郝桂珍,高瑞峰,纪建立,等.冬季某污水厂 AO+MBBR 工艺微生物群落及氮代谢特征分析 [J]. 中国环境科学, 2026,46(2):737-748.
Hao G Z, Gao R F, Ji J L, et al. Analysis on microbial community and nitrogen metabolism characteristics of AO + MBBR process in a wastewater treatment plant in winter [J]. China Environmental Science, 2026,46(2):737-748.

冬季某污水厂 AO+MBBR 工艺微生物群落及氮代谢特征分析

郝桂珍[1,2],高瑞峰[2],纪建立[3],王伊琳[3],黄建平[3],王佳伟[1,2*] (1.河北建筑工程学院市政与环境工程系,河北 张家口 075000；2.河北省水质工程与水资源综合利用重点实验室,河北 张家口 075000；3.衡水市振华污水处理有限公司,河北 衡水 053000)

摘要：通过分析北方某城市污水处理厂 110d 的实际运行数据,结合活性污泥(N)及缺氧(A),好氧(O)生物膜的宏基因检测结果,解析了冬季低温(13~15℃)A 工况下 AO+MBBR 工艺的污染物去除特征及功能菌群与氮代谢关联机制.研究发现,生物膜的微生物群落丰富度更高,属水平上,*Candidatus_Microthrix* 丝状菌为冬季污水厂好氧区主要优势菌种(占比 N=17.63%,O=10.12%),而 *Nitrospira* 占比较低(N=2.09%,O=3.58%).基于氮代谢相关酶 KO(RPKM)丰度结果,*Candidatus_Microthrix* 未检出携带硝化反应相关基因,反映其与硝化菌存在竞争.此外,硝化与反硝化关键基因均在生物膜中丰度最高(*AmoCAB*:N=1.42,O=70.94;*NarGHI*:N=410.57,A=1119.12)生物膜系统中丰度最高.RDA 结果进一步表明,MBBR 生物膜系统功能基因冗余性更高,对环境波动响应更稳定,抗冲击能力优于 AO 活性污泥系统.研究结论可为污水厂冬季低温条件下工艺优化调控提供参考.

关键词：低温；污水处理；AO+MBBR 工艺；微生物群落；氮代谢通路
中图分类号：X703.5 **文献标识码**：A **文章编号**：1000-6923(2026)02-0737-12

Analysis on microbial community and nitrogen metabolism characteristics of AO + MBBR process in a wastewater treatment plant in winter.

HAO Gui-zhen[1,2], GAO Rui-feng[2], JI Jian-lian[3], WANG Yi-lin[3], HUANG Jian-ping[3], WANG Jia-wei[1,2*] (1.Hebei College of Civil Engineering, Department of Municipal and Environmental Engineering, Zhangjiakou 075000, China；2.Hebei Provincial Key Laboratory of Water Quality Engineering and Comprehensive Utilization of Water Resources, Zhangjiakou 075000, China；3.Hengshui Zhenhua Sewage Treatment Co., Ltd, Hengshui 053000, China). *China Environmental Science*, 2026,46(2)：737~748

Abstract：Based on 110d of full-scale operational data from a municipal wastewater treatment plant in a northern Chinese city, combined with metagenomic analyses of activated sludge (N) and anoxic (A) and aerobic (O) biofilms, this study investigated pollutant removal characteristics of the AO + MBBR process under winter low-temperature conditions (13~15°C) and elucidated the associations between key functional taxa and nitrogen metabolism. The results showed that the biofilm exhibited higher microbial community richness than the suspended sludge. At the genus level, the filamentous bacterium *Candidatus_Microthrix* was the dominant taxon in the aerobic zone during winter, accounting for 17.63% in N and 10.12% in O, whereas *Nitrospira* was present at relatively low abundance (2.09% in N and 3.58% in O). According to the abundance of nitrogen-metabolism-related enzyme KOs (RPKM), *Candidatus_Microthrix* carried no detectable genes involved in nitrification, suggesting competitive interactions with nitrifiers. In addition, key genes for both nitrification and denitrification were most abundant in the biofilm, including *AmoCAB* (N=1.42, O=70.94) and *NarGHI* (N=410.57, A=1119.12). Redundancy analysis (RDA) further indicated that the MBBR biofilm system had higher functional gene redundancy, exhibited a more stable response to environmental fluctuations, and showed better shock resistance than the AO activated-sludge system. These findings provide a scientific basis for process optimization and operational regulation of municipal wastewater treatment plants under winter low-temperature conditions.

Key words：low temperature；wastewater treatment；AO+MBBR process；microbial community；nitrogen metabolic pathway

近年来,将传统缺氧/好氧(AO)工艺与移动床生物膜反应器(MBBR)技术相结合的 AO+MBBR 工艺在污水处理厂(WWTP)得到了广泛应用[1].其中 AO 工艺在目前的应用中最为常见,工艺上比较成熟.但其性能往往受到很多因素的影响,包括温度、污泥膨胀、生物量和进水负荷,从而影响脱氮效率.MBBR 工艺弥补了传统活性污泥法的不足,能够全面强化污水厂对污染物的去除效果,提高污水厂生化池处理稳定性与抗冲击性[2].

然而冬季低温会抑制参与氮循环的微生物活

收稿日期：2025-07-11
基金项目：中央引导地方科技发展资金资助项目(24GZ3612G);河北省住房和城乡建设厅建设科技研究项目(HSZH-2024-068);校基金资助项目(XY2025110)
* 责任作者, 副教授, 18632312133@163.com

性,减缓生化反应速率,导致整体脱氮效率下降,给污水处理厂带来了巨大的挑战[3-4],一方面,低温抑制菌群活性,使系统的脱氮功能更易受限[5];另一方面,氮代谢通路关键酶活性随低温发生变化,导致脱氮效能下降[6].相关研究表明,AO+MBBR 工艺中生物膜系统可以起到强化补偿作用,载体生物膜通过提供更稳定的微环境与附着位点,在低温下仍能维持相对充足的功能菌群,并使系统单一的脱氮功能转变为活性污泥与生物膜的协同作用[7-8].因此,温度越低时,生物膜对硝化的贡献反而越突出,此时低温条件下活性污泥硝化群落难以维持,而载体生物膜成为保障氨氮去除与抗冲击能力的关键单元[9],总体而言,低温通过改变微生物群落结构,影响氮代谢功能基因表达从而限制氮素去除,而以载体生物膜为核心的 MBBR 能够在低温下重建脱氮功能的稳定性,为冬季稳定达标提供重要支撑[10],当前针对泥膜复合工艺低温性能优化的研究已取得一定成果,但多数研究仅从实验层面微生物群落结构和宏观脱氮性能展开分析[11-14],缺乏与实际运行工况结合的科学研究,仍需深入探究活性污泥系统与生物膜系统在污水处理厂低温运行时期的污染物去除性能与微生物群落特征、氮代谢功能基因表达之间的关系[15].

本文以北方某城市污水处理厂 AO+MBBR 生物系统为研究对象,检测实际调控水质参数,采用宏基因测序方法检测微生物基因酶丰度,从基因层面分析冬季低温时系统特定菌群的相对丰度以及脱氮效能的变化规律,解析 AO 与 MBBR 工艺的脱氮机制与代谢差异,为优化冬季污水处理厂生物系统脱氮效能提供参考.

1 材料与方法

1.1 污水厂概况

北方某城市污水处理厂设计规模为 $10\times10^4 m^3/d$,其工艺流程如图 1 所示,生物处理采用 AO+MBBR 工艺.生物系统总水力停留时间为 13.67h,其中 AO 缺氧区和好氧区水力停留时间分别为 2.7 和 6.65h,MBBR 缺氧池和好氧池水力停留时间分别为 4.34h,MBBR 采用扁圆柱状聚乙烯悬浮载体.混合液内回流比为 160%~200%,外回流比为 80%~100%.进入冬季低温时期(温度:13~15℃),污水厂通过增大曝气量和污泥浓度等措施进行调控,以保证污水达标排放.

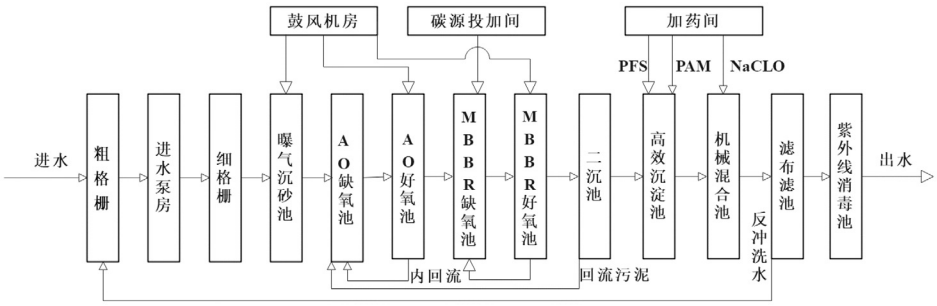


图 1 污水处理厂工艺流程

Fig.1 Water treatment plant process flow diagram

1.2 进出水水质

表 1 污水厂主要进出水水质指标(mg/L)

Table 1 Main influent and effluent water quality parameters of the WWTP(mg/L)

项目	SS	BOD_5	COD_{cr}	TN	NH_4^+-N	TP
设计进水水质	280	200	410	75	65	7
出水水质标准	10	10	40	15	2	0.4

该厂出水执行《子牙河流域水污染物排放标准》[16](DB13/2796-2018)及《黑龙港及运东流域水污染物排放标准》(DB13/2797-2018)重点控制区排放限值[17]设计进出水主要水质如表 1 所示.

1.3 数据来源及检测方法

表 2 数据来源于污水厂实验室日常检测数据,水质指标均采用国家发布的标准方法进行测定[18].

1.4 微生物样品采集及测序

基于对污水厂冬季运行的长期监测结果,生物池冬季低温期(11 月~次年 2 月)的温度波动呈现显著阶段性特征,12 月为降温过渡期,月均温波动幅度达 6℃;1 月~2 月下旬进入低温期,且 2 月 5 日后水温

降低至 14℃以下.

表 2　水质监测指标及分析方法

Table 2　Water quality monitoring indicators and methods

分析项目	分析方法
COD	快速消解分光光度法(HJ/T 828—2017)
氨氮	纳氏试剂分光光度法(HJ 535—2009)
硝酸盐氮	紫外线分光光度法(HJ/Y 346—2007)
总氮	碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法(HJ 636—2012)
pH	电极法(HJ 1147—2020)
DO	电化学探头法(HJ 506—2009)
MLSS MLVSS	重量法(CJ/T 221—2008)
生物相	显微镜镜检

生物系统污泥采样时间为 2025 年 2 月 22 日,正处于低温稳定期的末端阶段,此时微生物群落已完成对低温环境的适应性调整,群落结构趋于稳定.取样点选择:AO 池好氧段第一廊道前端混合液、MBBR 缺氧段与好氧段内填料上生物膜,分别标记为 N、A、O,取样点布置如图 2 所示.

微生物样品通过干冰冷冻处理保存,送至上海美吉生物科技有限公司进行宏基因测序,利用 1%琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组 DNA,通过仪器 Covaris M220 将 DNA 片段分成 350bp 左右,在 DNBSEQ-T7 测序平台上使用 NBSEQ-T7RS Reagent Kit (FCL PE150) version 3.0 进行测序.

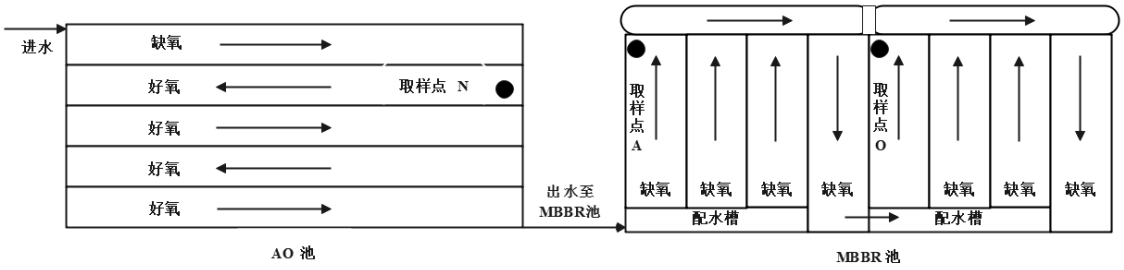


图 2　污泥取样点分布

Fig.2　Distribution of sludge sampling sites

2　结果与讨论

2.1　污水厂冬季调控运行

取冬季 2024 年 11 月~2025 年 2 月(共计 110d,包含最不利月份)水厂主要水质(COD、NH_4^+-N、NO_3^--N、TN、MLSS、MLVSS)进行分析,由图 3 可见,冬季低温(13~15℃)时段水厂进水水质呈现明显波动,具体表现为多项指标进水浓度升高问题,其中进水 TN 指标有 70d 超出设计限值,超标平均浓度达 79.28mg/L;而进水氨氮的超标情况更为严峻,超标天数达 76d,最大浓度甚至高达 78.8mg/L.水质波动主要始于 11 月末,且随着时间推移,超标情况愈发严重,1 月~2 月,90%以上天数进水污染物浓度超出水厂设计处理浓度.此时水温已降至 15℃以下,微生物活性进一步下降.

为应对进水水质超标及低温环境对生物处理系统的不利影响,水厂采取了两项关键调控措施,如图 4 所示,一是提升气水比,由 11 月平均 8.6 调整至 2 月平均值 10.99(最高时达 12.53),增加 20%生物池的曝气量;二是提高污泥回流比,由 11 月平均 62%提高至 2 月平均 91%,提升幅度达 30%,以增加生物池内的污泥浓度.通过上述调整,有效保障了出水的达标排放.

由图 5 分析可知,环境因子的变化对生物处理系统的运行状态具有显著影响.随着水温的降低,生物系统的处理效能随之下降.污染物去除率与回流污泥比、气水比呈负相关,通过提高曝气量,改变回流污泥比等调控措施,直接改变微生物生存的环境条件,提升了污泥混合液挥发悬浮物固体浓度(MLVSS),意味着活性污泥中微生物数量的增加,在初期提高了系统对污染物的去除效率[19].进一步分析发现,MLVSS 与污泥体积指数(SVI)呈正相关,随着污泥浓度的升高,SVI 升高至 140mL/g 左右,最冷月的污泥 SV30(30min 沉降比)高达 90%.通过镜检观察到污泥絮体结构松散,且存在大量丝状菌,推断系统发生丝状菌膨胀从微观层面解释了沉降性能恶化的原因[20].

丝状菌的大量繁殖导致絮体体积增大、密度降低,导致沉降性能恶化,SVI 升高.同时,丝状菌的过度生长加剧了微生物群落内部的竞争,有限的营养物质和溶解氧难以满足全部微生物的代谢需求,部分微生物活性降低甚至进入内源呼吸阶段,进而影响污染物的去除效率[19-21].

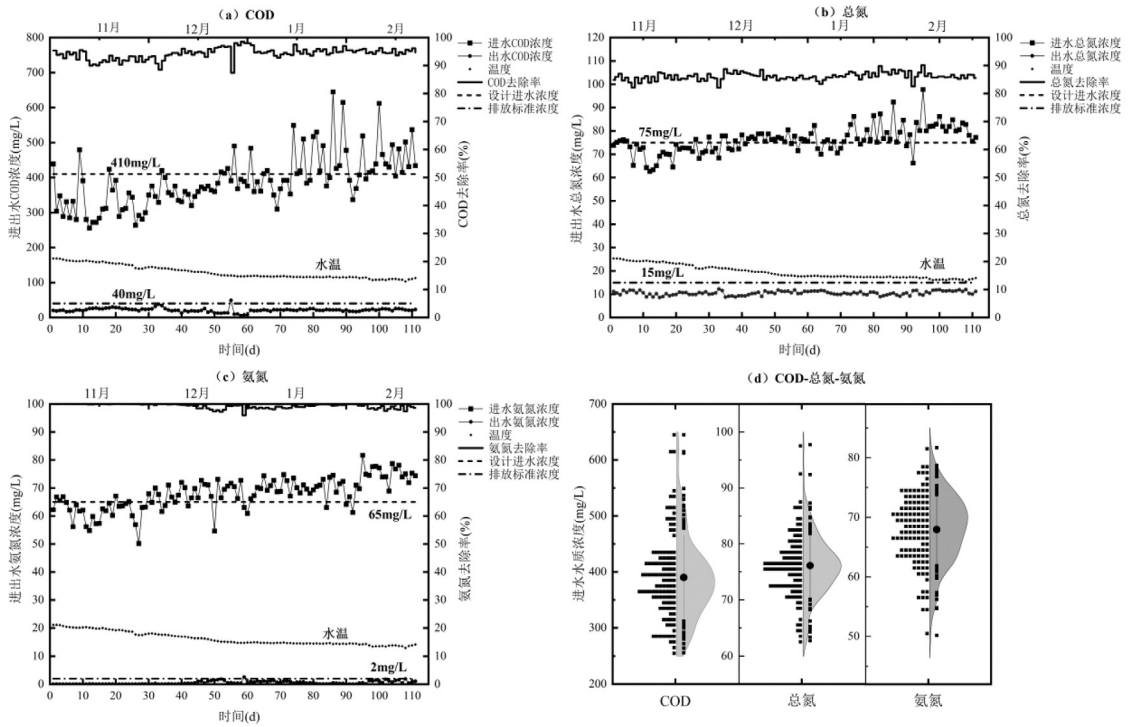


图 3 污水厂冬季 11 月~次年 2 月进出水水质变化

Fig.3 Variations in influent and effluent water quality from November to the following February during winter at the WWTP

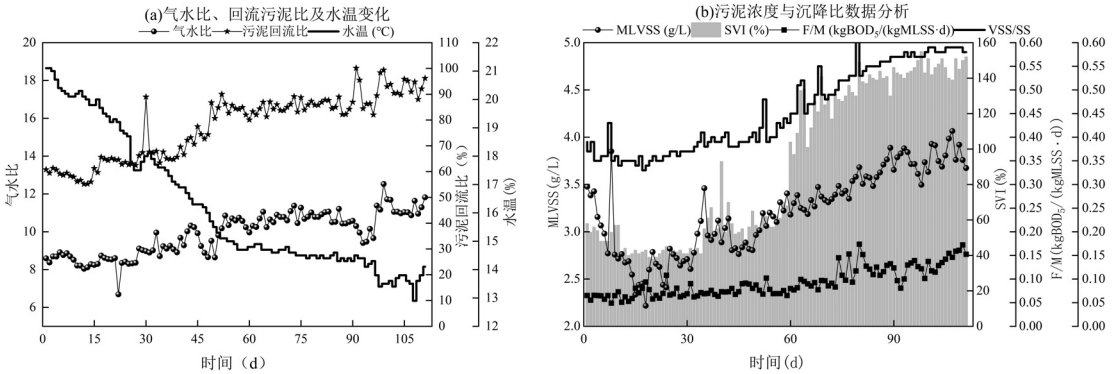


图 4 研究期间水厂运行参数变化

Fig.4 Variations in operating parameters of the WWTP during the study period

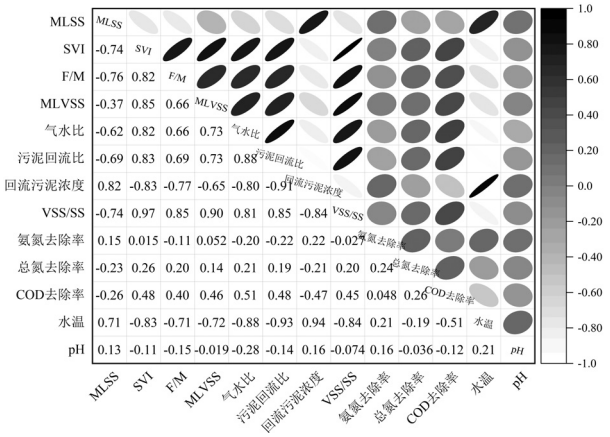


图 5 环境因子与污泥浓度等相关性热图

Fig.5 Correlation heatmap of environmental factors and sludge concentration

2.2 微生物群落多样性分析

表 3 中物种丰富度 chao 指数越高代表着总物种属越多,说明 MBBR 工艺(缺氧池和好氧池)的环境更适合微生物生存,能支撑更多种类的微生物代谢繁殖[22].Simpson 指数值越大,说明物种多样性越高,同时也反映出物种相对丰度越均匀[23],冬季微生物群落均匀度呈现出 N>O>A 的显著差异,揭示了不同样品中微生物群落的分布特征:A 样品 Simpson 指数最低,表明其群落优势度较弱,物种多样性较高,群落组成相对均匀,未出现少数类群显著垄断的现象,N 样品 Simpson 指数最高,说明其群落优势度较强,暗示其微生物种群存在明显的优势种,部分菌种在生

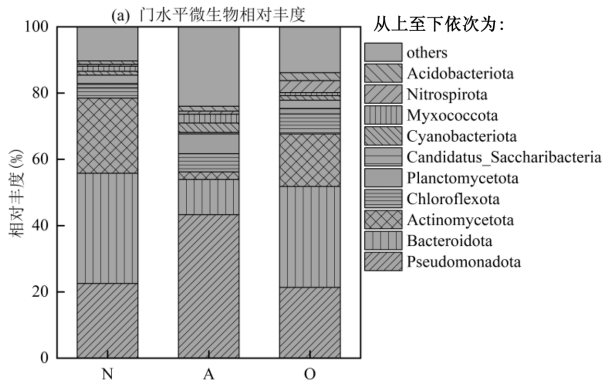
态竞争中占据主导地位,形成优势菌种.综合分析,生物膜系统微生物群落丰富度与均匀度均处于较高水平,这一现象表明其相较于活性污泥系统的更为稳定且均衡[23].

表 3　微生物多样性指数

Table 3　Microbial diversity indices

取样点	样品名称	sobs	ace	chao	shannon	simpson
AO 池	N	31731	31731	31731	6.054	0.034
MBBR 缺氧池	A	34472	34472	34472	6.606	0.013
MBBR 好氧池	O	33390	33390	33390	6.496	0.017

图 6 中门水平上变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、浮霉菌门(Planctomycetota)为主要优势菌门,总占比达到 60%以上,其中大多数的脱氮除磷菌属于变形菌门[24].变形菌门为冬季 MBBR 缺氧池主要优势菌种,占比为 43.29%,而好氧池及活性污泥中,拟杆菌门和放线菌门占比较高,相关研究表明拟杆菌门能够高效降解污水中的有机质,且包含具有反硝化作用的菌属有利于污水中氮素的去除,此外,与污泥膨胀相关的丝状菌门处于放线菌门[25],在属水平上,A 样品中的优势菌为 Methylotenera,其占比达到 7%.该菌中的核心功能是反硝化脱氮,维持生物膜的稳定附着.N 样品和 O 样品中 Candidatus_Microthrix 丝状菌为优势菌种,占比分别为 17.63%和 10.12%,但硝化细菌(Nitrospira)占比相对较低,仅为 2.09%和 3.58%.分析认为 Candidatus_Microthrix 丝状菌大量富集导致微生物结构特征与空间分布发生改变,对硝化细菌存在明显的抑制作用,是影响污泥沉降性能及污染物去除效率的根本因素[21].



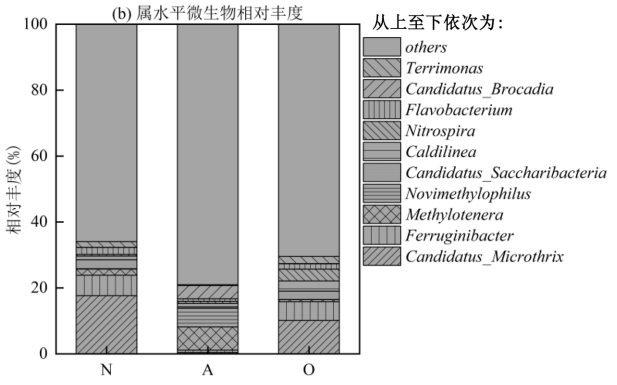


图 6　门、属水平条件下微生物群落组成

Fig.6　Microbial composition diagram at the phylumand genuslevels

2.3　基因功能注释与氮代谢通路分析

为了更好地了解 AO+MBBR 工艺中氮转化生物学机制,利用宏基因组测序对各微生物样本中酶家族的 KEGG 直系同源(KO)丰度进行分类,考虑到基因长度差异及样品测序深度不一致对丰度估算的影响[26],基因丰度采用 RPKM(Reads Per Kilobase of transcript per Million mapped reads)进行标准化处理.参照 KEGG 氮代谢通路(map00910),构建氮代谢功能通路框架,并对关键酶编码基因的丰度分布特征进行分析,各样品中均检测到完整的氮代谢功能基因体系,涵盖完全硝化、同化硝酸盐还原、异化硝酸盐还原、反硝化及厌氧氨氧化五种氮转化途径.

2.3.1　完全硝化　AO+MBBR 工艺中完全硝化过程分为氨→羟胺,羟胺→亚硝酸盐,亚硝酸盐→硝酸盐 3 个步骤,完全硝化途径相关基因(*AmoCAB*、*Hao* 和 *NxrAB*)在样品中均有检出,表明系统具备由氨氮向硝酸盐转化的潜在功能基础.如图 7 所示,生物膜中(A、O)的功能基因的 KO 丰度总和均高于活性污泥(N),说明 MBBR 生物膜系统的氨氧化和亚硝酸盐氧化能力更好.N 样品氮硝化 *AmoCAB*、*Hao* 酶基因的 KO 丰度明显偏低,*AmoCAB* 基因丰度仅为 1.42(表 4),说明在完全硝化过程中,活性污泥的氨→亚硝酸盐转换过程存在限制,MBBR 生物膜中 *AmoCAB* 基因丰度远高于活性污泥,表明其具有更好的硝化性能,且不存在限制步骤.

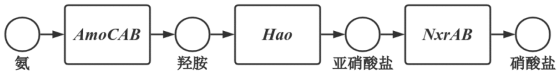


图 7　完全硝化作用代谢过程

Fig.7　Metabolic pathway of complete nitrification

表 4 完全硝化相关功能基因的 KO 丰度及占比

Table 4 KO abundance and proportion of functional genes related to complete nitrification

项目	N		A		O	
	KO 丰度	占比 (%)	KO 丰度	占比 (%)	KO 丰度	占比 (%)
AmoCAB	1.42	0.04	0.49	0.01	70.94	1.85
Hao	13.97	0.44	188.12	3.27	41.38	1.08
NxrAB	314.77	9.94	838.48	14.60	487.12	12.70
总和	330.16	10.42	1027.10	17.88	599.43	15.62

注:KO丰度单位为无量纲,占比计算方法为单一样品中各氮代谢功能基因RPKM占KEGG(map00910)总功能基因丰度的比例,下同.

2.3.2 同化硝酸盐还原 如图 8 所示,同化硝酸盐还原过程由硝酸盐→亚硝酸盐的转化步骤与亚硝酸盐→氨的还原步骤构成,对 3 个样本进行检测,NR(K10534)只出现在 MBBR 池好氧区生物膜上.进一步对基因 KO 丰度分析可知,功能基因 *NasAB* 的 KO 丰度显著高于 *NarB* 和 *NR*;而基因 *NirA* 的 KO 丰度则显著低于 *NasBDE*(表 5).

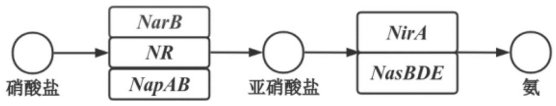


图 8 同化硝酸盐还原作用代谢过程

Fig.8 Metabolic pathway of assimilatory nitrate reduction

表 5 同化硝酸盐还原相关功能基因的 KO 丰度及占比

Table 5 KO abundance and proportion of functional genes related to assimilatory nitrate reduction

项目	N		A		O	
	KO 丰度	占比 (%)	KO 丰度	占比 (%)	KO 丰度	占比 (%)
NarB	22.91	0.72	31.70	0.5	17.07	0.4
NR	0	0.00	0	0.00	0.95	0.02
NasAB	127.28	4.02	166.65	2.90	135.34	3.53
NirA	19.31	0.61	22.82	0.40	36.04	0.94
NasBDE	115.16	3.64	0	0.00	110.74	2.89
总和	284.66	8.99	221.17	3.85	300.13	7.82

综上所述,硝酸盐→亚硝酸盐步骤以功能基因 *NasAB* 的参与为主导,亚硝酸盐→氨步骤则主要依赖基因 *NasBDE* 发挥作用.其中,亚硝酸盐还原为该同化过程的限速步骤,其他研究也得出了相应结论[27].

2.3.3 异化硝酸盐还原 异化硝酸盐还原过程属于微生物的硝酸盐呼吸机制,这一过程在缺氧环境下发生,其中 NO_3^--N(硝酸根离子)和 NO_2^--N(亚硝酸根离子)充当呼吸代谢的电子受体[36].如图 9 所示,AO+MBBR 工艺中的异化硝酸盐还原过程包含两个关键步骤,硝酸盐→亚硝酸盐的转化与亚硝酸盐→氨的转变[28].3 个样品中与该还原过程相关的基因丰度均被检测出,其中,生物膜系统的基因 KO 丰度处于较高水平(表 6).说明在 AO+MBBR 工艺的活性污泥与生物膜体系中,异化硝酸盐还原过程均有发生,是重要的硝酸盐还原路径之一[29],且该过程在生物膜系统中更具影响力.

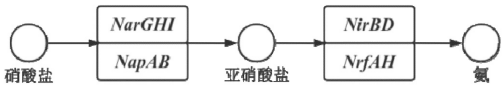


图 9 异化硝酸盐还原作用代谢过程

Fig.9 Metabolic pathway of dissimilatory nitrate reduction

表 6 异化硝酸盐还原相关功能基因的 KO 丰度及占比

Table 6 KO abundance and proportion of functional genes related to dissimilatory nitrate reductio

项目	N		A		O	
	KO 丰度	占比 (%)	KO 丰度	占比 (%)	KO 丰度	占比 (%)
NarGHI	410.57	12.96	1119.12	19.48	605.10	15.77
NapAB	85.74	2.71	103.70	1.81	76.87	2.00
NirBD	19.51	0.62	11.07	0.19	19.42	0.51
NrfAH	57.91	1.83	153.51	2.67	82.47	2.15
总和	573.73	18.11	1387.40	24.15	783.86	20.43

2.3.4 反硝化 如图 10 所示,AO+MBBR 工艺的反硝化过程可拆解为 4 个连续步骤:第 1 步,在功能基因 *NarGHI* 和 *NapAB* 的协同作用下,完成硝酸盐→亚硝酸盐的转化;第 2 步,由基因 *NirK* 和 *NirS* 介导亚硝酸盐→一氧化氮的反应;第 3 步,在基因 *NorBC* 的催化下,实现一氧化氮→氧化亚氮的转变;第 4 步,基因 *NosZ* 驱动氧化亚氮→氮气的最终还原[29].反硝化是 AO+MBBR 工艺中硝酸盐还原的核心路径之一,各步骤间不存在明显的限制环节,且生物膜缺氧段的基因丰度更高,表现出更好的反硝化性能.分析发现,*NarGHI* KO 丰度最高(1119.12),这意味着硝酸盐还原为亚硝酸盐的过程较强,此外 *NorBC*(一氧化氮还原酶)丰度 510.66 高于 *NosZ*(一氧化二氮还原酶,KO 丰度 232.70),NO→N_2O 的步骤比较活跃,但 N_2O 还原为 N_2 的步骤相对较弱,可能有 N_2O 积累的风险(表 7).

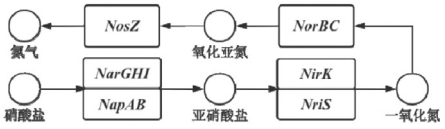


图 10　反硝化作用代谢过程

Fig.10　Metabolic pathway of denitrification

表 7　反硝化相关功能基因的 KO 丰度及占比

Table 7　KO abundance and proportion of functional genes related to denitrification

项目	N		A		O	
	KO 丰度	占比 (%)	KO 丰度	占比 (%)	KO 丰度	占比 (%)
NarGHI	410.57	12.96	1119.12	19.48	605.10	15.77
NapAB	85.74	2.71	103.70	1.81	76.87	2.00
NirK	327.46	10.34	370.20	6.44	325.67	8.49
NirS	67.852	2.14	153.84	2.68	69.84	1.82
NorBC	428.29	13.52	510.66	8.89	421.14	10.98
NosZ	264.25	8.34	232.70	4.05	259.23	6.76
总和	1584.15	50.00	2490.21	43.35	1757.86	45.81

2.3.5　厌氧氨氧化　如图 11 所示,反应过程可分为 3 部分,第 1 部分,亚硝酸盐→一氧化氮的转化;第 2 步由功能基因 *Hzs* 负责将氨(NH_3)和一氧化氮(NO)转化为联氨(N_2H_4);第 3 步,*Hdh* 将联氨(N_2H_4)转化为氮气(N_2)[30].通过分析各基因片段的 KO 丰度发现,活性污泥 N 样品中 *Hzs* 和 *Hdh* 基因丰度为 0,仅 A 样品包含所有全部功能基因,且与厌氧氨氧化有关的 *Candidatus_Brocadia* 菌占比达 4.05%,而活性污泥中占比不足 0.01%.这表明,厌氧氨氧化代谢仅在 MBBR 池缺氧段的生物膜系统中能够进行,也反映出 MBBR 池相较于 AO 池具有更丰富、更高效的脱氮能力[31].从反硝化与厌氧氨氧化耦合角度分析,反硝化通路中 *NarGHI*(1119.12)和 *NapAB*(103.70)均处于较高丰度,表明系统可高效将 NO_3^-还原为 NO_2^-,为厌氧氨氧化菌提供关键电子受体[31],联氨合成酶基因 *Hzs*(KO 丰度 74.16)和肼脱氢酶基因 *Hdh*(KO 丰度 20.25)均被检出,证实系统具备核心厌氧氨氧化代谢能力肼合成与氧化(表 8).

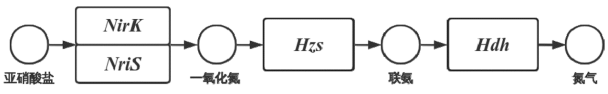


图 11　厌氧氨氧化代谢过程

Fig.11　Metabolic pathway of anammox

AO+MBBR 工艺通过 AO 池活性污泥快速处理易降解底物,MBBR 池生物膜富集功能菌,处理难降解污染物,二者代谢互补实现高效脱氮,兼具高负荷处理能力与稳定脱氮效率[32].

表 8　厌氧氨氧化相关功能基因的 KO 丰度及占比

Table 8　KO abundance and proportion of functional genes related to anammox

项目	N		A		O	
	KO 丰度	占比 (%)	KO 丰度	占比 (%)	KO 丰度	占比 (%)
NirK	327.45	10.34	370.20	6.44	325.67	8.49
NirS	67.85	2.14	153.84	2.68	69.84	1.82
Hzs	0	0.00	74.16	1.29	0	0.00
Hdh	0	0.00	20.25	0.35	0.10	0.00
总和	395.31	12.48	618.44	10.77	395.61	10.31

在各代谢通路中,AO 系统因硝化环节基因丰度不足,导致氨→亚硝酸盐成为限制性步骤,且在该环节的功能基因丰度低于生物膜.MBBR 生物膜系统基因丰度均处于较高水平,说明 MBBR 工艺相比 AO 工艺能通过生物膜稳定富集携带 *amoA*、*nxrA* 等硝化功能基因及 *nirS*、*nirK* 等反硝化功能基因的微生物,提升功能基因丰度与代谢活性,强化氮转化效率.且可以通过反硝化与厌氧氨氧化耦合作用呈现出高效协同的脱氮模式.这种耦合作用在低温等不利条件下,通过微生物间的代谢互补,增强了系统脱氮的稳定性[33].

2.4　氮代谢物种与功能贡献度分析

图 12 为微生物代谢功能分布网络,在 3 个研究样品中均存在占比前 10 的核心代谢功能,其中以反硝化作用(代谢通路编码:M00529)表现最为显著,这一结果与污水厂生物处理系统具备较高的反硝化能力一致.相较而言,硝化作用(代谢通路编码:M00528)与 3 个样品的关联性最弱,反映出该系统的硝化处理效能有待提升.此外,其他代谢功能在系统内维持相对稳定的动态平衡状态.

如图 13,基于基因表达与酶活性层面的深度解析,展示了功能菌群在代谢通路中的功能贡献度分布情况.图中仅统计丰度前 10 的物种及基因酶,硝化细菌作为硝化作用的核心功能菌群,在生物处理系统中的富集水平显著偏低.而含有与硝化作用相关的关键酶(亚硝酸氧化还原酶)的物种中,并未发现 *Candidatus_Microthrix* 丝状菌,该菌种包含的代谢酶,大多属于反硝化代谢酶.这一现象充分说明,该丝状菌对硝化作用并未起到促进效果.由此推断该菌属与硝化细菌存在竞争关系,抑制硝化细菌生长代谢,

对硝化作用起负面作用.高春娣等[5]也得出了相关结论:当优势丝状菌 *Candidatus_Microthrix* 含量较高时,会抑制氨氧化菌(AOB)等硝化细菌的活性,进而影响硝化作用的正常进行.

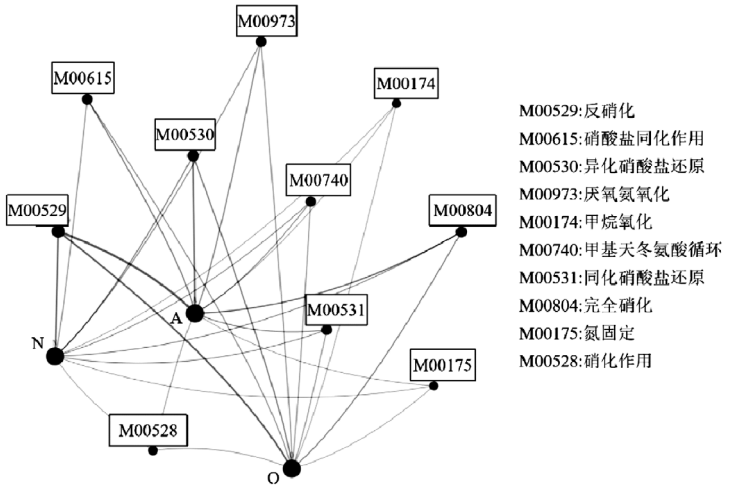


图 12 氮代谢功能分布网络分析

Fig.12 Metabolic function distribution network analysis map in the sample

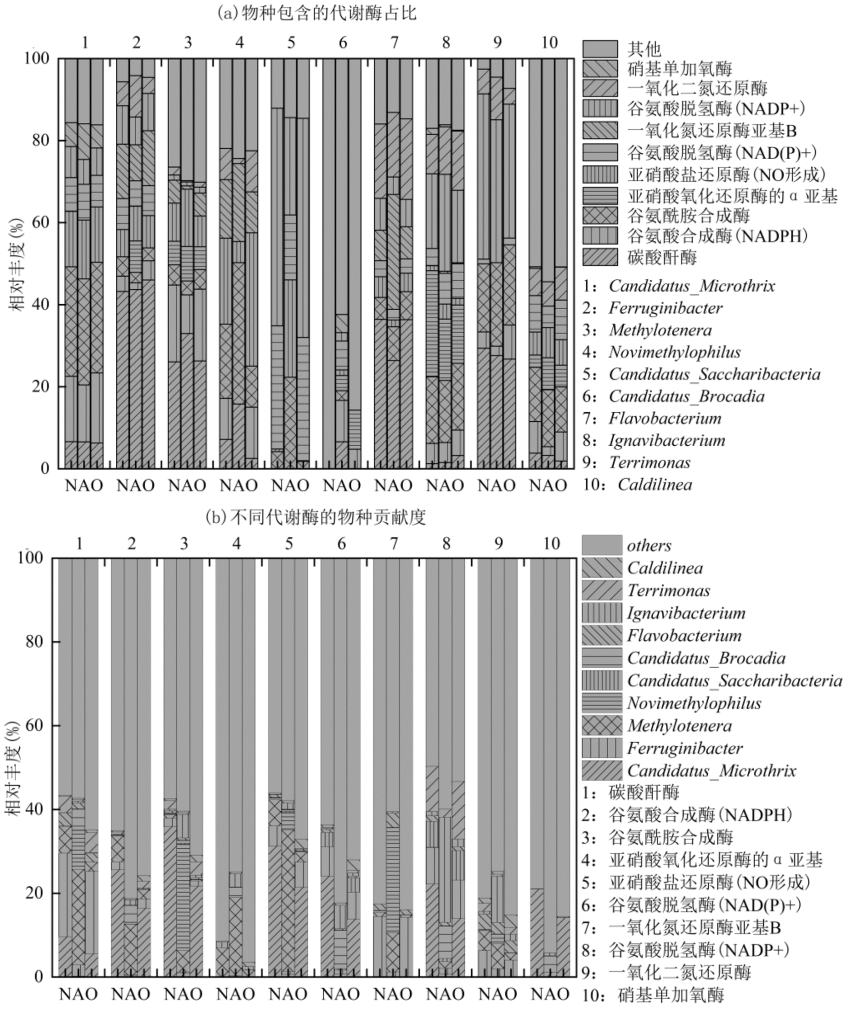


图 13 物种功能贡献度

Fig.13 Species functional contribution

综上所述,该污水厂冬季低温条件下硝化性能弱主要归因于以下因素:其一,从代谢酶系层面,系统内碳酸酐酶、谷氨酸合成酶等反硝化相关酶活性占据主导,而硝化作用关键酶系氨单加氧酶、亚硝酸盐氧化还原酶活性占比相对较低,反映出氮代谢通路存在失衡;其二,硝化细菌作为硝化核心菌群,在系统中富集水平不足,其关键酶系表达受限,直接影响氨氮氧化及亚硝酸盐转化效率;其三,功能菌属间的相互作用也对硝化效能产生重要影响,*Candidatus_Microthrix* 丝状细菌与硝化细菌存在竞争关系,丝状菌的大量出现抑制了硝化细菌生[19].

2.5　基因冗余分析

如图 14,DO 和温度(T)是氮代谢基因的关键调控因子[34],TN、NH_4^+−N、NO_3^-−N、COD 等因子均受 DO 和 T 的制约,在 RDA(冗余分析)中表现为次要因子,未显示在图中.基于 RDA 排序,N(AO 活性污泥)处于左下位置,依赖 *AmoCAB*、*NirBD* 等少数基因,物种丰富度有限,功能稳定性弱,O(MBBR 好氧区)聚集核心区,与 *NorBC*、*NasBDE* 等基因高度关联,物种丰富、分布均匀,氮代谢通路完整,A(MBBR 缺氧区)关联 *NarGHI*、*NxrAB*、*NasAB* 基因,富集优势菌种,以反硝化为主要功能.

分析发现,Chao 指数与 *NirA*、*NirH* 等反硝化基因,及 *AmoCAB* 硝化基因呈正向关联(向量夹角小),说明群落丰富度高的样本 A 中,氮代谢关键基因丰度更高,反映生物膜系统丰富物种对氮循环功能的支撑[35].Simpson 指数与 *NarB*、*NapAB* 等异化还原基因关联紧密,揭示优势度高的样品 N 活性污泥系统群落中硝酸盐还原代谢过程更活跃,相比之下,生物膜系统富集优势菌种,在反硝化代谢中优势尤为突出[2].

此外,溶解氧 DO 向量与 *Hao*、*NirK* 夹角小,表示好氧区高 DO 显著促进完全硝化通路基因表达,同时耦合硝化与反硝化代谢.温度 T 向量与硝化基因 *AmoCAB* 和反硝化基因 *NirA*、*NirH* 等夹角小,推测温度可能通过影响酶活性,强化氮代谢过程,且活性污泥对温度和溶解氧的波动更敏感,易发生氮代谢失衡[36].

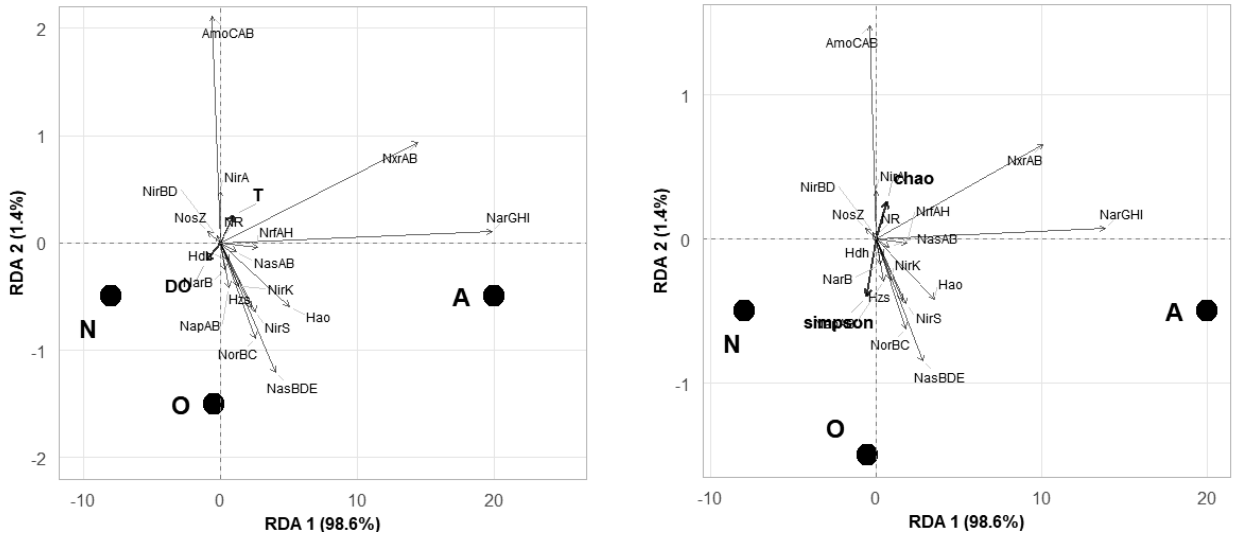


图 14　基因与微生物多样性指数、环境因子的冗余分析

Fig.14　RDA of functional genes and microbial diversity indices in relation to environmental factors

2.6　工艺优化建议

部分污水处理厂为提高污水中颗粒性有机物的利用效率、增强反硝化碳源供给,选择取消初沉池单元.该做法的优势在于可将更多颗粒性 COD 输送至生物处理段,为反硝化提供潜在碳源并降低外加碳源需求[36-39];然而,其不利影响亦较为突出,即 SS 及惰性颗粒进入生物池的比例增加,易导致池底沉积物累积、有效池容缩减,从而诱发运行不稳定与污泥沉降性能恶化.结合本研究冬季运行问题,提出以下 4 点优化建议:

重启初沉池并清理生物池底泥,以恢复有效池容,一方面可以减少 SS 与惰性颗粒进入生物池造成的底泥持续堆积与池容缩减,另一方面能够削弱水力负荷与有机负荷短时峰值对后端生物系统的冲击;在此基础上规范初沉池排泥制度如排泥频次等,避免沉积物长时间滞留产生厌氧腐败与回溶引发二次负荷.

其次,建议在好氧区实施廊道逐级梯度曝气,优化冬季 DO 空间分布,避免局部低 DO 诱发丝状菌优势增殖,同时有助于在满足处理需求的前提下减少过度曝气[39],实现能耗优化.鉴于 MBBR 悬浮填料已使用 6 年,考虑到填料使用年限较长、挂膜与传质能力衰减的问题,建议补充或更换比表面积与耐磨性更优的新型载体,并优化填充率,此外探究 AO 与 MBBR 分段进水调整负荷分配的可行性,适度提高 MBBR 段承受的氮负荷,充分发挥生物膜对功能菌的富集优势[40],提升冬季低温条件下系统脱氮稳定性与抗冲击能力.

针对丝状菌膨胀问题,建议建立早期预警体系:一是开展丝状菌连续监测,通过光学显微镜观察活性污泥絮体中丝状菌的丰度,夏季 1 次/周,冬季 1 次/d;污泥沉降性能检测 1 次/d.二是进行分子生物学预警,通过 16S rRNA 基因测序分析丝状菌群落结构,时间 1 次/月,取样点可参考本文取样点位.

3 结论

3.1 该污水处理厂冬季面临低温(13~15℃)和进水氮素超标的问题,通过提高曝气与污泥回流量有效提高了曝气量及微生物浓度(气水比 8.6→10.99,回流比 62%→91%),保障了冬季出水 TN 和氨氮稳定达标.

3.2 *Candidatus_Microthrix* 丝状菌为冬季污水厂主要优势菌(10.12%、17.63%),仅参与反硝化代谢酶合成,与 *Nitrospira*(3.58%、2.09%)呈竞争关系,削弱硝化效能并诱发污泥膨胀.

3.3 宏基因组结果显示,硝化与反硝化关键基因均在生物膜中丰度最高(*AmoCAB*:N=1.42,O=70.94; *NarGHI*:N=410.57,A=1119.12),表明生物膜系统在冬季低温条件下提供了主要脱氮贡献,具有更强的氮转化功能潜力.

3.4 RDA 分析表明 DO 与温度为氮代谢基因的主要驱动因子,MBBR 生物膜系统在低温条件下表现出更高的功能基因冗余性与抗冲击稳定性.

参考文献:

[1] Wang Q B, Chen Q W. Simultaneous denitrification and denitrifying phosphorus removal in a full-scale anoxic-oxic process without internal recycle treating low strength wastewater. Journal of Environmental Sciences, 2016,39:175-183.

[2] 赖永恒,刘 敏.A/O-MBBR 工艺处理生活污水性能及菌群结构 [J]. 中国环境科学, 2022,42(5):2120-2128.
Lai Y H, Liu M. Performance of domestic sewage treatment and microbial community structure in an A/O-MBBR process [J]. China Environmental Science, 2022,42(5):2120-2128.

[3] 王思萌,苗圆圆,彭永臻.低温投加短程硝化污泥下城市污水 SPN/A 工艺运行特性 [J]. 中国环境科学, 2019,39(4):1456-1463.
Wang S M, Miao Y Y, Peng Y Z. Performance of the SPN/A process for municipal wastewater at low temperature with partial nitrification sludge inoculation [J]. China Environmental Science, 2019,39(4):1456-1463.

[4] 蒲淑娟,杜至力,未碧贵等.AOA-SBFASR 对城市污水的处理效能及氮代谢通路 [J]. 中国给水排水, 2025,41(5):27-35.
Pu S J, Du Z L, Wei B G, et al. Treatment performance of AOA-SBFASR for municipal wastewater and nitrogen metabolic pathways [J]. China Water & Wastewater, 2025,41(5):27-35.

[5] 高春娣,张 娜,韩 徽,等.低温下丝状菌膨胀污泥的微生物多样性 [J]. 环境科学, 2020,41(7):3373-3383.
Gao C D, Zhang N, Han H, et al. Microbial diversity of filamentous bulking sludge at low temperature [J]. Environmental Science, 2020,41(7):3373-3383.

[6] 姜 明,郭立萍,曲艳娇等.低温污水处理器中耐冷菌脱氢酶活性分析 [J]. 安徽农业科学, 2009,37(32):15661-15664,15700.
Jiang M, Guo L P, Qu Y J, et al. Dehydrogenase activity analysis of psychrotolerant bacteria in a low-temperature wastewater treatment unit [J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2009,37(32):15661-15664,15700.

[7] 周荣煊,马潇然,李 军,等.低温下 AHLs 对多级 A/O 工艺中好氧生物膜特性的影响 [J]. 中国环境科学, 2021,41(5):2133-2140.
Zhou R X, Ma X R, Li J, et al. Effects of AHLs on aerobic biofilm characteristics in a multi-stage A/O process at low temperature [J]. China Environmental Science, 2021,41(5):2133-2140.

[8] Gao J, Duan C, Huang X, et al. The tolerance of Anoxic-Oxic (A/O) process for the changing of refractory organics in electroplating wastewater: Performance, optimization and microbial characteristics [J]. Processes, 2021,9(6):962.

[9] 刘 超,李 奇,宋子洋等.低温下磁性载体 MBBR 系统微生物群落特征和功能预测分析 [J]. 环境科学, 2023,44(2):889-899.
Liu C, Li Q, Song Z Y, et al. Microbial community characteristics and functional prediction of a magnetic-carrier MBBR system at low temperature [J]. Environmental Science, 2023,44(2):889-899.

[10] 汪传新,龚灵潇,彭永臻.低温下 MBBR 处理低碳氮质量比生活污水的同步硝化反硝化特性 [J]. 中南大学学报(自然科学版), 2014,45(8):2920-2927.

Wang C X, Gong L X, Peng Y Z. Simultaneous nitrification and denitrification characteristics in MBBR treating municipal wastewater with low C/N at low temperature [J]. Journal of Central South University (Science and Technology), 2014,45(8):2920−2927.

[11] 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 R, Yu L F, Zhang X X, et al. Adaptation of nitrifying biofilm systems to low temperature: MBBR and IFAS [J]. Environmental Science, 2020,41(8):3691−3698.

[12] 李新利,吴　迪,张晶晶,等.MBBR 处理皮革废水中试研究 [J]. 中国给水排水, 2017,33(13):30−34.
Li X L, Wu D, Zhang J J, et al. Pilot−scale study of leather wastewater treatment by MBBR [J]. China Water & Wastewater, 2017,33(13):30−34.

[13] Nierychlo M, Singleton C M, Petriglieri F, Thomsen L, Petersen J F, Peces M, Kondrotaite Z, Dueholm M S, Nielsen P H. Low global diversity of Candidatus Microthrix, a troublesome filamentous organism in full−Scale WWTPs [J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12:690251.

[14] Zhao Q, Peng Y Z, Li J W, et al. Pilot−scale implementation of mainstream anammox for municipal wastewater treatment against cold temperature [J]. Nature Communications, 2024,15:10314.

[15] 任武昂,曹锋锋,鞠　恺,等.间歇曝气−内循环生物滤池效能及生物膜特性 [J]. 中国环境科学, 2022,42(2):629−636.
Ren W A, Cao F F, Ju K, et al. Performance and biofilm characteristics of an intermittently aerated internal−circulation biofilter [J]. China Environmental Science, 2022,42(2):629−636.

[16] 河北省质量技术监督局.子牙河流域水污染物排放标准: DB13/2796−2018 [S]. 2018−08−29 发布,2018−10−01 实施.
Hebei provincial department of environmental protection, Hebei provincial bureau of quality and technical supervision. Discharge standard of water pollutants for the Ziya River Basin: DB13/2796−2018 [S]. Promulgated on 2018−08−29, implemented on 2018−10−01.

[17] 河北省质量技术监督局.黑龙港及运东流域水污染物排放标准: DB13/2797−2018 [S]. 2018−08−29 发布,2018−10−01 实施.
Hebei provincial department of environmental protection, Hebei provincial bureau of quality and technical supervision. discharge standard of water pollutants for the Heilonggang and Yundong River Basins: DB13/2797−2018 [S]. Promulgated on 2018−08−29, implemented on 2018−10−01.

[18] 国家环保局.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.
State Environmental Protection Administration. Water and wastewater monitoring and analysis methods (4th) [M]. Beijing: China Environmental Science Press, 2002.

[19] 苏高新,齐　嵘,肖淑敏,等.微丝菌致膨的种群动态及关键影响因素 [J]. 环境科学, 2024,45(11):6766−6774.
Su G X, Qi R, Xiao S M, et al. Population dynamics and key influencing factors of Microthrix−induced sludge bulking [J]. Environmental Science, 2024,45(11):6766−6774.

[20] Rossetti S, Tomei MC, Nielsen PH, Tandoi V. "Microthrix parvicella", a filamentous bacterium causing bulking and foaming in activated sludge systems: a review of current knowledge [J]. FEMS Microbiol. Rev., 2005,29(1):49−64.

[21] 黄　涵,王继华.污水处理厂中微生物群落特性与基因功能探究 [J]. 环境科学与技术, 2023,46(S1):1−7.
Huang H, Wang J H. Microbial community characteristics and gene functions in wastewater treatment plants [J]. Environmental Science & Technology, 2023,46(S1):1−7.

[22] 王　杰,薛同来,彭永臻,等.A/O 系统中不同缺氧/好氧体积比对活性污泥沉降性能的影响 [J]. 中国环境科学, 2016,36(2):443−452.
Wang J, Xue T L, Peng Y Z, et al. Effect of different anoxic/aerobic volume ratio on activated sludge settleability in A/O system [J]. China Environmental Science, 2016,36(2):443−452.

[23] Wang R, Yang S, Zhao W. Microbial community responses and nitrogen cycling in the nitrogen−polluted urban Shi River revealed by metagenomics [J]. Microorganisms, 2025,13(5):1007−1007.

[24] 王润芳,崔华峰,王　俊,等.北方城市污水处理厂活性污泥种群结果的多样性及差异 [J]. 给水排水, 2022,58(S1):45−50,56.
Wang R F, Cui H F, Wang J, et al. Diversity and differences of activated sludge community structure in municipal WWTPs in northern China [J]. Water & Wastewater Engineering, 2022,58(S1):45−50,56.

[25] 张小玲,张　萌,陈紫薇,等.内碳源短程反硝化启动及 EPD−ANAMMOX 耦合工艺性能 [J]. 中国环境科学, 2022,42(2):601−611.
Zhang X L, Zhang M, Chen Z W, et al. Start−up of partial denitrification driven by internal carbon source and performance of the EPD−ANAMMOX coupled process [J]. China Environmental Science, 2022,42(2):601−611.

[26] Hui J Y, Ren J H, Cheng W, et al. Exploring the influence of carbon source on extracellular polymeric substances, nitrogen metabolic pathways and electron transfer during nitrogen biodegradation [J]. Process Safety and Environmental Protection, 2025,199107229−107229.

[27] E D H, Yan D, A J S. Nitrogen cycling during wastewater treatment. [J]. Advances in Applied Microbiology, 2019,106:113−192.

[28] Shao L X, Wang D X, Zhao H, et al. Strategy of sulfur autotrophic denitrification system for nitrogen removal from landfill leachate with temperature variations [J]. Journal of Environmental Chemical Engineering, 2025,13:116017.

[29] 张　岩,马翔山,郭　威,等.新型 IEM−UF 耦合短程硝化反硝化系统脱氮特性 [J]. 中国环境科学, 2018,38(2):542−550.
Zhang Y, Ma X S, Guo W, et al. Nitrogen removal characteristics of a novel IEM−UF coupled partial nitrification–denitrification system [J]. China Environmental Science, 2018,38(2):542−550.

[30] Castro−Barros M C, Jia M, Loosdrecht V C M, et al.Evaluating the potential for dissimilatory nitrate reduction by anammox bacteria for municipal wastewater treatment [J]. Bioresource Technology, 2017, 233363−372.

[31] 韩可心,张　琼,冯　岩,等.三级厌氧氨氧化处理生活污水与硝酸盐废水 [J]. 中国环境科学, 2022,42(2):637−643.
Han K X, Zhang Q, Feng Y, et al. Three−stage anammox for treating municipal wastewater and nitrate wastewater [J]. China Environmental Science, 2022,42(2):637−643.

[32] Leyva−Díaz C J, Martín−Pascual J, Poyatos M J. Moving bed biofilm reactor to treat wastewater [J]. International Journal of Environmental

Science and Technology, 2017,14(4):881−910.

[33] Fu J W, Hou Z Y, Zhao H X, et al. Enhanced nitrogen removal from low strength anaerobic membrane bioreactor (AnMBR) permeate using complete nitrification and partial denitrification−anammox processes [J]. Frontiers of Environmental Science & Engineering, 2024,18(12):155−155.

[34] Bhattacharya R, Mazumder D. Simultaneous nitrification and denitrification in moving bed bioreactor and other biological systems [J]. Bioprocess and Biosystems Engineering, 2021,44:635−652.DOI: 10.1007/s00449−020−02475−6.

[35] 敬双怡,宋子洋,刘 超,等.MBBR 工艺中 SNEDPR 的启动及性能研究 [J]. 中国环境科学, 2022,42(7):3121−3129.
Jing S Y, Song Z Y, Liu C, et al. Start−up and performance of SNEDPR in an MBBR process [J]. China Environmental Science, 2022,42(7):3121−3129.

[36] 游 佳,吴金香,郑兴灿.A~2/O 型氧化沟工艺中硝化速率的变化特征研究 [J]. 中国给水排水, 2011,27(19):75−77.
You J, Wu J X, Zheng X C. Variations of nitrification rate in an A2/O oxidation ditch process [J]. China Water & Wastewater, 2011,27(19): 75−77.

[37] 武文君,刘秀红,崔 斌,等.溶解氧对 Anammox 滤池内功能菌群及活性的影响 [J]. 中国环境科学, 2021,41(3):1415−1421.
Wu W J, Liu X H, Cui B, et al. Effects of dissolved oxygen on functional microbial communities and activity in an anammox biofilter [J]. China Environmental Science, 2021,41(3):1415−1421.

[38] 包 鹏,王淑莹,高瑶远,等.利用高通量测序技术分析不同溶解氧条件下硝化活性污泥的菌群结构特性 [J]. 北京工业大学学报, 2017, 43(5):801−808.
Bao P, Wang S Y, Gao Y Y, et al. Community structure of nitrifying activated sludge under different dissolved oxygen conditions revealed by high−throughput sequencing [J]. Journal of Beijing University of Technology, 2017,43(5):801−808.

[39] 张 立,包晓军,戴薇逸,等.某市政污水处理厂全流程精细化运行优化研究 [J]. 当代化工研究, 2024,(24):109−111.
Zhang L, Bao X J, Dai W Y, et al. Refinement−based whole−process operational optimization in a municipal wastewater treatment plant [J]. Modern Chemical Research, 2024,(24):109−111.

[40] Latocheski E C, da Rocha M C V, Braga M C B. Nitrospira in wastewater treatment: applications, opportunities and research gaps [J]. Reviews in Environmental Science and Bio/Technology, 2022,21:905−930.DOI:10.1007/s11157−022−09634−z.

作者简介：郝桂珍(1971−),女,河北张家口人,河北建筑工程学院硕士研究生,研究方向为水污染控制技术.发表论文 60 余篇.hgz1193@hebiace.edu.cn.