



文章栏目：环境生物技术

DOI 10.12030/j.cjee.202112001

中图分类号 X703.1

文献标识码 A

钟雄, 艾佳, 李彦澄, 等. 基于 MBBR 技术的白酒窖底废水与低 C/N 生活污水协同处理系统的构建及功能微生物分析[J]. 环境工程学报, 2022, 16(3): 1008-1018. [ZHONG Xiong, AI Jia, LI Yancheng, et al. Construction of a MBBR-based synergic treatment system for Baijiu pits bottom wastewater and low C/N domestic sewage and analysis on its functional microbes[J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2022, 16(3): 1008-1018.]

# 基于 MBBR 技术的白酒窖底废水与低 C/N 生活污水协同处理系统的构建及功能微生物分析

钟雄<sup>1</sup>, 艾佳<sup>1</sup>, 李彦澄<sup>1,2,✉</sup>, 吕杨<sup>1</sup>, 杨爱江<sup>1,2</sup>, 尚光兴<sup>3</sup>

1. 贵州大学资源与环境工程学院, 喀斯特地质资源与环境教育部重点实验室, 贵阳 550025; 2. 贵州喀斯特环境生态系统教育部野外科学观测研究站, 贵阳 550025; 3. 贵州明俊雅正生态环境科技有限公司, 贵阳 550025

**摘要** 为解决低 C/N 污水和高浓度白酒废水 (HCBW) 处理所面临的问题, 采用移动床生物膜反应器 (MBBR), 构建了白酒窖底废水与模拟低 C/N 生活污水协同处理系统, 以改性海绵填料和流化床填料分别探究 HCBW 作为反硝化外加碳源对低 C/N 生活污水处理的影响。结果表明: 海绵填料协同处理系统 (A1) 对 COD、NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N、TN 和色度的平均去除率分别为 91.29%、99.08%、89.81% 和 80.66%, 流化床填料系统 (A2) 的平均去除率分别为 90.51%、98.58%、75.73% 和 76.07%, 改性海绵填料的去除效果优于流化床填料; 混合废水经过 MBBR 系统处理后, NH<sub>4</sub><sup>+</sup>和 TN 得到了有效去除, 出水中的醇类、硫酸盐和磷酸盐物质的相对比例有一定程度增加; 协同处理系统 A1 和 A2 的硝化优势菌属均为 *Nakamurella*、*Nitrospira*, 反硝化优势菌属均为 *Amaricoccus*、*Dokdonella* 和 *Thermomonas*, 可能参与有机物去除的优势功能菌属均为 *Micropruina*。通过功能预测得出: 协同处理系统 A1、A2 中的主要代谢通路均为氨基酸代谢、碳水化合物代谢和能量代谢, 主要的环境信息处理通路均为复制与修复和转译, 主要的遗传信息处理通路均为膜运输。以上研究结果可为 HCBW 的资源化利用、低 C/N 生活污水处理提供参考。

**关键词** 高浓度白酒废水; 低 C/N 生活污水; 移动床生物膜反应器; 协同处理; 脱氮; 功能微生物

我国很多城镇污水处理厂进水中碳氮比 (C/N) 较低, 通常采用外加碳源以提高 TN 去除率, 所采用的碳源分为传统碳源和新型碳源。其中: 传统碳源包括甲醇、乙酸、乙酸钠、葡萄糖等<sup>[1-2]</sup>; 新型碳源包括天然固相碳源 (果皮类、秸秆类、枝干类、贝类等)<sup>[3-4]</sup>、人工合成固相碳源 (PHAs 类多聚物、聚己内酯 (PCL)、聚丁二酸丁二酯 (PBS) 等)<sup>[5-6]</sup>、液相碳源 (食品工业废水、餐厨废弃物水解液等废液发酵副产品)<sup>[2,7]</sup> 等。选择合适的碳源是目前处理低 C/N 污水的关键。

低 C/N 污水处理常应用移动床生物膜反应器 (moving bed biofilm reactor, MBBR) 和反硝化生物滤池 (biofilters for denitrification, DNBF) 等反硝化工艺。其中 DNBF 具有一定的过滤能力, 但需要定期进行反冲洗。而 MBBR 是在曝气池中加入悬浮填料作为微生物载体, 使好氧、缺氧和厌氧环境同时存在, 无需污泥回流, 可以实现同步硝化反硝化 (simultaneous nitrification and denitrification,

收稿日期: 2021-12-01; 录用日期: 2022-02-10

基金项目: 中央引导地方科技发展资金项目 (黔科中引地 [2021]4019)

第一作者: 钟雄 (1996—), 男, 硕士研究生, 346913350@qq.com; ✉通信作者: 李彦澄 (1989—), 男, 博士, 副教授, ycli3@gzu.edu.cn

SND)<sup>[8-9]</sup>, 能有效去除 COD 和氮等污染物, 降低废水处理成本。现有污水处理厂在提标改造中广泛采用 MBBR 处理技术, 改造过程简单且成本较低, 故 MBBR 技术具有较大的应用潜力。在 MBBR 中, 悬浮填料的物理化学性质会影响生物膜的形成和污染物去除性能。LIU 等利用添加表面改性复合填料的 MBBR 在低 DO 水平 ( $0.6 \sim 0.8 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ) 和低 C/N ( $\leq 5$ ) 条件下, 可实现对有机物和总氮的高效去除<sup>[10]</sup>, COD 和 TN 去除率分别为 85.7% 和 75.9%。SONG 等开发了一种以沸石粉基聚氨酯海绵为悬浮填料的 MBBR, TN 的去除效果比传统的海绵悬浮填料型 MBBR 高出近 10%<sup>[11]</sup>。

我国是酒业大国。在酒类产品中, 白酒所占的比例较高。白酒酿造的原料以谷粮为主, 在白酒酿造与生产过程中会产生大量白酒废水, 据统计, 每生产 1 t 白酒即可产生 20~40 t 废水。白酒废水可分为低浓度和高浓度废水。高浓度白酒废水 (high concentration Baijiu wastewater, HCBW) 包含原料冲洗浸泡水、窖底水、锅底水等, 约占白酒废水排放总量的 5%, 含有高浓度溶解性有机物, 如多糖、有机酸、乙醇、甘油等<sup>[12]</sup>, 具有高 COD、高 BOD、高色度、呈酸性、低溶解氧、总氮浓度高等特征, 处理难度大, 可生化性好<sup>[13]</sup>。HCBW 是食品工业排放的污染最严重的废水之一<sup>[14]</sup>, 未经充分处理的 HCBW 排放会导致藻类大量繁殖, 水体溶解氧大量消耗, 抑制生物的光合作用<sup>[15]</sup>, 使水生动植物无法正常生存, 对水生态系统造成严重破坏。若废水渗入土壤中, 则会抑制种子的萌芽、生长, 导致植被枯竭, 也能对陆生动物造成一定程度损害<sup>[16]</sup>。此外, 还可能导致当地独特的微生物群落发生转变, 对当地白酒行业造成损害<sup>[17]</sup>。

酿酒废水处理的常用方法为物化法、生物法、生态法和联用技术等。物化处理技术包括吸附、混凝沉淀、氧化、电解、热分解、膜分离等<sup>[18-22]</sup>; 生物处理技术包括好氧、厌氧<sup>[23-24]</sup>及藻类微生物降解等<sup>[25-26]</sup>; 生态处理技术主要是人工湿地处理系统<sup>[27]</sup>; 联用技术主要是多种技术结合, 共同实现废水污染物去除<sup>[28]</sup>。单独的物化处理或生物处理对 HCBW 中污染物的去除效果不理想<sup>[29]</sup>, 采用多种方法联合应用可对 HCBW 实现达标处理, 但处理难度大、运行管理费用较高<sup>[30]</sup>, 难以在中小型企业中进行推广应用。

基于以上研究, 本研究采用 MBBR 技术, 构建了高浓度白酒窖底废水与低 C/N 生活污水协同处理系统, 使用改性海绵填料和流化床填料分别探究了 HCBW 作为反硝化外加碳源对低 C/N 污水处理的影响, 并分析了微生物群落的变化, 探究了白酒窖底废水作为反硝化外加碳源与低 C/N 生活污水协同处理技术的可行性及功能微生物, 以期 HCBW 的资源化利用提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验装置

如图 1 所示, 反应器具有内外双层结构, 内层为反应区, 外层为保温层。反应区内由挡板分隔为 2 个反应腔, 每个反应腔均装有助循环隔板, 单个反应腔的有效容积为 45 L, 反应腔内填充悬浮填料, 分别采用海绵填料和流化床填料, 填料直径均为 10 mm, 填充密度为 30%~35%。反应器底部铺设微孔曝气管 ( $\Phi=10 \text{ mm}$ ), 通过曝气为悬浮填料提供上升的动力和氧气。实验装置分 A、B 2 组反应器, A 组反应器在进水中添加白酒窖底废水 (协同组), 分 A1、A2 反应腔; B 组反应器只添加模拟低 C/N 生活污水 (未协同组), 分 B1、B2 反应腔, 其中 A1、B1 填充海绵填料, A2、B2 填充流化床填料 (表 1), 4 组反应器互为对照。

### 1.2 实验水质

实验采用人工模拟低 C/N 生活污水和贵州省茅台镇某酱香型白酒企业的窖底水 (表 2), 未协同组进水仅为人工模拟低 C/N 生活污水, 协同组进水为模拟低 C/N 生活污水与窖底水按 1 000:1 配制的混合废水, 混合后废水的 C:N:P=100:1.14:0.11。采用葡萄糖、 $\text{NH}_4\text{Cl}$ 、 $\text{KH}_2\text{PO}_4$  模拟低 C/N 生活污水的 COD、TN、TP。为维持微生物正常的生长繁殖, 向人工模拟废水中添加微量元素为 0.3

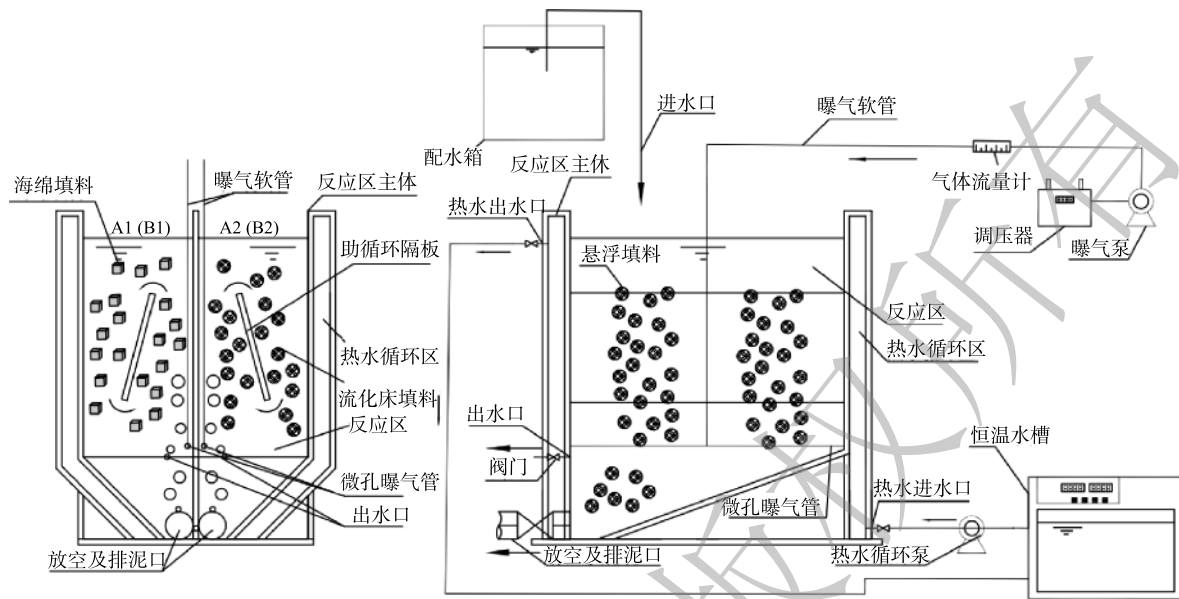


图1 实验装置示意

Fig. 1 Experimental reactor

$0.12 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1} \text{ FeSO}_4\cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 、 $0.15 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1} \text{ CoCl}_2\cdot 6\text{H}_2\text{O}$ 、 $0.12 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1} \text{ MnCl}_2\cdot 4\text{H}_2\text{O}$ 、 $0.06 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1} \text{ Na}_2\text{MoO}_4\cdot 2\text{H}_2\text{O}$ 、 $0.15 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1} \text{ H}_3\text{BO}_3$ 、 $0.15 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1} \text{ NiCl}_2\cdot 6\text{H}_2\text{O}$ 、 $0.12 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1} \text{ ZnSO}_4\cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 、 $0.06 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1} \text{ CuSO}_4\cdot 5\text{H}_2\text{O}$ 、 $0.06 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1} \text{ Na}_2\text{WO}_4\cdot 2\text{H}_2\text{O}$ 、 $0.15 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1} \text{ KI}$ 。

### 1.3 实验方法

先向反应器中加入接种污泥，接种污泥取自贵州省某污水处理厂浓缩池，污泥接种质量浓度为  $4.0 \text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$ 。通过调压器调节曝气泵曝气强度，控制 DO 为  $5\sim 6 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ ，采用循环热水控制反应器内温度为  $(30\pm 1)^\circ\text{C}$ 。使各组反应器在该条件下曝气 3 d，使接种污泥与悬浮填料充分接触混合。待系统挂膜完成后，采用间歇式运行，运行周期为“反应 23.5 h+换水 0.5 h”，换水比为 50%。定期检测反应器中的 pH、DO、T、COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TN、色度等水质指标。在系统运行稳定后，通过傅里叶红外光谱仪分析污水处理前后物质组分变化，并利用 16S rRNA 高通量测序技术分析反应器中微生物群落结构及功能。

### 1.4 分析方法

1) 理化指标分析。 $\text{NH}_4^+\text{-N}$  采用纳氏试剂分光光度法 (HJ535-2009) 分析，TN 采用碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法 (HJ636-2012) 分析，色度采用光电比色法 (LH-SD500, 陆恒生物, 中国) 分析，pH、DO、T 采用 HACH 便携式多参数数字化分析仪分析 (HQ40d, HACH, 美国)，COD 采用 COD 快速消解分析法分析<sup>[31]</sup>。

2) 傅里叶红外光谱 (FTIR) 分析。采集反应器稳定运行阶段的进出水水样各 10 mL，协同组进

表1 填料物理参数

Table 1 Filler physical parameters

填料类型	材质	规格尺寸/ mm	比表面积/ ( $\text{m}^2\cdot\text{m}^{-3}$ )	孔隙率/ %	密度/ ( $\text{kg}\cdot\text{m}^{-3}$ )
海绵填料	改性亲水 聚氨酯	10×10×10	>90 000	>96	15~20
流化床 填料	聚乙烯	$\phi 10\times 10$	>500	>95	>960

表2 实验用水水质参数

Table 2 Parameters of test water

实验用水	氮磷及好氧有机物质量浓度/( $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ )				色度
	COD	$\text{NH}_4^+\text{-N}$	TN	TP	
协同组进水(A)	350±20	37.5	40	4	200±20
未协同组进水(B)	65±10	35	35	2	10~20
窖底水	270 000	2 500	6 500	2 400	150 000

出水分别记为 A0、A1、A2, 未协同组进出水分别记为 B0、B1、B2。水样分析前, 先将水样冷冻成冰, 再利用真空冷冻干燥机 (FD-1A-50, 中国) 将样品冷冻干燥成固体粉末, 然后采用傅里叶变换红外光谱仪 (Nicolet6700, ThermoFisherScientific, 美国) 对样品进行分析, 设置扫描次数和分辨率分别为 32 次和  $4\text{ cm}^{-1}$ , 在  $4000\sim 400\text{ cm}^{-1}$  内对样品进行红外光谱测定<sup>[32]</sup>。

3) 微生物群落分析。采用 16S rRNA 高通量测序技术研究微生物的多样性和差异, 采集接种污泥和反应器中培养至第 68 天的生物膜, 分别标记为 S0(接种污泥)、A1、A2、B1、B2, 立即置于  $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$  条件下进行冷冻保存, 然后送至上海某生物公司进行 16S rRNA 基因测序分析。先采用试剂盒 (E.Z.N.A.TM Mag-Bind Soil DNA Kit) 对样本进行 DNA 的提取, 并对提取后的 DNA 进行质检和纯化, 利用 ABI GeneAmp®9700 型 PCR 扩增仪, 选用 338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 作为引物在 V3~V4 之间的高变区对所提取合格的 DNA 序列进行 PCR 扩增, 对 PCR 扩增产物经  $3\text{ }\mu\text{L}$  上样量的 2% 琼脂糖凝胶电泳分析, 使用 AxyPrepDNA 凝胶提取试剂盒进行纯化, 纯化后采用 QuantiFluorM-ST 进行定量<sup>[33]</sup>。然后, 根据所构建的 Illumina 测序文库, 对所得到的数据进行 OTU 聚类统计、物种注释、物种差异、功能预测等分析<sup>[34]</sup>。

## 2 结果与讨论

### 2.1 系统构建及处理效能

在系统构建过程中, 各反应器出水的 pH、DO、温度如表 3 所示。其中, DO 质量浓度均相差不大; 但 pH 有明显差异。A1、A2 的 pH 均大于 6.5, 呈中性; 而 B1、B2 的 pH 为 6.0 左右, 呈弱酸性。这是由于 B 组反应器中反硝化能力较弱, 硝化过程消耗碱度导致。

各反应器的 COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、TN 和色度变化如图 2 所示。由图 2(a) 可看出, 从第 10 天开

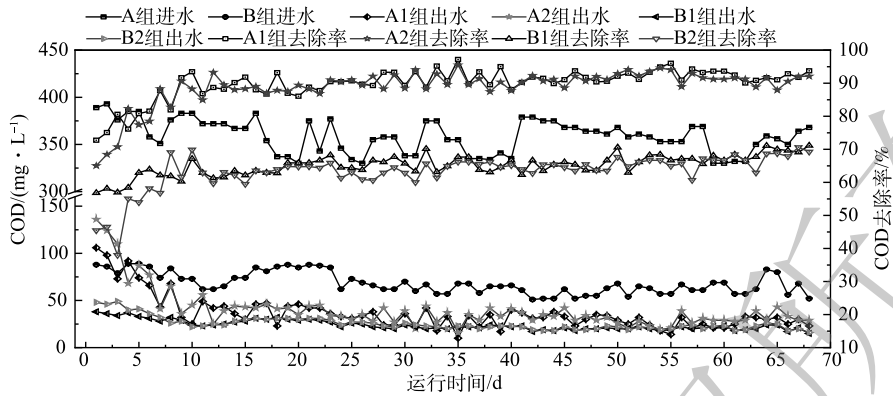
始, 出水 COD 逐渐趋于稳定, A1、A2 的 COD 由  $358.94\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  分别降低至  $31.02\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  和  $33.75\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ , 平均去除率分别为 91.29% 和 90.51%; 而 B1、B2 的 COD 由  $68.34\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  分别降低至  $22.51\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  和  $23.31\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ , 平均去除率分别为 65.92% 和 64.73%。由图 2(b) 可看出, 从第 24 天开始, 出水中  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  浓度逐渐趋于稳定, A1、A2 的  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  质量浓度由  $36.31\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  分别降低至  $0.33\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  和  $0.52\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ , 平均去除率分别为 99.08% 和 98.58%; 而 B1、B2 的  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  质量浓度由  $33.58\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  分别降低至  $10.88\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  和  $10.67\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ , 平均去除率分别为 67.20% 和 67.74%。由图 2(c) 可看出, 在稳定后, A1、A2 的 TN 质量浓度由  $38.73\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  分别降低至  $3.83\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  和  $9.29\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ , 平均去除率分别为 89.81% 和 75.73%; 而 B1、B2 的 TN 质量浓度由  $35.85\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  分别降低至  $27.90\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  和  $27.97\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ , 平均去除率分别为 24.63% 和 26.92%。由图 2(d) 可看出, A1、A2 的色度呈逐渐下降趋势, 在稳定后, A1、A2 的色度 (稀释倍数) 由 175.12 分别降低至 34.01 和 42.06, 平均去除率分别为 80.66% 和 76.07%。

综上所述, 协同处理组 A1、A2 反应器对 COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$  和 TN 的去除效果均较好, 出水达到《城镇污水处理厂污染物排放标准》(GB 18918-2002) 一级 A 标准要求, 说明窖底水与低 C/N 生活污水协同处理有利于提高 TN 的去除效率; 而 B1、B2 出水中 TN 浓度均未达到一级 A 标准要求, 这主要是由于系统缺乏碳源, 导致未协同组对 TN 的去除率较低<sup>[35]</sup>。此外, A1 出水中的 TN 浓度和色度均比 A2 低, 说明在 MBBR 系统中, 海绵填料的 TN 和色度去除效果均比流化床填料好。其原因

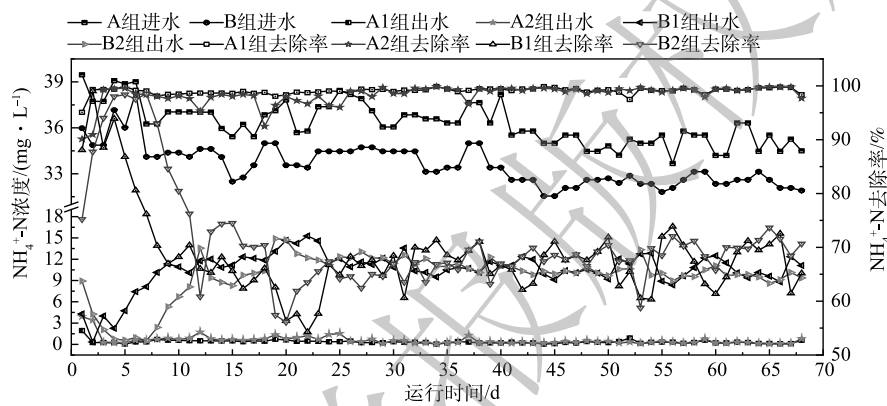
表 3 各组系统出水的 pH、DO、温度

Table 3 pH, DO and temperature of the effluent of each system

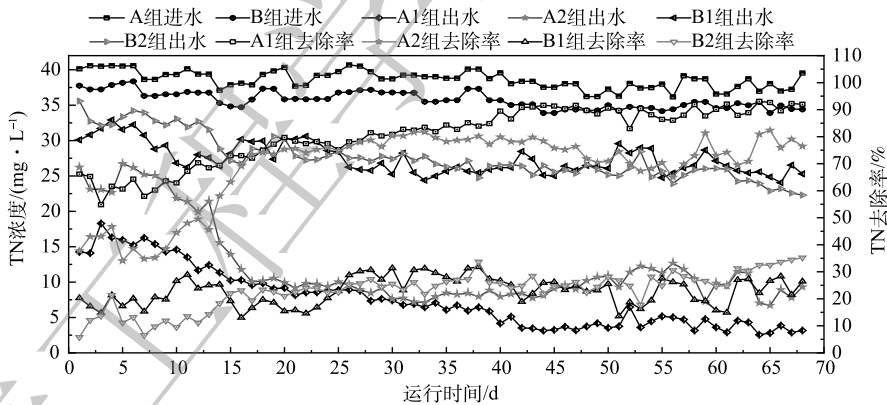
反应器	pH	DO/( $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ )	温度/ $^{\circ}\text{C}$
协同海绵组(A1)	7.54±0.44	3.25±1.35	27±2
协同流化床组(A2)	6.99±0.99	3.15±1.38	27±2
未协同海绵组(B1)	6.06±1.52	3.03±1.45	27±2
未协同流化床组(B2)	5.88±1.6	3.06±1.54	27±2



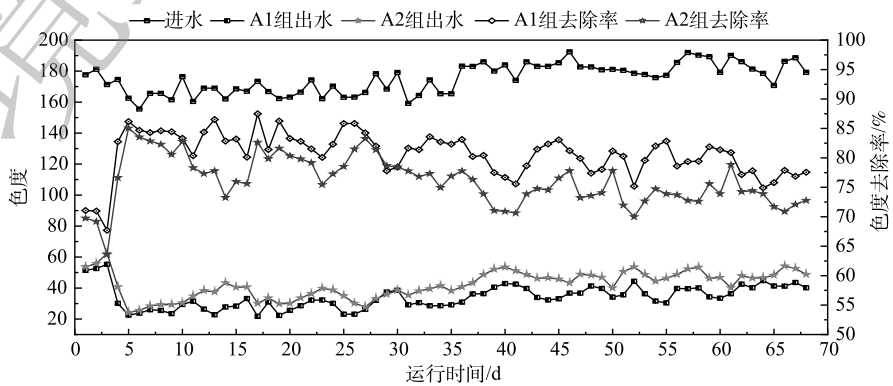
(a) 反应器进出水COD及去除率变化



(b) 反应器进出水NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N浓度及去除率变化



(c) 反应器进出水TN浓度及去除率变化



(d) 反应器进出水色度及去除率变化

图2 反应器进出水污染物浓度变化及去除率

Fig. 2 Changes in pollutants concentrations of influent and effluent of the reactor and their removal rates

为: 流化床填料是由聚乙烯制成的, 这种材料通常表现出疏水性且表面带负电荷, 不利于污染物的转移, 抑制亲水性和负电性生物膜的形成<sup>[36]</sup>; 流化床填料表面粗糙度较差, 在换水和曝气过程中产生的水力剪切作用容易将表面附着的生物膜冲刷脱落, 不利于生物膜初始黏附<sup>[37]</sup>。而海绵填料是由改性亲水聚氨酯制成的, 其比表面积大、表面粗糙、对微生物黏附性好; 此外, 由于立方海绵填料中的高溶解氧(DO)梯度, 为各种微生物创造生存条件<sup>[38-39]</sup>, 填料上出现硝化菌与反硝化菌等不同微生物, 使其具有SND特性<sup>[40]</sup>。由此可见, 悬浮填料作为微生物生长载体, 是MBBR工艺的核心, 生物膜的形成和污染物去除性能取决于载体的物理化学性质。

## 2.2 污染物种类变化分析

采用FTIR分析了协同组进出水中污染物官能团的变化, 其FTIR谱图如图3所示。混合废水经过MBBR处理后,  $3413\text{ cm}^{-1}$ (O—H伸缩振动)和 $1632\text{ cm}^{-1}$ 处( $\text{NH}_2$ 变角振动或 $\text{NH}_3^+$ 变角振动或 $\text{NH}_3^+$ 不对称变角振动)的峰的强度有一定程度增强, 说明废水经过处理后, 具有该类官能团的物质的相对比例增加。 $1385\text{ cm}^{-1}$ 和 $1402\text{ cm}^{-1}$ 处( $\text{NO}_3^-$ 反对称伸缩振动或者 $\text{NH}_4^+$ 不对称变角振动)的峰宽变窄, 且强度明显变弱, 说明出水中硝酸盐类和铵类物质的相对比例明显减小。 $1147\text{ cm}^{-1}$ 和 $1120\text{ cm}^{-1}$ 处( $\text{SO}_4^-$ 反对称伸缩振动)的峰的强度有一定程度增强, 而峰宽无明显变化, 说明出水中 $\text{SO}_4^-$ 基团的相对比例增加。 $671\text{ cm}^{-1}$ (醇COH面外弯曲振动)和 $604\text{ cm}^{-1}$ 处( $\text{PO}_4^-$ 的 $\text{PO}_4^-$ 不对称变角振动)的波峰强度均有微弱增强, 说明出水中醇类物质、磷酸盐的相对比例有一定程度增加<sup>[41]</sup>。上述FTIR分析结果进一步佐证了混合废水经过MBBR系统处理后,  $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和TN均得到有效去除, 且可推测出水中的醇类、硫酸盐和磷酸盐的物质相对比例有一定程度的增加。

## 2.3 微生物群落结构与功能预测

1) 微生物群落结构。系统运行68 d后, 采用16S rRNA高通量测序技术对系统中微生物进行分析, 在门水平上(图4(a)), 接种污泥(S0)、海绵填料协同组(A1)、流化床填料协同组(A2)、海绵填料未协同组(B1)、流化床填料未协同组(B2)中相对丰度占主导的均为*Proteobacteria*、*Chloroflexi*和*Actinobacteriota*。其中, S0分别为24.36%、23.61%和14.63%, A1分别为24.56%、19.31%、和25.51%, A2分别为26.90%、17.63%和18.85%, B1分别为12.52%、5.71%和36.26%, B2分别为22.39%、9.87%和29.34%。与S0相比, A1和A2中的*Actinobacteriota*和*Proteobacteria*的相对丰度均增加, 而*Chloroflexi*的相对丰度均降低, B1和B2*Actinobacteriota*的相对丰度均增加, 而*Proteobacteria*和*Chloroflexi*的相对丰度均降低。此外, 未协同组B1和B2中*Proteobacteria*和*Chloroflexi*的相对丰度明显低于协同组A1和A2, 未协同组B1和B2中*Patescibacteria*和*Actinobacteriota*的相对丰度明显高于协同组A1和A2, 说明添加窖底废水会导致*Proteobacteria*和*Chloroflexi*的比例增加, 导致*Patescibacteria*和*Actinobacteriota*的比例降低。*Actinobacteriota*属于异养需氧菌门, 是降解污染物的主要功能菌。*Proteobacteria*广泛存在于受污染的水体环境中, 在德国污水处理厂和我国养殖场废水中均检测出了*Proteobacteria*<sup>[42-43]</sup>。

在科水平上(图4(b)), 在S0中主要为*Saprospiraceae*(4.19%)、*Rhodanobacteraceae*(3.07%)和SC-I-84(2.07%), A1和A2中主要为*Propionibacteriaceae*(9.76%、2.56%)、*Nakamurellaceae*(6.90%、11.94%)和*Gemmatimonadaceae*(6.70%、5.14%), B1和B2中主要为*Nakamurellaceae*(32.10%、19.03%)、*Gemma-*

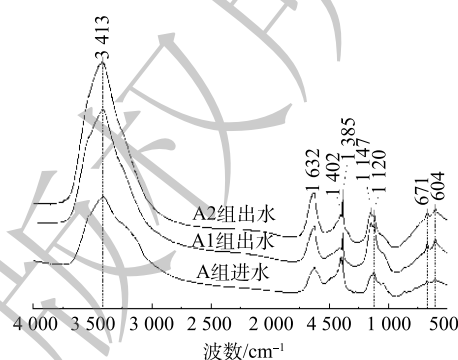


图3 协同组反应器进出水FTIR分析图

Fig. 3 FTIR analysis spectra of influent and effluent of cooperative processing group reactor

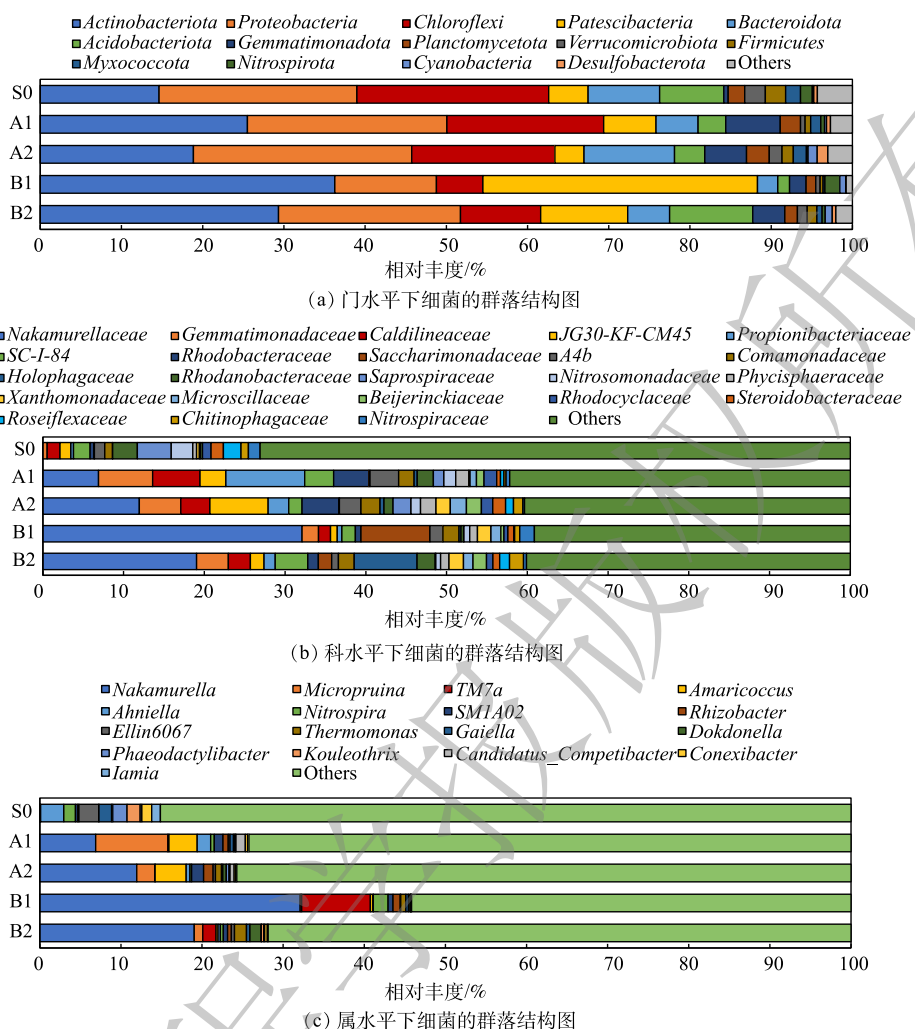


图4 门、科、属水平下细菌的群落结构图

Fig. 4 Bacterial community structure at phylum, family and genus level

*timonadaceae*(2.04%、3.95%) 和 *Caldilineaceae*(1.48%、2.73%)。协同组系统中的 *Propionibacteriaceae* 和 *Gemmatimonadaceae* 的相对丰度均比未协同组高，而 *Nakamurellaceae* 的相对丰度均比未协同组低。*Nakamurellaceae* 能够在细胞中积累大量的多糖，从而能够快速吸收废水中糖原和多磷酸盐，然后通过其代谢过程来进行细胞体的合成，对生物脱氮及污水中有机物的去除具有重要作用<sup>[44]</sup>。*Propionibacteriaceae* 主要以酸类物质作为底物进行生长，由于协同组添加了窑底废水，废水中存在大量的酸类物质，为其生长提供了条件。*Gemmatimonadaceae* 通过好氧和厌氧呼吸生长，能直接利用硝酸盐和亚硝酸盐，故经常在污水处理系统的活性污泥中被检测到<sup>[45]</sup>。

在属水平上(图4(c))，S0中主要为 *Ahniella*(2.84%)、*Ellin6067*(2.44%) 和 *Phaeodactylibacter*(1.77%)。协同处理组 A1 和 A2 中主要为 *Micropruina*(8.88%、2.26%)、*Nakamurella*(6.90%、11.94%) 和 *Amaricoccus*(3.48%、3.82%)，未协同组 B1 和 B2 中主要为 *Nakamurella*(32.10%、19.03%)、*TM7a*(8.46%、1.63%) 和 *Thermomonas*(0.64%、1.49%)。A1 和 A2 中的硝化菌属主要为 *Nakamurella*(6.90%、11.94%)、*Nitrospira*(0.46%、0.21%)<sup>[46]</sup>，反硝化菌属主要为 *Amaricoccus*(3.48%、3.82%)、*Dokdonella*(0.15%、0.41%)、*Thermomonas*(0.25%、0.75%)<sup>[47-48]</sup>。B1 和 B2 中的硝化菌属主要为 *Nakamurella*(32.10%、19.03%)、*Nitrospira*(1.83%、0.37%)，反硝化菌属主要为 *Amaricoccus*(0.35%、0.25%)、*Dokdonella*(0.23%、1.39%)、

*Thermomonas*(0.64%、1.49%)。 *Nitrospira* 和 *Nakamurella* 是硝化作用过程中的重要功能菌, *Thermomonas* 是还原硝酸盐或亚硝酸盐的缺氧反硝化菌<sup>[49]</sup>, *Amaricoccus* 被认为是废水处理中将硝酸盐还原为亚硝酸盐的关键消耗者<sup>[47]</sup>。协同组系统中同时存在硝化菌和反硝化菌, 说明协同组系统中存在 SND 现象<sup>[50]</sup>, 对 TN 的去除效率较高; 而未协同组中主要存在硝化菌属, 反硝化菌属较少, 对 TN 的去除效率较低。此外, *Micropruina* 在 A1 和 A2 中的相对丰度明显高于 B1 和 B2, 由于 *Micropruina* 能在细胞内储存大量的糖类聚合物, 可以很好的吸收水体中的有机营养物质, 说明 *Micropruina* 可能是参与有机物去除的功能菌属<sup>[51-52]</sup>。

2) 微生物的功能预测。系统运行 68 d 后, 采用 16SrRNA 高通量测序技术对系统中微生物进行分析后, 基于 PICRUST 对协同处理系统 A1、A2 中细菌的 KEGG 功能进行了分析(图 5)。分别检测到 48 535 583、51 425 375 个基因。在 1 层级下, 共预测出 5 大功能。其中占主导的功能均是代谢, 其次是遗传信息处理、环境信息处理、细胞过程和有机体系统。协同海绵组 A1 中比例分别为 40.75%、15.94%、14.23%、2.96% 和 0.85%; 协同流化床组 A2 中比例分别为 40.45%、15.93%、14.06%、3.24% 和 0.82%。在 2 层级下, 共预测出 25 种通路, 主要代谢通路均为氨基酸代谢、碳水化合物代谢和能量代谢。其中, A1 中比例分别为 11.05%、10.96% 和 5.90%, A2 中比例分别为 10.93%、10.92% 和 5.91%; 主要的环境信息处理通路均为复制与修复和转译, 其中, A1 中比例分别为 6.97% 和 2.30%, A2 中比例分别为 6.95% 和 2.33%; 主要的遗传信息处理通路均为膜运输, A1 和 A2 中比例分别为 12.18% 和 11.95%。上述功能信息推测结果表明, A1、A2 无明显差别, 所预测通路在污水处理厂中普遍存在, 反应器中细菌具有丰富的代谢功能、繁殖能力和环境适应力较强, 且存在多种代谢通路, 说明存在功能冗余。这可能与 HCBW 有机物成分复杂有关, 反应器中有大量的微生物, 有机物的代谢任务由多种细菌共同承担, 这些微生物可以构建复杂的功能营养网络, 最终导致高功能冗余。当环境条件发生变化时, 功能冗余可以维持微生物群落的生理能力, 这表明微生物的功能结构比微生物群落结构更稳定<sup>[53]</sup>。

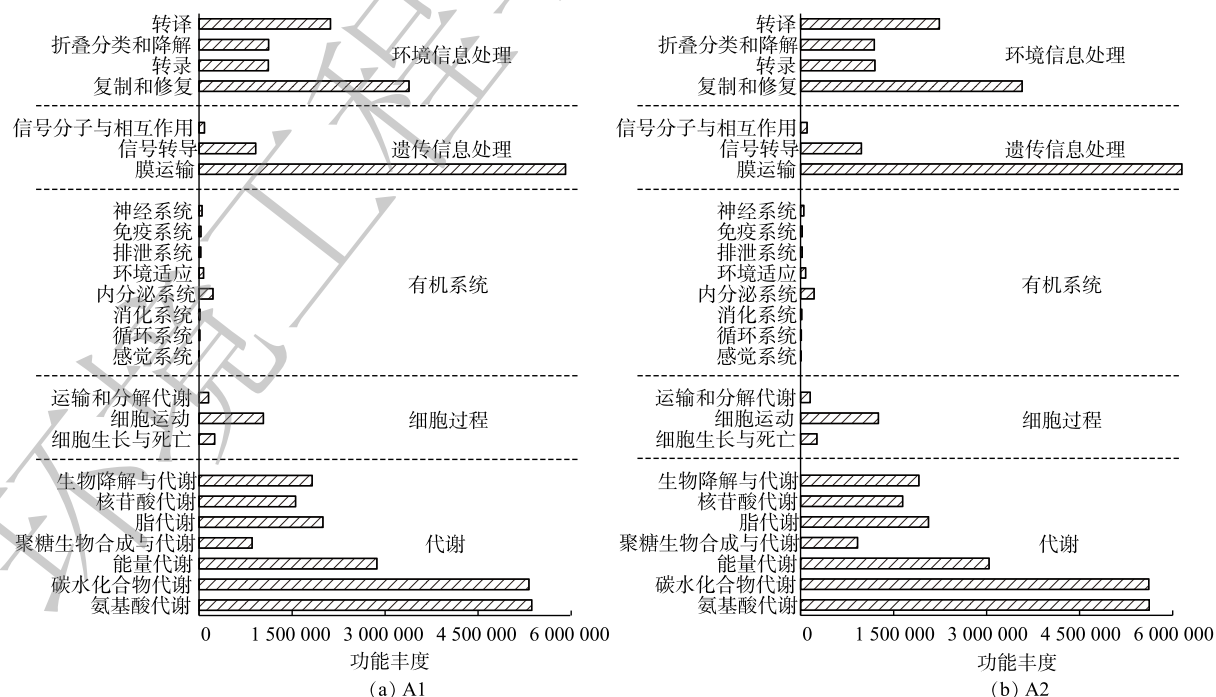


图 5 基于 PICRUST 的微生物功能预测图

Fig. 5 Microbial function prediction diagram based on PICRUST



### 3 结论

1) 采用 MBBR 构建白酒废水与低 C/N 生活污水协同处理系统, 此系统对 COD、 $\text{NH}_4\text{-N}$  和 TN 的去除效果均较好, 均达到《城镇污水处理厂污染物排放标准》(GB 18918—2002) 一级 A 标准要求, 且改性海绵填料组对污染物的去除效果优于流化床填料组。2) 进出水中所含物质官能团种类无明显变化, 进出水红外光谱特征变化可进一步佐证混合废水经过 MBBR 系统处理后,  $\text{NH}_4\text{-N}$  和 TN 均得到有效的去除。3) 在协同处理系统 A1 和 A2 中, 主要的硝化菌属均为 *Nakamurella*(6.90%、11.94%)、*Nitrospira*(0.46%、0.21%), 主要反硝化菌属均为 *Amaricoccus*(3.48%、3.82%)、*Dokdonella*(0.15%、0.41%)、*Thermomonas*(0.25%、0.75%), 可能参与有机物去除的功能菌属均为 *Micropruina*(8.88%、2.26%)。4) 通过功能预测发现协同处理系统 A1、A2 中, 微生物占主导的功能是代谢, 主要代谢通路均为氨基酸代谢(14.78%、14.67%)、碳水化合物代谢(14.67%、14.65%)和能量代谢(7.90%、7.93%)。此外, 主要的环境信息处理通路均为复制与修复(9.33%、9.32%)和转译(5.84%、5.84%), 主要的遗传信息处理通路均为膜运输(16.29%、16.04%)。

### 参考文献

- [1] PANG Y M, WANG J L. Various electron donors for biological nitrate removal: A review[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 794: 148699.
- [2] WANG H S, CHEN N, FENG C P, et al. Insights into heterotrophic denitrification diversity in wastewater treatment systems: Progress and future prospects based on different carbon sources[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 780: 146521.
- [3] WANG H S, CHEN N, FENG C P, et al. Research on efficient denitrification system based on banana peel waste in sequencing batch reactors: Performance, microbial behavior and dissolved organic matter evolution[J]. *Chemosphere*, 2020, 253: 126693.
- [4] HU R T, ZHENG X L, ZHENG T Y, et al. Effects of carbon availability in a woody carbon source on its nitrate removal behavior in solid-phase denitrification[J]. *Journal of Environmental Management*, 2019, 246: 832-839.
- [5] ZHANG F F, MA C J, HUANG X F, et al. Research progress in solid carbon source-based denitrification technologies for different target water bodies[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 782: 146669.
- [6] FENG L J, YANG J Y, YU H, et al. Response of denitrifying community, denitrification genes and antibiotic resistance genes to oxytetracycline stress in polycaprolactone supported solid-phase denitrification reactor[J]. *Bioresource Technology*, 2020, 308: 123274.
- [7] TANG J L, WANG X C, HU Y S, et al. Nutrients removal performance and sludge properties using anaerobic fermentation slurry from food waste as an external carbon source for wastewater treatment[J]. *Bioresource Technology*, 2018, 271: 125-135.
- [8] CHAI H X, XIANG Y, CHEN R, et al. Enhanced simultaneous nitrification and denitrification in treating low carbon-to-nitrogen ratio wastewater: Treatment performance and nitrogen removal pathway[J]. *Bioresource Technology*, 2019, 280: 51-58.
- [9] WU H, ZHANG Q, CHEN X, et al. Effect of HRT and BDPs types on nitrogen removal and microbial community of solid carbon source SND process treating low carbon/nitrogen domestic wastewater[J]. *Journal of Water Process Engineering*, 2021, 40: 101854.
- [10] LIU T, HE X L, JIA G Y, et al. Simultaneous nitrification and denitrification process using novel surface-modified suspended carriers for the treatment of real domestic wastewater[J]. *Chemosphere*, 2020, 247: 125831.
- [11] SONG Z, ZHANG X B, NGO H H, et al. Zeolite powder based polyurethane sponges as biocarriers in moving bed biofilm reactor for improving nitrogen removal of municipal wastewater[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 651: 1078-1086.
- [12] ZHENG Y X, ZHANG T Y, LU Y, et al. *Monascus pilosus* YX-1125: An efficient digester for directly treating ultra-high-strength liquor wastewater and producing short-chain fatty acids under multiple-stress conditions[J]. *Bioresource Technology*, 2021, 331: 125050.
- [13] 王金保, 付煜, 刘峰, 等. 混凝-UASB-两级A/O工艺处理白酒废水[J]. *中国给水排水*, 2017, 33(24): 114-117.
- [14] 罗景阳, 操家顺, 谢坤, 等. 分段进水两级A/O工艺对白酒废水的强化处理效果[J]. *环境科学研究*, 2018, 31(9): 1612-1619.
- [15] RAY S G, GHANGREKAR M M. Comprehensive review on treatment of high-strength distillery wastewater in advanced physico-chemical and biological degradation pathways[J]. *International Journal of Environmental Science and Technology*, 2019, 16(1): 527-546.
- [16] CHOWDHARY P, RAJ A, BHARAGAVA R N. Environmental pollution and health hazards from distillery wastewater and treatment approaches to combat the environmental threats: A review[J]. *Chemosphere*, 2018, 194: 229-246.
- [17] DAI Y J, TIAN Z G, MENG W N, et al. Microbial diversity and physicochemical characteristics of the Maotai-flavored liquor fermentation process[J]. *Journal of Nanoscience and Nanotechnology*, 2020, 20(7): 4097-4109.
- [18] MOUSAZADEH M, NIARAGH E K, USMAN M, et al. A critical review of state-of-the-art electrocoagulation technique applied to COD-rich industrial wastewaters[J]. *Environmental Science and Pollution Research International*, 2021, 28(32): 43143-43172.

- [19] CASTRO-MUNOZ R, GONZALEZ-MELGOZA L L, GARCIA-DEPRAECT O. Ongoing progress on novel nanocomposite membranes for the separation of heavy metals from contaminated water[J]. *Chemosphere*, 2021, 270: 129421.
- [20] WAGH M P, NEMADE P D, SENGUPTA A. Augmentation with ozone-assisted electrochemical degradation of distillery spent wash for the removal of color and chemical oxygen demand[J]. *International Journal of Environmental Science and Technology*, 2021, 18(3): 619-630.
- [21] CHIAVOLA A, BONGIROLAMI S, Di FRANCESCO G. Technical-economic comparison of chemical precipitation and ion exchange processes for the removal of phosphorus from wastewater[J]. *Water Science and Technology: A Journal of the International Association on Water Pollution Research*, 2020, 81(7): 1329-1335.
- [22] SHARMA D, PRAJAPATI A K, CHOUDHARY R, et al. Preparation and characterization of CuO catalyst for the thermolysis treatment of distillery wastewater[J]. *Environmental Technology*, 2018, 39(20): 2604-2612.
- [23] RIPOLL V, AGABO-GARCIA C, SOLERA R, et al. Modelling of the anaerobic semi-continuous co-digestion of sewage sludge and wine distillery wastewater[J]. *Environmental Science-Water Research & Technology*, 2020, 6(7): 1880-1889.
- [24] DIONISI D, RASHEED A A. Maximisation of the organic load rate and minimisation of oxygen consumption in aerobic biological wastewater treatment processes by manipulation of the hydraulic and solids residence time[J]. *Journal of Water Process Engineering*, 2018, 22: 138-146.
- [25] ROBATI S M S, NOSRATI M, GHANATI F, et al. Increase in lipid productivity and photosynthetic activities during distillery wastewater decolorization by *Chlorella vulgaris* cultures[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2021, 105(8): 3339-3351.
- [26] AMENORFENYO D K, HUANG X H, LI C L, et al. A review of microalgae and other treatment methods of distillery wastewater[J]. *Water and Environment Journal*, 2020, 34: 988-1002.
- [27] SANCHEZ M, GONZALO O G, YANEZ S, et al. Influence of nutrients and pH on the efficiency of vertical flow constructed wetlands treating winery wastewater[J]. *Journal of Water Process Engineering*, 2021, 42: 102103.
- [28] AZIZ A R A, ASAITHAMBIP, DAUD W M A B. Combination of electrocoagulation with advanced oxidation processes for the treatment of distillery industrial effluent[J]. *Process Safety and Environmental Protection*, 2016, 99: 227-235.
- [29] ASAITHAMBIP, GOVINDARAJAN R, YESUF M B, et al. Investigation of direct and alternating current-electrocoagulation process for the treatment of distillery industrial effluent: Studies on operating parameters[J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2021, 9(1): 104811.
- [30] RATNA S, RASTOGI S, KUMAR R. Current trends for distillery wastewater management and its emerging applications for sustainable environment[J]. *Journal of Environmental Management*, 2021, 290: 112544.
- [31] 吉芳英, 杨琴, 罗固源. 实验室自配HACH-COD替代试剂研究[J]. *给水排水*, 2003, 29(1): 17-20.
- [32] 刘冰, 郑煜铭, 陈燕敏, 等. 臭氧-活性炭处理高浓度制药废水作用机制研究[J]. *环境科学与技术*, 2021, 44(2): 122-130.
- [33] FANG D X, ZHAO G, XU X Y, et al. Microbial community structures and functions of wastewater treatment systems in plateau and cold regions[J]. *Bioresource Technology*, 2018, 249: 684-693.
- [34] 李彦澄, 杨娅男, 刘邓平, 等. 基于好氧甲烷氧化菌的反硝化效能及微生物群落研究[J]. *中国环境科学*, 2019, 39(10): 4387-4393.
- [35] 汪传新, 龚灵潇, 彭永臻. 低温下MBBR处理低碳氮质量比生活污水的同步硝化反硝化特性[J]. *中南大学学报(自然科学版)*, 2014, 45(8): 2920-2927.
- [36] CHEN S, CHENG X, ZHANG X, et al. Influence of surface modification of polyethylene biocarriers on biofilm properties and wastewater treatment efficiency in moving-bed biofilm reactors[J]. *Water Science and Technology: A Journal of the International Association on Water Pollution Research*, 2012, 65(6): 1021-1026.
- [37] 田双超, 吕淑清, 董立新, 等. 不同填料的挂膜试验研究: [A]. 见: 2019中国环境科学学会科学技术年会论文集(第二卷)[C] 北京: 中国环境科学学会, 2019.
- [38] FENG Q, WANG Y X, WANG T M, et al. Effects of packing rates of cubic-shaped polyurethane foam carriers on the microbial community and the removal of organics and nitrogen in moving bed biofilm reactors[J]. *Bioresource Technology*, 2012, 117: 201-207.
- [39] ZHANG X B, CHEN X, ZHANG C Q, et al. Effect of filling fraction on the performance of sponge-based moving bed biofilm reactor[J]. *Bioresource Technology*, 2016, 219: 762-767.
- [40] PUZNAVA N, PAYRAUDEAU M, THORNBURG D. Simultaneous nitrification and denitrification in biofilters with real time aeration control[J]. *Water Science and Technology: A Journal of the International Association on Water Pollution Research*, 2001, 43(1): 269-76.
- [41] 翁诗甫. 傅里叶变换红外光谱分析[J]. 北京市东城区青年湖南街13号: 化学工业出版社, 2010: 1-389.
- [42] SCHNEIDER D, ZUHLKE D, POEHLIN A, et al. Metagenome-assembled genome sequences from different wastewater treatment stages in Germany[J]. *Microbiology resource announcements*, 2021, 10(27): e0050421.
- [43] YAN W Z, WANG N, WEI D, et al. Bacterial community compositions and nitrogen metabolism function in a cattle farm wastewater treatment plant revealed by Illumina high-throughput sequencing[J]. *Environmental Science and Pollution Research International*, 2021, 28(30): 40895-40907.
- [44] KIM D, NGUYEN L N, OH S. Ecological impact of the antibiotic ciprofloxacin on microbial community of aerobic activated sludge[J]. *Environmental Geochemistry and Health: Official Journal of the Society for Environmental Geochemistry and Health*, 2020, 42(6): 1531-1541.
- [45] SHU D T, HE Y L, YUE H, et al. Microbial structures and community functions of anaerobic sludge in six full-scale wastewater treatment plants as revealed by 454 high-throughput pyrosequencing[J]. *Bioresource Technology*, 2015, 186: 163-172.
- [46] 张哲妍. 复合生物滤池深度处理城镇污水厂尾水的工艺研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2020.
- [47] TANIKAWA D, YAMASHITA S, KATAOKA T, et al. Non-aerated

- single-stage nitrogen removal using a down-flow hanging sponge reactor as post-treatment for nitrogen-rich wastewater treatment[J]. *Chemosphere*, 2019, 233: 645-651.
- [48] 马英, 钱鲁闽, 王永胜, 等. 硝化细菌分子生态学研究进展[J]. *中国水产科学*, 2007(05): 872-879.
- [49] 唐义, 马邕文, 万金泉, 等. 外加固体缓释碳源的两段反硝化工艺脱氮性能[J]. *环境科学*, 2021, 42(07): 3392-3399.
- [50] PISHGAR R, DOMINIC J A, SHENG Z Y, et al. Denitrification performance and microbial versatility in response to different selection pressures[J]. *Bioresource Technology*, 2019, 281: 72-83.
- [51] TICE H, MAYILRAJ S, SIMS D, et al. Complete genome sequence of *Nakamurella multipartita* type strain (Y-104T)[J]. *Standards in Genomic Sciences*, 2010, 2(2): 168-175.
- [52] HE S, DING L L, PAN Y, et al. Nitrogen loading effects on nitrification and denitrification with functional gene quantity/transcription analysis in biochar packed reactors at 5 °C.[J]. *Scientific reports*, 2018, 8(1): 9844.
- [53] TIAN L, WANG L. A meta-analysis of microbial community structures and associated metabolic potential of municipal wastewater treatment plants in global scope[J]. *Environmental Pollution*, 2020, 263: 114598.

(责任编辑: 曲娜)

## Construction of a MBBR-based synergic treatment system for Baijiu pits bottom wastewater and low C/N domestic sewage and analysis on its functional microbes

ZHONG Xiong<sup>1</sup>, AI Jia<sup>1</sup>, LI Yancheng<sup>1,2,\*</sup>, LV Yang<sup>1</sup>, YANG Aijiang<sup>1,2</sup>, SHANG Guangxing<sup>3</sup>

1. College of Resources and Environmental Engineering, Key Laboratory of Karst Georesources and Environment, Ministry of Education, Guizhou University, Guiyang 550025, China; 2. Guizhou Karst Environmental Ecosystems Observation and Research Station, Ministry of Education, Guiyang 550025, China; 3. Guizhou Mingjun Yazheng Ecological Environment Technology Limited Company, Guiyang 550025, China

\*Corresponding author, E-mail: ycli3@gzu.edu.cn

**Abstract** In order to solve the problems faced by low C/N sewage and Baijiu pits bottom wastewater, a mobile bed biofilm reactor (MBBR) was used to build a collaborative treatment system for the liquor pits bottom wastewater and simulated low C/N sewage. Effect of HCLW as denitrification plus carbon source on low C/N wastewater treatment was investigated by using modified sponge filler or fluidized bed filler. The results showed the average removal rates of COD, ammonia nitrogen, total nitrogen and chroma by the modified sponge packing system (A1) were 91.29%, 99.08%, 89.81% and 80.66%, respectively; and by the fluidized bed packing system (A2) were 90.51%, 98.58%, 75.73% and 76.07%, respectively. The removal effect of the modified sponge filler was better than that of the fluidized bed filler. Ammonia nitrogen and total nitrogen could be effectively removed from the mixed wastewater after MBBR treatment, with a certain increase of alcohols, sulfate and phosphate contents in the effluent. Analysis results of 16S rRNA high-throughput sequencing technology showed that in the synergistic systems of A1 and A2, the dominant nitrifying bacteria were *Nakamurella* and *Nitrospira*; the dominant denitrifying bacteria were *Amaricoccus*, *Dokdonella* and *Thermomonas*; and the dominant functional bacteria for organic matter removal were *Micropruina*. Function prediction indicated that in the system A1 and A2, Amino Acid Metabolism, Carbohydrate Metabolism and Energy Metabolism were the top three metabolic pathways. Replication and Repair as well as Translation processed major environmental information. Membrane Transport was primarily responsible for the genetic information processing pathways. It was supposed to provide a technical support and theoretical basis for resource utilization of high-concentration Baijiu wastewater and treatment of low C/N domestic sewage.

**Keywords** high-concentration Baijiu wastewater; low C/N wastewater; moving bed biofilm reactor; synergism; denitrification; functional microbes