

DOI: 10. 19853/j. zgjsps. 1000-4602. 2024. 19. 001

论述与研究

基于碳源转变的协同生物除磷模式构建及运行效能

张贤庆¹, 俞小军¹, 张 琨¹, 赵 龙¹, 周怡君¹, 于占洋¹,
马 娟^{1,2,3}

(1. 兰州交通大学 环境与市政工程学院, 甘肃 兰州 730070; 2. 甘肃省污水处理行业技
术中心, 甘肃 兰州 730070; 3. 寒旱地区水资源综合利用教育部工程研究中心, 甘肃
兰州 730070)

摘 要: 采用厌氧/好氧交替运行的SBR反应器,通过将进水碳源由葡萄糖逐步转变为混合氨基酸(谷氨酸、甘氨酸、脯氨酸和天冬氨酸),考察碳源转变对强化生物除磷(EBPR)系统运行效能及微生物菌群结构的影响,以构建协同强化生物除磷模式。结果表明,碳源转变有利于系统除磷,平均除磷率可达90%左右;但随着混合氨基酸比例的增加,氨氮去除率因氨基酸水解呈下降趋势。系统运行中期发生了污泥膨胀,及时调整后除磷性能得到完全恢复,氨氮去除量虽然有所增加,但去除率并未提高。16S rRNA高通量测序结果表明,当底物由葡萄糖转变为混合氨基酸后,发酵型聚磷菌(FPAOs) *Tetrasphaera* 出现,且传统型聚磷菌(PAOs) *Accumulibacter* 丰度大幅提高,硝化菌属丰度下降,这与系统的磷及氨氮去除性能表现一致,说明混合氨基酸碳源体系有利于协同强化生物除磷模式的构建, *Tetrasphaera* 等发酵菌属可将氨基酸分解为利于 *Accumulibacter* 利用的小分子有机物,从而实现协同除磷。

关键词: 强化生物除磷; SBR; 碳源转变; *Tetrasphaera*; 协同作用

中图分类号: TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2024)19-0001-08

Establishment of Synergistic Biological Phosphorus Removal Pattern Based on Carbon Source Transformation and Its Performance

ZHANG Xian-qing¹, YU Xiao-jun¹, ZHANG Kun¹, ZHAO Long¹, ZHOU Yi-jun¹,
YU Zhan-yang¹, MA Juan^{1,2,3}

(1. School of Environmental and Municipal Engineering, Lanzhou Jiaotong University, Lanzhou 730070, China; 2. Gansu Wastewater Treatment Industry Technology Center, Lanzhou 730070, China; 3. Engineering Research Center for Cold and Arid Regions Water Resource Comprehensive Utilization <Ministry of Education>, Lanzhou 730070, China)

Abstract: A sequencing batch reactor (SBR) operated under alternating anaerobic/aerobic conditions was employed to investigate the effects of carbon source switching from glucose to a mixture of amino acids (glutamic acid, glycine, proline, and aspartic acid) on the performance and microbial

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(52060013); 高校科研创新平台重大培育项目(2020CXPT-14); 兰州交通大学
基础研究拔尖人才项目(2022JC50)

通信作者: 马娟 E-mail: meggyma@163.com

community structure of an enhanced biological phosphorus removal (EBPR) system, and to establish a synergistic EBPR pattern. The results indicated that the change in carbon source was beneficial for phosphorus removal, with an average phosphorus removal efficiency of about 90%. However, as the proportion of mixed amino acids increased, the ammonia nitrogen removal efficiency showed a declining trend due to the increased hydrolysis of amino acids. During the operation mid-phase, sludge bulking occurred. Nevertheless, phosphorus removal performance recovered after system adjustments. Although the amount of ammonia nitrogen removed was improved slightly, the removal efficiency did not increase. High-throughput 16S rRNA sequencing revealed that when the substrate was switched from glucose to mixed amino acids, fermentative polyphosphate-accumulating organisms (FPAOs) like *Tetrasphaera* appeared, and the abundance of traditional PAOs, such as *Accumulibacter*, significantly increased, while the abundance of nitrifying bacteria decreased. These findings were consistent with the observed phosphorus and ammonia nitrogen removal performances, suggesting that the mixed amino acids were conducive to the establishment of synergistic EBPR pattern. Fermentative genera such as *Tetrasphaera* could biodegrade amino acids into small organic molecules, which were more easily utilized by *Accumulibacter*, thereby achieving synergistic phosphorus removal.

Key words: EBPR; SBR; carbon source transformation; *Tetrasphaera*; synergistic mechanism

近年来,随着我国工农业的迅速发展,大量的氮、磷元素被排放至水体,造成愈加严重的水体富营养化。相较于氮元素,磷元素是引发水体富营养化的更为关键因素,对其有效控制尤为重要。生物除磷是目前污水处理中应用最广且最经济的除磷方式,是治理水体富营养化的有效手段。聚磷菌(PAOs) *Accumulibacter* 曾一度被认为是EBPR系统的主要功能菌,其在厌氧时利用胞内聚磷酸盐(poly-P)释磷,同时吸收水中VFAs于胞内合成聚羟基链烷酸酯(PHA)以储存能量,在好氧/缺氧条件下,通过分解PHA实现超量吸磷,该代谢机制已被广泛认可^[1]。但随着对EBPR系统研究的日益深入,能够发酵利用多种大分子有机物的发酵型PAOs (FPAOs) 逐渐进入人们的视野,其中最具代表性的是 *Tetrasphaera*^[2]。Kong等曾检测到某些污水厂中 *Tetrasphaera* 的丰度远高于 *Accumulibacter*,且它同样具备厌氧释磷、好氧吸磷的能力^[3]。不同的是 *Tetrasphaera* 倾向于利用大分子有机物为碳源,通过发酵代谢实现糖原等储能物质的合成,该过程中会产生VFAs。鉴于此特点,有学者提出了双PAOs协同理论,即 *Tetrasphaera* 等发酵型PAOs分解大分子有机物产生的VFAs被 *Accumulibacter* 或者其他传统PAOs利用,两种功能菌协同作用从而实现

除磷。双PAOs协同除磷机制减少了对进水VFAs的依赖,更容易应对成分复杂的实际废水,同时除磷效果也更加稳定^[4]。事实上,在实际污水处理工程中, *Accumulibacter* 和 *Tetrasphaera* 也并非独立存在,通常是几种PAOs共存,在丹麦、韩国等国的污水厂中都曾检测到协同作用的 *Accumulibacter* 和 *Tetrasphaera*^[5-6]。

葡萄糖是自然界中普遍存在且极为重要的一种单糖,可以被发酵型PAOs利用。以往对于葡萄糖作为碳源的研究较多,Zengin等^[7]在以葡萄糖为唯一碳源的研究中发现,葡萄糖发酵产生的乳酸可被PAOs转化为PHA作为储能物质,但在长时间运行后,可直接利用葡萄糖的GAOs会成为优势菌种,致使系统除磷性能恶化;Kristiansen等^[8]通过研究也证实了 *Tetrasphaera* 对葡萄糖的发酵代谢能力。然而在实际污水处理厂中VFAs以外的其他碳源被认为可以促进EBPR的发生。氨基酸作为一种大分子有机物,是污水中COD的重要组分,也可被FPAOs发酵利用。Marques等^[9]分别以葡萄糖、谷氨酸、天冬氨酸和甘氨酸为碳源进行研究时发现,三种氨基酸最终都被降解为乙酸盐,以此可以富集高丰度的 *Tetrasphaera* 菌。另外,Rey-Martinez等^[10]以谷氨酸为唯一碳源时发现, *Tetrasphaera* 通过谷氨酸的发酵

生长,表现出的除磷效能要高于以乙酸、丙酸为碳源的。可见,*Tetrasphaera* 这类发酵型 PAOs 似乎更适宜利用进水中氨基酸类大分子有机物为碳源。但碳源转变对 *Tetrasphaera* 类发酵菌属丰度变化及 EBPR 系统运行效能的影响尚不清楚。因此,将碳源由葡萄糖逐渐转变为以谷氨酸、天冬氨酸、甘氨酸、脯氨酸组成的混合氨基酸对 PAOs 进行培养,考察碳源转变对 EBPR 系统运行效能及微生物菌群结构的影响,探索构建协同强化生物除磷的模式。

1 材料与方法

1.1 实验装置及运行方式

实验采用内径为 20 cm、高为 40 cm、有效容积为 6.0 L 的 SBR 反应器(见图 1),顶端带有密封盖,所有材质均为有机玻璃。反应器侧边出水口利用电磁阀控制,内部采用水质参数测定仪实时监测 DO 与 pH,各阶段 pH 均保持在 7 ± 1 。采用蠕动泵进水,厌氧阶段通过间歇性曝氮气创造厌氧环境,同时利用密封盖保持反应器密闭;好氧阶段采用转子流量计控制曝气量在 $0.5 \text{ m}^3/\text{h}$,保持 DO 在 $(3 \pm 1) \text{ mg/L}$ 。搅拌装置在整个厌氧阶段与好氧阶段均运行,以保证充分反应。

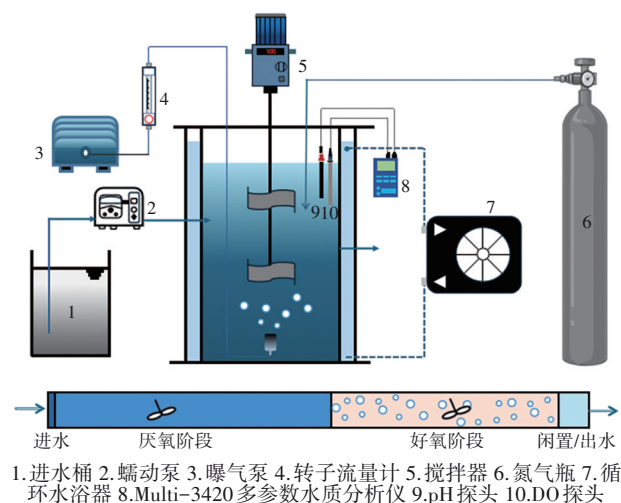


图1 SBR 装置示意

Fig.1 Schematic diagram of SBR

实验共进行 180 d,分为 3 个阶段。第 I 阶段(0~30 d), NH_4^+-N 、 $\text{PO}_4^{3-}-\text{P}$ 浓度分别为 15、10 mg/L,以葡萄糖为碳源,SRT 为 25 d;第 II 阶段(30~60 d), $\text{PO}_4^{3-}-\text{P}$ 浓度为 10 mg/L,不额外添加氮源,氨氮由氨基酸水解提供,碳源为葡萄糖和混合氨基酸(两者之比分别为 3:1、1:1、1:3),SRT 为 25 d;第 III 阶段

(60~180 d), $\text{PO}_4^{3-}-\text{P}$ 浓度为 10 mg/L,不额外添加氮源,氨氮由氨基酸水解提供,SRT 为 20 d。反应器运行周期为 8 h,其中包括厌氧(含进水 10 min)4 h、好氧 3 h、沉淀排水 1 h;排水比为 1/2;利用循环水浴器将温度控制在 $(20 \pm 1)^\circ\text{C}$;通过排泥使运行周期内污泥 MLSS、MLVSS 分别维持在 $2\,800 \sim 3\,200$ 、 $2\,300 \sim 2\,700 \text{ mg/L}$ 。

1.2 模拟废水及接种污泥性质

接种污泥取自兰州市七里河污水处理厂 A²O 工艺的好氧池,整体呈絮状褐色,各项指标良好。

实验用水由碳源、磷源、氮源、微量元素及矿物培养液按比例配制而成。其中混合氨基酸由四种氨基酸换算为 COD 各 100 mg/L 混合而成,各阶段的进水 COD 均为 400 mg/L。磷源由 KH_2PO_4 与 K_2HPO_4 按比例组成, $\text{PO}_4^{3-}-\text{P}$ 浓度为 10 mg/L;矿物介质由 $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (1.19 g/L)、 $\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$ (0.55 g/L)、ATU (0.01 g/L) 组成;微量元素配方参考文献[11]。

1.3 分析项目与方法

在进水、厌氧末、好氧末、出水四个关键节点取样检测各项参数。其中,COD、 $\text{PO}_4^{3-}-\text{P}$ 、 NH_4^+-N 、 NO_2^--N 、 NO_3^--N 、MLSS、MLVSS 按照《水和废水监测分析方法》进行测定;VFAs 采用高效液相色谱法测定;糖原(Gly)采用蒽酮比色法测定;PHA 及其组成 PHB、PHV 利用 GC-MS (Agilent 7890B-7000C) 采用 Oehmen 等的改进方法测定^[12];温度、DO、pH 通过 Multi-3420 分析仪在线监测;微生物群落结构分析采用 16S rRNA 技术,由苏州金唯智生物科技有限公司完成。

2 结果与讨论

2.1 不同碳源条件下系统运行性能变化

EBPR 系统采用不同底物时的除磷性能如图 2 所示。第 I 阶段以葡萄糖为唯一碳源运行稳定时,除磷效能较为一般,厌氧末释磷量为 13 mg/L 左右, $\text{PO}_4^{3-}-\text{P}$ 去除率最高仅有 50%。这一现象与其他学者以葡萄糖为唯一碳源的研究结果一致^[13]。第 II 阶段系统碳源逐渐由葡萄糖过渡到混合氨基酸过程中,除磷率与厌氧释磷量相较于第 I 阶段得到同步提升。以混合氨基酸为碳源的第 III 阶段,系统除磷性能明显提升,厌氧释磷量提升至 27 mg/L 左右,除磷率稳定在 90%。但在第 80 天后,由于设备原因导致曝气量不足,反应器内发生污泥膨胀,丝状菌

过量增殖,导致系统除磷效能急剧恶化,第91天厌氧末释磷量降至12 mg/L,除磷率骤降至4%,除磷效能几乎丧失。但在及时提高曝气量之后,污泥性能逐渐好转,除磷效能得到恢复,至第125天除磷率提高到90%左右。

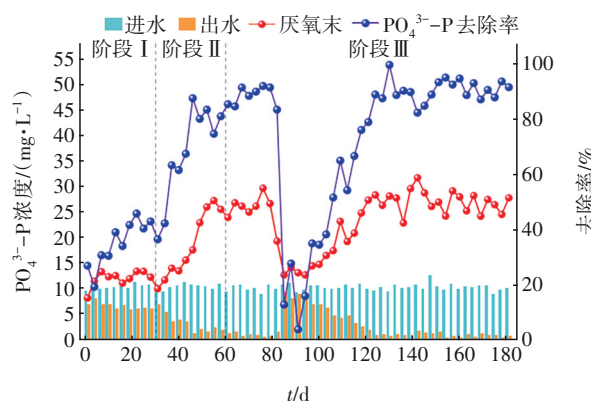


图2 碳源转变过程中系统除磷性能的变化

Fig.2 Removal of phosphorus during carbon source transformation process

由整个运行过程中除磷性能的变化可知,碳源由葡萄糖转变为混合氨基酸有利于除磷,说明氨基酸更适宜作为FPAOs类发酵菌属的碳源,FPAOs类发酵菌属更偏好利用氨基酸进行发酵代谢,同时产生VFAs供其他菌属生长所需。以混合氨基酸为碳源更易实现协同生物除磷,16S rRNA检测发现,以氨基酸为唯一碳源时,*Tetrasphaera*等发酵菌属与*Accumulibacter*丰度同步提升也证明了这一点。

EBPR系统以不同底物运行的180 d内对氨氮的去除效能如图3所示。第I阶段进水 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度为15 mg/L,氨氮去除率高达97%,近乎被完全去除。第II阶段系统内 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度因氨基酸的水解而激增,且随着反应周期进行,多次发现厌氧末 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度高于出水,氨氮去除效能恶化,第40天后系统氨氮去除效能完全丧失。第III阶段随着碳源完全转变为混合氨基酸,氨氮去除率有所提高,但此时处于污泥膨胀阶段性能不够稳定,直到运行至第140天后,去除效能才略微提升,但也仅是稳定在10%左右,仍未完全恢复。分析氨氮去除性能降低的原因,一是氨基酸在系统内水解产生大量 $\text{NH}_4^+\text{-N}$,高 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 引起系统游离氨浓度在短时间内迅速提高,而高浓度游离氨会抑制硝化菌活性^[14-15],导致氨氮去除效能骤降,且随后又因曝气不足而发生了污泥膨胀,导致硝化菌活性下降或随出

水流失^[16],氨氮去除性能迟迟不能提高至最佳状态;二是低SRT抑制了AOB和NOB的活性,进而限制硝化菌属增殖^[17]。分子生物学检测结果显示,硝化功能菌属*Nitrospira*丰度因底物转变而下降,这一现象与系统氨氮去除效能的变化趋势一致。

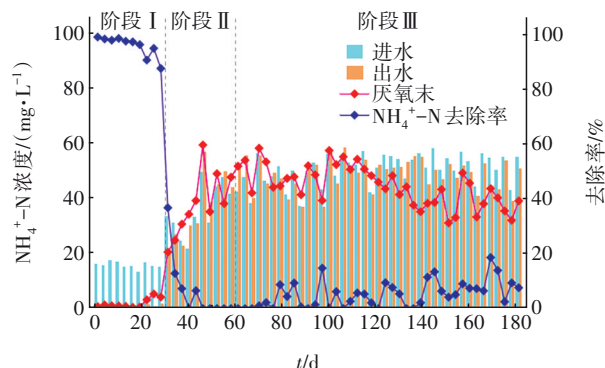


图3 碳源转变过程中系统对 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除性能的变化

Fig.3 Removal performance of $\text{NH}_4^+\text{-N}$ during carbon source transformation process

在整个运行过程中EBPR系统对碳源的利用情况如图4所示。第I阶段以葡萄糖为唯一碳源时,碳源利用率稳定维持在80%以上,污泥大量繁殖,MLSS稳定在2 700~3 200 mg/L的最佳水平,SVI值稳定维持在60 mL/g左右。第II阶段与第III阶段初,系统碳源利用率呈上升趋势,但第80天因曝气管老化,导致曝气不足,而低溶解氧容易诱发污泥膨胀;除此之外,含有易生物降解和溶解性有机成分的污水,尤其是含有低分子质量的烃类、糖类及有机酸类,有利于丝状菌生长,进而引发了污泥膨胀。由于污泥膨胀的发生,MLSS、MLVSS急剧降低,碳源利用率骤降至60%,待调整曝气运行之后,污泥性能与碳源利用率在第130天时得到恢复。

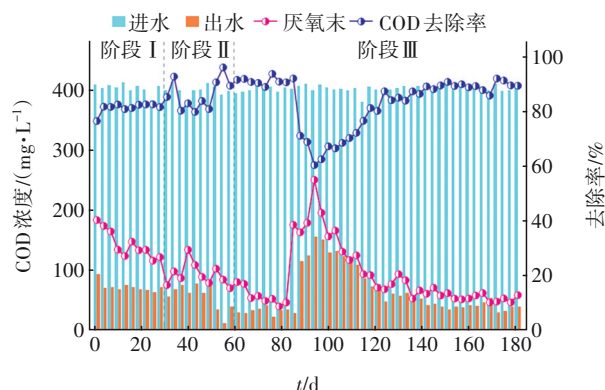


图4 碳源转变过程中系统对COD去除性能的变化

Fig.4 Removal performance of COD during carbon source transformation process

综上所述,虽然氨基酸在碳源利用上相较于葡萄糖优势不明显,但以氨基酸为碳源时系统表现出更高的除磷效率,这也进一步证明氨基酸相较于葡萄糖更适宜作为微生物发酵代谢的底物。

2.2 混合氨基酸碳源时典型周期内物质变化规律

在第Ⅲ阶段稳定运行时,EBPR系统典型周期内各物质浓度的变化如图5所示。

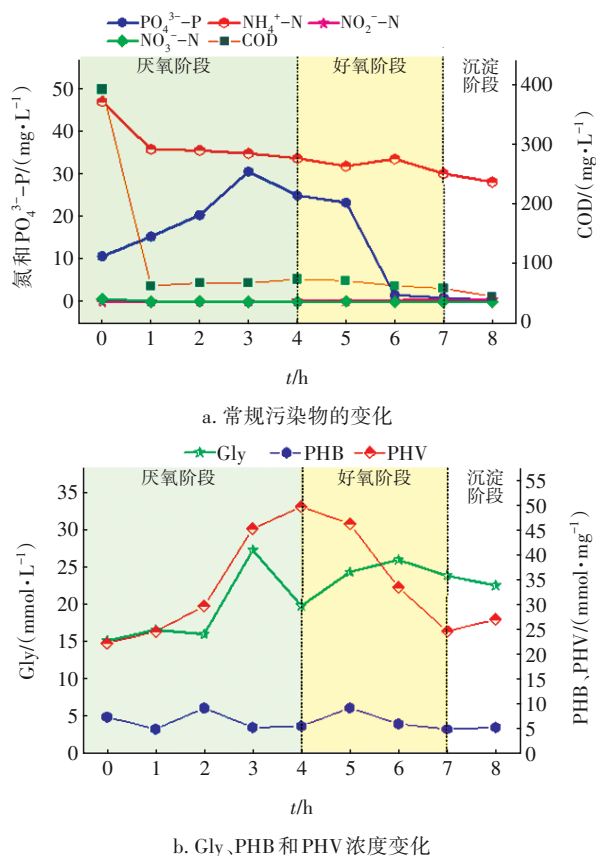


图5 典型周期内常规污染物、Gly、PHB和PHV浓度变化

Fig.5 Variation of conventional pollutants, Gly, PHB and PHV concentrations in typical cycle

在厌氧阶段初始1 h内COD被大量吸收,且之后的7 h再无明显变化,说明氨基酸在厌氧阶段开始就已被充分发酵利用。厌氧阶段2~3 h内释磷速率最快,释磷量达到峰值30.6 mg/L。值得注意的是,3~4 h内观察到系统有厌氧吸磷现象(约5.6 mg/L)。关于此现象有两种推测,其一是此现象虽发生在厌氧阶段,但水中仍存在少许的溶解氧,所以提前发生了好氧吸磷^[1]。其二是不同分支的*Tetrasphaera*的代谢特性不同,当底物为特定碳源时部分分支会表现出厌氧吸磷代谢特性^[18]。Marques等提出*Tetrasphaera*以葡萄糖、天冬氨酸、谷氨酸和

甘氨酸分别作为唯一碳源时,FPAOs发酵代谢过程中产生的ATP可满足Gly合成和自身的需要,富余的能量可以推动对 $\text{PO}_4^{3-}\text{-P}$ 的吸收^[9]。基于此观点,“厌氧吸磷”现象有了第二种解释,即FPAOs在发酵代谢过程中产生足以供自身代谢的能量之后,不再利用释磷获取能量,而提前开始吸磷。

在厌氧阶段开始1 h内 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度下降了11.2 mg/L,这可能是因为氨基酸在进水桶内就水解释放了大量氨氮,进入反应器内又发生了类似于“转氨基”的作用,重新吸收了部分氨氮,导致氨氮浓度下降,同时EPS等具有吸附能力的物质对 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的吸附作用也不能忽视。之后即使进入好氧阶段去除效率也较低,在好氧阶段末与沉淀阶段共去除了5 mg/L,而整个运行周期内 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 与 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 浓度始终无明显变化,说明此阶段氨氮去除效能仍处于较低水平。

关于*Tetrasphaera*菌的厌氧代谢模式,目前有三种被广泛认可^[9],即:厌氧合成糖原代谢、厌氧合成游离氨基酸代谢与厌氧吸磷代谢。其中,厌氧合成糖原代谢是发酵型PAOs将氨基酸转化为Gly储存在胞内,同时产生ATP满足代谢所需。由图5(b)可知,发酵型PAOs通过厌氧合成糖原代谢,使Gly在厌氧阶段2~3 h内大量生成,3~4 h内部分Gly被快速消耗,分析原因可能是发酵型PAOs消耗储能物质Gly进行吸磷,也可能是传统型PAOs通过降解Gly来获取能量。Gly的变化趋势说明,FPAOs已经利用发酵代谢产生了足够能量,这意味着出现“厌氧吸磷”的现象就是因为FPAOs不再需要额外利用释磷获取能量。

与此同时,可观察到胞内聚合物PHV也呈上升趋势。发酵型PAOs如*Tetrasphaera*厌氧时无法合成PHA(PHA的产生和再生主要形式为PHB、PHV)。因此,本研究中以PHV为主的胞内物质含量的上升表明系统内存在*Accumulibacter*等传统PAOs,证明了双PAOs协同EBPR系统的成功构建。随后在好氧阶段开始的前2 h, $\text{PO}_4^{3-}\text{-P}$ 被大量吸收,仅剩1.6 mg/L,且PHB和PHV的大量消耗以及Gly的恢复可以说明此时*Accumulibacter*的除磷效能良好。

混合氨基酸为唯一碳源时,典型周期内液相VFAs和各氨基酸浓度变化如图6所示。前4 h为厌氧阶段,VFAs浓度持续上升,于第4小时达到峰值;各氨基酸浓度则呈下降趋势,其中谷氨酸与天冬氨

酸尤为明显。后4 h为好氧与沉淀出水阶段,此时间段仅 VFAs 被完全消耗,其余碳源浓度无明显变化。说明在厌氧阶段各氨基酸已被微生物发酵利用或转化为 VFAs,而厌氧阶段 VFAs 的产生速率要高于微生物利用速率。以往的研究就证明分别以谷氨酸与天冬氨酸为碳源时,发酵型 PAOs 可充分将其转化为胞内游离氨基酸以储存能量,所以这两种氨基酸在厌氧初始就被吸收完全,这与本研究现象一致。关于以脯氨酸为碳源的研究甚少,就本实验结果而言,脯氨酸在厌氧阶段没有被充分利用,利用率不及谷氨酸和天冬氨酸。而甘氨酸作为四种氨基酸中利用率最差的,与以往研究结果一致,但甘氨酸被认为在促进厌氧释磷方面具有重要作用。因此,发酵型 PAOs 对谷氨酸和天冬氨酸具有偏好性。

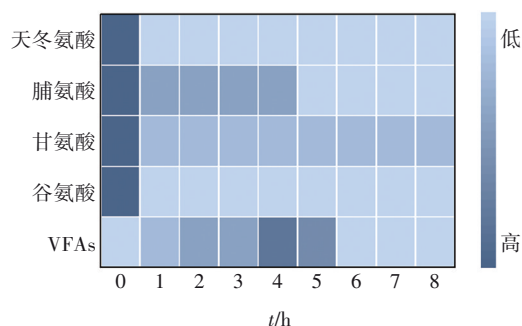


图6 典型周期液相中 VFAs 和各氨基酸浓度的变化

Fig.6 Concentration changes of VFAs and various amino acids in typical cycle

2.3 微生物菌群结构分析

通过 16S rRNA 测序,分析了碳源转变前后污泥中微生物群落结构的变化。两样品的 Coverage 指数均在 99% 以上,符合分析要求。在第 I 阶段(以葡萄糖为碳源),系统主要由 *Bacteroidota* (42.7%)、*Proteobacteria* (31.5%) 和 *Patescibacteria* (21.1%) 菌门构成。在第 III 阶段底物转为混合氨基酸后,*Bacteroidota* (32.2%) 和 *Proteobacteria* (36.8%) 仍为优势菌门,*Patescibacteria* 丰度则降至 6%,与此同时,*Desulfobacterota* 丰度上升至 19.3%。本研究中,所检测到的与除磷相关的菌门主要为 *Bacteroidota* 和 *Proteobacteria*,其在各阶段的占比均超过 30%。除磷功能菌属 *Accumulibacter* 所属的 *Proteobacteria* 在第 III 阶段的丰度高于第 I 阶段,*Tetrasphaera* 所属的 *Actinobacteriota* 门在第一阶段丰度为 2.8%。此外,与脱氮相关的 *Nitrospirota* 在第 III 阶段的丰度低

于第一阶段,这些都与系统在不同阶段所表现出的磷及氨氮去除性能相符。

图7反映了EBPR系统第 I 与第 III 阶段属水平上微生物菌群结构的变化。

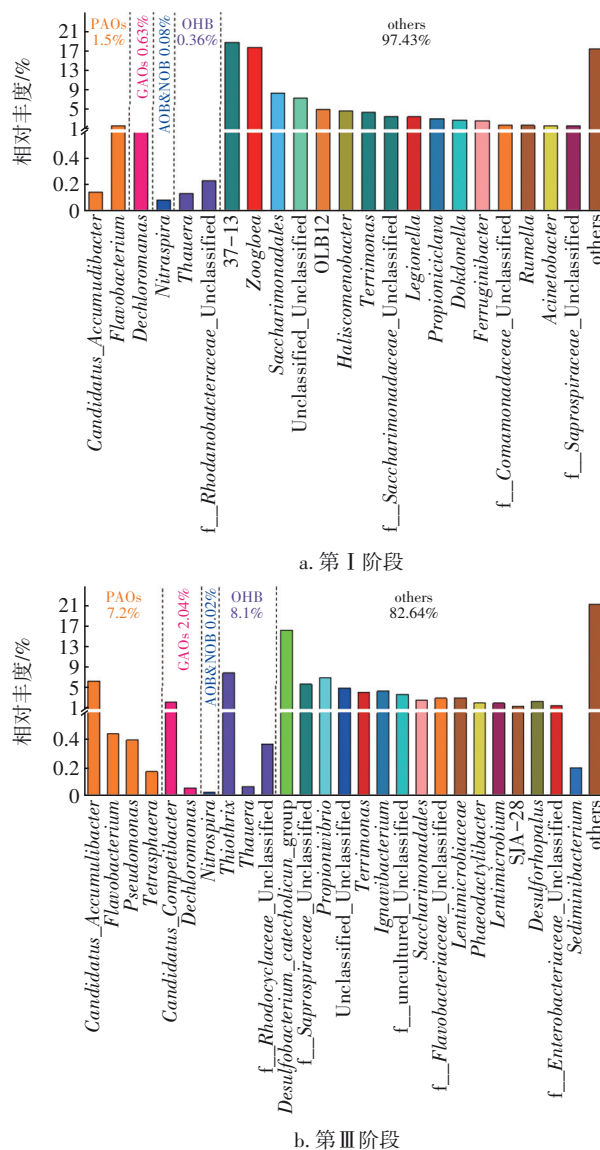


图7 碳源转化后系统微生物属水平的群落结构及分布

Fig.7 Distribution of microbial community structure at the genus level after carbon source transformation

由图7(a)可知,在第 I 阶段 PAOs 丰度为 1.5%,其中 *Accumulibacter* 占比为 0.14%,*Flavobacterium* 占比最高,为 1.36%,*Pseudomonas* 未被检出。当底物转变为混合氨基酸后,传统型 PAOs 与发酵型 PAOs 丰度同步提升,传统型 PAOs 如 *Accumulibacter* 的丰度由 0.14% 升至 6.22%,增长了 44 倍,*Pseudomonas* 的丰度提升至 0.4%;发酵型 PAOs 如 *Tetrasphaera* 丰度

由原来的0提升至0.17%。但隶属于 *Bacteroidota* 的 *Flavobacterium* 作为一种除磷菌^[19],其丰度却由最初的1.36%显著下降至0.45%,说明 *Flavobacterium* 更适宜在以葡萄糖为底物的系统中生存。尽管如此,第I阶段系统的除磷性能并不高,说明相对 *Accumulibacter* 和 *Tetrasphaera* 等除磷功能菌属,当以葡萄糖为碳源时, *Flavobacterium* 的除磷效能更低,这可能与微生物自身活性有关,也可能与底物类型相关。值得注意的是,隶属于 *Bacteroidota* 的 *Desulfobacterium_catecholicum_group* 丰度大幅提升,有研究指出 *Desulfobacterium* 具有化能异养或发酵生长等代谢潜能^[20],混合氨基酸相较于葡萄糖更容易被该菌代谢利用,因此在底物转变为混合氨基酸后其丰度大幅提高至16.14%,同样具有发酵能力的菌属 *Sediminibacterium* 丰度由未检出增长至0.2%;而 *Saccharimonadales* 丰度由8.19%下降至2.45%,说明 *Saccharimonadales* 在碳源转变过程中适应性较差。

此外,由图7还可知,硝化功能菌属 *Nitrospira* 在第III阶段的丰度要低于第I阶段(由0.08%降至0.02%),这与氨氮去除性能的变化趋势一致。可见,第III阶段富集了发酵型PAOs(如 *Tetrasphaera*)和传统型PAOs(如 *Accumulibacter*)以及其他具有发酵能力的菌群,且 *Tetrasphaera* 与 *Accumulibacter* 的丰度同步增长,证明系统成功建立了协同除磷模式。

3 结论

① 当底物从葡萄糖转变为混合氨基酸后,系统的协同除磷效能显著提升,除磷率提升至90%左右,表明 *Tetrasphaera* 等发酵菌属更适宜利用混合氨基酸为碳源,与 *Accumulibacter* 协同除磷。此外, *Tetrasphaera* 等发酵菌属对天冬氨酸与谷氨酸有更强的底物偏好性。

② 系统的氨氮去除效能随着底物逐渐转变为混合氨基酸而呈下降趋势,原因为氨基酸水解引起游离氨过高,抑制了硝化菌群,同时污泥膨胀又导致污泥流失,硝化功能菌属 *Nitrospira* 的丰度由0.08%降至0.02%,系统对氨氮的去除效能较低且最终也未得到提高。

③ 当以混合氨基酸为碳源时, *Tetrasphaera* 等具有发酵能力的菌属总丰度增长至18.99%,相较于葡萄糖为唯一碳源,增长了2.3倍; *Accumulibacter*

增长至6.22%,增长了44倍, *Tetrasphaera* 等发酵菌属和 *Accumulibacter* 丰度的同步增长,表明协同生物除磷模式得到成功构建。

参考文献:

- [1] 郝晓地,陈峤,刘然彬. *Tetrasphaera* 聚磷菌研究进展及其除磷能力辨析[J]. 环境科学学报, 2020, 40(3): 741-753.
HAO Xiaodi, CHEN Qiao, LIU Ranbin. Research advances of *Tetrasphaera* as polyphosphate accumulating organisms and analysis on their P-removal potential[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2020, 40(3): 741-753 (in Chinese).
- [2] NURMIYANTO A, KODERA H, KINDAICHI T, et al. Dominant *Candidatus Accumulibacter phosphatis* enriched in response to phosphate concentrations in EBPR process[J]. Microbes and Environments, 2017, 32(3): 260-267.
- [3] KONG Y, NIELSEN J L, NIELSEN P H. Identity and ecophysiology of uncultured actinobacterial polyphosphate-accumulating organisms in full-scale enhanced biological phosphorus removal plants [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2005, 71(7): 4076-4085.
- [4] ZHAO W, BI X, PENG Y, et al. Research advances of the phosphorus-accumulating organisms of *Candidatus Accumulibacter*, *Dechloromonas* and *Tetrasphaera*: metabolic mechanisms, applications and influencing factors[J]. Chemosphere, 2022, 307: 135675.
- [5] KIM Y, PARK S, OH S. Machine learning approach reveals the assembly of activated sludge microbiome with different carbon sources during microcosm startup [J]. Microorganisms, 2021, 9(7):1387.
- [6] FERNANDO E Y, MCILROY S J, NIERYCHIO M, et al. Resolving the individual contribution of key microbial populations to enhanced biological phosphorus removal with Raman-FISH [J]. Multidisciplinary Journal of Microbial Ecology, 2019, 13(8): 1933-1946.
- [7] ZENGIN G E, ARTAN N, ORHON D, et al. Population dynamics in a sequencing batch reactor fed with glucose and operated for enhanced biological phosphorus removal [J]. Bioresource Technology, 2010, 101(11): 4000-4005.
- [8] KRISTIANSEN R, NGUYEN H T, SAUNDERS A M,

- et al.* A metabolic model for members of the genus *Tetrasphaera* involved in enhanced biological phosphorus removal [J]. Multidisciplinary Journal of Microbial Ecology, 2013, 7(3): 543–554.
- [9] MARQUES R, SANTOS J, NGUYEN H, *et al.* Metabolism and ecological niche of *Tetrasphaera* and *Ca. Accumulibacter* in enhanced biological phosphorus removal[J]. Water Research, 2017, 122: 159–171.
- [10] REY-MARTINEZ N, MERDAN G, GUIASOLA A, *et al.* Nitrite and nitrate inhibition thresholds for a glutamate-fed bio-P sludge [J]. Chemosphere, 2021, 283: 131173.
- [11] DENG Y, ZHANG K, KANG S Q, *et al.* Enhanced biological phosphorus removal from wastewater and dynamics of microbial population in dual PAOs symbiosis system [J]. Journal of Water Process Engineering, 2024, 57: 104579.
- [12] OEHMEN A, KELLER-LEHMANN B, ZENG R J, *et al.* Optimisation of poly-beta-hydroxy alkanoate analysis using gas chromatography for enhanced biological phosphorus removal systems [J]. Journal of Chromatography A, 2005, 1070(1/2): 131–136.
- [13] 彭永臻, 薛桂松, 苗志加, 等. 葡萄糖为碳源的EBPR长期运行效果及聚磷菌的富集培养[J]. 东南大学学报(自然科学版), 2013, 43(1): 136–141.
- PENG Yongzhen, XUE Guisong, MIAO Zhijia, *et al.* Long term effect of glucose as sole carbon source on EBPR and PAOs enrichment [J]. Journal of Southeast University (Natural Science Edition), 2013, 43(1): 136–141(in Chinese).
- [14] 牛永健, 李维维, 张昕, 等. 游离氨对EBPR系统聚磷菌活性抑制动力学[J]. 环境科学与技术, 2022, 45(10): 137–143.
- NIU Yongjian, LI Weiwei, ZHANG Xin, *et al.* Inhibitory kinetics of free ammonia on the activity of polyphosphate accumulating organisms in EBPR process [J]. Environmental Science & Technology, 2022, 45(10): 137–143(in Chinese).
- [15] 董昆, 李奕然, 李晓强, 等. 游离氨对生物脱氮硝化过程细菌种群结构的影响[J]. 环境化学, 2022, 41(8): 2742–2751.
- DONG Kun, LI Yiran, LI Xiaoqiang, *et al.* Effect of free ammonia on microbial community structure in biological nitrification process [J]. Environmental Chemistry, 2022, 41(8): 2742–2751(in Chinese).
- [16] 高春娣, 程丽阳, 韩颖璐, 等. A²O工艺 *Microthrix parvicella* 型微膨胀污泥微生物群落特征[J]. 北京工业大学学报, 2023, 49(8): 906–915.
- GAO Chundi, CHENG Liyang, HAN Yinglu, *et al.* Microbial community characteristics of limited sludge bulking caused by *Microthrix parvicella* in A²O process [J]. Journal of Beijing University of Technology, 2023, 49(8): 906–915(in Chinese).
- [17] SUN T, DU R, DAN Q, *et al.* Rapidly achieving partial nitrification of municipal wastewater in enhanced biological phosphorus removal (EBPR) reactor: effect of heterotrophs proliferation and microbial interactions [J]. Bioresource Technology, 2021, 340: 125712.
- [18] LANHAM A B, OEHMEN A, SAUNDERS A M, *et al.* Metabolic versatility in full-scale wastewater treatment plants performing enhanced biological phosphorus removal [J]. Water Research, 2013, 47(19): 7032–7041.
- [19] MA Y, JIANG W, NIE Z, *et al.* Study on the mechanisms of enhanced biological nitrogen and phosphorus removal by denitrifying phosphorus removal in a micro-pressure swirl reactor [J]. Bioresource Technology, 2022, 364: 128093.
- [20] STRITTMATTER A W, LIESEGANG H, RABUS R, *et al.* Genome sequence of *Desulfobacterium autotrophicum* HRM2, a marine sulfate reducer oxidizing organic carbon completely to carbon dioxide [J]. Environmental Microbiology, 2009, 11(5): 1038–1055.

作者简介: 张贤庆(1999–), 男, 甘肃武威人, 硕士研究生, 主要从事污水脱氮除磷研究。

E-mail: 1696460457@qq.com

收稿日期: 2024-06-01

修回日期: 2024-06-20

(编辑: 李德强)