



文章栏目：环境生物技术

DOI 10.12030/j.cjee.202210091

中图分类号 X703

文献标识码 A

赵婷婷, 陈旺, 杨晨曦, 等. 低溶解氧条件下泥藻共生 SBR 对农村污水处理效果与微生物特性[J]. 环境工程学报, 2023, 17(2): 655-665. [ZHAO Tingting, CHEN Wang, YANG Chenxi, et al. Performance and microbial characteristics of co-culture of activated sludge and algae in SBR for rural sewage treatment under low dissolved oxygen conditions[J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2023, 17(2): 655-665.]

低溶解氧条件下泥藻共生 SBR 对农村污水处理效果与微生物特性

赵婷婷, 陈旺, 杨晨曦, 秦树敏, 张千✉

重庆理工大学化学化工学院, 重庆 400054

摘要 针对序批式活性污泥法 (sequencing batch reactor, SBR) 曝气大、能耗高等问题, 采用光序批式反应器 (photosequencing batch reactors, PSBR) 处理模拟农村生活污水, 对比了污泥体系、藻体系、泥藻体系中污染物去除效果及微生物特性差异。结果表明, 与污泥体系相比, 泥藻体系中 TN 和 TP 的去除率分别提高了 48.72% 和 39.18%; 与单独的藻体系相比, 泥藻体系中 TN 和 COD 的去除率分别提高了 16.80% 和 77.35%。在低溶解氧 DO 为 (0.4 ± 0.1) mg·L⁻¹、停留时间 (HRT) 为 6 h 条件下, 模拟农村污水经泥藻体系处理后, 出水达到《城镇污水处理厂排放标准》一级 A 标。高通量测序结果表明, 泥藻体系和污泥体系的优势菌属具有显著性差异, 在泥藻体系中存在 *Aeromonas*7.07%、*Runella*6.94% 等除磷优势菌属和异养硝化-好氧反硝化菌 *Aeromonas*7.07%、*Rhodobacter*2.70%、*Thauera*4.58%。功能酶和功能基因预测结果表明, 在泥藻体系中铁氧还蛋白-硝酸还原酶含量比泥体系和藻体系分别提高了 0.015% 和 0.023 7%。泥藻体系亚硝酸还原酶含量比泥体系提高了 0.010 8%, 表明蛋白核小球藻加入污泥后可减少亚硝酸盐对生物的毒害作用, 反应体系脱氮性能增强。以上研究结果可为泥藻共生体系处理农村污水提供理论参考。

关键词 农村生活污水; 泥藻共生; 微生物特性; 光序批式生物反应器

在中国, 农村污水约占全国污水总量的 30% 以上^[1]。与城市污水相比, 农村污水具有来源分散, 总量较小, 缺少对污水设施的专业维护和定期监测等特点, 因此, 农村污水需要节能、简单、可分散化的处理方法^[2]。农村污水有许多处理方法, 如化粪池、人工湿地、稳定塘等, 然而这些技术因占地面积大, 污染物去除效率低, 限制了其广泛应用。活性污泥法普遍应用于农村污水处理, 但其主要存在以下问题: 一是污泥膨胀, 这是活性污泥工艺中普遍的问题; 二是能源消耗, 活性污泥工艺处理城市污水过程中曝气能耗大^[3]。相较于传统活性污泥法, 序批式活性污泥法 (sequencing batch reactor, SBR) 具有抗冲击负荷、占地面积小、污泥易于沉淀不易发生污泥膨胀等优点, 但该工艺的推广与应用仍面临着曝气能耗大、氮磷去除率低等技术瓶颈。

近年来一些研究表明, 使用微藻-活性污泥共生体系作为活性污泥工艺的替代方案, 可以降低

收稿日期: 2022-10-19; 录用日期: 2023-01-30

基金项目: 国家自然科学基金项目 (51908099); 重庆市教委科学技术研究项目 (KJQN202001114); 重庆市巴南区项目资助项目 (2020QC368)

第一作者: 赵婷婷 (1996—), 女, 硕士研究生, 3227278688@qq.com; ✉通信作者: 张千 (1986—), 男, 博士, 副教授, zhangqianswu2005@cqut.edu.cn

曝气成本^[4]、同时去除氮磷等污染物且可产生有价值的生物质^[5]。在SBR中引入光源可形成光序批式反应器(photosequencing batch reactors, PSBR), 活性污泥和藻类协同处理污水, 可以提高PSBR中氮磷等污染物的去除效率^[6]。SU等^[7]利用泥藻共生体系处理生活污水, 当蛋白核小球藻与污泥质量比为5:1时, 氮和磷去除率最高分别为(91.0±7.0)%和(93.5±2.5)%。LIANG等^[8-9]利用一种含有小球藻和地衣芽孢杆菌的藻类-细菌共培养系统处理合成废水, 研究结果表明, NH₄⁺-N和TP的去除率分别可达86%和91%~93%。

然而, 共培养的PSBR体系受溶解氧(dissolved oxygen, DO)、C/N、水力停留时间(hydraulic retention time, HRT)等环境条件的影响, 例如溶解氧含量过低易引起污泥膨胀, 若过高则能耗升高^[10]。本研究在低溶解氧(DO为(0.4±0.1) mg·L⁻¹)和短停留时间(HRT为6 h)的条件下, 设置3组体系: 污泥体系、藻体系、泥藻共培养体系, 考察了3组体系的污染物去除效果和微生物群落特性差异, 进一步揭示了体系的脱氮机理, 以为泥藻PSBR节能减排提供参考。

1 材料与方法

1.1 实验原料

实验中污泥取自巴南区高速公路服务区污水处理设备, 污泥质量浓度1.9~2.4 g·L⁻¹, 驯化污泥约10 d后接种到PSBR形成污泥体系R1, 污泥质量浓度为2.24 g·L⁻¹。本研究所采用的藻种为蛋白核小球藻(*Chlorella pyrenoidosa*, FACHB-9), 购买自中科院水生生物所。接种蛋白核小球藻的质量浓度为14.07 g·L⁻¹, OD₆₈₀(optical density, OD)为1.79, 将550 mL藻液加入PSBR形成藻体系R2, 生物质量浓度为2.28 g·L⁻¹。按照蛋白核小球藻与污泥质量比为5:1, 将藻液接种到污泥形成泥藻体系R3, 泥藻质量浓度为2.31 g·L⁻¹。配制模拟废水, 其组成成分为化学需氧量(chemical oxygen demand, COD)为200 mg·L⁻¹、24 mg·L⁻¹ NH₄⁺-N、6 mg·L⁻¹总磷(TP)、30 mg·L⁻¹总氮(TN)、25 mg·L⁻¹ MgSO₄·7H₂O、30 mg·L⁻¹ FeSO₄·7H₂O、30 mg·L⁻¹ CaCl₂。

1.2 实验装置

实验装置如图1所示, PSBR由双层有机玻璃圆柱组成, 外层是水浴层, 内置加热棒, 控制温度为(25±1) °C, 反应器高45 cm, 直径10 cm, 高径比为4.5:1, 有效体积3.53 L, 每个周期排水2.7 L。反应器底部有曝气盘, 连接气泵和转子流量计, 控制DO为(0.4±0.1) mg·L⁻¹, 进水C/N为6~7。进、出水口分别在反应器两侧的上方和下方, 进水口连接潜水泵, 出水口连接抽水泵。PSBR的各个阶段都由时控开关控制。反应器的运行周期为6 h, 包括: 进水4 min、搅拌曝气5.5 h、沉淀5~15 min、排水5 min, 每天连续运行4个周期。3个反应器在相同的条件下运行, 并设置12 h:12 h的光/暗的光照周期。

1.3 水质指标分析方法

COD采用快速消解分光光度法测定; NH₄⁺-N采用纳氏试剂光度法测定; TN采用碱性过硫酸钾消解分光光度法测定; 混合液悬浮固体浓度(MLSS)采用重量法测定; DO采用便携式溶氧仪(哈希HQ-30d)测定; OD值采用紫外分光光度法测定。

1.4 DNA提取及高通量测序

DNA提取和高通量测序采用MobioPowerSoil® DNA Isolation Kit提取污泥、藻、泥藻3个样品

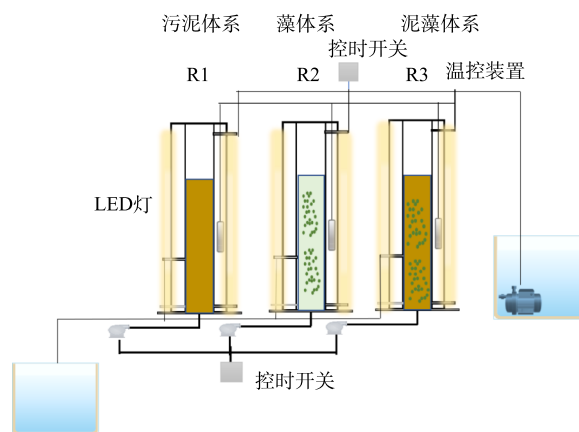


图1 PSBR实验装置

Fig. 1 Experimental device of PSBR

的基因组 DNA。完成基因组 DNA 抽提后, 利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组 DNA。依托上海美吉生物医药科技有限公司进行 Illumina MiSeq 高通量测序。

2 结果与讨论

2.1 不同体系对污染物去除效果

在 HRT 为 6 h, DO 为 $(0.4 \pm 0.1) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 的条件下, 污泥体系、藻体系、泥藻体系对模拟农村废水中 TN、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、COD、TP 的去除效果如图 2 所示。如图 2(a) 所示, 3 个体系的 TN 去除率依次为 17.26%、49.18% 和 65.98%, 其中泥藻体系中的 TN 去除率最高, 较污泥体系明显提高了 48.72%。这是由于较低的 DO 可为反硝化细菌提供缺氧的环境^[1], 加入蛋白核小球藻可能会增加泥藻体系脱氮功能菌的相对丰度, 藻与菌协同处理污水可提升泥藻共生体系的脱氮效率。藻体系 TN 去除率为 49.18%, 远高于污泥体系。这是因为微藻可通过同化作用吸收氮, 微藻吸收水体中的含氮营养物质转化为生长所必须的有机质^[12]。如图 2(b) 所示, 污泥体系、藻体系、泥藻体系的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除率依次为 97.37%、96.80% 和 97.43%。有研究表明, 低 DO^[13] 和短 SRT^[11] 有利于硝化作用, 推测这可能是污泥体系 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除率较高的原因。而藻体系中 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除效果好是由于微藻可利用 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 作为自养和异养生长的主要氮源。

如图 2(c) 所示, 污泥体系、藻体系、泥藻体系的 COD 去除率依次为 99.52%、18.93% 和

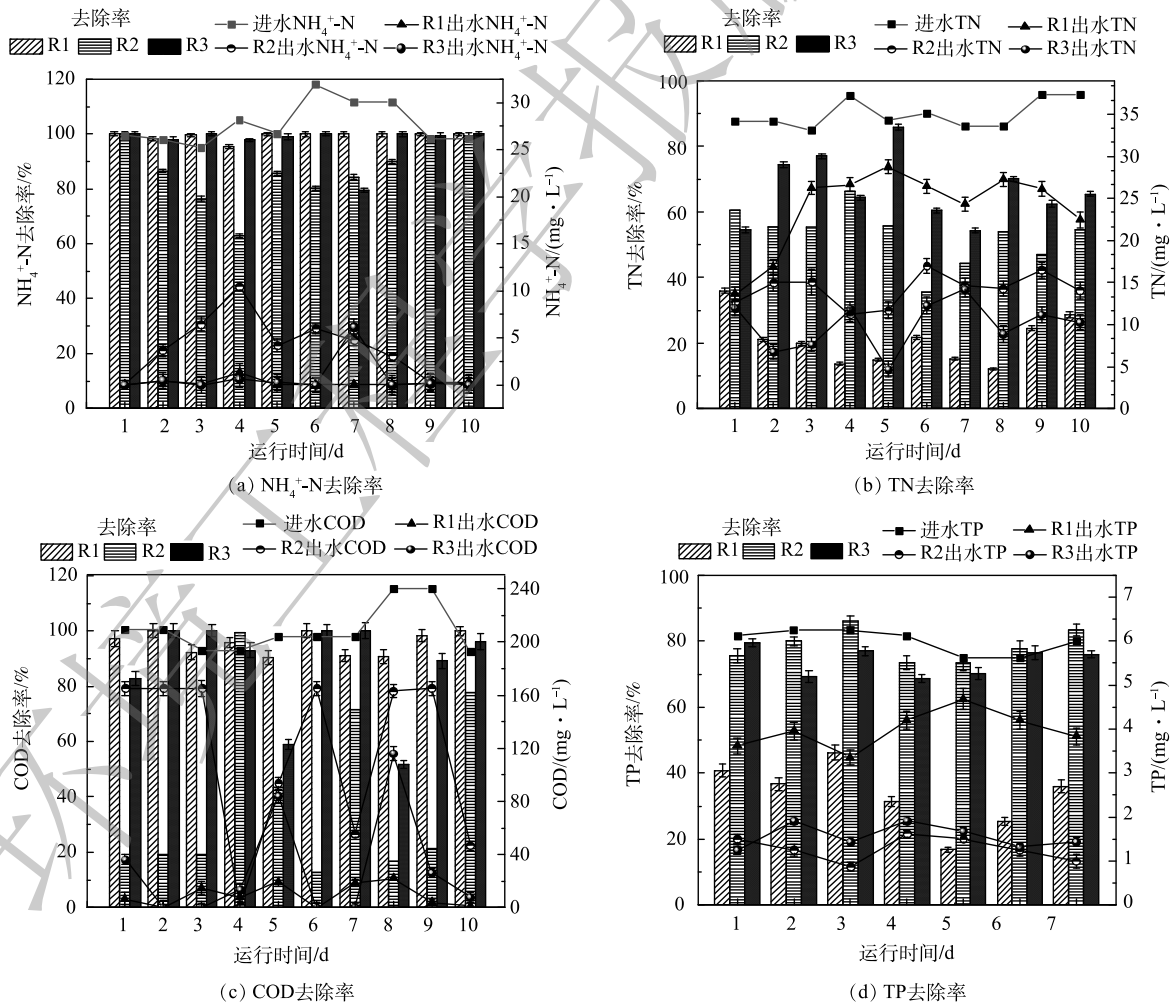


图 2 不同体系污染物去除效果

Fig. 2 Removal efficiency of pollutants in different systems

96.28%。污泥体系中 COD 去除率远高于藻体系，这是因为活性污泥具有良好的 COD 代谢能力^[14]。本研究中光照的光/暗周期为 12 h:12 h，停留时间为 6 h，推测由于停留时间较短，藻体系未能在完整的光/暗周期中处理废水。并且由于本研究中进水所用碳源为无水乙酸钠，属于小分子有机物，容易被细菌吸收和利用^[15]，在污泥体系和泥藻体系中相对优势门均有变形菌门 (*Proteobacteria*) 和拟杆菌门 (*Bacteroidota*)，其属于异养细菌，主要通过消耗有机物来维持自身代谢和生长，因此，污泥体系与泥藻体系均具有较高的 COD 去除率。XU 等^[13]的研究表明，在初始 COD 为 200 mg·L⁻¹、C/N 为 10:1 和 5:1 的条件下，泥藻体系中 COD 去除率分别为 78.2% 和 80.1%。而 SU 等^[16]的研究表明，在不同比例的泥和藻体系中，COD 去除率超过 90%。本研究中泥藻体系的 COD 去除率可达 96.28%，明显高于 XU 等和 SU 等的研究结果，说明本研究的泥藻体系具有良好的 COD 去除效果。

如图 2(d) 所示，污泥体系、藻体系、泥藻体系的 TP 的去除率分别为 37.31%、83.67% 和 76.49%。藻体系中 TP 去除率较泥藻体系提高了 7.18%，这是由于 TP 在微藻中被同化形成藻类生物量^[7]。JI 等^[17]研究表明，非曝气菌藻 AGS 体系中 TP 去除率达 84%，其中超过 70% 的 TP 是在微藻中以聚磷酸盐的形式去除。与污泥体系相比，泥藻共生体系中 TP 去除率提高了 39.18%，表明泥藻共培养体系对磷的去除性能优于单一污泥培养体系，这与 LIANG 等^[8]的研究结论一致。反应体系中的 DO 以机械曝气为主，在菌藻共生体系中，微藻通过光合作用产生 O₂，在低 DO 条件下，微藻产生的额外 O₂ 补充了细菌对 O₂ 需求，从而提高了污染物的去除效率。此外，JAVED 等^[18]研究表明，活性污泥中存在的需氧细菌可以吸收微藻光合作用产生的 O₂，从而可间接提高微藻中所产生的氢化酶的活性，从而促进微藻产生 H₂。

2.2 生物形态观察

采用光学显微镜观察 3 个体系的微生物形态，结果如图 3(a)~图 3(c) 所示。由图 3(a) 可知，污

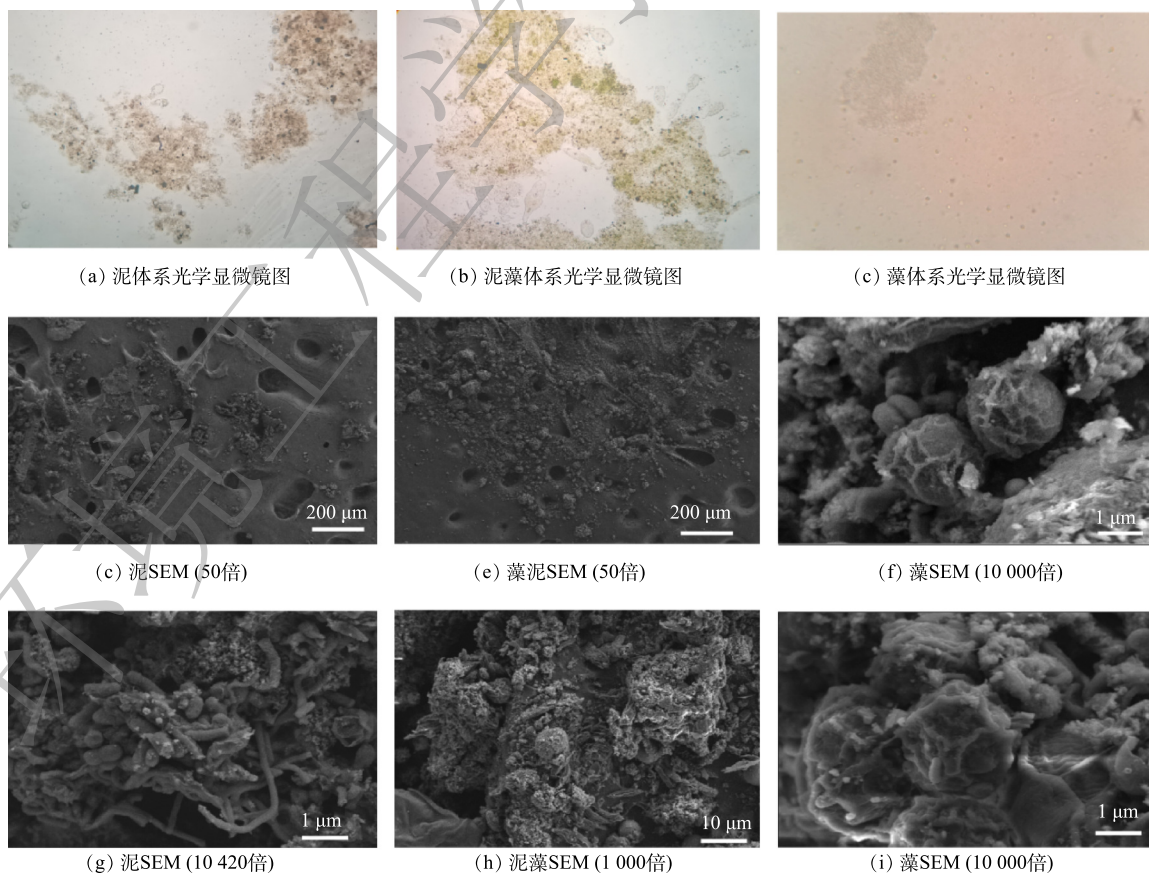


图 3 不同体系下生物形态观察

Fig. 3 Observation of biological forms in different systems

泥体系中累枝虫数量较少，污泥活性较低。由图 3(b) 和图 3(c) 可见，泥藻体系中污泥絮凝体捕获微藻，在藻体系中蛋白核小球藻呈圆形或椭圆形分散分布，表明泥藻共生体系可以提高微藻的沉降性能。与污泥体系相比，泥藻体系中累枝虫的数量增加，当活性污泥净化性能良好时会出现累枝虫、盖纤虫等，表明将蛋白核小球藻加入污泥可提高活性污泥净化性能。

利用扫描电镜观察不同体系的生物学特性，结果如图 3(d)~图 3(i) 所示。对比图 3(d) 和图 3(e) 可知，活性污泥的表面具有空腔，可为污水气体溢出提供通道^[9]，将蛋白核小球藻加入污泥后，污泥的表面附着生物量增加。由图 3(g) 中可观察到丝状菌、杆状菌和球状菌，其中丝状细菌从絮状污泥结构中伸出，并连接在不同的絮体之间。由图 3(f) 和图 3(i) 可见，蛋白核小球藻呈分散分布。由图 3(h) 可见，污泥包裹蛋白核小球藻，表明污泥可以捕获微藻，提高微藻的沉降性能。

2.3 不同体系微生物群落结构分析

1) α 多样性分析。通过微生物群落分析研究不同样品中物种丰富度及多样性的差异，结果如表 1 所示。3 个样品的覆盖率均在 99.7% 以上，表明所获得的序列可以覆盖大部分微生物。Shannon 指数和 Simpson 指数表明，污泥体系中微生物种类相对较少，泥藻体系的 Shannon 指数增加，表明小球藻可以丰富污泥体系微生物多样性。由所得的 Ace 和 Chao 指数可见，污泥体系和泥藻体系微生物的丰富度和多样性较高，与污染物的去除规律相一致。

图 4 为各体系的多样性结果。如图 4(a) 所示，随着测序深度增加，稀释曲线趋于平坦，可以准确地描述各体系的物种多样性。由图 4(b) 可见，污泥体系、藻体系、泥藻体系中的 OTUs 总数分别为 553、373、530 个，其中共享 157 个 OTUs。这表明泥藻体系与污泥体系的 OTUs 差别不大，污泥可以丰富藻体系的 OTUs。

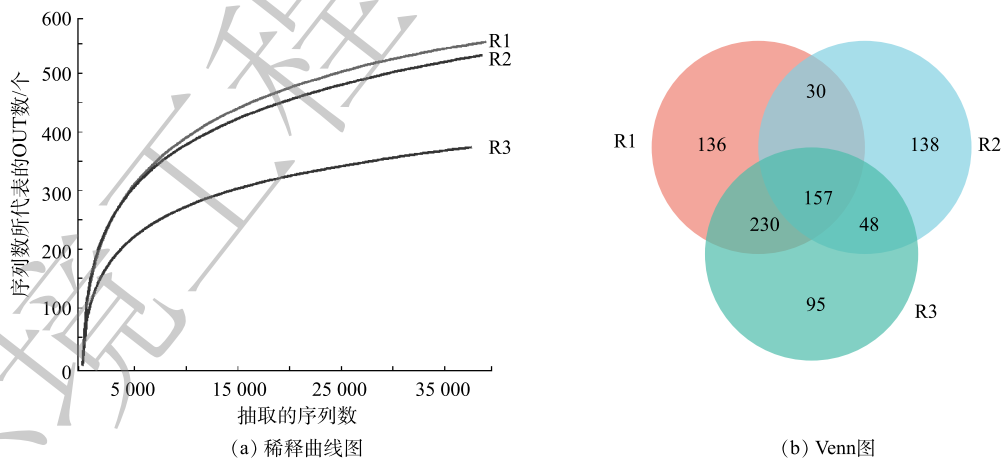


图 4 不同体系微生物多样性

Fig. 4 Microbial diversity in different systems

2) 不同体系微生物群落分析。不同体系中群落组成和相对丰度都有差异，图 5(a) 和图 5(b) 分别表示门水平生物群落和属水平生物群落。如图 5(a) 所示，在污泥体系中，相对优势菌门及占比分别为变形菌门 (*Proteobacteria*) 67.85%、拟杆菌门 (*Bacteroidota*) 11.72%、浮霉菌门 (*Proteobacteria*) 3.19%、酸杆菌门 (*Acidobacteria*) 3.01%。变形菌门可参与反硝化作用^[20]，拟杆菌门被认为是最丰富

的异养细菌,已被证明可有效降解有机物^[21]。浮霉菌门可诱导厌氧脱氮^[22],属于好氧异养细菌,可在含有机物和有机或无机氮的条件下进行生长繁殖,进一步去除有机物和氮^[23]。在藻体系中,相对优势菌门及占比分别为变形菌门(*Proteobacteria*)78.70%、拟杆菌门(*Bacteroidota*)12.56%、厚壁菌门(*Firmicutes*)4.02%。在泥藻体系中,相对优势菌门及占比分别为变形菌门(*Proteobacteria*)43.01%、拟杆菌门(*Bacteroidota*)32.72%、浮霉菌门(*planctomycetota*)7.14%、疣微菌门(*Verrucomicrobiota*)4.59%。与污泥体系相比,虽然泥藻体系中变形菌门占比下降了24.84%,但拟杆菌门占比增加了21%,这是因为变形菌门和拟杆菌门均属于异养菌群,而泥藻共生体系中变形菌门相对丰度低于污泥体系和藻体系,推测由于泥藻共生体系中不同菌群对碳源的严重竞争导致变形菌门相对丰度降低^[24]。DING等^[25]的研究表明,海洋中微藻不断地将细胞外产物包括碳水化合物、氨基酸、酶、脂质、维生素和其他元素释放到环境中供细菌利用,推测由于泥藻体系中微藻释放有机物增加了水体中有机物含量,而拟杆菌门(*Bacteroidota*)与蛋白质和脂类等有机物质的转换关系紧密^[26],可以降解多种复杂有机物^[21],从而拟杆菌门相对丰度增加。在泥藻体系中,*Planctomycetota*的相对丰度较污泥体系提高了4.29%,其属于好氧异养细菌,有助于微生物聚集^[27],从而促进微藻沉淀。

如图5(b)所示,污泥体系中相对丰度最高的4个菌属分别是运动东秀珠氏菌(*Dongia*)15.94%、陶厄氏菌属(*Thauera*)13.34%、*norank_f_Microscillaceae*6.86%、芽单胞菌属(*Blastomonas*)6.21%。陶厄氏菌属^[28](*Thauera*),属于热球菌门,对环境危害具有较高的抗性^[29]。*Thauera*是污泥体系中优势菌属,其可阻碍亚硝酸盐降解^[30],导致系统的硝化和反硝化性能降低,这与污泥体系中污染物去除规律相一致。藻体系中相对丰度最高的4个属分别是气单胞菌属(*Aeromonas*)48.44%、红杆菌属(*Rhodobacter*)4.29%、*unclassified-f-Enterobacteriaceae*3.79%、德沃斯氏菌(*Devosia*)3.46%。藻体系中*Aeromonas*(48.44%)高于污泥体系,*Aeromonas*属于聚磷菌,具有反硝化除磷的效果^[31],因此藻体系TP去除率略高于泥藻体系。红杆菌属(*Rhodobacter*)4.29%属于反硝化菌,可以将 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 氧化为硝酸盐或亚硝酸盐^[32]。藻体系不但富集了*Aeromonas*(48.44%)、*Rhodobacter*(4.29%)、*Acinetobacter*(2.11%)等异养硝化-好氧反硝化菌,而且微藻对氮有良好的同化作用,因此保证了藻体系对 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TN有良好的去除效果。在泥藻体系中,相对丰度最高的4个属分别是铁锈菌属(*Ferruginibacter*)11.76%、气单胞菌属(*Aeromonas*)7.07%、丝状菌(*Haliscomenobacter*)7.05%、古字状菌属(*Runella*)6.94%。

进一步对污泥体系和泥藻体系相对丰度做了students'T检验,获得组间显著性差异,结果如图5(c)所示。与污泥体系*Ferruginibacter*相对丰度0.97%相比,泥藻体系*Ferruginibacter*相对丰度11.76%显著增加($P<0.05$),表明微藻可以增加反应体系中*Ferruginibacter*相对丰度,由于*Ferruginibacter*可能反映或响应无机N的可利用性^[33],参与铁自养反硝化,并且YANG等^[34]研究表明,*Ferruginibacter*在污泥体系中对 Ag^+ 具有较高的耐受性。这表明小球藻加入污泥后,不仅可以富集脱氮功能菌属,提高系统脱氮效果,还增强了活性污泥对不良环境的耐受性,使反应体系更加稳定。污泥体系未检出(相对丰度 <0.01)气单胞菌属(*Aeromonas*)和古字状菌属(*Runella*),而在泥藻体系中,其相对丰度分别增长至7.07%和6.94%。值得注意的是,*Aeromonas*属于聚磷菌,在低温条件下具有高效反硝化脱氮性能^[35],并且对 Cr^{6+} 的降解有一定的作用^[36],泥藻体系出现*Aeromonas*(7.07%),表明蛋白核小球藻可以增加*Aeromonas*相对丰度,提高系统的脱氮除磷性能和适应水质变化的能力。*Aeromonas*在藻体系和泥藻体系中相对丰度分别为48.44%和7.07%,微藻与*Aeromonas*形成良好的共生体系,2个体系均有优势菌*Aeromonas*,这不仅证明微藻可富集脱氮除磷菌*Aeromonas*,还为菌藻共生的研究提供了备选菌。而藻体系中*Aeromonas*的相对丰度高于污泥体系,同时藻又可以同化磷合成自身细胞物质,这均为藻体系TP去除率略高于泥藻体系的主要原

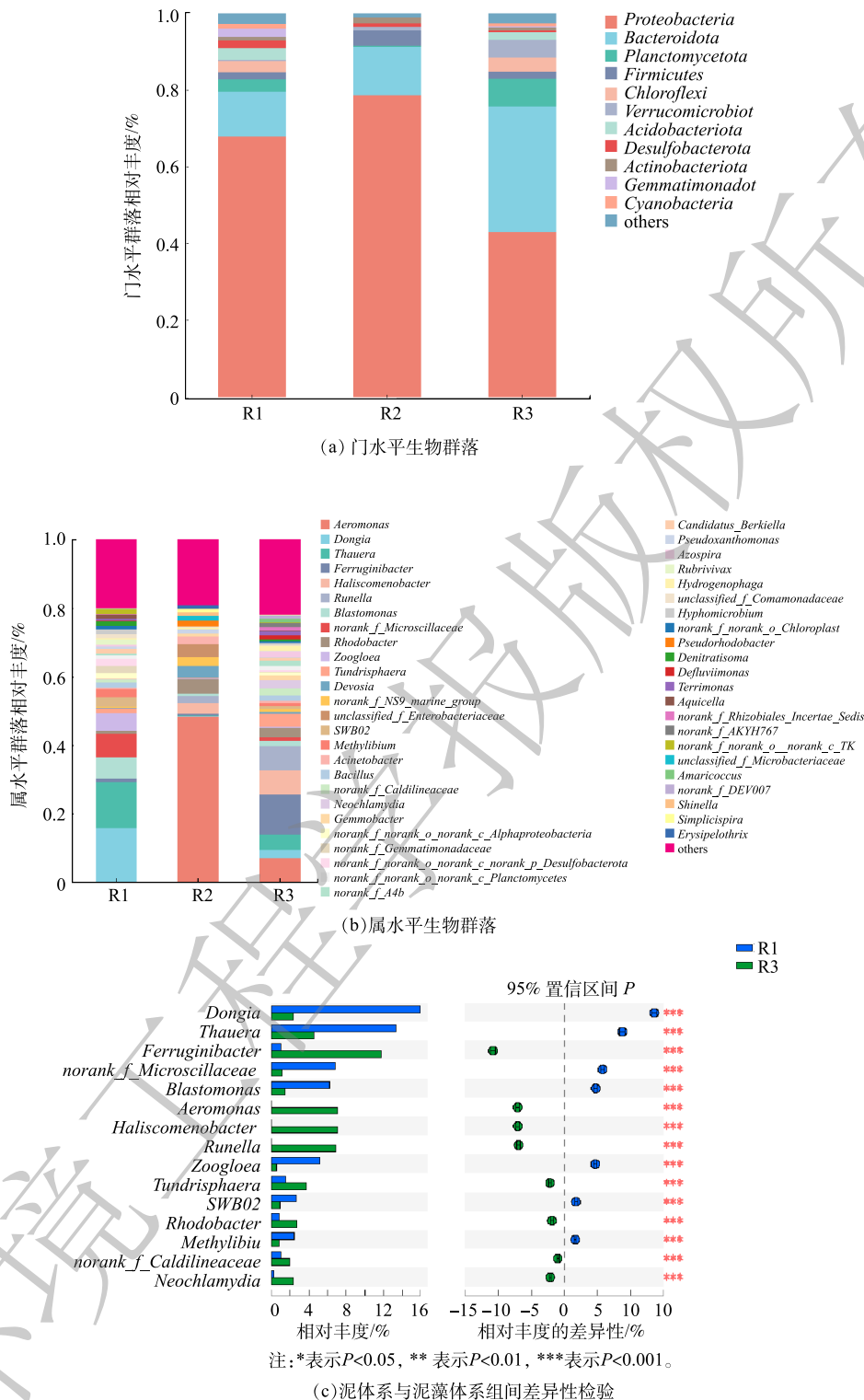


图 5 不同体系下微生物群落结构及分布

Fig. 5 Structure and distribution of the microbiome in different a systems

因。*Runella* 属于弯曲杆菌科，有研究^[31]表明，其从增强生物除磷的活性污泥中分离出来，泥藻体系出现了 *Runella*，表明小球藻加入污泥后，TP 去除性能增强，推测其增强了活性污泥的除磷性能。泥藻共生体系和藻体系都出现 *Haliscomenobacter*，相对丰度分别为 7.05% 和 3.00%，ZHANG 等^[37]

的研究表明, 共培养藻类和 *Haliscomenobacter* 是一种高效收获微藻的方法, 说明 *Haliscomenobacter* 可以固定微藻, 提高微藻沉降性能, 促进微藻与 *Haliscomenobacter* 形成良好的共生体系。综上所述, 泥藻共生体系中富集了异养硝化-好氧反硝化菌和除磷功能菌, 相对丰度分别为 14.35% 和 14.01%, 微藻与脱氮除磷功能菌可形成良好的共生关系。

2.4 不同体系的氮代谢分析

1) 不同体系功能酶预测分析。根据京都基因和基因组百科全书 (KEGG) 数据库 (<http://www.genome.jp/kegg/>), 采用 PICRUST 2 对 3 组体系中脱氮功能酶进行了预测和注释, 结果如图 6(a) 所示。发现了 8 种与脱氮相关的酶, 其中包括 2 种硝化酶和 6 种反硝化酶。铁氧还原蛋白-硝酸还原酶 (ferredoxin-nitrate reductase) 可以将硝酸盐还原为亚硝酸盐, 污泥体系、藻体系、泥藻体系中此酶含量分别为 0.013%、0.0043% 和 0.028%。亚硝酸还原酶 (nitrite reductase) 可将亚硝酸盐还原为 NO 或者 NH_3 , 从而减轻亚硝酸盐对生物体的毒害作用, 其在污泥体系、藻体系、泥藻体系中的含量分别为 0.0002%、0.054% 和 0.011%, 其中藻体系中酶含量最高。泥藻体系中亚硝酸还原酶含量比污泥体系提高了 0.0108%, 表明蛋白核小球藻加入污泥后可减少亚硝酸盐对生物的毒害作用, 反应体系脱氮性能增强。 N_2O 还原酶 (nitrous-oxide reductase) 可以将 N_2O 还原为 N_2 , N_2O 作为最重要的温室气体之一, 增温潜能远高于 CO_2 ^[38]。与污泥体系相比, 泥藻体系中 N_2O 还原酶含量增加了 0.007%, 这是因为 N_2O 的主要代谢机制是异养反硝化^[39], 该研究中泥藻体系富集的反硝化菌相对丰度高于污泥体系, 促进反应体系脱氮性能增强。

2) 不同体系功能基因预测分析。为了获得更详细的 PSBR 的脱氮信息, 采用 PICRUST2 对 3 组体系脱氮相关基因进行了预测和注释, 结果如图 6(b) 所示。从预测基因中筛选出 8 种与反硝化相关的功能基因, 包括硝酸还原基因 (*narG*、*narH*、*narI*)、一氧化氮还原基因 (*norB*、*norC*)、亚硝酸盐还原基因 (*nirK*、*nirS*) 和一氧化二氮还原酶基因 (*nosZ*)。污泥体系中硝酸盐还原基因 *narG*、*narH*、*narI* 的相对丰度均高于泥藻体系, 而藻体系与污泥体系的硝酸盐还原基因 *narG*、*narH*、*narI* 的相对丰度基本相同, 硝酸盐还原酶可将硝酸盐还原为亚硝酸盐^[40], 但泥藻体系 TN 去除率高于污泥体系。这是由于微藻在脱氮过程中生物同化发挥主导作用^[8]。本研究中泥藻体系中 N_2O 还原基因 *nosZ* 相对丰度 0.023%, 高于污泥体系 0.019% 和藻体系 0.004%。闫旭等^[41] 研究发现 N_2O 的产生量与污泥中 *nosZ* 的含量成负相关, 碳源和 DO 对含有 *nosZ* 基因的反硝化细菌有明显的影响, 低 DO 环境和充足的碳源能够极大的促进其含量的提高, 推测由于微藻释放出碳水化合物、氨基酸等

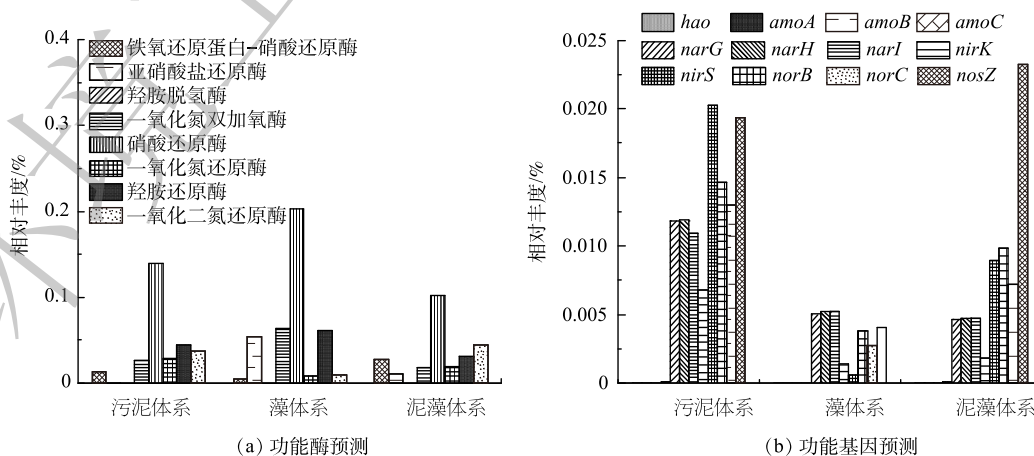


图 6 不同体系功能预测

Fig. 6 Prediction of functional enzymes and functional genes in different system

有机物补充了碳源,而泥藻体系中脱氮功能菌相对丰度提高,因此,泥藻体系的 *nosZ* 基因的相对丰度升高。

3 结论

1) 当 DO 为 $(0.4\pm 0.1) \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$, HRT 为 6 h 时,按泥藻质量比 1:5 接种到 PSBR 中,泥藻体系中 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TN、COD、TP 去除率分别为 99.91%、65.98%、96.28%、76.49%,出水达到《城镇污水处理厂排放标准》一级 A 标,处理效果优于污泥体系和藻体系,表明泥藻体系在低 DO 条件下对农村废水有良好的处理效果。

2) 污泥体系、藻体系、泥藻体系优势菌属具有显著性差异,泥藻体系物种丰富度远高于藻体系,更利于污染物的去除。泥藻共生体系中富集的脱氮功能菌属和除磷功能菌属相对丰度分别为 26.11% 和 14.01%,较污泥体系分别提高了 7.60% 和 14.01%。

3) 泥藻体系中铁氧还蛋白-硝酸还原酶的含量较污泥体系和藻体系均有明显上升,泥藻体系亚硝酸还原酶含量比污泥体系提高了 0.010 8%,泥藻体系更耐亚硝酸盐毒害作用且脱氮性能有所提高。

参考文献

- [1] FENG Q, GUO W, WANG T, et al. Iron coupling with carbon fiber to stimulate biofilms formation in aerobic biological film systems for improved decentralized wastewater treatment: Performance, mechanisms and implications[J]. *Bioresource Technology*, 2021, 319: 124151.
- [2] HONG Y, HUANG G, AN C, et al. Enhanced nitrogen removal in the treatment of rural domestic sewage using vertical-flow multi-soil-layering systems: Experimental and modeling insights[J]. *Journal of Environmental Management*, 2019, 240: 273-284.
- [3] 徐宇峰. 低氧活性污泥法除污及污泥减量研究[D]. 重庆: 重庆大学, 2014.
- [4] EISENBERG D M, KOOPMAN B, BENEMANN J R, et al. Algal bioflocculation and energy conservation in microalgal sewage ponds[C]//*Biotechnol. Bioeng. Symp.*; (United States). 1981, 11(CONF-810554-).
- [5] TRICOLICIO, BUMBAC C, PATROESCU V, et al. Dairy wastewater treatment using an activated sludge-microalgae system at different light intensities[J]. *Water Science and Technology*, 2014, 69(8): 1598-1605.
- [6] NGUYEN T T, BINH Q A, BUI X T, et al. Co-culture of microalgae-activated sludge for wastewater treatment and biomass production: Exploring their role under different inoculation ratios[J]. *Bioresource Technology*, 2020, 314: 123754.
- [7] SU Y, MENNERICH A, URBAN B. Synergistic cooperation between wastewater-born algae and activated sludge for wastewater treatment: Influence of algae and sludge inoculation ratios[J]. *Bioresource Technology*, 2012, 105: 67-73.
- [8] LIANG Z, LIU Y, GE F, et al. Efficiency assessment and pH effect in removing nitrogen and phosphorus by algae-bacteria combined system of *Chlorella vulgaris* and *Bacillus licheniformis*[J]. *Chemosphere*, 2013, 92(10): 1383-1389.
- [9] LIANG Z, LIU Y, GE F, et al. A pH-dependent enhancement effect of co-cultured *Bacillus licheniformis* on nutrient removal by *Chlorella vulgaris*[J]. *Ecological Engineering*, 2015, 75: 258-263.
- [10] 许子聪, 李海松, 胡培基. 污泥膨胀对反硝化中试反应器效能及菌群结构的影响[J]. *环境工程技术学报*, 2019, 9(2): 139-144.
- [11] HELLINGA C, SCHELLEN A, MULDER J W, et al. The SHARON process: An innovative method for nitrogen removal from ammonium-rich waste water[J]. *Water Science and Technology*, 1998, 37(9): 135-142.
- [12] CAI T, PARK S Y, LI Y. Nutrient recovery from wastewater streams by microalgae: Status and prospects[J]. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 2013, 19: 360-369.
- [13] XU J, WANG X, SUN S, et al. Effects of influent C/N ratios and treatment technologies on integral biogas upgrading and pollutants removal from synthetic domestic sewage[J]. *Scientific Reports*, 2017, 7(1): 1-13.
- [14] HE S, XUE G, WANG B. Factors affecting simultaneous nitrification and de-nitrification (SND) and its kinetics model in membrane bioreactor[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2009, 168(2/3): 704-710.
- [15] 王迪. 不同碳源对好氧颗粒污泥性质影响的研究[D]. 大连: 大连理工大学, 2006.
- [16] SU Y, MENNERICH A, URBAN B. Coupled nutrient removal and biomass production with mixed algal culture: impact of biotic and abiotic factors[J]. *Bioresource Technology*, 2012, 118: 469-476.
- [17] JI B, ZHANG M, WANG L, et al. Removal mechanisms of phosphorus in non-aerated microalgal-bacterial granular sludge process[J].

- [Bioresource Technology](#), 2020, 312: 123531.
- [18] JAVED M A, ZAFAR A M, HASSAN A A. Regulate oxygen concentration using a co-culture of activated sludge bacteria and *Chlorella vulgaris* to maximize biophotolytic hydrogen production[J]. [Algal Research](#), 2022, 63: 102649.
- [19] 徐金兰, 王志盈, 杨永哲, 等. ABR 的启动与颗粒污泥形成特征[J]. [环境科学学报](#), 2003, 23(5): 575-581.
- [20] LIU Y Q, KONG Y H, ZHANG R, et al. Microbial population dynamics of granular aerobic sequencing batch reactors during start-up and steady state periods[J]. [Water Science and Technology](#), 2010, 62(6): 1281-1287.
- [21] DIEZ-VIVES C, GASOL J M, ACIANS S G. Evaluation of marine Bacteroidetes-specific primers for microbial diversity and dynamics studies[J]. [Microbial Ecology](#), 2012, 64(4): 1047-1055.
- [22] CHIELLINI C, MUNZ G, PETRONI G, et al. Characterization and comparison of bacterial communities selected in conventional activated sludge and membrane bioreactor pilot plants: A focus on nitrospira and planctomycetes bacterial phyla[J]. [Current Microbiology](#), 2013, 67(1): 77-90.
- [23] HUANG X, MI W, ITO H, et al. Unclassified anammox bacterium responds to robust nitrogen removal in a sequencing batch reactor fed with landfill leachate[J]. [Bioresource Technology](#), 2020, 316: 123959.
- [24] MOHSENPUR S F, HENNIGE S, WILLOUGHBY N, et al. Integrating micro-algae into wastewater treatment: A review[J]. [Science of The Total Environment](#), 2021, 752: 142168.
- [25] DING Y, MIAO J L, WANG Q F, et al. Purification and characterization of a psychrophilic glutathione reductase from Antarctic ice microalgae *Chlamydomonas* sp. Strain ICE-L[J]. [Polar Biology](#), 2007, 31(1): 23-30.
- [26] MICHAUD L, GIUDICE A L, TROUSSELLIER M, et al. Phylogenetic characterization of the heterotrophic bacterial communities inhabiting a marine recirculating aquaculture system[J]. [Journal of Applied Microbiology](#), 2010, 107(6): 1935-1946.
- [27] WANG Y, CHEN J, ZHOU S, et al. 16S rRNA gene high-throughput sequencing reveals shift in nitrogen conversion related microorganisms in a CANON system in response to salt stress[J]. [Chemical Engineering Journal](#), 2017, 317: 512-521.
- [28] 仇潇洒. 陶厄氏菌属(*Thauera*)富集的SBR系统脱氮性能研究[D]. 西安: 长安大学, 2020.
- [29] ZHANG Y, CHEN L, SUN R, et al. Effect of wastewater disposal on the bacterial and archaeal community of sea sediment in an industrial area in China[J]. [FEMS Microbiology Ecology](#), 2014, 88(2): 320-332.
- [30] DU R, CAO S, LI B, et al. Step-feeding organic carbon enhances high-strength nitrate and ammonia removal via DEAMOX process[J]. [Chemical Engineering Journal](#), 2019, 360: 501-510.
- [31] RYU S H, NGUYEN T T H, PARK W, et al. *Runella limosa* sp. nov., isolated from activated sludge[J]. [International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology](#), 2006, 56(12): 2757-2760.
- [32] LIU J, ZHANG H, ZHANG P, et al. Two-stage anoxic/oxic combined membrane bioreactor system for landfill leachate treatment: pollutant removal performances and microbial community[J]. [Bioresource Technology](#), 2017, 243: 738-746.
- [33] YU W, LAWRENCE N C, SOOKSA-NGUAN T, et al. Microbial linkages to soil biogeochemical processes in a poorly drained agricultural ecosystem[J]. [Soil Biology and Biochemistry](#), 2021, 156: 108228.
- [34] YANG Y, QUENSEN J, MATHIEU J, et al. Pyrosequencing reveals higher impact of silver nanoparticles than Ag^+ on the microbial community structure of activated sludge[J]. [Water Research](#), 2014, 48: 317-325.
- [35] 董怡华, 张雪莹, 邹立安, 等. 耐低温好氧反硝化菌 *Aeromonas* sp. 的分离鉴定及脱氮条件优化[J]. [微生物学报](#) 2022, 62(6): 2038-2052.
- [36] JI J, KULSHRESHTHA S, KAKADE A, et al. Bioaugmentation of membrane bioreactor with *Aeromonas hydrophila* LZ-MG14 for enhanced malachite green and hexavalent chromium removal in textile wastewater[J]. [International Biodeterioration & Biodegradation](#), 2020, 150: 104939.
- [37] ZHANG J, HU B. A novel method to harvest microalgae via co-culture of filamentous fungi to form cell pellets[J]. [Bioresource Technology](#), 2012, 114: 529-535.
- [38] 刘春梅, 魏文学, 盛荣, 等. 氧化亚氮还原酶基因 *nosZ II* 及与环境的关系研究进展[J]. [应用与环境生物学报](#), 2018, 24(3): 651-656.
- [39] YANG R, YUAN L, WANG R, et al. New insight on the regulation of N_2O production in aerobic condition: An N_2O metabolic perspective based on enzymatic analysis of nitrous oxide reductase[J]. [Journal of Water Process Engineering](#), 2021, 41: 102090.
- [40] 郑林雪, 李军, 胡家玮, 等. 同步硝化反硝化系统中反硝化细菌多样性研究[J]. [中国环境科学](#), 2015, 35(1): 116-121.
- [41] 闫旭, 韩云平, 刘俊新. A^2O 工艺中 N_2O 的产生与逸散特征[J]. [环境工程学报](#), 2014, 8(2): 592-598.

(责任编辑: 曲娜)

Performance and microbial characteristics of co-culture of activated sludge and algae in SBR for rural sewage treatment under low dissolved oxygen conditions

ZHAO Tingting, CHEN Wang, YANG Chenxi, QIN Shumin, ZHANG Qian*

School of Chemical Engineering, Chongqing University of Technology, Chongqing 40054, China

*Corresponding author, E-mail: zhangqianswu2005@cqut.edu.cn

Abstract Aiming at the problems of high aeration and energy consumption of sequencing batch reactor (SBR), photoSequencing Batch Reactors (PSBR) were used to treat the simulated rural domestic sewage, and the efficiency of pollutant removal and microbial characteristics of sludge system, algae system and sludge-algae system were compared. The results showed that compared with the sludge system, the removal rates of TN and TP in the sludge-algae systems increased by 48.72% and 39.18%, respectively. Compared with the algae system, the removal rates of TN and COD in the sludge-algae system increased by 16.80% and 77.35%, respectively. Under the conditions of low dissolved oxygen ($DO=(0.4\pm 0.1) \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$) and hydraulic retention time of 6 hours, the effluent of the sludge-algae system could reach the Class A standard of Discharge Standard of Urban Sewage Treatment Plant. The high-throughput sequencing results showed that the dominant bacterial in the sludge-algae system and sludge system were significantly different, in sludge-algae system, the phosphorus removal dominant bacteria *Aeromonas* of 7.07%, *Runella* of 6.94% and the heterotrophic nitrification- aerobic denitrification bacteria *Aeromonas* of 7.07%, *Rhodobacter* of 2.70%, and *Thauera* of 4.58% appeared. Compared with sludge system and algal system, the prediction results of functional enzymes and functional genes showed that the content of ferroxidase-nitrate reductase in the sludge-algae system increased by 0.015% and 0.0237%, respectively. The content of nitrite reductase in the sludge-algae system increased by 0.0148% compared with that in the sludge system, indicating that the addition of *Chlorella pyrenoidosa* to the sludge could reduce the toxic effect of nitrite on organisms, and the denitrification performance of the reaction system was enhanced. The research results can provide a theoretical reference for rural sewage treatment by sludge-algae system.

Keywords rural domestic sewage; sludge-algae system; microbial properties; photo-sequencing batch bioreactor