

# SBR 工艺处理大蒜废水及污泥菌群结构研究

李 微,曾 飞,由 昆,傅金祥

(沈阳建筑大学市政与环境工程学院,辽宁 沈阳 110168)

**摘要** 目的 研究 SBR 工艺对模拟大蒜废水的处理效能,并采用高通量测序技术分析两种不同驯化方式下污泥的菌群结构。方法 利用两种不同启动方式下的 SBR 反应器,对比模拟废水中 COD、TN 和 TP 的变化情况,并通过高通量测序技术分析了污泥的菌群结构变化。结果 两种培菌方式下 TN 和 TP 出水水质均能满足一级 A 标准,接种培菌系统较自然培菌法反应器启动快且污染物去除效率高,COD 去除率稳定在 85% 情况下,接种培菌系统处理模拟废水 COD 最高质量浓度阈值为 6 129.31 mg/L;污水厂种泥微生物多样性最高,接种培菌污泥和自然培菌污泥系统表现出相似的生物多样性且两个反应器驯化系统在“门”级别上均以 Proteobacteria 为主要菌门,在“纲”级别上接种培菌系统以  $\alpha$ -proteobacteria 和 Planctomycetia 为优势菌纲,而在自然培菌系统以  $\alpha$ -proteobacteria 和 Actinobacteria 占主导。结论 接种驯化方式下启动的 SBR 工艺更适合处理大蒜废水,反应器微生物菌门种类以变形菌为主。

**关键词** 大蒜废水;驯化;活性污泥;菌群结构

中图分类号 TU99;X703.1

文献标志码 A

## The Treatment of Garlic Wastewater and Sludge Microbial Structure in SBR Process

LI Wei, ZENG Fei, YOU Kun, FU Jinxiang

(School of Municipal and Environmental Engineering, Shenyang Jianzhu University, Shenyang, China, 110168)

**Abstract:** The objective of the experiment is to study the treatment efficiency of garlic wastewater in SBR reactor and analyze the microbial community by high-throughput sequencing technology. According to the concentration of COD, TN and TP in two different SBR reactors and microbial community of activated sludge, in the effluent of the two reactors concentration of TN and TP can meet the first-class A standard. Faster start-up and higher pollutant removal efficiency are in the inoculation reactor than in the natural culture reactor. In the inoculation reactor the maximum mass concentration threshold of treatable COD is 6 129.31 mg/L and the removal efficiency reaches

收稿日期:2019-06-20

基金项目:国家自然科学基金面上项目(51776131);辽宁省科技厅自然基金项目(2019-ZD-0671);辽宁省教育厅自然基金项目(Lnqn202010)

作者简介:李微(1982—),女,副教授,博士,主要从事污水处理理论与技术方面研究。

85%。The microbial diversity in the sewage plant sludge is most abundant, and in above two reactors are similar. Proteobacteria was the main bacteria phylum in above two reactors,  $\alpha$ -proteobacteria and Planctomycetia in inoculation reactor rare the dominant bacteria class,  $\alpha$ -proteobacteria and Actinobacteria were dominant in the natural culture system. So SBR reactor which start by inoculation and acclimation is more suitable for garlic wastewater treatment and proteobacteria is the main bacteria.

**Key words:** garlic wastewater; acclimation; activated sludge; microbial structure

大蒜易发霉变质难以长时间储存,为了改变这些缺点需要将大蒜进行深加工,近年来我国大蒜加工厂逐渐增多,随着大蒜产业的发展,大蒜废水问题随之而来,有关大蒜废水从 2008 年到 2018 年期间一直处于研究阶段<sup>[1]</sup>,还没有较为理想的处理工艺,大蒜废水含有高质量浓度的有机污染物、氮和磷等,因其含有具有杀菌作用的大蒜素使其更加难处理<sup>[2]</sup>,现有的处理方法包括物理方法,电解的方法,活性污泥方法等<sup>[3-6]</sup>都有着一定的不足,活性污泥法一直是废水处理研究的热点,且该方法具有造价低,节省空间,耐冲击负荷高等特点,目前,活性污泥法处理高质量浓度大蒜加工废水的研究尚未处于初级研究阶段。傅源等<sup>[7]</sup>研究了活性污泥法处理 1 000 mg/L COD 质量浓度的大蒜废水,确定了活性污泥法处理大蒜废水的最佳工艺参数和影响因素,给出了处理大蒜废水时活性污泥法自然培菌和接种培菌的方案选择,实现达标排放。冯露<sup>[5]</sup>确定了活性污泥法的最佳运行温度,进水质量浓度及污泥形态等的变化,提出了合理可行的预处理方案,主要的预处理方法是以加热为主。在活性污泥的基础上,郑庆柱等<sup>[8]</sup>采用 CABR + SBR 的联合工艺,缩短了启动时间并且研究了该组合工艺对大蒜废水各指标的去除效果。针对大蒜废水的研究普遍有机负荷低,预处理费用高等问题,笔者研究了活性污泥法处理大蒜废水的可行性,对比研究了自然培菌和接种培菌两种培养方式对大蒜废水的处理效果,结合高通量技术分析两种不同驯化方式下污泥的菌群结构,旨在为处理高质量浓度

大蒜加工废水快速驯化方法,实现反应器的快速启动,推动处理高质量浓度大蒜加工废水技术实际应用提供支持。

## 1 试验

### 1.1 试验水质

模拟废水主要是通过模拟实际生产加工中切片清洗和离心分离产生的高质量浓度大蒜加工废水,将市场购来大蒜用榨汁机榨汁备用,配置模拟废水水质如表 1 所示。

表 1 模拟大蒜加工废水水质

Table 1 Simulated wastewater quality in garlic processing

$\rho(\text{COD})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	$\rho(\text{TP})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	$\rho(\text{TN})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	pH
8 000 ~ 950	14 ~ 15	65 ~ 70	6.5 ~ 7.0

### 1.2 分析项目与检测方法

试验检测项目及其检测方法如表 2 所示。

表 2 主要分析项目及检测方法

Table 2 Main analytical items and methods of determination

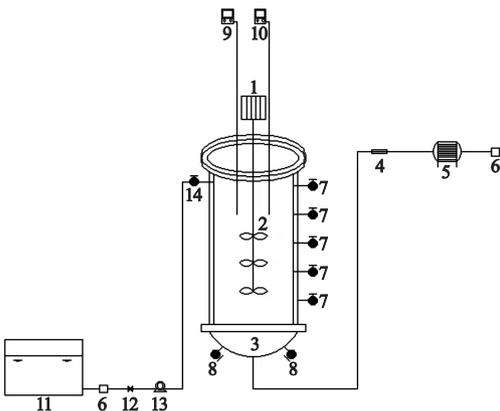
分析项目	检测方法
TN	紫外分光光度法
TP	钼酸盐分光光度法
COD	快速密闭催化消解法
MLSS	滤纸称重法
pH	pHS-25 型 pH 计
DO	HQ40d 型便携数字显示测氧仪

高通量测序分析方法:使用 Qubit 3.0 DNA 检测试剂盒精确定量基因组 DNA,以确定 PCR 反应应加入的 DNA 量,采用引物对 341F ( CCTACGGGNGGCWGCAG ) 与

805R (GACTACHVGGGTATCTAATCC) 对 16SrDNA 基于 V3-V4 区序列进行扩增,第一轮扩增 PCR 体系为 30  $\mu\text{L}$ , 包括 2  $\times$  Taqmaster Mix 15  $\mu\text{L}$ , 前后引物各 1.0  $\mu\text{L}$ , 细菌组的 DNA 10–20 ng, 最后以  $\text{H}_2\text{O}$  补足至 30  $\mu\text{L}$ , 配置好的 PCR 体系按照扩增条件为: 94  $^\circ\text{C}$  首次变性 3 min, 94  $^\circ\text{C}$ 、30 s, 45  $^\circ\text{C}$ 、20 s, 65  $^\circ\text{C}$ 、30 s 进行 5 个循环; 94  $^\circ\text{C}$ 、20 s, 55  $^\circ\text{C}$ 、20 s, 72  $^\circ\text{C}$ 、30 s 进行 20 个循环; 在 72  $^\circ\text{C}$  下延伸 5 min 直到 10  $^\circ\text{C}$ , 随后以 Illumina 桥式 PCR 作为引物, 开始第二轮扩增, PCR 体系和第一轮扩增相同为 30  $\mu\text{L}$ , 同时也包括 2  $\times$  Taqmaster Mix 15  $\mu\text{L}$ , 前后引物各 1.0  $\mu\text{L}$ , 第一次扩增得到产物 20 ng, 最后以  $\text{H}_2\text{O}$  补足至 30  $\mu\text{L}$ , 配置好的 PCR 体系按照扩增条件为: 95  $^\circ\text{C}$  首次变性 3 min, 94  $^\circ\text{C}$ 、20 s, 55  $^\circ\text{C}$ 、20 s, 72  $^\circ\text{C}$ 、30 s 进行 5 个循环; 在 72  $^\circ\text{C}$  下延伸 5 min 至 10  $^\circ\text{C}$  后, 将扩增的样品进行琼脂糖凝胶电泳, 纯化扩增产物, 然后定量混合, 最终的上机测得值为 20 pmol, 最后样品通过 Miseq 测序技术进行高通量测序。

### 1.3 试验装置

缺氧/好氧 SBR 反应器如图 1 所示。



1. 电动搅拌机; 2. 搅拌桨; 3. 微孔曝气盘; 4. 气体流量计; 5. 空气泵; 6. 时控开关; 7. 排水接样口; 8. 排泥口; 9. pH 在线监测仪; 10. DO 在线监测仪; 11. 进水箱; 12. 电磁阀; 13. 水泵; 14. 进水管。

图 1 缺氧/好氧 SBR 反应器

Fig. 1 Anoxic/aerobic SBR reactor

试验采用两个有效容积分别为 15 L 的有机玻璃柱来模拟缺氧/好氧交替运行的 SBR 反应器 A 和 B。由于两个反应器在运行方式和外部结构上完全相同, 故取其中一个做以说明。反应器顶部装有时控开关和电动搅拌机, 在反应器外侧每隔 10 cm 设有一个接样口, 底部设有连接空气泵和时控开关的橡胶曝气盘, 同时还外接了气体流量计用以控制水中溶解氧含量, 在最底端设有两个排泥口, 同时还设有溶解氧在线监测仪和 pH 在线监测仪。

### 1.4 试验运行方式

接种培菌方式主要是将取自城市污水处理厂的污泥去培养和驯化出最适合处理大蒜废水的微生物以及菌群类型<sup>[6]</sup>, 将质量浓度为 4 000 mg/L 左右的种泥接种在 A 号 SBR 反应器中, 调节进水大蒜废水 pH 在 7.0 左右, 以瞬时进水 10 min、厌氧 3 h、好氧 7 h、沉淀 45 min、排水 5 min 的运行模式每天运行两个周期, 连续培养了 60 d。

自然培菌法与接种培菌法最主要的区别就是没有外来种泥的介入, 利用大蒜废水中本身具有的少量微生物驯化出能够适应大蒜废水的微生物和菌群类型<sup>[6]</sup>, 起初将 COD 质量浓度为 5 000 mg/L 左右的大蒜加工废水注入 B 号 SBR 反应器中, 以厌氧 3 h、好氧 7 h、沉淀 45 min 的运行模式反复运行, 经过 21 d 的往复培养, 在反应器底部发现少量沉积物, 然后以瞬时进水 10 min、厌氧 3 h、好氧 7 h、沉淀 45 min、排水 5 min 的运行模式每天运行两个周期, 进水大蒜废水 COD 质量浓度范围控制在 5 000 ~ 9 000 mg/L, 连续运行了 40 d。

## 2 结果分析

### 2.1 两种培菌方式对大蒜废水中 COD 的去除效果

两种培菌方式对高质量浓度大蒜废水 COD 去除效果如图 2 所示。从图 2(a) 可以看出, 接种培菌法初始进水 COD 质量浓度

为 60 mg/L, 运行前 7 d 进水 COD 质量浓度每次递增 20 mg/L 左右, 到第 7 天时 COD 质量浓度由 142.76 mg/L 降到了 20.21 mg/L, COD 去除率为 85.84%, COD 去除率逐渐提高, 同时污泥由棕黑色逐渐变为黄褐色, 表明污泥逐渐适应了大蒜废水水质, 并且其降解能力也逐渐提高, 污泥性状稳定且沉降性较好。大蒜加工废水 COD 去除率稳定在 85% 以上认定接种培菌法污泥驯化成功<sup>[8]</sup>。从第 8 天起, 进水 COD 质量浓度每天约增加 100 mg/L, 反应进行第 48 天时, COD 质量浓度提高 6 129.31 mg/L 降到了 98.29 mg/L, 废水 COD 去除率可达 98.40%, 进水 COD 废水去除率不断提高, 最终稳定在 97% 左右。导致 COD 去除率下降的原因是大蒜素含量随着蒜汁比例的增加而增加, 由于大蒜素的杀菌作用影响了生物活

性使得 COD 去除率有所下降<sup>[9]</sup>。

从图 2(b) 可以看出, SBR 启动 21 d 后, 反应器底部出现少量沉积物, 自然培菌法开始进水, 最初进水 COD 质量浓度为 5 000 mg/L, 试验进水 COD 每天递增 100 mg/L 左右, 第 24 天时废水 COD 质量浓度由 5 180.96 mg/L 降到 672.186 mg/L, COD 去除率为 87.03%, COD 去除率逐渐提高, 且沉积物由白色变为绿色在变为黄褐色且沉降性较好, 至此自然驯化培菌方式启动成功。第 30 天时废水 COD 质量浓度由 6 096.68 mg/L 降到了 106.18 mg/L, COD 去除率为 98.42%, 随着进水 COD 质量浓度的不断提高, COD 去除率开始下降, 并稳定在 88% 左右。下降的原因可能是废水中大蒜素含量增加导致。

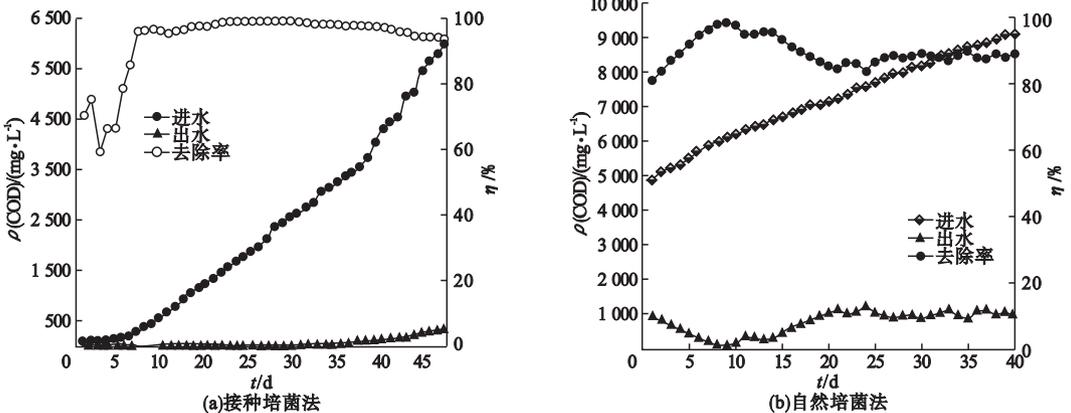


图 2 两种接种方式对 COD 的去除效果

Fig. 2 Removal effect of COD in the reactors with two vaccination methods

## 2.2 两种培菌方法对废水中 TN 的去除效果

生物反硝化分为消化和反硝化两个阶段, 消化是指在氨化细菌的作用下, 将  $BOD_5$  等有机污染物转化为  $NH_3$ , 随后再消化和亚硝化细菌的作用下将  $NH_3$  转化为  $NO_2^-$  和  $NO_3^-$ <sup>[10]</sup>; 反硝化是指在反硝化细菌的作用下, 将消化产生  $NO_2^-$  和  $NO_3^-$  转化为无污染的  $N_2$  最终排放到大气的过程<sup>[11]</sup>, 具体 TN 的处理效果如图 3 所示。反应器 A 和 B 在

缺氧和好氧条件下交替运行, 硝化细菌在好氧条件下将氨氮转化为硝酸氮, 反硝化细菌在处于缺氧状态时将硝态氮转化为  $N_2$ , 以污水中的有机物为碳源, 将其分解到大气中, 完成脱氮过程, 所以 A、B 反应器中总氮的都比比较高。由图 3(a) 可知, A 反应器在连续运行 60 d 后, 出水 TN 平均质量浓度为 1.49 mg/L, 对 TN 的平均去除率为 91.29%。对比图 3(b), B 反应器在连续运行 60 d 后, 出水中 TN 平均质量浓度为 4.0 mg/L, TN 的平均去除率

为 90.31%,接种培养法的去除效果优于自然培养法,其原因可能是接种培养法中存在

活性污泥,微生物具有较好的生活条件和较高的生物活性。

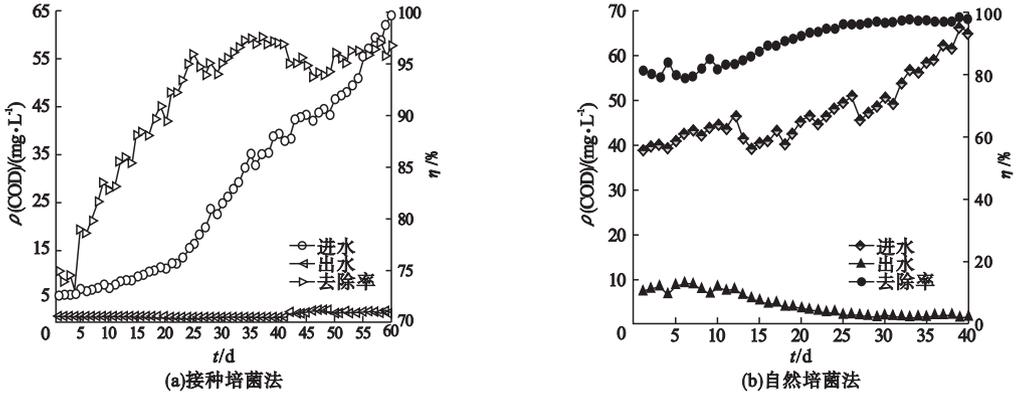


图3 两种接种方法对 TN 的去除效果

Fig. 3 Removal effect of TN in the reactors with two vaccination methods

### 2.3 两种培菌方法对废水中 TP 的去除效果

生物除磷主要是由聚磷菌在厌氧条件自身的 ATP 水解为  $H_3PO_4$  和能量形成 ADP,然后在好氧条件下由于聚磷菌在透膜酶的催化作用下利用厌氧过程产生能量从外部摄取厌氧过程产生  $H_3PO_4$ ,在这个过程中一部分

与 ADP 将结合形成 ATP,另一部分将合成聚磷酸盐储存在细胞内,实现吸磷的作用<sup>[12]</sup>。为了彻底将磷从系统内排除,会不定期地通过预留排泥口将富余的污泥排除,以此达到除磷的目的。具体 TP 的处理效果如图 4 所示。

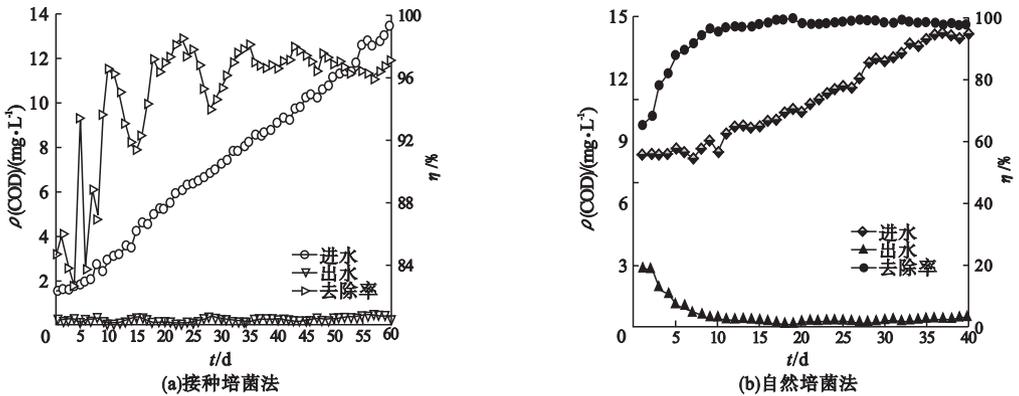


图4 两种接种方法对 TP 的去除效果

Fig. 4 Removal effect of TP in the reactors with two vaccination methods

反应器 A、B 均在厌氧好氧条件下交替运行,聚磷菌在好氧状态下吸磷,停止曝气后排出上清液,聚磷菌吸收的磷随剩余污泥排放,又因为 A、B 反应器中污泥质量浓度较高,聚磷菌吸磷效果明显,因此 A、B 反应器对 TP 的去除率都较高<sup>[13]</sup>。由图 4(a)可知,在 A、B 反应器进水 COD 质量浓度相同的情况下,进水 TP 的质量浓度随着大蒜汁比例

增加而增加,TP 的进水为 8 ~ 14 mg/L,反应器 A 在连续运行 60 d 后出水 TP 平均质量浓度为 0.27 mg/L,此时 TP 的平均去除率为 94.98%。对比图 4(b),反应器 B 在连续运行 60 d 后,出水 TP 的平均质量浓度为 0.37 mg/L,TP 的平均去除率为 94.01%,和反应器 A 的去除效果相近,都可以达到排放标准。

## 2.4 微生物多样性和群落结构分析

### 2.4.1 微生物多样性

试验分别对污水厂种泥(H1),接种培菌法驯化第60 d的污泥(H2),自然培菌法驯化成熟的污泥(H3),进行了高通量测序,经过降噪等过滤后共获得了195 811条有效序列,其中H1、H2、H3样品中有效序列分别为105 289、4 529、44 993条,各样品的微生物多样性指数如表3所示。覆盖率反映测序结果是否代表样本的实际情况,值越高则样本中序列未被检测到的概率越低<sup>[14]</sup>,3个样品的覆盖率都大于0.95,这说明所有样品中测序所得序列能够覆盖绝大部分区域,测序结果可以反应样品的真实情况。在生态学中物种通常用ACE(丰度指数)和Chao1(丰富度估计量)来反应菌群丰度<sup>[15]</sup>,在相似度为97%的条件下,ACE指数 $H1 > H3 > H2$ ,Chao1指数 $H1 > H3 > H2$ ,实际获得OTU(非靶区域序列数目)为 $H1 > H2 > H3$ ,由于测序深度的原因,ACE指数与Chao1指数与实际获得的OTU指数并不完全一致。由于每一个OTU通常被视为一个微生物物种,所以试验以

OTU指数为参比进行分析,从3个样品的OTU指数可以发现,H3生物丰度最低,H1的OTU指数远远大于H2的OTU指数,这是因为大蒜废水中含有的大蒜素对细菌具有灭活和抑制的作用,而H2的OTU指数要大于H3的OTU指数,这是因为从污水厂取来的接种污泥本身含有的细菌总数要大于高质量浓度大蒜废水中所含的细菌总数。

Shannon(多样性指数)和Simpson(辛普森多样性指数)反映样品微生物多样性的常用指标,Shannon值越大,微生物多样性越高,反之Simpson指数值越小,微生物多样性越低<sup>[15]</sup>,从表3可以看出Shannon指数 $H1 > H2 > H3$ ,而Simpson指数 $H1 < H2 < H3$ ,说明H1生物多样性最高,H2中微生物多样性有显著下降,这是由于高质量浓度大蒜废水中含有具有灭活和抑制细菌生长的大蒜素导致在驯化过程中某些种群逐渐减少甚至消失造成的。而H2与H3的污泥微生物多样性相差不大,这可能是由于H2与H3都是以高质量浓度大蒜废水为碳源,所以具有类似的生物多样性。

表3 样品多样性指数表

Table 3 Sample diversity index table

样本 编号	微生物多样性指数						
	Seq num	OTU num	Shannon index	ACE index	Chao1 index	Coverage	Simpson
H1	105 289	7 798	6.38	84 182.82	45 625.45	0.95	6.5e-03
H2	45 529	3 322	4.94	28 191.54	16 691.02	0.95	0.03
H3	44 993	2 071	4.16	46 316.94	18 089.56	0.96	0.04

### 2.4.2 微生物群落结构

表4为经过Miseq高通量测序,经过分析后得到的样品H1、H2、H3中细菌门的分类情况。可以看出,3个样品中的细菌微生物丰度较大,但主要菌门有所差异但也比较相似,在H1中,Proteobacteria所占比例最高,达到了48.53%,其次是Bacteroidetes和Planctomycetes,这3个菌门占了总数的73.15%。而在H2中,Proteobacteria所占比

例依然是最高,达到了45.49%,其次是CandidatusSaccharibacteria和Bacteroidetes这3个菌门占了总数的81.07%。在H3中,Proteobacteria所占比例依然是最高,达到了52.81%,其次是Bacteroidetes和Actinobacteria,这3个菌门占了总数的91.95%,其中Proteobacteria是活性污泥中比较常见的细菌<sup>[16-17]</sup>,金浩等<sup>[18]</sup>研究了污水处理厂活性污泥的微生物多样性,结果表

明活性污泥中 Proteobacteria 菌门比例为 91.9%。由于接种活性污泥是从污水厂取回后闲置了一段时间,低能供应和缺氧/厌氧环境在一定程度上改变了污泥中微生物群落结构。可以看出试验在反应器运行过程中 Planctomycetes、CandidatusSaccharibacteria 以及 Actinobacteria 逐渐成为系统内的主要菌门,对污染物去除发挥各自的作用。此外,对比 H1 与 H2, CandidatusSaccharibacteria 菌门所占比例逐渐提高,从 0.66% 逐渐增长到 24.05%,原有的 Proteobacteria, Bacteroidetes 和 Planctomycetes 菌门比例都有所下降,这说明高质量浓度大蒜加工废水有利于 CandidatusSaccharibacteria 菌门的生长,相反

对 Proteobacteria, Bacteroidetes 和 Planctomycetes 菌门的生长都有一定的影响。从表 4 可以看出 H2 和 H3 活性污泥的微生物群落结构,在 H3 中 Proteobacteria, Bacteroidetes 和 Actinobacteria 菌门所占数均大于 H2 中数量,其中 Actinobacteria 菌门最为显著,前者为 1.72%,后者为 18.04%,说明自然培养法更有利 Actinobacteria 菌门的生长。而 CandidatusSaccharibacteria 菌门在接种污泥系统中比例明显高于自然培养系统,说明自然培菌法所驯化的活性污泥不利于 CandidatusSaccharibacteria 菌门的生长,反映了两种培菌驯化方式在微生物结构上的差异<sup>[19-21]</sup>。

表 4 门水平微生物群落结构

Table 4 In phylum level microbial community structure

细菌名称	细菌在各样品占比/%		
	H1	H2	H3
Proteobacteria	48.53	45.49	52.81
Bacteroidetes	16.38	11.53	21.1
Planctomycetes	8.24	8.08	1.88
Actinobacteria	0.67	1.72	18.04
CandidatusSaccharibacteria	0.66	24.05	0.46

### 3 结 论

(1) 接种培菌法启动只需 7 d, 而自然培菌法启动要 24 d 才能完成。

(2) 接种培菌法和自然培菌法处理模拟大蒜废水对 TN 和 TP 的去除效能相近, 对 COD 去除效果存在差异, 接种培菌法处理模拟大蒜废水 COD 最高阈值为 6 129.31 mg/L, 出水可以达到国家二级排放标准要求, 自然培菌水则达不到要求。

(3) 在“门”和“纲”级别上接种培菌法的污泥样品分别以 Proteobacteria 和 CandidatusSaccharibacteria 两个菌门和 Alphaproteobacteria、unclassified 以及 Planctomyceti 3 个菌纲占主导而自然培菌法的污泥样品分别以 Proteobacteria、Bacteroidetes 和

Actinobacteria 3 个菌门和 Alphaproteobacteria、Actinobacteria、Flavobacteriia 3 个菌纲占主导。

### 参考文献

- [1] 李宇阳, 李嗣生, 卢晓明. 大蒜加工废水处理技术研究进展[J]. 食品工业科技, 2018, 39(2): 325-330.  
(LI Ningyang, LI Sisheng, LU Xiaoming. Proceedings of waste water treatment technology in the processing of garli products [J]. Science and technology of food industry, 2018, 39(2): 325-330.)
- [2] 王加祥. 大蒜加工废水中大蒜素的回收利用[D]. 济南: 山东农业大学, 2016.  
(WANG Jiexiang. Research on the extract of allicin in the garlic waste water [D]. Ji'nan: Shandong Agricultural University, 2016.)
- [3] 汤成莉, 常青, 延卫. 铁炭微电解组合工艺处理大蒜切片废水研究[J]. 环境工程, 2012, 30(增刊 2): 59-63.  
(TANG Chengli, CHANG Qing, YAN Wei. Application of iron-carbon micro-electrolysis integrated process in treatment of garlic waste

- water[J]. Environmental engineering, 2012, 30 (S2):59-63.)
- [4] 王娟,范迪. 微电解法预处理大蒜废水试验研究[J]. 环境工程学报, 2008(7):951-954.  
(WANG Juan, FAN Di. Experimental research on micro electrolysis pre-treatment of wastewater from garlic manufacturing[J]. Chinese journal of environmental engineering, 2008(7):951-954.)
- [5] 冯露. 大蒜加工废水的活性污泥法工艺研究[D]. 南京:南京理工大学, 2010.  
(FENG Lu. Study on the treatment of garlic wastewater by activated sludge system[D]. Nanjing: Nanjing University of Science and Technology, 2010.)
- [6] 傅源,李峰. 大蒜加工废水的活性污泥培养驯化研究[J]. 环境科学与管理, 2016, 41(8):111-115.  
(FU Yuan, LI Feng. Acclimation of activated sludge during treatment of garlic-groccessed wastewater[J]. Environmental science and management, 2016, 41(8):111-115.)
- [7] 傅源,李峰. 大蒜加工废水的SBR工艺研究[J]. 环境保护与循环经济, 2016, 36(1):30-34.  
(FU Yuan, LI Feng. Study on SBR process of garlic processing wastewater[J]. Liaoning urban and rural environmental science and technology, 2016, 36(1):30-34.)
- [8] 郑庆柱,田侠,官品品. CABR+SBR组合工艺处理大蒜生产废水的研究[J]. 工业水处理, 2018, 38(4):49-52.  
(ZHENG Qingzhu, TIAN Xia, GONG Pinpin. Research on the treatment of wastewater from garlic processing by CABR+SBR combined process[J]. Industrial water treatment, 2018, 38(4):49-52.)
- [9] 崔晨,王伯铨,张秋菊,等. 污水生物脱氮除磷新工艺的研究[J]. 地下水, 2011, 33(2):59-62.  
(CUI Cheng, WANG Boduo, ZHANG Qiujun, et al. Research of biological advanced nitrogen and phosphorus removal process on sewage disposal[J]. Underground water, 2011, 33(2):59-62.)
- [10] 夏宏生,向欣. 废水除磷技术及进展分析[J]. 环境科学与管理, 2006(1):125-128.  
(XIA Hongsheng, XIANG Xin. Technology of phosphorus removal for wastewater and development analysis on it[J]. Environmental science and management, 2006(1):125-128.)
- [11] 马智明. 生物脱氮除磷理论与技术进展[J]. 化工管理, 2018(21):179-180.  
(MA Zhiming. Progress in theory and technology of biological nitrogen and phosphorus removal[J]. Chemical enterprise management, 2018(21):179-180.)
- [12] 鲍林林. 反硝化聚磷菌特性与反硝化除磷工艺研究[D]. 哈尔滨:哈尔滨工业大学, 2008.  
(BAO Linlin. Study on the microbiological characteristics and processes of denitrifying phosphorus removal[D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2008.)
- [13] GRBER A, VILLIERS R H, MOSTERT E S, et al. The phenomenon of simultaneous phosphorous uptake and release and its importance in biological nutrient removal[D]. Biological phosphate removal from wastewaters, 1987, 68(4):245-247.
- [14] WANG Q, GARRITY G M, TIEDJE J M, et al. Naive bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy[J]. Applied and environmental microbiology, 2007, 73(16):5261-5267.
- [15] SCHMIEDER R, EDWARDS R. Quality control and preprocessing of metagenomic datasets[J]. Bioinformatics, 2011, 27(6):863-864.
- [16] SUNDBER G C, AI-SOUD W A, et al. 454pyrose quencing analyses of bacterial and archaeal richness in 21full-scale biogas digesters[J]. Fems microbiology ecology 2013, 85(3):612-626.
- [17] FOUTS D E, SZPAKOWSKI S, PURUSHE J, et al. Next generation sequencing to define prokaryotic and fungal diversity in the bovine rumen[J]. Plosone, 2012, 7(11):e48289.
- [18] 金浩,李柏林,欧杰,等. 生物群落多样性研究[J]. 微生物学杂志, 2012, 32(4):1-5.  
(JIN Hao, LI Bailin, OU Jie, et al. Microbial population diversity of activated sludge for wastewater treatment[J]. Journal of microbiology, 2012, 32(4):1-5.)
- [19] 周俊. 反硝化除磷颗粒污泥反应器快速启动及其功能菌群作用机制研究[D]. 武汉:武汉大学, 2016.  
(ZHOU Jun. Research on the fast startup of denitrifying phosphorus removal granular sludge reactor and the mechanism of the function microorganisms[D]. Wuhan: Wuhan University, 2016)
- [20] 李亚峰,朱爱霞,庞晶晶,等. 无机离子对Fenton试剂处理苯酚废水效果影响的研究[J]. 沈阳建筑大学学报(自然科学版), 2006(4):604-608.  
(LI Yafeng, ZHU Aixia, PANG Jingjing, et al. Study on the effect of inorganic ions on the treatment of phenol wastewater by Fenton reagent[J]. Journal of Shenyang jianzhu university (natural science), 2006(4):604-608.)
- [21] GUO H, DANG Y, YAN X, et al. Raising nutrients removal efficiency by improving the internal recycling strategy in an anoxic/oxic-membrane bioreactor package plant[J]. Desalination and water treatment, 2015, 57(23):10815-10825.  
(责任编辑:徐玉梅 英文审校:唐玉兰)