

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第38卷 第4期

Vol.38 No.4

2017

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

西宁近郊大气氮干湿沉降研究	许稳, 金鑫, 罗少辉, 冯兆忠, 张霖, 潘月鹏, 刘学军 (1279)
兰州春夏季 PM ₁₀ 碳组分昼夜变化特征与来源分析	马丽, 余晔, 王博, 赵素平, 李刚 (1289)
海南三亚大气颗粒物中水溶性无机离子浓度及其粒径分布特征	王璐, 刘子锐, 温天雪, 苗红妍, 王跃思 (1298)
2015年北京城区大气 PM _{2.5} 中 NH ₄ ⁺ 、NO ₃ ⁻ 、SO ₄ ²⁻ 及前体气体的污染特征	丁萌萌, 周健楠, 刘保献, 王焱, 张博韬, 石爱军, 杨懂艳, 常森 (1307)
北京市某垃圾焚烧厂周边大气二噁英污染特征及暴露风险	齐丽, 任玥, 刘爱民, 黄业茹, 赵震, 王江, 李泓 (1317)
北京和保定地区大气细颗粒物中可培养细菌的种群特征	胡亚东, 马安周, 吕鹏翼, 张杨, 庄国强 (1327)
基于实时交通数据的南京市主次干道机动车排放特征分析	李笑语, 吴琳, 邹超, 张意, 毛洪钧, 荆博宇 (1340)
过渡金属掺杂对铜锡烧绿石催化碳烟燃烧性能的影响	李曦峰, 孙宇琦, 王仲鹏, 牟宗刚, 崔兆杰 (1348)
南水北调中线北京段水质状况分析	徐华山, 赵磊, 孙昊苏, 任玉芬, 丁涛, 常帅, 王海东, 李森, 果钊 (1357)
三峡前置库汉丰湖试运行年水文水质变化特征	杨兵, 何丙辉, 王德宝 (1366)
基于偏最小二乘模型的河流水质对土地利用的响应	李琳琳, 张依章, 唐常源, 郑磊, 孟伟, 卢少勇, 敦宇 (1376)
抚仙湖夏季热分层时期水温及水质分布特征	王琳杰, 余辉, 牛勇, 牛远, 张有林, 刘倩, 吉正元 (1384)
千岛湖溶解氧与浮游植物垂向分层特征及其影响因素	俞焰, 刘德富, 杨正健, 张佳磊, 徐雅倩, 刘晋高, 严广寒 (1393)
高通量测序技术研究辽河真核浮游藻类的群落结构特征	王靖淇, 王书平, 张远, 林佳宁, 高欣, 臧小苗, 赵茜 (1403)
三门湾近海有机污染对浮游细菌群落的影响	戴文芳, 郭永豪, 郁维娜, 熊金波 (1414)
沉积物-水界面氮的源解析和硝化反硝化	金赞芳, 龚嘉临, 施伊丽, 金漫彤, 李非里 (1423)
广州南沙红树林湿地水体和沉积物中有机氯农药的残留特征	丁洋, 黄焕芳, 李绘, 罗杰, 郑煌, 孙焰, 杨丹, 张原, 祁士华 (1431)
太湖西岸河网沉积物中重金属污染特征及风险评价	边博, 周燕, 张琴 (1442)
锁磷剂对杭州西湖底泥磷释放的控制效果	朱广伟, 李静, 朱梦圆, 龚志军, 许海, 杨桂军, 张运林, 秦伯强 (1451)
超滤处理东江水不可逆膜污染物的识别和活性炭对其吸附去除	杨海燕, 王灿, 鄢忠森, 李冬平, 赵焱, 瞿芳术, 梁恒, 徐叶琴, 李圭白 (1460)
UV/SPS 降解水中三氯生的效能及动力学	李青松, 李学艳, 姚宁波, 骆靖宇, 李国新, 陈国元, 高乃云 (1467)
真空紫外-亚硫酸盐法降解 PFOS 影响因素	韩慧丽, 王宏杰, 董文艺 (1477)
g-C ₃ N ₄ 协同光催化还原 Cr(VI) 及氧化磺基水杨酸	李莉莉, 陈翠柏, 兰华春, 刘菲, 安晓强 (1483)
锆改性硅藻土吸附水中磷的研究	范艺, 王哲, 赵连勤, 吴德意 (1490)
3 种常规消毒方法对磺胺类抗性基因削减效果的比较	郑吉, 周振超, 陈芳, 陈涛, 魏媛媛, 韩玥, 陈红 (1497)
典型生活污水处理工艺对雌激素效应的去除	张秋亚, 马晓妍, 王晓昌, 游猛 (1506)
SRT 对酵母-SBR 处理油脂废水稳定性的影响	吕文洲, 张树林, 乔宇祥, 刘英 (1513)
分散染料 neocron black (NB) 的生物降解特性	杨波, 丁凤友, 徐辉, 李方, 田晴, 马春燕 (1520)
多聚磷酸盐激酶基因在污水生物除磷中的功能	南亚萍, 周国标, 袁林江 (1529)
生物膜短程硝化系统的恢复及其转化为 CANON 工艺的过程	付昆明, 周厚田, 苏雪莹, 王会芳 (1536)
厌氧氨氧化反应器脱氮性能及细菌群落多样性分析	曹雁, 王桐屿, 秦玉洁, 韩彬, 任君怡 (1544)
内环境调节层对厌氧生物反应器填埋场中氮转化的影响	何正坤, 宋博宇, 朱南文, 董军 (1551)
矿化垃圾中 Fe(III) 还原耦合 CH ₄ 厌氧去除特性	王立立, 何婷, 龙焰, 刘常宝 (1558)
应用铅同位素示踪研究泉州某林地垂直剖面土壤中重金属污染及来源解析	孙境蔚, 于瑞莲, 胡恭任, 苏光明, 王晓明 (1566)
畜禽粪便有机肥中重金属在土壤剖面中积累迁移特征及生物有效性差异	何梦媛, 董同喜, 茹淑华, 苏德纯 (1576)
山东省农田土壤多环芳烃的污染特征及源解析	葛蔚, 程琪琪, 柴超, 曾路生, 吴娟, 陈清华, 朱祥伟, 马东 (1587)
江汉平原典型土壤环境中有机磷农药的分布特征及影响因素	王建伟, 张彩香, 潘真真, 廖小平, 刘媛, 吕曲, 汤蜜 (1597)
基于生物有效性的农田土壤磷素组分特征及其影响因素分析	蔡观, 胡亚军, 王婷婷, 袁红朝, 王久荣, 李巧云, 葛体达, 吴金水 (1606)
秸秆还田对外源氮在土壤中转化及其微生物响应的影响	陈珊, 丁咸庆, 祝贞科, 王娟, 彭佩钦, 葛体达, 吴金水 (1613)
生物炭输入对城郊农业区农田地表反照率及土壤呼吸的影响	张阳阳, 胡学玉, 邹娟, 张迪, 陈威, 王向前, 陈窈君, 刘扬 (1622)
淹水水稻土消耗 N ₂ O 能力及机制	王玲, 邢肖毅, 秦红灵, 刘毅, 魏文学 (1633)
不同污水处理工艺非二氧化碳温室气体的释放	李惠娟, 彭党聪, 刘文博, 姚倩, 卓杨 (1640)
施用不同污泥堆肥品对土壤温室气体排放的影响	杨雨滢, 易建婷, 张成, 陈宏, 木志坚 (1647)
不同镉水平下纳米沸石对土壤 pH、CEC 及 Cd 形态的影响	迟苏琳, 徐卫红, 熊仕娟, 王卫中, 秦余丽, 赵婉伊, 张春来, 李彦华, 李桃, 张进忠, 熊治庭, 王正银, 谢德体 (1654)
不同作物对外源硒动态吸收、转运的差异及其机制	彭琴, 李哲, 梁东丽, 王梦柯, 郭璐 (1667)
褪黑素对水稻幼芽镍胁迫的缓解作用	刘仕翔, 黄益宗, 罗泽娇, 黄永春, 蒋航 (1675)
不同形态磺胺类药物在根-土界面的空间分布及毒性评价	金彩霞, 司晓薇, 王万峰, 王春峰, 王子英, 张琴文, 王婉 (1683)
三峡库区消落带沉积物对鱼体富集率的影响	孙松, 李楚娴, 张成, 王永敏, 王定勇 (1689)
重庆市居民头发重金属富集特征及相关性分析	何明靖, 李琦, 王登祥, 赵佳渊, 杨婷 (1697)
16S rRNA 高通量测序研究集雨窖水中微生物群落结构及多样性	杨浩, 张国珍, 杨晓妮, 武福平, 赵炜, 张洪伟, 张翔 (1704)
石墨烯掺杂聚苯胺阳极提高微生物燃料电池性能	黄力华, 李秀芬, 任月萍, 王新华 (1717)
美国污染场地清理的风险评估简介及政策制定	容跃 (1726)
《环境科学》征稿简则 (1505) 《环境科学》征订启事 (1682) 信息 (1339, 1459, 1612)	

厌氧氨氧化反应器脱氮性能及细菌群落多样性分析

曹雁¹, 王桐屿¹, 秦玉洁^{1,2,3*}, 韩彬¹, 任君怡¹

(1. 华南理工大学环境与能源学院, 广州 510006; 2. 华南理工大学工业聚集区污染控制与生态修复教育部重点实验室, 广州 510006; 3. 华南理工大学广东省大气环境与污染控制重点实验室, 广州 510006)

摘要: 采用提高进水 NH_4^+ -N和 NO_2^- -N浓度的方式将上流式厌氧过滤床(UBF)反应器的容积负荷由 $0.52 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$ 增大至 $2.75 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$, NH_4^+ -N、 NO_2^- -N和TN的去除率也相应地分别从76.18%、53.47%、55.66%增大至94.04%、86.97%、82.96%。同时, 采用Illumina高通量测序分析技术, 对UBF厌氧氨氧化反应器内微生物的分布规律进行了研究。结果表明, 反应器中的脱氮细菌较为丰富, 其中变形菌门、浮霉菌门和硝化螺旋菌门分别占27.9%~39.9%、1.1%~26.4%和0.035%~0.188%。反应器运行过程中, 反应器中的浮霉菌门Planctomycetes和变形菌门Proteobacteria分别由1.1%、27.9%增加至26.4%、39.9%。其中, 浮霉菌门的丰度增大最为显著, 其包含的Brocadiaceae科达到了24.57%, 成为优势菌群, Brocadiaceae科主要包含Candidatus brocadia属。Alpha多样性指数和物种相对丰度聚类图分析表明反应器内微生物群落多样性逐渐减小, 微生物群落结构产生了显著变化。

关键词: 上流式厌氧过滤床反应器; 厌氧氨氧化; 高通量测序; 厌氧氨氧化菌; 群落多样性

中图分类号: X172; X703.1 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2017)04-1544-07 DOI: 10.13227/j. hjkx. 201610081

Nitrogen Removal Characteristics and Diversity of Microbial Community in ANAMMOX Reactor

CAO Yan¹, WANG Tong-yu¹, QIN Yu-jie^{1,2,3*}, HAN Bin¹, REN Jun-yi¹

(1. College of Environment and Energy, South China University of Technology, Guangzhou 510006, China; 2. The Key Laboratory of Pollution Control and Ecosystem Restoration in Industry Clusters, Ministry of Education, South China University of Technology, Guangzhou 510006, China; 3. Guangdong Provincial Key Laboratory of Atmospheric Environment and Pollution Control, South China University of Technology, Guangzhou 510006, China)

Abstract: The volume loading of upflow blanket filter increased from $0.52 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$ to $2.75 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$ by improving the influent NH_4^+ -N and NO_2^- -N concentrations. The removal efficiency of NH_4^+ -N, NO_2^- -N and TN increased from 76.18%, 53.47%, 55.66% to 94.04%, 86.97%, 82.96% respectively. Meanwhile, the microbial community of UBF ANAMMOX reactor was analyzed by Illumina high-throughput sequencing during the initial and later operational process. The results indicated that the denitrifying bacteria coexisted in the reactor. The percentages of Planctomycetes, Proteobacteria and Nitrospirae in the sludge were 27.9%-39.9%, 1.1%-26.4% and 0.035%-0.188%, respectively. The proportions of Planctomycetes and Proteobacteria increased from 1.1%, 27.9% in the enrichment stage to 26.4%, 39.9% in the stable operation stage respectively. In addition, Planctomycetes increased significantly. The proportion of Brocadiaceae reached 24.57%. Therefore, Brocadiaceae became the dominant bacteria in the phylum Planctomycete, which contained Candidatus brocadia. The alpha diversity index and relative abundance of clustering figure indicated that the diversity of microbial community decreased gradually and the structure of microbial community changed obviously.

Key words: upflow blanket filter; ANAMMOX; high-throughput sequencing; ANAMMOX bacteria; microbial community diversity

20世纪90年代, 荷兰的Mulder等^[1]在处理工业废水的反硝化流化床中发现了一种新型细菌——厌氧氨氧化细菌(anaerobic ammonia oxidation bacteria, AnAOB)。该类细菌可以在缺氧条件下以亚硝酸盐为电子受体将氨氮转化为氮气。1999年, Strous等^[2]采用密度梯度离心法成功分离了AnAOB菌株, 并通过16S rRNA基因测序, 确认了AnAOB是浮霉菌的成员。

与传统的硝化反硝化工艺相比, 厌氧氨氧化(anaerobic ammonia oxidation, ANAMMOX)工艺具有无需外加碳源和供氧动力消耗, 反应过程中 CO_2 排

放量少和剩余污泥产量少等优点^[3]。目前该工艺已经用于高氨氮工业废水的处理中, 如污泥消化液、垃圾渗滤液和养猪场废水等^[4~6]。

厌氧氨氧化工艺虽然有诸多优点, 但AnAOB生长缓慢, 倍增时间为7~22 d, 导致ANAMMOX反应器启动时间长^[7], 是限制厌氧氨氧化工艺大规模

收稿日期: 2016-10-14; 修订日期: 2016-11-15

基金项目: 国家自然科学基金项目(51578244); 广东省省级科技计划项目(2014A050503025); 中央高校基本科研业务费专项基金项目(2014ZM0085)

作者简介: 曹雁(1991~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为废水生物处理, E-mail: cy1110@163.com

* 通信作者, E-mail: qinyujie@scut.edu.cn

应用的最主要因素^[8]. 因此,选择合适的反应器,减少 AnAOB 的流失,是成功应用厌氧氨氧化工艺的关键^[9]. 目前,用于厌氧氨氧化技术的反应器有上流式污泥床反应器(USB)^[10]、批序式间歇反应器(SBR)^[11]和厌氧折流板反应器(ABR)^[12]等. 本实验选择上流式厌氧过滤床反应器(upflow blanket filter, UBF),UBF 反应器是由(上流式污泥床)USB和厌氧过滤器(AF)构成的复合式反应器,具有良好的生物截留能力和易形成颗粒污泥等特点.

AnAOB 至今仍未获得人工的纯培养,而高通量测序技术的发展为鉴定环境中的微生物群落的多样性提供了有力的工具^[13~15]. 本研究采用 Illumina Hisep PE250 测序平台对 UBF 厌氧氨氧化反应器内的微生物进行高通量测序,分析了 ANAMMOX 反应器内微生物的分布情况,以期 ANAMMOX 反应器内微生物群落相对丰度及群落结构变化提供理论依据.

1 材料与方法

1.1 实验装置

反应器为 UBF 厌氧氨氧化反应器,由有机玻璃制成,呈圆柱形,总容积为 3.94 L,有效容积为 2.1 L,直径为 8 cm,总高度为 66 cm,内置 20 cm 高的填料层,外裹黑布,避免光对厌氧氨氧化菌的抑制. 废水通过蠕动泵从反应器的底部连续泵入,与污泥混合后,反应生成的气体从反应器顶部的排气孔排出,出水由反应器上部的溢流堰流出. 进水 pH 控制在 7.1~7.8,在常温条件下启动. 实验装置如图 1 所示.

1.2 接种污泥和实验用水

反应器接种污泥来自广州市沥滘污水处理厂缺氧池,接种量为 800 mL.

实验采用模拟废水,主要成分为 NH_4Cl 和 NaNO_2 ,其浓度按实验需要添加. 其它成分为: NaHCO_3 1 000 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, $\text{MgSO}_4\cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 473 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, $\text{CaCl}_2\cdot 2\text{H}_2\text{O}$ 180 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, KH_2PO_4 27 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$,微量元素 I 1 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 和微量元素 II 1 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$. 其中微量元素 I 为: EDTA 5 000 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 和 $\text{FeSO}_4\cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 5 000 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$. 微量元素 II 为: $\text{ZnSO}_4\cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 430 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, $\text{GuSO}_5\cdot 5\text{H}_2\text{O}$ 240 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, $\text{MnCl}_2\cdot 4\text{H}_2\text{O}$ 990 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, $\text{NiCl}_2\cdot 6\text{H}_2\text{O}$ 190 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, $\text{CoCl}_2\cdot 6\text{H}_2\text{O}$ 24 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$. 进水 pH 值用盐酸调节为 7.1~7.8.

1.3 水样检测方法

氨氮:纳氏试剂分光光度法;亚硝氮:*N*-(1-萘基)-乙二胺光度法;硝氮:紫外分光光度法^[16];总氮

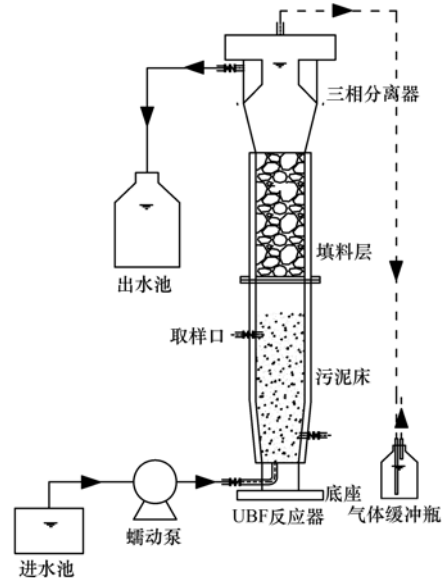


图 1 实验装置示意

Fig. 1 Schematic diagram of experimental equipment

为氨氮、亚硝氮和硝氮之和;pH 值采用 pH 计测定.

1.4 微生物群落多样性检测方法

1.4.1 DNA 提取

反应器运行至第 54 d 时取下层污泥 20 mL(标记为 CYR110,文中表示富集阶段),此时污泥高度为 19.6 cm. 第 83 d 时分别取上层污泥(标记为 CYR111)和下层污泥(标记为 CYR112,文中表示稳定运行阶段)各 20 mL,此时污泥高度为 24.4 cm. 下层污泥的取样口距离底部 4.4 cm,上层污泥的取样口距离底部 20.7 cm. 采用 Powersoil 土壤 DNA 提取试剂盒提取基因组 DNA. 提取的 DNA 使用琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 纯度,使用 Nanodrop 检测 DNA 浓度.

1.4.2 PCR 扩增

采用 16S rRNA V4 区通用引物,引物序列为 515F 5'-GTGCCAGCMGCCGCGTAA-3'和 806R 5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3',扩增片段大小为 300bp 左右. 采用 PCR 仪对细菌 16S rRNA 基因进行 PCR 扩增,扩增反应体系(60 μL)为 10x Ex Taq Buffer 6 μL , dNTP 6 μL , BSA 0.6 μL , Ex Taq 0.3 μL , Primer F 1.2 μL , Primer R 1.2 μL , DNA 1 μL , ddH₂O 43.7 μL . 按照 PCR 反应条件(94℃ 5 min, 94℃ 30 s, 52℃ 30 s, 72℃ 45 s, 72℃ 10 min)进行, 31 Cycles PCR 完成后利用琼脂糖凝胶电泳检测扩增产物.

1.4.3 Illumina 高通量测序

采用 Illumina Hisep PE250 测序平台对采集的样品进行高通量测序.

1.4.4 数据处理分析方法

采用 Origin 7.5 和 AutoCAD 2007 软件绘制图,并采用 SPSS 19.0 (IBM Inc, USA) 软件对数据进行分析。

2 结果与讨论

2.1 反应器的脱氮性能

反应器运行至第 54d 时,保持 HRT 为 8h 不变,以提高进水 NH_4^+ -N 和 NO_2^- -N 浓度的方式增大反应器的容积负荷,此时 NH_4^+ -N、 NO_2^- -N 和 TN 的去除率分别为 76.18%、53.47% 和 55.66%,总氮容积负荷和去除负荷分别为 $0.56 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$ 和 $0.29 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$ 。当反应器运行至第 83 d 时, NH_4^+ -N、 NO_2^- -N 和 TN 的去除率分别为 99.4%、93.1% 和 82.8%,总氮容积负荷和去除负荷分别为 $1.25 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$ 和 $1.04 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$,说明反应器启动成功。由图 2 可以看出, NH_4^+ -N、 NO_2^- -N 浓度和 NLR 呈梯度升高。当反应器的总氮容积负荷由 $0.52 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$ 增大至 $2.75 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$ 时, TN 的去除率由 55.66% 增大至 82.96%。蒋军等^[17]研究表明,当反应器的容积负荷由 $0.21 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$ 增大至 $0.84 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$ 时, TN 的去除率由 67.98% 减小至 50.4%,与本研究结果有较大差异,可能与实验装置和反应条件有关。实验的前 40 多天,出水中的 NH_4^+ -N 和 NO_2^- -N 浓度较稳定,分别在 $0 \sim 30 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $4 \sim 53 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 之间波动。当进水 NH_4^+ -N 和 NO_2^- -N 浓度分别增大至 240

$\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $300 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 时,出水中的 NH_4^+ -N 和 NO_2^- -N 浓度有所增大,但增大幅度较小,通过降低进水的 pH 值,出水中的 NH_4^+ -N 和 NO_2^- -N 浓度经过 1 d 分别降低至 $0 \sim 10 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $15 \sim 30 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 之间。随着进水 NH_4^+ -N 和 NO_2^- -N 浓度的继续增大,当进水 NH_4^+ -N 和 NO_2^- -N 浓度分别达到 $330 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $430 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 时,反应器出水水质突然恶化,出水的 NH_4^+ -N 和 NO_2^- -N 浓度分别增大至 $89 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $163 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。此时 NH_4^+ -N 和 NO_2^- -N 的去除率分别为 73.0% 和 62.1%,此时厌氧氨氧化菌的活性受到抑制。Dapena-Mora 等^[18]研究发现当 NO_2^- -N 浓度达到 $350 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 时,厌氧氨氧化菌的活性会降低 50%。在不同研究中, NO_2^- -N 对厌氧氨氧化菌的抑制浓度是不同,这可能与菌种及操作条件有关。为了较快地恢复反应器的脱氮性能,将进水 NH_4^+ -N 和 NO_2^- -N 浓度分别降低至 $310 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $400 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。经过 7 d 的恢复期,出水中的 NH_4^+ -N 和 NO_2^- -N 浓度分别降低至 $16 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $56 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, NH_4^+ -N 和 NO_2^- -N 的去除率分别恢复至 95.0% 和 86.6%。研究表明, NO_2^- -N 毒性显著强于 NH_4^+ -N,在进水 NO_2^- -N 浓度较高或进水 NO_2^- -N/ NH_4^+ -N 相对较高的条件下,反应器性能易因基质抑制而失稳^[19, 20]。

2.2 ANAMMOX 反应器微生物群落多样性研究

2.2.1 Alpha 多样性指数分析

由 Observed species 和 Chao1 指数可知(见表

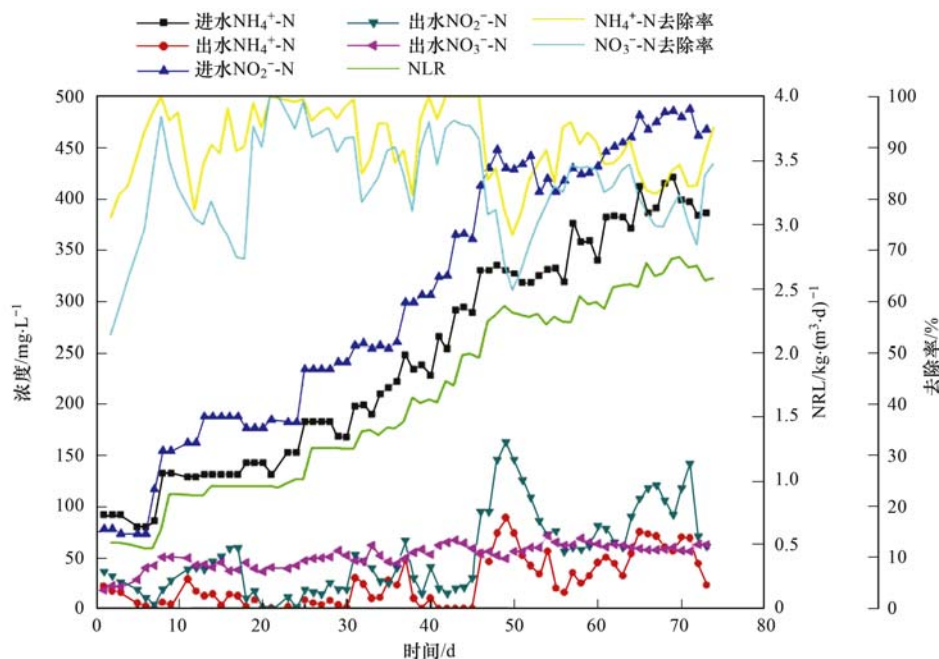


图2 ANAMMOX 反应器的脱氮性能

Fig. 2 Nitrogen removal performance of ANAMMOX reactor

1),富集阶段反应器内的微生物群落相对丰度要高于稳定运行阶段,而在稳定运行阶段,反应器内的上层微生物群落相对丰度要高于下层,说明反应器内的微生物经过一段时间的驯化后,部分微生物适应不了无机厌氧环境而逐渐死亡,造成微生物的丰度降低. 由 PD whole tree、Shannon 和 Simpson 指数可知(见表 1),富集阶段反应器内的微生物群落多样

性要高于稳定运行阶段,而稳定运行阶段反应器内的上层微生物群落多样性要高于下层,说明反应器内的 AnAOB 经过一段时间的驯化后形成了优势种群,导致微生物群落多样性的减少. 由于废水是从反应器的底部泵入,因此反应器下层的 AnAOB 最先被驯化成优势种群,因而下层的微生物群落多样性要低于上层.

表 1 生物多样性分析
Table 1 Biodiversity analysis

样品	PD whole tree 指数	Chao1 指数	Observed species 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
CYR110	136	3 849	2 633	8. 89	0. 982 839 628 487 7
CYR111	121	3 332	2 152	8. 10	0. 977 692 421 387 3
CYR112	106	2 531	1 758	7. 14	0. 941 050 849 681

2. 2. 2 门水平物种相对丰度分析

由图 3 可知,所测得的相对丰度大于等于 1% 的门隶属于 14 个门. 其中,富集阶段反应器中的微生物主要以变形菌门 Proteobacteria、拟杆菌门 Bacteroidetes、绿弯菌门 Chloroflexi、泉古菌门 Crenarchaeota 和广古菌门 Euryarchaeota 为主,稳定运行阶段反应器中的微生物主要以变形菌门 Proteobacteria、拟杆菌门 Bacteroidetes、绿弯菌门 Chloroflexi 和浮霉菌门 Planctomycetes 为主,反应器中的浮霉菌门和变形菌门有了明显的增加,分别由 1. 1%、27. 9% 增加到了 26. 4%、39. 9%. 而拟杆菌门、绿弯菌门、泉古菌门和广古菌门都明显减少. 反应器上下层物种相对丰度有明显的差异. 底部的浮霉菌门明显比上层多,而上层的拟杆菌门要比底部多.

2. 2. 3 科水平物种相对丰度分析

由图 4 可知,所测得的相对丰度大于等于 1% 的科隶属于 21 个科,其中,富集阶段反应器中的微生物主要以厌氧蝇菌科 Anaerolinaceae、红环菌科 Rhodocyclaceae、丛毛单孢菌科 Comamonadaceae 为主. 稳定运行阶段反应器中的上层污泥主要以厌氧蝇菌科 Anaerolinaceae、红环菌科 Rhodocyclaceae、丛毛单孢菌科 Comamonadaceae 和 Brocadiaceae 为主,下层污泥主要以厌氧蝇菌科 Anaerolinaceae、红环菌科 Rhodocyclaceae、丛毛单孢菌科 Comamonadaceae、黄单胞菌科 Xanthomonadaceae 和 Brocadiaceae 为主. 反应器中的厌氧蝇菌科 Anaerolinaceae、甲烷丝状菌科 Methanosaetaceae、WSA2、腐螺旋菌科 Saprospiraceae、热孢菌科 Thermotogaceae 和互营菌科 Syntrophaceae 有明显的

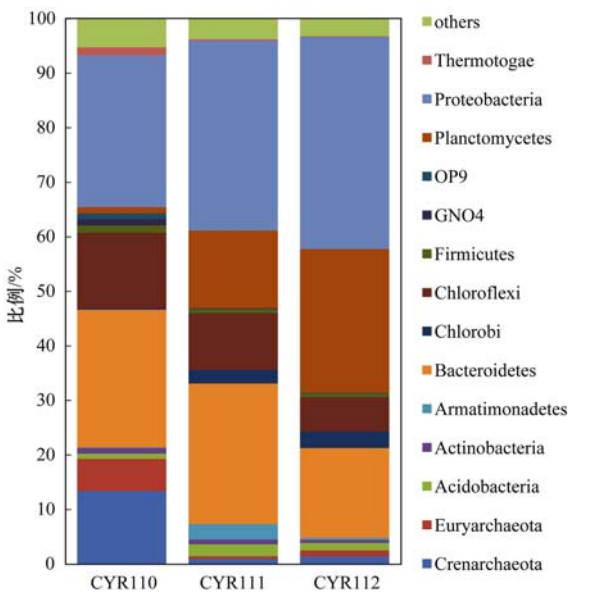


图 3 门水平物种相对丰度分布
Fig. 3 Relative abundance distribution at phylum level

减少,其中 WSA2、腐螺旋菌科 Saprospiraceae、热孢菌科 Thermotogaceae 和互营菌科 Syntrophaceae 在稳定运行阶段几乎看不到. 而红环菌科 Rhodocyclaceae、丛毛单孢菌科 Comamonadaceae、黄单胞菌科 Xanthomonadaceae 和 Brocadiaceae 有了明显的增加,其中 Brocadiaceae 增加最为显著,由 0. 074 6% 增加到了 24. 572 7%. 反应器上层 Brocadiaceae 占 12. 486 9%,下层占 24. 572 7%,下层 Brocadiaceae 的丰度明显比上层高. Brocadiaceae 属于浮霉菌门下的一个科,已出现的厌氧氨氧化菌主要来自于这个科^[21]. 由此可知,厌氧氨氧化反应器经过一段时间的运行后,反应器中的厌氧氨氧化微生物明显增加了. 而反应器下层的厌氧氨氧化微生物

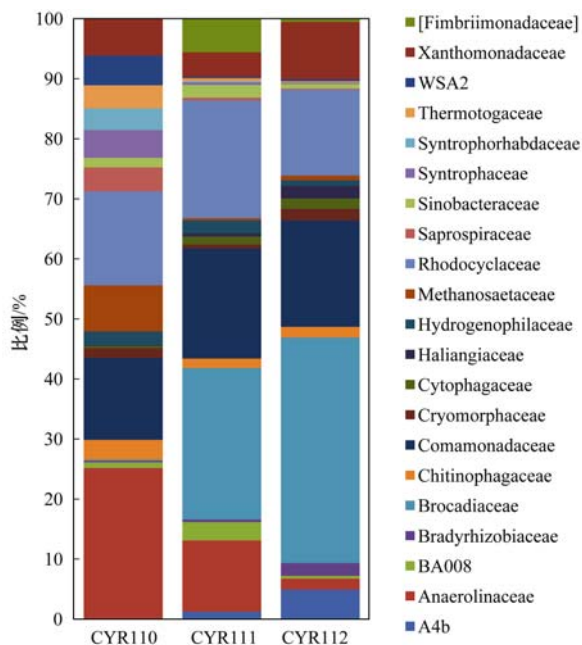


图4 科水平物种相对丰度分布

Fig. 4 Relative abundance distribution at family level

物明显比上层高。

2.2.4 物种相对丰度热图分析

由图5可知,稳定运行阶段的下层污泥中的 Brocadiaceae、噬纤维菌科 Cytophagaceae、丛毛单胞菌科 Comamonadaceae、SB1、黄单胞菌科 Xanthomonadaceae、慢生根瘤菌科 Bradyrhizobiaceae、A4b、Haliangiaceae、Cryomorphaceae、生丝微菌科 Hyphomicrobiaceae 群落相对丰度要比上层高,其中,上层污泥中的 Brocadiaceae、噬纤维菌科 Cytophagaceae、丛毛单胞菌科 Comamonadaceae、SB1 群落相对丰度要比富集阶段高。相反,富集阶段反应器中的热袍菌科 Thermotogaceae、互营杆菌科 Syntrophobacteraceae、Syntrophorhabdaceae、互营菌科 Syntrophaceae、腐螺旋菌科 Saprospiraceae、WSA2、甲烷丝状菌科 Methanosaetaceae、甲烷杆菌科 Methanobacteriaceae、厌氧蝇菌科 Anaerolinaceae、暖蝇菌科 Caldilineaceae、肉杆菌科 Carnobacteriaceae 群落相对丰度要比稳定运行阶段高。总体来看,富集阶段反应器内的微生物群落结构与稳定运行阶段相比相差很大,而稳定运行阶段反应器上下层的微生物群落结构也有较大的差异。Chen 等^[12]研究表明 ABR 厌氧氨氧化反应器各隔室的微生物群落结构存在较大的差异,与本研究结果相符。

2.2.5 脱氮细菌多样性分析

通过高通量的扩增子测序,共鉴定出门的细菌

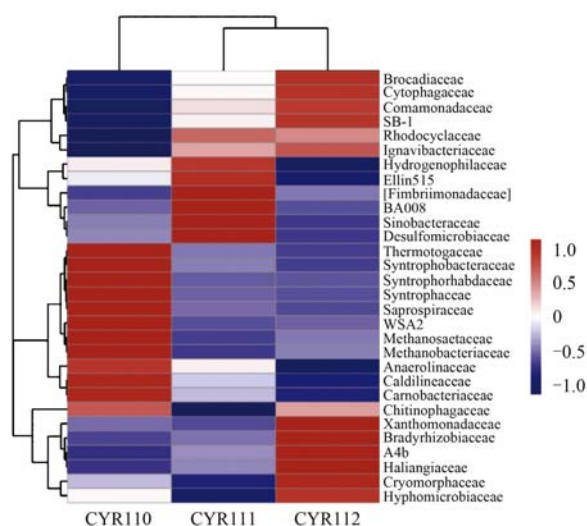


图5 物种相对丰度聚类(科水平)

Fig. 5 Clustering of relative abundance

40 种。其中,涉及到脱氮细菌的有变形菌门、浮霉菌门和硝化螺旋菌门 3 种,变形菌门丰度最高,与多数厌氧氨氧化反应器微生物群落分布情况相一致^[9, 22, 23]。

在变形菌门中,富集阶段的样品中共鉴定出属的细菌 67 种,占据比例较高的是陶厄氏菌属 *Thauera* (1.532%)、*Dok59* (1.318%)、*Thibacillus* 硫杆菌属 (0.888%) 和互营杆菌属 *Syntrophobacter* (0.650%)。稳定运行阶段的上层污泥样品中共鉴定出属的细菌 56 种,占据比例较高的是 *Dok59* 属 (4.644%)、*Thauera* 属 (2.560%)、*Thibacillus* 属 (1.074%) 和脱硫微菌属 *Desulfomicrobium* (0.923%)。稳定运行阶段的下层污泥样品中共鉴定出属的细菌 54 种,占据比例较高的是 *Dok59* 属 (6.014%)、*Thauera* 属 (1.447%)、*Thibacillus* 属 (0.638%) 和 *Thermomonas* 属 (0.503%)。变形菌门中属的细菌多样减小。*Thauera* 属、*Dok59* 属和 *Thibacillus* 属丰度最高,其中 *Thauera* 属和 *Thibacillus* 属是 β -变形菌纲中的反硝化细菌。此外,富集阶段的样品中只检测出 *Nitrososivibrio* 这一种氨氧化细菌 (AOB),仅占 0.011%,属于 β -变形菌亚纲。AOB 属于能够在有氧条件下将氨氧化为亚硝酸盐的化能无机自养型细菌。本实验装置没有专门的除氧设备,因此会伴随有少量的氧气进入反应器中为 AOB 提供有氧环境。由图6可以看出, $\Delta\text{NO}_2^- - \text{N} / \Delta\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 值在最初的 10 d 由 0.60 增大至 1.31,然后在 1.05 ~ 1.41 之间波动。 $\Delta\text{NO}_3^- - \text{N} / \Delta\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 值在最初的 10 d 由 0.22 增大至 0.44,然后逐渐减小至 0.15。说明富集阶段部分 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 被 AOB 转化为亚

硝酸盐. 而稳定运行阶段的 $\Delta\text{NO}_2^- \text{-N} / \Delta\text{NH}_4^+ \text{-N}$ 值较接近理论值 1.32^[24], 说明此时 $\text{NH}_4^+ \text{-N}$ 几乎全部由 AnAOB 所利用.

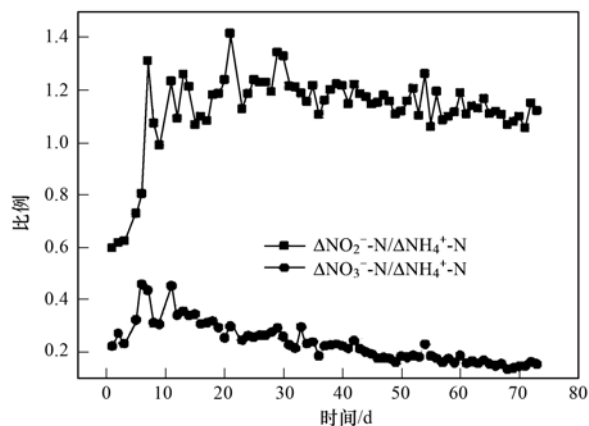


图 6 3 种氮素的比值变化

Fig. 6 Ratio variation of three forms of nitrogen

硝化螺旋菌门是测序得到的三大脱氮细菌门中所占比例最小的, 在 0.035% ~ 0.188% 之间, 富集阶段的含量最高(0.188%). 推测富集阶段的 AOB 将部分氨转化为亚硝酸盐, 导致剩余亚硝酸盐的积累, 而硝化螺旋菌门是亚硝化反应的主要微生物, 因此含量高于稳定运行阶段. 在硝化螺旋菌门中, 共鉴定出 2 种属的细菌, 分别为 *GOUTA19* 和 *Nitrospira*, 其中, *Nitrospira* 为亚硝酸盐氧化细菌 (NOB), 所占比例在 0.023% ~ 0.174% 之间, 富集阶段的含量最高(0.174%). 推测富集阶段的 AOB 将部分氨转化为亚硝酸盐, 导致剩余亚硝酸盐的积累, 而 NOB 可将亚硝酸盐氧化为硝酸盐, 因此含量高于稳定运行阶段.

在浮霉菌门中共鉴定出属的细菌 5 种, 分别为 *Gemmatia*、*A17*、*Pirellula*、*Planctomyces*、*Candidatus brocadia*, 其中, *Candidatus brocadia* 所占的比例最高, 在 0.011% ~ 1% 之间. 稳定运行阶段 *Candidatus brocadia* 所占的比例(1%) 高于富集阶段(0.011%), 与稳定运行阶段的去除负荷 $1.04 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$ 高于富集阶段 $0.29 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$ 相一致. *Candidatus brocadia* 属是第一个被富集鉴定的 AnAOB^[25], 属于 Brocadiaceae 科. 而属于 Brocadiaceae 科的 96% 序列通过 BLAST 进行序列比对发现与多条序列同源性相似, 因此无法确定是哪一种属. 推测未分类菌属中可能含有未鉴定出的 AnAOB 新种.

3 结论

(1) 采用提高进水 $\text{NH}_4^+ \text{-N}$ 和 $\text{NO}_2^- \text{-N}$ 浓度的方式

将 ANAMMOX 反应器的容积负荷由 $0.52 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$ 增大至 $2.75 \text{ kg} \cdot (\text{m}^3 \cdot \text{d})^{-1}$, $\text{NH}_4^+ \text{-N}$ 、 $\text{NO}_2^- \text{-N}$ 和 TN 的去除率分别从 76.18%、53.47%、55.66% 增大至 94.04%、86.97%、82.96%, AnAOB 成功富集.

(2) 由 Alpha 多样性指数分析可知, 反应器富集阶段的微生物群落相对丰度和群落多样性要高于稳定运行阶段, 而在稳定运行阶段, 反应器内的上层微生物群落相对丰度和群落多样性要高于下层.

(3) 由门水平物种相对丰度分析可知, 反应器中的浮霉菌门和变形菌门有明显的增加, 其中, 浮霉菌门的丰度增大最为显著. 反应器底部的浮霉菌门明显比上层多, 而上层的拟杆菌门要比底部多. 由科水平物种相对丰度分析可知, 反应器富集阶段以厌氧蝇菌科的相对丰度最高, 为 9.47%. 稳定运行阶段 Brocadiaceae 的相对丰度最高, 达到了 24.57%, 成为优势菌群.

(4) 由物种相对丰度热图分析可知, 富集阶段的微生物群落结构与稳定运行阶段相比相差很大, 而稳定运行阶段反应器上下层微生物群落结构也有较大的差异.

(5) 由测序结果可知, 稳定运行阶段 UBF 厌氧氨氧化反应器中的脱氮细菌较为丰富, 其中变形菌门、浮霉菌门和硝化螺旋菌门分别占 39.9%、26.4% 和 0.188%. 变形菌门中占据比例较高的是 *Dok59* 属、*Thauera* 属、*Thibacillus* 属和 *Thermomonas* 属. 浮霉菌门主要包含 *Candidatus brocadia*.

参考文献:

- [1] Mulder A, van de Graaf A A, Robertson L A, et al. Anaerobic ammonium oxidation discovered in a denitrifying fluidized bed reactor[J]. FEMS Microbiology Ecology, 1995, **16**(3): 177-184.
- [2] Strous M, Fuerst J A, Kramer E H M, et al. Missing lithotroph identified as new planctomycete [J]. Nature, 1999, **400**(6743): 446-449.
- [3] Lotti T, van der Star W R L, Kleerebezem R, et al. The effect of nitrite inhibition on the Anammox process[J]. Water Research, 2012, **46**(8): 2559-2569.
- [4] Liang Z, Liu J X. Landfill leachate treatment with a novel process: anaerobic ammonium oxidation (Anammox) combined with soil infiltration system[J]. Journal of Hazardous Materials, 2008, **151**(1): 202-212.
- [5] van Dongen U, Jetten M S M, Van Loosdrecht M C M. The sharon-anammox process for treatment of ammonium rich wastewater[J]. Water Science and Technology, 2001, **44**(1): 153-160.
- [6] 王欢, 李旭东, 曾抗美. 猪场废水厌氧氨氧化脱氮的短程硝化反硝化预处理研究[J]. 环境科学, 2009, **30**(1): 114-119.

- Wang H, Li X D, Zeng K M. Nitrification-denitrification process as a pretreatment of ANAMMOX to remove nitrogen from piggery wastewater[J]. *Environmental Science*, 2009, **30**(1): 114-119.
- [7] Kartal B, de Almeida N M, Maalcke W J, *et al.* How to make a living from anaerobic ammonium oxidation [J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2013, **37**(3): 428-461.
- [8] 丁爽, 郑平, 唐崇俭, 等. 三种接种物启动 Anammox-EGSB 反应器的性能[J]. *生物工程学报*, 2011, **27**(4): 629-636.
Ding S, Zheng P, Tang C J, *et al.* Performances of Anammox-EGSB bioreactors started up with three different seeding sludges [J]. *Chinese Journal of Biotechnology*, 2011, **27**(4): 629-636.
- [9] 陈重军, 张海芹, 汪瑶琪, 等. 基于高通量测序的 ABR 厌氧氨氧化反应器各隔室细菌群落特征分析[J]. *环境科学*, 2016, **37**(7): 2652-2658.
Chen C J, Zhang H Q, Wang Y Q, *et al.* Characteristics of microbial community in each compartment of ABR ANAMMOX reactor based on high-throughput sequencing[J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(7): 2652-2658.
- [10] 秦玉洁, 周少奇, 朱明石. 厌氧氨氧化反应器微生态的研究[J]. *环境科学*, 2008, **29**(6): 1638-1643.
Qin Y J, Zhou S Q, Zhu M S, *et al.* Microecology of the anaerobic ammonium oxidation reactor [J]. *Environmental Science*, 2008, **29**(6): 1638-1643.
- [11] De Lille M V, Berkhout V, Fröba L, *et al.* Ammonium estimation in an ANAMMOX SBR treating anaerobically digested domestic wastewater[J]. *Chemical Engineering Science*, 2015, **130**: 109-119.
- [12] Chen C J, Sun F Q, Zhang H Q, *et al.* Evaluation of COD effect on anammox process and microbial communities in the anaerobic baffled reactor (ABR) [J]. *Bioresource Technology*, 2016, **216**: 571-578.
- [13] 唐霁旭, 王志伟, 马金星, 等. 454 高通量焦磷酸测序法鉴定膜生物反应器膜污染优势菌种[J]. *微生物学通报*, 2014, **41**(2): 391-398.
Tang J X, Wang Z W, Ma J X, *et al.* Identifying predominant strains causing membrane biofouling by using 454 high-throughput pyrosequencing[J]. *Microbiology China*, 2014, **41**(2): 391-398.
- [14] Isanta E, Bezerra T, Fernández I, *et al.* Microbial community shifts on an anammox reactor after a temperature shock using 454-pyrosequencing analysis [J]. *Bioresource Technology*, 2015, **181**: 207-213.
- [15] Cao S B, Du R, Li B K, *et al.* High-throughput profiling of microbial community structures in an ANAMMOX-UASB reactor treating high-strength wastewater[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2016, **100**(14): 6457-6467.
- [16] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法[M]. (第四版). 北京: 中国环境科学出版社, 2002.
- [17] 蒋军, 吴立波, 付丽霞, 等. 容积负荷对厌氧氨氧化反应器运行影响的研究[J]. *环境工程学报*, 2010, **4**(2): 283-287.
Jiang J, Wu L B, Fu L X, *et al.* Study on influence of volume loading on running of ANAMMOX reactor[J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2010, **4**(2): 283-287.
- [18] Dapena-Mora A, Fernández I, Campos J L, *et al.* Evaluation of activity and inhibition effects on Anammox process by batch tests based on the nitrogen gas production[J]. *Enzyme and Microbial Technology*, 2007, **40**(4): 859-865.
- [19] Jin R C, Yang G F, Yu J J, *et al.* The inhibition of the Anammox process; a review[J]. *Chemical Engineering Journal*, 2012, **197**: 67-79.
- [20] Kimura Y, Isaka K, Kazama F, *et al.* Effects of nitrite inhibition on anaerobic ammonium oxidation[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2010, **86**(1): 359-365.
- [21] Krieg N R, Ludwig W, Whitman W, *et al.* Bergey's manual of systematic bacteriology (2nd ed.) [M]. New York: Springer-Verlag, 2010.
- [22] Bae H, Chung Y C, Jung J Y. Microbial community structure and occurrence of diverse autotrophic ammonium oxidizing microorganisms in the anammox process[J]. *Water Science and Technology*, 2010, **61**(11): 2723-2732.
- [23] 李滨, 赵志瑞, 马斌, 等. 克隆文库方法分析厌氧氨氧化反应器中细菌群落结构[J]. *环境科学与技术*, 2012, **35**(12): 159-164, 179.
Li B, Zhao Z R, Ma B, *et al.* Analysis on bacterial diversity of an anaerobic ammonium-oxidizing reactor by use of 16S rDNA clone library[J]. *Environmental Science & Technology*, 2012, **35**(12): 159-164, 179.
- [24] Strous M, Heijnen J J, Kuenen J G, *et al.* The sequencing batch reactor as a powerful tool for the study of slowly growing anaerobic ammonium-oxidizing microorganisms[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 1998, **50**(5): 589-596.
- [25] Kuenen J G, Jetten M S M. Extraordinary anaerobic ammonium oxidizing bacteria[J]. *ASM News*, 2001, **67**(9): 456-463.

CONTENTS

Dry and Bulk Nitrogen Deposition in Suburbs of Xining City	XU Wen, JIN Xin, LUO Shao-hui, <i>et al.</i> (1279)
Day-Night Variation and Source Apportionment of Carbonaceous Aerosols in PM ₁₀ During Spring and Summer of Lanzhou	MA Li, YU Ye, WANG Bo, <i>et al.</i> (1289)
Characteristics of the Size Distribution of Water Soluble Inorganic Ions in Sanya, Hainan	WANG Lu, LIU Zi-rui, WEN Tian-xue, <i>et al.</i> (1298)
Pollution Characteristics of NH ₄ ⁺ , NO ₃ ⁻ , SO ₄ ²⁻ in PM _{2.5} and Their Precursor Gases During 2015 in an Urban Area of Beijing	DING Meng-meng, ZHOU Jian-nan, LIU Bao-xian, <i>et al.</i> (1307)
Pollution Characteristics of PCDD/Fs in Ambient Air and Exposure Risk Assessment Around a Municipal Solid Waste Incinerator in Beijing	QI Li, REN Yue, LIU Ai-min, <i>et al.</i> (1317)
Community Characteristics of Cultivable Bacteria in Fine Particles (PM _{2.5}) of Beijing and Baoding	HU Ya-dong, MA An-zhou, LÜ Peng-yi, <i>et al.</i> (1327)
Emission Characteristics of Vehicle Exhaust in Artery and Collector Roads in Nanjing Based on Real-time Traffic Data	LI Xiao-yu, WU Lin, ZOU Chao, <i>et al.</i> (1340)
Catalytic Combustion of Soot Particulates over Rare Earth Pyrochlore Oxides Doped with Transition Metals	LI Xi-feng, SUN Yu-qi, WANG Zhong-peng, <i>et al.</i> (1348)
Water Quality Analysis of Beijing Segment of South-to-North Water Diversion Middle Route Project	XU Hua-shan, ZHAO Lei, SUN Hao-su, <i>et al.</i> (1357)
Hanfeng Pre-reservoir Commissioning Time Variation Feature of the Hydrology and Water Quality in Three Gorges Reservoir	YANG Bing, HE Bing-hui, WANG De-bao (1366)
Modeling of Water Quality Response to Land-use Patterns in Taizi River Basin Based on Partial Least Squares	LI Lin-lin, ZHANG Yi-zhang, TANG Chang-yuan, <i>et al.</i> (1376)
Distribution Characteristics of Water Temperature and Water Quality of Fuxian Lake During Thermal Stratification Period in Summer	WANG Lin-jie, YU Hui, NIU Yong, <i>et al.</i> (1384)
Vertical Stratification Characteristics of Dissolved Oxygen and Phytoplankton in Thousand-Island Lake and Their Influencing Factors	YU Yan, LIU De-fu, YANG Zheng-jian, <i>et al.</i> (1393)
Community Structure Characteristics of Eukaryotic Planktonic Algae in Liaoh River Through High-throughput Sequencing	WANG Jing-qi, WANG Shu-ping, ZHANG Yuan, <i>et al.</i> (1403)
Effects of Coastal Organic Pollution on Bacterioplankton Community in Sanmen Bay	DAI Wen-fang, GUO Yong-hao, YU Wei-na, <i>et al.</i> (1414)
Nitrate Source Identification and Nitrification-denitrification at the Sediment-water Interface	JIN Zan-fang, GONG Jia-lin, SHI Yi-li, <i>et al.</i> (1423)
Residues of Organochlorine Pesticides (OCPs) in Water and Sediments from Nansha Mangrove Wetland	DING Yang, HUANG Huan-fang, LI Hui, <i>et al.</i> (1431)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metals from River Network Sediment in Western Area of Taihu Lake	BIAN Bo, ZHOU Yan, ZHANG Qin (1442)
Efficacy of Phoslock® on the Reduction of Sediment Phosphorus Release in West Lake, Hangzhou, China	ZHU Guang-wei, LI Jing, ZHU Meng-yuan, <i>et al.</i> (1451)
Identification and PAC Adsorption of Fouling Responsible for Irreversible Fouling During Ultrafiltration of Dongjiang River Water	YANG Hai-yan, WANG Can, YAN Zhong-sen, <i>et al.</i> (1460)
Efficiency and Kinetics of Triclosan Degradation in Aqueous Solution by UV/Sodium Persulfate	LI Qing-song, LI Xue-yan, YAO Ning-bo, <i>et al.</i> (1467)
Influencing Factors on the Degradation of PFOS Through VUV-SO ₃ ²⁻	HAN Hui-li, WANG Hong-jie, DONG Wen-yi (1477)
Simultaneous Photocatalytic Reduction of Cr(VI) and Oxidation of SSA by Carbon Nitride	LI Li-li, CHEN Cui-hai, LAN Hua-chun, <i>et al.</i> (1483)
Modification of Diatomite by Zirconium and Its Performance in Phosphate Removal from Water	FAN Yi, WANG Zhe, ZHAO Lian-qin, <i>et al.</i> (1490)
Reducing Effect of Three Disinfection Technologies for Sulfonamides Resistance Genes	ZHENG Ji, ZHOU Zhen-chao, CHEN Fang, <i>et al.</i> (1497)
Removal of Estrogenic Effect by Typical Domestic Wastewater Treatment Processes	ZHANG Qiu-ya, MA Xiao-yan, WANG Xiao-chang, <i>et al.</i> (1506)
Effect of SRT on Stability of Yeast-SBR in Treating Oil-containing Wastewater	LÜ Wen-zhou, ZHANG Shu-lin, QIAO Yu-xiang, <i>et al.</i> (1513)
Degradation of the Disperse Dye Neocron Black(NB) by Biological Treatment	YANG Bo, DING Feng-you, XU Hui, <i>et al.</i> (1520)
Function of Polyphosphate Kinase Gene in Biological Phosphate Removal During the Wastewater Treatment Process	NAN Ya-ping, ZHOU Guo-biao, YUAN Lin-jiang (1529)
Short-cut Nitrification Recovery and Its Transformation into CANON Process in a Biofilm Reactor	FU Kun-ming, ZHOU Hou-tian, SU Xue-ying, <i>et al.</i> (1536)
Nitrogen Removal Characteristics and Diversity of Microbial Community in ANAMMOX Reactor	CAO Yan, WANG Tong-yu, QIN Yu-jie, <i>et al.</i> (1544)
Effect of Environment Adjustment Layers on Nitrogen Transformation in Anaerobic Bioreactor Landfills	HE Zheng-kun, SONG Bo-yu, ZHU Nan-wen, <i>et al.</i> (1551)
Characteristics of Anaerobic Methane Removal Coupled to Fe(III) Reduction in Aged Refuse	WANG Li-li, HE Ting, LONG Yan, <i>et al.</i> (1558)
Assessment of Heavy Metal Pollution and Tracing Sources by Pb & Sr Isotope in the Soil Profile of Woodland in Quanzhou	SUN Jing-wei, YU Rui-lian, HU Gong-ren, <i>et al.</i> (1566)
Accumulation and Migration Characteristics in Soil Profiles and Bioavailability of Heavy Metals from Livestock Manure	HE Meng-yuan, DONG Tong-xi, RU Shu-hua, <i>et al.</i> (1576)
Pollution Characteristics and Source Analysis of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Agricultural Soils from Shandong	GE Wei, CHENG Qi-qi, CHAI Chao, <i>et al.</i> (1587)
Distribution Characteristics and Influencing Factors of Organophosphorus Pesticides in Typical Soil Environment of Jiangnan Plain	WANG Jian-wei, ZHANG Cai-xiang, PAN Zhen-zhen, <i>et al.</i> (1597)
Characteristics and Influencing Factors of Biologically-based Phosphorus Fractions in the Farmland Soil	CAI Guan, HU Ya-jun, WANG Ting-ting, <i>et al.</i> (1606)
Effect of Straw Application on the Dynamics of Exogenous Nitrogen and Microbial Activity in Paddy Soil	CHEN Shan, DING Xian-qing, ZHU Zhen-ke, <i>et al.</i> (1613)
Effects of Biochar on Surface Albedo and Soil Respiration in Suburban Agricultural Soil	ZHANG Yang-yang, HU Xue-yu, ZOU Juan, <i>et al.</i> (1622)
N ₂ O Consumption Ability of Submerged Paddy Soil and the Regulatory Mechanism	WANG Ling, XING Xiao-yi, QIN Hong-ling, <i>et al.</i> (1633)
Non-CO ₂ Greenhouse Gas Release from Different Biological Wastewater Treatment Processes	LI Hui-juan, PENG Dang-cong, LIU Wen-bo, <i>et al.</i> (1640)
Effect of Application of Sewage Sludge Composts on Greenhouse Gas Emissions in Soil	YANG Yu-han, YI Jian-ting, ZHANG Cheng, <i>et al.</i> (1647)
Effect of Nano Zeolites on pH, CEC in Soil and Cd Fractions in Plant and Soil at Different Cadmium Levels	CHI Sun-lin, XU Wei-hong, XIONG Shi-juan, <i>et al.</i> (1654)
Dynamic Differences of Uptake and Translocation of Exogenous Selenium by Different Crops and Its Mechanism	PENG Qin, LI Zhe, LIANG Dong-li, <i>et al.</i> (1667)
Alleviation Effects of Exogenous Melatonin on Ni Toxicity in Rice Seedlings	LIU Shi-xiang, HUANG Yi-zong, LUO Ze-jiao, <i>et al.</i> (1675)
Forms Distribution and Ecotoxicity of Three Forms of Sulfonamides in Root-Soil Interface of Maize	JIN Cai-xia, SI Xiao-wei, WANG Wan-feng, <i>et al.</i> (1683)
Effect of Sediments on Bioaccumulation of Mercury in Fish Body in the Water-Level-Fluctuating Zone of the Three Gorges Reservoir Area	SUN Song, LI Chu-xian, ZHANG Cheng, <i>et al.</i> (1689)
Bioaccumulation and Correlation of Heavy Metals in Human Hairs From Urban and Rural Areas of Chongqing	HE Ming-jing, LI Qi, WANG Deng-xiang, <i>et al.</i> (1697)
Microbial Community Structure and Diversity in Cellar Water by 16S rRNA High-throughput Sequencing	YANG Hao, ZHANG Guo-zhen, YANG Xiao-ni, <i>et al.</i> (1704)
Performance Improvement of Microbial Fuel Cell with Polyaniline Doped Graphene Anode	HUANG Li-hua, LI Xiu-fen, REN Yue-ping, <i>et al.</i> (1717)
Brief Introduction of Pollution Sites Remediation and Risk Assessment and Its Policy Making in United States	RONG Yue (1726)