

# 进水浓度变化对折流式人工湿地装置 各区段菌群结构的影响

林锦美<sup>1,3</sup>, 郭立<sup>1,2</sup>, 黄云凤<sup>1</sup>, 段金明<sup>1</sup>, 刘启明<sup>1</sup>, 巫晶晶<sup>1</sup>

(1. 集美大学港口与海岸工程学院, 福建 厦门 361021; 2. 中国科学院大学资源与环境学院, 北京 101400;  
3. 福建省食品微生物与酶工程重点实验室, 福建 厦门 361021)

**[摘要]** 为探究进水浓度对折流式人工湿地细菌微生物群落的影响, 设置3种低浓度污水的模拟进水实验, 每日监测水质参数, 并利用高通量测序技术分析折流式人工湿地不同区域微生物菌群的构成。研究表明: 1) 该装置处理进水浓度较高的污水时效率较高, COD、TN、TP、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  的去除率最高分别可达89.9%、71.7%、63.5%、96.3%。2) 折流式人工湿地的下行池和表层中细菌丰度和多样性指数较高; 上行池的下层受进水浓度影响较大, 细菌丰度较低且菌群结构与其他采样点存在显著差异。细菌丰度随进水浓度的增加而增加, 多样性则呈现先增加后减少的趋势。3) 测序结果显示, 在不同的进水条件和区域环境下, 变形菌门相对丰度达60%~80%, 为绝对优势细菌; 其他优势菌门, 包括厚壁菌门和放线菌门等, 相对丰度在1%~10%之间不等; 优势菌纲主要以 $\alpha$ -变形菌、 $\beta$ -变形菌和放线菌为主; 在中低浓度下主要菌属为 *Sphingomonas*, 而在高浓度下则主要是 *Vogesella* 和 *Arthrobacter*。根据各区域的菌群组成状况, 推测湿地各区域的菌群差异主要与该区域的营养环境和进水条件有关。4) 区域性差异分析表明, 随着浓度的升高, 折流式人工湿地各区域的菌群组成趋于相似。5) FAPROTAX 分析表明, 折流式人工湿地最丰富的功能基因为化能自养类、硝化反硝化类、寄生菌型, 且主要基因在下行池最为丰富。

**[关键词]** 折流式人工湿地; 微生物; 多样性; 进水浓度; 菌群结构

**[中图分类号]** X 703

## The Effect of Influent Concentration on the Microbial Community Structure of Each Section of Baffle Artificial Sewage Treatment Plant

LIN Jinmei<sup>1,3</sup>, GUO Li<sup>1,2</sup>, HUANG Yunfeng<sup>1</sup>, DUAN Jinming<sup>1</sup>, LIU Qiming<sup>1</sup>, WU Jingjing<sup>1</sup>

(1. College of Harbour and Coastal Engineering, Jimei University, Xiamen 361021, China;

2. College of Resource and Environment, University of Chinese Academy of Science, Beijing 101400, China;

3. Fujian Provincial Key Laboratory of Food Microbiology and Enzyme Engineering, Xiamen 361021, China)

**Abstract:** The aim of this study was to examine the impact of influent concentration on bacterial microbial communities in baffled constructed wetlands. Three experiments were conducted using low-concentration simulated sewage influent, with daily monitoring of water quality parameters and analysis of microbial flora

**[收稿日期]** 2023-11-28

**[基金项目]** 福建省自然科学基金项目“半封闭海湾微塑料污染特征与风险评价”(2023J01794); 福建省自然科学基金项目“城市餐厨垃圾处理的减污降碳协同机制与调控对策研究”(2023J01328); 厦门市科技补助项目“多段可选式生物除臭技术开发”(2022CX0308); 企业技术开发项目“海水养殖尾水处理技术与工程设计”(S22266)

**[作者简介]** 林锦美 (1979—), 讲师, 从事废水生物处理方向研究。E-mail:21493340@qq.com

composition in different sections using high-throughput sequencing technology. The results indicated that the treatment efficiency of the system is heightened when processing sewage with higher influent concentrations, with removal rates for COD, TN, TP, and  $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  reaching up to 89.9%, 71.7%, 63.5%, and 96.3%, respectively. The lower and surface layers of the baffled constructed wetland exhibited greater bacterial abundance and diversity indices. However, the lower layer in the upper pond was significantly influenced by influent concentration, displaying lower bacterial abundance and a distinct microbial community structure compared to other sampling points. Bacterial community abundance increased with rising influent concentration, with diversity initially increasing before declining. High-throughput sequencing revealed Proteobacteria to be the dominant phylum, comprising 60%-80% of bacterial abundance across different inlet conditions and regions. Other dominant phyla included Firmicutes and Actinomycetes, with relative abundances ranging from 1% to 10%. The main bacterial classes were  $\alpha$ -Proteobacteria,  $\beta$ -Proteobacteria, and Actinomycetes. At medium and low concentrations, the predominant genera were *Sphingomonas*, while at high concentrations, *Vogesella* and *Arthrobacter* predominated, respectively. Regional difference analysis revealed increasing similarity in species composition across all sections of the baffled constructed wetland with rising influent concentration. FAPROTAX analysis identified chemoautotrophs, nitrification and denitrification, and parasitic bacteria as the most abundant functional genes, with the majority concentrated in the downward pool.

**Keywords:** bending constructed wetland; microorganisms; diversity; influent concentration; microbial community structure

## 0 引言

目前我国虽然已经建成了许多废水处理系统,但由于其高昂的日常运营成本和不完善的基础设施等问题,这些系统经常处于闲置状态,或者出水质量无法达到预期水平<sup>[1]</sup>。相比之下,人工湿地作为一种核心污水处理技术,具有较低的建设和运营成本<sup>[2-3]</sup>,同时具备多重生态功能,因此在处理低浓度污水方面得到广泛应用。人工湿地主要包括平流式、潜流式和垂流式等不同类型<sup>[4-5]</sup>。近年来,出现了许多综合各种工艺特点的复合型人工湿地,如在垂直流人工湿地上设计安装折流板的折流式人工湿地<sup>[6-8]</sup>。这种新型设计增加了单位水量与填料的接触面积,提高了人工湿地的处理效率,因此对生活污水处理、河道生态修复和污水处理厂尾水净化等领域得到广泛应用。

人工湿地去除污染物的主要途径是通过微生物的代谢作用完成的<sup>[9]</sup>。对人工湿地微生物进行分析有助于深入了解其运行状态。尽管近年来学者们已经在人工湿地微生物方面进行了广泛的研究,但这些研究主要集中在传统平流式或潜流式人工湿地上,缺乏对新型复合式人工湿地进行多点位微生物群落分析的研究。此外,现有的人工湿地微生物研究主要关注单一污水类型的处理,而缺少对不同浓度进水的多方面比对实验的研究。为了深入研究折流式人工湿地对污水的净化效果及其微生物生态特征,本研究设计3种不同浓度污水的折流式人工湿地实验,评估该系统对多种污染物的处理效果。从区域差异、微生物菌群组成和功能基因预测等多个角度对湿地的微生物结构进行分析,以期揭示湿地的污染物去除效果与微生物结构组成之间的关系,以及菌群结构与进水浓度之间的关联。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验装置

本实验装置主体结构由 PMMA 塑料板制成,湿地系统尺寸为 150 cm × 40 cm × 70 cm,有效容积为 360 L,运行水位为 60 cm,湿地系统由过滤单元 1、5,上行池单元 2,下行池单元 3,氧化塘单元 4,以及隔板构成。具体构造如图 1 所示。

参考文献 [10], 该系统使用处理污水效果良好的砾石、沸石、炉渣、碎牡蛎壳等为基质。底层主要为大颗粒粗石, 可对上层基质起支撑作用; 表层选用砾石和陶粒, 更适合植物生长; 中层的炉渣和沸石主要做为微生物的附着位点。上行池单元 2 表面种植菖蒲, 种植密度为 56 株/m<sup>2</sup>; 下行池单元 3 参考文献 [11-12] 在表面种植美人蕉, 种植密度为 56 株/m<sup>2</sup>; 氧化塘单元表面种植水芙蓉, 种植密度为 60 株/m<sup>2</sup>。

1.2 实验水质

低浓度进水模拟受到轻微污染的自然水体, 其中含 COD 55.88 ~ 61.05 mg/L、TN 8.56 ~ 8.98 mg/L、NH<sub>4</sub><sup>+</sup> - N 1.46 ~ 1.58 mg/L、TP 0.935 ~ 1.182 mg/L; 中浓度进水模拟污水处理厂一级 A 类排放标准的尾水, 其中含 COD 112.05 ~ 121.14 mg/L、TN 13.78 ~ 15.07 mg/L、NH<sub>4</sub><sup>+</sup> - N 2.21 ~ 2.36 mg/L、TP 1.351 ~ 1.687 mg/L; 高浓度进水模拟污染较严重的水体, 其中含 COD 135.05 ~ 139.12 mg/L、TN 28.67 ~ 29.37 mg/L、NH<sub>4</sub><sup>+</sup> - N 11.17 ~ 11.58 mg/L、TP 4.38 ~ 4.59 mg/L。

1.3 实验方法

运行水体使用模拟废水, 废水在湿地前端曝气池充分曝气和水质均化后, 停留 3 d 保持水力再投入人工湿地运行。在进水口、上行池顶部、下行池底部、出水口设置取样点。每 24 h 测定 1 次水质。采用快速消解分光光度法测定样品中 COD 的质量浓度, 采用纳氏试剂分光光度法测定样品中 NH<sub>4</sub><sup>+</sup> - N 的质量浓度, 采用钼酸铵分光光度法测定样品中 TP 的质量浓度, 采用碱性过硫酸钾分光光度法测定样品中 TN 的质量浓度。考察湿地系统运行期间生活污水中 COD、NH<sub>4</sub><sup>+</sup> - N、TP、TN 在各处理单元的降解过程。

将折流式人工湿地划分为 6 个区块 (见图 1) 进行湿地微生物群落测定, 即分别在上行池单元 2 和下行池单元 3 中, 距表面 15、40、60 cm 处采集土壤样本并标记。将取得的土壤样本放入 1 L 烧杯中, 加入 300 mL PBS 缓冲液, 超声震荡 10 min 后得到菌液。使用抽滤机将微生物过滤至 40 μm 滤膜上, 随后将滤膜封存在 50 mL 离心管中, 用液氮冷冻后送上海生工生物工程有限公司提取基因组、PCR 扩增检测、16S rDNA 全序列分析湿地中微生物群落状况。

1.4 数据分析

将测序得到的序列数据在 Usearch 平台进行 OTU 聚类, 把具有 97% 相似性的序列归为一个 OTU, 并以 OTUs 指数为基础计算代表菌群丰富度、多样性和均匀度的 Chao、Shannon 和 Shannoneven 指数。利用 BLAST 工具, 于 NCBI 数据库中进行序列比对, 得到样品中精确至属水平的菌群组成信息。使用“R”软件的“Vegan”软件包进行系统菌群差异性的 PCA 分析。功能预测 FAPROTAX 分析在 Python 环境下用 Loucalab 数据库进行分析对比。

2 实验结果与分析

2.1 菌种组成分析

折流式人工湿地的细菌菌门具体组成情况见图 2。测序共发现了 13 个主要的菌门。其中, 按相对丰度从大到小, 占主导地位的菌门依次是变形菌门 (Proteobacteria)、厚壁菌门 (Firmicutes)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、浮霉菌门 (Planctomycetes)、放线菌门 (Actinobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)。比较图 2 中不同进水浓度条件下的菌种结构, 发现随着浓度的增加, 变形菌门的相对丰度下降, 而厚壁菌门、拟杆菌门、浮霉菌门、放线菌门、酸杆菌门等主要菌门的相对丰度上升, 这表

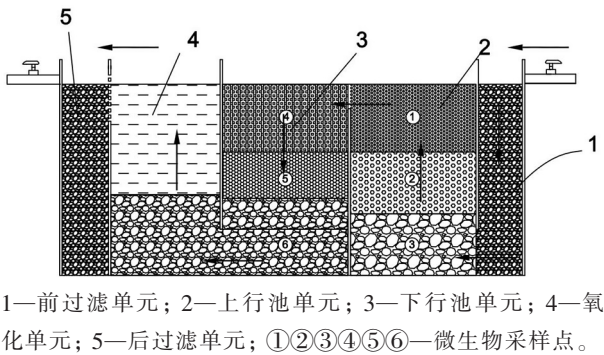


图 1 装置剖面图  
Fig.1 Device profile

明进水浓度的增加有助于提高除变形菌门外其他主要菌门的相对丰度。

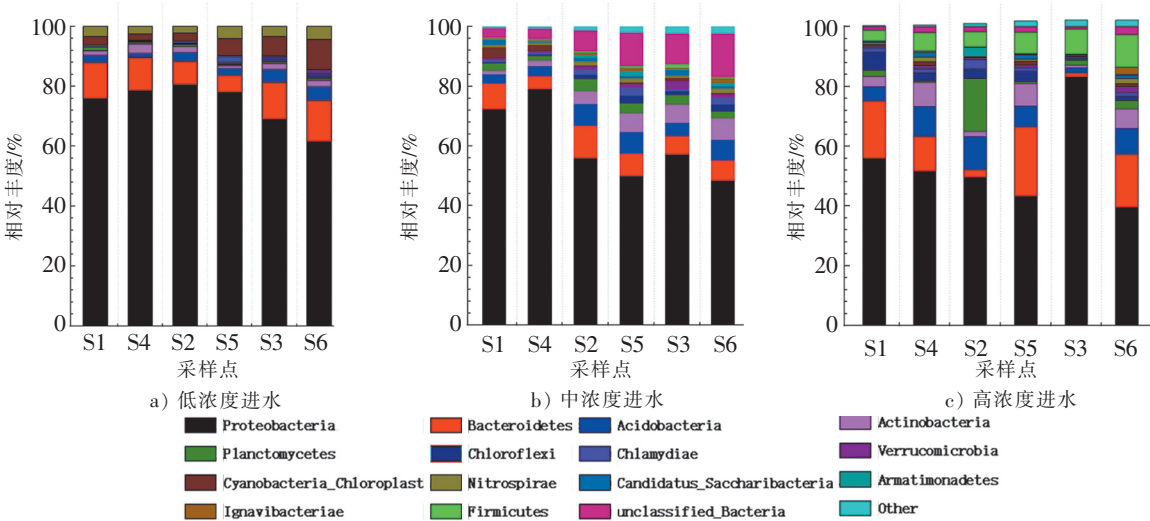


Fig.2 Composition at the phylum level of microbial community

根据图 3 所示数据，折流式人工湿地系统中主要的优势菌纲包括：变形菌门的  $\alpha$ -变形菌 ( $\alpha$ -Proteobacteria)、 $\gamma$ -变形菌 ( $\gamma$ -Proteobacteria)、 $\beta$ -变形菌 ( $\beta$ -Proteobacteria)；厚壁菌门 (Firmicutes) 的梭菌纲 (Clostridia)；放线菌门 (Actinobacteria) 的放线菌纲 (Actinobacteria)。实验结果揭示，在折流式人工湿地的不同采样点，各菌纲细菌的相对丰度呈现出一定的分布规律。例如： $\beta$ -变形菌主要分布于上行池，并且随着采样深度的增加，其相对丰度也随之上升。而在下行池中， $\beta$ -变形菌的相对丰度大约维持在 10%，没有显著变化。相比之下， $\alpha$ -变形菌主要存在于表层和下行池部分，其相对丰度随着采样深度的增加而降低，这表明  $\alpha$ -变形菌更倾向于在湿地表面进行繁殖和生长。鞘脂杆菌纲 (Sphingobacteriia) 则主要在装置的底层厌氧区域相对丰度较高。

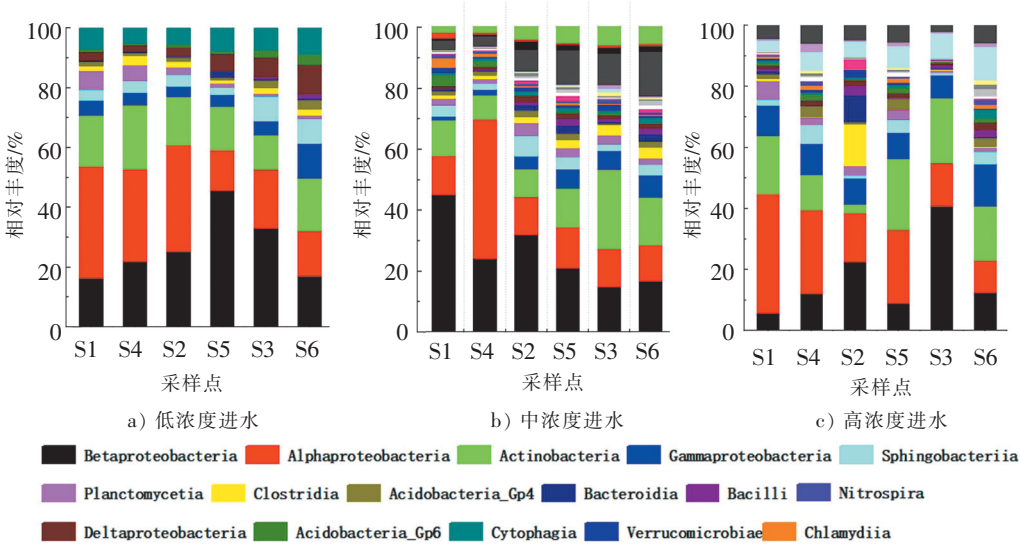


Fig. 3 Composition at the class level of microbial community

图 4 是属水平下的湿地微生物组成情况。折流式人工湿地在中低浓度进水条件下，主要的菌属有 *Sphingomonas*、*Lysobacter*、*Pseudogulbenkiania* 和 *Acinetobacter*。在低浓度进水条件下，*Sphingomonas* 在



表层的相对丰度较高, 随着深度的增加, 其相对丰度逐渐减少; 而在中浓度进水条件下, *Sphingomonas* 在湿地的各个区域都广泛存在, 且之间的相对丰度没有明显差异; 此外, 中底层样品中富含 *Lysobacter*, 而 *Acinetobacter* 主要存在于中浓度进水条件下的 S4 采样点。在高浓度进水条件下, 折流式人工湿地的菌群由 *Vogesella* 和 *Arthrobacter* 主导, 上行池主要富集了 *Vogesella*, 而下行池则主要富集了 *Arthrobacter*; 在上行池的不同采样点中 *Vogesella* 的相对丰度差异较大, 并且随着深度的增加而增加, 相比之下, 在下行池的各个采样点中 *Arthrobacter* 的相对丰度差异较小。

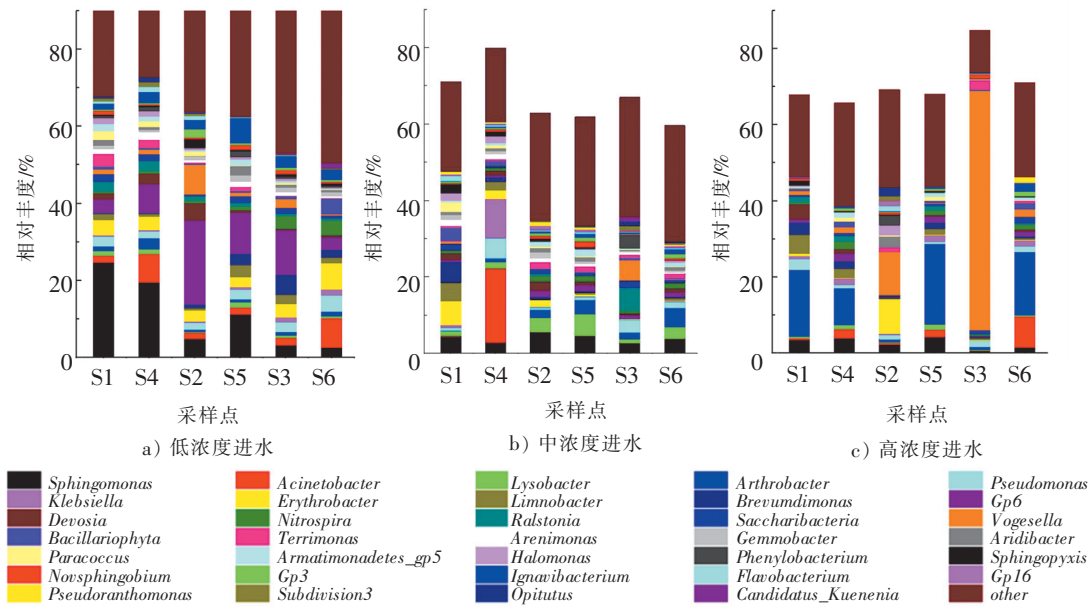


图 4 属水平下的菌群组成

Fig.4 Composition at the genus level of microbial community

2.2 装置对污染物的去除效果及 α 多样性分析

根据图 5 的数据显示, 随着进水浓度的变化, 折流式人工湿地对污染物的去除负荷呈现出线性关系。这说明, 折流式人工湿地的处理能力会随着进水浓度的增加而逐渐增强。在本研究设计的进水浓度范围内, 装置对氨氮的最终去除率可以稳定维持在 70% 以上, 而在处理较高浓度的废水时, 去除率  $\eta$  最高可达到 96.3%。针对不同浓度污水的总氮和 COD 处理效果, 该装置可以分别实现 61.4% ~ 71.7% 和 45.3% ~ 59.2% 的去除率, 磷的稳定去除率可以保持在 60.2% ~ 63.5%。总的来说, 该装置具备良好的污水处理能力, 并且表现出稳定的处理效果。分析各出水口的污染物质量浓度和总去除率数据, 可以看出, 在进水浓度变高的情况下, 该装置对不同进水浓度冲击约需要一周的时间缓冲适应, 并达到稳定处理的阶段, 在这期间, 装置内微生物的污染物去除潜力一步步增强, 各种污染物的去除率会随着时间的增加而增高。对比各种污染物在不同出水口的质量浓度曲线可以看出, 折流式人工湿地的不同区域承担着降解不同污染物的功能, 从氨氮和总磷的去除曲线可见, 氨氮和总磷主要被上行池吸收降解, 而 COD 和总氮在上行池和下行池中均表现出一定的降解能力。

图 6 展示了在 3 种不同进水条件下, 折流式人工湿地中细菌 α 多样性指数的趋势线图。从图 6a、6c 中可观察到, 不同进水浓度条件下的菌群丰富度指数遵循一致的规律, 即高浓度 > 中浓度 > 低浓度。这表明增加进水中的营养物质浓度能够有效提高人工湿地中的细菌丰度。从图 6b 中可以看出, 在不同进水条件下, 菌群多样性指数的变化趋势是中浓度 > 高浓度 > 低浓度。这表明适度增加进水浓度有利于人工湿地内更多多样性菌类的演化。然而, 当进水浓度超过一定阈值时, 湿地菌种多样性会下降。从图 6d 中可以看出, 湿地系统中各区段菌类的 Shannoneven 指数均在 0.6 以下, 并且呈现表层样品指数低, 底层样品指数高的特点, 可见湿地细菌生态均匀度与各区段的环境差异有关。

在本研究高浓度进水条件下，处于中底层的 S2 和 S3 采样点的菌种丰度指数明显低于其他采样点，甚至低于中浓度运行条件下的状态。在空间上明显可见，不同进水条件下，处于表层的 S1 和 S4 采样点的多样性均低于其他采样点。

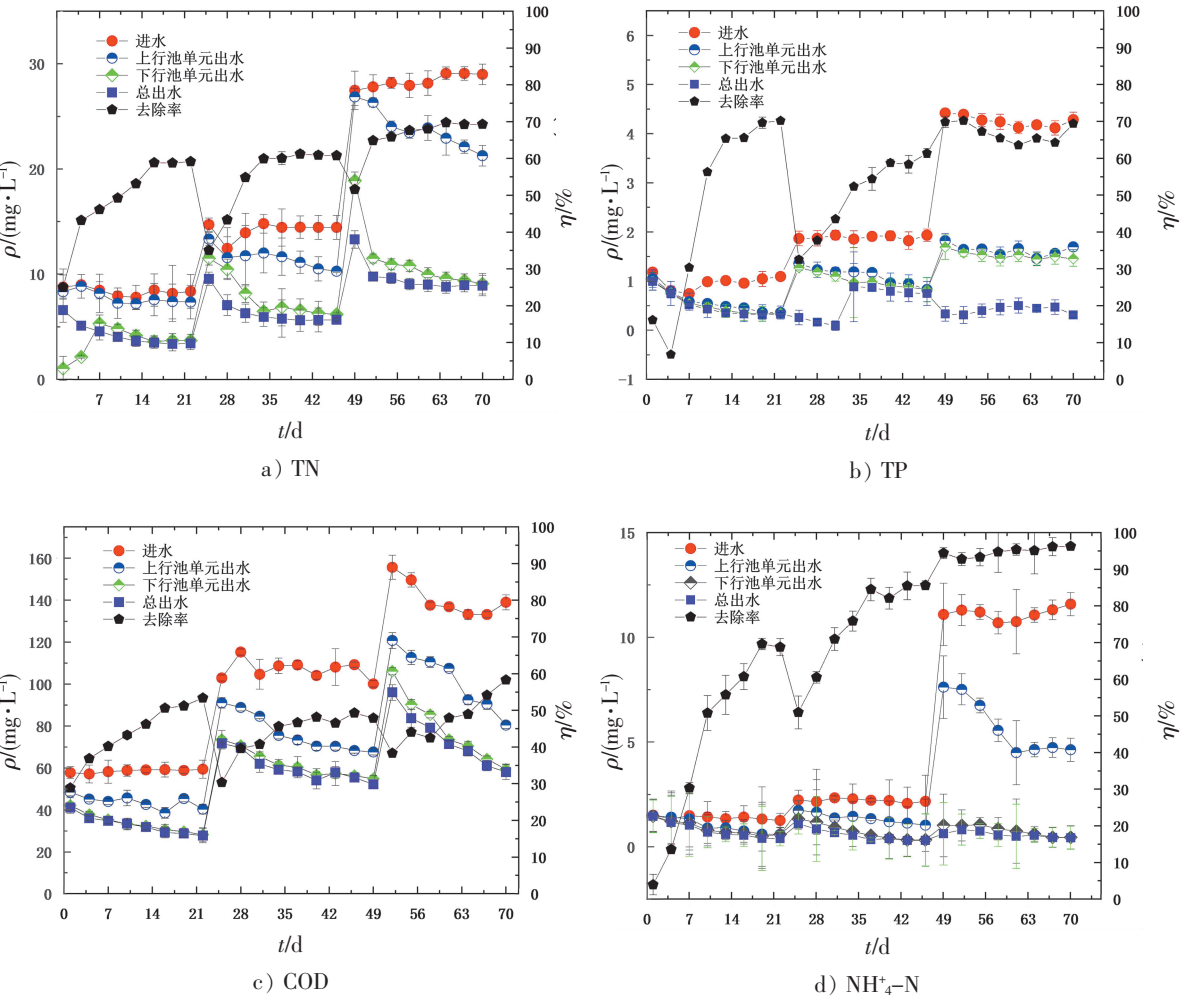
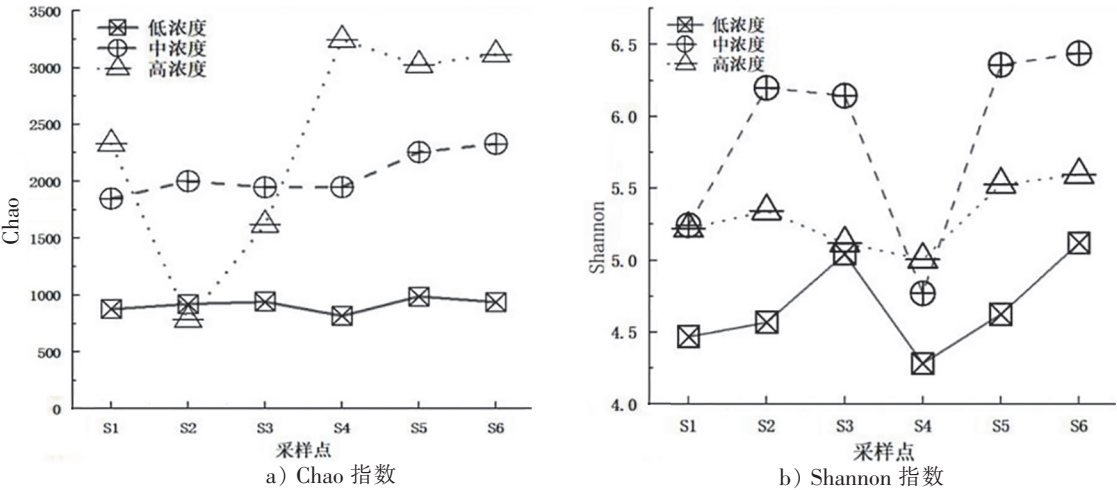


图 5 不同进水浓度下系统对各种污染物质的去除效果

Fig.5 Removal effect of various pollutants by the system under different influent water concentrations



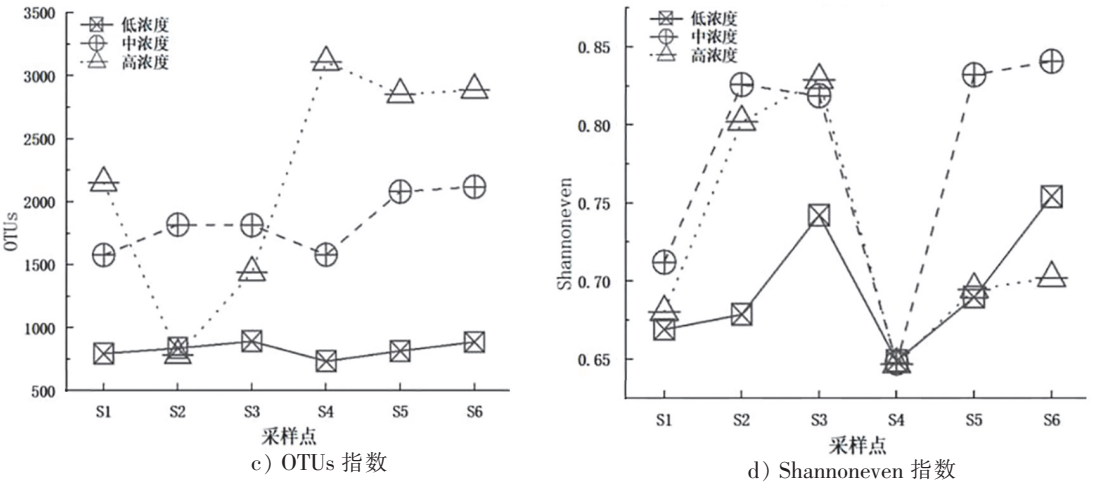


图 6 微生物多样性指数折线图  
Fig.6 Line chart of the microbial diversity index

2.3 区域性差异分析

PcoA 主坐标分析矩阵的结果如图 7 所示。样品根据不同的采样深度分为 3 组，并使用不同颜色的线条连接同组样品。从图 7 中可以观察到，在低浓度进水条件下，各个采样点的细菌群落分布相对分散；然而，在进水浓度升高至中高浓度时，越来越多的点开始聚合在一起。这表明进水浓度的增加导致了折流式人工湿地各个区域的菌群结构更加相似。随着进水浓度的升高，细菌菌落在不同区域之间的差异减小，可能是因为高浓度的进水条件提供了更多的营养物质，使得微生物可以更容易适应湿地环境。这种趋势与前文所述的菌群多样性和相对丰度的变化趋势相一致。

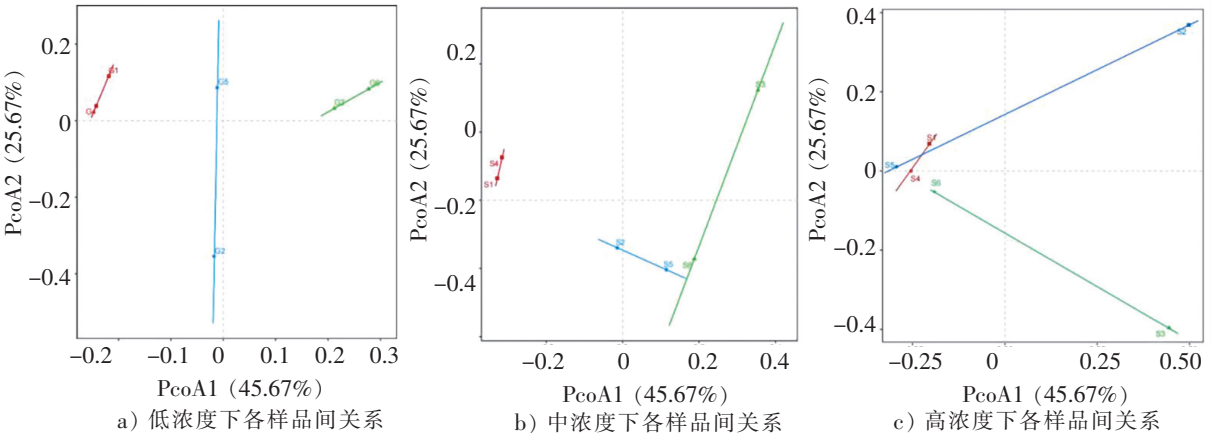


图 7 PcoA 主坐标分析矩阵  
Fig.7 PcoA principal coordinate analysis matrix

2.4 FAPROTAX 分析

利用 FAPROTAX 分析软件<sup>[13]</sup>，对折流式人工湿地中的功能基因进行了预测。如图 8 所示，不同运行浓度下，折流式人工湿地各区域的微生物预测功能之间不存在显著差异。化能异养类基因（chemoheterotrophy）和好氧化能异养类基因（aerobic chemoheterotrophy）在湿地系统中丰富度最大。这些基因对有机物质的分解提供了重要的能源，对 COD 的去除具有关键作用，因此，这些功能基因的丰富性表明细菌在湿地中积极参与有机物质的降解过程。还有，与脱氮相关的功能基因也丰富存在，包括硝酸盐还原（nitrate\_ reduction）、氮呼吸（nitrogen respiration）、固氮（nitrogen\_ fixation）、硝化反应（nitrification）和亚硝酸氧化（aerobic nitrite oxidation）等功能基因，这些结果表明在湿地各处都

存在脱氮的过程。反硝化基因在各采样点之间没有明显差异，进一步支持了脱氮主要发生在湿地的下行池中的结论。另外，寄生虫等原生动物类基因（intracellular parasites、animal parasites or symbionts、human pathogens all）在下行池中相对丰富，尤其是在中高浓度进水条件下，这表明这些功能基因的丰富性与环境中营养物质浓度相关，特别是在高浓度进水条件下，这些功能基因更加丰富。此外，与有机质降解相关的基因，如发酵（fermentation）、尿素降解（ureolysis）、芳香分子降解（aromatic compound degradation）功能基因，在表层和中层相对丰富，这提示大分子有机物主要在湿地的表层和

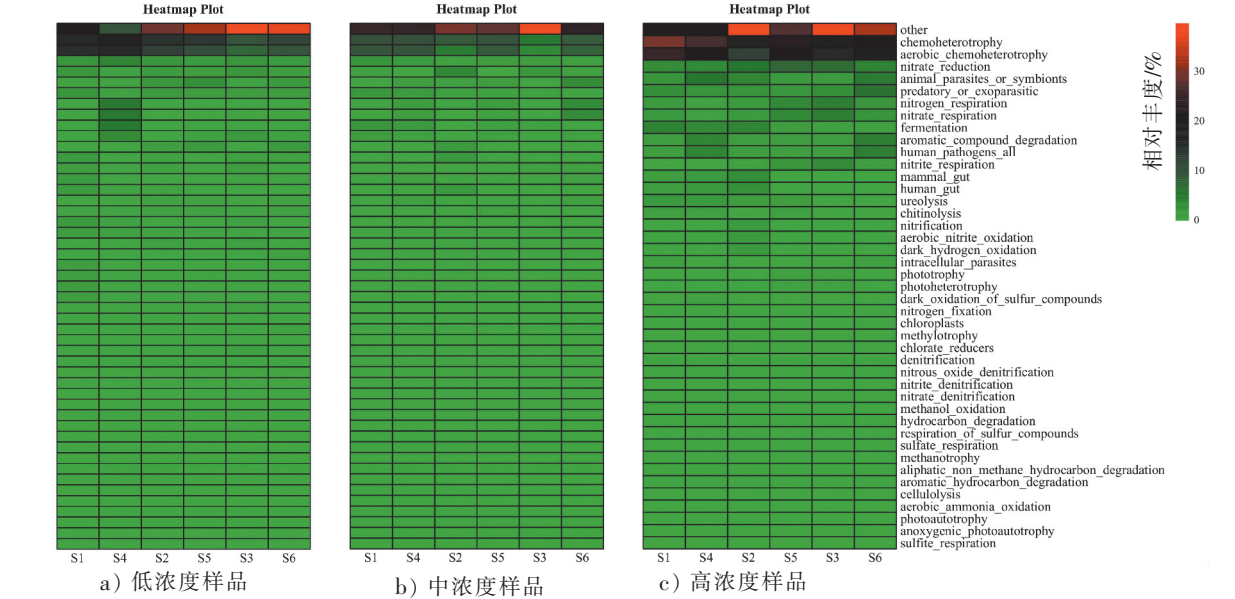


图 8 预测功能基因相对丰度热值图  
Fig.8 Predictive functional gene calorific value map

3 讨论

3.1 污染物去除效率的影响因素

在本次实验中，由于生物氮的去除过程涉及氨化、硝化和反硝化三个关键步骤，并且水体内的溶解氧充足，使得污水中的氮能够充分经历氨化和硝化反应；此外，湿地的基质富含大量沸石，这有助于吸附氨氮<sup>[14]</sup>；因此，本装置对氨氮的去除效率极佳。由于水体曝气充分，溶解氧浓度较高，又从组队区域可以氧化氨氮，但是供反硝化反应的厌氧场所相对较少，这导致部分硝态氮无法完全去除。根据李军等<sup>[15]</sup>的研究，当水体中的溶解氧质量浓度大于4 mg/L时，可能导致出水中总氮含量升高。这种现象是因为高溶解氧含量增强了硝化反应，从而增加了氨氮的处理能力，但同时抑制了反硝化作用。生物磷去除主要依赖于聚磷菌的过量吸收，然后随污泥排出。然而，在人工湿地中，污泥往往容易沉积在基质中，难以有效排出，因此人工湿地主要依靠植物吸收和基质吸附来实现磷的去除。在本实验中，低浓度进水条件下，磷的处理效果最佳，但当进水浓度增加时，总磷的去除能力略有下降。根据 Langergraber<sup>[16]</sup>和王迪等<sup>[17]</sup>的研究，当进水浓度较低时，植物对氮和磷的吸收效果较好，但植物对营养物质的需求是有限的。因此，随着进水浓度的增加，总磷的去除效率受到了限制，这意味着进水浓度升高会对污染物的去除效率产生一定的影响。

3.2 进水浓度变化对生物群落结构的影响

本研究在高浓度进水条件下，S2 和 S3 采样点的菌种丰度指数明显低于其他采样点，甚至低于中浓度运行条件下的状态。这与进水浓度升高促进细菌生长的理论相矛盾。这种现象的原因可能在于



S2 和 S3 采样点的填料颗粒较大, 而且最先受到进水水流的冲击, 导致填料表面的微生物容易被水流带到其他区域, 从而导致高浓度进水条件下后端的菌类丰度明显高于前端。

本研究中微生物多样性指数随进水浓度的变化与丰度指数不同, 中浓度进水时湿地内部微生物多样性最高, 这一结果与文献 [18] 一致。这种现象可能是由于进水浓度在适宜范围内的增加能够促进湿地内菌类多样性的增长, 但是当进水浓度超过一定阈值后, 湿地环境不再适合贫营养菌的生长, 从而导致多样性降低。S1 和 S4 采样点的多样性均低于其他采样点, 这可能是由于各采样点的基质不同所致。表层的基质为实心砾石, 颗粒较大, 比表面积相对较小, 因此可供微生物附着的位置较少<sup>[19-21]</sup>。填料表面的细菌体积、质量较大的容易在重力和水流作用下迁移到后段中底层。此外, 表层填料中富含陶粒, 可为细菌生长提供养分, 但对于贫营养型菌类却不利<sup>[22]</sup>, 最终导致表层的菌类多样性较低。

折流式人工湿地的好氧厌氧复合环境有利于变形菌繁殖<sup>[23-24]</sup>。放线菌门具有分解复杂有机物(如纤维素等)的能力, 它可以将植物凋零物分解为养分。在本研究中, 放线菌门的相对丰度随着进水浓度的增加而增加, 从低浓度时期不足 5% 的占比上升到高浓度运行时可达 20% 的占比, 然而, 该菌门的相对丰度在不同区域之间存在显著差异。酸杆菌门属于贫营养型微生物, 其数量与进水浓度呈负相关, 该菌门的丰度可用于环境分析<sup>[25]</sup>。本研究中, 酸杆菌门在调节湿地 pH 方面起到关键作用, 但与进水浓度的相关性较低, 各运行条件下的相对丰度均为 1% ~ 10%, 并且在不同采样点之间存在明显的空间差异; 另外, 随着进水浓度的不断增加, 拟杆菌门的相对丰度有所下降。拟杆菌门在分解有机物和去除 COD 方面具有重要作用, 它与绿弯菌门一起参与分解复杂有机物的过程<sup>[26-28]</sup>。

在纲水平上可以看出, 变形菌门的  $\alpha$ -变形菌、 $\beta$ -变形菌、 $\gamma$ -变形菌纲是本装置的主要菌纲组成。 $\alpha$ -变形菌在氨氮去除中起着重要作用<sup>[23]</sup>,  $\alpha$ -变形菌的数量与总磷浓度呈负相关关系<sup>[29]</sup>。 $\beta$ -变形菌和  $\gamma$ -变形菌中存在大量的硝化细菌, 它们的主要作用是将氨氮转化为亚硝氮, 从而在氮素去除中发挥重要作用<sup>[30]</sup>。由于本研究折流式湿地中安置的隔板使不同区域的湿地营养环境出现显著差异, 导致了湿地的上行池和下行池的物种组成不同, 各种细菌的分布比例也有所不同, 垂直方向上不同采样深度的样品微生物的相对丰度也有较大差异。此外, S1 和 S4 两个采样点位于湿地表面下 15 cm 处, 植物富集效应明显, 水体中的溶解氧质量浓度较高, 这有利于硝化作用。 $\alpha$ -变形菌在表层环境下相对丰度较高<sup>[31]</sup>。S2 位于水流的前段位置, 曝气充分又有充氧的水流, 为  $\alpha$ -变形菌提供了有利的生长环境。然而, 在 S3、S5 和 S6 三个最深的采样点, 由于溶解氧含量较低, 使得  $\alpha$ -变形菌的含量较低, 而  $\beta$ -变形菌和  $\gamma$ -变形菌的含量较高。并且, 在 S3 和 S6 两个最深的采样点, 还发现了超过 10% 的鞘脂杆菌纲 (Sphingobacteriia), 这是因为厌氧环境有利于这类菌种的富集。

在菌属构成方面, 一些菌类的存在和装置的构成与运行环境有重要的联系。*Sphingomonas* 菌属是一种需氧的革兰氏阴性菌, 对盐度和 pH 有严格的要求<sup>[32]</sup>。高浓度进水条件下 *Sphingomonas* 相对丰度较低的原因可能是由于进水浓度增加导致盐度升高。*Pseudogulbenkiania* 同样是革兰氏阴性菌, 其最适生存环境为 pH 6.0 和盐度 7<sup>[32]</sup>, 因此在低浓度进水条件下也存在。*Acinetobacter* 为需氧的不动杆菌, 其最适生长环境为温度 28°C、盐度 15、pH 7.0<sup>[33]</sup>, 因此, 在湿地表面的 S4 采样点, 充分的溶解氧和适宜的环境条件使得 *Acinetobacter* 相对丰度较高。*Vogesella* 属于变形菌门的奈瑟氏球菌科 (Neisseriaceae), 广泛分布于温泉、湖泊、泉水、土壤、池塘沉积物等环境中, 该菌是兼性厌氧营养型, 适合在中性环境下生长<sup>[34]</sup>。本装置上行池的中下部环境适宜 *Vogesella* 的生长, 因此其相对丰度较高; 而下行池中 *Arthrobacter* 的相对丰度较高, 可能是因为下行池的填料主要由炉渣组成, 含有丰富的 CaO, 使得该区域的 pH 呈弱碱性, 不利于 *Vogesella* 的生长。*Arthrobacter* 属于微球菌科 (Micrococcaceae), 是一种好氧的革兰氏阳性菌, 适合在广泛的酸碱度和温度范围下生长<sup>[35-36]</sup>, 可能在下行池中的偏碱性环境中发挥硝化反硝化作用。

### 3.3 湿地细菌的功能性

FAPROTAX 功能基因预测有助于了解装置内部微生物的作用。本研究化能异养类基因和好氧化能异养类基因的存在证明了装置内好氧和厌氧环境的存在,硝酸盐还原、氮呼吸、固氮、硝化反应和亚硝酸氧化等基因丰富,是装置具良好脱氮功能的证明。寄生虫等原生动物类基因及与有机质降解相关的基因存在,证明了湿地系统生态良好,可以允许较为高级的原生动物类存在。

## 4 结论与展望

1) 折流式人工湿地在处理不同浓度的河道污水方面表现出良好的处理效果。该系统对低于劣 V 类河水的处理效果显著,随着污染物浓度的增加,污染物的去除率也逐渐提高,其中 COD、TN、TP、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  的去除率最高分别可达 89.9%、71.7%、63.5%、96.3%。

2)  $\alpha$ -多样性分析结果表明,湿地细菌的丰度指数随着进水浓度的增加而增加,而污染物的去除率也随之增大。菌落的多样性指数随进水浓度的增加呈现出先增加后减小的趋势,这受到采样深度、基质材料和表层植物的影响。

3) 折流式人工湿地的优势菌门包括放线菌门、变形菌门和厚壁菌门等,其中变形菌门占据主要地位;优势菌纲主要包括  $\alpha$ -变形菌纲、 $\beta$ -变形菌纲和放线菌纲;优势菌属包括 *Sphingomonas*、*Vogesella*、*Arthrobacter* 等。进水浓度对不同区域的菌属结构产生影响,低中浓度条件下以 *Sphingomonas* 为主导,而高浓度条件下则以 *Vogesella* 和 *Arthrobacter* 为主导。

4) 区域差异性分析显示,随着进水浓度的增加,折流式人工湿地各区域的菌种差异性逐渐减小,细菌菌落结构更趋于一致。

5) FAPROTAX 分析揭示了湿地微生物的功能基因在不同进水浓度下差异不大。主要的功能基因包括化能自养型、硝化反硝化型和寄生虫型。化能自养型和硝化反硝化型基因在湿地系统中较丰富,特别是在下行池中。与有机物降解相关的功能基因主要分布在表层和中层。

未来的研究可以进一步探索不同水质条件下折流式人工湿地微生物群落的响应机制,以及微生物在水体污染物去除中的作用机制。此外,还可以考虑进一步优化湿地设计和运行策略,以提高水体污染物的去除效率,并减少对湿地系统的不利影响。这将有助于更好地理解和应用折流式人工湿地技术,改善水环境质量和生态系统健康状况。

## [ 参 考 文 献 ]

- [1] 李宝磊,刘舒,曾乐,等. 我国污染河流治理与修复技术现状[J]. 科技创新与应用,2020,293(1):137-138.
- [2] 肖海文,刘馨瞳,翟俊,等. 人工湿地类型的选择及案例分析[J]. 中国给水排水,2021,37(22):11-17.
- [3] 杜曼曼,张琼华,连斌,等. 城市污水处理厂尾水人工湿地净化工程调试与运行[J]. 中国给水排水,2020,36(9):94-100,104.
- [4] 周姝玲,游琴. 人工湿地在农村生活污水处理中的应用分析[J]. 绿色科技,2021,23(18):109-111.
- [5] 成水平,王月圆,吴娟. 人工湿地研究现状与展望[J]. 湖泊科学,2019,31(6):1489-1498.
- [6] 张国珍,尚兴宝,武福平,等. 废砖基质折流式垂直流人工湿地处理二级生化尾水[J]. 中国给水排水,2019,35(9):100-105.
- [7] 方松林,曹盼宫. 折流式人工湿地对矿区降雨径流的净化研究[J]. 水土保持研究,2017,24(5):126-131.
- [8] 殷楠,王静文,彭秋怡,等. 折流人工湿地模拟装置的水力特性研究[J]. 环境科学与技术,2016,39(11):5-9,14.
- [9] 赖巧晖,张浩,刘治鹏. 不同植物配置下人工湿地微生物群落特征及其影响因素[J]. 水土保持研究,2019,26(5):89-94.
- [10] 王伟莹. 人工湿地典型植物根系周围微生物群落结构与净水关系的研究[D]. 长春:东北师范大学,2020.
- [11] 曾倩. 曝气强化垂直流人工湿地中三种基质除污效果的研究[D]. 青岛:青岛大学,2019.
- [12] LIN Y F, JING S R, WANG T W, et al. Effects of macrophytes and external carbon sources on nitrate removal groundwater in constructed wetlands[J]. Environ Pollute, 2002, 199(3):413-420.

- [13] LOUCA S, PARFREY L W, DOEBELI M. Decoupling function and taxonomy in the global ocean microbiome[J]. *Science*, 2016, 353:1272-1277.
- [14] ZHOU L, BOYD C E. Total ammonia nitrogen removal from aqueous solutions by the natural zeolite, mordenite; a laboratory test and experimental study[J]. *Aquaculture*, 2014, 432:252-257.
- [15] 李军, 彭永臻, 顾国维, 等. SBBR 同步硝化反硝化处理生活污水的影响因素[J]. *环境科学学报*, 2006, 36(5):728-733.
- [16] LANGERGRABER G. The role of plant uptake on the removal of organic matter and nutrients in subsurface flow constructed wetlands; a simulation study[J]. *Water Science and Technology*, 2005, 51(9):213-223.
- [17] 王迪, 李红芳, 刘锋, 等. 亚热带农区生态沟渠对农业径流中氮素迁移拦截效应研究[J]. *环境科学*, 2016, 37(5):1717-1723.
- [18] 姚燃, 刘锋, 吴露, 等. 三级绿狐尾藻表面流人工湿地对养殖废水处理效应研究[J]. *地球与环境*, 2018, 46(5):475-481.
- [19] 梁雪, 贺锋, 徐栋, 等. 人工湿地植物的功能与选择[J]. *水生态学杂志*, 2012, 33(1):131-138.
- [20] 燕红, 张超凡, 马琼芳, 等. 人工湿地基质筛选及净化效果研究[J]. *环境生态学*, 2022, 4(9):115-120.
- [21] 葛媛. 潜流人工湿地中的基质作用及污染物去除机理研究[D]. 西安:西安建筑科技大学, 2017.
- [22] 房昀昊, 彭剑峰, 宋永会, 等. 高通量测序法表征潜流人工湿地中不同植物根际细菌群落特征[J]. *环境科学学报*, 2018, 38(3):911-918.
- [23] ANSOLA G, ARROYO P, SÁENZ L E. Characterization of the soil bacterial community structure and composition of natural and constructed wetlands[J]. *Science of the Total Environment*, 2014, 473(3):63-71.
- [24] 姚美辰, 段亮, 张恒亮, 等. 辽河保护区人工湿地微生物群落结构及分布规律[J]. *环境工程技术学报*, 2019, 9(3):233-238.
- [25] 邓娇娇, 周永斌, 殷有, 等. 辽东山区典型人工针叶林土壤细菌群落多样性特征[J]. *生态学报*, 2019, 9(3):997-1008.
- [26] 黄庆阳, 杨帆, 谢立红, 等. 五大连池火山土壤细菌多样性及其群落结构[J]. *生态学报*, 2021, 41(20):8276-8284.
- [27] 白洁, 李海艳, 赵阳国. 黄海北部不同站位海洋细菌群落分布特征[J]. *微生物学报*, 2009, 49(3):343-350.
- [28] FIERER N, BRADFORD M A, JACKSON R B. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. *Ecology*, 2007, 88(6):1354-1364.
- [29] 郑春雨, 王光华. 湿地生态系统中主要功能微生物研究进展[J]. *湿地科学*, 2012, 10(2):243-249.
- [30] 刘正辉, 李德豪. 氨氧化古菌及其对氮循环贡献的研究进展[J]. *微生物学通报*, 2015, 42(4):774-782.
- [31] LI X, SUN M L, ZHANG H H, et al. Use of mulberry-soybean intercropping in salt-alkali soil impacts the diversity of the soil bacterial community [J]. *Microbial Biotechnology*, 2016, 9(3):293-304.
- [32] LEE D G, IM D M, KANG H C, et al. *Pseudogulbenkiania* *gefensis* sp. nov., isolated from soil[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2013, 63:187-191.
- [33] ZHU W T, DONG K, YANG J, et al. *Acinetobacter* *lanii* sp. nov., *Acinetobacter* *shaoyimingii* sp. nov. and *Acinetobacter* *wanghuai* sp. nov., isolated from faeces of *Equus* *kiang*[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2021, 71:004567.
- [34] SHEU S Y, CHEN Y L, TOUNG C C, et al. *Vogesella* *facilis* sp. nov., isolated from a freshwater river, and emended description of the genus *Vogesella*[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2016, 66:817-823.
- [35] GE Y J, TAO Y H, TANG J, et al. *Arthrobacter* *yangruifu* sp. nov. and *Arthrobacter* *zhaoguopingii* sp. nov., two new members of the genus *Arthrobacter*[J]. *Evol Microbiol*, 2020, 70:5287-5295.
- [36] 周德庆, 徐士菊. 微生物学词典[M]. 天津:天津科学技术出版社, 2015.

(责任编辑 朱雪莲 英文审校 黄力行)