

生物除磷系统启动及运行期的微生物种群结构变化

王亚超^{1,2,3}, 南亚萍^{1,2,3}, 袁林江^{1,2,3}, 成敏^{1,2,3}

(1. 西安建筑科技大学 环境与市政工程学院, 陕西 西安 710055; 2. 西北水资源与环境生态教育部重点实验室, 陕西 西安 710055; 3. 陕西省环境工程重点实验室, 陕西 西安 710055)

摘要: 利用16S rRNA高通量测序手段探究了SBR生物除磷系统启动及运行过程中微生物种群结构的变化。根据测序结果,共获得20个门、150个属级微生物。微生物多样性分析结果显示,系统中的主要菌门为变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、浮霉菌门(*Planctomycetes*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*)、绿菌门(*Chlorobi*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)、芽单胞菌门(*Gemmatimonadetes*)、疣微菌门(*Verrucomicrobia*),这8个菌门占微生物总数的95%以上。属级微生物中的优势菌属为索氏菌属(*Thauera*)和脱氯单胞菌属(*Dechloromonas*),其相对丰度分别为7.90%和5.20%。系统中的聚磷微生物有*Candidatus Accumulibacter*、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、噬纤维菌科(*Cytophagaceae*)、浮霉菌属(*Planctomyces*)、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)、脱氯单胞菌属等,其中*Candidatus Accumulibacter*为主要除磷微生物。

关键词: 生物除磷; 高通量测序; 生物多样性; *Candidatus Accumulibacter*

中图分类号: TU992 **文献标识码:** C **文章编号:** 1000-4602(2018)13-0104-06

Change of Microbial Communities Structure in Enhanced Biological Phosphorus Removal Process during Start-up and Operation Period

WANG Ya-chao^{1,2,3}, NAN Ya-ping^{1,2,3}, YUAN Lin-jiang^{1,2,3}, CHENG Min^{1,2,3}

(1. Institute of Environmental and Municipal Engineering, Xi'an University of Architecture and Technology, Xi'an 710055, China; 2. Key Laboratory of Northwest Water Resources, Environment and Ecology <Ministry of Education>, Xi'an 710055, China; 3. Shaanxi Key Laboratory of Environmental Engineering, Xi'an 710055, China)

Abstract: Change of microbial community structure was explored by 16S rRNA high-throughput sequencing method during the start-up and operation of the enhanced biological phosphorus removal (EBPR) process. 20 phyla and 150 genera were obtained according to the sequencing results. Microbial diversity analysis showed that the main bacterial phyla were *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Planctomycetes*, *Chloroflexi*, *Chlorobi*, *Acidobacteria*, *Gemmatimonadetes*, *Verrucomicrobia* and so on in the EBPR system, and these 8 phyla bacteria accounted for more than 95% of the microorganisms. The dominant genera of genus microorganisms were *Thauera* and *Dechloromonas*, and their relative abundances were 7.90% and 5.20% respectively. The phosphorus accumulating microorganisms in the system were *Candidatus Accumulibacter*, *Acinetobacter*, *Pseudomonas*, *Cytophagaceae*, *Planctomyces*, *Gemmatimonas*, *Dechlo-*

romonas and so on, and *Candidatus Accumulibacter* was the main microbial for phosphorus removal.

Key words: biological phosphorus removal; high-throughput sequencing; microbial diversity; *Candidatus Accumulibacter*

在生物除磷机理的研究中,研究者多将焦点集中于温度、DO 浓度、pH 值和碳源种类等外界环境因子^[1],而对生物除磷的参与者及主导者——微生物的群落结构研究相对较少^[2],造成对系统除磷机理研究不透彻。笔者采用 16S rRNA 高通量测序技术,对 A/O-SBR 除磷系统在启动及运行过程中的微生物群落演替及聚磷微生物的丰度变化情况进行了分析,旨在从生态学角度探究聚磷菌与生物除磷效率间的关系,以期后续强化生物除磷系统的高效稳定运行提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 SBR 反应器的运行

聚磷污泥诱导培养采用 SBR 反应器。反应器为圆柱状,有效容积为 5 L,采用厌氧/好氧交替方式运行,进水、搅拌、曝气、沉淀、排水等操作程序采用自动化控制,污泥浓度为 3 000 ~ 3 500 mg/L,污泥龄为 10 d,温度控制在 20 ~ 25 °C 之间,pH 值在 7 ~ 8 之间。反应器每天运行 3 个周期,每周期为 8 h,其中厌氧 2.5 h、好氧 4 h,每周期末排水 2.5 L,排水比为 1 : 2。

接种污泥来自西安市第四污水处理厂,经过筛选后接入反应器。反应器进水为人工配制:COD(乙酸钠)为 350 mg/L, $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ (NH_4Cl) 为 10 mg/L, TP (KH_2PO_4) 为 10 mg/L, CaCl_2 为 18 mg/L, MgSO_4 为 20 mg/L,微量元素为 0.3 mL/L。1 L 微量元素溶液中含 10 g EDTA、1 g FeCl_3 、0.03 g $\text{CuSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$ 、0.18 g KI、0.15 g $\text{CoCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$ 、0.12 g $\text{ZnSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 、0.06 g $(\text{NH}_4)_2\text{MoO}_4$ 、0.12 g $\text{MnSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 、0.15 g H_3BO_3 。

1.2 泥样的采集与处理

SBR 反应器运行总时长为 120 个周期,共分为 3 个阶段,如图 1 所示。第 1 阶段:启动期(第 1 ~ 30 周期),反应器的除磷率由 32% 逐渐升高至 98%;第 2 阶段:稳定期(第 30 ~ 100 周期),反应器的除磷率维持在 98% 左右;第 3 阶段:除磷效果恶化期(第 100 ~ 120 周期),反应器的除磷率急剧下降,由 98% 降到 30% 左右。分别在第 1 阶段的第 1(O1)、9(O2)、28(O3)周期,第 2 阶段的第 49(O4)、70

(O5)、95(O6)周期,以及第 3 阶段的第 110 周期(O7)采集样品。一共采集 7 组样品,每组取 3 个平行样,样品经离心、去掉上清液后置于 -20 °C 下保存。

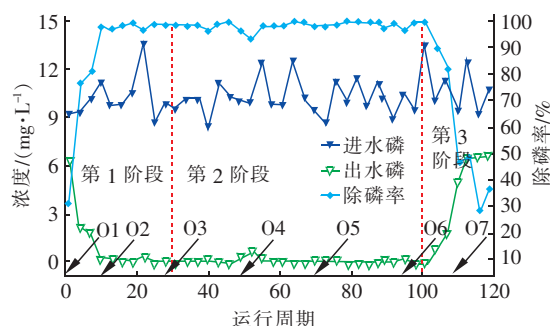


图1 反应器运行周期内除磷效果变化情况

Fig.1 Change of phosphorus removal rate in different operation phases

1.3 16S rRNA 群落多样性高通量测序分析

活性污泥样品送到上海派森诺生物公司进行 16S rRNA 高通量测序分析,采用 Illumina MiSeq 测序平台,得到的原始数据采用 FASTQ 格式保存并进一步分析处理,具体操作步骤如下:

① 对原始数据进行质量过滤和双端序列的连接,对连接上的序列进行过滤和去除嵌合体。采用滑动窗口法对双端的 FASTQ 序列做质量过滤:窗口大小为 5 bp,步长为 1 bp,从第 1 个碱基位置开始移动,要求窗口中碱基平均质量 $\geq Q20$ (即碱基准确率 $\geq 99\%$),从第 1 个低于 Q20 处截断序列,最终要求序列长度 ≥ 150 bp,且不容许有 N(模糊碱基),再利用 FLASH 软件对通过质量过滤的序列进行连接,要求 read1 和 read2 的 overlap ≥ 10 bp,且不允许碱基错配。根据 Index 序列中用于区分样品的一段碱基序列信息提取每个样品的有效序列(要求 Index 完全匹配)。

② 对得到的优质序列进行 OTU 的聚类 and 注释。高通量测序建库过程中的 PCR 扩增会产生嵌合体序列,测序过程中会产生点突变等测序错误,为了保证分析结果的准确性,需要对有效序列进行进一步过滤和去除嵌合体处理,得到最终用于后续分析的优质序列。数据过滤标准:去除 5' 端引物错配

碱基数 > 1 的序列; 去除含有模糊碱基的序列; 去除含有连续相同碱基数 > 8 的序列; 去除长度 ≤ 150 bp 的序列; 去除嵌合体序列。

③ 基于 OTU 聚类和分析的结果, 绘制稀疏曲线, 进行多样性指数分析, 并在各分类水平上进行群落结构的统计分析和物种丰度差异分析。在上述分析的基础上, 进一步对群落结构和系统发育等进行深入的统计学和可视化分析。

2 试验结果

2.1 微生物群落结构差异分析

PCoA (Principal Coordinates Analysis) 是一种研究数据相似性或差异性的可视化方法, 通过一系列的特征值和特征向量进行排序后, 选择主要排在前列的特征值, PCoA 可以找到距离矩阵中最主要的坐标, 结果是数据矩阵的一个旋转, 它没有改变样品点之间的相互位置关系, 只是改变了坐标系, 通过 PCoA 可以观察个体或群体间的差异。图 2 中每个点代表一个样品, 颜色相同的点属于同一分组, 两点之间的距离越近, 说明两个样品的微生物群落差异越小。

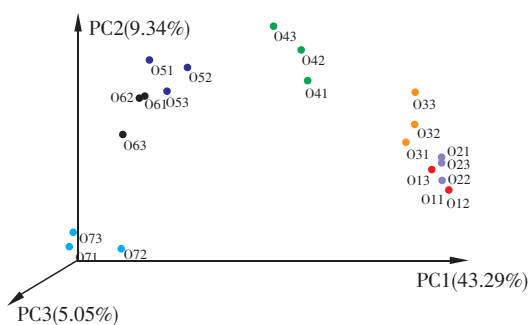


图 2 3D PCoA 分析结果

Fig. 2 Results of 3D principal coordinates analysis

由图 2 可知, 微生物群落结构在 3 个运行阶段表现出明显的差异性。第 1 阶段反应器启动过程中, 系统内微生物种群的组成结构在缓慢地发生变化; 第 2 阶段, 生物系统处于稳定状态, 系统中微生物种群的组成结构也趋于稳定; 第 3 阶段, 反应器除磷效果恶化, 微生物种群的组成结构也有较大的差异。这表明, 在反应器启动过程中, 系统内部的微生物种群是不断变化的; 当系统处于稳定时, 系统内部的微生物种群虽然有一定的差异性, 但总体差异不大, 形成较为稳定的微生物群落结构; 当除磷效果恶化时, 与前两个阶段相比, 微生物的群落表现出较大的差异性, 也间接表明生物系统的除磷效果与微生

物群落结构的组成密切相关。

2.2 EBPR 中生物群落结构的演替规律

2.2.1 门级水平上微生物的演替规律

在 SBR 反应器运行过程中, 反应器内微生物的种群结构在门分类水平上具有较高的多样性, 如图 3 所示, 反应器内共发现 20 个门类, 其中含量占比在 1% 以上的门类有: 变形菌门 (*Proteobacteria*)、拟杆菌门 (*Bacteroidetes*)、浮霉菌门 (*Planctomycetes*)、绿弯菌门 (*Chloroflexi*)、绿菌门 (*Chlorobi*)、酸杆菌门 (*Acidobacteria*)、芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*)、疣微菌门 (*Verrucomicrobia*) 共 8 个菌门, 这 8 个门的细菌数之和占微生物总数的 95% 以上。除此之外, 装甲菌门 (*Armatimonadetes*)、衣原体门 (*Chlamydiae*)、厚壁菌门 (*Firmicutes*)、放线菌门 (*Actinobacteria*)、螺旋体门 (*Spirochaetes*) 等为含量不超过 1% 的门类。

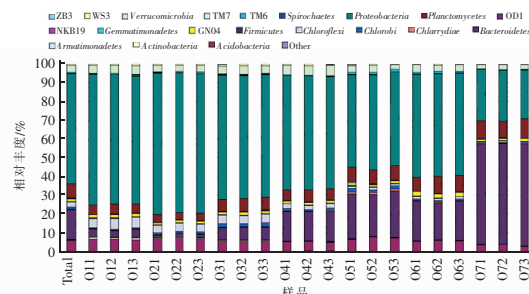


图 3 样品中门水平细菌群落结构分布

Fig. 3 Distribution of bacteria communities at phylum level

在 SBR 运行的 3 个阶段, 微生物种群结构表现出较大的差异, 主要体现在含量占比在 1% 以上的 8 个菌门。由图 3 可知, 在 SBR 启动和稳定运行阶段, 变形菌门尽管丰度在逐渐降低, 但仍一直处于优势地位, 其丰度比例为 52.00% ~ 75.00%, 这与很多污水处理厂关于微生物种群结构的报道相一致^[3]。此外, 拟杆菌门的丰度出现明显增加, 由启动期的 4.00% 增至稳定期的 25.00%; 浮霉菌门、芽单胞菌门、绿菌门的丰度分别由启动期的 5.00%、1.50%、0.80% 增至稳定期的 8.50%、2.10%、1.00%, 增幅不大, 且在系统中总体不占优势; 绿弯菌门和酸杆菌门的丰度分别由启动期的 4.80%、7.80% 降至稳定期的 1.00%、5.30%; 疣微菌门的丰度变化不大, 保持在 3.50% 左右。第 3 阶段, 除磷效果恶化, 变形菌门的丰度大幅度下降, 只有 25.00% 左右; 而拟杆菌门的丰度却大幅度上升, 由稳定期的 25.00% 升至 50.00% 左右; 浮霉菌门、绿

弯菌门、绿菌门、酸杆菌门、芽单胞菌门、疣微菌门的丰度分别由稳定期的 8.50%、1.00%、1.00%、5.30%、2.10%、3.50% 变为 9.20%、0.60%、0.45%、3.20%、1.10%、2.30%。

在反应器启动和运行过程中,变形菌门、拟杆菌门和浮霉菌门这3个菌门的相对丰度在75.00%~85.00%,处于优势地位,进一步对这3个菌门在纲水平上的分布特征进行分析。结果表明,在反应器启动和稳定阶段, β -变形菌纲和 γ -变形菌纲是变形菌门中相对丰度最大的菌群, β -变形菌纲的相对丰度由启动期的42.00%降至稳定期的20.00%左右, γ -变形菌纲则由16.00%增至25.00%左右;拟杆菌门中噬胞菌纲(*Cytophagia*)和*Saprospirae*是优势拟杆菌,噬胞菌纲的相对丰度由启动期的0.10%增至稳定期的9.00%左右,*Saprospirae*则由1.00%增至7.00%左右;浮霉菌门中的主要菌群有*Planctomycetia*、*Phycisphaerae*、OM190、C6,其相对丰度分别由启动期的2.70%、1.10%、0.80%、0.40%变为稳定期的4.20%、2.00%、1.60%、0.20%,*Planctomycetia*是浮霉菌门丰度最大的菌群。除磷效果恶化后,各菌群的相对丰度都发生了一定的变化,尤其是 β -变形菌纲、噬胞菌纲、*Saprospirae*、*Planctomycetia*等变化明显,分别由稳定期的20.00%、9.00%、7.00%、4.20%变为恶化期的2.80%、24.70%、16.00%、9.50%。

2.2.2 属级水平上微生物的演替规律

在SBR反应器运行过程中,共发现了150个不同菌属。其中相对丰度在1%以上的菌属有:浮霉菌属(*Planctomyces*)、索氏菌属(*Thauera*)、动胶菌属(*Zoogloea*)、*Aquicella*、*Dokdonella*、出芽菌属(*Gemmat*)、脱氯单胞菌属(*Dechloromonas*)、*Candidatus Accumulibacter*。此外,相对丰度在1%以下的菌属有:放线菌属(*Candidatus Microthrix*)、*Candidatus Protochlamydia*、暖绳菌属(*Caldilinea*)、*Kouleothrix*、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)、慢生根瘤菌(*Bradyrhizobium*)、生丝微菌属(*Hyphomicrobium*)、红杆菌属(*Rhodobacter*)、极地单胞菌属(*Polaromonas*)、固氮弧菌属(*Azovibrio*)、郅弧菌属(*Bdellovibrio*)、侏囊菌属(*Nannocystis*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、突柄杆菌属(*Prostheobacter*)、*Candidatus Xiphinematobacter*、不动杆菌属(*Acinetobacter*)等,具体如图4所示。

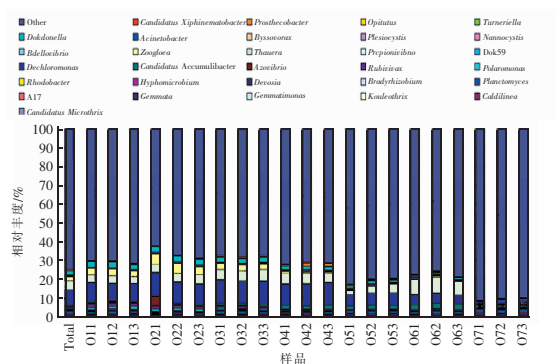


图4 样品中属水平细菌群落结构分布

Fig.4 Distribution of microbial communities at genus level

由图4可知,在反应器启动和稳定运行阶段,索氏菌属和脱氯单胞菌属处于优势地位,其相对丰度分别由启动期的4.10%、10.20%变为稳定期的7.90%、5.20%。在污泥驯化过程中,*Candidatus Accumulibacter*、浮霉菌属、出芽菌属、*Aquicella*等菌属的相对丰度逐渐增加,分别由启动期的0.60%、1.20%、0.40%、0.10%增加至稳定期的2.80%、1.60%、1.40%、1.10%。动胶菌属、*Dokdonella*的丰度逐渐减少,分别由启动期的5.10%、3.10%减至稳定期的0.40%、0.80%。当反应器除磷效果恶化后,微生物的群落结构在属水平上发生了较大的变化,索氏菌属、脱氯单胞菌属、*Candidatus Accumulibacter*、浮霉菌属分别由稳定期的7.90%、5.20%、2.80%、1.60%变为恶化期的0.80%、0.70%、0.20%、1.80%。

2.3 聚磷微生物群落结构变化

对反应器驯化过程中的聚磷微生物进行分析,结果表明,在整个运行周期内出现的聚磷菌有7种:*Candidatus Accumulibacter*、不动杆菌属、假单胞菌属、噬纤维菌科(*Cytophagaceae*)、浮霉菌属、芽单胞菌属、脱氯单胞菌属(见表1)。*Candidatus Accumulibacter*是公认的生物除磷系统的优势除磷菌,经常在各个除磷工艺中被检测到^[4];不动杆菌属曾被长期认为是唯一的PAO^[5],但现在不动杆菌在生物除磷系统中是不是能够起到除磷作用存在很大的争议,Kang等人^[6]认为不动杆菌属在除磷系统中含量很低,不可能负责EBPR中微生物的主要除磷作用;假单胞菌属因其分离得到的纯种菌株具有除磷性能而被大家认为是除磷系统中代表性的聚磷微生物^[7]。除此之外,噬纤维菌科^[8]、浮霉菌属^[3]、芽单胞菌属^[9]、脱氯单胞菌属^[10]等都被报道为聚磷微生

物。

表1 SBR 反应器中的聚磷微生物

Tab.1 Phosphorus accumulating organisms in SBR %

项 目	所占比例		
	启动期	稳定期	恶化期
<i>Candidatus Accumulibacter</i>	0.50	2.80	0.20
不动杆菌属	0.50	0.30	1.20
假单胞菌属	0.15	0.10	0.20
噬纤维菌科	0.10	6.80	27.30
浮霉菌属	1.10	1.10	1.80
芽单胞菌属	0.10	0.20	1.20
脱氮单胞菌属	10.20	5.20	0.70

3 讨论

3.1 除磷系统中生物种群结构变化

运用16S rRNA高通量测序手段,对SBR除磷反应器运行全过程中的微生物群落结构变化进行了全面分析,此次分析共发现了20个门类、150个属类。平均相对丰度前10位微生物种群的群落结构见图5。其相对丰度从大到小分别为变形菌门(58.80%)、 β -变形菌纲(27.90%)、 γ -变形菌纲(22.30%)、红环菌目(18.40%)、红环菌科(18.40%)、拟杆菌门(16.00%)、脱氮单胞菌属(8.00%)、浮霉菌门(7.50%)、噬胞菌纲(6.90%)、噬纤维菌目(6.90%)。

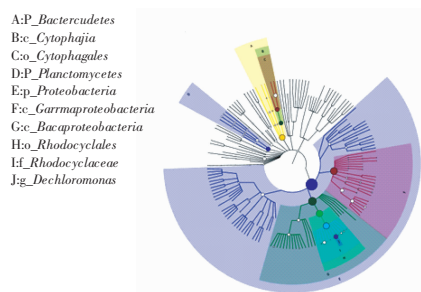


图5 生物群落结构

Fig.5 Microbial community structure of all samples

在反应器运行过程的3个阶段,微生物的种群结构有着明显的差异。宏观上反应器的处理功能与微观上微生物的种群不同体现了较强的映射关系。在不同运行条件下,优势微生物种群不同,系统条件改变,系统中的微生物种群结构也会逐渐发生变化。在启动期,污泥刚刚接种,变形菌门占主导地位;在稳定期,虽然变形菌门占主导地位,但拟杆菌门相对丰度逐渐升高,成为仅次于变形菌门的第二大菌门;在恶化期,随着除磷效果的恶化,拟杆菌门取代了变

形菌门占据主导地位。当系统处于稳定的条件下,系统内微生物的群落结构变化不大,仅有少部分微生物群落表现出一定的差异。

3.2 除磷系统中聚磷微生物分析

在稳定期SBR反应器进水 $\text{PO}_4^{3-} - \text{P}$ 浓度为10 mg/L的条件下,除磷率能一直保持在98%以上,表明该工艺具有高效的除磷性能,这与聚磷微生物的富集有关。在反应器运行过程中发现了7种聚磷微生物,其中*Candidatus Accumulibacter*作为好氧除磷系统中的主要除磷微生物而被广泛认可。在反应器启动过程中,随着除磷效果的逐渐升高,*Candidatus Accumulibacter*的相对丰度也逐渐增加,由初期的0.50%逐渐增至2.80%左右,而在除磷效果恶化后,*Candidatus Accumulibacter*的相对丰度降至0.30%。不动杆菌在生物除磷系统中是不是除磷菌存在着争议。根据本次测序结果可知,不动杆菌的相对丰度在启动期为0.50%、在稳定期为0.30%。较低的生物丰度证明了不动杆菌不可能承担起系统中的主要除磷任务。同理,芽孢杆菌属、假单胞菌属的平均相对丰度分别为0.10%和0.20%,也不可能承担起主要的除磷任务。此外,噬纤维菌科、浮霉菌属、脱氮单胞菌属的平均相对丰度分别为6.80%、1.10%、5.20%,其在SBR反应器中是否具有除磷作用需后续做进一步探究。

4 结论

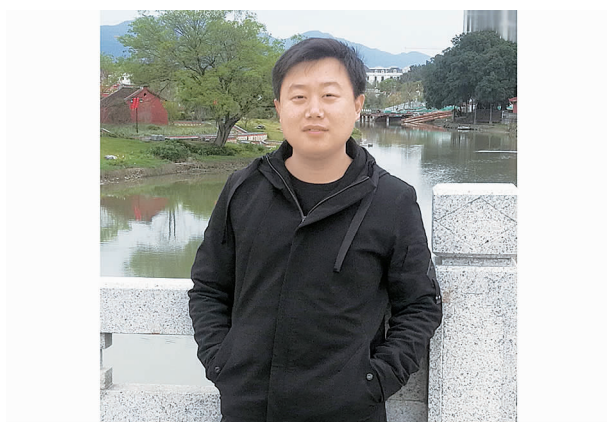
① 通过高通量测序手段,对SBR生物除磷系统运行过程中的微生物种群结构进行了检测分析,共发现20个门类、150个属类。在门级水平中,变形菌门和拟杆菌门占微生物总数的75.00%左右,其中,变形菌门中 β -变形菌纲和 γ -变形菌纲是主要的微生物种群,平均相对丰度分别为27.90%和22.30%;拟杆菌门中噬胞菌纲和*Saprospirae*占相对优势,平均相对丰度分别为6.90%和7.20%。属级水平上,在稳定期脱氮单胞菌属和索氏菌属处于优势,平均相对丰度分别为5.20%和7.90%。在启动期、稳定期和恶化期,微生物种群结构发生了明显的变化,具有显著的差异性。

② 反应器运行过程中,共发现7个除磷微生物种群:*Candidatus Accumulibacter*、不动杆菌属、假单胞菌属、噬纤维菌科、浮霉菌属、芽单胞菌属、脱氮单胞菌属,其中*Candidatus Accumulibacter*是主要除磷微生物。在除磷效果较好的稳定期,*Candidatus*

Accumulibacter 的相对丰度在 2.80% 左右,而不动杆菌属、芽孢杆菌属和假单胞菌属的相对丰度较低,无法承担主要除磷功能。此外,噬纤维菌科、浮霉菌属、脱氮单胞菌属的平均相对丰度分别为 6.80%、1.10%、5.20%,其在 SBR 反应器中的除磷作用需后续做进一步探究。

参考文献:

- [1] 刘燕,陈银广,郑弘,等. 乙酸丙酸比例对富集聚磷菌生物除磷系统影响研究[J]. 环境科学学报,2006,26(8):1278-1283.
Liu Yan, Chen Yinguang, Zheng Hong, *et al.* Effect of different ratios of propionic to acetic acid on phosphorus removal by an enriched culture of phosphorus accumulating organisms [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2006, 26(8):1278-1283 (in Chinese).
- [2] Rubio-Rincon 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 Res*, 2017, 120:156-164.
- [3] 王海燕,周岳溪,戴欣,等. 16S rDNA 克隆文库方法分析 MDAT-IAT 同步脱氮除磷系统细菌多样性研究[J]. 环境科学学报,2006,26(6):903-911.
Wang Haiyan, Zhou Yuexi, Dai Xin, *et al.* Bacterial diversity study for the simultaneous nitrogen and phosphorus removal system (MDAT-IAT) by 16S rDNA cloning method [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2006, 26(6):903-911 (in Chinese).
- [4] 吕小梅. 反硝化除磷菌群结构与工艺调控策略[D]. 哈尔滨:哈尔滨工业大学,2014.
Lv Xiaomei. Microbial Community Structure and Process Control Strategy of Denitrifying Phosphorus Removal [D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2014 (in Chinese).
- [5] 王亚东,王少坡,郑莎莎,等. 生物除磷系统的聚磷微生物种群及其检测方法[J]. 环境工程,2015,33(2):21-26.
Wang Yadong, Wang Shaopo, Zheng Shasha, *et al.* Poly-P accumulating microorganisms and identifying methods for biological phosphorus removal system [J]. *Environmental Engineering*, 2015, 33(2):21-26 (in Chinese).
- [6] Kang D W, Noguera D R. *Candidatus* Accumulibacter phosphatis: Elusive bacterium responsible for enhanced biological phosphorus removal [J]. *J Environ Eng*, 2013, 140(1):2-10.
- [7] 李慧,刘丹丹,陈文清. 反硝化聚磷菌的筛选及脱氮除磷特性[J]. 环境工程,2016,34(4):25-28.
Li Hui, Liu Dandan, Chen Wenqing. Screening of denitrifying phosphate accumulating organisms and its characteristics of nitrogen and phosphorus removal [J]. *Environmental Engineering*, 2016, 34(4):25-28 (in Chinese).
- [8] Gebremariam S Y, Beutel M W, Christian D, *et al.* Research advances and challenges in the microbiology of enhanced biological phosphorus removal: A critical review [J]. *Water Environ Res*, 2011, 83(3):195-219.
- [9] Zhang H, Sekiguchi Y, Hanada S, *et al.* *Gemmatimonas aurantiaca* gen. nov., sp. nov., a Gram-negative, aerobic, polyphosphate-accumulating micro-organism, the first cultured representative of the new bacterial phylum *Gemmatimonadetes* phyl. nov. [J]. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2003, 53(4):1155-1163.
- [10] 杨浩,张国珍,杨晓妮,等. 16S rRNA 高通量测序研究集雨窖水中微生物群落结构及多样性[J]. 环境科学,2017,38(4):1704-1716.
Yang Hao, Zhang Guozhen, Yang Xiaoni, *et al.* Microbial community structure and diversity in cellar water by 16S rRNA high-throughput sequencing [J]. *Environmental Science*, 2017, 38(4):1704-1716 (in Chinese).



作者简介:王亚超(1991-),男,河北邯郸人,硕士研究生,研究方向为水污染控制。

E-mail:1483544562@qq.com

收稿日期:2017-12-07