

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心
■ 出版 科学出版社



2020

Vol.41 No.12
第41卷 第12期

目次(卷终)

我国地级及以上城市臭氧污染来源及控制区划分	闫慧, 张维, 侯墨, 李银松, 高平, 夏青, 孟晓艳, 范丽雅, 叶代启 (5215)
2015~2018年我国PM _{2.5} 健康损害价值的动态评估	李惠娟, 周德群, 魏永杰 (5225)
2011~2017年中国PM _{2.5} 多尺度时空分异特征分析	杨文涛, 谯鹏, 刘贤赵, 雷雨亮 (5236)
关中地区PM _{2.5} 时空演化及人口暴露风险	黄晓军, 祁明月, 李艳雨, 王森, 黄馨 (5245)
中原城市冬季两次重污染形成机制及来源	贾佳, 丛怡, 高清敏, 王玲玲, 杨静静, 张国辉 (5256)
西北工业城市冬季PM _{2.5} 污染特征及理化性质	杨燕萍, 陈强, 王莉娜, 杨丽丽 (5267)
基于PMF模型的PM _{2.5} 中金属元素污染及来源的区域特征分析	邓林俐, 张凯山, 殷子渊, 李欣悦, 武文琪, 向铎鹏 (5276)
重庆主城区降尘中重金属污染特征及评价	张夏, 刘斌, 肖柏林, 王佳, 万达 (5288)
鄂尔多斯市夏秋季气溶胶新粒子生成过程影响因素分析	孔祥晨, 王红磊, 张连霞, 呼群, 李瑞峰, 许彩琴 (5295)
杭州市城区挥发性有机物污染特征及反应活性	景盛翱, 高雅琴, 沈建东, 王倩, 彭亚荣, 李英杰, 王红丽 (5306)
成都市区夏季大气挥发性有机物污染特征及来源解析	徐晨曦, 陈军辉, 姜涛, 韩丽, 王波, 李英杰, 王成辉, 刘政, 钱骏 (5316)
石家庄市挥发性有机物和臭氧的污染特征及源解析	王帅, 崔建升, 冯亚平, 刘大喜, 陈静, 田亮, 冯超, 王梦璇, 王学臣, 王婷婷 (5325)
厦门市工业源VOCs排放清单及控制对策分析	吴冬阳, 庄马展, 吴艳聪, 金磊, 吴义诚, 高攀峰, 刘建福, 金月正, 潘亚雷, 傅海燕 (5336)
建筑胶黏剂使用VOCs排放系数与排放清单	梁小明, 孙西勃, 苏燕花, 黄礼海, 陈锋, 任璐, 卢清, 赖君怡, 陈朋龙, 陈来国 (5345)
我国西北工业区城市大气多氯联苯来源及健康风险	毛潇萱, 李子璇, 宋世杰, 章晓冬, 高宏, 李春新, 黄韬, 马建民 (5352)
基于广州塔观测的城市近地面甲醛垂直分布特征	黄山, 裴成磊, 张莹, 宋奇聪, 齐吉朋, 赵一鸣, 王鸣, 邵敏 (5362)
新水沙条件下长江中下游干流水体总磷时空变化分析	卓海华, 姜保峰, 吴云丽, 王瑞琳, 陈杰, 兰静 (5371)
三峡库区汉丰湖水体氮磷及化学计量比季节变化特征	钱田, 黄祺, 何丙辉, 李天阳, 刘淑婧, 付适, 曾荣昌, 向可翠 (5381)
衡水湖沉积物营养盐形态分布特征及污染评价	张嘉雯, 魏健, 刘利, 王俭, 朱元荣, 段亮 (5389)
宜兴市横山水库底泥内源污染及释放特征	崔会芳, 陈淑云, 杨春晖, 唐婉莹, 殷鹏, 尹洪斌 (5400)
梅江流域清凉山水库沉积物重金属污染、生态风险评价及来源解析	江涛, 林伟稳, 曹英杰, 黎坤, 翟映雪, 李睿, 陈建耀 (5410)
汉江流域金水河与淇河潜在硝化速率及硝化功能基因的影响因子	赵彬洁, 王旭, 张健, 谭香, 何睿, 周全, 史航, 张全发 (5419)
山东省滨海旅游度假区水体环境典型全氟化合物污染特征及潜在生态风险	王世亮, 曹雪稚 (5428)
太湖重点区域多介质水体中有机磷酸酯的分布特征及来源解析	吕佳佩, 张振飞, 刘杨, 张恒, 王春英, 罗莹, 郭昌胜, 徐建 (5438)
岩溶地下水水体中有机氯农药和多氯联苯的残留特征及健康风险评价	叶凯, 孙玉川, 贾亚男, 朱琳跃, 徐昕 (5448)
澜沧江硅藻的地理分布模式与关键驱动因素	孙胜浩, 陈娟, 王沛芳, 王超, 王洵, 苗令占, 刘胜, 袁秋生 (5458)
白洋淀优势鱼类中喹诺酮类抗生素的生物累积特征及其与环境因子相关性	申立娜, 付雨, 张璐璐, 秦珊, 剧泽佳, 姚波, 崔建升 (5470)
生物炭粒径对负载MgO生物炭吸附水体中磷的影响	王鹏飞, 甄蒙蒙, 储昭升, 崔冠楠 (5480)
Bi ₂ MoO ₆ /Bi ₂ S ₃ 异质结光催化降解四环素-铜复合物	黄文鑫, 魏虎, 蒋彩云, 王玉萍 (5488)
超滤膜负载UiO-66@Fe ₃ O ₄ @UiO-66强化PPCPs去除和膜污染控制	尹越, 吴道文, 孙梦瑶, 吕路, 张炜铭 (5500)
低温季节水平潜流和垂直潜流人工湿地尾水深度处理中试	廖雪珂, 严晗璐, 王智源, 陈诚, 何东, 吴月龙, 陈求稳 (5509)
盐度渐增对水解微生物群落结构与功能的影响	高京, 张少华, 王锐, 金鹏康 (5518)
限NH ₄ ⁺ 和限NO ₂ ⁻ 厌氧氨氧化系统的运行特性及微生物种群特征	宋家俊, 朱明奕, 郭凯成, 汪倩, 刘文如, 沈耀良 (5527)
厌氧氨氧化菌富集培养过程微生物群落结构及多样性	闫冰, 夏嵩, 桂双林, 付嘉琦, 吴九九, 熊继海, 魏源送 (5535)
二价铁活化过氧化钙提高剩余活性污泥的脱水性能	毕薇薇, 阮书瑜, 陈昊傲啸, 梁方艺, 陈智文, 谢松儒, 唐晶, 邓靖 (5544)
中国北方某城市绿地土壤重金属空间分布特征、污染评价及来源解析	赵靓, 梁云平, 陈倩, 徐谦, 荆红卫 (5552)
我国南方水稻产地镉环境质量类别划分技术	窦韦强, 安毅, 秦莉, 林大松, 董明明 (5562)
晒在土壤-农作物系统中的分布特征及富硒土壤阈值	王锐, 邓海, 贾中民, 严明书, 周皎, 何忠庠, 梁绍标, 董金秀, 苏黎明 (5571)
广东鼻咽癌高发区土壤-作物系统重金属迁移特征及健康风险评价	叶脉, 张景茹, 张路路, 李朝晖, 李兴远, 周永章 (5579)
胺鲜酯与螯合剂GLDA联合强化柳枝稷吸收积累镉效果	王正, 孙兆军, SAMEH Mohamed, 王珍, 何俊, 韩磊 (5589)
毛竹遗态Fe/C复合材料对As(V)污染土壤的钝化修复性能	赵宁宁, 何豪, 冯国杰, 朱宗强, 方雅莉, 李超, 朱义年, 张立浩 (5600)
大麦虫幼虫肠道菌群对聚苯乙烯泡沫塑料降解	杨莉, 刘颖, 高婕, 彭霞薇, 白志辉, 庄绪亮 (5609)
1株耐油甲醛降解菌的分离鉴定及降解特性	韩茜, 王蓉蓉, 史纯珍 (5617)
铜尾矿白羊草叶际和根际细菌群落特征	贾彤, 姚玉珊, 王瑞宏 (5628)
生物炭施用对再生水灌溉空心菜根际微生物群落结构及多样性的影响	崔丙健, 崔二革, 胡超, 樊向阳, 高峰 (5636)
废弃物基水热炭改良对水稻产量及氮素吸收的影响	侯朋福, 薛利红, 冯彦房, 余嫻, 杨林章 (5648)
基于GIS和PMF模型的石嘴山市土壤多环芳烃空间分布及来源解析	夏子书, 王玉玉, 钟艳霞, 白一茹, 王幼奇, 杨帆, 李鸣骥 (5656)
氮肥和秸秆还田方式对麦玉轮作土壤N ₂ O排放的影响	许宏伟, 李娜, 冯永忠, 任广鑫, 谢呈辉, 吕宏菲, 马星霞, 郝嘉琪 (5668)
《环境科学》第41卷(2020年)总目录	(5677)
《环境科学》征订启事(5344) 《环境科学》征稿简则(5361) 信息(5287, 5499, 5508)	

盐度渐增对水解微生物群落结构与功能的影响

高京, 张少华, 王锐, 金鹏康*

(西安建筑科技大学环境与市政工程学院, 西安 710055)

摘要: 工业废水循环利用导致盐度渐增, 应用水解反应器连续处理硫酸钠盐度渐增的高色度印染废水. 在进水盐度从 $0.5 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ 渐增到 $4 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ 时, 印染废水也得以持续高效脱色. 宏基因组测序表明, 盐度渐增导致水解污泥微生物种数从 882 种下降到了 631 种, 但细菌群落的生物多样性仍保持稳定. 盐度渐增对细菌群落的整体功能没有明显影响, 但改变了水解脱色功能菌和功能酶的丰度. 低盐度条件下 *Proteobacteria* 门占主导地位, *Methanothrix* 和 *Geobacter* 为参与水解作用的优势属. 在盐度渐增时, 与众多细菌对盐度胁迫的反应相反, *Proteobacteria* 丰度持续增加, *Desulfovibrio* 和 *Desulfococcus* 成为优势属. PICRUSt 功能解析显示, 脱色酶 SOD1 和 SOD2 相对丰度显著下降, CAT 和 TYR 的相对丰度上升, 从总体上保证了水解生物系统脱色功能的稳定. 本研究从水解脱色功能基因的角度, 探讨盐度渐增对水解微生物群落和功能的影响, 为盐度渐增胁迫条件下印染废水的脱色和有机物去除机制研究提供理论基础.

关键词: 基因组学; 盐度胁迫; 水解污泥; 群落结构; 脱色功能

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2020)12-5518-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.202005080

Metagenomic Insights into Salinity Build-up in Microbial Communities and Metabolism of Hydrolytic Bioreactor Treating High-color PDWW

GAO Jing, ZHANG Shao-hua, WANG Rui, JIN Peng-kang*

(School of Environmental and Municipal Engineering, Xi'an University of Architecture and Technology, Xi'an 710055, China)

Abstract: In this study, to solve the problem of salinity enrichment in industrial wastewater recycling, a hydrolytic bioreactor was continuously operated to treat high-color printing and dyeing wastewater (PDWW) with salinity build-up. Nearly complete color removal was achieved even with salinity build-ups from 0.5 to $4 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ in the influent. Pyrosequencing of 16S rRNA genes showed that the salinity build-up results in the decrease of microbial species from 882 to 631; however, the biodiversity of the bacterial community remains stable. Metagenomic analysis indicated that salinity build-up caused no obvious effect on the overall function of the bacterial community, but altered the abundance of specific decoloring genes. *Proteobacteria* dominated in the bioreactor, and *Methanothrix* and *Geobacter* were the dominant genera under low salinity conditions. *Proteobacteria* increased in abundance with salinity build-up. *Desulfovibrio* and *Desulfococcus* were the two predominant genera in the bioreactor fed with sodium sulphate salinity build-up, demonstrating opposite responses to the sodium stress. PICRUSt functional analysis showed that the relative abundance of the decolorizing enzymes SOD1 and SOD2 decreased significantly, but the relative abundance of CAT and TYR increased, ensuring the stability of the decolorizing function of the hydrolysis biological system. From the perspective of the functional genes of hydrolysis decolorization, this study explored the effect of salinity build-up on the microbial community and function of hydrolysis, providing a theoretical basis for the study of decolorization and organic matter removal mechanism of PDWW under the condition of salinity build-up.

Key words: metagenomic; salinity build-up; hydrolytic sludge; microbial communities; decolorization

纺织印染工业耗水量大, 排放的废水具有高色度、高盐度和高 COD 等特点^[1,2]. 在众多印染废水处理技术中, 生物处理具有运行费用省和操作简便等优点^[3]. 其中, 水解技术因为脱色效率高^[4], 可以提高印染废水的可生化性^[5], 避免产甲烷过程, 适用于多种染料, 是一种低成本、生态友好的生物前处理方法^[6]. “水解酸化/好氧”也成为应用最广泛的印染废水组合处理工艺^[7]. 微生物为生物处理的核心, 以细菌群落为主的水解污泥决定了生物处理系统的去除效率^[8]. 因此, 了解水解酸化系统中微生物群落结构特征, 对印染废水运行管理和工艺设计具有很好的理论指导作用.

为了提高染色质量, 大量的工业硫酸钠被用作

助染剂, 因此印染废水总含盐量较高^[9,10]. 而高盐环境产生的高渗透压成为抑制微生物活性的主要原因^[11]. 同时, 随着循环利用次数增多, 印染废水盐度也会逐渐升高. 盐度增长会影响微生物群落结构和酶活性^[12-14]. 盐度增长包括梯度增长和逐渐增长(渐增, 下同). 盐度梯度增长, 即盐度(以 Na 计, 下同)定量增长(如增长 $2 \sim 4 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$)后微生物系统维持一定的适应期($20 \sim 30 \text{ d}$)^[12,15,16]. 盐度从 0 梯度升高到 $4.8 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$, 污染物的去除率和活性污泥沉

收稿日期: 2020-05-09; 修订日期: 2020-06-03

基金项目: 国家科技支撑计划项目(2014BAC13B06)

作者简介: 高京(1994~), 硕士研究生, 主要研究方向为水处理技术. E-mail: 13484919373@163.com

* 通信作者, E-mail: pkjin@hotmail.com

降性能发生显著变化,优势菌由 Candidate_division_TM7 转化为放线菌门 (Actinobacteria)^[17]. 初始盐度为 $3.2 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ 时,厌氧膜生物反应器中的优势属为梭状芽孢杆菌(相对丰度为 54%),盐度梯度增长为 $8 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ 时,同营养型苯酚降解菌(如 Pelomataculum)的相对丰度显著增加^[15]. 盐度改变细菌细胞的渗透压,由于盐度梯度增长条件下微生物存在适应期,COD 和氨氮去除率呈现下降再恢复的趋势^[18]. 盐度渐增,即系统盐度以一定的速率增长而缺少适应期^[19]. 盐度渐增速率为 $0.16 \sim 0.2 \text{ g} \cdot (\text{L} \cdot \text{d})^{-1}$ 时,生物反应器的处理性能降低但会促进嗜盐细菌丰度提升^[13]. 总体而言,已有报道对盐度梯度增长影响微生物群落结构研究广泛,而对盐度渐增情况下的微生物群落结构和功能变化鲜见报道.

本研究考察了盐度渐增时水解系统 COD 去除率、脱色率、微生物多样性和群落丰度的变化情况,探索水解污泥微生物的生物功能转化机制,预测了“脱色酶代谢”和“硫代谢”相关的功能酶变化特性,评价了渐增盐度对水解污泥生物活性的影响程度,

以期对盐度持续胁迫条件下印染废水的脱色和有机物去除机制研究提供理论基础.

1 材料与方法

1.1 试验装置

本试验系统由配水箱、水解酸化池、好氧池、二沉池和臭氧气浮器组成(图 1),处理水量为 $5 \text{ m}^3 \cdot \text{d}^{-1}$. 水解酸化池尺寸为 $1.6 \text{ m} \times 1.0 \text{ m} \times 1.8 \text{ m}$,有效容积 2.5 m^3 ,水力停留时间为 12 h,水解池内悬挂柔性填料. 根据印染废水处理实际工况,试验系统操作参数为水温控制在 $(28 \pm 2)^\circ\text{C}$,DO 为 $(0.22 \pm 0.1) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$,污泥停留时间为 $(45 \pm 5) \text{ d}$,COD 负荷为 $0.1 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$. 好氧池水力停留时间为 18 h,污泥浓度为 $3000 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$,污泥龄为 12 d,溶解氧为 $2 \sim 3 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$. 竖流式沉淀池污泥回流至水解池与好氧池. 臭氧气浮池处理能力为 $36 \text{ m}^3 \cdot \text{d}^{-1}$,臭氧供给量为 $33 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$,间歇运行. 水解池和好氧池污泥接种自华东沿海某印染工业园区污水处理厂回流污泥,该厂处理能力为 $2 \times 10^4 \text{ m}^3 \cdot \text{d}^{-1}$,采用 A^2/O 处理工艺.

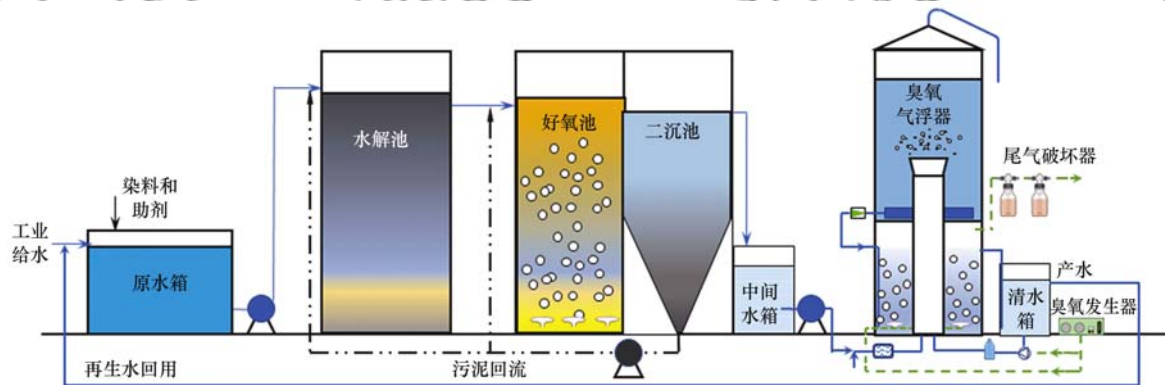


图1 试验装置流程示意

Fig. 1 Schematic illustration of hydrolysis/aerobic and dissolved ozone flotation setup

本试验用水为人工模拟印染废水,每 m^3 水中投加:0.7‰柔软剂、0.6‰匀染剂、0.2‰除油剂和0.2‰工业醋酸(99%含量);360 g CH_3COONa (化学需氧量 246 g)、14 g CaCl_2 和 80 g NaOH ;染料组分包括 9 g 活性红 3BE-M、15 g 分散黄棕和 30 g 分散棕; Na_2SO_4 初始投加量为 80 g. 营养元素的组成为(每 m^3):14 g NH_4Cl ($3.7 \text{ g NH}_4^+ \cdot \text{N}$)、8 g KH_2PO_4 ($1.8 \text{ g PO}_4^{3-} \cdot \text{P}$)、0.5 g MgCl_2 和 300 mL 微量元素溶液. 微量元素组成为: $0.03 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1} \text{ CuSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$ 、 $0.15 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1} \text{ H}_3\text{BO}_3$ 、 $0.18 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1} \text{ KI}$ 、 $0.06 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1} \text{ Na}_2\text{MoO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$ 、 $0.15 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1} \text{ CoCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$ 、 $0.12 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1} \text{ ZnSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 和 $10 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1} \text{ EDTA}$.

1.2 微生物群落结构测定与分析

1.2.1 样品采集

系统稳定运行后分析水解池污泥微生物群落结构变化,每隔 20 d 取填料表面水解污泥,对应编号分别为 HS00、HS20、HS40、HS60、HS80 和 HS100. 采样后 -20°C 保存,保存时间不超过 60 d.

1.2.2 污泥细菌总 DNA 提取、PCR 和 16S rRNA 测序

污泥细菌总 DNA 提取、PCR 操作和 16S rRNA 测序由北京诺禾致源公司完成. 首先,采用 Power Soil DNA 提取试剂盒(MO Biomedical, U. S.)对生物膜样本中的 DNA 进行提取. 然后,选取细菌基因的 V3~V4 区进行聚合酶链式反应(PCR)扩增,选取引物为 338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3')

和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'). PCR 反应体系 (20 μL): $5 \times \text{FastPfu Buffer}$ 4 μL , dNTPs 2 μL , 引物各 0.8 μL , FastPfu 聚合酶 0.4 μL , 模板 DNA 10 ng, 加无菌水至 20 μL . PCR 条件: 95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min, 95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 45 s, 35 个循环, 最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min. 2% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物, PCR 采用 ABI GeneAmp[®] 9700 型 PCR 仪. 在使用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒 (AXYGEN 公司) 切胶回收 PCR 产物后, 用 QuantiFluor[™]-ST 蓝色荧光定量系统 (Promega 公司) 进行检测定量, 之后根据每个样本的不同测序量要求, 进行相应比例混合. 然后按照 Illumina MiSeq 平台的测序要求进行测序^[20].

物种分类采用 Uparse (V 7.0.1001) 软件进行聚类, 以 97% 的一致性将序列聚类成为操作分类单位 (OTUs), 同时依据其算法原则, 筛选出 OTUs 中出现频数最高的序列作为 OTUs 的代表序列. 使用 Qiime 软件 (V 1.9.1) 计算生物多样性指数, 包括丰富度指数 (Chao1)、多样性指数 (Shannon、Simpson) 和覆盖率指数.

1.2.3 基因注释与表达

细菌序列号来自核糖体数据库项目 (<http://rdp.cme.msu.edu/>) 与 NCBI 核苷酸序列数据库 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 中的 BLAST 搜索选项进行了序列比较. 利用基于 16S rRNA 序列分析的 I-sanger 软件 (<http://www.isanger.com/>) 完成了京都基因与基因组百科全书 (KEGG) 功能预测^[21]. 根据 PICRUSt 在线协议, 通过 PICRUSt^[22] 对水解污泥微生物群落进行系统发育研究, 预测微生物群落的代谢动力学.

1.3 检测与分析方法

COD 采用标准方法^[23]. BOD 采用接种稀释法. 电导率采用仪器分析方法, TDS 采用重量法. 色度采用 ADMI 法, 具体测试方法为调解水样 pH 7.6 $\pm$ 0.1, 用光程为 5 cm 的玻璃比色皿测定 (哈希公司 DR/4000U 型可见分光光度计, HACH program 1660, 内置 ADMI7.6 标准曲线, 可直接读取 ADMI7.6 值)^[24]. 采用气相色谱仪 (美国安捷伦 7890A) 和毛细管柱 (美国 Stabilwax DA 柱, 30 m $\times$ 0.32 mm $\times$ 0.5 mm) 测定 VFA, 氮气为载气, 氮气为补给气 (50 mL $\cdot$ min⁻¹)^[25].

2 结果与讨论

2.1 反应器运行特性

生物反应器内盐度的变化趋势如图 2 所示. 100 d 内电导率和硫酸根离子浓度分别从 2.276

mS $\cdot$ cm⁻¹ 和 247.4 mg $\cdot$ L⁻¹ 上升到了 15.370 mS $\cdot$ cm⁻¹ 和 1000.1 mg $\cdot$ L⁻¹, 盐度则从 558 mg $\cdot$ L⁻¹ 上升到了 4020.8 mg $\cdot$ L⁻¹, 盐度平均增长速率为 0.035 g $\cdot$ (L $\cdot$ d)⁻¹ [图 2(a)]. 盐度渐增条件下, 系统进水 COD 和 B/C 比分别在 830 ~ 950 mg $\cdot$ L⁻¹ 和 0.15 ~ 0.16 之间变化 [图 2(b)]. 运行初期盐度为 0.558 g $\cdot$ L⁻¹ 时 COD 的平均去除率为 46% ~ 47%. 盐度上升到 1.8 g $\cdot$ L⁻¹, COD 去除率为 37% ~ 43% 之间波动. 最终盐度上升到 4.02 g $\cdot$ L⁻¹ 时, COD 去除率变为 45% ~ 47% 之间. 与此相一致, 盐度从 0 上升到 10 g $\cdot$ L⁻¹ 时, 缺氧区 COD 去除率为 76% ~ 80% 之间, 保持相对稳定^[26]. 由于盐度上升, 进水 B/C 比持续下降到 0.127 (降幅为 37.7%), 但是水解酸化出水 B/C 比为 0.32 ~ 0.34 之间波动, 未受到盐度持续增加的显著影响.

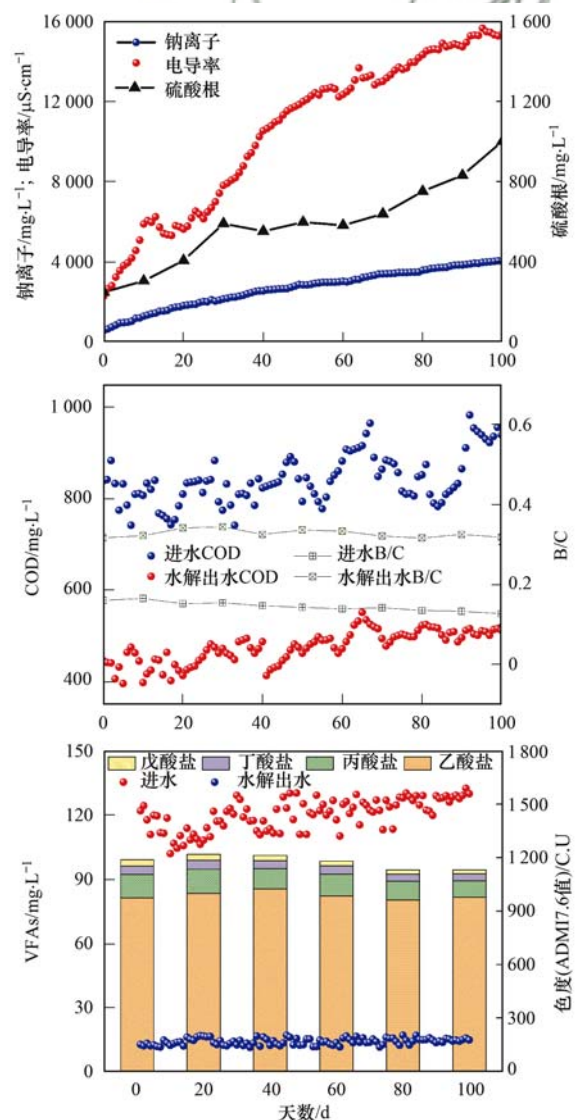


图2 钠盐胁迫对水解反应器出水 COD、B/C 比、色度和 VFAs 的影响

Fig. 2 Effects of salinity build-up stress on COD, B/C ratio, color, and VFAs in the effluent of a hydrolysis reactor

水解池主要进行脱色和挥发性脂肪酸的转化^[27],对偶氮染料脱色率接近 80%^[28],VFAs 产生可以为反硝化单元提供优质的碳源^[25]. 图 2(c)显示了水解出水 VFAs 和色度变化情况. 进水色度在1 200~1 550 C.U 之间波动,水解出水色度为 131~190 C.U 之间变化,脱色率平均为 88.4%. 水解出水中的 VFAs 主要由乙酸盐组成,占比为 81%~85% 之间,盐度持续渐增情况下,水解出水 VFAs 浓度保持了相对稳定. 由此可见,尽管盐度持续上升,水解反应器的脱色和水解酸化功能未受到显著影响.

2.2 渐增盐度与微生物多样性关系

对离子浓度渐增条件下微生物群落多样性和系统发育结构进行了分析,每个样本获得超过77 000 个序列(表 1). 低盐度条件下水解污泥中的 OTUs 总数较高(882 种),当盐度上升到 4.02 g·L⁻¹时,OTUs 总数下降为 631 种. 盐度渐增情况下,水解池中污泥样本微生物多样性指标香农指数均在 6.043~6.890 之间变化(表 2),波动较小,这表明盐度渐

增对水解微生物多样性指数影响很小. 文献[17]显示离子浓度从 0 增长到 10 g·L⁻¹,SBR 反应器内活性污泥的生物多样性显著下降(从 5.06 降至 3.26). 厌氧膜生物反应器中盐度上升也会导致生物多样性显著下降^[16],出现不一致的原因可能是接种微生物优势属不同导致的. Simpson 指数表明了微生物丰度变化(0.932~0.971),无机离子渐增情况下微生物丰度变化情况与香农指数相似.

表 1 中的覆盖率指数为 0.998~1.000 之间,表明本研究构建的序列库涵盖了微生物群落的多样性. Chao1 值从 891 降低到 609,前 80 d 变化较小,后 20 d 显著下降. 这表明盐度渐增时,泥样中微生物种数逐渐下降(约减少 30.1%). ACE 值变化也证明了微生物种数在下降. 钠离子浓度从 8 g·L⁻¹上升到 20 g·L⁻¹,Chao1 指数往往先下降后上升,厌氧微生物会逐步适应盐度胁迫环境^[15,26]. 由此可见,盐度渐增情况下水解污泥微生物种数下降,但生物多样性得以保持稳定.

表 1 盐度渐增条件下水解污泥细菌群落多样性指数(97%相似度)

Table 1 Bacterial community diversity index of hydrolytic sludge under increasing salinity (97% similarity)

样品编号	测序量	OTUs	Shannon 指数	Simpson 指数	Chao1 指数	ACE 指数	覆盖率指数
HS00	81 133	882	6.324	0.964	891	872	0.999
HS20	82 506	876	6.271	0.943	880	868	0.999
HS40	81 145	931	6.043	0.937	922	931	0.999
HS60	80 903	954	6.471	0.971	945	979	0.998
HS80	79 033	852	6.438	0.959	849	853	0.999
HS100	77 277	631	6.890	0.932	609	612	1.000

2.3 印染废水水解处理细菌群落结构分析

对宏基因组数据集进行分类注释,表征第 0~100 d 水解污泥样品中的微生物组成,结果见表 2. 从中可知,细菌是水解污泥的主要结构域,第 0~100 d 的 DNA 序列占比为 84%~87.8%. 值得注意的是,与第 0 d(5.3%)相比,第 100 d(1.97%)中的

古菌丰度更低,随着盐度渐增古细菌活性会受到显著抑制. 真核生物和病毒序列在运行中仅占 0.01%~0.02% 和 0.6%~0.26% 之间. 这表明盐度的增加导致细菌和氢营养型产甲烷菌群的转变. 当盐度由低到高时,古生菌丰度会显著降低,而细菌丰度会持续升高^[29],这与本研究的结果一致.

表 2 不同盐度条件下水解污泥中界水平上微生物群落组成/%

Table 2 Composition of microbial communities in hydrolytic sludge at the kingdom level under different salinity conditions/%

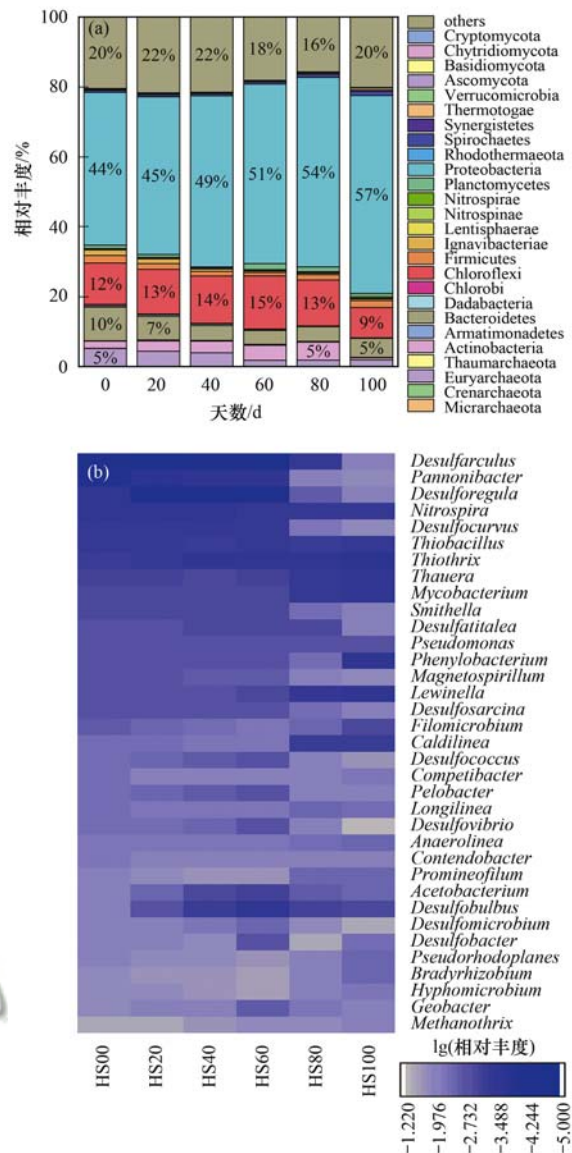
种类	HS00	HS20	HS40	HS60	HS80	HS100
细菌	83.45	84.00	85.50	87.80	87.10	86.45
古细菌	5.30	4.20	3.10	1.85	1.85	1.97
病毒	0.13	0.11	0.09	0.06	0.11	0.26
真核生物	0.02	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
其他	11.10	11.68	11.30	10.28	10.93	11.31

通过高通量测序技术分析污泥样品中细菌群落特性,来了解离子浓度渐增对微生物群落结构的影响. 所有污泥样本的 OTUs 均在 97% 鉴别阈值控制内. 图 3 为门和属水平上水解污泥微生物群落变化图. 图 3(a)显示,低盐度条件下水解污泥样品中微生物群落主要由 5 个门组成:变形菌门

(Proteobacteria) 和绿弯菌门(Chloroflexi) 是优势门类,其次是拟杆菌门(Bacteroidetes)、厚壁菌门(Firmicutes)和放线菌门(Actinobacteria),分别占比 43.48%、11.76%、9.58%、2.18% 和 2.04%. Proteobacteria、Bacteroidetes 和 Firmicutes 是厌氧和微氧条件下降解染料的主要细菌门,Bacteroidetes 和

Firmicutes 分别主要降解偶氮染料和蒽醌类染料^[30,31]. 这表明,初始水解微生物组成与水解池分散染料和偶氮类染料降解功能相一致. 相比之下, $4.02 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ 盐度条件下水解污泥样品中丰度最高的生物种群为变形菌门 (Proteobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、厚壁菌门 (Firmicutes) 和螺旋菌门 (Spirochaetes), 相对丰度分别为 56.3%、8.58%、5.38%、1.96% 和 1.15%. 变形菌门在高苯胺负荷率时成为优势菌^[32], 具有偶氮染料降解功能, 其相对丰度的提升有助于保持水解系统的脱色功能. 绿弯菌门 (Chloroflexi) 和浮霉菌门 (Planctomycetes) 具有较强的碳水化合物分解能力^[33], 盐度渐增时相对丰度分别下降了 27% 和 88.2%. 拟杆菌门 (Bacteroidetes) 参与降解大分子化合物生成 VFAs, 其相对丰度减少了 43.8%.

图 3(b) 显示了盐度渐增过程中水解酸化污泥属水平上群落结构的变化, 不同盐度条件下水解污泥样品中细菌菌群丰度和组成相差较大. 盐度渐增初期, *Methanotrix*、*Geobacter*、*Hyphomicrobium*、*Bradyrhizobium*、*Pseudorhodoplanes*、*Desulfobacter* 和 *Desulfomicrobium* 为优势属 (相对丰度大于 1%). *Methanotrix* 相对丰度为 3.78%, 主要参与喹啉与细菌的共代谢, 有助于提高污泥对染料代谢中间体喹啉胁迫的耐受性^[34]. 土杆菌属 (*Geobacter*) 相对丰度为 1.05%, 土杆菌属参与芳香烃的降解^[35]. 盐度增长到 $4.02 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ 时, 水解污泥中的优势属扩大到 12 属, 丰度最高的为 *Desulfovibrio* (脱硫弧菌) 和 *Desulfomicrobium*, 相对丰度分别为 5.9% 和 4.1%. 其次为 *Desulfococcus*、*Desulfocurvus*、*Pannonibacter* 和 *Magnetospirillum*, 相对丰度分别为 1.9%、1.7%、1.66% 和 1.6%. *Methanotrix*、*Pelobacter*、*Desulforegula*、*Desulfosarcina*、*Desulfatitalea* 和 *Geobacter* 相对丰度为 1.24% ~ 1.39% 之间. *Desulfovibrio* 微生物由于含有偶氮还原酶, 可将偶氮染料降解成芳香胺类物质, 广泛参与染料脱色作用^[8], *Desulfococcus* 属的微生物能广泛参与芳香胺类物质代谢^[36]. 由此可见, 在盐度渐增条件下水解微生物保持了偶氮染料从脱色到中间代谢产物的全过程降解功能. 这些现象与盐度梯度上升研究结果一致, 进水盐度的变化会显著影响微生物群落结构的组成^[15,17]. 此外, *Desulfovibrio* 同时还参与合成亚硫酸氢还原酶, 得以在缺氧条件下参与硫代谢. 值得注意的是, *Nitrospira* 属是参与硝化作用的微生物, 在盐度渐增情况下, 相对丰度从 0.036% 升高到了 0.045%, 增长约 25%, 显示盐度渐增对系统硝化功能起到促进作用.



(a) 门水平; (b) 属水平 (前 35 属)

图 3 水解污泥门水平群落组成图和属水平群落丰度热图

Fig. 3 Horizontal community change at the phylum level and community abundance thermal images at the genus level in hydrolytic sludge

2.4 丰度聚类分析

为表明盐度渐增条件下属水平水解污泥中细菌群落结构的变化, 计算所有排名前 35 位的微生物属变化情况绘制成层次聚类热图 (图 4). 根据盐度不同可以将属水平上微生物分为 2 类: A1 ~ A23 (低盐度, low salinity, LS) 和 A24 ~ A35 (高盐度, high salinity, HS). 在 LS 分支中, A1 ~ A6 在盐度最低时丰度最高, 随着盐度升高丰度持续下降, 主要属包括甲烷丝菌属 (*Methanotrix*) 和丝硫菌属 (*Thiothrix*), 这些属往往在低溶解氧条件下引发污泥膨胀^[37]. A7 ~ A19 最适盐度为 $2.5 \sim 3.0 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$, 这部分微生物主要包括 *Contendobacter*、*Hyphomicrobium* 和 *Pseudorhodoplanes* 等. 在 HS 分

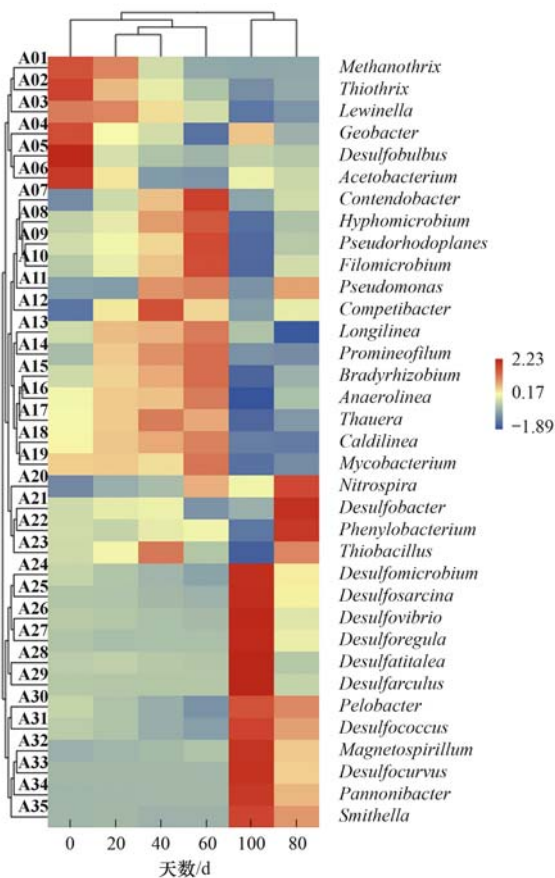


图4 盐度渐增时水解池微生物群落属水平物种丰度聚类热图
Fig. 4 Cluster thermal images of species abundance at the genus level of the microbial community in the hydrolytic tank with salinity build-up
支中, A20 ~ 23 最适盐度为 $3.5 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$, 其它盐度条件下丰度均下降. A24 ~ A35 (*Desulfovibrio*、

Desulfococcus 和 *Desulfosarcina* 等) 在盐度最高时 ($4.02 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$) 丰度最高, 这些微生物都与硫代谢相关. 总体而言, 水解池微生物在盐度渐增情况下丰度变化趋势为, 随着盐度渐增富集微生物属数持续增大, 表现出较好耐盐特性, 尤其以参与硫代谢的细菌属耐盐度持续胁迫能力更强.

2.5 微生物潜在功能分析

根据 16S rRNA 高通量测序的京都基因和基因组百科全书 (KEGG) 数据, 通过重建未观察状态 (PICRUSt) 进行群落系统发育研究, 预测了第 0 ~ 100 d 水解污泥中微生物群落的潜在功能特征 (图 5).

预测基因分为代谢 (62.6% ~ 65.1%)、遗传信息处理 (12% ~ 13.7%)、环境信息处理 (12.1% ~ 13.2%) 和细胞过程 (9.67% ~ 11.4%) 等 4 大功能组. 代谢类中基因丰度最高的是碳水化合物代谢 (12.2% ~ 12.9%), 其次是氨基酸代谢 (11.2% ~ 12%) 和能量代谢 (10.1% ~ 10.5%). 与第 0 d 相比, 第 100 d 时水解污泥中聚糖生物合成与代谢和碳水化合物代谢的相对丰度分别提高了 9.26% 和 0.87%, 说明水解微生物群落中碳水化合物代谢得到了增强.

能量的产生和转化与细菌活性、脱氮能力和脱硫能力有关, 可能与 KEGG 的氮代谢 (map00910) 和硫代谢 (map00920) 途径有关. 细菌对偶氮染料降解脱色, 一般通过还原酶催化裂解染料分子的共轭

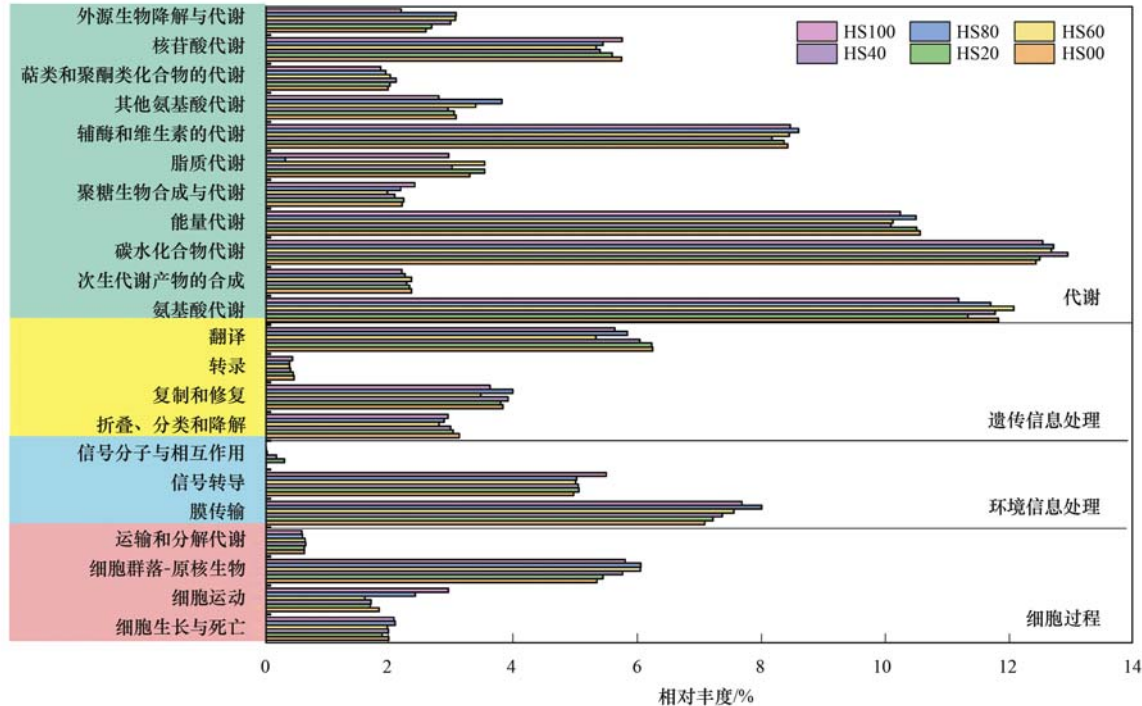


图5 基于 KEGG 分析的盐度渐增时水解污泥中细菌群落的功能预测图

Fig. 5 Functional prediction chart of bacterial communities in hydrolytic sludge during salinity build-up based on the KEGG analysis

键,破坏其生色键的结构达到脱色目的^[38]. 第 0 d ~100 d,水解池细菌群落能量代谢功能配对基因丰度持续在 10.5% 附近波动,显示氮代谢和硫代谢功能并未出现显著抑制. 部分硝化菌参与偶氮键—N=N—断键反应,盐度渐增时氮代谢功能保持稳定保证了水解污泥脱色功能的稳定性.

此外,文献[15]也显示微生物群落对较高钠浓度逐步适应后,盐度在 18 ~ 20 g·L⁻¹ 之间的短期连续波动对生物转化不再产生影响. 微生物群落对极端环境条件的逐步适应会增强微生物群落应对不利外界条件^[39]. 长期的驯化能培养出适应特定盐度的微生物群落,从而提高了生物处理系统运行的稳健性^[15]. Luo 等^[13]的研究证明,适应高盐浓度会导致耐盐甚至嗜盐微生物的相继出现,从而逐渐恢复生物反应器的性能. 这表明,与盐度梯度增长时长期驯化微生物存在区别,盐度渐增条件下水解微生物通过种和属的变化适应环境压力,以维持水解活性和脱色能力. 盐度渐增条件下脱色酶和硫代谢酶对应基因丰度变化情况见图 6. 参与脱色的酶包括酪氨酸酶 (TYR)、过氧化氢酶 (CAT)、过氧化物歧化酶 1 (SOD1)、过氧化物歧化酶 2 (SOD2)、E1.11.1.19 和偶氮还原酶 (azoR) 等,低盐度条件下对应基因数相对丰度分别为 0.036‰、0.84‰、

0.84‰、2.85‰、1.58‰和 0.23‰[图 6(a)]. 盐度渐增条件下, TYR、CAT 和 SOD1 的相对丰度先升高后下降. 其中 SOD1 降幅最大,为 42.7%. SOD2 持续下降,最终降低了 21.9%. 增幅最大的是 TYR,达到 90.25%. 过氧化氢酶 (CAT) 在盐度渐增时增幅为 5.9%,相对丰度略有上升. 由此可见,与染料脱色酶相关基因丰度有增有降,总体上保持了脱色功能的稳定. 与硫代谢相关酶的相对丰度如图 6(b) 所示. 低盐度条件下, sat 是硫代谢功能中的相对丰度最高的酶 (1.13‰),其次为 phsA (1.11‰). 盐度渐增时所有的硫代谢酶相对丰度均升高,与运行初期相比 aprA、phsA、aprB、dsrA、dsrB 和 sat 的丰度分别提升了 1.97、1.57、1.46、1.44、1.33 和 0.99 倍,这与原水中硫酸钠盐度上升保持了较好的一致性.

3 结论

(1) 盐度持续渐增情况下,水解出水 B/C 比、色度和 VFAs 浓度保持了相对稳定,水解污泥微生物种数下降,但生物多样性得以保持稳定.

(2) 在低盐环境下 *Methanotrix* 为参与水解作用的优势属,而在高盐胁迫下 *Desulfovibrio* 和 *Desulfococcus* 对水解脱色起到重要作用.

(3) PICRUSt 功能解析显示,脱色酶 SOD1 和 SOD2 相对丰度显著下降,但是 CAT 和 TYR 的相对丰度上升,保证了水解生物系统脱色功能的稳定. 硫酸钠盐度逐步上升,与之相对应,硫代谢酶相对丰度也保持持续升高趋势.

参考文献:

- [1] Cardoso J C, Bessegato G G, Zanoni M V B. Efficiency comparison of ozonation, photolysis, photocatalysis and photoelectrocatalysis methods in real textile wastewater decolorization[J]. Water Research, 2016, **98**: 39-46.
- [2] Guo G, Li X H, Tian F, et al. Azo dye decolorization by a halotolerant consortium under microaerophilic conditions [J]. Chemosphere, 2020, **244**: 125510.
- [3] Zhu Y L, Xu J L, Cao X W, et al. Characterization of functional microbial communities involved in diazo dyes decolorization and mineralization stages [J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2018, **132**: 166-177.
- [4] Li P, Zheng T L, Wang Q H, et al. Treatment of real high-concentration dyeing wastewater using a coagulation-hydrolysis acidification-multilevel contact oxidation system [J]. Environmental Progress & Sustainable Energy, 2015, **34** (2): 339-345.
- [5] Xie X H, Liu N, Ping J, et al. Illumina MiSeq Sequencing reveals microbial community in HA process for dyeing wastewater treatment fed with different co-substrates [J]. Chemosphere, 2018, **201**: 578-585.
- [6] Wang K, Li W G, Gong X J, et al. Biological pretreatment of tannery wastewater using a full-scale hydrolysis acidification

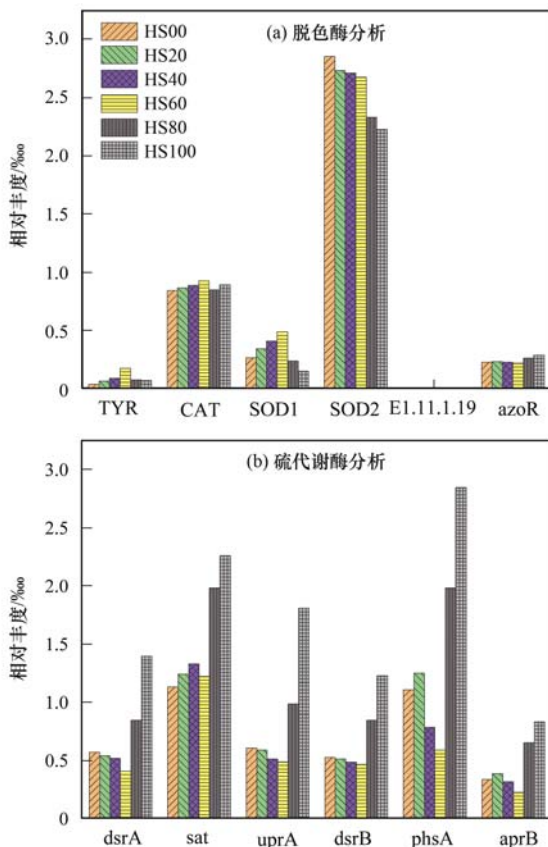


图 6 基于 KEGG 数据库的 PICRUSt 预测

Fig. 6 PICRUSt prediction based on the KEGG database

- system [J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2014, **95**: 41-45.
- [7] 刘伟京. 印染废水深度降解工艺及工程应用研究[D]. 南京: 南京理工大学, 2013.
- Liu W J. The study on the advanced treatment of printing and dyeing wastewater and engineering application [D]. Nanjing: Nanjing University of Science and Technology, 2013.
- [8] 顾梦琪, 尹启东, 刘爱科, 等. 水解酸化/AO 组合工艺处理印染废水色度去除与脱氮性能[J]. *环境科学*, 2018, **39** (12): 5550-5557.
- Gu M Q, Yin Q D, Liu A K, *et al.* Color and nitrogen removal from synthetic dye wastewater in an integrated hydrolysis/acidification and anoxic/aerobic process [J]. *Environmental Science*, 2018, **39** (12): 5550-5557.
- [9] Khan R, Bhawana P, Fulekar M H. Microbial decolorization and degradation of synthetic dyes: a review [J]. *Reviews in Environmental Science and Bio/technology*, 2013, **12** (1): 75-97.
- [10] Allègre C, Moulin P, Maisseu M, *et al.* Treatment and reuse of reactive dyeing effluents [J]. *Journal of Membrane Science*, 2006, **269** (1-2): 15-34.
- [11] Wood J M. Bacterial responses to osmotic challenges [J]. *Journal of General Physiology*, 2015, **145** (5): 381-388.
- [12] Campo R, Corsino S F, Torregrossa M, *et al.* The role of extracellular polymeric substances on aerobic granulation with stepwise increase of salinity [J]. *Separation and Purification Technology*, 2018, **195**: 12-20.
- [13] Luo W H, Phan H V, Hai F I, *et al.* Effects of salinity build-up on the performance and bacterial community structure of a membrane bioreactor [J]. *Bioresource Technology*, 2016, **200**: 305-310.
- [14] 王萌萌, 曹刚, 张迪, 等. 异养硝化-好氧反硝化混合菌对尿素的去除及重金属和盐度的影响[J]. *环境科学*, 2020, **41** (6): 2787-2795.
- Wang M M, Cao G, Zhang D, *et al.* Removal of urea by heterotrophic nitrification-aerobic denitrification mixed strains and effects of heavy metals and salinity [J]. *Environmental Science*, 2020, **41** (6): 2787-2795.
- [15] Sierra J D M, Oosterkamp M J, Wang W, *et al.* Impact of long-term salinity exposure in anaerobic membrane bioreactors treating phenolic wastewater: Performance robustness and endured microbial community [J]. *Water Research*, 2018, **141**: 172-184.
- [16] Chen L, Hu Q Z, Zhang X, *et al.* Effects of salinity on the biological performance of anaerobic membrane bioreactor [J]. *Journal of Environmental Management*, 2019, **238**: 263-273.
- [17] Zhao Y Y, Park H D, Park J H, *et al.* Effect of different salinity adaptation on the performance and microbial community in a sequencing batch reactor [J]. *Bioresource Technology*, 2016, **216**: 808-816.
- [18] 周贵忠, 许硕, 姚倩, 等. 不同盐度下活性污泥中微生物群落变化规律及其处理模拟染料废水[J]. *环境科学*, 2017, **38** (7): 2972-2977.
- Zhou G Z, Xu S, Yao Q, *et al.* Influence of salinity on microbial community in activated sludge and its application in simulated dye wastewater treatment [J]. *Environmental Science*, 2017, **38** (7): 2972-2977.
- [19] Chen L, Gu Y S, Cao C Q, *et al.* Performance of a submerged anaerobic membrane bioreactor with forward osmosis membrane for low-strength wastewater treatment [J]. *Water Research*, 2014, **50**: 114-123.
- [20] Loman N J, Misra R V, Dallman T J, *et al.* Performance comparison of benchtop high-throughput sequencing platforms [J]. *Nature Biotechnology*, 2012, **30** (5): 434-439.
- [21] Ogata H, Goto S, Sato K, *et al.* KEGG: Kyoto Encyclopedia of genes and genomes [J]. *Nucleic Acids Research*, 1999, **27** (1): 29-34.
- [22] Li X J, Sun S, Yuan H Y, *et al.* Mainstream upflow nitrification-anammox system with hybrid anaerobic pretreatment: long-term performance and microbial community dynamics [J]. *Water Research*, 2017, **125**: 298-308.
- [23] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法 [M]. (第四版). 北京: 中国环境科学出版社, 2002.
- [24] Kao C M, Chou M S, Fang W L. Regulating colored textile wastewater by 3/31 wavelength ADMI methods in Taiwan [J]. *Chemosphere*, 2001, **44** (5): 1055-1063.
- [25] 操家顺, 唐思远, 李超, 等. 印染废水厌氧水解过程挥发性脂肪酸的产生及影响因素[J]. *净水技术*, 2014, **33** (3): 58-64.
- Cao J S, Tang S Y, Li C, *et al.* Generation and influencing factors of volatile fatty acids in process of anaerobic hydrolysis for printing and dyeing wastewater treatment [J]. *Water Purification Technology*, 2014, **33** (3): 58-64.
- [26] 张兰河, 田蕊, 陈子成, 等. NaCl 盐度对 A²/O 工艺去除废水污染物和系统微生物的影响[J]. *农业工程学报*, 2018, **34** (10): 231-237.
- Zhang L H, Tian R, Chen Z C, *et al.* Effects of NaCl salinity on wastewater pollutants removal and microorganism in A²/O technology process [J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2018, **34** (10): 231-237.
- [27] 程家迪, 黄周满. 水解酸化 + A/O + UF + RO 处理低浓度印染废水回用工程[J]. *工业水处理*, 2017, **37** (5): 98-100.
- Cheng J D, Huang Z M. Reuse project on the treatment of low-concentration printing and dyeing wastewater by hydrolytic acidification + A/O + UF + RO hybrid process [J]. *Industrial Water Treatment*, 2017, **37** (5): 98-100.
- [28] Gu M Q, Yin Q D, Wang Z Z, *et al.* Color and nitrogen removal from synthetic dye wastewater in an integrated mesophilic hydrolysis/acidification and multiple anoxic/aerobic process [J]. *Chemosphere*, 2018, **212**: 881-889.
- [29] Wu Y C, Wang X H, Tay M Q X, *et al.* Metagenomic insights into the influence of salinity and cytostatic drugs on the composition and functional genes of microbial community in forward osmosis anaerobic membrane bioreactors [J]. *Chemical Engineering Journal*, 2017, **326**: 462-469.
- [30] 邢立群, 王力超, 杨立业. ABR 处理综合印染废水中细菌群落结构研究[J]. *环境科学与技术*, 2019, **42** (3): 1-8.
- Xing L Q, Wang L C, Yang L Y. Study on microbial communities in an anaerobic baffled reactor treating printing and dyeing wastewater [J]. *Environmental Science & Technology*, 2019, **42** (3): 1-8.
- [31] Xie X H, Liu N, Yang B. Comparison of microbial community in hydrolysis acidification reactor depending on different structure dyes by Illumina MiSeq sequencing [J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2016, **111**: 14-21.
- [32] Jiang Y, Wei L, Yang K, *et al.* Investigation of rapid granulation in SBRs treating aniline-rich wastewater with different aniline loading rates [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **646**: 841-849.
- [33] Manefield M, Griffiths R I, Leigh M B, *et al.* Functional and compositional comparison of two activated sludge communities remediating coking effluent [J]. *Environmental Microbiology*, 2005, **7** (5): 715-722.

- [34] Wu B T, Wang J, Hu Z H, *et al.* Anaerobic biotransformation and potential impact of quinoline in an anaerobic methanogenic reactor treating synthetic coal gasification wastewater and response of microbial community [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2020, **384**: 121404.
- [35] Li H, Song H L, Xu H, *et al.* Effect of the coexposure of sulfadiazine, ciprofloxacin and zinc on the fate of antibiotic resistance genes, bacterial communities and functions in three-dimensional biofilm-electrode reactors [J]. *Bioresource Technology*, 2020, **296**: 122290.
- [36] Ito T, Adachi Y, Yamanashi Y, *et al.* Long-term natural remediation process in textile dye-polluted river sediment driven by bacterial community changes [J]. *Water Research*, 2016, **100**: 458-465.
- [37] 洪颖, 姚俊芹, 马斌, 等. 基于高通量测序的 SBR 反应器丝状膨胀污泥菌群分析[J]. *环境科学*, 2018, **39**(7): 3279-3285.
- Hong Y, Yao J Q, Ma B, *et al.* Filamentous sludge microbial community of a SBR reactor based on high-throughput sequencing [J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(7): 3279-3285.
- [38] 许玫英, 郭俊, 岑英华, 等. 染料生物降解研究[J]. *微生物学通报*, 2006, **33**(1): 138-143.
- Xu M Y, Guo J, Cen Y H, *et al.* Review of studies on the dye biodegradation [J]. *Microbiology*, 2006, **33**(1): 138-143.
- [39] Carballa M, Regueiro L, Lema J M. Microbial management of anaerobic digestion: exploiting the microbiome-functionality nexus [J]. *Current Opinion in Biotechnology*, 2015, **33**: 103-111.



CONTENTS

Sources and Control Area Division of Ozone Pollution in Cities at Prefecture Level and Above in China	YAN Hui, ZHANG Wei, HOU Mo, <i>et al.</i> (5215)
Dynamic Assessment of PM _{2.5} Health Damage Value in China from 2015 to 2018	LI Hui-juan, ZHOU De-qun, WEI Yong-jie (5225)
Analysis of Multi-scale Spatio-temporal Differentiation Characteristics of PM _{2.5} in China from 2011 to 2017	YANG Wen-tao, QIAO Peng, LIU Xian-zhao, <i>et al.</i> (5236)
Spatio-temporal Evolution and Population Exposure Risk to PM _{2.5} in the Guanzhong Area	HUANG Xiao-jun, QI Ming-yue, LI Yan-yu, <i>et al.</i> (5245)
Formation Mechanism and Source Analysis of Two Heavy Pollution Periods in Winter in a Central Plains City	JIA Jia, CONG Yi, GAO Qing-min, <i>et al.</i> (5256)
Winter Pollution Characteristics and Physicochemical Properties of PM _{2.5} in a Northwest Industrial City	YANG Yan-ping, CHEN Qiang, WANG Li-na, <i>et al.</i> (5267)
Characterization of Metal Pollution of Regional Atmospheric PM _{2.5} and Its Sources Based on the PMF Model	DENG Lin-li, ZHANG Kai-shan, YIN Zi-yuan, <i>et al.</i> (5276)
Pollution Characteristics and Assessment of Heavy Metals in Atmospheric Deposition in Core Urban Areas, Chongqing	ZHANG Xia, LIU Bin, XIAO Bo-lin, <i>et al.</i> (5288)
Factors Influencing New Atmospheric Particle Formation in Ordos During Summer and Autumn 2019	KONG Xiang-chen, WANG Hong-lei, ZHANG Lian-xia, <i>et al.</i> (5295)
Characteristics and Reactivity of Ambient VOCs in Urban Hangzhou, China	JING Sheng-ao, GAO Ya-qin, SHEN Jian-dong, <i>et al.</i> (5306)
Characteristics and Sources of Atmospheric Volatile Organic Compounds Pollution in Summer in Chengdu	XU Chen-xi, CHEN Jun-hui, JIANG Tao, <i>et al.</i> (5316)
Characteristics and Source Apportionment of VOCs and O ₃ in Shijiazhuang	WANG Shuai, CUI Jian-sheng, FENG Ya-ping, <i>et al.</i> (5325)
Analysis of Industrial VOCs Emission Inventory and Countermeasures in Xiamen	WU Dong-yang, ZHUANG Ma-zhan, WU Yan-cong, <i>et al.</i> (5336)
Emission Inventory and Emission Factors of Volatile Organic Compounds (VOCs) from Architectural Adhesives	LIANG Xiao-ming, SUN Xi-bo, SU Yan-hua, <i>et al.</i> (5345)
Sources and Health Risks of Atmospheric Polychlorinated Biphenyls in an Urban/Industrial Areas, Northwest China	MAO Xiao-xuan, LI Zi-xuan, SONG Shi-jie, <i>et al.</i> (5352)
Vertical Distribution of Surface Formaldehyde in the Pearl River Delta Urban Area Based on Observations at the Canton Tower	HUANG Shan, PEI Cheng-lei, ZHANG Ying, <i>et al.</i> (5362)
Temporal and Spatial Characteristics of Total Phosphorus in the Middle and Lower Yangtze River Mainstem Under New Water and Sediment Conditions	ZHUO Hai-hua, LOU Bao-feng, WU Yun-li, <i>et al.</i> (5371)
Seasonal Variations in Nitrogen and Phosphorus Concentration and Stoichiometry of Hanfeng Lake in the Three Gorges Reservoir Area	QIAN Tian, HUANG Qi, HE Bing-hui, <i>et al.</i> (5381)
Distribution Characteristics and Pollution Assessment of Nutrients in Hengshui Lake Sediments	ZHANG Jia-wen, WEI Jian, LIU Li, <i>et al.</i> (5389)
Endogenous Pollution and Release Characteristics of Bottom Sediments of Hengshan Reservoir in Yixing City	CUI Hui-fang, CHEN Shu-yun, YANG Chun-hui, <i>et al.</i> (5400)
Pollution and Ecological Risk Assessment and Source Apportionment of Heavy Metals in Sediments of Qingliangshan Reservoir in the Meijiang Basin	JIANG Tao, LIN Wei-wen, CAO Ying-jie, <i>et al.</i> (5410)
Influence Factors of Potential Nitrification Rates and Functional Genes Abundance in the Jinshui River and the Qihe River of the Hanjiang River Basin	ZHAO Bin-jie, WANG Xu, ZHANG Jian, <i>et al.</i> (5419)
Contamination Characteristics and Potential Ecological Risks of Typical Perfluoroalkyl Substances in the Water and Sediment of Coastal Tourism Resorts in Shandong Province	WANG Shi-liang, CAO Xue-zhi (5428)
Distribution Characteristics and Source Identification of Organophosphate Esters in Key Waters Areas of Taihu Lake	LÜ Jia-pei, ZHANG Zhen-fei, LIU Yang, <i>et al.</i> (5438)
Residual Characteristics and Health Assessment Analysis of OCPs and PCBs in Karst Groundwater	YE Kai, SUN Yu-chuan, JIA Ya-nan, <i>et al.</i> (5448)
Biogeographic Distribution Patterns of Diatoms in Lancang River and Their Key Drivers	SUN Sheng-hao, CHEN Juan, WANG Pei-fang, <i>et al.</i> (5458)
Bioaccumulation Characteristics of Quinolones (QNs) in Dominant Fish Species and Their Correlation with Environmental Factors in Baiyangdian Lake	SHEN Li-na, FU Yu, ZHANG Lu-lu, <i>et al.</i> (5470)
Effect of Biomass Particle Size on the Adsorption of Phosphorus from Aqueous Solution by MgO-loaded Biochar	WANG Peng-fei, ZHI Meng-meng, CHU Zhao-sheng, <i>et al.</i> (5480)
Photocatalytic Degradation of Tetracycline and Copper Complex by Bi ₂ MoO ₆ /Bi ₂ S ₃ Heterojunction	HUANG Wen-xin, WEI Hu, JIANG Cai-yun, <i>et al.</i> (5488)
Enhancing PPCPs Removal and Membrane Fouling Control of Ultrafiltration Membrane by UiO-66@Fe ₃ O ₄ @UiO-66	YIN Yue, WU Dao-wen, SUN Meng-yao, <i>et al.</i> (5500)
Advanced Treatment of Tail Water Using Pilot-scale Horizontal and Vertical Subsurface Flow Constructed Wetlands in Low-temperature Seasons	LIAO Xue-ke, YAN Han-lu, WANG Zhi-yuan, <i>et al.</i> (5509)
Metagenomic Insights into Salinity Build-up in Microbial Communities and Metabolism of Hydrolytic Bioreactor Treating High-color PDWW	GAO Jing, ZHANG Shao-hua, WANG Rui, <i>et al.</i> (5518)
Performance and Microbial Characteristics of Ammonium-limited and Nitrite-limited ANAMMOX Systems	SONG Jia-jun, ZHU Ming-yi, GUO Kai-cheng, <i>et al.</i> (5527)
Microbial Community Structure and Diversity During the Enrichment of Anaerobic Ammonium Oxidation Bacteria	YAN Bing, XIA Song, GUI Shuang-lin, <i>et al.</i> (5535)
Enhanced Dewaterability of Waste-Activated Sludge in Presence of Fe(II)-Activated Calcium Peroxide	BI Wei-wei, RUAN Shu-yu, CHEN Wu-ao-xiao, <i>et al.</i> (5544)
Spatial Distribution, Contamination Assessment, and Sources of Heavy Metals in the Urban Green Space Soils of a City in North China	ZHAO Liang, LIANG Yun-ping, CHEN Qian, <i>et al.</i> (5552)
Technological Classification of Cadmium Quality in the Rice Producing Areas of South China	DOU Wei-qiang, AN Yi, QIN Li, <i>et al.</i> (5562)
Distribution Characteristics of Selenium in a Soil-Crop System and the Threshold of Selenium-Rich Soils	WANG Rui, DENG Hai, JIA Zhong-min, <i>et al.</i> (5571)
Transfer Factor and Health Risk Assessment of Heavy Metals in a Soil-Crop System in a High Incidence Area of Nasopharyngeal Carcinoma, Guangdong	YE Mai, ZHANG Jing-ru, ZHANG Lu-lu, <i>et al.</i> (5579)
DA-6 and GLDA Enhanced <i>Panicum virgatum</i> L. to Phytoextract Cd from Contaminated Soils	WANG Zheng, SUN Zhao-jun, Sameh Mohamed, <i>et al.</i> (5589)
Remediation Performance via the Passivation of a Porous Biomorph Genetic Composite of α -Fe ₂ O ₃ /Fe ₃ O ₄ /C Using a Bamboo Template on As(V) Contaminated Soils	ZHAO Ning-ning, HE Hao, FENG Guo-jie, <i>et al.</i> (5600)
Biodegradation of Expanded Polystyrene Foams in <i>Zophobas morio</i> : Effects of Gut Microbiota	YANG Li, LIU Ying, GAO Jie, <i>et al.</i> (5609)
Isolation, Identification, and Degrading Characteristics of an Oil Resistant Formaldehyde-Degrading Bacterium	HAN Xi, WANG Rong-rong, SHI Chun-zhen (5617)
Characteristics of Phyllosphere and Rhizosphere Bacterial Communities in <i>Bothriochloa ischaemum</i> in Copper Tailings	JIA Tong, YAO Yu-shan, WANG Rui-hong (5628)
Effects of Selected Biochars Application on the Microbial Community Structures and Diversities in the Rhizosphere of Water Spinach (<i>Ipomoea aquatica</i> Forssk.) Irrigated with Reclaimed Water	CUI Bing-jian, CUI Er-ping, HU Chao, <i>et al.</i> (5636)
Effects of Modified Biowaste-based Hydrochar on Rice Yield and Nitrogen Uptake	HOU Peng-fu, XUE Li-hong, FENG Yan-fang, <i>et al.</i> (5648)
Spatial Distribution Characteristics and Source Apportionment of Soil PAHs in Shizuishan City Based on GIS and PMF Model	XIA Zi-shu, WANG Yu-yu, ZHONG Yan-xia, <i>et al.</i> (5656)
Effects of Nitrogen Fertilizer and Straw Returning Methods on N ₂ O Emissions in Wheat-Maize Rotational Soils	XU Hong-wei, LI Na, FENG Yong-zhong, <i>et al.</i> (5668)