

NUA-DAS 生态滤池中氨氧化菌群特征及脱氮效果

汪龙眠¹, 仇皓雨^{1,2}, 车昱晓^{1,3}, 张松贺², 张毅敏^{1,*}

1. 环境保护部南京环境科学研究所, 南京 210042

2. 河海大学环境学院, 南京 210098

3. 临沂市环境保护科学研究所有限公司, 临沂 276000

摘要 研究酸中和残渣 (NUA) 和脱水铝污泥 (DAS) 生态滤池中脱氮效果及氨氧化菌群 (AOB) 特征。为了解内在驱动因子, 对脱氮效果进一步探究, 从多样性和相似度角度研究 AOB 菌群时空分布规律以及对滤料环境的适应效果。系统在运行稳定后, 装置总出水中 $\text{NH}_3\text{-N}$ 、TN 的平均去除率达到 75% 和 70%。结果表明, 装置在不同运行时间、不同位置均存在 AOB, 随着系统的运行稳定, 多样性较初始滤料中都有所增加。2 种滤料都能够为 AOB 提供很好的生长环境, 并且在 pH 显中性的 DAS 滤料中更加适合于 AOB 的生存繁殖。

关键词 酸中和残渣; 脱水铝污泥; 脱氮; 氨氧化菌

中图分类号 X703 文献标识码 A 文章编号 1673-9108(2017)01-0041-07 DOI 10.12030/j.cjee.201508189

Characteristics of ammonia-oxidizing bacteria and effect of nitrogen removal for wastewater treatment using NUA-DAS ecofilter

WANG Longmian¹, QIU Haoyu^{1,2}, CHE Yuxiao^{1,3}, ZHANG Songhe², ZHANG Yimin^{1,*}

1. Nanjing Institute of Environmental Sciences, Ministry of Environmental Protection, Nanjing 210042, China

2. College of Environment, Hohai University, Nanjing 210098, China

3. Linyi City Environmental Protection Science Research Institute Co. Ltd., Linyi 276000, China

Abstract The nitrogen removal mechanism and characteristics of ammonia-oxidizing bacteria (AOB) in filter media were investigated using an NUA-DAS (neutralized used acid-dewatered alum sludge) ecofilter for synthetic livestock wastewater treatment. Temporal-spatial distribution of AOB in the DAS and NUA was determined, to increase understanding of the nitrogen removal mechanism. When the system was stable, the average removal rates of $\text{NH}_3\text{-N}$ and TN in livestock sewage treatment were 75% and 80%, respectively. Results of the biological analysis showed that AOB were present in all filter materials, and the diversity of the AOB was higher in the NUA and DAS when compared to the initial media. Both filter materials provided a good environment for the AOB, although the DAS was more suitable for the growth of the microorganisms than the NUA was because of its neutral pH.

Key words NUA; DAS; nitrogen removal; ammonia-oxidizing bacteria

氮素是污水污染物中受关注度最高、转化最复杂的成分之一。从除氮方式上来说, 利用微生物进行生物脱氮是重要途径之一, 即通过硝化反硝化等脱氮菌的联合作用使污水中的含氮污染物转化为氮气的过程, 此过程是防止氮素污染的最好手段之一^[1-2]。但是, 采用传统活性污泥法工艺处理高含氮废水往往存在工艺流程多、能耗高的问题, 而类似于人工湿地型的生态滤池在氮素的去除效果上一般只有 40% ~ 50%^[3]。因此, 寻找廉价而又高效的填料运用于生态滤池来提高去除效果成为新的研究趋势。

酸中和残渣 (NUA) 和脱水铝污泥 (DAS) 分别来自于生产金红石过程中产生的残渣和自来水厂净水

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (51308247)

收稿日期: 2015-08-28; 录用日期: 2016-01-06

第一作者: 汪龙眠 (1981—), 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 水污染控制与固体资源化利用。E-mail: wlm@nies.org

* 通信作者, E-mail: zym@nies.org

过程中的副产物。DAS 和 NUA 成分相似,含有丰富的铝、铁和钙等物质,目前大部分也被视为废弃物填充弃^[4]。上述 2 种副产物都有较大的比表面积,对污染物有一定的吸附能力^[5-14],同时化学组成稳定无二次污染。本研究将两者作为滤料应用于 NUA-DAS 生态滤池系统中研究对废水的脱氮效果,以达到以废治废、高效除氮的目的。同时深入探究主要脱氮菌-氨氧化菌(AOB)在 NUA-DAS 生态滤池系统中的分布规律以及对滤料环境的适应效果,为脱氮微生物种群优化提高除氮效果提供理论支撑。

1 实验部分

酸中和残渣和脱水铝污泥分别取自江苏连云港市某金红石厂和南京市某自来水厂,取来之后晾干,去除部分水分,再对酸中和残渣和脱水铝污泥进行烘干、研磨,用筛网过筛(NUA 的粒径 < 63 μm,DAS 粒径 < 0.25 mm)后用于 NUA-DAS 生态滤池装置系统中。按照中华人民共和国农业行业标准中规定的方法^[15],检测出 DAS 和 NUA 的浸出 pH 分别为 7.62 和 5.74。实验采用土壤农业化学分析方法^[16]测定滤料的密度、孔隙率以及比表面积,水质指标测定方法参见文献[17],利用原子吸收分光光谱(ICP-MS)、扫描电子显微镜(SEM)、比表面积分析仪(BET)、X 射线能量色散谱仪(EDS)、电子能谱仪(XPS)和红外光谱仪(FTIR)^[18]进行测定,得出其化学组成。

1.1 NUA-DAS 生态滤池装置构建

该装置主要包括储水池、NUA 一级滤池和 DAS 二级滤池,该滤池采用有机玻璃材料制备,呈现圆柱形,直径 12 cm,每个滤池高度 90 cm。2 个装置自上而下均为 10 cm 布水区、70 cm 反应层、10 cm 鹅卵石承托层,每个装置布置下端各有一个出水口,分别为出水口 1 和总出水口,各装置有效反应容积均为 7.5 L。实验装置见图 1。实验进水采用模拟畜禽养殖废水,具体指标见表 1。

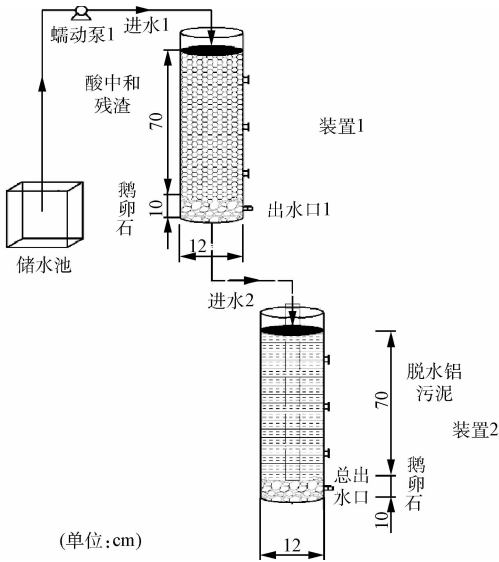


图 1 酸中和残渣-脱水铝污泥生态滤池结构
Fig. 1 Structure of NUA-DAS ecofilter

表 1 畜禽养殖废水进水水质指标
Table 1 Influent quality of livestock and poultry breeding wastewater

指标	平均值 ± 标准差	范围	变异系数/%
COD/(mg · L ⁻¹)	174.38 ± 59.90	75.42 ~ 263.57	34.35
TP/(mg · L ⁻¹)	6.32 ± 3.09	0.98 ~ 9.79	48.82
NH ₃ -N/(mg · L ⁻¹)	116.95 ± 48.90	50.47 ~ 199.50	41.81
NO ₃ -N/(mg · L ⁻¹)	1.46 ± 0.68	0.27 ~ 2.39	46.28
TN/(mg · L ⁻¹)	131.08 ± 26.89	90.71 ~ 158.76	20.52
pH	7.97 ± 0.18	7.72 ~ 8.19	2.23
DO/(mg · L ⁻¹)	4.87 ± 2.05	2.82 ~ 6.92	42.11

1.2 实验方式与方法

模拟畜禽养殖废水通过蠕动泵进行控制进水流量,水力负荷为 1 m³ · (m² · d)⁻¹,定时控制器控制进水时间,通过装置 1 进入装置 2 中污水为重力流式布水;一个运行周期为 24 h,首先关闭装置 1 和 2 之间

阀门并一次布水 8 h,停留 4 h 后打开装置之间阀门并进行二次布水 6 h,最后停留 6 h 完成一个周期运行;每个运行周期结束都打开出水口 1 和总出水口阀门将装置内余水排干。整个系统连续运行 60 d,运行期间温度范围是 15 ~ 25 ℃。

运行周期内每隔 3 d 从出水口 1 和总出水口取样分析,监测 2 种滤料协同作用下各自装置出水中 NH₃-N、TN 的浓度变化,计算 NH₃-N 和 TN 的去除率。

系统运行 60 d 期间,以初始运行和间隔 30 d 共 3 个取样时间点,运行周期内从两装置不同滤料层中提取少量基质,其中取样点 1 为 0 ~ 20 cm 处理层,取样点 2 为 20 ~ 40 cm 处理层,取样点 3 为 40 ~ 60 cm 处理层,共计 3 个取样点。对各个样品预处理后,在无菌条件下称取一定量的样品,采用试剂盒进行 DNA 提取,提出的 DNA 作为 PCR 的模板进行氨氧化菌(AOB)扩增,后续利用 Bio-Rad 公司 D 基因系统(Bio-Rad 公司,美国)开展 DGGE 技术分析,储存图谱信息,最后根据 DGGE 变性凝胶电泳图谱分析,计算生物群落多样性指数和戴斯相似性系数并进行分析研究。

利用 Quality One 软件,采用香农指数和辛普森指数分析不同时空滤料中脱氮菌结构的多样性(丰度和均匀性),计算公式如下:

$$H = - \sum_{i=1}^S P_i \log_2 P_i$$

(1)

式中: H 为香农指数; S 为种数; P_i 为样品中属于第 i 种的个体的比例。 H 值越大,物种多样性越高^[19]。

$$D_s = 1 - \sum_{i=1}^S P_i^2$$

(2)

式中: D_s 为辛普森指数; S 为种数; P_i 为样品中属于第 i 种的个体的比例。 D_s 值越大,物种多样性越高^[19]。

2 结果与讨论

2.1 滤料基本理化性质

由表 2 可知,DAS 和 NUA 均有较大的孔隙率和比表面积,其中 DAS 较 NUA 比表面积更大,相比更利于废水中污染物的吸附和截流。通过分析得出 2 种滤料的主要化学成分均含有铝、铁、硅、钙、镁、钾、钠、锰等元素(表 3),使得其吸附扩散速率较大,吸附点位较多,有利于吸附反应的进行^[5,20]。

表 2 滤料的基本特性

Table 2 Basic characteristics of filter material

参数	DAS	NUA
密度/(g · cm ⁻³)	2.57	2.83
容重/(g · cm ⁻³)	1.48	1.17
孔隙率/%	52	33
(总)比表面积/(m ² · g ⁻¹)	1500	720

表 3 滤料的化学元素组成

Table 3 Chemical composition of filter material

										%
DAS	SiO ₂	Al ₂ O ₃	Fe ₂ O ₃	CaO	K ₂ O	MgO	TiO ₂	Na ₂ O	P ₂ O ₅	烧失量估计值
含量	55.91	18.96	5.11	4.05	2.71	1.75	0.84	0.51	0.31	9.41
NUA	SiO ₂	Fe ₂ O ₃	Al ₂ O ₃	CaO	MgO	Na ₂ O	TiO ₂	MnO	K ₂ O	烧失量估计值
含量	29.8	15.5	11.8	8.03	4.99	1.35	1.13	0.21	0.13	27

2.2 NH₃-N 及 TN 的去除效果

2.2.1 NH₃-N 去除效果

如图 2 所示,装置 1 的 NH₃-N 去除率在 16% ~ 68% 之间,系统对 NH₃-N 总去除率在 25% ~ 76% 之间,装置 1 去除效果由 16% 增长至 65% 左右后开始稳定,系统总去除率由 25% 增长至 75% 左右后稳定,后期温度降低,去除效率有所下降,总去除率维持在 60% 左右。

系统运行期间,NH₃-N 去除率变化可能与滤料中氨氧化菌数量、密度和活性有关^[21]。运行初期,氨氧

化菌活性较低,随着反应的进行,氨氧化菌群数量和密度开始增加,从而提高 $\text{NH}_3\text{-N}$ 的去除率,后续温度降低引起菌群活性下降,出现 $\text{NH}_3\text{-N}$ 去除率下降现象。DAS-NUA 系统生态滤池中 $\text{NH}_3\text{-N}$ 的去除主要由硝化作用控制,同时还受滤料阴离子的影响。进水中氮以 $\text{NH}_3\text{-N}$ 为主要形式,系统中存在的生物质和滤料能快速的吸附氨氮,被吸附的 $\text{NH}_3\text{-N}$ 在氧气充足的条件下,经过硝化作用转变为硝态氮和亚硝态氮。进一步研究发现,在 $\text{NH}_3\text{-N}$ 去除贡献率方面,装置 1 占 80%,装置 2 占 20%,这可能与系统内溶解氧浓度有关,装置 1 较高的溶解氧更利于氨氮在好氧微生物的作用下通过硝化反应去除^[22]。

2.2.2 TN 去除效果

如图 3 所示,装置 1 中 TN 去除率范围是 26% ~ 49%,系统总去除率范围是 44% ~ 74%,其中装置 1 的 TN 去除贡献率在 50% 左右,装置 2 的 TN 去除贡献率也为 50% 左右。硝态氮在装置 1 和总出水中的浓度范围分别是 $0.11 \sim 1.18 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $0.02 \sim 0.55 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。

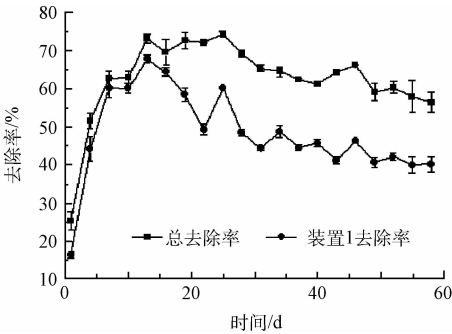


图 2 装置 1 及总系统对污水中 $\text{NH}_3\text{-N}$ 去除率
Fig. 2 Removal rates of $\text{NH}_3\text{-N}$ from sewage via apparatus 1 and total system

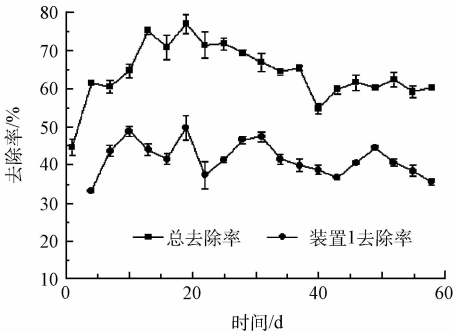


图 3 装置 1 及总系统对污水中 TN 去除率
Fig. 3 Removal rates of TN from sewage via apparatus 1 and total system

DAS-NUA 生态滤池系统中 TN 的去除需要经过氨化作用、硝化作用和反硝化作用,本研究在两个装置中仅有少量的 $\text{NO}_3\text{-N}$ 的积累,大部分总氮以氨氮的形式表现。大量的氨氮和有机态氮通过硝化反应转化为 $\text{NO}_3\text{-N}$,后续通过反硝化转化为氮气,系统内氨氮去除不彻底可能与装置内较低硝化菌比例有关,影响硝化反应的进行^[23]。2 装置对 TN 去除贡献率相当可能与运行条件和 2 种滤料微环境相似有关。

2.3 氨氧化菌群特征

实验利用 PCR-DGGE 分子生物学技术来考察该实验装置中的微生物种群结构,经过对切胶测序比对、凝胶图谱分析、微生物的多样性、均匀度、丰度等指数的计算,考察该实验装置中氨氧化菌(AOB)的种群特征,包括多样性以及相似度。

AOB 基因组结果分析

取 $5 \mu\text{L}$ AOB 基因组 DNA 进行琼脂糖凝胶电泳检测、PCR 扩增和产物检测,电泳检测结果如图 4 所示。

D11 ~ D13 代表运行 30 d 的脱水铝污泥上层、中层和下层的样品;N11 ~ N13 代表运行 30 d 的酸中和残渣上层、中层和下层的样品;D21 ~ D23 代表运行 60 d 的脱水铝污泥上层、中层和下层样品;N21 ~ N23 代表运行 60 d 的酸中和残渣上层、中层和下层样品;D0 和 N0 代表初始脱水铝污泥和初始酸中和残渣样品。电泳检测结果可见,PCR 产物条带单一,大小正确,浓度适中,可用于后续 PCR-DGGE 电泳^[24]。

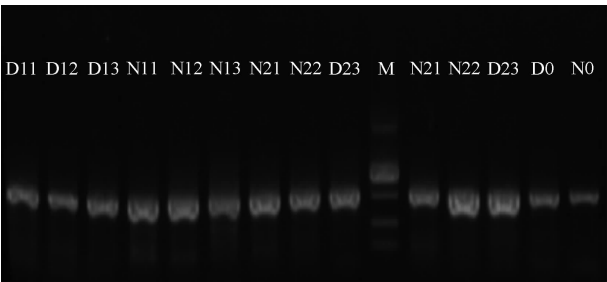


图 4 AOB 基因组 PCR 产物电泳检测图
Fig. 4 PCR product electrophoresis detection results of AOB genome

Marker 为 DL9000。

2.3.1 DGGE 图谱分析

对样品的纯化产物进行 DGGE 分析,得到数目不等、位置各异的电泳条带,从而鉴别不同取样点样品中的微生物种群结构差异性和生物多样性。根据变性梯度凝胶电泳分离原理 PCR-DGGE 图谱中的每一条带代表一个可能的细菌类群或可操作分类单元,条带数越多说明生物多样性越丰富^[25-27]。

由图 5 发现不同运行时间不同位置的样品图谱中,条带的位置、亮度及数目均有一定的差异,这主要是由于微生物所处的营养水平以及环境条件存在差异,每个样品都有 4~17 个数目不等位置各异的细菌片段条带出现,空白条带数 DAS 是 7 条,NUA 是 4 条;随着系统的运行,微生物开始生长繁殖,条带数量开始增加;其中系统运行 30 d 时 NUA 上层和中层的条带数最少,只有 5 条,系统运行 60 d 时,DAS 上层的条带数最多,为 17 条。整体看来,不同运行时间运行时间不同位置均存在一定数量的 AOB,这表明 AOB 对时间和空间变化有较强的适应性,在该系统中一直都稳定存在,并在群落的物质和能量代谢过程中发挥重要作用^[28]。在不同样品中也有新的条带出现,这表明随环境条件的变化会出现新的微生物种群。AOB 在 2 种滤料中随着时间推进不断增长繁殖,所以系统运行 60 d 时 DAS 和 NUA 中条带数均多于 30 d 时。

2.3.2 遗传多样性分析

多样性指数是研究群落物种数及其个体数分布均匀度的综合指标^[29]。本研究根据电泳图谱中每条条带的信息,对各样品中的细菌均匀度、丰度、香农指数及辛普森指数等指标进行了综合分析。结果如表 4 所示。

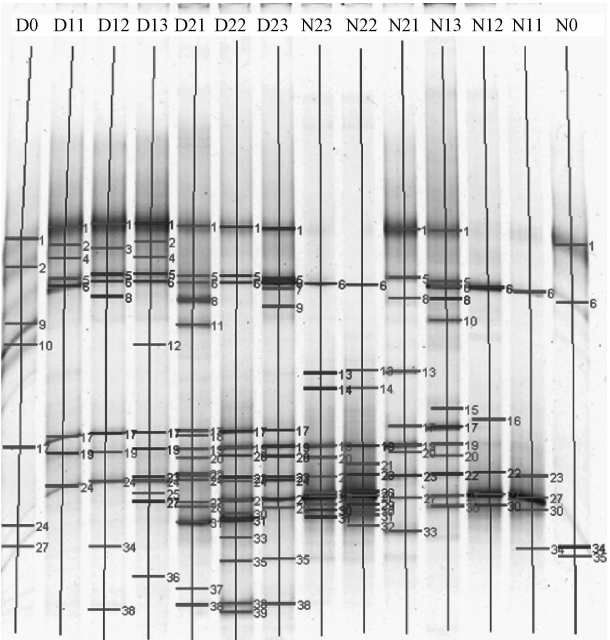


图 5 AOB 基因组 DGGE 胶条带分布图
Fig.5 Strip distribution DGGE gel electrophoresis of AOB genome

表 4 各取样点 DGGE 条带均匀度、丰度、香农指数及辛普森指数				
Table 4 Evenness index, abundance index, Shannon index and Simpson index of every sample in DGGE				
编号	均匀度指数	丰富度指数	香农指数	辛普森指数
D0	0.578	7	1.125	0.576
D11	0.734	8	1.527	0.684
D12	0.552	10	1.271	0.566
D13	0.551	13	1.413	0.595
D21	0.811	17	2.298	0.866
D22	0.844	15	2.287	0.874
D23	0.841	14	2.220	0.862
N23	0.804	11	1.929	0.817
N22	0.792	12	1.968	0.823
N21	0.749	10	1.724	0.750
N13	0.859	12	2.135	0.862
N12	0.593	5	0.955	0.563
N11	0.638	5	1.927	0.548
N0	0.037	4	0.051	0.015

由表 4 可知,不同运行时间不同位置的多样性指数都不相同。随着系统的运行稳定,多样性较初始滤料中都有所增加。运行 30 d 时,NUA 香农指数 > DAS 香农指数;运行 60 d 时,DAS 香农指数 > NUA 香农指数。运行 60 d 时 DAS 的香浓指数和辛普森指数均为最大,氨氧化菌群多样性最为丰富,由此可知运行 60 d 时 AOB 更适合在 DAS 中生长繁殖,可能与 DAS 中 pH 呈现中性相关^[30-31],滤料 NUA 中 pH 相对较低。

2.3.3 相似性角度分析

由表 5 可知,各样品间的细菌相似性系数不尽相同,DAS 样品中运行 30 d 时中层与运行 60 d 时下层,相似性最低仅为 31,最高的是运行 30 d 时的中层与下层,相似系数为 84.7;NUA 样品中运行 30 d 时中层与运行 60 d 时上层,相似性最低仅为 2.5,最高的是运行 60 d 的中层与下层,相似系数为 80.2。按运行时间不同可以看出运行 60 d 时相似度低于运行 30 d 时,按滤料不同 DAS 的相似度高于 NUA,说明 AOB 在 DAS 中有较强的适应性^[32],这也可能导致 DAS 存在较强的硝化反应。

表 5 戴斯相似性系数
Table 5 Dice similarity coefficient

编号	D0	D11	D12	D13	D21	D22	D23	N23	N22	N21	N13	N12	N11	N0
D0	100	13.2	6.3	15.2	3.6	3.9	5.5	0.7	0.6	5.7	15.3	0.8	1	5.6
D11		100	80.8	84.4	48.3	39	37	12.3	4.6	58.7	46.7	14.6	5	68.3
D12			100	84.7	44.5	32.2	31	2.6	2.3	62.2	36.5	1.6	2.1	78
D13				100	44.4	32.2	32.3	7.6	5.5	64.6	37.3	5.8	9.2	76.2
D21					100	54.2	31.3	19.9	19.6	45	40.1	8.8	10.6	34.1
D22						100	53.2	40.8	34.4	39.5	49	24.9	28.4	22.5
D23							100	38.3	27.5	38.1	58	49.8	27.9	17.9
N23								100	80.2	23.5	25.7	50.8	67.5	0.1
N22									100	15.5	19.2	39.2	58.3	0.1
N21										100	37.3	2.5	10.5	60.5
N13											100	40.5	22.9	31.1
N12												100	64.3	0.1
N11													100	0.4
N0														100

3 结论

采用以脱水铝污泥和酸中和残渣为填料的生态滤池对含氮废水有很好的脱氮效果,对废水中的 NH₃-N 和 TN 能够达到较高的去除率。在 NUA-DAS 生态滤池装置填料中,不同运行时间、不同位置均存在氨氧化菌,随着系统的运行稳定,AOB 多样性较原先滤料中都有所增加。AOB 对时间和空间的变化有较强的适应性,而 pH 对 AOB 的生长繁殖具有一定的影响,AOB 更适合于在中性环境中生长。两种滤料都能够为 AOB 提供很好的生存环境,较 NUS 滤料 AOB 更适合在 DAS 滤料环境中生长繁殖。

参 考 文 献

[1] 范俊楠, 赵建伟, 朱端卫. 湖泊氮素氧化及脱氮过程研究进展[J]. 生态学报, 2012, 32(15): 4924-4931

[2] 吕娟, 陈银广, 顾国维. 厌氧、缺氧、好氧多级交替 SBR 脱氮除磷试验研究[J]. 环境污染与防治, 2007, 29(9): 648-651

[3] 杜晓丽, 徐祖信, 孙长虹, 等. 基于延迟往复流的强化复氧人工湿地脱氮效果初探[J]. 水处理技术, 2014, 40(8): 56-58

[4] 胡静, 董仁杰, 吴树彪, 等. 脱水铝污泥对水溶液中磷的吸附作用研究[J]. 水处理技术, 2010, 36(5): 42-45

[5] YANG Y, ZHAO Y Q, WANG S P, et al. A promising approach of reject water treatment using a tidal flow constructed wetland system employing alum sludge as main substrate[J]. Water Science and Technology, 2011, 63(10): 2367-2373

- [6] DOUGLAS G, ADENEY J, JOHNSTON K, et al. Major element, trace element, nutrient, and radionuclide mobility in a mining by-product-amended soil[J]. *Journal of Environment Quality*, 2012, 41(6): 1818-1834
- [7] BAI Leilei, WANG Changhui, PEI Yuansheng. Nitrogen and phosphorus removal from secondary effluent using drinking water treatment residuals fixed-bed column with intermittent operation[J]. *Water Science and Technology: Water Supply*, 2014, 14(5): 812-819
- [8] ZHAO Y Q, BABATUNDE A O, HU Y S, et al. Pilot field-scale demonstration of a novel alum sludge-based constructed wetland system for enhanced wastewater treatment[J]. *Process Biochemistry*, 2011, 46(1): 278-283
- [9] ZHAO Y Q, ZHAO X H, BABATUNDE A O. Use of dewatered alum sludge as main substrate in treatment reed bed receiving agricultural wastewater: Long-term trial[J]. *Bioresource Technology*, 2009, 100(2): 644-648
- [10] BABATUNDE A O, ZHAO Y Q, ZHAO X H. Alum sludge-based constructed wetland system for enhanced removal of P and OM from wastewater: Concept, design and performance analysis[J]. *Bioresource Technology*, 2010, 101(16): 6576-6579
- [11] HU Y S, ZHAO Y Q, ZHAO X H, et al. Comprehensive analysis of step-feeding strategy to enhance biological nitrogen removal in alum sludge-based tidal flow constructed wetlands[J]. *Bioresource Technology*, 2012, 111: 27-35
- [12] HU Yuansheng, ZHAO Yaqian, ZHAO Xiaohong, et al. High rate nitrogen removal in an alum sludge-based intermittent aeration constructed wetland[J]. *Environmental Science & Technology*, 2012, 46(8): 4583-4590
- [13] WENDLING L A, DOUGLAS G B, COLEMAN S, et al. Nutrient and dissolved organic carbon removal from water using mining and metallurgical by-products[J]. *Water Research*, 2012, 46(8): 2705-2717
- [14] OLIVER D P, PAN Yiyong, ANDERSON J S, et al. Sorption of pesticides by a mineral sand mining by-product, neutralised used acid (NUA)[J]. *Science of the Total Environment*, 2013, 442: 255-262
- [15] 王圣瑞, 焦立新, 金相灿, 等. 长江中下游浅水湖泊沉积物总氮、可交换态氮与固定态铵的赋存特征[J]. *环境科学学报*, 2008, 28(1): 37-43
- [16] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000: 146-175
- [17] APHA, AWWA, WEF. *Standard Methods for the Examination of Water and Wastewater*[M]. 20nd ed. Washington DC, USA: American Public Health Association, 1998
- [18] 杨斌武. 水处理滤料的表面性质及其过滤除油性能研究[D]. 兰州: 兰州交通大学, 2008
- [19] 孙军, 刘东艳. 多样性指数在海洋浮游植物研究中的应用[J]. *海洋学报*, 2004, 26(1): 62-75
- [20] BABATUNDE A O, ZHAO Y Q, DOYLE R J, et al. Performance evaluation and prediction for a pilot two-stage on-site constructed wetland system employing dewatered alum sludge as main substrate[J]. *Bioresource Technology*, 2011, 102(10): 5645-5652
- [21] 全武刚, 王继徽, 刘大鹏. 高浓度氨氮废水的处理现状与发展[J]. *工业水处理*, 2002, 22(9): 9-12
- [22] 邱立平, 马军. 曝气生物滤池的短程硝化反硝化机理研究[J]. *中国给水排水*, 2002, 18(11): 1-4
- [23] 杨麒, 曾小明, 曾光明, 等. 同步硝化反硝化机理的研究进展[J]. *微生物学通报*, 2003, 30(4): 88-91
- [24] JUCK D, CHARLS T, WHYTE L G, et al. Polyphasic microbial community analysis of petroleum hydrocarbon-contaminated soils from two northern Canadian communities[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2000, 33(3): 241-249
- [25] MCBAIN A J, BARTOLO R G, CATRENICH C E, et al. Microbial characterization of biofilms in domestic drains and the establishment of stable biofilm microcosms[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003, 69(1): 177-185
- [26] ORITA M, IWAHANA H, KANAZAWA H, et al. Detection of polymorphisms of human DNA by gel electrophoresis as single-strand conformation polymorphisms[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1989, 86(4): 2766-2770
- [27] PETERS S, KOSCHINSKY S, SCHWIEGER F, et al. Succession of microbial communities during hot composting as detected by PCR-single-strand-conformation polymorphism-based genetic profiles of small-subunit rRNA genes[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2000, 66(3): 930-936
- [28] 杨洋, 左剑恶, 全哲学, 等. UASB 反应器中厌氧氨氧化污泥的种群分析[J]. *中国环境科学*, 2006, 26(1): 52-56
- [29] FERIS K, RAMSEY P, FRAZAR C, et al. Differences in hyporheic-zone microbial community structure along a heavy-metal contamination gradient[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003, 69(9): 5563-5573
- [30] OCHSENREITER T, SELEZI D, QUAISER A, et al. Diversity and abundance of crenarchaeota in terrestrial habitats studied by 16S RNA surveys and real time PCR[J]. *Environmental Microbiology*, 2003, 5(9): 787-797
- [31] WAGNER M, LOY A, NOGUEIRA R, et al. Microbial community composition and function in wastewater treatment plants [J]. *Antonie van Leeuwenhoek*, 2002, 81(1/2/3/4): 665-680
- [32] GINGERAS T R, GHANDOUR G, WANG E, et al. Simultaneous genotyping and species identification using hybridization pattern recognition analysis of generic *Mycobacterium* DNA arrays[J]. *Gene Research*, 1998, 8(5): 435-448