

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第38卷 第8期

Vol.38 No.8

2017

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

用于滤膜称重的饱和氯化镁溶液恒湿系统搭建与评估	李晓晓, 张强, 邓建国, 蒋靖坤, 郝吉明 (3095)
钢铁工业排放颗粒物中碳组分的特征	张进生, 吴建会, 马威, 冯银厂 (3102)
常州市大气 PM _{2.5} 中 PAHs 污染特征及来源解析	顾爱军, 刘佳澍, 罗世鹏, 毕承路, 苏亚兰, 叶招莲, 盖鑫磊 (3110)
兰州河谷盆地大气多环芳烃干沉降通量及来源	尉媛丽, 刘攀亮, 于周锁, 高宏, 毛潇萱, 马建民, 黄韬 (3120)
株洲市大气降尘中元素特征及来源分析	王世豪, 张凯, 柴发合, 钟学才, 周广柱, 杨晴, 柯馨妹 (3130)
传统北京烤鸭烤制过程中大气污染物的排放特征	徐敏, 何万清, 聂磊, 韩力慧, 潘涛, 石爱军 (3139)
基于车载测试的重型柴油车尾气典型烷烃排放特征	史纯珍, 郝雪薇, 申现宝, 曹鑫悦, 张伟, 吴辉, 姚志良 (3146)
基于 wavelet-SVM 的 PM ₁₀ 浓度时序数据预测	王平, 张红, 秦作栋, 姚清晨, 耿红 (3153)
广州港船舶停泊工况排放因子实测及排放量初步估算	黄学良, 张洲, 杨威强, 李晟, 朱明, 方华, 何俊杰, 陈俊文, 万承浩, 张艳利, 刘国光, 黄祖照, 王宇骏, 王新明 (3162)
沙尘天气对生物气溶胶中总微生物浓度及粒径分布的影响	李鸿涛, 祁建华, 董立杰, 高冬梅 (3169)
典型生活垃圾处理设施恶臭排放特征及污染评价	芦会杰 (3178)
杭州地区城区降雪中全氟化合物的污染特征	张明, 唐访良, 俞雅雲, 徐建芬, 陈金汉, 余波, 周姗, 张伟 (3185)
黄浦江流域典型污水中不同粒径胶体的三维荧光光谱特征	聂明华, 晏彩霞, 杨毅, 周俊良, 刘敏 (3192)
漓江地表水体有机碳来源	赵海娟, 肖琼, 吴夏, 刘凡, 苗迎, 蒋勇军 (3200)
夏季热分层效应对典型岩溶水库水化学及溶解无机碳的影响	吴飞红, 蒲俊兵, 李建鸿, 张陶, 李丽, 黄思宇 (3209)
城市不同功能区地表水重金属污染特性比较: 以宁波为例	徐美娟, 童桂华, 孙丹, 李建新, 虞效益 (3218)
地下水主要组分水化学异常识别方法对比: 以柳江盆地为例	张小文, 何江涛, 彭聪, 张昌延, 倪泽华 (3225)
人为扰动背景下城郊溪流底质磷的生物-非生物吸收潜力分析	李如忠, 叶舟, 高苏蒂, 郑悦 (3235)
长江口低氧区沉积物中磷的形态及其环境意义	刘军, 臧家业, 冉祥滨, 赵晨英, 刘季花, 王小静 (3243)
三峡库区小流域不同土地利用类型“土壤-水体”氮磷含量特征及其相互关系	陈成龙, 高明, 木志坚, 倪九派, 祁乐 (3254)
黄土高原降雨驱动下流域碳输移特征及其碳流失评估: 以羊圈沟坝系流域为例	鄂馨卉, 汪亚峰, 高扬, 陈利顶, 陈世博, 陈维梁 (3264)
新型溴代苯酚类消毒副产物的氯化降解机制	李欢, 李正魁, 李爱民, 周庆, 王莹, 潘咏 (3273)
藻形态及混凝剂组成对混凝-超滤过程的影响	张大为, 徐慧, 王希, 门彬, 王东升, 段晋明 (3281)
汝溪河浮游硅藻功能群特征及其与环境因子相关性分析	向蓉, 李巧玉, 喻焱, 张洪波, 董聪聪, 施军琼, 吴忠兴 (3290)
石岩水库叶绿素 a 时空分布及其影响因子分析	宋云龙, 张金松, 郭小雅, 朱佳, 王丽, 陶益, 张丽 (3302)
不同湿地模型中根系微生物的多样性	王林, 李冰, 余家辉, 朱加宾, 朱健 (3312)
北海湖微生物群落结构随季节变化特征	张雅洁, 李珂, 朱浩然, 张洪勋 (3319)
基于高通量测序的流化床生物滤器细菌群落结构分析	张海耿, 宋红桥, 顾川川, 单建军, 张宇雷, 倪琦 (3330)
高效反硝化菌和包埋填料性能及微生物群落分析	孟婷, 杨宏 (3339)
基于城市污水资源化的微藻筛选与污水预处理	韩松芳, 金文标, 涂仁杰, 陈洪一 (3347)
生物膜贴壁培养小球藻净化猪粪沼液废水的效果	王愿珠, 程鹏飞, 刘德富, 刘天中 (3354)
微气泡臭氧催化氧化-生化耦合工艺深度处理煤化工废水	刘春, 周洪政, 张静, 陈晓轩, 张磊, 郭延凯 (3362)
pH 冲击对海洋厌氧氨氧化菌处理含海水污水脱氮效能的影响	于德爽, 周同, 李津, 王晓霞, 吴国栋, 王骁静 (3369)
酒精废水部分亚硝化-厌氧氨氧化脱氮的可行性	周正, 林兴, 王凡, 顾澄伟, 沈婧, 袁砚, 金润 (3377)
模拟废水中钼的微生物回收及其对亚甲基蓝的催化特性	康乃馨, 朱能武, 郭雯颖, 何志心 (3385)
采用颜色空间表征 ANAMMOX 启动与冲击过程	王利君, 李志华, 韩冬, 张天宇, 杨成建 (3393)
CSTR 和 MBR 反应器的短程硝化快速启动	张婷, 吴鹏, 沈耀良, 闫刚, 徐乐中, Samwine Thomas (3399)
硫酸盐还原氨氧化体系中基质转化途径	完颜德卿, 黄勇, 毕贞, 刘忻, 姚鹏程, 张文静 (3406)
不同 TOC/NH ₄ ⁺ -N 对厌氧氨氧化脱氮效能的影响	王凡, 刘凯, 林兴, 周正, 李祥, 黄勇 (3415)
盐度对 EGSB 反应器的运行及厌氧颗粒污泥的影响	谭潇, 黄靛, 杨平, 涂奔州 (3422)
CANON 颗粒污泥工艺的启动与负荷提高策略	孙延芳, 韩晓宇, 张树军, 李星, 曹相生 (3429)
胞外聚合物对活性污泥吸附去除全氟辛酸磺酸 (PFOS) 的影响	刘鑫彤, 尹华, 彭辉, 李浩榕, 杨萍萍, 曹雅娟 (3435)
不同施肥方式下紫色土 N ₂ O 与 NO _x 的排放特征	胡磊, 刘韵, 朱波 (3442)
地膜覆盖对蔬菜地甲烷排放的影响	张凯莉, 郝庆菊, 冯迪, 石将来, 石孝均, 江长胜 (3451)
模拟的增温增雨对内蒙古温带草原土壤氨氧化微生物的影响	张翠景, 沈菊培, 孙翼飞, 王军涛, 杨中领, 韩红艳, 张丽梅, 万师强, 贺正 (3463)
长期施肥酸性旱地土壤硝化活性及自养硝化微生物特征	徐白璐, 钟文辉, 黄欠如, 秦红益, 邓欢, 韩成 (3473)
施加碳酸钙对酸性土壤微生物氮循环的影响	郭安宁, 段桂兰, 赵中秋, 唐仲, 王杨扬, 王伯勋 (3483)
水稻不同生育期根际与非根际土壤胞外酶对施氮的响应	魏亮, 汤珍珠, 祝贞科, 蔡观, 葛体达, 王久荣, 吴金水 (3489)
凋落物呼吸温度敏感性的变化特征及其影响因素	张彦军 (3497)
西北干旱区农田土壤磁性特征及其环境意义	王新, 夏敦胜, 王博, 陈红, 刘浩 (3507)
小麦秸秆驱动菱铁矿热解制备磁性生物炭及其吸附 Cd ²⁺ 活性	张如玉, 刘海波, 邹雪华, 庆承松, 李梦雪, 陈冬, 陈天虎 (3519)
交通污染暴露对 DNA 甲基化的影响	汪婷, 丁锐, 黄丹妮, 祝子逸, 章军, 叶怀庄, 徐迎春, 金永堂 (3529)
外接菌种对污泥堆肥效能及堆体细菌群落的影响	杨萍萍, 尹华, 彭辉, 唐少宇, 卢妙, 刘皓 (3536)
中国电动自行车动力铅酸蓄电池生命周期评价	刘巍, 田金平, 陈吕军 (3544)
《环境科学》征稿简则 (3280) 《环境科学》征订启事 (3301) 信息 (3353, 3472, 3535)	

不同湿地模型中根系微生物的多样性

王林¹, 李冰^{1,2}, 余家辉¹, 朱加宾¹, 朱健^{1,2*}

(1. 南京农业大学无锡渔业学院, 无锡 214081; 2. 中国水产科学研究院淡水渔业研究中心, 农业部淡水渔业和种质资源利用重点实验室, 无锡 214081)

摘要: 为了研究不同植物和滤料组合的小型湿地模型在处理养殖池塘水体过程中根系微生物群落的特征, 并分析植物对根系微生物富集的影响, 本研究对两种植物(茭白和慈菇)和两种滤料(石榴石和磁铁矿)进行组合构建了6种不同的湿地模型, 并利用高通量测序技术分析湿地植物根系微生物的结构特点和多样性。结果表明: 不同湿地模型根系微生物的种类和数量各不相同; 所有收集的微生物总体上属于52个门, 118个纲, 455科, 905个属和1426个种; 根据Shannon指数, 茭白(平均为5.77)比慈菇(平均为5.29)在微生物富集方面具有更强的能力; 但是, 慈菇和茭白根系微生物中变形菌门的比例分别平均为61.97%和51.78%, 说明慈菇能够更好地富集变形菌。β-变形菌纲为实验期间不同植物根际富集的主要细菌类群。本研究结果为人工湿地植物优化选择提供了理论基础和湿地组合最佳构建提供了基础资料。

关键词: 湿地模型; 根际; 高通量测序技术; 微生物群落; 水质分析; β-变形菌纲

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2017)08-3312-07 DOI: 10.13227/j.hjks.201701030

Rhizosphere Microbial Diversity in Different Wetland Microcosms

WANG Lin¹, LI Bing^{1,2}, YU Jia-hui¹, ZHU Jia-bin¹, ZHU Jian^{1,2*}

(1. Wuxi Fisheries College, Nanjing Agricultural University, Wuxi 214081, China; 2. Key Laboratory of Genetic Breeding and Aquaculture Biology of Freshwater Fishes, Ministry of Agriculture, Freshwater Fisheries Research Center, Chinese Academy of Fishery Sciences, Wuxi 214081, China)

Abstract: To investigate the rhizosphere microbial community structure characteristics in varying combinations of plants and filter materials in the process of aquaculture pond water treatment, six types of wetland microcosms were established using two kinds of plants (*Zizania latifolia* Turcz. and *Sagittaria graminea*) and two types of filter materials (garnet and magnetite). High-throughput sequencing technology was used to analyze the microbial structural features and composition diversity of the wetland rhizosphere. The results were as follows. The microorganisms recovered belonged to 52 phyla, 118 classes, 455 families, 905 genera, and 1426 species. Based on the Shannon index, *Zizania latifolia* Turcz. (average value: 5.77) had a higher capacity than *Sagittaria graminea* (average value: 5.29) in terms of microbial enrichment. However, the rate of Proteobacteria in the rhizosphere microorganism communities of the *Sagittaria graminea* and *Zizania latifolia* Turcz. microcosms were 61.97% and 51.78%, respectively, further showing that the roots of *Sagittaria graminea* in the wetland microcosms better enriched the Proteobacteria during the experimental period. The major bacterial groups of different plant roots were enriched with β-Proteobacteria in the experiment. The results of this study provide a theoretical basis for species optimization in artificial wetland systems and best combination of wetland construction that will be useful for future investigations.

Key words: wetland microcosm; rhizosphere; high-throughput sequencing technology; microbial community; water quality analysis; β-Proteobacteria

水资源循环利用在当今时代成为研究热点, 高效的水体处理方法成为此热点的关键^[1,2]。目前, 人工湿地系统在工业、生活和农业废水处理过程中都得到广泛应用^[3]。中国作为世界上的水产大国, 在水产养殖过程中, 多数养殖池塘都属于封闭性水域, 由于缺乏科学性管理并且盲目增加养殖密度和投喂量等增加了养殖水体负荷, 易导致水体中N、P等营养物质含量过高和病菌滋生, 若不进行有效地处理就直接排放到外界, 会对湖泊水体和土壤等带来二次污染。因此, 人工湿地系统应用于渔业生产过程中, 对于保障水产品质量安全和外界环境优化等方面具有重要意义。

人工湿地系统是由植物、滤料和微生物群落三大部分组成^[4]。微生物群落附着于滤料外表面及其孔隙和植物根系表层进行生长^[5]。滤料种类和植物根系分泌的氧气、小分子有机酸、维生素、促生长激素等能够影响根际区微生物的生长和群落的组成。因此, 微生物、滤料、植物三者之间存在一定的

收稿日期: 2017-01-04; 修订日期: 2017-03-04

基金项目: “十二五”国家科技支撑计划项目(2012BAD25B07); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(2015JBFM24); 无锡市农业科技支撑计划项目(CLE02N1510)

作者简介: 王林(1993~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为水产健康养殖, E-mail: 1501532221@qq.com

* 通信作者, E-mail: zhuj@ffrc.cn

关联性,并且三者都能够影响人工湿地系统的净化功能. 相关研究表明,微生物能够降解吸收氮化物,磷化物,有机物和其他营养物质,对于水质优化具有明显效果^[6]. 为深入分析微生物对人工湿地系统净化功能的作用,先进的微生物研究方法必不可少,高通量测序技术具有通量高、平行测序和成本低廉等优势,能够成为微生物研究的重要手段,相关研究结果也证实了这一点^[7~11].

湿地系统中不同植物种类的根系分泌物组成成分具有一定的差异,这对于根际微生物的数量和物种组成具有十分重要的影响^[12,13]. 研究表明,不同植物和不同滤料构建湿地系统的净水效率具有明显的差异性^[14,15]. 根据查阅相关资料,目前所研究的湿地植物种类繁多,但同时具有净水功能和经济价值,又体现区域特色的水生植物较少;所研究的滤料大多数都是常规应用的人工湿地滤料. 因此,本研究选用慈菇和茭白作为人工湿地植物,考虑到慈菇和茭白是长江下游常见的水生经济植物并且根系较发达易富集微生物;选用石榴石和磁铁矿作为人工湿地滤料,考虑到石榴石和磁铁矿都是化学稳定性好的新型耐磨净水材料并且孔隙度较高易截留微生物,另外,磁铁矿能够富集有害微生物^[16]. 为了提高湿地系统净化养殖水体的效率并分析系统中根系微生物群落的多样性,本研究通过在湿地模型正常运行的情况下,比较分析不同模型中的根际微生物群落结构特征和多样性特性,旨在为湿地植物的优化选择和植物滤料搭配的最佳模型提供一定的理论支持和技术指导.

1 材料与方法

1.1 湿地模型的构建和样品采集

小型湿地模型构建的人工湿地植物是茭白和慈菇,滤料是石榴石和磁铁矿. 根据多变量实验设计方法进行设计,分别对两种植物和两种滤料进行组

合,共 6 种组合. 如表 1 所示.

湿地模型主要是由进水口、出水口、滤料、植物和塑料桶组成(图 1). 湿地模型的基本数据如表 2 所示,其中水力负荷和水力停留时间计算详见公式(1)和(2). 所有的湿地模型建立在养殖池塘旁(图 2),实验地点在中国水产科学研究院淡水渔业研究中心大浦实验基地. 小型湿地模型根据表 1 中的植物和滤料组成,其中研究的茭白植株相互之间株型相似,慈菇植株相互之间株型相似,每个模型栽种健康无病的植株 4 株,滤料填埋深度为 0.550 m. 利用进水口的阀门控制水的流速,保持所有实验组合水体流速相同. 进水口连接养殖池塘,池塘养殖模式为主养鲫鱼,兼养鲢鱼、鳙鱼、草鱼和青鱼,是长江下游典型的池塘养殖模式.

表 1 每个湿地模型的植物和滤料组成
Table 1 Plants and filter material compositions of the six wetland microcosm combinations

实验组(模型)	植物	滤料
1	慈菇	石榴石
2	茭白	磁铁矿
3	慈菇	磁铁矿
4	茭白	石榴石
5	慈菇 + 茭白	磁铁矿
6	慈菇 + 茭白	石榴石

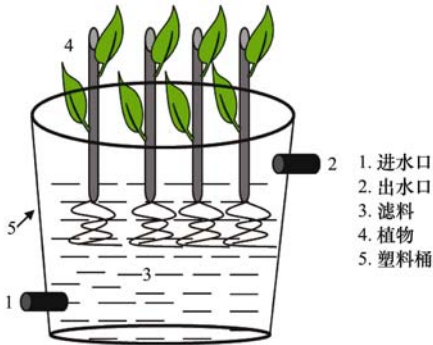


图 1 小型湿地模型示意

Fig. 1 Diagrammatic drawing of a wetland microcosm

表 2 小型湿地模型基本数据

Table 2 Basic data of the wetland microcosms

上端直径	低端直径	高度	滤料填埋深度	水力负荷	孔隙度	水力停留时间	水体流量
0.565 m	0.455 m	0.705 m	0.550 m	2.151 m ³ · (m ² · d) ⁻¹	47%	0.120 d ⁻¹	0.540 m ³ · d ⁻¹

1.2 样品的采集

湿地模型构建运行后,每隔 10 d 采样一次,在上午 10:00~12:00 采样,采集每一个湿地模型的植物根系于 6 号自封袋中,采集后将样品放入 4℃ 冰箱待测,并于 3 d 之内提取所有样品的 DNA.

1.3 根系微生物 DNA 的提取

预处理:植物根系和滤料样品采集后,将其置于灭菌后的锥形瓶中,加入 200 mL 无菌水振荡,采用恒温摇床在 225 r · min⁻¹ 振速下振荡 30 min,然后静置 5 min,取悬浮液 10 mL 在 10 000 r · min⁻¹ 下离心



图 2 小型湿地模型实物

Fig. 2 Photograph of the wetland microcosms

10 min, 弃上清, 重复两次, 收集沉淀, 保存于 -20°C 冰箱中用于 DNA 提取。

细菌 DNA 提取: 提取方法参照 Zhou 等^[17]的方法, 沉淀样品中加入 270 μL DNA 提取缓冲液 ($0.1 \text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}$ PBS 缓冲液 $\text{pH}=8$, $0.1 \text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}$ EDTA $\text{pH}=8$, $0.1 \text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}$ Tris $\text{pH}=8$, $1.5 \text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}$ NaCl, 1% CTAB 和 5 μL 蛋白酶 K ($10 \text{ mg}\cdot\text{mL}^{-1}$), 于 37°C 下 $225 \text{ r}\cdot\text{min}^{-1}$ 摇 30 min, 加入 30 μL 的 20% SDS, 65°C 水浴 2 h, 于室温 $10\,000 \text{ r}\cdot\text{min}^{-1}$ 离心 10 min, 取上清液; 沉淀中加入 90 μL DNA 提取缓冲液, 10 μL 20% SDS, 漩涡振荡 10 s, 65°C 水浴 10 min, 离心 10 min; 取上清液, 重复以上步骤 3 次, 将 3 次上清均匀混合, 与等体积的氯仿/异戊醇混合, $10\,000 \text{ r}\cdot\text{min}^{-1}$ 离心 10 min, 吸取上层水相加入 0.6 倍体积的异丙醇混匀, $10\,000 \text{ r}\cdot\text{min}^{-1}$ 离心 10 min; 沉淀用 70% 的冰乙醇洗涤, 晾干, 加入 50 μL TE 溶解, -20°C 保存。

1.4 PCR 扩增及产物定量和均一化

本研究采用引物 515F 5'-GTGCCAGCMGCCGCG-3' 和 907R 5'-CCGTCAATTCMTTTRAGTTT-3' 的细菌 16S rDNA V4-V5 区部分序列^[18]。整个实验过程中所有涉及的 PCR 扩增都是采用 20 μL 的 PCR 反应体系, 体系中各组分及用量如下: 4 μL 的 FastPfu Buffer ($5\times$), 2 μL 的 dNTPs ($2.5 \text{ mmol}\cdot\text{L}^{-1}$), 0.8 μL Forward Primer ($5 \mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$), 0.8 μL 的 Reverse Primer ($5 \mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$), 0.4 μL 的 FastPfu Polymerase, 10 ng 的 Template DNA, 然后补充 ddH₂O 至 20 μL 。使用 PCR 扩增仪 ABI GeneAmp® 9700 型进行扩增反应。扩增程序为: 95°C 预变性 2 min; 95°C 变性 30 s, 55°C 退火 30 s, 72°C 延伸 30 s, 25 个循环; 72°C 延伸 5 min。全

部样品按照正式试验条件进行, 每个样品 3 个重复, 将同一样品的 PCR 产物混合后用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测, 使用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒 (AXYGEN 公司) 切胶回收 PCR 产物, Tris-HCl 洗脱; 2% 琼脂糖电泳检测。参照电泳初步定量结果, 将 PCR 产物用 QuantiFluor™-ST 蓝色荧光定量系统 (Promega 公司) 进行检测定量, 之后按照每个样品的测序量要求, 进行相应比例的混合。

1.5 PE (Pair-end) 文库构建及高通量测序

将产物连接“Y”字形接头, 使用磁珠筛选去除接头自连片段, 利用 PCR 扩增进行文库模板的富集, 采用氢氧化钠变性后得到单链 DNA 片段。应用高通量测序平台 Illumina MiSeq 进行高通量测序, 具体过程如下: DNA 片段的一端与引物碱基互补, 固定在芯片上; 另一端随机与附近的另外一个引物互补, 也被固定住, 形成“桥”; PCR 扩增, 产生 DNA 簇; DNA 扩增子线性化成为单链; 加入改造过的 DNA 聚合酶和带有 4 种荧光标记的 dNTP, 每次循环只合成一个碱基; 用激光扫描反应板表面, 读取每条模板序列第一轮反应所聚合上去的核苷酸种类; 将“荧光基团”和“终止基团”化学切割, 恢复 3' 端黏性, 继续聚合第二个核苷酸; 统计每轮收集到的荧光信号结果, 获知模板 DNA 片段的序列, 以上工作由上海凌恩生物科技有限公司协助完成。

高通量测序之后进行相关数据去杂优化后, 采用 UPARSE (version 7.1 <http://drive5.com/uparse/>) 在相似度 97% 水平下对优化序列进行 OTU (operational taxonomic unit) 聚类分析和分类学分析; 基于 OTU 进行多种多样性指数分析, 基于 OTU 聚类分析结果, 对 OTU 进行多种多样性指数分析以及测序深度的检测; 基于分类学信息, 可以在各个分类水平上进行群落结构的统计分析。在上述分析的基础上, 可以进行一系列群落结构和系统发育等深入的统计学和可视化分析。

2 结果与分析

2.1 各采集样品的微生物多样性

本实验从湿地模型中共采集 30 个样本用于根系微生物的研究。根据物种累积曲线显示 (图 3), 本实验中所采集样品足以反映出此次微生物的丰富度^[19]。并且所有样品的 OTU 序列的相似性为 97%, 样品中 OTU 的数量范围为 1 191 ~ 2 884。代表微生物群落丰富度的 Ace 和 Chao 指数分别为 2 279 ~ 3 777 和 1 807 ~ 3 734。

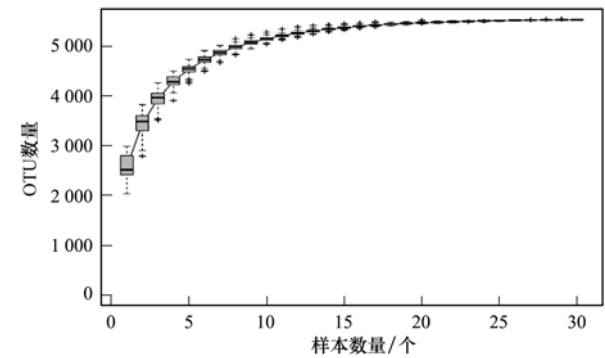


图3 物种累积曲线

Fig. 3 Species accumulation curve

Shannon-Wiener 指数是研究群落物种数及个体数和分布均匀程度的综合指标^[20],能够表明微生物群落的多样性. 本研究中,Shannon 指数在 4.22 ~ 6.37 之间,Shannon 指数在 2 号 09-18 的样本中最高,在 1 号 08-18 最低(表 3). 另外,不同湿地根系微生物的 Shannon 指数值在不同采样时间具有一定差异性. 整个研究过程中,湿地模型 2 号和 4 号的 Shannon 指数平均数值最高(分别为 5.72 和 5.81),1 号和 3 号的 Shannon 指数平均数值最低(分别为 5.23 和 5.35).

通过高通量测序得出的 OTUs 共属 52 个门. 其中,丰富度较大的微生物属于变形菌门(Proteobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidetes),而较少的物种属于热袍菌门(Thermotogae),RsaHF231 和 SM2F11. 变形菌门(Proteobacteria)在每一个样品中所占的比例最大,最低能达到 43.53%,最高达 70.45%. 拟杆菌门(Bacteroidetes)在所有样品中所占的比例范围是 10.84% ~ 36.01%. 另外,在每个样品的所有的微生物物种中, β -变形菌(β -Proteobacteria)所占的比例最大(图 4). 根据图 4,湿地模型 1 和 3 中 β -变形菌(β -Proteobacteria)的比例在所有湿地模型中最高,湿地模型 2 和 4 中 β -变形菌(β -Proteobacteria)的比例在所有湿地模型中最低,湿地模型 5 和 6 中 β -变形菌(β -Proteobacteria)的比例基本相等并处于前两者之间(图 4). 其中,慈菇和茭白根系微生物中变形菌门的平均比例分别为 61.97% 和 51.78%.

2.2 样品间的差异性

通过样本在 PCA 图中的距离能够观察到样本之间的微生物多样性差异^[21]. 每一个采集的根系样品的微生物群落结构特征具有一定的差异(图 5). 其中,当外界影响因素贡献率达到 39.7% 时,8 月 18 号的样品(红色圈),8 月 28 号的样品(蓝色

圈)和 9 月 8 号、18 号、28 号的样品(黑色圈)在 PC1 轴上已明显地分开(图 5).

表 3 不同湿地模型在不同采样时间的 Shannon 指数

Table 3 Shannon indices of the six wetland microcosms at each sampling time

实验组(模型)	采样时间(月-日)	Shannon 指数
1	08-18	4.22
	08-28	5.00
	09-08	5.76
	09-18	5.44
	09-28	5.73
	平均数	5.23
2	08-18	5.78
	08-28	4.79
	09-08	5.55
	09-18	6.37
	09-28	6.12
	平均数	5.72
3	08-18	4.57
	08-28	4.73
	09-08	5.68
	09-18	5.59
	09-28	6.16
	平均数	5.35
4	08-18	5.39
	08-28	5.65
	09-08	5.87
	09-18	6.13
	09-28	6.03
	平均数	5.81
5	08-18	5.26
	08-28	5.53
	09-08	5.90
	09-18	5.58
	09-28	5.67
	平均数	5.59
6	08-18	4.66
	08-28	5.09
	09-08	5.90
	09-18	5.85
	09-28	5.78
	平均数	5.46

为了深入分析不同湿地模型在不同采样时间的相似性,本研究对测序结果进行了 UPMGA 聚类分析. 结果表明,8 月份采集样品的根系微生物多样性和 9 月相比具有明显的差异(图 6). 根据图 6,每次采样中模型 1 号和 3 号微生物多样性高度相似,而 2 号和 4 号高度相似,5 号和 6 号高度相似. 另外,1、4 和 6 号在每次采样中根系微生物多样性具有很大的差异;2、3 和 5 号在每次采样中也具有类

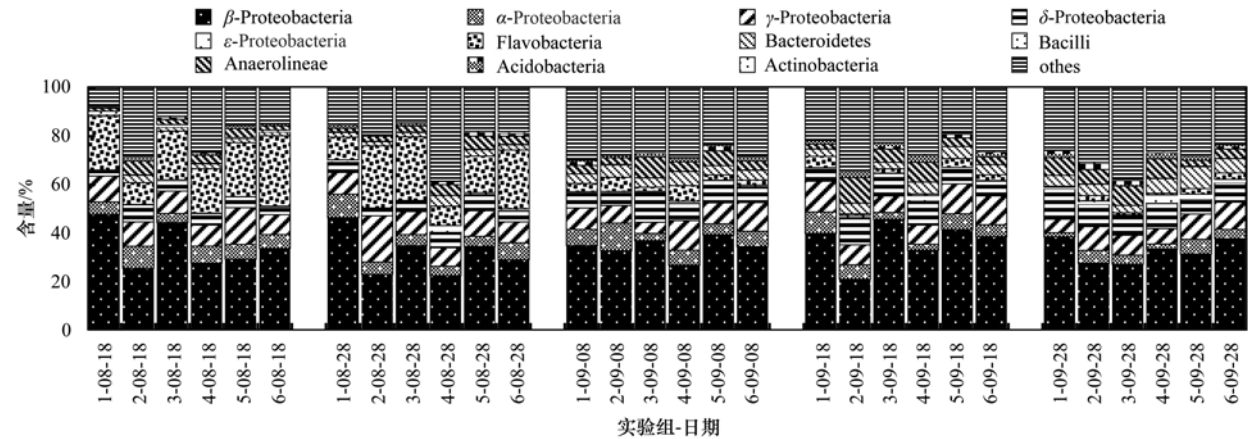


图 4 每个样品中微生物物种的分布

Fig. 4 Distribution of microbial species in each sample

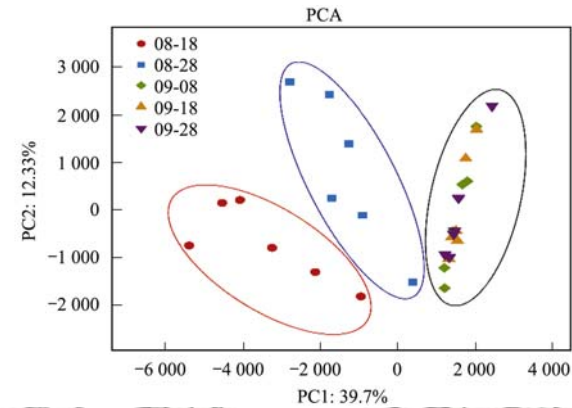


图 5 多样本 PCA 分析

Fig. 5 Multiple sample PCA

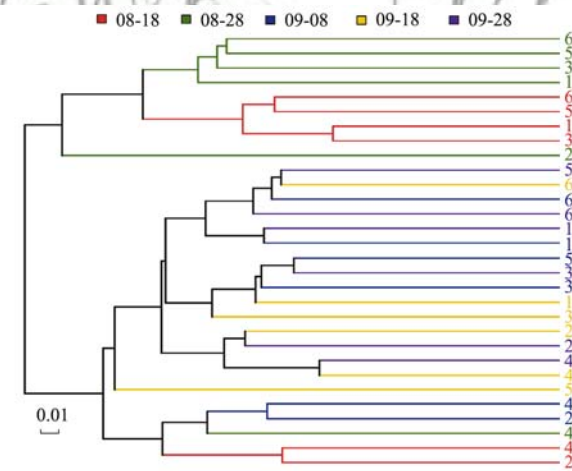


图 6 根际样品的 UPGMA 聚类分析

Fig. 6 UPMGA cluster analysis of rhizosphere samples

似的结果.

3 讨论

3.1 湿地模型总体微生物群落结构特征

相关研究表明,在自然条件下,根系微生物群落结构多样性的变化受植物分泌的根系分泌物和其他

有机物质等影响^[12,13]. 根据 Shannon 指数分析并结合表 1,在相同种植数量下,种植茭白的湿地模型根系微生物多样性最高,种植慈菇的最低,而两种都种植的 Shannon 指数数值处于两者之间. 此结果表明,茭白的根系微环境能够更好地适合微生物的生存,可能的原因是茭白根系分泌的小分子有机酸、维生素、促生长激素等分泌物比慈菇更加丰富与多样. 另外,同种处理模式的湿地模型随着运行,其 Shannon 指数整体呈现先增加后平稳的趋势,可能的原因是温度的变化、根系生长状况的影响和根际微环境中营养物质的变动等.

根据图 4 和表 1,慈菇的根系能够更好地富集 β -变形菌(β -Proteobacteria),而茭白能够更好地富集厌氧绳杆菌(*Anaerolineae*),可能的原因是慈菇的根系微环境比茭白更适合 β -变形菌(β -Proteobacteria)的生长和繁殖,而茭白的根系环境更适合厌氧绳杆菌(*Anaerolineae*)的生长,然而 β -变形菌(β -Proteobacteria)含有一定数量的有害微生物物种,因此茭白在富集有益微生物方面可能具有更强的能力. 随着实验模型的运行,所有模型中黄杆菌纲(*Flavobacteria*)和芽孢杆菌(*Bacilli*)比例逐渐下降,而 δ -变形菌(δ -Proteobacteria)、 ϵ -变形菌(ϵ -Proteobacteria)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、厌氧绳杆菌(*Anaerolineae*)和酸杆菌门(*Acidobacteria*)等多数微生物比例逐渐增加(图 4),可能的原因是温度的变化、特定营养物质的变动和根系分泌物成分及数量的变化,表明微生物的多样性逐渐增加,此结果与 Shannon 指数相符合(表 3).

根据图 5 和图 6,不同湿地模型运行的不同时间段中根系微生物多样性始终处于变化中,只有在运行后期 9 月的 8、18 和 28 号不同湿地模型差异

性较小,可能的原因是养殖水体对湿地模型的冲刷,根系微环境稳态受到攻击需要一定时间的修复. 结合表 1 分析,相同植物湿地模型的根系微生物多样性相似度高於相同滤料的湿地模型. 可以推断出,在本研究中,两种植物对根系微生物富集都具有良好的能力,而两种滤料表现则较弱,可能的原因是滤料只是简单地微生物提供附着场所,而植物则为微生物提供了氧气、有机酸等必须的营养物质.

3.2 各湿地模型微生物群落多样性及其组成

在整个研究期间,植物根系微环境中涌现了大量的有益微生物. 例如:玫瑰弯菌属(*Roseiflexus* sp.)在含氮污染物去除方面具有重要作用,并且在缺氧的环境下具有异养硝化还原性能. 硝化螺菌属(*Nitrospira* sp.)能将污染水体中的亚硝酸盐氧化成硝酸盐,在水体净化氮循环中具有十分重要的作用^[22]. 并且其丰富度能够提供氨氮,亚硝酸盐和硝酸盐循环转化的效率,能够保护养殖水体环境和避免因亚硝酸盐过多引起的鱼类死亡. 存在于根系微环境中的小梨形菌属(*Pirellula* sp.)在氮循环中也具有十分重要的作用^[23]. 硫杆菌属(*Desulforhopalus* sp.)在根系样品中被检测到,其存在表明本研究中的湿地模型具有一定重金属去除的能力^[24]. 根瘤菌属(*Rhizobium* sp.)和绿针假单胞菌(*Pseudomonas chlororaphis*)能够在根系微环境中通过分泌有机酸和磷酸酶将有机磷分解成无机磷(主要是 H_2PO_4^- 和 HPO_4^{2-})供植物吸收^[25]. 红环菌科(*Rhodocyclaceae* sp.)在根系微环境中非常丰富,能够在厌氧光照的环境下通过分解不同有机物质获得碳源进行生存,在有机物质去除方面具有一定的作用^[26]. *Tepidicella* sp. 也大量存在于根系微环境中,它能够在光照和厌氧的环境下通过分解有机物质、硫化物和氨氮生成氢供体和碳源进行生存繁殖. *Dechloromonas* sp. 能够降低氯含量,红假单胞菌属(*Rhodopseudomonas* sp.)能够吸收硫化氢. 另外, *Comamonadaceae* sp. 能够降解苯酚. 除了有益微生物,小部分的有害微生物也存在于各湿地模型的根系微环境中. 例如, *Desulfobulbus* sp. 能够降解硫化物形成硫化氢,对鱼体有一定的伤害. 根瘤杆菌属(*Rhizobacter* sp.)是植物病原体,而丹毒丝菌属(*Erysipelothrix* sp.)是对鱼体产生危害的病原体.

雷旭等对梭鱼草(*Pontederia cordata*)、美人蕉(*Canna indica*)和再力花(*Thalia dealbata*)湿地植物的根系微生物进行研究,得到美人蕉根际能更好地富集周围的微生物并且具有提高微生物群落的多样

性的能力^[27]. 另外,在相同种植数量的情况下,不同植物种类对于根系微生物群落多样性具有一定的影响. 有关研究表明,利用 PCR-DGGE 技术对马铃薯(*Solanum mberosum*)、草莓(*Fragari*)和油菜(*Brassicnapu*)的根系微生物多样性进行分析研究,三者之间的根系微生物群落结构具有很大的差异性^[28]. 因此,每种植物在微生物富集方面都具有不同的能力,科研人员应该对不同的湿地植物进行选择,筛选出具有净水效果最佳的湿地植物种类. 由于技术的局限性和数据处理的复杂,本研究仅对两种植物的根际微生物的功能菌群进行了相关研究. 以后的研究工作应扩大湿地植物的优化选择和建立相关的湿地植物根系微生物文库,以便于人工湿地的最佳构建和根系功能菌群的比较分析.

4 结论

(1)利用高通量测序技术,实现了对茭白和慈菇根系微生物种类组成在不同模型中的直接测定,初步探明两种植物在微生物富集方面的差异性.

(2)茭白比慈菇在微生物富集方面具有更强的能力,但慈菇能够更好地富集变形菌.

(3)在本研究中,两种植物对根系微生物富集都具有良好的能力,其中, β -变形菌纲为实验期间不同植物根际富集的主要细菌类群,而两种滤料表现则较弱.

(4)根系微生物富含玫瑰弯菌属(*Roseiflexus* sp.)和硝化螺菌属(*Nitrospira* sp.)等大量的有益菌,而如 *Desulfobulbus* sp. 等有害微生物含量则较少.

参考文献:

- [1] Smakhtin V, Revenga C, Döll P. A pilot global assessment of environmental water requirements and scarcity [J]. Water International, 2004, 29(3): 307-317.
- [2] Iasur-Kruh L, Hadar Y, Milstein D, et al. Microbial population and activity in wetland microcosms constructed for improving treated municipal wastewater [J]. Microbial Ecology, 2010, 59(4): 700-709.
- [3] Vymazal J. The use constructed wetlands with horizontal sub-surface flow for various types of wastewater [J]. Ecological Engineering, 2009, 35(1): 1-17.
- [4] Greenway M. Suitability of macrophytes for nutrient removal from surface flow constructed wetlands receiving secondary treated sewage effluent in Queensland, Australia [J]. Water Science and Technology, 2003, 48(2): 121-128.
- [5] Watnick P, Kolter R. Biofilm, city of microbes [J]. Journal of Bacteriology, 2000, 182(10): 2675-2679.
- [6] Faulwetter J L, Gagnon V, Sundberg C, et al. Microbial processes influencing performance of treatment wetlands: a review

- [J]. Ecological Engineering, 2009, **35**(6): 987-1004.
- [7] Ligi T, Oopkaup K, Truu M, *et al.* Characterization of bacterial communities in soil and sediment of a created riverine wetland complex using high-throughput 16S rRNA amplicon sequencing [J]. Ecological Engineering, 2014, **72**: 56-66.
- [8] Buée M, Reich M, Murat C, *et al.* 454 Pyrosequencing analyses of forest soils reveal an unexpectedly high fungal diversity [J]. New Phytologist, 2009, **184**(2): 449-456.
- [9] Medinger R, Nolte V, Pandey R V, *et al.* Diversity in a hidden world: potential and limitation of next-generation sequencing for surveys of molecular diversity of eukaryotic microorganisms [J]. Molecular Ecology, 2010, **19**(S1): 32-40.
- [10] Arfi Y, Buée M, Marchand C, *et al.* Multiple markers pyrosequencing reveals highly diverse and host-specific fungal communities on the mangrove trees *Avicennia marina* and *Rhizophora stylosa* [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2012, **79**(2): 433-444.
- [11] dos Santos H F, Cury J C, do Carmo F L, *et al.* Mangrove bacterial diversity and the impact of oil contamination revealed by pyrosequencing: bacterial proxies for oil pollution [J]. PLoS One, 2011, **6**(3): e16943.
- [12] Miethling R, Wieland G, Backhaus H, *et al.* Variation of microbial rhizosphere communities in response to crop species, soil origin, and inoculation with *Sinorhizobium meliloti* L33 [J]. Microbial Ecology, 2000, **40**(1): 43-56.
- [13] Marschner P, Yang C H, Lieberei R, *et al.* Soil and plant specific effects on bacterial community composition in the rhizosphere [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2001, **33**(11): 1437-1445.
- [14] Gersberg R M, Elkins B V, Lyon S R, *et al.* Role of aquatic plants in wastewater treatment by artificial wetlands [J]. Water Research, 1986, **20**(3): 363-368.
- [15] Adcock P W, Ganf G G. Growth characteristics of three macrophyte species growing in a natural and constructed wetland system [J]. Water Science and Technology, 1994, **29**(4): 95-102.
- [16] Li J H, Pan Y X. Environmental factors affect magnetite magnetosome synthesis in *Magnetospirillum magneticum* AMB-1: implications for biologically controlled mineralization [J]. Geomicrobiology Journal, 2012, **29**(4): 362-373.
- [17] Zhou J, Bruns M A, Tiedje J M. DNA recovery from soils of diverse composition [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1996, **62**(2): 316-322.
- [18] Xiong J B, Liu Y Q, Lin X G, *et al.* Geographic distance and pH drive bacterial distribution in alkaline lake sediments across Tibetan Plateau [J]. Environmental Microbiology, 2012, **14**(9): 2457-2466.
- [19] Maughan H, Wang P W, Caballero J D, *et al.* Analysis of the cystic fibrosis lung microbiota via serial Illumina sequencing of bacterial 16S rRNA hypervariable regions [J]. PLoS One, 2012, **7**(10): e45791.
- [20] Müller A K, Westergaard K, Christensen S, *et al.* The diversity and function of soil microbial communities exposed to different disturbances [J]. Microbial Ecology, 2002, **44**(1): 49-58.
- [21] Wang Y, Sheng H F, He Y, *et al.* comparison of the levels of bacterial diversity in freshwater, intertidal wetland, and marine sediments by using millions of illumina tags [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2012, **78**(23): 8264-8271.
- [22] Pester M, Maixner F, Berry D, *et al.* *NxrB* encoding the beta subunit of nitrite oxidoreductase as functional and phylogenetic marker for nitrite-oxidizing *Nitrospira* [J]. Environmental Microbiology, 2014, **16**(10): 3055-3071.
- [23] Rabus R, Gade D, Helbig R, *et al.* Analysis of *N*-acetylglucosamine metabolism in the marine bacterium *Pirellula* sp. strain 1 by a proteomic approach [J]. Proteomics, 2002, **2**(6): 649-655.
- [24] Purdy K J, Nedwell D B, Embley T M. Analysis of the sulfate-reducing bacterial and methanogenic archaeal populations in contrasting Antarctic sediments [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2003, **69**(6): 3181-3191.
- [25] Chakrabarti J, Chatterjee S, Ghosh S, *et al.* Synergism of VAM and Rhizobium on production and metabolism of IAA in roots and root nodules of *Vigna Mungo* [J]. Current Microbiology, 2010, **61**(3): 203-209.
- [26] Chung J, Shin S, Oh J. Characterization of a microbial community capable of reducing perchlorate and nitrate in high salinity [J]. Biotechnology Letters, 2009, **31**(7): 959-966.
- [27] 雷旭, 李冰, 李晓, 等. 复合垂直流人工湿地系统中不同植物根际微生物群落结构 [J]. 生态学杂志, 2015, **34**(5): 1373-1381.
- Lei X, Li B, Li X, *et al.* Rhizosphere microbial communities of three plants in vertical-flow constructed wetland [J]. Chinese Journal of Ecology, 2015, **34**(5): 1373-1381.
- [28] Smalla K, Wieland G, Buchner A, *et al.* Bulk and rhizosphere soil bacterial communities studied by denaturing gradient gel electrophoresis: plant-dependent enrichment and seasonal shifts revealed [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2001, **67**(10): 4742-4751.

CONTENTS

Evaluation and Development of a Weighing Chamber by Using Saturated MgCl_2 Solution	LI Xiao-xiao, ZHANG Qiang, DENG Jian-guo, <i>et al.</i> (3095)
Characteristics Research on Carbonaceous Component of Particulate Matter Emitted from Iron and Steel Industry	ZHANG Jin-sheng, WU Jian-hui, MA Xian, <i>et al.</i> (3102)
Pollution Characteristics and Source Identification of PAHs in Atmospheric $\text{PM}_{2.5}$ in Changzhou City	GU Ai-jun, LIU Jia-shu, LUO Shi-peng, <i>et al.</i> (3110)
Atmospheric Dry Deposition Fluxes and Sources of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Lanzhou Valley, Northwest China	JU Yuan-li, LIU Pan-liang, YU Zhou-suo, <i>et al.</i> (3120)
Characteristics and Sources of Elements in Atmospheric Dust Fall in Zhuzhou City, Central China	WANG Shi-hao, ZHANG Kai, CHAI Fa-he, <i>et al.</i> (3130)
Atmospheric Pollutant Emission Characteristics from the Cooking Process of Traditional Beijing Roast Duck	XU Min, HE Wan-qing, NIE Lei, <i>et al.</i> (3139)
Exhaust Emission Characteristics of Typical Alkanes from Heavy-Duty Diesel Vehicles Based on a Portable Emission Measurement System	SHI Chun-zhen, HAO Xue-wei, SHEN Xian-bao, <i>et al.</i> (3146)
PM_{10} Concentration Forecasting Model Based on Wavelet-SVM	WANG Ping, ZHANG Hong, QIN Zuo-dong, <i>et al.</i> (3153)
Emission Factors and Preliminary Emission Estimates of Air Pollutants from Ships at Berth in the Guangzhou Port	HUANG Xue-liang, ZHANG Zhou, YANG Wei-qiang, <i>et al.</i> (3162)
Influence of Dust Events on the Concentration and Size Distribution of Microorganisms in Bioaerosols	LI Hong-tao, Qi Jian-hua, DONG Li-jie, <i>et al.</i> (3169)
Odor Emission Characteristics and Pollution Evaluation from Typical Household Rubbish Disposal Facilities	LU Hui-jie (3178)
Perfluorinated Compounds in Snow from Downtown Hangzhou, China	ZHANG Ming, TANG Fang-liang, YU Ya-yun, <i>et al.</i> (3185)
Fluorescence Characterization of Fractionated Colloids in Wastewaters Received by Huangpu River	NIE Ming-hua, YAN Cai-xia, YANG Yi, <i>et al.</i> (3192)
Sources of Organic Carbon in the Surface Water of Lijiang River	ZHAO Hai-juan, XIAO Qiong, WU Xia, <i>et al.</i> (3200)
Impacts of Thermal Stratification on the Hydrochemistry and Dissolved Inorganic Carbon in a Typical Karst Reservoir in Summer	WU Fei-hong, PU Jun-bing, LI Jian-hong, <i>et al.</i> (3209)
Comparison of Heavy Metal Contamination Characteristics in Surface Water in Different Functional Areas; A Case Study of Ningbo	XU Mei-juan, TONG Gui-hua, SUN Dan, <i>et al.</i> (3218)
Comparison of Identification Methods of Main Component Hydrochemical Anomalies in Groundwater; A Case Study of Liujiang Basin	ZHANG Xiao-wen, HE Jiang-tao, PENG Cong, <i>et al.</i> (3225)
Biotic and Abiotic Uptake of Phosphorus in Benthic Sediments of Suburban Streams Under Intense Human Disturbance Scenario	LI Ru-zhong, YE Zhou, GAO Su-di, <i>et al.</i> (3235)
Sedimentary Phosphorus Speciation in the Coastal Hypoxic Area of Changjiang Estuary and Its Environmental Significance	LIU Jun, ZANG Jia-ye, RAN Xiang-bin, <i>et al.</i> (3243)
Characteristics and the Relationship of Nitrogen and Phosphorus in Soil and Water of Different Land Use Types of a Small Watershed in the Three Gorges Reservoir Area	CHEN Cheng-long, GAO Ming, MU Zhi-jian, <i>et al.</i> (3254)
Characteristics of Carbon Transportation Under Rainfall Events and Associated Carbon Loss Evaluation in Loess Plateau, China; A Case Study of Yangjuangou Dam Watershed	E Xin-hui, WANG Ya-feng, GAO Yang, <i>et al.</i> (3264)
New Bromated Phenolic Disinfection Byproducts: Mechanism of Their Decomposition During Chlorination	LI Huan, LI Zheng-kui, LI Ai-min, <i>et al.</i> (3273)
Effects of Algal Morphology and Al Species Distribution on the Coagulation-Ultrafiltration Process	ZHANG Da-wei, XU Hui, WANG Xi, <i>et al.</i> (3281)
Functional Group Characteristics of Planktonic Diatoms and Their Relationship with Environmental Factors in the Ruxi River	XIANG Rong, LI Qiao-yu, YU Yi, <i>et al.</i> (3290)
Spatiotemporal Variations of Chlorophyll <i>a</i> and Its Relationship to Environmental Factors in Shiyan Reservoir	SONG Yun-long, ZHANG Jin-song, Guo Xiao-ya, <i>et al.</i> (3302)
Rhizosphere Microbial Diversity in Different Wetland Microcosms	WANG Lin, LI Bing, YU Jia-hui, <i>et al.</i> (3312)
Community Structure of Microorganisms and Its Seasonal Variation in Beihai Lake	ZHANG Ya-jie, LI Ke, ZHU Hao-ran, <i>et al.</i> (3319)
Analysis of Microbial Diversity in a Fluidized-Sand Biofilter Based on High-Throughput Sequencing Technology	ZHANG Hai-geng, SONG Hong-qiao, GU Chuan-chuan, <i>et al.</i> (3330)
Analysis of High-efficiency Denitrifying Bacteria and Embedding Filler Performance and Microflora	MENG Ting, YANG Hong (3339)
Selection of Microalgae for Biofuel Using Municipal Wastewater as a Resource	HAN Song-fang, JIN Wen-biao, TU Ren-jie, <i>et al.</i> (3347)
Purification Effect of Piggery Wastewater with <i>Chlorella pyrenoidosa</i> by Immobilized Biofilm-Attached Culture	WANG Yuan-zhu, CHENG Peng-fei, LIU De-fu, <i>et al.</i> (3354)
Combination of Microbubble Catalytic Ozonation and Biological Process for Advanced Treatment of Biotreated Coal Chemical Wastewater	LIU Chun, ZHOU Hong-zheng, ZHANG Jing, <i>et al.</i> (3362)
Effect of pH Shock on Nitrogen Removal Performance of Marine Anaerobic Ammonium-Oxidizing Bacteria Treating Saline Wastewater	YU De-shuang, ZHOU Tong, LI Jin, <i>et al.</i> (3369)
Removal of Nitrogen from Alcohol Wastewater by PN-ANAMMOX	ZHOU Zheng, LIN Xing, WANG Fan, <i>et al.</i> (3377)
Biorecovery of Palladium from Simulated Wastewaters and Its Catalytic Property for Methylene Blue	KANG Nai-xin, ZHU Neng-wu, GUO Wen-ying, <i>et al.</i> (3385)
Investigation of Initiation and Shock Process of ANAMMOX Based on Color Space	WANG Li-jun, LI Zhi-hua, HAN Dong, <i>et al.</i> (3393)
Fast Start-up of Shortcut Nitrification in a CSTR and an MBR	ZHANG Ting, WU Peng, SHEN Yao-liang, <i>et al.</i> (3399)
Conversion Pathways of Substrates in Sulfate-Reducing Ammonia Oxidation System	WANYAN De-qing, HUANG Yong, BI Zhen, <i>et al.</i> (3406)
Effect of Different TOC to NH_4^+ -N Ratios on Nitrogen Removal Efficiency in the ANAMMOX Process	WANG Fan, LIU Kai, LIN Xing, <i>et al.</i> (3415)
Effects of Salinity on the Operation of EGSB Reactors and the Anaerobic Granular Sludge	TAN Xiao, HUANG Liang, YANG Ping, <i>et al.</i> (3422)
Start-up of Granule CANON Process and the Strategy for Enhancing Total Nitrogen Removal Rate	SUN Yan-fang, HAN Xiao-yu, ZHANG Shun-jun, <i>et al.</i> (3429)
Effect of Extracellular Polymeric Substance (EPS) on the Adsorption of Perfluorooctane Sulfonate (PFOS) onto Activated Sludge	LIU Xin-tong, YIN Hua, PENG Hui, <i>et al.</i> (3435)
Characteristics of N_2O and NO_x Emissions from Purple Soil Under Different Fertilization Regimes	HU Lei, LIU Yun, ZHU Bo (3442)
Effect of Plastic Film Mulching on Methane Emission from a Vegetable Field	ZHANG Kai-li, HAO Qing-ju, FENG Di, <i>et al.</i> (3451)
Responses of Soil Ammonia Oxidizers to Simulated Warming and Increased Precipitation in a Temperate Steppe of Inner Mongolia	ZHANG Cui-jing, SHEN Ju-pei, SUN Yi-fei, <i>et al.</i> (3463)
Nitrification Activity and Autotrophic Nitrifiers in Long-term Fertilized Acidic Upland Soils	XU Bai-lu, ZHONG Wen-hui, HUANG Qian-ru, <i>et al.</i> (3473)
Effects of CaCO_3 Application on Soil Microbial Nitrogen Cycle in an Acid Soil	GUO An-ning, DUAN Gui-lan, ZHAO Zhong-qiu, <i>et al.</i> (3483)
Responses of Extracellular Enzymes to Nitrogen Application in Rice of Various Ages with Rhizosphere and Bulk Soil	WEI Liang, TANG Zhen-zhu, ZHU Zhen-ke, <i>et al.</i> (3489)
Variation in the Temperature Sensitivity of Surface Litter Respiration and Its Influencing Factors	ZHANG Yan-jun (3497)
Magnetic Properties of Farmland Soils in Arid Regions in Northwest China and Their Environmental Implications	WANG Xin, XIA Dun-sheng, WANG Bo, <i>et al.</i> (3507)
Preparation of Magnetic Biomass Carbon by Thermal Decomposition of Siderite Driven by Wheat Straw and Its Adsorption on Cadmium	ZHANG Ru-yu, LIU Hai-bo, ZOU Xue-hua, <i>et al.</i> (3519)
Effects of Traffic-related Air Pollution Exposure on DNA Methylation	WANG Ting, DING Rui, HUANG Dan-ni, <i>et al.</i> (3529)
Effects of Exogenous Microorganism Inoculation on Efficiency and Bacterial Community Structure of Sludge Composting	YANG Ping-ping, YIN Hua, PENG Hui, <i>et al.</i> (3536)
Life Cycle Assessment of Traction Lead-acid Batteries for Electric Bikes in China	LIU Wei, TIAN Jin-ping, CHEN Lü-jun (3544)