

潮间带沉积物作为处理市政污水的新型接种源研究

张国智, 张海峰, 张翼, 陈茜蓓, 施雪卿*

(青岛理工大学 环境与市政工程学院, 青岛 266525)

摘要: 分别以潮间带沉积物(IWS)和活性污泥(AS)为接种源构建了 2 个实验室规模的移动床生物膜反应器(命名为 R_{IWS} 和 R_{AS}), 对比分析两者的污水处理性能。研究了两者污染物去除效能、微生物群落组成以及氮代谢途径。在稳定运行阶段, R_{IWS} 和 R_{AS} 均取得了优异的有机污染物去除率($>95.0\%$), R_{IWS} 的 TN 去除率为 $(83.7 \pm 2.3)\%$ 优于 R_{AS} 的 $(80.1 \pm 3.1)\%$ 。宏基因组测序结果显示, R_{IWS} 系统物种丰富度及多样性高于 R_{AS} 。此外, 为了进一步解释不同的 TN 去除效能, 进行了氮代谢途径以及优势菌属与功能基因之间的相关性分析, 发现 R_{IWS} 和 R_{AS} 系统中均存在硝化、反硝化、同化硝酸盐还原和异化硝酸盐还原的氮代谢过程, 且反硝化作用在脱氮过程中起到主要作用。综上所述, 本研究证明了 IWS 作为一种新型接种源在市政污水处理中具有巨大应用潜力。

关键词: 潮间带沉积物; 移动床生物膜反应器; 宏基因组测序; 氮代谢

中图分类号: X703 **文献标志码:** A **文章编号:** 1673-4602(2025)03-0072-07

Investigation on intertidal wetland sediments as a novel inoculation source for municipal wastewater treatment

ZHANG Guozhi, ZHANG Haifeng, ZHANG Yi, CHEN Xibei, SHI Xueqing*

(School of Environmental and Municipal Engineering, Qingdao University of Technology, Qingdao 266525, China)

Abstract: Two lab-scale moving bed biofilm reactors (R_{IWS} and R_{AS}), seeded with intertidal wetland sediment (IWS) and activated sludge (AS), were constructed to comparatively analyze their performances in wastewater treatment. The pollutant removal efficiency, microbial communities as well as nitrogen metabolic pathway of IWS and AS were investigated. During the steady state superior organic pollutant removal efficiencies ($>95.0\%$) were achieved in both R_{IWS} and R_{AS} . With regards to TN removal rate, R_{IWS} exhibited a higher removal efficiency ($83.7 \pm 2.3\%$) than that of R_{AS} ($80.1 \pm 3.1\%$). The metagenomic sequencing results revealed that the richness and diversity of R_{IWS} was higher than that of R_{AS} . Moreover, to illustrate different TN removal performances, nitrogen metabolic pathway and correlation analyses between dominant genera and functional genes were conducted. Several pathways (nitrification, denitrification, assimilation nitrate reduction and dissimilatory nitrate reduction) were found in both R_{IWS} and R_{AS} , and denitrification was found to play an

收稿日期: 2024-01-20

基金项目: 山东省自然科学基金青年项目(ZR2020QE236)

作者简介: 张国智(1999—), 男, 河南南阳人。硕士, 研究方向为污水处理与资源化。E-mail: zhangguozhi_zl@163.com。

* 通信作者: 施雪卿(1985—), 男, 山东青岛人。博士, 教授, 博士生导师, 主要从事污水高值生物炼化方面的研究。

E-mail: shixq85@163.com。

important role in nitrogen reduction. In conclusion, this study proved that as a novel inoculant IWS has great application potential for municipal wastewater treatment.

Key words: intertidal wetland sediment; moving bed biofilm reactor; metagenomic sequencing; nitrogen metabolism

沿海地区污水处理厂由于受到海水倒灌的影响,导致污水含盐量周期性波动,影响生物处理效率,致使出水水质不稳定^[1]。如何确保处理效果稳定,其关键在于确保微生物具有一定的耐盐能力。潮间带沉积物(Intertidal Wetland Sediment, IWS)是位于海陆交界处的泥质或沙质沉积物,含有丰富的耐盐/嗜盐微生物,且能够参与自然界的碳循环以及氮循环。SHI 和 SONG 等采用 IWS 作为制药和抗生素含盐废水生物处理的接种源,取得了较好的 COD 和 NH_4^+-N 去除率^[2-3];ZHANG 等采用 IWS 接种体,在高盐环境下表现出出色的 TN(>90%)和 TOC(>95%)去除效果^[4]。表明 IWS 可作为含盐废水处理的潜在接种体,但缺乏 IWS 作为处理市政污水接种体的研究,开展相关研究能够更好地拓展 IWS 实际应用范围,为缓解沿海地区污水处理厂处理性能周期性波动大的难题提供新思路。移动床生物膜反应器(Moving Bed Biofilm Reactor, MBBR)通过悬浮载体实现微生物高效富集,进而提高生物降解效率,具有负荷高、抗冲击能力强、占地面积小等优点,在实际工程中应用广泛^[5]。宏基因组测序技术能够深度分析微生物群落组成、功能结构、代谢途径等,有助于深入了解生物处理系统污染物去除机理^[6]。

因此,本实验拓展研究 IWS 作为污泥接种源处理市政污水的可能性,具体以 MBBR 为载体,采用模拟市政污水,以传统活性污泥接种源(Activated Sludge, AS)为对照组,对比研究两者的污染物去除性能。此外,采用宏基因组测序技术,开展微生物群落结构分析、探究系统生物膜氮代谢机理以及分析菌属与功能基因相关性。从微观生物学角度分析 IWS 作为一种新型接种源的实际应用潜力。

1 材料与amp;方法

1.1 实验装置

如图 1 所示,装置主体采用圆柱形有机玻璃制成,高 50 cm,直径 17 cm,有效容积为 4.5 L。反应器底部安装有微孔曝气盘,顶部安装有机械搅拌器,能够提供氧气并使填料处于流化状态。反应器进水由蠕动泵从底部泵入,出水从顶部出水口排出。填料填充率 25%,其型号为 K_1 型高密度聚乙烯填料,直径 10 mm,高 10 mm,密度 0.96 g/cm^3 ,有效比表面积约为 $500 \text{ m}^2/\text{m}^3$ 。

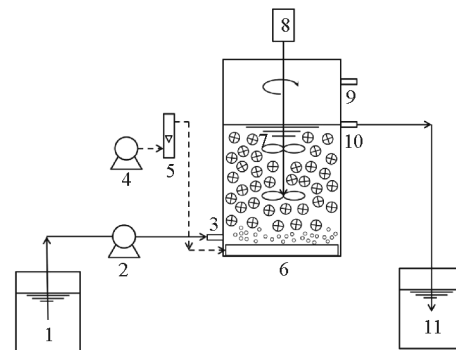


图 1 MBBR 实验装置示意

1—进水箱;2—进料泵;3—进水口;4—空气泵;5—气体流量计;
6—曝气盘;7—填料;8—搅拌机;9—溢流口;10—出水口;11—出水箱

1.2 进水水质及接种污泥

实验进水采用模拟废水。碳源由葡萄糖和乙酸钠按 1:1($w:w$)混合提供,氮源和磷源分别由氯化铵和磷酸二氢钾提供,使用 NaCl 调节模拟废水盐度,适量投加各种常量和微量元素维持微生物正常生长和繁殖。模拟废水成分如表 1 所示。

表 1 模拟废水成分

mg/L

成分	浓度	成分	浓度	成分	浓度
COD	1000.00	MgSO_4	25.00	H_3BO_3	0.05
NH_4^+-N	50.00	FeSO_4	20.00	$(\text{NH}_4)_6\text{Mo}_7\text{O}_{24}$	0.05
TP	10.00	ZnCl_2	0.05	AlCl_3	0.05
NaCl	500.00	CuCl_2	0.05	CoCl_2	0.05
CaCl_2	30.00	MnSO_4	0.05	NiCl_2	0.05

本实验使用的新型接种体(IWS)来源于青岛市黄岛区沿海滩涂,该区域经纬度为 $35^{\circ}92'N$ 、 $120^{\circ}14'E$,具体取自潮间湿地表层 $0\sim 5\text{ cm}$ 处(处于好氧或缺氧环境),表面呈黄褐色,无明显的沙质感。在接种前进行过筛处理,以便去除无机物质,其环境盐度约为 3.0% ,挥发性悬浮固体与总悬浮固体的质量比值 VSS/TSS 为 $0.08\sim 0.18$ 。AS 接种体取自青岛市某污水处理厂好氧池,其 VSS/TSS 为 $0.6\sim 0.7$ 。

1.3 启动策略及运行条件

本实验共设置 2 个 MBBR 反应器,将 2 种接种污泥混合液按 100 mg/L (以 VSS 计)分别接种 2 个 MBBR 系统,命名为 R_{IWS} 和 R_{AS} 。反应器曝气量为 1 L/min ,先闷曝 36 h ,使微生物与填料充分接触。闷曝结束后,将反应器内污泥完全排出,水力停留时间为 12 h 开始连续流运行。 DO 维持在 $5.0\sim 6.0\text{ mg/L}$, pH 保持在 $7.0\sim 8.0$,随后水温控制在 $20\sim 25\text{ }^{\circ}\text{C}$ 。在反应器运行期间,每天取样检测进出水 NH_4^+-N 、 TN 和 COD 。

1.4 水质分析方法

NH_4^+-N 、 TN 和 COD 分别采用纳氏试剂分光光度法、碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法、重铬酸盐法进行测定。 DO 采用 JPB-607A 溶解氧测定仪测定, pH 采用 PHBJ-260 pH 计测定。

1.5 宏基因组测序分析

在反应器稳定运行阶段(第 60 天),从反应器中随机选取 10 个填料获取载体上的生物膜样本(约 0.5 g),委托上海美吉生物技术有限公司对收集的污泥样品进行宏基因组测序分析。

2 结果与讨论

2.1 反应器启动及运行性能

图 2 为 R_{IWS} 和 R_{AS} 的 NH_4^+-N 、 TN 、 COD 去除效果变化情况。由图可知,随着运行时间增加, NH_4^+-N 、 TN 、 COD 去除率整体趋势是逐渐增加并趋于稳定。结合 NH_4^+-N 、 TN 、 COD 去除率变化情况将反应器划分为启动阶段和稳定运行阶段, R_{IWS} 、 R_{AS} 的启动阶段和稳定运行阶段分别为 $0\sim 16\text{ d}$ 和 $17\sim 60\text{ d}$ 、 $0\sim 10\text{ d}$ 和 $11\sim 60\text{ d}$ 。显然, R_{AS} 比 R_{IWS} 反应器更快实现稳定运行。更进一步地,在反应器启动阶段, R_{AS} 反应器的 NH_4^+-N 去除率($96.8\pm 6.4\%$)明显高于 R_{IWS} 反应器($89.8\pm 6.4\%$),推测可能是取自高盐环境的 IWS 接种体中的微生物在相对低盐的环境中活性受到抑制,而 AS 接种体来源于与模拟环境条件相似的实际工程环境中,相关功能微生物能够快速适应模拟环境并发挥作用。在稳定运行阶段, R_{IWS} 的 NH_4^+-N 、 TN 、 COD 去除率为($99.0\pm 0.7\%$)、($83.7\pm 2.3\%$)、($96.5\pm 1.0\%$), R_{AS} 的 NH_4^+-N 、 TN 、 COD 去除率为($99.0\pm 0.8\%$)、($80.1\pm 3.1\%$)、($96.2\pm 1.4\%$),两者出水 NO_2^--N 、 NO_3^--N 浓度之和分别为(7.7 ± 1.3) mg/L 、(9.6 ± 1.4) mg/L 。结果显示出 R_{IWS} 和 R_{AS} 反应器均表现出优异硝化反硝化能力以及有机污染

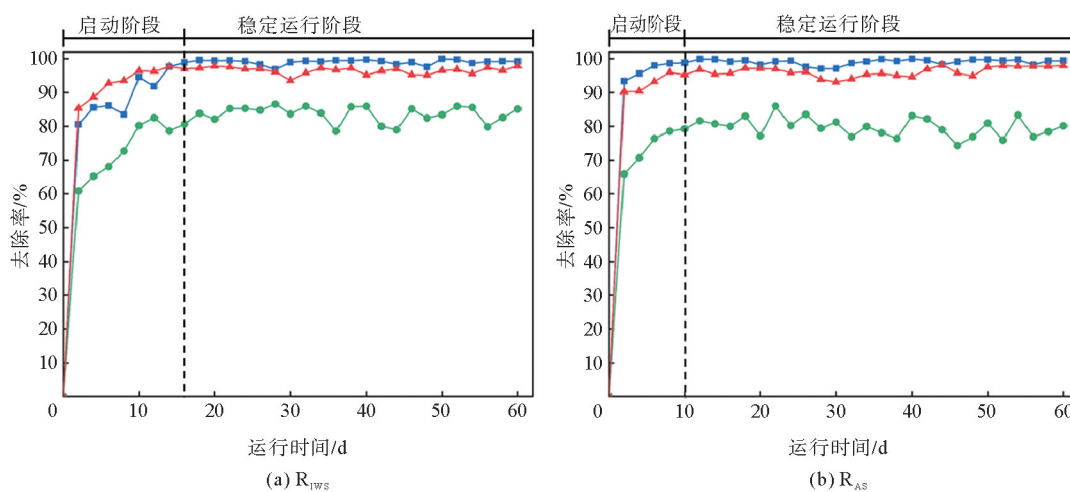


图2 污染物去除效果变化

—■— NH_4^+-N ; —●— TN ; —▲— COD

物去除性能,随着运行时间增加, R_{IWS} 系统中微生物逐渐适应模拟环境并充分发挥作用进而实现污染物的高效去除。值得一提的是,对于稳定阶段的 TN 的去除效率来讲, R_{IWS} 反应器明显高于 R_{AS} 反应器,推测是 IWS 接种体中包含有更加丰富的脱氮功能微生物,并在系统中具有相对较高的丰度,进而表现出更为优秀的脱氮效果。

2.2 微生物群落多样性分析

α 多样性指数如表 2 所示,2 个样品的 Coverage 值均达到 0.99,表明 2 个样本中的序列覆盖度较高,能够较好地反映出样本中的微生物群落多样性。 R_{IWS} 的 OTUs 及 Ace 值高于 R_{AS} ,表明 R_{IWS} 系统中的微生物群落丰富度高于 R_{AS} 系统。Shannon 和 Simpson 指数用于评估微生物群落的多样性,Shannon 指数值越大、Simpson 指数值越小,表明微生物群落多样性越高。 R_{IWS} 的 Shannon 指数为 5.07 明显高于 R_{AS} 的 4.33,而 R_{IWS} 的 Simpson 指数远低于 R_{AS} ,均充分表明 R_{IWS} 的群落多样性高于 R_{AS} 。可能是 R_{IWS} 的接种体来源于自然环境,具有更加丰富的微生物,而 R_{AS} 的接种体源自成熟的工程系统,微生物组成相对单一,进而造成 R_{IWS} 反应器中微生物群落丰富度和多样性明显高于 R_{AS} 。

表 2 α 多样性分析指数

多样性指数	R_{IWS}	R_{AS}
OTUs	5325	5202
Ace	5325	5202
Shannon	5.07	4.33
Simpson	0.01	0.06
Coverage	0.99	0.99

2.3 微生物群落组成分析

为了明确 2 个系统微生物群落组成,从门、属水平上进行微生物群落结构分析。图 3(a)展示了相对丰度在 1.00% 以上的细菌门类组成情况。 R_{IWS} 中主要菌门有变形菌门(Proteobacteria, 56%)、拟杆菌门(Bacteroidetes, 16.35%)、放线菌门(Actinobacteria, 10.23%)、浮霉菌门(Planctomycetes, 6.74%)、疣微菌门(Verrucomicrobia, 3.42%)等。而在 R_{AS} 系统中优势微生物为轮虫门(Rotifera, 33.83%)和变形菌门(Proteobacteria, 31.44%)、拟杆菌门(Bacteroidetes, 11.66%)、放线菌门(Actinobacteria, 5.30%)、浮霉菌门(Planctomycetes, 8.24%)等。变形菌门、拟杆菌门、放线菌门广泛存在于城市污水处理系统中,在生物降解中起着重要作用。有研究表明变形菌门包含大量与脱氮除磷、有机物降解等相关的菌群,通常在活性污泥、生物膜、颗粒污泥等中占优势^[7]。拟杆菌门具备将各类复杂有机物降解为小分子有机物的能力,其门下包含很多反硝化产碱菌,具有重要的脱氮作用^[8-9]。值得一提的是,硝化螺旋菌门(Nitrospirae)作为一种典型的硝化细菌在 R_{AS} 系统相对丰度为 1.04%,远高于 R_{IWS} 系统中的 0.1%,出现此种现象可能是 R_{AS} 系统的接种体取自成熟的活性污泥工艺系统,其原本已存在丰富的与脱氮相关的功能菌门。

图 3(b)展示了 2 个 MBBR 系统中的细菌属类组成情况,在 R_{IWS} 和 R_{AS} 系统中分别观察到 28 和 14 个相对丰度大于 1.00% 的菌属。总的来说, R_{IWS} 系统中的菌属组成相较于 R_{AS} 系统更加丰富,且两者菌属组成存在显著差异。 R_{IWS} 系统主要菌属中的 *Devosia* (4.43%)、*unclassified_f_Cyclobacteriaceae* (4.39%)、*Flavobacterium* (3.12%)、*Paenarthrobacter* (2.26%)、*Hydrogenophaga* (1.88%)、*Hyphomicrobium* (1.81%) 等均具有一定的反硝化脱氮能力^[9-12],其总的相对丰度为 24.51%。而 R_{AS} 系统主要菌属中的反硝化作用菌属相对丰度则逊色于 R_{IWS} 系统,有 *Sphaerotilus* (5.17%)、*unclassified_o_Flavobacteriales* (2.92%)、*unclassified_f_Chitinophagaceae* (2.07%)、*Paracoccus* (2.04%)、*unclassified_o_Hyphomicrobiales* (1.61%) 等^[13-15],其总的相对丰度为 17.81%。与硝化过程相关的菌属,如氨氧化细菌(*Nitrosomonas*、*Nitrosospira*、*Nitrosovibrio* 等)在 R_{IWS} 和 R_{AS} 系统中相对丰度之和分别为 0.27% 和 0.54%;亚硝酸盐氧化细菌(*Nitrospira*、*Nitrobacter*、*Nitrospirillum* 等)在 R_{IWS} 和 R_{AS} 系统中相对丰度之和分别为 0.09% 和 1.07%。上述结果进一步解释了两者的优异的脱氮性能,且 R_{IWS} 系统具有更为突出的脱氮效果。此外, R_{IWS} 系统中 *Paenarthrobacter* (2.26%) 具有良好耐盐能力,能够在高盐环境中发挥优异的生物降解功能^[16],而在 R_{AS} 系统中并未检测到,归因于 IWS 接种体取自高盐自然环境包含有该菌属。*Sphingopyxis* (1.40%) 在相对恶劣环境中生存,降解复杂有机污染物,可通过分泌胞外聚合物促进生物膜形成^[17]。

2.4 氮代谢功能基因及通路分析

表 3 统计出了 R_{IWS} 和 R_{AS} 系统中氮代谢相关功能基因的绝对丰度值。图 4 为结合本实验样品中所检测出的氮代谢功能基因,绘制出系统中的氮代谢通路。结果显示,2 个系统中均存在固氮、硝化、反硝

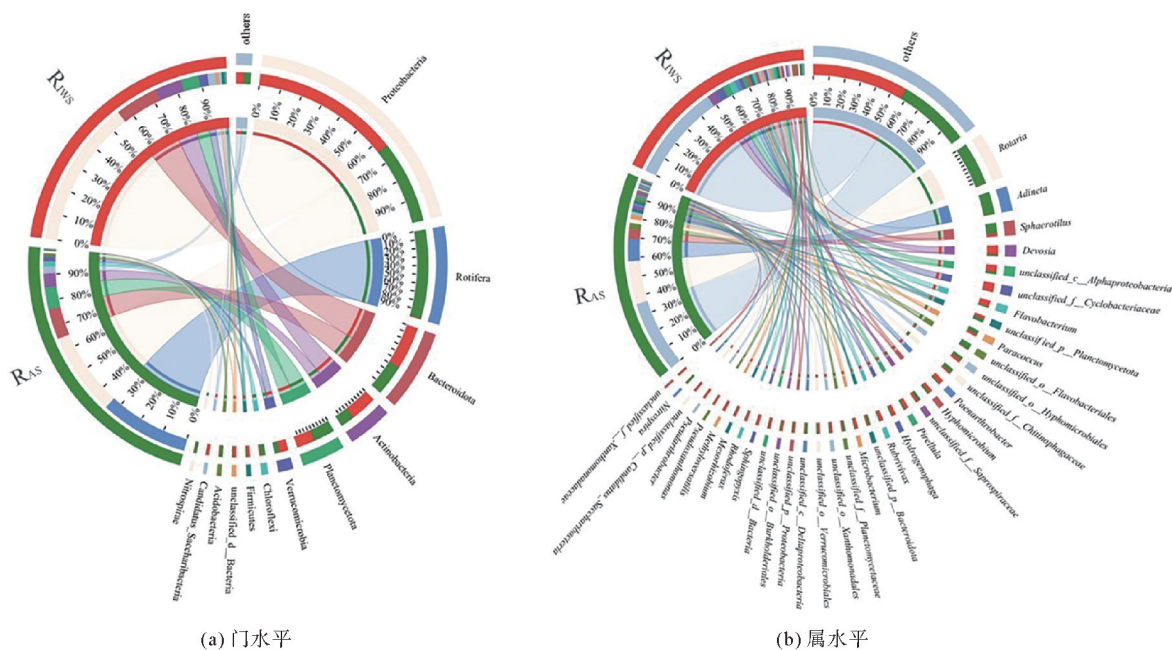


图 3 微生物组成 Circos 图

化、同化硝酸盐还原和异化硝酸盐还原的氮代谢过程。且总的来讲, R_{IWS} 系统中氮代谢相关功能基因丰度(69 348 copies/g, 以 VSS 计, 下同)是 R_{AS} 系统(45 352 copies/g)的 1.5 倍。硝化阶段氨氧化过程参与的功能基因 $amoA/B/C$ 和 hao 在 R_{IWS} 和 R_{AS} 系统的绝对丰度值分别为 362 和 558 copies/g, 远远低于硝化阶段功能基因($nxrA/B$)的丰度值 13 828 和 10 476 copies/g, 与氨氧化过程是影响整个硝化过程的限速步骤的共识相一致^[18]。对于硝酸盐还原过程, 2 个系统中的反硝化过程发挥主要作用, 且 R_{IWS} 系统中参与的功能基因丰度值为 36 358 copies/g, 显著高于 R_{AS} 系统的 24 162 copies/g, 表明 R_{IWS} 系统具有更优异的反硝化脱氮能力。此外, 2 个系统中检测到存在丰富的同化硝酸盐还原基因($narB$ 、 $nasA/B$ 、 NR 、 $nirA$)和异化硝酸盐还原基因($nrfA/H$ 、 $nirB/D$), 总计丰度分别为 11 240 和 6 188 copies/g, 其中同化硝酸盐还原可将无机氮转化为有机氮, 异化硝酸盐还原可作为微生物的呼吸作用, 这 2 个过程都能将 $NO_2^- -N$ 还原为 $NH_4^+ -N$ ^[19], 说明同化/异化硝酸盐还原过程对硝酸盐还原也起到了重要作用。

2.5 功能菌属与氮代谢基因相关性分析

共现网络用来分析菌属和基因潜在的相关性。图 5 展示 R_{IWS} 和 R_{AS} 中氮代谢功能基因与菌属相关性的共现网络分析, 其中圆形节点代表各种功能基因和菌属(节点大小代表连接数), 连接线条代表菌属是该功能基因的潜在贡献者, 线条宽度与相关性成正比。*Nitrosomonas* 菌属与功能基因 $amoB$ 、 $amoC$

表 3 氮代谢功能基因绝对丰度

		copies/g(以 VSS 计)	
代谢途径	功能基因	R_{IWS}	R_{AS}
硝化作用	$amoA/B/C$	168	256
	hao	194	302
	$nxrA/B$	13 828	10 476
反硝化作用	$narG/H/I$	17 412	12 362
	$napA/B$	2 820	2 086
	$nirK/S$	5 872	2 432
	$norB/C$	7 078	4 540
	$nosZ$	3 176	2 742
同化硝酸盐还原	$nasA/B$	6 388	3 848
	$narB$	290	132
	$nirA$	1 128	634
	NR	18	0
异化硝酸盐还原	$nirB/D$	8 534	4 460
	$nrfA/H$	1 270	962
固氮作用	$nifD/H/K$	1 172	120
总计		69 348	45 352

和 *hao* 的相关度在 R_{IWS} 和 R_{AS} 系统中分别为 96.92% 和 96.98%、96.02% 和 80.34%、41.89% 和 33.98%，证明其在氨氧化过程中发挥关键作用。亚硝酸盐氧化过程相关的功能基因 *nxrA* 和 *nxrB* 在 R_{IWS} 系统中与 *Methyloversatilis*、*unclassified_f_Hyphomonadaceae* 和 *Rubrivivax* 等多种菌属有一定的相关性，均在 5% 左右；而在 R_{AS} 系统中主要与 *Sphaerotilus*、*Vitreoscilla* 和 *Nitrospira* 有较高的相关性，分别为 9.83%、10.21% 和 5.41%。表明相较于 R_{AS} 系统， R_{IWS} 系统具备更加丰富的硝化功能菌属。此外，2 个系统中参与反硝化过程的菌属和功能基因在所有氮代谢过程中均是最为丰富的。且在 R_{IWS} 系统中，存在更加丰富的反硝化菌属，并与反硝化基因存在良好相关性，

如：*Paracoccus* 与 *napA* (20.94%)、*Flavobacterium* 与 *norC* (18.27%)、*Hydrogenophaga* 与 *nirS* (19.28%) 等；在 R_{AS} 系统中，*Paracoccus* 与反硝化功能基因 *napA*、*napB* 和 *nosZ* 表现出高的相关性 (51.26%、38.19% 和 18.78%)。对于同化硝酸盐还原过程，在 R_{IWS} 系统中的功能基因为 *nirA*、*narB*，主要与 *Nitrospira* 和 *unclassified_p_Bacteroidota* 有一定相关性；在 R_{AS} 系统中的功能基因 *nirA*、*nasB*，与 *Nitrospira* 和 *unclassified_c_Actinomycetia* 存在良好相关性 (18.65% 和 11.16%)；也说明 *Nitrospira* 在同化硝酸盐还原过程中起到重要作用^[20-21]。而提供异化硝酸盐还原相关基因 (*nirB*、*nirD*、*nrfA*、*nrfH*) 的菌属在 2 个系统中存在明显差异， R_{IWS} 系统中主要由 *Hydrogenophaga*、*unclassified_p_Planctomycetota* 和 *unclassified_f_Burkholderiaceae* 提供； R_{AS} 系统中主要由 *Sphaerotilus*、*Nitrospira*、*unclassified_c_Delta proteobacteria* 和 *Sphaerotilus* 提供。总的来说，2 个系统氮代谢过程中提供主要功能基因的菌属存在明显差异，且 R_{IWS} 系统具有更丰富功能菌属，归因于 2 个系统接种体的来源环境差异。综合上述分析，从微生物学角度深入解释了 R_{IWS} 和 R_{AS} 系统脱氮性能差异，进一步证明 R_{IWS} 接种体中具有丰富的脱氮功能菌属，也表明了 IWS 作为一种新型接种源在污水处理中具有很大应用潜力。

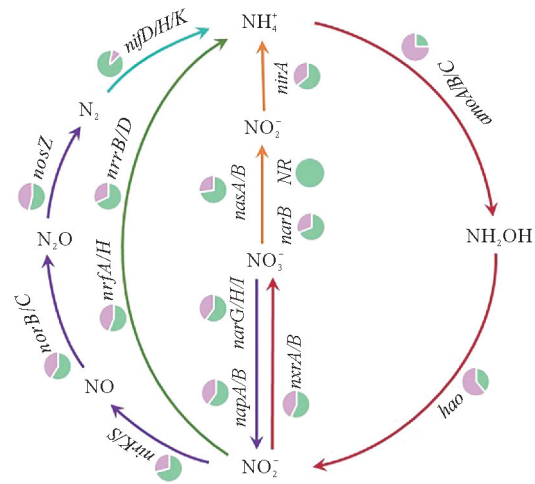


图4 R_{IWS} 和 R_{AS} 中主要氮代谢通路及各功能基因丰度比例

— R_{IWS} ; — R_{AS} ; — 固氮过程; — 硝化过程;
 — 反硝化过程; — 同化硝酸盐还原过程;
 — 异化硝酸盐还原过程; 扇形面积表示不同生物膜中基因丰度比例

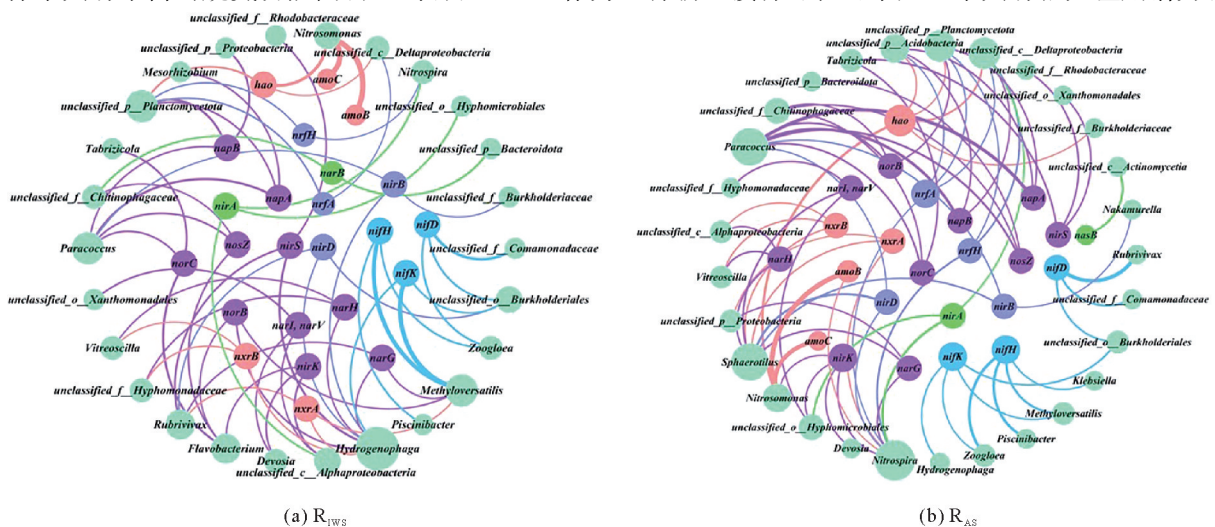


图5 氮代谢功能基因与菌属相关性的共现网络分析

● 固氮作用; ● 硝化作用; ● 反硝化作用; ● 同化硝酸盐还原; ● 异化硝酸盐还原; ● 氮代谢功能菌属

3 结论

在进水 COD 为 1000 mg/L, NH_4^+-N 为 50 mg/L 的条件下, R_{IWS} 和 R_{AS} 在稳定运行阶段均表现出出色的有机污染物去除率(COD $>$ 95.0%),且 R_{IWS} 系统脱氮性能达到(83.7 \pm 2.3)%,优于 R_{AS} 的(80.1 \pm 3.1)%。采用宏基因组测序技术深入分析其优异的脱氮性能的原因,结果表明, R_{IWS} 系统具有更高的微生物群落多样性和丰富度,其在门、属水平上的群落组成与 R_{AS} 系统相比存在明显差异。氮代谢通路表明,2 个系统中涉及的脱氮过程包括固氮、硝化、反硝化、同化硝酸盐还原和异化硝酸盐还原过程。此外, R_{IWS} 和 R_{AS} 系统提供氮代谢功能基因的菌属存在明显差异,且 R_{IWS} 中具有更为丰富的脱氮功能菌属。IWS 作为一种新型微生物接种源在污水处理生化段的绿色提质改造中具有良好的应用前景。

参考文献(References):

- [1] ALEJANDRO R S, JUAN C L D, JESUS G L, et al. Membrane bioreactor and hybrid moving bed biofilm reactor-membrane bioreactor for the treatment of variable salinity wastewater: Influence of biomass concentration and hydraulic retention time[J]. Chemical Engineering Journal, 2018, 336: 102-111.
- [2] SHI X, NG K, LI X, et al. Investigation of intertidal wetland sediment as a novel inoculation source for anaerobic saline wastewater treatment[J]. Environmental Science & Technology, 2015, 49(10): 6231-6239.
- [3] SONG W, XU D, BI X, et al. Intertidal wetland sediment as a novel inoculation source for developing aerobic granular sludge in membrane bioreactor treating high-salinity antibiotic manufacturing wastewater[J]. Bioresource Technology, 2020, 314: 123715.
- [4] ZHANG H, WU J, LI R, et al. Novel intertidal wetland sediment-inoculated moving bed biofilm reactor treating high-salinity wastewater: Metagenomic sequencing revealing key functional microorganisms[J]. Bioresource Technology, 2022, 348: 126817.
- [5] 李韧, 于莉芳, 张兴秀, 等. 硝化生物膜系统对低温的适应特性: MBBR 和 IFAS[J]. 环境科学, 2020, 41(8): 3691-3698.
LI Ren, YU Lifang, ZHANG Xingxiu, et al. Adaptability of nitrifying biofilm systems to low temperature: MBBR and IFAS[J]. Environmental Science, 2020, 41(8): 3691-3698.
- [6] 王彤, 汪涵, 周明达, 等. 污水脱氮功能微生物的组学研究进展[J]. 微生物学通报, 2021, 48(12): 4844-4870.
WANG Tong, WANG Han, ZHOU Mingda, et al. Advances in omics of functional microorganisms for nitrogen removal in wastewater[J]. Microbiology China, 2021, 48(12): 4844-4870.
- [7] 郝志鹏, 张会宁, 彭维, 等. 悬浮填料生物膜反应器细菌群落季相更替对处理效果的稳定作用[J]. 环境工程学报, 2019, 13(11): 2601-2609.
HAO Zhipeng, ZHANG Huining, PENG Wei, et al. Stabilizing effect of seasonal alternation of bacterial communities on the effluent qualities in moving bed biofilm reactor[J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2019, 13(11): 2601-2609.
- [8] THU T H N, QUY V L, ANNA A H, et al. High diversity and abundance of putative polyphosphate-accumulating *Tetrasphaera*-related bacteria in activated sludge systems[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2011, 76(2): 256-267.
- [9] 袁光年, 徐爱玲, 刘勇新, 等. 不同生物填料构建零换水凡纳滨对虾养殖系统研究[J]. 青岛理工大学学报, 2023, 44(6): 99-107.
YUAN Guangnian, XU Ailing, LIU Yongxin, et al. Study on the zero-water exchange *Litopenaeus vannamei* aquaculture system constructed with different biological fillers[J]. Journal of Qingdao University of Technology, 2023, 44(6): 99-107.
- [10] YANG Z, ZHOU Q, SUN H, et al. Metagenomic analyses of microbial structure and metabolic pathway in solid-phase denitrification systems for advanced nitrogen removal of wastewater treatment plant effluent: A pilot-scale study[J]. Water Research, 2021, 196: 117067.
- [11] REN Y, LV Y, WANG Y, et al. Effect of heterotrophic anodic denitrification on anolyte pH control and bioelectricity generation enhancement of bufferless microbial fuel cells[J]. Chemosphere, 2020, 257: 127251.
- [12] 袁野. 反硝化聚磷菌的筛选及其在废水处理中的作用规律研究[D]. 郑州: 河南工业大学, 2023.
YUAN Ye. Screening of denitrifying phosphorus accumulating organisms and their action pattern in wastewater treatment[D]. Zhengzhou: Henan University of Technology, 2023.
- [13] 赵越. 海水生物滤器工艺设计及其微生物菌群研究[D]. 青岛: 中国科学院大学中国科学院海洋研究所, 2018.
ZHAO Yue. Design and microbial community characterization of marine biofilter[D]. Qingdao: Chinese Academy of Sciences, Institute of Oceanography, 2018.
- [14] 曹阳. 基于 MBBR 的高溶解氧循环养殖水含氮污染物去除效能研究[D]. 重庆: 重庆大学, 2022.
CAO Yang. MBBR-based study on the removal efficiency of nitrogen-containing pollutants from high-dissolved oxygen recirculating aquaculture water[D]. Chongqing: Chongqing University, 2022.

(下转第 95 页)