

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2025.15.018

高盐低pH对*Candida*生物强化处理蜜饯废水的影响

朱文强^{1,2}, 温学哲^{1,2}, 林华丽^{1,2}, 崔亮², 董纯明^{1,2}, 邵宗泽^{1,2},
王勇²

(1. 福州大学 先进制造学院, 福建 晋江 362251; 2. 自然资源部第三海洋研究所 海洋生物遗传资源重点实验室, 福建 厦门 361005)

摘要: 蜜饯废水是典型的酸性高盐废水,在实际处理中常需要加水稀释以降低盐度、加碱以调节pH,导致处理成本偏高。为此,利用序批式生物膜反应器(SBBR),以能在酸性高盐条件下生长良好并可提升废水pH的酵母菌*Candida*作为生物强化剂处理蜜饯废水,探讨不同pH和盐度条件下反应器的运行效能和微生物群落结构变化。结果表明,在3.5%盐度下,当初始pH=4.0时SBBR表现最佳,蜜饯废水经处理后pH升至6.0以上,COD、TIN、TP去除率分别可达到83.2%、72.2%、98.7%。在不同的初始pH条件下SBBR中形成独特的微生物群落结构,其中R1(pH=4.0,盐度=5.0%)和R4(pH=4.0,盐度=3.5%)中的优势菌属均为*Pseudoceanicola*和*Candida*,R2(pH=2.6,盐度=3.5%)中的优势菌属为*Acidovorax*和*Zygoascus*,R3(pH=3.3,盐度=3.5%)中的优势菌属为*Oceanobacillus*、*Vibrio*和*Candida*。环境因子关联性分析结果表明,pH是影响微生物群落结构的关键因素,盐度的增加则影响较小。物种相互作用网络揭示了细菌网络中*Oceanobacillus*和真菌网络中*Rhodotorula*的关键作用,在酸性高盐环境下细菌网络中共生和互惠是主要关系,而真菌网络中捕食和竞争是主要关系。

关键词: 蜜饯废水; 酸性高盐; *Candida*; 生物强化; 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(2025)15-0125-10

Impact of High Salinity and Low pH on *Candida* Bioaugmentation for Candied Fruit Wastewater Treatment

ZHU Wen-qiang^{1,2}, WEN Xue-zhe^{1,2}, LIN Hua-li^{1,2}, CUI Liang²,
DONG Chun-ming^{1,2}, SHAO Zong-ze^{1,2}, WANG Yong²

(1. School of Advanced Manufacturing, Fuzhou University, Jinjiang 362251, China; 2. Key Laboratory of Marine Biogenetic Resources, Third Institute of Oceanography <Ministry of Natural Resources>, Xiamen 361005, China)

Abstract: Candied fruit wastewater represents a typical acidic and high salinity effluent. In practical treatment processes, it is commonly required to dilute the wastewater to decrease salinity and add alkali for pH adjustment, both of which contribute to relatively high treatment costs. In this study, a sequencing batch biofilm reactor (SBBR) was employed, and *Candida*, a yeast capable of thriving under high salinity and acid conditions while effectively increasing the pH of wastewater, was utilized as a bioaugmentation agent for the treatment of candied fruit wastewater. The performance of the reactor and

基金项目: 福建省科技计划项目(2022Y0069); 中国大洋矿产资源研究开发协会项目(42030412)

通信作者: 王勇 E-mail: wangyong@tio.org.cn

the change in microbial community structure under varying pH and salinity conditions were systematically investigated. At the salinity of 3.5%, SBBR system achieved optimal performance when the initial pH was set to 4.0. Following treatment, the pH of wastewater increased to above 6.0, while the removal efficiencies of COD, TIN, and TP reached 83.2%, 72.2%, and 98.7%, respectively. Under varying initial pH conditions, distinct microbial community structures were formed in the SBBR. Specifically, in R1 (pH 4.0 and salinity 5.0%) and R4 (pH 4.0 and salinity 3.5%), the dominant genera were both *Pseudooceanicola* and *Candida*. In R2 (pH 2.6 and salinity 3.5%), the dominant genera were *Acidovorax* and *Zygoascus*, while in R3 (pH 3.3 and salinity 3.5%), the dominant genera included *Oceanobacillus*, *Vibrio*, and *Candida*. The correlation analysis of environmental factors indicated that pH was the predominant factor affecting the structure of microbial communities, whereas the increase in salinity exerted a relatively minor influence. The species interaction network highlighted the pivotal roles of *Oceanobacillus* within the bacterial network and *Rhodotorula* within the fungal network. In the acidic and high salinity environment, symbiosis and reciprocity predominantly drove interactions in the bacterial network, whereas predation and competition were the primary relationships shaping the fungal network.

Key words: candied fruit wastewater; acidity and high salinity; *Candida*; bioaugmentation; microbial community structure

蜜饯生产在腌渍漂洗过程中产生大量废水,具有高盐度(3%~5%)、高COD(6 000~20 000 mg/L)、高C/N值、水质呈酸性(pH=2.5~4.0)的特点^[1-2]。若未经有效处理而排放,不仅污染水体、危害水生生物,甚至可能破坏当地生态系统^[3]。与物化处理方法相比,生物处理方法具有成本低、处理水量大、处理效果好、易于实施等优点,因此在实际工程中生物法是蜜饯废水处理的首选方法^[4-5],但多数蜜饯废水处理工艺需要将废水pH调节至中性,药剂成本高,而且可能会引入其他污染物^[6-7]。

在生物处理过程中,高盐度会增加水的密度,从而影响活性污泥沉降性能,同时破坏微生物细胞内外渗透压平衡,降低酶活性,甚至引起微生物脱水 and 死亡^[5]。如果通过加水稀释降低废水盐度,会导致处理水量成倍增加,池容相应增大,处理成本显著提高。此外,较低的pH会降低微生物丰度,抑制生化反应^[8]。调节pH需要消耗大量药剂,而多种蜜饯废水(如金桔、李子、杨梅废水)在pH升高后会产生凝胶状物质而导致废水黏稠,为后续混凝处理及曝气充氧带来困难^[9]。蜜饯废水的酸性pH由酸性有机物(如果酸和柠檬酸)、无机酸(如焦亚硫酸钠)共同作用形成,酸性有机物的降解可以实现废水pH的提升和COD浓度的降低。鉴于此,笔者提出投加耐盐耐酸菌剂,以期在不加碱、不稀释情况

下实现高盐酸性废水的高效处理,目前关于此种方法在酸性高盐废水处理中的应用鲜有报道。该研究采用序批式生物膜反应器(SBBR),在盐度分别为3.5%和5.0%,进水初始pH分别为2.6、3.3和4.0的条件下接种*Candida*菌剂,挂膜完成后考察污染物去除性能和微生物群落结构变化。

1 材料与方法

1.1 实验装置

采用4个SBBR在不同盐度和初始pH下开展实验,具体如下:R1(pH=4.0,盐度=5.0%)、R2(pH=2.6,盐度=3.5%)、R3(pH=3.3,盐度=3.5%)、R4(pH=4.0,盐度=3.5%)。SBBR反应器为圆柱形,直径为10 cm,高度为30 cm,有效容积为2 L;底部设有曝气头,曝气头上部放置边长为1.5 cm的立方体聚氨酯填料,填料体积约占反应器有效容积的30%。SBBR运行周期为48 h,包括进水0.25 h、曝气47.5 h、沉降0.25 h、排水。进水阶段从反应器顶部缓慢加入1.5 L新鲜蜜饯废水,处理过程中DO浓度保持在5 mg/L以上。

1.2 废水来源和*Candida*接种液

蜜饯废水取自广东省揭阳市某李子加工厂的污水储备池,其COD、TN、 NH_4^+-N 、 NO_3^--N 、 NO_2^--N 、TP均值分别为(12 000±2 000)、(211±28)、(138±21)、(71±18)、0、(20±5) mg/L,盐度为3%~5%(以

NaCl计的盐度为30~50 g/L), pH在2.6~4.0之间波动(以3.3居多)。不同批次废水水质变化较大,现场调节池内的盐度一般控制在3.5%以下。因此该研究在3.5%盐度下考察不同pH的影响,同时研究5.0%盐度条件下反应器的运行效果。将原废水作为R1进水,调节pH至4.0,保持5.0%的盐度,记作进水1;将原废水稀释到70%左右使盐度降至3.5%,记作进水2,然后调节pH分别为2.6、3.3和4.0左右,分别作为R2、R3、R4的进水。调节pH所用试剂为H₂SO₄和NaOH溶液。

该研究使用的酵母菌Candida筛自某蜜饯废水处理厂的调节池,其在酸性高盐条件下具有较强的存活能力和较高的生长速率。将Candida的发酵液接种至SBBR,室温条件下运行一周完成挂膜,肉眼可见聚氨酯填料表面布满白色菌体。

1.3 DNA提取和扩增子测序

在每个实验阶段结束后,取40 mL水样及若干填料,振荡摇晃使填料上的污泥脱落,离心收集污泥样品。总DNA采用OMEGA试剂盒E. Z. N. A.® Soil DNA Kit进行提取。细菌16S rRNA基因的V3-V4区采用引物338 F和806 R进行扩增,真菌ITS 1区采用引物ITS 1F和ITS 2R进行扩增。

聚合酶链式反应(PCR)扩增参数如下:在95℃预变性3 min,在95℃变性30 s,在55℃退火30 s,在72℃延伸30 s,重复27个循环,最后在72℃稳定延伸10 min,于4℃下保存。样品委托上海美吉生物医药科技有限公司在Illumina PE300平台进行测序。

1.4 水质分析方法

每隔2 d从SBBR的进出水取样10 mL,经0.22 μm醋酸纤维滤膜过滤。COD、NH₄⁺-N、NO₂⁻-N、NO₃⁻-N、TP均采用国家标准方法测定;总无机氮(TIN)为NH₄⁺-N、NO₂⁻-N、NO₃⁻-N之和;DO采用溶氧仪测定;pH采用pH计测定;盐度采用便携式电导率仪测定。

2 结果与讨论

2.1 SBBR对蜜饯废水的处理效果

4个SBBR反应器处理蜜饯废水过程中pH的动态变化见图1。反应器R1~R4的ΔpH(出水pH与进水pH之差)分别为1.91±0.24、0.17±0.19、0.56±0.39、2.20±0.21;初始pH越高,出水pH提升越大;

当初始pH=4.0时,出水pH稳定在6.0左右,并且盐度提升对出水pH的影响较小。这表明生物强化后的反应器能够抵抗酸性环境的影响,在3.5%~5%的盐度下实现了稳定的pH提升,这有利于减少药剂投加量,降低运行成本。未加入硫酸时,pH的迅速升高可能是因为酸性有机物被降解而自然提升,然而加入硫酸使初始pH<4.0时,出水pH提升不明显,无法升至近中性,这可能是因为微生物降解无法消耗硫酸,强酸环境也影响微生物的活性,致使pH上升较慢。

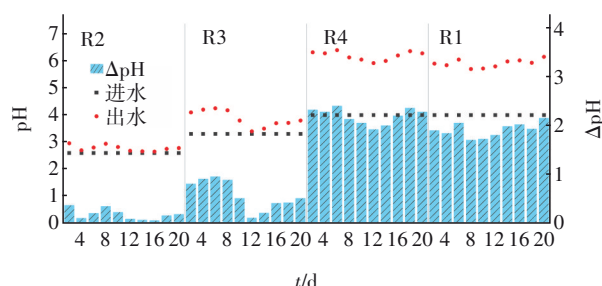


图1 各反应器运行期间的pH变化

Fig.1 Variation of pH during operation of each reactor

4个SBBR反应器对蜜饯废水中COD、TIN和TP的去除效果见图2。由图2(a)可知,在3.5%的盐度下,反应器R2、R3、R4运行6 d后对COD的去除率分别升至50.1%、61.1%、83.2%,运行10 d后趋于稳定,pH变化对COD去除效果的影响较大。图2(b)显示,TIN的去除率变化趋势与COD基本一致。图2(c)显示,TP的去除率变化趋势与COD和TIN略有不同,呈现先升高后降低的趋势,10 d后保持相对稳定。综上所述,在3.5%的盐度下,反应器运行10 d后可以实现稳定运行,进水pH越高,反应器的处理效能越好。低pH抑制了反应器对COD、TIN和TP的去除能力,此时菌株酶活性和生物膜结构完整性下降,这是导致污染物去除率降低的重要因素^[10]。当pH=4.0时,对比R1(pH=4.0,盐度=5.0%)和R4(pH=4.0,盐度=3.5%)可以发现,两个反应器达到稳定状态所需时间几乎一致,但R1前期对COD、TIN、TP的去除率较低,启动速度更慢,各项指标的去除率均低于R4。考虑到R1的有机负荷较高,实际去除的有机物量要高于R4,因此在pH=4.0的情况下,经生物强化后的反应器可以耐受5.0%的盐度并发挥良好的处理效能。

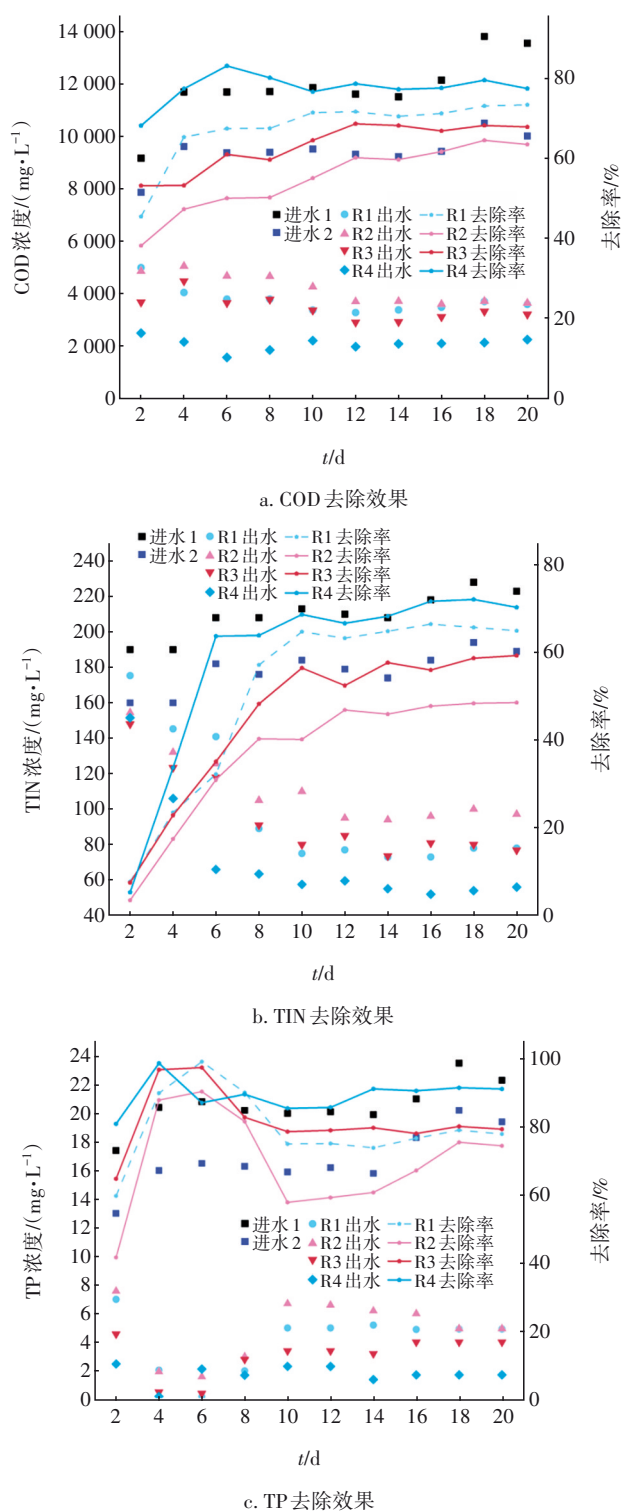


图2 SBBR对COD、TIN、TP的去除效果

Fig.2 Removal efficiencies of COD, TIN and TP by SBBR

综上,在初始pH为2.6~4.0、盐度为3.5%~5.0%的条件下,各反应器的启动时间均在10 d左右,能够快速启动并提升pH,污染物去除率随着pH的升高而升高,随着盐度的升高而降低。该研究结

果证实了在高盐低pH条件下采用*Candida*进行生物强化,无需对废水进行稀释也可以实现碳、氮、磷的高效去除,同时实现pH的提升。在实际处理中,废水的设计停留时间一般大于2 d,因此可以达到更高的污染物去除率;另外,先去除大量有机物后再投加片碱,可以缓解废水发黏的情况,有利于减少曝气量和污泥量,从而降低废水处理成本。

2.2 pH对微生物丰富度和多样性的影响

为获取SBBR系统中的微生物群落信息,采用Illumina MiSeq测序平台对生物膜样品进行分析。R1、R2、R3、R4和RS(原废水)样本的微生物有效序列分别被分类为128、356、156、187和970个操作分类单位(ASVs),如表1所示。Ace和Chao指数可以指示微生物群落的丰富度,Shannon和Simpson指数可以指示微生物群落的多样性。

表1 各反应器中微生物的Alpha多样性

Tab.1 Alpha diversity of microorganisms in each reactor

项目	样本	ASVs	Ace	Chao	Shannon	Simpson	Coverage
细菌	R1	110	129.69	140.00	2.59	0.15	0.998 8
	R2	347	386.98	383.16	3.00	0.11	0.996 1
	R3	135	157.43	148.54	2.73	0.14	0.998 5
	R4	166	192.48	185.08	2.99	0.11	0.998 2
	RS	948	1 144.30	1 125.67	4.57	0.05	0.985 7
真菌	R1	18	19.79	18.50	1.17	0.39	0.999 9
	R2	9	0.00	12.00	0.18	0.93	0.999 9
	R3	21	21.00	21.00	1.63	0.27	1.000 0
	R4	21	21.42	21.00	2.01	0.18	1.000 0
	RS	22	23.08	22.20	1.37	0.30	0.999 9

除原废水样本RS外,其余样本序列的覆盖率均大于0.99,表明所获得的序列足以覆盖大多数微生物菌属。RS细菌群落的Chao指数为1 125.67, R1~R4分别降为140.00、383.16、148.54、185.08; RS真菌群落的Chao指数为22.20, R1~R4分别降为18.50、12.00、21.00、21.00。结果表明,pH最低时细菌丰富度最高,真菌丰富度最低,随着pH升高,细菌丰富度先降低后升高,真菌丰富度逐渐升高。同时,不同SBBR中细菌的Chao指数均高于真菌,说明细菌的丰富度高于真菌。细菌群落的Shannon指数在R1~R4中从初始的4.57分别降至2.59、3.00、2.73、2.99。真菌群落的Shannon指数在R1~R4中从初始的1.37分别变为1.17、0.18、1.63、2.01。这

说明,原废水中的大部分细菌和真菌不适应高盐强酸环境,在处理过程中大部分被淘汰。

基于维恩图分析了盐度为3.5%时不同SBBR中ASVs水平的微生物差异和相似性,结果如图3所示。不同SBBR中共有的细菌ASVs(2个)所属为*Oceanobacillus*、*Acidovorax*,共有的真菌ASVs(3个)所属为*Candida*、*Kazachstania*。原废水中细菌和真菌的特有ASVs数目分别为853和14。在R2、R3和R4反应器中,独特细菌ASVs数目分别为288、73、118;独特真菌ASVs数目分别为2、5、9。这说明不同SBBR中形成了独特的微生物群落结构。

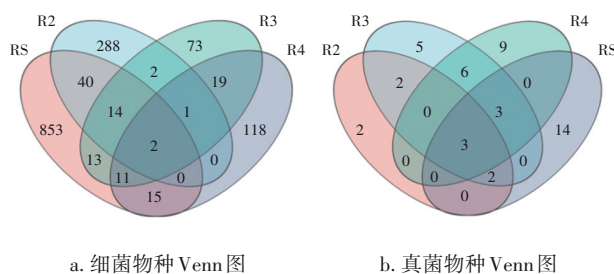


图3 不同反应器中细菌和真菌的共有与特有ASVs

Fig.3 Shared and unique ASVs of bacteria and fungi in different reactors

2.3 pH对微生物群落组成的影响

微生物群落在门水平上的分布与组成见图4。在门水平上,SBBR中细菌主要包括*Proteobacteria*、*Firmicutes*、*Bacteroidota*,真菌主要包括*Ascomycota*和*Basidiomycota*。*Proteobacteria*最常出现在高浓度工业废水处理系统中,*Proteobacteria*的优势地位可以使得系统对氨氮保持高效且稳定的去除效果^[11]。*Bacteroidetes*被认为是海洋环境中最丰富的异养细菌之一,在有机物的降解中起着关键作用^[12],而在该研究中*Bacteroidota*不能适应pH<4.0的酸性环境,在pH=4.0时*Bacteroidota*的相对丰度达到最大,系统对COD的去除率提升可能是*Bacteroidetes*丰度升高引起的。*Firmicutes*在pH=3.3时相对丰度达到最大,这可能与厚壁菌门的特性有关,厚壁菌门可以产生内孢子以抵御极端环境的威胁,大量的有机物可能会促进*Firmicutes*的生长,而*Firmicutes*中许多细菌都具有分解污染物的能力^[13]。在该研究中,*Ascomycota*是丰度最大的真菌门,其是好氧真菌,分布广泛,对不良环境适应性较强^[14];*Ascomycota*的相对丰度随pH的升高而降低,这表明*Ascomycota*更适应酸性环境。

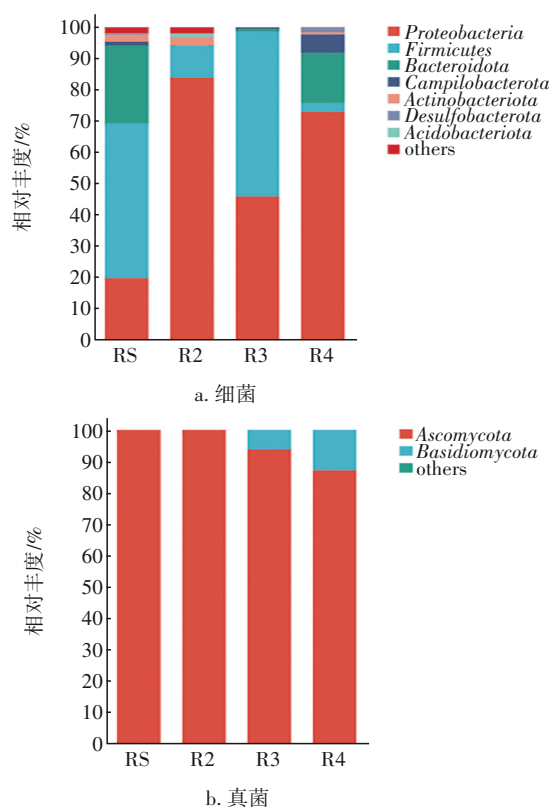


图4 不同反应器中门水平微生物群落结构

Fig.4 Microbial community structure at phylum level in different reactors

图5为纲水平微生物群落结构。R2、R3、R4中的主要优势细菌分别为*Gammaproteobacteria*、*Bacilli*、*Alphaproteobacteria*。在R2、R3、R4中,*Bacilli*的相对丰度分别为8.79%、52.76%和0.52%,这表明*Bacilli*在酸性环境下富集,同时适应的pH范围较小,仅在pH为3.3时占优势。在R2、R3、R4中,作为各反应器中最丰富的变形菌门中的两个纲,*Gammaproteobacteria*和*Alphaproteobacteria*呈现不同的变化趋势,随着pH的增加,*Gammaproteobacteria*的相对丰度逐渐降低,而*Alphaproteobacteria*的相对丰度则先降低后升高。*Alphaproteobacteria*是一种需氧或兼性细菌,包含能够降解有机物的异养菌和化能自养菌,通常在废水处理的生物膜中占据主导地位,其与*Gammaproteobacteria*在高盐条件下共同参与有机物氧化和氮转化过程^[15]。但该研究发现,当pH<4.0时,*Alphaproteobacteria*失去优势地位,这可能是污染物降解率下降的原因之一。所有样本中鉴定出的真菌纲为*Saccharomycetes*、*Microbotryomycetes*、*Eurotiomycetes*,随着pH的升高,*Eurotiomycetes*的相对丰度基本不变,*Saccharomycetes*的相对丰度逐渐

降低,而 *Microbotryomycetes* 的相对丰度逐渐升高,群落结构的多样性有助于微生物形成复杂的共生关系。

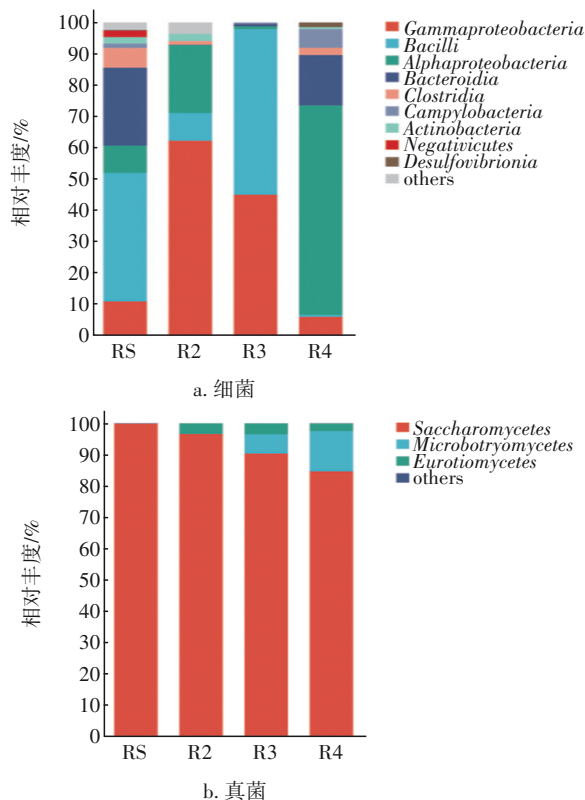


图5 不同反应器中纲水平微生物群落结构

Fig.5 Microbial community structure at class level in different reactors

进一步使用 Circos 图对属水平上的微生物群落组成进行描述,结果见图6。不同进水 pH 的 3 组 SBBR 中细菌群落结构均发生了明显变化,原废水中大部分细菌被淘汰。R2 中的优势属为 *Acidovorax*, 占比达到 46.90%, *Acidovorax* 可参与废水中复杂有机物的降解,同时具有高效的脱氮除磷能力^[16],在中性条件下使用材料固定化后,可以提高对污染物的降解效率。R3 中的优势属为 *Oceanobacillus*, 占比为 45.98%, 该菌在高盐条件下具有降解复杂有机物的能力^[17]。R4 中的优势属为 *Pseudooceanicola*, 占比达到了 29.05%, *Pseudooceanicola* 可以提高微生物对氮和磷的去除率,加速抗生素和重金属的去除^[18]。3 组反应器中的优势细菌各不相同,并且在其他反应器中几乎检测不到,这说明不同 pH 构建了差异显著的细菌生态结构,这种差异可能会影响对废水的处理效果。

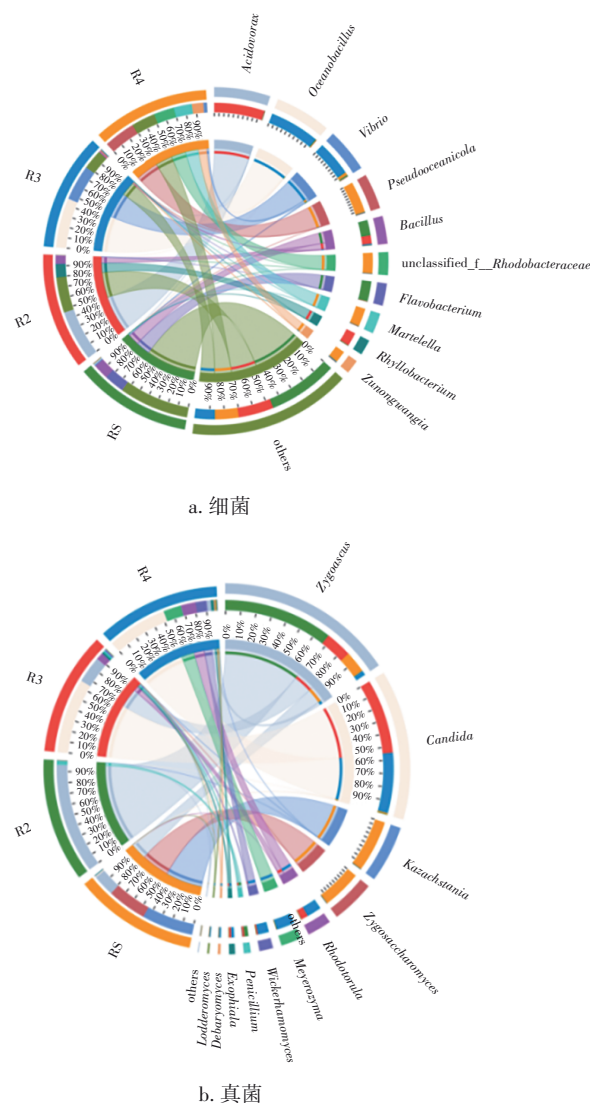


图6 不同反应器中属水平微生物群落的 Circos 图

Fig.6 Circos plot of microbial communities at genus level in different reactors

3 组 SBBR 的真菌群落结构也发生了明显变化,原废水中的 *Kazachstania* 和 *Zygosaccharomyces* 在 3 组反应器中几乎检测不到。R2 中的优势属为 *Zygosaccharomyces*, 在 R2、R3、R4 中的占比分别为 96.42%、23.46% 和 3.82%; R3 和 R4 的优势属均为 *Candida*, 在 R2、R3、R4 中的占比分别为 0.12%、65.40% 和 52.74%。这说明当 pH 为 2.6 时, *Zygosaccharomyces* 更能占据主要生态位,而投加的 *Candida* 则更适应 pH≥3.3 的酸性废水环境。此外,真菌种类随着 pH 的升高而升高,这说明酸性抑制了微生物多样性,当 pH 提升至 4.0 时,真菌多样性最高,同时污染物降解率达到最高。 *Zygosaccharomyces* 可以耐受较低 pH 和 6.0% 以下

的盐度,但常规污水处理一般在中性条件下,因此在污水处理中的相关报道较少^[19]。研究人员已证明,*Candida*与活性污泥系统进行耦合可以实现碳、氮、磷的同时高效去除^[20],接种至UASB反应器中可以处理高浓度有机废水^[21],但在酸性高盐废水中的应用则鲜有报道。在之前报道的酵母菌生物强化处理高盐废水研究中,*Meyerozyma*作为酵母菌添加剂获得了较好的强化处理效果^[3],但在本研究只出现在R4中,占比为15.86%,这表明*Candida*更能适应酸性高盐环境,能在蜜饯废水处理中成为优势菌株并发挥良好作用。

2.4 盐度提高对微生物群落的影响

相较于pH改变造成的微生物群落结构差异,盐度提升对微生物群落结构的影响较小。由表1可知,当进水pH维持在4.0,盐度从R4的3.5%升至R1的5.0%时,物种丰富度和多样性都有所下降。R1与R4共有细菌ASVs为46个,共有真菌ASVs为10个。

基于Heatmap图对属水平上细菌和真菌群落结构进行描述,结果见图7。

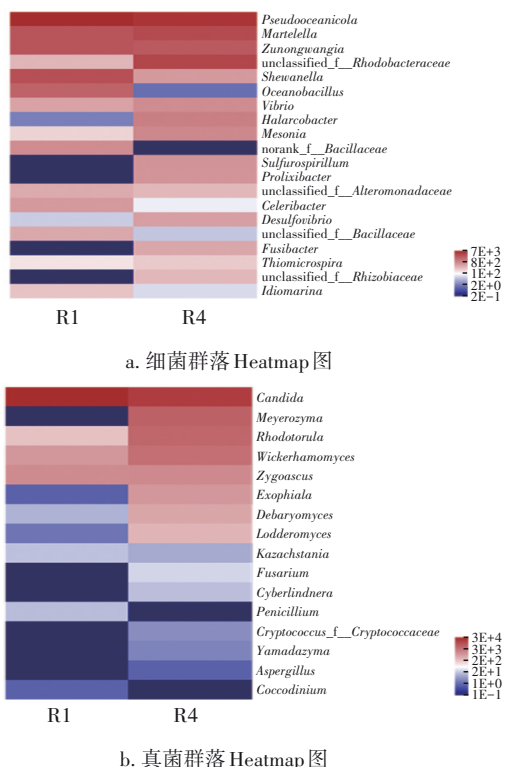


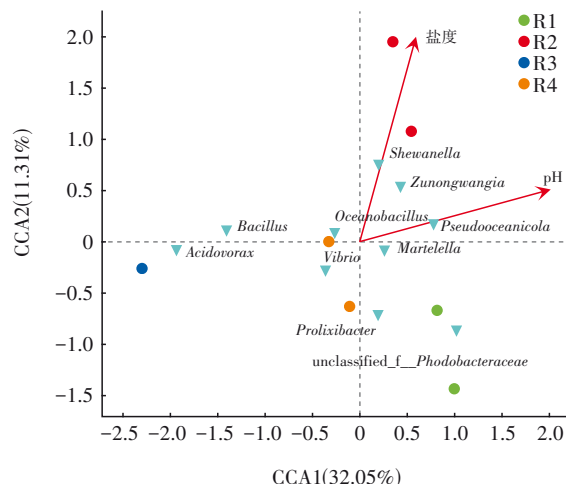
图7 盐度对属水平上微生物群落结构的影响

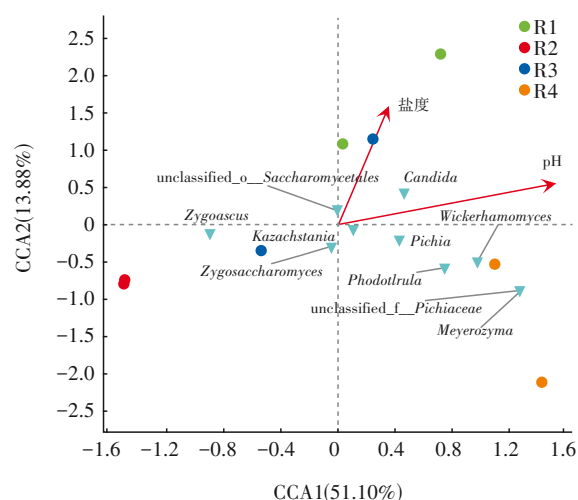
Fig.7 Effect of salinity on microbial community structure at genus level

从图7可以看出,即使盐度从3.5%升至5%,*Pseudoceanicola* (29.1%~38.8%)、*Marteella* (16.7%~12.7%)、*Zunongwangia* (10.7%~12.5%)在反应器中仍然是优势菌属,盐度升高没有影响主要优势菌属的显著变化。*Marteella*是耐盐菌株,Wang等^[22]在3%盐度下将*Marteella* sp. AD-3加入活性污泥中进行生物强化,获得了优异的多环芳烃降解性能。但在该实验中,*Marteella*在盐度提升后相对丰度下降,这可能是营养竞争的缘故。盐度提升后,R1中*Pseudoceanicola*、*Shewanella*、*Oceanobacillus*、*Celeribacter*的相对丰度提升,表明这些菌株有较强的耐盐性。此外,在R1和R4中,用于生物强化的*Candida*均占据优势地位,且提高盐度后*Candida*的相对丰度显著增加,由52.7%升至93.0%,这表明*Candida*可耐受5.0%盐度并保持较高处理效率。

2.5 微生物群落与环境因子的相关性分析

如图8所示,为了探究环境因子对微生物群落的影响,在微生物的属水平上评价进水pH、盐度、COD、TN与细菌微生物群落的相关性,通过方差膨胀因子(VIF)分析,筛选去除共线性较强(VIF>5)的环境因子,最终只保留pH和盐度作为重要环境变量,用于后续的典范对应性分析(CCA)。pH($r^2=0.9342$, $p=0.009$)及盐度($r^2=0.8834$, $p=0.05$)与细菌群落结构具有显著相关性。此外,pH($r^2=0.8594$, $p=0.009$)与真菌群落结构具有显著相关性,而盐度($r^2=0.5765$, $p=0.141$)与真菌群落结构相关性较小。综上,在蜜饯废水处理中,pH与盐度共同决定了反应器的微生物群落结构,但盐度对真菌群落结构影响较小。





b. 真菌群落与环境因子的相关性

图8 微生物群落与环境因子的相关性分析

Fig.8 Correlation analysis of microbial community and environmental factors

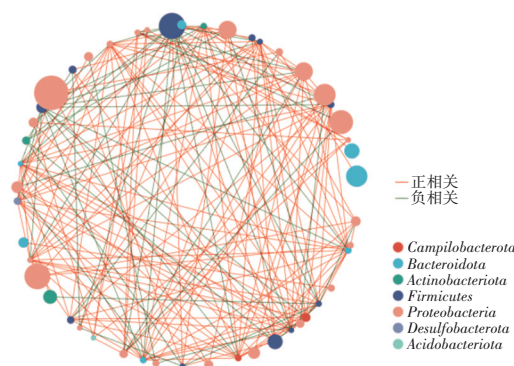
在细菌群落中,R2的优势属 *Acidovorax* 以及 R3的优势属 *Oceanobacillus*、*Vibrio* 与 pH 和盐度呈负相关,R1与R4的优势属 *Pseudooceanicola* 与 pH 和盐度呈正相关。在真菌群落中,R2的优势属 *Zygoascus* 与 pH 和盐度呈负相关,而用于生物强化的 *Candida* 是 R1、R3、R4 的优势属,与 pH 和盐度呈正相关。以上结果表明, *Candida* 具有良好的抗冲击能力,能够在酸性高盐条件下良好生长,这对于提高生物系统的处理效率和运行稳定性至关重要。

2.6 相关性网络分析

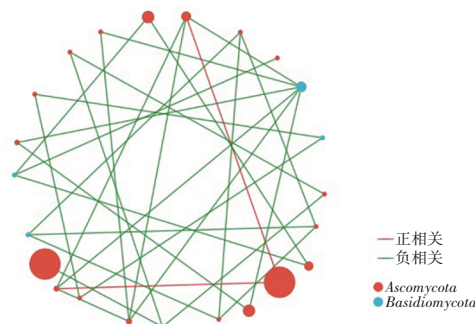
利用物种相关性网络图,揭示酸性高盐条件下主要微生物之间的共存情况及其相关性和变化规律,结果如图9所示。生物相互作用是物种共生模式的主要驱动因素^[23],在生物强化过程中,145个细菌属之间和49个细菌属之间分别呈现显著的正相关和负相关;28个真菌属之间和2个真菌属之间分别呈现显著负相关和正相关。这些结果表明,在生物强化过程中,大多数细菌属之间呈正相关,大多数真菌属之间呈负相关。共生、互惠是正相关关系,而捕食、竞争等是负相关关系^[24],通过微生物的复杂相互作用,可以实现对污染物的去除。

枢纽节点的类型和数量可以部分反映微生物群落结构在特定环境中的稳定性。在生物强化过程中, *Oceanobacillus* (细菌) 与18个节点相连接,其中4个节点存在负相关关系,14个节点存在正相关关系,这表明该节点在细菌网络中最为重要,相互

关系最为强烈。*Rhodotorula* (真菌) 与5个节点相连,表明该节点在真菌网络中的相互关系最为强烈。另外,用于生物强化的 *Candida* 的节点连接度为1,与 *Kazachstania* 呈现负相关关系。研究表明,微生物可以通过协同作用或拮抗作用来适应环境,并可能通过自身的代谢活动来去除污染物^[25]。此外,用于生物强化的 *Candida* 丰度最高,却不是网络中的高相关节点,其他大部分高相关节点也没有出现在微生物群落的优势菌属中,这与之前的研究一致^[26]。这表明 *Candida* 与本土菌群还没有产生较强的合作竞争关系,因此填料的投加是有必要的,这有利于 *Candida* 保持优势地位以发挥作用。



a. 细菌群落相关性网络



b. 真菌群落相关性网络

图9 属水平上微生物群落相关性网络分析

Fig.9 Network analysis of microbial community correlation at genus level

3 结论

① 投加 *Candida* 菌剂对 SBBR 进行生物强化,当处理盐度为 5.0%、初始 pH 为 4.0 的蜜饯废水时,仅需 10 d 即可实现高效、稳定处理,反应后 pH 可以提升至 6.0,2 d 后 COD 去除率可达到 73.4%。

② 当盐度为 3.5% 时,改变初始 pH 对反应器处理效能产生显著影响。运行 10 d 后,R3 (pH=3.3)

和R4(pH=4.0)的各项污染物去除效果趋于稳定, COD去除率分别为64.6%~68.7%、76.7%~79.6%,而R2(pH=2.6)的处理效果则略有波动, COD去除率为55.1%~64.6%,初始pH较高有利于提高污染物去除效率和出水pH。

③ 基因测序结果表明,在酸性高盐条件下,投加的 *Candida* 菌剂表现出较强的耐受性和优势地位。在不同pH条件下微生物群落结构会发生显著变化。R1(pH=4.0,盐度=5.0%)和R4(pH=4.0,盐度=3.5%)优势属均为 *Pseudococanicola* 和 *Candida*, R2(pH=2.6,盐度=3.5%)的优势属为 *Acidovorax* 和 *Zygoascus*, R3(pH=3.3,盐度=3.5%)的优势属为 *Oceanobacillus*、*Vibrio* 和 *Candida*。

④ 相关性网络分析揭示了微生物相互作用的复杂性,细菌主要呈现共生、互惠关系,真菌则主要呈现捕食、竞争关系。在生物强化过程中的细菌网络中, *Oceanobacillus* 表现为最重要的枢纽节点,而在真菌网络中 *Rhodotorula* 则是最重要的枢纽节点。

参考文献:

- [1] LI P, LI K, XU P, *et al.* Treatment of wastewater with high carbon-to-nitrogen ratio using a waterfall aeration biofilm reactor combined with sequencing batch reactor: microbial community structure and metabolism analysis [J]. *Bioresource Technology*, 2021, 337: 125450.
- [2] AMIN A, AL BAZEDI G, ABDEL-FATAH M A. Experimental study and mathematical model of coagulation/sedimentation units for treatment of food processing wastewater [J]. *Ain Shams Engineering Journal*, 2021, 12(1): 195-203.
- [3] WEN H, XIONG K, YANG H, *et al.* Dynamic mechanism of the microbiota of high-salinity organic wastewater with salt-tolerant yeast and its application [J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2022, 10(3): 107377.
- [4] 罗育池,杨余维,张鹏,等. 凉果行业水污染特征及全过程控制技术[J]. *环境工程技术学报*, 2019, 9(1): 89-95.
LUO Yuchi, YANG Shewei, ZHANG Peng, *et al.* Water pollution characteristics and whole process control technologies in preserved fruit industry [J]. *Journal of Environmental Engineering Technology*, 2019, 9(1): 89-95 (in Chinese).
- [5] WANG J, ZHOU J, WANG Y, *et al.* Efficient nitrogen removal in a modified sequencing batch biofilm reactor treating hypersaline mustard tuber wastewater: the potential multiple pathways and key microorganisms [J]. *Water Research*, 2020, 177: 115734.
- [6] 徐洪斌,时高明,刘伟超,等. 枣产品生产废水处理工程设计与运行效果[J]. *中国给水排水*, 2014, 30(14): 97-99.
XU Hongbin, SHI Gaoming, LIU Weichao, *et al.* Design and operation of jujube processing wastewater treatment project [J]. *China Water & Wastewater*, 2014, 30(14): 97-99 (in Chinese).
- [7] 林涛. 福建某食品工业园区高盐废水处理应用研究与优化设计[J]. *当代化工研究*, 2023(20): 111-113.
LIN Tao. Research and optimization design of high-salinity wastewater treatment in a food industry park in Fujian Province [J]. *Modern Chemical Research*, 2023(20): 111-113 (in Chinese).
- [8] YUE X, LIU H, WEI H, *et al.* Reactive and microbial inhibitory mechanisms depicting the panoramic view of pH stress effect on common biological nitrification [J]. *Water Research*, 2023, 231: 119660.
- [9] MALLICK S, DAS S. Acid-tolerant bacteria and prospects in industrial and environmental applications [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2023, 107(11): 3355-3374.
- [10] WU B, REN Q, XIA L, *et al.* pH-dependent microbial niches succession and antibiotic resistance genes distribution in an oxygen-based membrane biofilm reactor treating greywater [J]. *Environmental Research*, 2023, 216: 114725.
- [11] CHEN J, LIU Y, LIU K, *et al.* Bacterial community composition of internal circulation reactor at different heights for large-scale brewery wastewater treatment [J]. *Bioresource Technology*, 2021, 331: 125027.
- [12] MENG F, HE X. Effects of naturally occurring grit on the reactor performance and microbial community structure of membrane bioreactors [J]. *Journal of Membrane Science*, 2015, 496: 284-292.
- [13] WANG N, CHEN X, JI Y, *et al.* Enhanced sludge reduction during swine wastewater treatment by the dominant sludge-degrading strains *Chryseobacterium* sp. B4 and *Serratia* sp. H1 [J]. *Bioresource Technology*, 2021, 330: 124983.
- [14] ZHANG J, ZENG G, CHEN Y, *et al.* Effects of physico-chemical parameters on the bacterial and fungal

- communities during agricultural waste composting [J]. *Bioresource Technology*, 2011, 102(3): 2950–2956.
- [15] YAO J, LI W, OU D, *et al.* Performance and granular characteristics of salt-tolerant aerobic granular reactors response to multiple hypersaline wastewater [J]. *Chemosphere*, 2021, 265: 129170.
- [16] JIANG B, LI Y, WANG H, *et al.* Application of a new type of Si–Al porous clay material as a solid phase support for immobilizing *Acidovorax* sp. PM3 to treat domestic sewage[J]. *Adsorption Science & Technology*, 2019, 37(9/10): 729–744.
- [17] LONG X, WANG D, ZOU Y, *et al.* Glycine betaine enhances biodegradation of phenol in high saline environments by the halophilic strain *Oceanobacillus* sp. PT-20 [J]. *RSC Advances*, 2019, 9 (50) : 29205–29216.
- [18] WANG T, ZHOU L, CAI C, *et al.* Electroactive bacteria–algae biofilm coupled with siphon aeration boosts high-salinity wastewater purification: a pilot study focusing on performance and microbial community [J]. *Journal of Water Process Engineering*, 2023, 53: 103841.
- [19] BURATTIS, GIROMETTA C E, BAIGUERA R M, *et al.* Fungal diversity in two wastewater treatment plants in North Italy[J]. *Microorganisms*, 2022, 10(6): 1096.
- [20] DONG X, HUANG Z, PENG X, *et al.* Advanced simultaneous nitrogen and phosphorus removal for non-sterile wastewater through a novel coupled yeast–sludge system: performance, microbial interaction, and mechanism [J]. *Chemosphere*, 2022, 309: 136645.
- [21] HE Y, ZHANG Y, LI T, *et al.* High-concentration COD wastewater treatment with simultaneous removal of nitrogen and phosphorus by a novel *Candida tropicalis* strain: removal capability and mechanism [J]. *Environmental Research*, 2022, 212: 113471.
- [22] WANG Y, ZHUANG J, LU Q, *et al.* Halophilic *Marteella* sp. AD-3 enhanced phenanthrene degradation in a bioaugmented activated sludge system through syntrophic interaction[J]. *Water Research*, 2022, 218: 118432.
- [23] D’AMEN M, MOD H K, GOTELLIN J, *et al.* Disentangling biotic interactions, environmental filters, and dispersal limitation as drivers of species co-occurrence [J]. *Ecography*, 2018, 41(8): 1233–1244.
- [24] MENG L, WANG J, LI X, *et al.* Microbial community and molecular ecological network in the EGSB reactor treating antibiotic wastewater: response to environmental factors [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2021, 208: 111669.
- [25] GU H, YAN K, YOU Q, *et al.* Soil indigenous microorganisms weaken the synergy of *Massilia* sp. WF1 and *Phanerochaete chrysosporium* in phenanthrene biodegradation [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 781: 146655.
- [26] LU S, WANG Q, GAO M, *et al.* Effect of aerobic/anoxic duration on the performance, microbial activity and microbial community of sequencing batch biofilm reactor treating synthetic mariculture wastewater [J]. *Bioresource Technology*, 2021, 333: 125198.

作者简介:朱文强(1998–),男,江苏连云港人,硕士研究生,主要研究方向为高盐废水生化处理技术。

E-mail:wq.work@qq.com

收稿日期:2024-02-04

修回日期:2024-04-03

(编辑:刘贵春)

推进城市节水,建设美丽城市