

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第35卷 第9期

Vol.35 No.9

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

长江三角洲地区霾判别方法的对比分析 刘晓慧,朱彬,高晋徽,张恩红,王红磊,陈焯鑫,王姝 (3239)

1980~2012年江苏省城市霾日的时空分布及成因分析 刘端阳,魏建苏,严文莲,吕军,孙燕 (3247)

瓦里关大气二氧化碳和甲烷时间变化特征 刘鹏,张国庆,王剑琼,吴昊,李宝鑫,王宁章 (3256)

上海城区 PM_{2.5} 中有机碳和元素碳变化特征及来源分析 张懿华,王东方,赵倩彪,崔虎雄,李娟,段玉森,伏晴艳 (3263)

亚青会期间南京市气溶胶中 OC 和 EC 的粒径分布 王红磊,朱彬,安俊琳,段卿,邹嘉南,沈利娟 (3271)

无锡市冬季典型天气 PM_{2.5} 中碳组分的污染特征 云龙龙,陆钊,张天舒,伍德侠,盛世杰,陆亦怀,刘建国 (3280)

高炉炼铁工艺细颗粒物 PM_{2.5} 排放特性分析 范真真,赵亚丽,赵浩宁,梁兴印,孙静雯,王保贵,王亚军 (3287)

重庆市北碚城区大气中 VOCs 组成特征研究 祁心,郝庆菊,吉东生,张军科,刘子锐,胡波,王跃思,江长胜 (3293)

双组分 VOCs 的催化氧化及动力学分析 卜龙利,杨力,孙剑宇,梁欣欣,虎雪姣,孟海龙 (3302)

汽车排放超细颗粒物浓度及粒径谱特征的实验研究 陆叶强,陈秋方,孙在,蔡志良,杨文俊 (3309)

疏勒河上游地表水水化学主离子特征及其控制因素 周嘉欣,丁永建,曾国雄,吴锦奎,秦甲 (3315)

河流库区沉积物-水界面营养盐及气态氮的释放过程和通量 陈朱虹,陈能汪,吴殷琪,莫琼利,周兴鹏,鲁婷,田蕴 (3325)

大辽河感潮段及其近海河口重金属空间分布及污染评价 张雷,秦延文,马迎群,赵艳民,时瑶 (3336)

雅鲁藏布江中段表层沉积物重金属形态分布及风险评价 柏建坤,李潮流,康世昌,陈鹏飞,王建力 (3346)

北京奥林匹克公园地表颗粒物粒度特征分析 李海燕,石安邦,瞿杨晨,岳靖淋 (3352)

黄河表层沉积物中类二噁英多氯联苯水平分布 李光耀,金军,何畅,王英,马召辉,李明园 (3358)

合肥城郊典型源头溪流不同渠道形态的氮磷滞留特征 李如忠,杨继伟,钱靖,董玉红,唐文坤 (3365)

基于水资源调度的平原河网区城市河道氮迁移转化研究 刘波,盛明,朱强,杨霜,檀炳超,范冉,南旭军,何茂阳,王国祥 (3373)

杭州湾潮滩湿地植物不同分解过程及其磷素动态 邵学新,梁新强,吴明,叶小齐,蒋科毅 (3381)

基于数据同化的太湖叶绿素多模型协同反演 李渊,李云梅,吕恒,朱利,吴传庆,杜成功,王帅 (3389)

天然日光辐照下两江交汇处溶解性有机质 (DOM) 光漂白过程:以涪江-嘉陵江为例 高洁,江韬,闫金龙,魏世强,王定勇,卢松,李璐璐 (3397)

利用紫外-可见吸收光谱估算三峡库区消落带水体、土壤和沉积物溶解性有机质 (DOM) 浓度 李璐璐,江韬,卢松,闫金龙,高洁,魏世强,王定勇,郭念,赵铮 (3408)

Cu₂O-Ag-AgBr/MA 可见光催化剂的制备及其降解 2-氯苯酚的研究 王冉,周雪峰,胡学香,胡春 (3417)

不同粒径零价铁活化过硫酸钠氧化降解酸性橙 7 的影响及动力学研究 李欢旋,王金泉,马邕文,黄明智,王艳,陈杨梅 (3422)

还原脱氯-生物联合降解 2,4-二氯苯氧乙酸 周红艺,曾思思,梁思,韩鉴 (3430)

多介质土壤滤层系统 (MSL) 与潜流式人工湿地技术处理海水养殖废水的效能比较 宋颖,黄玉婷,葛川,张浩,陈昕,张志剑,罗安程 (3436)

不同碳源在污水处理过程中的变化规律研究 金鹏康,常晋,王先宝,刘柯君,王晓昌 (3443)

气升装置对厌氧氨氧化反应器脱氮效能的影响 李祥,张大林,黄勇,陈宗炬,袁怡 (3449)

微波及其组合工艺强化污泥厌氧消化研究 刘吉宝,倪晓棠,魏源送,佟娟,王亚炜 (3455)

“热水解-高温厌氧消化”工艺处理高含固率剩余污泥的中试研究 吴静,王广启,曹知平,李中华,胡玉瑛,王凯军,左剑恶 (3461)

温度对 ABR-MBR 复合工艺处理生活污水的影响及其微生物群落分析 吴鹏,陆爽君,徐乐中,刘捷,沈耀良 (3466)

污水处理厂尾水细菌群落结构分析 徐爱玲,任杰,宋志文,吴等等,夏岩 (3473)

沼液养殖钝顶螺旋藻的中试研究 国青青,刘锐,罗金飞,王根荣,陈吕军,刘笑 (3480)

内源呼吸过程溶解性代谢产物的光谱特性分析 李志华,张芹,白旭丽,刘毅 (3487)

基于呼吸图谱的自养菌与异养菌内源呼吸过程分析 李志华,白旭丽,张芹,刘毅,贺春博 (3492)

S-异丙甲草胺与镉对斜生栅藻光合作用的影响 陈彩东,胡晓娜,章小强,刘惠君 (3498)

影响浑太河流域鱼类群落结构的不同尺度环境因子分析 李艳利,李艳粉,徐宗学 (3504)

河口区新建河道轮虫群落演替及与水环境的关系 马文华,张玮,顾琬雯,张瑞雷,王丽卿 (3513)

Fontibacter sp. SgZ-2 厌氧腐殖质/Fe(III) 还原特性及电子传递机制研究 马晨,杨贵芹,陆琴,周顺桂 (3522)

基于 UNMIX 模型的夹皮沟金矿区土壤重金属源解析 艾建超,王宁,杨净 (3530)

石河子市土壤环境磁学特征及空间分布研究 杨涵,熊黑钢,陈学刚 (3537)

不同施磷量 (KH₂PO₄) 作用对 Cu、Zn 在红壤中的迁移转化 郭亮,李忠武,黄斌,王艳,张艳 (3546)

硫素对水稻吸收砷的生物有效性及其在土壤中的形态影响 杨世杰,唐冰培,王代长,饶伟,张亚楠,王丹,朱云集 (3553)

硫对土壤中硒形态变化及油菜硒吸收的影响 刘新伟,段碧辉,夏全杰,矫威,郭再华,胡承孝,赵竹青 (3564)

再生水灌溉对土壤化学性质及可培养微生物的影响 龚雪,王继华,关键飞,杨雪辰,陈黛慈 (3572)

西南喀斯特山区寿竹林地土壤微生物量与酶活性在不同坡位和剖面层次的分布特征 秦华军,何丙辉,赵旋池,李源,毛文韬,曾清平 (3580)

黔中喀斯特石漠化区不同土壤类型对常见植物叶片 δ¹³C 值的影响 杜雪莲,王世杰,罗绪强 (3587)

碳底物含量对厌氧条件下水稻土 N₂、N₂O、NO、CO₂ 和 CH₄ 排放的影响 陈诺,廖婷婷,王睿,郑循华,胡荣桂, Klaus Butterbach-Bahl (3595)

北京市典型绿化灌木阻滞吸附 PM_{2.5} 能力研究 梁丹,王彬,王云琦,张会兰,杨松楠,李昂 (3605)

污泥焚烧过程中氯化物对 Cd 迁移行为的影响 刘敬勇,卓钟旭,孙水裕,罗光前,李晓明,谢武明,王玉洁,杨佐毅,赵素莹 (3612)

京津冀区域生产和消费 CO₂ 排放的时空特点分析 汪浩,陈操操,潘涛,刘春兰,陈龙,孙莉 (3619)

水泥工业大气污染物排放控制水平确立研究 任春,江梅,邹兰,李晓倩,魏玉霞,赵国华,张国宁 (3632)

《环境科学》征稿简则 (3279) 《环境科学》征订启事 (3545) 信息 (3364,3486,3552,3563)

污水处理厂尾水细菌群落结构分析

徐爱玲, 任杰, 宋志文*, 吴等等, 夏岩

(青岛理工大学环境与市政学院, 青岛 266033)

摘要: 城市尾水中含有大量的微生物, 其中相当一部分为病原菌, 其排入自然水体后给附近人群造成健康威胁. 本研究采用建立 16S rDNA 克隆文库和 PCR-RFLP 技术对尾水的细菌群落结构进行分析, 结果表明尾水中有 59 种细菌分别属于 11 个纲, 其中 44 种细菌属于 Proteobacteria 门, 约占 85% (其中 β -Proteobacteria 和 γ -Proteobacteria 纲占绝对优势), 7 种细菌属于 Clostridia 纲占 7.2%, 而 Actinobacteria、Bacteroidia、Gloeobacteria、Nitrospira、Planctomycetacia 这 5 个纲的细菌所占数量都低于 4%, 尾水中的细菌大多来源于污水处理过程, 因此各地区应该根据受纳水体的特点和净化能力选择合适的污水处理工艺; 59 种细菌中 *Legionella* spp. 占 10% 以上, 其导致的退伍军人症可能成为尾水排放对附近人群健康的最大威胁, 另外尾水中一些细菌能代谢次氯酸盐对氯气有一定抵抗能力, 所以在选择消毒措施时应该选用氯气消毒与其他消毒工艺的组合; 本研究中粪大肠杆菌、大肠埃希氏菌、沙门氏菌、志贺菌属、霍乱弧菌等致病菌在尾水中均未检出, 因此对这些致病菌进行研究需要选择针对性更强的方法.

关键词: 市政尾水; 微生物; 群落结构; 安全; PCR-RFLP

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2014)09-3473-07 DOI: 10.13227/j.hjxx.2014.09.032

Microbial Community of Municipal Discharges in A Sewage Treatment Plant

XU Ai-ling, REN Jie, SONG Zhi-wen, WU Deng-deng, XIA Yan

(School of Environment and Municipal Engineering, Qingdao Technological University, Qingdao 266033, China)

Abstract: There are numerous microorganisms, especial pathogens, in the discharges. Those microorganisms are discharged into the river and sea through sewage outfalls, which results in possible health risks to coastal populations. And more attention should be paid to municipal discharges in developing countries. This study investigated the microbial community in the discharges by constructing 16S rDNA clones library and using the PCR-RFLP technology. Phylogenetic analysis of bacteria in municipal discharges showed that there were 59 species, which were divided into 11 classes. Proteobacteria accounted for 85% of all the bacteria, of which β -Proteobacteria and γ -Proteobacteria were the dominant classes. Bacteria in the waste water treating process had important influence on microbial community in municipal discharges, therefore, municipal sewage plant should choose the process according to the characteristics and purifying capacity of the receiving water body. *Legionella* spp. accounted for approximately 10%, the Legionnaires' disease resulted from which might be of top risk for the residents in the surrounding of the municipal discharges outfall and receiving water. *Dechloromonas aromatica* could make use of chlorite (ClO^-), which led to its survival from chlorine disinfection, and it alerted us that several disinfection methods should be used together to ensure the bacterial safety of municipal discharges. Coliform group and other pathogenic bacteria, such as *Salmonella* spp., *Shigella* spp., *Escherichia coli*, *Vibrio cholerae*, *Staphylococcus aureus*, *Arcobacter* spp. were not detected in this study, and it indicated that we should do more work and use more methods to investigate the perniciousness of discharges.

Key words: municipal discharges; microbe; community structure; security; PCR-RFLP

污水处理厂对改善水环境状况起到了重大作用, 但污水处理厂的尾水出路问题一直未得到有效解决. 许多污水处理厂将尾水直接排入天然水体, 巨大的排放量超过天然水体的水环境容量, 加剧水环境的污染. 因此尾水问题引起了社会各界的广泛关注, 并对尾水深度处理及排放做了大量研究^[1,2], 生物滤池、人工湿地等尾水深度处理技术以及高效尾水排放系统也应运而生. 这些措施在一定程度上降低了尾水排放对自然水体的冲击. 但是在人们关注尾水对自然水体水质产生影响的同时, 却忽略了尾水中存在的大量微生物对自然水体生态平衡及附近人群可能造成的危害.

城市污水中含有大量的微生物, 其中相当一部分为病原菌, 如: 沙门氏菌 (*Salmonella* spp.)、志贺氏菌 (*Shigella* spp.)、大肠埃希氏菌 (*Escherichia coli*)、霍乱弧菌 (*Vibrio cholerae*)、金黄色葡萄球菌 (*Staphylococcus aureus*)、弓形杆菌 (*Arcobacter* spp.) 等^[3,4], 可对人身体健康和社会经济造成严重危害. 研究发现这些病原菌主要是人源污水微

收稿日期: 2014-01-20; 修订日期: 2014-03-07

基金项目: 山东省自然科学基金项目 (ZR2011EEQ026); 青岛市基础科学研究计划项目 (KJZD-12-51-jch); 国家自然科学基金项目 (31170509/C031303)

作者简介: 徐爱玲 (1982 ~), 女, 博士, 副教授, 主要研究方向为环境微生物, E-mail: xalcsu@gmail.com

* 通讯联系人, E-mail: ssszww1015@sohu.com

生物,污水处理工艺对其有一定去除效果^[5],消毒可使病原菌的数量大大降低^[6],但有些微生物生存能力强,能够产生芽孢和孢子,难以彻底去除.目前对城市污水的微生物学评价多采用细菌总数和总大肠杆菌数,但粪大肠菌群与其他尾水常见病原菌相关性较低,而不能有效代表全部的微生物或病原菌^[7].国内对尾水安全的研究起步较晚,主要集中于消毒、尾水排放对受纳水体影响和部
分回用水的微生物安全研究^[8~10].文献[11,12]采用定量聚合酶链式反应技术(qPCR)建立了尾水中某些病原菌的定量检测方法,证实了尾水中病原菌定量检测的可行性.但均未对尾水微生物的群落结构进行详细的分析.

传统的微生物培养方法难以获得尾水微生物群落结构的准确信息^[13],随着现代分子生物学的发展,出现了一些更快、更准确分析微生物群落结构及多样性的方法,这些方法突破了传统研究方法要依赖于培养技术的局限而显示出明显的优越性.研究证实 RFLP 技术具有较高的分辨率和可重复性,已广泛用于环境中微生物的群

落结构分析^[14~19].因此,本研究拟采用 PCR-RFLP 技术对青岛市某污水处理厂待排尾水的微生物群落结构进行分析,以期尾水排放安全防范措施的提出提供依据,对于公共健康有着十分重要的意义.

1 材料与方法

1.1 主要试剂和仪器

试剂:土壤 DNA 提取试剂盒(OMEGA),DNA 凝胶回收试剂盒(OMEGA),PCR mix,内切酶,琼脂糖,TAE 缓冲液(50×).仪器:PCR 仪,凝胶成像系统(gene 公司);高速冷冻离心机,超净工作台,核酸超微量分析仪.

1.2 样品采集

2013-06-10 采用击开式采水器采集青岛市某污水处理厂待排尾水水样,低温保存并在 2 h 内送至实验室进行抽滤,抽滤后细菌用于基因组提取.该污水处理厂以 A²O 工艺为主要处理工艺,采用次氯酸钠消毒,日处理水量 $1.7 \times 10^5 \text{ m}^3$,其中 60% 为工业废水,40% 为生活污水.进出水水质指标如表 1.

表 1 污水厂进出水水质指标

Table 1 Water quality indexes of waste water and treated waste water

项目	BOD ₅ /mg·L ⁻¹	COD/mg·L ⁻¹	SS/mg·L ⁻¹	TN/mg·L ⁻¹	TP/mg·L ⁻¹	pH	温度/℃
进水	450	710	740	80	12	6.8	15
出水	9	47	8	15	0.6	7.1	14

1.3 总 DNA 提取

采用土壤 DNA 提取试剂盒(OMEGA)的方法,获得纯度和含量较高的 DNA 模板,可进一步供 PCR 扩增使用. DNA 检测使用 1% 琼脂糖进行水平电泳,在 $0.5 \text{ g} \cdot \text{mL}^{-1}$ 的溴化乙锭溶液中染色 30 ~ 45 min,用去离子水漂洗后紫外下观察.

1.4 16S rDNA 基因的 PCR 扩增

两个引物用于扩增 16S rRNA 基因片断,上游引物 27F (5'-AGAGTTTGTATCCTGGCTCAG-3') 和下游引物 1492R (5'-GGTTACCTTGTTACGACTT-3')^[20].通过低熔点琼脂糖凝胶电泳观察 PCR 结果,使用 Wizard DNA Clean-Up Kit (Promega) 试剂盒回收目的片断.

1.5 16S rDNA 文库的构建与筛选

将纯化后的 DNA 片段通过 T4 连接酶克隆试剂盒(MBI Fermentas)连接在 Ptz57R/T 载体上,转化到感受态大肠杆菌(DH5 α)细胞中,涂布于加有 $50 \mu\text{g} \cdot \text{mL}^{-1}$ Amp 及 IPTG、X-gal 的生色 LB 琼脂平板

上,放在 37℃ 培养箱中正培养 2 h,再倒置培养 10 ~ 16 h,培养基平板上长出直径 3 ~ 5 mm 的菌落.随机挑选平板中的 200 个阳性克隆子,采用菌体直接扩增方式,用 pTZ57R/T Vector 通用引物 M13/PUCR 5'-3':GTAAAAC GACGGCCAGT; M13/PUCR 5'-3':CAGGAAACAGCTATGAC 扩增外源插入片段,重新获得目标基因.

1.6 阳性克隆子的 PCR-RFLP 分析

扩增产物用 4 碱基限制性内切酶 HhaI 消化从各克隆子扩增出来的目标片段.用 3% 琼脂糖凝胶分离酶切片段,200 V 下电泳 2.5 h,用凝胶成像仪拍照,并对凝胶电泳图谱进行分析,将每个酶切分型结果作为一个 OTU(operational taxonomic unit).

1.7 测序和构建系统发育树

选取 PCR-RFLP 筛选出的阳性克隆子,送上海生物工程公司进行序列测定.测序所得 16S rRNA 序列,采用 Blast 软件在 GenBank 进行相似性搜索(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast>),获取近

似序列及对应菌种信息. 用 Clustal X 程序进行比对, 用邻接法 (Neighbor-joining Method) 构建系统发育树. 拓扑分析为 1000 次重复取样结果, 生成发育树采用 Treeview 重建.

1.8 分析方法

(1) 文库的库容 (coverage) 计算公式为:

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

式中, N 代表 16S rDNA 文库总克隆数, nl 代表在文库中仅出现一次的 OTUs (operational taxonomic units) 的数量.

(2) Shannon-Wiener 多样性指数 (H'):

$$H' = - \sum_{i=1}^S P_i \ln P_i$$

$$P_i = n_i / N$$

式中, S 为 16S rDNA 的所有 RFLP 总类型数, n_i 为第 i 种 16S rDNA 的 RFLP 变异类型克隆数, N 为总克隆数.

(3) 丰富度指数 (Margalef):

$$d_{Ma} = \frac{S - 1}{\ln N}$$

(4) 均匀度指数的计算公式为:

$$E = \frac{H'}{\ln S}$$

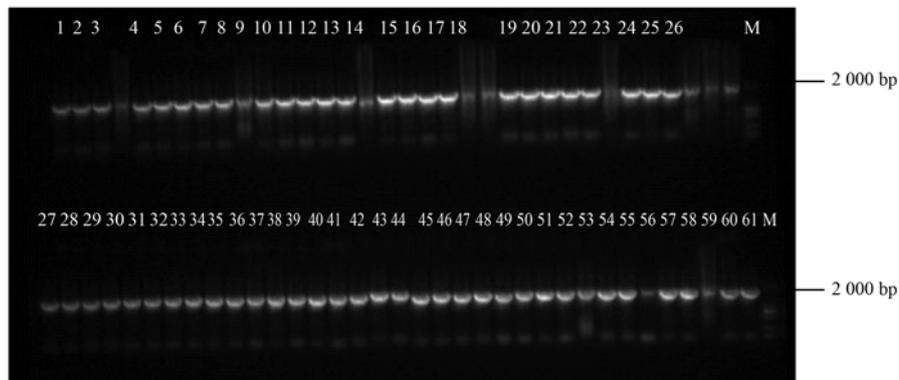
2 结果与分析

2.1 基因提取及 16S rDNA 扩增

尾水化学组分复杂, 能否成功提取目标 DNA 片段及提取效率的高低直接影响后续 RFLP 分析. 从样品中提取的 DNA 通过琼脂糖凝胶电泳检验, 得到一条清晰条带, 与细菌基因组的大小相同, 因此所提 DNA 属于比较完整的细菌基因组 DNA. 且条带的亮度和清晰度较好没有出现拖尾现象, 说明 DNA 的纯度较高, 提取获得了满意的结果^[21]. 经 PCR 反应, 获得了样品中细菌 16S rDNA 的目的片段, 长约 1 500 bp 且亮度和纯度都比较好, 未出现非特异性扩增, 且阴性对照未有产物出现, 说明 PCR 扩增效果良好.

2.2 16S rDNA 基因的 PCR 扩增

图 1 为克隆子扩增的琼脂糖凝胶电泳图谱, 从中可以看出, 条带长约 1 600 bp, 亮度和纯度都比较好, 克隆率较高且未出现非特异性扩增, 可以用于后续实验.



1~61: 可用于酶切的克隆子 16S rDNA 扩增片段

图 1 部分克隆子 16S rDNA 扩增的琼脂糖凝胶电泳图谱

Fig. 1 Agarose gel electrophoresis of part of the 16S rDNA fragments amplified from clones

2.3 RFLP 图谱分析

从文库中共挑取白色菌落 200 个, 其中阳性克隆 168 个, 阳性率 83.3%. 阳性克隆子 M13 PUC 引物的 PCR 产物 *Hha* I 酶切图谱如图 2 所示, 用 Quantity one 凝胶分析软件对 RFLP 图谱分析表明, 168 个阳性克隆中存在 59 个不同类型的 OTUs. 其中 A33 的 OTU 占 7.14%, 比例超过 3% 的 OTUs 一共有 9 种, 仅有唯一克隆子的 OTUs 有 18 个. 该文库的生物多样性指数如表 2 所示. 克隆文库的覆盖

度 (coverage value, C) 体现样品中微生物的覆盖程度, 其数值越大, 所构建的克隆文库包含的样品中的微生物种类就越多, 因此越能真实地反映该样品中微生物多样性特征. 但是 Kemp 等^[22] 研究发现即使再大的克隆文库都不能囊括环境样品中的所有微生物, 理论上讲, 当覆盖度超过 80% 即可认为该克隆文库具有较高的库容. 本研究中尾水克隆文库库容值 C 达到 89.3%, 表明所研究的克隆文库库容比较高, 能真实地反映样品中的细菌群落结构组成.

丰富度指数(d_{Ma})是与物种均匀度无关的多样性指数,它仅与环境中物种数目的多寡有关,本研究中 d_{Ma} 为 11.3,说明本样品中物种数量较多. 香农多样性指数(Shannon Diversity Index, H') 在均一度存在明显差异的群体中存在一定的缺陷,即低丰富度和高均匀度的群落与具高丰富度和低均匀度的群落多样性指数可能相同^[23],但对某一指定样品却是能反

映丰富度和均匀度的综合指标,本克隆文库中 H' 为 3.84,说明尾水中细菌丰富度和均匀度较高. 均匀度(species evenness, E)是指生境中全部物种个体数目的分配状况,它反映的是各物种个体数目分配的均匀程度,本研究中尾水的均匀度指数为 75%,说明尾水中细菌分布相对均匀,优势物种种类和数量不多.

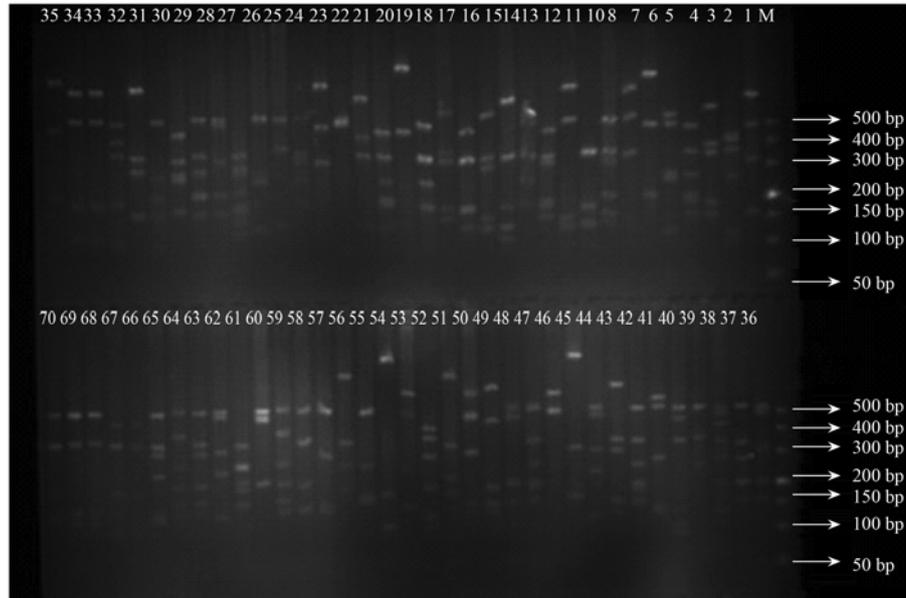


图 2 部分克隆子 M13 PUC 引物的 PCR 产物 *Hha* I 酶切图谱

Fig. 2 Agarose gel electrophoresis of part of the restriction fragment length profiles of 16S rDNA fragments amplified from discharges

表 2 尾水克隆文库多样性指数

Table 2 Diversity index of the clone library from wastewater				
指数名称	H'	d_{Ma}	C	E
数值	3.84	11.3	89.3%	75%

2.4 克隆子测序及系统发育学分析

对经过 RFLP 分析获得的 59 个克隆的插入序列进行序列测定. 一般来说,当微生物的 16S rDNA 同源性达到 97% 或以上时,可以将这些菌划为一个种;同源性达到 94% 或以上时,可以将这些菌划为一个属^[24]. 因此采用 BLAST 软件对所获得克隆子序列与迄今已描述的原核生物 16S rDNA 序列相似性进行了比对(表 3). 59 个克隆子序列中仅有 30 个与已知物种相似度在 94% 以上,10 种相似度低于 90%,说明尾水中仍有许多未经纯培养得到分离鉴定的物种,因此对尾水的生物安全性认识也较为不足. 59 个物种中,

Legionella longbeachae 占 7.14%, 具有一定优势, *Pseudomonas kilonensis*、*Dechloromonas aromatica*、*Desulfococcus multivorans* 所占比例均大于 4%, 也属于相对优势物种. 5 个物种所占比例介于 4%~3% 之间, 6 个物种所占比例介于 3%~2%, 26 个物种所占比例在 2%~1% 之间, 18 个物种所占种比例均低于 1%.

59 种细菌分别属于 11 个纲(图 3). 44 种细菌属于变形菌门(Proteobacteria)约占 85%, 其中 23 种属于 β -变形菌纲占 41.4%, 10 种属于 γ -变形菌纲占 26.5%, α -变形菌纲有 5 种细菌, δ -变形菌纲有 3 种细菌, 这一结果与尾水排放口附近的微生物群落结构组成极为相似^[25], 说明尾水对受纳水体生物多样性具有重要的影响. 7 种细菌属于 Clostridia 纲占 7.2%, 而 Actinobacteria、Bacteroidia、Gloeobacteria、Nitrospira、Planctomycetacia 这 5 个纲的细菌所占数量都低于 4%.

表 3 样品中细菌 16S rDNA 的 BLAST 分析结果

Table 3 Inventory of bacterial 16S rDNA fragments classified into groups according to ARDRA patterns and sequence similarity

克隆子编号	相似菌株 基因登录号	相似菌株属名	相似菌株 所属纲	相似度/%	所占比例/%
LCH 1	NR_074390.1	<i>Acidimicrobium ferrooxidans</i>	Actinomycetes	88	1.79
LCH 2	NR_074501.1	<i>Acidothermus cellulolyticus</i>	Actinomycetes	91	0.6
LCH 3	NR_074585.1	<i>Alicyciphilus denitrificans</i> BC	β -Proteobacteria	95	1.19
LCH 4	NR_074185.1	<i>Anaerovibrio lipolyticus</i>	Clostridia	100	0.6
LCH 5	NR_040836.1	<i>Aquicella siphonis</i>	γ -Proteobacteria	93	0.6
LCH 6	NR_025764.1	<i>Arcobacter cryaerophilus</i>	ε -Proteobacteria	95	1.19
LCH 7	NR_025905.1	<i>Azorhizobium caulinodans</i>	α -Proteobacteria	88	0.6
LCH 8	NR_044023.1	<i>Azospira restricta</i>	β -Proteobacteria	95	3.57
LCH 9	NR_074515.1	<i>Bacteroides vulgatus</i>	Bacteroidetes	91	0.6
LCH 10	NR_037106.1	<i>Brevundimonas variabilis</i>	α -Proteobacteria	90	1.19
LCH 11	NR_074700.1	<i>Candidatus Nitrospira defluvi</i>	Nitrospira	96	1.79
LCH 12	NR_029239.1	<i>Clostridium chartatabidum</i>	Clostridia	100	1.19
LCH 13	NR_029239.1	<i>Clostridium clariflavum</i>	Clostridia	100	1.19
LCH 14	NR_036890.1	<i>Clostridium glycolicum</i>	Clostridia	93	0.6
LCH 15	NR_044386.1	<i>Clostridium mesophilum</i>	Clostridia	92	2.38
LCH 16	NR_025080.1	<i>Comamonas denitrificans</i>	β -Proteobacteria	99	1.79
LCH 17	NR_102841.1	<i>Comamonas testosteroni</i>	β -Proteobacteria	90	1.79
LCH 18	NR_074826.1	<i>Corynebacterium resistens</i>	Actinomycetes	92	1.19
LCH 19	NR_028655.1	<i>Curvibacter gracilis</i>	β -Proteobacteria	92	1.79
LCH 20	NR_074748.1	<i>Dechloromonas aromatica</i>	β -Proteobacteria	97	4.17
LCH 21	NR_074103.1	<i>Dechlorosoma suillum</i>	β -Proteobacteria	92	1.79
LCH 22	NR_043249.1	<i>Denitratisoma oestradiolicum</i>	β -Proteobacteria	95	3.57
LCH 23	NR_040941.1	<i>Dexia gummosa</i>	β -Proteobacteria	92	1.19
LCH 24	NR_041849.1	<i>Desulfococcus multivorans</i>	δ -Proteobacteria	100	4.17
LCH 25	NR_036778.1	<i>Desulfovibrio desulfuricans</i>	δ -Proteobacteria	79	1.19
LCH 26	NR_074282.1	<i>Gloeobacter violaceus</i>	Cyanobacteria	84	0.6
LCH 27	NR_102815.1	<i>Herminiimonas arsenicoxydans</i>	β -Proteobacteria	90	1.79
LCH 28	NR_029024.1	<i>Hydrogenophaga defluvi</i>	β -Proteobacteria	99	1.19
LCH 29	NR_028930.1	<i>Isosphaera pallida</i>	Planctomycetacia	100	1.19
LCH 30	NR_074803.1	<i>Janthinobacterium</i>	β -Proteobacteria	92	0.6
LCH 31	NR_041321.1	<i>Legionella impletisoli</i>	γ -Proteobacteria	86	0.6
LCH 32	NR_036991.1	<i>Legionella longbeachae</i>	γ -Proteobacteria	95	7.14
LCH 33	NR_102800.1	<i>Legionella rubrilucens</i>	γ -Proteobacteria	88	2.38
LCH 34	NR_074623.1	<i>Leptothrix cholodnii</i>	β -Proteobacteria	96	0.6
LCH 35	NR_042502.1	<i>Massilia aurea</i>	β -Proteobacteria	98	3.57
LCH 36	NR_026014.1	<i>Massilia timonae</i>	β -Proteobacteria	95	0.6
LCH 37	NR_041768.1	<i>Methylibium petroleiphilum</i>	β -Proteobacteria	97	1.79
LCH 38	NR_027203.1	<i>Mogibacterium neglectum</i>	Clostridia	100	0.6
LCH 39	NR_029238.1	<i>Pelobacter acetylenicus</i>	δ -Proteobacteria	98	1.19
LCH 40	NR_043273.1	<i>Prolixibacter bellariivorans</i>	Bacteroidetes	90	0.6
LCH 41	NR_074657.1	<i>Pseudogulbenkiana</i>	β -Proteobacteria	89	2.38
LCH 42	NR_102835.1	<i>Pseudomonas fluorescens</i>	γ -Proteobacteria	90	0.6
LCH 43	NR_028906.1	<i>Pseudomonas frederiksbergensis</i>	γ -Proteobacteria	91	2.38
LCH 44	NR_028929.1	<i>Pseudomonas kilonensis</i>	γ -Proteobacteria	100	4.76
LCH 45	NR_029042.1	<i>Pseudomonas lini</i>	γ -Proteobacteria	91	1.19
LCH 46	NR_074724.1	<i>Ralstonia eutropha</i>	β -Proteobacteria	94	3.57
LCH 47	NR_043384.1	<i>Rhodopirellula baltica</i>	Planctomycetacia	83	0.6
LCH 48	NR_042318.1	<i>Roseomonas lacus</i>	α -Proteobacteria	98	1.79
LCH 49	NR_028712.1	<i>Simplicispira psychrophila</i>	β -Proteobacteria	90	0.6
LCH 50	NR_036778.1	<i>Sphingopyxis wiflariensis</i>	α -Proteobacteria	99	0.6
LCH 51	NR_074875.1	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	γ -Proteobacteria	98	2.38
LCH 52	NR_025450.1	<i>Sterolibacterium denitrificans</i>	β -Proteobacteria	97	1.79
LCH 53	NR_026422.1	<i>Sulfurospirillum deleyianum</i>	ε -Proteobacteria	95	1.19
LCH 54	NR_025284.1	<i>Thauera terpenica</i>	β -Proteobacteria	94	1.19
LCH 55	NR_043584.1	<i>Thermomonas koreensis</i>	β -Proteobacteria	94	1.19
LCH 56	NR_102479	<i>Thioflavococcus mobilis</i> 8321	γ -Proteobacteria	96	2.38
LCH 57	NR_074307.1	<i>Tistrella mobilis</i>	α -Proteobacteria	84	3.57
LCH 58	NR_074980.1	<i>Veillonella parvula</i>	Clostridia	97	0.6
LCH 59	NR_026130.1	<i>Zoogloea ramigera</i>	β -Proteobacteria	92	1.19

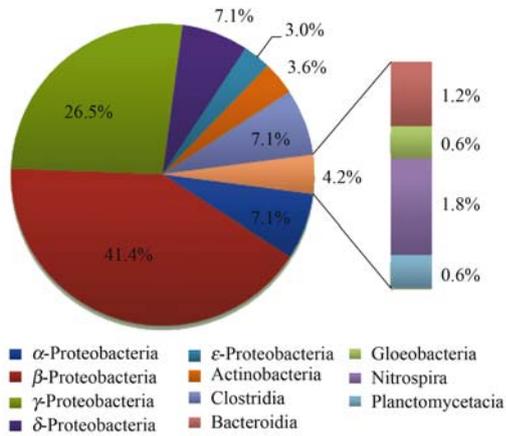


图3 尾水中不同纲细菌所占比例

Fig. 3 Classification and composition of species in the discharge

3 讨论

Legionella longbeachae 最早是在 1981 年时从肺炎患者体内分离到的一类革兰氏阴性细菌,可引起肺炎^[23]。虽然已报道的几例肺炎患者,都是直接与被 *Legionella longbeachae* 污染的土壤或者肥料接触引起的,但是新的传播载体有可能导致该传染病的暴发^[26]。沿海城市尾水一般都会直接排入附近海域,虽然高盐环境和光照具有一定的杀菌作用^[7],但是新的环境也有可能存在 *Legionella longbeachae* 的新传播载体。尾水中除了 *Legionella longbeachae*,还存在 *Legionella rubrilucens*、*Legionella impletisoli*,致使 *Legionella* spp. 所占比例超过 10%,由于污水处理厂巨大的排放量,*Legionella* spp. 引发的退伍军人症将会对附近人群健康产生潜在的巨大威胁。

尾水中 *Pseudomonas kilonensis*、*Dechloromonas aromatica*、*Desulfococcus multivorans*、*Azospira restricta*、*Denitratisoma oestradiolicum*、*Massilia aurea*、*Ralstonia eutropha*、*Tistrella mobilis* 所占比例均超过 3%,这 8 类细菌均在水处理系统中起着重要的作用并占一定的比例^[27],例如:*Azospira restricta* 具有氧化催化能力,能积累 PHA,兼具脱氮除磷的作用,是一种典型的反消化除磷菌;*Hydrogenophaga defluvi* 有厌氧消化能力,在水处理脱氮过程中有重要的作用,它还能利用有机酸、氨基酸和蛋白胨等含氮化合物,但是对糖类的利用能力较低;*Dechloromonas aromatica* 可以代谢苯,同时利用碳源作为电子受体,因此在脱氮除磷中起着非常重要的作用。由此可见水处理微生物对尾水微生物群落结构有重要的影响,而水处理微生物的种类除受进水水质影响外,主

要取决于污水处理工艺,不同的污水处理工艺会导致水处理系统微生物群落结构的差异,因此各城市污水处理厂应该根据受纳水体的特点和净化能力选择适合的污水处理工艺。

为降低尾水中细菌尤其是致病菌的数量,在其排入自然水体前通常要进行消毒后处理,常用的消毒方式主要有紫外、氯气和臭氧,消毒后尾水中微生物的数量大大降低(99.9%),但有些微生物生存能力强,难以彻底去除^[7]。本研究发现尾水中含有 4% 以上的 *Dechloromonas aromatica*,该菌有次氯酸盐歧化酶和血红素加氧酶,前者能迅速地将次氯酸盐(ClO^-)分解成氯离子(Cl^-)和氧气,后者能以次氯酸盐(ClO^-)作为氧化剂参加氧化还原反应^[24],因此它具有一定的代谢次氯酸盐的能力,这可能是 *Dechloromonas aromatica* 在尾水中有较大比例的一个重要原因。这也提示污水处理厂在选择消毒工艺时使用不同工艺的组合可大大提高尾水中微生物的除去效果。粪大肠杆菌、大肠埃希氏菌、沙门氏菌、志贺菌属、霍乱弧菌等致病菌均未检出,这主要是因为这些细菌数量较少所占比例较低,而本研究所建的克隆文库不够大所致,因此有对这些致病菌进行研究需要选择更加针对性的研究方法进行检测。

为保护重点湖泊、水库、河段,世界不少沿海国家和地区常常将尾水调离敏感水域,集中输送至海洋进行最终处置^[28]。目前尾水排海主要有深海排放和近岸直排两种方式,深海排放对环境影响较小,但深海排污工程造价高,一般为发达国家或者发展中国家的特定地区所采用。目前我国大部分沿海地区一般在尾水达到一级 A 或者 B 标准后采用近岸直排的方式。近岸水深较浅,流速较慢,再加上排海尾水量日益增加,致使微生物尤其是病原微生物难以得到较快的输送和消灭而被聚集在近岸海域^[22],本研究发现尾水中存在的大量 *Legionella* spp.,其引起的疾病可能会对排水口附近海水浴场人群的健康造成威胁。同时尾水中含有超过 50 种微生物,大量异源微生物入侵海洋也会影响海洋生态环境,造成海水养殖损失,因此尾水的处置不容忽视。

4 结论

(1) 尾水中含有 59 种细菌分别属于 11 个纲,其中 44 种细菌属于变形菌门(Proteobacteria)约占 85% (β -变形菌纲和 γ -变形菌纲占绝对优势),7 种细菌属于 Clostridia 纲占 7.2%,而 Actinobacteria、

Bacteroidia、Gloeobacteria、Nitrospira、Planctomycetacia 这 5 个纲的细菌所占数量都低于 4%。这些微生物大多来源于污水处理过程,因此各地区应该根据受纳水体的特点和净化能力选择合适的污水处理工艺。

(2)尾水的 59 种细菌中 *Legionella* spp. 占 10% 以上,其导致的退伍军人症可能成为尾水排放对附近人群健康的最大威胁;另外一些细菌能代谢次氯酸盐对氯气有一定抵抗能力,所以在选择消毒措施时应该选用氯气消毒与其他消毒工艺的组合。本研究中粪大肠杆菌、大肠埃希氏菌、沙门氏菌、志贺菌属、霍乱弧菌等致病菌在尾水中均未检出,因此对这些致病菌进行研究需要选择针对性更强的方法。

参考文献:

- [1] 杨林,李咏梅. 组合人工湿地处理工业园区污水厂尾水的中试研究[J]. 环境工程学报, 2012, **6**(6): 1846-1850.
- [2] 李魁晓,白雪,李鑫玮,等. 城市污水厂二级处理出水深度处理组合工艺研究[J]. 环境工程学报, 2012, **6**(1): 63-67.
- [3] Ho H T, Lipman L J, Gaastra W. Arcobacter, what is known and unknown about a potential foodborne zoonotic agent [J]. Veterinary Microbiology, 2006, **115**(1-3): 1-13.
- [4] He X H, Ma S H, Li A D. Concentration limitations of pathogenic microorganisms in reclaimed water [J]. Environmental Science, 2006, **27**(7): 1402-1405.
- [5] Cai L, Ju F, Zhang T. Tracking human sewage microbiome in a municipal wastewater treatment plant[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2014, **98**(7): 3317-3326.
- [6] Eddabra R, Moussaoui W, Prévost G., et al. Occurrence of *Vibrio cholerae* non-O1 in three wastewater treatment plants in Agadir (Morocco) [J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2011, **27**(5): 1099-1108.
- [7] Wéry N, Lhoutellier C, Ducray F, et al. Behaviour of pathogenic and indicator bacteria during urban wastewater treatment and sludge composting, as revealed by quantitative PCR [J]. Water Research, 2008, **42**(1-2): 53-62.
- [8] 王玲玲. 城市再生水用于循环冷却系统中微生物腐蚀控制 [D]. 天津: 天津大学, 2011.
- [9] 郭道宇,董志,官辉力. 再生水灌溉对草坪土壤微生物群落的影响[J]. 中国环境科学, 2006, **26**(4): 482-485.
- [10] 谢兴,胡洪营,郭美婷,等. 再生水雾化导致的病原微生物暴露剂量计算方法研究[J]. 环境科学, 2009, **30**(1): 70-74.
- [11] 刘永军,张崇森,王晓昌,等. 环境水体中肠道病原细菌的定量 PCR 检测[J]. 环境科学, 2008, **29**(5): 1175-1180.
- [12] 张崇森,王晓昌,周进宏,等. 城市地表水中肠道病原微生物与粪便污染指示菌的关系研究[J]. 环境科学学报, 2012, **32**(11): 2789-2794.
- [13] Eschenhagen M, Schuppler M, Röske I. Molecular characterization of the microbial community structure in two activated sludge systems for the advanced treatment of domestic effluents[J]. Water Research, 2003, **37**(13): 3224-3232.
- [14] Regan J M, Harrington G W, Noguera D R. Ammonia- and nitrite-oxidizing bacterial communities in a pilot-scale chloraminated drinking water distribution system [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2002, **68**(1): 73-81.
- [15] Mintie A T, Heichen R S, Cromack K Jr, et al. Ammonia-oxidizing bacteria along meadow-to-forest transects in the Oregon Cascade mountains [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2003, **69**(6): 3129-3136.
- [16] Park H D, Noguera D R. Evaluating the effect of dissolved oxygen on ammonia-oxidizing bacterial communities in activated sludge[J]. Water Research, 2004, **38**(14-15): 3275-3286.
- [17] Bernhard A E, Donn T, Giblin A E, et al. Loss of diversity of ammonia-oxidizing bacteria correlates with increasing salinity in an estuary system [J]. Environmental Microbiology, 2005, **7**(9): 1289-1297.
- [18] Yeager C M, Northup D E, Grow C C, et al. Changes in nitrogen-fixing and ammonia-oxidizing bacterial communities in soil of a mixed conifer forest after wildfire [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2005, **71**(5): 2713-2722.
- [19] Cabezas A, Draper P, Muxí L, et al. Post-treatment of a slaughterhouse wastewater: stability of the microbial community of a sequencing batch reactor operated under oxygen limited conditions [J]. Water Science and Technology, 2006, **54**(2): 215-221.
- [20] Xu A L, Xia J L, Zhang S, et al. Bioleaching of chalcopyrite by UV-induced mutagenized *Acidiphilium cryptum* and *Acidithiobacillus ferrooxidans* [J]. Transactions of Nonferrous Metals Society of China, 2010, **20**(2): 315-321.
- [21] 李鹏. 城市污水生物脱氮除磷活性污泥系统微生物多样性研究[D]. 青岛: 中国海洋大学, 2007.
- [22] Kemp P F, Aller J Y. Bacterial diversity in aquatic and other environments: What 16S rDNA libraries can tell us [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2004, **47**(2): 161-177.
- [23] 白玉涛,玉周,吉赵. 内蒙古高原干涸湖泊反硝化及甲烷氧化细菌的群落分析[J]. 中国环境科学, 2012, **32**(7): 1293-1301.
- [24] Yang L, Chang W S, Huang M N L. Natural disinfection of wastewater in marine outfall fields [J]. Water Research, 2000, **34**(3): 743-750.
- [25] Yang Y, Wang X, Shi J F, et al. The influence of the discharging sewage on microbial diversity in sludge from Dongting Lake [J]. World Journal of Microbiology Biotechnology, 2012, **28**(2): 421-430.
- [26] 孙寓皎,左剑恶,陈莉莉. 同时产甲烷反硝化颗粒污泥中微生物群落结构[J]. 中国环境科学, 2007, **27**(1): 44-48.
- [27] 韩甜甜. 复合铁酶促活性污泥工艺生物脱氮除磷效能及微生物多样性研究[D]. 青岛: 青岛理工大学, 2011.
- [28] Aguilar M I, Sáez J, Lloréns M, et al. Nutrient removal and sludge production in the coagulation-flocculation process [J]. Water Research, 2002, **36**(11): 2910-2919.

CONTENTS

Comparative Analysis Methods of Haze Distinction over Yangtze River Delta Region	LIU Xiao-hui, ZHU Bin, GAO Jin-hui, <i>et al.</i>	(3239)
Trends of Urban Haze in Jiangsu Province China over the Past 33 Years	LIU Duan-yang, WEI Jian-su, YAN Wen-lian, <i>et al.</i>	(3247)
Temporal Variation of Background Atmospheric CO ₂ and CH ₄ at Mount Waliguan, China	LIU Peng, ZHANG Guo-qing, WANG Jian-qiong, <i>et al.</i>	(3256)
Characteristics and Sources of Organic Carbon and Elemental Carbon in PM _{2.5} in Shanghai Urban Area	ZHANG Yi-hua, WANG Dong-fang, ZHAO Qian-biao, <i>et al.</i>	(3263)
Size Distribution and Characterization of OC and EC in Atmospheric Aerosols During the Asian Youth Games of Nanjing, China	WANG Hong-lei, ZHU Bin, AN Jun-lin, <i>et al.</i>	(3271)
Pollution Characteristics of Carbonaceous Aerosols in PM _{2.5} During Typical Winter Days in Wuxi City	YUN Long-long, LU Fan, ZHANG Tian-shu, <i>et al.</i>	(3280)
Emission Characteristics of PM _{2.5} from Blast Furnace Iron Making	FAN Zhen-zhen, ZHAO Ya-li, ZHAO Hao-ning, <i>et al.</i>	(3287)
Composition Characteristics of Atmospheric Volatile Organic Compounds in the Urban Area of Beibei District, Chongqing	QI Xin, HAO Qing-ju, JI Dong-sheng, <i>et al.</i>	(3293)
Catalytic Oxidation of Two-component VOCs and Kinetic Analysis	BO Long-li, YANG Li, SUN Jian-yu, <i>et al.</i>	(3302)
Ultrafine Particle Number Concentration and Size Distribution of Vehicle Exhaust Ultrafine Particles	LU Ye-qiang, CHEN Qiu-fang, SUN Zai, <i>et al.</i>	(3309)
Major Ion Chemistry of Surface Water in the Upper Reach of Shule River Basin and the Possible Controls	ZHOU Jia-xin, DING Yong-jian, ZENG Guo-xiong, <i>et al.</i>	(3315)
Sediment-water Flux and Processes of Nutrients and Gaseous Nitrogen Release in a China River Reservoir	CHEN Zhu-hong, CHEN Neng-wang, WU Yin-qi, <i>et al.</i>	(3325)
Spatial Distribution and Pollution Assessment of Heavy Metals in the Tidal Reach and Its Adjacent Sea Estuary of Daliaohe Area, China	ZHANG Lei, QIN Yan-wen, MA Ying-qun, <i>et al.</i>	(3336)
Chemical Speciation and Risk Assessment of Heavy Metals in the Middle Part of Yarlung Zangbo Surface Sediments	BAI Jian-kun, LI Chao-liu, KANG Shi-chang, <i>et al.</i>	(3346)
Analysis of Particle Size Characteristics of Road Sediments in Beijing Olympic Park	LI Hai-yan, SHI An-bang, QU Yang-sheng, <i>et al.</i>	(3352)
Levels and Distribution of the Dioxin-Like Polychlorinated Biphenyls (PCBs) in the Surface Sediment of the Yellow River	LI Guang-yao, JIN Jun, HE Chang, <i>et al.</i>	(3358)
Characteristics of Nitrogen and Phosphorus Retention in Two Different Channel Forms in a Typical Headwater Stream in the Suburb of Hefei City, China	LI Ru-zhong, YANG Ji-wei, QIAN Jing, <i>et al.</i>	(3365)
Migration and Transformation of Nitrogen in Urban Stream Located in Plain River-net Area Based on Water Resources Regulation	LIU Bo, SHENG Ming, ZHU Qiang, <i>et al.</i>	(3373)
Decomposition and Phosphorus Dynamics of the Litters in Standing and Litterbag of the Hangzhou Bay Coastal Wetland	SHAO Xue-xin, LIANG Xin-qiang, WU Ming, <i>et al.</i>	(3381)
Muti-model Collaborative Retrieval of Chlorophyll a in Taihu Lake Based on Data Assimilation	LI Yuan, LI Yun-mei, LÜ Heng, <i>et al.</i>	(3389)
Photobleaching of Dissolved Organic Matter (DOM) from Confluence of Two Rivers Under Natural Solar Radiation; A Case Study of Fujiang River-Jialingjiang River	GAO Jie, JIANG Tao, YAN Jin-long, <i>et al.</i>	(3397)
Using Ultraviolet-Visible (UV-Vis) Absorption Spectrum to Estimate the Dissolved Organic Matter (DOM) Concentration in Water, Soils and Sediments of Typical Water-Level Fluctuation Zones of the Three Gorges Reservoir Areas	LI Lu-lu, JIANG Tao, LU Song, <i>et al.</i>	(3408)
Synthesis of Cu ₂ O-Ag-AgBr/MA Visible Photocatalyst and Its Performance in Degradation of 2-Chlorophenol	WANG Ran, ZHOU Xue-feng, HU Xue-xiang, <i>et al.</i>	(3417)
Effects of Particle Size of Zero-Valent Iron on the Reactivity of Activating Persulfate and Kinetics for the Degradation of Acid Orange 7	LI Huan-xuan, WAN Jin-quan, MA Yong-wen, <i>et al.</i>	(3422)
Degradation of 2,4-D by Combined Catalytic Dechlorination and Biological Oxidation	ZHOU Hong-yi, ZENG Si-si, LIANG Si, <i>et al.</i>	(3430)
Treatment of Marine-Aquaculture Effluent by the Multi-Soil-Layer (MSL) System and Subsurface Flow Constructed Wetland	SONG Ying, HUANG Yu-ting, GE Chuan, <i>et al.</i>	(3436)
Variation of Different Carbon Sources in the Sewage Treatment Process	JIN Peng-kang, CHANG Jin, WANG Xian-bao, <i>et al.</i>	(3443)
Effect of Gas-lift Device on Nitrogen Removal Efficiency of ANAMMOX Reactor	LI Xiang, ZHANG Da-lin, HUANG Yong, <i>et al.</i>	(3449)
Enhancement for Anaerobic Digestion of Sewage Sludge Pretreated by Microwave and Its Combined Processes	LIU Ji-bao, NI Xiao-tang, WEI Yuan-song, <i>et al.</i>	(3455)
Pilot Study of Thermal Treatment/Thermophilic Anaerobic Digestion Process Treating Waste Activated Sludge of High Solid Content	WU Jing, WANG Guang-qi, CAO Zhi-ping, <i>et al.</i>	(3461)
Effects of Temperature on Combined Process of ABR and MBR for Domestic Sewage Treatment and Analysis of Microbial Community	WU Peng, LU Shuang-jun, XU Yue-zhong, <i>et al.</i>	(3466)
Microbial Community of Municipal Discharges in A Sewage Treatment Plant	XU Ai-ling, REN Jie, SONG Zhi-wen, <i>et al.</i>	(3473)
Pilot-Scale Cultivation of <i>Spirulina plantensis</i> with Digested Piggery Wastewater	GUO Qing-qing, LIU Rui, LUO Jin-fei, <i>et al.</i>	(3480)
Spectral Characteristics of Soluble Metabolites During Endogenous Respiration	LI Zhi-hua, ZHANG Qin, BAI Xu-li, <i>et al.</i>	(3487)
Endogenous Respiration Process Analysis of Heterotrophic Biomass and Autotrophic Biomass Based on Respiration Map	LI Zhi-hua, BAI Xu-li, ZHANG Qin, <i>et al.</i>	(3492)
Influence of S-Metolachlor and Cd ²⁺ on Photosynthesis of <i>Scenedesmus obliquus</i>	CHEN Cai-dong, HU Xiao-na, ZHANG Xiao-qiang, <i>et al.</i>	(3498)
Effect of Environmental Factors on Fish Community Structure in the Huntai River Basin at Multiple Scales	LI Yan-li, LI Yan-fen, XU Zong-xue, <i>et al.</i>	(3504)
Succession of Rotifer Community and Its Relationship with Environmental Factors in a New Estuarial Landscape River, Shanghai	MA Wen-hua, ZHANG Wei, GU Wan-wen, <i>et al.</i>	(3513)
Anaerobic Reduction of Humus/Fe(III) and Electron Transport Mechanism of <i>Fontibacter</i> sp. SgZ-2	MA Chen, YANG Gui-qin, LU Qin, <i>et al.</i>	(3522)
Source Apportionment of Soil Heavy Metals in Jiapigou Goldmine Based on the UNMIX Model	AI Jian-chao, WANG Ning, YANG Jing, <i>et al.</i>	(3530)
Environmental Magnetic Properties and Their Spatial Variability of Topsoil in Shihezi City	YANG Han, XIONG Hei-gang, CHEN Xue-gang, <i>et al.</i>	(3537)
Effects of Different Amounts of Phosphate Fertilizers on Copper, Zinc Transfer in Red Soil Under the Application of KH ₂ PO ₄	GUO Liang, LI Zhong-wu, HUANG Bin, <i>et al.</i>	(3546)
Influence of Sulfur on the Bioavailability of Arsenic Uptake by Rice (<i>Oryza sativa</i> L.) and Its Speciation in Soil	YANG Shi-jie, TANG Bing-pei, WANG Dai-chang, <i>et al.</i>	(3553)
Effects of Sulfur on Transformation of Selenium in Soil and Uptake of Selenium in Rape	LIU Xin-wei, DUAN Bi-hui, XIA Quan-jie, <i>et al.</i>	(3564)
Impact of Reclaimed Water Irrigation on Soil Chemical Properties and Culturable Microorganisms	GONG Xue, WANG Ji-hua, GUAN Jian-fei, <i>et al.</i>	(3572)
Influence of Different Slope Position and Profile in <i>Disporopsis pernyi</i> Forest Land on Soil Microbial Biomass and Enzyme Activity in Southwest Karst Mountain of China	QIN Hua-Jun, HE Bing-Hui, ZHAO Xuan-chi, <i>et al.</i>	(3580)
Effects of Different Soil Types on the Foliar δ ¹³ C Values of Common Local Plant Species in Karst Rocky Desertification Area in Central Guizhou Province	DU Xue-lian, WANG Shi-jie, LUO Xu-qiang, <i>et al.</i>	(3587)
Effect of Carbon Substrate Concentration on N ₂ , N ₂ O, NO, CO ₂ and CH ₄ Emissions from a Paddy Soil in Anaerobic Condition	CHEN Nuo, LIAO Ting-ting, WANG Rui, <i>et al.</i>	(3595)
Ability of Typical Greenery Shrubs of Beijing to Adsorb and Arrest PM _{2.5}	LIANG Dan, WANG Bin, WANG Yun-qi, <i>et al.</i>	(3605)
Effects of Chlorides on Cd Transformation in a Simulated Grate Incinerator During Sludge Incineration Process	LIU Jing-yong, ZHUO Zhong-xu, SUN Shui-yu, <i>et al.</i>	(3612)
Spatial Temporal Differentiation of Product-based and Consumption-based CO ₂ Emissions and Balance in the Beijing-Tianjin-Hebei Region; an Economic Input-Output Analysis	WANG Hao, CHEN Cao-cao, PAN Tao, <i>et al.</i>	(3619)
Study on Feasible Emission Control Level of Air Pollutions for Cement Industry	REN Chun, JIANG Mei, ZOU Lan, <i>et al.</i>	(3632)

《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9月15日 第35卷 第9期

ENVIRONMENTAL SCIENCE

(Monthly Started in 1976)

Vol. 35 No. 9 Sep. 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@reces. 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@reces. 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