

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PM ₁₀ 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,陈璞琰,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,刘立忠,刘煥武,李养养,艾双双,曹宁,雷颖(3431)
长春秋季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SO ₄ ²⁻ 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N ₂ O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,卫晓峰,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吸附性有机物的浸出规律	何品晶,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)	

全国城市污水处理厂中微生物群落的溯源分析

张冰¹, 吴林蔚², 文湘华^{1*}

(1. 清华大学环境学院, 环境模拟与污染控制国家重点联合实验室, 北京 100084; 2. 俄克拉荷马大学环境基因组学研究所, 诺曼, 美国)

摘要: 为深入理解城市污水处理厂(wastewater treatment plants, WWTPs)中微生物群落的组成特征, 本研究采用16S rRNA基因测序技术, 系统地分析了全国15个城市WWTPs中活性污泥(activated sludge, AS)微生物群落的组成和可能的微生物来源。结果表明, 15个城市AS群落中相对丰度超过0.1%的微生物(门水平)共有10种, 包括Proteobacteria、Bacteroidetes和Chloroflexi等, 优势门的相对丰度之和占AS群落总丰度的94.53%~97.04%。AS群落组成在一定程度上受地理因素影响: 超过3000个OTUs只广泛存在于某一个城市的WWTPs中, 且接近中国大陆两端的哈尔滨和三亚拥有更多的独特OTUs; 同为沿海城市的三亚和大连, 其WWTPs中的特征微生物组成最为相似, 而成都和重庆WWTPs中未检测到特征微生物。溯源分析的结果表明, AS群落结构能在一定程度上反映WWTPs的进水性质及所在城市的地理环境特征。具体地, 植物及土壤来源微生物在不同城市AS群落中均占有较高比例; 淡水来源微生物在淡水资源相对较多的南方区域AS群落中所占比例较高; 除三亚外, 每个城市AS群落中都检测到一定量的工业废水来源微生物, 这与城市WWTPs处理部分工业废水有关; 而人体肠道微生物在各城市AS群落中的占比均较低。

关键词: 污水处理厂(WWTPs); 微生物群落; 组成特征; 优势菌; 溯源分析

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2019)08-3699-07 DOI: 10.13227/j.hjxx.201901147

Potential Source Environments for Microbial Communities in Wastewater Treatment Plants (WWTPs) in China

ZHANG Bing¹, WU Lin-wei², WEN Xiang-hua^{1*}

(1. State Key Joint Laboratory of Environmental Simulation and Pollution Control, School of Environment, Tsinghua University, Beijing 100084, China; 2. Institute for Environmental Genomics, University of Oklahoma, Norman, OK, USA)

Abstract: To better understanding the microbial composition of activated sludge (AS), unique OTUs and their indicators were examined and SourceTracker was used to identify possible source environments for AS communities to thrive in 15 cities across China, based on 16S rRNA gene sequencing. This may help reveal the underlying mechanisms of AS community composition formations in various areas. The results indicated that the dominant phyla in AS in each city were similar; Proteobacteria, Bacteroidetes, and Chloroflexi made up 94.53%-97.04% of the whole microbial communities. Geographic location and environmental conditions were identified as having an effect on microbial compositions. Cities located toward to the edge of China or along the coast tended to harbor more unique OTUs. Moreover, the composition of indicators in wastewater treatment plants (WWTPs) near the sea were more similar, while no indicators were detected in WWTPs in Chengdu and Chongqing. Source environments for AS microbial communities also depended on location and environmental conditions. Overall, microbes from 'plant' and 'soil' sources accounted for a large proportion of the AS microbial communities in each city, while bacteria from 'marine' sources were only detected in coastal AS communities. Cities with more rivers and lakes tended to have more bacteria originating from 'fresh water' sources. Since most of the WWTPs in China play a role in treating industrial wastewater, industrial wastewater was also an important source environment. However, few bacteria originating from the human digestive system were identified in the AS communities. Moreover, a large proportion of bacteria (36%-70%) originated from unknown sources not included in the source database, such as sewage infrastructure, indicating that the source database will need to be expanded in the future.

Key words: wastewater treatment plants(WWTPs); microbial community; composition; dominant phyla; source tracking

根据《中国统计年鉴 2017》^[1]的数据:2016 年全国废水排放总量为 711.10 亿 m³, 废水中的化学需氧量(COD)总排放量高达1 046.53 万 t, 氨氮、总氮和总磷的排放总量分别为 141.78、212.11 和 13.94 万 t。城市污水处理厂(wastewater treatment plants, WWTPs)是控制水污染, 保证人类可持续发展的重要基础设施。城市 WWTPs 中应用最为普遍的是生物处理法, 而微生物是污水生物处理系统实现污染物去除和稳定运行的基础^[2, 3]。深入了解活

性污泥(activated sludge, AS)中微生物群落的特性是理解污水生物处理本质的关键, 同时也可污水处理系统的设计、优化及稳定运行提供理论依据及合理建议^[4]。

近年来, 高通量技术的发展极大地扩充了对

收稿日期: 2019-01-17; 修订日期: 2019-02-26

基金项目: 国家自然科学基金项目(51678335)

作者简介: 张冰(1990~), 女, 博士, 主要研究方向为污水厂中微生物群落结构与功能, E-mail: zhangbingwhu@126.com

* 通信作者, E-mail: xhwen@tsinghua.edu.cn

AS 群落多样性的认识^[5~7],但对 AS 群落的组成特征目前仍缺乏深入理解. WWTPs 本质上是一个开放系统^[8],人类肠道、管网、空气和降水等来源的微生物都可能对 AS 群落产生一定的影响,解析 AS 群落微生物来源能够在一定程度上揭示群落的组成机制,有利于更加全面深入地认识 AS 群落组成特征. 目前,关于 WWTPs 中微生物来源的报道十分缺乏. 仅有一些研究通过分析 WWTPs 中进水微生物群落来源后发现,12.1% 的进水微生物源于粪便,而 81.4% 的微生物则与城市的污水管网有关,不同城市 WWTPs 进水微生物群落的地理分布差异主要来自高比例的管网微生物^[9]. 此外,降水能够通过地表径流或渗透携带土壤微生物进入污水管道中从而增加进水微生物群落的多样性^[10]. Saunders 等^[11]通过对比进水微生物群落与 AS 群落后发现,进水微生物的迁移对 AS 群落的组成具有一定影响. 因此,不同环境来源的微生物或许能够在 AS 群落组成中得以反映. 不同城市 WWTPs 由于所处地理环境及接收污水特性的差异,其 AS 群落微生物来源可能也存在不同,明晰各城市 AS 群落微生物来源可更加深入地认识 AS 群落的组成,为分析不同地域 AS 群落间存在差异提供新的角度,为 WWTPs 的精准调控提供理论依据. 然而,目前的研究主要关注 WWTPs 中进水微生物的可能来源,对 AS 群落的溯源分析还未见报道.

此外,关于微生物的溯源分析,目前使用较多的方法是,将不同环境来源的微生物群落进行对比后,分析共有微生物的种类与数量或根据几种预先确定好的指示微生物进行判断^[12,13],具有极大的局限性. 依据贝叶斯理论的溯源模型将已知的不同来源的微生物和待分析的微生物群落作为一个整体,通过贝叶斯理论确定不同环境来源的微生物以及未知环境来源的微生物的相对占比^[14],能够较好地避免上述方法的缺陷. Knights 等^[14]已成功利用基于贝叶斯理论的 SourceTracker 分析工具对重症监护室(NICUs),办公室以及分子生物实验室中的微生物污染的来源进行了解析,发现源于肠道及皮肤的微生物是实验室中 PCR 实验用水的主要微生物污染源;NICUs 中皮肤是主要的微生物污染源,此外还有大量未知污染物来源;办公室电话上的微生物主要来自皮肤与口腔.

基于以上背景,本研究在全国 15 个城市的 WWTPs 开展采样工作,采用高通量 16S rRNA 基因测序技术,运用生态学、统计学等相关分析方法并结合基于贝叶斯理论的溯源模型,解析我国城市 WWTPs 中 AS 群落的组成以及微生物来源,深化对

污水处理系统中 AS 群落组成特征认识,以期为 WWTPs 的优化设计和精准调控提供理论依据.

1 材料与方法

1.1 样品采集

本研究于 2014 年 7~8 月期间采用统一方法对中国从南至北的 15 个城市,包括三亚(SY)、深圳(SZ)、厦门(XM)、长沙(CS)、重庆(CQ)、武汉(WH)、成都(CD)、上海(SH)、无锡(WX)、西安(XA)、青岛(QD)、济南(JN)、大连(DL)、北京(BJ)和哈尔滨(HB)的 WWTPs 进行采样,采样点地理分布如图 1 所示. 为保证后续相关数据的统计学分析结果更加可靠,采样遵循每个城市至少采集 4 个 WWTPs(其中 DL 只联系到 2 个 WWTPs,因此在 DL 的同一个 WWTP 不同曝气池中按照同样标准分别取样两次),每个 WWTP 至少采集 3 个曝气池 AS 样品(分别在曝气池的前、中、后端),若同一 WWTP 具有不同的处理工艺,则在不同处理工艺的曝气池中都进行 AS 样品的采集. 采样共获得来自全国 60 个 WWTPs 的 211 个 AS 样品.

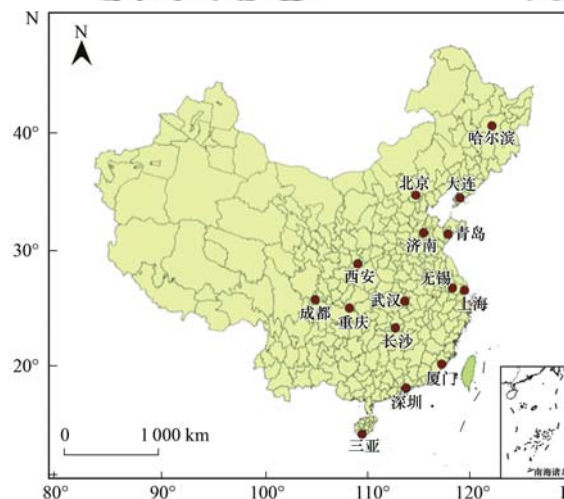


图 1 采样城市地理位置分布示意

Fig. 1 Distribution of sampling cities

1.2 样品 16S rRNA 基因高通量测序

使用美国 MoBio 公司 (MoBio Laboratories, Carlsbad, CA, USA) 的 PowerSoil® DNA 提取试剂盒对 211 个 AS 样品离心后的污泥沉淀物进行 DNA 提取. 在确定提取的 DNA 样品满足上机测序的用量需求 (DNA 浓度保持在 $50 \sim 200 \text{ ng} \cdot \text{mL}^{-1}$) 和纯度要求 (A_{260}/A_{280} 在 1.8 附近, A_{260}/A_{230} 大于 1.7) 后,对其进行两步法 PCR 扩增^[15]. 其中第一步 PCR 使用的是 16S rRNA 基因 V4 区通用引物 515F (5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')^[16]. 之后对 PCR

产物进行凝胶纯化, 纯化后的产物通过 MiSeq 平台 (Illumina, San Diego, CA, USA), 利用基于 Caporaso 等^[17]提出的测序方法完成 16S rRNA 基因测序. 测序得到的原始数据通过 Galaxy 平台 (<http://zhoulab5.rccc.ou.edu:8080/>)完成, 预处理过程中参数的设置详见文献^[15, 18].

1.3 数据处理及分析方法

在进行不同城市独特 OTUs 的分析前, 先对 211 个样品的 OTU 表格进行城市水平上的数据处理: 只保留城市水平样品检出率大于 50% 的 OTUs, 并将其在该城市所有样品中的平均丰度作为此 OTU 在城市水平上的丰度, 而其他城市水平样品检出率小于 50% 的 OTUs 的相对丰度记为 0.

使用 Knights 等提出的溯源方法以及所提供的 SourceTracker 软件包, 在 Qiime 平台下完成 AS 微生物群落的溯源分析. 软件包的安装及使用步骤详见文献^[14].

2 结果与讨论

2.1 不同城市的 AS 群落组成

211 个 AS 样品共获得了源于 58 个门的 33 849 个 OTUs. 58 个门中相对丰度超过 0.1% 的门(优势门)有 10 个, 其相对丰度之和占 AS 群落总丰度的 94.53% ~ 97.04%. 除 HB 外, 其余城市 AS 群落中相对丰度最高的门均为 Proteobacteria (34.42% ~ 54.09%), 其次为 Bacteroidetes (10.49% ~

36.72%) 和 Chloroflexi (0.90% ~ 12.83%). 此外, Actinobacteria, Firmicutes, Acidobacteria, 和 Planctomycetes 的相对丰度也较高(图 2). 这与已报道的 AS 群落中的优势门类基本保持一致^[19, 20], 但除了 Proteobacteria 和 Bacteroidetes 外, 其他优势门类的顺序略有不同. 这些高丰度微生物或与 WWTPs 的功能有着密切联系, 例如: 来自 Proteobacteria 的 *Dokdonella* 和 *Thauera*, 与污水处理系统中的反硝化过程相关^[21, 22]. 来自 Bacteroidetes 的 *Ferruginibacter* 是 AS 中常见的核心物种, 能够降解某些有机物^[23]; *Lewinella* 能够降解淀粉等多种有机碳^[24]; 而 *Solitalea* 同样和反硝化过程有关^[25]. 此外, Nitrospirae 在各城市 AS 群落中均属于优势门, 具有较高的相对丰度 (0.27% ~ 1.61%) (图 2), 与 Guo 等^[26]利用宏基因组测序技术探究 WWTPs 中优势菌所获得的结论相一致. Nitrospirae 是 WWTPs 广泛存在的一类微生物, 隶属于该门的 *Nitrospira* 属, 能够参与污水处理系统的硝化作用^[27, 28]. 因此, 各城市 AS 群落中较高丰度的 Nitrospirae 有益于 WWTPs 硝化作用的顺利进行.

对比 10 个优势门在不同城市 AS 群落组成中的占比后发现: 来自 DL 的 AS 群落中 Proteobacteria 相对丰度高达 54.09%, 但 Chloroflexi 仅占群落总丰度的 0.90%, 低于 Actinobacteria (4.18%)、Firmicutes (3.08%)、Ignavibacteriae (2.01%) 和 Verrucomicrobia (0.93%). 来自 SY 的 AS 群落中

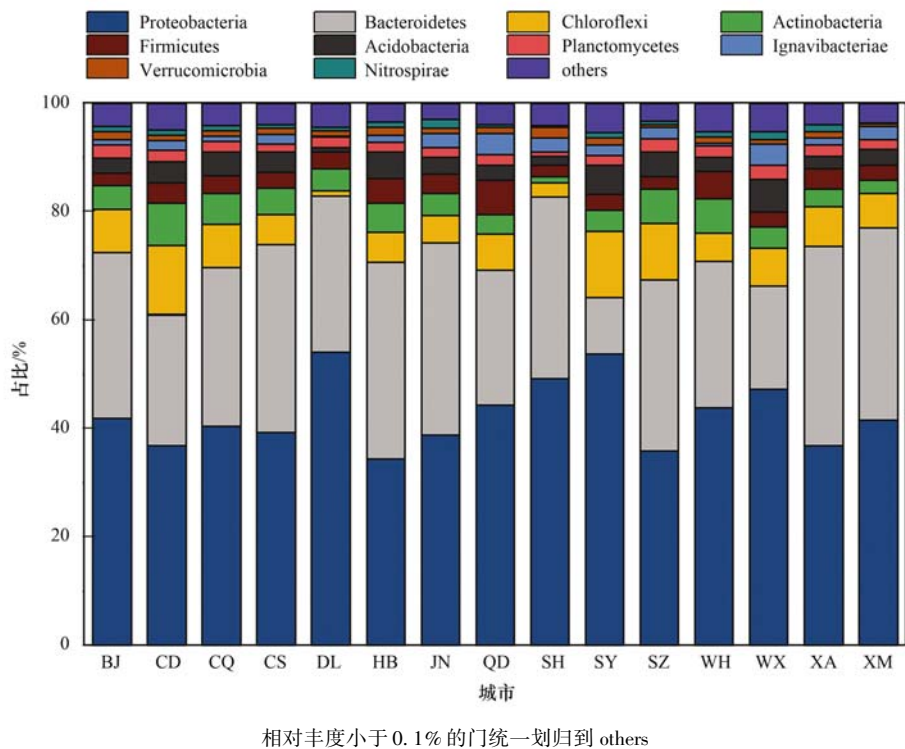


图 2 全国不同城市的 AS 群落组成 (门水平)

Fig. 2 Composition of AS microbial communities in each city at the phylum level

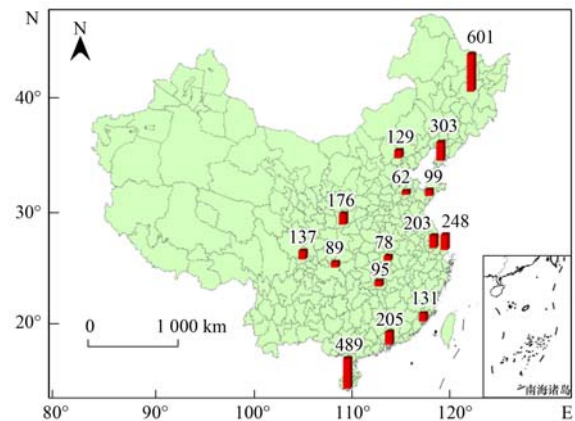
Bacteroidetes 的相对丰度仅有 10.49%, 远低于 Proteobacteria 的相对丰度(53.73%); 而来自 HB 的 AS 群落中 Bacteroidetes (36.33%) 的相对丰度则略高于 Proteobacteria (34.42%)。相比于其他城市的 AS 群落, Ignavibacteriae 在 QD 和 WX 的 AS 系统中丰度相对较高。优势菌(门水平)在各城市 AS 群落中的分布情况表明, 全国不同城市 AS 群落中的优势门类相似, 但相对丰度或许受地理位置等因素(如靠近中国两端、沿海等)的影响而有所不同。

2.2 不同城市的独特 OTUs

研究表明, 虽然各个地区 WWTPs 执行功能基本一致, 运行条件基本相似, AS 群落中存在着共有核心物种^[11, 20, 29], 但不同地区 WWTPs 中的微生物群落组成同时存在一定地域差异^[19]; 此外, 有报道指出, WWTPs 之间距离相距越远, 其微生物群落及功能基因组相似性均越小, 呈现出距离-衰减规律^[30]。为了进一步探究 AS 群落组成的地理分布特性, 随后分析了各城市 WWTPs 中所含有的独特 OTUs (仅在某一个城市的样品检出率大于 50% 的 OTUs)。结果显示, 超过 3 000 个 OTUs 只广泛存在于某一个城市的 WWTPs 中。这表明, 不同城市因其地理位置或所处自然环境的差异, 如气候炎热或寒冷, 临近海洋或靠近内陆等, 其 AS 群落中可能存在一些其他城市稀有, 但在当地分布较广的 OTUs, 即独特 OTUs。独特 OTUs 在不同城市的数量分布同样受到地理因素的影响(图 3)。此次采样最北端的 HB(601 个)和最南端的 SY(489 个)被检测出具有最多的独特 OTUs。其中一个可能的原因是, 和其他采样城市相比, HB 和 SY 具有较低和较高的年平均气温, 温度能够直接影响 AS 群落中微生物的生长代谢速率, 进而影响物种的进化速率、群落结构以及多种生态系统过程^[31~33]。此外, 一些沿海城市如 DL(303 个)、SH(248 个)和 SZ(205 个)等也倾向于具有更多的独特 OTUs, 这些独特 OTUs 或许和海洋微生物有关, 随后的 AS 群落溯源分析结果也证实了这一推测。相反, 中西部地区, 尤其是 WH、CS 和 CQ 的 WWTPs 中被检测出的独特 OTUs 相对较少(图 3)。

2.3 不同城市的特征微生物

在城市特殊 OTUs 的研究基础上, 进一步分析了其中相对丰度较高(相对丰度大于 0.1%)的微生物(纲水平), 即城市的特征微生物。整体来看, SY 的特征微生物最多, 有 33 个, 主要来自 Deltaproteobacteria 纲和 Anaerolineae 纲, 其次为 DL 和 SZ, 分别有 31 个和 18 个; 而 CD 和 CQ 未检测到特征微生物。由城市的特征微生物(纲水平)分布



图中柱状体上方的数字代表该城市含有的特殊 OTUs 个数

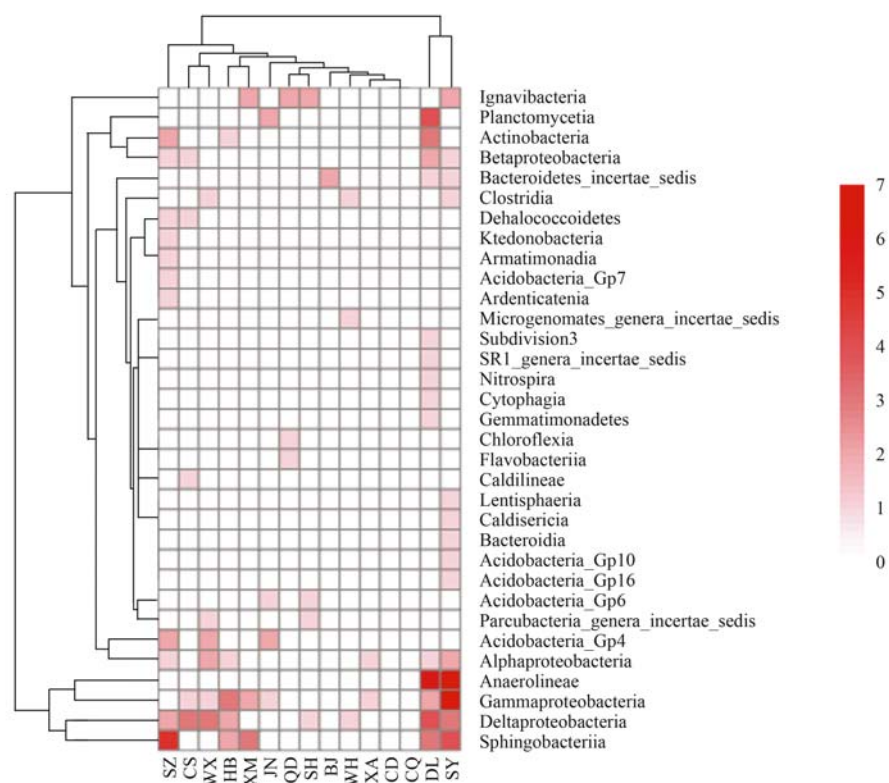
图 3 独特 OTUs 在采样城市的数量分布

Fig. 3 Numbers of unique OTUs in the WWTPs of each city

可以看出(图 4), 各城市的特征微生物主要来自 Sphingobacteriia、Deltaproteobacteria、Gammaproteobacteria 等, 而属于 Anaerolineae 的特征微生物仅来自于 SY 和 DL。此外, SY 和 DL 的特征微生物组成最为相似, 被归为一组, 而 CD 和 CQ 由于未检测到特征微生物而同样被归为一组(图 4), 表明地理环境因素可能是不同城市特征微生物存在差异的最大原因。

2.4 微生物群落的溯源分析

由上述研究结果得知, 每个城市的 WWTPs 中具有一些独特 OTUs 或特征微生物, 且这些微生物的种类和数量可能与城市的地理位置及环境条件有关。利用 SourceTracker 对不同城市 WWTPs 中 AS 群落进行溯源分析后发现, 不同城市 AS 群落的微生物来源(属水平)存在一定差异(图 5): 仅在沿海城市, 如 DL、QD、SY、SZ 和 XM 的 AS 群落中检测到海洋微生物源, 但比例都不高, 约占 2%。水系发达的城市, 如 SY、QD、SZ、CS、WH、WX 和 XM 的 AS 群落中淡水来源(包括地下水、湖和河)微生物的占比接近或高于土壤, 其中 SY 的 AS 群落中有 31% 的微生物来自淡水。相反, 在城市水系不太发达的地区如 CD 和 CQ 等, WWTPs 中 AS 群落检测到的土壤微生物来源高于淡水。因此, 淡水微生物来源在淡水资源相对较多的南方区域 AS 群落中所占比例较高, 这与人们的认知是一致的。此外, 植物及根际来源的微生物在不同城市的 AS 群落中也占据了一定的比例(4%~12%), 可能的原因是采样发生在降雨量较大的夏季, 雨水冲刷植物、土壤后, 大量携带有植物微生物或根际微生物的雨水汇入污水管网进入 WWTPs。除 SY 外, 每个城市都有一定量的工业废水来源微生物(4%~14%), 这是由于所采样的大部分 WWTPs 都处理一定量的工业



其中方框内颜色分为 8 个等级(0~7), 颜色越接近红色, 表明属于该纲的特有微生物数量越多(最多为 7 个), 白色表示个数为 0

图 4 不同城市的特征微生物(纲水平)热图
Fig. 4 Heat map of AS indicators for each city

废水; 而 SY 未检测到工业废水来源微生物, 这与采样时工作人员所填写的 SY 市内 WWTPs 不处理任何工业废水的问卷结果相一致.

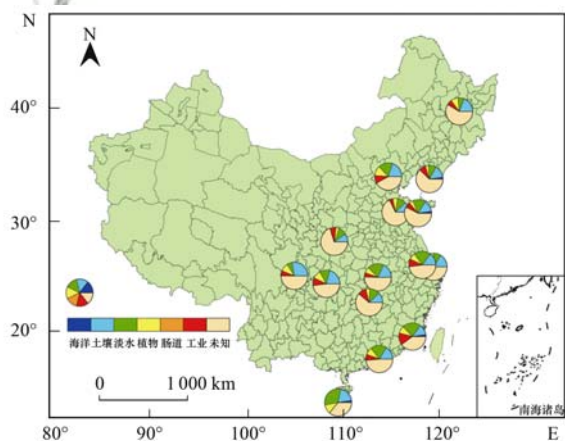


图 5 不同城市 AS 群落的微生物源比例
Fig. 5 Proportions of source environment microbes in AS microbial communities in each city

从溯源分析的结果可以看出, AS 群落结构能在一定程度上反映该城市的进水性质, 证明了进水微生物的迁移的确对 AS 群落的组成具有一定影响^[11]. 此外, 城市的部分地理环境特征也能通过 AS 群落结构得以体现. 但值得注意的是, 人体肠道微生物的占比非常低, 一方面可能由于人体肠道微

生物随污水的处理过程被去除, 另一方面可能是数据库中的人体肠道微生物多来自欧美人群, 而肠道微生物的组成主要由环境以及饮食决定的^[34], 因此数据库所提供的肠道微生物源对中国不太适用, 但具体原因还需进一步研究. 此外, 每个城市将近一半的微生物源未知, 表明 AS 群落可能还有大量源于污水管网中的微生物以及在 AS 系统操作参数条件下被驯化的微生物.

3 结论

- (1) 全国不同城市 AS 群落中的优势微生物(相对丰度超过 0.1% 的门)种类相似, 包括 Proteobacteria、Bacteroidetes 以及和 WWTPs 硝化作用相关的 Nitrospirae 等. 各城市 AS 群落中优势门的丰度之和占群落总丰度的 94.53%~97.04%.
- (2) 城市的地理位置及环境条件能够影响 AS 群落组成: 不同城市 WWTPs 中各优势门的相对丰度, 独特 OTUs 个数以及特征微生物种类受地理位置等因素的影响而存在差异. 接近中国大陆两端的哈尔滨和三亚, 具有较多的独特 OTUs; 沿海城市 WWTPs 中的独特 OTUs 也相对较多. 所处地理环境相似的城市, 其 AS 群落中的特征微生物也更为

相似。

(3) AS 群落结构能在一定程度上反映该城市的进水性质及地理环境特征。植物及土壤来源微生物在不同城市的 AS 群落中均占据了较高比例;淡水来源微生物在淡水资源相对较多的南方区域中所占比例较高;除 SY 外,每个城市都有一定量的工业废水来源;但人体肠道微生物的占比非常低。除此之外,还有大量微生物来源未知。

参考文献:

- [1] 中华人民共和国国家统计局. 中国统计年鉴[M]. 北京: 中国统计出版社, 2017.
- [2] Rittmann B E, Hausner M, Löffler F, *et al.* A vista for microbial ecology and environmental biotechnology [J]. *Environmental Science & Technology*, 2006, **40**(4): 1096-1103.
- [3] Limpiyakorn T, Kurisu F, Sakamoto Y, *et al.* Effects of ammonium and nitrite on communities and populations of ammonia-oxidizing bacteria in laboratory-scale continuous-flow reactors[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2007, **60**(3): 501-512.
- [4] 王晓慧. 城市污水处理厂中氨氧化菌及细菌群落结构与功能研究[D]. 北京: 清华大学, 2010.
Wang X H. The community structures and functions of ammonia oxidizing bacteria and bacteria in wastewater treatment plant [D]. Beijing: Tsinghua University, 2010.
- [5] Xia Y, Hu M, Wen X H, *et al.* Diversity and interactions of microbial functional genes under differing environmental conditions: insights from a membrane bioreactor and an oxidation ditch[J]. *Scientific Reports*, 2016, **6**: 18509.
- [6] Cydzik-Kwiatkowska A, Zielińska M. Bacterial communities in full-scale wastewater treatment systems [J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2016, **32**(4): 66.
- [7] Griffin J S, Wells G F. Regional synchrony in full-scale activated sludge bioreactors due to deterministic microbial community assembly[J]. *The ISME Journal*, 2017, **11**(2): 500-511.
- [8] Ofiteru I D, Lunn M, Curtis T P, *et al.* Combined niche and neutral effects in a microbial wastewater treatment community [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2010, **107**(35): 15345-15350.
- [9] Shanks O C, Newton R J, Kely C A, *et al.* Comparison of the microbial community structures of untreated wastewaters from different geographic locales [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2013, **79**(9): 2906-2913.
- [10] McLellan S L, Huse S M, Mueller-Spitz S R, *et al.* Diversity and population structure of sewage-derived microorganisms in wastewater treatment plant influent [J]. *Environmental Microbiology*, 2010, **12**(2): 378-392.
- [11] Saunders A M, Albertsen M, Vollertsen J, *et al.* The activated sludge ecosystem contains a core community of abundant organisms[J]. *The ISME Journal*, 2016, **10**(1): 11-20.
- [12] Flores G E, Bates S T, Caporaso J G, *et al.* Diversity, distribution and sources of bacteria in residential kitchens[J]. *Environmental Microbiology*, 2013, **15**(2): 588-596.
- [13] Barberán A, Ladau J, Leff J W, *et al.* Continental-scale distributions of dust-associated bacteria and fungi [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015, **112**(18): 5756-5761.
- [14] Knights D, Kuczynski J, Charlson E S, *et al.* Bayesian community-wide culture-independent microbial source tracking [J]. *Nature Methods*, 2011, **8**(9): 761-763.
- [15] Wu L Y, Wen C Q, Qin Y J, *et al.* Phasing amplicon sequencing on Illumina Miseq for robust environmental microbial community analysis[J]. *BMC Microbiology*, 2015, **15**: 125.
- [16] Shi S J, Nuccio E, Herman D J, *et al.* Successional trajectories of rhizosphere bacterial communities over consecutive seasons [J]. *mBio*, 2015, **6**(4): e00746-15.
- [17] Caporaso J G, Lauber C L, Walters W A, *et al.* Global patterns of 16S rRNA diversity at a depth of millions of sequences per sample[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2011, **108** (Suppl 1): 4516-4522.
- [18] Guo X, Feng J J, Shi Z, *et al.* Climate warming leads to divergent succession of grassland microbial communities [J]. *Nature Climate Change*, 2018, **8**(9): 813-818.
- [19] Zhang T, Shao M F, Ye L. 454 pyrosequencing reveals bacterial diversity of activated sludge from 14 sewage treatment plants[J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(6): 1137-1147.
- [20] Wang X H, Hu M, Xia Y, *et al.* Pyrosequencing analysis of bacterial diversity in 14 wastewater treatment systems in China [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2012, **78**(19): 7042-7047.
- [21] Tian H L, Zhao J Y, Zhang H Y, *et al.* Bacterial community shift along with the changes in operational conditions in a membrane-aerated biofilm reactor[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, **99**(7): 3279-3290.
- [22] Mao Y P, Xia Y, Wang Z P, *et al.* Reconstructing a *Thauera* genome from a hydrogenotrophic-denitrifying consortium using metagenomic sequence data [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2014, **98**(15): 6885-6895.
- [23] Lim J H, Baek S H, Lee S T. *Ferruginibacter alkalientis* gen. nov., sp. nov. and *Ferruginibacter lapsinensis* sp. nov., novel members of the family 'Chitinophagaceae' in the phylum *Bacteroidetes*, isolated from freshwater sediment [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2009, **59**(10): 2394-2399.
- [24] Ju F, Guo F, Ye L, *et al.* Metagenomic analysis on seasonal microbial variations of activated sludge from a full-scale wastewater treatment plant over 4 years [J]. *Environmental Microbiology Reports*, 2014, **6**(1): 80-89.
- [25] Tian W D, Li W G, An K J, *et al.* Denitrifying dephosphatation performance link to microbial community structure[J]. *Journal of Water Sustainability*, 2011, **1**(3): 11-20.
- [26] Guo J H, Ni B J, Han X Y, *et al.* Unraveling microbial structure and diversity of activated sludge in a full-scale simultaneous nitrogen and phosphorus removal plant using metagenomic sequencing[J]. *Enzyme and Microbial Technology*, 2017, **102**: 16-25.
- [27] Yao Q, Peng D C. Nitrite oxidizing bacteria (NOB) dominating in nitrifying community in full-scale biological nutrient removal wastewater treatment plants[J]. *AMB Express*, 2017, **7**(1): 25.
- [28] Siripong S, Rittmann B E. Diversity study of nitrifying bacteria in full-scale municipal wastewater treatment plants [J]. *Water Research*, 2007, **41**(5): 1110-1120.
- [29] Xia Y, Wen X H, Zhang B, *et al.* Diversity and assembly patterns of activated sludge microbial communities: a review[J]. *Biotechnology Advances*, 2018, **36**(4): 1038-1047.
- [30] Wang X H, Wen X H, Deng Y, *et al.* Distance-Decay Relationship for Biological Wastewater Treatment Plants [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2016, **82**(16): 4860-

4866.

[31] Brown J H, Gillooly J F, Allen A P, *et al.* Toward a metabolic theory of ecology[J]. Ecology, 2004, **85**(7): 1771-1789.

[32] West G B, Brown J H, Enquist B J. A general model for the origin of allometric scaling laws in biology[J]. Science, 1997, **276**(5309): 122-126.

[33] Price C A, Weitz J S, Savage V M, *et al.* Testing the metabolic theory of ecology[J]. Ecology Letters, 2012, **15**(12): 1465-1474.

[34] Rothschild D, Weissbrod O, Barkan E, *et al.* Environment dominates over host genetics in shaping human gut microbiota [J]. Nature, 2018, **555**(7695): 210-215.

《环境科学》再获“百种中国杰出学术期刊”称号

2018 年 11 月 1 日, 中国科技论文统计结果发布会在北京举行, 会议公布了“百种中国杰出学术期刊”获奖名单. 《环境科学》连续 17 次荣获“百种中国杰出学术期刊”称号. “百种中国杰出学术期刊”是根据中国科技学术期刊综合评价指标体系进行评定. 该体系利用总被引频次、影响因子、基金论文比、他引总引比等多个文献计量学指标进行统计分析, 对期刊分学科进行评比, 其评价结果客观公正, 为我国科技界公认, 并具有广泛影响.



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> NP1	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)