

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2019

Vol.40 No.5

第40卷 第5期

目次

2016年10~11月期间北京市大气颗粒物污染特征与传输规律	张晗宇,程水源,姚森,王晓琦,张俊峰(1999)
餐饮排放有机颗粒物的质量浓度、化学组成及排放因子特征	王红丽,景盛翱,乔利平(2010)
泰山顶(1534 m)夏季气溶胶粒径分布特征	沈利娟,王红磊,银燕,陈魁,陈景华,施双双(2019)
郑州-新乡冬季PM _{2.5} 中元素浓度特征及其源分析	闫广轩,张朴真,黄海燕,高雅,张靖雯,宋鑫,张佳羽,李怀刚,曹治国,姜继韶,樊静,王跃思,金彩霞(2027)
我国PM _{2.5} 浓度分阶段改善目标情景分析	贺晋瑜,燕丽,王彦超,雷宇,汪旭颖(2036)
安阳市典型工业源PM _{2.5} 排放特征及减排潜力估算	杜小申,燕丽,贺晋瑜,汪旭颖,王克,张瑞芹(2043)
郑州市典型工业炉窑细颗粒物排放特征及清单	赵庆炎,韩士杰,张轶舜,杨留明,张瑞芹,燕启社(2052)
2015年南京市城区挥发性有机物组成特征及大气反应活性	乔月珍,陈凤,赵秋月,刘倩(2062)
兰州市化石燃料燃烧源排放VOCs的臭氧及二次有机气溶胶生成潜势	刘镇,朱玉凡,郭文凯,刘晓,陈强(2069)
12种常见落叶果树BVOCs排放清单和排放特征	李双江,袁相洋,李琦,冯兆忠(2078)
我国典型陆地生态系统水化学离子特征及空间分布	黄丽,张心昱,袁国富,朱治林,唐新斋,孙晓敏(2086)
我国典型区域地表水环境中抗生素污染现状及其生态风险评价	刘昔,王智,王学雷,李珍,杨超,厉恩华,位慧敏(2094)
我国七大流域水体多环芳烃的分布特征及风险评价	范博,王晓南,黄云,李霖,高祥云,李雯雯,刘征涛(2101)
大连海域入海污染源中PFASs的赋存、输入通量和季节特征	陈虹,韩建波,张灿,程嘉熠(2115)
干旱内陆河流域降水稳定同位素的时空特征及环境意义	袁瑞丰,李宗省,蔡玉琴,邹海明(2122)
柳林泉域岩溶地下水区域演化规律及控制因素	黄奇波,覃小群,刘朋雨,程瑞瑞,李腾芳(2132)
崇左响水地区岩溶地下水主要离子特征及控制因素	周巾枚,蒋忠诚,徐光黎,覃小群,黄奇波,张连凯(2143)
三峡水库水体溶解磷与颗粒磷的输移转化特征分析	秦延文,韩超南,郑丙辉,马迎群,杨晨晨,刘志超,张雷,赵艳民(2152)
三峡水库蓄水至175 m后干流沉积物磷蓄积特征及释放潜力	黎睿,潘婵娟,汤显强,肖尚斌,李青云,杨文俊(2160)
不同水期洞庭湖水体中磷分布特征及影响因素	李莹杰,王丽婧,李虹,欧阳美凤(2170)
巢湖十五里河沉积物磷平衡浓度对外源磷的响应及释放风险	李如忠,鲍琴,戴源(2178)
闽江上游溪流沉积物有机磷空间分布及其环境意义分析	徐健,袁旭音,叶宏萌,张晓辉,周慧华,韩年(2186)
生态工程综合治理系统对农业小流域氮磷污染的治理效应	蒋倩文,刘锋,彭英湘,王华,姚燃,李红芳,罗沛,刘新亮,吴金水(2194)
太湖流域河流沉积物重金属分布及污染评估	张杰,郭西亚,曾野,邓建才(2202)
三峡水库支流汝溪河口水体汞的时空变化特征	马尉斌,陈秋禹,尹德良,孙涛,王永敏,王定勇(2211)
多功能型城市人工湿地水体汞分布特征及其量变分析	刘伟豪,王永敏,樊宇飞,吕东威,王定勇(2219)
不同类型城市人工湿地水体汞的分布特征	樊宇飞,刘伟豪,孙涛,苑萌,吕东威,李先源,王永敏,王定勇(2226)
微塑料对河口沉积物抗生素抗性基因的影响	黄福义,杨凯,张子兴,苏建强,朱永官,张娟(2234)
上海市郊道路地表径流多环芳烃污染特征对比及源解析	吴杰,熊丽君,吴健,沙晨燕,唐浩,林匡飞,李大雁,沈城(2240)
异龙湖不同湖区浮游植物群落特征及其与环境因子的关系	王振方,张玮,杨丽,徐玉萍,赵凤斌,王丽卿(2249)
水库热分层期藻类水华与温跃层厌氧成因分析	刘雪晴,黄廷林,李楠,杨尚业,李扬,徐进,王涵玥(2258)
绿狐尾藻对铜绿微囊藻和羊角月牙藻的抑藻效应	毕业亮,吴诗敏,周思宁,吴尚华,宿辉,白志辉,徐圣君(2265)
紫外/亚硫酸钠还原降解三氯乙酰胺的效能	伏芝萱,郭迎庆,楚文海(2271)
UV降解水溶液中拉法辛的影响因素及机制	吕娟,许志伟,王言(2278)
铝代水铁矿协同吸附砷的机制	黄博,郭朝晖,肖细元,彭驰,朱惠文,史磊,阳安迪(2287)
新型材料磁性氧化铁的除氟效能	方文侃,李小娣,方菁,吴德意(2295)
羧基改性阴极对微生物电合成系统产乙酸性能的影响机制	祁家欣,曾翠平,骆海萍,刘广立,张仁铎,卢耀斌(2302)
基于分区供氧与溶解氧调控的低C/N比污水短程硝化反硝化	吴春雷,荣懿,刘晓鹏,史会欣,章武首,金鹏康,马文伟(2310)
不同COD浓度下低基质厌氧氨氧化的启动特征	马艳红,赵智超,安芳娇,黄利,师晓娟,慕浩,陈永志(2317)
15℃ SBBR短程硝化快速启动和稳定运行性能	孙艺齐,卞伟,李军,赵青,王文啸,梁东博,吴耀东(2326)
长期低聚磷条件对AO-SBR系统Accumulibacter代谢特性的影响	王少坡,李柱,赵乐丹,于静洁,赵明,郑胜达,孙力平(2333)
厌氧氨氧化颗粒污泥EPS及其对污泥表面特性的影响	杨明明,刘子涵,周杨,祁菁,赵凡,郭劲松,方芳(2341)
HN-AD菌生物强化接触氧化工艺处理猪场沼液	刘向阳,张千,吴恒,李宸,唐健泓,封丽,肖芃颖,赵天涛(2349)
温度对自养型同步脱氮工艺处理猪场废水厌氧消化液性能及微生物群落的影响	黄方玉,邓良伟,杨红男,杨含,肖友乾,王兰(2357)
城市污水处理系统真核微生物群落特性与地域性差异	秦文韬,张冰,孙晨翔,陈湛,文湘华(2368)
三江平原湿地开垦对土壤微生物群落结构的影响	王娜,高婕,魏静,刘颖,庄绪亮,庄国强(2375)
亚高山湖群中真菌群落的分布格局和多样性维持机制	刘晋仙,李鑫,罗正明,王雪,暴家兵,柴宝峰(2382)
生物质炭对双季稻田土壤反硝化功能微生物的影响	刘杰云,邱虎森,王聪,沈健林,吴金水(2394)
地膜覆盖和施肥对菜地CH ₄ 排放的影响	倪雪,江长胜,陈世杰,李晓茜,石孝均,郝庆菊(2404)
亏缺灌溉对冬小麦农田温室气体排放的影响	王晓云,蔡焕杰,李亮,徐家屯,陈慧(2413)
不同施肥模式对热区晚稻田CH ₄ 和N ₂ O排放的影响	田伟,伍延正,汤水荣,胡玉麟,赖倩倩,文冬妮,孟磊,吴川德(2426)
周期性变温对紫色土有机碳矿化的影响	曾蔓蔓,慈恩,樊晶晶,李江文,翁昊璐,李松(2435)
广西高镉异常区水田土壤Cd含量特征及生态风险评价	宋波,王佛鹏,周浪,吴勇,庞瑞,陈同斌(2443)
超富集植物藿香蓿(Ageratum conyzoides L.)对镉污染农田的修复潜力	张云霞,宋波,宾娟,周子阳,陈记玲,陈同斌(2453)
种植油菜麦评价多环芳烃污染土壤的农用风险	焦海华,郭佳佳,张婧旻,张晓霞,茹文明,白志辉(2460)
土壤重金属累积对土地利用与景观格局的响应	舒心,李艳,李锋,冯靖仪,沈嘉瑜,史舟(2471)
某区生活垃圾焚烧发电厂周边及厂区内土壤中重金属元素的污染特征及评价	吕占禄,张金良,陆少游,邹天森,刘凯,张晗,谷亚亚(2483)
《环境科学》征订启事(2018)	《环境科学》征稿简则(2042)
信息(2114, 2348, 2393)	

城市污水处理系统真核微生物群落特性与地域性差异

秦文韬, 张冰, 孙晨翔, 陈湛, 文湘华*

(清华大学环境学院, 环境模拟与污染控制国家重点联合实验室, 北京 100084)

摘要: 城市污水处理厂是控制水污染、保证城市与人类可持续发展的重要设施。真核微生物作为活性污泥系统中不可或缺的一部分, 在指示活性污泥性质、预测出水水质、强化净化效果、保障系统稳定运行过程中发挥着重要作用。本研究以来自北京、深圳和无锡的14个城市污水处理厂的61份样品为研究对象, 采用18S rDNA高通量测序技术并结合多种生态学及统计学相关分析方法, 探讨了活性污泥系统内真核微生物群落特性与地域性差异。结果表明, 不同空间尺度下, 活性污泥系统内真核微生物群落优势种群组成相似, 在Devison水平上, 群落优势种群主要由真菌、原生动物(纤毛亚门)和后生动物组成, 三者相对丰度之和高达86.22%~89.40%。不同城市污水处理厂活性污泥系统内真核微生物多样性存在差异, 无锡群落的多样性(丰富度和香农-威纳多样性指数)最高, 北京的最低, 且3个城市的活性污泥系统内真核微生物群落结构存在显著的地域性差异。partial mantel test和多元回归矩阵分析结果表明, 曝气池混合液温度和出水总氮浓度与活性污泥系统内真核微生物群落结构的相关性较强。研究结果深化了对污水处理系统中真核微生物的认识。

关键词: 真核微生物; 群落; 多样性; 影响因素; 地域性差异

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2019)05-2368-07 DOI: 10.13227/j.hjxx.201810249

Characteristics and Regional Heterogeneity of Eukaryotic Microbial Community in Wastewater Treatment Plants

QIN Wen-tao, ZHANG Bing, SUN Chen-xiang, CHEN Zhan, WEN Xiang-hua*

(State Key Joint Laboratory of Environmental Simulation and Pollution Control, School of Environment, Tsinghua University, Beijing 100084, China)

Abstract: Wastewater treatment plants (WWTPs) are important facilities to control water pollution and ensure the sustainable development of cities and humans. As an indispensable part of the activated sludge (AS) system, eukaryotic microbes play important roles in indicating the properties of AS, predicting the quality of the effluent, enhancing the purification effect, and ensuring a stable performance of the system in WWTPs. In this study, 61 AS samples from 14 full-scale WWTPs of Beijing, Shenzhen, and Wuxi were collected. Characteristics and regional heterogeneity of eukaryotic microbial community were elucidated via high-throughput sequencing (HTS) of the 18S rDNA and multi ecological and statistical methods. Results showed that eukaryotic microbial communities in different scales shared similar main members, which were mainly composed of fungi, ciliophora, and metazoa in division level with their total relative abundance up to 86.22%-89.40%. Diversity of eukaryotic microbial community in WWTPs of different cites varied. Richness and Shannon Wiener index of eukaryotic microbial communities in the AS system of Wuxi were the highest, while that of Beijing was the lowest. Diversity of eukaryotic microbes from HTS in this study was higher than that of conventional methods, but lower than the diversity of bacteria in AS systems. Regional heterogeneity of eukaryotic microbial community structure was uncovered by nonmetric multidimensional scaling based on Bray-Curtis distance and dissimilarity analysis. Results of partial mantel test and multiple regression matrix analysis showed that the eukaryotic microbial community was significantly correlated with the temperature of the aeration tank mixture and the total nitrogen concentration of the effluent of the AS system. These results help deepen the understanding of eukaryotic microbes in WWTPs.

Key words: eukaryotic microbe; community; diversity; influence factor; regional heterogeneity

城市污水是人类活动的必然产物, 其产生量随着城市与社会经济的发展不断增加, 城市污水处理厂(wastewater treatment plant, WWTP)作为城市的“肠道”, 是控制水污染, 保证城市与人类可持续发展的重要设施。我国城市污水处理厂普遍采用活性污泥法处理污水, 其中微生物是污染物去除的主体, 因此微生物群落是系统稳定运行的基础。

在群落中, 除原核生物外, 真菌、原生动物、藻类等真核微生物作为不可或缺的一部分, 在保障系统稳定运行过程中发挥着重要的作用。一方面, 原生动物可以摄食处理水中游离细菌, 指示活性污

泥性质; 通过优势种群变化、形态变化、繁殖方式变化来指示反应操作环境; 通过种群密度和种类的变化预测出水水质; 通过对细菌、有机颗粒和藻类等的强化和捕食作用强化净化效果^[1~3]; 通过监测纤毛类的多样性可以预估污水处理厂的运行状况^[4]。另一方面, 隐孢子虫和贾第鞭毛虫等病原性

收稿日期: 2018-10-31; 修订日期: 2018-11-28

基金项目: 环境模拟与污染控制国家重点实验室项目(18L02ESPC)

作者简介: 秦文韬(1988~), 女, 博士, 主要研究方向为污水处理厂中微生物群落结构与功能, E-mail: qinwt1108@163.com

* 通信作者, E-mail: xhwen@tsinghua.edu.cn

原生动物能导致人和动物腹泻,且具有个体小、潜伏期长、致病性强且易暴发流行的特点,对下游生物造成极大的威胁^[5]。

活性污泥中真菌的出现一般也与水质有关。一方面,丝状真菌是形成活性污泥絮凝体的骨架,使污泥具有良好的沉淀性能,保持高的净化效率、低的出水浓度和出水悬浮物浓度^[6]。另一方面,丝状真菌,如 *Trichosporon* 属,若大量异常地增殖则会引发污泥膨胀现象,常造成处理水质下降和污泥的大量流失,影响处理系统的稳定运行^[7]。因此,深入理解污水处理系统中真核微生物的特性,对提高出水水质、保障污水处理系统的稳定运行具有重要作用。

传统的微生物培养方法和形态学研究手段因自身存在的不足和问题,限制了人们对真核微生物的认识^[8~10],Meng 等^[11]利用密度梯度离心结合定量蛋白银染色的方法在黄海 48 个站位的沉积物样品中鉴定出 198 种底栖纤毛虫;代仁海^[12]利用同样的方法在春季长江口及东海的 39 个站位的沉积物样品中检获 278 种底栖纤毛虫,但其中约 37% 的种类由于数量过少等原因导致分类信息不足,难以准确鉴定。近年来高通量测序技术的研究手段极大地提高了微生物群落研究的深度与水平,现已被广泛用来解析农田、森林、土壤、海洋等环境中的微生物^[13~19]。在污水处理系统中,相关研究大多集中于利用高通量测序技术结合其他生物信息学方法解析系统内细菌群落的结构和功能^[20, 21],采用这一技术研究系统内真核微生物群落的报道还很少见。此外,我国不同区域的地理环境和饮食结构均存在差异,且有研究显示自然系统内真核微生物群落和污水处理系统内的细菌群落均具有地域性差异^[22~24],然而不同区域活性污泥系统内的真核微生物群落地域性差异研究尚未开展。

因此,本研究拟利用高通量测序技术,结合多种生态学及数理统计相关分析方法研究我国城市污水处理系统中真核微生物的群落特性与地域性差异,深化对污水处理系统中真核微生物的认识,以期为指导污水处理系统的优化设计、提高出水水质、保障系统稳定高效运行提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 样品采集与 DNA 提取

污泥样品采集于 2014 年 7~8 月,选取了北京、深圳和无锡的 14 个污水处理厂,为保证后续数据统计学分析结果的可靠性,样品采集遵循每个城市至少采集 4 个 WWTPs,每个 WWTP 至少采集 3 个曝气

池活性污泥样品(分别在曝气池前、中、后端)以及一个曝气池上清液样(曝气池中端),若同一 WWTP 具有不同的处理工艺,则在不同处理工艺的曝气池中均进行了活性污泥样品和曝气池上清液样品的采集。同时,原位测定曝气池混合液的温度、pH、溶解氧浓度和电导率等参数,收集 WWTPs 的地理信息、城市气候信息,WWTPs 采用的处理工艺、设计参数、进出水水质情况和操作参数等基本信息。

采用统一的方法,每个样品采集 30 mL,并迅速置于冰上 24 h 内带回实验室,充分摇匀后于 15 000g 离心 10 min 后弃去上清液,取沉淀相保存于 -80℃ 用于微生物 DNA 提取。采用 PowerSoil® DNA 提取试剂盒提取污泥样品的 DNA,然后用 ND-2000 分光光度计和 NanoDrop 测定其浓度和纯度,保证每个样品满足测序的 DNA 质量要求。

1.2 18S rDNA 高通量测序

利用引物 TAReuk454FWD1 (5'-CCAGCASC YGCGGTAATTCC-3') 和 TAReukREV3 (5'-ACTTTCC TTCTTGATYRA-3')^[25] 通过 Illumina MiSeq 测序平台完成活性污泥系统内真核微生物 18S rDNA 测序,然后在 Galaxy 平台 (<http://zhoulab5.rccc.ou.edu:8080/root>)^[26] 上完成原始数据的整合,物种信息分类,生成操作分类单元 (operational taxonomic unit, OTU) 表格,详细实验步骤和数据预处理过程可参考文献^[27, 28]。

1.3 数据分析

本研究使用了非度量多维尺度法 (nonmetric multidimensional scaling, NMDS) 和相异性分析非参数检验方法 ADONIS (permutational multivariate analysis of variance)、ANOSIM (analysis of similarities) 和 MRPP (multi-response permutation procedure) 检验北京、深圳和无锡这 3 个城市微生物群落结构的差异,采用多元回归矩阵分析 (multiple regression on distance matrix, MRM)^[29] 和 partial mantel test 分析确定影响群落结构的重要因素。以上分析通过 R 语言 vegan、ape、ecodist 程序包和 Excel 完成。

2 结果与讨论

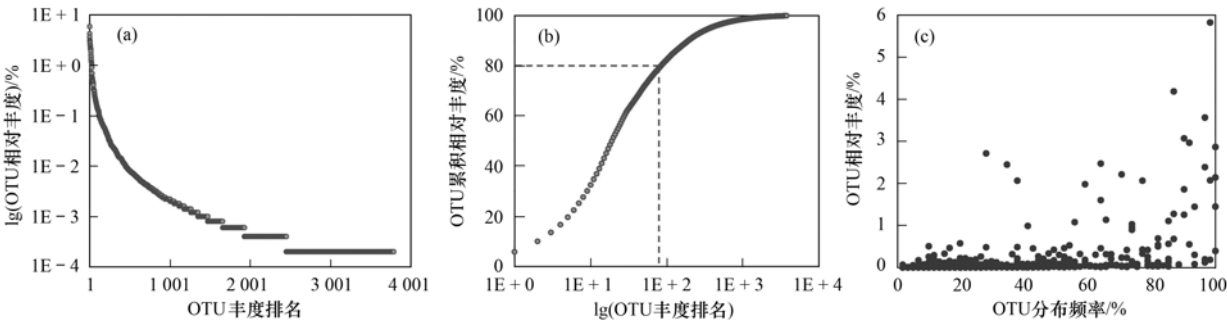
2.1 OTU 及其相对丰度的分布特征

为了保证样品间数据的均等性,本研究按照每个样品 8 190 条序列的标准对测序结果进行随机抽平处理,61 个样品共得到 499 590 条序列。然后按照 97% 相似度的标准进行序列的 OTU 划分,共获得 3 794 个 OTUs。

数据分析结果表明,OTU 的相对丰度分布极其

不均匀,只有少数的 OTU 相对丰度较高,其中,相对丰度大于 0.10% 的 OTU 仅有 120 个[图 1(a)],这也是常被观测到的一种生态学现象^[30, 31].此外,前 84 个 OTUs(1.07%)的累积相对丰度就已达到总丰度的 80%[图 1(b)].同样地,OTU 在样品中的分布也十分不均匀[图 1(c)],只有 4 个 OTUs 被所有样品共有,存在于 50 或更多个样品中的 OTU 只

有 37 个,85.40% 的 OTU 仅存在于不超过 10 个样品中.另外,从图 1(c)还可以看出:活性污泥系统真核微生物群落中绝大多数 OTU 的分布频率与相对丰度都很低,但分布频率较高的 OTU 倾向于具有较高的相对丰度,即存在少量分布广泛且相对丰度较高的 OTU,这与污水处理系统中细菌群落的分布规律相似^[21].



(a) OTU 相对丰度排名-相对丰度; (b) OTU 相对丰度排名-累积相对丰度; (c) OTU 分布频率-相对丰度

图 1 OTU 丰度-频率分布示意

Fig. 1 Distribution of OTU abundance-frequency

2.2 活性污泥系统内真核微生物群落的 α 多样性

α 多样性能够反映样品内的微生物群落的丰富度和均匀度. 本研究中,活性污泥系统内每个样品中真核微生物群落的 OTU 数目为 212 ~ 689,估算的 OTU 丰富度(Chao1)为 370 ~ 1192,香农-威纳指数为 1.58 ~ 4.80,辛普森相关指数为 1.8 ~ 38.65,均匀

度指数为 0.29 ~ 0.73. 城市水平来看,3 个城市活性污泥系统内真核微生物群落多样性不同(表 1),其中无锡群落的物种丰富度(实际值和估测值)最高,深圳次之,北京群落的物种丰富度则明显低于无锡和深圳,香农-威纳指数在 3 个城市间也呈现相同的规律,各城市群落物种均匀度差异不大.

表 1 城市样品水平活性污泥系统内真核微生物群落 α 多样性指数

Table 1 Sample level α diversity indices of eukaryotic microbial community in the AS system of each city

项目	北京(BJ)	深圳(SZ)	无锡(WX)
香农-威纳指数	3.30 ± 0.36	3.45 ± 0.96	3.79 ± 0.40
辛普森相关指数	12.41 ± 5.97	18.11 ± 11.02	17.57 ± 7.46
丰富度	303 ± 44	368 ± 109	422 ± 90
Chao1	547 ± 94	626 ± 191	749 ± 151
均匀度	0.58 ± 0.05	0.58 ± 0.14	0.63 ± 0.05

与传统的研究方法相比,本研究利用高通量测序技术检获的真核微生物多样性更高. Matsunaga 等^[32]通过构建 18S rRNA 基因克隆文库的方法研究了活性污泥中的真核微生物多样性,在获取的 834 个克隆中,60% 的克隆很难鉴定,最终仅获取了 80 个 OTUs; Matsubayashi 等^[33]利用同样的方法研究了厌氧污泥中的真核微生物多样性,发现系统内 85% 的真核微生物都是未知的,样品中估算的 OTU 数量(Chao1)仅为 34 ~ 77 个. 尽管不同的数据处理软件、参数的选择等均可导致 OTU 数量的改变,进而影响分子多样性的评价^[34],且前期 PCR 扩增和测序等过程均可能导致微生物群落物种多样性的高估,但目前对其高估程度还难以准确定量^[35].

与活性污泥系统内的细菌群落比较发现,真核

微生物多样性较低. Zhang 等^[22]使用 454 焦磷酸测序方法获得的活性污泥系统内细菌群落 OTU 数目为 1 183 ~ 3 567 个, Xia 等^[36]采用 Illumina 测序方法分别研究了 MBR 和 OD 系统内 12 周的活性污泥样品内的细菌群落多样性,结果表明 MBR 系统和 OD 系统样品的 OTU 数目分别为 2 297 ~ 3 330 和 1 802 ~ 3 517 个,均高于真核微生物多样性.

2.3 不同空间尺度下的活性污泥系统内真核微生物群落物种组成

物种组成是微生物群落研究的一项重要内容,是探究群落优势菌种或核心物种的基础,但不同空间尺度下活性污泥系统内的微生物群落组成可能有所差异. 因此,本研究主要从区域、城市和污水处理厂这 3 个空间尺度, Supergroup、Division 两个水

平对 OTU 所属的物种信息进行分析,从而全面地揭示活性污泥系统内真核微生物群落的组成特征.

在区域尺度上,在 Supergroup 水平下,3 794 个 OTUs 分属于 10 个 Supergroup[图 2(a)],其中,Opisthokonta 的相对丰度最高,为 54.06%,Alveolata 次之,为 35.90%.在 Division 水平下,

3 794 个 OTUs 分属于 26 个 Division,其中,相对丰度大于 1.0%的仅有 10 个[图 2(b)],但它们的累积相对丰度已大于 98%.具体地,87.08%的 OTUs 属于 Ciliophora、Fungi 和 Metazoa,其中,相对丰度最高的是 Ciliophora,为 34.35%,其次是 Fungi 和 Metazoa,相对丰度分别为 33.02%和 19.71%.

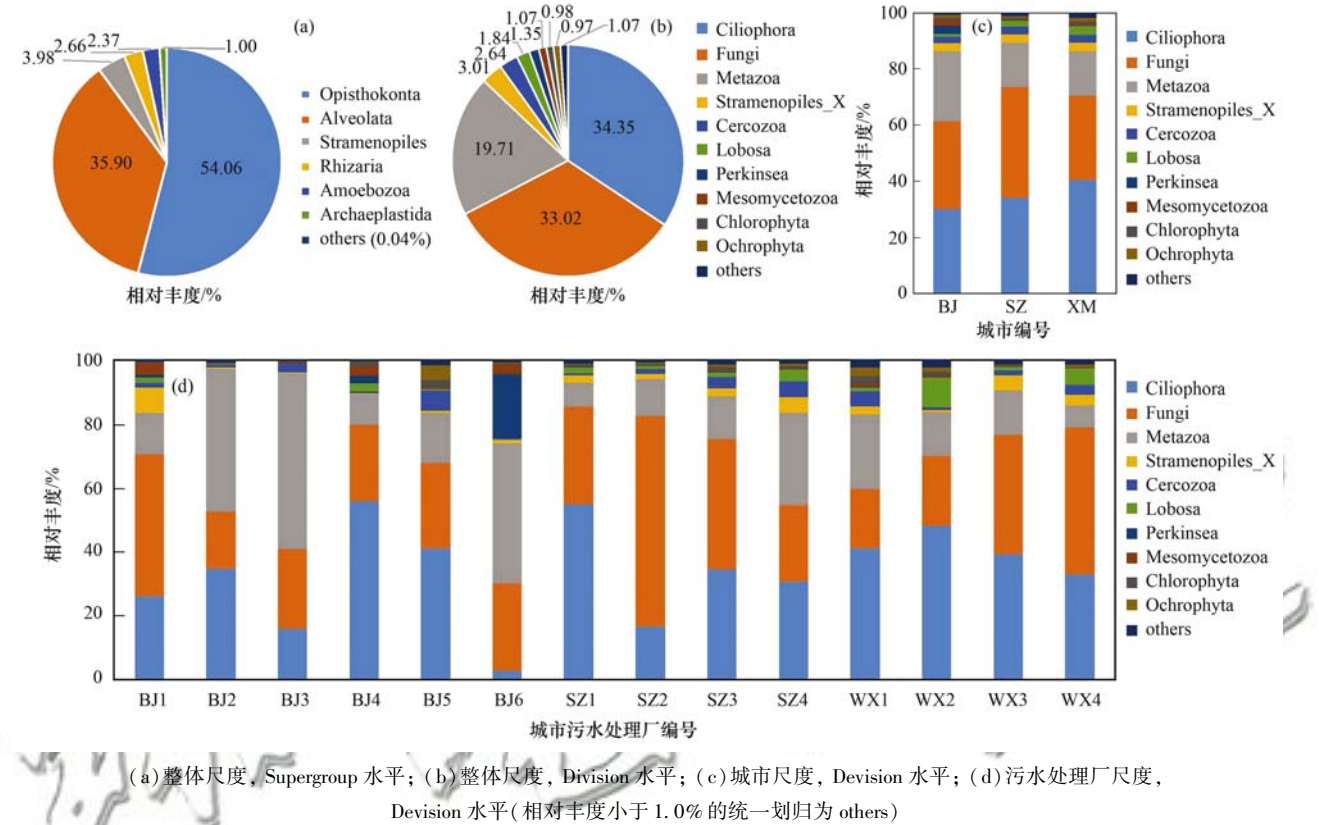


图 2 不同尺度/水平下活性污泥系统内真核微生物群落组成

Fig. 2 Composition of eukaryotic microbial community in the AS system in different scales/levels

在城市尺度、Division 水平下[图 2(c)], 3 个城市的活性污泥真核微生物群落均以 Ciliophora、Fungi 和 Metazoa 为主要组成成分,总相对丰度为 86.22% ~ 89.40%,但是北京和无锡群落均以 Ciliophora 为最主要的组分,深圳群落则以 Fungi 为最主要的组分.

在污水处理厂尺度、Division 水平下[图 2(d)],除 BJ6 外的 13 个污水处理厂内的 Ciliophora、Fungi 和 Metazoa 的总相对丰度为 83.21% ~ 97.30%,BJ6 较特殊,三者总相对丰度仅为 74.31%,其他组分相对丰度较高.分析发现 Perkinsea 在各污水处理厂群落内分布极其不均匀,在 BJ6 群落内的相对丰度高达 19.99%,但它们在 BJ3 和 SZ4 两个群落内不存在,在其他厂内的相对丰度也均很低(0.02% ~ 2.53%). Perkinsea 主要包括一些双壳类软体动物的寄生虫,常存活于淡水环境中^[37].

2.4 活性污泥系统内真核微生物群落地域分布差异
采用基于 Bray-Curtis 距离的 NMDS 方法对来自

于不同污水处理厂的样品进行了群落结构分析,结果如图 3 所示:整体上,来自北京、深圳和无锡这 3 个城市的活性污泥系统内真核微生物群落各自聚为一类,表明 3 个城市的活性污泥系统内真核微生物群落结构存在差异.相异性分析非参数检验方法 ADONIS、ANOSIM 和 MRPP 的结果也为 3 个城市真核微生物群落结构存在显著差异提供了佐证($P < 0.01$).具体看,来自某一个城市不同污水处理厂的活性污泥真核微生物群落倾向于聚类在一起,即来自同一城市的活性污泥系统内真核微生物群落具有较强的相似性,不同污水处理厂的活性污泥系统内真核微生物群落结构存在差异,表明活性污泥系统内真核微生物存在地域性差异.这与自然系统内真核微生物群落和污水处理系统内的细菌群落均存在地域性差异的结论一致^[22~24].

2.5 活性污泥系统内真核微生物群落结构的影响因素

群落多样性和结构主要受确定性因素和随机因

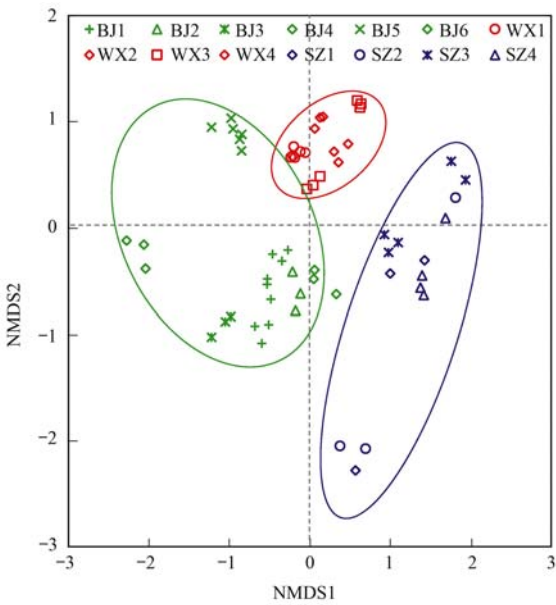


图 3 基于 NMDS 的活性污泥系统内真核微生物群落结构分析
Fig. 3 Structure analysis using NMDS of eukaryotic microbial community in the AS system

素的影响. 确定性因素通常基于生态位理论描述^[38], 随机因素由中性理论阐述^[39], 现有研究主要关注确定性因素中的环境条件对活性污泥系统内微生物群落结构的影响. 基于高通量方法的研究表明 WWTPs 的水质参数、操作条件、地理位置和处理工艺等因素均会对污水处理系统微生物群落结构产生影响^[20], 研究对象不同, 影响作用较显著的因素种类不尽相同^[40-42].

为了探明城市污水处理厂活性污泥系统内真核微生物群落结构的影响因子, 本研究利用 partial mantel test 分析了地理位置、进出水水质参数、操作条件等参数与群落结构的相关性, 结果表明, 在参与分析的 20 个因子中, 10 个因子与群落结构显著相关($P < 0.05$), 其中相关系数最大、相关性最强的因子是出水总氮浓度($r = 0.61$), 其次是水力停留时间($r = 0.50$), 污泥龄($r = 0.43$)和出水总磷

浓度($r = 0.38$). 与出水污染物参数相比, 进水污染物参数与群落相关性较弱[进水 BOD 浓度($r = 0.33$), 进水总磷浓度($r = 0.26$)], 此外, 与群落结构具有显著相关性的因素还有地理纬度($r = 0.30$), 曝气池溶解氧浓度($r = 0.22$), 年平均气温($r = 0.22$)和曝气池混合液浓度($r = 0.22$).

由于 partial mantel test 只能逐一分析各环境因子与群落结构的相关性或将多个环境因子作为一个整体考察其与群落结构的相关性, 为了探究不同环境因子对群落结构影响的相对重要性, 本研究使用相同的影响因子组合构建了 MRM 模型. 结果表明, 模型显著且拟合度较高($R^2 = 0.92$, $P < 0.01$). 对于单个因子而言(表 2), 曝气池混合液温度是造成群落存在差异最重要的因素. 环境温度影响生物处理构筑物中生物化学过程的速度和趋向, 影响微生物的新陈代谢、进化速率等生理活动, 适宜的温度能够促进、强化微生物的生理活动, 反之, 能够减弱甚至破坏微生物的生理活动, 导致微生物形态和生理特性的改变, 甚至可能导致微生物死亡, 进而影响活性污泥的微生物种群的形成和发展^[43].

与进水污染物浓度(进水 BOD 浓度)相比, 出水污染物浓度(出水总氮浓度、出水总磷浓度)与群落结构具有较强的相关性, 其中出水总氮浓度与群落结构的相关性强于出水总磷浓度(表 2), Wei 等^[44]基于 ITS 数据对污水处理厂中真菌群落结构影响因素研究表明, 出水总氮浓度与群落结构有很强相关性. 氮是微生物生长、繁殖、代谢不可缺少的重要元素, 另外, 出水总氮浓度也是出水水质监测的一个重要指标, 因此这也侧面反映了真核微生物作为出水水质的指示生物, 其数量和密度与出水水质有重要关联^[3, 45]. 齐嵘等^[46]采用活体镜计数的方法对无机废水硝化过程中原动物群落结构进行了研究, 结果发现原动物优势种类的数量变化与出水 NO_3^- -N 和 NO_2^- -N 的浓度存在一定联

表 2 MRM 分析各环境因子对活性污泥系统内真核微生物群落结构影响的权重¹⁾

Table 2 Influence of environmental factors on eukaryotic microbial community structure in the AS system

项目	相关系数	项目	相关系数
ln(地理距离)	0.09 **	ln(出水总氮浓度)	0.61 **
ln(年平均气温)	-1.51	ln(出水总磷浓度)	0.14 *
ln(进水 BOD 浓度)	0.12 *	ln(曝气池混合液溶解氧浓度)	-0.15
ln(进水 COD 浓度)	-0.21	ln(曝气池 pH)	0.27 **
ln(进水 NH_4^+ 浓度)	0.01	ln(曝气池混合液电导率)	-0.01
ln(进水总氮浓度)	-0.34	ln(曝气池混合液浓度)	0.19 **
ln(进水总磷浓度)	0.20	ln(污泥龄)	0.13 *
ln(出水 BOD 浓度)	-0.21 *	ln(水力停留时间)	-0.15
ln(出水 COD 浓度)	-0.02	ln(回流比)	0.08
ln(出水 NH_4^+ 浓度)	-0.09	ln(曝气池混合液温度)	1.33 **

1) * 表示显著 $0.01 \leq P < 0.05$, ** 表示极显著 $P < 0.01$

系,即随着 NO_2^- -N 的大量累积,表壳虫生长繁殖旺盛,密度最高可达 $575 \text{ ind.} \cdot \text{mL}^{-1}$,成为系统中绝对优势的原生动物;但当 NO_2^- -N 浓度小于 $10 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 时,几乎未见表壳虫的存在,而系统中的另一种典型的原生动物累枝虫的数量则随着 NO_3^- -N 浓度的持续增加而逐渐增加。

此外,地理距离也是影响群落结构的重要因子(表2),这与上文3个城市群落结构存在显著差异的结果相一致,说明微生物种群的确存在地域性差异,事实上,地理距离的差异导致了环境的异质性,如气温、降水量的异质性,进而导致了群落地域性差异。Bahram 等^[47]报道了影响表层土壤真菌分布的最主要因素是降水量。Telford 等^[48]的研究发现自然系统内的真核微生物(硅藻)会因为扩散限制而呈有限的地理分布,其他学者的研究结果^[49~51]也同样证明了微生物地域性差异的存在,且地理距离造成的群落间的差异可能因空间限制而被长期保留。

此外,常规污水处理厂操作运行参数曝气池 pH、污泥龄和曝气池混合液浓度对群落结构也存在重要影响,它们也是活性污泥系统内细菌群落的重要影响因子^[20,52]。

3 结论

(1)不同空间尺度下,活性污泥系统内真核微生物群落优势种群组成相似。在 Devision 水平上,3个城市真核微生物群落优势种群主要由真菌、原生动物(纤毛亚门)和后生动物组成。

(2)不同城市污水处理厂活性污泥系统内真核微生物多样性存在差异,无锡群落的多样性(丰富度和香农-威纳多样性指数)最高,北京的最低,且3个城市的活性污泥系统内真核微生物群落结构存在显著的地域性差异。

(3)利用 Partial mantel test 和 MRM 探讨了影响活性污泥系统真核微生物群落结构的因素,结果表明,曝气池混合液温度和出水总氮浓度与活性污泥系统内真核微生物群落结构的相关性较强。

参考文献:

- [1] Madoni P, Davoli D, Chierici E. Comparative analysis of the activated sludge microfauna in several sewage treatment works [J]. *Water Research*, 1993, **27**(9): 1485-1491.
- [2] Madoni P. A sludge biotic index (SBI) for the evaluation of the biological performance of activated sludge plants based on the microfauna analysis [J]. *Water Research*, 1994, **28**(1): 67-75.
- [3] Madoni P. Protozoa in wastewater treatment processes: a minireview [J]. *Italian Journal of Zoology*, 2011, **78**(1): 3-11.
- [4] Salvadó H, Gracia M P. Determination of organic loading rate of activated sludge plants based on protozoan analysis [J]. *Water Research*, 1993, **27**(5): 891-895.
- [5] Hashimoto A, Kunikane S, Hirata T. Prevalence of *Cryptosporidium* oocysts and *Giardia* cysts in the drinking water supply in Japan [J]. *Water Research*, 2002, **36**(3): 519-526.
- [6] Rittmann B E, McCarty P L. 环境生物技术原理与应用 [M]. 文湘华, 王建龙, 译. 北京: 清华大学出版社, 2012.
- [7] Zheng S K, Sun J Y, Han H. Effect of dissolved oxygen changes on activated sludge fungal bulking during lab-scale treatment of acidic industrial wastewater [J]. *Environmental Science & Technology*, 2011, **45**(20): 8928-8934.
- [8] Eschenhagen M, Schuppler M, Roske I. Molecular characterization of the microbial community structure in two activated sludge systems for the advanced treatment of domestic effluents [J]. *Water Research*, 2003, **37**(13): 3224-3232.
- [9] Karayanni H, Christaki U, Van Wambeke F, et al. Evaluation of double formalin—Lugol's fixation in assessing number and biomass of ciliates: an example of estimations at mesoscale in NE Atlantic [J]. *Journal of Microbiological Methods*, 2004, **56**(3): 349-358.
- [10] 郑祥, 刘俊新. 膜生物反应器系统中原生动物的群落特征 [J]. *环境科学*, 2009, **30**(9): 2635-2640.
- [10] Zheng X, Liu J X. Protozoan community diversity in membrane bioreactor [J]. *Environmental Science*, 2009, **30**(9): 2635-2640.
- [11] Meng Z C, Xu K D, Dai R H, et al. Ciliate community structure, diversity and trophic role in offshore sediments from the Yellow Sea [J]. *European Journal of Protistology*, 2012, **48**(1): 73-84.
- [12] 代仁海. 黄东海底栖纤毛虫多样性及微型底栖生物群落结构特点 [D]. 青岛: 中国科学院研究生院(海洋研究所), 2012.
- [13] Moll J, Hoppe B, König S, et al. Spatial distribution of fungal communities in an arable soil [J]. *PLoS One*, 2016, **11**(2): e0148130.
- [14] Zhou J Z, Deng Y, Shen L N, et al. Temperature mediates continental-scale diversity of microbes in forest soils [J]. *Nature Communications*, 2016, **7**: 12083.
- [15] Wang Z, Xu G J, Xu H L. Determining β -diversity of protozoa for bioassessment in coastal ecosystems using community-based dispersions [J]. *Ecological Indicators*, 2017, **72**: 47-52.
- [16] Fuhrman J A, Steele J A, Hewson I, et al. A latitudinal diversity gradient in planktonic marine bacteria [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2008, **105**(22): 7774-7778.
- [17] Shi S J, Nuccio E, Herman D J, et al. Successional trajectories of rhizosphere bacterial communities over consecutive seasons [J]. *mBio*, 2015, **6**(4): e00746-15.
- [18] 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.
- [19] Nagarkar M, Countway P D, Yoo Y D, et al. Temporal dynamics of eukaryotic microbial diversity at a coastal Pacific site [J]. *The ISME Journal*, 2018, **12**(9): 2278-2291.
- [20] Xia Y, Wen X H, Zhang B, et al. Diversity and assembly patterns of activated sludge microbial communities: a review [J]. *Biotechnology Advances*, 2018, **36**(4): 1038-1047.
- [21] Saunders A M, Albertsen M, Vollertsen J, et al. The activated sludge ecosystem contains a core community of abundant organisms [J]. *The ISME Journal*, 2016, **10**(1): 11-20.

- [22] Zhang T, Shao M F, Ye L. 454 Pyrosequencing reveals bacterial diversity of activated sludge from 14 sewage treatment plants[J]. The ISME Journal, 2012, **6**(6): 1137-1147.
- [23] Schmidt P A, Bálint M, Greshake B, *et al.* Illumina metabarcoding of a soil fungal community[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2013, **65**: 128-132.
- [24] Wang X H, Wen X H, Deng Y, *et al.* Distance-decay relationship for biological wastewater treatment plants [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2016, **82**(16): 4860-4866.
- [25] Stoeck T, Bass D, Nebel M, *et al.* Multiple marker parallel tag environmental DNA sequencing reveals a highly complex eukaryotic community in marine anoxic water [J]. Molecular Ecology, 2010, **19**(S1): 21-31.
- [26] Feng K, Zhang Z J, Cai W W, *et al.* Biodiversity and species competition regulate the resilience of microbial biofilm community [J]. Molecular Ecology, 2017, **26**(21): 6170-6182.
- [27] Caporaso J G, Lauber C L, Walters W A, *et al.* Ultra-high-throughput microbial community analysis on the Illumina HiSeq and MiSeq platforms [J]. The ISME Journal, 2012, **6**(8): 1621-1624.
- [28] Li Y, He J Z, He Z L, *et al.* Phylogenetic and functional gene structure shifts of the oral microbiomes in periodontitis patients [J]. The ISME Journal, 2014, **8**(9): 1879-1891.
- [29] Legendre P, Lapointe F J, Casgrain P. Modeling brain evolution from behavior: a permutational regression approach [J]. Evolution, 1994, **48**(5): 1487-1499.
- [30] McGill B J, Etienne R S, Gray J S, *et al.* Species abundance distributions: moving beyond single prediction theories to integration within an ecological framework[J]. Ecology Letters, 2007, **10**(10): 995-1015.
- [31] Nemergut D R, Schmidt S K, Fukami T, *et al.* Patterns and processes of microbial community assembly[J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 2013, **77**(3): 342-356.
- [32] Matsunaga K, Kubota K, Harada H. Molecular diversity of eukaryotes in municipal wastewater treatment processes as revealed by 18S rRNA gene analysis [J]. Microbes and Environments, 2014, **29**(4): 401-407.
- [33] Matsubayashi M, Shimada Y, Li Y Y, *et al.* Phylogenetic diversity and *in situ* detection of eukaryotes in anaerobic sludge digesters[J]. PLoS One, 2017, **12**(3): e0172888.
- [34] Santoferrara L F, Grattepanche J D, Katz L A, *et al.* Pyrosequencing for assessing diversity of eukaryotic microbes: analysis of data on marine planktonic ciliates and comparison with traditional methods[J]. Environmental Microbiology, 2014, **16**(9): 2752-2763.
- [35] Kunin V, Engelbrekton A, Ochman H, *et al.* Wrinkles in the rare biosphere: pyrosequencing errors can lead to artificial inflation of diversity estimates[J]. Environmental Microbiology, 2010, **12**(1): 118-123.
- [36] Xia Y, Hu M, Wen X H, *et al.* Diversity and interactions of microbial functional genes under differing environmental conditions: insights from a membrane bioreactor and an oxidation ditch[J]. Scientific Reports, 2016, **6**: 18509.
- [37] Bråte J, Logares R, Berney C, *et al.* Freshwater perkinsea and marine-freshwater colonizations revealed by pyrosequencing and phylogeny of environmental rDNA[J]. The ISME Journal, 2010, **4**(9): 1144-1153.
- [38] Chesson P. Mechanisms of maintenance of species diversity[J]. Annual Review of Ecology and Systematics, 2000, **31**: 343-366.
- [39] Hubbell S P. The unified neutral theory of biodiversity and biogeography[M]. Princeton: Princeton University Press, 2001.
- [40] Wang X H, Hu M, Xia Y, *et al.* Pyrosequencing analysis of bacterial diversity in 14 wastewater treatment systems in China [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2012, **78**(19): 7042-7047.
- [41] Liu J, Yang M, Qi R, *et al.* Comparative study of protozoan communities in full-scale MWTPs in Beijing related to treatment processes[J]. Water Research, 2008, **42**(8-9): 1907-1918.
- [42] Hu M, Wang X H, Wen X H, *et al.* Microbial community structures in different wastewater treatment plants as revealed by 454-pyrosequencing analysis [J]. Bioresource Technology, 2012, **117**: 72-79.
- [43] Lepère C, Boucher D, Jardillier L, *et al.* Succession and regulation factors of small eukaryote community composition in a lacustrine ecosystem (Lake Pavin) [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2006, **72**(4): 2971-2981.
- [44] Wei Z Y, Liu Y Y, Feng K, *et al.* The divergence between fungal and bacterial communities in seasonal and spatial variations of wastewater treatment plants[J]. Science of the Total Environment, 2018, **628-629**: 969-978.
- [45] Tyagi V K, Subramanian S, Kazmi A A, *et al.* Microbial community in conventional and extended aeration-activated sludge plants in India[J]. Ecological Indicators, 2008, **8**(5): 550-554.
- [46] 齐嵘, 刘娟, 杨敏, 等. 无机废水硝化过程中原生动物群落结构特征及其变化规律[J]. 环境科学学报, 2013, **33**(1): 53-57.
- Qi R, Liu J, Yang M, *et al.* Study on protozoan community structures during the inorganic wastewater nitrification process [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2013, **33**(1): 53-57.
- [47] Bahram M, Hildebrand F, Forslund S K, *et al.* Structure and function of the global topsoil microbiome[J]. Nature, 2018, **560**(7717): 233-237.
- [48] Telford R J, Vandvik V, Birks H J B. Dispersal limitations matter for microbial morphospecies [J]. Science, 2006, **312**(5776): 1015.
- [49] Whitaker R J, Grogan D W, Taylor J W. Geographic barriers isolate endemic populations of hyperthermophilic archaea [J]. Science, 2003, **301**(5635): 976-978.
- [50] Cho J C, Tiedje J M. Biogeography and degree of endemism of fluorescent *Pseudomonas* strains in soil [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2000, **66**(12): 5448-5456.
- [51] Borcard D, Legendre P. Environmental control and spatial structure in ecological communities: an example using oribatid mites (Acari, Oribatei) [J]. Environmental and Ecological Statistics, 1994, **1**(1): 37-61.
- [52] Vuono D C, Benecke J, Henkel J, *et al.* Disturbance and temporal partitioning of the activated sludge metacommunity[J]. The ISME Journal, 2015, **9**(2): 425-435.

CONTENTS

Pollution Characteristics and Regional Transport of Atmospheric Particulate Matter in Beijing from October to November, 2016	ZHANG Han-yu, CHENG Shui-yuan, YAO Sen, <i>et al.</i> (1999)
Chemical Compositions, Mass Concentrations, and Emission Factors of Particulate Organic Matters Emitted from Catering	WANG Hong-li, JING Sheng-ao, QIAO Li-ping (2010)
Size Distributions of Aerosol During the Summer at the Summit of Mountain Taishan (1534 m) in Central East China	SHEN Li-juan, WANG Hong-lei, YIN Yan, <i>et al.</i> (2019)
Concentration Characteristics and Source Analysis of PM _{2.5} During Wintertime in Zhengzhou-Xinxiang	YAN Guang-xuan, ZHANG Pu-zhen, HUANG Hai-yan, <i>et al.</i> (2027)
Scenario Analysis of PM _{2.5} Concentration Targets and Milestones in China	HE Jin-yu, YAN Li, WANG Yan-chao, <i>et al.</i> (2036)
PM _{2.5} Emission Characteristics and Estimation of Emission Reduction Potential from Typical Industrial Sources in Anyang	DU Xiao-shen, YAN Li, HE Jin-yu, <i>et al.</i> (2043)
Emission Characteristics and List of Inorganic Elements in Fine Particles of Typical Industrial Kilns in Zhengzhou City	ZHAO Qing-yan, HAN Shi-jie, ZHANG Yi-shun, <i>et al.</i> (2052)
Composition and Atmospheric Reactivity of Ambient Volatile Organic Compounds(VOCs) in the Urban Area of Nanjing, China	QIAO Yue-zhen, CHEN Feng, ZHAO Qiu-yue, <i>et al.</i> (2062)
Formation Potential of Ozone and Secondary Organic Aerosol of VOCs from Fossil Fuel Combustion in Lanzhou City	LIU Zhen, ZHU Yu-fan, GUO Wen-kai, <i>et al.</i> (2069)
Inventory and Characteristics of Biogenic Volatile Organic Compounds (BVOCs) for 12 Deciduous Fruit Trees	LI Shuang-jiang, YUAN Xiang-yang, LI Qi, <i>et al.</i> (2078)
Ion Concentrations and Their Spatial Variability in Underground Water and Surface Water in Typical Terrestrial Ecosystems in China	HUANG Li, ZHANG Xin-yu, YUAN Guo-fu, <i>et al.</i> (2086)
Status of Antibiotic Contamination and Ecological Risks Assessment of Several Typical Chinese Surface-Water Environments	LIU Xi, WANG Zhi, WANG Xue-lei, <i>et al.</i> (2094)
Distribution and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Water Bodies in Seven Basins of China	FAN Bo, WANG Xiao-nan, HUANG Yun, <i>et al.</i> (2101)
Occurrence, Input, and Seasonal Variations of Poly- and Perfluoroalkyl Substances (PFASs) in Rivers and Drain Outlets from the Dalian Coastal Area, China	CHEN Hong, HAN Jian-bo, ZHANG Can, <i>et al.</i> (2115)
Space-time Characteristics and Environmental Significance of Stable Isotopes in Precipitation at an Arid Inland River Basin	YUAN Rui-feng, LI Zong-xing, CAI Yu-qin, <i>et al.</i> (2122)
Regional Evolution and Control Factors of Karst Groundwater in Liulin Spring Catchment	HUNAG Qi-bo, QIN Xiao-qun, LIU Peng-yu, <i>et al.</i> (2132)
Major Ionic Characteristics and Controlling Factors of Karst Groundwater at Xiangshui, Chongzuo	ZHOU Jin-mei, JIANG Zhong-cheng, XU Guang-li, <i>et al.</i> (2143)
Analysis of Transport and Transformation Characteristics Between Dissolved Phosphorus and Particulate Phosphorus in Water of the Three Gorges Reservoir	QIN Yan-wen, HAN Chao-nan, ZHENG Bing-hui, <i>et al.</i> (2152)
Vertical Distribution Profiles and Release Potential of Mainstream Column Sediments in the Three Gorges Reservoir After Impoundment to 175 m	LI Rui, PAN Chan-juan, TANG Xian-qiang, <i>et al.</i> (2160)
Distribution Characteristics and Influencing Factors of Phosphorus in the Dongting Lake at Different Water Periods	LI Ying-jie, WANG Li-jing, LI Hong, <i>et al.</i> (2170)
Effects of Exogenous Carbon Addition on Equilibrium Phosphate Concentration and Risk of Phosphorus Release from Sediments in the Shiwuli River, Chaohu Lake Basin	LI Ru-zhong, BAO Qin, DAI Yuan (2178)
Spatial Distribution of Organic Phosphorus in Sediment and Its Environmental Implication in the Upper Stream of Minjiang River	XU Jian, YUAN Xu-yin, YE Hong-meng, <i>et al.</i> (2186)
Nitrogen and Phosphorus Removal by Integrated Ecological Engineering Treatment System in a Small Agricultural Watershed	JIANG Qian-wen, LIU Feng, PENG Ying-xiang, <i>et al.</i> (2194)
Spatial Distribution and Pollution Assessment of Heavy Metals in River Sediments from Lake Taihu Basin	ZHANG Jie, GUO Xi-ya, ZENG Ye, <i>et al.</i> (2202)
Temporal and Spatial Variation of Mercury in the Water of the Ruxi River Estuary, a Typical Tributary of the Three Gorges Reservoir Area	MA Wei-bin, CHEN Qiu-yu, YIN De-liang, <i>et al.</i> (2211)
Mercury Distribution Characteristics and Its Mass Balance in a Multifunctional Urban Wetland	LIU Wei-hao, WANG Yong-min, FAN Yu-fei, <i>et al.</i> (2219)
Distribution Characteristics of Mercury in Different Urban Constructed Wetlands	FAN Yu-fei, LIU Wei-hao, SUN Tao, <i>et al.</i> (2226)
Effects of Microplastics on Antibiotic Resistance Genes in Estuarine Sediments	HUANG Fu-yi, YANG Kai, ZHANG Zi-xing, <i>et al.</i> (2234)
Comparison and Source Apportionment of PAHs Pollution of Runoff from Roads in Suburb and Urban Areas of Shanghai	WU Jie, XIONG Li-jun, WU Jian, <i>et al.</i> (2240)
Characteristics of Phytoplankton Community and Its Relationship with Environmental Factors in Different Regions of Yilong Lake, Yunnan Province, China	WANG Zhen-fang, ZHANG Wei, YANG Li, <i>et al.</i> (2249)
Algal Bloom and Mechanism of Hypoxia in the Metalimnion of the Lijiahe Reservoir During Thermal Stratification	LIU Xue-qing, HUANG Ting-lin, LI Nan, <i>et al.</i> (2258)
Allelopathic Effects and Allelochemicals of <i>Myriophyllum elatinoides</i> on <i>Microcystis aeruginosa</i> and <i>Selenastrum capricornutum</i>	BI Ye-liang, WU Shi-min, ZHOU Si-ning, <i>et al.</i> (2265)
Removal Efficiency of Trichloroacetamide by UV/Sodium Sulfite	FU Zhi-xuan, GUO Ying-qing, CHU Wen-hai (2271)
Influencing Factors and Transformation Mechanism of Venlafaxine Degradation by UV	LÜ Juan, XU Zhi-wei, WANG Yan (2278)
Mechanism of Synergistic Adsorption of Arsenic and Cadmium by Aluminium-substituted Ferrihydrites	HUANG Bo, GUO Zhao-hui, XIAO Xi-yuan, <i>et al.</i> (2287)
Fluoride Removal Efficiency of Novel Material: Magnetite Core/Zirconia Shell Nanocomposite	FANG Wen-can, LI Xiao-di, FANG Jing, <i>et al.</i> (2295)
Impact Mechanisms of Carboxyl Group Modified Cathode on Acetate Production in Microbial Electrosynthesis Systems	QI Jia-xin, ZENG Cui-ping, LUO Hai-ping, <i>et al.</i> (2302)
Partial Nitrification and Denitrification of Low C/N Ratio Sewage Based on Zoning Oxygen and Dissolved Oxygen Control	WU Chun-lei, RONG Yi, LIU Xiao-peng, <i>et al.</i> (2310)
Start-up Performance of Low-substrate Anaerobic Ammonium Oxidation Under Different COD Concentrations	MA Yan-hong, ZHAO Zhi-chao, AN Fang-jiao, <i>et al.</i> (2317)
Partial Nitrification Fast Start-up and Stable Performance of 15°C SBBR	SUN Yi-qi, BIAN Wei, LI Jun, <i>et al.</i> (2326)
Effects of Long-term Poly-P Deficiency on the Metabolic Properties of <i>Accumulibacter</i> in AO-SBR System	WANG Shao-po, LI Zhu, ZHAO Le-dan, <i>et al.</i> (2333)
Extracellular Polymeric Substances of ANAMMOX Granular Sludge and Its Effects on Sludge Surface Characteristics	YANG Ming-ming, LIU Zi-han, ZHOU Yang, <i>et al.</i> (2341)
Treatment of Piggery Biogas Slurry by Enhanced Biological Contact Oxidation with HN-AD Bacteria	LIU Xiang-yang, ZHANG Qian, WU Heng, <i>et al.</i> (2349)
Effect of Different Temperatures on the Performance of Autotrophic Nitrogen Removal and Microbial Community from Swine Wastewater	HUANG Fang-yu, DENG Liang-wei, YANG Hong-nan, <i>et al.</i> (2357)
Characteristics and Regional Heterogeneity of Eukaryotic Microbial Community in Wastewater Treatment Plants	QIN Wen-tao, ZHANG Bing, SUN Chen-xiang, <i>et al.</i> (2368)
Effects of Wetland Reclamation on Soil Microbial Community Structure in the Sanjiang Plain	WANG Na, GAO Jie, WEI Jing, <i>et al.</i> (2375)
Distribution Pattern and Diversity Maintenance Mechanisms of Fungal Community in Subalpine Lakes	LIU Jin-xian, LI Cui, LUO Zheng-ming, <i>et al.</i> (2382)
Influence of Biochar Amendment on Soil Denitrifying Microorganisms in Double Rice Cropping System	LIU Jie-yun, QIU Hu-sen, WANG Cong, <i>et al.</i> (2394)
Effects of Plastic Film Mulching and Nitrogen Fertilizer Application on CH ₄ Emissions from a Vegetable Field	NI Xue, JIANG Chang-sheng, CHEN Shi-jie, <i>et al.</i> (2404)
Effects of Water Deficit on Greenhouse Gas Emission in Wheat Field in Different Periods	WANG Xiao-yun, CAI Huan-jie, LI Liang, <i>et al.</i> (2413)
Effects of Different Fertilization Modes on Greenhouse Gas Emission Characteristics of Paddy Fields in Hot Areas	TIAN Wei, WU Yan-zheng, TANG Shui-rong, <i>et al.</i> (2426)
Effects of Cyclical Temperature Fluctuations on Organic Carbon Mineralization in Purple Soil	ZENG Man-man, CI En, FAN Jing-jing, <i>et al.</i> (2435)
Cd Content Characteristics and Ecological Risk Assessment of Paddy Soil in High Cadmium Anomaly Area of Guangxi	SONG Bo, WANG Fo-peng, ZHOU Lang, <i>et al.</i> (2443)
Remediation Potential of <i>Ageratum conyzoides</i> L. on Cadmium Contaminated Farmland	ZHANG Yun-xia, SONG Bo, BIN Juan, <i>et al.</i> (2453)
Evaluation of the Potential Agricultural Risks of Polycyclic Aromatic Hydrocarbon Contaminated Soil by Planting <i>Lactuca sativa</i> L.	JIAO Hai-hua, GUO Jia-jia, ZHANG Jing-min, <i>et al.</i> (2460)
Impacts of Land Use and Landscape Patterns on Heavy Metal Accumulation in Soil	SHU Xin, LI Yan, LI Feng, <i>et al.</i> (2471)
Pollution Characteristics and Evaluation of Heavy Metal Pollution in Surface Soil Around a Municipal Solid Waste Incineration Power Plant	LÜ Zhan-lu, ZHANG Jin-liang, LU Shao-you, <i>et al.</i> (2483)