



香茅/聚砜缓释碳源 SBR 反应器脱氮效能研究

张克峰¹, 王琪琨¹, 丁万德^{1,2}, 吕东晓¹

(1. 山东建筑大学市政与环境工程学院, 山东济南 250101;

2. 山东水发环境科技有限公司, 山东济宁 272000)

[摘要] 针对低碳氮比废水往往因碳源不足而导致脱氮效果不佳的问题,以香茅/聚砜缓释碳源作为外加碳源,考察用 SBR 反应器对其进行脱氮处理时的最佳 HRT,进水 NO_3^- -N 负荷及不同种类废水对脱氮效果的影响,选用 MiSeq 平台对 SBR 反应器中反应前后的污泥样品进行高通量测序,以确定微生物群落结构的变化。结果表明:当进水为合成废水, NO_3^- -N 负荷维持在 50 mg/L 以下,投加 120 g 缓释碳源时,SBR 反应器的最佳 HRT 为 12 h,此时 NO_3^- -N 去除率维持在 80% 以上,出水 COD 稳定在 50 mg/L 以下,满足《城市污水处理厂污染物排放标准》(GB 18918—2016)排放要求。对于实际废水的处理,在最佳运行条件 HRT 为 12 h、投加 120 g 缓释碳源的情况下, NO_3^- -N 去除率达到 84.1%;由于实际废水含有一定量的碳水化合物、脂肪、蛋白质等有机物,导致出水 COD 略微上升至 60 mg/L。高通量测序结果显示,投加缓释碳源强化了反硝化过程,反硝化菌丰度增加,群落结构更加丰富。

[关键词] 香茅;聚砜;缓释碳源;反硝化

[中图分类号] X703 **[文献标识码]** A **[文章编号]** 1005-829X(2022)12-0128-08

Study on denitrification efficiency of citronella/polysulfone slow-release carbon source in SBR

ZHANG Kefeng¹, WANG Qikun¹, DING Wande^{1,2}, LÜ Dongxiao¹

(1. School of Municipal & Environmental Engineering, Shandong Jianzhu University, Jinan 250101, China;

2. Shandong Shuifa Environmental Technology Co., Ltd., Jining 272000, China)

Abstract: To address the problem that low carbon to nitrogen ratio wastewater often has poor denitrification due to insufficient carbon source, the citronella/polysulfone slow-release carbon source was used as an additional carbon source. The optimal HRT, influences of NO_3^- loading and types of wastewater on the denitrification effect when used in SBR were investigated. The MiSeq platform was used to perform high-throughput sequencing of sludge samples before and after the reaction in SBR to determine the changes in microbial community structure. The results showed that when the influent NO_3^- was maintained below 50 mg/L and 120 g of slow-release carbon source was injected, the optimal HRT of SBR was 12 h. At this time, the NO_3^- removal rate was maintained above 80%, and the effluent COD was below 50 mg/L, which met the discharge standard of Discharge Standard of Pollutants for Municipal Wastewater Treatment Plant (GB 18918—2016). For the treatment of actual wastewater, the NO_3^- removal rate reached 84.1% under the optimal operation condition of HRT of 12 h and the injection of 120 g of slow-release carbon source. The actual wastewater contained a certain amount of organic matter such as carbohydrates, fats and proteins, resulting in a slight increase in effluent COD to 60 mg/L. The high-throughput sequencing results showed that the injection of the slow-release carbon source enhanced the denitrification process, and the abundance of denitrifying bacteria increased and the community structure enriched.

Key words: citronella; polysulfone; slow-release carbon source; denitrification

近年来国家对水环境问题的关注度越来越高,出水标准更加严格,特别是总氮(TN),按照生态环

境部颁布的《城市污水处理厂污染物排放标准》(GB 18918—2016),出水总氮应低于 15 mg/L。而我国常

规污水处理厂多数选用生物脱氮的方式,且排水中的TN主要由硝酸盐组成,易导致富营养化^[1],特别在碳氮比较低的情况下^[2],异养反硝化菌的反硝化过程受到影响,最终脱氮效果不理想^[3]。

外加碳源成为解决低碳氮比反硝化过程的理想方式。传统上投加的碳源如甲醇、乙醇、乙酸等虽然供碳效果较好,但存在成本高、操作要求严格及缓释性能差等缺点,还容易造成二次污染。相比之下固体缓释碳源具有更出色的经济性能和可持续效能^[3]。因此提高硝酸盐去除效果的关键转为制备释放量、释放时间长、填料性能好、反硝化效果好的固体缓释碳源^[4]。其中复合缓释碳源以高分子聚合材料为基本骨架,包裹天然植物材料,不仅大大提升了碳源整体的结构强度,同时结合了两材料的优势,适于新的需求。

笔者以香茅为碳源材料,以聚砜(PS)为载体,利用相转化法制备了香茅/PS缓释碳源,通过SBR反硝化探究了香茅/PS缓释碳源作为外加碳源时的最佳HRT,然后探究不同进水NO₃⁻-N负荷对反硝化过程的影响,以及废水种类对反硝化脱氮的影响;通过高通量测序呈现了SBR反应器的微生物丰度及群落结构,为复合缓释碳源的开发提供了一种可行性方案。

1 实验部分

1.1 仪器与试剂

仪器:HCA-102标准COD消解器,江苏泰州市华晨仪器有限公司;UV754N紫外分光光度计、FA2004N电子分析天平,上海精密科学仪器有限公司;pHS-3E型pH计,梅特勒-托利多(上海)有限公司;HH-WO恒温水浴锅,上海绪航科学仪器有限公司;THZ-82恒温振荡培养箱,江苏金怡仪器科技有限公司。

试剂:硝酸钾、碘化钾、无水硫酸镁、二甲基乙酰

胺、七水硫酸亚铁、氢氧化钠、氯化铵、硫酸银、酒石酸钾钠、高锰酸钾、磷酸二氢钾、碘化汞、硫酸亚铁铵、硫酸、磷酸、聚乙二醇,均为分析纯。

1.2 实验方法

1.2.1 实验装置

SBR实验装置如图1所示。反应器为圆柱形钢化玻璃材质,内径为140 mm,高度为380 mm,有效容积为5 L,设有4个取样口、1个排泥口和1个溢流口。反应器内设有机械搅拌装置,可保证反应过程中污泥与废水充分接触;此外设有曝气装置及控制装置,确保在无人状态下完成SBR反应器的整个工艺流程。

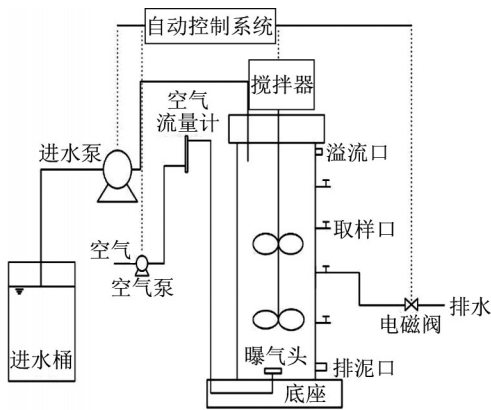


图1 SBR反应器
Fig. 1 SBR

1.2.2 原水水质

实验用水包括合成废水及实际废水。合成废水以桶装纯水为原水,按硝酸钾0.36 g/L、磷酸二氢钾0.044 g/L、无水硫酸镁0.1 g/L、氯化钙0.02 g/L、硫酸锰0.001 2 g/L、七水硫酸亚铁0.014 g/L的比例配制,并调节pH至7.5左右;实际废水取自山东建筑大学中水站二沉池。合成废水与实际废水水质见表1。

表1 合成废水与实际废水水质

Table 1 Water quality of synthetic wastewater and actual wastewater

项目	COD/(mg·L ⁻¹)	NO ₃ ⁻ -N/(mg·L ⁻¹)	NO ₂ ⁻ -N/(mg·L ⁻¹)	NH ₄ ⁺ -N/(mg·L ⁻¹)	TP/(mg·L ⁻¹)	pH
合成废水	0	29.3~30.5	0	0	9.92~10.13	7.42~7.86
实际废水	39.4~50.6	21.9~28.1	0.038~0.17	2.36~4.61	3.56~5.72	7.55~8.28

1.2.3 香茅/PS缓释碳源的制备

香茅材料的表面结构对微生物附着增殖有重要意义,良好的表面粗糙度有利于微生物的生长增殖^[5]。且随着粗糙度的增加,微生物的生长增殖进

一步得到促进,最终提高脱氮效率^[6]。为此,有必要对香茅材料进行预处理以增大其表面粗糙度。

将香茅清洗后置于烘箱中,在60℃下烘至恒重,剪成4~5 cm的小段,在水浴恒温加热至90℃的

4% NaOH 溶液中改性 1 h。改性后的香茅段需反复清洗,直至洗出液清澈透明无色,再置于烘箱中,60 °C 下干燥处理,至质量不变。使用粉碎机对香茅段粉碎 5 min,再过 0.600 mm(30 目)筛网,将香茅粉末取出备用。

准确称量一定量的凹凸棒土、二甲基乙酰胺(DMAC)、聚乙二醇和聚砜(PS)并置于 250 mL 锥形瓶中,用橡胶塞塞紧瓶口,在恒温振荡水浴锅中持续振荡 1 d,其间保持水温 85 °C。将香茅粉末置于其中搅拌均匀,将瓶内混合物倒入模具中,压实后将模具放置在纯水中浸泡 1 h。浸泡完成后分离模具,取碳源置于纯水中继续浸泡,每 24 h 换水 1 次,共计 4 d,之后置于烘箱中,60 °C 下烘干备用。

1.2.4 实验流程

实验所用污泥取自济南光大水务一厂二沉池,但需在进水 NO_3^- -N 维持在 50 mg/L 时进行驯化。SBR 反应器每天运行两个周期,每次持续 12 h:进水→好氧曝气(0.5 h)→缺氧搅拌(10 h)→静置沉淀(1 h)→排水与静置(进水和排水静置合计 0.5 h),其间维持水温在 20 °C, pH 保持在 6.5~8.0,溶解氧(DO)稳定在 2.5~3.0 mg/L。污泥驯化 1 个月后,4 个 SBR 反应器中污泥的 MLSS 维持在 4.8~5.9 g/L。对污泥进行反复冲洗后,称取 120 g 香茅/PS 缓释碳源作为外加碳源投加至 SBR 反应器,开展后续实验。

后续实验分别固定进水 NO_3^- -N 浓度以探究最佳 HRT,固定香茅/PS 缓释碳源质量及 HRT 以探究适宜的进水硝酸盐浓度,并对比了对实际废水与合成废水的脱氮性能,考察香茅/PS 缓释碳源的最佳应用条件及实际应用潜能。检测各 SBR 反应器中的 NO_3^- -N 去除率及出水 NH_4^+ -N、 NO_2^- -N、COD,对反硝化污泥样品进行高通量测序。

1.2.5 分析方法

NO_3^- -N、 NH_4^+ -N、 NO_2^- -N 等参照《水和废水监测分析方法》进行检测,COD 采用重铬酸钾法检测,pH 用 pH 计检测。提取 SBR 反应器中实验前后的污泥样品送样检测,用 MiSeq 平台进行高通量测序,确定微生物群落结构与物种丰度。

2 结果与分析

2.1 运行条件对 SBR 反硝化脱氮的影响

2.1.1 HRT 对 SBR 反硝化脱氮的影响分析

选用 4 个 SBR 反应器进行同步实验,除 HRT 分

别控制在 6、8、12、16 h 外,其余条件均保持一致,进水采用合成废水, NO_3^- -N 负荷维持在 50 mg/L 左右,待 SBR 反应器运行至稳定状态后,检测各反应器出水情况,确定最佳 HRT 时间,结果见图 2。

由图 2 可见,随着 HRT 的增加,SBR 反应器中 NO_3^- -N 去除率明显升高,出水 NO_2^- -N 有明显下降趋势, NH_4^+ -N 及 COD 则有所上升。

图 2(a)中,HRT 由 6 h 到 8 h 再到 12 h 的过程中, NO_3^- -N 去除率显著提升,平均去除率从仅 23.5% 提升到 50%,再提升到 80% 左右;但 HRT 从 12 h 增至 16 h 的过程中, NO_3^- -N 去除率变化不明显。HRT 为 6 h 时,较短的 HRT 使得反硝化细菌无法与 NO_3^- -N 充分接触,同时香茅/PS 缓释碳源属于缓慢释放的碳源,短时间内无法释放出足量电子供体与 NO_3^- -N 结合,因此反硝化进行得并不彻底。当 HRT 超过 12 h,之后 4 h 对 NO_3^- -N 去除率未产生明显影响,但总体趋势更加稳定。

图 2(b)中,HRT 为 6、8、12 h 时,其平均出水 NH_4^+ -N 均在小范围内波动,分别保持在 0.916、1.36、1.46 mg/L,但 HRT 为 16 h 时,其出水 NH_4^+ -N 明显增长,平均 NH_4^+ -N 在 2.45 mg/L,这可能是因为碳源的过量释放使水中碳氮比达到阈值,促进了 NO_3^- -N 异化还原为 NH_4^+ -N(DNRA)反应的发生^[7-8]。

图 2(c)中,HRT 维持在 6、8 h 时 NO_2^- -N 波动较大,平均分别为 0.716、0.507 mg/L;HRT 为 12、16 h 时, NO_2^- -N 保持平稳,平均分别为 0.127、0.097 mg/L。这是因为随着 HRT 的延长,缓释碳源已释放出足够电子,与反硝化细菌充分接触, NO_2^- -N 作为中间产物原则上均参与到反硝化反应中,且反硝化极为彻底,这与汪宏等^[9]的研究结果一致。

由图 2(d)可见,出水 COD 与 NO_3^- -N 的变化相似,当 HRT 为 12、16 h 时,平均出水 COD 可达到 60.8、69.6 mg/L,HRT 为 12 h 时出水 COD 更低。

综合考虑出水情况,认为对于外加香茅/PS 缓释碳源的 SBR 反应器,最佳水力停留时间为 12 h。

2.1.2 进水 NO_3^- -N 负荷对 SBR 反硝化脱氮的影响

选用 4 个 SBR 反应器进行同步实验,控制硝酸钾的量调节进水 NO_3^- -N 负荷,使其分别维持在 30、50、70、90 mg/L,其余条件保持一致,香茅/PS 缓释碳源均为 120 g,HRT 均为 12 h,探究合适的进水 NO_3^- -N 负荷,结果见图 3。

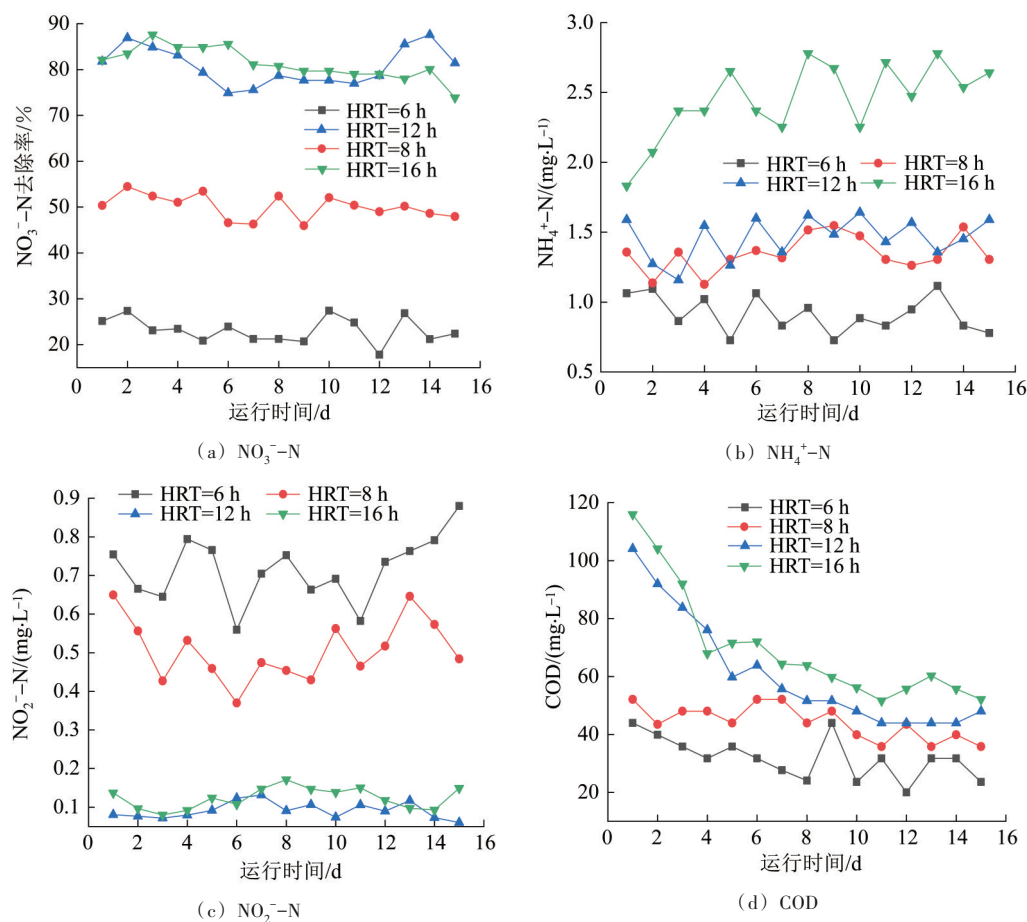


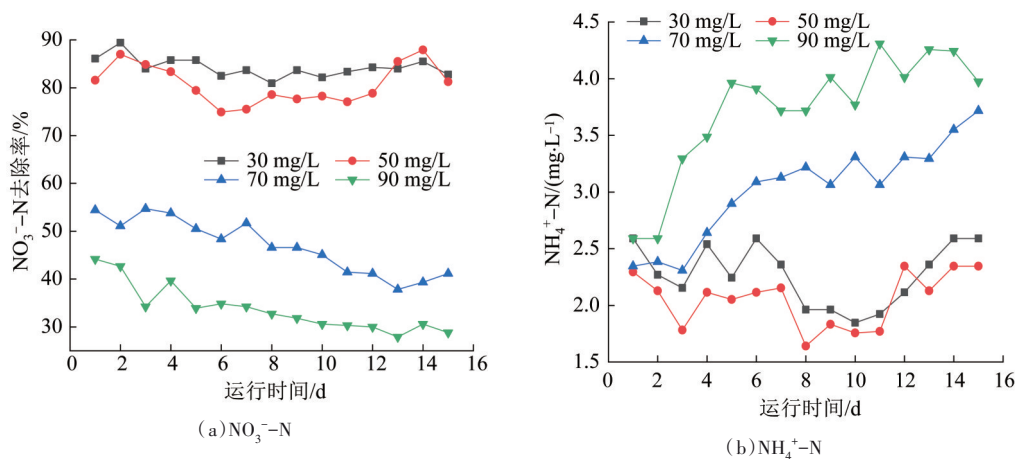
图2 不同HRT下SBR的运行情况

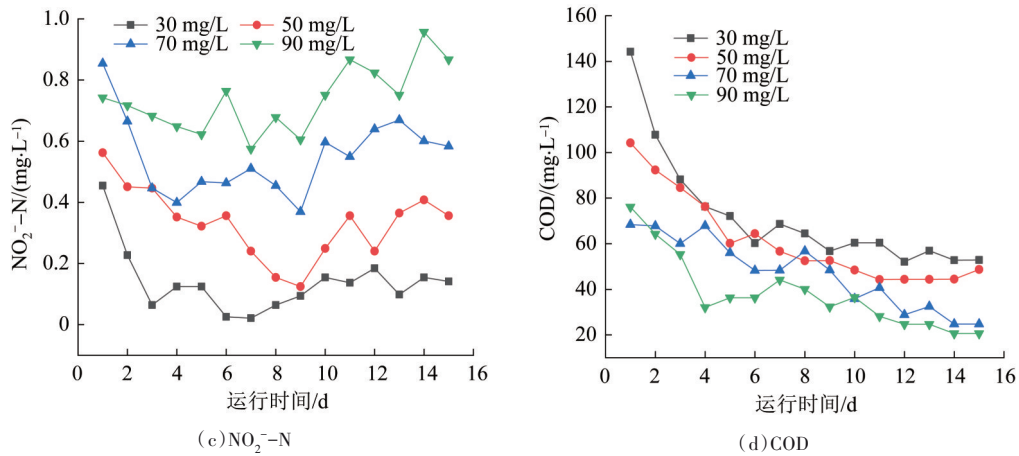
Fig. 2 SBR run status at different HRT

由图3可见,随着进水 NO_3^- -N负荷的提高,SBR反应器中 NO_3^- -N去除率明显降低,出水COD呈下降趋势, NH_4^+ -N及 NO_2^- -N则显著升高。

图3(a)中,当进水 NO_3^- -N负荷为30 mg/L时,SBR反应器的 NO_3^- -N去除率平均为84.3%;进水

NO_3^- -N负荷增长到50 mg/L时, NO_3^- -N去除率平均为80.9%,稍有下降,但总体仍保持较高水平;进水 NO_3^- -N负荷增长到70 mg/L乃至90 mg/L时, NO_3^- -N平均去除率大幅下降,分别在46.9%、33.8%。越来越高的 NO_3^- -N负荷提供了大量电子受体,只有碳源



图3 不同进水 NO_3^- -N 负荷下 SBR 的运行情况Fig. 3 SBR run status under different influent NO_3^- -N loading

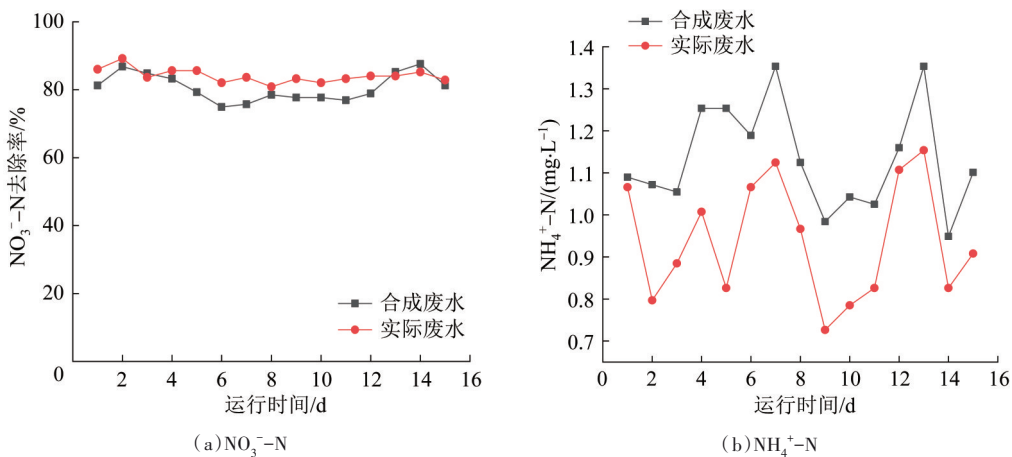
提供足量的电子供体时才能实现较彻底的反硝化,使出水 COD 降低。随着进水硝酸盐的提高,最终出水 COD 从 50 mg/L 左右降至 20 mg/L 左右。

图3(b)、(c)中,当进水 NO_3^- -N 负荷低于 50 mg/L 时, NH_4^+ -N 和 NO_2^- -N 均处于较低水平,且呈现先降低后升高的趋势。这是因为进水 NO_3^- -N 负荷为 30 mg/L 时,无法维持适宜的碳氮比,促进 DNRA 反应生成 NH_4^+ -N; 当进水 NO_3^- -N 负荷为 50 mg/L 时,较高的 NO_3^- -N 负荷和碳氮比有利于反硝化的进行, DNRA 反应受到抑制^[10]。当进水 NO_3^- -N 负荷进一步升高,过多的 NO_3^- -N 会抑制反硝化细菌的代谢,使反硝化反应无法彻底进行,进而导致 NO_3^- -N 去除率降低,同时伴随大量中间产物 NO_2^- -N 的产生,旺盛的 DNRA 反应促进了 NH_4^+ -N 浓度的升高。综合考虑出水情况,添加 120 g 香茅/PS 缓释碳源且 HRT 维持在 12 h 时,进水 NO_3^- -N 负荷低于 50 mg/L,得到较好的脱氮效果。

2.1.3 废水种类对 SBR 反硝化脱氮的影响

选用合成废水和实际废水分别进行 SBR 反硝化脱氮实验,在相同运行条件下探究了其对合成废水与实际废水的反硝化脱氮效果,结果见图 4。

由图 4 可见,外加香茅/PS 缓释碳源的 SBR 反应器对实际废水的 NO_3^- -N 去除率平均达到 84.1%,略高于合成废水(80.7%),对两者均有良好的处理效果,而对实际废水的处理效果更胜一筹。但实际废水的出水 COD 约为 60 mg/L,无法满足《城镇污水处理厂污染物排放标准》的一级 A 标准要求(COD<50 mg/L)。这是因为实际废水中含有一定量的碳水化合物、脂肪、蛋白质等有机物,以及铁、锰、镍等微量元素,使得碳氮比升高,虽促进了反硝化进程,提高了 NO_3^- -N 去除率,但 COD 有所升高。由图 4(b)可知,废水中的 NH_4^+ -N 抑制了 DNRA 反应将 NO_3^- -N 转化为 NH_4^+ -N^[11],因而呈现波动趋势。



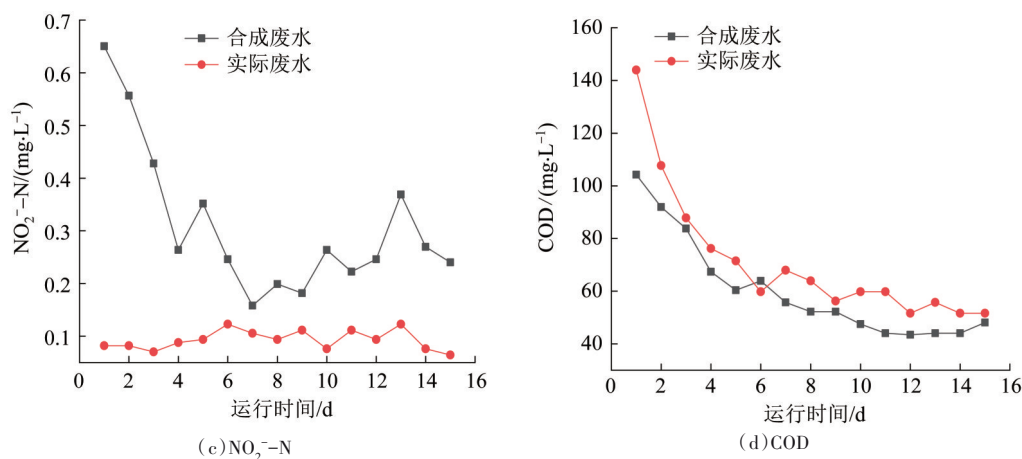


图4 不同种类废水条件下SBR的运行情况

Fig. 4 SBR run status under different types of wastewater

综合考虑出水情况,对实际废水的整体处理效果优于合成废水,但出水COD未能满足相关标准要求。

2.2 反应器的微生物群落结构与功能分析

图5为4种反硝化污泥在SBR反应器中反应前后的门、属水平的变化情况。其中S1、S2、S3、S4是仅经4个SBR反应器驯化2周后的反硝化污泥样品

[图5(a)、(c)],S1'、S2'、S3'、S4'是SBR反应器脱氮后的反硝化污泥样品[图5(b)、(d)]。实验中,反应器R1、R2分别探究了进水 NO_3^--N 负荷为30、70、50、90 mg/L时对脱氮的影响,反应器R3探究了SBR反应器的HRT对脱氮的影响,反应器R4探究废水种类对脱氮的影响,各反应器均投加120 g香茅/PS缓释碳源,其余运行条件保持一致。

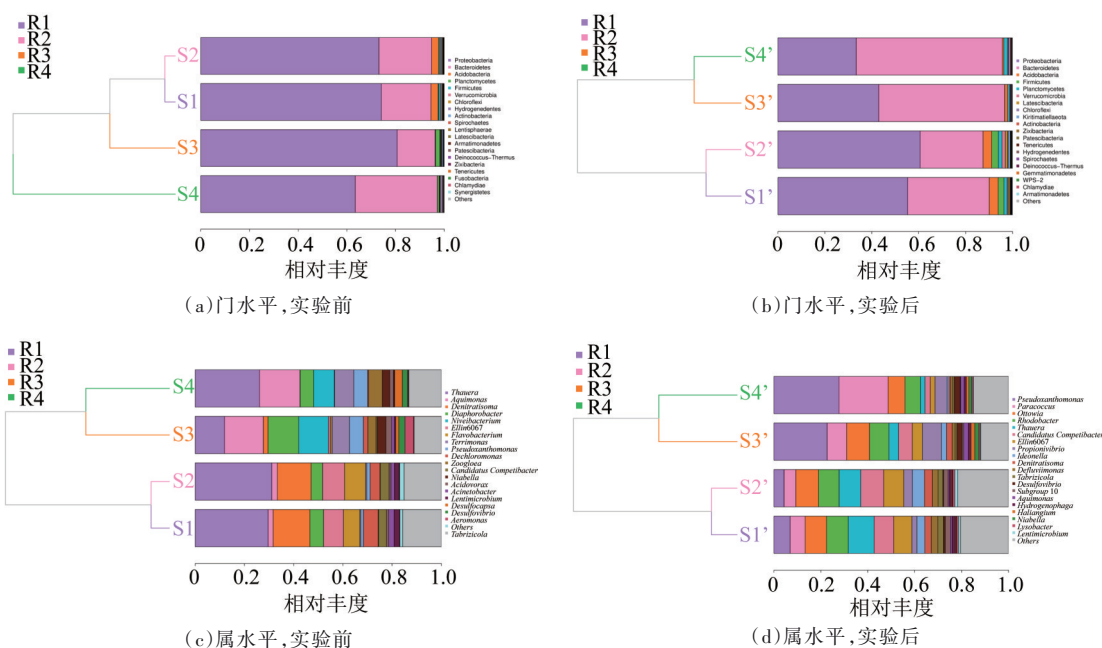


图5 实验前后4个样品细菌群落在门、属水平上的top20物种聚类图

Fig. 5 Top20 species clustering maps of bacterial communities at the phylum and genus levels for the four samples before and after the experiment

由图5(a)可知,实验前,SBR反应器在门水平上以变形菌门(Proteobacteria)占据最高比例,在4种样品中

分别占74.2%、73.2%、80.7%、63.2%,其次是拟杆菌门(Bacteroidetes)。由图5(b)可知,变形菌门的丰度在反

硝化实验后有所下降,分别为55.2%、60.6%、43.1%、33.5%,而拟杆菌门占比有所增加,分别达到34.7%、26.7%、53.6%、62.2%。变形菌门作为一种功能性的活性污泥,在废水的硝化和反硝化中广泛应用,且其多数为兼性或专性厌氧、异养菌种^[12-13]。拟杆菌门是广泛存在于人或动物的肠道中的化能有机营养专性厌氧杆菌,多用于将大分子物质如纤维素、淀粉、蛋白质、脂质等水解为小分子物质如乳糖、乙酸、氨基酸、有机酸和低级脂肪酸等^[14]。缓释碳源的原材料香茅中含有大量纤维素,因此实验后SBR反应器内拟杆菌门比例上升与预期相符。

由图5(c)可知,实验前,反应器R1与R2内的菌属丰度十分接近,反应器R3与R4内的菌属结构也高度相似。图5(c)中的索氏菌属(*Thauera*)是污水处理中十分常见的革兰氏阴性菌属,既能在好氧条件下进行反硝化,亦能在厌氧条件下进行异养反硝化^[15],在反应器中的比例分别为29.7%、31.1%、12.1%、26.1%。水单胞菌属(*Aquimonas*)在反应器R3和R4也占据不小比例,分别达到15.8%、16.5%,且有研究表明*Aquimonas*丰度增加可能有利于絮体污泥中好氧颗粒污泥的形成^[16]。*Diaphorobacter*菌属在反应器R3中的丰度为12.5%,该菌属能在好氧条件下反硝化降解 NO_3^--N ^[17]。*Denitratisoma*菌属在反应器R1和R2中分别占15.0%、13.7%,可进行好氧反硝化将 NO_2^--N 转化为 N_2 ^[18]。此外,还存在*Niveibacterium*、Ellin6067、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、*Terrimonas*等菌属,其中黄杆菌属(*Flavobacterium*)可通过异养硝化提高SBR反应器的脱氮能力^[19],而*Terrimonas*菌属可进行好氧反硝化^[20]。

由图5(d)可知,在属水平上,实验后SBR反应器内部的群落结构发生明显变化,其中R1、R2反应器中菌属分布较均匀,并未出现优势菌属;在R3、R4反应器中,假黄色单胞菌属(*Pseudoxanthomonas*)和副球菌属(*Paracoccus*)成为明显的优势菌属。作为一种能有效降解废水中有机污染物、氮和磷等的典型微生物^[21],假黄色单胞菌属(*Pseudoxanthomonas*)在反硝化过程中迅速增殖,由微小占比极速增长至22.7%、27.7%。副球菌属(*Paracoccus*)作为反应器R4中丰度最高(20.9%)的菌属,隶属于好氧或兼性厌氧非发酵革兰氏阴性杆菌,兼具反硝化和异养硝化的特性,脱氮能力良好^[22]。另外几种实验后相对丰度较高的菌属还有奥托氏菌属(*Ottowia*)、红杆菌属(*Rhodobacter*)、*Propionivibrio*、索氏

菌属(*Thauera*)等。其中奥托氏菌属(*Ottowia*)和红杆菌属(*Rhodobacter*)在各反应器中均有部分分布,前者隶属于 β -变形菌纲丛毛单胞菌科,有利于有机物和氮的去除^[23],而后者为好氧反硝化菌,只有在溶解氧存在且充足的情况下才能对难降解有机物进行异养硝化和代谢^[24]。

3 结论

(1)以香茅/PS缓释碳源作为外加碳源时,SBR反应器的最佳HRT为12 h,最大进水 NO_3^--N 负荷为50 mg/L,同时因为实际废水成分更加复杂,营养物质更丰富,其反硝化脱氮效果更优异。

(2)实验前后SBR反应器中的污泥发生显著改变。实验前,污泥样品在门水平上主要包含变形菌门和拟杆菌门,在属水平上主要包含索氏菌属、水单胞菌属和*Diaphorobacter*;反硝化实验后,个别反应器内变形菌门的比例升高,在属水平上,反应器R1、R2菌属分布均匀,未出现优势菌种,反应器R3、R4则出现假黄色单胞菌属的优势菌属。

参考文献

- [1] PAN Baozhu, YUAN Jianping, ZHANG Xinhua, et al. A review of ecological restoration techniques in fluvial rivers [J]. International Journal of Sediment Research, 2016, 31(2): 110-119.
- [2] FENG Zhijiang, WU Man, SUN Meixiang, et al. The effects of different carriers on removal performance and membrane fouling by HMBR in treating sewage with low carbon-to-nitrogen ratio [J]. Process Safety and Environmental Protection, 2016, 102: 768-776.
- [3] 程璐璐, 于鲁冀, 李廷梅, 等. 缓释碳源生态基质添加比例对河水脱氮效果及微生物影响 [J]. 环境工程, 2017, 35(11): 1-5, 46. CHENG Lulu, YU Luji, LI Tingmei, et al. Effect of the adding proportion of slow-release carbon source ecological matrix on nitrogen removal efficiency and microorganism [J]. Environmental Engineering, 2017, 35(11): 1-5, 46.
- [4] XIONG Rui, YU Xinxiao, YU Luji, et al. Biological denitrification using polycaprolactone-peanut shell as slow-release carbon source treating drainage of municipal WWTP [J]. Chemosphere, 2019, 235: 434-439.
- [5] 薛侨, 黄雷, 王郑, 等. 轻质滤料在水处理中的应用研究进展 [J]. 应用化工, 2017, 46(7): 1409-1413. XUE Qiao, HUANG Lei, WANG Zheng, et al. Research progress on application of light filter in water treatment [J]. Applied Chemical Industry, 2017, 46(7): 1409-1413.
- [6] 王玥, 秦帆, 唐燕华, 等. 农业废弃物作为反硝化脱氮外加碳源的研究 [J]. 林业工程学报, 2019, 4(5): 146-151. WANG Yue, QIN Fan, TANG Yanhua, et al. Agricultural wastes as

- additional carbon sources for denitrification[J]. Journal of Forestry Engineering, 2019, 4(5): 146-151.
- [7] IDI A, IBRAHIM Z, MOHAMAD S E, et al. Biokinetics of nitrogen removal at high concentrations by *Rhodobacter sphaeroides* ADZ101[J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2015, 105: 245-251.
- [8] JAFARI S J, MOUSSAVI G, YAGHMAEIAN K. High-rate biological denitrification in the cyclic rotating-bed biological reactor: Effect of COD/NO₃⁻, nitrate concentration and salinity and the phylogenetic analysis of denitrifiers[J]. Bioresource Technology, 2015, 197: 482-488.
- [9] 汪宏, 严群, 张越, 等. 添加生物基质对地下渗滤系统污水处理效果的影响[J]. 工业水处理, 2016, 36(12): 31-34.
- WANG Hong, YAN Qun, ZHANG Yue, et al. Influences of adding bio-substrates to subsurface wastewater infiltration systems on the wastewater treatment effect[J]. Industrial Water Treatment, 2016, 36(12): 31-34.
- [10] VAN DEN BERG E M, VAN DONGEN U, ABBAS B, et al. Enrichment of DNRA bacteria in a continuous culture[J]. The ISME Journal, 2015, 9(10): 2153-2161.
- [11] 郝婧羽. 活性污泥硝酸盐异化还原为铵(DNRA)的影响因素及DNRA-Anammox耦合机理探究[D]. 西安: 西安科技大学, 2021.
- HAO Jingyu. Study on the factors influencing dissimilatory nitrate reduction to ammonium (DNRA) and the coupling mechanism of DNRA-anammox in activated sludge[D]. Xi'an: Xi'an University of Science and Technology, 2021.
- [12] WANG Xiaohui, WEN Xianghua, YAN Hengjing, et al. Bacterial community dynamics in a functionally stable pilot-scale wastewater treatment plant[J]. Bioresource Technology, 2011, 102(3): 2352-2357.
- [13] YE Lin, ZHANG Tong, WANG Taitao, et al. Microbial structures, functions, and metabolic pathways in wastewater treatment bioreactors revealed using high-throughput sequencing[J]. Environmental Science & Technology, 2012, 46(24): 13244-13252.
- [14] HILL V R, KAHLER A M, JOTHIKUMAR N, et al. Multistate evaluation of an ultrafiltration-based procedure for simultaneous recovery of enteric microbes in 100-liter tap water samples[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2007, 73(13): 4218-4225.
- [15] MAO Yuejian, ZHANG Xiaojun, XIA Xi, et al. Versatile aromatic compound-degrading capacity and microdiversity of *Thauera* strains isolated from a coking wastewater treatment bioreactor[J]. Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology, 2010, 37(9): 927-934.
- [16] 王佳伟, 高永青, 孙丽欣, 等. 中试SBR内好氧颗粒污泥培养和微生物群落变化[J]. 中国给水排水, 2019, 35(7): 1-7.
- WANG Jiawei, GAO Yongqing, SUN Lixin, et al. Aerobic granular sludge culture and microbial community analysis in pilot-scale SBR system[J]. China Water & Wastewater, 2019, 35(7): 1-7.
- [17] 葛启隆, 岳秀萍, 王国英, 等. 好氧反硝化苯酚降解菌的分离鉴定及动力学[J]. 环境工程学报, 2014, 8(6): 2605-2610.
- GE Qilong, YUE Xiuping, WANG Guoying, et al. Isolation and identification of aerobic denitrifying phenol-degrading strain and its kinetic[J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2014, 8(6): 2605-2610.
- [18] 鲁航, 信欣, 管蕾, 等. 部分半硝化AGS-SBR工艺的启动及其种群结构分析[J]. 环境科学, 2016, 37(12): 4741-4749.
- LU Hang, XIN Xin, GUAN Lei, et al. Start-up of partial nitrification AGS-SBR and analysis of its microbial community composition[J]. Environmental Science, 2016, 37(12): 4741-4749.
- [19] 赵彬, 丁雪松, 吴丹青, 等. 高负荷条件下好氧颗粒污泥同步脱氮除碳特性及微生物群落结构分析[J]. 环境工程学报, 2020, 14(2): 295-304.
- ZHAO Bin, DING Xuesong, WU Danqing, et al. Characteristics on simultaneous nitrogen and organic carbon removal and microbial community structure analysis of aerobic granular sludge treating high strength wastewater[J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2020, 14(2): 295-304.
- [20] XIE Chenghui, YOKOTA A. Reclassification of [*Flavobacterium*] *ferrugineum* as *Terrimonas ferruginea* gen. nov., comb. nov., and description of *Terrimonas lutea* sp. nov., isolated from soil[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2006, 56(Pt 5): 1117-1121.
- [21] TANG Meizhen, ZHANG Fengfeng, YAO Shumin, et al. Application of *Pseudomonas flava* WD-3 for sewage treatment in constructed wetland in winter[J]. Environmental Technology, 2015, 36(9): 1205-1211.
- [22] SEDLÁČEK V, KUČERA I. Functional and mechanistic characterization of an atypical flavin reductase encoded by the *pden_5119* gene in *paracoccus denitrificans* [J]. Molecular Microbiology, 2019, 112(1): 166-183.
- [23] 蔡丽云, 黄泽彬, 须子唯, 等. 处理垃圾渗滤液的SBR中微生物种群与污泥比阻[J]. 环境科学, 2018, 39(2): 880-888.
- CAI Liyun, HUANG Zebin, XU Ziwei, et al. Microbial communities and sludge specific resistance in two SBRs treating leachate[J]. Environmental Science, 2018, 39(2): 880-888.
- [24] 杨浩, 张国珍, 杨晓妮, 等. 16S rRNA高通量测序研究集雨窖水中微生物群落结构及多样性[J]. 环境科学, 2017, 38(4): 1704-1716.
- YANG Hao, ZHANG Guozhen, YANG Xiaoni, et al. Microbial community structure and diversity in cellar water by 16S rRNA high-throughput sequencing[J]. Environmental Science, 2017, 38(4): 1704-1716.
- 【作者简介】张克峰(1964—), 教授, E-mail: kfz@sdjzu.edu.cn. 通讯作者: 丁万德, 讲师, E-mail: dingwande18@sdjzu.edu.cn.
- 【收稿日期】2022-10-29(修改稿)