

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

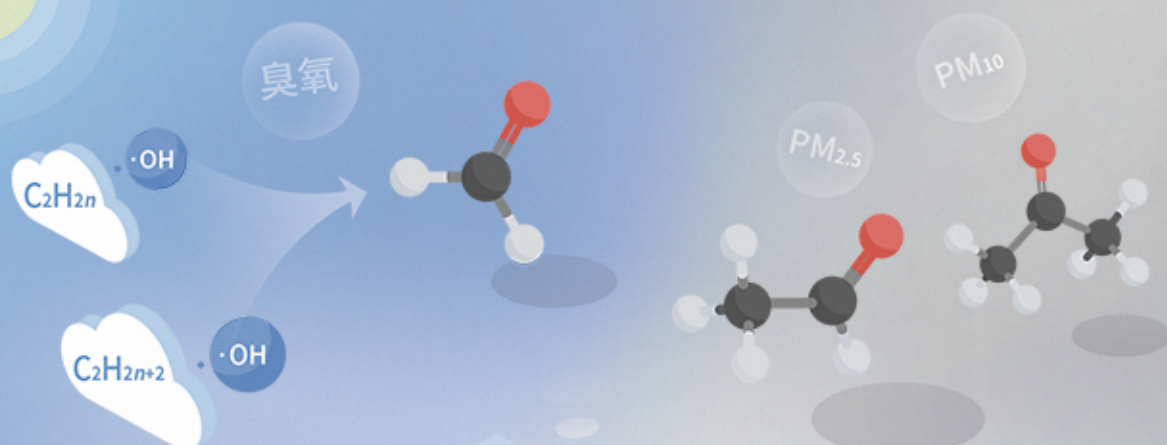
环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

基于PMF和源示踪物比例法的大气羰基化合物来源解析：以南京市观测为例
胡崑，王鸣，王红丽，景盛翱，陈文泰，卢兴东



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年1月

第42卷 第1期
Vol.42 No.1

目次

2019年国庆节前后北京气态氨和气溶胶铵盐浓度的同步观测	顾梦娜, 潘月鹏, 宋琳琳, 李萍, 田世丽, 武岳洋, 杨婷婷, 李浩洋, 石生伟, 吐莉尼沙, 吕雪梅, 孙倩, 方运霆 (1)
基于无人机探空和数值模拟天津一次重污染过程分析	杨旭, 蔡子颖, 韩素芹, 史静, 唐颖潇, 姜明, 邱晓滨 (9)
中原城市群典型城市秋冬季大气 PM _{2.5} 污染特征及溯源	苗青青, 姜楠, 张瑞芹, 赵孝因, 齐静文 (19)
沈阳市冬季大气 PM _{2.5} 中水溶性离子污染特征及来源解析	王国祯, 任万辉, 于兴娜, 侯思宇, 张毓秀 (30)
保定地区 PM _{2.5} 中重金属元素的污染特征及健康风险评价	雷文凯, 李杏茹, 张兰, 徐静, 赵文吉, 刘子锐 (38)
基于 PMF 和源示踪物比例法的大气羰基化合物来源解析: 以南京市观测为例	胡崑, 王鸣, 王红丽, 景盛翔, 陈文泰, 卢兴东 (45)
2019年天津市挥发性有机物污染特征及来源	高璟贇, 肖致美, 徐虹, 李立伟, 李鹏, 唐邈, 杨宁, 李源, 毕温凯, 陈魁 (55)
柳州市春季大气挥发性有机物污染特征及源解析	刘齐, 卢星林, 曾鹏, 于爽 (65)
天津市郊夏季的臭氧变化特征及其前体物 VOCs 的来源解析	罗瑞雪, 刘保双, 梁丹妮, 毕晓辉, 张裕芬, 冯银厂 (75)
2017年春夏期间南京地区臭氧污染输送影响及潜在源区	谢放尖, 陆晓波, 杨峰, 李文青, 李洁, 谢轶嵩, 王艳, 刘益和, 王庆九, 胡建林 (88)
2006~2019年珠三角地区臭氧污染趋势	赵伟, 高博, 卢清, 钟志强, 梁小明, 刘明, 马社霞, 孙家仁, 陈来国, 范绍佳 (97)
大型石化企业邻近区域大气沉降中多环芳烃赋存特征及源解析	李大雁, 齐晓宝, 吴健, 黄沈发, 王敏, 沙晨燕, 沈城 (106)
叶片大气颗粒物滞纳能力评估方法的定量对比	岳晨, 李广德, 席本野, 曹治国 (114)
东江流域敌敌畏的排放量估算及归趋模拟	张冰, 张芊芊, 应光国 (127)
松花江哈尔滨段及阿什河抗生菌的分布规律与生态风险评估	杨尚乐, 王旭明, 王伟华, 胡雪莹, 高立伟, 孙兴滨 (136)
东北小兴凯湖沉积物 POPs 污染特征及生态风险评估	李慧, 李捷, 宋鹏, 程云轩, 焦立新, 杨亚铮 (147)
河南省地表水源中 PPCPs 分布及生态风险评估	周颖, 吴东海, 陆光华, 姚晶晶, 魏磊, 韩枫 (159)
无锡-常州地下水中内分泌干扰物的赋存特征和健康风险评估	王淑婷, 饶竹, 郭峰, 刘成海, 战楠, 王娅南, 彭洁, 杨鸿波 (166)
清江流域地表水重金属季节性分布特征及健康风险评估	刘昭, 周宏, 曹文佳, 刘伟, 兰圣涛 (175)
会仙岩溶湿地丰平枯时期地下水金属元素污染与健康风险	李军, 赵一, 邹胜章, 蓝美宁, 樊连杰, 谢浩, 秦月, 朱丹尼 (184)
三峡库区城镇化影响下河流 DOM 光谱特征季节变化	陈昭宇, 李思悦 (195)
不同植物覆盖下黄河三角洲湿地土壤中微塑料的分布	岳俊杰, 赵爽, 程昊东, 段鑫越, 石洪华, 汪磊, 端正花 (204)
基于宏基因组学探讨东平湖水库的菌群结构、耐药基因谱及其公共健康风险	张红娜, 崔娜, 申红妙 (211)
分层型水库藻类季相演替的细菌种群驱动机制	闫苗苗, 张海涵, 黄廷林, 宗容容, 刘凯文, 苗雨甜, 杨尚业, 黄鑫, 王娜 (221)
丹江口库区浮游真菌组成与功能及其影响因素	郑保海, 王晓宇, 李英军, 陈彦, 李百炼, 李玉英, 陈兆进 (234)
太湖出流河道藻颗粒变化及其水质效应	郭宇龙, 许海, 陈旭清, 郑建中, 詹旭, 朱广伟, 朱梦圆 (242)
石盘丘小流域不同土地利用方式下土壤氮磷流失形态及通量	邓华, 高明, 龙翼, 黎嘉成, 王莹燕, 王子芳 (251)
前期干旱天数对生物滞留系统除氮性能的影响	陈焱, 李欣芮, 郑爽, 刘臻, 余雪花, 程启洪 (263)
浒苔生物炭对雨水径流中氨氮的吸附特性及吸附机制	陈友媛, 李培强, 李闲驰, 孙萍, 赵新月, 李洁, 李晋, 辛至然 (274)
填料对潮汐流人工湿地中 CANON 作用强化的影响	刘冰, 郑煜铭, 秦会安, 古励 (283)
FeMnNi-LDHs 对水中 As(Ⅲ) 的吸附性能与机制	廖玉梅, 余杰, 魏世强, 蒋珍茂 (293)
硝酸钙添加和铅改性膨润土覆盖联用控制底泥中磷释放的效果及机制	张宏华, 林建伟, 詹艳慧, 俞阳, 张志斌 (305)
某市污水厂抗生素和抗生素抗性基因的分布特征	颜亚玮, 於驰晟, 李菲菲, 姚鹏城, 刘宏远 (315)
不同污泥在微波预处理-厌氧消化过程中抗性基因分布及菌群结构演替	李慧莉, 武彩云, 唐安平, 佟娟, 魏源送 (323)
天然富硒土地划定的富硒阈值	王惠艳, 曾道明, 郭志娟, 成晓梦, 彭敏, 孙跃 (333)
融合自然-人为因子改进回归克里格对土壤镉空间分布预测	高中原, 肖荣波, 王鹏, 邓一荣, 戴伟杰, 刘楚藩 (343)
南方典型水稻土镉(Cd)累积规律模拟	戴雅婷, 傅开道, 杨阳, 王美娥, 陈卫平 (353)
闽西南土壤-水稻系统重金属生物可给性及健康风险	林承奇, 蔡宇豪, 胡恭任, 于瑞莲, 郝春莉, 黄华斌 (359)
干湿交替灌溉制度下纳米修复材料对杂交水稻籽粒 Cd 累积及产量的影响	杨茹, 陈馨睿, 张颖, 崔俊义, 武立权, 马友华, 廖江, 何海兵 (368)
三元复合调理剂对土壤镉赋存形态和糙米镉累积的调控效应	蒋毅, 刘雅, 辜娇峰, 杨世童, 曾雄, 王轩宁, 周航, 廖柏寒 (378)
风化煤组配改良剂结合水分管理对水稻根际土壤与稻米甲基汞含量的影响	郑顺安, 吴泽赢, 杜兆林, 倪润祥, 姚启星 (386)
不同施肥措施对水稻土壤微生物拮抗性的影响	郑开凯, 马志远, 孙波, 梁玉婷 (394)
氮添加影响下新疆天山雪岭云杉林土壤酶活性及其与环境因子的相关性	张涵, 贡璐, 刘旭, 邵康, 李昕竹, 李蕊希 (403)
黄土丘陵区撂荒农田土壤酶活性及酶化学计量变化特征	钟泽坤, 杨改河, 任成杰, 韩新辉 (411)
生物炭对土壤酶活性和细菌群落的影响及其作用机制	冯慧琳, 徐辰生, 何欢辉, 曾强, 陈楠, 李小龙, 任天宝, 姬小明, 刘国顺 (422)
植被恢复对刺萼龙葵根际土壤细菌群落结构与功能的影响	张瑞海, 宋振, 付卫东, 郭玲玲, 高金会, 王然, 王忠辉, 张国良 (433)
黄壤稻田土壤微生物量碳氮及水稻品质对生物炭配施氮肥的响应	史登林, 王小利, 刘安凯, 侯再芬, 梁国太 (443)
等碳量添加秸秆和生物炭对土壤呼吸及微生物量碳氮的影响	何甜甜, 王静, 符云鹏, 符新妍, 刘天, 李亚坤, 李建华 (450)
秸秆与氮肥配比对农田土壤内外源碳释放的影响	孙昭安, 张轩, 胡正江, 王开永, 陈清, 孟凡乔 (459)
生物炭与化肥混合对氨挥发和磷固定的影响	杨文娜, 邓正昕, 李娇, 郑杰炳, 王子芳, 高明 (467)
氮肥减投条件下膜材料使用对稻田氨挥发排放的影响	俞映惊, 王梦凡, 杨根, 何世颖, 段婧婧, 杨林章, 薛利红 (477)
微塑料对斑马鱼胚胎孵化影响及其在幼鱼肠道中的积累	赵佳, 饶本强, 郭秀梅, 高进勇 (485)
无人机热红外支持下的城市微尺度热环境模拟	阳少奇, 冯莉, 田慧慧, 刘艳霞 (492)
基于人居尺度的中国城市热岛强度时空变化及其驱动因子解析	孙艳伟, 王润, 郭青海, 高超 (501)

不同污泥在微波预处理-厌氧消化过程中抗性基因分布及菌群结构演替

李慧莉¹, 武彩云^{1,2}, 唐安平², 佟娟^{2,3,4*}, 魏源送^{2,3,4}

(1. 兰州理工大学土木工程学院, 兰州 730050; 2. 中国科学院生态环境研究中心环境模拟与污染控制国家重点联合实验室, 北京 100085; 3. 中国科学院生态环境研究中心水污染控制实验室, 北京 100085; 4. 中国科学院大学, 北京 100049)

摘要: 城市污水厂剩余污泥是抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARG)的重要储存库, 污泥处理过程中 ARG 的转归趋势及其与菌群结构变化的关系仍需人们深入研究. 本研究考察了 A²O 和 A²O-MBR 工艺的城市污水厂剩余污泥的 ARG 与细菌群落结构在微波预处理-厌氧消化处理过程中的演变规律, 结果表明, 两种原污泥的菌群结构及携带的 ARG 丰度分布区别较大; 虽然微波预处理不会显著改变菌群结构, 但预处理-厌氧处理后的消化污泥菌群结构有显著差异; 无论有/无预处理, 厌氧消化过程对污泥中 ARG 和 MGE 的分布有趋同性的作用; *ermF*、*qnrS* 和 *bla_{NDM-1}* 是厌氧消化过程中易于增殖传播的抗性基因; 污泥特性中, 生物量、氨氮和正磷对 ARG 和 MGE 分布的影响力最大; 污泥性质对细菌群落结构、尤其是部分功能菌属变化有重要影响. 本研究结果可为人们进一步了解污泥厌氧消化过程中 ARG 的传播与控制提供科学参考.

关键词: 污泥厌氧消化; 微波预处理; 抗生素抗性基因(ARG); 细菌菌群结构; 污泥性质

中图分类号: X703.1 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)01-0323-10 DOI: 10.13227/j.hjks.202006079

Occurrence of Antibiotic Resistance Genes and Bacterial Community Structure of Different Sludge Samples During Microwave Pretreatment-Anaerobic Digestion

LI Hui-li¹, WU Cai-yun^{1,2}, TANG An-ping², TONG Juan^{2,3,4*}, WEI Yuan-song^{2,3,4}

(1. School of Civil Engineering, Lanzhou University of Technology, Lanzhou 730050, China; 2. State Key Joint Laboratory of Environment Simulation and Pollution Control, Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China; 3. Department of Water Pollution Control, Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China; 4. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Abstract: The waste sludge of municipal wastewater treatment plants is an important reservoir for antibiotic resistance genes (ARG). It is necessary to explore the fate of ARG, microbial community succession, and the correlations between them. Therefore, the distribution of ARG and the microbial community structure of waste sludge from wastewater treatment plants with A²O and A²O-MBR processes during microwave pretreatment and anaerobic digestion were studied in this research. The results showed that the occurrence of ARG and the microbial community structure were quite different in the waste sludge of A²O and A²O-MBR processes. The microwave pretreatment did not change the microbial community much, whereas the community structure of the digested sludge with pretreatment showed significant differences. Anaerobic digestion had a conformity effect on the distribution of ARG and MGE in the digested sludge with or without pretreatment. Among genes, *ermF*, *qnrS*, and *bla_{NDM-1}* were the most difficult to be reduced ARG and were prone to propagation during anaerobic digestion. The influence of biomass, ammonia nitrogen, and phosphorus on the distribution of ARG and MGE was higher than that of other environmental factors. The sludge characteristics also showed important impacts on the microbial community, especially on some genera with specific functions. These results could help people to better understand the spread and control of ARG during sludge anaerobic digestion.

Key words: sludge anaerobic digestion; microwave pretreatment; antibiotic resistance genes(ARG); bacterial community structure; sludge characteristics

近年来,由于抗生素广泛使用于医学治疗、畜禽养殖及农业生产等众多领域,使得环境中的部分细菌在较高的抗生素选择压力下产生耐药性从而成为耐药菌(antibiotic resistant bacteria, ARB).另外,抗性基因(antibiotic resistant genes, ARG)特有的生物学特性使其能在环境中多维度传播扩散^[1],这给人类健康和环境安全造成了巨大的潜在威胁.所以有效削减 ARB、ARG 和控制抗性污染已经成为当前研究的热点之一.

城市污泥向环境释放 ARB 和 ARG 的贡献高于污水厂出水^[2],剩余污泥是 ARG 的重要储存库和基因水平转移的重要场所.厌氧消化作为目前应用最广泛的污泥处理技术之一,近年来研究者们更为关

收稿日期: 2020-06-08; 修订日期: 2020-07-13

基金项目: 国家自然科学基金项目(51578535); 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2015ZX07203-005)

作者简介: 李慧莉(1970~),女,副教授,主要研究方向为污染物控制及废弃物处理, E-mail: huilihit@163.com

* 通信作者, E-mail: huihit@163.com

注强化厌氧消化工艺的研究.但目前人们对污泥处理过程中 ARG 归趋的影响因素,以及如何控制 ARG 的传播研究仍处于黑箱状态.研究表明底物性质,如 COD、氨氮和磷等,是厌氧消化过程 ARG 水平转移及转归的重要影响因素^[3],并且底物类型,如猪粪、鸡粪和污泥的差异也显著影响 ARG 的转归和微生物群落结构^[4].也有研究认为细菌群落结构是 ARG 传播的主要驱动力^[5],例如 Ma 等^[6]的研究发现厌氧消化中细菌的群落结构比原始 ARG 组成对 ARG 转归的影响更大.此外,底物性质也是影响 ARG 转归的重要因素,如生物处理反应器中进水有机底物的浓度极大地影响 ARG 的绝对丰度^[7];工业废水处理过程中,高盐度可能会抑制某些 ARG 宿主细菌的生长从而抑制部分 ARG 的传播扩散^[8].以上研究表明,在厌氧消化中污泥性质对 ARG 的转归和细菌群落变化有影响.

在众多预处理强化厌氧消化工艺中,微波-H₂O₂-碱预处理不仅可提高甲烷产量,而且能促进 ARG 和 ARB 的削减^[9~11].本课题组前期研究了不同性质的剩余污泥(即 A²O 和 A²O-MBR 工艺剩余污泥)对微波预处理强化厌氧消化的产气效果及古

菌群落结构的影响^[12].在此基础上,本研究重点考察不同性质剩余污泥(A²O 和 A²O-MBR 剩余污泥)对微波预处理强化厌氧消化过程 ARG 的转归特征及对细菌群落结构演变的影响.

1 材料与方法

1.1 实验设备与样品采集

本实验装置和所取样品与文献[12]一致,简要叙述为,厌氧消化进泥取自北京某污水处理厂一、二期 A²O 工艺(SRT=20 d)及三期 A²O-MBR 工艺(SRT=30 d)的脱水污泥,将其分别经微波-H₂O₂-碱预处理,然后和北京市某污水处理厂卵形消化池出泥(作为接种污泥)以 VS 比为 3:1 的比例混合后作为 BMP 测试系统的进泥,以未经微波预处理的则作为对照组,每组设置 3 个平行实验,在 38℃±1℃ 进行为期 25 d 的厌氧消化,分别在微波预处理前(即原污泥)、微波预处理后和厌氧消化后收集泥样进行分析.鉴于污泥性质的变化已经在前期研究中详细讨论^[12],本研究只讨论污泥性质与 ARG 和细菌群落结构的关系.各样品污泥性质见表 1.

表 1 厌氧消化过程中污泥性质变化(平均值)

Table 1 Sludge characteristics in various stages of anaerobic digestion(mean value)

指标	原泥		微波泥		原泥厌氧后		微波厌氧后	
	A ² O	A ² O-MBR	A ² O	A ² O-MBR	A ² O	A ² O-MBR	A ² O	A ² O-MBR
TS/mg·L ⁻¹	79 400	109 200	84 200	115 800	50 914	71 104	52 703	70 518
VS/mg·L ⁻¹	52 700	54 600	53 800	55 700	29 969	31 485	29 108	31 284
VS/TS(%)	66.40	50.00	63.90	48.10	58.90	44.30	53.00	44.40
SCOD/mg·L ⁻¹	8 780	7 080	28 650	26 150	4 573	4 473	5 050	3 993
溶解性蛋白/mg·L ⁻¹	2 143.42	1 060.68	9 677.62	8 933.22	724.96	612.14	583.98	565.15
溶解性多糖/mg·L ⁻¹	659.25	135.79	2 624.89	2 624.89	859.35	1 071.55	1 084.50	468.50
碱度/mg·L ⁻¹	2 450.34	1 710.74	4 300.25	3 900.46	10 783.33	12 417.12	15 416.67	18 234.00
氨氮/mg·L ⁻¹	946.43	570.65	742.54	517.50	1 772.15	1 861.81	2 071.95	1 908.78
正磷/mg·L ⁻¹	123.83	51.43	297.12	114.64	79.24	28.94	95.32	41.46
VFA/mg·L ⁻¹	3 415.36	4 945.21	3 948.77	5 124.26	60.00	56.00	62.00	58.00

1.2 DNA 提取与定量 PCR

采用试剂盒 Fast DNA Spin Kit for soil 提取污泥基因组 DNA,用 Nanodrop 2000 (Thermo Scientific, USA) 测定 DNA 浓度和质量,将提取的 DNA 样品于 -80℃ 冰箱保存备用.采用荧光定量 PCR(qPCR) 定量分析 ARG 与 16S rRNA 基因,具体包括 β -内酰胺类抗性基因 *bla*_{TEM}、*bla*_{CTX-M} 和 *bla*_{NDM-1},大环内酯类抗性基因 *ermB*、*ermF* 和 *mefA/E*,喹诺酮类抗性基因 *qnrA* 和 *qnrS*,四环素类抗性基因 *tetA*、*tetM* 和 *tetX*,磺胺类抗性基因 *sulI* 和 *sulII*,整合子 *intII* 及转座子 *Tn916/1545*.引物信息如表 2 所示. PCR 反应体系为 20 μ L,包括 SYBR® Premix ExTaq™ (Tli RNaseHPlus) (TAKARA) 10.0 μ L,引物 F 为 0.4

μ L,引物 R 为 0.4 μ L, DNA 模板 5.0 μ L 和 RNase-free (Ambion) 水 4.2 μ L. 荧光定量 PCR 反应条件为:①50℃, 2 min; ②95℃, 30 s; ③95℃, 15 s; ④退火, 20 s; ⑤72℃, 30 s; ⑥Plate read, 重复③~⑤, 39 次重复; ⑦Melt-curve 分析:60℃至 95℃, 使用无菌水作为阴性对照,每隔 0.2℃ 采集生成溶解曲线.将扩增产物用 1% 的琼脂糖凝胶电泳进行分析.

1.3 细菌菌群结构分析

采用 515F/806R 引物,对污泥 DNA 样品经巢式 PCR 扩增后,使用 Illumina MiSeq 对 16S rRNA 的 V4 区进行高通量测序,所得序列以 97% 的序列相似性处理生成 OTUs(操作分类单元),使用 RDP(核

表 2 抗性基因和转移元件所需的引物序列
Table 2 Primers for the resistance genes and mobile elements

基因	引物序列(5'-3')	片段大小/bp	退火温度/℃	文献
<i>bla</i> _{TEM}	F:ATCAGCAATAAACACAGC; R:CCCCGAAGAACGTTTTC	516	60	[13]
<i>bla</i> _{CTX-M}	F:ATGTGCAGYACCAAGTAARGTKATGGC; R:ATCACKCGGRTCGCCXGGRAT	300	60	[13]
<i>bla</i> _{NDM-1}	F:CCCATACCCGGATCAAGAATAA; R:CAGCGAATTGGTGCAGCTACTA	214	57	[14]
<i>ermB</i>	F:GATACCGTTTACGAAATTGG; R:GAATCGAGACTTGAGTGTGC	364	58	[15]
<i>ermF</i>	F:CGACACAGCTTTGGTTGAAC; R:GGACCTACCTCATAGACAAG	309	56	[15]
<i>mefA/E</i>	F:AGTATCATTAATCACTAGTGC; R:TTCCTTCTGGTACTAAAAGTGG	348	45	[15]
<i>qnrA</i>	F:AGAGGATTTCTACGCCAGG; R:TGCCAGGCACAGATCTTGAC	580	54	[16]
<i>qnrS</i>	F:GCAAGTTCATTGAACAGGGT; R:TCTAAACCGTCGAGTTCGGCG	428	54	[16]
<i>tetA</i>	F:GCTACATCTGCTTGCCCTTC; R:CATAGATCGCCGTGAAGAGG	210	60	[15]
<i>tetM</i>	F:ACAGAAAGCTTATTATATAAC; R:TGGCGTGCTATGATGTTACAC	171	55	[15]
<i>tetX</i>	F:CAATAATTGGTGGTGGACCC; R:TTCCTTACCTTGGACATCCCG	468	60	[15]
<i>sulI</i>	F:CACCGGAAACATCGCTGCA; R:AAGTTCGCCGCCAAGGCT	158	55	[17]
<i>sulII</i>	F:TCCGGTGGAGCCGCTATCTGG; R:CGGGAATGCCATCTGCCTTGAG	191	60	[17]
<i>intI1</i>	F:CTGGATTTTCGATCACGGCACG; R:ACATGCCTGTAAATCATCGTCG	473	55	[17]
<i>Tn916/1545</i>	F:GACAGTATTAAGCCATCAGAC; R:TCTTCCGAACACAATCATCT	142	50	[15]
16S rRNA	F:CGGTGAATACGTTTCYCGG; R:GGWTACCTTGTTACGACTT	128	55	[17]

糖体数据库项目)分类器将每个样品中的序列进行分类,分析细菌菌群结构的演变。

1.4 数据分析

采用 Origin 2017 软件对 ARG 的变化进行分析;通过 Heml 1.0 软件制作细菌菌群结构热图,基于欧氏距离的相似度进行聚类分析,采用 Gephi 0.9.1 软件,基于 Spearman 相关分析,对 ARG 和细菌菌群结构进行网络分析,考察二者相关性;采用 Canoco 5.0 (Microcomputer Power, USA) 进行冗余分析(RDA),考察污泥性质对污泥处理过程 ARG 分布和细菌群落结构变化的影响。

2 结果与讨论

2.1 生物量的变化

本研究以 16S rRNA 拷贝数的变化作为污泥中生物量变化的参考。A²O 和 A²O-MBR 污泥在微波预处理-厌氧消化过程中 16S rRNA 的变化情况如图 1 所示。虽然 A²O 原污泥中的 VS 低于 A²O-MBR 污泥(表 1),但前者的 16S rRNA 拷贝数(以 TS 计,下同)是后者的 2.6 倍,分别为 4.13 × 10¹² copies·g⁻¹ 和 1.60 × 10¹² copies·g⁻¹,这可能是由于 A²O 原泥中可溶性有机物的含量高于 A²O-MBR 原泥(A²O 原泥的 SCOD 为 8 780 mg·L⁻¹,A²O-MBR 原泥的 SCOD 为 7 080 mg·L⁻¹),使得 A²O 原泥中的微生物有更好的生长和增殖条件^[12]。微波预处理对两种污泥 16S rRNA 拷贝数的削减率分别为 81.6% 和 41.6%。但在厌氧消化过程,A²O 微波污泥的生物量增加,而 A²O-MBR 微波污泥的生物量呈持续下降趋势。一方面是由于本研究厌氧进泥中加入了 25% (VS 占比)的接种污泥^[12],影响了厌氧进泥的生物量,另一方

面也说明在同等厌氧实验条件下,A²O 微波污泥的生物活性高于 A²O-MBR 微波污泥的生物活性。

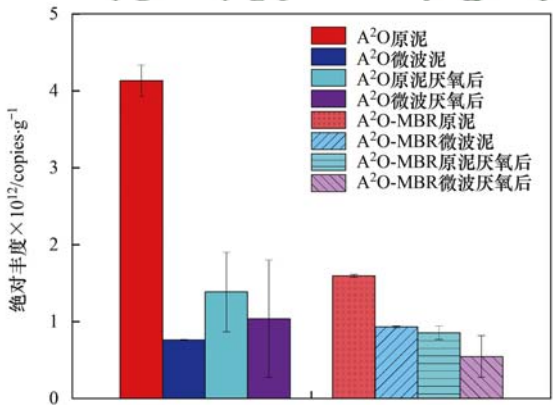


图 1 污泥处理过程中 16S rRNA 的变化

Fig. 1 Variation of 16S rRNA during sludge treatment

2.2 抗性基因绝对丰度的变化

污泥在微波-厌氧消化过程中总 ARG 绝对丰度变化如图 2 所示。A²O 原污泥中总 ARG 为 A²O-MBR 原污泥的 2 倍,这与其生物量较高可为 ARG 提供更多的潜在宿主有关。微波预处理-厌氧消化全过程对 A²O 和 A²O-MBR 污泥所携带的总 ARG 均有较好地削减作用,二者总 ARG 分别削减了 2.62 × 10¹¹ copies·g⁻¹ 和 1.14 × 10¹¹ copies·g⁻¹,削减率分别为 78.8% 和 68.7%,可见微波-厌氧消化对 A²O 原污泥中总 ARG 的削减效果更佳。其中微波预处理对总 ARG 的削减率分别为 72.1% 和 48.9%,这是由于预处理过程中,微波辐射与热效应、H₂O₂ 的加入及调节的碱性条件在促进细菌溶胞破壁释放有机物的同时,也促进了微生物的死亡和 DNA 的破坏^[11,18~20],使得 ARG 的绝对丰度与生物量同时降低;随后的厌氧消化对微波污泥的总 ARG 又分别

削减了 24.1% 和 38.8%, 能使 ARG 总绝对丰度进一步降低. 与之相比, 在未经预处理的污泥厌氧消化过程中, 总 ARG 削减效率分别为 53.5% 和 30.6%, 低于微波预处理-厌氧消化的削减率 (78.8% 和 68.7%). 由此可见, 微波预处理有利于污泥处理过程中的抗性污染控制.

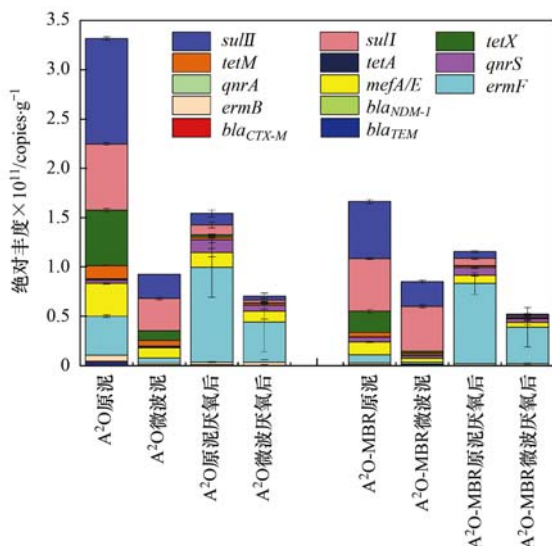


图2 污泥处理过程中 ARG 绝对丰度的变化

Fig. 2 Variation in the absolute abundance of ARG during sludge treatment

无论是 A²O 还是 A²O-MBR 原污泥, *sulI* 和 *sulII* 均为占比最高的 ARG, 其次是四环素类 ARG, 其中 *tetX* 的占比最高; 再次是大环内酯类 ARG; β -内酰胺类 ARG 和喹诺酮类 ARG 则占比较低. 已有研究也发现剩余污泥中最丰富的 ARG 类型为磺胺类 ARG^[18, 21]. 对比 A²O 和 A²O-MBR 两种剩余污泥中各种类别 ARG 的占比, A²O 污泥中大环内酯类 ARG、 β -内酰胺类和四环素类 ARG 绝对丰度占比均高于 A²O-MBR 污泥 (23.8%、1.26%、21.4% 和 13.8%、0.5%、15.7%), 磺胺类和喹诺酮类 ARG 的占比反而低于 A²O-MBR 污泥 (52.6%、1.0% 和 67.0%、3.0%). 经微波处理后, A²O 和 A²O-MBR 污泥的优势 ARG 仍为 *sulI* 和 *sulII*. 无论有、无微波预处理, 厌氧消化后两种消化污泥中的优势 ARG 均为 *ermF*, 同时 *qnrS* 和 *bla_{NDM-1}* 的绝对丰度也在厌氧过程增加, 说明 *ermF*、*qnrS* 和 *bla_{NDM-1}* 是污泥厌氧消化过程中难削减、易于增殖传播的抗性基因. 课题组前期研究同样发现, 经热水解预处理的污泥在厌氧消化后, *ermF*、*qnrS* 和 *bla_{NDM-1}* 的绝对丰度也增加^[22]. 因此, 在今后研究中应更加关注此类抗性基因.

2.3 抗性基因相对丰度的变化

微波预处理-厌氧消化对不同性质污泥 ARG 相

对丰度的削减效果如图 3 所示. 无论有、无预处理, 消化污泥的总 ARG 相对丰度均高于原污泥, 有预处理的消化污泥低于没有预处理的消化污泥, 这些结果说明: 微波预处理有助于控制污泥处理过程中的总 ARG 相对丰度; 污泥厌氧消化过程可能促使 ARG 宿主增殖及抗性基因水平转移, 造成总 ARG 相对丰度增加. 由图 3 可知, 在厌氧消化过程中, *ermF* 相对丰度的增加是造成总 ARG 相对丰度增加的主要原因, 表明与其他目标 ARG 相比, *ermF* 更难以被削减, 而趋向于在污泥中持久性存在. 已有研究也发现^[22, 23], 无论是抗生素废水处理所产生的剩余污泥还是城市污水厂产生的剩余污泥, 不论是 BMP 小试实验还是实际污泥厌氧消化工艺, 厌氧过程均可导致 *ermF* 的丰度明显增加, 这主要是因为 *ermF* 常与其他 ARG (如 *tetQ*) 以及遗传元件 (如转座子) 相关联, 从而产生基因共选择的现象^[24, 25], 导致 *ermF* 更易存在于系统中. 此外, A²O 污泥和 A²O-MBR 两种污泥中 *sulI* 的相对丰度在微波处理后均呈显著增加, 说明 *sulI* 的宿主菌与其他目标 ARG 的宿主细菌相比, 可能对微波预处理更不敏感.

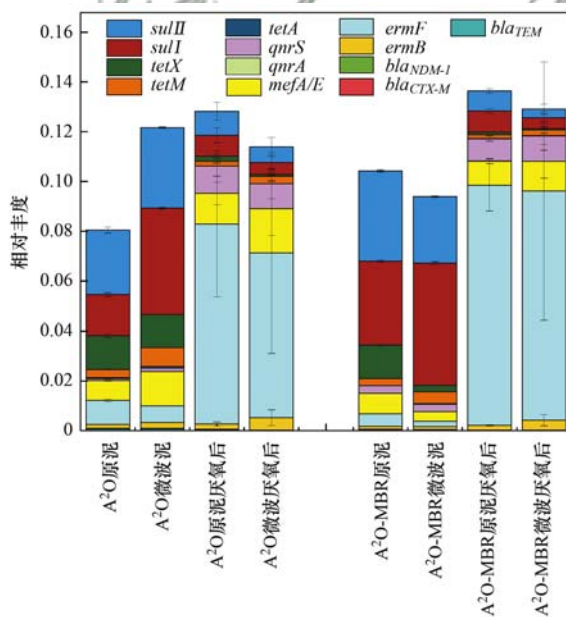


图3 污泥处理过程中 ARG 相对丰度的变化

Fig. 3 Variation in the relative abundance of ARG during sludge treatment

2.4 遗传元件的变化

MGE 在基因水平转移所引起的 ARG 传播扩散中起十分重要的作用^[26]. 本研究中 *intI1* 和 *Tn916/1545* 的绝对丰度和相对丰度在污泥处理过程中的变化如图 4 所示.

由图 4(a) 可知, A²O 原污泥中 *intI1* 和 *Tn916/1545* 的绝对丰度均高于 A²O-MBR 原污泥, 并且几乎所有污泥样品中 *intI1* 的绝对丰度均高于 *Tn916/*

1545. 无论有、无预处理, 厌氧消化可削减两种 MGE 的绝对丰度, A^2O 和 A^2O -MBR 原污泥在微波预处理-厌氧消化过程中污泥总 MGE 绝对丰度的削减率分别为 97.6% 和 93.8%. 未经预处理的厌氧消化 MGE 削减效率则相对略低, 分别为 95.1% 和

81.9%, 说明有预处理的厌氧消化工艺对转移元件的削减效果更佳. 同样的, 由图 4(b) 可知, 无论有无预处理, 微波预处理-厌氧消化对 *intI1* 和 *Tn916/1545* 相对丰度的削减也较为明显. 无论污泥性质如何, 微波过程会导致总 MGE 相对丰度增加.

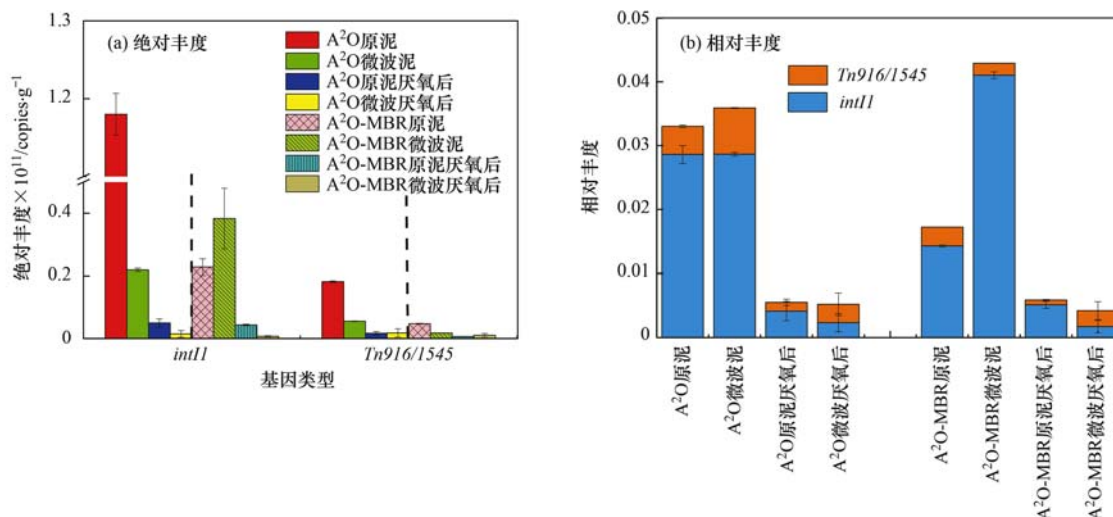


图 4 污泥处理过程中 MGE 绝对丰度和相对丰度的变化

Fig. 4 Variation in the absolute abundance and relative abundance of MGE during sludge treatment

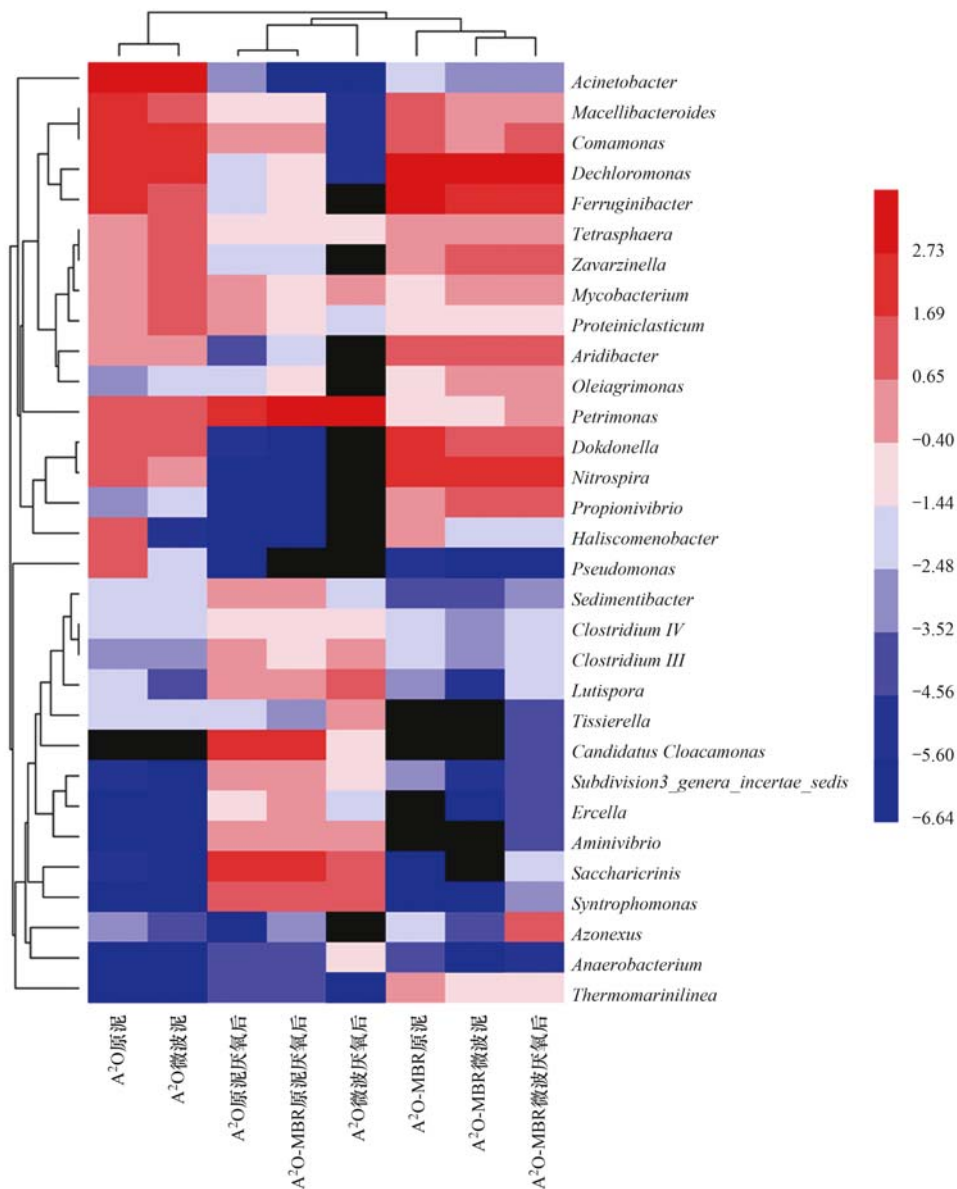
2.5 细菌群落结构的变化

污泥处理过程中细菌菌群结构的演变如图 5 所示. 由聚类分析结果可知, A^2O 和 A^2O -MBR 原污泥的菌群结构差异较大. A^2O 污泥中的优势细菌为 *Acinetobacter* (10.7%)、*Macellibacteroides* (4.0%) 和 *Dechloromonas* (3.9%), 而 A^2O -MBR 污泥中的优势菌群为 *Ferruginibacter* (7.9%)、*Dechloromonas* (7.2%) 和 *Nitrospira* (6.1%), 其中 *Ferruginibacter* 可以有效降解有机物, *Dechloromonas* 是典型的反硝化除磷菌, *Nitrospira* 是废水处理过程中常见的亚硝酸盐氧化菌 (NOB)^[27~29], 由此可见, 原污泥中含有大量去除营养物的功能菌.

从图 5 的聚类分析结果可知, A^2O 原污泥和 A^2O 微波泥结构相似, A^2O -MBR 原污泥和 A^2O -MBR 微波泥结构相似. 微波后丰度均增加的菌属主要有 *Dechloromonas*、*Tetrasphaera*、*Proteiniclasticum*、*Zavarzinella* 和 *Mycobacterium* 等 (增幅为 0.1% ~ 6.5%). 其中 *Dechloromonas* 可以 O_2 、 ClO_3^- 、 ClO_4^- 和 NO_3^- 为电子受体, 分解有机酸, 并完全还原氯酸盐和高氯酸盐为氯化物, 不能形成孢子^[30]. *Proteiniclasticum* 是严格厌氧的蛋白水解细菌, 水解产物为乙酸、丙酸和异丁酸, 不能形成孢子^[31]. *Tetrasphaera* 菌属被认为是重要的聚磷菌, 可在厌氧、好氧交替的环境里富集磷酸盐, 而且具有反硝化和发酵的功能, 不能形成孢子^[32]. *Zavarzinella* 为需氧菌, 可降解多种有机物, 如碳水化合物、氨基酸和

有机酸等^[33]. *Mycobacterium* 菌属大部分为好氧和微需氧菌, 可引起人类结核病等疾病, 大多数以自由活动的形式存在于土壤和水中, 也属于非孢子生成菌^[34]. 由此可知, 微波处理后, 丰度增加的优势菌属多为非孢子生成菌, 而且多个菌属并非严格厌氧菌, 这一结果与热水解后丰度增加的菌多为孢子生成菌^[22] 显著不同. 此外, 由图 5 的聚类分析可知, 微波前后污泥的菌群结构较为相似. 这些结果说明, 本研究微波过程的辐射、热效应和 H_2O_2 的氧化作用对污泥中微生物的刺激性相对较小, 非孢子生成菌易于存活, 未能显著改变菌群结构.

对于厌氧消化阶段, 未经预处理的 A^2O 和 A^2O -MBR 污泥在厌氧消化后的优势菌属相似, 均为 *Petrimonas* (5.7% 和 7.8%)、*Saccharicrinis* (3.8% 和 3.4%) 和 *Candidatus Cloacamonas* (3.8% 和 5.3%); 而有预处理的厌氧消化, 细菌菌群结构则发生了较大变化: A^2O 厌氧消化泥中的优势细菌变为 *Petrimonas* (10.2%)、*Lutispora* (2.2%) 和 *Saccharicrinis* (2.1%), A^2O -MBR 的优势细菌则仍为 *Dechloromonas* (11.4%)、*Ferruginibacter* (5.1%) 和 *Nitrospira* (3.7%). 以上结果表明, 污泥性质对无预处理的厌氧消化菌群结构变化影响较小, 但对预处理-厌氧消化工艺的菌群结构变化影响较大. 无论有、无微波预处理, 厌氧消化后丰度均增加的菌属为 *Petrimonas*、*Clostridium IV*、*Lutispora*、*Clostridium III*、*Anaerobacterium*、*Saccharicrinis*、*Subdivision3* _



每个样品取前 10 菌属,细菌丰度以 2 为底的对数处理

图 5 属水平菌群结构的热图

Fig. 5 Heat map of bacterial community evolution at the genus level

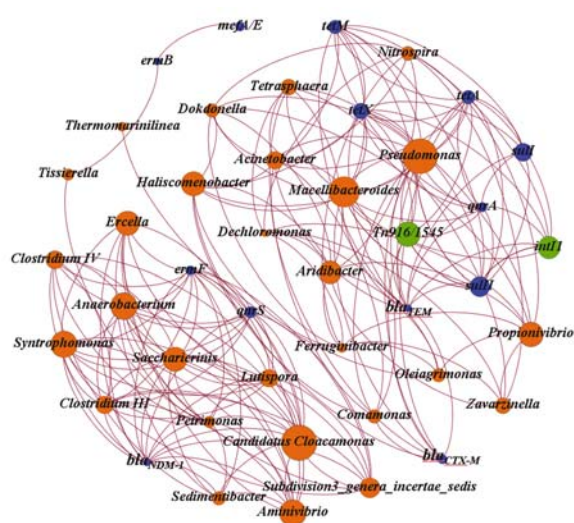
genera _incertae _ sedis、*Syntrophomonas*、*Aminivibrio*、*Ercella* 和 *Candidatus Cloacamonas*. 其中 *Petrimonas* 是一种在厌氧期间可产生乙酸盐、 H_2 和 CO_2 的发酵细菌^[35]. *Lutispora* 是严格厌氧的中度嗜热菌,可利用蛋白质、氨基酸等为底物生成 VFA,如乙酸、丙酸、异丁酸和异戊酸^[36]. *Clostridium IV* 和 *Clostridium III* 为典型的发酵菌群; *Syntrophomonas* 具有降解短链 VFAs 和协同产甲烷的能力,有利于正向促进乙酸产甲烷代谢途径,提高沼气产量率^[37]等. 由此可见,无论有、无预处理,厌氧消化过程中促进产酸发酵和协同产甲烷过程的细菌会大量增殖,与优势菌属共同促进有机物的降解和甲烷的产生,从而使厌氧消化系统稳定运行.

总之,不同性质的污泥在微波预处理-厌氧消化

过程中细菌群落的演变及其影响因素较为复杂,根据已有研究,微生物群落结构对 ARG 的转归有较大的贡献,因此,本研究中微生物群落结构对 ARG 的转归可能也有十分重要的作用.

2.6 ARG 与细菌群落结构的关系

为了明确 ARG、MGE 和细菌群落结构间的内在联系,本研究基于 Spearman 相关性分析进行了网络分析(图 6). 由图可知,本研究中部分菌属与多种 ARG、MGE 密切正相关,如 *Macellibacteroides* 和 *Pseudomonas* 均与 bla_{TEM} 、 bla_{CTX-M} 、 $qnrA$ 、 $tetA$ 、 $tetX$ 、 $tetM$ 、 $sulI$ 和 $sulII$ 显著正相关,*Acinetobacter* 同时与 bla_{TEM} 、 bla_{CTX-M} 、 $tetA$ 、 $tetX$ 和 $tetM$ 显著正相关等;此外,*Macellibacteroides* 同时与 $intI1$ 和 $Tn916/1545$ 显著正相关 ($P < 0.05$), *Pseudomonas* 与 $Tn916/1545$



基于 Spearman 相关性分析, $P < 0.05$, 其中橙色节点代表细菌, 绿色节点代表 MGE, 蓝色节点代表 ARG, 节点的大小代表与该节点相关的节点数多少, 边代表物种间相关关系

图 6 污泥在预处理-厌氧消化过程中 ARG 和细菌群落结构的关系

Fig. 6 Relationship between ARG and bacterial community structure during sludge pretreatment-anaerobic digestion

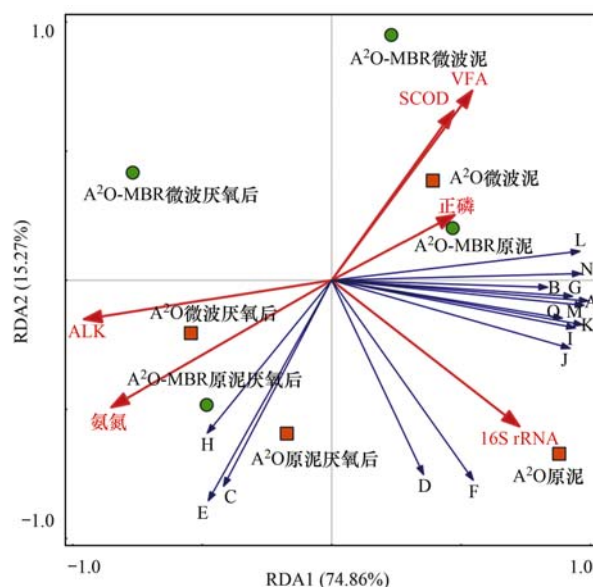
显著正相关 ($P < 0.05$)。由群落结构演替结果可知, *Acinetobacter*, *Macellibacteroides* 和 *Pseudomonas* 的丰度在微波预处理过程中均呈降低趋势, 而这 3 种菌属均与多种 ARG 显著正相关, 说明预处理过程中, 以上菌属丰度的降低对总 ARG 的降低可能起到了重要贡献。 *Pseudomonas* 和 *Acinetobacter* 菌属中包含有典型致病菌; 虽然未见 *Macellibacteroides* 是致病菌的报道, 但已有研究发现 *Macellibacteroides* 对氨基糖苷类的卡那霉素有耐药性^[38], 因此这些菌属在污泥厌氧消化过程中具有携带多种 ARG 的潜在风险, 且具有致病性的潜在危险, 可能会对下游的环境安全带来威胁, 应在今后的研究中予以关注。此外, *bla*_{NDM-1}、*ermF* 和 *qnrS* 均与 *Clostridium IV*、*Lutispora*、*Clostridium III*、*Saccharicrinis*、*Subdivision3 _ genera _ incertae _ sedis*、*Anaerobacterium*、*Syntrophomonas* 和 *Candidatus Cloacamonas* 显著正相关 ($P < 0.05$), 而这些菌属在厌氧过程中均丰度升高, 表明以上菌属有可能会促进厌氧消化过程中 ARG 的增加。此外, *bla*_{NDM-1} 和 *ermF* 还与 *Petrimonas*、*Sedimentibacter*、*Aminivibrio* 和 *Ercella* 显著正相关 ($P < 0.05$), 说明这两种 ARG 与其他 ARG 相比而言, 潜在宿主范围更广, 传播耐药性的风险更高。

通过网络分析还发现, 部分 ARG 和 MGE 之间也有显著相关性, 如 *bla*_{TEM} 与 *qnrA*、*tetA*、*tetM*、*tetX*、*sul I*、*sul II* 呈显著正相关 ($P < 0.01$), *qnrA* 与 *tetA*、*tetM*、*tetX*、*sul I* 和 *sul II* 呈显著正相关 ($P < 0.01$), *tetA*、*tetM* 和 *tetX* 均与 *sul I* 和 *sul II* 呈显著正相关 (P

< 0.01); 此外, 遗传元件 *intII* 与 *bla*_{TEM}、*qnrA*、*tetA*、*tetM*、*tetX*、*sul I* 和 *sul II* 呈显著正相关 ($P < 0.05$), *Tn916/1545* 与 *bla*_{TEM}、*tetM*、*bla*_{CTX-M}、*qnrA*、*tetA*、*tetX*、*sul I* 和 *sul II* 呈显著正相关 ($P < 0.05$), 可见 MGE 对 ARG 的传播扩散有显著促进作用。

2.7 污泥性质对 ARG 和菌群结构的影响

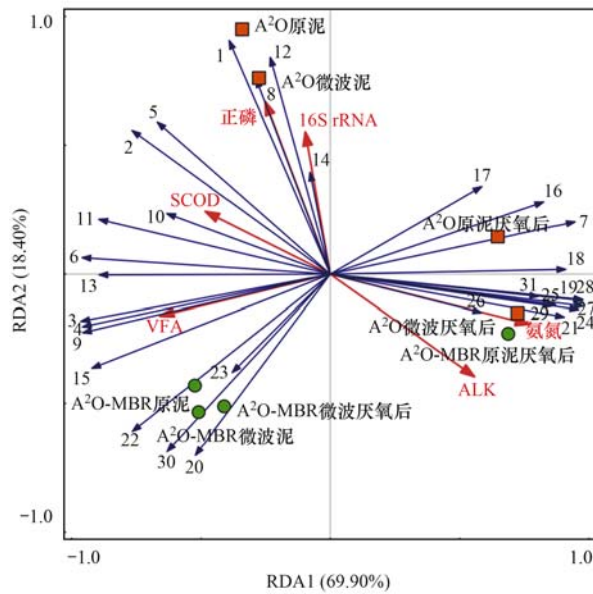
本研究通过 RDA 分析考察微波-厌氧消化过程中, 污泥性质对 ARG 分布的影响以及污泥性质与细菌群落结构演替之间的关系 (图 7 和图 8)。图 7 中, RDA 分析结果对 ARG 和 MGE 变化的解释度为 97.80%, 其中轴 1 的解释度为 74.86%, 轴 2 的解释度为 15.27%。A²O 和 A²O-MBR 的原污泥、微波泥和厌氧消化污泥这些样本的分布较分散, 说明不同样本中 ARG 和 MGE 分布的相似度较低。其中, A²O 和 A²O-MBR 的原污泥在轴 1 的投影距离相对较远, 说明不同来源的原污泥中携带的初始 ARG 差异较大; 而 A²O 原泥厌氧后、A²O 微波厌氧后、A²O-MBR 原泥厌氧后、以及 A²O-MBR 微波厌氧后的污泥样品在轴 1 投影距离相对较近, 说明无论有、无预处理, 厌氧消化工艺过程对污泥中 ARG 和 MGE 的分布有趋同性的作用。16S rRNA、氨氮和正磷与 ARG 和 MGE 夹角相对较小, 说明污泥特性中, 这 3 种指标对 ARG 和 MGE 分布的影响力最大, 其中生物量即 16S rRNA, 对 *ermB*、*tetM* 和 *mefA/E* 的影响较大, 氨氮与 *bla*_{NDM-1}、*ermF* 和 *qnrS* 这 3 种 ARG 的分布密切相关。 *intII* 和 *Tn916/1545* 均与多种 ARG 密



红色箭头代表环境变量; 蓝色箭头代表 ARG 和 MGE: A. *bla*_{TEM}; B. *bla*_{CTX-M}; C. *bla*_{NDM-1}; D. *ermB*; E. *ermF*; F. *mefA/E*; G. *qnrA*; H. *qnrS*; I. *tetA*; J. *tetM*; K. *tetX*; L. *sul I*; M. *sul II*; N. *intII*; O. *Tn916/1545*

图 7 ARG 和 MGE 与污泥性质的 RDA 分析

Fig. 7 RDA analysis of ARG, MGE, and sludge characteristics



红色箭头代表环境变量(污泥性质);蓝色箭头代表物种变量(属水平): 1. *Acinetobacter*; 2. *Macellibacteroides*; 3. *Dechloromonas*; 4. *Ferruginibacter*; 5. *Comamonas*; 6. *Dokdonella*; 7. *Petrimonas*; 8. *Pseudomonas*; 9. *Nitrospira*; 10. *Halscomenobacter*; 11. *Tetrasphaera*; 12. *Proteiniclasticum*; 13. *Zavarzinella*; 14. *Mycobacterium*; 15. *Aridibacter*; 16. *Sedimentibacter*; 17. *Tissierella*; 18. *Clostridium IV*; 19. *Lutispora*; 20. *Oleigrimonas*; 21. *Clostridium III*; 22. *Propionivibrio*; 23. *Azonexus*; 24. *Saccharicrinis*; 25. *Subdivision3 _genera _incertae _sedis*; 26. *Anaerobacterium*; 27. *Syntrophomonas*; 28. *Aminivibrio*; 29. *Ercella*; 30. *Thermomarinilinea*; 31. *Candidatus Cloacamonas*

图8 菌群结构与污泥性质的 RDA 分析

Fig. 8 RDA analysis of bacterial community structure and sludge characteristics

切相关,再次表明本研究中 MGE 对 ARG 的传播和水平转移有促进作用。

污泥性质对菌群结构影响的 RDA 分析如图 8 所示,RDA 分析结果对细菌群落结构变化的解释度为 98.50%,其中轴 1 的解释度为 69.90%,轴 2 的解释度为 18.40%。其中污泥性质与菌群结构关系表明,污泥性质常与菌属的功能密切相关。例如,VFA 与 *Dechloromonas*、*Nitrospira*、*Ferruginibacter* 和 *Aridibacter* 正相关,其中 *Dechloromonas* 是具有水解功能的细菌^[39],并且在厌氧条件下可降解碳水化合物和蛋白质,*Ferruginibacter* 与葡萄糖的发酵有关,并且可促进水解从而使污泥减量化^[39],*Aridibacter* 则可有效利用低浓度蛋白质作为其生长底物^[40],这些细菌在厌氧消化过程中参与了有机物的水解及产酸发酵过程,从而与厌氧消化的重要中间产物 VFA 密切相关;同时这些细菌是 A²O 原泥、A²O-MBR 原泥、A²O-MBR 微波泥和 A²O-MBR 微波厌氧消化泥中的优势细菌,可见 VFA 对厌氧污泥中细菌群落

结构变化有着重要影响作用。氨氮与多个菌属密切相关,如 *Anaerobacterium*、*Ercella*、*Saccharicrinis*、*Clostridium III* 和 *Syntrophomonas*。其中 *Saccharicrinis* 菌属中已检测到固氮酶的同源基因 *nif* 基因^[41],说明该菌属有潜在的固氮能力。正磷和 16S rRNA 则对 *Acinetobacter*、*Pseudomonas*、*Proteiniclasticum* 和 *Mycobacterium* 有显著正向影响。其中的 *Acinetobacter* 和 *Pseudomonas* 均为聚磷微生物,跟系统中磷的迁移转化有关^[42]。

3 结论

(1) A²O 和 A²O-MBR 原污泥的菌群结构差异较大;微波预处理不会显著改变菌群结构;污泥性质对无预处理的厌氧消化污泥菌群结构影响较小,但对预处理-厌氧消化污泥的菌群结构变化影响较大。

(2) 不同来源的原污泥中携带的初始 ARG 差异较大,但无论有、无预处理,厌氧消化工艺过程对污泥中 ARG 和 MGE 的分布有趋同性的作用。无论有、无预处理的污泥厌氧消化工艺,*ermF*、*qnrS* 和 *bla_{NDM-1}* 均是厌氧消化过程中难以削减、易于增殖传播的抗性基因,而 *Clostridium IV*、*Clostridium III*、*Lutispora* 和 *Saccharicrinis* 等多个菌属均与这 3 种 ARG 显著相关,对这 3 种 ARG 的增殖与传播有促进作用。

(3) 污泥特性中,16S rRNA、氨氮和正磷对 ARG 和 MGE 分布的影响力最高;污泥性质对细菌群落结构有重要影响,与部分功能菌属丰度变化密切相关。

参考文献:

- [1] Gao H, Zhang L X, Lu Z H, et al. Complex migration of antibiotic resistance in natural aquatic environments [J]. Environmental Pollution, 2018, **232**: 1-9.
- [2] Munir M, Wong K, Xagoraki I. Release of antibiotic resistant bacteria and genes in the effluent and biosolids of five wastewater utilities in Michigan [J]. Water Research, 2011, **45**(2): 681-693.
- [3] Yuan Q B, Zhai Y F, Mao B Y, et al. Fates of antibiotic resistance genes in a distributed swine wastewater treatment plant [J]. Water Environment Research, 2019, **91**(12): 1565-1575.
- [4] Zhang J Y, Lu T D, Shen P H, et al. The role of substrate types and substrate microbial community on the fate of antibiotic resistance genes during anaerobic digestion [J]. Chemosphere, 2019, **229**: 461-470.
- [5] Zhang J Y, Chen M X, Sui Q W, et al. Fate of antibiotic resistance genes and its drivers during anaerobic co-digestion of food waste and sewage sludge based on microwave pretreatment [J]. Bioresource Technology, 2016, **217**: 28-36.
- [6] Ma Y J, Wilson C A, Novak J T, et al. Effect of various sludge digestion conditions on sulfonamide, macrolide, and tetracycline

- resistance genes and class I integrons[J]. *Environmental Science & Technology*, 2011, **45**(18): 7855-7861.
- [7] Xia J T, Sun H H, Zhang X X, *et al.* Aromatic compounds lead to increased abundance of antibiotic resistance genes in wastewater treatment bioreactors[J]. *Water Research*, 2019, **166**, doi: 10.1016/j.watres.2019.115073.
- [8] Liu M T, Li Q L, Sun H H, *et al.* Impact of salinity on antibiotic resistance genes in wastewater treatment bioreactors[J]. *Chemical Engineering Journal*, 2018, **338**: 557-563.
- [9] 路雪婷, 徐享, 刘吉宝, 等. 不同预处理方法强化抗生素废水剩余污泥厌氧消化实验研究[J]. *中国沼气*, 2017, **35**(3): 33-38.
- [10] Serrano A, Siles J A, Martín M A, *et al.* Improvement of anaerobic digestion of sewage sludge through microwave pretreatment[J]. *Journal of Environmental Management*, 2016, **177**: 231-239.
- [11] Tong J, Liu J B, Zheng X, *et al.* Fate of antibiotic resistance bacteria and genes during enhanced anaerobic digestion of sewage sludge by microwave pretreatment[J]. *Bioresource Technology*, 2016, **217**: 37-43.
- [12] 房平, 唐安平, 付兴民, 等. 污泥性质对微波预处理-厌氧消化的影响及古菌群落结构分析[J]. *环境科学*, 2018, **39**(11): 5108-5115.
- Fang P, Tang A P, Fu X M, *et al.* Impacts of sludge characteristics on anaerobic digestion with microwave pretreatment and archaeal community structure analysis[J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(11): 5108-5115.
- [13] Zhang J Y, Lu T D, Wang Z Y, *et al.* Effects of magnetite on anaerobic digestion of swine manure: attention to methane production and fate of antibiotic resistance genes[J]. *Bioresource Technology*, 2019, **291**, doi: 10.1016/j.biortech.2019.121847.
- [14] 杜娜. bla_{NDM-1} 基因在耐碳青霉烯类阴沟肠杆菌中播散机制研究[D]. 昆明: 昆明医科大学, 2018. 1-57.
- [15] 李慧莉, 裴媛玫, 李姗, 等. 热水解污泥厌氧消化过程中肠球菌抗生素抗性基因与毒力基因的转归[J]. *环境科学*, 2019, **40**(7): 3270-3275.
- Li H L, Pei Y M, Li S, *et al.* Fate of antibiotic resistance genes and virulence genes in Enterococci during anaerobic digestion process of thermal hydrolyzed sludge[J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(7): 3270-3275.
- [16] Tong J, Tang A P, Wang H Y, *et al.* Microbial community evolution and fate of antibiotic resistance genes along six different full-scale municipal wastewater treatment processes[J]. *Bioresource Technology*, 2019, **272**: 489-500.
- [17] Sui Q W, Jiang C, Zhang J Y, *et al.* Does the biological treatment or membrane separation reduce the antibiotic resistance genes from swine wastewater through a sequencing-batch membrane bioreactor treatment process[J]. *Environment International*, 2018, **118**: 274-281.
- [18] Zhang J Y, Liu J B, Wang Y W, *et al.* Profiles and drivers of antibiotic resistance genes distribution in one-stage and two-stage sludge anaerobic digestion based on microwave-H₂O₂ pretreatment[J]. *Bioresource Technology*, 2017, **241**: 573-581.
- [19] Wang Y W, Wei Y S, Liu J X. Effect of H₂O₂ dosing strategy on sludge pretreatment by microwave-H₂O₂ advanced oxidation process[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2009, **169**(1-3): 680-684.
- [20] Tan R, Miyanaga K, Toyama K, *et al.* Changes in composition and microbial communities in excess sludge after heat-alkaline treatment and acclimation[J]. *Biochemical Engineering Journal*, 2010, **52**(2-3): 151-159.
- [21] 张欢欢, 贲伟伟, 邵天华, 等. 升级 A/O 工艺污水处理系统中抗生素抗性基因的分布与去除研究[J]. *环境科学学报*, 2020, **40**(4): 1160-1166.
- [22] Tong J, Fang P, Zhang J Y, *et al.* Microbial community evolution and fate of antibiotic resistance genes during sludge treatment in two full-scale anaerobic digestion plants with thermal hydrolysis pretreatment[J]. *Bioresource Technology*, 2019, **288**, doi: 10.1016/j.biortech.2019.121575.
- [23] Tong J, Lu X T, Zhang J Y, *et al.* Occurrence of antibiotic resistance genes and mobile genetic elements in enterococci and genomic DNA during anaerobic digestion of pharmaceutical waste sludge with different pretreatments[J]. *Bioresource Technology*, 2017, **235**: 316-324.
- [24] Hernández A, Sánchez M B, Martínez J L. Quinolone resistance: much more than predicted[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2011, **2**, doi: 10.3389/fmicb.2011.00022.
- [25] Roberts M C, Sutcliffe J, Courvalin P, *et al.* Nomenclature for macrolide and macrolide-lincosamide-streptogramin B resistance determinants[J]. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 1999, **43**(12): 2823-2830.
- [26] Alekshun M N, Levy S B. Molecular mechanisms of antibacterial multidrug resistance[J]. *Cell*, 2007, **128**(6): 1037-1050.
- [27] Xu J, He J G, Wang M F, *et al.* Cultivation and stable operation of aerobic granular sludge at low temperature by sieving out the batt-like sludge[J]. *Chemosphere*, 2018, **211**: 1219-1227.
- [28] Yun G, Lee H, Hong Y, *et al.* The difference of morphological characteristics and population structure in PAO and DPAO granular sludges[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2019, **76**: 388-402.
- [29] Wu W Z, Yang L H, Wang J L. Denitrification performance and microbial diversity in a packed-bed bioreactor using PCL as carbon source and biofilm carrier[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2013, **97**(6): 2725-2733.
- [30] Achenbach L A, Michaelidou U, Bruce R A, *et al.* *Dechloromonas agitata* gen. nov., sp. nov. and *Dechlorosoma suillum* gen. nov., sp. nov., two novel environmentally dominant (per) chlorate-reducing bacteria and their phylogenetic position[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2001, **51**(2): 527-533.
- [31] Zhang K G, Song L, Dong X Z. *Proteiniclasticum ruminis* gen. nov., sp. nov., a strictly anaerobic proteolytic bacterium isolated from yak rumen[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2010, **60**(9): 2221-2225.
- [32] Kristiansen R, Nguyen H T T, Saunders A M, *et al.* A metabolic model for members of the genus *Tetrasphaera* involved in enhanced biological phosphorus removal[J]. *The ISME Journal*, 2013, **7**(3): 543-554.
- [33] Kulichevskaya I S, Baulina O I, Bodelier P L E, *et al.* *Zavarzinella formosa* gen. nov., sp. nov., a novel stalked, Gemmata-like planctomycete from a Siberian peat bog[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2009, **59**(2): 357-364.
- [34] Percival S L, Williams D W. *Mycobacterium*[A]. In: Percival S L, Yates M V, Williams D W, *et al.* (Eds.). *Microbiology of Waterborne Diseases* (2nd ed.) [M]. London: Elsevier Ltd., 2014. 177-207.
- [35] 常笑. 微生物在铁氧化物促进短链脂肪酸产甲烷过程中的关系—基于 SPSS 的统计学分析[D]. 合肥: 合肥工业大学, 2018. 1-88.

- [36] Shiratori H, Ohiwa H, Ikeno H, *et al.* *Lutispora thermophila* gen. nov., sp. nov., a thermophilic, spore-forming bacterium isolated from a thermophilic methanogenic bioreactor digesting municipal solid wastes [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2008, **58**(4): 964-969.
- [37] 赵光, 郑盼, 郭海娟, 等. 糖浆废水与牛粪厌氧共发酵产甲烷特性研究 [J]. 可再生能源, 2016, **34**(9): 1403-1410.
- [38] Jabari L, Gannoun H, Cayol J L, *et al.* *Macellibacteroides fermentans* gen. nov., sp. nov., a member of the family *Porphyromonadaceae* isolated from an upflow anaerobic filter treating abattoir wastewaters [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2012, **62**(10): 2522-2527.
- [39] Zheng Y, Cheng C, Zhou Z, *et al.* Insight into the roles of packing carriers and ultrasonication in anaerobic side-stream reactor coupled membrane bioreactors: sludge reduction performance and mechanism [J]. Water Research, 2019, **155**: 310-319.
- [40] Pascual J, Wüst P K, Geppert A, *et al.* Novel isolates double the number of chemotrophic species and allow the first description of higher taxa in *Acidobacteria* subdivision 4 [J]. Systematic and Applied Microbiology, 2015, **38**(8): 534-544.
- [41] Inoue J I, Oshima K, Suda W, *et al.* Distribution and evolution of nitrogen fixation genes in the phylum *Bacteroidetes* [J]. Microbes and Environments, 2015, **30**(1): 44-50.
- [42] Han Y H, Fu T, Wang S S, *et al.* Efficient phosphate accumulation in the newly isolated *Acinetobacter junii* strain LH4 [J]. 3 Biotech, 2018, **8**(7), doi: 10.1007/s13205-018-1338-4.



CONTENTS

Concurrent Collection of Ammonia Gas and Aerosol Ammonium in Urban Beijing During National Celebration Days Utilizing an Acid-Coated Honeycomb Denuder in Combination with a Filter System	GU Meng-na, PAN Yue-peng, SONG Lin-lin, <i>et al.</i> (1)
Heavy Pollution Episode in Tianjin Based on UAV Meteorological Sounding and Numerical Model	YANG Xu, CAI Zi-ying, HAN Su-qin, <i>et al.</i> (9)
Characteristics and Sources of PM _{2.5} Pollution in Typical Cities of the Central Plains Urban Agglomeration in Autumn and Winter ...	MIAO Qing-qing, JIANG Nan, ZHANG Rui-qin, <i>et al.</i> (19)
Characteristics and Sources of Water-soluble Ion Pollution in PM _{2.5} in Winter in Shenyang	WANG Guo-zhen, REN Wan-hui, YU Xing-na, <i>et al.</i> (30)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in PM _{2.5} Collected in Baoding	LEI Wen-kai, LI Xing-ru, ZHANG Lan, <i>et al.</i> (38)
Source Apportionment of Ambient Carbonyl Compounds Based on a PMF and Source Tracer Ratio Method: A Case Based on Observations in Nanjing	HU Kun, WANG Ming, WANG Hong-li, <i>et al.</i> (45)
Characterization and Source Apportionment of Atmospheric VOCs in Tianjin in 2019	GAO Jing-yun, XIAO Zhi-mei, XU Hong, <i>et al.</i> (55)
Characteristics and Source Apportionment of Ambient VOCs in Spring in Liuzhou	LIU Qi, LU Xing-lin, ZENG Peng, <i>et al.</i> (65)
Characteristics of Ozone and Source Apportionment of the Precursor VOCs in Tianjin Suburbs in Summer	LUO Rui-xue, LIU Bao-shuang, LIANG Dan-ni, <i>et al.</i> (75)
Transport Influence and Potential Sources of Ozone Pollution for Nanjing During Spring and Summer in 2017	XIE Fang-jian, LU Xiao-bo, YANG Feng, <i>et al.</i> (88)
Ozone Pollution Trend in the Pearl River Delta Region During 2006-2019	ZHAO Wei, GAO Bo, LU Qing, <i>et al.</i> (97)
Distribution Characteristics and Source Apportionment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Atmospheric Deposition in Areas Adjacent to a Large Petrochemical Enterprise	LI Da-yan, QI Xiao-bao, WU Jian, <i>et al.</i> (106)
Quantitative Comparison of Methods to Assess the Airborne Particulate Matter Retention Capacity of Leaves	YUE Chen, LI Guang-de, XI Ben-ye, <i>et al.</i> (114)
Emission Estimation and Fate Simulation of Dichlorvos in the Dongjiang River Watershed	ZHANG Bing, ZHANG Qian-qian, YING Guang-guo (127)
Distribution and Ecological Risk Assessment of Antibiotics in the Songhua River Basin of the Harbin Section and Ashe River	YANG Shang-le, WANG Xu-ming, WANG Wei-hua, <i>et al.</i> (136)
Characteristics and Ecological Risk Assessment of POPs Pollution in Sediments of Xiaoxingkai Lake in the Northeast China	LI Hui, LI Jie, SONG Peng, <i>et al.</i> (147)
Distribution and Ecological Risk Assessment of PPCPs in Drinking Water Sources of Henan Province	ZHOU Ying, WU Dong-hai, LU Guang-hua, <i>et al.</i> (159)
Occurrence Characteristics and Health Risk Assessment of Endocrine Disrupting Chemicals in Groundwater in Wuxi-Changzhou	WANG Shu-ting, RAO Zhu, GUO Feng, <i>et al.</i> (166)
Seasonal Distribution Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in Surface Water of Qingjiang River	LIU Zhao, ZHOU Hong, CAO Wen-jia, <i>et al.</i> (175)
Metal Pollutions and Human Health Risks in Groundwater from Wet, Normal, and Dry Periods in the Huixian Karst Wetland, China	LI Jun, ZHAO Yi, ZOU Sheng-zhang, <i>et al.</i> (184)
Seasonal Variation of DOM Spectral Characteristics of Rivers with Different Urbanization Levels in the Three Gorges Reservoir Area	CHEN Zhao-yu, LI Si-yue (195)
Distribution of Micro-plastics in the Soil Covered by Different Vegetation in Yellow River Delta Wetland	YUE Jun-jie, ZHAO Shuang, CHENG Hao-dong, <i>et al.</i> (204)
Metagenomic Analysis Provides Insights into Bacterial Communities, Antibiotic Resistomes, and Public Health Risks in the Dongping Lake Reservoir	ZHANG Hong-na, CUI Na, SHEN Hong-miao (211)
Mechanism of Algal Community Dynamics Driven by the Seasonal Water Bacterial Community in a Stratified Drinking Water Reservoir	YAN Miao-miao, ZHANG Hai-han, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (221)
Community Structure, Function, and Influencing Factors of Planktonic Fungi in the Danjiangkou Reservoir	ZHENG Bao-hai, WANG Xiao-yu, LI Ying-jun, <i>et al.</i> (234)
Changes in Algal Particles and Their Water Quality Effects in the Outflow River of Taihu Lake	GUO Yu-long, XU Hai, CHEN Xu-qing, <i>et al.</i> (242)
Characteristics of Soil Nitrogen and Phosphorus Losses Under Different Land-use Schemes in the Shipanqiu Watershed	DENG Hua, GAO Ming, LONG Yi, <i>et al.</i> (251)
Influence of Antecedent Dry Days on Nitrogen Removal in Bioretention Systems	CHEN Yao, LI Xin-rui, ZHENG Shuang, <i>et al.</i> (263)
Effect of <i>Enteromorpha prolifera</i> Biochar on the Adsorption Characteristics and Adsorption Mechanisms of Ammonia Nitrogen in Rainfall Runoff	CHEN You-yuan, LI Pei-qiang, LI Xian-chi, <i>et al.</i> (274)
Effect of Filter Medium on the Enhancement of Complete Autotrophic Nitrogen Removal over Nitrite Process in a Tidal Flow Constructed Wetland	LIU Bing, ZHENG Yu-ming, QIN Hui-an, <i>et al.</i> (283)
Adsorption Effect and Mechanism of Aqueous Arsenic on FeMnNi-LDHs	LIAO Yu-mei, YU Jie, WEI Shi-qiang, <i>et al.</i> (293)
Combined Use of Zirconium-Modified Bentonite Capping and Calcium Nitrate Addition to Control the Release of Phosphorus from Sediments	ZHANG Hong-hua, LIN Jian-wei, ZHAN Yan-hui, <i>et al.</i> (305)
Distribution Characteristics of Antibiotics and Antibiotic Resistance Genes in Wastewater Treatment Plants	XIE Ya-wei, YU Chi-sheng, LI Fei-fei, <i>et al.</i> (315)
Occurrence of Antibiotic Resistance Genes and Bacterial Community Structure of Different Sludge Samples During Microwave Pretreatment-Anaerobic Digestion	LI Hui-li, WU Cai-yun, TANG An-ping, <i>et al.</i> (323)
Selenium Threshold for the Delimitation of Natural Selenium-Enriched Land	WANG Hui-yan, ZENG Dao-ming, GUO Zhi-juan, <i>et al.</i> (333)
Improved Regression Kriging Prediction of the Spatial Distribution of the Soil Cadmium by Integrating Natural and Human Factors ...	GAO Zhong-yuan, XIAO Rong-bo, WANG Peng, <i>et al.</i> (343)
Simulation Cadmium (Cd) Accumulation in Typical Paddy Soils in South China	DAI Ya-ting, FU Kai-dao, YANG Yang, <i>et al.</i> (353)
Bioaccessibility and Health Risks of the Heavy Metals in Soil-Rice System of Southwest Fujian Province	LIN Cheng-qi, CAI Yu-hao, HU Gong-ren, <i>et al.</i> (359)
Effects of Nano Material on Cadmium Accumulation Capacity and Grain Yield of Indica Hybrid Rice Under Wetting-drying Alternation Irrigation	YANG Ru, CHEN Xin-rui, ZHANG Ying, <i>et al.</i> (368)
Regulation Control of a Tribasic Amendment on the Chemical Fractions of Cd and As in Paddy Soil and Their Accumulation in Rice	JIANG Yi, LIU Ya, GU Jiao-feng, <i>et al.</i> (378)
Combined Effect of Weathered Coal Based Amendments and Soil Water Management on Methylmercury Accumulation in Paddy Soil and Rice Grains	ZHENG Shun-an, WU Ze-ying, DU Zhao-ling, <i>et al.</i> (386)
Effects of Fertilization Strategies on the Cadmium Resistance of Paddy Soil Microorganisms	ZHENG Kai-kai, MA Zhi-yuan, SUN Bo, <i>et al.</i> (394)
Soil Enzyme Activity in <i>Picea schrenkiana</i> and Its Relationship with Environmental Factors in the Tianshan Mountains, Xinjiang	ZHANG Han, GONG Lu, LIU Xu, <i>et al.</i> (403)
Effects of Farmland Abandonment on Soil Enzymatic Activity and Enzymatic Stoichiometry in the Loess Hilly Region, China	ZHONG Ze-kun, YANG Gai-he, REN Cheng-jie, <i>et al.</i> (411)
Effect of Biochar on Soil Enzyme Activity & the Bacterial Community and Its Mechanism	FENG Hui-lin, XU Chen-sheng, HE Huan-hui, <i>et al.</i> (422)
Effects of Vegetation Restoration on the Structure and Function of the Rhizosphere Soil Bacterial Community of <i>Solanum rostratum</i>	ZHANG Rui-hai, SONG Zhen, FU We-dong, <i>et al.</i> (433)
Response of Microbial Biomass Carbon and Nitrogen and Rice Quality in a Yellow Soil Paddy Field to Biochar Combined with Nitrogen Fertilizer	SHI Deng-lin, WANG Xiao-li, LIU An-kai, <i>et al.</i> (443)
Effects of Adding Straw and Biochar with Equal Carbon Content on Soil Respiration and Microbial Biomass Carbon and Nitrogen	HE Tian-tian, WANG Jing, FU Yun-peng, <i>et al.</i> (450)
How Different Ratios of Straw Incorporation to Nitrogen Fertilization Influence Endogenous and Exogenous Carbon Release from Agricultural Soils	SUN Zhao-an, ZHANG Xuan, HU Zheng-jiang, <i>et al.</i> (459)
Effect of Biochar and Chemical Fertilizer Mixture on Ammonia Volatilization and Phosphorus Fixation	YANG Wen-na, DENG Zhen-xin, LI Jiao, <i>et al.</i> (467)
Effects of Film Materials on Ammonia Volatilization Emissions from a Paddy System After Reducing Nitrogen Fertilizer Application	YU Ying-liang, WANG Meng-fan, YANG Bei, <i>et al.</i> (477)
Effects of Microplastics on Embryo Hatching and Intestinal Accumulation in Larval Zebrafish <i>Danio rerio</i>	ZHAO Jia, RAO Ben-qiang, GUO Xiu-mei, <i>et al.</i> (485)
Urban Micro-Scale Thermal Environment Simulation Supported by UAV Thermal Infrared Data	YANG Shao-qi, FENG Li, TIAN Hui-hui, <i>et al.</i> (492)
Estimation of the Urban Heat Island Intensity Change and Its Relationships with Driving Factors Across China Based on the Human Settlement Scale	SUN Yan-wei, WANG Run, GUO Qing-hai, <i>et al.</i> (501)