

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

冠状病毒气溶胶传播及环境影响因素

李雪, 蒋靖坤, 王东滨, 邓建国, 贺克斌, 郝吉明



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年7月

第42卷 第7期
Vol.42 No.7

目次

冠状病毒气溶胶传播及环境影响因素	李雪, 蒋靖坤, 王东滨, 邓建国, 贺克斌, 郝吉明 (3091)
新冠肺炎疫情期间气象条件和排放变化对 PM _{2.5} 的影响	逯世泽, 史旭荣, 薛文博, 雷宇, 严刚 (3099)
基于网格的长三角 PM _{2.5} 分布影响因素及交互效应	黄小刚, 赵景波, 辛未冬 (3107)
ARIMA 时间序列分析模型在臭氧浓度中长期预报中的应用	李颖若, 韩婷婷, 汪君霞, 权维俊, 何迪, 焦热光, 吴进, 郭恒, 马志强 (3118)
中国长三角背景点冬季大气棕碳污染特征及来源解析	赵宇, 吴灿, 王益倩, 陈玉宝, 吕少君, 汪芳琳, 杜伟, 刘仕杰, 丁志健, 王格慧 (3127)
四川盆地 PM _{2.5} 浓度时空变化特征遥感监测与影响因子分析	李梦真, 张廷斌, 易桂花, 秦岩宾, 李景吉, 刘贤, 蒋杰 (3136)
河网连续动态模型构建及其在典型杀虫剂时空迁移模拟中的应用	邢成, 张芊芊, 蔡雅雅, 烟晓婷, 应光国 (3147)
九龙江流域河流氮输出对土地利用模式和水文状况的响应	黄亚玲, 黄金良 (3156)
滇池近岸水体微塑料污染与富营养化的相关性	袁海英, 侯磊, 梁启斌, 李佳琛, 任甲 (3166)
白洋淀夏季入淀区沉积物间隙水-上覆水水质特征及交换通量分析	张甜娜, 周石磊, 陈召莹, 张紫薇, 孙悦, 姚波, 崔建升, 李再兴, 罗晓 (3176)
镇江市古运河和金山湖河湖上覆水体和沉积物氮及有机质分布特征及污染评价	原璐彬, 邢书语, 刘鑫, 周晓红, Adelaide Angela Dadzie (3186)
洪湖国际重要湿地沉积物磷空间分布特征及释放风险	刘永九, 黄素珍, 张璐, 彭雪, 张心怡, 葛芳杰, 刘碧云, 吴振斌 (3198)
苏州古城区域河道底泥的重金属污染分布及生态风险评价	白冬锐, 张涛, 包峻松, 陈坦, 王洪涛, 金曦, 金军, 杨婷 (3206)
武汉集中式饮用水源地土壤重金属的时空分布特征及生态风险评价	朱静, 侯耀宗, 邹书成, 曹梦华, 涂书新 (3215)
升金湖湖交汇区地表-地下水水化学特征及成因分析	崔玉环, 王杰, 刘友存, 郝洸, 高祥 (3223)
青岛市农区地下水硝态氮污染来源解析	寇馨月, 丁军军, 李玉中, 毛丽丽, 李巧珍, 徐春英, 郑欠, 庄姗 (3232)
三峡库区支流浮游植物群落稳定性及其驱动因子分析	何书晗, 欧阳添, 赵璐, 纪璐璐, 杨安琪, 施军琼, 吴忠兴 (3242)
哈尔滨城市河网丰水期浮游植物群落分布特征及驱动因子	路枫, 李磊, 齐青松, 陆欣鑫, 刘妍, 范亚文 (3253)
湖泊沉积物中微生物群落对天然有机质输入的响应	居琪, 章奇, 曹驰程, 白雷雷, 张晖 (3263)
补给水质与社会活动对白洋淀湿地微生物的影响特征	赵志瑞, 吴会清, 毕玉方, 展庆周, 吴海森, 袁凯悦, 孟祥源, 李方红 (3272)
蓝藻衰亡过程中上覆水溶解性有机物变化特征	李翔, 李致春, 汪旋, 张思远, 王慧敏, 厉荣强, 王国祥, 李启蒙 (3281)
长江下游快速城市化地区水污染特征及源解析:以秦淮河流域为例	马小雪, 龚畅, 郭加汛, 王腊春, 徐蕴韵, 赵春发 (3291)
长江下游居民区降水地表径流的污染特征	郭文景, 张志勇, 闻学政, 张瀚文, 王岩 (3304)
潮河流域降雨径流事件污染物输出特征	包鑫, 江燕, 胡羽聪 (3316)
不透水地表粗糙度对城市面源颗粒物的累积和冲刷影响	单溪环, 谢文霞, 廖云杰, 房志达, 杨晓晶, 苏静君, 赵洪涛, 李叙勇 (3328)
基于概率方法的中国居民饮水途径暴露健康风险评估	秦宁, 刘运炜, 侯荣, 王彩云, 王贝贝, 段小丽 (3338)
蛋白类有机质在水厂各处理单元中的去除特性	李梦雅, 宋钰莹, 张晓岚, 黄海鸣 (3348)
污水处理厂不同单元工艺水中重金属及其纳米颗粒的分布	王杜珈, 何帅, 周小霞 (3358)
基于宏基因组技术分析 MBR 膜清洗后污泥中抗性基因	杜彩丽, 李中涵, 李晓光, 张列宇, 陈素华, 黎佳茜, 李曹乐 (3366)
石化废水处理厂中耐药菌和耐药基因的分布特征与去除效能解析	唐振平, 肖莎莎, 段毅, 刘迎九, 高媛媛, 吴月月, 陈怡雯, 周帅 (3375)
一段式亚硝化厌氧氨氧化 SMBBR 处理中低浓度氨氮废水	吕恺, 邵贤明, 王康舟, 姚雪薇, 彭党聪, 韩芸 (3385)
外加固体缓释碳源的两段反硝化工艺脱氮性能	唐义, 马懿文, 王金泉, 王艳, 叶刚 (3392)
臭氧投量对 SBR 系统污泥沉降性能及脱氮除磷的影响	吕永涛, 朱传首, 张旭阳, 徐超, 潘永宝, 刘爽, 崔双科, 王磊 (3400)
间歇梯度曝气下首段延时厌氧强化好氧颗粒污泥脱氮除磷	张玉君, 李冬, 王歆鑫, 张富国, 张杰 (3405)
提盐速率对序批式生物反应器性能和微生物群落结构的影响	古柏铭, 金春姬, 温淳, 侯金源, 赵阳国, 高孟春 (3413)
低温驯化对自养脱氮颗粒污泥功能活性与菌群结构的影响分析	钱飞跃, 刘雨馨, 王建芳, 刘文如 (3422)
矿渣基改性剂对城市污泥重金属稳定化	张发文, 董明坤, 陈辰慧, 赵长民 (3430)
2000~2018 年长三角土地利用变化对农田生态系统氮排放的影响	王文锦, 王卿, 朱安生, 黄凌, 顾莹, 王杨君, 王敏, 李莉 (3442)
麦秸水热炭及其改良产物对水稻产量和稻田氮挥发排放的影响	韩晨, 侯朋福, 薛利红, 冯彦房, 余姗, 杨林章 (3451)
水肥管理对热带地区双季稻田 CH ₄ 和 N ₂ O 排放的影响	李金秋, 邵晓辉, 缙广林, 邓艺欣, 谭诗敏, 徐文娟, 杨秋, 刘文杰, 伍延正, 孟磊, 汤水荣 (3458)
耐盐碱水稻土壤产甲烷菌群落特征及产甲烷途径	杨雨虹, 贺惠, 米铁柱, 刘玥腾, 刘佳音, 张国栋, 李明月, 甄毓 (3472)
铁碳微电解填料对人工湿地温室气体排放的影响	赵仲婧, 郝庆菊, 涂婷婷, 胡曼利, 张尧钰, 江长胜 (3482)
农地土壤重金属 Pb 和 Cd 有效性测定方法的筛选与评价	陈莹, 刘汉燚, 刘娜, 蒋珍茂, 魏世强 (3494)
亚热带高山森林土壤典型重金属的空间分布格局及其影响因素:以云南哀牢山为例	刘旭, 王训, 王定勇 (3507)
深圳市不同土类的重金属环境背景值与理化性质特征	林挺, 赵述华, 郝秀平, 杨坤, 吴静雅, 朱艳, 罗飞 (3518)
同步钝化土壤 Cd 和 As 材料的筛选	周嗣江, 刘针延, 熊双莲, 马烁, 黄倚豪, 雷寅, 曹梦华, 涂书新 (3527)
两种铁基材料对污染农田土壤砷、铅、镉的钝化修复	袁峰, 唐先进, 吴骥子, 赵科理, 叶正钱 (3535)
青藏高原东缘冻土中有机磷酸酯的污染特征	刘丽娅, 印红玲, 蹇林洁, 徐子文, 熊远明, 罗怡, 刘小雯, 徐维新 (3549)
成都平原氮磷化肥施用强度空间分布及影响因素分析	刘奇鑫, 王昌全, 李冰, 赵海岚, 方红艳, 邓茜, 李启权 (3555)
土壤中溶解性有机质对不同类型堆肥的响应差异	席北斗, 王燕, 檀文炳, 余红, 崔东宇, 程东会, 党秋玲 (3565)
《环境科学》征订启事 (3315)	
《环境科学》征稿简则 (3357)	
信息 (3391, 3441, 3564)	

补给水质与社会活动对白洋淀湿地微生物的影响特征

赵志瑞¹, 吴会清², 毕玉方³, 展庆周⁴, 吴海森¹, 袁凯倪¹, 孟祥源¹, 李方红^{1*}

(1. 河北地质大学水资源与环境学院, 河北省高校生态环境地质应用技术研发中心, 河北省水资源可持续利用与产业结构优化协同创新中心, 石家庄 050031; 2. 河北省财政厅评审测算中心, 石家庄 050050; 3. 石家庄市保障性住房管理中心, 石家庄 050003; 4. 石家庄市长安区农业农村局, 石家庄 050016)

摘要: 为了阐明白洋淀湿地补水水质与社会活动对湿地生物群落的影响, 研究了淀区不同区域水体中细菌、真菌和古菌群落的变化特征. 分别在淀区入口的府河(NBB)、人类社会活动频繁旅游区域(NBD)和居民生活养殖区域(NBX)以及村庄稀疏区域(NBN)采集样品, 对样品的理化特征及生物群落进行研究. 结果表明, 在 NBB 水体中有机污染物 COD 浓度为 $12.35 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 总氮浓度为 $10.12 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 污染物浓度较高; NBD 和 NBX 水体中污染物比 NBB 少. NBN 水质较好, 其 COD 和总氮浓度分别为 $6.9 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $1.82 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$. NBB 细菌种类较多, 多样性指数为 5.86, NBN 最少为 4.78. 所有样品中优势细菌菌群均为变形菌门, 该菌门在 NBN 样品中占细菌群落总数的 68.8%. 真菌在 NBB 中多样性指数仅为 2.14, NBN 真菌种类较多, 多样性指数为 3.23, 在 NBD 和 NBN 出现壶菌门, 分别占真菌总数的 5.4% 和 9.8%, 该菌群是难降解有机碳的主要分解者. 在 NBN 中古菌多样性偏低, 所有样品中泉古菌门(Crenarchaeota)为优势门类, 在 NBB、NBD、NBX 和 NBN 样品中所占比例分别 39.0%、51.9%、47.3% 和 30.1%, 其次为盐杆菌门(Halobacterota). 白洋淀湿地水体富营养化及微生物群落变化的主要因素是外源污染与内源污染共同作用结果, 外源污染与内源污染使水体中有机物与氮磷含量增加, 微生物群落结构发生了明显改变.

关键词: 补给水质; 社会活动; 白洋淀; 湿地; 微生物群落

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)07-3272-09 DOI: 10.13227/j.hj.kx.202010265

Effects of Water Supply Quality and Social Activity on the Microbial Community in Baiyangdian Wetland

ZHAO Zhi-rui¹, WU Hui-qing², BI Yu-fang³, ZHAN Qing-zhou⁴, WU Hai-miao¹, YUAN Kai-ni¹, MENG Xiang-yuan¹, LI Fang-hong^{1*}

(1. College of Water Resources and Environment, Hebei Geo University, Hebei Ecological and Environmental Geology Research Center, Hebei Province Collaborative Innovation Center for Sustainable Utilization of Water Resources and Optimization of Industrial Structure, Shijiazhuang 050031, China; 2. Evaluation and Calculation Center of Hebei Provincial Department of Finance, Shijiazhuang 050050, China; 3. Shijiazhuang Affordable Housing Management Center, Shijiazhuang 050003, China; 4. Agriculture and Rural Bureau of Chang'an District, Shijiazhuang 050016, China)

Abstract: To clarify the impact of water quality and social activity in the Baiyangdian wetland on the biological community, the change characteristics of bacterial, fungal, and archaeal communities in different areas of the Dian District were studied. Samples were collected at the entrance of Fuhe District (NBB), tourist areas with frequent human social activities (NBD), residential breeding areas (NBX), and village sparse areas (NBN). The physical and chemical characteristics and biological communities of the samples were evaluated. The results of the study show that the COD concentration of organic pollutants in the NBB was $12.35 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, and the total nitrogen concentration was $10.12 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, that the concentration was highest. Moreover, the water quality in NBD and NBX was better than that of NBB. The NBN area exhibited the best water quality, with COD and total nitrogen concentration values of $6.9 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ and $1.82 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, respectively. Many types of NBB bacteria were recorded, with a diversity index of 5.86, and NBN diversity index exceeding 4.78. The dominant bacterial flora in all samples was the Proteobacteria, which accounts for 68.8% of the total bacterial communities in NBN samples. The diversity index of fungi in NBB was only 2.14. There were many types of fungi in NBN, with a diversity index of 3.23. Chytridiomycota was found in the NBD and NBN, accounting for 5.4% and 9.8% of the total number of fungi, respectively. The Chytridiomycota was main decomposer of hard to degrade organic carbon. The diversity of archaea of NBN was the lowest among all the samples. Crenarchaeota was the dominant phylum, which accounts for 39.0%, 51.9%, 47.3%, and 30.1% of NBB, NBD, NBX, and NBN samples, respectively. The number of Halobacterota was lower than Crenarchaeota. The main factor of eutrophication and microbial community changes in Baiyangdian wetland was the results of the combined action of external and internal pollution. Both external and internal pollution increased the organic matter, nitrogen and phosphorus content in the water, and the microbial community structure has changed significantly. The contents of organic matter, nitrogen, and phosphorus in water were increased and the microbial community structures were changed significantly by the increase of both external and internal pollution.

收稿日期: 2020-10-31; 修订日期: 2020-12-26

基金项目: 中国科学院国际伙伴计划项目(121311KYSB20200017); 河北省重点研发计划项目(18273615D); 河北省创新能力提升计划项目(19454209D)

作者简介: 赵志瑞(1975~), 女, 博士(后), 教授, 主要研究方向为水处理及环境微生物, E-mail: zhiruizh@163.com

* 通信作者, E-mail: lifanghong9662@126.com

Key words: water supply quality; social activities; Baiyangdian; wetland; microbial community

湿地是陆地与水域之间的过渡生态系统^[1],白洋淀(38°43′~39°02′N, 115°38′~116°07′E)位于河北省中部平原,淀区平均水深约2.5 m,东西长39.5 km,南北宽28.5 km^[2],是中国北方区域最大的淡水湿地,其微生物群落具有自身区域特性的复杂性^[3]. 补水水质和淀区内的人类社会活动是影响白洋淀湿地微生物群落的关键因素,是白洋淀湿地微生物群落系统演变的主要原因^[4,5]. 由于北方干旱少雨,白洋淀水面蒸发量较大,淀区常年处于资源性缺水,历史上入淀河流中仅府河常年接纳上游生活污水和工业给水常年有水,由于入淀水质较差,淀区水体自净能力逐渐变低,水体环境逐渐受到破坏^[6]. 白洋淀淀区自有人口10多万人,每年有大量游客入淀旅游,当地居民的种植、养殖、生活和旅游业的快速发展和沉积物营养盐的释放,都给白洋淀生态环境带来不利影响^[7,8]. 2016~2019年河北省生态环境厅在白洋淀区域7月和8月监测数据显示,白洋淀淀区及入淀河流水质为劣V类,属于重度污染,入淀水体中营养盐含量过高导致淀区水体富营养化严重^[9]. 白洋淀作为雄安新区核心水系,其水质状况对京津冀的协同稳步发展起着至关重要的作用^[10].

微生物在湿地水环境系统中占有重要地位,是多数营养物质的转化和分解者. 入淀水质和人类社会活动对白洋淀水质环境的持续影响,导致湿地水环境中的环境污染物质日益增多. 微生物通过同化、异化等作用影响湿地水环境中无机盐、有机污染物等物质的分布、迁移和转化^[11]. 为了阐明白洋淀湿地补水水质与社会活动对湿地生物群落的影响,根据白洋淀人类社会活动的干扰特征和国家监控断面的分布,选取了4个典型区域进行采样. 本文研究湿地

不同区域水质与水体中微生物群落的变化特征,以期阐明湿地中污染物质的迁移转化规律提供基础数据支撑,对湿地系统的污染治理与环境管理具有重要意义.

1 材料与方法

1.1 研究区域与样品采集

本研究的样品采集位于白洋淀区域,2019年7月进行采样,分为4个采样点采集水样,分别为接纳入淀城市尾水的府河入淀口(NBB)、人员活动密集区的旅游景点嘎子村(NBD)、居民生活与养殖区圈头(NBX)和村庄稀少区域采蒲台(NBN),每个点采集3个平行样,所有采样点距离岸边2 m,采样深达40 cm,采集样品充分混合后放入采样瓶,现场检测pH值和溶解氧,采样瓶放入0℃采样箱内冷藏保存带回实验室分析. 样品一部分进行理化分析,另一部分送上海美吉公司进行高通量分析.

1.2 实验方法与引物

纳氏试剂分光光度法测定氨氮(NH₄⁺-N)、硝态氮(NO₃⁻)的测定用紫外分光光度法、亚态盐(NO₂⁻)氮的测定用分光光度法、总氮(TN)的测定用碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法,Hydrolab多参数水质检测仪测定pH值以及溶解氧^[12].

利用0.45 μm水系醋酸纤维素膜过滤2.5 L水样,收集滤膜截留物,采用Fast DNA Spin Kit(MP Biomedicals)试剂盒提取样品中的DNA,然后采用NanoDrop2000(Thermo Scientific, Wilmington, USA)测定DNA浓度,提取DNA低温保存送美吉生物进行高通量测序. 测序细菌测定引物采用338F/806R^[13],真菌18S引物为SSU0817F/1196R^[14],古菌引物为524F10extF/Arch958R_modR^[15],引物序列如表1.

表1 不同菌群高通量测序引物信息

Table 1 High-throughput sequencing primer information of different bacterial groups

测序类型	引物名称	引物序列	长度/bp	测序平台	扩增片段	文献
细菌 16S rRNA	338F	5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3'	468	PE300	V3-V4	[14]
	806R	5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'				
真菌 18S	SSU0817F	5'-TTAGCATGGAATAATRAATAGGA-3'	379	PE250	V5-V7	[15]
	1196R	5'-TCTGGACCTGCTGAGTTTCC-3'				
古菌	524F10extF	5'-TGTCAGCCGCCGCGGTAA-3'	434	PE300	V4-V5	[16]
	Arch958R_modR	5'-YCCGGCGTTGAVTCCAATT-3'				

利用表1引物进行PCR扩增,使用Illumina MiSeq平台进行测序. 根据PE reads之间的overlap关系,将成对的reads拼接(merge)成一条序列,同时对reads的质量和merge的效果进行质控过滤,根

据序列首尾两端的barcode和引物序列区分样品得到有效序列(优化序列)^[16].

1.3 生物信息分析

采用(<http://www.i-sanger.com/>)对测序有效

序列进行分析.群落中微生物种类多少代表了群落的复杂程度的高低,利用 Shannon 指数对样品微生物群落多样性进行分析^[17]. 稀释曲线 (rarefaction curve) 主要利用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,以此反映各样品在不同测序数量时的微生物多样性,当曲线趋向平坦时,说明测序数据量合理,可以反映样品中绝大多数的微生物多样性信息^[18]. 该分析选择 97% 相似度的 OTU,利用 mothur 计算不同随机抽样下的 α 多样性指数,利用 R 语言工具制作曲线图^[19].

利用 Venn 图可以统计多组或多个样品中所共有和独有的物种 (如 OTU) 数目,可以比较直观地表现环境样品的物种 (如 OTU) 数目组成相似性及重叠情况,重叠程度较高的为核心群落,常规分析时选用相似水平为 97% 的 OTU^[20].

根据分类学分析结果,可以得知一个或多个样品在各分类水平上的分类学比对情况. 分别构建门水平分类图,显示微生物群落的变化特征.

2 结果与分析

2.1 理化指标特征分析

每个样品设置 3 个平行进行理化指标分析,分析结果取平均值由表 2 可以看出,白洋淀不同区域的水质偏碱性,NBB 样品水质质量明显低于其他 3 个采样点,NBN 水质质量最好,主要由于白洋淀通过府河收纳上游城市污水,一些废水排放企业处理水质不达标,这些废水与上游市区的城市尾水经府河流入淀区,使淀区入口处水质较差. NBD 旅游区人口数量较大,产生生活污水与废弃物较多,影响了该区域水质状况. NBX 为居民生活区域,居民各类养殖较多,养殖废水的排放对周围水域水质产生了影响,水质整体状况好于 NBB 和 NBD. 污废水在流经湿地过程中得到净化,NBN 采蒲台区域村庄较少,人口密度小,受人为干扰因素少,水质较好. 通过分析可以得出淀区南部采蒲台所在区域水质优于北部,北部区域由于大量生活污水和工业废水的排入以及旅游养殖业的快速发展,水体污染严重,部分区域表现为富营养化现象,王珺等^[21]的研究也得出同样的结论.

2.2 细菌变化特征分析

2.2.1 细菌多样性指数分析

由图 1 香农指数 (Shannon) 可以看出,NBB 的 Shannon 指数为 5.86,样品微生物品种类型较多,NBD 与 NBX 的 Shannon 指数分别为 5.49 与 5.72,NBN 最少为 4.78. 主要由于府河入淀口处水质较复杂,含有碳氮有机物较多,微生物所需养分充足种类

表 2 样品化学特征分析

Table 2 Chemical characteristic analysis of samples

采样点	府河入淀口 (NBB)	嘎子村 (NBD)	圈头 (NBX)	采蒲台 (NBN)
pH	7.81	8.05	8.22	8.31
COD/mg·L ⁻¹	12.35	8.61	7.82	6.9
溶解氧/mg·L ⁻¹	4.51	5.87	6.52	7.85
总氮/mg·L ⁻¹	10.12	8.67	2.82	1.82
硝态氮/mg·L ⁻¹	2.10	0.83	0.76	0.31
氨氮/mg·L ⁻¹	7.36	2.68	1.72	1.48
总磷/mg·L ⁻¹	0.38	0.22	0.08	0.05

增加. NBD 与 NBX 由于湿地作用分解部分氨氮与有机物,但人类社会活动使含碳氮有机污染物增加,为水体中细菌提供了养分来源,细菌的多样性较多,NBN 区域人类活动影响较小,在湿地净化作用下,水质状况较好,水体中含有的碳氮污染物较少,细菌种类减少.

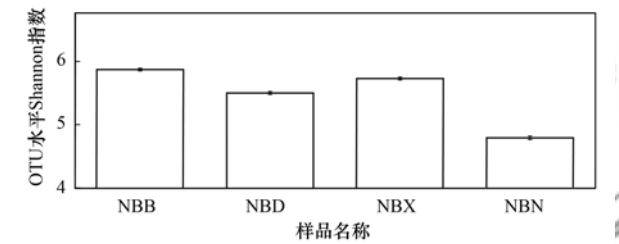


图 1 不同样品细菌多样性分析
Fig. 1 Diversity indices of bacteria in different samples

2.2.2 细菌 OTU 特征分析

采用样品抽样序列数与它们所代表的 OTU 数目构建稀释性曲线. 由图 2(a) 可以看出,4 个土壤样品的稀释性曲线在 reads 为 30 000 条时均趋于平坦,增加测序 reads 对发现新的 OTU 数目贡献较小,表明测序 reads 合理,测序数据可以反映群落特征. 图 2(b) 中全部样品细菌 OTU 分布数目为 2 552 个,其中 4 种样品中重叠的 OTU 分布数目为 731 个,占有所有样品总 OTU 的 28.6%. NBB、NBD 和 NBN 这 3 种样品 OTU 重叠数量为 185,NBB、NBD 和 NBX 3 种样品 OTU 重叠数量为 156,NBB、NBN 和 NBX 3 种样品 OTU 重叠数量为 100,NBD、NBN 和 NBX 3 种样品 OTU 重叠数量为 60. NBB 府河入淀口处 OTU 独有分布数目 200 个,占全部 OTU 的 7.8%. NBD 嘎子村样品中细菌 OTU 独有分布数目 201 个,占全部 OTU 的 7.81%. NBX 圈头 OTU 独有分布数目 311 个,数量最多. NBN 采蒲台 OTU 独有分布数目 95 数量最少. 各样品细菌 OTU 分布数目由多到少依次为: NBX、NBD、NBB 和 NBN,表明农业养殖和人类活动对水体中微生物的种类影响是非常明显的.

2.2.3 细菌分类特征分析

对 OTU 的代表序列在细菌门与属划分水平上

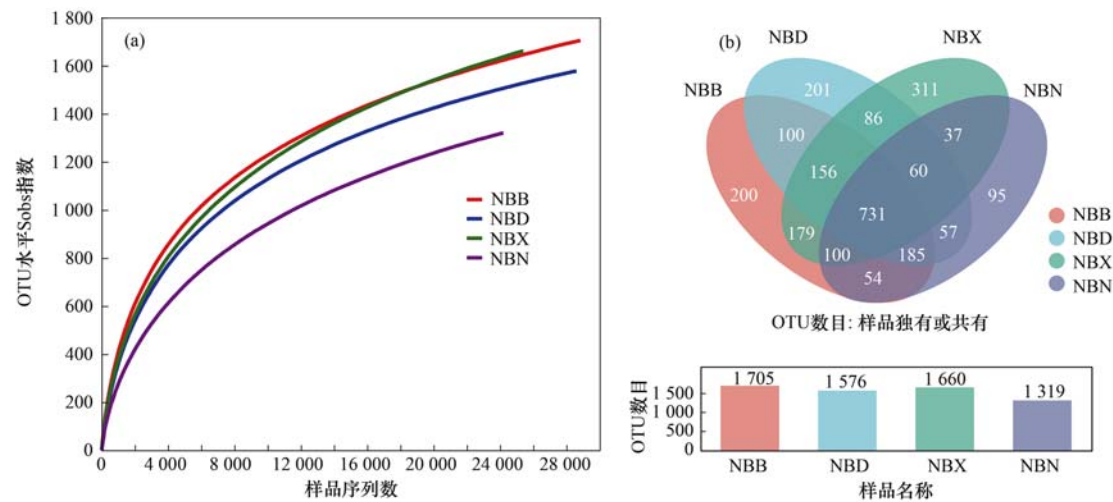


图2 不同样品中细菌 OTU 的稀释曲线和分布

Fig. 2 Rarefaction curves and bacteria OTU distribution in different samples

进行分类学分析,由图3可以看出,4个样品中检测出的细菌分为13个门,主要包括:变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、拟杆菌门(Bacteroidota)和放线菌门(Actinobacteriota)等,各样品共有的主要菌门相对丰度较高,其中变形菌门所占丰度最高.粘球菌门(Myxococcota)、脱硫细菌门(Desulfobacterota)、弯曲杆菌门(Campilobacterota)和贝氏弧菌门(Bdellovibrionota)相对丰度较低,具体数值如下:在样品NBB中,Proteobacteria(45.4%)、Chloroflexi(19.4%)、Acidobacteriota(6.4%)、Bacteroidota(4.3%)、Actinobacteriota(10.9%)、Firmicutes(2.4%)和Gemmatimonadota(2.2%).在样品NBD中,Proteobacteria(50.2%)、Chloroflexi(17.7%)、Acidobacteriota(6.4%)、Bacteroidota(2.3%)、Actinobacteriota(7.1%)、Firmicutes(4.3%)和Gemmatimonadota(2.2%);在样品NBX中,

Proteobacteria(50.3%)、Chloroflexi(5.4%)、Acidobacteriota(9.5%)、Bacteroidota(13.5%)、Actinobacteriota(2.4%)、Firmicutes(7.2%)、Gemmatimonadota(2.9%)和Myxococcota(2.9%).在样品NBN中,Proteobacteria(68.8%)、Chloroflexi(8.0%)、Acidobacteriota(3.1%)、Bacteroidota(4.1%)、Actinobacteriota(2.0%)、Firmicutes(3.7%)和Myxococcota(2.9%).结果表明,4个样点的细菌比较丰富.每个样品的优势菌都是变形菌门(Proteobacteria),NBN变形菌门菌群所占比例最高,其它菌群在NBN中分布比较均匀,NBB与NBD这2个样品中菌群群落结构比较相似.

2.3 真菌变化特征分析

2.3.1 真菌多样性指数分析

由图4可以看出,NBB样品府河入淀口处的Shannon指数为2.14,样品真菌包含类型最少.NBD多样性指数为2.98,表明人类活动频繁,使真菌的

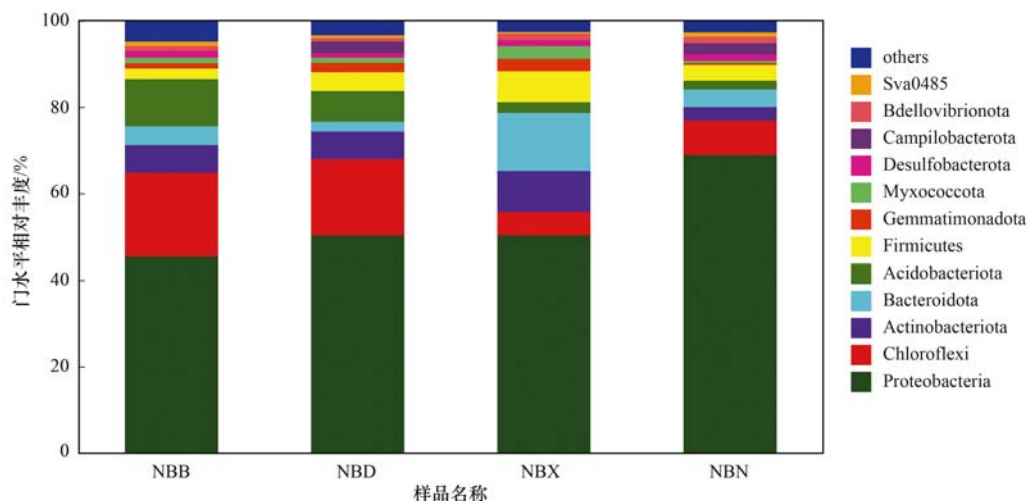


图3 不同样品细菌门水平分类

Fig. 3 Bacteria phyla levels in different samples

种类的多样性增加. NBX 的 Shannon 指数分别与 2.82, 表明养殖废水排入影响了真菌的群落结构, 主要由于养殖需要添加部分抗生素影响了真菌的群落结构. NBN 的 Shannon 指数为 3.23, 真菌的群落多样性高于其它区域, 原因可能是由于该区域村庄稀少, 四周植被较多, 土壤真菌种群丰富, 暴雨径流冲刷将大量陆地土壤真菌携带至 NBN 生态系统, 同时该区域细菌种类较少, 种间竞争相对较少, 使该区域真菌群落较丰富. 丰富的水体真菌群落结构将在湿地水体自净过程(如有机物生物分解)中发挥重要作用^[22].

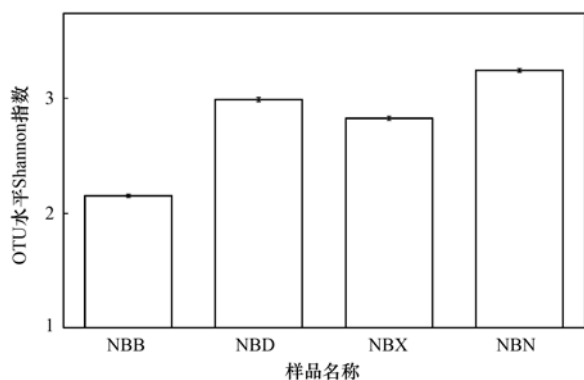


图4 不同样品真菌多样性指数

Fig. 4 Diversity indices of fungus in different samples

2.3.2 真菌 OTU 特征分析

由图 5(a) 可以看出, 样品的稀释性曲线在 reads 为 20 000 条时均趋于平坦, 测序 reads 为 30 000 条, 表明测序 reads 合理, 测序数据可以反映群落特征. 由图 5(b) 可以看出在 97% 相似度水平下, OTU 总数为 481 个. NBD 的 OTU 数最高, 为 270, 而 NBB 的 OTU 数最低, 为 186. 4 个样品中共有 62 个相同的 OTU 样品, 占总数的 12.9%. NBB、NBD 和 NBN 3 种样品 OTU 数量为 11, NBB、NBD 和 NBX 3 种样

品 OTU 数量为 15, NBB、NBN 和 NBX 3 种样品 OTU 数量为 5, NBD、NBN 和 NBX 3 种样品 OTU 数量为 52. NBB 府河入淀口处独有 OTU 数目 76 个, 占全部 OTU 的 15.8%. NBD 嘎子村样品中细菌 OTU 分布数目 53 个, 占全部 OTU 数目的 11%. NBX 圈头 OTU 分布数目 57 个, NBN 采蒲台 OTU 独有 52 数目数量最少. 各样品真菌 OTU 分布数目由多到少依次为: NBB、NBX、NBD 和 NBN, 表明不同水域之间真菌群落在多样性上有差异.

2.3.3 真菌分类特征分析

把序列按照其相似性划分为多个单元, 每个单元对应一个 OTU. 把相似水平在 97% 以上的 OTU 进行生物信息统计分析, 将 4 个不同样品, 共 481 个 OTU 统计到门类别上形成柱状图(图 6), 分类结果表明 481 个 OTU 主要属于 12 个门, 具体结果如图 6 所示. NBB 府河入淀口处的主要类别如下, 主要菌群为 Ascomycota (90.9%)、Basidiomycota (5.7%) 和其他未分类菌占 (2.3%), 其余菌群所占比例较小. NBD 样品中, 菌群分类比 NBB 增多, Ascomycota (50.1%)、SAR_k__norank (6.1%)、Basidiomycota (24.5%)、norank__d__Eukaryota (1.5%)、Chytridiomycota (5.4%)、Aphelidea (3%) 和 norank__k__Cryptophyceae (1.6%). NBX 样品中 Ascomycota (59%)、SAR_k__norank (20.3%)、Basidiomycota (11.7%)、norank__d__Eukaryota (3.5%) 和 Chytridiomycota (1.3%). NBN 样品中真菌分布为 Ascomycota (36.3%)、SAR_k__norank (19%)、Basidiomycota (2.0%)、norank__d__Eukaryota (14.1%)、Chytridiomycota (9.8%)、Aphelidea (11.1%) 和 norank__k__Cryptophyceae (1.7%). Illumina MiSeq 高通量测序结果表明, 4 个样点的真

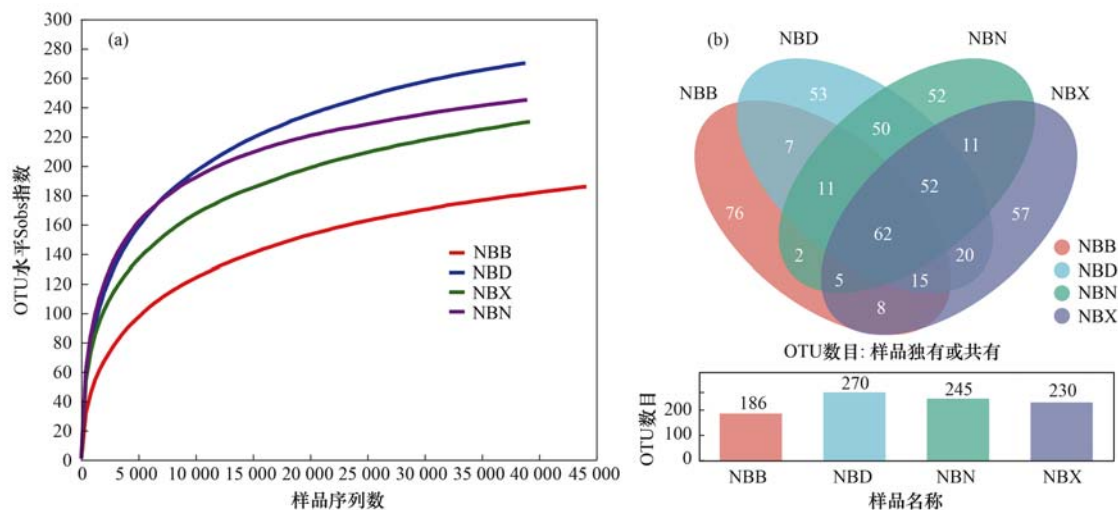


图5 不同样品中真菌 OTU 的稀释曲线和分布

Fig. 5 Rarefaction curves and fungus OTU distribution in different samples

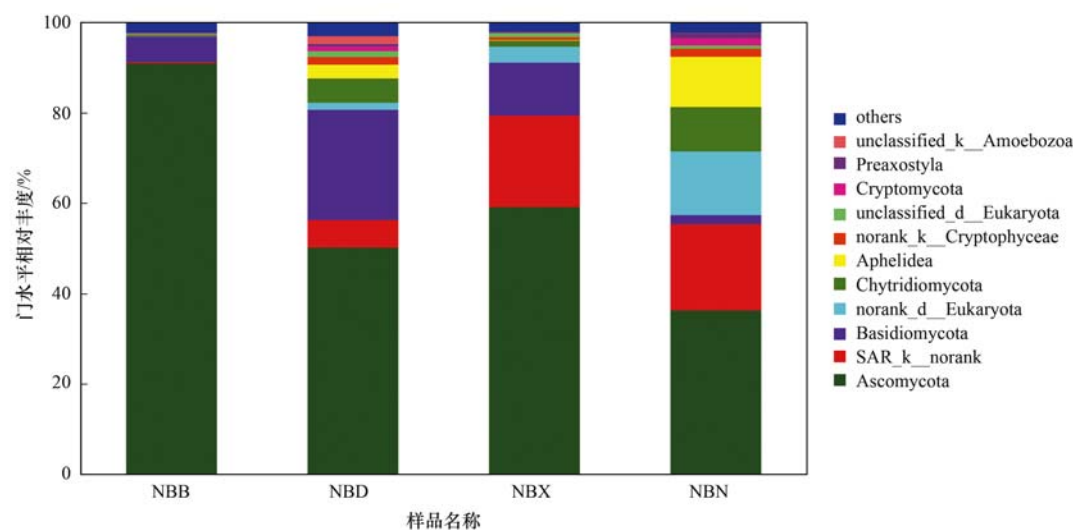


图 6 不同样品真菌不同水平分类

Fig. 6 Fungus phyla levels in different samples

菌种类都比较丰富. 每个样品的优势菌都是子囊菌门(Ascomycota),其他非优势菌菌群和多样性存在差异. SAR_k_norank 在 NBB 中菌群数量较少,在其他 3 个样品中菌群数量较多.

2.4 古菌变化特征分析

2.4.1 古菌多样性指数分析

由图 7 可以看出,NBB、NBD 和 NBX 样品多样性指数均大于 3,分别为 3.4、3.6 和 3.2,NBN 的 Shannon 指数为 2.98. 主要由于入淀水质与人类频繁社会活动带来大量有机污染物,有机物分解消耗水体中的氧气,厌氧或低氧过程有利于多种产甲烷菌的生长,对水体中古菌群落产生影响,促使 NBB、NBD 和 NBX 样品中古菌种类总量增加,NBN 样品附近水域村庄稀疏,人类社会活动较少,同时水体在流经湿地过程中的净化作用,水体中有机污染物减少,溶解氧逐渐升高,古菌由于缺乏合适的生长环

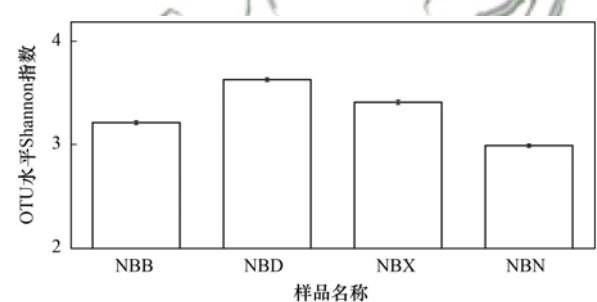


图 7 不同样品古菌多样性指数

Fig. 7 Diversity indices of archaea in different samples

境,数量逐渐降低.

2.4.2 古菌 OTU 特征分析

由图 8 (a) 可以看出,样品的稀释性曲线在 reads 为25 000条时均趋于平坦,测序 reads 为30 000条,表明测序 reads 合理,测序数据可以反映群落特征. 由图 8 (b)可以看出在 97% 相似度水平下,OTU

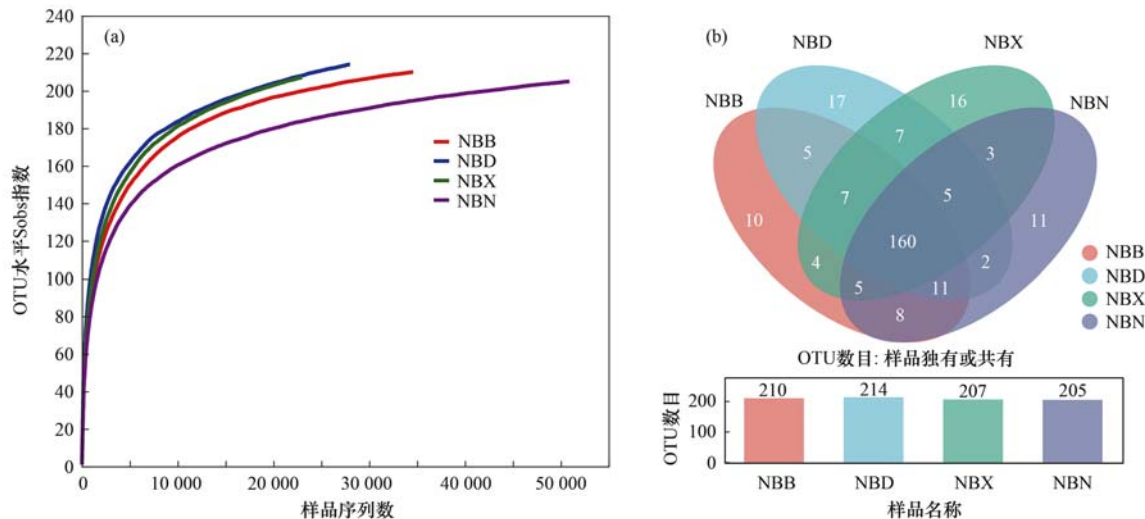


图 8 不同样品中古菌 OTU 的稀释曲线和分布

Fig. 8 Rarefaction curves and archaea OTU distribution in different samples

总数为 271 个. NBD 的 OTU 数最高, 为 214, NBB、NBD 和 NBN 这 3 种样品 OTU 数量分别为 210、207 和 205. 各样品包含 OTU 数量差异不大, 4 个样品共有 160 个相同的 OTU 样品, 占总数的 59%, 共有 OTU 样品较高, 表明 4 个样品中共有古菌群落较多. NBB、NBX、NBD 和 NBN 样品中独有 OTU 数量分别为 10、16、17 和 11, 表明社会活动使水体中古菌数量增加, 随着环境的变化以及营养物质的缺乏, 部分新增菌落逐渐消失.

2.4.3 古菌分类特征分析

古菌的门水平群落结构组成如图 9 所示, 在 4 个样品中共获得 5 门和 13 属古菌群落组成, 古菌群落组成主要以泉古菌门 (Crenarchaeota) 为优势门类, 其次为盐杆菌门 (Halobacterota)、嗜热菌门 (Thermoplasmatota)、广古菌门 (Euryarchaeota). NBB 样品中 Crenarchaeota (39.0%)、Halobacterota (37.6%)、Thermoplasmatota (15.9%)、Euryarchaeota (4.3%)、unclassified_k_norank_d_Archaea (3.1%). NBD 样品中 Crenarchaeota、Halobacterota、Thermoplasmatota、Euryarchaeota 和 unclassified_k_norank_d_Archaea 菌群占总数的比例分别为 51.9%、24.6%、12.8%、7.5% 和 3.2%. NBX 样品中 Crenarchaeota、Halobacterota、Thermoplasmatota、Euryarchaeota 和 unclassified_k_norank_d_Archaea 菌群占总数的比例分别为 47.3%、31.2%、7.9%、5.8% 和 7.5%. NBD 样品中 Crenarchaeota 菌群占总数的 30.1%、Halobacterota 菌群占总数的 38.5%、Thermoplasmatota 菌群占总数的 25.7%、Euryarchaeota (2.7%) 和 unclassified_k_norank_d_Archaea (2.9%). 由图 9 中样品所占比例可以看出, NBD 与 NBX 样品古菌群落相似度较高,

NBN 样品中各群落所占比例与其它样品差异较大, Thermoplasmatota 菌群出现了显著增加, 该菌群在适宜条件下能把有机污染物快速地转化为 CH_4 , 减少了有机污染物停留时间.

3 讨论

由以上结果分析可以看出, NBB 总氮和氨氮分别为 $10.12 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $7.36 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 表明补给水质状况影响淀区水质, 水体富营养化严重. 经过湿地作用后, NBD 水质状况有所提高, 总氮和氨氮分别降为 $8.67 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $2.68 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 但由于人类旅游等社会活动影响, 水质富营养化现象仍然较重. NBX 污染物经过湿地物理和化学作用, 总氮和氨氮含量降低明显分别为 $2.82 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $1.72 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 表明淀区养殖业对水质有一定影响, 由于养殖产生废弃物多为容易降解有机物, 湿地系统对该类污染降解效果较好. NBN 总氮和氨氮分别为 $1.82 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $1.48 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 水质达到地表水 V 类水标准, 水质明显变好. 通过分析可以得出补给水质和社会活动是导致水体富营养化的主要原因, 其次为养殖业, 污染水质经过湿地系统后水质明显好转, 湿地处理有机污染污水效果显著. 水体中微生物是水域生态系统的重要组成部分, 在水体生态系统中发挥着重要的生态作用, 不同微生物群落具有其独特的生态功能, 构成了微生物功能多样性^[23]. 补给水质与人类各类社会活动导致淀区水体出现富营养化, 对淀区微生物群落结构产生明显影响.

在图 3 中显示, 变形菌门为主要菌群, 其次为绿弯菌门、酸杆菌门、拟杆菌门和放线菌门等. 有研究发现变形菌门菌群 (Proteobacteria) 是生活污水处理系统系统和废水生物反应系统的主要种群, 包含多种代谢种类, 在降解有机物的同时完成脱氮除磷的功能^[24]. 绿弯菌门 (Chloroflexi) 含有叶绿素, 可以进行光合作用, 快速利用水体中有机物及氮磷元素, 是初级生产者. Kragelund 等^[25] 在对活性污泥中绿弯菌门 (Chloroflexi) 的种类、丰度和生态生理学的研究中也发现, 绿弯菌门 (Chloroflexi) 具有较好的生物脱氮、除磷作用. Hill 等^[26] 的研究发现拟杆菌门 (Bacteroidota) 具有非常强的营养物质代谢能力, 如复杂有机物、蛋白质和脂类等. 王鹏等^[27] 对河道水体黑臭前后微生物种群变化研究发现, 厚壁菌门是影响黑臭的关键门, 白洋淀水域生活污水和养殖废水的输入是淀区部分区域水体朝黑臭水体转变的主要原因所在. 在图 3 中显示 NBX 和 NBD 样品中, 厚壁菌门菌群所占比例明显增加, 厚壁菌门与废水及废弃物的厌氧处理有关, 其中包含的芽孢杆菌纲

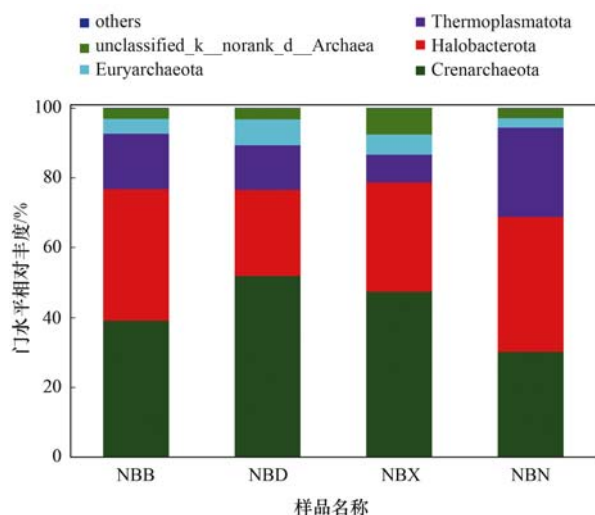


图 9 不同样品古菌门水平分类

Fig. 9 Archaea phyla levels in different samples

(Clostridia) 与 COD 及难以分解的大分子有机物的降解有关。表明人类社会活动, 大量含氮磷污染物的排放, 为厚壁菌门菌群提供了良好的生活环境, 水体有逐渐转变为黑臭趋势^[28]。有研究者对长江中游枯水季水体菌群的测序结果也表明, 变形菌门为水体微生物优势菌门, 主要由于变形菌门中包含了多数与氮代谢相关菌群, 在氮磷的代谢过程中发挥重要作用^[29]。

在图 6 中显示, 子囊菌门 (Ascomycota) 是所有样品的优势菌群, SAR_k_norank 与担子菌门 (Basidiomycota) 在样品中变化差异较大、不同区域主要真菌群落所占比例不同, 壶菌门 (Chytridiomycota) 在 NBD、NBN 和 NBX 中出现, 在 NBN 中所占比例较大, 说明湿地环境的变化对真菌群落结构的影响非常明显, 主要是由于人类社会活动把更多的陆生真菌类群 (担子菌门) 带入到了淀区水体中。壶菌门类群是水体中普遍存在的真菌类群, 大多腐生在动植物残体上或寄生于水生植物、藻类、小动物和其他真菌上, 是难降解有机碳的主要分解者 (纤维素和几丁质)^[30]。

4 结论

(1) 补给水质和社会活动使湿地水体中有机物和氮磷含量增加, 水体发生富营养化, 湿地净化功能出现退化趋势。

(2) 不同区域水体中细菌和真菌菌群发生了变化, 社会活动和养殖增加了水体发生黑臭的可能性; NBN 中腐生类菌群壶菌门群落数量增加, 该区域难降解有机碳增加; 古菌群落组成受环境影响变化不明显。

(3) 引起白洋淀淀区污染及微生物群落变化的主要因素是外源污染和内源污染共同作用结果。

参考文献:

- [1] Folke C, Kautsky N. The role of ecosystems for a sustainable development of aquaculture[J]. *Ambio*, 1989, **18**(4): 234-243.
- [2] Ji Z H, Zhang Y, Zhang H, *et al.* Fraction spatial distributions and ecological risk assessment of heavy metals in the sediments of Baiyangdian Lake[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2019, **174**: 417-428.
- [3] 刘鑫, 史斌, 孟晶, 等. 白洋淀水体富营养化和沉积物污染时空变化特征[J]. *环境科学*, 2020, **41**(5): 2127-2136.
Liu X, Shi B, Meng J, *et al.* Spatio-temporal variations in the characteristics of water eutrophication and sediment pollution in Baiyangdian Lake[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(5): 2127-2136.
- [4] 刘丹丹. 白洋淀水资源量变化及其原因分析[D]. 保定: 河北农业大学, 2014.
- [5] 方宏阳, 栾清华, 赵志轩, 等. 变化环境下白洋淀湿地演变驱动机制分析[J]. *水电能源科学*, 2012, **30**(8): 107-111.
- [6] Fang H Y, Luan Q H, Zhao Z X, *et al.* Analysis of driving mechanism of Baiyangdian wetland evolution under changing environment[J]. *Water Resources and Power*, 2012, **30**(8): 107-111.
- [7] 高秋生, 焦立新, 杨柳, 等. 白洋淀典型持久性有机污染物污染特征与风险评估[J]. *环境科学*, 2018, **39**(4): 1616-1627.
Gao Q S, Jiao L X, Yang L, *et al.* Occurrence and ecological risk assessment of typical persistent organic pollutants in Baiyangdian Lake[J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(4): 1616-1627.
- [8] Cui Q Q, Pan Y T, Zhang H X, *et al.* Elevated concentrations of perfluorohexanesulfonate and other per- and polyfluoroalkyl substances in Baiyangdian Lake (China): source characterization and exposure assessment[J]. *Environmental Pollution*, 2018, **241**: 684-691.
- [9] 杜奕衡, 刘成, 陈开宁, 等. 白洋淀沉积物氮磷赋存特征及其内源负荷[J]. *湖泊科学*, 2018, **30**(6): 1537-1551.
Du Y H, Liu C, Chen K N, *et al.* Occurrence and internal loadings of nitrogen and phosphorus in the sediment of Lake Baiyangdian[J]. *Journal of Lake Sciences*, 2018, **30**(6): 1537-1551.
- [10] 周石磊, 孙悦, 岳翥丞, 等. 雄安新区-白洋淀冬季冰封期水体好氧反硝化菌群落空间分布特征及驱动因素[J]. *环境科学*, 2020, **41**(5): 2177-2187.
Zhou S L, Sun Y, Yue G C, *et al.* Spatial distribution characteristics and driving factors of aerobic denitrification bacterial community structure from Baiyangdian Lake in Xiong'an New Area during the winter freezing period[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(5): 2177-2187.
- [11] 高秋生, 赵永辉, 焦立新, 等. 白洋淀水体挥发性有机物污染特征与风险评估[J]. *环境科学*, 2018, **39**(5): 2048-2055.
Gao Q S, Zhao Y H, Jiao L X, *et al.* Pollution characteristics and health risk assessment of volatile organic compounds in Baiyangdian Lake[J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(5): 2048-2055.
- [12] 刘晓丹, 黄毅, 王永花, 等. 西藏尼洋河沉积物中微生物群落结构特征分析[J]. *环境科学*, 2020, **41**(7): 3249-3256.
Liu X D, Huang Y, Wang Y H, *et al.* Structural characteristics of microbial communities in the sediments of the Niyang River in Tibet[J]. *Environmental Science*, 2000, **41**(7): 3249-3256.
- [13] 赵志瑞, 刘硕, 李铎, 等. 脱氮菌剂在低溶解氧黑臭水体中氮代谢特征[J]. *环境科学*, 2020, **41**(1): 304-312.
Zhao Z R, Liu S, Li D, *et al.* Characteristics of nitrogen metabolism by denitrifying bacterial agents in low dissolved oxygen black odor water[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(1): 304-312.
- [14] Xu N, Tan G C, Wang H Y, *et al.* Effect of biochar additions to soil on nitrogen leaching, microbial biomass and bacterial community structure[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2016, **74**: 1-8.
- [15] Rousk J, Bååth E, Brookes P C, *et al.* Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil[J]. *The ISME Journal*, 2010, **4**(10): 1340-1351.
- [16] Liu C, Li H, Zhang Y Y, *et al.* Evolution of microbial community along with increasing solid concentration during high-solids anaerobic digestion of sewage sludge[J]. *Bioresour Technol*, 2016, **216**: 87-94.
- [17] Wang J C, Song Y, Ma T F, *et al.* Impacts of inorganic and

- organic fertilization treatments on bacterial and fungal communities in a paddy soil [J]. *Applied Soil Ecology*, 2017, **112**: 42-50.
- [17] 刘霞, 钱奎梅, 谭国良, 等. 鄱阳湖阻隔湖泊浮游植物群落结构演化特征: 以军山湖为例[J]. *环境科学*, 2014, **35**(7): 2557-2564.
- Liu X, Qian K M, Tan G L, *et al.* Phytoplankton community structure and its succession in isolated lakes of Poyang-Junshan Lake [J]. *Environmental Science*, 2014, **35**(7): 2557-2564.
- [18] Zhao X Y, Tan W B, Peng J J, *et al.* Biowaste-source-dependent synthetic pathways of redox functional groups within humic acids favoring pentachlorophenol dechlorination in composting process [J]. *Environment International*, 2020, **135**, doi: 10.1016/j.envint.2019.105380.
- [19] Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads [J]. *Nature Methods*, 2013, **10**(10): 996-998.
- [20] 展鹏飞, 肖德荣, 闫鹏飞, 等. 藏猪扰动作用下的高寒草甸土壤退化特征及微生物群落结构变化[J]. *环境科学*, 2018, **39**(4): 1840-1850.
- Zhan P F, Xiao D R, Yan P F, *et al.* Soil degradation-associated microbial community structure changes in an alpine meadow under Tibetan pig herding [J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(4): 1840-1850.
- [21] 王珺, 裴元生, 杨志峰. 营养盐对白洋淀草型富营养化的驱动与限制[J]. *中国环境科学*, 2010, **38**(S1): 7-13.
- Wang J, Pei Y S, Yang Z F. Effects of nutrients on the plant type eutrophication of the Baiyangdian Lake [J]. *China Environmental Science*, 2010, **38**(S1): 7-13.
- [22] Luo J, Yin J F, Cai L, *et al.* Freshwater fungi in lake Dianchi, a heavily polluted lake in Yunnan, China [J]. *Fungal Diversity*, 2004, **16**(1): 93-112.
- [23] Zhou Q, Takenaka S, Murakami S, *et al.* Screening and characterization of bacteria that can utilize ammonium and nitrate ions simultaneously under controlled cultural conditions [J]. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 2007, **103**(2): 185-191.
- [24] Zhang T, Shao M F, Ye L. 454 Pyrosequencing reveals bacterial diversity of activated sludge from 14 sewage treatment plants [J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(6): 1137-1147.
- [25] Kragelund C, Levantesi C, Borger A. Identity, abundance and ecophysiology of filamentous *Chloroflexi* species present in activated sludge treatment plants [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2007, **59**(3): 671-682.
- [26] Hill V R, Kahler A M, Jothikumar N, *et al.* Multistate evaluation of an ultrafiltration-based procedure for simultaneous recovery of enteric microbes in 100-liter tap water samples [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, **73**(13): 4218-4225.
- [27] 王鹏, 刘梅, 翁益松, 等. 河道水体黑臭前后微生物种群变化研究[J]. *安徽农业科学*, 2019, **47**(22): 47-51.
- Wang P, Liu M, Weng Y S, *et al.* Study on change of microbial population before and after black and odorous in river water [J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2019, **47**(22): 47-51.
- [28] 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 freshwater sediment [D]. Shanghai: Shanghai University, 2016.
- [29] 李恩超. 焦化纳滤浓水的生物脱氮及其微生物菌群结构分析 [J]. *环境工程学报*, 2019, **13**(10): 2461-2467.
- Li E C. Biological denitrifying processes and microbial communities analysis in a sequencing batch reactor treating NF concentrate from coking wastewater [J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2019, **13**(10): 2461-2467.
- [30] Khomich M, Davey M L, Kauserud H, *et al.* Fungal communities in Scandinavian lakes along a longitudinal gradient [J]. *Fungal Ecology*, 2017, **27**: 36-46.

CONTENTS

Transmission of Coronavirus via Aerosols and Influence of Environmental Conditions on Its Transmission	LI Xue, JIANG Jing-kun, WANG Dong-bin, <i>et al.</i> (3091)
Impacts of Meteorology and Emission Variations on PM _{2.5} Concentration Throughout the Country During the 2020 Epidemic Period	LU Shi-ze, SHI Xu-rong, XUE Wen-bo, <i>et al.</i> (3099)
Factors and Their Interaction Effects on the Distribution of PM _{2.5} in the Yangtze River Delta Based on Grids	HUANG Xiao-gang, ZHAO Jing-bo, XIN Wei-dong (3107)
Application of ARIMA Model for Mid- and Long-term Forecasting of Ozone Concentration	LI Ying-ruo, HAN Ting-ting, WANG Jun-xia, <i>et al.</i> (3118)
Pollution Characteristics and Sources of Wintertime Atmospheric Brown Carbon at a Background Site of the Yangtze River Delta Region in China	ZHAO Yu, WU Can, WANG Yi-qian, <i>et al.</i> (3127)
Spatio-temporal Variation Characteristics Monitored by Remotely Sensed Technique of PM _{2.5} Concentration and Its Influencing Factor Analysis in Sichuan Basin, China	LI Meng-zhen, ZHANG Ting-bin, YI Gui-hua, <i>et al.</i> (3136)
Construction of Continuous Dynamic Model for River Networks and Its Application in Simulation of Spatiotemporal Migration of Typical Biocides	XING Cheng, ZHANG Qian-qian, CAI Ya-ya, <i>et al.</i> (3147)
Response of Riverine Nitrogen Exports to Land Use Pattern and Hydrological Regime in the Jiulong River Watershed	HUANG Ya-ling, HUANG Jin-liang (3156)
Correlation Between Microplastics Pollution and Eutrophication in the Near Shore Waters of Dianchi Lake	YUAN Hai-ying, HOU Lei, LIANG Qi-bin, <i>et al.</i> (3166)
Analysis of Water Quality and Exchange Flux of Interstitial Water-Overlying Water in Sediments of Baiyangdian Entrance Area in Summer	ZHANG Tian-na, ZHOU Shi-lei, CHEN Zhao-ying, <i>et al.</i> (3176)
Distribution Characteristics and Pollution Evaluation of Nitrogen and Organic Matter in Overlying Water and Sediment of Guyun River and Jinshan Lake in Zhenjiang City	YUAN Lu-bin, XING Shu-yu, LIU Xin, <i>et al.</i> (3186)
Spatial Distribution Characteristics of Phosphorus Fractions and Release Risk in Sediments of Honghu International Importance Wetland	LIU Yong-jiu, HUANG Su-zhen, ZHANG Lu, <i>et al.</i> (3198)
Pollution Distribution and Ecological Risk Assessment of Heavy Metals in River Sediments from the Ancient Town of Suzhou	BAI Dong-rui, ZHANG Tao, BAO Jun-song, <i>et al.</i> (3206)
Spatio-temporal Distribution Characteristic and Risk Assessment of Heavy Metals in Soils Around Centralized Drinking Water Sources in Wuhan	ZHU Jing, HOU Yao-zong, ZOU Shu-cheng, <i>et al.</i> (3215)
Hydro-chemical Characteristics and Ion Origin Analysis of Surface Groundwater at the Shengjin Lake and Yangtze River Interface	CUI Yu-huan, WANG Jie, LIU You-cun, <i>et al.</i> (3223)
Identifying the Sources of Groundwater NO ₃ ⁻ -N in Agricultural Region of Qingdao	KOU Xin-yue, DING Jun-jun, LI Yu-zhong, <i>et al.</i> (3232)
Analysis of Phytoplankton Community Stability and Influencing Factors in a Tributary of the Three Gorges Reservoir	HE Shu-han, OUYANG Tian, ZHAO Lu, <i>et al.</i> (3242)
Distribution Characteristics and Influencing Factors of Phytoplankton Community in Harbin Urban River Network During Wet Season	LU Feng, LI Lei, QI Qing-song, <i>et al.</i> (3253)
Response of Microbial Community to Natural Organic Matter Input in Lake Sediments	JU Qi, ZHANG Qi, CAO Chi-cheng, <i>et al.</i> (3263)
Effects of Water Supply Quality and Social Activity on the Microbial Community in Baiyangdian Wetland	ZHAO Zhi-rui, WU Hui-qing, BI Yu-fang, <i>et al.</i> (3272)
Characteristics of Dissolved Organic Matter in Overlying Water During Algal Bloom Decay	LI Xiang, LI Zhi-chun, WANG Xuan, <i>et al.</i> (3281)
Water Pollution Characteristics and Source Apportionment in Rapid Urbanization Region of the Lower Yangtze River: Considering the Qinhuai River Catchment	MA Xiao-xue, GONG Chang, GUO Jia-xun, <i>et al.</i> (3291)
Contamination Characteristics of Surface Runoff in Densely Populated Areas in Downstream Yangtze River, China	GUO Wen-jing, ZHANG Zhi-yong, WEN Xue-zheng, <i>et al.</i> (3304)
Characteristics of Pollutant Dynamics Under Rainfall-Runoff Events in the Chaohe River Watershed	BAO Xin, JIANG Yan, HU Yu-cong (3316)
Influence of Impervious Surface Roughness on Accumulation and Erosion of Urban Non-Point Source Particles	SHAN Xi-huan, XIE Wen-xia, LIAO Yun-jie, <i>et al.</i> (3328)
Probabilistic Risk Assessment of Arsenic Exposure Through Drinking Water Intake in Chinese Residents	QIN Ning, LIU Yun-wei, HOU Rong, <i>et al.</i> (3338)
Removal Behavior of Protein-like Dissolved Organic Matter During Different Water Treatment Processes in Full-Scale Drinking Water Treatment Plants	LI Meng-ya, SONG Yu-ying, ZHANG Xiao-lan, <i>et al.</i> (3348)
Distribution of Heavy Metals and Their Corresponding Nanoparticles in Different Treatment Unit Processes in the Sewage Treatment Plant	WANG Du-jia, HE Shuai, ZHOU Xiao-xia (3358)
Metagenomic Analysis of Resistance Genes in Membrane Cleaning Sludge	DU Cai-li, LI Zhong-hong, LI Xiao-guang, <i>et al.</i> (3366)
Distribution and Removal of Antibiotic-Resistant Bacteria and Antibiotic Resistance Genes in Petrochemical Wastewater Treatment Plants	TANG Zhen-ping, XIAO Sha-sha, DUAN Yi, <i>et al.</i> (3375)
Treatment of Medium Ammonium Wastewater by Single-stage Partial Nitrification-ANAMMOX SMBBR	LÜ Kai, SHAO Xian-ming, WANG Kang-zhou, <i>et al.</i> (3385)
Two-Stage Denitrification Process Performance with Solid Slow-Release Carbon Source	TANG Yi, MA Yong-wen, WAN Jin-quan, <i>et al.</i> (3392)
Effect of Ozone Dosage on Sludge Settleability and Biological Nutrient Removal in SBR System	LÜ Yong-tao, ZHU Chuan-shou, ZHANG Xu-yang, <i>et al.</i> (3400)
First Extended Anaerobic Phase Enhanced Nitrogen and Phosphorus Removal by Aerobic Granular Sludge Under Intermittent Gradient Aeration	ZHANG Yu-jun, LI Dong, WANG Xin-xin, <i>et al.</i> (3405)
Effect of Rate of Salinity Increase on the Performance and Microbial Community Structure of Sequencing Batch Reactors	GU Bai-ming, JIN Chun-ji, WEN Chun, <i>et al.</i> (3413)
Effects of Cold Acclimation on the Activity of Autotrophic Nitrogen Removal in Granular Sludge and Its Bacterial Population Structure	QIAN Fei-yue, LIU Yu-xin, WANG Jian-fang, <i>et al.</i> (3422)
Stabilization of Heavy Metals in Municipal Sludge Using a Slag-Based Modifying Agent	ZHANG Fa-wen, DONG Ming-kun, CHEN Chen-hui, <i>et al.</i> (3430)
Role of Land Use Changes on Ammonia Emissions from Agricultural Ecosystems in the Yangtze River Delta Region from 2000 to 2018	WANG Wen-jin, WANG Qing, ZHU An-sheng, <i>et al.</i> (3442)
Effects of Wheat Straw Hydrochar and Its Modified Product on Rice Yield and Ammonia Volatilization from Paddy Fields	HAN Chen, HOU Peng-fu, XUE Li-hong, <i>et al.</i> (3451)
Effects of Water and Fertilization Management on CH ₄ and N ₂ O Emissions in Double-rice Paddy Fields in Tropical Regions	LI Jin-qiu, SHAO Xiao-hui, GOU Guang-lin, <i>et al.</i> (3458)
Community Characteristics of Methanogens and Methanogenic Pathways in Salt-tolerant Rice Soil	YANG Yu-hong, HE Hui, MI Tie-zhu, <i>et al.</i> (3472)
Effect of Ferric-carbon Micro-electrolysis on Greenhouse Gas Emissions from Constructed Wetlands	ZHAO Zhong-jing, HAO Qing-ju, TU Ting-ting, <i>et al.</i> (3482)
Screening and Evaluation of Methods for Determining Available Lead (Pb) and Cadmium (Cd) in Farmland Soil	CHEN Ying, LIU Han-yi, LIU Na, <i>et al.</i> (3494)
Spatial Distribution Trends and Influencing Factors of Typical Heavy Metals in Subtropical Alpine Forest Soils: A Case Study from Ailao Mountain in Yunnan Province	LIU Xu, WANG Xun, WANG Ding-yong (3507)
Environmental Background Values of Heavy Metals and Physicochemical Properties in Different Soils in Shenzhen	LIN Ting, ZHAO Shu-hua, XI Xiu-ping, <i>et al.</i> (3518)
Screening of Amendments for Simultaneous Cd and As Immobilization in Soil	ZHOU Si-jiang, LIU Zhen-yan, XIONG Shuang-lian, <i>et al.</i> (3527)
Simultaneous Immobilization of Arsenic, Lead, and Cadmium in Paddy Soils Using Two Iron-based Materials	YUAN Feng, TANG Xian-jin, WU Ji-zi, <i>et al.</i> (3535)
Pollution Characteristics of Organophosphate Esters in Frozen Soil on the Eastern Edge of Qinghai-Tibet Plateau	LIU Li-ya, YIN Hong-ling, JIAN Lin-jie, <i>et al.</i> (3549)
Analysis of Spatial Distribution and Influencing Factors of Nitrogen and Phosphorus Fertilizer Application Intensity in Chengdu Plain	LIU Qi-xin, WANG Chang-quan, LI Bing, <i>et al.</i> (3555)
Different Responses of Soil Dissolved Organic Matter to Different Types of Compost	XI Bei-dou, WANG Yan, TAN Wen-bing, <i>et al.</i> (3565)