

DOI: 10.7524/AJE.1673-5897.20210107001

刘幸春, 王洪杰, 王亚利, 等. 府河水体及沉积物细菌群落结构分布特征及其影响因素[J]. 生态毒理学报, 2021, 16(5): 120-135

Liu X C, Wang H J, Wang Y L, et al. Distribution characteristics and influencing factors of bacteria community structure in water and sediments of Fuhe River [J]. Asian Journal of Ecotoxicology, 2021, 16(5): 120-135 (in Chinese)

府河水体及沉积物细菌群落结构分布特征及其影响因素

刘幸春^{1,2,3}, 王洪杰^{1,2,3}, 王亚利^{1,2,3}, 王英俊^{1,4,*}, 刘玲^{1,2,3,#}

1. 河北大学雄安生态环境研究院, 保定 071002
2. 河北大学生命科学与绿色发展研究院, 保定 071002
3. 河北大学生命科学学院, 保定 071002
4. 河北雄安新区生态环境局, 雄安新区 071000

收稿日期: 2021-01-07 录用日期: 2021-05-05

摘要: 城市河流承接不同类型的废水导致水质恶化, 影响河流生态系统。通过分析河流细菌群落结构变化, 不仅可以判断河流污染特征, 还将有助于河流污染治理与生态修复。笔者研究了府河夏季上下游水体和沉积物理化性质, 并采用高通量测序法分析了细菌群落结构特征。结果表明, 府河上游水质化学需氧量(COD)、氨氮(NH₃-N)和总磷(TP)浓度显著高于下游($P < 0.05$), 沉积物中重金属镉、锌和铅含量较高, 均值分别为(0.44±0.03)、(182.17±0.34)和(35.76±0.20) mg·kg⁻¹。府河沉积物细菌多样性及丰富度明显高于相应上覆水体, 变形菌门(Proteobacteria)是水体和沉积物中的第一优势菌, 水体中参与氮循环的蓝藻菌门(Cyanobacteria)的高丰度说明府河存在一定的富营养化, 此外, 可以分解有机物的放线菌门(Actinobacteria)在下游丰度高于上游; 沉积物中具有致病作用的拟杆菌门(Bacteroidetes)在上游城市河段丰度较高。细菌群落空间异质性结果表明下游硝化细菌(nitrifying bacteria)和反硝化细菌(denitrifying bacteria)的丰度(分别为 62.25% 和 31.29%)明显比上游高。水体细菌多样性和温度、pH、总有机碳有显著相关性($P < 0.05$), 冗余分析显示 NH₃-N、总氮(TN)、TP 和 pH 对细菌群落结构影响较大; 而 pH、TN 和重金属镉是影响下游沉积物细菌群落结构的主要环境因子。

关键词: 府河; 细菌; 多样性; 群落结构; 环境因子

文章编号: 1673-5897(2021)5-120-16 中图分类号: X171.5 文献标识码: A

Distribution Characteristics and Influencing Factors of Bacteria Community Structure in Water and Sediments of Fuhe River

Liu Xingchun^{1,2,3}, Wang Hongjie^{1,2,3}, Wang Yali^{1,2,3}, Wang Yingjun^{1,4,*}, Liu Ling^{1,2,3,#}

1. Xiong'an Institute of Eco-Environment, Hebei University, Baoding 071002, China
2. Institute of Life Science and Green Development, Hebei University, Baoding 071002, China
3. College of Life Sciences, Hebei University, Baoding 071002, China
4. Ecological Environment Bureau of Xiong'an New Area, Xiong'an New Area 071000, China

Received 7 January 2021 accepted 5 May 2021

Abstract: Different types of wastewater entering into urban rivers lead to the deterioration of river water quality

基金项目: 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2018ZX07110); 国家自然科学基金资助项目(51778054)

第一作者: 刘幸春(1995—), 女, 硕士研究生, 研究方向为生态毒理学, E-mail: lxc95@hotmail.com

* 通讯作者 (Corresponding author), E-mail: xaxqjc@163.com

共同通讯作者 (Co-corresponding author), E-mail: liuling@hbu.edu.cn

and affect river ecosystem. Analyzing the changes in bacterial community structure of rivers can not only judge the characteristics of river pollution, but also help river pollution control and ecological restoration. In this paper, the physical and chemical properties of water and sediments of Fuhe River in summer were studied, and the characteristics of bacterial community structure were analyzed by high-throughput sequencing. The results showed that the concentrations of chemical oxygen demand (COD), ammonia nitrogen ($\text{NH}_3\text{-N}$), and total phosphorus (TP) in the upstream of Fuhe River were significantly higher than that in the downstream ($P<0.05$), and the contents of cadmium, zinc and lead in the sediments were high with an average value of (0.44 ± 0.03) , (182.17 ± 0.34) and (35.76 ± 0.20) $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, respectively. The bacterial diversity and richness in sediments of Fuhe River were significantly higher than those in the corresponding overlying water. Proteobacteria was the first dominant bacteria in the water and sediments. The high abundance of Cyanobacteria, which is involved in nitrogen cycle, indicated that there was certain eutrophication in Fuhe River. In addition, the abundance of Actinobacteria, which can decompose organic matters, was higher in the downstream than that in the upstream. The pathogenic Bacteroidetes was abundant in the upstream urban reach. The results of spatial heterogeneity of bacterial communities showed that nitrifying bacteria and denitrifying bacteria with a respective abundance of 62.25% and 31.29% were found to be higher in downstream than those in upstream. Correlation analysis showed that bacterial diversity was significantly correlated with temperature, pH, and total organic carbon ($P<0.05$). Redundancy analysis showed that $\text{NH}_3\text{-N}$, total nitrogen (TN), TP and pH had great impact on the bacterial community structure in water, while pH, TN and cadmium were the main environmental factors affecting the bacterial community structure in the downstream sediment.

Keywords: Fuhe River; bacteria; diversity; community structure; environmental factors

城市河流水体、沉积物理化性质和营养组分(氮、磷和有机碳等)受人类活动废物排放的影响而发生变化^[1]。沉积物是河流生态系统中污染物重要的“源”和“汇”,上覆水水质变化或环境扰动会影响沉积物中污染物的富集或释放,进而改变河流生态系统的稳定性。微生物是维持河流生态系统平衡的关键,对河流营养组分碳、氮和磷的迁移转化以及污染物降解有一定作用,但是微生物的多样性和群落结构极易受到河流环境变化的影响^[2-5],因此,通过研究河流微生物特征可以为解析微生物生态功能和评价河流生态系统健康状况提供基础信息。

随着分子生物学技术的不断发展,高通量测序技术在微生物的群落结构特征研究方面得到了广泛的应用^[6],已有许多学者分析了湿地、湖泊、水库、河流和海洋等环境中的微生物群落结构变化^[7-10]。河流接纳不同类型的排放废水(如生活污水、农业废水和工业尾水等),造成河流水质空间分布条件变化,进而影响河流微生物群落结构^[11]。研究表明,河流微生物优势细菌门为变形菌门、放线菌门、拟杆菌门、蓝藻门和厚壁菌门^[12]。水体氮污染严重且碳氮比(C/N)较低条件下,芽孢杆菌、反硝化细菌等微生物的丰度下降^[13-15];此外,刘睿等^[16]研究发现渭河

枯水期中游水体中的微生物由于受到总悬浮固体(TSS)、总磷(TP)、C/N的影响,微生物多样性下降。除了氮、磷和有机质等营养物质之外,重金属也可能对细菌产生影响,研究发现柘皋河重金属Cu和Cd浓度比南淝河低,而细菌群落多样性相对较高^[17],江玉梅等^[18]探讨鄱阳湖四大河流河口重金属对底泥微生物群落的影响时得出,重金属Cu和Cd和门、属水平微生物显著相关,且变形菌门(Proteobacteria)对这2种重金属的耐受性最强。也有研究表明,沉积物微生物群落和重金属没有关系,只受到物理指标(pH、温度等)的影响^[19-20],袁瑞强等^[21]得出引水更容易导致河流沉积物中硫杆菌属(*Thiobacillus*)、芽孢杆菌(*Bacillus*)和乳球菌(*Lactococcus*)的变化,并且引起这种变化的主要因素是有机质、总氮和总钾含量。

保定府河作为白洋淀关键入淀河流之一,干流河长47.1 km,最后在建昌汇入白洋淀西侧的藻荇淀,其水质好坏直接影响白洋淀水生态环境。近些年来,随着城市化进程的加快,工业生产扩大,人口膨胀,农业和工业用水增加,府河接收自然雨水之外的废水类型不断变化,因此在河流不同空间区域内具有不同微生物群落,以维持其生态系统的稳定。对府河的研究主要包括水质评价、有毒有机污染物

的筛查、污染源分析、重金属污染分析及潜在污染风险评价等,陈杰^[22]研究发现,影响府河水质的环境因子主要为化学需氧量(COD)、TN 和氨氮(NH₃-N),水质达到劣五类的标准;胡国成等^[23]发现保定府河沉积物受到重金属 Zn、Pb、Cu 和 Cd 的影响较大,主要是由于生活污水、沿河金属冶炼以及工业废水导致。目前,针对府河微生物优势种群以及影响微生物群落变化主要环境因子有待深入研究。

探索微生物群落结构特征不仅有助于了解府河污染程度和预测河流生态系统变化,而且在发现生态修复功能微生物方面有重要作用。本研究对夏季(7月)府河上、下游水体、沉积物理化性质、微生物空间分布及影响微生物种群的主要环境因子进行分析,为府河环境治理与生态修复提供微生物方面的数据支撑,对深入开展白洋淀流域入淀河流微生物群落多样性的研究具有借鉴意义。

1 材料与方法(Materials and methods)

1.1 采样点分布与样品采集

根据府河自身特点、支流汇入点及容纳污水的特点,沿府河上、下游依次选取 16 个具有代表性的监测断面进行对比分析,其中上游设 F1 ~ F9 共 9 个采样点,下游设 F10 ~ F16 共 7 个样点。采样点 F1、F6 和 F7 为自然河道-府河交叉口,主要接纳污水处理厂排水,F6 为黄花沟汇入府河交叉点,承接鲁岗和银定庄污水处理厂排水,F7 为金线河汇入府河交叉点,承接清苑区污水处理厂排水;F2、F4、F5 和 F9 分别为城市和农村排污口;F10 为入新区点位;F11 和 F12 点位主要接纳农田废水;F15 和 F16 分别位

于白洋淀大桥和入淀河流南刘庄,其他采样点(F3 焦庄、F8 望亭、F13 桥北、F14 西向阳)为村庄河流。采样点 F1 一亩泉河和 F3 焦庄很难收集到相应的沉积物样本,因此沉积物样本有 14 个。各采样点分布如图 1 所示。

水样的采集:府河平均水深<5 m,使用有机玻璃采水器采集水面下 0.5 m 处水样 3 L,并在采样点现场进行温度、pH 和溶解氧的测定,之后将水样带回实验室存放于 4 °C 冰箱,并在 48 h 内完成预处理。沉积物的采集:用抓斗式采泥器采集 0 ~ 20 cm 的沉积物约 2 kg,放入无菌聚乙烯自封袋带回实验室,将样品分为 2 个部分,一部分存放于 4 °C 冰箱用于理化指标分析,一部分存放于 -20 °C 冰箱用于提取 DNA^[24]。

1.2 分析检测方法

在采样现场分别用便携式溶解氧测定仪(上海雷磁,JPBJ-608)、便携式 pH 计(上海雷磁,PHBJ-260F)测定水体温度和 pH;上覆水 TN、NH₃-N、COD 和 TP 均采用紫外可见智能多参数水质测定仪(北京连华,LH-3BA)测定^[25-26],总有机碳(TOC)采用总有机碳分析仪(上海艾力蒙塔,vario TOC cube)测定。沉积物样品经过冷冻干燥后研磨过筛,用凯氏定氮仪(济南海能,K1160)测定 TN,用总有机碳分析仪(上海艾力蒙塔,vario TOC cube)测定有机碳;原子荧光光度计(北京博晖,RGF-6200)测定重金属汞(Hg)和砷(As)^[27];用原子吸收分光光度计(北京普析,TAS-990)测定重金属铬(Cr)^[28]、铜(Cu)、锌(Zn)^[29]、铅(Pb)、镉(Cd)^[30]和镍(Ni)^[31]。所有样本均经过 3 次重复分析。



图 1 采样点位分布图

Fig. 1 Distribution of sampling points

1.3 高通量测序分析

微生物高通量测序送检之前,水样经过孔径为 0.22 μm 的微孔滤膜过滤,滤膜和沉积物分别放入离心管中,存放在干冰中送测至上海美吉生物医药科技有限公司。用 E.Z.N.A.[®] Soil DNA Kit(Omega Bio-tek 公司,美国)土壤试剂盒对过滤后的滤膜和适量沉积物提取 DNA,扩增区域为细菌的 16S rDNA V4 ~ V5 区,引物为 515F(5'-GTG CCA GCM GCC GCG G-3')和 907R(5'-CCG TCA ATT CMT TTR AGT TT-3'),引物上会接上特异的 barcode 用于扩增后序列归类分析,聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)产物混合后用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测,使用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒(AXYGEN 公司)切胶回收 PCR 产物,并使用 QuantiFluorTM-ST 蓝色荧光定量系统(Promega 公司)对 PCR 产物进行检测定量。高通量测序由 Illumina Miseq PE300 测序系统实现^[32]。所有样品序列进行 OTU 划分、多样性分析和主坐标分析(principal coordinates analysis, PCoA),采用生态数据处理软件(CANOCO)对样品 97% 相似性的样品 OTU 数据与环境因子进行冗余分析。

1.4 数据统计分析

使用 R 语言制作热图(heatmap)描述群落物种组成及物种的丰度信息。根据 beta 多样性距离矩阵进行层级聚类(hierarchical clustering)分析,然后使用非加权组平均法聚类分析(unweighted pair-group method with arithmetic mean, UPGMA)构建树状结构呈现不同环境样本中群落组成的相似或差异程度。而对不同样本间的差异程度,则是通过点与点间的距离体现的,非度量多维尺度分析(non-metric multidimensional scaling, NMDS)获得样本的空间定位点图。采用单因素方差分析(one-way ANOVA)进行组间显著差异性检验,并且利用 SPSS 24.0 对微生物丰富度和多样性与环境因子进行 Pearson 相关性进行。利用 R 语言进行方差分解分析(variance partitioning analysis, VPA)、冗余分析(redundancy analysis, RDA)及作图,其他统计分析和作图由 Origin 2018 完成。

2 结果(Results)

2.1 水体和沉积物的物理化学性质分析

府河流域理化性质调研发现,府河地表水呈弱碱性,pH 在 7.38 ~ 8.06 之间(表 1);府河水体 COD

含量整体达到《地表水环境质量标准》(GB 3838—2002)Ⅳ类水标准,但是上游点位 COD 含量显著高于下游,其中府河桥(F4)COD 含量达到 $(92.77 \pm 40.22) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。TOC 浓度在 2.93 ~ 5.89 $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 范围之内,与 COD 结果一致,也是在 F4 府河桥点位 $(5.89 \pm 0.02) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 浓度最高。上游 TP 含量显著高于下游,其中护城河支流(F2)严重超标,TP 含量高达 $(0.96 \pm 0.03) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。上游 $\text{NH}_3\text{-N}$ 含量除 F6 为 $(1.76 \pm 0.06) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$,其余点位均为劣 V 类水标准,各点位 TN 含量较高。

府河下游的沉积物理化指标测定结果如表 2 所示,沉积物中 TN 含量整体较高,有机质含量在 21.58 ~ 42.83 $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 范围之内,F13 桥北村点位有机质含量显著高于其他点位。与《土壤环境质量标准》(GB 15618—1995)^[33]规定的标准值进行比较,下游沉积物重金属 Cd、Cr 和 Ni 含量在府河入新区段(F10)点位优于 I 级标准(表 3),其他点位优于 II 级标准,各点位 As 含量均优于 I 级标准,而 Pb 含量均优于 II 级标准,Cu 含量在 F10 点位优于 I 级标准,膳马庙村北(F11)高于 III 级标准,其他点位属于 II 级标准,Zn 在 F11 和李庄(F12)高于 III 级标准,其他点位均符合 II 级标准。将重金属含量均值与河北省土壤背景值^[34]进行比较,可得 Cd、Pb、Cr、Cu、Ni 和 Zn 分别是河北土壤背景值的 4.50 倍、5.23 倍、1.36 倍、5.62 倍、1.40 倍和 5.13 倍。

2.2 水体和沉积物细菌群落多样性和差异性分析

2.2.1 水体和沉积物细菌群落丰富度和多样性

对府河地表水和沉积物样本序列进行 OTU 聚类分析,并且按照最小样本序列进行抽平,府河地表水中共有 3 270 个 OTU,沉积物中共有 5 272 个 OTU。进一步计算地表水和沉积物 α 多样性指数,结果如表 4 所示,水体中 Chao 和 Shannon 指数在府河桥(F4)点位最高(分别为 2 110.72 和 4.99),细菌群落和物种有较高的多样性,物种最丰富;Chao 指数在桥北村(F13)断面最低(866.26),而望亭(F8)断面 Shannon 指数最低(3.11)。此外,地表水微生物 α 多样性指数与环境因子的 Pearson 相关性分析结果表明,丰富度 Chao 指数与 pH 显著负相关($r = -0.515$, $P < 0.05$),与 TOC($r = 0.608$, $P < 0.05$)、COD($r = 0.680$, $P < 0.01$)呈显著正相关关系,与温度(T)也存在正相关。同时,发现丰富度 Chao 指数和 Shannon 多样性指数具有显著正相关关系($r = 0.748$, $P < 0.01$)。

沉积物所有样品 Coverage 指数均 > 0.95 ,说明本

表1 府河水体理化指标
Table 1 Physical and chemical indexes of surface water in Fuhe River

采样点 Sampling site	pH	温度(T)/°C Temperature (T)/°C	总有机碳(TOC) (mg·L ⁻¹) Total organic carbon (TOC) (mg·L ⁻¹)	化学需氧量(COD) (mg·L ⁻¹) Chemical oxygen demand (COD) (mg·L ⁻¹)	总磷 (TP)/(mg·L ⁻¹) Total phosphorus (TP)/(mg·L ⁻¹)	氨氮(NH ₃ -N) (mg·L ⁻¹) Ammonia-nitrogen (NH ₃ -N)/(mg·L ⁻¹)	总氮 (TN)/(mg·L ⁻¹) Total nitrogen (TN)/(mg·L ⁻¹)
F1 一亩泉河支流 Tributary of Yimuquan River	7.94	31.6	4.8±0.03	44.14±13.70	0.28±0.00	4.13±0.02	6.24±0.53
F2 护城河支流 Tributary of Hucheng River	7.38	30.6	4.94±0.02	49.16±9.30	0.96±0.03	10.46±0.12	13.04±0.69
F3 焦庄 Jiaozhuang Village	7.62	31.2	5.06±0.04	53.17±15.37	0.48±0.03	7.36±0.09	10.50±0.92
F4 府河桥 Fuhe Bridge	7.51	32.3	5.89±0.02	92.77±40.22	0.40±0.01	7.86±0.12	9.79±0.08
F5 仙人桥村上游 Upstream of the Xianrenqiao Village	7.61	34.0	5.01±0.02	51.15±38.31	0.53±0.06	8.00±0.03	9.84±0.94
F6 黄花沟支流 Tributary of Huanghuagou River	7.69	33.3	5.07±0.02	50.67±6.77	0.23±0.01	1.76±0.06	7.52±0.03
F7 金线河支流 Tributary of Jinxian River	7.64	34.2	3.81±0.03	33.11±4.43	0.33±0.01	5.23±0.03	7.95±0.14
F8 望亭 Wangting Village	7.70	31.7	3.82±0.03	33.11±7.47	0.24±0.01	3.59±0.08	8.66±0.74
F9 刘口 Liukou Village	7.60	31.3	4.47±0.02	71.23±1.88	0.39±0.01	4.78±0.14	7.99±0.24
F10 府河入新区段 Section into the Xiong'an New Area	8.05	31.3	3.3±0.04	24.58±3.75	0.10±0.00	0.74±0.16	4.69±0.39
F11 磨马庙村北 Shanmamao Village	8.06	31.3	3.13±0.02	27.59±0.71	0.15±0.05	0.40±0.10	5.26±0.41
F12 李庄 Lizhuang Village	8.02	31.2	3.59±0.02	32.61±3.09	0.16±0.04	0.40±0.06	4.55±0.33
F13 桥北村 Qiaobei Village	8.01	31.8	3.07±0.02	23.07±4.65	0.07±0.00	0.66±0.07	3.67±0.47

续表1

采样点 Sampling site	pH	温度(T)/°C Temperature (T)/°C	总有机碳(TOC) (mg·L ⁻¹) Total organic carbon (TOC) (mg·L ⁻¹)	化学需氧量(COD) (mg·L ⁻¹) Chemical oxygen demand (COD) (mg·L ⁻¹)	总磷 (TP)/(mg·L ⁻¹) Total phosphorus (TP)/(mg·L ⁻¹)	氨氮(NH ₃ -N) (mg·L ⁻¹) Ammonia-nitrogen (NH ₃ -N)/(mg·L ⁻¹)	总氮 (TN)/(mg·L ⁻¹) Total nitrogen (TN)/(mg·L ⁻¹)
F14 西向阳村 Xixiangyang Village	7.88	30.0	2.97±0.03	23.07±1.88	0.09±0.00	0.43±0.05	4.88±0.31
F15 新大桥 The New Baiyangdian Bridge	7.72	30.1	3.13±0.02	26.59±2.56	0.07±0.00	0.47±0.18	4.67±0.05
F16 南刘庄 Nanliuzhuang Village	7.86	30.1	2.93±0.02	25.08±0.71	0.07±0.00	0.60±0.02	4.16±0.29

注:表中数据为平均值±标准差;下同。

Note: Data in the table are mean±standard deviation; the same below.

表 2 府河下游沉积物各项理化指标

Table 2 Physical and chemical indexes of the sediment in the downstream of Fuhe River

	F10	F11	F12	F13	F14	F15	F16	均值 Mean value
pH	7.45	7.8	7.73	7.19	7.53	7.52	7.47	—
TN/(g·kg ⁻¹)	1.65±0.03	1.18±0.02	1.10±0.01	2.40±0.01	1.88±0.03	1.62±0.02	1.36±0.03	—
有机质(OM)/(g·kg ⁻¹)	29.56±0.17	23.36±0.45	21.58±0.27	42.83±0.33	24.73±0.12	24.67±0.22	22.37±0.29	—
Organic matter (OM)/(g·kg ⁻¹)	0.45±0.03	0.46±0.04	0.55±0.02	0.64±0.03	0.26±0.02	0.46±0.03	0.24±0.03	0.44±0.03
Cd/(mg·kg ⁻¹)	6.37±0.28	12.43±0.39	10.32±0.36	7.09±0.03	9.52±0.05	6.36±0.12	9.08±0.05	8.74±0.33
Pb/(mg·kg ⁻¹)	36.26±0.15	33.66±0.23	32.57±0.18	46.13±0.14	40.62±0.25	31.69±0.21	29.4±0.22	35.76±0.20
Cr/(mg·kg ⁻¹)	60.08±0.19	82.17±0.28	76.26±0.24	61.19±0.26	85.70±0.26	98.11±0.19	72.77±0.20	76.61±0.23
Cu/(mg·kg ⁻¹)	35.84±0.32	40.59±0.37	42.39±0.34	56.17±0.26	46.18±0.24	36.39±0.45	37.67±0.50	42.17±0.44
Ni/(mg·kg ⁻¹)	29.25±0.20	34.57±0.33	38.49±0.31	33.56±0.45	38.78±0.27	34.72±0.27	40.90±0.18	35.72±0.37
Zn/(mg·kg ⁻¹)	136.09±0.21	189.21±0.24	191.58±0.33	205.53±0.34	225.81±0.33	171.19±0.29	155.81±0.32	182.17±0.34

表3 土壤环境质量标准值
Table 3 Standard value of soil environmental quality

(mg·kg⁻¹)

元素 Element	一级 Primary standard	二级 Secondary standard			三级 Level 3 standard
	自然背景 Natural background	土壤 pH 值 Soil pH			>6.5
		<6.5	6.5 ~ 7.5	>7.5	
Cd	0.20	0.30	0.30	0.60	1.00
As	15	30	25	20	30
Pb	35	250	300	350	500
Cr	90	250	300	350	400
Cu	35	50	100	100	400
Ni	40	40	50	60	200
Zn	100	200	250	300	500

表4 水体和沉积物样品在97%水平下的丰富度和多样性指数

Table 4 Richness and diversity index of water and sediment samples at 97% level

采样点 Sampling site	水体 Water			沉积物 Sediment		
	Chao	Shannon	Coverage	Chao	Shannon	Coverage
F1 一亩泉河支流 Tributary of Yimuquan River	909.51	3.50	0.99	-		
F2 护城河支流 Tributary of Hucheng River	1 100.41	3.94	0.99	3 146.46	6.62	0.97
F3 焦庄 Jiaozhuang Village	1 500.02	4.21	0.98	-		
F4 府河桥 Fuhe Bridge	2 110.72	4.99	0.97	3 425.23	6.22	0.96
F5 仙人桥村上游 Upstream of the Xianrenqiao Village	1 424.96	4.44	0.98	2 609.64	6.01	0.97
F6 黄花沟支流 Tributary of Huanghuagou River	1 700.73	4.31	0.98	3 469.99	6.40	0.96
F7 金线河支流 Tributary of Jinxian River	1 879.83	4.78	0.98	3 740.71	6.61	0.96
F8 望亭 Wangting Village	977.11	3.11	0.99	3 192.78	6.01	0.96
F9 刘口 Liukou Village	1 544.18	4.42	0.98	3 032.09	5.70	0.96
F10 府河入新区段 Section into the Xiong'an New Area	1 054.01	4.02	0.99	3 060.00	6.22	0.97
F11 膳马庙村北 Shanmamiao Village	1 334.09	4.64	0.99	3 638.46	6.43	0.96
F12 李庄 Lizhuang Village	1 543.92	4.84	0.98	3 050.10	5.46	0.96
F13 桥北村 Qiaobei Village	866.26	3.85	0.99	2 770.70	6.24	0.97
F14 西向阳村 Xixiangyang Village	1 404.32	4.12	0.98	2 469.29	5.48	0.97
F15 新大桥 The New Baiyangdian Bridge	1 520.38	4.10	0.98	2 398.49	5.38	0.97
F16 南刘庄 Nanliuzhuang Village	998.08	3.94	0.99	1 938.14	5.41	0.98

次测序结果可以真实反映沉积物样品中微生物的真实情况。Chao 指数最高值在新金线河支流(F7)点位(3 740.71),在南刘庄(F16)(1 938.14)群落丰富度最低。Shannon 指数最大值和最小值分别位于 F2 和 F15(数值分别为 6.62 和 5.38)。Pearson 相关性分析得出 Shannon 多样性指数与 pH 显著负相关($r=-0.771, P<0.05$),与 Cu 呈显著正相关($r=0.786, P<0.01$),也得出丰富度 Chao 指数和 Shannon 多样性指数具有显著正相关关系($r=0.828, P<0.05$)。

2.2.2 水体和沉积物细菌群落差异性分析

基于 unweighted Unifrac 采用 PCoA 分析衡量样本间群落物种组成的差异性^[35],样本点距离越近,群落结构越相似,由图 2(a)可知,上下游水体和沉积物样本分布在不同的位置,细菌群落组成存在显著性差异($P<0.05$);对细菌群落结构进行层级聚类分析,结果(图 2(b))显示水样 F1 ~ F9 聚为一类、F10 ~ F16 聚为一类,沉积物中聚类虽然略有不同,但是在上游 F1 ~ F9 和下游 F10 ~ F16 之间也存在差异。

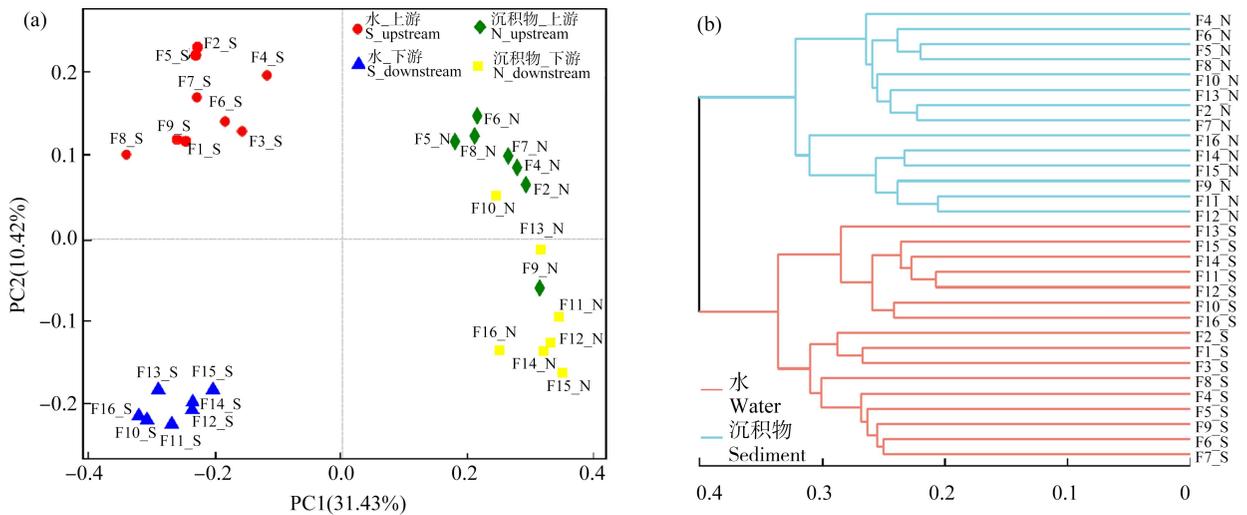


图 2 水体和沉积物的 PCoA (a) 及细菌群落结构聚类分析 (b)

注: S 表示地表水; N 表示沉积物。

Fig. 2 PCoA analysis (a) and cluster analysis of bacterial community structure (b) of water and sediment

Note: S stands for surface water; N stands for sediment.

由图 2 可知,水体细菌多样性和丰富度与沉积物中细菌群落结构存在一定相关性。水体中细菌群落多样性越高,相应的沉积物中也具有较高的微生物多样性,但是沉积物微生物群落不一定影响水体微生物种群和群落多样性。如,水样 F4 中 Chao 和 Shannon 指数最高,相应的 F4 沉积物中 Chao 和 Shannon 指数水平也较高。此外,结合表 4 数据发现,沉积物和水体中 Chao 和 Shannon 指数与上覆水水质条件(COD、TN 和 TP 等)成负相关,Chao 和 Shannon 指数越高,水体的理化性质越差,相反,这 2 个指数越低,水质越好。

2.3 细菌群落组成分析

2.3.1 府河水体细菌群落组成

利用 Miseq 测序技术研究府河水体和沉积物细菌群落结构,府河地表水样品共检出 49 个门,112 个纲,294 个目,493 个科和 970 个属。变形菌门

(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、蓝藻菌门(Cyanobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、浮霉菌门(Planctomycetes)和厚壁菌门(Firmicutes)是水样中主要的菌门,约占总体的 96.96%(图 3(a))。变形菌门是府河上覆水的第一优势菌门,绝对位点丰度超过 40.40%。但是在望亭(F8)、西向阳村(F14)、新大桥断面(F15)变形菌丰度最低,而蓝藻菌门成为第一优势菌,其丰度分别为 53.42%、35.85% 和 39.34%。在府河入新区段(F10)点位优势菌为拟杆菌门(48.07%)。同时,实验结果发现下游放线菌的丰度比上游高。

府河水样中属水平微生物结构分布如图 3(b)所示, *norank_f_norank_o_Chloroplast*、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、*unclassified_f_Burkholderiaceae*、单胞菌属(*Arenimonas*)、噬氢菌属(*Hydrogenophaga*)、*Limnohabitans* 和新鞘脂菌属(*Novosphingobium*)是上覆水样中主要的属类微生物,约占总体属水平微生物的

54.07%。一亩泉河支流(F1)、府河入新区段(F10)和膳马庙村北(F11)点位的黄杆菌属丰度显著比其他点位高;上游 *unclassified_f_Burkholderiaceae*、噬氢菌属、*Limnohabitans* 和新鞘脂菌属比下游高。

2.3.2 府河沉积物细菌群落组成

府河沉积物微生物物种比水样物种较多样丰富,共检出62个门,141个纲,358个目,601个科和1155个属。由图4(a)可知,沉积物样品中主要的门水平微生物为变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidetes),约占总体微生物门类的79.17%。府河沉积物微生物空间分布分析结果显示,在整个府

河水域变形菌门丰度在37.50%~56.63%之间,其中李庄(F12)丰度最高。此外,绿弯菌门是府河沉积物中第二优势菌。上游酸杆菌门和拟杆菌门丰度比下游高。

如图4(b)所示,在属水平上对府河沉积物细菌群落结构进行分析,发现沉积物优势菌属占比较低,丰度相对较高的菌属为 *norank_f_Steroidobacteraceae*、硫杆菌属(*Thiobacillus*)、*norank_c_Subgroup_6*、*norank_f_Anaerolineaceae* 和硫碱螺旋菌属(*Thioalkalispira*),约占总体属水平微生物的20.56%。其中,硫杆菌是自养反硝化菌,在上下游丰度分别为24.44%和53.21%。

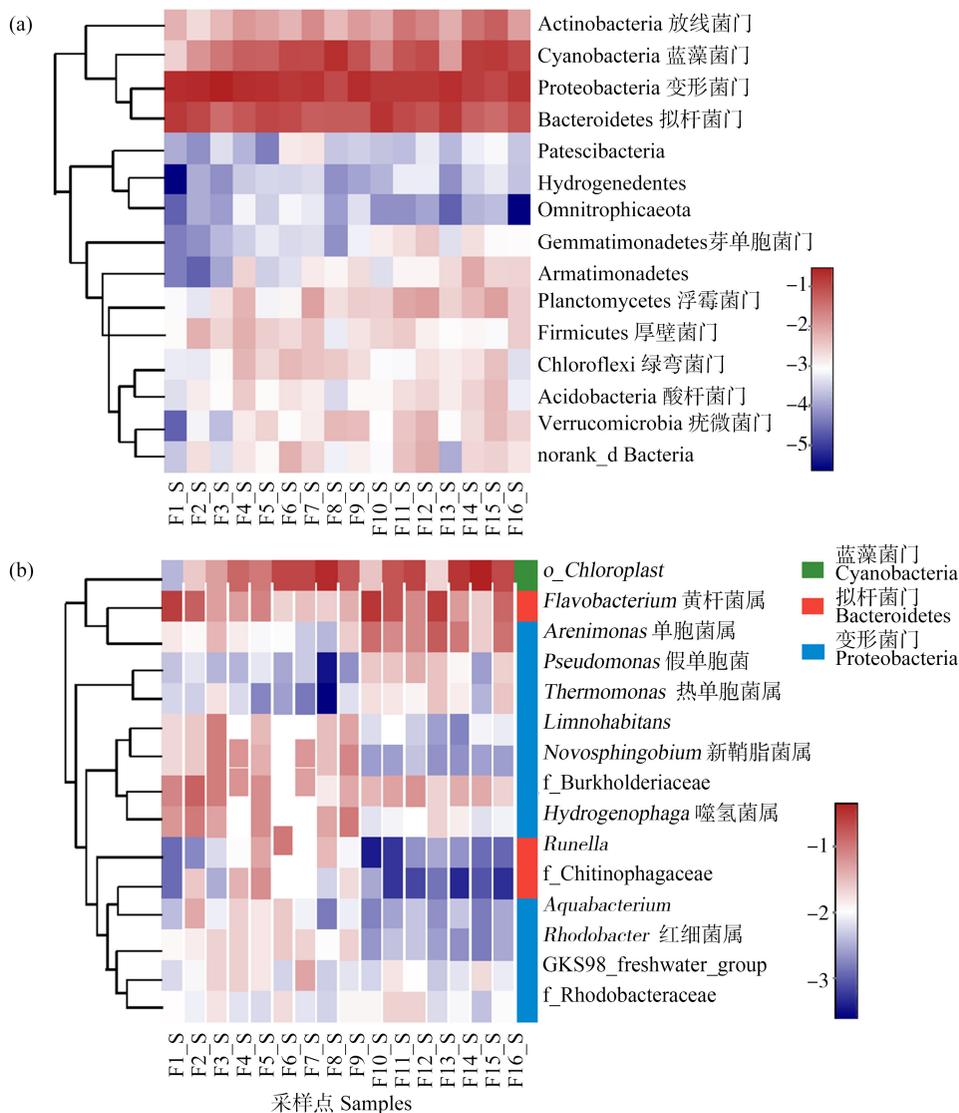


图3 府河水体门(a)和属(b)水平细菌群落热图

Fig. 3 Heatmap of bacterial community at phylum (a) and genus (b) level of Fuhe River surface water

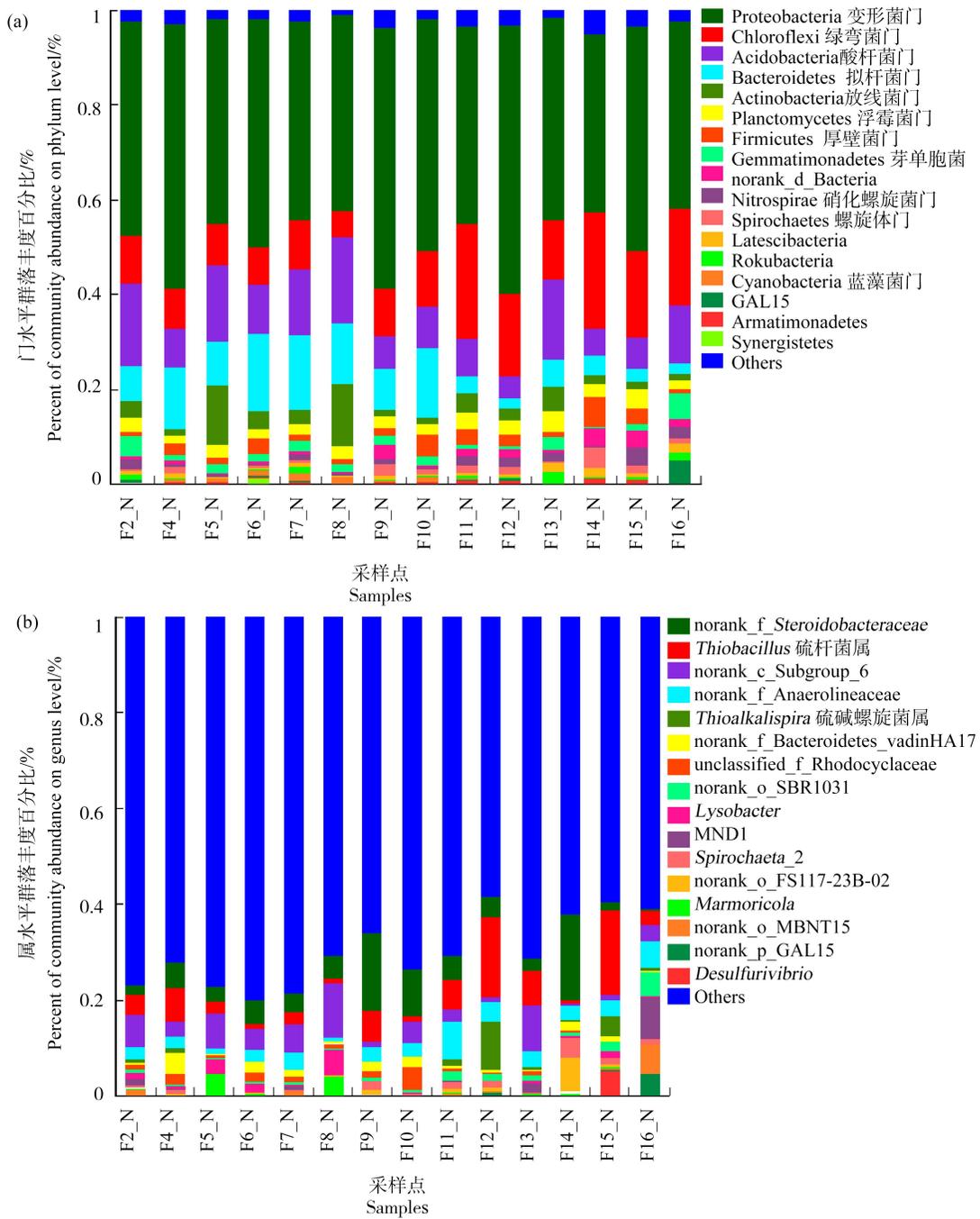


图 4 府河沉积物门 (a) 和属 (b) 水平细菌群落柱形图

Fig. 4 Columns of bacterial community at phylum (a) and genus (b) level of Fuhe River sediment

2.4 细菌群落结构与环境因子关系

2.4.1 府河水体细菌群落结构与环境因子的关系

环境因子的变化对菌群产生一定的影响,不同菌属受不同环境因子的影响程度不同。本研究对府河水体优势菌属和环境因子进行冗余分析(RDA),进一步探究水体细菌群落结构与环境因子之间的相关性。如图 5(a)所示,RDA 分析分别解释了 45.94%

和 17.59% 的水体细菌群落和环境因子的关系,共解释了细菌属水平 63.53% 的分布差异。环境因子对样点细菌群落的影响程度,取决于样点垂直投射于代表环境因子的射线之后离原点的距离,距离越远,影响程度越大。由图 5(a)可知,NH₃-N、TN、TP 和 pH 是影响府河水体细菌群落结构主要环境因子,其中 pH 对 F10 点位的微生物影响程度最大,TN、

NH₃-N 和 TP 对 F3 的微生物影响程度最大。典型细菌群落与环境因子分析发现,黄杆菌属和单胞菌属与 pH 呈正相关,与 TN 和 NH₃-N 呈负相关。此外,研究发现府河水体中噬氢菌属、新鞘脂菌属与 TN、NH₃-N 和 TP 成正相关。

2.4.2 府河沉积物细菌群落结构与环境因子关系

对府河沉积物优势菌属和环境因子进行冗余分析,重点研究下游沉积物细菌群落结构与重金属的相关性。沉积物 RDA 分析分别解释了 46.49% 和 28.40% 的细菌群落和环境因子的关系,共解释了微生物属水平 74.89% 的分布差异(图 5(b))。结果显示,pH、TN 和 Cd 对细菌群落结构影响较大。优势菌属硫杆菌和 norank_f_Anaerolineaceae 与 TN 呈负相关,优势菌属 norank_c_Subgroup_6 和 pH 呈正相关。

2.5 府河沉积物细菌群落主要功能类群

分析了府河沉积物中硝化细菌、反硝化细菌、硫酸盐还原细菌和甲烷氧化菌 4 种主要功能微生物在府河空间分布情况,结果如图 6 所示。结果表明,府河下游沉积物中硝化细菌和反硝化细菌丰度显著高于上游。在府河上游主要的功能硝化菌是硝化螺旋菌纲(Nitrospira, 2.82%),下游氧化 NH₃-N 的功能硝化菌为硝化螺旋菌门(Nitrospirae, 2.75%)和硝化螺旋菌纲(1.67%)。在整个府河流域硫杆菌属是主要的反硝化菌,在府河上游其相对丰度比例大约为 24.44%,而在下游 F12 和 F15,硫杆菌属相对丰度达到 16.65% 和 17.71%。硫酸盐还原菌中脱硫盒菌科(Desulfarculaceae)在各采样点均有一定的丰度,而脱硫杆菌属(*Desulfobacterium*)在府河上游丰度较高,脱硫杆菌科(Desulfobacteraceae)是下游主要的硫循环菌。甲基杆菌属(*Methylobacter*)是府河沉积物中主要的甲烷氧化菌,在 F2 和 F15 甲基杆菌属的相对丰度达到 0.22% 和 0.16%。

3 讨论(Discussion)

府河上游点位承接污水处理厂排水及生活污水,河流污水生物处理不理想,排放废水中有机物质含量较高,进入府河之后导致上游点位 COD 和 TOC 含量升高。从整体结果可知,府河上游受生活污水及工业污水的影响,N、P 污染严重,其中,位于排污口附近的 F2 护城河点位,受到附近 3 家中规模医院的生活污染和医用废水污染,其水质最差;而下游各污染物含量较低,表明水体有一定的自净能

力。府河下游膳马庙村北(F11)和李庄(F12)2 个点位沉积物受到附近农田化肥农药污染,重金属含量较高,并且重金属含量高于河北土壤背景值,表明府河沉积物存在 Cd、Pb、Cu 和 Zn 重金属污染风险。

河流细菌多样性在空间分布上存在一定的差异,众多研究得出微生物多样性受到温度、pH 和有机碳等的影响^[36-37],这与本研究结论一致。F4 府河桥点位流经城市,多年受到人类活动的影响,水质复杂多变,因而可能导致细菌丰度较高。望亭(F8)和桥北村(F13)断面物种多样性最低,可能是因为这 2 个点位存在特定菌类的富集,限制其他物种的生长,导致多样性和丰富度偏低。沉积物护城河支流(F2)和新金线河支流(F7)点位相对于其他采样点有较高的微生物丰富度和多样性,其主要原因可能是这 2 个点位是护城河和新金线河支流汇入口,受到支流汇入的扰动较大,导致此处微生物物种活性较高,群落结构多样。府河水体和沉积物群落差异性分析结果表明,细菌群落结构无论是水体还是沉积物在上下游均存在一定差异,有学者对富营养化河流的调查发现,上下游细菌群落结构具有明显差异,接收生活污水的上游区域具有降解芳香族化合物的微生物属,而受藻华影响的下游蓝藻细菌丰度较高^[36],与本研究结果相符。并且在府河部分断面(如 F2、F4 和 F7 等)水体污染严重,破坏了河流生态系统稳定性,可能会导致不必要微生物的繁殖和生长,影响水体自净能力,进而引起水体富营养化。

已有研究表明,变形菌门、放线菌门和厚壁菌门是典型的淡水菌门^[37]。府河优势菌存在一定的空间异质性。蓝藻菌具有固氮能力,对水体 N 循环起着重要作用,上游 F8 以及下游 F14、F15 点位氮磷含量较其他点位低,这可能与优势菌蓝藻菌的作用有关。属于拟杆菌的噬细胞菌的增多与水华的发生有关^[38],拟杆菌门的丰度和富营养化可能有潜在的关系^[39]。已知放线菌可以分解许多有机物,如芳香化合物、氰等毒性强的化合物,在污水及有机固体废物的生物处理中有积极的作用,下游放线菌的丰度比上游高说明在府河上游水体中难降解有机质随着水体流动逐渐累积至下游。沉积物细菌属水平物种多样性更高,检测出在分类学谱系中没有科学名称的物种,Wang 等^[37]对赣江南充段、林海等^[38]对妫水河进行细菌群落结构特征研究时,也得出了相似结论。黄杆菌属属于拟杆菌门,是一类广泛存在于淡水水体中的优势菌^[40],并且可以降解藻类有机物或生物

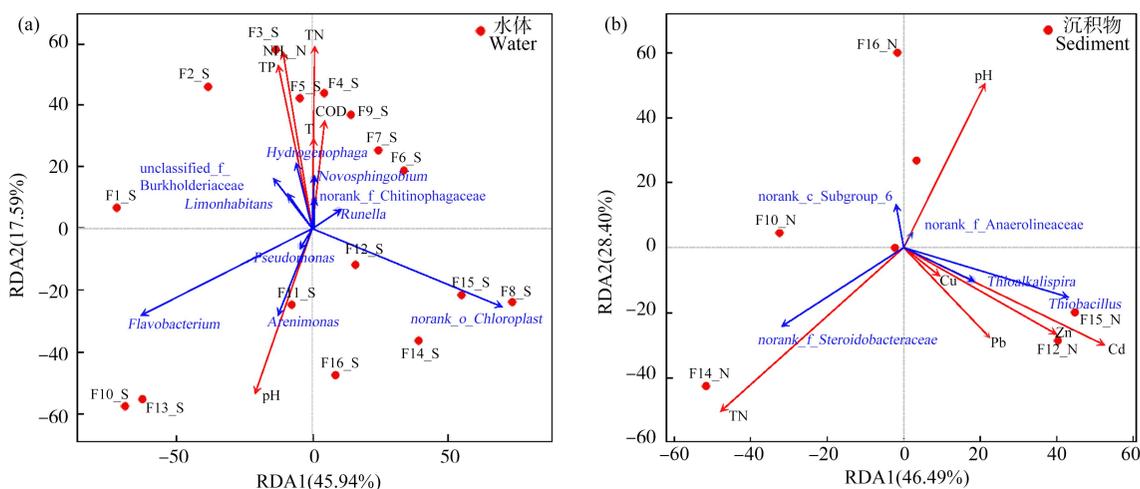


图 5 水体 (a) 和沉积物 (b) 细菌群落结构和环境因子的 RDA 分析

Fig. 5 RDA analysis of bacterial community and environmental factors in water (a) and sediment (b)

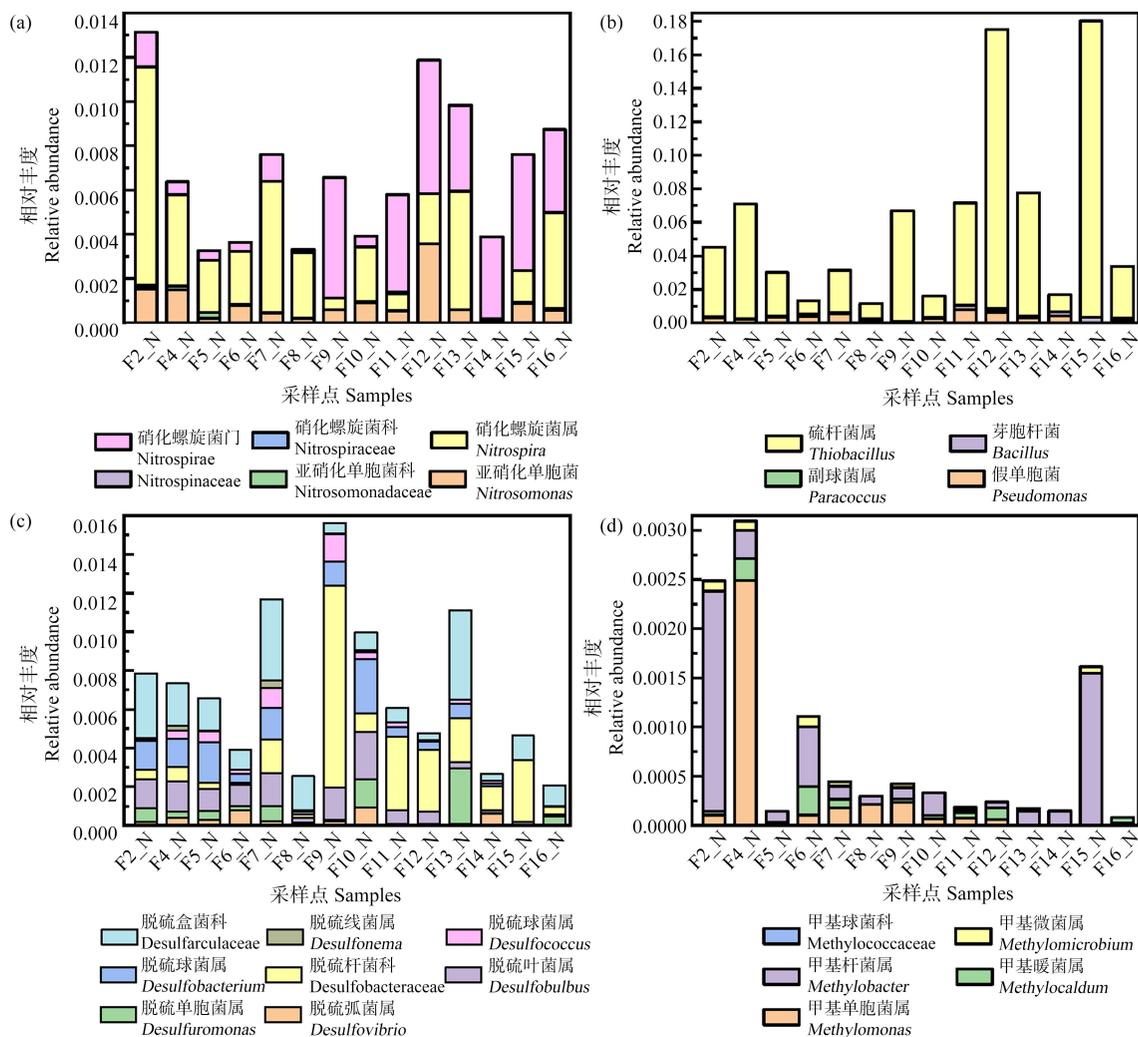


图 6 沉积物细菌群落主要功能类群

注:(a)硝化细菌;(b)反硝化细菌;(c)硫酸盐还原菌;(d)甲烷氧化菌。

Fig. 6 Relative abundance of key functional groups of sediment bacterial community

Note: (a) Nitrifying bacteria; (b) Denitrifying bacteria; (c) Sulfate-reducing bacteria; (d) Methanotrophs bacteria.

聚合物。在上游丰度显著较高的 *unclassified_f_Burkholderiaceae* 和 *Limnohabitans* 隶属于伯克氏菌科,能降解有机农药和多氯联苯,新鞘脂菌属可降解有机污染物和多环芳烃,特别在焦庄(F3)这几种菌丰度最高,因为 F3 点位附近有汽车配件园,沿岸有家庭式小作坊,受工业污染影响较大。

变形菌门是所有点位沉积物样品中的第一优势菌门,与以往对河流、海洋沉积物微生物优势菌群研究结果一致^[38,41]。F12 变形菌丰度最高,而该点位 Chao 指数较低,可能与李庄河面较宽有关,水体流动缓慢限制微生物迁移,使得此位点微生物结构稳定而单纯^[38]。沉积物中第二优势菌绿弯菌的主要功能是以二氧化碳为碳源进行光合作用产生能量^[42],但是由于在兼性厌氧条件下进行光合作用而不产生氧气,也不能进行固氮^[43],因此,府河上游氮浓度比下游高,也可能和沉积物中绿弯菌门的丰度变化有关。上游城市段拟杆菌门的高丰度可能是居民区未经处理的含有硝酸盐、氨和粪便等污染物废水造成的,因为拟杆菌常在沉积物中表现出较高的丰度,并且该菌是一种致病菌,常见于人和动物体内^[44]。沉积物属水平上的硫杆菌可以从地下水 and 被污染的地表水中去除硝酸盐,同时还可以修复硝酸盐含量高的废水,府河水体流速缓慢,为沉积物中反硝化菌提供较好的缺氧环境;*norank_c_Subgroup_6* 隶属于酸杆菌门,是一种嗜酸菌,府河上游 pH 比下游偏低,所以该菌在上游丰度(40.24%)高于下游丰度(21.91%)。

府河水体中 $\text{NH}_3\text{-N}$ 、TN、TP 和 pH 是影响细菌群落结构的主要环境因子。黄杆菌属和单胞菌属与 pH 呈正相关,与 TN、 $\text{NH}_3\text{-N}$ 呈负相关。有研究表明,黄杆菌属是淡水水体中具有反硝化能力的优势菌,对生存环境条件 pH 较为敏感^[43],尽管本研究府河水体 pH 变化差异小,但是在某些位点由于其 pH 波动促进了黄杆菌属和单胞菌属的活性。水体中噬氢菌属、新鞘脂菌属与 TN、 $\text{NH}_3\text{-N}$ 和 TP 成正相关, $\text{NH}_3\text{-N}$ 、TN 和 TP 在不同程度上可以提高噬氢菌属、新鞘脂菌属的丰度,表明噬氢菌属、新鞘脂菌属对河流内氮、磷等有机污染物变化具有较好的适应性。刘峰等^[7]发现汾河入黄河口水体微生物群落结构的变化主要受 pH 和溶解氧(DO)的影响;也有研究表明,人为的氮素污染是影响密云水库入库河流水体微生物群落组成的主要因素^[45],与本研究结论一致。沉积物中 pH、TN 和 Cd 对微生物群落结构影响较大,赵思颖等^[46]得出 pH、TN 及 TP 对鄱阳湖

底泥微生物群落结构有影响,且底泥中营养成分和微生物多样性呈正相关,也有研究报道,Cd、Cu 和鄱阳湖底泥变形菌门有显著相关性,其中 Cd 和隶属于变形菌门的 5 个有重金属修复作用的属呈正相关^[18],这进一步支持了本研究的结果。优势菌属硫杆菌和 *norank_f_Anaerolineaceae* 与 TN 呈负相关,硫杆菌主要参与反硝化过程,当含氮高的废水排入河流,氮素的去除率会提高,*norank_f_Anaerolineaceae* 隶属于绿弯菌门,绿弯菌门不能固氮。优势菌属 *norank_c_Subgroup_6* 隶属于酸杆菌,和 pH 呈正相关,这与酸杆菌是生长缓慢的寡营养菌、其丰度受 pH 影响大的研究结果相符^[47]。

综合分析,本研究揭示了府河水质条件的变化极大影响细菌群落结构,污染程度高的上游水体和沉积物中细菌群落丰富度高于下游,同时发现水体细菌多样性和丰富度与沉积物具有相关性。整个空间分布中变形菌是上覆水和沉积物中的第一优势菌,其中上覆水区域中拟杆菌门、蓝藻菌门和放线菌门丰度也较高,而沉积物中除了变形菌,绿弯菌门、酸杆菌门和拟杆菌门也是府河底泥细菌中优势菌;进一步属水平分析发现上覆水中黄杆菌和新鞘脂菌以及底泥中硫杆菌在整个细菌群落中相对丰度最高。此外,发现府河 pH、 $\text{NH}_3\text{-N}$ 、TN 和 TP 显著影响细菌群落结构,而沉积物 pH、TN 和 Cd 对细菌群落结构影响最大。

通讯作者简介:王英俊(1990—),男,硕士,主要研究方向为生态毒理学。

共同通讯作者简介:刘玲(1988—),女,博士,助理研究员,主要研究方向为生态毒理学。

参考文献(References):

- [1] 杨宏,李会琳,路璐.嘉陵江(南充段)水体及其底泥中氨氧化微生物群落空间分布特征及其与环境因子关系[J].长江流域资源与环境,2018,27(8):1836-1846
Yang H, Li H L, Lu L. Spatial distribution of ammonia-oxidizing microorganism in surface water and sediment in Jialing River (Nanchong section) and their relationship with environmental factors [J]. Resources and Environment in the Yangtze Basin, 2018, 27(8): 1836-1846 (in Chinese)
- [2] 董萍,孙寓姣,王红旗,等.利用 T-RFLP 技术对温榆河微生物群落结构研究[J].中国环境科学,2011,31(4):

- 631-636
Dong P, Sun Y J, Wang H Q, et al. Study of micro-ecosystem of the Wenyu River by terminal restriction fragment length polymorphism analysis [J]. *China Environmental Science*, 2011, 31(4): 631-636 (in Chinese)
- [3] Cébron A, Garnier J. *Nitrobacter* and *Nitrospira* genera as representatives of nitrite-oxidizing bacteria: Detection, quantification and growth along the lower Seine River (France) [J]. *Water Research*, 2005, 39(20): 4979-4992
- [4] Findlay S. Stream microbial ecology [J]. *Journal of the North American Benthological Society*, 2010, 29(1): 170-181
- [5] Jiang J G, Shen Y F. Development of the microbial communities in Lake Donghu in relation to water quality [J]. *Environmental Monitoring and Assessment*, 2007, 127(1-3): 227-236
- [6] 王鹏, 陈波, 李传琼, 等. 赣江南昌段丰水期细菌群落特征[J]. *中国环境科学*, 2016, 36(8): 2453-2462
Wang P, Chen B, Li C Q, et al. Bacterial communities in Nanchang section of the Ganjiang River in wet season [J]. *China Environmental Science*, 2016, 36(8): 2453-2462 (in Chinese)
- [7] 刘峰, 冯民权, 王毅博. 汾河入黄口夏季微生物群落结构分析[J]. *微生物学通报*, 2019, 46(1): 54-64
Liu F, Feng M Q, Wang Y B. Microbial community structure of estuary of the Fenhe River into the Yellow River in summer [J]. *Microbiology China*, 2019, 46(1): 54-64 (in Chinese)
- [8] 白洁, 刘小沙, 侯瑞, 等. 南海南部海域浮游细菌群落特征及影响因素研究[J]. *中国环境科学*, 2014, 34(11): 2950-2957
Bai J, Liu X S, Hou R, et al. Community structure and influencing factors of bacterioplankton in the south China Sea [J]. *China Environmental Science*, 2014, 34(11): 2950-2957 (in Chinese)
- [9] 魏佳明, 崔丽娟, 李伟, 等. 表流湿地细菌群落结构特征[J]. *环境科学*, 2016, 37(11): 4357-4365
Wei J M, Cui L J, Li W, et al. Characteristics of bacterial communities in surface-flow constructed wetlands [J]. *Environmental Science*, 2016, 37(11): 4357-4365 (in Chinese)
- [10] Staley C, Johnson D, Gould T J, et al. Frequencies of heavy metal resistance are associated with land cover type in the Upper Mississippi River [J]. *Science of the Total Environment*, 2015, 511: 461-468
- [11] 张雅洁, 李珂, 朱浩然, 等. 北海湖微生物群落结构随季节变化特征[J]. *环境科学*, 2017, 38(8): 3319-3329
Zhang Y J, Li K, Zhu H R, et al. Community structure of microorganisms and its seasonal variation in Beihai Lake [J]. *Environmental Science*, 2017, 38(8): 3319-3329 (in Chinese)
- [12] 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
Chen 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 (in Chinese)
- [13] 高磊, 包卫洋, 张天文, 等. 水体碳氮比对芽孢杆菌、乳酸菌与弧菌生长、拮抗作用及菌体碳氮比的影响[J]. *中国海洋大学学报: 自然科学版*, 2013, 43(1): 34-40
Gao L, Bao W Y, Zhang T W, et al. Effect of water C : N ratio on the growth, antagonism and C : N ratio of *Bacillus*, lactic acid bacteria and *Vibrio* [J]. *Periodical of Ocean University of China*, 2013, 43(1): 34-40 (in Chinese)
- [14] 李静, 陈芝兰, 李小卫. 西藏湿地生态系统中氮循环微生物数量和多样性研究[J]. *西藏科技*, 2015(4): 70-72, 78
- [15] 王晓辉, 郭光霞, 郑瑞伦, 等. 生物炭对设施退化土壤氮相关功能微生物群落丰度的影响[J]. *土壤学报*, 2013, 50(3): 624-631
Wang X H, Guo G X, Zheng R L, et al. Effect of biochar on abundance of N-related functional microbial communities in degraded greenhouse soil [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2013, 50(3): 624-631 (in Chinese)
- [16] 刘睿, 吴巍, 周孝德, 等. 渭河浮游细菌群落结构特征及其关键驱动因子[J]. *环境科学学报*, 2017, 37(3): 934-944
Liu R, Wu W, Zhou X D, et al. Bacterioplankton community structure in Weihe River and its relationship with environmental factors [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2017, 37(3): 934-944 (in Chinese)
- [17] Zhang M Z, Wu Z J, Sun Q Y, et al. The spatial and seasonal variations of bacterial community structure and influencing factors in river sediments [J]. *Journal of Environmental Management*, 2019, 248: 109293
- [18] 江玉梅, 张晨, 黄小兰, 等. 重金属污染对鄱阳湖底泥微生物群落结构的影响[J]. *中国环境科学*, 2016, 36(11): 3475-3486
Jiang Y M, Zhang C, Huang X L, et al. Effect of heavy metals in the sediment of Poyang Lake estuary on microbial communities structure base on Mi-seq sequencing [J]. *China Environmental Science*, 2016, 36(11): 3475-3486 (in Chinese)

- [19] Grandlic C J, Geib I, Pilon R, et al. Lead pollution in a large, prairie-pothole lake (Rush Lake, WI, USA): Effects on abundance and community structure of indigenous sediment bacteria [J]. *Environmental Pollution*, 2006, 144 (1): 119-126
- [20] Chodak M, Gołębiewski M, Morawska-Płoskonka J, et al. Diversity of microorganisms from forest soils differently polluted with heavy metals [J]. *Applied Soil Ecology*, 2013, 64: 7-14
- [21] 袁瑞强, 牛漾聃, 王鹏, 等. 引黄对受水河段沉积物微生物群落的影响[J]. *环境科学学报*, 2019, 39(2): 499-508
- Yuan R Q, Niu Y D, Wang P, et al. Effects of the Yellow River diversion on microbial communities in sediments of the receiving reach [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2019, 39(2): 499-508 (in Chinese)
- [22] 陈杰. 保定府河水质评价研究[J]. *现代商贸工业*, 2019, 40(15): 187-188
- [23] 胡国成, 许木启, 许振成, 等. 府河-白洋淀沉积物中重金属污染特征及潜在风险评价[J]. *农业环境科学学报*, 2011, 30(1): 146-153
- Hu G C, Xu M Q, Xu Z C, et al. Pollution characteristic and potential risk assessment of heavy metals in surface sediment from Fuhe River and Baiyangdian Lake, North China [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2011, 30 (1): 146-153 (in Chinese)
- [24] 李冰, 王亚, 郑钊, 等. 丹江口水库调水前后表层沉积物营养盐和重金属时空变化[J]. *环境科学*, 2018, 39(8): 3591-3600
- Li B, Wang Y, Zheng Z, et al. Temporal and spatial changes in sediment nutrients and heavy metals of the Danjiangkou Reservoir before and after water division of the mid-route project [J]. *Environmental Science*, 2018, 39(8): 3591-3600 (in Chinese)
- [25] Liu J Z, Tang J, Wan J J, et al. Functional sustainability of periphytic biofilms in organic matter and Cu^{2+} removal during prolonged exposure to TiO_2 nanoparticles [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2019, 370: 4-12
- [26] Li Y Y, Wang Y L, Wan D J, et al. Pilot-scale application of sulfur-limestone autotrophic denitrification biofilter for municipal tailwater treatment: Performance and microbial community structure [J]. *Bioresource Technology*, 2020, 300: 122682
- [27] 中华人民共和国环境保护部. 土壤和沉积物 汞、砷、硒、铋、锑的测定 微波消解/原子荧光法: HJ680—2013 [S]. 北京: 中华人民共和国环境保护部, 2013
- Ministry of Environmental Protection of the People's Republic of China. Soil and sediment—Determination of mercury, arsenic, selenium, bismuth, antimony—Microwave dissolution/atomic fluorescence spectrometry: HJ680—2013 [S]. Beijing: Ministry of Environmental Protection of the People's Republic of China, 2013 (in Chinese)
- [28] 中华人民共和国环境保护部. 土壤 总铬的测定 火焰原子吸收分光光度法: HJ491—2009 [S]. 北京: 中华人民共和国环境保护部, 2009
- Ministry of Environmental Protection of the People's Republic of China. Soil quality—Determination of total chromium—Flame atomic absorption spectrometry: HJ491—2009 [S]. Beijing: Ministry of Environmental Protection of the People's Republic of China, 2009 (in Chinese)
- [29] 中华人民共和国国家环境保护局. 土壤质量 铜、锌的测定 火焰原子吸收分光光度法: GB T17138—1997 [S]. 北京: 中华人民共和国国家环境保护局, 1997
- State Environmental Protection Administration of the People's Republic of China. Soil quality—Determination of copper, zinc—Flame atomic absorption spectrophotometry: GB T17138—1997 [S]. Beijing: State Environmental Protection Administration of the People's Republic of China, 1997 (in Chinese)
- [30] 中华人民共和国国家环境保护局. 土壤质量 铅、镉的测定 石墨炉原子吸收分光光度法: GB T17141—1997 [S]. 北京: 中华人民共和国国家环境保护局, 1997
- State Environmental Protection Administration of the People's Republic of China. Soil quality—Determination of lead, cadmium—Graphite furnace atomic absorption spectrophotometry: GB T17141—1997 [S]. Beijing: State Environmental Protection Administration of the People's Republic of China, 1997 (in Chinese)
- [31] 中华人民共和国国家环境保护局. 土壤质量 镍的测定 火焰原子吸收分光光度法: GB T17139—1997 [S]. 北京: 中华人民共和国国家环境保护局, 1997
- State Environmental Protection Administration of the People's Republic of China. Soil quality—Determination of nickel—Flame atomic absorption spectrophotometry: T17139—1997 [S]. Beijing: State Environmental Protection Administration of the People's Republic of China, 1997 (in Chinese)
- [32] 金笑. 鄱阳湖表层沉积物细菌群落结构与功能的时空差异研究[D]. 南昌: 南昌大学, 2017: 32
- Jin X. Study on the spatial-temporal distribution of surface sediment bacterial community structure and function in Poyang Lake [D]. Nanchang: Nanchang University, 2017:

- 32 (in Chinese)
- [33] 中华人民共和国国家环境保护局. 土壤环境质量标准: GB15618—1995[S]. 北京: 中国标准出版社, 1995
- [34] 中国环境监测总站. 中国土壤元素背景值[M]. 北京: 中国环境科学出版社, 1990: 87-91
- [35] 王丹, 侯珍, 张琪, 等. 表层沉积物中6:2 氟调醇生物降解对细菌群落结构的影响[J]. 环境科学, 2017, 38(11): 4747-4755
- Wang D, Hou Z, Zhang Q, et al. Impact of the biodegradation of 6:2 fluorotelomer alcohol on the bacterial community structure of surface sediment [J]. *Environmental Science*, 2017, 38(11): 4747-4755 (in Chinese)
- [36] 赵欣艳, 王海燕, 侯泽英, 等. 洱海沙坪湾湖滨带不同植被带中细菌分布特征[J]. 环境科学研究, 2017, 30(5): 705-711
- Zhao X Y, Wang H Y, Hou Z Y, et al. Bacteria distribution characteristics of different vegetation belts along Shapingwan riparian zone of Erhai Lake [J]. *Research of Environmental Sciences*, 2017, 30(5): 705-711 (in Chinese)
- [37] Wang P, Chen B, Yuan R Q, et al. Characteristics of aquatic bacterial community and the influencing factors in an urban river [J]. *Science of the Total Environment*, 2016, 569-570: 382-389
- [38] 林海, 蔡怡清, 李冰, 等. 北京市妫水河底泥微生物群落结构特征[J]. 生态学报, 2019, 39(20): 7592-7601
- Lin H, Cai Y Q, Li B, et al. Characteristics of microbial community structure in Guishui River sediment in Beijing [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, 39(20): 7592-7601 (in Chinese)
- [39] Gao Y, Wang C C, Zhang W G, et al. Vertical and horizontal assemblage patterns of bacterial communities in a eutrophic river receiving domestic wastewater in southeast China [J]. *Environmental Pollution*, 2017, 230: 469-478
- [40] 任丽娟, 何聃, 邢鹏, 等. 湖泊水体细菌多样性及其生态功能研究进展[J]. 生物多样性, 2013, 21(4): 422-433
- Ren L J, He D, Xing P, et al. Bacterial diversity and ecological function in lake water bodies [J]. *Biodiversity Science*, 2013, 21(4): 422-433 (in Chinese)
- [41] Rashidan K K, Bird D F. Role of predatory bacteria in the termination of a cyanobacterial bloom [J]. *Microbial Ecology*, 2001, 41(2): 97-105
- [42] 奚万艳, 吴鑫, 叶文瑾, 等. 太湖梅梁湾水域蓝藻水华前与水华末期细菌群落结构的变化[J]. 应用与环境生物学报, 2007, 13(1): 97-103
- Xi W Y, Wu X, Ye W J, et al. Changes in bacterial community structure during preceding and degraded period of cyanobacterial bloom in a bay of the Taihu Lake [J]. *Chinese Journal of Applied & Environmental Biology*, 2007, 13(1): 97-103 (in Chinese)
- [43] Kanaly R A, Harayama S. Biodegradation of high-molecular-weight polycyclic aromatic hydrocarbons by bacteria [J]. *Journal of Bacteriology*, 2000, 182(8): 2059-2067
- [44] 陈丽蓉. 北极深海沉积物中微生物的多样性研究[D]. 杭州: 浙江理工大学, 2012: 35
- Chen L R. The investigation on microbial diversity of arctic deep sea sediments [D]. Hangzhou: Zhejiang Sci-Tech University, 2012: 35 (in Chinese)
- [45] 李垒, 孟庆义, 叶飞, 等. 密云水库入库河流水体总细菌和反硝化菌群落组成与结构[J]. 水生生态学杂志, 2018, 39(6): 44-51
- Li L, Meng Q Y, Ye F, et al. Microbial community structures of total bacteria and denitrifying bacteria in the tributaries of Miyun Reservoir [J]. *Journal of Hydroecology*, 2018, 39(6): 44-51 (in Chinese)
- [46] 赵思颖, 倪才英, 符文昌, 等. 鄱阳湖流域底泥微生物对环境变量的响应[J]. 江西师范大学学报: 自然科学版, 2016, 40(2): 194-199
- Zhao S Y, Ni C Y, Fu W C, et al. The microbial response to environmental parameters of the sediment in Poyang Lake basin [J]. *Journal of Jiangxi Normal University: Natural Science Edition*, 2016, 40(2): 194-199 (in Chinese)
- [47] Shen C C, Xiong J B, Zhang H Y, et al. Soil pH drives the spatial distribution of bacterial communities along elevation on Changbai Mountain [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 57: 204-211