

基于二维细胞自动机的好氧颗粒污泥形成仿真模拟

海本斋^a,王海磊^b

(河南师范大学 a. 计算机与信息工程学院; b. 生命科学学院, 河南 新乡 453007)

摘要:好氧颗粒污泥的培养条件及形成机制是目前环境工程领域的一个研究热点. 通过使用细胞自动机的方法, 提出一个好氧颗粒污泥形成的细胞自动机模型. 仿真结果与实验数据对比表明, 该模型能有效、直观地揭示好氧颗粒污泥形成的机理, 从而验证了模型的可靠性, 结果对于好氧颗粒污泥的工业化放大具有重要的指导意义.

关键词:细胞自动机; 好氧颗粒污泥; 污水处理

中图分类号: TP393.4

文献标志码: A

随着社会经济的发展和工业规模的不断扩大, 一方面人们对水的需求不断增加, 而另一方面大量工业废水和生活污水使得水污染现象越来越严重, 水资源短缺已成为现代社会亟待解决的问题. 目前最常用的污水处理方法是活性污泥法. 自从 Mishima 等^[1]首次在反应器中发现了好氧颗粒污泥(Aerobic granule, AG), 好氧颗粒污泥的培养和应用受到了国内外学者的普遍关注.

颗粒污泥系统是一个复杂的生物处理系统, 受到多种因素的影响, 这些因素相互交织, 错综复杂, 仅用试验的方法无法得到单个因素的影响特性^[2]. 细胞的生长和繁殖如何在空间上进行定位、相邻的细胞是否相互影响、细胞在生长时是否向条件更有利的地方迁移等问题在很大程度上是未知的. 解决这些问题就能更好地预测 AG 生长过程中有关其突起, 深度, 密度, 和水平的紧凑性等有关情况.

对 AG 形成的模拟建模是一种非常好的方法, 它可以通过系统的输入来模拟 AG 的形成以及 AG 活性的随机行为, 能够为许多影响好氧颗粒污泥工艺的因素如去除率以及颗粒污泥内部不同微生物种群的空间分布等提供更深入的洞察力^[3]. 目前对于 AG 的建模工具主要有两类, 一类是数学模型, 一类是细胞自动机(Cellular Automata)模型. 研究人员^[3-5]都提出了各自的 AG 建模数学模型, 详细探究了颗粒内部微生物相和胞外多聚物(EPS)分布以及影响颗粒污泥外形的因素如丝状菌枝状生长, 描述了 SBR 反应器内自养和异养颗粒污泥的同步生长情况, 描述了溶解氧的渗透梯度、缺氧和好氧时微生物增长速率以及营养物质的去除.

另外一种就是 CA 模型, CA 可以产生一个复杂的自我组织结构, 冯诺依曼揭示了一个有限状态的自动机的相互作用可以构建一个通用的计算机^[6]Conway 在生命游戏中只使用具有两种状态的 CA 就可以产生一个任意复杂的时空格局^[7]. 使用 CA 来描述生物的复杂性, 并给出相应的 CA 模型是很多研究人员的方向, 与传统的数学模型相比, CA 模型更能直观、形象地解释生物的复杂性成因, 并能很好的预测生物成长的途径和方向. Fujikawa^[8]用有限扩散凝聚(DLA)模型和随机游走模型描述的细菌菌落, 产生复杂的生长模式琼脂板. Lapidou C. S. 和 Colasanti^[9]第一个进行基于细胞自动机的生物膜建模研究, 当然还有很多这方面的研究^[10-11].

本文详细描述了使用细胞自动机的方法来模拟好氧颗粒污泥在造纸废水中形成的过程、机制和途径, 研究成果对于好氧颗粒污泥的工业化放大具有重要的指导意义.

收稿日期: 2014-09-10

基金项目: 河南省基础与前沿技术研究计划项目(132300410389); 河南省教育厅科学技术研究重点资助项目(14A520085).

作者简介: 海本斋(1980-)男, 河南封丘人, 河南师范大学实验师, 研究方向为复杂系统建模, 推荐系统, E-mail: 121422778@qq.com.

1 材料和方法

1.1 活性污泥

活性污泥取自某钢铁集团焦化厂污水处理二沉池^[12]。

1.2 合成废水

合成废水含 1 300 mg/L 葡萄糖, 200 mg/L NH_4Cl , 20 mg/L KH_2PO_4 , 50 mg/L $\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$, 20 mg/L $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$, 70 ml/L 微量元素溶液。微量元素溶液的配方为: 0.5 g/L glycine, 1.0 g/L NaCl , 0.1 g/L $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$, 0.1 g/L CoSO_4 , 0.1 g/L $\text{ZnSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$, 10 mg/L $\text{CuSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$, 10 mg/L $\text{AlK}(\text{SO}_4)_2 \cdot 12\text{H}_2\text{O}$, 10 mg/L H_2BO_3 , 10 mg/L $\text{Na}_2\text{MO}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$ 。

1.3 验装置

SBR 装置参照文献[13]设计, 反应器主体为圆柱形容容器, 直径 14 cm, 高 85 cm, 最大容积 12 L, 有效容积 9 L。沿一侧壁在 2、4、6、8、10 L 处各开孔用于进水或出水, 底部开排泥孔。距底 2 cm 处开进气孔, 内部采用烧结砂芯作曝气头, 外联空气压缩机, 反应器中安装有搅拌, 温度控制及溶氧测定等装置。

1.4 试验方法

AG 培育方法采用文献[14]所用方法, 利用 SBR 反应器进行驯化, 反应器内接种活性污泥 4.2 g/L, 在 30 °C 条件下, 1 d 运行 3 次, 每次进、排水 5 L。每周循环操作为: 进水 15 min, 反应 5 h, 沉降 30 min, 排水 15 min 中, 进水 COD 浓度不断提高, 连续测定反应器内 COD 降解率, 并观察活性污泥状态的变化。

2 二维细胞自动机模型设计

为了模拟好氧颗粒的结构, 二维空间采用带有节点 r 的周期性边界条件的 500×500 网格。一个单一的格子只能占据一个细胞和任何数量的底物。一个细胞如果它的邻居有足够的底物和空间, 就会产生一个新的细胞。母细胞保持在原来的位置, 而新产生的细胞可能占邻近格子的母细胞。

首先使用随机布尔变量定义状态空间 S , k 代表格子类型, m 代表格子数目。

$$S^{(k)} = (S1^{(k)}, S2^{(k)}, S3^{(k)}, S4^{(k)}), k = 1, 2, \dots, m.$$

$S_i^{(k)} = 1(0)$ 表示其中一个格子在 4 个方向的取值, 使用下面公式来表示在 m 个格子中节点 r 的部署, 用 β 表示:

$$\beta^{(k)}(\vec{r}) = (\beta1^{(k)}(\vec{r}), \beta2^{(k)}(\vec{r}), \beta3^{(k)}(\vec{r}), \beta4^{(k)}(\vec{r})), k = 1, 2, \dots, m.$$

由于 AG 的形成主要靠内部聚合完成, 因此在这里假设格子在 4 个方向的取值之和小于 4, 即:

$$\gamma(\vec{r}) = \sum_{k=1}^m \gamma^{(k)}(\vec{r}) = \sum_{k=1}^m \sum_{i=1}^4 \beta^{(k)}(\vec{r}) \leq 4.$$

用下面的公式来描述节点 R 的最近邻居类型 K

$$Z^{(k)}(\vec{r}) = (r + c1, r + c2, r + c3, r + c4).$$

其中 $c1 = (1, 0)$, $c2 = (0, 1)$, $c3 = (-1, 0)$, $c4 = (0, -1)$ 表示邻居格子细胞的速率通道。

这样可以得出格子 R 的新细胞移动的方向:

$$O_{Z^k}^{(k)r} = \sum_{i=1}^4 \beta^{(k)}(r + ci) \quad k = 1, 2, \dots, m.$$

同时也可以简单地通过计算给定格子 R 的最近邻居的 K 类型的格子细胞数量的总和来计算这种类型颗粒的局部密度:

$$D_{Z^k}^{(k)r} = \sum_{i=1}^4 \gamma(\vec{r})(r + ci).$$

初始化细胞在网格中随机分布, 格子细胞之间的相互作用和格子传播需遵循下面的规则:

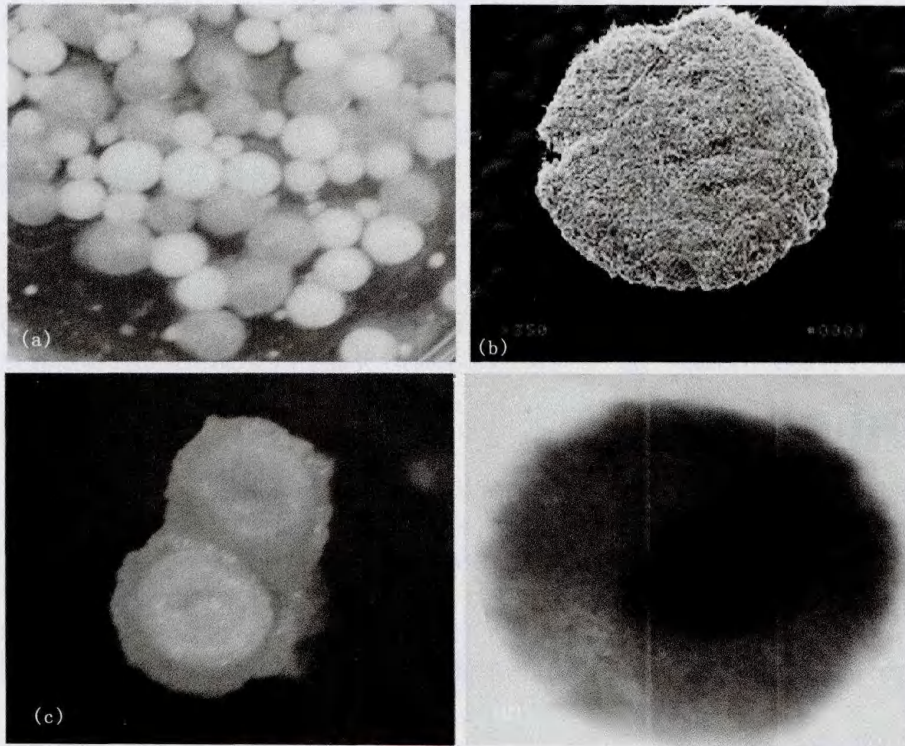
$$\text{规则: } A_s, s(O_{Z^k}^{(k)r}) = \begin{cases} \frac{M(s)}{N(s)} & \text{if } \rho(s) = \rho(s) \\ 0 & \text{else} \end{cases}.$$

在这里, $M(s') = e^{\sum_{k=1,2} (\beta_{Z(r)}^{(k)} \otimes s) + \gamma_{\rho}^{(k)} (r) (D_{Z(r)}^{(k)})}$, 归一化因子 $N(s)$ 选择如下:

$$\sum_{s, \rho(s) = \rho(s)} A s, s'(O_{Z(r)}^{(k)}) = 1, \text{ 并且 } O_{Z(r)}^{(k)} \otimes s Z_0^5 \rightarrow Z_0 \text{ 具有双线性功能.}$$

3 结果和探讨

实验结果利用显微镜跟踪观察, 如图 1 所示:



(a) 表示实验生成的AG的外观; (b) 表示AG在35倍SEM下的成像;
(c) 表示AG多层的内部结构; (d) 表示AG内部核心的显微图像.

图1 好氧颗粒污泥培养结果示意图

图 1(a) 中 AG 呈现出球形或类球形的紧凑外观, 有白色和青瓷色两种颜色类型, 颜色的不同是由于附着于颗粒表面的不同类型的微生物造成的. 通过扫描电镜对颗粒表面上的微生物的观察表明, AG 有一个外表凹凸不平, 有许多球状和丝状微生物在其表面, 如图 1(b) 所示. 在此次试验中, 对 AG 的内部结构进行了分解, 一个大核进行分离后, 发现粘液质的液体物质, 覆盖在大核上面, 将大核进行冻结并分解, 去除这些粘液质物体, 发现 AG 形成是有一个年轮状的多层结构时, 观察其横截面, 如图 1(c) 所示. 此外, 一个小内核出现在颗粒的中心. 由于在显微镜下发现没有其他小的细胞核出现在这个内核中, 所以就认为这个小的内核就是 AG 的核心, 这表明, 颗粒的形成的基础就是这个小内核, 如图 1(d) 所示.

通过 java 编程, 结合试验产生的实际内容, 分别对参数进行了修正, 从好氧颗粒污泥形成的过程、底物浓度、密度、颗粒粒径等方面进行了比较. 为了更好地揭示 AG 形成的分层过程, 采用 4 种颜色来区分它的形成过程.

程序设计中, 定义两个对象分别表示是细胞和空间点阵. 每个单元都包含两个唯一的数据值和一个功能, 即它的底物的状态, 在阵列中的单元的位置和传播函数. 每个格子包含 3 个独特的数据值, 它是一个指针到细胞中, 资源单元的数目, 以及一个临时存储资源, 和重新分配资源的一个函数.

文献[15]中将好氧颗粒污泥的形成过程分为 4 个阶段:细菌增殖阶段、絮状体形成阶段、凝絮体形成阶段及好氧颗粒污泥形成阶段,从污泥接种到颗粒出现的一段时间称为细菌增殖阶段,在这个阶段,接种污泥中的絮体逐渐变密实,并且出现较少不规则形状的密实颗粒,污泥的沉降速度和比重没有明显变化;随着沉降时间的不断缩短,沉降过程对反应器内污泥进行了选择,小而轻的絮体污泥随出水排出,而尺寸较大且密实的污泥则因沉速较快而留在反应器中,并且在剪切力作用下逐渐变规则,快速生长期中颗粒尺寸迅速增加,沉速、比重也随之增大,随着颗粒尺寸的增大,颗粒内部就会出现底物扩散限制在底物富余阶段,溶解氧向颗粒内部的扩散受到极大的限制,随着底物的消耗,颗粒内部的溶解氧浓度逐渐增加,此时由于扩散限制活性微生物多集中在颗粒表面生长;在颗粒形成阶段,微生物的生长、解吸附和解体等过程达到平衡,整个颗粒污泥反应器处于稳定运行阶段. 仿真结果如图 2 所示.

从图 3 中可以看出,好氧颗粒污泥的结构是高度依赖于底物的可用性. 低底物的可用性形成的好氧颗粒松散孔隙多、通道,污泥的结构比较蓬松. 实际上,由于低底物的可用性可能来自液体低底物浓度,颗粒或微生物的高增长率的扩散阻力,因此好氧颗粒污泥在低有机负荷率具有蓬松的结构,当有机负荷增加时,就得到了光滑,形状规则好氧颗粒污泥,从图 3(a)到 3(d)的变化可以看出,底物浓度越高,AG 的半径越大,形成的 AG 越致密,密度就越大.

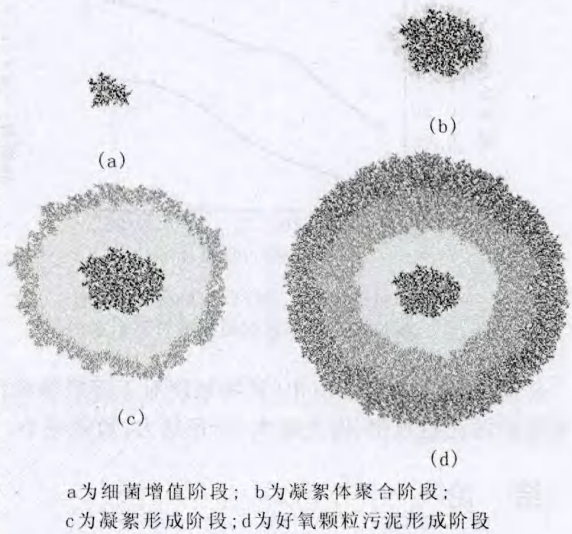
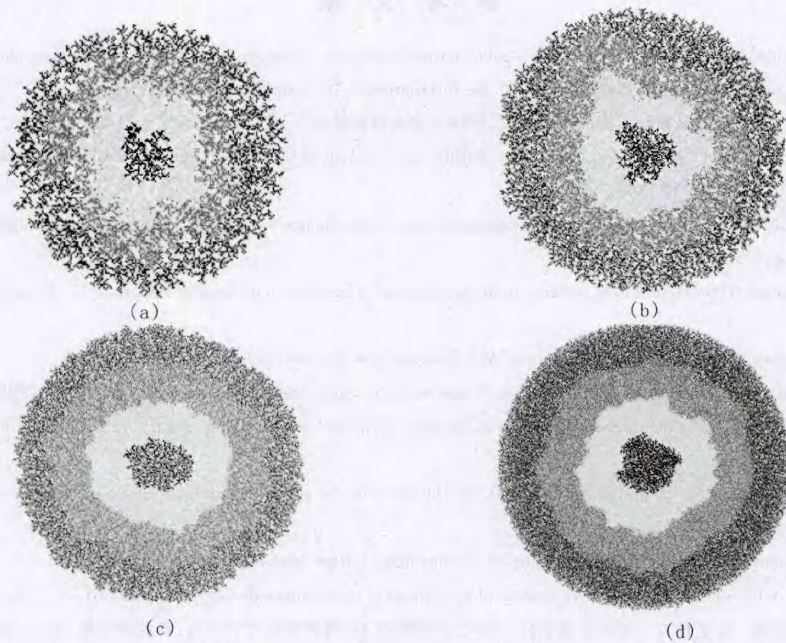


图2: 好氧颗粒污泥的形成过程



(a)底物浓度为0.15g/L; (b)的底物浓度为0.18 g/L; (c)的底物浓度为0.23 g/L; (d)的底物浓度为0.26 g/L.

图3: 不同底物浓度下好氧颗粒污泥的形态

通过对比不同浓度下细胞自动机模型与实际试验数据形成的好氧颗粒污泥的半径与密度,得到图 4 和

图5.

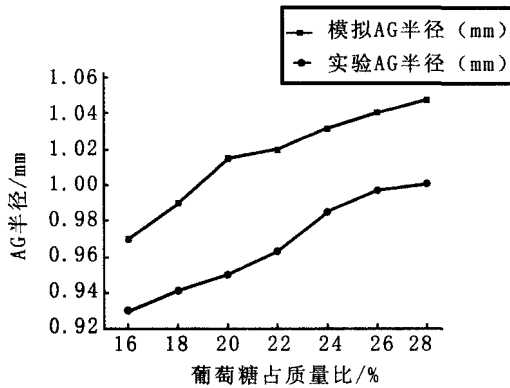


图4 不同底物浓度下好氧颗粒污泥的半径模拟数据与半径试验数据对比示意图

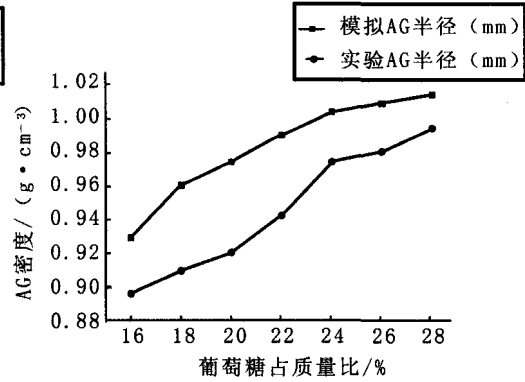


图5 不同底物浓度下好氧颗粒污泥的模拟密度与试验实际数据密度对比示意图

从图4,图5中可以看出,底物浓度对于好氧颗粒污泥的半径和密度影响较大,当底物浓度不断升高时,好氧颗粒污泥越致密、密度越大,半径越大,通道越小。

4 结论

本文详细描述了细胞自动机模拟好氧颗粒污泥的形成过程,通过与实际试验数据进行对比,表明实验证据支持仿真结果,从而验证细胞自动机模型的可靠性。这项研究表明,细胞自动机模拟是研究好氧颗粒污泥颗粒结构和操作条件关系的一种可行的工具,对于好氧颗粒污泥的工业化放大具有重要的指导意义。

参 考 文 献

- [1] Mishima K, Nakamura M. Self immobilization of aerobic activated-sludge, a pilot-study of the aerobic upflow sludge blanket process in municipal sewage-treatment[C]. 15th Biennial Conf of the International Assoc on Water, 2010, Kyoto.
- [2] 彭永臻, 吴 蕾, 马 勇, 等. 好氧颗粒污泥的形成机制、特性及应用研究进展[J]. 环境科学, 2010, 31(2): 273-279.
- [3] Picioreanu C, Kreft J U, Klausen M, et al. Microbial motility involvement in biofilm structure formation—a 3D modelling study [J]. Water Sci, Technol, 2007, 55(8/9): 337-343.
- [4] Davidson I. A, Koehl M A R. How do sea-urchins invaginate Using biomechanics to distinguish between mechanisms of primary invagination[J]. Development, 1995, 121: 2005-2018.
- [5] Delprato A M, Samadani A. Swarming ring patterns in bacterial colonies exposed to ultraviolet radiation[J]. Phys Rev Lett, 2001, 87: 102-158.
- [6] Von Neumann J. Theory of self-reproducing automata[M]. University of Illinois Press, Urbana, 1966.
- [7] Gardner M. The fantastic combinations of John Conway's new solitaire game life[J]. Scientific American, 1977, 223: 120-123.
- [8] Fujikawa H. Reconstruction of the extensor apparatus of the knee with the Leeds-Keio ligament[J]. FEMS Microbiol Immunol, 1994, 13: 159-168.
- [9] Wimpenny J W T, Colasanti R. A unifying hypothesis for the structure of microbial biofilms based on cellular automaton models[J]. FEMS Microbiol Immunol, 1997, (22), 1: 1-16.
- [10] Crossand M p. Hohenberg pattern-formation outside of equilibrium[J]. Rev Mod Phys, 1993, 65: 85 1-1112.
- [11] Czirok A, Barabasi A L, Vicsek T. Collective motion of organisms in three dimensions[J]. Phys Rev Lett, 1999, 82: 209-212.
- [12] 于广丽, 李 平, 王海磊. 好氧颗粒污泥的快速驯化及其动力学研究[J]. 河南师范大学学报: 自然科学版, 2011, 39(6): 29-132.
- [13] Wang H L, Yu G L, Liu G S, et al. A New Way to Cultivate aerobic granules in the process of papermaking wastewater treatment [J]. Biochem Eng J, 2006, 28: 99-103.
- [14] APHA. Standard methods for the examination of water and wastewater[M]. 20th ed. Washington DC. American Public Health Association, 1998.
- [15] 王海磊, 魏丽莉, 李宗义. 好氧颗粒污泥的形成过程、形成机理及相关研究[J]. 环境污染与防治, 2005, 27: 485-488.

Two-Dimensional Cellular Automata based Simulation of the Formation of Aerobic Granular Sludge

HAI Benzhai^a, WANG Hailei^b

(a. College of Compute Science & Technology; b. College of Life Sciences,
Henan Normal University, Xinxiang 453007, China)

Abstract: The formation mechanism and environmental conditions of the aerobic granular sludge becomes the target of many researchers. With the method of cellular automata this paper gives a model of formation of an aerobic granular sludge. The simulation results show that the model effectively reveals the formation mechanism of aerobic granular sludge, the reliability of the model was verified, the results amplified has an important guiding significance for the aerobic granular sludge industrialization.

Keywords: cellular automata; aerobic granular sludge; wastewater treatment

(上接第 109 页)

- [11] Ransom-Hodgkins W D. The application of expression analysis in elucidating the eukaryotic elongation factor one alpha gene family in *Arabidopsis thaliana*[J]. *Mol Genet Genomics*, 2009, 281(4): 391-405.
- [12] 周峰, 刘燕, 马永贵, 等. 真核翻译延伸因子 1A 蛋白家族功能位点的进化踪迹分析[J]. *中国生物化学与分子生物学报*, 2013, 29(8): 773-782.

Subcellular Localization of translation Elongation Factor *EF1A* in *Arabidopsis Thaliana*

CHEN Yan, WANG Weiqian, ZHANG Hongli, XIA qunfang, SUN Hengji, LI Ruisha,
ZHENG Bang, ZHOU Shumin, ZHANG Wei

(Shanghai Key Laboratory of Bio-Energy Crops; School of Life Science, Shanghai University, Shanghai 200444, China)

Abstract: The subcellular localization of the translation elongation factor *EF1A* of *Arabidopsis* was investigated in this study. The 2 363 bp cDNA fragment of the *Arabidopsis translation* elongation factor *EF1A* was cloned by KOD reaction from *Arabidopsis Columbia*. With *GFP* fusion, the gene fragment constructed into the p1300 vector, Then the *p35S; GFP* and *p35S; EF1A : : GFP* were transformed into *Col ecotypes Arabidopsis* by *Agrobacterium*-mediation. *GFP* expression in transgenic plants cell was observed and showed that *35S; GFP* transgenic plants exhibited a significantly high *GFP* fluorescence in the nucleus than in cytoplasm, but in *p35S; EF1A : : GFP* transgenic plants, the fluorescence intensity in nucleus was similar to cytoplasm. These results suggested that during protein translation, *EF1A* content in cytoplasm is higher than in nucleus. Furthermore, the subcellular localization of *EF1A* also been revealed in this study.

Keywords: *Arabidopsis thaliana*; translation elongation factor; *EF1A*; *GFP*