

Advances in the Research of Common Microorganisms and Analytical Techniques in Industrial Wastewater Treatment

Min Chang^{1,2,3,4}

¹Shaanxi Provincial Land Engineering Construction Group Co., Ltd., Xi'an Shaanxi

²Key Laboratory of Degraded and Unused Land Consolidation Engineering, The Ministry of Natural Resources, Xi'an Shaanxi

³Institute of Land Engineering and Technology, Shaanxi Provincial Land Engineering Construction Group Co., Ltd., Xi'an Shaanxi

⁴Shaanxi Provincial Land Consolidation Engineering Technology Research Center, Xi'an Shaanxi
Email: 526885826@qq.com

Received: May 7th, 2020; accepted: May 27th, 2020; published: Jun. 3rd, 2020

Abstract

This paper introduces the microorganisms commonly in activated sludge in wastewater treatment, summarizes several microbial analysis techniques commonly used at present, and introduces the analysis of the microbial community in activated sludge in industrial wastewater can be combined with the model corresponding analysis (CCA) technology to reflect the most important factors of community structure formation, and can regulate the external conditions in the wastewater treatment process, so that the microbial community in the activated sludge can exert maximum operational treatment efficiency and improve the efficiency of wastewater treatment.

Keywords

Wastewater, Water Treatment, Activated Sludge, Microbial Community, Technology

工业废水处理中常见微生物及分析技术研究进展

常 敏^{1,2,3,4}

¹陕西省土地工程建设集团有限责任公司, 陕西 西安

²自然资源部退化及未利用土地整治工程重点实验室, 陕西 西安

³陕西地建土地工程技术研究院有限责任公司, 陕西 西安

⁴陕西省土地整治工程技术研究中心, 陕西 西安
Email: 526885826@qq.com

收稿日期: 2020年5月7日; 录用日期: 2020年5月27日; 发布日期: 2020年6月3日

摘要

本文介绍了目前废水处理中活性污泥里常见的微生物, 分别总结了目前常用的几种微生物分析技术, 并介绍了分析工业废水活性污泥里的微生物群落时, 可与典范对应分析(CCA)技术相结合, 更能体现出群落结构形成的最主要的影响因素, 可对废水处理过程中的外部条件进行调控, 从而使活性污泥中的微生物群落发挥最大的运行处理效能, 提高废水处理效率。

关键词

废水, 水处理, 活性污泥, 微生物群落, 技术

Copyright © 2020 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

近年来有关不同污水生化处理系统中微生物生态群落结构方面的研究层出不穷。目前关于废水处理中环境微生物的研究主要涉及不同废水处理时活性污泥中微生物群落结构及种群多样性变化、废水中各类有机、无机污染物对污泥中微生物毒性影响、微生物群落结构在不同处理工艺、不同反应器、不同运行参数下的变化等。从活性污泥中取样, 用特定引物对样品分离出的 DNA 进行扩增, 构建出样品的 16S rDNA 克隆文库, 比对酶切后产物得到的 RFLP 图谱, 根据此图谱的结果对其微生物群落结构进行分析, 这类研究方法为在水处理过程中日趋成熟[1]。其中, 荧光原位杂交技术(Fluorescence *in situ* hybridization, FISH), 变性梯度凝胶电泳技术(DGGE), 扩增 rDNA 限制酶切分析(Amplified ribosomal DNA restriction analysis, ARDRA)技术[2], 能够直接检测样品中菌群的结构和丰度。废水生物处理过程由于受处理工艺和水质特征的差异, 活性污泥中微生物种群结构有较大的差异。

这些方法存在有各自的倾向性, 由于工业废水种类较多、处理过程中污染物类型、数量以及处理工艺的差异性, 活性污泥中细菌菌群的变异性远大于一般生活污水生物处理过程中的变化。现有研究中对生活污水中微生物种群结构及在不同工艺中的演替过程, 人们已进行了较深入的研究, 但对工业废水中积累的资料较少。探索和研究活性污泥中微生物的种群结构对于提高工业废水生物处理效率是十分重要的。

2. 废水生物处理中常见微生物

工业废水多数为高浓度有机废水, 生物处理过程中活性污泥里几乎包括了微生物的各种类群, 其中主要是细菌, 其数量占活性污泥中微生物总量的 90%~95%, 在处理某些工业废水中的活性污泥中细菌数量甚至可达 100%, 细胞产生胞外多聚物(Extracellular polymeric substances, EPS)与微生物形成的菌胶团以及丝状菌构成了活性污泥的骨架, 促使活性污泥以生物絮体的形式存在, 并通过重力沉降使活性污泥从处理后的液体中分离出来。Wagner 等人[3]汇总已有研究文献, 将活性污泥的细菌类群涵盖为 13 个门类,

其中,活性污泥的细菌门类构成、每个门类的相对丰富度和每个门类的种的多少与活性污泥的来源有关,细菌种类的变化范围为 16~76 OTUs (操作分类单位) [4]。

长期以来,国内外学者对活性污泥中的细菌进行了分离鉴定研究,汇总各类资料,活性污泥菌胶团细菌中占优势的细菌主是有产气杆菌属(*Aerobacter*)、产碱杆菌属(*Alcaligenes*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、诺卡氏菌(*Nocardia*)、八叠球菌属(*Sarcina*)、动胶菌属(*Zoogloea*)、变形菌类(*Proteus*)、大肠杆菌(*E. coli*)等。在活性污泥中还存在有大量的丝状细菌,如球衣菌属(*Sphaerotilus*)、发硫细菌(*Thiothrix*)、诺卡氏菌(*Nocardia*)、各种霉菌等丝状微生物,这些细菌可以交叉交织于菌胶团之间或附着于絮体表面,少量的可游离于污泥之间,这类细菌对有机物同样很强的氧化降解能力,但在少数情况下可能超过菌胶团细菌,使污泥絮体沉降性变差,产生严重的污泥膨胀,造成出水水质下降[5]。但绝大多数异养菌都具有分解蛋白质、释放氨氮的能力,好氧和厌氧条件下都能发生氨化作用,好氧条件下参与脱氨基的微生物主要有枯草芽孢杆菌、大肠杆菌、荧光假单胞菌等。在厌氧条件下脱氨基的微生物主要有腐败梭状芽孢杆菌、兼性芽孢杆菌、变形菌、酵母菌等。

3. 常用分析技术及研究进展

(1) 荧光原位杂交技术

荧光原位杂交技术(FISH)运用特定软件分析特异性探针与微生物结合后发出的荧光,可得出相应微生物在活性污泥总生物量中所占比例[6]。根据碱基互补配对的原则,可以利用核酸分子杂交技术直接探测溶液中细胞组织内或固定在膜上的同源核酸序列核酸分子杂交的高度特异性以及检测方法的高度灵敏性,使核酸杂交技术广泛应用于环境微生物的检测,并可以对微生物的存在分布丰度和适应性等进行定性和定量分析。

(2) DGGE

DGGE 技术是用于检测 DNA 的一种电泳技术[7], DGGE 技术用于微生物多样性研究,可以从活性污泥中获得微生物总 DNA,然后运用 16Sr DNA 通用引物进行 PCR 扩增,可以得到与碱基长度相同的细菌 16Sr DNA。采用 DGGE 技术能够分离 PCR 产物,根据电泳条带的多寡和条带的位置,可以初步辨别样品中微生物种类的多少,进而分析活性污泥中微生物的多样性。PCR-DEEG 技术目前在分析微生物多样性、监测微生物群落动态性、发现新的微生物物种等方面起到了重要的作用。

(3) 克隆文库

针对微生物的 16S rRNA 或功能基因进行选择性的扩增进行计数,用核酸测序技术研究微生物生态和进化,将分子生物学技术应用于微生物生态学的研究,开辟了认识环境中微生物的新方法[8]。近年来,污水生物处理技术研究的一个重要特征,分子生物学技术在污水处理系统选择性的培养,最终将带有正确长度插入片段的克隆筛选出来,再测定克隆产物的基因序列,通过与 Gene Bank 数据库中已有数据的对比,即可鉴定目标微生物的系统发育地位,许多序列可以鉴定到种的水平。

4. 微生物多样性与环境因素影响评价

CCA (典范对应分析)是基于对应分析发展而来的一种排序方法,将对应分析与多元回归分析相结合[9],每一步计算均与环境因子进行回归,又称多元直接梯度分析。分析有利于生态意义的解释,能够反映样方间在种类组成上及环境因子组成上的相似性,箭头表示环境因子,箭头连线的长短表示不同环境因子对不同生境相似度分布贡献的大小,即相关性大小。箭头连线与排序轴夹角的大小表示环境因子与排序轴相关性的大小,夹角越小说明关系越密切[10]。在分析废水处理过程中的微生物种群结构特征时,通常会再结合 CCA 分析手段,研究说明与形成该种群分布的结果有密切关系的几种环境因子,从而可

对废水处理过程中的外部条件进行调控,从而使活性污泥中的微生物群落发挥最大的运行处理效能,提高废水处理效率。

活性污泥中微生物群落分布广泛,多样性指数很高,对工业废水中的有机物降解发挥了不可替代的作用。一般来说活性污泥中变形杆菌门、厚壁菌门及拟杆菌门是优势种群,但不同处理工艺下所占比例不同。水处理过程中,水解酸化阶段一般可增加活性污泥的微生物种类,能够使废水的处理向好的方向变化,因此通过外界条件的调节可以改善微生物种群结构,从而使废水能被更高效地处理。

参考文献

- [1] 杨清香. 污水处理系统中微生物生态群落分析技术进展[C]. 中国生态学会. 微生物生态学研究进展——第五届微生物生态学术研讨会论文集. 2003: 222-228.
- [2] 毛丹丹. 生活污水活性污泥中菌群结构分析及功能菌的分离与培养[D]: [硕士学位论文]. 杭州: 浙江工业大学, 2012.
- [3] Wagner, M., Loy, A., Nogueira, R., *et al.* (2002) Microbial Community Composition and Function in Wastewater Treatmentplants. *Antonie van Leeuwenhoek*, **81**, 665-680. <https://doi.org/10.1023/A:1020586312170>
- [4] 梁贺彬. 皮革废水生物处理过程中细菌多样性及生物强化脱氮研究[D]: [博士学位论文]. 广州: 华南理工大学, 2019.
- [5] 赵婷婷, 乔凯, 王蕾, 张伟, 竺建荣, 唐一, 胡滨, 王香莲, 杨静, 景在涛. 淀粉废水处理系统中活性污泥的微生物群落结构及多样性分析[J]. 环境科学, 2020, 41(1): 321-329.
- [6] 王延华, 仝昭昭, 张骥骧. FISH 法在土壤-植物污水处理系统中应用的可行性[J]. 南京师大学报(自然科学版), 2010, 33(4): 91-96.
- [7] 魏在山, 刘小红, 孙建良, 等. PCR-DGGE 技术用于处理苯乙烯废气的生物滴滤塔中微生物优势菌种解析[J]. 环境工程学报, 2012, 6(2): 571-576.
- [8] 张军毅, 朱冰川, 徐超, 丁啸, 李俊锋, 张学工, 陆祖宏. 基于分子标记的宏基因组 16S rRNA 基因高变区选择策略[J]. 应用生态学报, 2015, 26(11): 3545-3553.
- [9] 李瑞娇, 齐喜荣, 王益昌, 张军燕, 任敬, 沈红保. 黄河陕西段浮游动物群落结构时空动态及与环境因子的关系[J]. 水生态学杂志, 2019, 40(6): 54-60.
- [10] 张晓晨, 杨国栋, 陈昕, 熊中人, 赵洋, 伊贤贵. 江苏宝华山植物群落结构及其环境解释[J]. 植物资源与环境学报, 2019, 28(4): 77-83.