

徐玲娥, 刘书敏, 路丽君. 回用景观水菌藻群落结构及环境响应[J]. 净水技术, 2023, 42(11): 91–100.

XU L E, LIU S M, LU L J. Community structure and environmental response for landscape water with reclaimed water reuse [J]. Water Purification Technology, 2023, 42(11): 91–100.

回用景观水菌藻群落结构及环境响应

徐玲娥¹, 刘书敏², 路丽君^{3,*}

(1. 中国电建集团华东勘测设计研究院有限公司, 浙江杭州 311100; 2. 同济大学环境科学与工程学院, 上海 200092; 3. 常州市排水管理处, 江苏常州 213017)

摘要 浮游藻类和浮游细菌是水环境食物网的重要组成部分, 然而, 目前对于再生水回用景观水中浮游藻类及浮游细菌的群落结构特征及其对水质变化响应的研究较少。该项目分析了浮游细菌、藻类群落结构特征, 并探究了浮游细菌及藻类对水质的响应关系。结果表明, 再生水作为水源补给景观水可改善水体水质及营养状态, 再生水回用湿地、河道水质分别满足地表水环境质量标准Ⅲ类、Ⅴ类标准, 营养状态分别为中营养、轻度富营养化。再生水的回用可使浮游藻类的密度和生物量维持在较低水平, 各采样点藻类密度在 $1.08 \times 10^6 \sim 4.37 \times 10^6 \text{ L}^{-1}$, 生物量在 $0.82 \sim 4.82 \text{ mg/L}$, 且回用后氮磷营养盐与蓝藻密度相关性较强, 而与硅藻密度的相关性不明显。回用水体浮游细菌主要优势门为变形菌门、放线菌门、拟杆菌门、蓝细菌门; 再生水回用降低了水体微生物多样性, 浮游细菌多样性由高至低依次为藻江河西支、湿地公园、东风大沟; 靠近回用水量最大的检测点位, 其浮游细菌丰度与氮、磷营养盐相关关系并不显著, 随着补水路径延长, 微生物丰度与氮磷营养盐相关关系加强。

关键词 再生水回用 水体理化因子 浮游细菌 浮游藻类 相关性

中图分类号: X703 文献标识码: A 文章编号: 1009-0177(2023)11-0091-10

DOI: 10.15890/j.cnki.jsjs.2023.11.011

Community Structure and Environmental Response for Landscape Water with Reclaimed Water Reuse

XU Ling¹, LIU Shumin², LU Lijun^{3,*}

(1. China Electric Power Construction Group East China Survey and Design Institute Co., Ltd., Hangzhou 311100, China;

2. School of Environmental Science and Engineering, Tongji University, Shanghai 200092, China;

3. Changzhou Drainage Management Office, Changzhou 213077, China)

Abstract Phytoplankton and bacterioplankton are important components of the water environment food web. However, there are few studies on the community structure characteristics of phytoplankton and bacterioplankton and their response to water quality changes after reclaimed water reuse. This project analyzed the community structure characteristics of planktonic bacteria and algae, and explored the response relationship between planktonic bacteria and algae to water quality. The results showed that the reclaimed water as a water source to supply landscape water could improve the water quality and nutritional status. The reclaimed water reuse wetland and river water quality met the surface water environmental quality standards III and standards V, respectively, and the nutritional status were medium nutrition and mild eutrophication, respectively. The reuse of reclaimed water could maintain the density and biomass of phytoplankton at a low level. The algae density at each sampling point was from $1.08 \times 10^6 \text{ L}^{-1}$ to $4.37 \times 10^6 \text{ L}^{-1}$, and the biomass was from 0.82 mg/L to 4.82 mg/L . After reuse, the correlation between nitrogen and phosphorus nutrients and Cyanobacteria density was strong, but the correlation with diatom density was not obvious. The main dominant phyla of planktonic bacteria in reclaimed water were Proteobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes and Cyanobacteria. The reuse of reclaimed water reduced the microbial diversity of water body, and the diversity of planktonic bacteria from high to low was the west branch of Zaojiang River,

[收稿日期] 2023-03-29

[基金项目] 上海市科委“科技创新行动计划”国际科技合作项目(21230714500)

[作者简介] 徐玲娥(1974—), 女, 硕士, 研究方向为流域水环境生态治理与生态修复理论与技术, E-mail: xu_le@hdec.com。

[通信作者] 路丽君, 研究方向为城市雨水径流污染控制、排水管网综合整治, E-mail: 1196727865@qq.com。

Wetland Park and Dongfeng Dagou. Near the detection point with the largest amount of reclaimed water, the correlation between the abundance of planktonic bacteria and nitrogen and phosphorus nutrients was not significant. With the extension of the water replenishment path, the correlation between microbial abundance and nitrogen and phosphorus nutrients was strengthened.

Keywords reclaimed water reuse physical and chemical factors of water body bacterioplankton phytoplankton correlation

城市污水处理后的再生水作为重要的水资源之一,具有流量大、稳定及不受自然因素制约的特点,污水处理后回用景观水既节约了淡水资源,同时具有显著经济优势^[1]。我国对于再生水回用的工程实践源于应对北方水资源短缺及污染问题,目前多个景观再生水回用工程已分别在多个城市开展,然而当前工程回用规模及处理效果与西方国家存在一定差距^[2]。2015年颁布的《水污染防治行动计划》提出,缺水及水污染严重地区城市的生态景观用水要优先使用再生水,逐步加大了再生水回用工程应用及推广需求^[3],因而同步地对回用水的生态影响评价提出更高要求。

然而,再生水回用景观水体存在一定环境问题,其中氮磷营养盐引发的富营养化问题尤为突出^[4-5]。我国制定了《城市污水再生利用景观环境用水水质》(GB/T 18921—2002)的排放标准,该标准规定氨氮质量浓度 $<5.0\text{ mg/L}$,TP质量浓度 $<0.5\text{ mg/L}$,TN质量浓度 $\leq 15\text{ mg/L}$,但相较于《地表水环境质量标准》(GB 3838—2002)中的V类水体氮、磷限值(氨氮质量浓度 $<2.0\text{ mg/L}$,TP质量浓度 $<0.4\text{ mg/L}$)仍然较高。再生水的氮、磷营养元素本底值较高,增加了景观水水华暴发潜在风险^[6]。因此,如何安全并稳定地将再生水回用城市景观水体,如何最大程度降低再生水回用过程中环境风险发生的可能性,成为再生水是否可大规模回用的关键。

以往较多研究集中于再生水水质的污染情况,已有较多学者对水体有机物、无机物^[7]、生物毒性^[8]、遗传毒性^[9]的含量与性质进行分析。较少研究对回用景观水体的浮游藻类、细菌及二者对水质的响应进行分析。水体浮游藻类、细菌作为水生食物网的重要组成部分,在水生态系统中作为生产者和分解者发挥协同运转作用^[10-11],通过参与水体生态系统的重要元素循环^[12],促进系统水体、植物、动物及沉积物的物质及能量交换^[13],在维持生态系统功能和健康中发挥重要作用^[14]。对于二者的检测和分析有助于对再生水回用生态系统健康进行评价,进而从生态系统健康角度出发,为再生水回用的

水质及水量的确定提供参考依据。

鉴于此,该项目于2022年7月对常州江边污水处理厂再生水回用的湿地及河道水质进行调研,通过显微镜检对浮游藻类进行了定性、定量观测,对浮游细菌采用了16S rDNA高通量测序技术进行检测。通过分析再生水回用湿地及河道的水质水平、浮游菌藻的群落结构特征及对水质的响应关系,旨在对再生水回用景观水体后的浮游菌藻的响应特征进行评价。本文项目结果将为再生水回用景观水环境的保护与管理提供理论依据,同时为相关职能部门的决策实施提供科学支撑。

1 材料与方法

1.1 采样点设置概况

再生水回用补水来自常州市江边污水处理厂,规模为 $4\times 10^4\text{ m}^3/\text{d}$ 的再生水输送常州高铁公园和东风大沟生态补水后流入藻江河。补水路径共有两条:一条为再生水补水常州高铁公园,湿地补水流量为 $1.5\times 10^4\text{ m}^3/\text{d}$,湿地出水流入东风大沟;另一条路径为再生水直接补水东风大沟,补水流量为 $2.5\times 10^4\text{ m}^3/\text{d}$,且东风大沟为断头浜,补水提高了河道水体流动性。本次水质调查采样点分别布设在常州市高铁生态湿地公园(ST1~ST3)、东风大沟(ST4~ST5)、藻江河西支(ST6~ST8)。其中,高铁公园生态湖泊水域面积为 $1\times 10^5\text{ m}^2$,东风大沟河道长约为 1.4 km ,宽约为 20 m ,藻江河西支河道长约为 1.3 km ,宽约为 20 m 。采样时间为2022年7月,采样点布设概况如图1所示。

1.2 样品采集与水质理化指标测定

水体样品采集使用柱状采样器采取 $0\sim 0.5\text{ m}$ 表层水 2 L ,每个样点平行采样3次。采用多参数水质测定仪(YSI EXO)现场测定溶解氧(DO)、电导率、pH;采用SAN++连续流动分析仪测定TP、TN和氨氮质量浓度;采用重铬酸钾回流法测定化学需氧量(COD_{Cr});采用分光光度计测定叶绿素a(Chl-a)质量浓度;采用赛氏盘测定水体透明度(SD)。

1.3 浮游藻类的采集与鉴定

浮游植物样品采集完成后,用鲁哥试剂立即固



图 1 项目采样点分布

Fig. 1 Sampling Points Distribution of the Project

定 100 mL 水样,计数方法采用倒置显微镜计数法。采用视野法观察 100 个视野,确定藻类细胞数量,通过测量直径、高度等近似的几何图形来计算藻类体积,确定藻类生物量。

1.4 DNA 提取和高通量测序

根据 E. Z. N. A.® soil DNA kit (Omega Bio-tek, Norcross, GA, U. S.) 说明书进行微生物群落总 DNA 抽提,使用 1%的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的提取质量,使用 NanoDrop2000 测定 DNA 浓度和纯度;使用 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')对 16S rRNA 基因 V3~V4 可变区进行 PCR 扩增。每个样本 3 个重复。利用 Illumina 公司的 MiSeq PE300 平台进行测序。

1.5 数据分析

1.5.1 生物信息学分析

使用 Fastp 软件^[15]对原始测序序列进行质控,并使用 Flash 软件^[16]进行拼接。使用 Uparse 软件^[17]根据 97%的相似度^[18]对序列进行 OTU 聚类并剔除嵌合体。利用 RDPclassifier^[19]对每条序列进行物种分类注释,比对 Silva 16S rRNA 数据库 (v138),设置比对阈值为 70%。

1.5.2 生物多样性分析

浮游藻类的生物多样性指数选择歧异度指数 Shannon-Wiener 指数来表示,基于物种数量反映群落种类多样性。微生物群落的丰富度和多样性通过单样本的 Alpha 多样性分析反映,本次分析将 Ace 指数作为反映群落多样性的指数。

1.5.3 统计学分析

通过计算综合营养状态指数 (TLI) 对回用水体的富营养状态进行评价。采用冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 进行环境因子约束性分析,描述样本分组与环境因子相关关系,浮游藻类、浮游细菌与环境因子的相关性分析均采用了该方法。采用相关性 Heatmap 分析,描述环境因子与特定浮游细菌物种相关关系。相关统计分析分别基于 R (version 3.3.1) 的 vegan 包、heatmap 包来分析,并作图。

2 结果与分析

2.1 再生水回用水体理化性质

采集分布于再生水回用水体的 8 个采样点 (ST1~ST8) 水样,对其进行理化检测,并采用单因子评价法对水质进行分析 (表 1)。结果表明:湿地 (ST1~ST3) 的氨氮质量浓度为 0.13~0.31 mg/L,

TN 质量浓度为 0.75~0.85 mg/L, TP 质量浓度为 0.09~0.15 mg/L, COD_{Cr} 质量浓度为 12~16 mg/L, 满足地表水环境质量标准Ⅲ类标准(GB 3838—2002)。河道(ST4~ST8)的氨氮质量浓度为 0.90~

1.38 mg/L, 河道 TP 质量浓度为 0.18~0.33 mg/L, COD_{Cr} 质量浓度为 11~16 mg/L, 基本满足地表水环境质量标准Ⅴ类标准(GB 3838—2002), TN 质量浓度为 2.54~3.17 mg/L。

表 1 2022 年采样点再生水回用水质变化

Tab. 1 Changes in Water Quality of Reclaimed Water Reuse at Sampling Sites in 2022

环境因子	高铁生态公园(ST1~ST3)			东风大沟(ST4,ST5)		藻江河西支(ST6~ST8)		
	ST1	ST2	ST3	ST4	ST5	ST6	ST7	ST8
TP/(mg·L ⁻¹)	0.09	0.10	0.15	0.18	0.22	0.23	0.28	0.33
TN/(mg·L ⁻¹)	0.85	0.75	0.82	3.17	2.90	2.61	2.56	2.54
氨氮/(mg·L ⁻¹)	0.13	0.17	0.31	0.90	1.24	1.13	1.27	1.38
COD _{Cr} /(mg·L ⁻¹)	12	12	16	11	11	13	13	16
Chl-a/(μg·L ⁻¹)	62	3	38	29	51	17	33	15
SD/cm	30	40	30	40	62	45	40	45
pH 值	8.18	8.05	7.87	7.46	7.35	7.29	7.35	7.37
SS/(mg·L ⁻¹)	63	54	55	51	55	61	60	57
DO/(mg·L ⁻¹)	6.93	5.75	5.45	2.65	2.63	2.34	2.23	2.36

回用水体的富营养状态采用 TLI 指数进行评价,计算如式(1)。

$$T = \sum_{j=1}^m W_j \cdot T_j \quad (1)$$

其中: T ——TLI 指数;

T_j ——第 j 种参数的营养状态指数;

m ——评价参数的个数;

W_j ——第 j 种参数的营养状态指数的相关权重,根据我国湖泊(水库)的 Chl-a 与其他参数之间的相关关系得到。

根据本次检测湿地及河道(ST1~ST8)TLI 分析(表 2),结果表明:回用湿地(ST1~ST3)水体营养状态为中营养状态,水质水平良好;回用河道水体(ST4~ST8)营养状态集中为轻度富营养状态,水质水平为轻度污染。

2.2 浮游藻类群落结构及水质相关关系

2.2.1 浮游藻类群落结构组成

本次调查共检出浮游藻类 52 种。其中,绿藻门和硅藻门物种数占比最高(17 种),蓝藻门为 8 种,裸藻门为 5 种,甲藻门为 2 种,隐藻门为 2 种,金藻门 1 种。各采样点的物种数各有不同,最高为 25 种,最低为 11 种;总体上为 ST8>ST5>ST7>ST3=ST4>ST6>ST2>ST1。在藻类密度水平上(图 2),蓝

表 2 湿地及河道水质综合营养状态评价结果

Tab. 2 Evaluation Results of Wetland and River Water Quality for Comprehensive Trophic Status

区域	样点	7 月 TLI	营养状态分级	定性评价
高铁公园湿地	ST1	47.81	中营养	良好
	ST2	37.99	中营养	良好
	ST3	49.25	中营养	良好
东风大沟	ST4	50.28	轻度富营养	轻度污染
	ST5	50.70	轻度富营养	轻度污染
藻江河西支	ST6	49.29	中营养	良好
	ST7	52.17	轻度富营养	轻度污染
	ST8	50.96	轻度富营养	轻度污染

藻门在各个采样点所占的比例较高,其次为硅藻门和绿藻门,各采样点的藻类密度在 $1.08 \times 10^6 \sim 4.37 \times 10^6 \text{ L}^{-1}$, 其中 ST5 最高,ST4 最低,8 个采样点平均值为 $2.25 \times 10^6 \text{ L}^{-1}$ 。在浮游藻类生物量水平上,藻类生物量在 0.82~4.82 mg/L,其中 ST5 最高,ST1 最低,8 个采样点平均值为 2.58 mg/L。生物量趋势与密度趋势不一致,主要与不同物种的体积、质量有关。总体上硅藻门在各个采样点所占的比例较高,尤其在 ST2 和 ST3。在东风大沟(ST4,ST5)采样点裸藻门浮游藻类相比其他点位占比较高。

2.2.2 浮游藻类生物多样性分析

生物多样性指数反映了各物种种群数量的变化

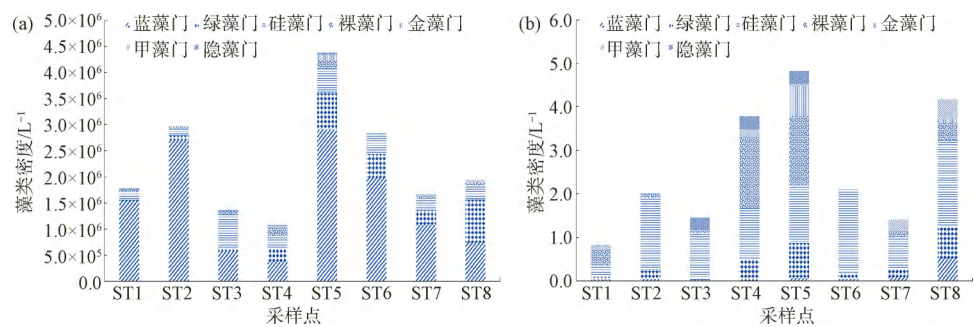


图2 项目点位藻类密度及生物量变化

Fig. 2 Algae Density and Biomass Changes at Project Sites

情况,生物多样性指数越大,说明群落内物种数量分布越均匀,相应的水质状况越好。本次生物多样性指数选择歧异度指数(Shannon-Wiener 指数, H')来表示,计算如式(2)。

$$H' = - \sum_{i=1}^s [(n_i/N) \log_2(n_i/N)] \quad (2)$$

其中: S ——种数;
 n_i —— i 种的个体数;
 N ——总个体数。

当 $H' < 1.0$ 时,表示水体重污染;当 $1.0 \leq H' < 2.0$ 时,表示水质类型为 α -中污染;当 $2.0 \leq H' < 3.0$ 时,表示水质类型为 β -中污染;当 $3.0 \leq H' < 4.0$ 时,表示水质类型为轻污染;当 $H' \geq 4.0$ 时,表示水质为清洁状态。

Shannon-Wiener 指数结果表明(表3),各采样点多样性都非常低,大都处于 α -中污染或 β -中污染状态,表明群落丰富度和均匀度均处于较低水平。其中,ST2 位点的生态多样性最低,为重污染水平。

表3 各采样点浮游植物多样性指数

采样点	Shannon-Wiener 指数(H')
ST1	1.33
ST2	0.94
ST3	2.11
ST4	2.50
ST5	2.14
ST6	2.13
ST7	2.18
ST8	2.67

2.2.3 优势浮游藻类与环境因子相关关系
对检测时段内各点位浮游藻类按照生物量占

比 $\geq 1\%$ 出现的条件进行筛选,总计筛选 4 个门类 16 种浮游藻类优势种(表4)。分析浮游藻类优势种生物量与环境因子之间的关系,先进行除趋势对应分析法(DCA)分析,结果显示轴最大梯度值均小于 3,因此,选用 RDA 分析方法(图3)。该分析结果表明,第一轴解释率为 36.84%,第二轴解释率为 23.87%,说明分析结果较高,可信度较好。RDA 分析结果显示:ST1 ~ ST8 采样点中,蓝藻门束丝藻(*Aphanizomenon flosaquae*)生物量与 TN、氨氮、TP 呈正相关关系;裸藻门的陀螺藻(*Strombomonas* sp.)和金藻门的鱼鳞藻(*Mallomonas* sp.)生物量与 TN 呈

表4 再生水回用 7 月浮游藻类优势种

Tab. 4 Dominant Species of Phytoplankton in Reclaimed Water Reuse in July			
门类	种类	学名	编号
蓝藻门	束丝藻	<i>Aphanizomenon flosaquae</i>	A1
绿藻门	衣藻	<i>Chlamydomonas</i>	B1
	空球藻	<i>Eudorina</i> sp.	B2
	实球藻	<i>Pandorina morum</i>	B3
硅藻门	小环藻	<i>Cyclotella</i> sp.	C1
	针杆藻	<i>Synedra ulna</i>	C2
	尖针杆藻	<i>Synedra acus</i>	C3
	辐节藻	<i>Stauroneis</i> sp.	C4
	羽纹藻	<i>Pinnularia</i> sp.	C5
	变异直链藻	<i>Melosira varians</i>	C6
	近盐骨条藻	<i>Skeletonema</i>	C7
裸藻门	陀螺藻	<i>Strombomonas</i> sp.	D1
	囊裸藻	<i>Trachelomonas</i> sp.	D2
金藻门	鱼鳞藻	<i>Mallomonas</i> sp.	E1
甲藻门	裸甲藻	<i>Gymnodinium aerucinosum</i> stein	F2
隐藻门	卵形隐藻	<i>Cryptomonas ovata</i>	G1

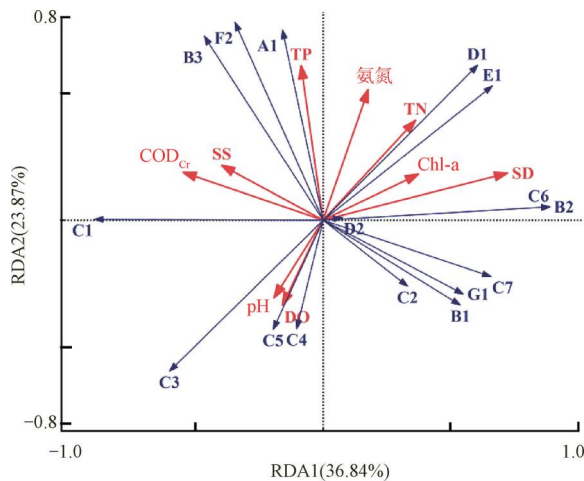


图3 浮游藻类优势种与环境因子 RDA 的排序

Fig. 3 Sequencing of Ordination of Dominant Species of Phytoplankton and Environmental Factor RDA

正相关;硅藻门的尖针杆藻(*Synedra. acus*)、辐节藻(*Stauroneis* sp.)、羽纹藻(*Pinnularia* sp.)生物量与水体 TN、氨氮呈负相关。该结果表明,再生水回用到自然水体之后,蓝藻生长受到氮磷营养盐的影响较大,而对硅藻的影响不明显。

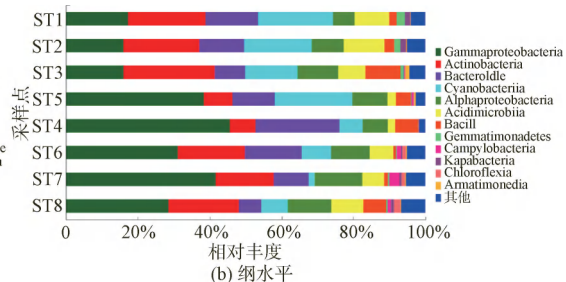
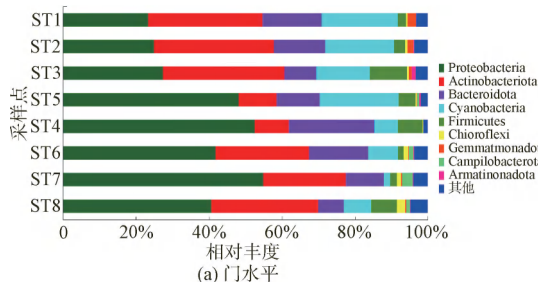


图4 再生水回用水体细菌群落结构组成

Fig. 4 Bacterial Community Structure of Reclaimed Water Reuse

2.3.2 浮游细菌生物多样性分析

Ace 指数是通过分析群落中的 OTU 数目反映群落丰富度。如图 5 所示,坐标轴横轴代表项目水体采样点位 ST1~ST8,纵坐标代表了 Ace 生物多样性指数,通过 Ace 指数分析发现,ST6~ST7 藻江河西支河段群落丰富度较高,ST1~ST3 高铁公园湿地丰富度次之,ST4~ST5 东风大沟点位群落丰富度最低。

2.3.3 浮游细菌群落结构与环境因子相关关系

将细菌群落属水平物种丰度与环境因子进行 RDA 相关性分析(图 6),结果表明,不同环境因子对再生水回用的细菌群落丰度相关关系存在差异。RDA 分析结果第一轴解释率为 76.06%,第二轴解

2.3 浮游细菌群落结构及水质相关关系

2.3.1 浮游细菌群落结构组成

对再生水回用湿地和景观河道样本浮游细菌进行测序后,共检测出 2 093 个 OTU,分布于 41 门、108 纲、262 目、422 科、768 属、1 297 种。不同点位再生水回用水体中浮游细菌群落结构存在差异(图 4),在门水平上,物种丰度位于前 9 位的门占据了物种总丰度的 99%,其中相对丰度排名前 4 位的变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidia)、蓝细菌门(Cyanobacteria)约占据了物种总丰度的 90%。在纲水平上,对物种丰度位于前 12 位的具有代表性的细菌纲水平进行物种分析, γ -变形菌纲(Gammaproteobacteria)相对丰度在 15.90%~45.60%,放线菌纲(Actinobacteria)相对丰度在 8.09%~26.79%,拟杆菌纲(Bacteroidia)相对丰度在 7.00%~25.41%,蓝藻细菌纲(Cyanobacteria)相对丰度在 1.7%~21.56%, α -变形菌纲(Alphaproteobacteria)相对丰度在 6.90%~13.35%。

释率为 12.92%,说明分析结果较高可信度较好。高铁生态公园(ST1~ST3)浮游细菌群落丰度与 DO、pH 呈正相关,与 TN、氨氮、TP 呈负相关;东风大沟(ST5)浮游细菌群落丰度与 TN、氨氮、TP 呈正相关,与 COD_{Cr}、DO、pH 呈负相关,ST4 浮游细菌群落丰度与 COD_{Cr} 呈负相关;藻江河西支(ST6~ST8)与 TN、氨氮、TP 呈正相关,与 DO、pH 呈负相关。

为了进一步探索浮游细菌丰度与环境因子间的相关关系(图 7),通过 Spearman 相关性分析计算水体环境因子与细菌丰度前 50 位的纲水平的相关性。结果表明:Negativicutes 纲丰度与 pH 呈显著负相关,弯曲杆菌纲(Campylobacteria)、Negativicutes 纲与 DO 呈显著负相关,Chlamydiae 纲与 SS 呈显著正

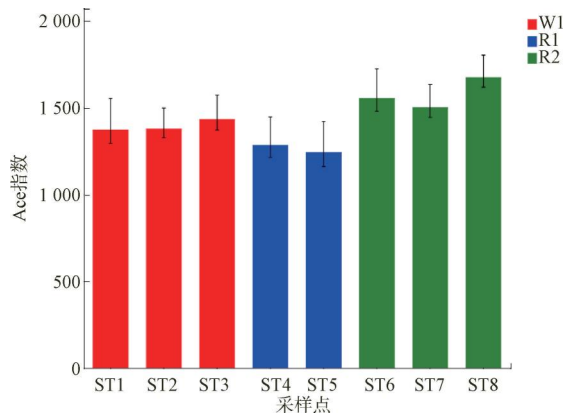


图 5 水体样点 Ace 多样性指数

Fig. 5 Ace Diversity Index of Water Samples

相关,嗜热油菌纲 (Thermoleophila) 与 COD_{Cr} 呈显著正相关, γ -变形菌纲与 TN 呈显著正相关,芽单胞菌纲 (Gemmatimonadetes)、Syntrophobacteria 纲、Kryptonia 纲与 TN 呈显著负相关,弯曲杆菌纲与氨氮呈正相关,弯曲杆菌纲、梭杆菌纲 (Fusobacteriia) 与 TP 呈正相关。

3 讨论

3.1 再生水回用水体水质分析

通过对再生水回用水体断面进行理化因子检测

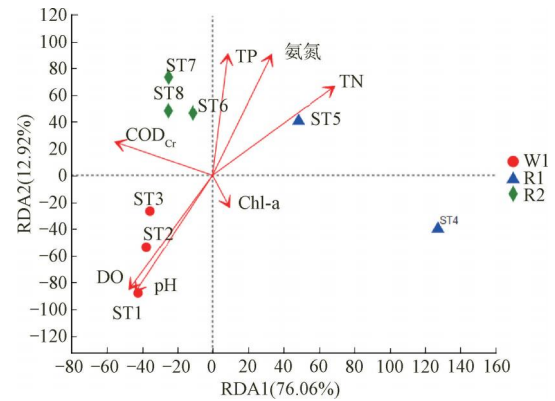


图 6 水库浮游细菌群落结构与环境因子的 RDA 分析(属水平)

Fig. 6 RDA Analysis of Bacterioplankton Community Structure and Environmental Factors in the Reservoir (Genus Level)

并进行单因子评价及营养状态评价,结果表明:回用湿地水质优于河道回用水质。湿地 (ST1~ST3) 满足 GB 3838—2002 Ⅲ类标准。河道 (ST4~ST8) 除 TN 指标外基本满足 GB 3838—2002 中 V 类标准, TN 质量浓度为 2.54~3.17 mg/L。营养状态指数表明,回用于湿地的水体 (ST1~ST3) 营养状态为中营养状态,水质水平良好;回用河道的水体 (ST4~

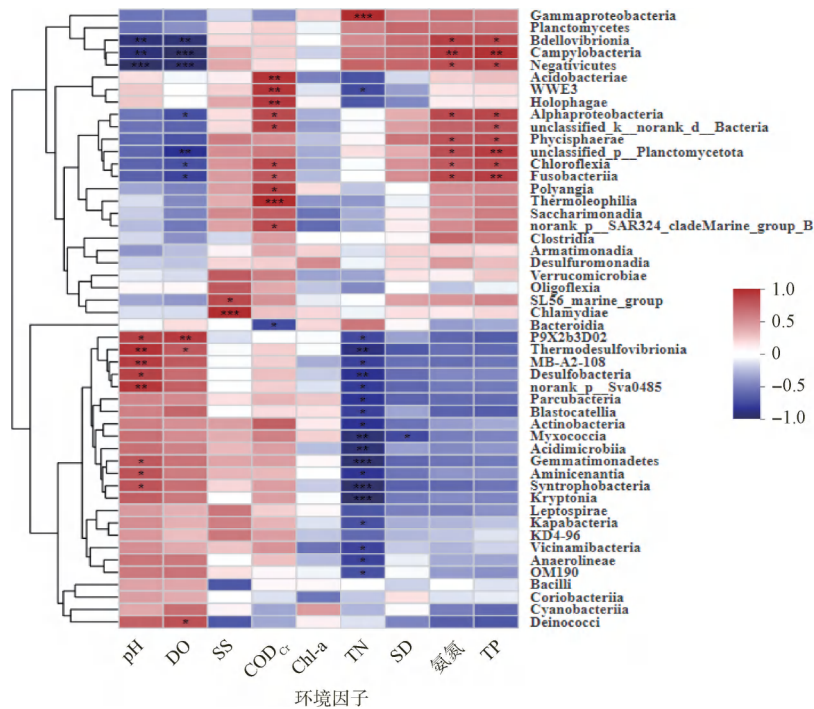


图 7 样本物种(纲水平)与环境因子相关性 Heatmap 图

Fig. 7 Heatmap Diagram of Correlation between Sample Species (Class Level) and Environmental Factors

ST8) 营养状态集中为轻度富营养状态, 水质水平为轻度污染。

对回用水体的氮、磷营养盐浓度进行分析, 湿地氮、磷营养盐浓度均明显低于河道浓度。这表明高铁公园湿地对于再生水的净化效果明显, 可有效降低再生水补水时可能带来的生态风险, 这与以往人工湿地对污水处理研究结果一致^[20], 湿地系统中基质填料及其维管束植物对氮、磷营养盐的去除发挥了重要净化作用^[21]。目前, 国际上认为 TN 质量浓度为 0.2 mg/L、TP 质量浓度为 0.02 mg/L 为水体发生富营养化的阈值^[22]。该项目回用水体河道 TN 平均质量浓度为 2.80 mg/L, 显著高于该阈值, 表明水体富营养化发生概率较大, 但富营养化的暴发由藻类的异常增殖决定, 藻类生长除受到营养盐的影响外, 还与水文、温度、光照等自然因素密切相关。在营养盐控制方面, 较多学者对于水体藻类生长的限制因子提出了磷限制^[23]、氮限制^[24]、氮磷双限制^[25]学说, 且藻类对不同形态氮的利用的优先顺序不同, 具体为氨氮>NO₃-N>简单有机氮(如尿素和氨基酸等)^[26], 故针对回用水体氮元素浓度严重超标现状, 对于藻类不同形态氮利用情况进行后续拓展研究具有重要现实意义。

3.2 浮游藻类对水体理化因子响应特征

浮游藻类是水体生态系统中重要的初级生产者, 浮游藻类的密度、生物量及优势种可一定程度上对水体的污染状态进行反应^[27]。通过对再生水回用浮游藻类检测并分析, 结果表明, 回用水体各采样点浮游藻类密度和生物量均相对较低, 尤其在再生水回用的起始点位最低, 随后沿补水路径依次上升。藻类密度: ST5>ST2>ST6>ST8>ST1>ST7>ST3>ST4, 其中, ST4 点位藻类密度最低, 而 ST4 点位为靠近再生水大量补水最近的检测断面, 分析原因为再生水在管网输配或存储过程中存在余氯或消毒副产物等, 其水质特征并不适宜部分浮游藻类生长^[28]。藻类生物量: ST5>ST8>ST4>ST6>ST2>ST3>ST7>ST1, 且在生物量水平上硅藻门藻类优势种较多, 以往研究^[29]表明, 硅藻占据优势种的浮游藻类群落是水质污染较轻水体的特征, 而蓝绿藻型藻类群落则意味着水体富营养化程度较高。

回用水体的优势种主要以中心硅藻纲硅藻、小型丝状蓝藻、绿藻和囊裸藻为主, 优势种均为富营养水体常见物种, 均为耐污种。绿藻门的衣藻常在氮、

磷较高的水体中占优势, 是水体超富营养化的潜在指示种, 同时也表明水体可为富营养化常见物种提供较好的生存条件, 存在水体富营养化恶化的趋势。此外, 裸藻门的物种多适宜生存在有机质非常丰富水体, 除 ST1 和 ST5 检测点外, 其余点位囊裸藻均占优势, 这与点位有机质含量相对较高密切相关。藻类多样性指数分析表明, 各位点物种多样性较低, 总体处于 α -中污染或 β -中污染, 个别点位为重污染状态。TLI 指数表明水体呈中营养、轻度富营养化状态, 但藻类物种多样性却较低, 分析原因这与再生水水质特点密切相关, 水处理过程中的消毒工艺会残留化学物质, 抑制部分藻类生长^[30], 导致藻类生物多样性较低, 且促使蓝藻及硅藻占据较大生态位成为主要优势藻种^[31], 增加了受纳景观水的水华暴发概率。

3.3 浮游细菌对水体理化因子响应特征

再生水回用水体浮游细菌主要优势门为变形菌门、放线菌门、拟杆菌门、蓝细菌门、芽单胞菌门。芽单胞菌门为土壤中重要细菌门之一, 且该门细菌与浮游藻类密切相关, 该门细菌可附着在硅藻门和蓝藻门藻类表面^[32], 该门细菌与藻类的协同竞争关系有待进一步分子水平探究。回用水体主要优势纲为 γ -变形菌纲、放线菌纲、拟杆菌纲、蓝藻细菌纲、 α -变形菌纲。这与以往多数研究^[33-34]所鉴定出的典型海洋、湖泊及河流中浮游细菌优势类群相似。回用水体降低了微生物群落的多样性, Ace 多样性指数表明, 回用水体浮游细菌多样性排序依次为藻江河西支(ST6~ST8)>高铁公园湿地(ST1~ST3)>东风大沟(ST4~ST5)。水体理化因子对回用水体的浮游细菌丰度影响具体表现在, 高铁生态公园(ST1~ST3)浮游细菌群落丰度与 DO、pH 具有较强相关性; 东风大沟(ST4)作为靠近回用水量最大的检测点位, 其浮游细菌丰度与氮、磷营养盐相关关系并不显著, 分析原因该点位细菌多样性受到尾水消毒产物余氯等影响可能性较大; 东风大沟(ST5)、藻江河西支(ST6~ST8)与氮、磷营养盐相关关系密切。再生水回用景观水经历了将生化水转变为生态水的过程, 然而转变过程中微生物群落结构的改变机制以及对微生物削减污染物功能的影响值得进一步研究。

4 结论

(1) 以再生水为水源补给景观水可改善水体水

质及营养状态,本研究中再生水回用至高铁公园湿地水质改善效果优于回用至河道。湿地(ST1~ST3)水质水平满足 GB 3838—2002 Ⅲ类标准,营养状态为中营养状态。河道(ST4~ST8)水质除 TN 外基本满足 V 类标准,营养状态集中为轻度富营养状态。

(2)再生水的回用可使浮游藻类的丰度和生物量维持在较低水平,且最终形成以硅藻为主要优势种的藻类群落结构。再生水回用景观水中调查出浮游藻类 52 种,其中绿藻门和硅藻门物种数占比最高(17 种),蓝藻门为 8 种,裸藻门为 5 种,甲藻门为 2 种,隐藻门为 2 种,金藻门 1 种。在浮游藻类密度和生物量水平上,硅藻门浮游藻类为主要优势藻,各采样点的藻类密度在 $1.08 \times 10^6 \sim 4.37 \times 10^6 \text{ L}^{-1}$ 。在浮游藻类生物量水平上,生物量在 $0.82 \sim 4.82 \text{ mg/L}$ 。

(3)再生水回用降低了水体微生物多样性,回用水体浮游细菌多样性随补水路径逐渐升高,排序依次为东风大沟(ST4~ST5)<高铁公园湿地(ST1~ST3)<藻江河西支(ST6~ST8)。再生水回用水体浮游细菌主要优势门为变形菌门、放线菌门、拟杆菌门、蓝细菌门。与环境因子的相关性方面,东风大沟(ST5)、藻江河西支(ST6~ST8)与氮、磷营养盐相关关系密切,东风大沟(ST4)作为靠近回用水量最大的检测点位与氮磷营养盐相关关系并不显著。

参考文献

[1] 张国珍,孙加辉,武福平.再生水回用的研究现状综述[J].净水技术,2018,37(12):40-45.
ZHANG G Z, SUN J H, WU F P. General review of current situation in research of reclaimed water reuse technology[J]. Water Purification Technology, 2018, 37(12): 40-45.

[2] 贺丽,徐竟成.再生水回用于景观水体的风险分析与经验对策[J].资源节约与环保,2017(11):83-83,86.
HE L, XU J C. Risk analysis and empirical countermeasures of reclaimed water reuse for landscape water[J]. Resource Conservation and Environmental Protection, 2017(11): 83-83, 86.

[3] 罗彪,孙丹焱,郑涛,等.基于底栖动物群落特征的再生水回用河道环境质量评价[J].环境保护科学,2021,47(1):64-70.
LUO B, SUN D Y, ZHENG T, et al. Environmental quality assessment of river with reclaimed water based on characteristics of benthic communities[J]. Environmental Protection Science, 2021, 47(1): 64-70.

[4] 刘晓静.城市污水处理厂尾水回用于景观水体的试验研究[D].青岛:青岛理工大学,2014.
LIU X J. Study on reuse of treated water from municipal wastewater treatment plant in scenery water[D]. Qingdao: Qingdao University of Technology, 2014.

[5] FROST P C, PEARCE N J T, BERGER S A, et al. Interactive effects of nitrogen and phosphorus on growth and stoichiometry of lake phytoplankton[J]. Limnology and Oceanography, 2023, 68(5): 1172-1184.

[6] WOOLWAY R I. The pace of shifting seasons in lakes[J]. Nature Communications, 2023, 14: 2101. DOI: 10.1038/s41467-023-37810-4.

[7] 郭晓瑜.再生水景观回用与藻类的控制研究[D].西安:西安建筑科技大学,2017.
GUO X Y. Investigation of reclaimed water reuse for landscape water and control of algae growth[D]. Xi'an: Xi'an University of Architecture and Technology, 2017.

[8] 余颖男,孙丹焱,郑涛,等.污水厂再生水回用于城市内河的生态修复效果及安全性评价[J].环境工程,2021,39(6):1-5,26.
YU Y N, SUN D Y, ZHENG T, et al. Ecological restoration effect and safety evaluation of reclaimed water from sewage treatment plant for urban rivers[J]. Environmental Engineering, 2021, 39(6): 1-5, 26.

[9] HUISMAN J, CODD G A, PAERL H W, et al. Cyanobacterial blooms[J]. Nature Reviews Microbiology, 2018, 16(8): 471-483.

[10] LI K X, HU J M, LI T, et al. Microbial abundance and diversity investigations along rivers: Current knowledge and future directions[J]. Wiley Interdisciplinary Reviews: Water, 2021, 8(5): e1547. DOI: 10.1002/wat2.1547.

[11] LIN Y, WANG L Y, XU K, et al. Algae biofilm reduces microbe-derived dissolved organic nitrogen discharges: Performance and mechanisms[J]. Environmental Science & Technology, 2021, 55(9): 6227-6238.

[12] LECLERC C, REYNAUD N, DANIS P A. Temperature, productivity, and habitat characteristics collectively drive lake food web structure[J]. Global Change Biology, 2023, 29(9): 2450-2465.

[13] COMTE J, LOVEJOY C, CREVECOEUR S, et al. Co-occurrence patterns in aquatic bacterial communities across changing permafrost landscapes[J]. Biogeosciences, 2016, 13(1): 175-190.

[14] WAGG C, SCHLAEPI K, BANERJEE S, et al. Fungal-bacterial diversity and microbiome complexity predict ecosystem functioning[J]. Nature Communications, 2019, 10(1): 1-10.

[15] CHEN S F, ZHOU Y Q, CHEN Y, GU J. Fastp: An ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor[J]. Bioinformatics, 2018, 34

- (17): i884–i890. DOI: 10.1093/bioinformatics/bty560.
- [16] MAGOČ T, SALZBERG S L. FLASH: Fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. *Bioinformatics*, 2011, 27(21): 2957–2963.
- [17] EDGAR R C. UPARSE: Highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. *Nat Methods*, 2013, 10(10): 996–998.
- [18] STACKEBRANDT E, GOEBEL B M. Taxonomic note: A place for DNA-DNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology[J]. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 1994, 44(4): 846–849.
- [19] WANG Q, GARRITY G M, TIEDJE J M, et al. Naive bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, 73(16): 5261–5267.
- [20] 王亮. 复合垂直流人工湿地对污水深度处理研究[D]. 合肥: 合肥工业大学, 2016.
- WANG L. Advanced treatment of urban sewage by integrated vertical flow constructed wetland[D]. Hefei: Hefei University of Technology, 2016.
- [21] 张晓一, 陈盛, 查丽娜, 等. 表面流人工湿地和复合型生态浮床处理污水厂尾水的脱氮性能分析[J]. *环境工程*, 2019, 37(6): 46–51.
- ZHANG X Y, CHEN S, CHA L N, et al. Analysis on nitrogen removal performance in treatment of wastewater treatment plant effluent with surface flow constructed wetland and integrated ecological floating-bed[J]. *Environmental Engineering*, 2019, 37(6): 46–51.
- [22] ZHOU Z J, LIU Y Q, WANG S Y, et al. Interactions between phosphorus enrichment and nitrification accelerate relative nitrogen deficiency during cyanobacterial blooms in a large shallow eutrophic lake [J]. *Environmental Science & Technology*, 2023, 57(7): 2992–3001.
- [23] SCHINDLER D W, HECKY R E, FINDLAY D L, et al. Eutrophication of lakes cannot be controlled by reducing nitrogen input: Results of a 37-year whole-ecosystem experiment [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2008, 105(32): 11254–11258.
- [24] MA J, QIN B, PAN W, et al. Controlling cyanobacterial blooms by managing nutrient ratio and limitation in a large hyper-eutrophic lake: Lake Taihu, China[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2015, 27(1): 80–86.
- [25] CONLEY D J, PAERL H W, HOWARTH R W, et al. Controlling eutrophication: Nitrogen and phosphorus [J]. *American Association for the Advancement of Science*, 2009, 323(5917): 1014–1015.
- [26] LEE J, PARKER A E, WILKERSON F P, et al. Uptake and inhibition kinetics of nitrogen in *Microcystis aeruginosa*: Results from cultures and field assemblages collected in the San Francisco Bay Delta, CA[J]. *Harmful Algae*, 2015, 47: 126–140. DOI: 10.1016/j.hal.2015.06.002.
- [27] 陈佳林, 孔凡青, 余海军, 等. 白洋淀湿地浮游植物多样性分析及水质评价[J]. *湖北农业科学*, 2021, 60(19): 59–64, 74.
- CHEN J L, KONG F Q, YU H J, et al. Biodiversity analysis of phytoplankton and water quality evaluation in Baiyangdian Wetland [J]. *Hubei Agricultural Sciences*, 2021, 60(19): 59–64, 74.
- [28] 刘彦华, 周家中, 吴迪, 等. 城市污水再生利用的原位处理与集中处理分析与实践[J]. *给水排水*, 2021, 57(2): 67–70, 75.
- LIU Y H, ZHOU J Z, WU D, et al. Comparison between in-situ treatment and centralized treatment of wastewater reclamation and application [J]. *Water & Wastewater Engineering*, 2021, 57(2): 67–70, 75.
- [29] 胡智华, 林妙丽, 李港, 等. 城市闸控河流浮游植物群落结构特征及影响因素[J]. *环境科学学报*, 2021, 41(9): 3631–3640.
- HU Z H, LIN M L, LI G, et al. Phytoplankton community characteristics and influencing factors of the urban gate-controlled rivers [J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2021, 41(9): 3631–3640.
- [30] NIE X, LIU W, ZHANG L, et al. Genotoxicity of drinking water treated with different disinfectants and effects of disinfection conditions detected by umu-test[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2017, 56(6): 36–44.
- [31] CARPENTER S R, COLE J J, PACE M L, et al. Early warnings of regime shifts: A whole-ecosystem experiment [J]. *Science*, 2011, 332(6033): 1079–1082.
- [32] LU H Y, YANG L Z, ZHANG S Q, et al. The behavior of organic phosphorus under non-point source wastewater in the presence of phototrophic periphyton[J]. *PLoS One*, 2014, 9(1): e85910. DOI: 10.1371/journal.pone.0085910.
- [33] JENKINS J R, VIGER M, ARNOLD E C, et al. Biochar alters the soil microbiome and soil function: Results of next-generation amplicon sequencing across Europe[J]. *GCB Bioenergy*, 2017, 9: 591–612. DOI: 10.1111/gcbb.12371.
- [34] HAN M, GONG Y, ZHOU C, et al. Comparison and interpretation of taxonomical structure of bacterial communities in two types of lakes on Yun-Gui plateau of China[J]. *Scientific Reports*, 2016, 6(1): 1–12.