

多方知库  
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



2019

Vol.40 No.11  
第40卷 第11期















*Fimbriimonadales* (4.84% ~ 4.99%)、norank\_ *f*\_A4b (4.25% ~ 6.37%) 和 *Limnobacter* (3.53% ~ 4.73%) 等。*Candidatus Brocadia* 为反应器内检测出的唯一厌氧氨氧化菌, 其相对丰度和浮霉菌门相当, 表明本实验 *Candidatus Brocadia* 为厌氧氨氧化菌优势菌种。文献[23]的研究发现 *Candidatus Kuenenia* 适合存在于低基质浓度废水中, 而 *Candidatus Brocadia* 主要存在于高基质浓度废水中, 本实验进水  $\text{NH}_4^+$ -N 平均浓度在 200 mg·L<sup>-1</sup> 以上, 属于高基质浓度废水, 更适合 *Candidatus Brocadia* 生长。*Limnobacter* 是一种异养菌, 属于变形菌门, SAD 启动前后 *Limnobacter* 丰度没有较大变化。有研究表明 *Limnobacter* 能和厌氧氨氧化菌共生, 保护厌氧氨氧化菌免受外界恶劣环境的影响<sup>[24]</sup>, *Candidatus Brocadia* 相对丰度在 SAD 启动后有所下降, 但下降不明显, 仍然表现出较高的厌氧氨氧化活性, 这可能与 *Limnobacter* 的保护作用有关。

norank\_ *f*\_Anaerolineaceae、norank\_ *o*\_SBR1031、OLB13 和 norank\_ *f*\_A4b 均属于绿弯菌门厌氧绳菌纲(Anaerolineae), 有研究表明该类微生物为厌氧消化核心微生物种群<sup>[25]</sup>, SAD 启动后该类厌氧消化菌丰度有所增加, 由于实验采用葡萄糖作为碳源, 可能是葡萄糖的添加促进了厌氧消化作用。另有研究表明隶属于厚壁菌门的土孢杆菌(*Terrisporobacter*)和毛球菌(*Trichococcus*)也属于厌

氧消化菌<sup>[26, 27]</sup>, 在本实验中也检测到。有研究表明, 氢噬菌(*Hydrogenophaga*)、索氏菌(*Thauera*)、假单胞菌(*Pseudomonas*)、副球菌(*Paracoccus*)和 *Denitratisoma* 菌都具有反硝化功能, 其中索氏菌、副球菌和 *Denitratisoma* 主要发生异养反硝化<sup>[28~30]</sup>, 假单胞菌既可以发生自养反硝化<sup>[31]</sup>, 也可以发生异养反硝化, 而氢噬菌主要发生自养反硝化<sup>[32]</sup>。另外有研究发现属于厚壁菌门的芽孢杆菌(*Bacillus*)也具有反硝化功能<sup>[33]</sup>。

图 8 反映了 SAD 启动前后上下层污泥不同功能菌属相对丰度及其变化。可见 SAD 启动后厌氧消化菌相对丰度有较大增加, 反应器上下部厌氧消化菌相对丰度分别由 29.87% 和 27.14% 增至 38.56% 和 35.82%。厌氧氨氧化菌在 SAD 启动后相对丰度有所下降, 上下层污泥厌氧氨氧化菌相对丰度分别由 18.24% 和 30.84% 降至 15.91% 和 25.69%。SAD 启动后反硝化菌相对丰度增幅较大, 反应器上下部变形菌门相对丰度分别由 2.76% 和 2.79% 增至 9.10% 和 10.88%。菌群变化的主要原因在于有机物进入反应器后, 异养反硝化菌在有外部碳源情况下快速生长, 外加碳源和异养菌的增加抑制了厌氧氨氧化菌的生长, 部分厌氧氨氧化菌死亡, 厌氧氨氧化菌相对丰度下降, 死亡的厌氧氨氧化菌细胞和外加碳源为厌氧消化菌提供了营养物质, 厌氧消化菌得到生长, 相对丰度增加。

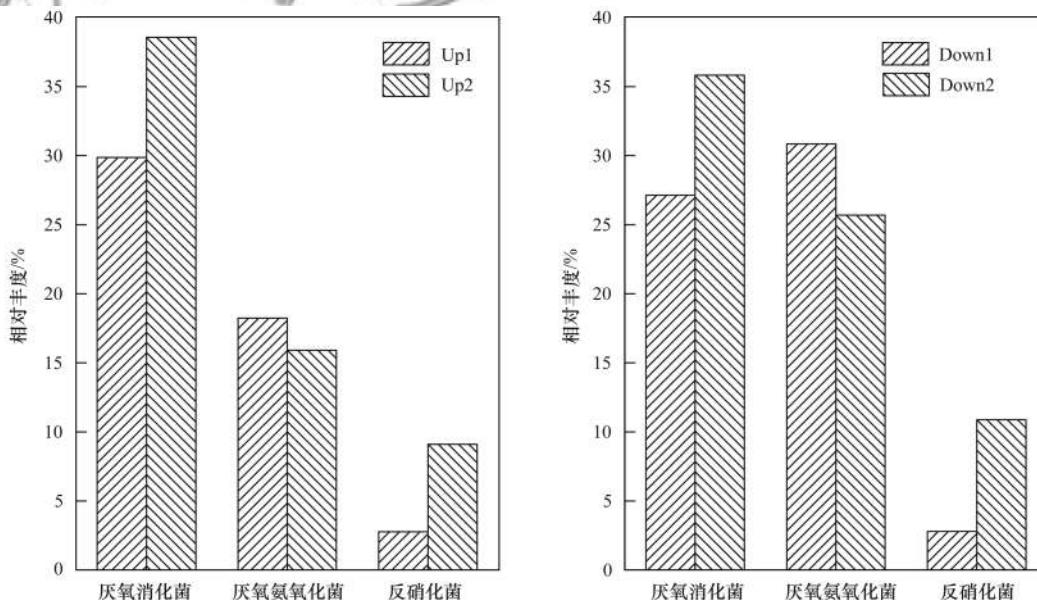


图 8 功能微生物相对丰度变化

Fig. 8 Changes of relative abundance of functional microorganisms

### 3 结论

(1) 在高氮进水基质下启动 SAD 反应, 随着进水 COD 浓度的增加,  $\text{NH}_4^+$ -N 和  $\text{NO}_2^-$ -N 出水稳定,

平均去除率在 98% 以上; TN 去除率逐渐升高, 第 3 阶段 TN 平均去除率为 95.6%, 比厌氧氨氧化理论 TN 去除率高 6.8%。随着进水 COD 浓度的增加,  $\Delta\text{NO}_3^-$ -N/ $\Delta\text{NH}_4^+$ -N 明显下降, 从 0.15 ~ 0.17 逐步



- [19] Chen C J, Huang X X, Lei C X, et al. Effect of organic matter strength on ANAMMOX for modified greenhouse turtle breeding wastewater treatment [J]. Bioresource Technology, 2013, **148**: 172-179.
- [20] Kindaichi T, Yuri S, Ozaki N, et al. Ecophysiological role and function of uncultured *Chloroflexi* in an ANAMMOX reactor [J]. Water Science & Technology, 2012, **66**(12): 2556-2561.
- [21] Miao Y, Liao R H, Zhang X X, et al. Metagenomic insights into Cr(VI) effect on microbial communities and functional genes of an expanded granular sludge bed reactor treating high-nitrate wastewater [J]. Water Research, 2015, **76**: 43-52.
- [22] Zhang Z, Liu S. Insight into the overconsumption of ammonium by ANAMMOX consortia under anaerobic conditions [J]. Journal of Applied Microbiology, 2014, **117**(6): 1830-1838.
- [23] Van Der Star W R L, Miclea A I, Van Dongen U G J M, et al. The membrane bioreactor: a novel tool to grow ANAMMOX bacteria as free cells [J]. Biotechnology and Bioengineering, 2008, **101**(2): 286-294.
- [24] Wang C, Liu S T, Xu X C, et al. Achieving mainstream nitrogen removal through simultaneous partial nitrification, ANAMMOX and denitrification process in an integrated fixed film activated sludge reactor [J]. Chemosphere, 2018, **203**: 457-466.
- [25] Xia Y, Wang Y B, Wang Y, et al. Cellular adhesiveness and cellulolytic capacity in *Aaerolineae* revealed by omics-based genome interpretation [J]. Biotechnology for Biofuels, 2016, **9**: 111.
- [26] Deng Y, Guo X, Wang Y W, et al. *Terrisporobacter petrolearius* sp. nov., isolated from an oilfield petroleum reservoir [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2015, **65**(10): 3522-3526.
- [27] Parshina S N, Strepis N, Aalvink S, et al. *Trichococcus shcherbakoviae* sp. nov., isolated from a laboratory-scale anaerobic EGSB bioreactor operated at low temperature [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2019, **69**(2): 529-534.
- [28] Thomsen T R, Kong Y H, Nielsen P H. Ecophysiology of abundant denitrifying bacteria in activated sludge [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2007, **60**(3): 370-382.
- [29] Osaka T, Yoshie S, Tsuneda S, et al. Identification of acetate- or methanol-assimilating bacteria under nitrate-reducing conditions by stable-isotope probing [J]. Microbial Ecology, 2006, **52**(2): 253-266.
- [30] Cao S B, Du R, Li B K, et al. High-throughput profiling of microbial community structures in an ANAMMOX-UASB reactor treating high-strength wastewater [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2016, **100**(14): 6457-6467.
- [31] Su J F, Ma M, Huang T L, et al. Characteristics of autotrophic and heterotrophic denitrification by the strain *Pseudomonas* sp. H117 [J]. Geomicrobiology Journal, 2017, **34**(1): 45-52.
- [32] Zhang Y H, Zhong F H, Xia S Q, et al. Autohydrogenotrophic denitrification of drinking water using a polyvinyl chloride hollow fiber membrane biofilm reactor [J]. Journal of Hazardous Materials, 2009, **170**(1): 203-209.
- [33] Kong Q, He X, Feng Y, et al. Pollutant removal and microorganism evolution of activated sludge under ofloxacin selection pressure [J]. Bioresource Technology, 2017, **241**: 849-856.

