



盐度对悬浮填料式 SBR 工艺处理性能及微生物群落的影响

吴 亮, 杨 英, 李卫华, 程晓蕾, 程志龙, 周语桐, 张田田

(安徽建筑大学环境与能源工程学院, 安徽合肥 230601)

[摘要] 为探究不同盐度对悬浮填料式 SBR 工艺处理性能以及悬浮填料上附着微生物群落结构的影响, 在进水盐度为 0、5、10、15 g/L 的 4 个梯度下, 对 SBR1(对照组, 不添加填料)和 SBR2(添加 30% 有效容积的悬浮填料式 SBR 工艺)2 组工艺的 COD 和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除性能进行研究, 并采用 16S rRNA 高通量测序技术分析了悬浮填料中微生物的群落特征。实验结果表明: 当盐度从 0 增加至 15 g/L 时, SBR1 系统 COD 和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 平均去除率分别从 92.6%、92.5% 降至 64.7%、68.2%, SBR2 则是从 96.0%、94.2% 降至 67.8%、73.8%, 2 个系统 COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的平均去除率均受到盐度影响而下降, 且相比于 COD, 系统对 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的降解效果更好, 此外, SBR2 系统对 COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的去除效果始终强于 SBR1 系统; 悬浮填料上附着微生物中主要优势门为变形菌门和拟杆菌门, 其相对丰度维持在 77% 以上; Epsilonbacteraeota 的丰富度随着盐度的升高呈明显的上升趋势; 随着盐度的增加, 悬浮填料上微生物的群落多样性逐渐减少, 但在中间盐度(5 g/L)时微生物的丰富度会增加。研究从微生物群落特征的角度, 探讨了盐度渐增对微生物群落结构和多样性的影响, 可为高盐胁迫下悬浮填料式 SBR 系统中 COD 和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的去除机制研究提供参考。

[关键词] 悬浮填料; SBR 工艺; 盐度; 多样性; 丰富度

[中图分类号] X832 **[文献标识码]** A **[文章编号]** 1005-829X(2023)03-0150-08

Effects of salinity on treatment performance and microbial community of suspended carrier SBR

WU Liang, YANG Ying, LI Weihua, CHENG Xiaolei, CHENG Zhilong, ZHOU Yutong, ZHANG Tiantian

(School of Environment and Energy Engineering, Anhui Jianzhu University, Hefei 230601, China)

Abstract: In order to explore the effect of salinity on the performance of suspended packing SBR process and the microbial community structure attached to suspended packing, the removal performance of COD and $\text{NH}_4^+\text{-N}$ in SBR1 (control group without filler) and SBR2 (suspended filler SBR process with 30% effective volume) processes was studied under four gradients influent salinity of 0, 5, 10, 15 g/L. The characteristics of microbial community were analyzed by 16S rRNA high-throughput sequencing technology. Experiments results showed that, salinity reduced the removal performance of COD and $\text{NH}_4^+\text{-N}$ in SBR system. When salinity increased from 0 to 15 g/L, the removal rates of COD and $\text{NH}_4^+\text{-N}$ in SBR1 system decreased from 92.6% and 92.5% to 64.7% and 68.2%, respectively, and that of SBR2 decreased from 96.0% and 94.2% to 67.8% and 73.8%. The average removal rates of COD and $\text{NH}_4^+\text{-N}$ in the two systems were inhibited by salinity, and compared with COD, $\text{NH}_4^+\text{-N}$ had better degradation effect, and the removal effect of SBR2 system was always better than that of SBR1 system. Proteobacteria and Bacteroidetes were the dominant phyla, and their relative abundance was more than 77%. The abundance of Epsilonbacteraeota showed an obvious upward trend with the increase of salinity, and it was suitable for the growth and reproduction of salt-tolerant bacteria in high salinity environment. The community diversity of microorganisms on the suspended filler decreased with increasing salinity, but their richness increased in microorganisms at intermediate salinity (5 g/L). From the perspective of microbial community characteristics, this study discussed the effects of increasing salinity

[基金项目] 国家自然科学基金项目(51978003);安徽省重大科技专项(201903a06020034)

on microbial community structure and diversity, which could provide reference for the study of COD and $\text{NH}_4^+\text{-N}$ removal mechanism in suspended carrier SBR system under high salt stress.

Key words: suspension packing; SBR process; salinity; diversity; richness

近年来,人们发现海产品加工、石化、农业、制药、制革、纺织、食品等行业产生的废水中含盐量较高^[1-2]。含盐废水未经有效处理就不受管制地排放到水体中可能会引起淡水盐度的变化、土壤和地下水的污染、农作物的严重损害、湖泊的富营养化等环境问题,严重威胁水生生物和人类健康^[3-5]。目前,国内外主要采用物化工艺、生物工艺、生物强化技术对高盐废水进行处理^[6]。

间歇式活性污泥法(Sequencing batch reactor process, SBR)作为生物处理法的一种,因其处理效率高、操作简单、运行成本低、占地面积小,并且不容易出现污泥膨胀的特点,被广泛应用于高盐废水的处理^[7-8]。H. MIRBOLOOKI等^[9]在SBR中利用活性污泥微生物处理含盐纺织废水,发现当盐度高于5 g/L时反应器中的微生物活性会受到影响,盐度从500 mg/L增加到10 000 mg/L时, COD去除率由80.71%降低至14.92%。O. LEFEBVRE等^[10]发现,通过在SBR中接种嗜盐微生物可以有效地处理高盐度(120 g/L)的农业食品废水,接种后的SBR反应器中COD和总凯氏氮的去除率分别达到83%、72%。Yuan Yuan ZHAO等^[11]使用SBR处理含盐废水时发现,当废水中盐质量分数从1%增加到2%时COD去除率由97%降至80%,当盐质量分数从1%增加到3%时 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和TP的去除率均从95%分别降至56%和70%。生物法处理高盐废水的效果取决于活性污泥微生物的生长情况, SBR中悬浮生长的污泥暴露在高盐环境下时,污泥中微生物活性会被抑制,导致其对COD、氨氮的去除效果急剧下降。在高盐环境下增加生物量、提高生物多样性和固定耐盐菌,是提高SBR系统处理效果的有效措施^[12]。为此常采用添加悬浮填料的方式对SBR系统进行强化。但是关于悬浮填料式SBR工艺处理高盐废水的研究较少,对于悬浮填料生物膜附着微生物群落结构和多样性的研究更是寥寥无几。而微生物群落结构和多样性对于反映反应器污染物降解性能和微生物优势菌种十分重要,有助于研究人员更有针对性地优化处理工艺,提高去除效果。

本研究向SBR内投加悬浮填料,在不同盐度下

培养驯化附着于填料表面的微生物,考察添加悬浮填料前后盐度对SBR中COD和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除效果的影响,运用高通量测序技术对悬浮填料附着的微生物群落进行分析,以期更好地了解盐度对微生物群落的影响并为耐盐优势菌种的选择提供参考。

1 材料与方法

1.1 反应器的运行

实验装置如图1所示,设置SBR1、SBR2 2组实验,都分别在有效容积为4 L的SBR反应装置中进行。SBR1为对照组,其装置里不添加悬浮填料,进水为人工模拟高盐废水,盐度以氯化钠(NaCl)质量浓度计,设置0、5、10、15 g/L 4个盐度梯度。SBR2为实验组,其装置里添加30%有效容积的聚氨酯(PUF)生物悬浮填料,进水也为人工模拟高盐废水,盐度梯度同SBR1。反应器内温度控制在25~30℃。SBR1和SBR2每天运行2个周期,每周周期时长12 h,进水、好氧、缺氧、沉淀、出水时间分别为0.5、6.5、3.5、1、0.5 h。

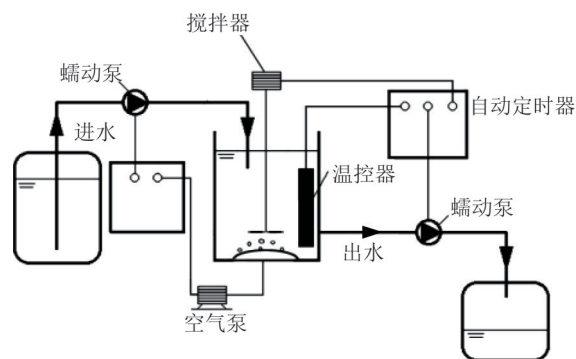


图1 实验装置

Fig. 1 Experimental setup

1.2 实验污泥及水质

实验所用活性污泥取自中国合肥经济开发区污水处理厂二沉池,初始污泥质量浓度约为4 800 mg/L。实验用水为人工配水,水质如表1和表2所示。

1.3 耐盐菌的驯化和水质分析方法

实验按活性污泥与人工配水体积比为3:5配制4 L的溶液于反应器中,人工配水初始盐度为0,待连续6个周期内污泥沉降性能良好, COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除稳定后,将盐度逐步增加至5、10、15 g/L, SBR1和

表1 人工配水成分

Table 1 Simulated water composition

营养元素	药品名称	质量浓度/(mg·L ⁻¹)
碳源	葡萄糖	700±100
氮源	氯化铵	30±10
磷源	磷酸二氢钾	7~8
微量元素	微量元素溶液	0.5

表2 微量元素溶液成分

Table 2 Composition of trace element solution

药品名称	质量浓度/(mg·L ⁻¹)
碘化钾	18
氯化铁	150
氯化钴	15
硼酸	15
四水氯化锰	12
硫酸锌	12
钼酸钠	6
硫酸铜	3
乙二胺四乙酸二钠	100

SBR2系统总计驯化时间分别为73 d和82 d。本实验未达稳定期时每天第2个周期收取2个反应器进出水,达稳定期的前3天连续取6个周期的进出水,使用纳氏试剂分光光度法^[13]测定水样中NH₄⁺-N,快速消解分光光度法^[14]测定水样COD。

1.4 16S rRNA 高通量测序

在每个盐度梯度下待NH₄⁺-N、COD的去除稳定时,从SBR2中取出若干填料样品,用超纯水清洗填料,然后置于灭菌的离心管离心,得到微生物膜固体样品,分别记为N0、N1、N2、N3,存放于-80℃冰箱,随后进行16S rRNA高通量测序分析(High-throughput sequencing)^[15]。采用带有标记的特异引物进行16S V4区域扩增,特异引物是515F(5'-GTGCCAGMCCGCGG-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')^[16]。测序实验流程见图2。

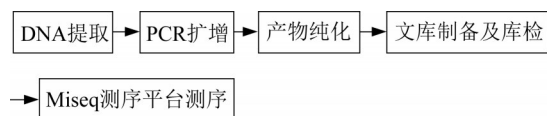


图2 测序流程图

Fig. 2 Sequencing flow chart

对所有样品拼接后的clean tags进行聚类(相似性为97%),生成OTU(Operational taxonomic unit),并选取OTU的代表性序列,得到分类学综合信息表

(OTU-table),同时基于OTU的绝对丰度及注释信息,分别统计各个样品在门(Phylum)和属(Genus)水平上的序列构成情况,并依据该数据绘制组成结构柱状图。根据OTU-table中各样品的OTU数目信息,统计OTU在不同样品中出现的情况绘制韦恩图,并计算不同样品的多样性指数,绘制α多样性表。

2 结果与分析

2.1 盐度对COD和NH₄⁺-N去除率的影响

盐度对SBR1、SBR2系统去除NH₄⁺-N的影响分别见图3(a)、3(b)。

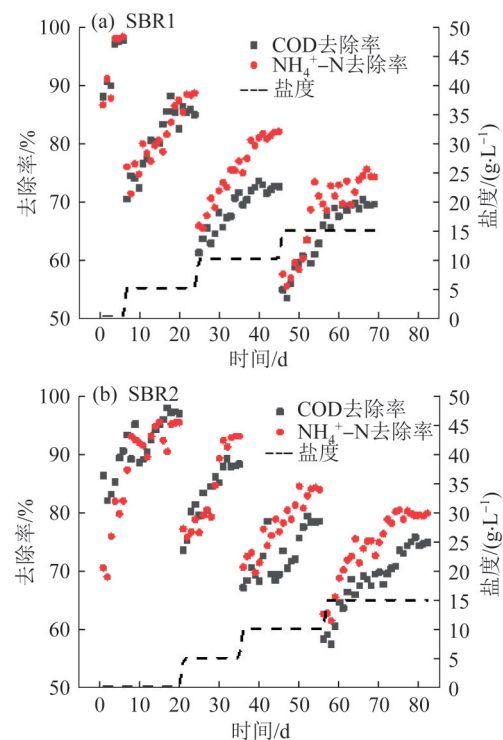


图3 SBR1(a)和SBR2(b)系统中COD、NH₄⁺-N去除率的变化

Fig. 3 Changes in the removal rates of COD and NH₄⁺-N in the SBR1(a) and SBR2(b) systems

由图3(a)可知,SBR1系统总计运行73 d,各盐度水平下分别在第7、24、45、73天达到稳定,稳定时污泥混合液悬浮固体浓度(MLSS)^[17]分别维持在4 670、4 350、3 920、3 450 mg/L左右(连续3 d检测值,以下同),并且连续6个周期COD和NH₄⁺-N的去除率维持在97%、85%、72%、69%和98%、88%、81%、74.5%左右;由图3(b)可知,SBR2系统总计运行82 d,第14天后聚氨酯填料内部形成大量生物膜,絮体密实,填料外侧也有少量生物膜生成,镜检发现大量菌胶团、累枝虫、钟虫,故判断挂膜成功,之

后根据稳定情况,在第21、36、56天将盐度提升至5、10、15 g/L,各盐度下稳定时填料挂膜生物量^[18]分别维持在2 540、2 670、2 510、2 360 mg/L左右,并且连续6个周期COD和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的去除率维持在97%、88%、78.5%、74.5%和95.5%、93%、84%、79.5%左右。在0、5、10、15 g/L盐度下,SBR1、SBR2系统达到稳定状态所需的时间都逐渐增长,这表明盐度会影响SBR系统对污染物(COD和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$)的去除性能,盐度越高影响越大。

此外,从图3还可以看出SBR1和SBR2系统COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的去除效果均随着盐度的增加呈总体下降趋势,每增加一个盐度梯度时去除率都会产生较大的波动,随着微生物不断驯化去除率又逐渐恢复至平稳状态。当盐度为15 g/L时SBR1和SBR2系统分别在第73天和第82天COD去除率降到68.7%、74.9%, $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除率则是降到74.8%、79.9%。由此可见,盐度越高对微生物降解COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 抑制作用越大,即盐度与COD去除率和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除率呈现负相关关系,这与Yujuan Chen等^[16]研究结果相似,其原因可能是由于盐度提高,微生物细胞的渗透压增大,细胞脱氢酶的活性降低,导致活性污泥系统受到冲击,部分微生物由于无法适应高盐环境而死亡,对污染物的处理效果减弱^[19]。此外,在10、15 g/L盐度下,相比于COD,系统对 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的降解效果更好,SBR1和SBR2系统的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 去除率均大于COD去除率。这可能是因为硝化细菌和反硝化细菌对盐度的耐受性强,盐度增加使该类细菌在菌落中占据优势地位。

对各盐度下COD和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的平均去除率进行计算,结果见图4。

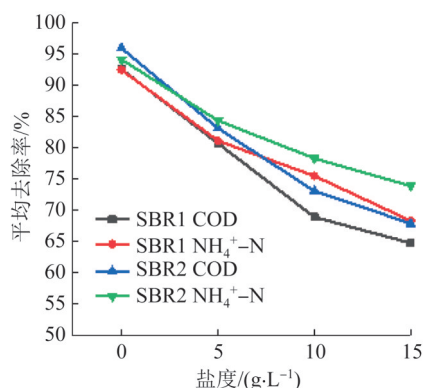


图4 SBR1、SBR2系统对COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的平均去除率

Fig. 4 Average removal rates of COD and $\text{NH}_4^+\text{-N}$ of the SBR1 and SBR2 systems

由图4可知,不同阶段SBR2系统对COD和 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的平均去除率均高于SBR1系统相应的值。当盐度从0增加至15 g/L时,SBR1系统COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 平均去除率从92.6%、92.5%降至64.7%、68.2%,SBR2系统COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 平均去除率从96.0%、94.2%降至67.8%、73.8%,经计算此盐度范围内SBR1比SBR2系统的COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 平均去除率下降幅度约分别增加4.2、4.0个百分点。以上均说明SBR2系统对高盐废水有更好的处理效果,即向SBR中投加悬浮填料能够增加它的抗冲击负荷能力,原因可能是悬浮填料表面附着了大量的微生物,SBR2反应器内的生物多样性和丰富度增加并形成了稳定的生物膜系统,大大加强了生物的抗逆性^[20-21]。从图4还可以看出,COD、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的去除曲线斜率逐渐减小,10 g/L到15 g/L盐度阶段减小最为明显,这表明微生物得到了有效驯化,耐盐菌增加,系统对盐度的敏感性变差。

2.2 微生物群落分析

对悬浮填料附着的微生物群落进行分析,其在门及属水平上的分析结果见图5。

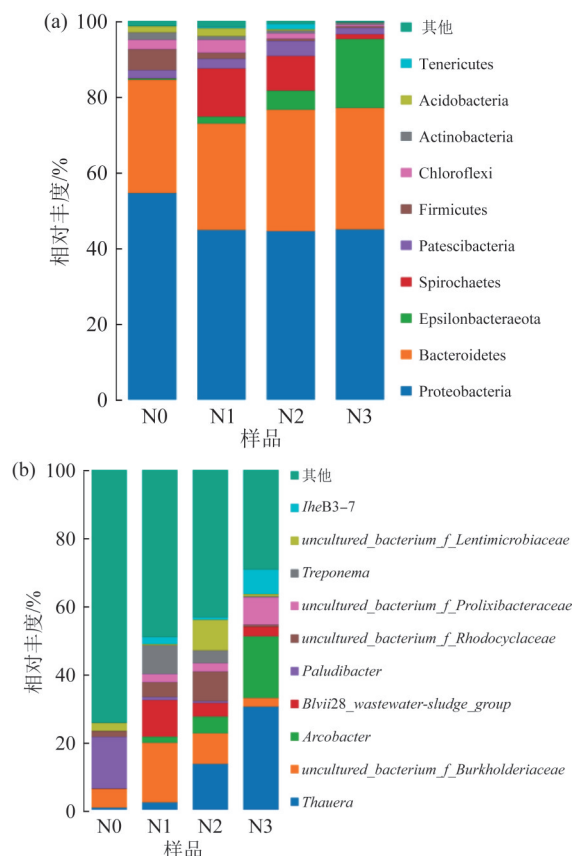


图5 门(a)和属(b)的水平物种组成柱状图

Fig. 5 Bar charts of the species composition of the Phyla(a) and Genera(b)

门水平上悬浮填料附着的微生物共发现 29 门, 图 5(a) 展示了前 10 个主要菌门。其中, 变形菌门 (Proteobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes) 是优势菌门, 二者平均相对丰度总计维持在 77% 以上, 它们也是废水处理系统中最常见的菌门^[22], 通常作为异养菌和脱氮功能菌 (氨氧化菌、亚硝酸盐氧化菌和反硝化菌) 参与到废水处理过程中^[23-24]。这可能是盐度为 10、15 g/L 时 NH_4^+-N 去除率均大于 COD 去除率的原因之一。Yong ZHANG 等^[25-26] 研究同样表明, 在含盐条件下, 活性污泥微生物的优势菌种为变形菌门和拟杆菌门, 变形菌门和拟杆菌门丰度约占微生物群落的 50% 以上。随着盐度从 0 提高至 5 g/L, 变形菌门相对丰度从 54.61% 降低至 45.04%, 之后当盐度从 5 g/L 提高至 15 g/L 时, 其相对丰度始终维持在 44% 左右, 处于稳定水平, 说明变形菌门对盐度的适应性较强, 受盐度影响较小, 这可能是因为含盐环境下, 变形菌门可以通过积累溶质保持体内体外渗透压平衡^[27]。拟杆菌门相对丰度从盐度为 0 时的 29.83% 升至盐度为 15 g/L 时的 32%, 表明盐度筛选出了更多耐盐的拟杆菌门菌群。拟杆菌门是海洋环境中最丰富的异养菌群之一, 在有机物降解中起关键作用^[28], 其也是深海沉积物中的优势菌门, 能有效地促进水中有机物的氧化分解^[29-30]。

Epsilonbacteraeota 是一种能深度降解废水中难降解有机物的功能菌^[31], 由图 5(a) 可以看出其相对丰度随着盐度的不断增加呈现明显的上升趋势, 在盐度为 0 时其相对丰度只有 0.36%, 当盐度达到 15 g/L 时, 其相对丰度达到 18.16%。这与 Laibin HUANG 等^[32] 研究结果相似, 其在对盐水侵蚀的湿地土壤样品进行高通量测序时发现, 随着盐水入侵时间的增长, Epsilonbacteraeota 的 OTU 占比从 0.7% 上升至 11.3%。

螺旋菌门 (Spirochaetes) 在生物群落结构中也具有一定丰度, 图 5(a) 显示其相对丰度随盐度提升先增加后降低, 当盐度为 5 g/L 时, 其相对丰度达到最高 12.68%, 在盐度为 15 g/L 时, 其相对丰度仅为 1.24%。O. LEFEBVRE 等^[33] 研究发现, 螺旋菌门为一类嗜盐菌, 其在污染物降解中占据群落优势, 而 L. QUARTAROLI 等^[34] 研究表明在盐度为 30 g/L 时, 颗粒污泥样品中未出现螺旋菌门, 结合本实验可得, 螺旋菌门能快速适应低盐度 (5、10 g/L) 环境, 在低盐度下能较好地存活, 但盐度过高 (如 15 g/L) 不利于螺旋菌门的生长。同样, Patescibacteria 相对丰度也随盐度提升先增加后降低,

这说明 Patescibacteria 与螺旋菌门相似, 其只能适应低盐度环境, 盐度过高会抑制它的生长。厚壁菌门 (Firmicutes) 在盐度为 0 条件下相对丰度排在第三, 但提升盐度之后其相对丰度迅速下降。厚壁菌门能够降解复杂的有机化合物, 并能适应较高的有机负荷, 这是反应器中 COD 去除率较好的原因之一^[35]。本实验中盐度增加 COD 去除率降低可能与此细菌的减少有一定关系。

属水平上共发现 318 个属的微生物, 前 10 个主要属如图 5(b) 所示。其中, *Thauera* 和 *Arcobacter* 在高盐环境下得到了快速筛选, 随着盐度的不断增加, 其相对丰度呈现明显的上升趋势, 在盐度为 0 时二者相对丰度分别只有 0.71%、0.04%, 但在盐度为 15 g/L 时达到了 30.34%、18.15%。一般来说, *Thauera* 与硝化作用和反硝化作用有关^[36-37], 这说明悬浮填料有利于硝化菌的生长, 由此加强了脱氮效果, 这与前文悬浮填料式 SBR2 系统对氨氮的去除效果较好结论相一致。*Blvii28_Wastewater* 和 *bacterium_f_Burkholderiace* 在 N1 中的丰富度最高, 随着盐度增加, 二者丰度呈下降趋势, 其中 *Blvii28_Wastewater* 在盐度为 5 g/L 时, 相对丰度为 10.78%, 在盐度为 0、15 g/L 时, 相对丰度仅为 0.03%、2.8%, 故它在盐度较低时能良好生长, 但当盐度为 0 或盐度过高时它的生长会被抑制。*Paludibacter* 相对丰度随着盐添加量的增加呈现明显的下降趋势, 其在 N0 中相对丰度可达 15.26%, 在 N3 中相对丰度只有 0.03%, 这表明 *Paludibacter* 对盐度的敏感性强。

2.3 盐度对微生物群落丰富度和多样性的影响

为了更加直观地表现盐度对悬浮填料上附着微生物群落的影响, 采用韦恩图对其 OTU 数目相似性及重叠情况进行分析, 结果见图 6。

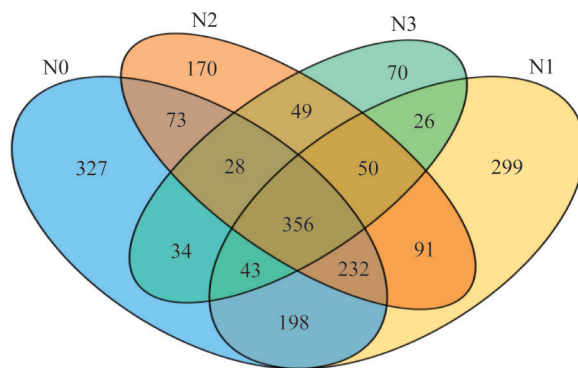


图 6 OTU 水平韦恩图

Fig. 6 Venn diagram of OTU

由图 6 可知, N0 样品共有 1 291 个 OTU, 独有的 OTU (327 个) 约占总物种的 25%; N1 样品共有 1 295

个 OTU,独有的 OTU(299 个)约占总物种的 23%;N2 样品共有 1 049 个 OTU,独有的 OTU(170 个)约占总物种的 16%;N3 样品共有 656 个 OTU,独有的 OTU(70 个)约占总物种的 11%。不同样品中独有的 OTU 占比不断降低,说明 4 个样品中的细菌差异性在逐渐缩小,细菌得到有效驯化。所有样品共有的 OTU(356 个)占 N0 总数的 27.50%,占 N1 总数的 27.50%,占 N2 总数的 33.94%,占 N3 总数的 54.27%。随着盐度由 5 g/L 升至 10、15 g/L,共有 OTU 占样品总 OTU 的比例越来越大,说明优势菌所占比例越来越大,耐盐性能低的细菌逐渐被抑制,同时也说明微生物对外界环境变化具有非常灵敏的响应机制^[38]。

图 7 所示为 OTU 水平的 UPGMA(Unweighted pair-group method with arithmetic mean)聚类树。

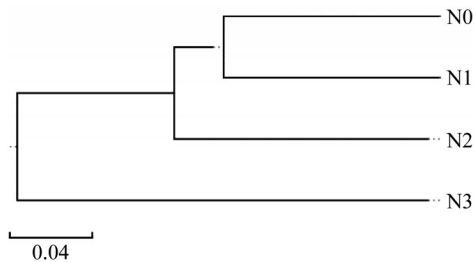


图 7 基于 Binary_Jaccard 算法的样品 UPGMA 聚类树

Fig. 7 UPGMA sample clustering tree based on Binary_Jaccard algorithm

由图 7 可知,N0 和 N1 聚类一个分支,即盐度为 0、5 g/L 时,样品的物种组成较相似。N2 又和 N0、N1 聚类为一个分支,即 N2 相对于 N0、N1 已显示出较大差异,表明盐度对微生物的影响进一步加深。N3 单独聚成一个分支,即盐度为 15 g/L 时,反应器内微生物已经完全转变为不同的聚类。说明随着盐度的提升,微生物种群不断发生变化;不同盐度环境下的微生物种群的亲缘度变得疏远,盐度为 15 g/L 时微生物群落结构变化最大。

表 3 所示为 α 多样性分析结果,表中 Coverage 为样品的覆盖范围指数^[39],各样品覆盖率均保持在 0.99 以上,表明测序分析结果具有真实性;Shannon 和 Simpson 指数表征物种多样性^[40],随盐度提高,样品 Shannon 和 Simpson 指数逐渐下降,表明进水盐度变化使得悬浮填料式 SBR 系统中附着的微生物群落多样性降低,这可能源于盐度为 0 时悬浮填料正处于挂膜期,这时的微生物群落多样性最丰富,之后盐度增加不耐盐细菌死亡,导致微生物群落多样性

降低。这与 Liu YE 等^[41]在研究不同盐度对实际生活含盐废水短程脱氮影响时所得结论相同,即盐度越高,微生物的多样性越低,水中悬浮固体浓度越大,生物处理系统中氨和有机物的去除效率越低。Chao1 和 Ace 用于衡量物种丰度,Chao1 和 Ace 指数随着盐度的提高从 N0 的 603.551 7、592.648 0 先增至 N1 的 633.708 3、631.708 6 再一直下降至 N3 的 490.018 2、478.258 4,说明在盐度为 5 g/L 时,微生物的数量和丰富度是最高的。在盐度为 5 g/L 时,悬浮填料上附着的微生物群落结构已经成熟,虽然受盐度影响生物多样性有所降低,但是微生物的总生物量增加了。Mukan JI 等^[42]在研究青藏高原湖泊的盐度对细菌多样性和群落结构的影响时发现,盐分的增加并不简单地降低细菌多样性,而是在中等盐度时增加微生物的丰富度,这一现象与轻度干扰理论相符。尽管盐分是驱动细菌群落结构的最主要环境因子,但其影响在不同的盐度范围内会有所变化。

表 3 α 多样性分析

Table 3 Alpha diversity analysis

样品名称	Feature	ACE	Chao1	Simpson	Shannon	PD _{whole-tree}	Coverage
N0	578	592.648 0	603.551 7	0.963 8	6.369 0	37.786 9	0.999 2
N1	614	631.708 6	633.708 3	0.954 3	6.213 2	39.813 6	0.998 9
N2	564	599.814 8	616.500 0	0.951 3	5.563 4	37.090 8	0.998 6
N3	422	478.258 4	490.018 2	0.857 8	4.135 3	30.439 3	0.998 2

3 结论

本研究主要考察了悬浮填料式 SBR 法处理高盐废水的性能和盐度对悬浮填料上附着的微生物群落结构的影响。结果表明:

(1) 盐度会抑制 SBR 系统对 COD、NH₄⁺-N 的去除;投加悬浮填料的 SBR2 比 SBR1 更耐盐度的冲击,对高盐废水有更好的处理效果;在高盐度(10、15 g/L)下 SBR 工艺对 NH₄⁺-N 的去除效果优于对 COD 的去除效果。

(2) 对各盐度条件下所取样品进行高通量测序,可得各样品所含微生物菌群中最大的优势门为变形菌门和拟杆菌门,二者相对丰度总计维持在 77% 以上;Epsilonbacteraeota 的相对丰度随着盐度的不断升高呈明显的上升趋势,适合在高盐环境下生长繁殖;螺旋菌门和 Patescibacteria 在低盐度下能较好地存活,过高的盐度(如 15 g/L)则不利于它们的生长;厚壁菌门不耐

盐度,相对丰度在低盐度(如 5 g/L)下也下降明显;各样品所含微生物菌群中主要优势菌属有 *Thauera*、*Arcobacter*、*Blvii28_Wastewater*、*bacterium_f_Burkhold-eriace* 和 *Paludibacter*。

(3)进水盐度的增加会明显改变悬浮填料上的微生物群落结构,也会使得生物群落多样性减少,耐盐性能低的细菌逐渐被抑制;盐度为 15 g/L 时微生物群落结构变化最大,微生物多样性和丰富度最低,但在中等盐度(5 g/L)时微生物的丰富度有所增加。

参考文献

- [1] NG K K, SHI Xueqing, ONG S L, et al. An innovative of aerobic bio-entrapped salt marsh sediment membrane reactor for the treatment of high-saline pharmaceutical wastewater[J]. Chemical Engineering Journal, 2016, 295: 317-325.
- [2] POUNSAMY M, SOMASUNDARAM S, PALANIVEL S, et al. A novel protease-immobilized carbon catalyst for the effective fragmentation of proteins in high-TDS wastewater generated in tanneries: Spectral and electrochemical studies[J]. Environmental Research, 2019, 172: 408-419.
- [3] VO H N P, NGO H H, GUO Wenshan, et al. Microalgae for saline wastewater treatment: A critical review[J]. Critical Reviews in Environmental Science and Technology, 2020, 50(12): 1224-1265.
- [4] CHING Y, REDZWAN G. Biological treatment of fish processing saline wastewater for reuse as liquid fertilizer[J]. Sustainability, 2017, 9(7): 1062.
- [5] BENCHERIF K, BOUTEKRABT A, FONTAINE J, et al. Impact of soil salinity on arbuscular mycorrhizal fungi biodiversity and microflora biomass associated with *Tamarix articulata* vahl rhizosphere in arid and semi-arid Algerian areas[J]. Science of the Total Environment, 2015, 533: 488-494.
- [6] 魏伟, 党招贤, 唐敬晨, 等. SBR 工艺处理高盐腌制废水的启动方法[J]. 沈阳建筑大学学报: 自然科学版, 2016, 32(3): 546-552.
WEI Wei, DANG Zhaoxian, TANG Xichen, et al. The start-up method on SBR process for the treatment on pickling wastewater with high salt[J]. Journal of Shenyang Jianzhu University: Natural Science, 2016, 32(3): 546-552.
- [7] 钟璟, 韩光鲁, 陈群. 高盐有机废水处理技术研究新进展[J]. 化工进展, 2012, 31(4): 920-926.
ZHONG Jing, HAN Guanglu, CHEN Qun. Recent developments in treatment technology for highly saline organic wastewater[J]. Chemical Industry and Engineering Progress, 2012, 31(4): 920-926.
- [8] TAHERI E, KHIADANI HAJIAN M H, AMIN M M, et al. Treatment of saline wastewater by a sequencing batch reactor with emphasis on aerobic granule formation[J]. Bioresource Technology, 2012, 111: 21-26.
- [9] MIRBOLOOKI H, AMIRNEZHAD R, PENDASHTAH A R. Treatment of high saline textile wastewater by activated sludge microorganisms[J]. Journal of Applied Research and Technology, 2017, 15(2): 167-172.
- [10] LEFEBVRE O, HABOUZIT F, BRU V, et al. Treatment of hypersaline industrial wastewater by a microbial consortium in a sequencing batch reactor[J]. Environmental Technology, 2004, 25(5): 543-553.
- [11] ZHAO Yuanyuan, PARK H D, PARK J H, et al. Effect of different salinity adaptation on the performance and microbial community in a sequencing batch reactor[J]. Bioresource Technology, 2016, 216: 808-816.
- [12] 杨晶, 季必霄, 张会宁, 等. 生物法处理高盐废水中氨氮的研究进展[J]. 工业水处理, 2021, 41(7): 45-51.
YANG Jing, JI Bixiao, ZHANG Huining, et al. Research progress on biological treatment of ammonia nitrogen in high-salt wastewater[J]. Industrial Water Treatment, 2021, 41(7): 45-51.
- [13] ALZATE MARIN J C, CARAVELLI A H, ZARITZKY N E. Nitrification and aerobic denitrification in anoxic-aerobic sequencing batch reactor[J]. Bioresource Technology, 2016, 200: 380-387.
- [14] 曹敏, 曹迪, 李诺, 等. 电催化氧化处理高盐废水[J]. 中国有色冶金, 2021, 50(2): 68-71.
CAO Min, CAO Di, LI Nuo, et al. Electrocatalytic oxidation treatment of high-salt wastewater[J]. China Nonferrous Metallurgy, 2021, 50(2): 68-71.
- [15] JI Jiantao, PENG Yongzhen, WANG Bo, et al. Effects of salinity build-up on the performance and microbial community of partial-denitrification granular sludge with high nitrite accumulation[J]. Chemosphere, 2018, 209: 53-60.
- [16] CHEN Yujuan, HE Huijun, LIU Hongyu, et al. Effect of salinity on removal performance and activated sludge characteristics in sequencing batch reactors[J]. Bioresource Technology, 2018, 249: 890-899.
- [17] 张俸志. SBR 与 SBBR 对制药废水深度脱氮处理特性研究[D]. 济南: 山东建筑大学, 2020.
ZHANG Fengzhi. Research on the characteristic of the advanced denitrogenation treatment for pharmaceutical wastewater with SBR and SBBR[D]. Ji'nan: Shandong Jianzhu University, 2020.
- [18] 王帆, 孙雪健, 康华, 等. 填料尺寸对不同温度下 SBBR 工艺稳定性影响[J]. 环境科学与技术, 2021, 44(3): 157-162.
WANG Fan, SUN Xuejian, KANG Hua, et al. The influence of packing size on SBBR process stability at different temperatures[J]. Environmental Science & Technology, 2021, 44(3): 157-162.
- [19] 马嘉哈, 李海红, 王玥, 等. 模拟含盐印染废水对菌群驯化及群落组成的影响[J]. 西安工程大学学报, 2022, 36(1): 48-53.
MA Jiahua, LI Haihong, WANG Yue, et al. Effect of simulated dyeing wastewater on microbial domestication and community composition[J]. Journal of Xi'an Polytechnic University, 2022, 36(1): 48-53.
- [20] 尹钰衡. 悬浮填料式 SBR 工艺强化处理高氨氮废水效能研究[D]. 大连: 大连海事大学, 2014.
YIN Yuheng. Study of enhanced treatment on high ammonia wastewater by suspended filler type SBR[D]. Dalian: Dalian Maritime University, 2014.
- [21] 吴思月. 不同生物填料 SBR 系统处理污水效能及微生物特性

- 分析[D]. 长春:吉林建筑大学, 2016.
- WU Siyue. Study on sewage treatment efficiency and characteristic of microbe in different kinds of biological filler SBR system [D]. Changchun: Jilin Jianzhu University, 2016.
- [22] LUJÁN-FACUNDO M J, FERNÁNDEZ-NAVARRO J, ALONSO-MOLINA J L, et al. The role of salinity on the changes of the biomass characteristics and on the performance of an OMBR treating tannery wastewater[J]. Water Research, 2018, 142: 129-137.
- [23] PAN Zhanglei, ZHOU Jian, LIN Ziyuan, et al. Effects of COD/TN ratio on nitrogen removal efficiency, microbial community for high saline wastewater treatment based on heterotrophic nitrification-aerobic denitrification process[J]. Bioresource Technology, 2020, 301: 122726.
- [24] HUANG Zhenrong, LIU Feng, LUO Pei, et al. Pilot-scale constructed wetlands for swine wastewater treatment: Microbial community analysis in bacterioplankton and epiphyton and options for resource recovery[J]. Journal of Water Process Engineering, 2020, 37: 101466.
- [25] ZHANG Yong, LI Bing, XU Ruixiao, et al. Effects of pressurized aeration on organic degradation efficiency and bacterial community structure of activated sludge treating saline wastewater [J]. Bioresource Technology, 2016, 222: 182-189.
- [26] ZHAO Dayong, HUANG Rui, ZENG Jin, et al. Pyrosequencing analysis of bacterial community and assembly in activated sludge samples from different geographic regions in China [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2014, 98(21): 9119-9128.
- [27] 马灌楠. 高盐环境下微生物群落结构与多样性研究[D]. 天津: 天津科技大学, 2015.
- MA Guannan. Study on microbial community structure and diversity in hypersaline conditions [D]. Tianjin: Tianjin University of Science & Technology, 2015.
- [28] DÍEZ-VIVES C, GASOL J M, ACINAS S G. Evaluation of marine bacteroidetes-specific primers for microbial diversity and dynamics studies[J]. Microbial Ecology, 2012, 64(4): 1047-1055.
- [29] ZHENG Rikuan, CAI Ruining, LIU Rui, et al. *Maribellus comscasis* sp. nov., a novel deep-sea Bacteroidetes bacterium, possessing a prominent capability of degrading cellulose[J]. Environmental Microbiology, 2021, 23(8): 4561-4575.
- [30] 刘倩倩. 海洋沉积物中细菌的富集分离及三株拟杆菌新物种的多相分类[D]. 济南: 山东大学, 2014.
- LIU Qianqian. Enrichment culture and isolation of bacteria from marine sediment and polyphasic taxonomy analysis of three novel bacteroidetes strains[D]. Ji'nan: Shandong University, 2014.
- [31] 许瑶. 高盐环境原核生物多样性及一株嗜盐古菌的多相分类学研究[D]. 芜湖: 安徽师范大学, 2019: 142769.
- XU Yao. Species diversity in hypersaline environments and polyphasic taxonomic identification of a haloarchaeal new species [D]. Wuhu: Anhui Normal University, 2019: 142769.
- [32] HUANG Laibin, ZHANG Guangliang, BAI Junhong, et al. Desalinization via freshwater restoration highly improved microbial diversity, co-occurrence patterns and functions in coastal wetland soils[J]. Science of the Total Environment, 2021, 765: 142769.
- [33] LEFEBVRE O, VASUDEVAN N, THANASEKARAN K, et al. Microbial diversity in hypersaline wastewater: The example of tanneries[J]. Extremophiles, 2006, 10(6): 505-513.
- [34] QUARTAROLI L, SILVA C M, SILVA L C F, et al. Effect of the gradual increase of salt on stability and microbial diversity of granular sludge and ammonia removal[J]. Journal of Environmental Management, 2019, 248: 109273.
- [35] CHEN Zhu, WANG Yuguang, LI Kai, et al. Effects of increasing organic loading rate on performance and microbial community shift of an up-flow anaerobic sludge blanket reactor treating diluted pharmaceutical wastewater[J]. Journal of Bioscience and Bioengineering, 2014, 118(3): 284-288.
- [36] 仇潇潇. 陶厄氏菌属 (*Thauera*) 富集的SBR系统脱氮性能研究[D]. 西安: 长安大学, 2020.
- QIU Xiaosa. Study on denitrification performance of SBR system enriched by *Thauera* [D]. Xi'an: Chang'an University, 2020.
- [37] LIANG Zhensheng, SUN Jianliang, ZHAN Chungeng, et al. Effects of sulfide on mixotrophic denitrification by *Thauera*-dominated denitrifying sludge [J]. Environmental Science: Water Research & Technology, 2020, 6(4): 1186-1195.
- [38] 冯国禄, 罗金飞, 廖永岩, 等. 不同盐度循环养殖水体微生物群落特征[J]. 环境科学研究, 2020, 33(8): 1838-1847.
- FENG Guolu, LUO Jinfei, LIAO Yongyan, et al. Microbial community characteristics in recirculating aquaculture waters at different salinity levels[J]. Research of Environmental Sciences, 2020, 33(8): 1838-1847.
- [39] HU Zongfu, TONG Qing, CHANG Jie, et al. Gut bacterial communities in the freshwater snail *Planorbella trivolvis* and their modification by a non-herbivorous diet[J]. PeerJ, 2021, 9: e10716.
- [40] NAN Lili, GUO Quanen, CAO Shiyu. Archaeal community diversity in different types of saline-alkali soil in arid regions of Northwest China [J]. Journal of Bioscience and Bioengineering, 2020, 130(4): 382-389.
- [41] YE Liu, PENG Chengyao, TANG Bing, et al. Determination effect of influent salinity and inhibition time on partial nitrification in a sequencing batch reactor treating saline sewage [J]. Desalination, 2009, 246(1/2/3): 556-566.
- [42] JI Mukan, KONG Weidong, YUE Linyan, et al. Salinity reduces bacterial diversity, but increases network complexity in Tibetan Plateau Lakes[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2019, 95(12): f190.
- [作者简介] 吴亮(1996—), 硕士研究生. E-mail: 1948388409@qq.com.
通讯作者: 杨英, 教授, 博士. E-mail: yangying5918@163.com.
- [收稿日期] 2022-12-08(修改稿)