

DOI: 10.11835/j.issn.2096-6717.2021.185



开放科学(资源服务)标识码(OSID):



# 煤气化废水尾水的生物强化处理与微生物响应特性

董莹<sup>1,2</sup>, 时绍鹏<sup>3,4</sup>, 宋诚<sup>3,4</sup>, 刘春红<sup>1,2</sup>, 徐颜军<sup>1,2</sup>, 刘鸿<sup>3,4</sup>, 王兴祖<sup>3,4</sup>

- (1. 浙江浙能技术研究院有限公司, 杭州 311121; 2. 工业新水源技术浙江省工程研究中心, 杭州 311121;  
3. 中国科学院重庆绿色智能技术研究院水污染过程与防治研究中心, 重庆 400714;  
4. 中国科学院大学资源与环境学院, 北京 100049)

**摘要:**煤气化废水难降解有机物含量高、毒性大,常规生化处理很难达到理想的处理效果。以煤气化废水生化处理出水为研究对象,采用生物菌剂和促生剂来强化煤气化废水的生化处理效果,探讨生物强化的微生物机制。反复批次实验结果表明,单独投加原油降解菌群对废水的化学需氧量(COD)去除效果最好,与只投加污泥的空白相比,可使3个实验周期内平均COD去除率提高19.7%;单独投加促生剂能使早期出水COD浓度显著下降,但效果难以维持长久;联合投加原油降解菌群和吐温80,可使30d内COD平均去除率提高21.5%。微生物生态学分析表明,促生剂和菌剂联合强化对煤气化废水中优势菌属 *Candidatus Competibacter* 和 *Defluviimonas* 的影响较小,但明显增加了系统中的微生物多样性;在微生物互作关系网中,具有较高权重和紧密中心性的 *Limnobacter* 和 *Gaiella* 是煤气化废水处理系统中的关键物种;香草醛和香草酸盐降解途径是煤气化废水处理系统中微生物的关键降解途径,推测香草醛或香草酸盐是煤气化废水中多种复杂有机物降解的共同中间体或结构类似物。

**关键词:**煤气化废水;生物强化;微生物促生剂;关键物种

中图分类号:X703.1 文献标志码:A 文章编号:2096-6717(2022)04-0140-09

## Effect of bioaugmentation on treatment efficiency of effluent from coal gasification wastewater biotreatment and microbial community

DONG Ying<sup>1,2</sup>, SHI Shaopeng<sup>3,4</sup>, SONG Cheng<sup>3,4</sup>, LIU Chunhong<sup>1,2</sup>,  
XU Yanjun<sup>1,2</sup>, LIU Hong<sup>3,4</sup>, WANG Xingzu<sup>3,4</sup>

- (1. Zhejiang Energy R&D Institute Co., Ltd., Hangzhou 311121, P. R. China; 2. Engineering Research Center for New Industrial Water Resources of Zhejiang Province, Hangzhou 311121, P. R. China; 3. Research Center for Process and Prevention of Water Pollution, Chongqing Institute of Green and Intelligent Technology, Chinese Academy of Sciences, Chongqing 400714, P. R. China; 4. College of Resource and Environment, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, P. R. China)

收稿日期:2021-09-06

基金项目:国家自然科学基金(52070179);四川省软科学研究计划(2019JDR0286)

作者简介:董莹(1988-),女,博士,主要从事工业废水处理研究,E-mail:crystaldong@163.com.

王兴祖(通信作者),男,研究员,博士生导师,E-mail:wangxingzu@cigit.ac.cn.

Received: 2021-09-06

**Foundation items:** National Natural Science Foundation of China (No. 52070179); Sichuan Science and Technology Program (No. 2019JDR0286)

**Author brief:** DONG Ying (1988-), PhD, main research interest: industrial wastewater treatment, E-mail: crystaldong@163.com.

WANG Xingzu (corresponding author), professor, doctoral supervisor, E-mail: wangxingzu@cigit.ac.cn.

**Abstract:** Coal gasification wastewater is difficult to treat by conventional biological processes due to the high load of recalcitrant organic matter and high toxicity. In this study, a growth promoting agents and bacterial consortia were used to enhance the treatment efficiency of secondary effluent from coal gasification wastewater, and the microbial mechanism of the bioaugmentation was discussed. The results showed that an addition of crude oil degrading-bacteria has a significant positive effect on chemical oxygen demand (COD) removal from wastewater, in which the average COD removal rate during the first three cycles was increased by 19.7%, compared with the control group without bioaugmentation. In contrast, the addition of growth promoting agents can significantly reduce the COD concentration during the first cycle, but the strengthening effects is difficult to maintain for a long time. The average COD removal rate was increased by 21.5% by supplementing both crude oil-degrading bacteria and Tween 80 during the six cycles, compared with the control group without bioaugmentation. It showed that the combined addition of growth promoting agents and bacterial consortia has good stability and sustainability. Furthermore, a high-throughput sequencing analysis showed that the addition of growth promoting agents and bacterial consortia has little effect on dominant genus (such as *Candidatus* Competibacter and *Defluviimonas*), but significantly increased the diversity of microbial communities. *Limnobacter* and *Gaiella* with high weight and closeness centrality are the keystone taxa in the coal gasification wastewater treatment system. Meanwhile, super pathways of vanillin and vanillate degradation are the key degradation pathways of microorganisms, indicating that the vanillin and vanillate may be the common degradation intermediates or their structural analogues of a variety of complex organic compounds in coal gasification wastewater.

**Keywords:** coal gasification wastewater; bioaugmentation; microorganism growth promoting agent; keystone taxa

煤炭行业是中国当前经济发展的重要组成部分,也是重要的战略资源<sup>[1]</sup>。然而,煤气化项目需水量巨大,同时也会产生大量工业废水,这些废水成分复杂,污染程度高,对生态环境破坏极大<sup>[2-4]</sup>。目前,煤气化废水深度处理并回用主要采用预处理、生化处理和深度处理的组合工艺,由于煤气化废水生化处理单元效率低,造成后续深度处理负荷偏高、综合处理成本居高不下<sup>[5-6]</sup>。进一步提高生化单元处理效率,降低深度处理单元的运营成本,成为整个煤气化废水处理过程节能降耗的关键<sup>[7-8]</sup>。

生物强化技术是通过投加具有特定功能的微生物、营养物或基质类似物,增强处理系统对特定污染物的降解能力,提高降解速率,达到有效处理难降解有机物废水的目的<sup>[9]</sup>。通过向煤化工废水中投放具有特殊功能的微生物可以有效地提高难降解有机物的生物处理效果,并维持废水处理系统在不利环境条件下的运行稳定性<sup>[2,10]</sup>。此外,表面活性剂类物质可以作为微生物促生剂,克服疏水性有机物较差的生物利用度和提高营养摄取率,从而用于强化焦化废水、石油烃类废水等的生物处理<sup>[11-13]</sup>。但在连续流煤气化废水处理系统中,往往需要频繁投加生物菌剂或促生剂来达到较高的处理效果<sup>[14-15]</sup>。这主要归因于微生物与环境、微生物与促生剂以及微生

物之间的作用关系错综复杂,只有在充分把握菌剂的降解能力、促生剂的作用原理以及微生物交互作用的基础上,才有可能充分发挥生物强化的效能<sup>[16-17]</sup>。

针对煤气化废水生化尾水残余有机物浓度高、难生物降解等问题,采用微生物促生剂和微生物菌剂联合投加的方式强化煤气化尾水的进一步处理,同时运用分子生态学方法解析了该体系中微生物群落的交互作用以及关键代谢途径,为实际煤气化废水的生物强化处理提供理论基础和技术指导。

## 1 材料与amp;方法

### 1.1 废水与污泥

实验废水来自某煤气化废水处理厂两级缺氧/好氧(A/O)工艺出水,实验接种污泥来自该厂O池,接种污泥 SS=10.4 g/L, VSS=8.7 g/L。

### 1.2 促生剂与菌剂

实验采用的促生剂与菌剂主要组成见表1。促生剂主要成分包埋于聚乳酸当中,比例为1:100,包埋后的促生剂研磨成粒径小于50目的粉末。菌剂分别为降解木质素、吡啶、1,5-萘二磺酸钠和原油的微生物富集培养物。

表 1 促生剂和菌剂组分

Table 1 Composition of growth promoting agents and bacterial consortia

| 空白组 | 促生剂 1 | 促生剂 2   | 菌剂 1    | 菌剂 2   | 菌剂 3          | 菌剂 4   |
|-----|-------|---------|---------|--------|---------------|--------|
| 未添加 | 吐温 80 | 十二烷基磺酸钠 | 木质素降解污泥 | 吡啶降解污泥 | 1,5-萘二磺酸钠降解污泥 | 原油降解污泥 |

### 1.3 实验方法

反应体系为 250 mL 锥形瓶,废水添加量为 100 mL,锥形瓶用透气硅胶塞封口,以维持体系的好氧状态。接种污泥为某煤气化废水处理厂 O 池污泥,各反应体系污泥接种量均为 1 mL,初始 pH 值均为 8.41。实验方式为反复批式实验,促生剂和菌剂均在培养初期一次性投加,后续周期中不再追加。定期取样检测体系上清液 COD,然后用煤气化废水置换上清液,开始下一周期培养。锥形瓶置于生化培

养箱中(30±0.5)℃避光静置培养,每隔一段时间取样测定水质指标。

在促生剂和菌剂单一强化实验中,促生剂投加量为 0.5 g/L,菌剂投加量为 0.5 mL/L。在促生剂与菌剂的联合强化实验中,促生剂和菌剂的投加量与单一强化相同,复配方案见表 2。在促生剂和菌剂投加量优化实验中,设定 0、0.1、0.5、1.0、2.0 g/L 共 5 个联合投加浓度,促生剂与菌剂的质量比例为 1:1。

表 2 促生剂和菌剂复配方案

Table 2 Coupling scheme of growth promoting agent and bacterial consortia

| 空白  | 复配 1             | 复配 2               | 复配 3             | 复配 4               | 复配 5                      | 复配 6                    |
|-----|------------------|--------------------|------------------|--------------------|---------------------------|-------------------------|
| 未添加 | 吡啶降解污泥+<br>吐温 80 | 吡啶降解污泥+<br>十二烷基磺酸钠 | 原油降解污泥+<br>吐温 80 | 原油降解污泥+<br>十二烷基磺酸钠 | 1,5-萘二磺酸钠降解<br>污泥+十二烷基磺酸钠 | 1,5-萘二磺酸钠降解<br>污泥+吐温 80 |

### 1.4 分析方法

水质分析。COD、氨氮、硝态氮、亚硝态氮和总磷均采用国家规定的标准方法测定。库伦生化需氧量(BOD<sub>5</sub>)采用 BOD-Q 水质测定仪(LL-IS 型,重庆中科德馨环保科技有限公司)测定。水样的气质联用(Gas chromatography-mass spectrometer, GC-MS)分析。将煤气化废水水样以 0.45 μm 微滤膜过滤,然后将 500 mL 滤液加入到 1 L 容量瓶中,并分别在中性(pH=7.0)、碱性(pH=12.0)和酸性(pH=2.0)条件下以二氯甲烷萃取水样,每种条件下重复三次。合并上述有机相溶液,并用 600℃烘干的无水硫酸钠对萃取液进行脱水。采用 Hei-VAP Precision(ML)旋转蒸发仪将脱水后的萃取液浓缩至 2~3 mL。浓缩后的萃取液采用 Agilent 7890A-5977A 气相色谱-质谱联用仪分析。进样量:1 μL;进样口温度:250℃;分流比:无分流;色谱柱:DB-5(30 m×0.25 mm×0.25 μm);柱温:初温 50℃保持 2 min,然后以 10℃/min 程序升温至 250℃;载气流速:1 mL/min;气质接口温度:250℃;电子能量:70 V;扫描质量:15~500;溶剂延迟:3 min;谱库:NIST 2011。

微生物多样性分析。将污泥样品送至上海美吉生物医药科技有限公司进行 16S rDNA 高通量分

析,所用引物为 515F/907R。采用 Cytoscape 3.8.0 软件,基于 Pearson 和 Spearman 相关性,进行微生物交互分析。基于 PICRUST2 功能预测数据,采用 Gephi 0.9.1 软件,对微生物 MetaCyc 途径进行分析。采用 FAPROTAX 软件及其 Python 脚本,对微生物功能进行预测。

## 2 结果与讨论

### 2.1 现场 A/O 工艺中污染物及微生物分析

煤气化废水生化处理出水见表 3。煤气化废水经过现场两级 A/O 工艺处理后,废水中的 COD 浓度仍达 343.71 mg/L,处于较高浓度。此类水若直接进入后续高级氧化单元将明显增加该单元负荷,导致高级氧化药剂等费用升高,有必要对该水做进一步生化处理以减轻后续深度处理负荷,降低整套工艺的运营成本。同时,废水中的 BOD<sub>5</sub>浓度为 0.56 mg/L,可生化性较差,采用单纯菌剂投加的方式可能难以取得较好的强化效果。废水中氨氮、总氮和总磷的浓度分别为 53.44、75.16、0.45 mg/L,可满足微生物生长需要。通过 GC-MS 分析可知(图 1),经过两级 A/O 处理,废水中仍含有多种芳环类、直链烃类和氮杂环类等化合物,典型的有机物有苯并三唑(图 1(a))、邻二甲苯(图 1(b))和十九烷(图 1(c))等。

表 3 煤气化废水生化处理出水水质

Table 3 Water quality of secondary effluent from coal gasification wastewater treatment plants

| COD/<br>( $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ) | BOD <sub>5</sub> /<br>( $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ) | 氨氮/<br>( $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ) | 硝态氮/<br>( $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ) | 亚硝态氮/<br>( $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ) | 总氮/<br>( $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ) | 总磷/<br>( $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ) | pH 值 |
|---|---|--|---|--|--|--|------|
| 343.71                                      | 0.56  | 53.44                                      | 8.42  | 9.25   | 75.16                                      | 0.45                                       | 8.42 |

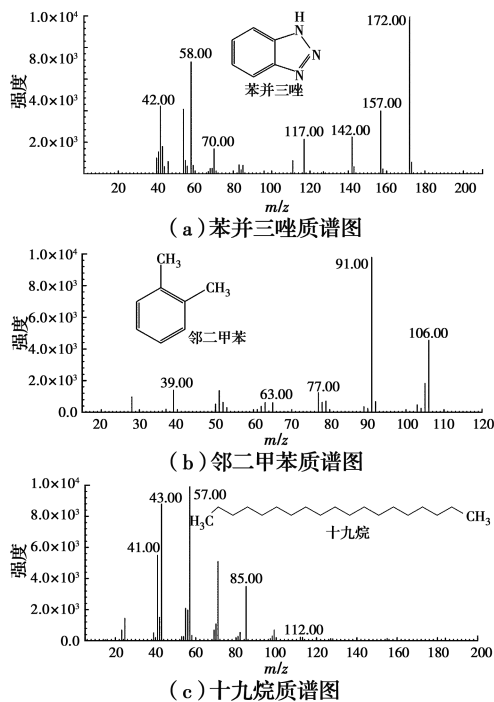


图 1 A/O 工艺出水 GC-MS 分析

Fig. 1 GC-MS analysis of effluent from A/O process

从现场 A/O 工艺中取泥进行微生物 16S rDNA 高通量测序分析,结果如图 2 所示。从属水平来看,A 段和 O 段中的微生物组成较为接近,优势菌属为 *Candidatus Competibacter*、*Ferruginibacter*、*Unclassified Comamonadaceae*、*Limnobacter*、*Ottowia* 和 *Defluviimonas*。*Candidatus Competibacter* 和 *Defluviimonas* 为典型的好氧型聚糖菌,能在营养丰富时合成聚羟基脂肪酸酯,以度过有机碳源匮乏的不利时期<sup>[18]</sup>。*Candidatus Competibacter* 和 *Defluviimonas* 的大量存在可能与工艺进水水质周期波动引起的污泥间歇饥饿有关。同时,*Defluviimonas* 也被报道能够降解稠环芳烃类化合物<sup>[19]</sup>。*Ferruginibacter* 常在处理各类废水的活性污泥中被发现,能够分泌大量胞外聚合物,被认为与污泥絮体和生物膜的形成有关<sup>[20]</sup>,也有研究报道 *Ferruginibacter* 能够降解农药“阿特拉津”等难降解有机物<sup>[21-22]</sup>。*Limnobacter* 属于化能有机营养异养型微生物,能够降解脂肪族和芳香族等多种难降解性化合物,常见于受原油污染的环境中<sup>[23]</sup>。基于以

上水质和微生物分析,选择降解吡啶、磺胺萘和原油类的菌群开展后续的生物强化研究。

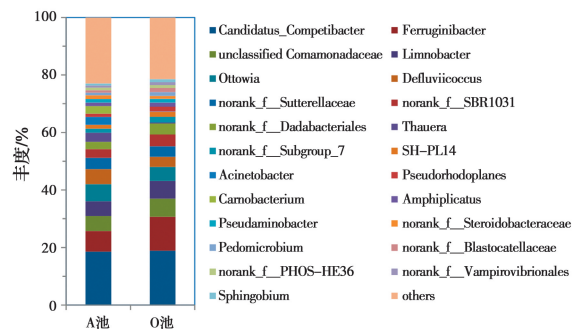


图 2 现场 A/O 工艺中属水平的微生物组成 (&gt;1%)

Fig. 2 Microbial composition at generic level in the field A/O process (&gt;1%)

## 2.2 单一促生剂和菌剂的强化

从实验室现有库中选定菌剂和促生剂,考察单一促生剂和菌剂对实际煤气化废水的生物强化效果。反复批次实验结果表明(图 3),单独投加原油降解菌群(菌剂 4)对废水的 COD 去除效果最高,在 3 个周期中,出水 COD 浓度维持在 170~190 mg/L 之间(图 3(a));与只投加污泥的空白相比,平均 COD 去除率提高了 19.7%。菌剂 1~3 的强化效果略差,其出水 COD 始终在 200 mg/L 以上,但在 3 个周期中均表现出一定强化效果。由于每周期结束时排出上清液,菌剂会有流失,因此,菌剂效果的维持应该与菌剂在体系中的增殖有关。单独投加促生剂在周期 1 中能够显著提高废水的 COD 去除效果,出水 COD 浓度迅速下降到 150 mg/L 左右;但在后续周期 2、周期 3 当中出水 COD 浓度迅速升高,效果不能维持长久(图 3(b)),表明随着周期更替,促生剂有明显流失。综上,单独投加菌剂能够维持生物强化的作用时间,但出水 COD 浓度仍较高;单独投加促生剂能使初期出水 COD 浓度显著下降,但效果不能维持长久。因此,后续实验考虑二者联合投加。

## 2.3 促生剂和菌剂的联合强化

为进一步提高强化效果,开展不同促生剂和菌剂的联合强化实验。结果表明(图 4),促生剂和菌

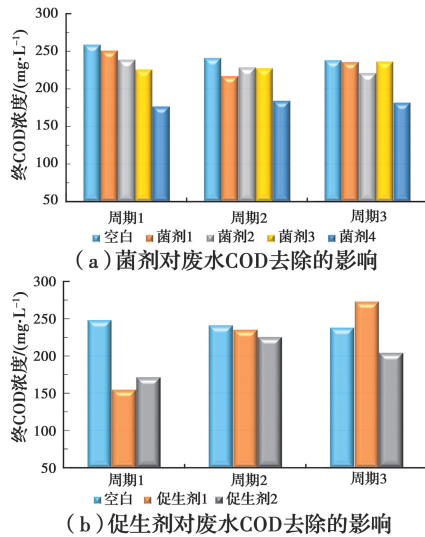


图3 单一菌剂和促生剂对废水COD去除的影响

Fig. 3 Effects of single bacterial consortia and growth promoting agent on COD removal from wastewater

剂联合使用可弥补单一菌剂或促生剂的不足,其中,投加复配3(原油降解污泥+吐温80)的效果较好。从作用时间上看,投加复配3的组合强化作用时间可达到30 d左右;从出水来看,在测试的6个周期内,出水平均COD浓度在150 mg/L左右,与未强化的污泥相比,COD平均去除率上升了21.5%。除了复配3,其它复配组均不能同时满足降低出水COD浓度和延长作用时间的要求。可能的原因包括:原油降解菌对烷烃、芳香烃等烃类具有较高的降解能力,对于本研究中采用的煤气化废水中的多种烷烃类化合物具有较好的处理效果;吐温80为表面活性剂,该类化合物已被报道对煤气化废水的生化降解具有较好的促进效果,其作用原理包括提高细菌细胞与烷烃类的亲和性、改善细胞膜通透性等<sup>[11-13]</sup>。因此,将原油降解菌群和吐温80的复配3作为进一步研究的对象。

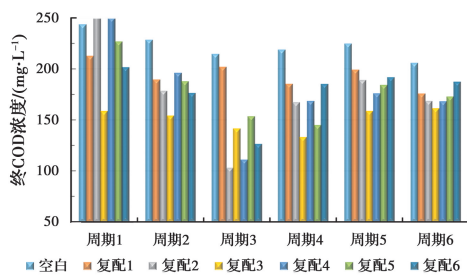


图4 促生剂和菌剂联合投加对COD去除的影响

Fig. 4 Effects of complex of growth promoting agent and bacterial consortia on the COD removal

## 2.4 促生剂和菌剂投加量优化

为指导后续的工程投加,开展了促生剂和菌剂投加量(复配3)的测试。结果表明,随着复配3投加量的增加,出水COD浓度逐渐降低(图5)。当投加量为0.5 g/L时,在全部6个测试周期中,出水COD浓度维持在139~168 mg/L之间;与不加促生剂和菌剂的污泥相比,平均COD去除率提高了20.1%。从复配3的效价来看,随着投加量的增加,复配3的效价迅速下降。当投加量从0.1 g/L上升到2.0 g/L,复配3的效价从534 mg COD/mg 复配3下降到38.5 mg COD/mg 复配3。当投加量超过0.5 g/L时,COD削减效果开始减弱;当投加量达到2.0 g/L时,与0.5 g/L的投加量相比,平均COD去除率仅提高了2.3%。综合COD去除效率与复配3效价两方面考虑,将0.5 g/L作为复配3的最佳投加量。

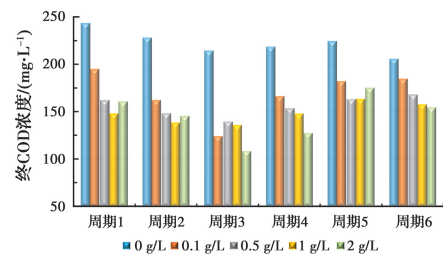


图5 促生剂浓度对废水COD去除的影响

Fig. 5 Effects of concentrations of growth promoting agent on the COD removal

## 2.5 微生物群落结构分析

为进一步了解复配3生物强化对微生物群落的影响,对促生剂和菌剂联合强化后的微生物进行了16S rDNA对比分析。Alpha多样性分析表明(表4),经过生物强化后,复配3组的Shannon指数(5.440)高于未强化的污泥空白(5.346),而复配3组的Simpson指数(0.011)低于未强化的污泥空白(0.012),表明复配3的投加增加了微生物多样性。从属水平微生物群落结构来看(图6),有无促生剂/菌剂投加对微生物优势菌属的影响不大,norank\_f\_SBR1031(4.4%~7.5%)、SM1A02(3.1%~10.4%)、norank\_f\_Pirellulaceae(3.6%~5.0%)、Limnobacter(2.6%~5.0%)、norank\_f\_Sutterellaceae(1.7%~3.8%)和norank\_f\_67-14(1.7%~3.4%)为所有样品中的优势菌属,表明煤气化废水污泥中的微生物菌群高度稳定,生物强化的效果通过提高微生物多样性并增强种间协同作用

实现。同时,从微生物属水平分析可知,煤气化废水处理的优势物种中存在大量未分类或未命名的微生物,由于这些微生物尚未分类和命名,其具体的功能特性尚无法获知。

微生物交互分析表明(图 7), *Limnobacter* 和 *Gaiella* 具有较高的权重和紧密中心性,它们是煤气化废水处理系统中的关键物种。关键物种为特定环境体系中的核心微生物,能够维持整个微生物群体的稳定性。*Limnobacter* 属于化能有机营养型生物,可氧化还原态的硫化物获得能量,能够降解多种脂肪族和芳香族化合物<sup>[24-25]</sup>,在原油污染的环境中

具有较高的丰度。关于 *Gaiella* 生理特性的报道则十分有限。已知 *Gaiella* 是嗜热油菌纲中的成员,该菌纲下的多个成员(如嗜热油菌属)对中长链烷烃具有特殊的亲和性并能将其作为唯一碳源以供生长<sup>[26-27]</sup>。此外,近年来 *Gaiella* 被报道具有降解杂环类化合物的能力<sup>[28-29]</sup>。在研究中,废水中含有多种中长链烃类和芳香族化合物,这些物质难以被常规活性污泥所分解。推测 *Limnobacter* 和 *Gaiella* 能够部分降解这些有机物,从而为其它微生物提供可降解的中间体,因此成为煤气化废水处理体系中整个菌群的关键物种。

表 4 Alpha 多样性参数统计  
Table 4 Alpha diversity parameter result statistics

| 指标       | 空白         | 复配 1       | 复配 2       | 复配 3       | 复配 4       | 复配 5       |
|----------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|
| ace      | 1 152. 673 | 1 133. 386 | 1 165. 648 | 1 129. 462 | 1 081. 223 | 1 105. 936 |
| chao     | 1 155. 8   | 1 144. 946 | 1 189. 526 | 1 122. 569 | 1 076. 3   | 1 109. 513 |
| coverage | 0. 996 066 | 0. 995 759 | 0. 995 006 | 0. 996 536 | 0. 995 68  | 0. 994 135 |
| shannon  | 5. 346 086 | 5. 296 163 | 5. 284 986 | 5. 440 272 | 5. 361 042 | 5. 209 013 |
| simpson  | 0. 011 779 | 0. 017 477 | 0. 013 249 | 0. 010 776 | 0. 010 786 | 0. 013 676 |

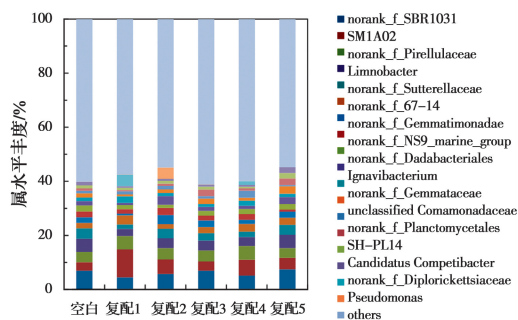


图 6 煤气化废水中属水平的微生物丰度(>2%)

Fig. 6 Relative abundance of the main genera (>2%) identified in coal gasification wastewater

## 2.6 微生物功能预测

通过 MetaCyc 功能预测进一步对煤气化废水生物强化体系中的代谢途径进行了解析,并构建了 MetaCyc 途径的交互网络。结果表明(图 8),香草醛和香草酸盐降解超级途径(PWY-6338)、香草醛和香草酸盐降解途径 I(PWY-7097)及香草醛和香草酸盐降解途径 II(PWY-7098)处于网络关键节点上,可判定为煤气化废水中微生物代谢的关键途径。在香草醛和香草酸盐降解超级途径中,香草醛经过加氢、去甲基和开环等一系列复杂的代谢过程生成丙酮酸盐,并最终进入 TCA 循环矿化。香草醛和香草酸盐降解途径 I 和 II 分别是超级途径的分支和变

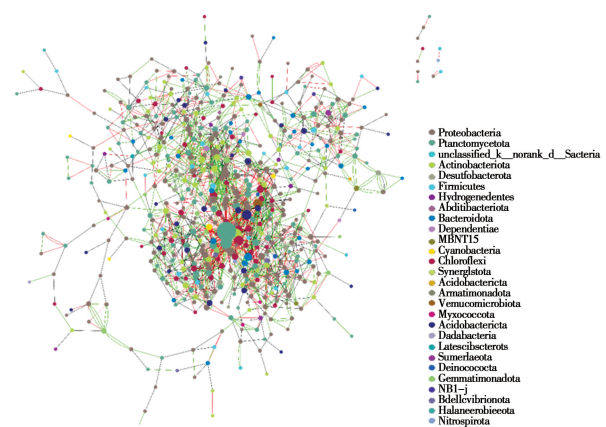
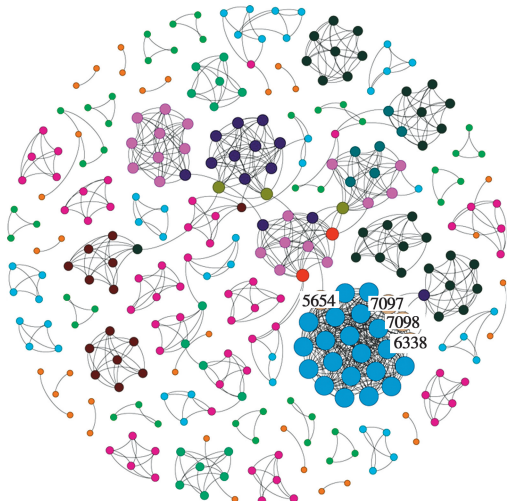


图 7 煤气化废水中的微生物交互网络

Fig. 7 Microbial interaction network in coal gasification wastewater

异模式。由此推断,香草醛和香草酸盐可能是煤气化废水中多种复杂有机物降解的共同中间体或结构类似物,该类化合物的降解对煤气化废水的深度处理具有重要意义。

为进一步探索生物强化对煤气化废水系统中微生物功能的影响,采用 FAPROTAX 方法对微生物生态功能进行注释。FAPROTAX 功能预测结果表明(图 9),复配 1 和复配 2、复配 3 和复配 4 分别形成一簇,这与二者分别包含原油降解污泥和吡啶降解污泥相关。与未强化的污泥空白相比,复配 3 和



6338: 香草醛和香草酸盐降解超级途径;  
7097: 香草醛和香草酸盐降解途径I;  
7098: 香草醛和香草酸盐降解途径II;  
5654: 2-氨基-3-羧基粘康酸半醛降解为2-酮戊酸途径

图 8 基于 PICRUSt2 功能预测的微生物代谢互作分析

Fig. 8 Metabolic interactions network in microbial communities based on PICRUSt2-based functional prediction

复配 4 的锰氧化作用和甲烷营养作用增强;复配 3 的芳香化合物降解作用显著增强,而黑暗氢氧化、木质素水解和硫循环作用下降。甲烷与烷烃的共代谢现象最早发现于甲烷假单胞菌对烷烃的降解中<sup>[30]</sup>,后来陆续发现于甲烷和芳环类等难降解化合物的共降解中<sup>[31-32]</sup>,并被应用于原油污染环境的修复。在研究中,与未强化的污泥空白相比,复配 3 投加后获得了更高的 COD 去除率(图 4),强化后微生物的甲烷营养作用和芳香化合物降解功能得到同步提高,表明复配 3 的强化作用与甲烷营养的共代谢有关。

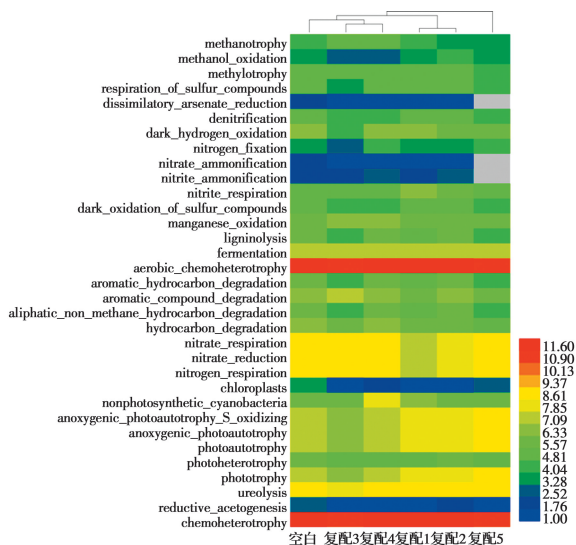


图 9 FAPROTAX 功能预测

Fig. 9 FAPROTAX-based functional prediction

### 3 结论

1) 煤气化废水现场处理工艺中微生物优势菌属为 *Candidatus Competibacter*、*Ferruginibacter*、Unclassified *Comamonadaceae*、*Limnobacter*、*Ottowia* 和 *Defluviimonas*, 其中存在 *Candidatus Competibacter* 和 *Defluviimonas* 等典型的聚糖菌。

2) 单独投加促生剂或菌剂对煤气化废水的强化效果不理想,联合投加促生剂(终浓度 0.5 g/L)和菌剂(终浓度 0.5 mL/L),可使 COD 平均去除率提高 21.5%,有效作用周期达到 30 d。

3) 促生剂和菌剂强化对煤气化废水中优势菌属的影响较小,但显著增加了微生物多样性,*Limnobacter* 和 *Gaiella* 是煤气化废水处理系统中的关键物种。

4) 香草醛和香草酸盐降解途径是煤气化废水处理系统中微生物的关键降解途径,它可能是煤气化废水中多种复杂有机物降解的共同中间体或结构类似物。

### 参考文献:

- [1] SONG M L, WANG J L, ZHAO J J. Coal endowment, resource curse, and high coal-consuming industries location: Analysis based on large-scale data [J]. *Resources, Conservation and Recycling*, 2018, 129: 333-344.
- [2] 王丹. 典型煤化工废水及其水质的分析方法[J]. *化工管理*, 2020(27): 47-48.  
WANG D. Analysis method of typical coal chemical wastewater and its water quality [J]. *Chemical Enterprise Management*, 2020 (27): 47-48. (in Chinese)
- [3] ZHAO Q, LIU Y. State of the art of biological processes for coal gasification wastewater treatment [J]. *Biotechnology Advances*, 2016, 34 (5): 1064-1072.
- [4] LIU Y S, HAN H J, FANG F. Application of bioaugmentation to improve the long-chain alkanes removal efficiency in coal gasification wastewater [J]. *Fresenius Environmental Bulletin*, 2013, 22 (8): 2448-2455.
- [5] 郑彭生. 煤化工废水厌氧生物处理技术研究进展[J].

- 水处理技术, 2021, 47(6): 24-27, 33.
- ZHENG P S. Research progress of anaerobic biological treatment technology of coal chemical wastewater [J]. *Technology of Water Treatment*, 2021, 47(6): 24-27, 33. (in Chinese)
- [6] JI Q H, TABASSUM S, HENA S, et al. A review on the coal gasification wastewater treatment technologies: Past, present and future outlook [J]. *Journal of Cleaner Production*, 2016, 126: 38-55.
- [7] CAI Y F, HU X M. A critical review on draw solutes development for forward osmosis [J]. *Desalination*, 2016, 391: 16-29.
- [8] 方芳, 吴刚, 韩洪军, 等. 我国煤化工废水处理关键工艺解析[J]. *水处理技术*, 2017, 43(6): 37-40, 52.
- FANG F, WU G, HAN H J, et al. Research on the key technology of the coal chemical industrial wastewater treatment in China [J]. *Technology of Water Treatment*, 2017, 43(6): 37-40, 52. (in Chinese)
- [9] 陆杰, 杨庆, 黄开龙, 等. 垃圾渗滤液膜浓缩液脱氮功能菌的筛选及特性研究[J]. *工业水处理*, 2021, 41(6): 119-126.
- LU J, YANG Q, HUANG K L, et al. Screening and characteristics study of denitrification bacteria for landfill leachate membrane concentrate [J]. *Industrial Water Treatment*, 2021, 41(6): 119-126. (in Chinese)
- [10] MARTÍN-HERNÁNDEZ M, SUÁREZ-OJEDA M E, CARRERA J. Bioaugmentation for treating transient or continuous P-nitrophenol shock loads in an aerobic sequencing batch reactor [J]. *Bioresource Technology*, 2012, 123: 150-156.
- [11] NOORDMAN W H, JANSSEN D B. Rhamnolipid stimulates uptake of hydrophobic compounds by *Pseudomonas aeruginosa* [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2002, 68(9): 4502-4508.
- [12] SAJNA K V, SUKUMARAN R K, GOTTUMUKKALA L D, et al. Crude oil biodegradation aided by biosurfactants from *Pseudozyma* sp. NII 08165 or its culture broth [J]. *Bioresource Technology*, 2015, 191: 133-139.
- [13] WANG D, LUO Y J, LAI R Q, et al. New technique for enhancing oil recovery from low-permeability reservoirs: The synergy of silica nanoparticles and biosurfactant [J]. *Energy & Fuels*, 2021, 35(1): 318-328.
- [14] 王亚军, 蔡文娟, 王惠. 生物强化技术及其在污水处理中应用研究评述[J]. *生态环境学报*, 2020, 29(5): 1062-1070.
- WANG Y J, CAI W J, WANG H. Bioaugmentation technology and its application in wastewater treatment [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2020, 29(5): 1062-1070. (in Chinese)
- [15] WANG J L, QUAN X C, WU L B, et al. Bioaugmentation as a tool to enhance the removal of refractory compound in coke plant wastewater [J]. *Process Biochemistry*, 2002, 38(5): 777-781.
- [16] SHI J X, XU C Y, HAN Y X, et al. Case study on wastewater treatment technology of coal chemical industry in China [J]. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 2021, 51(10): 1003-1044.
- [17] LOVATO G, KOVALOVSKI A, ALVARADO-MORALES M, et al. Modelling bioaugmentation: Engineering intervention in anaerobic digestion [J]. *Renewable Energy*, 2021, 175: 1080-1087.
- [18] RUBIO-RINCÓN F J, LOPEZ-VAZQUEZ C M, WELLES L, et al. Cooperation between *Candidatus Competibacter* and *Candidatus Accumulibacter* clade I, in denitrification and phosphate removal processes [J]. *Water Research*, 2017, 120: 156-164.
- [19] ZHANG S F, SUN C R, XIE J L, et al. *Defluviimonas pyrenivorans* sp. nov., a novel bacterium capable of degrading polycyclic aromatic hydrocarbons [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2018, 68(3): 957-961.
- [20] WANG X H, HU M, XIA Y, et al. Pyrosequencing analysis of bacterial diversity in 14 wastewater treatment systems in China [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2012, 78(19): 7042-7047.
- [21] ZHOU Q X, CHEN L L, WANG Z B, et al. Fast atrazine degradation by the mixed cultures enriched from activated sludge and analysis of their microbial community succession [J]. *Environmental Science and*



- Pollution Research International, 2017, 24 (28): 22152-22157.
- [22] NIKOLOPOULOU M, PASADAKIS N, NORF H, et al. Enhanced *in situ* bioremediation of crude oil contaminated beach sand by supplementation with nutrients and rhamnolipids [J]. Marine Pollution Bulletin, 2013, 77(1/2): 37-44.
- [23] POI G, SHAHSAVARI E, ABURTO-MEDINA A, et al. Large scale treatment of total petroleum-hydrocarbon contaminated groundwater using bioaugmentation [J]. Journal of Environmental Management, 2018, 214: 157-163.
- [24] CANUL-CHAN M, SÁNCHEZ-GONZÁLEZ M, GONZÁLEZ-BURGOS A, et al. Population structures shift during the biodegradation of crude and fuel oil by an indigenous consortium [J]. International Journal of Environmental Science and Technology, 2018, 15(1): 1-16.
- [25] VIGGOR S, JÖESAAR M, VEDLER E, et al. Occurrence of diverse alkane hydroxylase *alkB* genes in indigenous oil-degrading bacteria of Baltic Sea surface water [J]. Marine Pollution Bulletin, 2015, 101(2): 507-516.
- [26] ZARILLA K A, PERRY J J. *Thermoleophilum album* gen. nov. and sp. nov., a bacterium obligate for thermophily and n-alkane substrates [J]. Archives of Microbiology, 1984, 137(4): 286-290.
- [27] ZHAO Y Y, DUAN F A, CUI Z J, et al. Insights into the vertical distribution of the microbiota in steel plant soils with potentially toxic elements and PAHs contamination after 60 years operation: Abundance, structure, co-occurrence network and functionality [J]. Science of the Total Environment, 2021, 786: 147338.
- [28] PERTILE M, SOUSA R M S, MENDES L W, et al. Response of soil bacterial communities to the application of the herbicides imazethapyr and flumyazin [J]. European Journal of Soil Biology, 2021, 102: 103252.
- [29] AGUIAR L M, SOUZA M D F, DE LAIA M L, et al. Metagenomic analysis reveals mechanisms of atrazine biodegradation promoted by tree species [J]. Environmental Pollution, 2020, 267: 115636.
- [30] LEADBETTER E R, FOSTER J W. Oxidation products formed from gaseous alkanes by the bacterium *Pseudomonas methanica* [J]. Archives of Biochemistry and Biophysics, 1959, 82(2): 491-492.
- [31] GUTIERREZ T, AITKEN M D. Role of methylotrophs in the degradation of hydrocarbons during the Deepwater Horizon oil spill [J]. The ISME Journal, 2014, 8(12): 2543-2545.
- [32] KHIDER M L K, BRAUTASET T, IRLA M. Methane monooxygenases: Central enzymes in methanotrophy with promising biotechnological applications [J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2021, 37(4): 1-11.

(编辑 胡玲)