

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2025.05.004

AOA-SBFASR对城市污水的处理效能及氮代谢通路

蒲淑娟¹, 杜至力², 未碧贵¹, 张锐坚², 王堃宾², 董浩韬²,
刘颖诗²

(1. 兰州交通大学 环境与市政工程学院, 甘肃 兰州 730070; 2. 广州市市政工程设计研
究总院有限公司, 广东 广州 510098)

摘要: 构建缺氧-好氧-缺氧/序批式固定生物膜耦合活性污泥反应器(AOA-SBFASR), 对城市污水开展中试处理研究, 考察了该反应器的深度脱氮效果, 并对系统中微生物种类和氮代谢通路进行分析。结果表明, AOA-SBFASR工艺可以高效去除污水中的COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和TN, 去除率分别可达到92.55%、98.75%和75.64%; 在55 d内微生物群落结构发生了演替, 硝化细菌、反硝化细菌和能降解难降解有机物的细菌相对丰度增加; 氨氮主要通过完全硝化过程被去除, 硝态氮主要通过反硝化和异化硝酸盐还原过程被去除。

关键词: AOA-SBFASR工艺; 城市污水; 深度脱氮; 微生物群落; 氮代谢通路

中图分类号: TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2025)05-0027-09

Treatment Efficiency and Nitrogen Metabolism Pathways in Municipal Wastewater Treatment Using AOA-SBFASR

PU Shu-juan¹, DU Zhi-li², WEI Bi-gui¹, ZHANG Rui-jian², WANG Qian-bin²,
DONG Hao-tao², LIU Ying-shi²

(1. School of Environmental and Municipal Engineering, Lanzhou Jiaotong University, Lanzhou 730070, China; 2. Guangzhou Municipal Engineering Design & Research Institute Co. Ltd., Guangzhou 510098, China)

Abstract: The anoxic-oxic-anoxic sequencing batch fixed biofilm coupled activated sludge reactor (AOA-SBFASR) was constructed for a pilot study on the treatment of municipal wastewater. The advanced nitrogen removal efficacy of the reactor was investigated, while the microbial communities as well as the nitrogen metabolism pathways within the system were analyzed. The AOA-SBFASR process demonstrated significant efficacy in the removal of COD, $\text{NH}_4^+\text{-N}$, and TN from wastewater, achieving removal efficiencies of 92.55%, 98.75%, and 75.64%, respectively. Within a period of 55 days, the microbial community composition underwent significant changes, with an observed increase in the relative abundance of nitrifying bacteria, denitrifying bacteria, and microorganisms capable of degrading refractory organic matters. Ammonia nitrogen was primarily eliminated through the complete nitrification process,

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(52060014); 国家自然科学基金资助面上项目(51778164); 国家自然科学基金青年基金资助项目(51608140); 广东省基础与应用基础研究基金资助项目(2021A1515010499); 广东省水利科技创新项目(2023-03)

通信作者: 未碧贵 E-mail: weibg@mail.lzjtu.cn

while nitrate nitrogen was predominantly removed via denitrification and dissimilatory nitrate reduction processes.

Key words: AOA-SBFASR process; municipal wastewater; advanced nitrogen removal; microbial community; nitrogen metabolic pathway

我国大部分城市污水处理厂采用常规处理工艺,总氮去除效果较差^[1]。因此,在二级处理工艺之后通常增加深度处理单元进行深度脱氮,然而深度处理会增加污水厂的占地面积、运营成本以及碳排放量^[2]。在没有增加深度处理单元和补充高剂量碳源的情况下,深度脱氮仍是污水处理厂面临的巨大挑战。序批式反应器(SBR)是一种传统的污水处理技术,具有投资少、抗冲击负荷能力强、能耗较低等优点^[3],但是,SBR工艺出水总氮较难长期稳定在10 mg/L以下^[4]。固定生物膜-活性污泥(IFAS)工艺在一个单元内同时提供了具有活性污泥(AS)和移动床生物膜(BF)的双物质系统(DBS),具备深度脱氮和处理难降解有机物的能力^[5]。IFAS工艺集成了活性污泥法和生物膜法的诸多优势,具有耐有机负荷冲击能力强、占地面积小、污泥产量少、高效脱氮除碳以及可以调和生物脱氮除磷的泥龄矛盾^[6]等优点。然而,IFAS工艺在工程应用时也存在一些问题,包括悬浮载体容易因连续碰撞而磨损、悬浮载体的持续磨损可能会对反应器的壁面造成损失,以及在反应罐维护期间悬浮载体会大量损失^[7]等。

基于SBR和IFAS的特点,笔者开发了一种新型的缺氧-好氧-缺氧/序批式固定生物膜耦合活性污泥反应器(AOA-SBFASR),该工艺优化了快速进出水系统,引入管道泵和潜水推流器以提高污水与活性污泥和生物膜的接触效率,增加生物膜载体的固定模块作为硝化功能微生物菌群的载体。笔者通过中试考察该工艺的深度脱氮效果,分析微生物群落结构的特征,并通过宏基因组测序分析氮代谢通路,阐释AOA-SBFASR工艺的高效脱氮机理。

1 材料与方法

1.1 AOA-SBFASR工艺流程与运行方法

AOA-SBFASR工艺流程见图1,由进水系统、排水系统、固定生物膜载体系统和强化混合系统组成。该工艺将进出水系统总时长缩短为0.5 h,从而延长了同一周期内的反硝化脱氮时间;固定生物膜载体的填充率控制在30%左右;强化混合系统主要

包括两个管道泵和一个潜水推流器。该工艺的周期运行时间为8 h,包括进水(0.25 h)、缺氧Ⅰ(1 h)、好氧(2.5 h)、缺氧Ⅱ(2.5 h)、沉淀(1.5 h)和出水(0.25 h)共6个阶段。在缺氧阶段,将管道泵和潜水推流器同时打开,以充分混合反应器中的活性污泥;在好氧阶段,采用回转式鼓风机曝气,曝气速率为35 m³/h,控制DO浓度为3.5~4.5 mg/L;在出水阶段,排放出水约22.5 m³。反应器的有效容积为45 m³,进水流量为67.5 m³/d,水温为17~29℃。AOA-SBFASR工艺在此条件下连续稳定运行75 d。

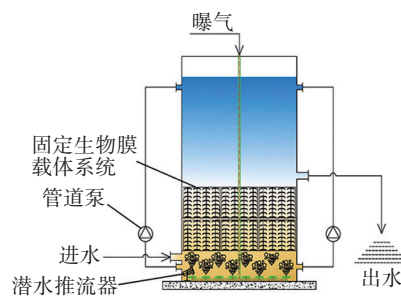


图1 AOA-SBFASR工艺流程

Fig.1 Flow chart of AOA-SBFASR process

1.2 试验用水

中试在广州市某污水处理厂进行,该污水厂进水属于低浓度污水,其COD、NH₄⁺-N和TN浓度分别为(93.31±23.64)、(15.53±2.51)、(20.35±2.49) mg/L,不能有效代表其他区域污水厂的进水水质特点,因此该试验将工业级三水合乙酸钠和硫酸铵加入到经格栅和曝气沉砂池处理后的城市污水中作为中试装置进水。试验期间进水COD、NH₄⁺-N、TN浓度分别为(252.33±55.03)、(29.85±4.39)、(34.14±3.41) mg/L。反应器的接种污泥取自厌氧-缺氧-好氧(AAO)工艺的好氧段,约20 m³,MLSS为5 500 mg/L,MLVSS/MLSS为0.46。在整个试验过程中,引入污水后MLSS平均为4 820 mg/L,固定生物膜中的生物量约为活性污泥的18.36%。

1.3 污水水质及污泥浓度监测

每天一式三份收集进水和出水水样并进行水质分析。主要水质指标COD、NH₄⁺-N、NO₃⁻-N和TN

等均采用国家标准方法进行测定;DO浓度和温度均使用HACH HQ30D溶解氧仪测定;MLSS通过PARTECH740悬浮固体计测定;统计学分析采用Origin 18.0软件。

1.4 微生物学分析方法

1.4.1 样本采集

分别在第5(初期,记作I)、30(中期,记作II)和55(末期,记作III)天的各阶段末(缺氧I、好氧、缺氧II,分别记作1、2、3)采集活性污泥(记作AS)和生物膜(记作BF)样本,则运行初期缺氧I阶段的活性污泥和生物膜样本分别记作I-1-AS、I-1-BF,其他样本的编号以此类推;另外,采集2个接种污泥样本S0-1和S0-2。采用以上20个样本分析微生物结构和氮代谢通路。

1.4.2 DNA提取

使用OMEGA试剂盒E. Z. N. A. Soil DNA Kit提取样本DNA,在提取DNA之前,按照试剂盒的说明书流程,用pH为7.0的磷酸盐缓冲液(PBS)洗涤预处理样本。使用1%的琼脂糖凝胶电泳检测DNA的纯度和质量,同时利用Thermo Qubit 4.0荧光计检测DNA浓度。

1.4.3 宏基因组文库构建与测序

依照NEB Next® Ultra™ DNA Library Prep Kit for Illumina的标准流程,利用每个样本55.5 μL的片段化DNA构建测序文库,然后在Sangon Biotech(上海)使用Illumina™ HiSeq 2500高通量平台,采用PE 150制造商的标准方案对文库进行测序。

1.4.4 测序结果处理与物种注释

基于FastQC (v0.11.2)和Trimmomatic对原始下机测序数据进行质控。利用DIAMOND软件(v0.8.20)将基因组蛋白质序列和NCBI NR数据库进行Blastp同源比对,获得功能注释和同源物种信息。利用NCBI微生物分类学信息数据库,获取基因的物种分类注释信息,在门、纲、目、科、属、种水平下确定物种的相对丰度。利用GhostKOALA (v1.0)将基因组蛋白质序列与京都基因和基因组百科全书(KEGG)数据库进行比对,用以获取模块注释和氮代谢通路。

2 结果与讨论

2.1 AOA-SBFASR工艺的运行效果

2.1.1 对COD的去除效果

AOA-SBFASR工艺对污水中COD的去除效果

如图2所示。可以看出,出水COD浓度大部分低于30 mg/L,优于《城镇污水处理厂污染物排放标准》(GB 18918—2002)的一级A标准,平均去除率达到92.55%。Zinatizadeh等^[8]的研究表明,以kaldens-3为载体的MBBR工艺在水力停留时间(HRT)为12 h、DO为4.0 mg/L、进水COD浓度为300~500 mg/L的条件下,对COD的去除率为88%;吴栋颢等^[9]的研究表明,倒置A²O-MBBR一体化设备在进水COD浓度为86.57~350.7 mg/L、HRT为31.1 h的条件下,对COD的平均去除率为75.32%。与上述研究相比,AOA-SBFASR工艺在提高COD去除率的同时,缩短了水力停留时间,效果明显优于MBBR工艺。这可能归因于固定生物膜载体的额外生物量,在AOA-SBFASR工艺中,固定生物膜载体上生物膜的总干质量约为39.81 kg,相当于活性污泥总干质量的18.36%。

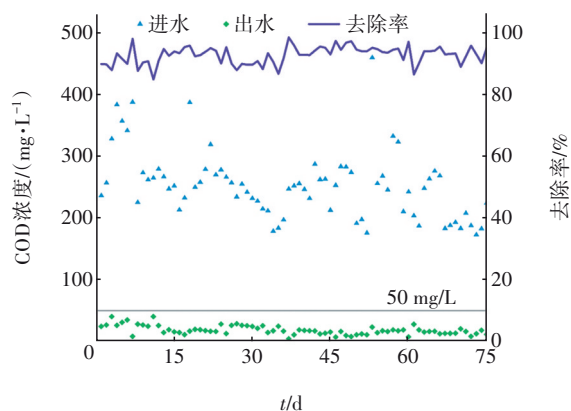


图2 COD去除效果

Fig.2 Removal efficiency of COD

2.1.2 对NH₄⁺-N的去除效果

中试期间,AOA-SBFASR工艺出水NH₄⁺-N浓度在0.09~0.98 mg/L之间,对NH₄⁺-N的平均去除率达到98.75%。Zhou等^[2]的研究表明,两级A/O-MBBR工艺在曝气5.6 h的条件下可实现97.5%~98.0%的NH₄⁺-N去除率。而在本研究中,AOA-SBFASR工艺好氧阶段的曝气时间仅为2.5 h,但对NH₄⁺-N的去除效果更好,这可能归功于AOA-SBFASR工艺中的固定生物膜载体。在好氧环境中,化能自养氨氧化细菌(AOB)和亚硝酸盐氧化细菌(NO_B)可将NH₄⁺-N转化为NO_x⁻-N,AOB和NO_B均为生长缓慢的细菌,适于生存在弱碱性、DO>1.5 mg/L、BOD₅<20.0 mg/L以及SRT>10 d的环境中^[10]。AOA-SBFASR工艺中的固定生物膜载体为AOB和

NOB提供了理想的生长环境,从而具有良好的氨氮去除效果。

2.1.3 对TN的去除效果

存在缺氧环境并具有足够的碳源是保证TN高效去除的关键。Zhang等^[11]研究表明,在实验室规模下常规AAO工艺在进水COD浓度为203 mg/L、TN浓度为30 mg/L、HRT为12.5 h的条件下,对TN的去除率为71.15%。而本研究中AOA-SBFASR工艺在COD浓度为252.33 mg/L、TN浓度为34.14 mg/L、HRT为8 h的条件下,对TN的去除率可达到75.64%,平均出水TN浓度为8.33 mg/L(如图3所示)。在进水COD和TN浓度相当的情况下,AOA-SBFASR工艺可以在更短的时间内达到更好的脱氮效果,分析原因,一方面可能是在运行期间碳源被更好地利用;另一方面,可能是在AOA-SBFASR工艺的缺氧阶段,DO浓度快速下降营造了更好的缺氧环境。

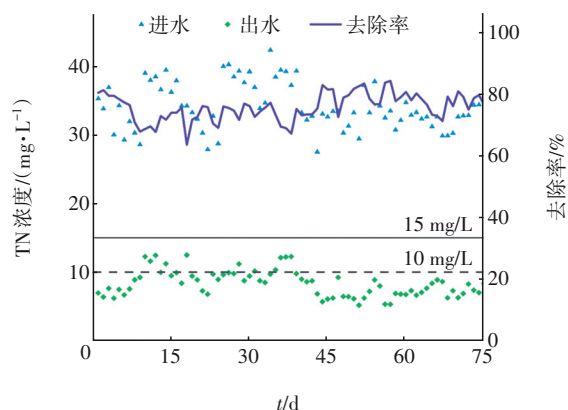


图3 TN去除效果

Fig.3 Removal efficiency of TN

2.1.4 单周期内氮和COD的降解过程

单周期内氮和COD的降解过程如图4所示。在缺氧Ⅰ、好氧、缺氧Ⅱ和沉淀阶段,COD/TN值分别为10.66、10.19、6.34和4.74,TN平均浓度分别下降了1.14、0.73、1.66和2.39 mg/L,各阶段的TN去除率分别为10.69%、7.61%、18.77%和33.38%。在缺氧Ⅰ阶段,由于污水中含有足够的碳源,TN去除速率最高,达到1.14 mg/(L·h);在缺氧Ⅱ和沉淀阶段,虽然TN去除速率有所降低[1.01 mg/(L·h)],但TN去除量最大,达到4.05 mg/L。同时,在缺氧Ⅰ阶段和缺氧Ⅱ阶段,强化混合系统保证了污水与活性污泥及生物膜的充分混合,使得DO浓度在20 min内由4 mg/L下降至0.5 mg/L,从而保证了良好

的脱氮效果。

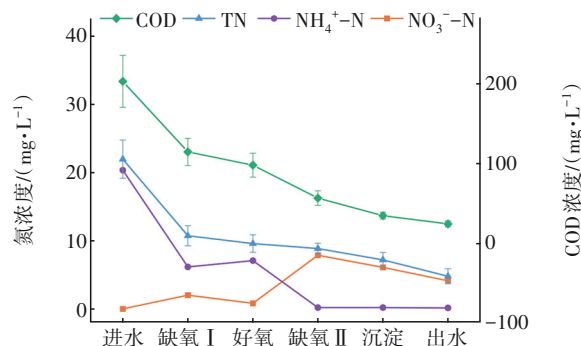


图4 单周期内氮和COD的降解过程

Fig.4 Degradation process of nitrogen and COD in a single cycle

2.2 微生物群落结构分析

对20个样本的微生物群落进行分析,样本间的联合OTUs结果显示,在门水平和属水平上分别有106和11 312个OTUs。采用主成分分析法(PCA)对属水平上的微生物群落进行分析,结果发现,运行末期的微生物样本聚集在一起,并与运行初期和中期的样本明显不同(见图5),表明AOA-SBFASR工艺经过55 d的运行,微生物群落结构发生了明显的演替,这可能与不同的氮代谢通路有关。

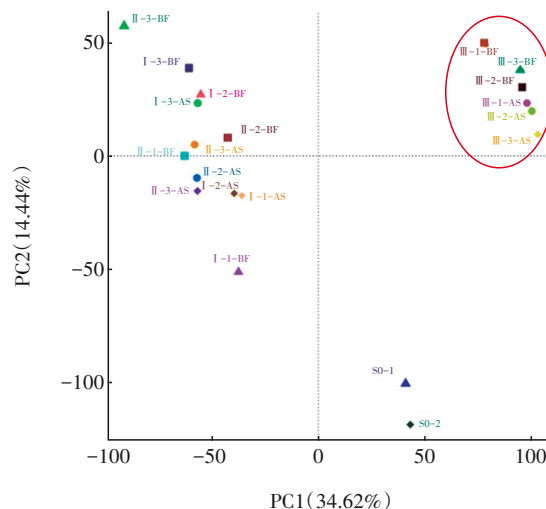


图5 属水平上微生物群落组成的PCA分析结果

Fig.5 PCA results of microbial community composition at genus level

20个样本中共检测出106类菌门,包括变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、放线菌门(*Actinobacteria*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*)、浮霉菌门(*Planctomycetes*)、硝化螺旋菌门(*Nitrospirae*)、装甲菌门(*Armatimonadetes*)、

蓝细菌门(*Cyanobacteria*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)和绿菌门(*Chlorobi*)等,具体如图6(a)所示。

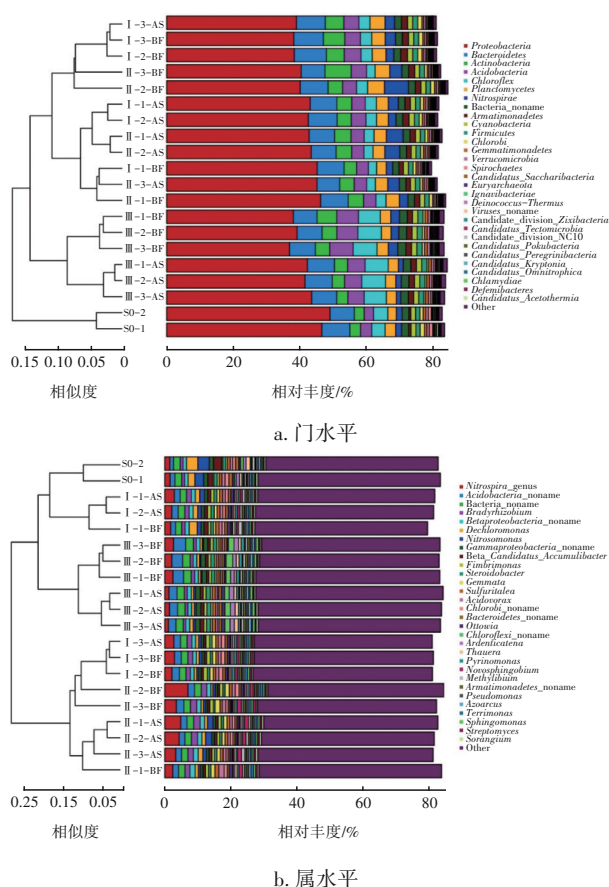


图6 样本聚类树与相对丰度直方图组合分析

Fig.6 Combination analysis of sample cluster tree and histogram of relative abundance

变形菌门是反应器中的优势菌门,其在S0-1和S0-2样本中的相对丰度最高(分别为46.68%和49.12%)。变形菌门是城市污水处理系统中最常见的细菌,大多数变形菌门都参与大分子有机物和含氮物质的降解过程,其中陶厄氏菌属(*Thauera*)、副球菌属(*Paracoccus*)、芽孢杆菌(*Bacillus*)和硫杆菌(*Thiobacillus*)已被证明有反硝化功能^[12],但这几类变形菌偏好高溶解氧环境^[13],由于AOA-SBFASR工艺具有溶解氧浓度波动范围较大、缺氧时间较短以及氧传质效率较低等特点,使得这些变形菌在该工艺中的生长受到抑制。绿弯菌门和硝化螺旋菌门中的部分细菌已经被证明具有反硝化特性^[14],两者在活性污泥和生物膜样本中的相对丰度高于接种污泥样本。Nierychlo等^[15]研究表明,绿弯菌门中的相关属,包括厌氧绳菌属(*Anaerolinea*)、*Candidatus*

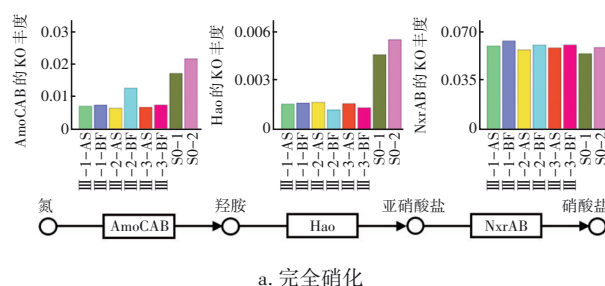
Promineofilum、*Candidatus Sarcinithrix*、*Candidatus Villigracilis*、滑柱菌属(*Herpetosiphon*)以及*Kouleothrix*等均具有亚硝酸盐还原能力。硝化螺旋菌门中的硝化螺菌属(*Nitrospira*)是一种自养型细菌,广泛存在于水处理系统中,Burrell等^[16]研究表明,硝化螺菌属能够将水体中的亚硝酸盐氧化为硝酸盐,是生物脱氮的主力军之一。

从图6(b)可以看出,在属水平上,硝化螺菌属(*Nitrospira*)在所有样本中均呈现出较高的相对丰度,其中,在Ⅲ-1-BF、Ⅲ-2-BF和Ⅲ-3-BF样本中的相对丰度分别为2.52%、2.17%和2.70%,比接种污泥样本平均高52%左右,这表明AOA-SBFASR工艺中的固定生物膜载体有利于NOB等生长缓慢的硝化细菌生长。Mehrani等^[17]研究表明,硝化螺菌属具有氨氧化和亚硝酸盐氧化/还原能力,在污水处理的氮代谢过程中起着重要作用。与S0-1和S0-2样本相比,活性污泥和生物膜样本中*Acidobacteria*_noname的相对丰度较高,*Acidobacteria*_noname属于酸杆菌门,具备将纤维素或其他大分子有机物分解为小分子有机物的能力^[18],这可能有利于其将微生物的代谢产物和其他难降解有机物转化为可供微生物利用的碳源,从而提高脱氮效果。

2.3 氮代谢通路分析

2.3.1 氮代谢通路

为了分析AOA-SBFASR工艺中的氮代谢通路,采用京都基因和基因组百科全书(KEGG)数据库,对接种污泥和运行后期的微生物样本中酶家族的KEGG直系同源(KO)丰度进行分类。基于KEGG数据库(map 00910)的参考通路,绘制氮代谢通路图和相关酶的KO丰度,具体如图7所示。微生物氮循环共涉及4个还原过程和2个氧化过程,分别为固氮、同化硝酸盐还原、异化硝酸盐还原、反硝化、硝化以及厌氧氨氧化。在AOA-SBFASR工艺中,检测到的氮代谢通路包括硝化、同化硝酸盐还原、异化硝酸盐还原以及反硝化。



a. 完全硝化

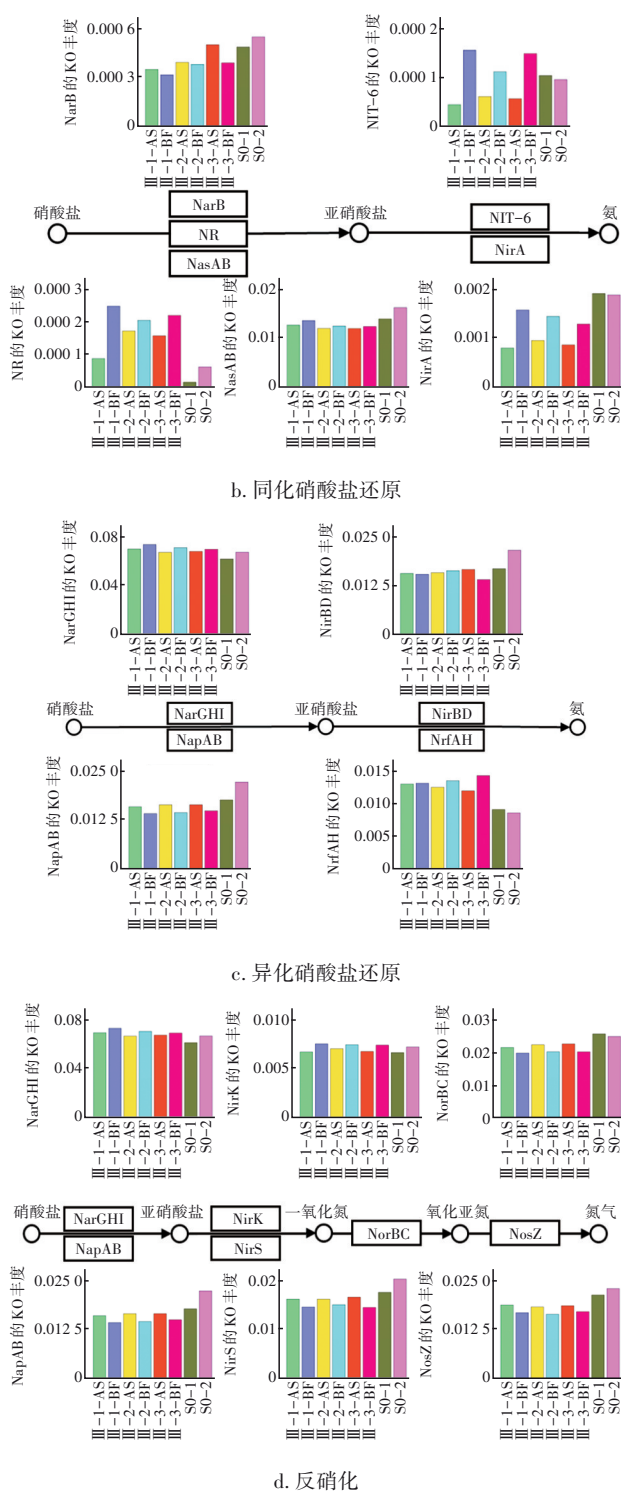


图7 AOA-SBFASR工艺的氮代谢通路图

Fig.7 Nitrogen metabolic pathway diagram of the AOA-SBFASR process

AOA-SBFASR工艺的完全硝化过程如图7(a)所示,分为“氨→羟胺”“羟胺→亚硝酸盐”“亚硝酸盐→硝酸盐”3个步骤,这些步骤中涉及的功能基因

有 AmoCAB (EC: 1.14.18.3、1.14.99.39)、Hao (EC: 1.7.2.6)和 NxrAB (EC: 1.7.5.1、1.7.99.-)。在所有样本中均检测到 AmoCAB (K10944、K10945、K10946)、Hao (K10535)和 NxrAB (K00370、K00371)所对应的 KO 丰度,说明在 AOA-SBFASR 工艺运行过程中,活性污泥和生物膜都完成了硝化过程。其中,Ⅲ-1-BF、Ⅲ-2-BF 和 Ⅲ-3-BF 样本中的功能基因 AmoCAB 和 NxrAB 的 KO 丰度均高于 Ⅲ-1-AS、Ⅲ-2-AS 和 Ⅲ-3-AS 样本,说明生物膜的氨氧化和亚硝酸盐氧化能力更好。同时,所有样本中基因 Hao (K10535)的 KO 丰度为 0.001 252~0.005 561,明显低于 AmoCAB (0.006 551~0.021 802)和 NxrAB (0.054 085~0.063 195),说明在完全硝化过程中,“羟胺→亚硝酸盐”是限制性步骤。

AOA-SBFASR 工艺的同化硝酸盐还原过程如图 7(b)所示,该过程分为两个步骤:由功能基因 NarB (EC: 1.7.7.2)、NR (EC: 1.7.1.1、1.7.1.2、1.7.1.3)和 NasAB (EC: 1.7.99.-)参与完成的“硝酸盐→亚硝酸盐”步骤和由基因 NIT6 (EC: 1.7.1.4)和 NirA (EC: 1.7.7.1)参与完成的“亚硝酸盐→氨”步骤。在 AOA-SBFASR 工艺中未检测到与亚硝酸盐还原酶相关的基因 NasBDE (EC: 1.7.1.4、K26139、K26138、K00361)对应的 KO 丰度。8 个样本中均检测到功能基因 NarB (K00367)、NR (K10534)、NasAB (K00372、K00360)、NIT-6 (K17877)和 NirA (K00366)对应的 KO 丰度,这说明该工艺在活性污泥和生物膜中均出现了同化硝酸盐还原过程。功能基因 NasAB (K00372、K00360)的 KO 丰度在 0.012 077~0.016 398 之间,显著高于 NarB (0.000 319~0.000 553)和 NR (0.000 015~0.000 250);基因 NirA 的 KO 丰度 (0.000 804~0.001 918)显著高于 NIT-6 (0.000 045~0.000 157)。上述结果表明,在 AOA-SBFASR 工艺中,“硝酸盐→亚硝酸盐”这一步骤主要由功能基因 NasAB 参与完成,“亚硝酸盐→氨”主要由基因 NirA 参与,其中,亚硝酸盐还原是同化硝酸盐还原过程中的限速步骤, Holmes 等^[19]也得出了相同的结论。

异化硝酸盐还原过程是微生物在缺氧条件下进行的硝酸盐呼吸作用,其中, NO_3^- -N 和 NO_2^- -N 被用作呼吸代谢的电子受体^[20]。AOA-SBFASR 工艺的异化硝酸盐还原过程如图 7(c)所示,该过程主要分为两个步骤:由功能基因 NarGHI (EC: 1.7.5.1、

1.7.99.-)和NapAB(EC: 1.9.6.1)参与的“硝酸盐→亚硝酸盐”步骤和由基因NirBD(EC: 1.7.1.15)和NrfAH(EC: 1.7.2.2)参与的“亚硝酸盐→氨”步骤。在所有样本中都检测到与功能基因NarGHI(K00370、K00371、K00374)、NapAB(K02567、K02568)、NirBD(K00362、K00363)和NrfAH(K03385、K15876)对应的KO丰度,说明在AOA-SBFASR工艺的活性污泥和生物膜中均发生了异化硝酸盐还原过程。基因NarGHI、NapAB、NirBD和NrfAH的KO丰度较高,分别为0.061 504~0.073 341、0.014 355~0.022 474、0.014 074~0.021 583、0.008 038~0.014 344,表明异化硝酸盐还原是AOA-SBFASR工艺中主要的硝酸盐还原过程之一。目前,大多数污水处理厂依靠反硝化作用进行脱氮,氮主要以氮气(N_2)的形式排出,对异化硝酸盐还原过程研究较少。Wang等^[21]对我国6座污水处理厂进行调研,发现在所有污水处理厂的所有单元中均存在异化硝酸盐还原过程,但其对氮代谢的贡献却并不显著;但是,万雨轩等^[22]的研究表明,可通过优化工艺运行参数,在高碳氮比条件下使异化硝酸盐还原过程优于反硝化过程。AOA-SBFASR工艺通过增加污泥回流与生物膜载体模块的方式,提高了碳氮比,从而提高了异化硝酸盐还原过程对硝酸盐还原的影响。Kern等^[23]研究发现,蛋白NrfA的几种结构可能会将亚硝酸盐还原为一氧化氮,然后将一氧化氮进一步还原为氨和氧化亚氮,这被认为是异化硝酸盐还原的另一过程。

AOA-SBFASR工艺的反硝化过程如图7(d)所示,该过程可分为4个步骤:①“硝酸盐→亚硝酸盐”,由功能基因NarGHI(EC: 1.7.5.1、1.7.99.-)和NapAB(EC: 1.9.6.1)参与完成;②“亚硝酸盐→一氧化氮”,由基因NirK(EC: 1.7.2.1)和NirS(EC: 1.7.2.1、1.7.99.1)参与;③“一氧化氮→氧化亚氮”,由基因NorBC(EC: 1.7.2.5)参与;④“氧化亚氮→氮气”,由基因NosZ(EC: 1.7.2.4)参与。所有样本中均检测到功能基因NarGHI(K00370、K00371、K00374)、NapAB(K02567、K02568)、NirK(K00368)、NirS(K15864)、NorBC(K04561、K02305)和NosZ(K00376)所对应的KO丰度,表明在活性污泥和生物膜中均存在反硝化过程。功能基因NarGHI、NapAB、NirK、NirS、NorBC和NosZ的KO丰度较高,分别为0.061 504~0.073 341、0.014 355~

0.022 474、0.006 677~0.007 577、0.014 416~0.020 195、0.019 785~0.025 649、0.016 430~0.022 972,这说明反硝化是AOA-SBFASR工艺中硝酸盐还原的主要过程之一,并且该过程无明显的限速步骤。有研究表明,在反硝化过程中,当基因NosZ的丰度较低时, N_2O 会被积累并释放到大气中^[24]。而基因NosZ的KO丰度与反硝化过程中其他基因相似,表明AOA-SBFASR工艺中大部分生成的 N_2O 可以被还原为 N_2 。

2.3.2 氮代谢的优势通路分析

AOA-SBFASR工艺的每个氮代谢通路中所有功能基因的累积KO丰度见图8。还原态氮化合物,如 NH_4^+-N ,通过完全硝化过程被氧化成 NO_3^--N 。与完全硝化过程相关的基因KO丰度在0.065 09~0.085 94之间,而生物膜中完全硝化过程的KO丰度(0.069 16~0.074 19)高于活性污泥中的KO丰度(0.065 09~0.068 29),说明生物膜中可能含有更多种类的硝化菌。

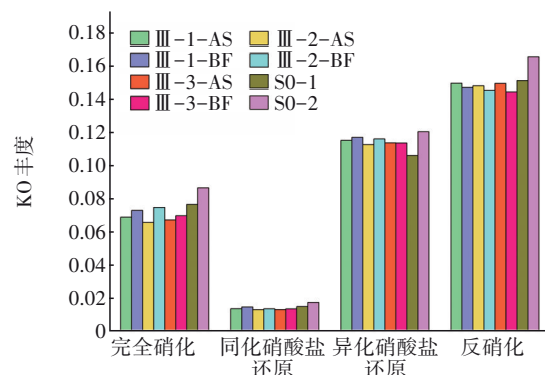


图8 氮代谢通路的累积KO丰度直方图

Fig.8 Histogram of cumulative KO abundances in nitrogen metabolic pathways

NO_3^--N 等氧化态氮化合物通过同化硝酸盐还原、异化硝酸盐还原和反硝化过程被还原为 NH_4^+-N 或 N_2 。3条代谢通路中功能基因的KO丰度分别为0.012 74~0.017 01、0.105 4~0.119 7和0.143 6~0.164 8,说明AOA-SBFASR工艺中的脱氮过程主要包括两种情况,一是被还原的有机或无机含氮化合物通过完全硝化过程被氧化为硝酸盐,再通过反硝化过程将硝酸盐还原为氮气;二是部分硝酸盐通过异化硝酸盐还原过程被还原为 NH_4^+-N ,只有一小部分硝酸盐还原是通过同化硝酸盐还原过程完成的。

3 结论

① AOA-SBFASR中试系统对城市污水中COD的平均去除率为92.55%,出水COD浓度大部分低于30 mg/L;对 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的平均去除率为98.75%,出水 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度在0.09~0.98 mg/L之间;对总氮的平均去除率为75.64%,平均出水总氮浓度为8.33 mg/L。

② 主成分分析结果显示, AOA-SBFASR工艺运行后期的微生物样本呈聚集性,与运行初期和中期的微生物样本明显不同,表明该工艺的微生物群落结构可以在55 d内发生明显的演替;从20个样本中共鉴定出106类菌门和11 312类菌属,在门水平上,变形菌门(*Proteobacteria*)是反应器中的优势菌门;在属水平上,硝化螺菌属(*Nitrospira*)在所有样本中均表现出较高的相对丰度;AOA-SBFASR工艺中硝化细菌、反硝化细菌和具有能降解难降解有机物的细菌相对丰度均有所增加,表明AOA-SBFASR工艺在提高脱氮效果和对难降解有机物进行转化利用等方面有巨大的潜力。

③ AOA-SBFASR工艺中检测到的氮代谢通路包括硝化、同化硝酸盐还原、异化硝酸盐还原以及反硝化。氨氮通过完全硝化过程被氧化为硝酸盐,硝态氮主要通过反硝化过程被还原为氮气,部分硝酸盐通过异化硝酸盐还原过程被还原为氨氮,只有一小部分硝酸盐还原通过同化硝酸盐还原过程完成。

参考文献:

- [1] 周小琳,樊星,毕学军,等. 两段式A/O-MBBR工艺生物脱氮中试与系统优化[J]. 中国给水排水, 2021, 37(19): 72-77.
ZHOU Xiaolin, FAN Xing, BI Xuejun, *et al.* Pilot-scale test and system optimization of two-stage A/O-MBBR process for biological nitrogen removal[J]. China Water & Wastewater, 2021, 37(19): 72-77 (in Chinese).
- [2] ZHOU Q, SUN H, JIA L, *et al.* Simultaneous biological removal of nitrogen and phosphorus from secondary effluent of wastewater treatment plants by advanced treatment: a review[J]. Chemosphere, 2022, 296:134054.
- [3] 黄子洪,向婷,方华,等. 分步进水SBR工艺生物脱氮运行条件优化及数学模拟[J]. 中国给水排水, 2020, 36(23): 89-93, 107.
HUANG Zihong, XIANG Ting, FANG Hua, *et al.* Operational condition optimization and mathematical simulation of biological denitrification in step-feed SBR process [J]. China Water & Wastewater, 2020, 36(23): 89-93, 107 (in Chinese).
- [4] LEI L, NI J. Three-dimensional three-phase model for simulation of hydrodynamics, oxygen mass transfer, carbon oxidation, nitrification and denitrification in an oxidation ditch [J]. Water Research, 2014, 53(15): 200-214.
- [5] 顾升波,李振川,李艺. IFAS工艺处理市政污水的除污性能及节地潜力分析[J]. 中国给水排水, 2016, 32(7): 24-29.
GU Shengbo, LI Zhenchuan, LI Yi. Analysis on pollutant removal performance and land saving potential of IFAS process[J]. China Water & Wastewater, 2016, 32(7): 24-29(in Chinese).
- [6] 刘国华,李钦渝,徐相龙,等. IFAS污水处理工艺的研究进展[J]. 环境工程, 2022, 40(2): 214-224.
LIU Guohua, LI Qinyu, XU Xianglong, *et al.* Research progress of IFAS process for wastewater treatment [J]. Environmental Engineering, 2022, 40(2): 214-224 (in Chinese).
- [7] CHEN P F, ZHANG R J, DU Z L, *et al.* Microbial composition and nitrogen removal pathways in a novel sequencing batch reactor integrated with semi-fixed biofilm carrier: evidence from a pilot study for low- and high-strength sewage treatment [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2022, 29(32): 49105-49115.
- [8] ZINATIZADEH A A L, GHAYTOOLI E. Simultaneous nitrogen and carbon removal from wastewater at different operating conditions in a moving bed biofilm reactor (MBBR): process modeling and optimization [J]. Journal of the Taiwan Institute of Chemical Engineers, 2015, 53: 98-111.
- [9] 吴栋颢,刘晓永,梁晓晖,等. 倒置A²/O-MBBR一体化设备处理农村污水试验[J]. 水处理技术, 2023, 49(5):120-124, 134.
WU Donghao, LIU Xiaoyong, LIANG Xiaohui, *et al.* Experimental study on treatment of rural domestic wastewater with inverted A²/O-MBBR integrated equipment[J]. Technology of Water Treatment, 2023, 49(5):120-124, 134 (in Chinese).
- [10] REGMI P, MILLER W M, HOLGATE B, *et al.* Control

- of aeration, aerobic SRT and COD input for mainstream nitrification/denitrification[J]. *Water Research*, 2014, 57: 162–171.
- [11] ZHANG Y P, LU G P, ZHANG H C, *et al.* Enhancement of nitrogen and phosphorus removal, sludge reduction and microbial community structure in an anaerobic/anoxic/oxic process coupled with composite ferrate solution disintegration [J]. *Environmental Research*, 2020, 190: 110006.
- [12] YUE X, YU G, LIU Z, *et al.* Start-up of the completely autotrophic nitrogen removal over nitrite process with a submerged aerated biological filter and the effect of inorganic carbon on nitrogen removal and microbial activity [J]. *Bioresource Technology*, 2018, 254: 347–352.
- [13] IBARBALZ F M, FIGUEROLA E L M, ERIJMAN L, *et al.* Industrial activated sludge exhibit unique bacterial community composition at high taxonomic ranks [J]. *Water Research*, 2013, 47(11): 3854–3864.
- [14] PAN D, SHAO S, ZHONG J, *et al.* Performance and mechanism of simultaneous nitrification–denitrification and denitrifying phosphorus removal in long-term moving bed biofilm reactor (MBBR) [J]. *Bioresource Technology*, 2022, 348: 126726.
- [15] NIERYCHLO M, ANDERSEN K S, XU Y, *et al.* MiDAS 3: an ecosystem-specific reference database, taxonomy and knowledge platform for activated sludge and anaerobic digesters reveals species-level microbiome composition of activated sludge [J]. *Water Research*, 2020, 182: 115955.
- [16] BURRELL P, KELLER J, BLACKALL L L. Characterisation of the bacterial consortium involved in nitrite oxidation in activated sludge [J]. *Water Science and Technology*, 1999, 39(6): 45–52.
- [17] MEHRANI M J, SOBOTKA D, KOWAL P, *et al.* The occurrence and role of *Nitrospira* in nitrogen removal systems [J]. *Bioresource Technology*, 2020, 303: 122936.
- [18] RODRIGUES G R, HENRIQUE O, LUÍS F, *et al.* Unraveling the xylanolytic potential of *Acidobacteria* bacterium AB60 from Cerrado soils [J]. *FEMS Microbiology Letters*, 2020, 367: 149.
- [19] HOLMES D E, DANG Y, SMITH J A. Nitrogen cycling during wastewater treatment [J]. *Advances in Applied Microbiology*, 2019, 106: 113–192.
- [20] CASTRO-BARROS C M, JIA M, VAN LOOSDRECHT M C M, *et al.* Evaluating the potential for dissimilatory nitrate reduction by anammox bacteria for municipal wastewater treatment [J]. *Bioresource Technology*, 2017, 233: 363–372.
- [21] WANG S, LIU C, WANG X, *et al.* Dissimilatory nitrate reduction to ammonium (DNRA) in traditional municipal wastewater treatment plants in China: widespread but low contribution [J]. *Water Research*, 2020, 179(12): 115877.
- [22] 万雨轩, 王鑫. 废水处理中异化硝酸盐还原为铵的研究进展[J]. *土木与环境工程学报*, 2021, 43(6): 134–144.
- WAN Yuxuan, WANG Xin. Research progress of dissimilatory nitrate reduction to ammonium in wastewater treatment [J]. *Journal of Civil and Environmental Engineering*, 2021, 43(6): 134–144 (in Chinese).
- [23] KERN M, SIMON J. Electron transport chains and bioenergetics of respiratory nitrogen metabolism in *Wolinella succinogenes* and other *Epsilonproteobacteria* [J]. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) – Bioenergetics*, 2009, 1787(6): 646–656.
- [24] JONES C M, GRAF D R, BRU D, *et al.* The unaccounted yet abundant nitrous oxide-reducing microbial community: a potential nitrous oxide sink [J]. *The ISME Journal*, 2013, 7(2): 417–426.

作者简介:蒲淑娟(1998–),女,甘肃天水人,硕士研究生,研究方向为水处理技术。

E-mail:2075836297@qq.com

收稿日期:2024-01-01

修回日期:2024-03-18

(编辑:刘贵春)