

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2022.05.004

BAF工艺深度处理四环素类制药废水研究

李佳泽¹, 吴宝利², 刘富荣¹, 刘改革¹, 李相昆¹

(1. 河北工业大学 土木与交通学院, 天津 300401; 2. 中国市政工程华北设计研究总院有限公司, 天津 300381)

摘要: 针对市政污水处理厂、制药厂和医院污水处理厂出水中的抗生素残留,采用曝气生物滤池(BAF)工艺进行深度处理。分别建立了两组曝气生物滤池实验装置,研究不同抗生素残留浓度、不同水力停留时间条件下对污染物降解及微生物菌群变化规律。长期实验结果表明,在进水抗生素浓度低于1 mg/L的情况下,COD、氨氮的去除效果稳定,在水力停留时间为10 h时,四环素类抗生素的去除率均在82.5%以上。对BAF中微生物群落分析表明:投加抗生素后,BAF中微生物种群多样性明显降低。*Proteobacteria*(变形菌门)是主要的菌群,且丰度变化最大;*Alphaproteobacteria*(α -变形杆菌纲)、*Flavobacteriia*(黄杆菌纲)和*Betaproteobacteria*(β -变形杆菌纲)丰度增加,该菌属可以适应抗生素废水;*Acidovorax*(嗜酸菌属)和*Flavobacterium*(黄杆菌属)丰度增加,具有反硝化作用的菌属可优势生长。

关键词: 曝气生物滤池; 水力停留时间; 四环素类抗生素; 高通量测序; 微生物群落结构

中图分类号: TU992 文献标识码: A 文章编号: 1000-4602(2022)05-0024-08

Treatment of Tetracyclines Antibiotics Pharmaceutical Wastewater by BAF Process

LI Jia-ze¹, WU Bao-li², LIU Fu-rong¹, LIU Gai-ge¹, LI Xiang-kun¹

(1. School of Civil and Transportation Engineering, Hebei University of Technology, Tianjin 300401, China; 2. North China Municipal Engineering Design and Research Institute Co. Ltd., Tianjin 300381, China)

Abstract: To investigate the characteristics of antibiotic residues removal in municipal sewage treatment plants, pharmaceutical wastewater treatment plants and hospital sewage treatment facilities, biological aerated filter (BAF) process was built and run under different working conditions. Two sets of BAF columns ran with different antibiotic concentrations and different hydraulic retention time (HRT) respectively, and the pollutants degradation in the effluent were detected. The results of the long-term experiments indicated that when the influent antibiotic concentration was less than 1 mg/L, the removal effect of ammonia nitrogen and COD was stable. When the HRT was 10 hours, the removal rate of tetracycline antibiotics was above 82.5%. Results of high-throughput sequencing showed that at phylum level, *Proteobacteria* was the main group and had the largest change in abundance. At class level,

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(51978233、52000057)

通信作者: 李相昆 E-mail: xkli312@163.com

Alphaproteobacteria, *Flavobacteriia* and *Betaproteobacteria* significantly increased in abundance and could adapt to antibiotic wastewater. And at genus level, *Acidovorax* and *Flavobacterium* with denitrification function predominated in the system.

Key words: biological aerated filter (BAF); hydraulic retention time (HRT); tetracycline antibiotics; high-throughput sequencing; microbial community

抗生素的过度使用给城市水环境带来了许多潜在问题,尤其是抗性菌和抗性基因的传播,将会对人类的健康产生严重威胁^[1]。市政污水处理厂、制药厂和医院的水处理设施都存在不同浓度的各种抗生素残留,据报道,在医院废水中检测出的环丙沙星浓度为125 $\mu\text{g/L}$ 、土霉素浓度为2.2 mg/L 、磺胺甲恶唑浓度为1.3 mg/L ^[2]。在两座城市污水处理厂的二级出水中也检测出浓度为3.6~1 176 ng/L 不等的磺胺类、氟喹诺酮类、四环素类、大环内酯类抗生素^[3]。存在于环境中的低浓度抗生素会导致耐药性菌和耐药性基因的出现和传播^[4]。

四环素类抗生素作为典型的抗生素,在养殖场废水中经常被检测到且浓度相对较高,甚至达到388 $\mu\text{g/L}$ ^[5]。并且,四环素废水具有难处理的特点,如果处理不当可能会导致具有四环素抗性的微生物带来的潜在健康风险。为此,以土霉素(OTC)、金霉素(CTC)、四环素(TC)作为四环素类抗生素的代表性药物,考察曝气生物滤池(BAF)对污水中抗生素的深度去除效果。

BAF工艺常用于污水处理,对难降解污染物具有良好的去除效果。探究了不同水力停留时间(HRT)、不同抗生素浓度条件下BAF对四环素废水中污染物的去除特性。同时,通过分析BAF生物膜中微生物群落结构,探究不同抗生素浓度、不同水力停留时间下反应器中微生物种群的演替规律。

1 材料与方法

1.1 实验装置

曝气生物滤池采用上部进水的方式,水缓慢经过滤料层和承托层,由底部流量计控制出水,如图1所示。共制作了两组高为200 cm、内径为5 cm的下向流BAF反应器,分别记作1[#]和2[#]。反应器采用陶粒填料,粒径为3~5 mm,填装高度为1 m。底部采用曝气泵曝气,控制溶解氧(DO)在4~6 mg/L ,通过改变进水流量控制不同的水力停留时间,采用标准方法采集装置进水和出水。BAF采用气、水联合反

冲洗,反冲洗周期根据运行阶段的不同控制在3~10 d。

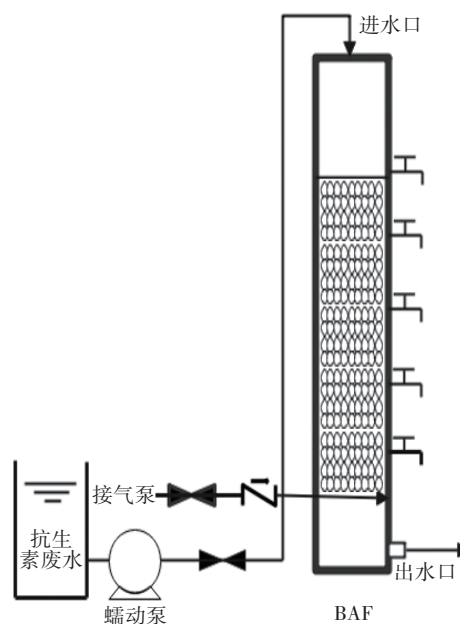


图1 BAF装置示意

Fig.1 Schematic diagram of BAF equipment

1.2 原水水质及分析方法

模拟某制药厂抗生素废水二级生化处理单元出水,COD为40~90 mg/L ,氨氮为5~10 mg/L 。反应器挂膜所用污泥取自天津市某污水处理厂沉淀池,采用快速接种法启动。

1[#]反应器驯化20 d稳定运行后,分为五个阶段运行,进水抗生素浓度均控制在200 $\mu\text{g/L}$,每个阶段的HRT依次为1、3、5、10、20 h,每阶段运行25 d。2[#]反应器分三个阶段运行,水力停留时间均为10 h,各阶段的抗生素浓度依次为200、600、1 000 $\mu\text{g/L}$,每阶段运行25 d,分别考察不同阶段的处理效果。

COD、氨氮、TP等采用标准方法测定^[6],使用便携式溶氧仪(JPB-607A)测定DO。土霉素、金霉素、四环素采用高效液相色谱法(HPLC)测定,C18色谱柱,测定条件:进样量为100 μL ,柱温为30 $^{\circ}\text{C}$,流动

相为甲酸/乙腈(20:80),检测波长为355 nm,流速为1 mL/min,OTC、CTC、TC出峰时间分别为3.01、3.23、3.69 min。

1.3 微生物群落分析

在不同时间段取微生物样品3个,分别为样品Ⅰ:1#滤柱未投加抗生素、HRT为1 h且稳定运行后第25天的生物膜样品;样品Ⅱ:1#滤柱投加3种200 $\mu\text{g/L}$ 四环素类抗生素、HRT为1 h而且稳定运行后第25天的生物膜样品;样品Ⅲ:1#滤柱投加3种200 $\mu\text{g/L}$ 四环素类抗生素、HRT为10 h且稳定运行后第25天的生物膜样品。

采集的样品由生物工程(上海)股份有限公司检测。使用E. Z. N. A™ Mag-Bind Soil DNA Kit试剂盒进行DNA的提取。利用Qubit3.0 DNA检测试剂盒对DNA精确定量,用引物341F(5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3')和805R(5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3')扩增细菌16S rRNA基因的V3-V4区,PCR实验条件参考文献[7]。PCR产物通过2%琼脂糖凝胶电泳进行检测,在Illumina MiSeq平台上测序。

2 结果与讨论

2.1 HRT对COD、氨氮去除效果的影响

1#反应器经过20 d的驯化,稳定运行后同时加入浓度为200 $\mu\text{g/L}$ 的CTC、OTC和TC,其间DO控制在 (5 ± 1) mg/L。不同阶段BAF对COD、氨氮的去除效果如图2所示。HRT作为BAF重要的运行参数,直接影响反应器内生物膜生长和出水效果,不同HRT条件下污染物去除率有明显差异。总体上COD去除率随HRT的延长而增加。当HRT延长时,滤池中水流速度相对缓慢,滤料充分发挥了截留作用,污染物与滤池中的微生物得到充分接触而被去除。如图2(a)所示,当HRT从3 h增加到20 h, COD去除效果持续提升,去除率最大可达88%。抗生素投加初期对COD的去除产生影响,经过一段时间的恢复后,随着HRT的增加,COD去除效果逐渐增加。在HRT从1 h增加到3 h阶段,COD去除率有减小的趋势。可能是因为抗生素的加入对生物膜产生影响,没有得到完全恢复。

从图2(b)可以看出,在初期氨氮去除率受到抗生素投加的影响有所波动,因为可能是硝化细菌对抗生素比较敏感,导致硝化效果受到影响。随着

HRT的增加,氨氮去除率增加相对明显,当HRT从10 h增加到20 h时,氨氮去除率增加趋于平缓。氨氮整体去除率在97%~99%左右,表明BAF的硝化性能很好。由于BAF运行到第四阶段时,COD和氨氮去除率已达到较高水平,所以后期实验BAF的HRT均控制为10 h。

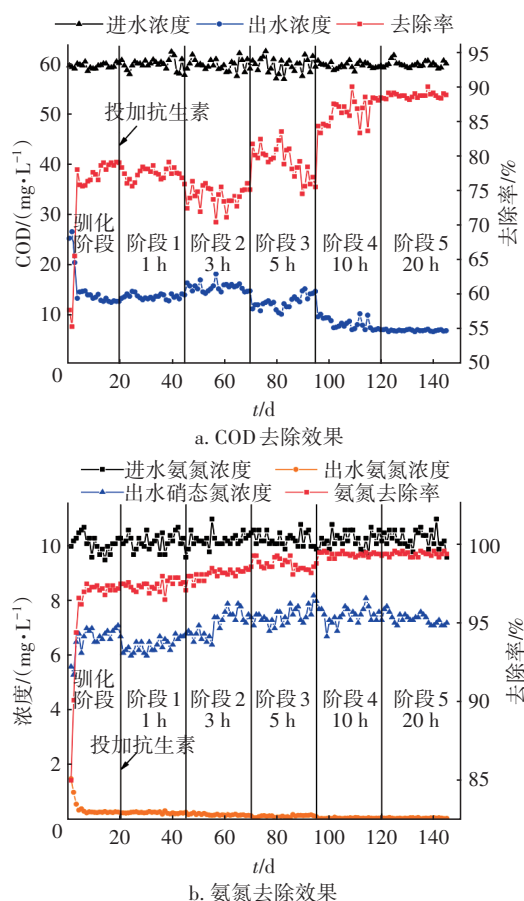


图2 不同HRT下1#滤柱对COD和氨氮的去除效果
Fig.2 Removal of COD and ammonia nitrogen at different HRT in 1#BAF

2.2 BAF对抗生素的去除效果

2.2.1 HRT对去除效果的影响

第一阶段出水CTC、OTC和TC浓度在20 d左右达到稳定,浓度分别为95、75和80 $\mu\text{g/L}$,去除率分别为48%、62.5%和60%。HRT对抗生素的去除率有着显著影响,延长HRT能够明显提高对抗生素的去除效果(见图3)。在第二和第三阶段,OTC和TC去除率增加,分别为75%和78%,HRT对CTC的去除率影响大于OTC和TC,在HRT为5 h时,CTC去除率就达到了99%以上。持续加大HRT,OTC和TC去除率最高分别可以达到85%和82.5%。总体来

讲,BAF对四环素类抗生素有较好的去除效果,增加HRT可以明显提高BAF的去除率。Casas等人^[8]证明在慢速生物滤池中,污染物去除效率取决于HRT,HRT最长的实验对多种抗生素都具有很高的去除率。

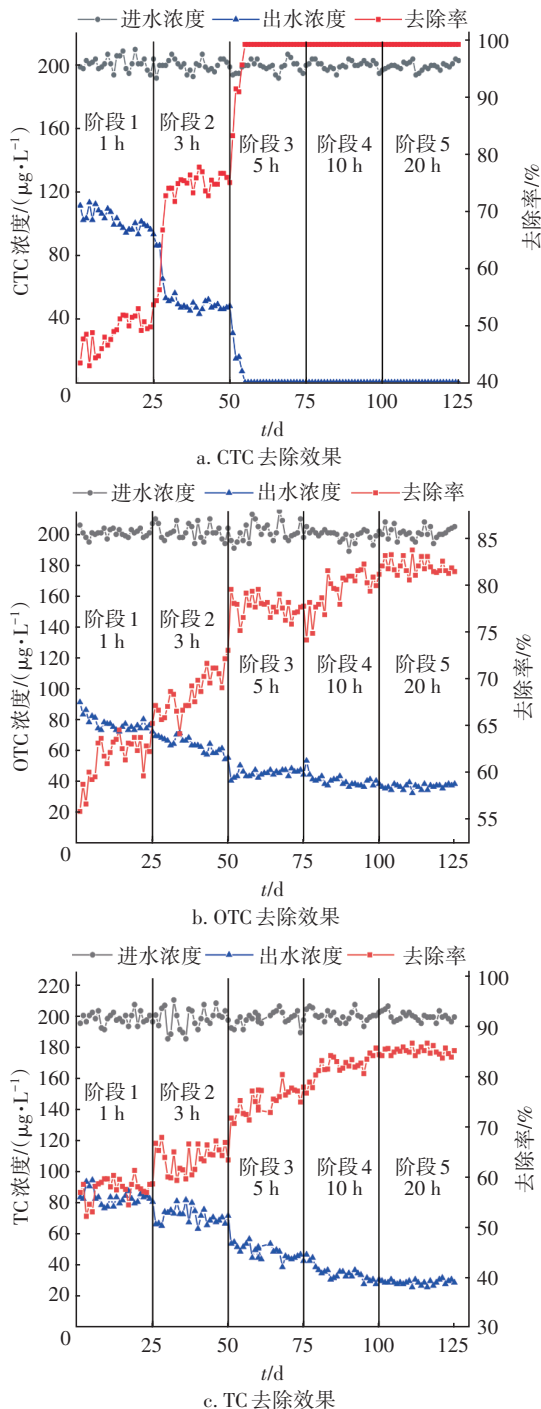


图3 不同HRT下1#滤柱对CTC、OTC和TC的去除效果

Fig.3 Removal effects of CTC, OTC and TC at different HRT in 1#BAF

2.2.2 对不同浓度抗生素的去除效果

四环素类抗生素的生物降解效果较差,且对微生物具有抑制作用,随着浓度的增加,在HRT为10 h条件下,2#反应器对CTC、OTC、TC的去除率见图4。

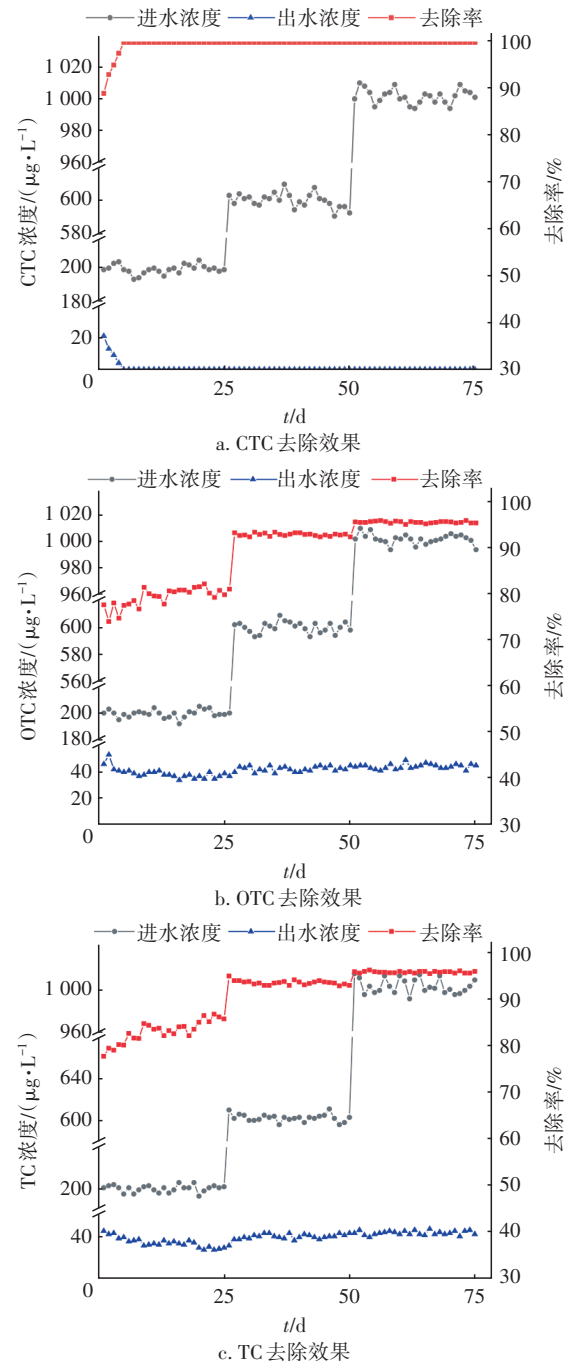


图4 2#滤柱对不同浓度CTC、OTC和TC的去除效果

Fig.4 Removal of CTC, OTC and TC in 2#BAF

从图4可以看出,随着进水抗生素浓度的不断增加,BAF对CTC的去除效果仍能保持稳定,去除率一直保持在99%以上;而对OTC和TC的去除率

呈现逐渐增加的趋势,在浓度为200、600和1 000 $\mu\text{g/L}$ 时,BAF对OTC的平均去除率分别为80%、92%和95%,对TC的平均去除率分别为85%、93%和95%。在生物滤柱中抗生素可以通过光解、水解、吸附和生物降解去除,有研究显示,污水中的四环素类抗生素主要依靠吸附得到有效去除,生物降解比较缓慢^[9]。也有研究表明,在反应器中TC主要通过生物降解作用去除,而生物吸附对去除TC的贡献不显著^[10]。虽然对于生物滤柱中抗生素的主要去除途径没有统一的定论,但是在生物滤柱中大多数抗生素都会被微生物不同程度地降解^[11]。本实验中在其他条件不变的情况下,提高进水抗生素浓度至1 000 $\mu\text{g/L}$,抗生素的去除率在95%以上,可能长时间的运行导致生物膜中耐药微生物的生长,提高了系统对抗生素的降解能力。

在逐步提高进水抗生素浓度的过程中,COD和氨氮的去除在初期都受到不同程度的冲击,去除率都呈现下降趋势,但是经过一定时间的恢复后,去除效果会有所恢复和提升(见图5)。在抗生素浓度为1 000 $\mu\text{g/L}$ 左右时,BAF对氨氮、COD的去除率分别为98%和82%左右,表明滤柱中的菌群结构受到了抗生素的冲击,但是经过一定时间后会有所恢复,但整体上去除率随抗生素浓度的增加均呈下降趋势。为了能进一步解释微生物的降解作用,对滤柱中的菌群演替规律做了进一步的分析。

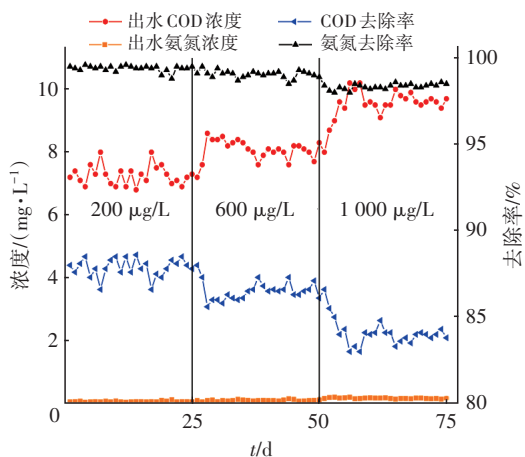


图5 不同抗生素浓度下2[#]滤柱对COD和氨氮的去除效果

Fig.5 Removal of COD and ammonia nitrogen at different antibiotic concentrations in 2[#] BAF

2.3 微生物菌群演替规律

2.3.1 物种多样性及丰度指数分析

首先对高通量测序序列进行OTU划分,对97%

相似水平下的OTU进行生物信息统计。在生态学中Chao1指数常用来估计物种总数,Ace指数用来估计种群中OTU数目,Shannon指数和Simpson指数都用来估计样品中微生物多样性,结果见表1。实验中Coverage均大于0.998,反映了本次测序结果可以代表样本的真实情况。

表1 1[#]BAF中微生物种群丰度和多样性分析

Tab.1 Analysis of microbial population abundance and diversity in 1[#]BAF

样品	OTU	Shannon	Chao1	Ace	Simpson	Coverage
I	602	4.808	625.636	619.926	0.027	>0.998
II	240	1.866	291.692	295.840	0.266	>0.998
III	243	2.485	314.187	303.920	0.127	>0.998

由表1可知,进水投加200 $\mu\text{g/L}$ 抗生素以后样品的OTU指数、Shannon指数、Chao1指数和Ace指数均有不同程度的下降,而Simpson指数提高,这说明抗生素的加入对BAF中的微生物影响较大,抑制作用明显,致使微生物群落的丰富度和多样性下降。但是对比样品II、III可以发现,延长HRT以后样品的OTU指数、Chao1指数和Ace指数都略有提高,说明延长HRT条件下微生物多样性略有增加。而Simpson指数显著降低,也同时说明了BAF中微生物群落优势度在减小,多样性在增加,但微生物群落丰富度变化并不明显。所以较长的HRT,更有利于BAF中各种微生物适应抗生素的冲击。

2.3.2 群落结构组成演替规律分析

选取样本中相对丰度大于1%的门做门水平种群分类,共筛选出8个菌群,结果如图6所示。在添加3种四环素类抗生素后,微生物群落在门水平上产生的变化较大,门种类降低。其中Proteobacteria(变形菌门)和Bacteroidetes(拟杆菌门)在添加抗生素前后均为优势菌群,且相较于添加抗生素之前,Proteobacteria丰度显著升高,由43.63%分别升高为75.55%和77.34%。大量研究表明,Proteobacteria菌群在很多难降解污染物的降解过程中都起到了重要作用^[12],Proteobacteria菌群是BAF具备较好的污染物去除效果及较高的四环素类抗生素去除率的关键。Bacteroidetes丰度也有所上升,由11.01%升至18.34%和14.04%。研究表明,Proteobacteria和Bacteroidetes是脱氮系统中两种关键异养菌群,在好氧生物处理系统中普遍存在^[13]。添加抗生素之后Planctomycetes(浮霉菌门)丰度由14.94%分别下

降为0.34%和0.35%;*Acidobacteria*(酸杆菌门)丰度由12.72%分别降为0.02%和0.05%,说明3种四环素类抗生素抑制了曝气生物滤池中*Planctomycetes*和*Acidobacteria*的生长。此外,*Actinobacteria*(放线菌门)在三个样品中丰度分别为3.63%、4.12%和0.46%,其丰度受HRT影响较大,HRT延长到10 h导致进水负荷降低是*Actinobacteria*丰度下降的主要原因。

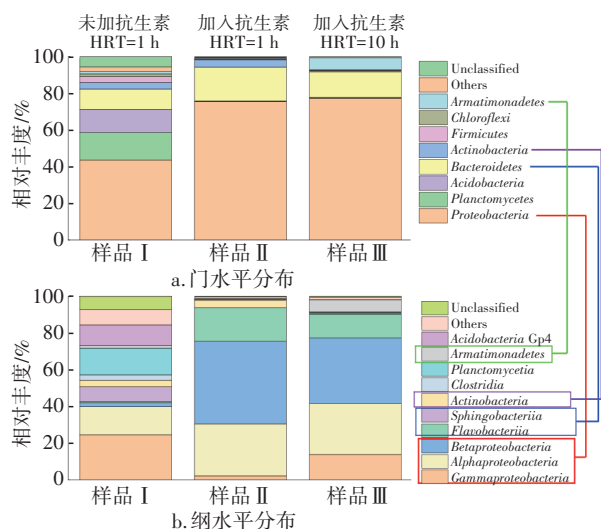


图6 1[#]滤柱不同运行阶段在门和纲水平主要微生物菌群相对丰度分布

Fig.6 Relative abundance distribution at phylum level and class level in 1[#]BAF

选取相对丰度大于1%的纲做种群分析,共筛选出10个菌群。与大多数好氧反应器中的菌群研究相同,在*Proteobacteria*门中*Gammaproteobacteria*(γ -变形杆菌纲)、*Alphaproteobacteria*(α -变形杆菌纲)和*Betaproteobacteria*(β -变形杆菌纲)为主要的优势菌群^[14-15]。在四环素类抗生素作用下,系统中*Proteobacteria*门相对丰度增加主要是由 β -变形杆菌纲增加引起的^[16]。在本实验中, β -变形杆菌纲丰度由添加抗生素之前的2.23%上升至45.04%和35.74%,其丰度的显著增加可能与它们获得抗生素耐药基因拥有耐药性有关^[17]。 β -变形杆菌纲中的菌群可以适应复杂的环境,在抗生素废水处理中经常被检测到。*Alphaproteobacteria*丰度由添加抗生素之前的15.22%上升至28.28%和27.77%, α -变形杆菌纲与 β -变形杆菌纲相似,可能在含有抗生素的环境中占据优势^[18]。 γ -变形杆菌纲丰度由添加之前的24.57%下降至2.18%和13.79%。 γ -变形杆

菌纲丰度变化与其他菌群不同,在不同的HRT条件下其丰度存在差异,因为HRT的延长,降低了抗生素的负荷,在低抗生素负荷下其丰度有所恢复,说明在*Proteobacteria*门中 γ -变形杆菌纲似乎比 α -变形杆菌纲和 β -变形杆菌纲对四环素类抗生素负荷更敏感。另外,*Bacteroidetes*门中*Flavobacteriia*(黄杆菌纲)和*Sphingobacteriia*(鞘脂杆菌纲)在加入抗生素后丰度变化明显。

选取菌群中含量变化较大的属做种群分类,结果如图7所示。样品I中属水平微生物菌群丰富,其中*Enterobacter*(肠杆菌属)的丰度最高达到12.76%,在好氧生物工艺中*Enterobacter*是一种异养硝化细菌,具有高效硝化作用,但是由于抗生素的加入,大大抑制了*Enterobacter*的生长,在样品II和样品III中几乎没有被发现,说明此类菌属对抗生素较为敏感。另外,unclassified *Planctomycetaceae*和unclassified *Acidobacteria* Gp4这两种普遍存在于污水生物处理系统中的专性好氧菌属也受到了抗生素的抑制。这也可以解释为什么抗生素加入后系统对氨氮和COD的去除率均出现了下降的现象。值得关注的是,在样品中许多菌属并未受到抗生素加入的影响。添加抗生素之后样品II和样品III中*Acidovorax*(嗜酸菌属)是最优势的菌属,相对丰度分别为43.88%和21.98%,*Acidovorax*在抗生素废水处理中发挥重要的作用,参与某些抗生素的降解过程^[19];unclassified *Rhizobiaceae*(未分类的根瘤菌属)是*Alphaproteobacteria*纲中丰度最大的菌属,有促进微生物生长和生物膜形成的作用^[20],此类菌种在滤柱样品中的丰度分别为3.58%、21.39%和17.65%,促进了生物膜的形成,对污染物的去除起到了重要的作用。延长HRT后,*Gammaproteobacteria*纲中的unclassified *Xanthomonadaceae*(未分类的黄单胞菌属)丰度由1.70%升高至10.20%,其能够利用碳源进行生长繁殖,丰度增加有助于反应器中有机物的去除;*Betaproteobacteria*纲中的*Acidovorax*丰度虽然有所降低,但仍为优势菌属,同时*Flavobacteriia*纲中的*Flavobacterium*(黄杆菌属)丰度由2.59%升高至12.07%,*Chryseobacterium*(金黄杆菌属)丰度由15.61%下降至0.88%,*Flavobacterium*取代后者成为优势菌属,*Flavobacterium*和*Chryseobacterium*两种菌属存在相似性,均具有降解有机物的作用,*Chryseobacterium*对有机物变化比*Flavobacterium*更

加敏感,延长HRT减少了单位时间内进入反应器中有机物的数量从而促进了这两种菌群的更替。其中优势菌属中*Acidovorax*、*Flavobacterium*均具有反硝化功能^[21],总体上四环素类抗生素的加入促进了此类具有反硝化作用的菌属生长。

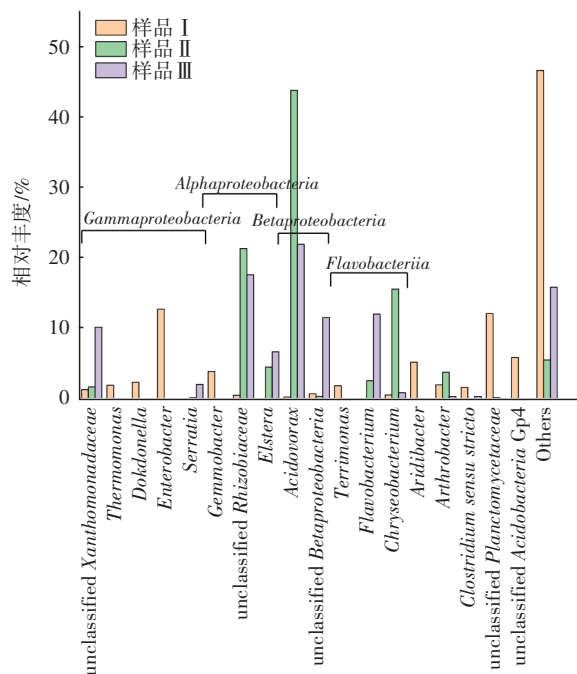


图7 1[#]滤柱不同运行阶段属水平的主要菌群相对丰度分布

Fig.7 Relative abundance distribution at genus level in 1[#]BAF

3 结论

① 在利用BAF处理抗生素废水过程中,氨氮、COD的去除效果稳定。四环素类抗生素的去除率随着水力停留时间的增加而提高,在进水浓度为200 μg/L、水力停留时间为10 h时,四环素类抗生素的去除率均在82.5%以上,其中CTC去除率在99%以上。

② 逐步提高进水抗生素浓度,BAF对氨氮、COD的去除率均略有降低,分别为98%、82%,对抗生素的去除率仍呈现提高的趋势,抗生素浓度为1 000 μg/L时,滤柱对CTC的去除效果最好,达到99%,对OTC和TC去除率可以达到95%。

③ 投加抗生素后,BAF中微生物种群多样性明显降低。*Proteobacteria*(变形菌门)是主要的菌群且丰度变化最大; α -变形杆菌纲、黄杆菌纲和 β -变形杆菌纲丰度显著增加,这些菌群均可以适应抗生素废水;滤柱中一些常见菌属受到抑制,其中包括

具有硝化功能的菌属*Enterobacter*(肠杆菌属)在系统中完全被抑制,具有反硝化作用的*Acidovorax*(嗜酸菌属)和*Flavobacterium*(黄杆菌属)丰度显著增加,在抗生素废水处理中起到重要作用。

参考文献:

- [1] MLBAK K. Spread of resistant bacteria and resistance genes from animals to humans—the public health consequences[J]. Journal of Veterinary Medicine Series B, 2004, 51(8/9): 364–369.
- [2] THOMAS K V, LANGFORD K H. Green and Sustainable Pharmacy[M]. Berlin: Springer, 2010.
- [3] LI B, ZHANG T. Mass flows and removal of antibiotics in two municipal wastewater treatment plants [J]. Chemosphere, 2011, 83(9): 1284–1289.
- [4] 赖后伟. 阿莫西林对 AAO 城市污水处理工艺运行的影响及其生物降解行为研究[D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2013.
LAI Houwei. Influence of Amoxicillin on AAO Urban Sewage Treatment Process and Its Biodegradation Behavior[D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2013 (in Chinese).
- [5] CHEN Y J, HE H J, LIU H Y, et al. Effect of salinity on removal performance and activated sludge characteristics in sequencing batch reactors [J]. Bioresource Technology, 2018, 249: 890–899.
- [6] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法[M]. 4版. 北京: 中国环境科学出版社, 2002.
State Environmental Protection Administration. Water and Wastewater Monitoring and Analysis Methods[M]. 4th ed. Beijing: China Environmental Science Press, 2002(in Chinese).
- [7] 宋红旭, 刘佳, 李坚, 等. 生物滴滤塔净化苯乙烯废气的性能研究[J]. 四川环境, 2020, 39(4): 23–31.
SONG Hongxu, LIU Jia, LI Jian, et al. Study on purification performance of styrene waste gas by biological trickling filter [J]. Sichuan Environment, 2020, 39(4): 23–31(in Chinese).
- [8] CASAS M E, BESTER K. Can those organic micro-pollutants that are recalcitrant in activated sludge treatment be removed from wastewater by biofilm reactors (slow sand filters)? [J]. Science of the Total Environment, 2015, 506/507: 315–322.
- [9] SON H J, YEOM H S, RYU D C, et al. Characteristics of adsorption and biodegradation of tetracycline

- antibiotics by granular activated carbon and biofiltration process [J]. *Journal of Environmental Science International*, 2014, 23(3): 379–386.
- [10] LIU H, YANG Y, SUN H, *et al.* Fate of tetracycline in enhanced biological nutrient removal process [J]. *Chemosphere*, 2017, 193(2): 998–1003.
- [11] XU L, CAMPOS L C, LI J, *et al.* Removal of antibiotics in sand, GAC, GAC sandwich and anthracite/sand biofiltration systems [J]. *Chemosphere*, 2021, 275: 130004.
- [12] LIN Y, YIN J, WANG J, *et al.* Performance and microbial community in hybrid anaerobic baffled reactor-constructed wetland for nitrobenzene wastewater [J]. *Bioresource Technology*, 2012, 118: 128–135.
- [13] 赵诗惠. ABR-MBR组合工艺短程硝化过程的微生物种群[J]. *中国环境科学*, 2018, 38(2): 566–573.
ZHAO Shihui. Analysis of microbial population of shortcut nitrification in ABR-MBR process [J]. *China Environmental Science*, 2018, 38(2): 566–573 (in Chinese).
- [14] 张龙龙. 新型陶粒基铁碳微电解-UAF-UBAF组合工艺处理环丙沙星废水研究[D]. 济南: 山东大学, 2018: 40–45.
ZHANG Longlong. Application of the Combined Fe-C Micro-electrolysis and Anaerobic-Aerobic Bio-filter with Novel Ceramics for Ciprofloxacin Wastewater Treatment [D]. Jinan: Shandong University, 2018: 40–45 (in Chinese).
- [15] 孙成江. 交替曝气两级生物滤池反硝化除磷工艺效能及其菌群结构研究[D]. 济南: 济南大学, 2015: 74–86.
SUN Chengjiang. Efficiency of Denitrifying Phosphorus Removal and Community Structure in Two Stage Biological Filters Operated by Alternative Aeration [D]. Jinan: Jinan University, 2015: 74–86 (in Chinese).
- [16] LIU H, SUN H, ZHANG M, *et al.* Dynamics of microbial community and tetracycline resistance genes in biological nutrient removal process [J]. *Journal of Environmental Management*, 2019, 238(3): 84–91.
- [17] DENG Y, ZHANG Y, GAO Y, *et al.* Microbial community compositional analysis for series reactors treating high level antibiotic wastewater [J]. *Environmental Science & Technology*, 2012, 46(2): 795–801.
- [18] LI D, QI R, YANG M, *et al.* Bacterial community characteristics under long-term antibiotic selection pressures [J]. *Water Research*, 2011, 45(18): 6063–6073.
- [19] FENG L J, CHEN K, HAN D D, *et al.* Comparison of nitrogen removal and microbial properties in solid-phase denitrification systems for water purification with various pretreated lignocellulosic carriers [J]. *Bioresource Technology*, 2017, 224: 236–245.
- [20] QI M Y, LIANG B, ZHANG L, *et al.* Microbial interactions drive the complete catabolism of the antibiotic sulfamethoxazole in activated sludge microbiomes [J]. *Environmental Science & Technology*, 2021, 55(5): 3270–3282.
- [21] CHEN Z, CHANG Z, QIAO L, *et al.* Nitrogen removal performance and microbial diversity of bioreactor packed with cellulosic carriers in recirculating aquaculture system [J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2021, 157: 105157.

作者简介: 李佳泽(1996–), 男, 河北唐山人, 硕士研究生, 从事污水处理及资源化研究。

E-mail: 923950776@qq.com

收稿日期: 2021-11-23

修回日期: 2021-12-20

(编辑: 李德强)