环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社

2020

Vol.41 No.1

第41卷 第1期

环境科学
(HUANJING KEXUE)
ENVIRONMENTAL SCIENCE
第41卷 第1期
2020年1月15日

目 次

Eco-Environmental Knowledge Web
环 境 科 学
Environmental Science
第41卷第1期 2020年1月
Vol.41, No.1 Jan., 2020

淀粉废水处理系统中活性污泥的微生物群落结构及多样性分析

赵婷婷[1], 乔凯[1], 王蕾[1], 张伟[1], 竺建荣[1*], 唐一[2,3], 胡滨[2], 王香莲[2,3], 杨静[4], 景在涛[4]
(1. 北京师范大学环境学院,北京 100875; 2. 南方科技大学工程技术创新中心,北京 100083; 3. 北京南科大蓝色科技有限公司,北京 100083; 4. 山东西王糖业有限公司,邹平 256209)

摘要: 为探究淀粉废水处理活性污泥中微生物的群落结构及多样性,基于 Illumina MiSeq 高通量测序方法,分析了不同运行阶段的 A/O 处理系统中活性污泥的微生物群落与多样性组成. 结果表明,A/O 系统中处理淀粉生产废水的活性污泥在同一种废水下微生物群落结构总体比较稳定,优势细菌主要为变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、绿弯菌门(Chloroflexi)、厚壁菌门(Firmicutes)和放线菌门(Actinobacteria)等;最重要优势细菌类群为变形菌门(45.66%~66.30%),其中 γ-亚纲细菌是其主要成员,占比 36.38%~66.65%. 优势拟杆菌门主要成员鞘脂杆菌纲在污泥沉降性能较好时其占比下降,但绿弯菌门主要成员厌氧绳菌纲在污泥沉降性能较好时其占比明显增加,变化趋势正好相反,或许它们二者之间的耦合变化与污泥沉降性能变化密切相关. 活性污泥样品中存在大量特殊功能菌群,它们在活性污泥的污染物分解和氮磷去除中发挥重要作用.

关键词:细菌群落结构;生物多样性;活性污泥;高通量测序;淀粉废水
中图分类号: X172 **文献标识码**: A **文章编号**: 0250-3301(2020)01-0321-09 **DOI**: 10.13227/j.hjkx.201905116

Measurements of Bacterial Community and Biodiversity from Activated Sludge for a Wastewater Treatment Containing Starch

ZHAO Ting-ting[1], QIAO Kai[1], WANG Lei[1], ZHANG Wei[1], ZHU Jian-rong[1*], TANG Yi[2,3], HU Bin[2], WANG Xiang-lian[2,3], YANG Jing[4], JING Zai-tao[4]
(1. School of Environment, Beijing Normal University, Beijing 100875, China; 2. Innovative Engineering Center, Southern University of Science and Technology, Beijing 100083, China; 3. Beijing SUSTech Blue Science & Technology Co., Ltd., Beijing 100083, China; 4. Shandong Xiwang Sugar Industry Co., Ltd., Zouping 256209, China)

Abstract: This study analyzes the microbial community and diversity composition of activated sludge in anoxic/oxic (A/O) treatment systems at different operation stages using Illumina MiSeq high-throughput sequencing to investigate the microbial community structure and diversity in activated sludge for starch wastewater treatment. The experimental results showed that the microbial community structure of activated sludge for starch production wastewater treatment in A/O systems was quite stable under the same wastewater condition, and that the dominant bacteria of the activated sludge were Proteobacteria, Bacteroidetes, Chloroflexi, Firmicutes, and Actinobacteria. The most important dominant bacterial group was Proteobacteria (45.66%-66.30%), of which γ-subclass bacteria were the main member and occupied 36.38%-66.65%. The proportion of Sphingobacteria, the main member of the Bacteroidetes, decreased when the sludge settling performance was better, but the proportion of Anaerolineae, the main member of Chloroflexi, increased significantly when the sludge sedimentation performance was better. These changes may have been closely related to the behavior of sludge settleability. There were a large number of functional bacteria in the activated sludge, which played an important role in the degradation of pollutants and in nitrogen and/or phosphorus removal.

Key words: bacterial community structure; biodiversity; activated sludge; high-throughput sequencing; waste water containing starch

活性污泥系统是一种以生物处理技术为主的污水处理工艺,目前已经广泛应用于各种污水处理厂(WWTPs)的城市污水处理或工业有机废水处理. 活性污泥含有高度复杂的微生物群落,对污染物的去除起着至关重要的作用,微生物的群落结构很大程度上会影响污水处理系统的整体运行性能. 在迄今为止发现的污水处理系统中,绝大部分细菌属于变形菌纲,拟杆菌纲、放线菌纲等[1]. 大量研究表明,不同废水处理系统存在着不同微生物群落[2,3]. 另一方面,即使同一种废水,活性污泥的微生物群落组成也可能随水质或浓度波动而发生变化,以响应或维持处理系统的稳定运行[4]. 因此,对实际污水活性污泥中微生物群落结构及多样性进行研究,有助于阐明活性污泥变化的微生物学机制并提供处理系统稳定运行的技术帮助.

藉助传统的分离培养实验操作,只能获取很有

收稿日期: 2019-05-16; **修订日期**: 2019-07-30
基金项目: 国家自然科学基金项目(51578069);北京市重点研发计划项目(171100000717012)
作者简介: 赵婷婷(1995~),女,硕士研究生,主要研究方向为水污染控制工程,E-mail:954962316@qq.com
* 通信作者,E-mail:zjrtshua@hotmail.com

限的样品微生物多样性及群落结构信息[5]. 分子生物学技术的发展应用,提供了微生物群落的新研究方法,使微生物群落组成能更加全面准确地呈现出来[6,7]. Illumina MiSeq 高通量测序,增加了微生物群落分析中的测序深度,同时降低了实验成本,错误率低,已经成功应用于食品[5]、土壤[8]、湖泊[9]、植物[10]和生物膜[11,12]等样品的微生物群落分析. 对实际活性污泥的高通量分析,尤其是发生污泥膨胀的活性污泥的研究,还是相对较少的. 高晨晨等[13]的研究表明丝状菌膨胀对主要污染物的去除效果影响不大,对主要菌群的丰度影响不大;端正花等[14]的研究表明其研究的丝状菌污泥膨胀的优势丝状菌为腐螺旋菌科的 *Saprospiraceae* 和黄杆菌科的 *Flavobacteriales*. 同样是发生污泥膨胀,不同的活性污泥其中起着重要作用的菌也是不同的,因此,对于活性污泥样品特别是来自实际污水处理系统的分析是十分有必要的.

本实验选取某淀粉生产废水处理的活性污泥进行实验研究,该废水组分比较复杂而且浓度多变,因此导致现有 A/O 处理系统的活性污泥结构和活性不太稳定. 为更好地了解活性污泥微生物群落结构和多样性变化,寻求更稳定的处理系统运行控制,采用 Illumina MiSeq 高通量测序技术,对淀粉废水 A/O 处理系统活性污泥的微生物群落与多样性结构从不同水平进行分析,以期获得更多更全面的活性污泥微生物群落结构和多样性信息.

1 材料与方法

1.1 样品采集

活性污泥样品取自华北地区某污水处理厂,该厂采用玉米淀粉生产多种产品,因此,最终废水组分复杂且浓度多变. 混合废水采用 A/O 处理工艺. 根据处理系统的表现特征即稳定运行和波动变化阶段按要求进行取样,分别在 2018 年 7 月中、8 月底和 2019 年 1 月中取样品 3 个,分别以样品号 1、2 和 3 表示,其中 8 月的污泥沉降性能较好, 2018 年 7 月和 2019 年 1 月的样品沉降性能较差,出现轻度活性污泥膨胀现象. 取样后污泥在 24 h 内送到实验室,然后马上进行实验测定分析或样品处理. 剩余样品于 −80℃ 冰箱保存.

1.2 实验方法

1.2.1 运行参数测定

采用国家标准方法进行测定化学需氧量(COD)、污泥浓度(MLSS)、总磷(TP)、氨氮(NH_4^+-N)、污泥指数(SVI)、污泥负荷(F/M)和污泥龄(SRT)等运行参数[15,16].

1.2.2 电镜观察

样品经离心去除上清后浸没在 25% 戊二醛中固定,于 4℃ 冰箱放置 24 h 后依次经体积分数为 50%、70%、85%、95% 和 100% 的酒精脱水. 采用临界点干燥法干燥,干燥完成后将样品粘至金属台,喷金处理,采用扫描电子显微镜(FE-SEM Hitachi SU8010,日本)进行观察.

1.2.3 粒度测定

活性污泥絮体粒径分布采用激光粒度分析仪(Malvin Mastersizer 3000,英国)测量. 测定时根据仪器测定程序进行操作,当粒度较小的时候加样量较少,实验加样量 1 ~ 5 mL.

1.2.4 DNA 提取

活性污泥中微生物的 DNA 按照 OMEGA 试剂盒说明书的方法和步骤进行提取.

1.2.5 PCR 扩增及测序

依托北京美吉桑格生物医药科技有限公司进行 Illumina MiSeq 高通量测序. 扩增 16S rDNA 的 V3-V4 区域,细菌的 PCR 引物为通用引物,338F: ACTCCTACGGGAGGCAGCAG 和 806R: GGACTACHVGGGTWTCTAAT. 使用 2% 琼脂糖凝胶回收 PCR 产物,利用 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit (Axygen Biosciences, Union City, CA, USA) 进行纯化,Tris-HCl 洗脱, 2% 琼脂糖电泳检测. 利用 QuantiFluor™-ST (Promega, USA) 进行检测定量. 根据 Illumina MiSeq 平台 (Illumina, San Diego, USA) 标准操作规程将纯化后的扩增片段构建 PE 2*300 的文库.

1.3 数据分析

通过美吉云平台 iSanger 进行数据的分析整理. Illumina MiSeq 测序得到的是双端序列数据. 首先根据 PE reads 之间的 overlap 关系,将成对 reads 拼接(merge)成一条序列,同时对 reads 质量和 merge 效果进行质控过滤,根据序列首尾两端的 barcode 和引物序列区分样品得到有效序列,并校正序列方向,即为优化数据.

数据去杂的方法为:①过滤 reads 尾部质量值 20 以下的碱基,设置 50 bp 的窗口,如果窗口内的平均质量值低于 20,从窗口开始截去后端碱基,过滤质控后 50 bp 以下的 reads,去除含 N 碱基的 reads. ②根据 PE reads 之间的 overlap 关系,将成对 reads 拼接(merge)成一条序列,最小 overlap 长度为 10 bp. ③拼接序列的 overlap 区允许的最大错配比率为 0.2,筛选不符合序列. ④根据序列首尾两端的 barcode 和引物区分样品,并调整序列方向,barcode 允许的错配数为 0,最大引物错配数为 2.

2　结果与讨论

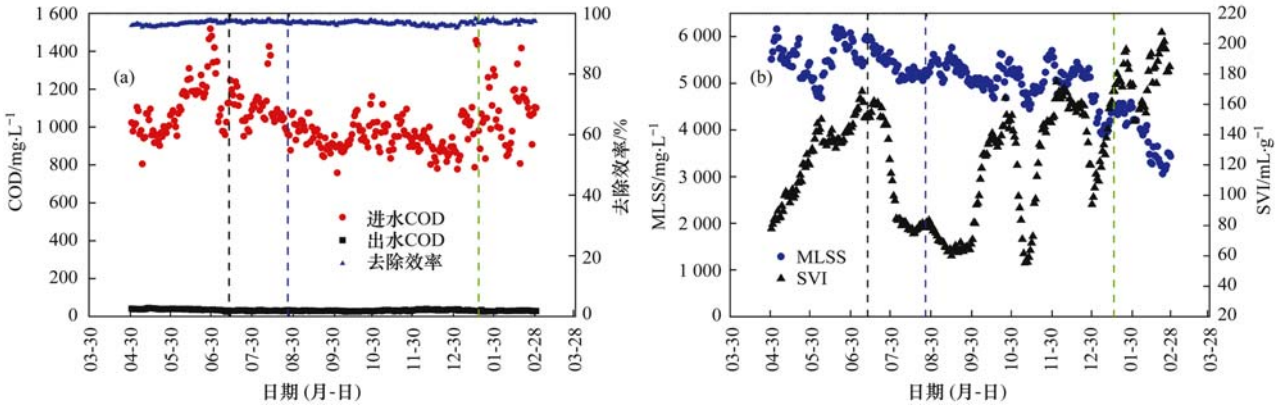
2.1　A/O 处理系统基本运行性能

2018 年 5 月至 2019 年 2 月 A/O 系统的基本运行性能见表 1，运行系统的 COD 去除效率及 SVI 变化见图 1. 从表 1 中可以看出，该处理工艺总体运行性能比较平稳，尽管进水 COD 波动较大，高低相差可达 2 倍多，但出水 COD 相当稳定，一般维持在 20 ~40 mg·L^{-1}水平，有时会稍稍高一点，大概接近 45 mg·L^{-1}左右. 氨氮去除效果很好，出水氨氮仅在 0.2 ~0.5 mg·L^{-1}. 总磷去除效果良好，出水 P 含量很低，去除率最高可达 99%. 值得注意的是，从图 1 可以看出，该处理系统活性污泥性能变化较大，污泥沉降性能改变明显. 5 月初污泥沉降性能较好，但之后沉降性能变差，SVI 值持续上升，在 7 月最高达到 168 mL·g^{-1}，出现污泥膨胀现象；尔后污泥性能逐渐改善，8 月 SVI 恢复到 5 月水平，9 月沉降性能保持最好. 此后，从 10 月开始，SVI 又从 60 急剧增加到 164 mL·g^{-1}，出现轻度活性污泥膨胀现象. 虽然采取增加污泥回流量和进水中加化合物抑制丝状菌生长等调控方法使 SVI 回复到 60 mL·g^{-1}左右，但最后 SVI 值又重复上升，最高达到 196 mL·g^{-1}，呈现明显的污泥膨胀现象. 由于活性污泥性能与其微生物群落结构及多样性紧密相关，因此，分析测定活性污泥微生物群落结构及多样性变化，对更好地了解污水水质和浓度变化而产生的污泥结构与性能变化很有必要.

表 1　A/O 系统基本运行性能

Table 1　Main operational properties of the A/O wastewater treatment system

项目	参数	最小值	最大值	平均值
进水	COD/mg·L^{-1}	758.10	1 518.75	1 027.51
	TP/mg·L^{-1}	9.06	60.60	36.77
	NH_4^+-N/mg·L^{-1}	3.93	156.33	72.01
出水	COD/mg·L^{-1}	24.33	44.66	32.23
	TP/mg·L^{-1}	0.05	1.01	0.23
	NH_4^+-N/mg·L^{-1}	0.2	0.5	0.3
污泥性能	SVI/mL·g^{-1}	55.55	207.54	125.83
	F/M(以 BOD_5/VSS 计)/kg·(kg·d)$^{-1}$	0.064	0.264	0.187
	MLSS/mg·L^{-1}	3 060.66	6 197.66	5 064.37
	SRT/d	5.5	79.0	20.3



(a) COD 去除；(b) 活性污泥沉降性能；图中 1、2 和 3 分别表示样品 1、2 和 3

图 1　A/O 处理系统 COD 去除和活性污泥沉降性能

Fig. 1　COD removal and sludge settleability of the A/O wastewater treatment system

2.2　活性污泥粒径测定和微生物观察

3 次取样结果相近，典型的一次测定结果如图 2 所示，为样品 2 的粒径分布. 从中可以看出，污泥粒径呈正态分布，在粒径 86.35 μm 占比最大，达 7.95%，是典型的絮体状活性污泥.

活性污泥的 SEM 观察结果见图 3. 在低放大倍数下，可以看出活性污泥表面凹凸不平，不同区域均分布着大量丝状菌，结构比较松散. 活性污泥由大量不同形态的微生物组成，主要以丝状菌为主，同时还含有其他杆菌和球菌等. 丝状菌较其它细菌大，且表面粗糙，较大的丝状菌作为活性污泥骨架，穿插在活性污泥中间存在一些小型丝状菌与其它类型细菌缠绕形成的细菌团块. 大量丝状细菌的存在可能是导致污泥沉降性能不好的部分原因.

2.3　微生物群落和多样性的高通量测序分析

高通量分析样品共3个，分别以样品1、2和

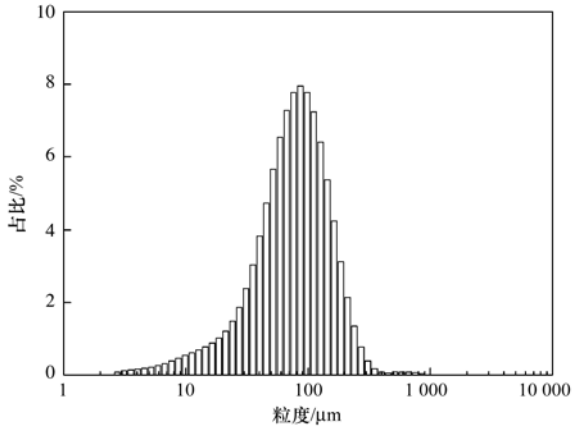


图 2 活性污泥粒径分布

Fig. 2 Particle size distribution of the activated sludge

3 号表示. 通过高通量测序,对序列进行质量控制后,根据差异水平 0.03 的水平上聚类得到操作分类单元(OTU). 经分析, 3 个活性污泥样品共得到了 186 478条序列,样品 1 得到了73 328条序列,样品 2 得到了49 154条序列,样品 3 得到了63 996条序列.

根据测序结果,绘制 Venn 图(见图 4). 从中可以看出, 3 个活性污泥样品的 OTU 数目为 747 ~ 964,说明淀粉废水活性污泥中微生物多样性较高. 3 个活性污泥样品共同存在的菌占多数(559 个),样品 1 的 OTU 数目最多,而样品 3 的 OTU 数目最少. 由此说明,不同形态与结构的活性污泥微生物群落分布有一定稳定性,在同一种废水条件下,活性污泥微生物总体种类变化相对不大,共同细菌占多,微

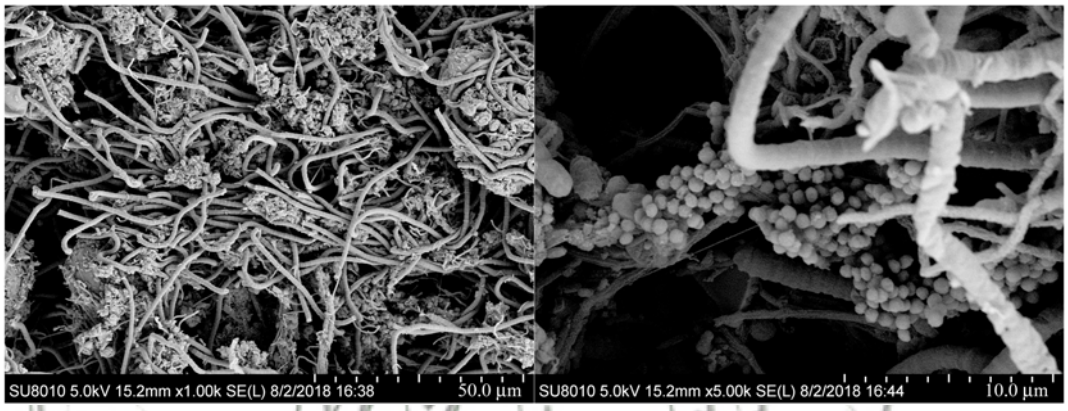


图 3 活性污泥扫描电镜观察

Fig. 3 SEM observation of the activated sludge

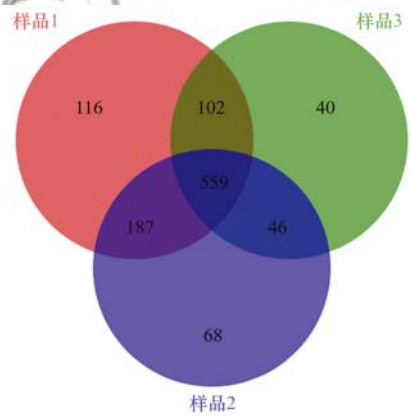


图 4 Venn 图

Fig. 4 Venn diagram

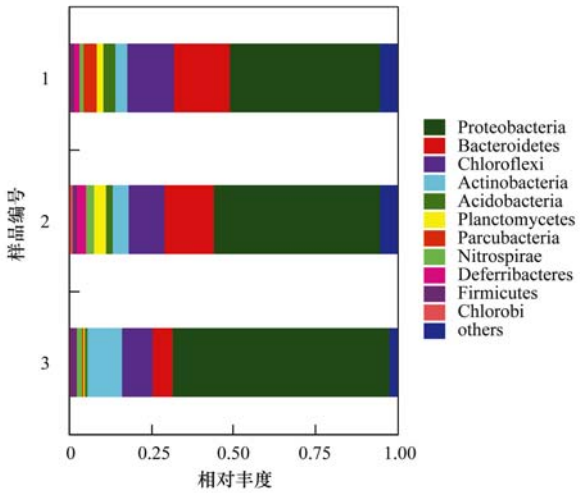


图 5 活性污泥中优势类群分类(门水平)

Fig. 5 Phyla classification of bacteria in the activated sludge

生物种群有相当程度的稳定性.

细菌高通量测序结果在门水平上的优势种群如图 5 所示,从中可以看出, 3 个活性污泥样品中优势类群主要分布在变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、绿弯菌门(Chloroflexi)和放线菌门(Actinobacteria). 前 3 个门在很多环境样品中占比也都较大[17~19]. 在本实验活性污泥样品中,占绝对优势的微生物群落是变形菌门 45.66% ~ 66.30%. 总体来说,随着时间推移,变形菌门、放线菌门占比相应增加,拟杆菌门、绿弯菌门占比则逐渐降低. 结合已有研究中发表的不同活性污泥中优势种群的结构组成(见表 2),与本研究样品相比,可以看出普通生活污水、城市污水的变形菌门占比低于工业有机废水;而在变形菌门中,α-变形菌纲在工

表 2　不同活性污泥微生物主要类群比较/%

Table 2　Comparison of main microbial groups in different activated sludges/%

污泥来源	Proteobacteria	Bacteriodetes	Chloroflexi	Actinobacteria	Firmicutes	α-Proteobacteria	γ-Proteobacteria	δ-Proteobacteria	β-Proteobacteria	文献
淀粉废水	46 ~ 66	6 ~ 17	9 ~ 14	4 ~ 11	1 ~ 2	20 ~ 37	36 ~ 67	8 ~ 15	6 ~ 14	本研究
皂化废水	80	18	1	3	—	32 ~ 62	12 ~ 22	1 ~ 3	~	[20]
生活污水	52.00	22.35	—	—	1	5	5	10	30	[21]
加工废水	78	9	2	2,	—	—	—	—	—	[22]
市政污水	42	21	6.50	4	6	3	10	5	21	[23]
生活污水	31	6	8	8	—	—	—	—	—	[24]
市政污水	45 ~ 69	7 ~ 18	—	10 ~ 19	3 ~ 6	4	50	—	5	[25]

1)“—”表示文章中没有相关数据

业废水中的占比远高于普通生活污水和城市污水.

在变形菌门中的优势菌纲如图 6 所示,从中可以看出,在变形菌门中,γ-变形菌纲(γ-Proteobacteria)细菌是主要成员(36.38% ~ 66.65%),其次为 α-变形菌纲(α-Proteobacteria) 19.60% ~ 37.16%,然后是 δ-变形菌纲(δ-Proteobacteria) 7.79% ~ 14.68%,β-变形菌纲(β-Proteobacteria)则相对较少(5.9% ~ 14.32%). 随着时间推移,γ-变形菌纲占比持续增加,而其他变形菌纲占比则逐渐降低. 值得注意的是,β-变形菌纲随着时间推移也逐渐减少. 因为该运行阶段总体趋势随着运行时间推移温度逐渐降低,而 β-变形菌纲一般认为在脱氮除磷中发挥重要作用,结合污泥取样时间测定的氮磷去除结果,1、2 和 3 号样品取样时氨氮去除效率和总磷去除效率都是递减的,所以,它的减少与处理系统脱氮除磷相对变差是一致的.

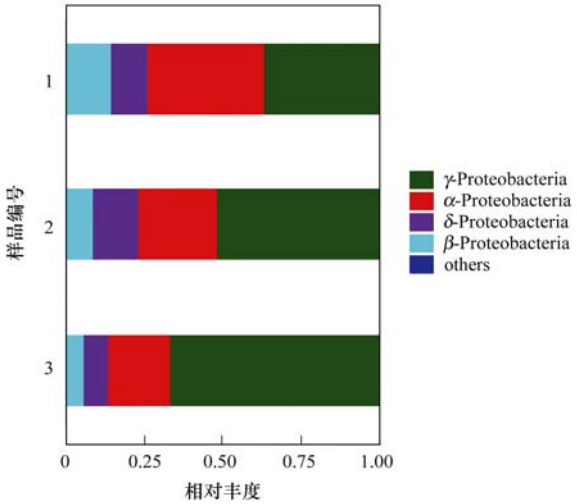


图 6　活性污泥中变形菌门分类

Fig. 6　Class classification of Proteobacteria in the activated sludge

在拟杆菌门中的优势菌纲如图 7 所示,从中可以看出,在活性污泥样品中,优势拟杆菌门的主要成员是鞘脂杆菌纲(Sphingobacteria),在活性污泥沉降性能较差时占据绝对优势(89.36% ~ 94.77%),而沉降性能较好时占比有所下降(64.60%). 因此,鞘脂杆菌纲变化或许与污泥沉降性能变化有关. 该纲细菌在软木工业、燃料等废水处理活性污泥中也被发现为拟杆菌门主要成员,但是有关它和污泥沉降性能之间的联系及作用未见描述[26,27].

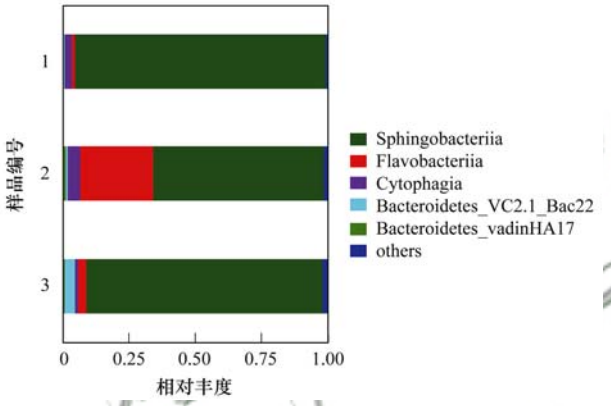


图 7　活性污泥中拟杆菌门分类

Fig. 7　Class classification of Bacteroidetes in the activated sludge

通常,丝状细菌大多属于绿弯菌门,所以对绿弯菌门菌群的变化予以关注是必要的. 在绿弯菌门中的优势菌纲如图 8 所示,从中看出活性污泥样品中,优势类群绿弯菌门的主要成员是厌氧绳菌纲(Anaerolineae),其在污泥沉降性能稍差时含量在 26.42% 左右. 令人感兴趣的是,在污泥沉降性能较好时其占比明显增加,可达 43.15%,该结果说明它的变化趋势与鞘脂杆菌纲正好相反. 或许,它们二者之间的耦合变化与污泥沉降性能变化密切相关. 对此初步结论,尚需更多实验分析观察并进行验证. 但是,这些细菌的变化至少初步提供了污泥膨胀时可能的生长状态改变,而有关这些细菌的生长调控或许能对更好地系统稳定运行并减少活性污泥膨胀提供很好地解决方案. 在洪颖等的研究中[28],丝状硫细菌在 SBR 系统污泥膨胀起主要作用,本实验结果与此不同,产生这一差异的原因可能是废水水质不同所致. 绿弯菌门细菌在处理淀粉废水的上流式厌氧污泥床颗粒污泥中也有存在[29],外观呈丝状.

对污泥样品的微生物属水平进行分析,选取了属水平丰度前 20 的物种,作 Heatmap 图(如图 9).

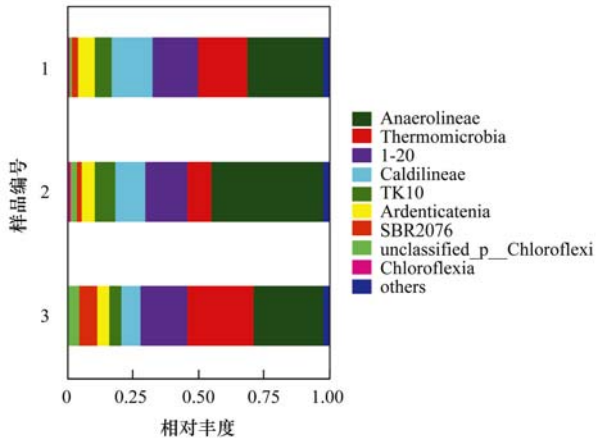


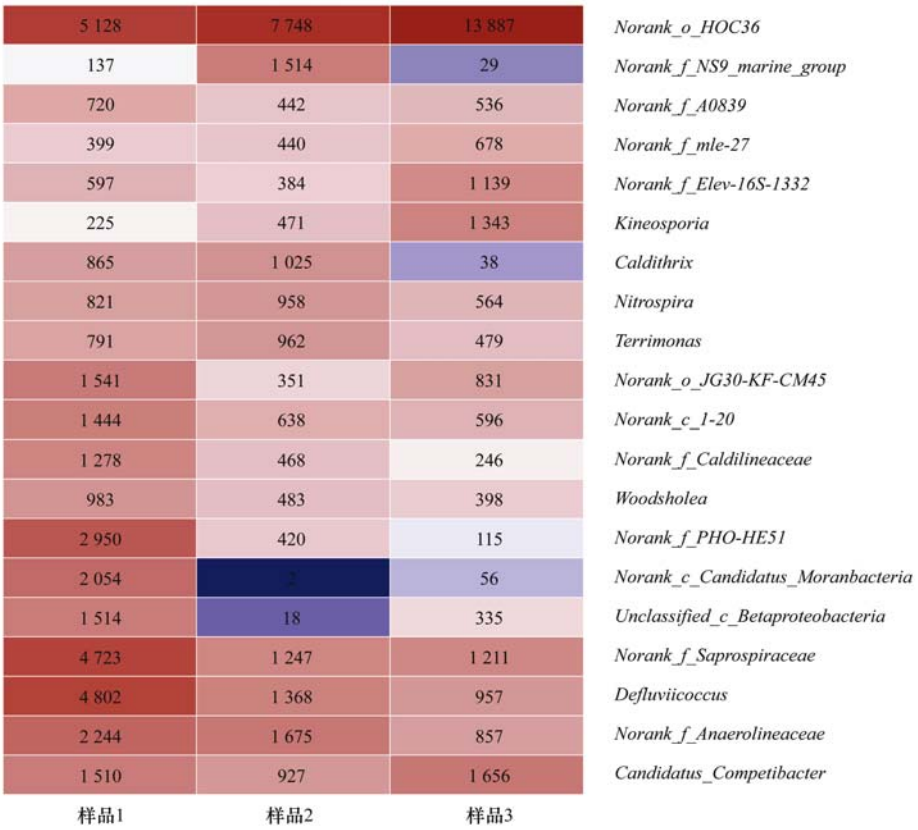
图 8 活性污泥中绿弯菌门分类

Fig. 8 Class classification of Chloroflexi in the activated sludge

从中可知,这 20 个属中未命名的属有 13 个. 丰度最高的 *norank_o_HOC36* 是 γ-Proteobacteria 纲的细菌,在 3 个样品中的丰度都是最高的. *norank_f_NS9_marine_group* 在样品 2 中的丰度明显大于其他两个样品,结合之前对 3 个样品的沉降性能的分析,说明该菌的存在可能与改善污泥沉降性能有关. *Norank_o_JG30_KF_CM45*、*Unclassified_c_Betaproteobacteria* 和 *Candidatus_Competibacter* 在样品 2 中的占比明显比其他两个样品低,这些属的菌可能与污泥沉降性能变差有关.

从污泥样品中选取了 OTU 水平丰度前 30 的细菌种群,构建系统发育树(见图 10). 从中可以看出,优势 OTU 主要属于变形菌门、拟杆菌门、绿弯菌门和放线菌门(Actinobacteria),还有部分属于硝化螺旋菌门(Nitrosppirae).

分析丰度占前 30 的 OTU 中,OTU37 及 OTU612 属于 γ-Proteobacteria 中占比较高的 HOC36 目,尤其值得关注的是 OTU612,其在 3 个样品中的丰度都很高. 该细菌在已有研究中报道较少,没有科学命名的种属名;同时,在活性污泥沉降性较好时该 OTU 丰度比性能较差时高,由此可能也与污泥沉降性能变化有关,其更多作用及其生长调控尚待后续更多研究解析. 另一变形菌成员 OTU1227 属于 *Defluviicoccus*,有研究表明在以乙酸盐为进料培养的好氧颗粒污泥中,该菌为主要微生物[30]. 此外还有很多与脱氮除磷过程相关的 OTU 存在,如 OTU576 属于 *Nitrospira*,为关键的亚硝酸盐氧化细菌(NOB),有助于在淀粉废水处理过程中将亚硝酸盐氧化为硝酸盐[31]. OTU459 属于 *Flavobacteriales*,该类细菌存在保守的硝酸盐还原和反硝化途径[32]. 变形菌 OTU380 及 OTU620 属于 *Candidatus_Competibacter*,这些细菌具有反硝化和除磷功能[33]. OTU516 及 OTU248 属于 *Caldithrix*,与其同种属的菌



图中数值表示该属在污泥样品中的序列数目

图 9 Heatmap 图

Fig. 9 Heatmap diagram

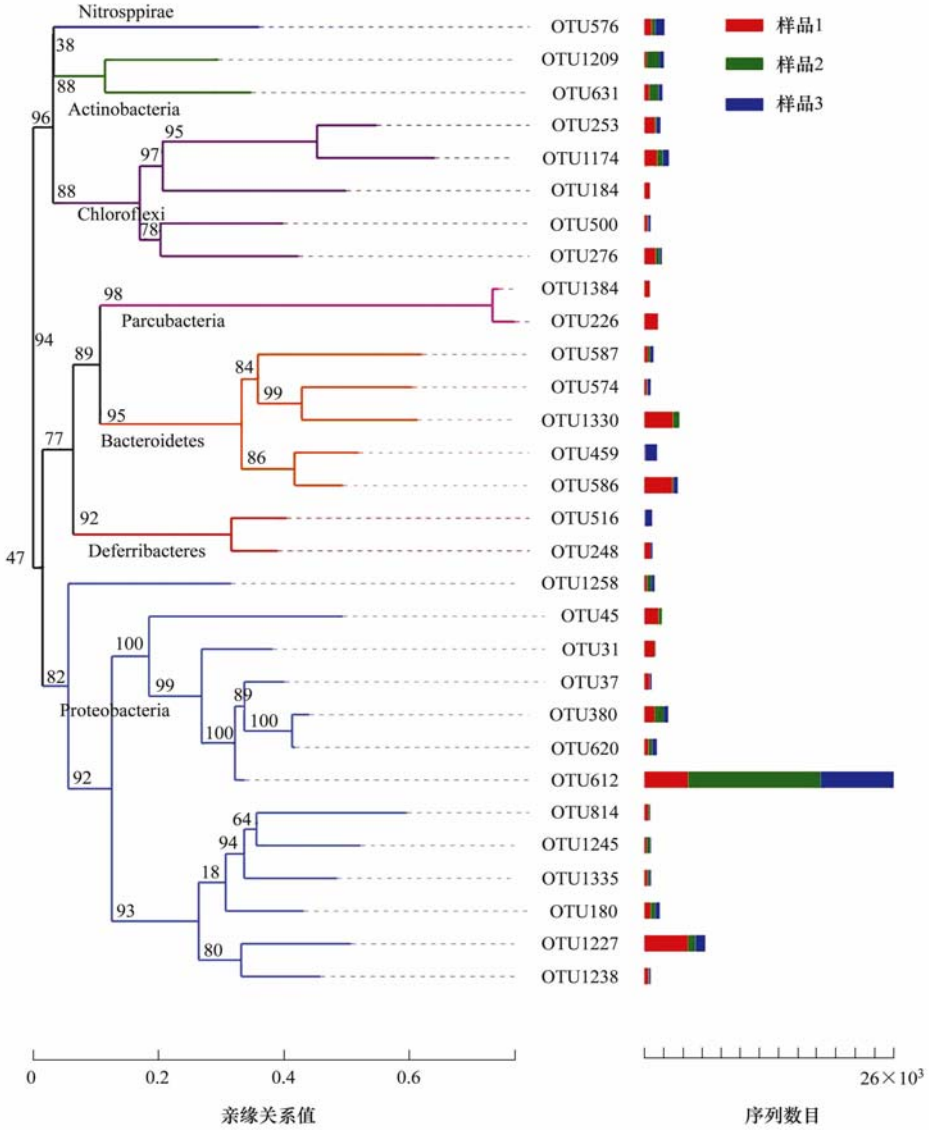


图 10　淀粉废水活性污泥系统发育树

Fig. 10　Phylogenetic tree of activated sludge for wastewater treatment containing starch

存在硝酸盐还原能力，具有嗜热和厌氧等生长特点[34]. 综上所述，淀粉废水处理系统的活性污泥中存在大量特殊功能细菌，对该废水的污染物降解，尤其是氮磷去除发挥着重要作用.

3　结论

（1）淀粉废水活性污泥中微生物多样性较高，3 个活性污泥样品共同存在的菌占多数，说明同一种废水条件下，不同形态与结构的污泥微生物群落分布有相当稳定性.

（2）活性污泥样品中优势类群主要是变形菌门、拟杆菌门、绿弯菌门和放线菌门等. 随着运行时间推移，变形菌门和放线菌门占比逐渐增加，拟杆菌门和绿弯菌门占比逐渐降低.

（3）优势拟杆菌门的主要成员是鞘脂杆菌纲，在活性污泥沉降性能较差时占据绝对优势，而沉降性能较好时占比下降. 优势类群绿弯菌门的主要成员是厌氧绳菌纲，污泥性能较好时其占比明显增加，变化趋势正好相反，或许它们二者之间的耦合变化与污泥沉降性能变化密切相关.

（4）淀粉废水活性污泥样品中存在大量特殊功能菌群，它们在该淀粉废水处理过程中，对污染物分解和氮磷去除发挥着重要作用.

参考文献：

[1] Guo J H, Ni B J, Han X Y, *et al*. Unraveling microbial structure and diversity of activated sludge in a full-scale simultaneous nitrogen and phosphorus removal plant using metagenomic sequencing[J]. Enzyme and Microbial Technology, 2017, **102**: 16-25.

[2] Allievi M J, Silveira D D, Cantão M E, *et al*. Bacterial community diversity in a full scale biofilter treating wastewater odor[J]. Water Science & Technology, 2018, **77**(8): 2014-2022.

[3] Dunkel T, de León Gallegos E L, Bock C, *et al*. Illumina sequencing for the identification of filamentous bulking and

foaming bacteria in industrial activated sludge plants [J]. International Journal of Environmental Science and Technology, 2018, **15**(6): 1139-1158.

[4] Yuan L, Zhi W, Liu Y S, *et al*. Lead toxicity to the performance, viability, and community composition of activated sludge microorganisms [J]. Environmental Science & Technology, 2015, **49**(2): 824-830.

[5] Sun X D, Lyu G, Luan Y S, *et al*. Analyses of microbial community of naturally homemade soybean pastes in Liaoning Province of China by Illumina MiSeq Sequencing [J]. Food Research International, 2018, **111**: 50-57.

[6] Fan X Y, Gao J F, Pan K L, *et al*. Shifts in bacterial community composition and abundance of nitrifiers during aerobic granulation in two nitrifying sequencing batch reactors [J]. Bioresource Technology, 2018, **251**: 99-107.

[7] 王绍祥, 杨洲祥, 孙真, 等. 高通量测序技术在水环境微生物群落多样性中的应用[J]. 化学通报, 2014, **77**(3): 196-203.
Wang S X, Yang Z X, Sun Z, *et al*. Application of high throughput sequencing in the diversity of water microbial communities[J]. Chemistry, 2014, **77**(3): 196-203.

[8] Huang X Q, Liu L L, Wen T, *et al*. Illumina MiSeq investigations on the changes of microbial community in the *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* infected soil during and after reductive soil disinfestation [J]. Microbiological Research, 2015, **181**: 33-42.

[9] Keshri J, Pradeep Ram A S, Colombet J, *et al*. Differential impact of lytic viruses on the taxonomical resolution of freshwater bacterioplankton community structure [J]. Water Research, 2017, **124**: 129-138.

[10] Yang R X, Liu P, Ye W Y. Illumina-based analysis of endophytic bacterial diversity of tree peony (*Paeonia* Sect. *Moutan*) roots and leaves[J]. Brazilian Journal of Microbiology, 2017, **48**(4): 695-705.

[11] Peng Y K, Li J, Lu J L, *et al*. Characteristics of microbial community involved in early biofilms formation under the influence of wastewater treatment plant effluent[J]. Journal of Environmental Sciences, 2018, **66**: 113-124.

[12] Ma X, Zhang G M, Li G W, *et al*. Biofilm bacterial community transition under water supply quality changes in drinking water distribution systems[J]. Environmental Science: Water Research & Technology, 2018, **4**(5): 644-653.

[13] 高晨晨, 游佳, 陈轶, 等. 丝状菌污泥膨胀对脱氮除磷功能菌群的影响[J]. 环境科学, 2018, **39**(6): 2794-2801.
Gao C C, You J, Chen Y, *et al*. Effect of denitrification and phosphorus removal microorganisms in activated sludge bulking caused by filamentous bacteria [J]. Environmental Science, 2018, **39**(6): 2794-2801.

[14] 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 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.

[15] GB 18918-2002, 城镇污水处理厂污染物排放标准[S].

[16] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法[M]. (第四版). 北京: 中国环境科学出版社, 2002.

[17] Xie X H, Liu N, Ping J, *et al*. Illumina MiSeq sequencing reveals microbial community in HA process for dyeing wastewater treatment fed with different co-substrates [J]. Chemosphere, 2018, **201**: 578-585.

[18] 罗晓, 郑向阳, 赵丛丛, 等. A/O 工艺中污泥浓度对微生物群落结构的影响[J]. 中国环境科学, 2018, **38**(1): 275-283.
Luo X, Zheng X Y, Zhao C C, *et al*. Effects of sludge concentration on microbial community structure in A/O process [J]. China Environmental Science, 2018, **38**(1): 275-283.

[19] Saunders A M, Albertsen M, Vollertsen J, *et al*. The activated sludge ecosystem contains a core community of abundant organisms[J]. The ISME Journal, 2016, **10**(1): 11-20.

[20] 何荣. 环氧丙烷皂化废水活性污泥中微生物群落分析及利用剩余污泥合成聚羟基脂肪酸酯(PHA)[D]. 济南: 济南大学, 2017. 15-16.

[21] 刘文龙, 刘超, 沈琛, 等. 活性污泥长期好氧饥饿下的微生物种群结构演化[J]. 哈尔滨工业大学学报, 2019, **51**(8): 20-27.
Liu W L, Liu C, Shen C, *et al*. Microbial community evolution in activated sludge during long-term aerobic starvation period [J]. Journal of Harbin Institute of Technology, 2019, **51**(8): 20-27.

[22] 陈启伟, 苏馈足, 陈丁丁, 等. 处理番茄酱加工废水的活性污泥颗粒化过程[J]. 环境科学研究, 2018, **31**(2): 369-378.
Chen Q W, Su K Z, Chen D D, *et al*. Process of aerobic granulation of activated sludge treating tomato paste processing wastewater[J]. Research of Environmental Sciences, 2018, **31**(2): 369-378.

[23] 韩岳桐, 赵堃, 王森, 等. 青岛海泊河污水处理厂缺氧池中微生物群落动态变化[J]. 中国海洋大学学报, 2018, **48**(7): 103-110, 129.
Han Y T, Zhao K, Wang S, *et al*. Dynamic variation of microbial community in the anoxic tank from Haibo River wastewater treatment plant of Qingdao[J]. Periodical of Ocean University of China, 2018, **48**(7): 103-110, 129.

[24] 高景峰, 王时杰, 樊晓燕, 等. 同步脱氮除磷好氧颗粒污泥培养过程微生物群落变化[J]. 环境科学, 2017, **38**(11): 4696-4705.
Gao J F, Wang S J, Fan X Y, *et al*. Microbial population dynamics during sludge granulation in a simultaneous nitrogen and phosphorus removal system [J]. Environmental Science, 2017, **38**(11): 4696-4705.

[25] 叶程晨. Ca(Ⅱ)介导的活性污泥微生物种群结构变化对活性污泥沉降性能的影响[D]. 南京: 南京农业大学, 2016. 31-32.

[26] Ponce-Robles L, Polo-López M I, Oller I, *et al*. Practical approach to the evaluation of industrial wastewater treatment by the application of advanced microbiological techniques [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2018, **166**: 123-131.

[27] Gu M Q, Yin Q D, Wang Z Z, *et al*. Color and nitrogen removal from synthetic dye wastewater in an integrated mesophilic hydrolysis/acidification and multiple anoxic/aerobic process[J]. Chemosphere, 2018, **212**: 881-889.

[28] 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 Y, Yao J Q, Ma B, *et al*. Filamentous sludge microbial community of a SBR reactor based on high-throughput sequencing [J]. Environmental Science, 2018, **39**(7): 3279-3285.

[29] Sun L W, Toyonaga M, Ohashi A, *et al*. Isolation and characterization of *Flexilinea flocculi* gen. nov., sp. nov., a filamentous, anaerobic bacterium belonging to the class

Anaerolineae in the phylum Chloroflexi[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2016, **66**(2): 988-996.

[30] Pronk M, Neu T R, Van Loosdrecht M C M, *et al*. The acid soluble extracellular polymeric substance of aerobic granular sludge dominated by *Defluviicoccus* sp. [J]. Water Research, 2017, **122**: 148-158.

[31] Delgado Vela J, Dick G J, Love N G. Sulfide inhibition of nitrite oxidation in activated sludge depends on microbial community composition[J]. Water Research, 2018, **138**: 241-249.

[32] Yang J A, Yang S H, Kim J, *et al*. Comparative genome analysis of the *Flavobacteriales* bacterium strain UJ101, isolated from the gut of *Atergatis reticulatus*[J]. Journal of Microbiology, 2017, **55**(7): 583-591.

[33] Rubio-Rincón F J, Lopez-Vazquez C M, Welles L, *et al*. Cooperation between *Candidatus* Competibacter and *Candidatus* Accumulibacter clade I, in denitrification and phosphate removal processes[J]. Water Research, 2017, **120**: 156-164.

[34] Kublanov I V, Sigalova O M, Gavrilov S N, *et al*. Genomic Analysis of *Caldithrix abyssi*, the thermophilic anaerobic bacterium of the novel bacterial phylum calditrichaeota [J]. Frontiers in Microbiology, 2017, **8**: 195.

《环境科学》多项引证指标名列前茅

2019 年 11 月 19 日，中国科学技术信息研究所在中国科技论文统计结果发布会上公布了 2018 年度中国科技论文统计结果. 统计结果显示《环境科学》2018 年度总被引频次11 644，影响因子 2.130，多项引证指标位居环境科学技术及资源科学技术类科技期刊前列.

HUANJING KEXUE Vol. 41 No. 1
Environmental Science (monthly) Jan. 15, 2020

CONTENTS