

湘江长沙段污染沉积物中微生物群落结构 与污染物关联性的研究*

高 健 邓先余 许爱清 康 健

(湖南科技大学生命科学院 湘潭 411201)

摘要 采用 ICP-AES 测试方法及 PCA 和 PCR-RFLP 分析技术,研究了湘江长沙段污染沉积物中微生物群落结构(主要是古细菌群落结构)与污染物的关联性。结果表明: (1) 三个取样区域的不同污染物的污染程度呈现出明显的差异性; (2) 所取样点的微生物群落结构主要分布在广古菌门(Euryarchaeota)和泉古菌门(Crenarchaeota)两个分区,其中 75%的克隆隶属于 Euryarchaeota 中的甲烷微菌纲(Methanomicrobia),这表明 Methanomicrobia 是所测样品的优势古生菌; (3) 进一步研究发现,基于 OTUs 数据和理化特性数据的 PCA 分析的结果具有一致性,因此,样品的污染状况明显影响微生物群落结构的组成。

关键词 PCR-RFLP 分析技术, ICP-AES 测试方法, PCA 分析, 系统发育分析, 群落结构
中图分类号 X172

湘江是流经湖南省境内的最大河流,也是湖南省生活用水及工农业生产的主要供应水源之一。近年来,在长沙、株洲、湘潭城市群工农业快速发展的同时,湘江流域中各种有机质或重金属污染日益加剧。重金属在水体中积累到一定程度,不但有可能通过食物链直接或间接地影响到湘江沿岸 4000 万人的身体健康(如日本由于汞污染引发的“水俣病”和由镉污染造成的“骨痛病”就是典型例证),而且也会成为长沙、株洲、湘潭城市群及周边地区可持续发展的严重障碍(王秋衡等, 2004; Wang *et al.*, 2008; 余光辉等, 2010)。水体重金属污染已成为当今世界上最严重的环境问题之一(乔胜英等, 2007),而如何科学有效地解决重金属对水体的污染已经成为当今世界各国政府以及广大环保工作者研究的热点(许秀琴等, 2007; 邓先余等, 2009)。

目前,水体重金属污染的修复治理主要有物理处理法、化学处理法和生物处理法,其中生物处理法因其高效、低廉且简便易行而最具应用前景(刁维萍等, 2003),尤其是原位微生物修复技术,既经济又可

避免二次污染(丁凯等, 2005; 王莹, 2008)。因此,了解受污染河流中微生物的群落结构与污染物的关联性,不仅有助于判断污染物对水环境的影响,还可通过人为改变环境条件,提高受污染河流的自净效率。

本研究对湘江长沙段周边水体的微生物群落结构与污染物的关联性进行调查,旨在为开发具有潜在应用前景的原位微生物来治理和修复污染的河流和湖泊等水生环境提供理论指导,同时也为进一步阐明微生物对环境适应机理等生态学理论问题提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 沉积物样品收集

为全面反映湘江长沙段排污口沉积物污染状况,根据湘江上中下游的区域划分,以湘江三座主干桥梁为主要划分对象,对其附近的排污口环境污染状况进行初步调查和研究,分别选取湘江二桥(XE)、湘江一桥(XY)以及猴子石大桥(HZ)三个采样区域,共设 5 个采样站位(XE1 和 XE2 分别与 XY3 相距约 3km

* 湖南省自然科学市州联合基金资助项目, 10JJ9004 号; 湖南省教育厅资助项目, 09C378 号。高 健, 博士, 副教授, E-mail: xtgojian@yahoo.com.cn

收稿日期: 2010-08-31, 收修改稿日期: 2010-11-23

和 2.8km, XY3 分别与 HZ4、HZ5 相距约 5.0km 和 4.2km)。采用点状取样法在取样总体中按梅花形取 5 个样方, 每个样方的长宽一致。每个样点的取样量为 250g。取样点的经纬度分别为: XE1: 28°13'40"N, 112°58'08.76"E; XE2: 28°13'24.6"N, 112°58'05.86"E; XY3: 28°11'59.87"N, 112°57'07.14"E; HZ4: 28°08'27.34"N, 112°56'49.98"E; HZ5: 28°08'34.60"N, 112°56'50.76"E。

1.2 沉积物样品的元素分析

沉积物样品的金属元素分析采用电感耦合等离子体原子发射光谱仪[ICP-AES; Baird Plasma Spectrovac PS-6(N+1)]完成。

1.3 沉积物样品的微生物多样性

1.3.1 总 DNA 的提取

沉积物样品总 DNA 的提取采用文献描述的方法进行(Zhou *et al.*, 1996)。获得的基因组 DNA 采用 OMEGA 公司生产的 E.Z.N.A. 基因组 DNA 纯化试剂盒纯化。

1.3.2 细菌 16S rRNA 基因的 PCR 扩增

纯化后的 DNA 进行 16S rRNA 基因扩增。采用的古菌通用引物分别为: 1492R (5'-GGT TAC CTT GTT ACG ACT T-3') 和 25F(5'-TCY GGT TGA TCC YGC CRC-3')。扩增程序为: 94 40s, 55 40s, 72 45s, 共 30 个循环, 然后 72 延伸 8min。PCR 产物采用琼脂糖凝胶电泳检测。

1.3.3 PCR 产物的纯化、克隆及酶切分析

扩增的 PCR 产物用 TOYOBO 公司生产的 MagExtractor[®]-PCR & GelCleanUp DNA 凝胶回收试剂盒纯化。纯化的 PCR 产物连接到 T 载体后, 再转化到感受态大肠杆菌, 进行蓝白斑筛选, 挑取阳性克隆子。菌落 PCR 产物用于限制性片段长度多样性(RFLP)分析, 采用双酶切的限制性内切酶为 *Msp* I 和 *Hin* PI (New England Biolabs, Beverly, Mass)。RFLP 分析方法根据文献进行(Yin *et al.*, 2007)。

1.3.4 测序及系统发育分析

36 个具代表性的 16S rDNA 克隆子被选择用来测序。测序由上海生工公司完成。所测序列首先采用 BLASTN 程序进行同源搜索(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>)。根据同源序列搜索结果, 下载相关菌种的 16S rDNA 序列, 与供试菌株的序列放在一起, 用 MEGA4.1 软件进行匹配排列, 然后采用邻接法(Neighbor-Joining)进行系统树的构建(Saitou *et al.*, 1987), 并用 BOOTSTRAP 软件对进化树进行 1000 次可信度分析(Felsenstein, 1985)。

1.3.5 统计学分析

基于样品的地球化学成分, 每个取样点的主成分分析(Principal-component analysis, PCA)采用 SYSTAT 统计学分析软件包(version 13.0; SPSS, Inc., Chicago, IL)进行。每个样点的 Shannon-Weaver index H' (多样性指数)根据公式 $H' = -\sum (pi) (\log_2 pi)$ 计算获得, 公式中, pi 代表每一个可操作分类单元(OTU)的比例(Dopson *et al.*, 2003)。

1.3.6 核苷酸序列登录号

所有获得的 16S rDNA 序列均被递交到 GenBank 数据库, 其核苷酸登录号分别为 JF304112 至 JF304147。

2 结果

2.1 样品的元素分析

采用 ICP-AES 法, 五个样品的元素分析结果见表 1 和表 2, 一共测量了 37 种金属元素和 6 种非金属元素。从表 1 和表 2 来看, 五个样点中, 样点 XE2 的重金属含量最高, 包括 Hg、Au、Co、Pb、Ni、Cd、Pd、W、Ce、Ga 等。这表明, 在所有测试的样点中 XE2 的污染程度最严重; 而样点 XY3 的金属元素 Ca 和 Mg 的总含量最高, 暗示着该样点的硬水浓度高于其它几个样点; 相比之下, 样点 HZ4 的主要污染物是 Ba。在所测的五个样点中, 重金属如 Hg、Cd、Pb、Cr 和非金属如 As 的含量普遍超出了国家水质标准(CJ94-1999)。此外, 含氮量也明显处于较高的水准。总之, 元素分析表明, 湘江河流处于严重的污染状态, 尤其是重金属污染和有机污染。

2.2 样品的 PCA 分析

为了考察样品的两两相关性, 所取五个沉积物样品的 PCA 分析结果见图 1A。结果表明, 样品 XE1 与 XY3, 样品 HZ4 与 XE2 两两聚在一起, 表明这两组样品具有相似的污染程度。而 HZ5 很明显不同于其它样品。此外, PCA 分析结果进一步表明, 主成分 PC1 解释了整个初始变量的 73.5%, 而主成分 PC2 解释了整个初始变量的 18.3%, 两者共同解释了整个变量的 91.8%。根据主成分分析的原理, 当累积方差贡献率大于 85%时, 即可用来代表研究样本的变异信息。因此, 用 PC1 和 PC2 两个主成分因素, 可以综合反映出所取湘江排污口沉积物重金属变异情况。

2.3 16S rDNA 克隆文库的 RFLP 分析

通过 RFLP 分析, 对五个样品沉积物中的克隆子数进行分析, 共研究了 707 克隆子数。结果表明, 沉积物中微生物多样性相当高, 共发现 349 个可操作的分类单元(OTU)。RFLP 分析显示, 不同的样点中其

OTU 的数量存在明显的差异性, 如在 XE2 样点, 仅有 88 个 OTU 被发现, 而在 HZ5 样点, 其 OTU 的数量高达 137 个。

表 1 湘江排污口沉积物样品的金属元素分析(mg/g)
Tab.1 Metal concentrations in the outfall sediments of the Xiangjiang River (mg/g)

元素	采样点				
	XE1	XE2	XY3	HZ4	HZ5
Au	0.394	0.5883	0.3823	0.5449	0.3256
Cu	0.7952	0.8664	0.8769	0.731	0.6685
Co	0.1633	0.2065	0.0986	0.1698	0.1202
Pb	2.7548	3.4718	2.6068	2.7718	2.7104
Cd	0.0051	0.008	0.0022	0.0066	0.003
Ag	—	—	—	—	—
Ni	0.3929	0.4949	0.2565	0.4737	0.3038
Cr	0.9892	1.0972	0.7969	1.0532	0.8915
Hg	2.5236	3.1611	2.5174	2.895	2.7588
Sn	1.8185	3.2535	1.651	1.8647	1.7359
Zn	3.6135	5.4128	2.5454	4.7008	2.8503
Ta	1.5232	2.1173	1.174	1.8191	1.2805
Pt	—	—	—	—	—
La	0.4408	0.6732	0.4386	0.519	0.5257
Sc	0.1008	0.1382	0.1095	0.1219	0.1208
W	0.95	1.6835	0.7742	1.3441	1.1703
Ce	0.2859	1.062	0	0.5032	0.0469
Mn	19.0736	28.1463	16.6305	27.0333	10.3597
Nb	0.0423	0.0943	0.0214	0.0366	0.032
Ti	30.4191	40.5733	36.3701	36.9859	37.9879
Y	0.1743	0.247	0.1625	0.2337	0.2043
Mo	0.9245	0.9214	0.6279	0.6813	0.5873
Nd	—	—	—	—	—
Ga	0.6997	1.2157	0.3022	0.8039	0.2334
V	0.8883	1.2171	0.9025	1.1206	0.9262
Pd	0.2141	0.3865	0.0131	0.2575	0.1998
Sb	3.3061	4.22	3.2508	3.6775	4.1956
In	0.8261	1.1018	0.4845	0.8405	0.6285
Zr	1.1044	1.3746	1.0652	1.3187	1.1873
Ba	2.5592	3.0388	2.5356	5.1706	3.2241
Ca	57.0387	67.0048	124.576	55.139	39.0515
Al	657.16	900.327	730.722	815.651	855.33
Fe	430.421	542.876	406.727	513.252	416.687
Mg	59.8181	72.0166	48.4622	66.384	63.0718
Be	0.0336	0.0499	0.0274	0.0457	0.0348
K	206.136	219.531	189.83	210.187	231.134
Na	31.0069	85.7504	51.716	69.1473	57.6721

注: “—” 表示未检出

表 2 湘江排污口沉积物样品的非金属元素分析(mg/g)
Tab.2 Nonmetal element concentrations in the outfall sediments of the Xiangjiang River (mg/g)

采样点	元素					
	B	P	S	As	Se	N(NH ₄ ⁺)
XE1	3.3967	9.9923	3.7843	3.5481	5.1274	0.0547
XE2	5.1536	11.8132	4.4372	6.2954	6.6163	0.0343
XY3	4.4496	9.2443	5.7755	3.2169	5.2038	0.0154
HZ4	6.0596	10.82	3.502	5.1512	6.1196	0.0292
HZ5	6.2633	7.7184	2.3118	4.0183	5.5702	0.0211

在所有发现的 OTU 中, 有 4 种类型的 OTU(OTU2, OTU9, OTU31, OTU33)几乎存在所有的 5 个样点中。在每个样品中, 单个克隆子即仅在单个样品中存在的克隆子占多数: XE1, 53%; XE2, 41%; XY3, 34%; HZ4, 56%; HZ5, 50%。并且每个样品中至少有 3—4 个 OTU 在整个群落中占优势。以 OTU 为基础计算出的多样性指数(*H*)(表 3)表明, 各样点的多样性相似, 并且 HZ4 中仅有 20%的克隆子出现在 HZ5 样品中。此外, 饱和性曲线也表明作者检测的克隆子数目已经足以反映整个样点微生物群落的多样性及其分布水平(数据未显示)。

2.4 系统发育分析

建立在 RFLP 分析的基础上, 总共有 36 个 16S rDNA OTU 的全序列被测定, 序列首先采用 NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>)的 BLASTN 工具进行分类鉴定, 然后采用 Neighbor-Joining 对所有可用的核酸序列进行初步的系统发育分析。基于初步的系统发育分析结果, 合适的 16S rDNA 序列子集被挑选出来并使用 CLUSTAL W 程序构建最终的系统发育树(图 2)。

由图 2 可见, 其微生物群落的结构主要分布在 2 个分区中, 即广古菌门(Euryarchaeota)和泉古菌门(Crenarchaeota)。其中 75%的克隆隶属于广古菌门中的甲烷微菌纲(Methanomicrobia), 且分为甲烷八叠球菌目(Methanosarcinales, 占 42.8%)、Methanocellales (占 8.6%)和甲烷微菌目(Methanomicrobiales, 占 25.6%)三个集团。另外一小部分的克隆属于泉古菌门, 仅占 25%。

Methanosarcinales 在除了 HZ5 的 4 个样点中被检测到, 并且与鬃毛甲烷菌 *Methanosaeta* sp. strain AJ133791 相近。Methanocellales 克隆子在 XE2 中未被检测到, 并且在 HZ5 中仅少量存在。

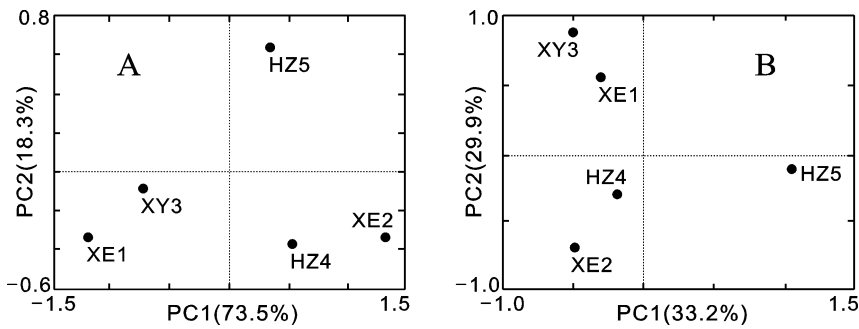


图1 湘江排污口沉积物样品的主成分分析

Fig.1 PCA analysis on major compositions of the outfall sediments of the Xiangjiang River
A. 地球化学特征的主成分分析; B. 微生物群落结构的主成分分析

表3 基于 RFLP 分析 16S rDNA 的相似性和多样性指数
Tab.3 Percent similarity and diversity index (*H*) in 16S rDNA based on the RFLP analysis

采样点	相似性(%)				<i>H</i> (%)
	XE2	XY3	HZ4	HZ5	
XE1	8.05	11.40	12.50	17.20	6.61
XE2	—	8.00	10.60	8.10	6.07
XY3	—	—	20.00	12.60	6.43
HZ4	—	—	—	14.10	6.51
HZ5	—	—	—	—	6.85

2.5 微生物群落的多样性与样品理化性状的相关性

为了考察微生物群落多样性与样品理化性状的相关性,作者运用数据分析软件 canoco for windows 对所取沉积物样品的微生物群落组成进行了 PCA 分析。其数据结果表明,主成分 PC1 解释了整个初始微生物群落变量的 33.2%,而主成分 PC2 解释了整个初始变量的 29.9%,两者共同解释了整个变量的 63.0% (图 1B)。

进一步对微生物群落组成进行 PCA 作图发现(图 1B),沉积物样品 XE1 和 XY3,样品 HZ4 和 XE2 两两聚在一起,而与样品 HZ5 明显分开,这些结果与样品的理化性状分析结果保持一致,这充分说明样品的污染状况明显影响微生物群落的组成。

3 讨论

3.1 关于污染物对微生物群落结构的影响

在一个给定的环境中,微生物群落结构的组成受到周围环境的生物地球化学和生态学特征,诸如营养物质的循环、食物网的动态变化以及有机和无机物的含量变化等因素的强力影响(Liao *et al.*, 2007; Simmons, 2004)。当前的研究表明,重金属和有机质含量强烈影响着五个样点的微生物群落结构。理

论上,丰富的有机质和厌氧环境只适合于那些以有机质作为能量来源的厌氧微生物。系统发育分析表明,五个沉积物样品中, *Methanomicrobia* 属于优势古细菌,高达 66%。事实上, *Methanomicrobia* 主要生活在有机质较为丰富、且严格厌氧的环境。研究结果表明,在富含有机质的湘江的沉积物样品中, *Methanomicrobia* 比其它的古细菌更加丰富,这种结果与样品的地球化学特征一致。由此可以推断,地球上各种各样

微生物的分布应该与它们所栖息环境的地球化学特征相符合。

另外有研究表明,污染程度较高的环境往往导致微生物群落的低丰度(尹华群, 2007),即随着污染物质的增多,其环境微生物的多样性会越来越低。在本研究中, XE2 样点中较高的重金属含量就伴随着最低程度的微生物多样性。然而情况也不尽然,如样点 HZ4,与 XY3 相比而言,其较高的重金属污染却伴随着较高的微生物多样性。事实上,已有的研究表明(Feris *et al.*, 2003),某一特定的环境中,微生物群落结构的多样性并不一定随个别环境因子的改变而改变,而很有可能是多个环境因子与微生物群落之间相互作用的结果。当然,这种关系究竟是一种稳定的现象,还是随着时间变化而出现的一种偶然现象,尚需进一步的分析来证明。

3.2 关于重金属和有机质污染水生环境的微生物修复

由于微生物具有生长旺、繁殖快、适应性强等特点,因此,利用微生物治理重金属和有机质污染的水生环境应该具有广阔的应用前景。目前,重金属或有机质污染的微生物修复技术主要是利用微生物的生物活性对重金属的亲合吸附或转化为低毒产物,或对有机质的降解,从而降低重金属或有机质的污染程度。以往的研究大多集中在从自然环境中筛选具高效生物降解或吸附能力的微生物(肖伟等, 2007; 高健等, 2010; Yan *et al.*, 2003; Siham, 2007; Ruiz *et al.*, 2008)。但一个成熟的微生物修复体系并不是由单一菌种构成的,而应该是一个非常复杂的系统,不仅包括细菌,还应包括丝状真菌、酵母、藻类和原生动物等。因此,了解湘江污染沉积物中微生物群落结构与污染物的关联性,可以实现污染物对河水生态系统影响的预测、找出有利于污染物降解的为微生物菌群

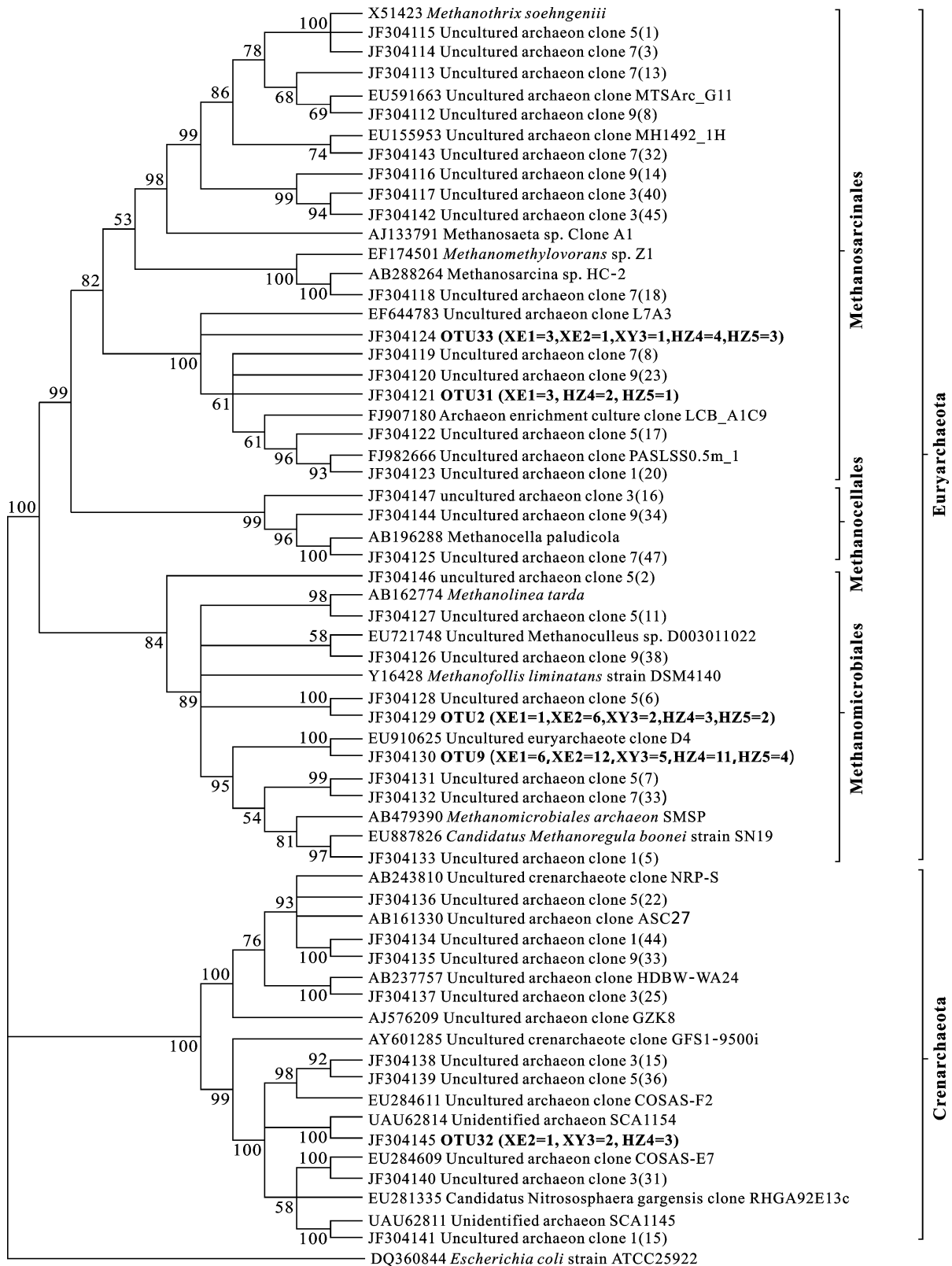


图 2 基于 Neighbor-joining 法构建的系统发育树

Fig.2 Phylogenetic tree derived from the Neighbor-joining analysis based on the 16S rDNA sequences
注: 黑体字代表主要的操作分类单元; 圆括号中的数字分别代表不同样点相应的操作分类单元所出现的频率

和发挥有效降解菌群的作用,从而为开发新型河水污染生物治理技术提供理论基础。

3.3 关于取样

在本研究中,所取沉积物样点只有五个,有限的数量或许不能完全反映出整个湘江流域的污染情况,其研究结果也不能完全代表湘江沉积物的微生物生态系统的情况,但至少可以部分反映出湘江流域微生物生态系统的多样性。而且,微生物多样性的初步研究可以为下一步更深入的研究提供有益参考。

参 考 文 献

- 丁 凯,郭泗勇,2005. 利用微生物技术治理城市河湖水质. 北京水利, 5: 3—5
- 刁维萍,倪吾钟,倪天华等,2003. 水体重金属污染的生态效应与防治对策. 广东微量元素科学, 10(3): 1—5
- 王 莹,2008. 污染河流中微生物群落结构的空变化解析. 长春: 东北师范大学出版社, 1—3
- 王秋衡,王淑云,刘美英,2004. 湖南湘江流域污染的安全评价. 中国给水排水, 20(8): 104—106
- 尹华群,2007. 在铜矿矿坑水微生物群落结构与功能研究中基因芯片技术的发展与应用. 长沙: 中南大学出版社, 35—37
- 邓先余,高 健,谭树华等,2009. 一株甲胺磷高效降解菌——巴氏葡萄球菌(*Staphylococcus pasteurii*)的筛选及其分子鉴定. 海洋与湖沼, 40(5): 551—555
- 乔胜英,蒋敬业,向 武等,2007. 武汉市湖泊中重金属污染状况. 水资源保护, 23(1): 45—48
- 许秀琴,朱 勇,杨 挺等,2007. 水体重金属污染的危害及其修复技术. 污染防治技术, 20(4): 67—69
- 肖 伟,王 磊,张思维等,2007. 六价铬还原细菌 *Bacillus cereus* S5.4 的筛选鉴定及还原特性研究. 工业微生物, 37(6): 1—6
- 余光辉,陶建军,李博超,2010. 湖南省湘江流域环境污染的安全性研究. 环境科学与管理, 35(5): 9—12
- 高 健,邓先余,康 健等,2010. 一株分离于湘江污染水域的酵母(*Candida fermentati*)的鉴定及其 Cd^{2+} 的吸附特性. 海洋与湖沼, 41(3): 327—333
- Dopson M, Baker-Austin C, Koppineedi P R *et al*, 2003. Growth in sulfidic mineral environments: Metal resistance mechanisms in acidophilic microorganisms. *Microbiology*, 149(8): 1959—1970
- Felsenstein J, 1985. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution*, 39: 783—791
- Feris K, Ramsey P, Frazar C *et al*, 2003. Differences in hyporheic-zone microbial community structure along a heavy-metal contamination gradient. *Applied and Environmental Microbiology*, 69(9): 5563—5573
- Liao P C, Huang B H, Huang S, 2007. Microbial community composition of the Danshui river estuary of Northern Taiwan and the practicality of the phylogenetic method in microbial barcoding. *Microbial Ecology*, 54(3): 497—507
- Ruiz C G, Tirado V R, Gil B G, 2008. Cadmium and zinc removal from aqueous solutions by *Bacillus jeotgali*: pH, salinity and temperature effects. *Bioresource Technology*, 99: 3864—3870
- Saitou N, Nei M, 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4: 406—425
- Siham A A, 2007. Removal of Lead and Copper by some filamentous fungi isolated from Riyadh region. *World Journal of Agricultural Sciences*, 3(4): 458—467
- Simmons M P, 2004. Independence of alignment and tree search. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 31(3): 874—879
- WANG Li-xia, GUO Zhao-hui, XIAO Xi-yuan *et al*, 2008. Heavy metal pollution of soils and vegetables in the midstream and downstream of the Xiangjiang River, Hunan Province. *Journal of Geographical Sciences*, 18(3): 352—363
- Yan G Y, Viraraghavan T, 2003. Heavy-metal removal from aqueous solution by fungus *Mucor rouxii*. *Water Research*, 37: 4486—4496
- Yin H Q, Qiu G Z, Wang D Z *et al*, 2007. Comparison of microbial communities in three different mine drainages and their bioleaching efficiencies to low grade of chalcopyrite. *Journal of Central South University of Technology*, 14(4): 460—466
- Zhou J Z, Bruns M A, Tiedje J M, 1996. DNA recovery from soils of diverse composition. *Applied and Environmental Microbiology*, 62(2): 316—322

CORRELATION BETWEEN POLLUTANTS AND MICROBIAL COMMUNITY STRUCTURE IN THE OUTFALL SEDIMENTS OF THE XIANG-JIANG RIVER NEAR CHANGSHA CITY

GAO Jian, DENG Xian-Yu, XU Ai-Qing, KANG Jian

(*School of Life Sciences, Hunan University of Science and Technology, Xiangtan, 411201*)

Abstract Using ICP-AES, PCA and PCR-RFLP methods, correlations between pollutants and microbial community structure, mostly the community structure of archaea, in the outfall sediments of the Xiangjiang River near Changsha City were studied. ICP-AES analysis indicated that there were significant differences between the pollution levels of three sampling areas. In five sampling sites, a total of 707 screened clones were selected and categorized into 349 operational taxonomic units (OTUs) using restriction enzyme analysis. Phylogenetic analysis showed that the sequenced clones mostly belonged to two phylums: Crenarchaeota and Euryarchaeota, in which Methanomicrobia accounted for 75% of the total clones. Furthermore, the results of PCA analysis on OTUs distribution in these five sampling sites were consistent with those from the PCA analysis on geochemical characteristics. This consistency fully demonstrated that the composition of microbial communities can be significantly affected by pollution level. The results obtained in this study may be important not only in further clarifying microbial adaptation mechanism to the environment, but also in providing theoretical basis and guidance for microbial remediation of polluted environment.

Key words PCR-RFLP analysis technology, ICP-AES testing method, PCA analysis, Phylogenetic analysis, Community structure