

A/O/O-IFAS 工艺对洗毛废水的运行效果研究

邱文轩, 林苏丹, 吴佳华, 施雪卿*, 王 玲

(青岛理工大学 环境与市政工程学院, 青岛 266525)

摘要: 洗毛废水是纺织行业废水处理的难题之一, 该类废水含盐量高, 污染物浓度高, 是一类难降解工业废水。采用 IFAS 工艺以 A/O/O 运行模式对实际洗毛废水进行了研究。结果表明, 在含盐量为 0.6% 的洗毛废水处理过程中, IFAS 工艺对其具有良好且稳定的处理效果。从 HRT 影响来看, 在 HRT 由 72 h 降至 30 h 过程中, COD 去除效果由 71.36% 下降至 62.81%。从盐度波动影响来看, 在进水 0.6%~1.6% 的盐度波动条件下, 首次将盐度提升至 1.6%, COD 去除率由 67% 降至 40%, 但随着微生物对盐度的不断适应, 影响会逐渐降低。随着洗毛废水 HRT 的缩短, 属水平上的细菌丰度具有较大的变化, 其中 *JG30-KF-CM66*, *AKYG1722* 细菌的丰度获得上升, 使系统抵御外界环境及降解难降解污染物相关的能力得到加强。

关键词: 洗毛废水; 盐度波动; IFAS; A/O/O

中图分类号: X703 文献标志码: A 文章编号: 1673-4602(2025)01-0103-06

Study on the operational effect of A/O/O-IFAS process on wool washing wastewater

QIU Wenxuan, LIN Sudan, WU Jiahua, SHI Xueqing*, WANG Ling

(School of Environmental and Municipal Engineering, Qingdao University of Technology, Qingdao 266525, China)

Abstract: Wool washing wastewater is one of the difficult problems for wastewater treatment in textile industry, which has high salt content and high concentration of pollutants and is a type of industrial wastewater that is difficult to degrade. In this study, the IFAS process was used to investigate the actual wool washing wastewater in A/O/O mode. The results show that IFAS process has good and stable treatment effect on the wool washing wastewater with salt content of 0.6%. As to the influence of HRT, the COD removal effect decreased from 71.36% to 62.81% when HRT reduced from 72 h to 30 h. As to the influence of salinity fluctuation, when the salinity of the influent water fluctuated from 0.6% to 1.6% and the salinity was raised to 1.6% for the first time, the COD removal rate decreased from 67% to 40%, but the influence will gradually weaken as the microorganisms continue to adapt to the salinity. With the shortening of HRT of wool washing wastewater, the abundance of bacteria at the genus level has a large change, in which the abundance of *JG30-KF-CM66*, *AKYG1722* bacteria obtains a rise, so that the related ability of the system to resist the external environment and to degrade those hard-to-degrade pollutants is strengthened.

收稿日期: 2023-05-16

基金项目: 山东省自然科学基金青年项目 (ZR2020QE236)

作者简介: 邱文轩 (1998—), 男, 山东潍坊人。硕士, 研究方向为污水处理与资源化。E-mail: 707602328@qq.com。

* 通信作者: 施雪卿 (1985—), 男, 浙江杭州人。博士, 教授, 主要从事污水处理与资源化方面的研究。E-mail: shixq85@163.com。

Key words: wool washing wastewater; salinity fluctuation; IFAS; A/O/O

洗毛废水是指在羊毛加工过程中清洗阶段所排出的高浓度有机废水^[1],通常含有较高的盐度及较多的难降解物质,如羊毛脂(主要成分为饱和脂肪酸和甘油酯)、羊汗及洗涤剂等,其COD浓度可达到10 000 mg/L以上^[2],属于难降解废水。生物处理法因其经济高效的优点在洗毛废水处理中具有明显优势,其中,固定生物膜-活性污泥(Integrated Fixed-film Activated Sludge, IFAS)工艺将活性污泥法和膜处理技术进行了整合,将移动床生物膜反应器(Moving Bed Biological Reactor, MBBR)生物填料投放至活性污泥池内,能够更高效地完成泥水分离^[3],且对油脂及洗涤剂具有良好的去除效果^[4]。另外,针对洗毛废水中含大量难降解污染物的特点采用了A/O/O模式,在普通A/O的基础上增添1个O池,使难降解污染物在第2个O池进一步降解。但由于洗毛水中含有大量的 Na^+ 、 Cl^- 等离子,会对生化处理的微生物产生抑制作用^[5],且随着盐度的提高,抑制效果越显著,这也对生化处理带来了一定难度。本研究采用IFAS工艺以A/O/O运行模式探究生化处理对洗毛废水的处理效果,通过各污染物的去除率及各单元的去贡献评价该运行模式的去除性能,同时探讨了盐度波动下系统运行情况的变化。此外,通过对16S rRNA基因的高通量测序,分析了A/O/O系统中的微生物群落结构特征及群落演替。

1 材料与方法

1.1 水质特征及接种污泥

本实验所用洗毛废水来自山东省某污水处理厂厌氧污泥床反应器(Up-flow Anaerobic Sludge Bed/Blanket, UASB)处理池,具体出水水质特征如下:COD浓度为 (1789.6 ± 233.8) mg/L, NH_4^+ -N浓度为 (315.6 ± 80.7) mg/L, TN浓度为 (338.3 ± 80.1) mg/L,反应温度为 $17 \sim 22$ °C、pH为7.35~8.02。

为实现系统快速启动,IFAS反应器接种污泥来自于污水处理厂第1段好氧池前端,污泥浓度为5000 mg/L,生物膜填料使用中试系统,好氧区及缺氧区已挂膜填料,填料填充率为20%。为研究水力停留时间(Hydraulic Retention Time, HRT)对系统的影响,A/O/O小试系统初始阶段以72 h的HRT运行,随后逐渐缩短至48、36、30 h。

1.2 实验设置及操作

如图1所示,反应系统由1个A池及2个O池串联组成,有效容积均为10 L,进水采用蠕动泵连续供水,O池下部设置曝气盘,通过气泵连接气体流量计控制进气量。O2池至A池,沉淀池至A池均通过蠕动泵完成硝化液及污泥的回流,通过水力停留时间可将运行划分为4个工况,各工况具体运行参数见表1。

1.3 盐度波动设置

盐度波动实验主要探究微生物对盐度上下波动时的适应能力。盐度波动实验采用IFAS系统,以污水处理厂好氧池污泥为接种污泥,在实验过程中,保持污泥浓度在4000 mg/L左右。以中试系统好氧池中填料为接种填料进行接种,其接种填充率为20%。本实验共设置2套系统,其中IFAS1系统进水为原水;IFAS2系统采取盐度波动的方式进水,即每7 d为1个时间节点,将进水盐度从原水盐度(0.6%)使用氯化钠调整为1.6%盐度或从1.6%盐度恢复为原水盐度,第

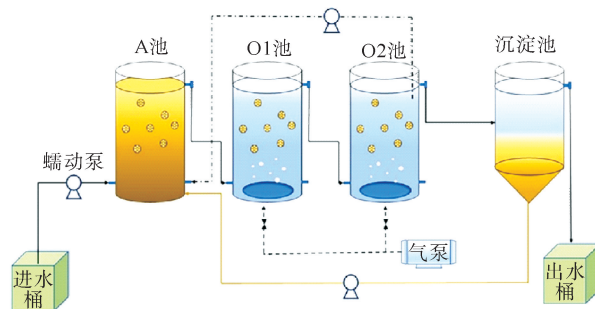


图1 A/O/O小试系统装置

A池—缺氧池;O1池—好氧池;O2池—好氧池

表1 IFAS小试系统主要运行参数

工况	时间/d	处理水量/ ($\text{L} \cdot \text{d}^{-1}$)	硝化液 回流 比/%	污泥 回流 比/%	HRT/h	好氧反应器 溶解氧/ ($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$)
I	1~10	10	—	100	72	3~4
II	10~29	15	150	100	48	3~4
III	29~87	20	150	100	36	3~4
IV	87~121	24	150	100	30	3~4

将进水盐度从原水盐度(0.6%)使用氯化钠调整为1.6%盐度或从1.6%盐度恢复为原水盐度,第

1 周为原水盐度。在盐度波动期间进水 COD 浓度为 (2342 ± 649) mg/L、氨氮浓度为 (222 ± 40) mg/L、硝氮浓度为 (18 ± 2) mg/L。

2 结果与讨论

2.1 A/O/O 处理洗毛废水长期运行性能

不同工况条件下 A/O/O 对各污染物的去除效果如图 2 所示。在工况 I HRT 为 72 h 条件下,其 COD、 NH_4^+-N 和 TN 去除率分别达到 $(71.36 \pm 6.99)\%$ 、 $(99.20 \pm 0.55)\%$ 与 $(75.59 \pm 8.71)\%$ 。其中 COD 出水浓度为 (505.4 ± 106.2) mg/L,经过长期曝气实验发现该部分为不可生化降解的 COD,需要后续进行深度处理。图 2 中可以看出在此条件下,虽然进水污染物浓度波动较大,但 COD 和氨氮的去除效果受进水变化影响较小,去除效果较为稳定。随着 HRT 的不断缩短,COD 降解率始终保持较为稳定,直至工况 IV HRT 为 30 h 时才出现较大下降,HRT 缩短至 30 h,COD 负荷由 $0.42 \text{ kg}/(\text{m}^3 \cdot \text{d})$ 增至 $0.89 \text{ kg}/(\text{m}^3 \cdot \text{d})$,COD 去除率下降至 62.81% ,而氨氮及总氮的去除率分别为 $(97.56 \pm 0.78)\%$ 与 $(73.84 \pm 6.99)\%$,在系统运行的整个过程中未有较大变化。结果表明,30 h 似乎是该洗毛废水运行时 COD 去除率变化的重要节点,但对脱氮过程影响较小。在 72~75 d,总氮的去除率下降至 60% 以下,这是由于污泥回流短暂出现流量减弱,系统内的污泥浓度由 5000 mg/L 下降至 4200 mg/L 所致,恢复后总氮去除率达到正常状态,这表明系统中污泥浓度的正常维持对 IFAS 系统的脱氮过程有十分重要的意义,这与张妍等^[6]在研究中所观察到污泥浓度降低导致脱氮效果受到影响的现像一致。使用现场中试进行验证性实验,逐步缩短 HRT,最终得到与小试实验相同的 COD 降解及脱氮的实验结果,极大地提高了系统的处理负荷。

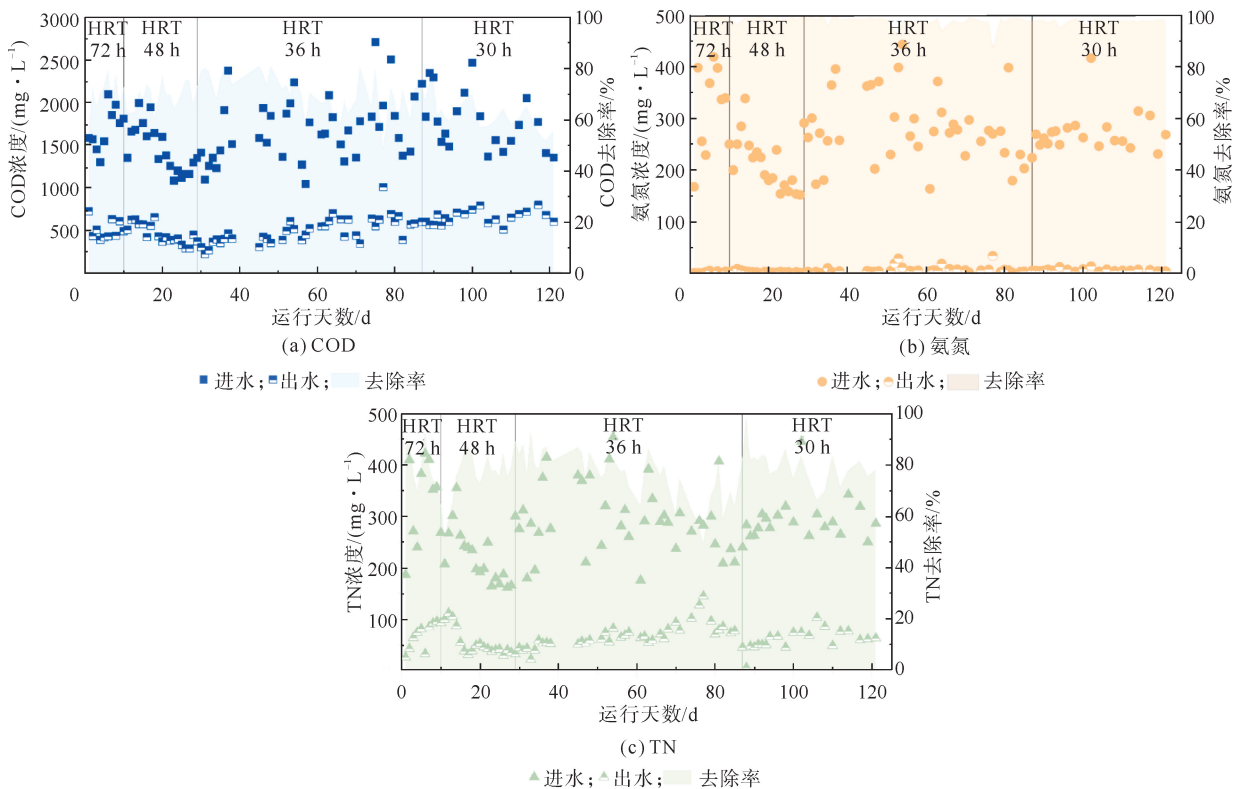


图 2 IFAS 系统不同工况下对各污染物的去除效果

2.2 COD 去除贡献分布情况

系统各部分反应器的 COD 去除效能贡献统计结果如图 3 所示。对于 A/O/O 系统中前置缺氧池,进水中的 COD 可以作为反硝化碳源得到利用去除,经过统计计算,在水力停留时间分别为 72、48、36、30 h 时,A 池对 COD 的去除贡献率分别为 55.6% 、 52.2% 、 49.6% 、 38.3% 。反硝化过程后未被利用的 COD

则在 IFAS 系统好氧段进一步被利用去除,不同 HRT 下 O 池对 COD 的去除贡献分别为 44.4%、47.8%、50.4%、61.7%。由图 3 可知,随着 HRT 的缩短,好氧单元对 COD 去除贡献逐渐增加。在反应 60 和 110 d 分别测定各反应池内的生物膜生物量,发现 A 池(缺氧池)的生物膜生物量由 8000 mg 增加到 14 400 mg, O1 池(好氧池)的生物膜生物量由 20 700 mg 增加至 32 700 mg,这表明随着负荷的不断增长附着生物膜得到有效增长。当 HRT 为 30 h 时, O1 池去除贡献达到 40.5%,超越 A 池成为 COD 去除的主要单元,这可能归因于污染物负荷提高使好氧池能力得到充分发挥,且生物量的大量增长导致其对有机物的利用效率得到提高。

2.3 盐度波动影响

实验表明,进水盐度波动对 COD 降解具有一定影响。考察盐度从 0.6% 提升至 1.6% 时, IFAS2 系统较未波动 IFAS1 系统的出水 COD 浓度变化。

实验结果如图 4 所示, IFAS1 整个运行过程中 COD 去除率为 $(75 \pm 7)\%$, 过程中降解率未发生显著波动。IFAS2 在第一次盐度由 0.6% 提升至 1.6% 时, COD 去除率由 67% 降至 40%, 效果显著下降。但恢复 0.6% 盐度后, 可逐渐恢复到之前的处理效能。在第 2 次盐度扰动下, IFAS2 系统对盐度波动适应性增强, COD 处理效能由 63% 降至 58%, 仅有小幅度降低。总体来看, 在 1.6% 的盐度上限波动进水会对 IFAS 系统 COD 的处理造成一定的影响, 但随着微生物的不断适应, 影响会逐渐降低。脱氮效果如图 5 所示, 在整个盐度波动期间, 盐度对 IFAS 系统的脱氮过程影响较小。在盐度波动下, 2 个反应器对氨氮的处理效果稳定, 氨氮去除率分别为 96.58%、96.34%。说明该水平的盐度波动未对氨氮处理效果造成影响。总体来看, 系统对盐度波动具有一定的适应能力, COD 降解仅在首次盐度波动时受到较大影响, 硝化过程不受影响, 微生物可适应一定水平的盐度波动并使 IFAS 系统趋于稳定。

2.4 运行各阶段微生物群落结构分析

分别对启动、工况 II、工况 IV 时期生物膜进行微生物群落分析, 结果如图 6 所示。

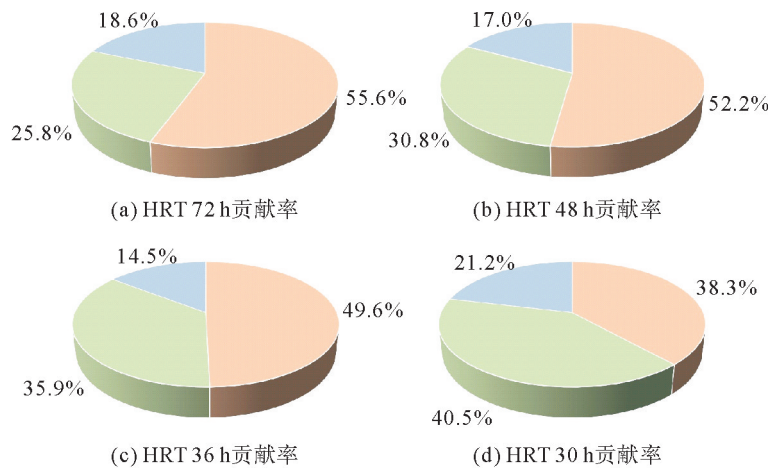


图3 IFAS系统各工段不同工况下对COD的去除贡献

■ 缺氧池; ■ 好氧池1; ■ 好氧池2

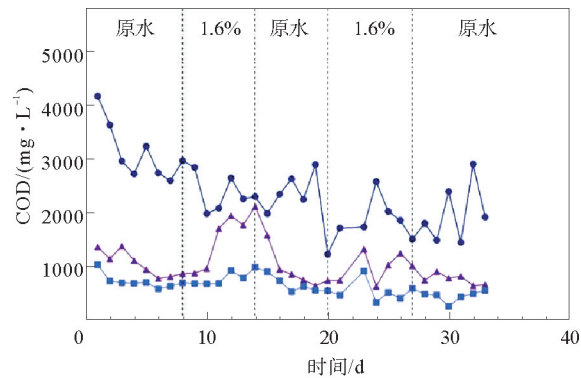


图4 IFAS系统COD进出水变化

● 进水; ■ IFAS1出水; ▲ IFAS2出水

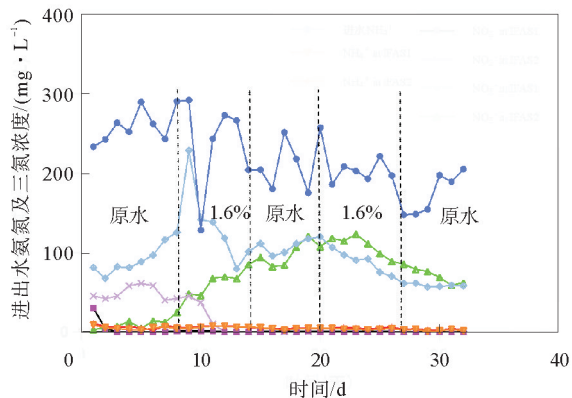


图5 IFAS系统进水氨氮及出水三氮浓度进出水变化

● 进水 NH_4^+ ; ■ IFAS1 NH_4^+ ; ▲ IFAS2 NH_4^+ ;
▲ IFAS1 NO_2^- ; ■ IFAS2 NO_2^- ; ● IFAS1 NO_3^- ; ▲ IFAS2 NO_3^-

在门水平中,接种 O1 生物膜中的主要优势菌属为变形菌门 (Proteobacteria, 37.03%)、热脱硫菌门 (Desulfobacterota, 26.88%; Synergistota, 22.77%), 接种 O2 生物膜中主要优势菌种为变形菌门 (Proteobacteria, 59.36%)、绿弯菌门 (Chloroflexi, 13.67%)、放线菌门 (Actinobacteriota, 10.19%) 和拟杆菌门 (Bacteroidota, 9.97%)。变形菌门和拟杆菌门是与污水处理相关度极强的功能菌,已经在许多微生物群落分析中出现^[7-9]。绿弯菌门可以促进污泥颗粒化及固定化,可以为污泥提供骨架支撑,同时部分绿弯菌门菌群可以发挥较好的除磷作用^[10-12],也是生物膜反应器中的常见菌种。随着 HRT 的缩短,生物膜上的绿弯菌门丰度逐渐增加,这也与系统生物膜量和生物膜厚度增加的现象相印证。缺氧生物膜上存在大量厚壁菌门 (Firmicutes), 相关研究结果显示其具有厚壁菌门较强的抗极端环境能力^[13],这保障了系统在缺氧阶段的正常运行。硝化螺旋菌门 (Nitrospirota) 是污水处理系统中与硝化作用密切相关的菌门,主要参与亚硝化反应^[14-15]。如图 6 结果所示,低容积负荷阶段 O2 池中几乎没有硝化螺旋菌门,而在高容积负荷阶段大量积累,这可归因于高容积负荷工作下 O2 池参与脱氮过程,对系统稳定起重要作用。

在属水平中,主要包括 JG30-KF-CM66 (10.74%), AKYG1722 (9.60%), SBR1031 (9.99%)。JG30-KF-CM66 类细菌主要与难降解有机物的降解有关^[16],在 2 个 O 池系统中均有显著的增长,这可能与 HRT 的缩短导致有机负荷提升有关,这类细菌在洗毛废水难降解的水质条件下获得生长优势,这对洗毛废水的处理具有重要意义。AKYG1722 类细菌能够抵御如重金属等污染物的侵害,它的丰度与系统进水重金属呈正相关^[17],其中 O2 池具有显著的增长 (4.4%~26.7%),这极大地增加了系统的稳定性。SBR1031 类细菌主要作用为乙酰化脱氢^[18],在缺氧池中群落丰度具有明显上升 8.77%~21.72%。此外,其他类型的细菌在运行各阶段均具有较高的比例,大量的较低丰度的细菌保证了系统的稳定性^[19]。洗毛废水处理的稳定性主要取决于各类微生物的活性和不同群落结构的相互作用,污染物的去除是微生物相互作用的结果。

3 结论

- 1) 以 IFAS 工艺为代表的生化处理对洗毛废水具有较稳定的处理效果。针对洗毛废水中难降解 COD,在 HRT 为 72 h 至 36 h 的过程中,COD 去除率稳定在 69% 以上,氨氮及总氮去除率稳定在 97% 及 73% 以上。且在缩短过程中好氧单元对 COD 的去除贡献逐渐增加,由 44.4% 增长至 61.7%。污染物负荷的提高使得好氧池能力得以充分发挥,成为主要去除单元。
- 2) 盐度波动对 COD 的去除具有较大影响,但生物系统可逐步适应盐度波动。在第 1 次盐度由 0.6% 提升至 1.6% 时,COD 去除率由 67% 降至 40%,效果显著下降;第 2 次盐度提升时 COD 去除率由 63% 降至 58%,仅小幅度降低。在整个盐度波动过程中对脱氮影响较小,氨氮去除率始终保持在 96% 以上。
- 3) 以 JG30-KF-CM66 为代表的微生物对洗毛废水中难降解物质的降解起到至关重要的作用,特别是随着系统容积负荷的提升,功能菌属获得一定丰度提升,有助于系统对难降解物质的降解效果提升。

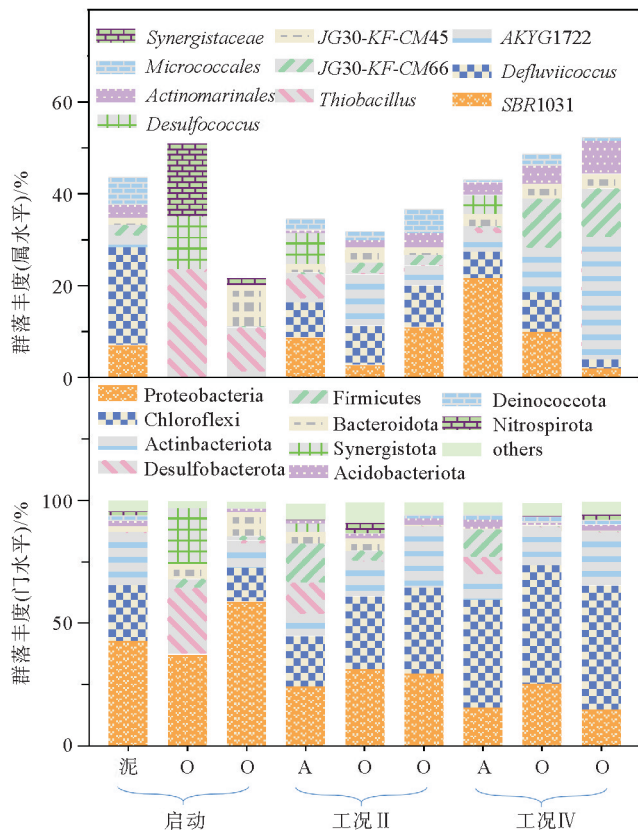


图 6 系统不同时期群落相对丰度

参 考 文 献 (References):

- [1] 胡雪莲,冀强,庞艳,等.羊毛废水处理工程二次调试实例[J].环境科学与管理,2012,37(S1):76-79.
HU Xuelian,JI Qiang,PANG Yan,et al. Example of secondary commissioning of wool wastewater treatment project[J]. Environmental Science and Management,2012,37(S1):76-79.
- [2] 王萍.洗毛废水处理方法的研究进展[J].纺织学报,2001(1):59-61.
WANG Ping. Research progress of wool washing wastewater treatment methods[J]. Journal of Textile,2001(1):59-61.
- [3] 贾振宁. IFAS-MBR 工艺在处理农污上的应用[J]. 净水技术,2021,40(S1):104-106.
JIA Zhenning. Application of IFAS-MBR process in treating agricultural pollution[J]. Water Purification Technology,2021,40(S1):104-106.
- [4] ESLAMI H,EHRAMPOUSH M H,GHANEIAN M T,et al. Effect of organic loading rates on biodegradation of linear alkyl benzene sulfonate,oil and grease in greywater by integrated fixed-film activated sludge (IFAS)[J]. Journal of Environmental Management,2017,193:312-317.
- [5] 伏立勇.含盐废水的生物处理研究进展[J].当代化工研究,2019,39(3):4-5.
FU Liyong. Research progress on biological treatment of saline wastewater[J]. Contemporary Chemical Research,2019,39(3):4-5.
- [6] 张妍,杨慎华,段羽佳,等. A²O-IFAS 工艺生物膜微生物群落的演替及分布特性[J]. 环境科学学报,2022,42(4):18-25.
ZHANG Yan,YANG Shenhua,DUAN Yujia,et al. Succession and distribution characteristics of biofilm microbial communities in A²O-IFAS process[J]. Journal of Environmental Science,2022,42(4):18-25.
- [7] 肖可可,周律,贺北平,等.城市污水 A²/O 移动床生物膜工艺菌群结构分析[J]. 中国给水排水,2016,32(9):20-24.
XIAO Keko,ZHOU Lv,HE Beiping,et al. Structural analysis of the bacteriological population of municipal wastewater A²/O moving bed biofilm process[J]. China Water Supply and Drainage,2016,32(9):20-24.
- [8] 彭永臻,钱雯婷,王琦,等.基于宏基因组的城市污水处理厂生物脱氮污泥菌群结构分析[J]. 北京工业大学学报,2019,45(1):95-102.
PENG Yongzhen,QIAN Wenting,WANG Qi,et al. Structural analysis of biological denitrification sludge flora in urban wastewater treatment plants based on macrogenome[J]. Journal of Beijing University of Technology,2019,45(1):95-102.
- [9] 赵远哲,杨永哲,王海燕,等. 新型填料 A/O 生物滤池处理低碳氮比农村污水脱氮[J]. 环境科学,2020,41(5):2329-2338.
ZHAO Yuanzhe,YANG Yongzhe,WANG Haiyan,et al. Novel packed A/O biofilter for nitrogen removal from rural wastewater with low carbon to nitrogen ratio[J]. Environmental Science,2020,41(5):2329-2338.
- [10] 安鑫悦,张嵩浩,张妍,等. MBR 处理公共建筑混合污水及微生物群落分析[J]. 水处理技术,2018,44(7):95-99.
AN Xinyue,ZHANG Songhao,ZHANG Yan,et al. MBR treatment of mixed wastewater from public buildings and microbial community analysis[J]. Water Treatment Technology,2018,44(7):95-99.
- [11] 贾晓硕,谢者行,李卫平,等. A/SMBBR 处理生活污水效能研究及生物膜菌群结构分析[J]. 环境化学,2018,37(12):2651-2658.
JIA Xiaoshuo,XIE Zhexing,LI Weiping,et al. Study on the efficacy of A/SMBBR in treating domestic wastewater and analysis of biofilm bacterial population structure[J]. Environmental Chemistry,2018,37(12):2651-2658.
- [12] 信欣,管蕾,姚艺朵,等. 低 DO 下 AGS-SBR 处理低 COD/N 生活污水长期运行特征及种群分析[J]. 环境科学,2016,37(6):2259-2265.
XIN Xin,GUAN Lei,YAO Yiduo,et al. Long-term operational characteristics and population analysis of AGS-SBR treatment of low COD/N domestic wastewater under low DO[J]. Environmental Science,2016,37(6):2259-2265.
- [13] 朱颖楠,王旭,王瑾丰,等. 外源群体感应-好氧反硝化菌强化生物膜脱氮研究[J]. 环境科学学报,2019,39(10):3225-3237.
ZHU Yingnan,WANG Xu,WANG Jinfeng,et al. Study on enhanced biofilm denitrification by exogenous population induction-aerobic denitrifying bacteria[J]. Journal of Environmental Science,2019,39(10):3225-3237.
- [14] GUO X,LI B,ZHAO R,et al. Performance and bacterial community of moving bed biofilm reactors with various biocarriers treating primary wastewater effluent with a low organic strength and low C/N ratio[J]. Bioresource Technology,2019,287:121424.
- [15] 曹雁,王桐屿,秦玉洁,等. 厌氧氨氧化反应器脱氮性能及细菌群落多样性分析[J]. 环境科学,2017,38(4):1544-1550.
CAO Yan,WANG Tongyu,QIN Yujie,et al. Nitrogen removal performance and bacterial community diversity analysis of an anaerobic ammonia oxidation reactor [J]. Environmental Science,2017,38(4):1544-1550.
- [16] SUOMINEN S,VAN VLIET D M,SANCHEZ-ANDREA I,et al. Organic matter type defines the composition of active microbial communities originating from anoxic baltic sea sediments[J]. Frontiers in Microbiology,2021,12:628301.
- [17] QIAN F,HUANG X,SU X,et al. Responses of microbial communities and metabolic profiles to the rhizosphere of *Tamarix ramosissima* in soils contaminated by multiple heavy metals[J]. Journal of Hazardous Materials,2022,438:129469.
- [18] XIA Y,WANG Y,WANG Y,et al. Cellular adhesiveness and cellulolytic capacity in *Anaerolineae* revealed by omics-based genome interpretation[J]. Biotechnology of Biofuels,2016,9:111.
- [19] MA Q,QU Y,SHEN W,et al. Bacterial community compositions of coking wastewater treatment plants in steel industry revealed by *Illumina* high-throughput sequencing[J]. Bioresource Technology,2015,179:436-443.

(责任编辑 张晓靖;英文校审 程文华)