

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第39卷 第2期

Vol.39 No.2

2018

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

特别策划:挥发性有机污染物(VOCs)排放特征、减排控制、环境政策研究专辑(III)

序	郝郑平(477)
我国机动车排放 VOCs 及其大气环境影响	陈天增,葛艳丽,刘永春,贺泓(478)
基于 PMF 量化工业排放对大气挥发性有机物(VOCs)的影响:以南京市江北工业区为例	胡崑,王鸣,郑军,王红丽,卢兴东,景盛翱,陈超(493)
南京工业挥发性有机物来源解析及其对臭氧贡献评估	张玉欣,安俊琳,王俊秀,师远哲,刘静达,梁静舒(502)
某工业园区 VOCs 臭氧生成潜势及优控物种	武蕾丹,王秀艳,杨文,郭风艳,刘锦(511)
某石化工业园区秋季 VOCs 污染特征及来源解析	胡天鹏,李刚,毛瑶,郑煌,秦世斌,闵洋,张家泉,邢新丽,祁士华(517)
某典型石化工业园区冬季大气中 VOCs 污染特征	毛瑶,李刚,胡天鹏,郑煌,安艺伟,闵洋,邢新丽,祁士华(525)
杭州市工业源 VOCs 排放清单及排放特征	卢滨,黄成,卢清,杨强,井宝莉,夏阳,唐伟,顾泽平(533)
秦皇岛市工业行业挥发性有机物排放特征	虎啸宇,刘航,王乃玉,王灿,揣莹(543)
浙江省汽摩配行业挥发性有机物排放特征及排放系数	杨忠平,王浙明,何志桥,徐志荣,滕富华,张华岳(551)
汽车制造企业恶臭来源及影响分析	石田立,张伟霞,陈小方,张嘉妮,梁小明,范丽雅,叶代启(557)
典型酿造业厂界无组织排放 VOCs 污染特征与风险评价	高占啟,胡冠九,王荃,朱冰清,陈素兰(567)
成都市大气环境 VOCs 污染特征及其健康风险评价	李友平,唐娅,范忠雨,蒲敏,章金莲,杨铮铮,吴大磊(576)
上海市住宅区儿童卧室中甲醛和苯系物浓度的现场检测分析	蒋巧云,刘平平,王雪颖,路荣春,刘炜,周华元,龚莹莹,周亚欣,黄晨(585)
江苏省人为源 VOCs 排放清单及其对臭氧生成贡献	夏思佳,刘倩,赵秋月(592)
江门市人为源挥发性有机物排放清单	陈小方,张伟霞,陈柄旭,张嘉妮,范丽雅,叶代启(600)
长江三角洲 2014 年天然源 BVOCs 排放、组成及时空分布	刘岩,李莉,安静宇,张伟,严茹莎,黄凌,黄成,王红丽,王卿,王敏(608)
北京城市副中心(通州区)加油站 VOCs 排放清单	黄玉虎,胡玮,李贝贝,纪旋,肖宇,任碧琪,秦建平(618)
公交车使用废食用油制生物柴油的污染物排放及 VOCs 成分谱	胡志远,林骠骑,黄成,王红丽,景盛翱,楼狄明(626)
生物滴滤塔净化甲基叔丁基醚废气的研究	褚其英,姚露露,吕雄标,叶杰旭,叶虹霓,潘梁柱,陈建孟,陈东之(633)
低温等离子体-生物耦合系统对复合 CVOCs 的降解	郭海倩,缪晶晶,姜理英,张迪(640)
水质异味期间钱塘江杭州段表层水体中挥发性和半挥发性有机物污染特征及健康风险评价	陈峰,唐访良,徐建芬,王奕奕,阮东德,张伟,周姗(648)
城市自来水管网中挥发性有机物的空间分布特征	许美佳,王海亮,李春梅,徐雄,王东红(655)
不同通勤模式暴露于 VOCs 的健康风险评价	佟瑞鹏,张磊(663)
家具制造过程中 VOCs 的来源分析及环境健康风险评价	佟瑞鹏,张磊,杨校毅,朱旭波,任传耕(672)
研究报告	
北京市 PM _{2.5} 时空分布特征及其与 PM ₁₀ 关系的时空变异特征	杨文涛,姚诗琪,邓敏,王艳军(684)
小型池塘水-气界面 CH ₄ 冒泡通量的观测	张秀芳,肖薇,张弥,王伟,赵佳玉,胡勇博,谢成玉,张圳,谢燕红,黄文晶(691)
中国七大流域全氟烷基酸污染水平与饮水暴露风险	王鑫璇,张鸿,王艳萍,罗骥(703)
铁岭市河流氮素时空分布及源解析	杨丽标,雷坤,乔飞,孟伟(711)
基于三维荧光及平行因子分析的川西高原河流水体 CDOM 特征	刘堰杨,秦纪洪,刘琛,孙辉,唐翔宇,范诗雨(720)
宁波市地表水重金属污染现状和健康风险评价	徐美娟,鲍波,陈春燕,王永川,高夫燕,虞效益(729)
巢湖水体可溶性重金属时空分布及污染评价	吴蕾,刘桂建,周春财,刘荣琼(738)
广西龙江沉积物重金属污染现状及生物有效性	蓝小龙,宁增平,肖青相,黄正玉,刘意章,肖唐付,赵彦龙,吴世良(748)
内电解人工湿地冬季低温尾水强化脱氮机制	郑晓英,朱星,王菊,周翔,徐亚东,韦诚,高雅洁,周敏(758)
河道型水库支流库湾营养盐动态补给过程	徐雅倩,徐飘,杨正健,刘德富,马骏(765)
降雨对蓝藻水华消退影响及其机制分析	刘心愿,宋林旭,纪道斌,刘德富,崔玉洁,黄佳维,赵冲,唐咏春,平明明(774)
城市河流沉水植物与大型底栖动物群落的关系	梁晓东,余杨,张敏,段龙飞,彭文启(783)
三峡库区兰陵溪流域径流氮磷输出及其降雨径流过程特征	张林,黄志霖,肖文发,曾立雄,宋文梅(792)
基于污染评价的地下水中优控污染物筛选	赵鹏,何江涛,王曼丽,黄德亮,王磊,梁雨(800)
硫和石英砂比对自养填充床反应器去除高浓度高氯酸盐的影响	陶华强,邵冬海,张超,宋圆圆,逯彩彩,郭建博(811)
活性炭/高分子复合水凝胶对水中亚甲基蓝和 Cu(II) 的去除性能	孔岩,庄媛,石宝友,韩志勇,郝昊天,韩昆,于建伟(819)
三维网状 HZO@SGH 对水中氟离子的吸附作用和机制	马福臻,周少奇,刘泽珩,支亮亮,周璇(828)
MgO/活性炭催化臭氧氧化降解有机物的作用机制	许珊珊,林存旺,丁亚磊,童少平(838)
污水厂二级出水中难降解有机物的臭氧化特性	侯瑞,金鑫,金鹏康,苟邦耀,王晓昌(844)
染料探针技术对二级出水中优势污染物的定量检测	孟晓荣,王穗桢,王磊,王旭东,乔茹凯,任婷婷,唐卫婷(852)
污水处理厂厌氧氨氧化工艺小试	李冬,赵世勋,王俊安,朱金凤,关宏泽,张杰(859)
间歇曝气模式下曝气量对短程硝化恢复的影响	刘宏,南彦斌,李慧,王翔,彭永臻,陈永志(865)
好氧/除磷颗粒对亚硝化颗粒污泥启动的影响	李冬,郭跃洲,曹美忠,张泽文,李帅,张杰(872)
处理垃圾渗滤液的 SBR 中微生物种群与污泥比阻	蔡丽云,黄泽彬,须子唯,江志斌,林莉莉,黄宇(880)
基于城镇化进程表层土壤多环芳烃来源解析及风险评价	姚宏,张士超,刘明丽,王静,鲁根涛,于晓华(889)
西江流域土壤砷含量空间变异与污染评价	刘畅,宋波,张云霞,雷梅,田美玲,余元元,庞瑞(899)
开封城市土壤磷素组成特征及流失风险	白秀玲,马建华,孙艳丽,刘德新(909)
电子垃圾拆解区土壤-水稻系统重金属分布特征及健康风险评价	尹伊梦,赵委托,黄庭,程胜高,赵珍丽,余葱葱(916)
上海市稻米中有机氯农药残留水平及健康风险评价	孟媛,刘翠翠,仇雁翎,周轶慧,朱志良(927)
四环素类抗生素对不同蔬菜生长的影响及其富集转运特征	迟荪琳,王卫中,徐卫红,李桃,李彦华,张春来(935)
硅肥耦合水分管理对复合污染稻田土壤 As-Cd 生物有效性及稻米累积阻控	李园星露,叶长城,刘玉玲,李丹阳,刘寿涛,罗海艳,刘孝利,铁柏清,孙健(944)
电子垃圾拆解工人的肝功能和肾功能健康状况及影响因素分析:以清远市龙塘镇为例	严晓,李淑圆,王美欢,许榕发,郑晶,任明忠(953)

处理垃圾渗滤液的 SBR 中微生物种群与污泥比阻

蔡丽云, 黄泽彬, 须子唯, 江志斌, 林莉莉, 黄宇

(厦门大学嘉庚学院环境科学与工程学院, 生态安全与水环境健康福建省高校重点实验室, 漳州 363105)

摘要: 为了研究活性污泥法处理垃圾渗滤液时污泥过滤性能与微生物种群的关系, 采用两组运行参数相同的 SBR 反应器对某垃圾焚烧发电厂的垃圾渗滤液进行处理, 一组置于太阳光照下(SBR1), 另一组置于室内黑暗处(SBR2)。在运行过程中发现 SBR1 在第 30~50 d 出现了轮虫等捕食性后生动物, 污泥比阻在第 35 d 出现下降; 而 SBR2 在第 40 d 发生了丝状膨胀, 污泥比阻一直上升。为了研究两组反应器中微生物种群的差异, 取两反应器运行至第 50 d 的活性污泥进行高通量测序发现: SBR1 真菌中 Rozellomycota 为优势菌门, 相对丰度为 83.71%。SBR2 真菌中 Basidiomycota 和 *Trichosporon* 为优势菌门和菌属, 相对丰度分别为 99.84% 和 99.78%。SBR1 中细菌丰度较 SBR2 高, *Thauera* 是 SBR1 中主要细菌菌属, 其相对丰度为 39.35%; *Planktosalinus*、*Thauera* 和 *Ottowia* 为 SBR2 中优势细菌菌属, 其相对丰度分别为 16.84%、16.23% 和 12.55%。SBR2 中主要真菌和细菌菌属类型和丰度均与 SBR1 存在差异, 可见活性污泥中的微生物种群结构是影响污泥过滤性能的主要因素, 同时太阳光照会影响活性污泥反应器中的微生物种群结构。

关键词: 垃圾渗滤液; SBR; 污泥比阻; 微生物种群; 太阳光照

中图分类号: X172; X703.1 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2018)02-0880-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.201707202

Microbial Communities and Sludge Specific Resistance in Two SBRs Treating Leachate

CAI Li-yun, HUANG Ze-bin, XU Zi-wei, JIANG Zhi-bin, LIN Li-li, HUANG Yu

(Fujian Key University Laboratory of Estuarine Ecological Security and Environmental Health, School of Environmental Science and Engineering of Xiamen University TanKah Kee College, Zhangzhou 363105, China)

Abstract: The relationship between microbial populations and sludge filtration performance was studied when active sludge was used to treat the leachate from municipal solid waste incineration plants. Two SBRs (SBR1 and SBR2) were operated at the same conditions, except that SBR1 was exposed to the sunlight and SBR2 was in the dark. To identify the difference in microbial populations in two reactors, high-throughput sequencing method was used. On the 50th day, the fungi abundance in SBR2 was higher than in SBR1. Phylum Rozellomycota became the dominant fungi in SBR1, whose relative abundance was 83.71%. Phylum Basidiomycota and Genus *Trichosporon* became only dominant fungi in SBR2, whose relative abundances were 99.84% and 99.78%, respectively. Bacterial abundance in SBR1 was higher than in SBR2. In SBR1, *Thauera* was the major bacterial genus, whose relative abundance was 39.35%. In SBR2, *Planktosalinus*, *Thauera*, and *Ottowia* were the major bacterial genera, whose relative abundances were 16.84%, 16.23%, and 12.55%. Rotifers and other predatory metazoan were detected on the 30th-50th days in SBR1 and sludge specific resistance began to decline on the 35th day. Filamentous fungi bulking caused by *Trichosporon* resulted in a continuous increase in sludge specific resistance of SBR2. The dominant microbial communities (especially fungi) and sludge specific resistances in SBR1 and SBR2 were very different because of the effect of sunlight. Therefore, sunlight plays an important role on microbial communities and sludge characteristics.

Key words: leachate; SBR; sludge specific resistance; microbial community; sunlight

城市垃圾焚烧发电厂垃圾渗滤液具有色度高, 悬浮物含量高, COD 值常高达 15 000 ~ 20 000 mg·L⁻¹, BOD₅/COD 在 0.3 ~ 0.5 之间, 可生化性好, 氨氮浓度可达 1 500 ~ 2 000 mg·L⁻¹ 等特点^[1]。目前其常用的处理方法为“生物法 + 膜过滤”^[2]。生物法是比较经济易行的处理垃圾渗滤液的方法, 其利用活性污泥中的大量微生物可有效去除垃圾渗滤液中的有机物, 氨氮和重金属。但目前影响该工艺运行的一个主要问题是活性污泥造成的膜堵塞。Ishizaki 等^[3]在 MBR 处理城市污水中发现了一些易

导致膜污染的细菌菌属, 它们的主要共同特征是会形成凸状菌落, 拥有肿胀矮胖的形状和平滑光泽的表面, 结合有大量水分子、亲水有机物质和碳水化合物。张崇森等^[4]发现属于真菌的青霉菌属 (*Penicillium*)、毛孢子菌属 (*Trichosporon*) 等是导致城市污水厂污泥膨胀的主要微生物。吕文洲等^[5]也从处理含油废水的膨胀污泥中分离得到真菌白地

收稿日期: 2017-07-25; 修订日期: 2017-10-29

基金项目: 福建省中青年骨干教师教育科研项目 (JAT160648)

作者简介: 蔡丽云 (1986 ~), 女, 硕士, 讲师, 主要研究方向为水污染控制, E-mail: liyuncai@xujc.com

霉。以上均说明微生物种群结构会影响污泥过滤性能。如果 MBR 系统中丝状真菌过度繁殖时(即发生污泥膨胀),在膜表面会形成致密无孔的泥饼层且污泥层较厚,加剧膜污染^[6]。而李艳娜等^[7]指出之所以会发生丝状菌污泥膨胀是因为活性污泥微生态系统平衡失调,微生物种群结构发生变化,丝状菌种群大量生长成为优势种。

为了维持活性污泥的生态稳定,研究处理垃圾渗滤液的活性污泥系统中的微生物组成,抑制该条件下丝状菌属的大量繁殖,对控制膜污染有重要作用。其中诱导丝状菌大量生长的原因有多,比如营养物质的缺乏,溶解氧过低,pH 值偏低^[8]。但太阳光照对丝状菌的影响却很少有人研究。基于目前一些垃圾渗滤液处理厂考虑进行好氧池加盖的现状,研究太阳光照对微生物种群的影响很有必要。

高通量测序技术以一次能并行对几十万至几百万条 DNA 分子进行测序和一般读长较短等为标志,具有高准确性,高通量,高灵敏度和低运行成本等突出优势,能够对样品中所含微生物进行全面检测,在海量数据的基础上对微生物组成的种类和相对丰度进行分析,在环境微生物鉴定领域的应用越来越广泛^[9]。

因此本研究采用两组 SBR 反应器(SBR1 和 SBR2)进行试验,SBR1 置于太阳光照下,SBR2 置于室内黑暗处,两者进水水量和水质均相同,工艺运行参数和曝气方式也相同。定期监测两反应器内污泥的比阻值,同时利用高通量测序技术,对两反应器内的细菌和真菌群落组成进行分析,从微生态的角度探讨太阳光照对活性污泥的过滤性能的影响,以期活性污泥法在垃圾渗滤液处理上的应用提供理论帮助。

1 材料与方法

1.1 试验装置

试验用 SBR 材质均为有机玻璃,可透光,两反应器中污泥混合液容积均为 30 L。SBR1 和 SBR2 采用相同的运行方式、进水量和进水水质,初期污泥浓度也相同。SBR1 和 SBR2 的运行工艺参数如下:每天曝气 20 h,静沉 3.5 h,排水和进水 0.5 h。运行期间反应器内污泥混合液溶解氧浓度为 4.5 ~ 5.6 mg·L⁻¹,pH 值为 7.6 ~ 8.6,水温为 20 ~ 25℃(随环境温度而变),污泥有机负荷(以 COD/MLSS 计)为 0.12 ~ 0.24 g·(g·d)⁻¹。

但 SBR1 放置在窗户边,太阳光照充足,SBR2

放置在室内角落,几乎无太阳光照。

1.2 接种污泥和试验用水

接种污泥取自漳州市开发区生活污水处理厂好氧池,试验用水为垃圾渗滤液原液,取自漳州市浦江岭生活垃圾焚烧发电场的渗滤液调节池。试验期间垃圾渗滤液原液的 COD 值为 30 618 ~ 36 456 mg·L⁻¹,NH₄⁺-N 为 947 ~ 1 868 mg·L⁻¹,pH 为 7.0 ~ 7.5,水温为 18 ~ 23℃。

试验方案为:相同量的接种污泥投加至两反应器中,第 1 ~ 2 d 进行闷曝,即每天曝气 20 h,静沉后排除上清液,加自来水到原水位(维持总容积为 30 L)。第 3 d 开始,每天曝气 20 h,静沉后排除上清液,加 1:10(渗滤液原液体积:自来水体积)稀释后的垃圾渗滤液到原水位。第 10 d 开始,每天曝气 20 h,静沉后排除上清液,加 2:9 稀释后的垃圾渗滤液到原水位。试验期间,每周测两次污泥比阻值。

1.3 分析方法

常规分析项目(COD 和 NH₄⁺-N)采用国家标准方法测定^[10]。pH、DO 采用 WTW Multi 3400(WTW Laborprodukte, GER)便携分析仪测定;污泥比阻采用污泥比阻装置(PJK02,上海江科)进行测定。

1.4 DNA 抽提和 PCR 扩增

取 SBR1 和 SBR2 运行至第 50 d 时活性污泥样品(此时两反应器内污泥已呈现出了较大差别,SBR1 出现轮虫,SBR2 发生了污泥膨胀),经过真空冻干后碾碎提取 DNA,DNA 的提取采用 FastDNA® SPIN Kit for Soil(Qiagen, CA, USA)试剂盒。用 338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和 806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')引物对细菌 16S rRNA V3, V4 区进行 PCR 扩增,扩增程序为:95℃ 预变性 3 min,27 个循环(95℃ 变性 30 s,55℃ 退火 30 s,72℃ 延伸 30 s),最后 72℃ 延伸 10 min。用 ITS1F(5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')和 ITS2R(5'-GCTGCGTTCTTCA TCGATGC-3')引物对真菌 ITS 区进行 PCR 扩增,扩增程序为:95℃ 预变性 3 min,35 个循环(95℃ 变性 30 s,55℃ 退火 30 s,72℃ 延伸 30 s),最后 72℃ 延伸 10 min。PCR 仪为 GeneAmp® 9700 型(美国 ABI 公司),扩增体系为 20 μL:4 μL 5 × FastPfu 缓冲液,2 μL 2.5 mmol·L⁻¹ dNTPs,0.8 μL 引物(5 μmol·L⁻¹),0.4 μL FastPfu 聚合酶;10 ng DNA 模板。

1.5 Illumina MiSeq 测序和数据处理

使用 2% 琼脂糖凝胶回收 PCR 产物,利用

AxyPrep DNA Gel Extraction Kit (Axygen Biosciences, Union City, CA, USA) 进行纯化, Tris-HCl 洗脱, 2% 琼脂糖电泳检测. 利用 QuantiFluor™-ST (Promega, USA) 进行检测定量. 根据 Illumina MiSeq 平台 (Illumina, San Diego, USA) 标准操作规程将纯化后的扩增片段构建 PE 2 × 300 的文库.

利用 Illumina 公司的 MiSeq PE300 平台 (上海美吉生物医药科技有限公司) 进行测序. 使用 UPARSE 软件 (version 7.1 <http://drive5.com/uparse/>), 根据 97% 的相似度对序列进行 OTU 聚类; 使用 UCHIME 软件剔除嵌合体. 利用 RDP classifier (<http://rdp.cme.msu.edu/>) 对每条序列进行物种分类注释, 比对 16S 细菌 Silva 数据库 (Release128 <http://www.arb-silva.de>) 和 ITS 真菌 Unite 数据库 (Release 6.0 <http://unite.ut.ee/index.php>), 设置比对阈值为 70%.

2 结果与讨论

2.1 出水水质与污泥比阻

反应器运行期间 SBR1 和 SBR2 出水 COD 约在 496 ~ 800 mg·L⁻¹ 之间变化, COD 去除率约为 60% ~ 78%. SBR1 和 SBR2 出水 NH₄⁺-N 均在 10 ~ 20 mg·L⁻¹ 之间波动, 氨氮去除率相接近且都维持在

85% ~ 95%. 可见 SBR1 和 SBR2 对垃圾渗滤液中有机物和氨氮的去除效率相接近.

接种污泥的污泥比阻值为 $3.77 \times 10^{12} \text{ m} \cdot \text{kg}^{-1}$. SBR1 和 SBR2 的污泥比阻变化见图 1. 污泥比阻越小说明污泥越易过滤. 从图 1 中可以看出, SBR1 中污泥比阻随运行时间先升后降, 在第 35 d 时出现最大值. 而 SBR2 中污泥比阻随运行时间一直在升高. 对两反应器中的污泥进行镜检发现: SBR1 在运行至第 30 ~ 50 d 时, 出现了大量轮虫, 污泥比阻在第 35 d 出现开始下降, 而 SBR2 在运行至第 40 d 时, 出现了大量丝状菌, 导致污泥比阻一直上升 (见图 2).

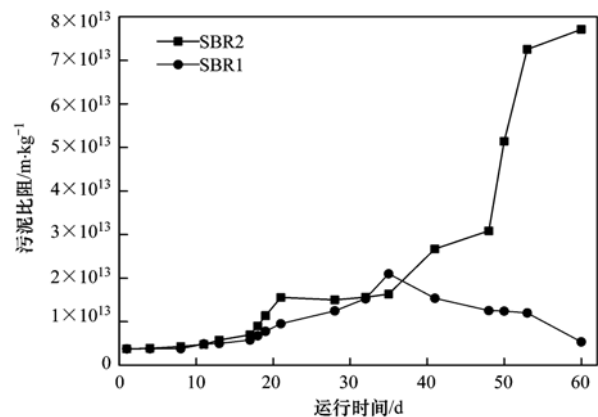
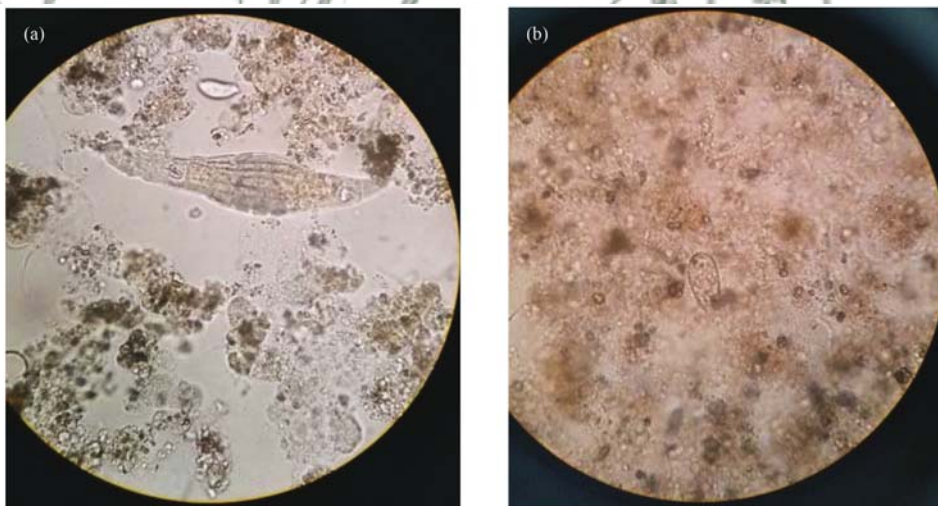


图 1 SBR1 和 SBR2 中污泥比阻的变化

Fig. 1 Sludge specific resistance in SBR1 and SBR2



(a) SBR1 (×10); (b) SBR2 (×40)

图 2 反应器运行至第 50 d 时 SBR1 污泥和 SBR2 污泥显微镜图片

Fig. 2 Microscopic pictures of sludge in SBR1 and SBR2 on the 50th day

2.2 SBR1 和 SBR2 中细菌群落差异

2.2.1 细菌多样性差异

SBR1 和 SBR2 进行细菌 16S rRNA 高通量测序, 共得到 74 085 条有效序列. 在 97% 相似度下, SBR1 和 SBR2 共得到 321 个 OTUs. 样品稀释性曲

线如图 3 所示, 两条曲线都趋于平坦, 表明测序结果涵盖了样品中绝大多数微生物信息. 图 4 为 Venn 图, 从中可以看出, SBR1 和 SBR2 共有的 OTUs 数为 207, 占总 OTUs 的比例为 64.48%, 表明两者的细菌群落组成存在较大的相似性. SBR1

独有的 OTUs 占总数的 21.81%，略高于 SBR2 的 13.71%。

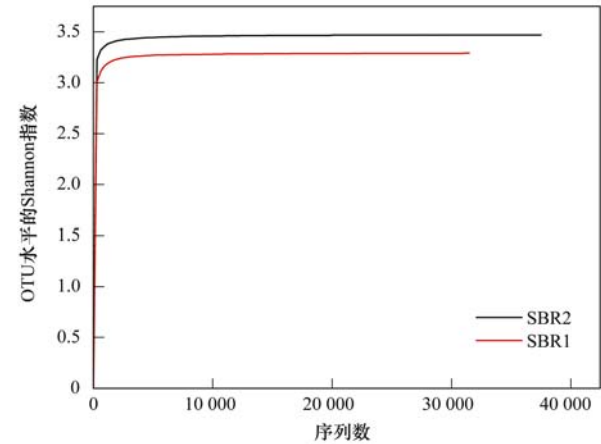


图 3 细菌群落稀释性曲线

Fig. 3 Shannon curves of bacterial communities

表 1 为 SBR1 和 SBR2 的细菌群落 α 多样性指数。Chao 指数与 Shannon, Simpson 指数可以反映出

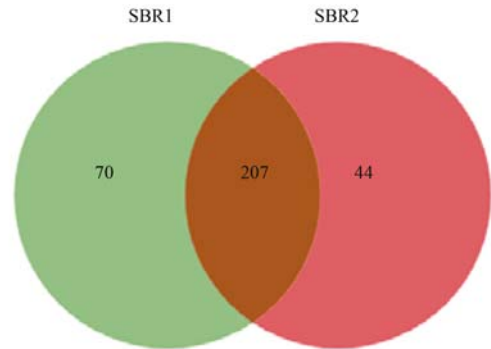


图 4 细菌群落 Venn 图

Fig. 4 Venn diagram of bacterial communities

样品中微生物的丰富度与多样性。SBR1 的 Chao 指数为 287.5，大于 SBR2 的 259，说明 SBR1 中细菌群落更加丰富。SBR1 的 Simpson 指数为 0.143，大于 SBR2 的 0.07，SBR1 的 Shannon 指数为 3.292，小于 SBR2 的 3.472，说明 SBR1 中的细菌群落多样性较 SBR2 低。

表 1 细菌群落的 α 多样性指数表

Table 1 The α -diversity indices of bacterial communities

污泥样品	相似水平/%	序列数	OTUs	Chao 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	覆盖度
SBR1	97	34150	277	287.5	3.292	0.143	0.999
SBR2	97	39935	251	259	3.472	0.070	0.999

2.2.2 细菌群落组成差异

对样品 OTUs 代表序列进行物种注释，并将样品有效序列划分到不同的分类水平(从门到属)。两反应器内污泥中相对丰度 >1% 的门如图 5 所示，其中变形菌门 (Proteobacteria) 和拟杆菌门 (Bacteroidetes) 为两反应器内的优势细菌门，在 SBR1 中所占百分比为 64.27% 和 27.21%，SBR2 中为 57.92% 和 37.16%。厚壁菌门 (Firmicutes) 在 SBR2 中的丰度为 2.75%，大于 SBR1 中的 0.52%，浮霉菌门 (Planctomycetes) 和 TM6 在 SBR1 中的丰度分别为 1.33% 和 2.62%，而 SBR2 中几乎没有。从门水平上看出，SBR1 的优势门与 SBR2 大致相同，在相对丰度上差异较小。

在属水平，进一步筛选相对丰度大于 1% 的属 (主要属) 进行分析，具体结果见图 6。

在 SBR1 中，总共有 15 个主要属，其总的相对丰度为 80.07%。其中， β -变形菌门红环菌科 (Rhodocyclaceae) *Thauera* 菌属为最为优势的菌属，相对丰度为 39.35%，其次为拟杆菌门黄杆菌目 (Flavobacteriales) 中未定义菌属，相对丰度为 6.91%；拟杆菌门噬纤维菌科 (Cytophagaceae) 未分

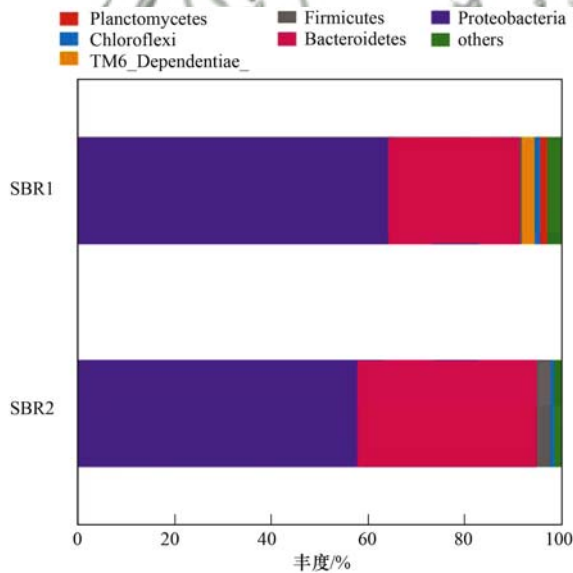


图 5 两反应器内细菌门类水平分布

Fig. 5 Percent of bacterial community abundance at the phylum level in SBR1 and SBR2

类菌属，相对丰度为 6.14%；拟杆菌门黄杆菌目 NS9_marine_group 科菌属，相对丰度为 5.32%。在 SBR2 中，总共有 16 个主要属，其总的相对丰度为 84.31%。其中，拟杆菌门黄杆菌科

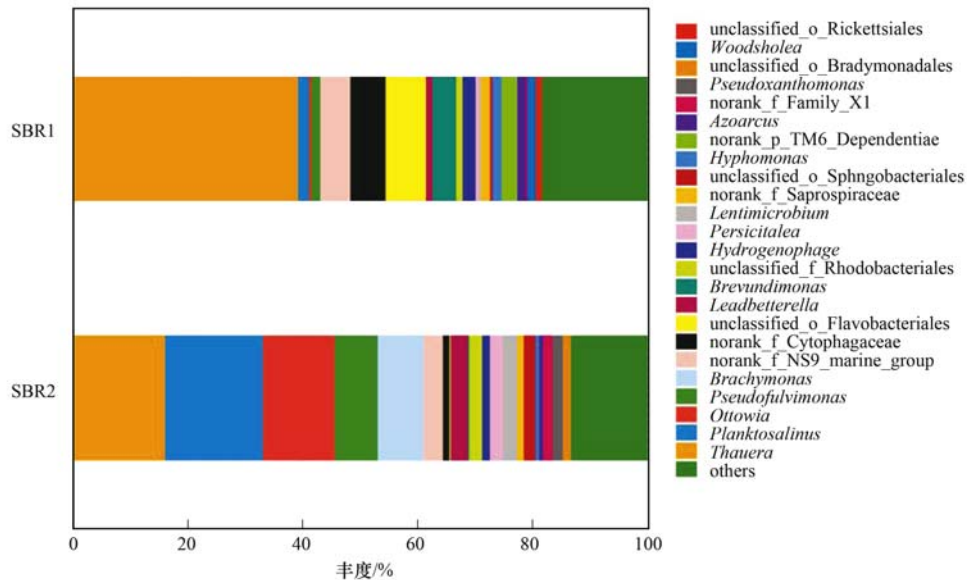


图 6 两反应器内细菌属水平分布

Fig. 6 Percent of bacterial community abundance at the genus level in SBR1 and SBR2

(Flavobacteriaceae) *Planktosalinus* 菌属为最为优势的菌属, 相对丰度为 16.84%, 其次为 *Thauera* 菌属, 相对丰度为 16.23%; β -变形菌门丛毛单胞菌科(Comamonadaceae) *Ottowia* 和 *Brachymonas* 菌属, 相对丰度为 12.55% 和 8.04%; γ -变形菌门黄单胞菌科(Xanthomonadaceae) *Pseudofulvimonas* 菌属, 相对丰度为 7.49%; NS9_marine_group 科菌属, 相对丰度为 3.49%.

主要菌属在两反应器内相对丰度相差较大, 比如 Cytophagaceae 未分类菌属在 SBR1 中较多, 而 *Planktosalinus*、*Ottowia*、*Brachymonas* 以及 *Pseudofulvimonas* 在 SBR2 中较多. 从图 6 中可以看出 SBR1 中 *Thauera* 菌属是第一大优势菌, 其他主要菌属丰度都相对较低. 而 SBR2 中几大菌属丰度相当, 红环菌科 Rhodocyclaceae 的优势地位有被黄杆菌科 Flavobacteriaceae 和丛毛单胞菌科 Comamonadaceae 替代的趋势.

SBR1 和 SBR2 均主要发生了有机物降解, 异养反硝化、自养反硝化和氨氧化过程. 主要的功能菌属为属于 β -变形菌门的 *Thauera*、*Ottowia* 和 *Brachymonas*, 属于拟杆菌门的 *Planktosalinus* 和一些未定义菌属, 这与孙法迁^[11]和李卫华等^[12]的研究结果一致. 其中 *Thauera* 是革兰氏阴性细菌, 大都为杆状且具有需氧反硝化能力^[13]. 目前分离到的 *Thauera* 大约有 60 株, 是一类广泛存在于各种类型的废水处理装置中并具有多种芳香族污染物降解能力和好氧反硝化能力的重要功能菌群^[14]. 菌种

Thauera sp. strain TN9 可以同时去除猪场废水中的 COD 和氨氮, 不产生亚硝态氮和硝态氮的积累^[13]. *Thauera* 也同样存在于处理垃圾渗滤液的同步硝化反硝化脱氮污泥中, 且为优势菌属^[11]. 以上说明 SBR1 和 SBR2 中的功能菌属 *Thauera* 可能起到了异养硝化和好氧反硝化脱氮的作用. 目前已报道的具有异养硝化和好氧反硝化功能的菌属有约 10 种^[15]. *Thauera* 在 SBR1 中的丰度大于 SBR2, 可能是因为 SBR1 由于太阳光照的影响具有更高的溶解氧, 使好氧反硝化菌占优势. 端正花等^[16]发现在某污水处理厂发生污泥膨胀的优势菌之一为黄杆菌科(Flavobacterium), 而 SBR2 中 Flavobacterium 也为优势菌科, 这说明 SBR2 出现了污泥膨胀.

SBR2 中主要菌属 *Ottowia* 目前已分离出 3 个种: *Ottowia thiooxydans* 是从活性污泥系统中分离出的兼性厌氧菌, 可以进行反硝化作用产生 N_2O ^[17]; *Ottowia pentelensis* 是从焦化废水活性污泥系统中分离出的可形成絮状的细菌^[18]; *Ottowia beijingensis* AN3^T 也是从焦化废水活性污泥系统中分离出的可降解酚类的好氧菌, 无鞭毛, 不运动^[19]. SBR2 中主要菌属 *Brachymonas* 具有亚硝酸盐还原酶基因(nirS)^[20], 可以进行反硝化作用, 说明 SBR2 中同时出现了 NO_2^- . SBR2 中主要菌属 *Pseudofulvimonas* 也可能具有异养硝化和好氧反硝化功能^[21,22]. 同时李卫华^[12]对填埋场垃圾稳定化序批式生物反应器后期的主要脱氮功能微生物多样性进行分析发现氨氧化细菌存在高度多样性, 大部分为未知类群, 且

均为不可培养菌或未经分离获得的细菌. 目前也已发现很多异养微生物可以进行硝化作用^[23]. 因此可能还有很多发生硝化作用的菌属未被此次测序分析出来. 但是反硝化功能菌 *Thauera*、*Ottowia* 和 *Brachymonas* 的大量存在, 可以从微生物角度说明 SBR1 和 SBR2 有较高的脱氮效率.

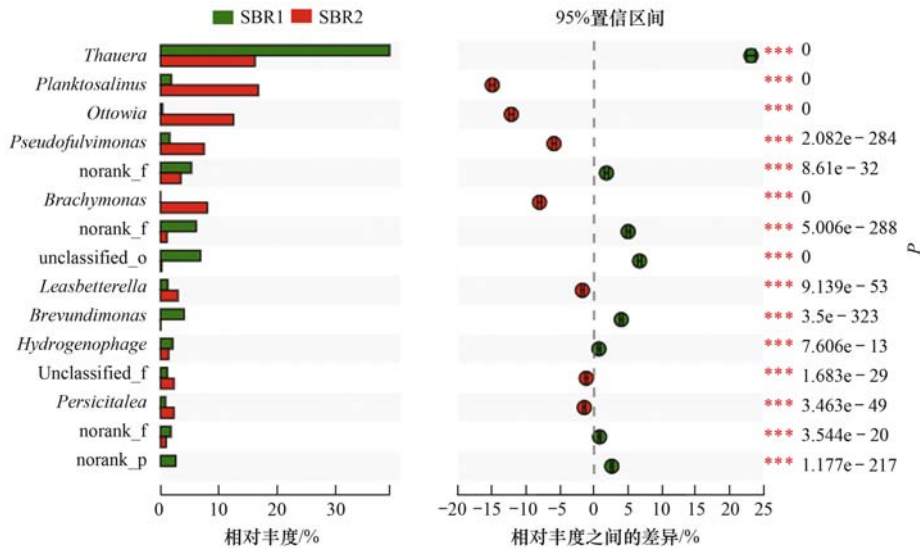


图7 SBR1 和 SBR2 中细菌属水平卡方检验图
Fig. 7 Bacterial chi-square test bar plot at the genus level

2.3 SBR1 和 SBR2 中真菌群落差异

2.3.1 真菌多样性差异

SBR1 和 SBR2 进行真菌 ITS 区高通量测序, 共得到 73 951 条有效序列. 在 97% 相似度下, SBR1 和 SBR2 共得到 22 个 OTUs. 样品稀释性曲线如图 8 所示, 两条曲线都趋于平坦, 表明测序结果能够覆盖样品中绝大多数微生物信息. 图 9 为 Venn 图, 从中可以看出, SBR1 和 SBR2 共有的

Cytophagaceae 可分解藻类纤维素^[24], 而 SBR1 中由于太阳光照的影响, 应该出现了藻类, 使其丰度较高.

采用卡方检验对两个样本间的物种的丰度差异进行比较, 见图 7, 其中 *P*value 值越接近 0, 物种丰度差异显著性越大.

OTUs 数为 8, 占总 OTUs 的比例为 36.36%, SBR2 独有的 OTUs 占总数的 45.45%, 远大于 SBR1 的 18.18%, 表明两者的真菌群落结构存在较大的差异性.

表 2 为 SBR1 和 SBR2 中真菌群落 α 多样性指数表. SBR2 的 Chao 指数为 18, 大于 SBR1 的 12, 说明 SBR2 中真菌群落更加丰富. SBR2 的 Simpson 指数为 0.964, 大于 SBR1 的 0.726, SBR2 的 Shannon 指数为 0.126, 小于 SBR1 的 0.469, 说明 SBR2 中的真菌群落多样性较 SBR1 低.

2.3.2 真菌群落组成差异

两反应器内相对丰度 > 1% 的真菌门如图 10

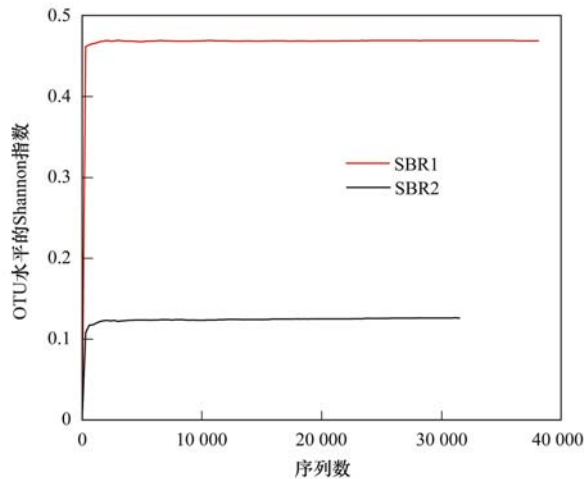


图8 真菌稀释性曲线
Fig. 8 Shannon curves of fungal communities

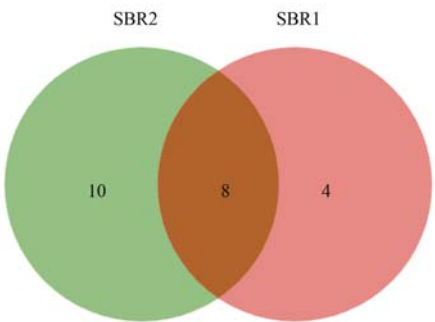


图9 真菌 Venn 图
Fig. 9 Venn diagram of fungal communities

(a)所示, SBR1 中 Rozellomycota 为第一优势菌门, 相对丰度为 83.71%, 担子菌门(Basidiomycota)为第二优势菌门, 相对丰度为 16.24%; 而 SBR2 中 Basidiomycota 为唯一优势菌门, 相对丰度为 99.84%. 从门水平上看出, SBR1 的优势门与 SBR2 大不相同, 且同一优势门在相对丰度上差异较大.

表 2 真菌群落 α 多样性指数表

Table 2 The α -diversity indices of fungal communities

污泥样品	相似水平/%	序列数	OTUs	Chao 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	覆盖度
SBR1	97	42550	18	12	0.469	0.726	1
SBR2	97	31401	12	18	0.126	0.964	1

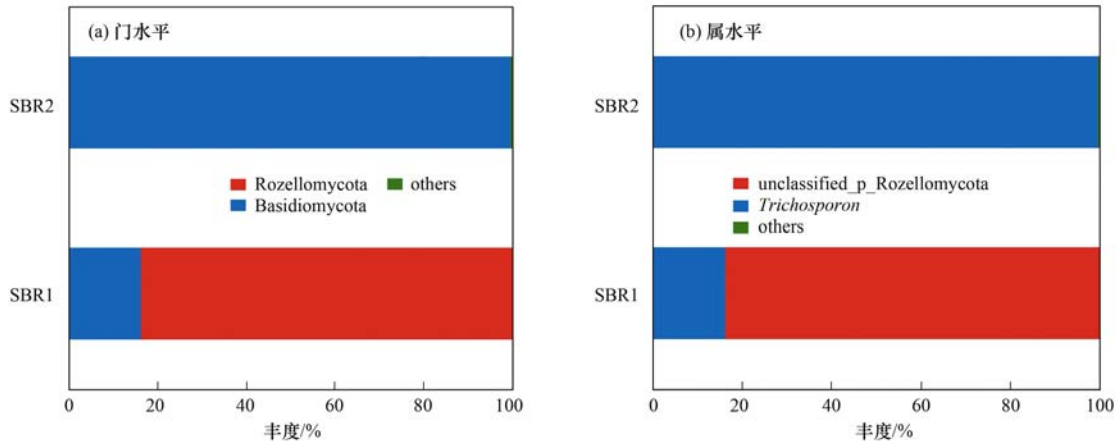


图 10 两反应器内真菌群落门水平和属水平分布

Fig. 10 Percent of fungal community abundance at the phylum and genus levels

真菌在属水平上的相对丰度见图 10(b), SBR1 中的第一优势属为 Rozellomycota 下未定义属, 其相对丰度为 83.71%, 其次为 Basidiomycota 菌门下 Trichosporon 菌属, 其相对丰度为 16.22%. 在 SBR2 中, Basidiomycota 菌门的 Trichosporon 是唯一优势属, 其相对丰度为 99.78%. 可见, SBR2 中的优势菌属单一, 且相对丰度与 SBR1 中的差异较大. Trichosporon 是一种产油脂微生物, 能够将碳水化合物与普通的油脂转化为微生物油脂储存在体

内^[25,26], 其大量存在会使得污泥过滤性能变差, 污泥黏性增加. 张崇森等^[4]也发现 Trichosporon 是导致城市污水厂污泥膨胀的主要微生物. 在培养条件下, 可观察到 Trichosporon 形成了不规则的丝状菌体^[5]. 而 Trichosporon 在 SBR2 中成为唯一优势真菌, 可能是因为 SBR2 中的环境有利于其生长.

真菌菌属卡方检验分析结果见图 11.

2.4 污泥比阻与微生物种群的关系

SBR1 中污泥比阻由于轮虫的出现而下降,

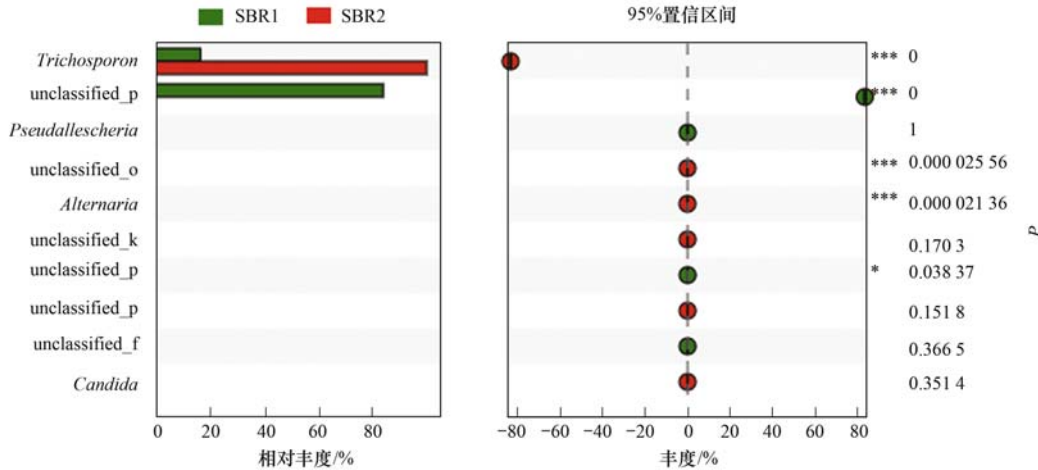


图 11 两反应器内真菌属水平卡方检验

Fig. 11 Fungal chi-square test bar plot at the genus level

SBR2 中污泥比阻由于活性污泥的丝状膨胀而一直上升, 且远远大于 SBR1 中的. 高通量测序结果表明, 两反应器内细菌群落组成差异较小(共有 OTUs 占总 OTUs 的比例高达 64.48%), 真菌群落组成差异较大(共有 OTUs 占总 OTUs 的比例为 36.36%), 说明反应器内污泥过滤性能的差异应该主要是由真菌种群差异引起的.

SBR1 由于有太阳光照射, 活性污泥生态系统微生物种群丰富, 原生和后生动物(轮虫)与菌胶团共存, 微生物结构合理. 真菌群落多样性较 SBR2 高, 真菌中的 Rozellomycota 成长为优势菌门, 没有出现活性污泥丝状膨胀. 后生动物(轮虫)的出现改善了污泥的过滤性能, 使污泥比阻下降. 据李艳娜等^[7]和梁少博等^[27]的研究, 轮虫等后生动物可捕食分散絮状污泥和丝状菌, 从而提高污泥沉降性能和过滤性能. 因此 SBR1 中轮虫的出现应该是其污泥比阻下降的主要原因.

而 SBR2 没有太阳光照射, 真菌群落丰度较 SBR1 高, 但菌属结构单一, Basidiomycota 菌门的 *Trichosporon* 成长为唯一优势属, 相对丰度为 99.78%, 说明 SBR2 中的活性污泥膨胀很可能是由 *Trichosporon* 菌属大量生长引起的. SBR2 中微生物代谢产物的积累和微生物种群结构单一, 打破了原活性污泥微生物生态系统的平衡, 可能造成了 *Trichosporon* 菌属的大量生长.

两反应器的进水条件和运行参数都保持相同, 实际运行时 SBR1 的 DO 值(5.63)略高于 SBR2 (5.04), 混合液的 pH 值 SBR1 为 8.45, SBR2 为 8.63, 都呈中性. 关于混合液的水温, SBR1 因为有太阳光照, 白天温度比 SBR2 高 1~2℃, 但都维持在 20~25℃ 之间, 因此两反应器内的微生物种群的差异应该是由太阳光照引起的. 太阳光照使活性污泥系统中微生物种群丰富, 利于后生动物的出现, 从而抑制真菌 *Trichosporon* 的大量生长, 维持微生物生态系统的平衡和稳定.

3 结论

(1) SBR1 由于有太阳光照射, 细菌群落丰度较 SBR2 高, 第一主要菌属为 β -变形菌门的 *Thauera* 属, 相对丰度为 39.35%, 是去除有机物和脱氮的主要功能菌; 真菌群落多样性较 SBR2 高, Rozellomycota 成长为优势真菌菌门, 相对丰度为 83.71%. 污泥比阻随运行时间先升后降, 大量轮虫的出现使污泥比阻开始下降.

(2) SBR2 由于没有太阳光照射, 细菌群落丰度较 SBR1 低, 但多样性较 SBR1 高, *Thauera* 也同样存在于 SBR2 中, 且是第二优势菌属, 相对丰度为 16.23%; 拟杆菌门下的 *Planktosalinus* 为第一优势菌属, 相对丰度为 16.84%, 其存在预示活性污泥出现膨胀; β -变形菌门 *Ottowia* 和 *Brachymonas* 菌属是去除有机物和脱氮的主要功能菌, 相对丰度分别为 12.55% 和 8.04%. SBR2 真菌群落丰富, 但菌属结构单一, Basidiomycota 下的 *Trichosporon* 成长为唯一优势真菌菌属, 相对丰度为 99.84%, 说明 SBR2 中的污泥膨胀跟 *Trichosporon* 大量生长有关.

(3) 在低负荷 SBR 中, 太阳光照有利于维持微生物生态系统的平衡和稳定, 抑制活性污泥出现膨胀.

参考文献:

- [1] 高星. 垃圾焚烧发电厂渗滤液处理组合工艺及特性[D]. 广州: 华南理工大学, 2014. 2-3.
Gao X. Studies on the combined process and its treatment characteristics of leachate from waste incineration power plant [D]. Guangzhou: South China University of Technology, 2014. 2-3.
- [2] 董春松, 樊耀波, 李刚, 等. 我国垃圾渗滤液的特点和处理技术探讨[J]. 中国给水排水, 2005, 21(12): 27-31.
Dong C S, Fan Y B, Li G, et al. Characteristics of domestic refuse landfill leachate and discussion on treatment technology [J]. China Water & Wastewater, 2005, 21(12): 27-31.
- [3] Ishizaki S, Fukushima T, Ishii S, et al. Membrane fouling potentials and cellular properties of bacteria isolated from fouled membranes in a MBR treating municipal wastewater[J]. Water Research, 2016, 100: 448-457.
- [4] 张崇森, 牛全睿, 徐丽梅, 等. 膨胀污泥中丝状菌的分离鉴定与特性分析[J]. 环境科学, 2017, 38(6): 2477-2485.
Zhang C M, Niu Q R, Xu L M, et al. Isolation, identification and characterization of the filamentous microorganisms from bulking sludge [J]. Environmental Science, 2017, 38(6): 2477-2485.
- [5] 吕文洲, 杨敏, 郑少奎, 等. 酵母菌处理系统中丝状菌性膨胀的诱因及控制研究[J]. 环境科学学报, 2001, 21(S1): 59-64.
Lü W Z, Yang M, Zheng S K, et al. Study on inducements and controls to filamentous bulking in yeast wastewater treatment system [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2001, 21(S1): 59-64.
- [6] 田禹, 李志能, 陈琳. 正常污泥和膨胀污泥中 EPS 膜污染特性及其与膜表面作用能分析[J]. 环境科学学报, 2013, 33(5): 1224-1230.
Tian Y, Li Z N, Chen L. Fouling property and interaction energy with EPS membrane in normal sludge and bulking sludge [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2013, 33(5): 1224-1230.
- [7] 李艳娜, 周青. 丝状菌污泥膨胀的生态学解析[J]. 中国生态农业学报, 2008, 16(3): 794-798.
Li Y N, Zhou Q. Ecological concept of filamentous sludge

- bulking[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2008, **16**(3): 794-798.
- [8] 李亚峰, 金亚斌, 陈涛, 等. MBR 中低 pH 值与低有机负荷引起的污泥膨胀及其恢复[J]. 沈阳建筑大学学报(自然科学版), 2007, **23**(6): 994-998.
- Li Y F, Jin Y B, Chen T, *et al.* Sludge bulking and its recovery caused by low pH value and low organic loading in MBR[J]. Journal of Shenyang Jianzhu University (Natural Science), 2007, **23**(6): 994-998.
- [9] 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.
- [10] 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.
- [11] 孙法迁. 垃圾渗滤液原位与异位耦合脱氮工艺及其机理研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2013. 89-91.
- Sun F Q. Nitrogen removal from landfill leachate by a combined ex situ and in situ biological processes[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2013. 89-91.
- [12] 李卫华, 孙英杰, 刘子梁, 等. 序批式生物反应器填埋场脱氮微生物多样性分析[J]. 环境科学, 2016, **37**(1): 342-349.
- Li W H, Sun Y J, Liu Z L, *et al.* Analysis on diversity of denitrifying microorganisms in sequential batch bioreactor landfill[J]. Environmental Science, 2016, **37**(1): 342-349.
- [13] 杨华, 黄钧, 赵永贵, 等. 陶厄氏菌 *Thauera* sp. strain TN9 的鉴定及特性[J]. 应用与环境生物学报, 2013, **19**(2): 318-323.
- Yang H, Huang J, Zhao Y G, *et al.* Identification and characterization of *Thauera* sp. Strain TN9[J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2013, **19**(2): 318-323.
- [14] 毛跃建. 废水处理系统中重要功能类群 *Thauera* 属种群结构与功能的研究[D]. 上海: 上海交通大学, 2009. 15-25.
- Mao Y J. Structural and functional analysis of *Thauera* genus in wastewater treatment plants[D]. Shanghai: Shanghai Jiao Tong University, 2009. 15-25.
- [15] 田雪雪, 程玉立, 张圆圆, 等. 一株异养硝化-好氧反硝化功能菌的分离鉴定及其脱氮特性[J]. 环境工程学报, 2017, **11**(2): 1269-1275.
- Tian X X, Cheng Y L, Zhang Y Y, *et al.* Isolation, identification and nitrogen removal characteristics of a heterotrophic nitrification-aerobic denitrification bacterium[J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2017, **11**(2): 1269-1275.
- [16] 端正花, 潘留明, 陈晓欧, 等. 低温下活性污泥膨胀的微生物群落结构研究[J]. 环境科学, 2016, **37**(3): 1070-1074.
- Duan Z H, Pan L M, Chen X O, *et al.* Changes of microbial community structure in activated sludge bulking at low temperature[J]. Environmental Science, 2016, **37**(3): 1070-1074.
- [17] Spring S, Jäckel U, Wagner M, *et al.* *Ottowia thiooxydans* gen. nov., sp. nov., a novel facultatively anaerobic, N₂O-producing bacterium isolated from activated sludge, and transfer of *Aquaspirillum gracile* to *Hylemonella gracilis* gen. nov., comb. nov. [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2004, **54**: 99-106.
- [18] Felföldi T, Kéki Z, Sipos R, *et al.* *Ottowia pentelensis* sp. nov., a floc-forming betaproteobacterium isolated from an activated sludge system treating coke plant effluent [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2010, **61**: 2146-2150.
- [19] 曹军伟. 焦化废水中酚类降解菌及其降解机制的初步研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2012. 44-51.
- Cao J W. Phenolic compound-degrading bacteria in the coking wastewater and the related degradation mechanism[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2012. 44-51.
- [20] 李敬源, 林炜铁, 罗剑飞, 等. 典型对虾养殖水体中参与硝化与反硝化过程的微生物群落结构[J]. 微生物学报, 2012, **52**(4): 478-488.
- Li J Y, Lin W T, Luo J F, *et al.* Community structure of microbes involved in nitrification and denitrification in typical shrimp-farming water[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2012, **52**(4): 478-488.
- [21] Daum M, Zimmer W, Papen H, *et al.* Physiological and molecular biological characterization of ammonia oxidation of the heterotrophic nitrifier *Pseudomonas putida* [J]. Current Microbiology, 1998, **37**(4): 281-288.
- [22] Zhang J B, Wu P X, Hao B, *et al.* Heterotrophic nitrification and aerobic denitrification by the bacterium *Pseudomonas stutzeri* YZN-001[J]. Bioresource Technology, 2011, **102**(21): 9866-9869.
- [23] 王一明, 彭光浩. 异养硝化微生物的分子生物学研究进展[J]. 土壤, 2003, **35**(5): 378-386, 407.
- Wang Y M, Peng G H. Advance in molecular biology of heterotrophic nitrifier[J]. Soils, 2003, **35**(5): 378-386, 407.
- [24] 吕欣荣. 草鱼肠道优势菌种的分离、鉴定及对纤维素降解的初步研究[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2008. 48-54.
- Lü X R. Separation, qualification and preliminary research to that the cellulose degrade of grass carp's intestinal advantage bacterium [D]. Changsha: Hunan Agricultural University, 2008. 48-54.
- [25] 代军飞. 粘性丝孢酵母 BG 基因部分克隆与原核表达[D]. 兰州: 西北民族大学, 2016. 4-5.
- Dai J F. Cloning and prokaryotic expression of the partial CDs of β -glucosidase gene in *Trichosporon mucoides* [D]. Lanzhou: Northwest University for Nationalities, 2016. 4-5.
- [26] 宗敏华, 刘宗俊, 吴虹, 等. 油脂酵母 *Trichosporon fermentans* HWZ004 的分批补料法高密度培养[J]. 华南理工大学学报(自然科学版), 2013, **41**(10): 47-52, 65.
- Zong M H, Liu Z J, Wu H, *et al.* Fed-batch culture of high cell-density oleaginous yeast *Trichosporon fermentans* HWZ004 [J]. Journal of South China University of Technology (Natural Science Edition), 2013, **41**(10): 47-52, 65.
- [27] 梁少博, 邵宁, 李靖, 等. 活性污泥膨胀的生态控制研究[J]. 环境科学与管理, 2008, **33**(4): 84-87.
- Liang S B, Shao N, Li J, *et al.* Ecology control on activated sludge bulking [J]. Environmental Science and Management, 2008, **33**(4): 84-87.

CONTENTS

Preface	HAO Zheng-ping (477)
VOCs Emission from Motor Vehicles in China and Its Impact on the Atmospheric Environment	CHEN Tian-zeng, GE Yan-li, LIU Yong-chun, <i>et al.</i> (478)
Quantification of the Influence of Industrial Emissions on Volatile Organic Compounds (VOCs) Using PMF Model; A Case Study of Jiangbei Industrial Zone in Nanjing	 HU Kun, WANG Ming, ZHENG Jun, <i>et al.</i> (493)
Source Analysis of Volatile Organic Compounds in the Nanjing Industrial Area and Evaluation of Their Contribution to Ozone	ZHANG Yu-xin, AN Jun-lin, WANG Jun-xiu, <i>et al.</i> (502)
Ozone Formation Potential and Priority Species of VOCs in an Industrial Park	WU Lei-dan, WANG Xiu-yan, YANG Wen, <i>et al.</i> (511)
Characteristics and Source Apportionment of VOCs of a Petrochemical Industrial Park During Autumn in China	HU Tian-peng, LI Gang, MAO Yao, <i>et al.</i> (517)
Characteristics of VOCs Pollution in the Winter Atmosphere of a Typical Petrochemical Industry Park	MAO Yao, LI Gang, HU Tian-peng, <i>et al.</i> (525)
Emission Inventory and Pollution Characteristics of Industrial VOCs in Hangzhou, China	LU Bin, HUANG Cheng, LU Qing, <i>et al.</i> (533)
Industrial VOCs Emission in Qinhuangdao	HU Xiao-yu, LIU Hang, WANG Nai-yu, <i>et al.</i> (543)
Pollution Characteristics and Emission Coefficient of Volatile Organic Compounds from Auto/motorcycle Parts & Accessories Manufacturing in Zhejiang Province	 YANG Zhong-ping, WANG Zhe-ming, HE Zhi-qiao, <i>et al.</i> (551)
Stench Sources and Impact Analysis in Automobile Making	SHI Tian-li, ZHANG Wei-xia, CHEN Xiao-fang, <i>et al.</i> (557)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of VOCs Fugitively Emitted from Typical Brewers	GAO Zhan-qi, HU Guan-ju, WANG Hui, <i>et al.</i> (567)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Atmospheric VOCs in Chengdu	LI You-ping, TANG Ya, FAN Zhong-yu, <i>et al.</i> (576)
Indoor Formaldehyde and Benzene Series in Shanghai Residences and Their Associations with Building Characteristics and Lifestyle Behaviors	 JIANG Qiao-yun, LIU Ping-ping, WANG Xue-ying, <i>et al.</i> (585)
Emission Inventory of Anthropogenically Sourced VOCs and Its Contribution to Ozone Formation in Jiangsu Province	XIA Si-jia, LIU Qian, ZHAO Qiu-yue (592)
Emission Inventory of Anthropogenic VOCs in Jiangmen City	CHEN Xiao-fang, ZHANG Wei-xia, CHEN Bing-xu, <i>et al.</i> (600)
Emissions, Chemical Composition, and Spatial and Temporal Allocation of the BVOCs in the Yangtze River Delta Region in 2014	LIU Yan, LI Li, AN Jing-yu, <i>et al.</i> (608)
VOCs Emission Inventory of Service Stations in a Subcenter (Tongzhou District) of the City of Beijing	HUANG Yu-hu, HU Wei, LI Bei-bei, <i>et al.</i> (618)
Pollutant Emissions from Diesel Buses Fueled with Waste Cooking Oil Based Biodiesel	HU Zhi-yuan, LIN Biao-qi, HUANG Cheng, <i>et al.</i> (626)
Treatment of the Waste Gas Containing Methyl <i>tert</i> -Butyl Ether via a Biotrickling Filter	CHU Qi-ying, YAO Lu-lu, LÜ Xiong-biao, <i>et al.</i> (633)
Composite CVOCs Removal in a Combined System of Nonthermal Plasma and a Biotrickling Filter	GUO Hai-qian, MIAO Jing-jing, JIANG Li-ying, <i>et al.</i> (640)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Volatile Organic Compounds (VOCs) and Semi-volatile Organic Compounds (SVOCs) in Qiantang River's Hangzhou Section During a Water Odor Pollution Event	CHEN Feng, TANG Fang-liang, XU Jian-fen, <i>et al.</i> (648)
Occurrence and Spatial Distribution of Volatile Organic Compounds in Urban Drinking Water Distribution Systems	XU Mei-jia, WANG Hai-liang, LI Chun-mei, <i>et al.</i> (655)
Health Risk Assessment of Volatile Organic Compounds for Different Commuting Modes	 TONG Rui-peng, ZHANG Lei (663)
Source Analysis and Environmental Health Risk Assessment of VOCs in Furniture Manufacturing	TONG Rui-peng, ZHANG Lei, YANG Xiao-yi, <i>et al.</i> (672)
Spatio-temporal Distribution Characteristics of PM _{2.5} and Spatio-temporal Variation Characteristics of the Relationship Between PM _{2.5} and PM ₁₀ in Beijing	 YANG Wen-tao, YAO Shi-qi, DENG Min, <i>et al.</i> (684)
Quantification of Methane Ebullition Flux from Small Ponds Using the Inverted-Funnel Method	ZHANG Xiu-fang, XIAO Wei, ZHANG Mi, <i>et al.</i> (691)
Contamination Levels and Exposure Risk via Drinking Water from Perfluoroalkyl Acids in Seven Major Drainage Basins of China	 WANG Xin-xuan, ZHANG Hong, WANG Yan-ping, <i>et al.</i> (703)
Spatio-temporal Distribution and Source Apportionment of Nitrogen in Rivers of Tieling	YANG Li-biao, LEI Kun, QIAO Fei, <i>et al.</i> (711)
Characteristics of Chromophoric Dissolved Organic Matter (CDOM) in Rivers of Western Sichuan Plateau Based on EEM-PARAFAC Analysis	 LIU Yan-yang, QIN Ji-hong, LIU Chen, <i>et al.</i> (720)
Assessment of Heavy Metal Pollution and Human Health Risk of Surface Waters in the City of Ningbo, China	XU Mei-juan, BAO Bo, CHEN Chun-yan, <i>et al.</i> (729)
Temporal-spatial Distribution and Pollution Assessment of Dissolved Heavy Metals in Chaohu Lake	WU Lei, LIU Gui-jian, ZHOU Chun-cai, <i>et al.</i> (738)
Spatial Distribution, Sources and Bioavailability of Heavy Metals in the Surface Sediments of Longjiang River, Southern China	 LAN Xiao-long, NING Zeng-ping, XIAO Qing-xiang, <i>et al.</i> (748)
Mechanism on Enhanced Nitrogen Removal in Municipal Secondary Effluent via Internal-Electrolysis Constructed Wetlands at Low Temperature in Winter	 ZHENG Xiao-ying, ZHU Xing, WANG Ju, <i>et al.</i> (758)
Dynamic Replenishment Process of Nutrients in Tributary of Channel Reservoir	XU Ya-qian, XU Piao, YANG Zheng-jian, <i>et al.</i> (765)
Effect of the Rainfall on Extinction of Cyanobacteria Bloom and Its Mechanism Analysis	LIU Xin-yuan, SONG Lin-xu, JI Dao-bin, <i>et al.</i> (774)
Relationship Between Macrophyte Communities and Macroinvertebrate Communities in an Urban Stream	QU Xiao-dong, YU Yang, ZHANG Min, <i>et al.</i> (783)
Characteristics of Nitrogen and Phosphorus Output in Runoff and Rainfall Runoff in Lanlingxi Watershed, Three Gorges Reservoir Area	 ZHANG Lin, HUANG Zhi-lin, XIAO Wen-fa, <i>et al.</i> (792)
Screening Method of Priority Control Pollutants in Groundwater Based on Contamination Assessment	ZHAO Peng, HE Jiang-tao, WANG Man-li, <i>et al.</i> (800)
Effect of Sulfur to Quartz Sand Ratios on the Removal of High-Concentration Perchlorate in Packed-Bed Reactors	TAO Hua-qiang, SHAO Dong-hai, ZHANG Chao, <i>et al.</i> (811)
Adsorption of Methylene Blue and Cu(II) by Activated Carbon/Macromolecule Composite Hydrogel	KONG Yan, ZHUANG Yuan, SHI Bao-you, <i>et al.</i> (819)
Adsorption Performance and Mechanism of HZO@SGH for the Removal of Fluoride from Aqueous Solution	MA Fu-zhen, ZHOU Shao-qi, LIU Ze-jun, <i>et al.</i> (828)
Mechanism of MgO/CAC Catalyzed Ozonation of Organic Compounds	XU Shan-shan, LIN Cun-wang, DING Ya-lei, <i>et al.</i> (838)
Ozonation Characteristics of Low Coagulability Organic Matter from the Secondary Effluent of WWTPs	HOU Rui, JIN Xin, JIN Peng-kang, <i>et al.</i> (844)
Quantitative Analysis of Dominant Pollutants in Secondary Effluent via Dye Probe Technology	MENG Xiao-rong, WANG Cong-hui, WANG Lei, <i>et al.</i> (852)
Lab-scale ANAMMOX Process in a Wastewater Treatment Plant	LI Dong, ZHAO Shi-xun, WANG Jun-an, <i>et al.</i> (859)
Effect of Aeration Rate on Shortcut Nitrification Recovery in Intermittent Aeration Mode	LIU Hong, NAN Yan-bin, LI Hui, <i>et al.</i> (865)
Effect of Aerobic/Phosphorus Granules on Start-up of Partial Nitrification Granular Sludge	LI Dong, GUO Yue-zhou, CAO Mei-zhong, <i>et al.</i> (872)
Microbial Communities and Sludge Specific Resistance in Two SBRs Treating Leachate	CAI Li-yun, HUANG Ze-bin, XU Zi-wei, <i>et al.</i> (880)
Sources and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons from the Urbanization Process of Topsoil	YAO Hong, ZHANG Shi-chao, LIU Ming-li, <i>et al.</i> (889)
Spatial Variability and Contamination of Arsenic in Soils of Xijiang River Basin	LIU Chang, SONG Bo, ZHANG Yun-xia, <i>et al.</i> (899)
Characterization of Phosphorus in Urban Surface Soils in Kaifeng City and Its Risk of Loss	BAI Xiu-ling, MA Jian-hua, SUN Yan-Li, <i>et al.</i> (909)
Distribution Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in a Soil-Rice System in an E-waste Dismantling Area	YIN Yi-meng, ZHAO Wei-tuo, HUANG Ting, <i>et al.</i> (916)
Residue Levels and Health Risk Assessment of Organochlorine Pesticides in Rice from Shanghai	MENG Yuan, LIU Cui-cui, QIU Yan-ling, <i>et al.</i> (927)
Effects of Tetracycline Antibiotics on Growth and Characteristics of Enrichment and Transformation in Two Vegetables	CHI Sun-lin, WANG Wei-zhong, XU Wei-hong, <i>et al.</i> (935)
Bioavailability of Silicon Fertilizer Coupled Water Management on Soil Bioavailability and Cumulative Control of Rice in Compound Contaminated Paddy Soils	 LI Yuan-xing-lu, YE Chang-cheng, LIU Yu-ling, <i>et al.</i> (944)
Liver and Kidney Function of E-waste Dismantling Workers and Potential Influencing Factors	YAN Xiao, LI Shu-yuan, WANG Mei-huan, <i>et al.</i> (953)