

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, 程轲, 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, 元燕铭, 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)

太湖重点区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)

珠江三角洲高钾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 N₂O 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)

Co₃O₄/BIVO₄ 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, 王洪伦, 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, 吕锋, 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, 钊珍芳, 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 N₂O 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 N₂O 产生对 O₂ 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, 李磊, 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 CH₄ 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镉 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, 许新 (3937)

中国氢燃料电池车燃料生命周期的化石能源消耗和 CO₂ 排放 林婷, 吴焯, 何晓漪, 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)

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¹, 陈永娟¹, 王晓燕^{1,2*}, 许康利¹

(1. 首都师范大学资源环境与旅游学院, 北京 100048; 2. 首都师范大学首都圈水环境研究中心, 北京 100048)

摘要: 河流生态系统是陆地生态系统输出营养盐和有机质的主要接收器, 是水-气界面 CO₂ 和 CH₄ 全球碳循环的重要环节。人类活动导致大量未经处理的硝酸盐和有机物质汇入河流, 影响了 N-DAMO (N-DAMO, Nitrate/nitrite-dependent anaerobic methane oxidation, 反硝化厌氧甲烷氧化菌) 细菌的群落特征。本文选取北运河作为研究区域, 通过对比分析北运河中游和下游沉积物理化参数和 N-DAMO 细菌群落特征的差异性, 探究由于人类活动的影响, 河流沉积物中 N-DAMO 细菌的群落组成结构特征, 及其与沉积物中 NH₄⁺-N、NO₃⁻-N 的响应关系。结果表明, 北运河沉积物中 NH₄⁺-N 为中游和下游氮素的主要形态, 且下游 NH₄⁺-N 浓度显著高于中游; 人类活动对 N-DAMO 细菌 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因群落分布有影响, 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因均分别聚为中游和下游两类; 系统发育树分析显示, 人类活动影响北运河 N-DAMO 细菌高同源性菌群的来源, 其高同源性菌群来源与北运河主要污染物氨氮的来源一致; RDA 分析显示, 人类活动影响 N-DAMO 细菌相关环境因子, 沉积物中高浓度的 NH₄⁺-N、NO₃⁻-N 与 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因有显著的响应关系。沉积物 N-DAMO 细菌 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因的共生关系分析显示, 北运河下游沉积物中 N-DAMO 细菌彼此之间的共存关系更强, 细菌群落形成的模块化程度较高, 其对环境变化的敏感程度更高, 受人类活动的影响更大。

关键词: 河流沉积物; 人类活动; 反硝化厌氧甲烷氧化菌; 群落结构; 系统发育; 环境因子; 共存关系网络

中图分类号: X172 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3301(2018)08-3677-12 **DOI:** 10.13227/j.hjx.201711198

Influences of Anthropogenic Activities on the Community Structure of N-DAMO Bacteria in the North Canal

LIU Yang¹, CHEN Yong-juan¹, WANG Xiao-yan^{1,2*}, XU Kang-li¹

(1. College of Resources, Environment and Tourism, Capital Normal University, Beijing 100048, China; 2. Research Center of Aquatic Environment in the Capital Region, Capital Normal University, Beijing 100048, China)

Abstract: Stream ecosystems are the primary receivers of nutrients and organic carbon exported from terrestrial ecosystems and are profoundly influenced by the land of the surrounding landscape. Anthropogenic activities increased the nutrient and organic carbon levels in both stream and benthic biofilms, which are closely related to the differences in the N-DAMO (Nitrate/nitrite-dependent anaerobic methane oxidation) bacterial communities. We studied N-DAMO bacterial communities in streams flowing through anthropogenic land in the city of Beijing. The results showed that anthropogenic activities increase the nutrient and organic carbon levels both midstream and downstream; these are closely related to the difference in the N-DAMO bacterial communities. Phylogenetic analysis revealed that most of the cloned 16S rRNA and *pmoA* sequences in the North Canal were similar to those recovered from activated sludge and wastewater. The effect of nitrogen on N-DAMO bacteria in the North Canal mainly depended on the main form of available nitrogen and the source of pollutant. Moreover, N-DAMO bacteria present downstream of the North Canal, had a more connected and modular microbial network than those present midstream, where bacterial communities with tightly connected species that were shown to be more vulnerable and sensitive to various disturbances were found.

Key words: river sediment; anthropogenic activities; N-DAMO; community structure; phylogeny; environmental factors; co-occurrence Network

河流是全球碳氮循环的输送通道, 不仅是陆地有机质参与生物地球化学循环的重要场所, 还是水-气界面二氧化碳 (CO₂) 和甲烷 (CH₄) 全球碳循环的重要环节^[1-3]。全球河流每年向大气排放 1.5~26.8 Tg CH₄, 成为 CH₄ 排放的热点区域^[2, 4]。CH₄ 在河流沉积物-水界面向水体扩散时, 约 33%~99% 的甲烷会被甲烷氧化菌消耗掉, CH₄ 的氧化过程受到甲烷氧化菌、溶解氧等多种因素的共同影

响^[2, 5]。由于受到溶解氧浓度的影响, 河流沉积物中甲烷的氧化过程主要为厌氧氧化过程 (N-DAMO, nitrite-dependent anaerobic methane oxidation, 反硝化

收稿日期: 2017-11-21; 修订日期: 2018-02-27

基金项目: 国家自然科学基金项目 (41271495); 国家水体污染控制与治理科技重大专项 (2009ZX07209-001-02)

作者简介: 刘洋 (1988~), 女, 硕士, 主要研究方向为环境微生物学, E-mail: liuyangleam@163.com

* 通信作者, E-mail: wangxy@cnu.edu.cn

厌氧甲烷氧化),即在厌氧环境下,以 NO_2^- -N和 NO_3^- -N为电子受体,将 CH_4 氧化为 CO_2 ,同步完成脱氮去 CH_4 的过程^[6]. N-DAMO 细菌是隶属于 NC10 门且能同时参与碳、氮循环的新型细菌, N-DAMO 功能细菌能原位利用厌氧消化产生的 CH_4 深度脱氮^[7]. 自然生态系统中 N-DAMO 细菌存在范围较广,稻田土壤^[8]、湿地^[9]、湖泊沉积物^[10]、河流^[11]及废水淤泥^[12]中均富集培养到了 N-DAMO 细菌,但是人类活动沉积物中 N-DAMO 细菌的影响的研究仍存在不足.

人类活动的影响导致大量未经处理的硝酸盐和有机物质汇入河流,导致河流中 DOC/DIC 及 N/P 浓度增高,高浓度的污染物对河流中微生物的群落结构和物质转化的介导过程产生影响^[9, 13-15]. 与自然河流相比,城市河流中自然腐殖质少,人为富里酸、蛋白类及氨氮、 NO_x 浓度高,城市河流中高浓度的有机质提高了微生物的有效性,并为 N-DAMO 反应提供了有利的条件^[6, 16]. 人类活动输入氮形态的差异对 N-DAMO 细菌氧化过程有影响. 相关研究表明 NO_x 能抑制 N-DAMO 细菌的厌氧氧化过程, NO_2^- 对 N-DAMO 细菌的抑制性低于 NO_3^- ^[17]. 河流沉积物中氨氮和 TN 是 N-DAMO 细菌氧化过程的决定性环境因素. 目前普遍认为氨氮对 N-DAMO 细菌的氧化有抑制作用^[11, 18],由于 NH_4^+ -N 与 CH_4 有相似的分子结构,其通过竞争甲烷单加氧酶系统相同的位点或降低甲烷氧化酶活性,从而抑制 N-DAMO 细菌的氧化作用^[19].

北运河是北京市主要的排污泄洪河道,流经北京市人类活动最频繁的北部和东部地区,受人类活动影响剧烈^[20, 21],是海河流域污染最严重的河流,承担着城市河湖景观、休闲旅游和排水等重要功能^[22]. 清河、坝河、通惠河、凉水河四大支流均分布着污水处理厂,其中清河有肖家河和清河这 2 座污水处理厂;坝河主要接纳北小河和酒仙桥这 2 座污水处理厂退水;通惠河是城区雨水管网的排水河道,接纳高碑店污水处理厂退水;凉水河主要接纳方庄酒厂、吴家村、卢沟桥、小红门和亦庄开发区这 5 座污水处理厂退水,凉水河是 4 大排水河道中接纳污水处理厂最多个,受污水处理厂退水影响最大的支流,氮磷处理效率低的污水处理厂的出水及未经处理废水直接汇入河道^[23]. 作为北京市主要的排污河道,大量未经处理的工农业废水、城市生活污水和污水处理厂的退水经过清河、坝河、通惠河和凉水河排入北运河,导致水体氨氮含量严重超

标^[24-26]. 北运河流域内大大小小养殖场总计 1 000 多个,未得到有效处理的养殖废水排入河道,河道两侧人口居住集中,大量垃圾沿岸堆放,沿岸农田中低利用率的农药化肥随降雨和农田灌溉进入河道^[27, 28],由于河道水流缓慢,沉积物大量淤积,污染物质的沉降、吸附使得沉积物成为内源污染源^[29],人类活动强度大导致北运河工业污染、生活污水及农业面源污染严重.

目前对 N-DAMO 细菌的研究主要集中探讨不同淡水生态系统中 N-DAMO 细菌群落时空分布特征,人类活动对 N-DAMO 细菌群落特征影响的研究还存在不足. 本文选取北运河作为研究区域,采用克隆文库的方法,通过分析中游和下游区域沉积物理化指标及 N-DAMO 细菌 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因群落特征的差异,分析人类活动对 N-DAMO 细菌群落结构、系统发育树,种群之间的共生关系的影响,探究人类活动对 N-DAMO 细菌关键环境因子的影响,以期为进一步解释人类活动对河流大气-水界面甲烷释放的影响提供理论基础,同时也为控制城市河流中甲烷气体的释放提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 样品采集

本研究样品于 2016 年 7 月采集于北运河,使用抓泥斗采集上覆水和底泥样品(0~5 cm)约 1 kg. 由于本文研究人类活动的影响,故采样点主要布设在北运河北京段的中游和下游,中游和下游均有入人类活动干扰,但是干扰程度存在差别. 如图 1 所示,

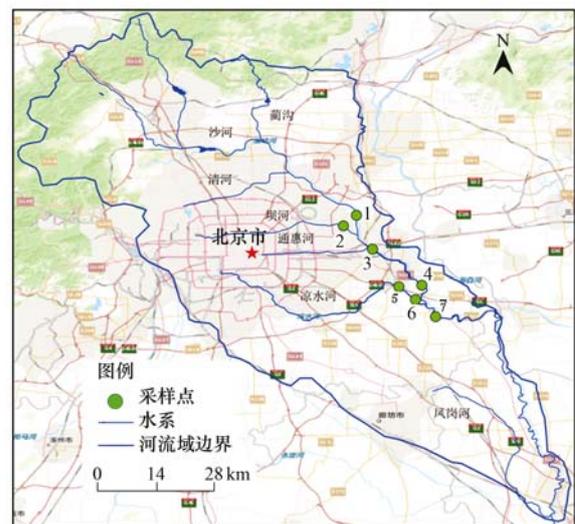


图 1 北运河采样点分布示意

Fig. 1 Distribution of sampling sites in the North Canal

在北运河北京段上共设置 7 个采样点, 其中 1~3 号样点位于北运河北京段的中游, 4~7 号样点位于北运河北京段的下游。

采集到的样品在聚氯乙烯塑料瓶(已灭菌) -4℃ 储存, 24 h 内运回实验室。所有样品分为两部分: 一部分用冷冻干燥机(Alpha 1-2 LD plus; Martin Christ, Germany)烘干, 研磨过 200 目筛后用于理化分析; 另一部分样品放入 -80℃ 超低温冰箱保存, 用于后续分子生物学实验。

1.2 样品理化分析

上覆水水质指标使用多参数水质仪(HYDROLABMS5, HACH, 美国)现场测定, 包括温度(T)、pH、溶解氧(DO)、盐度(salinity)等。沉

积物中铵态氮($\text{NH}_4^+ \text{-N}$), 硝态氮($\text{NO}_3^- \text{-N}$), 亚硝态氮($\text{NO}_2^- \text{-N}$)和 TP, 用 $2 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ KCl 溶液浸提, 浸提悬浮液离心过滤, 使用 FIAstar 连续流动进样分析仪(FIAstar 5000, FOSS, 丹麦)进行测定; TOC 使用总有机碳分析仪进行测定(Liqui TOC II, 德国); TN 使用凯氏定氮仪(KDY-9830, 瑞邦兴业, 中国)进行测定。

1.3 DNA 提取和 *pmoA* 基因 PCR 扩增

沉积物样品 DNA 使用 Power Soil DNA kit(Mo Bio Laboratories, Carlsbad, California, USA)试剂盒, 依据说明书提取。N-DAMO 细菌的 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因巢式 PCR 扩增引物以及需要的主要温度程序见表 1。

表 1 N-DAMO 细菌的 16S rRNA 及 *pmoA* 功能基因提取所需引物和温度程序

Table 1 Primers and procedures for amplification of the 16S rRNA and *pmoA* genes

目的基因	引物	引物序列(5'-3')	目标基因	温度程序	文献
<i>pmoA</i>	A189_b	GGNGACTGGGACTTGTGG	n-damo <i>pmoA</i>	94℃ 预变性 4 min; 94℃ 变性 60 s, 53℃ 退火 60 s, 72℃ 延伸 90 s, 共 35 个循环; 最终 72℃ 延伸 10 min	[30,31]
	cmo682	AAAYCCGGCRAAGAACGA	n-damo <i>pmoA</i>		
	cmo182	TCACGTTGACGCCGATCC	n-damo <i>pmoA</i>		
	cmo568	GCACATACCCATCCCATC	n-damo <i>pmoA</i>		
16S rRNA	202F	GACCAAAGGGGGGAGCG	NC10 phylum 16S rRNA	95℃ 预变性 3 min; 95℃ 变性 60 s, 63℃ 退火 60 s, 72℃ 延伸 90 s, 共 40 个循环; 最终 72℃ 延伸 5 min	[32]
	1545R	CAKAAAGGAGGTGATCC	Bacteria 16S rRNA		
	qP1F	GGCCTTGACATCCCACGAACCTG	n-damo 16S rRNA		
	qP2R	CTCAGCGACTTCGAGTACAG	n-damo 16S rRNA		

1.4 克隆、测序及系统发育树分析

用 Gel Extraction Kit (OMEGA Bio-tek, 美国)对 PCR 产物进行切胶纯化, 将回收产物与 pEASY-T1 载体(北京全式金生物技术有限公司)进行连接, 转入 Trans1-T1 Phage Resistant 化学感受态细胞, 在氨苄青霉素平板上培养后进行蓝、白斑筛选, 并通过克隆检测引物进行菌液 PCR, 挑选出阳性克隆子送至北京诺赛基因组研究中心有限公司测序。使用 MOTHUR 软件对 N-DAMO 细菌 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因分别以 2% 和 3% 的差异度划分独立操作单元(operational taxonomic units, OTUs)^[33, 34], 计算香农多样性指数、辛普森指数和 Chao1 指数^[35]。使用 MEGA 5 软件^[33]以邻位相连法(Neighbor-Joining)对本研究中目的序列和参比序列进行比对, 分别选取相似性较高的 16S 和 *pmoA* 序列作为参比序列, 使用 MEGA 4 软件以邻位相连法(Neighbor-Joining)构建系统发育树, 明晰其系统分类情况^[33]。

1.5 共存关系网络(Co-occurrence Network)分析

使用 R 3.3.2 的 Hmisc package 4.01, 对 N-DAMO 细菌的 16S rRNA 和 *pmoA* 的 OTUs 进行 Spearman 相关性分析计算 R 值和 P 值。选取 $R >$

0.6 或 $R < 0.6$ 显著相关的 OTUs ($P < 0.05$), 使用 Cytoscape 3.5.1 软件对 OTUs 的相关结构进行可视化, 构建共存关系网络。通过 Cytoscape 软件的 Network Analyzer 插件^[36]对共存关系网络的拓扑结果进行分析, 通过 Cytoscape 软件的 ClusterMaker 插件^[37]对共存关系网络进行模块化分析。

1.6 统计学分析

使用 STAMP 软件^[38]基于 T-TEST 方法计算两样本之间的差异。使用 R 3.3.2 的 psych package 1.7.5^[39]计算样本间微生物之间的共生关系, 并进一步使用 Cytoscape 3.5.1 软件^[40]构建微生物的拓扑结构。使用 R 3.3.2 软件的 Vegan package 2.4^[41]冗余分析(RDA)计算生物群落与环境因子的相关性。通过 mantel 及 partial mantel 检验方法识别各环境因子的影响及贡献。采用 SPSS(PASW statistics 18.0)软件对理化数据进行统计分析。

2 结果与分析

2.1 水质和沉积物理化指标差异

北运河中游和下游水质及底泥理化结果如表 2 所示, 对比分析北运河中游和下游水质以及沉积物

理化参数结果如图 2 所示. 北运河下游 NH_4^+ -N 和 DO 显著高于中游 (T -test, $P < 0.05$), 中游 C/N 和 pH 显著高于下游 (T -test, $P < 0.05$). 中游 NH_4^+ -N 占 TN 的 58.70%, NO_3^- -N 占 TN 的 16.67%, 下游 NH_4^+ -N 占 TN 的 81.33%, NO_3^- -N 占 TN 的 8.05%, 北运河中 NH_4^+ -N 为氮素的主要形态, 且其所占 TN 的比例显著高于 NO_3^- -N 和 NO_2^- -N (T -test, $P < 0.05$).

2.2 N-DAMO 细菌 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因多样性指标

北运河共扩增 16S rRNA 基因序列 170 条, 序列覆盖度均为 0.91 ~ 0.98; *pmoA* 功能基因序列 259 条, 序列覆盖范围均为 0.95 ~ 0.99, 本研究北运河沉积物中扩增出来的 N-DAMO 细菌 16S rRNA 和

表 2 北运河中游和下游水质及沉积物中营养盐变化(平均值 ± 标准差)

理化参数	中游	下游
$T/^\circ\text{C}$	30.17 ± 0.45	31.95 ± 0.26
pH 值	7.9 ± 0.1	8.15 ± 0.11
$\text{DO}/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.49 ± 0.11	1.96 ± 0.29
$\text{TDS}/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	408 ± 15.52	577.25 ± 12.29
盐度	0.5 ± 0	0.7 ± 0
NO_2^- -N/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	0.015 ± 0.01	0.012 ± 0.003
NO_3^- -N/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	2.01 ± 1.12	1.5 ± 0.61
NH_4^+ -N/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	7.08 ± 2.88	15.16 ± 3.43
$\text{TOC}/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	57.84 ± 27.44	52.85 ± 11.33
$\text{TN}/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	12.06 ± 0.68	18.64 ± 3.68
$\text{TP}/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	70 ± 29.48	106.6 ± 8.68
C/N	11.77 ± 0.55	12.08 ± 1.67

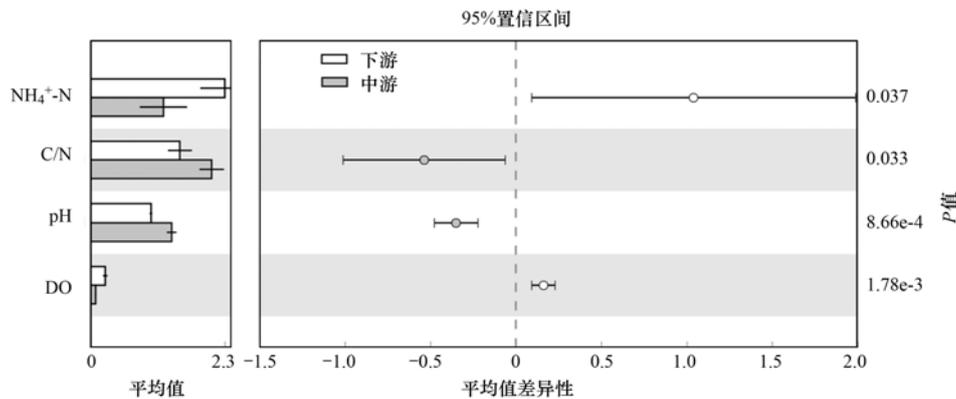


图 2 基于 T -test 分析北运河中游和下游水质及沉积物营养盐差异

Fig. 2 Differences of nutrient variations in sediment samples from midstream sites and downstream sites

pmoA 功能基因序列具有代表性. 如图 3, 基于 2% 的基因差异, 16S rRNA 划分出 2 ~ 6 个 OTUs (中游划分出 3 ~ 5 个 OTUs, 下游划分出 2 ~ 6 个 OTUs), 香农指数 (Shannon) 范围为 0.27 ~ 0.77 (中游为 0.31 ~ 0.77, 下游为 0.27 ~ 0.46), Simpson 指数范围为 0.47 ~ 0.88 (中游为 0.47 ~ 0.65, 下游为 0.53 ~ 0.88). 基于 3% 的基因差异 *pmoA* 功能基因划分出 2 ~ 9 个 OTUs (中游划分出 2 ~ 9 个 OTUs, 下游划分出 3 ~ 8 个 OTUs), 香农指数 (Shannon) 指数范围为 0.21 ~ 1.48 (中游为 0.24 ~ 1.48, 下游为 0.21 ~ 0.69), Simpson 指数范围为 0.22 ~ 0.96 (中游为 0.22 ~ 0.88, 下游为 0.31 ~ 0.77). 北运河中游和下游沉积物中 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因的多样指标没有显著性的差异 (T -test, $P > 0.05$). 基于 Bray-Curtis 距离算法对北运河中 N-DAMO 细菌 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因的 Heatmap 分析 (OUTs 数) 显示 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因均聚为两类, 中游

样点 (1 ~ 3) 以及下游样点 (4 ~ 7) 各自聚在一起 (图 4).

2.3 N-DAMO 细菌 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因系统发育树

选取 N-DAMO 细菌 16S rRNA (0.02 的差异度) 和 *pmoA* 功能基因 (0.03 差异度) 具有代表性的基因序列进行系统发育树分析. 16S rRNA 分为 3 个分支, 分别为 Cluster I、Cluster II 和 Cluster III [图 5 (a)]. 其中 Clusters I 有 103 条基因序列, 占据了整个基因序列的 60.59%, 为最大的分支, 与河流湖泊以及水库沉积物中 16S rRNA 基因序列的同源性高, Cluster I 的分支中中游样点占 72.82%, 下游样点占 27.18%. Clusters II 共有 47 条基因序列, 全部来自下游样点, 占据了整个基因序列的 27.65%, 为第二大分支, 与河流以及消落带沉积物中 16S rRNA 基因序列的同源性高. Cluster III 为 16S rRNA 最小的分支, 全部来自下游样点, 共有 20 条基因序

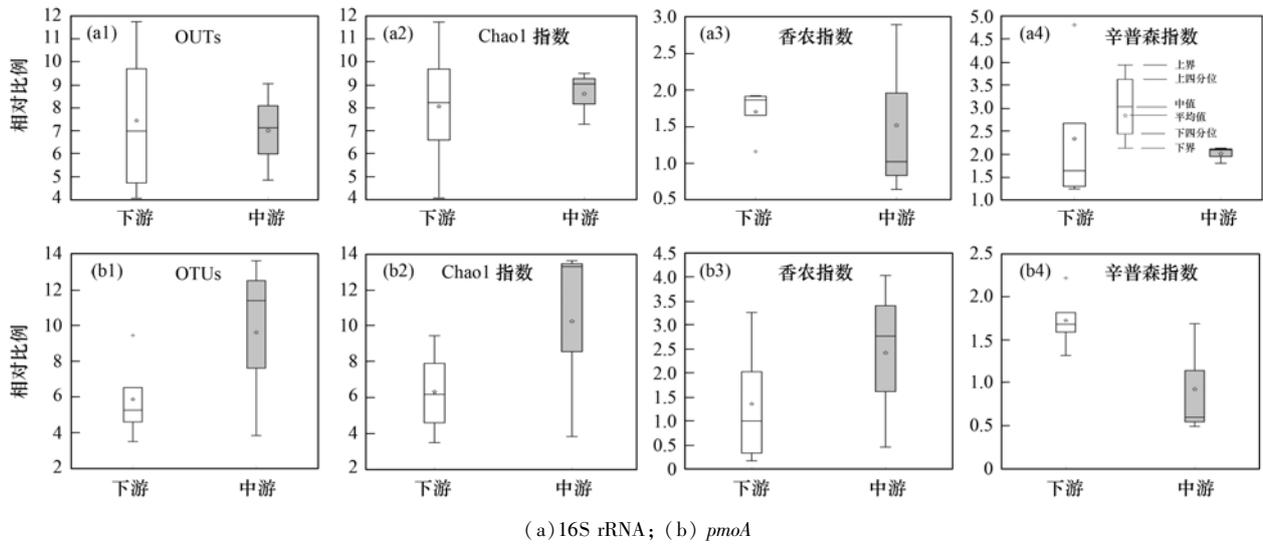


图 3 北运河沉积物 N-DAMO 细菌 16S rRNA 及 *pmoA* 功能基因多样性指标

Fig. 3 16S and *pmoA* community OTUs, Chao1 estimator, Shannon index, and Simpson index

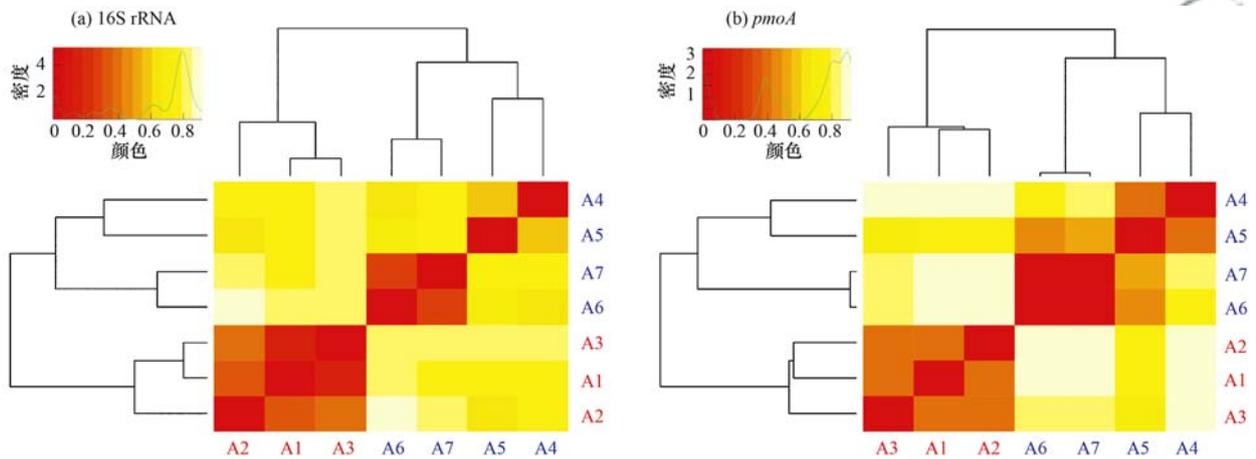


图 4 N-DAMO 细菌 16S rRNA 及 *pmoA* 功能基因的 Heatmap 分析(基于 Bray-Curtis 距离)

Fig. 4 Heatmap representing the differences of 16S rRNA and *pmoA* sequences between microbial communities in midstream and downstream samples, based on Bray-Curtis distance

列, 全部来自 7 号样点, 与白洋淀沉积物中 16S rRNA 基因序列的同源性高.

pmoA 功能基因分为 4 个分支, 分别为 Cluster I、Cluster II、Cluster III 和 Cluster IV [图 5(b)]. 其中 Clusters I 为最大的分支, 包括 108 条基因序列, 占据了整个基因序列的 41.70%, Clusters I 占有所有基因序列 65.74% (主要来自下游的 5~7 号点) 与污水处理厂^[5, 42]、生物反应器以及废水淤泥^[12, 42]中 N-DAMO 细菌的 *pmoA* 功能基因序列的同源性较高. 33.02% 的基因序列 (主要来自中游的 1~3 号点) 与河流^[6, 43] 及河口^[44] 沉积物中 N-DAMO 细菌的 *pmoA* 功能基因序列的同源性较高. Cluster III 为第二大分支 (27.41%), 共 71 条基因序列其主要来自中游, 与消落带^[45] 及湖泊底泥中 *pmoA* 功能基因

序列的同源性较高. Clusters II 共 63 条基因序列, 占据了整个基因序列的 24.32%, 与河流湖泊沉积物^[11] 中 *pmoA* 功能基因序列的同源性较高. Cluster IV 共 17 条序列, 为最小的分支, 与稻田土壤^[46] 中 *pmoA* 功能基因序列的同源性较高.

2.4 北运河中下游 N-DAMO 细菌 Co-occurrence Network 差异性

通过 Network 分析对比北运河中游 [图 6(a)] 和下游 [图 6(b)] 沉积物中 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因, 通过计算拓扑结构参数描述 OTUs 之间的相关性 (表 3). 北运河中游微生物网络图中共有 27 个点, 33 条相关线, 下游共有 29 个点, 171 条相关线. 中游中 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因彼此之间基本为负相关, 其与环境因子之间除 C/N 和 NO_3^- -N

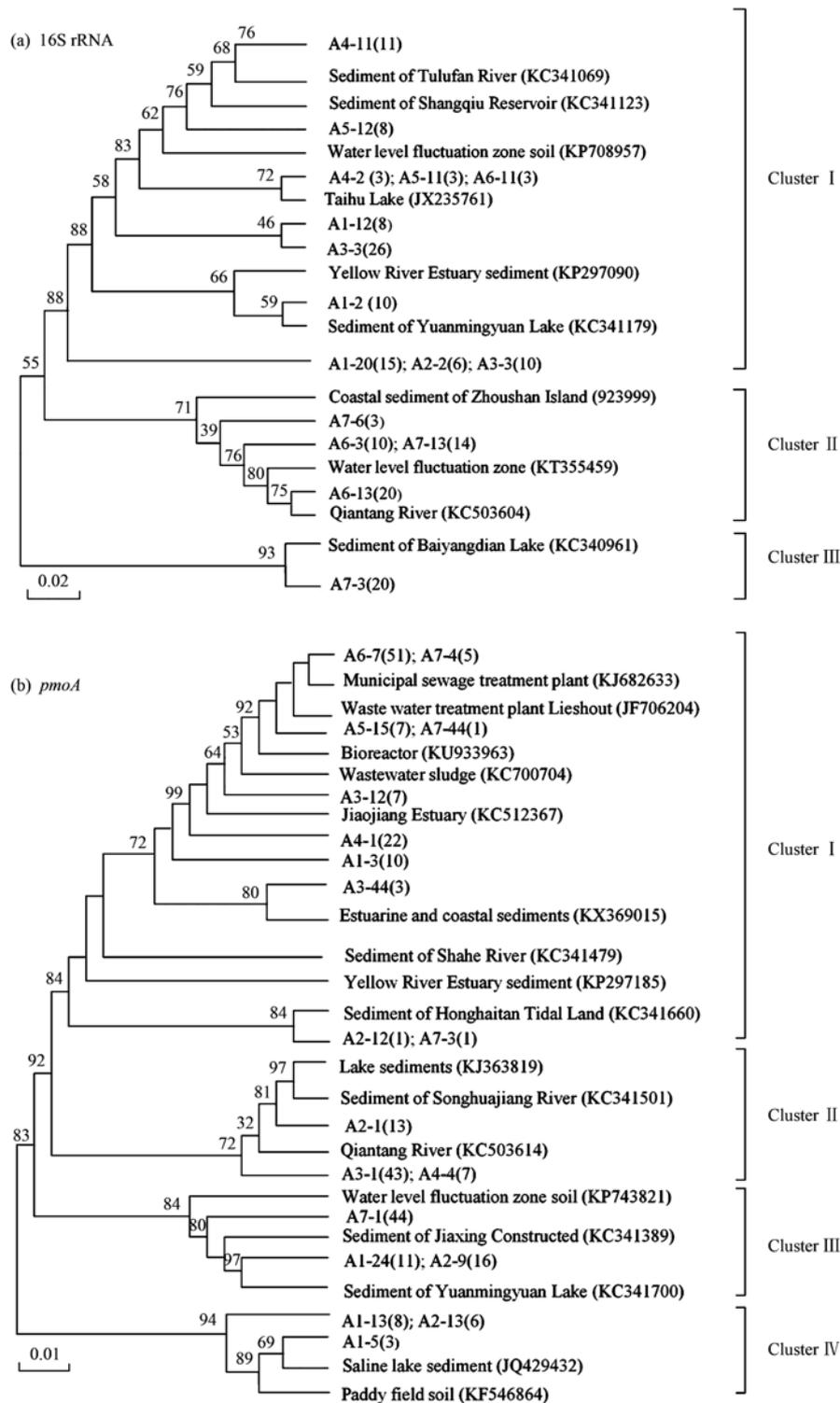


图 5 北运河沉积物 N-DAMO 细菌 16S rRNA 及 *pmoA* 功能基因的系统发育树

Fig. 5 Phylogenetic tree of representative 16S rRNA and *pmoA* sequences from samples in the North Canal and reference sequences from GenBank

之外也均为负相关[图 6(a)], 下游中 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因彼此之间基本为正相关, 但是物种与环境因子之间基本为负相关[图 6(b)]. 与中游样点中 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因的 OTU 相比,

下游物种与环境因子之间的关联性更密切, 相关性更强, 环境因子的改变对物种的影响更强. 对比分析中游和下游的拓扑结构参数(表 3), 中游和下游网络结构范围相同. 中游网络结构的异质性更强以

及特征路径更长,下游中 N-DAMO 细菌有较强聚集性,其中网络中心化程度和集聚系数均高于中游,下游沉积物中 N-DAMO 细菌的集聚度更高,网络结构更为复杂.

表 3 北运河沉积物中游和下游拓扑结构参数
Table 3 Topological parameters of microbial networks from midstream and downstream samples

拓扑结构参数	中游	下游
网络直径	4	4
网络集中度	0.213	0.519
网络异质性	0.515	0.318
特征路径长度	1.586	1.497
集聚系数	0.575	0.893
模块性	0.596	0.750

2.5 北运河中下游 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因环境因子差异性

RDA 分析显示北运河中游和下游沉积物中三态氮(NH₄⁺-N, NO₃⁻-N, NO₂⁻-N)、TOC、DO 和盐度与 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因的群落组成有很强

的相关性(Monte Carlo test, $P < 0.05$, 图 7). 16S rRNA 与环境因子的 RDA 分析,前两个解释轴的解釋度为 66.10% (RDA1:54.18%, RDA2:11.92%),依据 Monte Carlo 检验,选取 7 个与解释轴有强相关的环境因子,其中 pH(0.99)、DO(0.93)、NO₃⁻-N (-0.89)、盐度(0.79)与 CCA1 轴有显著相关关系, NH₄⁺-N (0.98)、NO₂⁻-N(0.97)、TOC(0.82)与 CCA2 轴有显著相关关系;*pmoA* 功能基因与环境因子的 RDA 分析,前两个解释轴的解釋度为 60.20% (RDA1:41.90%, RDA2:18.30%),依据 Monte Carlo 检验,选取 6 个与解释轴有强相关的环境因子,其中NH₄⁺-N(0.95)、DO(0.98)、盐度(0.89)与 CCA1 轴有显著相关关系, NO₃⁻-N (0.85)、NO₂⁻-N(-0.94)、TOC(-0.75)与 CCA2 轴有显著相关关系. 依据 Mantel 检验,分析各个环境因子对微生物分布的影响(表 4). 其中NH₄⁺-N和NO₂⁻-N均对沉积物中 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因有显著影响($P < 0.05$).

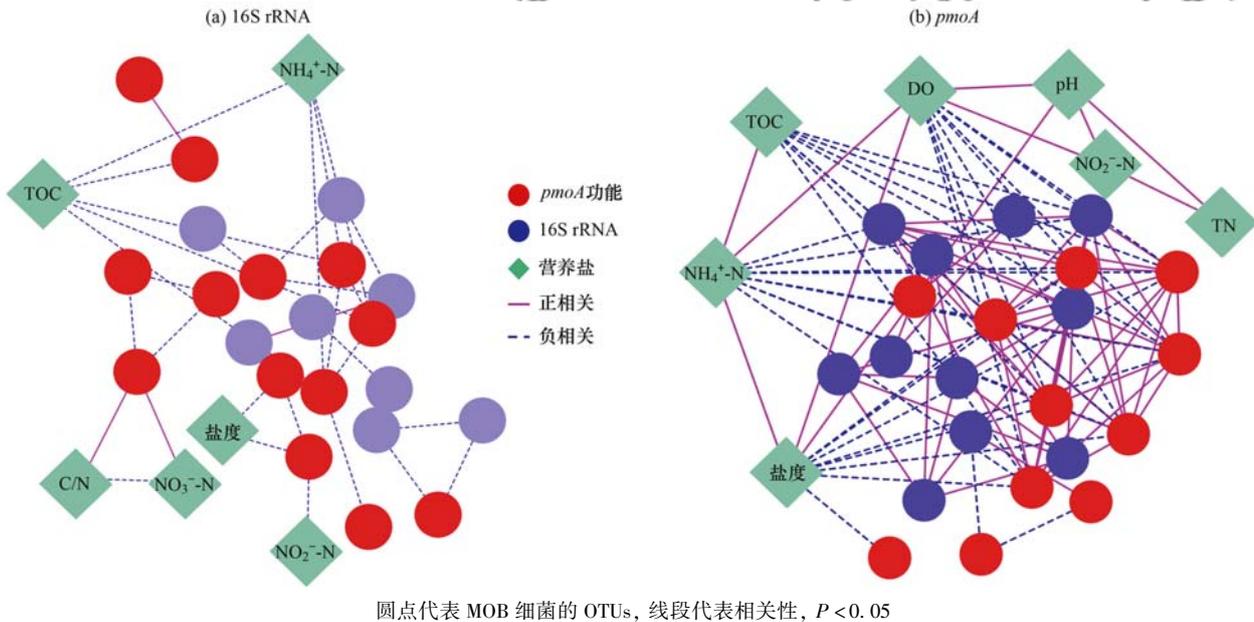


图 6 北运河沉积物 N-DAMO 细菌 16S rRNA 及 *pmoA* 功能基因的 Co-occurrence network 分析
Fig. 6 Co-occurrence network of 16S rRNA and *pmoA* sequences communities in the North Canal

表 4 N-DAMO 细菌群落组成与环境因子相关关系的 Mantel 检验

Table 4 Mantel correlations highlight the relationships shared between environmental traits and community composition

环境因子	16S rRNA		<i>pmoA</i>	
	Mantel score (r)	P	Mantel score (r)	P
NH ₄ ⁺ -N	0.501	0.043	0.647	0.002
NO ₃ ⁻ -N	-0.297	0.129	0.274	0.375
NO ₂ ⁻ -N	-0.242	0.048	-0.189	0.039
DO	0.162	0.621	0.834	0.062
TOC	0.492	0.084	0.492	0.092
pH	-0.289	0.868	—	—
盐度	0.122	0.057	0.265	0.321

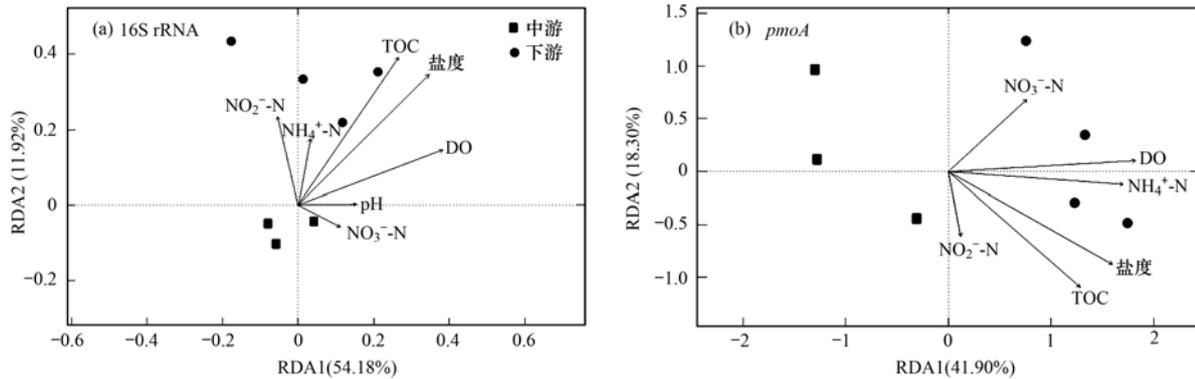


图 7 北运河沉积物中 N-DAMO 细菌 16S rRNA 及 *pmoA* 功能基因与环境因子的 RDA 分析

Fig. 7 Analysis of the correlation between 16S rRNA and *pmoA* sequences and environmental factors

3 讨论

3.1 人类活动对 N-DAMO 细菌群落组成的影响

人类通过农业生产活动及城市化进程改变了自然生态系统中土地的利用方式^[47], 土地利用方式的改变, 影响着流域中营养盐及有机质的输入和输出^[48]. 农药化肥的过度使用增加了 NO_3^- -N、 NH_4^+ -N 和 P 等营养盐的输入^[49], 也增加了城市生活污水及生活垃圾渗滤液的汇入^[50]. 营养盐负荷的增加导致水质的降低, 改变了河流中微生物的群落结构和微生物对物质转化的介导作用^[3, 51]. N、P 的有效性限制了沉积物微生物的自养和异养过程^[52]. 北运河是流经北京市的城市河流, 多条支流(坝河, 通惠河和凉水河)流经北京市的主城区, 河流水体污染严重, 主要污染物为 N、P 和有机污染物^[53, 54]. 本研究发现, 北运河下游沉积物中 NH_4^+ -N 和 DO 的浓度显著高于中游, 而中游 C/N 和 pH 较高, 下游主要为中游样点来水以及重污染支流凉水河支流的汇入, 使其污染物的浓度累计达到最高值. 有研究表明北运河污染物主要来自工业废水的排放, 其次为生活污水和农业面源污染, 其中总氮和氨氮的负荷主要来自凉水河支流的汇入^[54]. 这解释了北运河下游 NH_4^+ -N 含量显著高于中游的原因. N-DAMO 细菌是在厌氧条件下以 NO_2^- -N、 NO_3^- -N 为电子受体, 将 CH_4 氧化为 CO_2 的过程^[6]. N-DAMO 细菌能利用厌氧硝化产生的 CH_4 进行深度脱氮, 同时降低碳源的需求^[7]. 因此城市河流中大量的 N、P 的输入为 N-DAMO 反应提供了有利的条件^[6]. 本研究通过 Heatmap 分析发现, N-DAMO 细菌的 16S 和 *pmoA* 功能基因中游和下游样点均分别聚在一起, 这与沉积物中营养盐的分布特征密切相关.

共存网络关系结构 (co-occurrence network) 可以用来评估复杂生态系统中微生物之间以及微生物和环境因子之间的相互关系^[55, 56], 可以进一步描述微生物的栖息地环境特征与微生物群落之间的聚集关系^[57, 58]. 网络结构拓扑图中点的分布以及点与点之间的相互关系能影响系统的稳定性^[58, 59]. 下游高度连通的物种网络表明, 与中游相比下游 N-DAMO 细菌物种之间有较强的共生关系. 由于下游 N-DAMO 细菌 OTUs 较为复杂的共生关系, 小的干扰均会对下游 N-DAMO 细菌产生较大的影响. 模块化程度 (modularity) > 0.4 表明网络拓扑图已经形成模块化^[60], 更高的模块化程度能反映出更强的生态位分化程度^[58]. 网络结构参数中的聚集系数 (clustering coefficient) 及特征路径长度 (characteristic path length) 表征网络关系图中节点与节点之间紧密联系的程度, 集聚系数越大, 点与点之间的特征路径长度越短, 物种之间联系越紧密, 受到环境变化的干扰程度越强^[61, 62]. 与其他物种相比, 处于同一个模块内的种群之间更紧密的联系, 生态位的分化能导致物种具有较高的模块化程度^[60]. 本研究中, 与中游的集聚系数和特征路径长度相比, 下游集聚系数更高和特征路径长度更短, 表明沉积物中 N-DAMO 对环境变化的敏感程度有空间变化特征, 人类活动更强、污染物浓度更高的下游沉积物中 N-DAMO 细菌对环境变化更敏感, 受环境变化的干扰程度更强. 人类活动通过对北运河水体的影响, 进一步影响了北运河沉积物中 N-DAMO 细菌的群落组成结构.

3.2 人类活动对 N-DAMO 细菌相关环境因子的影响

人类活动(施肥、城市化、排污)极易影响到河流系统中营养盐、有机质及生物有效性, 并会进一

步对微生物的来源产生影响^[63]。北运河为北京市的城市河流, 主要受到工业废水、污水处理厂出水、生活污水和农业面源的污染, 其中工业废水的排放是北运河污染的主要来源^[54]。工业废水及污水处理厂出水的汇入对北运河沉积物中微生物的来源产生影响。鲍林林等^[25, 29]对北运河沉积物中的脱氮功能微生物和氨氧化微生物群落特征的研究均表明脱氮功能微生物和氨氧化微生物菌群与污水处理厂废水和活性污泥中发现的类群同源性高。本研究中, N-DAMO 细菌的 *pmoA* 功能基因主要与污水处理厂^[5, 42]、生物反应器以及废水淤泥^[12, 42]中 N-DAMO 细菌的 *pmoA* 功能基因序列的同源性较高, 这与鲍林林等的研究结果一致。浑河为流经抚顺和沈阳两大重工业城市的城市河流, 主要受到工业废水和生活污水的污染严重^[64]。浑河作为辽河流域的城市河流与北运河的污染类型较为相似, 均为污染严重的城市河流。对浑河沉积物中 N-DAMO 细菌的系统发育树分析显示, 其沉积物中获得的 16S rRNA 和 *pmoA* 基因序列与从污水处理厂活性污泥作为接种物获得的基因序列有较高的相似性^[6]。北运河和浑河 N-DAMO 细菌的系统发育树分析结果的一致性表明工业废水和污水处理厂出水对 N-DAMO 细菌群落结构和细菌来源产生影响。

城市污水的排放导致河流水体处于高 TOC 和 NO_3^- -N 的状态^[14]。原位生物地球化学循环与不同物质酶的催化作用形成了不同的氮素形态^[65]。北运河高浓度的氨氮一部分来自支流中工业废水的汇入一部分来自农业灌溉的输入^[54]。有研究表明输入氮形态及氮浓度水平的不同对甲烷氧化过程的影响是不同的, 甲烷氧化菌在低渗透压下具有最佳的氧化活性, 而较高的渗透压会对甲烷氧化菌活性产生抑制^[66]。本研究的结果显示, 北运河中游和下游沉积物中 N-DAMO 细菌的 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因均与 NH_4^+ -N 有较强的相关性。 NH_4^+ -N 能引起甲烷单加氧酶、氨氧化菌以及甲烷氧化菌间的竞争性抑制作用, NH_4^+ -N 能进一步引起的羟胺和亚硝酸盐间的非竞争性抑制作用^[67]。 NH_4^+ -N 对 N-DAMO 细菌氧化抑制作用的机理在于 NH_4^+ -N 和 CH_4 有相似的分子结构, 通过竞争甲烷氧化酶系统相同的位点或降低甲烷氧化酶活性, 从而对甲烷氧化起到抑制作用^[18]。除此之外, 自然生态系统中厌氧氨氧化细菌 (ANAMMOX) 和 N-DAMO 细菌可以共存, 水体中 NH_4^+ -N 能促进 ANAMMOX 的生长, 而 ANAMMOX 通过硝化厌氧氨氧化过程生成的 NO_2^- -N 限制 N-

DAMO 细菌的生长^[68]。除 NH_4^+ -N 对甲烷氧化产生抑制性作用, NO_3^- -N 和 NO_2^- -N 也会对厌氧甲烷氧化过程起抑制作用, 而且 NO_2^- -N 对 N-DAMO 氧化的抑制作用要弱于 NO_3^- -N 的抑制作用^[32]。当以 NO_3^- -N 为电子受体时 ANAMMOX 和 N-DAMO 细菌可以协同作用, ANAMMOX 与 N-DAMO 竞争氧化酶位点, 且前者的竞争优势强于后者, 进一步抑制 N-DAMO 反应^[68]。实验室厌氧条件下, 探究 N-DAMO 和 ANAMMOX 的反应过程, ANAMMOX 与 N-DAMO 细菌有一定的耦合作用, 其中 ANAMMOX 对 NO_3^- -N 还原反应占主导地位, 其对 NO_3^- -N 和 NO_2^- -N 竞争优势均强于 N-DAMO 细菌^[69]。本研究中 RDA 分析结果显示, NO_3^- -N 和 NO_2^- -N 与 N-DAMO 细菌 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因均有较强的相关性。环境中 NO_3^- -N 能通过影响 NO_2^- -N 进一步影响 N-DAMO 细菌的群落结构^[70]。钱塘江沉积物中 N-DAMO 细菌的研究显示, 沉积物中 NH_4^+ -N 和 TN 是 N-DAMO 细菌的决定性因素, 并且 NO_2^- -N 和 C/N 也会影响 N-DAMO 细菌的群落结构^[11]。本研究中, 由于人类活动加剧了 NH_4^+ -N、 NO_3^- -N 和 NO_2^- -N 的汇入, 高浓度的 NH_4^+ -N 和 NO_3^- -N 加剧了对 N-DAMO 细菌群落结构的影响。ANAMMOX 与 N-DAMO 细菌的耦合作用是复杂的过程, 本文没有对 ANAMMOX 细菌进行研究, 需要在下一步的工作中探究城市河流中 ANAMMOX 与 N-DAMO 细菌的耦合作用对河流 CH_4 释放的影响。

4 结论

(1) 人类活动导致北运河中 NH_4^+ -N、 NO_3^- -N 和 NO_2^- -N 负荷的增加, NH_4^+ -N 为北运河沉积物中氮素的主要存在形态, 下游沉积物中 NH_4^+ -N 浓度显著高于中游。高浓度的污染物对 N-DAMO 细菌 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因的群落结构和 N-DAMO 细菌间的共生关系产生影响。

(2) 人类活动的干扰影响北运河沉积物 N-DAMO 细菌 OTUs 之间联系的紧密程度。人类活动干扰程度较大, 污染物浓度较高的下游沉积物中 N-DAMO 细菌对环境变化更敏感, 其受环境变化的干扰程度更强。

(3) 人类活动对 N-DAMO 细菌 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因高同源细菌的来源有影响, 高同源细菌的来源与北运河沉积物中高浓度营养盐 (NH_4^+ -N、 NO_3^- -N、 NO_2^- -N 和 TOC) 的来源一致。中

游和下游与 N-DAMO 细菌 16S rRNA 和 *pmoA* 功能基因有显著响应关系的环境因子为 NH_4^+ -N 及 NO_3^- -N, 其与北运河主要污染物相一致。

参考文献:

- [1] de Angelis M A, Lilley M D. Methane in surface waters of Oregon estuaries and rivers [J]. *Limnology and Oceanography*, 1987, **32**(3): 716-722.
- [2] 王晓锋, 袁兴中, 陈槐, 等. 河流 CO_2 与 CH_4 排放研究进展 [J]. *环境科学*, 2017, **38**(12): 5352-5366.
Wang X F, Yuan X Z, Chen H, *et al.* Review of CO_2 and CH_4 emissions from rivers [J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(12): 5352-5366.
- [3] Qu X D, Ren Z, Zhang H P, *et al.* Influences of anthropogenic land use on microbial community structure and functional potentials of stream benthic biofilms [J]. *Scientific Reports*, 2017, **7**(1): 15117.
- [4] 翟俊, 马宏璞, 陈忠礼, 等. 湿地甲烷厌氧氧化的重要性和机制综述 [J]. *中国环境科学*, 2017, **37**(9): 3506-3514.
Zhai J, Ma H P, Chen Z L, *et al.* Review on the importance and mechanisms of anaerobic oxidation of methane in wetlands [J]. *China Environmental Science*, 2017, **37**(9): 3506-3514.
- [5] Ma R, Hu Z, Zhang J, *et al.* Reduction of greenhouse gases emissions during anoxic wastewater treatment by strengthening nitrite-dependent anaerobic methane oxidation process [J]. *Bioresource Technology*, 2017, **235**: 211-218.
- [6] 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.
- [7] 赵荣, 朱雷, 吴管, 等. 亚硝酸盐型甲烷厌氧氧化过程影响因素研究 [J]. *环境科学学报*, 2017, **37**(1): 178-184.
Zhao R, Zhu L, Wu Q, *et al.* Effect of environmental factors on nitrite-dependent denitrifying anaerobic methane oxidation [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2017, **37**(1): 178-184.
- [8] Shen L D, Liu S, Huang Q, *et al.* Evidence for the cooccurrence of nitrite-dependent anaerobic ammonium and methane oxidation processes in a flooded paddy field [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2014, **80**(24): 7611-7619.
- [9] Chen S L, Chen J F, Chang S, *et al.* Aerobic and anaerobic methanotrophic communities in urban landscape wetland [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2018, **102**(1): 433-445.
- [10] Yang J, Jiang H C, Wu G, *et al.* Co-occurrence of nitrite-dependent anaerobic methane oxidizing and anaerobic ammonia oxidizing bacteria in two Qinghai-Tibetan saline lakes [J]. *Frontiers of Earth Science*, 2012, **6**(4): 383-391.
- [11] Shen L D, Liu S, Zhu Q, *et al.* Distribution and diversity of nitrite-dependent anaerobic methane-oxidising bacteria in the sediments of the Qiantang River [J]. *Microbial Ecology*, 2014, **67**(2): 341-349.
- [12] 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.
- [13] Abell J M, Özkundakci D, Hamilton D P, *et al.* Relationships between land use and nitrogen and phosphorus in New Zealand lakes [J]. *Marine and Freshwater Research*, 2010, **62**(2): 162-175.
- [14] Daniel M H B, Montebelo A A, Bernardes M C, *et al.* Effects of urban sewage on dissolved oxygen, dissolved inorganic and organic carbon, and electrical conductivity of small streams along a gradient of urbanization in the Piracicaba River basin [J]. *Water, Air, and Soil Pollution*, 2002, **136**(1-4): 189-206.
- [15] Mulholland P J, Helton A M, Poole G C. Stream denitrification across biomes and its response to anthropogenic nitrate loading [J]. *Nature*, 2008, **452**(7184): 202-205.
- [16] Hosen J D, McDonough O T, Febria C M, *et al.* Dissolved organic matter quality and bioavailability changes across an urbanization gradient in headwater streams [J]. *Environment Science & Technology*, 2014, **48**(14): 7817-7824.
- [17] 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.
- [18] Scheutz C, Kjeldsen P. Environmental factors influencing attenuation of methane and hydrochlorofluorocarbons in landfill cover soils [J]. *Journal of Environmental Quality*, 2004, **33**(1): 72-79.
- [19] 胡敏杰, 全川, 邹芳芳. 氮输入对土壤甲烷产生、氧化和传输过程的影响及其机制 [J]. *草业学报*, 2015, **24**(6): 204-212.
Hu M J, Tong C, Zou F F. Effects of nitrogen input on CH_4 production, oxidation and transport in soils, and mechanisms: a review [J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2015, **24**(6): 204-212.
- [20] 荆红卫, 张志刚, 郭婧. 北京北运河水系水质污染特征及污染源分析 [J]. *中国环境科学*, 2013, **33**(2): 319-327.
Jing H W, Zhang Z G, Guo J. Water pollution characteristics and pollution sources of Bei Canal river system in Beijing [J]. *China Environmental Science*, 2013, **33**(2): 319-327.
- [21] Ren Y F, Xu Z W, Zhang X Y, *et al.* Nitrogen pollution and source identification of urban ecosystem surface water in Beijing [J]. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 2014, **8**(1): 106-116.
- [22] 杜伊, 胡玮璇, 王晓燕, 等. 北京市北运河水体中化学需氧量组分含量及其可生化性研究 [J]. *湿地科学*, 2017, **15**(3): 470-477.
Du Y, Hu W X, Wang X Y, *et al.* Concentrations of chemical oxygen demand fractions and their biodegradability in waters of Beiyun River, Beijing [J]. *Wetland Science*, 2017, **15**(3): 470-477.
- [23] 郭婧, 荆红卫, 李金香, 等. 北运河系地表水近 10 年来水质变化及影响因素分析 [J]. *环境科学*, 2012, **33**(5): 1511-1518.
Guo J, Jing H W, Li J X, *et al.* Surface water quality of Beiyun Rivers basin and the analysis of acting factors for the recent ten years [J]. *Environmental Science*, 2012, **33**(5): 1511-1518.
- [24] 单铎. 北运河氨氮降解系数测算研究 [D]. 北京: 首都师范大学, 2013.
- [25] 鲍林林, 王晓燕, 陈永娟, 等. 北运河沉积物中主要脱氮功

- 能微生物的群落特征[J]. 中国环境科学, 2016, **36**(5): 1520-1529.
- Bao L L, Wang X Y, Chen Y J, *et al.* Diversity, abundance and distribution of *nirS*-type denitrifiers and anammox bacteria in sediments of Beiyun River[J]. China Environmental Science, 2016, **36**(5): 1520-1529.
- [26] 张汪寿, 李晓秀, 王晓燕, 等. 北运河武清段水污染时空变异特征[J]. 环境科学学报, 2012, **32**(4): 836-846.
- Zhang W S, Li X X, Wang X Y, *et al.* Temporal and spatial variations of water pollution in Wuqing section of Beiyunhe River [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2012, **32**(4): 836-846.
- [27] 姜娜, 冯绍元, 郑艳侠, 等. 北京市北运河流域地表水环境问题分析与治理对策[J]. 中国农村水利水电, 2010, (6): 9-11.
- Jiang N, Feng S Y, Zheng Y X, *et al.* An analysis of problems and countermeasures for the surface water environment pollution of the North Canal watershed in Beijing[J]. China Rural Water and Hydropower, 2010, (6): 9-11.
- [28] 陈永娟, 胡玮璇, 庞树江, 等. 北运河水体中荧光溶解性有机物空间分布特征及来源分析[J]. 环境科学, 2016, **37**(8): 3017-3025.
- Chen Y J, Hu W X, Pang S J, *et al.* Spatial distribution characteristics and source analysis of dissolved organic matter in Beiyun River[J]. Environmental Science, 2016, **37**(8): 3017-3025.
- [29] 鲍林林, 陈永娟, 王晓燕. 北运河沉积物中氨氧化微生物的群落特征[J]. 中国环境科学, 2015, **35**(1): 179-189.
- Bao L L, Chen Y J, Wang X Y. Diversity and abundance of ammonia-oxidizing prokaryotes in surface sediments in Beiyun River[J]. China Environmental Science, 2015, **35**(1): 179-189.
- [30] 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.
- [31] Shen L D, Wu H S, Liu X, *et al.* Cooccurrence and potential role of nitrite- and nitrate-dependent methanotrophs in freshwater marsh sediments[J]. Water Research, 2017, **123**: 162-172.
- [32] Tamura K, Dudley J, Nei M, *et al.* MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0[J]. Molecular Biology and Evolution, 2007, **24**(8): 1596-1599.
- [33] 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.
- [34] Schloss P D, Westcott S L, Ryabin T, *et al.* Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2009, **75**(23): 7537-7541.
- [35] Assenov Y, Ramirez F, Schelhorn S E, *et al.* Computing topological parameters of biological networks[J]. Bioinformatics, 2008, **24**(2): 282-284.
- [36] Su G, Kuchinsky A, Morris J H, *et al.* GLaY: community structure analysis of biological networks [J]. Bioinformatics, 2010, **26**(24): 3135-3137.
- [37] Widder S, Besemer K, Singer G A, *et al.* Fluvial network organization imprints on microbial co-occurrence networks[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2014, **111**(35): 12799-12804.
- [38] Parks D H, Tyson G W, Hugenholtz P, *et al.* STAMP: statistical analysis of taxonomic and functional profiles [J]. Bioinformatics, 2014, **30**(21): 3123-3124.
- [39] Revelle W. Psych: procedures for personality and psychological research, Northwestern University, Evanston, Illinois, USA [EB/OL]. <https://CRAN.R-project.org/package=psych.html>, 2017-04-20.
- [40] Oksanen J, Guillaume Blanchet F, Friendly M, *et al.* Vegan: community ecology package. R package version 2.4-3 [EB/OL]. <https://CRAN.R-project.org/package=vegan.html>, 2017-08-16.
- [41] Ho A, Vlaeminck S E, Ettwig K F, *et al.* Revisiting methanotrophic communities in sewage treatment plants [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2013, **79**(8): 2841-2846.
- [42] Yan P Z, Li M C, Wei G S, *et al.* Molecular fingerprint and dominant environmental factors of nitrite-dependent anaerobic methane-oxidizing bacteria in sediments from the Yellow River estuary, China[J]. PLoS One, 2015, **10**(9): e0137996.
- [43] Chen J, Zhou Z C, Gu J D. Complex community of nitrite-dependent anaerobic methane oxidation bacteria in coastal sediments of the Mai Po wetland by PCR amplification of both 16S rRNA and *pmoA* genes [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2015, **99**(3): 1463-1473.
- [44] Wang Y, Huang P, Ye F, *et al.* Nitrite-dependent anaerobic methane oxidizing bacteria along the water level fluctuation zone of the Three Gorges Reservoir [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2016, **100**(4): 1977-1986.
- [45] 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.
- [46] Foley J A, DeFries R, Asner G P, *et al.* Global Consequences of land use[J]. Science, 2005, **309**(5734): 570-574.
- [47] Erol A, Randhir T O. Watershed ecosystem modeling of land-use impacts on water quality[J]. Ecological Modelling, 2013, **270**: 54-63.
- [48] Walsh C J, Roy A H, Feminella J W, *et al.* The urban stream syndrome: current knowledge and the search for a cure [J]. Journal of the North American Benthological Society, 2005, **24**(3): 706-723.
- [49] Paul M J, Meyer J L. Streams in the urban landscape [J]. Annual Review of Ecology and Systematics, 2001, **32**: 333-365.
- [50] Kohler T J, Heatherly II T N, El-Sabaawi R W, *et al.* Flow, nutrients, and light availability influence Neotropical epilithon biomass and stoichiometry [J]. Freshwater Science, 2012, **31**(4): 1019-1034.
- [51] Tank J L, Dodds W K. Nutrient limitation of epilithic and epilytic biofilms in ten north American streams [J]. Freshwater Biology, 2003, **48**(6): 1031-1049.
- [52] 单保庆, 菅宇翔, 唐文忠, 等. 北运河下游典型河网区水体

- 中氮磷分布与富营养化评价[J]. 环境科学, 2012, **33**(2): 352-358.
- Shan B Q, Jian Y X, Tang W Z, *et al.* Temporal and spatial variation of nitrogen and phosphorus and eutrophication assessment in downstream river network areas of North Canal River watershed[J]. Environmental Science, 2012, **33**(2): 352-358.
- [53] 陈永娟, 庞树江, 耿润哲, 等. 北运河水系主要污染物通量特征研究[J]. 环境科学学报, 2015, **35**(7): 2167-2176.
- Chen Y J, Pang S J, Geng R Z, *et al.* Fluxes of the main contaminant in Beiyun River[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2015, **35**(7): 2167-2176.
- [54] Gotelli N J, McCabe D J. Species co-occurrence: a meta-analysis of J. M. diamond's assembly rules model[J]. Ecology, 2002, **83**(8): 2091-2096.
- [55] Fuhrman J A. Microbial community structure and its functional implications[J]. Nature, 2009, **459**(7244): 193-199.
- [56] Barberán A, Bates S T, Casamayor E O. Using network analysis to explore co-occurrence patterns in soil microbial communities[J]. The ISME Journal, 2012, **6**(2): 343-351.
- [57] Freedman Z B, Zak D R. Atmospheric N deposition alters connectance, but not functional potential among saprotrophic bacterial communities[J]. Molecular Ecology, 2015, **24**(12): 3170-3180.
- [58] Fuhrman J A, Steele J A. Community structure of marine bacterioplankton: patterns, networks, and relationships to function[J]. Aquatic Microbial Ecology, 2008, **53**(1): 69-81.
- [59] Newman M E J. Modularity and community structure in networks[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2006, **103**(23): 8577-8582.
- [60] Montoya J M, Pimm S L, Solé R V. Ecological networks and their fragility[J]. Nature, 2006, **442**(7100): 259-264.
- [61] Saavedra S, Stouffer D B, Uzzi B, *et al.* Strong contributors to network persistence are the most vulnerable to extinction[J]. Nature, 2011, **478**(7368): 233-235.
- [62] Williams C J, Frost P C, Morales-Williams A M, *et al.* Human activities cause distinct dissolved organic matter composition across freshwater ecosystems[J]. Global Change Biology, 2016, **22**(2): 613-626.
- [63] 陈艳丽, 范远东, 孙鹏. 应用模糊综合评判法评价浑河干流水质[J]. 水生态学杂志, 2012, **33**(2): 39-42.
- Chen Y L, Fan Y D, Sun P. Fuzzy comprehensive evaluation on water quality of mainstream of Hun River[J]. Journal of Hydroecology, 2012, **33**(2): 39-42.
- [64] Allison S D, Martiny J B H. Resistance, resilience, and redundancy in microbial communities[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2008, **105**(S1): 11512-11519.
- [65] 丁维新, 蔡祖聪. 氮肥对土壤氧化甲烷的影响研究[J]. 中国生态农业学报, 2003, **11**(2): 50-53.
- Ding W X, Cai Z C. Effect of nitrogen fertilizers on methane oxidation in soils by methanotrophs[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2003, **11**(2): 50-53.
- [66] Siebert M, Taubert M, Seifert J, *et al.* The nitrogen cycle in anaerobic methanotrophic mats of the Black Sea is linked to sulfate reduction and biomass decomposition[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2013, **86**(2): 231-245.
- [67] Ding Z W, Ding J, Fu L, *et al.* Simultaneous enrichment of denitrifying methanotrophs and anammox bacteria[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2014, **98**(24): 10211-10221.
- [68] Hu S H, Zeng R J, Haroon M F, *et al.* A laboratory investigation of interactions between denitrifying anaerobic methane oxidation (DAMO) and anammox processes in anoxic environments[J]. Scientific Reports, 2015, **5**: 8706.
- [69] Wang J Q, Shen L D, He Z F, *et al.* Spatial and temporal distribution of nitrite-dependent anaerobic methane-oxidizing bacteria in an intertidal zone of the East China Sea[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2017, **101**(21): 8007-8014.
- [70] Fu L, Ding J, Lu Y Z, *et al.* Nitrogen source effects on the denitrifying anaerobic methane oxidation culture and anaerobic ammonium oxidation bacteria enrichment process[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2017, **101**(9): 3895-3906.

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, et al. (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, et al. (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, et al. (3502)
Characteristics and Source Analysis of Atmospheric Carbonaceous Aerosols in the Cities of Hangzhou and Ningbo	XU Hong-hui, XU Jing-sha, HE Jun, et al. (3511)
Emission Characteristics and Chemical Components of PM _{2.5} from Open Burning of Municipal Solid Waste	WANG Yan, HAO Wei-wei, CHENG Ke, et al. (3518)
Size-resolved Emission Factors of Carbonaceous Particles from Domestic Coal Combustion in China	YANG Guo-wei, KONG Shao-fei, ZHENG Shu-ni, et al. (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, et al. (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, et al. (3552)
Emission Characteristics and Characteristic Substance Identification of Volatile Odorous Organic Compounds in Industries Using Organic Solvents	ZHAI Zeng-xiu, MENG Jie, WANG Gen, et al. (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, et al. (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, et al. (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, et al. (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, et al. (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, et al. (3622)
Geochemical Characteristics and Genesis Analyses of High-arsenic Groundwater in the Pearl River Delta	ZHANG Chang-yan, HE Jiang-tao, ZHANG Xiao-wen, et al. (3631)
Effects of Organic Pollutants on the Bacterioplankton Community in Hangzhou Bay	XUAN Li-xia, DAI Wen-fang, YU Wei-na, et al. (3640)
Bacterioplankton Community Structure in the Lancang River Basin and the Analysis of Its Driving Environmental Factors	CHENG Bao, WANG Xue, XU Ya-qian, et al. (3649)
Bacterial Community Structure Characteristics in the Biliuhe Reservoir and Its Key Driving Factors	WANG Huan, ZHAO Wen, XIE Zai-gang, et al. (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, et al. (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, et al. (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, et al. (3689)
Sedimentation Characteristics and Pollutant Content Distribution of Storm Drainage Sediments	SHANG Yu, ZHOU Yi, LIAO An-yi, et al. (3696)
Effect of Cr(VI) on Coagulation Process of Different Coagulants	GAO Qian, ZHANG Da-wei, XU Hui, et al. (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, et al. (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, et al. (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, et al. (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, et al. (3744)
Bioregeneration of Anion Exchange Resin Used in Nitrate Removal	YE Ting, ZHANG Guang, WANG Ke, et al. (3753)
Preparation of Prussian Blue@Yeast Catalyst and Its Heterogeneous Fenton Performance	CHEN Si, BAI Bo, WANG Hong-lun, et al. (3759)
Nitrogen Removal of Double-bacteria-layer System via PN/A Process	XU Jing-yi, DU Jun, YANG Yi-feng, et al. (3767)
Inhibitory Effect of Phenol on Phosphorus Removal Performance of an EBPR System	MA Juan, WANG Jin, YU Xiao-jun, et al. (3775)
Treatment of Old Landfill Leachate via a Denitrification-Partial Nitritation-ANAMMOX Process	WANG Fan, LU Ming-yu, YIN Ji-qiang, et al. (3782)
Denitrification Characteristics and Functional Genes of Denitrifying Bacteria Under Aerobic or Anaerobic Conditions	KANG Peng-liang, CHEN Sheng-nan, HUANG Ting-lin, et al. (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, et al. (3797)
Spectroscopic Characterization of DOM During Hyperthermophilic Composting of Sewage Sludge	LIU Xiao-ming, YU Zhen, ZHOU Pu-xiong, et al. (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, et al. (3816)
Nitrous Oxide Production in Response to Oxygen in a Solar Greenhouse Vegetable Soil	CHEN Ji-ji, SONG He, CAO Wen-chao, et al. (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, et al. (3845)
Preparation of Iron-Aluminum Modified Diatomite and Its Immobilization in Cadmium-Polluted Soil	YANG Yu-zhong, ZHU Jian, XIAO Yuan-yuan, et al. (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, et al. (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, et al. (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, et al. (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, et al. (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, et al. (3917)
Effect of Graphene Oxide on Algal Toxicity of Dibutyl Phthalate	TU Hai-feng, LIU Cheng, WANG Yu-qing, et al. (3927)
Effects of Organic Substrates on ANAMMOX-MFC Denitrification Electrogenesis Performance	ZU Bo, MA Lan, LIU Bo, et al. (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, et al. (3946)
Secondary Organic Aerosols from Aqueous Reaction of Aerosol Water	YE Zhao-lian, QU Zhen-xiu, MA Shuai-shuai, et al. (3954)