

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2022.08.004

基于水厂砂滤填料附着物的BAF启动及其硝化性能

陈仁杰, 刘明辉, 丁陈龙, 吴俊康, 荆肇乾
(南京林业大学 土木工程学院, 江苏 南京 210037)

摘要: 对自来水厂砂滤池上层填料附着微生物的三组培养物进行了16S rRNA基因扩增子测序,分析其群落组成和结构差异,随后将三组培养物混合后成功启动了4个曝气生物滤池并分析各装置的硝化性能。结果表明:三组培养物仅检测出硝化螺旋菌属、亚硝化螺旋菌属和亚硝化单胞菌属三种硝化菌属;在 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度为0.5 mg/L时,硝化螺旋菌属是唯一的高丰度硝化微生物,由于缺少氨氧化细菌的存在,推测该硝化螺旋菌属可能存在完全氨氧化菌。4个曝气生物滤池装置成功启动后,在水力停留时间为2 d的条件下,滤池对 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 均有较高的去除率(>98%)。以石英砂为填料的装置在连续进水的初期 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 浓度显著降低,由于进水未添加有机物且溶解氧充足,推测装置在此期间发生了好氧条件下的自养反硝化。以活性炭为填料的装置在连续进水后,不仅 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除率高,而且还对 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 有较高的去除率(>99%),推测活性炭吸附-生物降解-再吸附是该滤池脱氮的主要作用机制。

关键词: 自来水厂; 硝化; 完全氨氧化; 曝气生物滤池

中图分类号: TU991 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2022)08-0025-06

Startup of Biological Aerated Filter Seeded with Attached Microbes from Sand Filter in a Waterworks and Its Nitrification Performance

CHEN Ren-jie, LIU Ming-hui, DING Chen-long, WU Jun-kang, JING Zhao-qian
(College of Civil Engineering, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China)

Abstract: Three groups of microbial cultures attached to the upper filler of a sand filter in a waterworks were sequenced by 16S rRNA gene amplicon sequencing to analyze their microbial community and structural differences. Then, the three groups of cultures were mixed for startup of four biological aerated filters, and the nitrification performance of each bio-filter was analyzed. Only three genera were detected in the three groups of cultures: *Nitrospira*, *Nitrosospira*, and *Nitrosomonas*. When the initial $\text{NH}_4^+\text{-N}$ was 0.5 mg/L, *Nitrospira* was the only nitrifying bacterium with high relative abundance. Due to the lack of ammonia oxidizing bacteria, it was speculated that there may be complete ammonia oxidizing bacteria in the *Nitrospira*. After the successful startup of the four biological aerated filters, the $\text{NH}_4^+\text{-N}$ removal efficiencies of the filters were all higher than 98% when the hydraulic retention time was 2 days. The $\text{NO}_3^-\text{-N}$ decreased significantly at the initial stage of continuous feeding in the sand filter. Since no organic matter was added into the influent and dissolved oxygen was sufficient, it was speculated that autotrophic denitrification took place under aerobic conditions during this period. In addition, the

基金项目: 江苏省自然科学基金资助项目(BK20200778); 江苏省高校自然科学基金资助项目(20KJB560035)

通信作者: 吴俊康 E-mail: wjkang@njfu.edu.cn

activated carbon filter not only had a high $\text{NH}_4^+\text{-N}$ removal efficiency, but also had a $\text{NO}_3^-\text{-N}$ removal efficiency of more than 99% after continuous feeding. It is speculated that activated carbon adsorption-biodegradation-readsorption is the main mechanism of nitrogen removal in this filter.

Key words: waterworks; nitrification; complete ammonia oxidation; biological aerated filter

硝化是地球氮循环中的关键步骤^[1],分为两个连续的过程,该过程通常被认为是由不同微生物协同完成:如氨氧化细菌(ammonia oxidizing bacteria, AOB)和/或氨氧化古细菌(ammonia oxidizing archaea, AOA)^[2]和亚硝酸盐氧化细菌(nitrite oxidizing bacteria, NOB)^[3]。2015年发现硝化螺旋菌属(*Nitrospira*)中存在完全氧化氨氮的功能菌,即能够在一个生物体内完成将氨氮($\text{NH}_4^+\text{-N}$)氧化成硝酸盐($\text{NO}_3^-\text{-N}$)的全过程^[4-5],该菌被命名为完全氨氧化(complete ammonia oxidizing, Comammox)细菌,也称全程氨氧化菌。

我国《生活饮用水卫生标准》(GB 5749—2006)中 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的浓度限值为0.5 mg/L,饮用水中残余的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 可能源于原水中未被硝化的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 或在处理后的水中与氯一起形成的氯胺^[6],这将影响饮用水安全和居民身体健康。

饮用水处理设施和输配系统中,除AOB和AOA外,*Nitrospira*是主要的亚硝酸盐氧化菌属^[7-8]。近年来在饮用水净水和输配水系统也发现了Comammox *Nitrospira*^[9-13]。此外,已发现在饮用水快速砂滤池(rapid sand filter, RSF)中*Nitrospira*丰度显著高于其他硝化细菌,这表明RSF中Comammox *Nitrospira*的数量可能超过AOB和NOB^[14]。因此,本研究尝试以饮用水厂砂滤填料表面附着物为接种微生物,在不同浓度的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 条件下进行培养,研究砂滤池中菌群的硝化性能,同时利用16S rRNA基因扩增子测序分析群落的组成和结构差异;并通过接种该微生物富集培养物启动曝气生物滤池(BAF),为饮用水处理中氨氮预处理或深度去除提供必要的理论支持和技术支撑。

1 材料与方法

1.1 培养方法和取样

使用500 mL的Fisherbrand蓝盖瓶作为培养器,采用间歇培养方式。设置A、B、C三组培养器, NH_4Cl 浓度(以N计)分别为0.5、2、5 mg/L,在反应器中注入300 mL无菌培养液(见表1)^[15]。最初,取某

水厂砂滤池上层填料,用磷酸盐缓冲溶液(phosphate buffer saline, PBS)与填料混合振荡使得生物膜脱离,用高速冷冻离心机将混合溶液在4℃、9 300 r/min下离心,随后将提取的生物附着物接种到反应器中。通过加入1 mol/L NaHCO_3 缓冲液调节反应器内pH,将pH保持在7.3±0.1。将反应器放置于全温培养箱中培养,温度控制在15℃,转速保持在135 r/min。培养约60 d后,采集生物样品进行16S rRNA基因扩增子测序,用于微生物群落分析。

表1 培养液组分

Tab.1 Culture medium components

培养液		微量元素溶液		钨酸硒溶液	
物质名称	添加量	物质名称	添加量	物质名称	添加量
超纯水/L	1	超纯水/L	1	超纯水/L	1
$\text{KH}_2\text{PO}_4/\text{g}$	0.05	HCl/mL	2.5	NaOH/g	0.4
KCl/g	0.075	$\text{MnSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}/\text{g}$	0.048	$\text{Na}_2\text{SeO}_3 \cdot 5\text{H}_2\text{O}/\text{mg}$	6.0
$\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}/\text{g}$	0.05	$\text{H}_3\text{BO}_3/\text{g}$	0.05	$\text{Na}_2\text{WO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}/\text{mg}$	8.0
NaCl/g	0.584	ZnCl_2/g	0.07		
CaCO_3/g	4	$\text{Na}_2\text{MoO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}/\text{g}$	0.073		
微量元素溶液/mL	1	$\text{CuCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}/\text{g}$	0.02		
钨酸硒溶液/mL	0.5	$\text{NiCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}/\text{g}$	0.024		
		$\text{CoCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}/\text{g}$	0.08		
		$\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}/\text{g}$	1.0		

1.2 DNA提取

收集用于DNA提取的生物物质,使用FastPrepDNA提取试剂盒(QBIOGENE, USA)提取DNA,后用1%琼脂糖凝胶电泳在NanoDrop 2000 (ThermoFisher Scientific, USA)上用分光光度法检测DNA浓度和纯度。

1.3 16S rRNA基因扩增子测序与数据分析

使用通用引物338F和806R扩增16S rRNA基因的V3 - V4可变区。PCR产物经纯化后使用Illumina MiSeq PE300平台进行高通量测序。使

用 Qiime (1.9.1 版) 对扩增子序列进行质量过滤。用 Uparse 软件 (version 7.1 版, <http://drive5.com/uparse/>) 对相似度水平在 97% 以上的操作单元 (Operational Taxonomic Units, OTU) 进行聚类, 并用 UCHIME 识别和去除嵌合序列。采用 Silva (Release132, <http://www.arb-silva.de>) 16S rRNA 基因数据库对每个 16S rRNA 基因序列进行匹配分类。

1.4 曝气生物滤池的启动和取样法

将 A、B、C 三组培养物混合后平均加入曝气生物滤池 (见图 1)。BAF 进水由纯水+ NH_4Cl 配制。滤池直径 6 cm, 过滤层有效高度 50 cm, 过滤层有效容积 0.6 L, 水流下进上出。构建了 4 个 BAF, 分别标号 A1、A2、B1、B2, 其中 A1、B1 装置滤料采用直径 1 mm 的石英砂, A2、B2 装置滤料采用直径 2 mm 的活性炭; A1、A2 装置进水氨氮浓度为 0.5~1 mg/L, B1、B2 装置进水氨氮浓度为 2~2.5 mg/L。

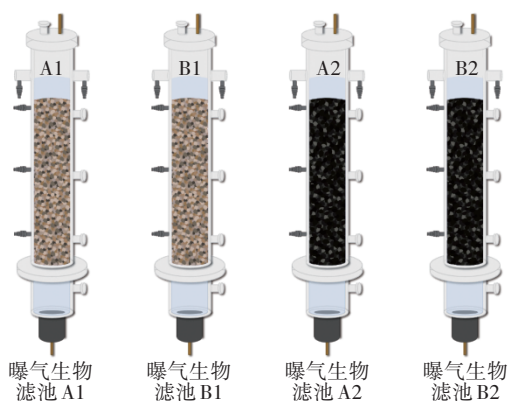


图1 曝气生物滤池装置示意

Fig.1 Schematic diagram of biological aerated filter

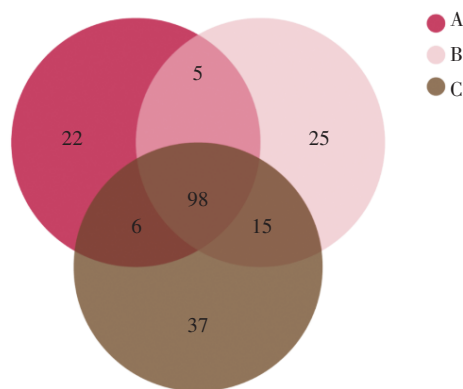
曝气生物滤池启动分为两个阶段: 第 I 阶段, 仅在初始添加一次 NH_4^+-N 进行序批式培养; 第 II 阶段, 在第 I 阶段 NH_4^+-N 完全转化后连续进水, 水力停留时间为 2 d。在装置启动期间, 不定期收集培养液水样品, 用无菌注射过滤器 (0.22 μm 孔径) 过滤水样后, 测量 NH_4^+-N (水杨酸-次氯酸钠分光光度法)^[16]、 NO_2^--N 和 NO_3^--N (Griess 试剂法)^[17] 的浓度。

2 结果与分析

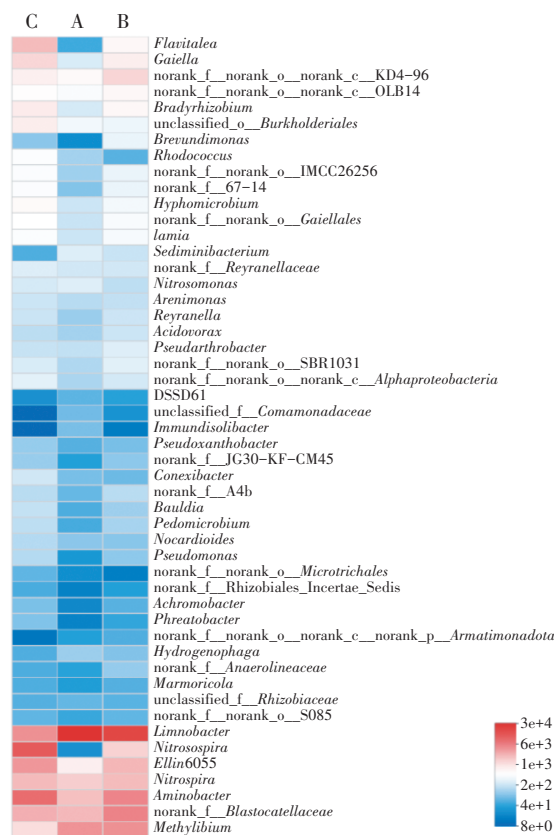
2.1 培养物 16S rRNA 基因扩增子测序结果

提取三组培养物生物物质进行 16S rRNA 基因扩增子测序, 高通量测序结果见图 2。使用 R 语言工具统计并做出三组样品的 Venn 图 [见图 2(a)], 展示出三组样本中所共有和独有的微生物属水平的数目和属的组成相似性及重叠情况。在属水平上, 三

组样本分别有 131、143 和 156 个属, 其中有 98 个属为三组样品共同拥有。三组样品的菌落在属水平上的热图见图 2(b), 以颜色梯度来表现三组样品物种组成表中的数据大小, 呈现群落属水平上的物种组成及物种的丰度信息。其中 *Limnobacter*、*Aminobacter*、*Nitrosospira*、*norank_f__Blastocatellaceae*、*Methylibium*、*Ellin6055*、*Nitrospira*、*Flavitalea* 是样品属水平上相对丰度前八的菌属 (占比>75%)。



a. 微生物群落 Venn 图



b. 微生物群落热图

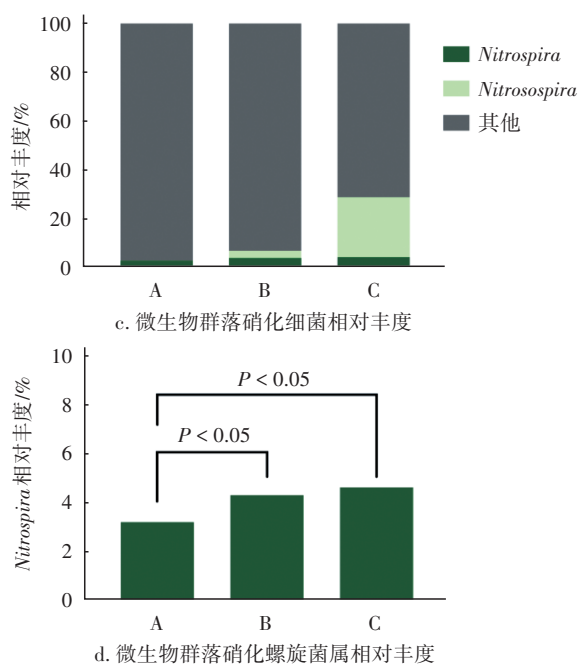


图2 三组样品的高通量测序可视化结果

Fig.2 High-throughput sequencing visualization of three microbial samples

三组样本的Shannon(反映群落多样性)、Simpson(反映群落多样性)、Ace(反映群落丰富度)和Chao(反映群落丰富度)的统计学分析指数见表2。A、B、C三组样品随着环境 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度的升高,其Shannon指数在升高,Simpson指数在下降,同时Ace和Chao指数都在升高,上述结果显示:总体上随着环境 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度的升高,微生物群落的多样性和丰富度提高,这表明将来可利用较低浓度 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 以富集某种硝化细菌。

表2 菌群丰富度和多样性指数

Tab.2 Microbial community richness and diversity index

氨氮浓度/ ($\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$)	Shannon	Simpson	Ace	Chao
0.5	1.667 5	0.442 1	148.587 4	150.461 5
2	2.527 5	0.178 3	162.195 6	168.090 9
5	2.828 7	0.111 7	178.976 9	179.625 0

如图2(c)所示,三组样品中仅存在三种硝化菌属,分别为*Nitrospira*、*Nitrosospira*和*Nitrosomonas*(因*Nitrosomonas*丰度低于0.5%,故在图中无法显示),其中*Nitrospira*和*Nitrosospira*显示出较高丰度。其中在 $0.5\text{ mgNH}_4^+\text{-N/L}$ 下培养的A组群落仅存在*Nitrospira*,由于反应器中 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 完全硝化成 $\text{NO}_3^-\text{-N}$,

但群落中并没有其他典型的AOB的存在,且硝化过程中存在 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 短暂累积的特殊硝化特性,上述现象和结果说明群落中唯一的硝化菌属*Nitrospira*可能存在较高丰度的Comammox *Nitrospira*。随着环境 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度的升高,B、C组群落中发现了典型的AOB——*Nitrosospira*,且*Nitrosospira*的丰度与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度呈正相关。此外,在 $2\text{ mgNH}_4^+\text{-N/L}$ 的环境中,*Nitrosospira*的丰度仍小于*Nitrospira*的丰度,但在 $5\text{ mgNH}_4^+\text{-N/L}$ 的环境中,*Nitrosospira*的丰度远大于*Nitrospira*的丰度。对不同 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度下的*Nitrospira*丰度进行差异分析[见图2(d)],结果显示A与B和A与C产生了显著差异,这可能是由于不同的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度所导致。

有研究在工程系统生物膜中发现了Comammox *Nitrospira*,该生物膜满足了长污泥停留时间(SRT)和低底物浓度的生长条件^[4-5, 18]。本研究中,三组反应器满足了长SRT和低底物浓度的生长条件。由于Comammox *Nitrospira*在硝化螺旋菌属*Nitrospira* II系中没有形成一个独特的进化支系,因此无法通过基于16S rRNA基因扩增子测序的方法单独检测区分Comammox *Nitrospira*和典型的*Nitrospira* NOB^[4-5, 19]。比较基因组分析显示,适合检测Comammox的特异基因数量较少^[20]。系统发育分析表明,Comammox *Nitrospira*拥有一种新型的amoA(氨单加氧酶AMO的A亚单位),不同于已知的AOB和AOA的amoA形式^[5, 21],故可以利用针对amoA基因的特异性引物做荧光原位杂交^[22](Fluorescence in Situ Hybridization, FISH)、定量聚合酶链式反应^[18](quantitative polymerase chain reaction, qPCR)、宏基因组测序^[18, 22](metagenomics sequencing)等研究来确定三组样本中检测出的*Nitrospira*中Comammox *Nitrospira*的丰度,并进一步揭示其氮代谢作用途径及与*Nitrosospira*的交互作用机制。

2.2 启动装置的硝化性能

曝气生物滤池启动硝化性能见图3,可见,第I阶段(即序批式培养阶段)采用石英砂作为填料的A1、B1反应器都经历较长时间的氨氮降解过程,1 mg/L和2 mg/L氨氮浓度条件下,完全降解所需时间分别为14 d和10 d,其间并未检测到 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 的累积。与此不同的是,采用活性炭作为填料的A2、B2反应器都快速完成氨氮的硝化(<4 d),并检测到了 $\text{NO}_3^-\text{-N}$,证实确实存在生物氧化作用。

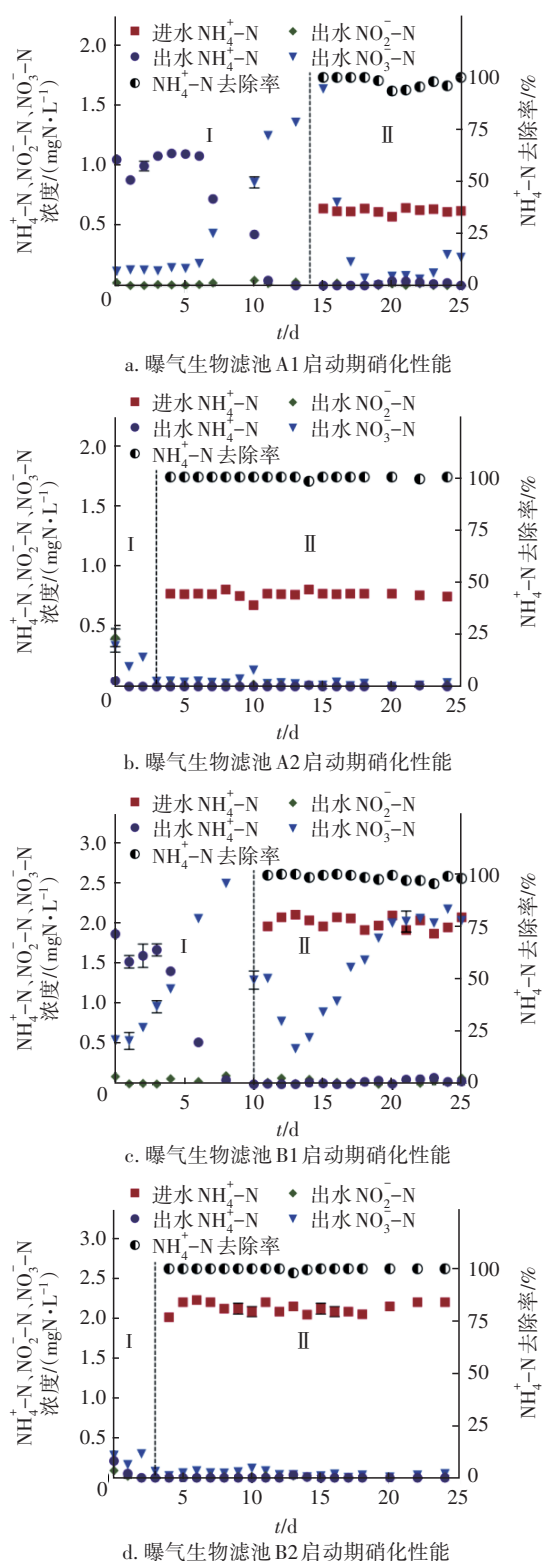


图3 曝气生物滤池启动硝化性能

Fig.3 Nitrification performances of BAF

第 II 阶段连续进水期间,4 个装置都表现出较高的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除率(>98%)。与第 I 阶段不同的是, A1、B1 在进水初期都发生了 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 的降低, 这

暗示反应器可能发生了同步硝化反硝化, 由于反应器持续曝气, 故推测启动初期可能存在好氧反硝化。随着反应的进行, A1 装置出水中 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 浓度保持在 0.3 mg/L 以下并维持稳定; 而 B1 装置出水中 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 浓度逐步上升, 随后 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 浓度与进水 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度大致相同, 反应器逐步稳定。A2 和 B2 反应器中不仅 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除率高, $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 去除率也较高(>99%), 推测硝化产生的 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 被活性炭吸附, 因此活性炭滤池反应器中吸附-生物降解-再吸附过程可能是其脱氮的主要作用机制。

3 结论

研究了水厂砂滤填料附着微生物培养物的菌群组成和群落结构变化, 并成功启动了 4 个曝气生物滤池, 研究结果能够为饮用水处理系统中氨氮的生物预处理或深度去除及相应反应器的启动提供必要的理论支持和技术支撑。主要结论包括:

① 经过不同氨氮浓度培养 60 d 后, 16S rRNA 基因扩增子测序表明, 三组培养物中仅检测出 *Nitrospira*、*Nitrosospira* 和 *Nitrosomonas* 三种硝化菌属, 培养物群落的多样性和丰富度随着 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度的升高而提高, 在较高 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度下, 发现了较高丰度的 *Nitrosospira*, *Nitrosospira* 竞争超过 *Nitrospira*, 这可能是高 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度所致。

② 在 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度为 0.5 mg/L 时, *Nitrospira* 是唯一的高丰度硝化微生物, 由于反应器中 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 完全硝化成 $\text{NO}_3^-\text{-N}$, 反应器中培养物独特的硝化性能可能是来自 *Comammox Nitrospira*。

③ 成功启动了 4 个 BAF 装置, 在水力停留时间为 2 d 的条件下, 对 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 都有较高的去除率(>98%)。以活性炭为填料的装置在连续进水后, 不仅 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除率高, $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 去除率也较高(>99%)。

参考文献:

- [1] KUYPERS M M M, MARCHANT H K, KARTAL B. The microbial nitrogen-cycling network [J]. Nature Reviews Microbiology, 2018, 16(5):263-276.
- [2] KÖNNEKE M, BERNHARD A E, DE LA TORRE J R, et al. Isolation of an autotrophic ammonia-oxidizing marine archaeon[J]. Nature, 2005, 437:543-546.
- [3] TESKE A, ALM E, REGAN J M, et al. Evolutionary relationships among ammonia- and nitrite-oxidizing bacteria [J]. Journal of Bacteriology, 1994, 176(21):

- 6623–6630.
- [4] VAN KESSEL M A H J, SPETH D R, ALBERTSEN M, *et al.* Complete nitrification by a single microorganism [J]. *Nature*, 2015, 528: 555–559.
- [5] DAIMS H, LEBEDEVA E V, PJEVAC P, *et al.* Complete nitrification by *Nitrospira* bacteria [J]. *Nature*, 2015, 528: 504–509.
- [6] VAN DER WIELEN P W J J, VOOST S, VAN DER KOOIJ D. Ammonia-oxidizing bacteria and archaea in groundwater treatment and drinking water distribution systems [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(14): 4687–4695.
- [7] GÜLAY A, MUSOVIC S, ALBRECHTSEN H-J, *et al.* Ecological patterns, diversity and core taxa of microbial communities in groundwater-fed rapid gravity filters [J]. *The ISME Journal*, 2016, 10: 2209–2222.
- [8] WANG H, PROCTOR C R, EDWARDS M A, *et al.* Microbial community response to chlorine conversion in a chloraminated drinking water distribution system [J]. *Environmental Science and Technology*, 2014, 48(18): 10624–10633.
- [9] PINTO A J, MARCUS D N, IJAZ U Z, *et al.* Metagenomic evidence for the presence of comammox *Nitrospira*-like bacteria in a drinking water system [J]. *mSphere*, 2015, 1(1): e00054–15.
- [10] PJEVAC P, SCHAUBERGER C, POGHOSYAN L, *et al.* AmoA-targeted polymerase chain reaction primers for the specific detection and quantification of Comammox *Nitrospira* in the environment [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8: 1508.
- [11] WANG Y, MA L, MAO Y, *et al.* Comammox in drinking water systems [J]. *Water Research*, 2017, 116: 332–341.
- [12] POGHOSYAN L, KOCH H, FRANK J, *et al.* Metagenomic profiling of ammonia- and methane-oxidizing microorganisms in two sequential rapid sand filters [J]. *Water Research*, 2020, 185: 116288.
- [13] 史国帅, 白莉, 周立光. 完全氨氧化菌及其硝化作用的研究进展 [J]. *吉林建筑大学学报*, 2018, 35(5): 57–63.
- SHI Guoshuai, BAI Li, ZHOU Liguang. Research advances of complete ammonia oxidizers and its nitrification [J]. *Journal of Jilin Jianzhu University*, 2018, 35(5): 57–63 (in Chinese).
- [14] PALOMO A, FOWLER S J, GÜLAY A, *et al.* Metagenomic analysis of rapid gravity sand filter microbial communities suggests novel physiology of *Nitrospira* spp [J]. *The ISME Journal*, 2016, 10: 2569–2581.
- [15] KITS K D, JUNG M-Y, VIERHEILIG J, *et al.* Low yield and abiotic origin of N₂O formed by the complete nitrifier *Nitrospira inopinata* [J]. *Nature Communications*, 2019, 10: 1836.
- [16] BOWER C E, HOLM-HANSEN T. A salicylate-hypochlorite method for determining ammonia in seawater [J]. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 1980, 37: 794–798.
- [17] GARCÍA-ROBLEDO E, CORZO A, PAPASPYROU S. A fast and direct spectrophotometric method for the sequential determination of nitrate and nitrite at low concentrations in small volumes [J]. *Marine Chemistry*, 2014, 162: 30–36.
- [18] LI J Y, HUA Z S, LIU T, *et al.* Selective enrichment and metagenomic analysis of three novel comammox *Nitrospira* in a urine-fed membrane bioreactor [J]. *ISME Communications*, 2021. DOI: 10.1038/s43705-021-00005-3.
- [19] KITS K D, SEDLACEK C J, LEBEDEVA E V, *et al.* Kinetic analysis of a complete nitrifier reveals an oligotrophic lifestyle [J]. *Nature*, 2017, 549: 269–272.
- [20] PALOMO A, PEDERSEN A G, FOWLER S J, *et al.* Comparative genomics sheds light on niche differentiation and the evolutionary history of comammox *Nitrospira* [J]. *The ISME Journal*, 2018, 12: 1779–1793.
- [21] 徐建宇, 毛艳萍. 从典型硝化细菌到全程氨氧化微生物: 发现及研究进展 [J]. *微生物学通报*, 2019, 46(4): 879–890.
- XU Jianyu, MAO Yanping. From canonical nitrite oxidizing bacteria to complete ammonia oxidizer: discovery and advances [J]. *Microbiology China*, 2019, 46(4): 879–890 (in Chinese).
- [22] SAKOULA D, KOCH H, FRANK J, *et al.* Enrichment and physiological characterization of a novel comammox *Nitrospira* indicates ammonium inhibition of complete nitrification [J]. *The ISME Journal*, 2021, 15: 1010–1024.

作者简介: 陈仁杰(1996–), 男, 江苏盐城人, 硕士在读, 主要从事水污染控制技术研究。

E-mail: rjchen@njfu.edu.cn

收稿日期: 2021-11-12

修回日期: 2022-01-25

(编辑: 孔红春)