

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2020.15.006

微纳米气泡对小微水体中好氧微生物群落的影响

王 硕, 刘蕴思, 李 攀

(同济大学 环境科学与工程学院, 上海 200092)

摘 要: 微纳米气泡越来越多地应用于小微水体的治理与生态修复,并取得了良好的效果。在相同溶解氧浓度下,探究了微纳米气泡和普通气泡两种曝气体系下水体和底泥内微生物群落结构的差异。结果表明,微纳米气泡组的溶解氧水平维持周期长于普通气泡组,微纳米气泡的缓释性和高效复氧性可使水体内的溶解氧浓度长期保持在较高水平;同时,微纳米气泡曝气对污染物降解的促进作用更优。对属水平微生物的分析结果表明,微纳米气泡曝气组的微生物几乎全部为好氧微生物,前18种微生物占比为67.90%;而普通气泡曝气组的微生物群落内好氧微生物和厌氧微生物占比无明显差异,前18种微生物占比为41.36%。微纳米气泡曝气使好氧微生物成为绝对优势菌种,显著提高了水体的可生化性,从而加速了水体中污染物的降解。在没有对底床造成直接冲击的条件下,微纳米气泡的作用范围主要在水体,短期内对底泥中的微生物群落并无显著作用。

关键词: 微纳米气泡; 小微水体; 好氧微生物; 群落结构

中图分类号: TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2020)15-0029-06

Effect of Micro-nano Bubble Aeration on Aerobic Microbial Community in Small Water Body

WANG Shuo, LIU Yun-si, LI Pan

(School of Environmental Science and Engineering, Tongji University, Shanghai 200092, China)

Abstract: The micro-nano bubble (MNB) aeration has been increasingly used in ecological restoration of small water body, and it has achieved good results. Under the same dissolved oxygen (DO) concentration condition, differences of microbial community in water and sediment aerated by micro-nano bubble aeration system and traditional macro-bubble aeration system were investigated. DO maintaining period of MNB aeration system was longer than that of macro-bubble aeration system. The slow release velocity and high transfer efficiency of MNB could keep DO concentration in the water at a high level for a long time. Meanwhile, pollutants degradation in MNB aeration system was better than that in macro-bubble aeration system at the same DO concentration. Analysis of microorganisms at genus level indicated that almost all microorganisms in MNB treated water were aerobic microbes and the top 18 genera accounted for 67.90% of the microbial community. However, no significant differences between the percentage of aerobic and anaerobic microorganisms in traditional macro-bubble aeration system, and the top 18 genera accounted for 41.36% of the microbial community. Aerobic microorganisms predominated in MNB aeration system, and it significantly improved the biodegradability of the water, thereby

基金项目: 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2017ZX07201002)

通信作者: 李攀 E-mail: lipan@tongji.edu.cn

accelerating the degradation of pollutants. Without direct impact on the sediment, the impact scope of MNB was mainly in water body, and it had no remarkable effect on microbial community in the sediment in the short term.

Key words: micro-nano bubble; small water body; aerobic microorganism; microbial community

小微水体是指分布在城市和乡村的沟、渠、溪、塘等各类水体,具有流动性差、自净能力弱、规模小、数量多等特点,是江河湖库的“毛细血管”,整治小微水体对江河水体的净化有着重要意义。近年来,我国各地加大了对小微水体污染的治理力度,微纳米气泡(MNB)曝气作为一种高效的复氧技术,被越来越多地应用于小微水体的治理和生态修复,并取得了良好的效果^[1]。微纳米气泡具有上升速率慢、停留时间长、比表面积大、传质效率高等特点,可以实现对水体高效、持久复氧,从而提高水体中好氧微生物的生理活性,加快污染物的降解,促进水体净化^[2-3]。作为水生态系统中的重要组成部分,微生物的物种多样性和群落结构对水体的自净能力起到关键作用。笔者采用16S rRNA高通量测序技术,在相同溶解氧条件下对微纳米气泡曝气和普通气泡曝气体系下水体和底泥中的微生物群落结构进行测定,分析两种曝气方式对水体中微生物群落影响的差异。

1 材料与方法

1.1 实验装置

实验装置如图1所示,由实验缸体、气泡发生器和培养箱组成。

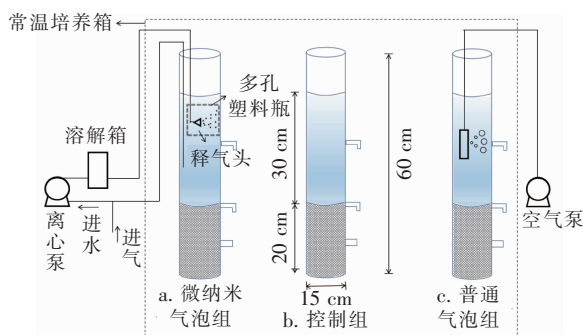


图1 实验装置

Fig.1 Schematics of experimental setup

实验缸体为3组高60 cm、直径15 cm的亚克力缸体,其中水体高30 cm、底泥高20 cm。微纳米气泡发生器由离心泵、溶解箱(100 mL)及释气头组

成。实验缸体内的水和外界空气(吸入流量:3.8 L/min)一同进入离心泵并在溶解箱内加压溶解,通过释气头在水体内减压释放,产生大量的微纳米气泡。为防止微纳米气泡较高的出水流速对底泥造成冲击引起底泥再悬浮从而对水质产生影响,多孔塑料瓶被放置于释气头周围以缓解冲击。普通气泡发生器则由空气泵和曝气头组成,曝气流量为1.1 L/min。为保证水体处理过程中恒温 and 避光,整个实验缸体置于培养箱内。

1.2 实验方法

选取上海市嘉定区某一河道支流的水体和底泥为实验对象,采用溶解氧浓度同步法进行曝气,即向两个培养箱内曝气至溶解氧达到饱和并使其自然下降,当溶解氧下降到1 mg/L时再次进行曝气,保证两个体系水体在同一溶解氧水平的持续时间相等,从而排除溶解氧差异对微生物群落的影响。同时设置一个不曝气的控制组,3组实验均在培养箱中进行,箱内温度保持在 $(25 \pm 1)^\circ\text{C}$ 。为防止藻类大量繁殖而影响微生物的生长,采用避光培养。

1.3 分析项目及方法

对水体内的溶解氧、 COD_{Mn} 、氨氮、总磷等常规指标进行监测(HQ30D便携式溶解氧仪,DR6000多功能水质参数分析仪);污染物几乎降解完全后,对相同溶解氧条件下的微纳米气泡曝气和普通气泡曝气体系中的水体和上层底泥(2 cm)进行高通量测序,分析其微生物群落总量和物种组成。对测序得到的原始数据进行拼接、过滤,从而得到有效数据。以97%的一致性进行OTU聚类,并根据OTU聚类结果,对每个OTU的序列做物种注释,得到对应的物种信息。最后通过多样性分析、降维分析等多种分析方法,探究两种曝气方式对水体中微生物群落结构影响的差异。

2 结果与讨论

2.1 微纳米气泡粒度分布

微纳米气泡曝气5 min后,迅速通过静态光散射和动态光散射两种方法对微纳米气泡在纯水中的

粒度分布进行测定,结果如图2所示。

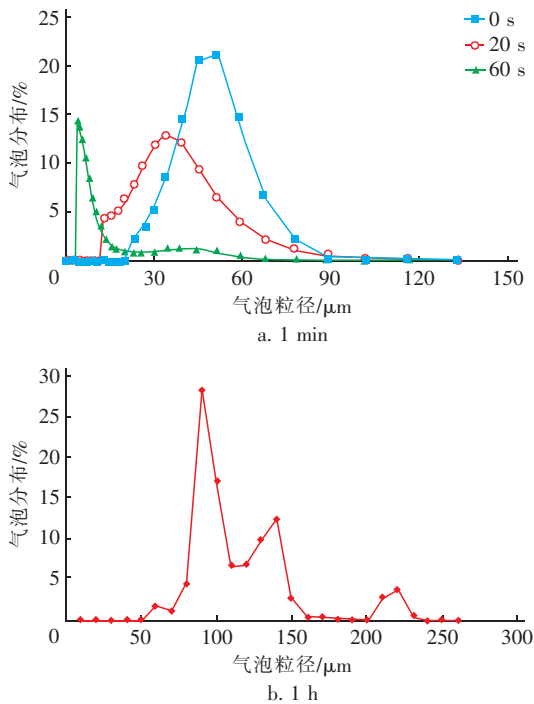


图2 微纳米气泡粒度分布

Fig. 2 Size distribution of micro-nano bubbles

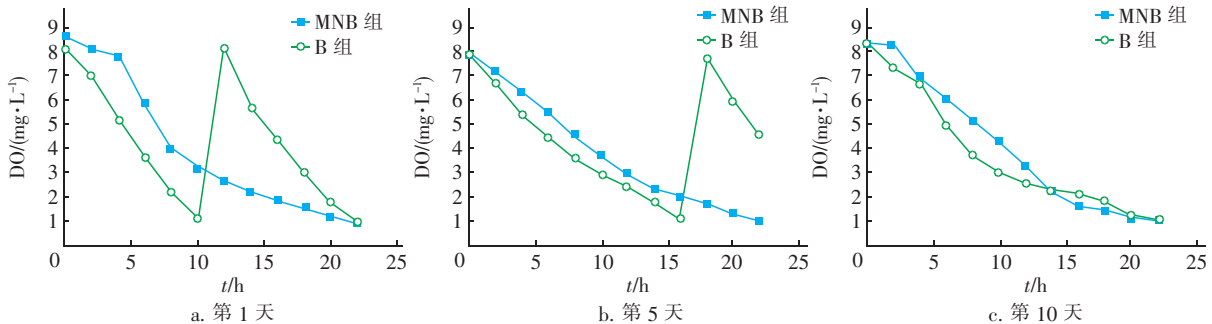


图3 第1、5和10天水体内溶解氧浓度的变化情况

Fig. 3 Change of DO concentration in water on the 1st, 5th and 10th day

由图3可知,在实验初期,微纳米气泡组内的溶解氧在24 h内消耗至1 mg/L,而普通气泡组却在12 h内便已消耗至1 mg/L。随着实验的进行,水体中污染物浓度不断下降,其生化需氧量也不断下降,普通气泡组的溶解氧浓度下降速率不断降低,曝气间隔也由12 h不断增加至24 h,而微纳米气泡组的溶解氧浓度下降速率则一直保持恒定。可见,在相同的溶解氧条件下,微纳米气泡具有更高效的复氧能力和缓释性,纳米气泡长期存在于水中,不断地为水体补充氧气,水体中的溶解氧浓度可长期保持在较高水平。

由图2可知,微米级气泡在1 min内不断收缩,平均粒径从43.89 μm ($\text{CV} = 19.44\%$)下降至31.86 μm ($\text{CV} = 44.18\%$),最终达到了8.36 μm ($\text{CV} = 101.67\%$)。微气泡在很短的时间内就会收缩破裂,并溶解于水中,水体也随之由乳白色变为透明。静置1 h后,依然可以测定到水体中存在的纳米气泡,89%的纳米气泡粒径在200 nm以下。可见,纳米气泡可以长期稳定地存在于水体中,这对水体高效、持久复氧具有重要作用。

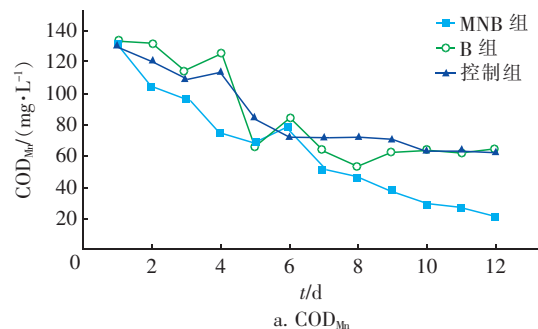
2.2 水质指标的变化

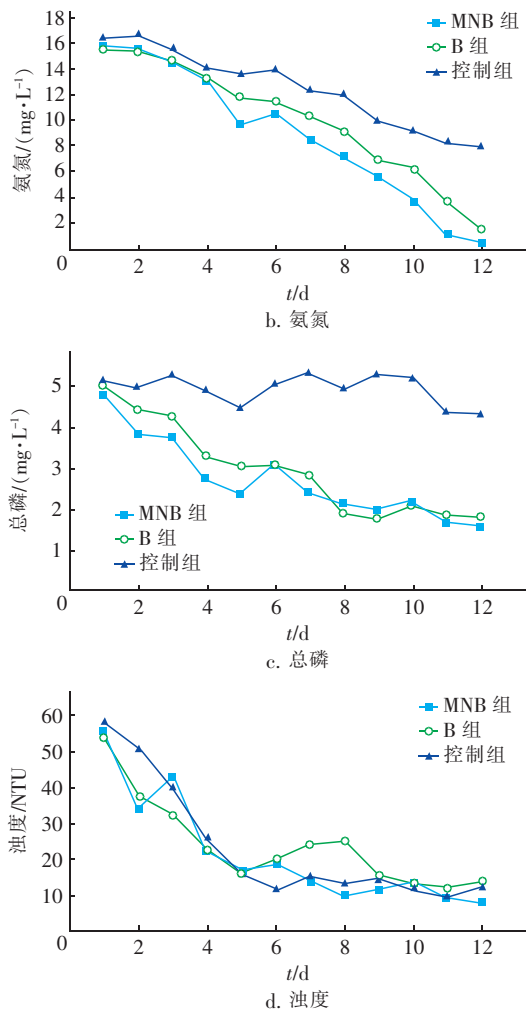
2.2.1 溶解氧水平

为消除溶解氧差异对两个实验组的影响,更好地探究微纳米气泡对水体复氧的高效性及对好氧微生物群落的促进作用,采取溶解氧同步法进行曝气,即在整个实验过程中,两个实验组处于同一溶解氧水平的时间相等。每次通过曝气使两实验组溶解氧浓度均达到8.5 mg/L,当其消耗至1 mg/L以下时再次曝气。图3为两种曝气方式下第1、5和10天水体内溶解氧浓度的变化情况(B组代表普通气泡组,下同)。

2.2.2 污染物指标

对水体中 COD_{Mn} 、氨氮、总磷和浊度变化进行分析,结果如图4所示。



图4 水体中 COD_{Mn} 、氨氮、总磷和浊度的变化Fig. 4 Changes of COD_{Mn} , $\text{NH}_3 - \text{N}$, TP and turbidity in three systems

整体比较,曝气组水体中污染物的降解速率明显高于控制组,尤其是总磷;而在同样的溶解氧浓度条件下,微纳米气泡组的 COD_{Mn} 和氨氮降解速率又高于普通气泡组。可见,曝气可以加快水体中污染物的降解,而在同样的溶解氧条件下,微纳米气泡曝气对污染物降解的促进作用要优于普通气泡曝气。

2.3 微生物群落物种丰富度

对测序序列进行随机抽样,统计其所代表物种数目(OTU 数目),建立稀释曲线,如图5所示。随着随机抽取的测序数不断增加,曲线均趋于平稳,说明该曲线基本上能反映真实环境中微生物的群落结构情况。由稀释曲线可以看出,水体中的微生物物种丰富度整体上要小于底泥内的。经过曝气培养后,普通气泡组水体中的微生物种类进一步丰富,而

微纳米气泡组水体中的微生物物种丰富度却有所降低($P < 0.05$)、底泥中的微生物物种丰富度并无显著变化。

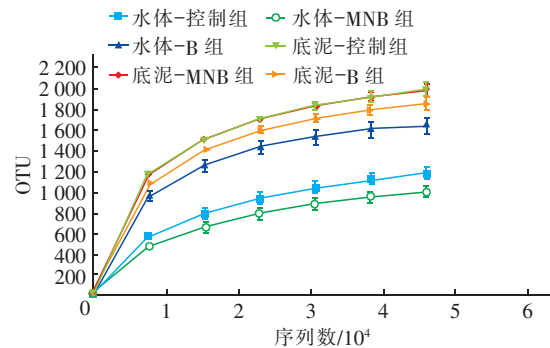


图5 OTU 稀释曲线

Fig. 5 Rarefaction curves of OTU

2.4 微生物群落结构及其差异

2.4.1 门、纲水平的优势微生物群落分布特征

水体及底泥在纲水平上的微生物物种组成如图6所示,选取每个样本在纲水平上最大丰度排名前10的物种,生成物种相对丰度柱形累加图,以便直观显示水体和底泥各样本相对丰度较高的物种及其比例。由于仅选取前10的物种,因此其他物种比例越高,说明该样品内物种组成越丰富。

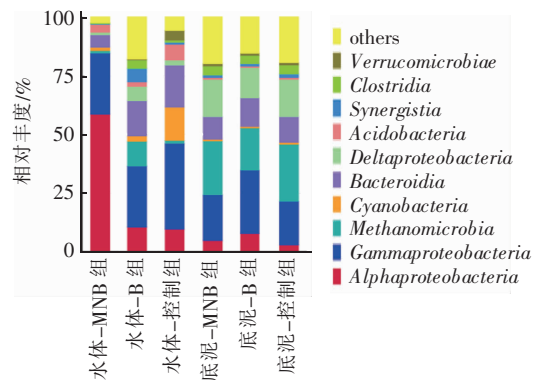


图6 不同系统在纲水平上的微生物物种相对丰度

Fig. 6 Relative abundance of microbial species at class level in different systems

曝气前,水体中的微生物主要由变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、放线菌门(*Actinobacteria*)和蓝藻门(*Cyanobacteria*)等组成。变形菌门内的 γ -变形菌纲(*Gammaproteobacteria*)、 α -变形菌纲(*Alphaproteobacteria*)和 δ -变形菌纲(*Deltaproteobacteria*)分别占据了整体菌落组成的37%、10%和2%。拟杆菌门以拟杆菌纲

(*Bacteroidia*) 为主, 占据了整体菌落组成的 18%。放线菌纲和蓝藻纲分别占据了整体的 7% 和 14%。古菌界主要组成为广古菌门 (*Euryarchaeota*), 其中的甲烷微菌纲 (*Methanomicrobia*) 仅占整体菌落组成的 1%。整体物种相对较为丰富。底泥中的微生物物种由细菌界和古菌界组成, 其中极端严格厌氧型的甲烷微菌纲所占比例较高。

经过普通气泡曝气后, 水体内的微生物物种组成得到了进一步的丰富。变形菌门中的 γ -变形菌纲 (26%)、 α -变形菌纲 (11%) 和拟杆菌门中的拟杆菌纲 (15%) 比例有所下降, 但继续占据主导地位。放线菌纲和蓝藻纲所占比例则由原来的 7% 和 14% 均下降为 2%; 此外还出现了互养菌门 (*Synergistetes*)、绿菌门 (*Chlorobi*) 和螺旋体门 (*Spirochaetes*) 等新的门类, 其中互养菌纲 (*Synergistia*)、绿菌纲 (*Chlorobia*) 和螺旋体纲 (*Spirochaetes*) 分别占整体微生物群落的 6%、4% 和 2%。值得注意的是, 广古菌门中的甲烷微菌纲则由原来的 1% 上升为 10%。而经过微纳米气泡曝气之后, 变形菌门中的 α -变形菌纲占比超过 γ -变形菌纲占比而成为优势菌种, 二者分别占据了整体菌落组成的 59% 和 26%, 拟杆菌纲和放线菌纲占比分别为 5% 和 3%。另外, 经过微纳米气泡曝气培养后, 底泥内的物种组成并无特别显著的变化。

由于微生物采用避光培养, 因此初始水体中的蓝藻纲大量减少。普通气泡曝气组内的微生物物种丰度大量增加; 而微纳米气泡曝气对微生物物种的选择性较强, 水体中形成了以变形菌纲为优势菌种的微生物群落, 底泥中的微生物物种组成并无特别显著的变化。可见, 在没有对底床直接冲击的条件下, 微纳米气泡的作用范围主要在水体, 并没有因为纳米气泡可以长期稳定存在于水体中而活化底泥, 底泥内的微生物群落保持稳定。

2.4.2 属水平的优势微生物群落分布特征

为进一步探究两种曝气方式对微生物群落产生的不同影响, 对水体中属水平的前 18 种优势微生物群落进行分析, 如表 1 所示。可以看出, 微纳米气泡曝气的水体中几乎全部为好氧微生物, 由于其物种丰度较低, 前 18 种微生物占全部微生物的 67.90%; 而普通气泡曝气组的水体中好氧微生物和厌氧微生物比例则无明显差异, 其物种丰度较高, 前 18 种微生物占比为 41.36%。

表 1 两种曝气系统内微生物群落结构分析

Tab. 1 Community structure of microorganism in two

aeration systems

%

项 目	MNB 曝气	普通气泡曝气
<i>Methylocystis</i> (好氧) ^[4]	31.42	0.62
<i>Reyranella</i> (好氧) ^[5]	16.53	0.27
<i>Methylothera</i> (好氧) ^[4]	6.52	0.54
<i>Acidovorax</i> (好氧)	4.68	9.06
<i>Novosphingobium</i> (好氧) ^[6]	3.09	0.53
<i>Cyanobacteria</i> (好氧) ^[4]	1.36	2.37
<i>Methanosaeta</i> (厌氧) ^[7]	1.04	4.29
<i>Flavobacterium</i> (好氧)	1.04	0.70
<i>Malikia</i> (好氧)	0.82	4.40
<i>Candidatus_Aquiescens</i> (好氧)	0.32	0.55
<i>Hydrogenophaga</i> (好氧) ^[4]	0.29	1.52
<i>Dechloromonas</i> (兼性厌氧) ^[8]	0.26	0.36
<i>Smithella</i> (厌氧) ^[9]	0.19	1.48
<i>Methyloparacoccus</i> (好氧) ^[4]	0.16	1.03
<i>Syntrophus</i> (厌氧) ^[4]	0.11	0.48
<i>Rikenella</i> (厌氧) ^[4]	0.05	9.00
<i>Methanospirillum</i> (厌氧) ^[10]	0.02	4.15
好氧微生物	66.22	21.60
厌氧微生物	1.68	19.76

在同样的溶解氧水平下, 微纳米气泡曝气对微生物有更强的选择性, 几乎可以完全抑制厌氧微生物在水体中的生长, 使好氧微生物成为优势菌种。好氧微生物对水体中污染物, 尤其是 COD_{Mn} 和氨氮的净化能力要远远高于厌氧微生物, 因此水体中 COD_{Mn} 和氨氮的降解速率更快, 总磷的降解速率则差异不大。

2.4.3 主成分分析 (PCA)

对水体和底泥内的微生物群落组成进行主成分分析, 基于 OTU 水平对数据进行降维, 提取出能够最大程度反映样本间差异的两个坐标轴, 结果如图 7 所示。

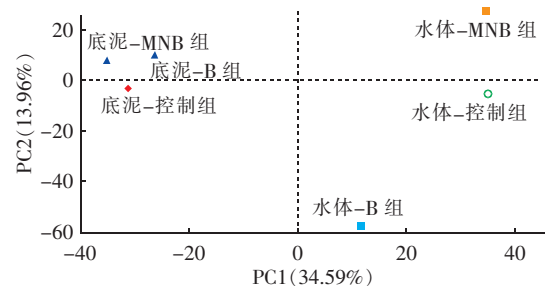


图 7 微生物群落结构主成分分析

Fig. 7 Principal component analysis of microbial community

由图7可见,经过曝气培养后,水体内的微生物群落组成出现了明显的分化,而底泥中的微生物群落却变化不大,这进一步证明了短期内微纳米气泡的作用范围主要为水体,很难对底泥产生显著影响。

3 结论

① 微纳米气泡具有较高的气液传质速率,纳米气泡在水体中的长期稳定存在使其具有缓释性和高效复氧性,可以使水体中的溶解氧浓度长期保持在较高水平。

② 在相同的溶解氧浓度水平下,微纳米气泡曝气对微生物具有更强的选择性,几乎可以完全抑制厌氧微生物在水体中的生长,使好氧微生物成为优势菌种,而好氧微生物对水体的净化能力要远远高于厌氧微生物。

③ 微纳米气泡曝气可以加快水体中有机污染物的降解,在相同溶解氧浓度水平下的降解速率要高于普通气泡曝气,其主要原因为微生物物种组成的专一好氧性,但也不能排除微纳米气泡产生自由基的氧化作用。

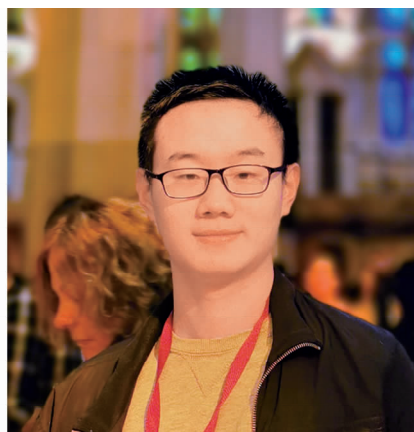
④ 在没有对底床直接冲击的条件下,微纳米气泡的作用范围主要在水体,其对底泥内污染物质的释放及矿化等影响仍需进一步研究。

参考文献:

- [1] 杨强,沈旭,唐伟,等. 微纳米气泡改善杭州城市河道水生态环境的工程应用研究[J]. 环境科学与管理, 2014,39(9):76-79.
- Yang Qiang, Shen Xu, Tang Wei, et al. Study on improving water ecological environment of Hangzhou urban river with micro-nano bubble technology [J]. Environmental Science and Management, 2014, 39(9): 76-79 (in Chinese).
- [2] Agarwal A, Ng W J, Liu Y. Principle and applications of microbubble and nanobubble technology for water treatment [J]. Chemosphere, 2011, 84(9): 1175-1180.
- [3] Sun Y, Wang S, Niu J. Microbial community evolution of black and stinking rivers during in situ remediation through micro-nano bubble and submerged resin floating bed technology [J]. Bioresour Technol, 2018, 258: 187-194.
- [4] Whitman W B, Rainey F, Kämpfer P, et al. Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria[M].

Chichester, UK: John Wiley & Sons Ltd., 2015.

- [5] Cui Y, Chun S J, Ko S R, et al. *Reyranella aquatilis* sp. nov., an alphaproteobacterium isolated from a eutrophic lake [J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2017, 67(9): 3496-3500.
- [6] Takeuchi M, Hamana K, Hiraishi A. Proposal of the genus *Sphingomonas sensu stricto* and three new genera, *Sphingobium*, *Novosphingobium* and *Sphingopyxis*, on the basis of phylogenetic and chemotaxonomic analyses [J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2001, 51(Pt 4): 1405-1417.
- [7] Ma K, Liu X, Dong X. *Methanosaeta harundinacea* sp. nov., a novel acetate-scavenging methanogen isolated from a UASB reactor [J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2006, 56(Pt 1): 127-131.
- [8] Mellroy S J, Starnawska A, Starnawski P, et al. Identification of active denitrifiers in full-scale nutrient removal wastewater treatment systems [J]. Environ Microbiol, 2016, 18(1): 50-64.
- [9] Ariesyady H D, Ito T, Yoshiguchi K, et al. Phylogenetic and functional diversity of propionate-oxidizing bacteria in an anaerobic digester sludge [J]. Appl Microbiol Biotechnol, 2007, 75(3): 673-683.
- [10] Parshina S N, Ermakova A V, Bomberg M, et al. *Methanospirillum stamsii* sp. nov., a psychrotolerant, hydrogenotrophic, methanogenic archaeon isolated from an anaerobic expanded granular sludge bed bioreactor operated at low temperature [J]. Int J Syst Evol Microbiol, 2014, 64(Pt 1): 180-186.



作者简介:王硕(1994-),男,山东菏泽人,同济大学-巴黎高科双学位硕士研究生,研究方向为水处理。

E-mail: shuo.wang@eleves.enpc.fr

收稿日期:2019-11-10