

饮用水生物过滤过程的数学模型

夏琼琼^{a,b} 陈卫^a

(河海大学 a 环境科学与工程学院; b 水文水资源与水利
工程科学国家重点实验室, 江苏 南京 210098)

摘要: 针对生物过滤在饮用水处理中的应用,建立了一种简单的数学模型. 模型采用稳态形式,在 Monod 公式的基础上建立了反应过程速率表达式. 模型忽略液相主体与生物膜内部的传质过程,主要描述了基质的生物降解过程,微生物附着到滤料上的过程以及从滤料表面脱落的过程. 模型可以模拟出滤柱不同深度处的有机物和微生物浓度分布,模型中主要的动力学参数,即半饱和常数和最大比基质利用率由专门的实验测定出. 用该模型分别对活性炭和无烟煤 2 种滤料滤柱进行了模拟,结果与实验测定值较为符合.

关键词: 生物过滤; 饮用水; 有机物; 生物降解; 生物膜

中图分类号: TU991.24 **文献标识码:** A **文章编号:** 1671-4512(2009)05-0129-04

Mathematical model for biofiltration in drinking water

Xia Qiongqiong^{a,b} Chen Wei^a

(a College of Environment Science and Engineering; b State Key Laboratory of Hydrology
Water Resource and Hydraulic Engineering, Nanjing 210098, China)

Abstract: Biofiltration was used in drinking water treatment process. A simple model was developed to simulate the performance of the process. A steady-state model was applied and the mathematic expression of the reaction rate of the process was derived by Monod formula. The processes of substrate biodegradation, bacterial attachment onto filter media and detachment of suspended bacteria were described when the external and internal mass transfers were neglected. The organics and biomass profiles in a biofilter could be obtained from the model, and the key biokinetic parameters as half velocity constant and maximum specific substrate utilization rate were estimated through a special experiment. Two kinds of biofilter, which took GAC and anthracite as media respectively were simulated by the model, and the results of the model testing show that the model prediction agrees well with the experimental data. Therefore, the model is an effective tool for design and operation.

Key words: biofiltration; drinking water; organics; biodegradable; biofilm

生物过滤数学模型可分为稳态生物膜模型^[1-3]和非稳态生物膜模型^[4]. 多数研究表明,即使采用气反冲洗,生物活性滤池的生物量损失也不会超过 50%~60%^[5,6],这说明滤池周期性反冲洗产生的影响可以忽略. 所以,相比之下,稳态生物膜模型更具有代表性和实际意义. 文献[2~11]针对生物膜模型的相关问题进行了研究. 本文建立一种有代表性的简单模型,可用于饮用水生物过滤工艺的研究与设计,能够描述生物滤池中

基本生物过程,正确模拟出滤池中的有机物和微生物浓度.

1 试验方法

试验考察活性炭-砂和无烟煤-砂双层滤料滤柱的过滤特性. 试验原水为水厂沉淀池出水,试验滤柱高 1.8 m,内径 100 mm,沿柱体填料深度 10 cm,20 cm,30 cm,40 cm,50 cm 和 60 cm 处分别

收稿日期: 2008-08-01.

作者简介: 夏琼琼(1981-),女,博士研究生, E-mail: xqqwater@126.com.

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(50638020); 江苏省研究生科技创新计划资助项目(1061-B00013).

设取样口. 滤柱自然挂膜培养微生物, 稳定运行后取样.

以溶解性有机碳(DOC)为有机物替代参数. 采用膜滤法测定 DOC, 水样经 0.45 μm 滤膜过滤后测定总有机碳(TOC). 异养菌计数采用平板涂布法, R₂A 培养基培养, 在 22~25 ℃ 下生长 7 d 后计数.

2 模型的建立

由于附着型微生物的浓度比悬浮性微生物的浓度大得多, 因此认为基质主要是被附着在滤料上的微生物利用, 根据米-门方程, 基质利用速率

$$r_s = - \mu_{\max} S X_{\text{att}} / [Y (K_s + S)] = - k S X_{\text{att}} / (K_s + S),$$

式中: μ_{\max} 是微生物最大比生长速率; S 是基质质量浓度; X_{att} 是附着微生物浓度; Y 是微生物的产率; K_s 是微生物对基质的半饱和常数, 与亲和力成反比; k 是最大比基质利用率.

根据 Langmuir 吸附理论计算出悬浮型微生物的吸附速率

$$r_{\text{ads}} = k_{\text{ads}} X_{\text{sus}} (X_{\text{max,ads}} - X_{\text{att}}),$$

式中: k_{ads} 是吸附系数; X_{sus} 是悬浮微生物浓度; $X_{\text{max,ads}}$ 是滤料对微生物的最大吸附容量.

微生物脱落主要由水流剪切造成, 根据 Speitel 等提出的模型^[7] 计算出脱落速率 r_{det} ,

$$r_{\text{det}} = [b_s + b_s \mu_{\max} S / (K_s + S)] X_{\text{att}},$$

式中: b_s 是水力剪切系数; b_s 是一个无量纲参数, 其值在 0~1 之间. 这 2 个参数可以通过实验测定, 此外, b_s 还可以通过 Rittman^[9] 提出的方法计算得出.

根据 Monod 方程, 微生物的生长速率

$$r_{X,\text{gr}} = \mu_{\max} S X_{\text{att}} / (K_s + S),$$

微生物衰减速率 $r_{X,\text{decay}}$ 为其浓度的一次方程,

$$r_{X,\text{decay}} = - K_d X_{\text{att}},$$

式中 K_d 是微生物的衰减系数.

饮用水生物滤池是典型的推流式反应器, 分别对微元内基质和微生物进行物料衡算. 忽略基质从生物膜与水的界面进入生物膜以及在膜内的扩散过程, 可得物料衡算关系

$$\partial S / \partial t = r_s / v - \partial S / \partial x, \quad (1)$$

同样, 对悬浮微生物和附着微生物进行物料衡算可得:

$$\partial X_{\text{sus}} / \partial t = r_{\text{det}} / v - r_{\text{att}} - v \partial X_{\text{sus}} / \partial x; \quad (2)$$

$$\partial X_{\text{att}} / \partial t = r_{\text{att}} - r_{\text{det}} + r_{X,\text{gr}} + r_{X,\text{decay}}. \quad (3)$$

生物滤池主要出于稳定状态, 所以式(1)~

(3) 中关于时间的变量都为零, 因此这些偏微分方程可以简化为常微分方程

$$dS / dx = r_s / v;$$

$$dX_{\text{sus}} / dx = (r_{\text{det}} / v - r_{\text{att}}) / v;$$

$$0 = r_{\text{att}} - r_{\text{det}} + r_{X,\text{gr}} + r_{X,\text{decay}},$$

并采用四阶龙格-库塔法求解.

3 参数设计

本模型中涉及的主要参数: 无量纲剪切常数^[7]为 0.5; 进水微生物浓度为 $8.0 \times 10^6 \sim 1.0 \times 10^7$ CFU/L; Hamaker 常数为 1×10^{-20} J; Boltzmann 常数为 1.38×10^{-23} J/K; 滤床深度为 0.6 m; 滤柱内径为 0.1 m; 活性碳和无烟碳的产出率^[11]为 3.09×10^8 ; 粘度为 1.08×10^{-3} Pa·s; 滤床孔隙率分别为 0.45 和 0.55, 滤料平均粒径分别为 0.78 mm 和 1.00 mm, 最大比基质利用率分别为 5.36×10^{-10} mgDOC/CFU/h 和 5.11×10^{-10} mgDOC/CFU/h, 半饱和常数分别为 4.70 mgDOC/L 和 4.81 mgDOC/L; 衰减系数分别为 0.058 h^{-1} 和 0.063 h^{-1} ; 吸附系数^[11]分别为 1.4×10^{-10} L/CFU/h 和 0.9×10^{-10} L/CFU/h; 最大吸附容量^[11]分别为 2.7×10^{12} CFU/L 和 2.0×10^{12} CFU/L; 水力剪切系数分别为 0.0046 h^{-1} 和 0.0024 h^{-1} .

进行敏感性分析发现, 与微生物附着、脱落过程有关的最大吸附容量和吸附系数对模型的影响相对较小. 对于活性炭滤料, 最大吸附容量和吸附系数参考了其他文献, 而无烟煤滤料由于相关研究较少, 故在参照活性炭滤料参数基础上利用试验测定值进行了调整. 半饱和常数、最大比基质利用率和衰减系数对模型影响较大. 衰减系数的测定采用和最大吸附容量相同的处理方法, 即在相关文献值的基础上进行调整. 通过特定试验分别测定半饱和常数和最大比基质利用率.

根据 Monod 方程, 比基质利用率

$$R = X dS / (dt) = kS / (K_s + S),$$

式中: X 为微生物浓度; dS/dt 近似为 $(S_0 - S_e) / t$, S_0 和 S_e 分别为初始和时间为 t 时基质的质量浓度; S 近似为 $(S_0 - S_e) / 2$; t 为生物降解历时. 利用非线性回归(高斯-牛顿法)就可以估算出 K_s 和 k 的值.

由此设计测定 K_s 和 k 的实验. 配制含有有机物、氮和磷的混合溶液用于生化反应, 从滤层顶部取适量滤料加入混合溶液中. 测定反应时间前后有机物的浓度以及单位滤料上的异养菌总数,

计算出 S 和 R 的值即可. 反应需恒温控制, 本研究测定了 11.5 时的动力学参数.

对于对活性炭和无烟煤滤料, 前者的 k 值略大于后者, 而 K_s 值略小于后者, 这是由滤料表面微生物的特性差异所致. 与无烟煤滤料相比, 活性炭表面多孔的结构为微生物提供了良好的生活环境, 附着在活性炭表面的微生物活性较高, 对基质的利用率和亲和力也较高.

本实验测得的 k 值和其他文献中的 k 值难以比较, 因为 k 值量纲不同. 两种填料的 μ_{max} 值分别为 0.166 h^{-1} 和 0.158 h^{-1} , 这与文献[2, 5]的结果接近. 实验测得的 K_s 值也与其他研究结果在同一水平(1 ~ 10 mgDOC/L).

4 结果与讨论

图 1 ~ 图 3 描述了过滤速度 (v) 和滤层深度 (h) 对 2 种滤料滤柱内 DOC、悬浮微生物和附着微生物浓度的影响, 仅对常规滤速下 ($v = 7.5 \text{ m/h}$) 的模拟结果进行了实验验证. 模型对 DOC 质量浓度的平均模拟偏差约为 1.32%, 对微生物浓度的模拟偏差较大, 悬浮微生物偏差约为 29.17%, 附着微生物偏差约为 40.56%, 这是由于微生物浓度测定本身误差较大造成的.

从图 2 可见, 在 11.5 时常规滤速下, 炭柱和煤柱对 DOC 的平均去除率分别为 16.8% 和

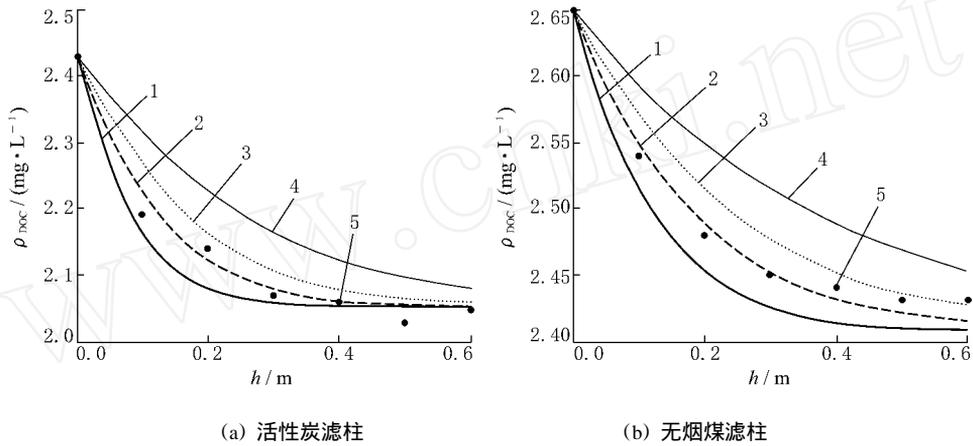


图 1 滤柱内 DOC 质量浓度分布

1 $\rightarrow v = 5 \text{ m/h}$; 2 $\rightarrow v = 7.5 \text{ m/h}$; 3 $\rightarrow v = 10 \text{ m/h}$; 4 $\rightarrow v = 15 \text{ m/h}$; 5 —实验值

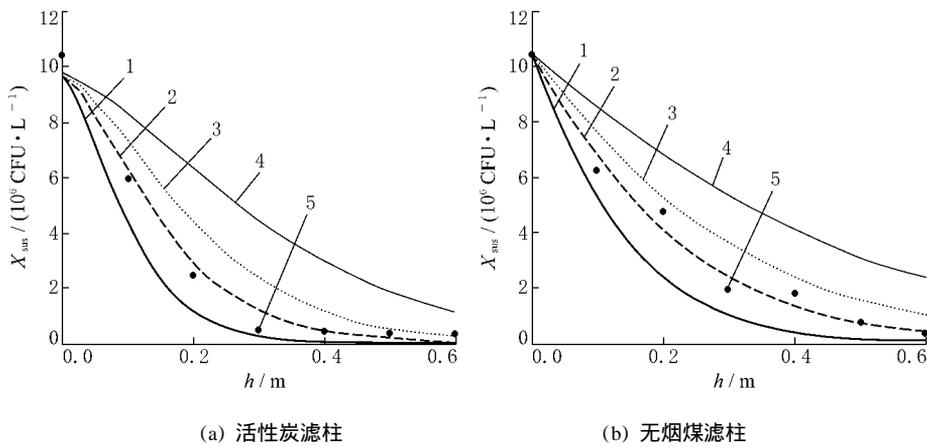


图 2 滤柱内悬浮微生物浓度分布

1 $\rightarrow v = 5 \text{ m/h}$; 2 $\rightarrow v = 7.5 \text{ m/h}$; 3 $\rightarrow v = 10 \text{ m/h}$; 4 $\rightarrow v = 15 \text{ m/h}$; 5 —实验值

8.3%. 与煤柱相比, 炭柱中发挥生物降解作用的部分较少, 当过滤速度为 5 m/h 时, 炭柱对 DOC 有明显去除作用的部分(有效部分)仅为顶部约 0.4 m , 而煤柱约为 0.5 m . 滤速提高时, 滤柱的有效部分将向滤层底部延伸. 当滤速提高到 7.5 m/h 时, 整个炭柱都发挥了其去除作用, 而煤柱在考察滤层深度范围内 ($0 \sim 0.6 \text{ m}$) 仍未将基质降解充分, 可计算出此时有效部分约为 0.75 m .

从图 2 和图 3 可见, 在稳定状态下, 附着微生物和悬浮微生物浓度与 DOC 质量浓度沿滤柱深度呈现相似的规律, 即沿滤料层微生物浓度逐渐减少, 这是因为底层 DOC 质量浓度低, 微生物营养缺乏, 生长繁殖受到了抑制. 另一方面, 过滤速度提高后, 滤柱沿程 DOC 质量浓度均有所增加, 微生物周围的营养水平提高, 其浓度也有所增加. 分析沿程数据, 可以得出 DOC 质量浓度与悬浮

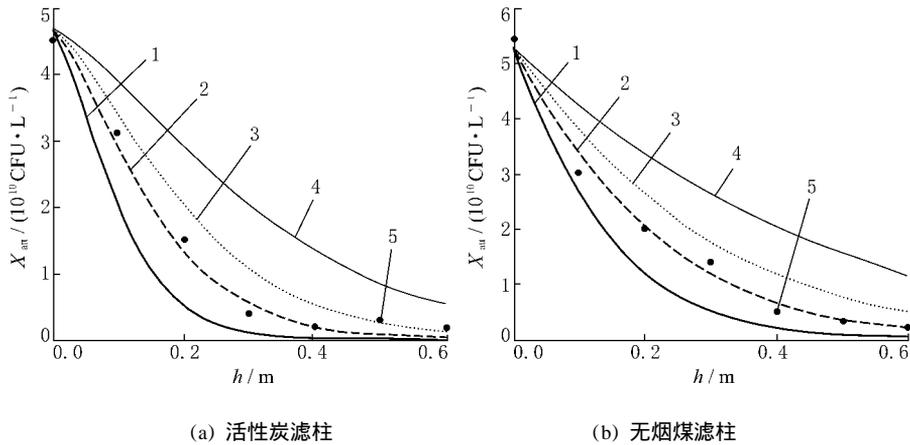


图 3 滤柱内附着微生物浓度分布

1 \rightarrow $v = 5$ m/h; 2 \rightarrow $v = 7.5$ m/h; 3 \rightarrow $v = 10$ m/h; 4 \rightarrow $v = 15$ m/h; 5 —实验值

微生物浓度和附着微生物浓度均呈现较高的相关性,相关系数达 0.97 以上。

模型计算出在 EBCT(空床接触时间)相同时,滤柱对 DOC 的去除率也相同。这表明即使过滤速度发生变化,只要 EBCT 保持不变,滤柱对 DOC 的去除率也不会受到影响。本实验中炭柱去除 DOC 的 EBCT 约 4.8 min,煤柱约 6 min。

稳态条件下饮用水生物过滤工艺数学模型,以 DOC 作为有机物的替代参数,测定方法较为简单;另外在利用模型进行模拟时,只需确定一些关于滤池滤料特征与进水有机物和微生物浓度特征参数。这些都使得本模型在实际应用中具有较大的优势。模型中的动力学参数 K_s 和 k 是通过简单的试验测定和计算得到的,受温度影响较大,这方面的研究尚在进行中。此外,原水有机物的特性对生物过程也有影响,如何将影响量化,并在模型中表现出来也值得进一步研究。

参 考 文 献

- [1] Zhang S L, Huck P M. Modeling biological drinking water treatment processes: a kinetic modeling approach[J]. Water Research, 1996, 30(5): 1 195-1 207.
- [2] Wang J Z, Summer R S. Modeling of biofiltration of natural organic matter in drinking water treatment [C] Critical Issues in Water and Wastewater Treatment—Proc 1994 National Conf on Environment Engineering. [s. n.], 1994: 452-459.
- [3] Billen G, Servais P, Bouillt P, et. al. Functioning of biological filters used in drinking water treatment—the Chabrol model[J]. Water Supply Research Technology-aqua, 1992, 41(4): 231-241.
- [4] Hozalski R M, Bouwer E J. Non-steady state simulation of BOM removal in drinking water biofilters: model development [J]. Water Research, 2001, 35(1): 198-210.
- [5] Lu P, Huck P M. Evaluation of methods for measuring biomass and biofilm thickness in biological drinking water treatment[C] Proc AWWA Water Quality Technology Conference. Miami: AWWA, 1993: 1 415-1 456.
- [6] Hozalski R M, Bouwer E J. Deposition and retention of bacteria in backwashed filters[J]. Journal of America Water Work Association, 1998, 90(1): 71-85.
- [7] Speitel G E, Digiano F A. Biofilm shearing under dynamic conditions [J]. Environmental Engineering, 1981, 113(3): 464-475.
- [8] Greenberg A E, Taras M J, Rand M C. Standard methods for the examination of water and wastewater [M]. Washington: American Public Health Association, 1998.
- [9] Rittmann B E. The effect of shear stress on biofilm loss rate [J]. Biotechnology and Bioengineering, 1982, 24(2): 501-506.
- [10] Metcalf, Eddy. Wastewater engineering: treatment, disposal and reuse[M]. New York: McGraw-Hill, 1991.
- [11] Fry J C. Determination of biomass[M]. Methods in aquatic bacteriology. New York: Wiley, 1988.