

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第39卷 第11期

Vol.39 No.11

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

2010~2015年我国水泥工业 NO _x 排放清单及排放特征	蒋春来, 宋晓晖, 钟悦之, 孙亚梅, 雷宇 (4841)
兰州市煅烧污染物排放清单及其对 PM _{2.5} 浓度贡献	郭文凯, 刘晓, 朱玉凡, 陈强, 杜永刚 (4849)
北京地区气溶胶水溶性组分粒径分布特征	杜翔, 赵普生, 苏捷, 董群 (4858)
郑州市夏、秋季大气颗粒物中水溶性无机离子质量浓度及粒径分布特征	赵庆炎, 姜楠, 燕启社, 王申博, 韩世杰, 杨留明, 张瑞芹 (4866)
菏泽市冬季 PM _{2.5} 中二元羧酸类 SOA 的昼夜变化特征	孟静静, 刘晓迪, 侯战方, 李静, 魏本杰, 邢继钊 (4876)
我国典型钢铁行业主要工艺环节排放颗粒物源成分谱特征	温杰, 杨佳美, 李蒲, 郁佳, 吴建会, 田瑛泽, 张进生, 史国良, 冯银厂 (4885)
嘉兴市 2015 年人为源 VOCs 排放清单	郝欢, 万梅, 戎宇, 兰亚琼, 熊传芳, 晁娜 (4892)
上海某石化园区周边区域 VOCs 污染特征及健康风险	盛涛, 陈筱佳, 高松, 刘启贞, 李学峰, 伏晴艳 (4901)
SBR 工艺城市污水处理厂微生物气溶胶逸散特征	杨凯雄, 侯红勋, 王颖哲, 史昊然, 许光素, 韩云平, 刘俊新, 李琳 (4909)
太湖有色可溶性有机物组成结构对不同水文情景的响应	石玉, 周永强, 张运林, 姚晓龙, 黄昌春 (4915)
巢湖 2016 年蓝藻水华时空分布及环境驱动力分析	胡旻琪, 张玉超, 马荣华, 张壹萱 (4925)
蓝藻水华形成过程对氮磷转化功能细菌群的影响	彭宇科, 路俊玲, 陈慧萍, 肖琳 (4938)
三峡水库低水位运行时干流回水对支流水环境的影响	陈紫娟, 宋献方, 张应华, 魏潇, 唐瑜, 秦文婧 (4946)
纳米银对胶州湾西北部海区及河口区沉积物反硝化能力和功能基因丰度的影响	白洁, 田延昭, 孙鹏飞, 白晓岩, 李岩然, 赵阳国 (4956)
澜沧江流域水体悬浮颗粒物 δ ¹⁵ N 空间差异及成因分析	唐咏春, 徐飘, 杨正健, 张思思, 刘德富, 纪道斌 (4964)
潮白河冲洪积扇典型包气带剖面反硝化强度垂向空间分布规律	耿宏志, 邹环, 李鸣晓, 张莹, 从辉, 席北斗 (4972)
蛤蟆通河流域地下水化学特征及控制因素	张涛, 何锦, 李敬杰, 曹月婷, 龚磊, 刘金巍, 边超, 蔡月梅 (4981)
典型岩溶地区岩溶泉溶解性碳浓度变化及其通量估算	熊佰炼, 张进忠, 彭韬, 郝卓, 高扬 (4991)
农村多水塘系统景观结构对非点源污染中氮截留效应的影响	李玉凤, 刘红玉, 刘军志, 娄彩荣, 王娟 (4999)
城市典型不透水下垫面径流中邻苯二甲酸酯的污染特征	刘雨童, 李田, 彭航宇 (5007)
不同降雨条件下植被对绿色屋顶径流调控效益影响	葛德, 张守红 (5015)
四氧化三铁改性沸石改良底泥对水中磷酸盐的吸附作用	王丹赫, 张宏华, 林建伟, 詹艳慧, 何思琪, 梁舒静, 汲雨, 奚秀清 (5024)
厌氧条件下可溶性有机质对汞的还原与氧化作用	卞永荣, 顾宝华, 朱波, 程虎, 谷成刚, 杨兴伦, 宋洋, 王芳, 叶茂, 蒋新 (5036)
光助-二茂铁/H ₂ O ₂ 非均相体系降解磺胺二甲基嘧啶	张彪军, 赵姚云川, 房岐, 石凤丽, 张月起, 赵群, 田森林, 李英杰 (5043)
基于同位素技术的短程硝化过程 N ₂ O 产生途径	杨玉兵, 杨庆, 李洋, 周薛扬, 李健敏, 刘秀红 (5051)
基质比对厌氧氨氧化耦合反硝化脱氮除碳的影响	安芳娇, 黄剑明, 黄利, 乔瑞, 王瑾, 陈永志 (5058)
厌氧/好氧 SPNDPR 系统实现低 C/N 城市污水同步脱氮除磷的优化运行	于德爽, 袁梦飞, 王晓霞, 陈光辉, 甄建园, 杜世明, 张帆 (5065)
污水处理厂 SNAD 工艺小试	李冬, 崔雅倩, 赵世勋, 刘志诚, 张杰 (5074)
盐度对中试厌氧氨氧化脱氮特性的影响及其恢复动力学	唐佳佳, 于德爽, 王晓霞, 陈光辉, 张军, 赵红, 韩长民 (5081)
中试 ANAMMOX-ASBR 处理火电厂脱硫脱硝尾液的抑制及恢复特性	张军, 于德爽, 王晓霞, 唐佳佳, 赵红, 韩长民, 应凌俏 (5090)
碳氮比对颗粒污泥 CANON 反应器脱氮性能和 N ₂ O 释放的冲击影响	付昆明, 姜娜, 苏雪莹, 廖敏辉, 仇付国, 曹秀芹 (5101)
污泥性质对微波预处理-厌氧消化的影响及古菌群落结构分析	房平, 唐安平, 付兴民, 李伟, 文洋, 佟娟, 魏源送 (5108)
重庆市农地重金属基线值的厘定及其积累特征分析	伍福琳, 陈丽, 易廷辉, 杨志敏, 陈玉成 (5116)
韩江流域土壤中有有机氯农药的特征分布	刘佳, 丁洋, 祁士华, 翟程凯 (5127)
有机磷酸酯在重庆不同城市功能区土壤的分布特征及来源	杨志豪, 何明靖, 杨婷, 卢俊峰, 魏世强 (5135)
纳米零价铁和过氧化钙联合降解土壤淋洗废液的 α-HCH	姚静波, 周杰, 王明新, 苟志祥, 薛金娟 (5142)
株洲清水塘工业区周边土壤微生物群落特征	申丽, 李振桦, 曾伟民, 余润兰, 吴学玲, 李交昆, 王烁琨 (5151)
生物炭对施粪肥土壤中根际真菌群落多样性及相互作用的影响	王丹丹, 杨泽平, 赵远, 梁玉婷 (5163)
生物炭负载氮还田对水稻生长、根系形态及氮素利用的影响	俞映惊, 王悦满, 侯朋福, 杨林章, Alfred Oduor Odindo, 薛利红 (5170)
颗粒有机质对水稻镉吸收及转运的影响	郭毅轩, 赵秀兰 (5180)
施肥对向日葵吸收积累 Cd 的影响	曹柳, 杨俊兴, 郭劲君, 郭俊梅, 郑国砥, 卢一富 (5189)
不同水稻品种对重金属的积累特性	林小兵, 周利军, 王惠明, 刘晖, 武琳, 俞莹, 胡敏, 何波, 周青辉, 黄欠如 (5198)
芦竹和木本植物间种修复重金属污染土壤	曾鹏, 郭朝晖, 肖细元, 彭驰, 黄博 (5207)
三峡库区典型河流水-气界面 CO ₂ 通量日变化观测及其影响因素分析	罗佳宸, 李思悦 (5217)
富营养化湖区 CH ₄ 排放特征及其影响因素	商东耀, 肖启涛, 胡正华, 谢燕红, 黄文晶, 张弥 (5227)
短期放牧对半干旱草地生态系统 CO ₂ 和 N ₂ O 排放的影响	申颜, 孙建平, 罗玉坤, 刁华杰, 闫卫东, 王常慧, 董宽虎 (5237)
覆膜方式和灌溉对夏玉米产量及农田碳排放强度的影响	罗晓琦, 张阿凤, 陈海心, 冯浩 (5246)
臭氧浓度升高对植物源挥发性有机化合物 (BVOCs) 影响的研究进展	冯兆忠, 袁相洋 (5257)
地下水“三氮”污染来源及其识别方法研究进展	杜新强, 方敏, 冶雪艳 (5266)
污水生物处理中抗生素的去除机制及影响因素	张翔宇, 李茹莹, 季民 (5276)
《环境科学》征订启事 (4848) 《环境科学》征稿简则 (4990) 信息 (5188, 5216, 5236)	

蓝藻水华形成过程对氮磷转化功能细菌群的影响

彭宇科, 路俊玲, 陈慧萍, 肖琳*

(南京大学环境学院, 污染控制与资源化国家重点实验室, 南京 210023)

摘要: 为探寻蓝藻水华形成过程中细菌群落结构和氮、磷转化功能菌群的动态变化, 利用细菌 16S rRNA 基因的高通量测序和功能基因的荧光定量 PCR (qPCR) 方法, 分析了在蓝藻水华过程中水体细菌群落组成及功能菌群的变化情况. 高通量测序结果证明了蓝藻水华形成过程中细菌群落的多样性降低, 细菌群落在水华期和非水华期具有不同的结构. 随着水华过程中蓝藻密度的增加, 水体中 Actinobacteria 和 Bacteroidetes 相对丰度减少, 而 Firmicutes 相对丰度增加; 蓝藻水华对聚磷菌 (PAOs) 具有富集作用, 对硝化细菌具有抑制作用, 而反硝化细菌的数量在中度水华条件下显著增加. qPCR 结果显示, 随着蓝藻水华的持续发展, 硝化和反硝化功能基因丰度下降甚至消失, 表明水体中氮转化过程可能受到抑制, 此过程也有利于水华过程中微囊藻快速增殖对氮的需求, 对水华蓝藻的生长具有正反馈作用.

关键词: 蓝藻水华; 细菌群落结构; 聚磷菌; 硝化细菌; 反硝化细菌

中图分类号: X172; X524 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2018)11-4938-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.201801195

Dynamic Changes of Nitrogen-Transforming and Phosphorus-Accumulating Bacteria Along with the Formation of Cyanobacterial Blooms

PENG Yu-ke, LU Jun-ling, CHEN Hui-ping, XIAO Lin*

(State Key Laboratory of Pollution Control and Resource Reuse, School of the Environment, Nanjing University, Nanjing 210023, China)

Abstract: In order to reveal the dynamic changes of nitrogen-transforming and phosphorus-accumulating bacteria in the process of cyanobacterial bloom formation, bacterial community structure and functional genes associated with nitrogen cycling were analyzed using high-throughput sequencing and real-time quantitative PCR (qPCR). The high-throughput sequencing results showed that the diversity of bacterial communities decreased during cyanobacterial blooms, and the lacustrine free-living and bloom-attached bacterial communities varied with increased bloom density. With increasing density of cyanobacteria, the relative abundance of Actinobacteria and Bacteroidetes decreased, whereas that of Firmicutes increased. Moreover, the growth of phosphate-accumulating organisms was increased in the phycosphere of cyanobacterial blooms, while that of nitrifiers was inhibited. Denitrifiers increased significantly under moderate blooms. The qPCR data also revealed that the abundance of nitrification and denitrification genes decreased or disappeared with the development of cyanobacterial blooms, indicating that the nitrogen transformation process might be inhibited, which showed a positive feedback of bacterial community to the development of *Microcystis* blooms by satisfying the needs of the nutrients budget.

Key words: cyanobacterial blooms; bacterial community structure; phosphate accumulating organism; nitrifiers; denitrifiers

蓝藻水华暴发, 即水体中营养盐过剩导致的蓝藻过度繁殖和聚集, 引发了一系列的环境问题. 尽管近年来对蓝藻水华的研究很多, 但仍然很难对蓝藻水华的发生、持续时间和强度进行有效的预测, 原因之一是对蓝藻成为优势种的过程认识仍然不充分. 细菌与蓝藻水华的相互作用在水华暴发和衰亡过程中的重要性已经引起了许多关注. 蓝藻与细菌之间的直接相互作用也对蓝藻的生长具有积极或消极的影响^[1, 2]. 蓝藻暴发引起湖泊内细菌群落异质性丧失^[3], 微囊藻水华导致了细菌群落多样性的降低^[4]. 随着蓝藻水华的积累, 藻华颗粒周围微环境中的溶解氧 (DO)、氧化还原电位 (Eh) 和有机质浓度剧烈变化, 导致水华暴发的不同时期的相关优势细菌类群的差异^[5]. 细菌与蓝藻之间代谢产物 (如

碳、氮、氧) 的交换^[6, 7]对藻类水华的发生和持续有重要影响^[8, 9]. 细菌群落的变化影响营养盐的循环过程, 对蓝藻水华动态变化过程具有反馈效应. 例如, 有研究发现高密度蓝藻水华和高营养水平可以加速湖泊中氮的去除过程^[10, 11]; 氨氮 ($\text{NH}_4^+ - \text{N}$) 在蓝藻水华期间被硝化细菌转化为亚硝态氮 ($\text{NO}_2^- - \text{N}$) 和硝态氮 ($\text{NO}_3^- - \text{N}$), 细菌的增殖和氨氮耗尽加速了蓝藻水华的衰亡过程^[12].

本研究使用高通量测序和 qPCR 分析了蓝藻水华形成过程中细菌群落结构和功能类群以及与氮转

收稿日期: 2018-01-22; 修订日期: 2018-04-19

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2016YFC0502801)

作者简介: 彭宇科 (1983 ~), 男, 博士, 主要研究方向为微生物生态学, E-mail: pan.107@gmail.com

* 通信作者, E-mail: xiaolin@nju.edu.cn

化有关的功能基因的变化过程, 其结果有助于拓展对蓝藻水华的快速增殖与细菌群落之间相互作用的认识, 以深入了解和控制蓝藻的形成。

1 材料与方法

1.1 样品采集

分别于2016年的4月8日、5月6日、6月6日、6月26日在太湖竺山湾(31°27'9.23"N, 120°0'35.22"E)从水面以下0.5m采集水样, 储存在无菌瓶中, 立即送至实验室分析处理。4次采样分别按月份标记为April、May、June-6、June-26。

1.2 藻类计数和水体理化指标分析

于1 L水样加入15 mL鲁戈氏碘液进行固定, 用于藻类的鉴定和计数。使用显微镜对藻类形态进行观察、鉴定藻类种属^[13], 并用血球计数板进行计数。

水体中总氮(TN)、 NO_3^- -N、 NO_2^- -N、 NH_4^+ -N、总磷(TP)、正磷酸盐(PO_4^{3-} -P)以及高锰酸盐指数(COD)的测定方法参照国家标准方法^[14]。

1.3 样品总DNA提取

4月、5月样品DNA提取方法: 将200 mL充分混匀的水样用0.22 μm 孔径的聚碳酸酯膜过滤, 并将滤膜保存在-80℃直至提取DNA。使用E. Z. N. A.® Water DNA Kit(OMEGA, 美国)提取滤膜上的总DNA, 具体步骤参照E. Z. N. A.® Water DNA Kit说明书, 用NanoDrop ND 2000(NanoDrop Technologies, 美国)测定DNA的浓度, 将提取的DNA样品置于-80℃保存。6月的样品含有大量蓝藻水华颗粒, 故先对水样进行分级过滤处理。具体方法如下: 取500 mL水样用150 μm 孔径的滤网预先除去较大的浮游生物后, 用3 μm 聚碳酸酯滤膜进行过滤, 滤膜上即为水体中蓝藻及其附着细菌部分, 标记为A(attached), 即June-6A和June-26A。将滤液再用0.22 μm 聚碳酸酯滤膜进行过滤, 此滤膜上即为水中浮游细菌部分, 标记为F(free-living), 即June-6F和June-26F。后续DNA的提取步骤与4月、5月样品相同。

1.4 qPCR

使用SYBR Green染料法qPCR技术在Bio-Rad CFX平台对硝化和反硝化过程中的相关功能基因丰度进行检测, 包括细菌氨单加氧酶(*amoA*)和亚硝酸盐氧化还原酶(*nirA*)、亚硝酸盐还原酶(*nirS*、*nirK*)、硝酸盐还原酶(*narG*、*napA*)、一氧化氮还原酶(*norB*)和一氧化二氮还原酶(*nosZ*)。总细菌数以

16S rRNA丰度表示。qPCR反应所用引物、反应条件和标准质粒的构建参考Wang等的方法^[15]。每个样品重复测定3次。

1.5 16S rRNA基因高通量测序及数据分析

对16S rRNA基因的V3-V4区进行测序, 所用引物为16S rRNA基因的通用引物338F(5'-ACTCTACGGGAGGCAGCAG-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')。PCR扩增产物用AxyPrep DNA Gel Extraction Kit(Axgen, 美国)进行纯化后委托上海凌恩生物科技有限公司完成测序。

测序完成后, 对得到的原始数据(raw data)进行拼接、过滤, 得到可供后续分析的有效序列(clean data)。然后对序列进行OTUs(operational taxonomic units)的划分及物种分类(RDP classifier)。通过MOTHUR程序计算各样品细菌群落的 α 多样性指数, 包括Chao-1、ACE、Shannon多样性指数。在门、纲、属的系统分类水平上确定各序列的所属类别, 并统计各个类别的序列数量和相对丰度。

1.6 数据统计与分析

统计分析使用IBM SPSS 22.0(SPSS Inc., 美国)进行。应用方差分析评估结果的显著性, $P < 0.05$ 为显著性差异。Spearman相关性分析用来检验细菌群落的 α 多样性指数、水体化学参数和蓝藻密度之间的相关性, $P < 0.05$ 被认为具有显著相关性。

2 结果与讨论

随着蓝藻密度的增加, TP和COD呈上升趋势, 而 NO_3^- -N和 NH_4^+ -N的质量浓度则呈下降趋势(表1)。 PO_4^{3-} -P、TN和 NO_2^- -N的质量浓度从非水华时期(4月和5月)到中度水华时期(微囊藻占绝对优势), 分别由0.11、3.19和0.18 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 下降至0.03、2.76和0.05 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ (6月6日), 到重度水华时期(6月26日)分别增加到0.05、4.01和0.11 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 。结果表明, 蓝藻生物量的积累显著影响了水体的化学组成, 这在以往的研究中也有报道^[16, 17]。蓝藻生物量大量积累导致水体中TOC质量浓度显著高于非水华水体($P < 0.01$), 而无机氮、磷的质量浓度显著较低($P < 0.05$)。尽管水华样品和非水华样品的TN和TP之间没有显著差异, 但TN和TP的质量浓度在具有大量蓝藻生物量的重度水华样品中最高。

表 1 水体理化参数和蓝藻密度

项目	April	May	June-6	June-26
NO ₃ ⁻ -N/mg·L ⁻¹	1.76 ± 0.29	1.72 ± 0.33	0.91 ± 0.19	0.55 ± 0.07
NO ₂ ⁻ -N/mg·L ⁻¹	0.18 ± 0.05	0.18 ± 0.04	0.05 ± 0.02	0.11 ± 0.02
NH ₄ ⁺ -N/mg·L ⁻¹	0.56 ± 0.10	0.83 ± 0.15	0.36 ± 0.08	0.18 ± 0.03
TN/mg·L ⁻¹	3.19 ± 0.43	3.11 ± 0.31	2.76 ± 0.22	4.01 ± 0.42
PO ₄ ³⁻ -P/mg·L ⁻¹	0.11 ± 0.03	0.13 ± 0.02	0.03 ± 0.01	0.05 ± 0.01
TP/mg·L ⁻¹	0.14 ± 0.04	0.17 ± 0.04	0.15 ± 0.02	0.25 ± 0.06
COD/mg·L ⁻¹	32.00 ± 6.40	25.30 ± 4.80	80.00 ± 12.00	144.00 ± 22.40
蓝藻密度/cells·L ⁻¹	(5.44 ± 1.02) × 10 ⁶	(2.56 ± 0.53) × 10 ⁷	(6.35 ± 1.78) × 10 ⁸	(2.02 ± 0.49) × 10 ⁹

2.1 水华形成过程中细菌群落多样性变化

16S rRNA 基因高通量测序结果显示, 浮游细菌和附着细菌的 OTUs 数量、ACE 和香农指数(表 2)与蓝藻密度均呈负相关关系($P < 0.05$), 表明蓝藻水华的发生会导致细菌群落 α -多样性的降低, 这与以往大量的研究结果是一致的. 水华造成淡水湖泊中植物和动物的生物多样性降低及食物网状结构的简化^[18], 较高密度蓝藻导致细菌多样性的降

低^[19]. 蓝藻释放的有机质具有较高的 C/N 比和 C/P 比(例如多糖)^[20], 因此, 细菌在水华暴发时可能处于氮磷限制状态. 此外, 碳源丰富的环境能够促进微生物的呼吸作用, 消耗大量的溶解氧, 从而抑制好氧细菌的生长和存活, 进而造成细菌多样性的降低. 因此, 蓝藻水华造成的 C、N、P 化学计量关系的不平衡^[21]以及微环境的变化对细菌可能具有“过滤”作用并导致细菌群落多样性的减少.

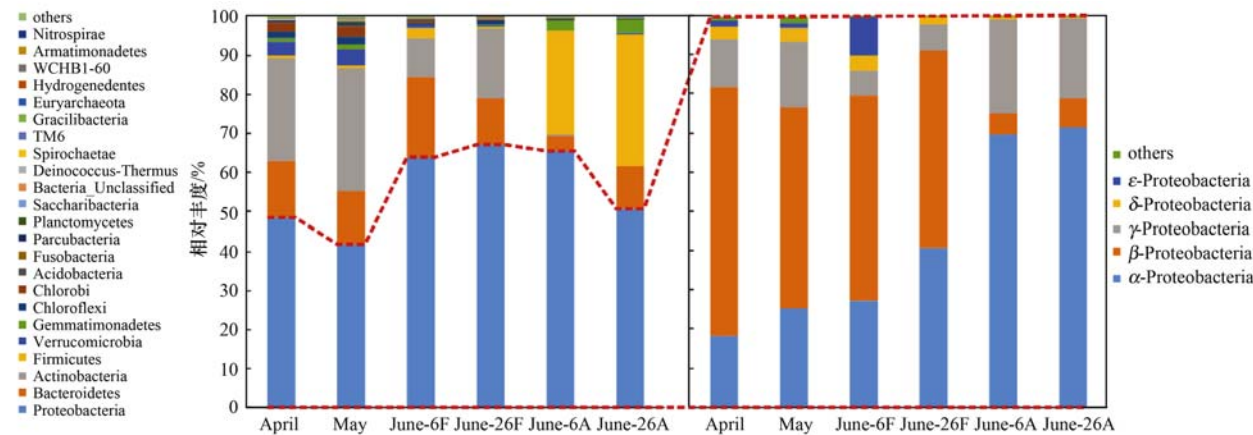
表 2 细菌群落的 α 多样性指数(以 97% 相似度划分 OTU)

编号	序列数	OTU	ACE 指数	Chao1 指数	覆盖度	Shannon 指数	Simpson 指数
April	37374	1158	1384	1358	0.992 910	5.33	0.011 1
May	37503	1135	1417	1449	0.992 027	5.14	0.016 4
June-6F	31975	793	1038	1020	0.992 995	4.68	0.024 2
June-6A	36869	471	853	744	0.995 036	2.91	0.116 3
June-26F	36254	615	724	767	0.996 387	4.42	0.032 1
June-26A	41289	324	454	445	0.997 433	2.32	0.296 9

2.2 细菌群落结构的动态变化

除蓝细菌外, 在门水平上, 所有样品中 Proteobacteria 的丰度均为最高. 其次, 附着细菌中 Firmicutes, 浮游细菌中 Actinobacteria 和

Bacteroidetes 占优势(图 1). 在 Proteobacteria 门中, 浮游细菌群落中 β -Proteobacteria 占主要优势, 其次是 α -Proteobacteria, 而在附着细菌中 α -Proteobacteria 占主要优势, 其次是 γ -Proteobacteria.



红色虚线区域内显示的是 Proteobacteria 的组成, 其中右侧部分是左侧 Proteobacteria 的相对丰度在纲水平上的详细组成

图 1 各样品细菌群落在门水平的相对丰度(不含蓝藻)以及变形菌纲的组成

Fig. 1 Relative abundance of phyla (without cyanobacteria) and proteobacterial classes

为分析优势细菌类群对细菌群落的影响，从每个样本中选取了除蓝细菌外相对丰度最高的 10 个 OTU 进行研究。这些 OTUs 在各个样品中占总有效

序列的比例为 56.74% ~ 79.60% (图 2)，其中，附着细菌部分丰度为前 10 的 OTUs 占总丰度的 70% 以上。

	0	0.1%	0.5%	2.5%	10.0%	25.0%
各样品中相对丰度前10的OTU	April	May	June-6F	June-26F	June-6A	June-26A
Sporichthyaceae_Unclassified	6.360%	6.426%	3.455%	9.654%	0.004%	0
12up	2.386%	1.401%	3.458%	7.328%	0.046%	0.026%
hgcl clade	8.273%	9.207%	4.335%	4.205%	0.014%	0
Polynucleobacter	2.822%	2.163%	2.345%	3.707%	0.053%	0
LD12 freshwater group_norank	2.966%	4.973%	2.735%	2.076%	0	0.005%
Comamonadaceae_Unclassified	2.924%	1.588%	3.455%	1.149%	0.053%	0.077%
CL500-29 marine group	4.997%	7.604%	0.751%	0.335%	0.014%	0
LD28 freshwater group	2.298%	1.949%	0.314%	0.418%	0.004%	0
Synechococcus	1.656%	2.807%	0.031%	0.011%	0.060%	0.010%
Cyanobacteria_norank	7.997%	13.03%	0.063%	0.327%	0.102%	0.119%
OPB56_norank	2.014%	2.183%	0.167%	0.066%	0	0
Methylobacter	2.498%	0.500%	1.657%	0.249%	0.025%	0
Malikia	0.972%	0.300%	6.944%	11.87%	0.053%	0.500%
Arcobacter	0.530%	0.326%	4.096%	0.030%	0	0.005%
Mycobacterium	0.594%	0.933%	0.409%	2.112%	0	0
Limnohabitans	4.988%	3.131%	4.919%	2.755%	0.032%	0.052%
MNG7_norank	0.434%	0.494%	0.450%	1.941%	1.676%	2.006%
Sandarakinorhabdus	0.006%	0.003%	1.028%	2.904%	2.683%	1.702%
Roseomonas	0.186%	0.188%	4.209%	3.812%	1.445%	2.759%
Rhodobacter	0.216%	0.169%	1.672%	1.261%	8.840%	7.055%
Flavobacterium	0.668%	0.586%	11.47%	8.053%	2.749%	4.940%
Porphyrobacter	0.020%	0.014%	1.719%	1.440%	22.48%	10.70%
Rickettsiaceae_uncultured	0.169%	0.116%	0.437%	0.720%	0.624%	4.131%
Cloacibacterium	0.070%	0.035%	0.245%	0.205%	0.673%	4.084%
Gemmatimonas	0.358%	0.422%	0.053%	0.147%	2.115%	2.970%
Lactococcus	0	0.003%	0	0	7.175%	9.014%
Halomonas	0.338%	0.647%	0.060%	0.321%	11.85%	1.341%
Bacillus	0	0.006%	0	0	16.83%	19.83%
total	56.74%	61.20%	61.47%	67.10%	79.60%	71.32%

图 2 各样品中相对丰度前 10 的 OTU 汇总

Fig. 2 Relative abundances of the top 10 OTU from each sample

已有研究表明，*Cytophaga-Flavobacterium-Bacteroides* (CFB)、 β -Proteobacteria 和 γ -Proteobacteria 在附着于蓝藻的细菌组成中占据优势^[5]，在水华暴发期 β -Proteobacteria 总是占主导地位^[22]。在本研究中，在水华样品中发现了大量的 α -Proteobacteria (*Porphyrobacter*、*Rhodobacter*)，Firmicutes (*Bacillus*、*Lactococcus*) 和 γ -Proteobacteria (*Halomonas*)，而在非水华样品中这些细菌的丰度则相对较低，表明这些

细菌适应水华暴发的环境条件并可能在水华形成过程中发挥作用。如 Firmicutes 门的细菌对有机物具有很强的降解能力，这使得它们在水华造成的高有机质条件下快速增殖。*Porphyrobacter* 具有较强的胞外多糖 (EPS) 产生能力和表面定殖能力^[23]。因此，*Porphyrobacter* 可能通过与蓝藻间的相互作用促进藻华颗粒的形成^[19]。*Rhodobacter* 是一种革兰氏阴性紫色非硫细菌，具有多种代谢途径以适应不同的生长

条件,既能在有光照条件下通过光合色素利用有机质进行光能异养,又能在黑暗的好氧条件下利用无机物进行化能自养^[24].在水华样品中,特别是附着部分富集了大量的 *Rhodobacter*,可能是由于其在水华造成的高有机质浓度和富营养环境条件下具有较强的生存能力^[25~27].

2.3 蓝藻水华促进 PAOs 的增殖

在本研究中共检测到 7 种潜在的 PAOs(图 3),其中附着细菌中 PAOs 的相对丰度约为浮游细菌中 10 倍. PAOs 在藻华颗粒上的富集可能是由于水华造成的 DO 和 Eh 的剧烈变化适宜 PAOs 的增殖^[28].同时在藻华颗粒上大量的 *Lacotococcus* 等发酵细菌为 PAOs 的生长提供小分子有机酸,促进了 PAOs 的增殖^[29].附着细菌常作为微囊藻生长过程中的磷库^[2, 30],PAOs 和微囊藻之间的磷代谢内循环可以促进微囊藻的生长,并改善由于磷的缺乏对微囊

藻细胞造成的损伤^[31].这也是关于 PAOs 在微囊藻水华发生过程中出现富集现象的首次报道.

2.4 硝化细菌和反硝化细菌随水华发生的变化

本研究分别检测到 4 种潜在的反硝化细菌和 17 种反硝化细菌(图 3).与 PAOs 的分布有所不同,重度水华样品中硝化细菌所占的百分比(June-26F 为 0.06%, June-26A 为 0.02%)低于中度水华样品(June-6F 为 0.31%, June-6A 为 0.28%)和非水华样品(April 为 0.24%, May 为 0.35%),表明水华抑制了硝化细菌的生长.对于反硝化细菌来说,中度水华样品中反硝化细菌的相对丰度(June-6F 为 9.42%, June-6A 为 23.25%)显著高于非水华样品(5.60%和 3.97%),而重度水华样品(June-26F 为 5.75%, June-26A 为 12.03%)中反硝化细菌的相对丰度也高于非水华样品,但与中度水华样品相比有所降低,同时潜在反硝化细菌丰度(OTU 的数

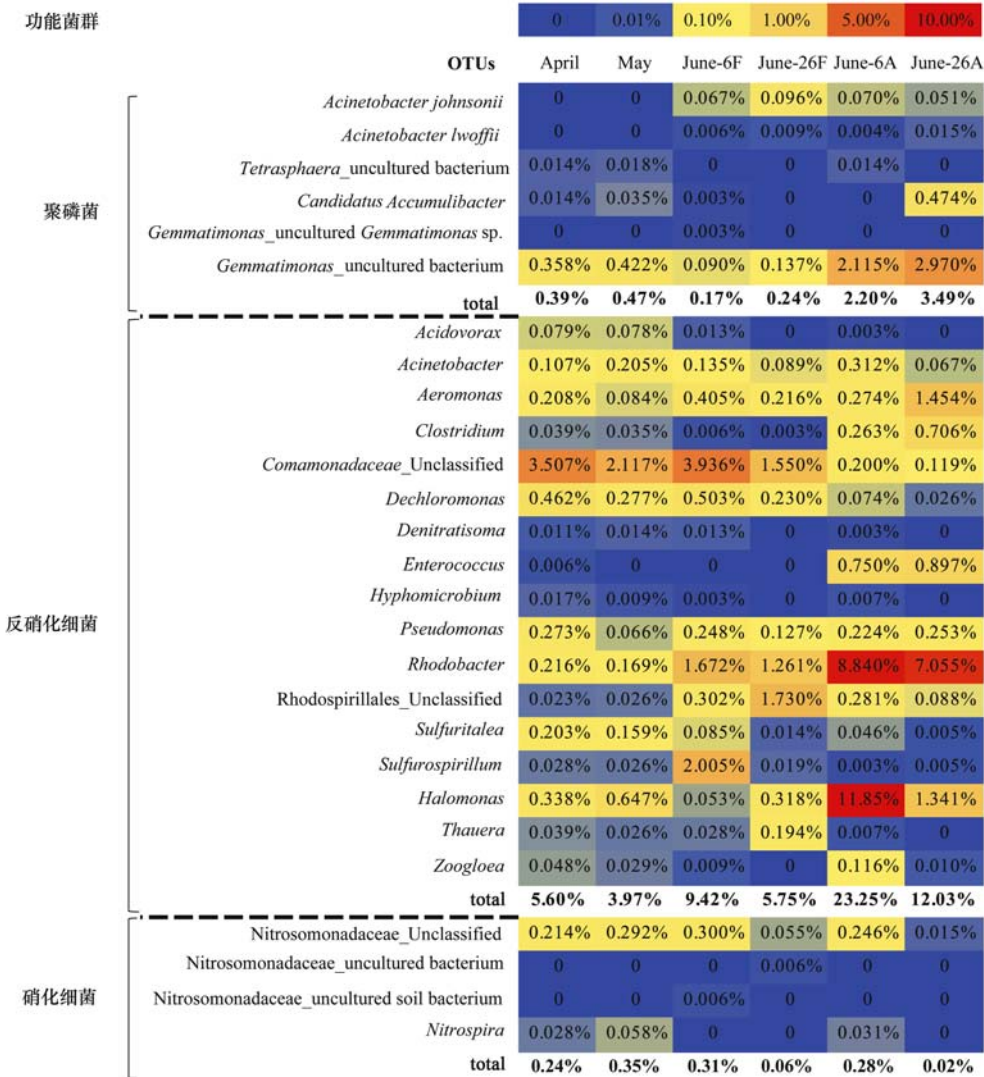


图 3 功能细菌类群在各个样品中的相对丰度

Fig. 3 Relative abundances of the functional genera involved in nitrogen cycling and phosphate accumulation in the samples

量)在中度水华样品中也减少了。

功能基因的 qPCR 结果显示, 附着细菌部分未检测到细菌 *amoA* 基因, 而 *nrrA* 基因在所有水华样品中均未检测到[图 4(a)]. 综合高通量测序和 qPCR 结果, 推测微囊藻水华对硝化细菌具有抑制作用. 作为自养微生物, 硝化细菌丰度的下降可能是由于藻华所引起的高浓度 DOM 造成的^[32].

April、May 和 June-6F 的浮游细菌中, *napA* 和 *narG* 的丰度没有显著性差异[图 4(b)], 其他样品中 *narG* 的丰度为 *napA* 的 10 倍以上. 水华样品中 *narG* 的丰度显著高于非水华样品, 特别是在中度水

华样品附着部分(June-6A)细菌中最高, 这个结果与高通量测序的结果也是一致的(图 3).

nirK 和 *nirS* 基因的拷贝数分别为 $2.79 \times 10^3 \sim 9.27 \times 10^4 \text{ copies} \cdot \text{ng}^{-1}$ 和 $1.35 \times 10^2 \sim 1.28 \times 10^4 \text{ copies} \cdot \text{ng}^{-1}$ [图 4(b)]. 非水华样品和浮游细菌中 *nirK* 和 *nirS* 基因的丰度比附着细菌中更高. 在水华附着细菌中, *norB* 和 *nosZ* 基因的拷贝数低于浮游部分和非水华样品中的拷贝数, 并且在 June-26A 中, 高密度水华的附着部分中的拷贝数最低. 此外, *norB* 和 *nosZ* 基因的丰度也显著低于 *narG/napA* 和 *nirK/nirS* 基因.

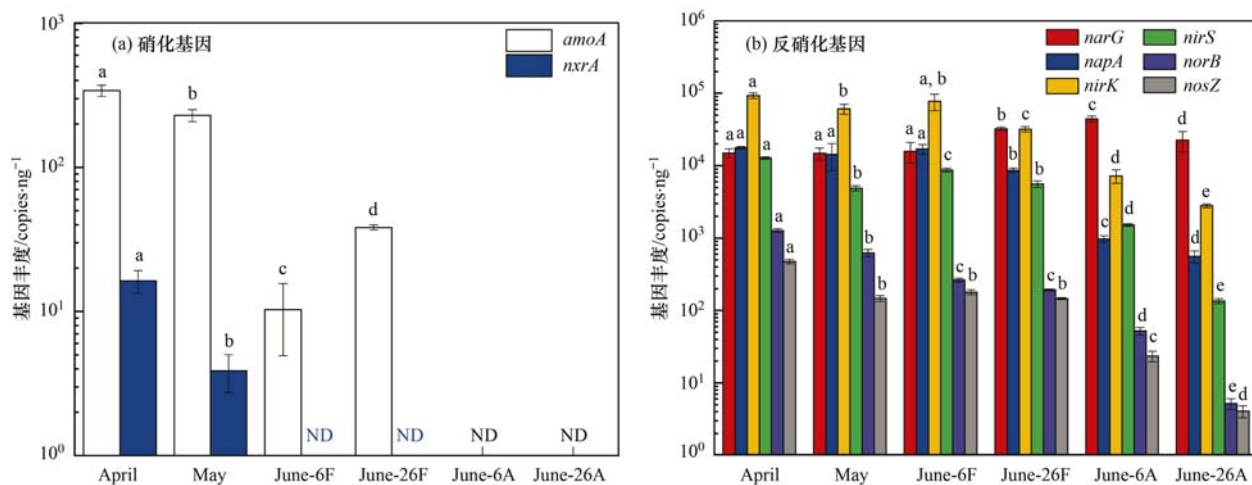


图 4 硝化和反硝化基因在各样品中的分布

Fig. 4 Profiles of functional genes associated with nitrogen cycling in the attached and free-living fractions

反硝化过程是水生态系统中氮脱除的重要途径. 有研究表明高密度水华可以提高脱氮效率^[10, 11, 33], 但所采用的是水华暴发后处于衰亡期的藻华样品. 本研究中采集的水华样品处于暴发增殖阶段, 光合作用活性和氮摄入能力较强, 产生的高浓度 DO 抑制了以硝酸盐/亚硝酸盐作为电子受体进行能量代谢的反硝化细菌的生长^[34]. 环境条件如 DO 浓度^[34], 有机碳源和硝酸盐浓度^[35]都能影响反硝化细菌的生长. 虽然水华的发生为微生物提供了足够的碳源, 但硝化作用被高浓度 DOM 所抑制, 导致硝酸盐的缺乏, 反硝化作用受到抑制. 微囊藻作为非固氮蓝藻, 其生长主要依靠外源性氮, 湖泊中的微囊藻在生长过程中常常会遇到氮限制的问题^[36, 37], 随着水华程度的加剧, 反硝化细菌多样性和反硝化酶基因丰度下降, 最终可能导致水华状态下水体的反硝化途径发生改变, 减少水体中氮的脱除. 因此, 在蓝藻水华形成过程中, 来源于微囊藻的大量有机碳源和氧气能选择性地刺激水体中异养细菌的生长, 作为反馈, 在微囊藻周围 PAOs

得以富集, 硝化、反硝化作用受到抑制, 使得微囊藻周围的氮、磷营养盐相对富集(图 5), 缓解其生长过程中出现的氮、磷不足问题, 这对于微囊藻优势地位的形成至关重要^[38].

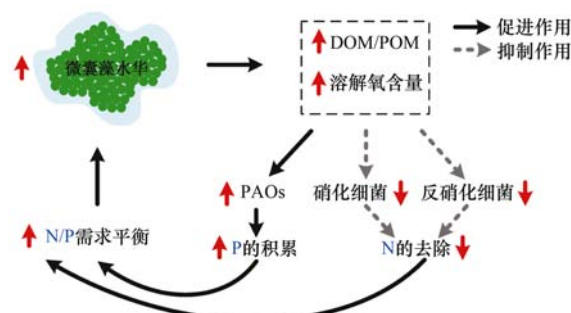


图 5 蓝藻水华形成过程对水体氮磷营养盐循环的正反馈作用

Fig. 5 Positive feedback of nitrogen and phosphorus cycling during the development of *Microcystis* blooms

3 结论

本文对太湖微囊藻水华形成过程中细菌群落组成及氮循环相关功能基因进行了研究. 结果表明, 水华形成过程中细菌群落多样性降低, 群落组成发

生改变. 随着蓝藻水华密度的增加, Actinobacteria 和 Bacteroidetes 减少, 而 Firmicutes 有所增加. 随着水华密度的增加, 藻华颗粒上 PAOs 得以富集, 作为磷库支持微囊藻的生长. 硝化和反硝化作用被抑制, 减少了水体中氮的去除, 保证了水华蓝藻快速增殖过程中对氮的需求, 以上氮磷营养盐的循环途径对水华的生长具有正反馈作用. 然而, 这种情况在水华的衰亡阶段可能会发生变化, 尚需进一步研究.

参考文献:

- [1] Berg K A, Lyra C, Sivonen K, *et al.* High diversity of cultivable heterotrophic bacteria in association with cyanobacterial water blooms[J]. ISME Journal, 2009, **3**(3): 314-325.
- [2] Jiang L J, Yang L Y, Xiao L, *et al.* Quantitative studies on phosphorus transference occurring between *Microcystis aeruginosa* and its attached bacterium (*Pseudomonas* sp.) [J]. Hydrobiologia, 2007, **581**(1): 161-165.
- [3] Wang Y J, Li H B, Xing P, *et al.* Contrasting patterns of free-living bacterioplankton diversity in macrophyte-dominated versus phytoplankton blooming regimes in Dianchi Lake, a shallow lake in China[J]. Chinese Journal of Oceanology and Limnology, 2016, **35**(2): 336-349.
- [4] Niu Y, Shen H, Chen J, *et al.* Phytoplankton community succession shaping bacterioplankton community composition in Lake Taihu, China[J]. Water Research, 2011, **45**(14): 4169-4182.
- [5] Cai H Y, Yan Z S, Wang A J, *et al.* Analysis of the attached microbial community on mucilaginous cyanobacterial aggregates in the eutrophic Lake Taihu reveals the importance of *Planctomycetes* [J]. Microbial Ecology, 2013, **66**(1): 73-83.
- [6] Parveen B, Ravet V, Djediat C, *et al.* Bacterial communities associated with *Microcystis* colonies differ from free-living communities living in the same ecosystem[J]. Environmental Microbiology Reports, 2013, **5**(5): 716-724.
- [7] Ploug H. Cyanobacterial surface blooms formed by *Aphanizomenon* sp. and *Nodularia spumigena* in the Baltic Sea: Small-scale fluxes, pH, and oxygen microenvironments [J]. Limnology and Oceanography, 2008, **53**(3): 914-921.
- [8] Grossart H P, Czub G, Simon M. Algae-bacteria interactions and their effects on aggregation and organic matter flux in the sea[J]. Environmental Microbiology, 2006, **8**(6): 1074-1084.
- [9] Maruyama T, Kato K, Yokoyama A, *et al.* Dynamics of microcystin-degrading bacteria in mucilage of *Microcystis* [J]. Microbial Ecology, 2003, **46**(2): 279-288.
- [10] Chen X F, Yang L Y, Xiao L, *et al.* Nitrogen removal by denitrification during cyanobacterial bloom in Lake Taihu[J]. Journal of Freshwater Ecology, 2012, **27**(2): 243-258.
- [11] Chen X F, Jiang H Y, Sun X, *et al.* Nitrification and denitrification by algae-attached and free-living microorganisms during a cyanobacterial bloom in Lake Taihu, a shallow Eutrophic Lake in China[J]. Biogeochemistry, 2016, **131**(1-2): 135-146.
- [12] Yang X, Xie P, Ma Z M, *et al.* Decrease of NH_4^+-N by bacterioplankton accelerated the removal of cyanobacterial blooms in aerated aquatic ecosystem [J]. Journal of Environmental Sciences, 2013, **25**(11): 2223-2228.
- [13] 胡鸿钧, 魏印心. 中国淡水藻类: 系统、分类及生态[M]. 北京: 科学出版社, 2006.
- [14] 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.
- [15] Wang H L, Ji G D, Bai X Y, *et al.* Assessing nitrogen transformation processes in a trickling filter under hydraulic loading rate constraints using nitrogen functional gene abundances [J]. Bioresource Technology, 2015, **177**: 217-223.
- [16] Chen M J, Chen F Z, Xing P, *et al.* Microbial eukaryotic community in response to *Microcystis* spp. bloom, as assessed by an enclosure experiment in Lake Taihu, China [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2010, **74**(1): 19-31.
- [17] Ye W J, Liu X L, Lin S Q, *et al.* The vertical distribution of bacterial and archaeal communities in the water and sediment of Lake Taihu[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2009, **70**(2): 263-276.
- [18] Wetzel R G, Søndergaard M. Role of submerged macrophytes for the microbial community and dynamics of dissolved organic carbon in aquatic ecosystems[A]. In: Jeppesen E, Søndergaard M, Søndergaard M, *et al.* (Eds.). The structuring role of submerged macrophytes in lakes. New York, NY: Springer, 1998. 133-148.
- [19] Shen H, Niu Y, Xie P, *et al.* Morphological and physiological changes in *Microcystis aeruginosa* as a result of interactions with heterotrophic bacteria[J]. Freshwater Biology, 2011, **56**(6): 1065-1080.
- [20] Pannard A, Pédrone J, Bormans M, *et al.* Production of exopolymers (EPS) by cyanobacteria: impact on the carbon-to-nutrient ratio of the particulate organic matter [J]. Aquatic Ecology, 2016, **50**(1): 29-44.
- [21] Geider R, La Roche J. Redfield revisited: variability of C:N:P in marine microalgae and its biochemical basis [J]. European Journal of Phycology, 2002, **37**(1): 1-17.
- [22] Louati I, Pascault N, Debroas D, *et al.* Structural diversity of bacterial communities associated with bloom-forming freshwater cyanobacteria differs according to the cyanobacterial genus [J]. PLoS One, 2015, **10**(11): e0140614.
- [23] Bereschenko L, Stams A J M, Euverink G J W, *et al.* Biofilm formation on reverse osmosis membranes is initiated and dominated by *Sphingomonas* spp [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2010, **76**(8): 2623-2632.
- [24] Calvano C D, Italiano F, Catucci L, *et al.* The lipidome of the photosynthetic bacterium *Rhodobacter sphaeroides* R26 is affected by cobalt and chromate ions stress [J]. BioMetals, 2014, **27**(1): 65-73.
- [25] Kantachote D, Torpee S, Umsakul K. The potential use of anoxygenic phototrophic bacteria for treating latex rubber sheet wastewater [J]. Electronic Journal of Biotechnology, 2005, **8**(3): 984-988.
- [26] Madukasi E, Dai X, He C, *et al.* Potentials of phototrophic bacteria in treating pharmaceutical wastewater [J]. International Journal of Environmental Science and Technology, 2010, **7**(1): 165-174.
- [27] Merugu R, Prashanthi Y, Sarojini T, *et al.* Bioremediation of waste waters by the anoxygenic photosynthetic bacterium *Rhodobacter sphaeroides* SMR 009 [J]. International Journal of

- Research in Environmental Science and Technology, 2014, **4** (1): 16-19.
- [28] Zhang B, Ji M, Qiu Z G, *et al.* Microbial population dynamics during sludge granulation in an anaerobic-aerobic biological phosphorus removal system[J]. Bioresource Technology, 2011, **102**(3): 2474-2480.
- [29] Nampoothiri K M, Nair N R, John R P. An overview of the recent developments in polylactide (PLA) research [J]. Bioresource Technology, 2010, **101**(22): 8493-8501.
- [30] Yuan L N, Zhu W, Xiao L, *et al.* Phosphorus cycling between the colonial cyanobacterium *Microcystis aeruginosa* and attached bacteria, *Pseudomonas* [J]. Aquatic Ecology, 2009, **43**(4): 859-866.
- [31] Yue D M, Peng Y K, Yin Q, *et al.* Proteomic analysis of *Microcystis aeruginosa* in response to nitrogen and phosphorus starvation[J]. Journal of Applied Phycology, 2015, **27**(3): 1195-1204.
- [32] Strauss E A, Lamberti G A. Regulation of nitrification in aquatic sediments by organic carbon[J]. Limnology and Oceanography, 2000, **45**(8): 1854-1859.
- [33] Peng Y K, Liu L, Jiang L J, *et al.* The roles of cyanobacterial bloom in nitrogen removal[J]. Science of the Total Environment, 2017, **609**: 297-303.
- [34] Tiedje J M. Ecology of denitrification and dissimilatory nitrate reduction to ammonium[A]. In: Zehnder A J B (Ed.). Biology of anaerobic microorganisms [M]. New York: John Wiley and Sons, 1988. 179-244.
- [35] Bernhardt E S, Likens G E. Dissolved organic carbon enrichment alters nitrogen dynamics in a forest stream[J]. Ecology, 2002, **83**(6): 1689-1700.
- [36] Paerl H W, Xu H, McCarthy M J, *et al.* Controlling harmful cyanobacterial blooms in a hyper-eutrophic lake (Lake Taihu, China): the need for a dual nutrient (N & P) management strategy[J]. Water Research, 2011, **45**(5): 1973-1983.
- [37] Yue D M, Peng Y K, Qian X, *et al.* Spatial and seasonal patterns of size-fractionated phytoplankton growth in Lake Taihu [J]. Journal of Plankton Research, 2014, **36**(3): 709-721.
- [38] Xie L Q, Xie P, Li S X, *et al.* The low TN:TP ratio, a cause or a result of *Microcystis* blooms? [J]. Water Research, 2003, **37**(9): 2073-2080.



CONTENTS

Emissions Inventory and Characteristics of NO _x from Cement Industry	JIANG Chun-lai, SONG Xiao-hui, ZHONG Yue-zhi, <i>et al.</i> (4841)
Emissions Inventory of Smoldering Chinese Kangs and Their Contribution to PM _{2.5} Pollution in Lanzhou City	GUO Wen-kai, LIU Xiao, ZHU Yu-fan, <i>et al.</i> (4849)
Size Distributions of Water-soluble Components in Ambient Aerosol of Beijing	DU Xiang, ZHAO Pu-sheng, SU Jie, <i>et al.</i> (4858)
Size Distribution Characteristics of Water-Soluble Inorganic Ions During Summer and Autumn in Zhengzhou	ZHAO Qing-yan, JIANG Nan, YAN Qi-she, <i>et al.</i> (4866)
Diurnal Variation of Dicarboxylic Acids and Related SOA in PM _{2.5} from Heze City in Winter	MENG Jing-jing, LIU Xiao-di, HOU Zhan-fang, <i>et al.</i> (4876)
Chemical Source Profiles of PM Emitted from the Main Processes of the Iron and Steel Industry in China	WEN Jie, YANG Jia-mei, LI Pu, <i>et al.</i> (4885)
VOCs Emission Inventory of Anthropogenic Sources in Jiaxing	HAO Huan, WAN Mei, RONG Yu, <i>et al.</i> (4892)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of VOCs in Areas Surrounding a Petrochemical Park in Shanghai	SHENG Tao, CHEN Xiao-jia, GAO Song, <i>et al.</i> (4901)
Characteristics of Bioaerosols Emitted from WWTP with SBR Treatment Process	YANG Kai-xiong, HOU Hong-xun, WANG Ying-zhe, <i>et al.</i> (4909)
Response of Chromophoric Dissolved Organic Matter Composition to Different Hydrological Scenarios in Large Eutrophic Lake Taihu	SHI Yu, ZHOU Yong-qiang, ZHANG Yun-lin, <i>et al.</i> (4915)
Spatial and Temporal Dynamics of Floating Algal Blooms in Lake Chaohu in 2016 and Their Environmental Drivers	HU Min-qi, ZHANG Yu-chao, MA Rong-hua, <i>et al.</i> (4925)
Dynamic Changes of Nitrogen-Transforming and Phosphorus-Accumulating Bacteria Along with the Formation of Cyanobacterial Blooms	PENG Yu-ke, LU Jun-ling, CHEN Hui-ping, <i>et al.</i> (4938)
Impact of Mainstream Backwater on the Water Environment of the Tributaries of the Three Gorges Reservoir at Low Water Level	CHEN Zi-juan, SONG Xian-fang, ZHANG Ying-hua, <i>et al.</i> (4946)
Effect of Silver Nanoparticles on Denitrification and Functional Gene Abundances of Sediment in Dagu River Estuary and Northwest of Jiaozhou Bay	BAI Jie, TIAN Yan-zhao, SUN Peng-fei, <i>et al.</i> (4956)
Spatial Difference and Causes Analysis of the $\delta^{15}\text{N}$ of Suspended Particulate Matter in the Lancang River Basin	TANG Yong-chun, XU Piao, YANG Zheng-jian, <i>et al.</i> (4964)
Vertical Spatial Distribution of Denitrification Intensity in the Vadose Zone of Typical Sections of Chaobai River Alluvial Fan	GENG Hong-zhi, HUAN Huan, LI Ming-xiao, <i>et al.</i> (4972)
Major Ionic Features and Possible Controls in the Groundwater in the Hamatong River Basin	ZHANG Tao, HE Jin, LI Jing-jie, <i>et al.</i> (4981)
Concentration Variations and Flux Estimation of Dissolved Carbon in Karst Spring of a Typical Karst Area	XIONG Bai-lian, ZHANG Jin-zhong, PENG Tao, <i>et al.</i> (4991)
Effect of Different Multi-pond Network Landscape Structures on Nitrogen Retention Over Agricultural Watersheds	LI Yu-feng, LIU Hong-yu, LIU Jun-zhi, <i>et al.</i> (4999)
Characteristics of Phthalic Acid Esters Pollution in Urban Surface Runoff in Shanghai, China	LIU Yu-tong, LI Tian, PENG Hang-yu (5007)
Impacts of Vegetation on Hydrological Performances of Green Roofs Under Different Rainfall Conditions	GE De, ZHANG Shou-hong (5015)
Adsorption of Phosphate from Aqueous Solutions on Sediments Amended with Magnetite-Modified Zeolite	WANG Dan-he, ZHANG Hong-hua, LIN Jian-wei, <i>et al.</i> (5024)
Reduction and Oxidation of Mercury by Dissolved Organic Matter Under Anaerobic Conditions	BIAN Yong-rong, GU Bao-hua, ZHU Bo, <i>et al.</i> (5036)
Photo-assisted Degradation of Sulfamethazine by Ferrocene-catalyzed Heterogeneous Fenton-like System	ZHANG Biao-jun, ZHAO Yao-yun-chuan, FANG Qi, <i>et al.</i> (5043)
N ₂ O Production Pathways in Partial Nitrification Based on Isotope Technology	YANG Yu-bing, YANG Qing, LI Yang, <i>et al.</i> (5051)
Effect of Substrate Ratio on Removal of Nitrogen and Carbon Using Anaerobic Ammonium Oxidation and Denitrification	AN Fang-jiao, HUANG Jian-ming, HUANG Li, <i>et al.</i> (5058)
Simultaneous Nitrogen and Phosphorus Removal Characteristics of An Anaerobic/Aerobic Operated SPNDPR System Treating Low C/N Urban Sewage	YU De-shuang, YUAN Meng-fei, WANG Xiao-xia, <i>et al.</i> (5065)
Lab-scale SNAD Process in Wastewater Treatment Plant	LI Dong, CUI Ya-qian, ZHAO Shi-xun, <i>et al.</i> (5074)
Effect of Salinity on Nitrogen Removal Performance of a Pilot-scale Anaerobic Ammonia Oxidation Process and Its Recovery Kinetics	TANG Jia-jia, YU De-shuang, WANG Xiao-xia, <i>et al.</i> (5081)
Suppression and Recovery Characteristics of Pilot-scale ANAMMOX-ASBR System Treating Desulfurization and Denitrification Tailings from Thermal Power Plant	ZHANG Jun, YU De-shuang, WANG Xiao-xia, <i>et al.</i> (5090)
Impact of C/N Ratio on Nitrogen Removal Performance and N ₂ O Release of Granular Sludge CANON Reactor	FU Kun-ming, JIANG Shan, SU Xue-ying, <i>et al.</i> (5101)
Impacts of Sludge Characteristics on Anaerobic Digestion with Microwave Pretreatment and Archaeal Community Structure Analysis	FANG Ping, TANG An-ping, FU Xing-min, <i>et al.</i> (5108)
Determination of Heavy Metal Baseline Values and Analysis of Its Accumulation Characteristics in Agricultural Land in Chongqing	WU Fu-lin, CHEN Li, YI Ting-hui, <i>et al.</i> (5116)
Characteristics of Organochlorine Pesticides (OCPs) in Soil Samples of Hanjiang River Basin, Southeast China	LIU Jia, DING Yang, QI Shi-hua, <i>et al.</i> (5127)
Occurrence and Distribution of the Organophosphate Esters in Soils of Mixed-land Use Area in Chongqing City	YANG Zhi-hao, HE Ming-jing, YANG Ting, <i>et al.</i> (5135)
Degradation of α -HCH in Soil Washing Solutions with nZVI and CaO ₂	YAO Jing-bo, ZHOU Jie, WANG Ming-xin, <i>et al.</i> (5142)
Microbial Communities in Soils of Qingshitang Industrial District in Zhuzhou	SHEN Li, LI Zhen-hua, ZENG Wei-min, <i>et al.</i> (5151)
Effect of Biochar Addition on the Diversity and Interaction of Rhizosphere Fungi in Manure-fertilized Soil	WANG Dan-dan, YANG Ze-ping, ZHAO Yuan, <i>et al.</i> (5163)
Effects of Returning Nitrogen by Biochar Loading on Paddy Growth, Root Morphology, and Nitrogen Use Efficiency	YU Ying-liang, WANG Yue-man, HOU Peng-fu, <i>et al.</i> (5170)
Effect of Particulate Organic Matter on Cadmium Uptake and Transport in Rice	GUO Yi-xuan, ZHAO Xiu-lan (5180)
Effect of Fertilizers on Cadmium Uptake and Accumulation by Sunflowers	CAO Liu, YANG Jun-xing, GUO Jin-jun, <i>et al.</i> (5189)
Accumulation of Heavy Metals in Different Rice Varieties	LIN Xiao-bing, ZHOU Li-jun, WANG Hui-ming, <i>et al.</i> (5198)
Intercropping <i>Arundo donax</i> with Woody Plants to Remediate Heavy Metal-Contaminated Soil	ZENG Peng, GUO Zhao-hui, XIAO Xi-yuan, <i>et al.</i> (5207)
Daily Variation of CO ₂ Flux at Water-Air Interface and Analysis of Its Affecting Factors in a Typical River of the Three Gorges Reservoir	LUO Jia-chen, LI Si-yue (5217)
CH ₄ Emissions Characteristics and Its Influencing Factors in an Eutrophic Lake	SHANG Dong-yao, XIAO Qi-tao, HU Zheng-hua, <i>et al.</i> (5227)
Short-term Effects of Different Grazing Intensities on Greenhouse Gas Fluxes in Semi-arid Grassland	SHEN Yan, SUN Jian-ping, LUO Yu-kun, <i>et al.</i> (5237)
Effects of Plastic Film Mulching Patterns and Irrigation on Yield of Summer Maize and Greenhouse Gas Emissions Intensity of Field	LUO Xiao-qi, ZHANG A-feng, CHEN Hai-xin, <i>et al.</i> (5246)
Effects of Elevated Ozone on Biogenic Volatile Organic Compounds (BVOCs) Emission: A Review	FENG Zhao-zhong, YUAN Xiang-yang (5257)
Research Progress on the Sources of Inorganic Nitrogen Pollution in Groundwater and Identification Methods	DU Xin-qiang, FANG Min, YE Xue-yan (5266)
Mechanisms and Influencing Factors of Antibiotic Removal in Sewage Biological Treatment	ZHANG Xiang-yu, LI Ru-ying, JI Min (5276)