知方知库
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

2020
Vol.41 No.12
第41卷 第12期

环境科学
(HUANJING KEXUE)
ENVIRONMENTAL SCIENCE
第41卷 第12期
2020年12月15日

目 次(卷终)

我国地级及以上城市臭氧污染来源及控制区划分 …… 闫慧, 张维, 侯墨, 李银松, 高平, 夏青, 孟晓艳, 范丽雅, 叶代启(5215)
2015~2018年我国$PM_{2.5}$健康损害价值的动态评估 …… 李惠娟, 周德群, 魏永杰(5225)
2011~2017年中国$PM_{2.5}$多尺度时空分异特征分析 …… 杨文涛, 谯鹏, 刘贤赵, 雷雨亮(5236)
关中地区$PM_{2.5}$时空演化及人口暴露风险 …… 黄晓军, 祁明月, 李艳雨, 王森, 黄馨(5245)
中原城市冬季两次重污染形成机制及来源 …… 贾佳, 丛怡, 高清敏, 王玲玲, 杨静静, 张国辉(5256)
西北工业城市冬季$PM_{2.5}$污染特征及理化性质 …… 杨燕萍, 陈强, 王莉娜, 杨丽丽(5267)
基于PMF模型的$PM_{2.5}$中金属元素污染及来源的区域特征分析 …… 邓林俐, 张凯山, 殷子渊, 李欣悦, 武文琪, 向锌鹏(5276)
重庆主城大气降尘中重金属污染特征及评价 …… 张夏, 刘斌, 肖柏林, 王佳, 万达(5288)
鄂尔多斯市夏秋季气溶胶新粒子生成过程影响因素分析 …… 孔祥晨, 王红磊, 张连霞, 呼群, 李瑞锋, 许彩琴(5295)
杭州市城区挥发性有机物污染特征及反应活性 …… 景盛翱, 高雅琴, 沈建东, 王倩, 彭亚荣, 李英杰, 王红丽(5306)
成都市区夏季大气挥发性有机物污染特征及来源解析 …… 徐晨曦, 陈军辉, 姜涛, 韩丽, 王波, 李英杰, 王成辉, 刘政, 钱骏(5316)
石家庄市挥发性有机物和臭氧的污染特征及源解析 …… 王帅, 崔建升, 冯亚平, 刘大喜, 陈静, 田亮, 冯超, 王梦璇, 王学臣, 王婷婷(5325)
厦门市工业源VOCs排放清单及控制对策分析 …… 吴冬阳, 庄马展, 吴艳聪, 金磊, 吴义诚, 高攀峰, 刘建福, 金月正, 潘亚雷, 傅海燕(5336)
建筑胶黏剂使用VOCs排放系数与排放清单 …… 梁小明, 孙西勃, 苏燕花, 黄礼海, 陈锋, 任璐, 卢清, 赖君怡, 陈朋龙, 陈来国(5345)
我国西北工业区城市大气多氯联苯来源及健康风险 …… 毛潇萱, 李子璇, 宋世杰, 章晓冬, 高宏, 李春新, 黄韬, 马建民(5352)
基于广州塔观测的城市近地面甲醛垂直分布特征 …… 黄山, 裴成磊, 张莹, 宋奇聪, 齐吉朋, 赵一鸣, 王鸣, 邵敏(5362)
新水沙条件下长江中下游干流水体总磷时空变化分析 …… 卓海华, 娄保锋, 吴云丽, 王瑞琳, 陈杰, 兰静(5371)
三峡库区汉丰湖水体氮磷及化学计量比季节变化特征 …… 钱田, 黄祺, 何丙辉, 李天阳, 刘淑婧, 付适, 曾荣昌, 向可翠(5381)
衡水湖沉积物营养盐形态分布特征及污染评价 …… 张嘉雯, 魏健, 刘利, 王俭, 朱元荣, 段亮(5389)
宜兴市横山水库底泥内源污染及释放特征 …… 崔会芳, 陈淑云, 杨春晖, 唐婉莹, 殷鹏, 尹洪斌(5400)
梅江流域清凉山水库沉积物重金属污染、生态风险评价及来源解析 …… 江涛, 林伟稳, 曹英杰, 黎坤, 溜映雪, 李睿, 陈建耀(5410)
汉江流域金水河与淇河潜在硝化速率及硝化功能基因的影响因子 …… 赵彬洁, 王旭, 张健, 谭香, 何睿, 周全, 史航, 张全发(5419)
山东省滨海旅游度假区水体环境典型全氟化合物污染特征及潜在生态风险 …… 王世亮, 曹雪稚(5428)
太湖重点区域多介质水体中有机磷酸酯的分布特征及来源解析 …… 吕佳佩, 张振飞, 刘杨, 张恒, 王春英, 罗莹, 郭昌胜, 徐建(5438)
岩溶地下水水体中有机氯农药和多氯联苯的残留特征及健康风险评价 …… 叶凯, 孙玉川, 贾亚男, 朱琳跃, 徐昕(5448)
澜沧江硅藻的地理分布模式与关键驱动因素 …… 孙胜浩, 陈娟, 王沛芳, 王超, 王洵, 苗令占, 刘胜, 袁秋生(5458)
白洋淀优势鱼类中喹诺酮类抗生素的生物累积特征及其与环境因子相关性 … 申立娜, 付雨, 张璐璐, 秦珊, 剧泽佳, 姚波, 崔建升(5470)
生物质粒径对负载MgO生物炭吸附水体中磷的影响 …… 王鹏飞, 郅蒙蒙, 储昭升, 崔冠楠(5480)
Bi_2MoO_6/Bi_2S_3异质结光催化降解四环素-铜复合物 …… 黄文鑫, 魏虎, 蒋彩云, 王玉萍(5488)
超滤膜负载UiO-66@Fe_3O_4@UiO-66强化PPCPs去除和膜污染控制 …… 尹越, 吴道文, 孙梦瑶, 吕路, 张炜铭(5500)
低温季节水平潜流和垂直潜流人工湿地尾水深度处理中试 …… 廖雪珂, 严晗璐, 王智源, 陈诚, 何东, 吴月龙, 陈求稳(5509)
盐度渐增对水解微生物群落结构与功能的影响 …… 高京, 张少华, 王锐, 金鹏康(5518)
限NH_4^+和限NO_2^-厌氧氨氧化系统的运行特性及微生物种群特征 …… 宋家俊, 朱明奕, 郭凯成, 汪倩, 刘文如, 沈耀良(5527)
厌氧氨氧化菌富集培养过程微生物群落结构及多样性 …… 闫冰, 夏嵩, 桂双林, 付嘉琦, 吴九九, 熊继海, 魏源送(5535)
二价铁活化过氧化钙提高剩余活性污泥的脱水性能 …… 毕薇薇, 阮书瑜, 陈吴傲啸, 梁方艺, 陈智文, 谢松儒, 唐晶, 邓靖(5544)
中国北方某市城市绿地土壤重金属空间分布特征、污染评价及来源解析 …… 赵靓, 梁云平, 陈倩, 徐谦, 荆红卫(5552)
我国南方水稻产地镉环境质量类别划分技术 …… 窦韦强, 安毅, 秦莉, 林大松, 董明明(5562)
硒在土壤-农作物系统中的分布特征及富硒土壤阈值 …… 王锐, 邓海, 贾中民, 严明书, 周皎, 何忠庠, 梁绍标, 董金秀, 苏黎明(5571)
广东鼻咽癌高发区土壤-作物系统重金属迁移特征及健康风险评价 …… 叶脉, 张景茹, 张路路, 李朝晖, 李兴远, 周永章(5579)
胺鲜酯与螯合剂GLDA联合强化柳枝稷吸收积累镉效果 …… 王正, 孙兆军, SAMEH Mohamed, 王珍, 何俊, 韩磊(5589)
毛竹遗态Fe/C复合材料对As(Ⅴ)污染土壤的钝化修复性能 …… 赵宁宁, 何豪, 冯国杰, 朱宗强, 方雅莉, 李超, 朱义年, 张立浩(5600)
大麦虫幼虫肠道菌群对聚苯乙烯泡沫塑料降解 …… 杨莉, 刘颖, 高婕, 彭霞薇, 白志辉, 庄绪亮(5609)
1株耐油甲醛降解菌的分离鉴定及降解特性 …… 韩茜, 王蓉蓉, 史纯珍(5617)
铜尾矿白羊草叶际和根际细菌群落特征 …… 贾彤, 姚玉珊, 王瑞宏(5628)
生物质炭施用对再生水灌溉空心菜根际微生物群落结构及多样性的影响 …… 崔丙健, 崔二苹, 胡超, 樊向阳, 高峰(5636)
废弃物基水热炭改良对水稻产量及氮素吸收的影响 …… 侯朋福, 薛利红, 冯彦房, 余姗, 杨林章(5648)
基于GIS和PMF模型的石嘴山市土壤多环芳烃空间分布及来源解析 …… 夏子书, 王玉玉, 钟艳霞, 白一茹, 王幼奇, 杨帆, 李鸣骥(5656)
氮肥和秸秆还田方式对麦玉轮作土壤N_2O排放的影响 …… 许宏伟, 李娜, 冯永忠, 任广鑫, 谢呈辉, 吕宏菲, 马星霞, 郝嘉琪(5668)
《环境科学》第41卷(2020年)总目录 …… (5677)
《环境科学》征订启事(5344) 《环境科学》征稿简则(5361) 信息(5287, 5499, 5508)

Eco-Environmental Knowledge Web

环 境 科 学
Environmental Science

第41卷第12期 2020年12月
Vol.41, No.12 Dec., 2020

厌氧氨氧化菌富集培养过程微生物群落结构及多样性

闫冰[1,2], 夏嵩[1], 桂双林[1], 付嘉琦[1], 吴九九[1], 熊继海[1], 魏源送[1,2]*

(1. 江西省科学院能源研究所, 南昌 330096; 2. 中国科学院生态环境研究中心水污染控制实验室, 北京 100085)

摘要: 为深入理解厌氧氨氧化菌富集培养过程微生物群落变化特征,采用 ASBR 反应器进行厌氧氨氧化菌富集培养,考察了不同培养时间微生物群落组成、多样性及物种网络关系. 结果表明,通过逐步提高基质浓度,实现了厌氧氨氧化菌富集, NH_4^+-N和NO_2^--N去除率分别为 97.6% 和 95.4%,总氮去除率为 84.9%. 高通量测序发现,整个培养过程优势菌门(相对丰度 >5%)为变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、绿弯菌门(Chloroflexi)、浮霉菌门(Planctomycetes)、装甲菌门(Armatimonadetes)和放线菌门(Actinobacteria); 富集培养获得的主要厌氧氨氧化菌为 *Candidatus Brocadia*,相对丰度从 1.42% 增长到 24.66%; 培养过程,微生物群落优势菌群组成未发生变化,但相对丰度呈现显著差异($P<0.05$). 富集培养过程不同时间,微生物群落 α 多样性呈现先升高后降低的趋势,且存在显著差异($P<0.05$); 微生物群落 β 多样性在富集培养过程发生明显空间分异特征,且存在显著差异($R=0.5672$, $P<0.01$). 培养过程不同时间,物种网络密度分别为 0.188、0.068、0.059、0.18 和 0.0735; 虽然富集培养过程导致微生物间的关联作用变弱,但浮霉菌门相关类群的物种成为网络中的主要节点.

关键词: 厌氧氨氧化(ANAMMOX); 微生物; 群落特征; 网络分析; 高通量测序

中图分类号: X172 **文献标识码**: A **文章编号**: 0250-3301(2020)12-5535-09 **DOI**: 10.13227/j.hjkx.202005278

Microbial Community Structure and Diversity During the Enrichment of Anaerobic Ammonium Oxidation Bacteria

YAN Bing[1,2], XIA Song[1], GUI Shuang-lin[1], FU Jia-qi[1], WU Jiu-jiu[1], XIONG Ji-hai[1], WEI Yuan-song[1,2]*

(1. Institute of Energy, Jiangxi Academy of Sciences, Nanchang 330096, China; 2. Laboratory of Water Pollution Control, Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China)

Abstract: To understand the changes in microbial community characteristics during the enrichment of anaerobic ammonium oxidation (ANAMMOX) bacteria, an ASBR reactor was used to culture the ANAMMOX bacteria. The composition, diversity, and species co-occurrence network of the microbial community were investigated under different cultivation times. The results showed that the ANAMMOX bacteria were enriched by gradually increasing the substrate concentration, with removal efficiencies for NH_4^+-N, NO_2^--N, and total nitrogen of 97.6%, 95.4%, and 84.9%, respectively. The high-throughput sequencing found that the dominant phyla (relative abundance >5%) were Proteobacteria, Bacteroidetes, Chloroflexi, Planctomycetes, Armatimonadetes, and Actinobacteria in the whole culture process. *Candidatus Brocadia* was the main ANAMMOX bacteria in the reactor, with its relative abundance increasing from 1.42% to 24.66%. During the cultivation process, the composition of the dominant microbial community did not change, while the relative abundance showed a significant difference ($P<0.05$). The alpha diversity of the microbial community significantly increased first and then decreased ($P<0.05$), and the beta diversity of the microbial community was significantly spatially differentiated ($R=0.5672$, $P<0.01$) during the culture process. Species network densities were 0.188, 0.068, 0.059, 0.18, and 0.0735 at different times during the culture process. Although the enrichment culture process resulted in weaker correlations between microorganisms, the related group of microorganisms in the phylum Aspergillus became the main node in the network. The enrichment process weakened the correlation between microorganisms; however, the microbial taxa related to the phylum Planctomycetes became the key node in the network.

Key words: anaerobic ammonium oxidation (ANAMMOX); microbial; community characteristic; network analysis; high-throughput sequencing

厌氧氨氧化(anaerobic ammonium oxidation, ANAMMOX)是在厌氧条件下,由厌氧氨氧化菌(AnAOB)以NH_4^+-N 和NO_2^--N为基质,生成 N_2 和NO_3^--N的生物过程. 厌氧氨氧化因其高效、低耗的特征受到广泛关注[1,2],被认为具有广阔的应用前景[3]. 然而作为关键功能菌,厌氧氨氧化细菌(AnAOB)生长缓慢[4,5],易受环境变化的影响,从而限制了基于 ANAMMOX 工艺的推广应用[6,7]. 厌氧氨氧化工艺高效脱氮的本质是微生物群落的协同作用,微生物群落是功能菌和伴生菌的集聚体. 通过微生物群落优化,可以调控废水生物处理系统的性能[8]. 然而,微生物群落数据不足,尤其是群落结构、功能和生长动力学特征等认识不深,是微生物群落优化的主要阻碍. 因此,全面了解厌氧氨氧化工艺微生物群落特征、演变规律及微生物间的相互作

收稿日期: 2020-05-27; **修订日期**: 2020-06-23

基金项目: 江西省重点研发计划项目(20171ACG70018); 江西省科学院重点项目(2018-YZD2-07); 江西省科学院博士基金项目(2017-YYB-06)

作者简介: 闫冰(1986~),男,博士,助理研究员,主要研究方向为环境微生物学,E-mail: yanbing718@126.com

* 通信作者,E-mail: yswei@rcees.ac.cn

用关系,对阐明厌氧氨氧化工艺快速启动和高效稳定运行背后的生物学机制至关重要.

当前,随着分子生物学技术的普及,厌氧氨氧化反应器微生物群落分析得到快速发展[9]. 厌氧氨氧化启动过程中,微生物群落发生显著变化,浮霉菌门丰度显著增加. 微生物群落随着反应器脱氮效率的变化而发生变化. 有研究表明,厌氧氨氧化成功启动后,浮霉菌门丰度显著高于变形菌门[10,11],但其他研究认为变形菌门丰度更高[12,13]. 同时,有研究对不同反应器类型、不同水质条件、不同接种物及不同运行条件下,厌氧氨氧化反应器的微生物群落结构特征及差异进行分析; Yang 等[14]的研究分析了反应器运行性能与微生物群落的关系. 上述研究为厌氧氨氧化反应器微生物群落认识及理解其脱氮的生物学机制提供了基础数据. 但已有研究主要关注氮素转化功能菌群的特征及其与脱氮效率间的变化关系,对于伴生菌、微生物群落多样性及微生物间的相互作用关系仍不清楚.

本研究基于 SBR 反应器,进行厌氧氨氧化菌富集培养,利用高通量测序技术,分析了富集培养过程微生物群落组成、结构及多样性差异,以揭示微生物群落在厌氧氨氧化富集培养过程中的演变规律,并探讨微生物类群的相互作用关系,以期为深入理解厌氧氨氧化菌富集培养过程的微生物群落特征提供基础数据.

1 材料与方法

1.1 实验装置及接种污泥

本实验采用的 ASBR 反应器,装置如图 1 所示,由有机玻璃制成,有效容积 5 L; 反应器内置 pH 电极、DO 电极、温度传感器和搅拌桨; 侧壁设置出水口和采样口,顶部设有排气口,底部设有排泥口; 外置水浴层,并用铝箔包裹避光; 通过 PLC 控制进出水及搅拌.

反应器接种污泥为南昌市某污水处理厂二沉池回流污泥和实验室稳定运行的 SBR 反应器厌氧氨氧化污泥,按体积比 2∶1 进行接种,接种后其 MLSS 和 VSS 分别为 8.406 $g\cdot L^{-1}$和 5.356 $g\cdot L^{-1}$.

1.2 实验用水及运行条件

实验用水为人工配制合成的模拟废水,其中 NH_4^+-N和NO_2^--N分别由 NH_4Cl 和 $NaNO_2$ 按需提供,其他组分包括: $NaHCO_3$ 500 $mg\cdot L^{-1}$、KH_2PO_4 25 $mg\cdot L^{-1}$、$MgSO_4\cdot 7H_2O$ 300 $mg\cdot L^{-1}$、$CaCl_2$ 120 $mg\cdot L^{-1}$以及微量元素浓缩液Ⅰ、Ⅱ各 1 $mL\cdot L^{-1}$,微量元素浓缩液参照文献[15]配制.

反应器内控制温度为 35℃,采用间歇方式运行,每个周期进水 7 min,运行 11 h,沉淀 50 min,出水 3 min,排水比 50%,搅拌速度为 70 $r\cdot min^{-1}$,反应器 HRT 设定为 24 h.

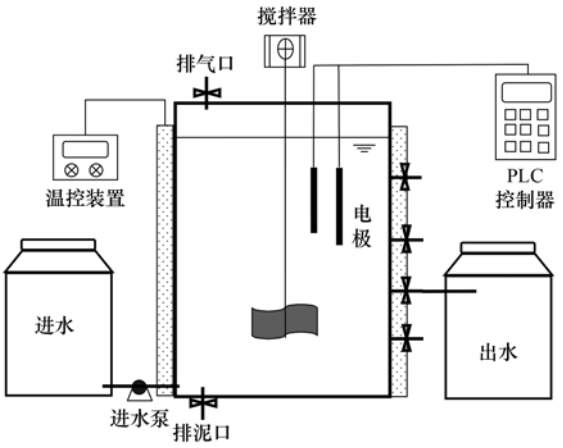


图 1 反应器示意

Fig. 1 Schematic diagram of reactor

1.3 水质测试方法及污泥样品采集

反应器运行过程中每两天取进出水,水样经 0.45 μm 滤纸过滤,用纳氏试剂分光光度法、*N*-(1-萘基)-乙二胺分光光度法和紫外分光光度法,分别测定NH_4^+-N、NO_2^--N和NO_3^--N浓度.

反应器运行过程中,分别于第 0(S1)、30(S2)、60(S3)、120(S4)和 180 d(S5)进行污泥样品采集,其中第 0 d 和 120 d 进行 3 次重复采样; 其余进行 4 次重复样品采集,共采集 18 个样品. 采集的污泥样品经离心后,于 -80℃冰箱保存待用.

1.4 DNA 提取、基因扩增及高通量测序

污泥总 DNA 提取采用 FastDNA® SPIN Kit for soil(MP Biomedicals, Santa Ana, CA, U.S)试剂盒,具体步骤按操作说明进行; 提取得到的样品总 DNA,利用琼脂糖凝胶电泳进行定性检测,经 SMA4000 超微量分光光度计(Merinton, USA)测定其浓度、纯度后,再将提取的总 DNA 分成 3 份放置于 -80℃冰箱保存待用.

针对细菌和古菌 16S rRNA 基因 V4 区,使用通用引物 515F(5′-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3′)和 806R (5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT- 3′) 进行 PCR 扩增. PCR 反应体系: 10 × Ex *Taq* buffer 4 μL, dNTPs 2 μL, BSA 0.2 μL, 2.5 U TaKaRa Ex *Taq* DNA 聚合酶 0.25 μL,引物各 1 μL,DNA 模板 1 μL,灭菌超纯水补足体系至 25 μL; PCR 反应条件: 预变性温度 94℃(2 min); 变性温度 94℃(30 s),退火温度 53℃(30 s),延伸温度 72℃(45 s), 25 次循环后 72℃终止延伸 10 min.

PCR 扩增产物经 2% 的琼脂糖凝胶检测,使用 E.Z.N.A.TM 公司的 Gel Extraction Kit 凝胶回收试

剂盒进行纯化，并用 QuantiFluorTM-ST 进行定量分析后，构建 MiSeq 文库，利用 Illumina MiSeq 测序平台完成测序. 本研究测序工作交由测序公司完成.

1.5　高通量数据处理与统计分析

高通量测序原始数据利用 FastQC 进行初始质量控制，后续处理基于 QIIME 2 2020.2[16] 实现. 首先，生成清单文件（manifest）用 qiime tools import 导入数据；用 q2-demux 对序列进行样本拆分；随后使用 DADA2 进行质量过滤和去噪，输出“扩增序列变体”（ASV）的特征表（FeatureTable[Frequency]）和特征序列（FeatureData[Sequence]）；使用经过预训练的 Naive Bayes 分类器，并由 q2-feature-classifier 对 FeatureData[Sequence] 的序列进行物分类种注释. 接下来使用 q2-phylogeny 插件 mafft 进行序列比对并用 q2-phylogeny 插件 fasttree2 构建生成系统发育树；应用 core-metrics-phylogenetic 方法，该方法将特征表（FeatureTable[Frequency]）抽平到指定的测序深度，通过 q2-diversity 计算 α 和 β 多样性指数，包括：香农（Shannon's）多样性指数、Observed OTUs、Faith's 系统发育多样性、辛普森（Simpson）多样性指数和 Bray-Curtis 距离.

基于不同富集培养时间（S1、S2、S3、S4 和 S5）相对丰度前 100 的物种，构建微生物物种网络；利用 Cytoscape（3.7.1）软件中 CoNet 插件进行微生物群落网络关系分析；选取 5 种相关计算方法（Spearman 相关性，Pearson 相关性，Kullback-Leibler dissimilarity，Bray-Curtis dissimilarity 和 mutual information），并用 Brown 方法对物种方法的 P 值进行整合，保留显著相关（$P<0.05$）的数据进行后续分析，之后选取 Benjamini-Hochberg 方法进行多重检验获得网络相关性；将网络相关性数据导入 Gephi 软件（0.9.2），利用 Frucherman Reingold 算法进行布局，实现网络图可视化；利用 Cytoscape 软件中 Network Analyzer 插件进行网络拓扑性质分析.

对不同分组数据门水平相对丰度和 α 多样性指数进行两两 Student-t 检验；基于 Bray-Curtis 距离用主坐标分析（principal coordinates analysis，PCoA）比较不同分组样品间群落 β 多样性差异，并用非参数多元方差分析（Adonis）进行差异检验；本文所有统计分析及做图均基于 R（3.5.1）不同程序包实现.

2　结果与讨论

2.1　反应器脱氮性能

厌氧氨氧化菌富集培养过程中，反应器运行特征如图 2. 依据氮素转化特征，将整个富集培养过程归为：菌体自溶期、活性迟滞期、活性提高期和稳定运行期，这与已有研究结果一致. 反应器运行第 1 ~ 8 d，出水NH_4^+-N浓度高于进水，同时，出水NO_2^--N浓度从零逐渐升高，且没有NO_3^--N生成. 反应器接种后，微生物未适应新环境，进而导致微生物菌体发生自溶[17,18]，释放出有机物和NH_4^+-N. 反硝化菌利用菌体自溶释放的有机物将NO_2^--N去除，使得出水NO_2^--N浓度为零[19]. 随着培养时间的增长，微生物逐步适应环境，菌体自溶阶段结束，反硝化作用明显减弱，因此出水NO_2^--N浓度升高.

第 10 ~ 16 d，出水NH_4^+-N浓度降低，并呈现出出水NO_2^--N浓度同步降低，但整个过程去除率仍然维持在较低水平，NH_4^+-N平均去除率仅为 19.5%，NO_2^--N平均去除率为 16.7%. 说明微生物逐渐适应环境，反应器开始出现厌氧氨氧化活性[20]. 第 18 d 开始，NH_4^+-N和NO_2^--N呈现较强的同步去除趋势，且去除率逐步提升，表明厌氧氨氧化开始逐步占据主导地位[21]，厌氧氨氧化菌活性逐渐增强[22]；到第 60 d，NH_4^+-N去除率达到 97.4%，NO_2^--N去除率达到 98.5%，反应器脱氮效率得到显著提升，此时厌氧氨氧化菌群得到有效富集，并且成为反应器的优势菌群[23,24].

第 60 ~ 180 d，反应器进入稳定运行阶段，NH_4^+-N和NO_2^--N平均出水浓度分别为 2.28 mg·L^{-1} 和 4.81 mg·L^{-1}；平均去除率分别为 97.6% 和 95.4%，总氮平均去除率为 84.9%，且整体运行较为稳定. NH_4^+-N∶NO_2^--N∶NO_3^--N为 1∶(1.2 ± 0.05)∶(0.25 ± 0.01)与理论值（1∶1.32∶0.26）接近[25]，表明厌氧氨氧化反应器已成功启动.

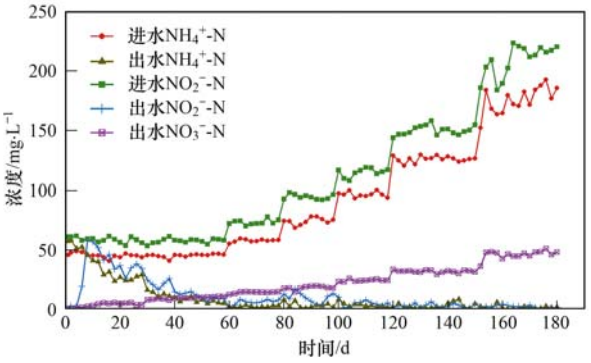


图 2　厌氧氨氧化菌培养过程反应器脱氮性能

Fig. 2　Nitrogen removal performance of reactors during ANAMMOX bacterial culturing

2.2　微生物群落组成特征

通过对 18 个样品进行高通量测序，共获得 1 056 225条高质量序列，每个样品33 183 ~ 74 828 条，平均58 679条. 所有样品共获得 47 个门、111 个纲、277 个目、472 个科、863 个属和1 543个种. 优

势菌门(相对丰度 > 5%)为变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、绿弯菌门(Chloroflexi)、浮霉菌门(Planctomycetes)、装甲菌门(Armatimonadetes)和放线菌门(Actinobacteria)(图3). 与已有研究相比,虽然反应器运行条件、运行方式等不同,但优势菌群门水平组成相似[24,26~28]. 随反应器脱氮性能逐渐稳定提高,厌氧氨氧化菌所属的浮霉菌门相对丰度不断升高,接种时浮霉菌门相对丰度只有3.96%,到180 d达到31.06%. 同时,厌氧异养菌有关的拟杆菌门相对丰度呈下降趋势,且与氮素转化相关的功能菌所属主要菌群(变形菌门和浮霉菌门)相对丰度占细菌总量的49.69%,因此反应器实现了厌氧氨氧化菌富集的同时也拥有较好的脱氮效果[28].

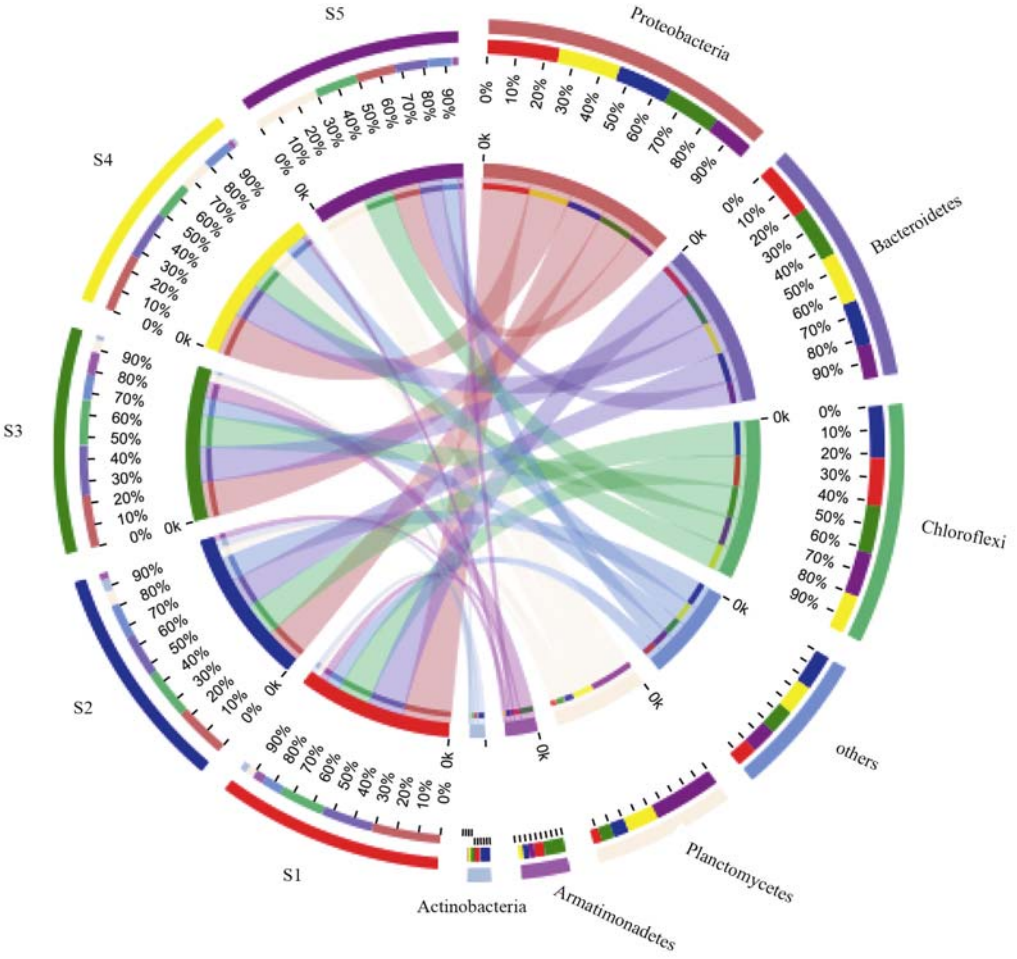
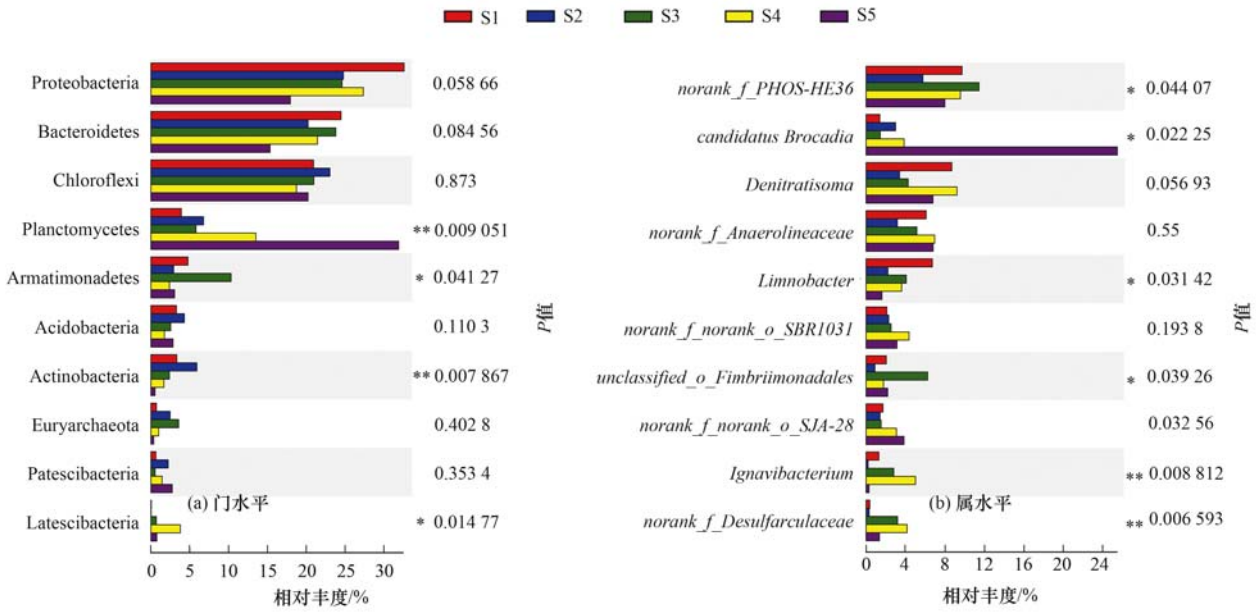


图3 门水平相对丰度

Fig. 3 Relative abundance at phylum level

对富集培养过程不同时间微生物群落(丰度排名前10的菌门和属)对比分析发现(图4),浮霉菌门、放线菌门、装甲菌门和匿杆菌门(Latescibacteria)相对丰度存在显著差异($P<0.05$),属水平上 *norank_f_PHOS-HE36*、*candidatus Brocadia*、*Limnobacter*、*unclassified_o_Fimbriimonadales*、*Ignavibacterium* 和 *norank_f_Desulfarculaceae* 的相对丰度存在显著差异($P<0.05$). 一般而言,氮素转化功能菌群(包括氨氧化细菌、亚硝酸盐氧化菌和反硝化菌)隶属于拟杆菌门[29,30],而拟杆菌门的某些类群也具有反硝化功能[31],它们的相对丰度在整个培养过程中呈显著下降趋势;绿弯菌门等丝状菌被认为在污泥体系中扮演支撑角色[32],起骨架和载体作用的重要伴生功能菌,它们的相对丰度在整个培养过程中未出现显著变化.

Limnobacter 被认为可以缓冲外界环境对厌氧氨氧化菌的影响[33],而 *Ignavibacterium* 则是厌氧氨氧化系统常见的菌属[34],具有反硝化功能. 值得注意的是 *Candidatus Brocadia* 的相对丰度,在第180 d相比于其他时间显著提升,这可能是导致浮霉菌门丰度显著增加的主要原因,也是厌氧氨氧化菌完成富集及反应器脱氮效果提升的关键. *Candidatus Brocadia* 相对丰度从1.42%增长到24.66%,是反应器中富集到的主要厌氧氨氧化菌. 实验室反应器中常见的厌氧氨氧化菌为 *Candidatus Brocadia* 和 *Candidatus Kuenenia*[11,27,28,35],他们对基质的适应能



* 表示 $P<0.05$；** 表示 $P<0.01$

图 4　富集培养过程微生物群落组成差异

Fig. 4　Difference in microbial community composition during the culturing process

力不同[36]，相比而言，前者对基质亲和力差但增殖速率高，后者不但能利用低浓度亚硝态氮而且对亚硝态氮的抑制更耐受[36~38]．虽然厌氧氨氧化菌富集培养过程微生物群落优势菌群组成相似，但相对丰度存在显著差异，整个过程是目标菌群不断增殖而其他伴生菌群不生长或衰退的过程．

韦恩（Venn）图可以用来清晰且直观地表示不同分组间群落物种数目的异同情况，富集培养过程不同时间微生物群落共有和特有物种（ASV）如图 5 所示．5 个不同时间共有 ASV 792 个，其中 S1、S2、S3、S4 和 S5 分别有特有 ASV 65、437、117、73 和 65 个．随着富集培养过程，不同时间特有种的数量先急剧增加后逐渐减少，说明某些微生物类群短暂出现，但并不能适应反应器运行条件长期伴生于厌氧氨氧化系统．由此推断，反应器接种后的一段时间内，由于菌体自溶产生的某些物质或开始的低浓度基质导致稀有种（相对丰度 $<0.1\%$）的大量出现．

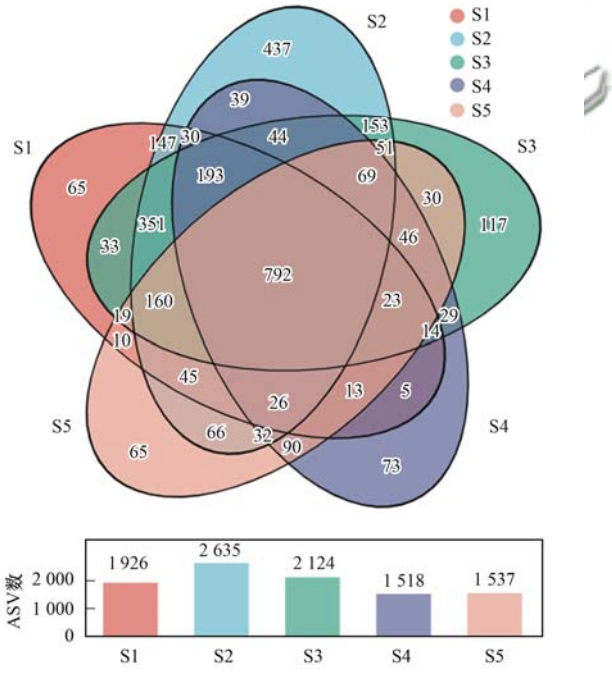
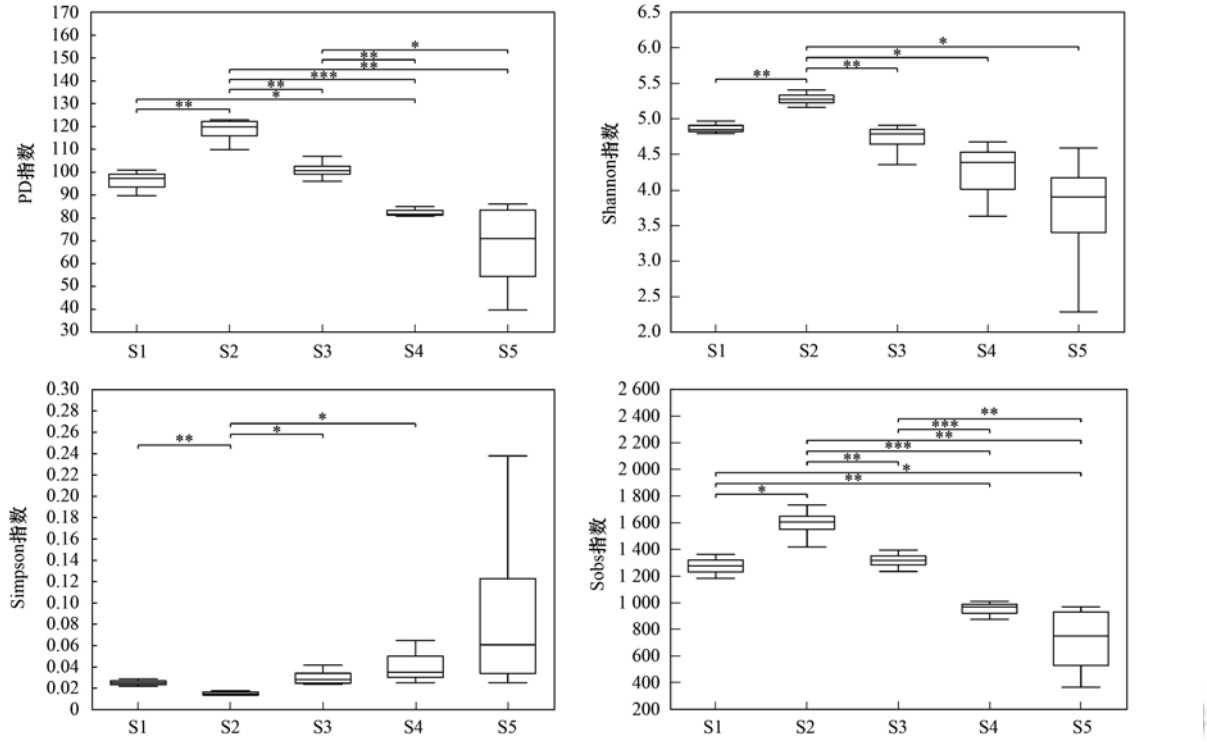


图 5　基于 ASV 的微生物群落韦恩图

Fig. 5　Venn diagram of microbial communities based on ASV

2.3　微生物群落多样性变化

选择 Sobs 指数、Shannon 指数、Simpson 指数和 PD 指数，反映富集培养过程微生物群落多样性特征．由图 6 可知，富集培养过程不同时间，微生物群落多样性呈现先升高后降低的趋势，且存在显著差异（$P<0.05$）．可能原因是随着厌氧氨氧化菌的逐渐富集，不适应厌氧氨氧化系统环境的物种逐渐被淘汰，系统微生物群落多样性减少．Wang 等[39]的研究发现，部分亚硝化-厌氧氨氧化系统硝酸盐累积及恢复过程中，微生物群落多样性呈现先增加后减小趋势．同时，需要关注的是接种运行第 30 d（S2），微生物群落多样性指数显著高于其它时间，说明这段时间出现适应不同环境的微生物群落共存的情况．这与已有的研究结果不同，何承兴等[40]的研究发现，厌氧氨氧化启动过程中微生物多样性迅速降低；曹雁等[41]的研究认为相比于富集阶段，厌氧氨氧化反应器稳定运行阶段微生物群落多样性较高．然而，姜滢等[28]的研究认为启动初期厌氧氨氧化颗粒污泥的物种多样性降低，随着培养时间增加群落



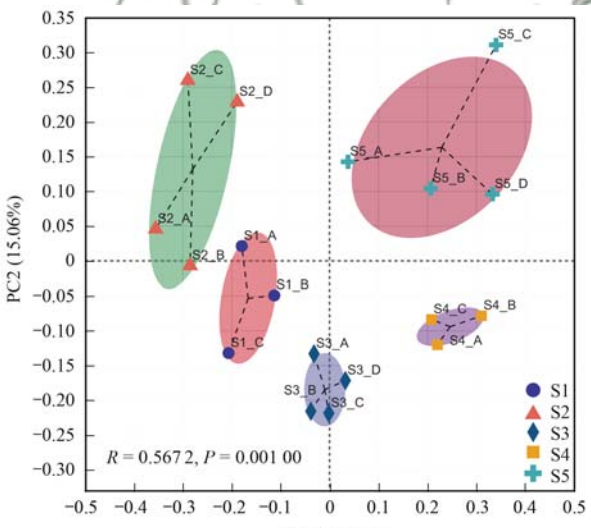
* 表示 $P<0.05$；** 表示 $P<0.01$；*** 表示 $P<0.001$

图 6 富集过程微生物群落 α 多样性指数

Fig. 6 The α diversity indices of microbial community during the enrichment process

多样性略有增加. 笔者发现,上述研究取样主要集中于接种期和运行稳定期,没有对整个过程进行连续采样,因此造成上述不同结果的原因可能是取样时间节点不同所致. 推测认为,随着富集培养时间的延长,反应器内厌氧氨氧化菌成为优势菌群,相对丰度逐渐提高,其它菌群停止生长或被淘汰,因此系统中形成了一个相对单一但稳定的微生物群落.

基于 Bray-Curtis 距离对富集培养过程不同时间微生物群落数据进行柱坐标分析(PCoA),如图 7 所示,结果表明,第一主成分(PC1)和第二主成分(PC2)的贡献率分别为 29.48% 和 15.06%. 不同时间样品在空间上呈现出显著的分异特征,说明不同时间的微生物群落组间差异远大于组内差异. 而微生物群落非参数多元方差分析(Adonis)也表明,不同时间微生物群落之间存在显著差异($R=0.5672$, $P<0.01$),微生物群落 β 多样性在富集培养过程发生显著变化.



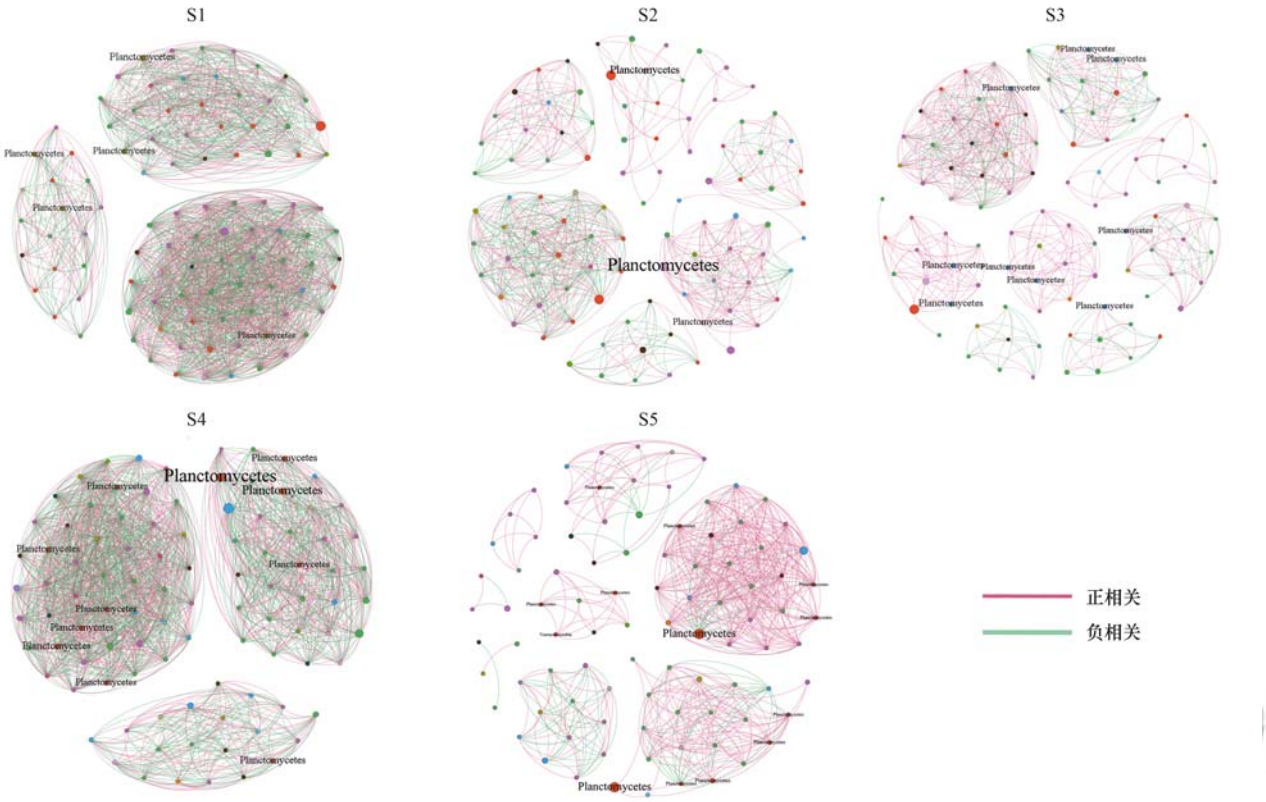
S1_A、S1_B、S1_C 和 S1_D 表示 S1 组的 4 个重复样品,以此类推

图 7 富集培养过程不同时间微生物群落 PCoA 图

Fig. 7 PCoA diagram of microbial community under different phases during culturing process

2.4 微生物网络分析

有研究表明,土壤微生物群落的共生模式可以从新的视角理解潜在的微生物相互作用关系,并揭示群落物种的空间生态位[42]. 本文基于厌氧氨氧化菌富集培养过程不同时间,构建了 5 个微生物群落相互作用关键网络(图 8). S1 共获得 99 个物种节点, 1 825个显著相关关系(边); S2 共获得 96 个物种节点, 618 个显著相关关系; S3 共获得 98 个物种节点, 558 个显著相关关系; S4 共获得 98 个物种节点, 1 708个显著相关关系; S5 共获得 92 个物种节点, 615 个显著相关关系(表 1). 这些网络关系显示了不同微生物类群间的潜在交互作用. 每一个物种在图中显示为一个节点,每个节点与其他节点的边数量水平称为度,度越强说明相互关系越强.



图中节点代表物种，节点大小表示物种丰度，不同颜色代表所属的门；边代表物种间的相互关系，边的颜色代表正相关或负相关

图 8　不同培养阶段微生物网络

Fig. 8　Microbiome networks under different culturing stages

S1 中每个节点的度分布为 17 ~ 48；S2 中每个节点的度分布为 2 ~ 23；S3 中每个节点的度分布为 1 ~ 21；S4 中每个节点的度分布为 19 ~ 44；S5 中每个节点的度分布为 1 ~ 25，并且相比于 S1、S2、S4，S3 和 S5 网络的聚类系数较低，说明富集培养初期微生物关联性更紧密. 同时，S1 网络密度为 0. 188，分别比 S2、S3、S4 和 S5 高 0. 12、0. 129、0. 008 和 0. 115，说明富集培养过程导致微生物间的关联作用变弱，但相比富集培养中期而言后期的微生物关联性稍有增强. 虽然富集培养后期微生物网络关联作用关系有所减弱，但是浮霉菌门的相关类群微生物成为网络中的主要节点.

表 1　每个网络的拓扑学指数

Table 1　Topological indices of each network

项目	S1	S2	S3	S4	S5
节点数	99	96	98	98	92
边数	1825	618	558	1078	615
聚类系数	0. 5	0. 5	0. 480	0. 5	0. 478
网络密度	0. 188	0. 068	0. 059	0. 18	0. 073

3　结论

（1）利用 ASBR 接种二沉池回流污泥和厌氧氨氧化污泥的混合泥，通过逐步提高进水负荷实现厌氧氨氧化菌富集培养，稳定运行期间 NH_4^+-N、NO_2^--N及总氮平均去除率分别为 97. 6%、95. 4% 及 84. 9%.

（2）富集培养过程不同时间，微生物群落优势菌门都为变形菌门（Proteobacteria）、拟杆菌门（Bacteroidetes）、绿弯菌门（Chloroflexi）、浮霉菌门（Planctomycetes）、装甲菌门（Armatimonadetes）和放线菌门（Actinobacteria），没有发生显著变化，但相对丰度呈现显著差异（$P < 0.05$）；*Candidatus Brocadia* 作为富集培养到的厌氧氨氧化菌，相对丰度从 1. 42% 增长到 24. 66%.

（3）富集培养过程不同时间，微生物群落 α 的多样性存在显著差异（$P < 0.05$）；微生物群落 β 多样性在不同培养时间呈现明显空间分异，且差异显著（Adonis：$R = 0.5672$，$P < 0.01$）.

（4）富集培养过程不同时间，微生物物种网络关系发生变化；虽然整体的微生物类群间相互作用关系减弱，但与浮霉菌门相关的微生物关联性变得更密切.

参考文献：

[1] Van Loosdrecht M C M, Brdjanovic D. Anticipating the next century of wastewater treatment [J]. Science, 2014, **344** (6191): 1452-1453.

[2] Lackner S, Gilbert E M, Vlaeminck S E, *et al*. Full-scale partial nitritation/anammox experiences-an application survey [J].

Water Research, 2014, **55**(10): 292-303.
[3] Ali M, Okabe S. Anammox-based technologies for nitrogen removal: Advances in process start-up and remaining issues[J]. Chemosphere, 2015, **141**: 144-153.
[4] Lotti T, Kleerebezem R, Lubello C, *et al*. Physiological and kinetic characterization of a suspended cell anammox culture[J]. Water Research, 2014, **60**: 1-14.
[5] Kartal B, Van Niftrik L, Keltjens J T, *et al*. Chapter 3-Anammox-growth physiology, cell biology, and metabolism[J]. Advances in Microbial Physiology, 2012, **60**: 211-262.
[6] Lu Y F, Ma L J, Ma L, *et al*. Improvement of start-up and nitrogen removal of the anammox process in reactors inoculated with conventional activated sludge using biofilm carrier materials [J]. Environmental Technology, 2018, **39**(1): 59-67.
[7] Zhang Z Z, Zhang Q Q, Guo Q, *et al*. Anaerobic ammonium-oxidizing bacteria gain antibiotic resistance during long-term acclimatization[J]. Bioresource Technology, 2015, **192**: 756-764.
[8] Yuan Z G, Blackall L L. Sludge population optimisation: a new dimension for the control of biological wastewater treatment systems[J]. Water Research, 2002, **36**(2): 482-490.
[9] Daims H, Taylor M W, Wagner M. Wastewater treatment: a model system for microbial ecology[J]. Trends in Biotechnology, 2006, **24**(11): 483-489.
[10] 王晗, 李瀚翔, 陈猷鹏, 等. 盐度条件下 ANAMMOX-EGSB 反应器颗粒污泥微生物群落[J]. 环境科学, 2019, **40**(4): 1906-1913.
Wang H, Li H X, Chen Y P, *et al*. Microbial community of granular sludge in an ANAMMOX-EGSB reactor under saline conditions[J]. Environmental Science, 2019, **40**(4): 1906-1913.
[11] 陈彦霖, 隋倩雯, 姜黎安, 等. 厌氧氨氧化菌快速富集培养及微生物机制解析[J]. 中国给水排水, 2018, **34**(13): 26-31.
Chen Y L, Sui Q W, Jiang L A, *et al*. Quick enrichment of ANAMMOX bacteria and microbial community mechanism analysis[J]. China Water & Wastewater, 2018, **34**(13): 26-31.
[12] 杨开亮, 廖德祥, 王莹, 等. 厌氧氨氧化快速启动及微生物群落演替研究[J]. 水处理技术, 2020, **46**(5): 65-70.
Yang K L, Liao D X, Wang Y, *et al*. Study on rapid star-up and microbial community succession of Anammox[J]. Technology of Water Treatment, 2020, **46**(5): 65-70.
[13] 陈重军, 张海芹, 汪瑶琪, 等. 基于高通量测序的 ABR 厌氧氨氧化反应器各隔室细菌群落特征分析[J]. 环境科学, 2016, **37**(7): 2652-2658.
Chen C J, Zhang H Q, Wang Y Q, *et al*. Characteristics of microbial community in each compartment of ABR ANAMMOX reactor based on high-throughput sequencing[J]. Environmental Science, 2016, **37**(7): 2652-2658.
[14] Yang W, He S L, Han M, *et al*. Nitrogen removal performance and microbial community structure in the start-up and substrate inhibition stages of an anammox reactor [J]. Journal of Bioscience and Bioengineering, 2018, **126**(1): 88-95.
[15] Van De Graaf A A, De Bruijn P, Robertson L A, *et al*. Autotrophic growth of anaerobic ammonium-oxidizing micro-organisms in a fluidized bed reactor[J]. Microbiology, 1996, **142**(8): 2187-2196.
[16] Bolyen E, Rideout J R, Caporaso J G, *et al*. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2[J]. Nature Biotechnology, 2019, **37**(8): 852-857.
[17] Tang C J, Zheng P, Mahmood Q, *et al*. Start-up and inhibition analysis of the Anammox process seeded with anaerobic granular sludge[J]. Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology, 2009, **36**(8): 1093-1100.
[18] Qin Y J, Han B, Cao Y, *et al*. Impact of substrate concentration on anammox-UBF reactors start-up[J]. Bioresource Technology, 2017, **239**: 422-429.
[19] Wang T, Zhang H M, Gao D W, *et al*. Enrichment of Anammox bacteria in seed sludges from different wastewater treating processes and start-up of Anammox process[J]. Desalination, 2011, **271**(1-3): 193-198.
[20] Jetten M S M, Strous M, Van De Pas-Schoonen K T, *et al*. The anaerobic oxidation of ammonium [J]. FEMS Microbiology Reviews, 1998, **22**(5): 421-437.
[21] 闾刚, 徐乐中, 沈耀良, 等. 快速启动厌氧氨氧化工艺[J]. 环境科学, 2017, **38**(3): 1116-1121.
Lü G, Xu L Z, Shen Y L, *et al*. Quick start-up of anaerobic ammonium oxidation process[J]. Environmental Science, 2017, **38**(3): 1116-1121.
[22] 杨洋, 左剑恶, 沈平, 等. 接种不同普通污泥的厌氧氨氧化反应器的启动运行研究[J]. 环境科学, 2004, **25**(S1): 39-42.
Yang Y, Zuo J E, Shen P, *et al*. Start-up of anaerobic ammonia oxidation reactors inoculated with different sludge [J]. Environmental Science, 2004, **25**(S1): 39-42.
[23] 于德爽, 李伟刚, 李津. ASBR 反应器厌氧氨氧化脱氮Ⅰ: 工艺特性与控制策略[J]. 中国环境科学, 2013, **33**(12): 2176-2183.
Yu D S, Li W G, Li J. Nitrogen removal in the Anammox sequencing batch reactor Ⅰ: performance and control strategies [J]. China Environmental Science, 2013, **33**(12): 2176-2183.
[24] 汪瑶琪, 张敏, 姜滢, 等. 厌氧氨氧化启动过程及微生物群落结构特征[J]. 环境科学, 2017, **38**(12): 5184-5191.
Wang Y Q, Zhang M, Jiang Y, *et al*. Start-up and characteristics of the microbial community structure of ANAMMOX[J]. Environmental Science, 2017, **38**(12): 5184-5191.
[25] Strous M, Van Gerven E, Zheng P, *et al*. Ammonium removal from concentrated waste streams with the anaerobic ammonium oxidation (Anammox) process in different reactor configurations [J]. Water Research, 1997, **31**(8): 1955-1962.
[26] 任君怡, 陈林艺, 李慧春, 等. 不同种泥的厌氧氨氧化反应器的启动及动力学特征[J]. 环境科学, 2019, **40**(3): 1405-1411.
Ren J Y, Chen L Y, Li H C, *et al*. ANAMMOX reactor with two kinds of inoculated sludge: start-up and kinetics characteristics [J]. Environmental Science, 2019, **40**(3): 1405-1411.
[27] 姚芳, 刘波, 王德朋, 等. 不同接种污泥的厌氧氨氧化反应器启动特性及菌群结构演替规律分析[J]. 环境科学学报, 2017, **37**(7): 2543-2551.
Yao F, Liu B, Wang D P, *et al*. Start-up of ANAMMOX enrichment with different inoculated sludge and analysis of microbial community structure shift [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2017, **37**(7): 2543-2551.
[28] 姜滢, 郭萌蕾, 谢军祥, 等. 不同培养条件厌氧氨氧化颗粒污泥性质及微生物群落结构差异[J]. 环境科学, 2020, **41**(5): 2358-2366.
Jiang Y, Guo M L, Xie J X, *et al*. Characteristics of ANAMMOX granular sludge and differences in microbial community structure under different culture conditions [J].

Environmental Science, 2020, **41**(5): 2358-2366.

[29] Luo J H, Liang H, Yan L J, *et al*. Microbial community structures in a closed raw water distribution system biofilm as revealed by 454-pyrosequencing analysis and the effect of microbial biofilm communities on raw water quality [J]. Bioresource Technology, 2013, **148**: 189-195.

[30] Lu H J, Chandran K, Stensel D. Microbial ecology of denitrification in biological wastewater treatment [J]. Water Research, 2014, **64**: 237-254.

[31] Cao S B, Du R, Li B K, *et al*. High-throughput profiling of microbial community structures in an ANAMMOX-UASB reactor treating high-strength wastewater[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2016, **100**(14): 6457-6467.

[32] Björnsson L, Hugenholtz P, Tyson G W, *et al*. Filamentous *Chloroflexi* (green non-sulfur bacteria) are abundant in wastewater treatment processes with biological nutrient removal [J]. Microbiology, 2002, **148**(8): 2309-2318.

[33] Wang C, Liu S T, Xu X C, *et al*. Achieving mainstream nitrogen removal through simultaneous partial nitrification, anammox and denitrification process in an integrated fixed film activated sludge reactor[J]. Chemosphere, 2018, **203**: 457-466.

[34] Zeng T T, Li D, Liao W, *et al*. Nitrogen removal and functional bacteria distribution of ANAMMOX at ambient temperature[J]. Journal of Water Reuse and Desalination, 2016, **6**(4): 476-483.

[35] 宋壮壮, 吕爽, 刘哲, 等. 厌氧氨氧化耦合反硝化工艺的启动及微生物群落变化特征[J]. 环境科学, 2019, **40**(11): 5057-5065.
Song Z Z, Lü S, Liu Z, *et al*. Start-up of simultaneous ANAMMOX and denitrification process and changes in microbial community characteristics[J]. Environmental Science, 2019, **40**(11): 5057-5065.

[36] Van Der Star W R L, Miclea A, Van Dongen U G J M, *et al*. The membrane bioreactor: a novel tool to grow anammox bacteria as free cells[J]. Biotechnology and Bioengineering, 2008, **101**(2): 286-294.

[37] Zhang L, Narita Y, Gao L, *et al*. Microbial competition among anammox bacteria in nitrite-limited bioreactors [J]. Water Research, 2017, **125**: 249-258.

[38] Puyol D, Carvajal-Arroyo J M, Garcia B, *et al*. Kinetic characterization of *Brocadia* spp. -dominated anammox cultures [J]. Bioresource Technology, 2013, **139**: 94-100.

[39] Wang Y Y, Wang H Y, Zhang J Y, *et al*. Deciphering the evolution of the functional genes and microbial community of the combined partial nitritation-anammox process with nitrate build-up and its *in situ* restoration [J]. RSC Advances, 2016, **6**(113): 111702-111712.

[40] 何承兴, 储昭瑞, 谭炳琰, 等. 厌氧氨氧化 SBBR 启动过程中菌群演替分析[J]. 水处理技术, 2019, **45**(7): 93-96.
He C X, Chu Z R, Tan B Y, *et al*. Bacterial community dynamics during the start-up of Anammox SBBR[J]. Technology of Water Treatment, 2019, **45**(7): 93-96.

[41] 曹雁, 王桐屿, 秦玉洁, 等. 厌氧氨氧化反应器脱氮性能及细菌群落多样性分析[J]. 环境科学, 2017, **38**(4): 1544-1550.
Cao Y, Wang T Y, Qin Y J, *et al*. Nitrogen removal characteristics and diversity of microbial community in ANAMMOX reactor[J]. Environmental Science, 2017, **38**(4): 1544-1550.

[42] Ma B, Wang H Z, Dsouza M, *et al*. Geographic patterns of co-occurrence network topological features for soil microbiota at continental scale in eastern China[J]. The ISME Journal, 2016, **10**(8): 1891-1901.

HUANJING KEXUE

Environmental Science (monthly)

Vol. 41 No. 12

Dec. 15, 2020

CONTENTS

Sources and Control Area Division of Ozone Pollution in Cities at Prefecture Level and Above in China ····· YAN Hui, ZHANG Wei, HOU Mo, *et al.* (5215)

Dynamic Assessment of $PM_{2.5}$ Health Damage Value in China from 2015 to 2018 ····· LI Hui-juan, ZHOU De-qun, WEI Yong-jie (5225)

Analysis of Multi-scale Spatio-temporal Differentiation Characteristics of $PM_{2.5}$ in China from 2011 to 2017 ····· YANG Wen-tao, QIAO Peng, LIU Xian-zhao, *et al.* (5236)

Spatio-temporal Evolution and Population Exposure Risk to $PM_{2.5}$ in the Guanzhong Area ····· HUANG Xiao-jun, QI Ming-yue, LI Yan-yu, *et al.* (5245)

Formation Mechanism and Source Analysis of Two Heavy Pollution Periods in Winter in a Central Plains City ····· JIA Jia, CONG Yi, GAO Qing-min, *et al.* (5256)

Winter Pollution Characteristics and Physicochemical Properties of $PM_{2.5}$ in a Northwest Industrial City ····· YANG Yan-ping, CHEN Qiang, WANG Li-na, *et al.* (5267)

Characterization of Metal Pollution of Regional Atmospheric $PM_{2.5}$ and Its Sources Based on the PMF Model ····· DENG Lin-li, ZHANG Kai-shan, YIN Zi-yuan, *et al.* (5276)

Pollution Characteristics and Assessment of Heavy Metals in Atmospheric Deposition in Core Urban Areas, Chongqing ····· ZHANG Xia, LIU Bin, XIAO Bo-lin, *et al.* (5288)

Factors Influencing New Atmospheric Particle Formation in Ordos During Summer and Autumn 2019 ····· KONG Xiang-chen, WANG Hong-lei, ZHANG Lian-xia, *et al.* (5295)

Characteristics and Reactivity of Ambient VOCs in Urban Hangzhou, China ····· JING Sheng-ao, GAO Ya-qin, SHEN Jian-dong, *et al.* (5306)

Characteristics and Sources of Atmospheric Volatile Organic Compounds Pollution in Summer in Chengdu ····· XU Chen-xi, CHEN Jun-hui, JIANG Tao, *et al.* (5316)

Characteristics and Source Apportionment of VOCs and O_3 in Shijiazhuang ····· WANG Shuai, CUI Jian-sheng, FENG Ya-ping, *et al.* (5325)

Analysis of Industrial VOCs Emission Inventory and Countermeasures in Xiamen ····· WU Dong-yang, ZHUANG Ma-zhan, WU Yan-cong, *et al.* (5336)

Emission Inventory and Emission Factors of Volatile Organic Compounds (VOCs) from Architectural Adhesives ····· LIANG Xiao-ming, SUN Xi-bo, SU Yan-hua, *et al.* (5345)

Sources and Health Risks of Atmospheric Polychlorinated Biphenyls in an Urban/Industrial Areas, Northwest China ····· MAO Xiao-xuan, LI Zi-xuan, SONG Shi-jie, *et al.* (5352)

Vertical Distribution of Surface Formaldehyde in the Pearl River Delta Urban Area Based on Observations at the Canton Tower ····· HUANG Shan, PEI Cheng-lei, ZHANG Ying, *et al.* (5362)

Temporal and Spatial Characteristics of Total Phosphorus in the Middle and Lower Yangtze River Mainstem Under New Water and Sediment Conditions ····· ZHUO Hai-hua, LOU Bao-feng, WU Yun-li, *et al.* (5371)

Seasonal Variations in Nitrogen and Phosphorus Concentration and Stoichiometry of Hanfeng Lake in the Three Gorges Reservoir Area ····· QIAN Tian, HUANG Qi, HE Bing-hui, *et al.* (5381)

Distribution Characteristics and Pollution Assessment of Nutrients in Hengshui Lake Sediments ····· ZHANG Jia-wen, WEI Jian, LIU Li, *et al.* (5389)

Endogenous Pollution and Release Characteristics of Bottom Sediments of Hengshan Reservoir in Yixing City ····· CUI Hui-fang, CHEN Shu-yun, YANG Chun-hui, *et al.* (5400)

Pollution and Ecological Risk Assessment and Source Apportionment of Heavy Metals in Sediments of Qingliangshan Reservoir in the Meijiang Basin ····· JIANG Tao, LIN Wei-wen, CAO Ying-jie, *et al.* (5410)

Influence Factors of Potential Nitrification Rates and Functional Genes Abundance in the Jinshui River and the Qihe River of the Hanjiang River Basin ····· ZHAO Bin-jie, WANG Xu, ZHANG Jian, *et al.* (5419)

Contamination Characteristics and Potential Ecological Risks of Typical Perfluoroalkyl Substances in the Water and Sediment of Coastal Tourism Resorts in Shandong Province ····· WANG Shi-liang, CAO Xue-zhi (5428)

Distribution Characteristics and Source Identification of Organophosphate Esters in Key Waters Areas of Taihu Lake ····· LÜ Jia-pei, ZHANG Zhen-fei, LIU Yang, *et al.* (5438)

Residual Characteristics and Health Assessment Analysis of OCPs and PCBs in Karst Groundwater ····· YE Kai, SUN Yu-chuan, JIA Ya-nan, *et al.* (5448)

Biogeographic Distribution Patterns of Diatoms in Lancang River and Their Key Drivers ····· SUN Sheng-hao, CHEN Juan, WANG Pei-fang, *et al.* (5458)

Bioaccumulation Characteristics of Quinolones (QNs) in Dominant Fish Species and Their Correlation with Environmental Factors in Baiyangdian Lake ····· SHEN Li-na, FU Yu, ZHANG Lu-lu, *et al.* (5470)

Effect of Biomass Particle Size on the Adsorption of Phosphorus from Aqueous Solution by MgO-loaded Biochar ····· WANG Peng-fei, ZHI Meng-meng, CHU Zhao-sheng, *et al.* (5480)

Photocatalytic Degradation of Tetracycline and Copper Complex by Bi_2MoO_6/Bi_2S_3 Heterojunction ····· HUANG Wen-xin, WEI Hu, JIANG Cai-yun, *et al.* (5488)

Enhancing PPCPs Removal and Membrane Fouling Control of Ultrafiltration Membrane by UiO-66@Fe_3O_4@UiO-66 ····· YIN Yue, WU Dao-wen, SUN Meng-yao, *et al.* (5500)

Advanced Treatment of Tail Water Using Pilot-scale Horizontal and Vertical Subsurface Flow Constructed Wetlands in Low-temperature Seasons ····· LIAO Xue-ke, YAN Han-lu, WANG Zhi-yuan, *et al.* (5509)

Metagenomic Insights into Salinity Build-up in Microbial Communities and Metabolism of Hydrolytic Bioreactor Treating High-color PDWW ····· GAO Jing, ZHANG Shao-hua, WANG Rui, *et al.* (5518)

Performance and Microbial Characteristics of Ammonium-limited and Nitrite-limited ANAMMOX Systems ····· SONG Jia-jun, ZHU Ming-yi, GUO Kai-cheng, *et al.* (5527)

Microbial Community Structure and Diversity During the Enrichment of Anaerobic Ammonium Oxidation Bacteria ····· YAN Bing, XIA Song, GUI Shuang-lin, *et al.* (5535)

Enhanced Dewaterability of Waste-Activated Sludge in Presence of Fe(Ⅱ)-Activated Calcium Peroxide ····· BI Wei-wei, RUAN Shu-yu, CHEN Wu-ao-xiao, *et al.* (5544)

Spatial Distribution, Contamination Assessment, and Sources of Heavy Metals in the Urban Green Space Soils of a City in North China ····· ZHAO Liang, LIANG Yun-ping, CHEN Qian, *et al.* (5552)

Technological Classification of Cadmium Quality in the Rice Producing Areas of South China ····· DOU Wei-qiang, AN Yi, QIN Li, *et al.* (5562)

Distribution Characteristics of Selenium in a Soil-Crop System and the Threshold of Selenium-Rich Soils ····· WANG Rui, DENG Hai, JIA Zhong-min, *et al.* (5571)

Transfer Factor and Health Risk Assessment of Heavy Metals in a Soil-Crop System in a High Incidence Area of Nasopharyngeal Carcinoma, Guangdong ····· YE Mai, ZHANG Jing-ru, ZHANG Lu-lu, *et al.* (5579)

DA-6 and GLDA Enhanced *Pancium virgatum* L. to Phytoextract Cd from Contaminated Soils ····· WANG Zheng, SUN Zhao-jun, Sameh Mohamed, *et al.* (5589)

Remediation Performance via the Passivation of a Porous Biomorph Genetic Composite of α-Fe_2O_3/Fe_3O_4/C Using a Bamboo Template on As(Ⅴ) Contaminated Soils ····· ZHAO Ning-ning, HE Hao, FENG Guo-jie, *et al.* (5600)

Biodegradation of Expanded Polystyrene Foams in *Zophobas morio*: Effects of Gut Microbiota ····· YANG Li, LIU Ying, GAO Jie, *et al.* (5609)

Isolation, Identification, and Degrading Characteristics of an Oil Resistant Formaldehyde-Degrading Bacterium ····· HAN Xi, WANG Rong-rong, SHI Chun-zhen (5617)

Characteristics of Phyllosphere and Rhizosphere Bacterial Communities in *Bothriochloa ischaemum* in Copper Tailings ····· JIA Tong, YAO Yu-shan, WANG Rui-hong (5628)

Effects of Selected Biochars Application on the Microbial Community Structures and Diversities in the Rhizosphere of Water Spinach (*Ipomoea aquatica* Forssk.) Irrigated with Reclaimed Water ····· CUI Bing-jian, CUI Er-ping, HU Chao, *et al.* (5636)

Effects of Modified Biowaste-based Hydrochar on Rice Yield and Nitrogen Uptake ····· HOU Peng-fu, XUE Li-hong, FENG Yan-fang, *et al.* (5648)

Spatial Distribution Characteristics and Source Apportionment of Soil PAHs in Shizuishan City Based on GIS and PMF Model ····· XIA Zi-shu, WANG Yu-yu, ZHONG Yan-xia, *et al.* (5656)

Effects of Nitrogen Fertilizer and Straw Returning Methods on N_2O Emissions in Wheat-Maize Rotational Soils ····· XU Hong-wei, LI Na, FENG Yong-zhong, *et al.* (5668)