

环境科学

(HUANJING KEXUE)

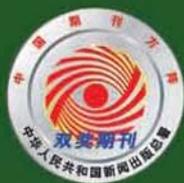
ENVIRONMENTAL SCIENCE

第37卷 第7期

Vol.37 No.7

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

2015年北京市两次红色预警期间PM_{2.5}浓度特征 程念亮, 张大伟, 陈添, 石爱军, 孙峰, 刘保献, 邹本东, 王琴, 李倩, 王小菊, 姜磊, 孟凡 (2409)

北京市冬季雾霾天人体呼吸高度PM_{2.5}变化特征对气象因素的响应 张南, 熊黑钢, 葛秀秀, 段鹏程, 毛先如, 王亚龙 (2419)

兰州大气细颗粒物中多环芳烃污染特征及来源分析 李英红, 饶志国, 谭吉华, 段晋春, 马永亮, 贺克斌 (2428)

南京北郊冬季PM_{2.5}中芳香酸的测定及来源解析 张亚飞, 马嫣, 亓鲁, 王振, 王利朋, 朱麟 (2436)

海洋-大气过程对南海气溶胶数浓度谱分布的影响 孔亚文, 盛立芳, 刘寿, 李秀镇 (2443)

新疆准东煤田降尘重金属污染及健康风险评价 杨春, 塔西甫拉提·特依拜, 侯艳军, 高宇潇, 刘芳, 夏楠 (2453)

重庆地区大气场降水中氢氧同位素变化特征及与大气环流的关系 温艳茹, 王建力 (2462)

湖水氢氧同位素组分的时间变化特征及影响因素分析 徐敬争, 肖薇, 肖启涛, 王伟, 温学发, 胡诚, 刘诚, 刘寿东, 李旭辉 (2470)

河水-地下水侧向交互带地球化学特征: 以重庆市马鞍溪为例 张宇, 杨平恒, 王建力, 谢世友, 陈峰, 詹兆君, 任娟, 张海月, 刘黛薇, 孟元可 (2478)

亚热带典型岩溶溪流水气界面CO₂交换通量变化过程及其环境影响 李丽, 蒲俊兵, 李建鸿, 于爽, 肖琼, 张陶 (2487)

淹水条件下三峡库区典型消落带土壤释放DOM的光谱特征: 紫外-可见吸收光谱 梁俭, 江韬, 卢松, 魏世强, 王定勇, 陈雪霜, 王齐磊 (2496)

淹水条件下三峡库区典型消落带土壤释放DOM的光谱特征: 荧光光谱 梁俭, 江韬, 卢松, 魏世强, 王定勇, 陈雪霜, 王齐磊 (2506)

华东地区某水源水中13种磺胺类抗生素的分布特征及人体健康风险评价 金磊, 姜蕾, 韩琪, 薛佳怡, 叶辉, 曹国民, 林匡飞, 崔长征 (2515)

北京水环境中氯胺酮和去甲氯胺酮的浓度水平 张华方, 杨军, 杜鹏, 王琮淙, 李喜青 (2522)

输水期间于桥水库流域水体中溶解态多环芳烃的分布特征与风险 昌盛, 赵兴茹, 付青, 郭睿, 王山军 (2530)

卤系阻燃剂在东江工业水体中的质量浓度及其分配特征 何明靖, 李琦, 赵佳渊, 王登祥 (2539)

岩溶地下水多环芳烃、脂肪酸分布特征及来源分析 谢正兰, 孙玉川, 张媚, 廖昱, 江泽利, 王尊波, 梁作兵 (2547)

哈尔滨主城区不同下垫面融雪径流污染特性 孙夕涵, 刘硕, 万鲁河, 王宏 (2556)

降水对泃河水质和水体微生物的影响 卢思丹, 孙寓姣, 赵轩, 王蕾, 郑丹阳 (2563)

不同磷源下铜绿微囊藻的生长差异及对磷酸盐的响应 王振翔, 张汉鹏, 罗专溪 (2570)

布洛芬和双氯芬酸在不同构型人工湿地中的去除行为研究 景瑞瑛, 杨扬, 戴玉女, 万翔, 邹义萍, 樊静静 (2577)

化学预氧化对苏氨酸生成三氯乙醛的影响 蔡广强, 傅学敏, 刘丽君, 卢小艳, 张金松, 刘嘉祺, 曲莹 (2586)

活性炭负载Co₃O₄活化过一硫酸盐降解金橙G 王忠明, 陈家斌, 张黎明, 李文卫, 黄天寅 (2591)

碳纳米管活化过一硫酸盐降解金橙G过程及动力学 张黎明, 陈家斌, 李文卫, 王忠明, 黄天寅 (2601)

碳纳米管修饰电极电催化还原去除废水中的氯霉素 邓飞, 唐柏彬, 张进忠, 汤民, 刘江 (2610)

铁刨花-Fenton-絮凝工艺对染料生产废水中AOX、色度和TOC的去除效果研究 舒小铭, 徐灿灿, 文晓刚, 朱静娜, 赵远, 刘锐, 陈吕军 (2618)

Fenton氧化去除制药企业活性污泥中AOX的效果研究 陈思, 徐灿灿, 刘锐, 李国华, 陈吕军, 郑伟 (2625)

中试规模微气泡曝气生物膜反应器运行性能评估 刘春, 张晶, 张静, 陈晓轩, 张磊, 曹丽亚 (2632)

基于CANON工艺的新型HABR反应器生物脱氮性能研究 鲍林林, 陈婉秋 (2639)

异养与硫自养反硝化协同处理高硝氮废水特性研究 李祥, 马航, 黄勇, 朱亮, 杨朋兵, 朱强 (2646)

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 陈重军, 张海芹, 汪瑶琪, 喻徐良, 王建芳, 沈耀良 (2652)

NUA-DAS生态滤池脱氮效果与反硝化菌特征研究 汪龙眠, 仇皓雨, 车昱晓, 张松贺, 郭照冰, 张毅敏 (2659)

葡萄藻生物膜贴壁培养处理含钴工业废水与烃类生产的耦合 程鹏飞, 王艳, 杨期勇, 汤明, 刘天中 (2666)

拉乌尔菌sari01的分离及其异养硝化好氧反硝化特性 颜薇芝, 郝健, 孙俊松, 史吉平 (2673)

海水异养硝化-好氧反硝化芽孢杆菌SLWX₂的筛选及脱氮特性 成钰, 李秋芬, 费聿涛, 张艳 (2681)

焦化废水活性污泥中降解硫氰化物细菌种群多样性分析 徐伟超, 蒙小俊, 尹莉, 张玉秀, 李海波, 曹宏斌 (2689)

浮游微型真核生物群落对电厂温排水增温的响应 戴文芳, 阳石页, 阙治家, 熊金波 (2696)

磷脂脂肪酸(PLFA)法检测蒙古沙冬青根围土壤微生物群落结构 左易灵, 贺学礼, 王少杰, 赵丽莉 (2705)

半干旱区土壤微生物呼吸对极端降水的响应 赵慢, 王蕊, 李如剑, 杜兰兰, 吴得峰, 孙棋棋, 高鑫, 郭胜利 (2714)

三峡库区消落带N₂O排放及其影响因素 李睿, 雷利国, 江长胜, 柴雪思, 黄哲, 范志伟, 郝庆菊 (2721)

不同量碳源输入梯度下果园排水沟底泥氮素反硝化与N₂O排放研究 高雪梅, 余冬立, 颜晓元, 夏永秋 (2731)

冬季污泥堆肥过程温室气体排放特征 易建婷, 杨雨洽, 张成, 陈宏, 赵秀娟, 木志坚 (2738)

藏东南春季拉山土壤中有机氯农药和多环芳烃的浓度分布及来源解析 罗东霞, 张淑娟, 杨瑞强 (2745)

基于地质统计及随机模拟技术的天津武清区土壤重金属源解析 宋志廷, 赵玉杰, 周其文, 刘潇威, 张铁亮 (2756)

水热变化对三峡水库消落带紫色土有机碳矿化的影响 丁长欢, 王莲阁, 唐江, 慈恩, 谢德体 (2763)

减磷施肥有机肥对紫色土早坡地磷素流失的消减效应 韩晓飞, 高明, 谢德体, 王子芳, 陈晨 (2770)

水稻根际与非根际土壤硫素赋存形态转化及其迁移规律 杜光辉, 饶伟, 李鑫, 张亚楠, 王代长, 杨军, 化党领, 刘世亮, 李培培, 刘红恩 (2779)

组配改良剂对污染稻田中Pb、Cd、Cu和Zn钝化效果持续性比较 吴玉俊, 周航, 杨文骏, 邹紫今, 朱维, 辜娇峰, 彭佩钦, 张平, 曾敏, 廖柏寒 (2791)

生物法回收贵金属铂纳米颗粒及其机制 商儒, 朱能武, 康乃馨, 石超宏 (2799)

热处理天然褐铁矿制备γ-Fe₂O₃及其NH₃-SCR活性探究 徐彬, 陈天虎, 刘海波, 朱承驻, 陈冬, 邹雪华, 蒋阳 (2807)

《环境科学》征订启事(2569) 《环境科学》征稿简则(2576) 信息(2744, 2769, 2790)

焦化废水活性污泥中降解硫氰化物细菌种群多样性分析

徐伟超¹, 蒙小俊¹, 尹莉¹, 张玉秀^{1*}, 李海波², 曹宏斌²

(1. 中国矿业大学(北京)化学与环境工程学院, 北京 100083; 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: 硫氰化物(SCN⁻)是焦化废水中 COD 的主要来源之一,其在生物处理工艺好氧段的去除效果直接影响出水的达标排放,活性污泥中的微生物种群在 SCN⁻生物处理中发挥重要作用. 以 SCN⁻为唯一碳源和能源驯化活性污泥,研究其对 100、300 和 600 mg·L⁻¹ SCN⁻浓度的去除降解效果,并利用 454 测序技术解析污泥中降解 SCN⁻的细菌多样性. 结果表明,驯化污泥能有效去除 100~600 mg·L⁻¹ SCN⁻,SCN⁻浓度越高,去除速率越高,然而细菌群落多样指数越低;原始污泥和驯化污泥的细菌门类群主要为 Proteobacteria、Bacteroidetes、Chlorobi、Planctomycetes、Acidobacteria、Nitrospira、Firmicutes 和 Unclassified,其中 Proteobacteria 和 Bacteroidetes 门占主导地位; *Thiobacillus* 是主要的 SCN⁻降解菌,在 3 个污泥样品中的丰度分别为 3.07%、8.63% 和 0.27%. *Thiobacillus* 是浓度小于 300 mg·L⁻¹ SCN⁻时焦化废水中主要的 SCN⁻降解菌,而在 600 mg·L⁻¹ SCN⁻高浓度时低丰度的 SCN⁻降解菌群可能发挥协同降解作用. 这些结果为揭示焦化废水处理 SCN⁻污染物的去除机制提供了基础.

关键词: 焦化废水; 硫氰化物; 生物降解; 群落结构; 测序分析

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2016)07-2689-07 DOI: 10.13227/j.hjcx.2016.07.036

Biodiversity of Thiocyanate-degrading Bacteria in Activated Sludge from Coking Wastewater

XU Wei-chao¹, MENG Xiao-jun¹, YIN Li¹, ZHANG Yu-xiu^{1*}, LI Hai-bo², CAO Hong-bin²

(1. School of Chemical and Environmental Engineering, China University of Mining & Technology (Beijing), Beijing 100083, China; 2. Key Laboratory of Green Process and Engineering, Institute of Process Engineering, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100190, China)

Abstract: Thiocyanate (SCN⁻) is one of the main sources of COD in coking wastewater, and SCN⁻ removal efficiency of the aerobic unit impacts the requirement of discharging standard. Microbial population in the activated sludge plays an important role in SCN⁻ removal of coking wastewater treatment. However, the community structure has rarely been reported. Using SCN⁻ as the sole carbon and energy source, the removal of 100 mg·L⁻¹, 300 mg·L⁻¹ and 600 mg·L⁻¹ SCN⁻ by activated sludge was studied and 454 sequencing technology was applied to investigate the biodiversity of SCN⁻-degrading bacteria. The results showed that 100-600 mg·L⁻¹ SCN⁻ could be effectively removed by acclimated activated sludge, the higher SCN⁻ concentration, the higher removal efficiency, but the lower bacterial community diversity indices. The bacterial communities in initial and acclimated sludge samples were mainly composed of Proteobacteria, Bacteroidetes, Chlorobi, Planctomycetes, Acidobacteria, Nitrospira, Firmicutes and Unclassified bacteria. Bacteroidetes and Proteobacteria were dominant phyla in the sludge. *Thiobacillus* was responsible for SCN⁻ biodegradation in coking wastewater, and its abundance in three sludge samples was 3.07%, 8.63% and 0.27%, respectively. When the concentration of SCN⁻ was less than 300 mg·L⁻¹, *Thiobacillus* was the main degrading bacteria. While at 600 mg·L⁻¹ SCN⁻, low-abundance degrading bacteria might have synergistic degradation effect. These results have important significance for revealing SCN⁻ removal mechanism in the coking wastewater treatment.

Key words: coking wastewater; thiocyanate; biodegradation; community structure; pyrosequencing

焦化废水是煤在高温干馏过程中以及煤气净化、化学产品精制过程中产生的高浓度、难降解有机工业废水,酚类是其主要有机组分,其他的有机物包括多环芳烃和一些含有氮、氧和硫的杂环化合物,无机组分则包括氰化物、硫氰化物(SCN⁻)和氨氮等^[1,2]. 酚类、硫氰化物和氰化物是焦化废水中 COD 的 3 大主要来源,SCN⁻在焦化废水中的浓度为 200~1 000 mg·L⁻¹,是仅次于酚类的第 2 大 COD 来源;由于 SCN⁻的毒性相对较低,其在焦化废水处理过程中受到的重视程度远不如挥发酚和氰化物等

污染物^[3,4]. SCN⁻是苯酚和氨生物降解的抑制剂^[5,6],对硝化过程有抑制作用^[4]. 同时,SCN⁻的转化需要大量的氧化剂或溶解氧,且可能生成 CN⁻中间产物^[7],因此,SCN⁻不仅对焦化废水的主要控制

收稿日期: 2015-09-13; 修订日期: 2016-02-18

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项目(201509053); 中央高校基本科研业务费专项(2010YH05)

作者简介: 徐伟超(1992~),男,硕士研究生,主要研究方向为污水处理, E-mail: 907521363@qq.com

* 通讯联系人, E-mail: zhangyuxiu@cumtb.edu.cn

指标 COD、色度及 NH_4^+-N 等有直接或间接作用,还会使废水毒性增高。因此,焦化废水中的 SCN^- 必须彻底有效去除,以消除废水对生态环境带来的潜在威胁和危害。

焦化废水的处理过程主要包括脱酚、蒸氨、脱氰、除油、生化处理、混凝沉淀和后续高级氧化等。其中生化处理是焦化废水处理的主体和核心,如缺氧-好氧、厌氧-缺氧-好氧和序批式活性污泥法等^[8]。污泥的细菌群落结构在废水的生物处理过程中起着至关重要的作用,决定废水中污染物的去除效率^[9,10]。Zhu 等^[11]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,促进了一些新类群的出现,使氢氧化菌和亚硝化细菌逐渐成为优势菌。曹军伟等^[12]通过 PCR 和 16S r DNA 序列分析技术,在焦化活性污泥中鉴定了 20 个属的 28 种酚类化合物降解菌。乔琳等^[13]通过末端限制性片段长度多态性(T-RFLP)分析手段,探讨了固定化生物强化与对照反应器中微生物群落结构的动态变化,表明在吡啶初始浓度为 782.4 ~ 2 934 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 时,投加的菌株 *Paracoccus* sp. KT-5 可以作为优势菌始终存在于反应器中。Huddy 等^[14]利用基因克隆文库分析表明 *Thiobacillus* 是 ASTER™ 生物处理系统中 SCN^- 降解的优势菌。Ryu 等^[15]利用高通量解析了 SCN^- 降解过程中的藻类和细菌群落结构的动态变化,发现 *Thiobacillus* 细菌和 *Micractinium* 藻类为优势生物。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^[16], SCN^- 是焦化废水中 COD 的主要来源之一,其好氧段生物去除效果影响废水的达标排放,而降解 SCN^- 的细菌群落结构依然处于“黑匣子状态”。对焦化废水活性污泥中降解 SCN^- 的微生物进行分子生态学研究,有助于探讨焦化废水处理的工艺改进、动态监控和优化控制。

本研究利用 KSCN 为唯一碳源和能源,采用逐步提高其浓度的方法富集焦化废水活性污泥中的 SCN^- 降解菌群,并利用 454 测序分析其细菌多样性以及在不同 SCN^- 浓度条件下群落结构的演替变化,以为焦化废水处理工艺的的稳定运行提供理论基础。

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,

KSCN(分析纯);接种污泥采集自鞍山某焦化厂好氧池。

1.2 污泥的驯化培养

取适量经沉淀浓缩的新鲜活性污泥于有机玻璃反应器中,加入用自来水配置的浓度为 100 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 的 KSCN 水溶液,使其污泥浓度为 3 ~ 5 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$,在温度为 31℃ 条件下充分曝气(DO 4.0 ~ 7.0 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$),定时取样检测活性污泥降解 SCN^- 的能力,同时设置未加污泥的污水做对照组。活性污泥可以在 24 h 内可完全降解 100 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 的 SCN^- ,静置 1 h 后去除上清液,加入新鲜的 100 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 的 KSCN 水溶液在相同条件下继续培养 24 h(1 号样品),去除上清液后加入浓度为 300 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 的 KSCN 水溶液,培养 2 d(一个周期)更换新的 KSCN 水溶液,8 个周期后(2 号样品)加入浓度为 600 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 的 KSCN 水溶液继续驯化培养,6 个周期后结束培养(3 号样品)。

1.3 活性污泥对 SCN^- 浓度的生物降解

分别取适量经沉淀浓缩的新鲜活性污泥和 100 ~ 600 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ KSCN 驯化富集的活性污泥于有机玻璃反应器中,加入用自来水配置的浓度分别为 100、300、600 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 的 KSCN 水溶液,使其污泥浓度为 3 ~ 5 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$,在温度为 31℃ 条件下充分曝气定时取样,检测活性污泥对 SCN^- 的降解能力。 SCN^- 的测定方法参照文献^[17]。

1.4 细菌多样性分析

1.4.1 污泥样品预处理

将不同周期培养后的活性污泥样品置于 1、2 和 3 离心管中离心弃上清,用已灭菌的生理盐水洗涤 2 ~ 3 次,用于后续污泥细菌总 DNA 的提取、PCR 和测序分析。

1.4.2 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^[18],扩增区域 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 反应体系, 50 μL PCR 反应体系及 10 × PCR buffer 5 μL , dNTP (10 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$) 0.5 μL , Genomic DNA 10 ng, 引物 F (50 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$) 1 μL , 引物 R (50 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$) 1 μL ,

Plantium *Taq* ($5 \text{ U} \cdot \mu\text{L}^{-1}$) $0.5 \mu\text{L}$, 水 $42 \mu\text{L}$. 各样品 PCR 扩增后, 利用 Roche 454 GSFLX + 测序仪上机测序.

1.4.3 序列数据处理

原始序列数据通过质量控制, 舍弃低质量序列之后序列长度大部分分布在 $400 \sim 600 \text{ bp}$ 之间, 平均长度均在 440 bp 以上, 各样本序列数均在 500 bp 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 OTU) 进行分类^[16], 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 活性污泥对 SCN^- 的生物降解

硫氰化物是焦化原水中含量最高的无机污染物之一^[4], 而在曝气池中 SCN^- 的浓度约 $100 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$. SCN^- 的组成元素 S、C 和 N 是生物生长所需的营养元素, 在好氧条件下微生物可以 SCN^- 作为其碳源、氮源或硫源进行生长, 并形成 SO_4^{2-} 、 CO_2 和 NH_4^+ 代谢产物^[15]. 结果表明 (如图 1), 原始污泥和驯化污泥对 SCN^- 的降解速率随着 SCN^- 初始浓度的升高而增大, 驯化污泥的降解能力大于原始污泥, 初始 SCN^- 浓度为 $600 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 时, 原始污泥的降解速率为 $14.255 \text{ mg} \cdot (\text{g} \cdot \text{h})^{-1}$, 而驯化污泥的降解速率为 $15.978 \text{ mg} \cdot (\text{g} \cdot \text{h})^{-1}$, 表明污泥驯化有利于 SCN^- 降解菌群的富集和降解能力的提高. 解析不同 SCN^- 浓度下驯化污泥的细菌种群结构有助于揭示污泥的降解机制和降解效率.

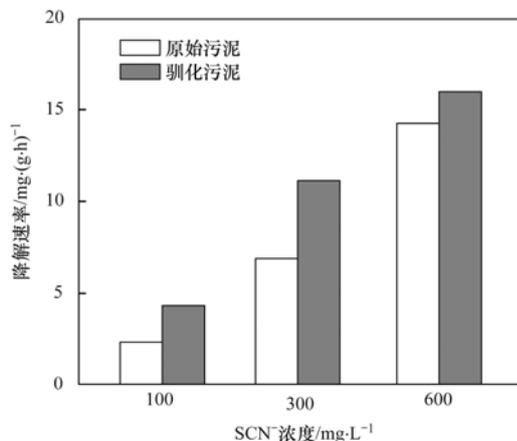


图 1 活性污泥中 SCN^- 的降解速率

Fig. 1 Degradation rate of SCN^- by activated sludge

2.2 活性污泥的细菌群落结构多样性

为了分析降解 SCN^- 的细菌群落结构丰富度, 在 97% 相似水平上计算了常见的多样性指数. 污泥细菌多样性指数如表 1 所示, 覆盖率指数是样品的测序深度也表明样品的覆盖率, 3 个样品的覆盖率分别是 0.97、0.98 和 0.98, 表明绝大部分的细菌种群都被检测出来. 随 SCN^- 驯化浓度的升高, 活性污泥中的细菌多样指数随之减少, 如 $100 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ SCN^- 的活性污泥经过 $300 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $600 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 的 SCN^- 培养驯化后, 生物分类单元 (OTUs) 从 949 分别降为 749 和 702, 香农指数也从 4.42 分别减为 3.49 和 3.28, 这表明细菌多样性及结构在不同浓度 SCN^- 的培养下发生了改变, 高浓度的 SCN^- 对群落结构产生胁迫压力, 使其生物多样性减少. 图 2 同样显示不同 SCN^- 浓度对生物群落结构的影响, 图 2 (a) 生物群落丰富度稀疏曲线显示 $600 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ SCN^- 的 OTUs 最少, $100 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ SCN^- 的 OTUs 最多, 说明 SCN^- 浓度越大, 细菌多样性越少. 相似的结果也通过聚类分析图 2 (b) 得以阐明, 聚类热图采用样本间 unifracc 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; $100 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $300 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ SCN^- 培养过的生物群落聚类在一起, 且距离较近, 说明细菌群落结构经演替变化可以适应不同的 SCN^- 浓度环境, SCN^- 浓度越高对生物群落的胁迫压力越大, 细菌种群差异越大.

不同浓度的 SCN^- 对活性污泥生物群落结构产生的影响不同, 污泥生物群落维恩图 (图 3) 表明 3 个污泥样品共享部分 OTUs 占整个 OTUs 的 13%, 这部分微生物群落结构受 SCN^- 浓度的波动干扰小, 推测其对硫氰化的耐受性高, 其中部分细菌菌群可能是 SCN^- 降解菌群, 可以 SCN^- 为唯一碳源、硫源和能源; 另一部分菌群可能与污泥的稳定性有关. 此外, 图 3 表明 $300 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $600 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ SCN^- 培养的污泥共享的 OTUs 为 106, $300 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ SCN^- 和原始污泥共享的 OTUs 为 104, 而 $600 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ SCN^- 和原始污泥共享的 OTUs 为 51, 同样说明高浓度 SCN^- 驯化污泥与原始污泥的细菌群落多样性相差较大.

2.3 细菌群落结构组成和丰度

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 4、表 2 和图 5 分别为细菌群落结构在门、目和属水平上的组成和丰度. 污泥的优势门 (图 4) 主要有

表 1 细菌群落多样性指数

编号	序列	OTUs	香农指数	ACE 指数	Chao1 指数	覆盖率
1	14936	949	4.42	2 807.11	1 951	0.97
2	18334	749	3.49	2 389.47	1 738	0.98
3	17676	702	3.28	2 267.02	1 681	0.98

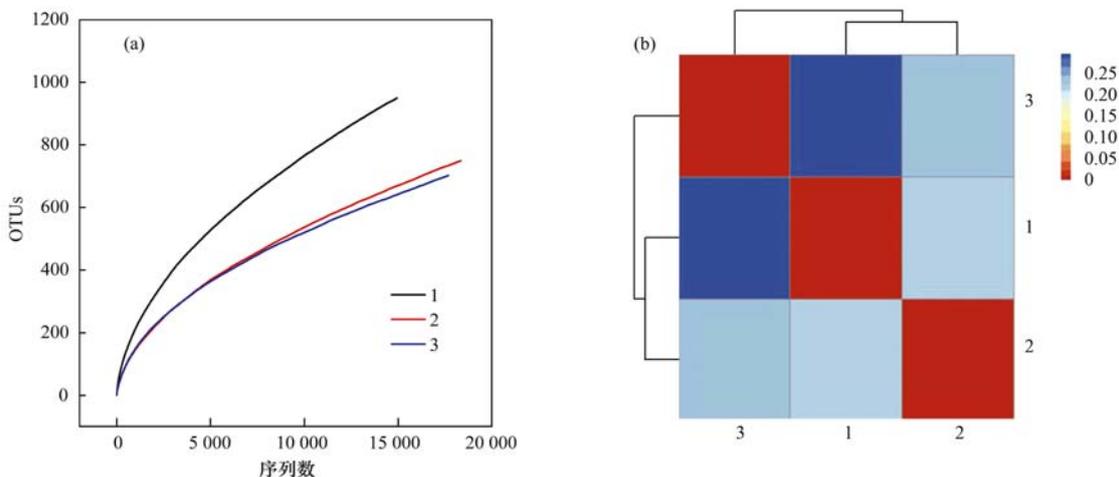


图 2 细菌群落丰富度稀疏曲线和聚类分析

Fig. 2 Rarefaction curve and cluster analysis of bacterial community

Proteobacteria、Bacteroidetes、Chlorobi、Planctomycetes、Acidobacteria、Nitrospira、Firmicutes、未分类的和微小菌群,与 Ma 等^[16]的研究结果基本一致. Proteobacteria 在焦化废水中占主导地位^[11],其在 3 个污泥样品中的丰度也最高,分别为 47.47%、50.28% 和 38.65%. Bacteroidetes 为第二优势门,丰度分别为 36.78%、31.57% 和 46.11%,Acidobacteria 在 3 个污泥样品中的丰度分别为 2.62%、7.33% 和 7.99%. Bacteroidetes 和

Actinobacteria 为好氧污泥中的优势门,McLellan 等^[19]发现二者也为污水处理厂进水中的优势细菌. Chlorobi 的丰度分别为 0.21%、1.65% 和 3.19%. Firmicutes 在 3 个污泥样品中的丰度分别为 4.04%、0.35% 和 0.25%,而在厌氧污泥中的丰度高达 92.3%^[20]. Nitrospira 为亚硝化细菌,在 3 个活性污泥中的丰度低于 1%. 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^[21]. 虽然 90% 以

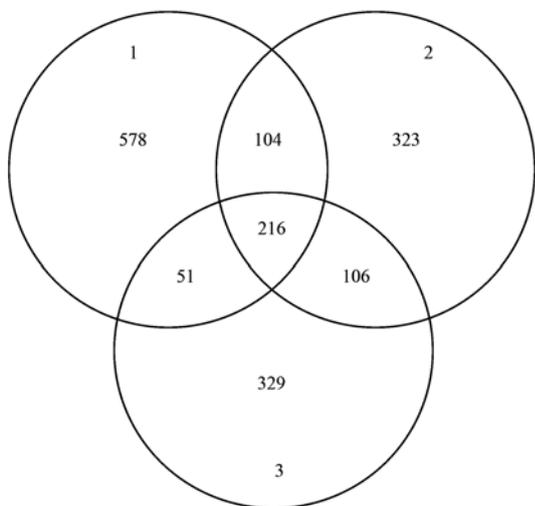


图 3 细菌群落结构维恩图

Fig. 3 Venn plot of bacterial community structure

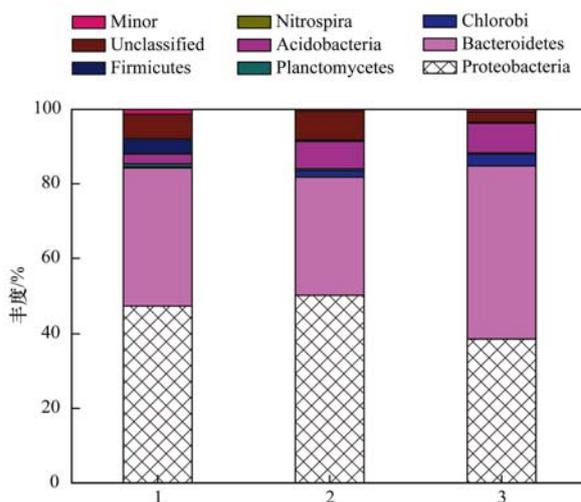


图 4 细菌群落结构门水平上的组成

Fig. 4 Composition of bacterial community at phylum level

上的细菌门类在 3 个污泥样品中被鉴定,然而无法分类或者未知的门类在 3 个污泥样品中的丰度分别为 6.54%、7.69% 和 2.79%。

目水平上分类表 2(每种目的丰度至少在一个样品中不小于 1%)表明: 3 个污泥样品的优势目均为 Burkholderiales、Sphingobacteriales 和 Xanthomonadales。Sphingobacteriales 在 3 个污泥样品中的丰度分别为 32.85%、29.5% 和 45.08%, Xanthomonadales 的丰度分别为 3.8%、18.5% 和 14.48%, 而 Burkholderiales 的丰度分别为 13.3%、8.95% 和 11.92%。Burkholderiales 可以降解烃类物质,是芳烃污染的地表水中的优势目^[22],可降解焦化废水中的苯酚和 PAHs(萘)^[23,24]。Rhodospirillales、Sphingomonadales、Clostridiales、Parvularculales、Rhodobacterales 和 Myxococcales 等是 3 个污泥样品所共享的目,虽然各自的丰度不同,但表明其对不同 SCN⁻ 浓度胁迫下有一定的适应性,也说明群落结构可通过自身的调整以适应不同的 SCN⁻ 浓度环境。

表 2 细菌群落结构目水平上的组成/%

Table 2 Composition of bacterial community structure at order level/%

优势目	样品		
	1	2	3
Rhodospirillales	2.54	0.89	1.05
Burkholderiales	13.3	8.95	11.92
Sphingomonadales	3.66	0.80	4.47
Rhizobiales	2.84	2.41	2.10
Xanthomonadales	3.80	18.5	14.48
Hydrogenophilales	3.92	8.77	0.38
Clostridiales	3.66	0.22	0.14
Parvularculales	1.29	0.22	0.07
Nitrosomonadales	1.48	0.04	0.03
Flavobacteriales	1.97	1.82	0.89
Sphingobacteriales	32.85	29.5	45.08
Rhodobacterales	2.22	0.85	0.64
Ignavibacteriales	0.21	1.65	3.19
Myxococcales	1.03	0.15	0.31
Unclassified	17.8	22.45	12.98

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(图 5): 3 个污泥主要的属为 20 个,不同属在不同污泥样品中的丰度不同,有些菌的丰度会随 SCN⁻ 浓度的升高而提高,有些菌株的丰度会随 SCN⁻ 浓度的升高而降低,结果类似于门和目分类得到的结论,进一步说明细菌种群对不同 SCN⁻ 浓度胁迫下有一定的适应性,群落结构可以通过自身的组成变化适应

不同的 SCN⁻ 浓度环境。Flavisolibacter、Ferruginibacter、Caldimonas、Steroidobacter、Thiobacillus 和 Gp4, 为 100 mg·L⁻¹ SCN⁻ 培养的污泥样品中主要的属, Flavisolibacter、Thermomonas、Thiobacillus、Gp4、Steroidobacter 和 Comamonas, 为 300 mg·L⁻¹ SCN⁻ 培养的污泥样品中主要的属, 而 600 mg·L⁻¹ SCN⁻ 培养的污泥样品中主要的属为 Flavisolibacter、Thermomonas、Gp4、Thiomonas、Sphingopyxis 和 Ignavibacterium。Flavisolibacter 可能参与聚羟基脂肪酸酯的合成^[25], 而 Thermomonas 在 50℃ 生长的能力有助于细菌细胞壁组分的修饰, 如蛋白质和(糖)脂质的化学修饰^[26], 自养微生物 Thiobacillus 和 Thiomonas 可利用 H₂S 作为能源生长^[27]。焦化废水中分离出 Thiobacillus 和 Acremonium 菌株能以 SCN⁻ 为唯一碳源和能源生长^[28,29], 本研究未发现 Acremonium 的存在。Thiobacillus 普遍存在于含 SCN⁻ 的废水处理系统中, 可有效降解 SCN⁻^[11], Thiobacillus 为 100 mg·L⁻¹ 和 300 mg·L⁻¹ SCN⁻ 培养的污泥样品中的优势菌, 丰度分别为 3.07% 和 8.63%, 而在 600 mg·L⁻¹ SCN⁻ 培养的污泥样品中的丰度仅为 0.27%, 表明在 SCN⁻ 浓度 < 300 mg·L⁻¹ 时 Thiobacillus 可能是 SCN⁻ 主要的降解菌, 然而 SCN⁻ 浓度 > 300 mg·L⁻¹ 时, 可能有其他菌群参与 SCN⁻ 的降解, 如 Arthrobacter、Bacillus、Escherichia、Klebsiella、Methylobacterium、Ralstonia 和 Pseudomonas 为 SCN⁻ 降解菌^[30], 除 Escherichia 和 Methylobacterium 外, 这些 SCN⁻ 降解菌在本实验中均已经检测出来, 然而其丰度很低, 推测这些低丰

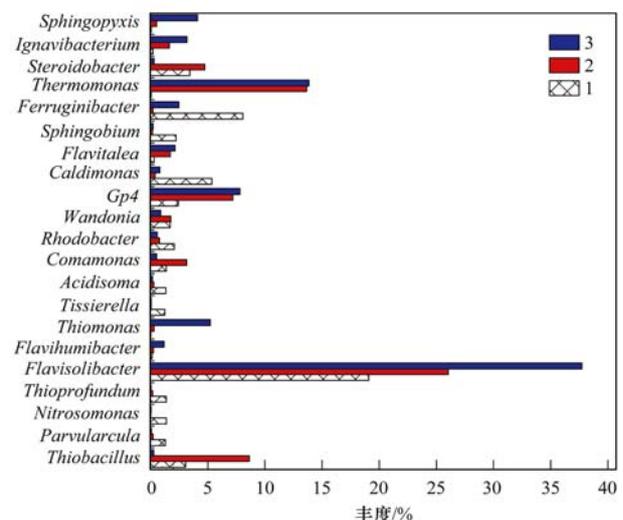


图 5 细菌群落结构属水平上的分布

Fig. 5 Distribution of bacterial community structure at genus level

度的 SCN^- 降解菌可能在高浓度 SCN^- 下发挥协同降解作用。另外,不同的细菌具有不同的污染物降解功能,同一种细菌也可具有降解多种不同污染物的功能,如 *Comamonas* 菌可降解酚类、PAHs 和杂环类物质(如吡啶、喹啉)等^[16]; *Thiobacillus* 不仅能降解 SCN^- , 还具有很强的反硝化能力^[31]; *Pseudomonas* 可降解 SCN^- 、酚类化合物、苯、甲苯和 PAHs 等,同时具有硝化和反硝化的能力^[32~35]。污泥是一个复杂的微生物群体,焦化废水中 SCN^- 的降解可能是多种菌群共同作用的结果,菌群间复杂的相互作用关系还有待进一步研究。

3 结论

(1) 活性污泥经 $300 \sim 600 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} \text{SCN}^-$ 的驯化后,其 SCN^- 的降解能力提高,细菌多样性随 SCN^- 浓度升高降低。

(2) 活性污泥细菌群落结构组成中的优势门为 Proteobacteria 和 Bacteroidetes, 优势目为 Burkholderiales、Sphingobacteriales 和 Xanthomonadales, *Flavisolibacter* 是系统中含量最高的属, *Thiobacillus* 是 $< 300 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} \text{SCN}^-$ 焦化废水中主要的 SCN^- 降解菌,在 $600 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1} \text{SCN}^-$ 高浓度时低丰度的 SCN^- 降解菌群可能发挥协同降解作用。

参考文献:

- [1] 李恩超, 王治立, 金学文, 等. SBR 工艺用于焦化纳滤浓盐水生物脱氮[J]. 环境工程学报, 2015, **9**(8): 3854-3858.
- [2] 黄源凯, 韦朝海, 吴超飞, 等. 焦化废水污染指标的相关性分析[J]. 环境化学, 2015, **34**(9): 1661-1670.
- [3] 陆洪宇, 孙亚全, 董春娟, 等. 焦化废水中 COD、挥发酚和硫氰化物同步高效去除[J]. 环境工程学报, 2014, **8**(7): 2848-2852.
- [4] 潘霞霞, 李媛媛, 黄会静, 等. 焦化废水中硫氰化物的生物降解及其与苯酚、氨氮的交互影响[J]. 化工学报, 2009, **60**(12): 3089-3096.
- [5] Banerjee G. Phenol-and thiocyanate-based wastewater treatment in RBC reactor [J]. Journal of Environmental Engineering, 1996, **122**(10): 941-948.
- [6] Kim Y M, Park D, Lee D S, et al. Inhibitory effects of toxic compounds on nitrification process for cokes wastewater treatment [J]. Journal of Hazardous Materials, 2008, **152**(3): 915-921.
- [7] Chang E E, Hsing H J, Chiang P C, et al. The chemical and biological characteristics of coke-oven wastewater by ozonation [J]. Journal of Hazardous Materials, 2008, **156**(1-3): 560-567.
- [8] Zhu X B, Tian J P, Chen L J. Phenol degradation by isolated bacterial strains: kinetics study and application in coking wastewater treatment [J]. Journal of Chemical Technology and Biotechnology, 2012, **87**(1): 123-129.
- [9] Sueoka K, Satoh H, Onuki M, et al. Microorganisms involved in anaerobic phenol degradation in the treatment of synthetic coke-oven wastewater detected by RNA stable-isotope probing [J]. FEMS Microbiology Letters, 2009, **291**(2): 169-174.
- [10] 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.
- [11] 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.
- [12] 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.
- [13] 乔琳, 赵宏, 王建龙. 生物强化去除吡啶的特性及微生物种群动态变化分析[J]. 环境科学, 2012, **33**(6): 2052-2060.
- [14] Huddy R J, van Zyl A W, van Hille R P, et al. Characterisation of the complex microbial community associated with the ASTER™ thiocyanate biodegradation system [J]. Minerals Engineering, 2015, **76**: 65-71.
- [15] Ryu B G, Kim W, Nam K, et al. A comprehensive study on algal-bacterial communities shift during thiocyanate degradation in a microalga-mediated process [J]. Bioresource Technology, 2015, **191**: 496-504.
- [16] 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.
- [17] 王书萍, 庾保华, 袁茂彪, 等. 焦化废水中硫氰化物的测定 [J]. 化工环保, 2013, **33**(5): 465-468.
- [18] 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.
- [19] 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.
- [20] Zhao G, Ma F, Wei L, et al. Using rice straw fermentation liquor to produce bioflocculants during an anaerobic dry fermentation process [J]. Bioresource Technology, 2012, **113**: 83-88.
- [21] 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.
- [22] Abbai N S, Pillay B. Analysis of hydrocarbon-contaminated groundwater metagenomes as revealed by high-throughput sequencing [J]. Molecular Biotechnology, 2013, **54**(3): 900-912.
- [23] El-Sayed W S, Ibrahim M K, Abu-Shady M, et al. Isolation and

- characterization of phenol-catabolizing bacteria from a coking plant[J]. *Bioscience Biotechnology and Biochemistry*, 2003, **67**(9): 2026-2029.
- [24] 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: Toxic/Hazardous Substances and Environmental Engineering*, 2012, **47**(13): 1984-1991.
- [25] Janarthanan O M, Laycock B, Montano-Herrera L, *et al.* Fluxes in PHA-storing microbial communities during enrichment and biopolymer accumulation processes [J]. *New Biotechnology*, 2016, **33**(1): 61-72.
- [26] Di Lorenzo F, Paciello I, Fazio L L, *et al.* Thermophiles as potential source of novel endotoxin antagonists; the full structure and bioactivity of the lipo-oligosaccharide from *Thermomonas hydrothermalis* [J]. *ChemBioChem*, 2014, **15**(14): 2146-2155.
- [27] Li J J, Ye G Y, Sun D F, *et al.* Performances of two biotrickling filters in treating H₂S-containing waste gases and analysis of corresponding bacterial communities by pyrosequencing [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2012, **95**(6): 1633-1641.
- [28] Kim S J, Katayama Y. Effect of growth conditions on thiocyanate degradation and emission of carbonyl sulfide by *Thiobacillus thioeparus* THI115 [J]. *Water Research*, 2000, **34**(11): 2887-2894.
- [29] Kwon H K, Woo S H, Park J M. Thiocyanate degradation by *Acremonium strictum* and inhibition by secondary toxicants [J]. *Biotechnology Letters*, 2002, **24**(16): 1347-1351.
- [30] Chaudhari A U, Kodam K M. Biodegradation of thiocyanate using co-culture of *Klebsiella pneumoniae* and *Ralstonia* sp. [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2010, **85**(4): 1167-1174.
- [31] 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.
- [32] Di Martino C, López N I, Iustman L J R. Isolation and characterization of benzene, toluene and xylene degrading *Pseudomonas* sp. selected as candidates for bioremediation [J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2012, **67**: 15-20.
- [33] Parellada E A, Ferrero M, Cartagena E, *et al.* Laherradurin, a natural stressor, stimulates QS mechanism involved in biofilm formation of a PAHs degrading bacterium [J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2013, **85**: 78-84.
- [34] 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.
- [35] Su J J, Yeh K S, Tseng P W. A strain of *Pseudomonas* sp. isolated from piggery wastewater treatment systems with heterotrophic nitrification capability in Taiwan [J]. *Current Microbiology*, 2006, **53**(1): 77-81.

CONTENTS

Concentration Characteristics of PM _{2.5} in Beijing During Two Red Alert Periods	CHENG Nian-liang, ZHANG Da-wei, CHEN Tian, <i>et al.</i> (2409)
Response of Human Respiratory Height PM _{2.5} Variation Characteristics to Meteorological Factors During Winter Haze Days in Beijing	ZHANG Nan, XIONG Hei-gang, GE Xiu-xiu, <i>et al.</i> (2419)
Pollution Characteristics and Sources Analysis of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Atmospheric Fine Particulate Matter in Lanzhou City	LI Ying-hong, RAO Zhi-guo, TAN Ji-hua, <i>et al.</i> (2428)
Determination and Source Apportionment of Aromatic Acids in PM _{2.5} from the Northern Suburb of Nanjing in Winter	ZHANG Ya-fei, MA Yan, QI Lu, <i>et al.</i> (2436)
Impact of Marine-atmospheric Process on Aerosol Number Size Distribution in the South China Sea	KONG Ya-wen, SHENG Li-fang, LIU Qian, <i>et al.</i> (2443)
Assessment of Heavy Metals Pollution and Its Health Risk of Atmospheric Dust Fall from East Part of Junggar Basin in Xinjiang	YANG Chun, Tashpolat Tiyip, HOU Yan-jun, <i>et al.</i> (2453)
Variations of Stable Isotope in Precipitation and Its Atmospheric Circulation Effect in Chongqing	WEN Yan-ru, WANG Jian-li (2462)
Temporal Dynamics of Stable Isotopic Composition in Lake Taihu and Controlling Factors	XU Jing-zheng, XIAO Wei, XIAO Qi-tao, <i>et al.</i> (2470)
Geochemical Characteristics of Lateral Hyporheic Zone Between the River Water and Groundwater, a Case Study of Maanxi in Chongqing	ZHANG Yu, YANG Ping-heng, WANG Jian-li, <i>et al.</i> (2478)
Variations of CO ₂ Exchange Fluxes Across Water-air Interface and Environmental Meaning in a Surface Stream in Subtropical Karst Area, SW China	LI Li, PU Jun-bing, LI Jian-hong, <i>et al.</i> (2487)
Spectral Characteristics of Dissolved Organic Matter (DOM) Releases from Soils of Typical Water-Level Fluctuation Zones of Three Gorges Reservoir Areas; UV-Vis Spectrum	LIANG Jian, JIANG Tao, LU Song, <i>et al.</i> (2496)
Spectral Characteristics of Dissolved Organic Matter (DOM) Releases from Soils of Typical Water-Level Fluctuation Zones of Three Gorges Reservoir Areas; Fluorescence Spectra	LIANG Jian, JIANG Tao, LU Song, <i>et al.</i> (2506)
Distribution Characteristics and Health Risk Assessment of Thirteen Sulfonamides Antibiotics in a Drinking Water Source in East China	JIN Lei, JIANG Lei, HAN Qi, <i>et al.</i> (2515)
Concentrations of Ketamine and Norketamine in the Water Environment in Beijing	ZHANG Hua-fang, YANG Jun, DU Peng, <i>et al.</i> (2522)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in the Water of Yuqiao Reservoir Watershed During the Water Delivery Period	CHANG Sheng, ZHAO Xing-ru, FU Qing, <i>et al.</i> (2530)
Concentrations and Partitioning of Halogenated Flame Retardants in Industrial Water of Dongjiang River	HE Ming-jing, LI Qi, ZHAO Jia-yuan, <i>et al.</i> (2539)
Distribution Characteristics and Source Identification of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons, Fatty Acids in Water of Karst Underground River	XIE Zheng-lan, SUN Yu-chuan, ZHANG Mei, <i>et al.</i> (2547)
Pollution Characteristics of Snowmelt Runoff on Different Underlying Surface in Main Urban Area of Harbin	SUN Xi-han, LIU Shuo, WAN Lu-he, <i>et al.</i> (2556)
Impact of Precipitation on Fenghe River Water and Aquatic Microorganisms	LU Si-dan, SUN Yu-jiao, ZHAO Xuan, <i>et al.</i> (2563)
Response of <i>Microcystis aeruginosa</i> Growth to Arsenate Under Different Phosphorus Regimes	WANG Zhen-hong, ZHANG Han-peng, LUO Zhuan-xi (2570)
Removal Behavior of Ibuprofen and Diclofenac in Different Constructed Wetlands	JING Rui-ying, YANG Yang, DAI Yu-ni, <i>et al.</i> (2577)
Influence of Chemical Pre-oxidation on Chloral Hydrate Formation of Threonine	CAI Guang-qiang, FU Xue-min, LIU Li-jun, <i>et al.</i> (2586)
Activated Carbon Supported Co ₃ O ₄ Catalysts to Activate Peroxymonosulfate for Orange G Degradation	WANG Zhong-ming, CHEN Jia-bin, ZHANG Li-ming, <i>et al.</i> (2591)
Kinetics for Degradation of Orange G with Peroxymonosulfate Activated by Carbon Nanotubes	ZHANG Li-ming, CHEN Jia-bin, LI Wen-wei, <i>et al.</i> (2601)
Removal of Chloramphenicol in Wastewater by Electrocatalytic Reduction with Carbon Nanotubes-Modified Electrode	DENG Fei, TANG Bo-bin, ZHANG Jin-zhong, <i>et al.</i> (2610)
Removal of AOX, Chroma and TOC in Chemical Dye-stuff Wastewater with Iron Scraps-Fenton-Coagulation Combined Process	SHU Xiao-ming, XU Can-can, WEN Xiao-gang, <i>et al.</i> (2618)
Removal of AOX in Activated Sludge of a Chemical Pharmaceutical Industry with Fenton Oxidation	CHEN Si, XU Can-can, LIU Rui, <i>et al.</i> (2625)
Performance Evaluation of a Pilot-scale Microbubble-aerated Biofilm Reactor	LIU Chun, ZHANG Jing, ZHANG Jing, <i>et al.</i> (2632)
Nitrogen Removal Performance of Novel HABR Reactor over CANON Process	BAO Lin-lin, CHEN Wan-qiu (2639)
Characteristics of a Combined Heterotrophic and Sulfur Autotrophic Denitrification Technology for Removal of High Nitrate in Water	LI Xiang, MA Hang, HUANG Yong, <i>et al.</i> (2646)
Characteristics of Microbial Community in Each Compartment of ABR ANAMMOX Reactor Based on High-throughput Sequencing	CHEN Chong-jun, ZHANG Hai-qin, WANG Yao-qi, <i>et al.</i> (2652)
Nitrogen Removal and the Characteristics of Denitrification Bacteria Using NUA-DAS Ecofilter	WANG Long-mian, QIU Hao-yu, CHE Yu-xiao, <i>et al.</i> (2659)
Coupling of Hydrocarbon Accumulation and Cobalt Removal During Treatment of Cobalt Enriched Industrial Wastewater with <i>Botryococcus braunii</i> Biofilm Attached Cultivation	CHENG Peng-fei, WANG Yan, YANG Qi-yong, <i>et al.</i> (2666)
Isolation of <i>Raoultella</i> sp. sari01 and Its Heterotrophic Nitrification-Aerobic Denitrification Characteristics	YAN Wei-zhi, HAO Jian, SUN Jun-song, <i>et al.</i> (2673)
Screening and Nitrogen Removing Characteristics of Heterotrophic Nitrification-Aerobic Denitrification Bacteria SLWX ₂ from Sea Water	CHENG Yu, LI Qiu-fen, FEI Yu-tao, <i>et al.</i> (2681)
Biodiversity of Thiocyanate-degrading Bacteria in Activated Sludge from Coking Wastewater	XU Wei-chao, MENG Xiao-jun, YIN Li, <i>et al.</i> (2689)
Responses of Plankton Microeukaryotic Community to Increasing Temperatures Created by Power Plant Thermal Discharges	DAI Wen-fang, YANG Shi-ye, QUE Zhi-jia, <i>et al.</i> (2696)
Characteristics of Soil Microbial Community Structure in the Rhizospheric Soil of <i>Ammopiptanthus mongolicus</i> by Phospholipid Fatty Acid (PLFA)	ZUO Yi-ling, HE Xue-li, WANG Shao-jie, <i>et al.</i> (2705)
Response of Soil Respiration to Extreme Precipitation in Semi-arid Regions	ZHAO Man, WANG Rui, LI Ru-jian, <i>et al.</i> (2714)
Features and Influencing Factors of N ₂ O Emissions from Drawdown Area in the Three Gorges Reservoir	LI Rui, LEI Li-guo, JIANG Chang-sheng, <i>et al.</i> (2721)
Denitrification Loss and N ₂ O Emission from Different Carbon Inputs in Orchard Drains Sediments	GAO Xue-mei, SHE Dong-li, YAN Xiao-yuan, <i>et al.</i> (2731)
Emissions Characteristics of Greenhouse Gas from Sewage Sludge Composting Process in Winter	YI Jian-ting, YANG Yu-han, ZHANG Cheng, <i>et al.</i> (2738)
Distribution and Source Analysis of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs) and Organochlorine Pesticides (OCPs) in Soils from Shergyla Mountain, Southeast Tibetan Plateau	LUO Dong-xia, ZHANG Shu-juan, YANG Rui-qiang (2745)
Applications of Geostatistical Analyses and Stochastic Models to Identify Sources of Soil Heavy Metals in Wuqing District, Tianjin, China	SONG Zhi-ting, ZHAO Yu-jie, ZHOU Qi-wen, <i>et al.</i> (2756)
Effects of Soil Moisture and Temperature Variations on Organic Carbon Mineralization of Purple Soil in the Hydro-fluctuation Belt of the Three Gorges Reservoir	DING Chang-huan, WANG Lian-ge, TANG Jiang, <i>et al.</i> (2763)
Reduction Effect of Reduced Phosphorus Fertilizer and Combining Organic Fertilizers on Phosphorus Loss of Purple Soil Sloping Field	HAN Xiao-fei, GAO Ming, XIE De-ti, <i>et al.</i> (2770)
Transformation and Migration of Sulfur Speciation in the Rhizosphere and Bulk Soil of Paddy Soil	DU Guang-hui, RAO Wei, LI Xin, <i>et al.</i> (2779)
Comparison of the Persistence of a Combined Amendment Stabilizing Pb, Cd, Cu and Zn in Polluted Paddy Soil	WU Yu-jun, ZHOU Hang, YANG Wen-tao, <i>et al.</i> (2791)
Bio-inspired Recovery of Platinum Nanoparticle and Its Mechanism	SHANG Ru, ZHU Neng-wu, KANG Nai-xin, <i>et al.</i> (2799)
Preparation of γ -Fe ₂ O ₃ Catalyst by Heat Treatment of Natural Limonite for Selective Catalytic Reduction of NO by NH ₃	XU Bin, CHEN Tian-hu, LIU Hai-bo, <i>et al.</i> (2807)

《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7月15日 第37卷 第7期

ENVIRONMENTAL SCIENCE

(Monthly Started in 1976)

Vol. 37 No. 7 Jul. 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