多点汇流下污水管网污染物迁变规律及其机制

石 烜,高 歌,任 博,田嘉盟,金 鑫,王晓昌,金鹏康*(西安建筑科技大学环境与市政工程学院,陕西 西安 710055)

摘要:为研究城市污水管网多点汇流条件下污染物的迁变规律及其对微生物繁衍的影响机制,建立一套多汇流点位的污水管道中试系统,探究污水输送 过程中碳,氮,硫 3 类主要污染物质的迁移转化特性.结果表明,汇流点前溶解态化学需氧量(SCOD)和硫酸盐(SO₄²)浓度下降,氨氮(NH₄⁺-N)浓度上升,支 管汇流使得汇流点 3 类污染物浓度显著增加.后期水质达到稳定,在保证支管污水的汇入导致各类污染物增加量基本不变的情况下,SCOD 浓度由进口 的 320mg/L 左右下降至出口的 280mg/L 左右,在氨化作用下导致的 NH₄⁺-N 总增加量在 15mg/L 左右,高于因汇流产生的增加总量 12.5mg/L 左右,结果 表明汇流管网系统中微生物的消耗代谢作用是碳氮类污染物变化的主导因素,而 SO₄²后期进出口浓度均在 20mg/L 左右,说明支管汇流和生化代谢使 SO₄²的含量维持在动态平衡的状态.此外,对管网中试系统生物相中微生物繁衍过程进行分析可知,发酵菌(FB),产氢产乙酸菌(HPA),硫酸盐还原菌(SRB) 的含量随繁衍时间显著增加,并在沿程的不同汇流点处出现丰度升高现象.综上所述,在多点汇流导致污水水质波动的作用下,促进了管网生物相中微生 物的繁衍增殖,并增强了其代谢作用在污水管网污染物转化的主导地位,使得污染物在管网输送过程中呈现更为显著的转化现象.

关键词: 污水管网; 多点汇流; 污染物迁移转化; 微生物繁衍代谢

中图分类号: X703 文献标识码: A 文章编号: 1000-6923(2021)08-3615-11

DOI:10.19674/j.cnki.issn1000-6923.20210322.002

Mechanism of pollutant transformation in sewage pipe network under multi-point confluence. SHI Xuan, GAO Ge, REN Bo, TIAN Jia-meng, JIN Xin, WANG Xiao-chang, JIN Peng-kang^{*} (School of Environmental and Municipal Engineering, Xi'an University of Architecture and Technology, Xi'an 710055, China). *China Environmental Science*, 2021,41(8): 3615~3625

Abstract: To study the changing laws of pollutants under the condition of multi-point confluence of urban sewage pipe network and the mechanism of their influence on microbial reproduction, a set of sewage pipeline pilot system with multiple confluent points was established to explore the migration and transformation characteristics of the three main pollutants of carbon, nitrogen and sulfur in the sewage transportation process. The results showed that the concentration of dissolved chemical oxygen demand (SCOD) and sulfate (SO_4^2) before the confluence point decreased, the concentration of NH₄⁺-N increased, and the confluence of branch pipes significantly increased the concentration of three types of pollutants at the confluence point. In the later stage, the water quality reached stability. Under the condition that the increase of various pollutants was basically unchanged due to the inlet of branch sewage, the concentration of SCOD decreased from about 320mg/L at the inlet to about 280mg/L at the outlet. The total increase of NH_4^+ -N under the action of ammonification was about 15mg/L, which was higher than the total increase of 12.5mg/L due to the confluences. The results showed that the consumption and metabolism of microorganisms in the confluent pipe network was the dominant factor for the change of carbon and nitrogen pollutants. The concentration of SO_4^2 at the inlet and outlet of the confluent pipe was about 20mg/L, indicating that the confluent pipe and biochemical metabolism maintained the content of SO_4^{2-} in a state of dynamic equilibrium. In addition, the analysis of the microbial reproduction process in the biological phase of the pipe network pilot system showed that the content of fermenting bacteria (FB), hydrogen-producing acetogen (HPA) and sulfate reducing bacteria (SRB) increased significantly with the propagation time, and the abundance increased at different confluence points along the process. To sum up, the multi-point confluence caused the fluctuation of sewage water quality, which promoted the multiplication and proliferation of microorganisms in the biological phase of the pipe network, and enhanced the dominant position of its metabolism in the transformation of pollutants in the sewage pipe network, making the transformation of pollutants in the pipe network more significant.

Key words: sewage pipe network; multi-point confluence; pollutant migration and transformation; microbial reproduction and metabolism

污水管网是城市污水系统的重要组成部分^[1], 在污水管网长距离输送过程中,污水水质会发生 显著变化,其所携带的碳,氮,硫污染物存在着形态, 含量的波动转化规律,并因其含量丰富,为污水管 网生物膜中微生物的繁衍代谢提供了良好的基 础^[2-3],使得污水水质产生进一步改变,显著制约了 污水管网的安全稳定运行及后续污水处理环节的 处理效力^[4].

收稿日期: 2020-12-15

基金项目: 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2012ZX07313-001-01);国家重点研发计划项目(2016YFC0400701);陕西省重点科技创 新团队项目(2013KCT-13)

* 责任作者, 教授, pkjin@hotmail.com

管网中微生物的生化反应过程主要包括发酵 作用,氨化作用,硫酸盐还原作用,产甲烷作用以及微 生物的增长与衰减等^[5-6].氨化作用是氨化细菌将有 机氮转化为 NH₄⁺-N 导致 NH₄⁺-N 浓度升高的过 程^[7].微生物自身的生长繁殖,发酵^[8],产氢产乙 酸^[9-11],产甲烷^[12-13]和硫酸盐还原^[14-15]等过程是污 水管道中的主要生化反应,是污水中 COD 减少的主 要原因.因此探究污水管网中微生物转化对水质的 作用特性成为学者们的研究热点^[16-17].

然而,目前对于城市污水管网的研究,主要集中 于在一条主干管中污水的迁移转化特性和微生物作 用^[18-20],而忽略了实际情况中的支管汇流污水对主干 管污水水质的影响,目前对于支管污水进入主干管对 主干管污水产生冲击以及汇流区域微生物的研究甚 少.在实际情况下,污水从污水源排出后,首先进入的 是各级污水支管管道,从污水支管流入干管,再汇入 主干管,最终进入污水处理厂,在此期间,污水需经过 多次汇流,汇流会对主干管污水有冲击作用,同时污 水还进行着复杂的物理,化学和生物学变化,这些变 化不仅影响污水管道的输送效率和管网中生物膜的 生长情况,还会影响污水处理厂的进水水质.

基于此,本文建立多点汇流城市污水管道模拟中 试试验系统,在原有的一根主干管模拟系统中增加 5 个汇流支管进行多点汇流模拟,通过检测分析污水中的 SCOD,NH4⁺-N 和 SO4²⁻等污染物质浓度和管道中的微生物分布,探究城市污水管网中多点汇流条件下 污染物的迁变规律以及微生物对污染物变化的影响, 为进一步探明实际城市污水管网污水水质转化特征 及其对污水处理厂的影响机制提供理论依据.

1 材料与方法

1.1 试验装置

反应器在原有的城市污水模拟管道反应器^[21] 基础上增加 5 个汇流点,形成城市污水管网多点汇 流中试试验系统(图 1).装置主体由管径为 40mm 的 PVC 管构成,总有效长度为1200m,坡度为0.5%,管壁 经适当打磨,使其管道内壁粗糙度与实际污水管道 粗糙度相近,共有35层,每层长度约为35m,相邻两层 之间由直径 100mm,高 50mm 的圆柱形有机玻璃检 查井连接.5 个汇流点分别设置在如图 1 所示的 6,12,18,24,30 层的检查井位置,5 个支管由管径为 20mm 的 PVC 管构成.

每层模拟管段以及汇流点前,后均设有取样点,为 便于观察水流状态以及放置生物膜载体,取样点两侧 设有活结连接的有机玻璃管段,同时模拟管段外部裹 有保温材料,使其处于一个避光恒温的环境中.





1.2 模拟试验条件

试验温度为(26±2)℃,溶解氧为(0.1±0.05) mg/L. 系统依靠潜水泵将1号和2号水箱中经充分混合的 原水分别提升至具有一定高度的3号和4号水箱,1 号和2号水箱的尺寸为 *D*×*H*=1200mm×1500mm,3 号和 4 号水箱的尺寸为 B×L×H=500mm×500mm× 500mm,3 号水箱污水依靠重力流进入模拟主管段,4 号水箱污水依靠重力流进入模拟支管段,而后汇入 模拟主管段,在连续运行期间流速约为0.15~0.25m/s, 水力停留时间约为2.5h,管道充满度为0.6.

1.3 进水水质

试验采用人工配水作为原水,主管和支管的原 水组成和水质相同,如表1和表2所示:

表 1 原水组成和水质 Table 1 Composition and quality of raw water

原水组成		原水水质	
组成	浓度(mg/L)	指标	浓度(mg/L)
葡萄糖	200	COD	300±25
磷酸二氢钠	25	TN	60±5
磷酸氢二钠	25	$NH_4^+ - N$	40±5
MgSO ₄ ·7H ₂ O	48.5	\mathbf{SO}_4^2	20±5
$MnSO_4 \cdot H_2O$	2	DO	0.3 ± 0.05
NaHCO ₃	127	pН	$7.0{\pm}0.5$
KHCO3	48.5		
$FeSO_4 \cdot 7H_2O$	2		
无水 CaCl ₂	3		
NH ₄ Cl	172		
大豆蛋白胨	40		

1.4 取样方法

反应器共设17个水样取样点,在每个汇流点前后 各设置一个取样点,并且在距进水口为0,200,400, 600,800,1000 和1200m的地方分别设置1个取样点. 以5个汇流点为界,将1200m管道分为5段,0m(进 口),200m,300m汇流点前,300m汇流点后分别为第1 段的第1、2、3、4个取样点;400m,500m汇流点前,500m 汇流点后为第2段的第1、2、3个取样点;600m,700m 汇流点前,700m汇流点后为第3段的第1、2、3个取 样点;800m,900m汇流点前,900m汇流点后为第4段 的第1、2、3个取样点;1000m,1100m汇流点前,1100m 汇流点后为第5段的第1、2、3个取样点.

在反应器 200,300,400,500,600,700,800,900,1000, 1100 和 1200m 处共设置 11 个生物膜取样点,在反应器 稳定运行 20,50,90d 对生物膜进行取样检测.

1.5 分析指标与测定方法

1.5.1 常规水质指标分析 定期在每个取样点处 采集污水后,测定 SCOD、NH4⁺-N、SO4²⁻等水质指 标.采用第四版《水和废水监测分析方法》中规定的 标准方法测定 SCOD、NH4⁺-N、SO4²⁻,SCOD 采用 0.45μm 滤膜过滤后重铬酸钾法检测,NH4⁺-N 采用 纳氏试剂光度法测定,SO4²⁻采用铬酸钡光度法测定. 1.5.2 环境因子测定分析 使用 HQ30d 便携式测

定仪(HACH.USA)对系统污水的 pH 值、DO 进行测定.经过前期稳定运行,污水中的 DO 平均浓度随着管网距离的增加呈现降低的趋势,从进口的

0.35mg/L 降为出口的 0.19mg/L,表明模拟管网内部 环境在由缺氧向厌氧转变.污水中的 pH 值基本保持 不变,沿程均在 6.9~7.2 之间.这与实际污水管道的环 境条件相近.

1.5.3 16S 高通量测序分析 16S 高通量测序分析 由上海美吉生物医药科技有限公司与北京诺禾致 源生物信息科技有限公司依照 DNA 提取与检测、 PCR 扩增、荧光定量、Miseq 文库构、Miseq 测序 等步骤开展^[22].对管道中的生物膜进行检测分析,共 检测 33 个样品,每个样品设置 3 个平行样,每个样品 测定大约 8 万条序列.

1.6 计算方法

在多点汇流污水模拟管网中,导致污染物发生 变化的原因主要有两方面.第一,支管汇入主管,使主 管污染物浓度发生变化;其二,生物作用导致污染物 浓度发生变化.

1.6.1 支管汇流导致污染物的浓度变化量

$$\Delta C_{i,1} = C_{i,3} - C_{i,2}$$

(1)

式中:ΔC_{i,1}表示第*i*段管道支管汇流导致污染物的浓度变化量;*i* 代表 1200m 管道的段数; C_{i,3}表示第*i* 段 管道第 3 个取样点的浓度; C_{i,2}表示第*i* 段管道第 2 个取样点的浓度,*i*=2,3,4,5;当*i*=1 时, ΔC_{1,1}=C_{1,4}-C_{1,3}, 即第一段管道支管汇流导致污染物的浓度变化量 等于第一段管道第 4 个取样点浓度减去第一段管道 第 3 个取样点浓度.

1.6.2 汇流点之间管段生物作用导致污染物的浓度变化量

$$\Delta C_{i,2} = C_{i,2} - C_{i-1,3} \tag{2}$$

式中: $\Delta C_{i,2}$ 表示第*i*段管道汇流点之间管段生物作用 导致污染物的浓度变化量;*i* 代表 1200m 管道的段 数; $C_{i,2}$ 表示第*i*段管道第2个取样点的浓度, $C_{i-1,3}$ 表 示第*i*-1段管道第3个取样点的浓度,*i*=3,4,5;当*i*=1 时, $\Delta C_{1,2}=C_{1,3}-C_{1,1}$,即第一段管道生物作用导致污染 物的浓度变化量等于第一段管道第3个取样点浓度 减去第一段管道第1个取样点浓度;当*i*=2 时, $\Delta C_{2,2}=C_{2,2}-C_{1,4}$,即第二段管道生物作用导致污染物 的浓度变化量等于第二段管道生物作用导致污染物 的浓度变化量等于第二段管道生物作用导致污染物

2 结果与讨论

2.1 多点汇流条件下碳类污染物迁变规律

低^[24]

模拟管网系统在经过前期运行后,各项指标趋 于稳定,开始对管网中污染物变化进行分析.

SCOD 在管网中的初始进水浓度均在 325mg/ L 左右,根据 SCOD 各取样点浓度运用式(1)计算可 得,支管汇流导致 SCOD 的浓度变化量为正值,即表 明支管汇流使主管 SCOD 的浓度增加.由式(2)计算 可得,生物作用导致 SCOD 的浓度变化量为负值, 即表明生物作用使汇流点之间管段 SCOD 浓度降 低(取ΔC_{1,2}, ΔC_{2,2} 和ΔC_{i,2} 的绝对值后作图).与王宝



(C)1994-2021 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

宝^[23]研究一条主干管城市污水管网中污染物的转

化规律不同,污水在经过1200m管道后,SCOD沿程

呈现持续降低的趋势,平均去除率分别为 34.0%.管

道系统中污水 COD 浓度降低主要由于微生物的水

解酸化作用,污水中的大分子有机物通过微生物的

水解酸化作用被分解为简单的小分子有机物,小分

子物质经微生物进一步转化最终成为如二氧化碳.

甲烷等简单的无机物,从而使污水中 COD 浓度降



Fig.2 The changing laws of carbon pollutants (SCOD)

从图 2(a)可以看出,SCOD 的浓度在生物作用下 呈现降低的趋势,在汇流作用下呈现增大的趋势,并 且汇流作用增加的浓度大于在生物作用下降解的 浓度,所以 SCOD 的浓度整体呈现上升的趋势,出口 浓度在 375mg/L 左右.从柱状图中可以看出,5 个汇 流点对主管浓度的增加量基本一致,大约均为 30mg/L,而随着管道沿程距离的增加,生物作用使 SCOD 浓度的减少量先增大后减小,每 200m 的减少 量分别为12.05,13.04,17.43,15.41 和12.17mg/L,其减 少量在管道 500~700m 之间达到峰值.图 2(b)~(d)的 浓度变化和变化量趋势与图 2(a)基本一致.在图 2(e)~(i)中,因为生物作用导致 SCOD 的降解量大于 汇流作用导致 SCOD 浓度的增加量,因此 SCOD 的 浓度整体呈现下降的趋势,其余特征与图 2(a)一致. 可见,在多点汇流管网系统中,支管的汇流补充使主 管 SCOD 浓度增大,而生物降解作用使 SCOD 浓度 减小.因此,支管污水汇入会对主管污水产生冲击,实 际城市污水管网中,碳类污染物浓度并不是一直呈 现沿程下降的趋势,当支管污水的碳类污染物浓度 较高时,汇入主管会使主管碳类污染物浓度增大,故 支管污水的汇入是碳类污染物浓度发生变化的重 要因素之一.

随着时间的变化,在生物作用下 SCOD 的降解 量在前 70d 一直增大,在 70d 后基本稳定(可能由于 生物膜的生长与脱落处于动态平衡状态),降解量最 大值出现在 70d 后,即生物对 SCOD 的影响作用呈现 先增强后基本稳定的趋势.汇流作用导致主管浓度 的总增加量基本在 150mg/L 左右,在 50d 后,生物作 用导致 SCOD 的总减少量大于汇流作用导致 SCOD 的总增加量,所以 SCOD 的出口浓度先减小后基本 稳定于 280mg/L 左右(见图 2).这说明,虽支管汇流可 使 SCOD 浓度升高,但是经长期运行,生物作用导致 SCOD 浓度升高,但是经长期运行,生物作用导致 SCOD 浓度于降总量会大于汇流导致的增加总量, 进而导致 SCOD 浓度整体降低,因此微生物的水解 酸化作用对污水管网的碳类污染物浓度变化影响 占主导作用.

2.2 多点汇流条件下氮类污染物迁变规律

NH4⁺-N 在管网中的初始进水浓度均在 40mg/L 左 右,由NH4⁺-N 各取样点浓度运用式(1)计算可得,支管汇 流导致 NH4⁺-N 的浓度变化量为正值,即表明支管汇流 使主管 NH4⁺-N 的浓度增加.由式(2)计算可得,生物作用 导致 NH4⁺-N 的浓度变化量为正值,即表明生物作用使 汇流点之间管段 NH4⁺-N 浓度升高.NH4⁺-N 浓度升高 的主要原因是有机氮的氨化作用^[7,25].



(C)1994-2021 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net



以图 3(a)为例,从折线图中可以看出,NH₄⁺−N 浓 趋势,其出水浓度升高至55mg/L左右.从柱状图可以 度在 1200m 多点汇流模拟管道中呈现逐渐增大的 看出,汇流作用使 NH₄⁺−N 的浓度增大值基本相同, (C)1994-2021 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

都在 2.5mg/L 左右,而生物作用下每 200m NH4+-N 浓度的增大量分别为 0.36,0.52,0.67,0.58 和 0.49mg/ L,最大值在 500~700m 之间,其变化量可以分为两个 阶段,在700m之前,生物作用使NH4+-N升高的浓度 一直逐渐增大,而在 700m 之后,其变化量逐渐减小. 其余取样时间的变化趋势与图 3(a)变化趋势相一致. 可以得出,在多点汇流管网系统中,微生物作用可使 NH4+-N 浓度增大,汇流作用也使主管 NH4+-N 浓度 升高.因此,支管污水的汇入是氮类污染物质浓度发 生变化的重要因素之一.在实际城市污水管网中, NH4⁺-N 浓度的升高不只是因为有机氮的氨化作用, 还与支管污水的汇入有关,当支管污水的NH4+-N浓 度较高时,汇入主管会使主管 NH₄+-N 浓度增大.王 斌^[26]研究了一条主干管中 NH₄+-N 的含量变化.结 果显示,污水经过 1200m 管道输送, NH4+-N 含量由 38.8mg/L 升高至 42.9mg/L,其变化只来源于微生物 的代谢作用.

从图 3(a)~(i)可以看出,NH4⁺-N 浓度呈现持续 升高的趋势,从反应器稳定运行第 10d~第 60d,生物 作用使 NH4⁺-N 浓度升高的变化量呈现持续增大的 趋势,即生物对 NH4⁺-N 浓度变化的影响作用一直在 增强,在 60d 后,因生物作用导致 NH4⁺-N 浓度的增加 量基本保持稳定(可能由于生物膜的生长与脱落处 于动态平衡),NH4⁺-N 出口浓度也基本保持在大约 70mg/L,即在生物作用影响下 NH4⁺-N 的变化量在 60d 后达到稳定且最大.汇流作用使主管 NH4⁺-N 浓 度的总增加量基本在 12.5mg/L 左右,在 50d 后,因生 物降解作用使 NH4⁺-N 的总增加量大于汇流作用导 致 NH4⁺-N 的总增加量.这说明,支管汇流会对主管 NH4⁺-N 有补充作用,但是经过长期运行,在氨氧化 作用下导致的 NH4⁺-N 增加总量会超过因汇流增加 的总量,因此氨化作用使有机氮转化为 NH4⁺-N 是 NH4⁺-N 浓度发生变化的主要因素.

2.3 多点汇流条件下硫类污染物迁变规律

 $SO_4^{2^2}$ 在管网中的初始进水浓度均在 20mg/L 左 右,由 $SO_4^{2^2}$ 各取样点浓度运用式(1)计算可得,支管 汇流导致 $SO_4^{2^2}$ 的浓度变化量为正值,即表明支管汇 流使主管 $SO_4^{2^2}$ 的浓度增加.由式(2)计算可得,生物 作用导致 $SO_4^{2^2}$ 的浓度变化量为负值,即表明生物作 用使汇流点之间管段 $SO_4^{2^2}$ 浓度减小(取 $\Delta C_{I,2}\Delta C_{2,2}$ 和 $\Delta C_{I,2}$ 的绝对值后作图).王宝宝^[23]对一条主干管污 水管网中的 $SO_4^{2^2}$ 转化研究结果表明, $SO_4^{2^2}$ 沿程持续 降低,去除率为 23.1%. $SO_4^{2^2}$ 含量降低主要是由于管 网内硫酸盐还原菌的作用,在缺氧/厌氧的环境下硫 酸盐还原菌将 $SO_4^{2^2}$ 还原为 S^2 ,从而导致 $SO_4^{2^2}$ 的浓 度减小^[13,27].

由图 4(a)可知,经过 1200m 管道,SO4²出口浓度 为 30mg/L 左右,主要由于 5 个汇流点(每个大约为 2mg/L)的补充,SO42-浓度整体呈现上升的趋势.汇流 点之间管段的生物膜对硫酸盐有降解作用,使其浓 度减小,每 200m 减少量分别为 0.00,0.13, 0.24,0.18 和 0.10mg/L,减少量先增大后减小,最大值在 500~ 700m 之间.除图 4(g),(h),(i)外,其余时间取样变化 趋势与图 4(a)相一致.图 4(g),(h),(i)的硫酸盐浓度 分别由入口的 20.78,20.82,20.80mg/L 下降到出口 的 19.61, 20.53, 19.98mg/L, 整体稍有下降.可见, 在 多点汇流管网系统中,支管汇流作用对主管 SO42-有补充作用,微生物对 SO42有降解作用.因此,支 管汇流是硫类污染物浓度发生变化的重要因素 之一,在实际城市污水管网中,硫类污染物浓度并 不是一直沿程降低,当支管汇流的硫类污染物浓 度较高时,可使主管的硫类污染物浓度升高.



(C)1994-2021 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net



从图 4(a)~(g),在生物作用下 SO₄²⁻的浓度降解 量一直在增大,从图 4(g)~4(i),其值基本保持稳定(可 (C)1994-2021 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

能由于生物膜的生长与脱落处于动态平衡状态),也 就是生物对 SO4²降解的作用先增强后保持稳定,因 此 SO4²的出口浓度随时间变化呈现先减小后基本 维持在 20mg/L 左右的趋势.在 70d 后,汇流点补充的 SO4²总量和生物作用导致 SO4²的减少总量大约都 在 10mg/L,即两者对 SO4²的影响作用大致相等,呈 现平衡状态.

2.4 多点汇流条件下微生物分布特征

碳类污染物转化菌属包括 Trichococcus^[28], Cloacibacterium^[29],Tolumonas^[30] 等水解发酵菌 (FB),Veillonella^[31],Anaerolinea^[32]等产氢产乙酸菌 (HPA)和 Levilinea^[33]等产甲烷菌(MA),氮类污染物 转化菌属包括 Thiomonas^[34],Parabacteroides^[35]等氨 氧化菌 (AOB), 硫类污染物转化菌属包括 Desulfovibrio^[36],Desulfonema^[37],Acidithiobacillus^[38] 等硫酸盐还原菌(SRB).





如图 5(a)所示,管道系统沿程具有碳氮硫类污染物转化功能的总菌属相对丰度在生长过程中逐渐增加,在 700m 处相对丰度最大,沿程呈现先增大后减小的趋势,因前 700m 管道中适宜的生存条件和越来越丰富的碳氮类物质提供了大量的有机物和营养盐,使得微生物快速繁殖,促使了污水在流

动过程中有机污染物质含量和形态的转变,因此 在生物作用下污染物的浓度减少量越多(与 2.1, 2.2,2.3 生物作用导致污染物浓度减少量的变化趋 势相一致),而在700m之后,可能因600~800m范围 内环境因子发生了变化,生物膜内部的微环境发 生了剧烈的变化,微生物群落不适应环境的突变,

导致微生物群落在该范围内的分布发生了改变^[19],因此管网内的总微生物丰度整体呈现减少的趋势,但在汇流点处会有少量的增加,说明支管 汇流对微生物生长也有一定的促进作用,进而影 响污染物的变化.700m 后微生物丰度整体降低,因 微生物作用导致污染物的浓度减少量也会相应减 少(与 2.1,2.2,2.3 生物作用导致污染物浓度减少量 的变化趋势相一致).

与具有碳氮硫类污染物转化功能的总菌属繁 殖规律类似,碳,硫类污染物转化菌属历时呈现逐渐 增大的趋势(如图 5(b),(d)所示).FB 将大分子有机物 质进行水解酸化之后可产生两类结构更为简单的 有机物,第一类主要由乳酸,乙醇,丙酸和丁酸等物质 构成.HPA 通过降解此类物质生成氢气和乙酸,从而 为产甲烷过程提供物质来源[39],第二类物质主要由 甲酸,甲醇,甲胺和乙酸等物质构成,这部分有机物可 以直接被 MA 所消耗利用,SRB 以甲醇和乳酸为碳 源进行生长繁殖^[40].碳,硫类污染物转化菌属在 0~ 700m 相对丰度逐渐增大,在 700m 后逐渐减小(如图 5(b),(d)所示),变化原因与总菌属类似.与以上菌属不 同的是,氮类污染物转化菌属在污水管道生物膜中 含量较低,且无明显的变化趋势(如图5(c)所示),这是 由于在污水管道缺氧-厌氧的环境条件下无法进行 氨氧化过程,这也是污水在流动过程中氨氮逐渐积 聚的原因之一.

由图 5(e)可以看出,随着时间的变化,各类菌属 丰度持续增加,即微生物持续繁殖增长.对碳类污染 物进行转化的微生物菌属主要有 Trichococcus, Flavobacterium,Cloacibacterium,Raoultella,Aeromon as,Veillonella,Anaerolinea,Levilinea 等,其中 FB 菌属 占比较大,因此发酵菌是主要优势菌群,说明微生物 对水质的改变主要以水解酸化作用为主.对硫酸盐 起还原作用的主要菌属有 Desulfovibrio 和 Desulfonema 等.

3 结论

3.1 汇流点前 SCOD 和 SO₄²⁻浓度降低,NH₄⁺-N 浓 度升高,经过汇流点后,3 类污染物浓度均明显增加, 故支管污水的汇入是污染物质浓度变化的重要因 素之一.

320mg/L 左右下降至出口的 280mg/L 左右,在氨化 作用下导致的 NH4⁺-N 总增加量在 15mg/L 左右,高 于因汇流产生的增加总量 12.5mg/L 左右,表明汇流 管网系统中微生物的消耗代谢作用是碳氮类污染 物变化的主导因素,而 SO4²后期进出口浓度均在 20mg/L 左右,说明支管汇流和生化代谢使 SO4²的含 量维持在动态平衡的状态.

3.3 在管道前 700m,微生物丰度逐渐增长,同时在生物作用下 SCOD,NH4⁺-N,SO4²的变化量逐渐增长,在 700m 后,微生物丰度降低,从而导致各类污染物的降解量逐渐减小,因此生物作用导致三类污染物质的变化量沿程呈现先增大后减小的趋势.FB 为主要优势菌, 说明微生物主要利用水解酸化作用改变水质.

参考文献:

- Mathioudakis V L, Aivasidis A. Heterotrophic denitrification kinetics in a pressurized sewer biofilm reactor [J]. Desalination, 2009,248(1): 696-704.
- [2] 张 涛,周 丹.城市排水管道污水水质的变化过程 [J]. 环境科学 与技术, 2007,(8):112-114,121.
 Zhang T, Zhou D. The changing process of sewage water quality in urban drainage pipes [J]. Environmental Science and Technology, 2007,(8):112-114,121.
- [3] 金鹏康,焦 丁,王宝宝,等.城市污水管网内生物菌群演替规律 [J]. 环境科学学报, 2014,34(11):2785-2791.
 Jin P K, J D, W B B, et al. Succession of biological flora in urban sewage pipe network [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2014,34(11): 2785-2791.
- [4] T H–J, J V, S M J. The sewer as a bioreactor--a dry weather approach
 [J]. Water science and technology, 2002,45(3):11–24.
- [5] 李茂林.基于 PIV 与 FLUENT 的排水管道流态研究 [D]. 重庆:重庆 大学, 2013.
 Li M L. Research on flow pattern of drainage pipe based on PIV and FLUENT [D]. Chongqing: Chongqing University, 2013.
- [6] Shammay A, Sivret E C, Le-Minh N, et al. Review of odour abatement in sewer networks [J]. Journal of Environmental Chemical Engineering, 2016,4(4,Part A):3866-3881.
- [7] Pai T Y, Shyu G S, Chen L, et al. Modelling transportation and transformation of nitrogen compounds at different influent concentrations in sewer pipe [J]. Applied Mathematical Modelling, 2013,37(3):1553-1563.
- [8] Kadlec R H. Effects of pollutant speciation in treatment wetlands design [J]. Ecological Engineering, 2003,20(1):1–16.
- [9] Liu J, Zhao M, Lv C, et al. The effect of microwave pretreatment on anaerobic co-digestion of sludge and food waste: Performance, kinetics and energy recovery [J]. Environmental Research, 2020,189:109856.
- [10] 朱葛夫.厌氧折流板反应器应用技术及微生物群落生态学研究 [D]. 哈尔滨:哈尔滨工业大学, 2007.
 Zhu G F. Application technology of anaerobic baffled reactor and research on microbial community ecology [D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2007.

^{3.2} 后期水质达到稳定,SCOD 浓度由进口的 [11] Xu R

^[11] Xu R, Yang Z-H, Zheng Y, et al. Depth-resolved microbial community

analyses in the anaerobic co-digester of dewatered sewage sludge with food waste [J]. Bioresource Technology, 2017,244:824-835.

- [12] Guisasola A, Sharma K R, Keller J, et al. Development of a model for assessing methane formation in rising main sewers [J]. Water Research, 2009,43(11):2874–2884.
- [13] Sun J, Ni B–J, Sharma K R, et al. Modelling the long–term effect of wastewater compositions on maximum sulfide and methane production rates of sewer biofilm [J]. Water Research, 2018,129:58–65.
- [14] 詹劲基,麦海岸,邱德星,等.一起下水道口如厕硫化氢中毒的调查
 [J]. 实用预防医学, 2002,9(3):255-255.
 Zhan J J, Mai H A, Qiu D X, et al. Investigation of hydrogen sulfide poisoning in a toilet at a sewer entrance [J]. Practical Preventive Medicine, 2002,9(3):255-255.
- [15] Pengkang J, Xuan S, Guangxi S, 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.
- [16] Zhang Q, Davies E G R, Bolton J R, et al. Impacts of biofilm on monochloramine decay in storm sewer systems: Direct reactions or AOB cometabolism [J]. Biochemical Engineering Journal, 2019,149:107246.
- [17] Li W, Zheng T, Ma Y, 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.
- [18] 王宝宝,金鹏康,郝晓宇,等.城市污水管网中污染物转化规律的模拟研究 [J]. 中国给水排水, 2015,31(15):24-27.
 Wang B B, Jin P K, Hao X Y, et al. Simulation study on pollutant transformation law in urban sewage pipe network [J]. China Water & Wastewater, 2015,31(15):24-27.
- [19] 孙光溪,金鵬康,宋吉娜,等.城市污水管网中产甲烷菌的分布特性规律[J]. 环境科学, 2016,37(6):2252-2258.

Sun G X, Jin P K, Song J N, et al. Distribution characteristics of methanogens in urban sewage pipe network [J]. Environmental Science, 2016,37(6):2252-2258.

- [20] 刘鹤蒙,石 烜,金鹏康,等,城市污水管网中胞外聚合物的沿程变化 特性 [J]. 中国给水排水, 2019,35(5):30-35.
 Liu H M, Shi X, Jin P K, et al. Variation characteristics of extracellular polymer in urban sewage pipe network along the way [J]. China Water & Wastewater, 2019,35(5):30-35.
- [21] Pengkang J, Bin W, Ding J, et al. Characterization of microflora and transformation of organic matters in urban sewer system [J]. Water Research, 2015,84:112–119.
- [22] 毕 倩.基于肠道微生态调节的制何首乌干预胰岛素抵抗作用及机制研究 [D]. 昆明:云南中医学院, 2018.
 Bi Q. Research on the effect and mechanism of Polygonum multiflorum interfering with insulin resistance based on intestinal microecological regulation [D]. Kunming: Yunnan College of Traditional Chinese Medicine, 2018.
- [23] 王宝宝.城市污水管网水质变化特性与生物演替规律研究 [D]. 西安:西安建筑科技大学,2014.
 Wang B.B. Research on water quality change characteristics and

Wang B B. Research on water quality change characteristics and biological succession laws of urban sewage pipe network [D]. Xi'an: Xi'an University of Architecture and Technology, 2014.

- [24] Halkjaer N P, Kamma R, Henrik N N, et al. Transformation of wastewater in sewer systems – A review [J]. Water Science and Technology, 1992,25(6).
- [25] 杨柯瑶.城市污水管网氦类营养物的迁变规律 [D]. 西安建筑科技 大学, 2016.

Yang K Y. Changes of nitrogen nutrients in urban sewage pipe network [D]. Xi'an University of Architecture and Technology, 2016.

- [26] 王 斌.城市污水管网徽生物群落的演替及其对水质的影响 [D].
 西安:西安建筑科技大学, 2015.
 Wang B. Succession of microbial community in urban sewage pipe network and its impact on water quality [D]. Xi'an: Xi'an University of
- Architecture and Technology, 2015.
 [27] Sharma K, Derlon N, Hu S, et al. Modeling the pH effect on sulfidogenesis in anaerobic sewer biofilm [J]. Water Research, 2014.49:175–185.
- [28] Dinh N T, Hatta K, Kwon S H, et al. Changes in the microbial community during the acclimation stages of the methane fermentation for the treatment of glycerol [J]. Biomass and Bioenergy, 2014,68:240–249.
- [29] Yassin A F, Inglis T J J, Hupfer H, et al. *Cruoricaptor ignavus* gen. nov., sp. nov., a novel bacterium of the family *Flavobacteriaceae* isolated from blood culture of a man with bacteraemia [J]. Systematic and Applied Microbiology, 2012,35(7):421–426.
- [30] Shun'ichi I, Shino S, M N-K T, et al. Microbial population and functional dynamics associated with surface potential and carbon metabolism [J]. The ISME Journal, 2014,8(5):963–978.
- [31] Rogosa M. The *Genus veillonella*. I. General cultural, ecological, and biochemical considerations [J]. Journal of Bacteriology, 1964,87: 162–170.
- [32] Yang Q, Xiong P, Ding P, et al. Treatment of petrochemical wastewater by microaerobic hydrolysis and anoxic/oxic processes and analysis of bacterial diversity [J]. Bioresource Technology, 2015,196:169–175.
- [33] James H, M W L, A P L, et al. Draft genome sequence of *Levilinea saccharolytica* KIBI-1, a member of the Chloroflexi Class Anaerolineae [J]. Genome announcements, 2015,3(6).
- [34] Dastidar A, Wang Y-T. Modeling arsenite oxidation by chemoautotrophic Thiomonas arsenivorans strain b6in a packed-bed bioreactor [J]. Science of the Total Environment, 2012,432:113–121.
- [35] Bilen M, Cadoret F, Daoud Z, et al. *Parabacteroides timonensis* sp. nov., identified in human stool [J]. Human Microbiome Journal, 2016,2:1–2.
- [36] Taylor J, Parkes R J. The Cellular fatty acids of the sulphate-reducing bacteria, desulfobacter sp., Desulfobulbus sp. and Desulfovibrio desulfuricans [J]. Journal of General Microbiology, 1983,129(11): 3303-3309.
- [37] Fukui M, Teske A, Aßmus B, et al. Physiology, phylogenetic relationships, and ecology of filamentous sulfate-reducing bacteria (genus Desulfonema) [J]. Archives of Microbiology, 1999,172(4): 193-203.
- [38] Tomoko M, Atsushi K, Takashi A, et al. Complete genome sequence of *Acidithiobacillus ferridurans* JCM 18981 [J]. Microbiology Resource Announcements, 2018,7(7).
- [39] 杨 雷.污水土地处理工艺处理有机废水的研究 [D]. 青岛:青岛理 工大学, 2010.

Yang L. Research on the treatment of organic wastewater by sewage land treatment process [D]. Qingdao: Qingdao Technological University, 2010.

[40] Cao J, Zhang L, Hong J, et al. Different ferric dosing strategies could result in different control mechanisms of sulfide and methane production in sediments of gravity sewers [J]. Water Research, 2019, 164:114914.

作者简介:石 垣(1990-),男,山西阳泉人,博士,主要从事污水管网污染物多元转化机制研究.发表论文 10 余篇.