

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

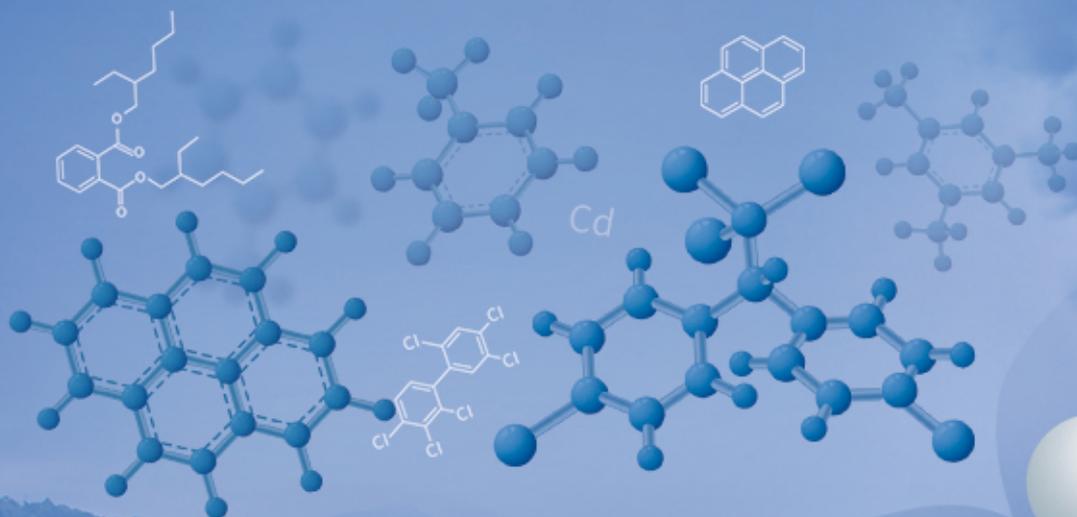
ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

升金湖水体优先污染物筛选与风险评价

龚雄虎, 丁琪琪, 金苗, 薛滨, 张路, 姚书春, 王兆德, 卢少勇, 赵中华



PAHs

VOCs

HMs

PCBs

PAEs

OCPs

ANTs

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年10月

第42卷 第10期

Vol.42 No.10

目次

PM_{2.5}化学组分连续观测在污染事件源解析中的应用 蔡凡涛, 尚玥, 戴维, 谢鸣捷 (4575)

汾渭平原 PM_{2.5}空间分布的地形效应 黄小刚, 赵景波, 孙从建, 汤慧玲, 梁旭琦 (4582)

华中地区冬季灰霾天气下 PM_{2.5}中重金属污染特征及健康风险评价: 以湖北黄冈为例
..... 李星谕, 毛瑶, 陈展乐, 刘威杰, 程铖, 石明明, 许安, 苏业旺, 胡天鹏, 祁士华, 邢新丽 (4593)

华北区域大气中羰基化合物体积分数水平及化学反应活性 黄禹, 陈曦, 王迎红, 刘子锐, 唐贵谦, 李杏茹 (4602)

成都市春季 O₃ 污染特征及关键前体物识别 韩丽, 陈军辉, 姜涛, 徐晨曦, 李英杰, 王成辉, 王波, 钱骏, 刘政 (4611)

基于边界观测的长三角某工业区 O₃ 来源特征 黄晴, 黄银芝, 张珊, 金丹, 高松, 修光利 (4621)

廊坊开发区 8~9月 O₃ 污染过程 VOCs 污染特征及来源分析 张敬巧, 王宏亮, 方小云, 刘锐泽, 丁文文, 凌德印, 王淑兰 (4632)

广东省家具行业基于涂料类型的 VOCs 排放特征及其环境影响
..... 曾春玲, 邵霞, 刘锐源, 姚懿娟, 李银松, 侯墨, 刘洋, 范丽雅, 叶代启 (4641)

厦门湾空气质量对新冠疫情管控的响应 徐超, 吴水平, 刘怡靖, 钟雪芬 (4650)

北京平原和延庆地区山谷风异同及对污染的影响 吴进, 李琛, 马志强, 孙兆彬, 韩婷婷, 邱雨露, 马小会, 李颖芳, 朱晓婉 (4660)

两湖盆地冬季区域大气颗粒物污染特征及独特的风场和下垫面影响
..... 朱燕, 赵天良, 白永清, 徐家平, 孙晓芸, 胡未央, 常嘉成, 杨婕, 朱从祯 (4669)

燃煤电厂颗粒物中硫酸根与硝酸根离子的转化规律 杨柳, 何晴, 盛重义 (4678)

长江流域主要干/支流化学特征及外源酸的影响 王琪, 于爽, 蒋萍萍, 孙平安 (4687)

土地利用对太湖入流河道营养盐的影响 连心桥, 朱广伟, 杨文斌, 康丽娟, 朱梦圆, 许海 (4698)

基于 eDNA 技术的渭河浮游动物多样性及关键种生态位特征
..... 梁东, 夏军, 宋进喜, 常剑波, 吴琼, 程丹东, 张怡暄, 孔飞鹤, 任源鑫 (4708)

三亚市水体中 PPCPs 的污染水平、分布特征及生态风险评价 任丙南, 耿静 (4717)

升金湖水体优先污染物筛选与风险评价 龚雄虎, 丁琪琪, 金苗, 薛滨, 张路, 姚书春, 王兆德, 卢少勇, 赵中华 (4727)

天目湖沙河水库水生态安全状况长期变化及影响因素 杨文斌, 段文秀, 崔扬, 朱广伟, 吴天浩, 许海, 朱梦圆 (4739)

华中地区供水水库抗生素抗性基因的季节变化及影响因素 张凯, 辛蕊, 李观家, 王倩, 王亚南, 许智恒, 崔向超, 魏巍 (4753)

快速城镇化进程中珠江三角洲硝酸型地下水赋存特征及驱动因素 吕晓立, 刘景涛, 韩占涛, 朱亮, 张玉玺 (4761)

盐城地区地表水化学空间特征及控制因素分析 王建, 张华兵, 许君利, 彭俊 (4772)

基于沉积物中总氮和总磷垂向分布与吸附解吸特征的白洋淀清淤深度
..... 周亚婷, 陈兴宏, 李立青, 张伟军, 张美一, 王东升, 王洪杰 (4781)

硼酸和磷酸对 PMS/Co²⁺ 均相催化氧化有机物的影响因素与机制 万琪琪, 陈铸昊, 曹瑞华, 王静怡, 李刚 (4789)

磁性生物炭负载 α-MnO₂ 活化过一硫酸盐降解 2,2',4,4'-四溴联苯醚 李鑫, 尹华, 罗昊昱, 欧阳晓芳, 刘航, 祝铭韩 (4798)

紫外活化过硫酸钠灭活水中噬菌体 MS2 的特性及机制 张崇森, 杨昊明, 王真 (4807)

铈改性水葫芦生物炭对磷酸盐的吸附特性 王光泽, 曾薇, 李帅帅 (4815)

低温地下水净化工艺中氨氮去除性能及机制 李冬, 刘孟浩, 张瑞苗, 曾辉平, 张杰 (4826)

我国城市污泥中重金属的赋存形态与生态风险评价 耿源濛, 张传兵, 张勇, 黄豆豆, 闫姝骁, 孙腾飞, 程柳, 王静, 毛宇翔 (4834)

不同气候类型下污水厂活性污泥中微生物群落比较 杨思航, 秦泽生, 梁漫春 (4844)

部分亚硝化-厌氧氨氧化协同反硝化处理生活污水脱氮除碳 秦彦荣, 袁忠玲, 张明, 张民安, 刘安迪, 付雪, 马娟, 陈永志 (4853)

同步短程硝化-厌氧氨氧化-短程反硝化颗粒污泥培育过程及其性能 周峰, 刘勇弟, 厉巍 (4864)

多种微塑料提取方法在中国典型土壤中的应用 赵小丽, 刘子涵, 从辰宇, 韩剑桥 (4872)

柴达木盆地土壤重金属污染与来源分析 陈亮, 张西营, 唐启亮, 耿盛, 王二龙, 李姜瑶 (4880)

快速城市化区域不同用地类型土壤重金属含量分布特征及生态风险 李梦婷, 沈城, 吴健, 黄沈发, 李大雁, 王敏 (4889)

广西都安县典型水田晒地球化学特征及影响因素 刘飞, 杨柯, 徐仁廷, 唐世琪 (4897)

炭化苹果枝通过减少土壤 DTPA-Cd 降低苹果砷木镉积累和镉伤害 邓波, 荀咪, 张玮玮, 杨洪强 (4908)

海南省集约化种植园中谷物、蔬菜和水果中重金属累积程度及健康风险
..... 杨剑洲, 王振亮, 高健翁, 严慧, 胡树起, 唐世新, 龚晶晶 (4916)

环境中抗生素抗性基因丰度与抗生素和重金属含量的相关性分析: 基于 Web of Science 数据库检索 苗荪, 陈磊, 左剑恶 (4925)

银川市农田土壤中四环素类抗生素的污染特征及生态风险评估 张小红, 陶红, 王亚娟, 马志义, 周泽英 (4933)

施用不同来源粪肥对土壤中抗生素淋溶的影响 李斌绪, 朱昌雄, 宋婷婷, 马金莲, 张治国, 李红娜 (4942)

我国典型森林土壤微生物驱动的氮代谢途径特征解析 吕雪丽, 赵永鹏, 林清火, 彭显龙, 尹云锋, 蒋先军 (4951)

青藏高原高寒湿地春夏两季根际与非根际土壤反硝化速率及 nirS 型反硝化细菌群落特征分析
..... 李玉倩, 马俊伟, 高超, 霍守亮, 夏星辉 (4959)

松嫩平原芦苇湿地退化与修复过程中土壤细菌和甲烷代谢微生物的群落结构
..... 王秋颖, 王娜, 刘颖, 陈功, 何辉, 高婕, 庄绪亮, 庄国强 (4968)

不同轮作休耕下潮土细菌群落结构特征 南镇武, 刘柱, 代红翠, 张磊, 王娜, 徐杰, 刘开昌, 孟维伟, 王旭清 (4977)

稻田土壤光合细菌群落对镉污染的响应 罗路云, 金德才, 王殿东, 陈昂, 张德咏, 曾军, 匡炜, 张卓, 刘勇 (4988)

铁尾矿芦苇根际微生物和根内生菌群落分布及其限制性因子解析 曹曼曼, 王飞, 周北海, 陈辉伦, 袁蓉芳 (4998)

有机无机氮配施对不同程度盐渍土硝化和反硝化作用的影响 周慧, 史海滨, 张文聪, 王维刚, 苏永德, 闫妍 (5010)

水稻产量、稻田 CH₄ 和 N₂O 排放对长期大气 CO₂ 浓度升高的响应 于海洋, 宋开付, 黄琼, 王天宇, 张广斌, 马静, 朱春梧, 徐华 (5021)

原料和热解温度对生物炭中可溶性有机质的影响 闫代红, 马亚培, 宋凯悦, 马红亮, 高人, 尹云锋 (5030)

中国 84 个主要城市大气热岛效应的时空变化特征及影响因素 李宇, 周德成, 闫章美 (5037)

室内建筑装饰装修材料气味物质及其释放研究进展 张万众, 张彭义 (5046)

《环境科学》征订启事 (4814) 《环境科学》征稿简则 (4871) 信息 (4907, 5009, 5029)

不同气候类型下污水厂活性污泥中微生物群落比较

杨思航¹, 秦泽生², 梁漫春^{1*}

(1. 清华大学工程物理系, 公共安全研究院, 城市综合应急科学北京市重点实验室, 北京 100084; 2. 北京辰安科技股份有限公司, 北京 100091)

摘要: 污水处理厂的微生物群落对于水质净化十分关键, 这关系到公众饮水安全和环境健康. 探究中国不同气候下, 污水厂微生物群落结构和多样性的变化趋势及其主要环境影响因子. 应用荟萃分析方法, 筛选公开数据库中采用 16S rRNA 基因 Illumina MiSeq 高通量测序技术的样品, 分析中国 3 种气候类型 (Dwa、Cfa 和 Cwa) 下污水厂微生物群落结构和多样性变化趋势, 采用凝聚力模型分析不同气候类型污水厂微生物群落的核心菌群及其相互作用, 并采用分段结构方程模型 (PSEM) 分析不同气候类型对微生物群落结构及其多样性的影响. 3 种气候类型下, 污水厂微生物群落结构和多样性显著不同, 其群落主要受进水的水温、pH、电导率和氮浓度影响. PSEM 分析发现在较大空间尺度上, 纬度改变可直接影响微生物群落 β 多样性, 而纬度改变则通过改变混合液电导率和水温来间接影响微生物群落 α 多样性. 凝聚力模型分析发现, 微生物群落稳定性在 Dwa 气候下最高, 在 Cfa 气候其次, 此时微生物群落通过增强一小部分关键物种间的负凝聚力来增强群落稳定性. 而 Cwa 气候下微生物群落稳定性较低, 不存在具有较强负凝聚力的关键物种. 污水处理厂微生物群落结构、多样性和稳定性对气候类型敏感, 其群落 α 多样性和 β 多样性对纬度变化的响应机制存在较大不同.

关键词: 气候类型; 污水处理厂 (WWTPs); 微生物; 高通量测序; 微生物生态

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)10-4844-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.202101193

Meta-analysis of Microbial Communities in the Activated Sludge of Wastewater Treatment Plants Under Different Climate Types

YANG Si-hang¹, QIN Ze-sheng², LIANG Man-chun^{1*}

(1. Beijing Key Laboratory of City Integrated Emergency Response Science, Institute of Public Safety Research, Department of Engineering Physics, Tsinghua University, Beijing 100084, China; 2. Beijing Global Safety Technology, Co., Ltd., Beijing 100091, China)

Abstract: Microbial communities in wastewater treatment plants (WWTPs) are very important for water purification in the context of public drinking water safety and environmental health. Therefore, it is necessary to explore the trends in microbial community structure and diversity in sewage treatment plants and their main environmental impact factors under different climates in China. Based on high-throughput sequencing techniques, a meta-analysis was conducted to screen the 16S rRNA genes in an open database. We analyzed the trends in microbial community structure and diversity in WWTPs under three climate types (Dwa, Cfa, and Cwa) in China. We then constructed cohesion models to examine the core microbial taxa and their interactions within the communities. We also used a piecewise structural equation model (PSEM) to examine the effects of different climate types on microbial community structure. The three climate types significantly affected the structure and diversity of the microbial communities, with patterns correlated with influent pH, mixed liquid temperature, conductivity, and nitrogen concentrations ($P < 0.05$). Based on the PSEM analysis, the β -diversity of the microbial communities was directly correlated with latitude, while α -diversity was indirectly correlated with latitude through conductivity and water temperature. Based on the cohesion modeling, microbial community stability was the highest under Dwa climate followed by the Cfa climate. This could be explained by a small subset of highly connected taxa capable of withstanding disturbance, indicating an important stability role. In contrast, the stability of the microbial communities under the Cwa climate was low, and no species with strong negative cohesion were observed. Overall, the structure, diversity, and stability of microbial community in WWTPs were found to be sensitive to climate, and the responsive mechanisms of α -diversity and β -diversity with respect to latitude were distinct.

Key words: climate types; wastewater treatment plants (WWTPs); microbe; high-throughput sequencing; microbial ecology

微生物是地球上多样性最高的群体^[1], 在地球碳、氮、硫、磷和多种金属循环中扮演着极其重要的角色. 现如今在全世界范围内, 污水处理厂广泛采用生物反应过程来处理城镇污水, 通过微生物的降解作用去除污水中的有机污染物和无机营养盐等物质^[2]. 作为应用最广泛的生物技术之一, 污水处理厂中的活性污泥可以说是现代城市社会的重要基础设施. 活性污泥中微生物群落物种组成复杂且多样性极高, 其工艺原理是利用微生物絮体或颗粒来降解碳、氮、磷、微型污染物 (如毒素、杀虫剂、激素、药品等) 和病原菌. 随着我国城镇化进程的加快, 我

国污水处理能力日渐提升. 据统计截止到 2020 年, 全国污水收集管道超过 100 万 km、每日污水处理规模超过 2 亿 m³, 活性污泥法在污水处理中发挥着极其重要的作用. 探究微生物多样性的影响因素及其形成机制对于预测生态系统对环境变化的响应十分关键^[3~5], 同时也有助于提高污水处理厂中生物反应过程的效率^[6,7].

收稿日期: 2021-01-22; 修订日期: 2021-03-19

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2017YFF0108500)

作者简介: 杨思航 (1991 ~), 女, 博士研究生, 主要研究方向为环境微生物, E-mail: yangsihanglear@163.com

* 通信作者, E-mail: lmc@tsinghua.edu.cn

近年来,宏基因组学技术迅猛发展,在全面研究微生物群落与环境之间的关系上逐渐发挥出巨大的优势.关于微生物群落在多种环境中的生态多样性和群落分布特征的研究逐年增加,宏基因组学技术已广泛应用于海洋、洁净水体、空气和土壤等环境中对于微生物的研究^[8-11].生物地理学和微生物生态学的关键目标之一就是探究不同环境中微生物群落在大空间尺度的全球性分布特征^[12].宏观生态学研究表明,大型动植物的物种丰度分布遵循一定的维度梯度模式,即物种丰度从赤道向两极递减^[13].一般来说,植物和动物的 α 多样性呈现出随纬度升高而降低的趋势,但是关于污水厂活性污泥中微生物群落的 α 多样性变化规律学术界仍未得出一致的结论^[14].在全球范围的较大空间尺度上,气候类型是影响活性污泥中微生物群落最重要的因素^[7],但其并未表现出多样性随纬度呈现规律变化的现象^[15].此外,在较小的空间尺度上,污水处理厂活性污泥中的微生物群落主要受工艺操作参数和进水水质参数的影响^[16].此外,微生物代谢过程均对温度高度敏感,人类活动造成的气候变暖有可能会严重影响微生物的有机体性能,从而会对生态系统的功能产生难以预知的重大影响^[17].因此在全球尺度上探究不同气候类型对污水厂活性污泥中微生物群落分布和代谢过程的影响显得越发关键^[18].

近年来对于活性污泥中微生物生态学的研究逐步增多,但是对于不同气候带下污水处理厂中微生物群落的多样性和地理学分布特征的研究还较为初期^[15].已有研究多为聚焦单一污水处理厂或小空间尺度少数几个污水处理厂的活性污泥微生物群落^[19,20],对于较大空间尺度或者不同气候类型下污水处理厂微生物群落的分布及多样性的了解仍然有待提升.探究不同气候带下污水处理厂中微生物群落的多样性和分布特征,对于解释微生物群落中的个体作用、研究污水处理工艺的效果、定量化分析微生物群落与污水处理效率之间的关系十分关键,同时也可改进污水处理厂的工艺设计和操作提供可靠依据^[7].本研究在 NCBI 数据库 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 中筛选公开数据进行荟萃分析,探究了我国 3 种气候类型下污水处理厂中,活性污泥微生物群落结构和多样性的变化趋势及其主要环境影响因子,以期为活性污泥工艺的调控与改善提供理论依据,促进活性污泥工艺的应用与发展.

1 材料与方法

1.1 数据收集

在 NCBI 数据库中筛选公开数据进行荟萃分

析,聚焦分析中国不同气候带污水处理厂中活性污泥中微生物群落组成异同.由于荟萃分析假设不同研究之间相互独立,因此本研究选择从同一个研究系统中选择一组数据进行荟萃分析.为避免不同采样方法、采样点位、采样时间对研究结果造成混杂效应,确定筛选数据标准如下:①数据样本的采样点范围覆盖至少 3 个气候带,每个气候带包含至少 3 个城市,每个城市至少采集来自 2 个污水厂的 12 个样本,每个污水厂至少采集 3 个来自曝气池曝气区域不同位置(前、中、后)的混合样本.②样品采集时间为每年 6~11 月,并且污水处理厂处于正常且相对稳定的运行状态(10:00~14:00).③所有样品均采用统一的采样方法、预处理方法、DNA 提取方法和测序方法进行处理.

根据以上标准从公开数据中共筛选出 202 个样本,其中季风影响的夏季湿热大陆性气候(monsoon-influenced hot-summer humid continental climate, Dwa)共 90 个样本、亚热带湿润气候(humid subtropical climate)共 112 个样本^[15].此外,根据冬季降雨量,又分为冬季多降雨的亚热带湿润气候(humid subtropical climate, Cfa, 60 个样本)、冬季少降雨的亚热带湿润气候(humid subtropical climate, Cwa, 52 个样本)^[15].从城市分布来看,Dwa 气候类型的样品来自北京、大连、哈尔滨、济南、青岛和西安,Cfa 气候类型的样品来自上海、无锡、长沙和武汉,Cwa 气候类型的样品来自成都、重庆和厦门.在污水厂处理工艺层面,其曝气池分类包括:完全混合式(9 个样品)、推流式(136 个样品)、序列间歇式(24 个样品)和氧化沟式(21 个样品),其他 12 个样品的曝气池工艺未知.本研究中污水厂脱氮工艺较为一致,即 202 个样品均采用了硝化和反硝化脱氮工艺.

为了最大程度地减小实验方法对样品的影响,所有样品的预处理、DNA 提取和 16S rRNA 测序均采用相同的实验方法进行.在污水厂均采用相同的方法采集污泥样本:每个样品采集 1 L 混合水样充分混合并采用无菌管保存,24 h 内冷藏($\leq 4^{\circ}\text{C}$)运输至实验室进行离心,取沉淀相保存于 -80°C 用于微生物提取.经过预处理的样品均运送至清华大学 X. W. 实验室,采用 MoBio PowerSoil DNA 提取试剂盒提取污泥样品的 DNA.所有 DNA 样品均运送至美国俄克拉荷马大学环境基因组学学会实验室,通过相同的 Illumina MiSeq 测序平台完成 16S rRNA 的测序实验.16S rRNA 基因测序的引物为细菌和古菌 16S rRNA V4 区的通用引物:515F(GTGCCAGC MGCCGCGGTAA)和 806R(GGACTACHVGGGTW

TCTAAT). 所有样品均在同一批次进行混合并在同一台 Illumina MiSeq 测序仪进行测序. 最后, 在相关网站上 (<http://zhoulab5.rccc.ou.edu;8080/root>) 完成原始数据的整合以及物种信息分类, 生成完整的 OTU (operational taxonomic unit) 表格. 详细实验步骤和数据预处理过程可见参考文献[15].

1.2 数据处理

研究使用置换多元方差分析 (permutational multivariate analysis of variance, PERMANOVA) 检验城市、气候类型和污水厂处理工艺这 3 种因素对微生物群落的影响. 使用主坐标分析 (principal coordinates analysis, PCoA) 和 3 种非参数检验方法 (analysis of similarities, Anosim; permutational multivariate analysis of variance, Adonis; multi-response permutation procedure, MRPP) 检验 Dwa、Cfa 和 Cwa3 种气候类型下微生物群落整体组成的差异. 使用方差分析 (analysis of variance, ANOVA) 检验研究了微生物群落多样性和环境因子在 3 种气候类型下的变化情况. 使用 Mantel 检验研究了微生物群落与环境因子之间的关系. 以上分析均通过 R 语言 vegan 包完成. 使用分段结构方程模型 (piecewise structural equation model, PSEM) 分析纬度、环境因子对微生物多样性的直接和间接影响. 在 PSEM 模型中, 若 Fisher 检验的 P 值大于 0.05 则表明每个线性回归模型均未出现显著性相关关系丢失, 反之则存在显著性相关关系丢失. 采用 Fisher 检验的 C 值和 Akaike 信息准则 (AIC) 在多个 PSEM 模型中进行比较, Fisher 检验的 C 值和 AIC 值越低则整体模型拟合度越好. 该模型计算通过 R 语言中的 piecewiseSEM 函数完成.

本研究还使用凝聚力模型 (cohesion models) 分析微生物群落内部不同属微生物之间的相互作用, 并进一步分析了群落中具有较强凝聚力的关键微生物物种对整体群落稳定性的作用^[21]. 比较具有较强凝聚力的部分微生物属组成的群落以及随机微生物群落对整体微生物群落的解释度, 若前者高于后者的 95% 置信区间, 那么使用具有较强凝聚力的微生物物种构建的模型被认为与使用随机微生物物种构建的模型之间具有显著性差异^[21]. 该模型计算通过 R 语言完成.

2 结果与分析

2.1 不同气候类型对污水处理厂微生物群落组成的影响

本研究对比了气候类型、城市和污水厂处理工艺这 3 种因素对微生物群落影响的相对重要性.

PERMANOVA 结果显示, 活性污泥中的微生物群落受城市影响最显著 ($R^2 = 0.472$, $P = 0.001$), 其次为气候类型 ($R^2 = 0.066$, $P = 0.001$), 而处理工艺影响较弱 ($R^2 = 0.009$, $P = 0.064$) (表 1). PCoA 结果也表明, 16S rRNA 基因测序所得微生物物种组成在 Dwa、Cfa 和 Cwa 这 3 种气候类型下聚类为 3 部分 [图 1(a)], 在 14 个城市同样聚类为多个部分 [图 1(b)], 微生物群落在 4 种处理工艺下聚类不明显 [图 1(c)]. 可见在较大空间尺度下, 气候类型和城市的不同均可显著改变微生物物种组成, 但是处理工艺影响较弱.

由于不同城市间存在明显的地理隔离, 因此本文重点研究中国 Dwa、Cwa 和 Cfa 气候类型下污水厂微

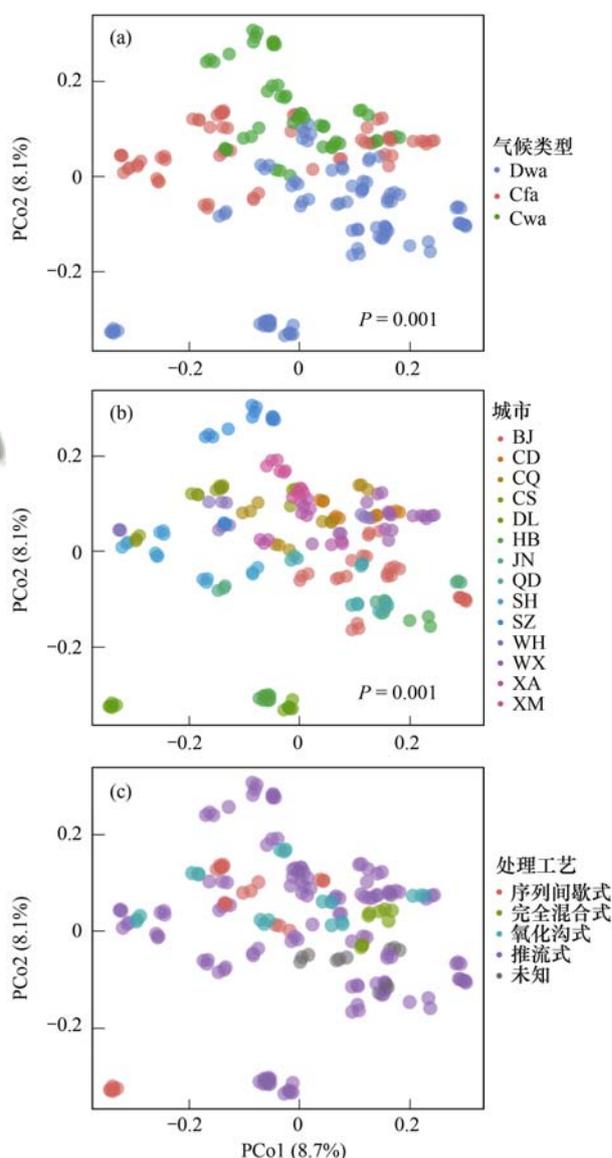


图 1 主坐标分析对 16S rRNA 基因测序所得 OTUs 在不同气候类型、不同城市 and 不同处理工艺的分析

Fig. 1 Principal co-ordinates analysis (PCoA) of all detected OTUs from 16S rRNA gene sequencing under different climates, different cities, and different process types

生物群落组成的异同. 3 种非参数检验 (Adonis、Anosim 和 MRPP) 的结果证明: 不同气候类型下微生物群落的差异显著 (表 2). 进一步的 ANOVA 分析显

示, 微生物群落多样性受气候类型影响显著, Dwa 类型下 α 多样性最高而 β 多样性最低, Cfa 类型下 α 多样性最低而 β 多样性最高 (表 3).

表 1 污水厂微生物群落受城市、气候类型和处理工艺影响的置换多元方差分析¹⁾

Table 1 Permutational multivariate analysis of variance (PERMANOVA) indicating significant effects of city, climate types, and process types on microbial communities in WWTPs

影响因子	Df	SumSqs	MeanSq	F. Model	R ²	P 值
城市	14	0.568	0.044	15.776	0.472	0.001
气候类型	3	0.080	0.027	9.566	0.066	0.001
处理工艺	5	0.002	0.001	1.327	0.009	0.064

1) Df 表示自由度, SumSqs 表示不同影响因子的平方和, MeanSq 表示不同影响因子的平均平方和, F. Model 表示 F 检验参数

表 2 不同气候类型污水厂微生物群落差异性分析¹⁾

Table 2 Dissimilarity test (Bray Curtis) of microbial communities in WWTPs from different climate zones

分组	MRPP		Anosim		Adonis	
	δ	P 值	R	P 值	F	P 值
Dwa vs. Cwa	0.716	0.001	0.240	0.001	11.504	0.001
Dwa vs. Cfa	0.735	0.001	0.203	0.001	10.165	0.001
Cwa vs. Cfa	0.731	0.001	0.067	0.007	5.663	0.001

1) δ 表示组间平均距离的总加权平均值, R 表示方差统计 R 值, F 表示 F 检验参数

表 3 污水厂微生物群落多样性的 ANOVA 分析¹⁾

Table 3 ANOVA analysis of microbial α - and β -diversity in WWTPs

项目	Dwa	Cfa	Cwa	P 值 (气候类型)
α 多样性	10.52 ± 0.086a	10.51 ± 0.052b	10.52 ± 0.069ab	0.032
β 多样性	0.337 ± 0.179b	0.364 ± 0.195a	0.346 ± 0.183ab	0.019

1) 不同小写字母的数值表示在不同气候带间存在显著性差异 ($P < 0.05$)

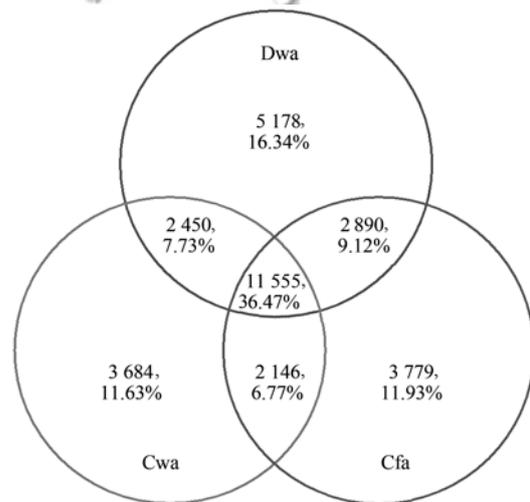
2.2 不同气候类型下微生物群落物种组成的异同

16S rRNA 基因测序在污水厂活性污泥中共检测到了 43 个门类的细菌及古菌, 其中相对丰度大于 1% 的门类主要有 7 个, 分别为变形菌门 (Proteobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、放线菌门 (Actinobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、厚壁菌门 (Firmicutes) 和浮霉菌门 (Planctomycetes). 这 7 个门类占整体测序微生物总量的 82.7%~98.8%, 为活性污泥中常见门类. 本研究中, 未确定分类的微生物门类 (Unclassified) 占整体微生物群落总量的比例可高达 14.6%, 这与已有的研究结果较为一致, 即污水厂活性污泥中功能和分类未知的微生物门类占比相当高^[22]. 在 3 种气候类型下均存在的物种占总物种的 36.47%, Dwa、Cfa 和 Cwa 气候类型独有的物种分别占总物种的 16.34%、11.93% 和 11.63% (图 2). 说明在 Dwa 气候类型下物种的重合度较低, 物种组成存在较大差异.

2.3 微生物群落与环境因子的关系

如表 4 所示, 本研究检测了各污水处理厂中进水污染物浓度、溶解氧 (DO)、pH、电导率和水温的变化. 在 Cwa、Dwa 和 Cfa 气候条件下, 绝大多数环境因子均有显著不同 ($P < 0.05$), 其中: 污染物浓度,

包括 BOD、COD、 NH_4^+ -N、TN、TP 和 MLSS, 在 Dwa 均最高, 在 Cfa 和 Cwa 较低. pH 在 Cfa 最高, 在 Dwa 和 Cwa 较低. 水温和电导率则在 Cwa 最高, 而在 Dwa 和 Cfa 较低. DO 在 3 种气候条件下无显著差异 ($P >$



整数表示不同气候类型下 OTUs 种类数, 百分比表示不同气候类型下 OTUs 种类数占所有样品中检测到的 OTUs 种类总数的比例

图 2 在 Dwa、Cfa 和 Cwa 这 3 种气候类型下微生物 OTUs 多样性韦恩图

Fig. 2 Diversity of microbial OTUs under three climatic types of Dwa, Cfa, and Cwa

0.1). 为检测以上环境因子是否影响微生物群落组成的变化,采用 Mantel 检验计算环境因子与微生物群落组成的关系. 结果如表 5 所示,进水的 pH、水温、

电导率和氮浓度($\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 、TN)均与微生物群落间存在显著相关关系,这表明以上 5 个环境因子可以显著影响微生物群落中细菌及古菌的物种组成.

表 4 污水厂环境因子差异性的 ANOVA 分析¹⁾

Table 4 Dissimilarity tests of WWTPs environmental variables

项目	$\rho/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$							pH	水温/ $^{\circ}\text{C}$	电导率/ $\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$
	BOD	COD	$\text{NH}_4^+ - \text{N}$	TN	TP	MLSS	DO			
Dwa	194.04a	419.32a	27.97a	42.83a	5.44a	5 005.5a	2.54a	6.99b	24.77c	1 272.2b
Cfa	125.49c	241.15c	24.11b	36.38b	4.12ab	3 769.1b	2.42a	7.09a	25.97b	853.6c
Cwa	155.63b	314.32b	23.89b	37.96b	4.01b	3 086.2c	2.77a	6.97b	28.75a	2 205.2a

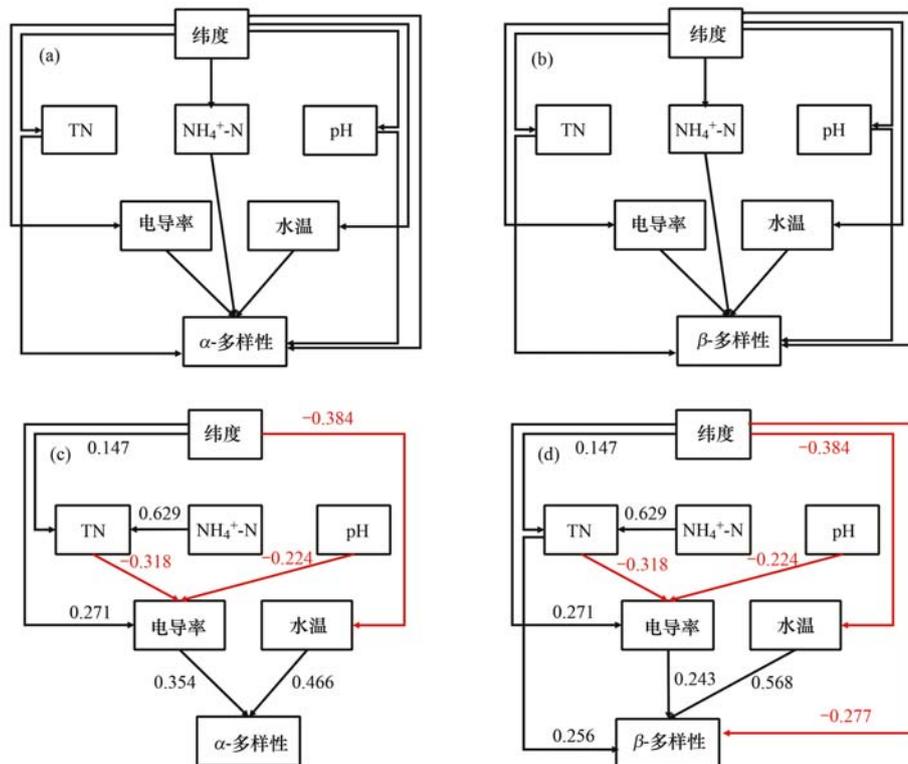
1) 同列不同小写字母表示在不同气候带间存在显著性差异($P < 0.05$)

表 5 微生物群落组成和环境因子的 Mantel 检验

Table 5 Mantel tests of microbial community composition and environmental variables

环境因子	Mantel 检验		偏 Mantel 检验	
	P 值	r 值	P 值	r 值
BOD	0.475	-0.002	1.000	-0.177
COD	0.714	-0.033	1.000	-0.219
$\text{NH}_4^+ - \text{N}$	0.001	0.247	0.001	0.228
TN	0.001	0.229	0.002	0.127
TP	0.278	0.030	0.206	0.043
MLSS	0.328	0.127	0.956	-0.074
DO	0.214	0.086	0.299	0.017
pH	0.001	0.085	0.001	0.235
水温	0.001	0.312	0.001	0.509
电导率	0.001	0.139	0.001	0.359

为进一步探究环境因子对微生物群落组成多样性的影响,本研究中采用 PSEM 分析了微生物多样性与环境因子之间的关系,在 PSEM 模型中,若 Fisher 检验的 P 值大于 0.05 则表明每个线性回归模型均未出现显著性相关关系丢失,反之则存在显著性相关关系丢失,采用 Fisher 检验的 C 值和 Akaike 信息准则(AIC)在多个 PSEM 模型中进行比较, Fisher 检验的 C 值和 AIC 值越低则整体模型拟合度越好. 选择 Mantel 检验中与微生物群落显著相关的 TN、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 、pH、电导率和水温作为原始模型的重要环境因子[图 3(a)和 3(b)],在 PSEM 原始模型构建中,检验纬度对以上环境因子以及微



红色实线表示两因子间具有显著的负相关性($P < 0.05$),黑色实线表示两因子间具有显著的正相关性($P < 0.05$);(a)和(b)为 PSEM 分析的原始模型,(c)和(d)为 PSEM 分析的预测模型;对 α 多样性的分阶段结构方程分析模型中, AIC = 71.55, Fisher's $C = 15.55, P = 0.113$;对 β 多样性的结构方程分析模型中, AIC = 64.79, Fisher's $C = 8.79, P = 0.552$

图 3 环境因子对污水厂微生物群落 α 多样性和 β 多样性预测分析的结构方程模型

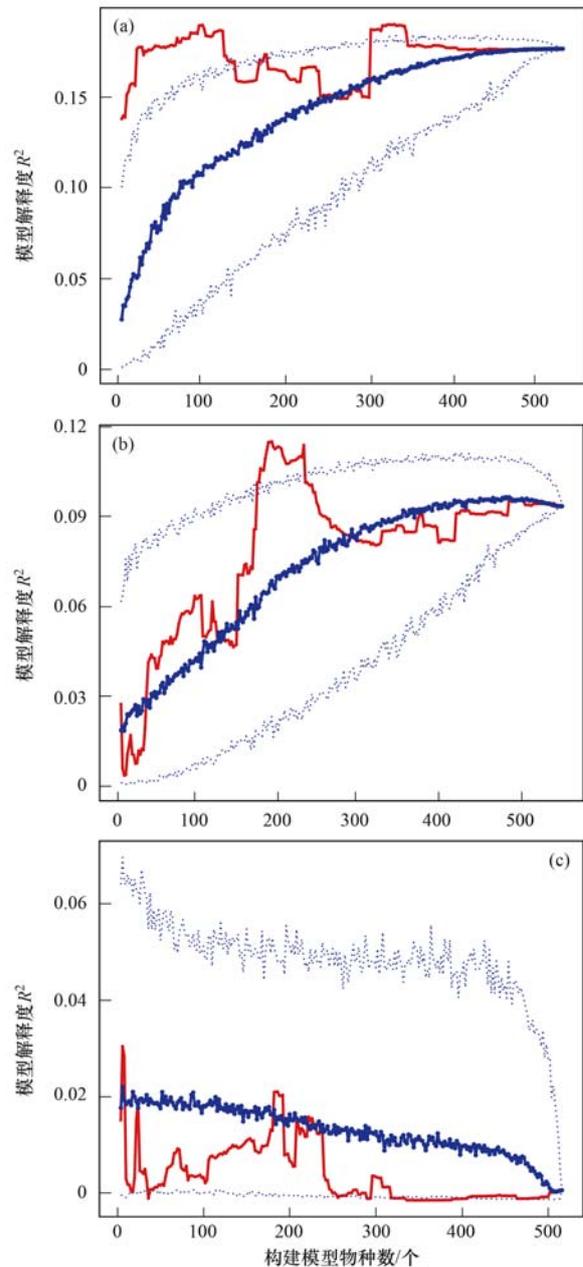
Fig. 3 Piecewise structural equation models using environmental variables as predictors of the α -and β -diversity of microbial communities

生物群落 α 多样性和 β 多样性的直接影响, 以及环境因子对 α 多样性和 β 多样性的直接影响. 结果显示, 微生物群落的 α 多样性受到水温 ($r = 0.466$) 和电导率 ($r = 0.354$) 的正影响显著 ($P < 0.05$), 纬度的影响不显著 [图 3(c)]. 该模型的 AIC 值为 71.55, P 值为 0.113. 而微生物群落的 β 多样性除了受到水温 ($r = 0.568$)、TN ($r = 0.256$) 和电导率 ($r = 0.243$) 的正影响外, 还受到纬度的负影响 ($r = -0.277$) 显著 [$P < 0.05$, 图 3(d)]. 该模型的 AIC 值为 64.79, P 值为 0.552. 这表明, 在不同纬度的污水处理厂, 纬度的变化可直接影响微生物群落的 β 多样性发生变化, 而纬度对 α 多样性的影响则是通过影响电导率和水温等环境因子来间接改变.

2.4 微生物群落物种间凝聚力模型分析

为了探究不同气候类型对微生物群落物种间相互作用的影响, 采用凝聚力模型来评估微生物群落不同属之间的相互作用, 并根据其作用强弱进行排序. 为探究微生物不同属之间相互作用对整体群落稳定性的影响, 按照微生物种间相互作用的强弱排序依次去除相互作用最弱的微生物. 在 Dwa、Cfa 和 Cwa 气候条件下, 分别使用 529、554 和 516 个微生物属进行凝聚力模型的分析. 为了探究微生物群落物种间交互作用对整体群落稳定性的影响, 按照微生物种间相互作用的强弱排序依次去除相互作用最弱的微生物属. 在 3 种气候类型下, 正凝聚力模型和负凝聚力模型均与微生物群落物种组成差异性矩阵显著相关 ($P < 0.001$), 且正凝聚力模型越弱群落越稳定, 见表 6.

在 Dwa 气候类型下, 对整体微生物群落具有最高解释度 ($R^2 \approx 0.190$) 的凝聚力模型中包含 101 个具有最强凝聚力的微生物属, 此时该模型对于整体微生物群落的解释度显著高于随机凝聚力模型, 见图 4(a). 这表明, 在 Dwa 气候类型下, 存在少数具有较强相互作用的微生物可以维持整体微生物群落的稳定性. 在 Cfa 气候类型下, 对整体微生物群落具有最高解释度 ($R^2 \approx 0.115$) 的凝聚力模型中包含 192 个具有最强凝聚力的微生物属, 此时该模型对于整体微生物群落的解释度显著高于随机凝聚力模型, 见图 4(b). 但该凝聚力模型对整体微生物群落的解释度明显低于 Cfa 气候类型下的凝聚力模型. 这表明, 在 Cfa 气候类型下, 同样存在具有较强相互作用的微生物可以维持整体微生物群落的稳定性. 而在 Cwa 气候类型下, 对整体微生物群落具有最高解释度 ($R^2 \approx 0.030$) 的凝聚力模型中包含 6 个具有最强凝聚力的微生物属, 但是其凝聚力模型相较于随机



红色实线表示采用凝聚力最强的微生物物种计算的凝聚力值, 蓝色实线表示采用随机子集的微生物物种计算的凝聚力值中位数, 蓝色虚线表示采用随机子集的微生物物种计算的凝聚力值 95% 的上下置信区间

图 4 Dwa、Cfa 和 Cwa 气候类型下凝聚矩阵对微生物群落物种组成布 Bray-Curtis 不相似矩阵的解释度 R^2 值

Fig. 4 Relationships between the adjusted model R^2 values for the Bray-Curtis dissimilarity vs. cohesion regression analysis under the Dwa, Cfa, and Cwa climate types

组对于整体微生物群落的解释度无显著性差异, 见图 4(c). 当依次去除种间交互作用最弱的微生物时, 使用具有较强交互作用的微生物构建的凝聚矩阵对整体微生物群落物种组成差异性矩阵的解释度 R^2 始终较低 ($< 4\%$), 无明显变化. 这表明, 在 Cwa 气候类型下, 不存在可以维持整体微生物群落稳定性的关键性物种.

表 6 凝聚矩阵对微生物物种组成差异性矩阵的代表性预测结果¹⁾

Table 6 Representative results of cohesion as a predictor of Bray-Curtis dissimilarity

项目	微生物物种组成		
	Dwa	Cfa	Cwa
物种数	529	554	516
最优模型物种数	329	192	6
最优模型解释度 (R^2)	0.190	0.115	0.030
正凝聚矩阵 P 值	<0.001	<0.001	<0.001
负凝聚矩阵 P 值	<0.001	<0.001	<0.001
正凝聚矩阵方向	凝聚矩阵越弱群落越稳定	凝聚矩阵越弱群落越稳定	凝聚矩阵越弱群落越稳定
负凝聚矩阵方向	凝聚矩阵越弱群落越稳定	凝聚矩阵越弱群落越稳定	凝聚矩阵越弱群落越稳定

1) 最优模型物种数, 具有最大 R^2 模型中使用的物种; 凝聚矩阵方向, 凝聚矩阵越弱群落越稳定表示凝聚矩阵绝对值与 Bray-Curtis 矩阵绝对值正相关

3 讨论

本研究利用公开数据库中数据进行荟萃分析, 选择利用高通量测序测定不同气候类型污水厂曝气池中微生物物种信息. 在较大空间尺度上, 微生物群落组成受城市影响最大, 其次为气候类型, 而污水厂处理工艺影响不显著. 该结果与已有研究结果较为一致, 即在全球尺度上污水厂微生物群落受地理位置影响最大, 其次为气候类型, 最后为污水厂处理工艺^[7,15]. 由于不同城市间存在明显的地理隔离, 因此本文重点研究中国 Dwa、Cwa 和 Cfa 气候类型下污水厂微生物群落组成的异同. 在不同气候类型下, 污水厂曝气池环境因子、微生物群落结构和多样性存在显著不同. 从检测到的微生物物种丰度来看, 细菌与古菌在 3 种气候类型下丰度均较高, 在污水厂生物处置过程中作用更为重要. 细菌丰度较高的门类为污水厂常见门类, 例如: 样品中检测到的优势菌群拟杆菌门 (Bacteroidetes), 是一类在人畜粪便中常见的菌, 可水解几丁质、半纤维素和纤维素^[23].

不同气候类型显著影响了微生物群落物种组成, 该变化与微生物物种间凝聚力模型显著相关, 说明微生物群落可以通过部分关键物种间的强相互作用对整体群落产生较大影响^[24]. 微生物间的代谢交换是其相互作用之一, 可增强微生物群落内部的自我强化作用, 进而增强整体群落组成的稳定性^[25]. 在 Dwa 气候条件下, 微生物物种间负凝聚力越强则其整体群落组成的稳定性越强, 表明微生物物种间通过负凝聚力形成的负反馈路径可以增强整体群落的稳定性. 这个结果与已有研究较为一致^[9,26,27]. 研究表明, 微生物群落中物种之间存在广泛的负相互作用, 例如竞争和捕食^[24]. 由于微生物不同物种之间对于生存资源具有潜在的竞争关系, 因此负相互作用在物种间的相互作用中占有重要的地位^[21,24]. 对于负相互作用占据主导地位的另一解释是, 微生物群落在多样性极高的情况下, 正相互

作用是向特定的少数物种分配资源, 而这种结果产生的进化效益较低^[21,24].

已有研究显示, 随机性因素和确定性因素均可改变污水处理厂中活性污泥的微生物群落结构^[15], 本研究重点探究不同确定性因素对微生物群落结构的作用. Mantel 检验发现, 微生物群落结构与水温、电导率、pH、 NH_4^+ -N 和 TN 均显著相关, 而水温与微生物群落结构相关性最强. 这表明微生物群落结构可以通过调控运行参数而改变, 并且其结构对水温变化最为敏感. 此外, 本研究发现 Dwa 类型下 α 多样性最高而 β 多样性最低, Cfa 类型下 α 多样性最低而 β 多样性最高, 这表明不同气候类型或者不同纬度的微生物群落 α 多样性和 β 多样性响应机制存在较大不同.

进一步的 PSEM 结果显示, 水温和电导率对微生物群落的 α 多样性有强烈的显著正影响 [图 3 (c)]. 这与已有结果较为相似, 即在局部小尺度^[28-30] 和区域大尺度^[7,15,31] 上, 温度均为影响活性污泥微生物群落结构的关键因素, 这种效应对慢生长型微生物 (如氢氧化细菌和亚硝酸盐氧化细菌) 多样性和丰度影响尤其重要. 已有研究显示, 在全球范围的大尺度上, 温度是影响活性污泥中微生物群落结构的主要因素, 但是温度对微生物 α 多样性 (物种丰度) 仅有较弱影响^[15]. 本研究中发现, 温度对微生物群落 α 多样性的影响, 在小尺度比在大尺度可能更为重要. 此时, 纬度对微生物群落 α 多样性无直接影响, 而是通过影响水温和电导率来间接施加影响. 相反, 纬度对微生物群落的 β 多样性具有直接的负影响. 此时, 水温、电导率和总氮均对 β 多样性有显著正影响. 这表明在 Dwa、Cfa 和 Cwa 气候类型下, 随纬度变化微生物 α 多样性和 β 多样性显著变化的机制存在较大不同: 纬度降低可直接增加活性污泥中微生物群落的 β 多样性, 而纬度通过影响水温和电导率来间接影响 α 多样性.

资源竞争理论预测, 在较低至中等水平资源供

应的情况下微生物群落多样性较高^[32],但在高水平资源供应的情况下快速增长的 r 型微生物较高效的 K 型微生物多样性更高^[33]. 本研究中并未探究进水中不同水平的 BOD、COD、TN、NH₄⁺-N、TP 等营养物质浓度对微生物群落结构及其多样性的影响,因此后续研究可进一步探究此项内容.

4 结论

本研究采用荟萃分析方法对污水厂活性污泥中微生物群落的高通量测序数据进行了分析. 结果表明不同气候类型下污水厂微生物群落的结构、多样性和稳定性存在显著性不同,其群落主要受进水的温度、pH、电导率和氮浓度影响. Dwa 气候下 α 多样性最高而 β 多样性最低, Cfa 气候下 α 多样性最低而 β 多样性最高. 这种 α 多样性和 β 多样性对气候响应的不同是由不同机制决定的: 纬度改变可直接影响微生物群落 β 多样性,而纬度改变则通过间接改变进水的温度和电导率来影响微生物群落 α 多样性. 微生物群落稳定性在 Dwa 气候下最高,在 Cfa 气候其次,此时微生物群落通过增强一小部分关键物种间的负凝聚力来增强群落稳定性. 而 Cwa 气候下微生物群落稳定性较低,不存在具有较强负凝聚力的关键物种. 本研究结果表明,在较大空间尺度上,污水处理厂微生物群落结构、多样性和稳定性对气候类型敏感,其群落 α 多样性和 β 多样性对纬度变化的响应机制存在较大不同.

致谢: 感谢清华大学环境学院代天娇等在数据分析方面提供的帮助.

参考文献:

- [1] Panda A K, Bisht S S, Mandal S D, *et al.* Microbial diversity of thermophiles through the lens of next generation sequencing [A]. In: Das S, Dash H R (Eds.). Microbial Diversity in the Genomic Era [M]. Amsterdam: Elsevier, 2019. 217-226.
- [2] Zhang Q T, Wang M M, Ma X Y, *et al.* High variations of methanogenic microorganisms drive full-scale anaerobic digestion process [J]. Environment International, 2019, **126**: 543-551.
- [3] Hou L Y, Mulla S I, Niño-García J P, *et al.* Deterministic and stochastic processes driving the shift in the prokaryotic community composition in wastewater treatment plants of a coastal Chinese city [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2019, **103** (21-22): 9155-9168.
- [4] Jiang Y M, Huang H Y, Tian Y R, *et al.* Stochasticity versus determinism: Microbial community assembly patterns under specific conditions in petrochemical activated sludge [J]. Journal of Hazardous Materials, 2021, **407**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2020.124372.
- [5] Oh S, Choi D. Emerging investigator series: activated sludge upon antibiotic shock loading: mechanistic description of functional stability and microbial community dynamics [J]. Environmental Science: Water Research & Technology, 2020, **6** (5): 1262-1271.
- [6] Zhao F Z, Ju F, Huang K L, *et al.* Comprehensive insights into the key components of bacterial assemblages in pharmaceutical wastewater treatment plants [J]. Science of the Total Environment, 2019, **651**: 2148-2157.
- [7] Tian L, Wang L. A meta-analysis of microbial community structures and associated metabolic potential of municipal wastewater treatment plants in global scope [J]. Environmental Pollution, 2020, **263**, doi: 10.1016/j.envpol.2020.114598.
- [8] Penn J L, Weber T, Chang B X, *et al.* Microbial ecosystem dynamics drive fluctuating nitrogen loss in marine anoxic zones [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2019, **116**(15): 7220-7225.
- [9] Yang S H, Zheng Q S, Yang Y F, *et al.* Fire affects the taxonomic and functional composition of soil microbial communities, with cascading effects on grassland ecosystem functioning [J]. Global Change Biology, 2020, **26**(2): 431-442.
- [10] Wu W X, Logares R, Huang B Q, *et al.* Abundant and rare picoeukaryotic sub-communities present contrasting patterns in the epipelagic waters of marginal seas in the northwestern Pacific Ocean [J]. Environmental Microbiology, 2017, **19**(1): 287-300.
- [11] Gobler C J, Doherty O M, Hattenrath-Lehmann T K, *et al.* Ocean warming since 1982 has expanded the niche of toxic algal blooms in the North Atlantic and North Pacific oceans [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2017, **114**(19): 4975-4980.
- [12] Gao Q, Yang Y F, Feng J J, *et al.* The spatial scale dependence of diazotrophic and bacterial community assembly in paddy soil [J]. Global Ecology and Biogeography, 2019, **28**(8): 1093-1105.
- [13] Tsiftsis S, Štípková Z, Kindlmann R. Role of way of life, latitude, elevation and climate on the richness and distribution of orchid species [J]. Biodiversity and Conservation, 2019, **28**(1): 75-96.
- [14] Yang H, Lü G Z, Jiang H M, *et al.* Diversity and distribution of soil micro-fungi along an elevation gradient on the north slope of Changbai Mountain [J]. Journal of Forestry Research, 2017, **28**(4): 831-839.
- [15] Wu L W, Ning D L, Zhang B, *et al.* Global diversity and biogeography of bacterial communities in wastewater treatment plants [J]. Nature Microbiology, 2019, **4**(7): 1183-1195.
- [16] Latif M A, Mehta C M, Batstone D J. Low pH anaerobic digestion of waste activated sludge for enhanced phosphorous release [J]. Water Research, 2015, **81**: 288-293.
- [17] Guo X, Feng J J, Shi Z, *et al.* Climate warming leads to divergent succession of grassland microbial communities [J]. Nature Climate Change, 2018, **8**(9): 813-818.
- [18] Alster C J, Weller Z D, Von Fischer J C. A meta-analysis of temperature sensitivity as a microbial trait [J]. Global Change Biology, 2018, **24**(9): 4211-4224.
- [19] Saunders A M, Albertsen M, Vollertsen J, *et al.* The activated sludge ecosystem contains a core community of abundant organisms [J]. The ISME Journal, 2016, **10**(1): 11-20.
- [20] Shchegolkova N M, Krasnov G S, Belova A A, *et al.* Microbial community structure of activated sludge in treatment plants with different wastewater compositions [J]. Frontiers in Microbiology, 2016, **7**, doi: 10.3389/fmicb.2016.00090.
- [21] Herren C M, McMahon K D. Cohesion: a method for quantifying the connectivity of microbial communities [J]. The ISME Journal, 2017, **11**(11): 2426-2438.

- [22] 王腾旭, 马星宇, 王萌萌, 等. 中高温污泥厌氧消化系统中微生物群落比较[J]. 微生物学通报, 2016, **43**(1): 26-35.
Wang T X, Ma X Y, Wang M M, *et al.* A comparative study of microbial community compositions in thermophilic and mesophilic sludge anaerobic digestion systems [J]. *Microbiology China*, 2016, **43**(1): 26-35.
- [23] Suzuki A, Ueda K, Segawa T, *et al.* Fecal microbiota of captive Antillean manatee *Trichechus manatus manatus* [J]. *FEMS Microbiology Letters*, 2019, **366**(11), doi: 10.1093/femsle/fnz134.
- [24] Herren C M, McMahon K D. Keystone taxa predict compositional change in microbial communities [J]. *Environmental Microbiology*, 2018, **20**(6): 2207-2217.
- [25] Gorter F A, Manhart M, Ackermann M. Understanding the evolution of interspecies interactions in microbial communities [J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2020, **375**(1798), doi: 10.1098/rstb.2019.0256.
- [26] Konopka A, Lindemann S, Fredrickson J. Dynamics in microbial communities: unraveling mechanisms to identify principles [J]. *The ISME Journal*, 2015, **9**(7): 1488-1495.
- [27] Coyte K Z, Schluter J, Foster K R. The ecology of the microbiome: networks, competition, and stability [J]. *Science*, 2015, **350**(6261): 663-666.
- [28] Chen H B, Chang S. Impact of temperatures on microbial community structures of sewage sludge biological hydrolysis [J]. *Bioresource Technology*, 2017, **245**: 502-510.
- [29] Ahmed W, Delatolla R. Biofilm and microbiome response of attached growth nitrification systems across incremental decreases to low temperatures [J]. *Journal of Water Process Engineering*, 2021, **39**, doi: 10.1016/j.jwpe.2020.101730.
- [30] Liu Y C, Li S Q, Ni G F, *et al.* Temperature variations shape niche occupation of *Nitrotoga*-like bacteria in activated sludge [J]. *ACS ES&T Water*, 2021, **1**(1): 167-174.
- [31] Griffin J S, Wells G F. Regional synchrony in full-scale activated sludge bioreactors due to deterministic microbial community assembly [J]. *The ISME Journal*, 2017, **11**(2): 500-511.
- [32] Domeignoz-Horta L A, Pold G, Liu X A, *et al.* Microbial diversity drives carbon use efficiency in a model soil [J]. *Nature Communications*, 2020, **11**(1), doi: 10.1038/s41467-020-17502-z.
- [33] Wu L W, Yang Y F, Chen S, *et al.* Microbial functional trait of rRNA operon copy numbers increases with organic levels in anaerobic digesters [J]. *The ISME Journal*, 2017, **11**(12): 2874-2878.



CONTENTS

Continuous PM _{2.5} Composition Measurements for Source Apportionment During Air Pollution Events	CAI Fan-tao, SHANG Yue, DAI Wei, <i>et al.</i> (4575)
Orographic Influences on the Spatial Distribution of PM _{2.5} on the Fen-Wei Plain	HUANG Xiao-gang, ZHAO Jing-bo, SUN Cong-jian, <i>et al.</i> (4582)
Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in PM _{2.5} Under Winter Haze Conditions in Central China: A Case Study of Huanggang, Hubei Province	LI Xing-yu, MAO Yao, CHEN Zhan-le, <i>et al.</i> (4593)
Concentration and Reactivity of Carbonyl Compounds in the Atmosphere of North China	HUANG Yu, CHEN Xi, WANG Ying-hong, <i>et al.</i> (4602)
Characteristics of O ₃ Pollution and Key Precursors in Chengdu During Spring	HAN Li, CHEN Jun-hui, JIANG Tao, <i>et al.</i> (4611)
O ₃ Source Characteristics of an Industrial Area in the Yangtze River Delta Based on Boundary Observations	HUANG Qing, HUANG Yin-zhi, ZHANG Shan, <i>et al.</i> (4621)
Characteristics and Source of VOCs During O ₃ Pollution Between August to September, Langfang Development Zones	ZHANG Jing-qiao, WANG Hong-liang, FANG Xiao-yun, <i>et al.</i> (4632)
Coating-derived VOCs Emission Characteristics and Environmental Impacts from the Furniture Industry in Guangdong Province	ZENG Chun-ling, SHAO Xia, LIU Rui-yuan, <i>et al.</i> (4641)
Response of Air Quality to COVID-19 Lockdown in Xiamen Bay	XU Chao, WU Shui-ping, LIU Yi-jing, <i>et al.</i> (4650)
Similarities and Differences of Valley Winds in the Beijing Plain and Yanqing Areas and Its Impact on Pollution	WU Jin, LI Chen, MA Zhi-qiang, <i>et al.</i> (4660)
Characteristics of Atmospheric Particulate Matter Pollution and the Unique Wind and Underlying Surface Impact in the Twain-Hu Basin in Winter	ZHU Yan, ZHAO Tian-liang, BAI Yong-qing, <i>et al.</i> (4669)
Conversion Characterizations of Sulfate Ion and Nitrate Ion in Particulate Matter from Coal-fired Power Plants	YANG Liu, HE Qing, SHENG Zhong-yi (4678)
Water Chemical Characteristics and Influence of Exogenous Acids in the Yangtze River Basin	WANG Qi, YU Shi, JIANG Ping-ping, <i>et al.</i> (4687)
Effects of Land Use on Nutrient Concentrations in the Inflow River of Lake Taihu, China	LIAN Xin-qiao, ZHU Guang-wei, YANG Wen-bin, <i>et al.</i> (4698)
Diversity of Zooplankton and Niche Characteristics of Keystone Species in the Weihe River Based on eDNA	LIANG Dong, XIA Jun, SONG Jin-xi, <i>et al.</i> (4708)
Occurrence, Distribution, and Ecological Risk Assessment of Pharmaceutical and Personal Care Products in the Aquatic Environment of Sanya City, China	REN Bing-nan, GENG Jing (4717)
Screening of Priority Pollutants and Risk Assessment for Surface Water from Shengjin Lake	GONG Xiong-hu, DING Qi-qi, JIN Miao, <i>et al.</i> (4727)
Long-term Changes and Drivers of Ecological Security in Shahe Reservoir, China	YANG Wen-bin, DUAN Wen-xiu, CUI Yang, <i>et al.</i> (4739)
Seasonal Variation and Influencing Factor Analysis of Antibiotic Resistance Genes in Water Supply Reservoirs of Central China	ZHANG Kai, XIN Rui, LI Kuang-jia, <i>et al.</i> (4753)
Geochemical Characteristics and Driving Factors of NO ₃ -Type Groundwater in the Rapidly Urbanizing Pearl River Delta	LÜ Xiao-li, LIU Jing-tao, HAN Zhan-tao, <i>et al.</i> (4761)
Spatial Hydrochemical Characteristics and Controlling Factors of Surface Water in the Yancheng Area	WANG Jian, ZHANG Hua-bing, XU Jun-li, <i>et al.</i> (4772)
Identification of Dredging Depths Based on Sediment Vertical Distribution Profiles of Total Nitrogen and Total Phosphorus and Their Adsorption-desorption Equilibria	ZHOU Ya-ting, CHEN Xing-hong, LI Li-qing, <i>et al.</i> (4781)
Role of Borate and Phosphate Buffers in the Degradation of Organic Compounds in a PMS/Co ²⁺ System; Influencing Factors and Mechanisms	WAN Qi-qi, CHEN Zhu-hao, CAO Rui-hua, <i>et al.</i> (4789)
Degradation 2,2',4,4'-Tetrabromodiphenyl Ether by Activated Peroxymonosulfate Using Magnetic Biochar Supported α -MnO ₂	LI Xin, YIN Hua, LUO Hao-yu, <i>et al.</i> (4798)
Characteristics and Mechanisms of Bacteriophage MS2 Inactivation in Water by UV Activated Sodium Persulfate	ZHANG Chong-miao, YANG Hao-ming, WANG Zhen (4807)
Adsorption Characteristics of Phosphate on Cerium Modified Water Hyacinth Biochar	WANG Guang-ze, ZENG Wei, LI Shuai-shuai (4815)
Removal Efficiency and Mechanism of Ammonia Nitrogen in a Low Temperature Groundwater Purification Process	LI Dong, LIU Meng-hao, ZHANG Rui-miao, <i>et al.</i> (4826)
Speciation and Ecological Risk Assessment of Heavy Metal(loid)s in the Municipal Sewage Sludge of China	GENG Yuan-meng, ZHANG Chuan-bing, ZHANG Yong, <i>et al.</i> (4834)
Meta-analysis of Microbial Communities in the Activated Sludge of Wastewater Treatment Plants Under Different Climate Types	YANG Si-hang, QIN Ze-sheng, LIANG Man-chun (4844)
Partial Nitrification and Anaerobic Ammonia Oxidation Synergistic Denitrification to Remove Nitrogen and Carbon from Domestic Sewage	QIN Yan-rong, YUAN Zhong-ling, ZHANG Ming, <i>et al.</i> (4853)
Cultivation and Performance Analysis of Simultaneous Partial Nitrification, ANAMMOX, and Denitrification Granular Sludge	ZHOU Feng, LIU Yong-di, LI Wei (4864)
Application of Various Methods to Extract Microplastic from Typical Soils in China	ZHAO Xiao-li, LIU Zi-han, CONG Chen-yu, <i>et al.</i> (4872)
Evaluation and Sources of Heavy Metal Pollution in the Surface Soil of the Qaidam Basin	CHEN Liang, ZHANG Xi-ying, TANG Qi-liang, <i>et al.</i> (4880)
Content and Ecological Risks of Heavy Metals in Soil with Different Land Uses in a Rapidly Urbanizing Area	LI Meng-ting, SHEN Cheng, WU Jian, <i>et al.</i> (4889)
Selenium Geochemical Characteristics and Influencing Factors of Paddy Fields in Du'an County, Guangxi	LIU Fei, YANG Ke, XU Ren-ting, <i>et al.</i> (4897)
Carbonized Apple Branches Decrease the Accumulation and Damage of Cadmium on Apple Rootstock by Reducing DTPA-Cd in Soil	DENG Bo, XUN Mi, ZHANG Wei-wei, <i>et al.</i> (4908)
Accumulation and Health Risk of Heavy Metals in Cereals, Vegetables, and Fruits of Intensive Plantations in Hainan Province	YANG Jian-zhou, WANG Zhen-liang, GAO Jian-weng, <i>et al.</i> (4916)
Correlation Analysis among Environmental Antibiotic Resistance Genes Abundance, Antibiotics Concentrations, and Heavy Metals Concentrations Based on Web of Science Searches	MIAO Sun, CHEN Lei, ZUO Jian-e (4925)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Tetracycline Antibiotics in Farmland Soil in Yinchuan	ZHANG Xiao-hong, TAO Hong, WANG Ya-juan, <i>et al.</i> (4933)
Effect of Manure from Different Sources on the Leaching of Antibiotics in Soil	LI Bin-xu, ZHU Chang-xiong, SONG Ting-ting, <i>et al.</i> (4942)
Analysis of the Traits of Nitrogen Metabolism Pathways for Several Forest Soils in Eastern China	LÜ Xue-li, ZHAO Yong-peng, LIN Qing-huo, <i>et al.</i> (4951)
Denitrification Rates and <i>nirS</i> -type Denitrifying Bacteria Community Structure Characteristics of Bulk and Rhizosphere Soil in Spring and Summer in the Alpine Wetlands of the Qinghai-Tibet Plateau	LI Yu-qian, MA Jun-wei, GAO Chao, <i>et al.</i> (4959)
Microbial Community Structure of Soil Methanogens and Methanotrophs During Degradation and Restoration of Reed Wetlands in the Songnen Plain	WANG Qiu-ying, WANG Na, LIU Ying, <i>et al.</i> (4968)
Characteristics of Bacterial Community Structure in Fluvio-aquic Soil Under Different Rotation Fallow	NAN Zhen-wu, LIU Zhu, DAI Hong-cui, <i>et al.</i> (4977)
Response of Photosynthetic Bacterial Community to Cadmium Contamination in Paddy Soil	LUO Lu-yun, JIN De-cai, WANG Dian-dong, <i>et al.</i> (4988)
Community Distribution of the Rhizospheric and Endophytic Bacteria of <i>Phragmites australis</i> and Their Limiting Factors in Iron Tailings	CAO Man-man, WANG Fei, ZHOU Bei-hai, <i>et al.</i> (4998)
Effects of Combination of Organic and Inorganic Nitrogen on Nitrification and Denitrification in Two Salinized Soils	ZHOU Hui, SHI Hai-bin, ZHANG Wen-cong, <i>et al.</i> (5010)
Response of Yield, CH ₄ , and N ₂ O Emissions from Paddy Fields to Long-term Elevated CO ₂ Concentrations	YU Hai-yang, SONG Kai-fu, HUANG Qiong, <i>et al.</i> (5021)
Effects of Feedstock Material and Pyrolysis Temperature on Dissolved Organic Matter in Biochars	YAN Dai-hong, MA Ya-pei, SONG Kai-yue, <i>et al.</i> (5030)
Spatiotemporal Variations in Atmospheric Urban Heat Island Effects and Their Driving Factors in 84 Major Chinese Cities	LI Yu, ZHOU De-cheng, YAN Zhang-mei (5037)
Research Progress in the Odorants and Their Emissions from Indoor Building Decoration Materials	ZHANG Wan-zhong, ZHANG Peng-yi (5046)