

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第39卷 第7期

Vol.39 No.7

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

近20年来中国典型区域PM_{2.5}时空演变过程 罗毅,邓琼飞,杨昆,杨扬,商春雪,喻臻钰 (3003)

西安市PM_{2.5}健康损害价值评估 魏国茹,史兴民 (3014)

河北香河亚微米气溶胶组分特性、来源及其演变规律分析 江琪,王飞,孙业乐 (3022)

南京北郊秋季PM_{2.5}碳质组分污染特征及来源分析 徐足飞,曹芳,高嵩,鲍孟盈,石一凡,章炎麟,刘晓妍,范美益,张雯淇,卞航,刘寿东 (3033)

临安夏季霾和清洁天气PM_{2.5}化学组成特征比较 梁林林,孙俊英,张养梅,刘畅,徐婉筠,张根,刘旭艳,马千里 (3042)

盘锦市秋冬季节PM_{2.5}中碳组分特征及来源解析 张蕾,姬亚芹,张军,王士宝,李越洋,赵静琦,张伟 (3051)

南京冬季气溶胶光学特性及黑碳光吸收增强效应 黄聪聪,马嫣,郑军 (3057)

夏季青岛大气粗细粒子中微量元素的浓度、溶解度及干沉降通量 李鹏志,李茜,石金辉,高会旺,姚小红 (3067)

太原市夏季降水中溶解态重金属特征及来源 叶艾玲,程明超,张璐,何秋生,郭利利,王新明 (3075)

杭州地区大气CO₂体积分数变化特征及影响因素 浦静姣,徐宏辉,姜瑜君,杜荣光,齐冰 (3082)

典型工业源VOCs治理现状及排放组成特征 景盛翱,王红丽,朱海林,杨强,卢滨,夏阳,余传冠,陶士康,李莉,楼晟荣,黄成,唐伟,井宝莉 (3090)

地级市域工业VOCs排放源排特性及其控制技术应用现状:以秦皇岛市为例 胡旭睿,虎啸宇,王灿 (3096)

青霉素发酵尾气VOCs污染特征及健康风险评价 郭斌,么瑞静,张硕,马磊,康江,王姗姗 (3102)

轻型汽油车尾气OC和EC排放因子实测研究 黄成,胡馨遥,鲁君 (3110)

南京市大气降尘重金属污染水平及风险评价 田春晖,杨若杼,古丽扎尔·依力哈木,钱新,王金凤,李慧明 (3118)

西安城区路面细颗粒灰尘重金属污染水平及来源分析 石栋奇,卢新卫 (3126)

三峡库区主要河流秋季pCO₂及其影响因素 罗佳宸,毛蓉,李思悦 (3134)

泾河支流地表水地下水的水化学特征及其控制因素 寇永朝,华琨,李洲,李志 (3142)

生物滞留对城市地表径流磷的去除途径 李立青,刘雨情,杨佳敏,王娟 (3150)

淀山湖浮游植物功能群演替特征及其与环境因子的关系 杨丽,张玮,尚光霞,张军毅,王丽卿,魏华 (3158)

抚仙湖硅藻群落的时空变化特征及其与水环境的关系 李蕊,陈光杰,康文刚,陈丽,王教元,陈小林,刘园园,冯钟,张涛 (3168)

蓝藻水华及其降解对沉积物-水微界面的影响 王永平,谢瑞,晁建颖,姬昌辉,于剑 (3179)

生物炭对人工湿地植物根系形态特征及净化能力的影响 徐德福,潘潜澄,李映雪,陈晓艺,王佳俊,周磊 (3187)

Mn-Co/蜂窝陶瓷催化剂制备及催化臭氧化对苯二酚效能 张兰河,高伟国,陈子成,张海丰,王旭明 (3194)

Fe/Cu双金属活化过一硫酸盐降解四环素的机制 李晶,鲍建国,杜江坤,冷一非,孔淑琼 (3203)

铈酸盐改性钛酸纳米片对水中Cd(II)的吸附行为及机制 康丽,刘文,刘晓娜,刘宏芳,李一菲 (3212)

铁锰原位氧化产物吸附微量磷的实验 蔡言安,毕学军,张嘉凝,董杨,刘文哲 (3222)

制备方法对铁钛复合氧化物磷吸附性能的影响:共沉淀法与机械物理混合法 仲艳,王建燕,陈静,张高生 (3230)

电导率对厌氧产酸、正渗透与微生物燃料电池耦合工艺运行性能的影响 陆宇琴,刘金梦,王新华,李秀芬,李晔 (3240)

不同磷浓度下生物除磷颗粒系统的COD需求 李冬,曹美忠,郭跃洲,梅宁,李帅,张杰 (3247)

基质浓度对ABR反应器SAD协同脱氮除碳效能影响 张敏,姜滢,汪瑶琪,韦佳敏,陈重军,沈耀良 (3254)

采用含硫铁化学污泥作为反硝化电子供体进行焦化废水中总氮深度去除 付炳炳,潘建新,马景德,王丰,吴海珍,韦朝海 (3262)

间歇曝气下短程硝化耦合污泥微膨胀稳定性 高春娣,孙大阳,安冉,赵楠,焦二龙,祝海兵 (3271)

基于高通量测序的SBR反应器丝状膨胀污泥菌群分析 洪颖,姚俊芹,马斌,徐双,张彦江 (3279)

纳米零价铁(NZVI)对厌氧产甲烷活性、污泥特性和微生物群落结构的影响 苏润华,丁丽雨,任洪强 (3286)

气水比对后置固相反硝化滤池工艺脱氮及微生物群落影响 张千,吉芳英,付旭芳,陈晴空 (3297)

活性污泥胞外多聚物提取方法的比较 孙秀玥,唐珠,杨新萍 (3306)

耐冷嗜碱蒙氏假单胞菌H97的鉴定及其好氧反硝化特性 蔡茜,何腾霞,冶青,李振轮 (3314)

PFOS前体物质(PreFOs)降解菌的分离鉴定及其降解特性 赵淑艳,周涛,王博慧,梁田坤,柳丽芬 (3321)

采油井场土壤微生物群落结构分布 蔡萍萍,宁卓,何泽,张敏,石建省 (3329)

铜尾矿坝不同恢复年限土壤理化性质和酶活性的特征 王瑞宏,贾彤,曹苗文,柴宝峰 (3339)

广西某赤泥堆场周边土壤重金属污染风险 郭颖,李玉冰,薛生国,廖嘉欣,王琼丽,吴川 (3349)

邻苯二甲酸酯在重庆市城市土壤中的污染分布特征及来源分析 杨志豪,何明靖,杨婷,卢俊峰,魏世强 (3358)

成都平原区水稻土有机碳剖面分布特征及影响因素 李珊,李启权,王昌全,张浩,肖怡,唐嘉玲,代天飞,李一丁 (3365)

塔里木盆地北缘绿洲不同连作年限棉田土壤有机碳、无机碳含量与环境因子的相关性 赵晶晶,贡璐,安申群,李杨梅,陈新 (3373)

塔里木盆地北缘绿洲4种土地利用方式土壤有机碳组分分布特征及其与土壤环境因子的关系 安申群,贡璐,李杨梅,陈新,孙力 (3382)

高原喀斯特土壤有机碳短期稳定的温度作用机制 唐国勇,张春华,刘方炎,马艳 (3391)

施硼对水稻幼苗吸收和分泌硼的影响 朱毅,孙国新,陈正,胡莹,郑瑞伦 (3400)

不同改良剂对铅镉污染农田水稻重金属积累和产量影响的比较分析 胡雪芳,田志清,梁亮,陈俊德,张志民,朱祥民,王士奎 (3409)

南京大气臭氧浓度的季节变化及其对主要作物影响的评估 赵辉,郑有飞,魏莉,关清 (3418)

三峡库区涪陵和忠县两地居民发汞含量水平及影响因素分析 程楠,谢青,樊宇飞,王永敏,张成,王定勇 (3426)

人粪便好氧堆肥过程中典型抗生素的消减特性 时红蕾,王晓昌,李倩 (3434)

COD/SO₄²⁻对青霉素菌渣厌氧消化影响 强虹,李玉友,裴梦富 (3443)

果蔬类垃圾主发酵堆肥产物储放和利用的恶臭释放特征 何品晶,蒋宁玲,徐贤,韦顺艳,邵立明,吕凡 (3452)

曾用抗生素磺胺二甲嘧啶对稻田NH₃挥发的影响 庞炳坤,张敬沙,吴杰,李志琳,蒋静艳 (3460)

《环境科学》征订启事(3141) 《环境科学》征稿简则(3202) 信息(3229, 3433, 3451)

基于高通量测序的 SBR 反应器丝状膨胀污泥菌群分析

洪颖¹, 姚俊芹^{1*}, 马斌², 徐双¹, 张彦江¹

(1. 新疆大学资源与环境科学学院, 乌鲁木齐 830046; 2. 北京工业大学环境与能源工程学院, 北京 100124)

摘要: 为探究丝状污泥膨胀及控制过程中细菌菌群和真菌菌群的变化规律, 采用一套 11 L 的 SBR 反应器, 接种某城市污水处理厂膨胀污泥, 以乙酸钠为碳源进行人工配水, 对膨胀污泥进行 399 d 的培养实验, 采用高通量测序技术对污泥样本进行菌群多样性分析. 结果表明, 接种污泥菌群多样性比较丰富, 经培养至污泥高度膨胀后, 菌群多样性降低, 污泥沉降性能恢复正常后, 菌群多样性又逐渐增加. 细菌中的腐螺旋菌属 (*Saprosiraceae_norank*)、丛毛单胞菌属 (*Comamonadaceae_unclassified*) 和四球菌属 (*Tetrasphaera*) 相对丰度分别为 13.37%、10.54% 和 8.59%, 是接种污泥的主要细菌属. 经过培养, 膨胀污泥菌群发生变化, 接种污泥中细菌相对丰度仅为 0.01% 的丝硫菌属 (*Thiothrix*) 增加至 56.95%~60.14%, 真菌中相对丰度为 19.60% 的丝孢菌属 (*Trichosporon*) 增加至 94.82%. 污泥膨胀得到控制后, 污泥中丝硫菌属 (*Thiothrix*) 相对丰度减少至 0.01%, 丝孢菌属 (*Trichosporon*) 相对丰度减少至 2.32%. 丝硫菌属 (*Thiothrix*) 和丝孢菌属 (*Trichosporon*) 过多不利于污泥沉降.

关键词: 污泥膨胀; 高通量测序; 微生物群落; 丝状细菌; 丝状真菌

中图分类号: X172; X703 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2018)07-3279-07 DOI: 10.13227/j.hjxx.201710150

Filamentous Sludge Microbial Community of a SBR Reactor Based on High-throughput Sequencing

HONG Ying¹, YAO Jun-qin^{1*}, MA Bin², XU Shuang¹, ZHANG Yan-jiang¹

(1. College of Resources and Environmental Science, Xinjiang University, Urumqi 830046, China; 2. College of Environmental and Energy Engineering, Beijing University of Technology, Beijing 100124, China)

Abstract: Samples were collected from a sequencing batch reactor (SBR) to characterize the similarities and differences in microbial community composition in samples using Illumina high-throughput sequencing. The main objective of this study was to characterize changes in microbial community composition during filamentous sludge bulking and control processes. The SBR working volume was 11 L, and the reactors were operated for 399 days in total. High-throughput sequencing results indicated that rich diversity existed in the microbial communities of the seeding sludge. Generally, during sludge bulking, microbial composition decreased, and after the sludge was remediated, the diversity gradually increased. The dominant bacteria in the seeding sludge were *Saprosiraceae_norank*, *Comamonadaceae_unclassified*, and *Tetrasphaera*, comprising 13.37%, 10.54%, and 8.59% of the community, respectively. After culturing using sodium acetate as the sole carbon source, *Thiothrix* and *Trichosporon* increased significantly from the seeding to the bulking sludge, with ranges from 0.1% to 60.14% and from 19.60% to 94.82%, respectively. After the sludge bulking was controlled, the relative abundances of *Thiothrix* and *Trichosporon* were 0.1% and 2.32%, respectively. Therefore, we postulate that increases in filamentous *Thiothrix* and *Trichosporon* were the main cause for the sludge bulking.

Key words: activated sludge bulking; high-throughput sequencing; microbial community structure; filamentous bacteria; filamentous fungi

活性污泥法具有处理效果好, 操作稳定, 运行成本低廉的优点, 是目前应用最为广泛的污水生物处理技术. 但污泥膨胀的高发生率常常造成处理水质下降和污泥的大量流失. 污泥膨胀是限制活性污泥工艺发展的最大问题^[1]. 有研究表明大部分的污泥膨胀是由丝状菌过度繁殖引起^[1,2]. 丝状膨胀的本质是微生物对周围环境因素变化产生的不同效应, 导致微生物群落之间的平衡破坏^[3,4]. 活性污泥包含一个高度复杂的微生物种群^[5,6], 研究较多的是细菌和真菌. 在某些环境下, 当某些细菌和真菌大量繁殖成为活性污泥主要微生物时, 会出现污泥膨胀. 研究发现引起污泥丝状膨胀的主要细菌有: 腐败螺

旋菌科 (*Saprosiraceae*)^[1,7]、黄杆菌属 (*Flavobacterium*)^[7,8]、四球虫属 (*Tetrasphaera*)^[3,9]、丝硫菌属 (*Thiothrix*)^[1,10]、微丝菌属 (*Microthrix*)^[11,12]、束縛杆菌属 (*Haliscomenobacter*)^[8]等; 主要真菌有: 毛孢子菌属 (*Trichosporon*)^[13,14]、青霉菌属 (*Penicillium*)^[13]等. 细菌被认为是影响污泥絮体的主要因素, 研究得较多, 而真菌的丰富性、生态学和作用常常被忽视^[14].

收稿日期: 2017-10-20; 修订日期: 2018-01-11

基金项目: 国家自然科学基金项目 (51568061)

作者简介: 洪颖 (1993~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为污水生物处理, E-mail: 1720425681@qq.com

* 通信作者, E-mail: yaojunqin@xju.edu.cn

高通量测序具有分析结果准确、高速、高灵敏度和高自动化等特点^[15],目前已经应用在污泥中微生物群落结构的分析中^[16, 17]. 本次实验运用高通量测序技术对一套 SBR 反应器内的活性污泥微生物进行测序,分析丝状污泥膨胀及控制过程中细菌菌群和真菌菌群的变化规律,以期为活性污泥丝状膨胀的控制提供理论依据和支持.

1 材料与方法

1.1 实验装置

SBR 反应器由有机玻璃制成,有效容积为 11 L. 反应器的上部和下部分别设置了排水口和取料口,采用空气泵通过底部的沙盘曝气头进行曝气. 通过转子流量计控制曝气量,控制溶解氧浓度. 反应器在室温下运行. 反应器每天运行 2 个周期,每个周期进水 12 min,搅拌 30 min,曝气 360 min,沉淀 300 min,排水 10 min. 每个周期的排水为反应器有效容积的 43%.

1.2 接种污泥及实验用水

接种污泥为新疆昌吉市某城市污水处理厂氧化沟工艺好氧段膨胀污泥, MLSS 为 $4\ 512\ \text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 污泥体积指数 SVI 为 $202\ \text{mL}\cdot\text{g}^{-1}$, 污泥颜色呈黄褐色.

实验用水为人工配制的模拟废水,主要元素由 $\text{CH}_3\text{COONa}\cdot 3\text{H}_2\text{O}$ 、 NH_4Cl 、 KH_2PO_4 、 $\text{MgSO}_4\cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 、 $\text{CaCl}_2\cdot 2\text{H}_2\text{O}$ 配制,微量元素由 $\text{FeSO}_4\cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 、 $\text{CaCl}_2\cdot 6\text{H}_2\text{O}$ 、 $\text{CuSO}_4\cdot 5\text{H}_2\text{O}$ 、 $\text{Na}_2\text{MoO}_4\cdot 2\text{H}_2\text{O}$ 、 H_3BO_3 配制. 第 1~255 d 将 C:N:P 设为 100:10:1, COD 浓度为 $520\ \text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, TN 浓度为 $52\ \text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, TP 浓度为 $5.2\ \text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$. 第 256~399 d 为将 C:N:P 调整为 100:5:1,将 TN 浓度降低为 $26\ \text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$.

1.3 实验过程及采样

实验装置运行了 399 d. 反应器运行过程中活性污泥经历了膨胀及恢复的过程. 反应器运行前 171 d 污泥沉降性能变化不大,为了使污泥发生严重的膨胀现象,第 172 d 将反应器调为缺氧状态,溶解氧低于 $0.5\ \text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$,营养元素失衡,污泥发生了严重的膨胀现象,SVI 达到了 $300\sim 400\ \text{mL}\cdot\text{g}^{-1}$. 为了控制污泥膨胀,在第 256 d 将反应器调为好氧状态,溶解氧为 $3.0\sim 4.0\ \text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$,营养元素均衡,第 338 d 开始污泥 SVI 开始逐渐下降,第 366 d 后污泥完全恢复正常,SVI 稳定在 $50\sim 70\ \text{mL}\cdot\text{g}^{-1}$. 分别采集接种污泥及反应器运行的不同阶段的 6 个污泥样本,采样时间、污泥沉降性能及水温见表 1. 从中可知,FB1 为接种污泥,FB2、FB3、FB4 为膨胀污泥,FB5 为污泥恢复阶段污泥,FB6 为恢复正常污泥.

表 1 采样时间、污泥沉降性能及水温

Table 1 Sampling time, sludge settling performance, and water temperature of the operation

样本	污泥来源	运行天数/d	SV/%	MLSS/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	SVI/ $\text{mL}\cdot\text{g}^{-1}$	水温/ $^{\circ}\text{C}$
FB1	接种污泥	0	91	4 512	202	14
FB2	SBR 反应器	197	98	3 885	252	19
FB3	SBR 反应器	267	97	2 848	341	20
FB4	SBR 反应器	315	89	3 274	272	19
FB5	SBR 反应器	364	34	3 755	91	24
FB6	SBR 反应器	399	27	4 353	62	28

1.4 水质分析方法

COD 采用 5B-3C(8V) COD 快速测定仪测定. 使用 T6 新世纪紫外可见分光光度计测定氨氮、亚硝酸盐氮和硝酸盐氮. 氨氮采用纳氏试剂分光光度法测定,亚硝酸盐氮采用 *N*-(1-萘基)-乙二胺分光光度法测定,硝酸盐氮采用紫外分光光度法测定. DO 采用 AZ8403 便携式溶解氧仪测定,水温采用水银温度计测定.

1.5 高通量测序分析方法

提取污泥样品微生物总 DNA,对 6 个样本进行了细菌 16S rRNA V4-V5 区域的 PCR 扩增,细菌引物为 515F/907R (5'-GTGCCAGCMGCCGCGG-3'/5'-

CCGTCAATTCMTTTRAGTT T-3')^[18]. 对接种污泥 FB1、严重膨胀污泥 FB3、恢复阶段污泥 FB5 和恢复正常的污泥 FB6,这 4 个样本进行了真菌 18S 的 PCR 扩增,真菌引物为 SSU 0817F/1196R (5'-TTAGCATGGAA TAATRAATAGGA- 3'/5'-TCTGGACCTGGTGAGTTTCC-3')^[19]. 利用 Illumina MiSeq 系统测序,所得序列进行过滤处理后得到有效序列,根据 97% 的序列相似性,将有效序列分为不同的 OTU,选取各 OTU 的代表序列与 Silva 数据库进行比对注释,聚类分析及物种多样性分析. 本研究获得的原始测序数据已上传至 NCBI 序列读取归档(SRA)数据库,登录号为 SRP120716.

2 结果与讨论

2.1 反应器处理效果

反应器整个运行期间, COD 去除率为 88% ~ 98%, 平均出水浓度为 $26 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$. 氧是硝化反应的电子受体, 但当溶解氧低于 $0.5 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 时, 由于硝化反应电子受体不足, 氨氮不能实现硝化反应^[20], 去除率低至 31% ~ 59%, 出水氨氮高达 $20.26 \sim 38.35 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$. 在溶解氧为 $3.0 \sim 4.0 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 时, 污泥虽仍处于膨胀状态, 但氨氮可以实现硝化反应, 去除率为 92% ~ 97%, 平均出水浓度为 $2.63 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$.

2.2 污泥絮体镜检

对污泥样本进行光学显微镜观察. 如图 1 所示, 接种污泥 FB1 污泥絮体为针状絮体, 絮体结构松散, 丝状菌较少. 膨胀污泥 FB2、FB3 和 FB4 中存在大量的丝状菌, 且丝状菌越多, SVI 值越高. 污泥膨胀恢复阶段污泥 FB5 中缠绕紧密的丝状菌仍较多, 但伸出污泥絮体之外的丝状菌减少. 污泥沉降性能恢复正常并稳定后的污泥 FB6 中污泥絮体边界清晰, 絮体结构紧密, 几乎看不到丝状菌. 污泥镜检能清晰地观察到反应器污泥膨胀主要由丝状菌的大量生长引起, 但不能明确丝状菌的种类, 有必要对活性污泥进行高通量测序, 对活性污泥进行菌群多样性分析.

2.3 细菌菌群分析

2.3.1 细菌群落多样性分析

由表 2 可知, 细菌测序的有效序列在 30 564 ~ 55 170 之间, OTU 在 433 ~ 599 之间. 覆盖度指数越高, 越能反映样本的真实性. 本次测序覆盖度指数均达到了 0.996 以上, 表明数据可信度较高. Chao 指数值越大, 表明微生物群落丰富度越高. Heip 指数值越大, 表明微生物群落均匀度越高. Shannon 指数值越大, 表明微生物群落的多样性越高. 这些微生物多样性指数均能从不同侧面反映生物多样性. 由 Chao 值可知接种污泥在反应器内培养至污

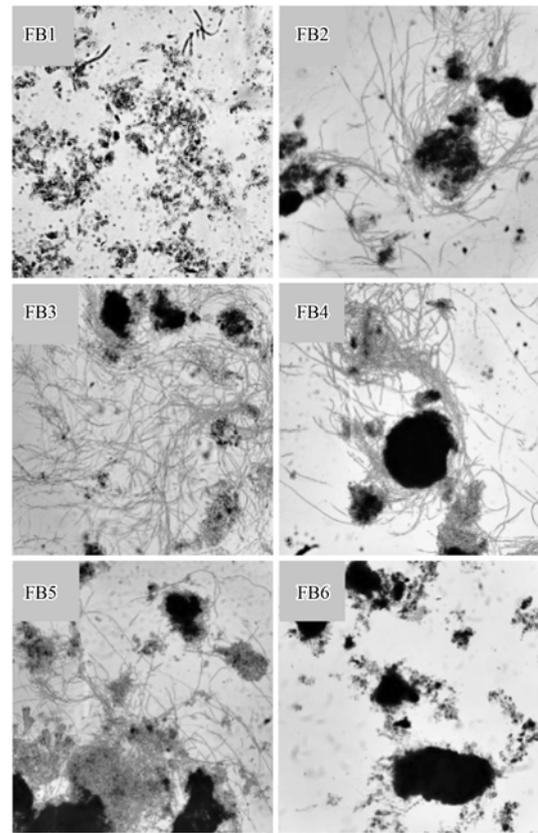


图 1 活性污泥镜检 ($\times 100$)

Fig. 1 Microscopic examination of the activated sludge ($\times 100$)

泥膨胀后, 细菌群落丰富度逐渐降低, 污泥膨胀得到控制, 污泥沉降性能逐渐恢复正常后, 细菌群落丰富度又逐渐上升, 并超过了接种污泥的细菌群落丰富度. 由 Heip 值可知接种污泥的细菌群落均匀度最高, 经过培养后, 反应器膨胀污泥中细菌群落均匀度明显降低, 污泥膨胀得到控制后, 细菌群落均匀度有所上升, 但低于接种污泥. Shannon 指数表明接种污泥中细菌群落多样性最高, 反应器膨胀污泥中细菌群落多样性逐渐减少, 污泥沉降性能恢复正常后, 细菌群落多样性增加. 可能归因于污水处理厂水质丰富多样且运行条件不稳定, 而实验室水质单一且运行条件稳定^[21].

表 2 细菌多样性分析

Table 2 Diversity indices of the bacterial communities

样本	序列数	OTU 数	覆盖度指数	Chao 指数	Heip 指数	Shannon 指数
FB1	55170	599	0.998	649	0.241	4.976
FB2	36008	532	0.996	621	0.030	2.825
FB3	30564	446	0.996	518	0.025	2.483
FB4	33356	433	0.996	546	0.023	2.405
FB5	42308	585	0.996	676	0.087	3.945
FB6	43954	599	0.997	677	0.103	4.140

2.3.2 细菌群落门水平上的变化

样本测序共得到 30 个细菌门. 至少在一个污泥样本中相对丰度大于 1% 的细菌门共有 13 个, 相对丰度变化见图 2. 从中可知, 所有污泥样本中均存在拟杆菌门 (Bacteroidetes), 变形菌门 (Proteobacteria), 放线菌门 (Actinobacteria), 绿弯菌门 (Chloroflexi) 和浮霉菌门 (Planctomycetes), 这 5 个细菌门的相对丰度总和达到 86.48% ~ 95.96%, 是活性污泥的主要细菌门, 与徐伟超等^[22,23] 的研究结果一致. 接种污泥 FB1 中优势菌门有拟杆菌门 (Bacteroidetes)、变形菌门 (Proteobacteria) 和放线菌门 (Actinobacteria) 的相对丰度分别为 35.64%、34.78% 和 14.55%. 经过乙酸钠为单一碳源培养后, 变形菌门 (Proteobacteria) 成为优势菌门, 相对丰度增加到 60.60% ~ 79.42%, 拟杆菌门 (Bacteroidetes) 减少, 相对丰度下降到 14.87% ~ 20.66%, 放线菌门 (Actinobacteria) 的相对丰度则减少到 0.04% ~ 0.34%. 经过乙酸钠为单一碳源培养后, 反应器内优势菌门的变化与马思佳等^[24] 的研究结果一致.

2.3.3 细菌群落属水平上的变化

样本测序共得到 391 个细菌属. 至少在一个污泥样本中相对丰度大于 1% 的细菌属共有 36 个, 相对丰度变化见图 3. 从中可知, 接种污泥 FB1 中细

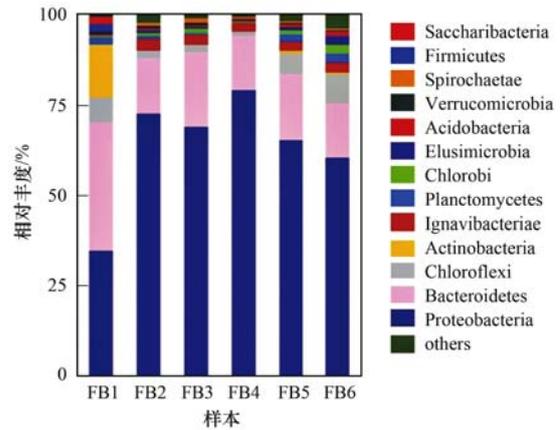


图 2 细菌群落门水平上的相对丰度变化

Fig. 2 Changes in microbial community structure of the bacteria at the phylum level

菌属分布相对比较均匀, 腐螺旋菌属 (*Saprospiraceae_norank*)、丛毛单胞菌属 (*Comamonadaceae_unclassified*) 和四球虫属 (*Tetrasphaera*) 的相对丰度分别为 13.37%、10.54% 和 8.59%. 彭永臻等^[1,7] 研究发现腐败螺旋菌科 (*Saprospiraceae*) 会附着绿弯菌门 (*Chloroflexi*) 生长, 能诱发污泥膨胀. Petrovski 等^[3,9] 发现四球虫属 (*Tetrasphaera*) 对污泥膨胀具有一定的贡献. 腐螺旋菌属 (*Saprospiraceae_norank*) 和四球虫属 (*Tetrasphaera*) 可能是引起污水处理厂污泥产生膨胀的主要细菌属.

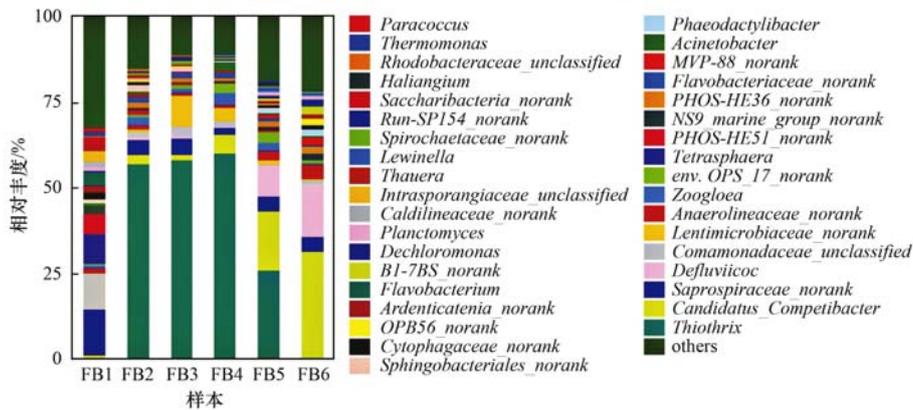


图 3 细菌群落属水平上的相对丰度变化

Fig. 3 Changes in microbial community structure of the bacteria at the genus level

图 3 显示, 反应器膨胀污泥 FB2、FB3 和 FB4 中丝硫菌属 (*Thiothrix*) 的相对丰度为 56.95% ~ 60.14%, 是优势菌属, 但该菌在接种污泥中相对丰度仅为 0.01%. 表明在实验过程中, 接种污泥中丝硫菌属 (*Thiothrix*) 得到优势生长. 在污泥膨胀得到控制, 污泥沉降性能恢复阶段的污泥 FB5 中丝硫菌属 (*Thiothrix*) 的相对丰度减少至 25.81%, 与镜检时发

现 FB5 仍存在大量丝状菌结果一致. 在反应器污泥沉降性能完全恢复正常并稳定运行后的 FB6 样本中, 丝硫菌属 (*Thiothrix*) 的相对丰度仅为 0.01%. 彭永臻等^[1] 的研究发现, 在较低的溶解氧下丝硫菌属 (*Thiothrix*) 大量生长, 从而诱发污泥膨胀. 丝硫菌属 (*Thiothrix*) 是引起反应器污泥膨胀的主要细菌属.

聚糖菌属 (*Candidatus_Competibacter*) 在 FB2、

FB3 和 FB4 中相对丰度仅为 1.60% ~ 5.43%, 在 FB5 中相对丰度增至 17.51%, 在 FB6 中相对丰度增至 31.50%。聚糖菌属 (*Defluviococcus*) 在 FB2、FB3 和 FB4 中的相对丰度仅为 0.42% ~ 0.88%, 在 FB5 中相对丰度增至 9.24%, 在 FB6 中相对丰度增至 15.48%。表明这两类聚糖菌属有利于污泥沉降, 与 Henriot 等^[10,25]的研究结果一致, 但其生长特性还有待研究。

2.4 真菌菌群分析

2.4.1 真菌群落多样性分析

由表 3 可知, 真菌测序的有效序列在 33300 ~ 41229 之间, OTU 在 25 ~ 62 之间。真菌测序的覆盖度指数均达到了 1, 表明数据可信度较高。由 Chao 指数、Heip 指数和 Shannon 指数看出接种污泥中真菌丰富度、均匀度和多样性最高, 经过培养后的膨胀污泥中真菌丰富度、均匀度和多样性降低, 污泥沉降性能恢复正常后, 真菌丰富度、均匀度和多样性均有所增加。

表 3 真菌多样性分析

Table 3 Diversity indices of the fungal communities

样本	序列数	OTU 数	覆盖度指数	Chao 指数	Heip 指数	Shannon 指数
FB1	41229	62	1.000	62	0.325	3.035
FB3	38949	25	1.000	28	0.016	0.327
FB5	37126	31	1.000	32	0.009	0.248
FB6	33300	27	1.000	32	0.030	0.573

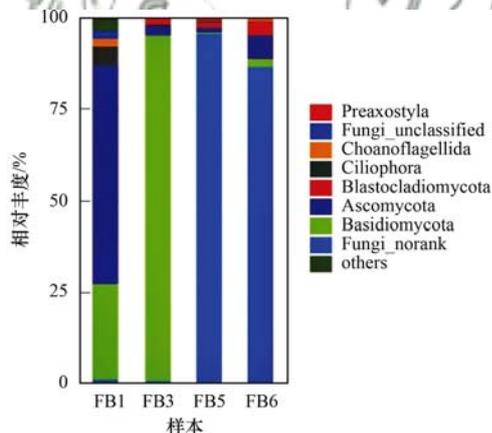


图 4 真菌群落门水平上的相对丰度变化

Fig. 4 Changes in microbial community structure of the fungi at the phylum level

2.4.3 真菌群落属水平上的变化

样本测序共得到 57 个真菌属。至少在一个污泥样本中相对丰度大于 1% 的真菌属共有 16 个, 相对丰度变化见图 5。从中可知, 接种污泥 FB1 样本中优势真菌属分布相对均匀, 丝孢菌属 (*Trichosporon*)、酵母菌属 (*Saccharomycetales* _

2.4.2 真菌群落门水平上的变化

样本测定共得到 23 个真菌门。至少在一个污泥样本中相对丰度大于 1% 的真菌门共有 8 个, 相对丰度变化见图 4。从中可知, 所有污泥样本中均存在担子菌门 (*Basidiomycota*)、子囊菌门 (*Ascomycota*)、真菌门 (*Fungi_norank*)、芽枝霉门 (*Blastocladiomycota*) 和纤毛门 (*Ciliophora*), 这 5 个真菌门相对丰度的总和为 92.44% ~ 99.76%, 是活性污泥的主要真菌门。Maza-Márquez 等^[26]发现这些菌门在城市污水处理系统中出现。接种污泥 FB1 中优势真菌门分布相对均匀, 主要包括子囊菌门 (*Ascomycota*) 和担子菌门 (*Basidiomycota*), 它们的相对丰度分别为 59.59% 和 26.42%。反应器严重膨胀污泥 FB3 中担子菌门 (*Basidiomycota*) 的相对丰度为 95.05%, 而在 FB5 和 FB6 中, 该菌门的相对丰度分别减少至 0.57% 和 2.32%。而真菌门 (*Fungi_norank*) 在污泥 FB5 和 FB6 中相对丰度分别为 96.14% 和 86.91%, 成绝对优势真菌门。

unclassified)、耐碱酵母属 (*Galactomyces*)、德巴利氏酵母属 (*Debaryomyces*)、子囊菌属 (*Ascomycota_norank*) 和发菌属 (*Trichocomaceae_unclassified*) 的相对丰度分别为 19.60%、12.42%、11.54%、9.51%、9.44% 和 4.48%。FB3 样本中丝孢菌属 (*Trichosporon*) 得到优势生长, 相对丰度达到了

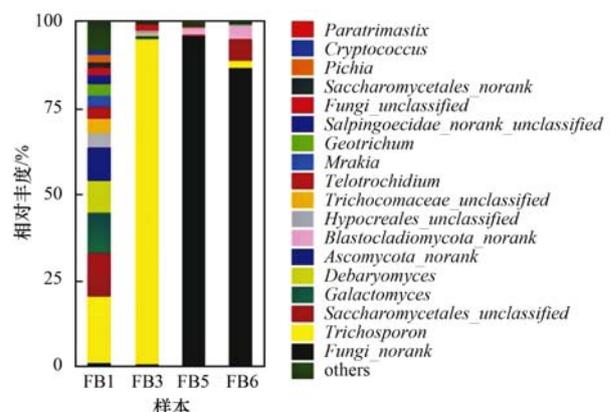


图 5 真菌群落属水平上的相对丰度变化

Fig. 5 Changes in microbial community structure of the fungi at the genus level

94.82%,成为反应器膨胀污泥的绝对优势真菌属。在污泥膨胀得到控制,在污泥沉降性能恢复过程中的FB5样本和恢复正常的污泥FB6中,该菌相对丰度仅为0.19%和2.32%。丝孢菌属(*Trichosporon*)过多不利于污泥沉降,与张崇森等^[13,14]的研究结果一致。反应器污泥膨胀得到控制后,在膨胀污泥FB3中相对丰度仅为0.7%的真菌属(*Fungi_norank*)。在FB5和FB6中相对丰度分别增至96.14%和86.91%,成为绝对优势真菌属,推测真菌属(*Fungi_norank*)利于污泥沉降。

3 结论

(1)接种污泥菌群多样性比较丰富,经培养至污泥严重膨胀后,菌群多样性降低,污泥恢复正常后,菌群多样性又逐渐增加。

(2)接种污泥中拟杆菌门(*Bacteroidetes*)的腐螺旋菌属(*Saprosiraceae_norank*)、变形菌门(*Proteobacteria*)的丛毛单胞菌属(*Comamonadaceae_unclassified*)和放线菌门(*Actinobacteria*)的四球菌属(*Tetrasphaera*)的相对丰度分别为13.37%、10.54%和8.59%,是接种污泥的主要菌属。

(3)反应器内经过乙酸钠为单一碳源培养,污泥发生膨胀后,接种污泥中细菌相对丰度仅有0.01%的变形菌门(*Proteobacteria*)的丝硫菌属(*Thiothrix*)增加至56.95%~60.14%,真菌相对丰度为19.60%的担子菌门(*Basidiomycota*)的丝孢菌属(*Trichosporon*)增加至94.82%,成为优势菌属。污泥膨胀得到控制后,丝硫菌属(*Thiothrix*)相对丰度减少至0.01%,丝孢菌属(*Trichosporon*)相对丰度减少至2.32%。丝硫菌属(*Thiothrix*)和丝孢菌属(*Trichosporon*)是引起反应器污泥膨胀的主要菌属。

参考文献:

- [1] 彭永臻,郭建华. 活性污泥膨胀机理、成因及控制[M]. 北京:科学出版社,2012. 103-145.
- [2] Wang J, Li Q, Qi R, et al. Sludge bulking impact on relevant bacterial populations in a full-scale municipal wastewater treatment plant[J]. *Process Biochemistry*, 2014, **49**(12): 2258-2265.
- [3] Wang P, Yu Z S, Qi R, et al. Detailed comparison of bacterial communities during seasonal sludge bulking in a municipal wastewater treatment plant[J]. *Water Research*, 2016, **105**: 157-166.
- [4] Guo J H, Peng Y Z, Wang S Y, et al. Stable limited filamentous bulking through keeping the competition between floc-formers and filaments in balance[J]. *Bioresource Technology*, 2012, **103**(1): 7-15.
- [5] Jo S J, Kwon H, Jeong S Y, et al. Comparison of microbial communities of activated sludge and membrane biofilm in 10 full-scale membrane bioreactors[J]. *Water Research*, 2016, **101**: 214-225.
- [6] Tang B, Zhang Z. Essence of disposing the excess sludge and optimizing the operation of wastewater treatment: rheological behavior and microbial ecosystem[J]. *Chemosphere*, 2014, **105**: 1-13.
- [7] 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.
- [8] 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.
- [9] Yang Q X, Zhao H L, Du B B. Bacteria and bacteriophage communities in bulking and non-bulking activated sludge in full-scale municipal wastewater treatment systems[J]. *Biochemical Engineering Journal*, 2017, **119**: 101-111.
- [10] Petrovski S, Tillett D, Seviour R J. Isolation and complete genome sequence of a bacteriophage lysing *Tetrasphaera jenkinsii*, a filamentous bacteria responsible for bulking in activated sludge[J]. *Virus Genes*, 2012, **45**(2): 380-388.
- [11] Henriot O, Meunier C, Henry P, et al. Filamentous bulking caused by *Thiothrix* species is efficiently controlled in full-scale wastewater treatment plants by implementing a sludge densification strategy[J]. *Scientific Reports*, 2017, **7**(1): 1430.
- [12] Wagner D S, Ramin E, Szabo P, et al. *Microthrix parvicella* abundance associates with activated sludge settling velocity and rheology — quantifying and modelling filamentous bulking[J]. *Water Research*, 2015, **78**: 121-132.
- [13] 邱勇,刘垚. 微丝菌型污泥膨胀的工艺负荷调控方法[J]. *环境工程学报*, 2017, **11**(4): 2268-2272.
- [14] Qiu Y, Liu Y. Optimizing process loading rates to control activated sludge bulking by *Microthrix parvicella*[J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2017, **11**(4): 2268-2272.
- [15] 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.
- [16] 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.
- [17] Zheng S K, Sun J Y, Han H. Effect of dissolved oxygen changes on activated sludge fungal bulking during lab-scale treatment of acidic industrial wastewater[J]. *Environmental Science & Technology*, 2011, **45**(20): 8928-8934.
- [18] 蔡言安,李冬,毕学军,等. 基于不同测序技术的生物群落结构及功能菌分析[J]. *中国环境科学*, 2016, **36**(6): 1830-1834.
- [19] Cai Y A, Li D, Bi X J, et al. Analysis of microbial community structure and functional bacteria in a biofilter with different sequencing technologies[J]. *China Environmental Science*, 2016, **36**(6): 1830-1834.
- [20] Bai Y H, Huo Y, Liao K L, et al. Influence of microbial community diversity and function on pollutant removal in ecological wastewater treatment[J]. *Applied Microbiology and*

- Biotechnology, 2017, **101**(19): 7293-7302.
- [17] 耿淑英, 付伟章, 王静, 等. SBR 系统外加磁场对微生物群落多样性和处理效果的影响[J]. 环境科学, 2017, **38**(11): 4715-4724.
- Geng S Y, Fu W Z, Wang J, *et al.* Treatment efficiency and microbial community diversity in a magnetic field enhanced sequencing batch reactor (SBR) [J]. Environmental Science, 2017, **38**(11): 4715-4724.
- [18] Xiong J B, Liu Y Q, Lin X G, *et al.* Geographic distance and pH drive bacterial distribution in alkaline lake sediments across tibetan plateau[J]. Environmental Microbiology, 2012, **14**(9): 2457-2466.
- [19] Borneman J, Hartin R J. PCR primers that amplify fungal rRNA genes from environmental samples [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2000, **66**(10): 4356-4360.
- [20] Zhang X Y, Zheng S K, Xiao X Z, *et al.* Simultaneous nitrification/denitrification and stable sludge/water separation achieved in a conventional activated sludge process with severe filamentous bulking[J]. Bioresource Technology, 2017, **226**: 267-271.
- [21] Phalakornkule C, Nuchdang S, Khemkhao M, *et al.* Effect of freeze-thaw process on physical properties, microbial activities and population structures of anaerobic sludge [J]. Journal of Bioscience and Bioengineering, 2017, **123**(4): 474-481.
- [22] 徐伟超, 蒙小俊, 尹莉, 等. 焦化废水活性污泥中降解硫氰化物细菌种群多样性分析[J]. 环境科学, 2016, **37**(7): 2689-2695.
- Xu W C, Meng X J, Yin L, *et al.* Biodiversity of thiocyanate-degrading bacteria in activated sludge from coking wastewater [J]. Environmental Science, 2016, **37**(7): 2689-2695.
- [23] Shu D T, He Y L, Yue H, *et al.* Microbial structures and community functions of anaerobic sludge in six full-scale wastewater treatment plants as revealed by 454 high-throughput pyrosequencing[J]. Bioresource Technology, 2015, **186**: 163-172.
- [24] 马思佳, 顾卓江, 丁丽丽, 等. 碳源对活性污泥微生物细胞膜特性和群落结构影响[J]. 微生物学通报, 2017, **44**(3): 561-573.
- Ma S J, Gu Z J, Ding L L, *et al.* Effects of carbon sources on cell membrane properties and microbial community of activated sludge[J]. Microbiology China, 2017, **44**(3): 561-573.
- [25] Seviour T W, Lambert L K, Pijuan M, *et al.* Selectively inducing the synthesis of a key structural exopolysaccharide in aerobic granules by enriching for *Candidatus "Competibacter phosphatis"* [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2011, **92**(6): 1297-1305.
- [26] Maza-Márquez P, Vilchez-Vargas R, Kerckhof F M, *et al.* Community structure, population dynamics and diversity of fungi in a full-scale membrane bioreactor (MBR) for urban wastewater treatment[J]. Water Research, 2016, **105**: 507-519.



CONTENTS

Spatial-Temporal Change Evolution of PM _{2.5} in Typical Regions of China in Recent 20 Years	LUO Yi, DENG Qiong-fei, YANG Kun, <i>et al.</i> (3003)
Evaluation the Extent of Health Damage Caused by PM _{2.5} Particulate in Xi'an City	WEI Guo-ru, SHI Xing-min (3014)
Analysis of Chemical Composition, Source and Evolution of Submicron Particles in Xianghe, Hebei Province	JIANG Qi, WANG Fei, SUN Ye-le (3022)
Characteristics and Source Analysis of Carbonaceous Components of PM _{2.5} During Autumn in the Northern Suburb of Nanjing	XU Zu-fei, CAO Fang, GAO Song, <i>et al.</i> (3033)
Comparison of Chemical Components Characteristics of PM _{2.5} Between Haze and Clean Periods During Summertime in Lin'an	LIANG Lin-lin, SUN Jun-ying, ZHANG Yang-mei, <i>et al.</i> (3042)
Characteristics and Sources of Carbon Components in PM _{2.5} During Autumn and Winter in Panjin City	ZHANG Lei, JI Ya-qin, ZHANG Jun, <i>et al.</i> (3051)
Aerosol Optical Properties and Light Absorption Enhancement of EC During Wintertime in Nanjing	HUANG Cong-cong, MA Yan, ZHENG Jun (3057)
Concentration, Solubility, and Dry Deposition Flux of Trace Elements in Fine and Coarse Particles in Qingdao During Summer	LI Peng-zhi, LI Qian, SHI Jin-hui, <i>et al.</i> (3067)
Characteristics and Sources of Dissolved Heavy Metals in Summer Precipitation of Taiyuan City, China	YE Ai-ling, CHENG Ming-chao, ZHANG Lu, <i>et al.</i> (3075)
Characteristics of and Factors Affecting Atmospheric CO ₂ Concentration in Hangzhou	PU Jing-jiao, XU Hong-hui, JIANG Yu-jun, <i>et al.</i> (3082)
Treatment Status and Emission Characteristics of Volatile Organic Compounds from Typical Industrial Sources	JING Sheng-ao, WANG Hong-li, ZHU Hai-lin, <i>et al.</i> (3090)
Characteristics of Industrial VOCs Emission Sources and Control Technology Application in a Prefecture-level City Region-Based on Qinhuangdao City HU Xu-rui, HU Xiao-yu, WANG Can (3096)
Pollution Condition and Health Risk Assessment of VOCs in Fermentation Exhaust from Penicillin Production	GUO Bin, YAO Rui-jing, ZHANG Shuo, <i>et al.</i> (3102)
Measurements of OC and EC Emission Factors for Light-duty Gasoline Vehicles	HUANG Cheng, HU Qing-yao, LU Jun (3110)
Pollution Levels and Risk Assessment of Heavy Metals from Atmospheric Deposition in Nanjing	TIAN Chun-hui, YANG Ruo-zhu, Gulizhaer Yilihamu, <i>et al.</i> (3118)
Contamination Levels and Source Analysis of Heavy Metals in the Finer Particles of Urban Road Dust from Xi'an, China	SHI Dong-qí, LU Xin-wei (3126)
pCO ₂ in the Main Rivers of the Three Gorges Reservoir and Its Influencing Factors	LUO Jia-chen, MAO Rong, LI Si-yue (3134)
Major Ionic Features and Their Possible Controls in the Surface Water and Groundwater of the Jinghe River	KOU Yong-chao, KUA Kun, LI Zhou, <i>et al.</i> (3142)
Urban Runoff Phosphorus Removal Pathways in Bioretention Systems	LI Li-qing, LIU Yu-qing, YANG Jia-min, <i>et al.</i> (3150)
Succession Characteristics of Phytoplankton Functional Groups and Their Relationships with Environmental Factors in Dianshan Lake, Shanghai YANG Li, ZHANG Wei, SHANG Guang-xia, <i>et al.</i> (3158)
Spatio-temporal Variations of Diatom Community and Their Relationship with Water Environment in Fuxian Lake	LI Rui, CHEN Guang-jie, KANG Wen-gang, <i>et al.</i> (3168)
Effects of Algal Blooms and Their Degradation on the Sediment-water Micro-interface	WANG Yong-ping, XIE Rui, CHAO Jian-ying, <i>et al.</i> (3179)
Effect of Biochar on Root Morphological Characteristics of Wetland Plants and Purification Capacity of Constructed Wetland	XU De-fu, PAN Qian-cheng, LI Ying-xue, <i>et al.</i> (3187)
Preparation of Mn-Co/Ceramic Honeycomb Catalyst and Its Performance on Catalytic Ozonation of Hydroquinone	ZHANG Lan-he, GAO Wei-wei, CHEN Zi-cheng, <i>et al.</i> (3194)
Degradation Mechanism of Tetracycline Using Fe/Cu Oxides as Heterogeneous Activators of Peroxymonosulfate	LI Jing, BAO Jian-guo, DU Jiang-kun, <i>et al.</i> (3203)
Behavior and Mechanisms of Cd(II) Adsorption from Water by Niobate-Modified Titanate Nanosheets	KANG Li, LIU Wen, LIU Xiao-na, <i>et al.</i> (3212)
Trace Amounts of Phosphorus Removal Based on the in-suit Oxidation Products of Iron or Manganese in a Biofilter	CAI Yan-an, BI Xue-jun, ZHANG Jia-ning, <i>et al.</i> (3222)
Effect of Preparation Methods on Phosphate Adsorption by Iron-Titanium Binary Oxide: Coprecipitation and Physical Mixing	ZHONG Yan, WANG Jiang-yan, CHEN Jing, <i>et al.</i> (3230)
Effects of Conductivity on Performance of a Combined System of Anaerobic Acidification, Forward Osmosis, and a Microbial Fuel Cell	LU Yu-qin, LIU Jin-meng, WANG Xin-hua, <i>et al.</i> (3240)
COD Requirement for Biological Phosphorus Removal Granule System Under Different Phosphorus Concentrations	LI Dong, CAO Mei-zhong, GUO Yue-zhou, <i>et al.</i> (3247)
Effect of Substrate Concentration on SAD Collaborative Nitrogen and Carbon Removal Efficiency in an ABR Reactor	ZHANG Min, JIANG Ying, WANG Yao-qi, <i>et al.</i> (3254)
Evaluation of Advanced Nitrogen Removal from Coking Wastewater Using Sulfide Iron-containing Sludge as a Denitrification Electron Donor FU Bing-bing, PAN Jian-xin, MA Jing-de, <i>et al.</i> (3262)
Stability of Nitrification Combined with Limited Filamentous Bulking Under Intermittent Aeration	GAO Chun-di, SUN Da-yang, AN Ran, <i>et al.</i> (3271)
Filamentous Sludge Microbial Community of a SBR Reactor Based on High-throughput Sequencing	HONG Ying, YAO Jun-qin, MA Bin, <i>et al.</i> (3279)
Impact of Nano Zero-Valent Iron (NZVI) on Methanogenic Activity, Physiological Traits, and Microbial Community Structure in Anaerobic Digestion SU Run-hua, DING Li-li, REN Hong-qiang (3286)
Effects of Gas/Water Ratio on the Characteristics of Nitrogen Removal and the Microbial Community in Post Solid-Phase Denitrification Biofilter Process ZHANG Qian, JI Fang-ying, FU Xu-fang, <i>et al.</i> (3297)
Comparison of Extraction Methods of Extracellular Polymeric Substances from Activated Sludge	SUN Xiu-yue, TANG Zhu, YANG Xin-ping (3306)
Identification and Characterization of a Hypothermic Alkaliphilic Aerobic Denitrifying Bacterium <i>Pseudomonas monteilii</i> Strain H97	CAI Xi, HE Teng-xia, YE Qing, <i>et al.</i> (3314)
Isolation, Identification, and Biodegradation Behaviors of a Perfluorooctane Sulfonic Acid Precursor (PreFOSs) Degrading Bacterium from Contaminated Soil ZHAO Shu-yan, ZHOU Tao, WANG Bo-hui, <i>et al.</i> (3321)
Microbial Community Distributions in Soils of an Oil Exploitation Site	CAI Ping-ping, NING Zhuo, HE Ze, <i>et al.</i> (3329)
Characteristics of Soil Physicochemical Properties and Enzyme Activities over Different Reclaimed Years in a Copper Tailings Dam	WANG Rui-hong, JIA Tong, CAO Miao-wen, <i>et al.</i> (3339)
Risk Analysis of Heavy Metal Contamination in Farmland Soil Around a Bauxite Residue Disposal Area in Guangxi	GUO Ying, LI Yu-bing, XUE Sheng-guo, <i>et al.</i> (3349)
Occurrence and Distribution of Phthalate Esters in Urban Soils of Chongqing City	YANG Zhi-hao, HE Ming-jing, YANG Ting, <i>et al.</i> (3358)
Profile Distribution of Paddy Soil Organic Carbon and Its Influencing Factors in Chengdu Plain	LI Shan, LI Qi-quan, WANG Chang-quan, <i>et al.</i> (3365)
Correlation Between Soil Organic and Inorganic Carbon and Environmental Factors in Cotton Fields in Different Continuous Cropping Years in the Oasis of the Northern Tarim Basin ZHAO Jing-jing, GONG Lu, AN Shen-qun, <i>et al.</i> (3373)
Soil Organic Carbon Components and Their Correlation with Soil Physicochemical Factors in Four Different Land Use Types of the Northern Tarim Basin AN Shen-qun, GONG Lu, LI Yang-mei, <i>et al.</i> (3382)
Short-term Mechanism of Warming-induced Stability for Organic Carbon in the Karst Plateau Soil	TANG Guo-yong, ZHANG Chun-hua, LIU Fang-yan, <i>et al.</i> (3391)
Effects of Boron Treatment on Arsenic Uptake and Efflux in Rice Seedlings	ZHU Yi, SUN Guo-xin, CHEN Zheng, <i>et al.</i> (3400)
Comparative Analysis of Different Soil Amendment Treatments on Rice Heavy Metal Accumulation and Yield Effect in Pb and Cd Contaminated Farmland HU Xue-fang, TIAN Zhi-qing, LIANG liang, <i>et al.</i> (3409)
Seasonal Variation in Surface Ozone and Its Effect on the Winter Wheat and Rice in Nanjing, China	ZHAO Hui, ZHENG You-fei, WEI Li, <i>et al.</i> (3418)
Hair Mercury Concentrations in Residents of Fuling and Zhongxian in the Three Gorges Reservoir Region and Their Influence Factors	CHENG Nan, XIE Qing, FAN Yu-fei, <i>et al.</i> (3426)
Removal of Typical Antibiotics During Aerobic Composting of Human Feces	SHI Hong-lei, WANG Xiao-chang, LI Qian (3434)
Effect of COD/SO ₄ ²⁻ Ratio on Anaerobic Digestion of Penicillin Bacterial Residues	QIANG Hong, LI Yu-yu, PEI Meng-fu (3443)
Characteristics of Odor Emissions from Fresh Compost During Storage and Application	HE Pin-jing, JIANG Ning-ling, XU Xian, <i>et al.</i> (3452)
Effects of the Veterinary Antibiotic Sulfamethazine on Ammonia Volatilization from a Paddy Field Treated with Conventional Synthetic Fertilizer and Manure PANG Bing-kun, ZHANG Jing-sha, WU Jie, <i>et al.</i> (3460)