

论述与研究

中试 SBR 内好氧颗粒污泥培养和微生物群落变化

王佳伟^{1,2}, 高永青^{1,2}, 孙丽欣^{1,2}, 王浩³, 马文³, 高景峰⁴,
张树军^{1,2}

(1. 北京城市排水集团有限责任公司 科技研发中心, 北京 100044; 2. 北京市污水资源化工程技术研究中心, 北京 100124; 3. 北京北排水环境发展有限公司 吴家村再生水厂, 北京 100071;
4. 北京工业大学 城镇污水深度处理与资源化利用技术国家工程实验室, 北京 100124)

摘要: 利用实际城市污水在 SBR 中试系统中培养好氧颗粒污泥(AGS), 考察 AGS 对污染物的去除特性, 同时利用 Illumina MiSeq 高通量测序对成熟的 AGS 和絮体污泥中的细菌群落组成进行对比研究, 分析污泥好氧颗粒化原因, 以期为 AGS 的工程化应用提供理论依据。结果表明: 通过逐渐缩短沉淀时间的方式能够在 30 d 内培养出粒径在 220 μm 以上的 AGS; 并且在 180 d 时系统内颗粒化趋于成熟, AGS 占比达 95% 以上。成熟的 AGS 能够实现同步硝化反硝化, 出水 TN 低于 10 mg/L, TN 去除率稳定在 85% 以上。通过对 AGS 与絮体污泥中细菌群落多样性的对比分析可知, 成熟的 AGS 细菌群落多样性降低且群落组成发生显著变化。*Proteobacteria* 是絮体污泥中最优势的细菌门, 而在 AGS 中, 最优势的细菌门为 *Bacteroidetes*, 其次是 *Proteobacteria*。*Flavobacterium*、*Aquimonas* 和 *Candidatus Accumulibacter* 在 AGS 中的相对丰度高于絮体污泥, 说明这些菌属可能促进絮体污泥形成 AGS。

关键词: SBR; 好氧颗粒污泥; 同步硝化反硝化; 高通量测序; 细菌群落组成

中图分类号: TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2019)07-0001-08

Aerobic Granular Sludge Culture and Microbial Community Analysis in Pilot-scale SBR System

WANG Jia-wei^{1,2}, GAO Yong-qing^{1,2}, SUN Li-xin^{1,2}, WANG Hao³,
MA Wen³, GAO Jing-feng⁴, ZHANG Shu-jun^{1,2}

(1. Technology Research and Development Center, Beijing Drainage Group Co. Ltd., Beijing 100044, China;
2. Beijing Engineering Research Center of Wastewater Resource, Beijing 100124, China; 3. Wujiacun Recycled Waterworks, Beijing Drainage Water Environment Development Co. Ltd., Beijing 100071, China; 4. National Engineering Laboratory for Advanced Municipal Wastewater Treatment and Reuse Technology, Beijing University of Technology, Beijing 100124, China)

Abstract: The aerobic granular sludge (AGS) was cultivated using the municipal sewage in the pilot-scale SBR system. The removal characteristics of AGS were investigated during aerobic sludge granulation. And the difference of bacterial community composition in AGS and activated sludge were

基金项目: 北京市科技计划项目

investigated using Illumina MiSeq high-throughput sequencing to reveal the granulation mechanisms. After operation of 30 days, the AGS with a diameter of more than 220 μm was developed by adjusting settling time. After 180 days, the AGS became mature and the proportion of AGS in the system was more than 95%. Results showed that the AGS could achieve simultaneous nitrification and denitrification in the pilot-scale SBR. The removal rate for total nitrogen (TN) was stable above 85%, and the effluent concentration was less than 10 mg/L. The diversity of bacterial community decreased after the formation of AGS. The composition of bacterial community changed significantly. *Proteobacteria* was the most dominant phylum in activated sludge. But, in AGS, the most dominant phylum was *Bacteroidetes* followed by *Proteobacteria*. The relative abundance of *Flavobacterium*, *Aquimonas* and *Candidatus Accumulibacter* in AGS was higher than that of activated sludge, indicating that these genera might play an important role in the formation of AGS.

Key words: SBR; aerobic granular sludge; simultaneous nitrification denitrification; high-throughput sequencing; microbial community composition

好氧颗粒污泥(AGS)与传统的絮体污泥相比,具有沉降快、结构密实、生物量高、抗冲击负荷能力强等优点;同时,其特殊的结构形态还可以实现同步脱氮除磷。国内对AGS的研究开始于20世纪90年代末,竺建荣等^[1]首先在SBR中培养出AGS。卢然超等^[2]研究了碳磷比(COD/TP)和氮磷比(TN/TP)对AGS培养及生物除磷性能的影响,发现进水中较高的碳氮比、碳磷比和适当的氮磷比有利于培养AGS。Cassidy等^[3]利用屠宰废水培养出了AGS,且培养出的AGS能够实现同步脱氮除磷。高景峰等^[4]采用厌氧/好氧的运行方式成功培养出具有同步脱氮除磷功能的AGS。随着分子生物学技术的发展,研究者开始对AGS的形成机理及其微生物组成进行分析。侯爱月等^[5]利用PCR-DGGE技术研究了不同底物及不同颗粒化方法培养的AGS中微生物群落结构,同时对比分析了接种污泥和AGS中的微生物群落结构差异。Lü^[6]和高景峰^[7]等利用高通量测序技术研究了AGS培养过程中微生物群落变化。

目前大部分AGS的培养是基于实验室规模的小试反应器,近年来一些研究者开始在中试系统中培养AGS,但规模仍普遍较小。高永青等^[8]利用实际城市污水成功培养出AGS,但该中试装置体积仅为160 L;涂响等^[9]采用厌/好氧交替运行的方式,在有效容积为6 m³的SBR系统中培养出AGS,平均粒径为330 μm 。笔者利用容积近30 m³的SBR中试装置,以实际生活污水为原水培养AGS,考察AGS对污染物的去除特性;同时以絮体污泥和AGS

为研究对象,利用Illumina MiSeq高通量测序技术对比分析其微生物群落结构的差异,以期为AGS的颗粒化机理研究及工程化应用提供依据。

1 材料与方法

1.1 中试装置

中试装置采用圆柱形SBR系统,包括反应器主体、进水系统、曝气系统、排水系统和控制系统。SBR主体和主要管线均为碳钢材质,直径为2.4 m,高为6.5 m,总容积为29.4 m³,高径比为2.7。两个进水口对称设置于池底侧壁,通过电磁阀和自动控制实现快速进水;原水为某再生水厂初沉池出水,为加强污泥颗粒化,在原水中投加了少量的丙酸钠和乙酸钠复合碳源,折合COD浓度约为50 mg/L。进水COD为200~250 mg/L、NH₄⁺-N为43~52 mg/L、TN为45~57 mg/L、TP为0.5~5 mg/L、SS为60~100 mg/L、pH值为6.8~7.5。曝气系统采用罗茨鼓风机和曝气膜片若干,鼓风机为1用1备,单台最大气量为200 m³/h。排水系统采用重力排水,通过电磁阀和自控系统实现快速排水。在SBR装置旁设置储泥池,用于储存颗粒培养过程中淘汰的污泥。利用自控系统实现周期性稳定连续运行,同时可远程调控相关运行参数以及传输相关数据。

1.2 运行参数确定

SBR采用传统的运行方式,包括进水、搅拌、曝气、沉淀、排水和闲置6个工序;每个周期为6 h,包括20 min进水、50 min厌氧、240 min曝气、30 min沉淀、10 min排水和10 min闲置;排水比为50%,后期随时调整沉淀时间以实现AGS的淘洗培养。反

应器接种污泥来自于某再生水厂剩余污泥,初始污泥浓度(MLSS)为 3 500 mg/L。

1.3 分析项目及方法

污泥体积指数(SVI)和 MLSS:标准方法,氨氮:纳氏试剂光度法,硝酸盐氮:酚二磺酸光度法,亚硝酸盐氮:N-(1-萘基)-乙二胺光度法,TN:过硫酸钾氧化紫外分光光度法,TP:钼锑抗分光光度法,COD:重铬酸钾法,污泥形态观察:Olympus BX51 光学显微镜和配套的 Olympus 数码相机。

1.4 DNA 提取与 Illumina MiSeq 高通量测序

DNA 提取方法参照 DNA Kit 试剂盒说明书。将提取得到的 DNA 样品用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测和分光光度法(260 nm/280 nm 光密度比)进行质量检测。检测后,将样品于 -20 °C 下保存以备后续试验使用。DNA 样本送至北京奥维森基因科技有限公司,利用 Illumina MiSeq PE300 高通量测序平台测序。细菌 16S rDNA V3-V4 扩增引物为 338F 和 806R。PCR 反应体系:12.5 μL 2 × Taq PCR MasterMix,3 μL BSA(2 ng/μL),2 Primer(5 μmol/L),2 μL 模板 DNA 和 5.5 μL ddH₂O。反应参数:95 °C 预变性 5 min;95 °C 变性 45 s,55 °C 退火 50 s,72 °C 延伸 45 s,32 个循环;72 °C 延伸 10 min。测序产生的原始数据经过 QIIME 软件过滤、拼接、去除嵌合体,得到有效序列,并对各样品序列进行均一化处理,利用 Usearch 算法划分操作分类单元(OTUs),相似度设置为 97%。对比 Silva 数据库,得到每个 OTU 对应的物种分类信息,之后对所得细菌分类信息进行多样性与群落组成分析。

2 结果与讨论

2.1 污泥形态变化

SBR 中试反应器启动时间为 2016 年 9 月,接种的活性污泥为黄褐色,结构松散且形态不规则,如图 1(a)所示。启动时,沉淀时间设置为 30 min,随后将沉淀时间缩短为 21 min,但由于反应器体积小,排泥管管径较大,致使污泥流失严重,后续运行过程中又产生了泡沫现象,导致污泥的沉淀性能很差,最后系统内的污泥浓度过低。以高倍光学显微镜对污泥形态变化进行观察,结果如图 1(b)所示,在前期筛选过程中同样可以观察到污泥颗粒化现象,最大粒径接近 220 μm。2017 年 3 月重新接种污泥继续培养,同时缩小排泥管管径,在周期时间不变的条件下,仍采取缩短沉淀时间的方式形成选择压力,将沉

降性能差的污泥从反应器中淘洗出去^[10-11]。重新启动时沉淀时间仍为 30 min,随后将沉淀时间缩短至 20 min,在此过程中活性污泥为应对选择压力而发生自凝聚现象,污泥的粒径开始缓慢增大,并在 30 d 后成功培养出粒径在 220 μm 以上的 AGS。此后,继续缩短沉淀时间至 15 min,加强对絮体污泥的淘洗,污泥的颗粒化程度和 AGS 粒径不断增加,并在 180 d 时(2017 年 9 月)颗粒化程度达 95% 以上。培养成功的 AGS 呈球状和椭球状,边界层清晰且颗粒结构密实,见图 1(c~h)。

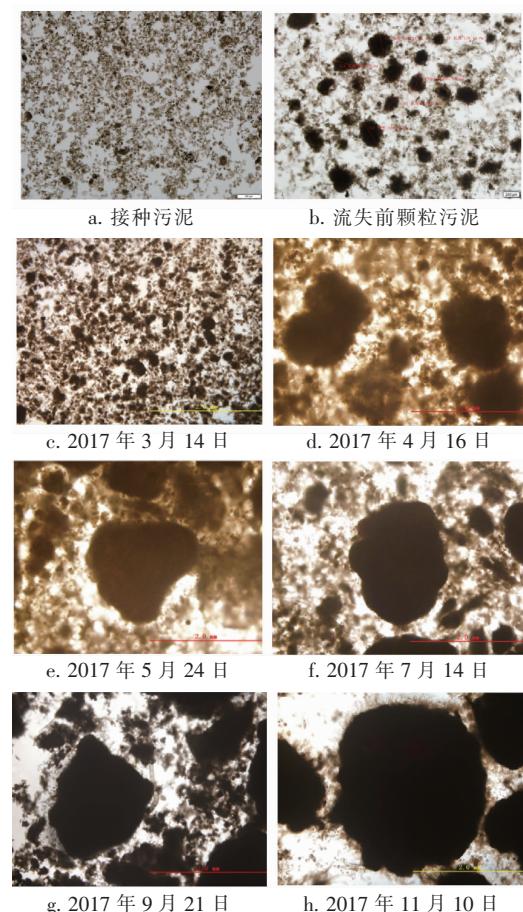


图 1 系统内污泥形态随时间的变化

Fig. 1 Morphology of sludge in the system at different times

本试验接种的是絮状污泥,并在 30 d 后成功培养出 AGS,这比其他研究者利用实际城市污水培养 AGS 的时间要短。涂响等^[9]通过接种厌氧污泥,并利用城市污水培养 AGS,直到 150 d 时才实现污泥的颗粒化,污泥平均粒径达到 275 μm,表明接种絮状污泥较厌氧污泥更容易实现污泥的颗粒化。

2.2 污泥浓度和 SVI 的变化

颗粒化过程中 MLSS 和 SVI 的变化如图 2 所

示。反应器重新启动时接种污泥的 MLSS 为 3 500 mg/L;在运行过程中,采用缩短沉淀时间的方式培养 AGS,在初始阶段,由于缩短了沉降时间,大量沉降性能较差的絮体污泥被淘洗出反应器,致使体系的 MLSS 降至 2 000 mg/L 左右。随着培养的继续进行,污泥逐渐适应新的培养环境,沉降性能不断提高,SVI 值逐渐降低,污泥增殖速率高于沉降时间降低引起的排泥损失,因而整体上 MLSS 呈逐渐增加的趋势^[12]。

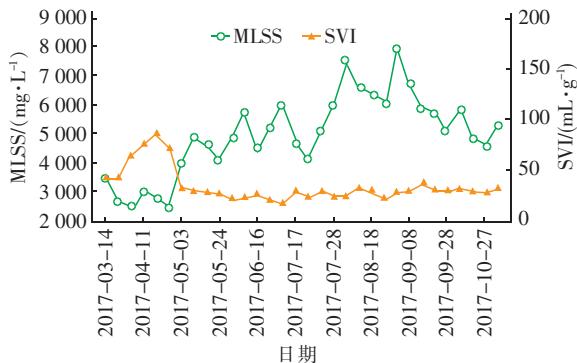


图 2 AGS 培养过程中 MLSS 和 SVI 的变化

Fig. 2 Variation of MLSS and SVI during culture of aerobic granular sludge

为加速污泥的颗粒化进程,继续将沉降时间缩短至 15 min,系统内的絮状污泥和粒径较小的颗粒污泥只有通过自凝聚形成粒径较大、沉降性能更好的颗粒污泥才能在系统中存留下来;在 9 月 MLSS 达到最大值为 8 000 mg/L,SVI 为 26 mL/g,AGS 的占比达 95% 以上。此后,若继续降低沉淀时间,便会打破颗粒污泥增殖速度和排泥速度之间的平衡,致使系统的 MLSS 降低。因此在工程应用时,当 AGS 已经成为系统主体,应综合考虑后续沉淀时间的压缩程度,以保证淘洗出系统内新增殖以及颗粒解体产生的絮体,而又不至于排掉大部分的颗粒。本试验中,接种的絮体污泥 SVI 在 40~60 mL/g 之间,当颗粒成熟后 SVI 稳定在 16~30 mL/g 之间,MLSS 由 3 500 mg/L 增加至 8 000 mg/L,由此可见,成熟的 AGS 具有较好的沉降性能和较高的生物量。

2.3 AGS 对污染物的去除效果

在颗粒培养的前 30 d 内,出水氨氮浓度较高,在 11~31 mg/L 之间,去除率低于 40%,说明反应器内氨氧化微生物的活性较低(见图 3)。出现这种现象一方面是由冬季水温较低,导致氨氧化速率较小;另一方面是由于接种污泥需要一段适应期,并

且由于沉淀时间的缩短,有部分絮状污泥被排出系统,污泥量减少。随着培养的继续进行,氨氮去除率逐渐提高并稳定在 90% 以上,出水氨氮浓度低于 1 mg/L。说明在污泥颗粒化过程中,硝化效果理想。有研究表明,AGS 特殊的球状结构,能够使好氧硝化菌聚集在颗粒表面,水中的氨氮与颗粒污泥接触后被迅速吸附到表面,而后被硝化菌氧化为亚硝酸盐氮和硝酸盐氮^[13~14]。

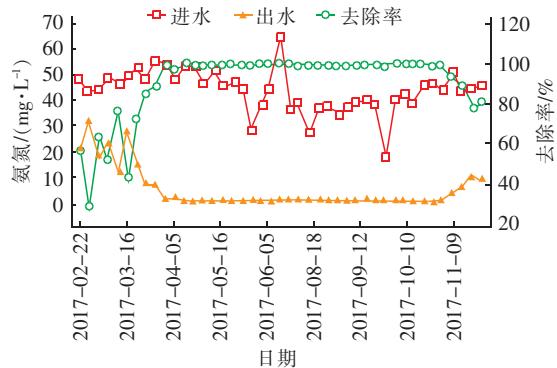


图 3 AGS 培养过程中对氨氮的去除效果

Fig. 3 Removal of ammonia during culture of AGS

在前 30 d 内,亚硝酸盐氮出现略微的积累,但出水仍以硝酸盐氮为主,其浓度在 7~23 mg/L 之间,这说明在培养初期,系统内反硝化效果较差(见图 4)。随着颗粒化的进行,出水硝酸盐氮浓度明显降低(低于 10 mg/L),表明反硝化菌活性逐渐增强,能够将产生的硝酸盐氮还原。

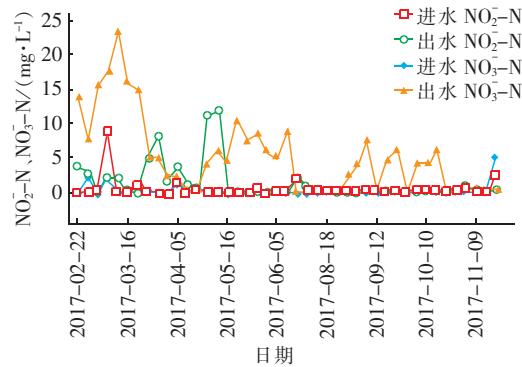


图 4 AGS 培养过程中对 NO_2^- -N 和 NO_3^- -N 的去除效果

Fig. 4 Removal of NO_2^- -N and NO_3^- -N during culture of AGS

对于 TN 而言,反应器经过 3 个月的运行,其出水浓度由启动时的 25.8 mg/L 降至 15 mg/L 以下,随后又降至 10 mg/L 以下(见图 5)。TN 去除率逐步提高(最高时可达 96%),并稳定在 85% 以上。

这些结果说明随着污泥的颗粒化,反应器内的反硝化作用明显加强。AGS 的典型特点是能够实现同步硝化反硝化,其致密的球状结构导致溶解氧传质限制,使溶解氧呈梯度分布,颗粒外部为好氧环境,内部则形成了厌氧和缺氧环境,为实现同步硝化反硝化提供了有利的微观环境。



图 5 AGS 培养过程中对 TN 的去除效果

Fig. 5 Removal of TN during culture of AGS

在 SBR 反应器刚启动时,出水 COD 在 70 mg/L 左右,随着污泥颗粒化,出水 COD 基本维持在 50 mg/L 以下。COD 的去除率明显提高,由启动时的 70% 增加至颗粒化稳定后的 90% 以上。有研究表明,高污泥负荷和良好的有机物去除效果是颗粒污泥系统的显著特征。由于颗粒表面和内部均含有许多孔隙,这些孔隙可作为有机碳源等营养物质的进入通道;同时,高浓度的生物量能够在短时间内快速吸附进水中的 COD,并合成胞内聚合物储存于微生物体内,用于自身代谢和生长繁殖^[15]。对于 TP 而言,在反应器运行过程中,其出水浓度始终保持在 1 mg/L 以下,去除率保持在 87% ~ 99% 之间。以上结果表明,成熟的 AGS 具有较高的脱氮除磷性能。

2.4 AGS 和絮体污泥中微生物群落结构对比分析

选取 SD、SBR30 和 AS 这 3 个样品进行细菌 16S rRNA 基因的 Illumina MiSeq 高通量测序分析,其中 SD 为 SBR30 系统的接种污泥,SBR30 为颗粒化成熟后的样品,AS 为絮体污泥。3 个样品分别得到了 35 010、52 480、62 240 条高质量序列,经均一化处理后为 31 519 条。以 3% 的阈值计算每个样品的 α 多样性(OTUs、Chao1、Shannon、PD_whole_tree 和观察到的物种),由稀缺性曲线图可知(见图 6),3 个样品的稀缺性曲线都达到了平台期,说明测序深度可以覆盖样品的多样性。

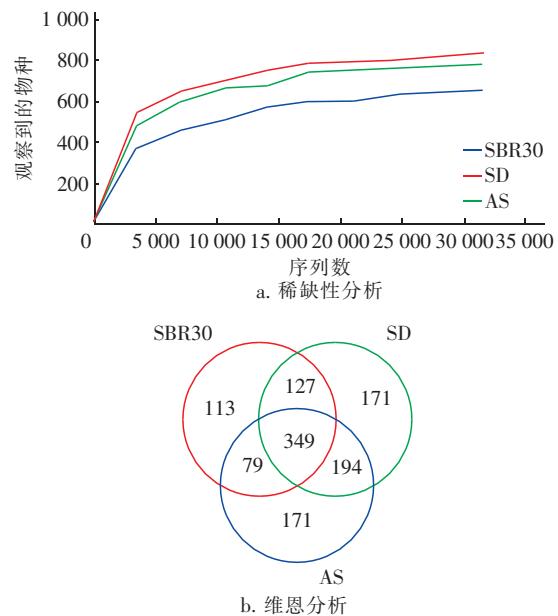


图 6 3 个样品的稀缺性和维恩分析

Fig. 6 Rarefaction curves and Venn analysis of three samples

由 α 多样性指数值可知(见表 1),样品 AS 和 SD 的 Chao1 指数值相近,并且高于 SBR30 的 Chao1 指数值;Shannon 指数也表现出相同的规律,表明 AGS 中细菌的丰富度和多样性低于絮体污泥。这与其他研究者的结果^[7]一致,即随着粒径增长,AGS 中细菌的丰富度和多样性反而下降。

表 1 3 个样品的多样性指数统计

Tab. 1 Diversity index of three samples

项目	观察到的物种	Chao1	Goods coverage	PD_whole_tree	Shannon
AS	783	841.5	1.00	83.08	7.62
SBR30	656	769.8	1.00	68.77	6.77
SD	835	899.5	1.00	89.31	7.96

3 个样品共得到 668 ~ 841 个 OTUs,其中样品 SD 的 OTUs 最高为 841 个,样品 SBR30 的 OTUs 最低为 668 个。如图 6(b)所示,SBR30 与样品 SD 共有的 OTUs 有 127 个,与样品 AS 共有的 OTUs 仅有 79 个;样品 SD 与样品 AS 共有的 OTUs 高达 194 个,说明 AGS 与絮体污泥的多样性差异明显。选取 3 个样品中 TOP20 的 OTUs 进行 Heatmap 分析,结果如图 7 所示。可以看出,OTU_1、OTU_4、OTU_2、OTU_22、OTU_16、OTU_33、OTU_14、OTU_6 以及 OTU_18 在样品 SBR30 中的丰度明显高于样品 SD 和 AS,且 OTU_2 和 OTU_4 为样品 SBR30 的专有 OTUs。OTU_3、OTU_13、OTU_21 和 OTU_8 在样品

SD 和 AS 中的丰度明显高于样品 SBR30。Heatmap 分析同样说明成熟的颗粒污泥与絮体污泥的多样性差异明显。

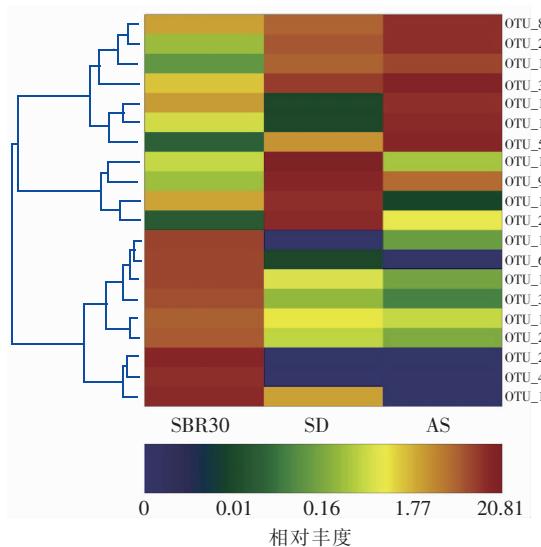


图 7 3 个样品 OTUs ($> 0.05\%$) 分布的 Heatmap 分析

Fig. 7 Heatmap analysis of OTUs ($> 0.05\%$) in three samples

在细菌的门水平,共检测到 38 种门,选择每个样品中 11 种重要的门进行相对丰度的变化分析,并将其余的细菌门归为 others,结果如图 8 所示。在样品 AS 和 SD 中,Proteobacteria 的相对丰度最高,分别为 50.75% 和 42.89%;其次两个样品中相对丰度较高的细菌门为 Bacteroidetes, 分别为 25.46% 和 37.89%,这与 Zhang 等^[16]的研究结果一致,即 Proteobacteria 是絮体活性污泥中最主要的门。而在样品 SBR30 中,相对丰度最高的门为 Bacteroidetes, 其相对丰度为 55.54%;其次是 Proteobacteria, 相对丰度为 37.43%。

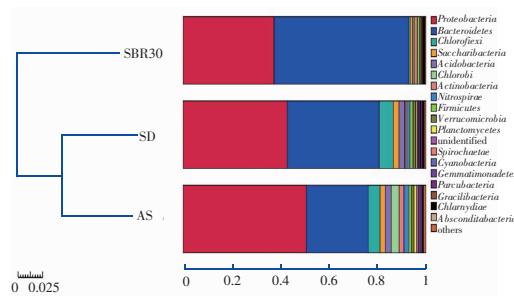


图 8 不同样品中细菌门水平的群落结构分析

Fig. 8 Analysis of bacterial community in different samples at phylum level

此外,在 SBR30 中 Chloroflexi、Saccharibacteria、

Acidobacteria 和 Chlorobi 的相对丰度明显低于样品 AS 和 SD。*Nitrospinae* 在样品 AS 和 SD 中的相对丰度分别为 2.06% 和 1.22%,而在样品 SBR30 中的相对丰度仅为 0.05%,这可能是由于 *Nitrospinae* 的世代周期较长,在 AGS 培养过程中不断缩短沉淀时间,导致 *Nitrospinae* 还未完全增殖就被排出系统。即便在 SBR30 中 *Nitrospinae* 的相对丰度较低,但并未影响系统的硝化效果。

在属水平上,*Flavobacterium* 在样品 AS 和 SD 中的相对丰度分别仅为 0.15% 和 0.38%,在样品 SBR30 中其相对丰度则高达 20.48% (见图 9)。同样,在样品 AS 和 SD 中 *Aquimonas* 的相对丰度极低 (0.03% 和 0.13%),但在样品 SBR30 中,其相对丰度增加至 4%。*Candidatus Accumulibacter* 在样品 AS 中的相对丰度为 1.15%,在样品 SD 中的相对丰度为 0.31%,在样品 SBR30 中的相对丰度为 0.7%,说明随着 AGS 形成,*Candidatus Accumulibacter* 的相对丰度增加,这与高景峰等^[7]的研究结果一致,即 *Candidatus Accumulibacter* 作为一种优势的聚磷菌在 AGS 培养过程中明显增加。此外,也有研究表明^[17],*Candidatus Accumulibacter* 等增长缓慢的微生物有利于形成密实稳定的 AGS。

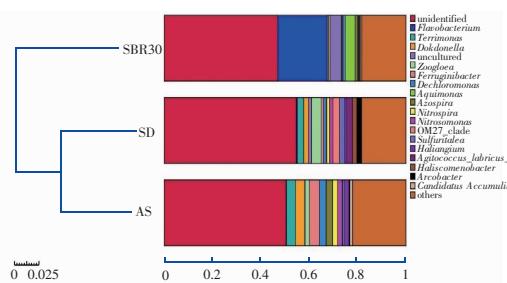


图 9 不同样品中细菌属水平的群落结构分析

Fig. 9 Analysis of bacterial community in different samples at genus level

3 结论

① 在 SBR 中试装置中接种剩余污泥,以实际城市污水为原水,通过调整沉淀时间的方式培养 AGS, 经 30 d 后成功培养出粒径在 220 μm 以上的 AGS, 180 d 后系统内的颗粒化程度达 95% 以上; 成熟的 AGS 边界清晰且结构密实, 沉降性能显著提高, SVI 值稳定在 16~30 mL/g 之间, 系统保留有较高的生物量, MLSS 最高可达 8 000 mg/L。

② 成熟的 AGS 对城市污水的处理效果良好,

出水氨氮 <1 mg/L, 去除率稳定在 90% 以上; 并且随着颗粒化的进行, 反硝化作用明显增强, TN 去除率稳步提高, 最高时可达 96%; 对 COD 的去除率在 90% 左右, TP 去除率保持在 87% ~ 99% 之间。

③ 与絮状污泥相比, 成熟的 AGS 中细菌多样性降低, 细菌群落组成差异明显; *Bacteroidetes* 为好氧颗粒污泥中的优势门, *Proteobacteria* 次之。在 AGS 中, *Flavobacterium*、*Aquimonas* 和 *Candidatus Accumilibacter* 的相对丰度增加, 说明这些菌属可能促进了 AGS 形成。

参考文献:

- [1] 竺建荣, 刘纯新. 好氧颗粒活性污泥的培养及理化特性研究[J]. 环境科学, 1999, 20(2): 39~42.
Zhu Jianrong, Liu Chunxin. Cultivation and physicochemical characteristics of granular activated sludge in alternation of anaerobic/aerobic process [J]. Environmental Science, 1999, 20 (2) : 39 ~ 42 (in Chinese).
- [2] 卢然超, 张晓健, 张悦, 等. SBR 工艺运行条件对好氧污泥颗粒化和除磷效果的影响[J]. 环境科学, 2001, 22(2): 87~90.
Lu Ranchao, Zhang Xiaojian, Zhang Yue, et al. Aerobic sludge granulation and biological phosphorus removal in different operating conditions of SBR[J]. Environmental Science, 2001, 22(2): 87~90 (in Chinese).
- [3] Cassidy D P, Belia E. Nitrogen and phosphorus removal from an abattoir wastewater in a SBR with aerobic granular sludge[J]. Water Res, 2005, 39: 4817~4823.
- [4] 高景峰, 陈冉妮, 苏凯, 等. 好氧颗粒污泥同时脱氮除磷实时控制的研究[J]. 中国环境科学, 2010, 30(2): 180~185.
Gao Jingfeng, Chen Ranni, Su Kai, et al. Real time control of simultaneous nitrogen and phosphorus removal by aerobic granular sludge [J]. China Environmental Science, 2010, 30(2): 180~185 (in Chinese).
- [5] 侯爱月, 李军, 王昌稳, 等. 不同好氧颗粒污泥中微生物群落结构特点[J]. 中国环境科学, 2016, 36(4): 1136~1144.
Hou Aiyue, Li Jun, Wang Changwen, et al. Characteristics of microbial community structure in different aerobic granular sludge[J]. China Environmental Science, 2016, 36(4): 1136~1144 (in Chinese).
- [6] Lü Y, Wan C, Lee D, et al. Microbial communities of aerobic granules: Granulation mechanisms[J]. Bioresour Technol, 2014, 169: 344~351.
- [7] 高景峰, 王时杰, 樊晓燕, 等. 同步脱氮除磷好氧颗粒污泥培养过程微生物群落变化[J]. 环境科学, 2017, 38(11): 4696~4705.
Gao Jingfeng, Wang Shijie, Fan Xiaoyan, et al. Microbial population dynamics during sludge granulation in a simultaneous nitrogen and phosphorus removal system [J]. Environmental Science, 2017, 38 (11) : 4696 ~ 4705 (in Chinese).
- [8] 高永青, 张帅, 张树军, 等. 实际城市污水培养好氧颗粒污泥的中试研究[J]. 中国给水排水, 2017, 33(5): 22~25.
Gao Yongqing, Zhang Shuai, Zhang Shujun, et al. Formation of aerobic granular in pilot-scale SBR for real wastewater treatment [J]. China Water & Wastewater, 2017, 33(5): 22~25 (in Chinese).
- [9] 涂响, 苏本生, 孔云华, 等. 城市污水培养好氧颗粒污泥的中试研究[J]. 环境科学, 2010, 31(9): 2118~2123.
Tu Xiang, Su Bensheng, Kong Yunhua, et al. Cultivation of aerobic granules in a large pilot SBR with domestic sewage[J]. Environmental Science, 2010, 31(9): 2118~2123 (in Chinese).
- [10] Liu Y, Wang Z W, Qin L, et al. Selection pressure-driven aerobic granulation in a sequencing batch reactor [J]. Appl Microbiol Biotechnol, 2005, 67(1): 26~32.
- [11] 王昌稳, 李军, 赵白航, 等. 好氧颗粒污泥的快速培养与污泥特性分析[J]. 中南大学学报: 自然科学版, 2013, 44(6): 2623~2628.
Wang Changwen, Li Jun, Zhao Baihang, et al. Rapid cultivation of aerobic granular sludge and analysis of sludge characteristics [J]. Journal of Central South University: Science and Technology, 2013, 44(6): 2623~2628 (in Chinese).
- [12] 梁梦晓, 倪晋仁. SBR 中好氧颗粒污泥的培养及特性研究[J]. 应用基础与工程科学学报, 2009, 17(4): 502~512.
Liang Mengxiao, Ni Jinren. Cultivation and characteristics of aerobic granular sludge in sequencing batch reactor [J]. Journal of Basics Science and Engineering, 2009, 17 (4) : 502 ~ 512 (in Chinese).
- [13] 王昌稳, 赵白航, 李军, 等. 好氧颗粒污泥吸附氨氮性能[J]. 化工学报, 2014, 65(3): 942~947.

(下转第 14 页)