

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

基于高分影像的城市水体遥感综合分级方法

杨子谦, 刘怀庆, 吕恒, 李云梅, 朱利, 周亚明, 李玲玲, 毕顺



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年5月

第42卷 第5期
Vol.42 No.5

目次

北京冬季 PM _{2.5} 中有机气溶胶的化学特征和来源解析	徐楠, 王甜甜, 李晓, 唐荣志, 郭松, 胡敏 (2101)
北京地区 2019 年 2~3 月供暖结束后两次污染过程特征分析	尹晓梅, 蒲维维, 王继康, 刘湘雪, 乔林 (2110)
北京 2019 年冬季一次典型霾污染特征与成因分析	廉涵阳, 杨欣, 张普, 陈义珍, 杨小阳, 赵好希, 何友江, 赵丹婷 (2121)
青岛沿海地区夏季和冬季新粒子生成特征对比	孙悦, 朱玉姣, 孟赫, 刘兵, 刘玉虹, 董灿, 姚小红, 王文兴, 薛丽坤 (2133)
太原市城乡居民采暖季室内灰尘中重金属的污染特征及其生态风险评价	黄浩, 徐子琪, 严俊霞, 赵秀阁, 王丹璐 (2143)
西安市新装修公共场所空气污染物浓度分析及健康风险评价	范洁, 樊灏, 沈振兴, 党文鹏, 郑伟, 王志华, 付毅 (2153)
超低排放典型燃烧源颗粒物及水溶性离子排放水平与特征	胡月琪, 王铮, 郭建辉, 冯亚君, 丁萌萌, 颜旭 (2159)
合肥市夏季大气颗粒物中微生物群落的高通量测序分析	姜少毅, 孙博文, 代海涛, 王润芳, 马大卫, 朱仁斌 (2169)
郑州市细颗粒物时空差异及管控措施影响	董喆, 袁明浩, 苏方成, 张剑飞, 孙佳葆, 张瑞芹 (2179)
2016~2019 年江西省臭氧污染特征与气象因子影响分析	钱悦, 许彬, 夏玲君, 陈燕玲, 邓力琛, 王欢, 张根 (2190)
天山北坡城市群气溶胶光学特性时空分布特征	张喆, 王建丽, 王瑾杰, 陈香月, 刘兴涛, 阿提干·吾斯曼 (2202)
基于高分影像的城市水体遥感综合分级方法	杨子谦, 刘怀庆, 吕恒, 李云梅, 朱利, 周亚明, 李玲玲, 毕顺 (2213)
太湖水体 Chl-a 预测模型 ARIMA 的构建及应用优化	李娜, 李勇, 冯家成, 单雅洁, 钱佳宁 (2223)
松花湖水水质空间差异及富营养化空间自相关分析	丁洋, 赵进勇, 张晶, 付意成, 彭文启, 陈渠昌, 李艳艳 (2232)
会仙岩溶湿地丰平枯水期地表水污染及灌溉适用性评价	朱丹尼, 邹胜章, 李军, 樊连杰, 赵一, 谢浩, 朱天龙, 潘民强, 徐利 (2240)
京杭大运河中下游段天然水化学变化特征及驱动因素	程中华, 邓义祥, 卓小可, 代丹, 于涛 (2251)
次降雨过程中不同土地利用配置对径流中氮流失的影响	罗义峰, 陈方鑫, 周豪, 龙翼, 严冬春, 谭文浩, 李丹丹, 陈晓燕 (2260)
碳氮同位素解析典型岩溶流域地下水中硝酸盐来源与归趋	任坤, 潘晓东, 梁嘉鹏, 彭聪, 曾洁 (2268)
冰封状态下里湖冰-水中浮游细菌群落结构差异	李文宝, 杨旭, 田雅楠, 杜蕾 (2276)
城市再生水河道沉积物细菌群落空间变化分析: 以京津冀北运河为例	邱莹, 靳燕, 苏振华, 邱琰茗, 赵栋梁, 郭道宇 (2287)
太湖春夏两季反硝化与厌氧氨氧化速率的空间差异及其影响因素	赵锋, 许海, 詹旭, 朱广伟, 郭宇龙, 康丽娟, 朱梦圆 (2296)
三峡库区典型支流水库浮游动植物群落结构特征及其与环境因子的关系	陈莎, 谢青, 付梅, 江韬, 王永敏, 王定勇 (2303)
铁硫改性生物炭去除水中的磷	桑倩倩, 王芳君, 赵元添, 周强, 蔡雨麒, 邓颖, 田文清, 陈永志, 马娟 (2313)
钢渣对水体中磷的去除性能及机制解析	罗晓, 张峻搏, 何磊, 杨雪晶, 吕鹏翼 (2324)
BS-18 两性修饰膨润土对四环素和诺氟沙星复合污染的吸附	王新欣, 孟昭福, 刘欣, 王腾, 胡啸龙, 孙秀贤 (2334)
Ag ₃ PO ₄ /g-C ₃ N ₄ 复合光催化剂的制备及其可见光催化性能	高闯闯, 刘海成, 孟无霜, 郝双玲, 薛婷婷, 陈国栋, Joseph Acquah (2343)
可见光驱动下罗丹明 B 自活化过硫酸盐降解双酚 A	张怡晨, 白雪, 石娟, 金鹏康 (2353)
铁钛共掺杂氧化铝诱导表面双反应中心催化臭氧氧化去除水中污染物	张帆, 宋阳, 胡春, 吕来 (2360)
硫化铁铜双金属复合材料的制备及除铬机制	屈敏, 王源, 陈辉霞, 王兴润, 徐红彬 (2370)
电催化-生物电化学耦合系统处理青霉素废水的机制	曲有鹏, 吕江维, 董跃, 冯玉杰, 张杰 (2378)
缺氧/好氧交替连续流的生活污水好氧颗粒污泥运行及污染物去除机制	李冬, 杨敬畏, 李悦, 李帅, 张诗睿, 王文强, 张杰 (2385)
反硝化除磷污泥聚集体内原位除磷活性及有机物浓度的影响	吕永涛, 姜晓童, 徒彦, 王旭东, 潘永宝, 刘爽, 崔双科, 王磊 (2396)
基于臭氧旁路处理的污泥原位减量技术工艺	薛冰, 刘宾寒, 韦婷婷, 王先恺, 陈思思, 董滨 (2402)
活性炭对城市有机固废厌氧消化过程抗生素抗性基因行为特征的影响	马佳莹, 王盼亮, 汪冰寒, 苏应龙, 谢冰 (2413)
6 种农业废弃物初期碳源及溶解性有机物释放机制	凌宇, 闫国凯, 王海燕, 董伟羊, 王欢, 常洋, 李丛宇 (2422)
中国典型农田土壤有机碳密度的空间分异及影响因素	李成, 王让会, 李兆哲, 徐扬 (2432)
不同水分条件和微生物生物量水平下水稻土有机碳矿化及其影响因子特征	刘琪, 李宇虹, 李哲, 魏晓梦, 祝贞科, 吴金水, 葛体达 (2440)
青藏高原林地土壤的氮转化特征及其影响因素分析: 以祁连山和藏东南地区为例	何芳, 张丽梅, 申聪聪, 陈金全, 刘四义 (2449)
基于物元可拓模型的兰州市主城区公园表土重金属污染评价	胡梦琨, 李春艳, 李娜娜, 吉天琪, 郑登友 (2457)
长期施用化肥和有机肥对稻田土壤重金属及其有效性的影响	夏文建, 张丽芳, 刘增兵, 张文学, 蓝贤瑾, 刘秀梅, 刘佳, 刘光荣, 李祖章, 王萍 (2469)
川南山区土壤与农作物重金属特征及成因	韩伟, 王成文, 彭敏, 王乔林, 杨帆, 徐仁廷 (2480)
宁东能源化工基地核心区表层土壤中多环芳烃的空间分布特征、源解析及风险评价	杨帆, 罗红雪, 钟艳霞, 王幼奇, 白一茹 (2490)
重金属钝化剂阻控生菜 Cd 吸收的功能稳定性和适用性	庞发虎, 吴雪姣, 孔雪菲, 曾宪, 王晓宇, 陈兆进, 姚伦广, 韩辉 (2502)
典型污染稻田水分管理对水稻镉累积的影响	张雨婷, 田应兵, 黄道友, 张泉, 许超, 朱捍华, 朱奇宏 (2512)
油茶果壳改性生物炭吸附性能及其耦合淹水对土壤 Cd 形态影响	蔡彤, 杜辉辉, 刘孝利, 铁柏清, 杨宇 (2522)
土地利用变化对松花江下游湿地土壤真菌群落结构及功能的影响	徐飞, 张拓, 怀宝东, 隋文志, 杨雪 (2531)
渔业复垦塌陷地抗生素抗性基因与微生物群落	程森, 路平, 冯启言 (2541)
3 种常用除草剂对细菌抗生素耐药性的影响	李曦, 廖汉鹏, 崔鹏, 白玉丹, 刘晨, 文畅, 周顺桂 (2550)
污水再生利用微生物控制标准及其制定方法探讨	陈卓, 崔琦, 曹可凡, 陆韻, 巫寅虎, 胡洪营 (2558)
《环境科学》征订启事 (2439) 《环境科学》征稿简则 (2479) 信息 (2152, 2231, 2286)	

活性炭对城市有机固废厌氧消化过程抗生素抗性基因行为特征的影响

马佳莹^{1,2,3}, 王盼亮^{1,2,3}, 汪冰寒^{1,2,3}, 苏应龙^{1,2,3}, 谢冰^{1,2,3*}

(1. 华东师范大学生态与环境科学学院, 上海有机固废生物转化工程技术研究中心, 上海 200241; 2. 华东师范大学生态与环境科学学院, 上海市城市化生态过程与生态恢复重点实验室, 上海 200241; 3. 上海污染控制与生态安全研究院, 上海 200092)

摘要: 城市有机固废是抗生素抗性基因 (antibiotic resistance genes, ARGs) 的来源和储存库之一, 其生物处理过程中 ARGs 的赋存变化规律需深入研究. 采用定量 PCR 方法分析城市有机固废厌氧消化过程中多种类型 ARGs 和整合子基因的变化特征, 探究了不同粒径的活性炭对目标基因行为特征的影响以及 ARGs 变化的潜在微生物机制. 结果表明, 无论是否添加活性炭, 厌氧消化过程对初始体系中的总 ARGs 均具有削减作用, 总 ARGs 绝对丰度的削减率为 29.95%~63.40%. 城市有机固废厌氧消化最终体系中, 粉末活性炭 (powdered activated carbon, PAC) 添加组中总 ARGs 丰度显著高于对照组 ($P < 0.05$), 即 PAC 削弱了 ARGs 的削减效果, 颗粒活性炭对 ARGs 变化无显著影响. 厌氧消化过程中, ARGs 的潜在宿主细菌主要属于梭菌纲 (Clostridia)、拟杆菌纲 (Bacteroidia) 和互营养菌纲 (Synergistia). PAC 添加时, 潜在宿主细菌的富集是目标基因增殖的重要原因, 且 Clostridia 可能是厌氧消化过程中 ARGs 消长的主要驱动因子. 本研究结果将有助于了解城市有机固废厌氧消化过程中 ARGs 的转归特征以及外源添加活性炭对 ARGs 的影响机制提供参考.

关键词: 城市有机固废; 厌氧消化; 抗生素抗性基因 (ARGs); 活性炭; 宿主细菌

中图分类号: X705 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)05-2413-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.202009250

Effects of Activated Carbon on the Fate of Antibiotic Resistance Genes During Anaerobic Digestion of the Organic Fraction of Municipal Solid Waste

MA Jia-ying^{1,2,3}, WANG Pan-liang^{1,2,3}, WANG Bing-han^{1,2,3}, SU Ying-long^{1,2,3}, XIE Bing^{1,2,3*}

(1. Shanghai Engineering Research Center of Biotransformation of Organic Solid Waste, School of Ecological and Environmental Sciences, East China Normal University, Shanghai 200241, China; 2. Shanghai Key Laboratory for Urban Ecological Processes and Eco-Restoration, School of Ecological and Environmental Sciences, East China Normal University, Shanghai 200241, China; 3. Shanghai Institute of Pollution Control and Ecological Security, Shanghai 200092, China)

Abstract: The organic fraction of municipal solid waste (OFMSW) has become one of the sources and reservoirs of antibiotic resistance genes (ARGs). It is essential to explore the fate of ARGs during biological treatment of OFMSW. Therefore, the changes in several types of ARGs and integron genes during anaerobic digestion of the OFMSW were analyzed by quantitative PCR. Furthermore, the effects of different particle sizes of activated carbon on the behaviors of the target genes and the potential microbial mechanisms of ARGs dynamics were investigated. The results showed that the total ARGs in the initial system were reduced after anaerobic digestion with or without the presence of activated carbon. The removal rate of the absolute abundance of total ARGs was 29.95%~63.40%. In the final system of anaerobic digestion of the OFMSW, the abundance of total ARGs in powdered activated carbon (PAC) groups was significantly higher than that in the control group ($P < 0.05$). The supplementation of PAC inhibited the reduction of ARGs, and the supplementation of granular activated carbon had no significant effect on the change in ARGs. The potential host bacteria of ARGs were mainly Clostridia, Bacteroidia, and Synergistia during anaerobic digestion. The enrichment of host bacteria caused by PAC addition was the main reason for the increase in the target genes. Moreover, Clostridia might have been the main driving factor for the growth and decline of ARGs. These results will help us to understand the dissemination of ARGs and the impacts of activated carbon addition on ARGs during anaerobic digestion of the OFMSW.

Key words: organic fraction of municipal solid waste; anaerobic digestion; antibiotic resistance genes (ARGs); activated carbon; host bacteria

在过去的几十年间, 抗生素广泛应用于人类医疗和畜禽养殖领域. 然而, 抗生素的不规范使用和不完全代谢导致其被释放并进入环境中, 从而诱导抗生素抗性基因 (antibiotic resistance genes, ARGs) 的产生和传播扩散^[1]. 近年来, ARGs 已在各种有机固体废物废弃物如污泥和畜禽粪便中广泛赋存迁移^[2,3].

目前, 作为有机固废的重要组成部分, 餐厨垃圾等城

收稿日期: 2020-09-26; 修订日期: 2020-10-25

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2018YFC1901000); 中央高校基本科研业务费专项

作者简介: 马佳莹 (1996~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为固废资源化处理和污染物控制, E-mail: majj0822@163.com

* 通信作者, E-mail: bxie@des.ecnu.edu.cn

市有机固废已成为环境中 ARGs 的来源和储存库之一^[4,5]. 已有研究报道, ARGs 广泛存在于如萝卜、西红柿和生菜等蔬菜与肉类和海产品中, 餐厨垃圾的生物处理过程中也检出高丰度的 ARGs (例如四环素类抗性基因: *tetM*、*tetQ* 和 *tetW* 以及磺胺类抗性基因: *sul1* 和 *sul2*)^[4,6]. 此外, ARGs 可能在生物处理系统中通过水平基因转移 (horizontal gene transfer, HGT) 方式在耐药菌甚至人类致病菌间传播, 不仅提高了 ARGs 的传播风险, 还对环境和人体健康造成了潜在威胁^[7,8].

厌氧消化不仅能够实现有机固废的减量化, 还可实现可持续能源回收和减少有机固废潜在污染风险, 是目前城市有机固废处理的重要技术^[9]. 此外, 已有研究表明厌氧消化过程对城市污泥中部分 ARGs 具有削减效果, 可抑制 ARGs 在环境中传播扩散^[10,11], 但仍缺乏规律性认识. 如 Ma 等^[11]的研究发现厌氧消化过程对污泥中几种磺胺类和四环素类抗性基因具有削减作用, 但红霉素类抗性基因反而得到富集. 目前, 餐厨垃圾等城市有机固废厌氧消化过程中 ARGs 和抗性细菌的行为特征和传播机制研究尚不明确.

活性炭具有比表面积大、孔隙结构发达和导电性质优良等特点^[9], 已被证实对厌氧生物处理产甲烷效率和系统稳定性具有良好的提升效果^[12]. 活性炭能够为微生物提供定殖“位点”, 从而影响厌氧生物处理中微生物生长与群落演替, 且活性炭可促进微生物间直接电子传递^[13,14]. ARGs 的赋存与迁移转化与微生物群落组成与多样性有关^[15]. 因此, 活性炭可能通过影响微生物生长或微生物间 HGT 影响厌氧消化过程中 ARGs 的增殖和迁移转化. Zhang 等^[16,17]的研究发现活性炭添加促进有机固废厌氧消化过程几种四环素类和磺胺类抗性基因削减, 但是其促进效果与厌氧消化的底物有关. 此外, 并非所有类型 ARGs 均受活性炭影响^[18]. 因此, 活性炭添加对城市有机固废厌氧消化过程中不同类型 ARGs 行为特征的影响及其潜在机制仍不清楚, 需进一步研究.

基于此, 本研究通过在城市有机固废厌氧消化体系中添加两种不同粒径的活性炭, 采用定量 PCR (qPCR) 方法和高通量测序技术分别对目标基因和细菌群落进行分析, 以探究多种类型 ARGs 和整合子基因在城市有机固废厌氧消化过程中的变化特征, 解析活性炭添加对 ARGs 行为特征的影响以及 ARGs 变化的潜在微生物机制, 以期了解城市有机固废厌氧消化过程中 ARGs 的转归特征以及外源添加活性炭对 ARGs 的影响机制提供理论基础.

1 材料与方法

1.1 厌氧消化基质、接种物与活性炭

本实验采用的城市有机固废底物为餐厨垃圾和果蔬垃圾的混合基质, 餐厨垃圾主要由 20% 米饭、10% 面条、20% 卷心菜、15% 土豆、6% 豆腐、5.8% 胡萝卜、8% 猪肉、7% 鸡肉和 7% 鸡蛋组成, 果蔬垃圾主要由 30% 生卷心菜、12% 生土豆、8% 胡萝卜、20% 苹果、20% 香蕉皮和 10% 橘子皮组成. 使用电动搅拌器 (Yalixi, XP07, China) 将餐厨垃圾和果蔬垃圾分别打碎均化, 并过 10 目筛以去除大颗粒物质. 接种物取自上海黎明有机质固废处理厂稳定运行的中温厌氧消化反应器, 在实验前将接种物置于 $(35 \pm 0.2)^\circ\text{C}$ 环境中驯化 14 d. 在加入反应器前, 颗粒活性炭 (granular activated carbon, GAC, $0.84 \sim 1 \text{ mm}$) 和粉末活性炭 (powder activated carbon, PAC, $61 \sim 75 \mu\text{m}$) 经去离子水多次清洗后, 烘干备用.

1.2 厌氧反应器构建与运行

厌氧反应器为 120 mL 的玻璃血清瓶, 工作体积为 90 mL. 餐厨垃圾和果蔬垃圾根据挥发性固体 (volatile solid, VS) 比值为 1:2 加入反应器中, 反应器内基质的总 VS 量固定为 1.9 g, 接种物的总 VS 量为 1.9 g, 总固体 (total solid, TS) 量为 5.4 g. 设置 R0 为对照组, R0 包含接种物和混合基质, 但不添加 GAC 和 PAC, 设置 6 组处理组, 分别添加不同剂量和粒径的活性炭材料, 设为 R1 ($5 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ GAC)、R2 ($10 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ GAC)、R3 ($15 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ GAC)、R4 ($5 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ PAC)、R5 ($10 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ PAC) 和 R6 ($15 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ PAC), 对照组和 6 个处理组均设置 3 个平行. 采用缓冲液 ($5 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ NaOH 和 $5 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ HCl) 将混合体系的初始 pH 值调至约 7.0. 用橡胶塞和铝盖将反应器密封, 并用高纯氮气冲洗顶空 1~2 min, 以保证反应器内厌氧条件. 最后将反应器置于恒温振荡培养箱 ($35 \pm 0.2)^\circ\text{C}$, 振荡频率为 $130 \text{ r} \cdot \text{min}^{-1}$. 当生物气产量几乎停滞时停止实验, 共 85 d.

1.3 定量 PCR 与细菌群落分析

分别取厌氧消化初始和各组最终体系的混合基质用于 DNA 提取和微生物分析. 使用 DNA 提取试剂盒 (MoBio Laboratories) 提取样品的 DNA, 微量紫外分光光度计 (Thermo Fisher Scientific, USA) 用于检测 DNA 浓度和纯度. 本实验采用 qPCR 方法对 ARGs、整合子和细菌 16S rRNA 进行定量分析, 共选取 8 种 ARGs 和 2 种整合子基因作为目标基因, 包括氨基糖苷类抗性基因 (*aadA1*)、大环内酯类抗性基因 (*ermB* 和 *mefA*)、 β -内酰胺类抗性基因

(*blaOXA*)、四环素类抗性基因(*tetM* 和 *tetQ*)、磺胺类抗性基因(*sul1* 和 *sul2*) 和整合子基因(*int11* 和 *int12*). 这 10 种目标基因是文献[4,5]报道的餐厨垃圾中检出的几种典型 ARGs 和可移动遗传元件(mobile genetic elements, MGEs). 目标基因的扩增引物序列信息和反应条件如表 1 所示. 目标基因和细菌 16S rRNA 基因的 qPCR 反应体系分别为 10 μ L (2 $\times$ SYBR Green qPCR mix 为 5.0 μ L, 引物 F 为 0.5 μ L, 引物 R 为 0.5 μ L, DNA 模板为 1.0 μ L 和 ddH₂O 为 3.0 μ L) 和 20 μ L (2 $\times$ SYBR Green qPCR mix 为 10.0 μ L, 引物 F 为 1.0 μ L, 引物 R 为 1.0 μ L, DNA 模板为 1.0 μ L 和 ddH₂O 为 7.0 μ L). qPCR 的反应程序为: 预变性期: 95 $^{\circ}$ C, 5 min; 变性: 94 $^{\circ}$ C, 30 s; 退火: 30 s; 再延伸: 72 $^{\circ}$ C, 30 s (读板); 最后延伸: 72 $^{\circ}$ C, 7 min; 溶解曲线: 65 ~ 95 $^{\circ}$ C, 每 5 s 升温 0.5 $^{\circ}$ C. 为保证实验数据的准确性和可靠性, 实验样品设置 3 个平行.

对 DNA 样品进行 PCR 扩增(引物为 338F 和 806R), 通过 Illumina MiSeq-PE250 平台对 16S rRNA 的 V3 ~ V4 区进行高通量测序, 该过程由上海派森诺生物科技股份有限公司完成.

表 1 qPCR 的引物序列和反应程序

Table 1 Primer sequences and procedures for qPCR			
基因	引物序列(5'-3')	片段大小/bp	退火温度/ $^{\circ}$ C
<i>aadA1</i>	F-AGCTAAGCGCAACTGCAAT	195	55
	R-TGGCTCGAAGATACCTGCAA		
<i>ermB</i>	F-AAAACITACCGCCATACCA	139	60
	R-TTGCGGTGTTCATGTGCTT		
<i>mefA</i>	F-ATACCCAGCACTCAATTCG	186	59
	R-CAATCACAGCACCACATACG		
<i>blaOXA</i>	F-CGGATGCTTTGAAGGTTTATTAT	195	57
	R-TCTTGGCTTTTATGCTTGATGTTAA		
<i>tetQ</i>	F-AGAATCTGCTTTTGCCAGTG	169	55
	R-CGGAGTGTCATGATATTGCA		
<i>tetM</i>	F-TCAGTGGGAAAATACGAAGGTG	140	56
	R-GAGTTTGTGCTTGTACGCCATC		
<i>sul1</i>	F-CGCACCGGAAACATCGTGCAC	163	55.8
	R-TGAAGTTCGCGCGCAAGGCTCG		
<i>sul2</i>	F-TCCGGTGGAGGCCGCTATCTGG	191	55.8
	R-CGGGAATGCCATCTGCCTTGAG		
<i>int11</i>	F-GGCTTCGTGATGCCTGCTT	190	57
	R-CATTCTGCGCGTGTCTTCT		
<i>int12</i>	F-GTTATTTTATTGCTGGGATTAGGC	143	57
	R-TTTTACGCTGCTGTATGTTGC		
细菌	CGGTGAATACGTTTCYCGG	143	55
16S rRNA	GGWTACCTTGTACGACTT		

1.4 数据分析

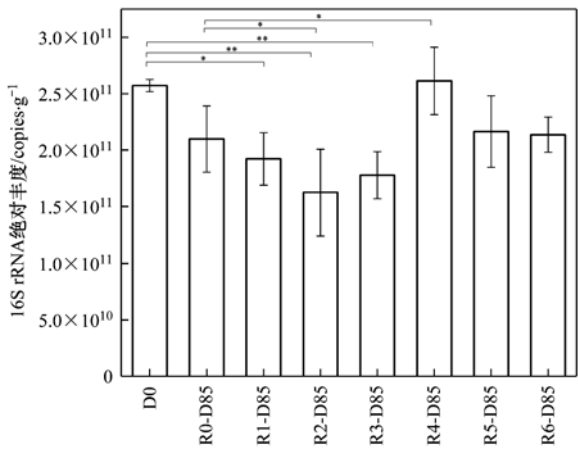
采用 SPSS 23(IBM, USA) 进行单因素方差分析和皮尔逊相关性分析, 采用 Origin 9.3 (Origin Lab Corporation, USA) 绘制柱形图, 采用 R3.4.2 绘制热

图和相关性图, 采用 Gephi 0.9.2 进行网络分析.

2 结果与讨论

2.1 活性炭对厌氧消化过程生物量变化的影响

16S rRNA 拷贝数可用于衡量厌氧消化基质中细菌生物量^[19]. 厌氧消化过程中 16S rRNA 绝对丰度的变化以及活性炭对 16S rRNA 变化的影响如图 1 所示. 在厌氧消化初始体系(0 d)中, 16S rRNA 基因的绝对丰度(以干物质计, 下同)为 $(2.57 \times 10^{11} \pm 5.33 \times 10^9)$ copies $\cdot$ g⁻¹. 相比于初始, 除 R4 外, 最终体系(85 d)中 R0(对照组)与其它处理组的 16S rRNA 绝对丰度均降低, 特别地, R1、R2 和 R3 这 3 组 GAC 添加组中 16S rRNA 绝对丰度显著降低($P < 0.05$). 此外, 厌氧消化最终体系中, 与对照组相比, 3 组 GAC 添加组中 16S rRNA 绝对丰度降低, 相反地, R4、R5 和 R6 这 3 组 PAC 添加组中 16S rRNA 绝对丰度升高. 这表明厌氧消化过程能够降低系统中的细菌生物量, 且 GAC 添加促进了生物量的降低.



D0 表示各组中厌氧消化初始体系(0 d), D85 表示厌氧消化最终体系(85 d); * 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$, *** 表示 $P < 0.001$, 下同

图 1 厌氧消化过程中 16S rRNA 绝对丰度的变化
Fig. 1 Variations in the absolute abundances of 16S rRNA during anaerobic digestion

2.2 活性炭对厌氧消化过程抗性基因变化的影响

厌氧消化过程中 ARGs 绝对丰度的变化如图 2 (a) 所示. 在厌氧消化初始时, 总 ARGs 绝对丰度最高, 为 3.04×10^{10} copies $\cdot$ g⁻¹. 无论是否添加活性炭, 厌氧消化最终体系中总 ARGs 绝对丰度均极显著降低($P < 0.001$), 总 ARGs 的削减率为 29.95% ~ 63.40%. 表明厌氧消化过程对初始体系中总 ARGs 具有良好的削减效果, 与已有研究的结果一致^[16,20]. 与对照组相比, R4、R5 和 R6 这 3 组 PAC 添加组中总 ARGs 绝对丰度均极显著升高($P <$

0.001),总 ARGs 削减率显著下降,为 29.95%~36.77%. 这表明,PAC 添加不利于城市有机固废厌氧消化过程中总 ARGs 的削减,甚至可能抑制厌氧消化过程对总 ARGs 的去除作用. 除 R3 以外,GAC 添加对总 ARGs 的削减效果无显著影响. 此外,与对照组相比,除 *tetQ* 和 *sul2* 外,3 组 PAC 添加组中其它 6 种 ARGs 绝对丰度均升高,表明 PAC 添加有利于多种类型 ARGs 增殖. 这可能是由于 PAC 添加促使厌氧消化体系中生物量增加,微生物活性增强,有助于多种类型 ARGs 增殖和传播.

图 2(b) 显示了 ARGs 相对丰度的变化,与初始体系相比,各组的最终体系中总 ARGs 的相对丰度均显著降低 ($P < 0.05$),表明经过厌氧消化过程各组中总 ARGs 得到削减. 此外,相比于对照组,GAC 和 PAC 添加组的总 ARGs 相对丰度均升高,表明不同粒径活性炭添加均可能不利于 ARGs 削减,其中 PAC 的抑制效果更显著. 在厌氧消化初始时,*aadA1* 和 *tetM* 占比最高,分别占总 ARGs 的 43.85% 和 20.73%,其次是 *blaOXA* 和 *ermB*. 厌氧消化后,对照组和活性炭添加组中,*aadA1*、*blaOXA* 和 *ermB* 相对丰度均降低,而 *tetM* 相对丰度均升高. 因此,与其它目标基因相比,*tetM* 更难以被去除,趋于在城市有机固废厌氧消化系统及后续产品中赋存. *tetM* 已广泛存在于各种有机固废中,且研究表明 *tetM* 在餐厨垃圾厌氧消化处理过程中丰度变化较小,较难被去除^[4],这与本研究的结果一致.

2.3 活性炭对厌氧消化过程遗传元件变化的影响

HGT 能够通过整合子、转座子和质粒等 MGEs 介导在微生物间发生,从而促使 ARGs 传播扩散^[21]. 可移动整合子在细菌间 HGT 中起重要作用,本研究选取一类整合子 (*intl1*) 和二类整合子 (*intl2*) 探究活性炭添加对厌氧消化过程 HGT 的影响. 厌氧消化过程中 *intl1* 和 *intl2* 绝对丰度的变化如图 3(a) 和图 3(b) 所示,*intl1* 绝对丰度远高于 *intl2*. 厌氧消化初始体系中 *intl1* 绝对丰度为 $(9.49 \times 10^9 \pm 1.57 \times 10^9)$ copies·g⁻¹. 相较于初始体系,在最终体系中,对照组中 *intl1* 绝对丰度降低,削减率为 80.43%. 然而 GAC 和 PAC 添加的 6 组中 *intl1* 绝对丰度均高于对照组,表明活性炭添加可能不利于 *intl1* 削减. 在 3 组 PAC 添加组中,与初始体系相比,*intl1* 绝对丰度升高,*intl1* 反而得到富集. 与对照组相比,GAC 和 PAC 添加对 *intl2* 绝对丰度变化的影响均较不明显. 相似地,如图 3(c) 和图 3(d) 所示,*intl1* 相对丰度在 3 组 PAC 添加组中均升高,GAC 和 PAC 添加后 *intl2* 相对丰度变化不明显. 因此,PAC 添加组中 *intl1* 显著富集,可能促使 ARGs 传播,从而影响厌氧消化过

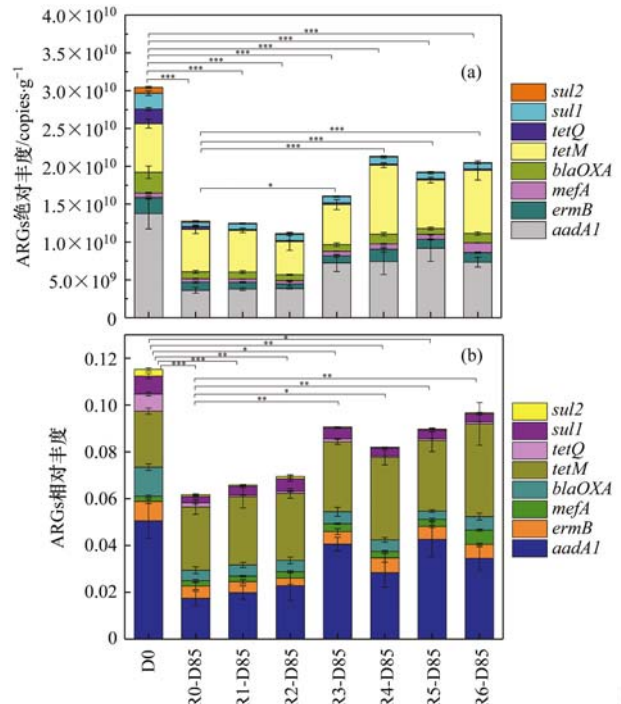


图 2 厌氧消化过程中目标 ARGs 绝对丰度和相对丰度的变化

Fig. 2 Variations in the absolute abundances and relative abundances of the target ARGs during anaerobic digestion

程对城市有机固废中 ARGs 的削减效果.

2.4 抗性基因和整合子基因间相关性分析

ARGs 在环境中传播扩散往往由 MGEs 介导,而整合子基因能够参与 ARGs 在微生物间的水平转移过程^[22]. ARGs 和整合子基因间的皮尔逊相关关系如图 4 所示. *intl1* 与各种 ARGs 间均不存在显著相关性. *intl2* 相对丰度显著低于 *intl1*,但是 *intl2* 与多种类型 ARGs 均显著正相关 ($P < 0.05$),特别是与 *tetQ*、*sul1* 和 *sul2* 极显著正相关 ($P < 0.01$),表明 *intl2* 可能介导 ARGs 特别是 *tetQ*、*sul1* 和 *sul2* 的跨细菌水平转移过程. 已有研究报道 *sul1* 和 *sul2* 这 2 种磺胺类抗性基因在环境中的传播扩散常由整合子介导^[23]. 值得注意的是,*blaOXA*、*tetQ*、*sul1* 和 *sul2* 这 4 种 ARGs 两两之间均存在显著正相关关系 ($P < 0.05$),这表明多种 ARGs 可能同时存在于同一宿主微生物或同一基因盒中,且水平转移可能促进 ARGs 传播.

2.5 活性炭对厌氧消化过程细菌群落变化的影响

16S rRNA 基因测序分析了城市有机固废厌氧消化过程中细菌群落演替和活性炭对细菌群落变化的影响. 如图 5(a) 所示,厌氧消化初始体系中的优势细菌主要为梭菌纲 (Clostridia, 57.06%)、拟杆菌纲 (Bacteroidia, 21.14%) 和厌氧绳菌纲 (Anaerolineae, 2.42%). 经过厌氧消化过程后,细菌群落发生了变化, Clostridia 和互营养菌纲

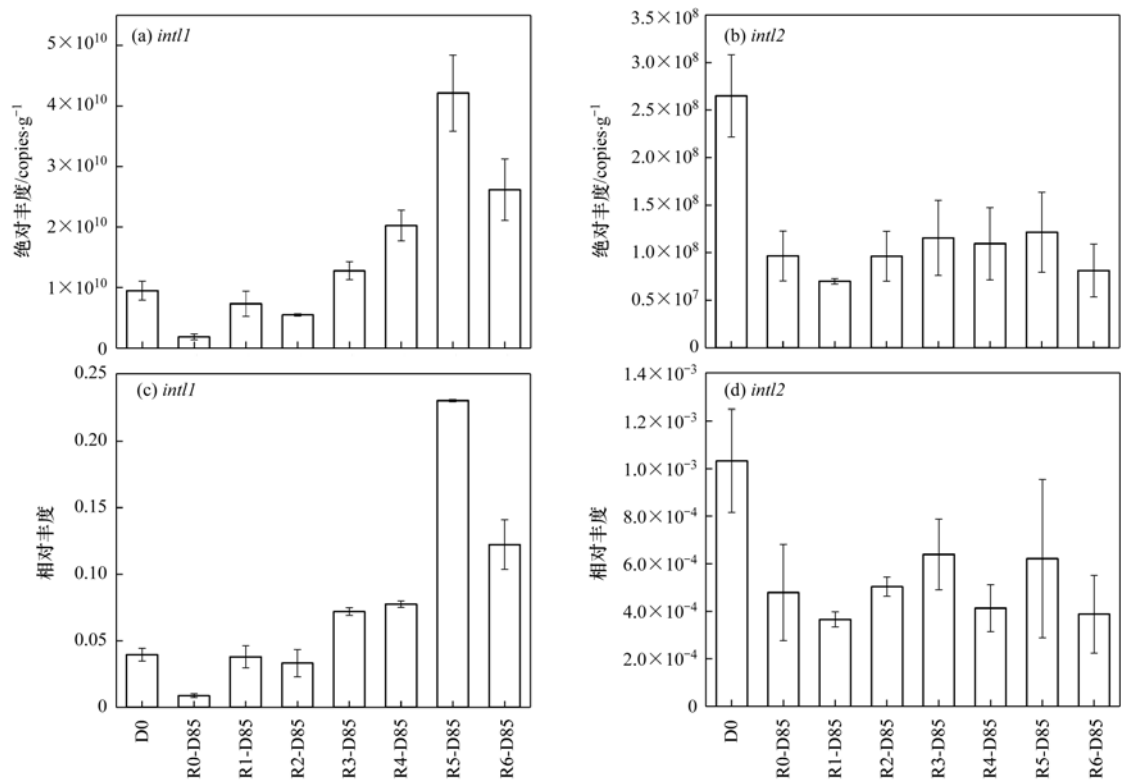


图 3 厌氧消化过程中 *int11* 和 *int2* 绝对丰度与相对丰度的变化
Fig. 3 Variations in the absolute abundances and relative abundances of *int11* and *int2* during anaerobic digestion

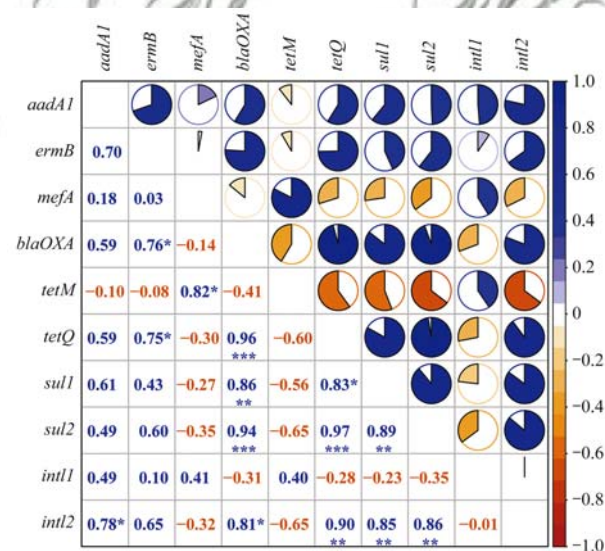


图 4 ARGs 和整合子基因间的皮尔逊相关关系
Fig. 4 Pearson's correlations of ARGs and integron genes

(Synergistia) 细菌相对丰度升高, Bacteroidia 相对丰度降低. 此外, 与对照组相比, 3 组 PAC 添加组中 Clostridia 相对丰度均明显升高, 从 71.84% 升至 82.90%~83.81%, 不同添加剂量组间无明显差异. Clostridia 属于厚壁菌门 (Firmicutes), 是污泥和餐厨垃圾等有机固废厌氧消化系统中的主要优势细菌, 具有高效降解有机物的能力^[24,25]. Clostridia 主要参与有机固废厌氧消化过程中蛋白质、脂质和碳水化合物等大分子有机物向乙酸和丙酸等挥发性脂肪酸

(volatile fatty acids, VFAs) 的转化过程^[24,26]. 由此可见, PAC 添加促使 Clostridia 富集, 可能利于有机物转化和 VFAs 产生.

为了进一步了解活性炭对细菌群落组成的影响, 图 5(b) 展示了细菌科水平的组成 (丰度前 30). 厌氧消化初始体系中主要优势科细菌为瘤胃菌科 (Ruminococcaceae, 22.34%)、Dysgonomonadaceae (9.26%)、热厌氧杆菌科 (Thermoanaerobacteraceae, 6.41%)、互营单胞菌科 (Syntrophomonadaceae, 5.37%)、理研菌科 (Rikenellaceae, 4.15%) 和互养菌科 (Synergistaceae, 2.32%). 经过厌氧消化过程后, 对照组和各处理组中 Ruminococcaceae (29.27%~41.45%) 和 Synergistaceae (5.08%~13.41%) 相对丰度均明显升高. Ruminococcaceae 属于 Clostridia, 参与纤维素等复杂有机物的水解过程且利于 VFAs 产生^[27,28], Synergistaceae 具有促进 VFAs 转化为乙酸的能力^[28,29]. 由此可见, 厌氧消化过程富集了参与有机物降解和产酸过程的细菌. 在最终体系中, 与对照组相比, GAC 添加组中 Syntrophomonadaceae 的相对丰度明显升高, 从 4.26% 升至 6.49%~10.46%, PAC 添加组中 Caldicoprobacteraceae 的相对丰度明显升高, 从 0.81% 升至 1.19%~1.45%. Syntrophomonadaceae 具有协同降解 VFAs 和产甲烷能力^[30], Caldicoprobacteraceae 能够在厌氧消化前期降解蛋白

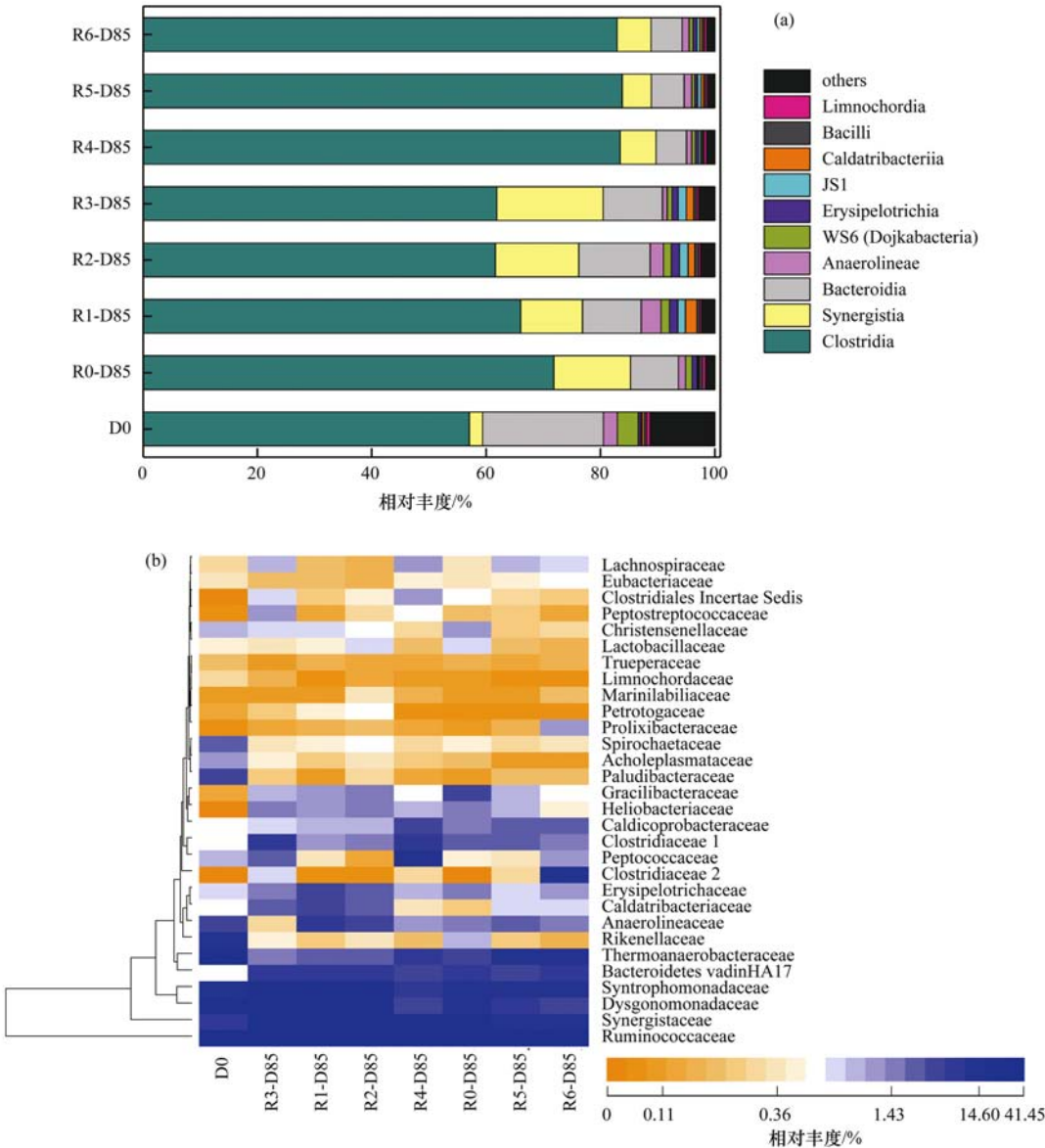


图 5 厌氧消化过程中细菌纲水平和科水平(丰度前 30 科)的相对丰度

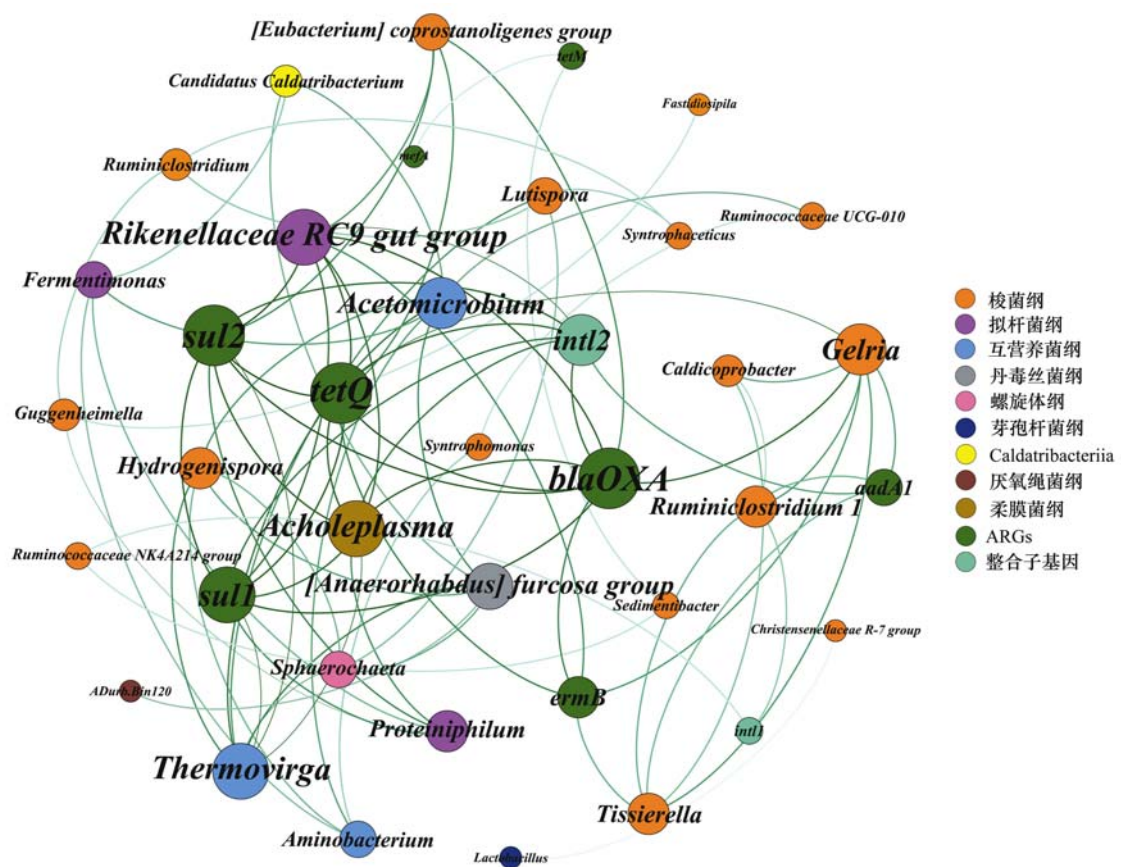
Fig. 5 Relative abundances of bacteria at the class level and family level (top 30) during anaerobic digestion

质和半纤维素等大分子有机物,促进有机物水解^[31]. GAC 和 PAC 添加的 6 组中,梭菌科 (Clostridiaceae)细菌均明显富集,有助于降解碳水化合物产生乙酸和丁酸^[25]. 因此,GAC 和 PAC 添加可能利于参与有机物降解和 VFAs 产生与转化过程的功能细菌富集,加速厌氧消化过程.

2.6 抗性基因与细菌群落的相关关系

为了分析 ARGs 的潜在宿主微生物和探究 ARGs 与细菌群落的内在联系,对 ARGs、整合子和细菌群落进行了网络分析. 如图 6 所示,厌氧消化过程中,ARGs 的潜在宿主细菌主要属于 Clostridia、Bacteroidia 和 Synergistia. 部分细菌与多种 ARGs 显著正相关($P < 0.05$),例如 *Gelria* 与 *aadA1*、*ermB* 和 *blaOXA* 均存在显著正相关关系,*Rikenellaceae* RC9 gut group 和 *Acholeplasma* 均与 *blaOXA*、*tetQ*、*sul1*、

sul2 和 *intl2* 显著正相关,*Tissierella* 与 *aadA1* 和 *ermB* 显著正相关,*Ruminiclostridium 1* 与 *aadA1* 和 *intl1* 显著正相关($P < 0.05$). 这表明在城市有机固废厌氧消化过程中,某些细菌可能成为多种 ARGs 的潜在宿主,携带多种类型 ARGs,可促进 ARGs 传播扩散. 如图 2 和图 3 所示,*aadA1*、*ermB*、*blaOXA* 和 *intl1* 在 3 组 PAC 添加组中均得到富集. 这几种目标基因的潜在宿主细菌如 *Gelria*、*Tissierella* 和 *Ruminiclostridium 1* 均属于 Clostridia,且 Clostridia 相对丰度在 PAC 添加组中均明显升高. 因此,在 PAC 添加组中,*aadA1*、*ermB*、*blaOXA* 和 *intl1* 的增加可能与 Clostridia 的富集有关. 表明 PAC 添加时,潜在宿主细菌的富集是目标基因增殖的重要原因,从而影响总 ARGs 的变化特征,且 Clostridia 可能是厌氧消化过程中 ARGs 消长和传播的主要驱动因子. 厌



网络分析基于 Pearson 相关性分析 ($P < 0.05$), 边连接代表节点间正相关关系, 节点大小代表与该节点相关的节点数多少

图 6 厌氧消化过程中 ARGs、MGEs 和细菌群落 (丰度前 30 属) 的关系

Fig. 6 Connections between ARGs, MGEs, and bacterial communities (top 30 genera) during anaerobic digestion

氧消化系统中,PAC 添加可能促使某些功能细菌生长,从而加速 ARGs 增殖.此外,PAC 可能促进微生物间能量和电子传递^[32],其对微生物间生物电连接的强化作用可能导致微生物间发生遗传物质的传递,从而促使 ARGs 通过 MGEs 在微生物间水平转移,提升 ARGs 的传播风险.

此外,网络分析揭示了 HGT 在 ARGs 传播过程中的作用. *intl1* 的潜在宿主细菌为 *Ruminiclostridium 1* 和 *Ruminococcaceae NK4A214 group*, *intl2* 的潜在宿主为 *Rikenellaceae RC9 gut group* 和 *Acholeplasma*. 由 ARGs 和整合子间相关性分析可知, *intl2* 与 *blaOXA*、*tetQ*、*sul1* 和 *sul2* 均显著正相关,且 *blaOXA*、*tetQ*、*sul1* 和 *sul2* 相互之间显著正相关 ($P < 0.05$). 值得注意的是, *blaOXA*、*tetQ*、*sul1*、*sul2* 和 *intl2* 拥有相同的宿主 *Rikenellaceae RC9 gut group* 和 *Acholeplasma*. 因此,整合子对 ARGs 的传播具有促进作用,且 *blaOXA*、*tetQ*、*sul1* 和 *sul2* 可能由 *intl2* 介导在这些细菌间水平转移扩散. 已有研究报道 *Acholeplasma* 中包含典型致病菌^[1],在城市有机固废厌氧消化过程中具有携带多种类型 ARGs 的能力,且 ARGs 在微生物间的水平转移会加剧致病菌的潜在风险,从而对厌氧消化后续产品利用的安全性产

生威胁.

3 结论

(1) 无论是否添加活性炭,厌氧消化过程对城市有机固废厌氧消化初始体系中的总 ARGs 均具有削减作用.

(2) 厌氧消化最终体系中,相较于对照组,PAC 添加促使 ARGs 增殖,即 PAC 添加削弱了厌氧消化过程对 ARGs 的削减效果;GAC 添加对 ARGs 变化无显著影响.

(3) 城市有机固废厌氧消化过程中,ARGs 的潜在宿主细菌主要归属于 Clostridia、Bacteroidia 和 Synergistia;某些宿主细菌与多种 ARGs 和整合子基因显著正相关,可促进 ARGs 增殖与传播扩散.

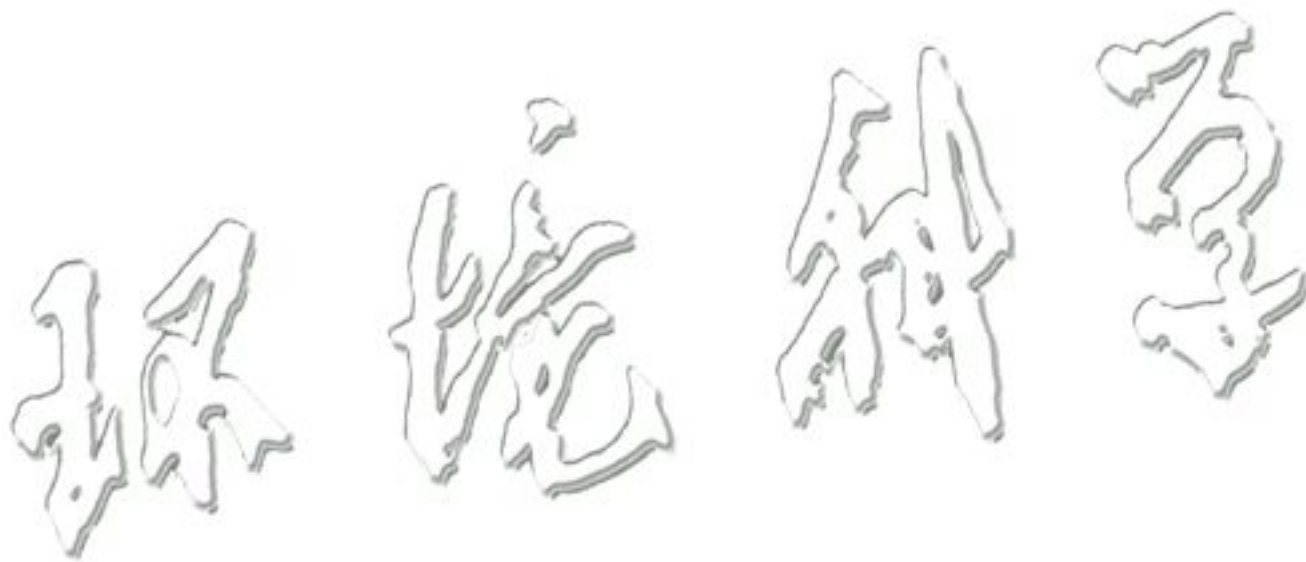
(4) PAC 添加时,宿主细菌的富集是目标基因增殖的重要原因,且 Clostridia 可能是厌氧消化过程中 ARGs 消长的主要驱动因子.

参考文献:

[1] Su Y L, Wang J X, Xia H P, et al. Comparative network analysis revealing the mechanisms of antibiotic resistance genes removal by leachate recirculation under different hydraulic loadings[J]. Science of the Total Environment, 2019, 649: 318-326.

- [2] 姜明吉, 薛翌, 陈红, 等. pH 值对污泥热水解/厌氧消化过程抗性基因的影响[J]. 中国给水排水, 2019, **35**(13): 16-22.
- Jiang M J, Xue G, Chen H, *et al.* Effect of pH value on the decline of resistance genes in sludge during the thermal hydrolysis and anaerobic digestion combined process[J]. China Water & Wastewater, 2019, **35**(13): 16-22.
- [3] Guo H G, Chen Q L, Hu H W, *et al.* Fate of antibiotic resistance genes during high-solid anaerobic co-digestion of pig manure with lignite[J]. Bioresource Technology, 2020, **303**, doi: 10.1016/j.biortech.2020.122906.
- [4] He P J, Yu Z F, Shao L M, *et al.* Fate of antibiotics and antibiotic resistance genes in a full-scale restaurant food waste treatment plant: implications of the roles beyond heavy metals and mobile genetic elements[J]. Journal of Environmental Sciences, 2019, **85**: 17-34.
- [5] Wang P L, Qiao Z R, Li X N, *et al.* Fate of integrons, antibiotic resistance genes and associated microbial community in food waste and its large-scale biotreatment systems[J]. Environment International, 2020, **144**, doi: 10.1016/j.envint.2020.106013.
- [6] Wang P, Chen X T, Liang X F, *et al.* Effects of nanoscale zero-valent iron on the performance and the fate of antibiotic resistance genes during thermophilic and mesophilic anaerobic digestion of food waste[J]. Bioresource Technology, 2019, **293**, doi: 10.1016/j.biortech.2019.122092.
- [7] 黄福义, 周曙屹, 颜一军, 等. 生活垃圾渗滤液处理过程中抗生素抗性基因的变化特征[J]. 环境科学, 2019, **40**(10): 4685-4690.
- Huang F Y, Zhou S Y D, Yan Y J, *et al.* Dynamics of antibiotic resistance genes during the municipal solid waste leachate treatment[J]. Environmental Science, 2019, **40**(10): 4685-4690.
- [8] Zhao R X, Feng J, Liu J, *et al.* Deciphering of microbial community and antibiotic resistance genes in activated sludge reactors under high selective pressure of different antibiotics[J]. Water Research, 2019, **151**: 388-402.
- [9] 马佳莹, 汪冰寒, 乔子茹, 等. 碳基材料对餐厨垃圾厌氧消化效率和微生物群落的影响研究进展[J]. 应用与环境生物学报, 2020, **26**(3): 730-738.
- Ma J Y, Wang B H, Qiao Z R, *et al.* Effects of carbon-based materials on anaerobic digestion efficiency and microbial community of food waste[J]. Chinese Journal of Applied & Environmental Biology, 2020, **26**(3): 730-738.
- [10] Wu Y, Cui E P, Zuo Y R, *et al.* Influence of two-phase anaerobic digestion on fate of selected antibiotic resistance genes and class I integrons in municipal wastewater sludge[J]. Bioresource Technology, 2016, **211**: 414-421.
- [11] Ma Y J, Wilson C A, Novak J T, *et al.* Effect of various sludge digestion conditions on sulfonamide, macrolide, and tetracycline resistance genes and class I integrons[J]. Environmental Science & Technology, 2011, **45**(18): 7855-7861.
- [12] Zhang J S, Zhao W Q, Zhang H W, *et al.* Recent achievements in enhancing anaerobic digestion with carbon-based functional materials[J]. Bioresource Technology, 2018, **266**: 555-567.
- [13] Yin Q D, Yang S, Wang Z Z, *et al.* Clarifying electron transfer and metagenomic analysis of microbial community in the methane production process with the addition of ferrous oxide[J]. Chemical Engineering Journal, 2018, **333**: 216-225.
- [14] 杨波, 贾丽娟, 徐辉, 等. 投加颗粒活性炭和二氧化锰对剩余污泥厌氧消化的影响[J]. 环境科学, 2020, **41**(4): 1816-1824.
- Yang B, Jia L J, Xu H, *et al.* Effect of adding granular activated carbon (GAC)/manganese dioxide (MnO_2) for the anaerobic digestion of waste activated sludge[J]. Environmental Science, 2020, **41**(4): 1816-1824.
- [15] Senthilo V, Mayer A P, Guy L, *et al.* Community-wide plasmid gene mobilization and selection[J]. The ISME Journal, 2013, **7**(6): 1173-1186.
- [16] Zhang J X, Chua Q W, Mao F J, *et al.* Effects of activated carbon on anaerobic digestion-methanogenic metabolism, mechanisms of antibiotics and antibiotic resistance genes removal[J]. Bioresource Technology Reports, 2019, **5**: 113-120.
- [17] Zhang J X, Mao F J, Loh K C, *et al.* Evaluating the effects of activated carbon on methane generation and the fate of antibiotic resistant genes and class I integrons during anaerobic digestion of solid organic wastes[J]. Bioresource Technology, 2018, **249**: 729-736.
- [18] Zhang J X, Zhang L, Loh K C, *et al.* Enhanced anaerobic digestion of food waste by adding activated carbon: fate of bacterial pathogens and antibiotic resistance genes[J]. Biochemical Engineering Journal, 2017, **128**: 19-25.
- [19] 李慧莉, 武彩云, 唐安平, 等. 不同污泥在微波预处理-厌氧消化过程中抗性基因分布及菌群结构演替[J]. 环境科学, 2021, **42**(1): 323-332.
- Li H L, Wu C Y, Tang A P, *et al.* Occurrence of antibiotic resistance genes and bacterial community structure of different sludge during microwave pretreatment-anaerobic digestion[J]. Environmental Science, 2021, **42**(1): 323-332.
- [20] 杨帆, 徐雯丽, 钱雅洁, 等. 零价铁对污泥厌氧消化过程中四环素抗性基因水平转移的作用影响[J]. 环境科学, 2018, **39**(4): 1748-1755.
- Yang F, Xu W L, Qian Y J, *et al.* Effect of zero valent iron on the horizontal gene transfer of tetracycline resistance genes during anaerobic sludge digestion process[J]. Environmental Science, 2018, **39**(4): 1748-1755.
- [21] Soucy S M, Huang J L, Gogarten J P. Horizontal gene transfer: building the web of life[J]. Nature Reviews Genetics, 2015, **16**(8): 472-482.
- [22] Ma L P, Li A D, Yin X L, *et al.* The prevalence of integrons as the carrier of antibiotic resistance genes in natural and man-made environments[J]. Environmental Science & Technology, 2017, **51**(10): 5721-5728.
- [23] Hsu J T, Chen C Y, Young C W, *et al.* Prevalence of sulfonamide-resistant bacteria, resistance genes and integron-associated horizontal gene transfer in natural water bodies and soils adjacent to a swine feedlot in northern Taiwan[J]. Journal of Hazardous Materials, 2014, **277**: 34-43.
- [24] 苏宇傲, 刘宏波, 毛秋燕, 等. 死菌 DNA 对厌氧消化污泥中抗生素抗性基因及微生物群落分析的干扰[J]. 环境科学, 2020, **41**(6): 2812-2821.
- Su Y A, Liu H B, Mao Q Y, *et al.* Interference of dead cell DNA on the analysis of antibiotic resistance genes and microbial community in anaerobic digestion sludge[J]. Environmental Science, 2020, **41**(6): 2812-2821.
- [25] 潘婧冉, 高苏, 赵国柱, 等. 餐厨垃圾厌氧消化处理主要过程的微生物群落结构分析[J]. 微生物学通报, 2019, **46**(11): 2886-2899.
- Pan J R, Gao S, Zhu G Z, *et al.* Microbial community structure in the main processes of anaerobic digestion of restaurant food waste[J]. Microbiology China, 2019, **46**(11): 2886-2899.
- [26] Su C Y, Lin X M, Zheng P, *et al.* Effect of cephalixin after

- heterogeneous Fenton-like pretreatment on the performance of anaerobic granular sludge and activated sludge [J]. *Chemosphere*, 2019, **235**: 84-95.
- [27] 唐涛涛, 李江, 杨爱江, 等. 秸秆类型及配比变化对污泥厌氧消化中微生物群落的影响[J]. *化工进展*, 2020, **39**(2): 667-678.
Tang T T, Li J, Yang A J, *et al.* Effects of straw type and ratio change on microbial community in anaerobic digestion of sludge [J]. *Chemical Industry and Engineering Progress*, 2020, **39**(2): 667-678.
- [28] Liu Y, Wachemo A C, Yuan H R, *et al.* Anaerobic digestion performance and microbial community structure of corn stover in three-stage continuously stirred tank reactors [J]. *Bioresource Technology*, 2019, **287**, doi: 10. 1016/j. biortech. 2019. 121339.
- [29] Suksong W, Tukanghan W, Promnuan K, *et al.* Biogas production from palm oil mill effluent and empty fruit bunches by coupled liquid and solid-state anaerobic digestion [J]. *Bioresource Technology*, 2020, **296**, doi: 10. 1016/j. biortech. 2019. 122304.
- [30] Capson-Tojo G, Moscoviz R, Ruiz D, *et al.* Addition of granular activated carbon and trace elements to favor volatile fatty acid consumption during anaerobic digestion of food waste [J]. *Bioresource Technology*, 2018, **260**: 157-168.
- [31] Wang Y Y, Zhang J X, Sun Y B, *et al.* Effects of intermittent mixing mode on solid state anaerobic digestion of agricultural wastes [J]. *Chemosphere*, 2020, **248**, doi: 10. 1016/j. chemosphere. 2020. 126055.
- [32] Xu S Y, He C Q, Luo L W, *et al.* Comparing activated carbon of different particle sizes on enhancing methane generation in upflow anaerobic digester [J]. *Bioresource Technology*, 2015, **196**: 606-612.



CONTENTS

Chemical Characteristics and Source Apportionment of Organic Aerosols in Atmospheric PM _{2.5} in Winter in Beijing	XU Nan, WANG Tian-tian, LI Xiao, <i>et al.</i> (2101)
Characteristics of Two Pollution Episodes Before and After City Heating in Beijing from February to March of 2019	YIN Xiao-mei, PU Wei-wei, WANG Ji-kang, <i>et al.</i> (2110)
Analysis of Characteristics and Causes of a Typical Haze Pollution in Beijing in the Winter of 2019	LIAN Han-yang, YANG Xin, ZHANG Pu, <i>et al.</i> (2121)
New Particle Formation Events in Summer and Winter in the Coastal Atmosphere in Qingdao, China	SUN Yue, ZHU Yu-jiao, MENG He, <i>et al.</i> (2133)
Characteristics of Heavy Metal Pollution and Ecological Risk Evaluation of Indoor Dust from Urban and Rural Areas in Taiyuan City During the Heating Season	HUANG Hao, XU Zi-qi, YAN Jun-xia, <i>et al.</i> (2143)
Concentration Analysis and Health Risk Assessment of Air Pollutants in Newly Decorated Public Places in Xi'an	FAN Jie, FAN Hao, SHEN Zhen-xing, <i>et al.</i> (2153)
Emission Concentration and Characteristics of Particulate Matter and Water-Soluble Ions in Exhaust Gas of Typical Combustion Sources with Ultra-Low Emission	HU Yue-qi, WANG Zheng, GUO Jian-hui, <i>et al.</i> (2159)
High-Throughput Sequencing Analysis of Microbial Communities in Summertime Atmospheric Particulate Matter in Hefei City	JIANG Shao-yi, SUN Bo-wen, DAI Hai-tao, <i>et al.</i> (2169)
Spatiotemporal Variations in Fine Particulate Matter and the Impact of Air Quality Control in Zhengzhou	DONG Zhe, YUAN Ming-hao, SU Fang-cheng, <i>et al.</i> (2179)
Characteristics of Ozone Pollution and Relationships with Meteorological Factors in Jiangxi Province	QIAN Yue, XU Bin, XIA Ling-jun, <i>et al.</i> (2190)
Temporal and Spatial Distribution Characteristics of Aerosol Optical Properties in Urban Agglomerations on the North Slope of the Tianshan Mountains	ZHANG Zhe, DING Jian-li, WANG Jin-jie, <i>et al.</i> (2202)
Comprehensive Classification Method of Urban Water by Remote Sensing Based on High-Resolution Images	YANG Zi-qian, LIU Huai-qing, LÜ Heng, <i>et al.</i> (2213)
Construction and Application Optimization of the Chl-a Forecast Model ARIMA for Lake Taihu	LI Na, LI Yong, FENG Jia-cheng, <i>et al.</i> (2223)
Spatial Differences in Water Quality and Spatial Autocorrelation Analysis of Eutrophication in Songhua Lake	DING Yang, ZHAO Jin-yong, ZHANG Jing, <i>et al.</i> (2232)
Pollution and Irrigation Applicability of Surface Water from Wet, Normal, and Dry Periods in the Huixian Karst Wetland, China	ZHU Dan-ni, ZOU Sheng-zhang, LI Jun, <i>et al.</i> (2240)
Changes in Water Chemistry and Driving Factors in the Middle and Lower Reaches of the Beijing-Hangzhou Grand Canal	CHENG Zhong-hua, DENG Yi-xiang, ZHUO Xiao-ke, <i>et al.</i> (2251)
Effects of Different Land Use Practices on Nitrogen Loss from Runoff During Rainfall Events	LUO Yi-feng, CHEN Fang-xin, ZHOU Hao, <i>et al.</i> (2260)
Sources and Fate of Nitrate in Groundwater in a Typical Karst Basin: Insights from Carbon, Nitrogen, and Oxygen Isotopes	REN Kun, PAN Xiao-dong, LIANG Jia-peng, <i>et al.</i> (2268)
Changes in the Bacterioplankton Community Between "Ice" and "Water" in the Frozen Dali Lake	LI Wen-bao, YANG Xu, TIAN Ya-nan, <i>et al.</i> (2276)
Analysis of the Spatial Changes in Bacterial Communities in Urban Reclaimed Water Channel Sediments; A Case Study of the North Canal River	QIU Ying, JIN Yan, SU Zhen-hua, <i>et al.</i> (2287)
Spatial Differences and Influencing Factors of Denitrification and ANAMMOX Rates in Spring and Summer in Lake Taihu	ZHAO Feng, XU Hai, ZHAN Xu, <i>et al.</i> (2296)
Structural Characteristics of Zooplankton and Phytoplankton Communities and Its Relationship with Environmental Factors in a Typical Tributary Reservoir in the Three Gorges Reservoir Region	CHEN Sha, XIE Qing, FU Mei, <i>et al.</i> (2303)
Application of Iron and Sulfate-Modified Biochar in Phosphorus Removal from Water	SANG Qian-qian, WANG Fang-jun, ZHAO Yuan-tian, <i>et al.</i> (2313)
Analysis of the Performance and Mechanism of Phosphorus Removal in Water by Steel Slag	LUO Xiao, ZHANG Jun-bo, HE Lei, <i>et al.</i> (2324)
Adsorption of BS-18 Amphoterically Modified Bentonite to Tetracycline and Norfloxacin Combined Pollutants	WANG Xin-xin, MENG Zhao-fu, LIU Xin, <i>et al.</i> (2334)
Preparation of Ag ₃ PO ₄ /g-C ₃ N ₄ Composite Photocatalysts and Their Visible Light Photocatalytic Performance	GAO Chuang-chuang, LIU Hai-cheng, MENG Wu-shuang, <i>et al.</i> (2343)
Activation of Permonosulfate by Rhodamine B for BPA Degradation Under Visible Light Irradiation	ZHANG Yi-chen, BAI Xue, SHI Juan, <i>et al.</i> (2353)
Fe-Ti Co-Doped Alumina-Induced Surface Dual Reaction Center for Catalytic Ozonation to Remove Pollutants from Water	ZHANG Fan, SONG Yang, HU Chun, <i>et al.</i> (2360)
Preparation of Sulfidated Copper-Iron Bimetallic Compositing Material and Its Mechanism for Chromium Removal	QU Min, WANG Yuan, CHEN Hui-xia, <i>et al.</i> (2370)
Mechanisms of Penicillin Wastewater Treatment by Coupled Electrocatalytic and Bioelectrochemical Systems	QU You-peng, LÜ Jiang-wei, DONG Yue, <i>et al.</i> (2378)
Aerobic Granular Sludge Operation and Nutrient Removal Mechanism from Domestic Sewage in an Anaerobic/Aerobic Alternating Continuous Flow System	LI Dong, YANG Jing-wei, LI Yue, <i>et al.</i> (2385)
In-situ Phosphorus Removal Activity and Impact of the Organic Matter Concentration on Denitrifying Phosphorus Removal in Sludge Aggregates	LÜ Yong-tao, JIANG Xiao-tong, TU Yan, <i>et al.</i> (2396)
In-situ Sludge Reduction Technology Based on Ozonation	XUE Bing, LIU Bin-han, WEI Ting-ting, <i>et al.</i> (2402)
Effects of Activated Carbon on the Fate of Antibiotic Resistance Genes During Anaerobic Digestion of the Organic Fraction of Municipal Solid Waste	MA Jia-ying, WANG Pan-liang, WANG Bing-han, <i>et al.</i> (2413)
Release Mechanisms of Carbon Source and Dissolved Organic Matter of Six Agricultural Wastes in the Initial Stage	LING Yu, YAN Guo-kai, WANG Hai-yan, <i>et al.</i> (2422)
Spatial Differentiation of Soil Organic Carbon Density and Influencing Factors in Typical Croplands of China	LI Cheng, WANG Rang-hui, LI Zhao-zhe, <i>et al.</i> (2432)
Characteristics of Paddy Soil Organic Carbon Mineralization and Influencing Factors Under Different Water Conditions and Microbial Biomass Levels	LIU Qi, LI Yu-hong, LI Zhe, <i>et al.</i> (2440)
Analysis of Nitrogen Transformation Characteristics and Influencing Factors of Forestland Soil in the Qinghai-Tibet Plateau; A Case Study of the Qilian Mountains and Southeast Tibet	HE Fang, ZHANG Li-mei, SHEN Cong-cong, <i>et al.</i> (2449)
Using the Matter-Element Extension Model to Assess Heavy Metal Pollution in Topsoil in Parks in the Main District Park of Lanzhou City	HU Meng-jun, LI Chun-yan, LI Na-na, <i>et al.</i> (2457)
Effects of Long-Term Application of Chemical Fertilizers and Organic Fertilizers on Heavy Metals and Their Availability in Reddish Paddy Soil	XIA Wen-jian, ZHANG Li-fang, LIU Zeng-bing, <i>et al.</i> (2469)
Characteristics and Origins of Heavy Metals in Soil and Crops in Mountain Area of Southern Sichuan	HAN Wei, WANG Cheng-wen, PENG Min, <i>et al.</i> (2480)
Spatial Distribution Characteristics, Source Apportionment, and Risk Assessment of Topsoil PAHs in the Core Area of the Ningdong Energy and Chemical Industry Base	YANG Fan, LUO Hong-xue, ZHONG Yan-xia, <i>et al.</i> (2490)
Functional Stability and Applicability of Heavy Metal Passivators in Reducing Cd Uptake by Lettuce	PANG Fa-hu, WU Xue-jiao, KONG Xue-fei, <i>et al.</i> (2502)
Effects of Water Management on Cadmium Accumulation by Rice (<i>Oryza sativa</i> L.) Growing in Typical Paddy Soil	ZHANG Yu-ting, TIAN Ying-bing, HUANG Dao-you, <i>et al.</i> (2512)
Adsorption Properties of Oiltea Camellia Shell-Modified Biochar and Effects of Coupled Waterlogging on Soil Cd Morphology	CAI Tong, DU Hui-hui, LIU Xiao-li, <i>et al.</i> (2522)
Effects of Land Use Changes on Soil Fungal Community Structure and Function in the Riparian Wetland Along the Downstream of the Songhua River	XU Fei, ZHANG Tuo, HUAI Bao-dong, <i>et al.</i> (2531)
Distribution of Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in a Fishery Reclamation Mining Subsidence Area	CHENG Sen, LU Ping, FENG Qi-yan (2541)
Effects of Three Commonly Used Herbicides on Bacterial Antibiotic Resistance	LI Xi, LIAO Han-peng, CUI Peng, <i>et al.</i> (2550)
Discussion of Microbial Control Standards of Water Reclamation and Formulation Methods	CHEN Zhuo, CUI Qi, CAO Ke-fan, <i>et al.</i> (2558)