

DOI:10.11918/j.issn.0367-6234.2017.02.006

MBR+蠕虫反应器膜污染特征及微生物群落结构

刘 嘉^{1,2}, 左 薇², 张 军², 李 慧², 李俐频², 田 禹^{1,2}

(1.城市水资源与水环境国家重点实验室(哈尔滨工业大学), 哈尔滨 150090; 2.哈尔滨工业大学 市政环境工程学院, 哈尔滨 150090)

摘 要:为研究针对 MBR+蠕虫反应器工艺中蠕虫捕食对膜污染的影响,在常温下分别平行运行 MBR+蠕虫反应器(R1)和作为对照系统的 MBR+空白蠕虫反应器(R2).监测 R1 工艺中 MBR(S-MBR)和 R2 工艺中 MBR(C-MBR)的跨膜压力(p_{TM}),检测污泥混合液及泥饼层微生物代谢产物的变化.利用变性梯度凝胶电泳(DGGE)技术分析 S-MBR 和 C-MBR 中微生物种类和分布.结果表明:S-MBR 的膜污染周期为 90 d, C-MBR 的膜污染周期为 28~37 d,蠕虫捕食导致 S-MBR 中 SMP 和 EPS 的多糖和蛋白质减少. S-MBR 膜丝表面是微生物菌群 *Alphaproteobacterium*, *Betaproteobacterium*, *Deltaproteobacterium* 和 *Geobacter*, 而 C-MBR 膜丝表面是微生物菌群 *Azorhizobium*, *Rhodobacter*, *Gammaproteobacterium* 和 *Flavobacteria*, 对 MBR 膜污染进程起主要作用. *Caldilinea* 可能与 S-MBR 膜污染减轻有关.蠕虫捕食可改变微生物群落结构,减缓 S-MBR 膜污染.

关键词:膜生物反应器;膜污染;胞外聚合物;溶解性微生物代谢产物;微生物群落结构

中图分类号:X172

文献标志码:A

文章编号:0367-6234(2017)02-0032-05

Analysis of membrane fouling and microbial community structure in an MBR+worm reactor

LIU Jia^{1,2}, ZUO Wei², ZHANG Jun², LI Hui², LI Lipin², TIAN Yu^{1,2}

(1.State Key Laboratory of Urban Water Resource and Environment (Harbin Institute of Technology), Harbin 150090, China;

2.School of Municipal and Environmental Engineering, Harbin Institute of Technology, Harbin 150090, China)

Abstract: To study the effects of worm predation on membrane fouling in an MBR+worm reactor, an MBR+worm reactor with worm (R1) and an MBR+worm reactor without worm (R2) were operated in parallel. Variation of transmembrane pressure (p_{TM}) and microbial metabolites were studied in the MBR (S-MBR) of the R1 and the MBR (C-MBR) of the R2. Denatured gradient gel electrophoresis (DGGE) was used for analyzing the composition and distribution of microbial community in the S-MBR and the C-MBR. The results showed that the membrane fouling cycles of the S-MBR and the C-MBR were 90 d and 28–37 d, respectively. Worm predation decreased the polysaccharide and proteins in the soluble microbial products (SMP) and extracellular polymeric substances (EPS) of the S-MBR. *Alphaproteobacterium*, *Betaproteobacterium*, *Deltaproteobacterium*, *Geobacter* on the membrane wire surface of the S-MBR and *Azorhizobium*, *Rhodobacter*, *Gammaproteobacterium*, *Flavobacteria* on the membrane wire surface of the C-MBR played an important role in the membrane fouling. *Caldilinea* was suggested to be related to the membrane fouling alleviation of the S-MBR. Worm predation changed the microbial community structure of the S-MBR, resulting in membrane fouling alleviation.

Keywords: MBR; membrane fouling; EPS; SMP; microbial community structure

污水处理过程中产生的大量污泥容易导致二次环境污染,进一步的污泥处理和处置增加了污水处理的成本,限制了污水处理工艺的大规模应用.目前,作为一项有效的生态技术,利用微型动物捕食污泥越来越受到关注^[1-2].研究表明,与传统 MBR

相比,MBR+蠕虫反应器组合工艺具有同步废水处理和污泥减量的特点^[3].然而,关于蠕虫捕食对 MBR 膜污染影响的研究较少.随着 MBR 膜污染程度的加深,影响膜污染的微生物代谢产物质量浓度增高,如溶解性代谢产物(SMP)以及胞外聚合物(EPS)^[4].微生物群落结构对膜污染也具有一定影响,膜污染发展变化过程中,微生物群落不断演替并最终形成分泌大量黏性物质的优势种群,此时膜污染程度最深^[5-8].为研究蠕虫捕食对膜污染的影响,通过实验比较了 MBR+蠕虫反应器在接种和不接种蠕虫的不同工艺条件下,微生物代谢产物及微生物群落结构特征,探索了微生物代谢产物、微生物种群结构与膜污染之间的关系.进一步探讨了微生物引起的膜污染机理.

收稿日期:2016-06-19

基金项目:水体污染控制与治理科技重大专项(2013ZX07201007);黑龙江省杰出青年科学基金(JC201303);哈尔滨工业大学城市水资源与水环境国家重点实验室项目(2014DX03);哈尔滨工业大学城市水资源与水环境国家重点实验室开放基金(QA201207)

作者简介:刘 嘉(1983—),女,博士研究生;

田 禹(1968—),女,博士生导师,长江学者特聘教授

通信作者:左 薇, zuoweistar@163.com;

田 禹, hit_tianyu@163.com

平均分别为 (26.5 ± 5.4) 和 (25.9 ± 7.3) $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, COD 去除效率分别为 $(92.4\pm 1.4)\%$ 和 $(92.6\pm 2.0)\%$; $\text{NH}_3\text{-N}$ 平均质量浓度分别为 (2.1 ± 0.5) 和 (2.2 ± 0.8) $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, $\text{NH}_3\text{-N}$ 去除效率分别为 $(92.6\pm 2.1)\%$ 和 $(92.1\pm 2.8)\%$.实验结果表明尽管蠕虫捕食释放大量的营养物质(COD 和 $\text{NH}_3\text{-N}$)^[3], S-MBR 仍保持较高的 COD 和 $\text{NH}_3\text{-N}$ 去除效率(见表 2).

表 2 S-MBR 和 C-MBR 废水处理效果

Tab.2 Performance of the S-MBR and the C-MBR treating the synthetic wastewater

检测 指标	进水平均值/ ($\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$)	S-MBR		C-MBR	
		出水平均值/ ($\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$)	平均去除 效率/%	出水平均值/ ($\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$)	平均去除 效率/%
COD	347.2±17.4	26.5±5.4	92.4±1.4	25.9±7.3	92.6±2.0
$\text{NH}_3\text{-N}$	28.5±1.3	2.1±0.5	92.6±2.1	2.2±0.8	92.1±2.8
TN	29.5±3.2	23.5±1.4	20.3±3.1	23.2±2.1	21.4±2.3

2.2 膜污染分析

S-MBR 和 C-MBR 连续运行 90 d, 分别监测 S-MBR 和 C-MBR 的 p_{TM} 变化, 如图 2 所示. 当 p_{TM} 达 30 kPa 时, 一个膜污染周期结束. C-MBR 的膜污染周期较短为 28 ~ 37 d, 平均 p_{TM} 增长速率为 1.0 kPa/d. S-MBR 的膜污染周期较长为 90 d, 平均 p_{TM} 增长速率为 0.3 kPa/d, 较 C-MBR 降低了 70%. 由图 2 可看出, 蠕虫捕食可有效地减缓 S-MBR 的膜污染速率.

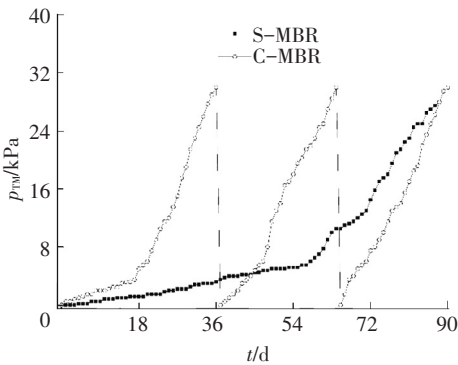


图 2 S-MBR 和 C-MBR 反应器 p_{TM} 随运行时间变化

Fig.2 Changes of p_{TM} in the S-MBR and C-MBR

工艺运行至 90 d 时, S-MBR 和 C-MBR 反应器 p_{TM} 均达 30 kPa, 分别对各 MBR 反应器污泥混合液、生物膜表面泥饼层中微生物代谢产物的成分及其质量浓度进行分析, 结果如表 3 所示. 可以看出, S-MBR 污泥混合液中 SMP 的糖类和蛋白质类物质质量浓度分别为 8.1 和 7.9 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 较 C-MBR 低 14.7% 和 18.6%; EPS 的糖类和蛋白类物质较 C-MBR 低 2.5% 和 23.4%. S-MBR 中膜表面泥饼层 SMP 的糖类和蛋白质类物质质量浓度分别为 13.5

和 11.7 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 较 C-MBR 低 24.2% 和 22.5%; EPS 的糖类和蛋白质类物质较 C-MBR 低 3.1% 和 13.4%. 实验结果表明, 与污泥暂时停留在空白蠕虫反应器中相比, 蠕虫捕食污泥可有效地减少 S-MBR 中污泥混合液及膜表面泥饼层上 SMP 和 EPS 的糖类和蛋白质类物质质量浓度.

表 3 S-MBR 和 C-MBR 反应器微生物代谢产物

Tab.3 Microbial metabolites of the S-MBR and the C-MBR $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$

反应器		SMP		EPS	
		糖类	蛋白质类	糖类	蛋白质类
S-MBR	污泥混合液	8.1	7.9	27.5	47.7
	膜表面泥饼层	13.5	11.7	34.2	61.3
C-MBR	污泥混合液	9.5	9.7	28.2	62.3
	膜表面泥饼层	17.8	15.1	35.3	70.8

有研究表明, SMP 和 EPS 在生物污染物和膜表面泥饼层形成过程中起到重要作用^[12-13], 其中蛋白质和糖类物质可导致膜污染^[14]. 在 MBRs 膜污染过程中, 膜丝上的微生物代谢产物及微生物菌群的黏附使膜孔阻塞, 膜通量降低. 由此推断, S-MBR 中污泥混合液及膜表面泥饼层中较低质量浓度的糖类和蛋白质类物质与 S-MBR 的膜污染减轻有关; 可以通过生态技术手段改变微生物群落结构, 降低产生胞外聚合物的微生物数量, 从而达到延缓膜污染的目的.

2.3 微生物群落与膜污染关系

反应器的核心组成主要是活性污泥中的微生物种群^[15], 微生物群落结构的特征决定了反应器的功能和运行效果. 反应器运行结束时, 即第 90 天, S-MBR 和 C-MBR 的膜孔被完全堵塞, 膜污染周期终止. 此时, 分别在 S-MBR 和 C-MBR 反应器内对污泥混合液、膜上泥饼层以及膜丝表面凝胶层取样, 分析其微生物群落结构, 结果见图 3.

根据图 3, 对 DGGE 图谱中主要条带进行测序分析, 结果如表 4 所示. 由图 3 和表 4 可以看出, 无论是 S-MBR 还是 C-MBR, 不同的生态环境微生物种群结构也不相同. 每种微生物种群都有其自身所适应的生态位, 并且随着周围环境的变化而进行演替. 通过对比两个 MBRs 相同生态位上的微生物种群发现, S-MBR 的微生物群落结构与 C-MBR 中不同, 这可能与蠕虫捕食有关.

另外, S-MBR 和 C-MBR 中污泥混合液的微生物

物种群结构与其泥饼层的相似,而与膜丝上的微生物种群基本不同。MBRs 反应器运行过程中,由于曝气强度较高造成水力和气流在膜的泥饼层上不断搅动,导致膜上泥饼层与污泥混合液不断融合,形成相似的微生物群落结构;而膜丝表面上的微生物由于受污泥混合液的冲击较少,其种群结构与污泥混合液及泥饼层的差别较大。

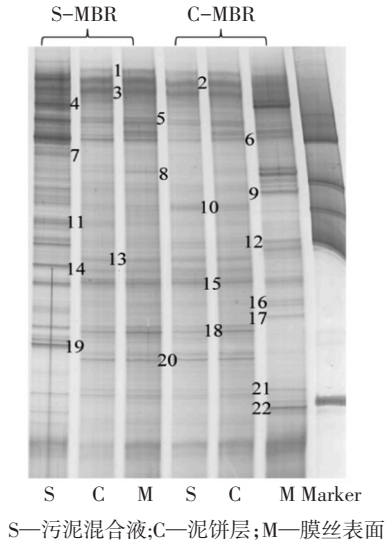


图 3 基于 16S rDNA PCR 产物的 DGGE 图谱

Fig.3 DGGE profile based on the 16S rDNA PCR products

膜污染周期结束,膜压 30 kPa 时,S-MBR 膜丝表面的主要微生物为 Proteobacteria(变形菌门)的 *Alphaproteobacterium*、*Betaproteobacterium*、*Deltaproteobacterium*(变形菌属)、*Geobacter*(地杆菌属),Chloroflexi(绿弯菌门)的 *Caldilinea*(暖绳菌属)和

Bacteria; C-MBR 膜丝表面的主要微生物为 Proteobacteria(变形菌门)的 *Azorhizobium*(生丝微菌属)、*Rhodobacter*(红细菌属)、*Gammaproteobacterium*(变形菌属), Bacteroidetes(拟杆菌门)的 *Flavobacteria*(黄杆菌属), Firmicutes(厚壁菌门)的 *Thermoanaerobacteriales*(热厌氧杆菌目)、Uncultured Firmicutes bacterium 和 *Bacteria*. 其中, Proteobacteria(变形菌门)和 Bacteroidetes(拟杆菌门)易在膜组件形成优势菌群,同时使膜组件容易发生污染^[8]. 因此推断, S-MBR 和 C-MBR 膜丝表面上检测到的 Proteobacteria(变形菌门)和 Bacteroidetes(拟杆菌门)对反应器的膜污染具有重要作用。

另外, Proteobacteria(变形菌门)的 *Paracoccus*(副球菌属)为具有反硝化作用的菌属,表面可产生黏液层,利于细胞间的黏连,对膜污染的发展贡献较大^[4]. 蠕虫反应器中存在同步硝化反硝化过程^[16],由于捕食后污泥的回流, S-MBR 的污泥混合液、膜上泥饼层和膜丝表面上都发现了 *Paracoccus*(副球菌属),负面影响了反应器的膜污染进程. 与 C-MBR 相比, Chloroflexi(绿弯菌门)的 *Caldilinea*(暖绳菌属)存在 S-MBR 的污泥混合液、膜上泥饼层和膜丝表面上不同的生态环境中. Chloroflexi(绿弯菌门)可降解 SMP 中的碳水化合物及细胞物质,减少其膜污染倾向,对 MBR 处理城市废水具有重要的生态意义^[17]. 因此推断, S-MBR 中存在 Chloroflexi(绿弯菌门)的 *Caldilinea*(暖绳菌属)可能与反应器膜污染减轻有关。

表 4 16S rDNA 序列比对结果

Tab.4 Results of the 16S rDNA sequences

条带号	最接近菌种	登录号	相似度/%	所属细菌类别
1	Uncultured beta proteobacterium	JF808902.1	99	Betaproteobacteria
2	Uncultured delta proteobacterium	EU629077.1	89	Deltaproteobacteria
3	Uncultured bacterium	JQ124797.1	97	Bacteria
4	Arenimonas subflava 16S ribosomal RNA	NR_135888.1	99	Flavobacterium
5	Uncultured Geobacter sp	LC001501.1	99	Geobacter
6	Uncultured bacterium clone	GU501288.1	96	Bacteria
7	Rhodobacter sp.	KF309179.1	99	Rhodobacter
8	Uncultured bacterium	AB511012.1	94	Bacteria
9	Uncultured Firmicutes bacterium	JQ433802.2	92	Firmicutes
10	Uncultured bacterium	GU501288.1	96	Bacteria
11	Uncultured Firmicutes bacterium	AM888161.1	94	Firmicutes
12	Uncultured Azorhizobium sp.	FJ175453.1	96	Azorhizobium
13	Uncultured Thermomonas sp.	KT182582.1	99	Thermomonas
14	Uncultured Paracoccus sp	KT367742.1	93	Paracoccus
15	Uncultured bacterium	FN827274.1	99	Bacteria
16	Thermoanaerobacteriales bacterium	GU797851.1	92	Thermoanaerobacteriales
17	Uncultured Rhodobacter sp.	HF912320.1	94	Rhodobacter
18	Uncultured Caldilinea sp.	KJ611603.1	96	Caldilinea
19	Escherichia coli	CP007391.1	99	Escherichia
20	Uncultured alpha proteobacterium	LN875083.1	97	Alphaproteobacteria
21	Uncultured gamma proteobacterium	KF956499.1	98	Gammaproteobacteria
22	Uncultured Azorhizobium sp.	LC000980.1	95	Azorhizobium

3 结 论

1) MBR+蠕虫反应器工艺能显著降低膜污染速率, 延长膜污染周期. S-MBR 膜污染周期为 90 d, 膜污染速率为 0.3 kPa/d; C-MBR 为 28~37 d, 1.0 kPa/d.

2) 蠕虫捕食污泥可有效地减少 MBR 污泥混合液及膜表面泥饼层中 SMP 和 EPS 的糖类和蛋白质类物质质量浓度.

3) S-MBR 膜丝表面的主要微生物为 Proteobacteria (变形菌门) 的 *Alphaproteobacterium*、*Betaproteobacterium*、*Deltaproteobacterium* (变形菌属)、*Geobacter* (地杆菌属); 而 C-MBR 膜丝表面主要是 Proteobacteria (变形菌门) 的 *Azorhizobium* (生丝微菌属)、*Rhodobacter* (红细菌属)、*Gammaproteobacterium* (变形菌属), Bacteroidetes (拟杆菌门) 的 *Flavobacteria* (黄杆菌属). 二者的微生物群落结构明显不同.

4) S-MBR 污泥混合液、泥饼层和膜丝上均检测到 Chloroflexi (绿弯菌门) 的 *Caldilinea* (暖绳菌属), 可能与反应器的膜污染减轻有关.

参考文献

- [1] HENDRICKX T L G, ELISSEN H J H, TEMMINK H, et al. Operation of an aquatic worm reactor suitable for sludge reduction at large scale [J]. Water Research, 2011, 45(16): 4923–4929. DOI:10.1016/j.watres.2011.06.031.
- [2] TAMIS J, SCHOUWENBURG VAN G, KLEEREBEZEM R, et al. A full scale worm reactor for efficient sludge reduction by predation in a wastewater treatment plant [J]. Water Research, 2011, 45(18): 5916–5924. DOI:10.1016/j.watres.2011.08.046.
- [3] TIAN Y, LU Y B, LI Z P. Performance analysis of a combined system of membrane bioreactor and worm reactor: Wastewater treatment, sludge reduction and membrane fouling [J]. Bioresource Technology, 2012, 121: 176–182. DOI:10.1016/j.biortech.2012.06.071.
- [4] 高大文, 辛晓东. MBR 膜污染过程中微生物群落结构与代谢产物分析 [J]. 哈尔滨工业大学学报, 2014, 46(2): 26–32.
GAO Dawen, XIN Xiaodong. Analysis of microbial community structure and metabolites during the MBR membrane fouling process [J]. Journal of Harbin Institute of Technology, 2014, 46(2): 26–32.
- [5] 张斌, 孙宝盛, 刘慧娜, 等. 处理不同废水 MBR 系统中微生物群落结构的比较 [J]. 环境科学, 2008, 29(10): 2944–2949.
ZHANG Bin, SUN Baosheng, LIU Huina, et al. Comparison of microbial community structure in MBRs treating different wastewater [J]. Environmental Science, 2008, 29(10): 2944–2949.
- [6] LIM S Y, KIM S, YEON K M, et al. Correlation between microbial community structure and biofouling in a laboratory scale membrane

bioreactor with synthetic wastewater [J]. Desalination, 2012, 287: 209–215. DOI:10.1016/j.desal.2011.09.030.

- [7] GAO W J, LIN H J, LEUNG K T, et al. Structure of cake layer in a submerged anaerobic membrane bioreactor [J]. Journal of Membrane Science, 2011, 374(1): 110–120. DOI:10.1016/j.memsci.2011.03.019.
- [8] HUANG L N, WEVER H D, DIELS L. Diverse and distinct bacterial communities induced biofilm fouling in membrane bioreactors operated under different conditions [J]. Environmental Science & Technology, 2008, 42(22): 8360–8366. DOI: 10.1021/es801283q.
- [9] 卢耀斌. MBR+蠕虫床污泥减量效能及膜污染控制机制 [D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2014.
LU Yaobin. Research on a combined system of membrane bioreactor and worm reactor for sludge reduction and membrane fouling mitigation [D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2014.
- [10] 高琼. 聚合酶链式反应 (PCR) 技术在环境监测中的应用 [J]. 安徽农业科学, 2014, 42(36): 12825–12828.
GAO Qiong. Application of polymerase chain reaction (PCR) technology in environmental monitoring [J]. Journal of Anhui Agri Sci, 2014, 42(36): 12825–12828.
- [11] LAPARA T M, NAKATSU C H, PANTEA L M, et al. Stability of the bacterial communities supported by a seven-stage biological process treating pharmaceutical wastewater as revealed by PCR-DGGE [J]. Water Research, 2002, 36(3): 638–646. DOI:10.1016/S0043-1354(01)00277-9.
- [12] FLEMMING H C, SCHAULE G, GRIEBE T, et al. Biofouling—the achilles heel of membrane processes [J]. Desalination, 1997, 113(2): 215–225. DOI:10.1016/S0011-9164(97)00132-X.
- [13] RAMESH A, LEE D J, LAI J Y. Membrane biofouling by extracellular polymeric substances or soluble microbial products from membrane bioreactor sludge [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2007, 74(3): 699–707. DOI: 10.1007/s00253-006-0706-x.
- [14] GÜELL C, DAVIS R H. Membrane fouling during microfiltration of protein mixtures [J]. Journal of Membrane Science, 1996, 119(2): 269–284. DOI:10.1016/0376-7388(96)80001-J.
- [15] WAN C Y, WEVER H D, DIELS L, et al. Biodiversity and population dynamics of microorganisms in a full-scale membrane bioreactor for municipal wastewater treatment [J]. Water Research, 2011, 45(3): 1129–1138. DOI:10.1016/j.watres.2010.11.008.
- [16] TIAN Y, LU Y B. Simultaneous nitrification and denitrification process in a new tubificidae-reactor for minimizing nutrient release during sludge reduction [J]. Water Research, 2010, 44(20): 6031–6040. DOI:10.1016/j.watres.2010.07.069.
- [17] MIURA Y, WATANABE Y, OKABE S. Significance of chloroflexi in performance of submerged membrane bioreactors (MBR) treating municipal wastewater [J]. Environmental Science & Technology, 2007, 41(22): 7787–7794. DOI:10.1021/es071263x.

(编辑 刘 彤)