

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第37卷 第2期

Vol.37 No.2

2016

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

编者按 (403)

我国化学品的风险评价及风险管理 王铁宇,周云桥,李奇锋,吕永龙 (404)

土地利用回归模型在大气污染时空分异研究中的应用 吴健生,谢舞丹,李嘉诚 (413)

中国2000~2010年生态足迹变化特征及影响因素 黄宝荣,崔书红,李颖明 (420)

关中地区冬季PM_{2.5}中碳气溶胶的污染特征及来源解析 田鹏山,曹军骥,韩永明,张宁宁,张蓉,刘随心 (427)

利用SPAMS研究南宁市冬季单颗粒气溶胶化学成分 刘慧琳,宋红军,陈志明,黄炯丽,杨俊超,毛敬英,李宏姣,梁桂云,莫招育 (434)

南京夏季市区VOCs特征及O₃生成潜势的相关性分析 杨笑笑,汤莉莉,张运江,母应峰,王鸣,陈文泰,周宏仓,花艳,江蓉馨 (443)

北京城区气传花粉季节特征及与气象条件关系 孟龄,王效科,欧阳志云,任玉芬,王巧环 (452)

重庆垃圾焚烧厂汞的分布特征与大气汞排放因子研究 段振亚,苏海涛,王凤阳,张磊,王书肖,余斌 (459)

三峡库区腹地大气微量金属干湿沉降特征 张六一,刘源,乔保清,付川,王欢博,黄怡民,杨复沫 (466)

长沙近地面水汽中稳定同位素的监测与分析 谢宇龙,章新平,姚天次,黄煌 (475)

青藏高原内陆典型冰川区“冰川-径流”汞传输过程 孙学军,王康,郭军明,康世昌,张国帅,黄杰,丛志远,张强弓 (482)

西藏湖泊沉积物重金属元素特征及生态风险评估 郭泌汐,刘勇勤,张凡,侯居峙,张宏波 (490)

坦噶尼喀湖东北部入湖河流沉积物重金属分布特征与生态风险评价 余成,陈爽,张路 (499)

近百年来新疆博斯腾湖多环芳烃的组成及变化特征 沈贝贝,吴敬禄,赵中华,曾海鳌,金苗 (507)

舟山青浜岛不同环境介质中PAHs的分布特征 郑煌,邢新丽,顾延生,桂福坤,祁士华,黄煊芳 (513)

模拟排水沟渠非点源溶质氮迁移实验研究 李强坤,宋常吉,胡亚伟,彭聪,马强,姜正曦,琚艺萌 (520)

中田河流域景观异质性对水体总氮浓度影响研究 王晶萍,李兆富,刘红玉,王刚,辛强 (527)

江西香溪流域干湿季交替下底泥氮释放机制及其对流域氮输出的贡献 韩宁,郝卓,徐亚娟,高扬,于贵瑞 (534)

巢湖水体氮磷营养盐时空分布特征 奚姗姗,周春财,刘桂建,吴蕾,王培华 (542)

合肥城郊典型农田溪流系统沉积物磷形态及释放风险分析 裴婷婷,李如忠,高苏蒂,罗月颖 (548)

桑沟湾表层沉积物性质及对磷的吸附特征 朱佳美,曹晓燕,刘素美,王丽莎,杨桂朋,葛成凤,路敏 (558)

苏州市古城区降雨径流颗粒物粒径分布及污染物赋存形态 李淮,吴玮,田永静,黄天寅 (565)

洪泽湖有毒和无毒微囊藻丰度及其与环境因子之间的相关分析 李大命,张彤晴,唐晟凯,段翠兰,杨俊虎,穆欢,刘小维 (573)

三峡库区消落带水体CDOM中电荷转移配合物对其紫外-可见吸收光谱的影响 江韬,梁俭,张慕雪,王定勇,魏世强,卢松 (580)

pH对高锰酸钾氧化降解苯胺类化合物动力学的影响 王辉,孙波,关小红 (588)

EDTA对Pd/Fe体系还原脱氯2,4-D的影响 周红艺,聂亚中,陈勇,雷双健 (595)

镍铝层状氧化物薄膜电极的制备及其除盐性能 王婷,朱春山,胡承志 (602)

微生物对砷的氧化还原竞争 杨婷婷,柏耀辉,梁金松,霍旻,王明星,袁林江 (609)

处理水产养殖污水潜流湿地中的厌氧氨氧化菌群特征 曾宪磊,刘兴国,吴宗凡,时旭,陆诗敏 (615)

污水回用中主要病原菌解析及其紫外消毒效应 景明,王磊 (622)

异养硝化-好氧反硝化菌 *Burkholderia* sp. YX02 强化连续流反应器中微生物群落结构解析 邵基伦,曹刚,李紫惠,黄郑郑,罗恺,莫渊辉 (630)

基于新一代测序技术的A²O与BIOLAK活性污泥宏基因组比较分析 田美,刘汉湖,申欣 (638)

1株海洋异养硝化-好氧反硝化菌的分离鉴定及其脱氮特性 孙庆花,于德爽,张培玉,林学政,李津 (647)

纳米Ni/Fe用于去除染料生产废水二级生物处理出水中AOX和色度的研究 舒小铭,徐灿灿,刘锐,赵远,陈吕军 (655)

3BER-S工艺用于再生水深度脱氮同步去除PAEs的可行性 徐鹏程,郝瑞霞,张娅,王冬月,钟丽燕,徐浩丹 (662)

合成时间对钛酸盐纳米材料的影响及其吸附水中铅的性能研究 范功端,陈丽茹,林茹晶,林茜,苏昭越,林修咏 (668)

芦苇秸秆生物炭对水中菲和1,1-二氯乙烯的吸附特性 吴晴雯,孟梁,张志豪,罗启仕,杨洁 (680)

芦苇基和污泥基生物炭对水体中诺氟沙星的吸附性能 张涵瑜,王兆炜,高俊红,朱俊民,谢超然,谢晓芸 (689)

季节性温度升高对落干期消落带土壤氮矿化影响 林俊杰,张帅,刘丹,周斌,肖晓君,马慧燕,于志国 (697)

增温及秸秆施用对冬小麦田土壤呼吸和酶活性的影响 陈书涛,桑琳,张旭,胡正华 (703)

基于GIS的银川市不同功能区土壤重金属污染评价及分布特征 王幼奇,白一茹,王建宇 (710)

不同产地硅藻土原位控制土壤镉污染差异效应与机制 朱健,王平,林艳,雷明婧,陈仰 (717)

紫色土对邻苯二甲酸二甲酯的淋溶吸持特征及影响因素 王强,宋娇艳,曾微,王法 (726)

几种修复措施对Cd淋失及土壤剖面运移影响 刘孝利,曾昭霞,铁柏清,陈求稳,魏祥东 (734)

河北邯郸钢铁冶炼区周边麦田土和小麦籽粒的多环芳烃含量及其组分谱特征 吴迪,汪宜龙,刘伟健,陈源琛,付晓芳,陶澍,刘文新 (740)

湿生环境中丛枝菌根(AM)对香蒲耐Cd胁迫的影响 罗鹏程,李航,王曙光 (750)

溴酸盐对水生生物的急性毒性效应 王执伟,刘冬梅,张文娟,崔福义 (756)

自组装哑铃状Fe₃O₄微/纳米材料对十溴联苯的热催化降解 黄鑫辰,宗刚,刘焯焯,芦会杰,李倩倩,李宾克,赵彦辉,苏贵金 (765)

盐度对准好氧矿化垃圾生物反应器渗滤液处理及N₂O产生的影响 李卫华,孙英杰,刘子梁,马强,杨强 (775)

污泥直接干化尾气中恶臭污染物重要性评价:以指标权重评分法为例 丁文杰,陈文和,邓明佳,罗辉,李琳,刘俊新 (782)

《环境科学》征订启事(557) 《环境科学》征稿简则(594) 信息(419,442,781)

基于新一代测序技术的 A²O 与 BIOLAK 活性污泥宏基因组比较分析

田美^{1,2}, 刘汉湖^{1*}, 申欣^{2,3}

(1. 中国矿业大学环境与测绘学院, 徐州 221116; 2. 淮海工学院海洋学院, 连云港 222005; 3. 中国科学院北京生命科学研究院, 北京 100101)

摘要: 本研究是 A²O (anaerobic/anoxic/oxic, 厌氧/缺氧/好氧) 与百乐克 (BIOLAK) 活性污泥宏基因组比较分析的首份报告。在百乐克和 A²O 活性污泥宏基因组中, 分别检测到 47 个和 51 个门类, 超过了澳大利亚强化生物除磷 (enhanced biological phosphorus removal, EBPR)、美国强化生物除磷和 Bibby 活性污泥中所检测到的生物类群。百乐克活性污泥中所发现的门类, 均在 A²O 活性污泥中检测到。但是, 有 4 个门类仅在 A²O 活性污泥中出现。Ignavibacteriae 门在 A²O 活性污泥宏基因组中的比例 (2.044 0%) 是百乐克活性污泥 (0.637 6%) 的 3.2 倍。与此同时, 芽单胞菌门在百乐克活性污泥宏基因组中的比例是 2.467 3%, 比其在 A²O 活性污泥中的比例 (0.140 4%) 高出 17 倍多; 衣原体门在百乐克活性污泥宏基因组中的比例是 0.219 2%, 比其在 A²O 活性污泥中的比例 (0.036 0%) 高出 6 倍多。另外, 在属的层级, 有 167 个属仅在 A²O 活性污泥中检出; 与此同时, 有 50 个属仅发现于百乐克活性污泥中。因此, 在门和属的层级, A²O 与百乐克活性污泥的生物群落均存在巨大差异。然而, 在百乐克和 A²O 两个活性污泥中, 与氮、磷、硫和芳香族化合物代谢相关的功能基因比例均是非常接近的。此外, 两个活性污泥中 KEGG (Kyoto Encyclopedia for Genes and Genomes, 京都基因与基因组百科全书) 所有 6 个类别的排序均相同。同时, 氮代谢相关的功能基因分类和通路分析表明, 高丰度酶在百乐克和 A²O 宏基因组中具有相同的排序。因此, A²O 和百乐克活性污泥宏基因组比较分析显示, 两个不同的生物群落具有相似的功能分配。

关键词: 活性污泥; 宏基因组; 功能分配; 生物群落; 新一代测序技术

中图分类号: X172; X703 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2016)02-0638-09 DOI: 10.13227/j.hjck.2016.02.032

Comparative Metagenomics of BIOLAK and A²O Activated Sludge Based on Next-generation Sequencing Technology

TIAN Mei^{1,2}, LIU Han-hu^{1*}, SHEN Xin^{2,3}

(1. School of Environment Science and Spatial Informatics, China University of Mining and Technology, Xuzhou 221116, China; 2. College of Marine Science, Huaihai Institute of Technology, Lianyungang 222005, China; 3. Beijing Institutes of Life Science, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China)

Abstract: This is the first report of comparative metagenomic analyses of BIOLAK sludge and anaerobic/anoxic/oxic (A²O) sludge. In the BIOLAK and A²O sludge metagenomes, 47 and 51 phyla were identified respectively, more than the numbers of phyla identified in Australia EBPR (enhanced biological phosphorus removal), USA EBPR and Bibby sludge. All phyla found in the BIOLAK sludge were detected in the A²O sludge, but four phyla were exclusively found in the A²O sludge. The proportion of the phylum Ignavibacteriae in the A²O sludge was 2.044 0%, which was 3.2 times as much as that in the BIOLAK sludge (0.637 6%). Meanwhile, the proportion of the bacterial phylum Gemmatimonadetes in the BIOLAK sludge was 2.467 3%, which was >17 times as much as that in the A²O sludge (0.140 4%). The proportion of the bacterial phylum Chlamydiae in the BIOLAK metagenome (0.219 2%) was >6 times higher than that in the A²O (0.036 0%). Furthermore, 167 genera found in the A²O sludge were not detected in the BIOLAK sludge. And 50 genera found in the BIOLAK sludge were not detected in the A²O sludge. From the analyses of both the phylum and genus levels, there were huge differences between the two biological communities of A²O and BIOLAK sludge. However, the proportions of each group of functional genes associated with metabolism of nitrogen, phosphorus, sulfur and aromatic compounds in BIOLAK were very similar to those in A²O sludge. Moreover, the rankings of all six KEGG (Kyoto Encyclopedia for Genes and Genomes) categories were identical in the two sludges. In addition, the analyses of functional classification and pathway related nitrogen metabolism showed that the abundant enzymes had identical ranking in the BIOLAK and A²O metagenomes. Therefore, comparative metagenomics of BIOLAK and A²O activated sludge indicated similar function assignments from the two different biological communities.

Key words: activated sludge; metagenome; function assignment; biological community; next-generation sequencing technology

收稿日期: 2015-07-16; 修订日期: 2015-09-22

基金项目: 国家自然科学基金项目 (41430643)

作者简介: 田美 (1979 ~), 女, 博士研究生, 主要研究方向为水处理生物技术, E-mail: genomeresearch@163.com

* 通讯联系人, E-mail: hanhucumt@sina.com

在众多的污水处理方法中,百乐克(BIOLAK)与 A²O(anaerobic/anoxic/oxic,厌氧/缺氧/好氧)是两种广泛应用的生物污水处理工艺^[1~4]。其中,百乐克工艺是一种生物脱氮除磷的多级活性污泥处理工艺,经过多年的改进,形成利用土池结构、浮在水面的移动式曝气链、底部挂有微孔曝气头的具有一定特色的活性污泥处理系统,适合处理中小城镇居民生活污水,以及石化、制药、造纸、纺织和食品等多种行业的工业废水^[2]。A²O 工艺是传统活性污泥工艺、生物硝化及反硝化工艺和生物除磷工艺的综合,可用于二级污水处理或三级污水处理,以及中水回用,具有良好的脱氮除磷效果^[5]。迄今为止,A²O 与百乐克活性污泥的比较宏基因组学研究尚未见报道。

Sanger 测序法诞生于 20 世纪 70 年代,是世界上最早被广泛应用的 DNA 自动化测序技术,同时也是完成人类基因组计划(Human Genome Project)的基础。然而,由于该方法测序通量较低,研究人员一直在寻求通量更高、价格更便宜、速度更快、自动化程度更高的 DNA 测序技术。自 2005 年以来,以 454 技术(Roche)、Solexa 技术(Illumina)和 SOLiD 技术(ABI)为代表的新一代高通量测序技术相继诞生^[6~8]。高通量测序技术的快速发展,对相关研究领域带来革命性的影响^[9~14]。

在微生物研究领域,99% 以上的微生物都是目前未(难)被纯培养的,过去科学家对微生物世界的认识基本上都集中在不到 1% 的微生物上。Handelsman 等

人率先提出宏基因组(Metagenome)的概念,指出宏基因组是“特定生境中所有微生物遗传物质的总和”^[15]。本研究借助于不依赖扩增的宏基因组学研究原理,利用新一代高通量测序技术(Solexa),系统比较 A²O 与百乐克活性污泥宏基因组中的生物群落与功能分类,对于探讨活性污泥的反应机制、工艺改进和优化控制等具有一定的参考价值。

1 材料与方法

1.1 样本采集

活性污泥样品分别采自于江苏省连云港市大浦污水处理厂(A²O 工艺)和经济技术开发区污水处理厂(百乐克工艺)的好氧反应器(图 1)。近年来,两个污水处理厂均具有良好的污水处理性能。大浦污水处理厂主要处理生活污水,采集活性污泥样本当月的进、出水水质均值为:进水(COD = 135.3 mg·L⁻¹, BOD₅ = 50.35 mg·L⁻¹, SS = 64.5 mg·L⁻¹, NH₄⁺-N = 32.9 mg·L⁻¹, TN = 36.8 mg·L⁻¹, TP = 4.14 mg·L⁻¹, pH = 7.58)与出水(COD = 32.1 mg·L⁻¹, BOD₅ = 10.25 mg·L⁻¹, SS = 17.7 mg·L⁻¹, NH₄⁺-N = 4.77 mg·L⁻¹, TN = 6.8 mg·L⁻¹, TP = 2.21 mg·L⁻¹, pH = 6.9)。经济技术开发区污水处理厂的水质情况参见以前的报道^[16]。从两个处理厂中分别采集新鲜的污泥样品,置于冰桶中,立即运至实验室进行处理,13 000 r·min⁻¹离心 15 min 后,弃去上清液,将活性污泥储存于 -80℃ 超低温冰箱中。



来自于谷歌地图

图 1 采样地点示意

Fig. 1 Sampling location

1.2 宏基因组 DNA 提取和 Illumina 高通量测序

根据试剂盒说明书的要求,利用 QIAamp DNA 试剂盒(Qiagen)从百乐克与 A²O 工艺的活性污泥

中提取宏基因组 DNA。随后,使用 0.9% 琼脂糖凝胶电泳(Bio-Rad)和 Nano Drop 分光光度计(Thermo),对分离纯化后的 DNA 进行分析和检测。

将 10 μg 纯化后的基因组 DNA 构建末端配对文库. 根据 Illumina 公司提供的标准试验流程, 准备好插入片段大小约为 180 bp 的 DNA 文库, 然后使用 HiSeq 2000 高通量 DNA 测序平台 (Illumina) 进行测序, 分别获得 4.1 G (百乐克) 和 3.9 G (A^2O) 的活性污泥宏基因组数据 (登录号: SRR2308827). 序列的初步分析和筛选依据以前研究中的方法^[17,18].

1.3 功能分类分析

首先将 GenBank 非冗余 (nr) 数据库下载到本地服务器, 进行格式化后, 利用自编的脚本程序, 将新完成的宏基因组序列与非冗余数据库, 进行批量的 BLAST 序列比对, 将序列比对结果加载到 MEGAN 5^[19] 软件包中, 进行数据分析, 以统计各个生物类群的丰度. 对 BLASTX 比对结果进行数据分析. 利用 MG-RAST 宏基因组学研究平台 (<http://metagenomics.anl.gov/>)^[20], 获得多个宏基因组数据集, 用于比较分析不同活性污泥中的生物群落^[21]. 同时利用 MEGAN 5 中 SEED 子系统对宏基因组数据进行基因功能注释分析^[22], 与代谢相关的基因图谱是通过 KEGG Mapper 进行分析.

2 结果与讨论

2.1 门级的生物群落比较

在百乐克和 A^2O 活性污泥宏基因组中, 分别检测到 47 和 51 个门类 (图 2), 超过澳大利亚强化生

物除磷 (enhanced biological phosphorus removal, EBPR)、美国强化生物除磷和 Bibby 活性污泥中所检测到的生物类群. 百乐克活性污泥中所发现的门类, 均在 A^2O 活性污泥中检测到. 但是, 有 4 个门类仅在 A^2O 活性污泥中出现, 包括细菌门 Aminicenantes、初古菌门 Korarchaeota 及两个真核动物门: 壶菌门 Chytridiomycota (真菌) 和轮虫动物门 Rotifera (后生动物); 这一现象可能是由于污水处理工艺的不同所造成的.

Ignavibacteriae 门 (细菌) 在 A^2O 活性污泥宏基因组中的比例 (2.044 0%) 是百乐克活性污泥 (0.637 6%) 的 3.2 倍. 另外, 还有 3 个细菌门类在 A^2O 活性污泥宏基因组中的相对比例是百乐克活性污泥中的 2 倍以上, 包括硝化螺旋菌门 Nitrospirae (A^2O : 11.968 9%, 百乐克: 5.617 5%)、迷踪菌门 Elusimicrobia (A^2O : 0.012 9%, 百乐克: 0.004 5%) 和 Saccharibacteria 门 (A^2O : 0.164 7%, 百乐克: 0.077 9%). 其中, 硝化螺旋菌门是污水处理厂中执行亚硝酸盐氧化功能的关键类群^[23~28]. 同时, 9 个门类在 A^2O 活性污泥宏基因组中的相对含量, 比在百乐克活性污泥中高 10%, 包括 8 个细菌门类 (拟杆菌门 Bacteroidetes、绿弯菌门 Chloroflexi、螺旋体门 Spirochaetes、脱铁杆菌门 Deferribacteres、Cloacimonetes、热袍菌门 Thermotogae、嗜热丝菌门 Caldiserica 和梭杆菌门 Fusobacteria) 和 1 个古菌门

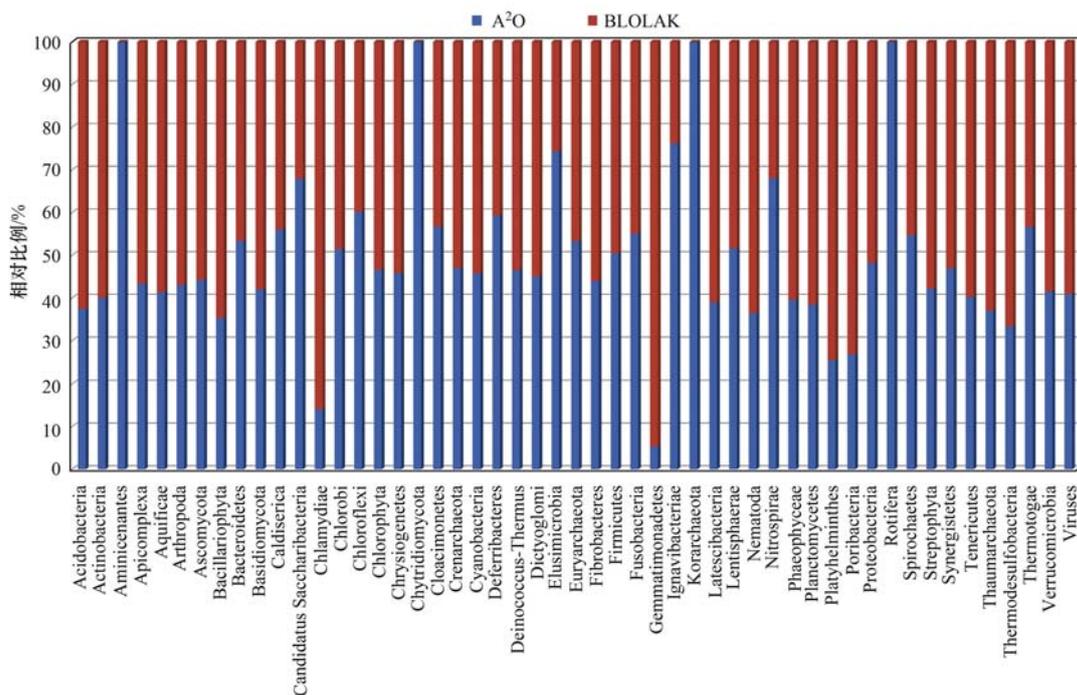


图 2 百乐克和 A^2O 活性污泥宏基因组中各门类的相对比例

Fig. 2 Relative proportions of each phylum in BIOLAK and A^2O activated sludge

类(广古菌门 Euryarchaeota).

芽单胞菌门 Gemmatimonadetes 在百乐克活性污泥宏基因组中的比例是 2.467 3%, 比其在 A²O 活性污泥中的比例(0.140 4%)高出 17 倍之多, 这个类群包含好氧的聚磷菌^[29]. 衣原体门 Chlamydiae 在百乐克活性污泥宏基因组中的比例是 0.219 2%, 比其在 A²O 活性污泥中的比例(0.036 0%)高出 6 倍之多. 海绵杆菌门 Poribacteria 和扁形动物门 Platyhelminthes 在百乐克污泥中的比例, 比其在 A²O 污泥中的比例高两倍以上. 另外, 还有 25 个门类在百乐克污泥中的比例比在 A²O 污泥中的比例高 10% 以上, 其中包括 14 个细菌门(浮霉菌门 Planctomycetes、放线菌门 Actinobacteria、酸杆菌门 Acidobacteria、疣微菌门 Verrucomicrobia、蓝菌门 Cyanobacteria、异常球菌-栖热菌门 Deinococcus-Thermus、互养菌门 Synergistetes、产水菌门 Aquificae、热脱硫杆菌门 Thermodesulfobacteria、产金菌门 Chrysiogenetes、网团菌门 Dictyoglomi、纤维杆菌门 Fibrobacteres、软壁菌门 Tenericutes 和 Latescibacteria 门)、2 个古细菌门(奇古菌门 Thaumarchaeota 和泉古菌门 Crenarchaeota)和 9 个真核动物门(链形植物门 Streptophyta、子囊菌门 Ascomycota、节肢动物门 Arthropoda、绿藻门 Chlorophyta、担子菌门 Basidiomycota、顶复门 Apicomplexa、硅藻门 Bacillariophyta、线虫动物门 Nematoda 和褐藻门 Phaeophyceae).

厌氧氨氧化过程(anaerobic ammonium oxidation, ANAMMOX)在全球氮循环中起着重要作用^[30]. 细菌参与的这一过程在 1999 年得到揭示^[31], 此发现为当时科学界的一大突破. 在这个生物过程中, 厌氧氨氧化菌利用亚硝酸盐为电子受体, 将氨氮氧化为氮气. 执行厌氧氨氧化过程的细菌属于浮霉菌门. 此门类在百乐克活性污泥中的比例为 4.762 5%, 比其在 A²O 活性污泥中的比例(2.983 5%)高 60% 多(图 2), 由此可以推断, 厌氧氨氧化过程在百乐克氮代谢中发挥着更重要的作用.

2.2 属级的生物类群比较

在百乐克和 A²O 活性污泥中共检测到 800 多个属. 在两种污泥宏基因组中丰度较高的 200 个属中, 有 167 个属仅在 A²O 活性污泥中检出, 同时还有 50 个属仅在百乐克活性污泥中检出.

在两种活性污泥中, 检测到 24 个优势属; 每一个属在至少一个活性污泥宏基因组中所占的比例超过 1% (图 3). 其中, 仅有纤维堆囊菌属 *Sorangium* 在这两种污泥中所占的比例是接近的(A²O: 2.689 5%, 百乐克: 2.764 5%). 芽单胞菌属 *Gemmatimonas* 在百乐克污泥中的比例为 5.550 2%, 是其在 A²O 污泥中比例(0.274 7%)的 20 多倍. 芽单胞菌属是一类革兰氏阴性聚磷菌^[32]. 硫杆菌属 *Thiobacillus* 在百乐克污泥宏基因组(1.762 4%)的比例比其在 A²O 污泥中的比例(0.096 8%)高出 18

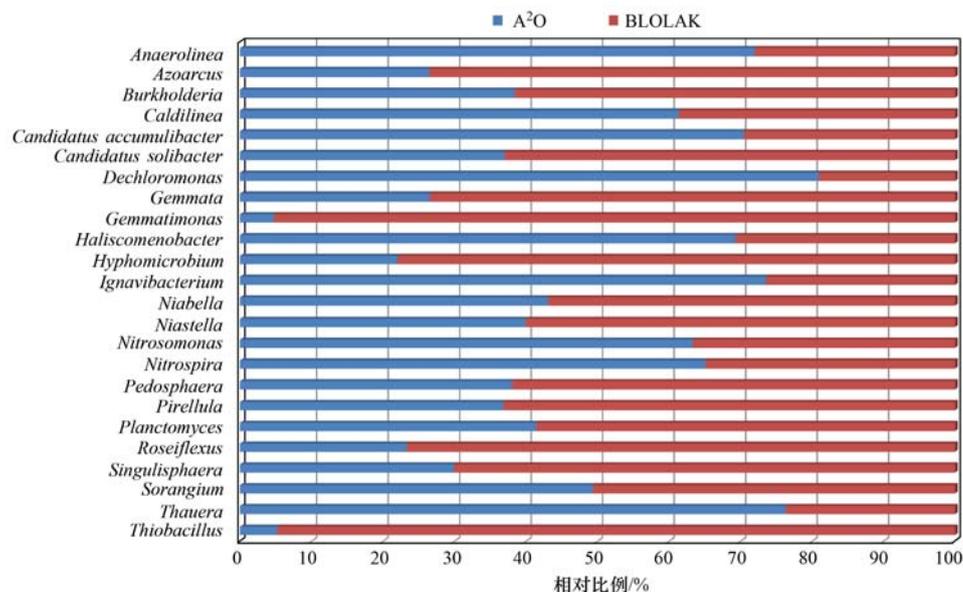


图 3 百乐克和 A²O 宏基因组中优势属(在至少 1 个宏基因组中占比超过 1%)的相对比例

Fig. 3 Relative proportions of the most abundant genera (each genus accounting for more than 1% in at least one of the metagenomes) in the BIOLAK and A²O metagenomes

倍之多. 硫杆菌属于嗜酸菌,是参与硫代谢的化能自养生物中的重要菌属^[33,34].

生丝微菌属 *Hyphomicrobium* (A^2O : 0.670 0%, 百乐克: 2.372 3%) 和玫瑰弯菌属 *Roseiflexus* (A^2O : 0.352 1%, 百乐克: 1.158 0%) 在百乐克污泥宏基因组中的比例比其在 A^2O 中的比例高 3 倍多. 另外, 有 3 个属在百乐克宏基因组中的比例比其在 A^2O 中的比例高两倍多, 包括固氮弧菌属 *Azoarcus* (A^2O : 0.492 0%, 百乐克: 1.368 6%), 芽菌属 *Gemmata* (A^2O : 0.498 7%, 百乐克: 1.381 9%) 和单球胞菌属 *Singulisphaera* (A^2O : 0.446 3%, 百乐克: 1.046 0%). 同时, 还有 7 个属比其在百乐克污泥宏基因组中的比例高 32% ~ 72%, 包括单球胞菌属 *Pirellula*、*Candidatus solibacter* 属、*Pedosphaera*、伯克氏菌属 *Burkholderia*、丝杆菌属 *Niastella*、浮霉菌属 *Planctomyces* 和 *Niabella*.

此外, 有 9 个属在 A^2O 污泥中的比例比其在百乐克污泥中高 (图 3). 脱氯单胞菌属 *Dechloromonas* 在 A^2O 污泥中的比例 (5.802 9%) 是在百乐克污泥中 (1.370 9%) 的 4 倍, 陶厄氏菌属 *Thauera* 在 A^2O 污泥中的比例 (6.283 4%) 是其在百乐克污泥中 (1.951 1%) 的 3 倍, 这两个属均具有芳香族化合物的代谢能力^[35~38]. 此外, 有 4 个属在 A^2O 宏基因组中的比例比其在百乐克中的比例高 2 倍多, 包括 *Ignavibacterium* (A^2O : 4.050 6%, 百乐克: 1.455 5%)、厌氧绳菌 *Anaerolinea* (A^2O : 2.129 0%,

百乐克: 0.829 1%)、聚磷菌 *Candidatus accumulibacter* Phosphates (A^2O : 1.360 8%, 百乐克: 0.571 5%) 和束缚杆菌 *Haliscomenobacter* (A^2O : 1.467 9%, 百乐克: 0.649 8%). 其中, *Ignavibacterium* 是一组具有多种代谢功能的化能异养菌^[39]. 另外, 聚磷菌常见于废水处理系统中, 可直接使磷富集^[40]; 在 A^2O 污泥中高丰度的聚磷菌可提高其存储和利用多聚磷酸盐的能力.

此外, 有 3 个属在 A^2O 活性污泥中所占的比例比其在百乐克中的占比高出 58% ~ 87%, 包括硝化螺旋菌属 *Nitrospira* (A^2O : 23.693 3%, 百乐克: 12.713 3%), 亚硝化单胞菌属 *Nitrosomonas* (A^2O : 2.450 9%, 百乐克: 1.422 6%) 和暖绳菌属 *Caldilinea* (A^2O : 2.834 7%, 百乐克: 1.784 3%). 其中, 硝化螺旋菌是污水处理系统中负责亚硝酸盐氧化的关键菌群^[23~28].

2.3 两种污泥宏基因组的功能分类

使用 MEGAN 5 软件中的 SEED 子系统注释两个宏基因组的功能基因 (图 4). 在两个宏基因组中丰度最高的为碳水化合物子系统 (A^2O : 13.371 6%, 百乐克: 13.507 2%). 第二大子系统是毒力基因 (A^2O : 10.196 9%, 百乐克: 10.331 6%), 其次是氨基酸及其衍生物 (A^2O : 9.578 5%, 百乐克: 9.591 0%) 和蛋白质代谢 (A^2O : 8.159 6%, 百乐克: 8.360 7%). 前 4 个一级子系统在这两个宏基因组中的排序是完全相同的.

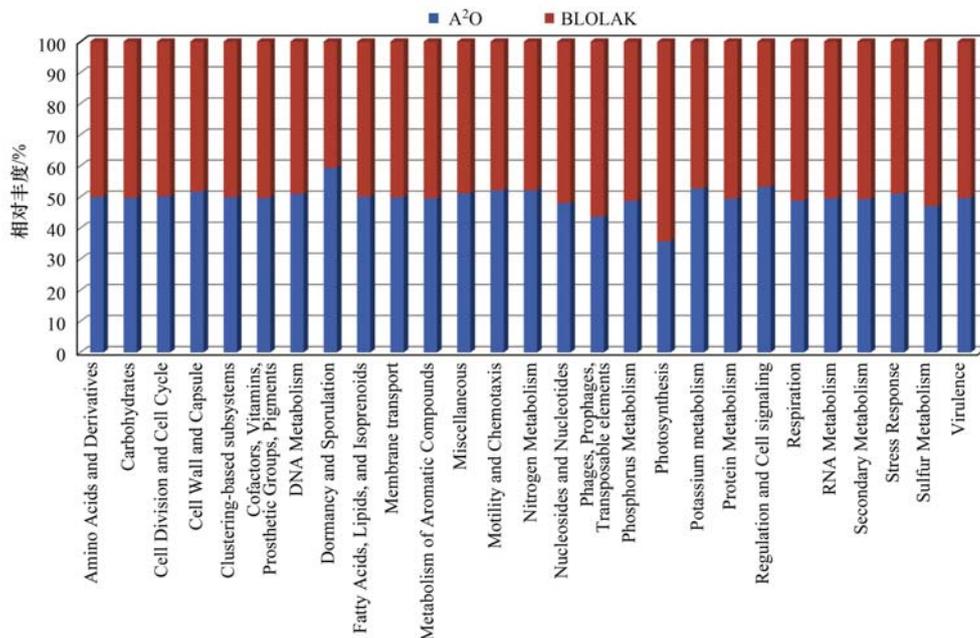


图 4 在两种污泥宏基因组中 SEED 子系统 (二级) 的相对丰度

Fig. 4 Relative abundances of SEED subsystems (Level 2) in metagenomes of the two sludges

参与氮、磷、硫和芳香族化合物代谢的功能基因,在废水处理中起着至关重要的作用,因为它们直接影响着微生物降解或同化这些化合物的能力^[41]. 氮代谢相关的基因在百乐克宏基因组中的比例为 2.4978% (图 4),与其在 A²O 宏基因组中占比接近 (2.7154%). 磷代谢相关基因在这两种污泥宏基因组中所占的比例也类似(百乐克:1.5606%, A²O:1.4838%). 此外,硫代谢相关基因在这两种污泥中所占的比例也接近(A²O:1.1490%, 百乐克:1.2932%),同样的情况也出现在芳香族化合物代谢的相关基因中(A²O:2.2353%, 百乐克:2.2781%).

通过 KEGG 对 A²O 和百乐克活性污泥宏基因组序列进行功能分析(图 5). 在这两种污泥宏基因组中所有的功能基因序列分为 6 类,其中,丰度最高的功能基因是与代谢相关的基因(A²O:69.3147%, 百乐克:70.3612%),其次是环境信息处理(A²O:12.3153%, 百乐克:11.6250%)、遗传信息处理(A²O:11.2291%, 百乐克:11.3715%)、细胞过程(A²O:3.8512%, 百乐克:3.4437%)、有机体系统(A²O:2.0420%, 百乐克:1.9210%)和疾病相关基因(A²O:1.2477%, 百乐克:1.2776%). 比较结果显示,在这两种活性污泥宏基因组中,所有 6 类 KEGG 功能基因的排序是完全相同的.

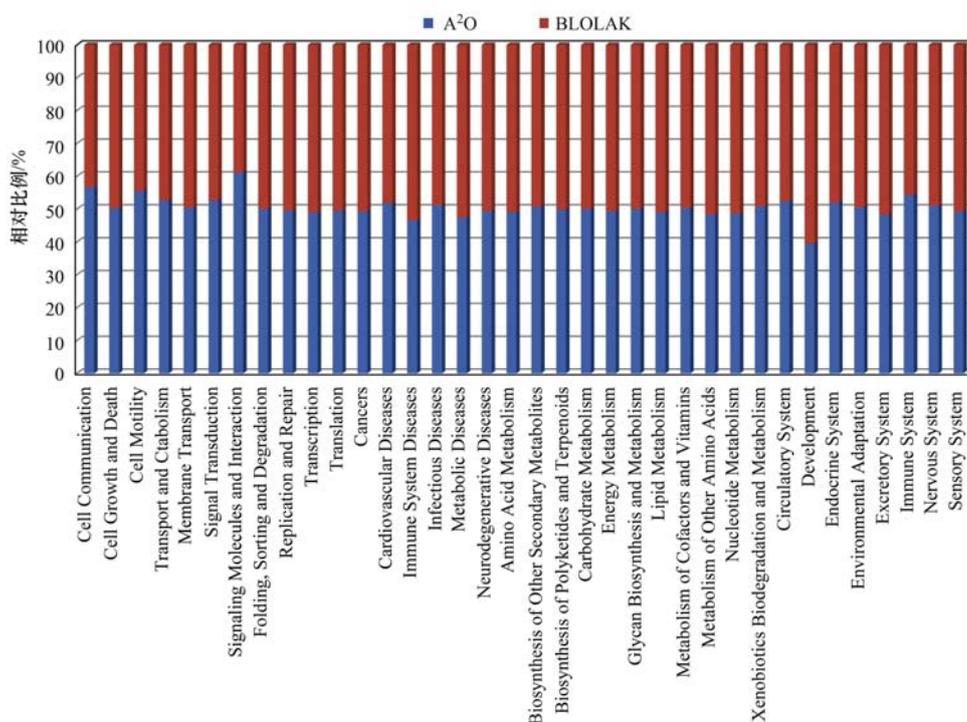


图 5 通过 KEGG 对两种污泥宏基因组进行功能分类的相对比例

Fig. 5 Relative proportions of functional classification (KEGG) in the metagenomes of the two sludges

在 KEGG 子类中,氨基酸代谢相关基因是两种污泥宏基因组中最大的类群(A²O:14.0351%, 百乐克:14.5493%). 第二和第三大类群分别是碳水化合物代谢相关基因(A²O:13.5951%, 百乐克:13.4979%)和能量代谢相关基因(A²O:10.3378%, 百乐克:10.5601%),随后是膜转运(A²O:6.9317%, 百乐克:6.8155%)、核苷酸代谢(A²O:6.0685%, 百乐克:6.3779%)及辅助因子和维生素代谢相关基因(A²O:5.7918%, 百乐克:5.7032%). 这六大 KEGG 子类群在 A²O 和百乐克污泥中的排序是完全相同的.

其它与代谢相关的 KEGG 子类在这两种污泥

宏基因组中所占的比例也是相似的,包括脂质代谢(A²O:4.7685%, 百乐克:4.9266%)、异生物质的生物降解和代谢(A²O:4.7245%, 百乐克:4.5520%)、其他氨基酸代谢(A²O:3.8489%, 百乐克:4.0939%)、聚酮和萜类化合物的生物合成(A²O:2.6341%, 百乐克:2.6394%)、聚糖的生物合成和代谢(A²O:2.1390%, 百乐克:2.1324%)和其他次生代谢产物的生物合成相关基因(A²O:1.3714%, 百乐克:1.3285%).

2.4 氮代谢相关的功能基因和通路

脱氮是活性污泥的一个重要功能,对脱氮相关生物类群的研究是活性污泥研究的一个重要组成部

分. 氮代谢相关基因广泛分布在 A²O 和百乐克活性污泥宏基因组中(图 6). 根据比对结果获得参与氮代谢 4 个过程(硝化、反硝化、氨化及固氮)的功能基因序列, 然后基于 BLAST 比对结果, 利用 KEGG 绘制图谱. 反硝化相关的功能基因序列在百乐克和 A²O 污泥宏基因组中含量最为丰富, 其次是氨化相关基因, 固氮和硝化相关基因所占的比例较小. 比较结果表明, 在氮代谢的 4 个过程中, 反硝化和氨化相关功能基因序列占主导地位, 这一结果与先前的研究一致^[42]. 在百乐克和 A²O 污泥的氮代谢中, 编码反硝化酶 EC 1.7.99.4 的基因是最丰富的, 其次是 EC 1.7.99.7 和 EC 1.7.99.6, 并且这 3 种酶在两种污泥宏基因组中的排序是完全相同的.

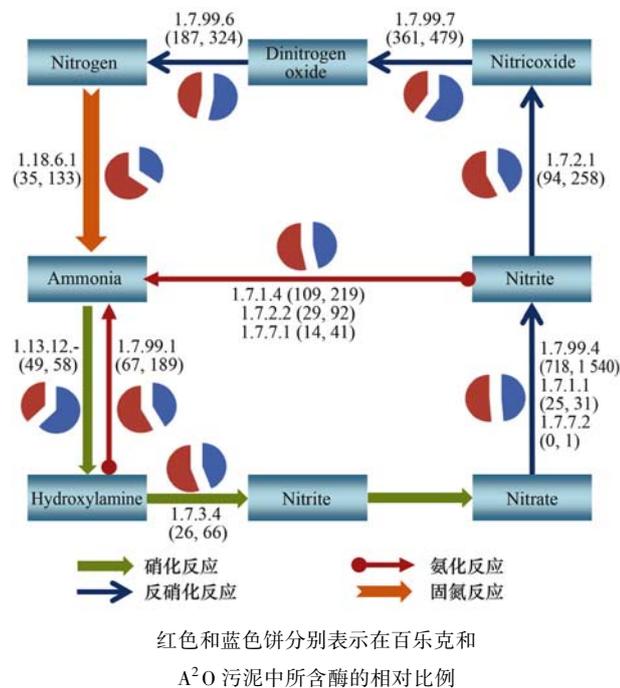


图 6 两种污泥宏基因组中参与氮循环关键酶的相对丰度

Fig. 6 Abundance of nitrogen cycle related key enzymes in the metagenomes of the two sludges

3 结论

本研究是百乐克和 A²O 活性污泥宏基因组比较研究的首份报道. 从门和属层级的分析中容易看出, 百乐克和 A²O 活性污泥中的生物群落组成具有巨大的差异. Ignavibacteriae 门在 A²O 活性污泥宏基因组中的比例是百乐克活性污泥的 3.2 倍. 与此同时, 芽单胞菌门在百乐克活性污泥宏基因组中的比例, 比其在 A²O 活性污泥中的比例高出 17 倍多; 衣原体门在百乐克活性污泥宏基因组中的比例, 比其在 A²O 活性污泥中的比例高出 6 倍多. 另外, 在

属的层级, 有 167 个属仅在 A²O 活性污泥中检出; 与此同时, 有 50 个属仅发现于百乐克活性污泥中. 然而, 功能比较分析表明, 两个不同的生物群落具有相似的功能分类. 在百乐克和 A²O 两个活性污泥中, 与氮、磷、硫和芳香族化合物代谢相关的功能基因比例均极为接近. 此外, 两个活性污泥中 KEGG 所有 6 个类别的排序均相同. 同时, 氮代谢相关的功能基因分类和通路分析表明, 高丰度酶在百乐克和 A²O 宏基因组中具有相同的排序.

参考文献:

- [1] Baek G, Cheon S P, Kim S, *et al.* Modular neural networks prediction model based A²/O process control system [J]. International Journal of Precision Engineering and Manufacturing, 2012, **13**(6): 905-913.
- [2] 刘汉湖, 李桂杰, 裴宗平, 等. 中小城镇生活污水处理新技术——BIOLAK 技术及实例 [J]. 江苏环境科技, 2004, **17**(4): 19-21.
- [3] Abu-Alhail S, Lu X W. Experimental investigation and modeling of innovative five-tank anaerobic-anoxic/oxic process [J]. Applied Mathematical Modelling, 2014, **38**(1): 278-290.
- [4] Ju Y K, Wang H L, Zhang Q, *et al.* Effect of dissolved oxygen on nitrogen and phosphorus removal rate in Biolak process [J]. Advanced Materials Research, 2013, **779-780**: 1629-1633.
- [5] Kim B C, Kim S, Shin T, *et al.* Comparison of the bacterial communities in anaerobic, anoxic, and oxic chambers of a pilot A²O process using pyrosequencing analysis [J]. Current Microbiology, 2013, **66**(6): 555-565.
- [6] Mardis E R. A decade's perspective on DNA sequencing technology [J]. Nature, 2011, **470**(7333): 198-203.
- [7] Neafsey D E, Haas B J. 'Next-generation' sequencing becomes 'now-generation' [J]. Genome Biology, 2011, **12**(3): 303.
- [8] Metzker M L. Sequencing technologies-the next generation [J]. Nature Reviews Genetics, 2010, **11**(1): 31-46.
- [9] Karlsson F H, Tremaroli V, Nookaew I, *et al.* Gut metagenome in European women with normal, impaired and diabetic glucose control [J]. Nature, 2013, **498**(7452): 99-103.
- [10] Schloissnig S, Arumugam M, Sunagawa S, *et al.* Genomic variation landscape of the human gut microbiome [J]. Nature, 2013, **493**(7430): 45-50.
- [11] Metcalf W W, Griffin B M, Cicchillo R M, *et al.* Synthesis of methylphosphonic acid by marine microbes: a source for methane in the aerobic ocean [J]. Science, 2012, **337**(6098): 1104-1107.
- [12] Mackelprang R, Waldrop M P, De Angelis K M, *et al.* Metagenomic analysis of a permafrost microbial community reveals a rapid response to thaw [J]. Nature, 2011, **480**(7377): 368-371.
- [13] Fierer N, Ladau J, Clemente J C, *et al.* Reconstructing the microbial diversity and function of pre-agricultural tallgrass prairie soils in the United States [J]. Science, 2013, **342**(6158): 621-

- 624.
- [14] Hess M, Sczyrba A, Egan R, *et al.* Metagenomic discovery of biomass-degrading genes and genomes from cow rumen [J]. *Science*, 2011, **331**(6016): 463-467.
- [15] Handelsman J, Rondon M R, Brady S F, *et al.* Molecular biological access to the chemistry of unknown soil microbes: a new frontier for natural products [J]. *Chemistry & Biology*, 1998, **5**(10): R245-R249.
- [16] 田美, 刘汉湖, 申欣, 等. 百乐克(BIOLAK)活性污泥宏基因组的生物多样性及功能分析[J]. *环境科学*, 2015, **36**(5): 1739-1748.
- [17] Guan X Y, Wang J F, Zhao H, *et al.* Soil bacterial communities shaped by geochemical factors and land use in a less-explored area, Tibetan Plateau[J]. *BMC Genomics*, 2013, **14**: 820.
- [18] Wang J F, Qi J, Zhao H, *et al.* Metagenomic sequencing reveals microbiota and its functional potential associated with periodontal disease[J]. *Scientific Reports*, 2013, **3**: 1843.
- [19] Huson D H, Mitra S, Ruscheweyh H J, *et al.* Integrative analysis of environmental sequences using MEGAN₄ [J]. *Genome Research*, 2011, **21**(9): 1552-1560.
- [20] Meyer F, Paarmann D, D'Souza M, *et al.* The metagenomics RAST server—a public resource for the automatic phylogenetic and functional analysis of metagenomes [J]. *BMC Bioinformatics*, 2008, **9**: 386.
- [21] Tian M, Zhao F Q, Shen X, *et al.* The first metagenome of activated sludge from full-scale anaerobic/anoxic/oxic (A²O) nitrogen and phosphorus removal reactor using Illumina sequencing[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2015, **35**: 181-190.
- [22] Mitra S, Rupek P, Richter D C, *et al.* Functional analysis of metagenomes and metatranscriptomes using SEED and KEGG [J]. *BMC Bioinformatics*, 2011, **12**(S1): S21.
- [23] Jogler C, Wanner G, Kolinko S, *et al.* Conservation of proteobacterial magnetosome genes and structures in an uncultivated member of the deep-branching *Nitrospira* phylum [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2011, **108**(3): 1134-1139.
- [24] Ushiki N, Fujitani H, Aoi Y, *et al.* Isolation of *Nitrospira* belonging to sublineage II from a wastewater treatment plant[J]. *Microbes and Environments*, 2013, **28**(3): 346-353.
- [25] Gilbert E M, Agrawal S, Brunner F, *et al.* Response of different *Nitrospira* species to anoxic periods depends on operational do [J]. *Environmental Science & Technology*, 2014, **48**(5): 2934-2941.
- [26] Chiellini C, Munz G, Petroni G, *et al.* Characterization and comparison of bacterial communities selected in conventional activated sludge and membrane bioreactor pilot plants: a focus on *Nitrospira* and *Planctomycetes* bacterial phyla [J]. *Current Microbiology*, 2013, **67**(1): 77-90.
- [27] Maixner F, Wagner M, Lückner S, *et al.* Environmental genomics reveals a functional chlorite dismutase in the nitrite-oxidizing bacterium '*Candidatus Nitrospira defluvii*' [J]. *Environmental Microbiology*, 2008, **10**(11): 3043-3056.
- [28] Kostan J, Sjöblom B, Maixner F, *et al.* Structural and functional characterisation of the chlorite dismutase from the nitrite-oxidizing bacterium '*Candidatus Nitrospira defluvii*': Identification of a catalytically important amino acid residue [J]. *Journal of Structural Biology*, 2010, **172**(3): 331-342.
- [29] Zhang H, Sekiguchi Y, Hanada S, *et al.* *Gemmatimonas aurantiaca* gen. nov., sp. nov., a Gram-negative, aerobic, polyphosphate-accumulating micro-organism, the first cultured representative of the new bacterial phylum *Gemmatimonadetes* phyl. nov. [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2003, **53**(4): 1155-1163.
- [30] Arrigo K R. Review marine microorganisms and global nutrient cycles[J]. *Nature*, 2005, **437**(7057): 349-355.
- [31] Strous M, Fuerst J A, Kramer E H M, *et al.* Missing lithotroph identified as new planctomycete [J]. *Nature*, 1999, **400**(6743): 446-449.
- [32] Takaichi S, Maoka T, Takasaki K, *et al.* Carotenoids of *Gemmatimonas aurantiaca* (*Gemmatimonadetes*): identification of a novel carotenoid, deoxyscillo 2-rhamnoside, and proposed biosynthetic pathway of oscillo 2, 2'-dirhamnoside [J]. *Microbiology*, 2010, **156**(3): 757-763.
- [33] Kelly D P, Wood A P. Reclassification of some species of *Thiobacillus* to the newly designated genera *Acidithiobacillus* gen. nov., *Halothiobacillus* gen. nov and *Thermithiobacillus* gen. nov [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2000, **50**(2): 511-516.
- [34] Badr K, Bahmani M, Jahanmiri A, *et al.* Biological removal of methanethiol from gas and water streams by using *Thiobacillus thioparus*: investigation of biodegradability and optimization of sulphur production [J]. *Environmental Technology*, 2014, **35**(14): 1729-1735.
- [35] Coates J D, Chakraborty R, Lack J G, *et al.* Anaerobic benzene oxidation coupled to nitrate reduction in pure culture by two strains of *Dechloromonas*[J]. *Nature*, 2001, **411**(6841): 1039-1043.
- [36] Salinero K K, Keller K, Feil W S, *et al.* Metabolic analysis of the soil microbe *Dechloromonas aromatica* str. RCB: indications of a surprisingly complex life-style and cryptic anaerobic pathways for aromatic degradation [J]. *BMC Genomics*, 2009, **10**: 351.
- [37] Liu B B, Mao Y J, Bergaust L, *et al.* Strains in the genus *Thauera* exhibit remarkably different denitrification regulatory phenotypes[J]. *Environmental Microbiology*, 2013, **15**(10): 2816-2828.
- [38] Mao Y P, Xia Y, Zhang T. Characterization of *Thauera*-dominated hydrogen-oxidizing autotrophic denitrifying microbial communities by using high-throughput sequencing [J]. *Bioresource Technology*, 2013, **128**: 703-710.
- [39] Liu Z F, Frigaard N U, Vogl K, *et al.* Complete genome of *Ignavibacterium album*, a metabolically versatile, flagellated, facultative anaerobe from the phylum Chlorobi [J]. *Frontiers in*

- Microbiology, 2012, **3**: 185.
- [40] Martín H G, Ivanova N, Kunin V, *et al.* Metagenomic analysis of two enhanced biological phosphorus removal (EBPR) sludge communities[J]. Nature Biotechnology, 2006, **24**(10): 1263-1269.
- [41] Silva C C, Hayden H, Sawbridge T, *et al.* Phylogenetic and functional diversity of metagenomic libraries of phenol degrading sludge from petroleum refinery wastewater treatment system[J]. AMB Express, 2012, **2**: 18.
- [42] Yu K, Zhang T. Metagenomic and metatranscriptomic analysis of microbial community structure and gene expression of activated sludge[J]. PLoS One, 2012, **7**(5): e38183.

CONTENTS

Editor's comment	(403)
Risk Assessment and Risk Management of Chemicals in China	WANG Tie-yu, ZHOU Yun-qiao, LI Qi-feng, <i>et al.</i> (404)
Application of Land-use Regression Models in Spatial-temporal Differentiation of Air Pollution	WU Jian-sheng, XIE Wu-dan, LI Jia-cheng (413)
Ecological Footprint Evolution Characteristics and Its Influencing Factors in China from 2000 to 2010	HUANG Bao-rong, CUI Shu-hong, LI Ying-ming (420)
Pollution Characteristics and Sources of Carbonaceous Aerosol in PM _{2.5} During Winter in Guanzhong Area	TIAN Peng-shan, CAO Jun-ji, HAN Yong-ming, <i>et al.</i> (427)
Chemical Composition of the Single Particle Aerosol in Winter in Nanning Using SPAMS	LIU Hui-lin, SONG Hong-jun, CHEN Zhi-ming, <i>et al.</i> (434)
Correlation Analysis Between Characteristics of VOCs and Ozone Formation Potential in Summer in Nanjing Urban District	YANG Xiao-xiao, TANG Li-li, ZHANG Yun-jiang, <i>et al.</i> (443)
Seasonal Dynamics of Airborne Pollens and Its Relationship with Meteorological Factors in Beijing Urban Area	MENG Ling, WANG Xiao-ke, OUYANG Zhi-yun, <i>et al.</i> (452)
Mercury Distribution Characteristics and Atmospheric Mercury Emission Factors of Typical Waste Incineration Plants in Chongqing	DUAN Zhen-ya, SU Hai-tao, WANG Feng-yang, <i>et al.</i> (459)
Characteristics of Atmospheric Dry and Wet Deposition of Trace Metals in the Hinterland of the Three Gorges Reservoir, China	ZHANG Liu-yi, LIU Yuan, QIAO Bao-qing, <i>et al.</i> (466)
Monitoring and Analysis of Stable Isotopes of the Near Surface Water Vapor in Changsha	XIE Yu-long, ZHANG Xin-ping, YAO Tian-ci, <i>et al.</i> (475)
Mercury Transport from Glacier to Runoff in Typical Inland Glacial Area in the Tibetan Plateau	SUN Xue-jun, WANG Kang, GUO Jun-ming, <i>et al.</i> (482)
Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metals in Core Sediments from Lakes of Tibet	GUO Bi-xi, LIU Yong-qin, ZHANG Fan, <i>et al.</i> (490)
Distribution and Potential Ecological Risk Assessment of Heavy Metals in Surface Sediments of Inflow Rivers to Northeastern Lake Tanganyika	YU Cheng, CHEN Shuang, ZHANG Lu (499)
Over One Hundred Year Sediment Record of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in the Lake Bosten, Xinjiang	SHEN Bei-bei, WU Jing-lu, ZHAO Zhong-hua, <i>et al.</i> (507)
Distribution Characteristics of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Different Environmental Media from Qingbang Island, Zhoushan, China	ZHENG Huang, XING Xin-li, GU Yan-sheng, <i>et al.</i> (513)
Transformation of Non-point Source Soluble Nitrogen in Simulated Drainage Ditch	LI Qiang-kun, SONG Chang-ji, HU Ya-wei, <i>et al.</i> (520)
Influence of Landscape Heterogeneity on Total Nitrogen Concentration in Zhongtian River Watershed	WANG Jing-ping, LI Zhao-fu, LIU Hong-yu, <i>et al.</i> (527)
Nitrogen Release from Sediment Under Dry and Rainy Season Alternation and Its Contribution to N Export from Xiangxi Watershed in Jiangxi Province	HAN Ning, HAO Zhuo, XU Ya-juan, <i>et al.</i> (534)
Spatial and Temporal Distributions of Nitrogen and Phosphate in the Chaohu Lake	XI Shan-shan, ZHOU Chun-cai, LIU Gui-jian, <i>et al.</i> (542)
Phosphorus Fractions and Release Risk in Surface Sediments of an Agricultural Headwater Stream System in Hefei Suburban, China	PEI Ting-ting, LI Ru-zhong, GAO Su-di, <i>et al.</i> (548)
Surface Property and Sorption Characteristics of Phosphorus onto Surface Sediments in Sanggou Bay	ZHU Jia-mei, CAO Xiao-yan, LIU Su-mei, <i>et al.</i> (558)
Particle Size Distribution and Pollutant Speciation Analyses of Stormwater Runoff in the Ancient Town of Suzhou	LI Huai, WU Wei, TIAN Yong-jing, <i>et al.</i> (565)
Abundance of Toxic and Non-toxic <i>Microcystis</i> sp. in Lake Hongze and Its Correlation with Environmental Factors	LI Da-ming, ZHANG Tong-qing, TANG Sheng-kai, <i>et al.</i> (573)
Effect of Charge-Transfer Complex on Ultraviolet-Visible (UV-Vis) Absorption Property of Chromophoric Dissolved Organic Matter (CDOM) in Waters of Typical Water-Level Fluctuation Zones of the Three Gorges Reservoir Areas	JIANG Tao, LIANG Jian, ZHANG Mu-xue, <i>et al.</i> (580)
Influence of pH on Kinetics of Anilines Oxidation by Permanganate	WANG Hui, SUN Bo, GUAN Xiao-hong (588)
Effects of EDTA on the Reductive Dechlorination of 2,4-D by Pd/Fe	ZHOU Hong-yi, NIE Ya-zhong, CHEN Yong, <i>et al.</i> (595)
Preparation of NiAl-MMO Films Electrode and Its Capacitive Deionization Property	WANG Ting, ZHU Chun-shan, HU Cheng-zhi (602)
Competitive Microbial Oxidation and Reduction of Arsenic	YANG Ting-ting, BAI Yao-hui, LIANG Jin-song, <i>et al.</i> (609)
Community Characteristics of ANAMMOX Bacteria in Subsurface Flow Constructed Wetland (SSFCW) for Processing of Aquaculture Waster Water	ZENG Xian-lei, LIU Xing-guo, WU Zong-fan, <i>et al.</i> (615)
Analysis of Pathogenic Bacteria in Reclaimed Water and Impact of UV Disinfection on the Removal of Pathogenic Bacteria	JING Ming, WANG Lei (622)
Analysis of the Microbial Community Structure in Continuous Flow Reactor Enhanced by Heterotrophic Nitrification and Aerobic Denitrification Bacterium <i>Burkholderia</i> sp. YX02	SHAO Ji-lun, CAO Gang, LI Zi-hui, <i>et al.</i> (630)
Comparative Metagenomics of BIOLAK and A ² O Activated Sludge Based on Next-generation Sequencing Technology	TIAN Mei, LIU Han-hu, SHEN Xin (638)
Identification and Nitrogen Removal Characteristics of a Heterotrophic Nitrification-Aerobic Denitrification Strain Isolated from Marine Environment	SUN Qing-hua, YU De-shuang, ZHANG Pei-yu, <i>et al.</i> (647)
Removal of AOX and Chroma in Biologically Treated Effluent of Chemical Dyestuff Wastewater with Nanoscale Ni/Fe	SHU Xiao-ming, XU Can-can, LIU Rui, <i>et al.</i> (655)
Feasibility of 3BER-S Process for the Deep Denitrification in Synch with the Removal of PAEs from Reclaimed Water	XU Peng-cheng, HAO Rui-xia, ZHANG Ya, <i>et al.</i> (662)
Influence of Reaction Time on Titanate Nanomaterials and Its Adsorption Capability for Lead in Aqueous Solutions	FAN Gong-duan, CHEN Li-ru, LIN Ru-jing, <i>et al.</i> (668)
Sorption Characteristics of Phenanthrene and 1,1-Dichloroethene onto Reed Straw Biochar in Aquatic Solutions	WU Qing-wen, MENG Liang, ZHANG Zhi-hao, <i>et al.</i> (680)
Adsorption Characteristics of Norfloxacin by Biochars Derived from Reed Straw and Municipal Sludge	ZHANG Han-yu, WANG Zhao-wei, GAO Jun-hong, <i>et al.</i> (689)
Effect of Seasonal Temperature Increasing on Nitrogen Mineralization in Soil of the Water Level Fluctuating Zone of Three Gorge Tributary During the Dry Period	LIN Jun-jie, ZHANG Shuai, LIU Dan, <i>et al.</i> (697)
Effects of Warming and Straw Application on Soil Respiration and Enzyme Activity in a Winter Wheat Cropland	CHEN Shu-tao, SANG Lin, ZHANG Xu, <i>et al.</i> (703)
Distribution of Urban Soil Heavy Metal and Pollution Evaluation in Different Functional Zones of Yinchuan City	WANG You-qi, BAI Yi-ru, WANG Jian-yu (710)
Differential Effect and Mechanism of <i>in situ</i> Immobilization of Cadmium Contamination in Soil Using Diatomite Produced from Different Areas	ZHU Jian, WANG Ping, LIN Yan, <i>et al.</i> (717)
Characteristics of Adsorption Leaching and Influencing Factors of Dimethyl Phthalate in Purple Soil	WANG Qiang, SONG Jiao-yan, ZENG Wei, <i>et al.</i> (726)
Cd Runoff Load and Soil Profile Movement After Implementation of Some Typical Contaminated Agricultural Soil Remediation Strategies	LIU Xiao-li, ZENG Zhao-xia, TIE Bai-qing, <i>et al.</i> (734)
Concentrations and Component Profiles PAHs in Surface Soils and Wheat Grains from the Cornfields Close to the Steel Smelting Industry in Handan, Hebei Province	WU Di, WANG Yi-long, LIU Wei-jian, <i>et al.</i> (740)
Effect of Arbuscular Mycorrhiza (AM) on Tolerance of Cattail to Cd Stress in Aquatic Environment	LUO Peng-cheng, LI Hang, WANG Shu-guang (750)
Acute Toxic Effects of Bromate on Aquatic Organisms	WANG Zhi-wei, LIU Dong-mei, ZHANG Wen-juan, <i>et al.</i> (756)
Development of Self-assembled Dumbbell-like Fe ₃ O ₄ Micro/nanomaterial for Application in Thermocatalytic Degradation of Polybrominated Biphenyls	HUANG Xin-chen, ZONG Gang, LIU Ye-xuan, <i>et al.</i> (765)
Impact of Salinity on Leachate Treatment and N ₂ O Releases from Semi-aerobic Aged-refuse Bioreactor	LI Wei-hua, SUN Ying-jie, LIU Zi-liang, <i>et al.</i> (775)
Evaluating the Significance of Odor Gas Released During the Directly Drying Process of Sludge: Based on the Multi-index Integrated Assessment Method	DING Wen-jie, CHEN Wen-he, DENG Ming-jia, <i>et al.</i> (782)

《环境科学》第6届编辑委员会

主 编: 欧阳自远

副主编: 赵景柱 郝吉明 田 刚

编 委: (按姓氏笔画排序)

万国江 王华聪 王凯军 王绪绪 田 刚 田 静 史培军
朱永官 刘志培 刘 毅 汤鸿霄 孟 伟 周宗灿 林金明
欧阳自远 赵景柱 姜 林 郝郑平 郝吉明 聂永丰 黄 霞
黄 耀 鲍 强 潘 纲 潘 涛 魏复盛

环 境 科 学

(HUANJING KEXUE)

(月刊 1976年8月创刊)

2016年2月15日 第37卷 第2期

ENVIRONMENTAL SCIENCE

(Monthly Started in 1976)

Vol. 37 No. 2 Feb. 15, 2016

主 管	中国科学院	Superintended	by	Chinese Academy of Sciences
主 办	中国科学院生态环境研究中心	Sponsored	by	Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences
协 办	(以参加先后为序) 北京市环境保护科学研究院 清华大学环境学院	Co-Sponsored	by	Beijing Municipal Research Institute of Environmental Protection School of Environment, Tsinghua University
主 编	欧阳自远	Editor-in -Chief		OUYANG Zi-yuan
编 辑	《环境科学》编辑委员会 北京市2871信箱(海淀区双清路 18号, 邮政编码:100085) 电话:010-62941102, 010-62849343 传真:010-62849343 E-mail: hjkx@ rcees. ac. cn http://www. hjkx. ac. cn	Edited	by	The Editorial Board of Environmental Science (HUANJING KEXUE) P. O. Box 2871, Beijing 100085, China Tel:010-62941102, 010-62849343; Fax:010-62849343 E-mail: hjkx@ rcees. ac. cn http://www. hjkx. ac. cn
出 版	科 学 出 版 社 北京东黄城根北街16号 邮政编码:100717	Published	by	Science Press 16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China
印 刷 装 订	北京北林印刷厂	Printed	by	Beijing Bei Lin Printing House
发 行	科 学 出 版 社 电话:010-64017032 E-mail: journal@ mail. sciencep. com	Distributed	by	Science Press Tel:010-64017032 E-mail: journal@ mail. sciencep. com
订 购 处	全国各地邮电局	Domestic		All Local Post Offices in China
国外总发行	中国国际图书贸易总公司 (北京399信箱)	Foreign		China International Book Trading Corporation (Guoji Shudian), P. O. Box 399, Beijing 100044, China

中国标准刊号: ISSN 0250-3301
CN 11-1895/X

国内邮发代号: 2-821

国内定价: 120.00元

国外发行代号: M 205

国内外公开发行