

基于低水位运行的城市河流污染底泥中微生物群落特征及影响因素

吴琼^{1,2,3}, 陈文龙^{1,2,3}, 陈军^{1,2,3}

(1. 珠江水利委员会珠江水利科学研究院, 广东 广州 510611; 2. 水利部珠江河口治理与保护重点实验室, 广东 广州 510611; 3. 广东省河湖生命健康工程技术研究中心, 广东 广州 510611)

摘要:针对低水位运行修复城市河流污染底泥微生物机制不清的问题,基于高、低水位下不同城市河流的底泥理化性质检测分析、宏基因组高通量测序及生物信息学分析等手段,开展了低水位运行的城市河流污染底泥中微生物群落特征及影响因素研究。结果表明:变形菌门、放线菌门、厚壁菌门和广古菌门分别是不同水位运行条件下相对丰度最高的细菌门类和古菌门类;高水位运行条件下底泥中细菌的香农指数显著高于低水位运行条件下的指数值($p < 0.001$),古菌则相反,说明古菌群落可能主导了低水位运行过程中底泥污染物降解过程;低水位运行时变形菌门可能是参与底泥中含氮污染物降解以及氮循环过程的主要微生物门类, α -变形菌纲则可能对底泥中氨氮的去除发挥了重要作用;TOC, TN 和 $\text{NH}_3\text{-N}$ 是影响城市河流底泥中微生物群落变化的主要环境驱动因子;低水位运行不仅能够有效降低底泥中常规污染指标的污染程度,解决底泥内源污染问题,还能显著降低底泥中致病菌的潜在危害,构建更为安全的亲水城市河流生态系统。

关键词:城市河流;污染底泥;低水位运行;微生物;修复机制

中图分类号:X522

文献标志码:A

文章编号:1004-6933(2024)02-0126-08

Characteristics and influencing factors of microbial communities in polluted sediment of urban rivers under low water level operation//WU Qiong^{1,2,3}, CHEN Wenlong^{1,2,3}, CHEN Jun^{1,2,3} (1. Pearl River Water Resources Research Institute, Pearl River Water Resources Commission, Guangzhou 510611, China; 2. Key Laboratory of the Pearl River Estuary Regulation and Protection of the Ministry of Water Resources, Guangzhou 510611, China; 3. Guangdong Provincial Engineering Technology Research Center for Life and Health of River & Lake, Guangzhou 510611, China)

Abstract: In view of the unclear microbial mechanism of polluted sediment remediation in urban rivers under low water level operation, a study on the characteristics and influencing factors of microbial communities in the polluted sediment of urban rivers under low water level operation was conducted based on the physical and chemical property analysis, metagenomic high-throughput sequencing, and bioinformatics analysis of sediment in different urban rivers at high and low water levels. It is found that Proteobacteria, Actinobacteria, Firmicutes, and Euryarchaeota are the bacteria and archaea with the highest relative abundance under different water level operating conditions, respectively. The Shannon index of bacteria in the sediment under high water level operation is significantly higher than that under low water level operation ($p < 0.001$), while archaea is the opposite, indicating that the archaeal community may dominate the degradation process of sediment pollutants under low water level operation. Proteobacteria may be the main microbial community involved in the degradation of nitrogen-containing pollutants and nitrogen cycle in the sediment under low water level operation, while Alphaproteobacteria may play an important role in removal of ammonia nitrogen in the sediment. Through mantel analysis of microbial community and environmental factors, it is found that TOC, TN, and $\text{NH}_3\text{-N}$ are the main environmental driving factors of microbial community change in the sediment of urban rivers. Low water level operation can not only effectively reduce the pollution degree of conventional pollution indicators in the sediment, and solve the problem of internal pollution in the sediment, but also significantly reduce the potential harm of pathogenic bacteria in the sediment, and build safer hydrophilic urban river ecosystems.

Key words: urban rivers; polluted sediment; low water level operation; microorganism; remediation mechanism

基金项目:水利部重大科技项目(SKS-2022064)

作者简介:吴琼(1982—),女,正高级工程师,博士,主要从事水环境治理与水生态修复研究。E-mail:371368244@qq.com

通信作者:陈文龙(1977—),男,正高级工程师,硕士,主要从事河口治理、水环境治理与水生态修复研究。E-mail:48708209@qq.com

随着工业化和城市化进程的加快,生活污水和工业废水排放量急剧增加,加之我国城市基础设施相对滞后,导致城市河流受到严重污染,大量污染物沉积到底泥中^[1]。在“生态优先、绿色发展”理念引领下,城市河流的外源截污工程已取得较大成效,然而底泥内源污染问题依然严峻,已成为引起城市水环境恶化的重要原因之一^[2-3]。当水体环境变化时,累积于底泥中的各种有机和无机污染物、重金属重新释放进入水体,形成二次污染;同时,底泥污染物质会对水生动植物产生致毒致害作用,并通过生物富集、食物链放大等过程,进一步影响陆地生物和人类健康^[4-5]。以广州市为例,市内 200 多条城市河流(段)底泥淤积厚度普遍在 0.5 m 以上,最大超过 2.0 m^[6]。我国城市河流的污染底泥治理已成困局。传统观念普遍认为,抬高河道水位,既能维持良好的城市水景观,又能提升水体环境容量。但为了维持景观高水位,城市河流普遍开展大规模引水调水或采用闸控等工程手段,需花费大量的建设和运营成本;高水位运行下河道水动力条件弱,流速缓慢,河道复氧能力低,不利于污染物的输移、扩散和降解^[7],泥-水界面处于长期厌氧状态,底泥持续黑臭,需要借助清淤、人工曝气增氧、外源微生物投加等手段修复污染底泥。在外源污染逐步得到有效控制后,河流污染底泥治理已成为城市水环境治理和水生态修复的“牛鼻子”^[8]。当前污染底泥治理技术可分为异位处理处置技术(如清淤)和原位治理技术(如人工曝气增氧、外源微生物投加等),但清淤工程投资高、占地面积大、二次污染重,还会破坏河道底质生境,不利于生态修复;人工曝气增氧技术在经济性、操作性和水体景观性方面的优势显著,但维护费用高、曝气设备易破损老化、曝气效果局限于局部区域且依赖性强,曝气一旦停止,在深层底泥中厌氧微生物的作用下,表层底泥很快恢复到厌氧条件,从而导致水体返黑返臭;外源微生物投加具有去除效果好、治理成本低、节能环保等优点,但同样存在依赖性强的问题,也存在一定的生态风险^[9]。因此,亟须研发和推广适用于城市河流污染底泥治理的新技术。

基于此,李明等^[10]创新性地提出了城市河流低水位运行生态修复理念,其具体内涵包括:在完成控源截污后,将河道水位降低,使其维持自然低水位运行,一般使河流上游保持自然水位,同时确保河道最高水位不高于雨水口或者各类拍门(闸门);不采用大规模引水调水,而是利用污水处理厂布局优势,将污水处理厂尾水再生利用补给河道,促进水体流动,同时让大自然充分做功,实现底泥的自然净化和修

复,逐步构建完善的水生态系统。低水位运行技术在广州市 100 多条河涌成功实践,如猎德涌、车陂涌等利用低水位自然修复技术进行治理后,底泥开始减量、泥质逐渐沙化、水生生物的物种多样性逐渐增加,从曾经的黑河、臭河、垃圾河重获新生,生态系统日趋健康。低水位自然修复技术的效果与水动力条件、水体扰动强度、光照和溶解氧条件、底泥自身性质等均具有相关性,但其微生物机制目前仍有待认识和研究^[10]。为进一步提升低水位自然修复技术的普适性和高效性,实现该技术的大范围推广运行,亟待揭示低水位运行中的城市河流污染底泥微生物修复机制。

底泥中的微生物被认为是控制河流生态系统物质迁移和转化的关键,对河流生态系统有着极其重要的影响^[11-12]。研究表明,城市河流底泥中的微生物多样性明显高于水体,其与河流生态系统中生源要素循环、污染物降解等有着密切的联系,并且底泥中微生物群落结构的变化对污染负荷具有显著的响应关系^[13]。因此,底泥中微生物的群落结构被认为是衡量河涌生态系统稳定性的重要指标之一^[14]。对于城市河流,其底泥致黑臭的化学原因是过量的有机物质、重金属及营养元素等^[15-16],不难推断出,生物原因则是环境胁迫下微生物群落结构和多样性的改变。环境条件的改变会引起微生物群落结构和多样性的变化^[17-18],不同运行水位条件下底泥中微生物亦可能存在差异。基于此,从底泥中微生物群落结构和多样性角度出发,揭示低水位自然修复技术的修复机制,对于提升该技术的普适性和实现其高效性具有重要意义。

本文通过对不同水位运行条件下河涌底泥中微生物群落结构的研究比较,分析底泥中微生物群落分布特征,识别低水位运行条件下潜在的优势功能微生物,阐明微生物群落与其生境的关系,从微生物角度初步揭示基于低水位运行的污染底泥自然修复技术的运行机制,并对比不同运行水位对底泥中致病性微生物的处理效果差异,以期为针对性地开展城市黑臭河涌的低水位自然修复技术推广提供数据基础和科学支撑。

1 材料与方法

1.1 采样点选取

选取粤港澳大湾区典型低水位运行和高水位运行的城市河流作为研究对象。低水位运行河涌包括车陂涌、沙河涌和大陵河;高水位运行河涌包括二沙涌、黄埔涌、石井河、潘村涌、田心涌和沙岗涌(图 1)。2022 年 9 月 21—27 日,分别在每条河涌选

取3个样品点,采集沉积物柱不同深度(0~2、4~6、8~10、15~20、25~30 cm)底泥样品。每个样品点采集3根沉积物柱子,并将同一深度底泥样品混合为一个样品。共采集底泥样品135份,每份样品分装为两份,一份用于底泥物理化学性质分析,另一份用于宏基因组高通量测序。采样过程中用干冰和保温箱保存样品,并快速运回实验室置于-40℃冰箱保存。

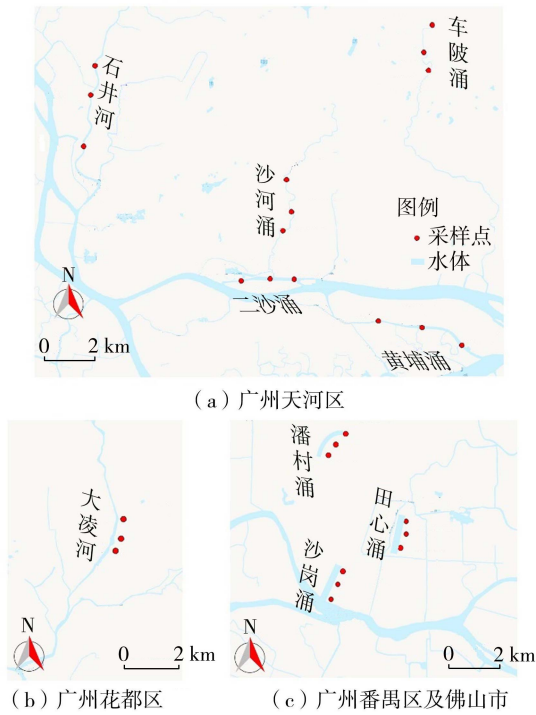


图1 采样点位置
Fig.1 Location of sampling points

1.2 底泥的理化指标分析方法

底泥中的理化指标包括 pH、总氮(TN)、氨氮(NH₃-N)、硝态氮(NO₃⁻)、硫化物、酸可挥发性硫化物(AVS)、有机碳(TOC)和总磷(TP),其检测方法均采用最新发布的国标或行标。pH 的测定根据 NY/T1121.2—2006《土壤检测 第2部分:土壤 pH 的测定》,TN 的测定根据 HJ 717—2014《土壤质量 全氮的测定 凯氏法》,NH₃-N 的测定根据 HJ 634—2012《土壤 氨氮、亚硝酸盐氮、硝酸盐氮的测定 氯化钾溶液提取-分光光度法》,NO₃⁻的测定根据 GB/T 32737—2016《土壤硝态氮的测定 紫外分光光度法》,硫化物的测定根据 HJ833—2017《土壤和沉积物 硫化物的测定亚 甲基蓝分光光度法》,TOC 的测定根据 HJ 695—2014《土壤有机碳的测定燃烧氧化-非分散红外法》,TP 的测定根据 HJ 632—2011《土壤 总磷的测定 碱熔-钼锑抗分光光度法》,AVS 的测定参考刘景春等^[19]的方法。

1.3 底泥中细菌总 DNA 提取

称取 0.10 g 底泥样品,按照强力土壤 DNA 提取

试剂盒(PowerSoil® DNA Isolation Kit)的实验操作步骤,提取和纯化总基因组 DNA。主要步骤包括匀浆、萃取、沉淀和纯化等,每个样品提取3份 DNA 样品。将 DNA 样品保存于-80℃,待使用。

1.4 宏基因组高通量测序及生物信息学分析

将 DNA 样品用干冰保存送至北京诺禾致源科技有限公司,利用微量分光光度计(Nanodrop2000)和 Qubit 荧光计测定其纯度和浓度,质检合格后构建 DNA 文库,在 Illumina Novaseq 高通量测序平台对 DNA 样品进行 PE150 双端测序,测序深度为 10 GB。下机数据经 fastqc (version 0.11.9) 和 KneadData (Version 0.6.1) 软件数据质控、过滤、校正、去接头操作后,共得到 3.5 TB 的清洁数据。基于 MetaPhlAn3 软件对样品清洁数据中微生物物种分类和相对丰度进行统计^[20]。MetaPhlAn3 软件通过分析 17 000 个参考基因组(包括 13 500 个细菌和古菌、3 500 个病毒和 110 种真核生物),从中挑选 100 万个物种特异性的标记基因;MetaPhlAn3 软件可以精确得到样品中微生物组成,准确估算物种的相对丰度。

1.5 数据统计与分析

采用 Excel 2019 计算均值和标准差等分析常用指标,用于统计沉积物理化指标和细菌物种等数据。采用 R 语言 vegan、ggplot2、pheatmap、reshape2 等软件包绘制主坐标分析(principal co-ordinates analysis, PCoA)图、热图和堆积柱状图,利用 R 语言 circlize 包绘制 circos 图。利用 LefSe (linear discriminant analysis effect size) 分析获得不同水位运行条件下底泥中富集的标志性微生物物种,利用 R 语言 ggpubr 包检验不同水位运行条件下底泥中微生物群落的差异。LEfSe 分析是一种用于发现和解释高维度数据生物标识(基因、通路和分类单元等)的分析工具,它强调统计意义和生物相关性,可以分析组间菌群差异,找出各组间特异的主要菌群,能够在组与组之间寻找具有统计学差异的生物标识。利用 Mantel 分析探讨微生物群落结构与环境因子间的关系,Mantel 分析可以在排除环境因子间自相关干扰的前提下检验微生物群落和环境因子间的相关性(或解释度)。

2 结果与分析

2.1 底泥污染现状

如图 2 所示,低水位运行和高水位运行条件下的目标河涌底泥中 pH 值分别保持在 6.59~7.24 和 6.59~7.21 之间,说明水位不同但运行稳定的河涌底泥的 pH 值波动较小,且不存在显著性差异。

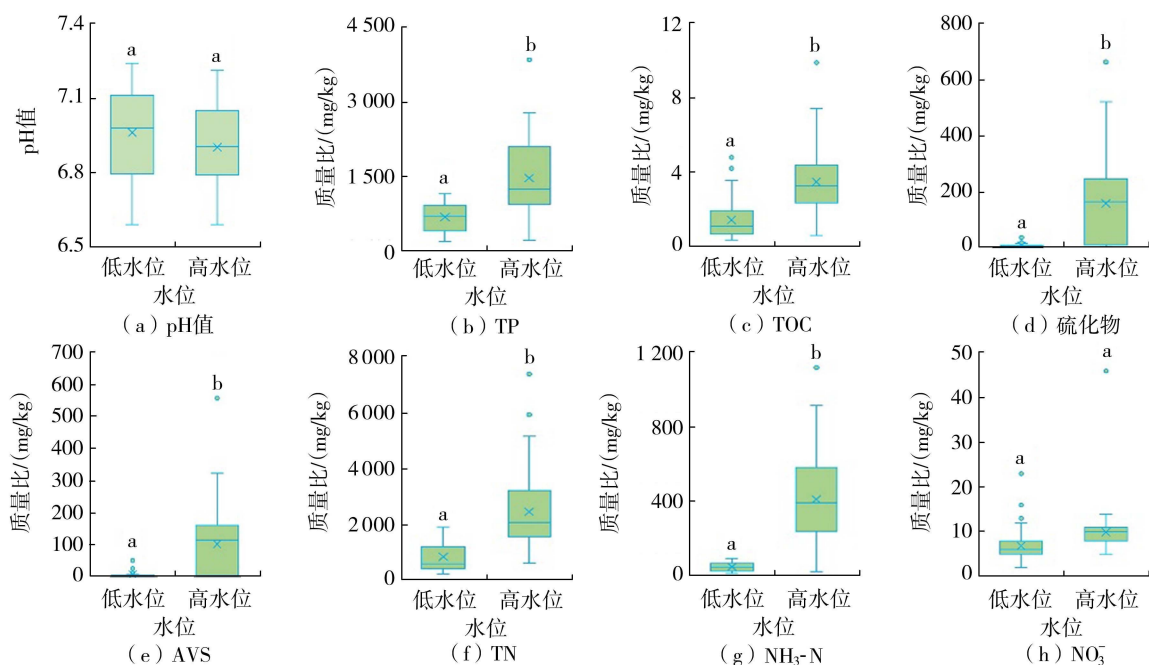


图 2 不同水位下底泥中常规理化指标差异

Fig. 2 Difference of conventional physical and chemical parameters in sediment under different water levels

但不同水位运行条件下,底泥中 TP、TOC、TN、 $\text{NH}_3\text{-N}$ 、AVS、硫化物等污染物指标在低水位运行条件下的质量比分别为 186 ~ 1 146、0.38 ~ 4.82、226 ~ 1 903、15.0 ~ 96.0、0.14 ~ 61.20、2.04 ~ 50.60 mg/kg,显著低于高水位运行条件下底泥中相应污染物的质量比($p < 0.01$),高水位运行条件下底泥中相应污染物的质量比分别为 216 ~ 3 849、0.62 ~ 9.90、626 ~ 7 372、25.0 ~ 1 117.0、0.84 ~ 557.00、3.68 ~ 663.00 mg/kg(图 2)。相关结果表明,相比于高水位运行,低水位运行可以有效降低底泥中常规污染指标的污染程度,解决底泥内源污染问题,这与低水位运行条件下泥-水界面理化因子的直接改变有关。在低水位运行下,可以让大自然充分发挥作用,通过显著提升光照强度、增加河流垂向紊动强度、提高溶解氧含量、提升温度等过程,实现底泥的自然净化和修复^[10]。

2.2 底泥中微生物多样性差异分析

对细菌和古菌进行注释分类发现,在门水平上总计注释出 37 类细菌和 8 类古菌。如图 3 所示,高水位运行条件下底泥中细菌的香农指数显著高于低水位运行条件下的数值($p < 0.001$),但古菌则相反。不同水位下底泥中细菌和古菌香农指数差异反映出高水位运行条件下底泥中微生物的香农指数显著高于低水位运行条件下的数值($p < 0.001$)。低水位运行条件下,注释分类古菌的绝对丰度为 139 ~ 1 1046,中位数为 504,也显著高于高水位运行条件下注释分类古菌的绝对丰度(范围 153 ~ 1 416,中位

数为 306, $p < 0.001$)。结合低水位运行条件对污染物的去除效率更高,说明高丰度的古菌群落可能是低水位运行过程中底泥污染物降解的一个重要因素。有研究指出,氨氧化古菌具有更高的种群多样性和代谢多样性,比氨氧化细菌对环境具有更强的适应能力^[19,21];氨氧化古菌被认为是农田土壤氨氧化反应的主要驱动者^[22]。可以推测,随着城市河流水位的改变,包括氨氧化古菌在内的古菌群落适应环境改变后多样性显著提升,有效促进了包括氨氮在内的多种污染物转化,提升了底泥中污染物的处理效率。

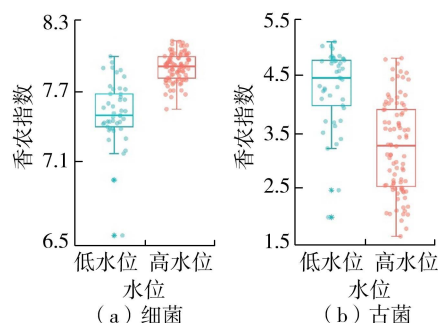


图 3 不同水位下底泥中细菌和古菌的多样性差异

Fig. 3 Diversity difference of bacteria and archaea in sediment under different water levels

基于门水平上相对丰度分析结果显示,变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和广古菌门(Euryarchaeota)分别是不同水位运行条件下相对丰度最高的细菌门类和古菌门类,在低水位时相对丰度占比分别为

65.11%、23.77%、2.14%、1.44%，在高水位时分别为 49.85%、27.73%、5.66%、5.73%。但经过 PCoA 发现,低水位运行和高水位运行条件下底泥样品中微生物群落组成形成了明显的分类簇,前两个排序轴 (PCoA1 和 PCoA2) 共解释细菌群落差异的 73.4%,其中 PCoA1 解释了 62.2%,PCoA2 解释了 11.2%,说明低水位运行和高水位运行的河涌底泥样品的群落组成存在明显差异 (图 4),且基于非参数检验相似性分析 (analysis of similarities, Anosim) 结果确定了差异的显著性 ($R_{Anosim} = 0.5864, p = 0.001$)。

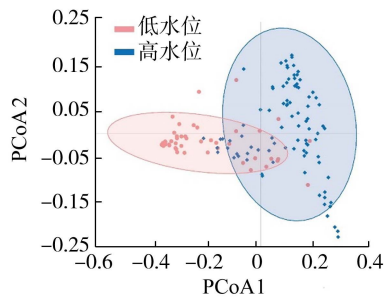


图 4 不同水位下底泥中的微生物群落 PCoA 分析结果
Fig. 4 Results of PCoA analysis of microbial community in sediment under different water levels

LEfSe 分析结果显示底泥样品中共有 15 种标识性物种(线性判别分析阈值大于 4),其中 8 种为高水位运行条件下丰度显著富集的物种类别,分别是厚壁菌门、放线菌门、广古菌门、甲烷微菌纲 (Methanomicrobia)、放线菌纲 (Actinomycetia)、甲烷八叠球菌目 (Methanosarcinales)、甲烷毛菌科 (Methanotrichaceae) 和甲烷丝状菌属 (Methanotrix);另外 7 种为低水位运行条件下丰度显著富集的物种类别,分别是变形菌门、β-变形菌纲 (Betaproteobacteria)、α-变形菌纲 (Alphaproteobacteria)、生丝微菌目 (Hyphomicrobiales)、伯克氏菌目 (Burkholderiales)、丛毛单胞菌科 (Comamonadaceae) 和一个未知的菌科。基于段昌海等^[23]对产甲烷古菌的综述结果,在目水平上的匹配分析结果显示,高水位条件下底泥中甲烷微菌目 (Methanomicrobiales)、甲烷八叠球菌目、甲烷杆菌目 (Methanobacteriales)、甲烷胞菌目 (Methanocellales)、马赛球菌目 (Methanomassiliicoccales)、甲烷球菌目 (Methanococcales)、甲烷火菌目 (Methanopyrales) 等产甲烷古菌的绝对丰度均显著高于低水位运行条件下底泥中相应产甲烷古菌的绝对丰度 ($p < 0.001$)。高水位条件下,污染底泥中含有丰富的碳、氮、磷等营养物质,且长期的厌氧条件为产甲烷菌等厌氧微生物的生长提供了有利条件。相比于低水位运行,高水位运行条件下底泥中的产甲烷菌(如甲烷微菌

纲、甲烷八叠球菌目、甲烷毛菌科和甲烷丝状菌属等)产甲烷过程中利用了大量溶解性 COD,进一步增加了污染底泥中生物脱氮的难度,这也可能是导致高水位条件下底泥中含氮污染物显著高于低水位运行时的重要因素^[24]。此外,有研究表明,不管是自然水体还是人工湿地环境中,变形菌门相对丰度均较高,其在污水处理以及氮磷形态转换方面都起到了十分重要的作用,且 α-变形菌纲是湿地常见的细菌菌群,对湿地中氨氮的去除有着非常重要的作用^[24-26]。可以推断出,作为低水位运行条件下底泥的标志性微生物种群,变形菌门可能是参与底泥中含氮污染物降解以及氮循环过程的主要微生物门类,α-变形菌纲则可能对底泥中氨氮的去除发挥了一定的作用。

2.3 微生物群落结构与环境因子间的关系

底泥中微生物群落结构受底泥环境因子的调控。为了探讨底泥微生物群落的环境驱动因素,进行了微生物群落和环境因子间的相关性分析及 Mantel 分析。如图 5 所示,细菌群落的香农指数与 TOC、TN 和 $\text{NH}_3\text{-N}$ 质量比的相关性系数 r 为 0.39 ~ 0.41,呈显著正相关关系 ($p < 0.001$);古菌群落的香农指数与 TOC、TN 和 $\text{NH}_3\text{-N}$ 质量比的相关性系数 r 为 -0.58 ~ -0.49,呈显著负相关关系 ($p < 0.001$),说明 TOC、TN 和 $\text{NH}_3\text{-N}$ 是影响城市河流底泥中微生物群落的主要环境驱动因子。

刘晔等^[27-28]研究证明,土壤中有有机碳含量在微生物群落组成方面具有重要的驱动作用,结合本文 Mantel 分析结果可知,这样的结论也适用于城市河流底泥,即底泥中的有机碳含量能够显著影响微生物群落的扩散能力。除了有机碳含量外,土壤中的氮含量也被认为是对生态系统中微生物群落的丰度和多样性具有显著影响的因素,氮元素是微生物合成蛋白质、核酸的关键元素^[29],氮含量对初级生产力、微生物群落组成、微生物酶活性等具有决定性作用^[30]。有研究也证明土壤中碳、氮元素存在线性相关关系,某一元素的含量变化会伴随另一元素的含量变化,影响微生物生命活动的两个重要元素的含量改变,最终会导致微生物群落结构发生变化^[31]。综上可以推断出,城市河流在低水位运行条件下,水温、光照、流速和溶解氧等理化因子的改变增强了底泥中微生物活性,从而使底泥中有机碳含量和氮含量 (TN 和 $\text{NH}_3\text{-N}$ 等) 发生显著变化 (图 2),进一步影响了底泥中微生物群落结构。相比于高水位运行,低水位运行时底泥中污染物浓度显著降低,底泥中微生物的群落结构向更健康的群落结构发展,有效改善了底泥中的有机碳含量和氮含量,并形成

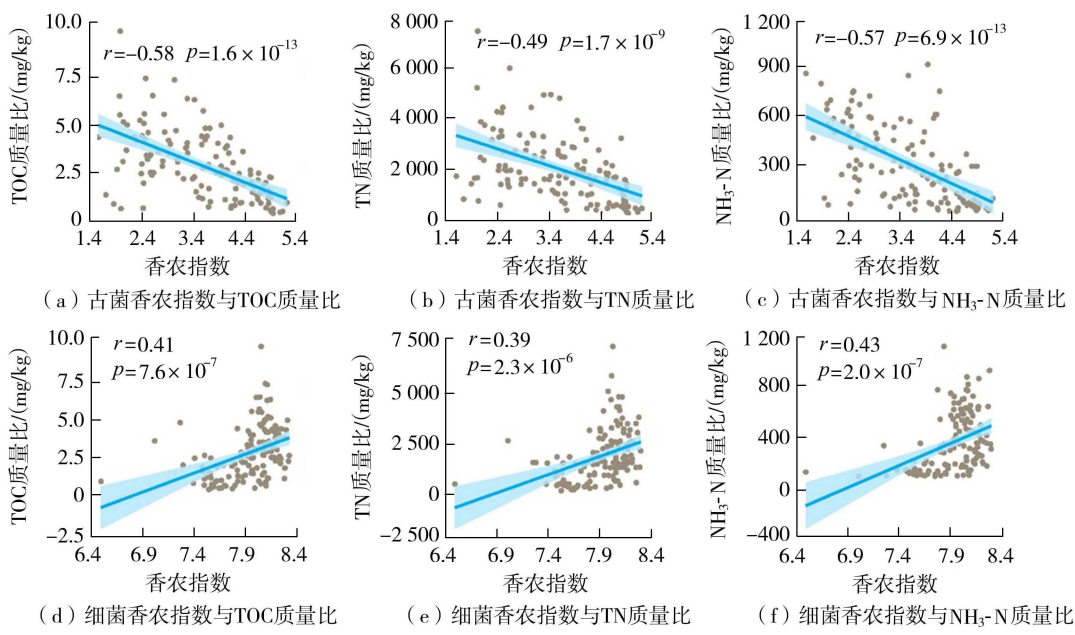


图5 微生物群落和环境因子的相关性分析结果

Fig. 5 Results of correlation analysis between microbial community and environmental factors

了良性循环。

2.4 低水位运行对底泥中病原微生物的处理效果

病原微生物可以侵入人体或动物,引起感染性疾病甚至是传染病,对人类健康构成巨大威胁。为了识别和对比不同水位条件下底泥中病原微生物的污染情况,从文献中汇编了一份包含 1 005 种人类致病病原微生物综合清单^[32],匹配成功则被认为是潜在的病原微生物,最终得到目标底泥样品中可能存在的病原微生物清单。比对结果显示,在种水平上共 508 种细菌被鉴定为潜在的病原菌,包括恶臭假单胞菌 (*Pseudomonas putida*)、铜绿假单胞菌 (*Pseudomonas aeruginosa*)、木糖氧化无色杆菌 (*Achromobacter xylosoxidans*) 等,其中变形菌门、放线菌门和厚壁菌门是城市河流底泥环境中丰度最高的三大类潜在致病菌门类。进一步对不同水位条件下底泥样品中潜在致病菌的香农指数进行独立双样本组间比较,结果显示低水位运行条件下,底泥中潜在致病菌的香农指数显著低于高水位运行条件 ($p < 0.0001$,图 6(a)),对底泥中潜在致病菌的 α 多样性指数进行分析也得到了相同的结论 ($p < 0.001$,图 6(b)),说明低水位运行能够显著降低底泥中致病菌的潜在危害。低水位运行旨在构建“自然、亲水、文化”的现代城市河流,其自然形成“深槽-浅滩-沙洲”的断面形态,能够给居民提供戏水、垂钓等亲水、戏水场所。相比于高水位,低水位运行能够显著降低居民感染致病菌的风险,让城市居民安全地享受回归自然之趣。

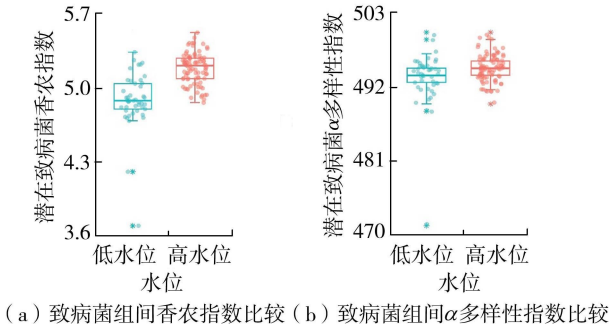


图6 不同水位下底泥中致病菌分析结果
Fig. 6 Analysis results of pathogenic microorganisms in sediment under different water levels

3 结 论

- 相比于高水位运行,城市河流低水位运行既可以有效降低底泥中常规污染指标的污染程度,解决底泥内源污染问题,也能显著降低底泥中致病菌的潜在危害,构建更为安全的亲水城市河流生态系统。包括氨氧化古菌在内的古菌群落可能是低水位运行条件下提升底泥污染物降解效率的关键微生物种群。
- 高水位运行时底泥中的产甲烷菌(甲烷微菌纲、甲烷八叠球菌目、甲烷毛菌科和甲烷丝状菌属)限制了生物脱氮的效率;低水位运行时变形菌门可能是参与底泥中含氮污染物降解以及氮循环过程的主要微生物门类, α -变形菌纲则可能对底泥中氨氮的去除发挥了重要作用。

c. TOC、TN 和 $\text{NH}_3\text{-N}$ 是影响城市河流底泥中

微生物群落变化的主要环境驱动因子,环境因子(有机碳含量与氮含量)的变化与微生物群落结构的改变相互促进,构成了良性循环,形成了低水位运行城市河流污染底泥修复的关键微生物机制。

参考文献:

[1] 高寒,周其胤,贺振洲,等.城市黑臭水体识别监测与治理技术研究现状及进展[J].环境工程,2018,36(10):1-4. (GAO Han, ZHOU Qiyin, HE Zhenzhou, et al. Research status and progress of the identification, monitoring and treatment technology of black and odorous water body in the city[J]. Environmental Engineering, 2018,36(10):1-4. (in Chinese))

[2] 宁梓洁,王鑫.黑臭水体治理技术研究进展[J].环境工程,2018,36(8):26-29. (NING Zijie, WANG Xin. Overview of the black-odorous waters treatment technologies [J]. Environmental Engineering, 2018, 36(8):26-29. (in Chinese))

[3] 徐云杰,赵成东,褚淑祎,等.污染底泥原位修复技术研究进展[J].安徽农学通报,2022,28(7):136-138. (XU Yunjie, ZHAO Chengdong, CHU Shuyi, et al. Research progress on the in-situ remediation technology for contaminated sediment [J]. Anhui Agricultural Science Bulletin, 2022,28(7):136-138. (in Chinese))

[4] 朱澄浩.城市河道底泥污染特征与处理方法研究:以东莞市支流河涌治理为例[D].宜昌:三峡大学,2021.

[5] 刘伟,杨富淋,汪华安,等.珠三角河道底泥资源化利用探讨[J].环境科学与技术,2018,41(增刊1):363-366. (LIU Wei, YANG Fulin, WANG Hua'an, et al. Discussion on the resourced utilization of sediment in the Pearl River Delta[J]. Environmental Science & Technology, 2018,41(Sup1):363-366. (in Chinese))

[6] 李勇,单雅洁,程浩,等.城市重污染河流沉积物营养盐和重金属分布及潜在生态风险[J].河海大学学报(自然科学版),2022,50(3):31-38. (LI Yong, SHAN Yajie, CHENG Hao, et al. Distribution and potential ecological risks of nutrient elements and heavy metals in sediments of a heavily polluted urban river [J]. Journal of Hohai University (Natural Sciences), 2022, 50(3):31-38. (in Chinese))

[7] 华祖林,王苑.水动力作用下河湖沉积物污染物释放研究进展[J].河海大学学报(自然科学版),2018,46(2):95-105. (HUA Zulin, WANG Yuan. Advance on the release of pollutants in river and lake sediments under hydrodynamic conditions[J]. Journal of Hohai University (Natural Sciences), 2018,46(2):95-105. (in Chinese))

[8] 陈文龙,罗欢,吴琼,等.基于“先泥后水”模式的重污染河道底泥碳氮硫同步去除技术研究[J].水资源保护,2023,39(3):16-23. (CHEN Wenlong, LUO Huan, WU Qiong, et al. A synchronous removal technology of carbon, nitrogen and sulfur pollutants from sediment in heavily

polluted rivers based on "treating sediment before water" model[J]. Water Resources Protection, 2023, 39(3):16-23. (in Chinese))

[9] 汪行智,安宗胜,刘乐.基于微生物菌剂的黑臭水体治理技术探讨[J].资源节约与环保,2023(4):95-99. (WANG Xingzhi, AN Zongsheng, LIU Le. Discussion on the treatment technology of black and odorous water bodies based on microbial agents[J]. Resources Economization & Environmental Protection, 2023(4):95-99. (in Chinese))

[10] 李明,陈文龙,吴琼.广州市城市河流低水位运行生态修复理念与实践[J].中国水利,2023(9):31-35. (LI Ming, CHEN Wenlong, WU Qiong. Ecological and practice of urban river low water level operation in Guangzhou City [J]. China Water Resources, 2023(9):31-35. (in Chinese))

[11] 李轶,雷梦婷,杨楠,等.河流微生物生态学的研究进展[J].水资源保护,2022,38(1):190-197. (LI Yi, LEI Mengting, YANG Nan, et al. Research and prospect on river microbial ecology [J]. Water Resources Protection, 2022,38(1):190-197. (in Chinese))

[12] 彭强.典型重金属污染河流沉积物中微生物群落结构和氮循环解析[D].北京:中国科学院大学,2021.

[13] WANG Binhao, ZHENG Xiafei, ZHANG Hangjun, et al. Bacterial community responses to tourism development in the Xixi National Wetland Park, China[J]. Science of the Total Environment, 2020,720:137570.

[14] 朱婷婷,田从魁.水库底泥中微生物多样性及其与环境因子相关性分析[J].北京大学学报(自然科学版),2018,54(3):625-632. (ZHU Tingting, TIAN Congkui. Analysis on microbial diversity in the sediments and its relationship with environmental factors in a reservoir [J]. Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Pekinensis, 2018,54(3):625-632. (in Chinese))

[15] SARAVANAN R, SACARI E, GRACIA F, et al. Conducting PANI stimulated ZnO system for visible light photocatalytic degradation of coloured dyes[J]. Journal of Molecular Liquids, 2016,221:1029-1033.

[16] 陈倩茹,夏雪,王川,等.沙颍河下游城市黑臭内河沉积物微生物群落季节变化特征[J].水生生物学报,2021,45(1):182-189. (CHEN Qianru, XIA Xue, WANG Chuan, et al. Seasonal variation characteristics of microbial communities in the sediments of urban black-odorous river in lower reaches of Shaying River [J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2021,45(1):182-189. (in Chinese))

[17] BADDAR Z E, XU Xiaoyu. Evaluation of changes in the microbial community structure in the sediments of a constructed wetland over the years [J]. Archives of Microbiology, 2022,204(9):552.

[18] SCHAUBERGER C, GLUD R N, HAUSMANN B, et al. Microbial community structure in hadal sediments: high similarity along trench axes and strong changes along redox gradients [J]. The ISME Journal, 2021, 15(12):

[19] 刘景春,严重玲,胡俊. 水体沉积物中酸可挥发性硫化物(AVS)研究进展[J]. 生态学报,2004,24(4):812-818. (LIU Jingchun, YAN Chongling, HU Jun. A review on the studies of acid-volatile sulfide in aquatic sediments [J]. Acta Ecologica Sinica, 2004, 24(4):812-818. (in Chinese))

[20] TRUONG D T, FRANZOSA E A, TICKLE T L, et al. MetaPhlAn2 for enhanced metagenomic taxonomic profiling[J]. Nature Methods, 2015, 12(10):902-903.

[21] 熊旭梅,周雪,郭佳,等. 不同 pH 和氧气条件下土壤古菌与海洋古菌的竞争适应机制[J]. 土壤学报,2022,59(3):833-843. (XIONG Xumei, ZHOU Xue, GUO Jia, et al. Competitive adaptation mechanism of soil archaea and marine archaea under different pH and oxygen conditions [J]. Acta Pedologica Sinica, 2022, 59(3):833-843. (in Chinese))

[22] 刘帅. 典型生境中氨氧化古菌(AOA)和氨氧化细菌(AOB)的微生物生态学研究[D]. 杭州:浙江大学,2015.

[23] 段昌海,张翠景,孙艺华,等. 新型产甲烷古菌研究进展[J]. 微生物学报,2019,59(6):981-995. (DUAN Changhai, ZHANG Cuijing, SUN Yihua, et al. Recent advances on the novel methanogens [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2019, 59(6):981-995. (in Chinese))

[24] 王洪臣,汪俊妍,刘秀红,等. 排水管道中硫酸盐还原菌与产甲烷菌的竞争与调控[J]. 环境工程学报,2018,12(7):1853-1864. (WANG Hongchen, WANG Junyan, LIU Xiuhong, et al. Competition and regulation of sulfate-reducing bacteria and methanogenic archaea in sewers [J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2018, 12(7):1853-1864. (in Chinese))

[25] 王皓,钱琪卉,丁瑞睿,等. 复合潜流人工湿地对农村生活污水的净化效果及其微生物群落结构特征[J]. 安徽农业大学学报,2020,47(6):962-970. (WANG Hao, QIAN Qihui, DING Ruirui, et al. Performances of a hybrid horizontal subsurface-flow constructed wetland system treating on rural domestic sewage and its microbial community structure characteristics [J]. Journal of Anhui

Agricultural University, 2020, 47(6):962-970. (in Chinese))

[26] 夏国栋,朱四喜,赵伟,等. 复合垂直流人工湿地基质细菌群落结构变化特征[J]. 工业水处理,2022,42(11):113-121. (XIA Guodong, ZHU Sixi, ZHAO Wei, et al. Characterization of bacterial community variations in composite vertical flow constructed wetland substrates [J]. Industrial Water Treatment, 2022, 42(11):113-121. (in Chinese))

[27] 刘晔. 不同生态区稻田土壤微生物群落差异及深耕作用机制研究[D]. 郑州:河南农业大学,2022.

[28] YANG P, VAN ELSAS J D. Mechanisms and ecological implications of the movement of bacteria in soil [J]. Applied Soil Ecology, 2018, 129:112-120.

[29] 李世卿,王先之,郭正刚,等. 短期放牧对青藏高原东北边缘高寒草甸土壤及微生物碳氮含量的影响[J]. 中国草地学报,2013,35(1):55-60. (LI Shiqing, WANG Xianzhi, GUO Zhenggang, et al. Effects of short-term grazing on C and N content in soil and soil microbe in alpine meadow in the north-eastern edge of the Qinghai-Tibetan Plateau [J]. Chinese Journal of Grassland, 2013, 35(1):55-60. (in Chinese))

[30] CASTRO H F, CLASSEN A T, AUSTIN E E, et al. Soil microbial community responses to multiple experimental climate change drivers [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2010, 76(4):999-1007.

[31] 陈炎辉,陈明华,王果,等. 不同坡度地表径流中污泥氮素流失规律的研究[J]. 环境科学,2010,31(10):2423-2430. (CHEN Yanhui, CHEN Minghua, WANG Guo, et al. Effects of slopes on nitrogen transport along with runoff from sloping plots on a lateritic red soil amended with sewage sludge [J]. Environmental Science, 2010, 31(10):2423-2430. (in Chinese))

[32] YI Xinzhu, LIANG Jieliang, SU Jianqiang, et al. Globally distributed mining-impacted environments are underexplored hotspots of multidrug resistance genes [J]. The ISME Journal, 2022, 16(9):2099-2113.

(收稿日期:2023-06-26 编辑:施业)

(上接第 125 页)

[45] 文扬,马中,吴语晗,等. 京津冀及周边地区工业大气污染排放因素分解:基于 LMDI 模型分析[J]. 中国环境科学,2018,38(12):4730-4736. (WEN Yang, MA Zhong, WU Yuhan, et al. Factors decomposition of industrial air pollutant emissions in Beijing-Tianjin-Hebei region and surrounding areas based on LMDI model analysis [J]. China Environmental Science, 2018, 38(12):4730-4736. (in Chinese))

[46] 赵立新,吴迪. 生态压力人口研究:兼析中国人口与环境关系的地区差异[J]. 人口学刊,2015,37(6):25-36. (ZHAO Lixin, WU Di. A study on the ecological pressure

of population: concurrent analysis on the regional differences of the relationship between population and environment in China [J]. Population Journal, 2015, 37(6):25-36. (in Chinese))

[47] 张利国,冷浪平. 流动人口与经济发展:基于城市面板数据的实证研究[J]. 当代财经,2022(2):16-27. (ZHANG Guoli, LENG Langping. Floating population and economic development: an empirical research based on urban panel data [J]. Contemporary Finance & Economics, 2022(2):16-27. (in Chinese))

(收稿日期:2023-05-30 编辑:施业)