

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第39卷 第8期

Vol.39 No.8

2018

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

我国城市 PM _{2.5} 污染的健康风险及经济损失评价	李惠娟, 周德群, 魏永杰 (3467)
冬季电力行业对长江中游城市群空气质量影响	孙晓伟, 郭秀锐, 程水源 (3476)
基于区域传输矩阵和 PM _{2.5} 达标约束的大气容量计算方法	李敏辉, 廖程浩, 杨柳林, 曾武涛, 唐喜斌 (3485)
利用 SPAMS 研究天津市夏季环境空气中细颗粒物化学组成特征	温杰, 史旭荣, 田瑛泽, 徐娇, 史国良, 冯银厂 (3492)
重庆市北碚城区气溶胶中有机碳和元素碳的污染特征	彭小乐, 郝庆菊, 温天雪, 吉东生, 刘子锐, 王跃思, 陈建博, 江长胜 (3502)
杭甬地区大气中含碳气溶胶特征及来源分析	徐宏辉, 徐婧莎, 何俊, 浦静姣, 齐冰, 杜荣光 (3511)
城市生活垃圾露天焚烧 PM _{2.5} 及其组分排放特征	王艳, 郝伟伟, 程珂, 支国瑞, 易鹏, 樊静, 张洋 (3518)
民用燃煤排放分级颗粒物中碳组分排放因子	杨国威, 孔少飞, 郑淑睿, 吴剑, 郑明明, 郑煌, 严沁, 刘海彪, 王伟, 吴方琪, 程溢 (3524)
大连地区夏季非甲烷烃 (NMHC) 特征及其来源解析	纪德钰 (3535)
“十三五”挥发性有机物总量控制情景分析	张嘉妮, 陈小方, 梁小明, 柯云婷, 范丽雅, 叶代启 (3544)
浙江省包装印刷行业挥发性有机物排放特征及排放系数	王家德, 吕建璋, 李文娟, 顾震宇, 缪孝平 (3552)
有机溶剂使用企业挥发性恶臭有机物排放特征及特征物质识别	翟增秀, 孟洁, 王巨, 翟友存, 曹阳, 邹克华 (3557)
基于 MODIS_C006 的乌鲁木齐 10 年气溶胶光学厚度变化特征	胡俊, 亢燕铭, 陈勇航, 刘鑫, 李霞, 刘琼 (3563)
基于路网车流量的北京城市副中心机动车污染控制情景	樊守彬, 郭津津, 李雪峰 (3571)
北京典型跑步区域空气污染特征及跑步者呼吸暴露	陶双成, 高硕吟, 熊新竹, 姚嘉林, 邓顺熙 (3580)
丹江口水库调水前后表层沉积物营养盐和重金属时空变化	李冰, 王亚, 郑钊, 许信, 辛英督, 黄进, 郭诗君, 毕升阁, 胡兰群, 陈兆进, 李玉英 (3591)
太湖北部湖区春、冬季节天然有机质的荧光特征及环境意义	吕伟伟, 姚昕, 张保华 (3601)
太湖重点水域水环境中邻苯二甲酸酯的污染水平及生态风险评价	朱冰清, 高占啟, 胡冠九, 王骏飞, 于南洋, 韦斯 (3614)
台风强降雨输入水源水库悬浮泥沙的氮磷吸附特性	姚玲爱, 赵学敏, 马千里, 梁荣昌, 夏北成, 卓琼芳 (3622)
珠江三角洲高碑地下水赋存环境特征及成因分析	张昌延, 何江涛, 张小文, 倪泽华 (3631)
有机污染物对杭州湾海域浮游细菌群落的影响	宣丽霞, 戴文芳, 郁维娜, 周素明, 欧昌荣, 熊金波 (3640)
澜沧江流域浮游细菌群落结构特征及驱动因子分析	程豹, 望雪, 徐雅倩, 杨正健, 刘德富, 马骏 (3649)
碧流河水库细菌群落结构特征及其关键驱动因子	王欢, 赵文, 谢在刚, 魏杰, 姜洋 (3660)
浑河底泥反硝化厌氧甲烷氧化菌群落多样性的时空分布特征及其与环境因子关系分析	张亚迪, 宋永会, 彭剑桥, 张剑桥, 张盼月, 刘瑞霞, 石国强 (3670)
人类活动对河流沉积物中反硝化厌氧甲烷氧化菌群落特征的影响	刘洋, 陈永娟, 王晓燕, 许康利 (3677)
外源氮输入对不同土地利用排水沟底泥反硝化和 N ₂ O 排放影响	余冬立, 陈心逸, 高雪梅, 张文娟, 夏永秋 (3689)
雨水管道沉积物沉淀特性及主要污染物含量分布	尚宇, 周毅, 廖安意, 方正 (3696)
水体中 Cr(VI) 对不同混凝剂混凝过程的影响	高倩, 张大为, 徐慧, 徐建坤, 张崇森, 王东升 (3704)
Co ₃ O ₄ /BiVO ₄ 复合阳极活化过一硫酸盐强化光电催化降解双酚 A	李蒋, 王雁, 张秀芳, 赵旭 (3713)
海藻酸钙/生物炭复合材料的制备及其对 Pb(II) 的吸附性能和机制	于长江, 董心雨, 王苗, 林强 (3719)
磁性生物炭对水中 CIP 和 OFL 的吸附行为和机制	赵华轩, 郎印海 (3729)
污水中新精神活性物质的分析方法优化及验证	陈培培, 杜鹏, 周子雷, 徐泽琼, 高婷婷, 李喜青 (3736)
臭氧-CNT 膜改性联用工艺对 PVDF 中空纤维膜污染进程的缓解	关羽琪, 王凯伦, 祝学东, 董丹, 薛小雷, 马艳林, 栾桂荣, 郭瑾 (3744)
阴离子交换树脂生物再生去除硝酸盐氮	叶婷, 张光, 王珂, 双陈冬, 李爱民 (3753)
普鲁士蓝@酵母菌催化剂的合成及其 Fenton 性能	陈思, 白波, 王洪林, 索有瑞 (3759)
PN/A 双菌层系统的构建及其脱氮性能	许静怡, 杜俊, 杨一峰, 吕峰, 夏四清 (3767)
苯酚对 EBPR 系统除磷性能的抑制作用	马娟, 王瑾, 俞小军, 周猛, 李光银, 孙洪伟 (3775)
反硝化-短程硝化-厌氧氨氧化工艺处理晚期垃圾渗滤液的脱氮除碳性能	王凡, 陆明羽, 殷记强, 李祥, 黄勇 (3782)
好/厌氧条件下反硝化细菌脱氮特性与功能基因	康鹏亮, 陈胜男, 黄廷林, 张海涵, 商潘路, 刘珍芳, 王跃, 谭欣林 (3789)
苯并[a]芘厌氧降解的苯酚共基质协同作用与污泥微生物特性	吴海珍, 胡肖怡, 王鸣, 韦景悦, 范一文, 韦朝海, 钟练文, 彭亚环 (3797)
污泥超高温堆肥过程中 DOM 结构的光谱分析	刘晓明, 余震, 周普雄, 罗海林, 王跃强, 廖汉鹏, 周顺桂 (3807)
生物炭对华北农田土壤 N ₂ O 通量及相关功能基因丰度的影响	刘杏认, 赵光昕, 张晴雯, 田秀平 (3816)
设施菜田土壤 N ₂ O 产生对 O ₂ 的响应	陈吉吉, 宋贺, 曹文超, 王乙然, 王敬国 (3826)
利用 μ -XRF 和 XANES 研究铅锌矿区土壤铅形态及其生物有效性	孙晓艳, 柳检, 罗立强 (3835)
南京市铅锌矿采矿场土壤重金属污染评价及优势植物重金属富集特征	李俊凯, 张丹, 周培, 刘群录 (3845)
Fe-Al 改性硅藻土的制备及其对土壤 Cd 污染固定化效果	杨雨中, 朱健, 肖媛媛, 谭蓉, 王平, 陈润华, 徐海音, 杨雄 (3854)
基于稳定碳同位素技术的干旱区绿洲土壤有机碳向无机碳的转移	李杨梅, 贡璐, 安申群, 孙力, 陈新 (3867)
生境过滤驱动庞泉沟华北落叶松林土壤真菌群落的构建过程	赵鹏宇, 李鑫, 柴宝峰 (3876)
转 cry1Ab 和 epsps 基因玉米 C0030.3.5 对土壤固氮细菌丰度和群落结构的影响	王蕊, 朱珂, 李刚, 刘惠芬, 王晶, 修伟明, 赵建宁, 杨殿林 (3885)
脱硫石膏对稻田 CH ₄ 释放及其功能微生物种群的影响	胡翔宇, 向秋洁, 木志坚 (3894)
长期施肥对不同深度稻田土壤碳氮水解酶活性的影响特征	杜林森, 唐美铃, 祝贞科, 魏亮, 魏晓梦, 周萍, 葛体达, 王久荣, 邹冬生, 吴金水 (3901)
黄河口滨岸潮滩湿地泥沙沉积及外源 Cd 输入对碱蓬物质量分配及抗氧化酶活性的影响	宋红丽, 王立志, 郁万妮, 吴希媛 (3910)
黄河下游开封段引黄灌区小麦中重金属污染特征及健康风险评价	康国华, 张鹏岩, 李颜颜, 杨丹, 庞博, 何坚坚, 闫宇航 (3917)
氧化石墨烯对邻苯二甲酸二丁酯藻毒性的影响	涂海峰, 刘成, 王宇擎, 储祺, 侯晓冬, 李锋民 (3927)
有机物对厌氧氨氧化微生物燃料电池脱氮产电性能的影响	祖波, 马兰, 刘波, 卢培利, 许君 (3937)
中国氢燃料电池车燃料生命周期的化石能源消耗和 CO ₂ 排放	林婷, 吴焯, 何晓婧, 张少君, 郝吉明 (3946)
气溶胶水相反应生成二次有机气溶胶研究进展	叶招莲, 瞿珍秀, 马帅帅, 盖鑫磊 (3954)
《环境科学》征订启事 (3543)	
《环境科学》征稿简则 (3570)	
信息 (3600, 3728, 3844)	

浑河底泥反硝化厌氧甲烷氧化菌群落多样性的时空分布特征及其与环境因子关系分析

张亚迪^{1,2}, 宋永会¹, 彭剑峰^{1*}, 张剑桥³, 张盼月², 刘瑞霞¹, 石国强⁴

(1. 中国环境科学研究院城市水环境科技创新基地, 北京 100012; 2. 湖南大学环境科学与工程学院, 长沙 410082; 3. 深圳市罗湖区环境保护与水务局, 深圳 518000; 4. 北京清控人居环境研究院有限公司, 北京 100000)

摘要: 为了解浑河底泥中反硝化厌氧甲烷氧化菌——*Candidatus Methyloirabialis oxyfera* (*M. oxyfera*) 群落多样性的时空分布特征, 通过克隆文库技术考察 *M. oxyfera* 的 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因的多样性时空分布特征, 并结合多元直接梯度分析来研究环境因子(水样和底泥的理化性质)与其之间的关系。9 月浑河上、中、下游底泥样品中 *M. oxyfera* 的 16S rRNA 基因的 OTU 数在 2~5 之间, Shannon-Wiener 多样性指数变化范围为 0.21~1.4, 呈现出中游>上游>下游的分布特征。*pmoA* 功能基因上游的 OTU 数和 Shannon-Wiener 多样性指数明显高于中游和下游, 上游的 Shannon-Wiener 多样性指数分别是中游和下游的 3.5 倍和 2.3 倍, 因此 *M. oxyfera* 的群落多样性呈现出明显的地域性分布特征。3 号采样点处 3 月采集样品中 *M. oxyfera* 的 16S rRNA 和 *pmoA* 的 OTU 数目分别是 6 和 5, 明显高于 9 月对应的 OTU 数目, Shannon-Wiener 指数也明显比 9 月高(1.4>0.68; 1.57>0.00), 因此 *M. oxyfera* 的群落多样性呈现出明显的季节分布特征。多元直接梯度分析结果表明底泥中 DOC 浓度、底泥电导率、水体中 TOC 含量和水中亚硝酸盐浓度是影响 *M. oxyfera* 群落多样性的主要环境因子。

关键词: 反硝化厌氧甲烷氧化菌; 群落多样性; 时空分布特征; 环境因子; 多元直接梯度分析

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2018)08-3670-07 DOI: 10.13227/j.hjxx.201710162

Analysis of the Temporal and Spatial Distribution of the Diversity of the Denitrifying Anaerobic Methane-Oxidizing Bacterial Community in the Sediments of the Hunhe River and Its Relationship with Environmental Factors

ZHANG Ya-di^{1,2}, SONG Yong-hui¹, PENG Jian-feng^{1*}, ZHANG Jian-qiao³, ZHANG Pan-yue², LIU Rui-xia¹, SHI Guo-qiang⁴

(1. Department of Urban Water Environmental Research, Chinese Research Academy of Environmental Sciences, Beijing 100012, China; 2. College of Environmental Science and Engineering, Hunan University, Changsha 410082, China; 3. Environmental Protection and Water Bureau of Shenzhen Luohu District, Shenzhen 518000, China; 4. Tsinghua Holdings Human Settlements Environment Institute, Beijing 100000, China)

Abstract: 16S rRNA and *pmoA* functional genes were used as biomarker genes to investigate the temporal and spatial distribution of community diversity of *Candidatus Methyloirabialis oxyfera* (*M. oxyfera*) in the sediments of the Hunhe River by clone library technology. The dependence relationship between the physicochemical property of water and sediment samples and the diversity characteristics of the *M. oxyfera* community were analyzed by multivariate direct gradient analysis. Among the examples collected in September 2014, the OTU number of the 16S rRNA gene of *M. oxyfera* was 2-5, the Shannon-Wiener diversity index was 0.21-1.4, and the distribution characteristics in the middle reaches > upstream > downstream were presented. The OTU number and Shannon-Wiener diversity index of the *pmoA* functional gene in upstream samples are significantly higher than those in the middle and lower reach samples, and the Shannon-Wiener diversity indices in the upstream samples are 3.5 times and 2.3 times higher than that of the middle and the downstream samples, respectively. The community diversity of *M. oxyfera* showed a distinct regional distribution. Samples were collected at 3 sampling points in March 2015. The OTU values of 16S rRNA and *pmoA* for *M. oxyfera* are 6 and 5 respectively, which were obviously higher than those in September 2014. The Shannon-Wiener index is also higher than that in September 2014 (1.4>0.68; 1.57>0.00). The community diversity of *M. oxyfera* showed obvious seasonal distribution characteristics. Multivariate direct gradient analysis results showed that the concentration of DOC in water, sediment conductivity, TOC concentration, and nitrite concentration in the sediment are the main environmental factors affecting the community diversity of *M. oxyfera*.

Key words: *M. oxyfera*; community diversity; spatial and temporal distribution characteristics; environmental factor; multivariate direct gradient analysis

收稿日期: 2017-11-16; 修订日期: 2018-02-28

基金项目: 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2012ZX07202-005, 2014ZX07510-001)

作者简介: 张亚迪(1991~), 男, 硕士, 主要研究方向为生态修复, E-mail: 18513220869@163.com

* 通信作者, E-mail: pjf1995@163.com

CH_4 是一种导致全球变暖的大气痕量气体. 相关研究表明大气中甲烷的体积分数已从工业化前的 7.15×10^{-7} , 达到了 2008 年的 1.787×10^{-6} ^[1], 虽然这远低于大气中 CO_2 的体积分数 3.86×10^{-4} , 但相同物质的量的 CH_4 和 CO_2 , 前者造成的温室效应是后者的 20 ~ 30 倍^[2], 因此对全球变暖有着重大的影响. 研究表明自然界存在一种反硝化厌氧甲烷氧化 (nitrite-dependent anaerobic methane oxidation, N-DAMO) 过程, 厌氧环境下以 NO_2^- 和 NO_3^- 为电子受体将 CH_4 氧化为 CO_2 , 同步完成脱氮除 CH_4 过程^[3]. Ettwig 等^[4]的研究中发现在 N-DAMO 过程中起主要作用的微生物是一类新型细菌, 隶属于 NC10 门细菌, 并将其命名为 “*Candidatus Methyloirabilis oxyfera*” (*M. oxyfera*).

目前有关 N-DAMO 的研究主要集中在用分子克隆技术等生物学手段检测生态环境中 *M. oxyfera* 的存在, 根据 *M. oxyfera* 或其他 NC10 门细菌设计特异性探针和引物, 利用荧光定量 PCR 比较不同环境系统中 NC10 细菌的数量和丰度情况, 利用分子生物学手段跟踪监测整个 N-DAMO 过程微生物群落的演变等^[5].

近年来, 在海洋^[6]、稻田^[7,8]、湖泊^[9-12] 和其他湿地^[13,14] 等自然生态环境中均陆续发现了 *M. oxyfera* 的存在, 但是对有关河流环境中 *M. oxyfera* 的研究并不多见^[15]. 我国很多河流受到了 NO_x 的严重污染, 这有利于 N-DAMO 过程的发生, 这些污染物沉积形成的底泥环境成为微生物与生存环境之间进行物质交换的载体^[16].

16S rRNA 基因携带着一定量的特殊序列信息, 这些序列信息可作为目标引物的设计模板, 是到现在为止能够实际运用的最为广泛的标记基因. 功能基因可以标记具有特定生理和代谢功能的微生物, 是多样性分子检测中另一类极为重要的标记基因, 而 *pmoA* 功能基因几乎存在所有甲烷氧化菌中, 它编码关键酶 pMMO 的一个亚基, 已成为甲烷氧化菌生态研究中广为采用的生物标记物^[17].

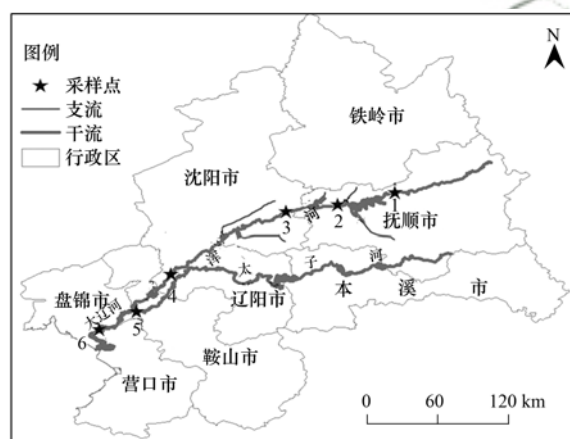
综上, 本文以浑河为研究对象, 以 16S rRNA 基因和 *pmoA* 功能基因作为标记基因, 通过克隆文库技术考察了浑河底泥 *M. oxyfera* 的群落多样性, 调查了不同区域水质和底泥的理化性质, 分析了 *M. oxyfera* 的群落多样性和与环境因子 (水质和底泥的理化性质) 的关系, 以此考察环境因子对 *M. oxyfera* 的群落多样性的影响, 旨在为研究反硝化厌氧甲烷氧化过程减小自然环境 CH_4 的排放提供理

论基础.

1 材料与方法

1.1 研究区域与采样点的设置

浑河地处辽宁省中部 ($122^\circ 20' \sim 125^\circ 20' \text{E}$, $40^\circ 00' \sim 42^\circ 20' \text{N}$), 南邻太子河, 北邻辽河, 东邻浑江, 河流自东北向西南, 流经抚顺、沈阳、辽阳、鞍山这 4 个市, 全长 415.4 km. 曾有研究表明沈阳和抚顺两个重工业城市曾向浑河中排入了大量的生活污水对浑河水体造成了严重的污染^[18]. 于 2014 年 9 月中旬在浑河部分区域采集水样和底泥样品, 2015 年 3 月对部分区域的底泥样品又进行了采集. 根据浑河的自然条件和地理位置从东至西共布设了 6 个采样点, 上游采样点编号为 1、2, 中游为 3、4, 下游为 5、6, 具体位置见图 1.



1. 南杂木; 2. 章党大桥; 3. 葛布大桥;
4. 黄腊坨; 5. 对坨; 6. 田庄台

图 1 采样地点示意

Fig. 1 Descriptions of sampling sites

1.2 水样和泥样的采集与分析

使用不锈钢采水器采集水样, 在距离底泥上方 2 ~ 3 cm 处采用便携式水质测定仪 (Thermo Orion Star, 德国) 现场测定河流表层水体 (0 ~ 10 cm) 的 pH 值. 水样 (底泥上方 2 ~ 3 cm 处) 的理化特性分析按照文献^[19]中介绍的方法测定, 主要的测定指标有五日生化需氧量 (BOD_5)、总磷 (TP)、氨氮 ($\text{NH}_4^+ - \text{N}$)、硝氮 ($\text{NO}_3^- - \text{N}$)、亚硝氮 ($\text{NO}_2^- - \text{N}$) 和总有机碳 (TOC). 用已灭菌的柱状采泥器采集自底泥表层至 10 cm 深度的底泥, 泥样的理化性质如总氮 (TN)、底泥 pH 等按照文献^[20]中介绍的方法测定.

1.3 DNA 提取与基因扩增

使用 Power Soil DNA Kit (Mo Bio Laboratories,

Carlsbad, CA)对底泥样品进行总 DNA 的提取,操作按照说明书进行. DNA 的提取结果用浓度为 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测. 采用巢式 PCR 方法对底泥样品中反硝化厌氧甲烷氧化菌 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因进行扩增. PCR 扩增产物用 2% 琼脂糖凝胶电泳进行检测. 采用的 PCR 扩增体系为 2 × PCR Go Taq® Green Master Mix(Promega, USA) 12.5 μL, 上下引物各 1 μL(10 μmol·L⁻¹), DNA 模板 2 μL(1 ~ 10 ng), 最后用 ddH₂O 补足至 25 μL.

对于反硝化厌氧甲烷氧化菌的 16S rRNA 基因, 第一轮使用的引物为 202F^[21] 和 1545R^[22], 第二轮使用的引物为 qP1F 和 qP2R^[21]. 反应条件为: 94℃ 预变性 4 min, 94℃ 变性 1 min, 57℃ (第二轮为 65℃) 退火 1 min, 72℃ 延伸 2 min 30 s, 循环次数为 30 次, 最后 72℃ 延伸 2 min 30 s^[23]. 对于反硝化厌氧甲烷氧化菌的 *pmoA* 功能基因, 第一轮使用的引物为 A189-b 和 cmo682^[24], 第二轮使用的引物为 cmo182 和 cmo568^[25]. 反应条件为: 94℃ 预变性 4 min, 94℃ 变性 1 min, 温度梯度为 52 ~ 62℃ 退火 1 min, 72℃ 延伸 1 min 30 s, 循环次数为 30 次, 最后 72℃ 延伸 10 min^[24]. 将所有的一轮 PCR 产物混合均匀后作为第二轮 PCR 的 DNA 模板. 以上两轮 PCR 扩增产物均经 2% 的琼脂糖凝胶电泳检测.

1.4 测序与多样性指数分析

将经 2% 的琼脂糖电泳检验确认正确后的 *M. oxyfera* 的 16S rRNA 和其 *pmoA* 功能基因的二轮 PCR 产物连接到 pGM-T(Promega, USA) 载体上, 然后转化到感受态细胞并在 *E. coli* DH5α (Promega, USA) 中进行涂板, 筛选白斑. 每个样品随机挑选 20 ~ 30 个克隆子进行测序, 将所得序列 BlastN 在

GenBank 数据库中进行对比, 确认为目标序列后利用 DOTUR 软件分别在 3% 和 7% 的差异性水平下对 *M. oxyfera* 的 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因进行 OTU 分类并计算每个样品的 Shannon-Wiener 多样性指数和 Chao1 丰富度指数. 克隆库覆盖率 (coverage, %) 的计算公式^[26]:

覆盖率 = [1 - (n_i/N)] × 100%

式中, n_i 为在该试验构建的文库中只出现 1 次的 OTU 数, N 为克隆总数.

1.5 多元直接梯度分析

运用 Canoco5.0 软件将 *M. oxyfera* 的群落多样性指数和环境因子进行多元直接梯度分析, 以此揭示环境因子对 *M. oxyfera* 的群落多样性产生的影响.

2 结果与分析

2.1 *M. oxyfera* 的群落多样性指数分析

分别对 9 月在浑河采集的 6 个底泥样品中 *M. oxyfera* 的 16S rRNA 基因和 *pmoA* 基因进行特异性扩增, 其群落多样性指数见表 1. 对 3 月采集的 3、6 号这 2 个采样点处 *M. oxyfera* 的 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因进行特异性扩增, 并和相同采样点 9 月采集的样品中的 *M. oxyfera* 的基因多样性指数对比, 结果见表 2.

M. oxyfera 的群落多样性指数中 Shannon-Wiener 指数是用来估算菌群的多样性, 其值越大说明群落多样性越高; OTU 数代表这类细菌中种的个数; Chao1 指数是用 Chao1 算法估计群落中含有的 OTU 数目, 和 OTU 数目总是呈正相关的变化规律; 因此, 在讨论群落多样性时空分布特征时只讨论 OTU 数和 Shannon-Wiener 指数的变化.

表 1 浑河底泥不同采样点处 *M. oxyfera* 的群落多样性指数

Table 1 Community diversity index of *M. oxyfera* from different sediment samples of the Hunhe River

编号	阳性克隆数		OTU 数		Chao1 丰度指数		Shannon-Wiener		覆盖率/%	
	16S rRNA	<i>pmoA</i>	16S rRNA	<i>pmoA</i>	16S rRNA	<i>pmoA</i>	16S rRNA	<i>pmoA</i>	16S rRNA	<i>pmoA</i>
1	17	26	3	2	3	2	0.97	0.54	100	100
2	28	23	4	5	4	5.5	0.75	1.12	100	91.3
3	19	29	4	1	1	1	0.68	0.00	94.29	100
4	15	— ¹⁾	6	—	4	—	1.40	—	84.97	—
5	26	28	3	2	1	2	0.52	0.6	100	100
6	19	23	2	1	2	1	0.21	0.00	94.73	100

1) 表示文章中没有数据

2.2 16S rRNA 和 *pmoA* 基因序列的系统发育分析

将 9 月采集的样品中 *M. oxyfera* 测序所得序列经处理后, 在 NCBI(Nation Center for Biotechnology Information) 网站上进行序列比对, 利用 DOTUR 软

件对 16S rRNA 基因和 *pmoA* 功能基因进行 OTU 分类, 分别划分为 7 个 OTU 和 13 个 OTU. 每个 OTU 的比对结果见表 3 和表 4. 对于 16S rRNA 来说, 可以看出每个 OTU 的序列与 NCBI 网站上的已知序列

的相似度都高于 97%，特别指出 7 个测序的 OTU 中有 5 个属于不可培养的反硝化厌氧甲烷氧化菌的 16S rRNA 基因序列，这从一个方面也反映了浑河底泥中存在大量的不可培养的反硝化厌氧甲烷氧化菌。从表 3 可以看出 *pmoA* 功能基因每个 OTU 的序列与 NCBI 网站上的已知序列的相似度都高于 96%，全部的 OTU 也都是不可培养的 *pmoA* 功能基因序列。

表 2 3 月和 9 月浑河底泥 *M. oxyfera* 的群落多样性指数

Table 2 Community diversity index of the <i>M. oxyfera</i> from sediment samples of the Hunhe River collected in September and March										
编号 ¹⁾	阳性克隆数		OTU 数		Chao1 丰度指数		Shannon-Wiener		覆盖率/%	
	16S rRNA	<i>pmoA</i>	16S rRNA	<i>pmoA</i>	16S rRNA	<i>pmoA</i>	16S rRNA	<i>pmoA</i>	16S rRNA	<i>pmoA</i>
3-3	29	30	6	5	6.5	5	1.40	1.57	94.29	100
9-3	19	29	4	1	4	1	0.68	0.00	84.97	100
3-6	28	27	1	3	1	3	0.00	0.42	100	100
9-6	19	23	2	1	2	1	0.21	0.00	94.73	100

1) “3-3”表示 3 月的 3 号采样点, 9-3 表示 9 月的 3 号采样点, 以此类推

表 3 9 月 *M. oxyfer* 的 16S rRNA 基因序列对比信息¹⁾

Table 3 The 16S rRNA gene sequence comparison information of <i>M. oxyfera</i> in from samples collected in September			
OTU	相似菌种	NCBI 序列号	相似度/%
1	Uncultured candidate division NC10 bacterium ZX12 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	KC503611	99
	Uncultured bacterium gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence, clone: Fei_12Nov90m_11	AB930547	99
	Uncultured bacterium clone WWTP Lichtenvoorde clone 8 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	JF706191	99
2	NC10 bacterium enrichment culture clone SFBR 5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	JQ362447	98
3	Uncultured candidate division NC10 bacterium clone 7-3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	JN704464	99
4	Uncultured bacterium clone JMYB12-12 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	FJ810544	97
5	Uncultured bacterium clone UA_12 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	JX120382	98
6	NC10 bacterium enrichment culture clone TH6-21 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	JX235812	99
7	Uncultured compost bacterium partial 16S rRNA gene, clone PS2384	FN667305	97
	Uncultured candidate division NC10 bacterium clone D0516 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	KM403467	97
	NC10 bacterium enrichment culture clone SBR 4-20 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	KJ668624	97

1) “16S”表示 16S rRNA 基因

2.3 水样和底泥样品的理化指标

9 月浑河 6 个采样点的各项水质指标和底泥理化指标的测定结果如表 5 所示。可以看出大部分采样点的 pH 值范围为 7.6~9.2 之间, 总体上浑河水水质呈弱碱性。所有采样点的水中 BOD₅ 值均大于 4 mg·L⁻¹, 特别是 4、6 号采样点水中 BOD₅ 值均大于 10 mg·L⁻¹ 属于劣 V 类水, 受有机污染较严重。浑河各采样点 TP 的平均浓度值分别为 0.11 mg·L⁻¹, 根据《地表水环境质量标准 (GB 3838-2002)》, 划分为 III 类水。

浑河底泥的 pH 值在 7.9~8.2 之间, 这和浑河河水 pH 值相一致; 底泥电导率在 0.5~0.8 mS·cm⁻¹ 之间, 均值为 0.69 mS·cm⁻¹, 波动不大; 总氮 (TN) 含量介于 0.53~0.69 mg·kg⁻¹ 之间, 均值为 0.58 mg·kg⁻¹。溶解性有机碳 (DOC) 含量介于 23.11~25.13 mg·kg⁻¹ 之间, 均值为 24.20 mg·kg⁻¹。

2.4 多元直接梯度分析

9 月浑河 1、2、3、5 和 6 共 5 个采样点处底泥样品中 *M. oxyfera* 的群落多样性指数 (Shannon-

Wiener 指数和 Chao1 指数) 和环境因子 (水样和底泥的理化性质) 的多元直接梯度分析结果如图 2 所示。根据基因多样性指标与环境因子的夹角的余弦值的绝对值的大小可以判断两者的相关性大小情况, 余弦值的正负分别表示正相关性和负相关性; 与多样性指数相关的环境因子的箭头长度代表其对该多样性指数的影响程度。

由图 2 可知 16S rRNA 的 Shannon-Wiener 指数和底泥中 DOC 的浓度呈明显的正相关, 和水样中硝酸氮浓度、TP 浓度呈明显的负相关; Chao1 指数和水体中 TOC 的浓度呈现出显著的正相关, 而且 TOC 的浓度对 Chao1 指数有较大的影响, 因为从图 2 中可以看出 TOC 指标的箭头比较长, 与底泥电导率和水体中亚硝酸浓度呈负相关。

pmoA 基因的 Shannon-Wiener 指数和 Chao1 指数之间的夹角比较小, 水体中亚硝酸氮浓度和底泥电导率与它们呈现出较为明显的负相关, 但亚硝酸氮的影响较小; 底泥中的 DOC 含量和水体中 TOC 浓度与它们有一定的相关性。

表 4 9 月 *M. oxyfera* 的 *pmoA* 基因序列对比信息

Table 4 The *pmoA* gene sequence comparison information of *M. oxyfera* from samples collected in September

OTU	相似菌种	NCBI 序列号	相似度/%
1	Uncultured candidate division NC10 bacterium clone SHJ2- 11 particulate methane monooxygenase subunit A (<i>pmoA</i>) gene, partial cds	KC341509	99
2	Uncultured candidate division NC10 bacterium clone SHJ- 2 particulate methane monooxygenase subunit A (<i>pmoA</i>) gene, partial cds	KC341498	98
3	Uncultured candidate division NC10 bacterium clone HHT2- 91 particulate methane monooxygenase subunit A (<i>pmoA</i>) gene, partial cds	KC341662	97
4	Uncultured candidate division NC10 bacterium clone SHJ- 4 particulate methane monooxygenase subunit A (<i>pmoA</i>) gene, partial cds	KC341499	96
5	Uncultured candidate division NC10 bacterium clone BL26 particulate methane monooxygenase subunit A (<i>pmoA</i>) gene, partial cds	KJ363577	100
6	Uncultured candidate division NC10 bacterium clone BL5 particulate methane monooxygenase subunit A (<i>pmoA</i>) gene, partial cds	KJ363556	99
7	Uncultured candidate division NC10 bacterium PBQ10 particulate methane monooxygenase subunit A (<i>pmoA</i>) gene, partial cds	KC503621	99
8	Uncultured candidate division NC10 bacterium clone SCP32 particulate methane monooxygenase subunit A (<i>pmoA</i>) gene, partialcds	KP297173	99
9	Uncultured Candidatus Methyloirabilis sp. clone inoculum- 2 particulate methane monooxygenase subunit A (<i>pmoA</i>) gene, partial cds	JX262153	99
10	Uncultured candidate division NC10 bacterium clone SCP33 particulate methane monooxygenase subunit A (<i>pmoA</i>) gene, partial cds	KP297174	99
11	Uncultured candidate division NC10 bacterium clone SHJ- 14 particulate methane monooxygenase subunit A (<i>pmoA</i>) gene, partial cds	KC341502	97
12	Uncultured candidate division NC10 bacterium clone SHJ- 03 particulate methane monooxygenase subunit A (<i>pmoA</i>) gene, partial cds	KC341501	99
13	Uncultured candidate division NC10 bacterium clone SCP45 particulate methane monooxygenase subunit A (<i>pmoA</i>) gene, partial cds	KP297187	96

表 5 各采样点水质和底泥的理化指标

Table 5 Physicochemical properties of water samples and sediment samples

采样点	pH	BOD ₅ /mg·L ⁻¹	TP /mg·L ⁻¹	氨氮 /mg·L ⁻¹	硝酸盐 /mg·L ⁻¹	亚硝酸盐 /mg·L ⁻¹	TOC /mg·L ⁻¹	电导率 /mS·cm ⁻¹	TN /mg·kg ⁻¹	DOC /mg·kg ⁻¹	底泥 pH
1	8.48	7.18	0.04	0.07	0.14	0.04	33.69	0.54	0.64	24.32	8.48
2	8.46	5.50	0.05	0.42	0.37	0.20	32.65	0.64	0.54	24.90	8.46
3	8.60	5.49	0.07	0.15	0.68	0.19	7.42	0.75	0.53	25.13	8.60
4	8.10	13.29	0.21	1.54	2.42	0.36	12.91	0.76	0.56	23.11	8.10
5	9.2	12.68	0.19	0.41	1.49	0.15	9.63	0.77	0.62	22.20	9.2
6	7.83	12.69	0.15	1.23	1.68	0.19	17.89	0.69	0.58	24.20	7.83

3 讨论

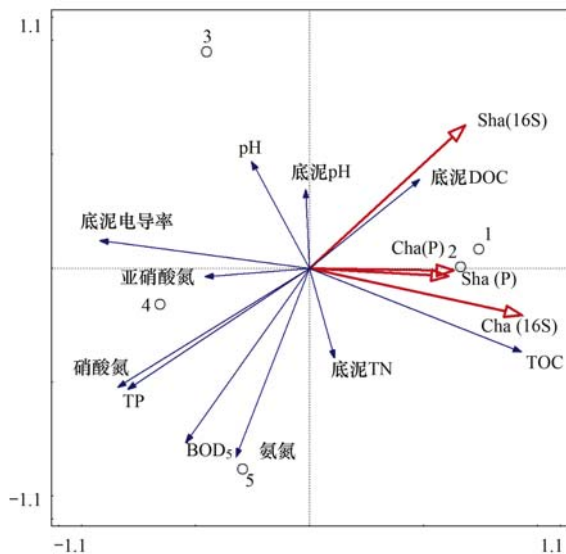
3.1 *M. oxyfera* 的群落多样性区域分布特征

从表 1 可以得出浑河上、中、下游的 6 个采样点 16S rRNA 基因的 OTU 数在 2 ~ 5 之间, 呈现出先增大后减小的变化趋势, 但变化幅度不大; Shannon-Wiener 指数变化范围为 0.21 ~ 1.4, 中游到下游变化幅度较大, 呈现出中游 > 上游 > 下游的分布特征. *pmoA* 功能基因上游的 OTU 数和 Shannon-Wiener 指数明显高于中游和下游, 上游的 Shannon-Wiener 指数分别是中游和下游的 3.5 倍和 2.3 倍, 这说明了浑河从上游到下游 *M. oxyfera* 的

pmoA 功能基因种类和多样性水平有较大幅度减少. 综上 *M. oxyfera* 的多样性呈现出明显的地域性分布特征.

3.2 *M. oxyfera* 的群落多样性季节分布特征

由表 2 可知, 在 3 号采样点 3 月采集的底泥样品中 16S rRNA 和 *pmoA* 的 OTU 数目分别是 6 和 5, 明显高于 9 月对应的 OTU 数, Shannon-Wiener 指数也明显比 9 月高(1.4 > 0.68; 1.57 > 0.00). 因此, 3 号采样点 *M. oxyfera* 的 16S rRNA 和 *pmoA* 的基因多样性存在明显的时间性差异. 观察 6 号采样点样 3 月和 9 月 *M. oxyfera* 的 *pmoA* 的 OTU 数和 Shannon-Wiener 指数值也有显著的差异. 综上, *M. oxyfera* 的



Sha(16S) 表示 16S rRNA 基因的 Shannon-Wiener 指数; Cha(16S) 表示 16S rRNA 基因的 Chao1 指数; Sha(P) 表示 *pmoA* 基因的 Shannon-Wiener 指数; Cha(P) 表示 *pmoA* 基因的 Chao1 指数

图 2 多元直接梯度分析

Fig. 2 Multivariate direct gradient analysis

群落多样性随着季节的变化呈现出不同的特征。

3.3 环境因子对 *M. oxyfera* 的群落多样性的影响

对多元直接梯度分析的结果进行分析可以发现底泥中 DOC 浓度、水体中 TOC 含量和两种基因的 Shannon-Wiener 指数和 Chao1 指数均呈现出显著的正相关; 底泥电导率和水体中亚硝酸氮浓度和 *pmoA* 的 Shannon-Wiener 指数、Chao1 指数、16S rRNA 的 Chao1 指数呈现出明显的负相关, 亚硝酸氮浓度还与 16S rRNA 的 Shannon-Wiener 指数负相关。这 4 种环境因子与 *M. oxyfera* 的群落多样性指数都有显著的关联, 因此认为底泥中 DOC 浓度、水体中 TOC 含量、底泥电导率和水体中亚硝酸氮浓度是影响 *M. oxyfera* 群落多样性的主要环境因子。

值得注意的是亚硝酸氮是 *M. oxyfera* 进行反硝化厌氧甲烷氧化过程的电子受体, 在本研究中却与两种基因的 4 个多样性指数均呈明显的负相关, 因此可以推断一定浓度的亚硝酸氮浓度对 *M. oxyfera* 细菌的生存起促进作用, 但过高浓度的亚硝酸氮会抑制 *M. oxyfera* 的生存, 表现为群落多样性指数降低, 在此之前已有文献对此进行了讨论, 认为过高负荷的亚硝酸盐会对 *M. oxyfera* 的生存有一定的抑制作用^[27]。

4 结论

同一时期, 从浑河上游到下游各采样点底泥中

M. oxyfera 的 *pmoA* 功能基因种类和多样性水平有大幅度减少, *M. oxyfera* 的群落多样性呈现出明显的地域差异。在 3 号采样点 3 月采集的底泥样品中 *M. oxyfera* 的 16S rRNA 和 *pmoA* 的 OTU 数目和 Shannon-Wiener 指数也明显比 9 月高, 同一采样点中 *M. oxyfera* 的群落多样性存在明显的季节性差异。多元直接梯度分析结果表明底泥中 DOC 浓度、底泥电导率和水体中亚硝酸氮浓度、TOC 含量是影响 *M. oxyfera* 群落多样性的主要环境因子。

参考文献:

- [1] Dlugokencky E J, Bruhwiler L, White J W C, et al. Observational constraints on recent increases in the atmospheric CH₄ burden[J]. Geophysical Research Letters, 2009, **36**(18): L18803.
- [2] Hofmann D J, Butler J H, Tans P P. A new look at atmospheric carbon dioxide[J]. Atmospheric Environment, 2009, **43**(12): 2084-2086.
- [3] Raghoebarsing A A, Pol A, Van de Pas-Schoonen K T, et al. A microbial consortium couples anaerobic methane oxidation to denitrification[J]. Nature, 2006, **440**(7086): 918-921.
- [4] Ettwig K F, Butler M K, Le Paslier D, et al. Nitrite-driven anaerobic methane oxidation by oxygenic bacteria[J]. Nature, 2010, **464**(7288): 543-548.
- [5] 沈李东. 亚硝酸盐型甲烷厌氧氧化微生物特性研究进展[J]. 环境科学, 2015, **36**(3): 1133-1140.
Shen L D. Research progress on microbial properties of nitrite-dependent anaerobic methane-oxidising bacteria [J]. Environmental Science, 2015, **36**(3): 1133-1140.
- [6] Chen J, Jiang X W, Gu J D. Existence of novel phylotypes of nitrite-dependent anaerobic methane-oxidizing bacteria in surface and subsurface sediments of the South China Sea [J]. Geomicrobiology Journal, 2015, **32**(1): 1-10.
- [7] Zhou L L, Wang Y, Long X E, et al. High abundance and diversity of nitrite-dependent anaerobic methane-oxidizing bacteria in a paddy field profile[J]. FEMS Microbiology Letters, 2014, **360**(1): 33-41.
- [8] Wang Y, Zhu G B, Harhangi H R, et al. Co-occurrence and distribution of nitrite-dependent anaerobic ammonium and methane-oxidizing bacteria in a paddy soil [J]. FEMS Microbiology Letters, 2012, **336**(2): 79-88.
- [9] Liu Y, Zhang J X, Zhao L, et al. Aerobic and nitrite-dependent methane-oxidizing microorganisms in sediments of freshwater lakes on the Yunnan Plateau [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2015, **99**(5): 2371-2381.
- [10] Deutzmann J S, Stief P, Brandes J, et al. Anaerobic methane oxidation coupled to denitrification is the dominant methane sink in a deep lake [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2014, **111**(51): 18273-18278.
- [11] Kojima, Tsutsumi M, Ishikawa K, et al. Distribution of putative denitrifying methane oxidizing bacteria in sediment of a freshwater lake, Lake Biwa [J]. Systematic and Applied Microbiology, 2012, **35**(4): 233-238.
- [12] Deutzmann J S, Schink B. Anaerobic oxidation of methane in

- sediments of Lake Constance, an oligotrophic freshwater lake [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2011, **77**(13): 4429-4436.
- [13] Shen L D, Huang Q, He Z F, *et al.* Vertical distribution of nitrite-dependent anaerobic methane-oxidising bacteria in natural freshwater wetland soils [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, **99**(1): 349-357.
- [14] Hu B L, Shen L D, Lian X, *et al.* Evidence for nitrite-dependent anaerobic methane oxidation as a previously overlooked microbial methane sink in wetlands [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2014, **111**(12): 4495-4500.
- [15] 周蓉, 祝贵兵, 周磊榴, 等. 稻田土壤反硝化厌氧甲烷氧化菌的时空分布与群落结构分析[J]. *环境科学学报*, 2015, **35**(3): 729-737.
- Zhou R, Zhu G B, Zhou L L, *et al.* Spatial-temporal distribution and community structure analysis of nitrite-dependent anaerobic methane-oxidizing bacteria in paddy soil [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2015, **35**(3): 729-737.
- [16] 王佳, 宋永会, 彭剑峰, 等. 浑河底泥反硝化厌氧甲烷氧化菌群落结构时空特征[J]. *环境科学研究*, 2015, **28**(11): 1670-1676.
- Wang J, Song Y H, Peng J F, *et al.* Spatial-temporal distribution and community structure analysis of nitrite-dependent anaerobic methane-oxidizing bacteria in the sediments of the Hun River [J]. *Research of Environmental Sciences*, 2015, **28**(11): 1670-1676.
- [17] 邓勇翠, 车荣晓, 吴伊波, 等. 好氧甲烷氧化菌生理生态特征及其在自然湿地中的群落多样性研究进展[J]. *生态学报*, 2015, **35**(14): 4579-4591.
- Deng Y C, Che R X, Wu Y B, *et al.* The physiological and ecological characteristics of aerobic methane oxidizing bacteria and their community diversity in natural wetlands [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, **35**(14): 4579-4591.
- [18] 杨楠, 于会彬, 宋永会, 等. 白塔堡河上覆水与沉积物间隙水 N、P 分布特征[J]. *环境科学研究*, 2013, **26**(7): 728-735.
- Yang N, Yu H B, Song Y H, *et al.* Distribution of nitrogen and phosphorus in overlying water and pore water of sediment in Baitabuhe River [J]. *Research of Environmental Sciences*, 2013, **26**(7): 728-735.
- [19] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法 [M]. (第四版). 北京: 中国环境科学出版社, 2002.
- [20] 张甘霖, 龚子同. 土壤调查实验室分析方法 [M]. 北京: 科学出版社, 2012.
- [21] Ettwing K F, Van Alen T, Van De Pas-schoonen K T, *et al.* Enrichment and molecular detection of denitrifying methanotrophic bacteria of the NC10 phylum [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, **75**(11): 3656-3662.
- [22] Juretschko S, Timmermann G, Schmid M, *et al.* Combined molecular and conventional analyses of nitrifying bacterium diversity in activated sludge: *Nitrosococcus mobilis* and *Nitrospira*-like bacteria as dominant populations [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1998, **64**(8): 3042-3051.
- [23] Luesken F A, Zhu B L, Van Alen T A, *et al.* *PmoA* primers for detection of anaerobic methanotrophs [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2011, **77**(11): 3877-3880.
- [24] Schloss P D, Handelsman J. Introducing DOTUR, a computer program for defining operational taxonomic units and estimating species richness [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, **71**(3): 1501-1506.
- [25] Luesken F A, Van Alen T A, Van Der Biezen E, *et al.* Diversity and enrichment of nitrite-dependent anaerobic methane oxidizing bacteria from wastewater sludge [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2011, **92**(4): 845-854.
- [26] 侯梅锋, 何士龙, 李栋, 等. 连云港海底泥及青海湖底泥细菌多样性研究[J]. *环境科学*, 2011, **32**(9): 2681-2688.
- Hou M F, He S L, Li D, *et al.* Bacterial diversity in Lianyungang marine sediment and Qinghai Lake sediment [J]. *Environmental Science*, 2011, **32**(9): 2681-2688.
- [27] 袁梦冬, 朱静, 吴伟祥. 微生物厌氧甲烷氧化反硝化研究进展[J]. *微生物学报*, 2014, **54**(2): 129-138.
- Yuan M D, Zhu J, Wu W X. Research progress in microbial anaerobic methane oxidation coupled to denitrification-A review [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2014, **54**(2): 129-138.

CONTENTS

An Assessment of PM _{2.5} -Related Health Risks and Associated Economic Losses in Chinese Cities	LI Hui-juan, ZHOU De-qun, WEI Yong-jie (3467)
Impact of the Electric Power Industry on Air Quality in Winter of Urban Agglomerations Along the Middle Reaches of the Yangtze River	SUN Xiao-wei, GUO Xiu-rui, CHENG Shui-yuan (3476)
Capacity Simulation Method Based on Regional Transfer Matrix and PM _{2.5} Concentration Target Constraint	LI Min-hui, LIAO Cheng-hao, YANG Liu-lin, <i>et al.</i> (3485)
Analysis of Chemical Composition of the Fine Particulate Matter in Summer in Tianjin City via a Single Particle Aerosol Mass Spectrometer (SPAMS)	WEN Jie, SHI Xu-rong, TIAN Ying-ze, <i>et al.</i> (3492)
Pollution Characteristics of Organic Carbon and Elemental Carbon in Atmospheric Aerosols in Beibei District, Chongqing	PENG Xiao-le, HAO Qing-ju, WEN Tian-xue, <i>et al.</i> (3502)
Characteristics and Source Analysis of Atmospheric Carbonaceous Aerosols in the Cities of Hangzhou and Ningbo	XU Hong-hui, XU Jing-sha, HE Jun, <i>et al.</i> (3511)
Emission Characteristics and Chemical Components of PM _{2.5} from Open Burning of Municipal Solid Waste	WANG Yan, HAO Wei-wei, CHENG Ke, <i>et al.</i> (3518)
Size-resolved Emission Factors of Carbonaceous Particles from Domestic Coal Combustion in China	YANG Guo-wei, KONG Shao-fei, ZHENG Shu-ni, <i>et al.</i> (3524)
Characteristics and Source Analysis of Non-methane Hydrocarbons (NMHC) in Dalian	JI De-yu (3535)
Scenario Analyses of the Volatile Organic Compound Emission Allowance and Allocation in the 13th Five-Year Period	ZHANG Jia-ni, CHEN Xiao-fang, LIANG Xiao-ming, <i>et al.</i> (3544)
Pollution Characteristics and Emission Coefficients of Volatile Organic Compounds from the Packaging and Printing Industry in Zhejiang Province	WANG Jia-de, LÜ Jian-zhang, LI Wen-juan, <i>et al.</i> (3552)
Emission Characteristics and Characteristic Substance Identification of Volatile Odorous Organic Compounds in Industries Using Organic Solvents	ZHAI Zeng-xiu, MENG Jie, WANG Gen, <i>et al.</i> (3557)
Analysis of Aerosol Optical Depth Variation Characteristics for 10 years in Urumqi Based on MODIS_C006	HU Jun, KANG Yan-ming, CHEN Yong-hang, <i>et al.</i> (3563)
Motor Vehicle Pollution Control Scenarios of Beijing Subsidiary Administrative Center Based on Road Traffic Flow	FAN Shou-bin, GUO Jin-jin, LI Xue-feng (3571)
Air Pollution Characteristics and Jogger Inhalation Exposure in Typical Running Area of Beijing	TAO Shuang-cheng, GAO Shuo-han, XIONG Xin-zhu, <i>et al.</i> (3580)
Temporal and Spatial Changes in Sediment Nutrients and Heavy Metals of the Danjiangkou Reservoir Before and After Water Division of the Mid-route Project	LI Bing, WANG Ya, ZHENG Zhao, <i>et al.</i> (3591)
Fluorescence Characteristics and Environmental Significance of Organic Matter in the Northern Part of Lake Taihu in Spring and Winter	LÜ Wei-wei, YAO Xin, ZHANG Bao-hua (3601)
Contamination Levels and Ecological Risk Assessment of Phthalate Esters (PAEs) in the Aquatic Environment of Key Areas of Taihu Lake	ZHU Bing-qing, GAO Zhan-qi, HU Guan-jiu, <i>et al.</i> (3614)
Nitrogen and Phosphorous Adsorption Characteristics of Suspended Solids Input into a Drinking Water Reservoir via Typhoon Heavy Rainfall	YAO Ling-ai, ZHAO Xue-min, MA Qian-li, <i>et al.</i> (3622)
Geochemical Characteristics and Genesis Analyses of High-arsenic Groundwater in the Pearl River Delta	ZHANG Chang-yan, HE Jiang-tao, ZHANG Xiao-wen, <i>et al.</i> (3631)
Effects of Organic Pollutants on the Bacterioplankton Community in Hangzhou Bay	XUAN Li-xia, DAI Wen-fang, YU Wei-na, <i>et al.</i> (3640)
Bacterioplankton Community Structure in the Lancang River Basin and the Analysis of Its Driving Environmental Factors	CHENG Bao, WANG Xue, XU Ya-qian, <i>et al.</i> (3649)
Bacterial Community Structure Characteristics in the Biliuhe Reservoir and Its Key Driving Factors	WANG Huan, ZHAO Wen, XIE Zai-gang, <i>et al.</i> (3660)
Analysis of the Temporal and Spatial Distribution of the Diversity of the Denitrifying Anaerobic Methane-Oxidizing Bacterial Community in the Sediments of the Hunhe River and Its Relationship with Environmental Factors	ZHANG Ya-di, SONG Yong-hui, PENG Jian-feng, <i>et al.</i> (3670)
Influences of Anthropogenic Activities on the Community Structure of N-DAMO Bacteria in the North Canal	LIU Yang, CHEN Yong-juan, WANG Xiao-yan, <i>et al.</i> (3677)
Impact of Exogenous Nitrogen Import on Sediment Denitrification and N ₂ O Emissions in Ditches Under Different Land Uses	SHE Dong-li, CHEN Xin-yi, GAO Xue-mei, <i>et al.</i> (3689)
Sedimentation Characteristics and Pollutant Content Distribution of Storm Drainage Sediments	SHANG Yu, ZHOU Yi, LIAO An-yi, <i>et al.</i> (3696)
Effect of Cr(VI) on Coagulation Process of Different Coagulants	GAO Qian, ZHANG Da-wei, XU Hui, <i>et al.</i> (3704)
Enhancement of Photoelectrocatalytic Degradation of Bisphenol A with Peroxymonosulfate Activated by a Co ₃ O ₄ /BiVO ₄ Composite Photoanode	LI Jiang, WANG Yan, ZHANG Xiu-fang, <i>et al.</i> (3713)
Preparation and Characterization of a Calcium Alginate/Biochar Microsphere and Its Adsorption Characteristics and Mechanisms for Pb(II)	YU Chang-jiang, DONG Xin-yu, WANG Miao, <i>et al.</i> (3719)
Behaviors and Mechanisms of CIP and OFL Adsorption by Magnetic Biochar	ZHAO Hua-xuan, LANG Yin-hai (3729)
Optimization and Validation of the Analytical Method to Detect New Psychoactive Substances in Wastewater	CHEN Pei-pei, DU Peng, ZHOU Zi-lei, <i>et al.</i> (3736)
Effect of Hybrid Process of Pre-ozonation and CNT Modification on Hollow Fiber Membrane Fouling Control	GUAN Yu-qi, WANG Kai-lun, ZHU Xue-dong, <i>et al.</i> (3744)
Bioregeneration of Anion Exchange Resin Used in Nitrate Removal	YE Ting, ZHANG Guang, WANG Ke, <i>et al.</i> (3753)
Preparation of Prussian Blue@Yeast Catalyst and Its Heterogeneous Fenton Performance	CHEN Si, BAI Bo, WANG Hong-lun, <i>et al.</i> (3759)
Nitrogen Removal of Double-bacteria-layer System via PN/A Process	XU Jing-yi, DU Jun, YANG Yi-feng, <i>et al.</i> (3767)
Inhibitory Effect of Phenol on Phosphorus Removal Performance of an EBPR System	MA Juan, WANG Jin, YU Xiao-jun, <i>et al.</i> (3775)
Treatment of Old Landfill Leachate via a Denitrification-Partial Nitritation-ANAMMOX Process	WANG Fan, LU Ming-yu, YIN Ji-qiang, <i>et al.</i> (3782)
Denitrification Characteristics and Functional Genes of Denitrifying Bacteria Under Aerobic or Anaerobic Conditions	KANG Peng-liang, CHEN Sheng-nan, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (3789)
Characteristic of Benzo[a]pyrene Anaerobic Degradation by Phenol Co-substrate and Microbial Communities from Two Types of Sludge	WU Hai-zhen, HU Xiao-yi, WANG Ming, <i>et al.</i> (3797)
Spectroscopic Characterization of DOM During Hyperthermophilic Composting of Sewage Sludge	LIU Xiao-ming, YU Zhen, ZHOU Pu-xiong, <i>et al.</i> (3807)
Effects of Biochar on Nitrous Oxide Fluxes and the Abundance of Related Functional Genes from Agriculture Soil in the North China Plain	LIU Xing-ren, ZHAO Guang-xin, ZHANG Qing-wen, <i>et al.</i> (3816)
Nitrous Oxide Production in Response to Oxygen in a Solar Greenhouse Vegetable Soil	CHEN Ji-ji, SONG He, CAO Wen-chao, <i>et al.</i> (3826)
Comprehensive Study of Lead Speciation and Its Bioavailability in Soils From a Lead/Zinc Mining Area by Micro X-Ray Fluorescence and X-Ray Absorption Near-Edge Structure	SUN Xiao-yan, LIU Jian, LUO Li-qiang (3835)
Assessment of Heavy Metal Pollution in Soil and Its Bioaccumulation by Dominant Plants in a Lead-Zinc Mining Area, Nanjing	LI Jun-kai, ZHANG Dan, ZHOU Pei, <i>et al.</i> (3845)
Preparation of Iron-Aluminum Modified Diatomite and Its Immobilization in Cadmium-Polluted Soil	YANG Yu-zhong, ZHU Jian, XIAO Yuan-yuan, <i>et al.</i> (3854)
Transfer of Soil Organic Carbon to Inorganic Carbon in Arid Oasis Based on Stable Carbon Isotope Technique	LI Yang-mei, GONG Lu, AN Shen-qun, <i>et al.</i> (3867)
Environmental Filters Drive the Assembly of the Soil Fungal Community in the <i>Larix principis-rupprechtii</i> Forests of the Guandi Mountains	ZHAO Peng-yu, LI Cui, CHAI Bao-feng (3876)
Effects of Transgenic Maize with <i>cry1Ab</i> and <i>Epsps</i> Genes C0030.3.5 on the Abundance and Community Structure of Soil Nitrogen-fixing Bacteria	WANG Rui, ZHU Ke, LI Gang, <i>et al.</i> (3885)
Effects of Gypsum on CH ₄ Emission and Functional Microbial Communities in Paddy Soil	HU Xiang-yu, XIANG Qiu-jie, MU Zhi-jian (3894)
Effects of Long-term Fertilization on Enzyme Activities in Profile of Paddy Soil Profiles	DU Lin-sen, TANG Mei-ling, ZHU Zhen-ke, <i>et al.</i> (3901)
Effects of Sediment Burial and Exogenous Cd Input on Biomass Allocation and Antioxidative Enzyme Activities of <i>Suaeda salsa</i> in the Coastal Wetland of the Yellow River Delta	SONG Hong-li, WANG Li-zhi, YU Wan-ni, <i>et al.</i> (3910)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in Wheat Grains Cultivated in Kaifeng Irrigation Area of the Yellow River	KANG Guo-hua, ZHANG Peng-yan, LI Yan-yan, <i>et al.</i> (3917)
Effect of Graphene Oxide on Algal Toxicity of Dibutyl Phthalate	TU Hai-feng, LIU Cheng, WANG Yu-qing, <i>et al.</i> (3927)
Effects of Organic Substrates on ANAMMOX-MFC Denitrification Electrogenesis Performance	ZU Bo, MA Lan, LIU Bo, <i>et al.</i> (3937)
Well-to-Wheels Fossil Energy Consumption and CO ₂ Emissions of Hydrogen Fuel Cell Vehicles in China	LIN Ting, WU Ye, HE Xiao-yi, <i>et al.</i> (3946)
Secondary Organic Aerosols from Aqueous Reaction of Aerosol Water	YE Zhao-lian, QU Zhen-xiu, MA Shuai-shuai, <i>et al.</i> (3954)