DOI:10.11918/202506051

复合污染对活性污泥菌群和抗生素抗性基因的影响

孙青亮[1],樊晓燕[2,3],张晓晗[2],赵君如[2]

(1.北京仁创科技集团有限公司,北京 100080;2.北京工业大学 建筑工程学院,北京 100124;
3.北京工业大学 重庆研究院,重庆 401121)

摘 要:卤代咔唑和纳米材料作为水环境中检出频率高的新污染物,针对其复合污染对活性污泥系统菌群及抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes,ARGs)影响未知问题,以低(0.05 mg/L)和高(5 mg/L)质量浓度3-溴咔唑(3-bromocarbazole,3-BCZ)和1 mg/L的纳米四氧化三铁颗粒(Fe_3O_4 NPs)作为胁迫条件,采用高通量测序、基因预测及网络分析探究了菌群及ARGs对复合污染的响应。结果表明:高质量浓度3-BCZ和Fe_3O_4 NPs复合胁迫降低了细菌群落多样性,明显改变了细菌群落结构;丰富菌属在不同Fe_3O_4 NPs和3-BCZ胁迫条件下发生了改变,稀有菌属则较为稳定;*TM7a*(12.82% ~23.89%)是所有胁迫样品的优势菌属;中丰度类群和稀有类群分别是单一和复合胁迫下微生物交互网络的优势类群,但核心菌属不同,其中,*Defluviicoccus* 和 *Nitrospira* 是复合污染胁迫下的核心菌属;高浓度复合污染促进了特定脱氮功能菌(如 *Nitrosomonas*、*Nitrospira*、*Acidovorax* 和 *Hydrogenophaga*)的富集,提高了部分氮代谢功能基因(如 *nirKS*、*nosZ*)的数量;共检出8类ARGs(68个亚型),其中,β内酰胺类(Beta-lactam)、外排泵类(Other/efflux)和氟喹诺酮-氟苯尼考-氯霉素类(Fluoroquinolone-Florfenicol-Chloramphenicol,FCA)是优势类型;在Fe_3O_4 NPs和3-BCZ复合污染胁迫下提高了Beta-lactam类(如 *cfxA* 和 *penA*)和FCA类(如 *adeA/cmeA* 和 *EmrB/QacA*)ARGs的数量;单一污染和复合污染胁迫下ARGs间均呈现复杂的共现模式,其中,核心ARGs均为Other/efflux类(如 *mdtE/yhiU* 和 *norB/norC*)。本研究揭示了丰富菌属-稀有菌属及ARGs在卤代咔唑和纳米材料复合污染下的响应差异,可为新污染物复合污染胁迫下污水处理系统的菌群调控及高抗冲击性新工艺开发提供理论支撑与技术指导。

关键词:3-溴咔唑;纳米四氧化三铁;全尺度分类;脱氮功能菌;抗生素抗性基因

中图分类号:X592 **文献标志码**:A **文章编号**:0367-6234(2026)10-0143-12

Impact of combined pollution on microbial communities and antibiotic resistance genes in activated sludge

Sun Qingliang[1], Fan Xiaoyan[2,3], Zhang Xiaohan[2], Zhao Junru[2]

(1. Rechsand Science & Technology Group, Beijing 100080, China; 2. College of Architecture and Civil Engineering, Beijing University of Technology, Beijing 100124, China;
3. Chongqing Research Institute of Beijing University of Technology, Chongqing 401121, China)

Abstract: Polyhalogenated 9H-carbazoles and nanomaterials are frequently detected emerging contaminants in aquatic environments. Given the unknown impact of their combined pollution on microbial communities and antibiotic resistance genes (ARGs) in activated sludge systems, this study investigated the responses of microbial communities and ARGs to combined pollution using high-throughput sequencing, gene prediction, and network analysis under the stress conditions of 3-bromocarbazole (3-BCZ) at low (0.05 mg/L) and high (5 mg/L) mass concentrations and Fe_3O_4 nanoparticles (Fe_3O_4 NPs) at 1 mg/L. The results indicate that high-mass-concentration 3-BCZ and Fe_3O_4 NPs combined stress reduces bacterial community diversity and significantly alters bacterial community structure. Abundant genera alter under different Fe_3O_4 NPs and 3-BCZ stress conditions, while rare genera remain relatively stable. *TM7a* (12.82% - 23.89%) is the dominant genus in all stressed samples. Moderate and rare taxa are the dominant taxa in microbial interaction networks under single and combined stress, respectively, but their core genera are different, among which *Defluviicoccus* and *Nitrospira* are the core genera under combined pollution stress. High-concentration combined pollution promotes the enrichment of specific nitrogen removal functional bacteria (such as *Nitrosomonas*, *Nitrospira*, *Acidovorax*, and *Hydrogenophaga*) and increases the abundance of some nitrogen metabolism functional genes (such as *nirKS* and *nosZ*). A total of eight ARG types (68 subtypes) are detected, among which β-lactams (Beta-lactam), efflux pumps (Other/efflux), and

收稿日期:2025-06-20;**录用日期**:2025-07-26;**网络首发日期**:2025-10-31
网络首发地址:https://link.cnki.net/urlid/23.1235.t.20251031.1103.004
基金项目:重庆市自然科学基金(CSTB2022NSCQ-MSX1181)
作者简介:孙青亮(1987—),男,硕士研究生
通信作者:赵君如,zjr681125@163.com

fluoroquinolone-florfenicol-chloramphenicol (FCA) are the dominant types. Fe_3O_4 NPs and 3-BCZ combined pollution stress increases the abundance of Beta-lactam (such as *cfxA* and *penA*) and FCA (such as *adeA/cmeA* and *EmrB/QacA*) ARGs. ARGs exhibit complex co-occurrence patterns under both single and combined pollution stress, and their core ARGs are all Other/efflux types (such as *mdtE/yhiU* and *norB/norC*). This study reveals the response differences of abundant and rare genera and ARGs under combined pollution of polyhalogenated 9H-carbazoles and nanomaterials and provides theoretical support and technical guidance for microbial community regulation and the development of highly resilient new processes in wastewater treatment systems under combined pollution stress of emerging contaminants.

Keywords: 3-bromocarbazole; Fe_3O_4 nanoparticle; full-scale classification; nitrogen removal functional bacterium; antibiotic resistance gene

卤代咔唑(polyhalogenated 9H-carbazoles, PHCs)是指咔唑环上的氢原子被卤素原子(Cl、Br或I)所取代的一类化合物,具有较高的环境持久性、生物累积性和类二噁英毒性[1-2],且很难被生物降解。20世纪80年代初,在美国纽约Buffalo River的沉积物中发现了1,3,6,8-四氯咔唑和五氯咔唑,首次揭示了PHCs在环境中的存在[3]。目前,国内已在东海、黄海和太湖和胶州湾等水域的水体和沉积物中发现PHCs的存在[4-6]。近期研究发现,地表径流输送的非特定来源(39%)和工业废水排放(35%)作为中国东海沉积物中PHCs的主要污染来源[7],将不可避免地使PHCs进入市政污水处理系统。其中,3-溴咔唑(3-bromocarbazole,3-BCZ)是比较常见的PHCs类型,且其质量浓度范围在所检测到的PHCs种类中较高[8]。相比其他持久性有机污染物,对3-BCZ的研究仍较少,且主要集中于模式生物,研究发现,3-BCZ会导致斑马鱼体内一些基因的表达发生变化并且激活芳香烃受体(AhR)致使心脏畸形[9]。而3-BCZ对由复杂微生物群体构成的活性污泥系统的影响尚不清楚。此外,随着纳米材料(nanoparticles,NPs)的广泛使用,其在污水系统中被频繁检出[10]。NPs对污水处理系统的影响已成为研究的热点,其中,铁基NPs由于其独特的性能被大量利用,四氧化三铁纳米材料(Fe_3O_4 NPs)是其中关注较多的材料且对活性污泥系统性能有较大影响[11-12]。综上,PHCs或NPs在生产和使用过程中将不可避免地进入市政污水处理系统,在实际污水处理系统中两者将同时存在,表现为复合污染,其复合胁迫对活性污泥系统的影响需要进行系统深入的探究。

活性污泥微生物群落,尤其是细菌群落驱动着有机碳、氮、磷等营养物质代谢和有机微污染物降解和转化过程[13]。细菌群落是由极少数丰富微生物和大量稀有微生物(相对丰度<0.1%或0.01%)组成[14],且稀有微生物可能是微生物交互作用网络中被忽略的关键物种[15]。近年来,基于稀有菌属和丰富菌属的界定阈值,研究人员提出了微生物群落的全尺度分类法(full-scale classification)[16],可以更加全面地探究不同类型属在微生物群落中的作用,从而更好地揭示丰富菌属和稀有菌属对污染物胁迫的响应差异。此外,脱氮是大部分污水处理系统中不可缺少的一环,脱氮功能菌及相关功能基因对于维持高效脱氮性能具有重要作用。但活性污泥系统丰富菌属、稀有菌属和功能菌属及其交互作用对3-BCZ和NPs复合胁迫的响应尚不清楚。同时,活性污泥系统也检出众多抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes,ARGs)的赋存[17]。作为一种基因型新污染物,ARGs的环境赋存与传播扩散已成为全球环境与健康领域的重大挑战。值得注意的是,除抗生素选择压外,非抗生素类污染物也会通过共选择或交叉选择机制等显著促进ARGs的增殖与传播[18-19],从而加剧细菌耐药性的扩散风险。在活性污泥系统中,尚未开展3-BCZ和NPs复合胁迫对ARGs传播及其共现模式影响的研究。

基于上述论点,构建了不同质量浓度3-BCZ与Fe_3O_4 NPs的单一和复合胁迫系统,探究活性污泥系统微生物群落及ARGs的响应差异。本研究可为PHCs与NPs复合污染胁迫下污水处理系统菌群结构的精准调控及工艺参数的适应性优化提供理论支撑,对提升污水处理系统应对新污染物复合污染的抗冲击能力与处理效能具有指导意义。

1 实 验

1.1 3-BCZ和Fe_3O_4 NPs复合胁迫试验设计

考虑到3-BCZ在环境中具有累积性[20],且活性污泥对污染物具有一定的吸附性能,环境质量浓度(ng/L)可能不能体现其对系统的生态效应[21],将低质量浓度设定为μg/L水平,高质量浓度设定为mg/L水平。参考三氯咔唑(3-chlorocarbazole,3-CCZ)的质量浓度水平,将3-BCZ的质量浓度设定为低质量浓度(Low,L,0.05 mg/L)和高质量浓度(High,H,5 mg/L)与环境Fe_3O_4 NPs质量浓度

(1 mg/L)复合，探究复合胁迫对活性污泥系统的短期影响。对于复合胁迫试验组，不添加任何污染物、仅添加 Fe_3O_4 NPs 和仅添加低和高质量浓度 3-BCZ 的体系均为对照组，命名为 Control、NPs、BCZ_L 和 BCZ_H 组。3-BCZ 与 Fe_3O_4 NPs 复合胁迫体系依据 3-BCZ 质量浓度依次命名 BCZ_L_NPs 和 BCZ_H_NPs。3-BCZ(纯度≥98%)和 Fe_3O_4 NPs(粒径 20 ~ 30 nm，纯度≥99%)，均购自上海麦克林生化有限公司。

试验在 500 mL 锥形瓶中进行，有效体积为 250 mL，排水比为 50%，污泥质量浓度控制在 4 500 mg/L。活性污泥取自北京市某城市污水处理厂曝气池，具有良好的沉降性能。人工配水组成模拟实际生活污水并依据已有研究[22]。对照组和胁迫试验组均进行 12 个周期，每周期以 NH_4^+ - N 大于98%或出水 NH_4^+ - N 质量浓度持续稳定为准(4 ~ 15 h/周期)。每个体系的温度维持在 23 ~ 25 ℃，DO 和 pH 分别控制在 2 ~ 4 mg/L 和 7.0 ~ 7.5。

1.2　DNA 提取和测序分析

第 12 周期结束时收集活性污泥样品，共 6 组(Control、NPs、BCZ_L、BCZ_H、BCZ_L_NPs 和 BCZ_H_NPs)，使用 E. Z. N. A.® Soil DNA 试剂盒提取 DNA，采用 Illumina MiSeq PE300 平台对细菌 16S rRNA V3 ~ V4 区进行高通量测序。数据经 Quantitative Insights Into Microbial Ecology (QIIME)软件处理，有效序列按 97% 相似度划分到相同的操作分类单元(operational taxonomic units，OTUs)，并利用 SILVA 数据库注释物种。采用 Shannon 和 Chao1 指数评估多样性，主成分分析 (principal component analysis，PCA)分析群落结构变化。基于全尺度分类法将细菌划分为 6 类：丰富类群(abundant taxa，AT)、相对丰富类群(conditionally abundant taxa，CAT)、中丰富类群(moderate taxa，MT)、条件稀有或丰富类群 (conditionally rare or abundant taxa，CRAT)、条件稀有类群(conditionally rare taxa，CRT)和稀有类群(rare taxa，RT)[16]。进一步根据已有研究[23-24]筛选脱氮功能菌属，包括氨氧化细菌(ammonia-oxidizing bacteria，AOB)、亚硝酸盐氧化细菌(nitrite-oxidizing bacteria，NOB)和反硝化细菌(denitrifying bacteria，DNB)，进行其对复合胁迫响应的差异分析。

1.3　脱氮功能菌基因及 ARGs 分析

PICRUSt2(phylogenetic investigation of communities by reconstruction of unobserved states2)的功能预测被广泛用作脱氮功能基因以及抗性基因的分析[25]。采用 PICRUSt2 进行 3-BCZ 与 Fe_3O_4 NPs 胁迫系统中相关基因的变化分析。为了筛选参与硝化和反硝化作用的功能基因，在 Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes(KEGG)代谢途径丰度表中选取了氮转化途径(ko00910)，其中共有 65 个 KOs，得到相关基因的丰度。ARGs 的分析主要是根据前期研究总结的 104 个 ARGs 亚型的 KOs[24]，涵盖 8 类 ARGs，即氨基糖苷类(Aminoglycoside)、β 内酰胺类(Beta-lactam)、氟喹诺酮 - 氟苯尼考 - 氯霉素(Fluoroquinolone-Florfenicol-Chloramphenicol，FCA)、大环内酯 - 林可酰胺 - 链霉菌素(Macrolide-Lincosamide-Streptogramin B，MLSB)、磺胺类(Sulfa)、四环素(Tetracycline)、万古霉素(Vancomycin)和外排泵类(Other/efflux)，分析出 ARGs 不同亚型的赋存。

1.4　统计分析

通过单因素方差分析判定 $P < 0.05$ 的数据存在显著相关关系。构建相关性网络探究单一 Fe_3O_4 NPs胁迫和3-BCZ 与 Fe_3O_4 NPs 复合胁迫系统中微生物菌群的交互作用及不同 ARGs 亚型的共现模式。使用 R 软件(V4.3.1)计算 Spearman 等级相关系数(Spearmans′ rank correlation coefficients，SRCCs)，$P \leqslant 0.01$，$|SRCC| \geqslant 0.8$ 被认为具有显著相关性，进一步采用 Cytoscape(version3.8.2)软件进行可视化。

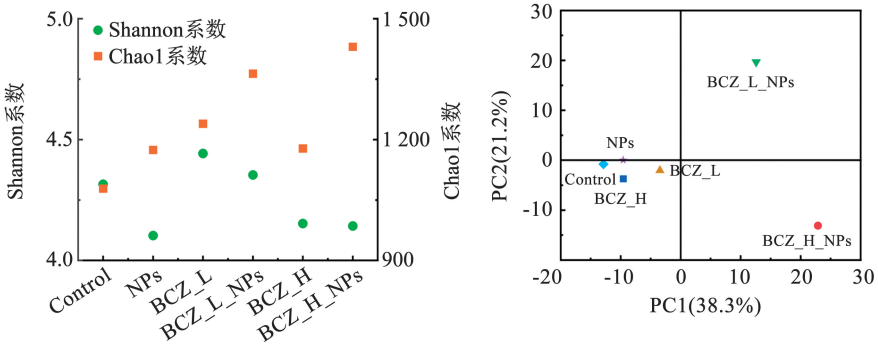
2　结果与讨论

2.1　活性污泥系统微生物多样性和群落结构

各样品细菌群落的多样性指数(Shannon 指数和 Chao1 指数)变化如图 1(a)所示。相较于 Control，BCZ_L 和 BCZ_L_NPs 两个系统的 Shannon 指数有所提升，这表明低质量浓度 3-BCZ 可能对微生物群落具有促进作用，这与已有研究一致[26]。与之相反的是，NPs、BCZ_H 和 BCZ_H_NPs 系统的群落多样性降低，这可能源于高质量浓度 3-BCZ 或 Fe_3O_4 NPs 单独及复合暴露对微生物群落生长的抑制作用及敏感物种的减少[26-27]。在细菌群落的丰富度方面，所有受污染物胁迫体系的 Chao1 指数均高于 Control。尤其是两个复合胁迫试验组系统(BCZ_L_NPs 和 BCZ_H_NPs，1 363.56 和 1 430.16)的 Chao1 指数均略高于对照组的 Chao1 指数(Control、NPs、BCZ_L 和 BCZ_H，1 078.21 ~ 1 239.16)，这说明 3-BCZ 与 Fe_3O_4 NPs 的复合污染在一定程度上提升了细菌群落丰富度。这可能是因为 Fe_3O_4 NPs 可通过吸附和重构高分子有机物的结构与溶解性，促进其转化为中小分子，提高其被微生物利用的可能性，同时改变微生物与底物的接触模式[27]，从而间接影响细菌群落的丰富度。此外，单一 Fe_3O_4 NPs

处理组中微生物群落丰富度的提升，可能源于 Fe_3O_4 NPs溶解产生的金属离子是微生物生长所需的微量元素[28]。综上，高质量浓度 3-BCZ 与 Fe_3O_4 NPs 复合污染降低群落多样性，且 3-BCZ 与 Fe_3O_4 NPs 复合胁迫不同程度地提高了活性污泥体系中菌群的丰富度。

采用 PCA 分析了不同胁迫条件下细菌群落结构的差异，结果如图 1(b) 所示。单一污染的 NPs、BCZ_L 和 BCZ_H 3 个样本与 Control 距离较近，表明 Fe_3O_4 NPs 或 3-BCZ 单独暴露对细菌群落结构的影响较小；然而，BCZ_L_NPs 和 BCZ_H_NPs 样本分布较为分散，且均与 Control 样本相距较远，表明 Fe_3O_4 NPs 和 3-BCZ 复合污染胁迫对细菌群落结构的影响较为明显，这与已有研究一致[24]。根据文献报道，纳米颗粒可通过增强膜渗透促进有机污染物在细胞内富集，从而放大复合污染毒性[29]，可能是造成活性污泥细菌群落结构变化的原因之一。总之，Fe_3O_4 NPs 和高质量浓度 3-BCZ 复合污染胁迫降低了细菌群落的多样性，提高了群落的丰富度，并明显地改变了细菌的群落结构。



(a) 细菌群落多样性指数　　(b) 微生物群落结构

图 1　细菌群落多样性指数以及微生物群落结构

Fig. 1　Bacterial community diversity indices and microbial community structure

2.2　活性污泥系统丰富 – 稀有菌属的组成

基于全尺度分类方法，本研究中细菌群落可分为 5 个不同的类群(AT、CAT、MT、CRT 和 RT)，没有检出已有研究中提到的关键类群 CRAT[30]。如图 2(a) 所示，AT 类群在所有样本中占比最高，其次是 MT 类群，二者的占比仅在 NPs 样品中出现轻微波动，在剩余样品中的占比均与 Control 较为接近，表明部分优势菌属对单一 Fe_3O_4 NPs 胁迫具有一定敏感性。而 CAT、CRT 和 RT 3 个类群在群落组成中占比均较低且无明显变化，表明稀有细菌在群落中的稳定性。为进一步研究丰富和稀有菌属的相对丰度变化，把菌群分为丰富菌属(AT、CAT 和 MT)和稀有菌属(CRT 和 RT)两大类。

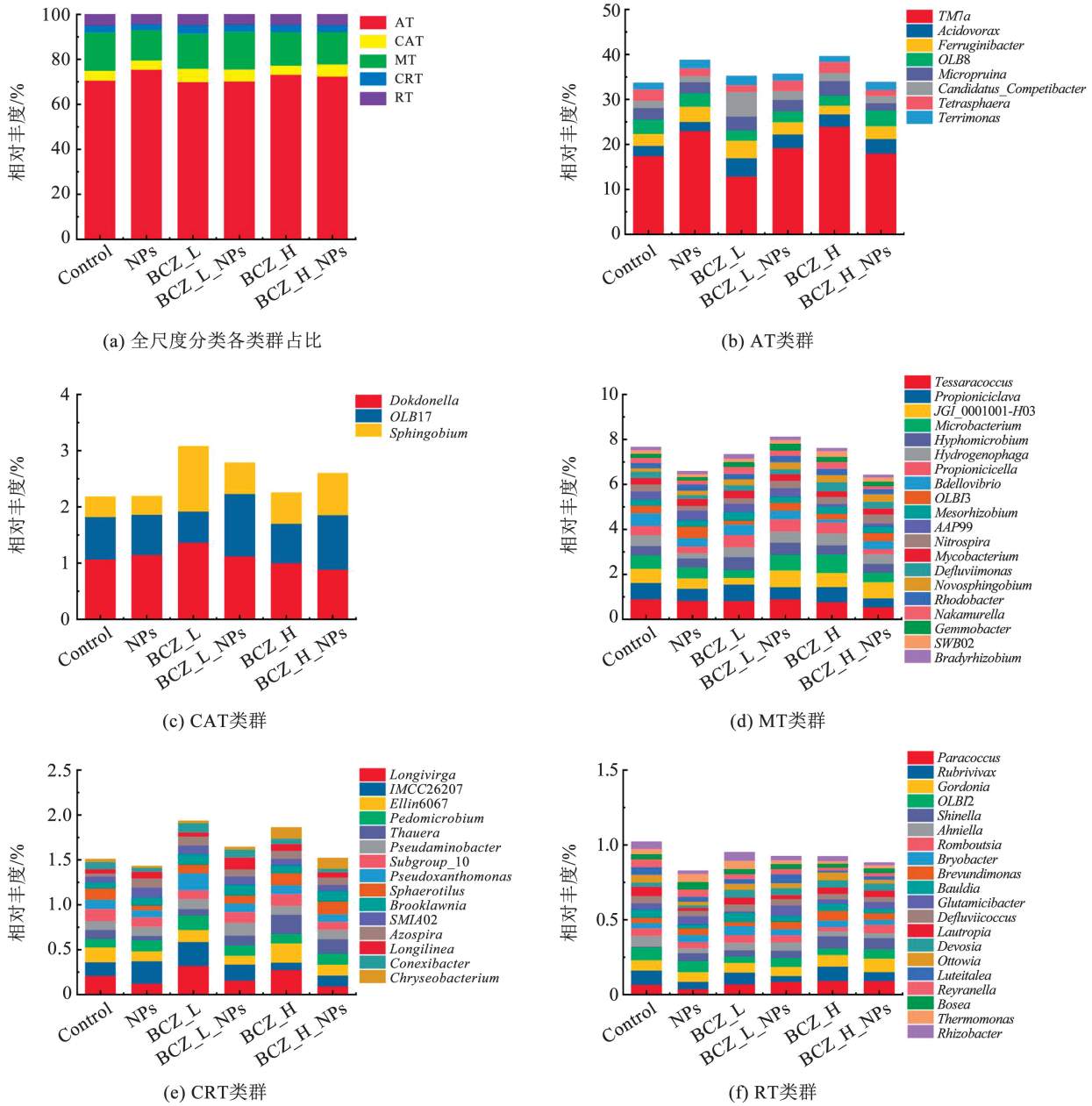
2.2.1　丰富菌属

如图 2(b) 所示，共有 8 种细菌被归类为 AT 类群，分别是 *TM7a*、*Acidovorax*、*Ferruginibacter*、*OLB8*、*Micropruina*、*Candidatus _ Competibacter*、*Tetrasphaera* 和 *Terrimonas*。与 Control 相比，AT 类群菌属的相对丰度普遍升高，其在 NPs 和 BCZ_H 处理组中的变化最为明显。其中，*TM7a*(12.82% ~23.89%) 是优势菌属，其在多数活性污泥中被发现，且具有一定的耐冲击性[31]。与 Control 相比，*TM7a* 菌属的相对丰度在除 BCZ_L 之外的所有样品均有升高，这证明了其环境耐受性[31]。*Acidovorax* 具有芳香族和多环烃降解功能[32]，其相对丰度在 3-BCZ 胁迫下有所增加。*Ferruginibacter* 兼具铁还原[33]和多环芳烃降解功能，在有 Fe_3O_4 NPs 参与的和单一低质量浓度 3-BCZ 胁迫环境下富集。*OLB8* 则在污染物胁迫下相对丰度降低，其中，单一 3-BCZ 胁迫的抑制效果最强。*Micropruina*、*Candidatus _ Competibacter* 和 *Terrimonas* 是 3 个典型的反硝化功能菌[34-35]，三者均在 BCZ_L 系统中富集，这表明低质量浓度 3-BCZ 具有定向筛选特定反硝化微生物的潜能。*Tetrasphaera* 则是典型的除磷菌[36]，在所有 Fe_3O_4 NPs 和 3-BCZ 胁迫中均被抑制，这说明其环境敏感性。

共检测到 3 个属于 CAT 类群的菌属，如图 2(c) 所示，分别是 *Dokdonella*、*OLB17* 和 *Sphingobium*。与 Control 相比，CAT 类群在低质量浓度 3-BCZ 及其与 Fe_3O_4 NPs 复合处理下相对丰度均有提高，而在单一高质量浓度 3-BCZ 或单独 Fe_3O_4 NPs 处理中保持稳定，表明 CAT 类群对复合胁迫具有一定的适应性，可能受益于低浓度污染物刺激效应和纳米材料的协同作用。NPs 样品中这 3 个菌属的相对丰度与 Control 较为接近，说明了 Fe_3O_4 NPs 胁迫对其无明显影响。BCZ_L 系统中 *Dokdonella* 和 *Sphingobium* 得到了富集，相对丰度分别增加了 1.27 和 3.22 倍，

但 *OLB*17 被抑制了，这同样证明低质量浓度 3-BCZ 的筛选能力。此外，受复合污染胁迫的样品富集了 *OLB*17 和 *Sphingobium* 的菌群。

MT 类群包含 20 个菌属（图 2（d）），其相对丰度在 NPs 和 BCZ_H_NPs 样品中均有所降低，而在 BCZ_L、BCZ_L_NPs 和 BCZ_H 中无明显变化。这说明该类群菌属对单一 Fe_3O_4 NPs 和高浓度复合胁迫较为敏感。具有脱氮和有机物降解功能的关键菌属的相对丰度在有 3-BCZ 胁迫的系统中均有上升。其中，作为典型的 NOB[24]，*Nitrospira* 在 BCZ_L_NPs 和 BCZ_H_NPs 两个系统中相对丰度有所升高，表明 BCZ 和纳米颗粒复合胁迫能够有效促进硝化过程的微生物驱动。*Defluviimonas* 的相对丰度在 BCZ_H和 BCZ_H_NPs 样品中升高，表明该菌属在高质量浓度 3-BCZ 干预下被选择性富集，这可能与其在有机物降解或氮代谢中的潜在作用有关。此外，*Hyphomicrobium* 在单一低质量浓度 3-BCZ 胁迫下相对丰度由 0.41% 提升到 0.57%。相比之下，某些在 Control 中拥有较高相对丰度的菌属却在 Fe_3O_4 NPs和 3-BCZ 单一或复合污染胁迫环境下被抑制了，如 BCZ_L 中的 *JGI*_0001001-*H*03、BCZ_L_NPs 中的 *Bdellovibrio*、BCZ_H 中的 *AAP*99 和 BCZ_H_NPs 中的 *Tessaracoccus* 和 *Microbacterium*。



(a) 全尺度分类各类群占比　(b) AT类群

(c) CAT类群　(d) MT类群

(e) CRT类群　(f) RT类群

图 2　不同胁迫条件下微生物群落相对丰度变化

Fig. 2　Changes in relative abundance of microbial communities under different stress conditions

2.2.2 稀有菌属

如图 2(e)所示,共有 16 个细菌菌属被判定为 CRT 类群。单一 3-BCZ 胁迫促进该类群菌属的富集,Fe_3O_4 NPs 的加入则产生抑制作用,表明 3-BCZ 与 Fe_3O_4 NPs 间可能存在拮抗效应。具体来看,*Longivirga* 的相对丰度在单一 3-BCZ 处理下升高,表明该属可能对 BCZ 或者其中某些代谢产物具有偏好[37]。但是在 BCZ_H_NPs 系统中其相对丰度显著降低,由 0.21% 降低至 0.09%,这揭示高浓度复合污染可能对其存在一定抑制作用,反映了该属对环境胁迫的敏感性。此外,*Thauera* 和 *Azospira* 是两个与反硝化密切相关的菌属,在单一高质量浓度 3-BCZ胁迫下相对丰度分别增加了 2.08 和 2.61 倍,表明高质量浓度 Fe_3O_4 NPs 和 3-BCZ 复合胁迫条件下可促进反硝化菌群的激活,有利于系统脱氮性能的提升。此外,*Thauera* 在 BCZ_H_NPs 系统中的占比由 0.10% 上升到 0.16%,这可能源于纳米颗粒通过微环境调节和营养物吸附促进等机制增强其代谢活性。同时,部分稀有丰度菌属如 *Pedomicrobium*、*Conexibacter* 和 *Chryseobacterium* 在复合污染条件下相对丰度呈现上升趋势,表明稀有菌属在应对 3-BCZ与 Fe_3O_4 NPs 复合胁迫中发挥的作用。

RT 类群共包含 249 个菌属,本研究选取其中总相对丰度前 20 位的菌属进行研究,发现其在不同样本中的占比存在差异,进一步说明了稀有菌属对污染物更为敏感。其中,*Paracoccus* 作为典型的兼性反硝化菌,在 3-BCZ 处理条件下逐渐富集,特别是在 BCZ_H 和 BCZ_H_NPs 样品中高于 Control 样品,表明其在高浓度污染胁迫下仍具较强的适应能力。同时,*Shinella* 的相对丰度变化亦值得关注,该菌属相对丰度从 Control 的 0.007% 上升至 BCZ_H 的 0.082% 和 BCZ_H_NPs 的 0.074%,表明其可能在高浓度处理下被激活。已有研究表明该菌属具有碳源代谢与氮循环相关功能[38],推测其在 3-BCZ 胁迫下可能承担辅助脱氮或有机污染物降解作用。部分有机降解菌(如 *Gordonia* 与 *Rubrivivax*)在不同胁迫环境下的响应相对温和,但在 BCZ_H_NPs 系统中均出现了相对丰度提升,这可能与其对复杂碳源利用能力较强有关。此外,*Glutamicibacter* 和 *Brevundimonas* 两种典型的反硝化菌也在复合污染胁迫条件下相对丰度略有升高。部分菌属(如 *Bauldia*、*Bryobacter* 和 *Ahniella*)在不同胁迫条件之间相对丰度存在差异,体现出特定菌属对 3-BCZ 与 Fe_3O_4 NPs 不同污染环境条件的敏感响应。整体来看,3-BCZ 和 Fe_3O_4 NPs 的单一及复合胁迫会改变活性污泥细菌菌群组成,其中,低质量浓度的 3-BCZ 单一胁迫表现出对优势菌属的筛选潜能。

2.3 丰富 – 稀有菌属的交互作用

为进一步探究 5 个微生物类群之间的相互作用,选择 AT、CAT、MT 和 CRT 的所有属以及 RT 总相对丰度前 20 的菌属,建立了 3-BCZ 与 Fe_3O_4 NPs 的单一和复合两种胁迫环境的丰富和稀有细菌共现网络(如图 3)。两者都有 61 个节点和 91 条共现关系,其中,正相关关系占比分别为 61.53% 和 67.82%,表明细菌群落之间以共现模式为主,并且复合污染胁迫下共现关系更强。如图 3(a)所示,单一污染条件下 MT 类群细菌与各类群有最多的共现关系(50 条),其中,MT 与 CRT 类群之间的交互关系最强(19 条),揭示了中丰度和稀有细菌群落在单一污染胁迫环境中的重要作用。然而,复合污染胁迫环境的核心类群变成了 RT(37 条)。已有文献证实,稀有菌属在维持活性污泥系统稳定性和抗冲击负荷方面发挥着重要的作用[25]。此外,单一污染胁迫条件下的 AT 有 23 条相关关系,且半数以上是共现关系,其中,与丰富和稀有菌属分别有 11 条和 7 条正相关关系,但是 CAT 类群与其他类群的正相关关系较少,仅为 3 条,表明丰富和稀有菌属之间存在着复杂的相关关系。在 3-BCZ 与 Fe_3O_4 NPs 复合污染胁迫下(图 3(b)),AT 与各类群的正相关关系分别减少至 18 条,表明复合污染干扰了丰富菌属与其他菌属的共现关系。稀有菌属的 CRT 类群在单一和复合污染环境中都与其他类群密切相关,尤其是复合污染条件下,表明稀有菌属同样发挥重要作用。本研究还确定了两种胁迫条件的核心菌属差异。单一污染胁迫条件排名前 10 的核心菌属分别是 2 个 AT、1 个 CAT、2 个 MT、3 个 CRT 和 2 个 RT,其中,属于 AT 的 *Tetrasphaera* 和属于 CRT 的 *Pseudaminobacter* 各与10 个菌属展现相关关系。而在复合污染胁迫下,排名前 10 的核心菌属变成了4 个MT、3 个 CRT 和 3 个 RT,其中,*Defluviicoccus*(15 条)是 RT 的中心菌属,*Nitrospira*(14 条)是 MT 的中心菌属,与各类菌属拥有最多的相关关系。结果表明,复合污染环境削弱了丰富菌属之间的关系,增强了稀有菌属的关联关系。此外,单一污染和复合污染两种污染条件的核心菌属存在差异,表明不同胁迫条件影响了菌属之间的互作关系。总之,MT 和 RT 分别在 3-BCZ 与 Fe_3O_4 NPs 的单一和复合污染环境中表现为关键类群。

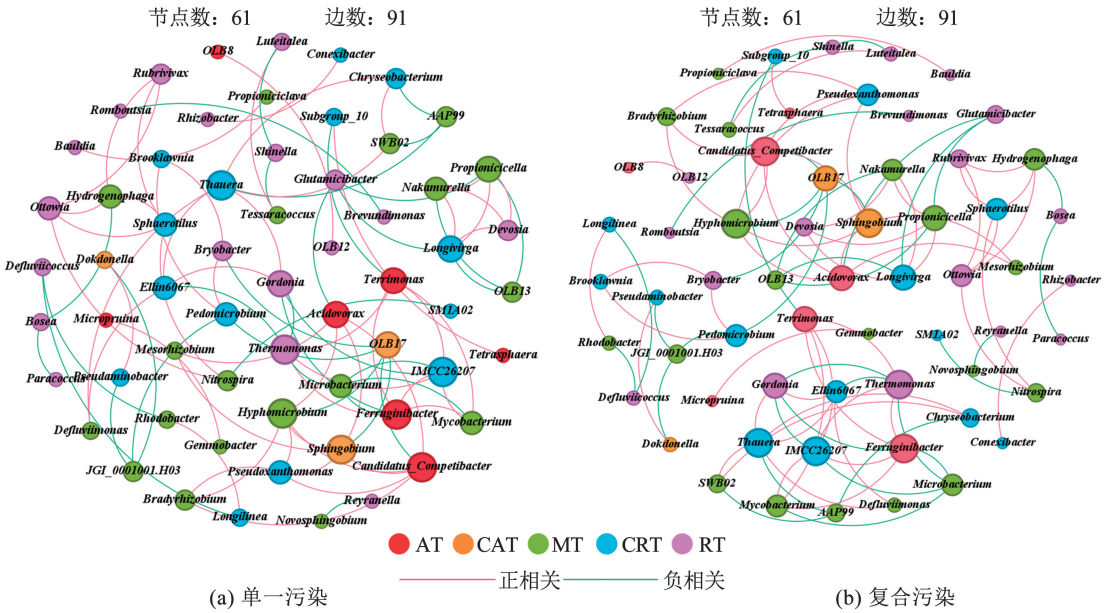


图 3　两种胁迫条件下 5 个细菌类群间的相互作用

Fig. 3　Interactions among five bacterial taxa under two stress conditions

2.4　脱氮功能菌及功能基因的变化

如图 4(a)所示，*Nitrosomonas* 是唯一检出的 AOB(0.007% ~0.041%)。相比 Control，其在 NPs 和 BCZ_H_NPs 中的相对丰度显著增加($P<0.05$)，表明纳米颗粒的添加，尤其是在高剂量 BCZ 共同存在时，可能因为电子供体增加或氧化还原状态的改变，为其富集提供更为有利的环境条件[39]。已有研究也证明了纳米颗粒的添加促进 *Nitrosomonas* 的富集[40]。然而，在 BCZ_L_NPs 和 BCZ_H 系统中相对丰度降低，表明当 Fe_3O_4 NPs 刺激不足或 3-BCZ 质量浓度过高时，毒性作用可能抑制该菌属生长。*Nitrospira*(0.21% ~0.39%)作为重要的 NOB(图 4(b))，在各样品中均有检出。与 Control 相比，其在 NPs 和 BCZ_L 样品中相对丰度降低，而在 BCZ_L_NPs、BCZ_H 以及 BCZ_H_NPs 样品中相对丰度提升，尤其是在 BCZ_H_NPs 中。这一结果表明，随着 3-BCZ 质量浓度的提高，其与 Fe_3O_4 NPs 复合胁迫能够有效促进 *Nitrospira* 的富集。相较之下，单独施加 NPs 或低剂量 3-BCZ 单一污染时，存在一定的抑制效应。而 *Nitrolancea* 这一 NOB，仅仅在 NPs 样品中被检出但相对丰度较低，表明 Fe_3O_4 NPs 对其有一定的促进作用。

本研究中共检测到 14 种 DNB(图 4(c))，是脱氮功能细菌中比例最高一类(2.81% ~5.14%)。DNB 在 3-BCZ 胁迫中相对丰度均有升高，尤其是 BCZ_L(由 3.34% 升高至 5.14%)，表明 3-BCZ 有定向富集 DNB 的潜力。具体来看，*Acidovorax*、*Hydrogenophaga*、*Thauera*、*Rhodobacter* 与 *Paracoccus* 在 3-BCZ 胁迫条件下相对丰度增加了 1.17 ~2.16 倍。其中，*Acidovorax* 占比最高(2.07% ~4.16%)，*Hydrogenophaga* 次之(0.23% ~0.52%)，分别在 BCZ_L 和 BCZ_H 样品中相对丰度达到最高，表明其对 BCZ 刺激具有较强的响应性与适应性。已有研究发现，难降解有机物(多环芳烃、抗生素等)的胁迫有促进反硝化微生物富集的作用[25,41]。然而，其在单一 NPs 负荷条件中相对丰度降低，说明 Fe_3O_4 NPs 胁迫可能抑制 DNB 的生长与功能发挥，而在复合胁迫条件下，3-BCZ 的加入可能在一定程度上缓解了 NPs 对 DNB 的不利影响，从而导致其相对丰度的升高。如 *Thauera* 的相对丰度在 Fe_3O_4 NPs 胁迫下有所下降，而在 BCZ_H_NPs 样品中相对丰度有所提升。此外，*Rhodobacter* 和 *Paracoccus* 也呈现出相似变化趋势。值得注意的是，部分菌属仅在特定胁迫条件下有较高的相对丰度(如 NPs 的 *Micromonospora*、BCZ_H 的 *Corynebacterium* 和 BCZ_L_NPs 的 *Ralstonia*)，而在其他胁迫条件下相对丰度降低或未检出。总之，3-BCZ 胁迫可在一定程度上促进 DNB 的富集，增强系统的反硝化潜力，而 Fe_3O_4 NPs 可能对其产生抑制作用，且复合胁迫在一定条件下具有缓解 Fe_3O_4 NPs 不利影响并维持关键脱氮菌群稳定的能力。

如图 4(d)所示，Fe_3O_4 NPs 和 3-BCZ 复合胁迫显著提高了多种氮代谢功能基因的丰度($P<0.05$)，分别为氨同化、硝酸盐同化与异化还原、反硝化以及固氮等关键过程的功能基因，表明 Fe_3O_4 NPs 和 3-BCZ 复合胁迫在一定程度上可激发系统的氮循环潜力，

这与已有研究一致[25]。*glnA*、*nasAB* 和 *narB* 等参与氨氮同化及硝酸盐同化还原的基因在高浓度复合污染胁迫中基因数量增长了 2.62 ~ 3.31 倍，这可能与微生物通过增强氮源利用来适应 3-BCZ 的环境胁迫有关[41]。而反硝化过程相关的 *nirKS*、*norBC* 和 *nosZ* 等功能基因在低浓度单一污染和复合胁迫中富集，说明活性污泥系统的反硝化能力增强，甚至已有研究发现复合污染胁迫可能出现同步硝化反硝化过程[42]。此外，固氮基因（如 *nifDHK*、*anfG*）仅在高质量浓度 3-BCZ 胁迫条件下表达增强，表明微生物群落可能在高浓度污染条件胁迫下激活固氮功能，以维持氮素输入的稳定性。同时，*nrfAH* 和 *nirBD* 这类异化还原基因在 Fe_3O_4 NPs 和 3-BCZ 复合污染条件下也出现了富集现象。相较于 3-BCZ 胁迫环境，单一 Fe_3O_4 NPs 处理下多数氮代谢功能基因数量均无明显变化，甚至部分出现下降趋势，说明单一 Fe_3O_4 NPs 对微生物氮代谢具有一定的抑制作用。整体来看，3-BCZ 与 Fe_3O_4 NPs 复合污染促进了氮代谢相关功能基因的富集。

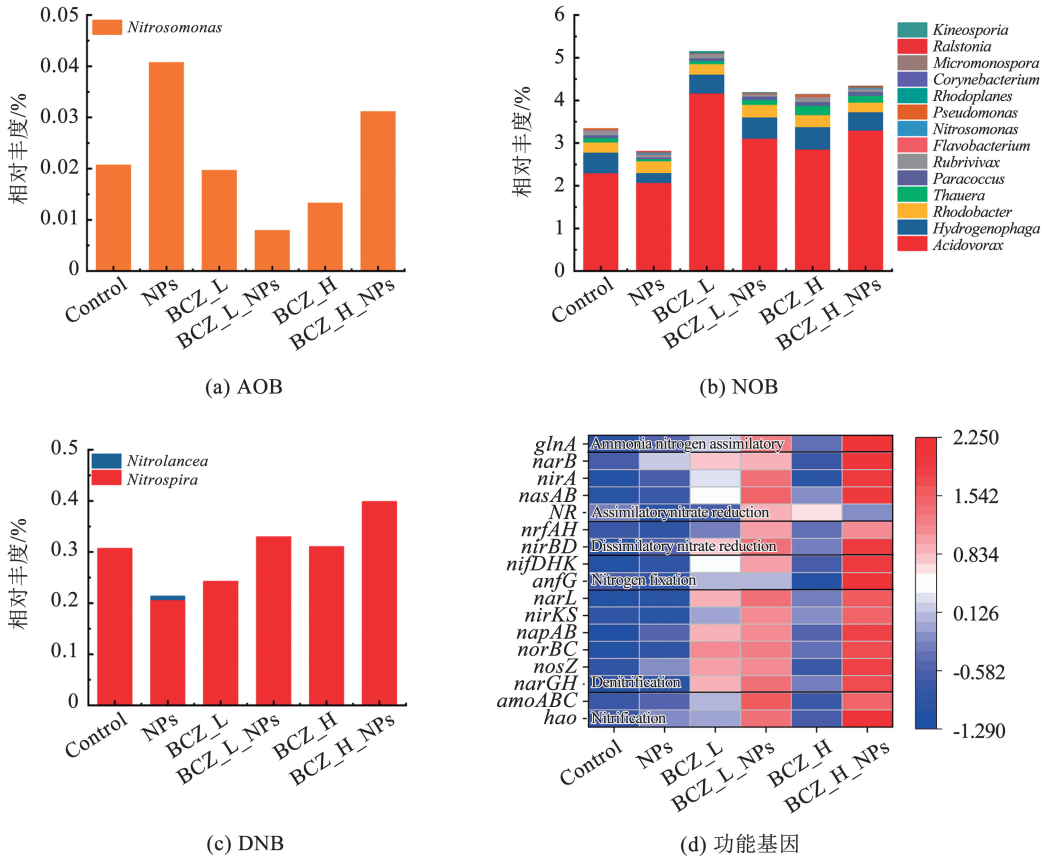


图 4 不同胁迫条件功能菌属和功能基因的相对丰度变化

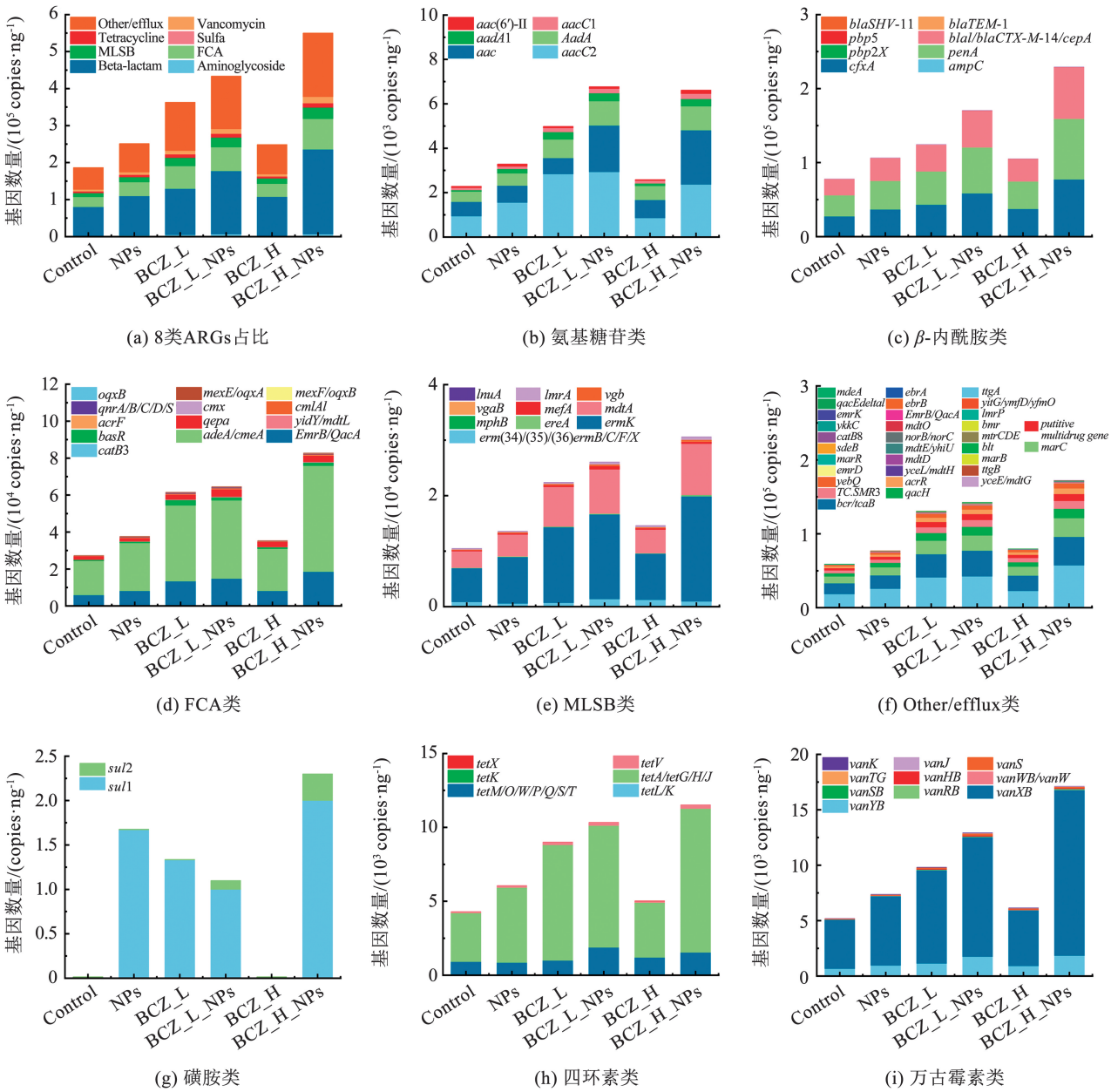
Fig. 4 Changes in relative abundance of functional genera and functional genes under different stress conditions

2.5 ARGs 的赋存特征与共现模式

2.5.1 ARGs 的赋存特征

分析了不同胁迫条件样品中 ARGs 的赋存特征差异。8 类 ARGs 均被检出（图 5（a）），共 68 个 ARG 亚型。Beta-lactam 类、Other/efflux 类和 FCA 类为优势类型，其基因数量在各污染物胁迫下均有 1.44 ~ 3.03 倍的升高，说明污染物胁迫可能通过促使抗性菌增殖或激活水平基因转移加剧 ARGs 的环境传播风险[43]。其中，单一 Fe_3O_4 NPs 和高质量浓度 3-BCZ 胁迫略微增加了 ARGs 的基因数量，并在 Fe_3O_4 NPs 和 3-BCZ 复合胁迫下显著提高了多类 ARGs 的基因数量（$P < 0.05$），尤其是 Beta-lactam 和 FCA 两类，表明复合污染条件下可能存在协同或累积效应，从而促进 ARGs 的富集与传播，增加抗性风险[43]。具体来看，Aminoglycoside 类中检出 8 种亚型（图 5（b）），以 *aac* 和 *AacA/AphD/aacC4* 等基因为主，其在 Fe_3O_4 NPs 和 3-BCZ 复合胁迫条件下基因数量是两者单一胁迫的 1.14 ~ 2.01 倍。Beta-lactam 类共检出了 8 种耐药基因的亚型（图 5（c）），*cfxA*、*penA* 和 *bla1/blaCTX-M-14/cepA* 是主要的 ARG 亚型，高出其他亚型 3 ~ 4 个数量级。FCA 类共检出 13 种 ARG 亚型（图 5（d）），其中，*adeA/cmeA* 和 *EmrB/QacA* 的基因数量最高，二者均与外排泵抗性机制相关[44]，表明这些复合胁迫环境强化了多药抗

性微生物的选择。MLSB 类中共检测出 10 种 ARG 亚型(图 5(e)),*ermK* 和 *mdtA* 的富集表明蛋白质合成抑制类抗性的增强[43]。同时,Other/efflux 类共检出 32 类 ARG 亚型(图 5(f)),*ttgA* 和 *bcr/tcaB* 两种 ARG 亚型在复合污染(特别是 BCZ_H_NPs)胁迫下有所富集。这表明了外排泵类 ARGs 在胁迫环境下抗性基因传播中发挥的关键作用。Sulfa 类共发现 *sul*1 与 *sul*2 两种 ARG 亚型(图 5(g)),其基因数量较少,NPs 和复合胁迫对 Sulfa 类 ARGs 富集最为显著($P<0.05$),其中,复合污染展现出明显的协同效应。*sul*1 是主导亚型,在除了高质量浓度 3-BCZ 胁迫之外的所有污染胁迫条件下均明显富集,而 *sul*2 表达量相对较低。Vancomycin 类和 Tetracycline 类 ARG 亚型的响应相似,两者的基因数量都在高浓度复合污染胁迫下增加,*vanXB* 和 *vanYB*,*tetA/tetG/H/J* 是主要富集的 ARG 亚型(图 5(h)和 5(i)),进一步印证复合胁迫对 ARGs 选择性的强化作用。综上,Fe_3O_4 NPs 和 3-BCZ 复合污染胁迫显著促进了多类 ARGs 的富集,强化了多药抗性和外排泵机制,凸显了污染物协同作用在抗性传播过程中的关键作用。



(a) 8类ARGs占比　(b) 氨基糖苷类　(c) β-内酰胺类

(d) FCA类　(e) MLSB类　(f) Other/efflux类

(g) 磺胺类　(h) 四环素类　(i) 万古霉素类

图 5　不同样品中 ARGs 的赋存特征

Fig. 5　Occurrence characteristics of ARGs in different samples

2.5.2　ARGs 的共现模式

如图 6 所示,进一步分析了 Fe_3O_4 NPs 和 3-BCZ 单一和复合污染条件下 ARGs 亚型之间的相关关系。单一污染(图 6(a))和复合污染(图 6(b))网

络中分别有 705 和 938 条显著相关边($P<0.01$),其中,正相关关系占比 98.01% 与 100%。在不同胁迫条件下,ARGs 之间存在高度协同的变化趋势,尤其在复合胁迫环境中得到了明显的强化,这可能与 PHCs 诱导相似类型的 ARGs 富集和水平转移有关[45]。两个网络关系中 Other/efflux 类基因均呈现最高连接度(>55%),表明 ARGs 是关键基因,其内部在两种胁迫环境下均具有复杂的交互关系,且在 Fe_3O_4 NPs 或 3-BCZ 单一污染条件下与 FCA 的连边最多(92 条)。两者复合污染胁迫下的 Other/efflux 类还增加了与 Vancomycin(62 条)和 MLSB(80 条)的关联,且与 FCA(126 条)的连接更为紧密。在亚型层面,Fe_3O_4 NPs 或 3-BCZ 单一胁迫网络中,*mdtE/yhiU*、*sdeB*、*marB*、*marR*、*mdtD* 和 *emrD* 6 个亚型为关键节点,每个与其他 ARGs 亚型均建立了超过 35 条的显著相关边,均属于 Other/efflux 类。相比之下,在 Fe_3O_4 NPs 和 3-BCZ 复合污染网络中新出现了 *norB/norC* 与 *blt* 两个核心 ARG 亚型,分别与 50 和 36 个亚型连接,显示出复合污染条件对 ARGs 网络拓展和协同作用的显著增强。此外,Fe_3O_4 NPs 或 3-BCZ 单一胁迫网络中仍有少量负相关关系,主要集中在 Aminoglycoside 类的 *spcN* 和 Vancomycin 类的 *vanTG* 等少数低丰度基因中,这可能反映了某些 ARGs 亚型之间存在竞争关系。总之,Fe_3O_4 NPs 和 3-BCZ 复合污染胁迫不仅加剧了 ARGs 之间的共现关系,而且增强了以 Other/efflux 类为核心的网络结构复杂性,表明其在抗性传播网络中的关键调控地位。

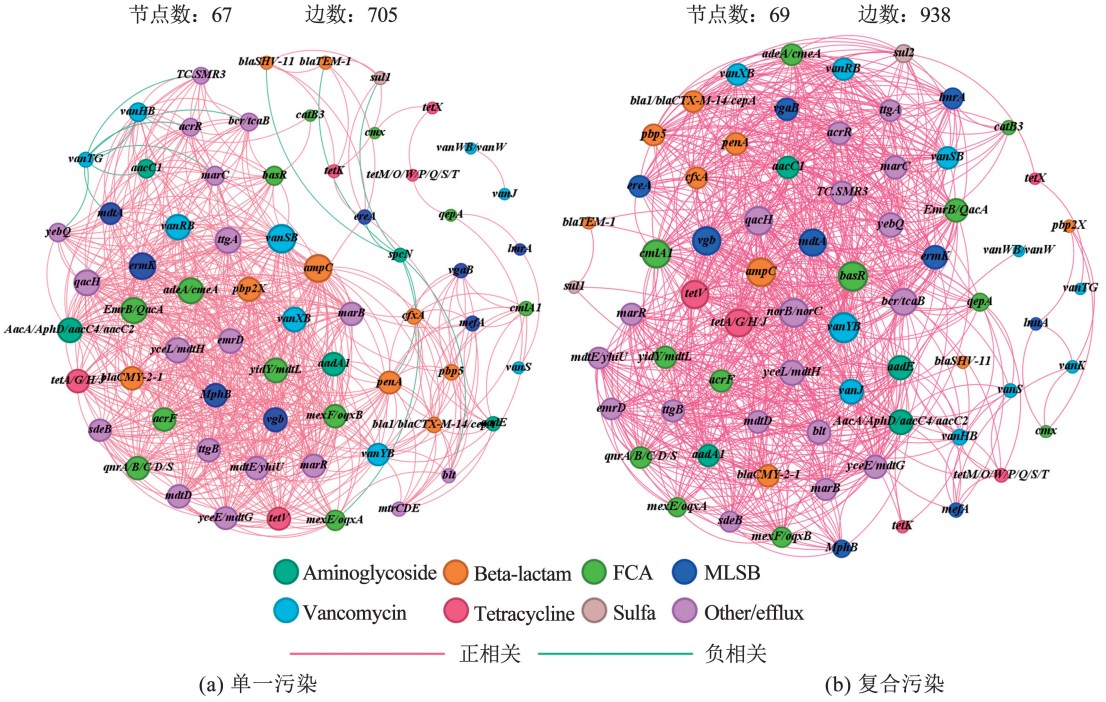


图 6 不同污染模式下 8 类 ARGs 亚型之间的交互关系

Fig. 6 Interactive relationships among subtypes of eight ARG types under different pollution patterns

3 结 论

1)低质量浓度 3-BCZ 胁迫促进多样性提升,而高质量浓度 3-BCZ 与 Fe_3O_4 NPs 复合胁迫抑制群落多样性,在不同程度上增加了活性污泥系统中细菌群落的丰富度,且高质量浓度 3-BCZ 与 Fe_3O_4 NPs 复合胁迫改变了细菌群落结构。不同污染胁迫条件下,丰富 – 稀有菌群响应存在显著差异。低质量浓度 3-BCZ 胁迫显著富集了 *Dokdonella* 和 *Candidatus_Competibacter* 等高相对丰度菌属,而复合胁迫下 *Pedomicrobium*、*Paracoccus* 和 *Glutamicibacter* 等稀有菌属显示出较强的环境适应性。

2)不同污染胁迫条件显著重塑细菌共现网络结构,MT 在单一污染条件下发挥核心作用,而复合污染胁迫显著增强了 RT 的网络中心性和关联强度,凸显其在复杂污染环境中的关键生态功能。

3)3-BCZ 胁迫促进了关键脱氮功能菌 *Nitrospira* 和 *Acidovorax* 的富集,增强了系统的脱氮潜力,Fe_3O_4 NPs单独胁迫则对反硝化菌产生抑制效应。同时,复合污染显著提升了氮代谢相关功能基因(如 *nirK*、*nirS* 和 *nosZ*)的基因数量。

4)复合污染显著促进了 Beta-lactam 与 FCA 类等多类抗性基因的富集,强化了 ARGs 之间的共现关系和网络复杂度,其中,Other/efflux 类成为核心

抗性基因类群。

综上，本研究阐明了微生物群落及 ARGs 对 3-BCZ和 Fe_3O_4 NPs 复合污染质量浓度依赖性的响应机制，可为优化新污染物复合污染下的污水处理系统菌群调控策略、构建抗冲击性强且运行稳定的污废水处理工艺提供理论依据与技术参考。

参考文献

[1] Jia Yuxi, Cheng Jin, Sun Hongfei, et al. Sediment-water distribution and potential sources of polyhalogenated carbazoles in a coastal river locating at a north metropolis, China [J]. Marine Pollution Bulletin, 2023, 189: 114790. DOI: 10.1016/j.marpolbul.2023.114790

[2] Yue Siqing, Zhang Ting, Shen Qiqi, et al. Assessment of endocrine-disrupting effects of emerging polyhalogenated carbazoles (PHCZs): in vitro, in silico, and in vivo evidence [J]. Environment International, 2020, 140: 105729. DOI: 10.1016/j.envint.2020.105729

[3] Kuehl D W, Durhan E, Butterworth B C, et al. Tetrachloro-9H-Carbazole, a previously unrecognized contaminant in sediments of the Buffalo River[J]. Journal of Great Lakes Research, 1984, 10(2): 210. DOI: 10.1016/s0380-1330(84)71827-2

[4] Li Zengmei, Fan Xiaoyu, Mu Yingdi, et al. Distribution characteristics and risk assessment of polyhalogenated carbazoles in sea water of the Yellow Sea[J]. Marine Pollution Bulletin, 2020, 161: 111656. DOI: 10.1016/j.marpolbul.2020.111656

[5] Jin Hangbiao, Zhao Nan, Hu Hongmei, et al. Occurrence and partitioning of polyhalogenated carbazoles in seawater and sediment from East China Sea[J]. Water Research, 2021, 190: 116717. DOI: 10.1016/j.watres.2020.116717

[6] Wu Yan, Qiu Yanling, Tan Hongli, et al. Polyhalogenated carbazoles in sediments from Lake Tai (China): distribution, congener composition, and toxic equivalent evaluation [J]. Environmental Pollution, 2017, 220: 142. DOI: 10.1016/j.envpol.2016.09.032

[7] Kou Lixin, Zhang Xiaoyu, Zuo Zicen, et al. Polyhalogenated carbazoles contamination in East China Sea sediments: spatial distribution, source apportionment, and ecological risk assessment [J]. Environmental Research, 2025, 273: 121219. DOI: 10.1016/j.envres.2025.121219

[8] Zhang Yu, Zheng Minggang, Zheng Li, et al. Polyhalogenated carbazoles in sediments from the intertidal zone of the New River Estuary, China: distribution, inventory, and ecological risks[J]. Marine Pollution Bulletin, 2019, 149: 110632. DOI: 10.1016/j.marpolbul.2019.110632

[9] Zhang Jingwen, Zhang Cheng, Du Zhongkun, et al. Emerging contaminant 1,3,6,8-tetrabromocarbazole induces oxidative damage and apoptosis during the embryonic development of zebrafish (*Danio rerio*)[J]. Science of the Total Environment, 2020, 743: 140753. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2020.140753

[10] Erkan S H, Bakaraki T N, Onkal E G, et al. A review of advantages and challenges of using engineered nanoparticles for waste and wastewater treatments [J]. International Journal of Environmental Science and Technology, 2021, 18(10): 3295. DOI: 10.1007/s13762-020-03054-8

[11] Zeng Qianzhi, Xu Jin, Hou Yuan, et al. Effect of Fe_3O_4 nanoparticles exposure on the treatment efficiency of phenol wastewater and community shifts in SBR system[J]. Journal of Hazardous Materials, 2021, 407: 124828. DOI: 10.1016/j.jhazmat.2020.124828

[12] Gao Fan, Zhang Hanmin, Yang Fenglin, et al. The effects of zero-valent iron (ZVI) and ferroferric oxide (Fe_3O_4) on anammox activity and granulation in anaerobic continuously stirred tank reactors (CSTR)[J]. Process Biochemistry, 2014, 49(11): 1970. DOI: 10.1016/j.procbio.2014.07.019

[13] Ju Feng, Beck K, Yin Xiaole, et al. Wastewater treatment plant resistomes are shaped by bacterial composition, genetic exchange, and upregulated expression in the effluent microbiomes[J]. The ISME Journal, 2019, 13(2): 346. DOI: 10.1038/s41396-018-0277-8

[14] Logares R, Audic S, Bass D, et al. Patterns of rare and abundant marine microbial eukaryotes[J]. Current Biology, 2014, 24(8): 813. DOI: 10.1016/j.cub.2014.02.050

[15] Jousset A, Bienhold C, Chatzinotas A, et al. Where less may be more: how the rare biosphere pulls ecosystems strings[J]. The ISME Journal, 2017, 11(4): 853. DOI: 10.1038/ismej.2016.174

[16] Dai Tianjiao, Zhang Yan, Tang Yushi, et al. Identifying the key taxonomic categories that characterize microbial community diversity using full-scale classification: a case study of microbial communities in the sediments of Hangzhou Bay [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2016, 92(10): 150. DOI: 10.1093/femsec/fiw150

[17] Tian Li, Li Qihao, Cai Xunchao, et al. Dynamic distribution and potential transmission of antibiotic resistance genes in activated sludge [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2022, 106(19): 6785. DOI: 10.1007/s00253-022-12162-z

[18] Zhu Shuyao, Yang Bingqing, Wang Zhiqiang, et al. Augmented dissemination of antibiotic resistance elicited by non-antibiotic factors[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2023, 262: 115124. DOI: 10.1016/j.ecoenv.2023.115124

[19] 韩雪，马晓琳，晁韶良，等. 纳米材料对环境抗生素抗性基因污染扩散影响的研究进展[J]. 生态毒理学报, 2019, 14(5): 46
Han Xue, Ma Xiaolin, Chao Shaoliang, et al. Influence of nanomaterials on the spread of environmental antibiotic resistance genes: a review [J]. Asian Journal of Ecotoxicology, 2019, 14(5): 46. DOI: 10.7524/AJE.1673-5897.20181214002

[20] Wu Yan, Tan Hongli, Zhou Chuanlong, et al. Bioaccumulation and spatiotemporal trends of polyhalogenated carbazoles in great lakes fish from 2004 to 2016 [J]. Environmental Science & Technology, 2018, 52(8): 4536. DOI: 10.1021/acs.est.8b00427

[21] 林坤德，陈艳秋，袁东星. 新型污染物卤代咔唑的环境行为及生态毒理效应[J]. 环境科学, 2016, 37(4): 1576
Lin Kunde, Chen Yanqiu, Yuan Dongxing, et al. Environmental behaviors and ecotoxicology of the emerging contaminants polyhalogenated carbazoles [J]. Environmental Science, 2016, 37(4): 1576. DOI: 10.13227/j.hjkx.2016.04.050

[22] 樊晓燕，张晓晗，刘元坤，等. 三氯咔唑与纳米材料复合污染胁迫对活性污泥微生物的影响[J]. 科技导报, 2025(3): 105
Fan Xiaoyan, Zhang Xiaohan, Liu Yuankun, et al. Impact of 3-chlorocarbazole and Fe_3O_4 nanoparticles combined pollution on microbial community in activated sludge[J]. Science & Technology Review, 2025(3): 105. DOI: 0.3981/j.issn.1000-7857.2024.03.01160

[23] Song Tao, Zhang Xiaolei, Li Ji, et al. A review of research progress of heterotrophic nitrification and aerobic denitrification microorganisms (HNADMs) [J]. Science of the Total Environment, 2021, 801: 149319. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2021.149319

[24] Fan Xiaoyan, Gao Jingfeng, Pan Kailing, et al. Functional genera, potential pathogens and predicted antibiotic resistance genes in 16 full-scale wastewater treatment plants treating different types of wastewater[J]. Bioresource Technology, 2018, 268: 97. DOI: 10.1016/j.biortech.2018.07.118

[25] Gao Yuxi, Li Xing, Zhao Junru, et al. Response of microbial communities based on full-scale classification and antibiotic resistance genes to azithromycin and copper combined pollution in activated sludge nitrification laboratory mesocosms at low temperature[J]. Bioresource Technology, 2021, 341: 125859. DOI: 10.1016/j.biortech.2021.125859

[26] Shi Baihui, Hou Kaixuan, Cheng Chao, et al. Effects of the polyhalogenated carbazoles 3-bromocarbazole and 1, 3, 6, 8-tetrabromocarbazole on soil microbial communities [J]. Environmental Research, 2023, 239(2): 117379. DOI: 10.1016/j.envres.2023.117379

[27] Asadishad B, Chahal S, Akbari A, et al. Amendment of agricultural soil with metal nanoparticles: effects on soil enzyme activity and microbial community composition[J]. Environmental Science & Technology, 2018, 52(4): 1908. DOI: 10.1021/acs.est.7b05389

[28] Newsome L, Morris K, Cleary A, et al. The impact of iron nanoparticles on technetium-contaminated groundwater and sediment microbial communities[J]. Journal of Hazardous Materials, 2019, 364: 134. DOI: 10.1016/j.jhazmat.2018.10.008

[29] Xiong Jiuqiang, Ru Shaoguo, Zhang Qing, et al. Insights into the effect of cerium oxide nanoparticle on microalgal degradation of sulfonamides[J]. Bioresource Technology, 2020, 309: 123452. DOI: 10.1016/j.biortech.2020.123452

[30] Zhao Junru, Fan Xiaoyan, Li Xing, et al. Impact of ciprofloxacin and copper combined pollution on activated sludge: abundant-rare taxa and antibiotic resistance genes[J]. Bioresource Technology, 2022, 349: 126882. DOI: 10.1016/j.biortech.2022.126882

[31] Zhu Yuanmo, Xue Yi, Jin Kai, et al. A novel micromagnetic carrier-modified integrated fixed-film activated sludge system for simultaneous efficient removal of tetracycline and mitigation of antibiotic resistance genes proliferation and dissemination [J]. Water Research, 2025, 274: 123166. DOI: 10.1016/j.watres.2025.123166

[32] Shokrollahzadeh S, Azizmohseni F, Golmohammad F, et al. Biodegradation potential and bacterial diversity of a petrochemical wastewater treatment plant in Iran[J]. Bioresource Technology, 2008, 99(14): 6127. DOI: 10.1016/j.biortech.2007.12.034

[33] Zhang Lihong, Li Wenxuan, Li Jie, et al. A novel iron-mediated nitrogen removal technology of ammonium oxidation coupled to nitrate/nitrite reduction: recent advances[J]. Journal of Environmental Management, 2022, 319: 115779. DOI: 10.1016/j.jenvman.2022.115779

[34] Xie C H, Yokota A. Reclassification of *Flavobacterium_ferrugineum* as *Terrimonas_ferruginea* gen. nov., comb. nov., and description of *Terrimonas lutea* sp. nov., isolated from soil[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2006, 56(5): 1117. DOI: 10.1099/00207713-56-8-2023-a

[35] Gao Huan, Ye Jinyu, Zhao Runyu, et al. Pluripotency of endogenous AHL-mediated quorum sensing in adaptation and recovery of biological nitrogen removal system under ZnO nanoparticle long-term exposure [J]. Science of the Total Environment, 2022, 842: 156911. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2022.156911

[36] Close K, Marques R, Carvalho V, et al. The storage compounds associated with *Tetrasphaera* PAO metabolism and the relationship between diversity and P removal[J]. Water Research, 2021, 204: 117621. DOI: 10.1016/j.watres.2021.117621

[37] Ren Wanying, Zhang Yanru, Liu Xiaoping, et al. Peracetic acid pretreatment improves biogas production from anaerobic digestion of sewage sludge by promoting organic matter release, conversion and affecting microbial community [J]. Journal of Environmental Management, 2024, 349: 119427. DOI: 10.1016/j.jenvman.2023.119427

[38] Wang Zan, Hu Haiyang, Zhang Zhan, et al. A multiple PAHs-degrading *Shinella* sp. strain and its potential bioremediation in wastewater[J]. Science of the Total Environment, 2023, 879: 162974.b DOI: 10.1016/j.scitotenv.2023.162974

[39] Li Yuqi, Zhao Baihang, Zhang Yuqing, et al. Insight into response mechanism of aerobic granular sludge to combined nanoparticle stress: nitrogen removal, microbial community and heavy metal resistance genes[J]. Chemical Engineering Journal, 2024, 496: 154327. DOI: 10.1016/j.cej.2024.154327

[40] Wu Junkang, Zhan Manjun, Chang Yan, et al. Adaption and recovery of *Nitrosomonas europaea* to chronic TiO_2 nanoparticle exposure[J]. Water Research, 2018, 147: 429. DOI: 10.1016/j.watres.2018.09.043

[41] Jin Baodan, Liu Ye, Zhao Jianguo, et al. Effects of polycyclic aromatic hydrocarbons on sludge performance for denitrification and phosphorus removal [J]. Chemical Engineering Journal, 2020, 397: 125552. DOI: 10.1016/j.cej.2020.125552

[42] Chen Jianxun, Yu Zhuodong, Cheng Peijin, et al. Microbial synergy achieving simultaneous nitrification-denitrification (SND) in salt-tolerant aerobic granular sludge [J]. Journal of Water Process Engineering, 2024, 60: 105138. DOI: 10.1016/j.jwpe.2024.105138

[43] Xu Jiaojiao, Huang Jielan, Chen Longhai, et al. Degradation characteristics of intracellular and extracellular ARGs during aerobic composting of swine manure under enrofloxacin stress[J]. Chemical Engineering Journal, 2023, 471: 144637. DOI: 10.1016/j.cej.2023.144637

[44] Xu Yi, You Guoxiang, Zhang Mairan, et al. Antibiotic resistance genes alternation in soils modified with neutral and alkaline salts: interplay of salinity stress and response strategies of microbes[J]. Science of the Total Environment, 2022, 809: 152246. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2021.152246

[45] 颉亚玮, 於驰晟, 李菲菲, 等. 某市污水厂抗生素和抗生素抗性基因的分布特征[J]. 环境科学, 2021, 42(1): 315
Xie Yawei, Yu Chisheng, Li Feifei, et al. Distribution characteristics of antibiotics and antibiotic resistance genes in wastewater treatment plants[J]. Environmental Science, 2021, 42(1):315. DOI: 10.13227/j.hjkx.202005304

(编辑 刘 彤)