

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2021.07.003

# 碳氮比对硝化过程微生物代谢及功能基因的影响

吴代顺<sup>1</sup>, 杨昕怡<sup>2</sup>, 于雪<sup>2</sup>, 侯红勋<sup>3</sup>, 孙洪伟<sup>2,4</sup>

(1. 福建技术师范学院海洋与生化工程学院 近海流域环境测控治理福建省高校重点实验室, 福建 福清 350300; 2. 兰州交通大学 环境与市政工程学院, 甘肃 兰州 730070; 3. 安徽国祯环保节能科技股份有限公司, 安徽 合肥 230031; 4. 烟台大学 环境与材料工程学院, 山东 烟台 264005)

**摘要:** 生物脱氮效率受进水碳氮比(C/N)的影响较大。为此,采用人工模拟配水,基于16S rRNA高通量测序技术,探究了SBR生物脱氮过程中,4种C/N(0、5、10和15)条件对微生物代谢功能及相关功能基因的影响。结果表明,C/N对微生物菌群的代谢功能有不同程度的影响。能量代谢、碳水化合物代谢和氨基酸代谢是影响微生物代谢活性的主导功能。碳水化合物代谢和能量代谢在R<sub>0</sub>中的相对丰度最高,而丁酸代谢、丙酸代谢和氮代谢在R<sub>0</sub>中的相对丰度最低。此外,C/N可显著影响氮代谢过程相关功能基因的数量,当C/N从0逐渐升高至15时,硝化过程相关酶的相对丰度表现为先增大后减小的趋势;反硝化过程相关酶的相对丰度逐渐增大,固氮过程相关酶的相对丰度却逐渐减小。

**关键词:** 碳氮比; 硝化过程; 代谢功能; 氮代谢; 功能基因

**中图分类号:** TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2021)07-0020-07

## Effect of C/N Ratio on Microbial Metabolism and Related Functional Genes in Biological Nitrification Process

WU Dai-shun<sup>1</sup>, YANG Xin-yi<sup>2</sup>, YU Xue<sup>2</sup>, HOU Hong-xun<sup>3</sup>, SUN Hong-wei<sup>2,4</sup>

(1. Fujian Provincial Key Laboratory of Coastal Basin Environment, School of Marine and Biochemical Engineering, Fujian Polytechnic Normal University, Fuqing 350300, China; 2. School of Environmental and Municipal Engineering, Lanzhou Jiaotong University, Lanzhou 730070, China; 3. Anhui Guozhen Environmental Protection and Energy Saving Technology Co. Ltd., Hefei 230031, China; 4. School of Environmental and Material Engineering, Yantai University, Yantai 264005, China)

**Abstract:** Ratio of carbon-nitrogen (C/N) is one of the key factors affecting the efficiency of biological denitrification. Experiments were carried out in four lab-scale sequencing batch reactors fed with synthetic wastewater with C/N ratio of 0, 5, 10 and 15 respectively. The effect of C/N ratio on microbial metabolism and related functional genes in SBR biological denitrification process was explored by means of 16S rRNA high-throughput sequencing technology. The results showed that C/N ratio had different effects on the metabolic function of microbial community. Energy metabolism, carbohydrate metabolism and amino acid metabolism were the main functions that affected the metabolic activity of microorganisms. The relative abundances of carbohydrate metabolism and energy metabolism were the

highest in  $R_0$ , while the relative abundances of butanoate metabolism, propanoate metabolism and nitrogen metabolism were the lowest. In addition, C/N ratio could significantly affect the number of relative functional genes in nitrogen metabolism process. When C/N ratio increased from 0 to 15, the relative abundance of related enzymes in nitrification increased at the beginning, and then decreased; the relative abundance of related enzymes in denitrification gradually increased, but the relative abundance of related enzymes in nitrogen fixation tended to decrease.

**Key words:** C/N ratio; nitrification process; metabolic function; nitrogen metabolism; functional genes

传统生物脱氮借助于硝化菌和反硝化菌的生理代谢功能实现氮的稳定去除。脱氮效率受到多种因素的影响,碳氮比(C/N)就是其中一个<sup>[1]</sup>。在A-O-N工艺中,王翠等<sup>[2]</sup>认为进水C/N在5.1时系统的脱氮效率最高,不会继续随着C/N增大而增大;Miqueleto等<sup>[3]</sup>的研究表明,当C/N从3.4增加到13.6时,氨氮去除率从80%降低至64%;Chiu等<sup>[4]</sup>在研究C/N对SBR工艺处理效果的影响时,在C/N为11.1时出现了同步硝化反硝化(SND)的现象;夏志红<sup>[5]</sup>发现C/N从0增加到10时,能够显著地抑制氨氧化进程;Verstraete等发现,随着C/N减小,活性污泥系统中的硝化细菌数量明显增多<sup>[6]</sup>。此外,一些研究也发现,随着C/N升高,氨氮去除率降低而总氮(TN)去除率升高<sup>[7-11]</sup>。微生物竞争机制理论能较好地解释C/N对硝化过程的影响机理:硝化菌为化能自养菌,C/N较低时自养菌为优势菌,硝化作用可以顺利进行;C/N较高时化能异养菌大量出现,抑制了硝化菌的活性。因此,C/N较高时可为反硝化菌提供大量的电子供体,有利于SND作用,进而提高总氮去除效果<sup>[11-12]</sup>。

C/N对硝化过程的影响体现在微生物菌群代谢功能及相关功能基因活性的差异。16S rRNA基因测序技术在近几年被广泛采用,已成为研究微生物群落组成、微生物多样性、特征功能基因等的重要手段<sup>[13-14]</sup>。笔者采用人工模拟污水,在C/N值分别为0、5、10、15条件下驯化微生物菌群,首次通过16S rRNA基因测序手段开展微生物菌群代谢功能的预测分析,考察C/N对SBR生物脱氮效果的影响,探究硝化过程主导的功能代谢途径和功能基因,从而揭示C/N对硝化过程影响的微生物生态机制。

## 1 材料与方法

### 1.1 原水水质

人工模拟污水的主要成分:微量元素浓缩液为

1 mL/L,  $\text{NH}_4\text{Cl}$  为 115 mg/L,  $\text{KH}_2\text{PO}_4$  为 26 mg/L,  $\text{CH}_3\text{COONa}$  为 385 mg/L。微量元素浓缩液的成分:  $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$  为 5.07 mg/L,  $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$  为 2.49 mg/L,  $\text{Na}_2\text{MoO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$  为 1.26 mg/L,  $\text{NaCl}$  为 0.25 mg/L,  $\text{CoCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$  为 0.41 mg/L, EDTA 为 1.88 mg/L,  $\text{ZnSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$  为 0.44 mg/L,  $\text{CuSO}_4$  为 0.25 mg/L,  $\text{MnSO}_4 \cdot 4\text{H}_2\text{O}$  为 0.31 mg/L,  $\text{CaSO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$  为 0.43 mg/L。

### 1.2 SBR 反应器及接种污泥

有机玻璃圆锥形 SBR 反应器的内径为 150 mm, 外径为 160 mm, 高为 500 mm, 总有效容积为 10 L, 配有恒温加热和自动控制系统(控制 pH 值和 DO)。采用鼓风曝气, 供气系统由空气压缩机、气体流量计(16~160 L/h)、曝气管及多孔扩散器组成。以兰州市某污水处理厂  $\text{A}^2/\text{O}$  工艺的活性污泥作为接种污泥, 其 MLVSS 约为 3 000 mg/L, SV 为 35%, 具有良好的脱氮性能。

### 1.3 试验方案

首先对接种污泥进行培养驯化, 即向反应器中加入人工模拟污水, 按周期运行, 直到获得稳定的生物脱氮性能。驯化结束后, 将污泥分装入 4 个 SBR 反应器( $R_0$ 、 $R_5$ 、 $R_{10}$  和  $R_{15}$ ), 通过调整进水 COD 和  $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  的浓度, 控制 4 个 SBR 内混合液初始 C/N 分别为 0、5、10 和 15, 具体运行条件见表 1。

表 1 SBR 反应器的运行条件

Tab. 1 Operating conditions of four SBR reactors

反应器	反应时间/min				进水及活性污泥浓度/ ( $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ )		
	周期	进水	曝气	沉淀排水	COD	$\text{NH}_4^+ - \text{N}$	MLSS
$R_0$	300	2	270	25	0	20	2 540
$R_5$	340	2	300	35	300	60	3 345
$R_{10}$	330	2	270	55	300	30	3 154
$R_{15}$	270	2	210	55	300	20	2 989

SBR 反应器每个周期包括进水、曝气、沉淀排水

及闲置四个阶段。由于4个SBR反应器初始C/N不同,为了获得完全的氨氧化反应,每个反应器的硝化反应时间和沉淀排水时间也不同。反应器中的混合液温度由恒温加热系统稳定在 $(25 \pm 2.0)^\circ\text{C}$ ,通过投加0.5 mol/L的HCl或NaOH溶液维持混合液pH值为 $7.5 \pm 0.2$ ,DO维持在1.0~2.5 mg/L。装置共稳定运行303 d,取活性污泥样品进行DNA提取,通过16S rRNA高通量测序获得微生物的构成。在此基础上,基于KEGG数据库,借助PICRUSt工具预测分析微生物菌群的代谢功能,并对氮转化的相关功能基因进行比对。

#### 1.4 活性污泥样品DNA提取和高通量测序

每个SBR反应器取3个均质泥水混合液样品,进行微生物基因组DNA提取。将DNA模板从样品中提取出来之后,扩增16S rRNA V3-V4区,以提取到的DNA原液为PCR模板,通用引物为338F和806R。PCR反应条件:98℃预变性2 min;98℃变性15 s,55℃退火30 s,25~27个循环;72℃延伸5 min。在4℃的条件下保存,委托上海派森诺生物科技发展有限公司进行Illumina MiSeq高通量测序。

#### 1.5 PICRUSt预测的方法和步骤

PICRUSt是用来预测菌群代谢功能的工具。其

原理是通过对比已知代谢功能的微生物基因组数据库和已有的16S rRNA基因测序数据,来预测细菌的代谢功能。同时,在预测的过程中还需要考虑16S rRNA基因拷贝数在不同物种之间的不同,而且需要校正物种丰度,从而得到更加科学的预测结果<sup>[15]</sup>。具体步骤:首先,根据已测微生物基因组的16S rRNA基因全长序列,推断出它们共同祖先的基因功能谱,以及Greengenes 16S rRNA基因全长序列数据库中其他未测物种的基因功能谱,然后利用推断结果构建出古菌和细菌域全谱系的基因功能预测谱;其次,比对Greengenes数据库和16S rRNA基因序列的相关数据,得到参考序列相似的“参考OTU”;再按照这些拥有相似序列的16S rRNA基因拷贝数,校正OTU丰度矩阵;最后,将菌群组成“映射”到数据库,利用这些“大数据”就可以科学地预测菌群的一些代谢功能。

## 2 结果与讨论

### 2.1 C/N对SBR系统脱氮效能的影响

整个试验共进行了303 d,通过监测SBR系统进出水COD和氮浓度变化情况,分析C/N对脱氮性能及微生物硝化活性的影响。表2为4种C/N条件下SBR系统对COD和氮的去除情况。

表2 SBR系统对COD及氮的去除性能

Tab.2 Removal performance of nitrogen and COD in the SBR systems

反应器	硝化开始/(mg·L <sup>-1</sup> )					硝化结束/(mg·L <sup>-1</sup> )					去除率/%		
	COD	NH <sub>4</sub> <sup>+</sup> -N	NO <sub>2</sub> <sup>-</sup> -N	NO <sub>3</sub> <sup>-</sup> -N	TN	COD	NH <sub>4</sub> <sup>+</sup> -N	NO <sub>2</sub> <sup>-</sup> -N	NO <sub>3</sub> <sup>-</sup> -N	TN	COD	NH <sub>4</sub> <sup>+</sup> -N	TN
R <sub>0</sub>	27.9 ± 8.3	19.0 ± 2.6	0.7 ± 0.5	20.0 ± 5.1	39.8 ± 5.4	19.3 ± 5.7	1.1 ± 0.6	0.1 ± 0.2	35.3 ± 6.1	36.5 ± 6.0	27.6 ± 22	94.6 ± 2.8	8.3 ± 5.2
R <sub>5</sub>	266.1 ± 19.0	56.3 ± 4.2	0.5 ± 0.7	5.9 ± 4.2	62.7 ± 6.1	28.0 ± 6.8	1.2 ± 1.1	0.2 ± 0.5	45.1 ± 5.2	46.4 ± 5.3	89.5 ± 2.2	97.8 ± 2.0	25.7 ± 8.3
R <sub>10</sub>	256.3 ± 18.3	26.6 ± 2.4	0.2 ± 0.2	0.9 ± 2.7	27.7 ± 3.7	25.3 ± 5.5	0.9 ± 0.7	0.1 ± 0.2	21.6 ± 1.9	22.6 ± 2.0	90.2 ± 1.9	96.9 ± 2.5	17.8 ± 10.1
R <sub>15</sub>	259.2 ± 15.9	20.0 ± 2.2	0.1 ± 0.2	0.7 ± 1.6	20.7 ± 3.0	25.1 ± 4.9	0.7 ± 0.6	0.2 ± 0.4	11.1 ± 1.9	11.9 ± 2.1	90.3 ± 1.9	96.4 ± 3.0	42.0 ± 9.6

由表2可知,尽管4个系统进水NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N浓度不同,但曝气结束后的平均浓度均低于2.3 mg/L,去除率均在90%以上,这与王翠<sup>[2]</sup>及郭英<sup>[16]</sup>等的研究结果一致。此外,曝气结束后,R<sub>0</sub>和R<sub>5</sub>的总氮浓度较高,而且硝化产物以NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N为主,NO<sub>2</sub><sup>-</sup>-N含量极低,表明NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N主要被氧化成NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N。对于反应器R<sub>10</sub>和R<sub>15</sub>,曝气结束时的NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N和NO<sub>2</sub><sup>-</sup>-N浓度均非常低,表明发生了明显的同步硝化反硝化现象。对于TN的去除,R<sub>0</sub>的去除率最低,

而R<sub>15</sub>最高。但TN的去除率并没有随着C/N的提高而增加,例如R<sub>10</sub>的去除率(17.8%)远低于R<sub>5</sub>(25.7%)。因此认为SBR中发生了SND现象,在仅进行曝气的条件下能去除部分TN。对去除速率进行了计算,发现R<sub>5</sub>中TN的去除速率最快,因此推测该条件下实现SND反应的微生物最活跃。R<sub>15</sub>的TN去除率最高,但其TN去除速率居第二位,因此SND在高C/N时更彻底,更有利于微生物进行相关的生命活动,实现氮的去除<sup>[17]</sup>。

## 2.2 基于KEGG 数据库的菌群功能预测

KEGG 数据库在分类水平上主要包括以下四个等级:大类的生物代谢通路是第一等级,代谢通路的子功能是第二等级,代谢通路图作为第三等级,最后是 KO 编号(对应代谢通路上各个 KO 的具体注释信息)作为第四等级。在 4 种 C/N 下,基于 KEGG 数据库的活性污泥微生物代谢功能分析结果见图

1。在二级分类水平上,共有细胞进程、环境信息处理、遗传信息处理、人类疾病、新陈代谢、生物体系统和未分类这 7 个功能模块的微生物代谢通路。新陈代谢功能模块呈现出多样性和数量上的显著优势,其次是遗传信息处理、环境信息处理、未分类功能和细胞进程的功能模块,其相对丰度较高,而生物体系统和人类疾病模块的相对丰度较低。

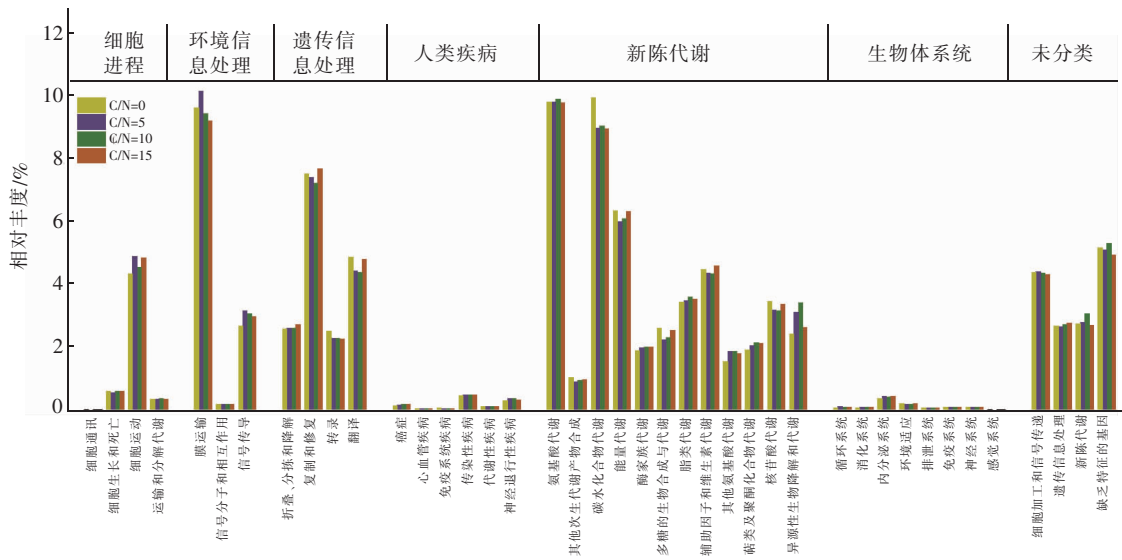


图 1 4 种 C/N 条件下活性微生物功能基因 KEGG

Fig. 1 KEGG statistics of functional genes under four C/N ratios

氨基酸代谢、碳水化合物代谢和能量代谢是新陈代谢中最具优势的功能类群,三者分别占总生物代谢通路的 9.8%、9.2% 和 6.2%,这与 4 个系统中有有机物和氮的降解规律以及主要功能微生物的相对丰度变化趋势一致。第二/第三类群辅助因子和维生素代谢、脂类代谢、核苷酸代谢以及异源性生物降解和代谢的相对丰度分别为 4.4%、3.5%、3.3%、2.9%。相对丰度较低的是多糖的生物合成与代谢(相对丰度为 2.4%)、萜类及聚酮化合物代谢(2.0%)、酶家族代谢(1.9%)、其他氨基酸代谢(1.7%)以及参与其他次生代谢产物合成的代谢(0.9%)。在遗传信息处理中,相对丰度最高的是复制和修复以及翻译,相对丰度分别为 7.4% 和 4.6%。在环境信息处理中,相对丰度最高的是参与膜运输的功能,占总生物代谢通路的 9.6%。细胞运动功能在细胞进程这一模块中的相对丰度最突出。此外,4 种 C/N 条件下相对丰度差异较大的是异源性生物降解和代谢功能。

根据 KEGG 基因表达的结果,基因序列在 4 种

C/N 条件下表现出了丰度上的差异性和功能上的多样性。KO 一级水平层次上的 7 类代谢功能和 KO 二级水平层次上的 41 类二级代谢功能均具有显著丰度差异,因此在活性污泥样品中可能存在许多微生物,并且具备不同的特定功能。

为了进一步探讨 C/N 对微生物代谢功能的影响,建立了 4 组污泥样品的 KEGG 三级代谢模型(见图 2)。可以看出,虽然每种代谢途径在相对丰度上存在一定程度的差异,但是碳水化合物代谢、能量代谢、氨基酸代谢、核苷酸代谢及酶类代谢途径普遍共存于所有污泥样品中。具体来说,氨基酸、碳水化合物和能量代谢的功能图谱占微生物代谢活性的主要比例,与主要营养物质的降解和主要功能微生物的丰富度相吻合,这与相关文献报道一致<sup>[18]</sup>。氨基酸代谢中的精氨酸和脯氨酸代谢,丙氨酸、天冬氨酸和谷氨酸代谢,甘氨酸、丝氨酸和苏氨酸代谢的相对丰度在  $R_0$  中最高,在其他三个系统中的相对丰度则相差不大。碳水化合物代谢中的丙酮酸代谢、氨基糖和核苷酸糖代谢、糖酵解/糖异生和柠檬酸循环



(TCA 循环)的相对丰度也是在  $R_0$  中最高,但  $R_0$  中的丁酸代谢和丙酸盐代谢的相对丰度明显低于其他三个系统。能量代谢中的氧化磷酸化在  $R_0$  和  $R_{15}$  中相对丰度较大,分别约为 1.7% 和 1.5%。氮代谢的相对丰度在  $R_0$  中最小,为 0.9%,这也进一步表

明在  $R_0$  系统中,由于有机物的缺乏,同步硝化反硝化作用较弱,导致 TN 去除率最低。核苷酸代谢中的嘌呤代谢的相对丰度在全部代谢功能中最高,为 1.9%。此外,随着 C/N 的增加,与有机物降解相对应的碳水化合物代谢并没有因此而增加。

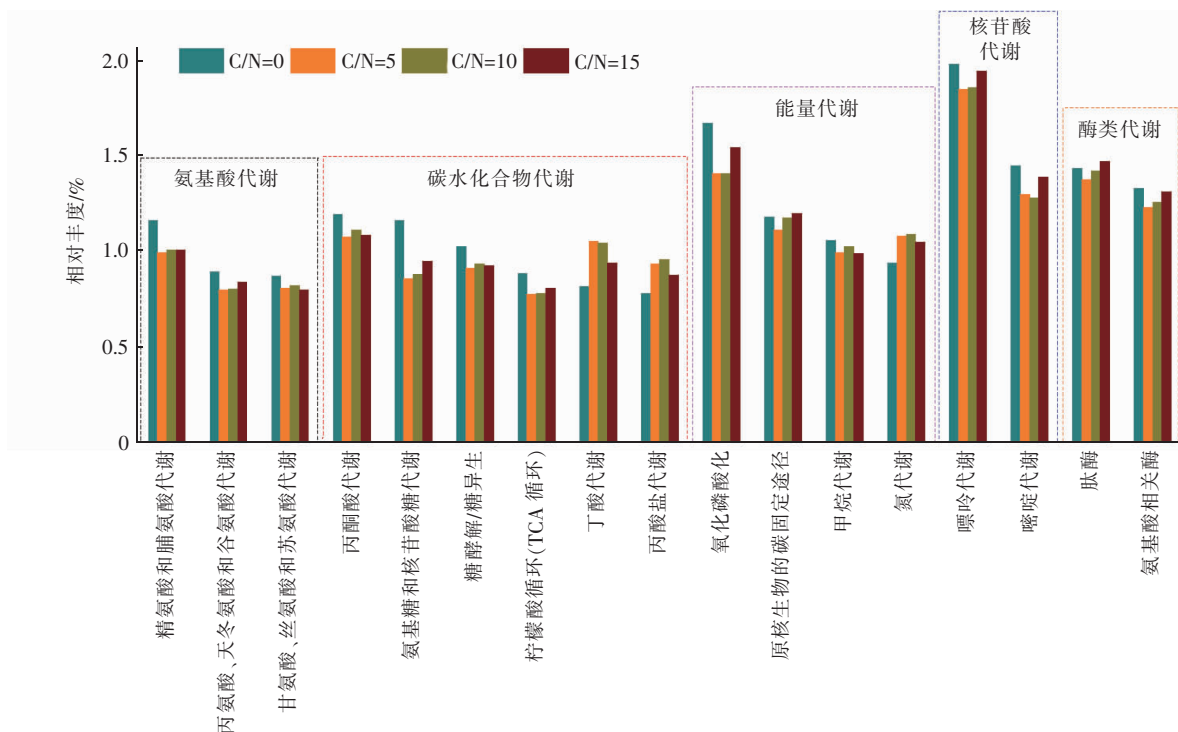


图2 不同 C/N 条件下活性污泥微生物代谢功能特征

Fig. 2 Metabolic functional traits and categories of the four sludge samples with different C/N ratios according to the KEGG pathway database

### 2.3 氮代谢相关酶种类及丰度

基于 16S rRNA 基因测序结果和 PICRUSt 工具可获得 KEGG 直系同源基因簇 (KO) 的具体注释信息,并将 KO 值映射到 KEGG 代谢通路数据库的“氮代谢通路图”,可获得氮代谢相关功能基因类别及其相对丰度。其中,氮代谢 KEGG 途径见图 3。

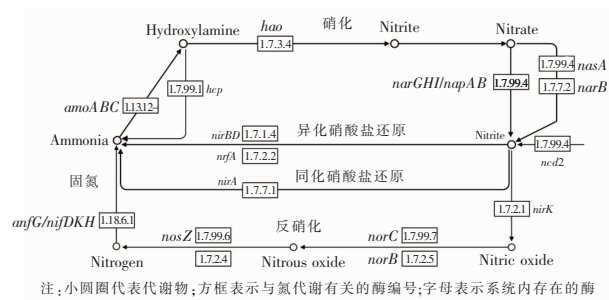


图3 氮代谢 KEGG 途径

Fig. 3 KEGG pathway of nitrogen metabolism

4 个 SBR 系统中均涉及 24 个功能基因和 5 种

氮代谢途径,即:硝化作用、反硝化作用、异化硝酸盐还原作用、同化硝酸盐还原作用和固氮作用(见图 3)。一些功能酶,如羟胺氧化酶(*hao*)/还原酶(*hcp*)和氨单加氧酶(*amoABC*)会参与到硝化过程中。反硝化过程相关的酶为硝酸还原酶(*naps*、*nars*)、亚硝酸盐还原酶(*nirK*)、一氧化氮还原酶(*norB*、*norC*)以及一氧化二氮还原酶(*nosZ*)。

通过对 4 种 C/N 条件下与氮转化相关功能基因丰度的分析,氮转化过程相关酶均共存于 4 个活性污泥系统中,但功能基因的相对丰度存在一定的差异(见图 4)。*amo* 和 *hao/hcp* 参与到硝化过程中。*amo* 仅在  $R_0$  中检出,其相对丰度为  $6.7 \times 10^{-7}$ ,充分表明  $R_0$  具有较强的氨氧化能力,而 *hao/hcp* 分布于 4 个活性污泥样品中,但 *hcp* 在相应污泥样品中的相对丰度是 *hao* 的 14 ~ 581 倍,表明 *hcp* 是羟胺氧化/还原过程中的主导酶,可将羟胺直接还原成氧

化亚氮而从系统中逸出。这也解释了4种C/N条件下,均发生了显著的同步硝化反硝化现象的原因。此外,随C/N的增加,羟胺还原酶和一氧化氮还原酶的相对丰度均表现出逐渐增加的趋势,因此C/N增加显著促进了羟胺和亚硝态氮的还原过程,从而强化了系统对TN的去除。

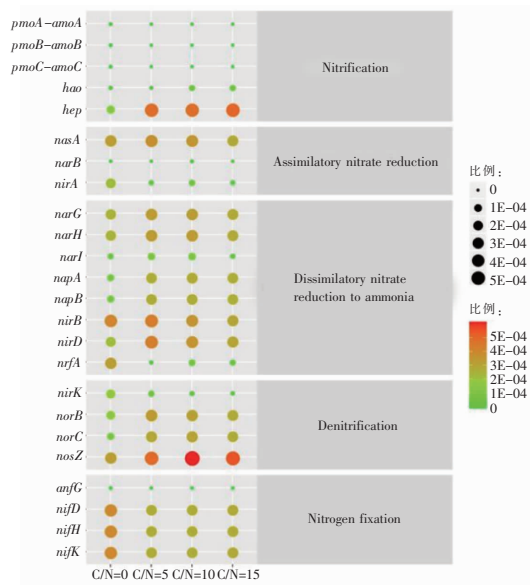


图4 功能基因的相对丰度

Fig.4 Relative abundance plot of functional genes

通过同化和异化硝酸盐还原两个途径来实现硝酸盐还原过程。与同化硝酸盐还原相关的功能基因中,硝酸盐还原酶 *nasA* 占绝对丰度优势(0.032%)。与异化硝酸盐还原相关的功能基因在4种活性污泥中的相对丰度差异较小,介于15.5%~20.3%。此外,与异化硝酸盐相关的功能基因的相对丰度之和是同化硝酸盐还原相对丰度之和的3.6~5.6倍,表明异化硝酸盐还原过程是SBR系统中硝酸盐还原的主要途径。对于亚硝酸盐还原过程,将亚硝酸盐还原成氮的相关功能基因相对丰度之和(*nirK* + *norBC* + *nosZ*)是亚硝酸盐还原成氨相关功能基因丰度之和(*nirBD* + *nirA* + *nrfA*)的1.3~1.7倍,表明反硝化过程是实现亚硝态氮还原的主要途径。

此外,反硝化过程相关基因的含量占有绝对优势,硝化过程和同化硝酸盐还原过程的基因相对丰度较低。C/N对氮代谢相关功能基因丰度具有显著影响。当C/N从0升高至15时,固氮过程相关酶的基因丰度随着C/N升高而减小;硝化过程相关酶的相对丰度表现出先随C/N升高而增大,然后再

减小的趋势,说明硝化过程被逐渐弱化,相反,同化硝酸盐还原相关酶的相对丰度表现出先随C/N升高而减小,然后再增大的趋势。需要指出的是,反硝化过程相关酶的基因丰度随C/N升高而增大,这充分表明高C/N条件对反硝化过程有促进作用。

### 3 结论

① 4种C/N条件下均获得90%以上的COD和氨氮去除率。但C/N能够显著影响总氮的去除,随着C/N的升高,总氮去除率从8.3%逐渐增加到42.0%,较高C/N条件有利于同步硝化反硝化作用,从而强化系统对总氮的去除。

② C/N对微生物的代谢功能具有一定程度的影响。碳水化合物代谢、能量代谢、氨基酸代谢、核苷酸代谢及酶类代谢共存于活性污泥系统中,而氨基酸代谢、碳水化合物代谢和能量代谢是微生物新陈代谢的主导功能模块,且低C/N有利于碳水化合物代谢、能量代谢和核苷酸代谢,较高C/N有利于氮代谢、丁酸代谢和丙酸盐代谢。

③ C/N可显著影响氮代谢相关酶的组成及相对丰度。硝化过程羟胺氧化酶/还原酶的相对丰度表现为先随C/N升高而增大,然后减小的趋势。硝酸盐转化还原过程的主要途径是异化硝酸盐还原,其功能基因的相对丰度随着C/N升高而增加。反硝化过程相关酶(*nirK*、*norBC*、*nosZ*)的相对丰度随着C/N升高而增大,较高C/N对反硝化过程具有较强的促进作用。

### 参考文献:

- [1] WANG B, PENG Y, GUO Y, et al. Impact of partial nitrification degree and C/N ratio on simultaneous sludge fermentation, denitrification and Anammox process [J]. *Bioresource Technology*, 2016, 219: 416–419.
- [2] 王翠, 章北平, 杨高华, 等. 碳氮比对A-O-N工艺脱氮效果的影响[J]. *工业用水与废水*, 2008, 39(4): 32–35.  
WANG Cui, ZHANG Beiping, YANG Gaohua, et al. Influence of C/N ratio on nitrogen removal by A-O-N process [J]. *Industrial Water & Wastewater*, 2008, 39(4): 32–35.
- [3] MIQUELETO A P, DOLOSIC C C, POZZI E, et al. Influence of carbon sources and C/N ratio on EPS production in anaerobic sequencing batch biofilm reactors for wastewater treatment [J]. *Bioresource*

- Technology, 2010, 101(4): 1324 – 1330.
- [4] CHIU Y C, LEE L L, CHANG C N, *et al.* Control of carbon and ammonium ratio for simultaneous nitrification and denitrification in a sequencing batch bioreactor[J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2007, 59(1): 1 – 7.
- [5] 夏志红. 碳氮比对硝化污泥胞外聚合物及污泥特性的影响研究[D]. 西安: 西安建筑科技大学, 2014.
- XIA Zhihong. Effect of COD/N Ratio on the EPS and Characteristics of Nitrifying Activated Sludge [D]. Xi'an: Xi'an University of Architecture and Technology, 2014 (in Chinese).
- [6] VERSTRAETE W, PHILIPS S. Nitrification-denitrification processes and technologies in new contexts [J]. Environmental Pollution, 1998, 102(1): 717 – 726.
- [7] 严迎燕. 短程同步硝化反硝化过程的  $N_2O$  释放特性及其微生物群落特征研究[D]. 广州: 华南理工大学, 2014.
- YAN Yingyan. Study on the  $N_2O$  Emission Characteristics and Microbial Community Succession during the Shortcut Simultaneous Nitrification and Denitrification Process [D]. Guangzhou: South China University of Technology, 2014 (in Chinese).
- [8] 陈静雯. 短程硝化反硝化生物滤池脱氮效果研究[D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2017.
- CHEN Jingwen. Study on Nitrogen Removal in Partial Nitrification Denitrification Biological Filters [D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2017 (in Chinese).
- [9] JIA L, WANG R, FENG L, *et al.* Intensified nitrogen removal in intermittently-aerated vertical flow constructed wetlands with agricultural biomass; effect of influent C/N ratios [J]. Chemical Engineering Journal, 2018, 345: 22 – 30.
- [10] SHENG S, LIU B, HOU X, *et al.* Effects of different carbon sources and C/N ratios on the simultaneous anammox and denitrification process [J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2018, 127: 26 – 34.
- [11] ZHU H, YAN B, XU Y, *et al.* Removal of nitrogen and COD in horizontal subsurface flow constructed wetlands under different influent C/N ratios [J]. Ecological Engineering, 2014, 63: 58 – 63.
- [12] 胡杰, 李大平, 陶勇, 等. 不同 C/N 值下亚硝酸盐氧化菌和异养菌混合体系的微生物多样性[J]. 应用与环境生物学报, 2009, 15(3): 351 – 355.
- HU Jie, LI Daping, TAO Yong, *et al.* Microbial diversity of nitrite-oxidizing and heterotrophic bacterial communities under different C/N ratios [J]. Chinese Journal of Applied Environmental Biology, 2009, 15(3): 351 – 355 (in Chinese).
- [13] 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 Shaoxiang, YANG Zhouxiang, SUN Zhen, *et al.* Application of high throughput sequencing in the diversity of water microbial communities [J]. Chemistry, 2014, 77(3): 196 – 203 (in Chinese).
- [14] 刘驰, 李家宝, 芮俊鹏, 等. 16S rRNA 基因在微生物生态学中的应用[J]. 生态学报, 2015, 35(9): 2769 – 2788.
- LIU Chi, LI Jiabao, RUI Junpeng, *et al.* The applications of the 16S rRNA gene in microbial ecology: current situation and problems [J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, 35(9): 2769 – 2788 (in Chinese).
- [15] LANGILLE M G I, ZANEVELD J, CAPORASO J G, *et al.* Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences [J]. Nature Biotechnology, 2013, 31(9): 814.
- [16] 郭英. SBR 生物脱氮过程进水 C/N 及 FA 对微生物硝化特性影响试验研究[D]. 兰州: 兰州交通大学, 2013.
- GUO Ying. Study on the Effect of Influent C/N and FA on the Nitrification Characteristic of Microbial Populations in the Biological Nitrogen Removal of Sequencing Batch Reactor [D]. Lanzhou: Lanzhou Jiaotong University, 2013 (in Chinese).
- [17] HOLMAN J B, WAREHAM D G. COD, ammonia and dissolved oxygen time profiles in the simultaneous nitrification/denitrification process [J]. Biochemical Engineering Journal, 2005, 22(2): 125 – 133.
- [18] FANG D X, ZHAO G, XU X Y, *et al.* Microbial community structures and functions of wastewater treatment systems in plateau and cold regions [J]. Bioresource Technology, 2018, 249: 684 – 693.

作者简介: 吴代顺 (1976 – ), 男, 福建建瓯人, 硕士, 副教授, 研究方向为水污染控制。

E-mail: 765102712@qq.com

收稿日期: 2021-01-25

修回日期: 2021-02-19

(编辑: 李德强)