



文章栏目: 水污染防治

DOI 10.12030/j.cjee.201812193

中图分类号 X703

文献标识码 A

郝志鹏, 张会宁, 彭维, 等. 悬浮填料生物膜反应器细菌群落季相更替对处理效果的稳定作用[J]. 环境工程学报, 2019, 13(11): 2601-2609.

HAO Zhipeng, ZHANG Huining, PENG Wei, et al. Stabilizing effect of seasonal alternation of bacterial communities on the effluent qualities in moving bed biofilm reactor[J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2019, 13(11): 2601-2609.

悬浮填料生物膜反应器细菌群落季相更替对处理效果的稳定作用

郝志鹏¹, 张会宁², 彭维¹, 葛向阳¹, 梁运祥¹, 靳慧霞², 陈正军^{1,*}

1. 华中农业大学生命科学技术学院, 农业微生物学国家重点实验室, 武汉 430070

2. 浙江大学宁波理工学院, 宁波 315000

第一作者: 郝志鹏(1992—), 男, 硕士研究生。研究方向: 低浓度污水处理技术。E-mail: 229266017@qq.com

*通信作者: 陈正军(1976—), 男, 博士, 副教授。研究方向: 微生物修复技术。E-mail: chenzhengjun@163.com

摘要 针对生物实验室污水处理难度高及其秋冬季节达标率低的问题, 采用改进工艺的悬浮填料生物膜反应器(moving bed biofilm reactor, MBBR)进行连续处理, 观察秋冬季节 MBBR 水质处理效果, 利用高通量测序技术研究环境因子水温(T_w)、溶解氧(DO)、pH 对生物膜细菌群落更替的影响以及主要微生物种群变化。结果表明, T_w 由 26 °C 下降到 10 °C 期间, 反应器 COD、 $\text{NH}_4\text{-N}$ 去除率仍然分别保持在 75%、80% 左右, MBBR 出水稳定在一级 A 标准。变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)和浮霉菌门(*Planctomycetes*)是生物膜主要优势菌门, T_w 的下降引起拟杆菌门的相对丰度显著升高。假单胞菌属(*Pseudomonas*)和黄杆菌属(*Flavobacterium*)在低 T_w 下成为优势菌属, 动胶菌属(*Zoogloea*)相对丰度保持稳定。通过冗余分析(RDA)发现, DO 与短波单胞菌属(*Brevundimonas*)、pH 与脱氯单胞菌(*Dechloromonas*)、固氮弧菌属(*Azoarcus*)具有显著正相关性, T_w 与假单胞菌属、黄杆菌属具有显著负相关性。MBBR 结果揭示, 细菌群落动态更替是 MBBR 出水水质仍然保持稳定的重要原因。

关键词 悬浮填料生物膜反应器; 生物实验室污水; 高通量测序; 细菌群落; 相对丰度

随着我国高校实验室种类和规模不断扩大, 实验产生的污水量逐渐增加^[1]。实验室污水具有成分复杂、危害大、间歇性排放、排水量无明显规律的特点, 对环境的污染问题也日益严重^[2]。目前, 实验室污水常规的处理方法主要包括物理处理、化学处理、生物处理^[3]。物理处理存在能耗高、废水处理量小等缺点, 化学处理过程中会产生二次污染和处理成本较高的问题^[4-5]。传统生物处理是利用活性污泥法、生物转盘法和生物膜法等处理污水, 该方法存在污泥膨胀、处理效果不稳定等缺点^[6]。悬浮填料生物膜反应器(MBBR)是集活性污泥法和生物转盘法优点于一体的新型生物膜反应器, 可以高效、稳定地处理成分复杂的污水^[7]。

MBBR 具有抗冲击负荷能力较强, 处理效果稳定, 微生物量大等优点^[8]。贾方明^[9]利用 MBBR 在 14~18 °C 水温处理北方地区生活污水, 当 $\text{DO}=4.5 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 出水氨氮去除率最高达到

收稿日期: 2018-12-28; 录用日期: 2019-05-09

基金项目: 浙江省自然科学基金资助项目(2017C510006)

65%；当 $DO=2.0\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 时，出水总氮和总磷去除率分别为 45.2% 和 58.2%，对于低温环境处理北方生活污水具有较大帮助。庄海峰等^[10]采用缺氧/好氧 MBBR 处理煤化工废水，硝态氮/亚硝态氮混合液回流比 200%，最佳 HRT=12 h，出水 COD、氨氮、总氮去除率分别达到 68.1%、84.0%、74.7%，出水达到国家一级 A 排放标准，出水酚类化合物的数量和种类分别减少了 84.4% 和 54.5%。李月等^[11]采用 MBBR 处理低浓度氨氮 ($2\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$) 养殖废水，MBBR 在水力停留时间为 6~8 min 和曝气量为 $180\text{ L}\cdot\text{h}^{-1}$ 的条件下氨氮去除率可达到 70%~75%，氨氮去除负荷为 $560\sim 700\text{ g}\cdot(\text{m}^3\cdot\text{d}^{-1})$ ，能高效地处理低浓度氨氮养殖废水。

MBBR 作为污水处理的新技术，目前研究主要集中于 MBBR 处理生活污水和工业废水，而对实验室污水的处理效果，尤其是环境因子影响下生物膜细菌群落变化的研究则较少^[12]。本研究构建了 2 个相同的 MBBR，在秋冬季节处理实验室污水，并监测系统的 T_w 、DO 和 pH，探究 MBBR 水质 COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 处理效果以及生物膜细菌群落的动态变化，分析出水水质波动和细菌群落变化之间的相关性。

1 材料与方法

1.1 实验装置

本研究构建 2 套相同的 1 号 MBBR 和 2 号 MBBR，实验装置如图 1 所示。MBBR 反应桶有效容积为 800 L，MBBR 载体填充率为 30%。反应器底部曝气采用多管砂芯曝气，曝气设置好氧 6 h，间隔 2 h。1 号和 2 号 MBBR 分别对应实验室 A、B 座污水，反应器进水方式采用间歇式进水，实验来水经格栅除杂、紫外杀菌后进入反应器，MBBR 连续运行的水力停留时间 (HRT) 为 8~12 h。出水经过紫外杀菌后进入沉淀池，检测出水水质后排放。

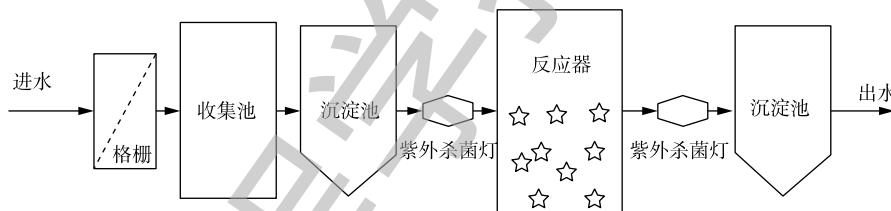


图 1 MBBR 装置流程图

Fig. 1 Schematic diagram of MBBR equipment

1.2 实验条件和检测方法

MBBR 填料挂膜采用闷曝自然挂膜法，活性污泥取自武汉沌口污水处理厂脱水污泥，通过添加 0.02% 葡萄糖间隔曝气活化 24 h，取 SV_{30} 沉降在 5 min 左右的污泥，按照活性污泥和污水 1:2 的比例投放，曝气时间为 2 h，间隔时间为 1 h^[13]。经过约 20 d，填料挂膜成功，MBBR 运行处理实验室污水。MBBR 处理实验室污水期间为自然环境温度，实验持续时间为 106 d。每 3 d，利用便携式多参数分析仪 (HQ30D，哈希公司，美国) 现场测定系统的 T_w 、DO、pH。同时，采集进出水水样，分别采用重铬酸盐法 (GB 11914-1989)、纳氏试剂比色法 (GB 7479-1987) 测定样品的 COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 。

1.3 DNA 提取和高通量测序

在反应器运行 7、37、64、97 d (每月下旬) 时，取填料生物膜提取总 DNA，生物膜总 DNA 的提取按照土壤细菌 DNA 提取试剂盒 (fast DNA SPIN kit for soil, MP biomedical) 的操作方法。总 DNA 利用微量紫外分光光度计 (ND-1 000, Fisher Scientific, USA) 检测其浓度和纯度，通过 0.8% 的琼脂糖凝胶电泳检测总 DNA 的完整性，并对其进行高通量测序。

1.4 数据分析

采用 Illumina MiSeq 平台对细菌群落 DNA 片段进行双端 (Paired-end) 测序，运用 QIIME 软件检

查并剔除嵌合体等疑问序列, 对获得的高质量序列按 97% 的序列相似度进行归并和 OTU 划分, 并选取每个 OTU 中丰度最高的序列作为该 OTU 的代表序列进行统计。利用 R 软件统计样本细菌群落多样性 (即 Alpha 多样性) 以及在各分类水平的组成并进行分析。用 Canoco for Windows 4.5 软件对细菌优势菌属的相对丰度和环境因子进行冗余分析 (redundancy analysis, RDA)。

2 结果与讨论

2.1 MBBR 环境因子的变化

图 2 是 MBBR 处理污水期间 T_w 的变化。由图 2 看出, T_w 下降的趋势基本相同, 由前期的 26 °C 下降到中期的 16 °C, 再到后期的 10 °C。水温是 MBBR 处理污水过程中重要的环境因子之一, 对 MBBR 出水水质和生物膜微生物群落的演变具有显著的影响^[14]。

图 3 是 MBBR 处理污水期间 DO 的变化。1 号和 2 号 MBBR 的 DO 含量整体保持在 $(4.8 \pm 0.3) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $(5.0 \pm 0.2) \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。1 号反应器在第 94 天时, DO 含量降到最低 $3.8 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 2 号 MBBR 在 94~106 d 时, DO 含量降低到 $3.7 \sim 4.3 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。有研究^[15]表明, 微生物在分解利用污水中有机物等物质时, 会大量消耗 DO, 从而引起污水中的 DO 含量波动。反应器 DO 含量增高有利于有机质的分解和硝化反应的进行, 较低的 DO 含量有利于脱氮微生物进行反硝化作用。

图 4 是 MBBR 处理污水期间 pH 的变化。1 号、2 号 MBBR 的 pH 稳定在 7.5 ± 0.3 、 7.8 ± 0.3 左右, 整体偏弱碱性。1 号反应器在第 103 天时, pH 最高达到 8.1, 2 号反应器在第 19 天时, pH 最低下降到 6.9。pH 对微生物代谢活动影响显著, 硝化过程产酸积累会导致反应受抑制, 碱性环境有利于 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的去除^[16]。反硝化过程产生的碱度会消耗环境酸度, 较低的 pH 有利于污水 TN 的去除。MBBR 处理过程中 pH 处于弱碱性, 有利于硝化反应的进行。

2.2 MBBR 进出水水质的变化

图 5(a) 和图 5(b) 是 MBBR 进出水水质 COD 的变化。实验期间, 1 号和 2 号 MBBR 进水 COD 分别为 $31.02 \sim 1\,003.16 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 和 $11.71 \sim 662.69 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。1 号 MBBR 整体出水 COD 低于 $50 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 但在前 22 d, 出水 COD 为 $33.28 \sim 342.75 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。监测数据表明, 进水 COD 最高时 ($1\,003.16 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$), 现有微生物种类和数量不能使耗氧有机污染物 (以 COD 计) 完全降解, 随着微生物快速繁殖适应环境, 出水 COD 逐渐下降且恢复正常值。2 号 MBBR 平均出水 COD 低于 $50 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, 而在后期第 97

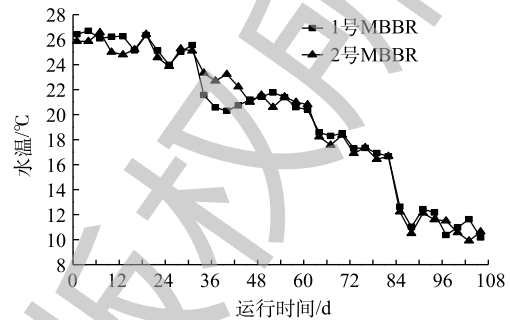


图 2 MBBR 处理过程中水温的变化

Fig. 2 Changes of water temperature during MBBR treatment process

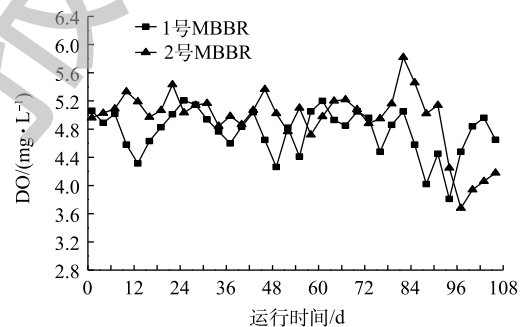


图 3 MBBR 处理过程中 DO 的变化

Fig. 3 Changes of DO during MBBR treatment process

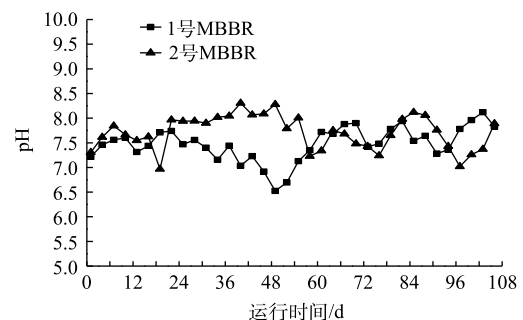


图 4 MBBR 处理过程中 pH 的变化

Fig. 4 Changes of pH during MBBR treatment process

天,出水COD达到 $126\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$,后期较低水温($10\text{ }^{\circ}\text{C}$)和高有机负荷的进水($349\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$)是造成出水COD增加的原因。本研究中MBBR进水具有滞后性,高有机负荷的污水会对出水造成影响,而现有微生物种类、数量不足和低 T_w 是引起MBBR出水COD增高的主要因素^[17]。

图6(a)和图6(b)为MBBR进出水 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的变化结果。1号和2号MBBR进水 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度分别为 $0.20\sim 9.69\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 和 $0.44\sim 12.71\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$,进水 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度低但波动较大。1号和2号MBBR平均出水 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度保持在 $0.76\sim 1.25\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 左右。1号MBBR在第46~52天,出水 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度均高于进水,最高可达到 $6.19\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 。环境因子数据表明,在49d时,DO含量只有 $4.3\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$,pH降低到6.5,下降的DO和弱酸性的环境不利于硝化反应的进行,硝化细菌不能快速将 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 转化为 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、 $\text{NO}_2^-\text{-N}$,导致 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度积累,造成出水的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度较高^[18]。2号MBBR在后期97d时($T_w=11.5\text{ }^{\circ}\text{C}$, $\text{DO}=3.7\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$),出水 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度升高到 $3.28\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$,随后又快速恢复到正常水平,反应器较低的 T_w 和DO影响出水 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 。结果表明,随着季节 T_w 下降,MBBR仍能稳定去除污水中的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$,出水 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度保持在达标值,而 T_w 、DO、pH等环境因子是引起出水 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 波动的重要因素。

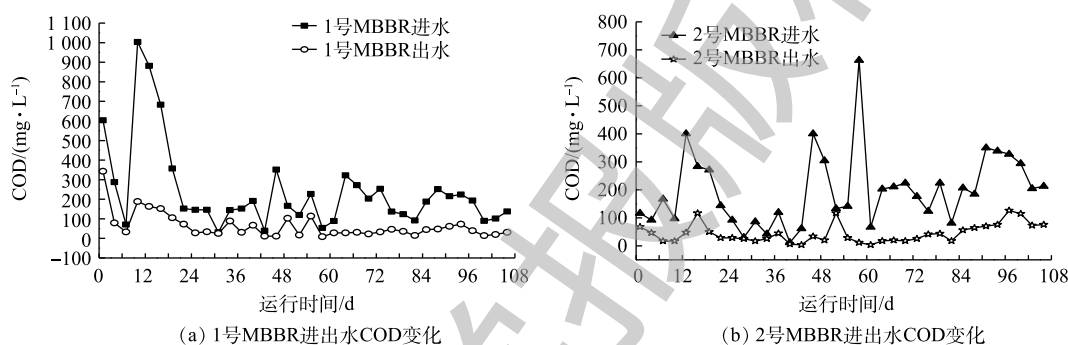


图5 MBBR 进出水COD的变化

Fig. 5 COD variations of influent and effluent of MBBR

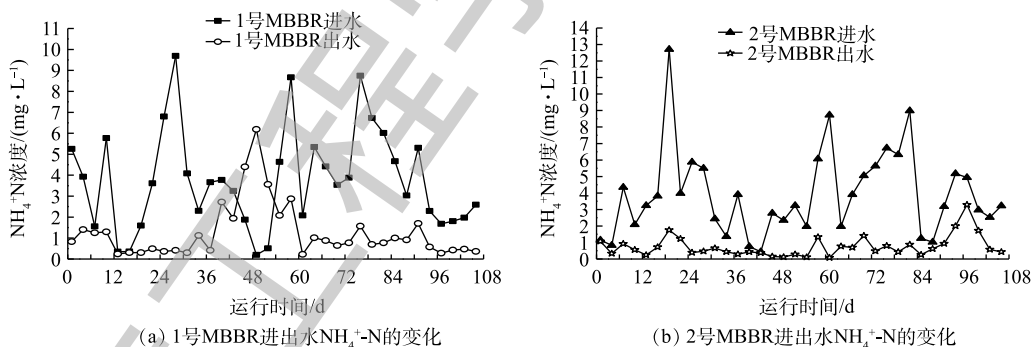


图6 MBBR 进出水 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的变化

Fig. 6 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ variations of influent and effluent of MBBR

2.3 MBBR 细菌群落的 OTU 和多样性

MBBR 不同月份样品 OTU 数和 Alpha 多样性指数变化见表1。从表1可以看出,2个 MBBR 生物膜样品的高通量测序总共获得410 649个高质量的序列,覆盖率达到97.98%~99.97%。1号和2号 MBBR 样品 OTU 总数分别达到4 512、5 533(97%的序列相似度)。细菌群落多样性可以用侧重体现群落丰富度的Chao1和群落均匀度的Shannon指数来反映,1号和2号 MBBR 在12月份的Chao1指数均最大(1 689、2 050),Shannon指数没有明显降低。2个 MBBR 在冬季12月份细菌群落多样性指数仍然保持在较高值,这说明填料微生物能很好地适应冬季低温环境,群落微生物多样性较高,从而能在低温环境下稳定地处理生物实验室污水。

表 1 MBBR 样品 OTU 数和 Alpha 多样性指数变化
Table 1 OTUs and Alpha diversity analysis of MBBR samples

检测指标	1号MBBR				2号MBBR			
	9月	10月	11月	12月	9月	10月	11月	12月
有效序列	48 133	53 624	39 107	55 201	58 959	62 497	39 759	53 369
OTUs/个	1 047	990	1 034	1 441	1 494	1 460	925	1 654
覆盖率/%	98.77	98.85	99.05	98.41	98.35	97.98	98.94	99.97
Chao1	1 058	990	1 181	1 659	1 494	1 460	925	2 052
Shannon	7.37	6.74	7.85	7.55	8.04	7.99	7.58	7.95

图 7 反映 2 个 MBBR 样品的 Venn 图。1 号 MBBR(A) 在 9、10、11、12 月共有 OTU 数 388 个, 独有的 OTU 数分别有 211、171、205 和 677 个; 2 号 MBBR(B) 在 9、10、11、12 月共有 OTU 数 271 个, 独有的 OTU 数分别有 383、368、213 和 995 个。2 个 MBBR 在不同月份都具有丰富的物种, 2 号 MBBR 的物种数量高于 1 号, 在 12 月, 2 个 MBBR 独有的物种均达最高, 说明 MBBR 在不同月份物种组成具有相似性, 但每月都有其独有的物种, 随着不同月份 T_w 的变化, 物种数量也有相应的动态变化。

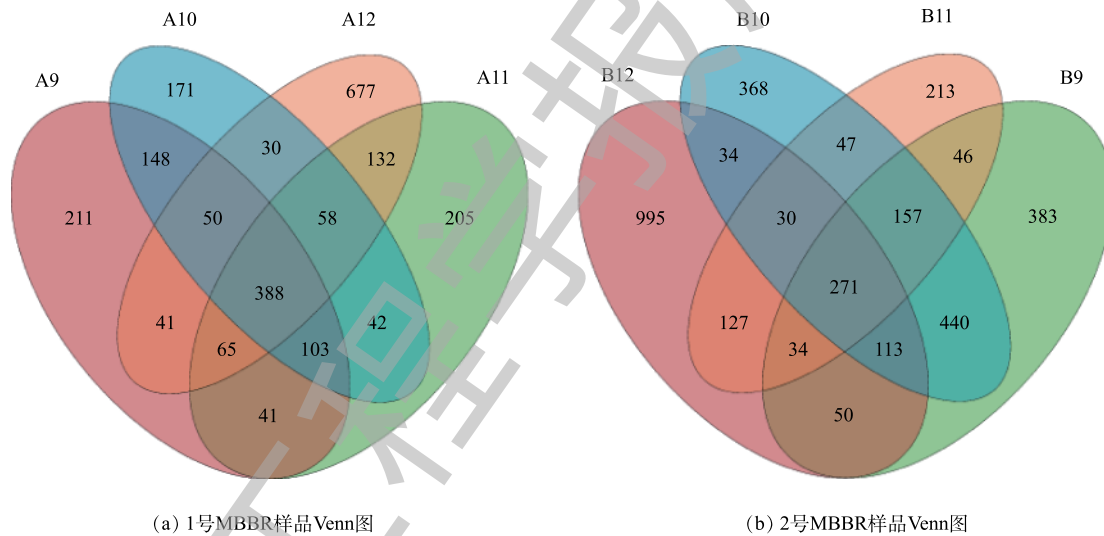


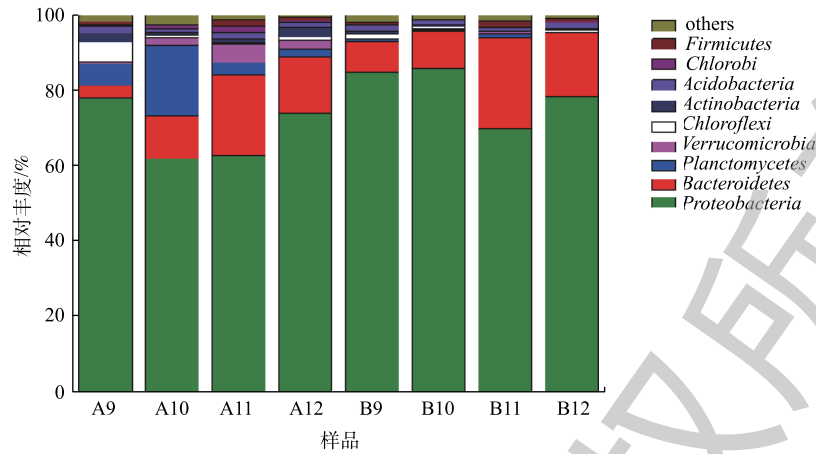
图 7 MBBR 样品 Venn 图

Fig. 7 Venn diagram of MBBR

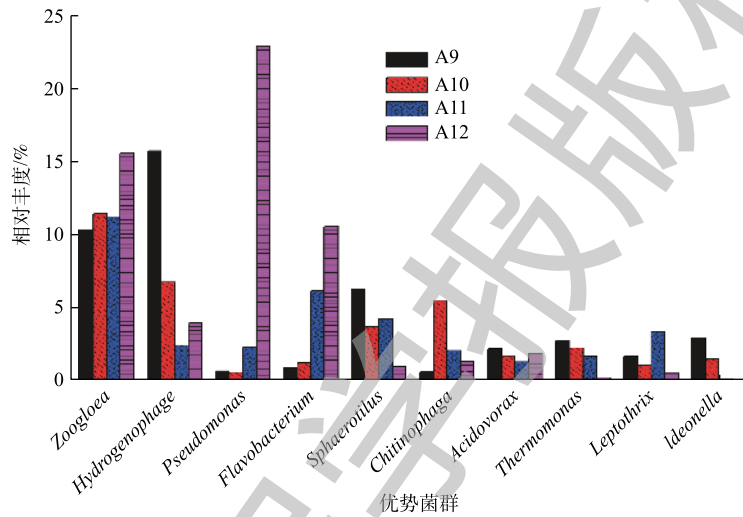
2.4 MBBR 细菌群落结构的变化

图 8 为 MBBR 细菌群落相对丰度的变化。由图 8(a) 看出, MBBR 处理实验室污水过程中变形菌门 (*Proteobacteria*)、拟杆菌门 (*Bacteroidetes*) 和浮霉菌门 (*Planctomycetes*) 是主要优势菌门。变形菌门是所有 MBBR 样品最大的优势菌门, 占据 61.87%~85.78% 的相对丰度。变形菌门包含多种代谢类型, 广泛分布在填料生物膜好氧和厌氧环境中, 在 MBBR 除碳脱氮中发挥关键性作用^[19]。拟杆菌门是主要优势菌门之一, 1 号 MBBR 样品拟杆菌门在 9 月和 10 月的相对丰度分别是 3.12% 和 11.41%, 在 11 月和 12 月的相对丰度升高到 21.6% 和 15.05%。同样, 2 号 MBBR 样品相对丰度在 11 月和 12 月也升高到 24.1% 和 16.73%。拟杆菌门的相对丰度在水温较低的环境显著增加, 说明拟杆菌门细菌可以很好地适应低温环境, 从而在 MBBR 低温处理污水中发挥显著作用^[20]。

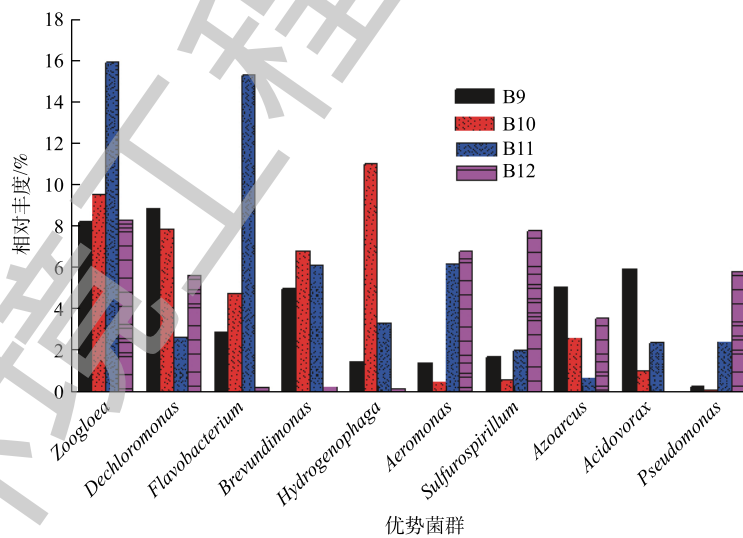
图 8(b) 和图 8(c) 为 MBBR 样品细菌属水平相对丰度的变化。可以看出, 在 MBBR 细菌群落属



(a) MBBR细菌门水平相对丰度的变化



(b) 1号MBBR细菌属水平相对丰度的变化



(c) 2号MBBR细菌属水平相对丰度的变化

图8 MBBR细菌群落门水平、属水平相对丰度的变化

Fig. 8 Relative abundances of bacterial community in MBBR at phylum and genus levels

水平上, 动胶菌属 (*Zoogloea*) 占据 8.27%~15.96% 的相对丰度, 是明显的优势菌属之一。有研究^[21]表明, 动胶菌属是化能异养的专性好氧菌, 通过群聚形成菌胶团, 具有吸附、氧化分解、凝聚沉降等能力, 高丰度的动胶菌属可以稳定生物絮团, 保证充足的生物量分解污水中有机物, 从而降低污水中 COD 值。氢噬胞菌属 (*Hydrogenophaga*) 在 1 号、2 号 MBBR 样品中相对丰度最高分别达到 15.78%(9 月) 和 11.06%(10 月); 而在 12 月, 分别下降到 4.02% 和 0.21%, 氢噬胞菌属更适合 T_w 较高的季节。氢噬胞菌属的细菌具有降解多环芳烃化合物 (PAHs) 的能力, 通过产酶作用于苯环, 经过氧化反应, 进一步代谢为邻苯二甲酸等中间产物^[22]。氢噬胞菌属可能在降解实验室污水的多环芳烃物质中发挥重要作用。假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 的相对丰度随 T_w 变化较显著, 1 号的假单胞菌属从 9 月的 0.77% 升高到 12 月的 22.95%, 同样 2 号的假单胞菌属从 9 月的 0.32% 上升到 12 月的 5.86%。这表明假单胞菌属能很好地适应低温环境, 成为生物膜的优势菌种, 是低温环境重要的脱氮微生物之一。

在 11 月和 12 月, MBBR 出水水质能稳定保持在较低浓度, 这是因为适应低温环境的微生物 (如假单胞菌属) 逐渐增加成为优势菌属, 而不适应低温的微生物 (如氢噬胞菌属) 逐渐减少, 通过生物膜菌群的演替, 保证了 MBBR 在秋冬季节仍然能稳定达标的处理实验室污水。

2.5 环境因子对 MBBR 细菌群落结构的影响

图 9 是环境因子与细菌群落的冗余分析 (RDA) 结果。MBBR 的 RDA 排序图第 1 和第 2 主轴分别解释了优势菌群相对丰度变化的 37.67% 和 23.96%, 第 1 轴上, 相关性较大的环境因子是 DO ($r=-0.918$)、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ ($r=0.687$) 和 pH ($r=-0.634$); 第 2 轴上, 相关性较大的环境因子是 COD ($r=0.811$) 和 T_w ($r=-0.668$)。可以看出, DO 与短波单胞菌属 (*Brevundimonas*)、气单胞菌属 (*Aeromonas*) 具有显著正相关性, 较高的 DO 有利于短波单胞菌属和气单胞菌属的生长。短波单胞菌属具有广谱的烷烃类有机物降解能力, 还能降解芳香族有毒物质^[23]。pH 与脱氯单胞菌 (*Dechloromonas*)、固氮弧菌属 (*Azoarcus*) 具有显著正相关性, 这说明脱氯单胞菌和固氮弧菌属更适合碱性的环境。脱氯单胞菌和固氮弧菌属是常见的脱氮微生物, 脱氯单胞菌具有很强的硝酸盐还原能力, 固氮弧菌属具有脱硫脱氮的重要作用^[24-25]。 T_w 明显与黄杆菌属 (*Flavobacterium*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 具有负相关性, 黄杆菌属和假单胞菌属在较低 T_w 环境成为优势菌种, 从而在低温环境发挥分解有机物和脱氮的重要作用。综上所述, T_w 、DO、pH 是影响 MBBR 细菌群落更替的重要环境因子, 对 MBBR 处理生物实验室污水产生较大影响。

3 结论

1) 随着秋冬季节 T_w 从 26 °C 下降到 10 °C, MBBR 能稳定达标地处理实验室污水。当进水 COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 分别为 200 mg·L⁻¹ 和 6 mg·L⁻¹ 时, MBBR 出水 COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除率仍然保持在 75% 和 80% 左右。

2) 通过 RDA 分析发现, DO 与短波单胞菌属、pH 与脱氯单胞菌、固氮弧菌属具有显著正相关性, T_w 与假单胞菌属、黄杆菌属具有显著负相关性, 环境因子 T_w 、pH、DO 显著影响生物膜细菌

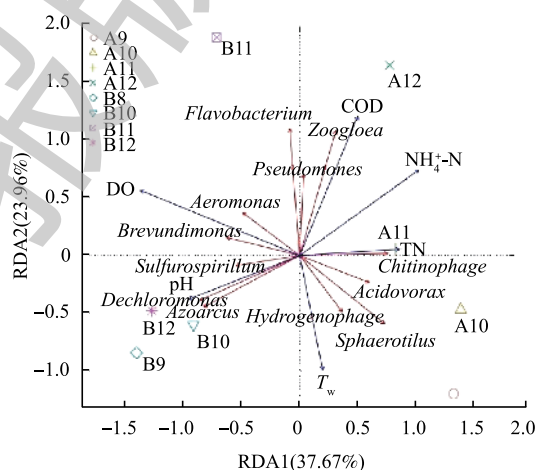


图 9 环境因子与 MBBR 细菌群落的 RDA 分析

Fig. 9 RDA analysis of environmental factors and bacterial community

群落的变化。

3) 高通量测序表明, MBBR 样品中变形菌门、拟杆菌门和浮霉菌门是生物膜主要优势菌门, T_w 的下降引起拟杆菌门的相对丰度显著增加, 假单胞菌属和黄杆菌属的相对丰度随 T_w 的降低而极大地升高, 动胶菌属相对丰度保持稳定, 说明细菌群落动态更替是 MBBR 出水水质保持稳定达标的重要原因。

参考文献

- [1] 孙秀兰, 南国良, 张小京, 等. 生物安全实验室废水处理系统探究[J]. *环境科学与技术*, 2005, 28(6): 86-88.
- [2] 高磊, 王剑. 实验室废水处理探究[J]. *资源节约与环保*, 2018(6): 104-105.
- [3] 樊家荣, 李庚. 高校生物实验室废弃物的控制与处理[J]. *黄山学院学报*, 2014, 16(5): 65-68.
- [4] 高秀荣. 浅议生物实验室废物的危害性及安全处理方法[J]. *山东农业工程学院学报*, 2014, 31(2): 36-37.
- [5] BROCH D A, ANDERSON R, KRISTOFFERSON O. Pilot plant experience with an aerobic moving bed biofilm reactor for the treatment of NSSC wastewater[J]. *Water Science and Technology*, 1994, 29(5): 283-294.
- [6] HUANG H, PENG C, PENG P C, et al. Towards the biofilm characterization and regulation in biological wastewater treatment[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2018, 100(10): 1-15.
- [7] BARRY U, CHOUBERT J, CANLER J, et al. A calibration protocol of a one-dimensional moving bed bioreactor (MBBR) dynamic model for nitrogen removal[J]. *Water Science Technology*, 2012, 65(7): 1172-1178.
- [8] 季民, 薛广宁, 董广瑞, 等. 移动床生物膜反应器处理生活污水[J]. *中国给水排水*, 2003, 19(2): 56-57.
- [9] 贾方明. 移动床生物膜反应器处理北方地区生活污水[D]. 沈阳: 东北大学, 2011.
- [10] 庄海峰, 韩洪军. 缺氧/好氧移动床生物膜反应器短程脱氮工艺深度处理煤化工废水性能[J]. *化工学报*, 2016, 67(9): 3919-3926.
- [11] 李月, 张宇雷. 移动床生物膜反应器处理低浓度氨氮养殖废水[J]. *渔业现代化*, 2014, 41(4): 11-16.
- [12] ANDREOTTOLA G, FOLADORI P, RAGAZZI M, et al. Dairy wastewater treatment in a moving bed biofilm reactor[J]. *Water Science and Technology*, 2002, 45(12): 321-328.
- [13] MCQUARRIE J P, BOLTZ J P. Moving bed biofilm reactor technology: process applications, design, and performance[J]. *Water Environment Research*, 2011, 83(6): 560-575.
- [14] PETROPOULOS E, DOLFING J, DAVENPORT R J, et al. Developing cold-adapted biomass for the anaerobic treatment of domestic wastewater at low temperatures (4, 8 and 15 °C) with inocula from cold environments[J]. *Water Research*, 2017, 112(1): 100-109.
- [15] GONG L X, JUN L, YANG Q, et al. Biomass characteristics and simultaneous nitrification-denitrification under long sludge retention time in an integrated reactor treating rural domestic sewage[J]. *Bioresource Technology*, 2012, 119(9): 277-284.
- [16] 李娜, 胡筱敏. MBBR中HRT与pH对短程硝化反硝化的影响[J]. *工业水处理*, 2016, 36(10): 20-23.
- [17] CHEN S, SUN D, CHUNG J S. Simultaneous removal of COD and ammonium from landfill leachate using an anaerobic-aerobic moving-bed biofilm reactor system[J]. *Waste Management*, 2008, 28(2): 339-346.
- [18] GUO J H, PENG Y Z, WANG S Y, et al. Long-term effect of dissolved oxygen on partial nitrification performance and microbial community structure[J]. *Bioresource Technology*, 2009, 100(11): 2796-2802.
- [19] WANG X H, ZHU M H, LI F F, et al. Long-term effects of multi-walled carbon nanotubes on the performance and microbial

- community structures of an anaerobic granular sludge system[J]. *Environmental Biotechnology*, 2018, 102(21): 9351-9361.
- [20] GUIDO D P, DANIELA G, ROBERTA R, et al. The Challenges of Low Temperature in the Evolution of Bacteria[M]. Volume 1. Berlin: Springer Verlag, 2012.
- [21] WANG Y Z, PAN Y, ZHU T, et al. Enhanced performance and microbial community analysis of bioelectrochemical system integrated with bio-contact oxidation reactor for treatment of wastewater containing azo dye[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 634(9): 616-627.
- [22] RUTA S, DEVI S, STEPHEN T, et al. Microbial degradation of Cold Lake Blend and Western Canadian select dilbits by freshwater enrichments[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2018, 352(15): 111-120.
- [23] 郭娜, 李志敏, 叶勤. 烷烃降解菌的筛选、鉴定及优势菌株的降解特性[J]. *应用与环境生物学报*, 2011, 17(4): 572-576.
- [24] CHAKRABORTY A, PICARDAL F. Induction of nitrate-dependent Fe(II) oxidation by Fe(II) in *Dechloromonas* sp strain UWNR4 and *Acidovorax* sp strain 2AN[J]. *Apply and Environmental Microbiology*, 2013, 79(2): 748-752.
- [25] 马晓丹, 高灵芳. 一株异养脱硫反硝化菌株的筛选及其生物脱硫脱氮特性研究[J]. *微生物学通报*, 2015, 42(5): 853-857.
(本文编辑: 金曙光, 曲娜, 郑晓梅)

Stabilizing effect of seasonal alternation of bacterial communities on the effluent qualities in moving bed biofilm reactor

HAO Zhipeng¹, ZHANG Huining², PENG Wei¹, GE Xiangyang¹, LIANG Yunxiang¹, JIN Huixia², CHEN Zhengjun^{1*}

1. State Key Laboratory of Agricultural Microbiology, College of Life Science and Technology, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China

2. Ningbo Institute of Technology, Zhejiang University, Ningbo 315000, China

*Corresponding author, E-mail: chenzhengjun@163.com

Abstract Biological laboratory wastewater is complicate and the effluent quality of its common treatment process is fluctuant during autumn and winter. An innovated moving bed biofilm reactor (MBBR) was used to continuously treat this wastewater, and its treatment effects were detected in autumn and winter. High-throughput sequencing technology was used to explore the effects of environmental factors, such as water temperature (T_w), dissolved oxygen (DO), and pH, on alternation of bacterial communities, as well as the change of dominant genus. Results showed that when the system temperature drops from 26 °C to 10 °C, the removal rates of COD and $\text{NH}_4\text{-N}$ were above 75% and 80%, respectively, and the effluent quality of MBBR met the first-level A standard. *Proteobacteria*, *Bacteroidetes* and *Planctomycetes* were the main dominant bacteria of biofilm, the relative abundance of *Bacteroidetes* increased significantly with the decline of temperature. Similarly, *Pseudomonas* and *Flavobacterium* finally became the dominant genus at low temperature, while the proportion of *Zoogloea* remained stable accordingly. Furthermore, Redundancy analysis (RDA) showed that DO was significantly positively correlated with *Brevundimonas*, pH was significantly positively correlated with *Dechloromonas* or *Azoarcus*, while T_w was negatively correlated with *Pseudomonas* or *Flavobacterium*. These results revealed that the dynamic alternation of bacterial community might be the key reasons for keeping stable effluent of MBBR.

Keywords moving bed biofilm reactor (MBBR); biological laboratory wastewater; high-throughput sequencing; bacterial community; relative abundance