

DOI:10.3880/j.issn.1004-6933.2017.06.26

多种修复技术对城市内河水质及微生物群落的影响

沈 益, 胡 南

(南京工业大学生物与制药工程学院, 江苏 南京 211800)

摘要:采集城市内河水样,分别采用曝气增氧、碳源添加、生物投菌和综合修复等技术,在实验室进行水质修复模拟实验,并以水质参数、微生物多样性及丰度为鉴定指标,分析不同修复技术对城市河流水质的修复效果及其对河流微生物群落结构的影响。结果表明,曝气、生物投菌和综合修复技术可以提高河流微生物群落结构多样性,水体微生物群落以变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、放线菌门(*Actinobacteria*)和疣微菌门(*Verrucomicrobia*)为主;而使用碳源添加技术的水样,河流微生物的多样性下降明显,变形菌门(*Proteobacteria*)的相对丰度达到了93%;水质修复方面,曝气增氧技术和生物投菌技术都仅能降低水体COD质量浓度,无法降低水体TN及 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 质量浓度;碳源添加和综合修复技术,对水体TN和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的去除效果明显,但投加碳源的河流水体中的COD质量浓度显著上升;相关性分析结果表明,影响水体微生物群落结构的主要环境因子为COD和DO。

关键词:河流治理;微生物群落;高通量测序;水质修复;城市内河

中图分类号:X522

文献标志码:A

文章编号:1004-6933(2017)06-0167-08

Effects of various remediation technologies on water quality and microbial community in urban inland rivers

SHEN Yi, HU Nan

(School of Biological and Pharmaceutical Engineering, Nanjing TECH University, Nanjing 211800, China)

Abstract: Simulated water quality remediation experiments are conducted in the laboratory by collecting urban inland water samples, adopting such technologies as aeration, carbon source addition, biological inoculation and comprehensive repair respectively. Parameters of water quality, diversity and abundance of the microorganisms were regarded as appraisal indicators so as to analyze the remediation effects of different restoration technologies on urban river water quality and its influence on the microbial community structure of river. It was indicated that aeration, bacteria agent and comprehensive repair technologies could enhance the structural diversity of microbial community, with microbial community mainly taking the form of *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria*, *Verrucomicrobia*. In addition, the diversity of river microorganisms decreased obviously with the carbon source addition technology, and the relative abundance of *Proteobacteria* reached 93%. In the aspect of water quality remediation, aeration technology and biological inoculation technology could only reduce the mass concentration of COD in water, but could not reduce the mass concentration of TN and $\text{NH}_4^+\text{-N}$. Carbon source addition and integrated remediation technology had obvious effects on removal of TN and $\text{NH}_4^+\text{-N}$ in water, but the mass concentration of COD in river water with carbon source addition rose significantly. The results of correlation analysis showed that COD and DO were the main environmental factors affecting the structure of water microbial community.

Key words: river improvement; microbial community; high-throughput sequencing; water quality restoration

城市发展过程中,工业废水、生活污水、农业用水的直接排放,使得城市河流水体 N、P 等水质因子严重超标,水体富营养化严重。城市河流水体污染的加剧、生态环境的退化以及水体自净能力的减弱^[1],严重影响了城市河流的各项生态功能。

现阶段,应用于城市河流的修复技术主要有人工湿地、底泥疏浚、引水稀释、曝气增氧、生物投菌、碳源投加等^[2-3]。通过测定 COD、TN、NH₄⁺-N 等水质因子的去除率,可以评价这些技术对河流的修复效果。山西汾河的修复采用了人工湿地技术,NH₄⁺-N 的去除率达到 40%~50%,BOD₅ 的去除率达到 90% 以上^[4]。北京清河的修复采用了曝气技术,黑臭气味基本消除,COD 去除率达 79.9%~84.8%,NO₃⁻-N 去除率达 45%,DO 从 0 mg/L 上升至 5~7 mg/L^[5]。长春南湖在治理过程中应用了底泥疏浚技术,NH₄⁺-N、TP 质量浓度下降明显,水质得到明显改善^[6]。深圳甘坑河的修复采用了生物投菌技术,COD、NO₃⁻-N 和 TP 的去除率分别稳定在 40%、30% 和 40% 以上^[7]。苏州绥宁河的修复采用了曝气增氧、投加微生物菌剂和生物促生液以及种植水生植物等组合生物修复技术,河流黑臭基本消除,COD 下降 50% 以上,DO 增加了 2 mg/L 以上,但 N、P 的去除效果并不明显^[8]。

随着生物技术的发展,河流水体微生物群落结构的变化越来越受到关注^[9]。普遍认为,河流生态系统中,微生物的吸收、代谢对水体本身的自净和修复发挥着极其重要的作用。若河流本身的微生物群落结构遭到破坏,即使短时间治污成效明显,也极易再次污染,因此水体微生物群落结构的多样性与丰度逐渐被当作鉴定河流水质的一项重要指标^[10-11]。刘正辉^[12]通过高通量测序、荧光定量 PCR 等技术测定了东江水体的微生物群落结构,发现东江上下游的微生物群落主要为变形菌门(*Proteobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteria*)和拟杆菌门(*Bacteroidetes*),且受水体氮质量浓度的梯度变化影响,这些微生物群落具有显著的季节和空间变化特性。谭旭^[13]通过高通量测序技术分析了赤水河水体的微生物多样性,发现赤水河中优势菌群为变形菌门(*Proteobacteria*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)和放线菌门(*Actinobacteria*),且赤水河夏季的微生物丰度及多样性均高于冬季。

虽然关于水体修复的研究报道有很多,但多数集中于江河、湖泊的水体修复,而关于城市内流河的水体修复研究较少,缺少对比和优化,鉴定指标也以水质参数为主,需要丰富和完善。笔者采用不同的修复技术对同一河流水域的水样进行修复,以水质

参数、微生物多样性、菌群丰度为鉴定指标,全面分析不同的修复技术对城市河流的修复效果,旨在为城市河流的水体修复提供借鉴。

1 材料与方法

1.1 样品的采集与处理

底泥与水样均于 2015 年 9 月取自金川河鼓楼区段。分别用长柄漏勺和 25 L 的聚乙烯水桶,采集底泥样品和水样。运回实验室后,测得原始水样的水质参数为: $\rho(\text{TN}) = 3.40 \text{ mg/L}$ 、 $\rho(\text{NH}_4^+-\text{N}) = 1.85 \text{ mg/L}$ 、 $\rho(\text{NO}_3^--\text{N}) = 1.15 \text{ mg/L}$ 、 $\rho(\text{NO}_2^--\text{N}) = 0.06 \text{ mg/L}$ 、 $\rho(\text{COD}) = 34.74 \text{ mg/L}$ 、总菌数 $13\,066 \text{ cfu/mL}$ 。将底泥分别倒入 6 个高 140 cm,直径 30 cm 的有机玻璃储水器(图 1)中,每个储水器中的底泥高度均为 25 cm。然后将水样缓慢倒入储水器中,水面距储水器顶端约 10 cm。静置 1 d,使得泥水界面得以稳定。将电动搅拌机(JJ-1 实验室精密增力搅拌机)固定在储水器顶端,搅拌棒置于水面以下 15 cm 处,缓缓搅动,防止扰动底泥,以模拟河面水体的流动状态。

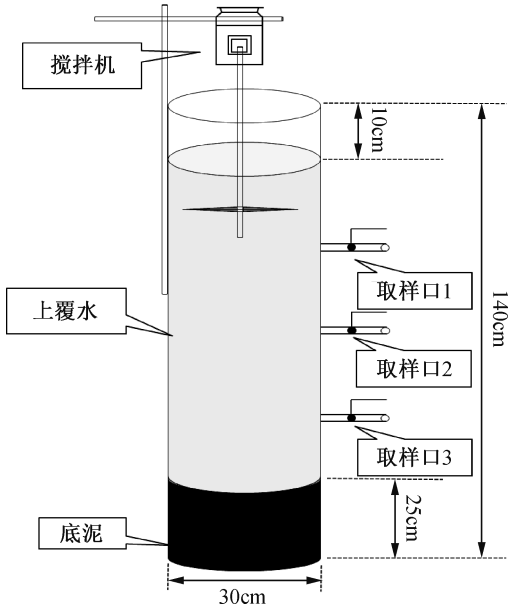


图 1 有机玻璃储水器示意图

1.2 实验设计与准备

实验所用的菌剂为光合细菌和反硝化芽孢杆菌。光合细菌在市场购得,反硝化芽孢杆菌为实验室从环境中筛选出的除氮、脱 COD 较强的两株芽孢杆菌 GY-45 和 GY-46。实验所用碳源为乙酸(分析纯 AR),每次的投加量为 3 g,COD 理论增加值为 12.12 mg/L。所用增氧设备为 ACO-001 电磁式空气泵(浙江森森实业有限公司),用玻璃转子流量计(LZB-3WB)控制增氧流量为 $0.63 \text{ dm}^3/\text{min}$ 。实验周期为 8 d,增氧方式采用连续增氧,至实验结束。菌剂和碳源的投加时间为实验前 4 d,每天上午 9

点。其中,光合菌剂(YSB)每天的投加量为5 mL,反硝化芽孢杆菌(GY-45,GY-46)每天的投加量为1.5 mg。实验中,菌剂、碳源以及投加量等,均为目前城市内河治理中常用的菌剂、碳源种类和剂量。

表1为不同储水器中的水样所应用的净水方案。实验开始后,每天上午8点,分别从取样口1和取样口3各取250 mL水样,混匀,立即检测COD、TN、NH₄⁺-N、NO₃⁻-N、NO₂⁻-N、DO等水质参数,用平板菌落计数法记录各储水器中浮游细菌的总数。实验结束后,提取各储水器中水样的总DNA,进行16S宏基因组测序,分析各水样的微生物群落结构及变化。

表1 不同储水器的处理方案

储水器 编号	乙酸 (3 g/d)	YSB (5 mL/d)	GY-45 (1.5 mL/d)	GY-46 (1.5 mL/d)	增氧 (0.63dm ³ /min)
1B	—	—	—	—	—
2C	4 d	—	—	—	—
3A	—	—	—	—	8 d
4M	—	4 d	4 d	4 d	—
5CA	4 d	—	—	—	8 d
6CAM	4 d	4 d	4 d	4 d	8 d

注:1~6表示储水器的编号;A、B、C、M分别表示增氧(aeration)、空白(blank)、碳源(carbon)、菌剂(microbe)。

1.3 水质分析方法

样品COD的测定采用快速消解分光光度法,消解反应在COD-571-1型消解装置(上海雷磁仪器厂)中进行;TN的测定采用碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法,消解反应在自动高压灭菌锅(厦门至微仪器有限公司)中进行;NH₄⁺-N的测定采用纳氏试剂分光光度法,用UV759紫外-可见分光光度计(上海精密科学仪器有限公司)测定样品吸光度;NO₃⁻-N的测定采用紫外分光光度法;NO₂⁻-N的测定采用用N-(1-萘基)-乙二胺光度法;样品的DO值用JPB-607A型便携式DO测定仪进行测定。

1.4 水样总DNA的提取

每个储水器取250 mL水样,用0.22 μm微孔滤膜过滤后,在超净工作台将滤膜剪碎,放入50 mL离心管中。用水样DNA提取试剂盒(OMEGA)提取样品总DNA。

1.5 16S rDNA片段的PCR扩增

PCR采用TransStartFastPfu DNA PolyMerase,

20 μL反应体系:4 μL 5 × FastPfu Buffer;2 μL 1.5 mM dNTPs;0.8 μL Forward Primer(5 μmol/L);0.8 μL Reverse Primer(5 μmol/L);0.4 μL FastPfu Polymerase;10 ng Template DNA;补ddH₂O至20 μL。反应条件为:95℃预变性5 min;95℃变性30 s;55℃退火30 s;72℃延伸45 s,共计27个循环。最后72℃退火5 min,10℃保存。2%琼脂糖凝胶电泳检测PCR产物。

1.6 数据处理

本文所用绘图软件为origin 8.0。采用CANNO软件进行PCA、RDA等相关性分析

2 结果分析

2.1 水质净化效果

表2是各储水器净化后的水质参数。从表2可以看出,与对照水样(1B)相比,2C水样的DO值明显降低,仅为0.1 mg/L;4M水样DO值也略微下降,为4.9 mg/L;其余各水样的DO值均显著上升,在7.2~8.6 mg/L之间,达到并超过国家Ⅱ类水质标准。这主要是由于在投加碳源之后,提高水体微生物反硝化能力的同时也为水体微生物的生长提供了更加有利的条件,但微生物的生长必然会消耗大量的DO^[14]。

在脱氮方面,与对照水样(1B)相比,2C、5CA和6CAM水样的TN均明显降低,脱氮率分别为57.94%、60.59%和59.71%,脱氮效果显著^[15]。而3A和4M水样的TN没有明显变化,说明单独添加菌剂或者增氧对水体脱氮均无明显作用。其中,菌剂的脱氮效果与实验室对菌株脱氮效率的测定结果存在较大差距,这可能是因为菌株脱氮效率的测定是在较高浓度的TN环境(35.14 mg/L)下进行的,而实验水样中的TN值(3.40 mg/L)远低于这个水平。

COD脱除方面,3A、4M的COD质量浓度分别为23.32 mg/L和12.93 mg/L,COD脱除率分别为32.87%和62.78%,而其他水样COD的质量浓度均有所增加,这可能是由于添加的碳源没有被及时利用所致。

表2 各储水器的水质参数

样品编号	ρ(DO)/ (mg·L ⁻¹)	ρ(TN)/ (mg·L ⁻¹)	ρ(NH ₄ ⁺ -N)/ (mg·L ⁻¹)	ρ(NO ₃ ⁻ -N)/ (mg·L ⁻¹)	ρ(NO ₂ ⁻ -N)/ (mg·L ⁻¹)	ρ(COD)/ (mg·L ⁻¹)	细菌总数/ (cfu·mL ⁻¹)
1B	5.4	3.61	1.64	1.65	0.45	34.97	13 510
2C	0.1	1.43	0.32	1.1	0.02	61.15	973 366
3A	7.2	3.14	2.05	1.01	0.59	23.31	21 000
4M	4.9	3.13	2.08	0.85	0.14	12.93	32 000
5CA	8.4	1.34	1.15	0.18	0.09	37.06	30 000
6CAM	8.6	1.37	0.99	0.18	0.11	39.14	34 500

与对照水样(1B)相比,其余水样的细菌总数(TB)均增加了2~72倍,2C水样增加尤为显著,这说明了实验所用的修复技术有利于水体微生物的生长。

2.2 菌落结构多样性分析

将扩增后的PCR产物进行高通量测序,得到的16s rRNA基因序列数目和OTUs总数见表3。通过Shannon指数和PD whole tree指数评估各水样微生物群落的多样性。从表3可以看出,各水样均有高于88%的OTUs被发现,测序结果可以真实地反映水样的微生物群落结构。2C水样的Shannon多样性指数和PD whole tree多样性指数均明显低于1B和其他水样,说明2C水样的微生物多样性在投加碳源之后明显降低,水体生态极其脆弱。3A和4M水样分别应用了曝气和生物投菌技术,其PD whole tree指数分别为61.25和61.09,与原样相比,水体的生物多样性均有所增加,但是低于5CA和6CAM水样,这两个水样综合运用了多种生物修复技术,PD whole tree多样性指数分别为65.44和68.61。

表3 不同方法处理后水体微生物 OTUs 多样性分析

储水器 编号	有效基因 序列数	OTUs	Shannon	PD whole tree
1 B	36 387	702	6.07	56.68
2 C	41 143	259	2.32	26.14
3 A	29 758	786	6.77	61.25
4 M	36 053	749	6.20	61.09
5 CA	33 791	832	6.58	65.44
6 CAM	39 304	841	6.21	68.61

高通量测序结果表明,1B、2C、3A、4M、5CA、6CAM中的微生物分别隶属于31、18、33、34、32、36个门,其水样的微生物群落门水平相对丰度见图2。从图2可知,2C水样中的微生物种群多样性明显低于其他水样,且以变形菌门(*Proteobacteria* 93%)为主,其次为拟杆菌门(*Bacteroidetes* 1%)和厚壁菌门(*Firmicutes* 4%),在其他细菌门中的分布均低于0.1%。其余各水样中的微生物主要以变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、放线菌门(*Actinobacteria*)和疣微菌门(*Verrucomicrobia*)为主,其次为厚壁菌门(*Firmicutes*)、浮霉菌门(*Planctomycetes*)、绿菌门(*Chlorobi*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*)、芽单胞菌门(*Gemmatimonadete*)等。在其余水样中,不同菌门的相对丰度也有差别。3A和4M水样中优势菌门的丰度比较相似,而在5CA水样中,变形菌门(*Proteobacteria* 63%)的相对丰度与原样相比提高了6%,放线菌门(*Actinobacteria* 9%)的相对丰度则降低了11%。6CAM在变形菌门(*Proteobacteria* 47%)

的相对丰度则低于1B,而其在拟杆菌门(*Bacteroidetes* 38%)的相对丰度则明显高于1B、2C、3A、4M(16%、7%、9%、15%)。

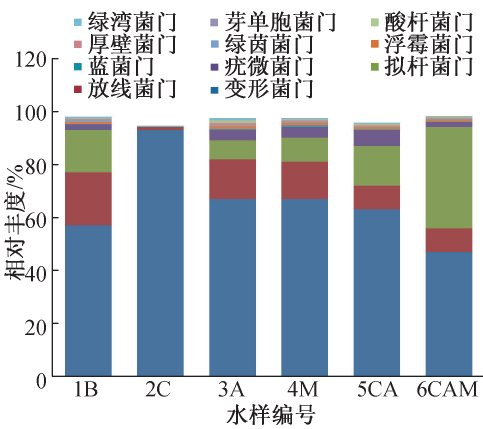


图2 不同水样微生物群落门水平下相对丰度比较

变形菌门虽然是各水样的主要优势菌群,但其在变形菌门内的群落分布也有差别(图3)。2C水淹的 β -变形菌纲(*Betaproteobacteria* 63%)和 γ -变形菌纲(*Gammaproteobacteria* 22%)在变形菌门中占据着极大的优势。3A和4M水样的 β -变形菌纲(*Betaproteobacteria* 38% 37%)、 γ -变形菌纲(*Gammaproteobacteria* 13% 18%)和 α -变形菌纲(*Alphaproteobacteria* 11% 20%)在其水样中的丰度则大致相同。5CAM水样中也是以 β -变形菌纲(*Betaproteobacteria* 32%)为主, α -变形菌纲(*Alphaproteobacteria* 16%)的丰度略高于 γ -变形菌纲(*Gammaproteobacteria* 11%)。6CAM水样 β -变形菌纲(*Betaproteobacteria* 32%)丰度与5CAM水样相同,而 α -变形菌纲(*Alphaproteobacteria* 15%)的丰度要明显高于 γ -变形菌纲(*Gammaproteobacteria* 5%)。由此可见,投加了碳源的水样(2C),水体微生物多样性急剧下降,优势菌群极少,水体生态很差。而经过曝气(3A)、生物投菌技术(4M)后的水样,种群丰度和多样性均比较相似,高于原样,水体生态得到修复。综合处理(5CA、6CAM)的水样,种群丰度和多样性有较大差别,高于原样,水体生态修复效果高于其余水样。

1B、2C、3A、4M、5CA、6CAM中的微生物分别隶属于96、51、109、94、102、106个属,丰度高于0.1%的优势菌属分别有14个、6个、18个、17个、13个和16个(表4)。其中,各水样中,芽孢杆菌属(*Bacillus*)和红细菌属(*Rhodobacter*)的相对丰度分别为0.007%、0.001%、0.040%、0.100%、0.009%、0.100%和0.100%、0.020%、0.200%、0.700%、0.300%、0.700%。这表明,实验所用的光合细菌和反硝化芽孢杆菌在投加后均得到了较好的生长。

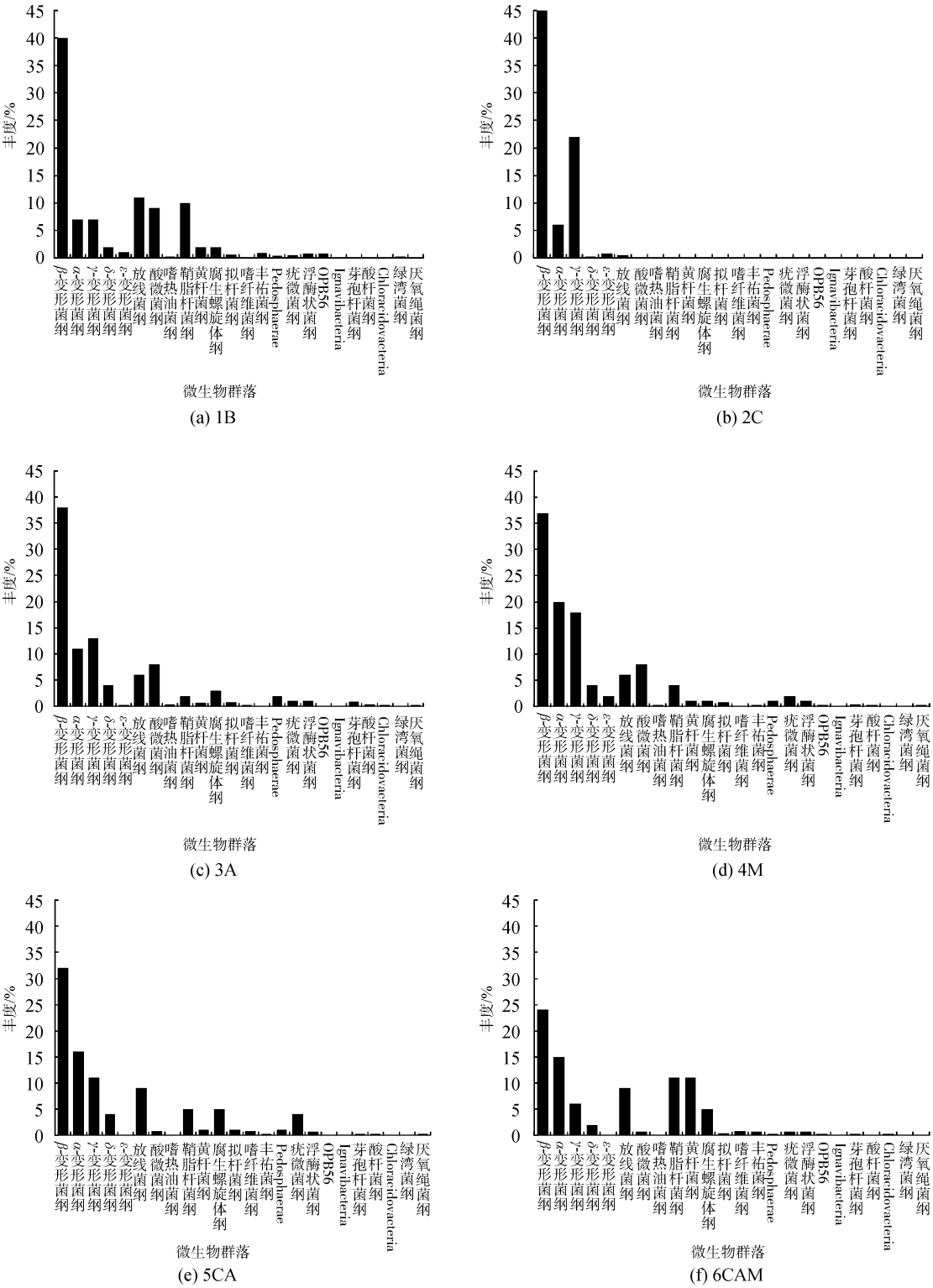


图 3 各水样中微生物群落的纲水平丰度

表 4 各水样中微生物群落的属水平丰度

门类	种属	1Blank	2C	3D	4B	5CD	6BCD
变形菌门	噬氢菌属	+		+	+		+
	红长命菌属	+		+	+		+
	水小杆菌属			+			+
	多核杆菌属	+	+	+	+		+
	脱氯菌属	+	+	+	+	+	+
	动胶菌属			+			+
	色素细菌		+	+	+	+	+

续表 4

门类	种属	1Blank	2C	3D	4B	5CD	6BCD
放线菌门	新鞘氨醇杆菌属	+	+	+	+	+	+
	甲基弯曲菌属	+					+
	红杆菌属	+		+	+	+	+
	<i>Elstera</i>	+					
	假单胞菌属		+		+	+	+
	不动细菌属		+	+			
	HTCC	+		+	+	+	+
	盐单胞菌属	+		+	+	+	+
	甲基暖菌属	+			+		+
	泉发菌属	+		+	+	+	+
	蛭弧菌属			+	+	+	
	土杆菌属			+	+	+	
	互营菌属	+		+	+	+	
	脱硫叶菌属	+		+	+	+	
	脱硫球菌属			+	+	+	
	沃林氏菌属	+	+	+	+		
	球形红杆菌属	+		+	+	+	
	棒形杆菌属	+				+	+
	分支杆菌属			+	+		+
拟杆菌门	<i>Fluviicola</i>	+			+	+	+
	黄杆菌属			+	+	+	+
	<i>Elizabethkingia</i>	+					
	沉积物杆菌属	+			+	+	+
	黄壤杆菌属	+					
疣微菌门	<i>Aquirestis</i>	+		+	+	+	
	<i>Runella</i>			+		+	+
	丰祐菌属					+	+
	突柄杆菌属	+		+		+	+
	疣微菌属	+					
蓝细菌门	<i>CandidatusXiphimato</i> <i>bacter</i>			+		+	
	聚球藻属		+	+			
	浮霉菌属			+		+	+
	乳球菌属			+	+	+	+
	芽孢杆菌属				+		+
梭杆菌门	u114	+		+	+	+	
广古菌门	甲烷鬃毛菌属			+	+	+	
	甲烷杆菌属			+	+	+	

注：“+”为相对丰度大于 0.1% 的属。

2.3 相关性分析

通过不同样本的主要微生物种属对各样本进行主成分分析(PCA),见图 4。PCA 的前两个变量共可解释 76.7% 的数据,其中第一轴可以解释 55.8% 的数据,第二轴可以解释 20.9% 的数据。从图 4 可以看出,1B、3A 和 4M 样品在 PCA 图上的距离接近,表明这 3 个样本的群落组成很相似,而 5CA 和 6CAM 的群落组成则较为相似。2C 距离其他样本较远,表明 2C 样本的群落组成与其他样本差异很大。这说明了在河流治理过程中,添加碳源容易改变水体本身的群落组成,少数菌群容易竞争形成优势菌群,并对微生物的生长产生抑制作用,而增氧和投菌技术在提高生物多样性的同时,不会对水体微生物群落结构产生较为明显的变化。

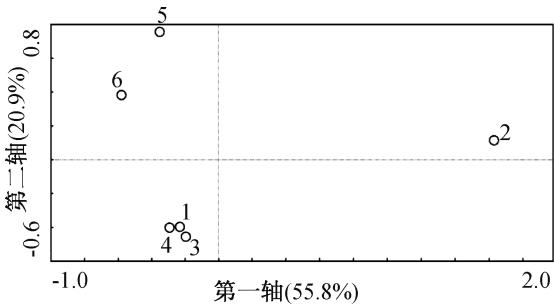


图 4 不同样本的主成分分析

对不同样本的微生物群落结构的降趋势对应分析(DCA),表明 DCA 前 4 个轴中最大值为 2.988,所以选择 CCA 分析。通过 CCA 对不同样本的水质数据(COD、DO、NH₄⁺-N、TN)和群落组成进行分析(图 5)。结果显示,第一轴(62.3%)和第二轴

(24.2%)共同解释了86.5%的群落变异。从箭头长度看,对样本群落结构影响最大的环境因子是DO,其次为TN和COD。从箭头方向看,1B、3A、4M与TN和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 呈正相关,5CA、6CAM与DO呈正相关,2C则与COD呈正相关。这说明COD是影响2C菌落结构的主要环境因素,而TN、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和DO则分别是影响1B、3A、4M和5CA、6CAM的主要环境因素。

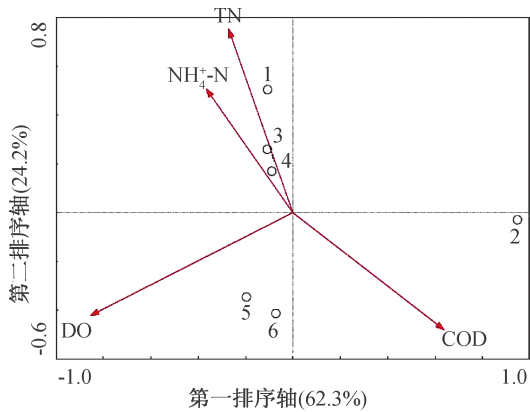


图5 不同样本的降趋势对应分析

3 讨论

试验表明,经过碳源添加技术修复的水样,其TN、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的质量浓度明显降低,去除率分别为57.94%和80.48%,但是COD的质量浓度却明显上升,为61.15 mg/L。此外,碳源添加后,水体微生物群落结构也发生了较大变化,细菌总数增加了72倍,Shannon多样性指数仅为2.32,优势菌群单一,变形菌门相对丰度占93%,表明河流生态环境较为脆弱。

经微生物投加技术和人工曝气技术修复的水样,其COD质量浓度明显降低,去除率分别为32.87%和62.78%。TN及 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的质量浓度却无明显变化。经微生物投加技术、人工曝气技术修复后的水样,其微生物多样性及群落结构发生了不同程度的改变,微生物种群丰度有所上升,Shannon多样性指数分别为6.77和6.19,优势菌群的种类没有明显的变化,主要为变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、放线菌门(*Actinobacteria*)和疣微菌门(*Verrucomicrobia*)。

经综合修复技术处理的水样,其TN、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的质量浓度明显降低,去除率分别为60.59%和59.71%,而COD质量浓度略有上升,为37.06 mg/L和39.14 mg/L。微生物种群丰度明显上升,Shannon多样性指数分别为65.44和68.61。

可见,增氧及投菌技术可以有效降低城市内河的COD,提升河流微生物群落结构的多样性,使得

河流生态更为稳定。碳源投加技术可以有效降低城市内河的TN及 $\text{NH}_4^+\text{-N}$,但也极易改变河流微生物的群落结构,使优势菌群发生较为明显的改变,生物多样性降低,这对城市内河的长期治理较为不利。多种修复技术同时使用的综合修复技术,可以有效降低城市内河的TN及 $\text{NH}_4^+\text{-N}$,COD质量浓度也无明显上升,在河流水质得到较好改善的同时,微生物多样性也得到了明显的提升。

4 结论

适用于城市内流河的修复技术有很多,但每一种修复技术均有其适用性和局限性。因此,需要根据不同河流的水流状况选择最合适的修复技术。笔者通过水质参数及微生物群落结构两个指标,研究不同的修复技术对河流水体环境的影响。发现增氧及投菌技术对河流COD及微生物群落结构均有改善;碳源投加技术有效降低了TN及 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 质量浓度,但微生物群落多样性明显降低;综合修复技术在降低TN及 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 质量浓度的同时,对微生物群落多样性也有明显改善。因此,参考水质参数及微生物群落结构两个指标,笔者建议,针对COD偏高的城市内流河,可以采用增氧和投菌技术;针对TN及 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 质量浓度偏高的河流,则应采用碳源投加和连续增氧结合的综合修复技术。

参考文献:

[1] 张兴波,于霞.城市河流污染现状及生态修复研究[J].绿色科技,2016(12):105-106. (ZHANG Xingbo, YU Xia. Research on the current pollution situation of city rivers and the restoration of biology[J]. Journal of Green Science and Technology, 2016(12):105-106. (in Chinese))

[2] 陈星,许钦,何新玥,等.城市浅水湖泊生态系统健康与保护研究[J].水资源保护,2016,32(2):77-81. (CHEN Xing, XU Qin, HE Xinyue, et al. Research on health evaluation and protection of urban shallow lake ecosystem[J]. Water Resources Protection, 2016, 32(2):77-81. (in Chinese))

[3] 黄显峰,郑延科,方国华,等.平原河网地区河流生态修复技术研究与实践[J].水资源保护,2017,33(5):170-176. (HUANG Xianfeng, ZHENG Yanke, FANG Guohua, et al. Research and practices of river ecological restoration technology applied in plain river network area[J]. Water Resources Protection, 2017, 33(5):170-176. (in Chinese))

[4] 李泽峰.人工湿地在汾河生态修复污水处理中的应用[J].山西水利,2012(1):28-32. (LI Zefeng. Application

- of constructed wetland in Fenhe River ecological rehabilitation and sewage treatment[J]. Shanxi Water Resources,2012(1):28-32. (in Chinese))
- [5] 孙从军,张明旭. 河道曝气技术在河流污染治理中的应用[J]. 环境保护,2001(4):12-14,20. (SUN Congjun, ZHANG Mingxu. Application of aeration technique in river pollution control[J]. Environmental Protection,2001(4):12-14,20. (in Chinese))
- [6] 高慧琴,刘凌,闫峰,等. 底泥疏浚对湖泊内源磷释放的短期效应研究[J]. 水资源保护,2011,27(3):33-37. (GAO Huiqin, LIU Lin, YAN Feng, et al. Short-term effect of sediment dredging on endogenous phosphorus release [J]. Water Resources Protection,2011,27(3):33-37. (in Chinese))
- [7] 吴霞,谢悦波. 直接投菌法在城市重污染河流治理中的应用研究[J]. 环境工程学报,2014(8):3331-3336. (WU Xia, XIE Yuebo. Application of directly adding microbial agent to improve water quality of heavily polluted urban river[J]. Chinese Journal of Environmental Engineering,2014(8):3331-3336. (in Chinese))
- [8] 黄民生,徐亚同,戚仁海. 苏州河污染支流:绥宁河生物修复试验研究[J]. 上海环境科学,2003(6):384-388. (HUANG Minsheng, XU Yatong, QI Renhai. Insitu bioremediation of seriously polluted Sui-ning Creek[J]. Shanghai Environmental Sciences,2003(6):384-388. (in Chinese))
- [9] 魏源送,郑嘉熹,王光宇,等. 地表水微生物溯源技术的开发和应用进展[J]. 水资源保护,2016,32(1):1-11. (WEI Yuansong, ZHENG Jiayi, WANG Guangyu, et al. Development and application progress of microbial source tracking in surface water[J]. Water Resources Protection, 2016,32(1):1-11. (in Chinese))
- [10] 杨柳燕,王楚楚,孙旭,等. 淡水湖泊微生物硝化反硝化过程与影响因素研究[J]. 水资源保护,2016,32(1):12-22. (YANG Liuyan, WANG Chuchu, SUN Xu, et al. Study on microbial nitrification and denitrification processes and influence factors in freshwater lakes[J]. Water Resources Protection, 2016, 32(1):12-22. (in Chinese))
- [11] 燕文明,刘凌,赵倩维,等. 小型浅水湖泊表层沉积物氨氧化古菌群落结构特征[J]. 河海大学学报(自然科学版),2016,44(5):449-453. (YAN Wenming, LIU Ling, ZHAO Qianwei, et al. Characteristics of community structure of AOA in surface sediments of small shallow lakes [J]. Journal of Hohai University (Natural Sciences),2016,44(5):449-453. (in Chinese))
- [12] 刘正辉. 东江氨氮污染河段的微生物群落特征[D]. 广州:华南理工大学,2011.
- [13] 谭旭. 茅台地区赤水河水体微生物多样性分析[D]. 北京:北京化工大学,2014.
- [14] 丁怡,王玮,王宇晖,等. DO 和碳源在人工湿地脱氮中的耦合关系分析[J]. 工业水处理,2015(1):5-8. (DING Yi, WANG Wei, WANG Yuhui, et al. Analysis on the coupling relationship between dissolved oxygen and carbon source in the nitrogen removal of constructed wetlands[J]. Industrial Water Treatment,2015(1):5-8. (in Chinese))
- [15] 吴文卫,杨逢乐,李转寿. 利用微生物菌剂净化城市河道水质试验研究[J]. 环境科学导刊,2013(2):63-65. (WU Wenwei, YANG Fengle, LI Zhuanshou. A research on purifying urban river water by microbial agents [J]. Environmental Science Survey, 2013(2):63-65. (in Chinese))

(收稿日期:2016-11-28 编辑:彭桃英)

(上接第 160 页)

- [9] 李宗礼,李原园,王中根,等. 河湖水系连通研究:概念框架[J]. 自然资源学报,2011,26(3):513-522. (LI Zongli, LI Yuanyuan, WANG Zhonggen, et al. Research on interconnected river system network: conceptual framework[J]. Journal of Natural Resources,2011,26(3):513-522. (in Chinese))
- [10] 李宗礼,郝秀平,王中根,等. 河湖水系连通分类体系探讨[J]. 自然资源学报,2011,26(11):1975-1982. (LI Zongli, HAO Xiuping, WANG Zhonggen, et al. Exploration on classification of interconnected river system network [J]. Journal of Natural Resources,2011,26(11):1975-1982. (in Chinese))
- [11] 窦明,崔国韬,左其亭,等. 河湖水系连通的特征分析[J]. 中国水利,2011(16):17-19. (DOU Ming, CUI Guotao, ZUO Qiting, et al. Character analysis of river and lake system interconnection[J]. China Water Resources, 2011(16):17-19. (in Chinese))
- [12] 夏军,高扬,左其亭,等. 河湖水系连通特征及其利弊[J]. 地理科学进展,2012,31(1):16-31. (XIA Jun, GAO Yang, ZUO Qiting, et al. Characteristics of interconnected rivers system and its ecological effects on water environment [J]. Progress in Geography,2012,31(1):16-31. (in Chinese))
- [13] 董崇智,姜作发. 黑龙江、绥芬河、兴凯湖渔业资源[M]. 哈尔滨:黑龙江科学技术出版社,2004.
- [14] 崔亚锋,陈菁,代小平. 基于灰色关联模型的松花江流域大型灌区现状评价[J]. 水利经济,2013,31(4):54-58. (CUI Yafeng, CHEN Jin, DAI Xiaoping. Evaluation of current situation of large-scale irrigation districts in Songhua River Basin based on grey correlation model [J]. Journal of Economic of Water Resource,2013,31(4):54-58. (in Chinese))

(收稿日期:2017-04-21 编辑:徐娟)