

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2021.19.004

AGS 系统丝状菌过度生长前后微生物群落结构对比

刘小英¹, 陈 远^{1,2}, 曾 翱^{1,3}, 秦诗友⁴, 李仁杰¹

(1. 武汉理工大学 土木工程与建筑学院, 湖北 武汉 430070; 2. 北京市市政工程设计研究总院有限公司, 北京 100082; 3. 中国市政工程中南设计研究总院有限公司, 湖北 武汉 430014; 4. 武汉市政工程设计研究院有限责任公司, 湖北 武汉 430011)

摘 要: 微生物群落结构是影响颗粒污泥反应器性能的主要因素,而丝状菌的生长状态对颗粒污泥系统性能及稳定性具有重要作用。基于此,借助高通量测序手段对比分析了丝状菌正常生长和过度生长时颗粒污泥中微生物群落结构的变化。研究表明,丝状菌过度生长后,微生物多样性显著下降,两种情况下颗粒污泥在属水平上仅有 4 种相同的菌属。当丝状菌正常生长时,优势菌属为 *Candidatus_Saccharimonas*、*Candidatus_Accumulibacter*、*Thauera*、*Lewinella*;当丝状菌过度生长时,优势菌属为 *Hydrogenophaga*、*Gemmobacter*、*Opitutus*、*Meganema*、*Pseudoxanthomonas*,微生物群落结构变化显著。随着丝状菌的过度生长,具有硝化和除磷功能的菌属相对丰度有所下降,而具有反硝化功能的菌属相对丰度由 31.29% 显著增加到 52.99%,同时丝状菌的相对丰度也由 7.99% 增加到 19.46%,这一变化与反应器性能和污泥特性变化相一致。

关键词: 颗粒污泥; 丝状菌; 过度生长; 微生物群落结构; 高通量测序

中图分类号: TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2021)19-0022-06

Comparison of Microbial Community Composition before and after Overgrowth of Filamentous Bacteria in AGS System

LIU Xiao-ying¹, CHEN Yuan^{1,2}, ZENG Ao^{1,3}, QIN Shi-you⁴, LI Ren-jie¹

(1. School of Civil Engineering and Architecture, Wuhan University of Technology, Wuhan 430070, China; 2. Beijing General Municipal Engineering Design & Research Institute Co. Ltd., Beijing 100082, China; 3. Central and Southern China Municipal Engineering Design & Research Institute Co. Ltd., Wuhan 430014, China; 4. Wuhan Municipal Engineering Design & Research Institute Co. Ltd., Wuhan 430011, China)

Abstract: Microbial community composition is the main factor affecting the performance of granular sludge reactor, and the growth of filamentous bacteria plays an important role in the performance and stability of the granular sludge. Therefore, the variations in microbial community compositions of granular sludge with normal growth and overgrowth of filamentous bacteria were compared and analyzed by high-throughput sequencing. After the overgrowth of filamentous bacteria, the microbial diversity decreased significantly, and there were only 4 identical species in the two kinds of granular sludge at the genus level. When the filamentous bacteria grew normally, the dominant genera were *Candidatus_Saccharimonas*, *Candidatus_Accumulibacter*, *Thauera* and *Lewinella*, and the dominant genera were

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(21407114)

Hydrogenophaga, *Gemmobacter*, *Opitutus*, *Meganema* and *Pseudoxanthomonas* when the filamentous bacteria overgrew, indicating that the microbial community composition changed significantly. With the overgrowth of the filamentous bacteria, the relative abundance of genera with nitrification and phosphorus removal ability decreased to some extent. However, the relative abundance of genera with denitrifying ability increased significantly from 31.29% to 52.99%, and the relative abundance of filamentous bacteria increased from 7.99% to 19.46%, which was consistent with the change of the reactor performance and the sludge characteristics.

Key words: granular sludge; filamentous bacteria; overgrowth; microbial community composition; high-throughput sequencing

好氧颗粒污泥(AGS)作为一种新型的生物处理技术,在污(废)水处理中得到了广泛应用。与传统絮状污泥相比,AGS 具有沉降性好、微生物种群丰富、生物量高、抗冲击能力强等优点^[1]。然而,在长期运行中,由于营养物不平衡、溶解氧低、温度低等环境变化,颗粒污泥微生物种群发生恶性变化,最终导致营养物质降解性能降低,污泥颗粒破碎使沉降性能降低,颗粒污泥反应器出现脱稳^[2]。颗粒污泥脱稳在运行中较常见,已经成为制约其广泛应用的主要因素。

好氧颗粒污泥丰富的微生物相是其对有毒、有害、高浓度以及多种类污染物具有良好去除效果的主要原因。颗粒污泥内部的分层结构为各种微生物的生长提供了必要的厌氧、缺氧和好氧环境^[3]。通常,污泥中的微生物主要以细菌形式存在,其中,丝状菌作为颗粒污泥的骨架结构,可以有效网捕和吸附其他细菌,对颗粒污泥的形成具有积极作用。然而,由于某些原因,丝状菌生长过量后断裂,或丝状菌种类发生变化,或其他细菌受到抑制时,丝状菌的粘附作用会减弱,其他细菌会随丝状菌丝脱落,从而导致颗粒污泥发生解体^[4]。由此可见,丝状菌含量对颗粒污泥状态具有重要作用。

一般认为,环境越恶劣,对丝状菌生长越有利^[5]。目前,对颗粒污泥系统中丝状菌过度生长后的污泥性能研究较多,但对系统微生物群落变化的研究较少,且缺乏对各种微生物性能进行详细界定。高通量技术具有快速准确、通量高等优点,目前被广泛应用于微生物组成研究^[6]。鉴于此,笔者运用高通量测序技术,以丝状菌过度生长前后的 AGS 为研究对象,考察其微生物群落演替和功能菌属组成,从微观角度分析 AGS 系统脱氮除磷性能的变化,同时为丝状菌在系统中的存在作用提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 污泥来源

本研究中的颗粒污泥来源于课题组长期运行的 SBR 装置,该装置有效容积为 4.0 L,总容积为 5.0 L,高为 25 cm,内径为 16 cm。反应器运行周期为 4.8 h,其中进水 1 min、厌氧阶段 100 min、好氧阶段 105 min、缺氧阶段 25 min、再好氧阶段 47 min、沉淀 3 min、出水 2 min、闲置 5 min,每周进水和排水体积均为 2 L。该颗粒污泥反应器主要用于脱氮除磷,其进水以葡萄糖为碳源、氯化铵为氮源、磷酸二氢钾和磷酸氢二钾为磷源。

SBR 稳定运行 250 d,反应器内的水温控制在 $(28 \pm 2)^\circ\text{C}$,好氧阶段的 DO 控制在 2 mg/L 以上,此时 AGS 中可看见少量丝状菌[见图 1(a)];在诱导丝状菌过度生长阶段,持续 30 d 的低温 $[(10 \pm 2)^\circ\text{C}]$ 和低 DO $(1 \sim 2 \text{ mg/L})$ 培养,反应器内丝状菌开始大量繁殖,并伴随出现黑色菌丝球聚集体。通过电子光学显微镜(EX20 系列)可以观察到丝状菌在颗粒污泥表面大量繁殖[见图 1(b)]。

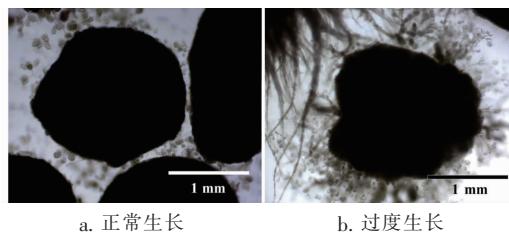


图 1 不同丝状菌生长状态下 AGS 的显微镜照片

Fig.1 Microscopic images of AGS under different filamentous bacteria growth level

在反应器运行期间,分别在第 245 天和第 400 天取 30 mL 的 AGS 混合液用于高通量测序分析。第 245 天的 AGS 为丝状菌正常生长的状态,记作样品 A;第 400 天的 AGS 为丝状菌过度生长的状态,

记作样品 B。样品 A 中 AGS 为棕黄色,呈椭球形,SVI 值为 26.1 mL/g,具有良好的沉降性能,MLSS 约为 8 500 mg/L。样品 B 中 AGS 粒径略有减小,大量的丝状微生物附着在 AGS 表面,而且有黑色的丝状微生物包裹形成的黑色小球存在,SVI 值为 72.4 mL/g,沉降性能略变差,MLSS 约为 6 450 mg/L。

1.2 DNA 提取和微生物高通量测序分析

收集 AGS 样品置于 -20 ℃ 的冰箱中储存。使用 OMEGA 试剂盒 (MoBio, USA) 提取污泥样品的总 DNA。采用细菌 16S rDNA V3-V4 区的通用引物 341F (5' - CCTACGGGNGGCWGCAG - 3') 和 805R (5' - GACTACHVGGGTATCTAATCC - 3') 进行扩增反应。高通量测序分析中涉及的 DNA 提取、扩增反应以及 Illumina MiSeq 测序均由上海生物工程股份有限公司实施。

通过对高通量测序得到的 DNA 序列进行聚类 and 多样性分析,得到丝状菌过度生长前后微生物群落结构的变化情况。

1.3 其他指标测试方法

颗粒污泥形态以及脱氮除磷等性能检测指标均按照国家标准方法进行测定。

2 结果与讨论

2.1 污泥菌群多样性差异分析

通过 Illumina MiSeq 测序平台,对丝状菌过度生长前后的 AGS 进行 16S rDNA 高通量测序分析,结果表明,样品 A 和 B 的有效序列分别为 35 720 和 51 453 条。微生物多样性通常采用 Shannon 指数和 Simpson 指数来估算。其中,Shannon 指数越大,说明菌群多样性越高;而 Simpson 指数越大,说明菌群多样性越低。样品 A 和 B 的 Shannon 指数分别为 4.49 和 4.16, Simpson 指数分别为 0.04 和 0.05,说明丝状菌正常生长的 AGS 中菌群多样性更高,而丝状菌过度生长后,AGS 中的菌群多样性下降。这表明,当 AGS 中的丝状菌过度生长后,由于丝状菌较长的菌丝更有利于吸收营养物质,严重抑制了其他细菌的生长^[7]。

2.1.1 门水平上微生物的群落结构分析

图 2 为丝状菌正常生长和过度生长情况下,AGS 中微生物群落在门水平上的相对丰度。样品 A 中共检测出 21 个菌门,样品 B 中共检测出 23 个菌门,从门水平来看,两样品均具有较高的多样性,样品 B 的生物多样性略高于样品 A。具体而言,

Proteobacteria (变形菌门) 在样品 A 和 B 中一直占主导地位,其相对丰度最大,分别达到了 46.08% 和 53.38%; *Bacteroidetes* (拟杆菌门) 的相对丰度次之,分别为 22.30% 和 32.43%。 *Proteobacteria* 和 *Bacteroidetes* 是活性污泥中最常见的丰度较高的门类^[8-9]。两种 AGS 样品中,均包含有 *Nitrospirae* (硝化螺旋菌门)、*Actinobacteria* (放线菌门)、*Firmicutes* (厚壁菌门) 和 *Verrucomicrobia* (疣微菌门)。 *Nitrospirae* 是与硝化作用有关的自养菌,主要将亚硝酸盐氧化为硝酸盐^[6],在样品 A 和 B 中的相对丰度分别为 2.86% 和 1.01%,这可能是由于颗粒破碎引起污泥沉降性能变差,部分硝化菌黏附在丝状菌表面,随丝状菌流出反应器而导致其相对丰度下降。 *Actinobacteria* 属于丝状菌,在环境条件较特殊时(如缺少 N、P 和 DO 等),容易大量繁殖,而可能导致丝状菌膨胀^[10],在样品 A 和 B 中的相对丰度分别为 0.44% 和 2.22%,这充分说明,在低 DO 条件下, *Actinobacteria* 大量生长繁殖。另外, *Firmicutes* (厚壁菌门) 在样品 A 和 B 中的相对丰度分别为 0.73% 和 1.04%。从细菌门水平分析可以看出,与样品 A 相比,样品 B 中的丝状菌大量生长,AGS 中的菌群数量下降。

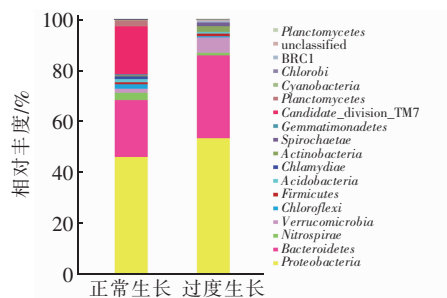


图 2 AGS 中微生物在门水平上的相对丰度

Fig. 2 Relative abundance of microorganisms at phylum level in AGS

2.1.2 属水平上微生物的群落结构分析

图 3 为两种 AGS 样品中微生物群落在属水平上的组成情况。样品 A 和 B 中分别检测出 272 和 257 个属,丝状菌过度生长的 AGS 样品中微生物菌属数量显著减少,这一结果与多样性变化一致。以相对丰度 > 1% 为界,两种 AGS 样品前 30 个属中仅有 *Flavobacterium* (黄杆菌属)、*Nitrospira* (硝化螺旋菌属)、*Azospira* 及 *Thiothrix* (发硫菌属) 这 4 个属为两者共有,其余 26 个属均发生了变化,由此可以看

出,丝状菌过度生长后 AGS 中的微生物群落结构变化剧烈。对 4 个相同的属而言,其在两种 AGS 样品中的相对丰度也都发生了变化。在样品 A 和 B 中,*Flavobacterium* 的相对丰度分别为 4.85% 和 9.48%,*Nitrospira* 的相对丰度分别为 2.85% 和 1.35%,*Azospira* 的相对丰度分别为 2.71% 和 3.34%,*Thiothrix* 的相对丰度分别为 1.77% 和 4.35%。除 *Azospira* 外,其他 3 个属的相对丰度变化较为明显。

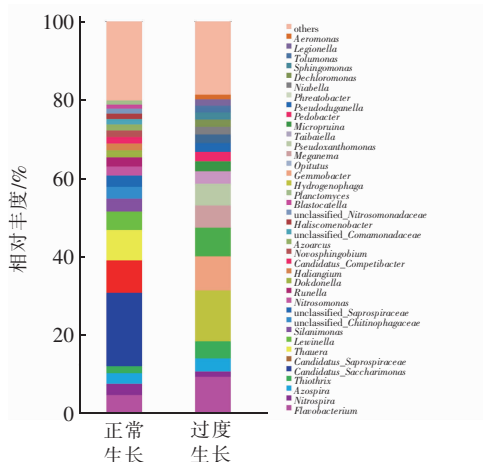


图 3 AGS 中微生物在属水平上的相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of microorganisms at genus level in AGS

在样品 A 中,相对丰度最高的优势菌为 *Candidatus_Saccharimonas*,达到了 18.69%,其次是 *Candidatus_Accumulibacter* (相对丰度为 8.25%)、*Thauera* (相对丰度为 7.72%) 和 *Lewinella* (相对丰度为 4.74%)。另外一种与硝化作用有关的 *Nitrosomonas*,在样品 A 中的相对丰度为 2.33%,而在样品 B 中并未检出。在样品 B 中,相对丰度最大的优势菌为 *Hydrogenophaga* (噬氢菌属,相对丰度为 12.96%),其次是 *Gemmobacter* (相对丰度为 8.67%)、*Opitutia* (相对丰度为 7.32%)、*Meganema* (相对丰度为 5.63%) 和 *Pseudoxanthomonas* (假黄色单胞菌属,相对丰度为 5.53%)。

综上可知,两种污泥在属水平上,前 30 个丰度较大的属中,仅有 4 个属相同,而且相对丰度较大的属的差异性也很大。

2.2 功能细菌分析

两种污泥 4 个相同的属中,*Flavobacterium* 一般位于颗粒污泥内部,可以降解多种底物,在 AGS 颗粒中起架桥作用^[11]; *Nitrospira* 作为一种亚硝酸盐氧化菌,与亚硝酸盐氧化作用有关,其数量的减少会直

接导致硝化作用减弱;*Thiothrix* 和 *Azospira* 均与硝酸盐的还原有关,且 *Thiothrix* 过量生长时也会导致污泥丝状菌膨胀的发生^[12]。

对两种污泥中相对丰度较大的属进行分析。在样品 A 中, *Candidatus_Saccharimonas* 最早由丹麦 Aalborg 大学发现^[13],属革兰氏阳性菌,形态为球菌,直径约为 0.7 μm ,具有专性发酵特性,利用葡萄糖和其他糖类发酵产生乳酸; *Candidatus_Accumulibacter* 是以有机物为碳源的典型聚磷菌,同时也具有反硝化作用^[14]; *Lewinella* 菌属与水解剂相关,在分解复杂有机化合物(如淀粉、CM 纤维素、酪蛋白、明胶等)中起着重要作用^[15]; *Thauera* 存在于土壤和污水处理系统中,部分菌类为较常见的反硝化菌^[16]。在样品 B 中, *Hydrogenophaga* 以 CO_2 为碳源、硝酸盐为氮源,氧化 H_2 来产生能量的无机化能自养^[17]; *Gemmobacter* 和 *Pseudoxanthomonas* 均可以还原硝酸盐和亚硝酸盐,具有反硝化作用^[18-19]; *Opitutia* 为一种专性厌氧细菌,可发酵单糖、双糖和多糖,产生丙酸盐和醋酸盐,也可以将硝酸盐还原为亚硝酸盐,也被认为是一种反硝化菌^[20]; *Meganema* 与污泥的丝状菌膨胀有关,其过量生长会导致系统发生丝状菌膨胀^[21]。

为更清晰地了解污泥中各菌属的功能,对污泥中相对丰度较大($>1\%$)的每个属的功能进行调查后整理得到表 1。可以看出,在样品 A 中,硝化功能菌[主要包括氨氧化菌(AOB)和亚硝酸盐氧化菌(NO₂)]的相对丰度为 6.46%,而在样品 B 中为 4.33%,这可能是由于丝状菌过度生长后造成生物量流失,导致硝化功能菌比例下降。在样品 A 中,除磷功能菌[聚磷菌(PAOs)和反硝化聚磷菌(DPAOs)]的相对丰度为 20.78%,而在样品 B 中为 12.91%,说明丝状菌过度生长后,由于竞争碳源,使得除磷菌的生长和功能受到抑制。反硝化功能菌(DNB)在样品 A 中的相对丰度为 31.29%,在样品 B 中增加到 60.31%。由此可以推断,丝状菌过度生长后,系统的反硝化能力有增强趋势,硝化能力受到一定的影响,而对除磷能力的消极影响最大。

反应器在出现大量丝状菌的运行期间,出水 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 维持在 1 mg/L 以下, $\text{PO}_4^{3-} - \text{P}$ 的平均去除率由之前的 95.71% 下降到 90.52%,出水 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 的平均浓度由 3.89 mg/L 显著下降到 1 mg/L 以下,这一结果与功能菌属分析结果一致,说明微生物群

落结构变化是导致系统脱氮除磷性能发生变化的直接原因。另外,这也可能与功能菌属在颗粒污泥内部所处的位置有关。通常,硝化菌和除磷菌属于好氧菌,大多位于颗粒污泥表面,而反硝化菌则位于颗粒污泥内部。当丝状菌过度生长,导致菌丝断裂诱导颗粒破碎时,表面的除磷菌和硝化菌优先脱落,而位于颗粒内部较深处的反硝化菌则可以部分保留在反应器内。

表 1 两种 AGS 中功能菌属的相对丰度

Tab. 1 Relative abundance of functional bacteria genera in two kinds of AGS %

项目	功能菌属	相对丰度	
		样品 A	样品 B
AOB/ NOB	<i>Nitrospira</i>	2.85	1.35
	<i>Nitrosomonas</i>	2.33	0.00
	unclassified_ <i>Nitrosomonadaceae</i>	1.28	0.00
	<i>Sphingomonas</i>	0.00	1.81
	<i>Aeromonas</i>	0.00	1.17
PAOs/ DPAOs	<i>Thiothrix</i>	1.77	4.35
	<i>Candidatus_Accumulibacter</i>	8.25	0.00
	<i>Thauera</i>	7.72	0.00
	<i>Candidatus_Competibacter</i>	1.67	0.00
	unclassified_ <i>Comamonadaceae</i>	1.37	0.00
	<i>Aeromonas</i>	0.00	1.17
	<i>Pseudoxanthomonas</i>	0.00	5.53
DNB	<i>Dechloromonas</i>	0.00	1.86
	<i>Flavobacterium</i>	4.85	9.48
	<i>Azospira</i>	2.71	3.34
	<i>Thiothrix</i>	1.77	4.35
	<i>Candidatus_Accumulibacter</i>	8.25	0.00
	<i>Thauera</i>	7.72	0.00
	unclassified_ <i>Chitinophagaceae</i>	3.05	0.00
	<i>Azoarcus</i>	1.57	0.00
	unclassified_ <i>Comamonadaceae</i>	1.37	0.00
	<i>Aeromonas</i>	0.00	1.17
	<i>Hydrogenophaga</i>	0.00	12.96
	<i>Gemmobacter</i>	0.00	8.67
	<i>Meganema</i>	0.00	5.63
	<i>Pseudoxanthomonas</i>	0.00	5.53
	<i>Dechloromonas</i>	0.00	1.86
	<i>Opitutus</i>	0.00	7.32
丝状菌	<i>Flavobacterium</i>	4.85	9.48
	<i>Thiothrix</i>	1.77	4.35
	<i>Haliscomenobacter</i>	1.37	0.00
	<i>Meganema</i>	0.00	5.63

另外,在样品 A 中,丝状菌的相对丰度仅为 7.99%,而在样品 B 中,丝状菌的相对丰度增加到

了 19.46%,此时颗粒污泥表面生长着大量的丝状菌,这与显微镜观察的结果一致。

3 结论

① 丝状菌正常生长的 AGS 中微生物多样性显著高于丝状菌过度生长的 AGS 的微生物多样性,说明当丝状菌优势生长时,会抑制其他细菌的生长。

② 两种 AGS 中细菌的门水平分析得出, *Proteobacteria* 和 *Bacteroidetes* 是脱氮除磷颗粒污泥系统中的优势菌门,但由于丝状菌过度生长,细菌多样性降低,两者的相对丰度由 46.08% 和 22.30% 提高到了 53.38% 和 32.43%。

③ 丝状菌过度生长后 AGS 中细菌的属水平分析得出,两种 AGS 中仅有 4 个相同的属,而且优势菌属显著不同。硝化菌属和除磷菌属的相对丰度分别由 6.46% 和 20.78% 降低为 4.33% 和 12.91%,而反硝化菌属的相对丰度则由 31.29% 显著增加到 60.31%,同时丝状菌的相对丰度也由 7.99% 增加到 19.46%。这一微观变化与宏观反应器脱氮除磷性能及污泥形态变化一致。

参考文献:

- [1] SARMA S J, TAY J H, CHU A. Finding knowledge gaps in aerobic granulation technology [J]. Trends in Biotechnology, 2017, 35(1): 66–78.
- [2] FIGUEROA M, VAL DEL RIO A, CAMPOS J L, et al. Filamentous bacteria existence in aerobic granular reactors [J]. Bioprocess and Biosystems Engineering, 2015, 38(5): 841–851.
- [3] 苏海佳, 王陆玺, 邓爽, 等. 好氧颗粒污泥技术及研究进展 [J]. 化工进展, 2016, 35(6): 1914–1922.
SU Haijia, WANG Luxi, DENG Shuang, et al. A review on the aerobic granular sludge technology [J]. Chemical Industry and Engineering Progress, 2016, 35(6): 1914–1922 (in Chinese).
- [4] MOURA L L, DUARTE K L S, SANTIAGO E P, et al. Strategies to re-establish stable granulation after filamentous outgrowth: insights from lab-scale experiments [J]. Process Safety and Environmental Protection, 2018, 117: 606–615.
- [5] MARTINS A M P, PAGILLA K, HEIJNEN J J, et al. Filamentous bulking sludge—a critical review [J]. Water Research, 2004, 38(4): 793–817.
- [6] LUO J, LIANG H, YAN L, et al. Microbial community structures in a closed raw water distribution system

- biofilm as revealed by 454-pyrosequencing analysis and the effect of microbial biofilm communities on raw water quality[J]. *Bioresource Technology*, 2013, 148: 189 – 195.
- [7] 侯金财,黄力群,方铮,等. A/O—MBR工艺丝状菌膨胀的发生及其控制[J]. *中国给水排水*, 2012, 28(23): 1 – 4.
- HOU Jincai, HUANG Liqun, FANG Zheng, *et al.* Occurrence and control of filamentous bulking in A/O – MBR biological nitrogen removal process [J]. *China Water & Wastewater*, 2012, 28 (23): 1 – 4 (in Chinese).
- [8] CHU Z R, WANG K, LI X K, *et al.* Microbial characterization of aggregates within a one-stage nitrification-anammox system using high-throughput amplicon sequencing [J]. *Chemical Engineering Journal*, 2015, 262: 41 – 48.
- [9] CAO S, DU R, LI B, *et al.* Nitrite production from partial-denitrification process fed with low carbon/nitrogen (C/N) domestic wastewater: performance, kinetics and microbial community [J]. *Chemical Engineering Journal*, 2017, 326: 1186 – 1196.
- [10] 张崇森,牛全睿,徐丽梅,等. 膨胀污泥中丝状菌的分离鉴定与特性分析[J]. *环境科学*, 2017, 38(6): 2477 – 2485.
- ZHANG Chongsen, NIU Quanrui, XU Limei, *et al.* Isolation, identification and characterization of the filamentous microorganisms from bulking sludge [J]. *Environmental Science*, 2017, 38 (6): 2477 – 2485 (in Chinese).
- [11] SZABÓE, LIÉBANA R, HERMANSSON M, *et al.* Comparison of the bacterial community composition in the granular and the suspended phase of sequencing batch reactors[J]. *AMB Express*, 2017, 7(1): 168.
- [12] NAM J H, VENTURA J R S, YEOM I T, *et al.* A novel perchlorate- and nitrate-reducing bacterium, *Azospira* sp. PMJ [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2016, 100(13): 6055 – 6068.
- [13] ALBERTSEN M, HUGENHOLTZ P, SKARSHEWSKI A, *et al.* Genome sequences of rare, uncultured bacteria obtained by differential coverage binning of multiple metagenomes[J]. *Nature Biotechnology*, 2013, 31(6): 533 – 538.
- [14] GUO Y, ZENG W, LI N, *et al.* Effect of electron acceptor on community structures of denitrifying polyphosphate accumulating organisms in anaerobic-anoxic-oxic (A²O) process using DNA based stable-isotope probing (DNA-SIP) [J]. *Chemical Engineering Journal*, 2018, 334: 2039 – 2049.
- [15] SUN F Q, HU J, ZHOU Y, *et al.* High efficient alternating anaerobic/aerobic process for polyester resin wastewater treatment: performance and microbial community structure [J]. *Biochemical Engineering Journal*, 2018, 138: 121 – 130.
- [16] ALBERTSEN M, HANSEN L B S, SAUNDERS A M, *et al.* A metagenome of a full-scale microbial community carrying out enhanced biological phosphorus removal [J]. *The ISME Journal*, 2012, 6(6): 1094 – 1106.
- [17] MANTRI S, CHINTHALAGIRI M R, GUNDLAPALLY S R. Description of *Hydrogenophaga laconesensis* sp. nov. isolated from tube well water [J]. *Archives of Microbiology*, 2016, 198(7): 637 – 644.
- [18] MENG X, NIU G, YANG W, *et al.* Di (2-ethylhexyl) phthalate biodegradation and denitrification by a *Pseudoxanthomonas* sp. strain [J]. *Bioresource Technology*, 2015, 180: 356 – 359.
- [19] LV P, LUO J, ZHUANG X, *et al.* Diversity of culturable aerobic denitrifying bacteria in the sediment, water and biofilms in Liangshui River of Beijing, China [J]. *Scientific Reports*, 2017, 7(1): 10032.
- [20] TANIKAWA D, NAKAMURA Y, TOKUZAWA H, *et al.* Effluent treatment in an aquaponics-based closed aquaculture system with single-stage nitrification-denitrification using a down-flow hanging sponge reactor [J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2018, 132: 268 – 273.
- [21] KRAGELUND C, NIELSEN J L, THOMSEN T R, *et al.* Ecophysiology of the filamentous *Alphaproteobacterium Meganema perideroedes* in activated sludge [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2005, 54(1): 111 – 112.

作者简介: 刘小英(1975 –), 女, 山西阳泉人, 博士, 副教授, 主要从事好氧颗粒污泥脱氮除磷方面的研究。

E – mail: 809348385@ qq. com

收稿日期: 2020 – 04 – 17

修回日期: 2020 – 06 – 22

(编辑: 刘贵春)