孔玲芬,张 勇,黄 辰,等.不同工业废水处理厂微生物菌群多样性分析 [J]. 中国环境科学, 2026,46(2):758-768.
Kong L F, Zhang Y, Huang C, et al. Microbial community diversity analysis in different industrial wastewater treatment plants [J]. China Environmental Science, 2026,46(2):758-768.

# 不同工业废水处理厂微生物菌群多样性分析

孔玲芬[1],张 勇[2*],黄 辰[3],桂洪杰[2],陈凯鑫[2],林俐俐[2],雷馨怡[2],叶宇欣[2],阮凯迪[2] (1.厦门海洋职业技术学院海洋生物学院,海洋资源保护与生态治理福建省高等学校应用技术工程中心,厦门市智慧渔业重点实验室,福建 厦门 361100；2.厦门大学嘉庚学院环境科学与工程学院,河口生态安全与水环境健康福建省高校重点实验室,福建 漳州 363123；3.厦门市环境监测站,福建 厦门 361021)

**摘要**：为揭示不同类型工业废水处理厂微生物群落结构及其功能特征,选取厦门市 3 座典型工业污水处理厂(食品厂、半导体厂、综合工业园区)为研究对象,基于高通量测序和多种分析方法,比较活性污泥微生物的多样性、群落结构及代谢潜力.结果表明,不同工业废水对微生物群落组成产生显著影响,COD、TN、TP 等水质参数对群落结构具有显著影响.三厂共同富集的优势菌门为 Proteobacteria,而 Firmicutes、Patescibacteria 与 Deinococcota 分别为各厂特征菌群.功能预测结果表明,不同类型工业废水处理系统在代谢通路丰度上存在明显差异,特别是半导体厂微生物群落在有机物代谢相关通路上丰度偏低.研究表明,微生物群落结构与功能受水质条件显著驱动,特征菌群可为工业废水处理系统优化提供参考.

**关键词**：微生物群落结构；工业废水；活性污泥；高通量测序
**中图分类号**：X172 **文献标识码**：A **文章编号**：1000-6923(2026)02-0758-11

**Microbial community diversity analysis in different industrial wastewater treatment plants.** KONG Ling-fen[1], ZHANG Yong[2*], HUANG Chen[3], GUI Hong-jie[2], CHEN Kai-xin[2], LIN Li-li[2], LEI Xin-yi[2], YE Yu-xin[2], RUAN Kai-di[2] (1.Applied Technology Engineering Center of Fujian Provincial Higher Education for Marine Resource Protection and Ecological Governance, Xiamen Key Laboratory of Intelligent Fishery, School of Marine Biology, Xiamen Ocean Vocational College, Xiamen 361100, China；2.Key Laboratory of Estuarine Ecological Security and Environmental Health, School of Environmental Science and Engineering, Xiamen University Tan Kah Kee College, Zhangzhou 363123, China；3.Xiamen Environmental Monitoring Station, Xiamen 361021, China). *China Environmental Science*, 2026,46(2)：758~768

**Abstract**：To reveal the microbial community structure and functional characteristics in different types of industrial wastewater treatment plants, this study selected three representative facilities in Xiamen—a food-processing plant, a semiconductor plant, and a comprehensive industrial park. Based on high-throughput sequencing and multiple analytical approaches, the diversity, community composition, and metabolic potential of activated sludge microorganisms were systematically compared. The results demonstrated that different types of industrial wastewater significantly influenced microbial community composition, with water quality parameters such as COD, TN, and TP playing critical roles in shaping community structure. While Proteobacteria was the dominant phylum shared across all three plants, Firmicutes, Patescibacteria, and Deinococcota were identified as characteristic phyla in the food, industrial park, and semiconductor plants, respectively. Functional gene prediction revealed distinct differences in the abundance of metabolic pathways among the plants, with the microbial community in the semiconductor plant showing notably lower abundance in pathways related to organic matter degradation. Overall, the structure and function of microbial communities were strongly driven by wastewater characteristics, and the identified key taxa provide a theoretical basis for optimizing industrial wastewater treatment systems.

**Key words**：microbial community structure；industrial wastewater；activated sludge；high-throughput sequencing

活性污泥法作为工业废水处理的主要工艺之一,其核心在于微生物群落,微生物驱动着污染物的降解和转化过程,直接影响污水处理厂的运行效能、处理稳定性及抗冲击负荷能力[1-2].污水中污染物的高效去除高度依赖于微生物群落的组成结构,而功能菌群间的良性协同作用是实现污水深度脱氮除磷的关键[3-5].

不同类型工业废水的成分与特征存在显著差

**收稿日期**：2025-07-02
**基金项目**：厦门市自然科学基金资助项目(3502Z202372094);国家自然科学基金资助项目(41806124)
* 责任作者, 副教授, foryzhy@163.com

异,例如,半导体工业废水中可能含有大量重金属离子和有机溶剂[6],而纺织染料废水通常含有高浓度的难降解有机物[7],电镀废水中则常含有多氟化物[8].大多数工业废水的可生化性通常较差,需经预处理提高其可生化性后方能进行有效的生物处理.在生物处理过程中,功能微生物在工艺整体运行过程中的作用不容忽视.值得注意的是,一些绝对数量较少但相对丰度较高的核心种属,对污染物的高效去除及工艺稳定性维持发挥着重要作用[9-10].相较于市政污水,工业废水的复杂性和多样性导致其活性污泥中的微生物群落多样性更为丰富.现有研究表明,活性污泥微生物群落结构与其处理的水质组成密切相关[11].在工业废水的活性污泥中硝化螺旋菌属(*Nitrospira*)的丰度较低,反映出工业废水的复杂组分对亚硝酸盐的氧化过程的抑制[12].在造纸废水的活性污泥中,占主导地位的细菌类群为绿弯菌门(Chloroflexi)[13].而在石化及淀粉废水处理中,变形菌门(Proteobacteria)均被发现是最主要的优势微生物菌群,对复杂化合物具有良好的降解能力[14-15].在食品加工(巧克力)的生产废水中,厚壁菌门(Firmicutes)则被鉴定为最优势菌群[16].由此可见,不同工业废水类型的差异直接影响了废水处理系统中微生物群落的多样性及其功能表现[17-18].

本研究采用 16S rRNA 基因高通量测序技术,选取厦门市的食品加工厂、半导体制造厂及综合工业园区 3 座具有代表性的工业污水处理厂作为研究对象,分析不同类型工业废水处理系统(缺氧池和好氧池)中活性污泥微生物群落的结构多样性,结合各厂区关键水质参数,评估微生物群落与水质特征的关联性,旨在为不同类型工业废水处理过程中活性污泥微生物群落的差异性认识及其在工艺优化中的应用提供参考.

## 1　材料与方法

### 1.1　样品采集

从厦门市 3 座不同类型的工业污水处理厂采集活性污泥样品,分别来自食品加工厂、半导体制造厂及综合工业园区(表 1).采样点为 3 座污水厂生化处理单元(好氧池、厌氧池和缺氧池)的中段,采样深度为 10~30cm.取样时间为 12 月,考虑到冬季污泥沉降性能可能较差,每个样品采集体积为 1500mL,每个生化池设置 3 个平行样品,共计 21 份样品.为体现不同生化池之间的差异性,将 3 个平行样品合并为同一组:食品厂好氧池为 SQH,缺氧池为 SQQ;半导体厂好氧池为 XXH,缺氧池为 XXQ;综合工业园区好氧池为 XAH,缺氧池为 XAQ,厌氧池为 XAY.样品经均质化处理后冷冻在−80℃冰箱中备用.

**表 1　工业废水处理厂信息**

Table 1　Information of industrial wastewater treatment plants

| 污水处理厂 | 主体工艺 | 处理规模(t/d) | 生化池 | 尺寸(m) | HRT(h) | 数量(座) | 水温(℃) |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 综合污水厂 | A/A/O | 20000 | 厌氧池/ | 9×10×7 | 1.5 | 2 | 18.3 |
| | | | 缺氧池/ | 18×10×7 | 6 | 4 | |
| | | | 好氧池 | 18×10×7 | 6 | 4 | |
| 半导体制造厂 | 混凝沉淀+A/O | 500 | 缺氧池/ | 2.5×5×5 | 6 | 2 | 18.3 |
| | | | 好氧池 | *Φ*2.5×5 | 3 | 2 | |
| 食品加工厂 | 混凝沉淀+A/O | 200 | 缺氧池/ | *Φ*3.4 ×7.8 | 24 | 3 | 18.6 |
| | | | 好氧池 | *Φ*3.4 ×7 | 18 | 3 | |

### 1.2　理化指标测定

采用 WTW−pH/Oxi340 便携式测量仪测定 pH 值;采用稀释与接种法(HJ505−2009)测定 $BOD_5$;采用重铬酸盐法测定化学需氧量 COD;氨氮($NH_4^+$−N)采用纳氏试剂法(HJ 535−2009)测定;总氮(total nitrogen, TN)采用碱性过硫酸钾消解−紫外分光光度法(HJ 636−2012)测定;总磷 TP 按钼酸铵分光光度法(GB 11893−1989)测定;氟化物参照氟试剂分光光度法(HJ 488−2009)进行测定;总砷参照二乙基二硫代氨基甲酸银分光光度法(GB 7485−87)测定;总铜参照二乙基二硫代氨基甲酸钠分光光度法(HJ 485−2009)测定,所有吸光度测定均使用紫外可见分光光度计完成(普析通用 T6,北京).

### 1.3　样品 DNA 提取及高通量测序

活性污泥样品经 7000r/min 离心 10min 处理去除上清液后,使用 MagPure Soil DNA Kit(Magen Biotech,广州)试剂盒提取污泥微生物总 DNA.通过 1%琼脂糖凝胶电泳检测总 DNA 的纯度与完整性,并使用微量分光光度计(NanoDrop,美国)测定其浓度,随后以无菌水将提取的 DNA 稀释至 1ng/μL.以稀释后的 DNA 为模板,采用通用引物 515F/806R (5'-GTGYCAGCMGCCGCGGTAA-3'/5'-GGACTACNVGGGTWTCTAAT-3')进行 PCR 扩增 16S rDNA 的 V3-V4 区[19].反应体系(30μL)包含:Phusion High-Fidelity Master Mix(2×, 15μL), 各引物 (2μmol/L, 1.5μL),模板 DNA(10μL)和 ddH2O(2μL).扩增程序设定为:95℃预变性 3min;95℃变性 30s, 55℃退火 30s,72℃延伸 45s,共 27 个循环;最终 72℃延伸 10min.扩增产物经琼脂糖凝胶电泳检测后,文库的构建及高通量测序工作由上海美吉生物医药科技有限公司利用 Illumina MiSeq 测序平台完成双端测序.所有测序原始数据已上传保存于国家生物信息中心平台(Bioproject 号:PRJCA044578).

### 1.4 数据分析

测序完成后,使用 QIIME2(美吉生物云平台,v2022.2 版本)流程对得到的原始序列数据进行过滤、拼接和去除嵌合体.利用该流程中 DADA2 插件对有效序列进行去噪、聚类和组装后得到扩增子序列变异(ASVs),随后样品定量并获得 ASVs 表.用于后续分析的 ASVs 通过以最少序列量的样本为标准对各样本数据进行抽平的均一化处理,获得 ASVs 代表序列.进一步通过 classify-sklearn(Naïve Bayes)分类器并结合 SILVA 数据库(138/16s_bacteria)对 ASVs 代表序列进行物种注释,置信度值设置为 0.7,统计样品在不同分类水平上的群落组成.随后在不同污水厂样本间进行共有 ASVs 的筛选,基于每一个筛选得到的 ASVs 在不同样本中的序列数,再计算它们各自在共有 ASVs 类群总序列数中的比例,通过 Venn 图和 Circos(v0.67-7 版本)进行可视化展示. Alpha 多样性指数和物种组成分别使用 Mothur (v1.30.2 版本)和 vegan(v2.4.3 版本)进行计算.基于水质指标测定结果与微生物测序分析结果,使用 R 软件中的 stats 包(v3.3.1 版本)进一步进行主坐标分析(PCoA),确定活性污泥微生物的多样性及群落结构与不同水质指标的相关性.

## 2 结果与讨论

### 2.1 工业废水处理厂污水处理效果

表 2 显示 3 座污水厂的进水水质差异明显:工业园区的综合工业污水处理厂的污水水质各项指标较低;半导体厂的进水水质组成中总磷浓度较低,氨氮和总氮浓度较高,且氟化物、总砷和总铜的浓度较高;食品厂的进水水质中氨氮和总氮的浓度较低,总磷和 COD 的浓度较高,且 $BOD_5$/COD 为 0.077,说明食品厂废水中存在高浓度的难降解有机物.

**表 2 工业废水处理厂进出水水质**

Table 2 Industrial wastewater treatment plant inlet and outlet water quality

| 污水处理厂 | 参数 | 总磷 | COD | 氨氮 | 总氮 | $BOD_5$ | pH 值 | F | Cu | As |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 综合污水厂 | 进水(mg/L) | 3.15 | 189 | 33.5 | 43.5 | 66.4 | 7.1 | 1.26 | 0.00616 | 0.00475 |
| | 出水(mg/L) | 0.112 | 6 | 0.262 | 6.81 | 0.6 | 6.5 | 0.17 | 0.00211 | 0.00082 |
| | 去除率(%) | 96.4 | 96.8 | 99.2 | 84.3 | 99.1 | - | 86.5 | 65.7 | 82.7 |
| 半导体制造厂 | 进水(mg/L) | 0.453 | 150 | 87.7 | 89.1 | 65.2 | 9.4 | 17.8 | 1.83 | 8.25 |
| | 出水(mg/L) | 0.104 | 15 | 5.01 | 25.8 | 4.5 | 6.8 | 1.6 | 0.21 | 0.26 |
| | 去除率(%) | 77.0 | 90.0 | 94.3 | 71.0 | 93.1 | - | 91.0 | 88.5 | 96.8 |
| 食品加工厂 | 进水(mg/L) | 14.7 | 3915 | 1.26 | 21.6 | 303 | 3.4 | 0.29 | 0.00154 | 0.00078 |
| | 出水(mg/L) | 2.88 | 101 | 0.205 | 8.42 | 38 | 7.6 | 0.016 | 0.00056 | 0.00041L |
| | 去除率(%) | 80.4 | 97.4 | 83.7 | 61.0 | 87.5 | - | 94.5 | 63.6 | 47.4 |

污染物去除效果方面,各污水处理厂表现出良好的处理性能:总磷的去除率在 77%~96%,COD 去除率在 90%以上,氨氮去除率在 84%~99%,总氮去除率在 61%~84%.半导体厂对氟化物、总铜和总砷的去除率均在 88%以上.各污水厂出水水质均可达到设计排放标准,说明即使在冬季水温相对降低的情况下,各污水厂培养的活性污泥系统对污染物仍维持了较好的去除效率.

### 2.2 活性污泥微生物群落多样性分析

21 个样本共计得到平均有效序列数为 58452 条,

用于构建 ASVs 并且获得注释信息的序列数范围在 44783~77351 条之间,以样本的最少序列数 44783 为准对序列数据进行均一化处理,ASVs 平均数为 1150.

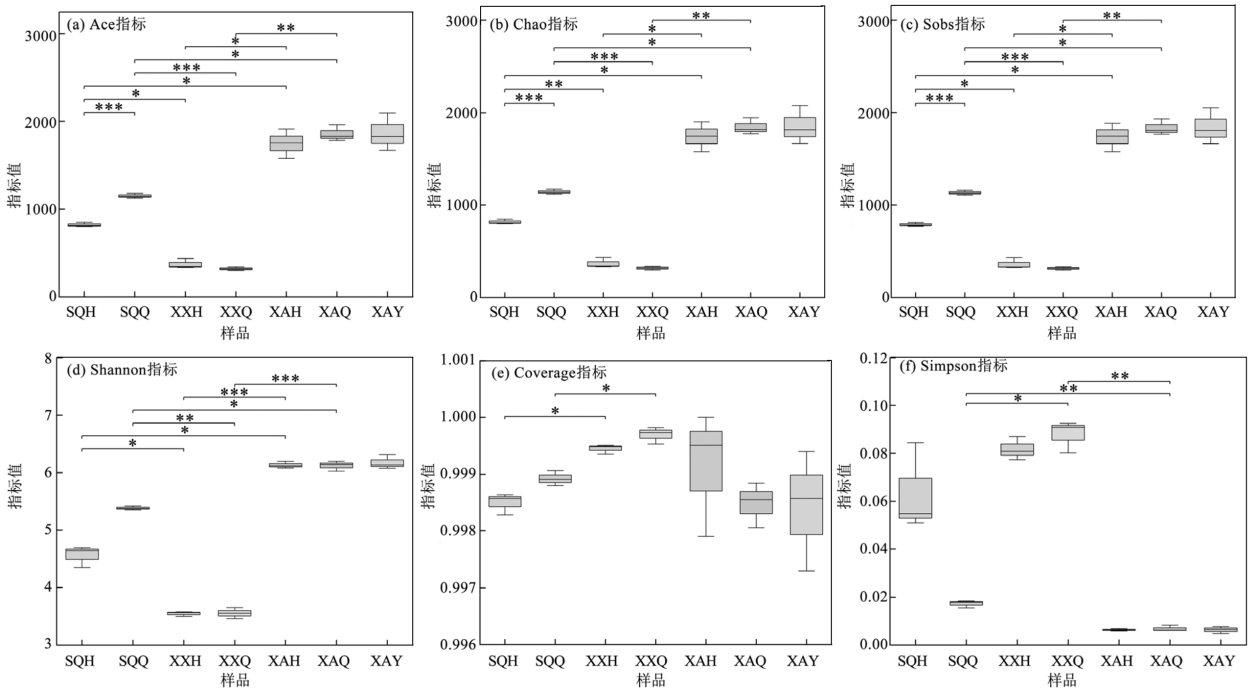



图 1　不同工业废水处理厂微生物 α 多样性分析

Fig.1　Analysis of microbial alpha diversity in different industrial wastewater treatment plants

*: $0.01 < P \leqslant 0.05$, **: $0.001 < P \leqslant 0.01$, ***: $P \leqslant 0.001$

从图 1 中可以看出,所有样本的 Coverage 指数均大于 0.99,表明测序深度足够,结果可信并可靠. ACE 指数、Chao1 指数和 Sobs 指数反映了活性污泥群落的丰富度.综合工业园区内好氧池、缺氧池和厌氧池的 ACE 指数、Chao1 指数和 Sobs 指数表现均高于另两座单一类型工业污水处理厂,表明综合工业园区污水厂的污泥群落组成物种数较多且均匀性较好.在物种丰富度上,半导体污水厂最低,可能是因为半导体工业废水中含有大量重金属、有毒氰化物、氮、磷等污染物[20],对微生物的生存造成胁迫进而导致对群落丰富度有较大的影响. Shannon 指数和 Simpson 指数均用来表征微生物多样性,但 Shannon 指数表征的是物种的丰富度和均匀度, Simpson 指数则侧重于物种的优势度和丰富度.综合工业园区的 3 个生化池和食品厂缺氧池的活性污泥微生物多样性较为丰富和均匀,食品厂好氧池和半导体厂的好氧池、缺氧池的活性污泥微生物中优势物种在整个系统中占据主导地位,对整体多样性的影响较大.总体上,大部分工业废水处理厂生化池中的活性污泥微生物 α 多样性表现出了较大差异,多组样本指数之间均存在显著性差异 ($P$≤0.05).

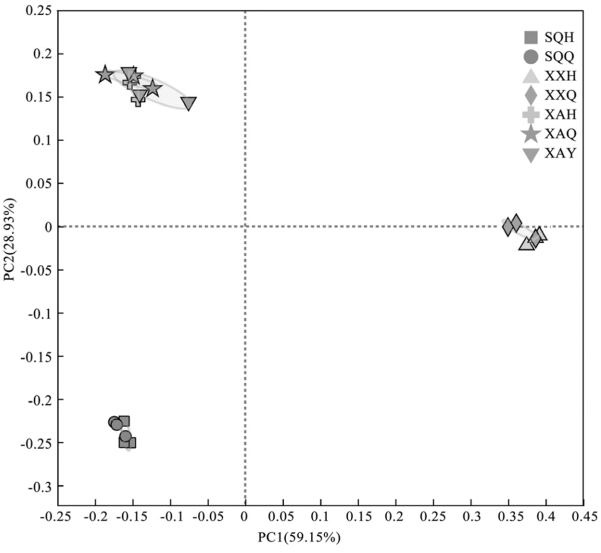



图 2　不同工业废水处理厂微生物 PCoA 分析

Fig.2　PCoA analysis of microbial diversity in different industrial wastewater treatment plants

基于系统发育谱系采用 PCoA 方法分析各生化池活性污泥样本的变化规律(图 2).主坐标 1(PC1)和主坐标 2(PC2)分别占总菌群变化的 59.15%和 28.93%.整体来看,各类型工业污水处理厂不同生化池的群落结构聚集在一起,而非相同功能的生化池聚集在一起,表明各污水厂的生化池中微生物群落有较大的差别,可能源于各厂差别较大的水质组成对微生物群落结构有较大的影响.

### 2.3 活性污泥微生物群落结构组成

由图 3 可见不同类型工业废水处理厂的微生物群落组成和相对丰度存在较大差异.在门水平上(图 3(a)),工业废水活性污泥中共有的微生物门类包括 Proteobacteria、Planctomycetota、Chloroflexi、Bacteroidota 和 Actinobacteriota.在 7 个生化池样本中,Proteobacteria 均占有较高的优势.这个结果与在市政污水和其他工业废水处理系统中的结果相似[21-22],该类细菌在碳、氮循环代谢方面具有较大的贡献.在食品工业废水处理厂中,Firmicutes 表现出一定的优势,尤其是在缺氧池中,Firmicutes 占比达到 5.64%,而在其他类型的工业废水活性污泥中,Firmicutes 的占比极低(<0.5%).Firmicutes 在污水处理中主要参与有机物的分解、产氢产甲烷及系统稳定性的维持,尤其在有机物浓度较高的工业废水处理中占据主导作用[23-25].食品废水处理厂的进水 pH 值较低(pH=3.4),而 Firmicutes 通常能耐受低 pH 值环境,通过代谢调节恢复酸化体系的 pH 值平衡[26].在综合工业园区污水处理厂,好氧、缺氧和厌氧池中 Patescibacteria 均表现出较高的相对丰度(11.8%~13.1%).Patescibacteria 细胞直径仅 0.1~0.3μm,远小于常规微生物(0.5~5μm),在过往研究中,大部分群体会穿透滤膜(0.22μm)导致其丰度可能被严重低估[27].近来的研究发现,Patescibacteria 在污水处理系统中主要参与有机物的代谢、降解[28].在半导体工业废水处理厂活性污泥中,Deinococcota(占比 26.3%~29.0%)和 Chloroflexi(25.4%~27.1%)是最具优势的微生物类群,尤其是 Deinococcota 在食品厂与综合工业园区污水处理厂中丰度极低.半导体废水中重金属含量较高,Deinococcota 菌株通过细胞壁肽聚糖层富集重金属离子(如 $Fe^{3+}$、$Cd^{2+}$),在富含重金属的环境中仍可保持活性,协同降解难分解有机物[29].

在科水平上(图 3(b)),工业废水活性污泥中微生物的组成差别很大,Caldilineaceae、Gemmataceae 和 Fimbriimonadaceae 在各厂各生化池中的丰度较为接近.Caldilineaceae、Gemmataceae 和 Fimbriimonadaceae 在污水处理系统中均参与有机物降解及协同脱氮除磷等过程[30-31],其中 Caldilineaceae 还具有抑制污泥膨胀的作用[32].在食品工业污水处理厂中,Hyphomicrobiaceae、Lactobacillaceae、Anaerolineaceae、Burkholderiaceae、Bacteroidetes、Gemmataceae、Bifidobacteriacea 和 Saprospiraceae 均表现出较高的相对丰度.其中,Bacteroidetes、Gemmataceae 和 Saprospiraceae 在好氧池中的丰度显著高于厌氧池,Lactobacillaceae 和 Bifidobacteriacea 则在缺氧池中具有较高的相对丰度.这个研究结果与其他研究报道相类似,Bacteroidetes 和 Saprospiraceae 在处理含蛋白质、多糖类浓度较高的废水时成为优势菌群,是活性污泥中丰度最高的菌门之一[33].Bacteroidetes 分泌蛋白酶、脂肪酶和淀粉酶等水解酶,将蛋白质、脂质和多糖分解为小分子可溶性物质[34].Saprospiraceae 在含纤维素、淀粉的废水中丰度显著提升,通过分泌纤维素酶和 α-淀粉酶,直接水解纤维素和淀粉为葡萄糖[33].Gemmataceae 的主要作用是聚磷酸盐的积累与废水中总磷的去除[35].在综合工业园区污水处理厂,好氧、缺氧和厌氧池中微生物群落组成结构较为相似,Chitinophagaceae、Saprospiraceae、unclassified_Saccharimonadales 和 Blastocatellaceae 为优势种群,尤其是 unclassified_Saccharimonadales 在各生化池中都占有主导地位(占比 12.9%~11.5%).Saccharimonadales 目是归属于 Patescibacteria 门下的一个细菌类群,与 *Thauera*、*Dechloromonas* 等不同属的细菌协同在除磷过程中发挥重要作用[36-37].在半导体工业废水处理厂活性污泥中,Chitinophagaceae、Blastocatellaceae 和 Thermaceae 表现出较高的相对丰度.其中,Thermaceae 是最具优势的微生物类群(占比 26.3%~29.0%),在半导体工业废水处理厂的活性污泥中全部来源于 *Meiothermus* 属.*Meiothermus* 为 Deinococcota 门下的一个细菌类群,主要参与有机氮矿化、蛋白酶分泌及生物膜形成[38-39].半导体工业废水处理厂进水的氨氮和总氮的浓度非常高,*Meiothermus* 对氨氮和总氮的高去除率有积极的作用.

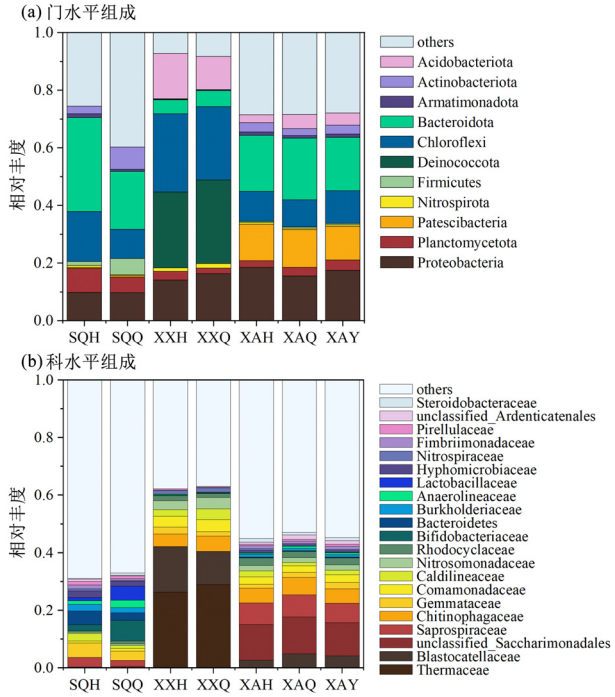



图 3　不同工业废水处理厂微生物群落结构组成

Fig.3　The composition of microbial communities in different industrial wastewater treatment plants

此外,综合对比 3 个不同类型的工业污水处理厂在两个分类水平上的微生物群落组成可知,半导体厂的群落组成的丰富度低,但优势物种的占比相对更高,与前述 Shannon 指数的结果一致. Blastocatellaceae 属于酸杆菌门中的寡营养型菌群,能适应低有机碳环境,在贫营养条件下仍能维持代谢活性[40],半导体厂进水的 pH 值较低(pH=3.4)且有机物浓度极低,因此,Blastocatellaceae 这类耐酸且耐低有机碳的微生物占据了主导地位. Chitinophagaceae 在综合污水处理厂和半导体厂中均为优势物种,其主要的作用是可分泌几丁质酶、蛋白酶等水解酶,降解几丁质和蛋白质类有机物,促进污泥中有机质的矿化[41],对降解污水中有机氮化合物有重要作用.

## 2.4　不同工业废水处理厂活性污泥共有微生物分析

根据 ASVs 聚类结果绘制 Venn 图,确定不同工业污水处理厂好氧池和缺氧池内活性污泥之间共有 ASVs(图 4(a)).3 座工业废水处理厂好氧池和缺氧池的活性污泥中共有 ASV 分别为 8 和 9,共有 ASVs 分别占总 ASVs 的 0.16%和 0.15%,说明 3 座工业废水处理厂中共有的微生物极少.食品厂、综合污水处理厂和半导体厂在好氧池中特有的 ASVs 分别为 1110、3054 和 494,在缺氧池中特有的 ASVs 分别为 1762、3351 和 402,表明各工业废水处理厂中特有微生物占比为绝大多数,而高丰度的特有微生物为保证污水处理厂工艺运行的核心菌.

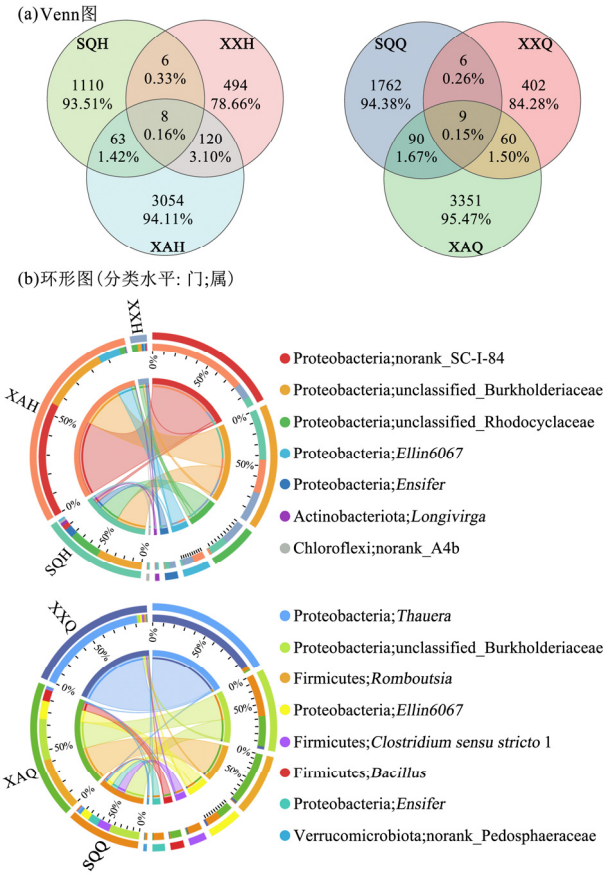



图 4　不同工业废水处理厂共有微生物群落

Fig.4　The common microbial communities in different industrial wastewater treatment plants

对共有的 ASVs 进行注释(图 4(b)),3 座工业废水处理厂好氧池中共有的微生物 90%以上均来自 Proteobacteria 门,其中,SC-I-84 和 Burkholderiaceae 科为占主导作用的微生物类群,其余的微生物来自于 Chloroflexi 和 Actinobacteriota 门.SC-I-84 主要参与污水中有机物的降解,在好氧池中起到重要的作用[42];Burkholderiaceae 类群的微生物在好氧条件下可直接利用无机氮源,通过谷氨酸脱氢酶途径同化铵盐完成好氧反硝化[43-44].缺氧池中共有的微生物同样主要为 Proteobacteria 门(占比 47.3%~95.7%),但在各工业废水处理厂有较大的差别.在食品厂活性污泥中,起主导作用的主要是 Proteobacteria 门下的 Burkholderiaceae 科微生物.

除可利用氮源,该类群微生物还可通过群体感应调控机制与疏水性胞外聚合物对含脂废水有高降解能力[45].在综合污水处理厂中,Firmicutes 门微生物在共有 ASVs 中的占比为 52.0%,超过了 Proteobacteria 门(占比 47.3%),起主要作用的微生物类群除了未被鉴定到具体种属的 Burkholderiaceae 科微生物,主要是 *Romboutsia* 属微生物.*Romboutsia* 属在缺氧条件下,以发酵途径为主,对多糖、蛋白质等有机物具有高去除效率[46-47].在半导体厂,起主导作用的关键微生物类群为 Proteobacteria 门下的 *Thauera* 属(占共有 ASVs 比例 91.2%),其在工业废水中属于参与难降解有机物的核心功能菌群[46,48-49].综合上述结果,Burkholderiaceae 科微生物在好氧和缺氧池中都具有重要作用,参与了工业污水中有机物和含氮物质的降解.

### 2.5 环境因子对微生物群落结构的影响

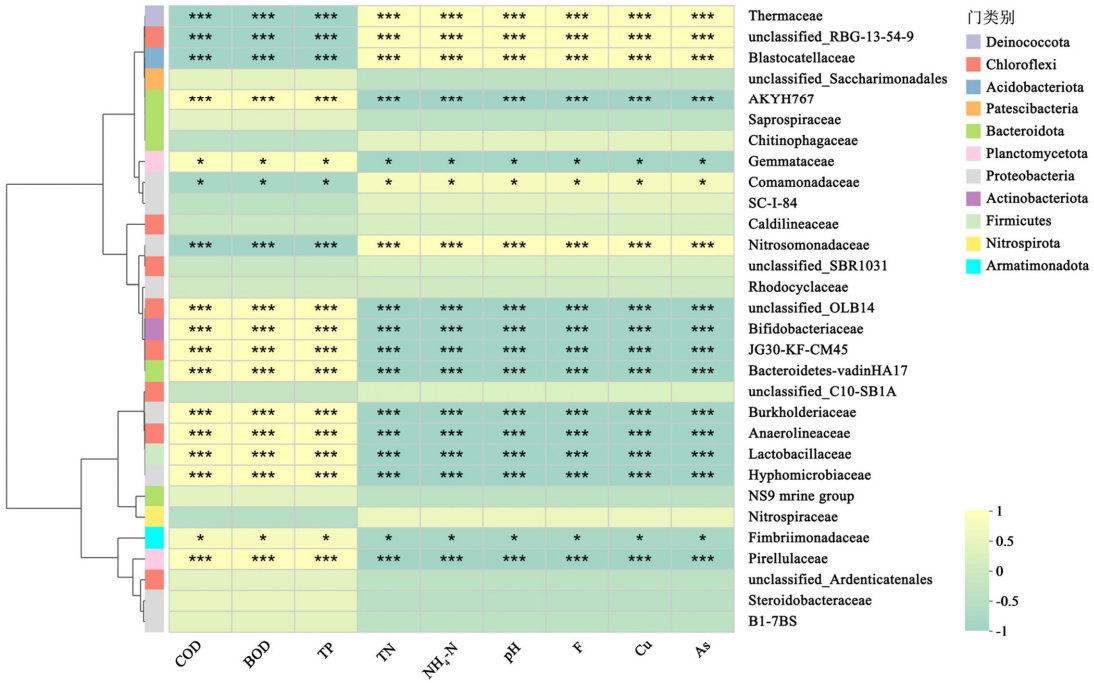



图 5 环境因子与微生物群落相关性分析(科水平)

Fig.5 Correlation analysis between environmental factors and microbial communities (family level)

通过 Spearman 检验评估了工业废水各项水质指标对微生物群落结构的影响(图 5).水中各项水质指标均对微生物的群落结构组成有显著的影响,且 COD、BOD、总磷对微生物群落组成的影响与总氮、氨氮、pH 值、氟化物、总铜和总砷呈现相反情况.在科水平的相关性结果中,Thermaceae、unclassified_RBG-13-54-9、Blastocatellaceae、Comamonadaceae 和 Nitrosomonadaceae 类群与有机物浓度、总磷浓度呈显著负相关,而与总氮、氨氮、pH 值、氟化物、总铜和总砷呈显著正相关,表明这些类群的微生物与污水中氮和重金属的代谢及循环密切相关.结合群落结构组成分析,Thermaceae 和 Blastocatellaceae 在半导体厂中占据优势地位.研究表明其分泌的胞外聚合物因富含羧基、羟基、磷酸基等阴离子基团,可通过离子交换或络合作用结合重金属离子,因而对工业废水中重金属的去除具有重要作用[50-51].尽管 Comamonadaceae 和 Nitrosomonadaceae 未在 3 座废水处理厂中表现出较高的丰度,但其对氨和重金属的去除仍有重要作用.现有研究表明,在 $A^2/O$ 工艺中,Nitrosomonadaceae 是活性污泥内主要的氨氧化细菌,负责将氨氮转化为亚硝酸盐,为后续硝化与反硝化提供基础[52],而 Comamonadaceae 与 Rhodoferax、Nitrospira 等菌属协同,可显著提升总氮和氨氮的去除率,尤其在低温(<15℃)环境下维持系统稳定性[53].AKYH767、Gemmataceae、unclassified_OLB14、Bifidobacteriaceae、JG30-KF-CM45、Bacteroidetes-vadinHA17、Burkholderiaceae、Anaerolineaceae、Lactobacillaceae、Hyphomicrobiaceae、

Fimbriimonadaxeae 和 Pirellulaceae 等微生物则与前述微生物类群相反,与有机物浓度和总磷浓度呈显著正相关,而与其他环境因子呈显著负相关,表明这些微生物主要在工业废水中有机物的降解代谢和除磷方面具有重要作用.尽管 Gemmataceae 和 Fimbriimonadaceae 在各厂各生化池中的丰度较为接近,但其相关性结果表明其丰度主要是和废水中有机物、总磷的浓度呈现正相关.值得一提的是,在与各项水质指标均无显著相关性的几种微生物类群中,最新的研究表明 C10−SB1A 已被鉴定为铁氨氧化菌属,能够有选择性地与厌氧氨氧化、硝酸盐依赖性亚铁氧化或异养反硝化菌种协同作用,这证实了铁氨氧化能够通过与其他氮转化途径建立多种代谢共生关系来适应多样的微环境[54].

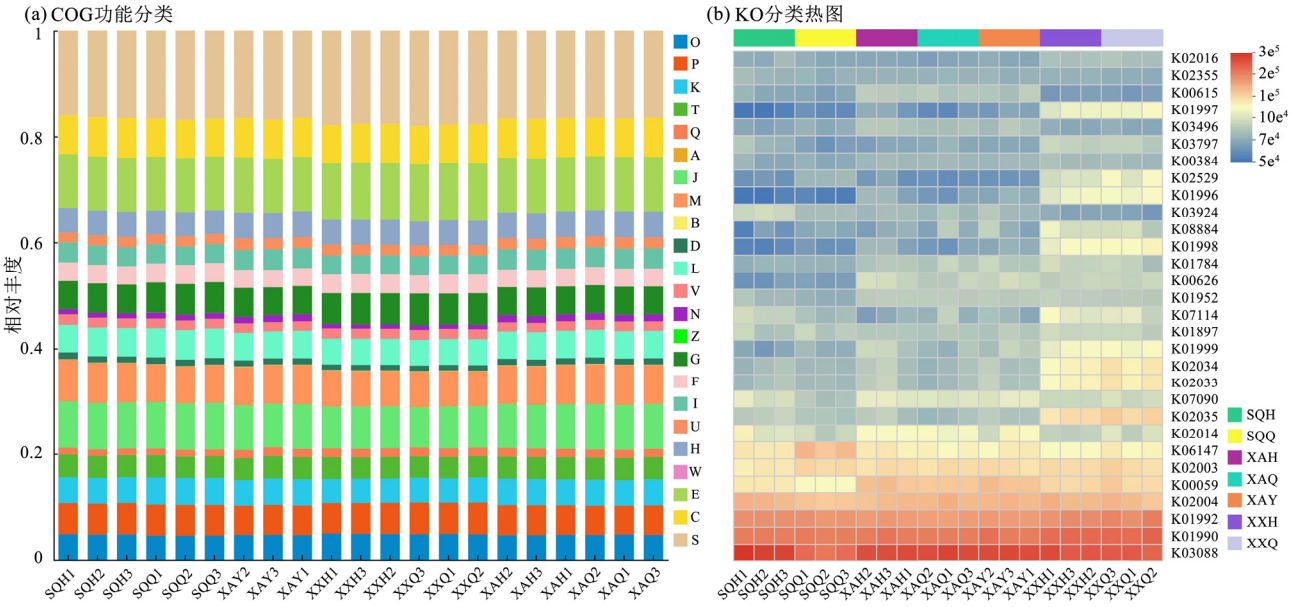



图 6　基于 COG 和 KEGG 的功能基因分析

Fig.6　Based on the functional gene analysis of COG and KEGG

COG 类别信息:A:RNA 合成和修饰;B:染色质结构和动力学;C:能量产生和转化;D:细胞周期调控、细胞分裂、梁色体分区;E:氨基酸运输和代谢;F:核苷酸运输和代谢;G:碳水化合物运输和代谢;H:辅酶运输和代谢;I:脂质运输和代谢.J:蛋白质翻译、核糖体结构和形成;K:基因转录;L:DNA 复制、重组和修复.M:细胞壁/膜/质膜形成.N:细胞运动.O:翻译后修饰;蛋白质折叠与分子伴侣;P:无机离子运输和代谢;Q:次生代谢产物生物合成、转运和分解代谢;S:功能未知;T:信号转导机制;U:胞内合成、分泌和运输;V:免疫机制.W:胞外结构.Z:细胞骨架

## 2.6　功能基因多样性及丰度

通过 PICRUSt2 进行功能预测分析获得微生物的代谢通路(KEGG)和直系同源类群(COG)等信息.基于 COG 的功能基因分析表明;3 座工业废水处理厂生化池中活性污泥微生物在功能基因的多样性上差异较小(图 6(a)).半导体厂的废水处理系统中,活性污泥微生物存在更多的未知功能基因.而基于 KEGG 的代谢通过分析表明,3 个工业废水处理厂生化池活性污泥微生物在 KO 丰度分布上(图 6(b))存在一定的区别,尤其是半导体厂在多个通路的丰度上都与食品厂和综合工业废水处理厂存在较大差异.半导体厂的活性污泥微生物中,不少与有机物代谢分解相关的代谢通路丰度均比食品厂和综合工业废水处理厂系统中的更低.此外,每座工业废水处理厂中的好氧池、缺氧池和厌氧池之间在 COG 和 KO 丰度分布上差异较小.食品厂的缺氧池中 K06147 通路的丰度显著高于好氧池,K06147 的功能是编码亚硝酸盐还原酶(Nir),催化亚硝酸盐($NO_3^-$)还原为一氧化氮(NO),是反硝化过程的限速步骤,这与缺氧池的反硝化脱氮功能相符.食品厂的缺氧池中 K00059 通路的丰度则显著低于好氧池,K00059 编码乙醇脱氢酶(ADH),催化乙醇与乙醛之间的可逆转化,连接糖酵解与脂肪酸代谢途径,这与食品厂污水处理系统中好氧池高效的碳源分解与能量转化和 COD 去除效率相一致.

## 2.7　工艺优化建议

**2.7.1　系统稳定性与抗冲击能力**　相较于综合工业废水处理厂和食品厂,半导体厂的微生物多样性

较低,这意味着其抗负荷(如毒性物质、水质水量波动、温度变化)能力更弱.因此,为提高半导体厂生化池的抗负荷冲击能力,建议其在生化池前段加设预处理工艺,如增设均质调节池,同时对生化池的运行参数进行优化:一是避免长期超负荷或低负荷运行,维持更稳定的污泥浓度和污泥龄;二是改善进水混合效果,确保生化池内进水混合均匀,可考虑多点进水或分段进水,为不同功能的微生物创造更适宜的分区环境.

2.7.2 微生物群落功能缺失或效率低下 半导体厂的活性污泥微生物中与有机物代谢分解相关的代谢通路丰度较低,这主要是由于进水中有机物的浓度过低,建议在半导体厂生化池中提高添加易降解碳源的比例.食品厂的进水总磷浓度和难降解有机物的浓度极高,针对该问题,一是增设厌氧池并优化污泥排出时间和体积,保证足够的排泥量以排出富磷污泥,提高聚磷菌的除磷效率;二是适当延长生化池的水力停留时间,并在现有生化池中投加特定功能的菌剂,对食品厂的难降解有机物(淀粉残留物与衍生物、蛋白质-脂肪复合物、5'-羟甲基糠醛及类黑精色素、纤维素和半纤维素)强化生物降解.

2.7.3 环境因子影响 Blastocatellaceae 这类耐酸菌成为半导体厂的优势种群,表明半导体厂的生化系统可能受到低 pH 值的冲击,建议对其预处理段 pH 值调节池加强管控,降低 pH 值对微生物的影响.此外,在三座工业污水处理厂中,均未发现与温度响应密切相关的微生物,这说明在厦门的工业污水处理厂,无需因冬季低温对工艺参数进行调整.

## 3 结论

3.1 通过基于高通量测序的方法,对不同类型工业废水处理厂的活性污泥中微生物种群结构进行了检测,3 座工业废水处理厂的微生物丰富度、多样性及各污水处理厂的菌群结构具有显著差异性.

3.2 进一步分析了不同工业废水活性污泥中的微生物群落组成.在门水平上,3 个工业废水处理厂共有的优势菌门为 Proteobacteria,而食品厂的优势菌门为 Firmicutes、综合工业园区的优势菌门为 Patescibacteria、半导体厂的优势菌门为 Deinococcota 和 Chloroflexi.在科水平上,3 座工业废水处理厂共有菌科为 Caldilineaceae、Gemmataceae 和 Fimbriimonadaceae,在食品厂中,好氧池的优势菌科为 Bacteroidetes、Gemmataceae 和 Saprospiraceae,缺氧池的优势菌科为 Lactobacillaceae 和 Bifidobacteriacea;综合工业园区的优势菌科为 unclassified_Saccharimonadales;半导体厂的优势菌科是 Thermaceae.

3.3 Venn 分析结果表明在三座工业废水处理厂的好氧池和缺氧池中分别发现了 8、9 个共有 ASVs,约占到总 ASVs 的 0.15%~0.16%.好氧池中优势门为 Proteobacteria,缺氧池中优势门为 Proteobacteria 和 Firmicutes.

3.4 通过 Spearman 分析评估了工业废水的各项水质指标对微生物群落结构的影响.在科水平上,Thermaceae、unclassified_RBG-13-54-9、Blastocatellaceae、Comamonadaceae、Nitrosomonadaceae 和 Nitrospiraceae 与有机物浓度和总磷浓度呈显著负相关,而与总氮、氨氮及 pH 值呈显著正相关.AKYH767、unclassified_OLB14、Bifidobacteriaceae、JG30-KF-CM45、Bacteroidetes-vadinHA17、Burkholderiaceae、Anaerolineaceae、Lactobacillaceae、Hyphomicrobiaceae 和 Pirellulaceae 与水质指标的相关性则呈现相反的关系.

3.5 基于 COG 和 KEGG 数据库的功能基因预测显示,工业废水处理厂在 COG 功能基因多样性上差异性较小,但在 KO 丰度分布上存在较大差异.这种差异是由工业废水的特性所导致的.

**参考文献:**

[1] Kim E, Yulisa A, Kim S, et al. Monitoring microbial community structure and variations in a full-scale petroleum refinery wastewater treatment plant [J]. Bioresource Technology, 2020,306:123178.

[2] Wang X, Xia Y, Wen X, et al. Microbial community functional structures in wastewater treatment plants as characterized by GeoChip [J]. PLoS One, 2014,9(3):e93422.

[3] Chen H, Liu K, Yang E, et al. A critical review on microbial ecology in the novel biological nitrogen removal process: Dynamic balance of complex functional microbes for nitrogen removal [J]. Science of the Total Environment, 2023,857:159462.

[4] Li S, Guo Y, Zhang X, et al. Advanced nitrogen and phosphorus removal by the symbiosis of PAOs, DPAOs and DGAOs in a pilot-scale $A^2O$/A+MBR process with a low C/N ratio of influent [J]. Water Research, 2023,229:119459.

[5] 郝凯越,李远威,宗永臣,等.高原生境下 $A^2O$ 工艺对污水处理的微生物机制 [J]. 中国环境科学, 2021,41(5):2240-2251.
Hao K Y, Li Y W, Zong Y C, et al. Effects of acid mine drainage

irrigation on iron and carbon in paddy soils and the response of microbial community structure [J]. China Environmental Science, 2021,41(5):2240−2251.

[6] 徐雨晴,巫寅虎,吴乾元,等.半导体行业废水的反渗透膜污堵机制与控制策略 [J]. 环境科学研究, 2023,36(3):535−545.
Xu Y Q, Wu Y H, Wu Q Y, et al. Mechanism and control strategy of reverse osmosis membrane fouling of semiconductor industry wastewater [J]. Research of Environmental Sciences, 2023,36(3):535−545.

[7] 曹文庚,王妍妍,张　栋,等.工业废水去除重金属技术的研究现状与进展 [J]. 中国地质, 2023,50(3):756−776.
Cao W G, Wang Y Y, Zhang D, et al. Research status and new development on heavy metals removal from industrial wastewater [J]. Geology in China, 2023,50(3):756−776.

[8] 郭雨婷,刘亚军,邓　觅,等.F−53B 胁迫下污水厌氧处理系统及微生物群落的响应 [J]. 中国环境科学, 2024,44(2):721−729.
Guo Y T, Liu Y J, Deng M, et al. Response of wastewater anaerobic treatment system and microbial community under F−53B stress [J]. China Environmental Science, 2024,44(2):721−729.

[9] Nielsen P H, Mielczarek A T, Kragelund C, et al. A conceptual ecosystem model of microbial communities in enhanced biological phosphorus removal plants [J]. Water Research, 2010,44(17):5070−5088.

[10] Wang X, Hu M, Xia Y, et al. Pyrosequencing analysis of bacterial diversity in 14wastewater treatment systems in China [J]. Applied & Environmental Microbiology, 2012,78(19):7042−7047.

[11] Ibarbalz F M, Figuerola E L M, Erijman L. Industrial activated sludge exhibit unique bacterial community composition at high taxonomic ranks [J]. Water Research, 2013,47(11):3854−3864.

[12] Yang Y, Wang L, Xiang F, et al. Activated sludge microbial community and treatment performance of wastewater treatment plants in industrial and municipal zones [J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2020,17(2):436.

[13] 王　硕,李长波,许洪祝,等.造纸废水活性污泥的微生物群落结构及多样性分析 [J]. 微生物学杂志, 2023,43(3):19−29.
Wang S, Li C B, Xu H Z, et al. Microbial community structure and diversity analysis of activated sludge from papermaking wastewater [J]. Journal of Micobiology, 2023,43(3):19−29.

[14] Yang Q, Xiong P, Ding P, et al. Treatment of petrochemical wastewater by microaerobic hydrolysis and anoxic/oxic processes and analysis of bacterial diversity [J]. Bioresource Technology, 2015,196:169−175.

[15] 赵婷婷,乔　凯,王　蕾,等.淀粉废水处理系统中活性污泥的微生物群落结构及多样性分析 [J]. 环境科学, 2020,41(1):321−329.
Zhao T T, Qiao K, Wang L, et al. Measurements of bacterial community and biodiversity from activated sludge for a wastewater treatment containing starch [J]. Environmental Science, 2020,41(1):321−329.

[16] Silva−Bedoya L M, Sanchez−Pinzon M S, Cadavid−Restrepo G E, et al. Bacterial community analysis of an industrial wastewater treatment plant in Colombia with screening for lipid−degrading microorganisms [J]. Microbiological Research, 2016,192:313−325.

[17] 房　平,李雨娥,魏东洋,等.污水处理过程中微生物群落多样性及其对环境因子响应的研究进展 [J]. 微生物学通报, 2020,47(9):3004−3020.
Fang P, Li Y E, Wei D Y, et al. Microbial community diversity and its response to environmental factors during sewage treatment [J]. Microbiology China, 2020,47(9):3004−3020.

[18] 刘　健,牛少勋,黄恩惠,等.酸性矿山废水灌溉对稻田土壤铁碳的影响及微生物群落结构响应 [J]. 中国环境科学, 2025,45(5):2654−2663.
Deng J, Niu S X, Huang E H, et al. Effects of acid mine drainage irrigation on iron and carbon in paddy soils and the response of microbial community structure [J]. China Environmental Science, 2025,45(5):2654−2663.

[19] Sáenz J S, Roldan F, Junca H, et al. Effect of the extraction and purification of soil DNA and pooling of PCR amplification products on the description of bacterial and archaeal communities [J]. Journal of Applied Microbiology, 2019,126(5):1454−1467.

[20] 涂凌波.半导体行业废水处理工程实例与效果分析 [J]. 工业水处理, 2024,44(9):188−192.
Tu L B. An engineering project for semiconductor industry wastewater treatment [J]. Industrial Water Treatment, 2024,44(9):188−192.

[21] Smith W J M, Hu J, Zhang Q, et al. Evaluation of concentration and extraction workflows for enhanced bacterial 16S rRNA profiling of urban wastewater samples [J]. Total Environment Microbiology, 2025,1(1):100001.

[22] Wang K, Yan D, Chen X, et al. New insight to the enriched microorganisms driven by pollutant concentrations and types for industrial and domestic wastewater via distinguishing the municipal wastewater treatment plants [J]. Environmental Pollution, 2024,361:124789.

[23] Garcia D, De Godos I, Dominguez C, et al. A systematic comparison of the potential of microalgae−bacteria and purple phototrophic bacteria consortia for the treatment of piggery wastewater [J]. Bioresource technology, 2019,276:18−27.

[24] Kim S R, Lee J, Lee M G, et al. Analysis of microbial communities in solid and liquid pig manure during the fertilization process [J]. Scientific Reports, 2024,14(1):72.

[25] Li M Y, Zhang R D, Liu S S, et al. Aerobic granular sludge for swine wastewater treatment: Implications for antibiotic and antibiotic resistance gene elimination [J]. Bioresource Technology, 2024,410:131297.

[26] 任安东,郑　义,孙天姿,等.沼液回流时间对厨余垃圾高含固厌氧发酵的影响 [J]. 环境工程, 2021,39(12):159−165.
Ren A D, Zheng Y, Sun T Z, et al. Effect of slurry recirculation time on anaerobic digestion of kitchen waste with high solid content [J]. Environmental Engineering, 2021,39(12):159−165.

[27] Gao F Z, Hu L X, Liu Y S, et al. Unveiling the overlooked small−sized microbiome in river ecosystems [J]. Water Research, 2024,265:122302.

[28] Dong X, Zhang C, Li W, et al. Functional diversity of microbial communities in inactive seafloor sulfide deposits [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2021,97(8):fiab108.

[29] Wang H, Lin S, Zhang H, et al. Batch−fed composting of food waste: Microbial diversity characterization and removal of antibiotic resistance genes [J]. Bioresource Technology, 2023,385:129433.

[30] Zhang B, Xu X, Zhu L. Structure and function of the microbial consortia of activated sludge in typical municipal wastewater treatment plants in winter [J]. Scientific reports, 2017,7(1):17930.

[31] Zeng T, Wang L, Zhang X, et al. Characterization of microbial communities in wastewater treatment plants containing heavy metals located in chemical industrial zones [J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2022,19(11):6529.

[32] Zhang B, Xu X, Zhu L. Activated sludge bacterial communities of typical wastewater treatment plants: distinct genera identification and metabolic potential differential analysis [J]. AMB Express, 2018,8(1): 184.

[33] Kondrotaite Z, Valk L C, Petriglieri F, et al. Diversity and ecophysiology of the genus olb8and other abundant uncultured *saprospiraceae* genera in global wastewater treatment systems [J]. Frontiers in Microbiology. 2022,13:917553.

[34] 陈 希,袁乙卜,张建民,等.大分子有机物对除磷颗粒污泥特性及菌群结构的影响 [J]. 环境科学学报, 2021,41(4):1309-1322.
Chen X, Yuan Y B, Zhang J M, et al. Effects of macromolecular organic matters on the characteristics and bacterial community structure of the phosphorus removal granular sludge [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2021,41(4):1309-1322.

[35] Liu S, Zhao F, Fang X, et al. The relationship between the community structure and function of bacterioplankton and the environmental response in Qingcaosha Reservoir [J]. Water, 13(22):3155.

[36] Godzieba M, Zubrowska-Sudol M, Walczak J, et al. Development of microbial communities in biofilm and activated sludge in a hybrid reactor [J]. Scientific Reports, 2022,12(1):12558.

[37] Zhang Z, Guo Y, Quan C, et al. Tuning phosphorus removal and sludge reduction performance in S2EBPR process by regulating sludge retention time in side-stream anaerobic reactor [J]. Journal of Water Process Engineering, 2025,70:107133.

[38] Chen H, Chen Z, Chu X, et al. Temperature mediated the balance between stochastic and deterministic processes and reoccurrence of microbial community during treating aniline wastewater [J]. Water Research, 2022,221:118741.

[39] Yang Z, Guo F, Wang Q, et al. Diversity of activated sludge microbial community structure in different wastewater treatment plants [J]. Biology Bulletin, 2023,50(3):329-337.

[40] Huber K J, Geppert A M, Groß U, et al. *Aridibacter nitratireducens* sp. nov., a member of the family Blastocatellaceae, class Blastocatellia, isolated from an African soil [J]. International journal of systematic and evolutionary microbiology, 2017,67(11):4487-4493.

[41] 王荣昌,程 霞,曾 旭.污水处理中菌藻共生系统去除污染物机理及其应用进展 [J]. 环境科学学报, 2018,38(1):13-22.
Wang R C, Cheng X, Zeng X. Mechanisms and applications of bacterial-algal symbiotic systems for pollutant removal from wastewater [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2018,38(1):13-22.

[42] Zheng J X, Meng D, Chen Y W. The effect of free nitrous acid pretreatment and aerobic digestion on the dynamics of antibiotic resistance genes in residual sludge [J]. Eurasia Journal of Science and Technology, 2024,6(7):47-55.

[43] Cui K, Xu Q, Sheng X, et al. The impact of bioaugmentation on the performance and microbial community dynamics of an industrial-scale activated sludge sequencing batch reactor under various loading shocks of heavy oil refinery wastewater [J]. Water, 2021,13(20):2822.

[44] 李艳丽,杨 垒,张志昊,等.好氧反硝化细菌 *Burkholderia* sp.ZH8 的脱氮特性与生物强化作用 [J]. 中国环境科学, 2024,44(8):4282-4291.
Li Y L, Yang L, Zhang Z H, et al. Nitrogen removal characteristics and bioenhancement effects of aerobic denitrifying bacteria *Burkholderia* sp. ZH8 [J]. China Environmental Science, 2024,44(8):4282-4291.

[45] Huang J, Chien M F, Bacosa H P, et al. Production of lipase and extracellular polymeric substances by the lipid-degrading bacterium *Burkholderia arboris* strain JYK2 in response to different substrates [J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2025,41(6): 198.

[46] Liu J, Wang R, Qiu S, et al. Feasibility of double nitrite supply through partial nitrification and partial denitrification driven by sludge fermentation [J]. Bioresource Technology, 2024,414:131580.

[47] Chen X, Zhao L, Wang J, et al. Relationship between microbiota classification and working conditions of sequencing biofilm batch reactor process in Tibetan habitat [J]. Desalination and Water Treatment, 2022,278:55-71.

[48] Patel R J, Nerurkar A S. *Thauera* sp. for efficient nitrate removal in continuous denitrifying moving bed biofilm reactor [J]. Bioprocess and Biosystems Engineering, 2024,47(3):429-442.

[49] Li C, Wu K, Chen L, et al. Advanced treatment of low-pollution and poor biodegradability sewage by combined process [J]. Journal of Cleaner Production, 2023,414:137366.

[50] Gonçalves O S, Fernandes A S, de Sousa T G G, et al. From cultivation challenges of *Acidobacteriota* to biotechnological promises–unveiling what is needed to fully harness their potential [J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2025,41(7):208.

[51] Oh S, Choi D, Cha C J. Ecological processes underpinning microbial community structure during exposure to subinhibitory level of triclosan [J]. Scientific reports, 2019,9(1):4598.

[52] Ding P, Chu L, Wang J. Biological treatment of actual petrochemical wastewater using anaerobic/anoxic/oxic process and the microbial diversity analysis [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2016,100(23):10193-10202.

[53] 马切切,袁林江,牛泽栋.活性污泥微生物群落结构及与环境因素响应关系分析 [J]. 环境科学, 2021,42(8):3886-3893.
Ma Q Q, Yuan L J, Niu Z D, et al. Microbial community structure of activated sludge and its response to environmental factors [J]. Environmental Science, 2021,42(8):3886-3893.

[54] Fu X, Li Y, Huang W, et al. Unveiling environmental adaptability of magnetite-mediated Feammox system: Multiple pathways identification, metabolic responses and engineering potential analysis [J]. Chemical Engineering Journal, 2025,511:161921.

**作者简介：**孔玲芬(1987-),女,福建南平人,讲师,博士,主要从事环境微生物研究.发表论文 20 余篇.konglingfen@xmoc.edu.cn.