

# 厌氧颗粒活性炭折板工艺处理丁辛醇废水效能研究

申凯宇<sup>1,2</sup>, 郑梦启<sup>1,2</sup>, 何春华<sup>1,2</sup>, 胡真虎<sup>1,2,3</sup>, 汪 炎<sup>3</sup>, 王 伟<sup>1,2,3</sup>

(1. 合肥工业大学土木与水利工程学院市政工程系, 安徽合肥 230009;

2. 安徽省农村水环境治理与水资源利用工程实验室, 安徽合肥 230009;

3. 工业废水及环境治理安徽省重点实验室, 安徽合肥 230022)

**[摘要]** 丁辛醇废水(BOW)是一种新型煤化工废水,含有高浓度的难降解有毒有机污染物,对人体健康和生态环境造成危害。萃取法、焚烧法、空气催化氧化法等物化法可用于丁辛醇废水的处理,但成本较高、流程复杂。厌氧消化是丁辛醇废水的绿色、高效处理技术之一,然而传统的厌氧工艺易受有毒污染物、高盐等因素影响。对高盐条件下厌氧颗粒活性炭折板工艺(GAC-ABR)处理丁辛醇废水的启动、盐冲击与恢复过程及其微生物菌群变化进行探索。结果表明,与厌氧折板反应器(ABR)工艺相比,GAC-ABR工艺可提高丁辛醇废水厌氧处理的甲烷产量并缓解酸化现象。在GAC-ABR工艺中,污泥的嗜乙酸产甲烷活性提高了1.94~2.27倍,且污泥的电子传递系统活性提高了13.1%~16.4%。微生物群落结构分析表明,GAC-ABR工艺中富集的电话性互营微生物 *Syntrophomonas* 和 *Methanosarcina* 是提高丁辛醇废水处理效果的关键;其中,*Syntrophomonas* 表现出良好的耐盐性,而 *Methanosarcina* 的耐盐性弱于 *Methanosphaera* 和 *Methanobacteria*。

**[关键词]** 厌氧消化;丁辛醇废水;煤化工废水;盐冲击

**[中图分类号]** X703      **[文献标识码]** A      **[文章编号]** 1005-829X(2022)12-0114-08

## Study on the treatment of butanol octanol wastewater by anaerobic granular activated carbon baffled reactor

SHEN Kaiyu<sup>1,2</sup>, ZHENG Mengqi<sup>1,2</sup>, HE Chunhua<sup>1,2</sup>, HU Zhenhu<sup>1,2,3</sup>, WANG Yan<sup>3</sup>, WANG Wei<sup>1,2,3</sup>

(1. Department of Municipal Engineering, School of Civil Engineering, Hefei University of Technology, Hefei 230009, China; 2. Anhui Provincial Engineering Laboratory for Rural Water Environment and Resources, Hefei 230009, China; 3. Anhui Provincial Key Laboratory of Industrial Wastewater and Environmental Treatment, Hefei 230022, China)

**Abstract:** Butanol octanol wastewater (BOW) is a new type of coal chemical wastewater that contains high concentrations of toxic organic pollutants that are difficult to degrade and pose a risk to human health and the ecological environment. Physical and chemical methods such as extraction, incineration and air-catalytic oxidation can be used for the treatment of butanol octanol wastewater, but the cost is high and the process is complicated. Anaerobic digestion is one of the green and efficient treatment technologies for wastewater, however, the traditional anaerobic process is susceptible to toxic pollutants, high salt and other factors. The start-up, salt shock and recovery processes, changes in microbial community of anaerobic granular activated carbon baffled reactor (GAC-ABR) for butanol octanol wastewater treatment under high salt conditions were explored. The results showed that the GAC-ABR process improved methane production and mitigates acidification in the anaerobic treatment of butanol octanol wastewater compared to ABR. In GAC-ABR, the acetoclastic methanogenic activity of sludge was increased by 1.94-2.27 times and the electron transport system activity of sludge was increased by 13.1%-16.4%. Microbial community structure analysis showed that the electroactive syntrophic microorganisms *Syntrophomonas* and *Methanosarcina* enriched in GAC-ABR process were the key to improving the treatment of butanol octanol wastewater. Among them, *Syntrophomonas* showed better salt tolerance, while *Methanosarcina* was less tolerant than *Methanosphaera* and *Methanobacteria*.

**[基金项目]** 国家重点研发计划项目(2019YFC0408502);国家自然科学基金面上项目(51878232)

**Key words:** anaerobic digestion; butanol octanol wastewater; coal chemical wastewater; salt shock

煤化工的 DAVY/DOW 低压羰基合成工艺生产丁辛醇时会产生大量废水<sup>[1]</sup>。丁辛醇废水(BOW)含有的有机物复杂、浓度高,且具有强碱性、高盐度,属于典型的难降解有机工业废水。目前 BOW 的主流处理工艺以萃取法、焚烧法、空气催化氧化法等物化法为主,但这些处理方法的缺点在于处理流程复杂、成本高<sup>[2]</sup>。因此亟需一种绿色、高效的 BOW 处理技术。

厌氧消化是实现污染物降解和资源化的最有效途径之一<sup>[3]</sup>。通过厌氧消化 BOW 产生甲烷是较好的选择。然而 BOW 中高浓度的有机物和循环回用装置中积累的高盐分都会严重影响厌氧微生物的代谢能力,对厌氧系统的稳定性造成严重威胁。有研究提出将颗粒活性炭(GAC)应用于 BOW 厌氧消化,有利于解决甲烷产率低的问题<sup>[4]</sup>。由于 GAC 的高导电性能促进微生物间的直接种间电子转移(DIET)<sup>[5]</sup>,与使用传统电子载体(氢、甲酸等)进行物种间电子转移相比,DIET 提高了甲烷生成效率<sup>[6]</sup>。GAC 已被广泛应用于厌氧反应器中处理有毒难降解有机废水,且大多研究集中在 UASB 类型的反应器。相比之下,具备多级污泥床形式的厌氧折板反应器(ABR)具有更强的稳定性,更有利于 GAC 对电活性互营微生物的富集。然而,关于 GAC 强化 ABR 运行的研究较为少见。

在工业废水厌氧处理中,盐度也是影响厌氧微生物生长的一个主要因素<sup>[7]</sup>。高盐环境中的高渗透压会导致微生物细胞死亡<sup>[8]</sup>。Qian CHEN 等<sup>[9]</sup>通过添加磁铁矿来富集假单胞菌,以增强高盐有机废水的厌氧消化,但 DIET 微生物耐盐性的研究仍然较少。盐度对于互营微生物富集的潜在影响值得探讨。笔者探究了高盐条件下厌氧颗粒活性炭折板工艺(GAC-ABR)处理 BOW 的效能变化,阐述了 GAC-ABR 对污泥特性的影响并对微生物群落结构进行分析。

### 1 材料与方法

#### 1.1 实验材料

接种的活性污泥取自合肥某污水处理厂的 SBR 池,在 4℃下储存。污泥的总悬浮物固体(TSS)为 20.7 g/L,VSS/SS 为 0.55。GAC 粒径为 1 mm(18 目,

国药化学试剂有限公司)。BOW 取自曙光化学(集团)有限公司,主要组成见表 1。添加的营养成分与前期研究<sup>[10]</sup>相同,所用试剂均为分析纯。

表 1 BOW 中的主要有机物  
Table 1 The main organic compounds in BOW

| 序号 | 保留时间/min | 名称            | 相对峰面积/% |
|----|----------|---------------|---------|
| 1  | 10.69    | 3-庚酮          | 7.83    |
| 2  | 10.95    | 3-庚醇          | 10.52   |
| 3  | 12.38    | 3,5-二甲基-3-己醇  | 0.84    |
| 4  | 15.26    | 2-乙基-1-己醇(辛醇) | 71.27   |
| 5  | 17.47    | 2,4-二甲基-3-戊醇  | 2.89    |
| 6  | 17.56    | 2-甲基-3-庚酮     | 6.65    |

#### 1.2 反应器设置与运行

实验选用两个工作容积为 7.0 L 的厌氧折板反应器,如图 1 所示。反应器配备加热带和温控装置,温度保持在(35±1)℃。反应器为无回流的连续流系统,水力停留时间为 2 d。产生的甲烷通过反应器顶部的集气袋收集。将添加 GAC 的反应器(R1)设置为实验组,不添加 GAC 的反应器(R0)设置为对照组。两个反应器的接种污泥质量浓度设置为 10 g/L,R1 中 GAC 的投加质量浓度为 10 g/L。

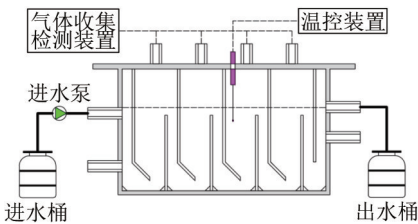


图 1 厌氧折板反应器  
Fig. 1 Anaerobic baffled reactor

实验过程分为 3 个阶段。第 1 阶段(S1,第 1 天至第 68 天),两个反应器进水 COD 由 2 000 mg/L 提高到 4 000 mg/L, $m(\text{COD}):m(\text{N}):m(\text{P})=400:5:1$ ,pH 在 7.3±0.5。第二阶段(S2,第 69 天至第 92 天),进水 COD 维持在 4 000 mg/L,进水 NaCl 逐步增加至 20 g/L,其他条件不变。第三阶段(S3,第 93 天至第 116 天),进水 COD 保持在 4 000 mg/L,去除添加的 NaCl,其他条件保持不变。具体运行参数如表 2 所示。

#### 1.3 比产甲烷活性和电子传递活性

以乙酸钠(按 COD 计,2 000 mg/L)和 H<sub>2</sub>/CO<sub>2</sub>(140 mL/35 mL)为底物,分别测定污泥的嗜乙酸和嗜

表2 不同实验阶段R0和R1反应器的运行参数  
Table 2 Operation parameter of R0 and R1 in different stages

| 阶段 | 反应器 | COD/<br>(mg·L <sup>-1</sup> ) | NaCl质量浓度/<br>(g·L <sup>-1</sup> ) | 甲烷产量/<br>(mL·d <sup>-1</sup> ) | COD去除率/% | 甲烷转化率/%  |
|----|-----|-------------------------------|-----------------------------------|--------------------------------|----------|----------|
| S1 | R1  | 2 000                         | 0                                 | 1 782.4±150.6                  | 95.9±1.3 | 84.8±4.8 |
|    | R0  |                               |                                   | —                              | 75.4±3.8 | —        |
|    | R1  | 2 000                         | 0                                 | 1 907.6±171.9                  | 93.1±1.0 | 86.3±3.3 |
|    | R0  |                               |                                   | —                              | 90.5±1.5 | —        |
|    | R1  | 4 000                         | 0                                 | 4 527.6±314.6                  | 91.9±1.0 | 91.2±3.2 |
|    | R0  |                               |                                   | 4 177.5±358.8                  | 91.1±1.2 | 84.7±3.8 |
| S2 | R1  | 4 000                         | 10                                | 4 185.8±329.8                  | 88.5±1.8 | 85.4±3.8 |
|    | R0  |                               |                                   | 4 051.2±373.1                  | 87.9±1.8 | 83.0±2.9 |
|    | R1  | 4 000                         | 20                                | —                              | —        | 70.1±3.9 |
|    | R0  |                               |                                   | —                              | —        | 74.1±3.2 |
| S3 | R1  | 4 000                         | 0                                 | 2 765.3±398.5                  | 67.5±6.9 | 82.3±2.6 |
|    | R0  |                               |                                   | 1 355.8±203.4                  | 49.8±5.8 | 54.7±4.6 |

氢产甲烷活性。污泥质量与底物COD的比值为1:1, 营养元素组成参考文献[10]。用高纯度氮气(99.99%)吹洗血清瓶约1~2 min,立即密封,在35℃、150 r/min的摇床中培养,根据甲烷产量随时间变化情况计算比产甲烷活性(SMA)。按照上述方法测定0、5、10、15、20 g/L NaCl下污泥的产甲烷活性。电子传递系统活性(ETS)通过INT[2-(对碘苯基)-3-(对硝基苯基)-5-苯基氯化四唑]方法测定<sup>[11]</sup>,具体操作参考文献[12]。

#### 1.4 微生物群落结构分析

利用16S rRNA对各个阶段末获得的污泥样本进行微生物群落多样性分析。所有污泥样品在6 000 r/min下离心5 min,去掉上清液。细菌采用338F(ACTCCTACGGGAGGCAGCAG)和806R(GGACTAC HVGGGTWTCTAAT)引物,古菌采用524F10extF(TGYCAGCCGCCGCGGTAA)和Arch958RmodR(YCC GCGGT- TGA VTCCAATT)引物。具体分析实验在上海美吉生物医药科技有限公司进行。

#### 1.5 分析方法

COD、MLSS、MLVSS采用标准方法测定<sup>[13]</sup>。pH采用SG68pH计(METTLER TOLEDO)测定。采用SP-6890气相色谱法(山东瑞宏有限公司)测定沼气中甲烷含量。挥发性脂肪酸(VFAs)采用7890A气相色谱仪(美国Agilent Technologies)测定。

### 2 结果与讨论

#### 2.1 反应器不同阶段的处理效能

启动阶段(S1,第1天至第68天),R1的初始COD去除率超过95%,而R0仅为75%左右,R1的启

动时间明显要短于R0[见图2(a)]。GAC对部分有机物具有吸附作用,有研究表明GAC可以在90 min内达到吸附饱和<sup>[14]</sup>,而在实际厌氧反应器的环境中,温度和微生物等因素可能会延缓GAC的吸附饱和时间;另一方面,GAC的吸附作用会缓解BOW的生物毒性,提高厌氧微生物的适应性,也可能是启动时间缩短的原因。反应器稳定后(第11天—第36天),R1和R0的COD去除率分别为(93.1±1.0)%和(90.5±1.5)%。当进水COD增加到4 000 mg/L后(第37天—第68天),R1和R0的COD去除率均保持在91%左右。由表2可见,第37天—第68天,R1组甲烷转化率要高于R0组的甲烷转化率。经过长时间的启动驯化,反应器内均形成了降解BOW的微生物群落,这也导致R1和R0在COD去除率方面的差异越来越小。在产甲烷性能上R1依然要优于R0,可能GAC的加入改变了微生物群落结构和电子传递机制,从而增强了厌氧消化产甲烷的效果<sup>[15]</sup>。

在盐冲击阶段(S2,第69天至第92天),随着NaCl质量浓度的增加,R0和R1的处理性能发生了较大变化。当NaCl质量浓度为10 g/L(第69天—第82天)时,R1和R0的COD去除率略有下降,分别降至(88.5±1.8)%和(87.9±1.8)%。当NaCl质量浓度增加到20 g/L(第83天—第92天)时,COD去除率急剧下降,VFAs开始积累。如图2b所示,VFAs的积累以乙酸和丁酸为主。其中R1的丁酸积累早于R0,且积累程度较高。最终R1的甲烷转化率下降了21.1%,而R0下降了10.6%。随着盐度的上升,GAC-ABR系统的稳定性有所减弱。

在恢复阶段(S3,第93天至第116天),去除

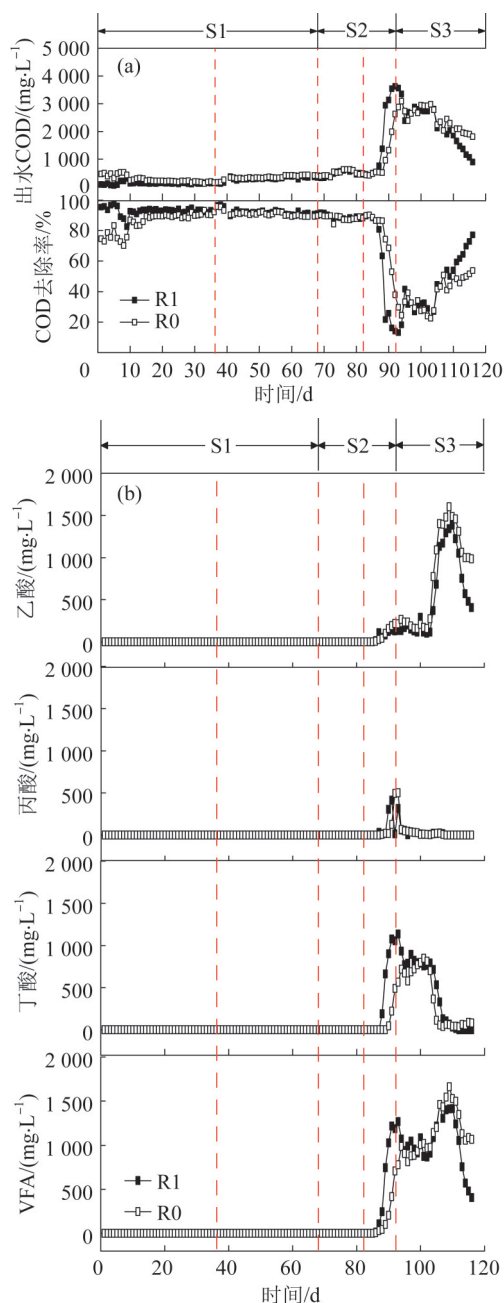


图2 不同阶段R0和R1反应器的性能变化

Fig. 2 The performance of R0 and R1 in different stages

NaCl后R0和R1的处理效能逐渐恢复。如图2(a)所示,恢复24 d后,R1的COD去除率达到77.2%,而R0仅为53.8%。其间R1和R0的平均甲烷转化率分别为 $(82.3 \pm 2.6)\%$ 、 $(54.7 \pm 4.6)\%$ 。从图2(b)可以看出,丁酸的降解开始恢复,乙酸开始积累。由于产甲烷菌比产酸菌更加敏感和脆弱<sup>[16]</sup>,产甲烷阶段的恢复滞后,但R1的恢复过程明显快于R0。恢复24 d后,R1中的乙酸质量浓度降至485.95 mg/L,R0为

983.10 mg/L,R1的VFA降解速率更快,这与B. CHOWDHURY等<sup>[17]</sup>的研究报道一致。

综上可推测BOW的降解路径为丁酸发酵。BOW中的醇类物质先转化为丁酸,然后通过 $\beta$ -氧化机制降解为乙酸和 $\text{CO}_2$ ,最后被产甲烷菌利用。GAC的添加能够显著增强ABR的产甲烷效率以及厌氧消化系统的恢复性能,在微观角度上GAC可能改变了反应器的微生物特性。

## 2.2 不同阶段污泥的比产甲烷活性变化

不同阶段R0和R1的污泥产甲烷活性和甲烷转化率如图3所示。

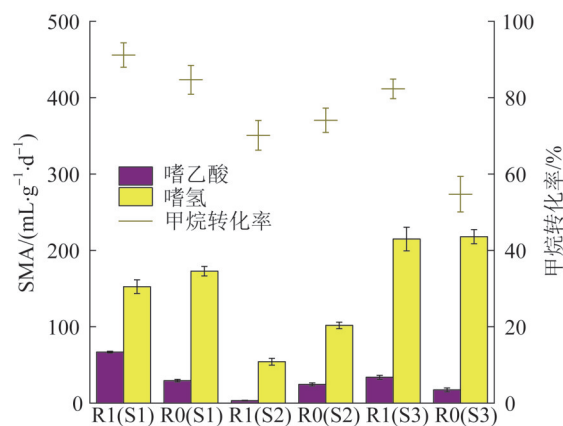


图3 不同阶段R0和R1的污泥产甲烷活性和甲烷转化率变化

Fig. 3 Methanogenic activities and methane conversion rate of sludge of R0 and R1 in different stages

由图3可见,整体上污泥的嗜氢产甲烷活性要高于嗜乙酸产甲烷活性,表明BOW的厌氧产甲烷过程以嗜氢产甲烷途径为主。在S1和S3阶段,R1的嗜乙酸产甲烷活性分别是R0的2.27、1.94倍,而嗜氢产甲烷活性差异不显著。由于R1中嗜乙酸产甲烷活性明显增强,且甲烷转化率与嗜乙酸产甲烷活性呈正相关,因而使得R1性能提升。高盐条件下(S2)产甲烷活性受到明显影响:R1和R0的嗜乙酸产甲烷活性分别下降了95%、16%,嗜氢产甲烷活性分别下降了64%、41%。可见,R1的产甲烷活性受高盐度的影响更大,尤其是嗜乙酸产甲烷活性受到的影响,这可能与添加GAC后厌氧微生物群落结构变化有关。

图4为添加GAC的污泥嗜乙酸和嗜氢产甲烷活性(GA和GH),以及未添加GAC的污泥嗜乙酸和嗜氢产甲烷活性(CA和CH)随盐度的变化情况。

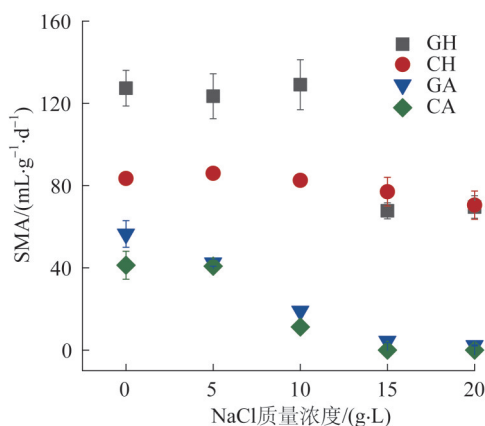


图4 盐度对嗜乙酸和嗜氢产甲烷活性的影响

Fig. 4 Effects of salinity on acetoclastic and hydrogenotrophic methanogenic activities

图4表明,嗜乙酸产甲烷活性与盐度基本呈线性关系。当NaCl质量浓度为15 g/L时,GA和CA的嗜乙酸产甲烷活性受到完全抑制,而嗜氢产甲烷活性对盐度的敏感性要低于嗜乙酸产甲烷活性。当NaCl质量浓度达到20 g/L时,CH的嗜氢产甲烷活性没有明显下降,而GH的嗜氢产甲烷活性下降了35%。即高盐条件下,R1的嗜乙酸产甲烷活性易受影响。上述结果表明R1在高盐条件下稳定性下降原因在于GAC强化的嗜乙酸产甲烷途径被抑制。

### 2.3 不同阶段污泥的电子传递活性变化

污泥的ETS是指污泥微生物呼吸链中的电子传递速率,可间接表征污泥的生物活性。根据Zhao-han ZHANG等<sup>[11]</sup>的研究,INT是评价厌氧微生物系统中ETS活性的较为合适的方法。各阶段R0和R1污泥的INT-ETS活性见图5。

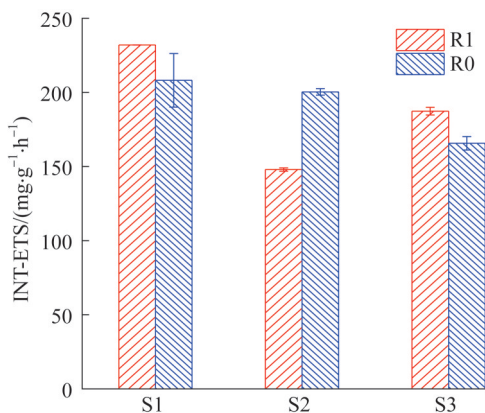


图5 不同阶段R0和R1的污泥INT-ETS活性

Fig. 5 INT-ETS activity of sludge of R0 and R1 in different stages

由图5可见,在S1和S3阶段,与R0相比,R1的INT-ETS活性分别提高16.4%、13.1%。Wangwang YAN等<sup>[18]</sup>在处理含酚废水时添加碳纳米管,使污泥的INT-ETS活性提高了10倍,并将这种变化归因于互营菌的富集。因此,本研究中INT-ETS增加很可能是由于GAC对相关互营微生物的富集作用。在S2阶段,R1的INT-ETS活性为 $(137.6 \pm 18.0) \text{ mg}/(\text{g} \cdot \text{h})$ ,受高盐度影响明显下降,而R0组为 $(200.3 \pm 2.2) \text{ mg}/(\text{g} \cdot \text{h})$ ,变化不大。可见R1的INT-ETS活性更易受盐度影响。结合2.2中盐度对产甲烷活性的影响,认为可能原因为:(1)添加GAC后,微生物之间存在新的电子传递途径(如DIET,而不是传统的IET),高盐环境对其影响更大;(2)在R1中起关键作用的相关微生物因耐盐性差而受到抑制,导致厌氧系统受到显著影响。

### 2.4 微生物群落结构分析

反应器的宏观性能主要取决于微观的微生物群落结构,因此研究不同环境(驯化、盐冲击和酸化)中微生物的群落,对阐述GAC-BAR工艺处理效能的提升至关重要。微生物的群落分析如图6所示。由图6(a)可见,R1中各阶段*Syntrophomonas*的相对丰度(21.2%、22.4%和27.1%)较R0的分别提高了174%、354%、716%,说明*Syntrophomonas*在R1中明显富集。而*Syntrophomonas*是一种互营丁酸氧化菌<sup>[19]</sup>,不仅可通过 $\beta$ -氧化途径参与丁酸的降解,还与产甲烷菌相互作用,提高厌氧消化性能。有研究在补充导电材料的复杂环境中检测到*Syntrophomonas*<sup>[19-20]</sup>。Huijuan LI等<sup>[20]</sup>在水稻土中添加磁铁矿,*Syntrophomonadaceae*和*Methanosarcinaceae*的丰度显著增加,促进了丁酸向甲烷的代谢作用。Wei ZHANG等<sup>[21]</sup>在以长链脂肪酸为主的菜籽油中添加GAC,富集了*Syntrophomonas*和*Methanosarcina*,显著提高了甲烷产量,缓解了酸化现象。与*Syntrophomonas*互营共生的古菌为嗜氢产甲烷菌*Methanobacterium*和嗜乙酸产甲烷菌*Methanosarcina*。图6(b)中,*Methanobacterium*是绝对的优势古菌,这与BOW厌氧产甲烷以嗜氢产甲烷途径为主一致。而另一种优势菌*Methanosarcina*的变化更值得关注。在盐度冲击(S2)下,*Methanosarcina*(30.7%、15.0%和25.0%)有被*Methanospaera*(3.3%、17.0%和11.9%)取代的趋势。但盐度去除后(S3)*Methanosarcina*的

相对丰度得到恢复。且在整个实验过程中,R1的相对丰度比R0增加8.0%~12.8%。因此,GAC的加入很有可能促进了 *Syntrophomonas* 与 *Methanosarcina*

的互营共生。这从优势菌的分布图[图6(c)、(d)]可以清楚地看到,各阶段中R1最核心的菌属是 *Syntrophomonas* 和 *Methanosarcina*。

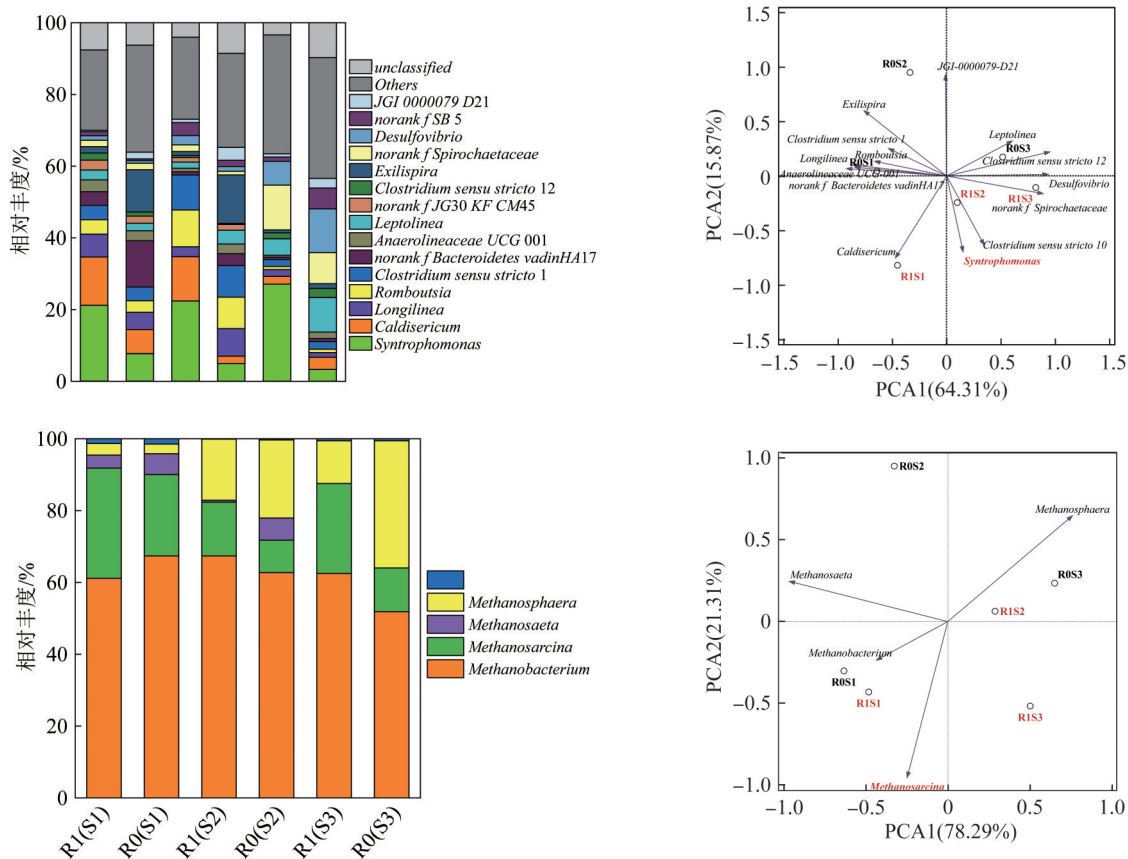


图6 微生物群落结构分析

Fig. 6 Analysis of microbial community

对于R0,由于受盐度和酸积累的影响,其微生物群落从启动阶段开始经历了相似的生态演替。在S1阶段,R0的核心细菌属(相对丰度>8%)为 *norank f Bacteroidetes vadinHA17* (12.9%)和 *Exilispira* (11.8%)。有报道称,*norank f Bacteroidetes vadinHA17*将葡萄糖降解为乙酸、丙酸和 $H_2/CO_2$ <sup>[22]</sup>,与氢营养型产甲烷菌密切相关<sup>[23]</sup>。*Exilispira*与氢营养产甲烷菌一起参与厌氧反应器中互营乙酸的氧化<sup>[24-25]</sup>。在S2阶段,R0核心菌属分别为 *Exilispira* (13.6%)、*Romboutsia* (8.8%)和 *Clostridium sensu stricto 1* (8.8%)。*Clostridium sensu stricto 1*是一种常见的产氢细菌属,对不利环境有较强的耐受性<sup>[26]</sup>。*Romboutsia*是一种与水解和酸化有关的细菌属,尤其与乙酸生成和嗜氢产甲烷有关<sup>[27]</sup>。*Romboutsia*和 *Clostridium Sensu Stricto 1*相对丰度的增加可能与耐盐性有关。H. A. OYEWISI等<sup>[28]</sup>利用16S rRNA基因序列

分析高盐湖细菌群落功能时发现, *Romboutsia* 和 *Clostridium Sensu Stricto 1*是最具代表性的细菌属。在S3阶段R0的核心细菌属分别为 *Desulfovibrio* (12.2%)、*Leptolinea* (9.6%)和 *norank f Spirochaetaceae* (8.7%)。这些优势菌通常在发酵液中富集并降解丙酸<sup>[29-31]</sup>,在酸化环境中相对丰度明显增加。可以看出,R0的核心细菌都是常见的水解酸化细菌,这些优势细菌的具体功能与嗜氢产甲烷菌密切相关[如图6(b)所示]。专性氢营养型产甲烷菌 *Methanobacterium* 占绝对优势 (65.0%、61.4%和51.8%)。古菌演替的主要变化菌属是 *Methanosphaera* 和 *Methanosarcina*。*Methanosphaera* (2.7%、21.7%和35.4%)逐渐取代 *Methanosarcina* (22.7%、9.0%和12.2%)的优势地位。这说明在R0中难以确定产酸菌和产甲烷古菌的共生关系。

而R1中 *Syntrophomonas* 与 *Methanosarcina* 有明显

的互营共生,这是GAC-ABR工艺性能提升的关键。表3列出了每个样本的Shannon、Chao1和覆盖度。

表3 不同阶段R0和R1的微生物群落多样性和丰富度

Table 3 Diversity and richness of microbial community of R0 and R1 in different stages

| 样本   | 细菌      |        |      | 古菌      |        |      |
|------|---------|--------|------|---------|--------|------|
|      | Shannon | Chao 1 | 覆盖度  | Shannon | Chao 1 | 覆盖度  |
| R1S1 | 3.60    | 450.53 | 0.99 | 1.89    | 35.50  | 0.99 |
| R0S1 | 3.84    | 445.11 | 0.99 | 2.11    | 45.00  | 0.99 |
| R1S2 | 3.78    | 637.02 | 0.99 | 1.82    | 23.00  | 0.99 |
| R0S2 | 4.32    | 593.25 | 0.99 | 2.02    | 22.00  | 0.99 |
| R1S3 | 3.68    | 486.52 | 0.99 | 1.75    | 15.00  | 0.99 |
| R0S3 | 4.02    | 449.34 | 0.99 | 1.59    | 15.00  | 0.99 |

由表3可以看出,R1的细菌多样性(Shannon 3.60、3.78和3.68)要低于R0(3.84、4.32和4.02),丰富度(Chao 1)则相反,R1的细菌丰富度高于R0(445.11、593.25和449.34)。说明添加GAC促进了特定功能微生物的富集,并且降低了微生物多样性。*Syntrophomonas*与*Methanosarcina*的富集可能会导致环境抵抗性能下降:在高盐环境下(S2),*Syntrophomonas*仍为优势菌,说明*Syntrophomonas*具有较强的耐盐性(*Syntrophomonas*是Firmicutes的一员,在之前的研究中,Firmicutes是高盐环境中的优势菌门<sup>[32]</sup>)。*Methanosarcina*相对丰度下降表明其耐盐性较差(在驯化高钠食物垃圾处理过程中,*Methanosarcina*几乎被嗜氢产甲烷菌*Methanobacterium*和*Methanocpusculum*取代<sup>[33]</sup>)。因此,*Methanosarcina*的不耐盐性可能是R1受到盐冲击后处理效能下降的主要原因。

### 3 结论

研究结果表明GAC-ABR工艺能够显著提高BOW厌氧处理的甲烷产量,并有效缓解盐冲击后的酸化现象,这是由于添加GAC后富集了电话性互营微生物*Syntrophomonas*和*Methanosarcina*,增强了反应器中污泥嗜乙酸产甲烷活性和电子传递活性。此外,由于*Syntrophomonas*具有较好的耐盐性,而*Methanosarcina*的耐盐性弱于*Methanospaera*和*Methanobacteria*,这也导致在盐度冲击下污泥电子传递活性和嗜乙酸产甲烷活性下降,可能是GAC-ABR受到盐度冲击后处理效能下降的主要原因。

#### 参考文献

[1] 吕后鲁. 丁辛醇生产废水处理技术研究[D]. 苏州:苏州大学, 2007.

LÜ Houlu. Study on treatment technologies of wastewater from butanol and octanol production[D]. Suzhou: Soochow University, 2007.

[2] 张平. 丁辛醇缩合废水处理工艺研究[D]. 天津:天津科技大学, 2020.

ZHANG Ping. Study on treatment technology of butyl alcohol and 2-ethyl hexanol condensation wastewater[D]. Tianjin: Tianjin University of Science & Technology, 2020.

[3] APPELS L, LAUWERS J, DEGRÈVE J, et al. Anaerobic digestion in global bio-energy production: Potential and research challenges[J]. Renewable and Sustainable Energy Reviews, 2011, 15(9): 4295-4301.

[4] LIU Tingxia, OU Hua, SU Kuizu, et al. Promoting direct inter species electron transfer and acetoclastic methanogenesis for enhancing anaerobic digestion of butanol octanol wastewater by coupling granular activated carbon and exogenous hydrogen[J]. Bioresource Technology, 2021, 337: 125417.

[5] GAHLOT P, AHMED B, TIWARI S B, et al. Conductive material engineered direct inter species electron transfer(DIET) in anaerobic digestion: Mechanism and application[J]. Environmental Technology & Innovation, 2020, 20: 101056.

[6] CRUZ VIGGI C, ROSSETTI S, FAZI S, et al. Magnetite particles triggering a faster and more robust syntrophic pathway of methanogenic propionate degradation[J]. Environmental Science & Technology, 2014, 48(13): 7536-7543.

[7] LEFEBVRE O, MOLETTA R. Treatment of organic pollution in industrial saline wastewater: A literature review[J]. Water Research, 2006, 40(20): 3671-3682.

[8] DE VRIEZE J, CHRISTIAENS M E R, WALRAEDT D, et al. Microbial community redundancy in anaerobic digestion drives process recovery after salinity exposure[J]. Water Research, 2017, 111: 109-117.

[9] CHEN Qian, LIU Chuanqi, LIU Xinying, et al. Magnetite enhances anaerobic digestion of high salinity organic wastewater[J]. Environmental Research, 2020, 189: 109884.

[10] WANG Wei, WU Benteng, PAN Shanglei, et al. Performance robustness of the UASB reactors treating saline phenolic wastewater and analysis of microbial community structure[J]. Journal of Hazardous Materials, 2017, 331: 21-27.

[11] ZHANG Zhaohan, GAO Peng, CHENG Jiaqi, et al. Enhancing anaerobic digestion and methane production of tetracycline wastewater in EGSB reactor with GAC/NZVI mediator[J]. Water Research, 2018, 136: 54-63.

[12] YIN Qidong, YANG Shuo, WANG Zhongzhong, et al. Clarifying electron transfer and metagenomic analysis of microbial community in the methane production process with the addition of ferrous oxide[J]. Chemical Engineering Journal, 2018, 333: 216-225.

[13] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法[M]. 4版. 北京: 中国环境科学出版社, 2002: 497-516.

[14] XING W, NGO H H, KIM S H, et al. Adsorption and bioadsorption

- of granular activated carbon (GAC) for dissolved organic carbon (DOC) removal in wastewater[J]. *Bioresource Technology*, 2008, 99(18): 8674-8678.
- [15] ZHANG Yingdi, ZHANG Lei, GUO Bing, et al. Granular activated carbon stimulated microbial physiological changes for enhanced anaerobic digestion of municipal sewage[J]. *Chemical Engineering Journal*, 2020, 400: 125838.
- [16] GAGLIANO M C, ISMAIL S B, STAMS A J M, et al. Biofilm formation and granule properties in anaerobic digestion at high salinity[J]. *Water Research*, 2017, 121: 61-71.
- [17] CHOWDHURY B, LIN Long, DHAR B R, et al. Enhanced biogas recovery from fat, oil, and grease through co-digestion with food waste and addition of conductive materials[J]. *Chemosphere*, 2019, 236: 124362.
- [18] YAN Wangwang, SUN Faqian, LIU Jianbo, et al. Enhanced anaerobic phenol degradation by conductive materials via EPS and microbial community alteration[J]. *Chemical Engineering Journal*, 2018, 352: 1-9.
- [19] KONG Xin, YU Shuyao, FANG Wen, et al. Enhancing syntrophic associations among *Clostridium butyricum*, *Syntrophomonas* and two types of methanogen by zero valent iron in an anaerobic assay with a high organic loading[J]. *Bioresource Technology*, 2018, 257: 181-191.
- [20] LI Huijuan, CHANG Jiali, LIU Pengfei, et al. Direct inter species electron transfer accelerates syntrophic oxidation of butyrate in paddy soil enrichments[J]. *Environmental Microbiology*, 2015, 17(5): 1533-1547.
- [21] ZHANG Wei, DAI Kun, XIA Xiuyang, et al. Free acetic acid as the key factor for the inhibition of hydrogenotrophic methanogenesis in mesophilic mixed culture fermentation[J]. *Bioresource Technology*, 2018, 264: 17-23.
- [22] TAN R, MIYANAGA K, TOYAMA K, et al. Changes in composition and microbial communities in excess sludge after heat-alkaline treatment and acclimation[J]. *Biochemical Engineering Journal*, 2010, 52(2/3): 151-159.
- [23] JI Yang, LIU Pengfei, CONRAD R. Response of fermenting bacterial and methanogenic archaeal communities in paddy soil to progressing rice straw degradation[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, 124: 70-80.
- [24] LEE S H, PARK J H, KIM S H, et al. Evidence of syntrophic acetate oxidation by spirochaetes during anaerobic methane production[J]. *Bioresource Technology*, 2015, 190: 543-549.
- [25] WANG Weikuang, NI Chenhua, GUO Yuejie, et al. Long-term performance and metagenomic analysis of full-scale anaerobic granular sludge bioreactors for low aerobically-biodegradable synthetic fiber manufacturing wastewater treatment[J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2020, 153: 105046.
- [26] XIAO Youqian, YANG Hongnan, ZHENG Dan, et al. Granular activated carbon alleviates the combined stress of ammonia and adverse temperature conditions during dry anaerobic digestion of swine manure[J]. *Renewable Energy*, 2021, 169: 451-460.
- [27] KURIBAYASHI K, KOBAYASHI Y, YOKOYAMA K, et al. Digested sludge-degrading and hydrogen-producing bacterial floras and their potential for biohydrogen production[J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2017, 120: 58-65.
- [28] OYEWUSI H A, ABDUL WAHAB R, EDBEIB M F, et al. Functional profiling of bacterial communities in Lake Tuz using 16S rRNA gene sequences[J]. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 2021, 35(1): 1-10.
- [29] WANG Huizhong, LV Xiaomeng, YI Yue, et al. Using DNA-based stable isotope probing to reveal novel propionate-and acetate-oxidizing bacteria in propionate-fed mesophilic anaerobic chemostats[J]. *Scientific Reports*, 2019, 9: 17396.
- [30] WU Shulin, SUN Jing, CHEN Xueming, et al. Unveiling the mechanisms of medium-chain fatty acid production from waste activated sludge alkaline fermentation liquor through physiological, thermodynamic and metagenomic investigations[J]. *Water Research*, 2020, 169: 115218.
- [31] DU Jin, YIN Qidong, GU Mengqi, et al. New insights into the effect of ethanol and volatile fatty acids proportions on methanogenic activities and pathways[J]. *Environmental Research*, 2021, 194: 110644.
- [32] JEDDI M, KARRAY F, LOUKIL S, et al. Anaerobic biological treatment of industrial saline wastewater: Fixed bed reactor performance and analysis of the microbial community structure and abundance[J]. *Environmental Technology*, 2020, 41(13): 1715-1725.
- [33] HU Yangqing, WANG Fei, CHI Yong. The evolution of microbial community during acclimation for high sodium food waste anaerobic digestion[J]. *Waste and Biomass Valorization*, 2020, 11(11): 6057-6063.
- [作者简介] 申凯宇(1997—), 硕士, E-mail: waywordsky@163.com。  
通讯作者: 王伟, 教授, E-mail: dwhit@126.com。  
[收稿日期] 2022-10-29(修改稿)