

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

2000~2018年我国大气重金属沉降通量时空变化特征

陈其永, 郜允兵, 倪润祥, 潘瑜春, 阎跃观, 杨晶, 刘孝阳, 顾晓鹤



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年9月

第43卷 第9期
Vol.43 No.9

目次

2000~2018年我国大气重金属沉降通量时空变化特征	陈其永, 郇允兵, 倪润祥, 潘瑜春, 阎跃观, 杨晶, 刘孝阳, 顾晓鹤 (4413)
面向二/三维城市形态指标的 PM _{2.5} 浓度调控模拟	李莎, 邹滨, 刘宁, 冯徽徽, 陈军, 张鸿辉 (4425)
减排背景下成都大气 PM _{2.5} 碳质组分特征	陈璐瑶, 于阳春, 黄小娟, 董贵明, 张军科 (4438)
青岛秋冬季 PM ₁ 中金属元素污染特征及健康风险评估	刘子杨, 张宜升, 张厚勇, 马子轲, 陶文鑫, 王娇, 薛莲, 彭倩倩, 杜金花, 赵娇娇, 彭亮, 孙英杰 (4448)
港口地区大气 PM _{2.5} 中多环芳烃污染特征及来源分析	王鹏程, 杨凌霄, 别淑君, 黄琦, 齐安安, 虞雄, 王滢铭, 徐鹏, 张天琪, 王文兴 (4458)
天津市冬季道路颗粒物粒径分布及来源解析	张国涛, 殷宝辉, 白雯宇, 郭丽瑶, 王智宇, 张楠, 郑镇森, 张利文, 杨文, 韩斌, 白志鹏 (4467)
北京市生物源一次气溶胶浓度变化特征及影响因素	梁林林, 刘畅, 刘旭艳, 徐婉筠, 张根, 程红兵, 刘雨思 (4475)
北京市城区夏季 VOCs 变化特征分析与来源解析	孟祥来, 孙扬, 廖婷婷, 张琛, 张成影 (4484)
东莞工业集中区夏季臭氧污染与非污染期间 VOCs 组分特征及其来源	周振, 肖林海, 费蕾蕾, 余纬, 林满, 黄筠筠, 张智胜, 陶俊 (4497)
生活垃圾填埋场恶臭污染的时空变化与膜阻隔效果	何品晶, 李健晨, 吕凡, 章骅, 邵立明 (4506)
不同年份太湖水域全氟化合物健康风险源解析对比	武婷, 孙善伟, 樊境朴, 鲁富蕾, 郭昌胜, 徐建 (4513)
沱江流域典型及新兴全氟/多氟化合物的污染特征及来源解析	宋娇娇, 汪艺梅, 孙静, 方淑红 (4522)
白洋淀不同类型水体表层沉积物重金属的赋存形态及风险	许梦雅, 张超, 卓保庆, 刘操 (4532)
喹诺酮类抗生素在城市典型水环境中的分配系数及其主要环境影响因子	剧泽佳, 付雨, 赵鑫宇, 陈慧, 宋圆梦, 赵波, 张纪媛, 卢梦洪, 崔建升, 张璐璐 (4543)
石家庄地下水中喹诺酮类抗生素生态风险及其与环境因子的相关性	陈慧, 剧泽佳, 赵鑫宇, 付雨, 崔建升, 张璐璐 (4556)
不同淹水环境下湖泊沉积物 DOM 的特征与来源	陈佳, 李忠武, 金昌盛, 文佳骏, 聂小东, 王磊 (4566)
晋城市沁河流域秋季浮游植物群落结构特征及其与环境因子的关系	高梦蝶, 李艳粉, 李艳利, 孙昂, 田爽, 张春晖, 耿亚平, 李林霞 (4576)
不同配置绿色屋顶径流水质特征及综合评价	章孙逊, 张守红, 闫婧, 王任重远, 杨航 (4587)
紫外光化过硫酸盐降解磷酸氯喹	李阳, 许玻琨, 邓琳, 罗伟 (4597)
微气泡臭氧氧化预处理实际制药废水去除 SS 和有机物性能	刘春, 陈蕊, 张静, 杨旭, 陈晓轩, 郭延凯, 武明泽, 庞勃 (4608)
废水排放对近海环境中抗生素抗性基因和微生物群落的影响	陈嘉瑜, 苏志国, 姚鹏城, 黄备, 张永明, 温东辉 (4616)
生物炭和秸秆还田对微咸水滴灌棉田土壤真菌群落结构多样性的影响	郭晓雯, 陈静, 鲁晓宇, 李远, 陶一凡, 闵伟 (4625)
有机物料投入对喀斯特地区土壤磷素赋存形态与含 <i>phoD</i> 基因细菌群落的影响	夏鑫, 乔航, 孙琪, 刘坤平, 陈香碧, 何寻阳, 胡亚军, 苏以荣 (4636)
煤矿矿区复垦植被类型对土壤微生物功能基因和酶活的影响	宁岳伟, 刘勇, 张红, 李君剑 (4647)
生物炭施用对黄壤土壤养分及酶活性的影响	袁访, 李开钰, 杨慧, 邓承佳, 梁红, 宋理洪 (4655)
黄河源区斑块化退化高寒草甸土壤细菌群落多样性变化	孙华方, 李希来, 金立群, 赵玉蓉, 李成一, 张静, 宋梓涵, 苏晓雪, 刘凯 (4662)
模拟氮沉降对三江平原小叶章湿地土壤微生物碳源利用能力的影响	翁晓虹, 隋心, 李梦莎, 刘赢男, 张荣涛, 杨立宾 (4674)
石家庄市土壤中喹诺酮类抗生素空间分布特征及其与微生物群落相关性	赵鑫宇, 剧泽佳, 陈慧, 付雨, 宋圆梦, 赵波, 张纪媛, 卢梦洪, 崔建升, 张璐璐 (4684)
典型氧化还原环境中微塑料表面的微生物群落组成特征与构建机制	龚志伟, 马杰, 苏趋, 林亚楠, 董鑫磊, 周立昌, 王宗平, 郭刚 (4697)
作物秸秆材料处理养殖废水中氮的周年去除效果及其对氮循环微生物丰度的影响	刘铭羽, 夏梦华, 蒋磊, 彭健, 陈坤, 赵聪芳, 李希, 孟岑, 曾睿, 王栋, 李裕元, 吴金水 (4706)
不同外碳源对尾水极限脱氮性能及微生物群落结构的影响	王伟, 赵中原, 张鑫, 由志鹏, 黄子晋, 彭永臻 (4717)
总氮提标改造工程的微生物群落结构分析	李海松, 王柯丹, 陈晓蕾, 阎登科, 许子聪, 胡培基 (4727)
IFAS 工艺处理南方低碳源污水的泥膜微生物互作规律分析	赫俊国, 江伟勋, 何卓义, 刘新平, 吴世华, 储昭瑞, 冯杰 (4736)
黄土高原土地利用方式对微塑料丰度和形态分布的影响	郝永丽, 胡亚鲜, 白晓雄, 郭胜利 (4748)
南方丘陵区土壤重金属含量、来源及潜在生态风险评价	王玉, 辛存林, 于爽, 薛红蕾, 曾鹏, 孙平安, 刘凡 (4756)
兰州市耕地“五毒”重金属的风险评价与归因分析	张利瑞, 彭鑫波, 马延龙, 康乐, 张妍娥, 王泉灵, 张松林 (4767)
石家庄市栾城区农田土壤重金属分布特征及作物风险评价	孟晓飞, 郭俊梅, 杨俊兴, 郑国砥, 陈同斌, 刘杰 (4779)
典型城市土壤中重金属锑 (Sb) 的含量分布特征及风险评价	沈城, 叶文娟, 钱诗颖, 吴健, 朱旭东, 王敏 (4791)
有色金属矿业城市典型村镇土壤重金属污染评价及来源解析	汪峰, 黄言欢, 李如忠, 吴鸿飞 (4800)
柠檬酸及刈割强化象草修复镉污染土壤的效应	唐棋, 伍港繁, 辜娇峰, 周航, 曾鹏, 廖柏寒 (4810)
稻田干湿过程甲基化效率变化与关键影响因素分析	张玥, 李令仪, 文炯, 曾希柏, 苏世鸣 (4820)
外源茉莉酸对水稻幼苗根系砷积累及抗逆应答效应	李颜, 黄益宗, 保琼莉, 黄永春, 张盛楠 (4831)
秸秆还田配施化肥对土壤养分及冬小麦产量的影响	宋佳杰, 徐郁阳, 白金泽, 于琦, 程伯豪, 冯永忠, 任广鑫 (4839)
冬季绿肥对黄土高原旱作春玉米农田土壤温室气体排放的影响	张少宏, 王俊, 方震文, 付鑫 (4848)
庞泉沟自然保护区土壤呼吸空间分异性影响因素探索	李晓敏, 严俊霞, 杜自强, 王琰 (4858)
小型养殖塘水体中 CH ₄ 、CO ₂ 和 N ₂ O 浓度的时空变化特征及影响因素	石婕, 张弥, 邱吉丽, 万梓文, 赵若男, 谢燕红, 陈明健, 赵佳玉, 肖薇, 刘寿东 (4867)
丁基黄药对选矿区土壤吸附铅镉的影响	胡志浩, 郭朝晖, 冉洪珍, 肖细元, 彭驰, 李钰滢 (4878)
秸秆生物炭吸附对乙酰氨基酚的机制及其位能分布特征	商岑尧, 顾若婷, 张强, 谢慧芳, 王冰玉 (4888)
黄土高原地区生态脆弱性时空变化及其驱动因子分析	张良侠, 樊江文, 张海燕, 周德成 (4902)
植物促生菌在重金属生物修复中的作用机制及应用	马莹, 王玥, 石孝均, 陈新平, 李振轮 (4911)
《环境科学》征订启事 (4512) 《环境科学》征稿简则 (4735) 信息 (4696, 4790, 4887)	

总氮提标改造工程的微生物群落结构分析

李海松^{1,2}, 王柯丹², 陈晓蕾², 阎登科², 许子聪², 胡培基²

(1. 郑州大学生态与环境学院, 郑州 450001; 2. 知和环保科技有限公司, 郑州 450000)

摘要: 对出水 ρ [总氮(TN)] < 1.5 mg·L⁻¹ 的市政污水处理厂(WWTP)的活性污泥进行微生物群落结构分析, 揭示同一污水厂常规生化(WLK_OD)段和深度脱氮(WLK_AD)段的微生物群落多样性差异及功能差异。通过 16S rRNA 基因高通量测序及分析, 结果表明相较于 WLK_OD, WLK_AD 中微生物群落具有较低均匀性, 是因为特定的环境对微生物进行了选择。Proteobacteria 在 WLK_AD 中富集且相对丰度达到 70.11%。Thauera、Flavobacterium、Hydrogenophaga 和 Zoogloea 等反硝化菌为 WLK_AD 中新增的优势菌, 在两工段不同的生态位和微生物生长动力学共同作用下, 体系内的反硝化菌发生演替。通过组间比较($P < 0.05$), 演替的优势反硝化菌在两个工段中有显著差异。此外, 通过共现网络模块化分析结果表明, 不同的水质环境对微生物群落结构具有影响。通过冗余分析发现 COD 和 TN 的去除率对微生物群落结构影响最大, Saccharibacteria、Thermomarinilinea、Terrimonas 和 Comamonas 与 COD 的去除率呈正相关, 而 Dokdonella、Thauera、Flavobacterium 和 Zoogloea 等反硝化菌与 TN 的去除率呈正相关。在 WLK_AD 中, NO₃⁻-N 和 TN 的去除率较高, Novosphingobium、Dokdonella、Thauera 和 Sphingomonas 等反硝化功能菌相对丰度也较高, 它们协同去除 TN, 实现出水 ρ (TN) < 1.5 mg·L⁻¹。功能预测结果表明 WLK_AD 中编码反硝化酶的基因丰度更高。

关键词: 污水处理厂; 总氮提标改造工程; 群落结构; 生物标识; 环境因素; 功能预测

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)09-4727-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.202111056

Microbial Community Structure of Activated Sludge for Total Nitrogen Upgrading Project

LI Hai-song^{1,2}, WANG Ke-dan², CHEN Xiao-lei², YAN Deng-ke², XU Zi-cong², HU Pei-ji²

(1. School of Ecology and Environment, Zhengzhou University, Zhengzhou 450001, China; 2. Zhihe Environmental Science and Technology, Co., Ltd., Zhengzhou 450000, China)

Abstract: The activated sludge of a biochemical unit (WLK_OD) and an advanced denitrification unit (WLK_AD) were collected from a municipal wastewater treatment plant (WWTP), in which the TN concentration of effluent was less than 1.5 mg·L⁻¹, and their microbial community structure and function profiles were analyzed using 16S rRNA gene high-throughput sequencing. The microorganisms in WLK_AD had lower evenness compared with that in WLK_OD, which was attributed to environmental selection. Furthermore, PCoA revealed that different incoming wastewaters had an impact on microbial community structure. At the phylum level, Proteobacteria (70.11%) was enriched in WLK_AD. At the genus level, Thauera, Flavobacterium, Hydrogenophaga, and Zoogloea served as distinct-dominant denitrifying bacteria in WLK_AD; however, Trichococcus (3.50%) and Terrimonas (1.10%) were enriched in WLK_OD. Through the comparison between groups ($P < 0.05$), the biomarkers detected in each WWTP were different. Furthermore, the results of the co-occurrence network showed that the bacteria from module I had a higher proportion in WLK_AD; the bacteria from module II had a higher proportion in WLK_OD, and they were common microorganisms in WWTPs, implying that wastewater environments drove the differences in the microbial community structure. Among the types of environmental parameters, the removal efficiency of COD and TN had the greatest impact on the microbial community by the RDA. The removal efficiency of COD was positively correlated with the dominant bacteria from WLK_OD, such as Saccharibacteria, Thermomarinilinea, Terrimonas, and Comamonas; the removal efficiency of TN was positively correlated with the denitrifying bacteria from WLK_AD, such as Dokdonella, Thauera, Flavobacterium, and Zoogloea. WLK_AD was enriched with Novosphingobium, Dokdonella, Thauera, and Sphingomonas, which synergistically removed TN, leading to the TN of the effluent being less than 1.5 mg·L⁻¹. Moreover, based on the results of function prediction, WLK_AD had a higher proportion of genes that could code the denitrification enzymes.

Key words: wastewater treatment plant; total nitrogen upgrading project; microbial community structure; biomarker; environmental factors; function prediction

市政 WWTPs 普遍使用活性污泥法进行污染物的去除, 活性污泥作为一种独特的人工微生物生态系统, 具有较高微生物多样性。微生物与碳(C)、氮(N)、硫(S)和磷(P)的转化有着密不可分的关系, 是污水生物处理系统实现污染物去除和稳定运行的基础^[1]。随着高通量技术的发展, WWTP 活性污泥中微生物的群落结构研究已经成为热点^[2~4]。有研究报道: 市政 WWTPs 普遍存在的微生物有 Proteobacteria、Bacteroidetes、Actinobacteria、Firmicutes、Planctomycetes 和 Chloroflexi 等^[5~7]。然而对市政 WWTPs 活性污泥的研究更关注多个污水

厂甚至是全球的好氧池微生物群落结构及影响因素^[8,9], 对同一污水处理厂的不同工段活性污泥微生物群落结构间的差异关注较少, 尤其是特殊环境下的微生物群落结构。随着我国对生态环保问题的日益重视, 污水排放标准日趋严格, 多数污水处理厂面临提标改造。在整个提标改造过程中, 总氮(TN)是短板。为了满足高要求的排放标准, 研究各种方式

收稿日期: 2021-11-05; 修订日期: 2022-01-25

基金项目: 国家自然科学基金项目(51508517); 河南省重大科技专项(201300311100)

作者简介: 李海松(1980~), 男, 博士, 教授, 主要研究方向为生物法污水深度处理技术, E-mail: lhs@zzu.edu.cn

降低 TN 的出水浓度^[10~12],河南省某一市政 WWTP 在二沉池后端加设深度脱氮装置进行反硝化,实现 $\rho(\text{TN}) < 1.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$. 此工况下的微生物群落结构尚未研究,且同一污水厂不同工段的微生物群落结构是否存在差异尚不清楚,尤其是在将 TN 从 $15 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 降低至 $1.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 的环境下,微生物的组成是否存在演替,多样性分布及功能是否存在差异也需研究.

因此,本文基于河南省郑州市五龙口市政污水处理厂的 TN 提标改造工程,研究原有氧化沟工艺及新增设的深度脱氮装置中活性污泥的微生物群落结构. 分析常规生化工段及深度脱氮特殊环境下微生物多样性的分布、影响因素、物种的组成和优势菌群等;进行组间比较,研究不同工段之间微生物群落结构的差异,寻找各工段中的生物标识;通过共线性网络模型研究促使微生物群落结构差异性的原因,以及环境参数与微生物间相互作用;通过 PICRUST (phylogenetic investigation of communities by reconstruction of unobserved states) 对功能基因进行预测,分析两工段微生物在功能上存在的差异. 将微生物组学与工艺选择、参数优化和生物强化结合,以期

为污水处理厂提供更完善的活性污泥微生物信息.

1 材料与方法

1.1 样本采集及指标检测

对河南省郑州市五龙口 WWTP 的 WLK_OD(氧化沟)及 WLK_AD(深度脱氮装置)工段中的活性污泥进行采集. 郑州市五龙口 WWTP 的日处理量 $10 \text{ 万 m}^3 \cdot \text{d}^{-1}$,采用氧化沟工艺进行生化处理. 其出水经过二沉池后满足一级 A 排放标准. 2017~2019 年,在氧化沟出水处采集的样本分别为 WLK_OD1、WLK_OD2、WLK_OD3 和 WLK_OD4. 在二沉池后新增设深度脱氮装置,该装置主要是进行硝态氮的去除,其日处理量 $3 \text{ 万 m}^3 \cdot \text{d}^{-1}$. 2018 年 3 月 16 日,对 WLK_AD 内不同高度、不同时间(白天和晚上)的活性污泥进行采集,分别命名为 WLK_AD1、WLK_AD2、WLK_AD3、WLK_AD4、WLK_AD5、WLK_AD6、WLK_AD7 和 WLK_AD8. 样本采集后进行 -20°C 保存,并在一周内进行送样测序. 取样点如图 1 所示. pH 值用 pH 计 (PHS-3E) 检测, COD 采用 HJ828-2017 中重铬酸钾法测定,氨氮 (NH_4^+-N)、硝态氮 (NO_3^--N) 和 TN 采用分光光度法测定.

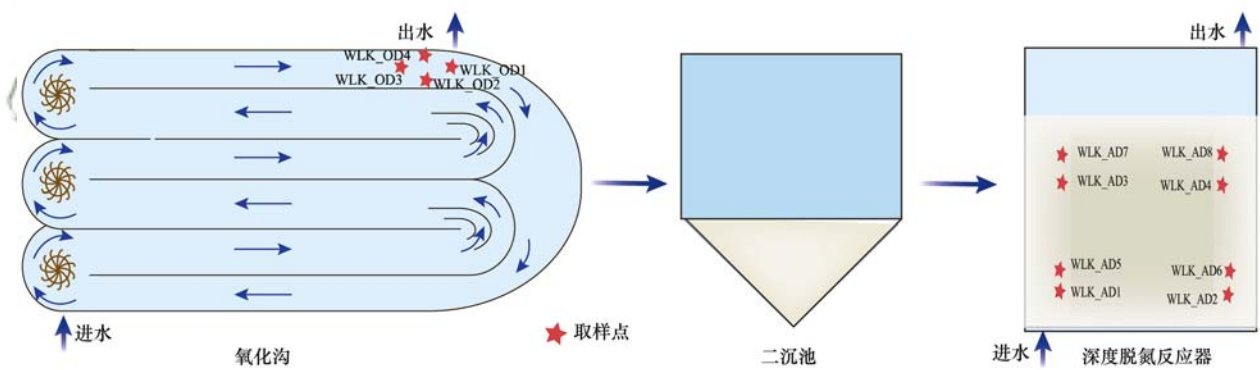


图1 WLK_OD 和 WLK_AD 两工段活性污泥取样点示意

Fig. 1 Schematic diagram of activated sludge collected from WLK_OD and WLK_AD

1.2 样品 16S rRNA 基因高通量测序

将采集的样本直接送往生工生物工程(上海)股份有限公司进行 DNA 的提取,PCR 扩增以及高通量测序. 提取 DNA 采用 E. Z. N. ATM Mag-Bind Soil DNA Kit 的试剂盒,并按说明书提供的步骤对 WWTP 采集的所有样本进行细菌 DNA 提取. 之后利用 Qubit3.0 DNA 检测试剂盒对基因组 DNA 精确定量,对细菌 16S rDNA 中的 V3-V4 高变区进行 PCR 扩增,引物序列为 341F 和 805R,利用 Illumina MiSeq PE300 平台进行测序分析.

1.3 微生物数据分析

生物信息分析依照扩增子数据分析指南^[13,14]. 分别对序列进行双端合并、质控和去重复. 然后用

USEARCH v10.0 的 -unoise 命令将非冗余序列去噪为扩增序列变体 (OTUs),并生成特征表. 基于 RDP 训练集 v16 对特征序列 (OTUs) 进行分类学并注释. 在 R 语言 v4.0.2 环境下,多样性分析使用 vegan v2.5-6 包,数据可视化采用 ggplot2 v3.3.2 包. 主坐标分析 (PCoA) 用 Bray-Curtis 距离评估,微生物共现网络图通过 Gephi 0.9.2 将微生物之间的相关性结果可视化. 使用线性判别分析影响 (LEfSe)、曼哈顿图和火山图进行组间比较. 环境参数与微生物之间的冗余分析结果通过 Canoco5 进行可视化. 此外,通过 PICRUST 对活性污泥中的微生物基于 KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) 数据库进行功能预测,其结果通过 Stamp 软件进行可视化.

2 结果与讨论

2.1 污水处理厂深度脱氮反应器脱氮性能

对采集样本的水质指标进行检测,结果如表 1 所示.在生化段,TN 的去除率为 63% 左右,NH₄⁺-N 降低到 0.5 mg·L⁻¹ 以下,其去除率高达 98%,而 TN

基本上以NO₃⁻-N的形式存在.经过深度脱氮处理后,NO₃⁻-N的去除率高达 98%,总氮降低到 1.5 mg·L⁻¹ 以下,其去除率达到 90% 以上,主要进行NO₃⁻-N 的去除.两工段活性污泥中微生物的生态位不同,脱氮性能也存在差异,其原因可归于微生物群落结构的不同.

表 1 所有样本的物理化学指标

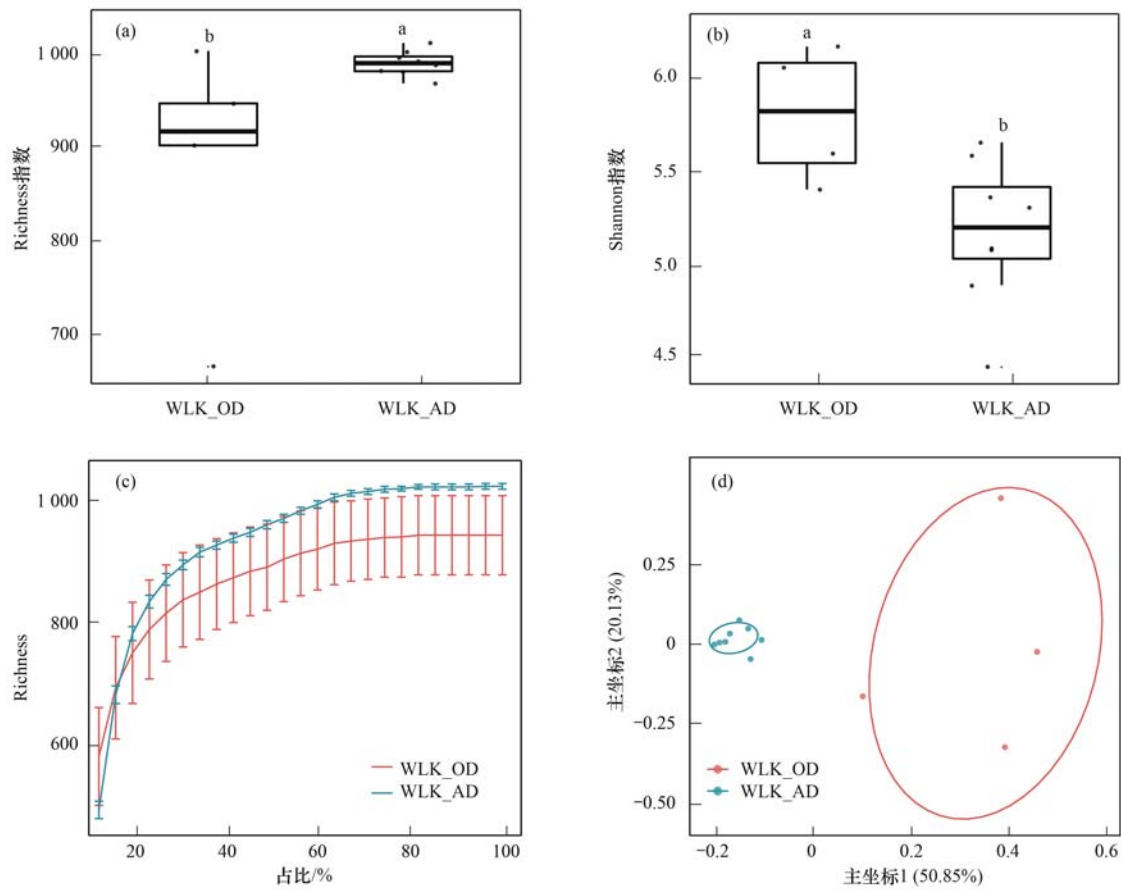
Table 1 Physical chemistry parameters of samples										
样本名	$\rho(\text{COD})$ /mg·L ⁻¹	$\rho(\text{NH}_4^+-\text{N})$ /mg·L ⁻¹	$\rho(\text{TN})$ /mg·L ⁻¹	$\rho(\text{NO}_3^--\text{N})$ /mg·L ⁻¹	pH 值	COD 去除率 /%	NH ₄ ⁺ -N去除率 /%	TN 去除率 /%	NO ₃ ⁻ -N去除率 /%	MLSS /mg·L ⁻¹
WLK_OD1	48.36	0.42	14.31	14.01	7.14	75.39	98.85	63.51	— ¹⁾	5 732
WLK_OD2	38.31	0.36	15.96	15.45	7.37	78.35	98.86	60.79	—	5 854
WLK_OD3	36.36	0.30	16.72	16.36	7.42	80.25	99.31	63.01	—	5 741
WLK_OD4	29.59	0.35	20.37	20.10	7.21	86.91	99.26	65.65	—	6 215
WLK_AD1	32.63	0.32	1.2	0.17	7.80	—	—	91.61	98.80	3 938
WLK_AD2	32.63	0.32	1.2	0.17	7.80	—	—	91.61	98.80	3 938
WLK_AD3	32.63	0.32	1.2	0.17	7.80	—	—	91.61	98.80	3 716
WLK_AD4	32.63	0.32	1.2	0.17	7.80	—	—	91.61	98.80	3 716
WLK_AD5	35.26	0.38	1.4	0.20	7.84	—	—	91.23	98.69	3 352
WLK_AD6	35.26	0.38	1.4	0.20	7.84	—	—	91.23	98.69	3 352
WLK_AD7	35.26	0.38	1.4	0.20	7.84	—	—	91.23	98.69	3 514
WLK_AD8	35.26	0.38	1.4	0.20	7.84	—	—	91.23	98.69	3 514

1) “—”表示文中没有相关数据

2.2 微生物多样性分析

为了进一步分析两工段脱氮性能的差异,进行

WLK_OD 与 WLK_AD 的微生物多样性分析,如图 2 所示.分别用 Richness 指数和 Shannon 指数解释微



不同小写字母表示两组间有显著差异

图 2 不同工段样本的多样性分析、稀释曲线分析和主坐标分析

Fig. 2 Diversity, rarefaction curve and PCoA of samples in WLK_OD and WLK_AD

生物群落的丰度和多样性[图 2(a)和 2(b)],结果表明 WLK_AD 的 Richness 指数均值为 993,比 WLK_OD(940)高;但其 Shannon 指数均值为 5.18 低于 WLK_AD(5.78).推断 WLK_AD 微生物群落具有较低的均匀性,归因于特定的脱氮环境对微生物进行自然选择,形成了独特的菌群.图 2(c)为两工段微生物的稀释曲线,测序深度均达到 85%时,微生物的丰度趋于平衡,表明测序结果具有可靠性.图 2(d)展示了 PCoA 的结果,WLK_AD 的样本聚集在一起;尽管 WLK_OD 样本相对分散,但是在 PCoA1 轴比较接近.此外,两工段的样本在主坐标轴 1 分离($P < 0.01$).在 PCoA 中两个样本越接近,两个样本的微生物组成越相似^[15].结果表明各工段中微生物群落结构相似,两工段间有显著差异,进一步推测不同的水质环境对微生物群落结构具有影响.

2.3 物种组成及分布分析

该 WWTP 的微生物共检测到 1 244 个 OTUs,被注释分配到 27 个门, 245 个属.在门水平: Proteobacteria(变形菌门)、Bacteroidetes(拟杆菌门)、Actinobacteria(放线菌门)、Firmicutes(厚壁菌门)、Planctomycetes(浮霉菌门)、Chloroflexi(绿弯菌门)、Parcubacteria(帕库菌门)和 Verrucomicrobia(疣微菌门)在两个工段中均作为优势菌(相对丰度 $> 1\%$),如图 3 所示.此结果与已有的研究结果一致^[1,2,6-9]. Proteobacteria 在 WLK_AD 中富集,相对丰度为 70.11%,比 WLK_OD 增加了近 25%. Proteobacteria 包含有多种好氧-厌氧-兼性细菌,可降解有机污染物,去除氮磷,易适应微生态环境的变化.为了进一步分析该微生物在两工段间的差异,图 3 中显示了其纲水平的 5 种微生物,发现 β -

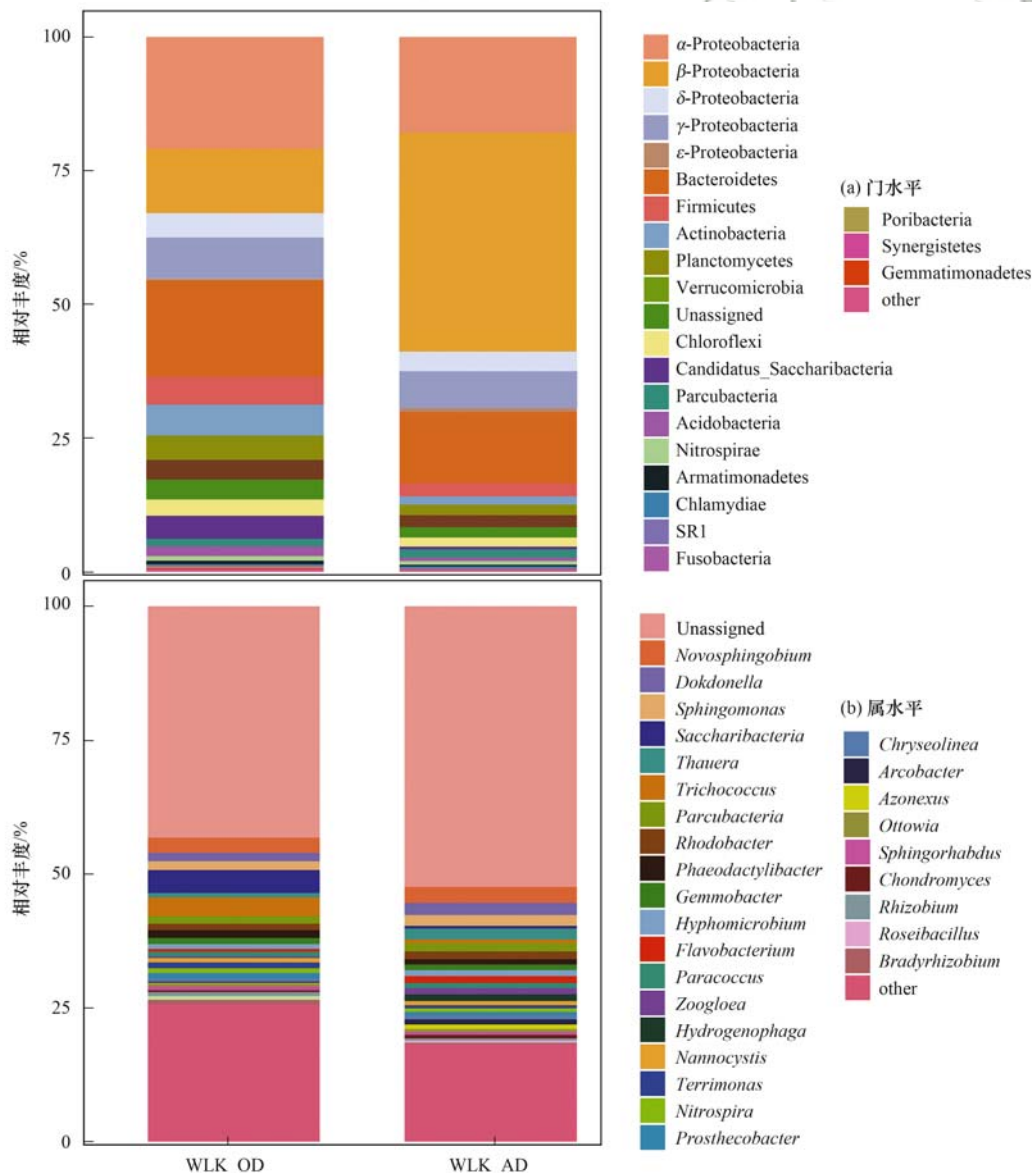


图 3 不同工段活性污泥微生物在门水平和属水平组成及分布

Fig. 3 Bacterial composition of activated sludge from different reactors at phylum and genus levels

Proteobacteria 从 12.06% 增加到 40.13%。有研究报道 β -Proteobacteria 的大部分细菌都可以参与氮的代谢^[12]。此外,从 WLK_OD 到 WLK_AD, Candidatus_Saccharibacteria 和 Acidobacteria(酸杆菌门)的丰度分别由 3.58% 和 2.29% 降到 0.50% 和 0.69%。有研究报道 Candidatus_Saccharibacteria 中的大部分细菌可以代谢多种碳源,如蛋白胨、葡萄糖和乙酸钠等^[16]。然而 WLK_AD 的进水为二沉池出水,其中有机物大部分为难降解物, pH 值相对较高,因此不适合深度脱氮环境的 Candidatus_Saccharibacteria 及酸杆菌被淘汰。

在属水平,不同工段中检测到的共有优势菌(相对丰度 > 1%) 分别为 *Novosphingobium*、*Dokdonella*、*Sphingomonas* (鞘氨醇单胞菌)、*Parcubacteria*、*Rhodobacter* (红杆菌) 和 *Gemmobacter* (巨大芽殖杆菌)。然而 WLK_OD 中的功能反硝化菌 *Trichococcus* (3.50%) 和 *Terrimonas* (1.10%) 在 WLK_AD 中的相对丰度分别降到 0.70% 和 0.59%, *Thauera* (2.04%)、*Flavobacterium* (1.27%)、*Hydrogenophaga* (1.26%) 和 *Zoogloea* (1.18%) 分别是 WLK_AD 中的优势反硝化菌群^[17~22],它们在 WLK_OD 中的相对丰度分别是 0.81%, 0.50%, 0.050% 和 0.28%。有文献报道 *Thauera*、*Hydrogenophaga* 和 *Zoogloea* 可以利用难降解物质为碳源进行反硝化^[15]。结果表明在 WLK_AD 中反硝化菌群发生演替,富集了独特的反硝化功能菌群。原因可归于不同工段微生物的生态位和生长动力学不同。WLK_OD 的微生物经历了厌氧、缺氧和好氧环境,脱氮过程涉及到氨化、硝化和反硝化;而 WLK_AD 的微生物处于缺氧环境,主要进行硝态氮的去除。此外,相较于 WLK_OD, WLK_AD 处理的污水生化性较低,且含氮污染物浓度较低,微生物处在寡营养环境,独特的优势反硝化菌可利用难降解物质为碳源实现富集;

WLK_OD 中富集的反硝化菌可利用易生物降解有机物实现快速生长从而成为优势菌。

2.4 组间比较

火山图展示了所有 OTUs 在两工段的差异性(图 4),其中红色/绿色分别表示显著富集/筛选的差异 OTUs。通过组间比较,具有显著差异 OTUs 总数量为 622,在 WLK_AD 中富集的 OTUs 数量 201 ($P < 0.05$)。曼哈顿图的结果(图 5)表明,在 WLK_AD 中富集的具有差异的 OTUs 是 Proteobacteria,且这些 OTUs 的差异性更大 [$-\lg(P) > 20$]。统计学检验结果进一步证明两个工段间的微生物组成具有显著差异。此外,LEfSe 的结果进一步展示了两个工段中具有显著差异的微生物(生物标识)。生物标识是指在区别不同组具有显著性差异的微生物中发挥很重要作用^[9]。在 WLK_AD 中演替的优势反硝化菌 *Flavobacterium*、*Hydrogenophaga* 和 *Zoogloea* 具有显著性差异(图 6),对体系内高脱氮效率发挥很重要的作用。此外一些非优势菌(如: *Thermomarinilinea*、*Comamonas* 和 *Dechloromonas* 等)作为生物标识被检测到,且与工段内的大部分优势菌呈正相关关系(图 7),表明这些微生物在各工段内可以协同优势菌共同去除污染物。

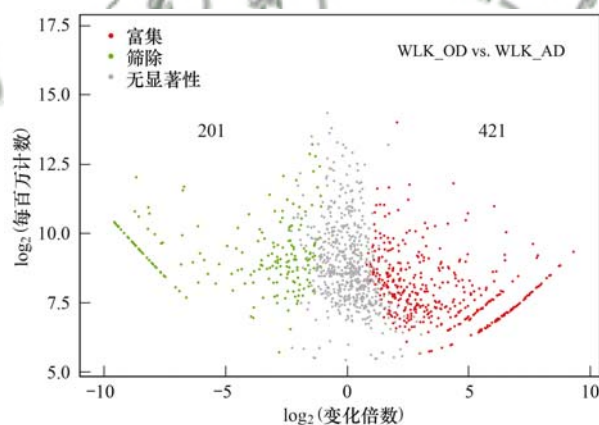


图 4 不同工段的火山图分析

Fig. 4 Volcano analysis between WLK_OD and WLK_AD

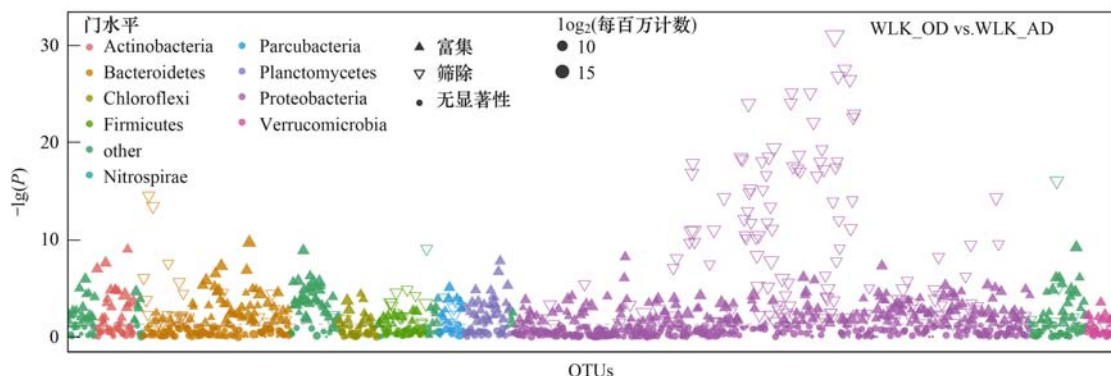


图 5 不同工段的曼哈顿分析

Fig. 5 Manhattan analysis between WLK_OD and WLK_AD

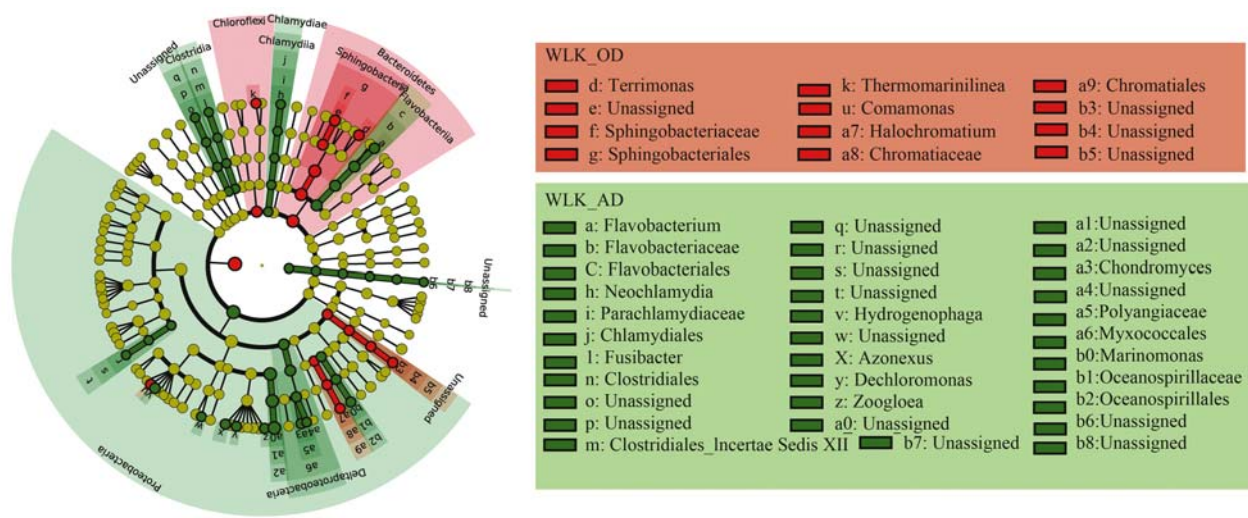
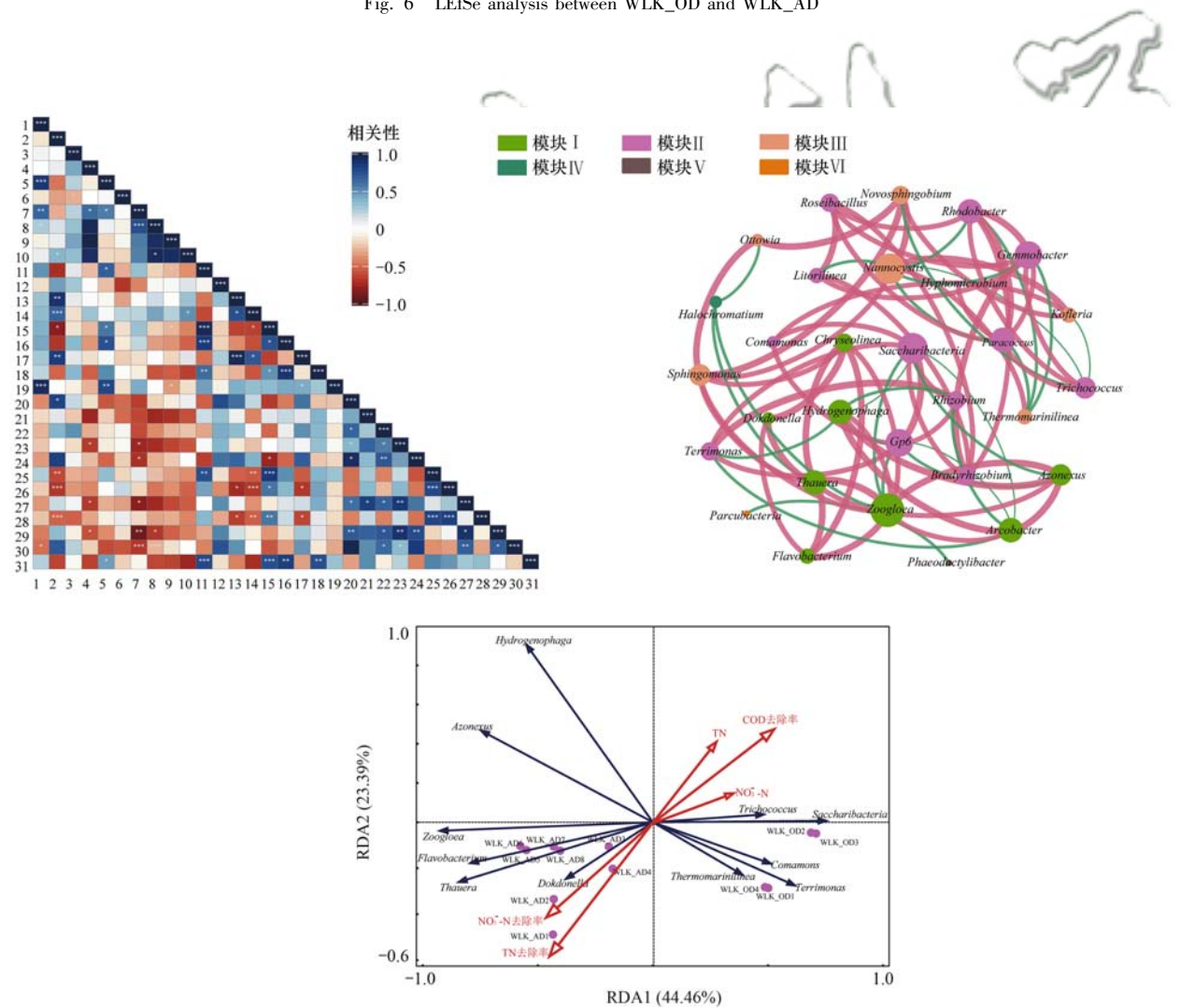


图 6 不同工段微生物的 LEfSe 分析

Fig. 6 LEfSe analysis between WLK_OD and WLK_AD



1. Novosphingobium, 2. Saccharibacteria, 3. Phaeodactylibacter, 4. Thermomarinilinea, 5. Sphingomonas, 6. Parcubacteria, 7. Nannocystis, 8. Kofleria, 9. Halochromatium, 10. Comamonas, 11. Thauera, 12. Nitrospira, 13. Terrimonas, 14. Gp6, 15. Zoogloea, 16. Chryseolinea, 17. Rhizobium, 16. Dokdonella, 19. Ottowia, 20. Bradyrhizobium, 21. Hyphomicrobium, 22. Roseibacillus, 23. Rhodobacter, 24. Litorilinea, 25. Azonexus, 26. Arcobacter, 27. Paracoccus, 28. Hydrogenophaga, 29. Gemmobacter, 30. Trichococcus, 31. Flavobacterium; *** 表示 $P < 0.001$, ** 表示 $P < 0.01$, * 表示 $P < 0.05$; 蓝色箭头表示微生物, 红色箭头表示环境因子, 圆圈表示样本

图 7 微生物的相互关系、共现网络分析和冗余分析

Fig. 7 Interrelationships, co-occurrence network, and RDA of microorganisms

2.5 微生物与环境因子之间的相互作用

为了研究促使五龙口 WWTP 不同工段的微生物群落结构差异性的原因,进一步分析微生物间的相关性、共现性以及与环境因子之间的相互作用. 图 7 展示了 31 种菌属的共线性模式 (Spearman's 系数 > 0.6 且 $P < 0.05$), 共有 80 条边 (红色是正相关, 绿色是负相关); 边的粗细与相关性强度成正比. 经过模块化分析, 微生物主要被分成 3 个模块. 模块 I 中的微生物主要是 WLK_AD 中的优势菌, 可以利用难降解有机物为碳源进行反硝化^[17,23,24]; 模块 II 中的微生物主要是 WLK_OD 中优势菌, 多为生活 WWTPs 常见的异养菌, 可以代谢多种易生物降解有机物及营养元素^[19,20,25~28]; 模块 III 中的微生物在两个工段中的相对丰度波动较小, 普遍存在于各种环境中. 结果表明不同的水质环境影响微生物群落结构.

对群落结构影响最大的环境因子是 COD 和 TN 的去除率. COD 的去除率、TN 和 NO_3^- -N 浓度之间呈正相关, 并与 *Saccharibacteria*、*Thermomarinilinea*、*Terrimonas* 和 *Comamonas* 密切相关^[17]. TN 的去除率与 NO_3^- -N 的去除率呈正相关, 它们与 *Dokdonella*、

Thauera、*Flavobacterium* 和 *Zoogloea* 密切相关^[29]. 此外, WLK_OD 和 WLK_AD 的样本分别坐落在第二、三象限. 结合表 1 的结果, 由于两工段的微生物的生态位不同, WLK_OD 的微生物快速利用污水中可降解有机物及较高浓度的营养物质进行硝化反硝化, 实现脱氮除碳; 而 WLK_AD 的微生物在寡营养环境下主要进行 NO_3^- -N 的去除, 最终实现出水 $\rho(\text{TN}) < 1.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$.

2.6 微生物功能预测

图 8 展示了所有样本基于 KEGG 数据库的功能信息, 热图上部分展示的聚类结果表明两个工段微生物在功能作用上存在差异. 在 WWTP 中均富集的功能是氨基酸代谢、碳水化合物代谢和膜运输. 相比较于 WLK_OD, 细胞运动性能在 WLK_AD 中丰度更高. 此外, 编码氨单加氧酶的基因在 WLK_OD 中具有更高的丰度, 主要进行硝化反应; 而编码硝酸还原酶、亚硝酸还原酶和一氧化氮还原酶的基因在 WLK_AD 中具有更高的相对丰度, 进行反硝化实现较高的总氮去除率. 这与 WLK_AD 中存在的独特优势反硝化菌携带的基因有关.

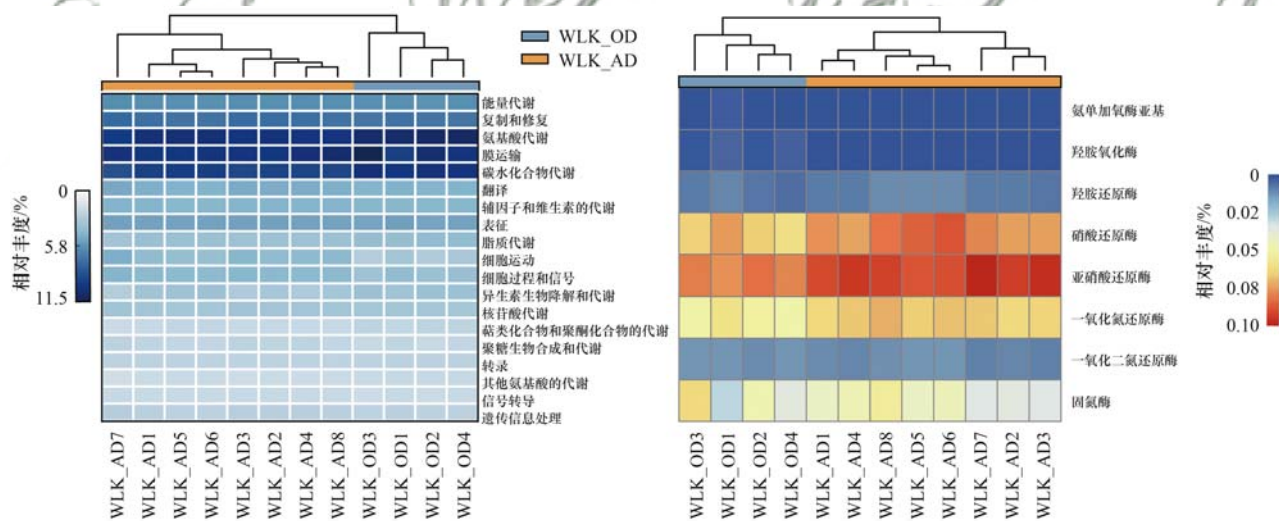


图 8 所有样本中的微生物功能代谢途径以及与氮代谢相关的功能热图分析

Fig. 8 Heatmap analysis of metabolic function pathway and nitrogen metabolism function from all samples

3 结论

(1) 相较于 WLK_OD, WLK_AD 中的微生物具有较低的均匀性, 展现其微生物多样性分布的特异性.

(2) 两个工段优势的反硝化菌群发生演替, WLK_OD 中是 *Trichococcus* 和 *Terrimonas*; 在 WLK_AD 中为 *Thauera*、*Flavobacterium*、*Hydrogenophaga* 和 *Zoogloea*.

(3) 导致两工段微生物群落结构差异的原因是不同的水质环境, 且 COD 和 TN 的去除率对该

WWTP 微生物群落影响最大.

(4) 两个工段的微生物在功能上也展现差异. WLK_AD 中编码硝酸还原酶、亚硝酸还原酶和一氧化氮还原酶的基因丰度更高, 使 $\rho(\text{TN}) < 1.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 并实现较高的总氮去除率.

参考文献:

- [1] 贺赞, 李魁晓, 王佳伟, 等. 不同季节城市污水处理厂微生物群落特性[J]. 环境科学, 2021, 42(3): 1488-1495.
He Y, Li K X, Wang J W, et al. Microbial community structure of waste water treatment plants in different seasons [J]. Environmental Science, 2021, 42(3): 1488-1495.
- [2] Luo Y S, Yao J Q, Wang X Y, et al. Efficient municipal

- wastewater treatment by oxidation ditch process at low temperature; bacterial community structure in activated sludge [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **703**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.135031.
- [3] Xue J, Schmitz B W, Caton K, *et al.* Assessing the spatial and temporal variability of bacterial communities in two Bardenpho wastewater treatment systems via Illumina MiSeq sequencing[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **657**: 1543-1552.
- [4] 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.
- [5] Nelson M B, Martiny A C, Martiny J B H. Global biogeography of microbial nitrogen-cycling traits in soil[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2016, **113**(29): 8033-8040.
- [6] 鞠峰, 张彤. 活性污泥微生物群落宏组学研究进展[J]. *微生物学通报*, 2019, **46**(8): 2038-2052.
- Ju F, Zhang T. Advances in meta-omics research on activated sludge microbial community[J]. *Microbiology China*, 2019, **46**(8): 2038-2052.
- [7] Zhang L, Shen Z, Fang W K, *et al.* Composition of bacterial communities in municipal wastewater treatment plant [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **689**: 1181-1191.
- [8] 马切切, 袁林江, 牛泽栋, 等. 活性污泥微生物群落结构及与环境因素响应关系分析[J]. *环境科学*, 2021, **42**(8): 3886-3893.
- Ma Q Q, Yuan L J, Niu Z D, *et al.* Microbial community structure of activated sludge and its response to environmental factors [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(8): 3886-3893.
- [9] 张冰, 吴林蔚, 文湘华. 全国城市污水处理厂中微生物群落的溯源分析[J]. *环境科学*, 2019, **40**(8): 3769-3705.
- Zhang B, Wu L W, Wen X H. Potential source environments for microbial communities in wastewater treatment plants (WWTPs) in China [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(8): 3769-3705.
- [10] Chen Y F, Shao Z Y, Kong Z, *et al.* Study of pyrite based autotrophic denitrification system for low-carbon source stormwater treatment[J]. *Journal of Water Process Engineering*, 2020, **37**, doi: 10.1016/j.jwpe.2020.101414.
- [11] Zhu Z H, Zhao Y C, Guo Y Y, *et al.* A novel additional carbon source derived from rotten fruits: application for the denitrification from mature landfill leachate and evaluation the economic benefits [J]. *Bioresource Technology*, 2021, **334**, doi: 10.1016/j.biortech.2021.125244.
- [12] Xu Z C, Chen X L, Li H S, *et al.* Combined heterotrophic and autotrophic system for advanced denitrification of municipal secondary effluent in full-scale plant and bacterial community analysis[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **717**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.136981.
- [13] Liu Y X, Qin Y, Chen T, *et al.* A practical guide to amplicon and metagenomic analysis of microbiome data [J]. *Protein & Cell*, 2021, **12**(5): 315-330.
- [14] 刘永鑫, 秦媛, 郭晓璇, 等. 微生物组数据分析方法与应用[J]. *遗传*, 2019, **41**(9): 845-862.
- Liu Y X, Qin Y, Guo X X, *et al.* Methods and applications for microbiome data analysis[J]. *Hereditas*, 2019, **41**(9): 845-862.
- [15] Zheng M S, Zhou N, Liu S F, *et al.* N₂O and NO emission from a biological aerated filter treating coking wastewater: main source and microbial community [J]. *Journal of Cleaner Production*, 2019, **213**: 365-374.
- [16] 马思佳, 顾卓江, 丁丽丽, 等. 碳源对活性污泥微生物细胞膜特性和群落结构影响[J]. *微生物学通报*, 2017, **44**(3): 561-573.
- Ma S J, Gu Z J, Ding L L, *et al.* Effects of carbon sources on cell membrane properties and microbial community of activated sludge[J]. *Microbiology China*, 2017, **44**(3): 561-573.
- [17] 唐义, 马邕文, 万金泉, 等. 外加固体缓释碳源的两段反硝化工艺脱氮性能[J]. *环境科学*, 2021, **42**(7): 3392-3399.
- Tang Y, Ma Y W, Wan J Q, *et al.* Two-stage denitrification process performance with solid slow-release carbon source [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(7): 3392-3399.
- [18] Yang Y K, Wang L F, Xiang F, *et al.* Activated sludge microbial community and treatment performance of wastewater treatment plants in industrial and municipal zones [J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2020, **17**(2), doi: 10.3390/ijerph17020436.
- [19] 杨文煊, 石大钧, 张元, 等. 高原湖泊沉积物中反硝化微生物的群落特征——以包头南海湖为例[J]. *中国环境科学*, 2020, **40**(1): 431-438.
- Yang W H, Shi D J, Zhang Y, *et al.* Community characteristics of denitrifying microorganisms in plateau lake sediments-taking Nanhaihu lake as example [J]. *China Environmental Science*, 2020, **40**(1): 431-438.
- [20] Pishgar R, Dominic J A, Sheng Z Y, *et al.* Denitrification performance and microbial versatility in response to different selection pressures[J]. *Bioresource Technology*, 2019, **281**: 72-83.
- [21] 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.
- [22] Hamza R A, Zaghoul M S, Iorhemen O T, *et al.* Optimization of organics to nutrients (COD: N: P) ratio for aerobic granular sludge treating high-strength organic wastewater[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **650**: 3168-3179.
- [23] Liu W L, Wu Y, Zhang S J, *et al.* Successful granulation and microbial differentiation of activated sludge in anaerobic/anoxic/aerobic (A²O) reactor with two-zone sedimentation tank treating municipal sewage[J]. *Water Research*, 2020, **178**, doi: 10.1016/j.watres.2020.115825.
- [24] Banerjee S, Táncsics A, Tóth E, *et al.* *Hydrogenophaga aromaticivorans* sp. nov., isolated from a *para*-xylene-degrading enrichment culture, capable of degrading benzene, *meta*- and *para*-xylene [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2021, **71**(3), doi: 10.1099/ijsem.0.004743.
- [25] Kindaichi T, Yamaoka S, Uehara R, *et al.* Phylogenetic diversity and ecophysiology of Candidate phylum Saccharibacteria in activated sludge[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2016, **92**(6), doi: 10.1093/femsec/fiw078.
- [26] Wang X J, Wang W Q, Zhang J, *et al.* Dominance of *Candidatus saccharibacteria* in SBRs achieving partial denitrification: effects of sludge acclimating methods on microbial communities and nitrite accumulation [J]. *RSC Advances*, 2019, **9**(20): 11263-11271.
- [27] 王薇, 蔡祖聪, 钟文辉, 等. 好氧反硝化菌的研究进展[J]. *应用生态学报*, 2007, **18**(11): 2618-2625.
- Wang W, Cai Z C, Zhong W H, *et al.* Research advances in aerobic denitrifiers [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2007, **18**(11): 2618-2625.

[28] Parshina S N, Strepis N, Aalvink S, *et al.* *Trichococcus shcherbakoviae* sp. nov., isolated from a laboratory-scale anaerobic EGSB bioreactor operated at low temperature [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2019, **69**(2): 529-534.

[29] 池玉蕾, 石烜, 任童, 等. 溶解氧对低碳源城市污水处理系

统脱氮性能与微生物群落的影响[J]. *环境科学*, 2021, **42**(9): 4374-4382.

Chi Y L, Shi X, Ren T, *et al.* Effects of dissolved oxygen on nutrient removal performance and microbial community in low carbon/nitrogen municipal wastewater treatment process [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(9): 4374-4382.

《环境科学》征稿简则

1. 来稿报道成果要有创新性,论点明确,文字精炼,数据可靠.全文不超过8 000字(含图、表、中英文摘要及参考文献).国家自然科学基金项目、国家科技攻关项目、国际合作项目或其它项目请在来稿中注明(在首页以脚注表示).作者投稿时请先登陆我刊网站(www.hjxx.ac.cn)进行注册,注册完毕后以作者身份登录,按照页面给出的提示信息投稿即可.

2. 稿件请按GB 7713-87《科学技术报告、学位论文和学术论文的编写格式》中学术论文的规范撰写.论文各部分的排列顺序为:题目;作者姓名;作者工作单位、地址、邮政编码;中文摘要;关键词;中图分类号;英文题目;作者姓名及单位的英译名;英文摘要;关键词;正文;致谢;参考文献.

3. 论文题目应简练并准确反映论文内容,一般不超过20字,少用副标题.

4. 中文摘要不少于300字,以第三人称写.摘要内容包括研究工作的目的、方法、结果(包括主要数据)和结论,重点是结果和结论.英文摘要与中文对应,注意人称、时态和语言习惯,以便准确表达内容.

5. 前言包括国内外前人相关工作(引文即可)和本工作的目的、特点和意义等.科普知识不必赘述.

6. 文中图表应力求精简,同一内容不得用图表重复表达,要有中英文对照题目.图应大小一致,曲线粗于图框,图中所有字母、文字字号大小要统一.表用三线表.图表中术语、符号、单位等应与正文一致.

7. 计量单位使用《中华人民共和国法定计量单位》(SI).论文中物理计量单位用字母符号表示,如mg(毫克),m(米),h(小时)等.科技名词术语用国内通用写法,作者译的新名词术语,文中第一次出现时需注明原文.

8. 文中各级标题采用1, 1.1, 1.1.1的形式,左起顶格书写,3级以下标题可用(1), (2)……表示,后缩2格书写.

9. 文中外文字母、符号应标明其大小写,正斜体.生物的拉丁学名为斜体.缩略语首次出现时应给出中文全称,括号内给出英文全称和缩略语.

10. 未公开发表资料不列入参考文献,可在出现页以脚注表示.文献按文中出现的先后次序编排.常见文献书写格式为:
期刊:作者(外文也要姓列名前).论文名[J].期刊名,年,卷(期):起页-止页.

图书:作者.书名[M].出版地:出版社,年.起页-止页.

会议文集:作者.论文名[A].见(In):编者.文集名[C].出版地:出版社(单位),年.起页-止页.

学位论文:作者.论文名[D].保存地:保存单位,年份.

报告:作者.论文名[R].出版地:出版单位,出版年.

专利:专利所有者.专利题名[P].专利国别:专利号,出版日期.

11. 来稿文责自负,切勿一稿多投.编辑对来稿可作文字上和编辑技术上的修改和删节.在3个月内未收到本刊选用通知,可来电询问.

12. 投稿请附作者单位详细地址,邮编,电话号码,电子邮箱等.编辑部邮政地址:北京市2871信箱;邮编:100085;电话:010-62941102;E-mail:hjxx@rcees.ac.cn;网址:www.hjxx.ac.cn

CONTENTS

Temporal and Spatial Variation Characteristics of Heavy Metal in Atmospheric Deposition in China from 2000 to 2018	CHEN Qi-yong, GAO Yun-bing, NI Run-xiang, <i>et al.</i> (4413)
Simulation of PM _{2.5} Concentration Based on Optimized Indexes of 2D/3D Urban Form	LI Sha, ZOU Bin, LIU Ning, <i>et al.</i> (4425)
Characteristics of Carbonaceous Species in PM _{2.5} in Chengdu Under the Background of Emission Reduction	CHEN Lu-yao, YU Yang-chun, HUANG Xiao-juan, <i>et al.</i> (4438)
Characteristics and Health Risk Assessment of Trace Elements in Atmospheric PM ₁ During Autumn and Winter in Qingdao	LIU Zi-yang, ZHANG Yi-sheng, ZHANG Hou-yong, <i>et al.</i> (4448)
Pollution Characteristics and Source Analysis of Atmospheric PM _{2.5} -bound Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in a Port Area	WANG Peng-cheng, YANG Ling-xiao, BIE Shu-jun, <i>et al.</i> (4458)
Size Distribution and Source Apportionment of Road Particles During Winter in Tianjin	ZHANG Guo-tao, YIN Bao-hui, BAI Wen-yu, <i>et al.</i> (4467)
Characteristics and Impact Factors of Number Concentration of Primary Biological Aerosol Particles in Beijing	LIANG Lin-lin, LIU Chang, LIU Xu-yan, <i>et al.</i> (4475)
Characteristic Analysis and Source Apportionment of VOCs in Urban Areas of Beijing in Summer	MENG Xiang-lai, SUN Yang, LIAO Ting-ting, <i>et al.</i> (4484)
Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds (VOCs) in a Typical Industrial Area in Dongguan During Periods of Ozone and Non-ozone Pollution in Summer	ZHOU Zhen, XIAO Lin-hai, FEI Lei-lei, <i>et al.</i> (4497)
Temporal and Spatial Variation in Odor Pollution and Membrane Barrier Effect in Municipal Solid Waste Landfill	HE Pin-jing, LI Jian-chen, LÜ Fan, <i>et al.</i> (4506)
Comparison of Health Risk from Sources of Perfluoroalkyl Substances in Taihu Lake for Different Years	WU Ting, SUN Shan-wei, FAN Jing-pu, <i>et al.</i> (4513)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Typical and Emerging Per- and Polyfluoroalkylated Substances in Tuojiang River Basin	SONG Jiao-jiao, WANG Yi-mei, SUN Jing, <i>et al.</i> (4522)
Speciation and Risk of Heavy Metals in Surface Sediments of Different Types of Water Bodies in Baiyangdian Lake	XU Meng-ya, ZHANG Chao, SHAN Bao-qing, <i>et al.</i> (4532)
Distribution Coefficient of QNs in Urban Typical Water and Its Main Environmental Influencing Factors	JU Ze-jia, FU Yu, ZHAO Xin-yu, <i>et al.</i> (4543)
Ecological Risk Assessment of Quinolones Antibiotics and the Correlation Analysis Between QNs and Physical-Chemical Parameters in Groundwater, Shijiazhuang City	CHEN Hui, JU Ze-jia, ZHAO Xin-yu, <i>et al.</i> (4556)
Characteristics and Sources of DOM in Lake Sediments Under Different Inundation Environments	CHEN Jia, LI Zhong-wu, JIN Chang-sheng, <i>et al.</i> (4566)
Characteristics of Phytoplankton Community Structure and Their Relationships with Environmental Factors in Autumn in Qinhe River Basin of Jincheng Region	GAO Meng-die, LI Yan-fen, LI Yan-li, <i>et al.</i> (4576)
Integrated Assessment of Runoff Quality from Green Roofs with Different Configurations	ZHANG Sun-xun, ZHANG Shou-hong, YAN Jing, <i>et al.</i> (4587)
Degradation of Chloroquine Phosphate by UV-activated Persulfate	LI Yang, XU Bo-hui, DENG Lin, <i>et al.</i> (4597)
Removal Performance of Suspended Solid (SS) and Organic Compounds in the Pre-treatment of Actual Pharmaceutical Wastewater by Microbubble Ozonation	LIU Chun, CHEN Rui, ZHANG Jing, <i>et al.</i> (4608)
Effects of Wastewater Discharge on Antibiotic Resistance Genes and Microbial Community in a Coastal Area	CHEN Jia-yu, SU Zhi-guo, YAO Peng-cheng, <i>et al.</i> (4616)
Effects of Biochar and Straw Returning on Soil Fungal Community Structure Diversity in Cotton Field with Long-term Brackish Water Irrigation	GUO Xiao-wen, CHEN Jing, LU Xiao-yu, <i>et al.</i> (4625)
Effects of Organic Materials on Phosphorus Fractions and <i>phoD</i> -harboring Bacterial Community in Karst Soil	XIA Xin, QIAO Hang, SUN Qi, <i>et al.</i> (4636)
Effects of Different Vegetation Types on Soil Microbial Functional Genes and Enzyme Activities in Reclaimed Coal Mine	NING Yue-wei, LIU Yong, ZHANG Hong, <i>et al.</i> (4647)
Effects of Biochar Application on Yellow Soil Nutrients and Enzyme Activities	YUAN Fang, LI Kai-yu, YANG Hui, <i>et al.</i> (4655)
Changes in Soil Bacterial Community Diversity in Degraded Patches of Alpine Meadow in the Source Area of the Yellow River	SUN Hua-fang, LI Xi-lai, JIN Li-qun, <i>et al.</i> (4662)
Effects of Simulated Nitrogen Deposition on Soil Microbial Carbon Metabolism in <i>Calamagrostis angustifolia</i> Wetland in Sanjiang Plain	WENG Xiao-hong, SUI Xin, LI Meng-sha, <i>et al.</i> (4674)
Spatial Distribution of Quinolone Antibiotics and Its Correlation Relationship with Microbial Community in Soil of Shijiazhuang City	ZHAO Xin-yu, JU Ze-jia, CHEN Hui, <i>et al.</i> (4684)
Composition Characteristics and Construction Mechanism of Microbial Community on Microplastic Surface in Typical Redox Environments	GONG Zhi-wei, MA Jie, SU Qu, <i>et al.</i> (4697)
Annual Nitrogen Removal Efficiency and Change in Abundance of Nitrogen Cycling Microorganisms in Swine Wastewater Treated by Crop Straw Materials	LIU Ming-yu, XIA Meng-hua, JIANG Lei, <i>et al.</i> (4706)
Effects of External Carbon Sources on Ultimate Nitrogen Removal Performance and Microbial Community in Secondary Effluent Treating Process	WANG Wei, ZHAO Zhong-yuan, ZHANG Xin, <i>et al.</i> (4717)
Microbial Community Structure of Activated Sludge for Total Nitrogen Upgrading Project	LI Hai-song, WANG Ke-dan, CHEN Xiao-lei, <i>et al.</i> (4727)
Analysis of Microbial Interaction Law of Mud Membrane in IFAS Process for Treating Low Carbon Source Sewage in South China	HE Jun-guo, JIANG Wei-xun, HE Zhuo-yi, <i>et al.</i> (4736)
Abundances and Morphology Patterns of Microplastics Under Different Land Use Types on the Loess Plateau	HAO Yong-li, HU Ya-xian, BAI Xiao-xiong, <i>et al.</i> (4748)
Evaluation of Heavy Metal Content, Sources, and Potential Ecological Risk in Soils of Southern Hilly Areas	WANG Yu, XIN Cun-lin, YU Shi, <i>et al.</i> (4756)
Risk Assessment and Attribution Analysis of "Five Toxic" Heavy Metals in Cultivated Land in Lanzhou	ZHANG Li-rui, PENG Xin-bo, MA Yan-long, <i>et al.</i> (4767)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metal Pollution in Farmland Soils and Crops in Luancheng, Shijiazhuang City	MENG Xiao-fei, GUO Jun-mei, YANG Jun-xing, <i>et al.</i> (4779)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Antimony in Typical Urban Soil	SHEN Cheng, YE Wen-juan, QIAN Shi-ying, <i>et al.</i> (4791)
Contamination Assessment and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in Typical Villages and Towns in a Nonferrous Metal Mining City	WANG Feng, HUANG Yan-huan, LI Ru-zhong, <i>et al.</i> (4800)
Effect of Citric Acid and Mowing on Enhancing the Remediation of Cadmium Contaminated Soil by Napier Grass (<i>Pennisetum purpureum</i> Schum)	TANG Qi, WU Gang-fan, GU Jiao-feng, <i>et al.</i> (4810)
Arsenic Methylation Efficiency Changes During Paddy Soil Drying and Its Key Influencing Factors Analysis	ZHANG Yue, LI Ling-yi, WEN Jiong, <i>et al.</i> (4820)
Effects of Exogenous Jasmonic Acid on Arsenic Accumulation and Response to Stress in Roots of Rice Seedlings	LI Yan, HUANG Yi-zong, BAO Qiong-li, <i>et al.</i> (4831)
Effects of Straw Returning and Fertilizer Application on Soil Nutrients and Winter Wheat Yield	SONG Jia-jie, XU Xi-yang, BAI Jin-ze, <i>et al.</i> (4839)
Effect of Winter Cover Cropping on Soil Greenhouse Gas Emissions in a Dryland Spring Maize Field on the Loess Plateau of China	ZHANG Shao-hong, WANG Jun, FANG Zhen-wen, <i>et al.</i> (4848)
Detection of Influencing Factors of Spatial Variability of Soil Respiration in Pangqiangou Nature Reserve	LI Xiao-min, YAN Jun-xia, DU Zi-qiang, <i>et al.</i> (4858)
Temporal and Spatial Variation Characteristics of Methane, Carbon Dioxide, and Nitrous Oxide Concentrations and the Influencing Factors in Small Aquaculture Pond	SHI Jie, ZHANG Mi, QIU Ji-li, <i>et al.</i> (4867)
Effect of Butyl Xanthate on Pb ²⁺ and Cd ²⁺ Adsorption by Soil Around a Dressing Plant	HU Zhi-hao, GUO Zhao-hui, RAN Hong-zhen, <i>et al.</i> (4878)
Sorption Mechanism and Site Energy Distribution of Acetaminophen on Straw-derived Biochar	SHANG Cen-yao, GU Ruo-ting, ZHANG Qiang, <i>et al.</i> (4888)
Spatial-temporal Variations and Their Driving Forces of the Ecological Vulnerability in the Loess Plateau	ZHANG Liang-xia, FAN Jiang-wen, ZHANG Hai-yan, <i>et al.</i> (4902)
Mechanism and Application of Plant Growth-Promoting Bacteria in Heavy Metal Bioremediation	MA Ying, WANG Yue, SHI Xiao-jun, <i>et al.</i> (4911)