E方知库
Eco-Environmental Knowledge Web

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

中国期刊方阵 双奖期刊 中华人民共和国新闻出版总署

2020
Vol.41 No.11
第41卷 第11期

环境科学
(HUANJING KEXUE)
ENVIRONMENTAL SCIENCE
第41卷 第11期
2020年11月15日

目 次

中国工业源挥发性有机物排放清单 …… 梁小明, 孙西勃, 徐建铁, 叶代启, 陈来国(4767)
中国水泥排放清单及分布特征 …… 汤铃, 薛晓达, 伯鑫, 郭静, 王鹏, 翟文慧, 崔维庚, 汪寿阳, 李时蓓, 董广霞(4776)
环境空气 $PM_{2.5}$ 化学组分监测数据审核指标的建立:以长三角地区为例 …… 张哲, 乔利平, 周敏, 朱书慧, 郭会琴, 王红丽, 楼晟荣, 陶士康, 陈长虹(4786)
南京江北新区大气颗粒物化学组分的粒径分布特征 …… 张毓秀, 于兴娜, 刘偲嘉, 安俊琳, 张程(4803)
郑州市 $PM_{2.5}$ 化学组分的季节变化特征及来源解析 …… 张剑飞, 姜楠, 段时光, 孙有昌, 郝祺, 张瑞芹(4813)
山西大学城 $PM_{2.5}$ 中元素特征、来源及健康风险评估 …… 李雪梅, 牟玲, 田妹, 郑利荣, 李杨勇(4825)
2000~2019年中国 $PM_{2.5}$ 时空演化特征 …… 夏晓圣, 汪军红, 宋伟东, 程先富(4832)
北京地区偏南风和偏东风条件下污染特征差异 …… 尹晓梅, 乔林, 朱晓婉, 郭恒, 刘湘雪, 熊亚军(4844)
基于天气背景天津大气污染输送特征分析 …… 蔡子颖, 杨旭, 韩素芹, 姚青, 刘敬乐(4855)
基于天气分型的上甸子大气本底站臭氧污染气象条件 …… 吴进, 李琛, 马志强, 孙兆彬, 朱晓婉, 董璠(4864)
基于环境空气中 VOCs 在线监测数据精准识别化工园区 VOCs 排放源 …… 孙佳宁, 谢绍东(4874)
芜湖市大气挥发性有机物污染特征、大气反应活性及源解析 …… 高亢, 章慧, 刘梦迪, 赵晓宇, 吴婷, 贾其娜(4885)
密云水库上游白河地表水质对不同空间尺度景观格局特征的响应 …… 张微微, 李晓娜, 王超, 赵春桥, 史瑞双(4895)
北京密云水库流域水体夏季 DOC 和 DIC 质量浓度及同位素组成初探 …… 陈吉吉, 郭婧, 徐蘇士, 陶蕾, 荆红卫(4905)
2009~2018年太湖湖泛强度变化及其影响因素 …… 辛华荣, 朱广伟, 王雪松, 李骏, 陆隽(4914)
雷州半岛岭北地区地下水水文地球化学特征 …… 张宏鑫, 吴亚, 罗炜宇, 陈雯, 刘怀庆(4924)
基于多环境介质氮素和同位素的滦平盆地地下水硝酸盐来源示踪 …… 孙厚云, 卫晓锋, 贾凤超, 李多杰, 李健, 李霞, 殷志强(4936)
会仙岩溶湿地水体金属元素分布与健康风险评价 …… 李军, 邹胜章, 梁永平, 林永生, 周长松, 赵一(4948)
太白山自然保护区水体 CDOM 吸收与三维荧光特征 …… 张文浩, 赵铎霖, 王晓毓, 郝强州, 李喜梅, 高鹏程(4958)
强降雨对平原河网区入湖河道氮、磷影响 …… 连心桥, 朱广伟, 杨文斌, 朱梦圆, 许海(4970)
长江流域淡水生态系统内分泌干扰物、药物和个人护理品的风险排序 …… 苏超, 崔严(4981)
嘉兴市城市河网区多环芳烃污染源解析及生态风险评价 …… 杨延梅, 赵航晨, 孟睿, 何连生, 赵昊, 杜士林, 丁婷婷(4989)
污水处理厂对漓江桂林市区河段淡水生物中微塑料累积的影响 …… 谢沅汕, 张清科, 张漓杉, 钟山, 刘俊勇, 侯晓映, 王华, 冯静培, 梁祖鸿, 陈舞阳(4999)
村镇生活污水处理设施抗生素浓度分布规律 …… 卢亚楠, 郭雅妮, 王坤, 陆伟东, 王拓, 柴玉峰, 柳蒙蒙, 钟慧, 陈梅雪, 魏源送(5008)
冬季小流域水体微生物多样性及影响因素 …… 朱金山, 秦海兰, 孙启耀, 王宝珍, 高润霞, 郭锐利, 李武斌(5016)
水库热分层期沉积物中有机物特性及对好氧反硝化细菌脱氮的影响 …… 王彤, 文刚, 黄廷林, 司凡, 王晨旭, 路林超, 林薇(5027)
长三角地区 MBBR 泥膜复合污水厂低温季节微生物多样性分析 …… 韩文杰, 吴迪, 周家中, 何强, 阚渝姣(5037)
类群划分方法对南亚热带水库夏季浮游植物群落与环境响应关系的影响 …… 郭芳, 顾继光, 赵剑, 余华章, 肖利娟(5050)
基于决策树的城市黑臭水体遥感分级 …… 李玲玲, 李云梅, 吕恒, 徐杰, 杨子谦, 毕顺, 许佳峰(5060)
纳米零价铁强化微生物电催化-厌氧膜生物组合反应器抗膜污染能力及其调控机制 …… 潘阳, 牛承鑫, 支忠祥, 王建辉, 陆雪琴, 戴金金, 甄广印, 孙彤彤, 康娜英(5073)
温度和基质浓度对厌氧氨氧化工艺中 N_2O 释放的影响 …… 王丝可, 于恒, 左剑恶(5082)
以污泥发酵液与尾水混合液为补给碳源的 A^2/O 污染物去除特性 …… 荣懿, 邵劲博, 于优城, 石烜, 金鹏康(5089)
不同停曝比对连续流亚硝化颗粒污泥运行的影响 …… 张杰, 劳会妹, 李冬, 魏子清(5097)
中温厌氧消化与高温厌氧消化对污泥重金属风险及稳定性的影响 …… 田中科, 王芬, 闫钊(5106)
基于 PMF 模型及地统计的土壤重金属健康风险定量评价 …… 韩琳, 徐夕博(5114)
再开发利用工业场地土壤重金属含量分布及生态风险 …… 沈城, 刘馥雯, 吴健, 黄沈发, 王敏, 黄波涛(5125)
有机改性蒙脱土对萘的吸附机制和影响因子 …… 侯静雯, 施维林, 高娟(5133)
硫酸亚铁和硝酸铁施用对根际土壤-水稻系统中镉运移的影响 … 李义纯, 陈勇, 唐明灯, 李林峰, 林晓扬, 王艳红, 许迪豪, 艾绍英(5143)
叶用油菜和孔雀草间作对植物生长和镉累积的影响 …… 闫秀秀, 徐应明, 王林, 陶雪莹, 孙约兵, 梁学峰(5151)
重金属固定细菌调控土壤铁氧化物阻控小麦 Cd 吸收效应 …… 王晓宇, 韩辉(5160)
油-稻轮作模式下修复材料对土壤铜修复的持续性影响 …… 赵颖颖, 李虹川, 胡宏祥, 薛中俊, 刘娜, 吴孟君(5168)
氮肥使用对北方夏玉米季氨挥发的影响 …… 张薇, 倪邦, 许秀春, 杨轩, 孟凡乔(5176)
生物质炭影响下土壤呼吸温度敏感性及细菌群落结构的变化 …… 曹坤坤, 张沙沙, 胡学玉, 黄洋(5185)
铜尾矿白羊草重金属含量对叶际和根际真菌群落的影响 …… 贾彤, 郭婷艳, 王瑞宏, 柴宝峰(5193)
典型水环境微生物源异嗅物研究进展 …… 张海涵, 苗雨甜, 黄廷林, 刘凯文, 刘祥, 黄鑫, 杨尚业, 司凡, 李程遥(5201)
广告:国家微生物科学数据中心 …… (前插)
《环境科学》征订启事(4785) 《环境科学》征稿简则(4947) 信息(5015, 5124, 5132)

Eco-Environmental Knowledge Web
环 境 科 学
Environmental Science
第41卷第11期 2020年11月
Vol.41, No.11 Nov., 2020

长三角地区 MBBR 泥膜复合污水厂低温季节微生物多样性分析

韩文杰[1], 吴迪[1*], 周家中[1], 何强[2], 阚渝姣[3*]
(1. 青岛思普润水处理股份有限公司生物膜研究院, 青岛 266510; 2. 重庆大学三峡库区生态环境教育部重点实验室, 重庆 400045; 3. 山东科技大学安全与环境工程学院, 青岛 266590)

摘要: 为表征长三角地区采用 MBBR 泥膜复合工艺(hybrid-MBBR)的污水厂在低温季节的微生物群落变化,得出微生物分布规律,采用 Illumina MiSeq 高通量测序对该区域 5 座市政污水处理厂进行研究,对好氧区活性污泥及悬浮载体生物膜微生物群落结构进行了分析. 结果表明,同污水厂悬浮载体生物膜微生物物种数低于同系统活性污泥,且物种分布更不均匀. 悬浮载体的投加可提升系统微生物多样性,但同时进水及运行方式对系统微生物群落组成具有一定选择性. 各污水厂相对丰度较高的菌属主要有 *Nitrospira*、*Mycobacterium*、*Defluviicoccus*、*Hyphomicrobium* 和 *Macellibacteroides* 等,悬浮载体的投加极大程度上强化了优势硝化菌属 *Nitrospira* 的富集. 核算悬浮载体中硝化细菌生物量占系统中总量的 86.12%~95.36%; 各污水厂好氧区悬浮载体中均检测到一定相对丰度的反硝化菌群,结合沿程及小试结果确认好氧区悬浮载体生物膜上发生了显著的同步硝化反硝化(SND)现象,强化了系统 TN 去除.

关键词: 长三角地区; MBBR 泥膜复合工艺(hybrid-MBBR); 移动床生物膜反应器(MBBR); 微生物多样性; 同步硝化反硝化(SND)

中图分类号: X172 **文献标识码**: A **文章编号**: 0250-3301(2020)11-5037-13 **DOI**: 10.13227/j.hjkx.202003327

Microbial Diversity Analysis of WWTPs Based on Hybrid-MBBR Process in a Low Temperature Season in the Yangtze River Delta

HAN Wen-jie[1], WU Di[1*], ZHOU Jia-zhong[1], HE Qiang[2], KAN Yu-jiao[3*]
(1. Biofilm Research Institute, Qingdao SPRING Water Treatment Co., Ltd., Qingdao 266510, China; 2. Key Laboratory of the Three Gorges Reservoir Region's Eco-Environment, Ministry of Education, Chongqing University, Chongqing 400045, China; 3. School of Safety and Environmental Engineering, Shandong University of Science and Technology, Qingdao 266590, China)

Abstract: The aim of this study was to characterize the changes of the microbial community in WWTPs based on hybrid-MBBR process in the Yangtze River Delta in a low temperature season, and to obtain the regularity of the microbial distribution. High-throughput sequencing of Illumina miSeq was conducted to analyze the microbial community structure of activated sludge and suspended carrier biofilm in the aerobic area of five WWTPs. The results showed that the number of microbial species in the suspended carrier biofilm was lower than that of the activated sludge in the same plant, and the species distribution was more uneven. The addition of a suspended carrier can improve the microbial diversity of the system, while the influent and operation mode have a certain selectivity to the microbial community composition of the system. The bacteria with high relative abundance in each plant primarily included *Nitrospira*, *Mycobacterium*, *Defluvicoccus*, *Hyphomacrobium*, and *Macrocharacters*, etc. The addition of suspended carriers significantly enhanced the enrichment of *Nitrospira*. The amount of nitrifying bacteria in the suspended carrier accounted for 86.12%-95.36% of that of the whole system. A certain relative abundance of denitrifying bacteria was detected in the suspended carrier in the aerobic area of each plant. Combined with the results of the measurement of water quality along the process and the lab-scale experiment, it was confirmed that significant SND occurred on the suspended carrier biofilm in the aerobic area, which enhanced the TN removal of the system.

Key words: Yangtze River Delta; integrated biofilm and activated sludge (hybrid-MBBR); moving bed biofilm reactor (MBBR); microbial diversity; simultaneous nitrification and denitrification (SND)

长三角区域位于我国东南沿海,是暴雨、夏季高温和冬季低温等极端气候经常发生的地区之一,其冬季寒冷季节气温可低至 -10 ~ -12℃,与此对应的是该地区市政污水厂低温季节常出现排水超标,表现在出水氨氮升高,系统硝化效果恶化,进而导致出水 TN 升高. 随着全国大范围污水厂提标改造行动的到来,对于长三角地区污水厂选择合适的处理工艺进行改造以保证低温季节稳定达标显得更加重要. 另外,污水处理厂提标改造,往往受制于污水处理厂实际情况,表现在不能新增用地及对原有构筑物需充分利旧,因此,工艺占地以及工艺与其他单元的兼容性成了制约工艺选择的一项重要因素. 现阶

收稿日期: 2020-03-31; **修订日期**: 2020-05-04
基金项目: 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2017ZX07106005); 青岛市民生科技计划项目(18-6-1-100-nsh)
作者简介: 韩文杰(1990~),男,硕士研究生,主要研究方向为污水生物脱氮技术及生物质降解, E-mail: hanwenjie1003@163.com
* 通信作者, E-mail: hitwudi@126.com; kanyujiao@163.com

段,我国大多数污水处理厂核心工艺(生物池)均为 A^2/O 工艺及其变种,而 MBBR(移动床生物膜反应器)工艺可在无需增加额外占地、不改变原有工艺路线的情况下,实现深度脱氮,具有较好的应用前景. 当前,污水厂提标改造时为提升系统的硝化效果,大多选择在生化段好氧池投加悬浮载体,实现原池"镶嵌"MBBR 以形成 MBBR 泥膜复合工艺(hybrid-MBBR),通过悬浮载体对硝化细菌的高效富集而满足工艺的硝化效果. 截止目前,基于 MBBR 的泥膜复合工艺应用已经成熟,且成为占地紧凑、运行简单的污水处理解决方案,全球至少有 600 家规模相当的污水厂采用 MBBR 泥膜复合工艺运行[1].

当前,关于污水厂微生物多样性研究多局限于活性污泥系统[2],高晨晨等[3]采用 MiSeq 高通量测序技术对 9 座城市污水处理厂生物脱氮除磷系统的活性污泥群落结构进行了分析. 结果表明,这些活性污泥系统中的优势微生物种群均以变形菌门和拟杆菌门为主,而且变形菌主要分布在 β-Proteobacteria (β-变形菌纲),而脱氮除磷菌属主要为 *Nitrosomonas*(亚硝化单胞菌属)和 *Accumulibacter phosphatis*. 而张晓红等[4]通过研究京津冀区域市政污水厂活性污泥种群结构的多样性及差异时,对 5 个污水厂活性污泥的微生物种群结构特征进行了详细解析,研究不同工艺参数下活性污泥中优势种群及脱氮菌群丰度的差异. 结果发现对于不同污水厂,影响其活性污泥群落结构组成的环境因素也是不同的,并且特殊的进水水质也会对污泥菌群组成和生物多样性产生影响. 而 MBBR 泥膜复合系统由于兼具活性污泥和悬浮载体生物膜两种微生物存在形式,研究其微生物多样性变化,探究群落变化规律对于指导 MBBR 泥膜复合工艺运行具有重要意义,但当前对于此类生化系统研究较少,无法得出规律性结论.

本文针对长三角地区部分基于 MBBR 泥膜复合工艺改造的污水厂进行研究,针对其低温季节系统微生物群落状态,结合污水厂冬季低温季节的运行效果,并通过硝化小试的形式对污水厂微生物群落分布规律进行了验证,以期为 MBBR 泥膜复合硝化系统的长期稳定运行提供微观技术支撑.

1 材料与方法

1.1 工艺类型及宏观效果

长三角地区污水厂编号 A ~ E,其进水多以生活污水为主,个别污水厂混合工业或医疗废水. 在工艺类型上,多为 A^2/O 及相关变形工艺,各污水厂均采用好氧段投加悬浮载体以形成 MBBR 泥膜复合硝化系统的技术路线进行了提标改造,改造后出水执行《城镇污水处理厂污染物排放标准》(GB 18918-2002)一级 A 类水标准. 改造完成后生化段冬季进出水水质如表 1 所示,系统硝化效果得到明显加强,各污水厂运行情况良好,全年出水稳定达标,多个污水厂低温季节出水水质可远优于一级 A 标准.

表 1 各污水厂实际进出水水质/mg·L^{-1}

Table 1 Influent and effluent water quality of each wastewater treatment plant/mg·L^{-1}

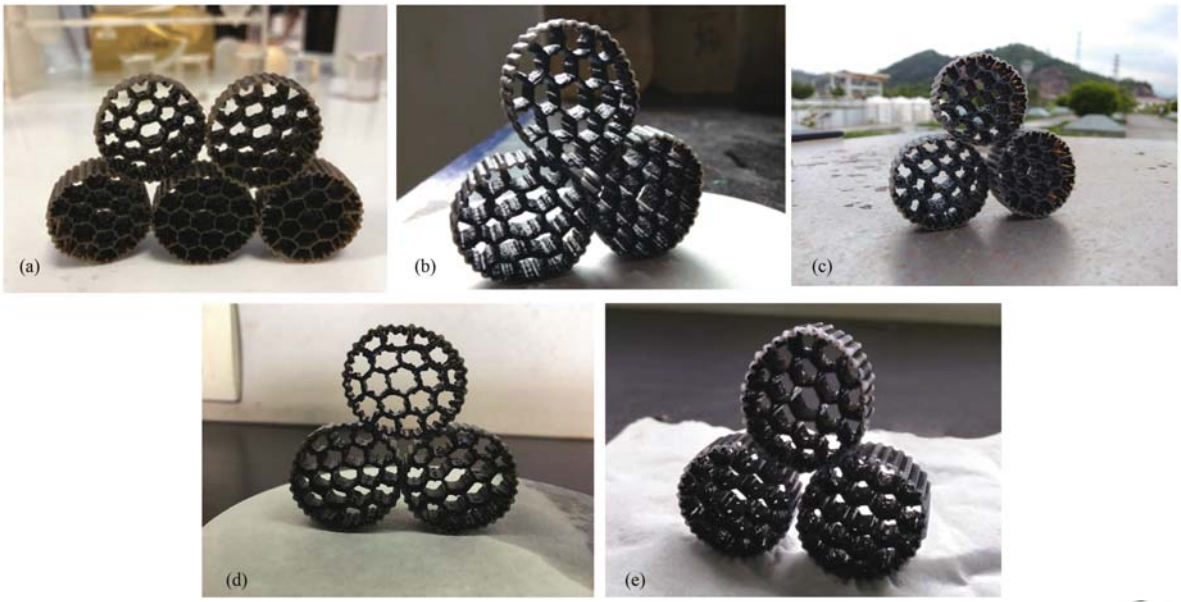
污水厂编号	生化段工艺	进水水质	NH_4^+-N		TN		COD		TP	
			进水	出水	进水	出水	进水	出水	进水	出水
A	A^2/O	生活污水+工业废水	64.33±2.53	0.14±0.13	66.26±2.75	10.58±0.54	405.21±16.24	24.23±2.36	3.59±1.23	0.26±0.11
B	三级 AO	生活污水	20.67±1.22	0.2±0.11	47.42±3.26	7.89±1.02	275.71±31.25	29.29±4.28	2.21±1.24	0.03±0.20
C	Bardenpho	生活污水	13.40±3.32	0.50±0.36	25.8±4.22	7.25±1.75	316.10±42.54	15.20±5.14	7.03±1.36	0.02±0.12
D	A^2/O	生活污水+医疗废水	8.48±2.26	0.57±0.48	16.47±3.15	7.86±2.01	226±35.65	22.14±4.21	2.03±1.52	0.04±0.07
E	A^2/O	生活污水	17.56±3.81	0.29±0.20	21.06±3.31	7.47±2.25	230.24±31.24	21.02±6.12	2.03±1.34	0.34±0.10

污水厂所投加的悬浮载体均为 SPR-Ⅱ型,悬浮载体直径为 25 mm ± 0.5 mm,高 10 mm ± 1 mm,挂膜后比重与水接近,有效比表面积大于 620 $m^2 \cdot m^{-3}$,符合《水处理用高密度聚乙烯悬浮载体填料》(CJ/T 461-2014)行业标准的要求,挂膜后的悬浮载体如图 1 所示,表观悬浮载体生物膜呈黑灰色,悬浮载体生物膜致密不易脱落,在系统中的流化状态良好.

1.2 微生物分析

1.2.1 样品获取及处理

为研究 MBBR 泥膜复合硝化系统的微生物群落特征,对各好氧段活性污泥和悬浮载体生物膜进行微生物检测分析. 于 2019 年 3 月份取各污水厂生化池好氧段悬浮载体及活性污泥进行微生物检测,此时系统经过整个冬季低温过程,生物菌群已较为成熟,适合进行结果对比. 所取样品经处理后进行基因组 DNA 提取. 其中,悬浮载体需剪碎使悬浮载体生物膜表面的菌群能更好地与裂解液接触,进而使更多的细胞壁破裂以释放 DNA. 操作过程中使用的剪刀和镊子必须先在酒精灯下高温灭菌,适当冷却后再用,操作需迅速,减少环境中杂菌的污染. 活性污泥则直接取适量样品放入灭菌的 1.5 mL EP 管中进行提取,污泥含量较低时可适当离心取沉淀进行提取.



(a)～(e)分别对应 A～E 污水厂的悬浮载体

图 1　各污水厂悬浮载体挂膜状态

Fig. 1　Membrane state of suspended carriers in each wastewater treatment plant

1.2.2　基因组扩增及扩增子测序

DNA 提取步骤参照 OMEGA 试剂盒 E. Z. N. ATM Mag-Bind Soil DNA Kit 使用说明书进行，DNA 提取后经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测条带完整性，以 Nanodrop 核酸定量仪测定其浓度. PCR 扩增所用引物为 341F/805R，即 5′-CCTACACGACGCTCTTCCGATCTNCCTACGGGNGGCWGCAG-3′与 5′-GACTGGAGTTCCTTGGCACCCGAGAATTCCAGACTACHVGGGATCTAATCC-3′. PCR 反应体系包括 DNA 模板(10 ng)，15 μL 2 × *Taq* master Mix，1 μL 引物 314F(10 μmol·L^{-1})，1 μL 引物 805R(10 μmol·L^{-1})，添加超纯水至 30 μL. 共进行两轮 PCR 扩增. 第一轮 PCR 扩增程序如下：94℃ 预变性 3 min；5 个循环包含 3 个阶段，即 94、45 和 65℃ 温度下分别保持 30、20 和 30 s；20 个循环包含 3 个阶段，即 94、55 和 72℃ 温度下分别保持 20、20 和 30 s；72℃ 终延伸 5 min. 第二轮 PCR 扩增程序如下：95℃ 预变性 3 min；5 个循环包含 3 个阶段，即 94、55 和 72℃ 温度下分别保持 20、20 和 30 s；72℃ 终延伸 5 min. PCR 产物进行琼脂糖电泳，通过 Omega PCR 纯化试剂盒 Cycle Pure Kit 对 PCR 产物进行回收，利用 Qubit3.0 DNA 检测试剂盒对回收的 DNA 精确定量，按照 1∶1 等量混合后测序，等量混合时，每个样品 DNA 量取 10 ng，最终上机测序量为 20 pmol，通过 Illumina MiSeq 测序平台完成对样品高通量测序.

1.2.3　生物信息学分析

高通量测序结果采用 Qiime 进行序列去重过滤并对不同样本按最小样本序列数抽平后分析；采用 Usearch 平台分别对检测到的物种进行 OTU 聚类，首先对优化序列提取非重复序列，便于降低分析中间过程冗余计算量并去除没有重复的单序列，之后按照 97% 相似性对非重复序列(不含单序列)进行 OTU 聚类，在聚类过程中去除嵌合体，得到 OTU 的代表序列. 将所有优化序列 map 至 OTU 代表序列，选出与代表序列相似性在 97% 以上的序列，生成 OTU 表格；采用 Mothur 分析所有样本的 α 多样性，计算微生物 α 多样性指数，包括 Chao1 指数、Ace 指数、Simpson 指数、Shannon 指数及 coverage(覆盖度). 其中，Chao1 指数为常用于估计群落中含有的 OTU 数目，在生态学中常用来估计物种总数，由 Chao 等[5]最早提出. Chao1 指数越大，OTU 数目越多，说明该样本物种数比较多. Ace 指数是用来估计群落中含有的 OTU 数目，同样由 Chao 等[5]提出，是生态学中估计物种总数的常用指数之一. 默认将序列量 10 以下的 OTU 都计算在内，从而估计群落中实际存在的物种数. Ace 指数越大. 表明群落的丰富度越高. Simpson 指数是用来估算样品中微生物的多样性指数之一，由 Simpson[6]提出，在生态学中常用来定量地描述一个区域的生物多样性. Simpson 指数值越大，说明群落多样性越低，也用该指数描述从一个群落种连续两次抽样所得到的个体数属于同一种的概率以反映群落均一程度. 在物种丰富度相同前提下，物种分布越均匀，多样性则越高. 而 Shannon 指数[7]综合考虑了群落的丰富度和均匀度. Shannon 指数值越高，表明群落的多样性越高，物种分布越均匀. coverage 是指各样品(克隆)文库的覆盖率，其数值越

高,则样品中序列被测出的概率越高,而没有被测出的概率越低,该指数反映本次测序结果是否代表了样品中微生物的真实情况. 从样本中随机抽取一定数量的序列,统计这些序列对应样本的 α 多样性指数,以抽取的数据量为横坐标,以 α 多样性指数值为纵坐标绘制稀疏曲线,根据曲线是否达到平缓来判断本次测序数据量是否足够. 分别从污水厂整体、悬浮载体生物膜、活性污泥进行研究,绘制物种分布 Venn 图,通过 RDP classifier 软件将序列进行物种分类,分别按照门(phylum)、纲(class)和属(genus)水平为分类单位,统计该分类单位下优势单元所占相对丰度,绘制相对丰度分布图,并利用 HemI 软件进行物种聚类分析,绘制物种聚类 Heatmap 图; 以 PICRUSt 软件及伯杰细菌分类手册中关于不同菌属的功能描述对扩增子测定结果进行功能预测.

1.3 好氧段沿程水质测定

为进一步验证微生物对于宏观运行的效果,对好氧沿程水质进行测定以探究各污水厂的实际运行情况,好氧段沿程测定样品包括好氧池进出水,取样点位于好氧池进出水口,每间隔 2 ~ 3 h 取样,取 3 次后做混合样测定. 所有样品先快速沉淀后取上清液,取回后及时进行预处理,将 3 次样品等量混合均匀后进行氨氮、硝氮、TN 及 COD 的测定.

1.4 硝化小试

为探究各系统中,悬浮载体生物膜和活性污泥对硝化效果的贡献,分别取各污水厂悬浮载体生物膜和活性污泥分别进行了硝化小试研究(表 2). 硝化速率的测定用水为各污水厂生化段好氧池进水经沉淀后的上清液,小试每次同批进行 2 组,分别设置纯悬浮载体生物膜和活性污泥系统. 纯膜系统按各污水厂实际填充率投加悬浮载体; 纯泥系统不投加悬浮载体,污泥浓度与好氧池一致; 小试期间系统温度及溶解氧均与各污水厂好氧池保持一致,定时取样并测定水质参数.

表 2 各污水厂硝化小试实验控制条件

Table 2 Control conditions of nitrification pilot test of each WWTP

污水厂编号	初始NH_4^+-N浓度/mg·L^{-1}	MLSS/g·L^{-1}	悬浮载体填充比/%	DO/mg·L^{-1}	T/℃
A	11.26 ± 1.26	2.0	50.00	2.0 ~ 2.6	7 ~ 9
B	9.14 ± 1.43	3.2	25.20	2.4 ~ 2.7	8 ~ 9
C	8.65 ± 1.02	8.6	30.00	2.2 ~ 2.4	7 ~ 9
D	5.01 ± 1.40	3.0	11.00	2.3 ~ 2.9	7 ~ 9
E	8.57 ± 1.86	3.8	29.00	2.1 ~ 2.4	7 ~ 9

1.5 悬浮载体生物量(VSS)测定

取挂膜悬浮载体 115 个(堆积体积 1 L),用缓水流冲洗以去除表面浮泥后放入质量分数 10% NaOH 溶液中开启超声进行脱膜处理,至悬浮载体生物膜完全脱落后用定量滤纸将脱落的悬浮载体生物膜过滤收集后按照式(1)测定并计算悬浮载体生物膜生物量.

$$VSS_{Biofilm} = \frac{(m_1 - m_2)}{v} f \quad (1)$$

式中,$VSS_{Biofilm}$表示悬浮载体生物膜 VSS(mg·L^{-1}); m_1 表示 105℃鼓风干燥箱烘干称至恒重时悬浮载体生物膜质量(mg); m_2 表示 500℃烘干 1 h 后冷却至恒重时剩余悬浮载体生物膜质量(mg); v 表示悬浮载体体积(L); f 表示悬浮载体填充率(%).

1.6 指标测试

沿程实验及小试水样的相关水质常规指标检测方法具体为, NH_4^+-N: 纳氏试剂分光光度法; NO_3^--N:紫外分光光度法; TN:碱性过硫酸钾消解法; pH、DO 和 T 均采用 WTW Multi-3430i 实时监控.

2 结果与讨论

2.1 高通量测序结果代表性分析

以 Shannon 指数和 Simpson 指数随序列条数的变化来判断本次测序数据量是否足够代表样品所包含的所有微生物,如图 2 所示,随着样品测序序列数的增加,Shannon 指数和 Simpson 指数均趋于平缓,即说明本测序结果涉及的所有样品均可包含样品所含所有微生物.

2.2 微生物多样性分析

从 α 多样性及系统 OTU 数分布特点综合分析微生物多样性. 不同污水厂好氧悬浮载体生物膜和活性污泥微生物群落的 α 多样性指数如表 3 所示. 从污水厂间看,A 污水厂悬浮载体生物膜和活性污泥 Chao1、Ace 和 Shannon 指数均明显高于其他污水厂,但 Simpson 指数属于较低水平,说明 A 污水厂物种数最多,且物种分布较为均匀,综合微生物多样性最高; 这可能与 A 污水厂进水中含有工业废水,水质较为复杂相关. 从微生物存在形式看,A、B、C 和 E 污水厂中,悬浮载体生物膜 Chao1 指数均低于同

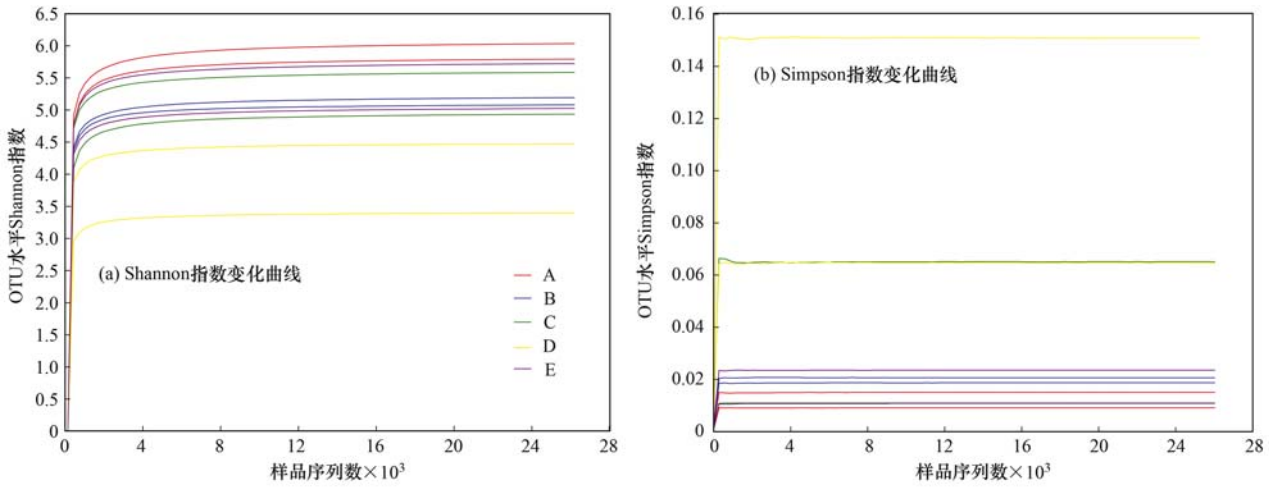


图 2　样品稀疏线曲线分析

Fig. 2　Analysis of sample sparse line curve

系统活性污泥，说明悬浮载体生物膜物种数目更低，同时，Simpson 指数高于同系统活性污泥，说明悬浮载体生物膜中物种分布越不均匀，综合 Shannon 指数分析可见悬浮载体生物膜微生物多样性低于同系统活性污泥，且物种分布更不均匀. 而 D 污水厂多样性结果相反，可能与其进水基质较低有关，由于悬浮相微生物的传质阻力要小于附着相微生物[8]，因此在系统基质较低时，附着悬浮载体生物膜可能在参与基质竞争过程处于劣势，导致其生长杂菌较多.

基于 OTU 水平的物种差异分析可比较不同污水厂共有及独有 OTU 数目[9]，进而初步确定不同污水厂微生物组成的差异性. 对各污水厂总 OTU 数进行统计，结果如图 3 所示. 由图 3(a)可知，从系统整体看，5 个污水厂总 OTU 种类数为5 441，各污水厂共有 OTU 355 个，占比 6. 52%，说明各污水厂在微生物物种组成上具有一致性，但一致性并不高. 除 A 和 D 污水厂外，其他 3 个污水厂进水多为普通生活污水，水质成分较为稳定，其生化系统中 OTU 种类数也基本稳定在2 000上下. 由图 3(b)可知，从悬浮载体生物膜看，5 个污水厂悬浮载体生物膜总 OTU 种类数为3 878，其中共有 OTU 为 211 个，占比 5. 44%，相似性同样较低，污水厂悬浮载体生物膜中 OTU 种类数为1 014 ~1 782之间. 由图 3(c)可知，从活性污泥看，5 个污水厂活性污泥总 OTU 种类数为 4 087，其中共有 OTU 为 188 个，占比 4. 60%，相似性较污水厂之间及悬浮载体生物膜之间更低，除 A 和 D 污水厂外，其他 3 个污水厂活性污泥中 OTU 种类数为1 392 ~1 573之间，该水平与张晓红等针对京津冀地区市政污水厂活性污泥种群结构研究中所得 OTU 种类数较为一致[4]，说明悬浮载体的投加并未明显改变系统中活性污泥的微生物种类数. 但 MBBR 泥膜复合系统中检测到的 OTU 总数明显较活性污泥中多，显然悬浮载体生物膜中富集了一部分活性污泥中所不具有的微生物，从而增加了整个系统微生物的多样性.

表 3　α 多样性分析指数

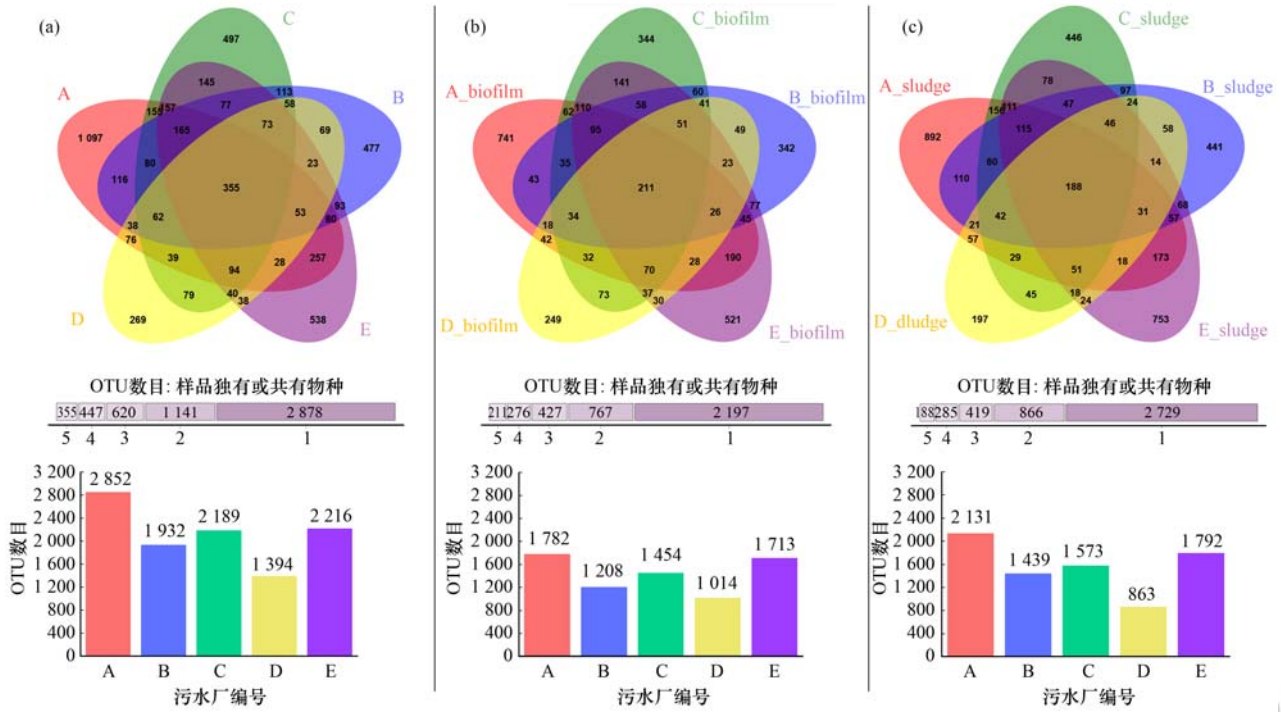
Table 3　The α diversity analysis index

样本名称[1)]	Ace 指数	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	覆盖度
A_Biofilm	2 497. 192	2 539. 116	5. 786 705	0. 014 928	0. 976 325
A_Sludge	3 073. 025	3 101. 326	6. 028 64	0. 008 977	0. 979 648
B_Biofilm	1 981. 937	1 778. 224	5. 074 946	0. 018 611	0. 983 539
B_Sludge	2 087. 868	2 062. 464	5. 187 175	0. 020 48	0. 979 701
C_Biofilm	1 988. 985	1 997. 939	4. 929 774	0. 064 948	0. 981 467
C_Sludge	2 763. 065	2 293. 434	5. 580 547	0. 010 805	0. 977 322
D_Biofilm	1 669. 66	1 486. 444	4. 466 75	0. 064 434	0. 986 378
D_Sludge	1 696. 821	1 423. 172	3. 394 736	0. 150 691	0. 986 148
E_Sludge	2 575. 347	2 180. 848	5. 020 175	0. 023 366	0. 978 589
E_Biofilm	2 580. 416	2 488. 302	5. 717 224	0. 010 672	0. 975 711

1)样品名称中 Biofilm 表示悬浮载体生物膜，Sludge 表示同系统内活性污泥

2. 3　优势物种差异性分析

通过对不同生境或微生物群落间的物种多样性进行组间比较分析，探索不同分组样本间群落组成的相似性或差异性. 样本比较的层级分析结果和



(a)污水厂整体;(b)悬浮载体生物膜;(c)活性污泥;97% 相似性,基于所有 OTU 分析

图 3 物种组成差异分析

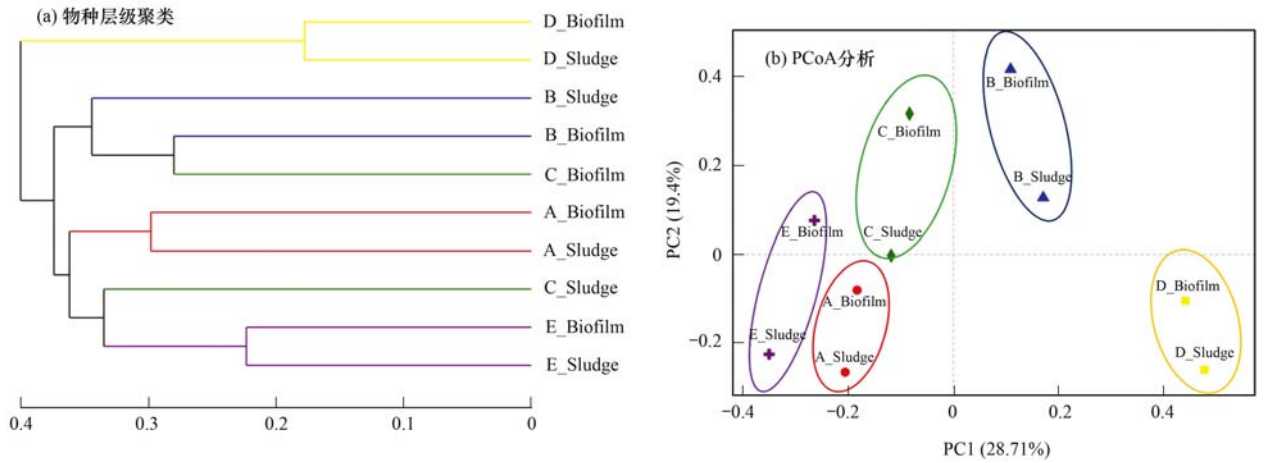
Fig. 3 Microbial composition difference analysis

PCoA 结果如图 4 所示. 物种差异聚类中树枝间的长度代表样本间的距离,长度越短,表明样本间物种组成越相似,而 PCoA 分析中两样本点越接近,表明两样本物种组成越相似. 可以看出,同一污水厂的悬浮载体生物膜和活性污泥微生物组成相似性较高,说明各污水厂进水水质或运行方式对系统微生物群落结构具有一定的选择性.

2.4 优势物种组成分析

物种组成主要从门、纲和属水平进行分析,门水平物种组成如图 5(a)所示. 从污水厂间看,各污水厂相对丰度较高的优势物种分属于 Proteobacteria(变形菌门)、Chloroflexi(绿弯菌门)、Actinobacteria(放线菌门)、Bacteroidetes(拟杆菌门)和 Nitrospirae(硝化螺旋菌门)等,与其他研究中关于活性污泥中门水平微生物组成较为一致[3]. 其中,变形菌门在本研究样本中相对丰度为 9.73%~48.64%,为最明显的优势菌门. 其他主要菌门如绿弯菌门、放线菌门、拟杆菌门和硝化螺旋菌门占比分别为 7.87%~40.03%、2.13%~41.07%、0.94%~24.82% 和 0.25%~30.38%.

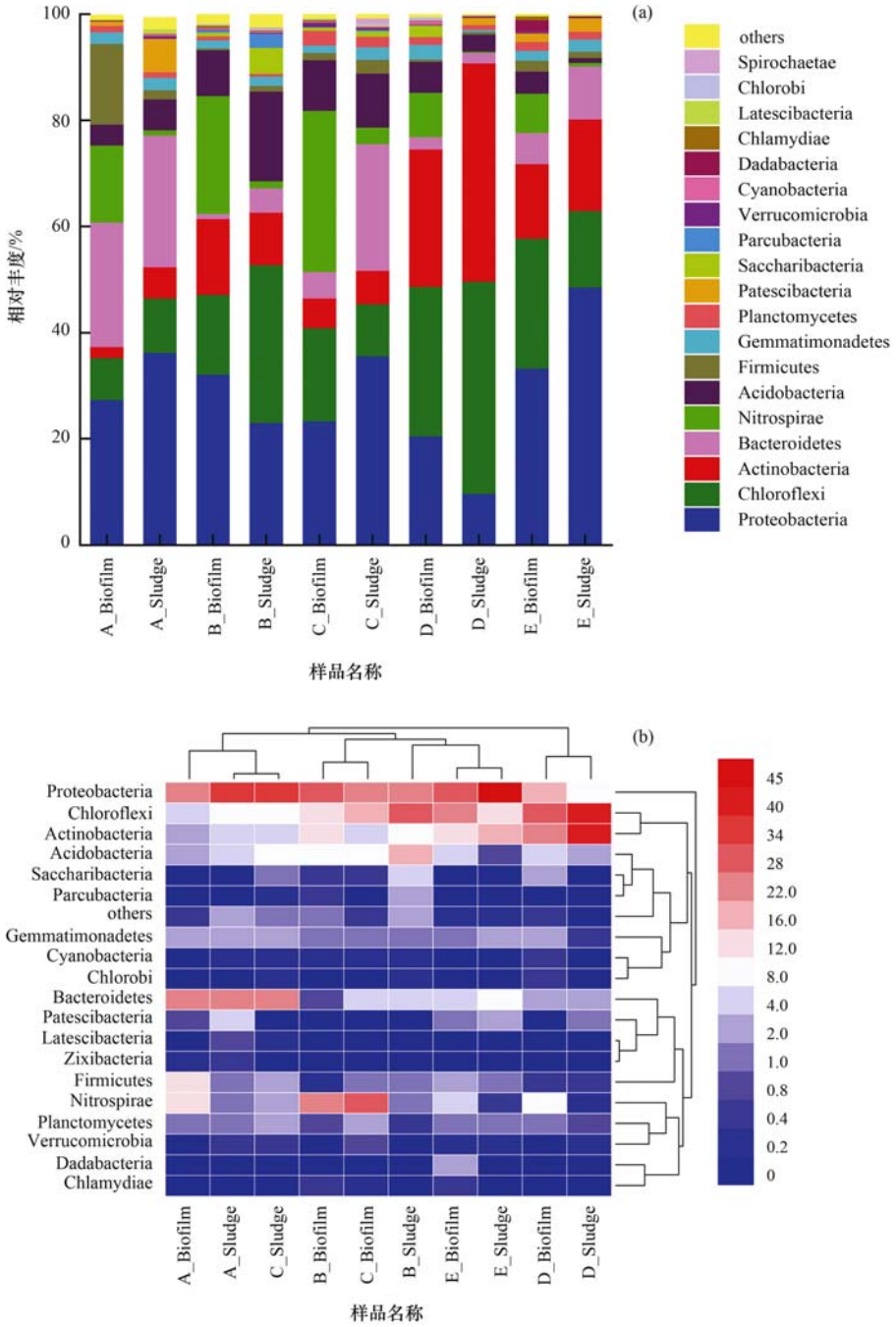
从微生物存在形式看,放线菌门和硝化螺旋菌门在各污水厂悬浮载体生物膜和活性污泥中分布差



Biofilm 表示悬浮载体生物膜,Sludge 表示同系统内活性污泥,下同

图 4 样本微生物差异性分析

Fig. 4 Sample difference analysis



(a)物种分布柱状图；(b)物种组成 Heatmap 图

图 5　物种组成分析(门水平)

Fig. 5　Microbial composition analysis(phylum level)

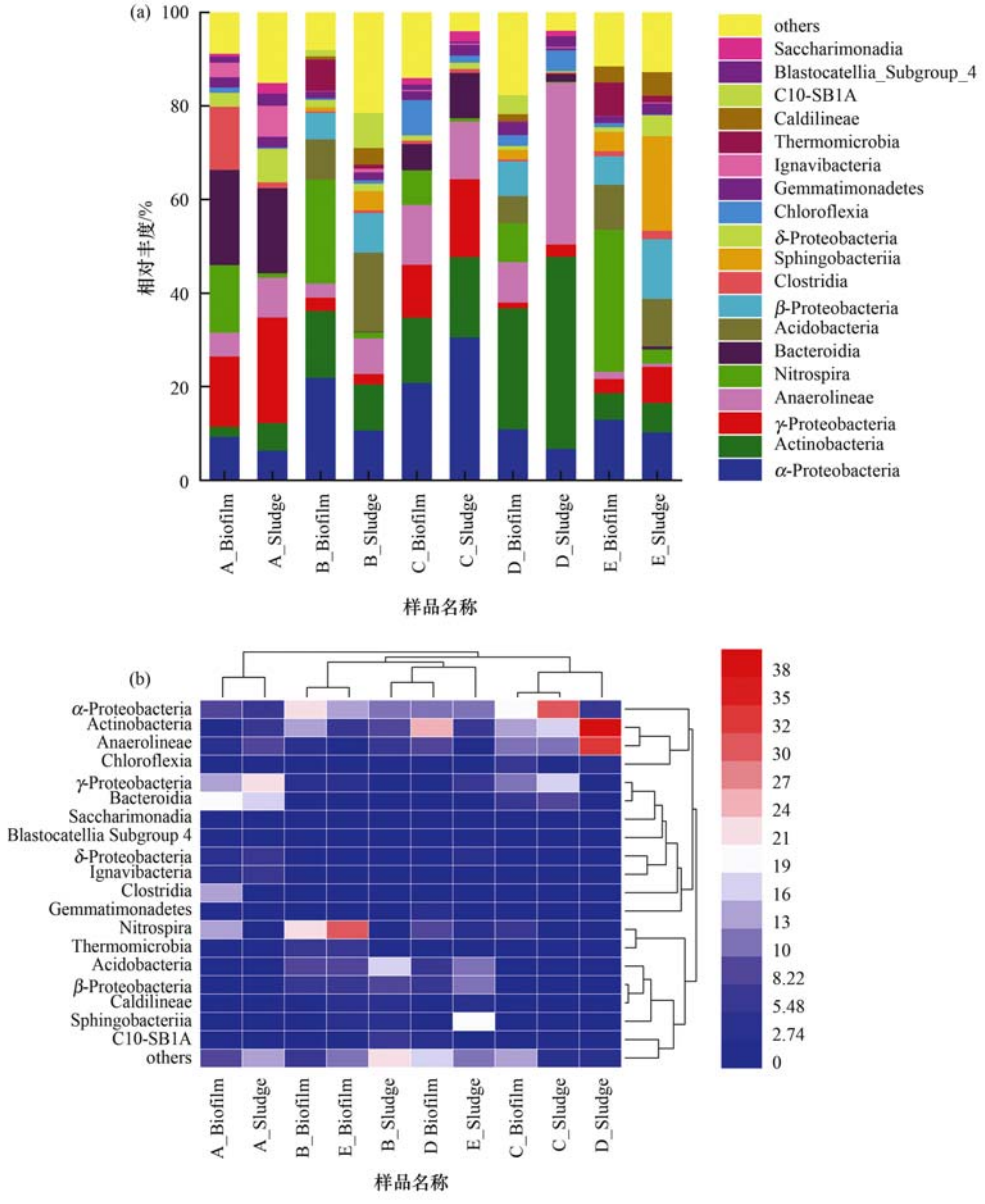
异明显,其中,放线菌门在除 B 污水厂外的其他污水厂中均显示出活性污泥中的相对丰度(5.85%～41.07%)高于悬浮载体生物膜(2.13%～25.87%),另外,作为硝化细菌的重要组成,硝化螺旋菌门在各污水厂悬浮载体生物膜中相对丰度可达 7.41%～30.38%,而在活性污泥中其相对丰度仅为 0.25%～3.06%.其他菌门在微生物存在形式上则不具有明显规律.

在不同微生物门水平聚类上,由图 5(b)可知,相对丰度较高的绿弯菌门和放线菌门聚类于同一分支,其在不同污水厂不同样品中相对丰度变化趋势一致,暗示该两类菌门可能具有互利共生关系.其中,绿弯菌门部分菌属在功能上多与生物除磷有关[10].在活性污泥中,其通常存在于菌胶团絮状体内部,并以絮体骨架的形式存在,这为好氧颗粒污泥的结构提供了骨架支撑[11],对于具有一定刚性的悬浮载体生物膜,其骨架形成机制与颗粒污泥具有一定相似性,因此绿弯菌门的作用可能也与此有关.而放线菌门除少数自养型菌种如自养链霉菌属(*Autotrophic streptomyces*)外,绝大多数为异养型,氮

素营养方面,多以蛋白质及某些氨基酸最适,硝酸盐、铵盐次之. 在本研究中,除 B 污水厂外,该菌门在其他污水厂活性污泥中的相对丰度均高于悬浮载体生物膜,分析原因为在 MBBR 泥膜复合系统中,悬浮载体由于固定于好氧池,未随活性污泥循环于厌氧-缺氧-好氧的交替环境中,因此,悬浮载体生物膜富集的微生物多为世代周期较长的自养菌为主,而放线菌门多为异养细菌,世代周期短,适合在泥龄相对短的活性污泥体系中富集. 另外,放线菌门在 D 污水厂相对丰度明显高于其他污水厂的原因可能与该污水厂进水中所含的医疗废水有关. 放线菌由于大多可以分泌抗生素而被广泛应用于生物医药行业中[12]. 而关于绿弯菌门和放线菌门之间的互利共生关系还需进一步研究.

纲水平物种组成由图 6(a)所示,从污水厂之间看,各污水厂相对丰度较高的微生物分属于 α-Proteobacteria(α-变形菌纲)、Actinobacteria(放线菌纲)、γ-Proteobacteria(γ-变形菌纲)、Anaerolineae(厌氧绳菌纲)、Nitrospira(硝化螺旋菌纲)和 Bacteroidia(拟杆菌纲)等,其相对丰度分别为 6.80% ~ 30.62%、2.13% ~ 41.07%、1.26% ~ 22.57%、0.63% ~ 34.56%、0.25% ~ 30.38% 和 0.01% ~ 30.32%. 从微生物存在形式看,硝化螺旋菌纲在各污水厂悬浮载体生物膜中相对丰度(7.41% ~ 30.38%)较同系统活性污泥中更高(0.25% ~ 3.07%),其他菌纲在微生物存在形式上则不具有明显规律.

在不同微生物纲水平聚类上,由图 6(b)可知,



(a)物种分布柱状图;(b)物种组成 Heatmap 图

图 6 物种组成分析(纲水平)

Fig. 6 Microbial composition analysis(class level)

厌氧绳菌纲和放线菌纲在不同污水厂不同样品中相对丰度变化趋势一致，其均为厌氧条件下生长的微生物，可能存在互利共生关系. 硝化螺旋菌纲和热微菌纲(Thermomicrobia)在不同污水厂不同样品中相对丰度变化趋势一致，当前对于热微菌纲研究较少，该两种菌纲是否存在互利共生关系还需进一步研究.

属水平物种组成如图 7 所示，从污水厂之间看，相对丰度较高的菌属主要有 *Nitrospira*(硝化螺旋菌)、*Mycobacterium*(分枝杆菌)、*Defluviicoccus* 和 *Hyphomicrobium*(生丝微菌)等，其相对丰度分别可达 0.24% ~ 30.38%、0.01% ~ 33.06%、0.01% ~ 22.82% 和 0.11% ~ 6.61%.

Nitrospira 作为 Nitrospira(硝化螺旋菌纲)下的硝化细菌，属于常见的亚硝酸盐氧化菌(NOB). 2015 年，*Nitrospira* 部分菌种作为全程氨氧化细菌(Comammox)被陆续发现[13]，并证实了其具有全程氨氧化能力[14]，该结论也打破了持续一个多世纪的被人们广泛接受的两步硝化理论. 该菌属携带负责氨氧化的 AMO(氨单加氧酶)和 HAO(羟胺氧化还原酶)，同时还携带亚硝酸盐氧化必需的 NXR(亚硝氧化酶)，可同时将NH_4^+-N氧化至NO_3^--N，相比其他硝化细菌，该菌属对基质的亲和力更大，在氨氮浓度较低的环境中更具优势[15]. 本研究结果显示，*Nitrospira* 相对丰度在各污水厂附着态的悬浮载体生物膜中较悬浮态活性污泥中明显升高，且系统中其他 AOB 及 NOB 菌属相对丰度较低，可见系统的硝化效果主要由 *Nitrospira* 作为全程硝化细菌所提供. 尹子华[16]在宜兴市污水厂活性污泥硝化系统检测到 AOB 和 NOB 的数量相当，*Nitrosomonas*(亚硝化单胞菌)和 *Nitrosococcus*(亚硝化球菌)为系统 AOB 的优势菌属，*Nitrobacter*(硝化杆菌)和 *Nitrospira* 为系统 NOB 的优势菌属，分析 MBBR 泥膜复合系统硝化菌组成与活性污泥系统差异的原

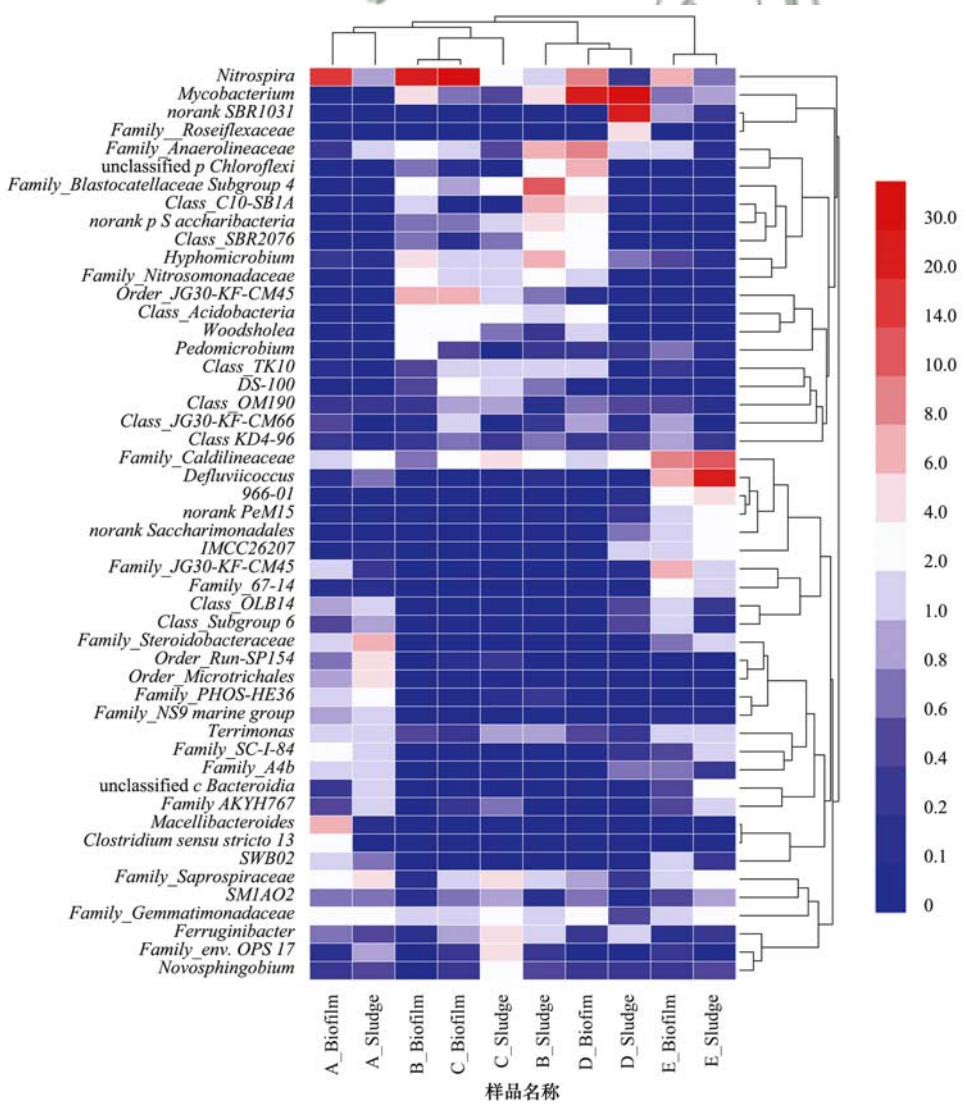


图 7　物种组成分析(属水平)

Fig. 7　Microbial composition analysis(genus level)

因,主要是由于各污水厂好氧池均为泥膜复合形式,在悬浮载体投加区域属于完全混合式,出水基质浓度与系统内基质浓度相近,都处于较低的水平(出水标准较高),而 *Nitrospira* 由于对基质亲和力较强,更容易富集,由此也可进一步推论,*Nitrospira* 也可作为 MBBR 泥膜复合系统出水基质较低系统的指示微生物.

Mycobacterium 是一类无芽孢、不运动、细胞呈分枝并具抗酸性的杆菌,部分具有致病性或可产生抗生素,其能够抵抗并分解污水中的多环芳烃(polycyclic aromatic hydrocarbons, PAHs),该菌属在 D 污水厂中相对丰度最高,悬浮载体生物膜和活性污泥的相对丰度分别达到 24.00% 和 33.06%,而在其他污水厂中相对丰度极其微量,可能是由于该污水厂进水掺杂部分医疗废水所导致. *Mycobacterium* 作为致病菌而广泛存在于医疗废水中,其中部分菌属可分泌抗生素杀灭其他微生物,因此,该污水厂中 *Mycobacterium* 作为优势菌属占有极高相对丰度. *Defluviicoccus* 部分菌属为聚糖菌,在乙酸为基质、除磷效果恶化的系统中较为常见[17],该菌属在 E 污水厂中相对丰度较高,尤其在活性污泥中相对丰度高达 22.82%,暗示了该污水厂除磷效果不容乐观,而实际运行数据也显示该污水厂生物除磷效果较差,化学除磷投药量偏高. *Hyphomicrobium* 可利用有毒难降解有机物进行反硝化脱氮[18],该菌属具有多种代谢能力,例如降解二氯甲烷、甲胺磷、二甲基硫醚和甲醇等,为污水处理厂中较为常见的反硝化菌群之一,该菌属同样可参与 PAHs 污染水体中菲的降解[19]. 其在 B 污水厂活性污泥中相对丰度为 6.61%,而在其他污水厂中该菌属所占相对丰度较低,分析可能和研究期间进水成分有关,怀疑有含毒性工业废水掺入. 其他菌属在微生物存在形式上则不具有明显规律.

功能微生物组成如图 8 所示,各污水厂主要由 NOB 及 DNB(反硝化菌群)组成,AOB 占比均较少,相

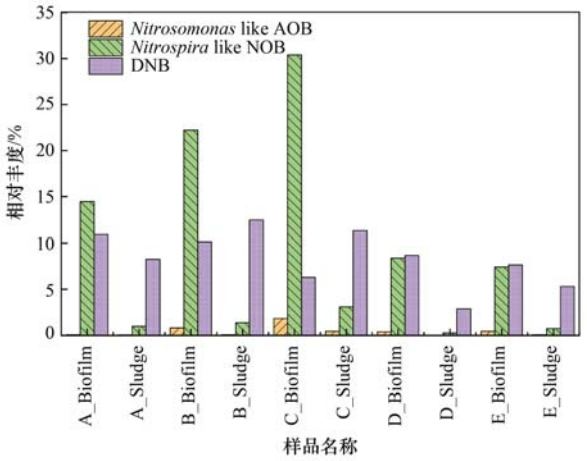


图 8 功能微生物相对丰度分析

Fig. 8 Relative abundance analysis of functional microorganisms

对丰度仅为 0.02% ~ 1.80%,优势菌为 *Nitrosomonas*,该结果与 Liu 等[20]在 SND 系统中观察到的 AOB 种类及相对丰度均较为一致. 系统中的硝化菌主要为 NOB,优势菌属为 *Nitrospira*,活性污泥中相对丰度 0.25% ~ 3.06%,而在悬浮载体生物膜中其相对丰度高达 7.41% ~ 30.38%,同一系统中悬浮载体生物膜对硝化菌的富集能力是活性污泥的 9.9 ~ 33.61 倍,说明系统中悬浮载体的投加高度强化了硝化菌的富集. 活性污泥经过系统富集后其 DNB 相对丰度达到 2.86% ~ 12.87%,值得注意的是,固定于好氧池内的悬浮载体生物膜中也检测到一定的 DNB 相对丰度,范围在 6.28% ~ 10.14%,这预示着好氧区可能存在 TN 去除现象.

系统好氧池“镶嵌”MBBR 工艺后,形成的 MBBR 泥膜复合硝化系统使悬浮载体固定于好氧池,随着运行时间的延长,其表面生长出悬浮载体生物膜,从而对硝化菌等好氧细菌形成专性培养,使其在悬浮载体生物膜中大量富集. 而系统中的活性污泥运行状态未发生改变,随着回流进行,在缺氧反硝化阶段,活性污泥中的硝化菌处于活性抑制阶段,随着系统推流,当混合液进入好氧区前端,污泥中的硝化菌活性开始恢复但仍无法发挥最大活性,仅仅在

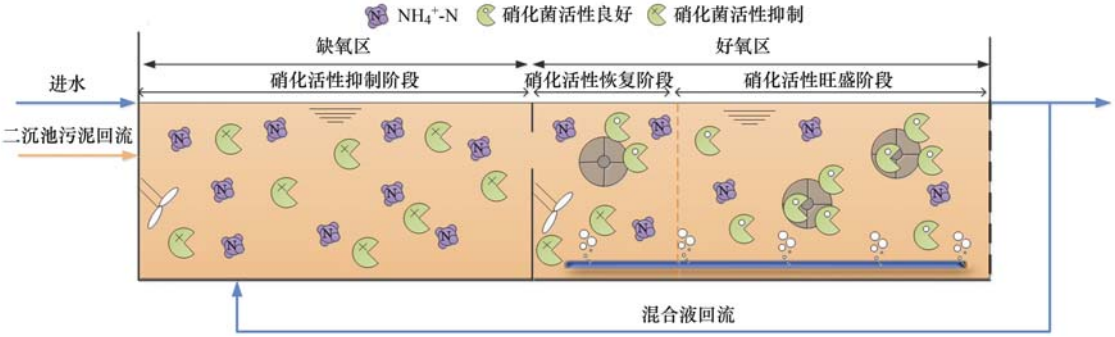


图 9 市政污水处理厂硝化菌存在方式

Fig. 9 Existing mode of nitrifying bacteria in WWTP

好氧后段待其活性完全恢复后才开始发挥硝化效果(图 9),因此,悬浮载体的投加可在一定程度上高效富集硝化菌. 另外,悬浮载体生物膜在应对低温时可表现出较活性污泥更强的硝化性能,分析原因为以下 4 点,首先,悬浮载体生物膜高效富集硝化菌,这是悬浮载体生物膜抗低温效果更好的原因之一,其次,悬浮载体单元可富集培养大量耐寒微生物,形成细菌-原生动物-后生动物的生物链,加强低温下硝化性能,使其出水水质良好[21]. 再次,MBBR 泥膜复合硝化系统中投加的悬浮载体,其材质选用聚乙烯材质,在低温工况下,可为微生物的富集提供保温效果,使其在系统温度降低时仍具有较强的硝化性能[22],而低温条件下活性污泥絮凝效果变差,絮体松散,易发生污泥膨胀现象[23,24],污泥膨胀后散热较好,对内部微生物的保温性能下降,进而导致其硝化性能降低. 最后,硝化反应本身为放热反应[25],若发生于活性污泥中,受限于活性污泥的絮状形态散热较快,而生物膜相对污泥絮体可分泌较多的 EPS[26],从而形成保护层,不易散热,使生物膜内部具有相对较高的温度及硝化活性. 因此,“镶嵌”MBBR 的泥膜复合硝化系统在低温时硝化效果仍能得到保证.

2.5　生化池好氧段运行及硝化效果

为进一步验证功能菌群组成和系统实际运行效果的关系,对不同污水厂生化池好氧段进行了实际硝化效果测定,各污水厂好氧段进出水情况如图 10 所示. 好氧池进水由于受内外回流比稀释后污染物浓度均有所降低,各污水厂在不同的进水 NH_4^+-N 浓度条件下,出水氨氮均可稳定低于 2.0 mg·L^{-1},说明好氧池硝化效果良好. 值得注意的是,各污水厂好氧段均出现了 TN 去除现象,去除量在 1.2 ~ 2.4 mg·L^{-1}左右,对应总氮去除率(2.51 ± 1.71)% ~ (22.97 ± 6.13)%,好氧区的 TN 去除现象预示着好氧区存在稳定的 SND 过程.

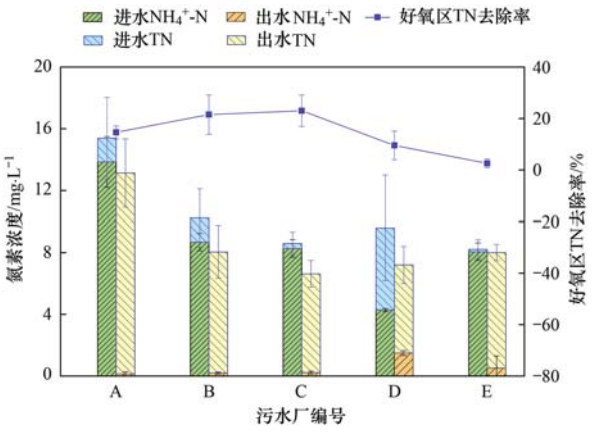


图 10　各污水厂好氧段进出水氮素变化

Fig. 10　Nitrogen change in influent and effluent of aerobic tank of each wastewater treatment plant

进一步,分别取各污水厂悬浮载体生物膜和活性污泥分别进行了硝化小试研究,控制条件如表 2 所示,结果如图 11 所示. A、B 和 E 污水厂中,对应的悬浮载体生物膜硝化负荷(ARLv)均高于同系统内的活性污泥,其中,污泥系统硝化负荷(0.076 ± 0.002 6) ~ (0.11 ± 0.008 6) kg·(m^3·d)$^{-1}$,而同条件下悬浮载体生物膜硝化负荷则高达(0.11 ± 0.01) ~ (0.15 ± 0.015) kg·(m^3·d)$^{-1}$,这与样品优势物种及功能微生物组成分析结果相对应,即悬浮载体生物膜高效富集硝化菌,从而具有很高的硝化负荷. 分析 C、D 污水厂结果出现差异的原因,C 污水厂冬季排泥受阻,导致系统内污泥浓度高达 9 mg·L^{-1},污泥浓度的升高导致了较高的硝化负荷;而 D 污水厂悬浮载体填充比过低(11%),且受限于进水基质较低而悬浮载体生物膜传质效果较活性污泥差,基质较低条件下其传质受限,进而导致其负荷低于活性污泥.

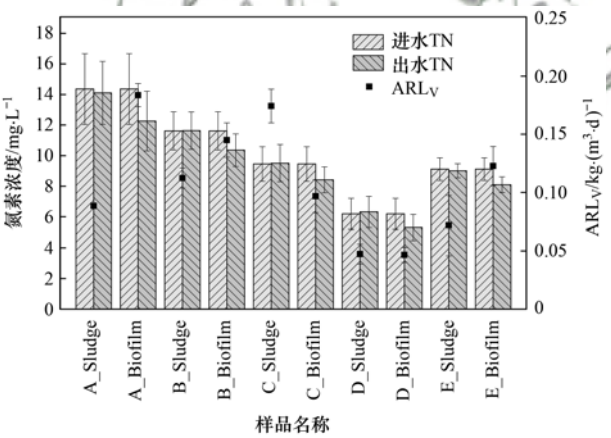


图 11　硝化小试实验结果

Fig. 11　Results of nitrification experiment

另外,图 11 显示,各污水厂纯膜系统均出现了明显的 TN 去除,TN 去除率达到(10.99 ± 1.04)% ~ (14.60 ± 1.14)%,这与悬浮载体生物膜中具有一定相对丰度的反硝化菌群相对应. 悬浮载体生物膜中反硝化菌群的存在为 SND 现象的发生奠定了微观基础. 本研究中各污水厂好氧段均为 MBBR 泥膜复合系统,既存在悬浮态的活性污泥,又存在附着态的悬浮载体生物膜. 由于好氧池内 DO 多为 2 ~ 3 mg·L^{-1},对于活性污泥难以达到缺氧环境,所以难以发生 SND 现象,这也是各污水厂活性污泥系统的 TN 去除并不显著的原因. 普通污水厂活性污泥系统发生 SND 现象的报道较为少见,而 MBBR 系统在好氧区发生 SND 现象的报道却较多,吴迪等[27]在研究北方某污水厂 Bardenpho-MBBR 改造运行时发现

有 27.4% 的总氮在好氧段被去除,SND 效果较好. Iannacone 等[28]对比了不同形式 MBBR 硝化系统的总氮去除效果,结果显示 MBBR 系统中均出现了 SND 现象,总氮去除效果主要与系统内的 C/N 及 DO 水平有关. 如图 12 所示,悬浮载体生物膜存在传质梯度,可形成局部的缺氧/好氧微环境,进而实现 SND 过程. 微生物在悬浮载体上形成的悬浮载体生物膜随着溶解氧渗透能力的弱化出现了功能菌分置现象,其中,悬浮载体生物膜外层形成以硝化细菌为主的好氧生物膜,而内层存在厌缺氧微环境,会富集反硝化菌,反硝化菌可直接利用硝化生成的硝态氮和系统中剩余有机碳源或悬浮载体生物膜中内碳源进行反硝化作用,在提升碳源利用率的同时也强化了 TN 的去除,这也是好氧段之所以存在 SND 现象的关键原因.

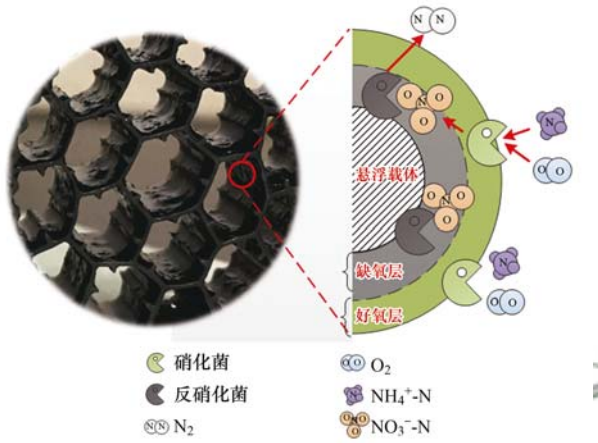


图 12 悬浮载体生物膜中微生物分布方式

Fig. 12 Distribution pattern of microorganisms on the biofilm of suspended carrier

为进一步验证悬浮载体和活性污泥对系统硝化效果的贡献率,分别测定悬浮载体生物膜及活性污泥中生物量(VSS),以微生物分析得出的硝化细菌相对丰度与 VSS 乘积核算各污水厂悬浮载体生物膜与活性污泥硝化细菌含量,计算过程见式(2):

$$\text{Biomass}_{\text{硝化细菌}} = \text{VSS} \times R \quad (2)$$

式中,$\text{Biomass}_{\text{硝化细菌}}$指硝化细菌含量($mg \cdot L^{-1}$); VSS 指悬浮载体生物膜或活性污泥中可挥发性固体($mg \cdot L^{-1}$); R 指硝化细菌相对丰度(%).

样品生物量测定结果如表 4 所示,核算悬浮载体中硝化细菌含量占系统中总量的 86.12% ~ 95.36%,而活性污泥中硝化菌含量仅占 3.31% ~ 13.88%. 悬浮载体的投加富集了系统中绝大多数硝化细菌. 体现在硝化效果上,悬浮载体及活性污泥硝化负荷未出现如此明显差异,可能原因主要在于活性污泥传质传氧效果较好,同一系统中的悬浮载体生物膜由于传质传氧效果较差在竞争中处于劣势,因此其富集的硝化细菌未展现出应有效果.

表 4 各污水厂悬浮载体生物膜与活性污泥硝化菌含量核算

Table 4 Calculation of content of nitrifying bacteria in biofilm and activated sludge of each WWTP

污水厂编号	样品名称	MLSS /g·L^{-1}	VSS /g·L^{-1}	硝化菌相对丰度 /%	硝化菌含量 /mg·L^{-1}	硝化菌比例 /%
A	A_Sludge	4.61	2.26	0.99	0.022	6.08
	A_Biofilm	3.02	2.32	14.52	0.340	93.92
B	B_Sludge	3.22	1.96	1.40	0.027	4.64
	B_Biofilm	2.98	2.41	23.02	0.555	95.36
C	C_Sludge	8.62	4.74	3.50	0.166	13.88
	C_Biofilm	4.64	3.62	32.19	1.030	86.12
D	D_Sludge	3.09	1.82	0.25	0.004	3.31
	D_Biofilm	1.66	1.34	8.75	0.117	96.69
E	E_Sludge	3.81	2.36	0.78	0.018	8.74
	E_Biofilm	3.12	2.40	7.84	0.188	91.26

3 结论

长三角地区稳定达标的 MBBR 泥膜复合污水处理厂微生物研究显示,悬浮载体生物膜微生物多样性低于同系统活性污泥,且物种分布更不均匀. 悬浮载体生物膜可富集活性污泥中不具有的物种,其投加增加了整个系统微生物的多样性,但同时,进水水质及运行方式不论对悬浮载体生物膜还是活性污泥优势微生物群落组成,均具有一定的选择性. 在物种组成上,各污水厂相对丰度较高的菌属主要有 *Nitrospira*(硝化螺旋菌)、*Mycobacterium*(分枝杆菌)、*Defluviicoccus*、*Hyphomicrobium*(生丝微菌)和 *Macellibacteroides* 等; 不同污水厂悬浮载体生物膜上硝化细菌相对丰度高达 7.41% ~ 30.38%,优势菌属为 *Nitrospira*,而在活性污泥中其相对丰度仅为 0.25% ~ 3.06%,悬浮载体的投加极大程度上强化了硝化菌的富集; 硝化菌生物量核算显示,悬浮载体中硝化细菌占系统中总量的 86.12% ~ 95.36%,但受限于传质传氧效果,其硝化性能未能完全发挥; 各污水厂好氧区悬浮载体中均检测到一定相对丰度

的反硝化菌群，且沿程及小试结果表明，好氧区悬浮载体生物膜上发生了显著的 SND 现象，SND 途径去除的 TN 在 10.99%～14.60%；悬浮载体好氧区投加形成的 SND 效果，有利于系统 TN 去除性能的进一步提高，且降低了外投碳源量，实现节能降耗.

参考文献：

[1] Ødegaard H. New applications for MBBR and IFAS systems[A]. In: Mannina G (Ed.). Frontiers International Conference on Wastewater Treatment and Modelling[C]. Cham: Springer, 201.

[2] 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]. Biochemical Engineering Journal, 2017, **119**: 101-111.

[3] 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 C C, Zheng X C, You J, *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.

[4] 张晓红, 姜博, 张文武, 等. 京津冀区域市政污水厂活性污泥种群结构的多样性及差异[J]. 微生物学通报, 2019, **46**(8): 1896-1906.
Zhang X H, Jiang B, Zhang W W, *et al*. Microbial community diversity of activated sludge from municipal wastewater treatment plants in Beijing-Tianjin-Hebei region[J]. Microbiology China, 2019, **46**(8): 1896-1906.

[5] Chao A N, Yang M C K. Stopping rules and estimation for recapture debugging with unequal failure rates[J]. Biometrika, 1993, **80**(1): 193-201.

[6] Simpson E H. Measurement of diversity[J]. Nature, 1949, **163**(4148): 688.

[7] Shannon C E. A mathematical theory of communication[J]. Bell System Technical Journal, 1948, **27**(4): 623-656.

[8] 丁永伟. 活性污泥和生物膜复合工艺的特性及运行效能研究[D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2006.
Ding Y W. A study on the characteristics and operational performance of hybrid biofilm-activated sludge process[D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2006.

[9] Ye J, Joseph S D, Ji M K, *et al*. Chemolithotrophic processes in the bacterial communities on the surface of mineral-enriched biochars[J]. The ISME Journal, 2017, **11**(5): 1087-1101.

[10] Larsen P, Nielsen J L, Otzen D, *et al*. Amyloid-like adhesins produced by floc-forming and filamentous bacteria in activated sludge[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2008, **74**(5): 1517-1526.

[11] 信欣, 管蕾, 姚艺朵, 等. 低 DO 下 AGS-SBR 处理低 COD/N 生活污水长期运行特征及种群分析[J]. 环境科学, 2016, **37**(6): 2259-2265.
Xin X, Guan L, Yao Y D, *et al*. Long-term performance and bacterial community composition analysis of AGS-SBR treating the low COD/N sewage at low DO concentration condition[J]. Environmental Science, 2016, **37**(6): 2259-2265.

[12] 王雪. 放线菌新抗生素生物合成基因的发掘[D]. 武汉: 华中农业大学, 2011.
Wang X. Mining new biosynthetic gene of antibiotics in actinomycetes[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2011.

[13] Daims H, Lebedeva E V, Pjevac P, *et al*. Complete nitrification by *Nitrospira* bacteria[J]. Nature, 2015, **528**(7583): 504-509.

[14] Van Kessel M A H J, Speth D R, Albertsen M, *et al*. Complete nitrification by a single microorganism[J]. Nature, 2015, **528**(7583): 555-559.

[15] 郭昌梓, 张凤燕, 刘富宇, 等. 单级和多级 A/O 工艺中氮的去除效果及N_2O的产生特性[J]. 环境科学, 2017, **38**(2): 647-653.
Guo C Z, Zhang F Y, Liu F Y, *et al*. Niteogen removal effect and conveesion chaeacteeistics of niteous oxide in single-stage and multi-stage A/O peocesses[J]. Environmental Science, 2017, **38**(2): 647-653.

[16] 尹子华. 高活性硝化污泥的高效富集和生物强化效果研究[D]. 上海: 上海师范大学, 2016.

[17] 张超, 陈银广. 增强生物除磷系统中微生物及其代谢机制研究进展[J]. 环境科学与技术, 2010, **33**(10): 81-85.

[18] Meiberg J B M, Bruinenberg P M, Harder W. Effect of dissolved oxygen tension on the metabolism of methylated amines in *Hyphomicrobium* X in the absence and presence of nitrate: evidence for 'aerobic' denitrification[J]. Microbiology, 1980, **120**(2): 453-463.

[19] Li J B, Luo C L, Zhang D Y, *et al*. Autochthonous bioaugmentation-modified bacterial diversity of phenanthrene degraders in PAH-contaminated wastewater as revealed by DNA-stable isotope probing[J]. Environmental Science & Technology, 2018, **52**(5): 2934-2944.

[20] Liu T, He X L, Jia G Y, *et al*. Simultaneous nitrification and denitrification process using novel surface-modified suspended carriers for the treatment of real domestic wastewater[J]. Chemosphere, 2020, **247**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2020.125831.

[21] Rusten B, Hem L J, Ødegaard H. Nitrogen removal from dilute wastewater in cold climate using moving-bed biofilm reactors[J]. Water Environment Research, 1995, **67**(1): 65-74.

[22] Wessman F G, Johnson C H. Cold weather nitrification of lagoon effluent using a moving bed biofilm reactor (MBBR) treatment process[J]. Proceedings of the Water Environment Federation, 2006, **2006**(7): 4738-4750.

[23] Rutter M, Nedwell D B. Influence of changing temperature on growth rate and competition between two psychrotolerant Antarctic bacteria: competition and survival in non-steady-state temperature environments[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1994, **60**(6): 1993-2002.

[24] Krishna C, Van Loosdrecht M C M. Effect of temperature on storage polymers and settleability of activated sludge[J]. Water Research, 1999, **33**(10): 2374-2382.

[25] Chiumenti A. Complete nitrification-denitrification of swine manure in a full-scale, non-conventional composting system[J]. Waste Management, 2015, **46**: 577-587.

[26] 李韧, 于莉芳, 张兴秀, 等. 硝化生物膜系统对低温的适应特性: MBBR 和 IFAS[J]. 环境科学, 2020, **41**(8): 3691-3698.
Li R, Yu L F, Zhang X X, *et al*. Adaptability of nitrifying biofilm systems to low temperature: MBBR and IFAS[J]. Environmental Science, **41**(8): 3691-3698.

[27] 吴迪, 李闯修. 北方某污水处理厂 Bardenpho-MBBR 改造运行分析[J]. 中国给水排水, 2018, **34**(9): 106-110.
Wu D, Li C X. Operation Analysis of Bardenpho-MBBR Upgrading and retrofitting in a northern wastewater treatment plant[J]. China Water & Wastewater, 2018, **34**(9): 106-110, 115.

[28] Iannacone F, Di Capua F, Granata F, *et al*. Effect of carbon-to-nitrogen ratio on simultaneous nitrification denitrification and phosphorus removal in a microaerobic moving bed biofilm reactor[J]. Journal of Environmental Management, 2019, **250**, doi: 10.1016/j.jenvman.2019.109518.

HUANJING KEXUE

Environmental Science (monthly)

Vol. 41 No. 11

Nov. 15, 2020

CONTENTS

Industrial Volatile Organic Compounds (VOCs) Emission Inventory in China ····· LIANG Xiao-ming, SUN Xi-bo, XU Jian-tie, *et al.* (4767)

Contribution of Emissions from Cement to Air Quality in China ····· TANG Ling, XUE Xiao-da, BO Xin, *et al.* (4776)

Audit Indicators and Suggested Ranges for Data Validation of Chemical Components in Ambient $PM_{2.5}$: A Case Study of the Yangtze River Delta ····· ZHANG Zhe, QIAO Li-ping, ZHOU Min, *et al.* (4786)

Size Distribution of Particulate Chemical Components in Nanjing Jiangbei New Area ····· ZHANG Yu-xiu, YU Xing-na, LIU Si-jia, *et al.* (4803)

Seasonal Chemical Composition Characteristics and Source Apportionment of $PM_{2.5}$ in Zhengzhou ····· ZHANG Jian-fei, JIANG Nan, DUAN Shi-guang, *et al.* (4813)

Characteristics, Sources, and Health Risks of Elements in $PM_{2.5}$ in Shanxi University Town ····· LI Xue-mei, MU Ling, TIAN Mei, *et al.* (4825)

Spatio-temporal Evolution of $PM_{2.5}$ Concentration During 2000-2019 in China ····· XIA Xiao-sheng, WANG Jun-hong, SONG Wei-dong, *et al.* (4832)

Differences in Pollution Characteristics Under the Southerly and Easterly Wind in Beijing ····· YIN Xiao-mei, QIAO Lin, ZHU Xiao-wan, *et al.* (4844)

Transport Characteristics of Air Pollution in Tianjin Based on Weather Background ····· CAI Zi-ying, YAN Xu, HAN Su-qin, *et al.* (4855)

Influence of Meteorological Conditions on Ozone Pollution at Shangdianzi Station Based on Weather Classification ····· WU Jin, LI Chen, MA Zhi-qiang, *et al.* (4864)

Accurate Identification of Ambient VOCs Emission Sources in an Industrial Park Using On-Line Monitoring Data ····· SUN Jia-ning, XIE Shao-dong (4874)

Characteristics, Atmospheric Reactivity, and Source Apportionment of Ambient Volatile Organic Compounds in Wuhu ····· GAO Kang, ZHANG Hui, LIU Meng-di, *et al.* (4885)

Water Quality Response to Landscape Pattern at Different Spatial Scales in Baihe River in the Upper Reaches of the Miyun Reservoir ··· ZHANG Wei-wei, LI Xiao-na, WANG Chao, *et al.* (4895)

Concentration and Carbon Isotope Composition of DOC and DIC in the Miyun Reservoir Watershed in Summer ····· CHEN Ji-ji, GUO Jing, XU Su-shi, *et al.* (4905)

Variation and Driving Factors of Black Water Event Intensity in Lake Taihu During 2009 to 2018 ····· XIN Hua-rong, ZHU Guang-wei, WANG Xue-song, *et al.* (4914)

Hydrogeochemical Investigations of Groundwater in the Lingbei Area, Leizhou Peninsula ····· ZHANG Hong-xin, WU Ya, LUO Wei-yu, *et al.* (4924)

Source of Groundwater Nitrate in Luanping Basin Based on Multi-environment Media Nitrogen Cycle and Isotopes ····· SUN Hou-yun, WEI Xiao-feng, JIA Feng-chao, *et al.* (4936)

Metal Distributions and Human Health Risk Assessments on Waters in the Huixian Karst Wetland, China ····· LI Jun, ZOU Sheng-zhang, LIANG Yong-ping, *et al.* (4948)

Absorption and Three Dimensional Fluorescence Spectra of CDOM in the Water of the Taibaishan Nature Reserve ····· ZHANG Wen-hao, ZHAO Duo-lin, WANG Xiao-yu, *et al.* (4958)

Effect of Heavy Rainfall on Nitrogen and Phosphorus Concentrations in Rivers at River-net Plain ····· LIAN Xin-qiao, ZHU Guang-wei, YANG Wen-bin, *et al.* (4970)

Risk Ranking of Endocrine Disrupting Compounds, Pharmaceuticals, and Personal Care Products in the Aquatic Environment of the Yangtze River Basin ····· SU Chao, CUI Yan (4981)

Sources and Ecological Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in the Jiaxing River Network ····· YANG Yan-mei, ZHAO Hang-chen, MENG Rui, *et al.* (4989)

Impact of a Sewage Treatment Plant on the Accumulation of Microplastics in Freshwater Organisms in the Lijiang River of the Guilin Urban Section ····· XIE Yuan-shan, ZHANG Qing-ke, ZHANG Li-shan, *et al.* (4999)

Distribution of Antibiotic Concentration in Domestic Wastewater Treatment Facilities in Villages and Towns ····· LU Ya-nan, GUO Ya-ni, WANG Kun, *et al.* (5008)

Microbial Diversity and Influencing Factors in a Small Watershed in Winter ····· ZHU Jin-shan, QIN Hai-lan, SUN Qi-yao, *et al.* (5016)

Characteristics of Organic Matter in Sediments During the Thermal Stratification of a Reservoir and Effects on an Aerobic Denitrifier ····· WANG Tong, WEN Gang, HUANG Ting-lin, *et al.* (5027)

Microbial Diversity Analysis of WWTPs Based on Hybrid-MBBR Process in a Low Temperature Season in the Yangtze River Delta ····· HAN Wen-jie, WU Di, ZHOU Jia-zhong, *et al.* (5037)

Effects of Phytoplankton Classifications on the Relationship Between Phytoplankton Community and Environment in Summer Subtropical Reservoirs, Southern China ····· GUO Fang, GU Ji-Guang, ZHAO Jian, *et al.* (5050)

Remote Sensing Classification of Urban Black-odor Water Based on Decision Tree ····· LI Ling-ling, LI Yun-mei, LÜ Heng, *et al.* (5060)

Enhanced Membrane Anti-fouling Ability of Anaerobic Membrane Bioreactor Equipped with Bio-electrochemical System Using Nano-zero-valent Iron and Its Regulation Mechanism ····· PAN Yang, NIU Cheng-xin, ZHI Zhong-xiang, *et al.* (5073)

Effects of Temperature and Substrate Concentration on N_2O Release of ANAMMOX Process ····· WANG Si-ke, YU Heng, ZUO Jian-e (5082)

Characteristics of Nutrient Removal in a Pilot-scale A^2/O with Mixture of Sludge Fermentation Liquor and Tail Water as External Carbon Source ····· RONG Yi, SHAO Jin-bo, YU You-cheng, *et al.* (5089)

Effect of Different Ratios of Anaerobic Time and Aeration Time on the Operation of a Continuous-Flow Reactor with Partial Nitrification Granules ····· ZHANG Jie, LAO Hui-mei, LI Dong, *et al.* (5097)

Effects of Mesophilic Anaerobic Digestion and Thermophilic Anaerobic Digestion on the Risk and Stability of Heavy Metals in Sludge ····· TIAN Zhong-ke, WANG Fen, YAN Zhao (5106)

Quantitative Evaluation of Human Health Risk of Heavy Metals in Soils Based on Positive Matrix Factorization Model and Geo-statistics ····· HAN Lin, XU Xi-bo (5114)

Distribution and Ecological Risk of Heavy Metals in the Soil of Redevelopment Industrial Sites ····· SHEN Cheng, LIU Fu-wen, WU Jian, *et al.* (5125)

Investigating Adsorption of Naphthalene to Organo-Modified Montmorillonites and Influencing Factors ····· HOU Jing-wen, SHI Wei-lin, GAO Juan (5133)

Effects of Ferrous Sulfate and Ferric Nitrate on Cadmium Transportation in the Rhizosphere Soil-Rice System ····· LI Yi-chun, CHEN Yong, TANG Ming-deng, *et al.* (5143)

Effects of Intercropping of *Brassica chinenesis* L. and *Tagetes patula* L. on the Growth and Cadmium Accumulation of Plants ····· YAN Xiu-xiu, XU Ying-ming, WANG Lin, *et al.* (5151)

Effects of Heavy Metal-immobilizing Bacteria on Reducing Wheat Uptake Cd by Regulation Soil Iron Oxides ····· WANG Xiao-yu, HAN Hui (5160)

Sustained Effects of Remediation Materials on Soil Copper Remediation Under Oil-Rice Rotation ····· ZHAO Ying-ying, LI Hong-chuan, HU Hong-xiang, *et al.* (5168)

Impacts of Nitrogen Application on Ammonia Volatilization During Maize Season in Northern China ····· ZHANG Wei, NI Bang, XU Xiu-chun, *et al.* (5176)

Effect of Biochar on Changes of the Temperature Sensitivity of Soil Respiration and Bacterial Community Structure ····· CAO Kun-kun, ZHANG Sha-sha, HU Xue-yu, *et al.* (5185)

Effects of Heavy Metal Contents on Phyllosphere and Rhizosphere Fungal Communities for *Bothriochloa ischaemum* in Copper Tailings Area ····· JIA Tong, GUO Ting-yan, WANG Rui-hong, *et al.* (5193)

Advances in Microbe-Derived Taste and Odor Compounds in Typical Aquatic Ecosystems ····· ZHANG Hai-han, MIAO Yu-tian, HUANG Ting-lin, *et al.* (5201)