



文章栏目: 水污染防治

DOI 10.12030/j.cjee.202306067 中图分类号 X703 文献标识码 A

梁子阳, 彭嘉敏, 张泳纯, 等. 低进水浓度 CASS 工艺沿程污染物去除特征及微生物群落变化[J]. 环境工程学报, 2023, 17(10): 3219-3230.  
[LIANG Ziyang, PENG Jiamin, ZHANG Yongchun, et al. Pollutant removal characteristics and microbial community changes along the CASS process with low concentration influent[J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2023, 17(10): 3219-3230.]

# 低进水浓度 CASS 工艺沿程污染物去除特征及微生物群落变化

梁子阳<sup>1</sup>, 彭嘉敏<sup>1</sup>, 张泳纯<sup>1</sup>, 仲海涛<sup>1,2,✉</sup>, 余光伟<sup>1,2</sup>

1. 华南农业大学资源环境学院, 广州 510642; 2. 广东省农业农村污染治理与环境安全重点实验室, 广州 510642

**摘要** 南方部分城镇污水浓度偏低, 而循环式活性污泥法 (CASS) 能较好地处理低浓度污水, 处理性能与微生物群落特征密切相关, 但鲜有研究涉及其沿程微生物群落结构变化。本研究选取广东省某 CASS 城镇污水厂作为典型案例, 分析其沿程污染物去除特征和微生物变化, 从微生物学角度探讨污染物的去除机理。结果表明: 低进水浓度 CASS 生化池沿程耗氧有机物 (以 COD 计)、TN、NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N、TP 主要在污泥选择区被吸附降解, 进水 1 h COD 和 TP 值降至最低, NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N 主要在主反应区被氧化降解, 生化池可去除污水中 56.42% 的耗氧有机物 (以 COD 计)、41.71% 的 TN、77.78% 的 NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N、99.59% 的 TP。生化池主要优势菌门有变形菌门、拟杆菌门、绿弯菌门和浮霉菌门, 变形菌门是影响微生物多样性变化的关键菌门。属水平上, 进水 1 h 选择区 *Zoogloea*、*Aeromonas* 和 *Thauera* 丰度较高, 主反应区 *Nitrospira* 丰度较高; 进水结束选择区 *Nitrospira* 丰度较高, 主反应区 *Terrimonas* 和 *Lactobacillus* 丰度较高; 沉淀 1 h 选择区 *Thauera* 丰度提高, 主反应区 *Nitrosomonas* 丰度较高, 主要发生氨氧化; 闲置结束选择区脱氮菌类型多丰度高, 主反应区 *Sulfuritalea*、*Haliangium*、*Zoogloea* 丰度较高。沿程功能性微生物丰度变化与污染物浓度变化相对应。NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N 对微生物群落结构的塑造影响最显著 (解释度为 38.92%)。氮代谢途径表明沿程主反应区均发生全程硝化反硝化, 选择区均发生短程硝化和全程反硝化, 除进水 1 h 外, 其余阶段选择区的反硝化功能基因丰度均比主反应区高。

**关键词** 低进水浓度; CASS 工艺; 脱氮除磷; 微生物群落

在污水处理过程中, 碳源作为微生物新陈代谢的必需物质和能量来源, 对系统内各种污染物 (氮、磷) 的去除<sup>[1-2]</sup> 和污泥性能 (吸附性能、沉降性能)<sup>[1-3]</sup> 有着非常重要的影响。由于雨水<sup>[4]</sup>、河水、地下水<sup>[5]</sup> 的渗透稀释, 我国 5 476 座城镇污水处理厂中有 2 052 座 (数量占比 37.5%) 的进水耗氧有机污染物浓度 (以 COD 计) 小于 150 mg·L<sup>-1</sup>, 与设计进水水质相差甚远<sup>[6]</sup>。特别地, 南方地区多个城镇污水处理厂的 BOD<sub>5</sub> 实际进水值比设计进水低, 为设计值的 1/2~1/3 倍<sup>[7]</sup>。除此以外, 对广东省 60 多座污水处理厂调查发现, 40 多座污水处理厂存在进水耗氧有机物浓度 (以 COD 计) 偏低的现象, 其中 23 座污水厂进水 COD 值小于 100 mg·L<sup>-1</sup>, 10 座污水厂进水 COD 值小于 60 mg·L<sup>-1</sup><sup>[8]</sup>。可见, 我国南方地区污水处理厂低浓度进水现象较为普遍。低浓度污水往往需外加碳源来保证脱氮, 增加了处理成本, 同时会使丝状菌生长速率超过菌胶团细菌<sup>[9]</sup>, 容易引发污泥膨胀, 增加污水处理难度。

在现有的污水处理工艺中, 循环式活性污泥法 (cyclic activated sludge system, CASS) 能很好地处理低浓度污水, 出水水质稳定达标<sup>[10-11]</sup>。CASS 工艺是序批式活性污泥法的改良工艺, 通常功能区分为污泥选择区和主反应区, 体积比为 1:5, 污泥选择区进行反硝化脱氮和厌氧释磷, 主反应区进行硝化和好氧聚磷。该工艺具有反应器配置灵活、操作简便、污泥丝状膨胀少和占地面积小等优点, 已广泛应用于处理城市污水、

收稿日期: 2023-06-15; 录用日期: 2023-08-29

基金项目: 广东省科技计划项目 (2021B1212040008)

第一作者: 梁子阳 (1999—), 男, 硕士研究生, liangziyang112@126.com; ✉通信作者: 仲海涛 (1978—), 男, 硕士, 讲师, zhonghaitao815@163.com

工业废水和农村生活污水等<sup>[12-14]</sup>。在处理低浓度污水时,通过梯级非限制曝气等方式,能有效缓解反硝化碳源不足的问题,促进同步硝化反硝化,在出水达标的前提下显著增强脱氮效率<sup>[15]</sup>。同时 CASS 工艺前端的污泥选择区能有效抑制污泥丝状膨胀,活性污泥体积指数一般较低(20~40 mg·L<sup>-1</sup>),污泥沉降性能良好<sup>[16]</sup>。

尽管 CASS 工艺对低浓度进水有良好的适应性,但当进水浓度过低时,会对其沿程污染物降解特征和微生物群落响应机制造成显著影响。有研究表明,当进水 COD 值为 98 mg·L<sup>-1</sup> 时,耗氧有机物浓度(以 COD 计)在进水曝气 0.5 h 大幅降低,随后微生物以内源呼吸为主,细胞衰亡释放代谢产物造成水体有机物浓度缓慢升高,有机物、氨氮、总氮和总磷的去除主要发生在运行前期,曝气结束后污染物浓度基本不变,曝气阶段主反应区变形菌门的相对丰度最高<sup>[11]</sup>,污染物浓度变化的主要原因是由于活性污泥与污水接触初期具有快速吸附的性能,吸附作用通常在 5~15 min 内完成<sup>[17]</sup>。污染物去除与微生物群落结构变化密切相关,这些沿程变化的特征必然会引起微生物群落结构的沿程差异;同时,进料方式的改变会富集不同的脱氮功能菌,当进水 COD 值为 150 mg·L<sup>-1</sup> 时,序批式进料生化池的硝化螺旋菌属和黄杆菌属丰度较高,而连续式进料的硝化菌属和脱氮单胞菌属丰度较高<sup>[18]</sup>。可见,对于 CASS 工艺,微生物的群落特征与污水处理性能密切相关<sup>[19]</sup>。然而,现有研究大多集中在反应器的整体微生物变化<sup>[11,18,20]</sup>,鲜有涉及沿程(分区、分阶段)微生物群落结构变化方面的研究。而揭示低进水浓度下 CASS 工艺微生物群落结构的沿程变化特征,是了解污染物降解沿程变化过程机理的关键。

因此,本研究选取广东省某 CASS 工艺城镇污水处理厂作为研究对象,统计历年运行数据,分析工艺处理效果,沿程布点采集完整周期内不同的反应区域与运行阶段的污水和污泥样品,综合研究 CASS 生化池沿程污染物变化与沿程微生物群落结构变化,从微生物学角度揭示低负荷 CASS 工艺的污水处理机理与运行机制,为长期处于低负荷进水条件 CASS 工艺的设计及运行优化提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 工程概况

广东省某 CASS 城镇污水厂处理规模为  $6 \times 10^4 \text{ m}^3 \cdot \text{d}^{-1}$ 。该污水厂未采取外加碳源与化学除磷剂的方式,出水执行《城镇污水处理厂污染物排放标准》(GB 18918-2002)一级 A 排放标准。该污水厂预处理段由粗格栅、细格栅及旋流沉砂池组成,二级处理单元为 CASS 生化池,深度处理采用反硝化深床滤池和加氯消毒工艺。CASS 生化池分为污泥选择区和主反应区两部分,体积比 1:5,有效水深 6 m,换水率 30%,进水时污泥选择区启动潜流搅拌,主反应区启动潜流搅拌和鼓风曝气,完整 1 周期时长为 4 h,进水 2 h,沉淀 1 h,滗水 40 min,闲置 20 min。进水 5 min 后开始污泥回流至进水结束,流量为  $130 \text{ m}^3 \cdot \text{h}^{-1}$ ,回流比为 18.8%。沉淀 5 min 后开始排剩余污泥至沉淀结束,流量为  $20 \text{ m}^3 \cdot \text{h}^{-1}$ 。水力停留时间为 17.1 h,污泥龄为 15.1 d,MLSS 为  $4\ 064 \sim 5\ 615 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ,MLVSS 为  $1\ 986 \sim 2\ 969 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ,SVI 为  $28.9 \sim 39.9 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ,曝气时主反应区溶解氧为  $1 \sim 2 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。实验时生化池内温度为  $20 \sim 25 \text{ }^\circ\text{C}$ 。工艺流程如图 1 所示,月均水质指标如表 1 所示。该厂月均进水 COD 值均小于  $150 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ,属于典型的低进水浓度污水处理厂。

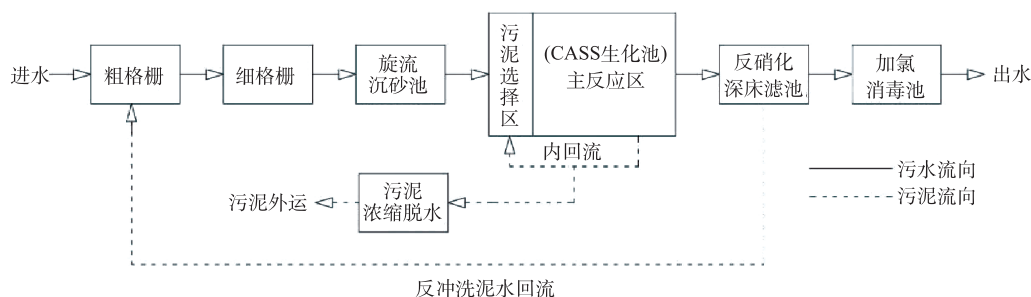


图 1 工艺流程

Fig. 1 Process flow

### 1.2 沿程污染物变化实验方法

采集不同区域与不同运行阶段的污水样品,采样点分别布设在配水井出水、细格栅出水、旋流沉砂池出

表 1 月均水质指标  
Table 1 Water quality index

项目	COD/(mg·L <sup>-1</sup> )	BOD <sub>5</sub> /(mg·L <sup>-1</sup> )	SS/(mg·L <sup>-1</sup> )	NH <sub>4</sub> <sup>+</sup> -N/(mg·L <sup>-1</sup> )	TN/(mg·L <sup>-1</sup> )	TP/(mg·L <sup>-1</sup> )
进水	67.0~97.0	7.9~30.5	44.0~86.0	7.2~12.6	10.4~16.5	1.0~1.7
出水	11.0~14.0	0.3~2.5	3.0~4.0	0.2~3.2	3.1~7.9	0.1~0.3
去除率	85.2%	94.9%	94.1%	86.7%	64.0%	85.9%

水、污泥选择区中段(进水 10 min、进水 1 h、进水结束、沉淀 1 h、滗水结束、闲置结束)、主反应区出水段(进水 10 min、进水 1 h、进水结束、沉淀 1 h、滗水结束、闲置结束), 每个采样点均分析化学需氧量(COD)、总氮(TN)、硝态氮(NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N)、铵态氮(NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N)、总磷(TP)水质指标, 采集 6 次完整周期样本, 对每个指标重复测定 3 次取均值, 对各污染物的沿程变化进行研究。

### 1.3 沿程微生物群落分析

采集 CASS 生化池污泥选择区和主反应区不同运行阶段(进水 1 h、进水结束、沉淀 1 h、闲置结束)的活性污泥样品, 用 250 mL 塑料瓶储存, 置于-80 °C 的冰箱保存待测。样品 DNA 使用 PowerWater<sup>®</sup> Sterivex<sup>™</sup> DNA Isolation Kit(MoBio, USA) 试剂盒按说明书进行提取, 使用 Nanodrop(Thermo Scientific, USA) 检测 DNA 浓度和纯度, 使用琼脂糖凝胶电泳法检测蛋白污染及 DNA 完整度。质检合格的 DNA 样品通过引物 515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGTAA-3') 和 907R(5'-CCGTCGAATTCMTTTRAGTTT-3') 对 DNA V4~V5 可变区进行扩增, 条件为 94 °C 预变形 5 min, 94 °C 变形 30 s, 52 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 30 s, 30 个循环, 72 °C 延伸 10 min, 每个样品做 3 个重复。完成扩增后, 用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物, 每个扩增子的主带长度均不小于 420 bp, 按等质量原则计算样品体积, 将各 PCR 产物进行混合, 在 Illumina Nova 6000 平台进行 PE250 测序, 获得的原始序列经质控过滤后得到有效的高质量序列, 采用 UPARSE 方法将有效序列进行 OTU 聚类, 并与 SILVA 数据库进行比对分析。

### 1.4 检测及分析方法

水样 COD、BOD<sub>5</sub>、TN、TP、NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N、NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N、MLSS、MLVSS、SVI 等指标均根据国家标准方法进行测定<sup>[21]</sup>。溶解氧和温度由雷磁 DZB-718-A 型便携式多参数分析仪测定。

使用 Origin 2022 软件对理化数据与微生物相对丰度进行绘图, 利用 STAMP 软件进行优势微生物差异分析。将 OTU 信息导入 Excel 2022, 使用 USEARCH 软件计算多样性指数。使用 TBtools 软件绘制微生物菌属聚类热图。使用 R 软件(版本 4.2.2)vegan 程序包对微生物菌属和环境因子进行 RDA 冗余分析, ggplot2 程序包进行绘图。通过 PICRUST 软件对 OTU 丰度表进行标准化, 比对 KEGG 数据库信息进行功能基因预测分析。

## 2 结果与讨论

### 2.1 沿程污染物变化特征

按照 CASS 工艺功能区划分, 通过对预处理段和生化池的沿程布点, 分析 COD、TN、NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N、NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N、TP 污染物的沿程变化特征, 研究各功能区不同运行阶段的污染物去除性能。

1) 耗氧有机物(以 COD 计)沿程变化分析。  
图 2 揭示了预处理段、污泥选择区和主反应区 COD 值变化特征。从配水井到旋流沉砂池通过物理作用去除污水中 18.36% 的耗氧有机物(以 COD 计), 进入生化池前初始的 COD 值为 59.33 mg·L<sup>-1</sup>, 污水进入污泥选择区后, 进水 10 min COD 值迅速降低至 32.33 mg·L<sup>-1</sup>, 主要原因是由于生物吸附, 吸附一般进行 5~15 min 后即达到饱和<sup>[17]</sup>, 该过程

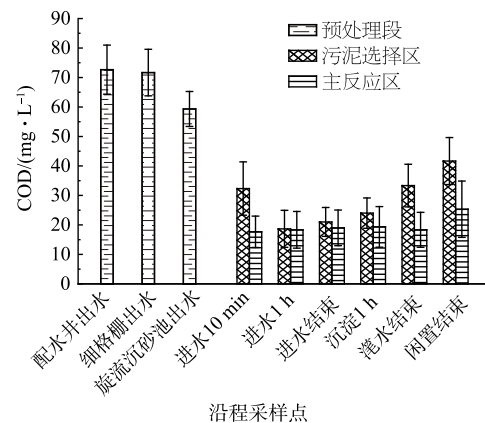


图 2 耗氧有机物浓度(以 COD 计)沿程变化

Fig. 2 Variation of oxygen-consuming organic matter concentration (COD) along the process

也存在回流液的混合稀释。进水 1 h 异养菌降解吸附的有机物, 部分有机碳源用于脱氮除磷, COD 值达到最低  $18.67 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。吸附饱和后活性污泥若未及时完成泥水分离, 会重新释放有机物至上覆水流<sup>[22]</sup>, 同时存在进水有机物补充, 共同导致进水结束时 COD 值上升至  $21 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。进水结束至闲置结束污泥选择区 COD 值持续上升至  $41.67 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ , 原因是进水有机物含量低, 可生物利用组分很快被降解完, 当水中有机物浓度过低时, 微生物开始进行内源呼吸, 部分细胞衰亡释放代谢物到水中, 导致 COD 值上升<sup>[11]</sup>, 同时可能存在部分固态有机物厌氧分解。

主反应区 COD 值变化不明显, 表明有机物的吸附降解主要发生在污泥选择区。将旋流沉砂池出水与主反应区滗水结束的耗氧有机物浓度 (以 COD 计) 对比, CASS 生化池可去除污水中 56.42% 的耗氧有机物 (以 COD 计), 出水 COD 值为  $18.33 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。

2) 氮素沿程变化分析。图 3(a)、图 3(b)、图 3(c) 揭示了预处理段、污泥选择区和主反应区 TN、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$  及  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  质量浓度变化特征。经细格栅和旋流沉砂池处理去除 8.09% 的 TN 与 5.48% 的  $\text{NH}_4^+\text{-N}$ , 进入生化池初始的 TN、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$  及  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  质量浓度分别为  $10.57$ 、 $5.69$ 、 $0.07 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。污泥选择区进水阶段 TN 变化情况与 COD 相似, 进水 10 min 主要发生吸附, 进水 1 h 主要进行反硝化脱氮, 进水结束时 TN 质量浓度上升至  $7.14 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ , 主要由于进水补充、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$  内回流和吸附的 TN 解吸导致, 随后阶段主要以反硝化为主, 闲置结束 TN 质量浓度降低至  $5.77 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。同样, 污泥选择区  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  质量浓度在进水 1 h 降至最低值  $2.91 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。有研究<sup>[23]</sup>表明, 当溶解氧较低时硝化主要以短程硝化为主, 由于内回流液中含有少量溶解氧, 故该阶段主要发生短程硝化导致  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  质量浓度降低。沉淀过程底部溶解氧含量较低, 厌氧条件下  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  的释放速率与释放量比好氧条件下高<sup>[24]</sup>, 沉淀 1 h 选择区  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  质量浓度上升至  $3.94 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。进水  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  质量浓度几乎为  $0 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ , 污泥选择区的  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  绝大部分来自主反应区内回流的  $\text{NO}_3^-\text{-N}$ , 进水阶段  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  质量浓度始终低于主反应区, 进水结束后  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  质量浓度持续降低至  $0.69 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ , 说明选择区沿程均存在反硝化脱氮。

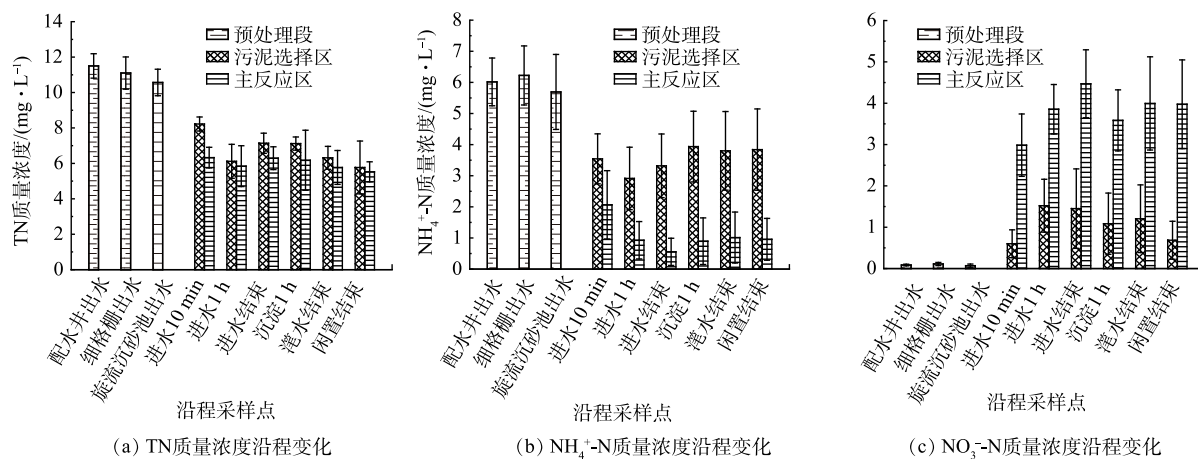


图3 氮素沿程变化

Fig. 3 Nitrogen changes along the process

主反应区 TN 质量浓度在进水曝气 1 h 降低至  $5.84 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ , 好氧硝化使  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  质量浓度在进水结束时下降至最低值  $0.55 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ , 与选择区沿程  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  质量浓度维持在较高水平相比, 表明  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  的降解去除主要发生在主反应区, 进水结束时  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  上升至最高值  $4.47 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ; 进水结束后发生反硝化脱氮使 TN 降低,  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  因含氮物质分解释放而上升, 与污泥选择区沿程变化一致。滗水阶段氧传质增强,  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  质量浓度上升至  $4 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ , 此时 TN 质量浓度降低至  $5.77 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ , 说明出现同步硝化反硝化脱氮现象。闲置阶段主反应区  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  质量浓度仍维持在较高水平, 表明  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  的去除主要发生在污泥选择区。比较旋流沉砂池出水与主反应区滗水结束的 TN 与  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  质量浓度可知, CASS 生化池可去除 41.71% 的 TN 与 77.78% 的  $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 。以进水 10 min 与闲置结束的 TN 质量浓度为始末值计算, 污泥选择区脱氮效率为 23.23%, 主反应区脱氮效率为 8.80%, 表明污泥选择区具有更高的脱氮效能。

3) TP 沿程变化分析。图 4 揭示了预处理段、污泥选择区和主反应区 TP 质量浓度变化特征。在预处理段通过物理作用去除污水 TP 效果不明显, 进入生化池初始的 TP 质量浓度为  $0.87 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 。进水 10 min 由于聚磷菌厌氧释磷导致污泥选择区的 TP 升至最高值  $1.1 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 。进水 1 h 由于从主反应区内回流的混合液中含有  $\text{NO}_3^- \text{-N}$ , 聚磷菌能以  $\text{NO}_3^- \text{-N}$  作为电子受体替代氧进行生物除磷<sup>[25]</sup>, 使得污泥选择区 TP 质量浓度显著下降至最低值  $0.19 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 。进水结束时生物吸附趋于饱和, 部分有机磷分解释放到水体中, 伴有进水补充, TP 质量浓度升高至  $0.31 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 。

由于主反应区进水时曝气充氧, 聚磷菌超量吸磷, TP 质量浓度显著降低, 沉淀 1 h TP 质量浓度达到最低值  $0.06 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ , 该过程  $\text{NO}_3^- \text{-N}$  和 TP 同步降低, 出现反硝化除磷现象。污泥选择区与主反应区在进水结束后 TP 质量浓度基本不变, 在活性污泥 DNA 检测中发现两个区域均存在蓝藻菌, 磷是蓝藻生长的关键营养元素<sup>[26]</sup>, 说明维持出水 TP 质量浓度较低的原因除了聚磷菌好氧吸磷外还包括蓝藻吸磷。对比两个区域进水 10 min 和进水 1 h 的 TP 降低幅度可知, TP 的去除主要发生在污泥选择区。将旋流沉砂池出水与主反应区滗水结束的 TP 质量浓度进行对比, 可知 CASS 生化池可去除 99.59% 的 TP, 出水 TP 质量浓度为  $0.063 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 。

## 2.2 沿程微生物群落变化特征

1) 微生物多样性分析。基于 OTU 数据, 从  $\alpha$  多样性特点综合分析微生物多样性, 各功能区及其不同运行阶段活性污泥的  $\alpha$  多样性指数如表 2 所示。8 组样品的覆盖率指数均大于 0.99, 说明数据的可靠性非常高。微生物相对数量使用 OTUs 数值来评估, 比较不同区域同一阶段, 污泥选择区活性污泥的 OTUs 数值除进水 1 h 较低外, 其余阶段均高于主反应区, 污泥选择区微生物总量普遍较多; 从同一区域沿程变化看, 污泥选择区微生物数量在增多, 主反应区的则先降低后升高, 与沿程 COD 变化相似, 原因是污水厂中大部分细菌群落与 COD 呈正相关关系<sup>[27]</sup>。

表 2 微生物 Alpha 多样性指数

Table 2 Alpha diversity index of microorganisms

功能区域	运行阶段	Chao1	OTUs	Shannon	Simpson	覆盖率
污泥选择区	进水 1 h	2 246.7	1 229	7.41	0.040	0.991
	进水结束	2 294.5	1 280	7.2	0.056	0.991
	沉淀 1 h	2 311.4	1 290	7.3	0.047	0.991
	闲置结束	2 403.5	1 316	7.49	0.038	0.991
主反应区	进水 1 h	2 170.6	1 252	7.04	0.056	0.991
	进水结束	2 218.7	1 214	7.26	0.048	0.991
	沉淀 1 h	2 279.4	1 251	7.58	0.029	0.992
	闲置结束	2 273.4	1 287	7.54	0.030	0.992

Simpson、Shannon 和 Chao1 指数分别反映微生物群落的多样性、均一性和物种总数。Simpson 指数显示污泥选择区沿程的微生物多样性先升高后降低, 主反应区的先降低后升高, 结合沿程污染物变化特征和工艺设计推测, 该结果是由于选择区微生物前期吸附较多碳源, 促进异养菌的生长使多样性升高, 后期自养菌占比大多多样性降低, 主反应区进水阶段曝气充氧硝化细菌占比大多多样性降低, 停止曝气后该类菌丰度降低多样性升高。根据 Shannon 指数, 污泥选择区沿程微生物均一性先降低后升高, 主反应区的先升高后降低, 表

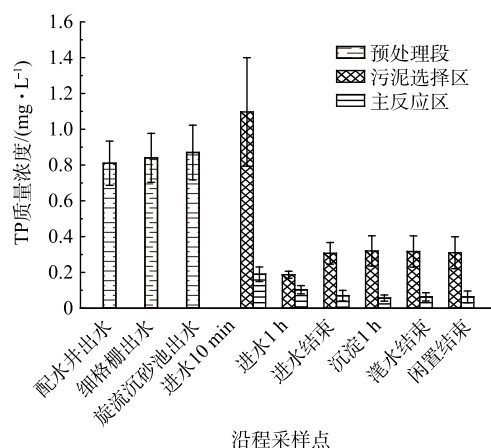


图 4 TP 质量浓度沿程变化

Fig. 4 TP concentration variation along the process

明污泥选择区某些功能性微生物数量在运行初期增多,后期减少,主反应区则相反。进水 1 h 时主反应区 Shannon 指数最低,可能是由于硝化菌在此时数量最多造成的。Chao1 指数对稀有物种比较敏感,污泥选择区的 Chao1 指数比主反应区高,2 个区域沿程 Chao1 指数在升高,说明选择区的稀有物种数目更丰富,沿程稀有物种增多。

2) 门水平微生物分析。由图 5 可知生化池的优势菌门(平均相对丰度>1%)有: *Proteobacteria* (变形菌门, 58.47%)、*Bacteroidetes* (拟杆菌门, 21.6%)、*Chloroflexi* (绿弯菌门, 7.06%)、*Planctomycetes* (浮霉菌门, 2.91%)、*Patascibacteria* (骸骨菌门, 1.44%)、*Elusimicrobia* (迷踪菌门, 1.15%)、*Cyanobacteria* (蓝藻菌门, 1.07%) 和 *Firmicutes* (厚壁菌门, 1.02%)。变形菌门是生化池中相对丰度最高的菌门(54.68%~61.87%),在污泥选择区丰度先上升后下降,主反应区则相反,该变化与微生物多样性的变化一致,通常变形菌的生长速度快,代谢途径广,含有大多数反硝化菌<sup>[28]</sup>,表明变形菌门是影响微生物多样性变化的关键菌门,更易在低浓度污水中生存。主反应区的拟杆菌门平均相对丰度(22.69%)比污泥选择区(20.51%)高,拟杆菌门主要参与有机物的降解<sup>[29]</sup>,表明污泥选择区吸附的有机物一部分在主反应区被降解。污泥选择区的绿弯菌门平均相对丰度(7.51%)比主反应区(6.61%)高,绿弯菌门具有良好的除磷功能<sup>[30]</sup>,表明磷的去除主要发生在选择区,该结果也与沿程总磷变化特征相吻合。迷踪菌门为兼养型微生物,可利用  $O_2$ 、 $NO_3^-$ -N 或  $NO_2^-$ -N 进行呼吸<sup>[31]</sup>,其在主反应区的平均相对丰度(1.2%)较选择区(1.11%)高。蓝藻菌门能积累外源性磷,具有超量吸磷的作用<sup>[32]</sup>,其在污泥选择区的沿程相对丰度持续降低(1.11%~0.97%),而在主反应区则持续升高(0.99%~1.26%),其丰度变化与  $NO_3^-$ -N 质量浓度沿程变化趋势一致(见图 3 c),推测是由于两个区域沿程的  $NO_3^-$ -N 质量浓度变化影响蓝藻菌的丰度变化。

3) 属水平微生物分析。为直观地展现低进水浓度生化池不同功能区域的微生物菌属沿程变化特征,在属水平上对活性污泥样品中丰度前 30 的菌属绘制热图并进行聚类分析,如图 6 所示。其中有 6 个优势菌属(最大相对丰度>1%),分别为 *Zoogloea*(动胶菌属)、*Sulfuritalea*(硫针菌属)、*Thauera*(陶厄氏菌属)、*OM27\_clade*、*UTCFX* 和 *Haliangium*。污泥选择区运行前期 *Zoogloea* 丰度最高(进水 1 h, 57.18%),沿程持续降低,而在主反应区运行末期其丰度最高(闲置结束, 59.11%),*Zoogloea* 能分泌胞外聚合物形成微生物絮状体<sup>[33]</sup>,提高污泥沉降性能,同时其能通过胞内形成多聚偏磷酸盐的方式吸收磷<sup>[34]</sup>,表明选择区在进水阶

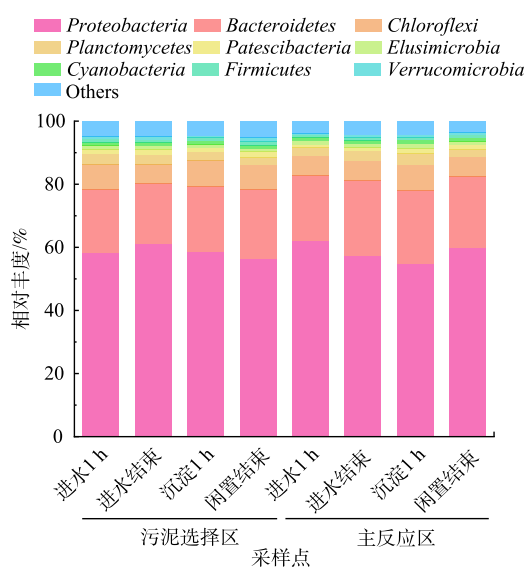


图 5 微生物菌门沿程变化特征

Fig. 5 Variation of microbial phylum along the process

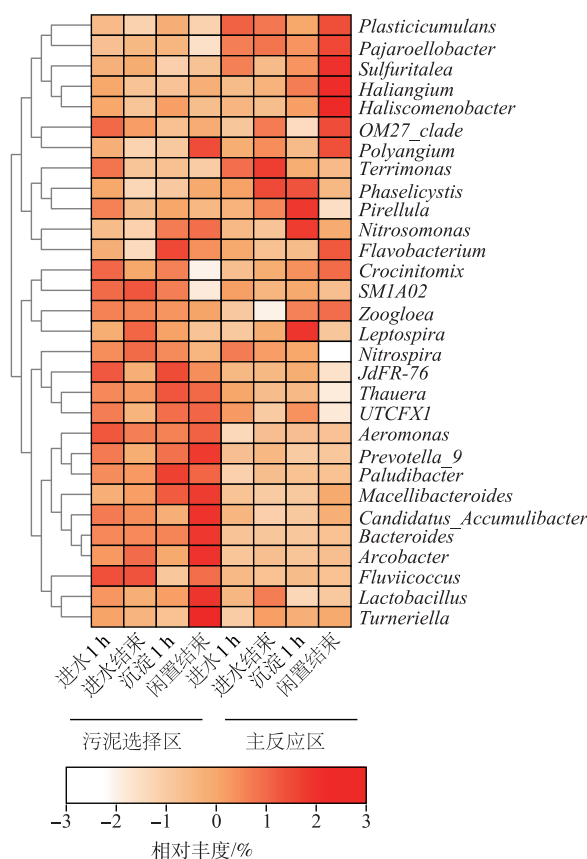


图 6 微生物菌属沿程变化特征

Fig. 6 Variation of microbial genera along the process

段除磷能力较强，主反应区运行后期依靠该菌属维持较低 TP 质量浓度，与总磷沿程变化特征一致。*Sulfuritalea* 在有氧条件下能降解有机酸<sup>[35]</sup>，污泥选择区进水阶段 *Sulfuritalea* 相对丰度最高 (进水结束，2.8%)，主反应区进水阶段其丰度逐渐降低 (进水结束，2.56%)，随后沿程丰度逐渐升高，在闲置结束达到最高 (3.99%)，该结果进一步表明部分有机物的降解发生在主反应区。*Thauera* 是一种反硝化聚磷菌，在低有机碳源条件具有竞争优势<sup>[36]</sup>，其能够使用硝酸盐作为电子受体降解各种芳香族化合物和卤代衍生物<sup>[37]</sup>，同时可通过代谢羟基丁酸盐积累磷酸盐<sup>[38]</sup>，该菌在去除有机物和脱氮除磷等方面均发挥作用，污泥选择区进水 1 h 时该菌属丰度较高 (1.55%)，促进选择区进行反硝化除磷。*Haliangium* 是一种典型的反硝化细菌，与水与土壤环境的氮循环相关<sup>[39]</sup>，在污泥选择区中不是优势菌属，沿程丰度先降低后升高，在主反应区中则持续升高 (闲置阶段，1.42%)，表明其主要参与主反应区的脱氮。

在污泥选择区沿程中，进水 1 h 时 *Zoogloea*、*Aeromonas* (气单胞菌属)、*Fluviicoccus* 和 *Thauera* 丰度较高，其中 *Zoogloea* 具有除磷功能，*Aeromonas* 与氨氧化、好氧反硝化有关<sup>[40]</sup>，*Thauera* 具有降解有机物与反硝化除磷功能，该阶段主要发生有机物的降解，反硝化除磷和氨氧化；进水结束时 *SM1A02* 和 *Nitrospira* (硝化螺旋菌属) 丰度较高，其中 *Nitrospira* 主导  $\text{NO}_2^-$ -N 氧化<sup>[41]</sup>，该阶段  $\text{NO}_2^-$ -N 氧化性能提高；沉淀 1 h 时 *Flavobacterium*、*JdFR-76* 和 *Paludibacter* 丰度较高，*Thauera* 的丰度进一步提高，表明该阶段反硝化性能进一步提升；闲置结束时 *Polyangium*、*Prevotella\_9* (普雷沃氏菌属)、*Macellibacteroides*、*Candidatus\_Accumulibacter*、*Bacteroides* (拟杆菌属)、*Arcobacter* (弓形菌属)、*Lactobacillus* 和 *Turneriella* 丰度较高，其中 *Prevotella\_9* 是一类能强化人工湿地反硝化性能的菌属<sup>[42]</sup>，*Bacteroides* 通常存在于厌氧环境中，是一种氢氧化型自养反硝化细菌<sup>[43]</sup>，*Arcobacter* 在低 C/N 比和低温下具有较高的脱氮效率<sup>[44]</sup>，*Candidatus\_Accumulibacter* 是典型的聚磷菌，*Macellibacteroides* 可将蛋白质和多糖降解为各种有机酸<sup>[45]</sup>。综上所述，该阶段脱氮菌类型多丰度高，脱氮性能进一步增强，同时存在聚磷菌厌氧释磷和大分子有机物的降解，与沿程耗氧有机物、氮和磷的变化趋势相对应。

在主反应区沿程中，进水 1 h *Nitrospira* 丰度较高，该阶段主要发生  $\text{NO}_2^-$ -N 氧化；进水结束时 *Terrimonas*、*Phaselicystis* 和 *Lactobacillus* 丰度较高，*Terrimonas* 适宜在低负荷条件下进行反硝化脱氮<sup>[46]</sup>，*Lactobacillus* 可以降解碳水化合物，产生醋酸、乳酸和乙醇<sup>[47]</sup>，表明该阶段主要发生有机物的降解和反硝化脱氮；沉淀 1 h 时 *Pirellula*、*Nitrosomonas* (亚硝化单胞菌属) 和 *Leptospira* 丰度较高，*Nitrosomonas* 主导氨氧化<sup>[48]</sup>，说明该阶段氨氧化性能提高，与此时期  $\text{NH}_4^+$ -N 质量浓度升高有关；闲置结束时 *Plasticicumulans*、*Pajaroellobacter*、*Sulfuritalea*、*Haliangium*、*Haliscomenobacter*、*OM27\_clade*、*Polyangium*、*Flavobacterium*、*Crocinitomix* 和 *Zoogloea* 丰度较高，其中 *Sulfuritalea* 降解有机酸，*Haliangium* 主要进行反硝化，*Zoogloea* 具有除磷功能，故该阶段进一步降解有机物和脱氮除磷。

为探究不同功能区域的显著差异微生物菌属，将 2 个区域丰度前 30 的微生物菌属信息导入 STAMP 软件，设置  $P=0.05$  过滤条件，输出显著差异菌属，结果如图 7 所示。由图 7 可知，与主反应区相比，污泥选择区的显著优势菌属为 *Aeromonas*、*Bacteroides*、*Paludibacter*、*Prevotella\_9* 和 *Arcobacter*，其中 *Paludibacter*

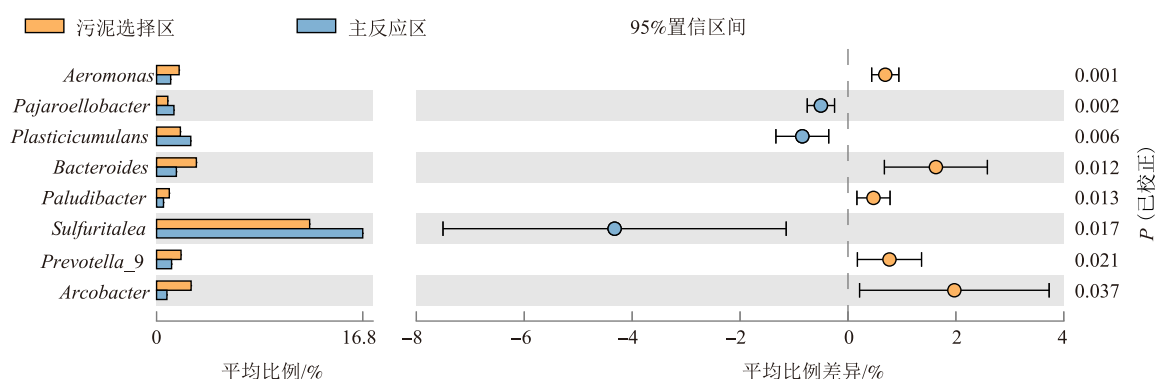


图 7 不同功能区域的菌属差异分析

Fig. 7 Analysis of the differences in the genera of the different functional areas

可以分解各种糖类,产生醋酸和丙酸作为反硝化的碳源<sup>[49]</sup>,其余菌属也均与脱氮相关,表明与主反应区相比,污泥选择区主要依赖这 5 种菌属进行脱氮。在主反应区中,显著优势菌属为 *Pajaroellobacter*、*Plasticicumulans* 和 *Sulfuritalea*, *Sulfuritalea* 主要降解有机酸,进一步表明部分有机物在主反应区被降解。

### 2.3 微生物群落与环境因子的相关性分析

环境因素是影响微生物群落结构的主要因素<sup>[50]</sup>,本研究选取 COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、TN 和 TP 作为环境因子,结合沿程微生物群落结构变化,利用冗余分析 (RDA) 研究环境因子与微生物菌属之间的相关性,如图 8 所示。主轴 1 和主轴 2 的特征值分别为 52.14% 和 23.46%,解释了总方差的 75.6%。在这些环境变量中  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  的解释度最高 (38.92%),对微生物群落结构的塑造影响最显著, $\text{NO}_3^-\text{-N}$  是污水处理厂生物脱氮的重要环境因素<sup>[51]</sup>,结合  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  沿程变化可知,其主要在污泥选择区被去除,在主反应区的降解效率低、残留质量浓度高,低浓度生化池主要反硝化菌为 *Thauera*、*Haliangium*、*Bacteroides*、*Aeromonas* 和 *Prevotella\_9*,但其丰度占比低,平均丰度分别为 1.45%、0.82%、0.48%、0.37%、0.3% 和 0.32%,反硝化菌数量占比低是限制污水处理厂脱氮的主要因素,其中 *Haliangium* 与 TN 呈负相关,*Thauera*、*Bacteroides*、*Aeromonas* 和 *Prevotella\_9* 与  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  呈负相关。 $\text{NH}_4^+\text{-N}$  和 TP 的贡献率仅次于  $\text{NO}_3^-\text{-N}$ ,分别位居第 2 和第 3 (17.51% 和 7.76%)。在低进水浓度 CASS 生化池中,观察到  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  与 TP 呈正相关,主要是由于好氧时硝化与聚磷同步发生,厌氧时含氮物质分解释放  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  同步聚磷菌释磷的结果。*Plasticicumulans* 和 *Sulfuritalea* 与 COD 呈负相关关系;*Candidatus\_Accumulibacter* 与 TP 呈正相关,受 COD 影响较大;*Nitrospira* 与 TN 呈正相关。上述结果进一步佐证沿程功能性微生物具有降解有机物和脱氮除磷的能力,同时可为优化调整工艺参数、富集各功能性微生物类群提供依据。

### 2.4 功能基因预测分析

为了获得不同生化区域细菌的功能,采用 PICRUSt 软件,根据 KEGG (<http://www.genome.jp/kegg/>) 数据库预测细菌群落的功能。如图 9 所示,有 6 个功能基因组别,包括新陈代谢、人类疾病、细胞工程、生物体系统、遗传信息加工和环境信息加工。根据 KEGG 功能分类,碳水化合物代谢、氨基酸代谢、辅因子和维生素代谢、萜类和聚酮化合物代谢、异生素降解和代谢、脂质代谢、能量代谢、细胞运输以及遗传信息复制和修饰为低浓度生化池中的主要功能基因,其相对丰度之和在污泥选择区和主反应区分别为 81.65% 和 81.57%,除其他次生代谢物的生物合成外,其余的基因丰度均是选择区大于主反应区。相关研究表明,有机物的添加可显著提高反硝化功能基因的活性,增加反硝化过程相关功能基因的数量<sup>[23]</sup>,结合微生物多样性分析,污泥选择区大部分基因丰度比主反应区高的原因主要是选择区的耗氧有机物 (以 COD 计) 浓度高,微生物数量多。

由 RDA 分析可知  $\text{NO}_3^-\text{-N}$  的解释度最高,为了进一步研究氮代谢途径,选择了硝化代谢基因 (*pmoA/B/C-moA/B/C*、*hao*、*nxrA/B*) 和反硝化代谢基因 (*narG/H/I*、*napA/B*、*nirS/K*、*norB/C*、*nosZ*),污泥选择区和主反应区分别标记为 I 和 II (图 10)。在硝化途径中,沉淀 1 h 时主反应区氨和羟胺氧化功能基因丰度较高 (*pmoA/B/C-moA/B/C*、*hao*),表明此时硝化性能增强,结合沿程污染物的变化主要是由于  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  质量浓度的升高促进了硝化反应,使该类功能基因丰度上升。主反应区沿程  $\text{NO}_2^-\text{-N}$  氧化功能基因丰度 (*nxrA/B*) 明显比污泥选择区高,短程硝化适宜的溶解氧质量浓度为  $0.5 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ <sup>[52]</sup>,当溶解氧为  $1\sim 2 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  时, $\text{NO}_2^-\text{-N}$  积累率下降,主要进行全程硝化<sup>[53]</sup>,生化池主反应区进水曝气时溶解氧为  $1\sim 2 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ ,主要以全程硝化为主,而污泥选择区始终处于厌氧或缺氧状态,主要以短程硝化为主,基因 *nxrA/B* 丰度低,结合

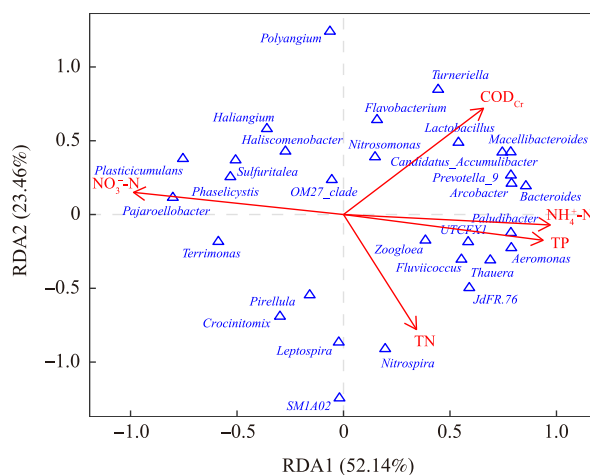


图 8 环境因子与微生物菌属之间的 RDA 分析

Fig. 8 RDA analysis between environmental factors and microbial genera



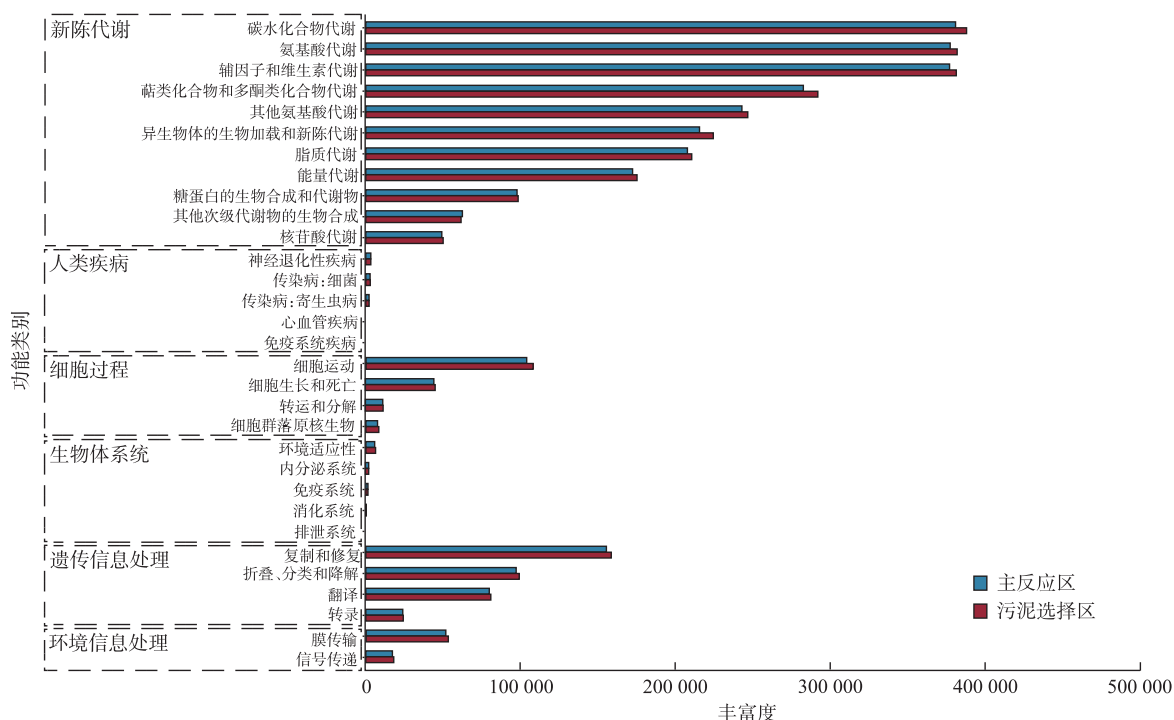


图 9 不同区域细菌群落的功能预测

Fig. 9 Functional prediction of bacterial communities in different regions

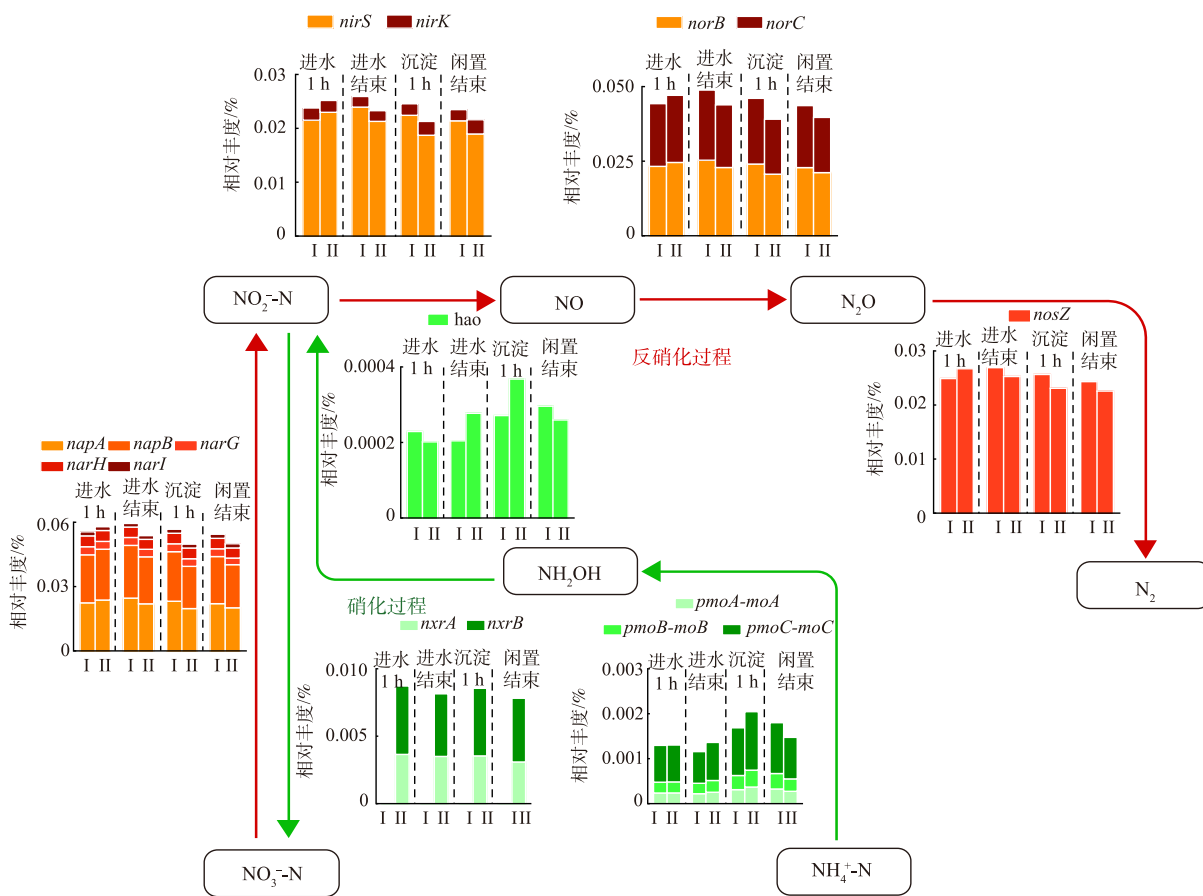


图 10 用于编码硝化和反硝化关键功能基因的相对丰度

Fig. 10 Relative abundance of genes used to encode key functions in nitrification and denitrification

沿程菌属丰度变化可知两个区域的 *Nitrospira*(NOB) 丰度差别并不大, 说明溶解氧对 NOB 的丰度影响不大, 主要是限制 NOB 对  $\text{NO}_2^-$ -N 的氧化功能, 该结果与先前的研究报道一致<sup>[54]</sup>。从反硝化途径看, 污泥选择区和主反应区沿程均在反硝化, 除进水 1 h 外, 其余阶段选择区反硝化基因丰度均比主反应区高, 佐证污泥选择区具有较高的脱氮效率。

### 3 结论

1) 根据低进水浓度 CASS 生化池沿程污染物变化特征, 可知耗氧有机物 (以 COD 计)、TN、 $\text{NO}_3^-$ -N、TP 主要在污泥选择区被吸附降解,  $\text{NH}_4^+$ -N 主要在主反应区被降解。污泥选择区进水 1 h COD 和 TP 值降至最低, 由于进水补充、厌氧大分子有机物分解释放和聚磷菌释磷, 随后其沿程均有所上升, 进水阶段  $\text{NO}_3^-$ -N 质量浓度始终低于主反应区, 进水结束后沿程  $\text{NO}_3^-$ -N 质量浓度持续下降; 主反应区进水阶段  $\text{NH}_4^+$ -N 质量浓度显著降低。表明污泥选择区主要去除有机物和完成反硝化脱氮和除磷, 主反应区主要进行硝化脱氮。总体而言, 生化池可去除低浓度污水中 56.42% 的耗氧有机物 (以 COD 计)、41.71% 的 TN、77.78% 的  $\text{NH}_4^+$ -N、99.59% 的 TP。

2) 沿程微生物变化特征结果表明, 生化池的优势菌门有变形菌门、拟杆菌门、绿弯菌门、浮霉菌门、骸骨菌门、迷踪菌门、蓝藻菌门和厚壁菌门, 污泥选择区微生物总量较主反应区多, 变形菌门是影响微生物多样性变化的关键菌门。属水平上, 污泥选择区进水 1 h *Zoogloea*、*Aeromonas* 和 *Thauera* 丰度较高, 除磷、氨氧化和反硝化性能较强; 进水结束 *Nitrospira* 丰度较高; 沉淀 1 h *Thauera* 的丰度提高, 反硝化性能提升; 闲置结束 *Prevotella\_9*、*Bacteroides*、*Arcobacter*、*Macellibacteroides* 和 *Candidatus\_Accumulibacter* 丰度较高, 脱氮菌类型多丰度高, 脱氮性能提高, 同时存在大分子有机物的分解释放和聚磷菌厌氧释磷。主反应区进水 1 h *Nitrospira* 丰度较高, 主要发生硝化  $\text{NO}_3^-$ -N 质量浓度上升; 进水结束 *Terrimonas* 和 *Lactobacillus* 丰度较高, 该过程以反硝化和有机物降解为主; 沉淀 1 h *Nitrosomonas* 丰度较高, 主要发生氨氧化; 闲置结束 *Sulfuritalea*、*Haliangium*、*Zoogloea* 丰度较高, 该阶段同步进行有机物降解、反硝化脱氮和除磷。

3) 沿程功能性微生物丰度变化与污染物浓度变化相对应,  $\text{NO}_3^-$ -N 对微生物群落结构的塑造影响最显著 (解释度为 38.92%)。整体功能基因丰度污泥选择区大于主反应区, 氮代谢途径表明沿程主反应区均发生全程硝化反硝化, 选择区均发生短程硝化和全程反硝化。除进水 1 h 外, 其余阶段选择区的反硝化功能基因丰度均比主反应区高。

### 参考文献

- [1] 杨雄, 彭永臻, 宋娅晨, 等. 进水中碳水化合物分子大小对污泥沉降性能的影响[J]. 中国环境科学, 2015, 35(2): 448-456.
- [2] 孙雅雯, 张建华, 彭永臻, 等. 外加碳源类型对 A-2/O-BCO 系统脱氮除磷性能的影响[J]. 化工学报, 2018, 69(8): 3626-3634.
- [3] 李梅, 朱明璇, 王洪波, 等. 污泥对有机物的吸附动力学试验及模型构建[J]. 安全与环境学报, 2019, 19(6): 2150-2158.
- [4] XU Z, XIONG L, LI H, et al. Pollution characterization and source analysis of the wet weather discharges in storm drainages[J]. Desalination and Water Treatment, 2017, 72(4): 169-181.
- [5] 刘文强, 郁达伟, 郑利兵, 等. 南昌某城市污水处理厂进水浓度低成因分析研究[J]. 环境科学学报, 2022, 42(9): 141-150.
- [6] 李兰娟, 钱言, 陈天放, 等. 我国南方地区城镇污水处理厂进水低浓度原因分析及对策建议[C]//中国环境科学学会2021年科学技术年论文集. 天津, 2021: 228-233.
- [7] 邵林广. 南方城市污水处理厂实际运行水质远小于设计值的原因及其对策[J]. 给水排水, 1999(2): 15-17.
- [8] 邱鸿荣, 罗建中, 郑国辉. 城市污水处理厂进水低浓度原因及其对策的研究[J]. 广东化工, 2010, 37(12): 93-94.
- [9] GUO J H, PENG Y Z, WANG S Y, et al. Filamentous and non-filamentous bulking of activated sludge encountered under nutrients limitation or deficiency conditions[J]. Chemical Engineering Journal, 2014, 255: 471-478.
- [10] 袁剑辉, 董超, 谢明鸿, 等. CASS 工艺在低浓度进水条件下的运行优化[J]. 中国给水排水, 2014, 30(16): 120-124.
- [11] 李芷昕, 李惠平, 沈康, 等. 广东省某污水处理厂 CASS 工艺运行优化效果评价[C]//中国环境科学学会2022年科学技术年论文集. 2022: 29-34.
- [12] 柴宗学. CASS 工艺在城市污水处理厂运行参数的优化及应用的研究[D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2014.
- [13] SHAOPO W, JINGJIE Y, TIANLAN W, et al. Applying real-time control for achieving nitrogen removal via nitrite in a lab-scale CAST system[J]. Environmental Technology, 2012, 33(10): 1133-1140.
- [14] 杨赵军, 王宁. 循环活性污泥工艺处理中原地区农村生活污水研究[C]//河海大学, 南阳市人民政府, 南阳师范学院, 南水北调集团中线公司, 2022(第十届)中国水生态大会论文集, 2022: 838-850.
- [15] 李柏林, 张智, 陈杰云, 等. 三峡库区污水厂典型工艺的 SND 脱氮技术研究[J]. 中国给水排水, 2012, 28(11): 1-5.
- [16] WANG Y Y, ZHANG Z X, YAN M, et al. Impact of operating conditions on nitrogen removal using cyclic activated sludge technology (CAST)[J]. Journal of Environmental Science and Health Part A, Toxic/Hazardous Substances & Environmental Engineering, 2010, 45(3): 370-376.

- [17] 蒋礼源. 微生物絮凝吸附处理城市污水实验研究[D]. 合肥: 合肥工业大学, 2007.
- [18] LIANG W H, YU C, REN H Q, et al. Minimization of nitrous oxide emission from CASS process treating low carbon source domestic wastewater: Effect of feeding strategy and aeration rate[J]. *Bioresource Technology*, 2015, 198: 172-80.
- [19] WU L W, NING D L, ZHANG B, et al. Global diversity and biogeography of bacterial communities in wastewater treatment plants[J]. *Nature Microbiology*, 2019, 4(7): 1183-1195.
- [20] GAO F, NAN J, ZHANG X H, et al. A dynamic modelling of nutrient metabolism in a cyclic activated sludge technology (CAST) for treating low carbon source wastewater[J]. *Environmental Science and Pollution Research International*, 2017, 24(20): 17016-17030.
- [21] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法 第4版 [M]. 北京: 中国环境科学出版社, 2002.
- [22] 王元元, 刘和, 符波, 等. 活性污泥吸附联合发酵产酸资源化回收污水碳源[J]. *环境工程学报*, 2017, 11(12): 6276-6281.
- [23] TAO R, STEVEN A W, LIANG Y C, et al. Nitrous oxide emission and denitrifier communities in drip-irrigated calcareous soil as affected by chemical and organic fertilizers[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 612: 739-749.
- [24] 胡雪峰, 高效江, 陈振楼. 上海市郊河流底泥氮磷释放规律的初步研究[J]. *上海环境科学*, 2001, 20(2): 5.
- [25] 邹华, 阮文权, 陈坚. 硝酸盐作为生物除磷电子受体的研究[J]. *环境科学研究*, 2002(3): 38-41.
- [26] CAO X, WANG Y, HE J, et al. Phosphorus mobility among sediments, water and cyanobacteria enhanced by cyanobacteria blooms in eutrophic Lake Dianchi[J]. *Environmental Pollution*, 2016, 219: 580-587.
- [27] ZHANG L, SHEN Z, FANG W K, et al. Composition of bacterial communities in municipal wastewater treatment plant[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 689: 1181-1191.
- [28] JI B H, JIANG M, YANG Y, et al. High treatment effectiveness for secondary effluent in Fe-C microelectrolysis constructed wetlands with electron donor supplementation[J]. *Journal of Cleaner Production*, 2022, 342: 130934.
- [29] THOMAS F, HEHEMANN J H, REBUFFET E, et al. Environmental and gut bacteroidetes: The food connection[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2011, 2: 93.
- [30] CAROLINE K, LEVANTESI C, ARJAN B, et al. Identity, abundance and ecophysiology of filamentous Chloroflexi species present in activated sludge treatment plants[J]. *Fems Microbiology Ecology*, 2007, 59(3): 671-682.
- [31] MÉHEUST R, CASTELLE C J, MATHEUS C P B, et al. Groundwater Elusimicrobia are metabolically diverse compared to gut microbiome Elusimicrobia and some have a novel nitrogenase paralog[J]. *Isme Journal*, 2020, 14(12): 2907-2922.
- [32] 史小丽, 王凤平, 蒋丽娟, 等. 光照时间对外源性磷在模拟水生生态系统中迁移的影响[J]. *环境科学*, 2003(1): 40-45.
- [33] LARSEN P, NIELSEN J L, OTZEN D, et al. Amyloid-like adhesins produced by floc-forming and filamentous bacteria in activated sludge[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2008, 74(5): 1517-1526.
- [34] MCMAHON K D, JENKINS D, KEASLING J D. Polyphosphate kinase genes from activated sludge carrying out enhanced biological phosphorus removal[C]//Annual Conference & Exposition of Water Environment Federation. 2001.
- [35] CHEN C M, MING J, BRANDON A Y, et al. Characterization of aerobic granular sludge used for the treatment of petroleum wastewater[J]. *Bioresource Technology*, 2019, 271: 353-359.
- [36] REN T, CHI Y L, WANG Y, et al. Diversified metabolism makes novel Thauera strain highly competitive in low carbon wastewater treatment[J]. *Water Research*, 2021, 206: 117742.
- [37] MECHICHI T, STACKEBRANDT E, GAD'ON N, et al. Phylogenetic and metabolic diversity of bacteria degrading aromatic compounds under denitrifying conditions, and description of Thauera phenylacetica sp. nov., Thauera aminoaromaticasp. nov., and Azoarcus buckelii sp. nov.[J]. *Archives of Microbiology*, 2002, 178(1): 26-35.
- [38] WANG Q K, HE J Z. Complete nitrogen removal via simultaneous nitrification and denitrification by a novel phosphate accumulating Thauera sp. strain SND5[J]. *Water Research*, 2020, 185: 116300.
- [39] HE S, DING L L, LI K, et al. Comparative study of activated sludge with different individual nitrogen sources at a low temperature: Effluent dissolved organic nitrogen compositions, metagenomic and microbial community[J]. *Bioresource Technology*, 2018, 247: 915-923.
- [40] WU P, ZHANG X X, WANG C C, et al. Feasibility of applying intermittent aeration and baffles for achieving granular nitrification in a continuous short-cut denitrifying phosphorus removal system[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 715: 137023.
- [41] 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 Planctomyces bacterial phyla[J]. *Current Microbiology*, 2013, 67(1): 77-90.
- [42] JIA L X, SUN H M, ZHOU Q, et al. Pilot-scale two-stage constructed wetlands based on novel solid carbon for rural wastewater treatment in southern China: Enhanced nitrogen removal and mechanism[J]. *Journal of Environmental Management*, 2021, 292: 112750.
- [43] WU G M, LI Z J, HUANG Y, et al. Electrochemically assisted sulfate reduction autotrophic denitrification nitrification integrated (e-SANI®) process for high-strength ammonium industrial wastewater treatment[J]. *Chemical Engineering Journal*, 2020, 381: 122707.
- [44] CHEN X, ZHANG Q, ZHU Y N, et al. Response of rotating biological contactor started up by heterotrophic nitrification-aerobic denitrification bacteria to various C/N ratios[J]. *Chemosphere*, 2022, 291: 133048.
- [45] JABARI L, GANNOUN H, CAYOL J, et al. Macellibacteroides fermentans gen. nov., sp. nov., a member of the family Porphyromonadaceae isolated from an upflow anaerobic filter treating abattoir wastewaters[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2012, 62: 2522-2527.
- [46] LI Y X, PAN Z Z, LIAO J S, et al. Micro-aeration and low influent C/N are key environmental factors for achieving ANAMMOX in livestock farming wastewater treatment plants[J]. *Water Research*, 2023, 120141.
- [47] LI Y Z, CHEN Z, PENG Y Y, et al. Deeper insights into the effects of substrate to inoculum ratio selection on the relationship of kinetic parameters, microbial communities, and key metabolic pathways during the anaerobic digestion of food waste[J]. *Water Research*, 2022, 217: 118440.
- [48] NORISUKE U, HIROTSUGU F, YOSHITERU A, et al. Isolation of Nitrospira belonging to Sublineage II from a Wastewater Treatment Plant[J]. *Microbes and Environments*, 2013, 28(3): 346-353.
- [49] UEKI A, AKASAKA H, SUZUKI D, et al. Paludibacter propionicigenes gen. nov., sp. nov., a novel strictly anaerobic, Gram-negative, propionate-producing bacterium isolated from plant residue in irrigated rice-field soil in Japan[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2006, 56: 39-

- 44.
- [50] LAURENCE H, MAURO T, JAKOB Z, et al. Composition of bacterial and archaeal communities in freshwater sediments with different contamination levels (Lake Geneva, Switzerland)[J]. *Water Research*, 2011, 45(3): 1213-1228.
- [51] AHMAD H A, AHMAD S, GAO L J, et al. Energy-efficient and carbon neutral anammox-based nitrogen removal by coupling with nitrate reduction pathways: A review[J]. *Science of the Total Environment*, 2023, 889: 164213.
- [52] 杨庆, 杨玉兵, 杨忠启, 等. 溶解氧对短程硝化稳定性及功能菌群的影响[J]. *中国环境科学*, 2018, 38(9): 3328-3334.
- [53] 马勇, 陈伦强, 彭永臻, 等. 实际生活污水短程/全程硝化反硝化处理中试研究[J]. *环境科学*, 2006(12): 2477-2482.
- [54] KIM T, HITE M, ROGACKI L, et al. Dissolved oxygen concentrations affect the function but not the relative abundance of nitrifying bacterial populations in full-scale municipal wastewater treatment bioreactors during cold weather[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 781: 146719.

(责任编辑: 曲娜)

## Pollutant removal characteristics and microbial community changes along the CASS process with low concentration influent

LIANG Ziyang<sup>1</sup>, PENG Jiamin<sup>1</sup>, ZHANG Yongchun<sup>1</sup>, ZHONG Haitao<sup>1,2,\*</sup>, YU Guangwei<sup>1,2</sup>

1. College of Natural Resources and Environment, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China;  
2. Guangdong Provincial Key Laboratory of Agricultural & Rural Pollution Abatement and Environmental Safety, Guangzhou 510642, China

\*Corresponding author, E-mail: [zhonghaitao815@163.com](mailto:zhonghaitao815@163.com)

**Abstract** The concentration of sewage in some cities in southern China is low, while it can be treated by cyclic activated sludge system (CASS), and the treatment performance is closely related to the microbial community characteristics, but few studies had addressed the changes in microbial community structure along the process. In this study, a CASS urban wastewater plant in Guangdong Province was selected as a typical case to analyse the pollutant removal characteristics and microbial changes along the process, and to explore the pollutant removal mechanism from a microbiological perspective. The results showed that oxygen-consuming organic matter (COD), TN, NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N and TP were mainly adsorbed and degraded in the sludge selection zone along the CASS biochemical tank with low influent concentration, and COD and TP values in the influent decreased to minimum at 1 hour, while NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N was mainly oxidized and degraded in the main reaction zone. Biochemical tank could remove 56.42% of oxygen-consuming organic matter (COD), 41.71% of TN, 77.78% of NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N, and 99.59% of TP from the sewage. The main dominant bacterial phyla in the biochemical tank were *Amoebacteria*, *Bacteroidetes*, *Green Campylobacter* and *Phyllobacterium*, of which *Amoebacteria* was the key phylum influencing the microbial diversity. At the genus level, high abundance of *Zoogloea*, *Aeromonas* and *Thauera* occurred in the selection zone, and high abundance of *Nitrospira* occurred in the main reaction zone after 1 hour feeding. At the end of feeding, high abundance of *Nitrospira* occurred in the selection zone, high abundance of *Terrimonas* and *Lactobacillus* occurred in the main reaction zone. After 1 hour of sedimentation, the abundance of *Thauera* increased in the selection zone and high abundance of *Nitrosomonas* occurred in the main reaction zone, where ammonia oxidation mainly occurred. At the end of idle, high abundance and types of denitrifying bacteria occurred in selection zone, and high abundance of *Sulfuritalea*, *Haliangium* and *Zoogloea* occurred in the main reaction zone. Changes in the abundance of functional microorganisms along the process corresponded to changes in pollutant concentrations. NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N had the most significant effect on shaping the structure of the microbial community (38.92% explained). The nitrogen metabolic pathway showed that nitrification and denitrification occurred along the main reaction zone, short-course nitrification and full denitrification occurred in the selection zone, and the abundance of denitrification functional genes was higher in the selection zone than in the main reaction zone at all stages except for 1 hour feeding.

**Keywords** low influent concentrations; CASS process; nitrogen and phosphorus removal; microbial communities