

不同溶解氧条件下 A/O 系统的除碳脱氮效果和细菌群落结构变化

陈燕, 刘国华*, 范强, 汪俊妍, 齐鲁, 王洪臣*

(中国人民大学环境学院, 北京 100872)

摘要: 应用一个在不同的溶解氧(3、2、1和0.5 mg·L⁻¹)浓度下长期运行的缺氧/好氧(A/O)小试系统考察了溶解氧浓度的变化对系统的除碳和脱氮效果以及细菌群落结构的影响。结果表明,A/O系统的除碳和脱氮效果不随溶解氧(DO)的降低而降低,在低溶解氧(0.5 mg·L⁻¹)条件下,系统仍具有很好的除碳和脱氮效果,即化学需氧量(COD)、氨氮(NH₄⁺-N)和总氮(TN)的去除率分别为89.7%、98.3%和88.0%。通过PCR-DGGE方法,对系统中的细菌群落结构随DO浓度的变化规律进行了分析,结果表明,微生物群落结构随DO浓度的变化有所不同,高DO和低DO环境中的细菌群落结构差异较大,但是与高DO条件下系统内的细菌群落相比,在低DO条件下系统内细菌群落仍具有较高的生物多样性。在低DO条件下,系统内的优势细菌主要被鉴定为Proteobacteria。

关键词: 污水处理; 活性污泥; 低溶解氧; 微生物生态; 16S rDNA

中图分类号: X703 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2015)07-2610-07 DOI: 10.13227/j.hjxx.2015.07.038

Carbon/nitrogen Removal and Bacterial Community Structure Change in an A/O Activated Sludge System Under Different Dissolved Oxygen Conditions

CHEN Yan, LIU Guo-hua*, FAN Qiang, WANG Jun-yan, QI Lu, WANG Hong-chen*

(School of Environment & Natural Resource, Renmin University of China, Beijing 100872, China)

Abstract: Carbon and nitrogen removal performance and microbial community structure under different dissolved oxygen (DO) conditions (3, 2, 1 and 0.5 mg·L⁻¹) in an anoxic/oxic (A/O) system were investigated. The results showed that the A/O activated sludge system still had an excellent performance in removing carbon and nutrient under low DO condition (0.5 mg·L⁻¹). The removal rates of chemical oxygen demand (COD), ammonia (NH₄⁺-N) and total nitrogen (TN) were 89.7%, 98.3% and 88.0%, respectively. The PCR-DGGE analysis showed that the bacterial community structure changed greatly under different DO conditions. However, there was still a high bacterial diversity even at low DO level, which ensured the functional stability of the A/O system. On the basis of the results of the phylogenetic tree, bacterial communities were observed to be very abundant, and Proteobacteria was identified as the dominant bacteria.

Key words: wastewater treatment; activated sludge; low DO; microbial ecology; 16S rDNA

生物曝气单元是传统活性污泥法污水生物处理过程中最大的耗能环节,约占污水处理厂总能耗的50%~70%^[1]。为了实现持续稳定的硝化效果,污水处理厂通常将溶解氧(DO)浓度控制在2 mg·L⁻¹以上^[2]。但是近来的研究表明,在较低的溶解氧浓度下也能实现完全的硝化作用^[3-5],而且在低DO条件下运行不仅可以提高污泥系统的生物量^[6],而且可以大大提高氧气利用率^[7]。如果污水厂能在低DO浓度条件下稳定达标运行,那么将大大提高氧转移效率,可使整个污水厂降低10%左右的能耗^[4]。本研究通过一个长期运行的缺氧/好氧(A/O)小试试验系统,考察了在不同溶解氧浓度下,系统的除碳脱氮效果和系统内细菌群落结构的变化规律,探讨了A/O的运行特性与微生物群落结构间的相互关系,以期在实际污水厂能在低溶解氧浓度下实现稳定高

效的硝化效果,节约能耗提供可靠的理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

接种污泥取自北京北小河污水处理厂。进水为人工配水,其水质化学需氧量(COD)为300~400 mg·L⁻¹,氨氮(NH₄⁺-N)为45~55 mg·L⁻¹,pH控制在7.5~8.5。

1.2 反应器装置和运行条件

本研究采用缺氧/好氧(A/O)工艺,缺氧和好氧池总体积为37.5 L,缺氧池/好氧池的体积比为

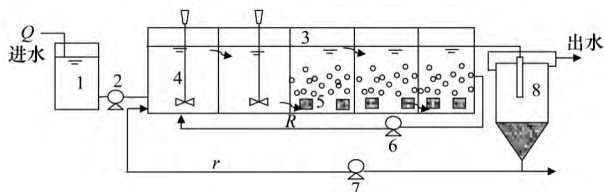
收稿日期: 2014-12-11; 修订日期: 2015-01-23

基金项目: 国家水体污染控制与治理重大科技专项(2013ZX07314-001)

作者简介: 陈燕(1990~),女,硕士研究生,主要研究方向为水污染控制工程、微生物生态学, E-mail: chenyanbest@126.com

* 通讯联系人, E-mail: lgh@ruc.edu.cn; whc@ruc.edu.cn

1:4, 水力停留时间为 9 h, 沉淀池体积为 24 L, 停留时间为 3 h. 进水流量为 $96 \text{ L} \cdot \text{d}^{-1}$, 混合液回流比 $R = 200\%$, 污泥回流比 $r = 150\%$. 装置如图 1 所示.



1. 进水桶; 2. 进水泵; 3. A/O 反应池; 4. 搅拌器; 5. 曝气头;
6. 内回流泵; 7. 污泥回流泵; 8. 二沉池

图 1 反应器装置示意

Fig. 1 Diagram of the experimental system

在试验过程中, 温度维持在 $20 \sim 25^\circ\text{C}$, SRT 为 20 d, 反应器初始污泥浓度在 $3000 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 左右, 待污泥浓度稳定在 $5000 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 左右时进行排泥. 以 DO 为 $3 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 启动反应器. 反应器分别在 DO 为 3、2、1 和 $0.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 下运行.

1.3 水质测定

系统运行期间每隔 2 ~ 3 d 取水样测定进出水水质, 采用国标法进行测定^[8]. 检测项目包括 COD、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 、 $\text{NO}_2^- - \text{N}$ 、 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 和 TN. 在每个工况的运行后期采集活性污泥样品, 置于 -80°C 保存.

1.4 活性污泥细菌群落结构分析

1.4.1 DNA 的提取

采用改进的 Zhou 法提取活性污泥的 DNA^[9], 即玻璃珠振荡-SDS-氯仿异戊醇法.

1.4.2 总细菌的聚合酶链式反应(PCR)扩增

采用通用引物 27F (AGAGTTTGAT CMTGGCTCAG) 和 518R (ATTACCGCGGCTGCTGG) 先进行第一轮 PCR 扩增, 再用带 40 bp 的 GC 夹的 357F (CCTACGGGAGGCAGCAG) 和 518R 进行巢式 PCR. 最终总细菌的 PCR 扩增产物为 220 bp 长的 16S rDNA 片段. PCR 反应的产物用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测.

1.4.3 PCR-变性梯度凝胶电泳(DGGE)

将 $4 \mu\text{L}$ PCR 样品和 $1.5 \mu\text{L}$ 6 倍加样缓冲液混合, 在 D-code 系统(Bio-Rad, 美国)上进行, 用 8% 的聚丙烯酰胺凝胶, 变性剂浓度为 45% ~ 75%, 在 110 V 的电压下 60°C 电泳 6 h, 用 SYBR GREEN I 染料对凝胶进行染色, 利用凝胶成像系统(Bio-Rad, Gel-DocTM XR +, 美国)进行拍照, 获得 DGGE 指纹图谱.

1.4.4 基因测序

用洁净的手术刀切取 DGGE 图谱中的目的条

带, 利用聚丙烯酰胺 DNA 回收试剂盒(Solarbio, 北京)进行回收, 回收纯化后的 DNA 用 357F 和 518R 进行 PCR 扩增, 产物送上海英骏生物公司进行测序. 序列通过 NCBI 进行在线 BLAST 分析, 选取相关序列, 采用 MEGA 6.0 软件的邻近相接法(Neighbor-Joining)构建系统发育树^[10].

通过比较相似性系数(C_s)来分析样品图谱的相似性^[11]. 试验所得图像用 BIO-RAD 的 Quantity One 软件分析. 微生物多样性指数采用 Shannon-Wiener 指数(H')表示^[12], 计算公式如下:

$$H' = - \sum P_i \lg P_i \quad (1)$$

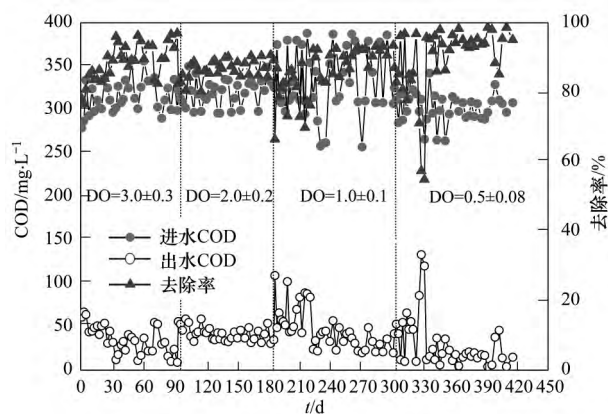
式中 $P_i = n_i/N$, n_i 为第 i 个条带的强度; N 为所有条带强度总和.

2 结果与讨论

2.1 不同 DO 环境下 A/O 系统的运行效果

2.1.1 不同 DO 环境下 A/O 系统的 COD 去除效果

A/O 小试系统分别在 DO 为 3、2、1 和 $0.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 下运行, 进水 COD 为 $300 \sim 400 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 出水 COD 均在 $50 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 以下, COD 的平均去除率分别为 88.7%、86.7%、85.8% 和 89.7% (图 2).



DO 单位为 $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$

图 2 不同 DO 条件下反应器对 COD 的去除效果

Fig. 2 COD removal in the reactor under different DO concentrations

以溶解氧为 $3 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 启动反应器, 小试 A/O 系统在系统刚启动时出水 COD 较高, 活性污泥驯化至 20 d 左右时即达到稳定状态. 将系统曝气池中的溶解氧调至 $1 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 时, 由于突然从高溶解氧($2 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$)调节至低溶解氧状态, 运行初始阶段出水水质存在波动, 但长时间培养和驯化后出水 COD 处于稳定状态. 继续降低曝气池中的 DO 浓度, COD 去除效果未发生明显变化, 说明 A/O 小试系统中

DO 的降低对 COD 的去除影响并不显著,即在低 DO ($0.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$) 的条件下仍然能很好地去除系统中的 COD.

这样的结果证明了系统中的 DO 浓度并不是 COD 去除的限制性因素,即使在低 DO 浓度下, A/O 系统仍然能保证较高的 COD 去除率. 为了进一步验证这个结论,在其他的试验中,将 DO 降为约 $0 \sim 0.2 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 时,系统 COD 的去除率也没有受到太大影响. 类似的结论也被其它研究者报道过^[4,13]. 因此,对于一个 A/O 工艺的实际污水处理厂,如果只是要求去除 COD,那么可以将系统的 DO 浓度大幅度地降低,这样可以节约大量的运行成本.

2.1.2 不同 DO 环境下 A/O 系统的 NH_4^+-N 和 TN 去除效果

由图 3 可知,在 DO 为 3、2、1 和 $0.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 条件下的稳定运行期, NH_4^+-N 的去除率均大于 98%, 当把系统曝气池中的溶解氧调至 $1 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 时,由于突然从高溶解氧 ($2 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$) 调节至低溶解氧状态,运行初始阶段出水水质存在波动,但长时间培养和驯化后出水氨氮和总氮均达到了稳定状态, TN 的去除率分别为 87.2%、86.2%、85.5% 和 88.0%. 此结果说明即使在低溶解氧 ($0.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$) 条件下, A/O 小试系统具有很好的脱氮效果.

一般地,硝化反应过程是在好氧条件下进行,氧气作为电子受体,氮元素作为电子供体,将氨氮氧化为硝酸盐. 硝化细菌将 1 g 氨氮氧化为硝酸盐氮需要消耗氧气 4.57 kg (其中亚硝化反应耗氧 3.43

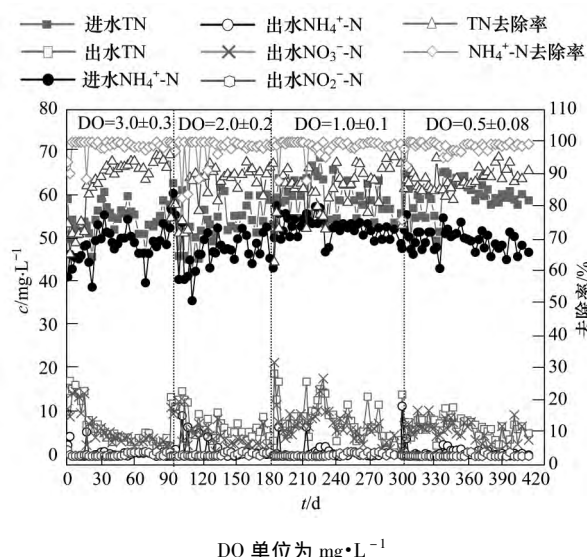


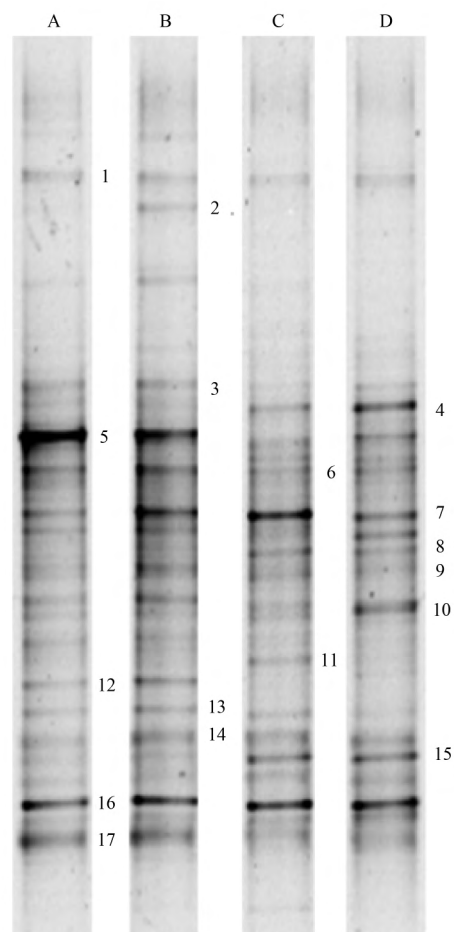
图 3 不同 DO 条件下反应器对氮素的去除效果

Fig. 3 Nitrogen removal in the reactor under different DO concentrations

kg, 硝化反应耗氧 1.14 kg). 因此,为了能充分实现硝化反应,污水处理厂往往将 DO 设计到 $2 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 以上^[2]. 根据本试验结果,在 DO 为 $0.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 的低 DO 情况下,系统也能很好地实现硝化作用,这样可以大幅度节约硝化反应所需要的能源. 如果 DO 从 $0.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 继续降低,将会对系统的硝化效果产生影响,这个时候必须增大污泥停留时间 (SRT) 来补偿氧气的不足. Liu 等^[4] 的研究结果也证明了这一点,他们考察了 SRT 为 10 d 和 40 d 两种情况下,当 DO 降低到 $0.2 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 以下时,在 SRT 为 10 d 的系统中硝化效果很难达到稳定,而在 SRT 为 40 d 的系统中硝化效果较为稳定.

2.2 反应器内微生物群落结构随溶解氧的变化规律

总细菌的 DGGE 图谱如图 4 所示. 从中可以看出,微生物群落结构随 DO 浓度的降低而发生了变化. 部分条带随 DO 降低逐渐消失或减弱,比较明显的有条带 5、12、13,说明这部分条带所代表的细



A. $3.0 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$; B. $2.0 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$; C. $1.0 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$; D. $0.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$

图 4 不同 DO 条件下总细菌的 DGGE 图谱

Fig. 4 DGGE profile of total bacteria under different DO concentrations

菌对低溶解氧环境的适应性降低,在低 DO 系统中转变为非优势种群;一部分条带随 DO 降低逐渐增强,如条带 4、7、10 和 15,说明此类条带所代表的细菌适合在低 DO 环境下生存,在低 DO 系统中变为优势菌群,其可能在低 DO 条件下对污水中污染物的去除起着关键的作用;也有部分条带随 DO 降低并无明显变化,如条带 1、3、6、14 和 16,这说明此类条带所代表的细菌在高 DO 和低 DO 环境下均能生存,对 DO 的适应性比较强。

图 5 显示了 DGGE 图谱的条带分布和强度。通过软件计算发现,尽管系统的 DO 降低了,但是细菌的种类和丰度并没有降低,证明了系统内的生物量不会因为 DO 的降低而减少。这对于保持系统内的生物功能具有很大的作用。

每个工况的 DGGE 图谱各样品间的相似性如表 1 所示。高溶解氧($3\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 和 $2\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$)环境中的总细菌群落结构相似性较高,低溶解氧(1

$\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 和 $0.5\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$)环境也有着较高相似性的种群结构。从高 DO 变化到低 DO,系统内细菌群落结构的动态变化率约为 $30\%\sim 50\%$,这种水平的群落变化属于中高程度的变化^[14]。然而,这种细菌群正常的动态变化其对系统的功能稳定性并没有造成太大的影响,这个结果与其它的研究者的结论是一致的^[15,16]。然而,这部并不意味着系统的功能稳定性与系统内微生物群落结构的变化没有关系,如果系统内的微生物群落结构发生了突变或者剧烈的变化,将会破坏系统的功能稳定性^[17]。

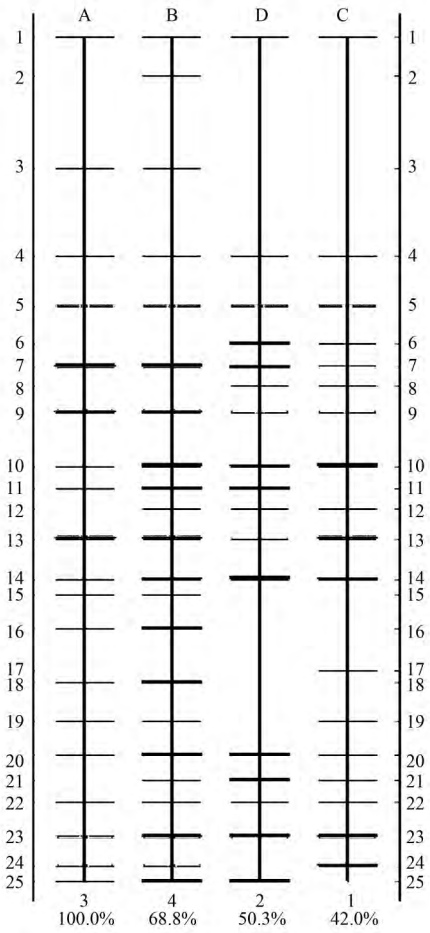
在本研究中,通过长期的低 DO 环境运行,淘汰了一批不能适应低 DO 环境的细菌群落,培养和驯化了一批能适应低 DO 环境的细菌群落,这种随着环境的变化而导致系统内物种的正常更替不会影响系统的功能稳定性,从而保证了良好的出水水质。

表 1 不同溶解氧工况下总细菌的种群相似系数(C_s)

Table 1 Similarity coefficient of total bacteria under different DO concentrations				
溶解氧/ $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	3	2	1	0.5
3	100	68.8	42	50.3
2		100	61.6	66.2
1			100	65.4
0.5				100

将图 4 中的条带进行测序后,在 GenBank 中进行比对,获得各条带的同源性信息,并构建其系统发育树(图 6)。其结果表明,A/O 小试系统中微生物群落的大部分优势种群得到了很好地鉴定。在已知种属的细菌中,条带 1、6、7、8、9、10、11 和 12 均被鉴定为 α -Proteobacteria;条带 14 被鉴定为 β -Proteobacteria;条带 3、5、17 被鉴定为 γ -Proteobacteria;条带 4 被鉴定为绿弯菌门(Chloroflexi);条带 16 被鉴定为硝化螺旋菌目(Nitrospirales);其余的条带(2、13 和 15)均被鉴定为 Uncultured bacterium。

从鉴定结果可以看出系统中的大部分细菌属于变形菌纲(Proteobacteria),约占系统总细菌的 58.8% ,这也与从实际污水厂和小试系统的活性污泥中检测出的结果相一致^[18~21]。其中, α -Proteobacteria 数量最多(41.1%),其次是 γ -Proteobacteria(17.6%)和 β -Proteobacteria(5.8%)。在这个研究中,低溶解氧($0.5\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$)系统中的优势微生物种群非常丰富,包含所有被鉴定出来的细菌种群,这为低溶解氧系统的功能稳定性提供了保障。



A. $3.0\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$; B. $2.0\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$; C. $1.0\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$; D. $0.5\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$

图 5 不同 DO 条件下 DGGE 图谱的条带数和强度

Fig. 5 Band number and intensity of DGGE profile under different DO concentrations

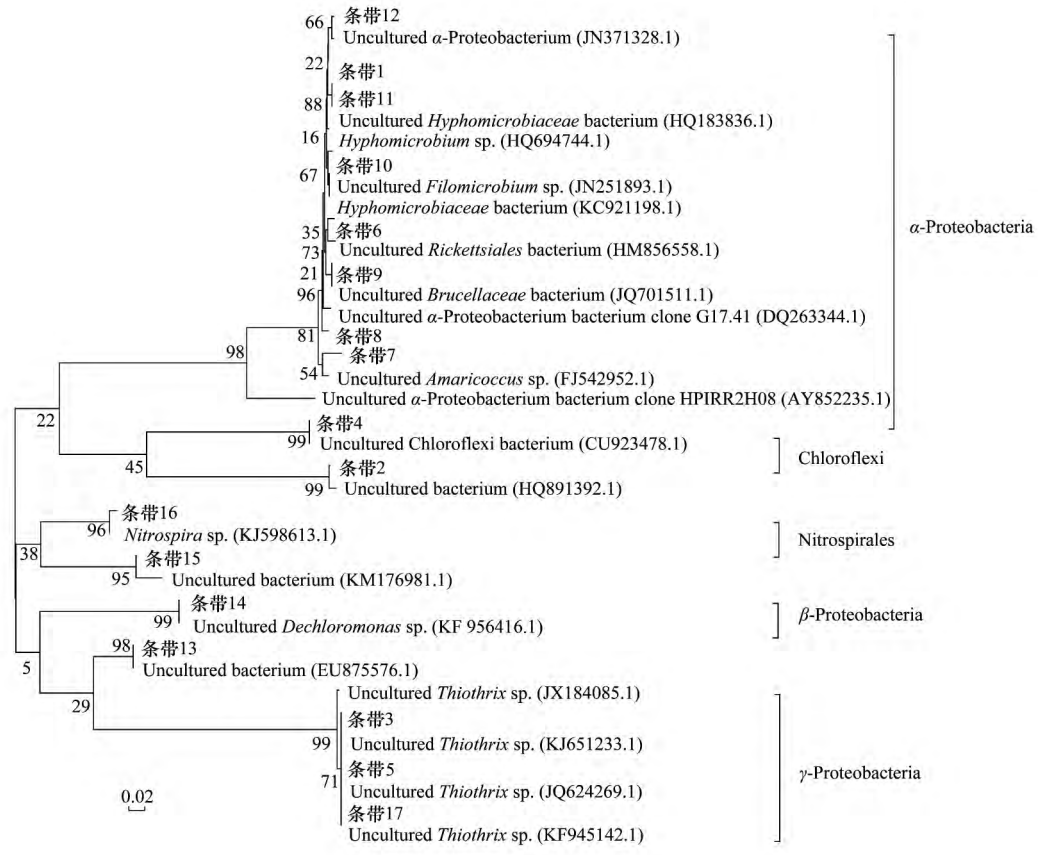


图 6 A/O 系统中总细菌系统发育树
Fig. 6 Phylogenetic tree of total bacteria in the A/O system

活性污泥中变形菌(Proteobacteria) 的主要作用是去除各种有机物和营养物^[22~25]。相关研究表明, 生丝微菌科 Hyphomicrobiaceae 的细菌具有好氧反硝化作用^[26], *Thiothrix* sp. 是活性污泥中主要的丝状菌^[27], 这类菌群也适合在低 DO 环境下生存, 这与 Martins 等^[28]报道的结果一致。

2.3 A/O 系统的微生物群落结构多样性

根据总细菌的 DGGE 图谱(图 4) , 进行 A/O 系统的微生物群落多样性指数计算, 根据各条带的强度计算出每个工况的 Shannon-Weiner 指数, 如表 2 所示。

表 2 不同溶解氧工况下总细菌的种群多样性(*H'*)
Table 2 Shannon-Weiner index of total bacteria under different DO concentrations

项目	溶解氧 /mg·L ⁻¹			
	3	2	1	0.5
条带数 / 个	19	22	18	17
<i>H'</i>	2.69	2.97	2.74	2.72

在不同的溶解氧环境下, A/O 小试系统中微生物的多样性均处于较高的水平^[29, 30]。DO 为 2 mg·L⁻¹ 时小试 A/O 系统中微生物的多样性最高,

优势物种的条带数也最多, 尽管 DO 为 3 mg·L⁻¹ 时, 活性污泥中的优势微生物物种的条带数多于 1 mg·L⁻¹ 和 0.5 mg·L⁻¹ 的工况, 但是, 根据 DGGE 图谱分析, 在 DO 为 3 mg·L⁻¹ 时, 系统中各优势物种的分布均匀性较低, 这导致了 DO 在 3 mg·L⁻¹ 时系统的微生物多样性低于 DO 为 1 mg·L⁻¹ 和 0.5 mg·L⁻¹ 的工况。随着溶解氧的降低, 小试系统中优势菌种的数量有所降低, 但是在长期的培养和驯化后, 相应的细菌逐渐适应了低溶解氧的环境, 系统最终达到了稳定的状态。在低溶解氧的稳定状态下, 系统中各种优势细菌分布的均匀性有所提高, 各种优势菌种并存, 各自占有稳定的生态位, 活性污泥系统处于稳定状态, 因此, 在 DO 为 1 mg·L⁻¹ 和 0.5 mg·L⁻¹ 时 A/O 小试系统仍具有较高的微生物多样性。

3 结论

(1) 小试 A/O 活性污泥系统在不同的 DO 工况下(3、2、1 和 0.5 mg·L⁻¹) 运行, 均取得了很好的除碳和脱氮效果。其中, COD 的平均去除率分别为

88.7%、86.7%、85.8% 和 89.7%; NH_4^+-N 的去除率均大于 98%; TN 的去除率分别为 87.2%、86.2%、85.5% 和 88.0%。由此证实了 A/O 活性污泥系统在低 DO 条件下也能实现稳定的除碳和脱氮功能。

(2) PCR-DGGE 的解析结果表明,小试 A/O 活性污泥系统中微生物群落结构和多样性随 DO 的变化而发生变化,高 DO 与低 DO 环境中的细菌群落结构的动态变化水平约为 30%~50%。即使 DO 的降低会导致系统内微生物种群的动态变化,但系统内细菌种群的数量和丰度并未减小,更不会使微生物量损失,因而不会导致系统功能紊乱。

(3) 系统发育树的鉴定结果表明,A/O 小试系统活性污泥中的优势菌群主要为 Proteobacteria、Chloroflexi 和 Nitrospirales。低 DO 环境下,系统中的微生物种类非常丰富,包含所有被鉴定出来的细菌种群,这为低 DO 系统的功能稳定性提供了保障。

参考文献:

- [1] 庄健,王洪臣,齐鲁,等. 孔径对微孔曝气氧性能的影响[J]. 环境工程学报,2014,8(5): 1723-1726.
- [2] Park H D, Noguera D R. Evaluating the effect of dissolved oxygen on ammonia-oxidizing bacterial communities in activated sludge [J]. Water Research, 2004, 38(14-15): 3275-3286.
- [3] Park H D, Noguera D R. Characterization of two ammonia-oxidizing bacteria isolated from reactors operated with low dissolved oxygen concentrations [J]. Journal of Applied Microbiology, 2007, 102(5): 1401-1417.
- [4] Liu G Q, Wang J M. Long-term low DO enriches and shifts nitrifier community in activated sludge [J]. Environmental Science & Technology, 2013, 47(10): 5109-5117.
- [5] Guo J S, Xu Y F, Chen Y P, et al. Long-term evolution of an activated sludge system under low dissolved oxygen conditions [J]. Journal of Environmental Biology, 2013, 34(2): 427-436.
- [6] Abbassi B, Dullstein S, Rübiger N. Minimization of excess sludge production by increase of oxygen concentration in activated sludge flocs; experimental and theoretical approach [J]. Water Research, 1999, 34(1): 139-146.
- [7] Gieseke A, Purkhold U, Wagner M, et al. Community structure and activity dynamics of nitrifying bacteria in a phosphate-removing biofilm [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2001, 67(3): 1351-1362.
- [8] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法[M]. 北京: 中国环境科学出版社, 1989.
- [9] Zhou J, Bruns M A, Tiedje J M. DNA recovery from soils of diverse composition [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1996, 62(2): 316-322.
- [10] Garbeva P, Van Overbeek L S, Van Vuurde J W L, et al. Analysis of endophytic bacterial communities of potato by plating and denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) of 16S rDNA based PCR fragments [J]. Microbial Ecology, 2001, 41(4): 369-383.
- [11] 李娜,林晓珊,张毅. PCR-DGGE 技术分析倒置 A²/O 工艺处理染织废水中的微生物区系[J]. 环境科学学报, 2010, 30(3): 490-496.
- [12] 魏健,宋永会,赵乐. MBR 处理腈纶废水的效能及微生物群落结构分析[J]. 环境科学, 2014, 35(12): 4610-4617.
- [13] Dong W Y, Wang H J, Li W, et al. Effect of DO on simultaneous removal of carbon and nitrogen by a membrane aeration/filtration combined bioreactor [J]. Journal of Membrane Science, 2009, 344(1-2): 219-224.
- [14] Osborn A M, Moore E R B, Timmis K N. An evaluation of terminal-restriction fragment length polymorphism (T-RFLP) analysis for the study of microbial community structure and dynamics [J]. Environmental Microbiology, 2000, 2(1): 39-50.
- [15] 王晓慧,文湘华,丁鹏,等. T-RFLP 方法分析城市污水处理厂中细菌群落的动态变化[J]. 环境科学, 2010, 31(5): 1307-1312.
- [16] Wang X H, Wen X H, Xia Y, et al. Ammonia oxidizing bacteria community dynamics in a pilot-scale wastewater treatment plant [J]. PLoS One, 2012, 7(4): e36272.
- [17] Miura Y, Hiraiwa M N, Ito T, et al. Bacterial community structures in MBRs treating municipal wastewater: relationship between community stability and reactor performance [J]. Water Research, 2007, 41(3): 627-637.
- [18] Yang C, Zhang W, Liu R H, et al. Phylogenetic diversity and metabolic potential of activated sludge microbial communities in full-scale wastewater treatment plants [J]. Environmental Science & Technology, 2011, 45(17): 7408-7415.
- [19] Ding L L, Zhou Q X, Wang L, et al. Dynamics of bacterial community structure in a full scale wastewater treatment plant with anoxic-oxic configuration using 16S rDNA PCR-DGGE fingerprints [J]. African Journal of Biotechnology, 2013, 10(4): 589-600.
- [20] Xia S Q, Duan L, Song Y H, et al. Bacterial community structure in geographically distributed biological wastewater treatment reactors [J]. Environmental Science & Technology, 2010, 44(19): 7391-7396.
- [21] Zhang T, Shao M F, Ye L. 454 Pyrosequencing reveals bacterial diversity of activated sludge from 14 sewage treatment plants [J]. The ISME Journal, 2011, 6(6): 1137-1147.
- [22] Wagner M, Amann R, Lemmer H, et al. Probing activated sludge with oligonucleotides specific for proteobacteria: inadequacy of culture-dependent methods for describing microbial community structure [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1993, 59(5): 1520-1525.
- [23] Chen H J, Lin Y Z, Fanjiang J M, et al. Microbial community and treatment ability investigation in AOA process for the optoelectronic wastewater treatment using PCR-DGGE biotechnology [J]. Biodegradation, 2013, 24(2): 227-243.

- [24] Mudaly D D , Atkinson B W , Bux F. 16S rRNA in situ probing for the determination of the family level community structure implicated in enhanced biological nutrient removal [J]. *Water Science & Technology* , 2000 , **43**(1) : 91-98.
- [25] 黄菲,梅晓洁,王志伟,等. 冬季低温下 MBR 与 CAS 工艺运行及微生物群落特征[J]. *环境科学* , 2014 , **35**(3) : 1002-1008.
- [26] Layton A C , Karanth P N , Lajoie C A , *et al.* Quantification of Hyphomicrobium populations in activated sludge from an industrial wastewater treatment system as determined by 16S rRNA analysis [J]. *Applied and Environmental Microbiology* , 2000 , **66**(3) : 1167-1174.
- [27] 高莎,金德才,赵志瑞,等. A²/O 工艺活性污泥中可培养丝状细菌的多样性[J]. *环境科学* , 2013 , **34**(7) : 2912-2917.
- [28] Martins A M P , Heijnen J J , Van Loosdrecht M C M. Effect of dissolved oxygen concentration on sludge settleability [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology* , 2003 , **62**(5-6) : 586-593.
- [29] 李亮,胡筱敏,余丹静,等. PCR-DGGE 方法解析电凝聚膜生物反应器中微生物群落结构[J]. *东北大学学报(自然科学版)* , 2014 , **35**(5) : 751-755.
- [30] 高大文,李昕蕊,安瑞,等. 不同 DO 下 MBR 内微生物群落结构与运行效果关系[J]. *中国环境科学* , 2010 , **30**(2) : 209-215.

《环境科学》编辑部关于启用编辑信息管理系统公告

《环境科学》编辑部已经开通本刊网站并启用编辑信息管理系统(网站地址: <http://www.hjks.ac.cn>) . 该系统能实现在线投稿、在线审稿、期刊浏览检索等功能,欢迎广大作者、读者和审稿专家使用. 目前我刊所有来稿都通过网站编辑信息管理系统进行. 作者使用编辑信息管理系统投稿时请先进行注册,注册完毕后以作者身份登录,按照页面上给出的提示投稿即可. 如果您在使用过程中有问题,请及时与我刊编辑部联系.

邮政地址: 北京市海淀区双清路 18 号《环境科学》编辑部

邮 编: 100085

电 话: 010-62941102 010-62849343

传 真: 010-62849343

E-mail: hjks@rcees.ac.cn

网 址: www.hjks.ac.cn