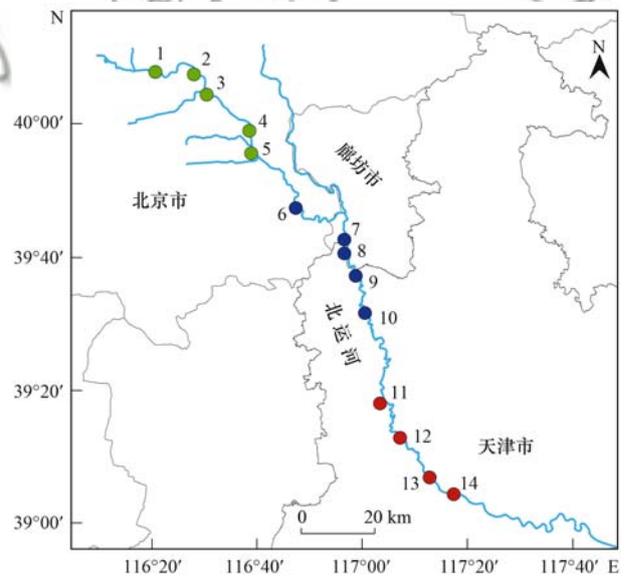


图 1 北运河采样点分布示意

Fig. 1 Sampling locations in the North Canal River

沉积物中的氨氮 ($\text{NH}_4^+ - \text{N}$) 和亚硝酸盐氮 ($\text{NO}_2^- - \text{N}$) 的测定采用氯化钾溶液提取分光光度法; 总氮 (TN) 的测定采用过硫酸钾消解紫外分光光度法; 总磷 (TP) 的测定采用钼酸盐分光光度法; 总有机碳 (TOC) 的测定采用重铬酸钾氧化分光光度法; 阴阳离子 (Na^+ 、 NH_4^+ 、 K^+ 、 Mg^{2+} 、 Ca^{2+} 、 Cl^- 、 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 和 SO_4^{2-}) 的测定采用离子色谱仪.

1.3 高通量测序

将采集好的新鲜未经处理的沉积物样品取适量于 1.5 mL 离心管中,送至诺禾致源科技有限公司进行微生物 PCR 扩增和 16S rDNA 高通量测序,扩增引物为: 314F (CCTAYGGGRBGCASCAG); 806R (GGACTACNNGGTATCTAAT),扩增区间为 V3-V4 区。

1.4 数据处理与分析

1.4.1 序列分析

将测序得到的 OTU 序列均按 97% 的序列相似度对有效序列进行比对,获得界、门、纲、目、科、属、种和 OTUs 这 8 个不同分类单元下丰度统计数据矩阵。

1.4.2 数据分析

利用 PRIMER5.0 计算 Bray-Curtis 相似性矩阵和相似性百分比 (SIMPER),分析组间和组内平均秩相似性差异。在此基础上,基于 Bray-Curtis 相似性的非度量多维尺度分析 (NMDS) 和 Global 检验。利用 SPSS 24.0 进行皮尔逊相关分析、单因素 ANOVA 分析、判别分析和独立样本 Kruskal-Wallis 检验。利用 R 语言进行邻体矩阵主坐标分析 (PCNM) 生成 6 个空间向量 (V1 ~ V6)。利用 Canoco5.0 进行向前选择和方差分解分析,在方差分解分析中,环境变量解释变异量 [E] 和空间变量解释变异量 [S],总解释变异量 [E + S]。基于环境和空间估算,将沉积物细菌群落组成的总变化分为 4 个变异部分:只有环境变量能解释的变异量 [E/S],只有空间变量能解释的变异量 [S/E],为环境变量和空间变量共享的变异量 [E ∩ S] 和未能解释的变异量 1 - [E + S]。利用 Origin 2018 绘制物种丰度热图和环境因子箱图。

2 结果与分析

2.1 北运河沉积物细菌群落空间变化模式

为分析北运河沉积物细菌群落空间变化模式,

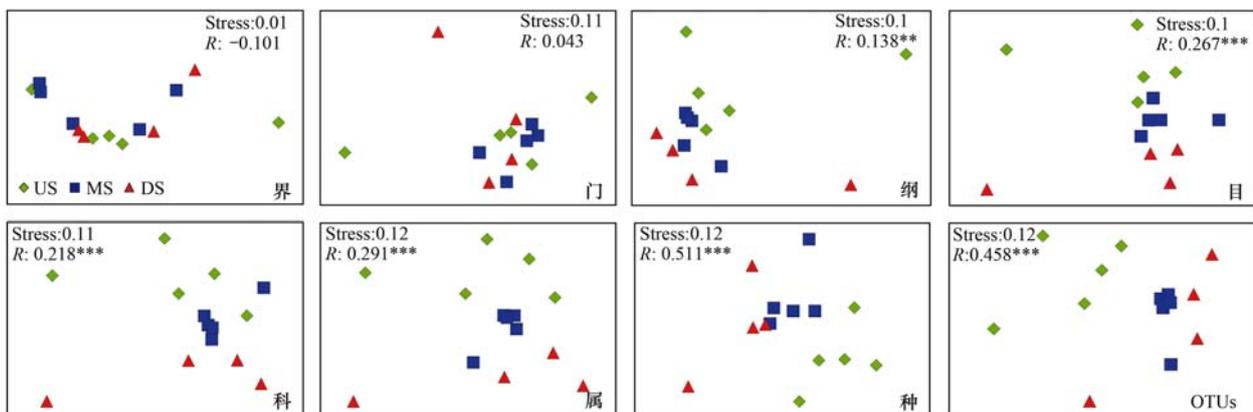
将高通量测序的数据经过预处理后,绘制不同分类水平 NMDS 分布格局图,结合 Global 检验分析上、中、下游群落在 NMDS 分布上的差异性 (图 2)。从图 2 可知,较高的分类水平具有更均质化的分布格局,而较低分类水平 NMDS 分布图中不同空间样点具有更加清晰的分布界限和范围。具体表现为:界和门水平的高级分类单元群落间差异不显著 ($P > 0.05$),而纲、目、科、属、种和 OTUs 水平群落结构在上、中、下游呈现差异显著 ($P < 0.05$)。进一步分析 Global 检验的 R 值在不同分类水平的变化趋势,从高级分类单元到低级分类单元依次为 0.138、0.267、0.218、0.291、0.511 和 0.458,同样表明这种差异性随分类水平的降低而增强,物种分离程度越来越大。

2.2 空间变化模式对细菌群落结构的影响

采用 Global 检验和 SIMPER 分析表征不同群落间差异和群落内相似性 (表 1)。从分析结果可知,随着分类水平的降低,空间分区间的组间差异逐渐增大,而组内相似性逐渐减小。具体而言,除界和门水平之外,其余等级上、中、下游群落结构两两检验结果均存在显著差异 ($P < 0.05$)。OTUs 水平具有最高的组间差异系数 (47.52%),较纲水平差异性系数增加 158%,种水平具有最高的组内相似性系数 (72.66%),较纲水平降低了 12.26%。组间差异性系数较组内相似性系数在表征群落结构差异方面的敏感性更高。

2.3 空间变化模式对细菌群落组成的影响

基于群落组成丰度的单因素 ANOVA 分析筛选上、中、下游具有显著差异的类群 (图 3)。从图 3 可以看出,不同分类水平的筛选结果较为一致,如群落组成差异显示红细菌目 (Rhodobacterales) 及其低级分类水平中优势的红细菌科 (Rhodobacteraceae) 和



Global 显著性检验: * 表示 $P < 0.1$, ** 表示 $P < 0.05$, *** 表示 $P < 0.01$; 图中绿色表示 US; 蓝色表示 MS; 红色表示 DS

图 2 北运河沉积物微生物群落不同分类水平 NMDS 分析

Fig. 2 NMDS analysis of different classification levels of microbial communities in the sediments of the North Canal River

表 1 基于 Bray-Curtis 相异性的区域间不同分类水平
沉积物细菌群落变化分析¹⁾

Table 1 Analysis of Bray-Curtis dissimilarity based on the changes
in bacterial communities in sediment of different classification

分类级别	位置	组间差异 /%	Global 检验		位置	组内相似 /%
			R	P		
纲	US&MS	17.55	0.180	0.040	US	80.26
	US&DS	21.35	0.106	0.183	MS	88.54
	MS&DS	16.29	0.131	0.151	DS	79.62
目	US&MS	22.60	0.248	0.016	US	76.97
	US&DS	28.90	0.363	0.016	MS	83.68
	MS&DS	22.92	0.263	0.040	DS	74.24
科	US&MS	25.57	0.184	0.040	US	72.96
	US&DS	31.84	0.313	0.040	MS	82.44
	MS&DS	25.47	0.263	0.024	DS	70.81
属	US&MS	30.55	0.276	0.008	US	69.04
	US&DS	37.66	0.413	0.016	MS	77.56
	MS&DS	31.34	0.319	0.016	DS	65.13
种	US&MS	33.44	0.672	0.008	US	73.37
	US&DS	37.55	0.706	0.008	MS	74.31
	MS&DS	29.99	0.188	0.063	DS	70.29
OTUs	US&MS	48.30	0.676	0.008	US	57.01
	US&DS	52.48	0.506	0.016	MS	66.16
	MS&DS	41.77	0.250	0.040	DS	54.53

1) 黑体字表示 $P < 0.05$

优势的大不里士菌属 (*Tabrizicola*) 均表现为显著差

异及其低级分类水平中的优势的柄杆菌科 (Caulobacteraceae) 和苯基杆菌属 (*Phenylobacterium*) 同样均表现为显著差异; 脱硫杆菌目 (Desulfobacterales) 及其低级分类水平中的脱硫杆菌科 (Desulfobacteraceae) 和硫杆菌属 (*Desulfococcus*) 在目、科和属水平均具有显著差异; 厌氧绳菌目 (Anaerolineales) 和厌氧绳菌科 (Anaerolineaceae) 则在目和科水平具有显著差异。

从群落丰度在空间的变化模式看, 目水平弗兰克氏目 (Frankiales)、红细菌目 (Rhodobacterales) 和柄杆菌目 (Caulobacterales), 科水平伯克氏菌科 (Burkholderiaceae)、鱼孢菌科 (Sporichthyaceae)、红细菌科 (Rhodobacteraceae) 和柄杆菌科 (Caulobacteraceae), 属水平的苯基杆菌属 (*Phenylobacterium*)、多核菌属 (*Polynucleobacter*)、大不里士菌属 (*Tabrizicola*) 和甲基胞囊菌属 (*Methylocystis*) 均表现出上游显著富集、中游次之、下游显著减少的变化模式。其次, 目水平厌氧绳菌目 (Anaerolineales) 和脱硫杆菌目 (Desulfobacterales), 科水平的厌氧绳菌科 (Anaerolineaceae) 和脱硫杆菌状菌科 (Desulfobacteraceae), 属水平的脱氮单胞菌属 (*Denitratisoma*)、黄杆菌属 (*Luteolibacter*) 和脱硫球菌属 (*Desulfococcus*), 种水平的双歧脱硫球菌

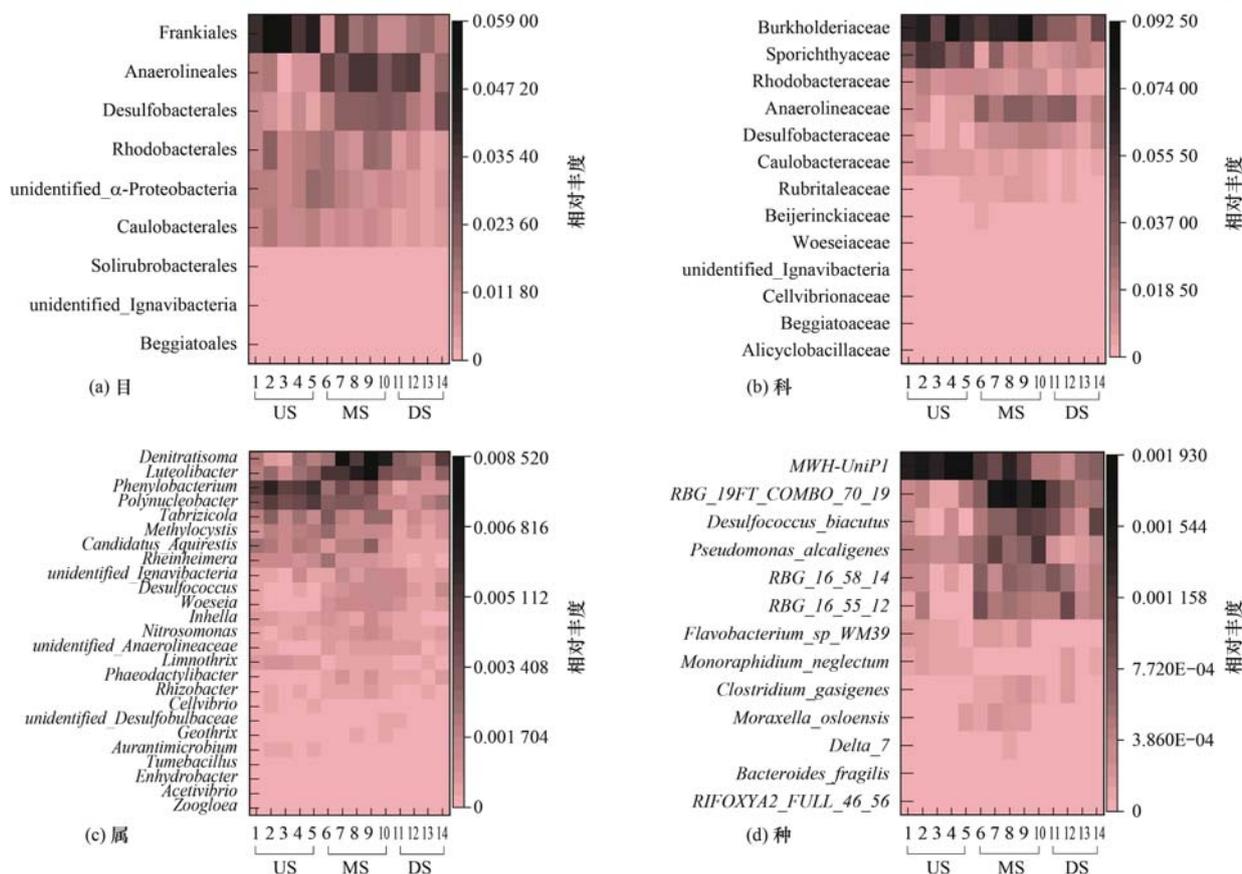


图 3 不同分类水平物种组间差异显著热图

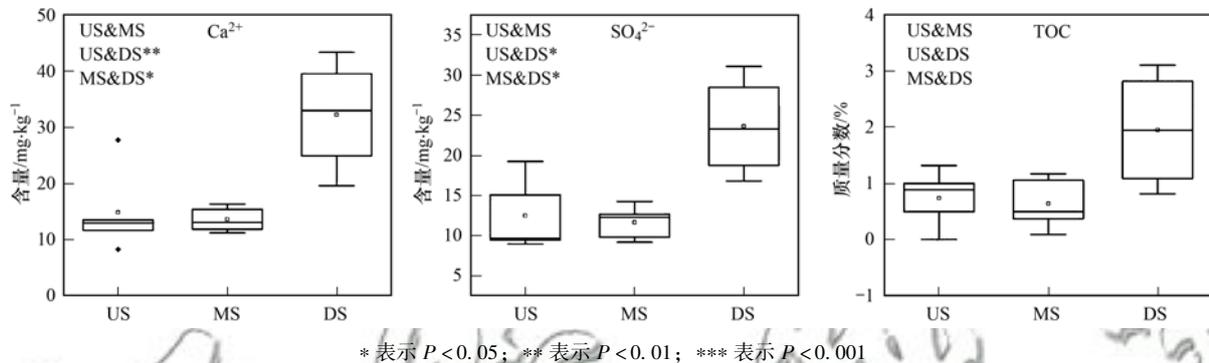
Fig. 3 Heat map of significant differences between species with different classification levels

(*Desulfococcus _ biacutus*)、产气梭状芽孢杆菌 (*Clostridium _ gasigenes*)、产碱假单胞菌 (*Pseudomonas _ alcaligenes*) 和奥斯陆莫拉菌 (*Moraxella_osloensis*) 均表现为中游显著富集、上下游显著减小的空间变化模式。

2.4 细菌群落空间变化的环境解释

为分析环境因子对细菌群落空间变化的影响，采用判别分析及回代验证结果逐步判别筛选出 Ca^{2+} 、 SO_4^{2-} 和 TOC 共 3 个指标在上游、中游和下游空间变异显著 (图 4)，且下游的 Ca^{2+} 、 SO_4^{2-} 和 TOC 浓度高于上游和中游地区。进一步分析各环境因子

相关关系 (表 2)，可知沉积物 Ca^{2+} 、 SO_4^{2-} 和 TOC 与 $NH_4^+ - N$ 、 $NO_2^- - N$ 、TN、 Mg^{2+} 呈现显著正相关关系，表明这些环境因子具有较为相似的空间变化趋势。进一步根据 NMDS 排序的第一轴 (X 轴) 与各环境因子相关关系识别环境因子与微生物群落的关系 (表 2)，从分析结果可以看出， $NO_2^- - N$ 、 Ca^{2+} 、 SO_4^{2-} 与微生物群落的变化呈现显著负相关关系，其次，TOC 与 $NH_4^+ - N$ 和 Mg^{2+} 与微生物群落的变化也具有较高的相关程度，表明上游和中游段沉积物微生物净化过程主要以氮、碳等主要的生物地化循环及盐分等次要生物地化循环过程为主，下游净化效果较差。



* 表示 $P < 0.05$; ** 表示 $P < 0.01$; *** 表示 $P < 0.001$

图 4 环境因子判别分析结果箱图

Fig. 4 Box plot of environmental factor discriminant analysis results

表 2 相关系数矩阵¹⁾

Table 2 Pearson correlation coefficient matrix

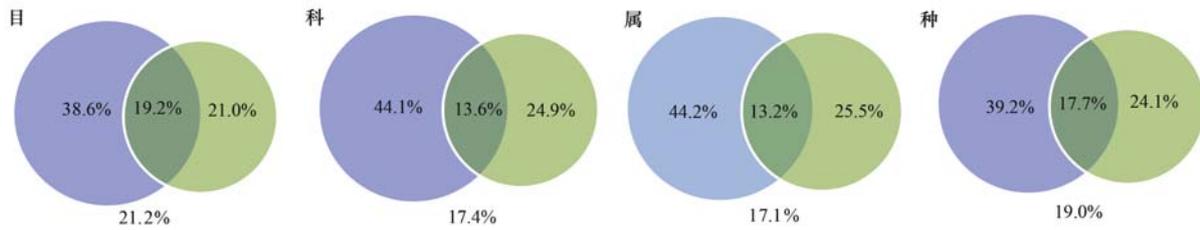
NMDS (X 轴)	$NH_4^+ - N$	$NO_2^- - N$	$NO_3^- - N$	TN	TOC	Na^+	K^+	Ca^{2+}	Mg^{2+}	Cl^-	SO_4^{2-}	
NMDS (X 轴)	1											
$NH_4^+ - N$	-0.405	1										
$NO_2^- - N$	-0.549*	0.265	1									
$NO_3^- - N$	0.263	-0.452	-0.175	1								
TN	-0.257	0.740**	0.400	-0.059	1							
TOC	-0.457	0.803**	0.443	-0.148	0.886**	1						
Na^+	0.149	0.136	-0.032	0.513	0.454	0.357	1					
K^+	-0.054	-0.056	-0.164	-0.206	-0.338	-0.219	-0.202	1				
Ca^{2+}	-0.576*	0.588*	0.622*	-0.223	0.638*	0.762**	0.303	-0.128	1			
Mg^{2+}	-0.456	0.771**	0.300	0.055	0.845**	0.820**	0.383	-0.236	0.701**	1		
Cl^-	0.115	-0.211	-0.250	0.108	-0.324	-0.275	0.092	0.927**	-0.231	-0.261	1	
SO_4^{2-}	-0.599*	0.566*	0.584*	-0.044	0.683**	0.823**	0.369	-0.183	0.963**	0.780**	-0.239	1

1) * 表示在 0.05 级别 (双尾), 相关性显著; ** : 在 0.01 级别 (双尾), 相关性极显著

2.5 细菌群落空间变化模式形成机制

通过向前选择获取了 6 个环境变量 (TP 、 Na^+ 、 NH_4^+ 、 Ca^{2+} 、 $NO_3^- - N$ 和 SO_4^{2-}) 和 3 个空间向量 ($V1$ 、 $V2$ 和 $V5$) 对物种不同分类水平进行方差分解分析 (图 5)。由方差分解结果可知，在目、科、属和种水平上，所有因素共同解释了沉积物细菌群落变异分别为 78.8%、82.6%、82.9% 和 81.0%。其次，环境因子对不同分类水平沉积物细菌群落多样性的构建贡献率中均具有显著影响。其中，环境因子对目、科、属

和种水平分别占总变异量的 57.8% ($[E]: P = 0.024$)、57.7% ($[E]: P = 0.018$)、57.4% ($[E]: P = 0.020$) 和 56.9% ($[E]: P = 0.026$)；与环境因子相比，空间因子可以解释变异量要低得多，空间因子对不同分类水平沉积物细菌群落结构也具有显著影响，在目、科、属和种水平分别占总变异量的 40.2% ($[E]: P = 0.002$)、38.5% ($[E]: P = 0.004$)、38.7% ($[E]: P = 0.004$) 和 41.8% ($[E]: P = 0.002$)。



图片左侧数值 = $[E/S]$; 中间数值 = $[E \cap S]$; 右侧数值 = $[S/E]$; 下方的数值 = $1 - [E + S]$

图5 基于环境和空间因子对不同分类水平沉积物细菌群落相对作用的方差分解

Fig. 5 Variation in composition based on the relative effects of environmental and spatial factors on the bacterial communities of different classification levels

3 讨论

3.1 城市再生水补给河道沉积物细菌群落特征研究尺度分析

细菌群落结构和功能特征是与环境长期适应的结果^[27~29]. 当细菌群落生境受到再生水补给扰动时,河道沉积物中细菌群落组成特征和功能特性均可产生时空变异^[18,19]. 补给口尺度再生水扰动对河道沉积物细菌群落的影响范围主要发生在距补给口1 200 m的范围内^[19]. 在再生水与上游来水径向渐变混合过程中,沉积物微生物净化过程主要与碳、氮和磷等主要的生物地化循环有关,并表现为距补给口2 000 m处细菌群落与上下游趋于相似^[18]. 再生水中高浓度的碳、氮、磷含量、缓慢的水流和水体内部较长的更新周期是导致补给口尺度细菌群落空间变化的直接原因. 京津冀段260 km长的北运河由于受到人类活动强烈干扰,从而有别于自然河道^[30]. 河岸带不同地区土地利用形成潜在非点源污染,河道上、中游密集和广泛分布污水处理厂排污口点源污染及上、中、下游河道生态修复措施综合作用形成了沿河流潜在环境梯度^[31,32]. 其中,季节性降雨对各类污染物具有稀释作用^[33]. 受水流持续扩散和污染物源汇动力学同质化效应影响,较小的地理尺度下扩散主导的河流细菌群落多样性形成机制使得细菌群落结构在内表现出较高相似性^[23],从而间接使影响密集分布的排污口尺度下细菌群落多样性形成机制中环境选择作用弱化. 因此,受到人类活动强烈干扰的北运河,关注其再生水汇入在区域或流域尺度上对河道水质与浮游细菌的群落的影响是较排污口尺度影响更为重要的研究方向.

3.2 北运河再生水补给河道沉积物细菌群落空间变化分析

本研究中基于高通量测序结果的细菌群落结构在京津冀区域尺度空间变异分析,显示区域尺度再生水汇入对河道沉积物细菌群落的影响导致细菌群落在上、中、下游地理空间尺度上表现出显著的空间

变化模式. 其中,流经天津段接受未处理和经处理废水则是导致下游盐分离子和TOC显著升高的直接原因,高度人工化的城市河道生态修复工程对水质和沉积物的净化作用是导致上、中游无机氮磷营养元素、盐分离子和TOC显著降低的间接原因,二者综合作用影响微生物细菌群落空间变化.

北运河上游河岸带植被生态修复工程与湿地植物根际典型微生物相关类群对再生水水质特性中富含的 Na^+ 、 K^+ 、 Ca^{2+} 、 Mg^{2+} 、 Cl^- 、TDS等盐离子和TN、 NH_4^+ -N等,多形态无机氮的净化是导致以碳、氮、硫等主要的生物地化循环有关的菌属在上游显著富集、中游次之、下游显著减少的主要原因. 已有研究表明弗兰克氏菌是与植物具有共生固氮作用的典型根际微生物,与沉积物中氮循环具有密切关系^[34]. 作为典型的促进植物生长的根际微生物,弗兰克氏目(Frankiales)中的伯克氏菌科(Burkholderiaceae)不仅参与氮循环^[35],同时包含了环境中腐生生物、植物病原体、致病菌及人和动物的主要病原体^[36]. 弗兰克氏目(Frankiales)中鱼孢菌科(Sporichthyaceae)属于兼性厌氧菌,主要参与典型淡水生态系统中支系与低分子量碳转化^[37]. 红细菌目(Rhodobacterales)是可使用有机底物和硫化物的异养微生物,高度多样化的红细菌目(Rhodobacterales)可参与有氧呼吸、厌氧发酵、硫氧化、固碳和固氮等新陈代谢过程,从而与沉积物碳、氮和硫循环中发挥重要作用^[38]. 红细菌目(Rhodobacterales)中的红细菌科(Rhodobacteraceae)是水环境中具有较高有机化合物代谢多样性的异养细菌,借助藻类分泌物和裂解物在水环境细菌群落中大量繁殖并占据主导地位^[39]. 柄杆菌目(Caulobacterales)与柄杆菌科(Caulobacteraceae)因其通常生活在寡营养水生环境中,进一步佐证上游沉积物细菌群落具有较高的碳、氮生物地化循环效能^[40],其中,苯基杆菌属(*Phenylbacterium*)所有菌株仅在氯代唑、安替比林等人工化合物上生长^[41],表征其可能来源于植被带养护和高尔夫草坪维护过

程中除草剂等非点源污染和再生水中痕量持久性抗生素类点源污染. 北运河中游半人工化侧砌、底砌工程导致再生水与包气带地下水水力交换过程有别于上游自然河道^[42], 进而影响沉积物细菌类群对再生水中富含的与碳、氮和硫等主要生物地化循环有关的 Na^+ 、 K^+ 、 Ca^{2+} 、 Mg^{2+} 、 Cl^- 、TDS 等盐离子和 TN、 NH_4^+ -N 等多形态无机氮的净化, 导致菌属类型主要并表现为中游富集、上下游显著减少的空间变化模式. 其中, 已有研究证明污水处理厂河道补给可增加沉积物中厌氧绳菌目 (Anaerolineales) 的丰度, 并在碳水化合物和肽的厌氧代谢中发挥重要作用^[43]. 脱硫杆菌目 (Desulfobacterales)、脱硫杆菌科 (Desulfobacteraceae)、脱硫球菌属 (*Desulfococcus*)、双歧脱硫球菌 (*Desulfococcus_biacutus*) 在中游显著富集, 表征这些微生物在中游沉积物硫循环中发挥重要功能^[44~47]. 而黄杆菌属 (*Luteolibacter*)、产气梭状芽孢杆菌 (*Clostridium_gasigenes*) 和奥斯陆莫拉菌 (*Moraxella_osloensis*) 多表现为腐物寄生菌等, 多为呼吸道分泌物或人和动物肠道致病菌^[48~50], 表征再生水中病原微生物的控制仍需加强^[51].

3.3 北运河再生水补给河道沉积物细菌群落空间变化机制

作为河流生态系统细菌群落结构多样性构建的两个基本竞争过程, 环境选择和扩散过程对细菌在空间变化的贡献率随研究尺度的变化结论有所差异^[10~15]. 通过水流持续扩散和污染源汇动力学同质化效应影响, 扩散作用在较小地理尺度下的自然流动河流中占主导. 在高度人工化的水生态系统中, 再生水通过补给口与上游来水汇流, 形成小尺度地理空间上明显的环境梯度, 物种分类作用增强^[15], 从而使得上、中、下游群落结构不仅具有最高的组间差异系数, 而且具有较高的组内相似性系数. 本研究分析结果显示精细地理尺度作用下的高度人工化的城市河道沉积物细菌群落多样性构建过程是由环境选择和地理扩散共同作用为主, 且环境选择在不同分类水平的细菌群落空间变化中均占主导作用.

4 结论

(1) 北运河沉积物细菌群落空间变化模式和群落结构差异性分析结果均表明: 较高的分类水平具有更均质化的分布格局; 而较低分类水平空间样点具有更加清晰的分布界限和范围, 且这种分布界限随分类水平的降低越来越清晰; 组间差异性同样随着分类水平的降低而增强.

(2) 空间变化模式对细菌群落组成的影响结果表明: 弗兰克氏目 (Frankiales) 和红细菌目

(Rhodobacterales) 等典型根际微生物表现为上游显著富集, 与碳氮硫循环相关的厌氧绳菌目 (Anaerolineales) 和脱硫杆菌目 (Desulfobacterales) 表现为中游富集, 苯基杆菌属 (*Phenylbacterium*) 表现为上游富集, 以及产气梭状芽孢杆菌 (*Clostridium_gasigenes*) 和奥斯陆莫拉菌 (*Moraxella_osloensis*) 等致病菌表现为中游显著富集.

(3) 北运河沉积物细菌群落多样性构建机制分析: 沉积物中与再生水水质特性具有密切关系的 Ca^{2+} 、 SO_4^{2-} 和 TOC 与 NH_4^+ -N、 NO_2^- -N、TN、 Mg^{2+} 间存在显著正相关关系, 这些环境因子在空间上均表现为下游浓度高于上游和中游地区. 典型环境因子与细菌群落的负相关关系表明其在净化再生水水质特性中富含的 Na^+ 、 K^+ 、 Ca^{2+} 、 Mg^{2+} 、 Cl^- 、TDS 等盐离子和 TN、 NH_4^+ -N 等多形态无机氮过程中发挥重要作用. 总的来看, 北运河沉积物细菌群落多样性构建过程是由环境选择和地理扩散共同作用为主, 且环境选择在不同分类水平的细菌群落空间变化中均占主导作用.

参考文献:

- [1] 张旭. 淡水水体底泥微生物群落特征及微生物指标评价研究 [D]. 上海: 上海大学, 2016.
Zhang X. Microbial community characteristics and microbial indicators evaluation study in fresh water sediment [D]. Shanghai: Shanghai University, 2016.
- [2] 闫云君, 梁彦龄. 扁担塘底栖动物群落的能量流动 [J]. 生态学报, 2003, 23(3): 527-538.
Yan Y J, Liang Y L. Energy flow of macrozoobenthic community in a macrophytic lake, Biandantang Lake [J]. Acta Ecologica Sinica, 2003, 23(3): 527-538.
- [3] 林群, 金显仕, 郭学武, 等. 基于 Ecopath 模型的长江口及毗邻水域生态系统结构和能量流动研究 [J]. 水生态学杂志, 2009, 2(2): 28-36.
Lin Q, Jin X S, Guo X W, et al. Study on the structure and energy flow of the Yangtze River Estuary and adjacent waters ecosystem based on Ecopath model [J]. Journal of Hydroecology, 2009, 2(2): 28-36.
- [4] 赵玉龙, 刘志飞. 古新世—始新世最热事件对地球表层循环的影响及其触发机制 [J]. 地球科学进展, 2007, 22(4): 341-349.
Zhao Y L, Liu Z F. The impacts of the Paleocene-Eocene Thermal Maximum (PETM) event on earth surface cycles and its trigger mechanism [J]. Advances in Earth Science, 2007, 22(4): 341-349.
- [5] 龚骏, 宋延静, 张晓黎. 海岸带沉积物中氮循环功能微生物多样性 [J]. 生物多样性, 2013, 21(4): 433-444.
Gong J, Song Y J, Zhang X L. Phylogenetic and functional diversity of nitrogen cycling microbes in coastal sediments [J]. Biodiversity Science, 2013, 21(4): 433-444.
- [6] 幸颖, 刘常宏, 安树青. 海岸盐沼湿地土壤硫循环中的微生物及其作用 [J]. 生态学杂志, 2007, 26(4): 577-581.
Xing Y, Liu C H, An S Q. Microbes and their functions in sulfur cycle of coastal salt marsh sediments [J]. Chinese Journal of Ecology, 2007, 26(4): 577-581.

- [7] 魏伟. 安徽铜陵地区河流重金属污染、生物多样性研究与评价[D]. 合肥: 安徽大学, 2012.
Wei W. Research and evaluation on heavy metal contamination and biodiversity of rivers in Tongling of Anhui province [D]. Hefei: Anhui University, 2012.
- [8] Ek A S, Renberg I. Heavy metal pollution and lake acidity changes caused by one thousand years of copper mining at Falun, central Sweden [J]. *Journal of Paleolimnology*, 2001, **26**(1): 89-107.
- [9] 王晓波. 我国北方草地土壤微生物群落的空间格局及其驱动机制[D]. 北京: 中国科学院大学, 2015.
Wang X B. The spatial pattern of soil microbial communities and its driving mechanism in the grassland of Northern China [D]. Beijing: University of Chinese Academy of Sciences, 2015.
- [10] Lindström E S, Eiler A, Langenheder S, *et al.* Does ecosystem size determine aquatic bacterial richness? Comment [J]. *Ecology*, 2007, **88**(1): 252-253.
- [11] Yannarell A C, Triplett E W. Geographic and environmental sources of variation in lake bacterial community composition [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, **71**(1): 227-239.
- [12] Whitaker R J, Grogan D W, Taylor J W. Geographic barriers isolate endemic populations of hyperthermophilic archaea [J]. *Science*, 2003, **301**(5635): 976-978.
- [13] Papke R T, Ramsing N B, Bateson M M, *et al.* Geographical isolation in hot spring cyanobacteria [J]. *Environmental Microbiology*, 2003, **5**(8): 650-659.
- [14] Cottenie K. Integrating environmental and spatial processes in ecological community dynamics [J]. *Ecology Letters*, 2005, **8**(11): 1175-1182.
- [15] Xiong W, Ni P, Chen Y Y, *et al.* Zooplankton community structure along a pollution gradient at fine geographical scales in river ecosystems: The importance of species sorting over dispersal [J]. *Molecular Ecology*, 2017, **26**(16): 4351-4360.
- [16] 冷疏影, 李新荣, 李彦, 等. 我国生物地理学研究进展[J]. *地理学报*, 2009, **64**(9): 1039-1047.
Leng S Y, Li X R, Li Y, *et al.* Recent progress in biogeography in China [J]. *Acta Geographica Sinica*, 2009, **64**(9): 1039-1047.
- [17] 王广焯, 王鹏程, 张琼琼, 等. 再生水补给湿地香蒲根际细菌群落多样性分析[J]. *天津师范大学学报(自然科学版)*, 2017, **37**(4): 46-53.
Wang G X, Wang P C, Zhang Q Q, *et al.* Analysis of rhizosphere bacterial diversity of *Typha orientalis* in reclaimed water river wetland [J]. *Journal of Tianjin Normal University (Natural Science Edition)*, 2017, **37**(4): 46-53.
- [18] 赵霏. 再生水湿地香蒲根际细菌多样性研究[D]. 北京: 首都师范大学, 2014.
- [19] 邸琰茗, 王广焯, 黄兴如, 等. 再生水补水对河道底泥细菌群落组成与功能的影响[J]. *环境科学*, 2017, **38**(2): 743-751.
Di Y M, Wang G X, Huang X R, *et al.* Effect of reclaimed water on bacterial community composition and function in urban river sediment [J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(2): 743-751.
- [20] 马栋山, 郭羿宏, 张琼琼, 等. 再生水补水对河道底泥细菌群落结构的影响[J]. *生态学报*, 2015, **35**(20): 6742-6749.
Ma D S, Guo Y H, Zhang Q Q, *et al.* Influence of reclaimed water on the bacterial community structure of sediment from an urban river [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, **35**(20): 6742-6749.
- [21] 于佳. 深圳市再生水现状分析与评价研究[D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2012.
Yu J. A study on analysis and evaluation on reclaimed water of Shenzhen [D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2012.
- [22] 崔丙健, 高峰, 胡超, 等. 不同再生水灌溉方式对土壤-辣椒系统中细菌群落多样性及病原菌丰度的影响[J]. *环境科学*, 2019, **40**(11): 5151-5163.
Cui B J, Gao F, Hu C, *et al.* Effect of different reclaimed water irrigation methods on bacterial community diversity and pathogen abundance in the soil-pepper ecosystem [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(11): 5151-5163.
- [23] 董洁, 唐廷贵. 天津物种多样性现状及丧失原因分析[A]. 见: 生物多样性与人类未来——第二届全国生物多样性保护与持续利用研讨会论文集[C]. 北京: 中国科学院生物多样性委员会, 1996. 383-387.
- [24] 李彦东, 李红有. 对北运河治理规划的思考[J]. *海河水利*, 2006, (1): 24-27.
Li Y D, Li H Y. The thought on rehabilitation and planning in north canal [J]. *Haihe Water Resources*, 2006, (1): 24-27.
- [25] Yang Y Z, Ni P, Gao Y C, *et al.* Geographical distribution of zooplankton biodiversity in highly polluted running water ecosystems: validation of fine-scale species sorting hypothesis [J]. *Ecology and Evolution*, 2018, **8**(10): 4830-4840.
- [26] 刘宇同, 杨伟超, 杨丽娜, 等. 北运河流域水生生态恢复与保护的实践探索[J]. *北京水务*, 2019, (3): 57-62.
Liu Y T, Yang W G, Yang L N. Practice and exploration of water ecology construction and protection in the North Canal river basin [J]. *Beijing Water*, 2019, (3): 57-62.
- [27] Truu M, Juhanson J, Truu J. Microbial biomass, activity and community composition in constructed wetlands [J]. *Science of the Total Environment*, 2009, **407**(13): 3958-3971.
- [28] 李虎, 黄福义, 苏建强, 等. 浙江省甬江氨氧化古菌和氨氧化细菌分布及多样性特征[J]. *环境科学*, 2015, **36**(12): 4659-4666.
Li H, Huang F Y, Su J Q, *et al.* Distribution and diversity of ammonium-oxidizing archaea and ammonium-oxidizing bacteria in surface sediments of Oujiang river [J]. *Environmental Science*, 2015, **36**(12): 4659-4666.
- [29] 曹新垲, 杨琦, 郝春博. 厌氧污泥降解苯动力学与生物多样性研究[J]. *环境科学*, 2012, **33**(10): 3535-3541.
Cao X K, Yang Q, Hao C B. Degradation kinetics of naphthalene by anaerobic sludge and analysis of the bacterial biodiversity [J]. *Environmental Science*, 2012, **33**(10): 3535-3541.
- [30] Heeb F, Singer H, Pernet-Coudrier B, *et al.* Organic micropollutants in rivers downstream of the megacity Beijing: sources and mass fluxes in a large-scale wastewater irrigation system [J]. *Environmental Science & Technology*, 2012, **46**(16): 8680-8688.
- [31] 肖洋. 北京山区森林植被对非点源污染的生态调控机理研究[D]. 北京: 北京林业大学, 2008.
Xiao Y. Study on the adjustment and control mechanism of forest to nonpoint source pollution in Beijing mountain area [D]. Beijing: Beijing Forestry University, 2008.
- [32] 孙伟, 张守本, 杨建森, 等. 小清河水环境质量评价及主要污染物入海通量研究[J]. *海洋环境科学*, 2017, **36**(3): 366-371.
Sun W, Zhang S B, Yang J S, *et al.* Quality assessment of aquatic environment and fluxes of major pollutants to the Xiaoqing river estuary [J]. *Marine Environmental Science*, 2017, **36**(3): 366-371.

- [33] 鲍林林, 王晓燕, 陈永娟, 等. 北运河沉积物中主要脱氮功能微生物的群落特征[J]. 中国环境科学, 2016, **36**(5): 1520-1529.
Bao L L, Wang X Y, Chen Y J, *et al.* Diversity, abundance and distribution of *nirS*-type denitrifiers and Anammox bacteria in sediments of Beiyun River[J]. China Environmental Science, 2016, **36**(5): 1520-1529.
- [34] 周鸿宾, 郝家骐, 袁长芳, 等. 与某些非豆科植物共生的弗兰克氏菌(*Frankia* sp.)的孢囊及其固氮作用[J]. 植物生理学报, 1985, **11**(3): 315-318.
Zhou H B, Hao J Q, Yuan C F, *et al.* The vesicle formation and nitrogen fixation of *Frankia* symbiosis with some non-leguminous plants[J]. Acta Phytobiologica Sinica, 1985, **11**(3): 315-318.
- [35] 艾超. 长期施肥下根际碳氮转化与微生物多样性研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2015.
Ai C. Carbon and nitrogen transformations and microbial diversity in the rhizosphere soil under long-term fertilization practices[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2015.
- [36] 况卫刚. 伯克氏菌属和葡萄座腔菌属植物病原菌 DNA 条形码及分子检测研究[D]. 北京: 中国农业大学, 2016.
Kuang W G. DNA barcoding and molecular detection of plant pathogenic species of *Burkholderia* and *Botryosphaeria* [D]. Beijing: China Agricultural University, 2016.
- [37] Ávila M P, Brandão L P M, Brighenti L S, *et al.* Linking shifts in bacterial community with changes in dissolved organic matter pool in a tropical lake[J]. Science of the Total Environment, 2019, **672**: 990-1003.
- [38] Dang H Y, Li T G, Chen M N, *et al.* Cross-Ocean distribution of *Rhodobacterales* bacteria as primary surface colonizers in temperate coastal marine waters[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2008, **74**(1): 52-60.
- [39] Bischoff V, Bunk B, Meier-Kolthoff J P, *et al.* Cobaviruses- a new globally distributed phage group infecting *Rhodobacteraceae* in marine ecosystems[J]. The ISME Journal, 2019, **13**(6): 1404-1421.
- [40] 尹冰玉. 枸杞岛海藻场细菌群落结构及功能研究[D]. 上海: 上海海洋大学, 2011.
Yin B Y. The study on the bacterial community structure and function in seaweed beds of Gouqi Island [D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2011.
- [41] Lingens F, Blecher R, Blecher H, *et al.* *Phenylobacterium immobile* gen. nov., sp. nov., a gram-negative bacterium that degrades the herbicide chloridazon[J]. International Journal of Systematic Bacteriology, 1985, **35**(1): 26-39.
- [42] 宋庆辉, 杨志峰. 对我国城市河流综合管理的思考[J]. 水科学进展, 2002, **13**(3): 377-382.
Song Q H, Yang Z F. Thinking of integrated management of urban rivers in China[J]. Advances in Water Science, 2002, **13**(3): 377-382.
- [43] Atashgahi S, Aydin R, Dimitrov M R, *et al.* Impact of a wastewater treatment plant on microbial community composition and function in a hyporheic zone of a eutrophic river [J]. Scientific Reports, 2015, **5**, doi: 10.1038/srep17284.
- [44] 陈庆彩. 环渤海沉积物多环芳烃比昂迫下细菌群落变化的研究[D]. 济南: 齐鲁工业大学, 2016.
Chen Q C. Investigations to pyrene polluted marine sediments and the microbial community of PAHs degrading bacteria [D]. Ji'nan: Qilu University of Technology, 2016.
- [45] 刘冬秀. 崇明东滩互花米草入侵对碳—硫循环微生物群落的影响研究[D]. 上海: 上海大学, 2015.
Liu D X. Effects of *Spartina alterniflora* invasion on bacterial community related to carbon-sulfur cycle in Chongming Dongtan [D]. Shanghai: Shanghai University, 2015.
- [46] 王明义, 梁小兵, 郑娅萍, 等. 洱海沉积物硫循环相关微生物群落结构[J]. 现代预防医学, 2007, **34**(9): 704-705, 709.
Wang M Y, Liang X B, Zheng Y P, *et al.* Microbial community composition of sulfur cycle in lake Erhai sediments[J]. Modern Preventive Medicine, 2007, **34**(9): 704-705, 709.
- [47] Platen H, Temmes A, Schink B. Anaerobic degradation of acetone by *Desulfococcus biacutus* spec. nov. [J]. Archives of Microbiology, 1990, **154**(4): 355-361.
- [48] 陈波, 邓正泊. 黄杆菌属医院感染及耐药性分析[J]. 检验医学与临床, 2008, **5**(5): 261-262.
Chen B, Deng Z B. Drug tolerance analysis of flavobacterium-induced nosocomial infections [J]. Laboratory Medicine and Clinic, 2008, **5**(5): 261-262.
- [49] Silva A R, Paulo É N, Sant'Ana A S, *et al.* Involvement of *Clostridium gasigenes* and *C. algidicarnis* in 'blown pack' spoilage of Brazilian vacuum-packed beef [J]. International Journal of Food Microbiology, 2011, **148**(3): 156-163.
- [50] 张素辉, 黄勇富, 付利芝, 等. 山羊源奥斯陆莫拉菌的分子鉴定与分析[J]. 中国人兽共患病学报, 2014, **30**(1): 12-16.
Zhang S H, Huang Y F, Fu L Z, *et al.* Molecular classification and analysis of *Moraxella osloensis* from goats [J]. Chinese Journal of Zoonoses, 2014, **30**(1): 12-16.
- [51] 何星海, 马世豪. 再生水的卫生安全问题探讨[J]. 给水排水, 2004, **30**(3): 1-5.
He X H, Ma S H. Discussion on the safety of reclaimed wastewater [J]. Water & Wastewater Engineering, 2004, **30**(3): 1-5.

CONTENTS

Chemical Characteristics and Source Apportionment of Organic Aerosols in Atmospheric PM _{2.5} in Winter in Beijing	XU Nan, WANG Tian-tian, LI Xiao, <i>et al.</i> (2101)
Characteristics of Two Pollution Episodes Before and After City Heating in Beijing from February to March of 2019	YIN Xiao-mei, PU Wei-wei, WANG Ji-kang, <i>et al.</i> (2110)
Analysis of Characteristics and Causes of a Typical Haze Pollution in Beijing in the Winter of 2019	LIAN Han-yang, YANG Xin, ZHANG Pu, <i>et al.</i> (2121)
New Particle Formation Events in Summer and Winter in the Coastal Atmosphere in Qingdao, China	SUN Yue, ZHU Yu-jiao, MENG He, <i>et al.</i> (2133)
Characteristics of Heavy Metal Pollution and Ecological Risk Evaluation of Indoor Dust from Urban and Rural Areas in Taiyuan City During the Heating Season	HUANG Hao, XU Zi-qi, YAN Jun-xia, <i>et al.</i> (2143)
Concentration Analysis and Health Risk Assessment of Air Pollutants in Newly Decorated Public Places in Xi'an	FAN Jie, FAN Hao, SHEN Zhen-xing, <i>et al.</i> (2153)
Emission Concentration and Characteristics of Particulate Matter and Water-Soluble Ions in Exhaust Gas of Typical Combustion Sources with Ultra-Low Emission	HU Yue-qi, WANG Zheng, GUO Jian-hui, <i>et al.</i> (2159)
High-Throughput Sequencing Analysis of Microbial Communities in Summertime Atmospheric Particulate Matter in Hefei City	JIANG Shao-yi, SUN Bo-wen, DAI Hai-tao, <i>et al.</i> (2169)
Spatiotemporal Variations in Fine Particulate Matter and the Impact of Air Quality Control in Zhengzhou	DONG Zhe, YUAN Ming-hao, SU Fang-cheng, <i>et al.</i> (2179)
Characteristics of Ozone Pollution and Relationships with Meteorological Factors in Jiangxi Province	QIAN Yue, XU Bin, XIA Ling-jun, <i>et al.</i> (2190)
Temporal and Spatial Distribution Characteristics of Aerosol Optical Properties in Urban Agglomerations on the North Slope of the Tianshan Mountains	ZHANG Zhe, DING Jian-li, WANG Jin-jie, <i>et al.</i> (2202)
Comprehensive Classification Method of Urban Water by Remote Sensing Based on High-Resolution Images	YANG Zi-qian, LIU Huai-qing, LÜ Heng, <i>et al.</i> (2213)
Construction and Application Optimization of the Chl-a Forecast Model ARIMA for Lake Taihu	LI Na, LI Yong, FENG Jia-cheng, <i>et al.</i> (2223)
Spatial Differences in Water Quality and Spatial Autocorrelation Analysis of Eutrophication in Songhua Lake	DING Yang, ZHAO Jin-yong, ZHANG Jing, <i>et al.</i> (2232)
Pollution and Irrigation Applicability of Surface Water from Wet, Normal, and Dry Periods in the Huixian Karst Wetland, China	ZHU Dan-ni, ZOU Sheng-zhang, LI Jun, <i>et al.</i> (2240)
Changes in Water Chemistry and Driving Factors in the Middle and Lower Reaches of the Beijing-Hangzhou Grand Canal	CHENG Zhong-hua, DENG Yi-xiang, ZHUO Xiao-ke, <i>et al.</i> (2251)
Effects of Different Land Use Practices on Nitrogen Loss from Runoff During Rainfall Events	LUO Yi-feng, CHEN Fang-xin, ZHOU Hao, <i>et al.</i> (2260)
Sources and Fate of Nitrate in Groundwater in a Typical Karst Basin: Insights from Carbon, Nitrogen, and Oxygen Isotopes	REN Kun, PAN Xiao-dong, LIANG Jia-peng, <i>et al.</i> (2268)
Changes in the Bacterioplankton Community Between "Ice" and "Water" in the Frozen Dali Lake	LI Wen-bao, YANG Xu, TIAN Ya-nan, <i>et al.</i> (2276)
Analysis of the Spatial Changes in Bacterial Communities in Urban Reclaimed Water Channel Sediments; A Case Study of the North Canal River	QIU Ying, JIN Yan, SU Zhen-hua, <i>et al.</i> (2287)
Spatial Differences and Influencing Factors of Denitrification and ANAMMOX Rates in Spring and Summer in Lake Taihu	ZHAO Feng, XU Hai, ZHAN Xu, <i>et al.</i> (2296)
Structural Characteristics of Zooplankton and Phytoplankton Communities and Its Relationship with Environmental Factors in a Typical Tributary Reservoir in the Three Gorges Reservoir Region	CHEN Sha, XIE Qing, FU Mei, <i>et al.</i> (2303)
Application of Iron and Sulfate-Modified Biochar in Phosphorus Removal from Water	SANG Qian-qian, WANG Fang-jun, ZHAO Yuan-tian, <i>et al.</i> (2313)
Analysis of the Performance and Mechanism of Phosphorus Removal in Water by Steel Slag	LUO Xiao, ZHANG Jun-bo, HE Lei, <i>et al.</i> (2324)
Adsorption of BS-18 Amphoterically Modified Bentonite to Tetracycline and Norfloxacin Combined Pollutants	WANG Xin-xin, MENG Zhao-fu, LIU Xin, <i>et al.</i> (2334)
Preparation of Ag ₃ PO ₄ /g-C ₃ N ₄ Composite Photocatalysts and Their Visible Light Photocatalytic Performance	GAO Chuang-chuang, LIU Hai-cheng, MENG Wu-shuang, <i>et al.</i> (2343)
Activation of Permonosulfate by Rhodamine B for BPA Degradation Under Visible Light Irradiation	ZHANG Yi-chen, BAI Xue, SHI Juan, <i>et al.</i> (2353)
Fe-Ti Co-Doped Alumina-Induced Surface Dual Reaction Center for Catalytic Ozonation to Remove Pollutants from Water	ZHANG Fan, SONG Yang, HU Chun, <i>et al.</i> (2360)
Preparation of Sulfidated Copper-Iron Bimetallic Composites and Its Mechanism for Chromium Removal	QU Min, WANG Yuan, CHEN Hui-xia, <i>et al.</i> (2370)
Mechanisms of Penicillin Wastewater Treatment by Coupled Electrocatalytic and Bioelectrochemical Systems	QU You-peng, LÜ Jiang-wei, DONG Yue, <i>et al.</i> (2378)
Aerobic Granular Sludge Operation and Nutrient Removal Mechanism from Domestic Sewage in an Anaerobic/Aerobic Alternating Continuous Flow System	LI Dong, YANG Jing-wei, LI Yue, <i>et al.</i> (2385)
In-situ Phosphorus Removal Activity and Impact of the Organic Matter Concentration on Denitrifying Phosphorus Removal in Sludge Aggregates	LÜ Yong-tao, JIANG Xiao-tong, TU Yan, <i>et al.</i> (2396)
In-situ Sludge Reduction Technology Based on Ozonation	XUE Bing, LIU Bin-han, WEI Ting-ting, <i>et al.</i> (2402)
Effects of Activated Carbon on the Fate of Antibiotic Resistance Genes During Anaerobic Digestion of the Organic Fraction of Municipal Solid Waste	MA Jia-ying, WANG Pan-liang, WANG Bing-han, <i>et al.</i> (2413)
Release Mechanisms of Carbon Source and Dissolved Organic Matter of Six Agricultural Wastes in the Initial Stage	LING Yu, YAN Guo-kai, WANG Hai-yan, <i>et al.</i> (2422)
Spatial Differentiation of Soil Organic Carbon Density and Influencing Factors in Typical Croplands of China	LI Cheng, WANG Rang-hui, LI Zhao-zhe, <i>et al.</i> (2432)
Characteristics of Paddy Soil Organic Carbon Mineralization and Influencing Factors Under Different Water Conditions and Microbial Biomass Levels	LIU Qi, LI Yu-hong, LI Zhe, <i>et al.</i> (2440)
Analysis of Nitrogen Transformation Characteristics and Influencing Factors of Forestland Soil in the Qinghai-Tibet Plateau; A Case Study of the Qilian Mountains and Southeast Tibet	HE Fang, ZHANG Li-mei, SHEN Cong-cong, <i>et al.</i> (2449)
Using the Matter-Element Extension Model to Assess Heavy Metal Pollution in Topsoil in Parks in the Main District Park of Lanzhou City	HU Meng-jun, LI Chun-yan, LI Na-na, <i>et al.</i> (2457)
Effects of Long-Term Application of Chemical Fertilizers and Organic Fertilizers on Heavy Metals and Their Availability in Reddish Paddy Soil	XIA Wen-jian, ZHANG Li-fang, LIU Zeng-bing, <i>et al.</i> (2469)
Characteristics and Origins of Heavy Metals in Soil and Crops in Mountain Area of Southern Sichuan	HAN Wei, WANG Cheng-wen, PNEG Min, <i>et al.</i> (2480)
Spatial Distribution Characteristics, Source Apportionment, and Risk Assessment of Topsoil PAHs in the Core Area of the Ningdong Energy and Chemical Industry Base	YANG Fan, LUO Hong-xue, ZHONG Yan-xia, <i>et al.</i> (2490)
Functional Stability and Applicability of Heavy Metal Passivators in Reducing Cd Uptake by Lettuce	PANG Fa-hu, WU Xue-jiao, KONG Xue-fei, <i>et al.</i> (2502)
Effects of Water Management on Cadmium Accumulation by Rice (<i>Oryza sativa</i> L.) Growing in Typical Paddy Soil	ZHANG Yu-ting, TIAN Ying-bing, HUANG Dao-you, <i>et al.</i> (2512)
Adsorption Properties of Oiltea Camellia Shell-Modified Biochar and Effects of Coupled Waterlogging on Soil Cd Morphology	CAI Tong, DU Hui-hui, LIU Xiao-li, <i>et al.</i> (2522)
Effects of Land Use Changes on Soil Fungal Community Structure and Function in the Riparian Wetland Along the Downstream of the Songhua River	XU Fei, ZHANG Tuo, HUAI Bao-dong, <i>et al.</i> (2531)
Distribution of Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in a Fishery Reclamation Mining Subsidence Area	CHENG Sen, LU Ping, FENG Qi-yan (2541)
Effects of Three Commonly Used Herbicides on Bacterial Antibiotic Resistance	LI Xi, LIAO Han-peng, CUI Peng, <i>et al.</i> (2550)
Discussion of Microbial Control Standards of Water Reclamation and Formulation Methods	CHEN Zhuo, CUI Qi, CAO Ke-fan, <i>et al.</i> (2558)