

基于宏基因组学的污水管道污染物生物降解机制研究

张梓璇^{1,2}, 沈鹏飞^{1,2}, 郑月³, 王立⁴, 武楷⁴, 刘鸣燕^{1,2}, 李旭芳^{1,2}, 尹海龙³

(1. 中国铁工投资建设集团有限公司; 2. 中国中铁生态环境专业研发中心; 3. 同济大学环境科学与工程学院; 4. 鹰潭铁工环境建设投资有限公司)

摘要:以实际重力流污水管道为研究对象,借助宏基因组学技术解析了污水输送过程中污染物衰减的微生物作用机制。研究表明:沿管道污水流向,有机物降解菌与反硝化功能菌的相对丰度持续上升,硝化功能菌丰度则整体偏低;管道上游微生物优先降解简单含碳有机物,下游逐步转向分解脂肪酸等复杂含碳有机物,该代谢过程主要依靠糖酵解与三羧酸循环提供能量;管道沿程反硝化反应不断强化,是水体中含氮污染物含量降低的主要原因;管道末端逆坡结构会造成产甲烷菌及相关功能基因富集,有机物产甲烷过程进一步削减了含碳污染物的含量。基于上述机制,可通过优化污水处理厂运行参数、定期监测并清理管道沉积物、改造逆坡管段等方式,削弱污水输送阶段的污染物生物降解效应,有效提升污水处理厂进水污染物含量。

关键词:污水管道;沉积物;污染物衰减;微生物群落结构;宏基因组学

Study on biodegradation mechanism of pollutants in sewage pipelines based on metagenomics//Zhang Zixuan^{1,2}, Shen Pengfei^{1,2}, Zheng Yue³, Wang Li⁴, Wu Kai⁴, Liu Mingyan^{1,2}, Li Xufang^{1,2}, Yin Hailong³ (1. China Tiegong Investment & Construction Group Co., Ltd.; 2. Eco-Environmental Research and Development Center of China Railway Group-Limited; 3. College of Environmental Science and Engineering, Tongji University; 4. Yingtan Tiegong Environmental Construction Investment Co., Ltd.)

Abstract: Taking actual gravity-flow trunk sewers as research objects, this study adopted metagenomic technology to explore microbial mechanism underlying pollutant attenuation during wastewater transportation. The results show that along sewer flow direction, relative abundance of organic matter-degrading bacteria and denitrifying functional bacteria increases continuously, while that of nitrifying functional bacteria remains at a low level. Microorganisms in upstream section preferentially degrade simple carbon-containing organic compounds, and those in downstream section gradually decompose complex carbon-containing organics such as fatty acids. This metabolic process is mainly powered by glycolysis and tricarboxylic acid cycle. The progressively enhanced denitrification along sewers is primary cause for decline of nitrogen-containing pollutants. In addition, adverse slope at sewer end leads to enrichment of methanogens and related functional genes. Methanogenesis of organic matters further decreases content of carbon-containing pollutants. According to above mechanisms, optimizing operational parameters of wastewater treatment plants, regularly monitoring and removing sewer sediments, and reconstructing adverse slope sections can mitigate biodegradation of pollutants during wastewater transportation and effectively raise influent pollutant concentration of wastewater treatment plants.

Key words: sewer; sediment; pollutant degradation; microbial community structure; metagenomics

污水管网是城市排水系统的核心组成部分,主要负责收集、输送城市污水,并将其归集至污水处理厂进行集中处理,对改善城市水环境质量具有重要作用。同时,污水管网除基础的输污输水功能外,还可作为管式生化反应器。污水在管网沿程输送过程中,污染物会发生自然生化降解,不仅造成污水处理

厂进水污染物含量降低^[1-2],进水可生化性变差,还会导致污水处理工艺效能难以充分发挥^[3-5]。国内外多项现场研究表明,根据污水管网服务范围、污染源分布等因素影响,污水管网中化学需氧量(COD)的沿程衰减幅度可达6%~37%^[6-9]。因此,系统探究污水管道的生化反应作用机制、揭示管内污染物自然

基金项目:中国铁工投资建设集团有限公司科技研究开发项目(CTICK-2022-重大-002);中国中铁股份有限公司2023—2024年度科技研究开发计划项目(2023-重大-22);长江经济带生态环境国家工程研究中心科技研究开发项目(04002531742)

作者简介:张梓璇(1999—),女,工程师,主要从事污水处理与水环境综合治理研究。E-mail: zixuan_zhang@163.com

通信作者:尹海龙(1976—),男,教授,博士,主要从事城镇排水系统优化设计与运行研究。E-mail: yinhailong@tongji.edu.cn

衰减的内在机理,对阐明污水处理厂低进水污染物含量成因、实现污水处理提质增效具有重要的理论意义。

旱季污水收集管网多为重力流工况,管内水流流速偏小,形成由水体与沉积物共同构成的多介质环境。污水中丰富的营养物质,可促进微生物在沉积物表面附着繁殖并形成生物膜,为污染物降解创造有利条件。Li 等^[10]研究表明,重力流污水管道内污染物的微生物降解速率显著高于压力流污水管道,根源在于前者生物量更大、降解活性更强;Chen 等^[11]通过对实际污水管道进行连续监测发现,流经管道的污水水质发生了变化,并定量分析了沉积物与污水中的微生物对污染物降解作用的占比;Tanaka 等^[12]发现,管道沉积物、管壁生物膜以及污水都含有与污染物降解有关的微生物,而溶解氧(DO)含量是决定易生物降解有机物去除效果的关键因子;Jin 等^[13]发现,污水管道中功能微生物的分布可诱导基质转化,导致小分子有机物在管道末端积累;Fierer 等^[14]基于宏基因组研究了下水道管网中 17 个位置的废水微生物群落变化,结果显示,在污水中发现的多数微生物类群源自下水道管壁生物膜与管道沉积物,同时印证了宏基因组学方法在建立微生物群落及其功能属性等多方面的应用价值。

现有相关研究多依托实验室装置、中试模拟系统以模拟城市污水,重点探究污水管道沉积物的微生物类群演替与功能菌富集规律,鲜有从基因组层面深入解析污染物迁移转化路径及功能基因对降解过程的影响,也缺乏针对实际运行工况下污水管道污染物降解机制的系统性阐释。鉴于此,本文以实际重力流污水管道为研究对象,开展基于宏基因组学的污水管道污染物降解微生物作用机制研究,揭示污水管道中污染物生物降解转化的成因,以期为污水管网运行调控提升污水处理厂进水污染物含量提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

江西省鹰潭市某新兴开发区采用分流制排水系统,污水管道布置如图 1 所示。选取该地区 1 号泵站下游至污水处理厂段污水主干管作为研究对象。该管段于 2012 年建成,总长约 3.56 km,管径为 800~1 100 mm,平均管道坡度约为 0.1‰。目前该地区已开发地块主要位于南部,即管道汇水范围。2 号、4 号泵站下游污水管道污水收集量偏低,因此 1 号泵站下游污水管道输送的污水成为污水处理厂进水的主体来源。

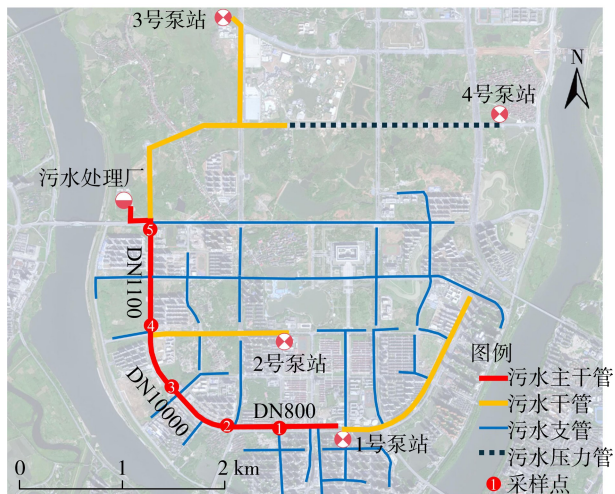


图 1 研究区概况及采样点位置

Fig. 1 Schematic diagram of study area and sampling points

2023 年围绕污水治理提质增效开展的污水管道物探测表明,研究区污水管道无严重的破损问题,因此可以基本排除地下水稀释作用对污水管道沿程污染物含量变化的影响。此外,由于该区域采取雨污分流的排水体制,且调查的污水管道沿途收集范围以新建小区为主,现场排查进一步表明基本不存在雨水错接到污水管道的问题,因此基本可排除雨天降雨径流稀释作用对污水管道水质的影响。

然而,该污水处理厂旱天进水 COD 质量浓度仅为 150 mg/L 左右,远低于原生活污水质量浓度,表明污水管道内发生了明显的污染物衰减。因此,本文针对该污水管道旱天时的污染物衰减作用机制进行分析。

1.2 样品采集与分析

1.2.1 采样点布设

取样时间为 2023 年 11 月,取样时温度为 $(26.0 \pm 1.2)^\circ\text{C}$ 。如图 1 所示,在调查的污水管道沿程共设置 5 个采样点采集污水水样,水样分别以 S1~S5 表示,每日分别于 8:00、12:00、18:00 定时取样,连续采集 3 d,各采样点共采集 9 组水样;在采样点 1、3、4、5 同步采集管道沉积物样品,沉积物样品分别以 SS1、SS3、SS4、SS5 表示,每个采样点选取临近的 3 座检查井各取 1 组沉积物样品用于平行分析。同时,在 5 个采样点安装管道流量计,以分析污水管道的流量变化并计算污水的流动时间。

1.2.2 样品采集与预处理

污水水样采用有机玻璃水样采集器采集,所有样品采集后于 4℃ 冰箱中储藏保存,以待后续测试分析。Xu 等^[15]研究发现,当污水中营养物质充足时,管壁及沉积物表面的生物膜会不断生长,通常在 20~50 d 成熟且相对稳定。重力流污水管道内生物

膜主要附着于沉积物表面,富含有机物质和微生物^[16],因此选择在沉积物与污水交界面处进行沉积物取样。使用抓斗式采泥器采集沉积物样品,并用16目筛网对沉积物样品进行筛分,以去除大块颗粒杂质。所有样品采集后于-20℃冰箱中储藏进行后续分析。

1.2.3 常规水质指标分析

对于采集的污水水样,水质检测指标包括COD、TN、DO、氧化还原电位(ORP)。COD和TN分别采用HJ 828—2017《水质 化学需氧量的测定 重铬酸盐法》和HJ 636—2012《水质 总氮的测定 碱性过硫酸钾消解 紫外分光光度法》测定;DO和ORP采用便携式水质多参数分析仪(AQUAREAD AP-2000)现场测定。

1.2.4 宏基因组分析

沉积物样品采用十六烷基三甲基溴化铵法(CTAB)提取基因组DNA,借助Agilent 2100(Agilent公司,美国)检测DNA的浓度、完整性与纯度;使用NEBNext® Ultra™ DNA文库制备试剂盒(NEB公司,美国)构建DNA文库。DNA样品检测合格后,利用Covaris超声波破碎仪(Covaris公司,美国)将样品碎片化至350碱基对(bp)大小,再经末端修复、加A尾、加测序接头、片段筛选、聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)扩增及纯化,完成整个文库制备工作。进一步扩增PCR,PCR产物通过AMPureXP系统(Beverly公司,美国)进行纯化,采用Agilent 5400系统(Agilent公司,美国)评估文库质量,最后通过QPCR(实时荧光定量PCR, 1.5 nmol/L)对文库浓度进行定量。根据有效文库浓度及目标数据量,将符合条件的文库上机测序。

采用Illumina Novaseq平台对测序样本进行双端测序。为保证后续分析的可靠性,先对原始测序数据进行质量控制、去除宿主序列等预处理,以获取后续分析的有效序列;然后利用Kraken2软件并结合美国国家生物技术信息中心微生物核酸数据库,比对并计算样本中所含物种的序列数,并通过Bracken方法预测样本中物种的实际相对丰度,借助HUMAn2软件、DIAMOND工具将质量控制和去宿主之后的序列与蛋白质数据库(UniRef 90)进行比对^[17],得到各个功能数据库的注释信息和相对丰度表(相对丰度以每百万个基因组拷贝数(CPM)进行标准化处理);最后基于BLASTP程序,将非冗余基因集序列、京都基因与基因组百科全书(Kyoto encyclopedia of genes and genomes, KEGG)的基因数据库进行比对(<https://www.genome.jp/kegg/>),获得基因对应的KEGG功能^[18]。

2 结果与分析

2.1 污水管道污染物质量浓度变化

污水管道5个采样点的污染物质量浓度变化如图2所示。污水管道沿程的DO质量浓度由0.8 mg/L(S1)逐渐降低至0.04 mg/L(S5),表明污水管道由缺氧环境逐步转变为厌氧环境,这与污水流动过程中污染物的分解对DO的消耗有关。此外,管道坡度较缓导致管道中沉积物不断累积,微生物附着在管壁及沉积物表面并逐渐生长形成生物膜,为污染物降解创造了条件^[16,19]。

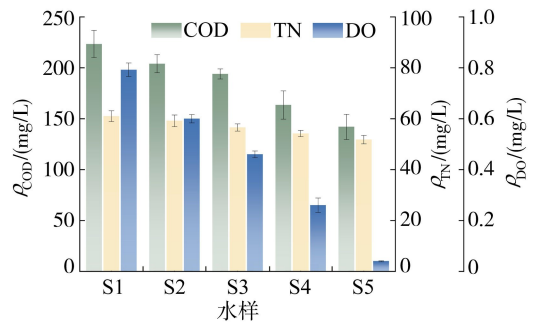


图2 污水管道污染物和DO质量浓度沿程变化
Fig. 2 Spatial profiles of pollutant indicators and dissolved oxygen along sewer

由图2可知,污水管道沿程COD质量浓度由224 mg/L降至142 mg/L, TN质量浓度由61.0 mg/L降至51.8 mg/L,分别下降了36.6%和15.1%,污水管道中COD和TN质量浓度下降与管道的生化反应器效应有关。

根据现场管道流量计的流量监测结果,管道充满度为50%~70%,采样点1—2、2—3、3—4、4—5之间管段的平均流速分别约为0.51、0.30、0.18、0.39 m/s,相应4个管段之间的流动时间分别为0.20、0.69、1.12、0.75 h。

以一级反应动力学拟合,得到COD和TN质量浓度随流动时间变化的拟合公式:

$$\rho_{\text{COD}} = 227 \exp(-0.153t) \quad (R^2 = 0.85) \quad (1)$$

$$\rho_{\text{TN}} = 61.4 \exp(-0.062t) \quad (R^2 = 0.95) \quad (2)$$

式中: ρ_{COD} 、 ρ_{TN} 分别为COD和TN的质量浓度; t 为污水流动时间,与污水管道长度和流量有关。式(1)(2)表明, ρ_{COD} 和 ρ_{TN} 的拟合结果良好(相关系数达0.85以上),符合污染物衰减的一级反应动力学假定。

2.2 沉积物中微生物群落分布特征与污染物降解分析

2.2.1 界水平

基于宏基因组学的微生物群落分析结果如图3所示。界水平上,污水管道沉积物微生物群落以细

菌相对丰度最高,占比为 84%~94%,古菌相对丰度为 6%~15%,真菌与病毒等微生物占比不足 1%,表明细菌在污水管道污染物衰减过程中发挥了主导作用^[20]。污水管道 4 个采样点沉积物样品中细菌相对丰度波动较小,但整体呈逐步上升的趋势,说明污水管道微生物的多样性沿程发生了变化,随着流动时间的延长,微生物逐渐增多。古菌的相对丰度整体呈逐渐下降趋势,说明细菌的大量繁殖对古菌有一定的抑制作用,管道环境更有利于细菌的生长繁殖。

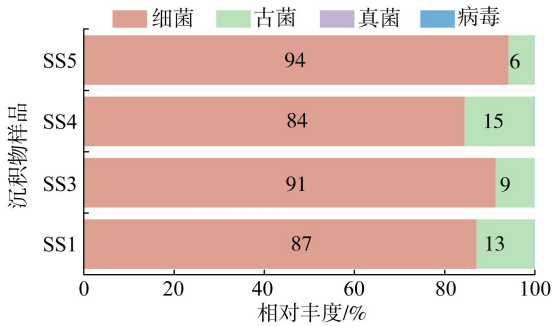


图 3 污水管道沉积物界水平微生物群落分布
Fig. 3 Taxonomic distribution of sewer sediments at kingdom level

SS4 中细菌的相对丰度降低,而古菌相对丰度增多(15.4%±0.2%),该现象与采样点 3—4 管段在逆坡的结构密切相关。逆坡结构导致水流速度下降,污水中 DO 质量浓度逐渐减小,管道内部环境逐步转变为厌氧状态。此时,管道内的生化条件与厌氧反应器相似^[21],为古菌的生长繁殖提供了有利条件。现场监测数据进一步印证了该推断:在采样点 1、3、4、5 处,污水中的 ORP 分别为(-96.1±5.0)、(-149.5±6.9)、(-230.4±8.1)、(-178.1±5.9) mV,对应的 DO 质量浓度分别为(0.80±0.03)、(0.46±0.03)、(0.12±0.02)、(0.04±0.02) mg/L。采样点 4 处 ORP 和 DO 均出现厌氧环境的拐点,促进了古菌尤其是产甲烷古菌的生长,并抑制了需氧或兼性厌氧的细菌群落^[22]。

2.2.2 属水平

筛选相对丰度前 20 作为代表性功能菌属,如图 4 所示。相对丰度最高的前 3 个细菌为 *Micropruina* (7.0%~15.9%)、*Acidovorax* (4.9%~8.6%) 和 *Thauera* (1.5%~7.2%),是污水管道中常见的细菌。*Micropruina* 可以在厌氧条件下吸收糖和氨基酸储存为糖原^[23],其在 SS1、SS3、SS4、SS5 中的相对丰度分别为 7.0%、15.1%、15.2%、15.9%,说明污水流动时间的延长有利于 *Micropruina* 的富集。*Acidovorax* 可以降解大分子有机物,并为反硝化聚磷菌提供碳源^[24],其相对丰度沿管道呈上升趋势,并在采样点 5 达到峰值,相对丰度为 8.6%。

Micropruina 与 *Acidovorax* 在管道内的富集,表明其是污水管道中导致 COD 降低的主要功能微生物,其相对丰度变化与图 2 一致。此外,*Micropruina* 与 *Acidovorax* 的富集也为污水管道反硝化过程提供了碳源。而 *Acidovorax* 在 SS4 中相对丰度降低,说明逆坡导致的厌氧环境抑制了其富集。

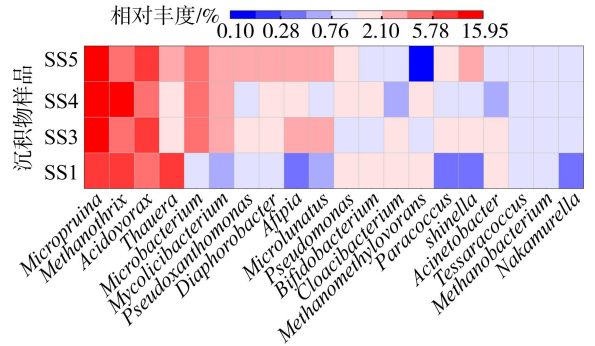


图 4 污水管道沉积物在属水平的微生物群落分布
Fig. 4 Taxonomic distribution of sewer sediments at genus level

管道中还检测到产甲烷菌 (*Methanothrix*) 与硫酸盐还原菌 (*Mycolicibacterium*)。 *Methanothrix* 在缺氧条件下对醋酸盐具有较高亲和力,能够通过水解醋酸产生 CH_4 ^[25]; *Mycolicibacterium* 能够以 SO_4^{2-} 作为有机物降解的末端电子受体产生 H_2S 。 *Methanothrix* 相对丰度在采样点 4 最高,与界水平类似,因采样点 3—4 管段坡度变缓甚至逆坡导致水流变缓,形成一个更适宜其生存的环境,而 *Methanothrix* 消耗 COD 产生甲烷的过程是采样点 5 处 COD 降低的原因之一。

污水管道硝化细菌丰度均低于 0.3%,说明管道的缺氧/厌氧条件抑制了硝化细菌的生长繁殖。*Thauera* 属于变形菌门,是能够积累 NO_2^- -N 的兼性厌氧反硝化细菌^[26],同时可以产生胞外多糖和蛋白质,有助于维持颗粒结构并抵抗冲刷^[27],在采样点 1 处相对丰度最高,是采样点 1 的优势菌群。*Acidovorax*^[28]、*Thauera*^[26]、*Microbacterium*^[29]、*Pseudoxanthomonas*^[30]、*Diaphorobacter*^[31] 和 *Afipia*^[32] 为管道内主要的反硝化功能菌,其在管道中的不断富集促进了反硝化作用,使管道污水中的含氮有机物不断降低;总相对丰度在采样点 4 处最低,仅为 15.8%,原因在于采样点 4 处产甲烷菌的富集和发酵对反硝化的主要群落产生了一定的负面影响^[33]。

Percheron 等^[34] 研究表明, *Methanothrix* 可通过快速竞争乙酸等短链挥发性脂肪酸,削弱反硝化菌的电子供体供应;高浓度硫化物与发酵产物可直接抑制反硝化酶系活性,从而降低完整脱氮效率并造成中间体累积。Yan 等^[35] 发现,下水道微生物群落

具有较高的产甲烷潜力,会加剧碳源在产甲烷菌和反硝化菌之间的分配竞争。此外,Zhou 等^[36]研究发现,以 *Methanotrix* 为代表的产甲烷菌可借助种间直接电子传递高效利用乙酸,改变底物代谢分配路径,重塑底物流向,致使在某些情形下甲烷代谢既表现为对反硝化的竞争/抑制,也可能通过耦合代谢路径影响总体的碳氮循环(竞争与耦合并存)。因此,采样点 4 微生物群落的变化,可能是管道逆坡诱导的氧化还原环境改变、产甲烷菌与发酵代谢共同作用的结果。

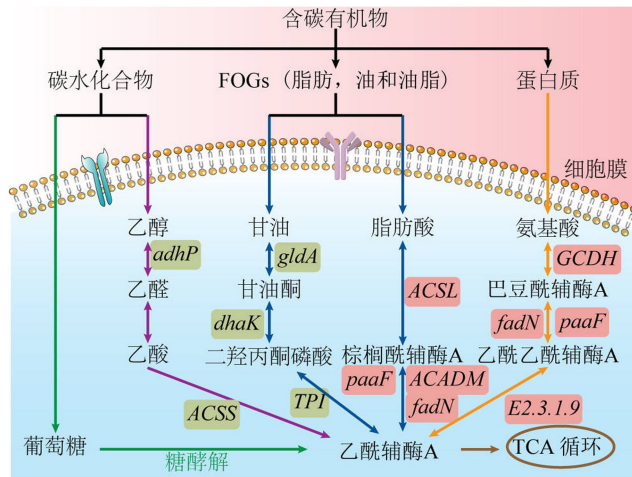
可见,污水管道沉积物中与有机物水解相关的功能菌是管道的优势菌群,导致管道中 COD 质量浓度降低,并为反硝化作用提供碳源,进而使污水中 TN 质量浓度也不断降低。而采样点 4 缓流形成的环境使原本占优势的水解菌(*Acidovorax*)与反硝化功能菌(*Thauera*)逐渐被抑制,并被产酸产甲烷菌和硫酸盐还原菌取代,其富集可进一步分解水解和发酵产物中的难降解有机物,增强复杂有机物的利用率。

2.3 基因丰度与含碳有机物生物衰减途径

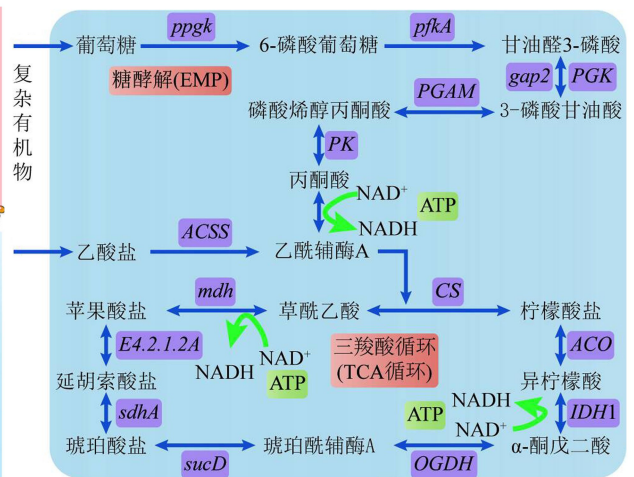
在 KEGG 第四等级对应的代谢通路上获得各个直系同源基因簇(KO)的具体注释信息,将所有 KO 数据映射到 KEGG 含碳有机物的代谢通路,结果如图 5 所示。微生物群落具备降解各类复杂有机物的遗传潜力。如图 5(a)所示,蛋白质、碳水化合物

物,以及脂肪、油脂等(FOGs)大分子有机物,首先在胞外或周质空间被水解为氨基酸、葡萄糖、脂肪酸和甘油等小分子单体;从上游(采样点 1)至中游(采样点 3),与乙醇、甘油等结构简单且易利用的发酵产物代谢相关的基因,如乙醇脱氢酶(*adhP*)和甘油激酶(*gldA*,*dhaK*)等丰度显著上升(图 5(c))。可见,在污水管道中段,微生物群落优先利用上游发酵产生的简单底物进行快速生长和繁殖。然而,采样点 4 多数基因的丰度出现了明显的拐点式下降,这可能与采样点 3—4 管段逆坡相关,从而导致流速减缓,大量有机固体物质在该处(采样点 4 上游)异常沉积。这种沉积原因是上游沉积物强烈的厌氧发酵产生了高浓度的挥发性脂肪酸、硫化氢等抑制性代谢产物,并对采样点 4 的微生物群落活性造成了严重胁迫^[37-38]。经历采样点 4 的波动,微生物群落在下游采样点 5 表现出强大的功能恢复。与脂肪酸(*ACSL*,*ACADM*,*fadN*)和氨基酸(*GCDH*)等复杂有机物代谢相关的基因丰度显著上升,甚至超过采样点 3,说明在污水管道中游,结构简单的碳源被消耗后,下游的微生物群落会开启针对更复杂底物的降解,以持续维持其生命活动。

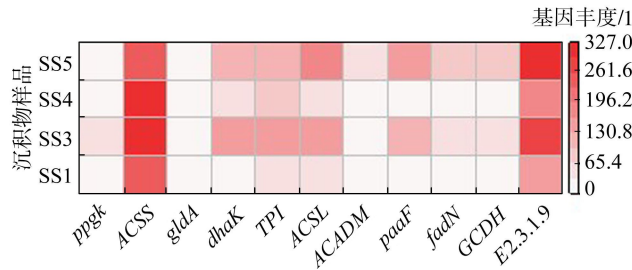
在后续的分解代谢中,糖酵解和三羧酸(tricarboxylic acid,TCA)循环是微生物代谢和能量生成的核心(图 5(b))。糖酵解是利用碳水化合物



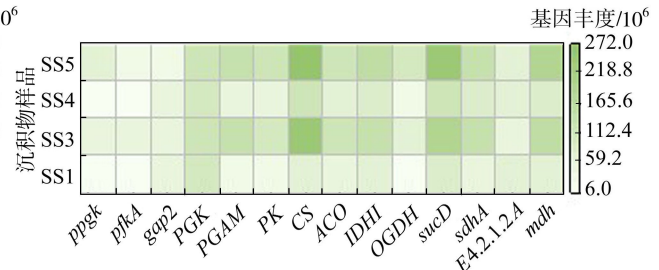
(a) 主要含碳有机物代谢途径



(b) 糖酵解和三羧酸循环途径



(c) 主要含碳有机物基因丰度



(d) 糖酵解和三羧酸基因丰度

图 5 污水管道沉积物中主要含碳有机物转化途径与相关基因丰度

Fig. 5 Key carbonaceous organics transformation pathways and abundance of genes in sewer sediments

最基础和关键的途径,其中,聚磷酸葡萄糖激酶(*ppgk*)催化葡萄糖磷酸化,是碳源利用的第一步(图5(d)),其基因丰度在采样点1、2、3逐渐上升,但在采样点3—4管段有所下降,这可能与该管段存在逆坡有关。磷酸甘油酸激酶(*PGK*)与丙酮酸激酶(*PK*)是糖酵解中催化三磷酸腺苷(*ATP*)生成的两类关键酶^[39],其编码基因的丰度远高于*ppgk*,表明微生物群落具有强大的*ATP*生成潜力,以维持在厌氧环境下的高强度代谢活动。

乙酰辅酶A是细胞代谢中最重要的前体,大分子物质(如糖类、脂肪、蛋白质)水解成乙酰辅酶A并进入TCA循环,最终通过发酵及缺氧呼吸转化为代谢产物(H_2O 、 CO_2 等)。关键基因乙酰辅酶A合成酶(*ACSS*)的丰度从采样点1到采样点3逐渐升高,但在采样点4急剧下降,随后在采样点5有所恢复,说明乙酰辅酶A的合成效率得到了提升,更多的乙酰辅酶A进入TCA循环,有助于产生更多的还原型烟酰胺腺嘌呤二核苷酸(*NADH*)并为硝酸盐还原提供电子供体。此外,*ACSS*与甲烷代谢有关,用以表征通过*Methanotrix*产生了乙酰辅酶A合成酶和醋酸激酶的功能酶^[40]。该功能酶在采样点4丰度最高,进一步说明采样点4管道污水中DO质量浓度的进一步降低,导致沉积物中微生物群落结构逐渐转向富集厌氧微生物,更有利于产甲烷菌的富集,进而增加了微生物群落甲烷的代谢潜力^[41]。

TCA循环是细胞呼吸的最终代谢通路和能量产生的主要场所。如图5(b)(d)所示,TCA循环中的关键基因丰度也存在空间差异。柠檬酸合酶(*CS*,TCA循环的限速酶)、异柠檬酸脱氢酶(*IDH1*)、 α -酮戊二酸脱氢酶(*OGDH*)、琥珀酰辅酶A合成酶(*sucD*)、琥珀酸脱氢酶(*sdhA*)和苹果酸脱氢酶(*mdh*)等基因丰度沿程总体增加。*sucD*是TCA

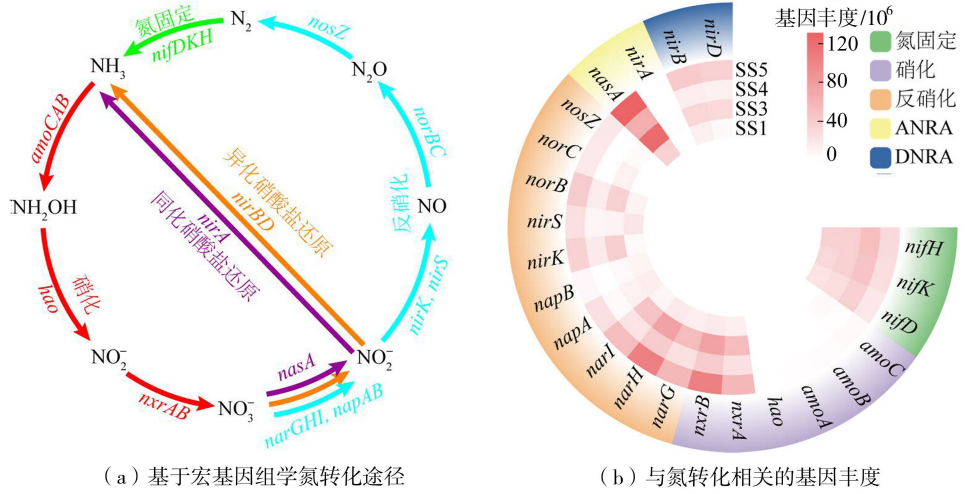
循环中唯一直接生成ATP的酶,而*mdh*和*IDH1*则催化生成重要的电子供体*NADH*^[42],其在管道后段的丰度增加,表明微生物通过上调呼吸作用以应对下游更低的氧化还原电位和环境胁迫,产生更多能量用于生命维持,以及更多胞外聚合物等保护性物质的分泌。

综上所述,污水管道沉积物中的微生物群落形成了功能完备且适应性强的含碳有机物代谢网络。从上游到下游,随着环境厌氧程度的加深,微生物群落通过富集水解、发酵、糖酵解及TCA循环等通路的关键基因,表现出逐渐增强的有机物降解和能量获取能力,并最终展现出向产甲烷等深度厌氧代谢转化的潜力。

2.4 基因丰度与含氮有机物生物衰减途径

为探究沉积物微生物群落在含氮有机物转化中的作用,对氮转化相关的关键功能基因进行了丰度分析,如图6所示。可见,污水管道内氮循环涵盖了硝化、反硝化、异化/同化硝酸盐还原(DNRA/ANRA)等主要过程(图6(a)),其中反硝化作用相关基因种类及丰度占比最高(图6(b)),占据了绝对主导地位。

反硝化是研究区污水管道中最核心的氮转化途径。*narH*、*narG*和*narI*编码 NO_3^- -N还原酶,将 NO_3^- -N转化为 NO_2^- -N,是反硝化作用的限制步骤^[43-44]。*narH*、*narG*和*narI*总相对丰度占绝对优势地位,且沿管道数量逐渐增多,使污水管道中反硝化作用不断发生。*Thauera*是 NO_3^- -N还原和 NO_2^- -N积累的主要贡献功能菌,在*narGHI*的编码合成中占主导作用^[33]。*nirS*和*nirK*负责将 NO_2^- -N转化为NO,主要分布于厌氧铵氧化细菌、亚硝酸盐和甲烷氧化细菌以及古细菌中。编码一氧化氮还原酶*norB*的丰度随着管道整体呈上调趋势,在采样点4处稍微下调,



(a) 基于宏基因组学氮转化途径

(b) 与氮转化相关的基因丰度

图6 污水管道沉积物中氮转化途径

Fig. 6 Nitrogen transformation pathways in sewer sediments

其主要存在于假黄单胞菌属 (*Pseudoxanthomonas*) 与假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 中^[45]。*nosZ* 负责将 N_2O 转化为 N_2 , 变形菌门 (Proteobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes) 和一些古菌均会利用 *norB* 基因, 其对环境的敏感度较其他氮代谢相关基因高^[46]。这些基因丰度在管道沿程呈现显著的富集趋势, 表明随着下游缺氧程度的加深, 微生物群落将硝酸盐/亚硝酸盐彻底转化为 N_2 的潜力急剧增强, 从而导致了污水中 TN 质量浓度不断降低。硝化作用为反硝化过程提供了关键底物, 尽管丰度远低于反硝化基因, 但硝化作用相关的基因, 包括催化氨氧化的 *amoCAB*、*hao* 和催化亚硝酸盐氧化的 *nxA*、*nxB*, 在管道内均有检出, 说明在 DO 质量浓度相对较高的微环境或上游区域, NH_3 能够被氧化为 NO_3^- -N 和 NO_2^- -N, 这一作用尽管较弱, 但为下游优势反硝化菌群提供了一定的底物。除了通过反硝化途径去除氮, 污水管道中还存在着将氮保留的重要机制——异化硝酸盐还原 (DNRA) 和同化硝酸盐还原 (ANRA)。由图 6(b) 可见, *nasA* (ANRA) 和 *nirBD* (DNRA) 基因均具有较高的丰度, 且在管道沿程逐渐富集。反硝化将氮以气体形式移除, 而 DNRA/ANRA 则将 NO_3^- -N/ NO_2^- -N 转化为生物可利用的 NH_3 , 重新纳入生物合成或保留在管道中。

综上, 污水管道中 TN 的沿程衰减, 其核心是一个沿程不断强化的反硝化作用。在上游硝化作用提供的底物支持下, TN 脱氮效率在与氮保留途径的竞争中占据绝对优势, 最终导致 TN 从污水中去除。

2.5 调控策略

a. 优化提升泵站的运行调度。现状研究区污水管网末端的污水处理厂进水提升泵开泵水位较高, 导致污水管道长期处于高水位、低流速的运行状态, 为管道内有机物沉积和厌氧微生物繁殖创造了条件。已有研究发现, 泵站间歇运行与污水管道中水流的低流速会显著影响污水管道中微生物群落的时空分布^[38,47-48]。对此, 可降低污水处理厂进水提升泵的开泵水位, 以提高管道中污水的流动速度, 并减少污水在管道中的停留时间, 减少厌氧环境形成与有机物衰减和产甲烷等过程的发生。

b. 基于状态评估的科学清淤策略。沉积物是微生物活动的核心场所, 制定科学清淤策略是维持管网长期健康运行和减缓污水管道中有机物衰减的关键^[49]。依据相关运行维护指南, 对于高负荷或易沉积管段, 建议清淤周期控制在 3~6 月较为合理。此外, 研究表明, 当管道污水中 ORP 持续低于 -200 mV 时, 表明管道环境已进入厌氧阶段, 需启动清淤^[50]。可按先评估、再调整原则采用 3~6 月的

清淤评估周期, 如在实施清淤后 3 月内复测沉积厚度、ORP 水平、水力条件等, 再考虑是否延长或缩短清淤周期。

c. 改造逆坡污水管段。管道逆坡区域往往伴随污水长时间停留、DO 质量浓度显著降低以及有机物衰减、甲烷累积效应增强等。通过工程改造消除管道逆坡, 可进一步改善管道局部水力条件。

3 结论

a. 研究区域污水管道自上游到下游, 由缺氧环境逐步转变为厌氧环境。与此同时 COD 和 TN 沿程衰减, 总体符合污染物衰减的一级反应动力学。

b. 基于宏基因组学发现, 管道中有机物水解相关菌及反硝化功能菌的相对丰度沿管道逐渐增多, 而与硝化作用相关的功能菌相对丰度较低。含碳有机物的衰减表现为污水管道上游优先降解简单发酵产物, 下游转向利用脂肪酸等复杂底物的代谢策略, 其核心为依赖糖酵解与 TCA 循环提供能量。含氮有机物的衰减, 其根本原因在于反硝化作用相关基因丰度在管道中逐渐上升, 在微生物的协同作用下使管道中反硝化作用逐渐增强, 并占据主导地位。

c. 管道末端采样点 4 处坡度变缓甚至逆坡, 形成一个更适宜产甲烷菌生存的环境, *Methanotherox* 与 *ACSS* 基因在该处富集, 同时产生抑制性产物以抑制其他基因的富集, 其消耗 COD、产甲烷等, 进一步降低了管道中含碳有机物的浓度。

d. 针对研究区域实际情况, 可优化污水处理厂进水提升泵站的运行方式, 通过降低污水处理厂进水提升泵房的前池开泵水位, 减少污水在管道中的停留时间; 定期监测管道中沉积物厚度并及时采取清淤措施以减少管道中的微生物量; 对管道逆坡段进行改造, 以避免过水能力不畅导致的污染物沉积和含碳有机物厌氧产甲烷。由此, 降低管道中微生物作用造成的污染物衰减, 以提高污水处理厂进水污染物含量, 实现污水提质增效。

参考文献:

- [1] 徐祖信, 徐晋, 金伟, 等. 我国城市黑臭水体治理面临的挑战与机遇[J]. 给水排水, 2019, 55(3): 1-5. (Xu Zuxin, Xu Jin, Jin Wei, et al. Challenges and opportunities of black and odorous water body in the cities of China [J]. Water & Wastewater Engineering, 2019, 55(3): 1-5. (in Chinese))
- [2] 李一平, 郑可, 周玉璇, 等. 南方城市污水处理系统效能评估与提质增效策略制定[J]. 水资源保护, 2022, 38(3): 50-57. (Li Yiping, Zheng Ke, Zhou Yuxuan, et al. Efficiency evaluation of a sewage system and strategy

- formulation of quality and efficiency improvement in city of Southern China[J]. *Water Resources Protection*, 2022, 38(3):50-57. (in Chinese))
- [3] 迟国梁. 关于新时代流域水环境治理技术体系的思考[J]. *水资源保护*, 2022, 38(1):182-189. (Chi Guoliang. Thoughts on water environmental management technology system in watersheds in the new era[J]. *Water Resources Protection*, 2022, 38(1):182-189. (in Chinese))
- [4] 邹吕熙,李怀波,郑凯凯,等. 太湖流域城镇污水处理厂进水水质特征分析[J]. *给水排水*, 2019, 55(7):39-45. (Zou Lyuxi, Li Huaibo, Zheng Kaikai, et al. Analysis on the characteristics of influent water quality from wastewater treatment plants in Taihu Basin[J]. *Water & Wastewater Engineering*, 2019, 55(7):39-45. (in Chinese))
- [5] 季永兴,刘水芹. 苏州河水环境治理 20 年回顾与展望[J]. *水资源保护*, 2020, 36(1):25-30. (Ji Yongxing, Liu Shuiqin. Review and prospect of Suzhou Creek water environment treatment in 20 years[J]. *Water Resources Protection*, 2020, 36(1):25-30. (in Chinese))
- [6] Hvitved-Jacobsen T, Vollertsen J, Matos J S. The sewer as a bioreactor-a dry weather approach[J]. *Water Science & Technology*, 2002, 45(3):11-24.
- [7] Shahvi S, Orsi E, Canziani R, et al. Aerobic transformations of organic matters in sewer wastewater, a case study of Milan, Italy[J]. *Urban Water Journal*, 2017, 14(10):1058-1064.
- [8] Yang Fengle, Zhang Xianzhi, Li Jinhua, et al. Simple method to quantify extraneous water and organic matter degradation in sewer networks [J]. *Environmental Science: Water Research & Technology*, 2021, 7(1):172-183.
- [9] 李兰娟,钱言,陈天放,等. 我国南方地区城镇污水处理厂进水低浓度原因分析及对策建议[C]//中国环境科学学会 2021 年科学技术年会:环境工程技术创新与应用分会场. 天津:中国环境科学学会, 2021.
- [10] Li Jiaying, Gao Jianfa, Zheng Jianfa, et al. Effects of pH, temperature, suspended solids, and biological activity on transformation of illicit drug and pharmaceutical biomarkers in sewers [J]. *Environmental Science & Technology*, 2021, 55(13):8771-8782.
- [11] Chen Guanghao, Leung D, Huang Juchang. Removal of dissolved organic carbon in sanitary gravity sewer[J]. *Journal of Environmental Engineering*, 2001, 127(4):295-301.
- [12] Tanaka N, Thorkild H J. Transformations of wastewater organic matter in sewers under changing aerobic/anaerobic conditions [J]. *Water Science & Technology*, 1998, 37(1):105-113.
- [13] Jin Pengkang, Shi Xuan, Sun Guangxi, et al. Co-variation between distribution of microbial communities and biological metabolization of organics in urban sewer systems[J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, 52(3):1270-1279.
- [14] Fierer N, Holland-Moritz H, Alexiev A, et al. A Metagenomic investigation of spatial and temporal changes in sewage microbiomes across a university campus [J]. *mSystems*, 2022, 7(5):e00651-00622.
- [15] Xu Jingwei, Li Muzhi, He Qiang, et al. Effect of flow rate on growth and oxygen consumption of biofilm in gravity sewer[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2017, 24(1):427-435.
- [16] Gao Yaohuan, Shi Xuan, Jin Xin, et al. A critical review of wastewater quality variation and in-sewer processes during conveyance in sewer systems[J]. *Water Research*, 2023, 228:119398.
- [17] Franzosa E A, McIver L J, Rahnavard G, et al. Species-level functional profiling of metagenomes and metatranscriptomes [J]. *Nature Methods*, 2018, 15(11):962-968.
- [18] Buchfink B, Xie Chao, Huson D H. Fast and sensitive protein alignment using DIAMOND [J]. *Nature Methods*, 2015, 12(1):59-60.
- [19] Rodríguez J P, McIntyre N, Díaz-Granados M, et al. A database and model to support proactive management of sediment-related sewer blockages [J]. *Water Research*, 2012, 46(15):4571-4586.
- [20] Li Wenkai, Zheng Tianlong, Ma Yingqun, et al. Current status and future prospects of sewer biofilms: their structure, influencing factors, and substance transformations [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 695:133815.
- [21] Ruan Dalian, Zhou Zhen, Pang Hongjian, et al. Enhancing methane production of anaerobic sludge digestion by microaeration: enzyme activity stimulation, semi-continuous reactor validation and microbial community analysis [J]. *Bioresource Technology*, 2019, 289:121643.
- [22] 吴琼,陈文龙,陈军. 基于低水位运行的城市河流污染底泥中微生物群落特征及影响因素 [J]. *水资源保护*, 2024, 40(2):126-133. (Wu Qiong, Chen Wenlong, Chen Jun. Characteristics and influencing factors of microbial communities in polluted sediment of urban rivers under low water level operation [J]. *Water Resources Protection*, 2024, 40(2):126-133. (in Chinese))
- [23] Wei Jun, Huang Xiao, Wang Hongjie, et al. Insight into biofilm formation of wastewater treatment processes: nitrogen removal performance and biological mechanisms [J]. *Science of the Total Environment*, 2023, 903:166550.
- [24] Xu Jie, He Junguo, Wang Mengfei, et al. Cultivation and stable operation of aerobic granular sludge at low

- temperature by sieving out the batt-like sludge [J]. *Chemosphere*,2018,211:1219-1227.
- [25] Holmes D E,Smith J A. Chapter one:biologically produced methane as a renewable energy source[M]//Sariaslani S, Michael G G. *Advances in Applied Microbiology*. Elsevier:Academic Press,2016:1-61.
- [26] 刘欢,杨晨曦,秦树敏,等. C/N 对 HN-AD 菌藻颗粒污泥体系处理农村污水的影响 [J]. *中国环境科学*,2024,44 (3): 1296-1306. (Liu Huan, Yang Chenxi, Qin Shumin, et al. Effects of C/N on the treatment of rural wastewater by HN-AD bacterial-algal granular sludge system [J]. *China Environmental Science*,2024,44 (3): 1296-1306. (in Chinese))
- [27] Wan Chunli, Chen Si, Wen Lei, et al. Formation of bacterial aerobic granules: role of propionate [J]. *Bioresource Technology*,2015,197:489-494.
- [28] Miao Xiaojun, Xu Jiani, Yang Bing, et al. Indigenous mixotrophic aerobic denitrifiers stimulated by oxygen micro/nanobubble-loaded microporous biochar [J]. *Bioresource Technology*,2024,391:129997.
- [29] Gonzalez-Martinez A, Muñoz-Palazon B, Rodriguez-Sanchez A, et al. Start-up and operation of an aerobic granular sludge system under low working temperature inoculated with cold-adapted activated sludge from Finland [J]. *Bioresource Technology*,2017,239:180-189.
- [30] Zhang Xuwang, Qu Yuanyuan, You Shengnan, et al. Bioremediation of nitrogen-containing organic pollutants using phenol-stimulated activated sludge:performance and microbial community analysis [J]. *Journal of Chemical Technology & Biotechnology*,2018,93(11):3199-3207.
- [31] Hou Liangang, Li Jun, Zheng Zhaoming, et al. Cultivating river sediments into efficient denitrifying sludge for treating municipal wastewater [J]. *Royal Society Open Science*,2019,6(9):190304.
- [32] Zhang Dandan, Yu Huang, Yang Yuchun, et al. Ecological interactions and the underlying mechanism of anammox and denitrification across the anammox enrichment with eutrophic lake sediments [J]. *Microbiome*,2023,11(1):82.
- [33] Liu Qingtao, Li Cong, Fan Jiarui, et al. Evaluation of sludge anaerobic fermentation driving partial denitrification capability: in view of kinetics and metagenomic mechanisms [J]. *Science of the Total Environment*,2023,884:163581.
- [34] Percheron G, Bernet N, Moletta R. Interactions between methanogenic and nitrate reducing bacteria during the anaerobic digestion of an industrial sulfate rich wastewater [J]. *FEMS Microbiology Ecology*,1999,29(4):341-350.
- [35] Yan Yuqing, Zhu Junjie, May H D, et al. Methanogenic potential of sewer microbiomes and its implications for methane emission [J]. *Environmental Science & Technology*,2024,58(45):19990-19998.
- [36] Zhou Jinjie, Jessica S A, Li Meng, et al. Methane production by *Methanotrix thermoacetophila* via direct interspecies electron transfer with *Geobacter metallireducens* [J]. *mBio*,2023,14(4):e00360-00323.
- [37] Chen Ye, Cheng J J, Creamer K S. Inhibition of anaerobic digestion process: a review [J]. *Bioresource Technology*,2008,99(10):4044-4064.
- [38] Liu Yiwen, Ni Bingjie, Ganigué R, et al. Sulfide and methane production in sewer sediments [J]. *Water Research*,2015,70:350-359.
- [39] Yang Xiangyu, Chen Yi, Guo Fucheng, et al. Metagenomic analysis of the biotoxicity of titanium dioxide nanoparticles to microbial nitrogen transformation in constructed wetlands [J]. *Journal of Hazardous Materials*,2020,384:121376.
- [40] Li Yi, Jiang Jie, Zhang Wenlong, et al. Changes in stoichiometric ratio of carbon and sulfate affect methanogenesis pathways in sulfate-rich sewers [J]. *Journal of Cleaner Production*,2023,426:139112.
- [41] 郑宇涵,苏志国,李菲菲,等. 陆源排水对近海纳污区微生物群落组成及碳代谢功能的影响 [J]. *环境工程*,2023,41(9):194-200. (Zheng Yuhuan, Su Zhiguo, Li Feifei, et al. Impacts of land-based wastewater discharge on microbial community composition and carbon metabolism in coastal effluent-receiving areas [J]. *Environmental Engineering*,2023,41(9):194-200. (in Chinese))
- [42] Martínez-Reyes I, Chandel N S. Mitochondrial TCA cycle metabolites control physiology and disease [J]. *Nature Communications*,2020,11(1):102.
- [43] 杨柳燕,王楚楚,孙旭,等. 淡水湖泊微生物硝化反硝化过程与影响因素研究 [J]. *水资源保护*,2016,32(1):12-22. (Yang Liuyan, Wang Chuchu, Sun Xu, et al. Study on microbial nitrification and denitrification processes and influence factors in freshwater lakes [J]. *Water Resources Protection*,2016,32(1):12-22. (in Chinese))
- [44] 邱英英,郑西来,刘乐成,等. 干湿交替频率影响下非饱和和带有机氮转化的生物学机制 [J]. *水资源保护*,2024,40(6):242-250. (Qiu Yingying, Zheng Xilai, Liu Lecheng, et al. Biological mechanism of dry-wet alternation frequency affecting organic nitrogen transformation in vadose zone [J]. *Water Resources Protection*,2024,40(6):242-250. (in Chinese))
- [45] Zumft W G. Cell biology and molecular basis of denitrification [J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*,1997,61(4):533-616.
- [46] Kuypers M M, Marchant H K, Kartal B. The microbial nitrogen-cycling network [J]. *Nature Reviews Microbiology*,2018,16(5):263-276.
- [47] Song Cuihong, Zhu Junjie, Willis J L, et al. Methane

emissions from municipal wastewater collection and treatment systems [J]. Environmental Science & Technology, 2023, 57(6) :2248-2261.

- [48] Guo Shuai, Qian Yu, David Z, et al. Effects of drop structures and pump station on sewer air pressure and hydrogen sulfide: field investigation [J]. Journal of Environmental Engineering, 2018, 144:1336.
- [49] Ren Daheng, Zuo Zhiqiang, Xing Yaxin, et al.

Simultaneous control of sulfide and methane in sewers achieved by a physical approach targeting dominant active zone in sediments [J]. Water Research, 2022, 211: 118010.

- [50] Hou Feng, Liu Shuai, Yin Wanxin, et al. Methane production mechanism and control strategies for sewers: a critical review [J]. Water, 2024, 16(24) :3618.

(收稿日期: 2025 - 08 - 25 编辑: 胡新宇)

(上接第 226 页)

- [60] Liu Xianglin, Li Yanyao, Zheng Xiaowei, et al. Antioxidant mechanisms of *Chlorella pyrenoidosa* under acute GenX exposure [J]. Science of The Total Environment, 2021, 797:149005.

- [61] Liu Wei, Chen Shuo, Quan Xie, et al. Toxic effect of serial perfluorosulfonic and perfluorocarboxylic acids on the membrane system of a freshwater alga measured by flow cytometry [J]. Environmental Toxicology and Chemistry, 2008, 27(7) :1597 -1604.

- [62] Shi Guohui, Cui Qianqian, Pan Yitao, et al. 6:2 Chlorinated polyfluorinated ether sulfonate: a PFOS alternative, induces embryotoxicity and disrupts cardiac development in zebrafish embryos [J]. Aquatic Toxicology, 2017, 185:67-75.

- [63] Gebreab K Y, Eeza M N H, Bai T, et al. Comparative toxicometabolomics of perfluorooctanoic acid (PFOA) and next-generation perfluoroalkyl substances [J]. Environmental Pollution, 2020, 265:114928.

- [64] Ulhaq Z S, Tse W K F. PFHxS exposure and the risk of non-alcoholic fatty liver disease [J]. Genes, 2024, 15(1) : 93.

- [65] Hu Chenyan, Liu Mengyuan, Tang Lizhu, et al. Probiotic intervention mitigates the metabolic disturbances of perfluorobutanesulfonate along the gut-liver axis of zebrafish [J]. Chemosphere, 2021, 284:131374.

- [66] Min E K, Lee H, Sung E J, et al. Integrative multi-omics reveals analogous developmental neurotoxicity mechanisms between perfluorobutanesulfonic acid and perfluorooctanesulfonic acid in zebrafish [J]. Journal of Hazardous Materials, 2023, 457:131714.

- [67] Shi Guohui, Cui Qianqian, Wang Jinxing, et al. Chronic exposure to 6 : 2 chlorinated polyfluorinated ether sulfonate acid (F-53B) induced hepatotoxic effects in adult zebrafish and disrupted the PPAR signaling pathway in their offspring [J]. Environmental Pollution, 2019, 249: 550-559.

- [68] Tang Liang, Qiu Wenhui, Zhang Shuwen, et al. Poly-and

perfluoroalkyl substances induce immunotoxicity via the TLR pathway in zebrafish; links to carbon chain length [J]. Environmental Science & Technology, 2023, 57 (15) :6139-6149.

- [69] Wang Siwen, Huang Jun, Yang Yang, et al. First report of a Chinese PFOS alternative overlooked for 30 years: its toxicity, persistence, and presence in the environment [J]. Environmental Science & Technology, 2013, 47 (18) : 10163-10170.

- [70] Wang Yujuan, Niu Junfen, Zhang Lilan, et al. Toxicity assessment of perfluorinated carboxylic acids (PFCA) towards the rotifer *Brachionus calyciflorus* [J]. Science of The Total Environment, 2014, 491-492:266-270.

- [71] Xie Ge, Van Gestel C A M, Vonk J A, et al. Multigeneration responses of daphnia magna to short-chain per-and polyfluorinated substances (PFAS) [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2025, 294: 118078.

- [72] Barmantlo S H, Stel J M, Van Doorn M, et al. Acute and chronic toxicity of short chained perfluoroalkyl substances to daphnia magna [J]. Environmental Pollution, 2015, 198:47-53.

- [73] 梁宏仪, 杜士林, 张亚辉, 等. 短链全氟化合物 PFBA 和 PFBS 对多齿新米虾急性毒性与氧化应激的研究 [J]. 生态毒理学报, 2024, 19(6) :344-353. (Liang Hongyi, Du Shilin, Zhang Yahui, et al. Acute toxicity of short-chain perfluorinated compounds PFBA and PFBS on *Neocaridina denticulata*: mortality and effects on four biomarkers [J]. Journal of Ecological Toxicology, 2024, 19 (6) :344-353. (in Chinese))

- [74] Otero-Sabio C, Giacomello M, Centellegho C, et al. Cell cycle alterations due to perfluoroalkyl substances PFOS, PFOA, PFBS, PFBA and the new PFAS C604 on bottlenose dolphin (*Tursiops truncatus*) skin cell [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2022, 244: 113980.

(收稿日期: 2025 - 10 - 18 编辑: 胡新宇)