



榨菜废水小球藻-菌共生体系中试运行特性与协同机制

龚思丽^{1,2}, 张进^{1,2}, 高立洪³, 张凯³, 陈杨武^{1,2}, 周后珍^{1,2}, 兰书焕^{1,2}, 谭周亮^{1,2}, 李欣^{1,2*}

1. 中国科学院成都生物研究所农业微生物制剂四川省重点实验室; 中国-克罗地亚生物多样性和生态系统服务“一带一路”联合实验室(筹), 成都 610213

2. 中国科学院大学, 北京 101408

3. 重庆市农业科学院, 重庆 401329

* 联系人, E-mail: lixin@cib.ac.cn

2026-01-20 收稿, 2026-03-24 修回, 2026-05-17 接受, 2026-05-20 网络版发表

重庆市技术创新与应用发展川渝科技创新合作计划(CSTB2024TIAD-CYKJCXX0015)、重庆市市级财政项目(KYLX20250600066)、中国科学院青年创新促进会(2023387)和四川省重点研发项目(26SYSX0072)资助

摘要 为构建高效、低能耗的榨菜废水生物处理工艺, 本研究以耐盐驯化小球藻-活性污泥共生体系为处理主体, 从反应器选型、参数优化与微生物生态机制三个层面系统探究其运行特性. 首先对比分析曝气光生物反应器(aerated photobioreactor, APBR)与跑道池光生物反应器(raceway pond photobioreactor, RPBR)中藻菌共生体系的运行特性, 并优化RPBR关键运行参数搅拌速度, 提高处理能效. 结果表明, RPBR综合处理效能优于APBR, 且30 r/min为RPBR实现高效运行与节能协同的优选搅拌速度, 氨氮($\text{NH}_4^+\text{-N}$)、化学需氧量(chemical oxygen demand, COD)及总磷(total phosphorus, TP)去除率分别达93.67%、94.49%和78.40%, 与40 r/min搅拌速度处理相当, 但单位能耗更低, 同时小球藻保持生长良好. 藻菌共生体系微生物生态演替分析表明, RPBR通过扇叶搅拌形成的推流模式塑造了以拟杆菌门为主导、富集脱氮功能菌属的稳定功能群落结构; 同时30 r/min搅拌条件下微生物群落均匀度提高, 关键功能菌(如降解有机物的*Oceanimonas*和脱氮除碳的*norank_f_Cryomorphaceae*)得到富集, 而厌氧菌和竞争性劣势菌受到抑制, 藻菌共生体系更为稳定, 处理性能最优. 进一步基于KEGG数据库, 利用PICRUST2预测筛选出与氮代谢相关的功能酶基因, 30 r/min搅拌速度下, 藻菌共生体系硝酸盐还原反应被强化. 本研究从反应器比较、运行参数优化到微生物群落分析, 系统阐明了RPBR在30 r/min下处理榨菜废水的优势及其微生态支撑机制, 为藻-菌共生体系的工艺优化与工程应用提供了参数依据与理论参考.

关键词 高盐废水, 藻菌共生体系, 跑道池光生物反应器, 微生物群落

涪陵榨菜与德国甜酸甘蓝、欧洲酸黄瓜并称世界三大名腌菜, 畅销海内外^[1]. 榨菜腌制加工生产过程中会产生腌制水、淘洗水、脱盐水等大量废水^[2], 该类废水表现为高盐度、高氮磷、高有机物等特征. 若未经处理直接排放, 其高盐度会抑制非耐盐微生物的生长和代谢活性, 甚至导致其死亡, 并使水体失去自净能力^[3]; 高氮磷促进微藻和浮游生物快速繁殖, 引起水体富营养化^[4]; 而高有机物既改变水体pH^[5], 又会在分解

时消耗大量溶解氧^[6], 诱发水体缺氧、黑臭化及生物胁迫, 进而威胁水生生态系统稳定性. 当前榨菜废水常用处理技术主要包括物理化学法、生物法以及二者的联合应用. 现有理化技术虽各具优势, 但普遍受制于能耗高、药剂成本大、运行管理复杂、存在污染等工程经济性瓶颈, 难以兼顾高效性与规模化应用的经济可行性^[7-13]. 生物处理法虽较理化技术更具成本及效能优势, 但传统厌氧/好氧及其组合工艺在高盐榨菜废水中

引用格式: 龚思丽, 张进, 高立洪, 等. 榨菜废水小球藻-菌共生体系中试运行特性与协同机制. 科学通报

Gong S, Zhang J, Gao L, et al. Pilot-scale operation characteristics and synergistic mechanism of the *Chlorella*-bacteria symbiotic system in pickled mustard wastewater (in Chinese). Chin Sci Bull, doi: [10.1360/CSB-2026-0103](https://doi.org/10.1360/CSB-2026-0103)

仍面临微生物活性受抑、脱氮除磷不彻底及运行稳定性不足等挑战^[14-16],亟需开发兼具污染物高效去除、低能耗运行和环境友好特征的新型处理技术。

近年来,藻菌共生体系在生活污水和有机废水处理中展现出良好的应用前景^[17,18],该体系通过微藻光合作用供氧与细菌异养代谢耗氧的协同机制,在降低曝气能耗的同时实现氮、磷及有机物的高效去除^[19,20]。小球藻、栅藻、颤藻在处理猪场废水时对总有机碳(total organic carbon, TOC)、总氮(total nitrogen, TN)、总磷(total phosphorus, TP)等去除率可达85%以上^[21]。同时,藻菌共生体系可将污水中氮磷污染物直接转化为微藻生物质,用于蛋白、生物柴油等高值资源开发,从而同步实现污水高效处理、降低CO₂排放并促进资源回收^[21]。面向榨菜废水高效处理,通过构建特定藻-菌共生体系(如以硅藻、牟氏角毛藻、海生双眉藻及其共生细菌为主体),可在一定程度上实现榨菜废水中氮、磷污染物及化学需氧量(chemical oxygen demand, COD)的高效去除,并同步回收藻类生物质^[22-26]。因此,微藻-细菌协同体系通过耦合光合固碳与异养代谢过程,在实现污染物高效去除的同时促进生物质资源化,被视为一种具有显著环境与资源协同效益的前沿水体修复技术^[27]。

然而,现有微藻-细菌协同处理体系仍面临藻种选择受限、反应器形式单一以及长期运行稳定性不足等问题,制约了该技术的进一步工程化应用。相较于目前研究较为集中的硅藻体系,绿藻,尤其是小球藻(*Chlorella*),在生长速率、生物质产率及资源化利用潜力方面具有显著优势,其蛋白质和脂质含量高,具备作为替代蛋白饲料与能源开发原料的良好应用前景^[28]。但由于其对盐胁迫较为敏感,小球藻在高盐废水条件下易出现生长抑制和代谢失衡,其稳定生长特性及其与细菌的协同作用机制尚缺乏系统研究。这导致小球藻在高盐废水处理中的应用潜力未充分释放,进而成为限制藻-菌共生技术向榨菜废水领域规模化推广的关键因素之一。

基于此,本研究以经重离子诱变及耐盐驯化的小球藻为核心功能藻株,构建小球藻-细菌共生体系处理

榨菜废水,从反应器选型、运行参数优化及群落生态机制三个层面系统开展研究:通过系统比较曝气光生物反应器(aerated photobioreactor, APBR)与跑道池光生物反应器(raceway pond photobioreactor, RPBR)在小球藻生长及污染物去除方面的运行差异,以此筛选适宜的反应器平台,并进一步优化搅拌速度等关键运行参数。在此基础上,围绕以小球藻为核心功能单元的藻菌共生体系,解析共生细菌群落的结构响应特征,构建群落共现网络以揭示绿藻与功能细菌之间的潜在互作关系,从而阐明小球藻-细菌共生体系支撑污染物高效去除与稳定运行的生态过程机制。本研究从工程运行与群落生态过程两个层面,深化了对高盐榨菜废水中小球藻-细菌共生体系构建与稳定运行机制的认识,并为该类体系在高盐有机废水处理中的工程设计与应用提供了科学依据。

1 材料与方法

1.1 微藻藻种及菌种

实验藻种来自实验室已保藏小球藻*Chlorella* sp.,购自中国科学院水生生物研究所淡水藻种库(FACHB-36),经兰州重离子加速器所产生¹²C⁶⁺离子辐照诱变,筛选所得突变藻株(HM-3),其经过前期盐度梯度驯化实验,可在4.0%盐度培养基中耐受生长。实验所用菌群为本实验室正常运行CAST(cyclic activated sludge technology)反应器的新鲜好氧污泥中培养驯化而来。

1.2 废水成分

榨菜废水原水采集自重庆涪陵榨菜集团有限公司的第一道腌制工序,采集后的废水经0.15 mm微滤处理以去除较大颗粒物,并在4℃条件下保存以供后续实验使用。

1.3 实验方法

1.3.1 光生物反应器运行

APBR装置为透明有机玻璃制成的槽式光生物反应器(图1(a)),长120.4 cm、宽35.4 cm、高80.4 cm,总

表 1 废水成分

Table 1 Composition of wastewater

废水类别	COD(mg/L)	NH ₄ ⁺ -N(mg/L)	NO ₃ ⁻ -N(mg/L)	TN(mg/L)	TP(mg/L)	pH	盐度(%)
现场综合废水	200~1700	80~200	5~10	80~230	5~15	5.5~7.5	1~2
榨菜废水原水	37000	1600	100	2000	30	5.32	3.8~6.0

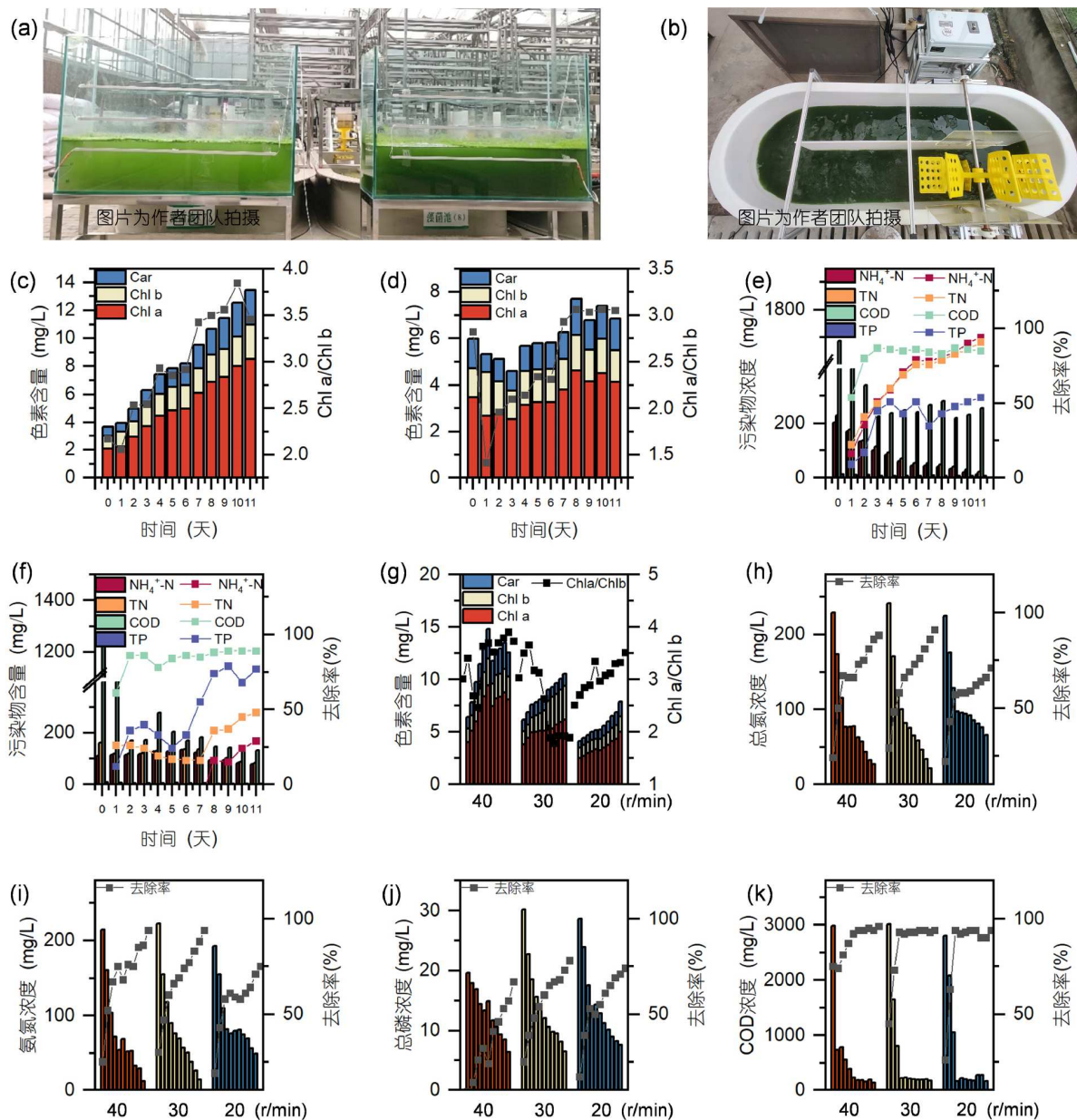


图 1 光生物反应器中微藻的生长情况及污染物去除效果。(a) APBR现场装置图; (b) RPBR现场装置图; (c) RPBR光合色素含量; (d) APBR光合色素含量; (e) RPBR运行过程污染物浓度变化; (f) APBR运行过程污染物浓度变化; (g~k) RPBR不同搅拌速度下光合色素及各种污染物变化。Chl a, 叶绿素a; Chl b, 叶绿素b

Figure 1 Growth of microalgae and pollutant removal performance in photobioreactors. (a) On-site device diagram of APBR; (b) on-site device diagram of RPBR; (c) photosynthetic pigment content of RPBR; (d) photosynthetic pigment content of APBR; (e) variation of pollutant concentration during RPBR operation; (f) variation of pollutant concentration during APBR operation; (g~k) changes in photosynthetic pigments and various pollutants under different stirring speeds in RPBR. Chl a, chlorophyll a; Chl b, chlorophyll b

容积为350 L, 在反应器的两边各装置两条LED灯带以补充光照. RPBR装置采用PP材质水槽和铝型材支架制成(图1(b)), 水槽内部长200 cm、宽75 cm、深35 cm, 总容积为450 L, 配套电机和叶轮(8叶), 应用水体搅拌和循环. 两个反应器均置于室外自然条件下, 分别于其中

培养HM-3, 待其生长到一定浓度后将经过曝气处理的榨菜废水加入反应器中, 进行曝气处理, 同时根据需要调节运行参数: APBR在白天曝气、夜间静置的同时补充光照(10000 lux)的条件下运行; RPBR在碳氮比为7, 初始生物量为3.6 mg/L条件下运行. 长期运行期间温度

及光合色素变化情况见图S1和S2. 光反应器性能对比实验使用综合废水进行, RPBR搅拌速度优化实验使用10%榨菜废水原水进行.

1.3.2 藻体光合色素检测方法

本文所研究的光合色素系指叶绿素a、叶绿素b与类胡萝卜素三者之和, 其含量用于指示微藻的生理状态和藻菌共生体系中藻体生物量积累. 本研究采用改良乙醇提取法^[29], 对微藻中叶绿素a(Chl a)、叶绿素b(Chl b)及类胡萝卜素(Car)的含量进行了测定. 各色素质量浓度的计算公式如下:

$$\rho_{\text{Chl a}} = 13.95A_{665\text{ nm}} - 6.88A_{649\text{ nm}}, \quad (1)$$

$$\rho_{\text{Chl b}} = 24.96A_{649\text{ nm}} - 7.32A_{665\text{ nm}}, \quad (2)$$

$$\rho_{\text{Car}} = (1000A_{470\text{ nm}} - 2.05\rho_{\text{Chl a}} - 114.8\rho_{\text{Chl b}}) / 245. \quad (3)$$

1.3.3 废水污染物检测方法

化学需氧量(COD)、氨氮($\text{NH}_4^+\text{-N}$)、总氮(TN)和总磷(TP)等常规水质指标均采用国家标准方法测定. 具体执行标准为: COD采用重铬酸钾滴定法(DB 11914-89); TP采用钼酸铵分光光度法(DB 11893-89); TN采用碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法(HJ 636-2012); $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 采用纳氏试剂分光光度法(HJ 535-2009).

1.3.4 微生物种群检测和分析方法

在对各样本进行PCR扩增及后续测序分析时, 每个样本设置了多个重复, 以确保分析结果的可靠性. 具体操作流程如下: 采集各实验阶段的藻菌混合液样品, 于 -80°C 冷冻保存以供后续分析. 使用E.Z.N.A.®土壤DNA试剂盒提取总基因组DNA后, 以799F-1392R为引物, 通过PCR扩增细菌16S rRNA基因的V5~V7区, 每个样本设置3个平行. PCR产物纯化、等量混合后, 于Illumina MiSeq PE300平台进行双端测序. 对优化后的序列进行97%相似度聚类以获取OTU, 并利用Silva等数据库进行分类注释.

使用R语言、Microsoft office对微生物生物信息数据分析, 使用Gephi、Origin 2021、PowerPoint绘图.

2 结果与分析

2.1 光生物反应器中藻菌共生体系运行性能比较

2.1.1 APBR与RPBR中藻体生长特征对比

2种PBR中微藻的生长过程如图1(c, d)所示, RPBR中HM-3的光合色素随培养时间的变化而升高, 实验结束时其色素含量为13.44 mg/L; 而在APBR中, HM-3是

光合色素随培养时间呈现先下降后上升、最后趋于平稳的趋势, 实验结束时, 其色素含量仅为6.85 mg/L, 说明在RPBR中, 因扇叶搅拌形成的推流式水力条件有利于藻体在反应器内均匀分布和周期性受光, 从而促进光合色素的持续积累, 而APBR中以点源曝气为主的混合方式易造成局部强扰动, 不利于光合色素的稳定合成与积累^[30], 此外, 在高盐榨菜废水体系中, 盐分显著降低 CO_2 溶解度, APBR的强烈曝气在强化传质的同时, 也大幅增加了气相向大气的 CO_2 吹脱损失, 导致水中无机碳浓度不足, 限制小球藻的光合固碳速率^[31]. 同时在2个PBR中, Chl a/Chl b比值总体上均呈现上升趋势, 表明HM-3在榨菜废水基质条件下仍保持较好的光合调节能力. 其中, RPBR藻体Chl a/Chl b比值最高可达3.84, 说明该条件下藻体光系统I与光系统II的能量分配更加有利于高效光合反应的进行. 冯庆玲等报道的在高盐环境下培养小球藻, 总叶绿素为8.7 mg/L, 低于RPBR中微藻叶绿素含量(10.98 mg/L)^[32], 进一步表明本研究所采用的RPBR反应器运行模式在促进微藻光合色素积累方面具有明显优势.

2.1.2 APBR与RPBR中污染物去除性能对比

为评估藻菌共生体系的协同效应, 本研究在前期工作中开展了耐盐小球藻HM-3单独处理同类高盐榨菜废水的对照实验, 相关数据详见附件(图S3). 藻菌共生体系对榨菜废水中污染物的去除过程如图1(e, f)所示. RPBR中更高的藻体生长水平为藻-菌共生体系功能的充分发挥奠定了基础, 从而提升了污染物去除性能, 在榨菜废水处理中整体表现优于APBR, 尤其在氮素去除方面优势突出. RPBR中藻菌共生体系对 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TN、COD和TP的去除率分别为93.85%、90.57%、84.94%和53.73%, 平均去除速率分别为17.34、18.79、130.21、0.59 $\text{mg L}^{-1} \text{d}^{-1}$; APBR中藻菌体系对 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TN、COD和TP的去除率分别为28.72%、47.92%、89.33%和77.04%, 平均去除速率分别为2.89、7.01、100.55、0.57 $\text{mg L}^{-1} \text{d}^{-1}$. RPBR中较高的藻体生物量及光合活性不仅增强了对无机氮和磷的直接吸收能力, 同时通过持续供氧和有机底物释放, 促进了功能细菌的代谢活性与协同脱氮过程^[33], 从而实现了 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 与TN的高效去除. 该体系对 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和TN的去除率, 明显高于文献报道的厌氧/好氧活性污泥系统($\text{NH}_4^+\text{-N}$: 50%~70%)^[34]及硅藻体系(TN: 78%)^[26]在高盐废水中对氮素的去除率. 2种PBR反应器对COD的去除率(84.94%/89.33%)也高于已报道的另一小球藻-

菌协同系统对高盐有机废水中COD的去除(73.23%)^[35]。上述结果表明, RPBR中较优的水力条件通过促进藻体生长与藻-菌协同作用, 共同驱动了体系在高盐废水中的高效、稳定污染物去除。

综合藻菌共生体系在2种PBR中的运行效果可以看出, RPBR在整体性能上表现优于APBR。两种反应器在供氧方式、混合模式及光照条件等方面存在系统性差异, 因此本研究对二者的比较是基于不同工程技术路线的综合性能评估。在此框架下, RPBR中藻体光合色素积累量约为APBR的2倍, 在榨菜废水条件下保持稳定且高效的光合调节能力。在此基础上, RPBR中较高的藻体生物量与光合活性有效强化了藻菌协同作用, 使体系在氮素去除方面表现尤为突出, $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和TN去除率分别达到93.85%和90.57%, 明显高于APBR的28.72%和47.92%。尽管2种PBR在COD去除率方面差异不大, 但RPBR具有更高的平均去除速率, 体现出更强的整体处理效能。因此, RPBR系统能够更充分发挥藻-菌共生体系的功能优势, 因此被选定用于后续实验研究。

2.2 跑道池光生物反应器搅拌速度参数优化

2.2.1 藻-菌共生体系生长响应特征

在提前培养的藻液中加入10%榨菜废水原水至总体积为300 L, 研究了相同处理环境下, 3种不同搅拌速度(40、30、20 r/min)对藻菌共生体系中微藻生长特征和常规污染物去除情况的影响(图1(g-k))。

3组中HM-3的光合色素含量都是随着时间的延长而增加(图1(g)), 到运行结束时, 40 r/min条件下拥有最高的光合色素含量(12.54 mg/L)。该条件下HM-3的生长情况存在波动, 初始阶段因藻密度低、竞争小, 同时异养细菌分解COD产生的 CO_2 促进了其快速生长^[33], 菌群也可能通过促进碳酸酐酶的产生进而促进藻细胞生长^[36]; 随后出现生长减缓甚至负增长的现象, 表明部分藻细胞开始裂解死亡, 并伴随COD升高; 随后异养细菌再次利用释放的COD, 产生 CO_2 , 促使小球藻恢复生长。此过程表明在该体系中, HM-3与异养细菌之间存在明显的互利共生关系。研究表明, 小球藻可以与异养硝化-好氧反硝化菌共生, 对氮、磷、有机物等去除, 同时产生大量胞外分泌物^[37], 在餐厨废水中该共生体系还可促进其脂质的积累^[38]。此外, 在30 r/min及20 r/min条件下, 光合色素分别为10.51、7.88 mg/L, 表明在一定范围内, 提高搅拌速度有利于促进小球藻在该废水体系

中的生长^[39]。

2.2.2 藻-菌共生体系去除氮污染物特征

3组搅拌速度下 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的变化趋势基本一致, 呈先上升后减缓再上升的趋势, 到运行结束时, 40、30和20 r/min 3组的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除率分别为94.30%、93.67%和74.54%, 其中40 r/min条件下 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 平均去除速率为 $20.21 \text{ mg L}^{-1} \text{ d}^{-1}$, 高于另外2组; 3组条件下对TN的去除率分别为88.03%、91.29%、70.74%, 其中40和30 r/min条件下TN平均去除速率均达到了 $20 \text{ mg L}^{-1} \text{ d}^{-1}$ 以上。此外, 3组均在第4天出现去除速率下降的情况, 推测其原因可能是水体中的有机氮在微生物的作用下转化为 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 。研究表明有机氮经氨化或硝化作用可转化为 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 和 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ ^[40], 对比运行过程中TN的变化情况可知藻菌共生体系有机氮主要是通过氨化作用转化为 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 。根据 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 及TN的去除效果可知, 提高搅拌速度有助于强化藻菌体系对氮污染物的同步高效去除, 40与30 r/min条件下氮污染物去除效率无显著差异。

本研究中的藻菌共生体系在RPBR中对 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和TN的去除率(最高分别为94.30%和91.29%), 与处理同类榨菜废水的硅藻-细菌共生体系($\text{NH}_4^+\text{-N}$: 91%, TN: 78%)以及固定化小球藻体系(在优化条件下TN去除率可达95.58%)水平相当; 此外小球藻在其他高氨氮高盐废水中, 也可达到83.3%的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除率^[24,26,41], 表明小球藻在高盐废水脱氮中同样具有卓越的应用潜力。

2.2.3 藻-菌共生体系去除TP和COD特征

3组搅拌速度下TP浓度均呈现稳定去除的趋势, 到运行结束时, 40、30和20 r/min 3组条件下TP去除率分别为67.31%、78.40%和73.51%; 3组条件下TP的平均去除速率分别为1.32、2.37和2.11 $\text{mg L}^{-1} \text{ d}^{-1}$ 。上述结果表明在RPBR中, 藻菌共生体系对于榨菜废水中磷污染物去除效果并非随搅拌速度增加而持续提升, 对于该条件下去除TP最适合的搅拌速度为30 r/min。

3组搅拌速度下COD去除率均达到94%以上, 其中40 r/min组去除率最高(95.69%), 30 r/min组次之(94.49%)。然而, 反应前期(前3天)30与20 r/min组的COD去除率更高(分别达92.74%和94.35%), 而40 r/min组仅为81.41%; 反应中后期, COD浓度均维持在约 $150 \text{ mg L}^{-1} \text{ d}^{-1}$ 直至试验结束, 推测其原因为初期高有机质与低溶解氧环境促进了反硝化菌对COD的快速消耗, 后期微藻光合作用产氧则可能抑制了反硝化菌活性并可能产生新有机质, 导致COD降解速率放缓^[42]。从平均

去除速率分析, 40与30 r/min组的速率分别为285.18与284.38 mg L⁻¹ d⁻¹, 均高于20 r/min组(264.42 mg L⁻¹ d⁻¹), 达到文献报道同类处理的1倍以上^[25].

尽管本研究中的藻菌共生体系相较于钝顶螺旋藻处理高盐废水而言, 在氮及有机物的处理上均具有优势^[24], 在COD的去除上也远高于另一小球藻菌协同系统处理高盐印染废水的效率^[35], 凸显了该体系对榨菜废水氮污染物及有机物的高效降解能力. 但在TP的去除上, 硅藻体系和某些优化条件下的栅藻均优于本体系^[26,43], 这可能与微藻吸收磷的动力学特性有关: 在开放式RPBR中, 水力条件与水质(如pH、盐度)的波动可能导致部分表面吸附的磷发生解吸, 重新进入水体, 从而降低表观去除率^[44].

综合污染物去除效果分析, 30 r/min搅拌速度为实验条件下的优选搅拌速度. 该搅拌速度下, 藻菌体系对NH₄⁺-N和TN的去除效率与40 r/min条件下无显著差异, 对总磷的去除表现最优, 且对COD去除的前期效率更高, 平均去除速率与40 r/min条件下相当. 同时, 基于搅拌功率与转速的正比关系^[45,46], 30 r/min搅拌速度运行所需功耗低于40 r/min, 其在实现高效处理的同时更具节能潜力. 因此, 30 r/min是在确保污染物高效同步去除和微藻良好生长前提下, 更平衡、经济的选择.

2.3 跑道池光生物反应器藻菌体系微生物群落结构解析

2.3.1 优选搅拌速度下微生物群落结构与共生互作网络特征

通过对30 r/min优选搅拌条件下藻菌共生体系处理榨菜废水的全程监测, 分别选取了进水、处理中期及出水时期的微生物样品进行16S rRNA基因高通量测序, 以解析其群落结构的动态变化. 通过共现网络的拓扑性质分析和模块类别着色, 呈现了微生物群落共生模式, 具体结果如图2(a)所示, 从门水平看, 假单胞菌门(Pseudomonadota, 60.38%)、拟杆菌门(Bacteroidia, 15.47%)、芽孢杆菌门(Bacillota, 10.17%)分别排名前3位, 其中Pseudomonadota与多种微生物之间存在紧密关联, 且绝大多数微生物之间呈现正相关关系, 表明在30 r/min优选搅拌速度条件下, 藻菌共生体系中微生物群落以协同互动而非竞争排斥为主, 形成了结构稳定、功能互补的共生网络. 不同功能类群之间可能通过代谢互馈、底物交叉利用及环境条件协同调节等方式实现共存, 例如异养细菌利用藻类分泌有机碳, 其

代谢过程中产生的CO₂、维生素或微量营养物质则可促进藻类生长, 从而增强体系整体的代谢效率与稳定性^[47].

α 多样性分析结果(图2(b))显示, 在同一反应器连续运行过程中, Ace、Chao1、Shannon及Simpson指数在不同取样时间点存在一定波动, 但各时间点间无显著差异($P > 0.05$), 表明尽管微生物群落的物种丰富度与多样性在数值上有所起伏, 但整体结构在运行周期内维持相对稳定, 未发生显著的定向演替或重组, 这种稳定性可能反映了该藻菌共生体系在恒定反应器条件下具有较好的生态维持能力.

2.3.2 优选搅拌速度下优势功能菌群组成及其潜在生态功能

进一步在门和属水平对藻菌共生体系微生物群落组成进行分析(图2(c, d)), 结果显示优势菌门主要包括拟杆菌门(Bacteroidia, 57.03%)、假单胞菌门(Pseudomonadota, 41.08%)、芽孢杆菌门(Bacillota, 0.67%). 在整个运行过程中, 出水中Bacteroidia的相对丰度高于进水, 说明在该条件下, Bacteroidia在体系中得到有效富集, 可能与其对复杂有机物(如多糖、蛋白质等)水解与初级降解过程中的功能优势有关; 而在第二阶段外加无机碳源后, 其丰度出现下降趋势(从61.04%到44.83%), 而Pseudomonadota相对丰度同步上升(从37.85%到54.08%), 这一变化可能反映了体系内碳源供给结构改变引发的群落功能重分配. 在无机碳源充足、溶氧条件相对较好的情况下, 部分Pseudomonadota种群凭借较高的代谢灵活性和生长速率, 在竞争可利用底物和电子受体方面占据优势, 从而在群落中快速扩增, 随着运行推进, RPBR系统内碳源与溶解氧逐步消耗, 有利于兼性或严格厌氧代谢种群(如Bacteroidia)维持或恢复其相对丰度. 此外, Bacillota丰度在培养过程中逐步增加, 该菌门部分成员通常与有机物水解、发酵及酸化过程密切相关^[48], 其富集可能有助于提高复杂有机物向易降解中间产物的转化效率, 从而在整体上促进体系有机污染物的去除性能.

在属水平上, *norank_f_Saprospiraceae*在整个运行过程中保持最高的相对丰度(39.96%), 该菌属通常被认为与蛋白质类和其他复杂有机物的水解密切相关, 其在榨菜废水体系中的富集, 可能与原水中较高比例的蛋白质和含氮有机物为其提供了充足的底物条件有关^[49]; 同时其高丰度也保证了体系中硝化作用的进行, 从而为后续氮转化过程提供底物基础, 间接支撑体系

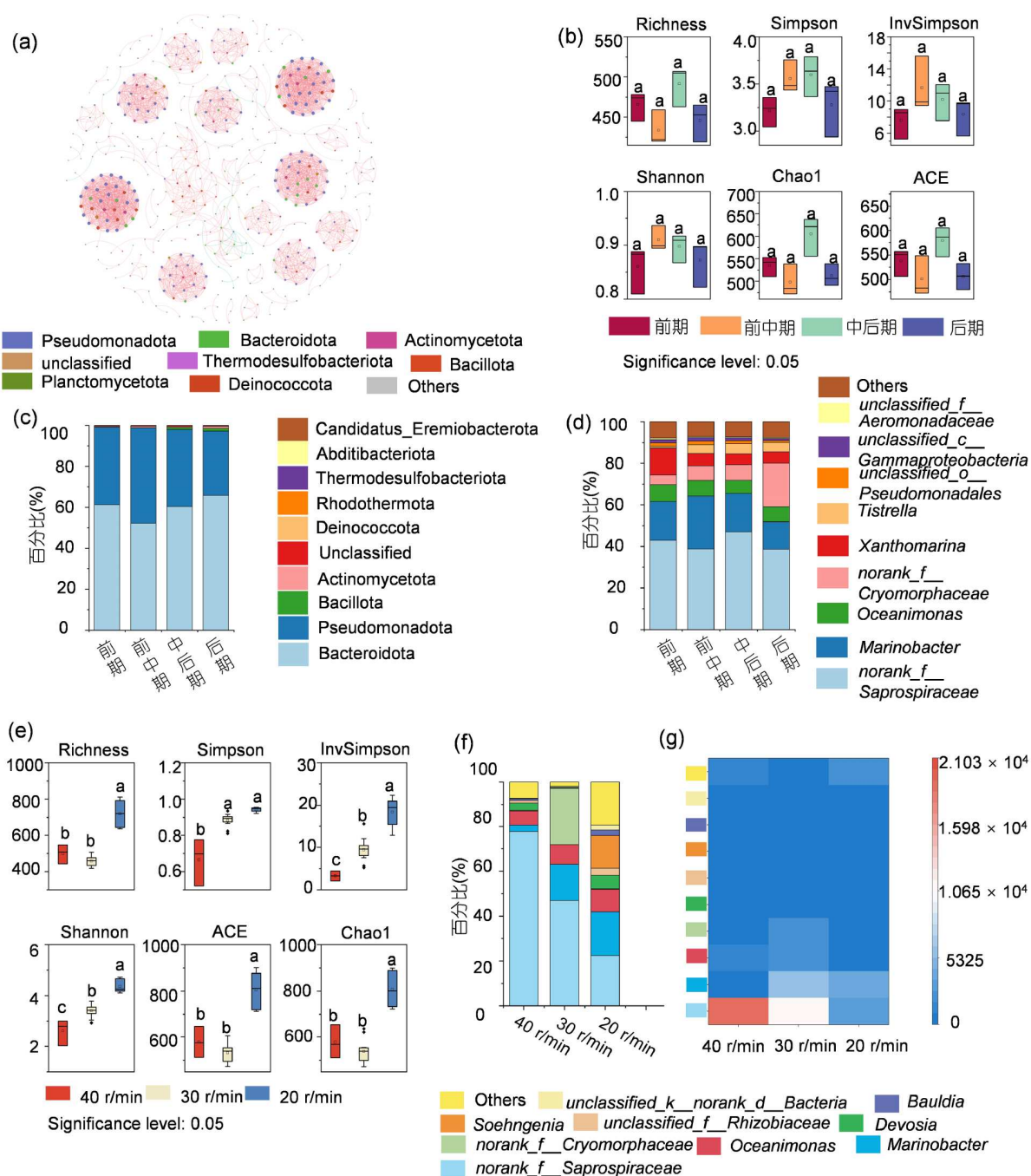


图 2 微生物生物信息学分析. (a~d) 优选搅拌速度下微生物生物信息学分析: (a) 共现网络分析; (b) α 多样性分析; (c) 细菌门水平微生物群落组成; (d) 细菌属水平微生物群落组成. (e~g) 不同搅拌速度下微生物生物信息学分析: (e) α 多样性分析; (f, g) 细菌属水平微生物群落组成

Figure 2 Microbial bioinformatics analysis. (a~d) Microbial bioinformatics analysis at optimal rotation speed: (a) co-occurrence network analysis; (b) α -diversity analysis; (c) microbial community composition at the phylum level; (d) microbial community composition at the genus level. (e~g) Microbial bioinformatics analysis at different rotation speeds: (e) α -diversity analysis; (f, g) microbial community composition at the genus level

中氮循环过程, 增强脱氮效果^[50]. 其次, *Marinobacter*作为一种典型耐盐菌属, 在体系中维持了较高的相对丰度(19.34%). 该菌属不仅能够适应高盐环境, 还具备较

强的有机物降解能力, 并被报道在特定条件下可参与硝酸盐向还原态氮形态的转化过程^[51]. 已有研究表明, *Marinobacter*可通过碳源、铁元素及维生素等代谢相

关物质的交换与微藻形成潜在的互利互作关系^[52], 从而在藻菌共生体系中发挥协同代谢作用. 在RPBR运行过程中, *norank_f__Cryomorphaceae*的相对丰度也呈现持续上升趋势, 该类微生物属于Cryomorphaceae科, 起源于海洋或高盐环境, 具有良好的耐盐特性, 并被报道能够促进胞外聚合物(extracellular polymeric substance, EPS)中蛋白质组分的分泌^[53], 有助于增强生物絮体结构稳定性; 同时其还参与有机污染物降解及氮转化过程, 提升体系整体运行稳定性和处理效能. 相比之下, *Xanthomarina*则在运行过程中呈现下降趋势. 该菌属通常被认为与自养反硝化过程相关^[54], 其丰度变化可能反映了体系运行条件(如碳源供给方式及溶解氧水平变化)对不同脱氮途径贡献比例的调控.

2.3.3 搅拌速度对微生物群落组成及氮代谢通路的影响

在对比实验基础上, 通过对不同搅拌条件下藻菌共生体系处理榨菜废水的全程监测, 选取了对应微生物样品进行16S rRNA基因高通量测序, 以解析微生物群落结构的动态演变特征. α 多样性分析结果(图2(e))显示, 微生物群落的丰富度与均匀度在不同搅拌条件下呈现出显著差异. 反映物种丰富度的Ace指数和Chao1指数随着搅拌速度的降低呈现先下降后上升的变化趋势, 表明30 r/min条件下, 群落物种丰富度相对较低, 该搅拌速度对微生物群落形成了一定的运行选择压力, 促使体系内部分具备较强环境适应性和生长优势的种群优先富集; 同时这些优势菌种还可能通过竞争或产生抑制物质, 协同藻体营养物竞争, 抑制其他微生物的生长, 使物种丰富度下降^[55]. 与此同时, 反映群落均匀度和多样性的Shannon指数和Simpson指数随着搅拌速度的下降呈现上升趋势, 表明微生物物种总数有所降低, 但随着搅拌速度降低, 群落内部不同物种之间的相对丰度分配却更均衡. 这种“较低丰富度-较高均匀度”的群落特征说明, 在30 r/min的搅拌速度下, 即使存在竞争关系, 优势物种并未对资源形成绝对垄断, 其主导地位逐渐减弱^[56], 这也有利于维持藻体与细菌之间在碳源、氧气及营养元素方面的动态平衡, 促使群落结构保持均衡和稳定.

尽管如此, 3组搅拌条件下的微生物群落在门水平上组成差异并不明显, 均以Bacteroidota、Pseudomonadota和Bacillota等为主要优势菌门, 表明在不同搅拌强度下, 藻菌共生体系整体功能类群构成保持相对稳定. 然而, 在属水平上(图2(f, g)), 不同搅拌速度对微生物

群落结构产生了更为明显的选择效应. 在所有运行条件下, *norank_f__Saprospiraceae*均为相对丰度最高的菌属, 且其在高搅拌速度下相对丰度进一步升高(83.23%), 表明该类群对较强水力扰动和剪切环境具有较好的适应能力, 其在高搅拌强度下富集, 更有助于维持体系中复杂有机物的稳定转化. 相比之下, 耐盐菌 *Marinobacter*在高搅拌速度下相对丰度降低(1.74%), 说明该菌属可能更适应于剪切强度较低、微环境相对稳定的运行条件. 这一差异反映了耐盐功能菌在水力扰动条件下的适应性分化. 值得注意的是, *norank_f__Cryomorphaceae*在30 r/min条件下的相对丰度(10.17%)高于其他搅拌速度(40 r/min条件下为2.18%, 20 r/min条件下为0.20%), 该菌属具有良好的耐盐特性, 并被报道在维持高效有机碳去除率和硝化效率方面发挥潜在作用^[57]. 该菌的富集进一步表明, 30 r/min搅拌速度有利于形成兼顾有机物降解与氮转化功能的微生物群落结构. 此外, *Devosia*在30 r/min条件下相对丰度(0.32%)显著低于其他两种搅拌条件(40 r/min条件下为2.09%, 20 r/min条件下为6.24%). 研究表明, 在营养条件充足时, 环境中部分藻类分泌的代谢产物会抑制*Devosia*生长^[58], 因此, 该结果也间接说明藻类代谢活动增强会对部分细菌形成抑制效应; *Soehnfenia*呈现类似的变化趋势, 该菌为严格厌氧菌^[59], 其在30 r/min条件下相对丰度降低, 可能与藻体光合作用增强、体系内溶解氧水平提高有关.

基于KEGG数据库, 利用PICRUST2测序数据进行功能预测, 筛选获得与氮代谢相关的关键功能酶基因(图3). 进一步对藻菌共生体系中氮循环相关基因的相对丰度进行分析发现, 在30 r/min搅拌速度下, 硝酸盐还原作用相关基因(*napA*、*napB*、*NR*和*nirB*等)相对丰度高于另外2组搅拌条件, 预测结果表明, 在该运行条件下, 体系中与硝酸盐还原过程相关的代谢功能可能得到了选择性富集, 微生物可能优先通过同化途径将 NO_3^- -N转化为 NO_2^- , 其中, *napA/napB*及*NR*主要参与硝酸盐向亚硝酸盐的还原过程, 而*nirB*通常与亚硝酸盐向铵态氮的还原(同化型硝酸盐/亚硝酸盐还原或异化硝酸盐还原过程)密切相关^[60]. 该结果说明, 在30 r/min条件下, 体系中微生物可能更倾向于通过硝酸盐向还原态氮形态转化并进一步同化进入生物量的途径参与氮循环^[61]. 相比之下, 在30 r/min条件下, 硝化作用相关基因(*amoB*、*amoC*和*hao*等)相对丰度低于另外2组, 预测表明该条件下体系中硝化过程的潜在贡献相

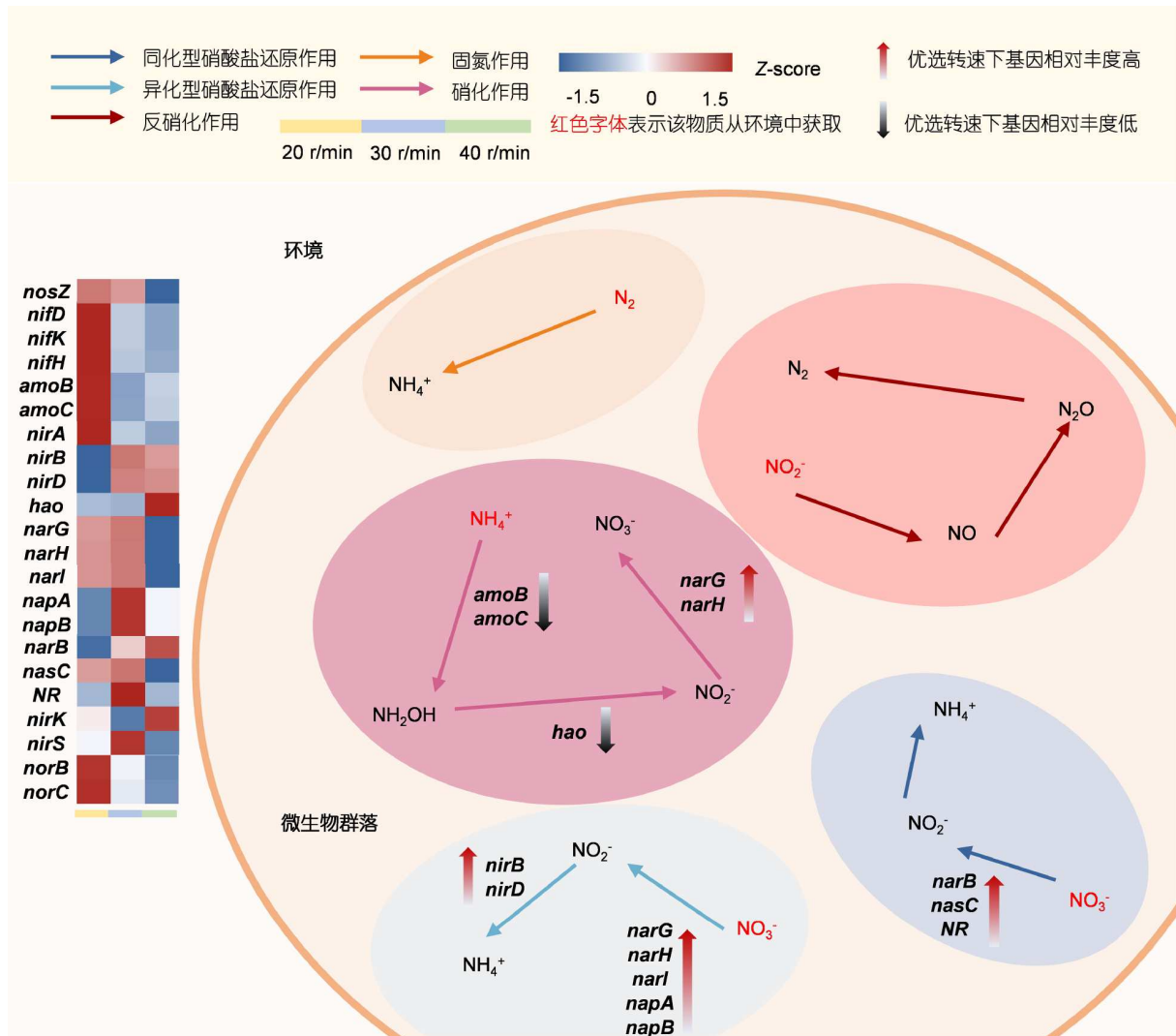


图 3 参与氮循环的主要功能基因

Figure 3 Major functional genes involved in the nitrogen cycle

对较弱,这一现象可能与30 r/min下藻体生长较好、光合作用与异养代谢协同增强,从而改变体系内氮转化路径的相对贡献有关^[61]。此外,反硝化相关基因(*nirK*、*norB*和*norC*)与固氮相关基因(*nifD*、*nifK*和*nifH*)的相对丰度都随搅拌速度的升高而降低,说明在较高搅拌强度下,体系运行条件可能不利于反硝化和固氮等对微环境较为敏感的氮代谢过程^[62,63]。

综合上述结果可以推断,在较高搅拌速度条件下,体系中电子供体和能量更多地被分配至以“硝酸盐还原-铵态氮生成-生物量同化”为特征的氮转化路径,而非硝化-反硝化或固氮途径。这进一步表明搅拌强度通过调控RPBR微环境,显著影响了藻菌共生体系中氮代

谢通路的选择性表达与功能分配。

3 结论

本研究针对高盐榨菜废水成分复杂且传统微生物处理体系稳定性不足的关键问题,成功构建了以耐盐绿藻HM-3为核心的藻菌共生体系,并系统评估了其在2种反应器中的处理效能及微生物生态与机制。主要结论如下:

筛选获得的HM-3与驯化活性污泥耦合,在高盐榨菜废水处理过程中展现出良好的适应性和协同作用,其中,跑道池光生物反应器(RPBR)在污染物去除效率($\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TN、COD和TP的去除率分别为93.85%、

90.57%、84.94%和53.73%)、运行稳定性及藻体生长(色素含量达13.44 mg/L)等方面均表现出最优综合性能,显示出其在工程应用中的优势。

明确了RPBR处理综合废水与原水的最佳运行参数(C/N=7, 搅拌速度30 r/min), 在该条件下, 藻菌共生体系对 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ (93.67%)、COD(94, 49%)、TP(78.40%)等主要污染物均实现了高效去除, 同时微藻生长状态良好, 表明适中的搅拌强度和碳氮配比有利于藻菌体系中物质传递、光能利用与代谢协同的同步优化。

从微生物群落结构与功能层面揭示了藻菌共生体系的稳定运行机制。结果表明, 体系内形成了以拟杆菌门(Bacteroidota)为核心、辅以多类耐盐功能菌的协同群落结构, 其中腐螺旋菌科(*Saprospiraceae*)等关键菌属在有机物水解、氮转化及藻菌协同代谢过程中发挥了重要作用, 为污染物的持续去除和系统稳定运行提供了微生物学基础。

综上, 本研究从反应器选型、参数优化到群落生

态机制三个维度, 系统构建了以耐盐绿藻HM-3为核心的高盐榨菜废水藻菌协同处理技术体系。通过将微生物群落演替特征与系统运行性能相结合, 深化了对藻菌共生系统在复杂高盐废水处理中的微生物生态演替及调控机制的认识。该体系不仅为高盐榨菜废水提供了一种高效、低能耗、低碳排放生物处理技术路径, 同时实现了废水中氮磷等营养元素的回收与转化。为推动传统“处理-排放”模式向“处理-回收-资源化”的循环经济模式转型, 提供了具有工程可行性的技术示范和理论支撑。

然而本研究虽明确了反应器规格与运行条件, 但未直接测定混合时间、剪切力分布等核心水力参数, 故尚无法建立水力条件与藻类生理响应之间的定量机理性关联。后续研究应结合计算流体力学模拟或示踪实验, 对反应器内的流场特性进行系统表征, 以期藻菌共生体系的反应器优化设计与工程放大提供更充分的水力学依据。

参考文献

- Wang Y. Fuling pickled mustard promotes Fuling to go global (in Chinese). *The World Chongqing*, 1998, (6): 39 [王一. 涪陵榨菜推动涪陵走向世界. *重庆与世界*, 1998, (6): 39]
- Sima W P. Research on the technology of removing nitrogen and phosphorus of co-processing pickle organic wastewater with high concentration of salt and nitrogen and municipal sewage (in Chinese). Doctor Dissertation. Chongqing: Chongqing University, 2014 [司马卫平. 高盐高氮磷榨菜有机废水与城镇污水协同处理脱氮除磷研究. 博士学位论文. 重庆: 重庆大学, 2014]
- Li Y C, Bao J G, Zhou X, et al. Review on biotreatment system affected by high salinity organic wastewater (in Chinese). *Environ Sci Technol*, 2006, (6): 109–111, 121 [李耀辰, 鲍建国, 周旋, 等. 高盐度有机废水对生物处理系统的影响研究进展. *环境科学与技术*, 2006, (6): 109–111, 121]
- Sabaghi S, Fatehi P. Phenomenological changes in lignin following polymerization and its effects on flocculating clay particles. *Biomacromolecules*, 2019, 20: 3940–3951
- Hruška J, Laudon H, Johnson C E, et al. Acid/base character of organic acids in a boreal stream during snowmelt. *Water Resour Res*, 2001, 37: 1043–1056
- Deng L F. Characteristics of natural organic matter in Jinpen Reservoir and the effect of its *in-situ* reduction by mixing and oxygenation (in Chinese). Master Thesis. Xi'an: Xi'an University of Architecture and Technology, 2019 [邓立凡. 金盆水库天然有机物特性及混合充氧对其原位削减作用. 硕士学位论文. 西安: 西安建筑科技大学, 2019]
- Toth A J. Modelling and optimisation of multi-stage flash distillation and reverse osmosis for desalination of saline process wastewater sources. *Membranes*, 2020, 10: 265
- Van Der Bruggen B, Vandecasteele C, Van Gestel T, et al. A review of pressure-driven membrane processes in wastewater treatment and drinking water production. *Environ Prog*, 2003, 22: 46–56
- Guo P, Li T, Wang Y, et al. Energy and exergy analysis of a spray-evaporation multi-effect distillation desalination system. *Desalination*, 2021, 500: 114890
- Guo H Y, Zhou K X, Yang P, et al. Research progress in the treatment of vegetable pickling wastewater (in Chinese). *Technol Water Treat*, 2022, 48: 6–12 [郭洪运, 周可欣, 杨平, 等. 蔬菜腌渍废水处理技术研究及应用现状. *水处理技术*, 2022, 48: 6–12]
- Liu J G, Chen Y C, Yang Z M, et al. Treatment of mustard wastewater with coagulation and sedimentation (in Chinese). *J Southwest Univ (Nat Sci Ed)*, 2011, 33: 122–128 [刘江国, 陈玉成, 杨志敏, 等. 榨菜废水的混凝处理研究. *西南大学学报(自然科学版)*, 2011, 33: 122–128]
- Wang L, Qian X F, Sun W G, et al. Research on high salt ammonia nitrogen wastewater treatment from coal-fired power plant by electrochemical

- oxidation (in Chinese). *Technol Water Treat*, 2020, 46: 94–99 [王亮, 钱晓峰, 孙伟钢, 等. 电化学氧化法处理燃煤电厂高盐氨氮废水研究. *水处理技术*, 2020, 46: 94–99]
- 13 Mohamed Noor M H, Ngadi N. Global research landscape on coagulation-flocculation for wastewater treatment: a 2000–2023 bibliometric analysis. *J Water Process Eng*, 2024, 64: 105696
- 14 Yin F F, Hu E B. Research on enhanced nitrogen and phosphorus removal from wastewater by A²/o coupled biological aerated filter (in Chinese). *Environ Engin*, 2019, 37: 73–77 [殷芳芳, 胡恩保. A²/o耦合生物曝气滤池强化污水脱氮除磷. *环境工程*, 2019, 37: 73–77]
- 15 Guan Q, Qu Y, Zhai Y, et al. Enhancement of methane production in anaerobic digestion of high salinity organic wastewater: the synergistic effect of nano-magnetite and potassium ions. *Chemosphere*, 2023, 318: 137974
- 16 Wan C, Yang X, Lee D J, et al. Partial nitrification of wastewaters with high NaCl concentrations by aerobic granules in continuous-flow reactor. *Bioresour Tech*, 2014, 152: 1–6
- 17 Wang J, Liu H, Peng M W, et al. Amoxicillin degradation and high-value extracellular polymer recovery by algal-bacterial symbiosis systems. *J Hazard Mater*, 2023, 460: 132344
- 18 Wang H, Qi W, Wang W, et al. N-modulated algal-bacterial symbiosis: dual detoxification and bioproduction enhancement from acid-lignocellulosic pretreatment wastewater. *Bioresour Tech*, 2025, 436: 132978
- 19 Ramanan R, Kim B H, Cho D H, et al. Algae-bacteria interactions: evolution, ecology and emerging applications. *Biotechnol Adv*, 2016, 34: 14–29
- 20 Wang J, Li Z, Zhao Z, et al. Enclosing gases by gas circulation to establish photosynthetic O₂-supported algal-bacterial granular system in pseudo-closed sequencing batch reactors for greenhouse gas emission mitigation. *Chem Eng J*, 2024, 500: 157074
- 21 García D, Posadas E, Blanco S, et al. Evaluation of the dynamics of microalgae population structure and process performance during piggery wastewater treatment in algal-bacterial photobioreactors. *Bioresour Tech*, 2018, 248: 120–126
- 22 Yong J J J Y, Chew K W, Khoo K S, et al. Prospects and development of algal-bacterial biotechnology in environmental management and protection. *Biotechnol Adv*, 2021, 47: 107684
- 23 Li H D, Ding Z J, Sun H D, et al. Experiment of municipal wastewater treatment with microalgae resources utilization (in Chinese). *Water Purif Technol*, 2025, 44: 92–99 [李昊东, 丁照杰, 孙慧娣, 等. 微藻资源化处理市政污水的试验. *净水技术*, 2025, 44: 92–99]
- 24 Chen W T. Immobilized microalgal-bacterial consortia to strengthen the treatment of tail water of mustard tube wastewater (in Chinese). Master Thesis. Chongqing: Chongqing University, 2020 [陈文婷. 固定化藻菌强化榨菜废水尾水的处理. 硕士学位论文. 重庆: 重庆大学, 2020]
- 25 Zhang K, Jiang S, Zhang J, et al. Phycoremediation and valorization of hypersaline pickled mustard wastewater via *Chaetoceros muelleri* and indigenous bacteria. *Bioresour Tech*, 2024, 393: 130172
- 26 Wang S, Zhang C, Zhang K, et al. One-step bioremediation of hypersaline and nutrient-rich food industry process water with a domestic microbial community containing diatom *Halamphora coffeaeformis*. *Water Res*, 2024, 254: 121430
- 27 Li S N, Zhang C, Li F, et al. Recent advances of algae-bacteria consortia in aquatic remediation. *Crit Rev Environ Sci Tech*, 2023, 53: 315–339
- 28 S K, P H, Malik A. *Chlorella minutissima* as a functional food: evaluation on nutritional profile and antioxidant potential of the metabolites. *Biomass Conv Bioref*, 2024, 14: 7291–7303
- 29 Ritchie R J. Universal chlorophyll equations for estimating chlorophylls *a*, *b*, *c*, and *d* and total chlorophylls in natural assemblages of photosynthetic organisms using acetone, methanol, or ethanol solvents. *Photosynthetica*, 2008, 46: 115–126
- 30 Wang C, Lan C Q. Effects of shear stress on microalgae – A review. *Biotechnol Adv*, 2018, 36: 986–1002
- 31 Zhang H. Efficiency and mechanism of municipal wastewater treatment in membrane aerated bacteria-algae biofilm reactor (in Chinese). Doctor Dissertation. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2022 [张晗. 膜曝气菌藻生物膜反应器市政污水处理效能及机理研究. 博士学位论文. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2022]
- 32 Feng Q L, Ye Z Q, Lin Y Q, et al. Effects of salt stress on extracellular polysaccharide accumulation and antioxidant activity of *Chlorella* (in Chinese). *Indust Microbiol*, 2024, 54: 185–188 [冯庆玲, 叶招权, 林艺群, 等. 盐胁迫对小球藻胞外多糖积累及抗氧化性的影响. *工业微生物*, 2024, 54: 185–188]
- 33 Geng Y, Lian C A, Yang L, et al. Unlocking microbial synergy in microalgae-bacteria granules: RSM-driven optimization and lifecycle microbial metagenomics for high-ammonia wastewater treatment. *Water Res*, 2026, 290: 125098
- 34 Liu C S, Han X S, Chen H, et al. Effect of operation modes on granulation process of activated sludge in treatment of hypersaline wastewater (in Chinese). *Chin J Environ Engin*, 2024, 18: 209–219 [刘昌莘, 韩响身, 陈浩, 等. 高盐废水体系运行模式对活性污泥颗粒化过程的影响. *环境工程学报*, 2024, 18: 209–219]
- 35 Song Y, Wang L, Qiang X, et al. Design, construction and evaluation of collaborative bio-system of *Vibrio fluvialis* with *Chlorella sorokiniana* for treating actual printing and dyeing wastewater. *Chem Eng J*, 2024, 500: 157459
- 36 An H, Wu X M, Cao J S, et al. Research progress on mechanism of bacterial-algal system for wastewater treatment and CO₂ fixation (in Chinese). *Water Purif Technol*, 2024, 43: 39–46 [安浩, 吴鑫明, 操家顺, 等. 菌藻共生系统污水处理及CO₂固定作用机制的研究进展. *净水技术*, 2024,

- 43: 39–46]
- 37 Qin S, Deng L, Lin Y, et al. Quorum sensing signaling molecules enhance the treatment performance of the HN-AD bacteria-*Chlorella* symbiotic system in MABR. *J Environ Manage*, 2025, 392: 126783
- 38 Jiang L, Zhang L, Nie C, et al. Lipid productivity in limnetic *Chlorella* is doubled by seawater added with anaerobically digested effluent from kitchen waste. *Biotechnol Biofuels*, 2018, 11: 68
- 39 Isiya D A, Sani M. Effects of different stirring rates on the *Chlorella vulgaris* growth for wastewater treatment systems. *IJEAST*, 2020, 4: 454–460
- 40 Xiang H Z. Research progress of functional genes in nitrogen cycle process (in Chinese). *AEP*, 2024, 14: 1348–1357 [项鸿志. 氮循环过程功能基因的研究进展. 环境保护前沿, 2024, 14: 1348–1357]
- 41 Wang Q, Yu Z, Wei D. High-yield production of biomass, protein and pigments by mixotrophic *Chlorella pyrenoidosa* through the bioconversion of high ammonium in wastewater. *Bioresour Tech*, 2020, 313: 123499
- 42 Shen T, Jiang J, Li N, et al. Aerobic denitrifiers and the application in remediation of micro-polluted water source (in Chinese). *Acta Microbiol Sin*, 2023, 63: 465–482 [沈桐, 江进, 李宁, 等. 好氧反硝化细菌及其在微污染水源水修复中的应用研究进展. 微生物学报, 2023, 63: 465–482]
- 43 Ma Y F, Guo T, He R Y, et al. Effect of IAA on growth characteristics and nitrogen/phosphorus removal of cultivation microalgae with high-salt wastewater (in Chinese). *Transact Chin Soc Agricult Machinery*, 2023, 54(S2): 341–349 [马艳芳, 郭亭, 何荣玉, 等. IAA对高盐废水培养微藻生长特性与氮磷去除的影响. 农业机械学报, 2023, 54(S2): 341–349]
- 44 Yao B, Xi B, Hu C, et al. A model and experimental study of phosphate uptake kinetics in algae: considering surface adsorption and P-stress. *J Environ Sci*, 2011, 23: 189–198
- 45 Xuan Y, Liu X D, Zhou C Q, et al. A discrete element method (DEM) simulation and experimental research on powder mixing process and stirring power (in Chinese). *Chem Indust Engin Prog*, 2021, 40: 3598–3607 [宣颖, 刘雪东, 周成奇, 等. 粉体混合过程及搅拌功率的DEM数值模拟和实验. 化工进展, 2021, 40: 3598–3607]
- 46 Ma Q S, Feng L F, Gu X P, et al. Power consumption for powder in horizontal agitated reactor (in Chinese). *J Chem Engin Chin Univ*, 1999, (1): 32–38 [马青山, 冯连芳, 顾雪萍, 等. 卧式单轴粉体搅拌反应器的搅拌功率. 高校化学工程学报, 1999, (1): 32–38]
- 47 Thukral M, Allen A E, Petras D. Progress and challenges in exploring aquatic microbial communities using non-targeted metabolomics. *ISME J*, 2023, 17: 2147–2159
- 48 Endress M G, Chen R, Blagodatskaya E, et al. The coupling of carbon and energy fluxes reveals anaerobiosis in an aerobic soil incubation with a *Bacillota*-dominated community. *Soil Biol Biochem*, 2024, 195: 109478
- 49 McIlroy S J, Nielsen P H. The Family Saprospiraceae. In: Dworkin M, Falkow S, Rosenberg E, et al., eds. *The Prokaryotes*. Berlin, Heidelberg: Springer, 2014. 863–889
- 50 Chen X, Luo J H, Li Z G, et al. Analysis on upgrading and reconstruction effect of A/A/O microaeration oxidation ditch process (in Chinese). *Indust Water Wastewater*, 2023, 54: 26–31 [陈杏, 罗俊晖, 李治国, 等. A/A/O微曝氧化沟工艺提标改造效果分析. 工业用水与废水, 2023, 54: 26–31]
- 51 Zan S, Wang J, Fan J, et al. Cyclohexanecarboxylic acid degradation with simultaneous nitrate removal by *Marinobacter* sp. SJ18. *Environ Sci Pollut Res*, 2023, 30: 34296–34305
- 52 Cheng L, Zhu P, Ke H, et al. Metabolic versatility of *Marinobacter* and its biotechnological potential. *Biotechnol Adv*, 2025, 83: 108650
- 53 Huang J L, Wang H H, Alam F, et al. Granulation of halophilic sludge inoculated with estuarine sediments for saline wastewater treatment. *Sci Total Environ*, 2019, 682: 532–540
- 54 Yi L, Liu C, Rong X, et al. Iron-doped biocarriers enhanced nitrogen removal from saline wastewater in an unplanted constructed wetland-microbial electrolytic cell system. *J Environ Manage*, 2025, 395: 127939
- 55 Xie C, Huang Z, Wang J, et al. A novel Bio-LOHAS process: regulating DGAOs-DPAOs interactions and carbon allocation through strategic low-DO aeration for low C/N wastewater treatment. *Water Res*, 2025, 287: 124323
- 56 Kim J, Kwon J, Kim M, et al. Low-dielectric-constant polyimide aerogel composite films with low water uptake. *Polym J*, 2016, 48: 829–834
- 57 Corsino S F, Capodici M, Di Pippo F, et al. Comparison between kinetics of autochthonous marine bacteria in activated sludge and granular sludge systems at different salinity and SRTs. *Water Res*, 2019, 148: 425–437
- 58 Deng Q L, Xiao Y, Jia R, et al. *Devosia lacusdianchii* sp. nov., an attached bacterium inhibited by metabolites from its symbiotic *Microcystis*. *Antonie van Leeuwenhoek*, 2024, 117: 12
- 59 Dantie M M, Shin J, Jang H M, et al. Effects of biological pretreatments of microalgae on hydrolysis, biomethane potential and microbial community. *Bioresour Tech*, 2021, 329: 124905
- 60 Mania D, Heylen K, van Spanning R J M, et al. The nitrate-ammonifying and *nosZ*-carrying bacterium *Bacillus vireti* is a potent source and sink for nitric and nitrous oxide under high nitrate conditions. *Environ Microbiol*, 2014, 16: 3196–3210
- 61 Kong W, Kong J, Feng S, et al. Cultivation of microalgae-bacteria consortium by waste gas-waste water to achieve CO₂ fixation, wastewater purification and bioproducts production. *Biotechnol Biofuels*, 2024, 17: 26

-
- 62 Frey C, Bange H W, Achterberg E P, et al. Regulation of nitrous oxide production in low-oxygen waters off the coast of Peru. [Biogeosciences](#), 2020, 17: 2263–2287
- 63 Curatti L, Rubio L M. Challenges to develop nitrogen-fixing cereals by direct nif-gene transfer. [Plant Sci](#), 2014, 225: 130–137
-

补充材料

图S1 两种光生物反应器运行过程中的温度

图S2 两种反应器运行情况

图S3 HM-3单独处理榨菜废水使各污染物的去除效果

本文以上补充材料见网络版csb.scichina.com. 补充材料为作者提供的原始数据, 作者对其学术质量和内容负责.

Summary for “榨菜废水小球藻-菌共生体系中试运行特性与协同机制”

Pilot-scale operation characteristics and synergistic mechanism of the *Chlorella*-bacteria symbiotic system in pickled mustard wastewater

Sili Gong^{1,2}, Jin Zhang^{1,2}, Lihong Gao³, Kai Zhang³, Yangwu Chen^{1,2}, Houzhen Zhou^{1,2}, Shuhuan Lan^{1,2}, Zhouliang Tan^{1,2} & Xin Li^{1,2*}

¹ Agricultural Microbial Agents Key Laboratory of Sichuan Province, Chengdu Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, China-Croatia Belt and Road Joint Laboratory on Biodiversity and Ecosystem Services (Preparation), Chengdu 610213, China

² University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 101408, China

³ Chongqing Academy of Agricultural Sciences, Chongqing 401329, China

* Corresponding author, E-mail: lixin@cib.ac.cn

This study evaluated an algal–bacterial symbiotic system for the treatment of high-salinity organic wastewater, using synthetic pickled mustard wastewater as a representative substrate. Two photobioreactor configurations, an aerated photobioreactor (APBR) and a raceway pond photobioreactor (RPBR), were compared to assess their treatment performance and operational characteristics. The RPBR showed better overall performance than the APBR. To further optimize RPBR operation, paddle wheel rotational speeds of 20, 30, and 40 r/min were investigated. System performance was evaluated based on the removal efficiencies of ammonium nitrogen ($\text{NH}_4^+\text{-N}$), chemical oxygen demand (COD), and total phosphorus (TP), while microalgal growth was assessed using biomass concentration and chlorophyll a content. In addition, high-throughput 16S rRNA gene sequencing was used to analyze bacterial community dynamics under the optimized RPBR condition, and the potential relationship between microbial communities and environmental factors was further explored.

The results showed that 30 r/min was the preferred operating condition for the RPBR. Under this condition, the removal efficiencies of $\text{NH}_4^+\text{-N}$, COD, and TP reached 93.67%, 94.49%, and 78.40%, respectively, which were comparable to those obtained at 40 r/min but with lower energy input. Microalgae maintained favorable growth at 30 r/min, indicating that this mixing intensity provided suitable conditions for both pollutant removal and algal biomass accumulation. Microbial community analysis showed that the hydraulic conditions in the RPBR contributed to the formation of a relatively stable and functionally adapted bacterial community. Bacteroidota became the dominant phylum, and several taxa associated with organic matter degradation and nitrogen transformation, including *Oceanimonas* and Cryomorphaceae-related uncultured taxa, were enriched. Meanwhile, some anaerobic or less competitive bacterial groups were relatively suppressed. PICRUSt2-based functional prediction further suggested that the potential abundance of genes related to nitrate reduction was enhanced at 30 r/min, indicating a strengthened nitrogen transformation capacity in the algal–bacterial system.

Overall, the RPBR operated at 30 r/min provided an effective and energy-efficient configuration for treating high-salinity pickled mustard wastewater. Its enhanced performance was associated not only with improved mixing and mass transfer but also with the establishment of a stable bacterial community adapted to organic matter degradation and nitrogen transformation. These findings provide operational parameters and microbiological evidence for the optimization and engineering application of algal–bacterial symbiotic systems in high-salinity organic wastewater treatment.

high-salinity wastewater, algal-bacterial symbiotic system, raceway pond photobioreactor, microbial community

doi: [10.1360/CSB-2026-0103](https://doi.org/10.1360/CSB-2026-0103)