

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2022.08.009

# 市政污水厂排污口着生型微生物的群落分布研究

彭赵旭<sup>1</sup>, 李莹<sup>1</sup>, 李廷梅<sup>2</sup>, 牛咏晴<sup>1</sup>, 刘明辉<sup>1</sup>, 秦静<sup>1</sup>,  
刘奥<sup>1</sup>, 于鲁冀<sup>3</sup>

(1. 郑州大学水利科学与工程学院, 河南 郑州 450001; 2. 郑州大学综合设计研究院有限公司, 河南 郑州 450002; 3. 郑州大学生态与环境学院, 河南 郑州 450001)

**摘要:** 为了考察市政尾水补给径流对水生态的影响,对排污口着生型微生物进行高通量测序,考察了微生物群落与尾水水质间的响应关系。结果表明,在尾水平均COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和TP为地表水Ⅳ类水质时,排口富集黄杆菌、不动杆菌、伯克霍尔德菌等致病菌,以及氨氧化菌(*Nitrosomonas*)、反硝化菌(*Lysobacter*)、聚磷菌(*Enterobacte*)等活性污泥中常见微生物。尾水平均COD、TN与聚磷菌丰度呈负相关(相关系数分别为-0.931和-0.909),TN与反硝化除磷菌(*Xanthomonadaceae*)丰度呈正相关(相关系数为0.964)。排口附近不利于富集脱氯单胞菌(*Dechloromonas*)等反硝化菌,接纳水体中的 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 难以靠尾水中的微生物降解。

**关键词:** 排污口; 径流补给; 微生物群落; 生态修复

**中图分类号:** TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2022)08-0060-05

## Study on the Community Distribution of Periphytic Microorganisms at Sewage Outlet of a WWTP

PENG Zhao-xu<sup>1</sup>, LI Ying<sup>1</sup>, LI Ting-mei<sup>2</sup>, NIU Yong-qing<sup>1</sup>, LIU Ming-hui<sup>1</sup>,  
QIN Jing<sup>1</sup>, LIU Ao<sup>1</sup>, YU Lu-ji<sup>3</sup>

(1. School of Water Conservancy and Engineering, Zhengzhou University, Zhengzhou 450001, China; 2. Zhengzhou University Multi-functional Design and Research Academy Co. Ltd., Zhengzhou 450002, China; 3. School of Ecology and Environment, Zhengzhou University, Zhengzhou 450001, China)

**Abstract:** In order to investigate the impact of municipal tail water recharged to runoff on aquatic ecology, high-throughput sequencing was tested on the periphytic microorganisms at sewage outlet, and the relationship between microbial community and effluent quality was analyzed. The results showed when the average effluent COD,  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  and TP reached level Ⅳ standard for surface water, the outlet was enriched with pathogenic bacteria such as *Flavobacterium*, *Acinetobacter*, *Burkholderia* and common bacteria in activated sludge such as ammonia oxidizing bacteria *Nitrosomonas*, denitrifying bacteria *Lysobacter*, phosphorus accumulating bacteria *Enterobacte*. The average effluent COD and TN were negative correlated with *Enterobacter* abundance ( $r$  were -0.931 and -0.909 respectively), and the average

基金项目: 河南省高等学校重点科研项目(20BS60018); 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2015ZX07204-002、2012ZX07204-001-004)

通信作者: 于鲁冀 E-mail: yuluji@126.com

effluent TN was positively correlated with the abundance of *Xanthomonadaceae* ( $r$  was 0.964). The vicinity of outlet is not conducive to accumulate denitrifying bacteria such as *Dechloromonas*, thus it is difficult to reduce the  $\text{NO}_3^-$ -N in the receiving water by microorganisms in the tail water.

**Key words:** sewage outlet; runoff supply; microbial community; ecological restoration

近年来我国经济飞速发展,很多流域的生态建设都受到水资源短缺限制。在“十四五”规划中指出,要在未来5年将再生水回用比例提高到25%~30%,用城镇污水厂尾水进行生态补水,是解决河道生态修复水资源短缺的有效方法,也符合“厂网河一体化”背景下流域生态文明建设统筹规划的理念。市政尾水补给河道不但能提高环境流量,而且能改善水体动力。白浪河通过中水补给,在流速增加的同时平均水位提升1.5 m<sup>[1]</sup>。谭琴<sup>[2]</sup>利用MIKE11模拟尾水补给河道的水动力,模拟值和实测值的平均相对误差在允许值的20%以内。对于缓流水体,当所补给尾水波动时会增加接纳水体氮、磷含量,促使河床生长附着型藻类,这种情况在排污口附近尤为突出。尾水除了改变接纳水体水质外,也会影响微生物<sup>[3]</sup>。Price等<sup>[4]</sup>发现市政污水排口下游河道存在大量参与污水处理的微生物,尤其是脱氮过程的硝化菌。Drury等<sup>[5]</sup>发现尾水下游河道微生物多样性降低,尤其是 *Deltaproteobacteria*、*Desulfococcus* 等微生物的丰度。在市政尾水补给河道时,排口处流量较大,目前此类特殊环境下所生长的微生物特性研究还很少。

鉴于此,以黄淮流域某地的6座市政污水厂的排污口为研究对象,通过考察排污口处着生型微生物种类的分布,解析排污口尾水水质与微生物种类分布的响应关系,意在为市政尾水补给型河道的生态修复提供借鉴。

## 1 材料与方法

### 1.1 排污口情况

考察的排污口均位于中原地区某市6座县城污水处理厂的尾水入河处,该市属大陆性季风气候,降水时空分布不均匀,地表水资源利用率偏低,生产生活用水主要依靠地下水。这6座市政污水厂的设计规模分别为  $3.0 \times 10^4$ 、 $2.0 \times 10^4$ 、 $2.6 \times 10^4$ 、 $1.0 \times 10^4$ 、 $10.5 \times 10^4$  和  $2.0 \times 10^4$  m<sup>3</sup>/d,其对应的排污口编号分别为Q、R-2、X-1、X-2、Z-1、Z-2。各排污口均设在河岸带缓坡上,混凝土材质,尺寸为  $\varnothing 800 \sim$

1 500 mm,具体如图1所示。

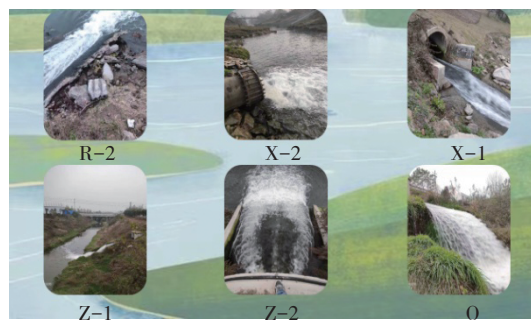


图1 某市6座污水处理厂排污口

Fig.1 Outlets of the six sewage treatment plants in a city

### 1.2 水样监测与分析

污水处理厂的尾水水质取自运行报表,各厂采用统一的水质检测方法,其中COD采用重铬酸盐法,氨氮采用纳氏试剂分光光度法,总磷采用钼酸铵分光光度法,总氮采用碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法。进、出水流量由位于污水处理厂入口及出口处的流量计测得,污水处理絮凝剂消耗量由计量泵确定,污泥产量由脱水污泥前的地磅确定,耗电量由污水处理厂的电表确定。

采用IBM SPSS Statistics 21、Canoco5软件进行相关性分析。

### 1.3 微生物检测

采样点设在各污水处理厂排污口与河床的连接处,采用天然基质采样法。用硬毛刷将附着在砾石上的微生物全部刮到盛有蒸馏水的玻璃瓶中,并用蒸馏水少量多次冲洗,用鲁哥氏液固定后带回实验室,置于冰箱中冷藏(4℃),沉淀24 h弃去上清液,定容至50~100 mL备用。着生型微生物的表面形态采用BX51TF型显微镜观察。样品DNA提取、PCR扩增以及高通量测序均委托生工生物工程(上海)股份有限公司进行。

## 2 结果与讨论

### 2.1 各排污口着生型微生物的种类分布

各排污口样品高通量检测结果在样品文库中的覆盖率均在0.992 5以上,说明测序结果能够代

表样本真实情况。其平均 Shannon 指数和 Simpson 指数分别为 5.221 3 和 0.047 6, 生物多样性偏低。其表征物种总数的 Chao 指数为 1 205.666 7~2 568.581 1。在属水平上, 主要富集了硅藻 (*Bacillariophyta*)、黄杆菌 (*Flavobacterium*)、硝化螺旋菌 (*Nitrospira*)、黄海鞘氨醇杆状菌 (*Sphingorhabdus*)、不动杆菌 (*Acinetobacter*) 等 (见图 2)。

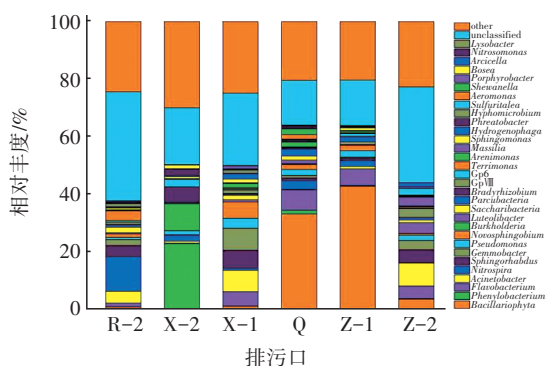


图2 属水平上各排污口微生物的种类分布

Fig.2 Species distribution of microorganisms in each outlet at genus level

在科水平上, 普遍存在含有叶绿素 (*Chloroplast*) 的菌群、黄杆菌 (*Flavobacteriaceae*)、硝化螺旋菌 (*Nitrospiraceae*)、红杆菌 (*Rhodobacteraceae*)、鞘氨醇单胞菌 (*Sphingomonadaceae*)、莫拉菌 (*Moraxellaceae*)、黄单胞菌 (*Xanthomonadaceae*)、伯克霍尔德菌 (*Burkholderiaceae*) 等 (见图 3)。

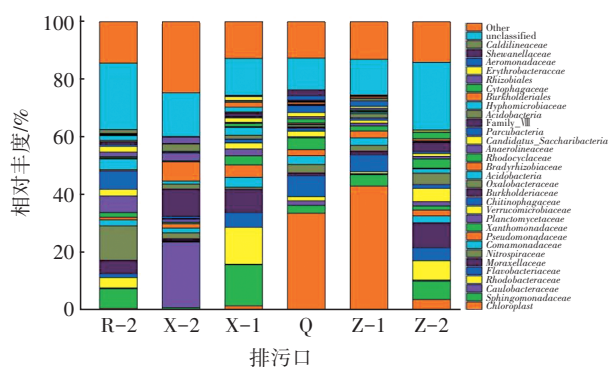


图3 科水平上各排污口微生物的种类分布

Fig.3 Species distribution of microorganisms in each outlet at family level

## 2.2 各污水厂排污口水质情况

各污水处理厂 (Q、R-2、X-1、X-2、Z-1、Z-2) 尾水在着生型生物采样当月的水质月均值如图 4 所示, 其中 COD 分别为 25.90、28.24、13.34、5.97、

21.72、21.07 mg/L,  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  分别为 0.90、0.83、0.22、0.49、1.13、0.26 mg/L, TP 分别为 0.16、0.22、0.15、0.11、0.15、0.24 mg/L, TN 分别为 11.34、7.07、9.58、4.52、7.95、7.94 mg/L, 所有指标均达到《城镇污水处理厂污染物排放标准》(GB 18918—2002) 的一级 A 标准。其中月均 COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TP 达到《地表水环境质量标准》(GB 3838—2002) 的 IV 类标准, 这种高质量的尾水用于补充河道径流是合适的。同时观察在各排污口入河下游 50 m 处河床采集的着生型微生物, 发现主要微生物是绿藻中的丛毛微孢藻 (*Microspora floccosa*)、环丝藻 (*Ulothrix zonata*)、湖生小桩藻 (*Schroederia nitzschoides*) 等 (见图 5)。这些藻类均常见于淡水, 附着于岩石或者木头上。

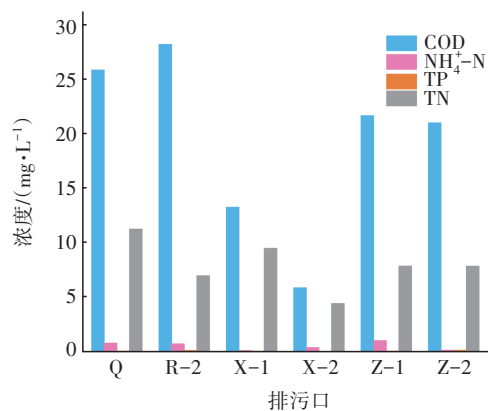


图4 各污水处理厂尾水水质的月均值

Fig.4 Monthly average value of effluent quality of sewage treatment plants

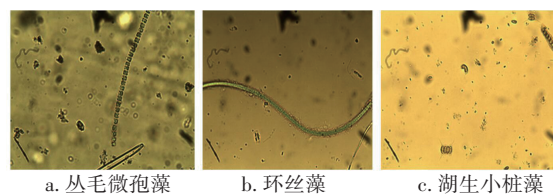


图5 污水厂各排污口下游的着生型绿藻

Fig.5 Periphytic green algae downstream of the outlets of sewage treatment plants

## 2.3 排污口水质与着生微生物间的关系

微生物是污水处理过程中的主要贡献者。参与硝化过程的主要微生物有氨氧化菌 AOB (包括 *Nitrosomonas*、*Nitrosococcus* 和 *Nitrospira*)、亚硝氮氧化菌 NOB (包括 *Nitrospira* 和 *Nitrobacter*)<sup>[6]</sup>; 参与反硝化过程的主要微生物为反硝化菌 (包括 *Dechloromonas*、*Denitratisoma*、*Azospira*、*Lysobacter*



等)。参与厌氧氨氧化的主要微生物有 *Candidatus Kuenenia*、*Candidatus Brocadia*、*Candidatus Jettenia*、*Candidatus Anammoxoglobus* 和 *Candidatus Scalindua*<sup>[7]</sup>。在除磷过程中,主要聚磷菌 PAOs 有 *Candidatus Accumulibacter*、*Candidatus Microthrix*、*Paracoccus*、*Pseudomonas* 和 *Enterobacter* spp. 等。同时存在与 PAOs 相似的聚糖菌 GAO, 包括 *Candidatus Competibacter*、*Dechloromonas* 和 *Defluviicoccus*<sup>[8]</sup>。

本研究发现,在属水平上各排口都富集的污水处理微生物有氨氧化菌 *Nitrosomonas* (0.02%~0.78%)、反硝化菌 *Lysobacter* (0.02%~0.27%) 和反硝化除磷菌 *Sphingomonas* (0.09%~1.28%)<sup>[9]</sup>。其中 *Nitrosomonas* 与 *Lysobacter* 的相对丰度呈显著正相关(相关系数为0.916)。这是因为两者都对 DO 有较强的亲和力,而且 *Nitrosomonas* 氧化  $\text{NH}_4^+-\text{N}$  生成的  $\text{NO}_2^--\text{N}$  能够为 *Lysobacter* 提供反硝化底物<sup>[10]</sup>。在科水平上有硝化菌 *Nitrospira* (0.08%~2.99%)、聚磷菌 *Enterobacter* (0.03%~0.29%), 反硝化除磷菌 *Rhodobacteraceae* (0.19%~12.78%)、*Moraxellaceae* (0.69%~8.53%)、*Xanthomonadaceae* (0.56%~4.09%)、*Comamonadaceae* (1.65%~3.49%)、*Rhodocyclaceae* (0.37%~3.25%), 以及反硝化聚糖菌 *Sphingomonadaceae* (1.00%~14.23%)。其中 *Rhodobacteraceae* 不但富集在排口,而且也会富集在排口下游河床上<sup>[11]</sup>,其与 *Sphingomonadaceae* 的丰度显著正相关(相关系数为0.958),因为后者可以合成糖原为 *Rhodobacteraceae* 吸磷过程提供能量。另外,功能相似的 *Rhodobacteraceae* 和 *Moraxellaceae* (相关系数为0.884), 以及 *Comamonadaceae* 和 *Xanthomonadaceae* (相关系数为0.848) 都呈正相关,它们都属于反硝化聚磷菌。

考察各厂尾水水质与排口处的污水处理微生物丰度的响应关系,发现月均 TN 值与反硝化聚磷菌 *Xanthomonadaceae* 显著正相关(相关系数为0.964),因为尾水 TN 的主要成分是  $\text{NO}_3^--\text{N}$ , 可为 *Xanthomonadaceae* 提供反硝化电子受体。聚磷菌 *Enterobacter* 与 COD 显著负相关(相关系数为-0.931)。这是因为 *Enterobacter* 是易附着生长的兼性菌,能够利用有机物作碳源和能源<sup>[8]</sup>。*Enterobacter* 同时与 TN 显著负相关(相关系数为-0.909),其原因是 TN 增加时,更多 COD 被反硝化利用。使用 Canoco5 进一步对微生物群落之间和微生物群落与水质的相

关性进行分析验证,结果发现与之前所用的 SPSS 分析的结果相似(见图6)。属水平上的 *Nitrosomonas* 与 *Lysobacter* 显著正相关,科水平上 *Enterobacter* 与月均出水 COD 和 TN 显著负相关。本研究发现,排口处存在参与硝化的 *Nitrospira*, 有研究<sup>[11]</sup>发现排口下游水体会富集 *Nitrospirae*, 这些都证明尾水携带的微生物有助于降解受纳水体的  $\text{NH}_4^+-\text{N}$ 。Drury 等<sup>[5]</sup>发现补充尾水后,河道 *Dechloromonas* 相对丰度甚至会降为原来的 1/10, 这进一步说明在受纳水体中降解  $\text{NO}_3^--\text{N}$  难度很大。

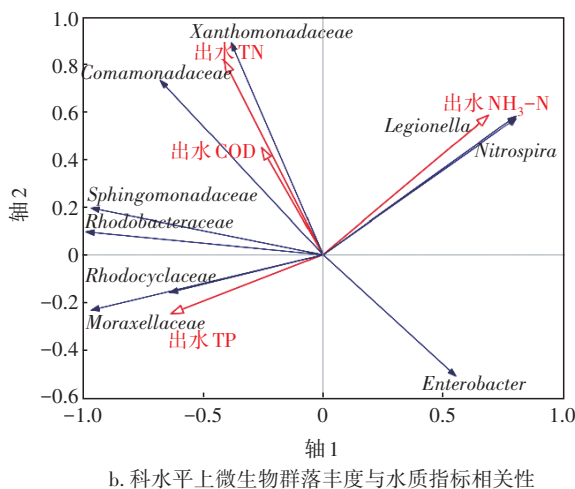
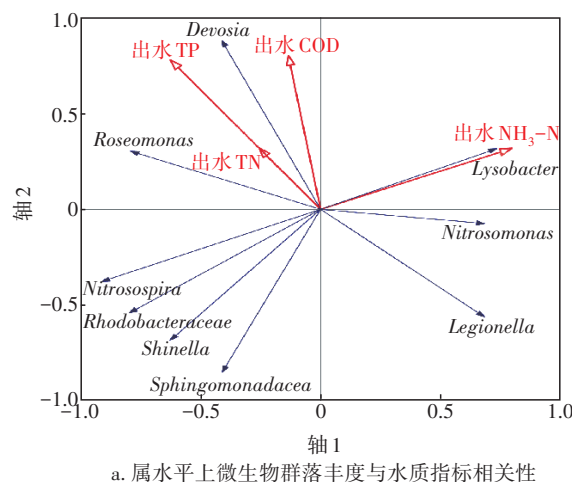


图6 微生物群落丰度与水质指标相关性

Fig.6 Correlation between microbial community abundance and water quality indicators

### 3 结论

① 市政污水厂尾水排口处普遍存在黄杆菌 (*Flavobacterium*)、不动杆菌 (*Acinetobacter*)、新鞘氨醇杆菌 (*Novosphingobium*)、伯克霍尔德菌 (*Burkholderia*)、

绿脓杆菌(*Pseudomonas*)等属水平致病菌,以及黄杆菌(*Flavobacteriaceae*)、莫拉菌(*Moraxellaceae*)、鞘氨醇单胞菌(*Sphingomonadaceae*)、伯克霍尔德菌(*Burkholderiaceae*)等科水平致病菌。

② 在尾水稳定达到一级A标准且COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和TP达到地表Ⅳ类水条件下,尾水排污口处富集了多种反硝化除磷菌 *Rhodobacteraceae* (0.19%~12.78%)、*Moraxellaceae* (0.69%~8.53%)、*Xanthomonadaceae* (0.56%~4.09%)、*Comamonadaceae* (1.65%~3.49%)、*Rhodocyclaceae* (0.37%~3.25%),以及氨氧化菌 *Nitrosomonas* (0.02%~0.78%)、反硝化菌 *Lysobacter* (0.02%~0.27%)、聚磷菌 *Enterobacter* (0.03%~0.29%)等常见污水处理微生物。

③ 尾水水质与排污口污水处理微生物关系密切,其中COD、TN均与聚磷菌 *Enterobacter* 丰度呈负相关(相关系数分别为-0.931和-0.909),TN与反硝化聚磷菌 *Xanthomonadaceae* 丰度呈正相关(相关系数为0.964)。排污口及其周围环境有助于富集 *Nitrospira* 等硝化菌,但是不利于 *Dechloromonas* 等反硝化菌,导致受纳水体中的 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 难以依靠污水处理微生物降解。

#### 参考文献:

- [1] 徐月清. 污水处理厂尾水作为河道补充水的探讨[D]. 上海:华东师范大学,2018.  
XU Yueqing. Discussion on the Reuse of Wastewater Treatment Plant Effluent for River[D]. Shanghai: East China Normal University, 2018(in Chinese).
- [2] 谭琴. 城市河道生态修复效果评价与改善措施研究[D]. 哈尔滨:哈尔滨工业大学,2017.  
TAN Qin. Ecological Restoration Effect Assessment and Improvement Methods for the Urban River[D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2017(in Chinese).
- [3] 沈杰,金伟. 城镇污水处理厂尾水对受纳水体影响的研究进展[J]. 环境工程, 2020, 38(3): 92-98, 115.  
SHEN Jie, JIN Wei. Review on effect of urban wastewater treatment plant effluent on receiving water [J]. Environmental Engineering, 2020, 38(3): 92-98, 115(in Chinese).
- [4] PRICE J R, LEDFORD S H, RYAN M O, et al. Wastewater treatment plant effluent introduces recoverable shifts in microbial community composition in receiving streams [J]. Science of the Total Environment, 2018, 613/614: 1104-1116.
- [5] DRURY B, ROSI-MARSHALL E, KELLY J J. Wastewater treatment effluent reduces the abundance and diversity of benthic bacterial communities in urban and suburban rivers [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2013, 79(6): 1897-1905.
- [6] JI J, PENG Y, LI X, et al. A novel partial nitrification-synchronous anammox and endogenous partial denitrification (PN-SAEPD) process for advanced nitrogen removal from municipal wastewater at ambient temperatures[J]. Water Research, 2020, 175: 115690.
- [7] SHI L L, DU R, PENG Y Z. Achieving partial denitrification using carbon sources in domestic wastewater with waste-activated sludge as inoculum [J]. Bioresource Technology, 2019, 283: 18-27.
- [8] JI J, PENG Y, MAI W, et al. Achieving advanced nitrogen removal from low C/N wastewater by combining endogenous partial denitrification with anammox in mainstream treatment [J]. Bioresource Technology, 2018, 270: 570-579.
- [9] XU J, HE J, WANG M, et al. Cultivation and stable operation of aerobic granular sludge at low temperature by sieving out the batt-like sludge [J]. Chemosphere, 2018, 211: 1219-1227.
- [10] LI Y S, PAN X R, CAO J S, et al. Augmentation of acyl homoserine lactones-producing and -quenching bacterium into activated sludge for its granulation [J]. Water Research, 2017, 125: 309-317.
- [11] BAO N Q, WEI S, ARMENTA M, et al. Aerobic granular sludge: impact of size distribution on nitrification capacity [J]. Water Research, 2021, 188: 116445.

作者简介:彭赵旭(1983- ),男,黑龙江哈尔滨人,博士,副教授,主要从事污水脱氮除磷研究工作。

E-mail: pzx@zzu.edu.cn

收稿日期:2021-11-09

修回日期:2022-02-21

(编辑:衣春敏)