

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2023.23.003

MBBR污水生化处理系统中泥膜的生物群落分析

梁一帆¹, 潘增锐¹, 喻盛华², 陈霖², 杨琴², 李军¹

(1. 浙江工业大学 环境学院, 浙江 杭州 310014; 2. 浙江富春紫光环保股份有限公司,
浙江 杭州 310012)

摘要: 为了更详细地分析移动床生物膜反应器(MBBR)中泥膜系统的生物群落结构,对某污水厂生化池内的活性污泥、填料表面松散型和内部紧密型生物膜进行了高通量测序。结果表明,三者的优势菌属存在明显区别。其中,活性污泥中富集了大量硝化菌和除磷菌,主要承担硝化和除磷的作用;松散型生物膜上存在着丰度较高的与耐抗生素、耐金属和降解有毒污染物等相关的功能菌属,推测松散型生物膜主要起到拦截过滤污染物、保护内层生物膜的作用;紧密型生物膜上的主要菌属包括反硝化菌、纤维素水解菌和厌氧氨氧化菌等。泥膜系统内不同厚度的生物膜与活性污泥之间相互协作,实现了氮和磷的强化去除。

关键词: 移动床生物膜反应器(MBBR); 泥膜系统; 生物群落; 脱氮除磷

中图分类号: TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2023)23-0015-08

Microbial Community of Sludge and Biofilm in a Moving Bed Biofilm Reactor

LIANG Yi-fan¹, PAN Zeng-rui¹, YU Sheng-hua², CHEN Lin², YANG Qin², LI Jun¹

(1. College of Environment, Zhejiang University of Technology, Hangzhou 310014, China;

2. Zhejiang Fuchun Ziguang Environmental Protection Co. Ltd., Hangzhou 310012, China)

Abstract: The activated sludge and the surface loosely-attached biofilm and the inner tightly-attached biofilm on the packing media from the biochemical tank of a wastewater treatment plant were sequenced by high throughput sequencing, so as to comprehensively analyze the microbial community composition of sludge and biofilm in a moving bed biofilm reactor (MBBR). There were significant differences among the dominant bacterial genera of the three samples. Among them, a large number of nitrifying bacteria and phosphorus removal bacteria were enriched in the activated sludge, which were mainly responsible for nitrification and phosphorus removal. The loosely-attached biofilm had a high abundance of functional bacteria related to antibiotic resistance, metal resistance and degradation of toxic pollutants. The surface loosely-attached biofilm was speculated to mainly play the role of intercepting and filtering pollutants and protecting the inner biofilm. The bacterial genera of the tightly-attached biofilm mainly included denitrifying bacteria, cellulolytic hydrolyzing bacteria and Anammox bacteria. The cooperation between activated sludge and biofilm with different thickness in the system enhanced the removal of nitrogen and phosphorus.

Key words: moving bed biofilm reactor (MBBR); sludge-biofilm system; microbial

基金项目: 浙江省重点研发计划项目(2021C03171); 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2017ZX07201003)

通信作者: 李军 E-mail: tanweilijun@zjut.edu.cn

community; nitrogen and phosphorus removal

近年来,随着国家及地方城市污水处理厂对氮、磷排放标准的不断提高,新一轮提升改造也正同步开展。移动床生物膜反应器(MBBR)因无需增加额外占地和改变原有工艺路线便能实现深度脱氮除磷而受到广泛关注^[1]。另外,该工艺可大幅减少改造工程量,具有运行费用低、管理简便、处理效果稳定等特点,可较好地解决市政污水处理厂提升改造中的难题^[2-3]。

MBBR具备深度脱氮除磷功能与其兼具活性污泥和生物膜两种微生物存在形式有着密切关系。为此,国内外很多学者对MBBR中的微生物结构及功能展开了研究。张晶晶等^[4]对比分析了MBBR填料生物膜与活性污泥的微生物群落,结果表明好氧和缺氧区填料生物膜的微生物丰度均比活性污泥高,其中好氧区富集了较多的硝化菌,而缺氧区生物膜上的微生物主要以反硝化菌为主;吴迪等^[5]分析了山西某污水厂MBBR提标改造前后的菌种变化,结果表明悬浮填料对硝化菌群富集具有重要作用,填料对硝化的贡献率高达79%,悬浮载体上存在的反硝化菌群为同步硝化反硝化提供了微观保障,加入悬浮填料后优化了系统的菌落分布,增加了菌群的多样性;卢欣欣等^[6]采用MBBR实现了一体式短程硝化-厌氧氨氧化的耦合,得出MBBR中活性污泥主要完成亚硝化、生物膜主要完成厌氧氨氧化的结论。但是,目前大多数研究仅分析填料生物膜的整体微生物结构,对生物膜不同厚度的生物群落研究较少,无法深入分析污染物去除机理。

鉴于此,笔者对某污水处理厂经MBBR改造后的填料生物膜进行更细微的分类,将填料上的微生物分成表面松散型和内部紧密型生物膜,并对比紧密型生物膜、松散型生物膜和活性污泥的菌群结构与物种特性,进一步探索不同功能菌群的分布及功能,以期为MBBR技术的广泛应用提供微观理论支撑。

1 材料与方法

1.1 改造方案

该污水厂处理规模为 $4 \times 10^4 \text{ m}^3/\text{d}$,改造前生化段主体工艺为SBR的变形工艺——MSBR(改良式序批间歇反应器),出水水质执行《城镇污水处理厂

污染物排放标准》(GB 18918—2002)一级B要求。为进一步提高出水水质,达到地表准Ⅳ类水质要求,提出以下改造方案:向MSBR池的主曝气区投加一定数量的悬浮填料,以提高反应器中的微生物种类和优势种群数量,从而提高反应器的处理效率。即由MSBR改造为MBBR,于2017年改造完成。

1.2 悬浮填料特性

悬浮填料为思普润公司生产的SPR-2型悬浮填料,其材质为高密度聚乙烯(HDPE),标称直径为 $(25 \pm 0.5) \text{ mm}$;标称高度为 $(10 \pm 1) \text{ mm}$;密度约为 $0.94 \sim 0.97 \text{ g/cm}^3$,有效比表面积 $\geq 620 \text{ m}^2/\text{m}^3$,填料寿命 >15 年,抗压强度 $>50 \text{ N/mm}^2$,紫外损失值 $<0.06\%$ 。悬浮填料为流化填料,正常运行时悬浮于水中,能使微生物膜有效附着生长以确保运行效果,且其化学性质稳定,长时间浸泡于水中不会分解,亦不会对微生物产生毒害作用,另外,其无需任何支架或其他固定方式,可自由地分布在池体内。SPR型悬浮填料采用蜂窝状内部结构、圆筒状外形等独特的设计,在保证高空隙率的情况下提高填料比表面积,增加了反应器的生物量,同时可有效改善污水在填料间的流动流态,增强水流紊流程度,减少污水通过填料的阻力。填料的材质和结构使得其具备以下特点:水力特性好,效率高,占地小;能耗低;易于安装和维护,设计灵活;无生物膜堵塞,易于流化;使用寿命长。改造前经试验验证,投加填料10 d后,生物膜镜检可发现多种微生物,填料挂膜、生物膜驯化成功。

1.3 微生物分析

1.3.1 样品获取及处理

2021年9月,于某污水厂生化池内取悬浮填料(运行近4年)及活性污泥用于微生物检测,活性污泥即反应池内的悬浮污泥。取样时水温为 $30.0 \text{ }^\circ\text{C}$ 、pH为7.09。为区分紧密型生物膜和松散型生物膜,进行以下预处理:将取出的悬浮填料立刻置于1 000 mL烧杯,倒入纯水浸没填料,手动振荡淘洗5 min后取出填料,烧杯内的污泥即为松散型生物膜;经淘洗后,将填料捞出冲洗,仍存留在填料上的生物附着较为紧密,用牙签和小刀将附着在填料上的污泥刮出,刮出的污泥即为紧密型生物膜。

将收集到的活性污泥、紧密型生物膜和松散型生物膜样品置于离心机中以5 000 r/min的速度离心5 min,去除上清液后加入去离子水再次离心,重复两次,保留底部污泥样品;再用冷冻干燥机对离心后的样品冷冻干燥。

1.3.2 DNA的提取及PCR扩增

采用E. Z. N. ATM Mag-Bind Soil DNA Kit (M5635-02, OMEGA, USA)提取污泥样本的基因组DNA。并对细菌16S rDNA的V4和V5区进行PCR扩增,引物为515 F(CTGYCAGCMGCCGCGG-TAA)和806R(GGACTACNVGGGTWTCTAAT)。PCR扩增在由15 μ L的2 \times Phusion Master Mix、1.5 μ L引物(2 μ mol/L)、10 μ L模板DNA(1 ng/ μ L)以及2 μ L的超纯水混合而成的30 μ L混合液中进行。将混合液置于95 $^{\circ}$ C下扩增3 min,而后继续95 $^{\circ}$ C下扩增30 s(扩增25个循环),然后在55 $^{\circ}$ C下扩增30 s,以及72 $^{\circ}$ C下扩增45 s,最后72 $^{\circ}$ C下再扩增5 min。

1.3.3 测序及数据分析

从2%的琼脂糖凝胶中用GeneJET Gel试剂盒(Thermo Scientific)提取出扩增子,并用Nano-Drop2000荧光光谱仪(Thermo Scientific)进行量化。随后,每个样品中提纯出的扩增子,在Illumina MiSeq平台上按标准方法配对并测序。数据分析采用Illumina MiSeq PE300平台,在免费在线I-Sanger平台(www.i-sanger.com)上进行分析。

1.4 分析测试方法

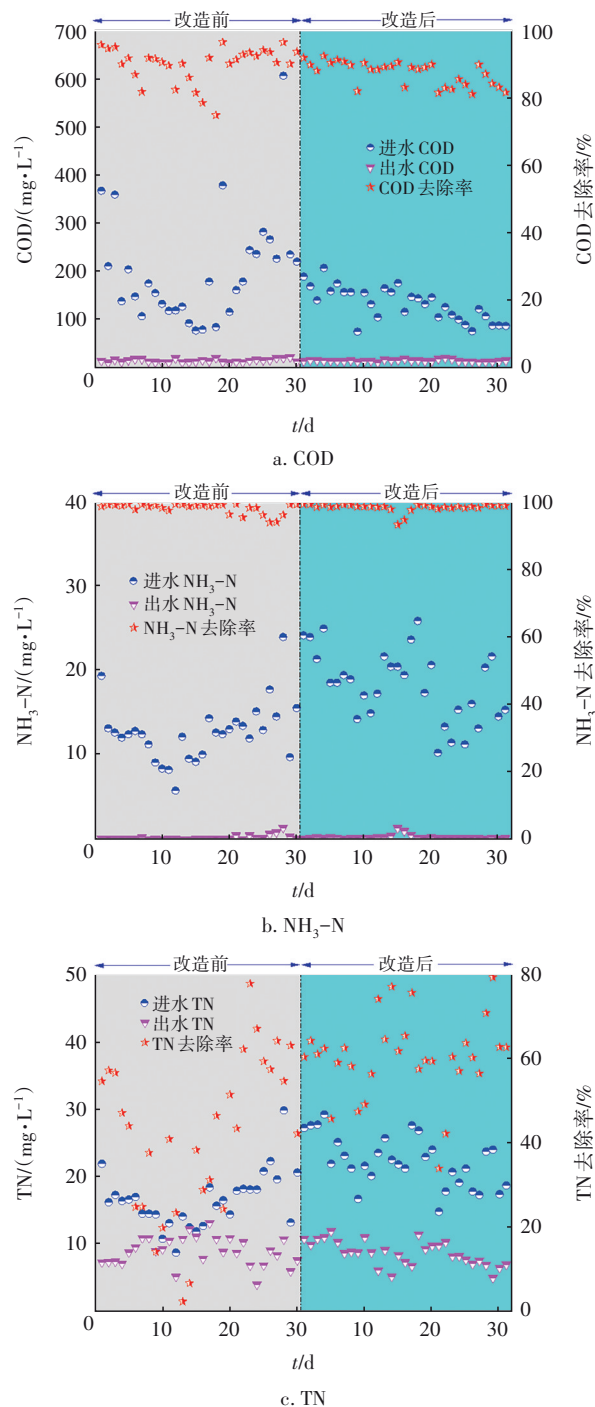
COD、 $\text{NH}_3\text{-N}$ 、TN、TP等采用标准分析方法测定;利用体式显微镜观察填料上的微生物特性。

2 结果与讨论

2.1 改造前后污染物去除效果对比

MBBR改造前后的进出水水质变化如图1所示。可以看出,改造前后进水COD浓度波动较大,但出水浓度始终维持在20 mg/L以内,表明MSBR和MBBR对COD均有较好的去除效果。另外,改造前后出水 $\text{NH}_3\text{-N}$ 浓度均维持在0.3 mg/L左右,无明显变化。但值得注意的是,MBBR对TN和TP的去除有明显的强化作用,其中TN平均去除率从改造前的43.0%提高至改造后的60.3%,出水TP也由改造前的0.35 mg/L降至改造后的0.13 mg/L,去除率由77.7%提高至91.2%。由此可知,经MBBR改造后,对COD和 $\text{NH}_3\text{-N}$ 的去除没有较大影响,但对TN和TP的去除有明显的强化作用,去除率分别提高了

17.3%和13.5%,这可能与投加悬浮填料形成的泥膜混合系统有关,生物膜与活性污泥不同的污泥停留时间使得世代周期较长的反硝化菌能在生物膜上得到有效富集,强化对TN的去除;而世代周期较短的聚磷菌富集于活性污泥中,通过排放剩余污泥达到去除TP的效果。另外,投加填料后的出水水质较为稳定,这表明改造后工艺的抗冲击能力得到了增强。



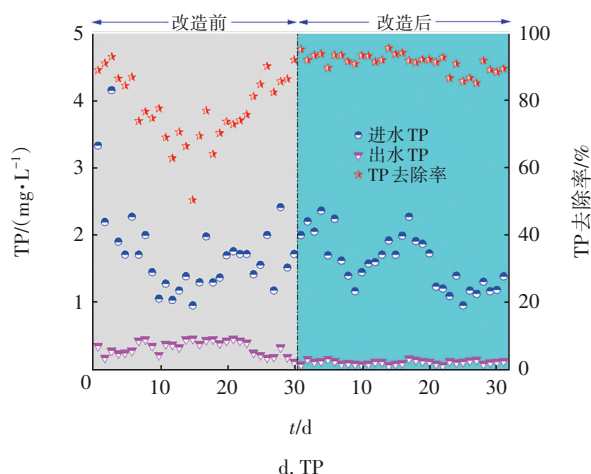


图1 改造前后的进、出水水质

Fig.1 Influent and effluent quality before and after reconstruction

2.2 微生物种群分析

悬浮填料的加入一定程度上强化了生化段的处理效能,这与其附着的微生物分布及种类密切相关。对此,本研究根据微生物的分布情况进行取样:①填料外微生物,即活性污泥;②填料表层生物膜,即松散型生物膜;③填料内层生物膜,即紧密型生物膜。而后,对以上3个样品进行了高通量测序分析。污泥样品的多样性指数见表1。

表1 污泥样品的多样性指数

Tab.1 Diversity index of sludge samples

项 目	有效序列数	Ace	Chao	Shannon	Simpson	Coverage
紧密型生物膜	43 854	1 643	1 640	5.57	0.010 2	0.993 7
松散型生物膜	41 531	1 685	1 687	5.78	0.007 7	0.993 5
活性污泥	36 986	1 508	1 527	5.80	0.007 7	0.994 1

由表1可知,紧密型生物膜、松散型生物膜和活性污泥样品的有效序列数分别为43 854、41 531和36 986,覆盖率均超过99%,即表明所收集到的基因序列能够很好地代表微生物群落。微生物多样性用Shannon和Simpson指数表征,Shannon指数越大、Simpson指数越小,则说明物种越丰富。从表1可以看出,相比活性污泥,填料上的紧密型和松散型生物膜物种丰度更低。此外,基于OTUs水平的维恩图显示(见图2),3种类型污泥样品共有的OTUs为1 016个,具有较高的相似度。但与此同时,紧密型和松散型生物膜相比活性污泥独有的OTUs数量相

对较多,表明填料上的微生物群落更具有特异性,这可能是因为填料结构使得紧密型和松散型生物膜富集了特定功能的菌种。

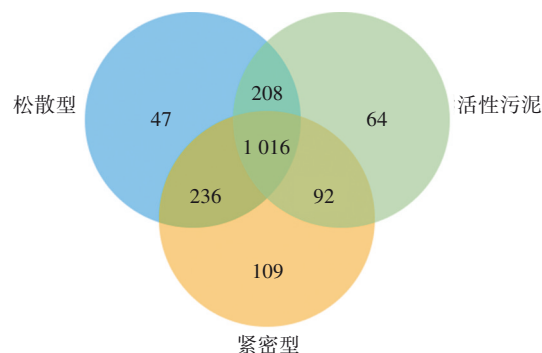


图2 填料和活性污泥微生物独有和共有的OTUs

Fig.2 Venn diagram showing unique and shared OTUs by filler and activated sludge microorganisms

从微生物在门水平上的分析结果(如图3所示)来看,3个样品中丰度最高的门为 *Proteobacteria*、*Chloroflexi* 和 *Actinobacteriota*,而这三者也是城市污水处理过程中最常出现的微生物门类。相比之下, *Nitrospirota* 和 *Dadabacteria* 的丰度出现了较大差异。 *Nitrospirota* 在紧密型生物膜中的丰度为10.5%,而在松散型生物膜和活性污泥中的丰度仅为2.7%和1.3%。此外, *Dadabacteria* 同样在紧密型生物膜中富集,丰度达到了2.4%,而在松散型生物膜和活性污泥中的丰度仅为0.9%和0.1%。不同的是, *Patescibacteria* 在活性污泥和松散型生物膜中的丰度(3.6%和2.9%)高于紧密型生物膜中的丰度(1.1%)。

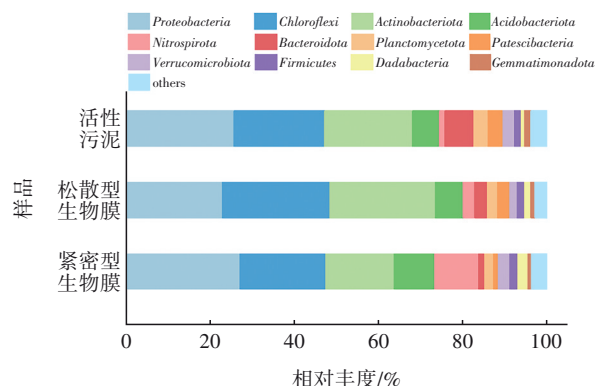


图3 填料生物膜和活性污泥中微生物在门水平上的丰度

Fig.3 Abundance of microorganisms in filler and activated sludge at phylum level

从微生物在属水平上的分析结果(见图4)来看,活性污泥、松散型生物膜和紧密型生物膜的优

势菌属存在明显差异。其中,活性污泥富集了大量硝化菌和除磷菌,包括 966-1 (3.56%)、norank_f__*Saprospiraceae* (1.1%) 和 norank_f__NS9_marine_group (1.34%) 等硝化菌^[7-9],这与活性污泥具有更高的氧含量有关;另外,除磷菌也在活性污泥中实现富集,如 norank_f__norank_o__*Saccharimonadales* (1.76%) 可以产磷酸酶,有利于磷酸的矿化^[10], norank_f__*Gemmatimonadaceae* (1.52%) 可以增强磷的转运^[11],这可能是由于活性污泥相比生物膜具有较短的污泥停留时间,因此更能够实现除磷菌的富集。

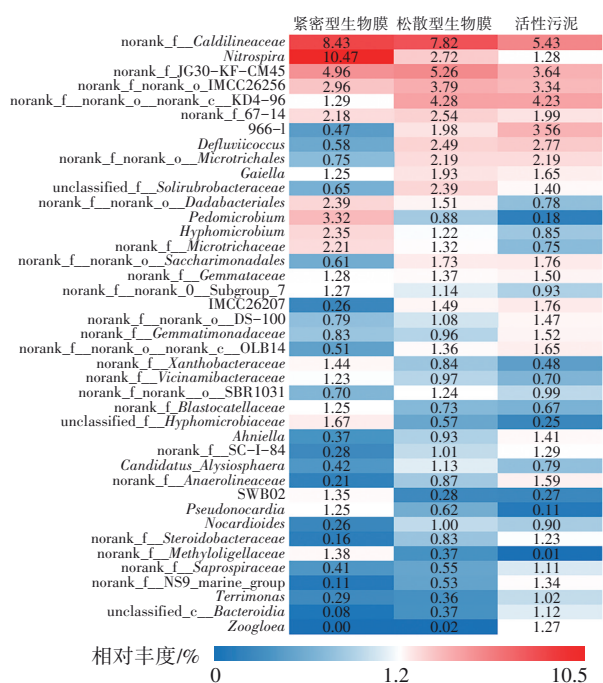


图4 填料生物膜和活性污泥中微生物在属水平上的丰度

Fig.4 Abundance of microorganisms in filler and activated sludge at genus level

值得注意的是,松散型生物膜上存在着丰度较高的与抗生素抗性基因、耐金属、有毒污染物和木质素降解等相关的功能菌属。例如,norank_f__JG30-KF-CM45具有降解抗生素抗性基因及反硝化作用,在松散型生物膜上的丰度达到5.26%,魏健等采用臭氧催化氧化-曝气生物滤池(BAF)组合工艺对抗生素废水二级生化处理出水进行深度处理,证明了norank_f__JG30-KF-CM45是降解抗生素类污染物的主要菌属^[12]。另外,与金属耐受性相关的菌属在松散型生物膜上也实现了有效富集,包括norank_f__norank_o__norank_c__KD4-96 (4.28%)

和 norank_f__norank_o__*Microtrichales* (2.19%) 等, Zou 等的研究中, norank_f__norank_o__norank_c__KD4-96 属的相对丰度与 Cu、Ni 和 Se 含量呈正相关,表明这些金属可能对该属的生长繁殖有促进作用^[13]; Girardot 等人报道 norank_f__norank_o__norank_c__KD4-96 属在金属污染的荒地中占据主导地位^[14]; Zeng 等人在位于化学工业区的含有重金属的废水处理厂微生物群落的特征研究中证明了 norank_f__norank_o__*Microtrichales* 具有耐 Mn、Ni、Cd 和 Zn 的潜力^[15]; 除此以外, norank_f__67-14 (2.54%) 对有毒污染物降解活性很强^[16], norank_f__norank_o__SBR1031 (1.24%) 可降解芳香化合物^[17], unclassified_f__*Solirubrobacteraceae* (2.39%) 具有木质素降解能力^[18]。这些菌种在松散型生物膜中大量富集,说明松散型生物膜对有毒有害物质、金属和抗生素有很好的降解或吸附能力,对紧密型生物膜起到保护作用。丝状菌 *Candidatus_Alysiosphaera* (1.13%) 在松散型生物膜中也被富集,丝状菌可以起到骨架作用,使生物膜结构更加稳定^[7]。耐抗生素、抗金属、降解有毒污染物等微生物的功能在之前的研究中都已得到证明,在本次研究的污水厂中,进水含有大量工业废水,与之前研究的条件相一致,进一步证明了松散型生物膜在污水处理过程中具有耐抗生素、抗金属等特殊作用。

紧密型生物膜上主要富集有反硝化菌、纤维素水解菌和厌氧氨氧化菌等,除此之外,还存在一部分硝化菌。norank_f__*Caldilineaceae* (8.43%) 可以在厌氧条件下促进木质纤维素和半纤维素的分解^[19-20],其富集可能与该污水处理厂的进水含有造纸废水有关,此外,该菌属具有反硝化作用^[21]。同样具有反硝化作用的还有 norank_f__norank_o__*Dadabacteriales* (2.39%)、norank_f__*Blastocatellaceae* (1.25%) 和 unclassified_f__*Hyphomicrobiaceae* (1.67%),这些菌属均被报道与反硝化有关^[22-24],说明反硝化作用主要发生在生物膜内部紧密层,这些都与填料生物膜形成的分层结构和生物膜较长的污泥停留时间有关^[25]。厌氧氨氧化菌 norank_f__*Microtrichaceae* (2.21%) 也在紧密型生物膜中得到富集,该菌属可利用 NO_2^- -N 来氧化 NH_3 -N,从而减少碳源的消耗^[26]。有趣的是,*Nitrospira* 在紧密型生物膜中的丰度为 10.47%,这可能是由于 *Nitrospira* 作为硝化菌,可将亚硝酸盐氧化成硝酸盐,在氨氮

浓度较低环境中更具竞争优势^[27]。此外,检测到的 *Pedomicrobium* (3.32%) 和 *Hyphomicrobium* (2.35%) 都属于铁、锰氧化微生物^[28], *Hyphomicrobium* 还被报道是一种兼性自养反硝化菌^[28]。另外,产 EPS 的 SWB02 (1.35%) 也在紧密型生物膜中富集,对生物膜的形成和稳定起到了重要作用^[29]。

活性污泥、松散型生物膜和紧密型生物膜的优势菌种及功能总结如表 2 所示。

表 2 活性污泥、松散型和紧密型生物膜优势菌种及功能
Tab.2 Dominant species and functions of activated sludge, loosely-attached biofilm and tightly-attached biofilm

项目	主要菌属	相对丰度/%	功能	参考文献
活性污泥	966-1	3.56	硝化	[4]
	<i>norank_f__norank_o__Saccharimonadales</i>	1.75	除磷	[7]
	<i>norank_f__Gemmatimonadaceae</i>	1.52	除磷	[8]
	<i>norank_f__NS9_marine_group</i>	1.34	硝化	[6]
松散型	<i>norank_f__JG30-KF-CM45</i>	5.26	耐抗生素、反硝化	[9]
	<i>norank_f__norank_o__norank_c__KD4-96</i>	4.28	金属耐受性	[11]
	<i>norank_f__norank_o__Microtrichales</i>	2.19	抗 Mn、Ni、Cd 和 Zn 能力	[12]
	<i>norank_f__67-14</i>	2.54	有毒污染物代谢	[13]
	<i>Candidatus_Alysiosphaera</i>	1.13	丝状菌骨架、反硝化	[16]
紧密型	<i>norank_f__Caldilineaceae</i>	8.43	反硝化、降解纤维素	[17-19]
	<i>Nitrospira</i>	10.47	硝化	[25]
	<i>norank_f__norank_o__Dadabacteriale</i>	2.39	反硝化	[20]
	<i>norank_f__Microtrichaceae</i>	2.21	厌氧氨氧化	[24]

泥膜系统菌属之间可能的协作如图 5 所示。总体而言,填料的加入不仅为微生物的生长提供了一个良好载体,同时也改变了 MBBR 泥膜系统的菌落分布,活性污泥及填料上不同厚度生物膜的优势菌属存在明显区别。生物膜紧密层主要是降解纤维素和反硝化,此外还有厌氧氨氧化和硝化作用发生;松散层起到抗金属和耐抗生素以及难降解污染物的降解作用,另外起到保护紧密层的作用;活性

污泥主要起硝化和除磷的作用。本研究表明,生物膜需要一定的厚度,厚度越厚越有利于对氮和磷的去除,其抗冲击能力也更强,松散型生物膜也更能起到抗击毒害和保护紧密型生物膜的作用。

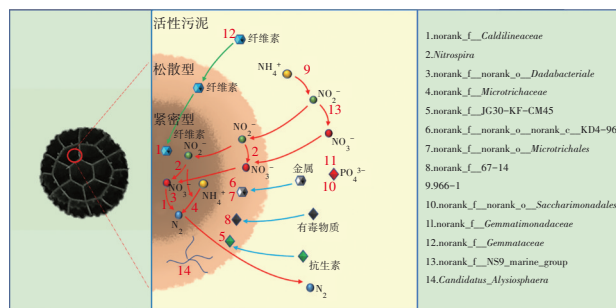


图 5 泥膜生物系统菌群功能示意

Fig.5 Schematic diagram of microbial community function of sludge-biofilm biological system

3 结论

① 在 30℃ 水温下,活性污泥、松散型生物膜和紧密型生物膜的优势菌属存在明显区别。活性污泥富集了大量硝化菌和除磷菌;松散型生物膜上存在着丰度较高的与耐抗生素、耐金属和降解有毒污染物等相关的功能菌属;紧密型生物膜上主要富集兼具反硝化和纤维素水解的菌属,以及厌氧氨氧化菌等。但对于低温下泥膜系统内不同厚度生物膜与活性污泥的微生物群落有待进一步研究。

② 活性污泥的氧含量较高且泥龄较短,有利于硝化菌和除磷菌的富集,主要承担硝化和除磷的作用;松散型生物膜位于填料外层,起到拦截过滤污染物、保护内层生物膜的作用;紧密型生物膜的泥龄较长,有利于反硝化菌的生长,主要进行反硝化反应和纤维素水解。泥膜系统内不同厚度的生物膜与活性污泥之间相互协作,实现了对氮和磷的强化去除。

参考文献:

- [1] 常尧枫, 谢嘉玮, 谢军祥, 等. 城镇污水处理厂提标改造技术研究进展[J]. 中国给水排水, 2022, 38 (6): 20-28.
CHANG Yaofeng, XIE Jiawei, XIE Junxiang, et al. Research progress on upgrading and reconstruction technology of urban sewage treatment plants [J]. China Water & Wastewater, 2022, 38 (6): 20-28 (in Chinese).
- [2] 李志超, 肖宁, 林蔓, 等. MBBR 耦合 MBR 用于东北

- 某低温高排放标准污水厂[J]. 中国给水排水, 2022, 38(14): 77-83.
- LI Zhichao, XIAO Ning, LIN Man, *et al.* Application of MBBR coupled with MBR process in a stringent discharge standard wastewater treatment plant in Northeast China at low temperature[J]. *China Water & Wastewater*, 2022, 38(14): 77-83 (in Chinese).
- [3] 彭江喜, 李益飞, 肖涛, 等. MBBR工艺用于南昌市某污水处理厂提标改造工程[J]. 中国给水排水, 2021, 37(14): 85-88, 92.
- PENG Jiangxi, LI Yifei, XIAO Tao, *et al.* Application of MBBR process in an upgrading and reconstruction project of a sewage treatment plant in Nanchang [J]. *China Water & Wastewater*, 2021, 37(14): 85-88, 92 (in Chinese).
- [4] 张晶晶, 杨翠春, 丁鹏霖, 等. MBBR工艺用于唐山某污水厂提标改造效能分析[J]. 中国给水排水, 2020, 36(15): 78-85.
- ZHANG Jingjing, YANG Cuichun, DING Penglin, *et al.* Efficiency analysis of MBBR process applied in upgradation of a wastewater treatment plant in Tangshan [J]. *China Water & Wastewater*, 2020, 36(15): 78-85 (in Chinese).
- [5] 吴迪, 周家中, 郑志佳, 等. MBBR用于山西某污水厂提标改造效果分析[J]. 中国给水排水, 2018, 34(15): 6-11.
- WU Di, ZHOU Jiazhong, ZHENG Zhijia, *et al.* Application of MBBR process to upgrading and reconstruction of WWTP in Shanxi Province [J]. *China Water & Wastewater*, 2018, 34(15): 6-11 (in Chinese).
- [6] 卢欣欣, 王怡, 黄瑞雪. MBBR一体式耦合短程硝化-厌氧氨氧化处理污泥水[J]. 环境工程学报, 2020, 14(7): 1827-1832.
- LU Xinxin, WANG Yi, HUANG Ruixue. Reject water treatment by MBBR coupled with integrated partial nitrification-anaerobic ammonium oxidation [J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2020, 14(7): 1827-1832 (in Chinese).
- [7] LI J M, ZENG W, LIU H, *et al.* Achieving deep autotrophic nitrogen removal in aerated biofilter driven by sponge iron: performance and mechanism [J]. *Environmental Research*, 2022, 213: 113653.
- [8] KONDROTAITE Z, VALK L C, PETRIGLIERI F P, *et al.* Diversity and ecophysiology of the genus OLB8 and other abundant uncultured *Saprospiraceae* genera in global wastewater treatment systems [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 917553.
- [9] LIANG D B, GUO W, LI D Y, *et al.* Enhanced aerobic granulation for treating low-strength wastewater in an anaerobic-aerobic-anoxic sequencing batch reactor by selecting slow-growing organisms and adding carriers [J]. *Environmental Research*, 2022, 205: 112547.
- [10] WANG G W, JIN Z X, WANG X X, *et al.* Simulated root exudates stimulate the abundance of *Saccharimonadales* to improve the alkaline phosphatase activity in maize rhizosphere [J]. *Applied Soil Ecology*, 2022, 170: 104274.
- [11] ZHANG H, ZHANG B G, GAO Y Q, *et al.* The role of available phosphorous in vanadate decontamination by soil indigenous microbial consortia [J]. *Environmental Pollution*, 2021, 289: 117839.
- [12] 魏健, 何锦垚, 宋永会, 等. 臭氧催化氧化-BAF深度处理抗生素废水效能及微生物群落结构分析[J]. 环境科学学报, 2020, 40(6): 2090-2100.
- WEI Jian, HE Jinyao, SONG Yonghui, *et al.* Advanced treatment of antibiotic wastewater by catalytic ozonation combined with BAF process and an analysis of the bacterial community structures [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2020, 40(6): 2090-2100 (in Chinese).
- [13] ZOU Z, YUAN K, MING L, *et al.* Changes in alpine soil bacterial communities with altitude and slopes at Mount Shergyla, Tibetan Plateau: diversity, structure, and influencing factors [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 839499.
- [14] GIRARDOT F, ALLEGRA S, PFENDLER S, *et al.* Bacterial diversity on an abandoned, industrial wasteland contaminated by polychlorinated biphenyls, dioxins, furans and trace metals [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 748: 141242.
- [15] ZENG T T, WANG L Q, ZHANG X L, *et al.* Characterization of microbial communities in wastewater treatment plants containing heavy metals located in chemical industrial zones [J]. *Environmental Research and Public Health*, 2022, 19(11): 6529.
- [16] YANG C, ZENG Z, ZHANG H, *et al.* Distribution of sediment microbial communities and their relationship with surrounding environmental factors in a typical rural river, Southwest China [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2022, 29(56): 84206-84225.
- [17] LI J P, LIU Q, GU Y N, *et al.* The response of

- anaerobic ammonium oxidation process to bisphenol-A: linking reactor performance to microbial community and functional gene [J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 838: 156030.
- [18] LEVY-BOOTH D J, NAVAS LE, FETHEROLF M M, *et al.* Discovery of lignin-transforming bacteria and enzymes in thermophilic environments using stable isotope probing [J]. *ISME Journal*, 2022, 16 (8) : 1944–1956.
- [19] TANG Z Y, LIN Z Y, WANG Y M, *et al.* Coupling of thermophilic biofilm-based systems and ozonation for enhanced organics removal from high temperature pulping wastewater: performance, microbial communities, and pollutant transformations [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 714: 136802.
- [20] WANG Y Y, ZHANG J X, SUN Y B, *et al.* Effects of intermittent mixing mode on solid state anaerobic digestion of agricultural wastes [J]. *Chemosphere*, 2020, 248: 126055.
- [21] CAO J S, ZHANG T, WU Y, *et al.* Correlations of nitrogen removal and core functional genera in full-scale wastewater treatment plants: influences of different treatment processes and influent characteristics [J]. *Bioresource Technology*, 2020, 297: 122455.
- [22] ZHANG J, SHI Q, FAN S K, *et al.* Distinction between Cr and other heavy-metal-resistant bacteria involved in C/N cycling in contaminated soils of copper producing sites [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 402: 123454.
- [23] HUANG X, XING Y X, WANG H J, *et al.* Nitrogen advanced treatment of urban sewage by denitrification deep-bed filter: removal performance and metabolic pathway [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 12: 811697.
- [24] ANDERSON C R, CONDRON L M, CLOUGH T J, *et al.* Biochar induced soil microbial community change: implications for biogeochemical cycling of carbon, nitrogen and phosphorus [J]. *Pedobiologia*, 2011, 54(5/6): 309–320.
- [25] MORGAN-SAGASTUME F. Biofilm development, activity and the modification of carrier material surface properties in moving-bed biofilm reactors (MBBRs) for wastewater treatment [J]. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 2018, 48(5): 439–470.
- [26] WANG B, WANG Z H, WANG S Y, *et al.* Recovering partial nitrification in a PN/A system during mainstream wastewater treatment by reviving AOB activity after thoroughly inhibiting AOB and NOB with free nitrous acid [J]. *Environment International*, 2020, 139: 105684.
- [27] DAIMS H, NIELSEN P H, NIELSEN J L, *et al.* Novel *Nitrospira*-like bacteria as dominant nitrite-oxidizers in biofilms from wastewater treatment plants: diversity and *in situ* physiology [J]. *Water Science and Technology*, 2000, 41(4/5): 85–90.
- [28] 赵鑫. 除锰生物滤池生物膜微生物组演替及环境适应机制[D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2022.
- ZHAO Xin. The Mechanisms of Microbiome Succession and Adaption to Environmental Changes in Sand Biofilters for Manganese Removal [D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2022 (in Chinese).
- [29] ZHU X Z, LEE L W, SONG G Q, *et al.* Deciphering mono/multivalent draw solute-induced microbial ecology and membrane fouling in anaerobic osmotic membrane bioreactor [J]. *Water Research*, 2022, 209: 117869.

作者简介: 梁一帆(1997–), 男, 河南三门峡人, 硕士研究生, 主要研究方向为水污染控制技术。

E-mail: liangyf105@163.com

收稿日期: 2022-09-14

修回日期: 2022-10-21

(编辑: 刘贵春)