

学校编码: 10384

分类号 \_\_\_\_\_ 密级 \_\_\_\_\_

学号: 200426103

UDC \_\_\_\_\_

厦 门 大 学

\_\_\_\_\_ 硕 士 \_\_\_\_\_ 学 位 论 文

南极中山站生活污水及石油污染区域  
细菌多样性分析

Phylogenetic Analysis of Bacterial Communities in  
Sewage and Oil Contaminated Soils  
from Zhongshan Station

林曦

指导教师姓名: 曾润颖 教授

专 业 名 称: 生物化学与分子生物学

论文提交日期: 2007 年 4 月 22 日

论文答辩时间: 2007 年 6 月 3 日

学位授予日期: 2007 年 月 日

答辩委员会主席: \_\_\_\_\_ 杨丰 \_\_\_\_\_

评 阅 人: \_\_\_\_\_

2007 年 6 月

# 厦门大学学位论文原创性声明

兹提交的学位论文，是本人在导师指导下独立完成的研究成果。本人在论文写作中参考的其他个人或集体的研究成果，均在文中以明确方式标明。本人依法享有和承担由此论文产生的权利和责任。

声明人（签名）：

年 月 日



# 目 录

摘 要 .....	1
Abstract .....	3
1. 前言 .....	5
1.1 南极生态学研究简介 .....	5
1.1.1 南极概况 .....	5
1.1.2 中山站简介 .....	5
1.1.3 人类科考活动造成的影响 .....	6
1.2 中山站污染分析 .....	7
1.2.1 排污口生活污水排放 .....	7
1.2.2 石油及其衍生物污染 .....	11
1.3 生物技术在分子微生物生态学上的应用 .....	18
1.3.1 用于分子微生物生态学的主要方法 .....	18
1.3.2 分子生态学的常用技术 .....	20
1.3.3 生物技术在种群结构鉴定中的应用 .....	22
1.4 极端微生物的研究在南极环境保护上的意义 .....	24
1.4.1 低温微生物基础研究概述 .....	24
1.4.2 低温微生物在生物修复中的应用 .....	26
1.5 本论文的思路、目的和意义 .....	30
2 材料与方法 .....	32
2.1 材料 .....	32
2.2 基本方法 .....	38
3 结果与分析 .....	46
3.1 南极中山站土壤总 DNA 的提取 .....	46
3.1.1 不同样品总 DNA 提取结果 .....	46
3.1.2 DNA 提取效率检测 .....	46
3.1.3 粗提 DNA 的纯化 .....	47
3.2 南极中山站排污口土壤细菌群落结构调查 .....	48
3.2.1 基因组 DNA 序列的 PCR 扩增 .....	48
3.2.2 16S rDNA PCR 扩增片断的 DGGE 分析 .....	48
3.2.3 序列分析 .....	48
3.2.4 16S rDNA 序列扩增 .....	51
3.2.5 16S rDNA 序列 RFLP 分析 .....	51
3.2.6 细菌 16S rDNA 克隆文库的构建 .....	52
3.3 南极中山站石油污染调查 .....	68
3.3.1 石油污染物降解基因检测分析 .....	68
3.3.2 石油污染范围探查 .....	68
3.3.3 <i>alkB</i> & <i>xyIE</i> 基因克隆文库的构建 .....	70
3.3.4 <i>alkB</i> & <i>xyIE</i> 的 RFLP 分析 .....	71
3.3.5 南极中山站土壤石油污染生物降解细菌组成分析 .....	72
3.3.6 <i>xyIE</i> 基因土壤含量定量检测 .....	75
4 讨论 .....	77
4.1 南极土壤中总 DNA 的提取 .....	77

4.2 利用变性梯度凝胶电泳 (DGGE) 进行微生物多样性研究方面的几点认识.....	78
4.3 南极中山站土壤细菌多样性分析及污染调查.....	80
4.3.1 南极中山站排污口 2005 年样品微生物群落结构 DGGE 法分析.....	80
4.3.2 南极中山站排污口 2005&2006 年样品微生物群落结构 RFLP 法分析... ..	82
4.3.3 南极中山站石油污染综合调查.....	84
5 总结.....	86
参考文献.....	88
致谢.....	98
附录一 采样位点图示.....	99

厦门大学博硕士论文摘要库

# CATALOG

Abstract in Chinese.....	1
Abstract in English.....	3
<b>1. Prelegomenon .....</b>	<b>5</b>
<b>1.1 Introduction of Antarctic ecology .....</b>	<b>5</b>
1.1.1 Antarctica.....	5
1.1.2 Zhongshan Station, Antarctica.....	5
1.1.3 Impact of human activity.....	6
<b>1.2 Contamination Analysis of Zhongshan Station .....</b>	<b>7</b>
1.2.1 Sewage contamination .....	7
1.2.2 Oil contamination.....	11
<b>1.3 Application of Bio-technologies in molecular microbial ecology .....</b>	<b>18</b>
1.3.1 Chief approaches in molecular microbial ecology.....	18
1.3.2 Basic technologies in molecular ecology.....	20
1.3.3 Application in analyzing community structure .....	22
<b>1.4 Importance of psychrophiles application in bioremediation .....</b>	<b>24</b>
1.4.1 Review of psychrophiles.....	24
1.4.2 Application of psychrophiles in bioremediation .....	26
1.5 Necessity of this study.....	30
<b>2 Materials and methods .....</b>	<b>32</b>
2.1 Materials .....	32
2.2 Methods.....	38
<b>3 Results and analysis .....</b>	<b>46</b>
<b>3.1 Extraction of total DNA from Antarctic soils.....</b>	<b>46</b>
3.1.1 Production of Total DNA from different samples .....	46
3.1.2 Efficiency of DNA production.....	46
3.1.3 Purification of total DNA .....	47
<b>3.2 Study of bacterial community structure in sewage contaminated soils from Zhongshan Station, Antarctica.....</b>	<b>48</b>
3.2.1 PCR amplification of 16S rDNA fragment.....	48
3.2.2 DGGE .....	48
3.2.3 Sequence.....	48
3.2.4 PCR amplification of 16S rDNA.....	51
3.2.5 RFLP .....	51
3.2.6 Establishment of bacterial 16S rDNA gene Library .....	52
<b>3.3 Study of oil contamination in Zhongshan Station, Antarctica.....</b>	<b>68</b>
3.3.1 Detection of bioremediating genes of oil contaminants .....	68
3.3.2 Investigation of oil contaminated area .....	68
3.3.3 Establishment of <i>alkB</i> & <i>xylE</i> libraries .....	70
3.3.4 RFLP analysis of <i>alkB</i> & <i>xylE</i> genes diversity .....	71
3.3.5 Diversity of bioremediating genes of oil contaminants in Zhongshan Station, Antarctica.....	72
3.3.6 Quantitative study of <i>xylE</i> genes amounts in soils.....	75

<b>4 Discussion</b> .....	77
<b>4.1 Extraction of total DNA from Antarctic soils</b> .....	77
<b>4.2 DGGE application in studying in the study of microbial diversity</b> .....	78
<b>4.3 phylogenetic analysis of bacterial communities in soils from Zhongshan Station, Antarctica</b> .....	80
<b>4.3.1 DGGE analysis of sewage contaminated soils(2005)</b> .....	80
<b>4.3.2 RFLP analysis of sewage contaminated soils(2005&amp;2006)</b> .....	82
<b>4.3.3 Study of oil contamination in Zhongshan Station, Antarctica</b> .....	84
<b>5 Summary</b> .....	86
<b>Reference</b> .....	88
<b>Acknowledge</b> .....	98
<b>Appendix Sampling sites</b> .....	99

厦门大学博硕士学位论文摘要库

## 摘要

随着南极研究的深入进行,人类的科学考察活动对南极环境造成的影响越来越引起重视。本文针对南极中山站周围生活污水、石油污染两大问题进行分析,采集了 2005、2006 两个年份的相关区域的环境样品,研究了样品中微生物多样性、群落结构,及其逐年的变化;建立了石油污染降解相关的 *xyIE* 基因的定量 PCR 检测技术。为我国在南极活动中的环境评估,科考活动方案制订,以及参与国际南极活动提供科学依据。

以南极中山站排污口及其右侧 50 米处土壤为研究对象,经土样采集、DNA 提取、纯化后,使用 341f+534r 通用引物进行扩增,得到包含 V3 可变区的 16SrDNA 片段。经变性梯度凝胶电泳(DGGE)及测序分析发现,相较于右侧 50 米处,排污口土壤样品中细菌组成结构上并未发生较大变化,但由于受到污水浸泡影响,两处土壤上下层的生物量分布上出现了差异,受到污染的排污口土壤不同于其右侧 50 米处土壤的上层明显远远高于下层的分布情况,上下层生物量几乎一致。而原核藻类 *Chlorella sp.* 的富集以及外源性的肠道传染性微生物 *Trichococcus pasteurii*、*Dolosigranulum pigrum* 的检出进一步说明了排污口土壤样品受污染的情况。尽管污水的排放并没有对排污口土壤中的微生物生态造成极为严重的破坏,但其造成的影响已经非常明显。

另一项关于污水排放的研究以 2005、2006 两年排污口上下层土壤样品,加上对照样品 2006 排污口左侧 100m 处土壤为研究对象,通过对其分别构建环境样品的微生物 16S rDNA 克隆文库,采用 PCR-RFLP 分析、16S rDNA 序列测定以及系统发育分析的方法,调查研究了污水排放对土壤微生物生态的影响以及持续排放所引发的土壤微生物多样性的变化。结果表明两年排污口土壤具有完全不同于作为对照的排污口左侧 100m 处土壤的细菌多样性及细菌组成结构。调查发现污水排放造成的影响有: i. 两年排污口土壤样品细菌多样性远大于排污口左侧 100m 处,而 2006 年排污口下层土壤样品又明显高于 2005 年的排污口下层; ii. 两年排污口下层土壤中均发生了明显的肠道细菌富集的现象; iii. 两年排污口土壤中均发现一定数量的外来细菌,他们除具有特殊有机物的降解能力,且在环境中已经形成了一定的数量。



关于南极中山站石油污染状况的研究是通过广泛考察南极中山站可能受石油污染的各站位,以分析土壤中石油降解型微生物生态结构的方式,来估计因石油实用而造成的影响。在分析了石油污染物的主要成分后,针对可降解 C<sub>6</sub>-C<sub>12</sub> 烷烃的 *alkB* 基因和降解甲苯和二甲苯的 *xylE* 基因,分别设计引物 *alkB* F&R 和 *xylE* F&R 对各站位以 PCR 的方法对各站位土壤进行检测。扩增结果显示,垃圾焚烧处 b 下层(10-20cm)土壤中检测出了 *alkB* 基因,而在垃圾焚烧处 a 和 b 的上层(0-10cm)和下层土壤中,均发现了 *xylE* 基因的存在。在对污染范围的调查中发现,*xylE* F&R 可以分别在距离垃圾焚烧处 b 不同距离(0-10m)的上下层土壤中有效检测出 *xylE* 基因,而 *alkB* 却不能有效扩增。进一步以 RFLP 对 *xylE* 基因的扩增片断进行分析发现,虽然检测出的 *xylE* 来源丰富,但克隆主体集中于 5 个基因型,超过 2/3 的多数来源于 *Pseudomonas sp. ST41* 和 *Pseudomonas stutzeri*。实验结果表明,在对南极土壤的石油污染影响调查中,对于 *xylE* 基因的检测比 *alkB* 更能准确反映环境受污染的状况;而南极中山站各站位检测结果表明,垃圾焚烧处 a 和 b 均受到了较为严重的石油污染,污染范围约为 10m,深度超过 20cm;垃圾焚烧处 a、b 均为造成该处石油污染的中心地区,两处土壤中的 *xylE* 基因拷贝数已经达到了 10<sup>6</sup> 个/克土壤。

通过上述三项实验,我们对人为活动引发的污染污水排放及石油使用所造成的影响,尤其是对土壤微生物生态上的影响有了比较深入的认识。

关键词: 南极中山站; 污水; 石油污染; 微生物多样性; 生物降解

## Abstract

More and more attention has been attracted to the Antarctic environmental contamination caused by human activities, as the study about Antarctica developed. Aiming for a better understanding about the sewage and oil contamination, we collected soil samples from suspected sites in both 2005 and 2006, and studied the microbial diversity, community structure and their changes between two years. Moreover, based on quantitative PCR method, we established an approach to assessing the concentration of *xylE* gene in soils. The study can be a reference for Antarctic scientific research, especially in estimating environment, planning for scientific activities and participating international cooperation about Antarctica investigation.

Denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) was used to assess the impact of bacterial community of sewage contaminated soil in Zhongshan Station (Antarctica). The investigation was conducted on the soil samples which were collected respectively from sewage contaminated and uncontaminated areas in 2005. Both the DGGE profiles and bands sequencing showed that there are significant differences between the two samples, although they are quite similar in community structure. In the aspect of amount of microorganism, uncontaminated surface soil (0-10cm) was much more than subsurface one (10-20cm), whereas sewage contaminated soil show little difference in depth. In addition, the enrichment of *Chlorella sp.* and existence of some infective pathogen in sewage contaminated soil also provide some clues to assess the influence cause by sewage.

Beside PCR-DGGE, microbial 16S rDNA libraries of sewage contaminated soils (collected in 2005 and 2006) were constructed and studied by PCR-RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) and phylogenetic analysis based on 16S rDNA sequences. The microbial diversity and community structure in these two sites, after comparison with uncontaminated soil sample (collected from a close but sewage-proof site in 2006), revealed that two sewage contaminated site contained

much more abundant 16S DNA phylotypes. Another comparison indicated that subsurface soil (10-20cm) collected in 2006 provided over two times phylotypes than 2005 subsurface soil (10-20cm) of sewage site. In addition, an enrichment of several phylotypes belonged to *Enterobacteriaceae* was observed in two sewage contaminated site (both surface and subsurface layer). The existence of some non-indigenous but organic matter reducing bacteria also showed the clear impacts caused by sewage water.

The primary focus of the other study was on investigating the soils from Zhongshan Station (Antarctica) and detecting the area of petroleum contamination. DNA was extracted from ten soil samples from assumed contaminated sites and PCR was used for screening the presence and frequency of the catabolic genes responsible for toluene and xylene (*xylE*), C<sub>6</sub>-C<sub>12</sub> n-alkanes (*alkB*) and naphthalene (*ndoB*) biodegradation. The detection of *alkB* in subsurface soil (10-20cm) of incinerator b and *xylE* in both upper (0-10cm) and lower layer (10-20cm) of incinerator a and b showed that incinerators may be seriously contaminated sites for garbage burning. Only *xylE* can be detected as far as 10m from the incinerator b in both upper and lower layer. PCR-RFLP analysis with *Afa I* and *Msp I* indicated that a majority of clones possessed the same restriction pattern as *Pseudomonas sp. ST41* and *Pseudomonas stutzeri*. The result indicates that (i) *xylE* detection is more sensitive than *alkB* in evaluating the soil after the petroleum-contamination events; (ii) the soil of incinerator a and b were severely contaminated and the range of contamination is supposed beyond the area of a radius of 10m of the incinerator b and 20cm at least in depth. At last, the result of quantitative PCR showed that an average of 10<sup>6</sup> copies/g soil was detected in two incinerators.

Key words: Zhongshan Station; sewage; oil contamination; microbial diversity; bioremediation

## 1. 前言

### 1.1 南极生态学研究简介

#### 1.1.1 南极概况

南极洲, 位于南极点四周, 为冰雪覆盖的大陆, 周围岛屿星罗棋布。南极洲的面积, 包括南极大陆及其岛屿面积共约  $1,400,000\text{km}^2$ , 占世界陆地面积的 10%, 与美国和墨西哥面积之和相当, 是中国陆地面积的 1.45 倍, 澳大利亚陆地面积的 2 倍, 为世界第五大陆。南极洲四周围绕着多风暴且易结冰的南大洋, 为大西洋、太平洋和印度洋的延伸, 面积约  $38,000,000\text{ km}^2$ , 为方便研究, 称为世界第五大洋。南极洲距离南美洲最近, 中间隔着只有 970km 的德雷克海峡; 距离澳大利亚约有 3,500km; 距离非洲约有 4,000km; 与中国北京的距离约有 12,000km。南极洲是由冈瓦纳大陆分离解体而成, 是世界上最高的大陆, 平均海拔 2,350m。横贯南极山脉将南极大陆分成东西两部分。这两部分在地理和地质上差别很大。东南极洲是一块很古老的大陆, 据科学家推算, 已有几亿年的历史。它的中心位于难接近点, 从任何海边到难接近点的距离都很远。东南极洲平均海拔高度 2,500m, 最大高度 4,800m。在东南极洲有南极大陆最大的活火山, 即位于罗斯岛上的埃里伯斯火山, 海拔高度 3,795m, 有四个喷火口。西南极洲面积只有东南极洲面积的一半, 是个群岛, 其中有些小岛位于海平面以下。但所有的岛屿都被大陆冰盖所覆盖。较古老的部分(包括有玛丽伯德地南部、埃尔斯沃思地、罗斯冰架和毛德皇后地)有一由花岗岩和沉积岩组成的山系。该山系向南延伸至向北突出的南极半岛的中部。西南极洲的北部, 即较高的部分是由第三纪地质时期的火山运动所造成的。南极洲的最高处—文森山地(5,140m)位于西南极洲。

#### 1.1.2 中山站简介

中国南极中山站建成于 1989 年 2 月 26 日, 以中国民主革命的伟大先驱者孙中山先生的名字命名。中山站位于东南极大陆伊丽莎白公主地拉斯曼丘陵的维斯托登半岛上, 其地理坐标为南纬 69 度 22 分 24 秒、东经 76 度 22 分 40 秒, 距离北京 12553.160 千米, 与北京的方位角为 32 度 30 分 50 秒。中山站所在的拉斯曼丘陵, 地处南极圈之内, 位于普里兹湾东南沿岸, 西南距艾默里冰架和查尔斯王子山脉几百千米, 是进行南极海洋和大陆科学考察的理想区域。离中山站不

远处有澳大利亚的劳基地和俄罗斯的进步站。

中山站建站十年来，经过多次扩建，现也初具规模，有各种建筑 15 座，建筑面积 2700 平方米，其中包括办公栋、宿舍栋、气象栋、科研栋和文体娱乐栋，以及发电栋、车库等。站上生活齐备，可以满足考察队员的工作和生活需要。每年可接待度夏考察人员 60 名、越冬考察人员 25 名。站上拥有各种车辆十多辆，可以满足交通运输、施工和科学考察的需要。其中包括德国制造的 PB240 型大型雪地车 3 辆、这种雪地车，即使在冬季，也可进行远程科学考察。电站由 3 台 150 千瓦和 1 台 30 千瓦柴油发电机组组成，可以保证站区生活、工作和科研等的连续用电。中山站与长城站一样，也建有污水与垃圾处理系统。此外，发电机安装有消烟和减噪声设备，可减少发电机的废气排放，防止污染大气环境。

中山站设有实验室，配备有相应的分析仪器设备，可供科学考察人员对现场资料和样品进行初步分析研究。站上的气象观测场、固体潮观测室、地震地磁绝对值观测室、高空大气物理观测室等均配备有相应的科学观测设备和仪器。中国南极考察队员在中山站全年进行的常规观测项目有气象、电离层、高层大气物理、地磁和地震等。

### 1.1.3 人类科考活动造成的影响

人们普遍认为南极大陆及其周围岛屿是地球上最后一块净土，但是这最后一块净土正在受到污染。尽管南极科学研究委员会（SCAR 组织）及各国科学考察站为避免南极环境污染做出了极大的努力，但是南极不是一个封闭体系，它通过大气环流、洋流与外界环境保持着物质与能量的交换；同时，各国科考站在南极的活动和旅游船队的商业行为不可避免地要对南极环境产生负面影响。在目前的条件下，各国科考站均不可避免的存在一些技术问题有待解决。

**极地科考的能源问题** 除了规模很小的捷克站是使用无污染的风力发电机以外，所有科考站的动力照明系统均采用柴油发电机组作为能源。柴油发电过程中产生的废气、漏油和废水正在进行极地的流体系统中。个别不负责的外国科考站甚至燃烧废气的柴油，对极地环境造成严重的影响。

**运载系统地尾气污染问题** 在极地使用的运载交通工具（海洋、陆地）并未采用特殊的环保措施，因此各类车辆、舰船等漏油、尾气问题都不同程度地存在着。

**建筑材料锈蚀的防治及其带来的环境问题** 极地考察站大多分布在沿海地带，海风的物理风化作用和化学腐蚀作用相当强烈。但是尚没有开发出可供地使用的安全有效的建筑保护材料。科考站色彩鲜艳的建筑物所使用的油漆差不多两年便脱落了，在油漆脱落与重新刷漆的过程有害化学污染是不可避免的。

**垃圾处理系统** 极地科考站的生活垃圾一般都得到了处理，但是各站处理技术的水平是不同的。实际上如果采用的技术不当，这种处理所产生的影响甚至比垃圾本身还要严重。比如在焚烧炉中焚烧垃圾所造成的对大气环境的破坏，大量饮料、食品和仪器设备的软包装全部是聚乙烯、聚丙烯、聚苯乙烯、芳香族聚酯、聚氯乙烯等难降解的材料，一般采用焚烧法处理这些垃圾，有些被任意抛弃。这样首先便产生了热污染，着色剂中的 Cd、Pb、Zn 等形成重金属污染，燃烧过程中 HCl、HF、SO<sub>2</sub> 对大气造成二次污染。在大气降水过程中，污染物又从大气进入地下水系统，使水质下降，危害极地海洋生物和海鸟的安全，同时危及苔藓和地衣类植物的生存。

**污水处理系统** 科考站的生活污水一般都进行了水质的处理，然后全部排入海洋。而清洗车辆的水源均是淡水小湖泊。这些小湖都是海鸟们的引用水源，清洗车辆机械含油渍的污水对水域的影响是相当严重的。某国科考基地附近离基地约一公里处的一处水面上发现了大面积油污，这种状况难以通过污水处理系统加以解决，实际上经过处理排入海洋的水也不能完全保证他们都干净。

**食物残体** 科考人员和旅游者可能为全球各地的生物包括微生物提供一条通向南极的渠道。在南极科考站中，冷冻罐头食品过期保存于变质的现象并不罕见，甚至引发肠胃疾病。食物垃圾中的有毒食物残体一旦被鸟类或鱼类误食，那么有毒物质将有可能通过食物链传播到南极的空间、水域和陆地上。这种担心已经被南极环境研究的成果所证实，但是目前仍没有很好的办法加以解决<sup>[1]</sup>。

## 1.2 中山站污染分析

### 1.2.1 排污口生活污水排放

#### 1.2.1.1 污水排放及处理情况

自 1954 年第一座常设科考基地在南极建立以来，44 个常设科考基地陆续在南极建立。而所有的科考基地自建立以来，生活污水均未经处理直接排入海中。1991 年南极条约国签署了关于环境保护的南极条约议定书以后，所有的科考基

地对所排放的生活污水所实行的处理方法也仅仅是浸离法<sup>[2]</sup>。研究发现,经处理的污水中所带有的微生物,在排放后仍可在南极海水及土壤的低温环境中保持长时间的存活<sup>[3]</sup>,而这样的微生物是正是潜在的传染性及致病性物质,除了可能对南极陆地上的科考人员健康造成影响,更重要的是,南极当地的生态系统,包括陆地哺乳动物,鸟类,鱼类及其他海洋脊椎动物等,都可能因此而受到破坏。

南极中山站位于东南极拉斯曼丘陵北端海滨,为长期固定站,站区生活产生的少量污水经管道集中至污水处理设备,被处理后再经管道集中排入海湾,排污口(69°22'24"S, 76° 22'40"E)位于站区东侧岸边。排污口的基本情况是每年封冰季节处于陆源固定冰区,污水沿海底冲刷流入普里兹湾;海冰溶化后海水将淹没排污口,污水随潮汐或海流汇入海湾。中山站污水处理装置由国家海洋局第三海洋研究所科技开发公司设计制造,采用厌氧生化处理工艺,系统共有 8 个水池和一套温度控制系统组成。设计要求污水处理后出水水质指标为:pH6—9, SS ≤70/L, BOD≤30mg/L, CODCr≤100mg/L<sup>[4]</sup>。虽然中山站于 1996 年安装了生物污水处理装置,但处理过的污水并未直接通入海洋,而是流经部分潮间带,最终流入海洋,污水所流之处经长时间污水冲刷已形成一条污水沟,明显有别于原始的南极海岸形貌。

### 1.2.1.2 污水成分及危险性分析

一般交换率较低的自然水体,如湖泊等,不断接纳来自生活水中的污染物,特别是一些含氮、磷较高的有机污染,使水中污染物质增加,而水体中的微生物的营养物更丰富。水环境中的自养型微生物可旺盛生长,一些藻类的个体数量迅速增加,另一些藻类种类则逐渐消失,形成少数几种藻类占绝对优势的微生物群落。由于藻类的大量繁殖,水中溶解氧减少,导致水质恶化,严重时导致水体中其他生物的中毒和死亡。当水体发生这种现象时,即表明发生了富营养化现象。中山站虽然由海洋环抱,但由于终年平均温度极低,因此水体,陆地以及空间的物质能量交换通常都维持在较低的水平。加之中山站近海水域常年冰封,水流动受到较大影响,外来的污染物质得不到较快的代谢,沉积在原地,往往容易引发潮间带及近海水域的水体富营养。

富营养化水体中由于藻类大量增殖,引起水质变化,如透明度减小。透明度与水中溶解物质和悬浮物质对光的吸收度有关。根据生态学的最小因子定律,氮

磷便成为水体富营养化的限制因子，一般对湖泊而言，总磷在 0.03mg / L 以上，无机氮在 0.5mg / L 以上就可能导致富营养化。水体从贫营养到富营养变化的过程中，水体中的浮游生物优势种发生变化，并可指示水体的富营养化程度。优势种群的变化情况如下<sup>[5]</sup>



当水体中的小环藻一类的硅藻开始失去其优势种群地位时，表明水体已经有富营养化的趋势，当水中绿藻和蓝藻大量繁殖时，水体已经富营养化。

### 1.2.1.3 污水对土壤微生物及近海生态系统的影响

中山站该站附近还有俄罗斯进步站和澳大利亚劳基地，后者仅为度夏站。中山站区产生的少量生活污水是沿岸海域的主要污染源之一。中山站度夏期间经处理后排放的生活污水的主要污染物为化学耗氧量和无机磷。连续监测发现，中山站度夏期间平均污水排放量为 222L/(人·天)；化学耗氧量排放量为 1.66×104mg/(人·天)；无机磷排放量为 1.28×103mg/(人·天)。经处理后排放的生活污水的主要污染物为化学耗氧量和无机磷，其中化学耗氧量平均浓度为 74.6mg/L，无机磷平均浓度为 5.75mg/L。pH 变化范围为 7.1-8.3。各项指标峰值均出现在晚餐期间。化学耗氧量平均浓度为 74.6mg/L，符合我国国家环保局颁布的废污水排放标准(<100mg/L)。无机磷平均浓度为 5.75mg/L，超过国家污水一级



Degree papers are in the "[Xiamen University Electronic Theses and Dissertations Database](#)". Full texts are available in the following ways:

1. If your library is a CALIS member libraries, please log on <http://etd.calis.edu.cn/> and submit requests online, or consult the interlibrary loan department in your library.
2. For users of non-CALIS member libraries, please mail to [etd@xmu.edu.cn](mailto:etd@xmu.edu.cn) for delivery details.

厦门大学博硕士论文摘要库