

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

环境DNA宏条形码监测湖泊真核浮游植物的精准性

张丽娟, 徐杉, 赵峥, 周小华, 冯庆, 杨江华, 李飞龙, 王志浩, 张效伟



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年2月

第42卷 第2期
Vol.42 No.2

目次

2013~2017年中国PM _{2.5} 污染防治的健康效益评估	张梦娇, 苏方成, 徐起翔, 张瑞芹, 魏煜, 谢刘震 (513)
区域气象条件和减排对空气质量改善的贡献评估	武文琪, 张凯山 (523)
2016年1月京津冀地区大气污染特征与多尺度传输量化评估	姚森, 张哈宇, 王晓琦, 杨书申 (534)
广州市2020年春节期间烟花爆竹燃放对空气质量的影响	裴成磊, 王宇骏, 毕燕茹, 廉秀峰, 周倩妮, 王在华, 马理, 李梅 (546)
长三角地区一次区域污染过程中细颗粒物的来源解析及其光学特性	夏丽, 朱彬, 王红磊, 康汉青 (556)
南京市不同天气过程下颗粒物中水溶性离子分布特征及其来源解析	张杨, 王红磊, 刘安康, 陈魁, 张艺馨, 刘思晗 (564)
天津市冬季气溶胶吸湿因子的粒径分布特征	丁净, 张裕芬, 郑乃源, 张会涛, 余卓君, 李立伟, 元洁, 唐森, 冯银厂 (574)
输送、滞留叠加海上回流的长时间沙尘天气影响判断及贡献分析	张哲, 乔利平, 周敏, 黄丹丹, 安静宇, 郭会琴, 王红丽, 黄成, 董赵鑫, 王书肖 (584)
洛阳市秋冬季PM _{2.5} 中多环芳烃的污染特征、来源解析及健康风险评价	齐静文, 张瑞芹, 姜楠, 李利萍, 苗青青 (595)
郑州市臭氧污染变化特征、气象影响及输送源分析	王旭东, 尹沙沙, 杨健, 袁明浩, 张瑞芹, 李亚松, 卢轩 (604)
基于正交试验的臭氧及其前体物的非线性响应及控制方案	李光耀, 陈强, 郭文凯, 张瑞欣, 夏佳琦 (616)
汽车工业区大气挥发性有机物(VOCs)变化特征及来源解析	叶露, 邵菁菁, 俞华明 (624)
兰州市高分辨率人为源排放清单建立及在WRF-Chem中应用评估	郭文凯, 李光耀, 陈冰, 夏佳琦, 张瑞欣, 刘晓, 朱玉凡, 陈强 (634)
2010~2017年四川省机动车污染物排放趋势分析	李媛, 石嘉诚, 陈军辉, 潘玉瑾, 周虹辉, 范武波, 叶宏, 钱骏, 刘政 (643)
珠江三角洲海陆交互沉积物中镉生物有效性及生态风险评价	王芳婷, 包科, 陈植华, 黄长生, 张彩香, 赵信文, 刘学浩 (653)
乌梁素海流域地表水中全氟化合物分布、来源及其生态风险	史锐, 毛若愚, 张梦, 吕永龙, 宋帅, 赵纪新 (663)
乌梁素海冰盖中微塑料的分布特征及其与盐度、叶绿素a的响应关系	王志超, 杨建林, 杨帆, 杨文焕, 李卫平, 李兴 (673)
张家口清水河拦沙坝对磷输移、滞留的影响	王维, 李叙勇 (681)
三峡水库典型支流磷素赋存形态特征及其成因	杨凡, 王丽婧, 纪道斌, 李虹, 李莹杰, 李鑫, 许杨, 田盼, 吴雅婷 (688)
巢湖沉积物氮磷分布及污染评价	王艳平, 徐伟伟, 韩超, 胡维平 (699)
巢湖南淝河河口底泥污染特征及疏浚决策	杨盼, 杨春晖, 马鑫雨, 尹洪斌 (712)
氧化强化对氢氧化钙原位固磷效果的影响	徐楚天, 李大鹏, 岳薇, 吴宇涵, 孙培荣, 汤尧禹, 黄勇 (723)
降雨径流事件对三峡水库香溪河库湾甲烷释放的影响	陈敏, 许浩震, 王雪竹, 肖尚斌 (732)
典型喀斯特河流-水-气界面二氧化碳交换特性及其营养调控因素	刘睿, 张静, 陈祖胜, 倪茂飞, 刘文胜 (740)
江苏省代表性水源地抗生素及抗性基因赋存现状	王龙飞, 程逸群, 胡晓东, 朱金鑫, 李轶 (749)
尾矿库水体环境抗生素抗性基因的分布特征	黄福义, 朱永官, 苏建强 (761)
涡河流域中部地区地下水化学特征及其成因分析	郑涛, 焦团理, 胡波, 龚建师, 侯香梦, 王赫生 (766)
天津七里海湿地水化学组成及主要离子来源分析	何明霞, 张兵, 夏文雪, 崔旭, 王中良 (776)
秸秆覆盖与氮减施对土壤氮分布及地下水氮污染影响	张万锋, 杨树青, 孙多强, 靳亚红, 姜帅, 刘鹏 (786)
环境DNA宏条形码监测湖泊真核浮游植物的精准性	张丽娟, 徐杉, 赵峰, 周小华, 冯庆, 杨江华, 李飞龙, 王志浩, 张效伟 (796)
浮游植物群落及粒径结构对光吸收特性的影响	黄新, 施坤, 张运林, 朱广伟, 周永强 (808)
松花江干流2014~2019年夏季着生藻类群落结构特征及其对环境因子的响应	于宗灵, 陈威, 赵然, 李中宇, 董英莉, 张蕊, 王业耀, 金小伟 (819)
汛期前后老鹳河干流人类干扰下浮游细菌多样性及功能预测	韩雪梅, 龚子乐, 杨晓明, 李玉英, 陈兆进, 朱会会, 王凡梅 (831)
两种典型PPCPs在潜流人工湿地中的季节性去除效果及降解产物	李超予, 杨怡潇, 张宁, 谢慧君, 胡振, 张建 (842)
人工生态系统对城市河流中抗生素和ARGs的去除	周海东, 黄丽萍, 陈晓萌, 李丹妍, 李昕, 崔锦裕 (850)
紫外氯胺组消毒供水系统中病毒微生物的分布特征	韩雪, 孙坚伟, 张力, 王哲明, 白晓慧 (860)
高炉水渣负载硫化纳米零价铁对水中土霉素的去除	孙秋楠, 张荣斌, 邓曼君, 李远, 王学江 (867)
胺硫改性生物炭对水溶液中不同重金属离子的吸附特性及吸附稳定性	汪存石, 何敏霞, 周峰, 陈靛, 祝建中 (874)
电凝聚氧化耦合工艺的有机物处理特性及去除机制解析	谢新月, 许建军, 张少华, 刘雨果, 金鑫, 金鹏康 (883)
微米零价铁对剩余活性污泥和餐厨垃圾厌氧联合消化的加强效果及机制	陈圣杰, 姚福兵, 皮洲洁, 侯坤杰, 何丽, 李小明, 王东波, 杨麒 (891)
河南省典型工业区周边农田土壤重金属分布特征及风险评价	孟晓飞, 郭俊梅, 杨俊兴, 杨军, 郑国砥, 乔鹏炜, 卞建林, 陈同斌 (900)
南京市绿地土壤重金属分布特征及其污染评价	陈佳林, 李仁英, 谢晓金, 王红, 徐静, 邵京, 简静, 阿克居里·乌尔曼, 沈嘉, 央宗 (909)
复合改良剂FZB对砷污染土壤的修复效果	丁萍, 贺玉龙, 何欢, 余江 (917)
石灰配施有机物料修复酸性Cd污染稻田	李光辉, 成晴, 陈宏 (925)
叶面喷施纳米MnO ₂ 对水稻富集镉的影响机制	周一敏, 黄雅媛, 刘晓月, 李冰玉, 刘羽翼, 李卓晴, 王薪琪, 雷鸣 (932)
典型喀斯特地区土壤-作物系统镉的富集特征与污染评价	王锐, 邓海, 贾中民, 严明书, 周蛟, 董金秀, 王佳彬, 余飞 (941)
辣椒果实高中低镉累积型对镉的富集、转运特性及在亚细胞分布特点比较	邵晓庆, 贺章味, 徐卫红 (952)
4种草本植物对镉的富集特征	陈迪, 李伯群, 杨永平, 和兆荣, 李雄 (960)
不同施肥条件下紫色土旱坡地可溶性有机碳流失特征	熊子怡, 郑杰炳, 王丹, 王富华, 王鑫燕, 王子芳, 高明 (967)
降雨变化对荒漠草原植物群落多样性与土壤C:N:P生态化学计量特征的影响	高江平, 赵锐锋, 张丽华, 王军锋, 谢忠奎 (977)
水分管理对水稻生长与根际激发效应的影响特征	林森, 肖谋良, 江家彬, 魏亮, 李科林, 刘守龙, 祝贞科, 葛体达, 吴金水 (988)
铜胁迫对小麦根系微域微生物群落的影响	葛艺, 徐民氏, 徐绍辉, 徐艳 (996)
臭氧污染、氮沉降和干旱胁迫交互作用对杨树叶和细根非结构性碳水化合物的影响	李品, 周慧敏, 冯兆忠 (1004)
颗粒物有机源示踪物的筛选与应用综述	李源遽, 吴爱华, 童梦雪, 栾胜基, 李鸷 (1013)
《环境科学》征订启事 (522)	
《环境科学》征稿简则 (722)	
信息 (748, 899, 924)	

紫外氯胺组合消毒供水系统中病毒微生物的分布特征

韩雪¹, 孙坚伟², 张力², 王哲明², 白晓慧^{1*}

(1. 上海交通大学生命科学技术学院, 微生物代谢国家重点实验室, 上海 200240; 2. 上海浦东威立雅自来水有限公司, 上海 200127)

摘要: 为研究紫外氯胺组合消毒对供水系统中病毒微生物的影响特性, 以生产规模紫外氯胺组合消毒供水系统为研究对象, 应用宏基因组技术对供水系统中病毒微生物的迁移变化、群落结构和病毒宿主进行了分析。结果表明, 紫外氯胺组合消毒工艺能降低病毒物种数(6.13%)和基因丰度(51.97%), 但不能完全去除水中病毒微生物。对比美国环保署(USEPA)以培养法检测的水处理病毒去除率可达99%~99.99%, 本研究利用宏基因组技术测得的总病毒去除率只有93.46%, 以培养法检测水中病毒存在局限性。Caudovirales(有尾噬菌体目)是整个供水系统中最丰富病毒, 对氯胺消毒都具有一定敏感性。Lentivirus(慢病毒属)作为能够感染人和脊椎动物的病毒, 对紫外照射和氯胺消毒都具有强抵抗力。该供水系统中最大的病毒宿主是细菌(61.50%)。原水中病毒主要寄生在 *Synechococcus* (聚球藻属) 中; 出厂水以及管网水中, 优势病毒宿主均为 *Pseudomonas* (假单胞菌属); 进入管网后, *Pseudomonas aeruginosa* (铜绿假单胞菌) 宿主病毒基因丰度升高342.62%, 应加强关注管网系统病毒微生物风险。紫外氯胺组合消毒工艺比单紫外消毒更有利于病毒宿主的去除(51.97%与0.79%)。

关键词: 饮用水; 供水系统; 紫外氯胺组合消毒; 宏基因组; 病毒群落

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)02-0860-07 DOI: 10.13227/j.hjxx.202007039

Distribution Characteristics of Viruses Microorganisms in a Water Supply System with Combined Ultraviolet Chloramine Disinfection

HAN Xue¹, SUN Jian-wei², ZHANG Li², WANG Zhe-ming², BAI Xiao-hui^{1*}

(1. State Key Laboratory of Microbial Metabolism, School of Life Sciences and Biotechnology, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai 200240, China; 2. Shanghai Pudong Veolia Water Corporation Limited, Shanghai 200127, China)

Abstract: To study the effect of combined ultraviolet (UV) chloramine disinfection on viruses in a drinking water supply system, a full-scale experiment was conducted to analyze the distribution, variability, community structure, and hosts of viruses using metagenomics. The results showed that the combined UV chloramine process reduced the number of virus species (6.13%) and gene abundance (51.97%) but did not completely remove the viruses from the water. The United States Environmental Protection Agency (USEPA) report that virus removal efficiencies from water can reach 99%-99.99% based on culturing methods. However, in this study, metagenomic analysis indicated a total virus removal rate of only 93.46%. Therefore, the detection of viruses in water using culturing method cannot reliably detect viruses in drinking water. Caudovirales are the most abundant type of virus in water supply systems and are sensitive to chloramine disinfection. Lentivirus, as a virus that can infect humans and vertebrates, has strong resistance to UV and chloramine disinfection. The main virus hosts in the studied water supply system were bacteria (61.50%). The viruses in the raw water were mainly parasitic in *Synechococcus*. The dominant virus host was *Pseudomonas* in both the effluent water and pipe network water. The gene abundance of the *Pseudomonas aeruginosa* host in the pipe network increased by 342.62%, which requires further attention as a virus risk in pipe network systems. Overall, combined UV chloramine disinfection was more effective at the removal of virus hosts than single UV disinfection (51.97% compared to 0.79%).

Key words: drinking water; water supply systems; combined ultraviolet chloramine disinfection; metagenomics; virus community

水中对公共健康风险最大的是微生物^[1], 可通过污染饮用水传播疾病的病原微生物多种多样。与细菌和原生动物相比, 病毒是一种没有细胞结构的特殊生物体, 尺寸更小并具有高抗性^[2], 几乎可以感染所有具有细胞结构的生命体(动物、植物和微生物等)^[3]。病毒不仅存在于宿主细胞内, 也可独立存在于生态环境中^[4], 饮用水是病毒传播的主要介质之一。在饮用水消毒处理过程中, 致病性病毒通常比细菌更具抗性^[5]。我国武汉以长江为水源的3座水厂出厂水中检测到了腺病毒、轮状病毒和肠道病毒^[6]。病毒借饮用水传播的风险不容忽视, 加强

供水系统中不同消毒技术对病毒的影响特性研究十分重要。

氯胺是饮用水处理中常用消毒剂, 稳定性高且持续时间长, 但当水中氯胺低于 $0.45 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 时, 微生物可能会产生适应性, 供水输配系统中的生物膜也可以保护微生物以减轻消毒剂的影响^[7]。紫外线

收稿日期: 2020-07-04; 修订日期: 2020-07-31

基金项目: 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2017ZX0720704-04); 国家自然科学基金项目(51878406)

作者简介: 韩雪(1995~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为饮用水水质生物学, E-mail: HX120816@sjtu.edu.cn

* 通信作者, E-mail: xhbai@sjtu.edu.cn

(ultraviolet, UV) 消毒可以有效灭活对氯/氯胺有抵抗力水生病原体,如隐孢子虫^[8],而且水中病原体可以在短时间内被有效灭活,但因 UV 不具持久消毒能力,往往需要与其他消毒方式联合使用. 经 UV 处理后补加氯/氯胺的联合处理工艺[UV/chlor(am)ines]既能有效灭活水中微生物,降低氯化消毒剂投加量,还能高效去除微量有机污染物,如紫外/氯胺处理可部分降低两种吡唑啉酮药物[异丙酚菲 (PRP) 和氨基比林 (AMP)] 的遗传毒性^[9]. 但目前该联合工艺主要针对两虫和细菌有相关研究,对病毒微生物的影响及其在输配系统中的迁移变化还知之甚少.

研究供水系统中病毒微生物的净化效能难点在于病毒微生物的检测. 现阶段水环境中病毒的检测方法主要有:细胞培养法和基于病毒核酸扩增方法,如聚合酶链式反应 (PCR)、逆转录 PCR 和实时荧光定量 PCR 等. 细胞培养法是检测病毒感染性的最可靠方法,但该方法需要特定培养细胞,大多数病毒根本无法培养. 基于病毒核酸扩增方法已成为病毒检测的普遍方法,目前已用于在地表水、河水和自来水中检测病毒^[40], 但该方法仅能检测病毒的核酸,但却不可以表明病毒的感染性,细胞培养与 PCR 法相结合的检测方法,其灵敏度高,可以检测到具有感染性的病毒^[11]. 但是 PCR 检测要求在诊断前已知目标病毒的基因组序列^[12],没有用于 PCR 检测的特异引物,给序列未知的新病毒的识别带来了困难. 病毒宏基因组分析是一种与培养无关的方法,不需要事先知道病毒的基因组序列^[13],能够在同一时间

在一个样本中识别多种病毒,可为供水系统中病毒多样性的检测提供全面快速的方法.

本文以生产规模紫外 + 氯胺组合消毒供水系统为研究对象,通过对水样病毒宏基因组分析,全面探究了供水系统中病毒微生物的分布规律和紫外氯胺组合消毒对供水系统中病毒群落和病毒宿主的影响特性.

1 材料与方法

1.1 样品采集

水样来自上海市某水厂及其管网末梢 (如图 1),主要包括:原水 (Raw)、臭氧生物活性炭深度处理出水 (BAC)、紫外消毒处理出水 (UV)、氯胺消毒处理出水 (EFF) 和管网末梢水样 (DW). 紫外照射剂量为: $15\text{ mJ}\cdot\text{cm}^{-2}$, 氯胺消毒总氯质量浓度为 $1.07\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$, CT 值为 $34.24\text{ mg}\cdot\text{min}\cdot\text{L}^{-1}$. 管网采样点距水厂 12.35 km,水力停留时间 (HRT) 为 12.5 h,管径为 DN300. 样品采集于 2019 年 10 月. 其它水质参数如表 1.



图 1 供水系统中的采样点分布示意
Fig. 1 Sampling sites in the drinking water supply system

表 1 采样点水质特性

Table 1 Water quality characteristics for different sampling sites						
采样点	浊度/NTU	总氯质量浓度 /mg·L ⁻¹	温度/℃	TOC /mg·L ⁻¹	氨氮 /mg·L ⁻¹	HPC /CFU·mL ⁻¹
Raw	5.00	0.03	20.7	2.74	0.03	1.8×10^5
BAC	0.34	0.00	20.7	1.61	0.02	2.1×10^4
UV	0.17	0.00	20.7	1.57	0.04	1.9×10^2
EFF	0.14	1.07	20.7	1.71	0.27	0.0
DW	0.18	0.86	20.7	1.49	0.18	0.0

1.2 DNA 提取和宏基因组测序

采用 CTAB 法对样本基因组 DNA 进行提取,所有 DNA 样品送至上海美吉生物公司进行宏基因组建库和测序. 插入片段长度约为 400 bp,构建 PE 文库:使用 NEXTFLEX™ Rapid DNA-Seq Kit 试剂盒,首先进行接头连接,使用磁珠筛选去除接头自连片段,利用 PCR 扩增进行文库模板的富集,磁珠回收 PCR 产物得到最终的文库. 桥式 PCR 和测序:使用 NovaSeq Reagent Kits/HiSeq X Reagent Kits 试剂盒,首先文库分子一端与引物碱基互补,经过一轮扩增,

将模板信息固定在芯片上,固定在芯片上的分子另一端随机与附近的另外一个引物互补,也被固定住,形成“桥 (bridge)”,PCR 扩增,产生 DNA 簇, DNA 扩增子线性化成为单链,加入改造过的 DNA 聚合酶和带有 4 种荧光标记的 dNTP,每次循环只合成一个碱基,用激光扫描反应板表面,读取每条模板序列第一轮反应所聚合上去的核苷酸种类,将“荧光基团”和“终止基团”化学切割,恢复 3'端粘性,继续聚合第二个核苷酸,统计每轮收集到的荧光信号结果,获知模板 DNA 片段的序列.

1.3 宏基因组数据分析

序列的质量控制:首先使用软件 fastp 剪切序列 3'端和 5'端的 adapter 序列;使用软件 fastp 去除质量剪切后长度小于 50 bp、平均质量值低于 20 以及含 N 碱基的 reads,保留高质量的 pair-end reads 和 single-end reads;如果在进行数据分析之前,确认需要对样本进行宿主剔除(比如人或动物的粪便样本),而且该宿主本身的基因组已被发表,则通过软件 BWA 将 reads 比对宿主 DNA 序列,并去除比对相似性高的污染 reads。

序列组装:通过 Multiple Megahit 拼接软件,选择最短 contig 长度 ≥ 300 bp 的序列,对结果进行 ORF 预测. 选择核酸长度 ≥ 100 bp 的基因,并将其翻译为氨基酸序列。

基因集构建与丰度计算:通过 CD-HIT 软件对样本预测出来的基因序列进行聚类,构建非冗余基因集,得到非冗余基因集基因的碱基序列. 用 TPM^[14] (Transcripts Per Million): $[(\text{Reads Number}/\text{Gene Length})_{\text{Relative}}] \times 1\,000\,000$ 表示各样本的基因丰度,即基因丰度以该基因通过基因长度标准化后的基因丰度在该样本中所有基因长度标准化后的基因丰度总和和中占比的百万倍来表示:

$$\text{TPM}_i = \frac{(R_i/L_i) \times 10^6}{\sum_j (R_j/L_j)}$$

式中, R_i 表示 Gene_i 在某一样本中的丰度值,即该样本中比对到 Gene_i 上的 Reads 数; L_i 表示 Gene_i 的核苷酸长度; $\sum_j (R_j/L_j)$ 表示该样本中所有通过基因长度标准化之后的基因的丰度总和。

物种注释:使用 BLASTP (BLAST Version

2.2.28+, <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) 将非冗余基因集与 NR 数据库进行比对 (BLAST 比对参数设置期望值 e-value 为 $1e^{-5}$), 并通过 NR 库对应的分类学信息数据库获得物种注释结果,然后使用物种对应的基因丰度总和计算该物种的丰度,并在 Domain (域)、Kingdom (界)、Phylum (门)、Class (纲)、Order (目)、Family (科)、Genus (属) 和 Species (种) 各个分类学水平上统计物种在各个样品中的丰度,从而构建相应分类学水平上的丰度表。

1.4 数据处理

图形绘制在 R 包“circlize”完成。

2 结果与讨论

2.1 病毒群落在供水系统中的迁移变化

本研究中宏基因组测序共有 25 828 个基因,总长度为 15 197 245 bp,平均基因长度为 588.4 bp. 在该供水系统中,检测到细菌 (92.59%~97.97%)、病毒 (0.35%~5.19%)、真菌 (0.49%~4.86%)、古菌 (0.38%~1.30%) 和其它 (0.10%~0.12%)。细菌群落在整个供水系统中基因相对丰度最高[图 2 (a)]。

本文用 Sobs 指数代表病毒物种数,用基因丰度 (TPM) 计算病毒灭活率. 在该供水系统中,病毒物种数 (sobs 指数) 和基因丰度 (TPM) 呈现相同的变化趋势[图 2 (b) 和图 2 (c)], 经过混凝沉淀 + 臭氧生物活性炭深度处理,病毒种类数减少 19.28%,基因丰度降低 86.38%。据报道,臭氧氧化可将病毒的数量减少到无法检测的水平,可以减少许多致病性人类病毒的传播^[15]; 相比较快速砂滤和生物活性炭吸附氧化,混凝沉淀和臭氧处理对饮用水处理系统 PMMoV 病毒的减少贡献最大^[16]。本研究中,在

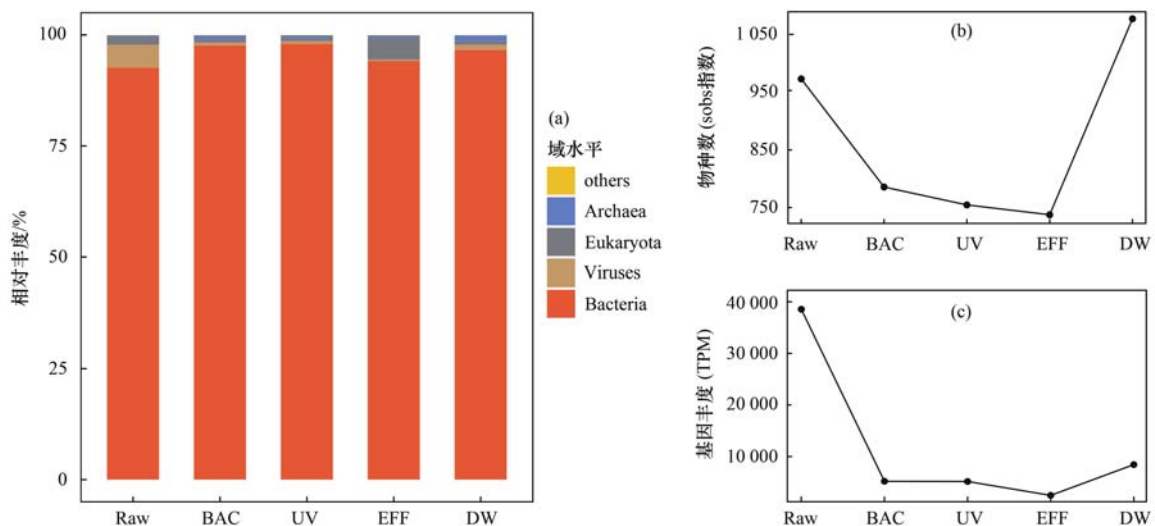


图 2 病毒群落基因丰度和物种数变化规律

Fig. 2 Variations in gene abundance and species number in the virus community

经过紫外消毒和紫外氯胺组合消毒后,病毒种类数依次减少 3.96% 和 6.13%, 基因丰度依次降低 0.79% 和 51.97%。培养法观察 $150 \text{ mJ} \cdot \text{cm}^{-2}$ UV 剂量对浓缩血小板中的埃博拉病毒和中东呼吸综合征冠状病毒的灭活率超过 4.5 个对数单位和 3.7 个对数单位^[17]。UV 消毒对 MS2、Φ174、Qβ 和 T7 等噬菌体也具有良好的灭活能力^[18]。有研究报道了培养法检测氯胺消毒对多种病毒的灭活效果^[19], 达到 3 个对数单位灭活率时,埃可病毒 1 型、诺如病毒和柯萨奇病毒 B3 型所需的 CT 值为:18、78 和 330 $\text{mg} \cdot \text{min} \cdot \text{L}^{-1}$ 。由于管网微生物的附着生长^[20],长时间的管道输送和复杂的管网生长环境可使病毒丰度升高。本研究中,到达管网末梢时物种数增加 46.12%,基因丰度增加 235.85%。

美国环保署(USEPA)认为^[21],在滤池滤后水的浊度低于 0.3 NTU 时,培养法检测病毒的去除率为 2 lg(99%),即常规处理工艺在去除浊度的同时可同步取得 99% 的病毒去除率。氯胺消毒的 CT 值为 1 243 $\text{mg} \cdot \text{min} \cdot \text{L}^{-1}$ 时,对水温为 1℃ 下的肠道病毒的去除率为 2 lg(99%)。本研究中,原水经过混凝沉淀+臭氧生物活性炭处理后,浊度由 5 NTU 降至 0.34 NTU,宏基因组数据检测到的病毒去除率为 86.38%;经过紫外消毒后,浊度由 0.34 NTU 降至 0.17 NTU,病毒去除率仅为 0.79%;氯胺的 CT 值为 34.24 $\text{mg} \cdot \text{min} \cdot \text{L}^{-1}$,病毒去除率为 51.59%,经过水厂净水工艺后病毒去除率为 93.46%。对比 USEPA 培养法检测的单个病毒在水处理中的去除率,利用宏基因组测得的总病毒去除率要低,这也侧面反映了培养法检测水中病毒的局限性。

2.2 供水系统中病毒群落组成特征

病毒寄生在细胞内,其基因组包含在蛋白质衣壳内。根据它们的基因组类型,可以分为:双链 DNA(dsDNA)病毒、单链 DNA(ssDNA)病毒、双链 RNA(dsRNA)病毒和单链 RNA(ssRNA)病毒^[22]。在本研究供水系统中,dsDNA 病毒占有 99.99%,ssDNA 病毒占有 0.006 9%,ssRNA 病毒占有 0.002 7%,dsDNA 病毒占绝对优势。

图 3(a)为科水平紫外氯胺组合消毒工艺下的病毒群落组成。其中,基因丰度最高的是 unclassified_d_Viruses(26.05%~56.89%),其次是 Siphoviridae(长尾噬菌体科)(8.92%~24.78%)、Myoviridae(肌尾噬菌体科)(9.41%~22.95%)和 Podoviridae(短尾噬菌体科)(4.87%~31.56%)。这 3 个科均属于 Caudovirales(有尾噬菌体目),是 dsDNA 病毒。在目水平下,有尾噬菌体目基因丰度最丰富,在整个供水系统中占比 37.34%~66.49%。

如图 3(b),由原水经过混凝沉淀+臭氧生物活性炭深度处理,有尾噬菌体目基因丰度降低了 76.34%;经过 UV 和氯胺消毒后,有尾噬菌体目基因丰度先升高 1.73%,再降低 59.70%。有尾噬菌体目对氯胺消毒处理较为敏感,其中只有短尾噬菌体科对 UV 照射具有抗性,基因丰度增加 10.48%。管网中有尾噬菌体目基因丰度整体升高 262.41%。

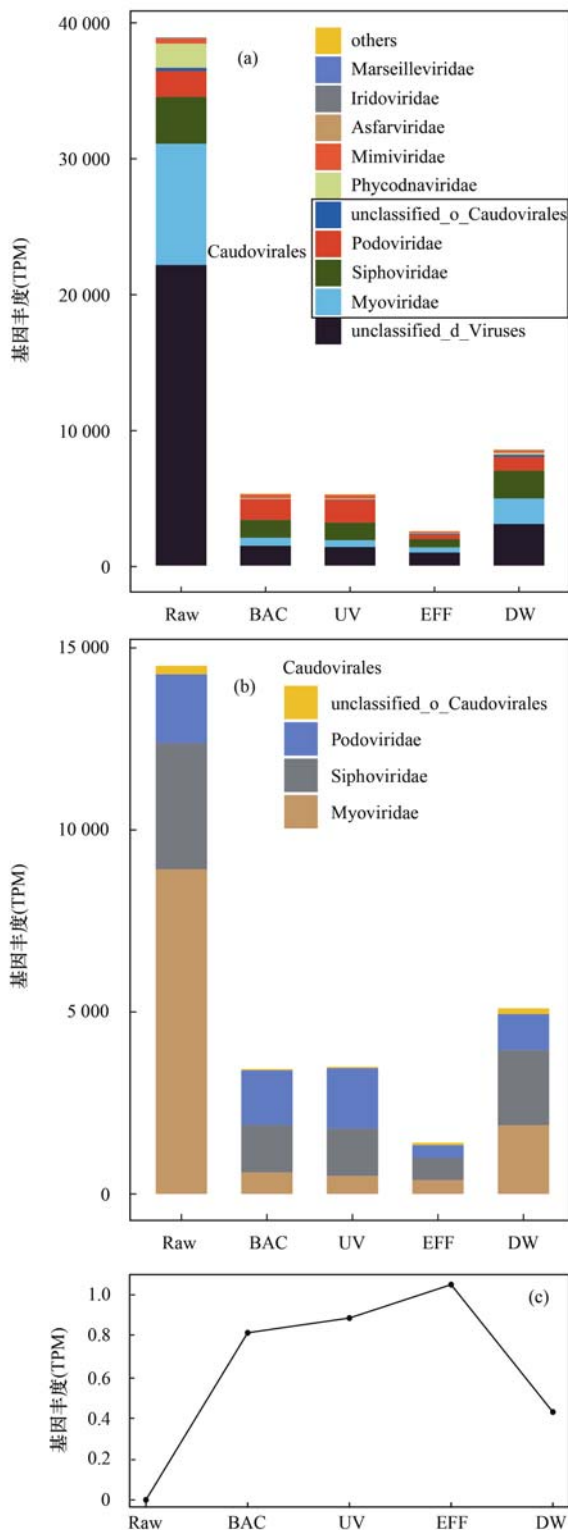
水介质中常见病毒^[23]: adenovirus(腺病毒)、coronavirus(冠状病毒)、enterovirus(肠道病毒)、norovirus(诺如病毒)、hepatitis A virus(HAV,甲型肝炎病毒)和 rotavirus(轮状病毒)在该供水系统的宏基因组数据中均没有检出,其中 enterovirus(肠道病毒)包括 poliovirus(脊髓灰质炎病毒)、coxsackievirus(柯萨奇病毒)和 echovirus(埃可病毒)等。

已检出的 6 个科的病毒中均含有致病性病毒^[24],包括鱼贝类致病病毒[Alloherpesviridae(0.002 5%)]、猪致病病毒[Asfarviridae(0.31%)]、无脊椎动物病毒[Iridoviridae(0.12%)、Baculoviridae(0.058%)]、人及动物病毒[Retroviridae(0.001 7%)]和类病毒[Phycodnaviridae(2.10%)]等。其中感染人类的 Retroviridae(逆转录病毒科)在该系统中检测到两个属: *Lentivirus*(慢病毒属)(0.002 4%)和 *Gammaretrovirus*(γ 反转录病毒属)(0.000 3%)。慢病毒属是 ssRNA 病毒,包括 8 种能够感染人和脊椎动物的病毒、例如人类免疫缺陷病毒(HIV)、猴免疫缺陷病毒(SIV)、马传染性贫血(EIA)和猫免疫缺陷病毒(FIV)都是慢病毒属^[25]。如图 3(c),慢病毒属在经过混凝沉淀+臭氧生物活性炭深度处理后被检出,紫外照射和氯胺消毒后基因丰度依次升高 8.81%、18.36%,慢病毒属对紫外照射和氯胺消毒都具有强抵抗力。进入管网后,基因丰度降低 59.17%。

紫外氯胺组合消毒可以有效降低病毒物种数和基因丰度,但该组合消毒方式并不能完全去除经过其它水处理工艺后的病毒。在供水系统中,dsDNA 病毒占绝对优势。有研究发现^[26],病毒基因结构会影响 UV 消毒效率,dsDNA 病毒比 ssDNA 病毒对 UV 灭活的抗性更强,可能是由于当 dsDNA 病毒在 UV 光照时只有一条链受到损伤,剩余未受损的链可作为宿主细胞酶修复的模板。

2.3 病毒宿主群落组成

病毒是一种必须在活细胞内寄生并以复制方式增殖的非细胞型生物,研究宿主在供水系统中的变化规律有助于了解病毒在供水系统的迁移机制和控制途径。除了驱动宿主种群动态和基因水平转移



(a) 病毒物种基因丰度分布规律(科水平); (b) 有尾噬菌体目基因丰度分布规律; (c) 慢病毒属(*Lentivirus*)

图3 科水平和属水平下病毒基因丰度分布规律

Fig. 3 Distribution of viral gene abundance at the family and genus level

外,病毒还通过宿主细胞裂解将生物物质转化为溶解和微粒有机物来影响微生物群落结构和功能^[27]。

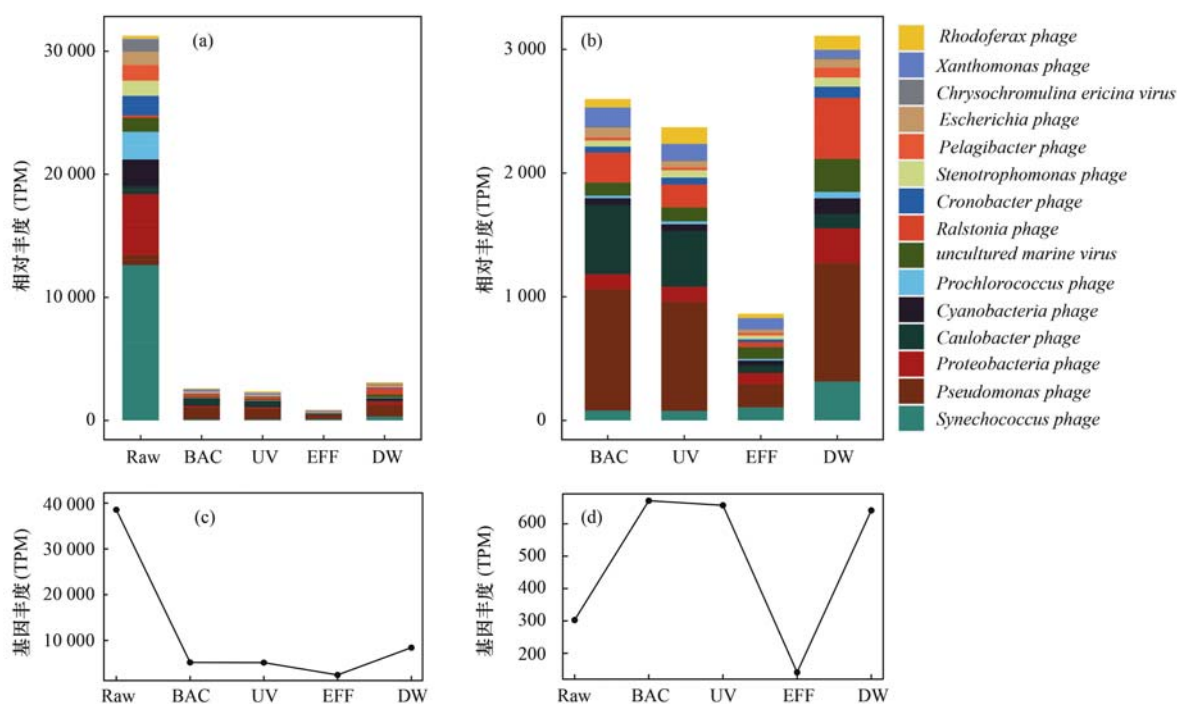
除 unclassified、unidentified、uncultured 和 unknown 宿主外,本系统中病毒的宿主共有 259 种,

包括动物、植物、微生物以及虫藻共生系统。

本供水系统中,最丰富的病毒是 *uncultured Mediterranean phage uwMED* (31.94%)。根据文献[28]将 *uncultured Mediterranean phage uwMED* 的宿主分为 3 类:细菌(24%)、真核生物(1%)和 unclassified (76%)。*uncultured Mediterranean phage uwMED* 的细菌宿主又分为:变形杆菌(59%)、蓝藻细菌(26%)、拟杆菌(7%)、厚壁菌门(2%)和 unclassified 细菌(5%)。

本供水系统中最大宿主是细菌(61.50%),主要寄生在 *Synechococcus* (聚球藻属)中。列出基因丰度除 unclassified Host 之外的以宿主分类的前 15 种病毒[图 4(a)和图 4(b)],其中有 13 种病毒宿主属于细菌,1 种属于病毒,1 种属于真核生物。聚球藻属和 *uncultured Mediterranean phage* 中的 *Proteobacteria* (变形菌门)在原水中作为优势病毒宿主,基因丰度分别为 16.20% 和 6.34%。经过混凝沉淀和臭氧生物活性炭深度处理后,病毒宿主基因丰度明显降低(86.38%) [图 4(c)],优势病毒宿主发生了变化,主要是: *Pseudomonas* (假单胞菌属)和 *Caulobacter* (新月柄杆菌),基因丰度分别为: 18.55%、10.54%。之前有文献^[29]用 16S rRNA 基因高通量测序得出活性炭表层生物膜中细菌种群多样性十分丰富,且检出了致病菌,因此生物活性炭表面微生物附着生长对后续悬浮水中微生物群落结构可产生明显影响。紫外消毒前后,宿主基因丰度变化不大,降低 0.79%,优势病毒宿主依旧是假单胞菌属(16.79%)和新月柄杆菌属(8.57%)。有研究表明病毒聚集物可能通过紫外线辐射干扰病毒失活,因为它们可能增强宿主细胞内受损病毒之间的基因组重组,从而部分减少病毒失活^[30]。氯胺消毒后,病毒宿主基因丰度大幅度降低 51.59%,优势病毒宿主为假单胞菌属(7.40%),紫外氯胺组合消毒后宿主丰度整体降低 51.97%。紫外氯胺组合消毒比单紫外消毒更有利于病毒宿主的去除(51.97%与 0.79%)。水厂处理后进入管网系统,病毒宿主基因丰度增加 76.42%,优势病毒宿主依然是假单胞菌(11.21%),没有变化。

该供水系统中共检出 100 种寄生在假单胞菌中的病毒,其中有 59 种病毒寄生在 *Pseudomonas aeruginosa* (铜绿假单胞菌)中。铜绿假单胞菌是一种致病性细菌,可在植物和动物(包括人)中引起疾病,是患者院内获得性感染(HAIs)的主要原因^[31]。供水系统中寄生在铜绿假单胞菌中的病毒基因丰度变化如图 4(d),经过混凝沉淀和臭氧生物活性炭深度处理后,铜绿假单胞菌宿主病毒基因丰度增加



(a) 以宿主分类的前 15 种病毒; (b) 为(a)的局部放大; (c) 总病毒宿主基因丰度; (d) 铜绿假单胞菌宿主病毒

图 4 病毒宿主群落组成和基因丰度变化规律

Fig. 4 Variations in the community composition and gene abundance of virus hosts

119.9%; 经紫外和氯胺消毒后, 基因丰度依次降低 2.09% 和 77.95%; 水厂处理后进入管网系统, 基因丰度升高 342.62%, 应加强关注输配管网中病毒微生物风险变化。

3 结论

(1) 利用宏基因组技术分析, 紫外氯胺组合消毒工艺能降低病毒物种数 (6.13%) 和基因丰度 (51.97%), 该组合消毒方式在目前工艺条件下不能去除所有水中病毒微生物。

(2) 对比 USEPA 培养法检测的单个病毒在水处理中的去除率 (99%~99.99%), 利用宏基因组测得的总病毒去除率要低 (93.46%), 以培养法评价不能保证净水工艺对病毒微生物的完全去除。

(3) 在该供水系统中, dsDNA 病毒占绝对优势。Caudovirales (有尾噬菌体目) 在整个供水系统中基因丰度最大, 对氯胺消毒处理有一定的敏感性。Lentivirus (慢病毒属) 作为能够感染人和脊椎动物的病毒, 对紫外照射和氯胺消毒都具有较强抵抗力。

(4) 本供水系统中最大的病毒宿主是细菌 (61.50%)。原水中病毒主要寄生在 *Synechococcus* (聚球藻属) 中, 经过水厂净水工艺以及到达管网后, 优势病毒宿主均为 *Pseudomonas* (假单胞菌属)。其中 *Pseudomonas aeruginosa* (铜绿假单胞菌) 宿主病毒在进入管网系统后, 基因丰度升高 342.62%, 应加强关注管网系统病毒微生物风险。

(5) 在去除病毒宿主方面, 氯胺消毒效率 (51.59%) 明显高于紫外照射 (0.79%), 组合消毒工艺更有利于病毒宿主的去除 (51.97%)。

参考文献:

- [1] Bergion V, Lindhe A, Sokolova E, et al. Risk-based cost-benefit analysis for evaluating microbial risk mitigation in a drinking water system[J]. Water Research, 2018, **132**: 111-123.
- [2] Xagorarakis I, Yin Z Q, Svambayev Z. Fate of viruses in water systems[J]. Journal of Environmental Engineering, 2014, **140** (7), doi: 10.1061/(ASCE)EE.1943-7870.0000827.
- [3] Fuhrman J A. Microbial community structure and its functional implications[J]. Nature, 2009, **459** (7244): 193-199.
- [4] Zhou Y F, Fernandez S, Yoon I K, et al. Metagenomics study of viral pathogens in undiagnosed respiratory specimens and identification of human enteroviruses at a Thailand hospital[J]. The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene, 2016, **95** (3): 663-669.
- [5] Fujioka R S, Yoneyama B S. Sunlight inactivation of human enteric viruses and fecal bacteria [J]. Water Science and Technology, 2002, **46** (11-12): 291-295.
- [6] Ye X Y, Ming X, Zhang Y L, et al. Real-time PCR detection of enteric viruses in source water and treated drinking water in Wuhan, China[J]. Current Microbiology, 2012, **65** (3): 244-253.
- [7] Herath B S, Sathasivan A. The chloramine stress induces the production of chloramine decaying proteins by microbes in biomass (biofilm) [J]. Chemosphere, 2020, **238**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2019.124526.
- [8] Adeyemo F E, Singh G, Reddy P, et al. Efficiency of chlorine and UV in the inactivation of *Cryptosporidium* and *Giardia* in wastewater[J]. PLoS One, 2019, **14** (5), doi: 10.1371/journal.pone.0216040.
- [9] Jiang B Q, Tian Y J, Zhang Z C, et al. Degradation behaviors of

- Isopropylphenazone and Aminopyrine and their genetic toxicity variations during UV/chloramine treatment[J]. *Water Research*, 2020, **170**, doi: 10.1016/j.watres.2019.115339.
- [10] Shaheen M N F, Elmahdy E M, Chawla-Sarkar M. Quantitative PCR-based identification of enteric viruses contaminating fresh produce and surface water used for irrigation in Egypt [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2019, **26**(21): 21619-21628.
- [11] Ryu H, Schrantz K A, Brinkman N E, *et al.* Applicability of integrated cell culture reverse transcriptase quantitative PCR (ICC-RTqPCR) for the simultaneous detection of the four human enteric enterovirus species in disinfection studies[J]. *Journal of Virological Methods*, 2018, **258**: 35-40.
- [12] Bibby K. Metagenomic identification of viral pathogens [J]. *Trends in Biotechnology*, 2013, **31**(5): 275-279.
- [13] Martínez-Porchas M, Vargas-Albores F. Microbial metagenomics in aquaculture; a potential tool for a deeper insight into the activity[J]. *Reviews in Aquaculture*, 2017, **9**(1): 42-56.
- [14] Wagner G P, Kin K, Lynch V J. Measurement of mRNA abundance using RNA-seq data: RPKM measure is inconsistent among samples [J]. *Theory in Biosciences*, 2012, **131**(4): 281-285.
- [15] Wang H, Sikora P, Rutgersson C, *et al.* Differential removal of human pathogenic viruses from sewage by conventional and ozone treatments [J]. *International Journal of Hygiene and Environmental Health*, 2018, **221**(3): 479-488.
- [16] Kato R, Asami T, Utagawa E, *et al.* Pepper mild mottle virus as a process indicator at drinking water treatment plants employing coagulation-sedimentation, rapid sand filtration, ozonation, and biological activated carbon treatments in Japan [J]. *Water Research*, 2018, **132**: 61-70.
- [17] Eickmann M, Gräemann U, Handke W, *et al.* Inactivation of Ebola virus and Middle East respiratory syndrome coronavirus in platelet concentrates and plasma by ultraviolet C light and methylene blue plus visible light, respectively[J]. *Transfusion*, 2018, **58**(9): 2202-2207.
- [18] Hijnen W A M, Beerendonk E F, Medema G J. Inactivation credit of UV radiation for viruses, bacteria and protozoan (oo) cysts in water; a review[J]. *Water Research*, 2006, **40**(1): 3-22.
- [19] Cromeans T L, Kahler A M, Hill V R. Inactivation of adenoviruses, enteroviruses, and murine norovirus in water by free chlorine and monochloramine [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, **76**(4): 1028-1033.
- [20] 白晓慧, 蔡云龙, 支兴华, 等. 供水管网不同管材内壁微生物分布的显微观察[J]. *环境科学*, 2009, **30**(9): 2555-2559.
- Bai X H, Cai Y L, Zhi X H, *et al.* Microscope observation of the microbial distribution on the wall of different pipe material in water supply system[J]. *Environmental Science*, 2009, **30**(9): 2555-2559.
- [21] 解跃峰, 马军. 饮用水厂病毒去除与控制[J]. *给水排水*, 2020, **46**(3): 1-3.
- Xie Y F, Ma J. Virus removal and control in drinking water plant [J]. *Water & Wastewater Engineering*, 2020, **46**(3): 1-3.
- [22] Flint J, Mackay T F C. Genetic architecture of quantitative traits in mice, flies, and humans [J]. *Genome Research*, 2009, **19**(5): 723-733.
- [23] 董慧峪, 李凌菲, 刘沛峰, 等. 饮用水消毒工艺对病毒的灭活[J]. *环境工程学报*, 2020, **7**(14): 1718-1727.
- Dong H Y, Li Y F, Liu P F, *et al.* Inactivation of virus by drinking water disinfection process [J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2020, **7**(14): 1718-1727.
- [24] 葛英亮, 于水利, 时文歆. 应用 Illumina Miseq 测序分析饮用水源水中病毒多样性[J]. *食品科学*, 2018, **39**(2): 287-292.
- Ge Y L, Yu S L, Shi W X. Analysis of virus diversity in drinking source water by using Illumina MiSeq sequencing technology[J]. *Food Science*, 2018, **39**(2): 287-292.
- [25] Bukong T N, Hall W W, Jacque J M. Lentivirus-associated MAPK/ERK2 phosphorylates EMD and regulates infectivity[J]. *Journal of General Virology*, 2010, **91**(9): 2381-2392.
- [26] Calgua B, Carratalà A, Guerrero-Latorre L, *et al.* UVC inactivation of dsDNA and ssRNA viruses in water: UV fluences and a qPCR-based approach to evaluate decay on viral infectivity [J]. *Food and Environmental Virology*, 2014, **6**(4): 260-268.
- [27] Suttle C A. Marine viruses—major players in the global ecosystem[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2007, **5**(10): 801-812.
- [28] Ghai R, Martin-Cuadrado A B, Molto A G, *et al.* Metagenome of the mediterranean deep chlorophyll maximum studied by direct and fosmid library 454 pyrosequencing[J]. *The ISME Journal*, 2010, **4**(9): 1154-1166.
- [29] 王敏, 尚海涛, 郝春博, 等. 饮用水深度处理活性炭池中微生物群落分布研究[J]. *环境科学*, 2011, **32**(5): 1497-1504.
- Wang M, Shang M T, Hao C B, *et al.* Diversity and bacteria community structure of activated carbon used in advanced drinking water treatment[J]. *Environmental Science*, 2011, **32**(5): 1497-1504.
- [30] Mattle M J, Kohn T. Inactivation and tailing during UV₂₅₄ disinfection of viruses: contributions of viral aggregation, light shielding within viral aggregates, and recombination [J]. *Environmental Science & Technology*, 2012, **46**(18): 10022-10030.
- [31] Azam M W, Khan A U. Updates on the pathogenicity status of *Pseudomonas aeruginosa* [J]. *Drug Discovery Today*, 2019, **24**(1): 350-359.

CONTENTS

Health Impact Attributable to the Control of PM _{2.5} Pollution in China During 2013-2017	ZHANG Meng-jiao, SU Fang-cheng, XU Qi-xiang, <i>et al.</i> (513)
Contributions of Emissions Reduction and Regional Meteorological Conditions to Air Quality Improvement	WU Wen-qi, ZHANG Kai-shan (523)
Air Pollution Characteristics and Quantitative Evaluation of Multi-scale Transport in the Beijing-Tianjin-Hebei Region in January, 2016	YAO Sen, ZHANG Han-yu, WANG Xiao-qi, <i>et al.</i> (534)
Influence of Burning Fireworks on the Atmosphere During the Spring Festival in Guangzhou in 2020	PEI Cheng-lei, WANG Yu-jun, BI Yan-ru, <i>et al.</i> (546)
Source Apportionment and Optical Properties of Fine Particles Associated with Regional Pollution in the Yangtze River Delta	XIA Li, ZHU Bin, WANG Hong-lei, <i>et al.</i> (556)
Distribution Characteristics and Source Analysis of Water-soluble Ions in Particulate Matter Under Different Weather Processes in Nanjing	ZHANG Yang, WANG Hong-lei, LIU An-kang, <i>et al.</i> (564)
Size Distribution of Aerosol Hygroscopic Growth Factors in Winter in Tianjin	DING Jing, ZHANG Yu-fen, ZHENG Nai-yuan, <i>et al.</i> (574)
Time-Determination and Contribution Analysis of Transport, Retention, and Offshore Backflow to Long-Term Sand-Dust Coupling	ZHANG Zhe, QIAO Li-ping, ZHOU Min, <i>et al.</i> (584)
Characterization, Sources, and Health Risks of PM _{2.5} -bound PAHs During Autumn and Winter in Luoyang City	QI Jing-wen, ZHANG Rui-qin, JIANG Nan, <i>et al.</i> (595)
Characteristics, Meteorological Influences, and Transport Source of Ozone Pollution in Zhengzhou City	WANG Xu-dong, YIN Sha-sha, YANG Jian, <i>et al.</i> (604)
Nonlinear Response Characteristics and Control Scheme for Ozone and Its Precursors Based on Orthogonal Experimental Methods	LI Guang-yao, CHEN Qiang, GUO Wen-kai, <i>et al.</i> (616)
Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds (VOCs) in the Automobile Industrial Park of Shanghai	YE Lu, TAI Qing-qing, YU Hua-ming (624)
Establishment of a High-resolution Anthropogenic Emission Inventory and Its Evaluation Using the WRF-Chem Model for Lanzhou	GUO Wen-kai, LI Guang-yao, CHEN Bing, <i>et al.</i> (634)
Trends in Vehicle Emissions in Sichuan Province, 2010-2017	LI Yuan, SHI Jia-cheng, CHEN Jun-hui, <i>et al.</i> (643)
Bioavailability and Ecological Risk Assessment of Cadmium in the Sea-Land Interaction Sediments of the Pearl River Delta	WANG Fang-ting, BAO Ke, CHEN Zhi-hua, <i>et al.</i> (653)
Distribution, Sources, and Ecological Risks of Polyfluoroalkyl Substances in the Surface Water of the Wuliangsuhai Watershed	SHI Rui, MAO Ruo-yu, ZHANG Meng, <i>et al.</i> (663)
Distribution Characteristics of Microplastics in Ice Sheets and Its Response to Salinity and Chlorophyll a in the Lake Wuliangsuhai	WANG Zhi-chao, YANG Jian-lin, YANG Fan, <i>et al.</i> (673)
Effect of Check Dam on Phosphorus Transport and Retention in the Qingshui River, in Zhangjiakou City	WANG Wei, LI Xu-yong (681)
Characteristics of Phosphorus Speciation and Genesis in Typical Tributaries of the Three Gorges Reservoir	YANG Fan, WANG Li-jing, JI Dao-bin, <i>et al.</i> (688)
Distribution of Nitrogen and Phosphorus in Lake Chaohu Sediments and Pollution Evaluation	WANG Yan-ping, XU Wei-wei, HAN Chao, <i>et al.</i> (699)
Sediment Pollution Characteristics and Dredging in the Nanfei River Estuary, Chaohu Lake	YANG Pan, YANG Chun-hui, MA Xin-yu, <i>et al.</i> (712)
Effect of Oxidation Strengthening on In-situ Phosphorus Immobilization of Calcium Hydroxide	XU Chu-tian, LI Da-peng, YUE Wei, <i>et al.</i> (723)
Impact of Rainfall-Runoff Events on Methane Emission from Xiangxi Bay of the Three Gorges Reservoir	CHEN Min, XU Hao-ting, WANG Xue-zhu, <i>et al.</i> (732)
Water-air Carbon Dioxide Exchange and Nutritional Controls in a Typical Karst River	LIU Rui, ZHANG Jin, CHEN Zu-sheng, <i>et al.</i> (740)
Occurrence of Antibiotics and Antibiotic Resistance Genes in Representative Drinking Water Resources in Jiangsu Province	WANG Long-fei, CHENG Yi-qun, HU Xiao-dong, <i>et al.</i> (749)
Diversity and Abundance of Antibiotic Resistance Genes in Tailings Ponds	HUANG Fu-yi, ZHU Yong-guan, SU Jian-qiang (761)
Hydrochemical Characteristics and Origin of Groundwater in the Central Guohe River Basin	ZHENG Tao, JIAO Tuan-li, HU Bo, <i>et al.</i> (766)
Hydrochemical Characteristics and Analysis of the Qilihai Wetland, Tianjin	HE Ming-xia, ZHANG Bing, XIA Wen-xue, <i>et al.</i> (776)
Effects of Straw Mulching and Nitrogen Reduction on the Distribution of Soil Nitrogen and Groundwater Nitrogen Pollution	ZHANG Wan-feng, YANG Shu-qing, SUN Duo-qiang, <i>et al.</i> (786)
Precision of eDNA Metabarcoding Technology for Biodiversity Monitoring of Eukaryotic Phytoplankton in Lakes	ZHANG Li-juan, XU Shan, ZHAO Zheng, <i>et al.</i> (796)
Effect of Phytoplankton Community Composition and Size Structure on Light Absorption Properties	HUANG Xin, SHI Kun, ZHANG Yun-lin, <i>et al.</i> (808)
Periphytic Algae Community Structure and Its Relation to Environment Factors in the Main Stream of the Songhua River from 2014 to 2019	YU Zong-ling, CHEN Wei, ZHAO Ran, <i>et al.</i> (819)
Diversity and Function Prediction of Bacterioplankton Under Human Disturbance in the Main Stream of the Laoguan River Before and After the Flood Season	HAN Xue-mei, GONG Zi-le, YANG Xiao-ming, <i>et al.</i> (831)
Seasonal Removal Efficiency and Degradation Products of Two Typical PPCPs in Subsurface Flow Constructed Wetlands	LI Chao-yu, YANG Yi-xiao, ZHANG Ning, <i>et al.</i> (842)
Removal of Antibiotics and Antibiotic Resistance Genes from Urban Rivers Using Artificial Ecosystems	ZHOU Hai-dong, HUANG Li-ping, CHEN Xiao-meng, <i>et al.</i> (850)
Distribution Characteristics of Viruses Microorganisms in a Water Supply System with Combined Ultraviolet Chloramine Disinfection	HAN Xue, SUN Jian-wei, ZHANG Li, <i>et al.</i> (860)
Removal of Oxytetracycline from Water Using Blast Furnace Slag Loaded Sulfide Nanoscale Zero-valent Iron	SUN Qiu-nan, ZHANG Rong-bin, DENG Man-jun, <i>et al.</i> (867)
Heavy Metal Ion Adsorption Properties and Stability of Amine-sulfur Modified Biochar in Aqueous Solution	WANG Cun-shi, HE Min-xia, ZHOU Feng, <i>et al.</i> (874)
Characteristics and Removal Mechanism of an Electro-Hybrid Ozonation-Coagulation System in the Treatment of Organic Matters	XIE Xin-yue, XU Jian-jun, ZHANG Shao-hua, <i>et al.</i> (883)
Enhancement Effects and Mechanisms of Microscale Zero Valent Iron on the Performance of Anaerobic Co-digestion of Waste Activated Sludge and Food Waste	CHEN Sheng-jie, YAO Fu-bing, PI Zhou-jie, <i>et al.</i> (891)
Spatial Distribution and Risk Assessment of Heavy Metal Pollution in Farmland Soils Surrounding a Typical Industrial Area of Henan Province	MENG Xiao-fei, GUO Jun-mei, YANG Jun-xing, <i>et al.</i> (900)
Distribution Characteristics and Pollution Evaluation of Heavy Metals in Greenbelt Soils of Nanjing City	CHEN Jia-lin, LI Ren-ying, XIE Xiao-jin, <i>et al.</i> (909)
Remediation Effect of Compound Modifier FZB on Arsenic and Cadmium Contaminated Soil	DING Ping, HE Yu-long, HE Huan, <i>et al.</i> (917)
Remediation of Cd Contaminated Acidic Rice Fields Using the Combined Application of Lime and Organic Matter	LI Guang-hui, CHENG Qing, CHEN Hong (925)
Effect and Mechanism of Foliar Application Nano-MnO ₂ on Cadmium Enrichment of Rice	ZHOU Yi-min, HUANG Ya-yuan, LIU Xiao-yue, <i>et al.</i> (932)
Characteristics of Cadmium Enrichment and Pollution Evaluation of a Soil-Crop System in a Typical Karst Area	WANG Rui, DENG Hai, JIA Zhong-min, <i>et al.</i> (941)
Comparison of Enrichment and Transport of Cadmium in the Fruit of High and Low Enrichment Pepper Varieties and Its Distribution in Subcells	SHAO Xiao-qing, HE Zhang-mi, XU Wei-hong (952)
Cadmium Accumulation Characteristics of Four Herbs	CHEN Di, LI Bo-qun, YANG Yong-ping, <i>et al.</i> (960)
Characteristics of Dissolved Organic Carbon Loss in Purple Soil Sloping Fields with Different Fertilization Treatments	XIONG Zi-yi, ZHENG Jie-bing, WANG Dan, <i>et al.</i> (967)
Effects of Precipitation Changes on Plant Community Diversity and Soil C:N:P Ecological Stoichiometric Characteristics in a Desert Steppe of China	GAO Jiang-ping, ZHAO Rui-feng, ZHANG Li-hua, <i>et al.</i> (977)
Effect of Water Management on Rice Growth and Rhizosphere Priming Effect in Paddy Soils	LIN Sen, XIAO Mou-liang, JIANG Jia-bin, <i>et al.</i> (988)
Effects of Copper Pollution on Microbial Communities in Wheat Root Systems	GE Yi, XU Min-min, XU Shao-hui, <i>et al.</i> (996)
Ozone Pollution, Nitrogen Addition, and Drought Stress Interact to Affect Non-structural Carbohydrates in the Leaves and Fine Roots of Poplar	LI Pin, ZHOU Hui-min, FENG Zhao-zhong (1004)
Review of Screening and Applications of Organic Tracers in Fine Particulate Matter	LI Yuan-ju, WU Ai-hua, TONG Meng-xue, <i>et al.</i> (1013)