

试验研究

DOI: 10.19965/j.cnki.iwt.2021-1069

开放科学(资源服务)
标识码(OSID):



基于 A²O-MBR 工艺的耐盐活性污泥微生物群落研究

杨宗政^{1,2,3}, 张天宇¹, 孙 炜², 李文轩¹, 马 建⁴, 武莉娅^{2,3}

(1. 天津科技大学海洋与环境学院, 天津 300457; 2. 天津科技大学化工与材料学院, 天津 300457;

3. 天津市卤水化工与资源生态化利用重点实验室, 天津 300457; 4. 天津津港基础设施养护

运营工程管理有限公司, 天津 300456)

[摘要] 基于厌氧/缺氧/好氧-生物反应器(A²O-MBR)工艺装置,逐步提高进水中的总溶解性固体(TDS)进行耐盐活性污泥的驯化,考察驯化过程中TDS对化学需氧量(COD)、氨氮(NH₄⁺-N)、总氮(TN)处理效果的影响。通过高通量测序技术分析膜池活性污泥耐盐驯化过程中微生物群落结构的变化。结果表明,随着TDS的增加,活性污泥微生物群落的丰富度和多样性降低。在污泥驯化初期,*Arenimonas*(砂单胞菌属)、*Thiobacillus*(硫杆菌属)为优势菌属,出水水质波动明显。当TDS为4 000 mg/L时,*Hydrogenophaga*(噬氢菌属)的相对丰度最高,有利于氮污染物的去除,出水中各类污染物的浓度显著降低。在TDS为7 000 mg/L的条件下,原优势菌属被*Dechloromonas*(脱氯菌属)、*Thauera*(陶氏菌属)和*Rheinheimera*(莱茵海默氏菌属)等耐盐优势菌属取代,驯化后的活性污泥在高TDS条件下仍具有较强的脱氮能力及降解COD的能力,装置出水COD、NH₄⁺-N、TN均可满足《污水综合排放标准》(DB 12/356—2018)的要求。

[关键词] 含盐废水;污泥驯化;微生物群落

[中图分类号] X703 **[文献标识码]** A **[文章编号]** 1005-829X(2022)08-0060-07

Study on microbial community of salt-tolerant activated sludge based on A²O-MBR process

YANG Zongzheng^{1,2,3}, ZHANG Tianyu¹, SUN Wei², LI Wenxuan¹, MA Jian⁴, WU Liya^{2,3}

(1. College of Marine and Environmental Sciences, Tianjin University of Science & Technology, Tianjin 300457, China;

2. College of Chemical Engineering and Materials Science, Tianjin University of Science & Technology, Tianjin 300457,

China; 3. Tianjin Key Laboratory of Brine Chemical Engineering and Resource Eco-utilization, Tianjin 300457, China;

4. Tianjin Jingang Infrastructure Maintenance Operation Engineering Management Co., Ltd., Tianjin 300456, China)

Abstract: Based on anaerobic/anoxic/aerobic-bioreactor(A²O-MBR) process, the total dissolved solids(TDS) in influent was gradually increased for salt-tolerant activated sludge acclimation. The effects of TDS on the treatment effects of chemical oxygen demand(COD), ammonia nitrogen (NH₄⁺-N) and total nitrogen (TN) during acclimation were investigated. The changes of microbial community structure during the salt-tolerant acclimation of activated sludge in membrane tank were analyzed by high-throughput sequencing technology. The results showed that abundance and diversity of microbial community in activated sludge decreased with the increase of TDS. In the initial stage of sludge acclimation, *Arenimonas* (*Sandomonas* spp.) and *Thiobacillus* (*Thiobacillus* spp.) were the dominant genera, and the effluent quality fluctuated significantly. When TDS was 4 000 mg/L, the relative abundance of *Hydrogenophaga* (*Hydrogenophaga* spp.) was the highest, which was beneficial to the removal of nitrogen pollutants, and the concentration of various pollutants in effluent were significantly reduced. Under the condition of TDS 7 000 mg/L, the original dominant genera were replaced by salt-tolerant dominant genera such as *Dechloromonas*, *Thauera* and *Rheinheimera*. The acclimated activated sludge still had strong denitrification and COD degradation

[基金项目] 天津市科技计划项目(20YDTPJC01820);天津港科技计划项目(2020-199)

ability under high TDS conditions, and COD, NH₄⁺-N and TN in the effluent could meet the requirements of Integrated Wastewater Discharge Standard (DB 12/356—2018).

Key words: saline wastewater; sludge acclimation; microbial community

渔业、食品加工、纺织、皮革和石油等行业产生的废水含有一定量的总溶解性固体(TDS)^[1],其中TDS质量分数<1%的废水被称为含盐废水^[2]。含盐废水的水量占全球废水总量的5%左右^[3],如未经处理直接排放,可能导致地表水、地下水及土壤受到污染^[4]。因此,开发高效稳定的含盐废水处理工艺成为研究重点。

生物法是处理含盐废水最常用的方法^[5]。上流式厌氧污泥床反应器(UASB)、膜生物反应器(MBR)、序批式反应器(SBR)、活性污泥法(ASP)、人工湿地(CWs)等基于微生物附着和悬浮生长的生物处理工艺,可用于含盐废水的处理^[6-7]。但在处理过程中,高TDS会抑制活性污泥微生物的生长,进而影响污水处理效率^[8]。因此,基于稳定的污水处理反应器,通过TDS梯度驯化提高活性污泥对含盐环境的适应能力,是实现含盐废水生化处理的重要前提^[9]。据报道,采用逐步提高系统盐浓度的方式进行污泥耐盐驯化,驯化后的污泥可很好地降解含盐废水中的有机物^[10-11]。

近年来,高通量测序技术被广泛用于微生物群落分析^[12],特别是含盐废水处理过程中活性污泥微生物的种群变化^[13-15]。但现有研究大多只涉及盐度对微生物群落结构的影响,耐盐活性污泥驯化的相关研究较少,且在提升盐度的同时没有考虑出水是否达标。因此,在出水能够稳定达标的耐盐工艺基础上,分析活性污泥的微生物群落结构变化,对于优化污水处理工艺有重要的指导意义。笔者采用实验室规模的A²O-MBR反应装置,研究了进水TDS从2 000 mg/L逐步增至7 000 mg/L的过程中活性污泥系统连续处理废水的性能,以及微生物群落结构的变化,以出水COD、NH₄⁺-N、TN达标作为阶段驯化的要求,进行耐盐活性污泥的驯化。基于高通量测序的方法,阐述了活性污泥耐盐驯化过程中微生物的演替过程及优势菌种丰度的变化。

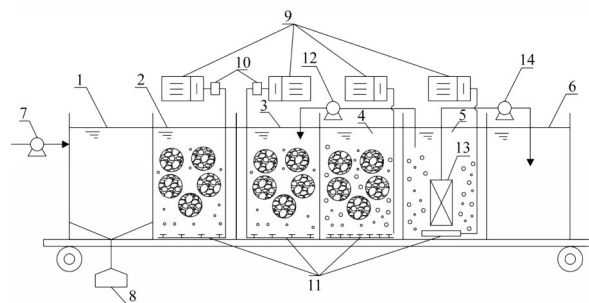
1 实验部分

1.1 实验材料及装置

实验接种污泥取自天津市某污水处理厂厌氧池、缺氧池、好氧池,污泥质量浓度为3 200 mg/L。实验用水为模拟含盐废水,组分包括:281.4 mg/L 葡

萄糖、25 mg/L MgSO₄·7H₂O、0.1 mg/L FeCl₃·6H₂O、95.5 mg/L NH₄Cl、13.2 mg/L KH₂PO₄、0.1 mg/L Co(NO₃)₂·6H₂O、0.1 mg/L Na₂MoO₄·6H₂O、0.1 mg/L CuSO₄·5H₂O、0.1 mg/L MnSO₄·5H₂O、0.1 mg/L ZnSO₄·7H₂O、2 000~7 000 mg/L NaCl。废水COD、TN、TP分别为243~325、22.5~27.6、2.5~3.5 mg/L。

实验采用A²O-MBR组合工艺装置连续运行,如图1所示。



1—沉淀池;2—厌氧反应池;3—缺氧反应池;4—好氧反应池;5—MBR反应池;6—储水池;7—进水泵;8—储泥装置;9—气泵;10—时间继电器;11—曝气装置;12—污泥回流泵;13—中空纤维膜;14—抽吸泵

图1 实验装置

Fig. 1 Schematic diagram of experimental device

实验装置由聚氯乙烯(PVC)制成,有效容积为132 L。装置内部由隔板分为5部分,包括沉淀池(12 L)、厌氧池(27 L)、缺氧池(27 L)、好氧池(37 L)、膜池(29 L)。除沉淀池外各反应池均配置曝气系统,其中厌氧池、缺氧池用时间继电器控制曝气系统的启停时间以实现间歇曝气。控制厌氧池溶解氧(DO)在0.2 mg/L以内,缺氧池DO在0.2~0.5 mg/L,好氧池、膜池持续曝气,保持池内DO在3~5 mg/L。膜池采用中空纤维膜(天津膜天膜科技股份有限公司)进行过滤,膜面积为0.25 m²、孔径为0.22 μm、膜通量为10~20 L/(m²·h)。原水进入厌氧池为聚磷菌的释磷过程提供有机碳源,厌氧池混合液通过溢流依次进入缺氧池、好氧池和膜池,膜池底部污泥通过回流泵回流至厌氧池,膜依靠负压间歇出水。

系统水力停留时间(HRT)为32 h,硝化液回流比控制在250%,采用逐步增加TDS的方式进行耐盐活性污泥的驯化。驯化过程共3个阶段(TDS分别为2 000、

4 500、7 000 mg/L),以出水 COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TN 达标且稳定作为每个阶段的驯化终点,考察 TDS 对装置出水水质及活性污泥微生物群落结构的影响。

1.2 实验方法

实验过程分 3 个阶段,各阶段 TDS 依次为 2 000、4 500、7 000 mg/L;整个过程持续运行 38 d,平均各阶段持续 12~13 d。取各阶段末期的活性污泥样品,命名为 H0、H1、H2、Q2(H 代表膜池样品,Q 代表缺氧池样品,样品 TDS 依次为 2 000、4 500、7 000、7 000 mg/L),样品采集至无菌离心管后迅速置于 $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 冰箱中保藏。

1.3 DNA 提取/QC

用 DNA 提取试剂盒从样品中提取 DNA,用 Equalbit dsDNA HS Assay Kit 检测 DNA 浓度。

1.4 PCR 扩增及高通量测序

以 20~30 ng DNA 为模板,用金唯智设计的一系列 PCR 引物扩增原核生物 16S rDNA 上包括 V3 及 V4 的 2 个高度可变区。再通过 PCR 向 16S rDNA 的 PCR 产物末端加上带有 Index 的接头,以便进行 NGS 测序,用磁珠进行文库纯化后通过酶标仪检测浓度、琼脂糖凝胶电泳检测片段大小,用酶标仪检测文库浓度。将文库定量到 10 nmol/L,按 Illumina MiSeq/Novaseq (Illumina, San Diego, CA, USA) 仪器使用说明书进行 PE250/FE300 双端测序,由 MiSeq/Novaseq 自带的 MiSeq Control Software (MCS)/Novaseq Control Software (NCS) 读取序列信息。

1.5 数据分析

双端测序得到的正反向 reads 首先进行两两拼接,过滤拼接结果中含有 N 的序列,保留序列长度 > 200 bp 的序列。经过质量过滤,去除嵌合体序列,最终得到的序列用于 OTU 聚类。使用 VSEARCH (1.9.6) 进行序列聚类(序列相似性设为 97%),比对的 16S rRNA 参考数据库为 Silva 138。用 RDP classifier (Ribosomal Database Program) 贝叶斯算法对 OTU 的代表性序列进行物种分类学分析,并在不同物种分类水平下统计每个样本的群落组成。

基于 OTU 得到分析结果,采用对样本序列进行随机抽平的方法,分别计算 Shannon、Chao1 等 α 多样性指数以反映群落的物种丰度和多样性,作 Rarefaction 曲线和 Rank-Abundance 曲线图反映物种丰富度和均匀度。

通过 (un)weighted unifracs 分析比较样本间是否有

显著的微生物群落差异。PCoA 为展示 β 多样性可视化图,基于 Brury-Curtis 样本间距离矩阵。通过层次聚类中的非加权组平均法构建 UPGMA 聚类树。

1.6 常规检测项目

COD 采用重铬酸钾法测定; $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 采用纳氏试剂分光光度法测定;TN 采用碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法测定;污泥形态采用扫描电镜 (JSM-IT300LV) 在 5 000 倍下进行观察。

2 TDS 对活性污泥系统的影响

2.1 TDS 对活性污泥系统出水水质的影响

耐盐驯化期间装置的进出水水质见图 2。

由图 2 可知,随着进水 TDS 的增加,出水 TN、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、COD 均逐渐升高,去除率下降。进水 TDS 为 2 000 mg/L 时,出水 COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TN 升高,但微生物较易适应低浓度的 TDS 环境,因此出水很快恢复至达标水平;在进水 TDS 升至 4 500 mg/L 的初始驯化阶段,出水 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 与 COD 不断升高且持续 8 d 处于恶化状态,说明微生物难以快速适应此时的环境,8 d 后出水 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、COD 恢复至正常状态。由图 2(c) 可见出水 TN 居高不下,有研究指出亚硝酸盐氧化菌相较于氨氧化菌对盐度更加敏感^[16],使得反硝化脱氮过程滞后于硝化过程,出水 TN 达标晚于 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 与 COD。当进水 TDS 升至 7 000 mg/L 时,出水水质虽有一定程度的波动,但在驯化阶段末期,出水 TN、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、COD 相比前 2 个阶段明显降低,这可能是由于适当提升进水 TDS 后,盐离子胁迫刺激生物机制的应激反应,提高了系统内微生物的耐受程度,优化了装置的运行效果^[17]。

2.2 TDS 对活性污泥形态的影响

驯化期间膜池活性污泥的微观结构如图 3 所示。

由图 3 可见,培养初期污泥颗粒结构松散,颗粒表面空隙较大,难以达到良好的出水效果。但经过不断的驯化培养及 TDS 的提升,污泥最终由胞外聚合物紧紧黏结在一起,结构紧凑,装置出水各指标均维持在较低的数值水平。

3 细菌多样性分析

按照 97% 相似性对 unique 序列(重复次数 > 1)进行 OTU 聚类,在聚类过程中进一步去除嵌合体序列,得到 OTU 的代表序列,通过聚类得到 2 068 个 OTUs。为直观展示活性污泥耐盐性驯化过程中细

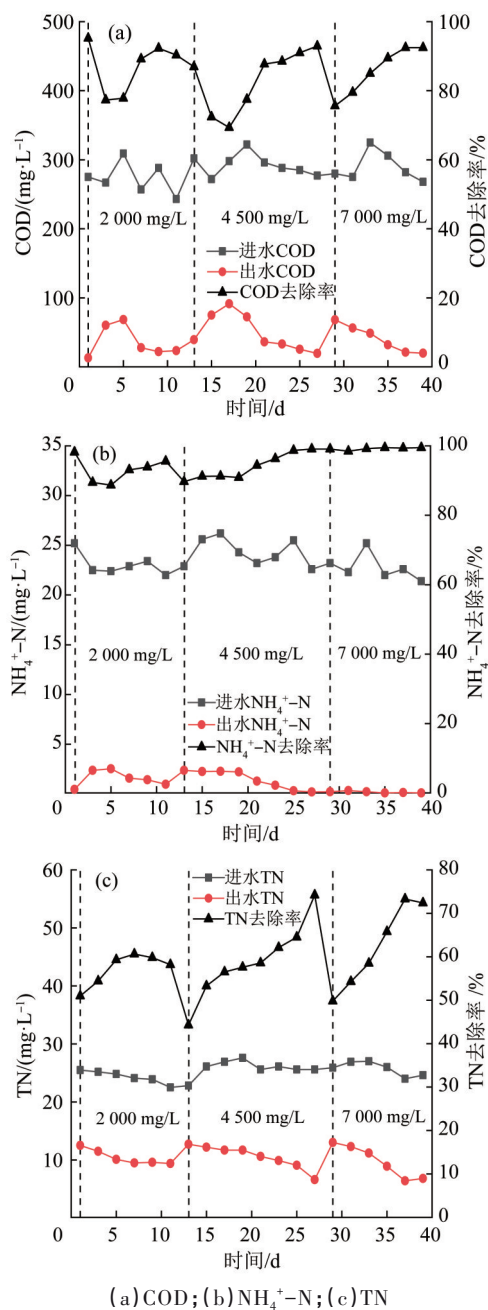


图2 耐盐驯化期间装置出水水质变化情况

Fig. 2 Changes of effluent quality during salt acclimation

菌 OTU 的变化与联系,对 4 个活性污泥样品作相似性 Venn 分析,结果见图 4。

由图 4 可见,4 个样品间共有 OTU 为 227 个,表明 4 个菌群有一定的结构相似性,其中 H0 与 H1 的重叠程度较高,而 H0 与 H2 的重叠程度较低,表明 TDS 提升初期活性污泥中的微生物群落结构变化并不明显,但当 TDS 提升至一定程度时,污泥中的微生物群落结构发生明显的变化;H2 与 Q2 同样有着较高的重叠度,这

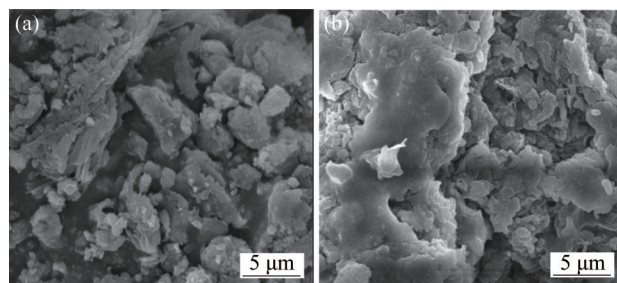


图3 膜池活性污泥的微观结构

Fig. 3 Microstructure of activated sludge in MBR tank

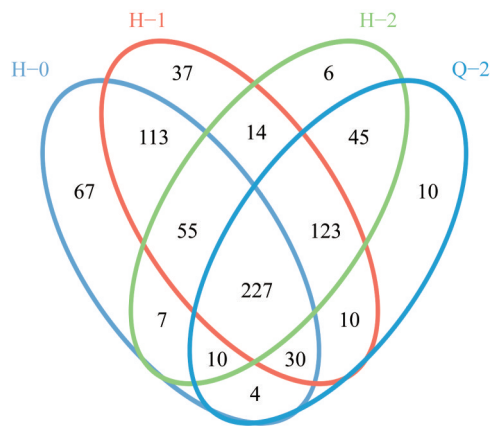


图4 Venn 图

Fig. 4 Venn diagram

可能是由于在活性污泥回流系统的作用下,Q2 中混入部分 H2,导致两者具有一定相似性。

初始活性污泥中的特有 OTU 共 67 个,当 TDS 提升至 4 500 mg/L 后特有 OTU 降至 37 个,当 TDS 进一步提升至 7 000 mg/L 后,特有 OTU 仅为 6 个,相同 TDS 下缺氧池污泥样品 Q2 的特有 OTU 也仅为 10 个,说明提升 TDS 对微生物菌群多样性的影响显著。对每个 OTU 选择一条代表性序列,用 RDP classifier 对代表性序列进行物种分类注释,从而得到每个样本的群落组成,最终共注释得到 31 个门、265 个属和 218 个种水平的细菌。

为分析单个样品内部微生物群落中的物种多样性,测定了 4 个活性污泥样品的多样性指数,包括 Ace 指数(估计群落中 OTU 数目的指数)、Chao1 指数(评估物种丰度)、Shannon 指数和 Simpson 指数(反映样本中微生物多样性),结果见表 1。

由表 1 可以看出,与其他 3 个样品相比,H1 的物种丰富度和多样性最为突出,可能是因为适当提升盐度比低盐条件更利于微生物的繁殖,这与颜培等^[18]的研究结果相似;而 H2 与 Q2 的各项指数偏低,也说明高 TDS

表1 Alpha多样性指数统计

Table 1 Alpha diversity index statistics

样品	OTUs	Ace 指数	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	覆盖率
H0	513	552.455	547.528	5.793	0.931	0.998
H1	609	634.108	629.082	6.87	0.969	0.999
H2	487	539.914	531.531	6.161	0.967	0.998
Q2	459	508.265	508.915	6.304	0.97	0.998

条件对微生物生长状态的抑制作用较为明显。

对样本进行PCoA分析,结果如图5所示。

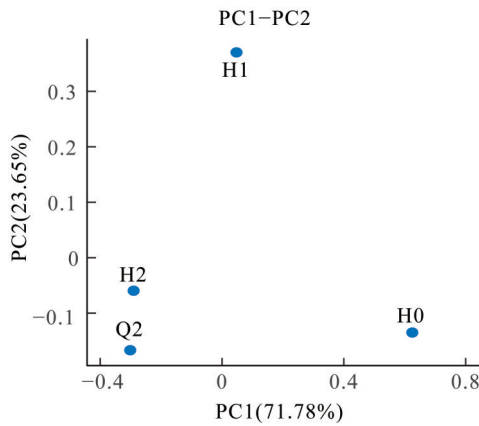


图5 PCoA图

Fig. 5 PCoA diagram

由图5可知,4个污泥样品之间是离散的,表明各组之间微生物群落结构不同。样本点之间的距离表示各个样本的相似性及差异性,H2与Q2样品在PC2影响因素上距离相近,可能是由于在活性污泥回流系统的作用下Q2中混入部分H2,导致两者具有一定相似性;在两类影响因素上与H0和H1距离较远,说明随着TDS的提高微生物群落结构发生显著变化。

4 微生物群落结构的差异性分析

4.1 门水平微生物群落结构的差异性分析

门水平下物种相对丰度如图6所示。

由图6可知,活性污泥中主要细菌门类共有5种,分别为Proteobacteria(变形菌门)、Bacteroidota(拟杆菌门)、Firmicutes(厚壁菌门)、Bdellovibrionota(蛭弧菌门)、Nitrospirae(硝化螺旋菌门),其中Proteobacteria和Bacteroidota为各样品中的主要优势菌门。Proteobacteria占比最大,为63.21%~75.98%,这与张兰河等^[19]的研究发现相似,Jinchi YAO等^[20]还发现在高盐环境下Proteobacteria和Bacteroidota对

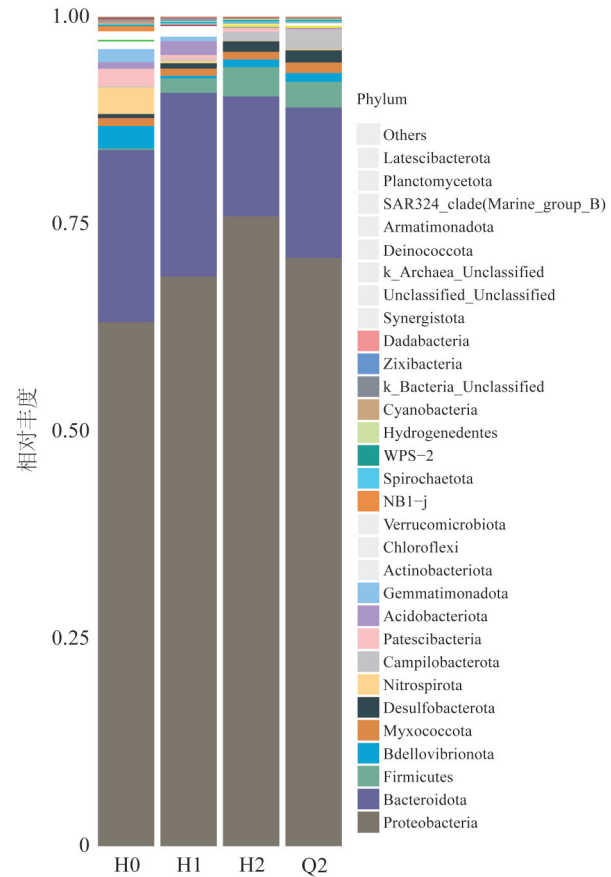


图6 门水平下物种相对丰度

Fig. 6 Relative abundance of species at phylum level

反硝化及COD降解起到重要作用;而次优势菌门中Nitrospirae占比为3.05%~3.26%,Tongdou ZHU等^[21]发现其在硝化作用中起关键作用,保证了活性污泥系统的硝化能力;其他2个次优势菌门中,Firmicutes大多可产生芽孢,能够抵抗脱水和极端环境^[22],Bdellovibrionota中的BeT/BeTs基因可从海水或猎物细菌细胞中引入甜菜碱,抵抗高TDS环境^[23],两者的物种丰度分别可达1.75%~3.51%和1.08%~2.71%,能够促进高盐环境下活性污泥系统对污染物的去除。

随着TDS的提升,Proteobacteria、Bacteroidota的相对丰度变化差异较小,始终占据优势菌门的地位,而次优势菌门Nitrospirae、Firmicutes(厚壁菌门)与Bdellovibrionota的相对丰度有所提高,保证了高TDS环境下A²/O-MBR工艺良好的降解有机物能力与脱氮能力。

4.2 属水平微生物群落结构的差异性分析

属水平下物种相对丰度如图7所示。

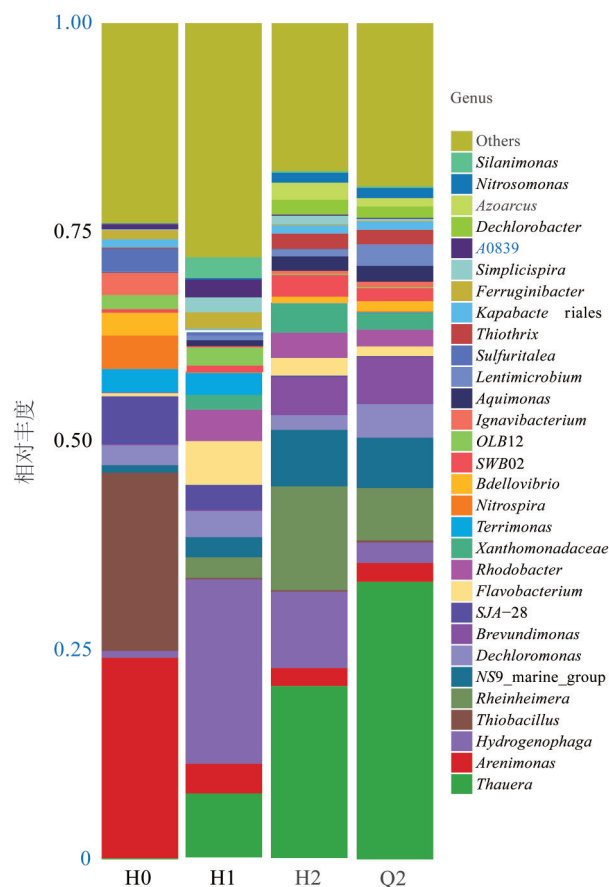


图7 属水平下物种相对丰度

Fig.7 Species relative abundance at genus level

由图7可见,H0中 *Arenimonas*(砂单胞菌属)作为需氧细菌菌属,可以降解各种糖和氨基酸^[24],有个别菌株含有反硝化作用的关键酶^[25],*Thiobacillus*(硫杆菌属)能够进行自养反硝化作用^[26],这2种优势菌属在初期可以保证整个活性污泥系统的脱氮能力及降解污染物的能力。当TDS提升至4 000 mg/L时,2种菌属的生长受到抑制,*Hydrogenophaga*(噬氢菌属)占据绝对优势,相对丰度最高达到15.6%,在此驯化阶段出水TN持续降低,可能是由于*Hydrogenophaga*参与了同步硝化-反硝化过程^[27]。当TDS为7 000 mg/L时,原优势菌属逐渐被 *Thauera*(陶氏菌属)和 *Rheinheimera*(莱茵海默氏菌属)取代,*Thauera*物种丰度由0.12%快速增加至12.08%,*Rheinheimera*物种丰度由1.28%增加至7.23%。*Thauera*可降解的污染物广泛,有利于污水中污染物的去除^[28],且有研究发现*Thauera*与*Rheinheimera*在高盐环境下仍可保持良好的脱氮及降低COD的能力^[29-30]。缺氧池作为整个工艺的核心脱氮反应段,其对应样品Q2中的*Thauera*相对丰度占比最高(21.03%),

这也是污泥驯化末期装置出水达标的主要原因。具有脱氯能力的次优势菌属 *Dechloromonas*(脱氯菌属)在氯离子不断提高的情况下,相对丰度由1.03%增加至2.54%,促进了系统的硝化能力,*NS9_marine_group*菌属因其较高的抗逆性^[31],相对丰度由0.73%增至3.97%。次优势菌属的演替再次验证了最后阶段的良好出水水质状态;在整个耐盐活性污泥驯化及高盐废水处理过程中,系统功能菌种类丰度增加,处理能力得以增强。

5 结论

(1)耐盐活性污泥驯化期间微生物群落多样性与装置处理废水的性能变化显著。TDS为2 000 mg/L时A²O-MBR装置运行效果良好,出水各项指标波动较小;随着进水TDS提升至4 500 mg/L,活性污泥的反硝化作用和COD降解能力大幅削弱,装置出水COD、TN居高不下,但Venn图、Alpha多样性指数、PCoA分析显示此阶段末期微生物群落的丰富度与多样性有所提高,装置出水最终可恢复正常;当进水TDS提升至7 000 mg/L后,微生物群落多样性显著降低,出水水质出现大范围波动,但系统内的微生物受盐离子胁迫刺激对盐耐受程度提高,装置的运行效果有所提升,最终各阶段出水的TN、NH₄⁺-N、COD均优于《污水综合排放标准》(DB 12/356—2018)要求。

(2)在耐盐活性污泥驯化期间,初始优势菌属 *Arenimonas*(砂单胞菌属)与 *Thiobacillus*(硫杆菌属)的优势地位逐渐被 *Dechloromonas*(脱氯菌属)、*Thauera*(陶氏菌属)与 *Rheinheimera*(莱茵海默氏菌属)等菌属取代,由于三者能够共同完成硝化、反硝化及降解COD过程,保证了高TDS环境下装置对污染物的去除能力和脱氮能力,为含盐废水处理过程中菌群的优化提供了依据。

参考文献

- [1] GRATIERI M, MINTEER S D. Microbial fuel cells in saline and hypersaline environments: Advancements, challenges and future perspectives[J]. Bioelectrochemistry, 2018, 120: 127-137.
- [2] PERNETTI M, PALMA L D. Experimental evaluation of inhibition effects of saline wastewater on activated sludge[J]. Environmental Technology, 2005, 26(6): 695-704.
- [3] LEFEBVRE O, HABOUZIT F, BRU V, et al. Treatment of hypersaline industrial wastewater by a microbial consortium in a sequencing batch reactor[J]. Environmental Technology, 2004, 25(5): 543-553.
- [4] LEFEBVRE O, MOLETTA R. Treatment of organic pollution in in-

- dustrial saline wastewater: A literature review [J]. *Water Research*, 2006, 40(20): 3671-3682.
- [5] XIAO Yeyuan, ROBERTS D J. A review of anaerobic treatment of saline wastewater[J]. *Environmental Technology*, 2010, 31(8/9): 1025-1043.
- [6] LIANG Yinxiu, ZHU Hui, BAÑUELOS G, et al. Constructed wetlands for saline wastewater treatment: A review[J]. *Ecological Engineering*, 2017, 98: 275-285.
- [7] TAN Xu, ACQUAH I, LIU Hanzhe, et al. A critical review on saline wastewater treatment by membrane bioreactor (MBR) from a microbial perspective[J]. *Chemosphere*, 2019, 220: 1150-1162.
- [8] CHEN Lin, HU Qinzhen, ZHANG Xin, et al. Effects of salinity on the biological performance of anaerobic membrane bioreactor[J]. *Journal of Environmental Management*, 2019, 238: 263-273.
- [9] 常丽丽, 魏俊峰. 含盐废水生化处理耐盐污泥驯化的研究[J]. *工业水处理*, 2009, 29(12): 34-37.
- CHANG Lili, WEI Junfeng. Acclimation of salt-tolerant sludge for the biochemical treatment of salt-containing wastewater[J]. *Industrial Water Treatment*, 2009, 29(12): 34-37.
- [10] JOHIR M A H, VIGNESWARAN S, KANDASAMY J, et al. Effect of salt concentration on membrane bioreactor (MBR) performances: Detailed organic characterization [J]. *Desalination*, 2013, 322: 13-20.
- [11] ZHAO Yuanyuan, PARK H D, PARK J H, et al. Effect of different salinity adaptation on the performance and microbial community in a sequencing batch reactor[J]. *Bioresource Technology*, 2016, 216: 808-816.
- [12] YU Bao, LOU Ziyang, ZHANG Dongling, et al. Variations of organic matters and microbial community in thermophilic anaerobic digestion of waste activated sludge with the addition of ferric salts[J]. *Bioresource Technology*, 2015, 179: 291-298.
- [13] JU Feng, LI Bing, MA Liping, et al. Antibiotic resistance genes and human bacterial pathogens: Co-occurrence, removal, and enrichment in municipal sewage sludge digesters [J]. *Water Research*, 2016, 91: 1-10.
- [14] CHEN Yujuan, HE Huijun, LIU Hongyu, et al. Effect of salinity on removal performance and activated sludge characteristics in sequencing batch reactors[J]. *Bioresource Technology*, 2018, 249: 890-899.
- [15] GUADIE A, XIA Siqing, ZHANG Zhiqiang, et al. Effect of intermittent aeration cycle on nutrient removal and microbial community in a fluidized bed reactor-membrane bioreactor combo system[J]. *Bioresource Technology*, 2014, 156: 195-205.
- [16] 王之敏, 杨铭, 王晓慧, 等. 盐度对SBR处理低碳氮比废水脱氮性能的影响[J]. *水处理技术*, 2019, 45(9): 120-125.
- WANG Zhimin, YANG Ming, WANG Xiaohui, et al. Effects of salinity on nitrogen removal performance of SBR for low C/N wastewater treatment[J]. *Technology of Water Treatment*, 2019, 45(9): 120-125.
- [17] 谭潇, 黄靓, 杨平, 等. 盐度对EGSB反应器的运行及厌氧颗粒污泥的影响[J]. *环境科学*, 2017, 38(8): 3422-3428.
- TAN Xiao, HUANG Liang, YANG Ping, et al. Effects of salinity on the operation of EGSB reactors and the anaerobic granular sludge[J]. *Environmental Science*, 2017, 38(8): 3422-3428.
- [18] 颜培, 杜远达, 姜爱霞, 等. 黄河三角洲土壤真菌群落结构及互作网络对盐度的响应[J]. *分子植物育种*, 2021, 19(11): 3818-3828.
- YAN Pei, DU Yuanda, JIANG Aixia, et al. Response of soil fungal community structures and interaction networks to salinity in the Yellow River Delta[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2021, 19(11): 3818-3828.
- [19] 张兰河, 赵倩男, 郑晶, 等. Ca^{2+} 、 Mg^{2+} 共存对SBR工艺生物脱氮和微生物群落结构的影响[J]. *环境科学学报*, 2019, 39(10): 3256-3264.
- ZHANG Lanhe, ZHAO Qiannan, ZHENG Jing, et al. Effect of the coexistence of Ca^{2+} and Mg^{2+} on the biological denitrification and microbial community structure[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2019, 39(10): 3256-3264.
- [20] YAO Jinchu, LI Wei, OU Dong, et al. Performance and granular characteristics of salt-tolerant aerobic granular reactors response to multiple hypersaline wastewater [J]. *Chemosphere*, 2021, 265: 129170.
- [21] ZHU Tongdou, GAO Jingqing, HUANG Zhenzhen, et al. Comparison of performance of two large-scale vertical-flow constructed wetlands treating wastewater treatment plant tail-water: Contaminants removal and associated microbial community[J]. *Journal of Environmental Management*, 2021, 278: 111564.
- [22] DING Xiangwei, WEI Dong, GUO Wenshan, et al. Biological denitrification in an anoxic sequencing batch biofilm reactor: Performance evaluation, nitrous oxide emission and microbial community[J]. *Bioresource Technology*, 2019, 285: 121359.
- [23] LI Qingmei, ZHOU Yingli, WEI Zhanfei, et al. Phylogenomic insights into distribution and adaptation of bdellovibrionota in marine waters[J]. *Microorganisms*, 2021, 9(4): 757.
- [24] CUI He, YANG Yinchuan, DING Yu, et al. A novel pilot-scale tubular bioreactor-enhanced floating treatment wetland for efficient in situ nitrogen removal from urban landscape water: Long-term performance and microbial mechanisms[J]. *Water Environment Research*, 2019, 91(11): 1498-1508.
- [25] ZHANG Zhengwen, HAN Yuxing, XU Chunyan, et al. Effect of low-intensity direct current electric field on microbial nitrate removal in coal pyrolysis wastewater with low COD to nitrogen ratio[J]. *Bioresource Technology*, 2019, 287: 121465.
- [26] LI Liya, FENG Jingwei, ZHANG Liu, et al. Enhanced nitrogen and phosphorus removal by natural pyrite-based constructed wetland with intermittent aeration [J]. *Environmental Science and Pollution Research International*, 2021, 28(48): 69012-69028.

(下转第148页)