

SÜREKLİ PH VE ORP TAKİBİNE DAYALI BİYOLOJİK AZOT GİDERİMİ SİSTEMİNDE NİTRİFİKASYON BAKTERİLERİNİN DAĞILIMININ MOLEKÜLER TEKNİKLERLE İNCELENMESİ

TÜBİTAK Proje No, 103I001: 01.05.2003-01.05.2004

ÇALLI, Barış; YÜKSELEN, Mehmet Ali; MERTOĞLU, Bülent; GİRGİN, Emine

ÖZET

Bu çalışmada, yüksek miktarda amonyak içeriğine sahip bir sızıntı suyu ile beslenen laboratuvar ölçekli nitrifikasyon ve denitrifikasyon sistemlerinde klasik işletme verimi kontrol parametrelerine ilave olarak mikrobiyal çeşitlilik DGGE, klonlama ve FISH gibi moleküler teknikler kullanılarak incelenmiştir. Nitrifikasyon tankı, gerekli olan alkaliniteyi kullanıldıkça kesikli olarak ilave etmek için, sürekli pH takibine bağlı olarak alkalinite dozlayan bilgisayar kontrollü bir sistem ile işletilmiştir. Bu sistem ile pH 7.0 civarında sabit tutularak, yaklaşık %99 verim ve 0.16 mgNH₄⁺-N/mgUAKM.gün nitrifikasyon hızı elde edilmiştir. Aynı zamanda, amonyak oksitleyen Nitrosomonas ve nitrit oksitleyen Nitrobacter benzeri nitrifikasyon bakterileri yoğun olarak tespit edilmiştir. Ayrıca, aerobik denitrifikasyon bakterileri olan Thauera türleri de tanımlanmıştır. pH ayarlamasının kaldırılmasından sonra anaerobik reaktörlerdeki verim düşüşüne paralel olarak, nitrifikasyon tankı daha fazla biyolojik olarak ayrışabilir KOİ ile yüklenmiştir. Mikrobiyal çeşitlilik bu değişiklikten hemen etkilenmiş ve karbon gideren heterotrofik bakteriler ve aerobik denitrifikasyon bakterileri çoğunluk haline gelmiştir. Daha önceki, yüksek verimleri tekrar elde edebilmek için, hidrolik bekletme süresi 24' den 48 saate çıkarılmış ve otomatik kontrol sistemine HCl dozlayan ikinci bir pompa ilave edilmiştir. Bu önlemlerden sonra, amonyak (Nso190) ve nitrit (NIT3) oksitleyen bakterilerin sayısı oldukça artmıştır. Denitrifikasyon sisteminde, karbon kaynağı olarak sodyum asetat ilavesi ile 2000 mg/l NO_x-N seviyelerinde bile %98 verim elde edilmiştir. Aynı zamanda, 20 g/l UAKM değerlerinde yaklaşık 1.34 mgNO_x-N/mgUAKM.gün denitrifikasyon hızları elde edilmiştir. Alınan tüm çamur numunelerinde benzer DGGE bant dağılımı görülmüş ve Paracoccus benzeri türler baskın denitrifikasyon bakterisi olarak tespit edilmiştir.

NITRIFYING BACTERIAL DIVERSITY IN A BIOLOGICAL NITROGEN REMOVAL SYSTEM BASED ON ON-LINE PH AND ORP MONITORING

ABSTRACT

Molecular analysis of microbial populations in two bench-scale nitrification and denitrification reactors fed with high ammonia landfill leachate were conducted in this study by using DGGE, cloning, and FISH techniques additional to classical efficiency control parameters. Nitrification tank was operated with a computer-controlled alkalinity dosing system to supply the alkalinity intermittently as consumed on the basis of on-line pH monitoring. By keeping the pH at 7.0 with this system, 99% nitrification efficiencies and rates of about 0.16 mgNH₄⁺-N/mgVSS.day were obtained. Meanwhile, as ammonia oxidizing bacteria Nitrosomonas-like cells and as nitrite oxidizing bacteria Nitrobacter-related cells were intensively indicated. Moreover, some aerobic denitrifiers as Thauera species were also identified. After the termination of pH adjustment in the preceding anaerobic reactors, nitrification tank was loaded with more biodegradable COD as a result of reduced COD removal in anaerobic reactors. Microbial diversity was immediately affected from this alteration and heterotrophic carbonaceous bacteria and aerobic denitrifiers have dominated. To provide the former high efficiencies, retention time has increased from 24 to 48 hours and a second pump dosing HCl was included to the automatic control system. Subsequent to these precautions, the numbers of

ammonia (Nso190) and nitrite oxidizing bacteria (NIT3) were comparatively increased. In denitrification system, about 98% denitrification efficiencies were obtained at 2000 mg/l NO_x-N concentrations if sodium acetate was supplied as carbon source. Meanwhile, with 20 gVSS/l biomass concentration, denitrification rates of about 1.34 mgNO_x-N/mgVSS.day were obtained. All sludge samples have represented similar DGGE patterns and Paraccoccus-related species were identified as dominant denitrifying bacteria.