

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第35卷 第11期

Vol.35 No.11

2014

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

南京北郊夏季近地层臭氧及其前体物体积分数变化特征	邵平, 安俊琳, 杨辉, 林旭, 吉东生 (4031)
亚青会期间南京污染气体与气溶胶中水溶性离子的分布特征	邹嘉南, 安俊琳, 王红磊, 邵平, 段卿, 薛国强, 庞博 (4044)
亚青会期间南京地区气溶胶浓度变化及其与能见度的关系	袁亮, 银燕, 李琦, 肖辉, 李力 (4052)
2013年10月长株潭城市群一次持续性空气污染过程特征分析	廖志恒, 范绍佳, 黄娟, 孙家仁 (4061)
在线单颗粒气溶胶质谱 SPAMS 对细颗粒物中主要组分提取方法的研究	付怀于, 闫才青, 郑玫, 蔡靖, 李小滢, 张延君, 周振, 傅忠, 李梅, 李磊, 张远航 (4070)
PM ₁₀ 可替代源成分谱的建立方法及其应用	陈强, 景毅, 吴焕波, 王芳 (4078)
夏季东海和南黄海一氧化氮的浓度分布、海-气通量和微生物消耗研究	王敬, 陆小兰, 杨桂朋, 徐冠球 (4085)
三峡库区典型农田小流域水体汞的时空分布特征	王娅, 赵铮, 木志坚, 王定勇 (4095)
浑太水系水体中不同粒径有机胶体荧光光谱特性	刘娜娜, 李斌, 刘瑞霞, 宋永会, 吴畏 (4103)
深圳湾流域 TN 和 TP 入海年通量变化规律研究	赵晨辰, 张世彦, 毛献忠 (4111)
滇池沉积物有机磷垂直分布特征及其生物有效性	熊强, 焦立新, 王圣瑞, 彭希琰 (4118)
金山湖闸坝型水体表层沉积物重金属分布特征及生态风险评价	周晓红, 刘龙梅, 陈曦, 陈志刚, 张金萍, 李义敏, 刘彪 (4127)
西藏普莫雍错湖芯沉积物中重金属的垂向分布特征及生态风险评估	谢婷, 罗东霞, 杨瑞强 (4135)
西安市雨水径流中重金属季节性污染特征及分析	袁宏林, 李星宇, 王晓昌 (4143)
城市不同下垫面降雨径流多环芳烃 (PAHs) 分布及源解析	武子澜, 杨毅, 刘敏, 陆敏, 于英鹏, 汪青, 郑鑫 (4148)
粗放型绿色屋面填料的介质组成对出水水质的影响	陈昱霖, 李田, 顾俊青 (4157)
饮用水处理中不同来源生物活性炭微生物群落多样性和结构研究	杜尔登, 郑璐, 冯欣欣, 高乃云 (4163)
压力强化混凝除藻工艺中藻毒素安全性研究	蒋新跃, 栾清, 丛海兵, 徐思涛, 刘玉娇, 朱学源 (4171)
基于膜特征参数变化的蛋白质超滤过程膜污染研究	王旭东, 张银辉, 王磊, 张慧慧, 夏四清 (4176)
臭氧氧化水溶液中对乙酰氨基酚的机制研究	曹飞, 袁守军, 张梦涛, 王伟, 胡真虎 (4185)
电辅助微生物反应器降解苯并噻唑效能的研究	刘春苗, 丁杰, 刘先树, 程旺斌 (4192)
铁铜复合氧化物纳米吸附剂的制备、表征及 As(Ⅲ) 吸附性能研究	张伟, 陈静, 张高生 (4198)
重金属铬胁迫下水蚯蚓的生理响应研究	楼菊青, 杨东叶, 曹永青, 孙培德, 郑平 (4205)
光质对蛋白核小球藻 (<i>Chlorella pyrenoidosa</i>) 生长特征及生化组成的影响研究	唐青青, 方治国, 嵇雯雯, 夏会龙 (4212)
常温低基质下碱度和溶解氧对厌氧氨氧化的影响	任玉辉, 王科, 李相昆, 马凯丽, 张杰 (4218)
Fe ²⁺ 和 Fe ³⁺ 对厌氧氨氧化污泥活性的影响	李祥, 黄勇, 巫川, 王孟可, 袁怡 (4224)
CSTR 中亚硝化颗粒污泥的变化过程研究	阴方芳, 刘文如, 王建芳, 吴鹏, 沈耀良 (4230)
盐度对好氧颗粒污泥硝化过程中 N ₂ O 产生量的影响	王珊珊, 梁红, 高大文 (4237)
硫酸盐还原反应器污泥驯化过程中微生物群落变化分析	曾国驱, 贾晓珊, 郑小红, 杨丽平, 孙国萍 (4244)
利用铅同位素方法量化不同端元源对南京土壤和长江下游悬浮物铅富集的影响	王成, 夏学齐, 张义, 廖启林, 杨忠芳, 季峻峰 (4251)
北京东南郊土壤剖面氟喹诺酮类抗生素分布特征	苏思慧, 何江涛, 杨蕾, 乔肖翠, 崔亚丰 (4257)
环境因素对土壤中几种典型四环素抗性基因形成的影响	张俊, 罗方园, 熊浩微, 焦少俊, 叶波平 (4267)
稻田土壤不同水分条件下硝化/反硝化作用及其功能微生物的变化特征	刘若萱, 贺纪正, 张丽梅 (4275)
典型岩溶土壤微生物丰度与多样性及其对碳循环的指示意义	靳振江, 汤华峰, 李敏, 黄炳富, 李强, 张家喻, 黎桂文 (4284)
变温环境对典型石灰土有机碳矿化的影响	王莲阁, 高岩红, 丁长欢, 慈恩, 谢德体 (4291)
铁氧化物与电子供体基质交互作用对红壤性水稻土中 DDT 还原脱氯影响	刘翠英, 徐向华, 王壮, 姚童言 (4298)
植物套种及化学强化对重金属污染土壤的持续修复效果研究	卫泽斌, 郭晓方, 吴启堂, 龙新宪 (4305)
不同取样尺度下亚高山草甸土壤呼吸的空间变异特征	李洪建, 高玉凤, 严俊霞, 李君剑 (4313)
不同开垦年限黑土温室气体排放规律研究	李平, 郎漫, 徐向华, 李煜珊, 朱淑娟 (4321)
转 Cry1Ac 基因抗虫棉与其亲本棉花根际真菌多样性的比较	潘建刚, 焦海华, 白志辉, 齐鸿雁, 马安周, 庄国强, 张洪勋 (4329)
天津污灌区内气态汞的污染特征及在叶菜类蔬菜中的富集	郑顺安, 韩允垒, 郑向群 (4338)
1-硝基芘和 1,2-萘醌的联合细胞毒性和致 DNA 损伤	尚羽, 蒋玉婷, 张玲, 李怡 (4345)
鸡粪堆肥有机物演化对重金属生物有效性影响研究	卜贵军, 于静, 邱慧慧, 罗世家, 周大寨, 肖强 (4352)
污泥预植重金属 Cu 炭化及炭中重金属的稳定性研究	窦晓敏, 陈德珍, 戴晓虎 (4359)
上层曝气式生物反应器填埋工艺特性的研究	田颖, 王坤, 徐期勇 (4365)
硝酸盐连续回灌对生物反应器填埋场 N ₂ O 产生的影响	卞荣星, 孙英杰, 李晶晶, 张欢欢 (4371)
中国碳强度下降和碳排放增长的行业贡献分解研究	蒋晶晶, 叶斌, 计军平, 马晓明 (4378)
泛长三角地区工业污染重心演变路径及其驱动机制研究	赵海霞, 蒋晓威, 崔建鑫 (4387)
基于污染防治技术模拟的造纸行业环境管理方法研究	张雪莹, 温宗国 (4395)
大气棕色碳的研究进展与方向	闫才青, 郑玫, 张远航 (4404)
《环境科学》征稿简则 (4094)	
《环境科学》征订启事 (4126)	
信息 (4243, 4266, 4274, 4328)	

饮用水处理中不同来源生物活性炭微生物群落多样性和结构研究

杜尔登^{1,3}, 郑璐^{2,3}, 冯欣欣¹, 高乃云^{3*}

(1. 常州大学环境与安全工程学院, 常州 213164; 2. 常州市排水管理处, 常州 213162; 3. 同济大学污染控制与资源化研究国家重点实验室, 上海 200092)

摘要: 通过限制性片段长度多态性技术考察了饮用水深度处理中 5 种不同来源生物活性炭的微生物群落多样性和结构. 单宁酸与腐殖酸吸附值相对较高的 A 炭、B 炭和 C 炭的多样性指数较为接近, 其微生物多样性更为丰富, 而单宁酸与腐殖酸吸附值相对较低的 D 炭、E 炭多样性指数较低. 生物活性炭样品的系统发育树中包含 β -Proteobacteria、 α -Proteobacteria、Planctomycetes、 γ -Proteobacteria、Bacteroidetes 等 5 类种群. 其中 β -Proteobacteria 和 α -Proteobacteria 是微生物群落的优势种群, 对水中有机物的去除起到重要的作用. Planctomycetes、 γ -Proteobacteria 和 Bacteroidetes 是微生物群落的非优势种群. Bacteroidetes 出现在 A 炭、B 炭、C 炭和 D 炭中, 而没有出现在 E 炭中. 研究结果进一步加深了对生物活性炭中微生物群落的认识, 为确保饮用水水质安全提供理论基础.

关键词: 饮用水; 生物活性炭; 微生物多样性; 16S rRNA; RFLP

中图分类号: TU991 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2014)11-4163-08 DOI: 10.13227/j.hj.kx.2014.11.017

Investigation of the Microbial Diversity and Structure of Biological Activated Carbon from Different Sources in Drinking Water Treatment Process

DU Er-deng^{1,3}, ZHENG Lu^{2,3}, FENG Xin-xin¹, GAO Nai-yun³

(1. School of Environmental and Safety Engineering, Changzhou University, Changzhou 213164, China; 2. Changzhou Drainage Administration, Changzhou 213162, China; 3. State Key Laboratory of Pollution Control and Resource Reuse, Tongji University, Shanghai 200092, China)

Abstract: Restriction fragment length polymorphism (RFLP) technology was used to investigate the microbial diversity and structure of biological activated carbon (BAC) from different sources in drinking water advanced treatment process. Diversity indices of samples A, B and C, with relatively high tannic acid and humic acid adsorption capacity, were close to each other, which meant higher microbial diversity. However, samples D and E had relatively lower diversity indices with the low tannic acid and humic acid adsorption capacity. There were five species including β -Proteobacteria, α -Proteobacteria, Planctomycetes, γ -Proteobacteria, Bacteroidetes in the phylogenetic tree of BAC samples. Among them, β -Proteobacteria and α -Proteobacteria were the dominant microbial species in these BAC samples, which played an important role in organic matter removal. Planctomycetes, γ -Proteobacteria, and Bacteroidetes were the non-dominant microbial species. Bacteroidetes only existed in samples A, B, C and D, while did not occur in sample E. The BAC samples with the higher tannic acid and humic acid adsorption capacity had higher microbial diversity. This research should deepen the understanding of microbial community in BAC, and provide a theoretical basis for the safety of drinking water.

Key words: drinking water; biological activated carbon (BAC); microbial diversity; 16S rRNA; restriction fragment length polymorphism (RFLP)

生物活性炭(biological activated carbon, BAC)工艺是目前我国广泛采用的一种饮用水深度处理技术^[1]. 作为吸附介质和微生物载体的颗粒活性炭(granular activated carbon, GAC)对水中污染物的去除起着重要作用^[2]. 活性炭孔隙结构丰富, 特征复杂多样, 大孔、中孔孔隙结构丰富的活性炭能够为微生物提供良好的附着生长环境和栖息场所, 吸附水中大分子有机物; 而微孔孔隙发达的活性炭更容易吸附小分子有机物. 活性炭粒径大, 粒度不均匀, 在过滤和反冲洗过程中表面微生物容易受水流剪切

力作用被洗脱而流失, 导致生物活性炭处理效率下降^[3].

分子生物技术的应用提高了人们对于自然和人工环境的微生物多样性和功能的理解, 以16S rRNA

收稿日期: 2014-04-13; 修订日期: 2014-06-01

基金项目: 国家自然科学基金项目(51308078); 江苏省自然科学基金项目(BK20130252); 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2012ZX07403-001); 中国博士后科学基金项目(2013M531214)

作者简介: 杜尔登(1978~), 男, 博士, 讲师, 主要研究方向为饮用水安全保障技术, E-mail: duerdeng@cczu.edu.cn

* 通讯联系人, E-mail: gaonaiyun@sina.com

基因序列和限制性片段长度多态性技术 (restriction fragment length polymorphism, RFLP) 为手段可以用来考察饮用水处理中的微生物群落分布和组成^[4-6]. 目前已经从饮用水生物活性炭表面生物膜中鉴定出部分菌群, 包括伯克霍尔德氏菌 (*Burkholderiales*), 慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*) 和鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 等, 深化了对生物活性炭中微生物群落的认识^[7-9].

微生物的数量和种群结构分布对生物活性炭效能的发挥起到关键性作用. 研究表明接触时间、滤料使用时间等生物活性炭工艺参数会明显改变活性炭表面微生物膜的种群结构和微生物数量, 进而影响滤池出水水质^[10]. 慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*) 和鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 能够有效降解多环芳烃、异丙隆、土臭素、林丹等有机物, 是微生物膜中的优势菌群, 直接影响水中溶解性有机碳 (DOC)、生物可同化有机碳 (AOC) 的去除^[11]. 活性炭的物理特性不仅会影响其表面所负载的微生物的数量, 还可能影响微生物的种群结构分布. 本研究以某自来水厂生物活性炭上的微生物为调查对象, 以基于 16S rRNA 基因序列的分子生物技术为手段, 考察不同来源活性炭对生物活性炭微生物群落结构的影响, 进一步加深对生物活性炭微生物的认识, 以期优化生物活性炭技术参数, 确保饮用水水质安全提供理论基础.

1 材料与方法

1.1 生物活性炭采集

生物活性炭样品来自上海杨树浦水厂. 杨树浦水厂处理能力为 $148 \text{ 万 m}^3 \cdot \text{d}^{-1}$, 占上海总供水总量的近四分之一. 水厂水处理工艺包括预臭氧化接触池、高密度澄清池、V 型滤池、后臭氧化接触池、生物活性炭滤池和氯化消毒. 生物活性炭滤池共 5 组, 投入使用均两年以上, 每组采用不同产地的活性炭, 分别来自山西新华、宁夏华辉、宁夏石嘴山、大同云光 and 天津天昌, 均为煤质炭, 分别记为 A 炭、B 炭、C 炭、D 炭、E 炭. 从每组滤池中采集生物活性炭样品, 保存在无菌塑料管, 并置于 $0 \sim 4^\circ\text{C}$ 冰盒中, 1 h 内运到实验室立即分析.

1.2 群落基因组 DNA 提取、纯化

微生物总 DNA 的提取、纯化基于实验室的已有流程^[12, 13], 方法和过程如下: 将 5 g 生物活性炭与 3 g 经灭菌处理的干热沙子混合, 用液态氮研磨 3 次, 加入 13.5 mL 抽提缓冲液 (包含 $0.1 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$

Tris-HCl、 $0.1 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ 磷酸钠、 $1.5 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ NaCl、 $0.1 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ EDTA、1% CTAB) 和 50 μL 蛋白酶 K ($10 \text{ mg} \cdot \text{mL}^{-1}$), 37°C 恒温培养 30 min, 加入 20% SDS 1.5 mL, 水浴锅中 65°C 处理 2 h, 然后高速离心, 取上清液并加入等体积异丙醇, 从而析出 DNA. 然后将粗提的 DNA 在 100V 电压下 1% 琼脂糖电泳 1.5 h, 最后用 DNA 纯化试剂盒 (Promega Biotech Co., Ltd., USA) 凝胶回收进行纯化.

1.3 16S rRNA 基因扩增和克隆

基因扩增和克隆过程同样基于实验室已有流程^[13], 使用纯化过的基因组 DNA 作为模板来进行 16S rRNA 基因扩增. 反应体系中包含 $2 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ DdNTPs、 $2.5 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ MgCl_2 、 $1 \times \text{PCR}$ 缓冲液 ($10 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ Tris-HCl [pH 8.3]、 $50 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ KCl、 $2 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ MgCl_2 以及 $10 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ gelatin), $100 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ DNA, $5 \text{ pmol} \cdot \text{L}^{-1}$ 正向引物, $5 \text{ pmol} \cdot \text{L}^{-1}$ 反向引物, 1.25 U Taq 酶. 正向引物为通用引物 63F (5'-CAGGCCTAACACATGCAAGTC-3'), 反向引物为通用引物 1387R (5'-GGGCGGWTGTA CAAGGC-3'). 扩增先放在 4°C 预冷, 然后立即放入 PCR 仪中, 迅速升温到 94°C , 预变性 5 min; 扩增程序是预变性 45 s, 55°C 退火 45 s, 72°C 延伸 1 min, 30 个循环, 最后在 72°C 延伸 7 min. PCR 产物采用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测, 采用 DNA 纯化试剂盒 (Promega Biotech Co., Ltd., USA) 纯化目的片段.

纯化的 PCR 产物克隆进 TOPO TA 克隆试剂盒带的载体中, 然后转入 *Escherichia coli* TOP10F 感受态细胞 (Invitrogen, USA). 每个样点随机挑选 100 ~ 130 个白色克隆子进行 PCR 扩增筛选, 同时进行电泳检测, 阳性 PCR 产物加入限制性内切酶 *HinP* I 和 *Msp* I 各 2 U, 置于 37°C 水浴锅中酶切过夜. 酶切产物经 3% 琼脂糖凝胶电泳检测, 电泳后进行 RFLP 结果分析^[13].

1.4 序列测定及系统发育分析

通过分析 RFLP 图谱, 挑选具有代表性的 16S rRNA 基因序列进行测序分析. 序列采用 NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>) 的 BLASTN 工具进行分类鉴定, 并利用 Clustal W (版本 1.8) 和 Mega (版本 3.0) 中的邻接法对所有可用的核酸序列进行初步系统发育分析^[14]. 基于初步的系统发育分析结果, 挑选出可用的 16S rRNA 序列子集, 使用 Clustal W 程序构建系统发育树. 获得的序列提交至 GenBank 并得到序列号, 分别为: HQ157206 ~ HQ157220、HQ157222 ~ HQ157227、

HQ157229 ~ HQ157231.

1.5 数据统计与分析

为了分析各个样点之间的多样性,定义具有高度相似带型的 RFLP 图谱为一个可操作单元 (OTU),并标记为 BAC1、BAC2、BAC3 等^[13, 14].

OTU 的 Margalef 物种丰富度指数的计算公式为:

$$D_{mg} = \frac{S - 1}{\ln N} \tag{1}$$

式中,S 为群落中物种总数,也即物种丰富度 S 为 16S rRNA 的 RFLP 总类型数. N 代表 16S rRNA 文库总克隆数.

文库的库容 (coverage, C) 计算公式为:

$$C = 1 - \frac{nl}{N}$$

式中,nl 代表在文库中仅出现一次的 OTU 的数量.

Simpson 指数的计算公式为:

$$D = 1 - \sum_{i=1}^s (p_i)^2 \qquad p_i = \frac{n_i}{N}$$

式中, p_i 是每一个 OTU 在样点中所占的比率,即在每个样点中每一个独特 OTU 的分布频率及其占总克隆数目的比率.

计算 OTU 的 Shannon-Weaver 多样性指数 (H):

$$H = - \sum_{i=1}^s (p_i) (\ln p_i)$$

此外采用饱和度曲线去评价所挑选的克隆子数目所代表的整个微生物群落水平. 公式如下:

$$y = a \times [1 - e^{(-bx)}]$$

利用 SYSTAT 统计计算包 (SPSS 17.0) 对所有样点进行了主成分分析 (PCA),用来聚类或分离生物、化学性质相同和不同的样点.

2 结果与讨论

2.1 颗粒活性炭的物理特征

生物活性炭滤池中的活性炭来自 5 个不同产地,对挂膜前的新炭检测其物理特征,结果见表 1. 然后对活性炭物理特征参数进行主成分 (principal component analysis, PCA) 分析,结果见图 1.

表 1 5 种活性炭新炭的性质参数

Table 1 Characteristics of five fresh activated carbon

参数	种类				
	A 炭	B 炭	C 炭	D 炭	E 炭
水分/%	3.13	3.43	3.93	3	1.84
灰分/%	9.38	9.18	9.26	9.39	8.61
碘值/mg·g ⁻¹	1 028	1 059	1 019	1 003	917
亚甲基蓝值/mg·g ⁻¹	252	214	223	196	187
强度/%	93	95	94	95	96
有效粒径/mm	0.66	0.72	0.69	0.7	0.67
均一系数	1.70	1.80	1.60	1.90	1.60
堆积密度/g·cm ⁻³	0.38	0.42	0.39	0.45	0.47
单宁酸吸附值/mg·g ⁻¹	4.30	4.11	3.57	2.35	2.33
腐殖酸吸附值/mg·g ⁻¹	0.32	0.29	0.29	0.23	0.28

从表 1 可以看出,5 种活性炭的吸附指标,包括碘值、亚甲基蓝值、单宁酸值、腐殖酸值等均有一定差别. 活性炭的吸附性能通常用碘值、亚甲基蓝值和四氯化碳值来表征^[15],碘 (相对分子质量 254) 和亚甲基蓝 (相对分子质量 320) 的分子尺寸较小,用来表征活性炭微孔隙的发达程度和对小分子物质的吸附能力. 上海杨树浦水厂所使用的水源水为黄浦江水,水中含有较多的大分子溶解性有机物,其分子直径较大,无法迁移并吸附到活性炭微孔吸附位中. 碘值和亚甲基蓝吸附值无法表征活性炭对水源水中有机物的吸附能力^[3, 16]. 而单宁酸、腐殖酸的相对分子质量较大,与黄浦江水中占多数的溶解性有机物接近,更适合用来表征对水源水中有机物的吸附

能力^[16]. 通过颗粒活性炭物理参数的主成分分析 (图 1) 也可以看出单宁酸、腐殖酸因其较相似而聚在一起. A 炭、B 炭、C 炭单宁酸吸附值分别为 4.30、4.11、3.57 mg·g⁻¹,D 炭、E 炭单宁酸吸附值为 2.35 mg·g⁻¹、2.33 mg·g⁻¹,后两种活性炭的吸附能力低于前 3 种活性炭. 其中,A 炭的各种吸附性能指标均高于其他活性炭,表明 A 炭可能具有较好的吸附水中大分子有机物的能力,而 E 炭的各项吸附指标在所有炭中均处于劣势.

2.2 克隆文库及限制性片段长度多态性分析

通过 PCR 扩增插入到克隆子中的 16S rRNA 片段,采用 *HinP I* 和 *Msp I* 两种限制性内切酶消化插入扩增产物,获得酶切指纹图谱来研究不同生物

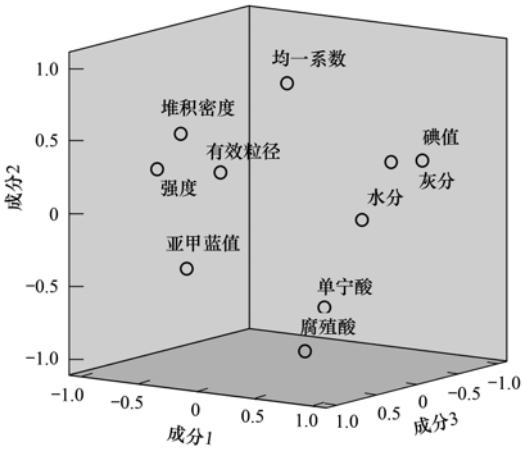


图 1 活性炭物理性质参数的主成分分析

Fig. 1 Principal component analysis of activated carbon physical property parameters

活性炭样品细菌群落多样性. 从 5 个生物活性炭样品的 16S rRNA 克隆文库中分别挑选了 96 ~ 124 个克隆子进行限制性片段长度多态性分析 (RFLP), 建立酶切指纹图谱, 文库的库容值分别从 95.05% ~ 99.16% (表 2). 饱和度曲线的结果 (图 2) 也表明所检测的克隆子数目可以反映整个样点微生物群落的多样性及其分布水平. 不同活性炭样品中 OTU 的数量存在明显的差异, 如 E 炭样品中仅有 14 个 OTUs, 而 A 炭样品有 20 个 OTUs (表 2).

表 2 生物活性炭样品克隆文库的多样性

Table 2 Diversity analysis of clone library of BAC samples

样品	OTU 数	丰富度指数 (D_{mg})	库容 (C)/%	Simpson 指数 (D)	Shannon-Weaver 指数(H)
A 炭	20	3.98	98.31	0.91	2.69
B 炭	19	3.77	99.16	0.93	2.76
C 炭	19	3.73	98.39	0.92	2.73
D 炭	17	3.47	95.05	0.87	2.35
E 炭	14	2.85	96.88	0.87	2.24

进一步考察生物活性炭微生物样品中 OTU 的分布, 结果见图 3. 可以发现在所有 OTU 中, 有 7 种类型的 OTUs (BAC1、BAC2、BAC4、BAC7、BAC18、BAC24 和 BAC26) 均存在所有的 5 个样品中, 但是每个 OTU 在全部克隆子数目中的比率不同. 另外每个生物活性炭样品中至少有 2 ~ 4 个 OTUs 在整个微生物群落中占据优势, 属于优势菌群.

A 炭中的 BAC1、BAC2 和 BAC4 分别占克隆文库总数的 17.8%、12.7% 和 11.0%, B 炭中的两个主要 OTUs (BAC1、BAC2) 分别占该样品克隆文库总数的 14.3% 和 11.8%. 在 C 炭中, 优势菌种与 B

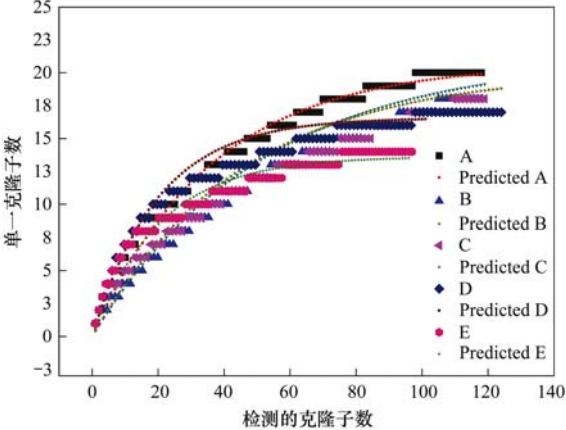


图 2 16S rRNA 的饱和度曲线分析

Fig. 2 Saturation curve analysis of 16S rRNA

此外, A 炭、B 炭、C 炭的 Shannon-Weaver 多样性指数较大, 分别为 2.69、2.76 和 2.73, D 炭和 E 炭较小分别为 2.35 和 2.24. 这与活性炭单宁酸与腐殖酸吸附值的分布特征呈正相关. 即活性炭单宁酸与腐殖酸吸附值的大小决定了其中微生物多样性指数的大小. 由此可见, 单宁酸与腐殖酸吸附值对不同的生物活性炭上的微生物种群带来一定的影响, 能够用来评价活性炭吸附水源水中大分子有机污染物的能力. 其原因在于, 较大的单宁酸和腐殖酸吸附值, 表明该活性炭大孔、中孔孔隙结构丰富, 能够为微生物提供良好的附着生长环境和栖息场所, 从而表现出更为丰富的微生物多样性.

炭中的 OTU 一样, 只是比率略有不同. D 炭中的两个主要 OTUs (BAC2、BAC4) 分别占该样品克隆文库总数的 22.7% 和 18.7%. 而 E 炭中占优势的 OTU 有 4 个, 分别为 BAC1、BAC2、BAC4 和 BAC24, 分别占克隆文库总数的 11.5%、17.8%、22.9% 和 11.5% (图 3). BAC2 在 D 炭中占有绝对优势, 它占了 D 炭样点总克隆子数目的 22.7%, 此外 BAC2 在其他生物活性炭样品中也属于优势种群, 在各个样点中所占比率分别为 A 炭 (12.7%), B 炭 (11.8%), C 炭 (13.7%) 和 E 炭 (17.8%). 另外有很少一部分的克隆为单一克隆, A 炭、B 炭、C

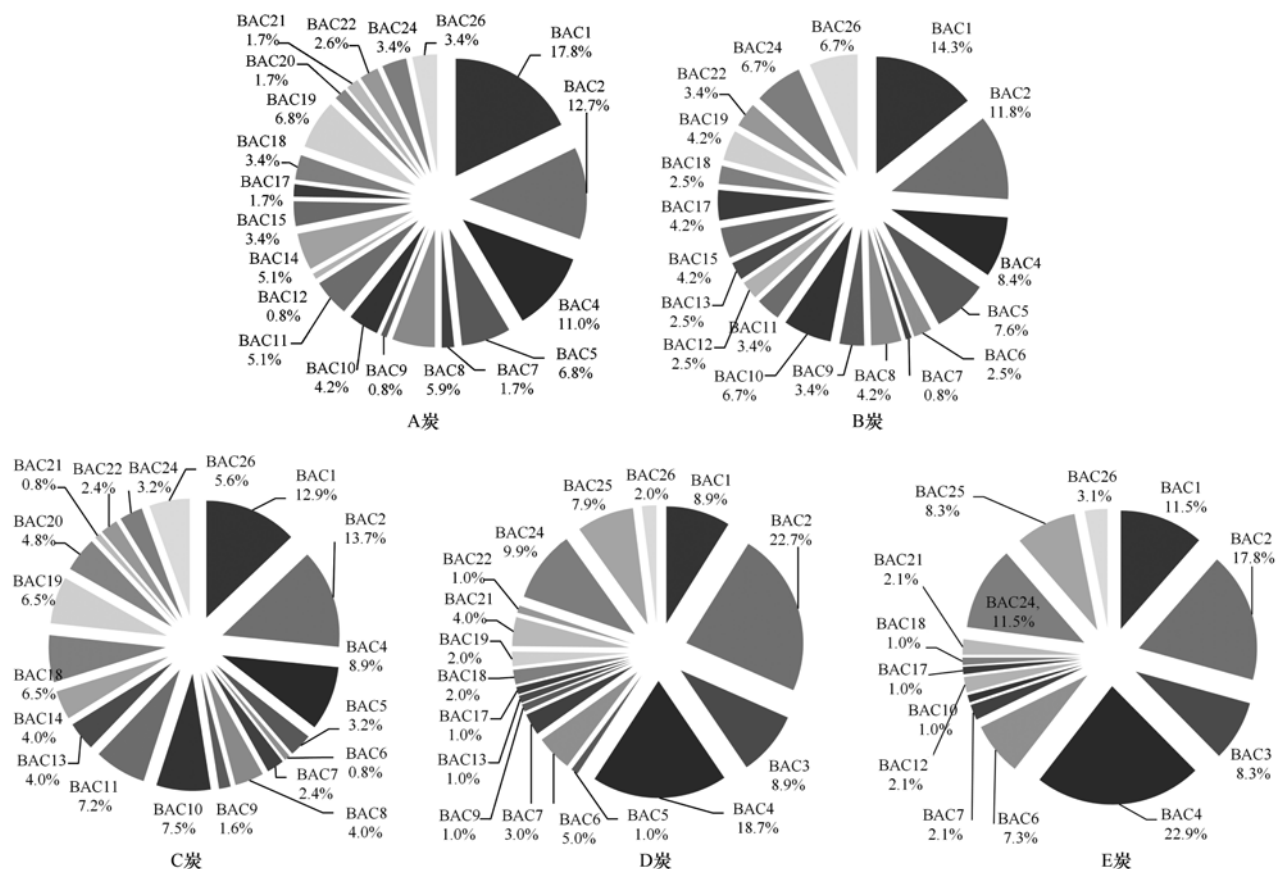


图3 5种生物活性炭样品中 OTU 的分布

Fig. 3 Distribution of OTUs in 5 BAC samples

炭、D 炭和 E 炭中分别存在 2 个、1 个、2 个、5 个和 3 个 OTUs 为单一克隆,分别占各个文库总 OTUs 的 1.6%、0.8%、1.6%、5.0% 和 3.0%。

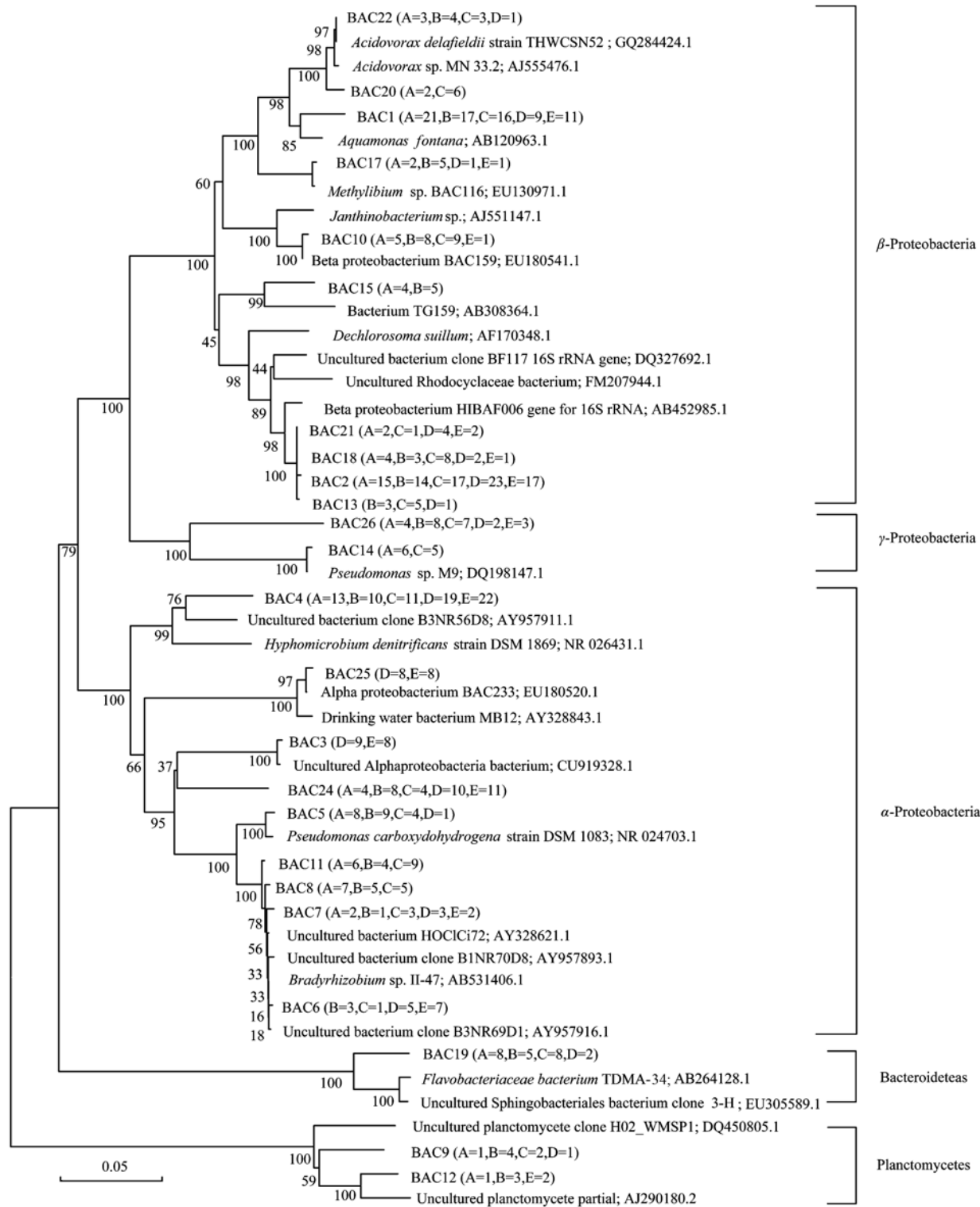
2.3 系统发育树分析

从克隆文库中挑选 30 个具有代表性的克隆子进行测序。通过 GenBank 中的 BLAST 软件,将所得序列在 GenBank 数据库中进行比对,表明大部分序列与 NCBI 数据库中已知序列有 92%~99% 的相似性。

生物活性炭样品的 16S rRNA 系统发育树分析(图 4)表明,所有克隆都分布在 5 个不同的系统发育分支上,包括 β -Proteobacteria、 α -Proteobacteria、Bacteroidetes、Planctomycetes 和 γ -Proteobacteria。其中 β -Proteobacteria、 α -Proteobacteria、Planctomycetes 和 γ -Proteobacteria 在 5 个样品中都存在;而 Bacteroidetes 则只出现在 A 炭、B 炭、C 炭和 D 炭中,并没有出现在 E 炭中。在系统发育树上,分别有 1 个 OTU 属于 Bacteroidetes,2 个 OTUs 属于 Planctomycete,2 个 OTUs 属于 γ -Proteobacteria,9 个 OTUs 属于 α -Proteobacteria 和 10 个 OTUs 属于 β -

Proteobacteria(图 4)。不同微生物群落的分布百分比见表 3。

β -Proteobacteria 是 16S rRNA 系统发育树上的优势种群,在 A 炭、B 炭、C 炭、D 炭、E 炭中占总克隆数目的比例分别是 49.2%、49.6%、52.6%、40.6%、34.4%(表 3)。 α -Proteobacteria 是生物活性炭中的另外一个优势种群,在 5 种炭中总克隆数目比例分别为 33.9%、33.6%、29.7%、54.4%、60.4%(表 3)。研究表明, β -Proteobacteria 和 α -Proteobacteria 通常是生物活性炭微生物膜中的最大优势种群。Magic-Knezev 等^[7]通过 16S rRNA 序列分析发现分离的克隆子中 68% 为 β -Proteobacteria,25% 为 α -Proteobacteria,而 Liao 等^[10]发现 α -Proteobacteria 是生物活性炭上最大的优势种群。 β -Proteobacteria 和 α -Proteobacteria 是否是最大的优势菌群受到水中营养元素、碳源构成、滤池工艺条件等的影响,比如水力停留时间会明显改变微生物的种群结构^[17,18]。A 炭和 B 炭的 β -Proteobacteria 和 α -Proteobacteria 比率接近,这可能与 A 炭和 B 炭的物理特征指标相近有关。此外,A 炭、B 炭和 C 炭中



A: 某种群在 A 炭样点中出现的次数, B: 某种群在 B 炭样点中出现的次数, C: 某种群在 C 炭样点中出现的次数, D: 某种群在 D 炭样点中出现的次数, E: 某种群在 E 炭样点中出现的次数

图 4 生物活性炭样品的16S rRNA系统发育树分析

Fig. 4 Phylogenetic distribution of the 16S rRNA sequences present in these BAC samples

最大的优势种群是 β-Proteobacteria, D 炭和 E 炭中最大的优势种群是 α-Proteobacteria, 这可能是因为 A 炭、B 炭和 C 炭中的单宁酸与腐殖酸吸附值比 D 炭、E 炭高。β-Proteobacteria、α-Proteobacteria 与水质参数 DOC、AOC 等密切相关, 对水中有机物的去除起到

重要的作用. 在 β -Proteobacteria 种群中出现与 *Aquamonas fontana* 相关的基因序列,这在其他水处理工艺中也检测到^[19];此外,也检测到 *Dechlorosoma suillum*,这是一种重要的脱氯微生物,能够有效降解五氯酚、高氯酸盐等含氯有机物^[20]. 在 α -Proteobacteria 种群中出现与 *Hyphomicrobium denitrificans* 相关的基因序列, *Hyphomicrobium denitrificans* 是一种脱氮菌,能够对氮氧化物进行还原脱氮,实现水中硝氮的去除^[21].

Bacteroidetes、Planctomycetes 和 γ -Proteobacteria 在 5 个样品中总克隆数目的比例比较低,均不超过 10%,属于非优势种群. C 炭中 γ -Proteobacteria 占总克隆数目的 9.6% (表 3),在 5 个样品中的比例最高. 此外 C 炭中还存在少量的 Planctomycetes (占总克隆数目的 1.6%) 以及 Bacteroidetes (占总克隆数目的 6.5%),然而 E 炭中并没有发现在其他 4 种样

品中都出现的 Bacteroidetes. 在非优势种群 γ -Proteobacteria 中分离出假单胞菌属 (*Pseudomonas* sp.),是一种高效的石油类^[22]、农药类^[23]有机物降解菌. 此外,还从生物活性炭中鉴定出黄杆菌 (*Flavobacteriaceae bacterium*),属于 Bacteroidetes 种群,是一种兼性厌氧菌,可能与水中氨氮的硝化和脱氮有关^[24, 25].

使用 SPSS 软件对 OUT 数据做主成分分析 (PCA). 结果表明,A 炭、B 炭和 C 炭相互接近聚在一起,说明这 3 种炭具有比较相近的微生物群落结构(图 5). 而 D 炭、E 炭与 A 炭、B 炭、C 炭分离,表明 D 炭和 E 炭的微生物群落与 A 炭、B 炭、C 炭中的微生物群落结构差异较大. 单宁酸与腐殖酸吸附值相对较低的 D 炭和 E 炭两两聚在一块;而单宁酸与腐殖酸吸附值较高的 A 炭、B 炭、C 炭的微生物群落聚在一起.

表 3 生物活性炭样品中微生物群落的分布百分比/%
Table 3 Distribution of microbial community in BAC samples/%

种群	炭样				
	A 炭	B 炭	C 炭	D 炭	E 炭
β -Proteobacteria	49.2	49.6	52.6	40.6	34.4
α -Proteobacteria	33.9	33.6	29.7	54.4	60.4
Planctomycetes	1.6	5.9	1.6	1.0	2.1
γ -Proteobacteria	8.5	6.7	9.6	2.0	3.1
Bacteroidetes	6.8	4.2	6.5	2.0	0.0

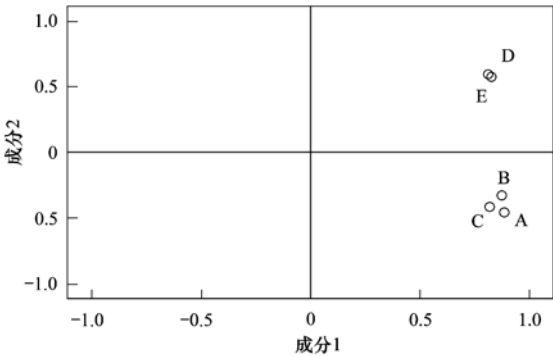


图 5 生物活性炭中微生物群落结构的主成分分析
Fig. 5 Principal component analysis of microbial community in BAC samples

3 结论

(1)不同的活性炭样点中 OTU 的数量存在明显的差异性,E 炭中仅有 14 个 OTUs 被发现,而 A 炭的 OTU 数量高达 20 个. 以 OTU 为基础计算出的多样性指数表明,单宁酸与腐殖酸吸附值较为接近的样点,多样性指数也较为接近. D 炭和 E 炭单宁酸与腐殖酸吸附值相对较低,它们的多样性指数也

较低.
(2)生物活性炭样品的16S rRNA系统发育树中包含 β -Proteobacteria、 α -Proteobacteria、Planctomycetes、 γ -Proteobacteria、Bacteroidetes 等 5 类种群. 其中 β -Proteobacteria 和 α -Proteobacteria 是微生物群落的优势种群,对水中有机物的去除起到重要的作用. Planctomycetes、 γ -Proteobacteria、和 Bacteroidetes 是微生物群落的非优势种群. Bacteroidetes 只出现在 A 炭、B 炭、C 炭和 D 炭中,而没有出现在 E 炭中.

(3)从生物活性炭中检测出 *Dechlorosoma suillum*、*Hyphomicrobium denitrificans*, *Pseudomonas* sp. 等菌属,这些菌属能够实现对水中含氯有机物、农药类、石油类有机物以及硝氮的去除.

参考文献:

[1] 刘文君,杨宏伟,张丽萍,等. 高臭味、高溴离子引黄水库水臭氧-生物活性炭处理技术与示范[J]. 给水排水, 2012, 38(12): 9-14.
[2] 孔令宇,张晓健,王占生. 臭氧-生物活性炭与单独活性炭工艺处理效果比较[J]. 中国给水排水, 2006, 22(11): 49-51.
[3] 王广智,李伟光,何文杰,等. 活性炭性质对固定化生物活

- 性炭净水效果的影响研究[J]. 环境科学, 2006, **27**(10): 2040-2044.
- [4] Eichler S, Christen R, Hölte C, *et al.* Composition and dynamics of bacterial communities of a drinking water supply system as assessed by RNA- and DNA-based 16S rRNA gene fingerprinting [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2006, **72**(3): 1858-1872.
- [5] 王青, 林惠荣, 张舒婷, 等. 九龙江下游水源水中新发病原微生物和抗生素抗性基因的定量 PCR 检测[J]. 环境科学, 2012, **33**(8): 2685-2690.
- [6] Kjellerup B V, Naff C, Edwards S J, *et al.* Effects of activated carbon on reductive dechlorination of PCBs by organohalide respiring bacteria indigenous to sediments [J]. Water Research, 2014, **52**(4): 1-10.
- [7] Magic-Knezev A, Wullings B, Van der Kooij D. Polaromonas and Hydrogenophaga species are the predominant bacteria cultured from granular activated carbon filters in water treatment [J]. Journal of Applied Microbiology, 2009, **107**(5): 1457-1467.
- [8] Boon N, Pycke B F G, Marzorati M, *et al.* Nutrient gradients in a granular activated carbon biofilter drives bacterial community organization and dynamics [J]. Water Research, 2011, **45**(19): 6355-6361.
- [9] 刘小琳, 刘文君. 生物陶粒与生物活性炭上微生物群落结构的 PCR-SSCP 技术解析[J]. 环境科学, 2007, **28**(4): 924-928.
- [10] Liao X B, Chen C, Wang Z, *et al.* Changes of biomass and bacterial communities in biological activated carbon filters for drinking water treatment [J]. Process Biochemistry, 2013, **48**(2): 312-316.
- [11] Liao X B, Chen C, Chang C H, *et al.* Heterogeneity of microbial community structures inside the up-flow biological activated carbon (BAC) filters for the treatment of drinking water [J]. Biotechnology and Bioengineering, 2012, **117**(4): 881-886.
- [12] Zhou J, Bruns M A, Tiedje J M. DNA recovery from soils of diverse composition [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1996, **62**(2): 316-322.
- [13] 郑璐, 尹华群, 曹琳辉, 等. 德兴铜矿酸性矿坑水水样与底泥中微生物群落多样性及其群落结构变化[J]. 生态学报, 2008, **28**(10): 4841-4848.
- [14] Hill T C J, Walsh K A, Harris J A, *et al.* Using ecological diversity measures with bacterial communities [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2003, **43**(1): 1-11.
- [15] 丁桓如, 闻人勤. 水处理活性炭的选择指标问题[J]. 中国给水排水, 2000, **16**(7): 19-22.
- [16] 高乃云, 李富生, 汤浅晶, 等. 上海源水中 DOM 的分子质量及去除特性[J]. 中国给水排水, 2001, **17**(12): 13-17.
- [17] Kim T G, Yun J, Hong S H, *et al.* Effects of water temperature and backwashing on bacterial population and community in a biological activated carbon process at a water treatment plant [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2013, **98**(3): 1417-1427.
- [18] 王敏, 尚海涛, 郝春博, 等. 饮用水深度处理活性炭池中微生物群落分布研究[J]. 环境科学, 2011, **32**(5): 1497-1504.
- [19] Bereschenko L A, Heilig G, Nederlof M M, *et al.* Molecular characterization of the bacterial communities in the different compartments of a full-scale reverse-osmosis water purification plant [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2008, **74**(17): 5297-5304.
- [20] Lack J G, Chaudhuri S K, Chakraborty R, *et al.* Anaerobic biooxidation of Fe(II) by Dechlorosoma suillum [J]. Microbial Ecology, 2002, **43**(4): 424-431.
- [21] Yamaguchi K, Kawamura A, Ogawa H, *et al.* Characterization of nitrous oxide reductase from a methylotrophic denitrifying bacterium, Hyphomicrobium denitrificans A3151 [J]. The Journal of Biochemistry, 2003, **134**(6): 853-858.
- [22] Rahman K, Thahira-Rahman J, Lakshmanaperumalsamy P, *et al.* Towards efficient crude oil degradation by a mixed bacterial consortium [J]. Bioresource Technology, 2002, **85**(3): 257-261.
- [23] 林秀, 侯振安, 赵思峰, 等. 多菌灵降解菌 XJ-D 的分离鉴定及特性研究[J]. 中国农学通报, 2011, **27**(16): 220-226.
- [24] 张海耿, 马绍赛, 李秋芬, 等. 循环水养殖系统(RAS)生物载体上微生物群落结构变化分析[J]. 环境科学, 2011, **32**(1): 231-239.
- [25] 朱琼芳, 叶春, 李春华, 等. 太湖湖滨湿地降解有机物兼性厌氧菌群的筛选及其降解效果[J]. 环境科学研究, 2011, **24**(10): 1129-1135.

CONTENTS

Variation Characteristics of Surface Ozone and Its Precursors During Summertime in Nanjing Northern Suburb	SHAO Ping, AN Jun-lin, YANG Hui, <i>et al.</i> (4031)
Distribution Characteristics of Pollution Gases and Water Soluble Ion in Aerosol During the Asian Youth Games of Nanjing, China	ZOU Jia-nan, AN Jun-lin, WANG Hong-lei, <i>et al.</i> (4044)
Aerosol Concentration Variation in Nanjing During Asian Youth Games and the Relationship Between Aerosol Concentration and Visibility	YUAN Liang, YIN Yan, LI Qi, <i>et al.</i> (4052)
Characteristic Analysis of a Multi-day Pollution Event in Chang-Zhu-Tan Metropolitan Area During October 2013	LIAO Zhi-heng, FAN Shao-jia, HUANG Juan, <i>et al.</i> (4061)
Application of On-line Single Particle Aerosol Mass Spectrometry (SPAMS) for Studying Major Components in Fine Particulate Matter	FU Huai-yu, YAN Cai-qing, ZHENG Mei, <i>et al.</i> (4070)
Establishment and Application of Replaceable Source Profiles of PM ₁₀	CHEN Qiang, JING Yi, WU Huan-bo, <i>et al.</i> (4078)
Distribution, Flux and Biological Consumption of Carbon Monoxide in the East China Sea and the South Yellow Sea in Summer	WANG Jing, LU Xiao-lan, YANG Gui-peng, <i>et al.</i> (4085)
Spatial and Temporal Distribution of Mercury in Water of a Small Typical Agricultural Watershed in the Three Gorges Reservoir Region	WANG Ya, ZHAO Zheng, MU Zhi-jian, <i>et al.</i> (4095)
Fluorescence Characteristics of Fractionated Colloidal Organic Matter in Freshwater from Hunhe and Taizihe Watersheds	LIU Na-na, LI Bin, LIU Rui-xia, <i>et al.</i> (4103)
Variations of Annual Load of TN and TP in the Deep Bay Watershed, Shenzhen	ZHAO Chen-chen, ZHANG Shi-yan, MAO Xian-zhong (4111)
Characteristics and Bioavailability of Organic Phosphorus from Different Sources of Sediments in Dianchi Lake	XIONG Qiang, JIAO Li-xing, WANG Sheng-rui, <i>et al.</i> (4118)
Heavy Metals Distribution Characteristics and Ecological Risk Evaluation in Surface Sediments of Dammed Jinshan Lake	ZHOU Xiao-hong, LIU Long-mei, CHEN Xi, <i>et al.</i> (4127)
Vertical Distribution Pattern and Ecological Risk Assessment of Heavy Metals in a Sediment Core from Pumoyum Co, Tibet	XIE Ting, LUO Dong-xia, YANG Rui-qiang (4135)
Heavy Metals Pollution and Analysis of Seasonal Variation Runoff in Xi'an	YUAN Hong-lin, LI Xing-yu, WANG Xiao-chang (4143)
Distribution and Source Apportionment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs) in Urban Rainfall Runoff	WU Zi-lan, YANG Yi, LIU Min, <i>et al.</i> (4148)
Influence of the Substrate Composition in Extensive Green Roof on the Effluent Quality	CHEN Yu-lin, LI Tian, GU Jun-qing (4157)
Investigation of the Microbial Diversity and Structure of Biological Activated Carbon from Different Sources in Drinking Water Treatment Process	DU Er-deng, ZHENG Lu, FENG Xin-xin, <i>et al.</i> (4163)
Microcystin Safety Study During <i>Cyanobacteria</i> Removal by Pressure Enhanced Coagulation Process	JIANG Xin-yue, LUAN Qing, CONG Hai-bing, <i>et al.</i> (4171)
Membrane Fouling Based on Change of Membrane Characteristic Parameters During Ultrafiltration of Protein	WANG Xu-dong, ZHANG Yin-hui, WANG Lei, <i>et al.</i> (4176)
Impact Factors and Degradation Mechanism for the Ozonation of Acetaminophen in Aqueous Solution	CAO Fei, YUAN Shou-jun, ZHANG Meng-tao, <i>et al.</i> (4185)
Degradation of Benzothiazole in Electro-Assisted Microbial Reactor	LIU Chun-miao, DING Jie, LIU Xian-shu, <i>et al.</i> (4192)
Preparation and Evaluation of Fe-La Composite Oxide Nanoabsorbent for As(III) Removal from Aqueous Solutions	ZHANG Wei, CHEN Jing, ZHANG Gao-sheng (4198)
Physiological Responses of Tubificidae to Heavy Metal Chromium Stress	LOU Ju-qing, YANG Dong-ye, CAO Yong-qing, <i>et al.</i> (4205)
Effects of Light Quality on the Growth Characteristics and Biochemical Component of <i>Chlorella pyrenoidosa</i>	TANG Qing-qing, FANG Zhi-guo, JI Wen-wen, <i>et al.</i> (4212)
Influence of Alkalinity and DO on ANAMMOX Bioreactor at Normal Temperature and Low Substrate Concentration	REN Yu-hui, WANG Ke, LI Xiang-kun, <i>et al.</i> (4218)
Effect of Fe ²⁺ and Fe ³⁺ on the Activity of ANAMMOX	LI Xiang, HUANG Yong, WU Chuan, <i>et al.</i> (4224)
Research on Change Process of Nitrosation Granular Sludge in Continuous Stirred-Tank Reactor	YIN Fang-fang, LIU Wen-ru, WANG Jian-fang, <i>et al.</i> (4230)
Effects of Salinity on N ₂ O Production During Nitrification Using Aerobic Granular Sludge	WANG Shan-shan, LIANG Hong, GAO Da-wen (4237)
Analysis of Microbial Community Variation in the Domestication Process of Sludge in a Sulfate-reducing Reactor	ZENG Guo-qu, JIA Xiao-shan, ZHENG Xiao-hong, <i>et al.</i> (4244)
Quantifying the Influence of Different Matrices on Pb Accumulation in the Soil from Nanjing and Suspended Matter from the Lower of the Yangtze River with Pb Isotopic Technique	WANG Cheng, XIA Xue-qi, ZHANG Yi, <i>et al.</i> (4251)
Contamination Characteristics of Fluoroquinolones in Different Kinds of Soil Profiles in Southeast Suburb of Beijing	SU Si-hui, HE Jiang-tao, YANG Lei, <i>et al.</i> (4257)
Effect of Environmental Factors on the Formation of Several Typical Tetracycline Resistance Genes in Soil	ZHANG Jun, LUO Fang-yuan, XIONG Hao-hui, <i>et al.</i> (4267)
Response of Nitrification/Denitrification and Their Associated Microbes to Soil Moisture Change in Paddy Soil	LIU Ruo-xuan, HE Ji-zheng, ZHANG Li-mei (4275)
Microbial Community Abundance and Diversity in Typical Karst Ecosystem to Indicate Soil Carbon Cycle	JIN Zhen-jiang, TANG Hua-feng, LI Min, <i>et al.</i> (4284)
Effects of Variable Temperature on Organic Carbon Mineralization in Typical Limestone Soils	WANG Lian-ge, GAO Yan-hong, DING Chang-huan, <i>et al.</i> (4291)
Influence of the Interaction Between Iron Oxide and Electron Donor Substances on 1,1,1-Trichloro-2,2-bis(<i>p</i> -chlorophenyl)ethane (DDT) Reductive Dechlorination in Hydragic Acrisols	LIU Cui-ying, XU Xiang-hua, WANG Zhuang, <i>et al.</i> (4298)
Continuous Remediation of Heavy Metal Contaminated Soil by Co-Cropping System Enhanced with Chelator	WEI Ze-bin, GUO Xiao-fang, WU Qi-tang, <i>et al.</i> (4305)
Spatial Heterogeneity of Soil Respiration in a Subalpine Meadow at Different Sampling Scales	LI Hong-jian, GAO Yu-feng, YAN Jun-xia, <i>et al.</i> (4313)
Study on Regularity of Greenhouse Gas Emissions from Black Soil with Different Reclamation Years	LI Ping, LANG Man, XU Xiang-hua, <i>et al.</i> (4321)
Comparison Between Transgenic Insect-Resistant Cotton Expressing CryI _{Ac} Protein and Its Parental Variety in Rhizospheric Fungal Diversity	PAN Jian-gang, JIAO Hai-hua, BAI Zhi-hui, <i>et al.</i> (4329)
Concentrations of Mercury in Ambient Air in Wastewater Irrigated Area of Tianjin City and Its Accumulation in Leafy Vegetables	ZHENG Shun-an, HAN Yun-lei, ZHENG Xiang-qun (4338)
Combined Effects of 1-Nitropyrene and 1,2-Naphthoquinone on Cytotoxicity and DNA Damage in A549 Cells	SHANG Yu, JIANG Yu-ting, ZHANG Ling, <i>et al.</i> (4345)
Influence of Organic Matter Evolution During Composting on the Bioavailability of Heavy Metals	BU Gui-jun, YU Jing, DI Hui-hui, <i>et al.</i> (4352)
Carbonization of Heavy Metal Cu Implanted Sewage Sludge and Stability of Heavy Metal in the Resulting Char	DOU Xiao-min, CHEN De-zhen, DAI Xiao-hu (4359)
Technological Characteristics of Bioreactor Landfill with Aeration in the Upper Layer	TIAN Ying, WANG Shen, XU Qi-yong (4365)
Impact of Nitrate Continuous Injection on N ₂ O Releases from Bioreactor Landfill	BIAN Rong-xing, SUN Ying-jie, LI Jing-jing, <i>et al.</i> (4371)
Research on Contribution Decomposition by Industry to China's Carbon Intensity Reduction and Carbon Emission Growth	JIANG Jing-jing, YE Bin, JI Jun-ping, <i>et al.</i> (4378)
Shifting Path of Industrial Pollution Gravity Centers and Its Driving Mechanism in Pan-Yangtze River Delta	ZHAO Hai-xia, JIANG Xiao-wei, CUI Jian-xin (4387)
Method for Environmental Management in Paper Industry Based on Pollution Control Technology Simulation	ZHANG Xue-ying, WEN Zong-guo (4395)
Research Progress and Direction of Atmospheric Brown Carbon	YAN Cai-qing, ZHENG Mei, ZHANG Yuan-hang (4404)

《环境科学》第6届编辑委员会

主 编: 欧阳自远

副主编: 赵景柱 郝吉明 田 刚

编 委: (按姓氏笔画排序)

万国江 王华聪 王凯军 王绪绪 田 刚 田 静 史培军
朱永官 刘志培 汤鸿霄 陈吉宁 孟 伟 周宗灿 林金明
欧阳自远 赵景柱 姜 林 郝郑平 郝吉明 聂永丰 黄 霞
黄 耀 鲍 强 潘 纲 潘 涛 魏复盛

环 境 科 学

(HUANJING KEXUE)

(月刊 1976年8月创刊)

2014年11月15日 第35卷 第11期

ENVIRONMENTAL SCIENCE

(Monthly Started in 1976)

Vol. 35 No. 11 Nov. 15, 2014

主 管	中国科学院	Superintended	by	Chinese Academy of Sciences
主 办	中国科学院生态环境研究中心	Sponsored	by	Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences
协 办	(以参加先后为序) 北京市环境保护科学研究院 清华大学环境学院	Co-Sponsored	by	Beijing Municipal Research Institute of Environmental Protection School of Environment, Tsinghua University
主 编	欧阳自远	Editor-in -Chief		OUYANG Zi-yuan
编 辑	《环境科学》编辑委员会 北京市2871信箱(海淀区双清路 18号, 邮政编码:100085) 电话:010-62941102, 010-62849343 传真:010-62849343 E-mail: hjkx@ rcees. ac. cn http://www. hjkx. ac. cn	Edited	by	The Editorial Board of Environmental Science (HUANJING KEXUE) P. O. Box 2871, Beijing 100085, China Tel:010-62941102, 010-62849343; Fax:010-62849343 E-mail: hjkx@ rcees. ac. cn http://www. hjkx. ac. cn
出 版	科 学 出 版 社 北京东黄城根北街16号 邮政编码:100717	Published	by	Science Press 16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China
印 刷 装 订	北京北林印刷厂	Printed	by	Beijing Bei Lin Printing House
发 行	科 学 出 版 社 电话:010-64017032 E-mail: journal@ mail. sciencep. com	Distributed	by	Science Press Tel:010-64017032 E-mail: journal@ mail. sciencep. com
订 购 处	全国各地邮电局	Domestic		All Local Post Offices in China
国外总发行	中国国际图书贸易总公司 (北京399信箱)	Foreign		China International Book Trading Corporation (Guoji Shudian), P. O. Box 399, Beijing 100044, China

中国标准刊号: ISSN 0250-3301
CN 11-1895/X

国内邮发代号: 2-821

国内定价: 90.00元

国外发行代号: M 205

国内外公开发行