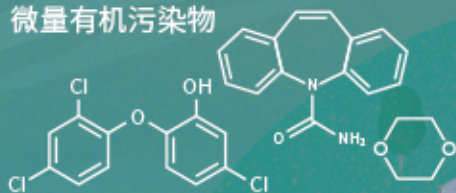


城市污水再生处理中微量有机污染物控制的关键难题与解决思路

王文龙, 吴乾元, 杜烨, 黄南, 陆韻, 魏东斌, 胡洪营

微量有机污染物



深度处理

- 污染物非靶向筛查
- 新型处理技术开发
- 处理效率替代性指标
- 工艺运行指南与排放标准

污水处理厂

深度处理

污水再生利用

湖泊湿地等

景观娱乐用水

下游城市河湖

污水达标排放

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年6月

第42卷 第6期
Vol.42 No.6

目次

综述与专论

- 城市环境生物安全研究的进展与挑战 苏建强, 安新丽, 胡安谊, 朱永官 (2565)
城市污水再生处理中微量有机污染物控制的关键难题与解决思路 王文龙, 吴乾元, 杜焯, 黄南, 陆韻, 魏东斌, 胡洪莹 (2573)
污泥 EPS 作为阻燃剂的机制归纳与潜力分析 郝晓地, 赵梓丞, 李季, 时琛, 吴远远 (2583)

研究报告

- 北京大气 PM_{2.5} 载带金属浓度、来源及健康风险的城郊差异 周安琪, 刘建伟, 周旭, 毕思琪, 张博哈, 高越, 曹红斌 (2595)
京津冀及周边 MAIAC AOD 和 PM_{2.5} 质量浓度特征及相关性分析 金国因, 杨兴川, 晏星, 赵文吉 (2604)
天津市 PM_{2.5} 中二次硝酸盐形成及防控 肖致美, 武婷, 卫昱婷, 徐虹, 李立伟, 李鹏, 陈魁, 邓小文 (2616)
南京市大气细颗粒物(PM_{2.5})中硝基多环芳烃污染特征与风险评估 傅银银, 文浩哲, 王向华, 于南洋, 李冰, 韦斯 (2626)
汾渭平原吸收性气溶胶时空演化及潜在源区分析 刘旻霞, 李亮, 于瑞新, 宋佳颖, 张国娟, 穆若兰, 徐璐 (2634)
西南典型区域夏季大气含氧挥发性有机化合物来源解析
... 陈木兰, 王赛男, 陈天舒, 朱波, 彭超, 周佳维, 车汉雄, 黄汝辉, 杨复沐, 刘合凡, 谭钦文, 韩丽, 陈军辉, 陆克定, 陈阳 (2648)
气溶胶中溶解性有机质(DOM)液相氧化 陶冶, 陈彦彤, 李楠旺, 张敬宇, 叶招莲, 盖鑫磊 (2659)
基于 MERRA-2 再分析资料的上海市近 40 年大气黑碳浓度变化及潜在来源解析
曹闪闪, 段玉森, 高婵婵, 苏玲, 杨怡萱, 张洋, 蔡超琳, 刘敏 (2668)
石家庄市臭氧和二氧化氮的时空演替特征及来源解析 王帅, 聂赛赛, 冯亚平, 崔建升, 陈静, 刘大喜, 石文雅 (2679)
基于光化学指标法的邯郸市臭氧生成敏感性 牛元, 程水源, 欧盛菊, 姚诗音, 沈泽亚, 关攀博 (2691)
基于 Landsat 数据的关中盆地腹地 AOD 时空格局及城市化对其影响 郑玉蓉, 王旭红, 张秀, 胡贵贵, 梁秀娟, 牛林芝, 韩海青 (2699)
基于卫星遥感和地面观测的人为源 VOCs 区域清单多维校验 王玥, 魏巍, 任云婷, 王晓琦, 陈赛赛, 程水源 (2713)
中原城市群国家干线公路 SOA 生成潜势估算 王娜萍, 李海萍, 张帆 (2721)
北京市“大气十条”实施的空气质量改善效益 卢亚灵, 范朝阳, 蒋洪强, 牛传真, 李勃 (2730)
工业大气污染源排放绩效定量评价及应用 李廷昆, 冯银厂, 吴建会, 毕晓辉, 张裕芬 (2740)
基于生态风险的我国水环境高风险抗生素筛选排序 周力, 刘珊, 郭家骅, 李琦 (2748)
基于 RDA-REM 模型的我国再生水开发利用潜力 郑锦涛, 马涛, 刘九夫, 彭安帮, 邓晰元, 郑皓 (2758)
基于模型研究质量评价的 SWAT 模型参数取值特征分析 荣易, 秦成新, 杜鹏飞, 孙博 (2769)
大型浅水湖泊水质模型边界负荷敏感性分析 王亚宁, 李一平, 程月, 唐春燕, 陈刚 (2778)
不同流域水陆过渡带氮磷有效态的特征对比及环境意义 朱海, 袁旭音, 叶宏萌, 成瑾, 毛志强, 韩年, 周慧华 (2787)
基于不同赋权方法的北运河上游潜在非点源污染风险时空变化特征分析
李华林, 张建军, 张耀方, 常国梁, 时迪迪, 徐文静, 宋卓远, 于佩丹, 张守红 (2796)
长期施肥和耕作下紫色土坡耕地径流 TN 和 TP 流失特征 吴小雨, 李天阳, 何丙辉 (2810)
渭河和泾河流域浅层地下水水化学特征和控制因素 刘鑫, 向伟, 司炳成 (2817)
太湖流域上游南苕溪水系夏秋季水体溶存二氧化碳和甲烷浓度特征及影响因素
梁佳辉, 田琳琳, 周钟昱, 张海阔, 张方方, 何圣嘉, 蔡延江 (2826)
低温期浅水湖泊氮的分布及无机氮扩散通量:以白洋淀为例 文艳, 单保庆, 张文强 (2839)
覆盖条件下底泥微环境对内源磷释放的影响 陈姝彤, 李大鹏, 徐楚天, 张帅, 丁玉琴, 孙培荣, 黄勇 (2848)
圩区河道底泥腐殖酸对重金属和抗生素的共吸附 薛向东, 杨宸豪, 于荐麟, 庄海峰, 方程冉 (2856)
两种 PPCPs 对雅鲁藏布江沉积物硝化作用的影响 凌欣, 徐慧平, 陆光华 (2868)
铁碳微电解及沸石组合人工湿地的废水处理效果 赵仲婧, 郝庆菊, 张尧钰, 熊维霞, 曾唯, 陈俊江, 江长胜 (2875)
CDs-BOC 复合催化剂可见光下活化过硫酸盐降解典型 PPCPs 雷倩, 许路, 艾伟, 李志敏, 杨磊 (2885)
pg-C₃N₄/BiOBr/Ag 复合材料的制备及其光催化降解磺胺甲噁唑 杨利伟, 刘丽君, 夏训峰, 朱建超, 高生旺, 王洪良, 王书平 (2896)
海藻酸钠负载硫化零价铁对水体中 Cr(VI)的还原去除 王旭, 杨欣楠, 黄币娟, 刘壮, 李诗萌, 程敏, 谢燕华 (2908)
超顺磁性纳米 Fe₃O₄@SiO₂ 功能化材料对镉的吸附机制 张立志, 易平, 方丹丹, 王强 (2917)
典型药物在医院废水和城市污水处理厂中的污染特征及去除情况 叶璞, 游文丹, 杨滨, 陈阳, 汪立高, 赵建亮, 应光国 (2928)
印染废水循环利用抗生素抗性基因丰度变化特性 徐瑶瑶, 王锐, 金鑫, 石炬, 王岩, 金鹏康 (2937)
短程硝化反硝化除磷颗粒污泥的同步驯化 王文琪, 李冬, 高鑫, 刘博, 张杰 (2946)
厌氧氨氧化颗粒污泥的长期保藏及快速活性恢复 李冬, 刘名扬, 张杰, 曾辉平 (2957)
市政污泥热解过程中重金属迁移特性及环境效应评估 姜媛媛, 王彦, 段文焱, 左宁, 陈芳媛 (2966)
不同作物农田土壤抗生素抗性基因多样性 黄福义, 周曙仡, 王佳妮, 苏建强, 李虎 (2975)
宁夏养牛场粪污和周边土壤中抗生素及抗生素抗性基因分布特征 张俊华, 陈睿华, 刘吉利, 尚天浩, 沈聪 (2981)
温度和搅拌对牛粪厌氧消化系统抗生素抗性基因变化和微生物群落的影响
许继飞, 张秋萍, 朱天骄, 秦帅, 朱文博, 庞小可, 赵吉 (2992)
小麦秸秆生物质炭施用对不同耕作措施土壤碳含量变化的影响 刘振杰, 李鹏飞, 黄世威, 金相乐, 张阿凤 (3000)
农牧交错带典型区土壤氮磷空间分布特征及其影响因素 张燕江, 王俊鹏, 王瑜, 张兴昌, 甄庆, 李鹏飞 (3010)
汞矿区周边土壤重金属空间分布特征、污染与生态风险评价 王锐, 邓海, 贾中民, 王佳彬, 余飞, 曾琴琴 (3018)
调理剂对磷富集土壤中两种元素交互作用的影响 黄洋, 胡学玉, 曹坤坤, 张敏, 胡晓晓, 王子劲 (3028)
S-烯丙基-L-半胱氨酸缓解水稻种子幼根和幼芽镉胁迫机制 程六龙, 黄永春, 王常荣, 刘仲齐, 黄益宗, 张长波, 王晓丽 (3037)
连续 4 个生长季大气 CO₂ 升高与土壤铅(Pb)污染耦合下刺槐幼苗根际土壤微生物特征
贾夏, Lkhagvajargal Khadkhurel, 赵永华, 张春燕, 张宁静, 高云峰, 王子威 (3046)
嗜热脂肪地芽孢杆菌对聚苯乙烯的降解性能 邢睿智, 赵子强, 赵文琪, 陈志, 陈金凤, 周顺桂 (3056)
冬青和女贞叶表面颗粒物微形态及叶际细菌群落结构 李慧娟, 徐爱玲, 乔凤禄, 蒋敏, 宋琪 (3063)
罗红霉素对大型溞生殖生长及抗氧化系统的影响 张凌玉, 刘建超, 冷阳, 陆光华 (3074)
中国粮食作物产量和木本植物生物量与地表臭氧污染的响应关系 冯兆忠, 彭金龙 (3084)
《环境科学》征订启事(2698) 《环境科学》征稿简则(2712) 信息(3027, 3055, 3073)

温度和搅拌对牛粪厌氧消化系统抗生素抗性基因变化和微生物群落的影响

许继飞^{1,2}, 张秋萍¹, 朱天骄¹, 秦帅¹, 朱文博¹, 庞小可¹, 赵吉^{1,2}

(1. 内蒙古大学生态与环境学院, 呼和浩特 010021; 2. 内蒙古大学内蒙古自治区环境污染控制与废物资源化重点实验室, 呼和浩特 010021)

摘要: 分别设置中温不搅拌、中温搅拌、高温不搅拌和高温搅拌这4种牛粪厌氧消化处理, 探究温度和搅拌对牛粪厌氧消化抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)变化及微生物群落的影响。以厌氧消化特性为基础, 分析 ARGs 和可移动遗传元件(mobile genetic elements, MGEs)的丰度变化和微生物群落结构, 并利用网络分析和冗余分析探究影响 ARGs 变化的关键因素。通过双因素方差分析可知, 温度对厌氧消化产气的影响($\eta^2 = 0.934$)强于搅拌($\eta^2 = 0.911$), 高温总产气量较中温提高了13.93%, 且中温条件下搅拌的总产气量较未搅拌提高了12.63%。温度对 ARGs 去除的影响($\eta^2 = 0.992$)也强于搅拌($\eta^2 = 0.920$)。高温将 ARGs 和 MGEs 的去除量显著提升至0.09~1.53(对数值), 但搅拌对 ARGs 和 MGEs 的去除无显著影响。微生物群落受温度的影响也更为显著, 门水平微生物 Firmicutes 成为高温条件下的绝对优势菌, 相对丰度高达86%以上。属水平微生物 *Sedimentibacter*、*Sphaerochaeta* 和 *Pseudomonas* 等为 ARGs 的潜在宿主菌, 直接影响 ARGs 的变化。理化因子影响了微生物的分布, 尤其是总氮氮和总挥发酸, 通过影响 ARGs 宿主菌间接影响 ARGs 的变化。整体来看, 高温不搅拌的消化条件有利于气体的产生和 ARGs 的去除。

关键词: 厌氧消化; 搅拌; 温度; 抗生素抗性基因; 微生物群落

中图分类号: X172; X705 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)06-2992-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.202010173

Effects of Temperature and Stirring on the Changes of Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in Anaerobic Digestion of Dairy Manure

XU Ji-fei^{1,2}, ZHANG Qiu-ping¹, ZHU Tian-jiao¹, QIN Shuai¹, ZHU Wen-bo¹, PANG Xiao-ke¹, ZHAO Ji^{1,2}

(1. School of Ecology and Environment, Inner Mongolia University, Hohhot 010021, China; 2. Inner Mongolia Key Laboratory of Environmental Pollution Control and Waste Resource Recycle, Inner Mongolia University, Hohhot 010021, China)

Abstract: To investigate the effects of temperature and stirring on antibiotic resistance genes (ARGs) and microbial communities during the anaerobic digestion of dairy manure, mesophilic and thermophilic anaerobic digestion experiments were performed with and without stirring. Two-way analysis of variance indicated that temperature affected biogas production more strongly than stirring ($\eta^2 = 0.934 > 0.911$), and thermophilic and stirring increased the total biogas yield by 13.93% and 12.63%, respectively. The effect of temperature on the removal of ARGs was also stronger than that of stirring ($\eta^2 = 0.992 > 0.920$), where thermophilic conditions enhanced the reduction of ARGs and MGEs to 0.09-1.53 (logarithm), while stirring had no significant effects. When temperature was altered from mesophilic to thermophilic, the microbial communities shifted, with Firmicutes becoming the dominant phylum after thermophilic anaerobic digestion, with a relative abundance of >86%. Network analysis demonstrated that eight genera including *Sedimentibacter*, *Sphaerochaeta*, and *Pseudomonas* were the hosts of ARGs and MGEs, and the redundancy analysis suggested that physicochemical parameters play important roles in shaping microbial communities, especially TAN and TVFAs, which indirectly affected the ARGs by altering their host bacteria.

Key words: anaerobic digestion; stirring; temperature; antibiotic resistance genes(ARGs); microbial communities

随着集约化养殖规模的扩大, 畜禽粪便的产量日益增多, 随之而来的抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)是抗生素抗性传播的重要物质, 可在不同种类微生物间水平转移, 从而对环境造成污染, 甚至对人类健康产生威胁^[5~7]。畜禽粪便中的 ARGs 是环境中 ARGs 的主要来源之一, 养殖场周边空气、土壤、甚至河流中均检出 ARGs^[8~10]。最大限度地降低畜禽粪便中 ARGs 的丰度, 可减缓 ARGs 带来的生态风险。

厌氧消化是处理畜禽粪便的主要方式之一, 可将粪便转化为沼气及肥料, 也是削减 ARGs 的有效手段之一^[11,12]。已有研究表明厌氧消化对 ARGs 的去除效果与微生物群落密切相关^[13~17]。温度是厌氧消化系统的重要工艺参数, 可通过改变微生物群落影响产沼气性能^[18,19]。作为厌氧消化系统中的另一

收稿日期: 2020-10-24; 修订日期: 2020-11-24

基金项目: 国家自然科学基金项目(51768048); 内蒙古自治区科技计划项目(2020GG0015, 2020GG0081); 内蒙古自然科学基金项目(2020MS05003)

作者简介: 许继飞(1978~), 男, 博士, 教授, 主要研究方向为有机废弃物的处理与资源化, E-mail: Jifeixu@imu.edu.cn

重要工艺参数,搅拌可影响传质和传热效率,并影响微生物群落分布^[20,21]. 因此,温度和搅拌可能作用于微生物群落且产生交互作用,从而影响厌氧消化对 ARGs 的削减作用.

目前,温度和搅拌及二者交互作用对厌氧消化系统中 ARGs 的影响不甚清楚. 本文以大规模奶牛场粪便中的 ARGs 为研究对象,开展不同温度和不同搅拌速率的厌氧消化试验,主要研究温度和搅拌对 ARGs 和可移动遗传元件 (mobile genetic elements, MGEs) 丰度以及微生物群落的影响,分析理化因子、ARGs、MGEs 以及微生物群落之间的互作关系,提出有利于削减 ARGs 的厌氧消化工艺运行参数.

1 材料与方法

1.1 试验材料

新鲜牛粪取自内蒙古一大规模奶牛场,固液分离后,将固体自然风干加入至液体中调节固含率为 8%,作为厌氧消化原料. 调节后的原料 pH 值为 6.76,可溶性化学需氧量 (soluble chemical oxygen demand, SCOD) 为 8 575.00 mg·L⁻¹,总氨氮 (total ammonia nitrogen, TAN) 浓度为 531.55 mg·L⁻¹,总挥发酸 (total volatile fatty acids, TVFAs) 浓度为 3 960.49 mg·L⁻¹.

1.2 试验设置

厌氧消化反应器为有效容积 1 000 mL 的厌氧瓶,瓶塞设有采样口和出气口各一个,出气口连接排水集气装置. 向每个反应器中加入 400 mL 固含率为 8% 的消化原料,盖上瓶塞,从采样口通入氮气 5 min 营造厌氧环境,随后迅速关闭采样口并连接出气口与排水集气装置,置于恒温水浴锅. 共设置 4 组处理,分别在 35℃ 和 55℃ 下设定搅拌速率 0 和 200 r·min⁻¹,依次记为 M0、M1、T0 和 T1,详情见表 1,每个处理 3 个平行.

表 1 不同厌氧消化处理参数设置

Table 1 Operational parameters of anaerobic digestion			
处理	处理编号	温度/℃	搅拌速率/r·min ⁻¹
中温不搅拌	M0	35	0
中温搅拌	M1	35	200
高温不搅拌	T0	55	0
高温搅拌	T1	55	200

1.3 样品采集及理化指标的测定

记录每个反应器每 24 h 的产气量,并用沼气分析仪 (MRU Optima7, 德国) 测定沼气中甲烷含量. 厌氧消化反应运行结束后,混匀消化产物并测定固含率,重复 3 次;另采取每个反应器中的样品 1 mL 于

离心管内,重复 3 次,4℃、12 000 r·min⁻¹ 的条件下离心 5 min,上清液用于理化性质的测定,沉淀物用于提取 DNA.

总固体含量 (total solids, TS) 采用 105℃ 烘干法测定; SCOD 采用重铬酸钾分光光度法测定; TAN 浓度采用纳氏试剂分光光度法测定; pH 值采用多功能 pH 计 (雷磁 S-3E, 上海) 测定; TVFAs 采用比色法测定.

1.4 DNA 提取及荧光定量 PCR

利用粪便基因组 DNA 提取试剂盒 (天根 DP-328, 北京) 提取每毫升样品沉淀物的 DNA,按照说明书操作. 提取出的 DNA 用超微量紫外分光光度计 (Nanodrop-2000, 美国) 检测浓度及纯度,用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 完整性. 在 Bio-Rad CFX96 system 中对 7 个 ARGs (*tetA*、*tetC*、*tetG*、*tetO*、*tetQ*、*tetT* 和 *tetX*)、3 个 MGEs (*intI1*、*intI2* 和 *Tn916/1545*) 和总细菌数 (16S rRNA) 进行定量分析,具体引物信息参考文献 [22, 23]. qPCR 反应体系 (20 μL): 10 μL 2 × SG Fast qPCR Master Mix, 0.5 μL 正反向引物 (10 μmol·L⁻¹), 1 μL DNA 模板, 8 μL 无菌无酶水. 反应条件: 95℃ 预变性 3 min; 95℃ 变性 3 s, 退火温度 30 s, 72℃ 延伸 30 s, 共 40 个循环.

1.5 高通量测序

将提取的 DNA 送至上海派森诺生物公司,利用 Illumina NovaSeq 平台进行 16S rRNA 高通量测序,测序区域为 V3 ~ V4 区,引物为 338F (ACTCCTACG GGAGGCAGCAG) 和 806R (GGACTACHVGGGTW TCTAAT). 原始序列经质控后得到高质量序列,并在 SILVA 16S rRNA 数据库进行比对.

1.6 数据分析

本试验数据采用 Microsoft Excel 软件进行整理, SPSS 22.0 进行单因素方差分析、双因素方差分析及 Pearson 相关性分析, CANOCO 4.5 软件进行冗余分析, Cytoscape 3.6.0 进行网络分析, Origin Pro 9.0 和 R 3.2.5 作图.

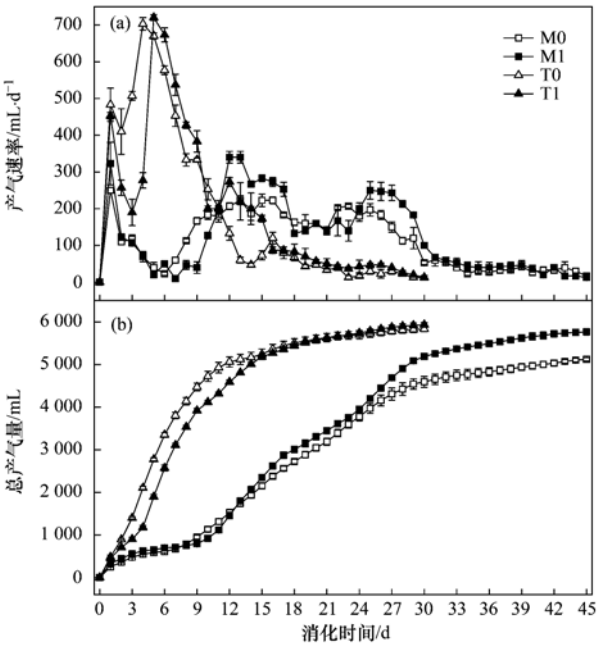
2 结果与讨论

2.1 厌氧消化性能

厌氧消化的产气曲线如图 1 所示,反应后期产气稳定,微生物量达到稳定状态, 35℃ 和 55℃ 厌氧消化分别在第 45 d 和第 30 d 时日产气量小于反应体积的 5% (即 20 mL), 此时可视为消化结束. 以日产气量代表厌氧消化产气速率 [图 1(a)], 35℃ 条件下产气集中在第 6 ~ 30 d, 而 55℃ 条件下产气集中在第 3 ~ 16 d, 且前 10 d 的产气速率远高于 35℃, 说明高温加快了厌氧消化反应进程, 缩短了整个周

期^[22]. M0、M1、T0 和 T1 的最大产气速率分别为 223、340、703 和 720 mL·d⁻¹. T0 和 T1 的最大产气速率分别是 M0 和 M1 的 3.15 倍和 2.12 倍,证明高温可显著($P < 0.01$)提高产气速率. 分别比较 M0 与 M1 和 T0 与 T1,发现相较 M0 而言,M1 显著($P < 0.01$)提高了最大产气速率,而 T0 与 T1 之间最大产气速率无显著差异. 由此说明中温条件下搅拌可显著提高厌氧消化产气速率,而高温条件下搅拌则对产气速率无明显影响. 消化后总产气量如图 1(b) 所示,M0、M1、T0 和 T1 的总产气量分别为 5 120、5 767、5 833 和 5 933 mL. 由双因素方差分析可知温度和搅拌对总产气量均具有显著影响($P < 0.001$). 其中,温度的影响($\eta^2 = 0.934$) 大于搅拌($\eta^2 = 0.911$) 及二者交互作用($\eta^2 = 0.845$). T0 和 T1 总产气量分别较 M0 和 M1 增加了 13.93% 和 2.88%,证明高温条件可促进产气,与 Lin 等^[24] 的研究结果一致. 35℃ 条件下搅拌可促进产沼气,M1 总产气量较 M0 显著($P < 0.01$) 增加 12.63%. 而 T0 与 T1 之间总产气量无显著差异,表明二者交互作用弱于单独作用. 这是因为中温条件下搅拌可促进物料的水解,从而增加了微生物对有机物的利用率^[25],而高温本身可提高有机物利用率,此温度条件下搅拌对总产气量的影响可忽略不计. 4 组处理甲烷含量均为 50% 左右,无显著差异,总产甲烷量则与总产气量规律一致.

消化结束后理化因子见表 2. 35℃ 和 55℃ 条件下的 TS 分别小于 7% 和大于 7%,其中 M0 与 M1 及 T0 与 T1 之间无明显差异. 消化结束后 SCOD 浓度降低了 34.99%~63.17%,其中高温条件和搅拌处



M0、M1、T0 和 T1 分别代表中温不搅拌、中温搅拌、高温不搅拌和高温搅拌处理

图 1 厌氧消化过程产气速率及总产气量

Fig. 1 Biogas production rate and total biogas yield in anaerobic digestion

理的 SCOD 浓度均高于中温条件和未搅拌处理,证明高温和搅拌可促进有机质的水解^[25],这也进一步解释了高温和搅拌可提高总产气量. TVFAs 浓度在消化结束后也降低,但 4 组处理间几乎无显著差异,只有 T1 的浓度显著($P < 0.01$) 低于其他 3 组. TAN 浓度从初始的 531.55 mg·L⁻¹ 升高至 866.26~953.92 mg·L⁻¹,4 组之间无显著差异. 消化结束后 4 组处理的 pH 值均接近中性.

表 2 厌氧消化后理化因子

Table 2 Physicochemical parameters after anaerobic digestion

处理	处理编号	TS/%	SCOD/mg·L ⁻¹	TAN/mg·L ⁻¹	TVFAs/mg·L ⁻¹	pH
中温不搅拌	M0	6.25 ± 0.42a	3 158.33 ± 235.70d	918.06 ± 73.69a	3 124.31 ± 62.23a	6.52 ± 0.02a
中温搅拌	M1	6.86 ± 0.82a	3 991.67 ± 117.85c	953.92 ± 143.78a	3 300.33 ± 373.39a	6.78 ± 0.29a
高温不搅拌	T0	7.08 ± 0.18a	4 658.33 ± 117.85b	866.26 ± 36.95a	3 212.32 ± 124.46a	6.66 ± 0.02a
高温搅拌	T1	7.53 ± 1.15a	5 575.00 ± 408.25a	870.24 ± 71.72a	2 508.25 ± 285.18b	6.89 ± 0.13a

2.2 ARGs 与 MGEs 丰度变化

消化原料中共检测到 7 种 ARGs,包括外排泵基因 *tetC* 和 *tetG*,核糖体保护蛋白基因 *tetO*、*tetQ* 和 *tetT*,以及转座酶基因 *tetX*. 其中 *tetQ* 的绝对丰度最高,为 7.45×10^9 copies · mL⁻¹,可能是 *tetQ* 在奶牛病原菌之间可频繁转移^[23]. *TetC* 的绝对丰度最低,为 2.33×10^6 copies · mL⁻¹.

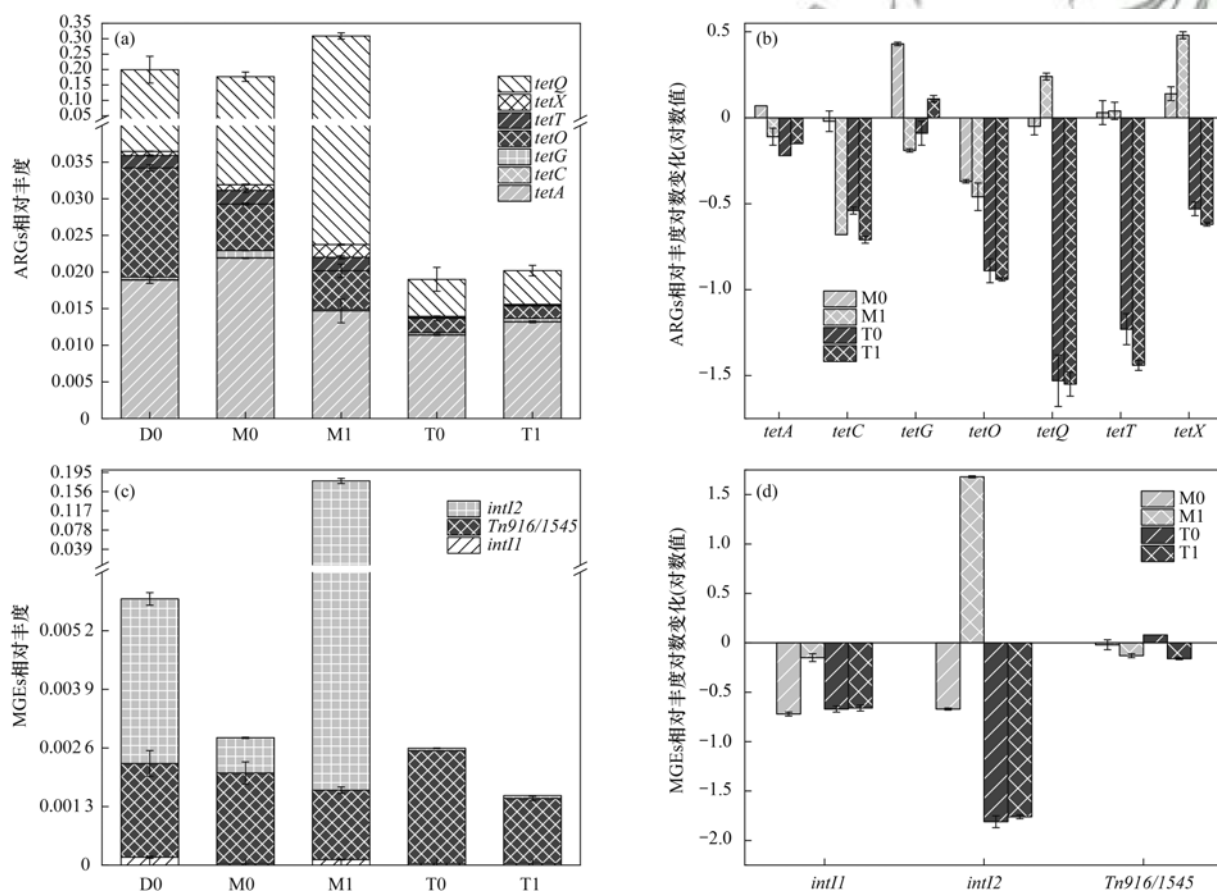
以 16S rRNA 为管家基因,ARGs 与 16S rRNA 绝对丰度的比值作为 ARGs 的相对丰度. 经厌氧消化后,M0~T1 中 ARGs 的总相对丰度分别为

0.177、0.309、0.019 和 0.020[图 2(a)]. 由双因素方差分析结果可知,温度、搅拌以及二者交互作用对 ARGs 总相对丰度具有显著影响($P < 0.001$). 与产气结果相似,温度对 ARGs 总相对丰度的影响($\eta^2 = 0.992$) 大于搅拌($\eta^2 = 0.920$) 及二者交互作用($\eta^2 = 0.917$),T0 和 T1 产物中总相对丰度显著低于 M0 和 M1,表明高温条件更有利于 ARGs 的去除,与 Sun 等^[26] 的研究结果一致. 将消化产物中每个基因相对丰度的对数值与其消化原料中相对丰度的对数值作差,得到各基因相对丰

度的变化量(对数值),结果如图 2(b)所示. 7 种 ARGs 在 T0 和 T1 中的去除量为 0.09 ~ 1.53(对数值),高于 M0 和 M1 中的去除量 0.02 ~ 0.68(对数值),进一步证明高温可促进 ARGs 的去除. 搅拌也可促进部分 ARGs 的去除,例如, *tetA* 和 *tetG* 的相对丰度在 M0 中分别增加了 0.07 和 0.43(对数值),而在 M1 中则分别降低了 0.11 和 0.19(对数值). *TetC* 和 *tetO* 的相对丰度在 M1 中也显著 ($P < 0.01$) 低于 M0. 与 T0 相比, T1 中 *tetC*、*tetT* 和 *tetX* 的相对丰度较低. 由以上分析可知,搅拌对 ARGs 的影响在不同的温度条件下略有差异. 搅拌在中温条件下可显著促进 *tetA*、*tetC* 和 *tetG* 的去除,在高温条件下则促进了 *tetC*、*tetT* 和 *tetX* 的去除. 有研究表明中温厌氧消化搅拌速率越高, *tetM* 和 *tetO* 的去除效果越好^[27],高温条件下搅拌对 ARGs 的

影响还未有报道.

消化原料中 3 种 MGEs 的总相对丰度为 0.006,经厌氧消化后只有 M1 中升高至 0.178,其他 3 组处理均下降[图 2(c)]. 厌氧消化后 3 种 MGEs 相对丰度对数值的变化如图 2(d)所示. M0 中 *intI1* 和 *intI2* 的相对丰度分别降低了 0.72 和 0.67(对数值), *Tn916/1545* 的相对丰度几乎无变化. 相比之下, T0 使得 *intI2* 相对丰度降低了 1.81(对数值), *intI1* 和 *Tn916/1545* 的相对丰度变化与 M0 无明显差异. M1 较 M0 显著 ($P < 0.01$) 增加了整合子 *intI1* 和 *intI2* 的相对丰度,而 T1 则是较 T0 显著 ($P < 0.01$) 降低了 *Tn916/1545* 的相对丰度. 由此可见,高温可促进厌氧消化对 *intI2* 的去除,搅拌则抑制了中温厌氧消化对 *intI1* 和 *intI2* 的去除,促进了高温厌氧消化对 *Tn916/1545* 的去除.



D0 代表消化前, M0、M1、T0 和 T1 分别代表中温不搅拌、中温搅拌、高温不搅拌和高温搅拌处理

图 2 厌氧消化前后 ARGs 和 MGEs 的相对丰度及其变化

Fig. 2 Relative abundances and changes of ARGs and MGEs before and after anaerobic digestion

为了进一步对比温度和搅拌哪种条件对 ARGs 和 MGEs 去除的影响更大,分别研究中温(M0 和 M1)和高温(T0 和 T1)、未搅拌(M0 和 T0)和搅拌(M1 和 T1)之间各基因相对丰度的差异. 如图 3 所示,图中样点代表各 ARGs 和 MGEs 在消化结束后的相对丰度,箱形内横线代表每种条件下基因相对

丰度的中值. 与初始相比,只有高温和未搅拌条件下的中值减小,说明这两种条件有利于厌氧消化对 ARGs 的去除. 中温条件下的中值为 0.002,比高温条件下的中值高出 7 倍之多,表明高温更有利于 ARGs 和 MGEs 的去除. 与未搅拌对比,搅拌条件下的中值略高,为 0.001,表明搅拌在一定程度上削弱

了 ARGs 和 MGEs 的去除效果. 整体来看, 中温和高温条件之间 ARGs 相对丰度差异显著 ($P < 0.05$), 而未搅拌和搅拌之间则不显著, 进一步证明温度比搅拌对 ARGs 和 MGEs 去除的影响更大. 从此角度考虑, 高温不搅拌的厌氧消化工艺更有利于 ARGs 的去除.

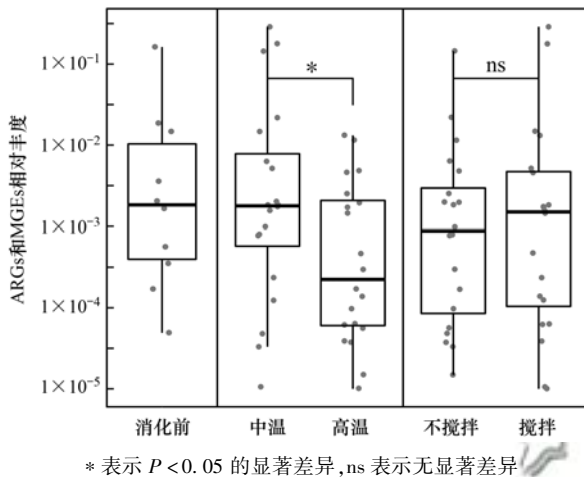
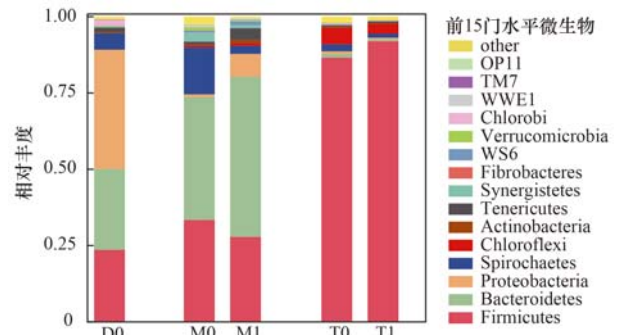


图3 不同条件厌氧消化后 ARGs 和 MGEs 相对丰度

Fig. 3 Relative abundances of ARGs and MGEs after anaerobic digestion under different conditions

2.3 微生物群落

厌氧消化前后门水平微生物(前15)丰度变化如图4所示. 消化原料中, 有4种优势菌门, 总丰度占群落结构的94.56%, 分别为 Proteobacteria (39.03%)、Bacteroidetes (26.56%)、Firmicutes (23.58%) 和 Spirochaetes (5.39%). 厌氧消化结束后, 微生物群落结构发生了明显变化, 且不同处理中变化具有差异. M0 中 Firmicutes、Bacteroidetes 和 Spirochaetes 的丰度分别增加至 33.40%、40.26% 和 15.42%, Proteobacteria 的丰度则降低至 1% 以下. 而 T0 中这4种门水平微生物只有 Firmicutes 丰度升高至 86.58%, 其他均下降至 3% 以下. Firmicutes 是参与降解纤维素产挥发酸的主要微生物^[28], 55℃ 条件下 Firmicutes 丰度远高于 35℃, 这解释了高温促进产气的现象. Wu 等^[29] 的研究发现高温条件下 Firmicutes 的相对丰度降低, 这可能是因为与本文厌氧消化原料不同导致的. 与 M0 相比, M1 中 Bacteroidetes 和 Proteobacteria 丰度分别从 40.26% 和 0.91% 升高至 52.49% 和 7.47%, Spirochaetes 丰度从 15.42% 下降至 2.66%. Bacteroidetes 也是参与产 H₂ 和 CO₂ 的主要微生物^[28], 35℃ 条件下搅拌增加了 Bacteroidetes 的丰度, 从而解释了中温条件下搅拌促进产气的现象. 55℃ 条件下未搅拌与搅拌处理微生物相对丰度差异较小, 说明搅拌对微生物的影响小于温度.



D0 代表消化前, M0、M1、T0 和 T1 分别代表中温不搅拌、中温搅拌、高温不搅拌和高温搅拌处理

图4 厌氧消化门水平微生物群落

Fig. 4 Microbial relative abundances in anaerobic digestion at the phylum level

以厌氧消化前后属水平微生物丰度的对数值作热图, 如图5所示. 消化原料中 *Pseudomonas*、*Sphaerochaeta*、*Oscillospira* 和 *Paludibacter* 丰度较高, 为优势属, 经消化结束后优势属发生变化, 35℃ 消化产物中相对丰度较高的属包括 *Syntrophomonas*、*Sphaerochaeta*、*Clostridium*、*vadinCA02* 和 *Sedimentibacter* 等; 55℃ 消化产物中相对丰度较高的属则少于 35℃, 包括 *Clostridium*、*Caldicoprobacter* 和 *SHD-231* 等. 另外, 中温条件下搅拌改变了一些属水平的相对丰度. M1 中 *Pseudomonas* 的相对丰度为 2.30%, M0 中此属完全消失; M1 使得 *Sedimentibacter*、*Advenella* 和 *Acholeplasma* 的相对丰度从 0.83%、0.01% 和 0.08% 增加至 2.91%、2.87% 和 3.11%. T0 ~ T1 之间的属水平微生物相对丰度较为接近.

2.4 基因、微生物群落以及理化因子间互作关系

选取每个样本中相对丰度大于 1% 的属, 共 11 个属, 与 ARGs 及 MGEs 作网络分析, 结果如图6(a)所示, 找到 8 个属为 ARGs 和 MGEs 的潜在宿主菌, 其在各处理之间丰度影响了 ARGs 的丰度. Ma 等^[17] 的研究表明 *Trichococcus*、*Acinetobacter* 和 *Tissierella* 等 12 个属为 *tetM*、*tetW* 和 *intI1* 等的潜在宿主, 这些属的相对丰度与 ARGs 的变化规律一致. 本文中 *tetG* 有 4 个宿主菌 *Sphaerochaeta*、*Treponema*、*Syntrophomonas* 和 *vadinCA02*, 其在 M0 中丰度最高, 也反映了 *tetG* 在此条件下相对丰度最高. *TetO* 和 *intI1* 有一个共同宿主菌 *Pseudomonas*, *intI1* 在各处理之间的分布可能间接影响 *tetO* 的分布. *Sedimentibacter* 为 *tetQ* 和 *tetX* 的潜在宿主菌, 另外 *tetX* 和 *intI2* 共享 3 个潜在宿主菌 *Sedimentibacter*、*Acholeplasma* 和 *Advenella*, 这些属的相对丰度在 M1 中最高, 这也代表 *tetQ* 和 *tetX* 在此条件下丰度增加. 为了进一步探究影响不同处理中微生物分布的

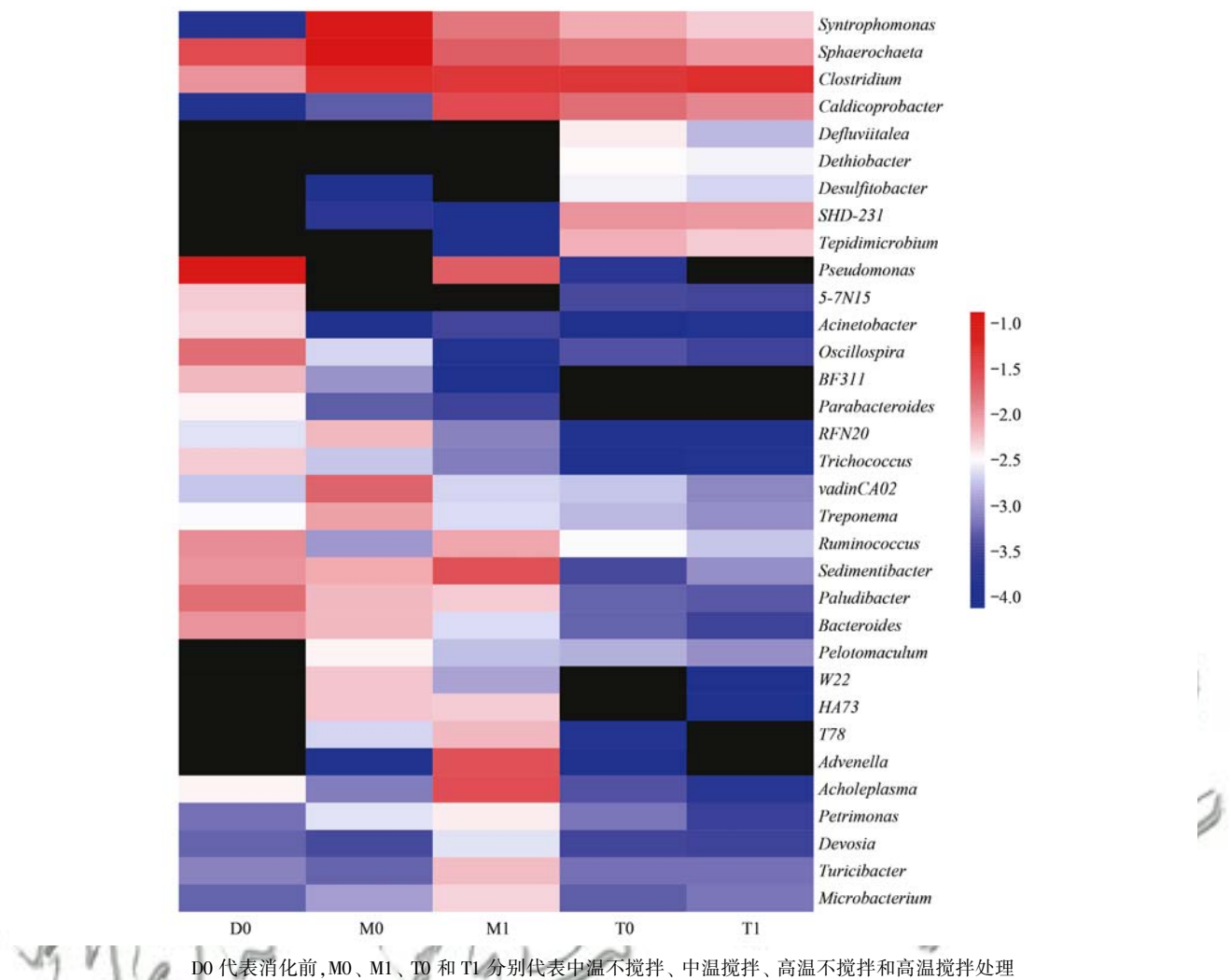
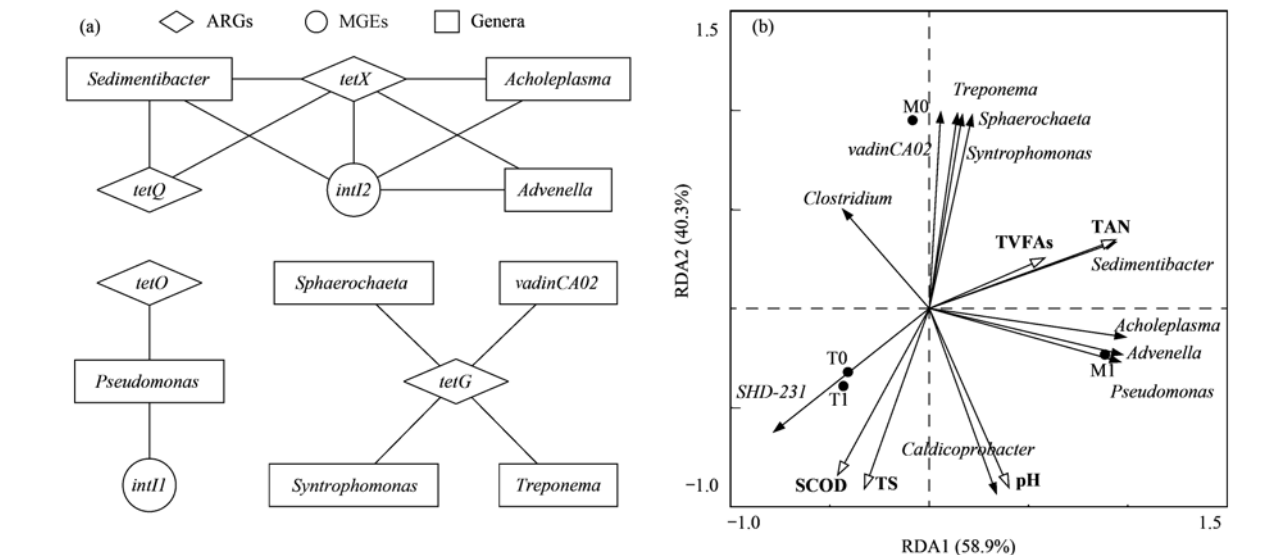


图 5 厌氧消化属水平微生物群落

Fig. 5 Microbial relative abundances in anaerobic digestion at the genus level

因子,采用理化因子与微生物间冗余分析,结果见图 6(b). RDA1 和 RDA2 的共同解释量为 99.2%,表明

理化因子较大程度影响了 4 组处理间的微生物分布. 其中,TAN 的解释量最高,占总解释量的 57%.



(a) 网络分析; (b) 冗余分析; 空心箭头表示理化因子,实心箭头表示属水平微生物

图 6 理化因子、ARGs、MGEs 以及微生物群落间互作关系

Fig. 6 Interactions among physicochemical parameters, ARGs, MGEs, and microbial communities

而且 TAN 和 TVFAs 与大多数 ARGs 的宿主菌 *Sedimentibacter*、*Acholeplasma*、*Advenella* 和 *Pseudomonas* 等呈正相关关系,由此证明本研究中 TAN 和 TVFAs 通过影响微生物从而影响 ARGs 的变化,与 Zhang 等^[30]的研究结果一致。

3 结论

(1)温度和搅拌对厌氧消化特性均有影响,高温和搅拌可以促进有机质水解,提高 SCOD 浓度,从而提升总产气量和总甲烷量.与搅拌相比,温度对厌氧消化特性影响更为显著。

(2)高温可显著提高 7 种 ARGs 和 *intI2* 的去除率,搅拌在不同温度条件下对 ARGs 影响不同.整体来看,温度比搅拌对 ARGs 和 MGEs 去除的影响更显著,高温不搅拌的厌氧消化工艺有利于 ARGs 的去除。

(3)微生物群落受温度影响更明显.高温条件下优势菌门种类减少,*Firmicutes* 变为绝对优势菌门.中温条件下搅拌可增加 *Bacteroidetes* 的丰度,而在高温条件下未搅拌与搅拌的微生物群落无显著差异。

(4) *Sedimentibacter*、*Pseudomonas* 和 *Spharochaeta* 等为 ARGs 的潜在宿主菌,其在不同条件下的丰度直接影响了厌氧消化对 ARGs 的处理效果.TAN 和 TVFAs 通过影响宿主菌的丰度,从而间接影响了不同条件下 ARGs 的相对丰度。

参考文献:

- [1] Zhu Y G, Johnson T A, Su J Q, *et al.* Diverse and abundant antibiotic resistance genes in Chinese swine farms [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2013, **110**(9): 3435-3440.
- [2] 邹威, 罗义, 周启星. 畜禽粪便中抗生素抗性基因(ARGs)污染问题及环境调控[J]. *农业环境科学学报*, 2014, **33**(12): 2281-2287.
Zou W, Luo Y, Zhou Q X. Pollution and environmental regulation of antibiotic resistance genes (ARGs) in livestock manure[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2014, **33**(12): 2281-2287.
- [3] Zhang J Y, Lu T D, Chai Y F, *et al.* Which animal type contributes the most to the emission of antibiotic resistance genes in large-scale swine farms in China? [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **658**: 152-159.
- [4] Wang L J, Wang J, Wang J H, *et al.* Distribution characteristics of antibiotic resistant bacteria and genes in fresh and composted manures of livestock farms [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **695**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.133781.
- [5] Xie J W, Jin L, He T T, *et al.* Bacteria and antibiotic resistance genes (ARGs) in PM_{2.5} from China: implications for human exposure[J]. *Environmental Science & Technology*, 2019, **53**(2): 963-972.
- [6] Sanderson H, Fricker C, Brown R S, *et al.* Antibiotic resistance genes as an emerging environmental contaminant [J]. *Environmental Reviews*, 2016, **24**(2): 205-218.
- [7] 袁其懿, Chen H J, Laurence H, 等. 亚剂量抗生素诱导抗性基因水平迁移[J]. *环境科学*, 2020, **41**(8): 3748-3757.
Yuan Q Y, Chen H J, Laurence H, *et al.* Antibiotics induce horizontal gene transfer of resistance at sublethal concentrations [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(8): 3748-3757.
- [8] 刘菲, 许霞, 屠博文, 等. 某集约化肉鸡饲养场 PM_{2.5} 中抗生素抗性基因的分布特征[J]. *环境科学*, 2019, **40**(2): 567-572.
Liu F, Xu X, Tu B W, *et al.* Distribution characteristics of antibiotic resistance genes in PM_{2.5} of a concentrated broiler feeding operation [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(2): 567-572.
- [9] 程建华, 唐翔宇, 刘琛. 紫色土丘陵区畜禽养殖场土壤中抗生素抗性基因分布特征[J]. *环境科学*, 2019, **40**(7): 3257-3262.
Cheng J H, Tang X Y, Liu C. Characteristics of antibiotic resistance genes in various livestock feedlot soils of the hilly purple soil region [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(7): 3257-3262.
- [10] Yang Y W, Liu Z X, Xing S C, *et al.* The correlation between antibiotic resistance gene abundance and microbial community resistance in pig farm wastewater and surrounding rivers [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2019, **182**, doi: 10.1016/j.ecoenv.2019.109452.
- [11] Neshat S A, Mohammadi M, Najafpour G D, *et al.* Anaerobic co-digestion of animal manures and lignocellulosic residues as a potent approach for sustainable biogas production[J]. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 2017, **79**: 308-322.
- [12] Gurmesa B, Pedretti E F, Cocco S, *et al.* Manure anaerobic digestion effects and the role of pre-and post-treatments on veterinary antibiotics and antibiotic resistance genes removal efficiency[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **721**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.137532.
- [13] Zhang K Y, Gu J, Wang X J, *et al.* Analysis for microbial denitrification and antibiotic resistance during anaerobic digestion of cattle manure containing antibiotic [J]. *Bioresource Technology*, 2019, **291**, doi: 10.1016/j.biortech.2019.121803.
- [14] 苏宇傲, 刘宏波, 毛秋燕, 等. 死菌 DNA 对厌氧消化污泥中抗生素抗性基因及微生物群落分析的干扰[J]. *环境科学*, 2020, **41**(6): 2812-2821.
Su Y A, Liu H B, Mao Q Y, *et al.* Interference of dead cell DNA on the analysis of antibiotic resistance genes and microbial community in anaerobic digestion sludge [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(6): 2812-2821.
- [15] Riaz L, Wang Q Q, Yang Q X, *et al.* Potential of industrial composting and anaerobic digestion for the removal of antibiotics, antibiotic resistance genes and heavy metals from chicken manure [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **718**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.137414.
- [16] 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.
- [17] Ma J Y, Gu J, Wang X J, *et al.* Effects of nano-zerovalent iron on antibiotic resistance genes during the anaerobic digestion of cattle manure [J]. *Bioresource Technology*, 2019, **289**, doi: 10.1016/j.biortech.2019.121688.
- [18] 王腾旭, 马星宇, 王萌萌, 等. 中高温污泥厌氧消化系统中

- 微生物群落比较[J]. 微生物学通报, 2016, **43**(1): 26-35.
- Wang T X, Ma X Y, Wang M M, *et al.* A comparative study of microbial community compositions in thermophilic and mesophilic sludge anaerobic digestion systems [J]. Microbiology China, 2016, **43**(1): 26-35.
- [19] 郭香麟, 左剑恶, 史绪川, 等. 餐厨垃圾与秸秆混合中温和高温厌氧消化对比[J]. 环境科学, 2017, **38**(7): 3070-3077.
- Guo X L, Zuo J E, Shi X C, *et al.* Mesophilic and thermophilic anaerobic co-digestion of food waste and straw [J]. Environmental Science, 2017, **38**(7): 3070-3077.
- [20] 李志华, 张亚婷. 搅拌对污泥厌氧消化过程中污泥形态及微生物活性的影响[J]. 环境污染与防治, 2012, **34**(6): 5-7.
- Li Z H, Zhang Y T. Effect of stirring on structure of anaerobic flocs and space distribution of microbial activity [J]. Environmental Pollution and Control, 2012, **34**(6): 5-7.
- [21] Yu J D, Zhao Y B, Zhang H, *et al.* Hydrolysis and acidification of agricultural waste in a non-airtight system: effect of solid content, temperature, and mixing mode [J]. Waste Management, 2017, **59**: 487-497.
- [22] 朱文博, 许继飞, 张秋萍, 等. 不同温度牛粪厌氧消化中四环素类抗性基因的丰度变化特征[J]. 环境科学与技术, 2020, **43**(2): 108-114.
- Zhu W B, Xu J F, Zhang Q P, *et al.* Variation of tetracycline resistance genes during anaerobic digestion of dairy manure at different temperatures[J]. Environmental Science & Technology, 2020, **43**(2): 108-114.
- [23] Zhang Q P, Xu J F, Wang X J, *et al.* Changes and distributions of antibiotic resistance genes in liquid and solid fractions in mesophilic and thermophilic anaerobic digestion of dairy manure [J]. Bioresource Technology, 2021, **320**, doi: 10.1016/j.biortech.2020.124372.
- [24] Lin Q, De Vrieze J, He G H, *et al.* Temperature regulates methane production through the function centralization of microbial community in anaerobic digestion [J]. Bioresource Technology, 2016, **216**: 150-158.
- [25] Xiong X F, Ning P, Zhou C, *et al.* Influence of mixing on mesophilic anaerobic digestion for biogas production from cow manure [A]. In: Proceedings of International Conference on Energy Equipment Science and Engineering [C]. Guangzhou, China: CRC Press, 2015. 281-285.
- [26] Sun W, Qian X, Gu J, *et al.* Mechanism and effect of temperature on variations in antibiotic resistance genes during anaerobic digestion of dairy manure [J]. Scientific Reports, 2016, **6**, doi: 10.1038/srep30237.
- [27] Turker G, Akyol Ç, Ince O, *et al.* Operating conditions influence microbial community structures, elimination of the antibiotic resistance genes and metabolites during anaerobic digestion of cow manure in the presence of oxytetracycline [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2018, **147**: 349-356.
- [28] 乔江涛, 郭荣波, 袁宪正, 等. 玉米秸秆厌氧降解复合菌系的微生物群落结构[J]. 环境科学, 2013, **34**(4): 1531-1539.
- Qiao J T, Guo R B, Yuan X Z, *et al.* Phylogenetic analysis of methanogenic corn stalk degrading microbial communities [J]. Environmental Science, 2013, **34**(4): 1531-1539.
- [29] Wu Z L, Lin Z, Sun Z Y, *et al.* A comparative study of mesophilic and thermophilic anaerobic digestion of municipal sludge with high-solids content: reactor performance and microbial community [J]. Bioresource Technology, 2020, **302**, doi: 10.1016/j.biortech.2020.122851.
- [30] Zhang J Y, Buhe C, Yu D W, *et al.* Ammonia stress reduces antibiotic efflux but enriches horizontal gene transfer of antibiotic resistance genes in anaerobic digestion [J]. Bioresource Technology, 2020, **295**, doi: 10.1016/j.biortech.2019.122191.

CONTENTS

Advances and Challenges in Biosafety Research for Urban Environments	SU Jian-qiang, AN Xin-li, HU An-yi, <i>et al.</i> (2565)
Key Problems and Novel Strategy of Controlling Emerging Trace Organic Contaminants During Municipal Wastewater Reclamation	WANG Wen-long, WU Qian-yuan, DU Ye, <i>et al.</i> (2573)
Mechanisms Summary and Potential Analysis of EPS as a Flame Retardant	HAO Xiao-di, ZHAO Zi-cheng, LI Ji, <i>et al.</i> (2583)
Concentrations, Sources, and Health Risks of PM _{2.5} Carrier Metals in the Beijing Urban Area and Suburbs	ZHOU An-qi, LIU Jian-wei, ZHOU Xu, <i>et al.</i> (2595)
MAIAC AOD and PM _{2.5} Mass Concentrations Characteristics and Correlation Analysis in Beijing-Tianjin-Hebei and Surrounding Areas	JIN Jian-nan, YANG Xing-chuan, YAN Xing, <i>et al.</i> (2604)
Formation and Prevention of Secondary Nitrate in PM _{2.5} in Tianjin	XIAO Zhi-mei, WU Ting, WEI Yu-ting, <i>et al.</i> (2616)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Nitro Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in PM _{2.5} of Nanjing, China	FU Yin-yin, WEN Hao-zhe, WANG Xiang-hua, <i>et al.</i> (2626)
Spatio-temporal Patterns and Potential Sources of Absorbing Aerosols in the Fenwei Plain	LIU Min-xia, LI Liang, YU Rui-xin, <i>et al.</i> (2634)
Sources Apportionment of Oxygenated Volatile Organic Compounds (OVOCs) in a Typical Southwestern Region in China During Summer	CHEN Mu-lan, WANG Sai-nan, CHEN Tian-shu, <i>et al.</i> (2648)
Aqueous-phase Oxidation of Dissolved Organic Matter (DOM) from Extracts of Ambient Aerosols	TAO Ye, CHEN Yan-tong, LI Nan-wang, <i>et al.</i> (2659)
Changes and Potential Sources of Atmospheric Black Carbon Concentration in Shanghai over the Past 40 Years Based on MERRA-2 Reanalysis Data	CAO Shan-shan, DUAN Yu-sen, GAO Chan-chan, <i>et al.</i> (2668)
Spatio-Temporal Evolution Characteristics and Source Apportionment of O ₃ and NO ₂ in Shijiazhuang	WANG Shuai, NIE Sai-sai, FENG Ya-ping, <i>et al.</i> (2679)
Applying Photochemical Indicators to Analyze Ozone Sensitivity in Handan	NIU Yuan, CHENG Shui-yuan, OU Sheng-ju, <i>et al.</i> (2691)
Spatiotemporal Distribution of Aerosol Optical Depth Based on Landsat Data in the Hinterland of the Guanzhong Basin and Its Relationship with Urbanization	ZHENG Yu-rong, WANG Xu-hong, ZHANG Xiu, <i>et al.</i> (2699)
Multidimensional Verification of Anthropogenic VOCs Emissions Inventory Through Satellite Retrievals and Ground Observations	WANG Yue, WEI Wei, REN Yun-ting, <i>et al.</i> (2713)
Estimation of the SOA Formation Potential of the National Trunk Highway in Central Plains Urban Agglomeration	WANG Na-ping, LI Hai-ping, ZHANG Fan (2721)
Economic Benefit of Air Quality Improvement During Implementation of the Air Pollution Prevention and Control Action Plan in Beijing	LU Ya-ling, FAN Zhao-yang, JIANG Hong-qiang, <i>et al.</i> (2730)
Emission Performance Quantitative Evaluation and Application of Industrial Air Pollution Sources	LI Ting-kun, FENG Yin-chang, WU Jian-hui, <i>et al.</i> (2740)
Screening and Sequencing High-risk Antibiotics in China's Water Environment Based on Ecological Risks	ZHOU Li, LIU Shan, GUO Jia-hua, <i>et al.</i> (2748)
China's Reuse Water Development and Utilization Potential Based on the RDA-REM Model	ZHENG Jin-tao, MA Tao, LIU Jiu-fu, <i>et al.</i> (2758)
Characteristic Analysis of SWAT Model Parameter Values Based on Assessment of Model Research Quality	RONG Yi, QIN Cheng-xin, DU Peng-fei, <i>et al.</i> (2769)
Sensitivity Analysis of Boundary Load Reduction in a Large Shallow Lake Water Quality Model	WANG Ya-ning, LI Yi-ping, CHENG Yue, <i>et al.</i> (2778)
Comparison of Available Nitrogen and Phosphorus Characteristics in the Land-Water Transition Zone of Different Watersheds and Their Environmental Significance	ZHU Hai, YUAN Xu-yin, YE Hong-meng, <i>et al.</i> (2787)
Analysis of Spatial-Temporal Variation Characteristics of Potential Non-point Source Pollution Risks in the Upper Beiyun River Basin Using Different Weighting Methods	LI Hua-lin, ZHANG Jian-jun, ZHANG Yao-fang, <i>et al.</i> (2796)
Characteristics of Runoff-related Total Nitrogen and Phosphorus Losses Under Long-term Fertilization and Cultivation on Purple Soil Sloping Croplands	WU Xiao-yu, LI Tian-yang, HE Bing-hui (2810)
Hydrochemistry and Its Controlling Factors and Water Quality Assessment of Shallow Groundwater in the Weihe and Jinghe River Catchments	LIU Xin, XIANG Wei, SI Bing-cheng (2817)
Characteristics and Drivers of Dissolved Carbon Dioxide and Methane Concentrations in the Nantaoxi River System in the Upper Reaches of the Taihu Lake Basin During Summer-Autumn	LIANG Jia-hui, TIAN Lin-lin, ZHOU Zhong-yu, <i>et al.</i> (2826)
Nitrogen Distribution and Inorganic Nitrogen Diffusion Flux in a Shallow Lake During the Low Temperature Period: A Case Study of the Baiyangdian Lake	WEN Yan, SHAN Bao-qing, ZHANG Wen-qiang (2839)
Effects of Sediment Microenvironment on Sedimentary Phosphorus Release Under Capping	CHEN Shu-tong, LI Da-peng, XU Chu-tian, <i>et al.</i> (2848)
Coadsorption of Heavy Metal and Antibiotic onto Humic Acid from Polder River Sediment	XUE Xiang-dong, YANG Chen-hao, YU Jian-lin, <i>et al.</i> (2856)
Effects of Two PPCPs on Nitrification in Sediments in the Yarlung Zangbo River	LING Xin, XU Hui-ping, LU Guang-hua (2868)
Wastewater Treatment Effects of Ferric-carbon Micro-electrolysis and Zeolite in Constructed Wetlands	ZHAO Zhong-jing, HAO Qing-ju, ZHANG Yao-yu, <i>et al.</i> (2875)
CDS-BOC Nanophotocatalyst Activating Persulfate Under Visible Light for the Efficient Degradation of Typical PPCPs	LEI Qian, XU Lu, AI Wei, <i>et al.</i> (2885)
Preparation of pg-C ₃ N ₄ /BiOBr/Ag Composite and Photocatalytic Degradation of Sulfamethoxazole	YANG Li-wei, LIU Li-jun, XIA Xun-feng, <i>et al.</i> (2896)
Sodium Alginate Loading of Zero-Valent Iron Sulfide for the Reduction of Cr(VI) in Water	WANG Xu, YANG Xin-nan, HUANG Bi-juan, <i>et al.</i> (2908)
Adsorption Mechanism of Cadmium by Superparamagnetic Nano-Fe ₃ O ₄ @SiO ₂ Functionalized Materials	ZHANG Li-zhi, YI Ping, FANG Dan-dan, <i>et al.</i> (2917)
Pollution Characteristics and Removal of Typical Pharmaceuticals in Hospital Wastewater and Municipal Wastewater Treatment Plants	YE Pu, YOU Wen-dan, YANG Bin, <i>et al.</i> (2928)
Abundance Change of Antibiotic Resistance Genes During PDWW Recycling and Correlations with Environmental Factors	XU Yao-yao, WANG Rui, JIN Xin, <i>et al.</i> (2937)
Simultaneous Domestication of Short-cut Nitrification Denitrifying Phosphorus Removal Granules	WANG Wen-qi, LI Dong, GAO Xin, <i>et al.</i> (2946)
Long-term Storage and Rapid Activity Recovery of ANAMMOX Granular Sludge	LI Dong, LIU Ming-yang, ZHANG Jie, <i>et al.</i> (2957)
Migration and Environmental Effects of Heavy Metals in the Pyrolysis of Municipal Sludge	JIANG Yuan-yuan, WANG Yan, DUAN Wen-yan, <i>et al.</i> (2966)
Profiling of Antibiotic Resistance Genes in Different Croplands	HUANG Fu-yi, ZHOU Shu-yi-dan, WANG Jia-ni, <i>et al.</i> (2975)
Distribution Characteristics of Antibiotics and Antibiotic Resistance Genes in Manure and Surrounding Soil of Cattle Farms in Ningxia	ZHANG Jun-hua, CHEN Rui-hua, LIU Ji-li, <i>et al.</i> (2981)
Effects of Temperature and Stirring on the Changes of Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in Anaerobic Digestion of Dairy Manure	XU Ji-fei, ZHANG Qiu-ping, ZHU Tian-jiao, <i>et al.</i> (2992)
Effects of Wheat Straw-derived Biochar Application on Soil Carbon Content Under Different Tillage Practices	LIU Zhen-jie, LI Peng-fei, HUANG Shi-wei, <i>et al.</i> (3000)
Spatial Patterns of Nitrogen and Phosphorus in Soil and Their Influencing Factors in a Typical Agro-pastoral Ecotone	ZHANG Yan-jiang, WANG Jun-peng, WANG Yu, <i>et al.</i> (3010)
Spatial Distribution Characteristics, Pollution, and Ecological Risk Assessment of Soil Heavy Metals Around Mercury Mining Areas	WANG Rui, DENG Hai, JIA Zhong-min, <i>et al.</i> (3018)
Interaction and Mechanism Between Conditioning Agents and Two Elements in the Soil Enriched with Phosphorus and Cadmium	HUANG Yang, HU Xue-yu, CAO Kun-kun, <i>et al.</i> (3028)
Mechanism of S-allyl-L-cysteine Alleviating Cadmium Stress in Seedling Roots and Buds of Rice Seedlings	CHENG Liu-long, HUANG Yong-chun, WANG Chang-rong, <i>et al.</i> (3037)
Consecutive 4-year Elevated Atmospheric CO ₂ on Shaped Microbial Communities in the Rhizosphere Soil of <i>Robinia pseudoacacia</i> L. Seedlings Grown in Pb-contaminated Soils	JIA Xia, Lkhagvajargal Khadkhurel, ZHAO Yong-hua, <i>et al.</i> (3046)
Biodegradation of Polystyrene by <i>Geobacillus stearothermophilus</i>	XING Rui-zhi, ZHAO Zi-qiang, ZHAO Wen-qi, <i>et al.</i> (3056)
Micro-morphological Characteristics of Particles on Holly and Ligustrum Leaf Surfaces and Seasonal Changes in Bacterial Communities	LI Hui-juan, XU Ai-ling, QIAO Feng-lu, <i>et al.</i> (3063)
Effects of Roxithromycin on Reproduction, Growth, and Anti-oxidation System of <i>Daphnia magna</i>	ZHANG Ling-yu, LIU Jian-chao, LENG Yang, <i>et al.</i> (3074)
Relationship Between Relative Crop Yield/Woody Plant Biomass and Ground-level Ozone Pollution in China	FENG Zhao-zhong, PENG Jin-long (3084)