

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第37卷 第10期

Vol.37 No.10

2016

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目 次

北京地区空气重污染下雾凇和偏东风对 PM _{2.5} 清除作用	孙兆彬, 廖晓农, 王占山, 李梓铭, 赵秀娟, 花丛 (3679)
降雨对不同粒径气溶胶粒子碰撞清除能力	董群, 赵普生, 陈一娜 (3686)
北京冬季雾霾频发期 VOCs 源解析及健康风险评价	刘丹, 解强, 张鑫, 王海林, 闫志勇, 杨宏伟, 郝郑平 (3693)
浙江省制鞋行业挥发性有机物污染特征及其排放系数	徐志荣, 姚轶, 蔡卫丹, 李嫣, 许明珠, 王浙明 (3702)
2014 年 APEC 期间北京市 PM ₁₀ 和 PM _{2.5} 氧化性损伤能力研究	郭茜, 邵龙义, 王文华, 侯聪, 赵承美, 幸娇萍, 马施民 (3708)
武汉市洪山区夏季 PM _{2.5} 浓度、水溶性离子与 PAHs 成分特征及来源分析	孙焰, 祁士华, 张莉, 邢新丽, 杨丹, 胡天鹏, 瞿程凯 (3714)
基于快速聚类方法分析常州市区 PM _{2.5} 的统计特性	王振, 余益军, 徐圆青, 李艳萍, 夏京, 殷磊 (3723)
PM _{2.5} 在线水溶性离子与滤膜采集-实验室检测的比对分析	杨懂艳, 刘保献, 石爱军, 张大伟, 丁萌萌, 周健楠, 富佳明, 景宽 (3730)
树木模拟燃烧排放烟尘中水溶性离子的组成	刘刚, 黄柯, 李久海, 徐慧 (3737)
轻型汽油车排放颗粒物数浓度和粒径分布特征	樊筱筱, 蒋靖坤, 张强, 李振华, 何立强, 吴烨, 胡京南, 郝吉明 (3743)
基于台架测试的我国船用柴油机废气排放因子	邢辉, 段树林, 黄连忠, 韩志涛, 刘勤安 (3750)
西安城区地表灰尘中邻苯二甲酸酯分布、来源及人群暴露	张文娟, 王利军, 王丽, 史兴民, 卢新卫 (3758)
生活垃圾焚烧厂垃圾的汞含量与汞排放特征研究	段振亚, 苏海涛, 王凤阳, 李智坚, 李韶璞, 王书肖 (3766)
三峡库区消落带土壤中硫酸盐还原菌对汞甲基化作用的影响	陈瑞, 陈华, 王定勇, 向玉萍, 申鸿 (3774)
城市化进程对地下河中溶解态正构烷烃来源的影响	廖昱, 孙玉川, 沈立成, 梁作兵, 王尊波 (3781)
基于 PMF 模型的长江流域水体中多环芳烃来源解析及生态风险评价	王成龙, 邹欣庆, 赵一飞, 李宝杰 (3789)
贡嘎山地区地表水化学特征及水环境质量评价	何晓丽, 吴艳宏, 周俊, 邴海健 (3798)
多元数理统计法研究太子河本溪城市段水体 DOM 紫外光谱特征	钱锋, 吴婕, 于会彬, 宋永会, 张美, 孔令昊, 何孟常 (3806)
地下水中溶解性有机物的垂直分布特征及成因	何小松, 张慧, 黄彩红, 李敏, 高如泰, 李丹, 席北斗 (3813)
昆明市不同功能区排水管道沉积物性质	常海东, 金鹏康, 付博文, 李雪兵, 贾锐珂 (3821)
滇池水生植物分布对沉积物间隙水磷浓度的影响	丁帅, 王圣瑞, 张蕊, 肖焱波, 焦立新, 李乐, 王忠诚, 尹诗诗 (3828)
紫色母岩覆盖层控制底泥磷释放的效果及机制	黄雪娇, 石纹豪, 倪九派, 李振轮 (3835)
排水循环灌溉下稻田磷素时空分布特征	焦平金, 许迪, 朱建强, 于颖多 (3842)
快速高效去除微囊藻的 GO/QPEI 复合纳米材料	李洁, 肖琳 (3850)
一体式生物净化-沉淀池对微污染水体污染物的强化去除性能	王文东, 刘荟, 马翠, 韩雨, 常妮妮 (3858)
生物粉末活性炭-超滤组合工艺对微污染水源水中臭味物质的去除效能及其微生物特性	宣雍祺, 周丽, 邓慧萍, 蔡宙, 李大鹏, 刘刚 (3864)
聚硅酸对不同形态铝沉积行为的影响	赵园园, 张玥, 李素英, 石宝友, 李贵伟, 孙改清 (3870)
典型南方水源氨基酸浓度变化与去除	刘伟, 蔡广强, 卢小艳, 刘丽君, 张金松, 刘嘉祺, 曲莹 (3877)
O ₃ /UV 降解含氮杂环化合物喹啉	陈傲蕾, 常凤民, 汪翠萍, 徐恒, 吴静, 左剑恶, 王凯军 (3884)
蒽醌-2-磺酸钠促进 <i>Klebsiella oxytoca</i> GS-4-08 脱色产氢机制与产能分析	胡金梅, 虞磊, 黄天寅 (3891)
2-丁烯醛生产废水中溶解性有机物的分级解析	孙秀梅, 宋广清, 席宏波, 周岳溪, 牛远方 (3899)
不同缺氧段硝酸盐氮浓度条件下连续流单污泥污水处理系统 PHA、TP 代谢	王晓玲, 员东丹, 白莉, 李紫棋, 余勇, 秦旭东, 张晓旭, 赵可 (3906)
长江口邻近海域沉积物中厌氧氨氧化细菌分布特征研究	付璐璐, 甄毓, 贺惠, 张玉, 米铁柱 (3914)
焦化废水活性污泥细菌菌群结构分析	蒙小俊, 李海波, 曹宏斌, 盛宇星 (3923)
黄土高原不同植被类型下土壤细菌群落特征研究	刘洋, 黄懿梅, 曾全超 (3931)
苯酚对活性污泥活性及微型动物群落结构的影响	胡小兵, 饶强, 唐素兰, 姜晶, 谢瑞桃, 郝文静, 钟梅英 (3939)
城市生活污水和生活垃圾渗滤液抗生素抗性基因污染的比较研究	黄福义, 李虎, 安新丽, 欧阳纬莹, 苏建强 (3949)
菌株 <i>Desulfovibrio</i> sp. CMX 的 DNRA 性能和影响因素	谢柄柯, 张玉, 王晓伟, 孙超越, 周集体 (3955)
生活污水灌溉对麦秸还田稻田氨挥发排放的影响	徐珊珊, 侯朋福, 范立慧, 薛利红, 杨林章, 王绍华, 李刚华 (3963)
模拟氮沉降对重庆缙云山马尾松林土壤呼吸和酶活性的季节性影响	曾清苹, 何丙辉, 李源, 夏力文, 杨龙龙, 邓雪梅, 李川 (3971)
生物炭添加和灌溉对温室番茄地土壤反硝化损失的影响	张文娟, 余冬立, Gamareldawla H. D. Agbna, 夏永秋 (3979)
土壤质地对自养固碳微生物及其同化碳的影响	王群艳, 吴小红, 祝贞科, 袁红朝, 隋方功, 葛体达, 吴金水 (3987)
土壤-作物系统中重金属元素吸收、迁移和积累过程模拟	施亚星, 吴绍华, 周生路, 王春辉, 陈浩 (3996)
组配改良剂对稻田系统 Pb、Cd 和 As 生物有效性的协同调控	王英杰, 邹佳玲, 杨文强, 周航, 廖柏寒 (4004)
几种有机物料对设施菜田土壤 Cd、Pb 生物有效性的影响	周贵宇, 姜慧敏, 杨俊诚, 张建峰, 张水勤, 梁雷 (4011)
蒙脱石对有机物料施入土壤磷形态和有效性的影响	宋贤威, 赵秀兰, 张进忠, 胡梦坤, 徐艳昭, 王明禹 (4020)
不同镉浓度及 pH 条件下纳米沸石对土壤镉形态及大白菜镉吸收的影响	秦余丽, 熊仕娟, 徐卫红, 赵婉伊, 王卫中, 陈永勤, 迟荪琳, 陈序根, 张进忠, 熊治庭, 王正银, 谢德体 (4030)
黑麦草和牵牛花对铬耐受能力和积累效果的指标表征研究	董冰冰, 陈友媛, 惠红霞, 陆维佳, 杨秀卿, 刘逸凡 (4044)
挥发性甲基硅氧烷的体外代谢行为	黎敏丹, 郑国贸, 万伟, 胡建英 (4054)
中药渣与城市污泥好氧共堆肥的效能	宿程远, 郑鹏, 阮祁华, 覃菁菁, 卢宇翔, 李俊兵 (4062)
《环境科学》征订启事 (3827)	《环境科学》征稿简则 (4053)
信息 (3736, 3930, 4043)	

焦化废水活性污泥细菌菌群结构分析

蒙小俊^{1,2}, 李海波^{2*}, 曹宏斌^{2*}, 盛宇星²

(1. 安康学院旅游与资源环境学院, 安康 725000; 2. 中国科学院过程工程研究所绿色过程与工程重点实验室, 北京 100190)

摘要: 焦化废水是一种高毒难降解的有机废水, 以细菌菌群为主的好氧活性污泥决定焦化废水的处理效率, 处理焦化废水的活性污泥细菌群落结构鲜见报道. 利用 454 测序技术分析实际焦化废水污泥中的细菌菌群结构和多样性. 结果表明, 热图聚类分析和主成分分析说明不同焦化废水活性污泥细菌菌群多样性存在差异; 焦化废水活性污泥中的细菌门类群主要为 Proteobacteria、Planctomycetes、Acidobacteria、Candidatus Saccharibacteria、Bacteroidetes、Cyanobacteria、Actinobacteria、Chloroflexi、Firmicutes、Thaumarchaeota、Ignavibacteriae 和 Verrucomicrobia, 其中 Proteobacteria 门占主导地位, 丰度为 36.00% ~ 76.98%; 主要属为 *Thiobacillus*、*Thauera*、*Comamonas*、*Caldimonas*、*Steroidobacter*、*Nitrosomonas*、*Phycisphaera* 和 *Gp4*, 大多数主要属与芳香烃的降解和硝化反硝化过程有关. 这些结果为焦化废水污染物的去除机制提供了理论基础.

关键词: 焦化废水; 生物处理; 活性污泥; 细菌群落; 高通量测序

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2016)10-3923-08 DOI: 10.13227/j.hjks.2016.10.034

Bacterial Community Composition of Activated Sludge from Coking Wastewater

MENG Xiao-jun^{1,2}, LI Hai-bo^{2*}, CAO Hong-bin^{2*}, SHENG Yu-xing²

(1. School of Tourism and Environment, Ankang University, Ankang 725000, China; 2. Key Laboratory of Green Process and Engineering, Institute of Process Engineering, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100190, China)

Abstract: Coking wastewater is a kind of highly toxic and refractory organic wastewater, and aerobic activated sludge, which is dominated by bacteria, determines the efficiency of coking wastewater treatment. However, the bacterial community structure of activated sludge from coking wastewater has rarely been reported. 454 sequencing technology was applied to investigate the structure and biodiversity of the bacterial community. The results of thermal cluster analysis and principal component analysis demonstrated the differences in biodiversities of different activated sludge bacterial communities. The bacterial communities were mainly composed of Proteobacteria, Planctomycetes, Acidobacteria, Candidatus Saccharibacteria, Bacteroidetes, Cyanobacteria, Actinobacteria, Chloroflexi, Firmicutes, Thaumarchaeota, Ignavibacteriae, Verrucomicrobia and Unclassified bacteria. Proteobacteria was the dominant phylum and its abundance was 36.00% - 76.98%. The primary genera were *Thiobacillus*, *Thauera*, *Comamonas*, *Caldimonas*, *Steroidobacter*, *Nitrosomonas*, *Phycisphaera* and *Gp4*. Most of these genera were related with aromatic hydrocarbon degradation, nitrification and denitrification processes. These results provide a theoretical basis for removal mechanism of pollutants in coking wastewater.

Key words: coking wastewater; biological treatment; activated sludge; bacterial community; pyrosequencing

焦化废水是原煤高温干馏、煤气净化和化工副产品回收与精制过程中产生的工业废水, 其中含有酚类、吡啶、吡啶、喹啉、氰化物、硫氰化物和氨氮等几十种污染物质, 成分复杂, 污染物浓度高, 毒性大, 性质非常稳定, 是一种典型的难降解有机废水^[1], 其处理主要经过脱酚、蒸氨、脱氰、除油、生化处理、混凝沉淀和后续高级氧化. 生物处理, 如 A-O、A-A-O 和 A-O-O 工艺因处理效率高, 成本低被广泛用于处理焦化废水^[2~4]. 焦化废水生物处理工艺的研究已经取得了许多成果^[2,5~7], 但对其中起重要作用的微生物群落结构的了解还十分有限, 这在很大程度上制约了焦化废水处理效率的提高.

生物单元污泥相由复杂的微生物群落构成, 以细菌为主导的群落结构在废水处理过程中起至关重

要的作用^[8~10]. 不同的细菌具有不同的特殊功能, 如 *Burkholderia* 可以降解 PAHs 芘^[11], *Gulosibacter* 可降解苯酚^[12], *Nitrosomonas* 和 *Nitrobacter* 分别为氨氧化菌和亚硝酸氧化细菌^[13], *Pseudomonas* 可利用间甲酚、4-氯酚、苯酚、PAHs 芘和呋喃^[11,14,15] 作为唯一的碳源和能源, *Acidovorax* 可降解喹啉^[16], *Sphaerobacter*、*Acinetobacter*、*Comamonas* 和 *Novosphingobium* 可降解苯酚, *Comamonas* 不仅对苯

收稿日期: 2016-04-22; 修订日期: 2016-05-27

基金项目: 国家自然科学基金项目(31370281); 化学工业废水处理污泥污染特征与污染风险控制研究(201509053); 中央高校基本科研业务费专项(2010YH05)

作者简介: 蒙小俊(1981~), 男, 博士, 主要研究方向为生物法处理工业废水, E-mail: yanjiushengmengjun@163.com

* 通讯联系人, E-mail: hbli@home.ipe.ac.cn; hbcao@home.ipe.ac.cn

酚具较高耐受力达到2 000 mg·L⁻¹、且在 48 h 内可将初始浓度为1 000 mg·L⁻¹的苯酚完全降解^[17]。尽管依靠传统的培养技术已从焦化废水中分离出多株功能菌^[11-17]，然而微生物群落结构是一个复杂的系统不能用传统的生物技术来分析和研究。焦化废水处理系统功能的稳定性主要依靠优势微生物的活性和多样化的群落结构间的相互关系^[18]。高平等^[19]利用 ERIC-PCR 技术分析了焦化废水处理系统曝气池的微生物群落结构动态变化与污染负荷和主要污染物降解效果变化的关系，结果表明用 ERIC-PCR 检测出的该系统中的活性污泥部分微生物种群的结构比较稳定，可能构成了苯酚和氰化物去除效率在监测期间相对稳定的基础。曹军伟等^[20]通过 BOX-PCR 和 16S rDNA 序列分析对焦化废水污泥中降解酚类的细菌进行了分析，获得分属于 20 个属的 28 个种的 28 株细菌，它们主要为变形菌纲 β 和 γ 亚群，其中 4 株菌可能是潜在的新种。Zhu 等^[13]利用 454 高通量测序研究了焦化废水厌氧/缺氧/沸石生物滤池-膜生物反应器中微生物的群落结构组成和动态变化，结果表明沸石材料可以

改变微生物菌群结构，使氨氧化菌逐渐成为优势菌。实际焦化废水处理工艺好氧单元基本以活性污泥法为主，活性污泥中的细菌群落结构和多样性直接决定焦化废水的处理效率和后续深度处理的成本，而好氧单元活性污泥细菌群落结构和生物多样性在国内基本未见报道。对焦化废水活性污泥中的微生物进行分子生态学研究，有利于废水生物处理系统的管理控制和稳定运行。

本研究利用 454 高通量测序技术对采自 5 个不同实际焦化废水处理厂好氧单元的活性污泥进行分析其细菌群落结构组成和生物多样性，以期对焦化废水处理工艺的稳定性提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 主要试剂和材料

生工 Ezup 柱式土壤基因组 DNA 抽提试剂盒。活性污泥分别采自辽宁和湖北 5 个不同的焦化废水处理厂好氧单元，其中 4 号活性污泥样品采自二级好氧单元（样品分别编号 1、2、3、4、5），焦化厂主要的水质指标和好氧单元的工艺参数如表 1 所示。

表 1 焦化废水主要水质指标和好氧单元工艺参数

Table 1 Major indices of coking wastewater and operational parameters of aerobic basin													
样品	流量 /m ³ ·h ⁻¹	工艺	COD/mg·L ⁻¹		NH ₄ ⁺ -N/mg·L ⁻¹		挥发酚/mg·L ⁻¹		DO /mg·L ⁻¹	MLSS /mg·L ⁻¹	HRT /h	pH	T /℃
			进水	出水	进水	出水	进水	出水					
1	125	A/A/O	4 000~5 000	150~200	50~150	<5	600~800	<0.5	2~6	3 000~5 000	75	7.0~8.0	25~35
2	150	A/A/O	4 000~5 000	150~200	100~200	<5	600~800	<0.5	2~6	4 000~6 000	78	7.0~8.0	25~35
3	40	A/O	4 500~6 000	170~220	100~300	<5	650~800	<0.5	2~6	4 000~6 000	75	7.0~8.0	30~35
4	350	O/A/O	4 000~6 000	200~250	200~300	<5	600~850	<0.5	3~5	3 000~6 000	98	7.0~8.0	30~35
5	60	A/A/O	2 000~4 000	100~150	150~250	<5	400~600	<0.5	2~6	4 000~6 000	72	7.0~8.0	30~35

1.2 污泥细菌总 DNA 提取、PCR 和 16S rDNA 测序

污泥细菌总 DNA 提取、PCR 和 16S rDNA 测序由上海生工公司完成。细菌总 DNA 提取按照生工 Ezup 柱式土壤基因组 DNA 抽提试剂盒进行。PCR 扩增引物：341F CCTACGGGNGGCWGCAG 和 805R GACTACHVGGGTATCTAATCC^[21]，扩增区域为 V3-V4。反应条件 94℃ 30 s；94℃ 20 s，45℃ 20 s，65℃ 60 s，5 个循环；94℃ 20 s，60℃ 20 s，72℃ 20 s，20 个循环；72℃ 5 min，10℃。50 μL PCR 反应体系及 10×PCR buffer 5 μL，dNTP(10 mmol·L⁻¹) 0.5 μL，Genomic DNA 10 ng，引物 F(50 μmol·L⁻¹) 1 μL，引物 R (50 μmol·L⁻¹) 1 μL，Plantium Taq(5 U·μL⁻¹) 0.5 μL，水 42 μL。各样品 PCR 扩增后，利用 Roche 454 GSFLX + 测序仪上机测序。

1.3 序列数据处理

原始序列数据通过公司利用 Prinseq 软件进行

质控，舍弃低质量序列之后序列长度分布在 400~600 之间，平均长度均在 440 以上，各样本序列数均在 500 以上。物种分类采用 RDP classifier 软件。按照相似度为 97% 的标准将操作分类单位 (operational taxonomic units OTUs) 进行分类^[18]，运行软件 mothur (<http://www.mothur.org/>) 中的 summary.single 命令，计算常用的生物多样性指数，如丰富度指数 (Chao/ACE 指数)、覆盖率指数 (Good's coverage) 和多样性指数 (Shannon 指数)。

2 结果与讨论

2.1 细菌群落多样性分析

经 PCR 和高通量测序后，5 个污泥样品获得的有效测序条带在 16 449~22 937 (表 2)。为了解析活性污泥中的细菌群落结构丰富度，在 97% 相

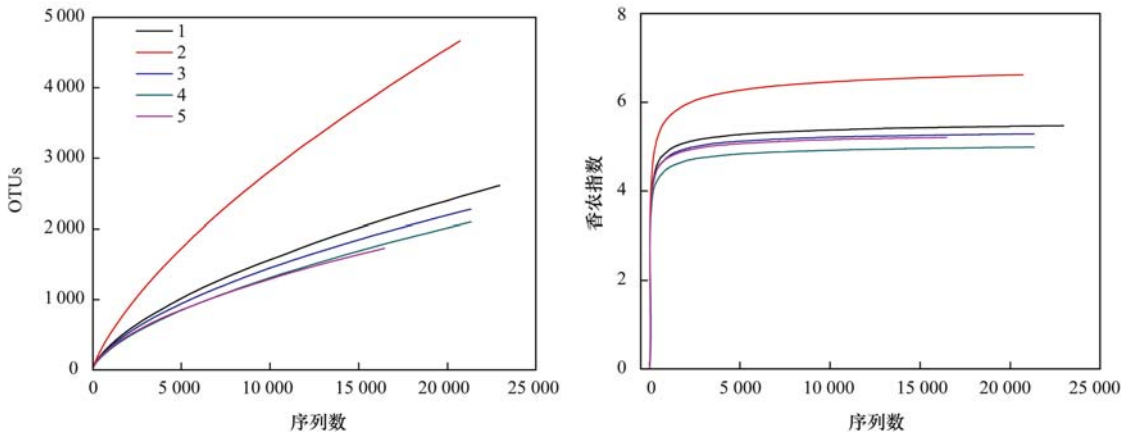
似水平上对污泥有效序列做了多样性分析. 污泥细菌多样性指数如表 2 所示, 5 个样品的覆盖率除 2 号样品外均在 90% 以上, 表明绝大部分的细菌种群都被检测出来. 5 个样品的生物分类单元 OTUs 分别为 2 613、4 666、2 275、2 097 和 1 728, 香农指数分别为 5. 47、6. 62、5. 29、4. 99 和 5. 21, ACE 指数为 6 160. 33 ~ 24 502. 52, Chao1 指数为 4 006. 31 ~ 14 745. 15, 表明 2 号样品的细菌群落多样性最丰富, 不同焦化废水处理厂活性污泥细菌群落多样性存在很大差异. 图 1 细菌群落丰富度稀疏曲线同样表明, 2 号污泥样品的细菌群落结构多样性最丰富; 随着测序数量的增加, 新的细菌菌系不断出现, OTUs 和香农指数均快速上升; 当测序条带数量 > 16 000, OTUs 稀疏曲线未

趋于平稳, 说明测序的深度不能涵盖整个细菌菌群的多样性, 而香农指数稀疏曲线趋于饱和, 没有明显增加, 说明本研究的有效序列深度可用于描述整个细菌的群落结构. 细菌多样性指数和丰富度稀疏曲线表明, 不同焦化废水活性污泥细菌群落结构差异明显, 相似的结果也可通过聚类分析和主成分分析(图 2)得以表明. 聚类热图采用样本间 unifrac 距离矩阵绘制, 颜色块代表距离值, 颜色越红表示样本间距离越近, 相似度越高, 越蓝则距离越远, 2 号样品的细菌群落多样性与其他样品的差异最明显; 主成分分析表明 5 个样品的细菌群落结构分布在 4 个不同的象限内, 说明群落结构差异大, 尽管样品 1 和 3 分布在同一个象限内, 但两者之间的距离较远.

表 2 细菌群落多样性指数

Table 2 Bacterial community diversity indices

样品	序列	OTUs	香农指数	ACE 指数	Chao1 指数	覆盖率
1	22937	2 613	5. 47	9 598. 16	6 220. 32	0. 93
2	20705	4 666	6. 62	24 502. 52	14 745. 15	0. 84
3	21303	2 275	5. 29	7 457. 42	4 692. 77	0. 94
4	21315	2 097	4. 99	8 411. 67	5 424. 09	0. 94
5	16449	1 728	5. 21	6 160. 33	4 006. 31	0. 94



图例编号同表 1 中样品编号

图 1 细菌群落丰富度稀疏曲线

Fig. 1 Rarefaction curves of bacterial community abundance

2. 2 细菌群落结构门水平上的组成和丰度

为了解析细菌群落结构组成和丰度,对质控后的序列采用 RDP classifier 软件进行物种分类,图 3、表 3 和表 4 分别为细菌群落结构在门、目和属水平上的组成和丰度. 优势门(图 3)主要有 Proteobacteria、Planctomycetes、Acidobacteria、Candidatus Saccharibacteria、Bacteroidetes、Cyanobacteria/Chloroplast、Actinobacteria、

Chloroflexi、Firmicutes、Thaumarchaeota、Ignavibacteriae、Verrucomicrobia、未分类的和微小菌群,这与 Ma 等^[18]的研究结果基本一致. Proteobacteria 在焦化废水中占主导地位^[13],其在 5 个活性污泥样品中的丰度也最高,分别为 76. 98%、51. 92%、67. 29%、36. 00% 和 69. 7%. Planctomycetes、Bacteroidetes 和 Acidobacteria 是活性污泥细菌群落结构中的优势门,在 5 个样品中的

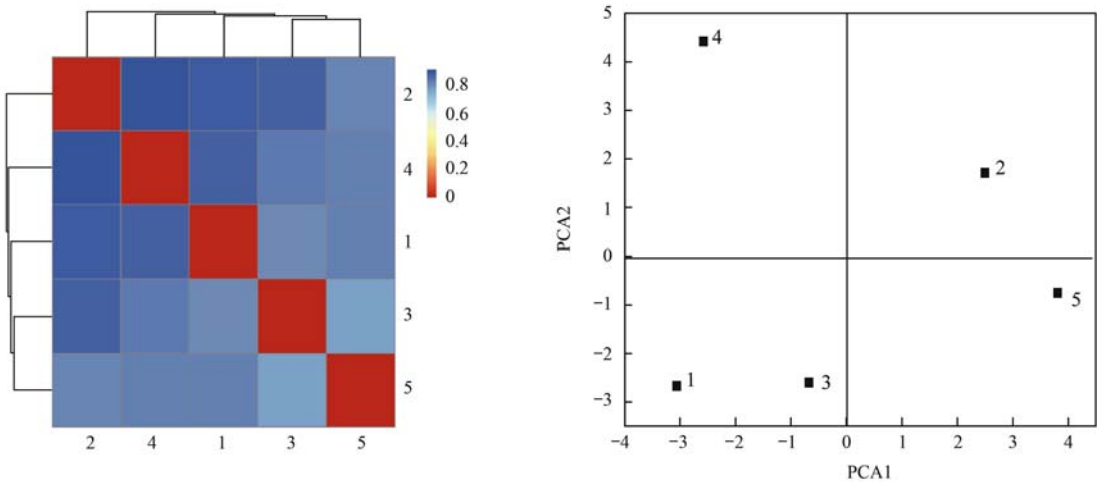


图 2 细菌群落结构聚类分析和主成分分析

Fig. 2 Cluster analysis and principal component analysis of bacterial community structure

丰度分别为 1.81% ~ 21.73%、1.75% ~ 13.35%、0.84% ~ 8.26%，而 McLellan 等^[22]发现 Bacteroidetes 和 Actinobacteria 为污水处理厂进水中的优势细菌。Actinobacteria 在 5 个污泥样品中的丰度分别为 0.17%、2.77%、0.12%、32.58% 和 0.40%；微小菌群的丰度分别为 0.89%、1.55%、1.38%、2.27% 和 1.35%；Firmicutes 丰度分别为 0.62%、19.99%、2.37%、0.50% 和 2.64%，而在厌氧污泥中的丰度高达 92.3%^[23]。各种分子指纹图谱的方法已被开发用于评估微生物群落结构，而高通量测序可以检测更多未知和低丰度的序列^[24]。虽然大部分细菌门类在 5 个污泥样品中被鉴定，然而无法分类或者未知的门类在 5 个污泥样品中的丰度分别为 6.52%、2.27%、0.94%、2.91% 和 1.08%。

2.3 细菌群落结构目水平上的组成和丰度

从目水平上分类表 3 (每种目的丰度至少在一个样品中不小于 1%) 表明：5 个污泥样品的前 7 类优势目不同，1 号样品为 Rhizobiales、Rhodocyclales、Planctomycetales、Burkholderiales、Rhodospirillales、Xanthomonadales 和 Parvularculales，丰度分别为 28.33%、17.13%、10.09%、7.22%、5.27%、3.92% 和 3.60%；2 号样品为 Hydrogenophilales、Clostridiales、Rhizobiales、Burkholderiales、Bacillales、Sphingobacteriales 和 Rhodocyclales，丰度分别为 15.06%、8.90%、6.53%、5.74%、4.65%、4.35% 和 4.12%；3 号样品为 Phycisphaerales、Rhizobiales、Rhodocyclales、Hydrogenophilales、Burkholderiales、Xanthomonadales

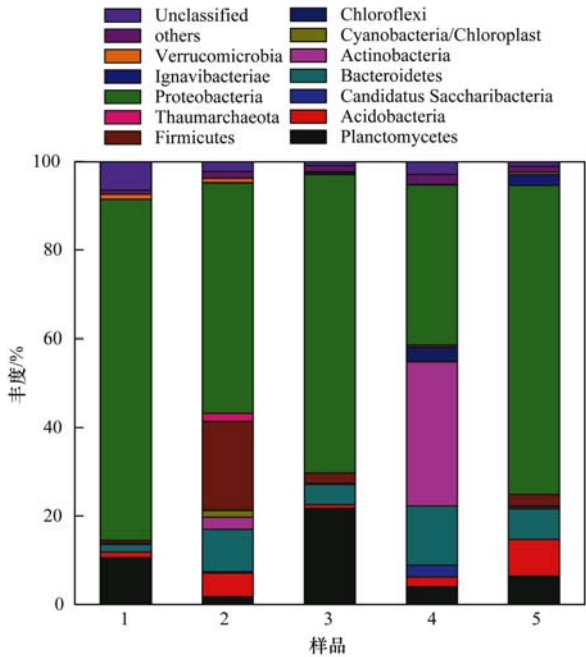


图 3 细菌群落结构门水平上的组成

Fig. 3 Bacterial community composition at phylum level

和 Sphingomonadales，丰度分别为 20.34%、16.79%、15.08%、9.77%、7.31%、3.44% 和 2.79%；4 号样品为 Sphingobacteriales、Xanthomonadales、Nitrosomonadales、Actinomycetales、Burkholderiales、Rhodocyclales 和 Rhodospirillales，丰度分别为 10.48%、6.17%、6.41%、5.59%、4.72%、3.51% 和 2.29%；5 号样品为 Hydrogenophilales、Burkholderiales、Rhodocyclales、Xanthomonadales、Phycisphaerales、Rhizobiales 和 Sphingomonadales，丰度分别为 17.86%、14.4%、8.42%、7.45%、5.93%、

5.14% 和 4.18%。优势目 Rhodocyclales、Rhizobiales、Xanthomonadales 和 Burkholderiales 为 5 个污泥所共享。除了优势目外, Legionellales、Bacillales、Clostridiales、Actinomycetales、Flavobacteriales、Verrucomicrobiales、Nitrosomonadales、Rhodobacterales、Anaerolineales、Caulobacteriales 和 Gammaproteobacteria 是 5 个污泥样品所共享的目。尽管大部分目被 5 个污泥所共享,但其丰度在每个群落结构中差异明显,如优势目

Rhizobiales 在 1 号样品中的丰度为 28.33%,而在 4 号样品中的丰度仅为 2.25%,Rhodocyclales 在 1 号样品中的丰度为 17.13%,在 2 号样品中的丰度为 4.12%,Actinomycetales 在 4 号样品中的丰度为 5.59%,而在 1 号样品中的丰度为 0.08%。这种不同可能归因于不同的生物处理工艺和水质特点,许多因素,包括进水组成、处理工艺和地理位置等均影响废水处理系统中的微生物群落结构,废水水质是一个关键的决定因素^[18,24]。

表 3 细菌群落结构目水平上的组成/%

Table 3 Bacterial community composition at order level/%

目	样品				
	1	2	3	4	5
Erysipelotrichales	0	1.21	0	0.01	0.07
Rhodocyclales	17.13	4.12	15.08	3.51	8.42
Sphingomonadales	1.04	2.57	2.79	1.62	4.18
Legionellales	0.02	0.07	1.30	0.89	0.01
Oceanospirillales	0	1.56	0	0	0.02
Hydrogenophilales	1.63	15.06	9.77	0.51	17.86
Bacillales	0.04	4.65	0.08	0.14	0.43
Nitrososphaerales	0	1.83	0	0	0.01
Clostridiales	0.04	8.90	0.14	0.22	1.87
Parvularculales	3.60	0.09	0	0.03	0
Actinomycetales	0.08	1.70	0.10	5.59	0.26
Flavobacteriales	0.06	0.34	2.78	1.62	3.52
Desulfuromonadales	0.01	0.01	0.03	0	1.16
Planctomycetales	10.09	0.60	1.06	1.87	0.49
Phycisphaerales	0.17	1.16	20.34	2.14	5.93
Rhizobiales	28.33	6.53	16.79	2.25	5.14
Verrucomicrobiales	1.11	0.26	0.15	0.06	0.25
Bacteroidales	0	3.89	0.01	0.17	0.66
Xanthomonadales	3.92	2.92	3.44	6.17	7.45
Nitrosomonadales	0.58	0.40	1.68	6.41	0.56
Rhodobacterales	0.32	0.77	0.68	1.77	0.50
Anaerolineales	0.02	0.05	0.01	1.35	0.09
Vibrionales	0	2.44	0	0	0.02
Unclassified	14.06	16.72	7.99	37.87	15.4
Caulobacteriales	0.03	0.11	0.06	1.63	0.05
Ignavibacteriales	0	0.04	0.37	0	2.51
Rhodospirillales	5.27	1.55	1.67	2.29	1.90
Burkholderiales	7.22	5.74	7.31	4.72	14.4
Sphingobacteriales	0.69	4.35	1.43	10.48	2.26
Alphaproteobacteria	1.17	0.26	0	0	0.02
Gammaproteobacteria	0.75	0.44	2.05	0.47	0.55

2.4 细菌群落结构属水平上的组成和丰度

细菌群落结构在属水平上的组成和丰度(每种属的丰度至少在一个样品中不小于 1%)表明(表 4): 5 个污泥共享的主要属(同种属至少在 3 个样品中不小于 1%,Nitrosomonas 除外)为 Thiobacillus、Thauera、Comamonas、Caldimonas、Steroidobacter、Nitrosomonas、Phycisphaera 和 Gp4,这不同于市政污水活性污泥中主要的属 Planctomyces、

Mycobacterium、Rhodopirellula 和 Leptospira^[25],而与 Ma 等^[26]的研究所得结果相似^[18]。Ma 等利用高通量研究了实际焦化废水处理厂 A-A-O、A-O-O、A-O、A-A-O-O 和 A-O-A-O 脱氮工艺好氧污泥中的生物群落结构,发现 Thiobacillus、Comamonas、Thauera、Azoarcus 和 Rhodoplanes 是焦化废水中的优势属,主要的属 Azoarcus、Thauera、Pseudomonas、Ohtaekwangia、Nitrosomonas 和 Nitrospira 与芳香烃

的降解和硝化过程有关. *Thiobacillus* 广泛存在于焦化废水中,不仅能对 SCN^- 进行降解,还具有很强的反硝化能力,*Comamonas* 可降解酚类,多环芳烃和杂环类物质如吡啶、喹啉等^[18],*Thauera* 具有反硝化和降解喹啉的能力^[27],*Steroidobacter* 具有反硝化能力^[28],*Nitrosomonas* 为氨氧化细菌^[29]. 尽管 *Denitratisoma*、*Sphingobium*、*Thiohalophilus*、*Aquisphaera*、*Diaphorobacter*、*Dongia*、*Planctomyces*、

Bacillus、*Blastopirellula*、*Sphingomonas*、*Paracoccus*、*Ferruginibacter*、*Thermomonas*、*Alicyclophilus*、*Phenylobacterium* 和 *Hyphomicrobium* 为非优势菌株,但被 5 个污泥样品所共享. 焦化废水处理系统功能的稳定性主要依靠优势微生物的活性和多样化的群落结构间的相互关系^[18],活性污泥是一个复杂的微生物群体,焦化废水中污染物的有效去除是多种菌群共同作用的结果.

表 4 细菌群落结构属水平上的组成/%

Table 4 Bacterial community composition at genus level/%

属	样品				
	1	2	3	4	5
<i>Denitratisoma</i>	1.35	0.06	0.22	0.08	0.41
<i>Lysobacter</i>	0	1.13	0	0	0.03
<i>Sphingobium</i>	0.25	0.59	1.48	0.92	1.48
<i>Pusillimonas</i>	0	0.01	1.27	1.53	0.08
<i>Ignavibacterium</i>	0	0.04	0.37	0	2.51
<i>Thiohalophilus</i>	0.14	0.04	1.29	0.02	0.01
<i>Thiobacillus</i>	1.57	14.9	9.21	0.49	17.84
<i>Aquisphaera</i>	6.71	0.06	0.06	0.16	0.01
<i>Thauera</i>	15.56	2.44	14.38	2.84	6.50
<i>Diaphorobacter</i>	0.25	0.09	0.48	0.07	2.02
<i>Dongia</i>	0.07	0.21	0.55	1.89	0.29
<i>Planctomyces</i>	0.61	0.29	0.88	1.30	0.28
<i>Blastopirellula</i>	1.09	0.02	0.01	0.01	0.02
<i>Silanimonas</i>	0	0	0	2.15	0.01
<i>Comamonas</i>	1.09	1.07	2.79	0.07	6.37
<i>Flavobacterium</i>	0.02	0.12	0.06	0	1.2
<i>Wandonia</i>	0	0.17	1.38	0.09	2.09
<i>Sphingomonas</i>	0.05	1.01	0.06	0.01	0.10
<i>Rhizomicrobium</i>	1.17	0.24	0	0	0.02
<i>Aquicella</i>	0.01	0.01	1.22	0.01	0
<i>Paracoccus</i>	0.03	0.01	0.01	1.47	0.09
<i>Caldimonas</i>	3.75	0.91	0.57	1.35	2.62
<i>Barnesiella</i>	0	1.34	0	0	0.06
<i>Marteella</i>	1.01	0	0.02	0	0.02
<i>Ferruginibacter</i>	0.31	0.14	0.11	9.35	1.5
<i>Thermomonas</i>	0.01	1.13	0.01	0.61	0.05
<i>Steroidobacter</i>	3.67	0.44	3.01	0.01	7.08
<i>Massilia</i>	0	1.29	0	0	0.01
<i>Streptophyta</i>	0	1.49	0	0.01	0.03
<i>Nitrososphaera</i>	0	1.83	0	0	0.01
<i>Parvularcula</i>	3.60	0.09	0	0.03	0
<i>Alicyclophilus</i>	0.48	0.86	1.45	0.02	1.31
<i>Nitrosomonas</i>	0.21	0.34	1.47	6.39	0.2
<i>Flavisolibacter</i>	0	3.07	0.23	0	0.01
<i>Vibrio</i>	0	1.99	0	0	0.02
<i>Phenylobacterium</i>	0.02	0.09	0.02	1.39	0.02
<i>Hyphomicrobium</i>	1.04	0.20	0.42	0.11	0.06
<i>Granulicoccus</i>	0	0	0.07	5.09	0
<i>Pseudofulvimonas</i>	0	0	0	1.07	0
<i>Phycisphaera</i>	0.17	1.16	9.48	2.13	5.88
<i>Bacillus</i>	0.03	3.57	0.07	0.11	0.19
<i>Sulfuritalea</i>	0.05	1.05	0	0	0.79
<i>Gp4</i>	1.11	3.87	0.31	1.83	7.56
<i>Geobacter</i>	0.01	0	0.01	0	1.08
<i>Lactobacillus</i>	0	3.10	0	0	0.06
<i>Unclassified</i>	41.66	20.01	33.74	39.16	14.51

3 结论

(1) 不同焦化废水好氧单元活性污泥细菌菌群结构多样性存在差异。

(2) 焦化废水好氧单元活性污泥细菌菌群结构组成中的优势门为 Proteobacteria, 核心属为 *Thiobacillus*、*Thauera*、*Comamonas*、*Caldimonas*、*Steroidobacter*、*Nitrosomonas*、*Phycisphaera* 和 *Gp4*。

参考文献:

- [1] 张玉秀, 尹莉, 李海波, 等. 焦化废水处理厂活性污泥对硫氰化物的降解机制[J]. 环境化学, 2016, **35**(1): 118-124.
- [2] Li H B, Cao H B, Li Y P, et al. Innovative biological process for treatment of coking wastewater [J]. Environmental Engineering Science, 2010, **27**(4): 313-322.
- [3] Wang Y Q, Lv Y L, Shan M J, et al. Engineering application research of enhanced microbiological treatment for coking wastewater[J]. Applied Mechanics and Materials, 2012, **108**: 257-261.
- [4] Marañón E, Vázquez I, Rodríguez J, et al. Coke wastewater treatment by a three-step activated sludge system[J]. Water, Air, and Soil Pollution, 2008, **192**(1-4): 155-164.
- [5] Lai P, Zhao H Z, Ye Z F, et al. Assessing the effectiveness of treating coking effluents using anaerobic and aerobic biofilms [J]. Process Biochemistry, 2008, **43**(3): 229-237.
- [6] Zheng S K, Li W. Effects of hydraulic loading and room temperature on performance of anaerobic/anoxic/aerobic system for ammonia-ridden and phenol-rich coking effluents [J]. Desalination, 2009, **247**(1-3): 362-369.
- [7] Wei X X, Zhang Z Y, Fan Q L, et al. The effect of treatment stages on the coking wastewater hazardous compounds and their toxicity[J]. Journal of Hazardous Materials, 2012, **239-240**: 135-141.
- [8] Chakraborty S, Veeramani H. Anaerobic-Anoxic-Aerobic sequential degradation of synthetic wastewaters [J]. Applied Biochemistry and Biotechnology, 2002, **102-103**(1-6): 443-451.
- [9] Yuan Z G, Blackall L L. Sludge population optimisation: a new dimension for the control of biological wastewater treatment systems[J]. Water Research, 2002, **36**(2): 482-490.
- [10] Wagner M, Loy A, Nogueira R, et al. Microbial community composition and function in wastewater treatment plants [J]. Antonie van Leeuwenhoek, 2002, **81**(1-4): 665-680.
- [11] Deng L J, Ren Y, Wei C H. Pyrene degradation by *Pseudomonas* sp. and *Burkholderia* sp. enriched from coking wastewater sludge [J]. Journal of Environmental Science and Health, Part A, 2012, **47**(13): 1984-1991.
- [12] Zhai Z J, Wang H L, Yan S B, et al. Biodegradation of phenol at high concentration by a novel bacterium: *Gulosibacter* sp. YZ4 [J]. Journal of Chemical Technology and Biotechnology, 2012, **87**(1): 105-111.
- [13] Zhu X B, Tian J P, Liu C, et al. Composition and dynamics of microbial community in a zeolite biofilter-membrane bioreactor treating coking wastewater [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2013, **97**(19): 8767-8775.
- [14] Liu J, Jia X Q, Wen J P, et al. Substrate interactions and kinetics study of phenolic compounds biodegradation by *Pseudomonas* sp. cbp1-3[J]. Biochemical Engineering Journal, 2012, **67**: 156-166.
- [15] Zhao C, Zhang Y, Li X B, et al. Biodegradation of carbazole by the seven *Pseudomonas* sp. strains and their denitrification potential[J]. Journal of Hazardous Materials, 2011, **190**(1-3): 253-259.
- [16] 李静, 李文英. 喹啉降解菌筛选及其对焦化废水强化处理 [J]. 环境科学, 2015, **36**(4): 1385-1391.
- [17] 陈春, 李文英, 吴静文, 等. 焦化废水中苯酚降解菌筛选及其降解性能[J]. 环境科学, 2012, **33**(5): 1652-1656.
- [18] Ma Q, Qu Y Y, Shen W L, et al. Bacterial community compositions of coking wastewater treatment plants in steel industry revealed by Illumina high-throughput sequencing [J]. Bioresource Technology, 2015, **179**: 436-443.
- [19] 高平平, 赵义, 赵立平. 焦化废水处理系统微生物群落结构动态的 ERIC-PCR 指纹图谱分析[J]. 环境科学学报, 2003, **23**(6): 705-710.
- [20] 曹军伟, 董纯明, 曹宏斌, 等. 焦化废水中酚降解菌及其降解基因的研究[J]. 环境科学, 2011, **32**(2): 560-566.
- [21] Quero G M, Luna G M. Diversity of rare and abundant bacteria in surface waters of the Southern Adriatic Sea [J]. Marine Genomics, 2014, **17**: 9-15.
- [22] McLellan S L, Huse S M, Mueller-Spitz S R, et al. Diversity and population structure of sewage derived microorganisms in wastewater treatment plant influent [J]. Environmental Microbiology, 2010, **12**(2): 378-392.
- [23] Zhao G, Ma F, Wei L, et al. Using rice straw fermentation liquor to produce biofloculants during an anaerobic dry fermentation process [J]. Bioresource Technology, 2012, **113**: 83-88.
- [24] Hu M, Wang X H, Wen X H, et al. Microbial community structures in different wastewater treatment plants as revealed by 454-pyrosequencing analysis [J]. Bioresource Technology, 2012, **117**: 72-79.
- [25] Ye L, Zhang T. Bacterial communities in different sections of a municipal wastewater treatment plant revealed by 16S rDNA 454 pyrosequencing[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2013, **97**(6): 2681-2690.

- [26] Ma Q, Qu Y Y, Zhang X W, *et al.* Identification of the microbial community composition and structure of coal-mine wastewater treatment plants [J]. *Microbiological Research*, 2015, **175**: 1-5.
- [27] Liu B B, Zhang F, Feng X X, *et al.* *Thauera* and *Azoarcus* as functionally important genera in a denitrifying quinoline-removal bioreactor as revealed by microbial community structure comparison[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2006, **55**(2): 274-286.
- [28] Wang P H, Leu Y L, Ismail W, *et al.* Anaerobic and aerobic cleavage of the steroid core ring structure by *Steroidobacter denitrificans*[J]. *The Journal of Lipid Research*, 2013, **54**(5): 1493-1504.
- [29] 李卫华, 孙英杰, 刘子梁, 等. 序批式生物反应器填埋场脱氮微生物多样性分析[J]. *环境科学*, 2016, **37**(1): 342-349.
- Li W H, Sun Y J, Liu Z L, *et al.* Analysis on diversity of denitrifying microorganisms in sequential batch bioreactor landfill [J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(1): 342-349.

《环境科学》编辑部关于启用编辑信息管理系统公告

《环境科学》编辑部已经开通本刊网站并启用编辑信息管理系统(网站地址:<http://www.hjkx.ac.cn>)。该系统能实现在线投稿、在线审稿、期刊浏览检索等功能,欢迎广大作者、读者和审稿专家使用。目前我刊所有来稿都通过网站编辑信息管理系统进行。作者使用编辑信息管理系统投稿时请先进行注册,注册完毕后以作者身份登录,按照页面上给出的提示投稿即可。如果您在使用过程中有问题,请及时与我刊编辑部联系。

邮政地址:北京市海淀区双清路18号《环境科学》编辑部

邮 编:100085

电 话:010-62941102,010-62849343

传 真:010-62849343

E-mail:hjkx@rcees.ac.cn

网 址:www.hjkx.ac.cn

CONTENTS

Scavenging Effect of Rime and East Wind on PM _{2.5} Under Air Heavy Pollution in Beijing	SUN Zhao-bin, LIAO Xiao-nong, WANG Zhan-shan, <i>et al.</i> (3679)
Impact of Collision Removal of Rainfall on Aerosol Particles of Different Sizes	DONG Qun, ZHAO Pu-sheng, CHEN Yi-na (3686)
Source Apportionment and Health Risk Assessment of VOCs During the Haze Period in the Winter in Beijing	LIU Dan, XIE Qiang, ZHANG Xin, <i>et al.</i> (3693)
Pollution Characteristics and Emission Coefficient of Volatile Organic Compounds from Shoe-making Industry in Zhejiang Province	XU Zhi-rong, YAO Yi, CAI Wei-dan, <i>et al.</i> (3702)
Oxidative Capacity of the PM ₁₀ and PM _{2.5} in Beijing During 2014 APEC	GUO Qian, SHAO Long-yi, WANG Wen-hua, <i>et al.</i> (3708)
Concentration, Water-Soluble Ionic and Polycyclic Aromatic Hydrocarbons Composition and Sources of PM _{2.5} During Summer in Hongshan District, Wuhan	SUN Yan, QI Shi-hua, ZHANG Li, <i>et al.</i> (3714)
Statistical Characteristics of Urban Changzhou PM _{2.5} Based on <i>k</i> -means Analysis	WANG Zhen, YU Yi-jun, XU Pu-qing, <i>et al.</i> (3723)
Comparison Test Between On-line Monitoring of Water-soluble Ions and Filter-based Manual Methods for PM _{2.5}	YANG Dong-yan, LIU Bao-xian, SHI Ai-jun, <i>et al.</i> (3730)
Chemical Composition of Water-soluble Ions in Smoke Emitted from Tree Branch Combustion	LIU Gang, HUANG Ke, LI Jiu-hai, <i>et al.</i> (3737)
Number Concentration and Size Distribution of Particles Emitted by Light-duty Gasoline Vehicles	FAN Xiao-xiao, JIANG Jing-kun, ZHANG Qiang, <i>et al.</i> (3743)
Testbed-Based Exhaust Emission Factors for Marine Diesel Engines in China	XING Hui, DUAN Shu-lin, HUANG Lian-zhong, <i>et al.</i> (3750)
Distribution, Source and Human Exposure of Phthalic Acid Esters (PAEs) in Surface Dust in Urban Area of Xi'an City, China	ZHANG Wen-juan, WANG Li-jun, WANG Li, <i>et al.</i> (3758)
Mercury Emission Characteristics and Mercury Concentrations of Municipal Solid Waste in Waste Incineration Plants	DUAN Zhen-ya, SU Hai-tao, WANG Feng-yang, <i>et al.</i> (3766)
Role of Sulfate-Reducing Bacteria in Mercury Methylation in Soil of the Water-Level-Fluctuating Zone of the Three Gorges Reservoir Area	CHEN Rui, CHEN Hua, WANG Ding-yong, <i>et al.</i> (3774)
Impact of Urbanization on the Sources of Dissolved <i>n</i> -alkane in Underground River	LIAO Yu, SUN Yu-chuan, SHEN Li-cheng, <i>et al.</i> (3781)
Source Apportionment and Ecological Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Surface Water from Yangtze River, China; Based on PMF Model	WANG Cheng-long, ZOU Xin-qing, ZHAO Yi-fei, <i>et al.</i> (3789)
Hydro-chemical Characteristics and Quality Assessment of Surface Water in Gongga Mountain Region	HE Xiao-li, WU Yan-hong, ZHOU Jun, <i>et al.</i> (3798)
UV-Visible Spectra Properties of DOM from Taizi River in Benxi City Section by Multivariable Analysis	QIAN Feng, WU Jie-yun, YU Hui-bin, <i>et al.</i> (3806)
Vertical Distribution Characteristics of Dissolved Organic Matter in Groundwater and Its Cause	HE Xiao-song, ZHANG Hui, HUANG Cai-hong, <i>et al.</i> (3813)
Sediment Characteristics of Sewer in Different Functional Areas of Kunming	CHANG Hai-dong, JIN Peng-kang, FU Bo-wen, <i>et al.</i> (3821)
Concentration of Phosphorus in Sediments Interstitial Water as Affected by Distribution of Aquatic Plants in Dianchi Lake	DING Shuai, WANG Sheng-rui, ZHANG Rui, <i>et al.</i> (3828)
Efficiency and Mechanism of Capping with Purple Parent Rocks to Control Phosphorus Release from Sediments	HUANG Xue-jiao, SHI Wen-hao, NI Jiu-pai, <i>et al.</i> (3835)
Temporal and Spatial Distribution of Phosphorus in Paddy Fields Under Cyclic Irrigation of Drainage Water	JIAO Ping-jin, XU Di, ZHU Jian-qiang, <i>et al.</i> (3842)
GO/QPEI Nanocomposite for Fast and High-capacity Removal of <i>M. Aeruginosa</i>	LI Jie, XIAO Lin (3850)
Enhanced Pollutant Removal Performance of an Integrated Biological Settling Tank from Micro-polluted Water Bodies	WANG Wen-dong, LIU Hui, MA Cui, <i>et al.</i> (3858)
Odorants Removal and Microbial Characteristics in Treatment of Micro-polluted Source Water with Biological Powdered Activated Carbon-Ultrafiltration Combined Process	XUAN Yong-qi, ZHOU Li, DENG Hui-ping, <i>et al.</i> (3864)
Effect of Polysilicic Acid on the Deposition Behavior of Different Aluminum Species	ZHAO Yuan-yuan, ZHANG Yue, LI Su-ying, <i>et al.</i> (3870)
Concentration Variation and Removal of Amino Acids in Typical Drinking Sources in the South of China	LIU Wei, CAI Guang-qiang, LU Xiao-yan, <i>et al.</i> (3877)
Degradation of the Nitrogenous Heterocyclic Compound Quinoline by O ₃ /UV	CHEN Ao-lei, CHANG Feng-min, WANG Cui-ping, <i>et al.</i> (3884)
Impact of Anthraquinone-2-sulfonic Acid on the MO Decolorization, Hydrogen Production and Energy Creation During Anaerobic Fermentation of <i>Klebsiella oxytoca</i> GS-4-08 with Sucrose	HU Jin-mei, YU Lei, HUANG Tian-yin (3891)
Classification and Analysis of Dissolved Organic Matter in 2-Buternal Manufacture Wastewater	SUN Xiu-mei, SONG Guang-qing, XI Hong-bo, <i>et al.</i> (3899)
Concentration of Nitrate in Main Anoxic Stage and PHA, TP Metabolism for Nitrogen and Phosphorus Removal in Single Sludge System with Continuous Flow	WANG Xiao-ling, YUAN Dong-dan, BAI Li, <i>et al.</i> (3906)
Distribution Characteristics of Anaerobic Ammonia Oxidation Bacteria in Sediments from the Adjacent Seas of Yangtze Estuary	FU Lu-lu, ZHEN Yu, HE Hui, <i>et al.</i> (3914)
Bacterial Community Composition of Activated Sludge from Coking Wastewater	MENG Xiao-jun, LI Hai-bo, CAO Hong-bin, <i>et al.</i> (3923)
Soil Bacterial Communities Under Different Vegetation Types in the Loess Plateau	LIU Yang, HUANG Yi-mei, ZENG Quan-chao (3931)
Effects of Phenol on Activity and Microfauna Community Structure of Activated Sludge	HU Xiao-bing, RAO Qiang, TANG Su-lan, <i>et al.</i> (3939)
Comparative Investigation of Antibiotic Resistance Genes Between Wastewater and Landfill Leachate	HUANG Fu-yi, LI Hu, AN Xin-li, <i>et al.</i> (3949)
Performance and Influencing Factors of Dissimilatory Nitrate Reduction to Ammonium Process by the Strain <i>Desulfonitrospira</i> sp. CMX	XIE Bing-ke, ZHANG Yu, WANG Xiao-wei, <i>et al.</i> (3955)
Effect of Straw Incorporation and Domestic Sewage Irrigation on Ammonia Volatilization from Paddy Fields	XU Shan-shan, HOU Peng-fu, FAN Li-hui, <i>et al.</i> (3963)
Seasonal Effect of Simulated Nitrogen Deposition on Soil Respiration and Soil Enzyme Activity in Masson Pine Forest in Mt. Jinyun, Chongqing, China	ZENG Qing-ping, HE Bing-hui, LI Yuan, <i>et al.</i> (3971)
Effects of Biochar Amendment and Irrigation on Denitrification Losses in Greenhouse Tomato Fields	ZHANG Wen-juan, SHE Dong-li, Gamareldawla H. D. Agbna, <i>et al.</i> (3979)
Effects of Soil Texture on Autotrophic CO ₂ Fixation Bacterial Communities and Their CO ₂ Assimilation Contents	WANG Qun-yan, WU Xiao-hong, ZHU Zhen-ke, <i>et al.</i> (3987)
Simulation of the Absorption, Migration and Accumulation Process of Heavy Metal Elements in Soil-crop System	SHI Ya-xing, WU Shao-hua, ZHOU Sheng-lu, <i>et al.</i> (3996)
Synergetic Control of Bioavailability of Pb, Cd and As in the Rice Paddy System by Combined Amendments	WANG Ying-jie, ZOU Jia-ling, YANG Wen-tao, <i>et al.</i> (4004)
Effects of Different Organic Materials on Bio-availability of Cd, Pb in a Contaminated Greenhouse Soil	ZHOU Gui-yu, JIANG Hui-min, YANG Jun-cheng, <i>et al.</i> (4011)
Effect of Montmorillonite on Fractions and Availability of Phosphorus in Soils Applied with Organic Fertilizer	SONG Xian-wei, ZHAO Xiu-lan, ZHANG Jin-zhong, <i>et al.</i> (4020)
Effect of Nano Zeolite on Chemical Fractions of Cd in Soil and Uptake by Chinese Cabbage at Different Soil pH and Cadmium Levels	QIN Yu-li, XIONG Shi-juan, XU Wei-hong, <i>et al.</i> (4030)
Characterization of Cr Tolerance and Accumulation in <i>Lolium perenne</i> L. and <i>Pharbitis purpurea</i> (L.) Voigt	DONG Bing-bing, CHEN You-yuan, HUI Hong-xia, <i>et al.</i> (4044)
<i>In vitro</i> Metabolism of Volatile Methyl Siloxanes	LI Min-dan, ZHENG Guo-mao, WAN Yi, <i>et al.</i> (4054)
Efficiency of Aerobic Co-composting of Urban Sludge and Chinese Medicinal Herbal Residues	SU Cheng-yuan, ZHENG Peng, RUAN Qi-hua, <i>et al.</i> (4062)

《环境科学》第6届编辑委员会

主 编: 赵进才

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 刘 毅 汤鸿霄 孟 伟 周宗灿 林金明
赵进才 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)

2016年10月15日 第37卷 第10期

ENVIRONMENTAL SCIENCE

(Monthly Started in 1976)

Vol. 37 No. 10 Oct. 15, 2016

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	赵进才	Editor-in -Chief		ZHAO Jin-cai
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	中国国际图书贸易集团有限公司 (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: 120.00元

国外发行代号: M 205

国内外公开发行