

目次

- 中国城市碳排放强度的时空演变、动态跃迁及收敛趋势 杨清可, 王磊, 朱高立, 李颖, 范业婷, 王雅竹 (1869)
- 交通运输业碳排放效率时空演变及趋势预测 郑琰, 蒋雪梅, 肖玉杰 (1879)
- 基于扩展STIRPAT模型LMDI分解的碳排放脱钩因素 张江艳 (1888)
- 基于LEAP模型的工业园区碳达峰路径:以南京某国家级开发区为例 李慧鹏, 李荔, 殷茵, 何文大, 宿杰, 赵秋月 (1898)
- 高校碳排放核算与分析:以北京A高校为例 曹睿, 封莉, 张立秋 (1907)
- 北京市制造业减排降碳协同效应分析和驱动因素 俞珊, 韩玉花, 牟洁, 张双, 张增杰 (1917)
- 碳排放权交易价格与全要素生产率:来自中国的证据 吴雪萍 (1926)
- 中国城市PM_{2.5}和PM₁₀时空分布特征和影响因素分析 李江苏, 段良苏, 张天娇 (1938)
- 2017~2021年苏皖鲁豫交界区域PM_{2.5}和O₃时空变化特征及影响因素 陈伟, 徐学哲, 刘文清 (1950)
- 疫情管控期西安PM_{2.5}和O₃污染特征及成因分析 原晓红, 张强, 李琦, 谢文豪, 刘跃廷, 樊亭亭, 姜旭朋 (1963)
- 苏南五市秋冬季PM_{2.5}化学组成特征和空间差异 冯蔚, 丁峰, 尚玥, 谢鸣捷 (1975)
- 湖北咸宁细颗粒物PM_{2.5}来源 罗怡, 朱宽广, 陈璞琰, 田军, 谢旻, 战杨志豪, 赵润琪 (1983)
- 邢台氨减排对京津冀PM_{2.5}改善的溢出效益 边泽君, 闻超玉, 郎建奎, 范晓茜, 夏祥晨, 周颖 (1994)
- 聊城市冬季PM_{2.5}载带金属元素污染特征、风险评价及来源分析 张敬巧, 朱瑶, 曹婷, 燕丽, 王淑兰, 刘铮 (2003)
- 高原城市拉萨典型VOCs排放源成分谱特征 郭淑政, 叶春翔, 林伟立, 陈熠, 曾立民, 尹晴晴, 刘雪莉 (2011)
- 北京市工业园区VOCs污染特征及健康风险评估案例:高新技术产业的环境影响 王洁, 姚震, 王敏燕, 陈速敏, 龙腾, 王海林, 李红, 郭秀锐, 郝江虹, 聂磊 (2019)
- 高温极端天气影响下的成都平原一次典型臭氧污染过程分析 雷丽娟, 张懿, 罗伊娜, 张潇, 冯森 (2028)
- 水环境中抗病毒药物的存在、行为与风险 葛林科, 李璇艳, 曹胜凯, 郑金帅, 张蓬, 朱超, 马宏瑞 (2039)
- 黄河小浪底水库地表水中重金属的时空变化与概率健康风险 王亮, 邓雪娇, 王潇磊, 李明, 刘奕尧, 姜亚敏, 涂响, 张坤峰 (2054)
- 藏东多曲河流域锑富集水化学特征及控制因素 李敬杰, 连晟, 王明国, 张智印, 张涛 (2067)
- 西北内陆区降水稳定同位素时空分布特征及其水汽来源 张炎炎, 辛存林, 郭小燕, 张博, 陈宁, 史延飞 (2080)
- 基于水化学和氢氧同位素的泰安城区岩溶地下水补给来源及演化过程 孟令华 (2096)
- 丹江流域山区地表水-地下水水化学特征及其影响因素 张子燕, 伏永朋, 王宁涛, 谭建民, 刘亚磊 (2107)
- 金塔盆地鸳鸯池灌区地下水水化学特征及控制因素 王晓燕, 韩双宝, 张梦南, 尹德超, 吴玺, 安永会 (2118)
- 德阳市平原区浅层地下水水化学特征与健康风险评价 刘楠, 陈盟, 高东东, 吴勇, 王橹橹 (2129)
- 典型城市河网沉积物微塑料时空分布特征 许万璐, 范一凡, 钱新 (2142)
- 抚仙湖流域尺度氮排放清单构建及关键源解析 王延杰, 梁启斌, 王艳霞, 侯磊, 陈奇伯, 王伟, 李晓琳, 高俊淑 (2150)
- 过氧化钙/海泡石海藻酸钠缓释凝胶复合材料的制备及其对内源磷的控制性能 曲思彤, 单苏洁, 王崇铭, 吴玲予, 李大鹏, 黄勇 (2160)
- 矿物超细颗粒的形成机制、结构特征及其环境行为和效应 刘振海, 张展华, 袁语欣, 朱盼盼, 陈威, 张勇 (2171)
- 生物炭固定化菌复合材料在环境修复中的应用研究进展 孙淑玉, 黄梦鑫, 孔强, 张焕新, 刘继伟 (2185)
- 微塑料对沸石吸附水体氨氮的影响及其机制 练建军, 谢诗婷, 吴培, 孟冠华, 陈波 (2195)
- 紫外老化作用对纳米生物炭吸附环丙沙星的影响机制 马锋锋, 薛之一, 赵保卫 (2203)
- 土地利用影响下永定河流域浮游植物群落与环境因子响应 郭善嵩, 胡恩, 丁一桐, 张嘉渭, 孙长顺, 卢悦, 潘保柱 (2211)
- 鄱阳湖湿地细菌群落多样性和可培养细菌功能基因丰度 喻江, 王淳, 龙永, 刘贵花, 李春杰, 范国权, 于镇华 (2223)
- 典农河沉积物细菌群落结构特征及其与重金属的关系 刘双羽, 蒙俊杰, 邱小琮, 周瑞娟, 李霖 (2233)
- 污水处理厂尾水排放对受纳河流细菌和真菌微生物群落的影响 郭有顺, 余仲, 郝文彬, 孟凡刚 (2246)
- 宏基因组学分析深度处理阶段污水中细菌的赋存特征及其功能 胡健双, 王燕, 周政, 汪雅琴, 王秉政, 李激 (2259)
- 大别山区生境质量时空特征及自然-人为因素驱动机制 郑亚平, 张俊华, 田惠文, 朱航成, 刘舒, 丁亚鹏 (2268)
- 基于连续小波变换、SHAP和XGBoost的土壤有机质含量高光谱反演 叶森, 朱琳, 刘旭东, 黄勇, 陈蓓蓓, 李欢 (2280)
- 秸秆还田、覆膜和施氮对旱地麦田土壤质量的影响 叶子壮, 王松燕, 陆潇, 史多鹏, 吕慎强, 李嘉, 杨泽宇, 王林权 (2292)
- 长期施用有机肥对土壤微塑料赋存及迁移特征的影响 王长远, 马啸驰, 郭德杰, 刘新红, 马艳, 罗佳 (2304)
- 土壤盐分变化对N₂O排放影响:基于Meta分析 黄艺华, 余冬立, 史祺琦, 胡磊, 潘永春 (2313)
- 基于土地利用/覆被动态变化的粤港澳大湾区碳储量评价与预测 郑慧玲, 郑辉峰 (2321)
- 基于InVEST模型的伏牛山地区生态系统碳储量时空变化模拟 张哲, 时振钦, 朱文博, 孙梓欣, 赵体侠, 邓文萍, 刘志强 (2332)
- 防护林建设过程中土壤微生物养分限制与有机碳组分之间的关系 徐凤璟, 黄懿梅, 黄倩, 申继凯 (2342)
- 长期秸秆还田褐土有机碳矿化特征及其驱动力 赵宇航, 殷浩凯, 胡雪纯, 解文艳, 刘志平, 周怀平, 杨振兴 (2353)
- 冬绿肥覆盖对土壤团聚体及有机碳和AMF多样性的影响 鲁泽让, 陈佳钰, 李智贤, 李永梅, 罗志章, 杨锐, 田明洋, 赵吉霞, 范茂攀 (2363)
- 辽河流域氮素时空分布及其对土地利用和降雨的响应 周波, 李晓光, 童思陈, 吕旭波, 郭朝臣, 雷坤 (2373)
- 高强度农业种植区不同景观池塘氧化亚氮排放特征 张欣悦, 肖启涛, 谢晖, 刘臻婧, 邱银国, 罗菊花, 徐向华, 段洪涛 (2385)
- 生物炭与不同类型氮肥配施对菜地土壤反硝化细菌群落的影响 柳晓婉, 刘杏认, 高尚洁, 李贵春 (2394)
- 太岳山不同林龄人工油松林土壤微生物特征 马义淑, 曹亚鑫, 牛敏, 张明昱, 程曼, 文永莉 (2406)
- 基于稀疏样点的土壤重金属含量模拟方法 张佳琦, 潘瑜春, 高世臣, 赵亚楠, 景胜强, 周艳兵, 邹允兵 (2417)
- 基于特定源-风险评估模型的兰州黄河风情线绿地土壤重金属污染优先控制源分析 李军, 李旭, 李开明, 焦亮, 台喜生, 臧飞, 陈伟, 脱新颖 (2428)
- 西南不同类型紫色土pH变化、重金属累积与潜在生态风险评估 张海琳, 张雨, 王顶, 谢军, 张跃强, 张宇亭, 王洁, 石孝均 (2440)
- 重庆某铁矿区周边耕地土壤重金属污染评价及来源解析 廖泽源, 李杰芹, 沈智杰, 李彩霞, 罗程钟, 梅楠, 张成, 王定勇 (2450)
- 金属矿区周边农田土壤与农作物重金属健康风险评估 魏洪斌, 罗明, 向奎, 查理思 (2461)
- 赤泥基纳米零价铁对多金属污染土壤修复效果 刘龙宇, 杨世利, 赵黄诗雨, 常凯威, 余江 (2473)
- 施锌对碱性土壤-小麦幼苗体系累积镉的影响 张瑶, 王天齐, 牛硕, 杨阳, 陈卫平 (2479)

宏基因组学分析深度处理阶段污水中细菌的赋存特征及其功能

胡健双¹, 王燕¹, 周政¹, 汪雅琴¹, 王秉政¹, 李激^{1,2,3*}

(1. 江南大学环境与土木工程学院, 无锡 214122; 2. 江苏省厌氧生物技术重点实验室, 无锡 214122; 3. 江苏高校水处理技术与材料协同创新中心, 苏州 215009)

摘要: 为探究深度处理阶段污水中细菌的赋存特征及其功能, 采集了污水深度处理阶段沿程各单元的进出水样品, 并基于宏基因组学对污水中细菌的群落结构及功能进行了解析. 结果表明, 不同深度处理单元出水中细菌的多样性存在差异, 臭氧接触池出水中细菌的多样性最低; 相比夏季, 冬季深度处理阶段污水中细菌的丰富度和多样性较低. 不同季节深度处理阶段污水中的细菌群落结构变化较大, 反硝化滤池出水中的细菌群落结构与其它样品存在较大差异; 变形菌门(41.5% ~ 71.0%)是深度处理阶段污水中的主要优势菌门, 其次是拟杆菌门(3.8% ~ 16.2%); 反硝化滤池出水中主要菌属有脱氮单胞菌(4.1% ~ 7.4%)、弓形杆菌(3.0% ~ 8.3%)和不动杆菌(2.3% ~ 3.0%). 在深度处理阶段各工艺出水中共发现了29种与氮代谢有关的功能基因, 并且在各工艺出水中均检测到了与反硝化有关的功能基因, 如 *nosZ*、*napA*、*nirK* 和 *norB* 等, 表明深度处理阶段污水中的细菌具有持续脱氮的潜力. 糖苷转移酶和糖苷水解酶是深度处理阶段主要的碳水化合物活性酶, 深度处理阶段污水中的细菌表现出了对多种有机物的降解潜力.

关键词: 污水深度处理; 宏基因组学; 细菌群落; 脱氮功能; KEGG 基因数据库; CAZy 数据库

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2024)04-2259-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.202303034

Metagenomics Reveals the Characteristics and Functions of Bacterial Community in the Advanced Wastewater Treatment Process

HU Jian-shuang¹, WANG Yan¹, ZHOU Zheng¹, WANG Ya-qin¹, WANG Bing-zheng¹, LI Ji^{1,2,3*}

(1. School of Environmental and Civil Engineering, Jiangnan University, Wuxi 214122, China; 2. Jiangsu Key Laboratory of Anaerobic Biotechnology, Wuxi 214122, China; 3. Jiangsu University Collaborative Innovation Center of Water Treatment Technology and Material, Suzhou 215009, China)

Abstract: In order to explore the occurrence characteristics and functions of bacteria in the sewage during the advanced treatment stage, the influent and effluent samples of various processes along the sewage during the advanced treatment stage were collected, and the community structure and functions of bacteria in the sewage were analyzed based on metagenomics. The results showed that there were differences in the diversity of bacteria in the effluent of different deep treatment processes, with the lowest diversity of bacteria in the effluent of the ozone contact tank. Compared to that during the summer, the richness and diversity of bacteria in sewage during the winter advanced treatment stage were lower. The bacterial community structure in the effluent of the denitrification filter was significantly different from that in other samples. Proteobacteria (41.5%-71.0%) was the main dominant phylum in the advanced treatment stage of wastewater, followed by Bacteroidetes (3.8%-16.2%). The main bacteria in the effluent of the denitrification filter were *Dechloromonas* (4.1%-7.4%), *Toxoplasma* (3.0%-8.3%), and *Acinetobacter* (2.3%-3.0%). A total of 29 functional genes related to nitrogen metabolism were found in the effluent of each process in the advanced treatment stage, and functional genes related to denitrification were detected in the effluent of each process, such as *nosZ*, *napA*, *nirK*, and *norB*, indicating that the bacteria in the sewage during the advanced treatment stage had the potential for continuous nitrogen removal. Glucoside transferases and glycoside hydrolases were the main carbohydrate active enzymes in the advanced treatment stage, and the bacteria in the wastewater during the advanced treatment stage exhibited the potential to degrade various organic compounds.

Key words: advanced wastewater treatment process; metagenomics; bacterial community; denitrification functions; KEGG genome database; CAZy database

随着中国经济的飞速发展和人口的不断增长, 生产和生活用水需求量在不断增加, 每天产生大量的污水. 这些污水经排污管道收集后进入污水处理厂, 达到处理标准后排放, 污水处理厂出水的集中排放可能对受纳水体产生影响, 大部分研究将其认为是一个重要的污染源^[1,2], 如出水中的氮、磷加剧了水体中的富营养化现象^[3]. 然而, 有研究者则认为其可以增加受纳水体中功能菌的丰度, 提高水体的自净能力^[4,5].

目前, 我国大部分城镇污水处理厂执行《城镇污水处理厂污染物排放标准》(GB 18918-2002)中的

一级A标准^[6]. 太湖流域作为水敏感区域, 为控制氮磷排放总量, 整个流域内的新建城镇污水处理厂已经执行《太湖地区城镇污水处理厂污染物排放标准》(DB 32-1072-2018)^[7], 该标准(括号内的数值

收稿日期: 2023-03-03; 修订日期: 2023-07-02

基金项目: 江南大学基本科研计划青年基金项目(JUSRP121057); 江苏省自然科学基金青年项目(BK20221102); 中国博士后科学基金项目(2022M711359); 江苏省“双创博士”人才项目(JSSCBS20210834); 江苏高校水处理技术与材料协同创新中心预研课题项目(XTCXSZ2020-2)

作者简介: 胡健双(1997~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为微生物信息技术, E-mail: 1458100870@qq.com

* 通信作者, E-mail: lij@jiangnan.edu.cn

为水温 < 12 ℃时的控制指标)规定: $\rho(\text{TP}) < 0.3 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 、 $\rho(\text{NH}_4^+-\text{N}) < 3(5) \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 和 $\rho(\text{TN}) < 10(12) \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$. 针对此标准, 本区域内大多数城镇污水处理厂进行了升级改造, 主要通过对生物池改造和新增深度处理设施实现达标排放, 如苏州某厂通过新增反硝化滤池等工艺将出水 $\rho(\text{NH}_4^+-\text{N})$ 降低至 $(0.5\pm 0.4) \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$, $\rho(\text{TN})$ 降低至 $(8.0\pm 1.2) \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ ^[8]; 南方某厂采用曝气生物滤池强化脱氮效果, 使出水 $\rho(\text{NH}_4^+-\text{N}) < 1.5 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$, $\rho(\text{TN})$ 维持在 $15 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 以下^[9].

现有针对污水深度处理工艺的研究主要关注其对常规指标的去除效果^[10,11], 然而受纳水体不仅接纳了污水处理厂出水中的常规污染物, 还接纳了其中的微生物. 本研究借助第二代高通量测序技术^[12], 以环境敏感地区的某污水处理厂为研究对象, 通过

宏基因组学解析深度处理阶段污水中细菌的赋存特征及其功能, 加深对污水深度处理工艺的认识, 以期为污水处理厂的优化运行提供理论支持.

1 材料与方法

1.1 样品采集

污水处理厂位于太湖流域, 该地区经济发达, 人口稠密, 深度处理阶段工艺流程和取样点位如图 1 所示, 分别在夏季(平均水温 23.3℃)和冬季(平均水温 10.2℃)采集了各工艺的进出水样品, 包括反硝化滤池进水样品(DeniIn)、反硝化滤池出水样品(DeniOt)、滤布滤池出水样品(ClothOt)、臭氧接触池出水样品(OzoneOt)和活性炭滤池出水样品(GACOt)(下文夏季和冬季样品分别以 S_和 W_为前缀加以区分).

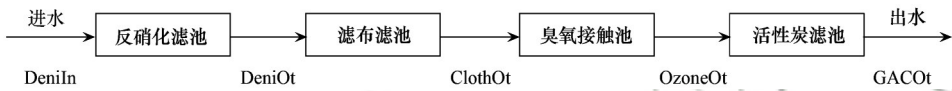


图 1 污水深度处理工艺流程及采样点分布

Fig. 1 Schematic of the advanced wastewater treatment process and the distribution of sampling sites

该厂深度处理阶段设计进出水水质如表 1 所示, 夏、冬两季的实际进出水水质如表 2 所示, 实际出水的 $\rho(\text{COD})$ 平均值 $< 20 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 出水的 $\rho(\text{TP})$ 平均值 $< 0.15 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 出水的 $\rho(\text{TN})$ 平均值 $< 5 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 出水水质可以稳定达到准Ⅲ类水排放标准.

表 1 设计进出水水质/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$

Table 1 Designed influent and effluent water quality/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$

项目	COD	BOD ₅	SS	TN	NH ₄ ⁺ -N	TP
设计进水水质	50	10	10	15	5	0.5
设计出水水质	20	4	5	5	1	0.15

1.2 DNA 提取、测序与质控

使用 PurLVS™ 大体积样本病毒浓缩系统(卓诚惠生公司)将水中细菌富集到 $0.45 \mu\text{m}$ 滤膜(SCI Materials Hub), 然后采用 NEXTFLEX™ Rapid DNA-Seq 试剂盒(PerkinElmer Inc.)提取富集样品中的 DNA. 完成基因组 DNA 抽提后, 利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组 DNA 的质量与完整性. 采用 Illumina HiSeq 4000(Illumina, USA)平台进行宏基因组测序. 使用 fastp 软件对原始测序数据进行质控,

以保证分析结果的准确性.

1.3 生物信息学分析

使用 Mgehit(版本 1.1.2)将测序获得的优化序列(clean reads)组装为重叠群(contigs). 使用 MetaGene 对拼接结果中的重叠群进行开放阅读框(ORF)预测, 将其翻译为氨基酸序列. 使用 CD-HIT(版本 4.6.1)对所有样品预测出来的基因序列进行聚类(相似度 $\geq 90\%$ 和覆盖率 $\geq 90\%$), 构建非冗余基因集. 使用 DIAMOND 软件(版本 2.0.13)将非冗余基因集与 NR 数据库进行比对($E\text{-value} \leq 10^{-5}$). 参考 Fang 等^[13]的微生物 α 多样性的算法计算门、属分类学水平的 Sobs(丰富度)指数和 Shannon(多样性)指数. β 多样性分析基于 R 语言主要坐标分析(principal co-ordinates analysis, PCoA)进行统计分析和作图. 使用 R 的 stats 包, 基于 Wilcoxon 符号秩检验进行组间比较. 使用 HMMER 软件(版本 3.1b2)将非冗余基因集与碳水化合物活性酶数据库(CAZy, 版本 5.0)和 KEGG 基因数据库(版本 94.2)进行比对, 比对参数设置 $E\text{-value}$ 为 10^{-5} . 使用 Origin 2022 及 R 语言进行绘图.

表 2 实际平均进出水水质/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$

Table 2 Actual influent and effluent water quality/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$

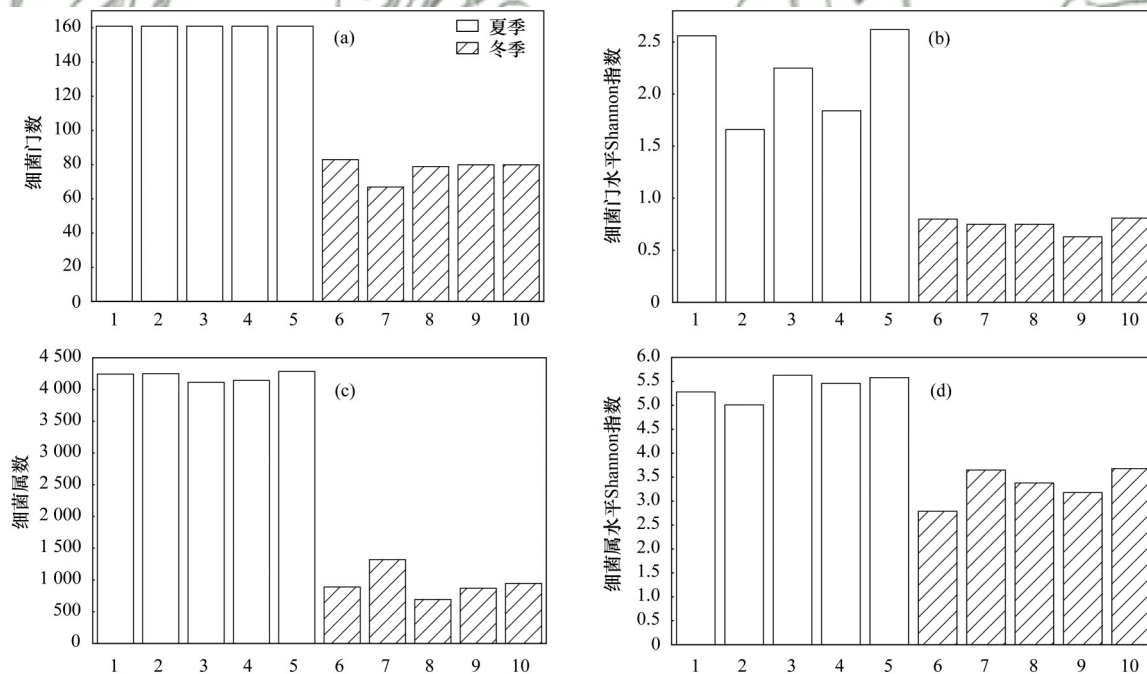
季节	项目	COD	BOD ₅	SS	TN	NH ₄ ⁺ -N	TP
夏季	进水水质平均值	21.3	5.9	5.5	11.3	3.1	0.45
	出水水质平均值	16.7	3.8	2.3	4.5	0.4	0.14
冬季	进水水质平均值	24.7	6.2	5.8	11.8	3.5	0.41
	出水水质平均值	14.6	4.4	2.4	4.6	0.7	0.09

2 结果与讨论

2.1 深度处理阶段污水中细菌群落的 α 多样性

夏、冬两季时污水处理厂深度处理阶段污水样品中细菌的 α 多样性见图2,所有样本的Coverage指数均为1,表明测序获取了所有样本中全部的遗传信息,结果可靠.Sobs指数和Shannon指数分别反映了细菌群落的丰富度和多样性.图2(a)显示,夏季时深度处理阶段污水中门水平细菌的Sobs指数均为161,表明不同处理单元出水中门水平细菌的丰富度相近;冬季时污水中门水平细菌的Sobs指数为 75 ± 8 ,反硝化滤池出水中门水平细菌的丰富度(Sobs指数为67)较反硝化池进水(Sobs指数为83)明显降低.此外,夏季深度处理阶段污水中门水平细菌的Sobs指数显著高于冬季($P < 0.05$),表明随着温度降低,深度处理阶段污水中门水平细菌的丰富度减少.图2(b)显示,在深度处理阶段,活性炭滤池出水中门水平细菌的多样性最高(Shannon指数,夏季:2.62,冬季:0.81).夏季反硝化滤池出水中门水平细菌的Shannon指数最小(1.66),多样性最低,其次是臭氧接触池出水(Shannon指数为1.66);冬季臭氧池出水中门水平细菌的Shannon指数最小

(0.63),多样性最低.此外,夏季深度处理阶段污水中门水平细菌的Shannon指数(2.14 ± 0.48)显著($P < 0.05$)高于冬季的(0.72 ± 0.09),表明随着温度降低,污水中门水平上细菌的多样性也随之下降.图2(c)显示,夏季深度处理阶段污水中属水平细菌的Sobs指数为 $4\,200 \pm 85$,不同深度处理工艺出水中属水平上细菌的种数接近;冬季深度处理阶段污水中属水平细菌的Sobs指数为 $1\,008 \pm 314$,各工艺出水中属水平细菌的Sobs指数变化较大,反硝化滤池出水中属水平细菌的丰富度最高(Sobs指数为1322),较反硝化池进水(Sobs指数为890)明显上升.此外,夏季深度处理阶段污水中属水平细菌的Sobs指数显著($P < 0.05$)高于冬季,表明随着温度降低,细菌的丰富度也降低.图2(d)显示,夏季反硝化滤池出水中属水平细菌的Shannon指数最小(5.01),多样性最低;在冬季,除深度处理阶段进水外,臭氧接触池出水中属水平上细菌的Shannon指数最小(3.18),多样性最低.此外,夏季时深度处理阶段污水中属水平细菌的Shannon指数(5.32 ± 0.31)显著($P < 0.05$)高于冬季的(Shannon指数为 3.24 ± 0.44),表明随着温度降低,属水平细菌的多样性也随之下降.



1. S_DeniIn, 2. S_DeniOt, 3. S_ClothOt, 4. S_OzoneOt, 5. S_GACOt, 6. W_DeniIn, 7. W_DeniOt, 8. W_ClothOt, 9. W_OzoneOt, 10. W_GACOt

图2 夏、冬两季深度处理阶段污水样品中微生物的 α 多样性

Fig. 2 The α diversity of microbial community in the wastewater samples of the advanced treatment process in summer and winter

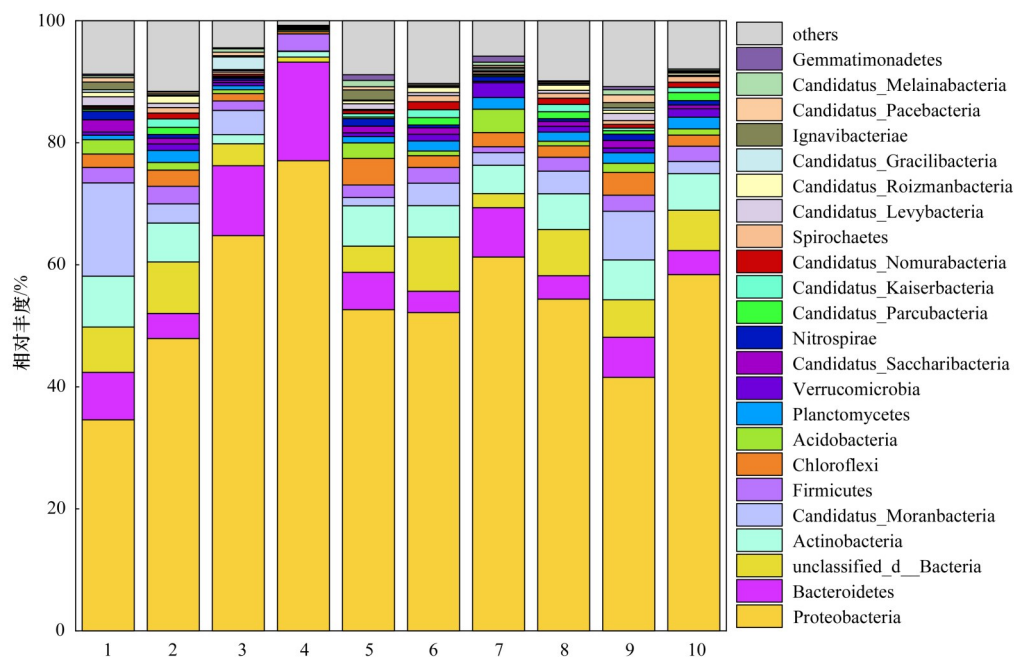
2.2 深度处理阶段污水中细菌群落结构分析

深度处理阶段污水中门水平细菌群落结构见图3.对于已知分类的细菌:在反硝化滤池出水中,变形菌门(Proteobacteria, 64.7% ~ 77.0%)是主要的优

势菌门(相对丰度 > 5%),其次是拟杆菌门(Bacteroidetes, 11.5% ~ 16.2%),两个菌门相对丰度之和 > 76%;在滤布滤池出水中, Proteobacteria (52.1% ~ 52.6%)是主要的优势菌门,其次是放线菌

门 (Actinobacteria, 5.1% ~ 6.6%), 夏季时 Bacteroidetes 的相对丰度为 6.1%, 但冬季仅为 3.5%; 在臭氧接触池出水中, Proteobacteria (54.4% ~ 61.3%) 是主要的优势菌门, 夏季时 Bacteroidetes 相对丰度为 8%, 冬季时 Bacteroidetes 相对丰度为 3.8%. 夏季时 Actinobacteria 的相对丰度为 4.6%, 冬季时相对丰度为 5.8%; 在活性炭滤池出水中, Proteobacteria (41.5% ~ 58.3%) 是主要的优势菌门, 其次是 Actinobacteria (6% ~ 6.5%), 夏季时 Bacteroidetes 相对丰度为 6.5%, 但冬季 Bacteroidetes 相对丰度 < 5%. 总体而言, Proteobacteria 是深度处理

阶段污水中最优势菌门, Zhang 等^[14]调查了 14 座污水处理厂, 发现在污水处理过程中 Proteobacteria 是最主要的细菌类群, 污水生物脱氮中常见反硝化功能菌大多数属于 Proteobacteria^[15]. Bacteroidetes 和 Actinobacteria 是继 Proteobacteria 之后的优势菌门, Bacteroidetes 能够将复杂大分子有机物降解为简单小分子有机物^[16], 主要存在于低氧或缺氧环境中^[17]; 大多数 Actinobacteria 属于异养好氧菌, 具有很强的分解有机物的能力. 其它优势菌门 (相对丰度 > 1%) 还有厚壁菌门 (Firmicutes)、绿弯菌门 (Chloroflexi) 和硝化螺旋菌门 (Nitrospirae).



1. S_DenitIn, 2. W_DenitIn, 3. S_DenitOt, 4. W_DenitOt, 5. S_ClothOt, 6. W_ClothOt, 7. S_OzoneOt, 8. W_OzoneOt, 9. S_GACOt, 10. W_GACOt
图3 夏、冬两季深度处理阶段污水样品在门水平上的群落结构

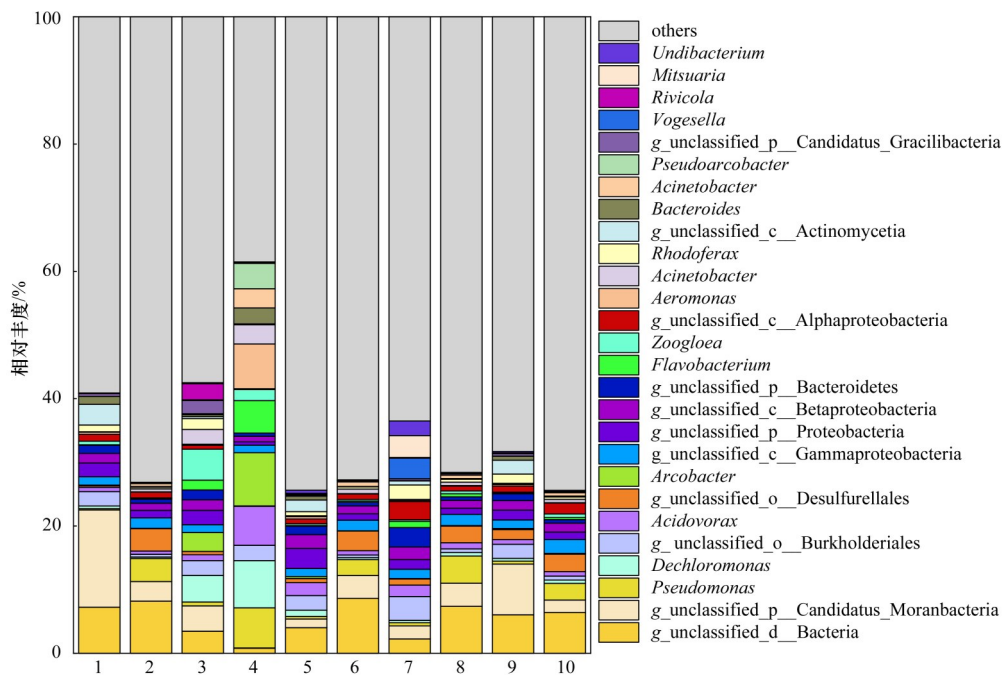
Fig. 3 Microbial community structure at the phylum level in the wastewater samples of the advanced treatment process in summer and winter

深度处理阶段污水中属水平细菌群落结构见图4. 对于已知分类的细菌: 在夏冬两季节反硝化滤池出水中均为优势菌属 (相对丰度 > 2%) 的有脱氯单胞菌属 (*Dechloromonas*, 4.1%~7.4%), *Dechloromonas* 是污水处理过程中一种重要的功能菌属, 具有反硝化^[18]和除磷功能^[19]. 田夏迪等^[20]研究了反硝化滤池稳定阶段滤料表面的生物膜中微生物的群落结构, 发现 *Dechloromonas* 占比为 6.4%, 与本研究反硝化出水中的 *Dechloromonas* 相似. 其次是弓形杆菌属 (*Arcobacter*, 3.0% ~ 8.3%), Kristensen 等^[21]研究发现 *Arcobacter* 是污水中常见的细菌属, 包含大量病原体, 如 *A.cryaerophilus* 和 *A.butzleri*. 继 *Dechloromonas* 和 *Arcobacter* 之后是不动杆菌属 (*Acinetobacter*, 2.3% ~ 3.0%), *Acinetobacter* 属于 γ -变形菌纲, 可以适应广泛的温度和 pH^[22], 部分不动杆菌被确定为人类机会性致病菌, 如鲍曼不动杆菌 (*A.baumannii*). 与

反硝化滤池出水不同, 在夏冬两季深度处理阶段其它工艺出水中, 并没有发现具有明显优势的菌属.

2.3 深度处理阶段污水中细菌群落结构差异分析

为揭示深度处理阶段不同处理单元进出水中细菌群落结构的差异, 基于 Bray-Curtis 距离对各污水样品中门水平和属水平的细菌群落结构进行了主坐标分析 (PCoA), 见图5. 结果表明, 同一季节的滤布滤池出水、臭氧接触池出水和活性炭滤池出水中细菌群落倾向于聚为一类, 意味着这3个深度处理单元出水中细菌群落结构具有很强的相似性; 反硝化滤池出水中的细菌群落结构与其它工艺出水中细菌群落结构存在明显差异. 此外, 冬季和夏季深度处理阶段污水中细菌群落倾向于各自聚为一类, 表明深度处理阶段污水中微生物群落结构具有显著的季节性差异 ($P < 0.05$).



1. S_DeniIn, 2. W_DeniIn, 3. S_DeniOt, 4. W_DeniOt, 5. S_ClothOt, 6. W_ClothOt, 7. S_OzoneOt, 8. W_OzoneOt, 9. S_GACOt, 10. W_GACOt
图4 夏、冬两季深度处理阶段污水样品在属水平的群落结构

Fig. 4 Microbial community structure at the genus level in the wastewater samples of the advanced treatment process in summer and winter

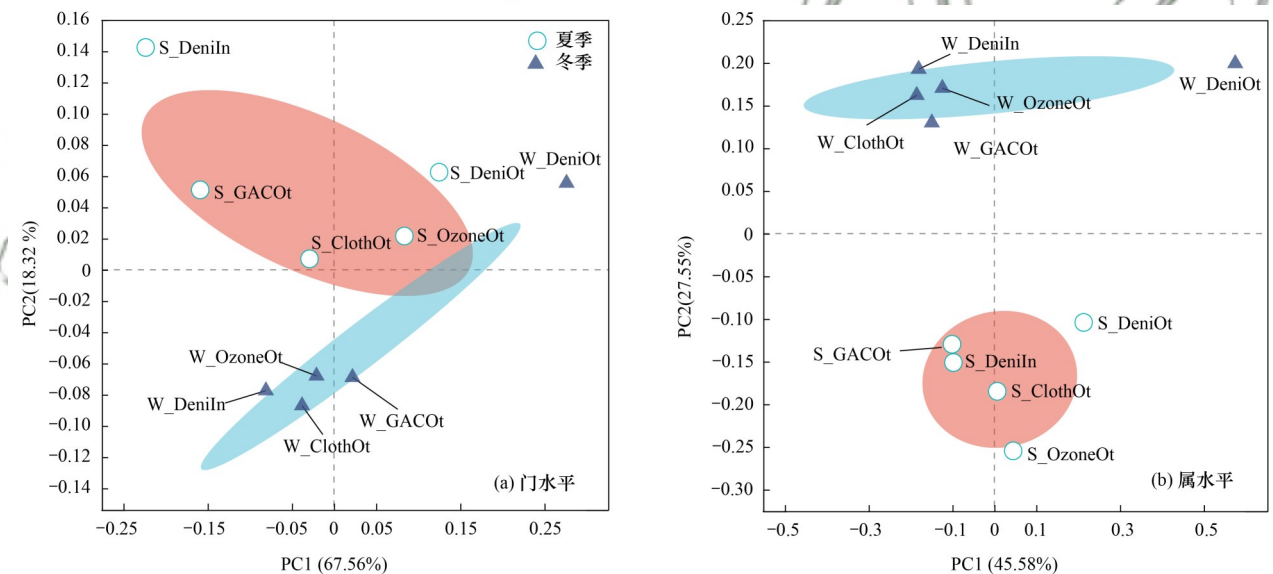


图5 基于Bray-Curtis距离的深度处理阶段污水中细菌群落差异的主坐标分析

Fig. 5 Principal co-ordinates analysis based on Bray-Curtis distances of the bacterial community in wastewater samples of the advanced treatment process

2.4 深度处理阶段污水中细菌氮代谢基因分析

在深度处理阶段各工艺出水中发现大量氮代谢功能基因(见图6). 其中与反硝化作用有关的功能基因包括: *norB*、*nosZ*、*napB*、*nirK*、*norC*和*nirS*等, 其中*norB*和*nosZ*的相对丰度较高.*norB*编码一氧化氮(NO)还原酶, 将反硝化过程中产生的细胞毒素NO转化成无毒的氧化亚氮(N₂O).*nosZ*基因编码N₂O还原酶, 将N₂O还原为N₂, 常被用作检测可进行完全反硝化作用微生物的分子标记. 与氮异化还原有

关的功能基因包括*nrfA*、*nrfH*、*nirB*和*nirD*等, 其中*nirB*的相对丰度最高, 其编码亚硝酸盐还原酶可减少细胞中亚硝态氮的含量, 避免因亚硝酸盐积累对细菌产生危害^[23]. 与氮同化还原有关的功能基因包括*nasA*、*nirA*、*NR*、*nasB*和*narB*等, 其中*nasA*丰度最高, *nasA*可以编码硝酸盐还原酶. 与硝化作用有关的功能基因包括*hao*、*pmoA-amoA*和*pmoA-amoC*等, 但相对丰度都较低. 此外, 与冬季不同, 在夏季样品中发现了与固氮作用有关的功能基因, 包括

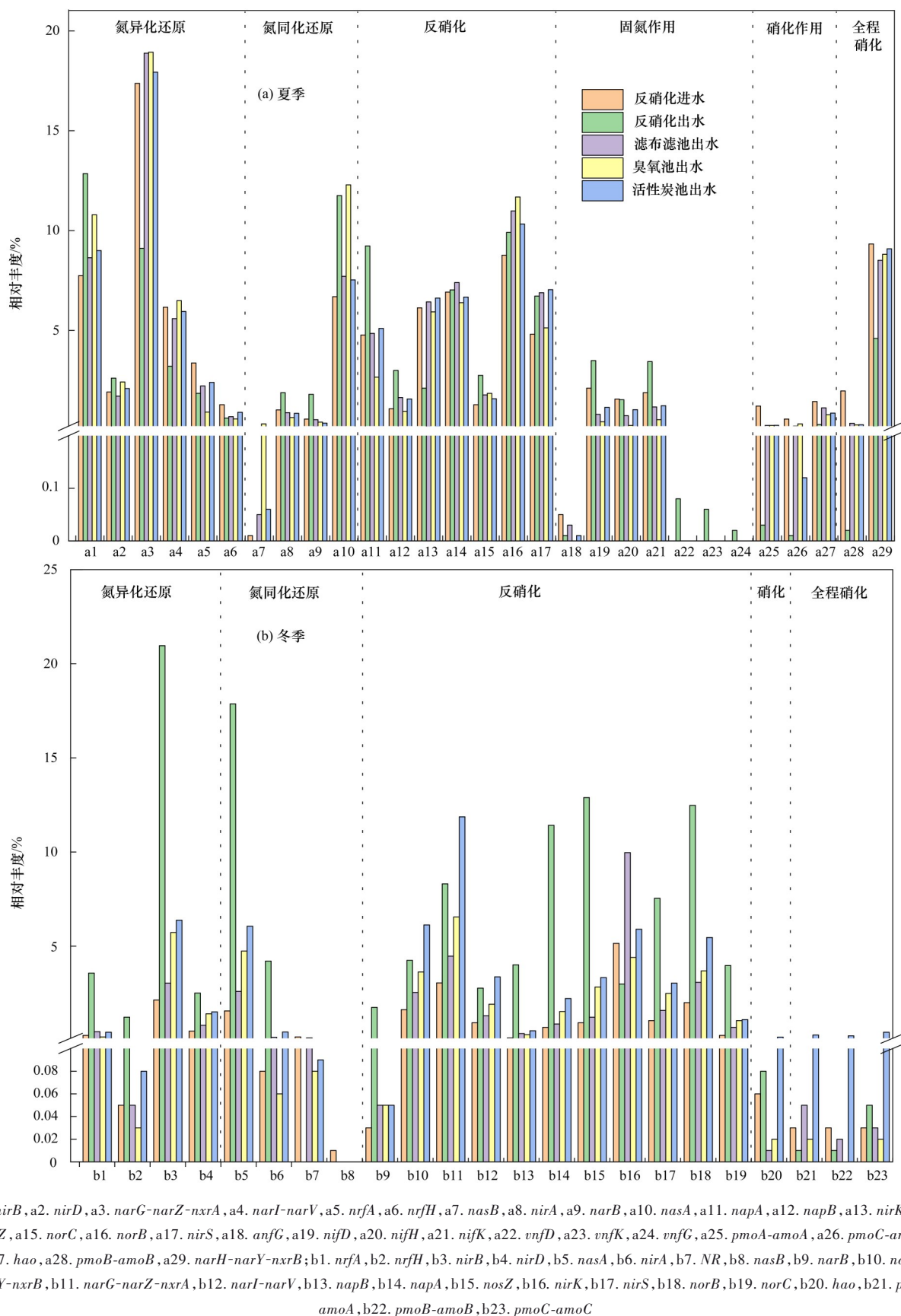


图6 夏季和冬季各工艺段出水中氮循环相关基因丰度

Fig. 6 Abundance of the genes related to nitrogen cycling in summer samples and winter samples

anfG、*nifD*、*nifH*、*nifK*、*vnfD*、*vnfK*和*vnfG*等。

反硝化滤池出水中氮代谢功能基因的丰度显著

高于其它工艺出水中氮代谢功能基因的丰度($P < 0.05$)。与其它工艺出水相比,反硝化滤池出水中的细

菌表现出更大的脱氮潜力，推测与反硝化滤池是脱氮作用主要发生场所有关。然而，除反硝化滤池出水外，其它深度处理工艺的出水中同样发现了与氮代谢功能基因有关的，意味着深度处理阶段污水中的细菌具有持续脱氮的潜力。当这些细菌随尾水进入受纳水体中，对环境氮循环过程也将产生影响，污水处理厂可以被视为环境脱氮菌储存库之一。

此外，与臭氧接触池进水相比，夏冬两季臭氧接触池出水中与氮异化还原有关的 *narZ*、*narV* 和 *nirB* 以及与氮同化还原有关的 *nasA* 丰度上升，另外与反硝化有关的 *nirK* 和 *nosZ* 等丰度也有一定程度上升。这可能是由于臭氧对水中细菌也具备毒性，含氮有机物可能在细菌细胞被臭氧破坏的过程中被释放到水中，接着被氧化成硝态氮^[24]。硝态氮的含量上升对细菌产生选择作用，编码氮还原酶的基因丰度可能因此上升。有研究发现经过臭氧氧化细胞中的有机物也被释放到水中，可以为反硝化提供碳源，因此反硝化能力得到提高^[25]。在本研究中，臭氧接触池出水中反硝化有关的基因丰度增加也表明

了臭氧处理可能促进生物脱氮。

2.5 深度处理阶段污水中细菌碳水化合物活性酶分析

深度处理阶段的碳水化合物主要是难降解有机物和细菌细胞体中的有机质，后者是细菌维持自身生命活动所需的重要底物。如图7所示，深度处理阶段各工艺出水中的 CAZymes 主要为糖基转移酶类 (glycosyl transferases, GTs) 和糖苷水解酶类 (glycoside hydrolases, GHs)，而碳水化合物酯酶类 (carbohydrate esterases, CEs)、碳水化合物辅助酶类 (auxiliary activities, AAs)、碳水化合物结合模块 (carbohydrate-binding modules, CBMs) 和多糖裂解酶 (polysaccharide lyases, PLs) 占比较少。GHs 是细菌碳水化合物代谢过程中的关键酶，作用于各种糖苷或寡糖使糖苷键水解^[26]，对细菌抗生素、肽和氨基酸等合成有重要作用。GTs 通过糖苷键的形成催化受体分子加上糖基，是糖基化的关键酶类，而糖基化产物不仅是构建细胞壁的组分，也可以与多种受体连接实现调节生物活性和分子识别等生物学功能^[27]。

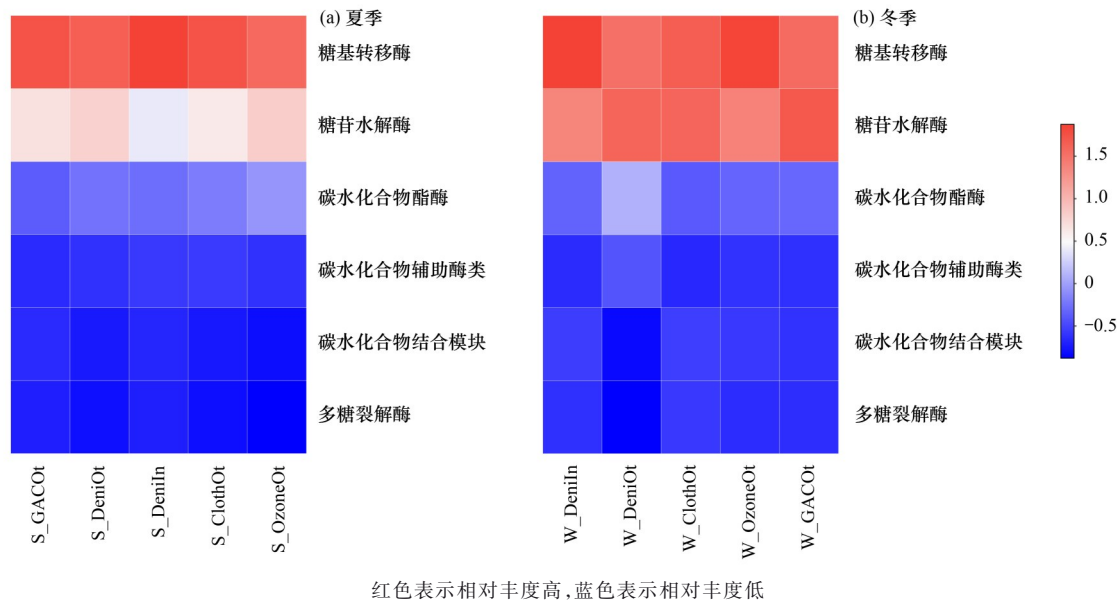


图7 夏季和冬季样品中Class层级CAZymes的分布

Fig. 7 Class level of CAZymes in summer samples and winter samples

目前 CAZy 数据库中在家族 (Family 和 SubFamily) 层级水平分类中包含 116 种 GTs、386 种 GHs、20 种 CEs、85 种 PLs、17 种 AAs 和 94 种 CBMs。通过对 CAZymes 在 Family 层级上进行注释，各样品中 CAZymes 种类数量见表 3。在深度处理阶段发现多种 CAZymes，表明深度处理系统污水中细菌可能对多种碳水化合物具有较强的降解潜力，这对细菌的增殖和净化功能具有重要意义。

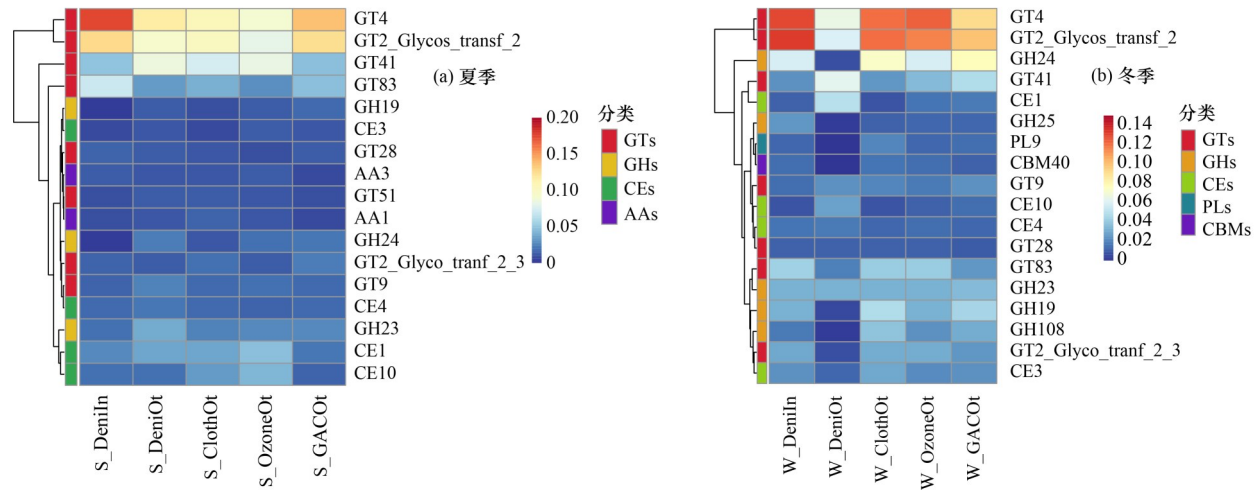
各样品中高丰度 CAZymes 家族 (相对丰度 > 1%) 的分布如图 8 所示。夏季样本共鉴定出 17 种高丰度

CAZymes 家族，分别属于 8 个 GTs、3 个 GHs、4 个 CEs 和 2 个 AAs。冬季样本中共鉴定出 18 种高丰度 CAZymes 家族，包括 7 个 GTs、5 个 GHs、4 个 CEs、1 个 PLs 和 1 个 CBMs。其中 GT4 是深度处理阶段污水中相对丰度最高的 CAZymes 家族。GT4 家族中包含了多种糖苷转移酶，如葡萄糖转移酶，可以提高细菌对复杂碳水化合物的降解能力。GT4 家族主要由变形菌分泌，而变形菌门是各工艺出水中的优势菌门，可能是 GT4 在深度处理阶段中相对丰度最高的原因。

表 3 不同单元进出水中 CAZymes 在 Family/SubFamily 层级种类数量

Table 3 Number of CAZymes at Family/SubFamily level in the influent and effluent of different processes

项目	季节	GTs	GHs	CEs	CBMs	AAs	PLs	总和
反硝化滤池进水	冬季	86	268	16	82	21	0	451
	夏季	96	264	16	52	19	61	508
反硝化滤池出水	冬季	85	256	15	59	20	47	482
	夏季	89	257	16	48	20	63	431
滤布滤池出水	冬季	78	236	15	55	20	13	406
	夏季	88	251	16	48	19	59	423
臭氧接触池出水	冬季	80	270	16	56	19	21	427
	夏季	90	256	16	46	19	69	494
活性炭滤池出水	冬季	85	257	14	57	18	30	434
	夏季	92	262	16	48	20	72	439



红色表示相对丰度高,蓝色表示相对丰度低;最左侧侧柱表示 CAZymes 的类型

图 8 夏季和冬季样品 Family/SubFamily 层级的 CAZymes 分布

Fig. 8 Family/SubFamily level of CAZymes in summer samples and winter samples

3 结论

(1)细菌 α 多样性分析结果表明,夏季时深度处理阶段不同工艺出水中细菌的丰富度变化较小,冬季时变化较大;不同深度处理工艺出水中细菌的多样性存在差异,臭氧接触池出水中细菌的多样性最低;温度影响了深度处理阶段污水中细菌的丰富度和多样性,随着温度降低,细菌的丰富度和多样性也随之下降。

(2)细菌群落结构分析表明,不同季节深度处理阶段污水中的细菌群落结构变化较大,反硝化滤池出水中细菌群落结构与其它样品存在较大差异。门水平上,变形菌门是深度处理阶段污水中的最优势菌门(相对丰度 > 5%),其次是拟杆菌门。属水平上,反硝化滤池出水中主要菌属是脱氮单胞菌、弓形杆菌和不动杆菌,而在夏冬两季深度处理阶段其它工艺出水中,并没有发现具有明显优势的菌属(相对丰度 > 2%)。

(3)在深度处理阶段各工艺出水中共发现了 29

种与氮代谢有关的功能基因,同时在各工艺出水中均鉴定出反硝化功能基因,其中反硝化滤池出水中氮代谢功能基因相对丰度最高,表明深度处理阶段污水中的细菌具有持续脱氮的潜力。

(4)基于 Class 与 Family/SubFamily 层级的 CAZy 分析显示,深度处理阶段出水中细菌可以分泌多种碳水化合物活性酶,其中, GHs 和 GTs 是主要的碳水化合物活性酶,对碳水化合物具有较大的降解潜力。

参考文献:

[1] 赵志瑞, 张佳瑶, 李铎, 等. 生物膜生态浮床对城市尾水净化特征分析[J]. 环境科学, 2020, 41(2): 809-814.
Zhao Z R, Zhang J Y, Li D, et al. Purification characteristics of urban tail water from sewage treatment plant by biofilm ecological floating bed[J]. Environmental Science, 2020, 41(2): 809-814.
[2] 王钰涛, 范晨阳, 朱金鑫, 等. 尾水排放对受纳水体底栖生物膜细菌群落和水溶性有机质的影响机制[J]. 环境科学, 2021, 42(12): 5826-5835.
Wang Y T, Fan C Y, Zhu J X, et al. Impacts of wastewater effluent discharge on bacteria community and water-soluble organic matter in benthic biofilm in receiving river[J]. Environmental Science, 2021, 42(12): 5826-5835.

- [3] Jiang L, Wu A Q, Fang D X, *et al.* Denitrification performance and microbial diversity using starch-polycaprolactone blends as external solid carbon source and biofilm carriers for advanced treatment [J]. *Chemosphere*, 2020, **255**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2020.126901.
- [4] Kalinowska A, Pierpaoli M, Jankowska K, *et al.* Insights into the microbial community of treated wastewater, its year-round variability and impact on the receiver, using cultivation, microscopy and amplicon-based methods [J]. *Science of the Total Environment*, 2022, **829**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2022.154630.
- [5] Montuelle B, Volat B, Torio-Fernandez M M, *et al.* Changes in *Nitrobacter* serotypes biodiversity in a river: impact of a wastewater treatment plant discharge [J]. *Water Research*, 1996, **30** (5): 1057-1064.
- [6] 李激, 王燕, 罗国兵, 等. 城镇污水处理厂一级A标准运行评估与再提标重难点分析[J]. *环境工程*, 2020, **38**(7): 1-12.
Li J, Wang Y, Luo G B, *et al.* Operation evaluation of urban sewage treatment plants implementing grade I-A standard and analysis on emphasis and difficulties in upgrading the standard [J]. *Environmental Engineering*, 2020, **38**(7): 1-12.
- [7] DB 32/1072-2018, 太湖地区城镇污水处理厂及重点工业行业主要水污染物排放限值[S].
- [8] 吕顺, 戴栋超. 污水处理厂高标准提标改造思路——以苏州木渎新城污水厂为例[J]. *净水技术*, 2021, **40**(6): 107-114, 162.
Lü S, Dai D C. High level upgrading and reconstruction of wastewater treatment plant—a case of Suzhou Mudu WWTP [J]. *Water Purification Technology*, 2021, **40**(6): 107-114, 162.
- [9] 齐亚玲, 狄剑英, 林甲, 等. 曝气生物滤池多模式运行用于城镇污水厂深度处理[J]. *中国给水排水*, 2022, **38**(20): 85-89.
Qi T L, Di J Y, Lin J, *et al.* Application of biological aerated filter with multi-mode operation in advanced treatment of WWTP [J]. *China Water & Wastewater*, 2022, **38**(20): 85-89.
- [10] 杨岚, 彭永臻, 李健伟, 等. 缺氧MBBR耦合部分厌氧氨氧化强化城市生活污水深度脱氮[J]. *环境科学*, 2019, **40**(8): 3668-3674.
Yang L, Peng Y Z, Li J W, *et al.* Advanced denitrification of municipal wastewater achieved via partial ANAMMOX in anoxic MBBR [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(8): 3668-3674.
- [11] 周亚坤, 杨宏, 王少伦, 等. 包埋反硝化填料强化二级出水深度脱氮性能研究及中试应用[J]. *环境科学*, 2020, **41**(2): 849-855.
Zhou Y K, Yang H, Wang S L, *et al.* Research on denitrification performance of enhanced secondary effluent by embedded denitrification filler and pilot application [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(2): 849-855.
- [12] 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.
- [13] Fang D X, Zhao G, Xu X Y, *et al.* Microbial community structures and functions of wastewater treatment systems in plateau and cold regions [J]. *Bioresource Technology*, 2018, **249**: 684-693.
- [14] Zhang T, Shao M F, Ye L. 454 pyrosequencing reveals bacterial diversity of activated sludge from 14 sewage treatment plants [J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(6): 1137-1147.
- [15] Lee H W, Lee S Y, Lee J W, *et al.* Molecular characterization of microbial community in nitrate-removing activated sludge [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2002, **41**(2): 85-94.
- [16] 李思敏. 污水厂二级出水深度处理O₃+MBSF工艺及微生物群落结构特性研究[D]. 太原: 太原理工大学, 2016.
Li S M. Research on advanced treatment process and microflora structural characteristics of O₃+MBSF for secondary effluent of the WWTP [D]. Taiyuan: Taiyuan University of Technology, 2016.
- [17] Li L, He Q, Ma Y, *et al.* Dynamics of microbial community in a mesophilic anaerobic digester treating food waste: relationship between community structure and process stability [J]. *Bioresource Technology*, 2015, **189**: 113-120.
- [18] Khan S T, Horiba Y, Yamamoto M, *et al.* Members of the family *Comamonadaceae* as primary poly (3-Hydroxybutyrate-co-3-hydroxyvalerate) -degrading denitrifiers in activated sludge as revealed by a polyphasic approach [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2002, **68**(7): 3206-3214.
- [19] Zhao W H, Bi X J, Peng Y Z, *et al.* Research advances of the phosphorus-accumulating organisms of *Candidatus Accumulibacter*, *Dechloromonas* and *Tetrasphaera*: metabolic mechanisms, applications and influencing factors [J]. *Chemosphere*, 2022, **307**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2022.135675.
- [20] 田夏迪, 张树军, 杨岸明, 等. 城市污水厂部分反硝化滤池启动及运行[J]. *中国环境科学*, 2020, **40**(3): 1068-1074.
Tian X D, Zhang S J, Yang A M, *et al.* Study on start-up and operation of partial denitrification filter in municipal wastewater treatment plant [J]. *China Environmental Science*, 2020, **40**(3): 1068-1074.
- [21] Kristensen J M, Nierychlo M, Albertsen M, *et al.* Bacteria from the genus *Arcobacter* are abundant in effluent from wastewater treatment plants [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2020, **86** (9), doi: 10.1128/AEM.03044-19.
- [22] Dekic S, Hrenovic J, Ivankovic T, *et al.* Survival of ESKAPE pathogen *Acinetobacter baumannii* in water of different temperatures and pH [J]. *Water Science and Technology*, 2018, **78** (5-6): 1370-1376.
- [23] Yılmaz H, İbici H N, Erdoğan E M, *et al.* Nitrite is reduced by nitrite reductase NirB without small subunit NirD in *Escherichia coli* [J]. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 2022, **134** (5): 393-398.
- [24] 王琳, 孙德栋. 臭氧氧化污泥的试验研究[J]. *环境污染与防治*, 2005, **27**(2): 99-102.
Wang L, Sun D D. Study on sludge ozonation [J]. *Environmental Pollution & Control*, 2005, **27**(2): 99-102.
- [25] 鲁智礼, 庞朝辉, 王海燕, 等. 原位臭氧氧化对活性污泥系统硝化和反硝化作用的影响研究[J]. *环境污染与防治*, 2012, **34** (7): 1-5.
Lu Z L, Pang Z H, Wang H Y, *et al.* Study on the effect of simultaneous ozonation on nitrification and denitrification of activated sludge system [J]. *Environmental Pollution and Control*, 2012, **34**(7): 1-5.
- [26] Coines J, Raich L, Rovira C. Modeling catalytic reaction mechanisms in glycoside hydrolases [J]. *Current Opinion in Chemical Biology*, 2019, **53**: 183-191.
- [27] González-Faune P, Sánchez-Arévalo I, Sarkar S, *et al.* Computational study on temperature driven structure-function relationship of polysaccharide producing bacterial glycosyl transferase enzyme [J]. *Polymers*, 2021, **13**(11), doi: 10.3390/polym13111771.

CONTENTS

Spatio-temporal Evolution, Dynamic Transition, and Convergence Trend of Urban Carbon Emission Intensity in China	YANG Qing-ke, WANG Lei, ZHU Gao-li, <i>et al.</i> (1869)
Spatio-temporal Evolution and Trend Prediction of Transport Carbon Emission Efficiency	ZHENG Yan, JIANG Xue-mei, XIAO Yu-jie (1879)
Research on Carbon Emission Decoupling Factors Based on STIRPAT Model and LMDI Decomposition	ZHANG Jiang-yan (1888)
Carbon Peak Pathways of Industrial Parks Based on the LEAP Model: A Case Study of a National Development Zone in Nanjing	LI Hui-peng, LI Li, YIN Yin, <i>et al.</i> (1898)
Accounting and Analysis of Carbon Emissions in Universities: A Case Study of Beijing A University	CAO Rui, FENG Li, ZHANG Li-qiu (1907)
Synergy Effects and Driving Factors of Pollution and Carbon Emission Reduction in Manufacturing Industry in Beijing	YU Shan, HAN Yu-hua, MU Jie, <i>et al.</i> (1917)
Carbon Emissions Trading Prices and Total Factor Productivity: Evidence from China	WU Xue-ping (1926)
Analysis of Spatio-temporal Distribution Characteristics and Influencing Factors of PM _{2.5} and PM ₁₀ in Chinese Cities	LI Jiang-su, DUAN Liang-rong, ZHANG Tian-jiao (1938)
Spatial-temporal Characteristics and Influencing Factors of PM _{2.5} and Ozone in the Border Area of Jiangsu, Anhui, Shangdong, and Henan from 2017 to 2021	CHEN Wei, XU Xue-zhe, LIU Wen-qing (1950)
Analysis of the Characteristics and Causes of PM _{2.5} and O ₃ Pollution in Xi'an During the Epidemic Lockdown Period	YUAN Xiao-hong, ZHANG Qiang, LI Qi, <i>et al.</i> (1963)
PM _{2.5} Chemical Composition and Spatial Variability in the Five Cities of Southern Jiangsu During Fall and Winter	FENG Wei, DING Feng, SHANG Yue, <i>et al.</i> (1975)
Source Apportionment of Fine Particles in Xianning, Hubei	LUO Yi, ZHU Kuan-guang, CHEN Pu-long, <i>et al.</i> (1983)
Spillover Benefits of Ammonia Emission Reduction in Xingtai Area to the Improvement of Atmospheric PM _{2.5} Concentration in the Beijing-Tianjin-Hebei Region	BIAN Ze-jun, WEN Chao-yu, LANG Jian-lei, <i>et al.</i> (1994)
Characteristics, Risk Assessment, and Sources of the Polluted Metallic Elements in PM _{2.5} During Winter in Liaocheng City	ZHANG Jing-qiao, ZHU Yao, CAO Ting, <i>et al.</i> (2003)
Composition Characteristics of Typical VOCs Sources in the Highland City of Lhasa	GUO Shu-zheng, YE Chun-xiang, LIN Wei-li, <i>et al.</i> (2011)
VOCs Pollution Characteristics and Health Risk Assessment in Typical Industrial Parks in Beijing: Environmental Impact of High and New Technology Industries	WANG Jie, YAO Zhen, WANG Min-yan, <i>et al.</i> (2019)
Analysis of a Typical Ozone Pollution Process in the Chengdu Plain Under the Influence of High Temperature Extremes	LEI Li-juan, ZHANG Yi, LUO Yi-na, <i>et al.</i> (2028)
Presence, Behavior, and Risk of Antiviral Drugs in the Aqueous Environment	GE Lin-ke, LI Xuan-yan, CAO Sheng-kai, <i>et al.</i> (2039)
Spatio-temporal Variation and Probability Health Risk of Heavy Metals in Surface Water of Xiaolangdi Reservoir in the Yellow River	WANG Liang, DENG Xue-jiao, WANG Xiao-lei, <i>et al.</i> (2054)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Strontium Enrichment of the Duoqu River Basin in Eastern Xizang	LI Jing-jie, LIAN Sheng, WANG Ming-guo, <i>et al.</i> (2067)
Characteristics of Stable Isotopes in Precipitation and Its Moisture Sources in the Inland Regions of Northwest China	ZHANG Yan-yan, XIN Cun-lin, GUO Xiao-yan, <i>et al.</i> (2080)
Recharge Source and Evolution Process of Karst Groundwater in Tai'an Urban Area Based on Hydrochemistry and Hydrogen and Oxygen Isotopes	MENG Ling-hua (2096)
Hydrochemical Characteristics and Influencing Factors of Surface Water and Groundwater in the Mountainous Area of Danjiang River Basin	ZHANG Zi-yan, FU Yong-peng, WANG Ning-tao, <i>et al.</i> (2107)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Groundwater in Yuanyangchi Irrigation Area, Jinta Basin	WANG Xiao-yan, HAN Shuang-bao, ZHANG Meng-nan, <i>et al.</i> (2118)
Hydrochemical Characteristics and Health Risk Assessment of Shallow Groundwater in the Plain Zone of Deyang City	LIU Nan, CHEN Meng, GAO Dong-dong, <i>et al.</i> (2129)
Spatial and Temporal Distribution of Microplastics in the Sediments of Typical Urban River Network	XU Wan-lu, FAN Yi-fan, QIAN Xin (2142)
Construction of Nitrogen Emission Inventory at Sub-basin Scale and Analysis of Key Sources in Fuxian Lake Watershed	WANG Yan-jie, LIANG Qi-bin, WANG Yan-xia, <i>et al.</i> (2150)
Preparation of Lanthanum Crosslinked Calcium Peroxide/Sepiolite/Sodium Alginate Composite Hydrogels and Their Elimination Performance for Endogenous Phosphorus	QU Si-tong, SHAN Su-jie, WANG Chong-ming, <i>et al.</i> (2160)
Formation Mechanism, Structural Characteristics of Ultrafine Mineral Particles, and Their Environmental Effects	LIU Zhen-hai, ZHANG Zhan-hua, YUAN Yu-xin, <i>et al.</i> (2171)
Research Progress in Application of Biochar-immobilized Bacteria Composites in Environmental Remediation	SUN Shu-yu, HUANG Meng-xin, KONG Qiang, <i>et al.</i> (2185)
Effect of Microplastics on Ammonia Nitrogen Adsorption by Zeolite in Water and Its Mechanism	LIAN Jian-jun, XIE Shi-ting, WU Pei, <i>et al.</i> (2195)
Mechanism of Ultraviolet Aging Effect on the Adsorption of Ciprofloxacin by Nano-biochar	MA Feng-feng, XUE Zhi-yi, ZHAO Bao-wei (2203)
Response of Phytoplankton Communities and Environmental Factors Under the Influence of Land Use in the Wuding River Basin	GUO Shan-song, HU En, DING Yi-tong, <i>et al.</i> (2211)
Bacterial Community Diversity and Functional Gene Abundance of Culturable Bacteria in the Wetland of Poyang Lake	YU Jiang, WANG Chun, LONG Yong, <i>et al.</i> (2223)
Bacterial Community Structure and Its Relationship with Heavy Metals in Sediments of Diannong River	LIU Shuang-yu, MENG Jun-jie, QIU Xiao-cong, <i>et al.</i> (2233)
Impacts of Treated Wastewater on Bacterial and Fungal Microbial Communities in Receiving Rivers	GUO You-shun, YU Zhong, HAO Wen-bin, <i>et al.</i> (2246)
Metagenomics Reveals the Characteristics and Functions of Bacterial Community in the Advanced Wastewater Treatment Process	HU Jian-shuang, WANG Yan, ZHOU Zheng, <i>et al.</i> (2259)
Spatio-temporal Characteristics of Habitat Quality and Natural-human Driven Mechanism in Dabie Mountain Area	ZHENG Ya-ping, ZHANG Jun-hua, TIAN Hui-wen, <i>et al.</i> (2268)
Hyperspectral Inversion of Soil Organic Matter Content Based on Continuous Wavelet Transform, SHAP, and XGBoost	YE Miao, ZHU Lin, LIU Xu-dong, <i>et al.</i> (2280)
Effects of Straw Retention, Film Mulching, and Nitrogen Input on Soil Quality in Dryland Wheat Field	YE Zi-zhuang, WANG Song-yan, LU Xiong, <i>et al.</i> (2292)
Effects of Long-term Application of Organic Fertilizer on the Occurrence and Migration Characteristics of Soil Microplastics	WANG Chang-yuan, MA Xiao-chi, GUO De-jie, <i>et al.</i> (2304)
Effect of Different Soil Salinities on N ₂ O Emission: A Meta-analysis	HUANG Yi-hua, SHE Dong-li, SHI Zhen-qi, <i>et al.</i> (2313)
Assessment and Prediction of Carbon Storage Based on Land Use/Land Cover Dynamics in the Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area	ZHENG Hui-ling, ZHENG Hui-feng (2321)
Simulation of Temporal and Spatial Changes in Ecosystem Carbon Storage in Funiu Mountains Based on InVEST Model	ZHANG Zhe, SHI Zhen-qin, ZHU Wen-bo, <i>et al.</i> (2332)
Relationship Between Microbial Nutrient Limitation and Soil Organic Carbon Fraction During Shelterbelts Construction	XU Feng-jing, HUANG Yi-mei, HUANG Qian, <i>et al.</i> (2342)
Characteristics and Driving Forces of Organic Carbon Mineralization in Brown Soil with Long-term Straw Returning	ZHAO Yu-hang, YIN Hao-kai, HU Xue-chun, <i>et al.</i> (2353)
Effects of Winter Green Manure Mulching on Soil Aggregates, Organic Carbon, and AMF Diversity	LU Ze-rang, CHEN Jia-yu, LI Zhi-xian, <i>et al.</i> (2363)
Spatial and Temporal Distribution of Nitrogen in the Liaohe River Basin and Its Responses to Land Use and Rainfall	ZHOU Bo, LI Xiao-guang, TONG Si-chen, <i>et al.</i> (2373)
Nitrous Oxide Emissions from Ponds in Typical Agricultural Catchment with Intensive Agricultural Activity	ZHANG Xin-yue, XIAO Qi-tao, XIE Hui, <i>et al.</i> (2385)
Effects of Biochar Combined with Different Types of Nitrogen Fertilizers on Denitrification Bacteria Community in Vegetable Soil	LIU Xiao-wan, LIU Xing-ren, GAO Shang-jie, <i>et al.</i> (2394)
Investigation of Soil Microbial Characteristics During Stand Development in <i>Pinus tabulaeformis</i> Forest in Taiyue Mountain	MA Yi-shu, CAO Ya-xin, NIU Min, <i>et al.</i> (2406)
Simulation of Heavy Metal Content in Soil Based on Sparse Sample Sites	ZHANG Jia-qi, PAN Yu-chun, GAO Shi-chen, <i>et al.</i> (2417)
Identification Priority Source of Heavy Metal Pollution in Greenspace Soils Based on Source-specific Ecological and Human Health Risk Analysis in the Yellow River Custom Tourist Line of Lanzhou	LI Jun, LI Xu, LI Kai-ming, <i>et al.</i> (2428)
Heavy Metal Accumulation and Assessment of Potential Ecological Risk Caused by Soil pH Changes in Different Types of Purple Soils in Southwest China	ZHANG Hai-lin, ZHANG Yu, WANG Ding, <i>et al.</i> (2440)
Assessment and Source Analysis of Heavy Metal Pollution in Arable Land Around an Iron Ore Mining Area in Chongqing	LIAO Ze-yuan, LI Jie-qin, SHEN Zhi-jie, <i>et al.</i> (2450)
Health Risk Assessment of Heavy Metals in Farmland Soils and Crops Around Metal Mines	WEI Hong-bin, LUO Ming, XIANG Lei, <i>et al.</i> (2461)
Effect of Red Mud-based Nano Zero-valent Iron on Remediation of Polymetallic Contaminated Soil	LIU Long-yu, YANG Shi-li, ZHAO Huang-shi-yu, <i>et al.</i> (2474)
Effects of Zinc Application on Cadmium Accumulation in Alkaline Soil-Wheat Seeding Systems	ZHANG Yao, WANG Tian-qi, NIU Shuo, <i>et al.</i> (2480)