

期刊论文

深入了解镍（Ni（II））对活性污泥的性能、微生物酶活性和细胞外聚合物的影响

在镍（Ni（II））存在条件下评估活性污泥的表现、氮去除率、微生物酶活性和细胞外聚合物（EPS）。有机质和 NH_4^+-N 去除效率在 Ni（II）低于 10mg/L 时稳定，在 Ni（II）浓度从 10mg/L 增加到 30mg/L 时降低。比耗氧速率和脱氢酶活性在 Ni（II）浓度低于 5mg/L 时保持稳定，在 Ni（II）为 $5-30\text{mg/L}$ 时下降。随着 Ni（II）浓度的增加，特定的氨氧化速率（SAOR）和特定的亚硝酸盐氧化速率（SNOR）均降低。氨单氧酶和亚硝酸盐氧化还原酶活性的变化趋势分别与 SAOR 和 SNOR 相匹配。亚硝酸盐还原率和硝酸盐还原率分别表现出与亚硝酸盐还原酶活性和硝酸盐还原酶活性相似的变化趋势。Ni（II）影响细胞外聚合物（EPS）的产生、化学组成和功能基。污泥体积指数与细胞外聚合物（EPS）产量之间的关系表现出较好的线性函数和负斜率，表明尽管细胞外聚合物（EPS）产量增加，但 Ni（II）改善了污泥沉降性。

（季雪婧 编译）

（原文题目：Insights into the effect of nickel (Ni(II)) on the performance, microbial enzymatic activity and extracellular polymeric substances of activated sludge）

（来源：

https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0269749119305573?dgcid=s_sd_all）

澳大利亚墨尔本西部和北部菜园土壤中城市金属污染的量化因素

城市菜园为社区提供新鲜蔬菜，但由于历史污染，也可能会导致公众接触到金属污染。墨尔本的一些菜园土壤中铅（Pb）含量达到（ $12.9-773\text{mg/kg}$ ），其中一些土壤中铅含量超过了澳大利亚居住用地中人类健康筛查标准 300mg/kg 。镉浓度（ $0.12-1.04\text{mg/kg}$ ）高于背景环境土壤浓度 $<1\text{mg/kg}$ 。镍浓度（ $7.6-40.5\text{mg/kg}$ ）和铬（ $11.6-49.4\text{mg/kg}$ ）在预期的背景环境浓度范围内。菜园土壤中 75% 的铅来自于主干道、房屋老化和含铅涂料。木结构房屋周围菜园土壤中金属含量高于砖结构和水泥结构房屋周围菜园土壤中的金属含量（Pb（ $p < 0.0001$ ））和 Cd（ $p < 0.001$ ））。后院菜园土壤中金属的含量与房龄存在重要关系，Pb（ $R^2 = 0.83$, $p < 0.0001$ ）和 Cd（ $R^2 = 0.40$, $p < 0.0002$ ）；距主干道的距离和金属含量存在重要关系，Pb（ $R^2 = 0.38$, $p < 0.002$ ）；而铬、镍含量与土壤特性、阳离子交换能力、有机质和 pH 有关。具有高 Pb 和 Cd 含量的菜园具有可识别的风险因素，例如房龄较老、相邻房屋使用涂料以及更靠近主干道路，交通车辆频繁。

(季雪婧 编译)

(原文题目: Quantifying factors related to urban metal contamination in vegetable garden soils of the west and north of Melbourne, Australia)

(来源:

https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0269749118347900?dgcid=s_sd_all)

被污染农业土壤中多环芳烃-降解菌群对微生物生物修复的作用

将多环芳烃 (PAHs) 污染土壤中添加菌群, 以更好的研究土壤中本地菌群对多环芳烃的降解作用。在土壤渗滤液培养基中, 该菌群联合体在 16 天内降解了超过 52% 的低分子量的多环芳烃和 35% 高分子量 (HMW) 的多环芳烃。16S rRNA 基因高通量测序和定量聚合酶链反应分析环亚羟基化双加氧酶 (RHD α) 的 α 亚基基因表明, 变形菌门和放线菌门, 假单胞菌类、甲基杆菌类、诺卡氏菌类、甲基硫杆菌类、无色杆菌类、假黄色单胞菌类和柄杆菌类参与了多环芳烃降解并且可能具有携带 RHD α 基因 (*nidA* 和 *nahAc*) 的能力。根据生物量和 RHD α 基因含量选取和收集菌落, 并加回到多环芳烃污染的土壤中, 35 天后, 16 个 EPA 优先的多环芳烃含量从 95.23 mg/kg 降至 23.41mg/kg。与没有引入细菌群落的土壤相比, 添加 RHD α 基因群落的土壤显著降低了其多环芳烃的含量, 特别是高分子量 (HMW) 多环芳烃的含量。土壤中多环芳烃的代谢率与 *nidA* 和 *nahAc* 基因含量呈正相关。这些结果表明, 向污染土壤中添加含有 RHD α 基因的本地细菌群落可能是清除农业土壤中多环芳烃的可行且环保的方法。

(季雪婧 编译)

(原文题目: A PAH-degrading bacterial community enriched with contaminated agricultural soil and its utility for microbial bioremediation)

(来源:

https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0269749118355696?dgcid=s_sd_all)

赤子爱胜蚓 (*Eisenia fetida*) 代谢、细胞器和肠道微生物对铬污染土壤的毒性反应

环境等效浓度下 (EEC) 不同生理水平的铬 (Cr) 污染土壤中, 毒性敏感性是完全未知的。将赤子爱胜蚓 (*Eisenia fetida*) 这种蚯蚓暴露于 EEC 水平的铬污染土壤 (称为 Cr-CS), 以观察其整个身体、器官、组织、亚细胞结构和代谢水平的诱导毒性特征。结果表明, 对照组和 Cr-CS 组赤子爱胜蚓在存活率、重量和肠道微生物的多样性方面无显著差异 ($p > 0.05$)。形态学定性组织病理学和亚细胞评估显示蚯蚓存在明显受伤。细胞器损伤结合代谢变化为证明 Cr-CS 破坏细胞核并很可能扰乱了蚯蚓的核酸代谢提供了额外的证据。2-己基-5-乙基-3-咪喃磺酸盐、二甲基甘氨酸、甜菜碱和鲨肌醇是敏感的和相对定量的代谢物, 基于它们在

多变量分析模型中的显著权重被推荐作为 Cr-CS 的潜在生物标志物。此外，与对照组相比，Cr-CS 组蚯蚓肠道的伯克氏菌（Burkholderiaceae），肠杆菌（Enterobacteriaceae）和 Microscillaceae 的相对丰度显著增加，尤其是伯克氏菌（Burkholderiaceae）（增加了 13.1%），而气单胞菌（Aeromonadaceae）的相对丰度显著下降了 5.6%。这些结果让我们从蚯蚓的不同生理水平中了解了 EEC 水平下铬污染土壤的毒性效应，并拓展了我们对铬污染土壤生态系统中蚯蚓肠道微生物群的组成和敏感性的认识。此外，如果未来继续跟踪研究蚯蚓的基因组学和蛋白质组学，结合蚯蚓肠道微生物和代谢的毒性反应，将为改善 Cr-CS 的不良结果路径和毒性机制提供重要数据。

（季雪婧 编译）

（原文题目：Toxic responses of metabolites, organelles and gut microorganisms of *Eisenia fetida* in a soil with chromium contamination）

（来源：

https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0269749119316057?dgcid=s_sd_all）

微生物硫酸盐还原能够降低淹水稻田土壤中砷的流动性，并具有巨大微生物铁还原潜力

砷（As）很容易在淹水的稻田土壤中流动，因为砷会吸附于铁（氧化氢）氧化物的还原性溶剂，这就会导致稻米中砷含量升高，这将对食品安全和人体健康造成潜在的风险。微生物硫酸盐还原是水稻土壤中重要的生物地球化学过程，但其对砷流动性的影响仍然鲜为人知。在本研究中，我们在淹水状态下培育了 8 种砷污染水稻土壤，以研究硫酸盐添加对砷迁移率的影响。对孔隙水中铁（Fe）和砷的浓度以及砷的种类进行确定。在 8 种土壤中，添加 50mg 硫（S）/ kg 生成硫酸钠，但仅在两种土壤中测得孔隙水亚砷酸盐含量降低，这也显示出 Fe²⁺ 的高流动性。进一步的实验表明，向这两种土壤中添加硫酸盐可以刺激微生物硫酸盐的减少，但会降低孔隙水中亚砷酸盐和 Fe²⁺ 的浓度。此外，硫酸盐增加了与固相中的酸性挥发性硫化物相关的砷，降低了在同等条件下盆栽实验中水稻对砷的吸收。添加钼酸盐---一种硫酸盐还原菌的抑制剂，硫酸盐对孔隙水砷的影响则下降。这些结果表明，二次硫化铁（FeS）矿物的形成将共同沉淀或吸附亚砷酸盐作为砷固定的可能机制，这也得到了孔隙水的热力学模拟的支持。因此，在具有微生物 Fe 还原的高潜力的水稻田土壤中，硫酸盐添加物可以固定砷并降低其向水稻植物富集，这将有效减少砷向食物链转移。

（季雪婧 编译）

（原文题目：Microbial sulfate reduction decreases arsenic mobilization in flooded paddy soils with high potential for microbial Fe reduction）

（来源：

https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0269749119312254?dgcid=s_sd_all）

量化研究水稻-小麦轮种系统中一氧化氮的排放量

尿素深度放置 (UDP) 能够提高氮利用效率 (NUE)、增加作物产量, 同时减少环境中氮 (N) 排放。然而, 关于其对一氧化氮 (NO) 排放的环境影响仍有待研究。因此, 我们进行了温室试验, 以量化水稻-小麦轮种系统的一氧化氮排放。从三种氮肥处理的 - 对照组 (无氮)、尿素深度放置组 (UDP) 和广播颗粒尿素 (PU) 水稻-小麦轮种系统中, 使用自动气体取样和连续系统分析测量一氧化氮的排放。在水稻种植中, 尿素深度放置在两种灌溉体系下进行测试-连续浸水 (CF) 和交替润湿和干燥 (AWD)。肥料处理方式对一氧化氮排放有显著影响 ($p < 0.05$)。在交替润湿和干燥 (AWD) 灌溉条件下, 尿素深度放置 (UDP) 增加了一氧化氮的排放 (3.41 g N ha^{-1}) ($p < 0.05$), 是连续浸水 (CF) 灌溉条件下, 尿素深度放置 (UDP) 一氧化氮排放量的 2.5 倍 (1.35 g N ha^{-1})。但在连续浸水 (CF) 条件下, 尿素深度放置 (UDP) 和广播颗粒尿素 (PU) 的一氧化氮排放量相似。在小麦种植中, 氮肥的施用, 不论是哪种施用方式, 都增加了一氧化氮的排放量 (不同施用方式下的平均排放量为 615 g N ha^{-1}), 是对照组的 10 倍 ($62.52 \text{ g N ha}^{-1}$)。肥料不同的处理方式没有造成一氧化氮排放量的显著不同 ($P > 0.05$)。肥料诱导排放因子 (EFs) 不受水稻或小麦种植中氮放置方法的影响。平均而言, 与小麦 (0.5%) 相比, 水稻中的肥料诱导排放因子 (EFs) 非常低 ($< 0.002\%$)。本研究表明 (与氮肥处理方式无关), 与小麦中一氧化氮的排放相比, 水稻中一氧化氮的排放 ($< 4 \text{ g N ha}^{-1}$) 对一氧化氮年度总排放量 (433 g N ha^{-1}) 的贡献非常小 ($< 0.5\%$)。

(季雪婧 编译)

(原文题目: Quantifying nitric oxide emissions under rice-wheat cropping systems)

(来源:

https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0269749119304622?dgcid=s_sd_all)