

无动力农村生活污水处理装置中细菌群落组成及多样性的研究

陈欣怡¹, 刘禾培², 耿向永², 蒋永梅^{1,3}, 刘汉焱^{1,3}, 刘高洁^{1,3}, 陈春坛^{1,3}, 秦书丹^{2*}

¹四川文理学院化学化工学院, 四川 达州

²达州市生态环境科学研究院, 四川 达州

³四川文理学院乡村低成本环境治理技术四川省高校重点实验室, 四川 达州

收稿日期: 2025年6月14日; 录用日期: 2025年7月7日; 发布日期: 2025年7月14日

摘要

无动力污水处理装置对小水量的农村污水处理具有广阔的发展前景, 而栖息其中的微生物的种类和结构决定着污水处理效果。为研究无动力农村生活污水处理装置中微生物分布格局, 在不同的时间分别采集装置上层(距进水口0.3 m)和下层(距底部0.1 m)的样品, 采用高通量测序技术分析样品中微生物的群落结构, 并采样统计分析方法对数据进行处理。结果表明, 无动力装置对污水中的COD_{Cr}、NH₃-N、TN、TP去除率分别为76.63%、82.56%、39.95%、17.41%, 无动力农村生活污水处理装置中主要的细菌门为变形菌门(*Proteobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteriota*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*)、酸杆菌门(*Acidobacteriota*), 其中, 变形菌门(*Proteobacteria*)和拟杆菌门(*Bacteroidetes*)对污水脱氮除磷起主要作用, 其相对丰度分别为27.50%~90.96%和0.30%~15.95%。属水平上, 除S1和X1外, 其余水体中优势菌为*norank_f_Rhodanobacteraceae*、*Castellaniella*、红细菌属(*Rhodanobacter*)、*Acidocella*及分枝杆菌属(*Mycobacterium*)。其中第二次下层样品中(X2)微生物组成简单, 主要由变形菌门(*Proteobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteriota*)组成。综上, 无动力污水处理装置中微生物种类丰富, 有利于农村生活污水的处置。

关键词

无动力处理装置, 农村生活污水, 高通量测序, 微生物群落组成

Study on the Composition and Diversity of Bacterial Communities in a Non-Powered Rural Domestic Wastewater Treatment System

Xinyi Chen¹, Hepei Liu², Xiangyong Geng², Yongmei Jiang^{1,3}, Hanyi Liu^{1,3}, Gaojie Liu^{1,3},

*通讯作者。

文章引用: 陈欣怡, 刘禾培, 耿向永, 蒋永梅, 刘汉焱, 刘高洁, 陈春坛, 秦书丹. 无动力农村生活污水处理装置中细菌群落组成及多样性的研究[J]. 水污染及处理, 2025, 13(3): 65-77. DOI: 10.12677/wpt.2025.133009

Chuntan Chen^{1,3}, Shudan Qin^{2*}¹School of Chemistry and Chemical Engineering, Sichuan University of Arts and Science, Dazhou Sichuan²Dazhou Academy of Ecological and Environmental Sciences, Dazhou Sichuan³Key Laboratory of Low-Cost Rural Environmental Treatment Technology at Sichuan University of Arts and Science, Education Department of Sichuan Province, Dazhou SichuanReceived: Jun. 14th, 2025; accepted: Jul. 7th, 2025; published: Jul. 14th, 2025**Abstract**

The non-powered wastewater treatment device holds broad development prospects for small-scale rural wastewater treatment, and the types and structure of microorganisms inhabiting it determine the treatment efficiency. To investigate the microbial distribution patterns in non-powered rural domestic wastewater treatment systems, samples were collected from the upper layer (0.3 m from the inlet) and lower layer (0.1 m from the bottom) of the device at different time points. High-throughput sequencing technology was employed to analyze the microbial community structure in the samples, followed by statistical analysis methods to process the experimental data. The experimental results demonstrate that the non-powered system achieved removal efficiencies of 76.63% for COD_{Cr}, 82.56% for NH₃-N, 39.95% for TN, and 17.41% for TP in wastewater treatment. Microbial community analysis identified *Proteobacteria*, *Actinobacteriota*, *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Chloroflexi*, and *Acidobacteriota* as the dominant bacterial phyla in the non-powered rural domestic wastewater treatment system. Among these, *Proteobacteria* and *Bacteroidetes* were primarily responsible for nitrogen and phosphorus removal, with their relative abundances ranging from 27.50% to 90.96% and 0.30% to 15.95%, respectively. At the genus level, the dominant taxa across all water samples (excluding S1 and X1) included *norank_f_Rhodanobacteraceae*, *Castellaniella*, *Rhodanobacter*, *Acidocella*, and *Mycobacterium*. Notably, the microbial composition in the second lower-layer sample (X2) exhibited significantly reduced diversity, dominated exclusively by *Proteobacteria* and *Actinobacteriota*. In conclusion, the non-powered wastewater treatment system demonstrates rich microbial diversity, which significantly enhances the treatment efficiency of rural domestic sewage.

Keywords**Non-Powered Treatment System, Rural Domestic Wastewater, High-Throughput Sequencing, Microbial Community Composition**

Copyright © 2025 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>

Open Access

1. 引言

农村生活污水是农村居民在日常生产生活中产生的污水,其来源较为广泛[1],是我国农村污染物的重要来源[2]。近年来,随着农村经济的快速发展和城镇化的推进,农村生活污水排放量持续增加,不仅污染水体和土壤,而且严重危害人体健康[3][4]。为实现我国乡村振兴战略,提升农村人居环境,农村生活污水治理需要亟待解决。目前,我国农村生活污水治理率仅为31%,治理水平较低[5],提高生活污水治理水平至关重要。由于农村生活污水面源分布广,不能直接采用城镇污水处理技术,需要因地制宜建立适合当地的农村污水处理技术[6][7]。基于此,研发一套集低成本、低能耗、高效率、收集方便等优点为一体的农村生活

污水处理设备对加快建设美丽乡村非常重要。无动力生活污水处理系统的运行无需其他动力,可对农村分散式生活污水进行处理,维护管理简单,适宜具有自然坡度且有丰富土地资源的村庄,无动力处理技术能更好地适应农村生活污水处理[8]。因此,本研究通过构建三层过滤装置,探究不同处理时间对农村生活污水处理后装置中的微生物群落结构和多样性分析,旨在为该地区生活农村生活污水处理方法提供新思路和新方法。

2. 材料与方法

2.1. 试验设计

无动力污水处理装置图和示意图见图 1。该无动力装置共分为上、中、下三层,其中上下层填充玄武岩棉,中层填充富氧球,其农村生活污水中 COD_{Cr} 、 $\text{NH}_3\text{-N}$ 、 TN 、 TP 的浓度分别为 103.1~185.1 mg/L、4.58~10.58 mg/L、15.32~26.66 mg/L、0.913~1.564 mg/L,为研究无动力污水处理装置中微生物群落分布,分别在 2024 年 5 月、6 月上旬、6 月下旬、7 月上旬采样,采集装置中上层(距进水口 0.3 m)、下层(距底部 0.1 m)两层中的玄武岩棉中微生物作为研究对象,每个点位采集三个样品,迅速装入 10 mL 离心管,迅速带回实验室置于 -75°C 冰箱保存,并送至上海美吉生物公司测样。



Figure 1. Schematic and actual view of the non-powered wastewater treatment system
图 1. 无动力污水处理装置示意图及实物图

2.2. DNA 提取和 PCR 扩增

采用 Power Soil DNA Isolation Kit 试剂盒(MOBIO, 美国)提取 DNA 后用引物 V3-V4 可变区 27F/1492R (5'-AGRGTTYGATYMTGGCTCAG-3'/5'-RGYTACCTTGTTACGACTT-3')进行 PCR 扩增,并进行 16SrDNA 测序。微生物组测序依托上海美吉生物医药科技有限公司完成。

2.3. 数据处理与分析

基于公司处理的原始实验数据,进行群落多样性分析和群落组成分析。群落多样性分析是 Alpha 多样性分析,包括多样性指数和指数组间差异检验,多样性指数分析主要通过多个多样性指数来评估环境样本中微生物群落的丰富度和多样性等信息,并通过组间差异检验探究如对照组和处理组 α 多样性指数的差异性。常用的度量标准有 Chao、Shannon、Ace、Simpson、Coverage; 指数组间差异检验是指通过 α 多样性指数分析可以得到群落中物种的丰富度、多样性和覆盖度等信息,运用组间差异检验方法,检测每两组及以上之间的 Alpha 多样性指数值是否具有显著性差异。群落组成分析是进行物种 Venn 图分析以及绘制群落 Bar 图,其

中 Venn 图分析是统计多组或多个样本中所共有和独有的物种(如 ASV)数目, 可用来发现不同环境样本组中的独有物种, 可作为寻找对照组与处理组微生物 biomarker 的方式之一; 根据群落 Bar 图, 可以直观呈现两方面信息: (1) 各样本在某一分类学水平上含有何种微生物; (2) 样本中各微生物的相对丰度(所占比重)。

3. 结果与讨论

3.1. 无动力装置对污水的处理效果

根据秦书丹等发表的基于无动力污水处理装置的生活污水处理效果研究[9], 本无动力污水处理装置的 COD_{Cr} 进水浓度在 103.1~185.1 mg/L 之间, 平均进水浓度为 133.4 mg/L, 出水浓度在 10.54~56.86 mg/L 之间, 平均出水浓度为 31.04 mg/L, 对 COD_{Cr} 的去除率达到 76.63%; NH₃-N 进水浓度在 4.58~10.58 mg/L 之间, 平均进水浓度为 8.35 mg/L, 出水浓度在 0.99~2.32 mg/L 之间, 平均出水浓度为 1.46 mg/L, 对 NH₃-N 的去除率达到 82.56%; TN 进水浓度在 15.32~26.66 mg/L 之间, 平均进水浓度为 20.80 mg/L, 出水浓度在 5.53~19.87mg/L 之间, 平均出水浓度为 12.49 mg/L, 对 TN 的去除率达到 39.95%; TP 进水浓度在 0.913~1.564 mg/L 之间, 平均进水浓度为 1.258 mg/L, 出水浓度在 0.727~1.314 mg/L 之间, 平均进水浓度为 1.042 mg/L, 对 TP 的去除率达到 17.41%。其出水水质均满足《农村生活污水处理设施水污染物排放标准》DB51/2626-2019 中的一级标准, 这表明无动力污水处理装置对农村污水的处理效果较理想。

3.2. 不同样品微生物群落多样性分析

Table 1. Mean values of microbiota α -diversity indices

表 1. 微生物群落 α 多样性指数平均水平

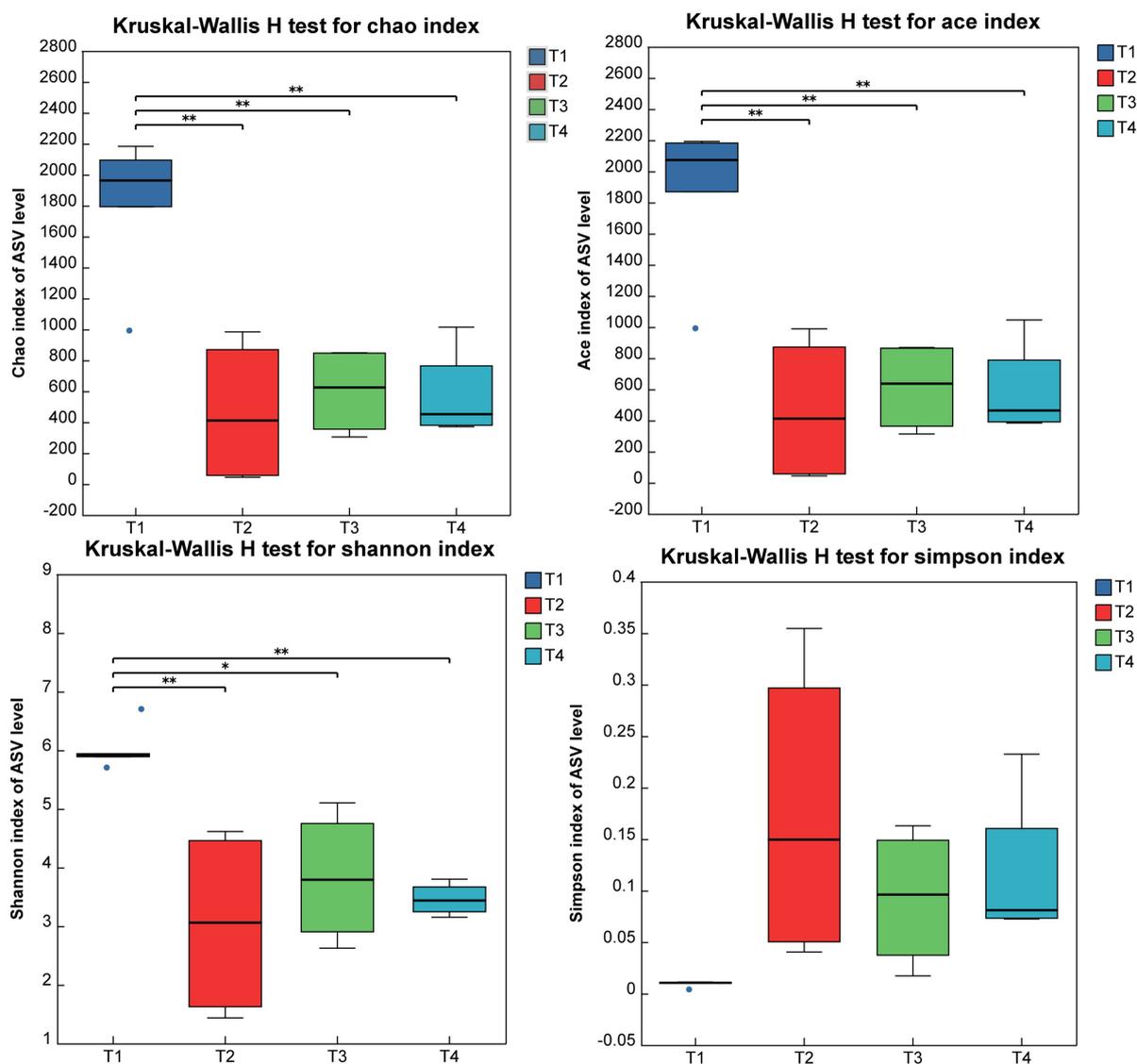
样品	ACE 指数	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
S1	2044.35	1949.50	5.84	0.0106
S2	871.14	868.80	4.46	0.0502
S3	363.06	354.45	2.90	0.1488
S4	787.29	763.70	3.67	0.1524
X1	1586.60	1587.355	6.31	0.0072
X2	56.59	55.45	1.62	0.2966
X3	863.72	846.01	4.75	0.0372
X4	390.57	379.67	3.24	0.0809

注: S 表示上层, X 表示下层, 数字代表取样时间, 如: 1、2、3、4 分别代表第一、二、三、四采样, 下同。

微生物群落多样性, 是通过单样品的多样性分析(α 多样性)反映微生物群落的丰富度和多样性, 包括一系列统计学分析指数估计环境群落的物种丰度和多样性。其中 Chao1 指数和 ACE 指数用来表征物种的丰富度[10][11], Shannon 指数和 Simpson 指数用来表征物种的多样性[12][13]。Chao1 指数和 ACE 指数数值越大, 表明微生物群落丰度越高。微生物群落 α 多样性如表 1 所示, 结果表明, 对于上层来说, 第一次采样的微生物群落丰富度最高, 第二次和第四次采样的微生物群落丰富度相近, 第三次采样的微生物群落丰富度最低; 对于下层来说, 第一次采样的微生物群落丰富度最高, 第二次采样的微生物群落丰富度最低; 对比相同时间的上下层来说, 除第三次样之外其余几次样上层的微生物群落丰富度均高于下层。Shannon 指数数值越大, 表明微生物群落多样性越高, Simpson 指数数值越大, 表明微生物群落多样性越低。结果表明, 对于上层来说, 第一次与第二次采的样的微生物群落多样性相近, 第三次与第四

次的微生物群落多样性相近,且第一次与第二次采的样的微生物群落多样性高于第三次与第四次采的样;对于下层来说,第一次采的样的微生物群落多样性最高,第二次采的样的微生物群落多样性最低;对比相同时间的上下层来说,第一次与第三次采的样的微生物群落多样性上层低于下层,第二次与第四次采的样的微生物群落多样性上层高于下层,说明除了第二次样的下层之外的微生物群落多样性相差不大,该环境也比较适合于微生物的生长繁殖。

3.3. 不同采集时间微生物群落多样性分析



注: T1 表示第一次采集样品, T2 表示第二次采集样品, T3 表示第三次采集样品, T4 第四次采集样品。

Figure 2. Analysis of microbial community diversity at different sampling times

图 2. 不同采集时间微生物群落多样性分析

采用 α 多样性分析可以得到群落中物种的丰富度、多样性和覆盖度等信息,运用组间差异检验方法,检测每两组及以上之间的 α 多样性指数值是否具有显著性差异。对每个样点进行 α 多样性分析,得到一系列估计群落物种丰富度和多样性的指数,并按时间进行分组展示(见图 2)。装置中第一次采样的 Chao1、

Ace、Shannon 和 Simpson 指数(平均值 \pm 标准差)分别为 1805 ± 477.4 、 1861 ± 503.2 、 6.028 ± 0.3874 、 0.00924 ± 0.002993 , 装置中第二次采样的 Chao1、Ace、Shannon 和 Simpson 指数(平均值 \pm 标准差)分别为 462.1 ± 478.9 、 463.9 ± 480 、 3.041 ± 1.648 、 0.1734 ± 0.1501 , 装置中第三次采样的 Chao1、Ace、Shannon 和 Simpson 指数(平均值 \pm 标准差)分别为 600.2 ± 286.8 、 613.4 ± 292 、 3.827 ± 1.128 、 0.09299 ± 0.06748 , 装置中第四次采样的 Chao1、Ace、Shannon 和 Simpson 指数(平均值 \pm 标准差)分别为 571.7 ± 301.7 、 588.9 ± 311.1 、 3.456 ± 0.2777 、 0.1166 ± 0.07749 , 表明该装置中各时间段细菌的丰富度和多样性均处于较高水平。其中, 第一次采样的细菌丰富度和多样性最高, 其余几次采样的细菌丰富度和多样性处于一个相差不大的水平, 这说明随着无动力生活污水处理时间的延长, 水体中微生物多样性和丰富度相似。差异性分析结果表明, 在丰富度上, 第一次采的样与后面三次采的样存在显著性差异($P < 0.01$); 在多样性上, Shannon 指数显示第一次采的样与后面三次采的样之间有显著性差异($P < 0.01$)。由分析结果可以推测在第一次采样时细菌丰富度和多样性处于一个较高水平, 随着处理时间的延长, 细菌群落丰富度与多样性逐渐下降, 并趋于一个稳定状态。

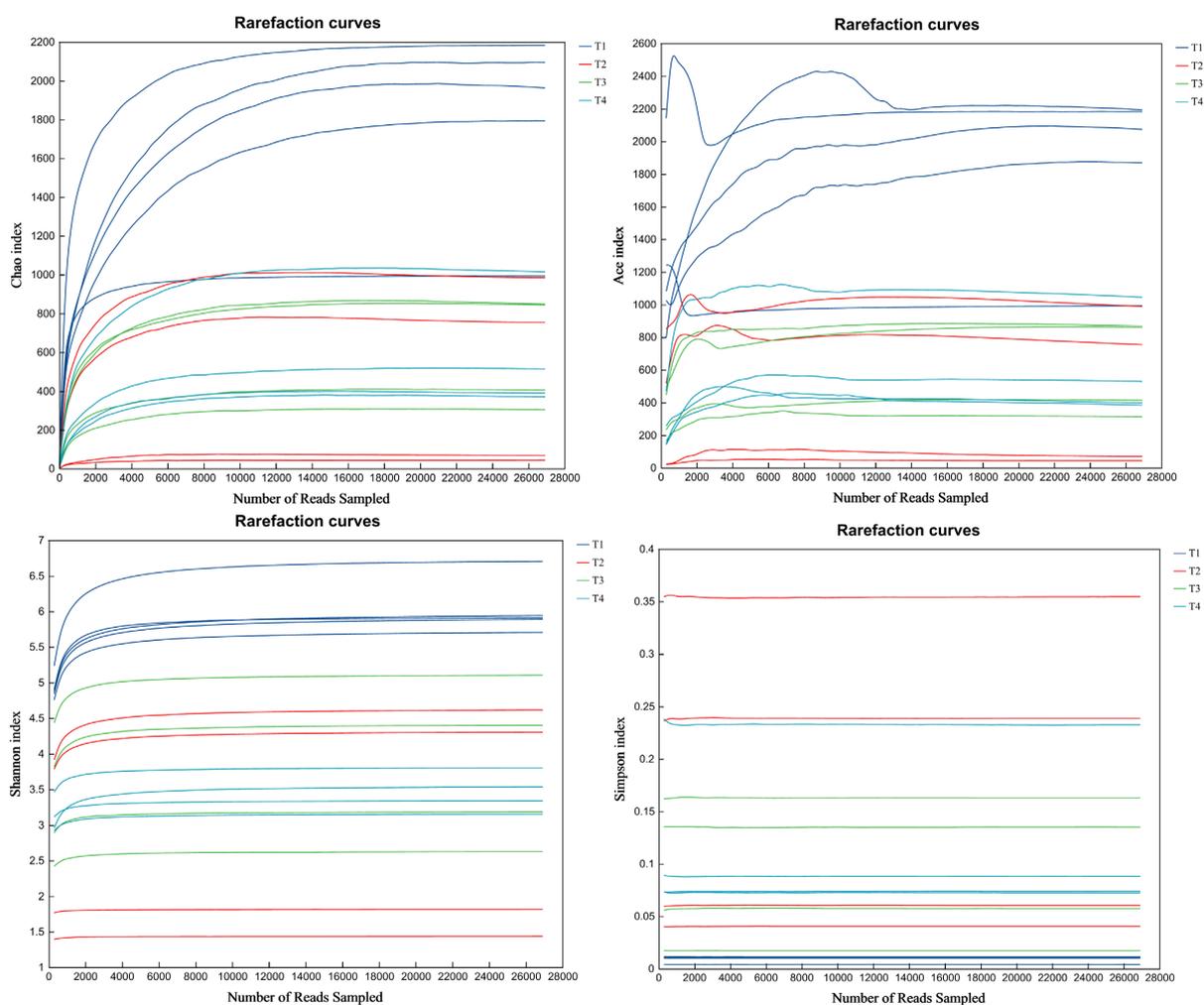


Figure 3. Analysis of dilution curves in microbial samples at different sampling times

图 3. 不同采样时间微生物样本稀释曲线分析

由图 3 稀释曲线分析可知, 横坐标表示随机抽取的测序数据量, 纵坐标为 Chao1、Ace、Shannon 和 Simpson 指数, 不同采样时间微生物样本的多样性指数随着测序数据量增加, 稀释曲线逐渐趋于平

坦, 这表明本次试验的测序数据量足够大, 可以反映样本中绝大多数的微生物信息, 说明测序数据量合理。

3.4. 微生物群落 Venn 图分析

图 4 为基于门水平的微生物群落 Venn 图分析结果。从图中可知, 门水平上, 不同采样时间下样品组共有的 OTU 序列为 22 个, T1、T2、T3、T4 独有的 OTU 序列分别为 7、0、2、0, 其中第一次采样的独有 OTU 最大, 其余采样时间下独有或共有 OTU 相差不大。在不同时间取样的共有的物种数所占比例较高, 说明了在整个试验进行过程中微生物处于一个相对平稳的状态, 环境变化不大。

图 5 为基于属水平的微生物群落 Venn 图分析结果。从图中可知, 属水平上, 不同采样时间下样品组共有的 OTU 序列 243 个, T1、T2、T3、T4 独有的 OTU 序列分别为 397、19、105、46, 第一次与第三次采样组独有的 OTU 序列较多。总体而言, 微生物共有的 OTU 序列数较高, 微生物存在类型差异不大。

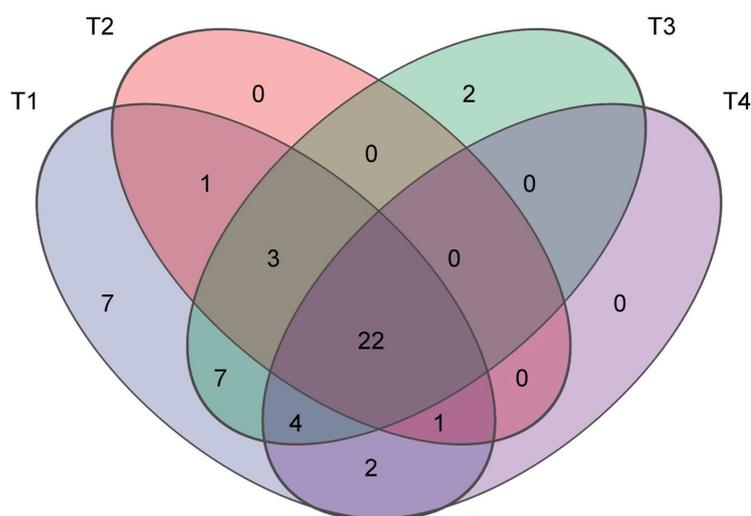


Figure 4. Analysis of Venn diagram of microbial communities at different sampling times at the phylum level

图 4. 门水平上不同时间微生物群落 Venn 图

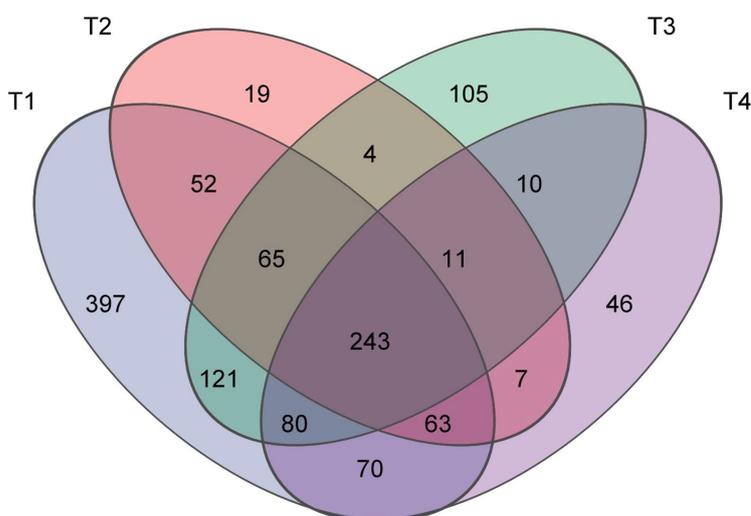
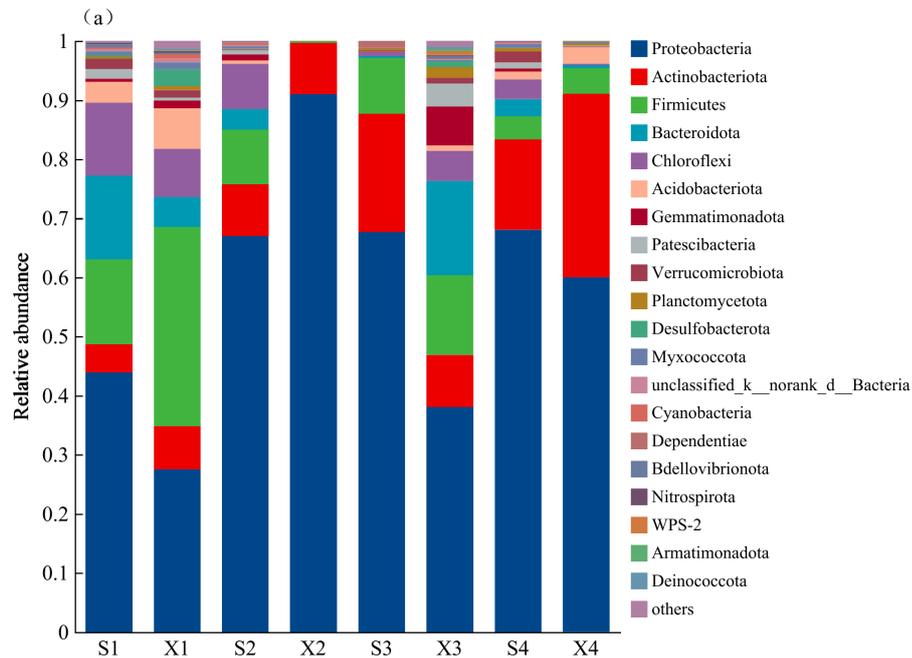


Figure 5. Analysis of Venn diagram of microbial communities at different sampling times at the genus level

图 5. 属水平上不同时间微生物群落 Venn 图

3.5. 微生物群落组成特征



注：S 表示上层，X 表示下层，数字代表取样时间，如：1、2、3、4 分别代表第一、二、三、四采样，下同。

Figure 6. Analysis of microbial community composition at the phylum level

图 6. 门水平微生物群落组成

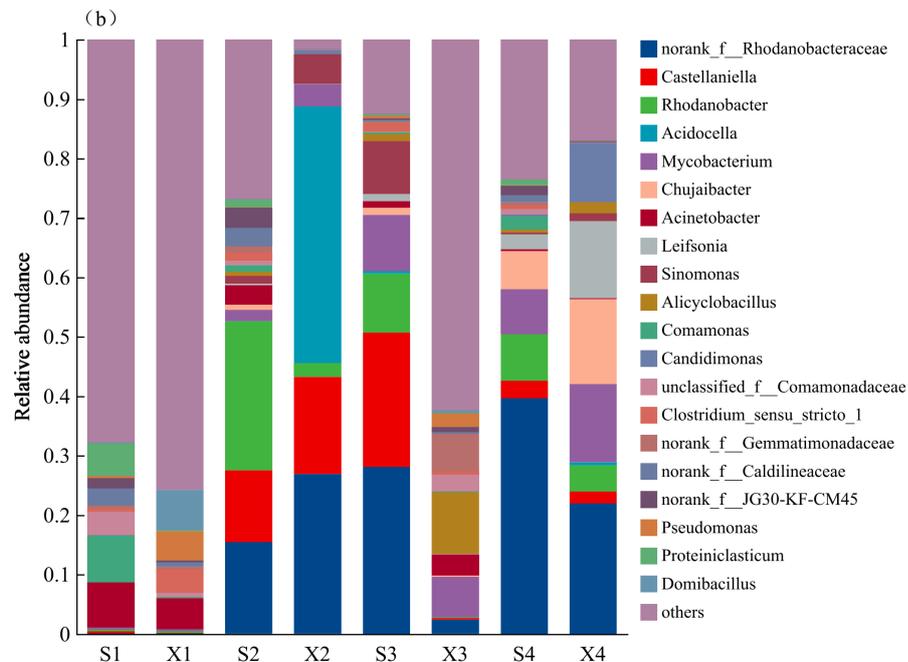


Figure 7. Analysis of microbial community composition at the genus level

图 7. 属水平的微生物群落组成

门水平上的微生物群落组成及相对丰度如图 6 所示，生活污水中优势菌门分别为变形菌门

(*Proteobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteriota*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*)、酸杆菌门(*Acidobacteriota*)、芽单胞菌门(*Gemmatimonadota*)，相对丰度分别为27.50%~90.96%、4.73%~31.06%、3.89%~33.76%、0.30%~15.95%、0.16%~12.39%、0.04%~6.88%、0.02%~6.58%，其余门的相对丰度较低。其中变形菌门(*Proteobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteriota*)为水体中第一优势菌门和第二优势菌门。无动力装置中，除了S1外，其余样品中变形菌门(*Proteobacteria*)的相对丰度相同，X2中变形菌门(*Proteobacteria*)相对丰度最高，这说明第二次采样后上层中变形菌门(*Proteobacteria*)处于一个平稳的占比状态，而下层的话相对丰度在第二次样品达到最高，房昫昊等[14]在人工湿地中也发现了该属。变形菌门是最常见的反硝化菌门[8]，该门能够降解有机物，这在污水处理中具有非常重要的作用。第二次样品中的放线菌门(*Actinobacteriota*)与X3中相对丰度相同，X4中的相对丰度最高，X1中的相对丰度最低，可以看出上层样中的放线菌门(*Actinobacteriota*)的相对丰度逐渐增高，在第四次样品时开始降低，而下层中放线菌门(*Actinobacteriota*)的相对丰度是随着处理时间的延长呈上升的趋势。放线菌门是革兰氏阳性菌，可以分解纤维素等复杂有机物，同时释放氮素，对污水中脱氮有一定的贡献[15]。X1样品中厚壁菌门(*Firmicutes*)相对丰度最高，第二次与第三次上层样品中厚壁菌门(*Firmicutes*)相对丰度一样，X2中厚壁菌门(*Firmicutes*)相对丰度最低，可以看出厚壁菌门(*Firmicutes*)上层样品中的相对丰度随着处理时间的延长呈下降的趋势，而X2中厚壁菌门(*Firmicutes*)相对丰度最低，除第二次样以外，其余上层样品中的厚壁菌门(*Firmicutes*)的相对丰度比下层样中的高。厚壁菌门(*Firmicutes*)可以分解吸附水体中的有机、无机污染物，在硝化作用和反硝化作用中起到重要作用[16][17]。X2没有出现拟杆菌门(*Bacteroidetes*)，X3中的拟杆菌门(*Bacteroidetes*)相对丰度最高，这说明随着处理时间的延长，水体中氧气含量减少，导致拟杆菌门相对丰度增加，该门在缺氧条件下可以降解水体中的有机物[18]。绿弯菌门(*Chloroflexi*)相对丰度随着处理时间的延长呈先下降后上升的趋势，其中在第一次上层样品中最高，X4最低，随着处理时间的延长。同一处理时间下，下层酸杆菌门(*Acidobacteriota*)相对丰度高于上层，其中第一次下层样品中最高，X3样品相对丰度最低，随着处理时间的延长，酸杆菌门(*Acidobacteriota*)相对丰度呈先下降后上升的趋势，说明经过处理后环境因素改变影响了酸杆菌门的相对丰度。芽单胞菌门(*Gemmatimonadota*)一般在沉积物中为优势菌，而在水体中极少为优势菌[19]，本研究发现芽单胞菌门相对丰度较低，这与邹沈娟[20]研究不一致，可能水体中含氮量少，抑制其生长。总体而言，第二次下层样品微生物种类最少，优势菌门分别为变形菌门(*Proteobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteriota*)，第三次上层样品优势菌门变形菌门(*Proteobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteriota*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)。

属水平上水体中微生物相对丰度如图7所示，优势菌主要为 *norank_f_Rhodanobacteraceae* (2.38%~39.64%)，*Castellaniella* (0.07%~22.63%)，红细菌属(*Rhodanobacter*) (0.13%~25.08%)，革兰氏阴性杆菌(*Acidocella*) (0.40%~43.19%)，分枝杆菌属(*Mycobacterium*) (0.35%~13.18%)，*Chujaibacter* (0.25%~14.34%)，不动杆菌属(*Acinetobacter*) (0.09%~7.55%)，*Leifsonia* (0.08%~12.97%)，*Sinomonas* (0.05%~8.91%)，脂环酸芽胞杆菌(*Alicyclobacillus*) (0.55%~10.36%)，全程硝化菌(*Comamonas*) (0.17%~7.91%)，*Candidimonas* (0.01%~9.95%)，*unclassified_f_Comamonadaceae* (0.03%~3.99%)，*Clostridium_sensu_stricto_1* (0.09%~3.98%)，*norank_f_Gemmatimonadaceae* (0.01%~6.27%)，*norank_f_Caldilineaceae* (0.25%~3.12%)，*norank_f_JG30-KF-CM45* (0.10%~3.38%)，*Pseudomonas* (0.09%~4.94%)，*Proteinclasticum* (0.06%~5.53%)，*Domibacillus* (0.01%~6.75%)。随着处理时间的延长，*norank_f_Rhodanobacteraceae* 相对丰度呈上升的趋势。卡斯特兰尼氏菌属(*Castellaniella*)相对丰度在X1中最低，在S3中最高，随着处理时间的延长，卡斯特兰尼氏菌属(*Castellaniella*)相对丰度呈先上升后下降的趋势，该属常出现在土壤或污泥中[21]，水体中鲜见报道。罗河杆菌属(*Rhodanobacter*)相对丰度在S2中最高，在X3中最低，*Rhodanobacter* 是典型的自养反硝化菌属[22]，在反硝化作用中具有重要的作用。*Acidocella* 相对丰度在

X2 中最高,而在其他样品中相对丰度较低甚至没有出现,可能与 X2 中 pH 低于其余样品有关, *Acidocella* 为严格好氧菌,常出现在酸性水体中[23][24]。分枝杆菌属 (*Mycobacterium*)相对丰度在 S1 和 X1 中较低且相近,随着处理时间的延长,样品中分枝杆菌属(*Mycobacterium*)相对丰度呈上升的趋势,分枝杆菌属 (*Mycobacterium*)是具有传染性的致病菌[25],这表明合适的无动力装置处理生活污水时间非常重要。朱氏杆菌属(*Chujaibacter*)相对丰度在 X4 中最高,在 X1 和 X2 中没有检测到朱氏杆菌属(*Chujaibacter*),随着处理时间的延长,朱氏杆菌属(*Chujaibacter*)相对丰度呈上升的趋势,说明无动力生活污水装置处理有利于朱氏杆菌属(*Chujaibacter*)富集。不动杆菌属(*Acinetobacter*)的相对丰度在 S1 最高,在上层中呈逐渐下降的趋势,而在下层中没有明显的规律。雷弗松氏菌属(*Leifsonia*)的相对丰度在 X4 最高,而在 X1 和 X2 中没有出现赖氏菌属(*Leifsonia*),随着处理时间的延长,赖氏菌属(*Leifsonia*)的相对丰度呈上升的趋势,这促进了生活污水中藻类生长[26]。中华单胞菌属(*Sinomonas*)的相对丰度在 S3 最高,而在 X3 中最低,中华单胞菌属(*Sinomonas*)属于放线菌门(*Actinobacteria*),与硝化活性呈反比[27]。脂环酸芽胞杆菌 (*Alicyclobacillus*)在 S1、X1、X2 中没有出现,这可能是经过处理后未发现脂环酸芽胞杆菌 (*Alicyclobacillus*),该菌能氧化含硫化物[28]。全程硝化菌(*Comamonas*)相对丰度在 S1 最高,在其他样品中该属相对丰度较低甚至没有出现,这可能是经过处理,降低了水体氨氮含量,这与陈圩等[29]研究结果一致。*Candidimonas* 相对丰度在 X4 中最高,而在其他样品中相对丰度较低, *Candidimonas* 有反硝化作用,能够氧化有机物[30]。*unclassified_f_Comamonadaceae* 相对丰度在 S1 中最高,其次为 X3,其余样品中相对丰度均小于 1%,随着处理时间的延长, *unclassified_f_Comamonadaceae* 相对丰度下降, *unclassified_f_Comamonadaceae* 属于反硝化菌[31],说明处理时间会影响 *unclassified_f_Comamonadaceae* 富集。*Clostridium_sensu_stricto_1* 是 *Firmicutes* 中的菌属,属于梭菌目,在水中鲜见报道,常见于粪便中[32],本研究发现,在 X1 中最高, X2 中最低,这是因为生活污水来源可能有养殖企业污水的排入。*norank_f_Gemmatimonadaceae* 相对丰度在 X3 中最高, X2 中未发现 *norank_f_Gemmatimonadaceae*,其余样品中该属相对丰度小于 1%。*norank_f_Caldilineaceae* 相对丰度在 X4 中最高,这是因为无动力装置处理后有利于 *norank_f_Caldilineaceae* 富集, *norank_f_Caldilineaceae* 可能是潜在的 COD 降解菌[33],而在 S1 和 S2 中相对丰度相差不大。*norank_f_JG30-KF-CM45* 相对丰度在 S2 中最高,而随着处理时间的延长, *norank_f_JG30-KF-CM45* 逐渐演替被其他菌代替。假单胞菌属(*Pseudomonas*)相对丰度在 X1 中最高,而在 X2 和 S4 中并未发现该属。解蛋白质菌(*Proteiniclasticum*) 在 S1 中最高,在 X2 和 X4 并未出现,这可能是由于水体中存在具有脱氮作用的土著微生物[34]。房间芽孢杆菌属(*Domibacillus*)相对丰度在 X1 最高,而在其他样品中相对丰度小于 1%。总体而言,第一次样品中 *norank_f_Rhodanobacteraceae*、*Acidocella*、*Chujaibacter*、*Leifsonia*、*Sinomonas*、*Alicyclobacillus*、*Candidimonas* 均未出现,多数为好氧细菌,随着处理时间的延长,水体中微生物群落演替发生巨大变化。而其中的 *Sinomonas* 也有可能是它生长缓慢所致, *Alicyclobacillus* 属于耐高温菌,后面出现可能是与温度有关, *Candidimonas* 属于嗜温型的细菌,且在 30°C 左右生长最佳[12],所以推测温度影响 *Candidimonas*。在 X2 和 X4 中 *Comamonas*、*norank_f_Caldilineaceae*、*Proteiniclasticum* 未出现, X2 中 *Chujaibacter*、*Leifsonia*、*Alicyclobacillus*、*Comamonas*、*unclassified_f_Comamonadaceae*、*Pseudomonas*、*norank_f_Caldilineaceae*、*norank_f_Gemmatimonadaceae*、*norank_f_JG30-KF-CM45*、*Proteiniclasticum* 均未出现,这说明经过无动力装置处理后第二次下层样品中微生物群落演替相对简单且稳定,适合生活污水的处理。

3.6. 细菌群落 NMDS 分析

非度量多维尺度分析(NMDS)是基于相异矩阵或距离矩阵进行排序分析的间接梯度分析方法。对不同时间上下层总的细菌群落结构差异进行 NMDS 分析,结果见图 8。结果显示, $stress < 0.2$, 说明

图形具有一定解释意义,可以看到各时间段细菌群落聚集呈现显著区别,每一时间段之间各样本距离较远,说明装置内微生物群落结构的空间差异较大,除第一次样之外,其余几次样聚集间的置信椭圆虽有重叠,但仍可明显看出各时间段差异明显,说明微生物群落结构存在明显的差异,第一次、第二次与第四次样本间差异主要来自于 NMDS1 维度,而第一次与第三次样本间差异主要来自于 NMDS2 维度。

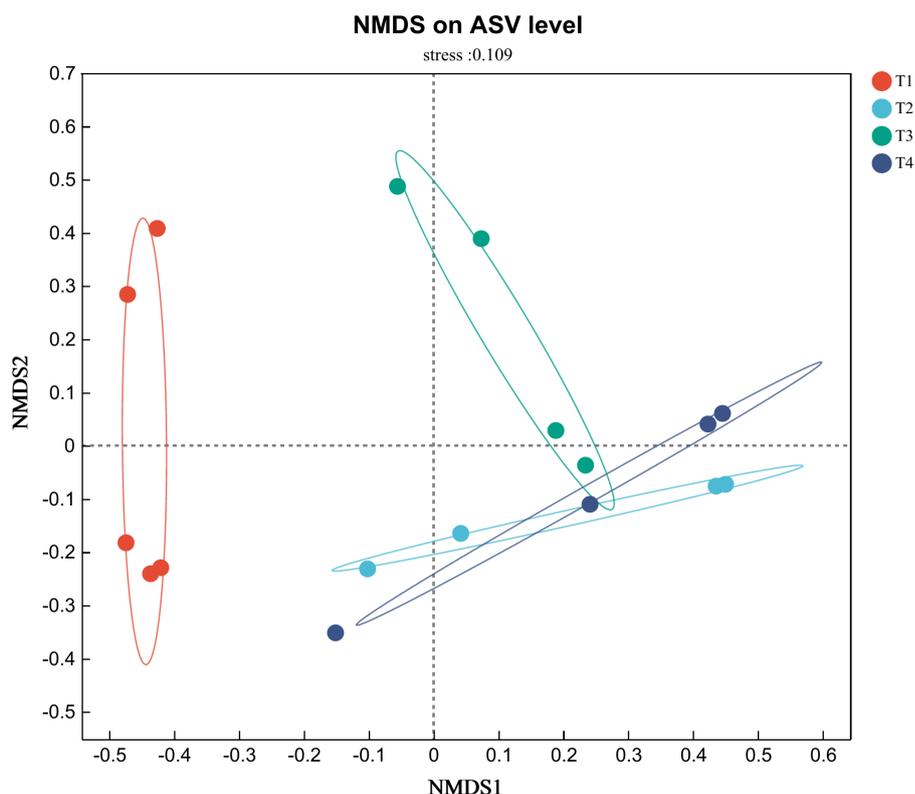


Figure 8. NMDS analysis of overall structure of upper and lower layer bacterial communities at different sampling times

图 8. 不同时间总的上下层细菌群落结构 NMDS 分析

4. 结论

生活污水经无动力装置处理后,不同处理时间水体中群落组成及多样性有明显的差异。变形菌门(*Proteobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteriota*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*)、酸杆菌门(*Acidobacteriota*)等优势细菌门的相对丰度在不同处理时间之间均表现出显著差异,其中 X2 中微生物组成简单,主要由变形菌门(*Proteobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteriota*)组成。除 S1 和 X1 外,其余水体中优势菌为 *norank_f_Rhodanobacteraceae*、*Castellaniella*、红细菌属(*Rhodanobacter*)、*Acidocella* 及分枝杆菌属(*Mycobacterium*),其中 X2 中微生物组成相对简单,主要由 *norank_f_Rhodanobacteraceae*、*Castellaniella*、*Acidocella* 组成。

基金项目

达州市科技计划项目重点研发计划项目:农村无动力污水处理设备的研制及其应用示范(生态环保)(22ZDYF0048)。

大学生创新创业项目(省级): 无动力农村生活污水处理设备关键技术与应用研究(S202510644108)。

参考文献

- [1] 杨军辉, 闵淑芬. 农村生活污水治理问题研究——以宁乡市为例[J]. 农业灾害研究, 2024, 14(1): 247-249.
- [2] 谢林花, 吴德礼, 张亚雷. 中国农村生活污水处理技术现状分析及评价[J]. 生态与农村环境学报, 2018, 34(10): 865-870.
- [3] 董龙周, 王清涛. 农村生活污水治理现状及治理技术探讨[J]. 河北农业, 2024(1): 26-27.
- [4] 施春红, 江嘉诚, 张玉琦, 等. MBR 处理农村生活污水及膜污染控制研究进展[J]. 水处理技术, 2024, 50(2): 20-25.
- [5] 车璐璐, 何军, 王夏晖, 等. 我国农村生活污水治理问题研究[J]. 环境保护, 2024, 52(1): 39-43.
- [6] 陈咄圳, 赵建军, 郑向群. 一种无动力·蒸发式农村生活污水处理新技术及其工程应用[J]. 农业资源与环境学报, 2019, 36(5): 570-574.
- [7] 胡光楠. 乡村振兴背景下农村污水治理技术应用现状及发展研究[J]. 中国资源综合利用, 2019, 37(3): 99-101.
- [8] 蒙俊龙. 农村生活污水生态滤池的污染物沿程变化规律及微生物群落结构研究[D]: [硕士学位论文]. 绵阳: 西南科技大学, 2024.
- [9] 秦书丹, 刘禾培, 杨学全, 等. 基于无动力污水处理装置的生活污水处理效果研究[J]. 城镇建设, 2023, 6(12): 221-223.
- [10] 蒋旭瑶, 吉喜燕, 黄德英, 等. 不同植物类型复合垂直流人工湿地根系微生物群落结构的研究[J]. 农业环境科学学报, 2019, 38(1): 176-183.
- [11] 马凤娟, 孙杰, 徐培智, 等. 生防菌 XP1 对香蕉枯萎病防效及土壤细菌群落多样性的影响[J]. 南方农业学报, 2019, 50(9): 1981-199.
- [12] 王雪琳, 刘金福, 何中声, 等. 格氏栲林窗土壤微生物群落功能多样性季节动态特征[J]. 北京林业大学学报, 2020, 42(7): 77-88.
- [13] 余晨兴, 林洪, 苏玉萍, 等. 闽江口-平潭海域有机解磷菌多样性及群落特征[J]. 应用生态学报, 2021, 32(5): 1863-1872.
- [14] 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.
- [15] 张筱, 程梦奇, 程梦雨, 等. 人工湿地中植物对低盐度养殖废水处理效果[J]. 上海海洋大学学报, 2021, 30(6): 1024-1033.
- [16] 刘建军, 曹安全, 彭玖华, 等. 微生物菌剂对土壤微生物及烤烟产量和质量的影响[J]. 浙江农业科学, 2025, 66(1): 79-85.
- [17] Kumar, M., Ou, Y.-L. and Lin, J.-G. (2010) Co-Composting of Green Waste and Food Waste at Low C/N Ratio. *Waste Management*, 30, 602-609. <https://doi.org/10.1016/j.wasman.2009.11.023>
- [18] 孙晓辉. 腐殖质对人工湿地反硝化脱氮及其微生物群落结构的影响研究[D]: [硕士学位论文]. 重庆: 重庆大学, 2022.
- [19] Gupta, A.K., Rangrez, A.Y., Verma, P., et al. (2009) Phylogenetic Profiling of Bacterial Community from Two Intimately Located Sites in Balramgari, North-East Coast of India. *Indian Journal of Microbiology*, 49, 169-187. <https://doi.org/10.1007/s12088-009-0034-9>
- [20] 邹沈娟. 湖北省三座湖泊水体和沉积物微生物群落特征的研究[D]: [硕士学位论文]. 武汉: 华中农业大学, 2019.
- [21] 钟思铭. 动植物生物炭对污泥堆肥中重金属和磷协同转化的影响机制[D]: [硕士学位论文]. 广州: 广州大学, 2024.
- [22] 郑蕾, 吴浩鸣, 王雪, 等. 铁-碳共基质环境对污水铁型反硝化效率和微生物群落的影响[J]. 中国环境科学, 2024, 44(10): 5472-5480.
- [23] 马甜. 富营养化水体微表层覆膜的形成过程与影响因素[D]: [硕士学位论文]. 绵阳: 西南科技大学, 2024.
- [24] Li, C., Pan, G., Wang, X., et al. (2021) The Effects of Non-Metallic Organic Tanning Agents on the Microbial Community Structure in Wastewater. *Journal of Cleaner Production*, 279, Article 123553. <https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2020.123553>
- [25] 张明, 金熠杰, 张驰, 等. 微塑料暴露对铜锈环棱螺抗氧化酶活性及肠道微生物组成的影响[J]. 杭州师范大学学

报(自然科学版), 2024, 23(6): 565-571.

- [26] 刘卫星. 市政污水中能源微藻组合培养提升生产力的研究[D]: [博士学位论文]. 南京: 东南大学, 2022.
- [27] 周奇, 韩培培, 侯雅男, 等. 长期二硫化碳胁迫下硝化污泥微生物菌群变化[J]. 环境工程, 2024, 42(3): 51-57.
- [28] 张允. 硫酸盐还原菌 *Citrobacter sp.* strain YS1 对酸性煤矸石的修复实验研究[D]: [硕士学位论文]. 徐州: 中国矿业大学, 2023.
- [29] 陈圩, 杨萧帆, 王成刚, 等. 沸石原位生物再生强化短程硝化处理高氨氮废水[J]. 工业水处理, 2024, 44(10): 165-173.
- [30] 高艳娟, 岳秀萍, 段燕青, 等. 厌氧反硝化产甲烷体系中喹啉与吡啶共基质的降解特性[J]. 中国环境科学, 2019, 39(10): 4150-4156.
- [31] 鞠鸿林. 磁性低膨胀蛭石强化好氧颗粒污泥形成及稳定性机制研究[D]: [硕士学位论文]. 青岛: 青岛理工大学, 2023.
- [32] 白丽莎, 艾比布拉·伊马木, 汪梦洁, 等. 棉渣生物饲料对育肥牛生长性能、瘤胃发酵参数、血液指标及瘤胃和直肠菌群结构的影响[J]. 动物营养学报, 2024, 36(11): 7097-7107.
- [33] 李耀先. 四氧化三铁纳米颗粒对好氧颗粒污泥的形成及长期稳定的影响研究[D]: [硕士学位论文]. 青岛: 青岛理工大学, 2022.
- [34] 韩奕彤, 罗育池, 王刚, 等. 典型离子型稀土矿区氮污染地下水原位微生物修复技术研究[J]. 环境科学研究, 2024, 37(11): 2391-400.