

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2021.23.011

不同工艺对污水处理效能及细菌代谢功能的影响

罗景阳^{1,2}, 张乐^{1,2}, 张腾^{1,2}, 杨娥^{1,2}, 操家顺^{1,2}, 吴瑒^{1,2,3}

(1. 河海大学 浅水湖泊综合治理与资源开发教育部重点实验室, 江苏 南京 210098; 2. 河海大学 环境学院, 江苏 南京 210098; 3. 同济大学环境科学与工程学院 污染控制与资源化研究国家重点实验室, 上海 200092)

摘要: 污水处理厂工艺单元的选择对污水处理的最终效果起着重要作用。主要考察了污水处理厂不同处理工艺对典型污染物(特别是总氮)去除效果的影响,并从细菌种群结构与代谢功能的差别等角度解析了其内在作用机制。结果表明,相比旋流沉砂池与传统A²O工艺组合,曝气沉砂池与改良型A²O工艺组合更有助于对污水中典型污染物(特别是总氮)的去除。相比旋流沉砂池,曝气沉砂池除砂效果更优,降低了污泥中的无机组分而提升了其生物量;而改良型A²O中的预缺氧池有助于功能细菌的富集和代谢活性的增强, *Saprospiraceae*、*Dechloromonas*、*Haliangium*、*Thauera*、*Nitrosomonas* 和 *Saccharimonadales* 等脱氮细菌的丰度及相关功能基因(*hao*、*nor*、*nap*等)显著增加和上调,因此,其生化系统内的硝化和反硝化速率大幅提高,进而提升了污水厂对总氮等污染物的去除效能。该研究可为深入了解污水厂不同工艺单元对污染物去除效能的内在作用机制以及污水处理厂升级改造工艺选择提供科学依据和理论指导。

关键词: 污水处理厂; 处理工艺; 脱氮效能; 细菌种群结构; 功能基因

中图分类号: TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2021)23-0061-07

Effects of Different Processes on Wastewater Treatment Efficiency and Bacterial Metabolic Function

LUO Jing-yang^{1,2}, ZHANG Le^{1,2}, ZHANG Teng^{1,2}, YANG E^{1,2}, CAO Jia-shun^{1,2},
WU Yang^{1,2,3}

(1. Key Laboratory of Integrated Regulation and Resource Development on Shallow Lakes <Ministry of Education>, Hohai University, Nanjing 210098, China; 2. College of Environment, Hohai University, Nanjing 210098, China; 3. State Key Laboratory of Pollution Control and Resource Reuse, School of Environmental Science and Engineering, Tongji University, Shanghai 200092, China)

Abstract: The process selection of wastewater treatment plant is critical to the final treatment performance. The effects of different treatment processes on removal of typical pollutants (especially total nitrogen) in wastewater treatment plants were mainly investigated, and the underlying mechanisms were analyzed from perspectives of bacterial community and metabolic function. Compared with a combined

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(52070069); 中国博士后特助基金资助项目(2019T120387); 2019年度省级治太科研课题(TH2019404)

通信作者: 吴瑒 E-mail: wuyang1026@tongji.edu.cn

process of vortex grit chamber and traditional A²O, the combined process of aerated grit chamber and modified A²O was more conducive to the removal of typical pollutants (especially total nitrogen) from wastewater. Compared with vortex grit chamber, the aerated grit chamber had better sand removal performance, which reduced inorganic components in sludge and increased its biomass. The preanoxic tank in the modified A²O process was beneficial to the enrichment of functional bacteria and the enhancement of metabolic activity. The abundances of typical nitrifying and denitrifying bacteria (e. g. *Saprospiraceae*, *Dechloromonas*, *Haliangium*, *Thauera*, *Nitrosomonas* and *Saccharimonadales*) and numbers of the related functional genes (*hao*, *nor*, *nap*, etc.) were all significantly increased. Therefore, nitrification and denitrification rates in the corresponding biological units were greatly increased, which improved the removal efficiencies of total nitrogen and other pollutants in the wastewater treatment plant. The results provided a scientific basis and theoretical guidance for further understanding the internal mechanism of pollutants removal by different units and selecting the upgrading and reconstruction process in wastewater treatment plants.

Key words: wastewater treatment plant; treatment process; total nitrogen removal efficiency; bacterial community; functional genes

污水处理厂处理工艺一般包括一级预处理单元、二级生物处理单元和深度处理单元等。不同处理工艺单元的选择对污染物的去除效率等会产生重要影响。孙孝龙等^[1]发现,改良 A²O 工艺中预缺氧池的设立有助于提升脱氮效果,其脱氮贡献率占整个系统总氮去除率的 15.11%。

生化处理单元中污泥的细菌种群结构和代谢活性与污水处理厂的稳定运行和污染物的高效去除关系密切^[2]。Zhang 等^[3]研究某 A²O 工艺污水厂的处理效能时发现,其出水水质基本可以满足一级 A 排放标准,污泥中主要优势菌群为 *Proteobacteria* (变形菌门) 和 *Chloroflexi* (绿弯菌门),相对丰度分别为 22.92% ~ 34.42% 和 17.63% ~ 31.81%。因此,探究污水厂不同处理工艺对细菌群落结构的影响将有助于了解细菌的演替和响应规律。此外,分析细菌

代谢功能,将有利于从基因表达等层面深入揭示不同细菌群落结构与污染物去除效率之间的内在联系^[4],但是截至目前相关研究较少。

因此,本研究首先考察了某污水处理厂不同处理工艺(一期和二期)对污染物去除效能的影响,然后利用高通量测序分析不同系统内细菌群落结构的差异性,最后通过 PICRUSt 分析揭示细菌的关键功能基因表达及其与污染物去除效率之间的联系,旨在为深入揭示污水厂不同工艺单元对污染物去除效能的内在作用机制以及污水厂升级改造工艺选择提供科学依据和理论指导。

1 材料与方法

1.1 污水厂及样本采集

选取江苏省某实际运行的污水厂作为研究对象,其工艺流程见图 1。

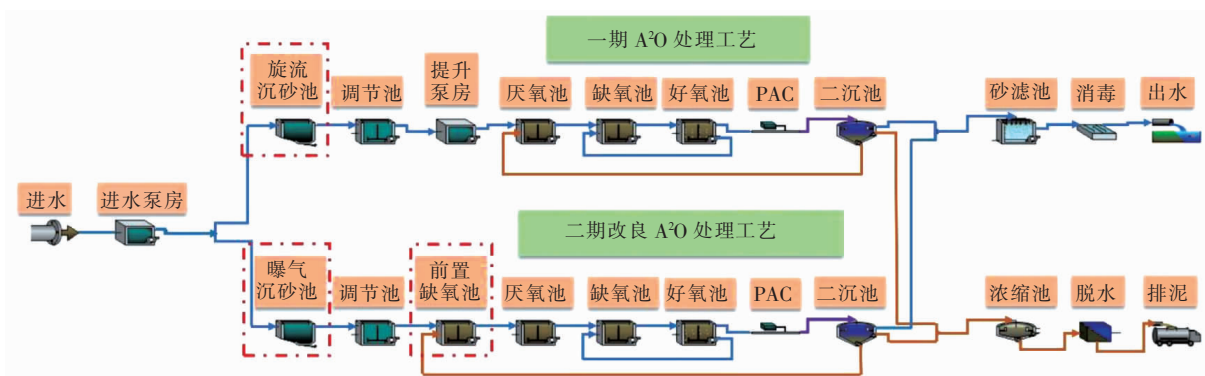


图 1 污水处理厂工艺流程

Fig. 1 Flow chart of main treatment processes in investigated wastewater treatment plant

进水来源主要为生活污水和工业废水(包括光伏、机械、服装、化工等行业排放废水),其中生活污水约为 $3 \times 10^4 \text{ m}^3/\text{d}$ 、工业废水约为 $3 \times 10^4 \text{ m}^3/\text{d}$ 。目前污水厂两期工艺同步运行,其中,一期预处理工艺采用旋流沉砂池,主体生化工艺采用传统 A^2O 工艺,平均进水量为 $4 \times 10^4 \text{ m}^3/\text{d}$;二期预处理工艺采用曝气沉砂池,主体生化工艺采用改良 A^2O 工艺,平均进水量为 $2 \times 10^4 \text{ m}^3/\text{d}$ 。污水厂出水排放标准即将由一级 A 标准提高至《太湖地区城镇污水处理厂及重点工业行业主要水污染物排放限值》(DB 32/1072—2018)。

选择 2019 年 4 月—6 月污水厂进出水水质指标进行分析,同时不定期地深入分析污水厂进出水关键组分(如难降解 COD、溶解性 TP 等),并从生化池中采集污泥样品进行细菌群落结构分析。

1.2 理化指标分析

污水样品混合液的 MLSS、MLVSS 采用重量法测定;COD 采用重铬酸钾消解法测定; $\text{NH}_3 - \text{N}$ 采用纳氏试剂分光光度法测定;TP 采用过硫酸钾消解—钼锑抗分光光度法测定;TN 采用过硫酸钾氧化紫外分光光度法测定。进出水样品均取 24 h 混合样,每个样品取 3 份平行样进行测定。污泥的硝化与反硝化速率通过测定单位时间内反应中氨氮或硝酸盐氮浓度进行表征,具体参照 Zhang 等^[5]的方法。

1.3 细菌群落分析及功能基因预测

污泥样品取自该厂一期和二期工艺的生化池,将取好的混合样品放入无菌聚乙烯瓶中,以 6 000 r/min 的速度离心 10 min,脱水后的污泥于 -20°C 下储存,用于后续的高通量测序分析。采用 Illumina MiSeq 高通量测序技术分析细菌群落结构。首先利用 E. Z. N. A.® Soil DNA Kit 提取污泥样本中的细菌组总 DNA,然后利用引物 341F (5' - CCTAYGGGRBGCASCAG - 3') 和 806R (5' - GGACTACNNGGTATCTAAT - 3') 对 16S rRNA 基因的 V3 - V4 区进行 PCR 扩增。扩增产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳后采用 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit 试剂盒进行纯化。利用 Qubit® 3.0 (Life Invitrogen) 对纯化后的 PCR 产物进行精准定量,然后参照 Illumina 基因组测序文库构建流程构建 Illumina 双端测序的 PE 文库。采用 UPARSE 软件将相似性达 97% 的序列聚类为 OTU。采用 RDP classifier 贝叶斯算法对 OTU 代表序列进行分类学

分析,比对 Silva 数据库,获得每个 OTU 在各分类学水平上的物种信息和细菌群落构成。

功能基因预测分析利用 QIIME 软件将 OTU 信息与 Greengenes 数据库作比对并建立 PICRUST 兼容的 OTU 表格。运用 PICRUST 在线工具,将现有的 16S rRNA 基因测序数据与代谢功能已知的细菌参考基因组数据库作比对,从而对细菌群落功能基因及代谢功能进行有效的分析预测,目前已广泛应用到环境样品分析中^[6-7]。

2 结果与讨论

2.1 不同处理工艺单元对污染物去除的影响

实际运行数据表明,污水处理厂进水水质波动较大,可能对生化处理单元造成一定的冲击负荷,进水中 COD、氨氮、总氮和总磷的平均浓度分别为 288、22.81、33.06 和 4.98 mg/L。其中,一期工艺出水 COD、氨氮、总氮和总磷的平均浓度分别为 27、0.23、8.07 和 0.23 mg/L,相应的去除率分别为 90.02%、98.92%、74.18% 和 94.87%;二期工艺出水 COD、氨氮、总氮和总磷的平均浓度分别为 27、0.26、7.57 和 0.24 mg/L,相应的去除率分别为 90.02%、98.84%、76.62%、94.84%。总体而言,目前污水厂一期和二期工艺的处理效果均较好,出水水质能达到一级 A 标准,且二期工艺对 TN 的去除效果优于一期。

进一步对污水厂进出水组分进行分析(见表 1),发现二期工艺单元对典型污染物的去除效能高于一期工艺。如表 1 所示,污水厂进水中难降解 COD 的浓度为 35 mg/L,一期工艺出水中的难降解 COD 浓度为 32 mg/L,去除效果不佳,而二期工艺出水中的难降解 COD 浓度仅为 20 mg/L,去除率达到 42.86%。此外,一期出水中总氮和硝酸盐氮的浓度分别为 8.77、6.93 mg/L,而二期出水中两者浓度分别降至 6.69、5.25 mg/L。通过对一期和二期生化池内硝化和反硝化性能的测算,发现一期和二期硝化速率分别为 2.44 、 $3.61 \text{ mgNH}_4^+ - \text{N}/(\text{gMLVSS} \cdot \text{h})$,反硝化速率分别为 3.50 、 $4.33 \text{ mgNO}_3^- - \text{N}/(\text{gMLVSS} \cdot \text{h})$ (如图 2 所示)。显然,二期工艺中硝化与反硝化速率的提升是 TN 高效去除的主要原因之一。研究表明,污水处理过程中预缺氧池的设置可以将难降解 COD 转化成易降解 COD,从而提升 COD 去除能力,并且为反硝化提供碳源,进一步提升了系统中细菌的脱氮效能^[8-9],这也与本研究的

结果一致。氮类污染物的去除一直是污水厂实际运行的重难点,特别是 DB 32/1072—2018 进一步要求太湖流域一、二级保护区内污水厂出水总氮浓度低

于 10 mg/L,这对污水厂工艺的高效稳定运行提出了更高的要求。显然,二期工艺在去除氮类污染物方面表现出明显的优势。

表 1 污水厂进出水成分分析

Tab. 1 Characterization of influent and effluent components in wastewater treatment plant

mg · L⁻¹

项 目	总 COD	溶解性 COD	难降解 COD	总氮	氨氮	硝酸盐氮	总磷	溶解性磷酸盐
进水	181 ± 8	71 ± 5	35 ± 3	24.62 ± 1.33	19.13 ± 0.86	4.39 ± 0.17	1.94 ± 0.07	1.34 ± 0.12
一期出水	32 ± 3	26 ± 2	32 ± 2	8.77 ± 0.45	1.45 ± 0.10	6.93 ± 0.28	0.20 ± 0.01	0.11 ± 0.01
二期出水	24 ± 1	11 ± 1	20 ± 2	6.69 ± 0.28	1.16 ± 0.08	5.25 ± 0.21	0.15 ± 0.02	0.15 ± 0.01

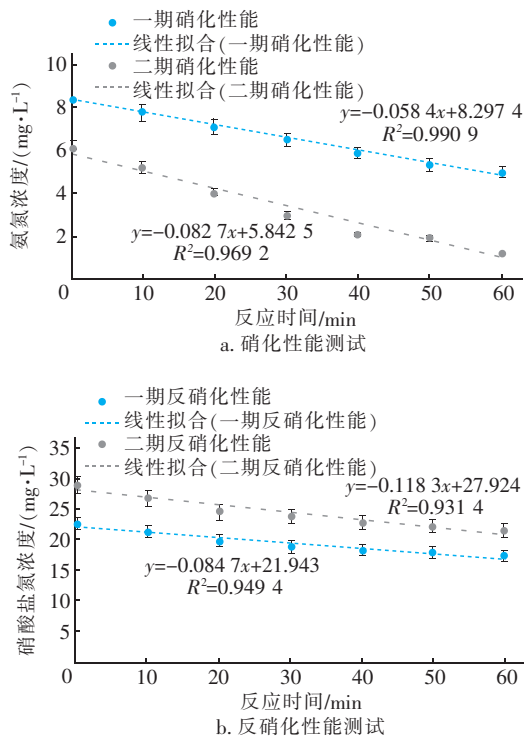


图 2 污水厂一期与二期工艺的脱氮性能比较

Fig. 2 Comparison of denitrification performance with different processes in wastewater treatment plant

此外,预处理工艺单元的差异也将对后续生化处理单元中细菌数量及活性产生一定影响。污水厂进水的砂砾粒径较小,粒径在 250 μm 以下的砂砾占 80.6%。旋流沉砂池和曝气沉砂池均对大粒径砂砾的去除效果较好,经一期旋流沉砂池处理后 250 μm 以下的砂砾粒径为 87.0%,而经二期曝气沉砂池处理后 250 μm 以下的砂砾粒径为 91.5%。整体而言,二期曝气沉砂池的除砂效率略优于一期旋流沉砂池。污水中含砂量过高不仅可能会堵塞管道,减少生化池容积以及降低氧气传递效率^[10],还将影响生化池中的细菌数量。例如,一期和二期生化池中的 MLVSS/MLSS 值分别为 0.41、0.44,这说

明一期工艺中由于预处理除砂效率偏低,导致污泥中无机质组分相对较高,生物量较低,因而不利于生化段污染物的高效生物降解去除^[11]。

2.2 细菌群落结构分析

细菌的群落结构分布与代谢活性对污水厂生化池中污染物的降解去除起着决定性作用。因此,本研究进一步采用 Illumina MiSeq 高通量测序手段对污水厂的细菌群落多样性和丰度进行分析。在去除低质量序列和嵌合体后,所有样品的平均覆盖率为 99.81%,表明测序深度足以进行细菌群落分析。一期和二期工艺中细菌 OTU 总数分别为 1 483、1 319,说明一期工艺具有较高的物种丰度。一期和二期工艺中细菌的 Chao 指数分别为 1 502、1 341,Shannon 指数分别为 6.11、5.95,Chao 和 Shannon 指数的变化与 OTU 总数保持一致,进一步证实一期工艺细菌群落多样性较高。研究表明,细菌的多样性越高,对外部压力和环境波动的抵抗力越弱^[12]。Sun 等^[13]也认为,细菌群落的多样性较低更有利于占据优势地位的功能细菌菌群的富集。因此,一期细菌丰度较高,反而不利于系统内功能细菌的富集和稳定,是导致污染物去除效能较差的可能原因之一。因此,为深入解析一期和二期工艺处理效果差异较大(特别是 TN)的细菌作用机制,进一步分析了一期和二期工艺中相关菌群的丰度与分布情况。

通过对细菌测序信息进行分类,发现污水厂生化单元主要包括 35 个门类[见图 3(a)],其中变形菌门和拟杆菌门是污泥样品中的优势菌群,在一期工艺中的相对丰度分别为 56.72%、17.45%,在二期工艺中的相对丰度分别为 64.22%、18.96%。变形菌门和拟杆菌门是污水厂中常见细菌之一,在有机物降解以及脱氮除磷等方面发挥着重要作用^[14]。这两类细菌在二期工艺中的相对丰度都明显高于一期,将有效提升相应单元的污染物去除效能,这与污

水厂对污染物的实际去除效果相一致。

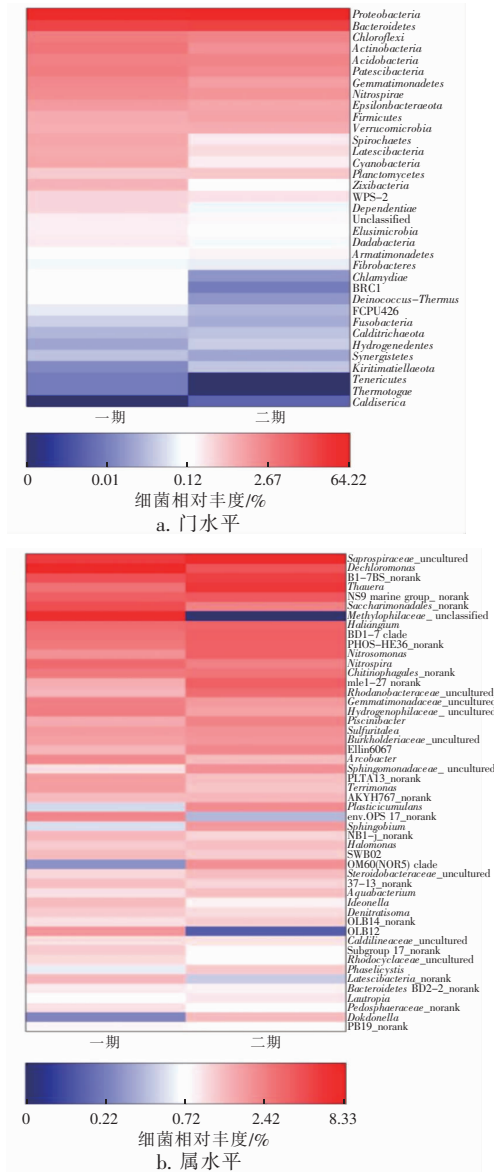


图3 污水厂一期和二期生化池中细菌群落组成

Fig. 3 Bacterial community in the first and second phase processes of wastewater treatment plant

为了进一步揭示活性污泥的细菌群落结构,在属水平上分析了 OTU 的分类和相对丰度。如图 3 (b) 所示,污水厂主要的细菌菌群包括 *Saprospiraceae* (一期为 3.21%、二期为 4.86%)、*Thauera* (一期为 1.66%、二期为 3.76%)、*Dechloromonas* (一期为 4.88%、二期为 2.60%)、*Haliangium* (一期为 1.82%、二期为 2.17%)、*Nitrosomonas* (一期为 1.19%、二期为 2.25%)、*Saccharimonadales* (一期为 1.54%、二期为 2.67%) 和 *PHOS-HE36* (一期为 1.54%、二期为 2.23%)

等。其中, *Saprospiraceae*、*Thauera* 和 *Dechloromonas* 是典型的反硝化细菌, *Nitrosomonas* 是常见的氨氧化细菌, *Haliangium* 是硝化细菌,它们均在生物脱氮中发挥着重要作用^[15-17]。此外, *Saccharimonadales* 可以将大分子有机物转化为易降解 COD^[18], *PHOS-HE36* 则与生物除磷密切相关^[19]。该结果说明,污水厂的生物处理单元可以有效富集与污染物降解去除相关的功能细菌(如反硝化细菌、氨氧化细菌、硝化细菌等),二期工艺中曝气沉砂池以及预缺氧池的设置将更加有利于上述功能细菌的富集,进而有助于提升污水厂对氮类污染物的去除效果,这与污水厂实际运行结果相一致。

2.3 细菌功能基因预测分析

为进一步分析比较细菌的关键功能基因表达情况及其与污染物去除效率之间的内在联系,研究采用 PICRUSt 对污水厂中主要细菌的功能基因表达进行了预测与分析,见图 4。

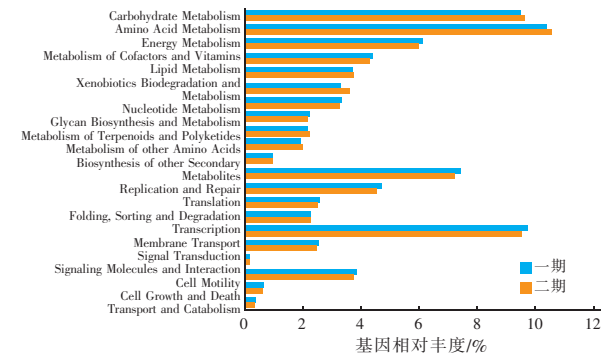


图4 污水厂一期与二期工艺中细菌的 KEGG 代谢途径比较

Fig. 4 Comparison of KEGG metabolic pathway of microorganisms in the first and second phase processes of wastewater treatment plant

基于 KEGG 分析的细菌的主要代谢功能可分为 Metabolism (新陈代谢,一期为 49.66%、二期为 50.16%)、Genetic Information Processing (遗传信息处理,一期为 16.83%、二期为 16.46%)、Environmental Information Processing (环境信息处理,一期为 12.31%、二期为 12.09%) 和 Cellular Processing (细胞过程,一期为 4.73%、二期为 4.64%) 几大类。其中, Metabolism 功能模块的 Carbohydrate Metabolism (碳水化合物代谢,一期为 9.46%、二期为 9.60%) 和 Amino Acid Metabolism (氨基酸代谢,一期为 10.35%、二期为 10.54%) 在二期工艺中相对丰度较高,该过程可以为反硝化脱

氮提供电子^[5]。此外, Energy Metabolism (能量代谢) 途径在能量运输中起着关键作用, 例如 ATP 代谢、电子传输和氮转化过程等, 其相对丰度也由一期的 5.97% 提高至二期的 6.08%。以上结果均表明, 二期工艺的细菌代谢活性较一期更高。

此外, 通过深入分析硝化与反硝化过程中关键基因的相对丰度表达, 发现参与硝化过程的羟氨氧化还原酶 (*hao*) 和亚硝酸盐氮氧化还原酶 (*norE*、

norQ、*norD*) 等调控基因的相对丰度分别由一期工艺中的 0.003% 和 0.036% 上升至二期工艺中的 0.005% 和 0.040% (见图 5)。同时, 在反硝化途径中, 参与硝酸盐氮还原转化为亚硝酸盐氮的编码基因 (*narG*、*narH*、*narI*、*napA*)^[5] 在二期工艺中的相对丰度更高 (0.052%)。此外, 涉及亚硝酸盐氮还原为一氧化氮的基因 (*nirK*) 以及一氧化氮还原的基因 (*norB* 和 *norC*)^[20] 的相对丰度也在工艺中上调。

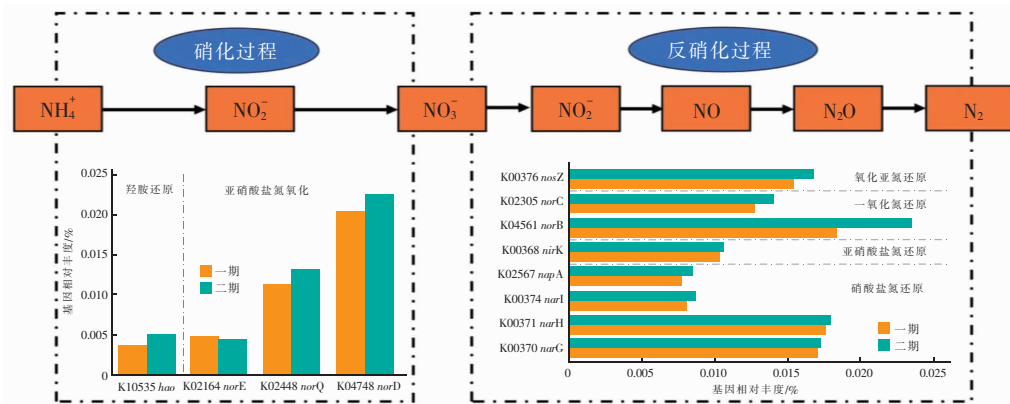


图5 污水厂参与硝化与反硝化过程关键基因的相对丰度

Fig. 5 Relative abundance of key genes involved in nitrification and denitrification of wastewater treatment plant

总体而言, 二期工艺中涉及硝化与反硝化过程的关键基因相对丰度明显高于一期工艺, 这显著影响了生物单元中功能细菌脱氮等相关基因的表达, 进而影响了污水厂的处理效能。

3 结论

① 曝气沉砂池和 A²O 工艺中预缺氧池的设置明显提升了污水厂对典型污染物的去除效果, 特别是 TN。出水中总氮和硝酸盐氮浓度分别从一期的 8.77、6.93 mg/L 降至二期的 6.69、5.25 mg/L, 其中曝气沉砂池提升了污泥 MLVSS/MLSS 值, 而预缺氧池则有助于硝化与反硝化速率的增强。

② 功能细菌 (如 *Saprospiraceae*、*Thauera*、*Dechloromonas*、*Saccharimonadales*、*Haliangium*、*Nitrosomonas* 等) 在污水生物处理单元的高效富集是提升污染物去除效果的主要原因。

③ 不同工艺单元将显著影响细菌群落的分布以及硝化与反硝化过程中对污染物去除相关的关键基因表达, 从而影响了污水厂的处理效能。

参考文献:

[1] 孙孝龙, 蒋文举, 张进, 等. 改良 A²/O 工艺预缺氧池中的脱氮作用和机理[J]. 环境科学与技术, 2009, 32

(12): 138 - 141.

SUN Xiaolong, JIANG Wenju, ZHANG Jin, et al. Nitrogen removal in pre-hypoxia pool by improved A²/O process [J]. Environmental Science & Technology, 2009, 32(12): 138 - 141 (in Chinese).

[2] XUE J, SCHMITZ B W, CATON K, et al. Assessing the spatial and temporal variability of bacterial communities in two Bardenpho wastewater treatment systems via Illumina MiSeq sequencing [J]. Science of the Total Environment, 2019, 657: 1543 - 1552.

[3] ZHANG L, SHEN Z, FANG W K, et al. Composition of bacterial communities in municipal wastewater treatment plant [J]. Science of the Total Environment, 2019, 689: 1181 - 1191.

[4] 董志颖, 洪慢, 胡哈静, 等. 过量氮输入对寡营养海水细菌群落代谢潜力的影响 [J]. 环境科学学报, 2018, 38(2): 457 - 466.

DONG Zhiying, HONG Man, HU Hanjing, et al. Effect of excess nitrogen loading on the metabolic potential of the bacterial community in oligotrophic coastal water [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2018, 38(2): 457 - 466 (in Chinese).

[5] ZHANG T, CAO J S, ZHANG Y L, et al. Achieving efficient nitrite accumulation in glycerol-driven partial

- denitrification system: insights of influencing factors, shift of microbial community and metabolic function[J]. *Bioresource Technology*, 2020, 315: 123844.
- [6] LI H, XU H, YANG Y L, *et al.* Effects of graphite and Mn ore media on electro-active bacteria enrichment and fate of antibiotic and corresponding resistance gene in up flow microbial fuel cell constructed wetland[J]. *Water Research*, 2019, 165: 114988.
- [7] ZHANG Q, CAO J S, WU Y, *et al.* Shifts of microbial community and metabolic function during food wastes and waste activated sludge co-fermentation in semi-continuous-flow reactors: effects of fermentation substrate and zero-valent iron [J]. *Bioresource Technology*, 2020, 313: 123686.
- [8] 戴雅,程洁红. 预缺氧池对 A + A²/O 工艺增强系统的脱氮除磷的作用影响[J]. *江苏理工学院学报*, 2014, 20(4): 41–46.
- DAI Ya, CHENG Jiehong. Influence of pre-anoxic tank on nitrogen and phosphorus removal in enhanced A + A²/O process system[J]. *Journal of Jiangsu University of Technology*, 2014, 20(4): 41–46 (in Chinese).
- [9] 沈翼军,吴瑒,杨殿海,等. 运行方式对厌氧区碳源分流多级 A/O 工艺处理效果的影响[J]. *环境污染与防治*, 2016, 38(11): 25–30.
- SHEN Yijun, WU Yang, YANG Dianhai, *et al.* The influence of operation mode on removal efficiency of step-feed A/O system with flow distribution of carbon source from anaerobic zone[J]. *Environmental Pollution and Control*, 2016, 38(11): 25–30 (in Chinese).
- [10] 李中天,蒋伟文. 城市污水处理中砂的影响及对策[J]. *给水排水*, 2004, 30(6): 26–27.
- LI Zhongtian, JIANG Weiwen. Influence of sand on municipal wastewater treatment and countermeasures [J]. *Water & Wastewater Engineering*, 2004, 30(6): 26–27 (in Chinese).
- [11] KHAN M, KHAN S J, HASAN S W. Quorum sensing control and wastewater treatment in quorum quenching/ submerged membrane electro-bioreactor [SMBR (QQ)] hybrid system [J]. *Biomass and Bioenergy*, 2019, 128: 105329.
- [12] MARZORATI M, WITTEBOLLE L, BOON N, *et al.* How to get more out of molecular fingerprints: practical tools for microbial ecology [J]. *Environmental Microbiology*, 2008, 10(6): 1571–1581.
- [13] SUN L, TIAN Y, ZHANG J, *et al.* A novel membrane bioreactor inoculated with symbiotic sludge bacteria and algae: performance and microbial community analysis [J]. *Bioresource Technology*, 2018, 251: 311–319.
- [14] JI B, ZHANG X C, ZHANG S F, *et al.* Insights into the bacterial species and communities of a full-scale anaerobic/anoxic/oxic wastewater treatment plant by using third-generation sequencing [J]. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 2019, 128(6): 744–750.
- [15] WANG M M, CAO G, FENG N X, *et al.* Bioaugmentation of two-stage aerobic sequencing batch reactor with mixed strains for high nitrate nitrogen wastewater treatment [J]. *Chinese Journal of Chemical Engineering*, 2020, 28(12): 3103–3109.
- [16] FAN X Y, GAO J F, PAN K L, *et al.* Temporal dynamics of bacterial communities and predicted nitrogen metabolism genes in a full-scale wastewater treatment plant [J]. *RSC Advances*, 2017, 7(89): 56317–56327.
- [17] MCILROY S J, STARNAWSKA A, STARNAWSKI P, *et al.* Identification of active denitrifiers in full-scale nutrient removal wastewater treatment systems [J]. *Environmental Microbiology*, 2016, 18(1): 50–64.
- [18] LUO J Y, HUANG W X, ZHANG Q, *et al.* Effects of different hypochlorite types on the waste activated sludge fermentation from the perspectives of volatile fatty acids production, microbial community and activity, and characteristics of fermented sludge [J]. *Bioresource Technology*, 2020, 307: 123227.
- [19] XU S, YAO J Q, AINIWAER M, *et al.* Analysis of bacterial community structure of activated sludge from wastewater treatment plants in winter [J]. *BioMed Research International*, 2018. DOI: 10.1155/2018/8278970.
- [20] RAMANATHAN B, BODDICKER A M, ROANE T M, *et al.* Nitrifier gene abundance and diversity in sediments impacted by acid mine drainage [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8: 2136.
-
- 作者简介:罗景阳(1989–),男,湖南湘潭人,博士,教授,研究方向为污水、污泥的生物处理。
E-mail:luojy2016@hhu.edu.cn
收稿日期:2020–10–05
修回日期:2020–11–25

(编辑:任莹莹)