

乌鲁木齐市氧化沟膨胀污泥的菌群结构分析

方雷¹, 姚俊芹¹, 杨立新², 李海龙², 梁明², 马慧²

(1. 新疆大学 资源与环境科学学院, 新疆 乌鲁木齐 830046; 2. 乌鲁木齐河西水务有限公司, 新疆 乌鲁木齐 830000)

摘要: 为了探讨寒冷地区膨胀污泥的菌群特征,采用高通量测序技术对乌鲁木齐市某氧化沟污水厂内的膨胀污泥进行菌群分析。结果表明,氧化沟对 BOD₅、COD、SS、TP、TN 和 NH₄⁺ - N 的去除率分别达到 93.8%、92.0%、96.1%、90.9%、64.9% 和 81.2%。变形菌门 (*Proteobacteria*) 和拟杆菌门 (*Bacteroidetes*) 的相对丰度分别为 28.34% ~ 43.77% 和 17.92% ~ 33.48%, 是活性污泥的主要优势细菌门;微丝菌属 (*Microthrix*) 和黄杆菌属 (*Flavobacterium*) 是引起该污水厂冬、春季污泥膨胀的主要细菌属。子囊菌门 (*Ascomycota*) 相对丰度达到 59.78% ~ 74.40%, 是活性污泥的主要优势真菌门;真菌毛孢子菌属 (*Trichosporon*) 对该污水厂活性污泥的沉降性能产生不利影响。

关键词: 氧化沟; 污泥膨胀; 菌群结构; 高通量测序

中图分类号: TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2019)13-0101-06

Analysis of Microbial Communities Structure of Bulking Sludge in an Oxidation Ditch in Urumqi

FANG Lei¹, YAO Jun-qin¹, YANG Li-xin², LI Hai-long², LIANG Ming²,
MA Hui²

(1. College of Resource and Environment Sciences, Xinjiang University, Urumqi 830046, China;
2. Urumqi Hexi Water Treatment Co. Ltd., Urumqi 830000, China)

Abstract: High-throughput sequencing technology was used to analyze the microbial communities of bulking sludge in an oxidation ditch in Urumqi, in order to explore microbial community characteristics of bulking sludge in cold areas. The results showed that the removal rates of BOD₅, COD, SS, TP, TN and NH₄⁺ - N of the oxidation ditch were 93.8%, 92.0%, 96.1%, 90.9%, 64.9% and 81.2% respectively. The dominant bacteria at the phylum level in the activated sludge were *Proteobacteria* and *Bacteroidetes*, and their relative abundance were 28.34% - 43.77% and 17.92% - 33.48% respectively. *Microthrix* and *Flavobacterium* were the major bacterial groups that caused sludge bulking in winter and spring. The dominant fungus at the phylum level was *Ascomycota*, and its relative abundance was between 59.78% and 74.40%. *Trichosporon* had a negative effect on the settling performance of the activated sludge in the wastewater treatment plant.

Key words: oxidation ditch; sludge bulking; microbial community structure; high-throughput sequencing

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(51568061)

通信作者: 姚俊芹 E-mail: yaojunqin@xju.edu.cn

氧化沟是目前我国城市污水处理厂应用最为广泛的污水生物处理工艺之一,具有能耗低、运行稳定、脱氮除磷效果好等优点。然而,该工艺的缺点是易引发污泥膨胀。研究表明,大部分的污泥膨胀是由丝状菌异常增殖引起的^[1]。丝状菌膨胀是指在特定的条件下,由于丝状菌过度生长导致其与菌胶团的比例失衡,进而引发活性污泥絮体分散,沉淀压缩性能下降,出水水质变差。近年来,国内外已报道易引起污泥膨胀的丝状菌超过30余种^[2],其中丝状细菌主要有微丝菌属(*Microthrix*)^[3]、诺卡氏菌属(*Nocardia*)^[4]、黄杆菌属(*Flavobacterium*)^[5]、四球虫属(*Tetrasphaera*)^[6]、丝硫菌属(*Thiothrix*)^[7]、贝日阿托氏菌属(*Beggiatoa*)^[8]等;易引起污泥膨胀的丝状真菌有毛孢子菌属(*Trichosporon*)^[9]。

乌鲁木齐市某氧化沟工艺城市污水处理厂活性污泥在冬季和春季时易发生污泥膨胀,而在夏、秋季污泥沉降性能恢复正常。笔者对该污水厂2016年—2018年的运行效果进行分析,并采用Illumina高通量测序技术对该污水厂活性污泥进行细菌和真

菌测序,分析污泥菌群结构特征,探讨引起该污水厂冬、春季污泥膨胀的主要菌群,以期丰富寒冷地区氧化沟工艺污泥膨胀的理论,为氧化沟工艺的稳定性运行提供理论基础和参考依据。

1 材料与方法

1.1 污水处理厂概况

乌鲁木齐市某氧化沟污水厂设计处理污水量为 $10 \times 10^4 \text{ m}^3/\text{d}$ 。为强化除磷效果,在氧化沟的出水端加入聚合硫酸铁进行化学除磷。出水水质执行《城镇污水处理厂污染物排放标准》(GB 18918—2002)一级B标准。

1.2 污泥样本的采集

2016年12月—2018年7月,在氧化沟好氧段共采集了9个活性污泥样本,具体采样情况见表1。可以看出,采样阶段,该污水厂活性污泥经历了冬、春季膨胀,夏、秋季恢复正常的过程。HX1、HX2、HX6、HX7和HX8为冬、春季膨胀的污泥,HX3和HX9为夏季沉降性能良好的污泥,HX4、HX5为冬季膨胀前的污泥。

表1 活性污泥样本参数

Tab.1 Parameters of activated sludge samples

项 目	取样时间	污泥浓度/($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)	SV/%	SVI/($\text{mL} \cdot \text{g}^{-1}$)	水温/ $^{\circ}\text{C}$
HX1	2016-12-23	3 811	62	164	15.8
HX2	2017-03-31	4 708	80	170	12.5
HX3	2017-07-27	4 060	36	89	23.8
HX4	2017-11-24	3 084	24	101	14.5
HX5	2017-12-26	4 132	50	122	13.1
HX6	2018-01-23	4 289	82	191	11.2
HX7	2018-03-22	2 900	78	269	12.1
HX8	2018-04-26	4 004	62	155	13.7
HX9	2018-07-04	3 103	26	90	20.1

1.3 分析项目及测定方法

COD采用重铬酸钾法测定;BOD₅采用稀释接种法测定;TN采用碱性过硫酸钾消解/紫外分光光度法测定;NH₄⁺-N采用纳氏试剂分光光度法测定;TP采用钼酸铵分光光度法测定;SS和MLSS采用重量法测定;SV采用30 min沉降法测定;水温采用在线监测仪测定。

DNA提取:根据E. Z. N. A.[®] soil试剂盒(Omega Bio-tek, Norcross, GA, U.S.)说明书进行总DNA抽提,DNA浓度和纯度利用NanoDrop2000进行检测,利用1%琼脂糖凝胶电泳检测DNA提取质量。

PCR扩增:对9个污泥样本进行细菌16S rRNA V4-V5区域的PCR扩增,引物为515F/907R;选择HX4、HX6和HX9进行真菌18S rRNA的PCR扩增,真菌引物为SSU0817F/1196R。

Illumina MiSeq测序:PCR产物用2%琼脂糖凝胶进行电泳检测,利用Illumina公司的MiSeq PE300平台进行测序(上海美吉生物医药科技有限公司)。获得的原始数据已上传至NCBI序列读取归档(SRA)数据库,登录号为SRP148617。

2 结果与讨论

2.1 水质运行效果

2016年—2018年,该污水厂的进水COD浓度

为 414 ~ 703 mg/L,出水浓度为 36 ~ 52 mg/L,平均去除率为 92.0%。进水 BOD₅ 浓度为 153 ~ 285 mg/L,出水浓度为 9 ~ 18 mg/L,平均去除率为 93.8%。进水 SS 浓度为 204 ~ 385 mg/L,出水浓度为 7 ~ 17 mg/L,平均去除率为 96.1%。可见,该污水厂对有机物和 SS 的去除效果较好。

进水 NH₄⁺ - N 浓度为 35.5 ~ 55.7 mg/L,出水浓度为 0.8 ~ 27.7 mg/L。其中,夏季出水 NH₄⁺ - N 浓度为 1.3 ~ 2.9 mg/L,平均去除率为 95.5%;冬季出水浓度为 1.4 ~ 27.7 mg/L,平均去除率为 67.5%。进水 TN 浓度为 50.3 ~ 68.2 mg/L,出水浓度为 9.5 ~ 41.5 mg/L,其中夏季平均去除率为 77.5%,冬季平均去除率为 54.1%。可见,夏季该污水厂对 NH₄⁺ - N 和 TN 的去除效果优于冬季。

进水 TP 浓度为 4.4 ~ 8.0 mg/L,出水浓度为 0.3 ~ 0.9 mg/L,平均去除率达到 90.9%。

2.2 SVI 与水温的关系

2016 年 1 月—2018 年 8 月,该污水厂水温与污

泥容积指数 SVI 的关系见图 1。可知,水温和 SVI 的相关系数为 -0.774,表明水温与 SVI 呈显著负相关,即水温越低,SVI 值越高,污泥的沉降性能越差。

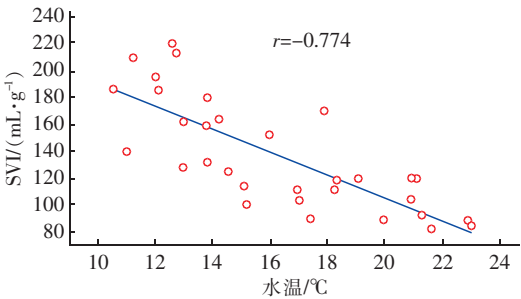


图 1 水温和 SVI 的相关性

Fig.1 Correlation between temperature and SVI

2.3 细菌群落分析

2.3.1 细菌群落多样性分析

表 2 为细菌群落的多样性指数,其中 Chao1 指数、Shannon 指数和 Heip 指数分别代表微生物群落的丰富度、多样性和均匀度。

表 2 细菌群落的多样性指数

Tab.2 Diversity index of microbial community

项 目	序列数	OTU 数	Coverage 指数	Chao1 指数	Shannon 指数	Heip 指数
HX1	36 773	925	0.991	1 123	5.132	0.182
HX2	36 898	851	0.990	1 051	5.034	0.179
HX3	35 225	985	0.990	1 168	5.473	0.241
HX4	44 023	985	0.993	1 122	5.100	0.166
HX5	45 306	1 089	0.993	1 254	5.206	0.167
HX6	38 726	1 010	0.991	1 210	5.079	0.158
HX7	44 513	1 025	0.994	1 190	4.772	0.114
HX8	40 667	1 077	0.993	1 275	5.166	0.162
HX9	50 257	1 043	0.993	1 192	5.374	0.206

由表 2 可知,细菌测序的有效序列在 35 225 ~ 50 257 之间,OTU 数在 851 ~ 1 089 之间。所有样本的 Coverage 指数均达到了 0.99 以上,说明数据可信度较高。

由 Chao1 指数可知,该污水厂活性污泥的丰富度变化不大。由 Shannon 指数和 Heip 指数可知,沉降性能良好的污泥样本的 Shannon 指数和 Heip 指数均高于膨胀污泥样本,其中沉降性能最好的污泥样本 HX3 的 Shannon 指数和 Heip 指数最高,膨胀最严重的污泥样本 HX7 的 Shannon 指数和 Heip 指数最低。可见,污泥的沉降性能越好,其细菌群落的多样性和均匀度越高;污泥的沉降性能越差,其细菌群落的多样性和均匀度越低。

2.3.2 细菌门水平上的群落结构分析

细菌测序共检测出 34 个细菌门,其中相对丰度高于 1% 的细菌门共有 9 个,如图 2 所示。变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、放线菌门(*Actinobacteria*)以及绿弯菌门(*Chloroflexi*)这 4 个门的相对丰度分别达到 28.34% ~ 43.77%、17.92% ~ 33.48%、4.43% ~ 26.44% 和 2.98% ~ 13.08%,为所有污泥样本的主要细菌门。有研究表明,变形菌门是活性污泥系统中最主要的细菌门^[10],其在污水处理系统中的主要作用是去除有机污染物和脱氮^[11],拟杆菌门能够降解和利用大分子质量溶解性有机物质,在生态系统中起着重要的作用。因此,变形菌门和拟杆菌门的高丰度特征对该

污水厂去除污染物起到了重要作用。放线菌门在冬季膨胀污泥 HX6、HX7 和 HX8 中的相对丰度分别为 14.26%、25.38% 和 17.88%。

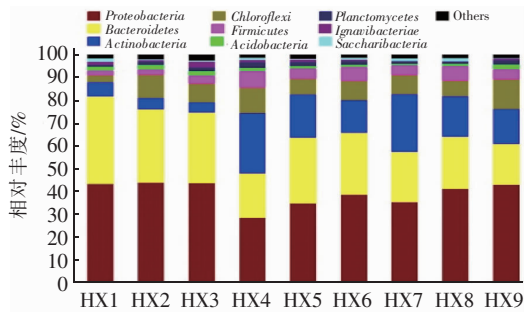


图 2 样品细菌群落在门水平上的分布

Fig. 2 Distribution of microbial community at phylum level in samples

2.3.3 细菌属水平上的群落结构分析

细菌测序共检测出 570 个细菌属,其中相对丰度高于 1% 的细菌属有 49 个。相对丰度较高的细菌属和硝化菌属见表 3。可以看出,污泥中微丝菌属、腐败螺旋菌属(*norank_Saprospiraceae*)和黄杆菌属的相对丰度较高。微丝菌属在夏季沉降性能良好的污泥 HX3 中相对丰度为 1.32%,在冬、春季膨胀污泥 HX6 和 HX8 中相对丰度分别增长至 8.37% 和 10.56%,而在严重膨胀污泥 HX7 中相对丰度高达 18.74%,随着水温的升高,其相对丰度在夏季沉降性能良好的污泥 HX9 中下降至 6.08%。大量研究表明,微丝菌属是引起活性污泥丝状膨胀的主要细菌之一^[12-14],因此微丝菌属在该污水处理厂的冬季

大量增殖,是造成该污水厂活性污泥发生严重膨胀的主要原因。腐败螺旋菌属在夏季沉降性能良好的污泥 HX3 和 HX9 中的相对丰度分别为 11.59% 和 10.28%,而在冬季膨胀污泥 HX6 和 HX7 中分别下降至 4.90% 和 6.97%。腐败螺旋菌属作为一种常见的丝状菌^[15],其相对丰度与水温呈正相关,大量优势菌群增长时易引发污泥膨胀^[16],但在该污水厂冬季膨胀污泥中其相对丰度明显下降。因此,腐败螺旋菌属不是引起该污水处理厂污泥膨胀的主要菌属。黄杆菌属是一种能够引起污泥膨胀的低温丝状菌^[4-5],在夏季沉降性能良好的污泥 HX3 和 HX9 中的相对丰度分别为 1.00% 和 0.38%,而在冬季膨胀污泥 HX6 和 HX7 中的相对丰度分别增长至 7.67% 和 4.03%,这与微丝菌属变化趋势一致。因此,该污水处理厂活性污泥膨胀是由微丝菌属和黄杆菌属在低温时期大量增殖引起的。污泥中还存在亚硝化单胞菌属(*Nitrosomonas*)、硝化螺旋菌属(*Nitrospira*)和 *Nitrotoga*,相对丰度分别为 0.02% ~ 0.32%、0.00% ~ 0.31% 和 0.11% ~ 1.01%。以上 3 种硝化菌属的相对丰度在夏季沉降性能良好的污泥中为 0.52% ~ 1.34%,而在冬季膨胀污泥中则为 0.13% ~ 0.55%,明显小于夏季。已有研究证明,水温降低能够减小硝化细菌的活性,从而导致硝化速率下降^[17]。在冬季,该污水厂污泥中硝化细菌的相对丰度明显下降,而低水温又降低了硝化细菌的活性,造成该污水处理厂冬季对 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 的去除效果变差。

表 3 样品细菌群落优势菌属和硝化菌属的分布

Tab. 3 Distribution of dominant and nitrifying bacteria at genus level in samples

项 目	HX1	HX2	HX3	HX4	HX5	HX6	HX7	HX8	HX9
<i>Microthrix</i>	4.34	3.37	1.32	16.64	11.75	8.37	18.74	10.56	6.08
<i>norank_Saprospiraceae</i>	12.95	6.49	11.59	6.92	5.62	4.90	6.97	8.56	10.28
<i>Flavobacterium</i>	5.12	7.00	1.00	2.45	7.02	7.67	4.03	2.80	0.38
<i>Nitrosomonas</i>	0.05	0.02	0.32	0.06	0.05	0.04	0.06	0.08	0.03
<i>Nitrospira</i>	0.04	0.00	0.01	0.31	0.18	0.10	0.01	0.00	0.05
<i>Nitrotoga</i>	0.46	0.11	1.01	0.43	0.44	0.44	0.39	0.56	0.44

2.4 真菌群落分析

2.4.1 真菌群落多样性分析

真菌群落的多样性指数结果表明,HX4、HX6、HX9 的序列数分别为 50 358、47 710、33 858,OTU 数分别为 97、109、110,Coverage 指数均为 1.000,Chao1 指数分别为 102、111、117,Shannon 指数分别为 2.880、2.472、2.318,Heip 指数分别为 0.175、

0.100、0.084。可以看出,真菌测序的有效序列在 33 858 ~ 50 358 之间,OTU 数在 97 ~ 110 之间。其中 Coverage 指数均达到了 1.000,说明数据可信度高。污泥中真菌的丰富度、多样性和均匀度均低于细菌。

2.4.2 真菌门水平上的群落结构分析

真菌测序共检测出 21 个真菌门,其中相对丰度

高于 1% 的真菌门有 9 个,如图 3 所示。其中,子囊菌门 (*Ascomycota*) 的相对丰度高达 59.78% ~ 74.40%,是活性污泥的优势真菌门。担子菌门 (*Basidiomycota*) 在冬季膨胀前污泥中的相对丰度为 17.77%,在冬季膨胀污泥中的相对丰度增长至 21.49%,而在夏季沉降性能良好的污泥中下降至 7.70%。推测担子菌门对活性污泥沉降性能产生不利影响。纤毛门 (*Ciliophora*) 和 *Ichthyosporea* 门在膨胀污泥中的相对丰度分别为 1.27% 和 1.61%,而在污泥沉降性能良好的污泥中增长至 13.94% 和 12.83%,说明纤毛门和 *Ichthyosporea* 门有利于改善活性污泥的沉降性能。

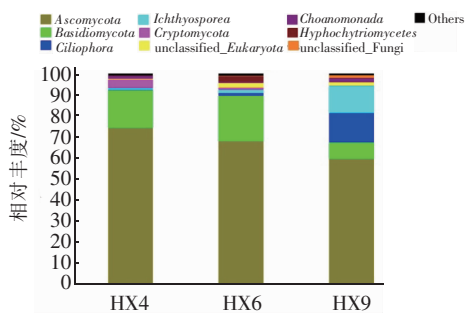


图 3 样品真菌群落在门水平上的分布

Fig. 3 Distribution of fungi community at phylum level in samples

2.4.3 真菌属水平上的群落结构分析

真菌测序共检测出 77 个真菌属,其中相对丰度高于 1% 的真菌属有 21 个。相对丰度较高的真菌属如图 4 所示。

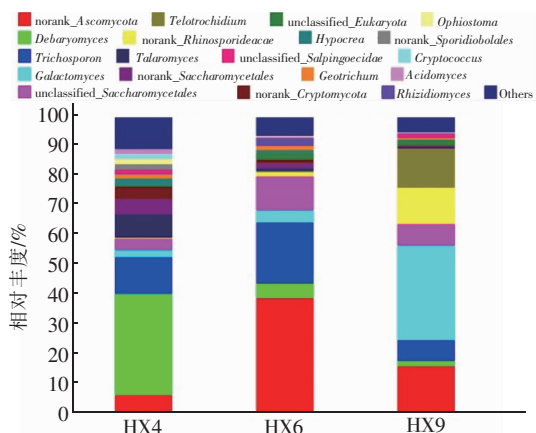


图 4 样品真菌群落在属水平上的分布

Fig. 4 Distribution of fungi community at genus level in samples

由图 4 可知,德巴利氏酵母属 (*Debaryomyces*)、毛孢子菌属和耐碱酵母属 (*Galactomyces*) 的相对丰

度分别为 1.74% ~ 34.22%、7.14% ~ 20.60% 和 2.29% ~ 31.94%。毛孢子菌属在膨胀前期污泥中的相对丰度为 12.53%,而在冬季膨胀污泥中增长至 20.60%,在夏季沉降性能良好的污泥中相对丰度降低至 7.14%。因此,毛孢子菌属相对丰度的增长不利于活性污泥的沉降,这与洪颖等人^[9]的研究结果一致。

3 结论

① 氧化沟对 BOD_5 、COD、SS、TN、 $NH_4^+ - N$ 和 TP 的去除率分别达到 93.8%、92.0%、96.1%、64.9%、81.2% 和 90.9%。

② 变形菌门和拟杆菌门为该污水厂活性污泥的优势细菌门,微丝菌属和黄杆菌属在低温时的大量增殖是引起该污水厂冬季和春季污泥膨胀的主要原因。

③ 子囊菌门为该污水厂活性污泥的优势真菌门,毛孢子菌属对污泥沉降性能产生不利影响。

参考文献:

- [1] 李志华,刘超,赵静,等. 丝状菌颗粒污泥形成过程及其对膨胀控制的启示[J]. 中国给水排水,2013,29(13):23-27.
Li Zhihua, Liu Chao, Zhao Jing, et al. Formation of filamentous granular sludge and bulking control[J]. China Water & Wastewater, 2013, 29(13):23-27 (in Chinese).
- [2] Dunkel T, Gallegos E L D L, Bock C, et al. Illumina sequencing for the identification of filamentous bulking and foaming bacteria in industrial activated sludge plants[J]. Int J Environ Sci Technol, 2017, 15(5):1139-1158.
- [3] 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 Res, 2015, 78:121-132.
- [4] 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]. Biochem Eng J, 2017, 119:101-111.
- [5] Cydzik-Kwiatkowska A, Rusanowska P, Zielińska M, et al. Structure of nitrogen-converting communities induced by hydraulic retention time and COD/N ratio in constantly aerated granular sludge reactors treating

- digester supernatant[J]. Bioresour Technol, 2014, 154: 162 – 170.
- [6] 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 Res, 2016, 105: 157 – 166.
- [7] 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]. Sci Rep, 2017. DOI:10.1038/s41598-017-01481-1.
- [8] Williams T M, Unz R F. Isolation and characterization of filamentous bacteria present in bulking activated sludge [J]. Appl Microbiol Biotechnol, 1985, 22(4): 273 – 282.
- [9] 洪颖, 姚俊芹, 马斌, 等. 基于高通量测序的SBR反应器丝状膨胀污泥菌群分析[J]. 环境科学, 2018, 39(7): 3279 – 3285.
- Hong Ying, Yao Junqin, Ma Bin, *et al.* Filamentous sludge microbial community of a SBR reactor based on high-throughput sequencing [J]. Environmental Science, 2018, 39(7): 3279 – 3285 (in Chinese).
- [10] 高晨晨, 郑兴灿, 游佳, 等. 城市污水脱氮除磷系统的活性污泥菌群结构特征[J]. 中国给水排水, 2015, 31(23): 37 – 42.
- Gao Chenchen, Zheng Xingcan, You Jia, *et al.* Structure characteristics of activated sludge microbial communities in nitrogen and phosphorus removal system of municipal wastewater[J]. China Water & Wastewater, 2015, 31(23): 37 – 42 (in Chinese).
- [11] 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.
- [12] 李松亚, 费学宁, 焦秀梅. 污泥膨胀关键菌—微丝菌的研究进展[J]. 水处理技术, 2018, 44(3): 11 – 16.
- Li Songya, Fei Xuening, Jiao Xiumei. Research progress on *Microthrix parvicella*—a key bacterium causing sludge bulking[J]. Technology of Water Treatment, 2018, 44(3): 11 – 16 (in Chinese).
- [13] Fan N, Qi R, Rossetti S, *et al.* Factors affecting the growth of *Microthrix parvicella*: Batch tests using bulking sludge as seed sludge[J]. Sci Total Environ, 2017, 609: 1192 – 1199.
- [14] 李茜, 杨刚. 奥贝尔氧化沟工艺中活性污泥膨胀及种群分析[J]. 延安大学学报: 自然科学版, 2017, 36(1): 78 – 81.
- Li Qian, Yang Gang. Research on activated sludge bulking and changes of microbial community structures in orbal oxidation ditch process[J]. Journal of Yan'an University: Natural Science, 2017, 36(1): 78 – 81 (in Chinese).
- [15] 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 Zhenghua, Pan Liuming, Chen Xiaou, *et al.* Changes of microbial community structure in activated sludge bulking at low temperature [J]. Environmental Science, 2016, 37(3): 1070 – 1074 (in Chinese).
- [16] Bai Y, Huo Y, Liao K, *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] 马顺君, 唐志成, 季新梁, 等. 污水厂冬季脱氮效果不佳的原因及对策[J]. 中国给水排水, 2013, 29(9): 96 – 99, 104.
- Ma Shunjun, Tang Zhicheng, Ji Xinliang, *et al.* Causes and countermeasures of low nitrogen removal efficiency at sewage treatment plant in winter[J]. China Water & Wastewater, 2013, 29(9): 96 – 99, 104 (in Chinese).



作者简介: 方雷 (1993 –), 男, 河南信阳人, 硕士研究生, 主要研究方向为污水生物处理技术。

E-mail: 13239914220@163.com

收稿日期: 2019-03-24