

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.8
第40卷 第8期

目次

2016年京津冀地区红色预警时段PM_{2.5}污染特征与浓度控制效果 张冲, 郎建奎, 程水源, 王晓琦 (3397)

北京地区秋冬季大气污染特征及成因分析 徐冉, 张恒德, 杨孝文, 程水源, 张天航, 江琪 (3405)

合肥市PM_{2.5}和PM₁₀中元素组成特征及重污染成因分析 刘可可, 张红, 刘桂建 (3415)

濮阳市秋冬季大气细颗粒物污染特征及来源解析 陈楚, 王体健, 李源昊, 马红磊, 陈璞琬, 王德羿, 张元勋, 乔琦, 李光明, 王文红 (3421)

关中地区细颗粒物碳组分特征及来源解析 康宝荣, 刘立志, 刘焕武, 李养养, 艾双双, 曹宁, 雷颖 (3431)

长春秋季节细颗粒物中有机气溶胶组成特征及来源 吴瑕, 曹芳, 翟晓瑶, 范美益, 张世春, 章炎麟 (3438)

中国城市扩张及空间特征变化对PM_{2.5}污染的影响 王桂林, 张炜 (3447)

不同湿法脱硫工艺对燃煤电厂PM_{2.5}排放的影响 邓建国, 马子珍, 李振, 段雷, 蒋靖坤 (3457)

浙江省合成革行业挥发性有机物污染特征及排放系数 徐佳琦, 王浙明, 宋爽, 徐志荣, 姚轶 (3463)

生活垃圾填埋场细菌气溶胶粒径分布及种群特征 马嘉伟, 杨凯雄, 柴风光, 王莹, 郭雪松, 李琳 (3470)

青岛近海生物气溶胶中总微生物的分布特征 官静, 祁建华, 李鸿涛 (3477)

广州饮用水水源地多环芳烃分布、来源及人体健康风险评价 宋玉梅, 王畅, 刘爽, 潘佳钊, 郭鹏然 (3489)

截污调水后滇池表层沉积物中16种PAHs的分布特征 胡昕怡, 高冰丽, 陈坦, 王洪涛, 金军, 饶竹, 朱雪芹, 王雪郡, 魏抱楷, 战楠, 刘彦廷, 戚敏 (3501)

黄河三角洲石油开采区盐渍化农田土壤多环芳烃的分布特征与源解析 邱慧, 刘月仙, 解小凡, 张萌, 王伟 (3509)

风场对太湖梅梁湾水华及营养盐空间分布的影响 余茂蕾, 洪国喜, 朱广伟, 权秋梅, 许海, 朱梦圆, 丁文浩, 李未, 吴挺峰 (3519)

向家坝水库营养盐时空分布特征及滞留效应 王耀耀, 吕林鹏, 纪道斌, 方海涛, 朱晓声, 张庆文, 霍静, 何金艳 (3530)

外源输入对底泥疏浚新生表层磷恢复及迁移的影响 李鑫, 耿雪, 王洪伟, 龚琬晴, 文帅龙, 钟继承, 李大鹏 (3539)

新疆喀什三角洲地下水SO₄²⁻化学特征及来源 魏兴, 周金龙, 乃尉华, 曾妍妍, 范薇, 李斌 (3550)

黄土区洛川塬地下水化学特征及影响因素分析 李洲, 李晨曦, 华琨, 李志 (3559)

北京市河流秋季浮游动物群落特征分析 王海邻, 刘玉飞, 任玉芬, 贺玉晓, 王思琪, 张红星, 王效科, 李紫鑫 (3568)

三峡水库干流底栖硅藻群落组成及其与环境因子的关系 刘黎, 贺新宇, 付君珂, 杨燕君, 米文梅, 施军琼, 吴忠兴 (3577)

渭河流域水体细菌群落的环境响应及生态功能预测 万甜, 何梦夏, 任杰辉, 闫幸幸, 程文 (3588)

汾河下游水体nirS型反硝化细菌群落组成与无机氮关系 汪银龙, 冯民权, 董向前 (3596)

饮用水快速砂滤池优势微生物群落的代谢功能解析 胡万超, 赵琛, 王巧娟, 刘锐平, 柏耀辉 (3604)

基于污水厂污泥资源化利用的粗放型绿色屋顶水质控制效果 彭航宇, 李田, 齐悦, 何云鹏, 黄楚玉, 张卓然 (3612)

植被对绿色屋顶径流量和水质影响 章孙逊, 张守红, 张英, 吴思婷 (3618)

光催化/活性炭/纳滤组合工艺处理二级出水及对膜污染的控制 范科文, 李星, 杨艳玲, 周志伟 (3626)

多种材料对水中氨氮的吸附特性 焦巨龙, 杨苏文, 谢宇, 金位栋, 闫玉红, 徐彬 (3633)

不同氨氮浓度对4株常见藻株生长及酶活性的影响 常婷, 许智慧, 程鹏飞, 徐继林, 周成旭 (3642)

3种基质材料对高浓度养殖废水处理效果及降解过程 刘铭羽, 夏梦华, 李远航, 陈坤, 赵聪芳, 李希, 李裕元, 吴金水 (3650)

铝污泥酸化提取液改性沸石的除磷特性及机制 韩芸, 胡玉洁, 连洁, 杨思哲, 齐泽宁 (3660)

缺氧MBBR耦合部分厌氧氨氧化强化城市生活污水深度脱氮 杨岚, 彭永臻, 李健伟, 高锐涛, 王茗, 李夕耀 (3668)

连续流系统中好氧段及沉淀段对污泥及其缺氧段脱氮能力的影响 薛欢婷, 袁林江, 刘小博, 孙恒锐 (3675)

FeS自养反硝化与厌氧氨氧化的耦合脱氮机制 马景德, 潘建新, 李泽敏, 王一显, 吴海珍, 韦朝海 (3683)

ANAMMOX体系中氨与硫酸盐的同步转化条件 董石语, 毕贞, 张文静, 黄勇 (3691)

全国城市污水处理厂中微生物群落的溯源分析 张冰, 吴林蔚, 文湘华 (3699)

不同溶解氧浓度下硝化工艺中微生物种群结构对比 刘文如, 顾广发, 宋小康, 杨殿海 (3706)

异养硝化细菌Acinetobacter junii NP1的同步脱氮除磷特性及动力学分析 杨奎, 陈宁, 任勇翔, 崔坤, 汪旭晖, 肖倩, 郭淋凯 (3713)

Type 0092丝状菌污泥微膨胀在短程硝化中的实现 高春娣, 安冉, 韩徽, 张娜, 任浩, 赵楠, 焦二龙, 彭永臻 (3722)

高盐高碱环境下硝化反硝化过程及N₂O产生特征 代伟, 赵剑强, 丁家志, 刘双 (3730)

生物炭对盐碱土壤氨挥发的影响 王一宇, 王圣森, 戴九兰 (3738)

两种土壤增效剂对稻田氨挥发排放的影响 周玉玲, 侯朋福, 李刚华, 王绍华, 杨林章, 薛利红, 丁艳锋 (3746)

承德市滦河流域土壤重金属地球化学基线厘定及其累积特征 孙厚云, 卫晓锋, 甘凤伟, 王恒, 何泽新, 贾凤超, 张竞 (3753)

厦门某旱地土壤垂直剖面中重金属迁移规律及来源解析 张炜华, 于瑞莲, 杨玉杰, 胡恭任, 崔建勇, 颜妍, 黄华斌 (3764)

宝鸡市区土壤重金属污染影响因子探测及其源解析 张军, 董洁, 梁青芳, 杨宁宁, 耿雅妮 (3774)

铁铈氧化物对土壤As(V)和P的稳定化效果 林龙勇, 阎秀兰, 杨硕 (3785)

铁锰氧化物在不同水分条件下对土壤As的稳定化作用 周海燕, 邓一荣, 林龙勇, 曹梦华, 钟立荣 (3792)

生物质炭对双季稻水稻土微生物生物量碳、氮及可溶性有机碳氮的影响 刘杰云, 邱虎森, 汤宏, 沈健林, 吴金水 (3799)

有机物料对紫色土微生物量碳、氮及氮素供应的影响 汪月, 张名豪, 赵秀兰 (3808)

土地利用方式对土壤团聚体稳定性和有机碳含量的影响 罗晓虹, 王子芳, 陆畅, 黄容, 王富华, 高明 (3816)

宁南山区退耕还林还草对土壤氮素组成及其转化酶活的影响 高涵, 肖礼, 牛丹, 倪银霞, 黄懿梅 (3825)

不同浸提剂条件下生物炭溶解性有机物的浸出规律 何晶晶, 张昊昊, 仇俊杰, 邵立明, 吕凡 (3833)

基于成组生物毒性测试的PM_{2.5}毒性 江晓栋, 薛银刚, 魏永, 许霞, 刘菲, 薛柯, 施昕澜, 顾铭 (3840)

《环境科学》征订启事(3587) 《环境科学》征稿简则(3595) 信息(3611, 3705, 3745)

饮用水快速砂滤池优势微生物群落的代谢功能解析

胡万超^{1,2}, 赵琛³, 王巧娟^{1,2}, 刘锐平¹, 柏耀辉^{1*}

(1. 中国科学院生态环境研究中心, 饮用水科学与技术重点实验室, 北京 100085; 2. 中国科学院大学, 北京 100049; 3. 河北大学化学与环境科学学院, 保定 071002)

摘要: 快速砂滤池广泛应用于饮用水处理中, 其净水效能一直被认为是物理化学作用, 而对滤池表面附着微生物的净水作用仍不明晰. 为了解析滤池中微生物的群落构成和功能特征, 研究对国内 8 个城市的 11 座饮用水快滤池的进出水和滤料进行采样分析. 进出水水质分析结果表明经过滤池处理, 溶解性有机碳(DOC)有少量去除, 氨氮(NH_4^+ -N)显著降低, 硝酸盐氮(NO_3^- -N)显著增加, 总氮(TN)未发生明显变化. 利用宏基因组技术获得了滤池中微生物群落的构成和功能信息, 滤池优势菌属(相对丰度占前 10%)共 14 种, 包括两类氨氧化细菌 *Nitrospira* 和 *Nitrosomonas*. 对优势菌属的功能基因信息进行分析, 发现优势微生物菌群具有更高的碳水化合物、氮、硫和异生物质代谢功能丰度. *Aeromonas* 的碳水化合物代谢基因相对丰度最高, *Bradyrhizobium* 的氮、硫及异生物质代谢基因的相对丰度最高, 说明这两种菌是影响饮用水水质的重要菌属. 通过评价各个优势菌属对异生物质的代谢潜能, 发现 *Bradyrhizobium*、*Sphingomonas*、*Methyloglobulus*、*Sphingopyxis* 和 *Klebsiella* 是饮用水快速砂滤池中降解微量有机污染物的关键菌.

关键词: 饮用水快滤池; 宏基因组; 优势微生物群落; 微生物功能; 异生物质

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2019)08-3604-08 DOI: 10.13227/j.hjkk.201901167

Metabolic Functional Analysis of Dominant Microbial Communities in the Rapid Sand Filters for Drinking Water

HU Wan-chao^{1,2}, ZHAO Chen³, WANG Qiao-juan^{1,2}, LIU Rui-ping¹, BAI Yao-hui^{1*}

(1. Key Laboratory of Drinking Water Science and Technology, Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 3. College of Chemistry & Environmental Science, Hebei University, Baoding 071002, China)

Abstract: Rapid sand filter (RSF) is widely used in drinking water treatment plants. Rapid filtration is always considered a physicochemical process, but the effect of the microorganisms that attach to the filter media remain inadequately investigated. In order to understand the composition and functional characteristics of microbial communities in RSFs, influent water, effluent water, and filter materials from eleven RSFs in eight Chinese cities were sampled and analyzed. After filtration, dissolved organic carbon (DOC) showed a slight but significant removal due to the growth of heterotrophic microbes. The activity of ammonia-oxidizing microbes and nitrite-oxidizing microbes promoted a significant decrease in ammonia nitrogen (NH_4^+ -N) and a significant increase in nitrate nitrogen (NO_3^- -N) in water. No significant changes in total nitrogen (TN) were observed, indicating that denitrification and anammox were weak in the RSFs. The composition and function of the microbial communities of RSFs were assessed using metagenomic methods. Genera in the top 10% with respect to relative abundance (14 genera in total) were identified as the dominant genera, including the two ammonia-oxidizing bacteria *Nitrospira* and *Nitrosomonas*. Functional gene information for the dominant genera was also extracted for analysis. The dominant genera exhibited higher relative abundances of carbohydrate, nitrogen, sulfur, and xenobiotic metabolic pathways. *Aeromonas* had the highest relative abundance of carbohydrate metabolic genes, and *Bradyrhizobium* had the highest relative abundance of nitrogen, sulfur, and xenobiotics metabolic genes, indicating that these two genera play an important role in the transformation of substances in drinking water. Finally, the metabolic potential of the dominant genera on xenobiotics was evaluated, and the results showed that *Bradyrhizobium*, *Sphingomonas*, *Methyloglobulus*, *Sphingopyxis*, and *Klebsiella* were the key bacterial genera for the removal of micropollutants in RSFs.

Key words: rapid filter for drinking water; metagenomics; dominant microbial community; microbial function; xenobiotic

快速砂滤池广泛应用在城市饮用水处理中, 滤池中的微生物及其对水质的影响受到越来越多的关注和研究. 尽管处于寡营养和频繁冲洗的条件下, 滤料表面仍然栖息着大量的微生物^[1~3], 而且这些微生物参与了水中污染物的去除^[4]. 已有研究发现了滤池中对铁、锰、砷和氨氮具有氧化作用的微生物或功能基因^[5~9], 异养微生物的代谢活动也消耗着水中的有机物质^[10]. 在实验室研究中, 发现快速

砂滤池中的微生物对一些农药具有降解作用^[11]. 为了加深微生物对饮用水水质作用的普遍认识, 需要对快速砂滤池微生物整体上的构成和功能进行研究.

收稿日期: 2019-01-20; 修订日期: 2019-02-20

基金项目: 国家自然科学基金项目(51778603)

作者简介: 胡万超(1992~), 男, 硕士, 主要研究方向为饮用水处理和环境微生物, E-mail: superhu0@qq.com

* 通信作者, E-mail: yhbai@rcees.ac.cn

滤池中优势微生物的构成情况中, 细菌占绝对优势, 古菌和真核生物相对丰度较低^[2, 12]. 在门分类水平上, Proteobacteria 占主导, 其它优势门类因不同水源有所差别, 地下水滤池中优势门类为 Nitrospirae 和 Acidobacteria^[2, 13], 地表水滤池中优势门类为 Bacteroidetes 和 Firmicutes^[14, 15]. 在优势微生物的功能特征上, Gülay 等^[2]使用 16S rRNA 方法研究了一系列地下水滤池, 发现相对丰度大于 1% 的共有菌, 大多是以氨氮、甲烷、硫化氢和还原性铁锰作为电子供体, 证明了这些优势菌对地下水滤池污染物去除的主导作用. 因为饮用水源遭受多种微量有机物的污染^[16], 大家更关注微生物对这些物质的去除作用. Oh 等^[14]对地表水滤池使用宏基因组方法研究, 发现在活性炭滤池中 Rhizobiales 具有较多的芳香类化合物降解基因. 本研究证明滤池中的微生物对灭草松、草甘膦等农药或卡马西平代谢物具有降解作用, 其降解需要较长的水力停留时间及特定化合物结构^[11, 17], Gu 等^[18]从饮用水滤池中分离培养一株红球菌属 (*Rhodococcus* sp. CS-1), 并用转录组方法验证其降解苯酚的能力, 但这种培养筛选的方法并不适于对不可培养微生物能力的发掘. 另外, 添加农药 2, 6-二氯苯甲酰胺的降解菌实现污染物去除的尝试, 因为目标菌不能适应滤池的生态环境而流失^[19, 20].

本研究假定在饮用水快滤池中, 存在着特定的核心群落, 它们对水中的物质转化起到主导作用. 据此, 笔者使用宏基因组技术对 11 个饮用水快滤池进行研究, 明确滤池中优势菌群的构成及其功能特征, 通过其对异生物质降解潜能的评估识别相关的关键菌属, 并引述相关研究佐证其降解能力. 本文完善了对滤池微生物及其功能的认识, 以期研究或指导饮用水滤池利用生物(强化)去除各类污染物, 特别是异生物质提供理论基础.

1 材料与方法

1.1 采样点和采样时间

为了研究饮用水快滤池中微生物的共性特征, 需要尽可能研究多种类型的快滤池. 选取国内从南至北 7 个城市的 11 座饮用水处理快滤池进行采样(图 1), 使用的水源包括为地下水(3 座)和地表水(8 座), 其中所有地下水滤池和 6 座地表水滤池使用石英砂滤料, 2 座地表水滤池使用煤炭(上层)和石英砂(下层)双层滤料. 各滤池水力停留时间均在 20 min 以内, 反冲洗周期 1~3 d. 分别在 9 月和 12 月对所有滤池进行共两次采样.

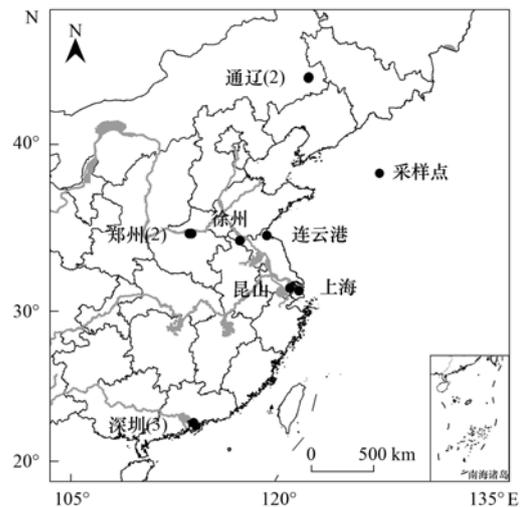


图 1 饮用水快滤池采样点示意

Fig. 1 Locations of the rapid sand filter sampling sites

1.2 样品采集

分别对滤池的进出水和滤料进行采集. 对于水样, 从管道上的采样龙头(采集流出 3 min 后的水)或进出水渠中, 使用 5 L 干净的聚乙烯桶涮洗两遍后采集, 随后将部分水样转移至 250 mL 蓝盖瓶中, 并使用硫酸酸化至 pH < 2 后置于 4°C 保存. 前期研究发现, 滤池中微生物群落随深度增加只有生物量的变化, 生物种类和功能并没有大的变化^[11], 因此, 本研究仅对滤池表面 5~15 cm 处的滤料进行采集. 为保证足够的生物量, 在反冲洗前 5 h 的范围内采样. 将滤池水面降至滤料层以下后, 使用涮洗干净的铁锹或带上丁腈手套手动采集. 对滤池多个地点的滤料混合, 将两份约 25 g 混合样品分装在两个 50 mL 离心管中作为平行. 所有样品在冰袋中运送至实验室, 检测前, 水样保存在 4°C, 滤料样品保存在 -80°C.

1.3 测定方法

水样分析: 将过 0.45 μm 滤膜(津隆)后的水样用于 DOC、NH₄⁺-N 和 NO₃⁻-N 分析, 将水样直接进行 TN 和浊度检测. 使用总有机碳分析仪(Shimadzu TOC-VCPH, 日本)分析 DOC, 对 2 个平行样品分别测定 3 次. 使用纳氏试剂光度法、紫外分光光度法和过硫酸钾氧化紫外分光光度法分别对 NH₄⁺-N、NO₃⁻-N 和 TN 进行分析^[21], 每项检测做 3 组平行. 使用浊度计(WGZ-2000, 申光)对混匀后的样品进行浊度检测.

滤料分析: 称取 10 g 滤料, 使用强力土壤大提试剂盒(QIAGEN, Germany)提取滤料中所有微生物的 DNA, 所有 DNA 样品送至华大基因公司进行宏基因组建库和测序. 使用 Illumina (HiSeq X-Ten) 平台测序, 插入片段长度为 300bp 或 350bp, 测序

长度为双端 150bp, 最终成功获得 39 个宏基因组数据.

1.4 宏基因组数据分析

数据预处理: 原始测序序列的质量控制由公司完成, 包括去除接头序列、重复序列、含 N 的碱基数目总和达到 10% 的 reads 以及质量值连续 ≤ 32 的碱基数达到 40% 的 reads, 最终产生约 5.7 Gbp 的高质量数据. 利用 MyTaxa^[22] 预测测序深度, 结果显示测序数据覆盖了滤池中 54.16% ~ 99.36% (平均 80.24%) 的生物, 证明实验获得了大多数的生物信息.

宏基因组装和非冗余基因集构建: 首先, 用 MEGAHIT (v1.1.3)^[23] 将每个样品的单独组装, 选取组装长度 ≥ 500 bp 的 contigs 用 Prodigal (v2.6.3)^[24] 预测开放阅读框 (open reading frame, ORF), 并过滤掉长度小于 100bp 的 ORF. 然后将所有样品的 ORFs 合并, 使用 CD-HIT (v4.7; -c 0.95 -aS 0.9 -g 1)^[25] 聚类获得非冗余基因集. 最后使用 Kallisto (v0.43.1)^[26] 将每个样品的 reads 和非冗余基因集比对, 获得基因在每个样品中的丰度, 并用 edgeR (v3.20.2)^[27] 修正的 M-值标准化方法 (TMM) 算法对对比结果进行标准化.

物种注释和功能注释: 物种注释使用 DIAMOND (v0.8.12; --evaluate 1e-5 -query-cover 60 -id 30)^[28] 软件将非冗余基因集的蛋白序列比对 NCBI-NR 数据库, 使用最近公共祖先算法获得在门、纲、目、科和属水平上的注释结果. 功能注释利用 GhostKOALA (v2.0)^[29] 将非冗余基因集的蛋白序列和 KEGG 数据库 (v87.1) 进行比对, 获得基因功能注释. 随后, 将这些功能基因信息匹配到 KEGG 通路图 (pathway map) 数据库获得通路注释.

优势种属获取: 将相对丰度占前 10% (14 个属) 的属作为优势属. 然后, 根据注释为这些属的基因 ID 信息, 从功能注释结果中提取属于该物种

的所有功能注释结果. 物种相对丰度计算使用注释到物种的 reads 数除以该样品的所有 reads 数. 功能相对丰度计算使用该物种所具有的某项功能的 reads 数除以该样品中比对上该项功能的所有 reads 数. 分析使用的 reads 数为 TMM 标准化后的值.

2 结果与讨论

2.1 快速砂滤池出水水质变化

饮用水滤池主要设计功能是降低浊度, 出水浊度要求满足生活饮用水卫生标准 (GB 5749-2006)^[30], 本研究中所有滤池的出水浊度均小于 1 (图 2), 符合设计要求. 然而, 在过滤过程中, 其它污染物也发生了降解或转化. 如图 2, 有机物发生少量但显著 ($P < 0.001$) 的降解, 这些有机物的去除和滤池中的微生物活动有关^[10], 异养微生物的生命活动需要以有机物作为电子供体获取能量, 从而消耗水中的有机物. 另外, 水中总氮未发生明显变化 ($P = 0.218$), 说明反硝化及厌氧氨氧化作用在滤池中不显著. NH_4^+ -N 显著性降低 ($P < 0.001$), 对应的 NO_3^- -N 显著性增加 ($P < 0.01$), 说明 NH_4^+ -N 主要是转化为 NO_3^- -N. 许多研究报道, 在饮用水滤池中生存着丰富的氨氧化细菌、氨氧化古菌以及完全氨氧化菌 (comammox)^[7, 9, 31~33], 这类微生物以 NH_4^+ 或 NO_2^- 作为电子供体获取能量, 从而将氨氮最终转化为硝酸盐氮. 滤池中微生物对水中有机物和无机物均有降解或转化作用, 说明快滤池中的微生物对水质的影响是不可忽视的.

2.2 微生物群落构成与优势属

共有 $70.85\% \pm 6.37\%$ 的序列 reads 获得物种注释, 其中细菌、古菌和真核生物分别占 $70\% \pm 6.67\%$ 、 $0.13\% \pm 0.11\%$ 和 $0.72\% \pm 0.59\%$. 在门分类水平上 [图 3(a)], Proteobacteria 在所有滤池中占绝对优势 ($49.8\% \pm 10.3\%$), 滤池中只检测到两类古菌, Thaumarchaeota ($0.07\% \pm 0.11\%$) 和

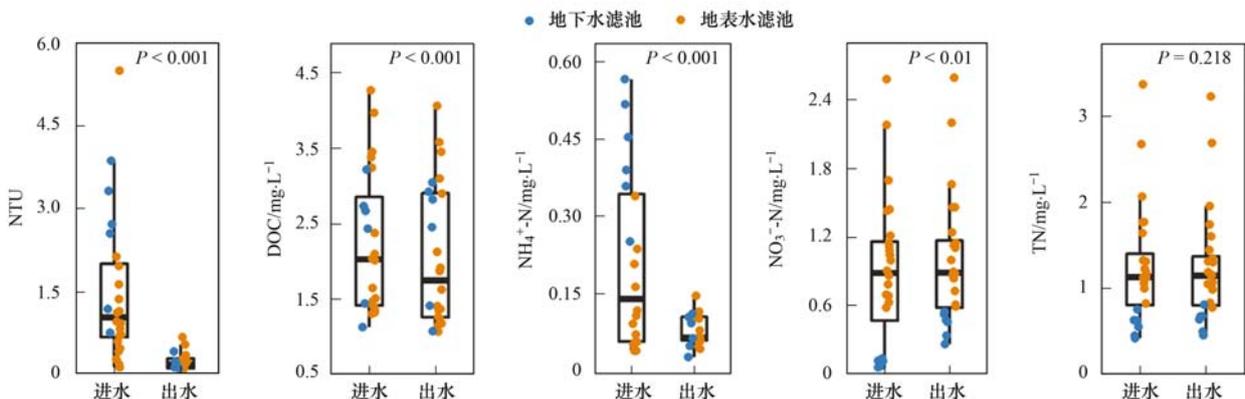


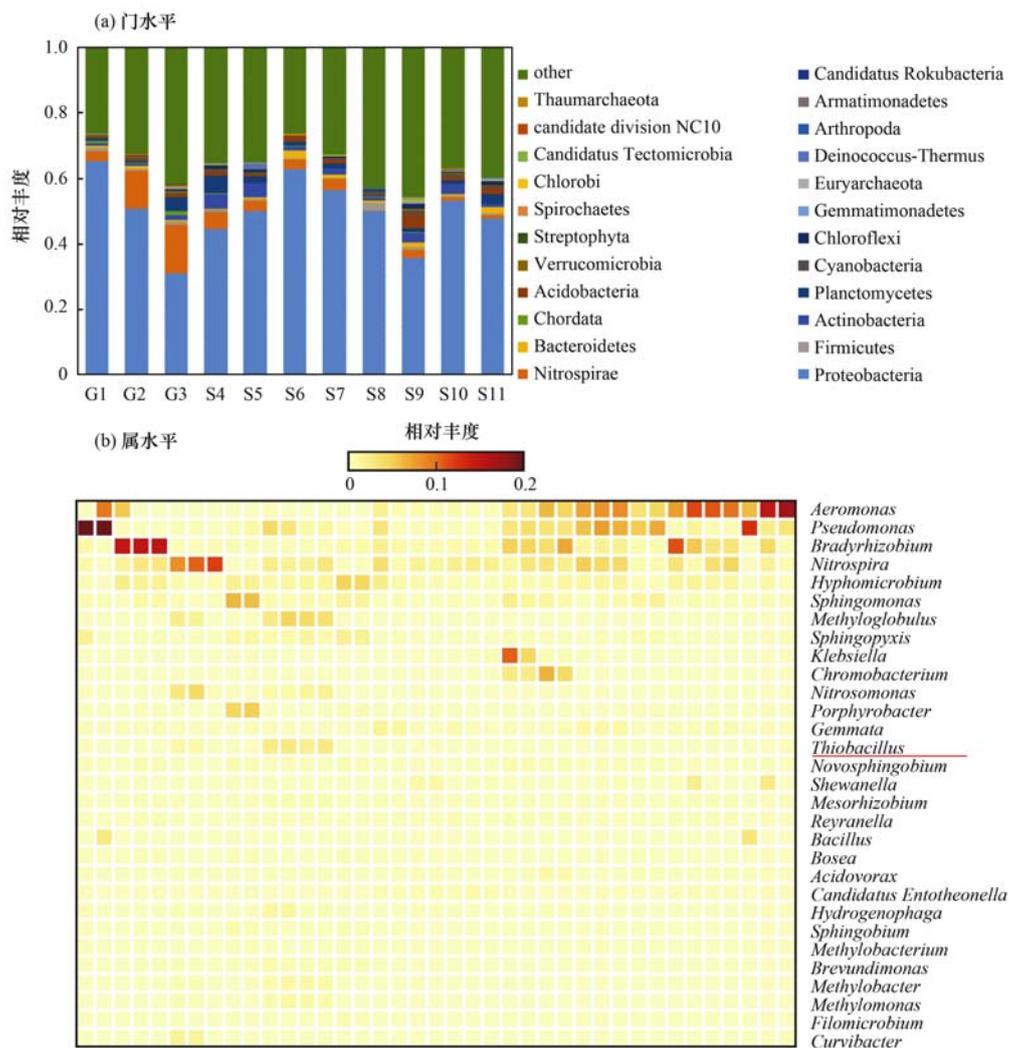
图 2 滤后水水质指标变化

Fig. 2 Variation in water quality indices after filtration

Euryarchaeota ($0.06\% \pm 0.03\%$), 古菌在饮用水滤池中的丰度普遍较低^[34], 另外发现有三类真核生物检出, 分别是脊索动物门、节肢动物门和链型植物门. 根据各物种丰度结果可以得出, 在饮用水滤池中, 细菌的生命活动, 特别是变形菌门, 是实现各类物质生物转化的主要途径, 而古菌和真核生物对水质的影响相对有限.

在各种饮用水快滤池中, 环境类似而且稳定, 在这样的条件下会形成特定的优势微生物群落, 筛

选这类微生物有多种理论方法^[35], 考虑到高丰度物种的代谢活动会更大地影响水中的物质转化, 而且各样品中相对丰度较高的属比较一致[图 3 (b)]. 因此, 本研究使用平均相对丰度占前 10% 的属作为优势属进行研究, 共获得 14 个优势属[图 3(b) 虚线以上部分], 优势属总的相对丰度为 $22.01\% \pm 8.97\%$. 在这些优势属中, 除了 *Nitrospira* 和 *Gemmata*, 其它属在门类水平上都属于 Proteobacteria.



图中展示平均相对丰度前 30 的属, 红线以上部分为占前 10% 的属

图 3 饮用水快滤池微生物群落在门类水平和属水平上的相对丰度

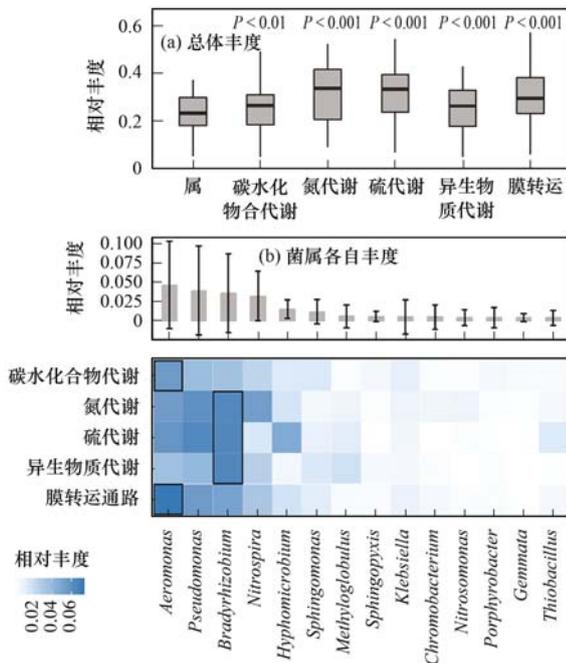
Fig. 3 Relative abundance of microbial communities (at the phylum and genus level)

from rapid sand filters used in the treatment of drinking water

2.3 优势属的功能特征

在获得优势属的种类后, 本研究从宏基因组数据中提取了 5 种和物质转化相关的通路信息进行探究. 总体上看[图 4(a)], 优势群落各项功能的相对丰度显著高于物种的相对丰度 ($P < 0.01$ 碳水化合物代谢, $P < 0.001$ 其他), 这说明优势群落在对碳水化合物、氮、硫和异生物质的利用以及各种

物质传输效率方面, 具有更大的优势, 这些优势可能是这些物种占据高丰度的原因. 进一步分析优势属各自的相对丰度及其 5 种通路的相对丰度[图 4(b)]. 总体上看, 物种丰度越高, 功能基因越丰富 ($r = 0.98$, $P < 0.001$, 皮尔森相关性), 对水中各种物质转化的潜能越高. 其中, *Aeromonas* 拥有最高的膜转运基因和碳水化合物代谢基因,



P Wilcoxon 符号秩检验, 表示属与 5 种通路在相对丰度上的差异显著性; 热图中用黑框标记出最高值

图 4 饮用水滤池中优势属相对丰度及其 5 种通路的相对丰度

Fig. 4 Relative abundance of dominant genera and the relative abundance of five pathways

说明该属在获取资源和能量方面潜能最大. 而 *Bradyrhizobium* 在氮、硫和异生物质代谢功能上拥有最大的潜能.

然而, 也存在不同的现象, 因为这些属对特定物质的代谢能力不同. 比如 *Nitrosomonas* 的氮代谢相对丰度要高于几个相对丰度较高的属, *Nitrosomonas* 属于氨氧化细菌, 以氨氮为电子供体来获取能量, 图 2 显示过滤过程中氨氮被转化为硝酸盐氮, 这和 *Nitrosomonas* 的活动密切相关. 优势菌中和 *Nitrosomonas* 有类似功能的是 *Nitrospira*, *Nitrospira* 在其它饮用水滤池中也有非常高的丰度^[36], 这可能和它多样性的代谢功能相关, 包括常规硝化和氨氧化作用^[37, 38], 以及对尿素^[39]和丙酮酸^[40]的代谢. 类似地, *Thiobacillus* 的硫代谢丰度也要高于几种相对丰度较高的属, 因为 *Thiobacillus* 属于化能自养型菌, 以还原态的硫为电子供体获取能量进行二氧化碳固定^[41]. 因此, 通过这种方式可以发现一些对特定物质转化有特殊贡献的物种, 比如 *Klebsiella* 对碳水化合物的转化, *Hyphomicrobium* 对硫的转化以及 *Methyloglobulus* 对异生物质的转化.

人类活动产生的微量污染物(如农药、多环芳烃及 PPCPs)已经威胁到饮用水水源^[16], 本研究通过评估滤池中的优势微生物对异生物质的降解潜能, 发掘降解异生物质的关键菌种. 如图 5(a)

所示, 通过单位物种的功能丰度大小, 即对物种相对丰度和该物种的异生物质代谢通路相对丰度进行线性拟合获得的斜率 k 值, 来表征该物种降解异生物质的潜能大小. 图 5(b) 展现出滤池优势属的代谢潜能, 其中 5 种具有较大潜能 ($k \geq 1.3$), 分别是 *Bradyrhizobium*、*Sphingomonas*、*Methyloglobulus*、*Sphingopyxis* 及 *Klebsiella*. *Bradyrhizobium* 同时也是滤池中异生物质代谢基因最丰富的属[图 4(b)], Oh 等^[14]使用宏基因组方法也发现 Rhizobiales 物种编码丰富的芳香族化合物降解基因, 该目中就包括 *Bradyrhizobium*. 在 *Bradyrhizobium* 菌种的基因组中发现了降解 2, 4-二氯苯氧乙酸和卤代脂肪族污染物的基因^[42, 43]. 在培养实验中, 已经证实 *Bradyrhizobium* 中的物种能够降解有机磷农药^[44]、甲氧滴滴涕^[45]及其它多种难降解有机物^[46, 47]. 这些结果表明 *Bradyrhizobium* 是饮用水滤池降解微量有机物的关键属.

有趣的是, *Methyloglobulus* 作为专性的甲烷氧化菌^[48], 却是降解异生物质潜能最大的属, 其 k 值高达 3.294. 这是因为甲烷代谢菌的关键性酶, 甲烷单加氧酶(methane monooxygenase, MMO), 尤其是溶解性 MMO, 能够催化非特异性的氧化反应^[49], Hedegaard 等^[50]在处理地下水的饮用水快滤池中, 分离并证实了这类微生物能共代谢降解灭草松. 经进一步发掘该属对降解不同异生物质的基因丰度, 发现 85.6% 的基因是针对氯代烷烃、氯代烯烃降解和硝基甲苯降解这类具有甲烷类似结构的异生物质.

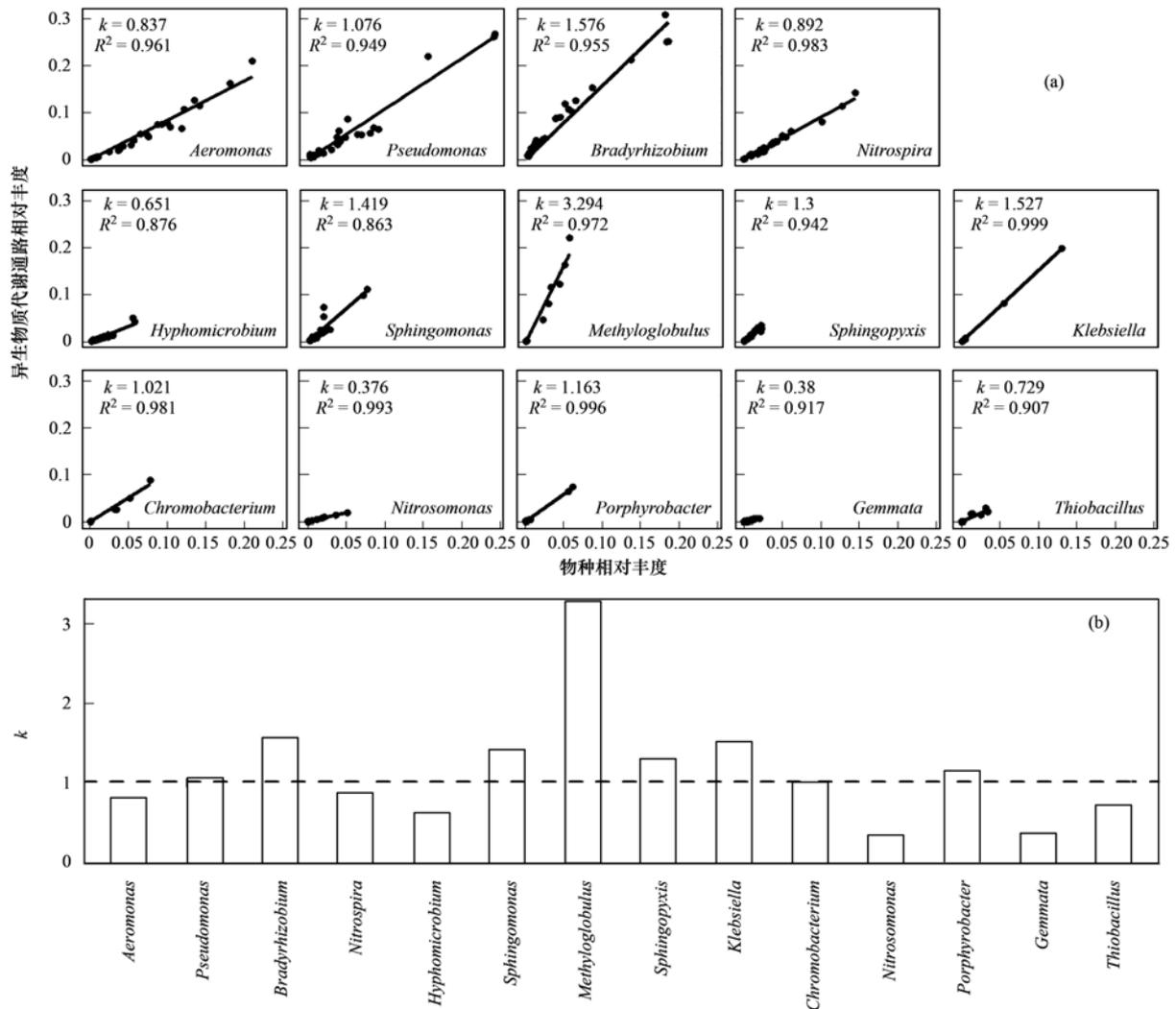
3 结论

(1) 饮用水快速砂滤池中的微生物对水质有显著的影响, 包括氨氮和有机物的去除. 细菌、尤其是变形菌门, 对水质转化的贡献较大.

(2) 饮用水快速砂滤池中存在特定的高丰度菌群, 它们对饮用水中的碳水化合物、氮、硫和异生物质的代谢转化具有更高的贡献以及更高的利用效率. 而 *Bradyrhizobium* 和 *Aeromonas* 是影响滤池各种物质转化的关键物种.

(3) 饮用水快速砂滤池中存在降解异生物质的关键属, 具有丰度优势的关键属包括 *Bradyrhizobium*、*Sphingomonas*、*Methyloglobulus*、*Sphingopyxis* 和 *Klebsiella*.

致谢:感谢华大基因提供宏基因组测序服务, 以及各饮用水厂领导及员工在采样方面提供支持和帮助, 在此一并致谢!



(a)线性关系; (b) k 值分布; k 值为线性拟合的斜率值, 其实际含义表示单位丰度物种的通路丰度大小

图5 优势属的相对丰度与其异生物质代谢通路相对丰度的线性关系以及它们的 k 值分布

Fig. 5 Linear relationship between the relative abundance of dominant genera and the relative abundance of xenobiotic metabolic pathways and their k distribution

参考文献:

- [1] Bai Y H, Liu R P, Liang J S, *et al.* Integrated metagenomic and physicochemical analyses to evaluate the potential role of microbes in the sand filter of a drinking water treatment system[J]. PLoS One, 2013, **8**(4): e61011.
- [2] Gülay A, Musovic S, Albrechtsen H J, *et al.* Ecological patterns, diversity and core taxa of microbial communities in groundwater-fed rapid gravity filters [J]. The ISME Journal, 2016, **10**(9): 2209-2222.
- [3] Lautenschlager K, Hwang C, Ling F Q, *et al.* Abundance and composition of indigenous bacterial communities in a multi-step biofiltration-based drinking water treatment plant [J]. Water Research, 2014, **62**: 40-52.
- [4] Rittmann B E, Snoeyink V L. Achieving biologically stable drinking water[J]. Journal American Water Works Association, 1984, **76**(10): 106-114.
- [5] Bruins J H, Petrusevski B, Slokar Y M, *et al.* Biological and physico-chemical formation of Birnessite during the ripening of manganese removal filters[J]. Water Research, 2015, **69**: 154-161.
- [6] Crognale S, Casentini B, Amalfitano S, *et al.* Biological As(III) oxidation in biofilters by using native groundwater microorganisms [J]. Science of the Total Environment, 2019, **651**: 93-102.
- [7] Fowler S J, Palomo A, Dechesne A, *et al.* Comammox *Nitrospira* are abundant ammonia oxidizers in diverse groundwater-fed rapid sand filter communities[J]. Environmental Microbiology, 2018, **20**(3): 1002-1015.
- [8] Gülay A, Musovic S, Albrechtsen H J, *et al.* Neutrophilic iron-oxidizing bacteria: occurrence and relevance in biological drinking water treatment [J]. Water Supply, 2013, **13**(5): 1295-1301.
- [9] Tatari K, Musovic S, Gülay A, *et al.* Density and distribution of nitrifying guilds in rapid sand filters for drinking water production; Dominance of *Nitrospira* spp. [J]. Water Research, 2017, **127**: 239-248.
- [10] Terry L G, Summers R S. Biodegradable organic matter and rapid-rate biofilter performance: a review[J]. Water Research, 2018, **128**: 234-245.
- [11] Hedegaard M J, Albrechtsen H J. Microbial pesticide removal in rapid sand filters for drinking water treatment-potential and kinetics[J]. Water Research, 2014, **48**: 71-81.
- [12] Li Q, Yu S, Li L, *et al.* Microbial communities shaped by

- treatment processes in a drinking water treatment plant and their contribution and threat to drinking water safety [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, **8**:2465.
- [13] Albers C N, Ellegaard-Jensen L, Harder C B, *et al.* Groundwater chemistry determines the prokaryotic community structure of waterworks sand filters[J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, **49**(2): 839-846.
- [14] Oh S, Hammes F, Liu W T. Metagenomic characterization of biofilter microbial communities in a full-scale drinking water treatment plant[J]. *Water Research*, 2018, **128**: 278-285.
- [15] Xu J J, Tang W, Ma J, *et al.* Comparison of microbial community shifts in two parallel multi-step drinking water treatment processes [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2017, **101**(13): 5531-5541.
- [16] Schwarzenbach R P, Escher B I, Fenner K, *et al.* The challenge of micropollutants in aquatic systems[J]. *Science*, 2006, **313**(5790): 1072-1077.
- [17] Brezina E, Prasse C, Wagner M, *et al.* Why small differences matter: elucidation of the mechanisms underlying the transformation of 2OH- and 3OH-carbamazepine in contact with sand filter material[J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, **49**(17): 10449-10456.
- [18] Gu Q H, Wu Q P, Zhang J M, *et al.* Isolation and transcriptome analysis of phenol-degrading bacterium from carbon-sand filters in a full-scale drinking water treatment plant [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, **9**: 2162.
- [19] Albers C N, Feld L, Ellegaard-Jensen L, *et al.* Degradation of trace concentrations of the persistent groundwater pollutant 2, 6-dichlorobenzamide (BAM) in bioaugmented rapid sand filters [J]. *Water Research*, 2015, **83**: 61-70.
- [20] Horemans B, Raes B, Vandermaesen J, *et al.* Biocarriers improve bioaugmentation efficiency of a rapid sand filter for the treatment of 2, 6-dichlorobenzamide-contaminated drinking water [J]. *Environmental Science & Technology*, 2017, **51**(3): 1616-1625.
- [21] 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. 254-268.
- [22] Luo C W, Rodriguez-R L M, Konstantinidis K T. MyTaxa: an advanced taxonomic classifier for genomic and metagenomic sequences[J]. *Nucleic Acids Research*, 2014, **42**(8): e73.
- [23] Li D H, Luo R B, Liu C M, *et al.* MEGAHIT v1.0: A fast and scalable metagenome assembler driven by advanced methodologies and community practices[J]. *Methods*, 2016, **102**: 3-11.
- [24] Hyatt D, Chen G L, LoCasco P F, *et al.* Prodigal: prokaryotic gene recognition and translation initiation site identification[J]. *BMC Bioinformatics*, 2010, **11**: 119.
- [25] Fu L M, Niu B F, Zhu Z W, *et al.* CD-HIT: accelerated for clustering the next-generation sequencing data [J]. *Bioinformatics*, 2012, **28**(23): 3150-3152.
- [26] Bray N L, Pimentel H, Melsted P, *et al.* Near-optimal probabilistic RNA-seq quantification[J]. *Nature Biotechnology*, 2016, **34**(5): 525-527.
- [27] Robinson M D, McCarthy D J, Smyth G K. edgeR: a Bioconductor package for differential expression analysis of digital gene expression data [J]. *Bioinformatics*, 2010, **26**(1): 139-140.
- [28] Buchfink B, Xie C, Huson D H. Fast and sensitive protein alignment using DIAMOND [J]. *Nature Methods*, 2015, **12**(1): 59-60.
- [29] Kanehisa M, Sato Y, Morishima K. BlastKOALA and GhostKOALA: KEGG tools for functional characterization of genome and metagenome sequences [J]. *Journal of Molecular Biology*, 2016, **428**(4): 726-731.
- [30] 严煦世, 范瑾初. 给水工程[M]. (第四版). 北京: 中国建筑工业出版社, 1999. 315-318.
- [31] de Vet W W J M, Kleerebezem R, van der Wielen P W J J, *et al.* Assessment of nitrification in groundwater filters for drinking water production by qPCR and activity measurement[J]. *Water Research*, 2011, **45**(13): 4008-4018.
- [32] Lee C O, Boe-Hansen R, Musovic S, *et al.* Effects of dynamic operating conditions on nitrification in biological rapid sand filters for drinking water treatment [J]. *Water Research*, 2014, **64**: 226-236.
- [33] Tatari K, Smets B F, Albrechtsen H J. Depth investigation of rapid sand filters for drinking water production reveals strong stratification in nitrification biokinetic behavior [J]. *Water Research*, 2016, **101**: 402-410.
- [34] Palomo A, Fowler S J, Gülay A, *et al.* Metagenomic analysis of rapid gravity sand filter microbial communities suggests novel physiology of *Nitrospira* spp. [J]. *The ISME Journal*, 2016, **10**(11): 2569-2581.
- [35] Shade A, Handelsman J. Beyond the venn diagram: the hunt for a core microbiome [J]. *Environmental Microbiology*, 2012, **14**(1): 4-12.
- [36] Feng S, Chen C, Wang Q, *et al.* Microbial community in a full-scale drinking water biosand filter [J]. *Journal of Environmental Biology*, 2013, **34**(2): 321-324.
- [37] Daims H, Lebedeva E V, Pjevac P, *et al.* Complete nitrification by *Nitrospira* bacteria [J]. *Nature*, 2015, **528**(7583): 504-509.
- [38] van Kessel M A H J, Speth D R, Albertsen M, *et al.* Complete nitrification by a single microorganism [J]. *Nature*, 2015, **528**(7583): 555-559.
- [39] Koch H, Lucker S, Albertsen M, *et al.* Expanded metabolic versatility of ubiquitous nitrite-oxidizing bacteria from the genus *Nitrospira* [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015, **112**(36): 11371-11376.
- [40] Daims H, Nielsen J L, Nielsen P H, *et al.* In situ characterization of *Nitrospira*-like nitrite-oxidizing bacteria active in wastewater treatment plants [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, **67**(11): 5273-5284.
- [41] Kelly D P, Wood A P, Stackebrandt E. *Thiobacillus* [EB/OL]. <https://doi.org/10.1002/9781118960608.gbm00969>, 2015-09-14.
- [42] Kitagawa W, Takami S, Miyauchi K, *et al.* Novel 2, 4-dichlorophenoxyacetic acid degradation genes from oligotrophic *Bradyrhizobium* sp. strain HW13 isolated from a pristine environment [J]. *Journal of Bacteriology*, 2002, **184**(2): 509-518.
- [43] Sato Y, Monincova M, Chaloupkova R, *et al.* Two rhizobial strains, *Mesorhizobium loti* MAFF303099 and *Bradyrhizobium japonicum* USDA110, encode haloalkane dehalogenases with novel structures and substrate specificities [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, **71**(8): 4372-4379.
- [44] Abd-Alla M H. Phosphodiesterase and phosphotriesterase in *Rhizobium* and *Bradyrhizobium* strains and their roles in the degradation of organophosphorus pesticides [J]. *Letters in Applied Microbiology*, 1994, **19**(4): 240-243.
- [45] Satsuma K, Masuda M, Sato K. A role of *Bradyrhizobium elkanii* and closely related strains in the degradation of methoxychlor in soil and surface water environments [J]. *Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry*, 2013, **77**(11): 2222-2227.

- [46] Nguyen L N, Nghiem L D, Oh S. Aerobic biotransformation of the antibiotic ciprofloxacin by *Bradyrhizobium* sp. isolated from activated sludge[J]. *Chemosphere*, 2018, **211**: 600-607.
- [47] Qu Y, Spain J C. Biodegradation of 5-nitroanthranilic acid by *Bradyrhizobium* sp. strain JS329[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, **76**(5): 1417-1422.
- [48] Schink B, Deutzmann J S. *Methyloglobulus* [EB/OL]. <https://doi.org/10.1002/9781118960608.gbm01412>, 2016-06-29.
- [49] Jiang H, Chen Y, Jiang P X, *et al.* Methanotrophs: multifunctional bacteria with promising applications in environmental bioengineering [J]. *Biochemical Engineering Journal*, 2010, **49**(3): 277-288.
- [50] Hedegaard M J, Deliniere H, Prasse C, *et al.* Evidence of co-metabolic bentazone transformation by methanotrophic enrichment from a groundwater-fed rapid sand filter[J]. *Water Research*, 2018, **129**: 105-114.

《环境科学》连续 7 次荣获 “中国最具国际影响力学术期刊”称号

2018 年 12 月,中国学术期刊(光盘版)电子杂志社(CNKI)等机构发布“2018 中国最具国际影响力学术期刊”评选结果.《环境科学》荣获“2018 中国最具国际影响力学术期刊”称号,是唯一入选的环境科学与资源科学类中文期刊,也是自首次评选以来连续 7 次获此殊荣.评选以期刊国际影响力指数进行排序,遴选出排名前 5% (Top5%) 的期刊获评“中国最具国际影响力学术期刊”.



CONTENTS

Characteristics of PM _{2.5} Pollution and the Efficiency of Concentration Control During a Red Alert in the Beijing-Tianjin-Hebei Region, 2016	ZHANG Chong, LANG Jian-lei, CHENG Shui-yuan, <i>et al.</i> (3397)
Concentration Characteristics of PM _{2.5} and the Causes of Heavy Air Pollution Events in Beijing During Autumn and Winter	XU Ran, ZHANG Heng-de, YANG Xiao-wen, <i>et al.</i> (3405)
Elemental Composition Characteristics of PM _{2.5} and PM ₁₀ , and Heavy Pollution Analysis in Hefei	LIU Ke-ke, ZHANG Hong, LIU Gui-jian (3415)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Fine Particulate Matter in Autumn and Winter in Puyang, China	CHEN Chu, WANG Ti-jian, LI Yuan-hao, <i>et al.</i> (3421)
Pollution Characteristics and Sources of Carbonaceous Components in PM _{2.5} in the Guanzhong Area	KANG Bao-rong, LIU Li-zhong, LIU Huan-wu, <i>et al.</i> (3431)
Molecular Composition and Source Apportionment of Fine Organic Aerosols in Autumn in Changchun	WU Xia, CAO Fang, ZHAI Xiao-yao, <i>et al.</i> (3438)
Effects of Urban Expansion and Changes in Urban Characteristics on PM _{2.5} Pollution in China	WANG Gui-lin, ZHANG Wei (3447)
Effect of a Wet Flue Gas Desulphurization System on the Emission of PM _{2.5} from Coal-Fired Power Plants	DENG Jian-guo, MA Zi-zhen, LI Zhen, <i>et al.</i> (3457)
Pollution Characteristics and Emission Coefficients for Volatile Organic Compounds from the Synthetic Leather Industry in Zhejiang Province	XU Jia-qí, WANG Zhe-míng, SONG Shuang, <i>et al.</i> (3463)
Particle Size Distribution and Population Characteristics of Airborne Bacteria Emitted from a Sanitary Landfill Site	MA Jia-wei, YANG Kai-xiong, CHAI Feng-guang, <i>et al.</i> (3470)
Distribution of Total Microbes in Atmospheric Bioaerosols in the Coastal Region of Qingdao	GONG Jing, QI Jian-hua, LI Hong-tao (3477)
Distribution, Sources, and Health Risk Assessment of PAHs in Water Supply Source Regions of Guangzhou	SONG Yu-mei, WANG Chang, LIU Shang, <i>et al.</i> (3489)
Distribution of 16 Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Dianchi Lake Surface Sediments After the Integrated Water Environment Control Project	HU Xin-yi, GAO Bing-li, CHEN Tan, <i>et al.</i> (3501)
Distribution Characteristics and Source Analysis of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Salinized Farmland Soil from the Oil Mining Area of the Yellow River Delta	QIU Hui, LIU Yue-xian, XIE Xiao-fan, <i>et al.</i> (3509)
Wind Field Influences on the Spatial Distribution of Cyanobacterial Blooms and Nutrients in Meiliang Bay of Lake Taihu, China	YU Mao-lei, HONG Guo-xi, ZHU Guang-wei, <i>et al.</i> (3519)
Spatial and Temporal Distribution Characteristics and the Retention Effects of Nutrients in Xiangjiaba Reservoir	WANG Yao-yao, LÜ Lin-peng, JI Dao-bin, <i>et al.</i> (3530)
Effects of Exogenous Inputs on Phosphorus Recovery and Transport in Newborn Surface Layers from Sediment Dredging	LI Xin, GENG Xue, WANG Hong-wei, <i>et al.</i> (3539)
Chemical Characteristics and Sources of Groundwater Sulfate in the Kashgar Delta, Xinjiang	WEI Xing, ZHOU Jin-long, NAI Wei-hua, <i>et al.</i> (3550)
Groundwater Chemistry Characteristics and the Analysis of Influence Factors in the Luochuan Loess Tablelands	LI Zhou, LI Chen-xi, HUA Kun, <i>et al.</i> (3559)
Analysis of River Zooplankton Community Characteristics in Autumn in Beijing	WANG Hai-lin, LIU Yu-fei, REN Yu-fen, <i>et al.</i> (3568)
Benthic Diatom Communities in the Main Stream of Three Gorges Reservoir Area and Its Relationship with Environmental Factors	LIU Li, HE Xin-yu, FU Jun-ke, <i>et al.</i> (3577)
Environmental Response and Ecological Function Prediction of Aquatic Bacterial Communities in the Weihe River Basin	WAN Tian, HE Meng-xia, REN Jie-hui, <i>et al.</i> (3588)
Community Composition of <i>nirS</i> -type Denitrifying Bacteria in the Waters of the Lower Reaches of the Fenne River and Its Relationship with Inorganic Nitrogen	WANG Yin-long, FENG Min-quan, DONG Xiang-qian (3596)
Metabolic Functional Analysis of Dominant Microbial Communities in the Rapid Sand Filters for Drinking Water	HU Wan-chao, ZHAO Chen, WANG Qiao-juan, <i>et al.</i> (3604)
Control Measure Effects on the Effluent Quality from Extensive Green Roofs Based on Stabilized Sludge Recycling	PENG Hang-yu, LI Tian, QI Yue, <i>et al.</i> (3612)
Impacts of Vegetation on Quantity and Quality of Runoff from Green Roofs	ZHANG Sun-xun, ZHANG Shou-hong, ZHANG Ying, <i>et al.</i> (3618)
Organic Matter Removal and Membrane Fouling Control of Secondary Effluents Using a Combined Nanofiltration Process	FAN Ke-wen, LI Xing, YANG Yan-ling, <i>et al.</i> (3626)
Adsorption Properties of Ammonia Nitrogen in Aqueous Solution by Various Materials	JIAO Ju-long, YANG Su-wen, XIE Yu, <i>et al.</i> (3633)
Effects of Different Concentrations of Ammonia Nitrogen on the Growth and Enzyme Activity of Four Common Algae Strains	CHANG Ting, XU Zhi-hui, CHENG Peng-fei, <i>et al.</i> (3642)
Treatment of Highly Concentrated Swine Wastewater and Its Degradation Processes Using Three Matrix Materials	LIU Ming-yu, XIA Meng-hua, LI Yuan-hang, <i>et al.</i> (3650)
Phosphorus Removal Performance and Mechanism of Modified Zeolite Using Alum Sludge Acidified Extraction Liquid	HAN Yun, HU Yu-jie, LIAN Jie, <i>et al.</i> (3660)
Advanced Denitrification of Municipal Wastewater Achieved via Partial ANAMMOX in Anoxic MBBR	YANG Lan, PENG Yong-zhen, LI Jian-wei, <i>et al.</i> (3668)
Effect of an Aerobic Unit and a Sedimentation Unit on Sludge and Nitrogen Removal in an Anoxic Unit in a Continuous-flow System	XUE Huan-ting, YUAN Lin-jiang, LIU Xiao-bo, <i>et al.</i> (3675)
Performance and Mechanisms of Advanced Nitrogen Removal via FeS-driven Autotrophic Denitrification Coupled with ANAMMOX	MA Jing-de, PAN Jian-xin, LI Ze-min, <i>et al.</i> (3683)
Simultaneous Conversion Conditions of Ammonia and Sulfate in ANAMMOX Systems	DONG Shi-yu, BI Zhen, ZHANG Wen-jing, <i>et al.</i> (3691)
Potential Source Environments for Microbial Communities in Wastewater Treatment Plants (WWTPs) in China	ZHANG Bing, WU Lin-wei, WEN Xiang-hua (3699)
Comparison of the Microbial Community Structure in Nitrifying Processes Operating with Different Dissolved Oxygen Concentrations	LIU Wen-ru, GU Guang-fa, SONG Xiao-kang, <i>et al.</i> (3706)
Simultaneous Nitrogen and Phosphorus Removal and Kinetics by the Heterotrophic Nitrifying Bacterium <i>Acinetobacter junii</i> NPI	YANG Lei, CHEN Ning, REN Yong-xiang, <i>et al.</i> (3713)
Realization of Limited Filamentous Bulking with Type 0092 Filamentous Bacteria as the Dominant Filamentous Bacteria in Shortcut Nitrification	GAO Chun-di, AN Ran, HAN Hui, <i>et al.</i> (3722)
Nitrification, Denitrification, and N ₂ O Production Under Saline and Alkaline Conditions	DAI Wei, ZHAO Jian-qiang, DING Jia-zhi, <i>et al.</i> (3730)
Effect of Biochar on Ammonia Volatilization in Saline-Alkali Soil	WANG Yi-yu, WANG Sheng-sen, DAI Jiu-lan (3738)
Effect of Two Soil Synergists on Ammonia Volatilization in Paddy Fields	ZHOU Yu-ling, HOU Peng-fu, LI Gang-hua, <i>et al.</i> (3746)
Determination of Heavy Metal Geochemical Baseline Values and Its Accumulation in Soils of the Luanhe River Basin, Chengde	SUN Hou-yun, WEI Xiao-feng, GAN Feng-wei, <i>et al.</i> (3753)
Migration and Source Analysis of Heavy Metals in Vertical Soil Profiles of the Drylands of Xiamen City	ZHANG Wei-hua, YU Rui-lian, YANG Yu-jie, <i>et al.</i> (3764)
Heavy Metal Pollution Characteristics and Influencing Factors in Baoji Urban Soils	ZHANG Jun, DONG Jie, LIANG Qing-fang, <i>et al.</i> (3774)
Stabilizing Effects of Fe-Ce Oxide on Soil As(V) and P	LIN Long-yong, YAN Xiu-lan, YANG Shuo (3785)
Stabilization of Arsenic-Contaminated Soils Using Fe-Mn Oxide Under Different Water Conditions	ZHOU Hai-yan, DENG Yi-rong, LIN Long-yong, <i>et al.</i> (3792)
Effects of Biochar Amendment on Soil Microbial Biomass Carbon, Nitrogen and Dissolved Organic Carbon, Nitrogen in Paddy Soils	LIU Jie-yun, QIU Hu-sen, TANG Hong, <i>et al.</i> (3799)
Effects of Organic Amendments on Microbial Biomass Carbon and Nitrogen Uptake by Corn Seedlings Grown in Two Purple Soils	WANG Yue, ZHANG Ming-hao, ZHAO Xiu-lan (3808)
Effects of Land Use Type on the Content and Stability of Organic Carbon in Soil Aggregates	LUO Xiao-hong, WANG Zi-fang, LU Chang, <i>et al.</i> (3816)
Effects of Converting Farmland into Forest and Grassland on Soil Nitrogen Component and Conversion Enzyme Activity in the Mountainous Area of Southern Ningxia	GAO Han, XIAO Li, NIU Dan, <i>et al.</i> (3825)
Leaching Behavior of Dissolved Organic Matter in Biochar with Different Extracting Agents	HE Pin-jing, ZHANG Hao-hao, QIU Jun-jie, <i>et al.</i> (3833)
Toxicity of PM _{2.5} Based on a Battery of Bioassays	JIANG Xiao-dong, XUE Yin-gang, WEI Yong, <i>et al.</i> (3840)