

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

肆秩芳华担使命 踔厉扬帆向未来
——庆祝厦门大学环境学科创立40周年



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年11月

第43卷 第11期
Vol.43 No.11

目次

厦门大学环境学科创立 40 周年专栏

新污染物共排放对生态环境监测和管理的挑战	王佩, 黄欣怡, 曹致纬, 吴朝阳, 吕永龙 (4801)
河口-近海环境新污染物的环境过程、效应与风险	王新红, 于晓璇, 王思权, 殷笑晗, 钱韦旭, 林晓萍, 吴越, 刘畅 (4810)
海水痕量营养盐和金属的分子光谱分析方法研究进展	袁东星, 黄勇明, 王婷 (4822)
环境水体中硫化物的分析方法: 从实验室分析到原位监测	李鹏, 林坤德, 袁东星 (4835)
环境水体中无机砷现场分析方法研究进展	薄光永, 陈钊英, 弓振斌, 马剑 (4845)
海洋痕量元素采样技术和分析方法的发展及展望: 厦门大学痕量元素平台建设进展	黄勇明, 周宽波, 陈耀瑾, 张楠, 杨俊波, 戴民汉, 曹知勉, 蔡毅华 (4858)

聚乙烯微塑料的微生物降解研究进展	骆苑蓉, 钱义谦, 齐雅楠 (4869)
水稻土中氮素对微生物固氮的扰动及效应机制	王锋, 张静, 周少余, 王鸿辉, 李建, 赵聪媛, 黄鹏, 陈铮 (4876)
中国海洋生态毒理学研究中的毒性测试生物	史天一, 洪海征, 王明华, 谭巧国, 史大林 (4888)
中国油气系统甲烷逸散排放估算	陈春赐, 吕永龙, 贺桂珍 (4905)
2015 ~ 2020 年厦漳泉地区大气氨排放清单及分布特征	李香, 吴水平, 姜炳祺, 刘怡靖 (4914)
九龙江口微塑料与抗生素抗性基因污染分布特征	程宏, 陈荣 (4924)
厦门湾沙滩沉积物微塑料污染特征	姚蕊, 刘花台, 李永玉, 刘潇雅, 吴海波, 王新红 (4931)
九龙江口-厦门湾海域中溶解态痕量金属的时空分布特征与影响机制	戚柳倩, 岳新利, 钟灏文, 王棋, 王德利, 陈能汪 (4939)
福建省流域-近海溶解氧时空格局与低氧调控机制	杨艾琳, 杨芳, 李少斌, 余其彪, 陈能汪 (4950)
厦门西溪河口沉积物活性磷的分布特征及迁移转化机制	潘峰, 蔡宇, 郭占荣, 王新红 (4961)
改性生物炭固定床对模拟湖水体中 Mn^{2+} 的吸附	赵洁, 叶志隆, 王佳妮, 蔡冠竟 (4971)
基于表面增强拉曼光谱技术的饮用水中痕量恩诺沙星和环丙沙星快速检测	徐婧, 郑红, 卢江龙, 刘国坤 (4982)
紫外驱动高级氧化法降解水体中的磷酸三苯酯	徐子文, 印红玲, 熊远明, 宋娇娇, 譙杨 (4992)

研究报告

2019 年秋季海南省 4 次臭氧污染过程特征及潜在源区分析	符传博, 陈红, 丹利, 徐文帅 (5000)
伊犁河谷夏季 $PM_{2.5}$ 和 PM_{10} 中水溶性无机离子浓度特征和形成机制	陈巧, 谷超, 徐涛, 周春华, 张国涛, 赵雪艳, 吴丽萍, 李新琪, 杨文 (5009)
城区与郊区 $PM_{2.5}$ 污染及传输特征差异性	齐鹏, 周颖, 程水源, 白伟超 (5018)
南京北郊 BTESX 特征及健康风险评估	冯悦政, 安俊琳, 张玉欣, 王俊秀 (5030)
我国陆域水体系统表层水中微塑料生态风险评估	孙晓楠, 陈浩, 贾其隆, 朱奔, 马长文, 叶建锋 (5040)
东江流域不同空间尺度景观格局对水质影响分析	陈优良, 邹文敏, 刘星根, 曾金凤, 李丹, 郑汉奕 (5053)
长江与黄河源丰水期地表水中汞的分布特征、赋存形态及来源解析	刘楠涛, 吴飞, 袁巍, 王训, 王定勇 (5064)
青藏高原湖泊水环境特征及水质评价	刘智琦, 潘保柱, 韩谔, 李刚, 王韬轶 (5073)
基于水化学与硫同位素的卡林型金矿区岩溶水文地球化学特征及控制因素	查学芳, 吴攀, 李学先, 陈世万, 黄家琰, 李清光, 陈思睿 (5084)
丹江口水库真核浮游植物群落分布特征及其与环境因子的关系	贺玉晓, 买思婕, 任玉芬, 李卫国, 赵同谦, 马寅男 (5096)
铜沸石对磷和重金属的吸附与底泥钝化性能	王哲, 朱俊, 李雯, 闫德馨, 董雯, 刘玉玲, 李家科 (5106)
基于宏基因组与宏转录组分析石化废水生物处理系统脱氮功能菌群	章旭, 周佳佳, 周珉, 罗西子, 严新杰, 刘勇弟, 厉巍 (5115)
寒冷地区 IFAS + 磁混凝污水厂菌群结构和抗生素抗性基因分析	杜文琰, 姚俊芹, 马辉英, 胡渊鑫, 张春雷, 陈银广 (5123)
中国旱作农田一氧化氮排放及减排: Meta 分析	田政云, 吴雄伟, 吴媛媛, 魏佳楠, 白鹤, 顾江新 (5131)
硝化抑制剂对我国蔬菜生产产量、氮肥利用率和氧化亚氮减排效应的影响: Meta 分析	刘发波, 马笑, 张芬, 梁涛, 黎亮武, 王军杰, 陈新平, 王孝忠 (5140)
不同施肥措施对热带地区稻菜轮作体系土壤 CH_4 和 N_2O 排放的影响	邵晓辉, 汤水荣, 孟磊, 伍延正, 李金秋, 张广林 (5149)
不同水分条件下土地利用方式对我国热带地区土壤硝化过程及 NO 和 N_2O 排放的影响	唐瑞杰, 胡煜杰, 赵彩悦, 赵炎, 袁新生, 汤水荣, 伍延正, 孟磊 (5159)
基于文献计量分析的长江经济带农田土壤重金属污染特征	刘孝严, 樊亚男, 刘鹏, 吴秋梅, 胡文友, 田康, 黄标 (5169)
基于 EBK 插值预测和 GDM 模型的襄州区耕地土壤重金属时空分布及来源变化分析	高浩然, 周勇, 刘甲康, 程晓明, 郭嵩, 江衍, 谭恒鑫 (5180)
基于 GIS 对宁夏某铜银矿区周边土壤重金属来源解析	张扣扣, 贺婧, 钟艳霞, 魏琪琪, 陈锋 (5192)
老化作用对生物炭钝化白云鄂博矿区碱性土壤中 Cd^{2+} 的影响	王哲, 程俊丽, 卞园, 郑春丽, 王维大, 姜庆宏 (5205)
磁性氧化铁/桑树杆生物炭的制备及其对砷污染土壤溶解性有机碳和砷形态的影响	芦琳, 颜利玲, 梁美娜, 成官文, 朱宗强, 朱义年, 王敦球 (5214)
牡蛎壳粉和石灰改良酸性水稻土对磷有效性、形态和酶活性的影响	赵丽芳, 黄鹏武, 杨彩迪, 卢升高 (5224)
磷、锌和镉交互作用对小白菜生长和锌镉累积的影响	帅祖华, 刘汉燧, 崔浩, 魏世强 (5234)
重庆开州区农地土壤抗生素污染特征及潜在生态环境风险评估	方林发, 叶萃萃, 方标, 范晓霞, 高坤鹏, 李士洋, 陈新平, 肖然 (5244)
基于 InVEST 和 GeoSoS-FLUS 模型的黄河源区碳储量时空变化特征及其对未来不同情景模式的响应	侯建坤, 陈建军, 张凯琪, 周国清, 尤号田, 韩小文 (5253)
黄土丘陵区不同恢复植被类型的固碳特征	许小明, 张晓萍, 何亮, 郭晋伟, 薛帆, 邹亚东, 易海杰, 贺洁, 王浩嘉 (5263)
土壤多功能性对微生物多样性降低的响应	陈桂鲜, 吴传发, 葛体达, 陈剑平, 邓扬悟 (5274)
氮添加对不同坡度退化高寒草甸土壤真菌多样性的影响	苏晓雪, 李希来, 李成一, 孙华方 (5286)
碳减排背景下我国与世界主要能源消费国能源消费结构与模式对比	李辉, 庞博, 朱法华, 孙雪丽, 徐静馨, 王圣 (5294)
中国能源消费碳排放的空间化与时空动态	郝瑞军, 魏伟, 刘春芳, 颜斌斌, 杜海波 (5305)
京津冀及周边地区“2+26”城市结构性调整政策的 CO_2 协同减排效益评估	杨添祺, 王洪昌, 张辰, 朱金伟, 崔宇韬, 谭玉玲, 束轲 (5315)
我国塑料污染防治政策分析与建议	李欢, 朱龙, 沈茜, 贺亚楠, 邓义祥, 安立会 (5326)

寒冷地区 IFAS + 磁混凝污水厂菌群结构和抗生素抗性基因分析

杜文琰¹, 姚俊芹^{1*}, 马辉英¹, 胡渊鑫¹, 张春雷², 陈银广³

(1. 新疆大学生态与环境学院, 乌鲁木齐 830017; 2. 中煤科工重庆设计研究院(集团)有限公司新疆分公司, 乌鲁木齐 830063; 3. 同济大学环境科学与工程学院, 上海 200092)

摘要: 为探究寒冷地区 IFAS + 磁混凝污水厂中菌群及其携带的抗生素抗性基因(ARGs)变化, 采用 16S rRNA 基因测序和宏基因组测序方法对新疆某城市污水厂进行研究。结果表明, 绿弯菌门(*Chloroflexi*)和硝化螺旋菌门(*Nitrospirae*) 在活性污泥中的相对丰度平均值分别为 3.50% 和 0.03%, 在生物膜中的相对丰度分别达到 10.02% 和 2.12%, NH_4^+ -N 和 TN 去除率平均值分别由改造前的 91.89% 和 66.76% 提升至改造后的 97.71% 和 91.90%, 表明 IFAS 增强了寒冷地区污水厂的生物脱氮能力; 生物处理段内与铁氧化还原有关的 *Ferruginibacter* 和红育菌属(*Rhodoferrax*) 的相对丰度平均值分别达到 5.24% 和 3.72%, 出水中红育菌属(*Rhodoferrax*) 的相对丰度达到 9.48%, 表明磁粉对菌群产生了影响; 该厂对 ARGs 有明显的去除效果, ARGs 的相对丰度由进水中的 $191.08 \times 10^{-3}\%$ 降至出水中的 $32.58 \times 10^{-3}\%$, 活性污泥中 ARGs 相对丰度为 $63.25 \times 10^{-3}\% \sim 72.38 \times 10^{-3}\%$, 明显高于生物膜中的 $41.31 \times 10^{-3}\%$, 但 *sul2*、*floR* 和 *rpoB2* 等 ARGs 优势亚型在生物膜中的相对丰度分别为 $5.77 \times 10^{-3}\%$ 、 $2.52 \times 10^{-3}\%$ 和 $2.03 \times 10^{-3}\%$, 高于活性污泥中的 $3.15 \times 10^{-3}\% \sim 3.57 \times 10^{-3}\%$ 、 $1.73 \times 10^{-3}\% \sim 2.24 \times 10^{-3}\%$ 和 $1.28 \times 10^{-3}\% \sim 1.76 \times 10^{-3}\%$; 网络分析结果表明, *Caldilineaceae_norank* 与 *sul2* 呈显著正相关, 毛球菌属(*Trichococcus*) 与 *floR* 呈显著正相关。

关键词: 固定生物膜-活性污泥工艺(IFAS); 抗生素抗性基因(ARGs); 活性污泥; 生物膜; 菌群结构

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)11-5123-08 DOI: 10.13227/j.hjkk.202112169

Bacterial Community Structure and Antibiotic Resistance Gene Changes in IFAS + Magnetic Coagulation Process Wastewater Treatment Plant in Cold Regions

DU Wen-yan¹, YAO Jun-qin^{1*}, MA Hui-ying¹, HU Yuan-xin¹, ZHANG Chun-lei², CHEN Yin-guang³

(1. College of Ecology and Environment, Xinjiang University, Urumqi 830017, China; 2. Xinjiang Branch of CCTEG Chongqing Engineering (Group) Co., Ltd., Urumqi 830063, China; 3. College of Environmental Science and Engineering, Tongji University, Shanghai 200092, China)

Abstract: The main objective of this study was to explore the changes in bacterial communities and antibiotic resistance genes (ARGs) in an integrated fixed-film activated sludge (IFAS) + magnetic coagulation process wastewater treatment plant (WWTP) in Xinjiang. The bacterial communities and ARGs in the influent, suspended activated sludge, attached biofilm, and effluent were studied using 16S rRNA gene sequencing and metagenomic sequencing. The results showed that the average relative abundances of *Chloroflexi* and *Nitrospirae* in activated sludge were 3.50% and 0.03%, respectively, and their relative abundances in biofilm reached 10.02% and 2.12%, respectively. The average removal rates of NH_4^+ -N and TN increased from 91.89% and 66.76% to 97.71% and 91.90% after the reformation of this wastewater treatment plant, respectively, indicating that IFAS enhanced the biological nitrogen removal capacity of wastewater treatment plants in cold regions. The average relative abundances of *Ferruginibacter* and *Rhodoferrax* related to iron redox in the biological treatment section were 5.24% and 3.72%, respectively, and the relative abundance of *Rhodoferrax* in effluent reached 9.48%, indicating that the magnetic powder had an impact on the bacterial community. The IFAS wastewater treatment plant had an obvious removal effect on ARGs, and the relative abundance of ARGs decreased from $191.08 \times 10^{-3}\%$ in the influent to $32.58 \times 10^{-3}\%$ in the effluent. The relative abundance of ARGs in activated sludge was $63.25 \times 10^{-3}\% \sim 72.38 \times 10^{-3}\%$, which was significantly higher than $41.31 \times 10^{-3}\%$ in biofilm. However, the relative abundances of dominant subtypes of ARGs such as *sul2*, *floR*, and *rpoB2* in biofilm were $5.77 \times 10^{-3}\%$, $2.52 \times 10^{-3}\%$, and $2.03 \times 10^{-3}\%$, respectively, which were higher than the $3.15 \times 10^{-3}\% \sim 3.57 \times 10^{-3}\%$, $1.73 \times 10^{-3}\% \sim 2.24 \times 10^{-3}\%$, and $1.28 \times 10^{-3}\% \sim 1.76 \times 10^{-3}\%$ in activated sludge. The network analysis indicated that *Caldilineaceae_norank* and *Trichococcus* were respectively positively correlated with *sul2* and *floR*. These results can provide theoretical reference for the optimal operation and ARGs control of WWTPs in cold regions.

Key words: integrated fixed-film activated sludge (IFAS); antibiotic resistance genes (ARGs); activated sludge; biofilm; bacterial community structure

固定生物膜-活性污泥(integrated fixed-film activated sludge, IFAS)工艺是在生物处理单元投加轻质悬浮载体,又设置了污泥回流,因此同时具有生物膜法能培养世代较长菌群与活性污泥法处理效率高优点^[1]。磁混凝技术是通过磁粉的投加而提高混凝效率及污染物去除效果的强化混凝技术^[2]。由于 IFAS 可以利用原有的生物反应池,磁混凝处理效

果好,近几年 IFAS + 磁混凝工艺在我国一些已建污水处理厂的提升改造中得到应用。有研究表明细菌

收稿日期: 2021-12-17; 修订日期: 2022-03-12

基金项目: 新疆维吾尔自治区自然科学基金项目(2021D01C047); 国家自然科学基金项目(52160005)

作者简介: 杜文琰(1996~),男,硕士研究生,主要研究方向为环境微生物, E-mail: 18326053633@163.com

* 通信作者, E-mail: yaojunqin@xju.edu.cn

群落结构直接影响污水生物处理系统的高效稳定运行^[3],同时这些菌群可能携带多种抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)^[4],ARGs作为一种新型的生物污染物,对生态环境和人类健康造成潜在危害,已经引起人们广泛关注^[5].

在 IFAS 污水处理工艺中,由于温度^[6]、操作参数^[7]和载体类型^[8]的不同,微生物群落结构是多种多样的.温度是影响微生物活性的重要环境因素之一,在各类温度条件下,低温条件是不利的^[9].有研究表明 IFAS 具有更好的低温适应性,对氨氮的去除率可以达到 99.7%^[10].在低温季节,悬浮载体的存在可以强化硝化菌属 *Nitrospira* 的富集,提升系统的总氮去除效果^[11].微生物群落结构会影响污水处理厂中 ARGs 的传播^[12].悬浮活性污泥中广泛多样的细菌为 ARGs 的传播提供了条件^[13],附着生物膜的紧密性使得细菌可以更高效地通过群体感应和水平基因转移促进信息交换^[14].有研究表明单独采用活性污泥法或生物膜法的污水厂对 ARGs 的去除效率不同^[15,16].新疆地处中纬度亚欧大陆腹地,冬季气温最低可达 $-40 \sim -20^{\circ}\text{C}$,非常寒冷,且冬季长达 6 个月. IFAS 系统同时存在悬浮活性污泥和附着生物膜,该工艺在寒冷地区污水厂中菌群结构和 ARGs 变化的研究报道很少.

为此,本文通过 16S rRNA 基因测序和宏基因组测序的方法,对乌鲁木齐某污水厂进水、生物处理单元中悬浮活性污泥和附着生物膜以及出水的细菌群落及其携带的 ARGs 进行了研究,以期为污水厂的优化运行及 ARGs 的控制提供理论基础.

1 材料与方法

1.1 样本采集与预处理

乌鲁木齐某城市污水厂采用 SPR-II 型高密度聚乙烯(PEAD)载体,2018 年 8 月将原氧化沟工艺提标改造成 IFAS 工艺,同时,在二沉池后增加磁混凝深度处理,出水由《城镇污水处理厂污染物排放标准》(GB 18918-2002)二级标准提高至一级 A 标准.污水厂工艺流程如图 1 所示,污水厂稳定运行后,采集了该厂进水(Q1)、IFAS 生物池内的前缺氧段活性污泥(Q2)、好氧段活性污泥(Q3)、好氧段悬浮载体生物膜(Q4)、后缺氧段活性污泥(Q5)和出水(Q6)共 6 个样本(平均温度为 13°C).

进水样本(Q1) $5\,000\text{ r}\cdot\text{min}^{-1}$ 离心 15 min 后收集离心管沉淀物.活性污泥样本(Q2、Q3 和 Q5)静置 30 min 沉淀后倾出上清液,收集活性污泥混合液至 50 mL 离心管.载体生物膜样本(Q4)使用纯水缓流冲洗后,用灭菌接种环取载体上的生物膜.出水

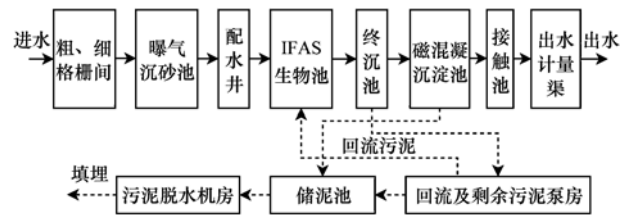


图 1 污水厂工艺流程示意

Fig. 1 Flow chart of wastewater treatment plant process

样本(Q6)经 $0.22\text{ }\mu\text{m}$ 无菌微孔滤膜真空抽滤,收集滤膜上固体物质.所有样本置于 -80°C 超低温冰箱保存.

1.2 水质分析项目及方法

DO 和温度(t)均采用多参数水质仪(HACH,美国)测定,COD 采用快速消解分光光度法测定, BOD_5 采用稀释与接种法测定,SS 采用重量法测定, NH_4^+-N 采用纳氏试剂分光光度法测定,TN 采用碱性过硫酸钾消解-紫外分光光度法测定,TP 采用钼酸铵分光光度法测定.

1.3 细菌群落结构分析

所有样本的总 DNA 提取依照 E. Z. N. A. Soil DNA Kit(Omega Bio-tek,美国)试剂盒说明进行.对细菌 16S rRNA 基因的 V4-V5 高变区域进行 PCR 扩增,引物为 515F($5'-\text{GTGCCAGCMGCCGCGG}-3'$)和 907R($5'-\text{CCGTCAATTCMTTTRAGTTT}-3'$)^[17].利用 Illumina MiSeq 测序平台进行高通量测序,按 97% 的相似度将序列进行 OTU 聚类,选取各 OTU 的代表序列与 SILVA 数据库进行比较,以获得物种注释信息.原始测序数据已上传至 NCBI 序列读取归档(SRA)数据库,登录号为 SRP332775.

1.4 ARGs 生物信息学分析

利用 Illumina NovaSeq 测序平台进行宏基因组测序,使用 fastp 对适配序列的 3'端和 5'端进行质量剪切^[18],获得优化序列(reads).使用 MEGAHIT 对优化序列拼接组装,并筛选 $\geq 300\text{ bp}$ 的重叠群(contigs)作为最终拼装结果^[19],然后用 MetaGene 对筛出的 contigs 进行 ORF 预测,选择核酸长度 $\geq 100\text{ bp}$ 的基因,并将其翻译为氨基酸序列^[20].采用 CD-HIT 构建非冗余基因集^[21],采用 SOA Paligner 将保留的 clean reads 与非冗余基因集进行比对,统计基因在对应样品中的丰度信息^[22].将非冗余基因集与 CARD 数据库进行比对,BLASTP 比对参数为比对结果期望值($e\text{-value}$) $\leq 10^{-5}$,比对一致性百分比(identity) $\geq 80\%$,比对长度(alignment length) ≥ 25 个氨基酸(amino acids)^[23],获得基因对应的抗生素抗性功能注释信息. ARGs 的丰度采用每百万条 reads 中 ARGs 的 reads 数量进行标准化^[24].原始测

序数据已上传至 NCBI 序列读取归档 (SRA) 数据库, 登录号为 SRP337894.

1.5 数据分析与可视化

在 R (v 4.0.3) 环境下使用 vegan、igraph 和 hmisc 软件包^[25], 计算细菌类群与 ARGs 亚型之间的 Spearman 相关系数, 并用于构建它们的共生网络. 数据可视化及模块化分析通过 Cytoscape (v 3.8.2) 软件实现^[26].

2 结果与讨论

2.1 污水厂运行效果

该污水厂进水和出水水质变化如图 2 所示. COD、BOD₅、SS、NH₄⁺-N、TN 和 TP 的去除率平均值由改造前的 94.23%、93.19%、93.36%、91.89%、66.76% 和 76.62% 提高至改造后的 98.48%、98.66%、97.59%、97.71%、91.90% 和

98.30%, 出水浓度优于一级 A 标准. 目前我国污水厂提标改造的难点主要是出水中 TN 不能稳定达标排放^[27], 改造后该厂对 NH₄⁺-N 和 TN 的去除效果显著提升, 出水中 NH₄⁺-N 和 TN 浓度能分别稳定在 1.02 mg·L⁻¹ 和 6.62 mg·L⁻¹ 以下, 表明 IFAS 有效增强了寒冷地区污水厂生物脱氮的能力.

2.2 细菌群落多样性

由表 1 可知, 所有样本的 Coverage 指数均大于 0.99, 表明样本中绝大部分细菌被检测出. Shannon、Chao 和 Heip 指数分别用来衡量群落多样性、物种丰富度和群落均匀度, 且指数值越大, 分别表示群落多样性越高, 物种越丰富, 群落越均匀^[28]. 从 Shannon 指数可以看出生物膜细菌群落多样性明显高于活性污泥, Chao 指数和 Heip 指数表明生物膜细菌物种丰富度和细菌群落均匀度均高于活性污泥.

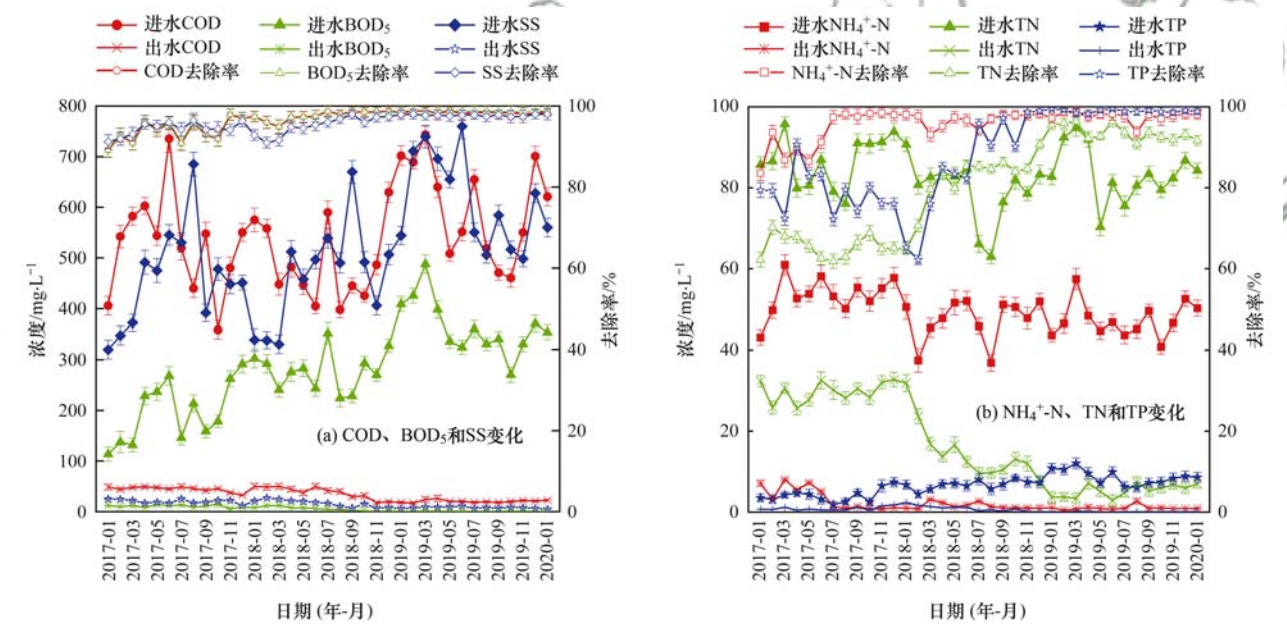


图 2 污水厂水质变化
Fig. 2 Water quality changes in wastewater treatment plant

表 1 细菌群落多样性分析

样本	Reads	OTU	Coverage 指数	Shannon 指数	Chao 指数	Heip 指数
Q1	57 578	947	0.993	4.689	1 069	0.140
Q2	65 671	876	0.995	4.535	1 128	0.100
Q3	51 935	874	0.993	4.604	1 119	0.113
Q4	51 525	1 104	0.994	5.205	1 245	0.164
Q5	53 101	862	0.993	4.481	1 052	0.101
Q6	55 258	869	0.994	4.657	1 036	0.120

2.3 细菌门水平群落结构

所有样本共检测出 35 个细菌门, 至少在一个样本中相对丰度大于 1% 的细菌门共有 10 个, 相对丰度变化见图 3. 变形菌门 (Proteobacteria) 自进水至出

水始终为优势菌门. 据报道, 变形菌门 (Proteobacteria) 通过去除有机污染物和反硝化作用在污水厂中发挥了重要作用^[29]. 进水中厚壁菌门 (Firmicutes)、变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门

(Actinobacteria) 和拟杆菌门 (Bacteroidetes) 的占比达 89.99%, 这些菌门是人类肠道菌群的主要组成部分^[30], 体现了以生活污水为主的污水厂进水中细菌群落的特征. 活性污泥中的优势菌门为变形菌门、拟杆菌门和放线菌门, 相对丰度之和达 81.11% ~ 83.21%. 由于该 IFAS 系统基于氧化沟工艺改造且采用了污泥回流系统, 微生物在生物处理段内循环, 因此活性污泥样本在门水平上的菌群结构具有相似性. 据报道, 在乌鲁木齐采用氧化沟工艺的污水厂中, 绿弯菌门 (Chloroflexi) 和硝化螺旋菌门 (Nitrospirae) 在活性污泥中的相对丰度平均值分别为 2.70% 和 0.01%^[31], 而该厂绿弯菌门 (Chloroflexi) 和硝化螺旋菌门 (Nitrospirae) 在活性污泥中的相对丰度平均值分别为 3.50% 和 0.03%, 在生物膜中的相对丰度分别达到 10.02% 和 2.12%. 有研究表明绿弯菌门参与了硝化作用的第二步, 即 NO_2^- 的氧化^[32], 而硝化螺旋菌门是硝化作用的主要贡献者, 这表明 IFAS 工艺有更多的生物脱氮菌参与到脱氮过程中.

2.4 细菌属水平群落结构

所有样本共检测出 391 个细菌属, 至少在一个样本中相对丰度大于 1% 的细菌属共有 33 个, 相对丰度变化见图 4. 毛球菌属 (*Trichococcus*)、微丝菌属 (*Candidatus _ Microthrix*) 和不动杆菌属 (*Acinetobacter*) 为进水中的优势菌属, 相对丰度分别为 16.65%、8.99% 和 5.24%. 研究表明, 毛球菌属 (*Trichococcus*) 由于高代谢多样性而能够适应各类环境条件^[33]. 微丝菌属 (*Candidatus _ Microthrix*)、*Comamonadaceae _ unclassified*、*Ferruginibacter*、*Saprospiraceae _ norank* 和红育菌属 (*Rhodoferrax*) 为活性污泥中的优势菌属, 相对丰度分别为 13.40% ~

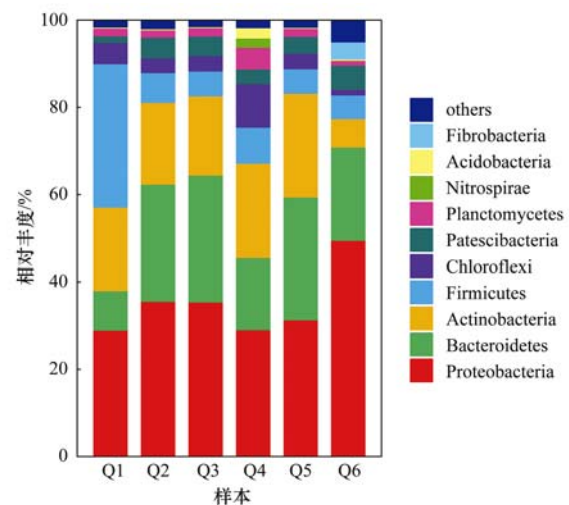


图3 细菌群落门水平相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of bacteria at phylum level

17.93%、8.19% ~ 10.79%、5.79% ~ 6.31%、5.05% ~ 5.70% 和 3.83% ~ 5.20%. 相比活性污泥, 生物膜中部分菌属有所富集, 如 *Caldilineaceae _ norank* 的相对丰度由 1.25% ~ 1.40% 增至 2.92%, 毛球菌属 (*Trichococcus*) 的相对丰度由 3.62% ~ 4.51% 增至 5.69%. 该厂整个生物处理段内 *Ferruginibacter* 和红育菌属 (*Rhodoferrax*) 的相对丰度平均值分别达到 5.24% 和 3.72%, 这与新疆寒冷地区其他污水厂生物处理段菌群结构不同^[34]. 有研究表明, *Ferruginibacter* 是一种异养反硝化细菌^[35], 且与铁代谢密切相关, 可促进 Fe^{2+} 与 Fe^{3+} 的转化, 微金属颗粒增加时更有利于此类菌属的生长^[36]. 红育菌属 (*Rhodoferrax*) 也能够进行 Fe^{2+} 氧化和 Fe^{3+} 还原, 可以循环利用铁作为电子供体和受体^[37]. 在该厂的深度处理段采用了磁混凝高效沉淀池, 受限于磁分离技术, 铁磁粉回收率不能达到 100%, 所产生的化学污泥会携带部分磁粉^[38], 这些含磁粉的化学

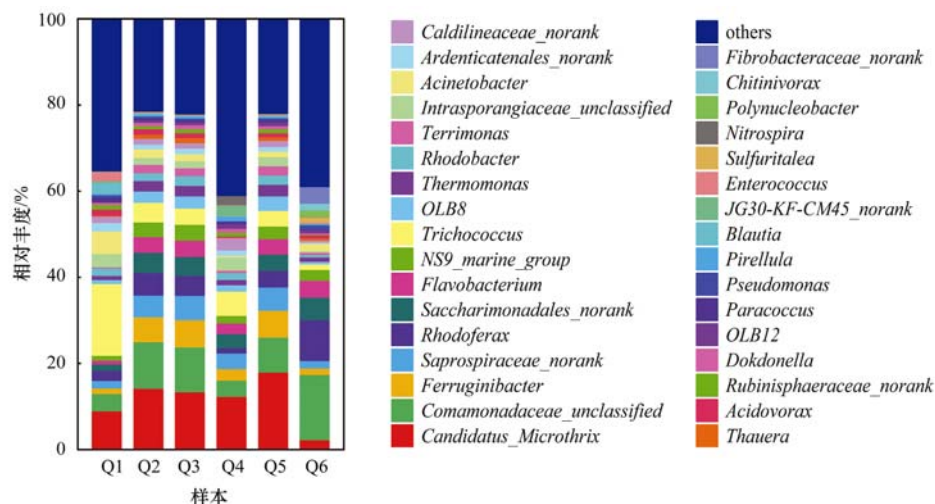


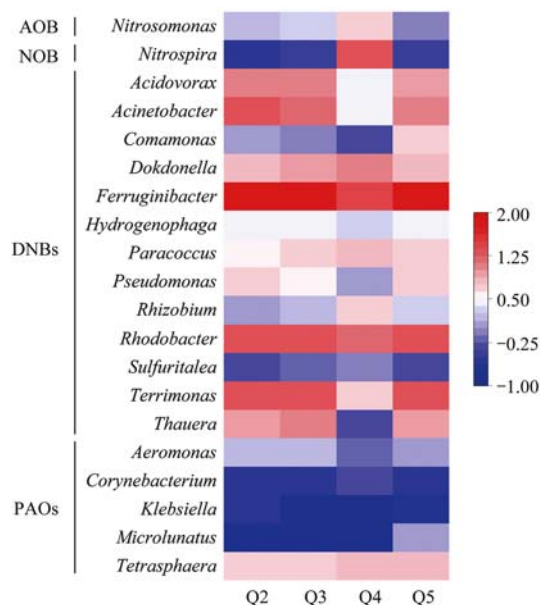
图4 细菌群落属水平相对丰度

Fig. 4 Relative abundance of bacteria at genus level

污泥与二沉池产生的剩余生物污泥都进入储泥池, 再进入污泥浓缩池处理. 推测储泥池中部分含磁粉混合污泥经溢流管路回流至进水系统是生物处理段内出现较高丰度 *Ferruginibacter* 的原因. 生物处理段 *Ferruginibacter* 进行反硝化过程, 这是对生物脱氮有利的一面, 但生物处理段存在铁磁粉颗粒将加剧载体的摩擦耗损, 会影响载体使用寿命. 经磁混凝高效沉淀池后的最终出水中, 红杆菌属 (*Rhodoferrax*) 的相对丰度高达 9.48%, 也体现出磁混凝对菌群的影响.

生物处理段脱氮除磷功能菌属的丰度变化如图 5 所示. 亚硝化单胞菌属 (*Nitrosomonas*) 和硝化螺旋菌属 (*Nitrospira*) 分别是常见的氨氧化菌 (ammonia oxidizing bacteria, AOB) 和亚硝酸盐氧化菌 (nitrite oxidizing bacteria, NOB), AOB 和 NOB 在硝化去除 NH_4^+ -N 过程中起着重要作用, 反硝化菌 (denitrifying bacteria, DNBs) 则在反硝化去除 TN 过程中起着重要作用^[39]. 亚硝化单胞菌属 (*Nitrosomonas*) 在活性污泥中的相对丰度为 0.08% ~ 0.23%, 在生物膜中的相对丰度为 0.48%, 硝化螺旋菌属 (*Nitrospira*) 的相对丰度在活性污泥中为 0.03% ~ 0.04%, 在生物膜中为 2.12%. AOB 和 NOB 在生物膜中的相对丰度均高于活性污泥, 表明载体增强了生长缓慢的硝化细菌的富集, 增强了该污水厂对 NH_4^+ -N 的去除能力. DNBs 在活性污泥中的相对丰度为 16.18% ~ 16.96%, 在生物膜中的相对丰度为 8.02%. DNBs 在生物膜中的相对丰度低于活性污泥, 这可能由于 PEAD 载体的比表面积较高, 有研究表明比表面积较高的载体会影响 DNBs 的生长^[40]. 低温会影响脱

氮功能细菌的活性, 但与脱氮功能细菌相比, 普通异养菌受低温的影响更大^[41]. 该污水厂在低温时期, 进水中 BOD_5 浓度较高, 有更多的有机物被生物脱氮细菌利用以实现高效脱氮. 聚磷菌 (phosphate accumulating organisms, PAOs) 在活性污泥中的相对丰度为 0.44% ~ 0.50%, 在生物膜中的相对丰度为 0.43%, 系统中聚磷菌相对丰度较低, 该厂磷的达标排放主要依靠化学除磷.



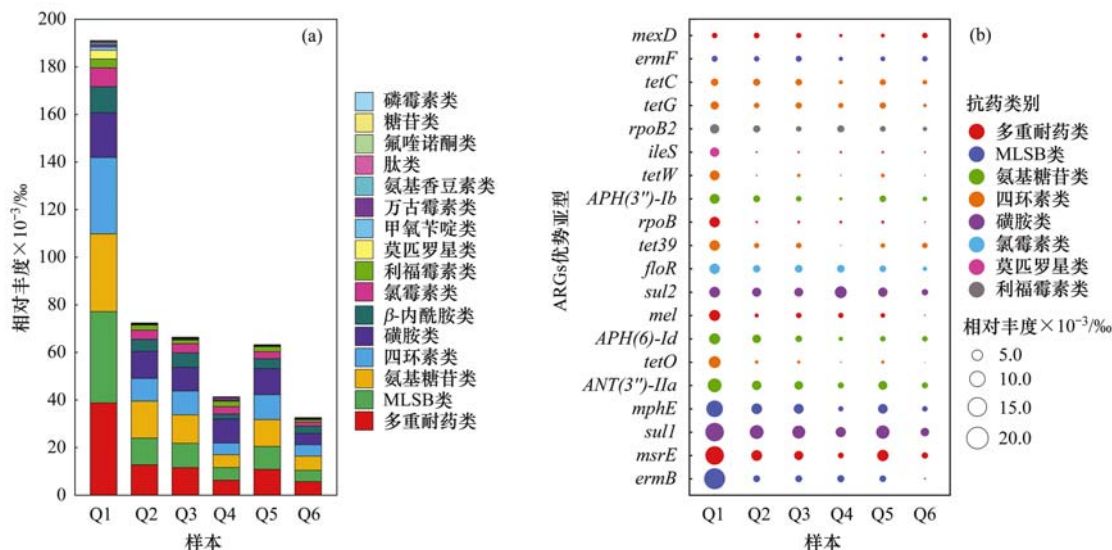
AOB 表示氨氧化菌, NOB 表示亚硝酸盐氧化菌, DNBs 表示反硝化菌, PAOs 表示聚磷菌

图 5 活性污泥和生物膜样本功能菌属分布

Fig. 5 Distribution of functional bacteria in activated sludge and biofilm samples

2.5 ARGs 的相对丰度变化

各样本中 ARGs 种类和相对丰度情况如图 6



(a) ARGs 种类和相对丰度变化; (b) ARGs 优势亚型和相对丰度变化

图 6 各样本中 ARGs 种类和优势亚型相对丰度变化

Fig. 6 Changes in the relative abundance of ARG types and dominant subtypes in each sample

(a)所示.从中可知,ARGs 相对丰度由进水中的 $191.08 \times 10^{-3}\%$ 逐渐降至出水中的 $32.58 \times 10^{-3}\%$,除氟喹诺酮类 (fluoroquinolone) ARGs 去除率为 48.6% 外,其余类型 ARGs 去除率均在 70.0% 以上.活性污泥中 ARGs 相对丰度为 $63.25 \times 10^{-3}\%$ ~ $72.38 \times 10^{-3}\%$,明显高于生物膜中的 $41.31\% \times 10^{-3}\%$.进水共检出 16 种 ARGs 类型,其中多重耐药类 (multidrug, $38.73 \times 10^{-3}\%$)、大环内酯类林可酰胺类链阳性菌素 B 类 (MLSB, $38.43 \times 10^{-3}\%$)、氨基糖苷类 (aminoglycoside, $32.62 \times 10^{-3}\%$)、四环素类 (tetracycline, $32.09 \times 10^{-3}\%$) 和磺胺类 (sulfonamide, $18.89 \times 10^{-3}\%$) 为主要的 ARGs 类型,相对丰度占比达 84.12%.有研究显示 MLSB 类、四环素类 (tetracycline)、氨基糖苷类 (aminoglycoside)、 β -内酰胺类 (beta-lactam) 和磺胺类 (sulfonamide) ARGs 在世界 60 个国家的未经处理废水中丰度居前^[42],这与本研究的结果相似.

ARGs 主要亚型如图 6 (b) 所示.从中可知, *sul2*、*floR* 和 *rpoB2* 在生物膜中的相对丰度分别为 $5.77 \times 10^{-3}\%$ 、 $2.52 \times 10^{-3}\%$ 和 $2.03 \times 10^{-3}\%$,高于活性污泥中的 $3.15 \times 10^{-3}\%$ ~ $3.57 \times 10^{-3}\%$ 、 $1.73 \times 10^{-3}\%$ ~ $2.24 \times 10^{-3}\%$ 和 $1.28 \times 10^{-3}\%$ ~ $1.76 \times 10^{-3}\%$,而其他 ARGs 亚型在生物膜中的相对丰度均低于活性污泥.在活性污泥中, *sul1* 的相对丰度最高,其次是 *msrE*、*mphE* 和 *ANT(3'')-IIa*.方差分析显示活性污泥样本中的主要 ARGs 亚型无显著差异 ($P > 0.05$).有研究表明,微生物群落的变化直接导致 ARGs 的变化^[43],在该 IFAS 系统中,活性污泥在门水平和属水平上的菌群结构均相似,是活性污泥中 ARGs 相似的原因. ARGs 的减少与微生物群落的减少呈正相关^[44],而本研究中生物膜比活性污泥具有更丰富的细菌群落,但生物膜中 ARGs 的相对丰度并没有高于活性污泥,这表明载体富集更多世代时间较长细菌时未促进生物膜中 ARGs 的升高.

2.6 菌群与 ARGs 间的关系

各样本中属水平细菌群落和 ARGs 之间的共现网络分析如图 7 所示.连接线表示节点与节点之间具有显著相关性 (Spearman 相关系数 $r > 0.8$,显著性 $P < 0.01$)^[45],红线代表节点相关度最高,绿线代表节点相关度最低.节点的大小与节点间的显著相关性成正比,不同着色的节点代表着不同抗药类别的模块.

由图 7 可知,污水厂中相对丰度较高的 ARGs 如 *ermB* 与毛球菌属 (*Trichococcus*), *msrE* 与肠球菌属 (*Enterococcus*), *sul1* 与布劳特氏菌属 (*Blautia*),

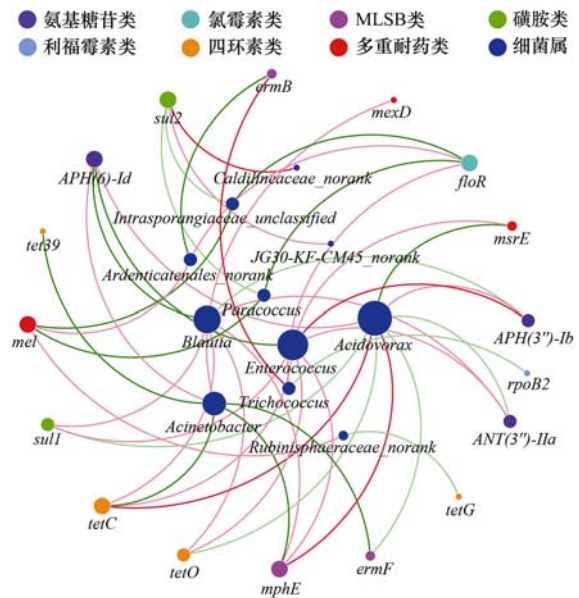


图 7 菌属与 ARGs 的网络分析

Fig. 7 Network analysis between microbial communities at genus level and ARGs

mphE 与嗜酸菌属 (*Acidovorax*) 等呈显著正相关关系.当 ARGs 和菌属之间呈现显著正相关关系时,一般认为这些菌属可能是 ARGs 的潜在宿主^[46].生物膜富集的 *Caldilineaceae_norank* 与 *sul2* 显著正相关 ($r = 0.943$, $P < 0.01$),毛球菌属 (*Trichococcus*) 与 *floR* 显著正相关 ($r = 0.885$, $P < 0.01$),毛球菌属 (*Trichococcus*) 与 *rpoB2* 显著正相关 ($r = 0.828$, $P < 0.01$),表明生物膜中毛球菌属 (*Trichococcus*) 和 *Caldilineaceae_norank* 的富集可能促进了 *sul2*、*floR* 和 *rpoB2* 等 ARGs 的相对丰度升高.

3 结论

(1) 载体生物膜中绿弯菌门 (Chloroflexi) 和硝化螺旋菌门 (Nitrospirae) 的相对丰度达到 10.02% 和 2.12%, NH_4^+ -N 和 TN 的去除率平均值分别由改造前的 91.89% 和 66.76% 提升至改造后的 97.71% 和 91.90%,表明 IFAS 增强了寒冷地区污水厂的生物脱氮能力.

(2) *Ferruginibacter* 和红育菌属 (*Rhodoferrax*) 在生物处理段内的相对丰度平均值分别达到 5.24% 和 3.72%,出水中红育菌属 (*Rhodoferrax*) 的相对丰度达 9.48%,表明磁粉对污水厂菌群的影响.

(3) ARGs 相对丰度由进水中的 $191.08 \times 10^{-3}\%$ 逐渐降至出水中的 $32.58 \times 10^{-3}\%$,除氟喹诺酮类 (fluoroquinolone) ARGs 去除率为 48.6% 外,其余类型 ARGs 去除率均在 70.0% 以上.活性污泥中 ARGs 相对丰度为 $63.25 \times 10^{-3}\%$ ~ $72.38 \times 10^{-3}\%$,明显高于生物膜中的 $41.31 \times 10^{-3}\%$,但

sul2、*floR* 和 *rpoB2* 等 ARGs 优势亚型在生物膜中相对丰度高于活性污泥。

(4) 网络分析结果表明, *Caldilineaceae_norank* 与 *sul2* 呈显著正相关, 毛球菌属 (*Trichococcus*) 与 *floR* 呈显著正相关, 毛球菌属 (*Trichococcus*) 与 *rpoB2* 呈显著正相关。

参考文献:

- [1] Waqas S, Bilal M R, Man Z, *et al.* Recent progress in integrated fixed-film activated sludge process for wastewater treatment: a review[J]. *Journal of Environmental Management*, 2020, **268**, doi: 10.1016/j.jenvman.2020.110718.
- [2] 郑利兵, 焦赞仪, 陈梅雪, 等. 磁混凝工艺处理市政废水中的污染物去除特征研究[J]. *环境科学学报*, 2020, **40**(6): 2118-2127.
Zheng L B, Jiao Y Y, Chen M X, *et al.* The pollutants removal in municipal wastewater treatment by magnetic coagulation technology[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2020, **40**(6): 2118-2127.
- [3] Al Ali A A, Naddeo V, Hasan S W, *et al.* Correlation between bacterial community structure and performance efficiency of a full-scale wastewater treatment plant[J]. *Journal of Water Process Engineering*, 2020, **37**, doi: 10.1016/j.jwpe.2020.101472.
- [4] Guo J H, Li J, Chen H, *et al.* Metagenomic analysis reveals wastewater treatment plants as hotspots of antibiotic resistance genes and mobile genetic elements[J]. *Water Research*, 2017, **123**: 468-478.
- [5] Shao S C, Hu Y Y, Cheng J H, *et al.* Research progress on distribution, migration, transformation of antibiotics and antibiotic resistance genes (ARGs) in aquatic environment[J]. *Critical Reviews in Biotechnology*, 2018, **38**(8): 1195-1208.
- [6] Ahmed W, Delatolla R. Biofilm and microbiome response of attached growth nitrification systems across incremental decreases to low temperatures[J]. *Journal of Water Process Engineering*, 2021, **39**, doi: 10.1016/j.jwpe.2020.101730.
- [7] Azari M, Jurnal A, Denecke M. The influence of aeration control and temperature reduction on nitrogen removal and microbial community in two anammox-based hybrid sequencing batch biofilm reactors[J]. *Journal of Chemical Technology & Biotechnology*, 2021, **96**(12): 3358-3370.
- [8] Li B B, Zhi L L, Peng Z Y, *et al.* Contrasting distribution of antibiotic resistance genes and microbial communities in suspended activated sludge versus attached biofilms in an integrated fixed film activated sludge (IFAS) system[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **742**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.140481.
- [9] Ren Z J, Jia B A, Zhang G M, *et al.* Study on adsorption of ammonia nitrogen by iron-loaded activated carbon from low temperature wastewater[J]. *Chemosphere*, 2021, **262**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2020.127895.
- [10] 李韧, 于莉芳, 张兴秀, 等. 硝化生物膜系统对低温的适应性特性: MBBR 和 IFAS[J]. *环境科学*, 2020, **41**(8): 3691-3698.
Li R, Yu L F, Zhang X X, *et al.* Adaptability of nitrifying biofilm systems to low temperature: MBBR and IFAS[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(8): 3691-3698.
- [11] 韩文杰, 吴迪, 周家中, 等. 长三角地区 MBBR 泥膜复合污水厂低温季节微生物多样性分析[J]. *环境科学*, 2021, **42**(11): 5037-5049.
Han W J, Wu D, Zhou J Z, *et al.* Microbial diversity analysis of WWTPs based on Hybrid-MBBR process in a low temperature season in the Yangtze River Delta[J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(11): 5037-5049.
- [12] Manaia C M, Rocha J, Scaccia N, *et al.* Antibiotic resistance in wastewater treatment plants: tackling the black box[J]. *Environment International*, 2018, **115**: 312-324.
- [13] Zhang H P, Zhang Z H, Song J J, *et al.* Foam shares antibiotic resistomes and bacterial pathogens with activated sludge in wastewater treatment plants[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, **408**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2020.124855.
- [14] Sørensen S J, Bailey M, Hansen L H, *et al.* Studying plasmid horizontal transfer *in situ*: a critical review[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2005, **3**(9): 700-710.
- [15] Wen Q X, Yang L, Duan R, *et al.* Monitoring and evaluation of antibiotic resistance genes in four municipal wastewater treatment plants in Harbin, Northeast China[J]. *Environmental Pollution*, 2016, **212**: 34-40.
- [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]. *Bioresour. Technology*, 2019, **272**: 489-500.
- [17] Xiong J B, Liu Y Q, Lin X G, *et al.* Geographic distance and pH drive bacterial distribution in alkaline lake sediments across Tibetan Plateau[J]. *Environmental Microbiology*, 2012, **14**(9): 2457-2466.
- [18] Chen S F, Zhou Y Q, Chen Y R, *et al.* Fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor[J]. *Bioinformatics*, 2018, **34**(17): i884-i890.
- [19] Zhu D, Ma J, Li G, *et al.* Soil platispheres as hotspots of antibiotic resistance genes and potential pathogens[J]. *The ISME Journal*, 2022, **16**(2): 521-532.
- [20] Yang C, Lv D T, Jiang S Y, *et al.* Soil salinity regulation of soil microbial carbon metabolic function in the Yellow River Delta, China[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **790**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.148258.
- [21] Fu L M, Niu B F, Zhu Z W, *et al.* CD-HIT: accelerated for clustering the next-generation sequencing data[J]. *Bioinformatics*, 2012, **28**(23): 3150-3152.
- [22] 程森, 路平, 冯启言. 渔业复垦塌陷地抗生素抗性基因与微生物群落[J]. *环境科学*, 2021, **42**(5): 2541-2549.
Cheng S, Lu P, Feng Q Y. Distribution of antibiotic resistance genes and microbial communities in a fishery reclamation mining subsidence area[J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(5): 2541-2549.
- [23] Su J Q, An X L, Li B, *et al.* Metagenomics of urban sewage identifies an extensively shared antibiotic resistome in China[J]. *Microbiome*, 2017, **5**(1), doi: 10.1186/s40168-017-0298-y.
- [24] 杜彩丽, 李中滋, 李晓光, 等. 基于宏基因组技术分析 MBR 膜清洗后污泥中抗性基因[J]. *环境科学*, 2021, **42**(7): 3366-3374.
Du C L, Li Z H, Li X G, *et al.* Metagenomic analysis of resistance genes in membrane cleaning sludge[J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(7): 3366-3374.
- [25] Zhao R X, Feng J, Liu J, *et al.* Deciphering of microbial community and antibiotic resistance genes in activated sludge reactors under high selective pressure of different antibiotics[J]. *Water Research*, 2019, **151**: 388-402.
- [26] Liang J S, Mao G N, Yin X L, *et al.* Identification and quantification of bacterial genomes carrying antibiotic resistance genes and virulence factor genes for aquatic microbiological risk assessment[J]. *Water Research*, 2020, **168**, doi: 10.1016/j.

- watres. 2019. 115160.
- [27] 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 empassis and difficulties in upgrading the standard [J]. Environmental Engineering, 2020, **38**(7): 1-12.
- [28] 洪颖, 姚俊芹, 马斌, 等. 基于高通量测序的 SBR 反应器丝状膨胀污泥菌群分析[J]. 环境科学, 2018, **39**(7): 3279-3285.
- Hong Y, Yao J Q, Ma B, *et al.* Filamentous sludge microbial community of a SBR reactor based on high-throughput sequencing [J]. Environmental Science, 2018, **39**(7): 3279-3285.
- [29] Xie N, Zhong L P, Ouyang L, *et al.* Community composition and function of bacteria in activated sludge of municipal wastewater treatment plants [J]. Water, 2021, **13**(6), doi: 10.3390/w13060852.
- [30] Tremaroli V, Bäckhed F. Functional interactions between the gut microbiota and host metabolism[J]. Nature, 2012, **489**(7415): 242-249.
- [31] Luo L F, Yao J Q, Liu W G, *et al.* Comparison of bacterial communities and antibiotic resistance genes in oxidation ditches and membrane bioreactors [J]. Scientific Reports, 2021, **11**, doi: 10.1038/s41598-021-88335-z.
- [32] 鲜文东, 张潇潼, 李文均. 绿弯菌的研究现状及展望[J]. 微生物学报, 2020, **60**(9): 1801-1820.
- Xian W D, Zhang X T, Li W J. Research status and prospect on bacterial phylum *Chloroflexi* [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2020, **60**(9): 1801-1820.
- [33] Zhao R X, Liu J, Feng J, *et al.* Microbial community composition and metabolic functions in landfill leachate from different landfills of China [J]. Science of the Total Environment, 2021, **767**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.144861.
- [34] Luo Y S, Yao J Q, Wang X Y, *et al.* Efficient municipal wastewater treatment by oxidation ditch process at low temperature; bacterial community structure in activated sludge [J]. Science of the Total Environment, 2020, **703**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.135031.
- [35] Xiao X, Guo H J, Ma F, *et al.* Biological mechanism of alleviating membrane biofouling by porous spherical carriers in a submerged membrane bioreactor [J]. Science of the Total Environment, 2021, **792**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.148448.
- [36] Jin B D, Yuan Y, Zhou P, *et al.* Effects of zinc oxide nanoparticles on sludge anaerobic fermentation; phenomenon and mechanism[J]. Journal of Environmental Science and Health, Part A, 2020, **55**(9): 1094-1103.
- [37] Kato S, Ohkuma M. A single bacterium capable of oxidation and reduction of iron at circumneutral pH [J]. Microbiology Spectrum, 2021, **9**(1), doi: 10.1128/Spectrum.00161-21.
- [38] 贺聪慧, 王祺, 梁瑞松, 等. 磁强化处理技术在城市污水处理中的研究与应用进展[J]. 环境科学学报, 2021, **41**(1): 54-69.
- He C H, Wang Q, Liang R S, *et al.* Analyse of magnetically enhanced treatment in municipal sewage system [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2021, **41**(1): 54-69.
- [39] Pan K L, Gao J F, Fan X Y, *et al.* The more important role of archaea than bacteria in nitrification of wastewater treatment plants in cold season despite their numerical relationships[J]. Water Research, 2018, **145**: 552-561.
- [40] Phanwilai S, Kangwannarakul N, Noophan P, *et al.* Nitrogen removal efficiencies and microbial communities in full-scale IFAS and MBBR municipal wastewater treatment plants at high COD:N ratio[J]. Frontiers of Environmental Science & Engineering, 2020, **14**(6), doi: 10.1007/s11783-020-1374-2.
- [41] Xie W M, Ni B J, Seviour T, *et al.* Evaluating the impact of operational parameters on the formation of soluble microbial products (SMP) by activated sludge [J]. Water Research, 2013, **47**(3): 1073-1079.
- [42] Hendriksen R S, Munk P, Njage P, *et al.* Global monitoring of antimicrobial resistance based on metagenomics analyses of urban sewage[J]. Nature Communications, 2019, **10**(1), doi: 10.1038/s41467-019-08853-3.
- [43] Zhao Q, Guo W Q, Luo H C, *et al.* Deciphering the transfers of antibiotic resistance genes under antibiotic exposure conditions: driven by functional modules and bacterial community[J]. Water Research, 2021, **205**, doi: 10.1016/j.watres.2021.117672.
- [44] Du J, Geng J J, Ren H Q, *et al.* Variation of antibiotic resistance genes in municipal wastewater treatment plant with A²O-MBR system [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2015, **22**(5): 3715-3726.
- [45] Ju F, Li B, Ma L P, *et al.* Antibiotic resistance genes and human bacterial pathogens: co-occurrence, removal, and enrichment in municipal sewage sludge digesters [J]. Water Research, 2016, **91**: 1-10.
- [46] 王龙飞, 程逸群, 胡晓东, 等. 江苏省代表性水源地抗生素及抗性基因赋存现状[J]. 环境科学, 2021, **42**(2): 749-760.
- Wang L F, Cheng Y Q, Hu X D, *et al.* Occurrence of antibiotics and antibiotic resistance genes in representative drinking water resources in Jiangsu Province[J]. Environmental Science, 2021, **42**(2): 749-760.

CONTENTS

Challenges Regarding the Co-emission of Emerging Pollutants to Eco-environmental Monitoring and Management	WANG Pei, HUANG Xin-yi, CAO Zhi-wei, <i>et al.</i> (4801)
Environmental Process, Effects and Risks of Emerging Contaminants in the Estuary-Coastal Environment	WANG Xin-hong, YU Xiao-xuan, WANG Si-quan, <i>et al.</i> (4810)
Research Progress of Analytical Methods with Molecular Spectroscopy for Determination of Trace Nutrients and Metals in Seawaters	YUAN Dong-xing, HUANG Yong-ming, WANG Ting (4822)
Research Progress on the Determination of Sulfide in Natural Waters: From Laboratory Analysis to In-Situ Monitoring	LI Peng, LIN Kun-de, YUAN Dong-xing (4835)
Advances in On-site Analytical Methods for Inorganic Arsenic in Environmental Water	BO Guang-yong, CHEN Zhao-ying, GONG Zhen-bin, <i>et al.</i> (4845)
Advances and Prospect of Sampling Techniques and Analytical Methods for Trace Elements in the Ocean; Progress of Trace Element Platform Construction in Xiamen University	 HUANG Yong-ming, ZHOU Kuan-bo, CHEN Yao-jin, <i>et al.</i> (4858)
Biodegradation of Polyethylene Microplastic: A Review	 LUO Yuan-rong, QIAN Yi-qian, QI Ya-nan (4869)
Mechanism and Environmental Effect on Nitrogen Addition to Microbial Process of Arsenic Immobilization in Flooding Paddy Soils	WANG Feng, ZHANG Jing, ZHOU Shao-yu, <i>et al.</i> (4876)
Toxicity Testing Organisms for Marine Ecotoxicological Research in China	SHI Tian-yi, HONG Hai-zheng, WANG Ming-hua, <i>et al.</i> (4888)
Estimating Methane Fugitive Emissions from Oil and Natural Gas Systems in China	CHEN Chun-ci, LÜ Yong-long, HE Gui-zhen (4905)
Atmospheric NH ₃ Emission Inventory and Its Tempo-spatial Changes in Xiamen-Zhangzhou-Quanzhou Region from 2015 to 2020	LI Xiang, WU Shui-ping, JIANG Bing-qi, <i>et al.</i> (4914)
Distribution of Microplastic and Antibiotic Resistance Gene Pollution in Jiulong River Estuary	CHENG Hong, CHEN Rong (4924)
Pollution Characteristics of Microplastics in Sediments of Xiamen Bay Beach	YAO Rui, LIU Hua-tai, LI Yong-yu, <i>et al.</i> (4931)
Spatial and Temporal Distribution and Influencing Factors of Dissolved Trace Metals in Jiulong River Estuary and Xiamen Bay	QI Liu-qian, YUE Xin-li, ZHONG Hao-wen, <i>et al.</i> (4939)
Spatiotemporal Characteristics of Dissolved Oxygen and Control Mechanism of Hypoxia (Low Oxygen) in the Watershed-Coastal System in Fujian Province	 YANG Ai-lin, YANG Fang, LI Shao-bin, <i>et al.</i> (4950)
Distribution, Migration, and Transformation Mechanism of Labile Phosphorus in Sediments of Xixi River Estuary, Xiamen	PAN Feng, CAI Yu, GUO Zhan-rong, <i>et al.</i> (4961)
Adsorption of Mn ²⁺ by Modified Biochar Fixed Bed in Simulated Lakes and Reservoir Waters	ZHAO Jie, YE Zhi-long, WANG Jia-ni, <i>et al.</i> (4971)
Rapid Detection of Trace Enrofloxacin and Ciprofloxacin in Drinking Water by SERS	XU Jing, ZHENG Hong, LU Jiang-long, <i>et al.</i> (4982)
Degradation of Triphenyl Phosphate in Water by UV-driven Advanced Oxidation Processes	XU Zi-wen, YIN Hong-ling, XIONG Yuan-ming, <i>et al.</i> (4992)
Characteristics and Potential Sources of Four Ozone Pollution Processes in Hainan Province in Autumn of 2019	FU Chuan-bo, CHEN Hong, DAN Li, <i>et al.</i> (5000)
Characterization and Formation Mechanism of Water-soluble Inorganic Ions in PM _{2.5} and PM ₁₀ in Summer in the Urban Agglomeration of the Ili River Valley	 CHEN Qiao, GU Chao, XU Tao, <i>et al.</i> (5009)
Difference in PM _{2.5} Pollution and Transport Characteristics Between Urban and Suburban Areas	QI Peng, ZHOU Ying, CHENG Shui-yuan, <i>et al.</i> (5018)
Characteristics and Health Risk Assessment of BTEX in the Northern Suburbs of Nanjing	FENG Yue-zheng, AN Jun-lin, ZHANG Yu-xin, <i>et al.</i> (5030)
Ecological Risk Assessment of Microplastics Occurring in Surface Water of Terrestrial Water Systems across China	SUN Xiao-nan, CHEN Hao, JIA Qi-long, <i>et al.</i> (5040)
Scale Effects of Landscape Pattern on Water Quality in Dongjiang River Source Watershed	CHEN You-liang, ZOU Wen-min, LIU Xing-gen, <i>et al.</i> (5053)
Mercury Speciation, Distribution, and Potential Sources in Surface Waters of the Yangtze and Yellow River Source Basins of Tibetan Plateau During Wet Season	 LIU Nan-tao, WU Fei, YUAN Wei, <i>et al.</i> (5064)
Water Environmental Characteristics and Water Quality Assessment of Lakes in Tibetan Plateau	LIU Zhi-qi, PAN Bao-zhu, HAN Xu, <i>et al.</i> (5073)
Karst Hydrogeochemical Characteristics and Controlling Factors of Carlin-type Gold Mining Area Based on Hydrochemistry and Sulfur Isotope	 ZHA Xue-fang, WU Pan, LI Xue-xian, <i>et al.</i> (5084)
Characteristics of Eukaryotic Phytoplankton Community Structure and Its Relationship with Environmental Factors in Danjiangkou Reservoir	HE Yu-xiao, MAI Si-jie, REN Yu-fen, <i>et al.</i> (5096)
Adsorption of Phosphate and Heavy Metals by Lanthanum Modified Zeolite and Its Performance in Sediment Inactivation	WANG Zhe, ZHU Jun, LI Wen, <i>et al.</i> (5106)
Metagenomic and Metatranscriptomic Analysis of Nitrogen Removal Functional Microbial Community of Petrochemical Wastewater Biological Treatment Systems	 ZHANG Xu, ZHOU Jia-jia, ZHOU Min, <i>et al.</i> (5115)
Bacterial Community Structure and Antibiotic Resistance Gene Changes in IFAS + Magnetic Coagulation Process Wastewater Treatment Plant in Cold Regions	 DU Wen-yan, YAO Jun-qin, MA Hui-ying, <i>et al.</i> (5123)
Nitric Oxide Emissions from Chinese Upland Cropping Systems and Mitigation Strategies: A Meta-analysis	 TIAN Zheng-yun, WU Xiong-wei, WU Yuan-yuan, <i>et al.</i> (5131)
Impact of Nitrification Inhibitors on Vegetable Production Yield, Nitrogen Fertilizer Use Efficiency and Nitrous Oxide Emission Reduction in China: Meta Analysis	 LIU Fa-bo, MA Xiao, ZHANG Fen, <i>et al.</i> (5140)
Effect of Different Fertilization Treatments on Methane and Nitrous Oxide Emissions from Rice-Vegetable Rotation in a Tropical Region, China	 SHAO Xiao-hui, TANG Shui-rong, MENG Lei, <i>et al.</i> (5149)
Effects of Land-use Conversion on Soil Nitrification and NO & N ₂ O Emissions in Tropical China Under Different Moisture Conditions	TANG Rui-jie, HU Yu-jie, ZHAO Cai-yue, <i>et al.</i> (5159)
Characteristics of Heavy Metal Pollution in Farmland Soil of the Yangtze River Economic Belt Based on Bibliometric Analysis	LIU Xiao-yan, FAN Ya-nan, LIU Peng, <i>et al.</i> (5169)
Spatial and Temporal Distribution and Source Variation of Heavy Metals in Cultivated Land Soil of Xiangzhou District Based on EBK Interpolation Prediction and GDM Model	 GAO Hao-ran, ZHOU Yong, LIU Jia-kang, <i>et al.</i> (5180)
Identification of Soil Heavy Metal Sources Around a Copper-silver Mining Area in Ningxia Based on GIS	ZHANG Kou-kou, HE Jing, ZHONG Yan-xia, <i>et al.</i> (5192)
Effect of Aging on Stabilization of Cd ²⁺ Through Biochar Use in Alkaline Soil of Bayan Obo Mining Area	WANG Zhe, CHENG Jun-li, BIAN Yuan, <i>et al.</i> (5205)
Preparation of Magnetic Iron Oxide/Mulberry Stem Biochar and Its Effects on Dissolved Organic Carbon and Arsenic Speciation in Arsenic-Contaminated Soils	 LU Lin, YAN Li-ling, LIANG Mei-na, <i>et al.</i> (5214)
Effects of Oyster Shell Powder and Lime on Availability and Forms of Phosphorus and Enzyme Activity in Acidic Paddy Soil	ZHAO Li-fang, HUANG Peng-wu, YANG Cai-di, <i>et al.</i> (5224)
Effects of Interaction of Zinc and Cadmium on Growth and Cadmium Accumulation of <i>Brassica campestris</i> L.	SHUAI Zu-ping, LIU Han-yi, CUI Hao, <i>et al.</i> (5234)
Pollution Characteristics and Ecological Risk Assessment of Antibiotics in Vegetable Field in Kaizhou, Chongqing	FANG Lin-fa, YE Ping-ping, FANG Biao, <i>et al.</i> (5244)
Temporal and Spatial Variation Characteristics of Carbon Storage in the Source Region of the Yellow River Based on InVEST and GeoSoS-FLUS Models and Its Response to Different Future Scenarios	 HOU Jian-kun, CHEN Jian-jun, ZHANG Kai-qi, <i>et al.</i> (5253)
Carbon Sequestration Characteristics of Different Restored Vegetation Types in Loess Hilly Region	XU Xiao-ming, ZHANG Xiao-ping, HE Liang, <i>et al.</i> (5263)
Response of Soil Multifunctionality to Reduced Microbial Diversity	CHEN Gui-xian, WU Chuan-fa, GE Ti-da, <i>et al.</i> (5274)
Effect of Nitrogen Addition on Soil Fungal Diversity in a Degraded Alpine Meadow at Different Slopes	SU Xiao-xue, LI Xi-lai, LI Cheng-yi, <i>et al.</i> (5286)
Comparative Energy Consumption Structure and Mode between China and Major Energy-Consuming Countries Under the Background of Carbon Emission Reduction	 LI Hui, PANG Bo, ZHU Fa-hua, <i>et al.</i> (5294)
Spatialization and Spatio-temporal Dynamics of Energy Consumption Carbon Emissions in China	HAO Rui-jun, WEI Wei, LIU Chun-fang, <i>et al.</i> (5305)
Carbon Dioxide Mitigation Co-effect Analysis of Structural Adjustment Measures in the "2 + 26" Cities in the Jing-Jin-Ji Region and Its Surroundings	 YANG Tian-qi, WANG Hong-chang, ZHANG Chen, <i>et al.</i> (5315)
Policy Analysis in Plastic Pollution Governance and Recommendations in China	LI Huan, ZHU Long, SHEN Qian, <i>et al.</i> (5326)