



红球菌 KDPy1 在焦化废水生物处理中的强化作用

李 婷, 张玉秀, 祖德彪, 徐伟超

(中国矿业大学(北京), 北京 100083)

[摘要] 喹啉、吡啶等含氮杂环化合物是焦化废水中主要的难降解有机物。以喹啉、吡啶作为目标污染物, 研究了筛选出的高效降解菌红球菌(*Rhodococcus* sp.) KDPy1 对焦化废水 A/O² 生物处理工艺的强化作用。结果表明, 与对照组相比, 红球菌的添加使 O1 池的 COD、喹啉、吡啶去除率分别增加了 11.4%、17.3%、14.0%。经生物强化后, 系统内微生物群落多样性增加, 且有机污染物降解菌如 *Stenotrophomonas* 和 *Ochrobactrum* 等更具优势, 证实了红球菌(*Rhodococcus* sp.) KDPy1 在焦化废水处理中的巨大应用前景。

[关键词] 焦化废水; 生物强化; 含氮杂环化合物; 红球菌

[中图分类号] X703 **[文献标识码]** A **[文章编号]** 1005-829X(2021)10-0096-08

Bioaugmentation of *Rhodococcus* sp. KDPy1 in coking wastewater treatment

LI Ting, ZHANG Yuxiu, ZU Debiao, XU Weichao

(China University of Mining and Technology(Beijing), Beijing 100083, China)

Abstract: Heterocyclic compounds containing nitrogen such as quinoline and pyridine, are the main refractory organic compounds in coking wastewater. In this study, taking pyridine and quinoline as object pollutants, the isolated strain *Rhodococcus* sp. KDPy1 was used to strengthen the A/O² process for coking wastewater treatment. The results showed that compared with the control group, the addition of *Rhodococcus* sp. increased the removal rate of COD, quinoline and pyridine in the O1 pool by 11.4%, 17.3% and 14.0%, respectively. At the same time, the diversity of microbial communities increased after bioaugmentation, and the organic degrading bacteria such as *Stenotrophomonas* and *Ochrobactrum* were more abundant in the system, which proved that *Rhodococcus* sp. KDPy1 had a great application potential in coking wastewater treatment.

Key words: coking wastewater; bioaugmentation; nitrogen heterocyclic compounds; *Rhodococcus* sp.

[基金项目] “十三五”国家科技重大专项水体污染控制与治理项目(2017ZX07402001); 中央高校基本科研业务费专项资金资助项目(2021YJSHH30)

[10] YU Jianwei, YANG Min, LIN T F, et al. Effects of surface characteristics of activated carbon on the adsorption of 2-methylisobornel (MIB) and geosmin from natural water[J]. Separation and Purification Technology, 2007, 56(3): 363-370.

[11] KASAOKA S, SAKATA Y, TANAKA E, et al. Design of molecular sieving carbon-studies on adsorption of various dyes in liquid phase[J]. Nippon Kagaku Kaishi, 1987, 12: 2260-2266.

[12] 陈双龙. 限域于磷酸铝分子筛一维孔道中碘与水的结构转变研究[D]. 长春: 吉林大学, 2016.

[13] 吕强, 魏群山, 黄鑫, 等. 应对南方某水厂土霉嗅味的活性炭技术[J]. 环境工程学报, 2018, 12(11): 3034-3042.

[14] LORENC-GRABOWSKA E. Effect of micropore size distribution on

phenol adsorption on steam activated carbons[J]. Adsorption, 2016, 22(4/5/6): 599-607.

[15] GURTEN I I, OZMAK M, YAGMUR E, et al. Preparation and characterisation of activated carbon from waste tea using K₂CO₃[J]. Biomass and Bioenergy, 2012, 37: 73-81.

[16] 张敏, 白波, 胡娜, 等. 羧基化酵母-海藻酸钠复合微球制备及吸附性能[J]. 化学工程, 2019, 47(10): 42-47.

[作者简介] 李一兵(1968—), 教授级高工。E-mail: lybhebut@sina.com。通讯作者: 韩正双, 高级工程师。E-mail: hit08hzs@163.com。

[收稿日期] 2021-07-26(修改稿)

焦化废水是煤高温蒸馏或者焦炉煤气冷却以及焦油加工过程中产生的具有高毒性、难降解性的工业废水^[1-2]。由于原煤性质、炭化温度、煤炭焦化工艺的不同,产生的焦化废水水质水量波动较大,且水质成分较为复杂^[3-4]。焦化废水中的有机组分主要包括苯酚、甲酚、二甲酚等酚类化合物^[5]以及喹啉、吡啶、吡嗪等含氮杂环化合物^[6]。酚类在目前工艺条件下易于处理,有研究表明,质量浓度高达 500~1 000 mg/L 的酚类在 10 h 内可被完全降解^[5],而含氮杂环化合物(Nitrogen heterocyclic organic compounds, NHCs)因其结构复杂,相对难以降解。喹啉与吡啶是 2 种典型的具有高毒性和低可生物降解性的含氮杂环化合物,通常是导致焦化废水排放不达标的原因之一^[7]。因此,强化喹啉、吡啶等含氮杂环化合物的高效去除是提高焦化废水处理效果的关键所在。

焦化废水的处理工艺主要包括生化法、物理化学法和化学氧化法^[8],其中生化法是焦化废水处理的核心工艺^[9],也是目前国内外应用最广泛的处理技术。但传统的生化处理技术并不能有效解决含氮杂环化合物的降解问题^[10]。与传统的生化处理工艺相比,生物强化技术由于使用了特效微生物菌群或维持菌群活性的生物催化剂,能够进一步提高缺乏高效降解菌的活性污泥体系对难降解有机污染物的降解效率^[11],同时能够极大地简化处理工艺流程,减少工程投资,抑制污泥膨胀,提高废水处理系统运行的稳定性,且无二次污染。因此,生物强化技术在废水处理中的应用越来越受到重视^[12]。

近年来,在研究利用生物强化法处理焦化废水的过程中,已分离得到多种降解喹啉、吡啶的菌株,如苍白杆菌(*Ochrobactrum* sp.)^[13]、丛毛单胞菌(*Comamonas* sp.)^[14]、假单胞菌(*Pseudomonas* sp.)^[15]、芽孢杆菌(*Bacillus* sp.)^[16]等,这些菌株能够将 100~1 800 mg/L 的目标污染物降解,降解率达到了 97%~100%。Xiaodong LIU 等^[17]将吡啶降解菌 *Rhizobium* sp. NJUST18 投加到处理焦化废水的序批式间歇反应器(SBR)中,其结果使初始质量浓度为 4 000 mg/L 的吡啶在 7.2 h 内得到完全降解,并促进了反应器启动过程。彭湃等^[18]将自行筛选出的环保菌剂加入到焦化废水处理工艺的厌氧池中,使系统 COD 平均去除率提高 18%,且生化系统中污泥微生物的种类更加丰富。Peng XU 等^[19]将 *Streptomyces* 菌投加到处理

煤气化废水的 MBR 反应器中,促进了废水中 COD、萘等的去除。这些研究验证了高效降解菌株强化难降解工业废水生物处理的可行性。

本实验室前期分离得到一株红球菌(*Rhodococcus* sp.)KDPy1^[20],该菌能在好氧条件下以喹啉与吡啶为碳源生长,具有生物修复喹啉、吡啶污染的潜力。基于此,本研究将红球菌株 KDPy1 按照菌液与池容体积比为 1:5 添加到以 A/O² 工艺处理焦化废水的反应器的好氧池中进行生物强化,并对反应器运行期间水质、含氮杂环化合物浓度以及微生物群落的变化进行检测,验证该菌株作为生物强化菌种用于焦化废水中含氮杂环化合物降解的可行性。

1 材料与方法

1.1 菌株特性

实验用高效降解菌是从河北某焦化厂好氧池内分离得到^[20],命名为 KDPy1,属于好氧革兰氏阳性细菌,菌落形状为球形,不透明,光滑,呈白色,边缘整齐。该菌株被鉴定为红球菌(*Rhodococcus* sp.) (基因库:KY458569),通过在线 BLAST 搜索比对发现,该菌与 *Rhodococcus pyridinivorans* (NR025033.1) 序列同源性最高,达到 100%。其降解喹啉的最大质量浓度为 633 mg/L,32 h 内降解率达到 92.5%;降解吡啶的最高质量浓度为 1 442 mg/L,48 h 内降解率达到 99.6%。其对喹啉、吡啶降解的最佳环境条件:温度为 37 ℃、pH 为 7~8。

1.2 焦化废水特性

原焦化废水和污泥均取自河北省某焦化废水处理厂,其废水处理工艺流程如图 1 所示。

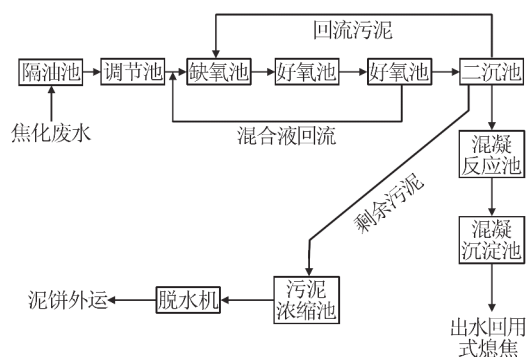


图 1 某焦化废水处理厂工艺流程

Fig. 1 Process flow of a coking wastewater treatment plant

前期取焦化废水处理系统调节池中水样检测该

厂进水中各污染物浓度,结果显示,废水中的 COD、氨氮、硝态氮、硫氰化物、挥发酚、吡啶、喹啉质量浓度分别为 2 500、65、8、650、200、250、110 mg/L。在进入生物处理系统反应器之前,需将预处理的废水用自来水稀释,从而减少对微生物的冲击以及毒害作用。由于焦化废水中磷酸盐的含量较低,因此按照 $m(\text{C}):m(\text{P})$ 为 200:1 向其中添加 KH_2PO_4 作为微生物生长所需的磷。

1.3 A/O² 系统的搭建与接种

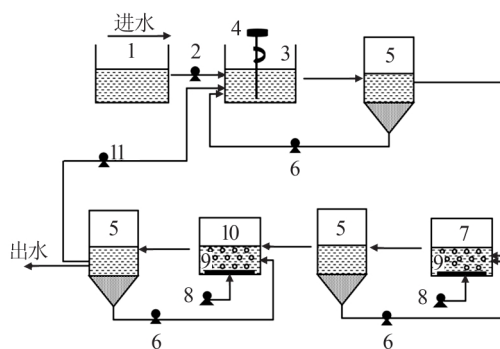
本实验设置 2 组反应器,一组为对照组,另一组为实验组,对照组不添加强化菌,其余与实验组相同。将对照组标为组 1,实验组标为组 2。

2 组 A/O² 反应器参考河北某焦化废水处理厂的设计,等比例缩小后由丙烯酸塑料(PMMA)材质制成(见图 2),反应器设计为溢流水。反应器由缺氧池 A(工作容积 1.27 L)和好氧池 O1(工作容积 0.7 L)、O2(工作容积 1.59 L)组成。为了减少各工段污泥流失,保持反应器污泥浓度,同时减少出水中悬浮物浓度,每个反应器后接一沉淀池进行泥水分离。反应池上端进水,沉淀池溢流水,出水进入下一个反应池,沉淀池下端开口将沉淀的污泥回流到前一个反应池,硝化液从最终出水回流到 A 池。A 池上置搅拌器,转速为 40 r/min,O1、O2 池底部置曝气盘,曝气量(空气)分别为 1.2、1.6 mL/min。3 个沉淀池的污泥回流比为 3:5:5,硝化液回流比为 1:2。反应池在室温下运行,保持反应池内污泥浓度及活性稳定,并定期排泥。A 池 DO 保持在 0.3~0.5 mg/L,O 池 DO 维持在 3~5 mg/L,通过改变添加 Na_2CO_3 的量,将 pH 控制在 7~7.5。

2 组反应器均接种从河北某焦化厂取来的污泥,A、O1、O2 的 MLSS 分别为 4、5、4 g/L。反应器稳定运行 100 d 后,向实验组好氧池 O1 中加入菌株 KDPy1 进行生物强化,另一平行系统不添加强化菌,作为对照组运行。

1.4 细菌的 DNA 提取与 PCR 扩增

分别收集生物强化前后各反应池的污泥,进行微生物多样性测序。污泥样本的基因组 DNA 采用 E. Z. N. ATM Mag-Bind Soil DNA 试剂盒(Omega, USA)提取,并利用琼脂糖凝胶检测提取出来的 DNA 完整性以及浓度,接着利用 Qubit 3.0 DNA 检测试剂盒(Life, USA)对基因组 DNA 进行定量,以确定 PCR



1—调节池;2—进水蠕动泵;3—缺氧池;4—搅拌器;5—沉淀池;
6—污泥回流蠕动泵;7—好氧池 1;8—曝气盘;
9—曝气盘;10—好氧池 2;11—硝化液回流蠕动泵。

图 2 A/O² 反应器工艺流程

Fig. 2 A/O² reactor process diagram

反应中应加入的 DNA 量。PCR 扩增所用的引物已经融合了 Miseq 测序平台的 V3-V4 通用引物,引物序列分别为 341(CCTACGGGNGGCWGA)和 805R(GACTACHVGGGTATCTAATCC)。经过纯化以及定量后,调整 PCR 扩增产物的 DNA 浓度,送由上海生工生物科技股份有限公司进行测序及有效性处理,所用测序平台为 Miseq 二代测序仪(Illumina, USA)。

1.5 分析方法

定期(每隔 7 d)监测分析运行过程中各处理单元水质指标的变化情况,水样主要的分析指标有:喹啉、吡啶、COD、氨氮、硝态氮、硫氰化物的浓度以及 pH 和 DO。喹啉、吡啶浓度采用紫外分光光度法分别在 313、256 nm 波长下测定^[21],COD 和氨氮浓度分别采用快速消解分光光度法和纳氏试剂法测定,硝态氮和硫氰化物浓度分别采用双波长比色法和硫氰酸铁分光光度法^[22]测定,pH 和 DO 分别用 pH 仪(雷磁 PHS-3C 型,上海)和 DO 仪(雷磁 JPB-607A 型,上海)测定,水质 GC-MS 分析依据参考文献^[23]提供的方法进行操作。所有实验数据采用 Origin 9.0 (Origin Lab Corporation, USA)作图。所有水质测定均重复 3 次,取平均值用 SPSS 20.0(IBM SPSS statistics, USA)进行方差分析,采用多因素方差分析模型,并定义 $p < 0.05$ 为显著, $p < 0.01$ 为极显著。

2 结果与讨论

2.1 反应器的运行效果

2.1.1 COD 的去除性能

实验室规模的 2 组 A/O² 反应器运行了 130 d,

期间对各池出水中 COD 浓度进行了检测,结果如图 3 所示。

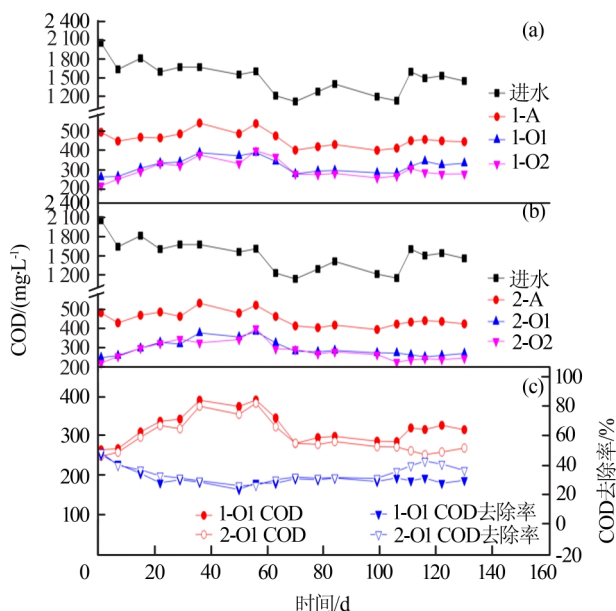


图 3 对照组(a)、实验组(b)以及好氧池 O1(c)中 COD 的变化比较

Fig. 3 Comparison of COD changes in control group(a), experimental group(b) and primary aerobic pool O1(c)

启动阶段(0~100 d),对污泥进行驯化,使其适应新环境并优化整体反应系统。反应初始的 0~60 d,进水 COD 被控制在 1 800~2 100 mg/L,运行一段时间后发现,反应器出水水质波动较大,且 COD 去除率逐渐降低,主要是由于厂区原水水质发生变化,成分复杂,毒性大,对反应器中污泥冲击较强,故处理效果不佳。因此,在第 60~100 天,重新调整了进水中原始焦化废水与自来水的比例,将进水 COD 控制在 1 200~1 500 mg/L,使得系统出水中的污染物浓度相对稳定。从图 3(a)和(b)可知,对照组和实验组反应器系统的缺氧池(1-A 和 2-A)以及一级好氧池(1-O1 和 2-O1)对污染物有显著的去除效果,对照组和实验组缺氧池 COD 平均去除率分别达到 65.5%和 66.3%,好氧池 O1 对 COD 的去除率分别为 29.6%和 31.0%。表明经过长时间驯化,系统内污泥已经基本适应了环境,对废水中的毒性成分产生了耐受性,对污染物表现出明显的降解效果。

在第 101 天向实验组 2-O1 池内添加筛选出来的高效降解菌红球菌 KDPy1,并在接下来的 30 d 内,保持运行条件与进水 COD 范围不变。在这一阶

段,对照组和实验组缺氧池(1-A 和 2-A)的 COD 去除率相对稳定,分别为 68.9%和 69.8%,可能是运行期间硝化液回流稀释了缺氧池进水造成的。从图 3(c)可以看出,在第 101~130 天内,对照组和实验组的 O1 池出水 COD 平均分别为 321.7、261.5 mg/L,平均 COD 去除率分别为 27.5%和 38.9%,表明实验组 O1 池对 COD 的去除效果优于对照组,且其 COD 去除率随着反应的进行慢慢降低。这可能是因为接种的菌株与好氧池 O1 污泥中的原生微生物发生相互作用实现了生物强化,提高了 COD 降解率,但其作用效果随着反应器的运行逐渐降低。

2.1.2 氮的去除性能

在第 117 天分别对实验组和对照组 A、O1、O2 池出水中的 NH_4^+-N 、 NO_3^--N 和 TN 进行了检测,结果如图 4 所示。

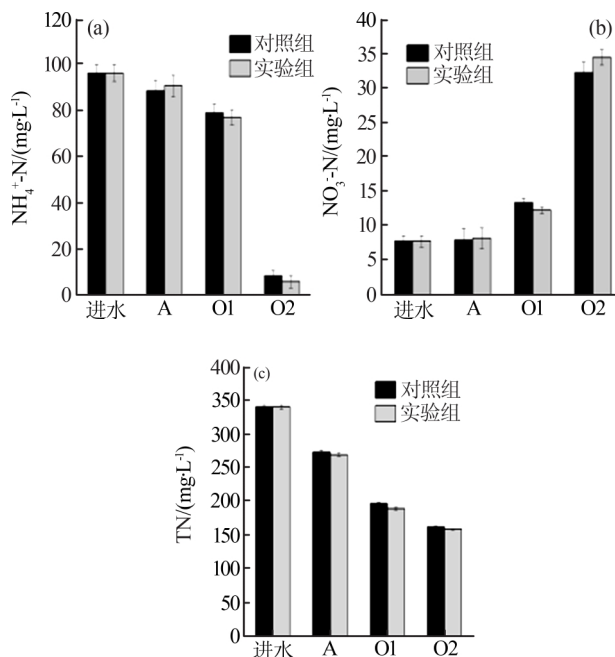


图 4 A/O² 系统各处理单元对氮的去除性能

Fig. 4 Nitrogen removal performance of each treatment unit in A/O² system

由图 4 可知,对照组和实验组进水 NH_4^+-N 、 NO_3^--N 和 TN 分别为 96.7、7.8、341.5 mg/L,随着反应器的运行, NH_4^+-N 、TN 浓度逐渐降低, NO_3^--N 浓度逐渐升高。在好氧池 O1 中,可能存在部分硝化细菌,因此 NH_4^+-N 出现下降, NO_3^--N 上升。而在好氧池 O2 中,大量的硝化细菌将 NH_4^+-N 转化成 NO_3^--N , NH_4^+-N 迅速降低, NO_3^--N 迅速升高,TN 也明显

降低。2 组系统数据没有显著性差异($p>0.05$),表明添加高效降解菌对系统的脱氮功能没有产生很大的影响。

2.1.3 喹啉、吡啶的去除性能

在第 117 天分别对实验组和对照组 A、O1、O2 池出水中的喹啉和吡啶进行了检测,结果见图 5。

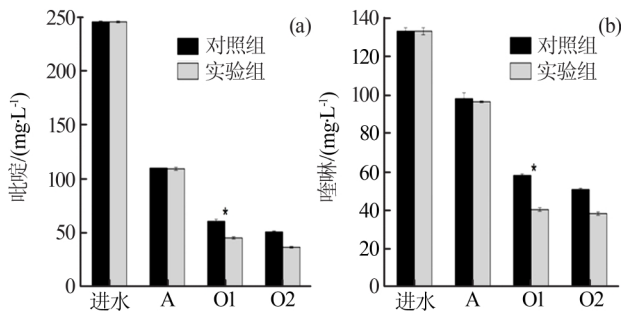


图 5 A/O² 系统各处理单元对吡啶(a)和喹啉(b)的去除性能

Fig. 5 pyridine(a) and quinoline(b) removal performance of each treatment unit in A/O² system

由图 5 可以看出,随着反应器的运行,对照组和实验组的喹啉与吡啶浓度都在逐渐降低,其中对照组与实验组 O1 池的出水吡啶质量浓度分别为 60.6、45.2 mg/L,实验组的吡啶去除率比对照组高 14.0%;出水喹啉质量浓度分别为 58.1、40.4 mg/L,实验组的喹啉去除率比对照组高 17.3%。实验组和对照组 O1 池出水喹啉与吡啶浓度及其去除率均具有统计学差异($p<0.05$,用 * 表示),表明添加高效降解菌株有利于提高含氮杂环化合物的降解效果。

2.2 废水的有机组成

为了更深入地了解添加高效降解菌对有机污染物去除的影响,利用 GC-MS 分析了第 117 天进水、对照组以及实验组出水中有机物的组成。根据相对峰面积计算出废水中有机污染物的相对含量,并作归一分析,结果见表 1。

进水水样中共检测出 95 种有机物,有机物峰相对分散均匀;对照组 O2 池出水中检测出 36 种有机物,实验组 O2 池出水中检测出 20 种有机物,出水中有机物峰更集中。出水中未降解的杂环化合物为含氧杂环戊硅氧烷(Cyclopentasiloxane),它作为一种变构抑制剂,会引起蛋白质结构的构象变化,属于抗菌化合物^[24]。进水中多环化合物、酮类、酚类、苯类和腈类相对质量分数分别为 0.72%、0.17%、15.57%、0.21%和 0.06%,但对照组和实验组出水中除苯类外

表 1 进出水中有机物的归一化分析

Table 1 Normalized analysis of organic matter in inlet and outlet water

有机物种类	峰面积/%		
	进水	对照组出水(1-O2)	实验组出水(2-O2)
酚类	15.57	ND	ND
苯	0.21	3.25	1.75
烷烃	26.32	55.21	59.34
杂环	25.35	16.75	8.76
多环	0.72	ND	ND
羧酸	0.90	12.23	13.22
酮	0.17	ND	ND
醇类	29.47	0.88	1.91
腈类	0.06	ND	ND

注:ND 表示未检出。

其他污染物均未检出,说明该类物质即使具有高毒性和抑制性,仍可通过 A/O² 处理工艺进行生物降解。苯类的相对质量分数增加是因为在生物降解过程中产生了新的降解中间产物 1,3-二叔丁基苯[Benzene, 1,3-bis(1,1-dimethylethyl)]^[25]。羧酸类和烷烃类化合物是由大部分污染物转化而来的,因此在 2 组系统出水中的含量都出现升高。杂环化合物在进水、对照组和实验组出水中的相对质量分数分别是 25.35%、16.75%和 8.76%,通过添加高效降解菌后出水中杂环化合物的含量明显降低,且出水中喹啉、吡啶的含量降低,吡啶类化合物未检出,说明添加的高效降解菌能够有效降解喹啉、吡啶等含氮杂环化合物。

2.3 微生物群落分析

2.3.1 微生物群落的多样性与丰富度

收集 2 组系统生物强化后第 117 天的污泥,利用 16S rDNA 技术对基因的 V3-V4 区进行高通量测序。序列数、OTUs 和样本的 α 多样性见表 2。

表 2 微生物群落 OTUs 和多样性参数

Table 2 Microbial community OTUs and diversity parameters

样本	反应池	OTUs	Shannon	ACE	Chao1	Coverage
对照组	A	1 762	3.85	3 875.33	2 898.54	0.989 6
	O1	1 538	4.73	3 324.85	2 572.71	0.990 4
	O2	1 644	4.74	2 870.43	2 346.54	0.992 6
实验组	A	1 783	4.17	4 095.89	2 853.74	0.989 7
	O1	1 697	4.83	3 592.44	2 665.63	0.991 4
	O2	1 704	4.74	2 630.35	2 613.10	0.992 0

Coverage 数值越高,表明样本中序列没有被检测出来的概率越低。2 组系统的 Coverage 值均在 98.96%~99.26%之间,表明实验结果可以很好地覆盖焦化废水处理过程中的微生物群落信息。Chao1

和 ACE 指数用来估计群落的 OTUs 数目,代表物种的丰富度,其值越高说明微生物群落的丰富度越高。实验组 O1 池 Chao1 和 ACE 指数分别为 2 665.63 和 3 592.44,均大于对照组的 2 572.71 和 3 324.85,表明添加高效降解菌提高了微生物群落的丰富度。实验组 O1 池 OTUs 数目为 1 697,也高于对照组 O1 池的 1 538,接种菌株只包含 1 株,并没有在菌群中占据很高的丰度,但其 OTUs 却有较大差距,原因是添加的 KDPy1 菌引起了菌群的演替,使其他降解菌增加。故反应器内菌群的变化不仅仅是由接种菌引起的,还可能由反应器内活性污泥菌群的变化引起的。Shannon 指数用来评价群落的多样性,其数值越大表明微生物群落的多样性越高。实验组 O1 池的 Shannon 指数为 4.83,大于对照组 O1 池的 4.73,代表添加高效降解菌增加了微生物群落多样性。因此,添加高效降解菌 KDPy1 有利于微生物群落的演替,进而导致进行生物强化的反应器 O1 池活性污泥中微生物数量或种类与对照组相比有显著差异。

2.3.2 微生物群落的分类组成

污泥生物降解效率的高低与污泥中微生物群落的组成及其活性息息相关。生物强化第 117 天 2 组反应器中活性污泥在门和属水平上的微生物群落分布如图 6 所示。

由图 6(a)可知,变形菌(Proteobacteria)和拟杆菌(Bacteroidetes)是 2 组系统中所有处理池中最优势的 2 个菌门,占总序列的 10.6%~24.1%。除这 2 个菌门外,缺氧池中的优势菌门还包括 Ignavibacteriae (6.1%~6.4%)和酸杆菌(Acidobacteria,2.8%~3.0%),而在好氧池内则以 Acidobacteria (4.8%~6.3%)、Ignavibacteriae (3.2~3.9%)、浮霉菌(Planctomycetes, 4.3%~6.6%)和硝化螺旋菌(Nitrospirae,3.3%~3.6%)为主。此外,O1 池中的生物强化引起了菌群结构的明显改变,相比于对照组 O1 池,实验组 O1 池中高效降解菌的加入使得 Ignavibacteriae、Acidobacteria 和 Planctomycetes 的比例明显减少,Bacteroidetes 比例显著增加。

在属的水平上,2 组系统中共检测出 638 种属。图 6(b)用热图展示了最丰富的 32 个菌属(至少在一个样本中占 1.0%)的相对丰度。结果表明,系统缺氧池 A 池的优势菌群分别是硫杆菌(*Thiobacillus*)、*Ignavibacterium*、丛毛单胞菌属(*Comamonas*)和 *Ari-*

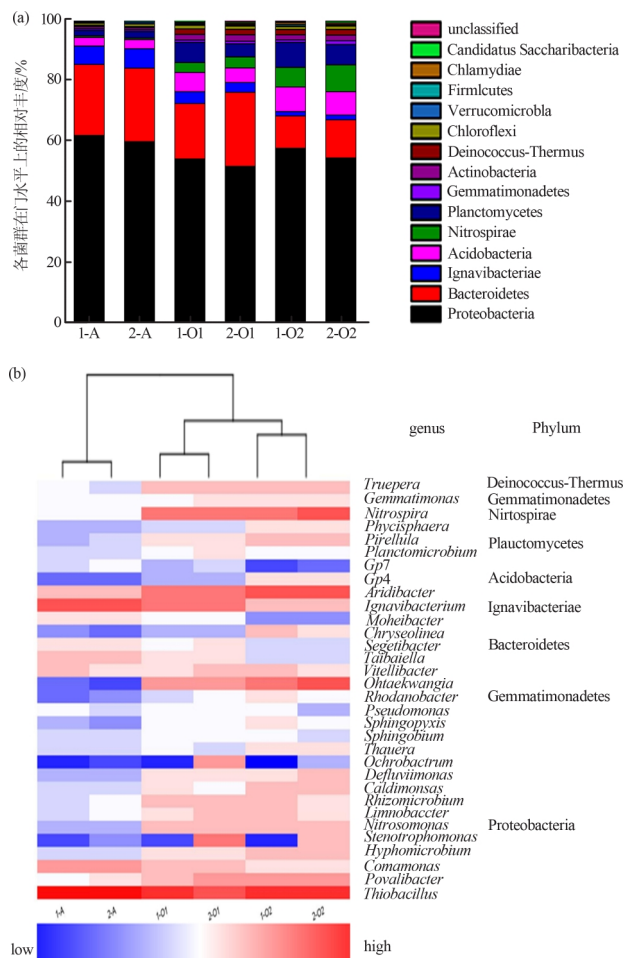


图 6 两系统内各单元在门水平(a)和属水平(b)上的菌群分布

Fig. 6 Flora distribution of each unit in the two systems at phylum level (a) and genus level (b)

dibacter, 分别占 26.95%~29.67%、6.06%~6.36%、2.26%~2.30%和 1.88%~2.03%。*Thiobacillus* 和 *Comamonas* 对硫氰酸盐和酚类的降解起着重要作用且具有反硝化能力^[26],*Ignavibacterium* 能够有效降解多环芳烃^[27],而 *Aridibacter* 能将有机酸和各种复杂蛋白质底物分解为小分子物质并参与氮的去除^[28],这些菌群的存在保证了缺氧池中有机污染物与硝氮的去除。系统好氧池 O1 优势菌群分别为 *Thiobacillus*、硝化螺旋菌(*Nitrospira*)、*Ignavibacterium*、*Aridibacter* 和 *Ohtaekwangia*,分别占 9.23%~16.57%、4.85%~5.31%、3.92%~4.17%、4.77%~5.28%和 2.99%~3.26%。*Ohtaekwangia* 对芳香烃有机污染物的降解具有重大的帮助^[29],*Nitrospira* 的主要作用是将氨转化成亚硝酸盐,再进一步转化成硝酸盐,达到脱氮的目的^[30],这些菌群的存在确保了好氧池 O1 中有机物与氨氮

的去除。2组系统O₂池中优势菌群主要为 *Thiobacillus*、*Ohtaekwangia*、*Nitrospira*、*Aridibacter* 和 *Povaiibacter*, 分别占 15.10%~17.19%、4.93%~7.09%、4.54%~6.52%、6.09%~6.20% 和 2.74%~2.80%。*Povaiibacter* 具有代谢蒽和苯丙氨酸等多环芳烃的能力^[31]。同时该池中存在大量的 *Nitrospira* 以及 *Aridibacter*, 确保了好氧池 O₂ 能够发挥稳定的硝化功能。

对2组系统进行比较,可以发现红球菌(*Rhodococcus* sp.)KDPy1的添加导致了好氧池O₁中菌群的演替,然而该菌在实验组好氧池中并没有占据很高的相对丰度(占比小于1.0%),该现象与 Xiaobiao Zhu 等^[32]的报道是一致的,其研究中将 *Pseudomonas* sp.(CGMCC3008)加入到处理焦化废水的 MBR 反应器中,导致反应器内菌群的剧烈演替,反应器降解酚类、吡啶类、喹啉类等有机物功能大幅加强,但演替后 *Pseudomonas* sp.(CGMCC3008)菌群的相对丰度却很低。而在本研究中随红球菌(*Rhodococcus* sp.)KDPy1的加入,实验组好氧池O₁中降解菌 *Stenotrophomonas* (4.28%) 和 苍白杆菌 (*Ochrobactrum*) (3.85%) 的丰度明显提高,成为优势菌株。现有研究表明, *Stenotrophomonas* 多存在于废水以及土壤中,它能够在一定程度上转化脂肪族和芳香族化合物,降解多环芳烃(PAHs)^[33],并且还可用于生物修复,去除重金属铬^[34]以及铜^[35]等污染物;*Ochrobactrum* 能够有效降解喹啉^[8]、苯酚^[36]以及菲、蒽、蒹等多环芳烃^[37],还能将重金属 Cr(VI)还原为 Cr(III),减少铬的毒性^[38]。综上所述,红球菌(*Rhodococcus* sp.)KDPy1的添加增强了好氧池O₁对多环芳烃和含氮杂环化合物的降解性能,因此实验组系统表现出对多环芳烃、喹啉、吡啶等污染物的更好的去除效果。

3 结论

本研究针对焦化废水中含氮杂环化合物难降解的特点,采用生物强化技术,在 A/O² 工艺的好氧池O₁中添加降解喹啉、吡啶的高效降解菌红球菌(*Rhodococcus* sp.)KDPy1,以提高焦化废水生物处理的效果。实验结果验证了红球菌KDPy1作为生物强化菌种在焦化废水处理中强化降解含氮杂环化合物的可行性,并得到以下主要研究结论:

(1)与对照组相比,添加了高效降解菌红球菌(*Rhodococcus* sp.)KDPy1的好氧池O₁在第17天后

对水中 COD、喹啉、吡啶的去除率分别增加了11.4%、17.3%、14.0%。

(2)实验组好氧池O₁的微生物群落丰富度指数 OTUs、Chao1 和 ACE 均大于对照组,并且多样性指数 Shannon 也大于对照组,表明由于高效降解菌的添加,反应器好氧池O₁的微生物多样性以及丰富度都相应地得到提高。

(3)经生物强化后,微生物群落发生明显的演替,实验组好氧池O₁中有机污染物降解菌 *Stenotrophomonas*、*Ochrobactrum* 更具优势。

参考文献

- [1] 王津,苑辉,侍浏洋,等. 焦化废水生物强化处理工艺研究[J]. 工业水处理, 2017, 37(8): 41-45.
- [2] 张怀玉,李月中,韩颖,等. 生物强化处理焦化废水效率研究[J]. 水处理技术, 2016, 42(3): 76-79.
- [3] 易欣怡,韦朝海,吴超飞,等. O/H/O 生物工艺中焦化废水含氮化合物的识别与转化[J]. 环境科学学报, 2014, 34(9): 2190-2198.
- [4] 洪欣娟,张雪,闫哲,等. 焦化废水生物强化处理及工艺优化[J]. 中国冶金, 2017, 27(3): 62-66.
- [5] 刘笑茵,张运林,殷燕,等. 三维荧光光谱及平行因子分析法在 CDOM 研究中的应用[J]. 海洋湖沼通报, 2012(3): 133-145.
- [6] 仇雁翎,赵建夫,李咏梅. 焦化废水中有机物在 A₁-A₂-O 系统各段的降解与转化[J]. 上海环境科学, 2002(4): 216-219.
- [7] 李静,李文英. 喹啉降解菌筛选及其对焦化废水强化处理[J]. 环境科学, 2015, 36(4): 1385-1391.
- [8] 于天翔. 焦化废水处理工艺综述[J]. 科技创新与应用, 2018(18): 101-102.
- [9] 徐伟超,吴翠平,张玉秀,等. 喹啉降解菌 *Ochrobactrum* sp. 的好氧降解特性及其在焦化废水中的生物强化作用[J]. 环境科学, 2017, 38(5): 2030-2035.
- [10] 杨超. 焦化废水生物降解过程中有机污染物相互作用及强化技术[D]. 上海: 上海师范大学, 2019.
- [11] 朱希坤,杨德玉,彭湃,等. 生物强化技术处理焦化废水的工程应用[J]. 工业水处理, 2016, 36(9): 28-31.
- [12] 张学敏,王三反. 焦化废水处理方法与进展[J]. 工业水处理, 2015, 35(9): 11-16.
- [13] EL-SAYED W S, IBRAHIM M K, ABU-SHADY M, et al. Isolation and identification of a novel strain of the genus *Ochrobactrum* with phenol-degrading activity [J]. Journal of Bioscience Bioengineering, 2003, 96(3): 310-312.
- [14] 崔明超,李丽,陈繁忠,等. 羧基酮类毛单胞菌对喹啉的微生物降解途径的研究[J]. 环境科学学报, 2004, 24(1): 171-173.
- [15] JIA Rong, ZHANG Yuxiu, ZHANG Qi, et al. Isolation and degradation kinetics of the quinoline degradation bacterium strains from coking wastewater[J]. Advanced Materials Research, 2013, 864/865/866/867: 209-212.

- [16] 王书萍, 虞保华, 马雄凤, 等. 吡啶降解菌的分离及降解动力学研究[J]. 燃料与化工, 2013, 44(6): 41-45.
- [17] LIU Xiaodong, CHEN Yan, ZHANG Xin, et al. Aerobic granulation strategy for bioaugmentation of a sequencing batch reactor (SBR) treating high strength pyridine wastewater[J]. Journal of Hazardous Materials, 2015, 295: 153-160.
- [18] 彭湃, 朱希坤, 李小明, 等. 环保菌剂应用于焦化废水处理中试[J]. 环境工程, 2016, 34(6): 41-45.
- [19] XU Peng, MA Wencheng, HAN Hongjun, et al. Isolation of a naphthalene-degrading strain from activated sludge and bioaugmentation with it in a MBR treating coal gasification wastewater[J]. Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology, 2015, 94(3): 358-364.
- [20] ZHANG Yuxiu, ZHANG Yang, XIONG Jie, et al. The enhancement of pyridine degradation by *Rhodococcus* KDPy1 in coking wastewater[J]. FEMS Microbiology Letters, 2018, 366(1): 1-7. doi: 10.1093/fems/fny271.
- [21] 柏耀辉, 孙庆华, 温东辉, 等. 假单胞杆菌 BC001 对吡啶和喹啉的生物去除[J]. 北京大学学报: 自然科学版, 2008, 44(2): 237-242.
- [22] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法[M]. 北京: 中国环境科学出版社, 2002: 258-274.
- [23] GUI Xuefei, XU Weichao, CAO Hongbin, et al. A novel phenol and ammonia recovery process for coal gasification wastewater altering the bacterial community and increasing pollutants removal in anaerobic/anoxic/aerobic system[J]. Science of the Total Environment, 2019, 661: 203-211.
- [24] MUSTHAFA K S, SAHU S K, RAVI A V, et al. Anti-quorum sensing potential of the mangrove *Rhizophora annamalyana*[J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2013, 29(10): 1851-1858.
- [25] TABASSUM S, JI Q, HENA S, et al. Treatment of coal gasification wastewater by anaerobic SBR-aerobic SBR process for elimination of toxic organic matters; A lab scale study[J]. RSC Advances, 2015, 5(72): 58334-58344.
- [26] MA Qiao, QU Yuanyuan, SHEN Wenli, et al. Bacterial community compositions of coking wastewater treatment plants in steel industry revealed by Illumina high-throughput sequencing[J]. Bioresource Technology, 2015, 179: 436-443.
- [27] SONG Jiaxiu, ZHAO Qi, GUO Jun, et al. The microbial community responsible for dechlorination and benzene ring opening during anaerobic degradation of 2,4,6-trichlorophenol[J]. Science of the Total Environment, 2019, 651: 1368-1376.
- [28] JIN Baodan, NIU Jintao, DAI Jingwen, et al. New insights into the enhancement of biochemical degradation potential from waste activated sludge with low organic content by potassium monopersulfate treatment[J]. Bioresource Technology, 2018, 265: 8-16.
- [29] MA Qiao, QU Yuanyuan, ZHANG Xuwang, et al. Identification of the microbial community composition and structure of coal-mine wastewater treatment plants[J]. Microbiol Research, 2015, 175: 1-5.
- [30] TORTOSA G, CASTELLANO-HINOJOSA A, CORREA-GALEOTE D, et al. Evolution of bacterial diversity during two-phase olive mill waste ("alperujo") composting by 16S rRNA gene pyrosequencing[J]. Bioresource Technology, 2017, 224: 101-111.
- [31] DENG Renjian, TANG Zhie, HOU Baolin, et al. Microbial diversity in soils from antimony mining sites: Geochemical control promotes species enrichment[J]. Environmental Chemistry Letters, 2020, 18(3): 911-922.
- [32] ZHU Xiaobiao, LIU Rui, LIU Cong, et al. Bioaugmentation with isolated strains for the removal of toxic and refractory organics from coking wastewater in a membrane bioreactor[J]. Biodegradation, 2015, 26(6): 465-474.
- [33] BASHANDY S R, ABD-ALLA M H, DAWOOD M F A. Alleviation of the toxicity of oily wastewater to canola plants by the N_2 -fixing, aromatic hydrocarbon biodegrading bacterium *Stenotrophomonas maltophilia*-SR1[J]. Applied Soil Ecology, 2020, 154: 103-654.
- [34] GE Shimei, GE Shichao, ZHOU Maohong, et al. Bioremediation of hexavalent chromate using permeabilized *Brevibacterium* sp. and *Stenotrophomonas* sp. cells[J]. Journal of Environmental Management, 2015, 157: 54-59.
- [35] SONG Huiping, LI Xingang, SUN Jinsheng, et al. Application of a magnetotactic bacterium, *Stenotrophomonas* sp. to the removal of $Au(III)$ from contaminated wastewater with a magnetic separator[J]. Chemosphere, 2008, 72(4): 616-621.
- [36] EL-SAYED W S, IBRAHIM M K, ABU-SHADY M, et al. Isolation and identification of a novel strain of the genus *Ochrobactrum* with phenol-degrading activity[J]. Journal of Bioscience & Bioengineering, 2003, 96(3): 310-312.
- [37] 卢晓霞, 吴淑可, 侯珍, 等. 焦化厂污染土壤中多环芳烃降解菌的分离及降解特性[J]. 应用与环境生物学报, 2011, 17(5): 722-726.
- [38] RAMASAMY S, MATHIYALAGAN P, CHANDRAN P. Characterization and optimization of EPS-producing and diesel oil-degrading *Ochrobactrum anthropi* MP3 isolated from refinery wastewater[J]. Petroleum Science, 2014, 11(3): 439-445.

[作者简介] 李婷(1992—), 硕士。电话: 18810967939, E-mail: liting@student.cumtb.edu.cn。通讯作者: 张玉秀, 博士, 教授。电话: 15801692212, E-mail: zhangyuxiu@cumtb.edu.cn。

[收稿日期] 2021-08-09(修改稿)