

土壤渗滤处理老龄养猪废水堵塞的光谱学和微生物学分析

吕晶晶^{1,2}, 龚为进¹, 窦艳艳¹, 段学军¹, 刘海芳¹, 张列宇³, 席北斗³, 于水利², 侯立安^{2,4}

1. 中原工学院能源与环境学院, 河南 郑州 450007
2. 同济大学环境科学与工程学院, 上海 200092
3. 中国环境科学研究院, 北京 100012
4. 火箭军后勤科学技术研究所, 北京 100190

摘要 土壤渗滤系统容易发生堵塞, 堵塞问题是土壤渗滤研究的热点问题。利用三维荧光光谱(3D-EEMs)、红外光谱(FTIR)、紫外-可见光谱(UV-Vis)和高通量测序的方法研究了土壤渗滤处理老龄养猪废水发生堵塞过程中的光谱学特征和微生物多样性。试验在一个小试规模的土壤渗滤系统中进行, 反应器为高50 cm、内径4 cm的有机玻璃管, 底部设置采样口, 其中填充北京市顺义区试验基地内表层土, 废水自上而下流经系统。三维荧光光谱分析表明, 系统完全堵塞之前, 经过处理之后, 溶解性有机物(DOM)转变为类富里酸, 而当系统发生了堵塞, DOM的组成基本不变, 只有进水中原本存在的类蛋白峰发生了微弱的红移, 有发生转化的趋势, 荧光峰的相对强度减弱, 表明DOM的浓度减小。红外光谱分析表明, 进出水DOM主要成分为糖类、酚类、脂类、有机酸及芳香类有机物。紫外-可见光谱分析表明, 堵塞前、堵塞时及堵塞后系统对DOM的去除率分别为17.26%, 37.24%和48.08%, 堵塞的发生对去除有色DOM浓度是有利的, 并且出水中大分子苯环结构减少。反应器发生堵塞时, 下层土壤样品微生物多样性大于上层, 细菌的群落多样性大于真菌的群落多样性。土壤样品中纲一级的主要优势细菌为Actinobacteria放线菌纲和Alphaproteobacteria α -变形菌纲的菌群, 主要优势真菌为Sordariomycetes粪壳菌纲和Eurotiomycetes散囊菌纲的菌群。研究结果可以为解决土壤渗滤堵塞问题提供科学依据, 提高土壤渗滤推广应用范围。

关键词 溶解性有机物; 土壤渗滤; 三维荧光光谱; 堵塞; 微生物多样性; 高通量测序

中图分类号: S151.9 **文献标识码:** A **DOI:** 10.3964/j.issn.1000-0593(2020)05-1541-06

引言

广大的农村地区, 小规模的生猪养殖会产生养猪废水, 这类养猪废水大多露天存放在泥坑塘中, 从而变为老龄养猪废水, 老龄养猪废水如果处理不当会引发水体富营养化。人工湿地、氧化塘和土壤渗滤等生态法是处理老龄养猪废水的比较理想的模式, 但是也存在易堵塞、不稳定等问题。

土壤渗滤系统发生堵塞, 会导致系统水力传导系数降低, 处理能力下降, 影响出水水质^[1]。堵塞问题的产生大大降低了土壤渗滤系统的大范围推广和应用^[2]。堵塞已经引起了国内外学者的广泛关注, 成为研究土壤渗滤、人工湿地等生态处理方法的热点问题之一。本研究主要运用紫外、红外、三维荧光等光谱学分析方法和高通量测序的微生物学方

法探讨堵塞形成的机理, 以期为解决土壤渗滤处理老龄养猪废水时的堵塞问题提供科学依据, 扩展土壤渗滤推广应用范围。

1 实验部分

1.1 材料与方法

采用日立F-7000型荧光分光光度计扫描污水中溶解性有机物(dissolved organic matter, DOM)的三维荧光图谱前, 首先根据所测污水中的总有机碳浓度(TOC)浓度, 再对该TOC浓度对样品进行一定倍数的稀释, 使测定水样的TOC处于一个合适的范围(TOC=10 mg·L⁻¹左右), 从而得到比较有效的三维荧光图谱。得到的三维荧光数据在进行深度处理之前进行归一化处理, 即原始数据除以TOC值。仪器参

收稿日期: 2019-03-26, 修订日期: 2019-07-21

基金项目: 河南省高等学校重点科研项目(16A560026), 中国纺织工业联合会科技指导性项目(2016039), 河南省高等学校供热空调重点学科开放实验室项目(2017HAC108), 中原工学院青年骨干教师项目(2019Z00717)资助

作者简介: 吕晶晶, 女, 1985年生, 中原工学院讲师 e-mail: zd-ljq@163.com

数设置: 激发光源为 150 W 氙弧灯, 光电倍增管电压为 700 V, 信噪比 > 110, 扫描速度 $12\ 000\ \text{nm} \cdot \text{min}^{-1}$, 激发和发射单色仪的狭缝宽度均为 10 nm, 响应时间为自动。测定时狭缝宽度均为 5 nm, 激发波长范围设为 200~400 nm, 发射波长范围设为 280~500 nm, 激发和发射光谱增量 $5\ \text{nm}^{[3]}$ 。取适量进出水滤液样品在 $-20\ ^\circ\text{C}$ 冷冻成冰块后, $-60\ ^\circ\text{C}$ 抽真空冷冻干燥, 将所得固体粉末样品以质量比 1:100 与 KBr (光谱纯) 混合均匀, 在红外灯下研磨, 再于 50~100 MPa 下压片测红外光谱。采用美国 Nicolet5DX 傅里叶红外光谱仪, 扫描范围在 $4\ 500\sim 400\ \text{cm}^{-1}$, 分辨率 $4\ \text{cm}^{-1}$, 扫描次数 16 次^[3]。采用 UNICO/UV-4802 型紫外分光光度计, 扫描波长范围为 190~700 nm, 扫描间距为 1 nm。

试验装置如图 1 所示。反应器为高 50 cm, 内径为 4 cm 的有机玻璃管, 其中填充的土壤为北京市顺义区试验基地内表层土。

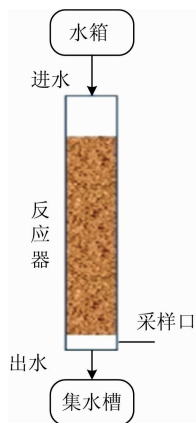


图 1 反应装置示意图

Fig. 1 Schematic diagram of reaction device

1.2 进水水质

试验用水为稀释了 10 倍的老龄养猪废水, 进水水质情况如表 1 所示。废水通过蠕动泵提升进入反应器, 水力负荷为 $6\ \text{cm} \cdot \text{d}^{-1}$, 系统前端未加预曝气系统。反应器的初始水力传导系数为 $3\ \text{m} \cdot \text{d}^{-1}$, 随后逐渐减小, 运行了 10 d 之后, 水力传导系数降为 $0.005\ \text{m} \cdot \text{d}^{-1}$, 并且土壤表层存在积水,

表 1 稀释老龄养猪废水水质

Table 1 The water quality of synthetic high ammonia nitrogen waste water

水质指标	平均值	最大值	最小值
pH 值	7.61	7.84	7.030
$\text{NH}_4^+ - \text{N}/(\text{mg} \cdot \text{L}^{-1})$	2.203	3.518	0.725
$\text{NO}_2^- - \text{N}/(\text{mg} \cdot \text{L}^{-1})$	0.028	0.032	0.022
$\text{NO}_3^- - \text{N}/(\text{mg} \cdot \text{L}^{-1})$	0.058	0.087	0.042
$\text{TN}/(\text{mg} \cdot \text{L}^{-1})$	2.979	3.677	1.198
$\text{TP}/(\text{mg} \cdot \text{L}^{-1})$	0.391	1.312	0.231
$\text{COD}/(\text{mg} \cdot \text{L}^{-1})$	296	449.5	184.6
温度/ $^\circ\text{C}$	23.5	25.2	15.0
$\text{SS}/(\text{mg} \cdot \text{L}^{-1})$	105.3	134.6	86.700

土壤渗滤系统发生了堵塞。实验中取堵塞前、堵塞时和堵塞后的三次进出水水样, 进行光谱学分析, 并取堵塞时的表层土壤、底层土壤和原位土壤做细菌和真菌的 DNA 编码分别为 16S, 18S rDNA。

2 结果与讨论

2.1 堵塞的光谱学分析

图 2(a)~(f) 分别为用 MATLAB R2009a 处理之后去除了拉曼散射和瑞利散射之后的 DOM 三维荧光图谱。由图 2(a)~(f) 可以直观的看到, 堵塞前后, 土壤渗滤系统对 DOM 的转化产生了很大影响。进水中的 DOM 主要为类酪氨酸、类色氨酸和溶解性微生物副产物 [见图 2(a), (c), (e)], 属于类蛋白质, 系统完全堵塞之前, 经过处理之后, DOM 转变为类富里酸, 属于类腐殖质类物质。而当系统发生了堵塞, DOM 的组成基本不变, 只是进水中原本存在的类蛋白峰发生了微弱的红移, 有发生转化的趋势, 荧光峰的相对强度减弱, 表明 DOM 的浓度减小。

为了进一步分析堵塞前后有机物的结构特征, 对堵塞前后进出水样品经冷冻干燥预处理之后进行了红外和紫外的扫描, 得到红外光谱和紫外光谱图。如图 3 所示为红外光谱图, 透射峰主要分布在波数 $3\ 420, 2\ 930, 1\ 650, 1\ 400, 1\ 110$ 和 $870\ \text{cm}^{-1}$ 附近, 透射峰对应的化合物和官能团如表 2 所示。其中波数 $3\ 420\ \text{cm}^{-1}$ 即波数 $3\ 400\ \text{cm}^{-1}$ 附近出现的宽吸收峰为糖、酚、溶解性蛋白和羧基的 O—H 伸缩振动峰, 该峰是由分子内和分子间羧基的氢键作用所引起; 波数 $2\ 930\ \text{cm}^{-1}$ 即 $2\ 925\ \text{cm}^{-1}$ 附近处出现的 2 个微弱的肩峰为脂肪族饱和 C—H 伸缩振动峰^[4]; 波数 $1\ 650\ \text{cm}^{-1}$ 附近为酰胺 I 带 N—H 弯曲振动、C=O 伸缩振动峰^[5-6]; $1\ 420\ \text{cm}^{-1}$ 附近为芳香羧基中的 O—H 变形、脂肪族类化合物和碳水化合物中—CH₃ 的弯曲振动及 C=O 伸长振动峰^[5]; 在 $1\ 110\ \text{cm}^{-1}$ 即 $1\ 050\ \text{cm}^{-1}$ 附近为芳香化合物和醇、多糖、羧酸、酯—C—OH 伸缩振动峰^[6-8]; 在 $870\sim 610\ \text{cm}^{-1}$ 附近为多肽和蛋白的 C—N, N—H 及苯环 C—H 弯曲振动峰^[7-8]。据此可推测本研究进出水 DOM 主要成分为糖类、酚类、脂类、有机酸及芳香类有机物。对比图 3 中 a 和 b 两条曲线, 可以发现 b 曲线在 $700\sim 620\ \text{cm}^{-1}$ 附近特征峰有所减小, 表明多肽和蛋白质类物质减少, 这与三维荧光图谱中堵塞前荧光物质在土壤渗滤系由类蛋白质物质转化为类腐殖质物质的结果相一致。对比图 3 中 c 和 d 两条曲线, 可以看到 d 曲线在 870 和 $700\ \text{cm}^{-1}$ 附近透射率减小, 即峰变窄, 表明其对应的物质增多, 多肽、蛋白和含苯环类物质增多, 这可能与微生物活动产生的代谢产物等有关。

研究表明, 紫外-可见吸收光谱可以揭示 DOM 组成的宏观信息。图 4 为堵塞前后 DOM 的紫外-可见吸收特征光谱图。表 3 为堵塞前后 DOM 的紫外-可见吸收光谱特征参数。 $a_{355}\ \text{m}^{-1}$ 为波长为 355 nm 处的吸光系数^[9], 通过公式 $a_{355} = A_{355} \times 2.303/L$ 计算, 其中 A_{355} 为波长 355 nm 对应的吸光度, L 为光程即比色皿宽度 0.01 m; E_{253}/E_{203} 为波长

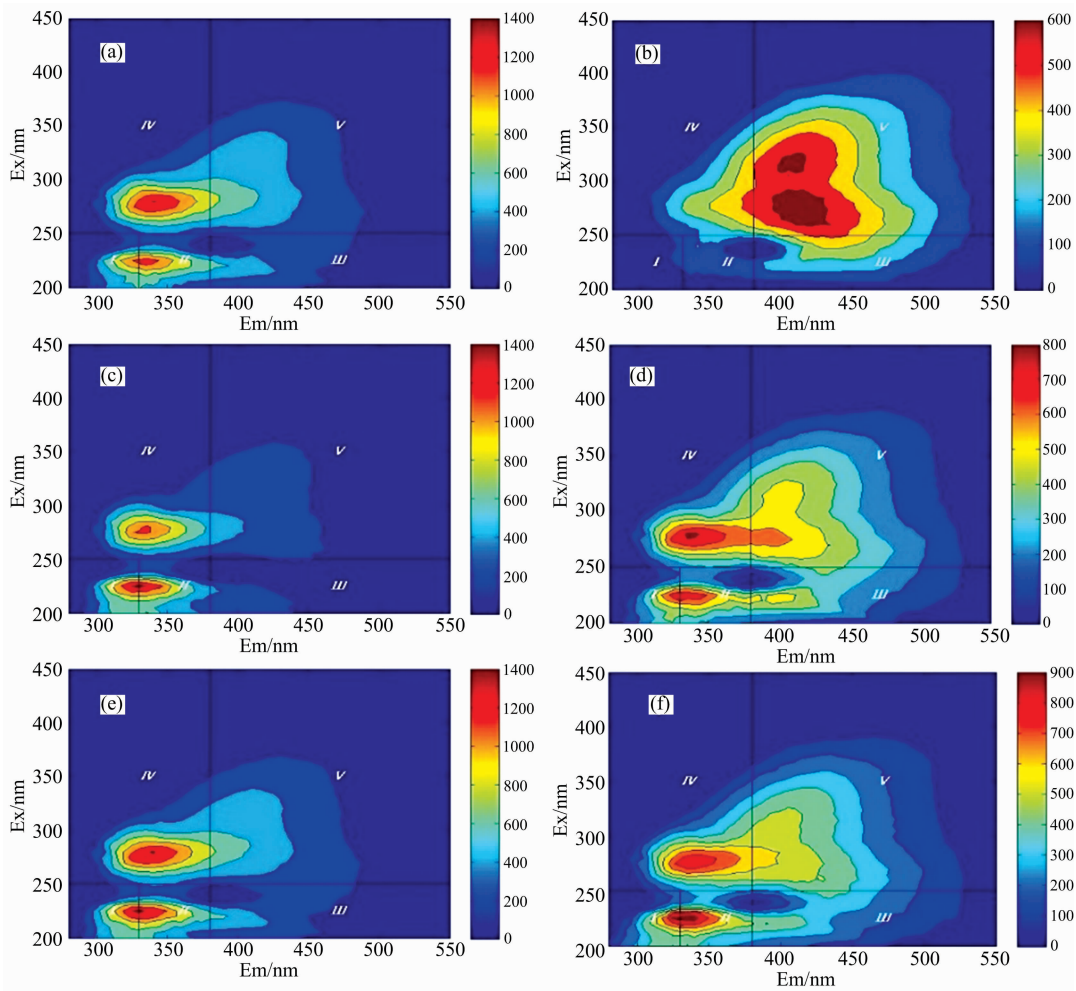


图 2 进出水 DOM 三维荧光光谱

(a) 和 (b) 分别为堵塞前进水、出水的三维荧光光谱; (c) 和 (d) 分别为堵塞时进水、出水的三维荧光光谱; (e) 和 (f) 分别为堵塞后进水、出水的三维荧光光谱

Fig. 2 DOM EEM spectra of inlets and outlets

(a): DOM EEMs spectra of inlets before blocking, (b): DOM EEMs spectra of outlets before blocking; (c): DOM EEMs spectra of inlets before blocked; (d): DOM EEMs spectra of outlets when blocked; (e): DOM EEMs spectra of inlets after blocked, (f): DOM EEMs spectra of outlets after blocked

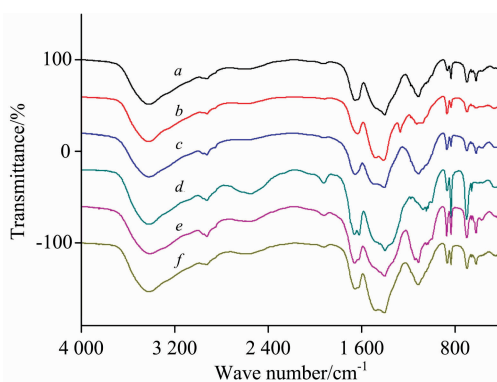


图 3 堵塞前后溶解性有机物傅里叶变换红外光谱

Fig. 3 FTIR spectra of DOM before and after cloggings

253 nm 处的吸光度与 203 nm 处的吸光度比值; S_R 为 \ln

(275)~ln(295) 和 $\ln(350) \sim \ln(400)$ 拟合直线斜率的比值; $SUVA_{254}$ 为波长 254 nm 处单位 DOC 浓度的吸光度, 通过公式 $SUVA_{254} = 100 \times A_{254} / DOC$ 计算; $A_{226 \sim 250}$ 和 $A_{260 \sim 400}$ 分别为对波长 226~250 nm 和波长 260~400 nm 范围内的吸光度做面积积分所得的值^[1]。

a_{355} 为表征有色 DOM 浓度的重要指标, 堵塞前、堵塞时及堵塞后系统对 a_{355} 的去除率分别为 17.26%, 37.24% 和 48.08%, 可见堵塞的发生对去除有色 DOM 浓度是有利的, 这是由于堵塞使进水的的水力停留时间变长所导致的。 E_{253} / E_{203} 可以代表有机质芳香环上的取代基种类和程度, 当取代基中脂肪链含量越多时其值越小, 当取代基中羰、羟基、羧基及酯类含量增多时, 该值则变大, 堵塞过程中, 该值变小, 表明 DOM 芳香环取代基中脂肪链的含量增多。 S_R 值的大小与有机物分子量有关, 此值越大, 有机物分子量越小, 堵塞过程中, 该值变小, 表明有机物分子量变大。 $SUVA_{254}$ 值越

表 2 堵塞前后傅里叶红外光谱特征峰对应的化合物和官能团

Table 2 Compounds and functional groups corresponding to the FTIR peaks before and after cloggings

波数/cm ⁻¹	特征峰对应的化合物和官能团
3 400~3 000	羟基的 O—H 伸缩、氨基 N—H 振动吸收峰
3 000~2 800	脂肪族甲基和亚甲基 C—H 键伸缩
1 690~1 600	酰胺 I 带 C=C 振动、芳香 C=C 骨架振动及分子间或分子内氢键的羧酸 C=O 的伸缩振动
1 625	苯环、烯烃类 C=C, 羧酸 C=O 伸缩振动
1 570~1 520	酰胺 II 带 C=O 及仲酰胺 N—H 振动峰
1 420~1 350	芳香环类的吸收峰或对称羧酸根阴离子的伸缩振动
1 200~1 000	醇、脂、醚及羧酸的 C—O 伸缩峰
1 120~950	多糖类或多糖类物质、碳水化合物及酯的 C—O 伸缩
870~610	C—N, N—H 及苯环 C—H 面外弯曲(肽类、蛋白质)

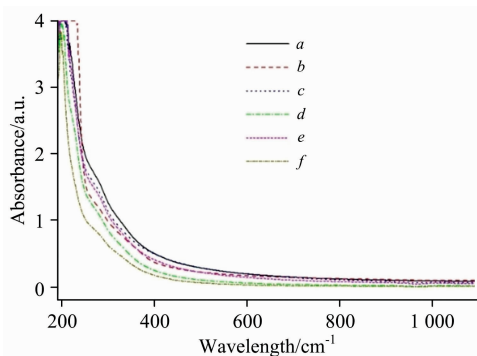


图 4 堵塞前后 DOM 紫外-可见吸收特征光谱

Fig. 4 UV-Vis absorption spectra of DOM before and after cloggings

表 3 堵塞前后溶剂性有机物的紫外-可见吸收光谱特征参数
Table 3 UV-Vis absorption spectral characteristic parameters of DOM

水样品序号	a_{355}	$E_{253/203}$	S_R	$SUVA_{254}$	$A_{226\sim 250}$	$A_{260\sim 400}$
a	169.52	0.48	1.18	16.54	58.62	143.49
b	140.26	0.37	0.78	21.48	69.72	111.71
c	157.85	0.44	1.47	24.09	53.32	131.31
d	99.07	0.37	0.94	17.89	44.22	92.17
e	140.98	0.42	1.18	23.17	52.90	122.02
f	73.20	0.30	0.85	13.59	30.28	67.66

注: a 和 b 分别表示堵塞前进、出水, c 和 d 分别表示堵塞时进、出水, e 和 f 分别表示堵塞后进、出水

大, EOM 的芳香性就越大^[2], 其组分中包含的含苯环化合物就越多, 堵塞发生后, 该值变小, 表明出水组分中含苯环化合物减少。波长 226~250 nm 处的吸收带主要由不饱和和 $\pi-\pi$ 键产生, 波长 260~400 nm 处吸收带主要由苯环结构产生, 因此该波段吸收峰面积积分大小 $A_{226\sim 250}$ 和 $A_{260\sim 400}$ 能体现大分子苯环结构变化信息, 堵塞发生时这两个值均变小, 表明

出水中大分子苯环结构减少, 这与其他几个紫外吸收特征指标结果相一致。

2.2 堵塞的微生物学分析

为了阐释堵塞发生的微生物学机理, 取堵塞时的表层土壤 S1、底层土壤 X1, 做了细菌和真菌的 16S rDNA 和 18S rDNA, 同原位土壤 Y1 的菌群进行微生物多样性分析比较。细菌 16S 样品 PCR 扩增引物为 338F_806R, 真菌 18S 样品 PCR 扩展引物为 SSU0817F_1196R。PCR 扩增完成后进行纯化, 并用 Picogreen 染料荧光计对 PCR 产物进行定量并均一化混匀, 而后对 PCR 产物进行测序, 测序平台为 Illumina MiSeq, 测序工作由上海美吉生物医药科技有限公司完成, 部分生物信息分析在该公司的 I-Sanger 云平台上完成。

本研究通过 Simpson 指数和 Shannon 指数来研究环境中微生物的多样性。Simpson 指数值越大, 表明群落多样性越低。Shannon 值越大, 表明群落多样性越高。计算出细菌 16S rDNA 在 OUT 水平下原位土壤 Y1、表层土壤 S1、底层土壤 X1 的 Simpson 指数分别为 0.004 4, 0.057 3 和 0.004 0, Shannon 指数分别为 5.877 0, 4.560 8 和 6.037 4; 真菌 18S rDNA 在 OUT 水平下原位土壤 Y1、表层土壤 S1、底层土壤 X1 的 Simpson 指数分别为 0.105 2, 0.328 8 和 0.097 9, Shannon 指数分别为 2.794 9, 1.506 8 和 2.879 8。从 Simpson 指数来看, 细菌 16S rDNA 的群落多样性为 $X1 > Y1 > S1$; 真菌 18S rDNA 的群落多样性也为 $X1 > Y1 > S1$ 。并且细菌的群落多样性大于真菌的群落多样性。堵塞时表层土壤 S1 的群落多样性最低, 分析认为由于表层土壤受到进水的冲击负荷最大。底层土壤 X1 的群落多样性最大, 比原位土壤 Y1 的群落多样性要大, 表明土壤渗滤系统中的污水进入土壤之后微生物群落多样性增加, 比较三者微生物群落组成特性, 有可能揭示引发堵塞的主要微生物群落。

真菌中, S1 样品中纲一级的优势菌主要包括 Gammaproteobacteria(相对丰度 36.5%) γ -变形杆菌纲, Betaproteobacteria(13.4%) β -变形菌纲, Actinobacteria(11.5%)放线菌纲和 Alphaproteobacteria(8.5%) α -变形菌纲; Y1 样品中纲一级的优势菌主要包括 Actinobacteria(36.2%)放线菌纲, Alphaproteobacteria(18.7%) α -变形菌纲, Acidobacteria(8.7%)酸杆菌纲和 Betaproteobacteria(7.2%) β -变形菌纲; X1 样品中纲一级的优势菌主要包括 Actinobacteria(22.8%)放线菌纲, Acidobacteria(15.5%)酸杆菌纲, Alphaproteobacteria(12.8%) α -变形菌纲和 Clostridia(10.4%)梭状芽孢杆菌纲。可见, 三样品在纲一级的优势细菌都含有 Actinobacteria 和 Alphaproteobacteria 两类。S1 样品中属一级的优势菌主要有 Arenimonas(22.2%)铁矿沙单孢菌, Ramlibacter(4.6%)分枝杆菌和 Nannocystis(3.4%)纳囊藻属; Y1 样品中属一级的优势菌主要有 norank_c_Acidobacteria(6.0%)酸杆菌纲, norank_f_Nitrosomonadaceae(3.6%)亚硝化单胞菌属和 Gaiella(2.6%); X1 样品中属一级的优势菌主要有 norank_c_Acidobacteria(11.4%)嗜酸细菌属, norank_c_KD4-96(3.7%)和 Gracilibacter(2.8%)纤细杆菌属。

细菌中, S1 样品中纲一级的优势菌主要包括 unclassified_d_Eukaryota(相对丰度 49.8%)真核生物纲, Intrama-

cronucleata(40.0%)髓内核瘤纲, Sordariomycetes(3.4%)粪壳菌纲和 Eurotiomycetes(2.1%)散囊菌纲; Y1 样品中纲一级的优势菌主要包括 Sordariomycetes(37.2%)粪壳菌纲, Dothideomycetes 座囊菌纲(30.5%), Eurotiomycetes(10.0%)散囊菌纲和 norank_k_Fungi(5.4%)真菌纲; X1 样品中纲一级的优势菌主要包括 Sordariomycetes(45.6%)粪壳菌纲, norank_k_Fungi(13.6%)真菌纲, Dothideomycetes(11.6%)座囊菌纲和 Eurotiomycetes(10.4%)散囊菌纲。可见, 样品 Y1 和 X1 在纲一级的优势真菌完全相同。S1 样品中属一级的优势菌主要有 unclassified_d_Eukaryota(49.8%)真核生物, norank_f_Colpodea(22.3%)有足类纤毛虫和 Pseudoplatyophyra(17.4%)假盘藻; Y1 样品中属一级的优势菌主要有 unclassified_o_Pleosporales(25.4%)格孢腔菌, norank_o_Sordariales(17.2%)粪壳菌和 Fusarium(14.5%)镰刀菌; X1 样品中属一级的优势菌主要有 norank_o_Sordariales 粪壳菌(21.5%), unclassified_o_Sordariales 粪壳菌(13.9%)和 norank_k_Fungi(13.6%)真菌。

References

- [1] Wei D, Ngo H H, Guo W S, et al. *Bioresource Technol.*, 2018, 249(41): 10.
- [2] Chen W B, Smith D S, Gueguen C. *Chemosphere*, 2013, 92(4): 351.
- [3] Guo X J, He X S, Zhang H, et al. *Microchem. J.*, 2012, 102(1): 15.
- [4] He X S, Xi B D, Jiang Y H, et al. *Microchem. J.*, 2013, 106(1): 60.
- [5] Li T Q, Liang C F, Han X, et al. *Chemosphere*, 2013, 91(7): 970.
- [6] Xi B D, He X S, Wei Z M, et al. *Chemosphere*, 2012, 88(6): 744.
- [7] Li M, Zhang A F, Wu H M, et al. *J. Hazard. Mater.*, 2017, 334: 86.
- [8] Salve P R, Lohkare H, Gobre T, et al. *B. Environ. Contam. Tox.*, 2012, 88(2): 215.
- [9] He X S, Xi B D, Zhang P, et al. *China Environ. Sci.*, 2015, 35(3): 862.

Spectroscopy and Microbiological Analysis of Soil Infiltration Clogging in Treating Aged Swine Wastewater

LÜ Jing-jing^{1,2}, GONG Wei-jin¹, DOU Yan-yan¹, DUAN Xue-jun¹, LIU Hai-fang¹, ZHANG Lie-yu³, XI Bei-dou³, YU Shui-li², HOU Li-an^{2,4}

1. School of Energy and Environment, Zhongyuan University of Technology, Zhengzhou 450007, China

2. College of Environmental Science and Engineering, Tongji University, Shanghai 200092, China

3. Chinese Research Academy of Environmental Science, Beijing 100012, China

4. Rocket Army Logistics Science and Technology Institute, Beijing 100190, China

Abstract Three-dimensional fluorescence spectroscopy (3D-EEMs), infrared spectroscopy, ultraviolet-visible spectroscopy and high-throughput sequencing were used to study the spectral characteristics and microbial diversity during the clogging process of soil infiltration treatment of aged swine wastewater. The experiment was carried out in a pilot scale soil infiltration system. Before the system was completely blocked, DOM was converted to fulvic acid after treatment. When the system was blocked, the composition of DOM remained basically unchanged, but the original protein-like peaks in the influent had a weak red shift, a trend of transformation, and the relative intensity of fluorescence peaks decreased, indicating that the concentration of DOM decreased. The main components of DOM were carbohydrates, phenols, lipids, organic acids and aromatic organic compounds. The occurrence of clogging was beneficial to the removal of colored DOM concentration, and the macromolecular benzene ring structure in the effluent decreases. When the reactor was blocked, the microbial diversity of the lower soil samples was greater

3 结 论

(1)系统完全堵塞之前, 经过处理之后, DOM 转变为类富里酸, 属于类腐殖质类物质。而当系统发生了堵塞, DOM 的组成基本不变, 只是进水中原本存在的类蛋白峰发生了微弱的红移, 有发生转化的趋势, 荧光峰的相对强度减弱, 表明 DOM 的浓度减小。

(2)进出水 DOM 主要成分为糖类、酚类、脂类、有机酸及芳香类有机物。堵塞的发生对去除有色 DOM 浓度是有利的, 并且出水中大分子苯环结构减少。

(3)反应器发生堵塞时, 下层土壤样品微生物多样性要大于上层, 细菌的群落多样性要大于真菌的群落多样性。土壤样品中纲一级的主要优势细菌为 Actinobacteria 放线菌纲和 Alphaproteobacteria α -变形菌纲的菌群, 主要优势真菌为 Sordariomycetes 粪壳菌纲和 Eurotiomycetes 散囊菌纲的菌群。

than that of the upper soil samples, and the bacterial community diversity was greater than that of the fungi community. Actinobacteria and Alpha haproteobacteria alpha-proteus were the dominant bacteria, and the dominant fungi were Sordariomycetes and Eurotiomycetes.

Keywords Dissolved organic matter; Soil infiltration; Three-dimensional excitation-emission matrix fluorescence spectroscopy; Clogging; Microbial diversity; High-throughput sequencing (HTS)

(Received Mar. 26, 2019; accepted Jul. 21, 2019)

本 刊 声 明

近期以来,一些不法分子假冒《光谱学与光谱分析》期刊社名义,以虚假网站等形式欺骗广大作者、读者。这些虚假网站公然假冒《光谱学与光谱分析》期刊名义进行大肆的征稿并骗取作者的审稿费和版面费。经部分作者及读者举报,现有关部门已就此介入调查。本刊将通过法律途径向假冒者追究相应的责任,维护本刊权利。

本刊官方网站已正式开通,网址为

<http://www.gpxygpx.com/>

在此郑重声明,本网址为《光谱学与光谱分析》期刊唯一开通运行的官方网站。本刊从未授权任何单位或个人以任何形式(包括网上网下)代理本刊征稿、审稿等业务。

希望广大读者和作者切实维护好自身的合法权益,防止受骗上当。

《光谱学与光谱分析》期刊社

2019年3月15日