



第 19卷第2期2025年2月 Vol. 19, No.2 Feb. 2025

(www) http://www.cjee.ac.cn

E-mail: cjee@rcees.ac.cn

(010) 62941074

DOI 10.12030/j.cjee.202409024 中图分类号 X703 文献标识码 A

# 内外源藻-菌体系对河道水质的净化能力分析

叶筱昀1,崔贺2,余啸1,董磊2,张欣2,∞,陈秀荣1,∞

1.华东理工大学资源与环境工程学院,上海 200237; 2.上海市政工程设计研究总院(集团)有限公司,上海 200092

摘 要 将菌藻共生体系运用于河流污染水净化的技术研究并不多见,但其关乎生态效益和人体健康。分别运用微藻 体系和活性污泥与斜生四链藻构成的藻菌体系净化微污染和高污染的河道水,结果表明藻菌体系净化效果优于微藻体 系。藻菌体系能将劣 V 类水质提升至 II 类水质。将藻菌体系运用于示范装置的研究表明,运行 15 d 后,河水中的 DO≥12 mg·L<sup>-1</sup>,运行 30 d 后,耗氧有机物、TP、TN和 NH<sub>3</sub>-N 的降解率至少可达 64.98%、69.74%、61.01%和 84.07%,并具有可持续的降解性能。运用高通量测序技术分析了藻菌体系群落结构变化,测序结果表明,四链藻属(*Tetradesmus* sp.)的相对丰度从 4 d 的 4.80% 增加到 20 d 的 44.80%,同时,绿藻门中还出现了其余藻类丰度的增加,分别是相对丰度为 2.40% 的近头状尖胞藻 (*Raphidocelis* sp.)、2.50% 的单针藻 (*Monoraphidium* sp.)、2.20% 的衣藻 (*Chlamydomonas* sp.),这些藻来源于活性污泥中的内源藻孢子。研究结果为构建更稳定的菌藻共生系统用于各类河道水质净化提供了理论和数据支撑。

关键词 藻菌体系;河道水;水质净化;内外源藻;高通量测序

我国部分地表水质不达标的现象仍然存在。地表水体的污染物源可分为三类:生活污水、工业废水和降水。这些水中的污染物质一般含氮、磷、硫等元素,雨水淋洗生产活动放置在外的原料等,都会随下水管道流入地表水体,处理不当将导致河水富营养化,影响生态环境<sup>[1]</sup>。国内外也已开展对黑臭河水及河流污染水水质净化技术的研究。过滤、分离及其强化技术,生物及其强化技术,物理、化学及生化联用技术,电化学、磁处理技术,河流水质净化与生态修复集成技术等工艺技术越来越受关注<sup>[2]</sup>。

微藻由于其环境适应力强、可以利用废弃物质生长并将其降解成单一化合物等优点,废水培养微藻去除 污染物已有广泛的研究<sup>[3]</sup>。藻类可以同化碳、氮和磷,清除废水中的污染物的同时合成碳水化合物、蛋白质 和脂质,而菌群可以将有机物分解,产生氨、氮等,故藻菌合作也受到了研究人员的关注。MA等<sup>[4]</sup>研究发 现,在城市原废水中,蛋白核小球藻在第2天即可达到2.01 g·L<sup>-1</sup>,而在灭过菌的废水中,第3天仅为 0.77 g·L<sup>-1</sup>。但国内将菌藻共生体系运用于黑臭河水及河流污染水水质净化技术的研究并不多见。

微藻和菌之间的协同关系对菌藻共生系统中的微藻的生长及污染物的去除具有积极影响,但现有的研究仍存在不足。2013年,高晨晨<sup>[5]</sup>将菌藻生物膜系统应用于受污染河水,其仅对 COD 和氨氮的去除进行了简单的分析(去除率分别为 57%和 80%),其余水质指标的空白有待补充。2020年,王乐阳等<sup>[6]</sup>将含有菌藻填料的生态浮床实施于外港河现场,能将水质净化至IV类标准,如何进一步提升水质标准有待研究。2023年,张正红等<sup>[7]</sup>构建了颗粒化菌藻系统(光合细菌和小球藻),进行了缓流微污染原水净化,其中总氮的去除效率最好为 79.42%,但该系统是否适用于高污染水净化有待考究。国外也有研究利用光合细菌(*Rhodobacter sphaeroides*)和小球藻混合培养,从废水中有效去除氨氮和总磷<sup>[8]</sup>。总之,我国地表水修复起步晚于西方国家,且由于我国的地表水体多样,故目前还处在探索实践阶段。因此,更为合理的运用菌藻技术减污,尤其是运用在地表水处理领域是当前亟需解决的问题。

#### 收稿日期: 2024-09-04 录用日期: 2024-12-23

基金项目:国家自然科学基金面上资助项目(52270069);上海市"科技创新行动计划"项目(23DZ1203504)

**第一作者:**叶筱昀(1999—),女,硕士研究生,研究方向为环境工程生物技术,1587488249@qq.com **⊠通信作者:**张欣(1969—),男,硕士,教授级高级工程师,研究方向为市政排水及污水处理新工艺研发,zhangxin@smedi.com;陈秀荣(1975—),女,博士,教授,研究方向为菌藻联盟用于土壤改良、减污、固碳,xrchen@ecust.edu.cn

为弥补上述研究的不足,本研究采用活性污泥作为菌藻共生体系中的菌源,比购买单一菌种更具有经济 性与多样性,采用耐污能力强,在水质修复中更具有潜力的栅藻<sup>[9-12]</sup>,更合理的构建微藻和细菌的复合体 系,更高效的缓解地表水体纳污负荷,提升溶解氧,恢复水体自净能力,具有重要研究意义,具有重大生态 效益,符合绿色的、可持续发展的原则。

# 1 材料与方法

#### 1.1 实验材料

实验材料由菌种和藻种两部分构成。菌群由活性污泥直接提供,活性污泥来自华东理工大学污水处理 厂。外源藻种为无毒绿藻斜生四链藻 (曾用名斜生栅藻),购于中国科学院淡水藻种库 (FACHB)。

#### 1.2 实验设计与用水

本研究设计了实验室小试实验和示范装置运 行实验两部分。实验室小试实验首先对比纯斜生四 链藻体系 (简称微藻体系)和斜生四链藻-活性污泥 体系 (简称藻菌体系)对实际水质的净化能力。对 比实验的用水采自江苏新晨环保集团第三产业园河 道,经检测定义为微污染水,水质数据如表1所 示。其次,在实验室研究了上述藻菌体系对高污染 水的净化能力。进水水质为在上述实际地表水中额

表1 微污染和高污染实验用水水质数据

Table 1 Water quality data for micro-polluted and highly polluted experimental water

		-	-	-
水质指标	COD/	TN/	NH <sub>3</sub> -N/	TP/
	$(mg \cdot L^{-1})$	$(mg \cdot L^{-1})$	$(mg \cdot L^{-1})$	$(mg \cdot L^{-1})$
微污染地表水	17.84~23.70	1.59~2.50	0.61~1.83	0.46~0.76
高污染地表水	100.12	5.05	3.05	1.01

外添加碳、氮、磷源,使化学需氧量 (COD)、总氮 (TN,以N计)、氨氮 (NH<sub>3</sub>-N)和 总磷 (TP,以P计)含量劣于地表水环境质量标准 (GB 3838-2002) V类水质标准,使实验结果对不同污染情况的地表水具有更广泛的指导意义。所添加的碳源为葡萄糖和甲醇 (分别提供所需 COD 的 50%),氮源为氯化铵,磷源为磷酸二氢钾。除特别说明外,本研究所采用的化学品均为分析纯 (AR)。示范装置运行实验的用水同为江苏新晨环保集团第三产业园河道采集的实际地表水,由于实际水质必然波动,故进水水质数据不完全一致。

实验均于第0天进水,停留1个实验周期出水。实验室微污染净化的周期为7d,高污染净化的周期为20d。示范装置运行周期为30d。实验室小试实验反应器为传统的常规柱式光生物反应器,有效容积为1.5L,示意图和装置图如图1所示。示范装置运行实验采用我们发明的一种生态修复装置(公开号为CN117550725A)<sup>[13]</sup>,装置置于有效容积为150L的圆形池内(图2)。当运行该生态修复装置时,圆形池内的水会充分地循环流动。



实验室小试实验和示范装置运行实验的曝气系统均提供约 3 mg·L<sup>-1</sup> 溶解氧 (DO),小试实验水温在 25~30 ℃,示范装置水温在 15~20 ℃,实验光照周期均为 3 h(即每日光照 3 h,黑暗 3 h,进行 4 个循环), 光照强度均为 10 000 Lux。每天固定时间取样进行生物量和水质指标监测。两种体系的外源微藻初始接种密 度均为 4×10<sup>6</sup> 细胞/mL,接种的微藻处于对数生长期。藻菌体系中初始接种的活性污泥长势良好,MLSS 约 为1300 mg·L<sup>-1</sup>, SVI 约为70 mL·g<sup>-1</sup>。与纯微藻体系不同的是,藻菌体系存在除斜生四链藻以外的其他藻 类,这是由于活性污泥中会自带藻孢子,在充足的光照条件下可能会生长和增殖。

## 1.3 实验方法

污泥浓度 (MLSS) 和污泥体积指数 (SVI) 的测定方法参照<sup>[14]</sup>。藻生物量指标用叶绿素 a 含量间接表示。 水质指标分析 COD、TP、TN 和氨氮 (NH<sub>3</sub>-N)。取适量培养物 5 000 r·min<sup>-1</sup> 离心 10 min,上清液过 0.45 μm 的滤膜去除体系内残留菌和藻后用于测水质指标。离心后的底物加入甲醇至原体积,300 W 超声破 胞 20 min, 70 ℃ 水浴提取 10 min 并再次离心,底物为白色,上清液于 653 nm 和 666 nm 波长下测吸光 度,由此计算叶绿素 a 的含量<sup>[15]</sup>。水质指标分析用哈希试剂,哈希试剂购于美国哈希公司 (HACH),其在国 内外水质检测领域广泛应用,具体测试方法参照美国哈希公司出版的《Water Analysis Handbook》(化学需氧 量 (COD),消解比色法 8000;总磷,消解-抗坏血酸法 8190;总氮,过硫酸盐氧化法 10071;氨氮,水杨 酸法 10023)<sup>[16-20]</sup>。

高通量测序技术常用于微生物多样性研究,鉴定微生物种类和确定相对丰度<sup>[21-22]</sup>。对微生物进行扩增子测序,可以普查群落的结构组成,掌握变化规律,揭示优势物种。本研究将实验室小试实验藻菌体系培养至第4天与第20天的样品用于高通量测序分析,分析微生物在藻菌体系中的作用,将实验室宏观效果与微观机制分析相结合,为示范工程的实施提供理论支持。

# 2 结果与讨论

# 2.1 藻菌体系对河道水质的净化效果分析

 1) 微藻体系与藻菌体系藻含量对比。微藻是 一类能进行光合作用的微观藻类,叶绿素 a 含量丰 富<sup>[23]</sup>。体系内生物的良好生长是去除污染物的前 提。本研究采用叶绿素 a 反映体系内微藻的生物量 情况,了解微藻的生长速度。微藻体系与藻菌体系 生物量对比图如图 3 所示。

微藻体系与藻菌体系初始接种的藻细胞密度 一致,其中的叶绿素 a 含量也一致为 1.66 mg·L<sup>-1</sup>。 在 7 d 的培养周期内,藻菌体系的叶绿素 a 含量始 终高于微藻体系。藻菌体系中的微藻几乎不存在适 应期,而在微藻体系内,第 2 天才开始出现叶绿 素 a 的增长。到第 7 天实验结束时,微藻体系的 叶绿素 a 含量为 3.19 mg·L<sup>-1</sup>,低于藻菌体系 23.68%,





推测可能是由于藻菌体系中微生物的功能多样性带来了比微藻体系更高效的能量流动,活性污泥中的菌群对 底物的代谢产物也能够帮助微藻生长,菌群提供的这些营养物质是微藻叶绿素 a 的重要组成部分<sup>[24]</sup>。

2) 微藻体系与藻菌体系污染物去除情况对比。将 COD 作为反映有机物含量的综合指标具有重要的评价 与指导意义<sup>[25]</sup>(图 4(a))。微藻体系与藻菌体系 COD、TP、TN 和 NH<sub>3</sub>-N 在水中的质量浓度随时间的变化情 况如图 4 所示。图中微藻体系与藻菌体系的进水均为表 1 中的微污染地表水,但藻菌体系的初始污染物质量 浓度偏高,是活性污泥的投加引起的,活性污泥的预培养基引入了部分营养物质至该体系中。尽管如此,其 出水污染物质量浓度仍均低于微藻体系。微藻体系在第 1 天对污染物的降解速度是缓慢的,而藻菌体系则出 现断崖式的降解。整体来说,微藻体系每天对污染物的降解率是相近的,但藻菌体系在第 5 天之后的降解率 减缓,是水中的污染物质量浓度已经非常低的缘故。微藻体系对好氧有机污染物(以 COD 计)、TP、TN 和 NH<sub>3</sub>-N 的 7 d 去除 率 分 别 为 74.72%、78.26%、67.20% 和 56.83%,藻 菌 体 系 为 86.11%、93.88%、 91.19% 和 96.38%。有研究表明相比于利用微藻处理废水,菌藻共生系统对废水中有机碳、氮、磷等营养物 质的去除效率更高<sup>[26]</sup>。在本实验室条件下,微藻和藻菌体系净化实际地表水的对比研究同样发现,藻菌体系 优于微藻体系,得益于藻菌体系中生物量的优势,也得益于藻菌良性合作下藻生物量的增加(图 3)。

3) 藻菌体系污泥浓度和体积指数分析。活性污泥的生物活性和沉降性能对水处理至关重要。MLSS 和



图 4 微藻与藻菌体系中 COD 和氮磷的质量浓度变化

Fig. 4 Variations of COD, nitrogen and phosphorus concentrations in microalgae and algal-bacterial systems

SVI 是污泥最基本的理化特性,图 5 反映了光生物 反应器运行 7 d 内藻菌体系总污泥的 MLSS 和 SVI 变化情况。生长良好的活性污泥的 SVI 值在 50~100 mL·g<sup>-1</sup> 左右;当 SVI 值在 100~200 mL·g<sup>-1</sup> 时,沉降性能一般;当 SVI 值大于 200 mL·g<sup>-1</sup> 时,沉降性能较差<sup>[14]</sup>。由图 5 可知,本体系的活 性污泥生长良好,SVI 值虽然一直处于波动状态, 但始终保持在 50~100 mL·g<sup>-1</sup>。过高的 MLSS 会 妨碍充氧,本实验室藻菌体系的 MLSS 也一直维 持在 1 350 mg·L<sup>-1</sup> 左右,污泥浓度不高且较为合 适。0~3 d 属于污泥的积累过程,其利用水样中的 污染物维持自身的增殖,从初始的 1 322.13 mg·L<sup>-1</sup>, 到第 3 天的 1 351.01 mg·L<sup>-1</sup>,此后水中污染物质





Fig. 5 Variations of sludge concentration (MLSS) and volume index (SVI) in algal-bacterial system

量浓度降低,污泥不断更新并保持污泥浓度相对稳定。活性污泥的相对稳定也意味着藻菌体系中存在互利关系,营造的环境条件适宜微生物的生长。

#### 2.2 藻菌体系对高污染水的净化效果分析

1) 藻菌体系藻含量分析。在高污染地表水中藻菌体系内叶绿素 a 的含量变化如图 6 所示。在前 12 d 属 于微藻色素的积累时期,在后 8 d 较为稳定。其初始叶绿素 a 含量为 2.74 mg·L<sup>-1</sup>,在第 16 天达到最高,为 11.97 mg·L<sup>-1</sup>,是初始的 4.37 倍。有研究<sup>[25]</sup>表明,细菌可以释放某些生长促进物质来支持微藻的生长,适宜 的条件会使微藻细胞能够积累色素,通过光合作用 产生氧气和有机物,为细菌提供能源和营养。由 图 6 可以看出这一良好的关系在底物充足的条件 下体现得更加明显,劣V类水质中含有更多的污染 物,使得微藻细胞积累了更多的叶绿素 a。

2) 藻菌体系污染物降解效果分析。图 7 反映的是藻菌体系运用于高污染地表水时,好氧有机污染物 (以 COD 计)、TP、TN 和 NH<sub>3</sub>-N 的降解情况。进水 COD、TP、TN 和 NH<sub>3</sub>-N 的质量浓度分别为 100.12、1.01、5.05 和 3.05 mg·L<sup>-1</sup>,根据《地表水环境质量标准》(GB3838-2002),该进水属于劣V类水,表明地表水环境污染严重。本藻菌体系对好氧有机污染物 (以 COD 计)的降解效果极



佳,0~12 d 的降解速率极快且不存在前期的适应期。有研究表明,菌藻系统中 COD 的去除主要依靠细菌的 代谢作用,河水中的土著生物也能异养代谢 COD<sup>[7]</sup>。好氧有机污染物 (以 COD 计) 的快速降解也与 2.2.1 节 叶绿素 a 在 0~12 d 迅速积累相对应,最终耗氧有机污染物的降解率为 98.01%。TP 与 TN 的降解趋势相 近,在培养初期 (0~4 d) 出现了小幅上升,这可能是高污染的冲击造成了部分生物的死亡,但这部分氮磷也 能在后续的培养中去除,最终降解率分别为 91.09% 与 96.04%。NH<sub>3</sub>-N 的降解曲线呈现出先慢后快再慢的 趋势,最终达到了几乎 100% 的去除。在第 20 天时,COD、TP、TN 和 NH<sub>3</sub>-N 的出水质量浓度分别为 1.99、0.09、0.20 和 0.01 mg·L<sup>-1</sup>,除 TP 外,其余均达到了 I 类水的标准。



Fig. 7 Degradation of pollutants by algal-bacterial system

由图 7 可知,相比之下,TP 的去除效果是最差的,因为水中的磷一般需要结合化学的方法将其沉降后 分离除去,光合细菌在一定条件下能积累多聚磷酸盐,但也会将其重新释放,而微藻只对正磷酸盐有较强的 吸收同化能力<sup>[7]</sup>,故在不排泥的情况下其余磷的去除效果受限。而耗氧有机污染物(以 COD 计)和 NH<sub>3</sub>-N 的 去除率均大于 98%,与此前赵志瑞<sup>[27]</sup>等的研究相比去除效果更好,推测是由于其采用的是微球藻与培养的 复合菌群形成的菌藻体系,而本研究采用的是斜生四链藻与活性污泥中的土著菌群,形成的藻菌体系生物种 类更为丰富。

#### 2.3 藻菌体系示范装置运行效果分析

1) 藻菌体系示范装置溶解氧监测。藻菌体系示范装置的运行分为两个批次,第1批次引入原始河道排口 地表水,且在示范装置内接种藻菌,运行1个月后引入新的河道排口地表水,实施第2批次,第2批次不接 入新的藻菌,利用已形成的藻菌体系处理水样,探究该藻菌体系示范装置运行的可持续性。

溶解氧 (DO) 是一个体现水质的重要指标,一般污染严重的水体 DO 都非常低,因此,在藻菌体系处理 河水时 DO 的变化是净化能力的直接体现<sup>[28]</sup>。藻菌体系示范装置 DO 的变化情况如图 8 所示。第1 批次河水

引入藻菌体系示范装置时的溶解氧为 4.36 mg·L<sup>-1</sup>, 第 2 批次为 5.06 mg·L<sup>-1</sup>,均处于较低水平。该藻 菌示范装置运行 5 d 后,两批次河水中的溶解氧均 >12 mg·L<sup>-1</sup>,达到了 I 类水的标准,也意味着水质 已经得到了净化,恢复了水体的自净能力。此后, 两批次河水中的 DO 均处于较高水平,维持在 I 类水的标准,但有所波动,属于正常现象,其受 到藻菌体系呼吸作用和代谢活动的影响。陈海敏 等<sup>[29]</sup>早期利用光合细菌和小球藻联合处理养殖废 水,处理后水中 DO 可达 10 mg·L<sup>-1</sup>以上,有利于 废水的再利用。在本藻菌体系示范装置运行过程 中,同样能将水体中的 DO 提升至 10 mg·L<sup>-1</sup>以 上(图 8)。





Fig. 8 Monitoring of dissolved oxygen (DO) in the demonstration device of alga-bacteria system

2) 藻菌体系示范装置污染物降解效果分析。根据实验室实验效果分析发现,藻菌体系对好氧有机污染物(以 COD 计)、TP、TN 和 NH<sub>3</sub>-N 的降解均表现出一定优势,故运行藻菌体系示范装置实施河水水质净化,相关结果如图 9 所示。引入至本藻菌体系示范装置内的两批次河水初始水质有一定的差异,好氧有机污染物(以 COD 计)、TP、TN 和 NH<sub>3</sub>-N 去除均呈现先快后慢的趋势,符合藻菌降解污染物动力学趋势。到第30 天时,第1 批次的 COD 值为 5.00 mg·L<sup>-1</sup>,降解率为 73.68%,第2 批次的 COD 值为 8.30 mg·L<sup>-1</sup>,降解 率为 64.98%,出水均达到了《地表水环境质量标准》(GB 3838-2002) I 类水标准。本藻菌体系示范装置内 微藻和菌群相互合作,也实现了对氮磷的去除,出水时,第1 批次的 TN 含量为 0.10 mg·L<sup>-1</sup>,符合 II 类水标准,第2 批次为 0.23 mg·L<sup>-1</sup>,属于IV类水;第1 批次的 TN 含量为 0.62 mg·L<sup>-1</sup>,第二批次为 0.76 mg·L<sup>-1</sup>,降解率分别为 61.01%和 61.42%,与实验室藻菌体系相比低出 30%,但 TN 的出水水质由 V类提升至III类水标准。与此同时,第一批次的 NH<sub>3</sub>-N 出水质量浓度为 0.07 mg·L<sup>-1</sup>,去除率为 88.52%,符合 I 类水标准,第二批次的 NH<sub>3</sub>-N 出水质量浓度较低的情况下,硝化细菌由于繁殖周期长很难形成优势菌 群<sup>[28]</sup>。本示范装置所采用的河水中的 NH<sub>3</sub>-N 初始质量浓度不高,但由于不是单一的菌或微藻的体系,在藻 菌的优势作用下,水样中的 NH<sub>3</sub>-N 仍得到了很好的去除。

示范装置对地表水质的净化能力虽然不如实验室条件,但仍然大幅提升了水质条件,部分指标达到《地 表水环境质量标准》(GB3838-2002) I 类水标准,且两批次的实验表明该藻菌体系具有一定的可持续性, 30 d 后不添加新的微藻与活性污泥,同样可以净化水质(图 9)。本研究的藻菌体系适用于多种反应器,成功 运用于示范装置,对地表水具有可持续的净化能力。





Fig. 9 Changes in pollutant concentrations during the operation of the demonstration device of the algal-bacterial system

# 2.4 藻菌体系中微生物群落结构解析

将实验室净化高污染地表水 (劣V类) 的藻菌体系的培养初期 (第4天) 与培养末期 (第20天) 的样品进行了测序, 筛选了相对丰度变化大于 1% 的物种。

1) 门水平下物种组成相对丰度变化。藻菌体 系内第4天与第20天门水平下物种组成相对丰度 变化如图10所示。样品在门水平上的相对丰度变 化明显。在第4天,藻菌体系中绿藻门(Chlorophyta)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、变形杆菌门 (Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和疣微菌 门(Verrucomicrobia)的相对丰度为25.70%、 63.20%、5.00%、4.00%和0.40%,而在第20天, 其中的相对丰度变为89.40%、3.00%、1.20%、 0.10%和4.10%。由图10可以看出,与第4天相 比,第20天拟杆菌门(Bacteroidetes)、变形杆菌 门(Proteobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)的相 对丰度均减少。拟杆菌门(Bacteroidetes)的微生物 能生产各种裂解酶并参与降解有机化合物,变形杆 菌门(Proteobacteria)是活性污泥中丰富的细菌





Fig. 10 Changes in relative abundance of microbes at phylum level for the sample

门,参与污泥脱氮除磷等降解活动<sup>[30]</sup>,厚壁菌门 (Firmicutes) 中有丰富的合养细菌,可产生挥发性脂肪酸<sup>[31]</sup>,三种菌门丰度的下降,均与第 20 d 水中污染物得到降解有关。

2) 属水平下物种组成相对丰度变化。样品在属水平上的相对丰度变化更为明显。其中值得关注的是,四链藻属 (*Tetradesmus* sp.) 的相对丰度从第 4 天的 4.80% 增加到第 20 天的 44.80%,但第 20 天时绿藻门中还出现了其余藻类丰度的增加,分别是相对丰度为 2.40% 的近头状尖胞藻 (*Raphidocelis* sp.)、2.50% 的单针藻

(Monoraphidium sp.)、2.20%的衣藻 (Chlamydomonas sp.)。图 11 表明采用活性污泥与外源斜生 四链藻构成藻菌体系具有创新性,活性污泥在光的 照射下能将内源的藻孢子激活,从而产生内源藻, 进而形成更稳定的内外源藻-菌体系。此前的研究 从未展示过相关的研究结果。图 11 所显示出的近 头状尖胞藻 (Raphidocelis sp.)、单针藻 (Monoraphidium sp.)和衣藻 (Chlamydomonas sp.)都属于内源 藻。此外,上述图 10 中疣微菌门 (Verrucomicrobia) 的相对丰度增加,表明地表水质得到净化,其在淡 水环境中出现,是碳循环的重要贡献者<sup>[32]</sup>,该门下 的 Roseimicrobium sp.相对丰度到第 20 天增加了 18.10%(图 11)。Roseimicrobium sp.属于益生菌, 甚至能作为饲料添加剂<sup>[33]</sup>。本研究可以用于地表水 质净化,为保护自然水环境提供数据支撑。





Fig. 11 Changes in relative abundance of microbes at genus level for the sample

## 3 结论

1) 采用活性污泥与斜生四链藻构建的藻菌体系,对实际河道水质具有极好的净化效果。微污染水中耗氧 有机污染物 (以 COD 计)、TP、TN 和 NH<sub>3</sub>-N 的 7 d 去除率最低为 86.11%,高污染水 (劣V类)20 d 能提升 至Ⅱ类地表水水质。

2) 本研究的藻菌体系成功运用于示范装置并展现出可持续的降解效果,在示范装置稳定运行 30 d 后, 不接入新的藻菌,对河水仍有净化效果。

3) 微生物群落解析结果表明,在充足的光照条件下,活性污泥中的土著藻孢子能够被激活,内源藻和外 源藻的相对丰度都会随培养时间增加,地表水质的大幅净化可能得益于该内外源藻以及多种原生菌群形成的 复合体系。

#### 参考文献

- [1] 万晓卉. 臭氧微气泡氧化法处理有机废水研究[D]. 上海: 上海第二工业大学, 2020.
- [2] 张秀捷. 北运河通州城区段水质净化研究与示范[D]. 北京: 中国农业大学, 2016.
- [3] CHEW K W, YAP J Y, SHOW P L, et al. Microalgae biorefinery: High value products perspectives [J]. Bioresource Technology, 2017, 229: 53-62.
- MA X, ZHOU W, FU Z, et al. Effect of wastewater-borne bacteria on algal growth and nutrients removal in wastewater-based algae cultivation system [J].
  Bioresource Technology, 2014, 167: 8-13.
- [5] 高晨晨, 孙永利, 葛铜岗, 等. 菌—藻生物膜共生系统的培养[J]. 给水排水, 2013, 49(S1): 186-188.
- [6] 王乐阳, 张瑞斌, 潘卓兮, 等. 菌藻填料强化生态浮床在河道治理中的应用[J]. 中国环保产业, 2020(1): 44-46.
- [7] 张正红, 向天勇, 何文辉, 等. 絮凝颗粒化菌藻系统净化缓流微污染河水 [J]. 环保科技, 2023, 29(2): 7-12.
- [8] OGBONNA J C, YOSHIZAWA H, TANAKA H. Treatment of high strength organic wastewater by a mixed culture of photosynthetic microorganisms[J]. Journal of Applied Phycology, 2000, 12(3): 277-284.
- [9] MA M, Yu Z, JIANG L, et al. Alga-based dairy wastewater treatment scheme: Candidates screening, process advancement, and economic analysis[J]. Journal of Cleaner Production, 2023, 390: 136105.
- [10] HUANG H, ZHONG S, WEN S, et al. Improving the efficiency of wastewater treatment and microalgae production for biofuels [J]. Resources, Conservation and Recycling, 2022, 178: 106094.
- [11] LAN C N T, THU H Đ T, ĐAO P, et al. Multi-pollutants (organic and inorganic) removal potential of scenedesmus species on municipal sewage water and

analyzed their phycoremediation mechanisms [J]. Environmental Research, 2023, 232: 116301.

- [12] SACRISTAN D A M, LUNA-PABWLLO V M, CADENA E, et al. Green microalga scenedesmus acutus grown on municipal wastewater to couple nutrient removal with lipid accumulation for biodiesel production [J]. Bioresource Technology, 2013, 146: 744-748.
- [13] 张欣, 董磊, 崔贺, 等. 入河排污口的原位净化及生态修复装置: CN117550725A[P]. 2023-12-08.
- [14] 章楚卓. 固定化菌藻共生系统去除氮磷的效能研究及 EPS 在其过程的作用机制[D]. 南昌: 南昌大学, 2023.
- [15] YU J, DING B, LI R, et al. The efficient capture of polysaccharides in tetradesmus obliquus of indole-3-acetic acid coupling sludge extraction [J]. Science of the Total Environment, 2024, 912: 168963.
- [16] 陈国梅. HACH 仪器测定水中的总磷[J]. 工业水处理, 2010, 30(3): 62-63.
- [17] 董智芝, 马军虎, 何玉龙. 水质分析中国产化试剂替代进口哈希试剂的研究[J]. 中氮肥, 2024(1): 59-61.
- [18] DOELLE K, QIN Y, WANG Q. Bio-tower application for wastewater treatment [J]. Journal of Engineering Research and Reports, 2020, 11(1): 1-7.
- [19] MOHD-SALLEH S N A, MOHD-ZIN N S, OTJMAN N, et al. Treat-ability of manihot esculenta peel extract as coagulant aid for stabilised leachate[J]. Pertanika Journal of Science and Technology, 2021, 29(3).
- [20] TAGHILOU S, PEYDA M, MEHRASBI M R. Modeling of wastewater treatment by azolla filiculoides using response surface methodology[J]. Journal of Environmental Health Science and Engineering, 2021, 19(2): 1723-1733.
- [21] REUTER J A, SPACEK D V, SNYDER M P. High-throughput sequencing technologies [J]. Molecular Cell, 2015, 58(4): 586-597.
- [22] 高乾坤, 焦琳舒, 杜贺超, 等. 高通量测序分析不同产地带鱼冷藏时微生物群落多样性[J]. 食品科学, 2018, 39(18): 127-132.
- [23] 宋楚儿, 孟振, 张正, 等. 微藻在水产养殖水质净化中的应用[J]. 浙江海洋大学学报 (自然科学版), 2023, 42(4): 330-337.
- [24] YIN S, JIN W, XI T, et al. Factors affect the oxygen production of chlorella pyrenoidosa in a bacterial-algal symbiotic system: Light intensity, temperature, pH and static magnetic field[J]. Process Safety and Environmental Protection, 2024, 184: 492-501.
- [25] 金忠友, 陈志宏, 郑政, 等. 水环境菌藻共生相互作用研究进展[J]. 环境污染与防治, 2023, 45(6): 870-874+880.
- [26] MEDINA M, NEIS U. Symbiotic algal bacterial wastewater treatment: Effect of food to microorganism ratio and hydraulic retention time on the process performance [J]. Water Science and Technology, 2007, 55(11): 165-171.
- [27] 赵志瑞, 吴海森, 马超, 等. 菌藻复合体系氮代谢性能及菌群特征[J]. 环境科学, 2023, 44(5): 2965-2973.
- [28] 宋学章, 李春岭, 李文敏, 等. 菌藻系统处理养虾海水效果研究[J]. 中国水产, 2010(6): 49-52.
- [29] 陈海敏,陈声明. 工厂化水产养殖废水菌藻联合处理模式研究[J]. 浙江树人大学学报, 2002(4): 68-71.
- [30] CHAO Y, MAO Y, WANG Z, et al. Diversity and functions of bacterial community in drinking water biofilms revealed by high-throughput sequencing[J]. Scientific Reports, 2015, 5(1): 10044.
- [31] KURADE M B, SAHA S, SALAMA E-S, et al. Acetoclastic methanogenesis led by methanosarcina in anaerobic co-digestion of fats, oil and grease for enhanced production of methane [J]. Bioresource Technology, 2019, 272: 351-359.
- [32] NIXON S L, DALY R A, BORTON M A, et al. Genome-resolved metagenomics extends the environmental distribution of the verrucomicrobia phylum to the deep terrestrial subsurface [J]. mSphere, 2019, 4(6): 10.1128/msphere. 00613-00619.
- [33] ZHANG Y, JI T, JIANG Y, et al. Long-term effects of three compound probiotics on water quality, growth performances, microbiota distributions and resistance to aeromonas veronii in crucian carp carassius auratus gibelio [J]. Fish & Shellfish Immunology, 2022, 120: 233-241.
- (责任编辑:曲娜)

# Analysis of purification capacity of river water quality by internal and external source algae-bacteria system

YE Xiaoyun<sup>1</sup>, CUI He<sup>2</sup>, YU Xiao<sup>1</sup>, DONG Lei<sup>2</sup>, ZHANG Xin<sup>2,\*</sup>, CHEN Xiurong<sup>1,\*</sup>

 School of Resources and Environmental Engineering, East China University of Science and Technology, Shanghai 200237, China; 2. Shanghai Municipal Engineering Design Institute (Group) Co. Ltd., Shanghai 200092, China \*Corresponding author, E-mail: zhangxin@smedi.com; xrchen@ecust.edu.cn

Abstract It's not common for the technical research on the application of bacterial and algal symbiotic systems to purify the polluted river water, while these technologies are related to the ecological efficiency and human health. Both the microalgae system and algae-bacteria system with activated sludge and Tetradesmus obliquus were used to purify micro-polluted and highly polluted river water, respectively, and the results showed that the purification effect of the algal-bacterial system was better than that of the microalgae system. Algaebacteria system could improve the water quality from the inferior class V standard to class II one. The running of the algal-bacterial system demonstration device showed that the DO in the river water was  $\ge 12 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  after 15 d of operation, and the degradation rates of oxygen consumption organic, TP, TN, and NH<sub>3</sub>-N could reach at least 64.98%, 69.74%, 61.01%, and 84.07% after 30 d of operation, respectively, even the sustainable degradation performance was maintained afterwards. Changes in the community structure of the algal-bacterial system were analyzed using high-throughput sequencing technology, and the sequencing results showed that the relative abundance of *Tetradesmus* sp. increased from 4.80% at 4 d to 44.80% at 20 d. At the same time, an increase in the abundance of the remaining algae in the Chlorophyta phylum also occurred, including Raphidocelis sp., Monoraphidium sp., and Chlamydomonas sp. with the relative abundance of 2.40%, 2.50% and 2.20%. These algae originated from endogenous algal spores in the activated sludge. The results of the study provide the theoretical and data support for the construction of more stable bacterial-algal symbiotic systems for purifying water quality in various types of river.

**Keywords** algae-bacteria system; river water; water purification; internal and external algae; high-throughput sequencing