

# 1株白酒废水降解菌的鉴定及降解条件的优化

刘倩<sup>1</sup> 程国军<sup>2</sup> 周围<sup>2</sup> 石燕<sup>1</sup> 杜冬云<sup>1</sup>

1. 中南民族大学环境科学与工程研究所/中南民族大学化学与材料科学学院/

催化材料科学国家民委-教育部共建重点实验室, 武汉 430074;

2. 中南民族大学生命科学院, 武汉 430074

**摘要** 采用稀释平板法从某制酒企业污水样品中分离筛选到1株好氧降解高粱白酒废水的细菌LM1,经形态观察和16S rDNA序列分析,鉴定该菌株为红球菌(*Rhodococcus* sp.),并研究了该菌株降解高粱白酒废水的特性。结果表明:该菌株的最佳降解条件是pH 7.0,温度30℃,接种量5%。在最适条件下,24 h内,LM1菌株对白酒废水的COD(化学需氧量)、TOC(总有机碳)、TN(总氮)去除率分别是(81.0±2.4)%、(81.2±4.1)%、(66.6±0.1)%;72 h内,对TP(总磷)的去除率可达(72.7±0.2)%。出水COD为(475.3±60.0) mg/L,接近白酒工业废水的间接排放标准(GB 27631-2011)(COD≤400 mg/L),TN为(16.6±0.1) mg/L,达到直接排放标准(TN≤25 mg/L)。经芬顿试剂进一步深度处理后,其COD为(120.0±7.0) mg/L,TOC为(36.0±3.5) mg/L,TP为0.1 mg/L,TN为(13.3±0.5) mg/L,脱色率为99.8%,达到直接排放标准。

**关键词** 白酒废水;降解;红球菌;化学需氧量;芬顿氧化

**中图分类号** Q 939.9 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2013)03-0033-06

白酒是我国特有的一种蒸馏酒,已成为中华民族传统文化的重要组成部分。但酒厂造成的污染是工业污染中较严重的一种。2009年,全国白酒总产量达到70.7亿L,共产生了1 060亿L的废水<sup>[1]</sup>。废水中大量的有机化合物例如多糖、还原糖、木质素、蛋白质、类黑精、蜡等物质<sup>[2]</sup>,导致废水颜色偏深、COD和BOD值偏高,是制约造酒行业持续发展的瓶颈。白酒废水若直接排放到环境中,会降低土壤碱度引起种子休眠,废水的颜色会降低水体中阳光的渗透率,减少光合作用和溶解氧量,影响水生生物的正常生长<sup>[3]</sup>。

由于白酒废水的有机物含量高,COD/BOD值为1.8~1.9,属于可生化性强的废水。目前白酒废水处理工程中应用广泛、研究深入的生化方法是厌氧-好氧法技术。但是随着研究的深入,人们发现采用生化法处理白酒废水,其技术核心是微生物,通常都需要较长时间的培养与驯化,导致反应器启动时间长,甚至启动失败,这无疑会对处理工程造成极大的影响,因此微生物菌剂的开发利用成为研究的

热点<sup>[4]</sup>。Jimenez等<sup>[5]</sup>利用斜卧青霉菌*Penicillium decumbens*对酒厂废水进行好氧处理,减少了74%的酚类化合物并且脱色率达到40%。经过生物处理后,酒厂废水中的有机物基本被去除。然而,废水的棕色并不会消失甚至可能由于颜色组分和类黑精的聚合作用而增强<sup>[6]</sup>,并且微生物对白酒废水中部分难生物降解的污染物和有毒污染物难有作为,而芬顿氧化法对酒厂废水中难生物降解污染物有着稳定高效的去除率。因此,将生物处理和芬顿氧化技术相结合既能使污染物达标,又能将处理费用控制在可承受的范围内,具有很大的发展潜力,已成为国内外污染物处理的重要研究方向之一<sup>[7]</sup>。本研究主要对前期从某制酒企业污水样品中分离筛选到的1株高效白酒污水降解菌进行形态学特征和16S rDNA序列鉴定,研究其对白酒废水COD、TOC、TN和TP的最佳降解条件,并以好氧生物法与芬顿试剂联合处理白酒废水,以期达到《发酵酒精和白酒工业水污染物排放标准》(GB 27631-2011)的直接排放要求。

收稿日期:2012-07-10

基金项目:国家自然科学基金项目(30800021)和湖北省科技厅重点项目(2012FFA114)

刘倩,硕士研究生。研究方向:水污染控制化学。E-mail: hanling6699@163.com

通讯作者:杜冬云,教授。研究方向:污染控制化学。E-mail: dydu666@yahoo.com.cn

# 1 材料与方法

## 1.1 材料

菌株 LM1 为笔者所在实验室保藏的高效白酒废水降解菌,采用稀释平板法分离纯化自某白酒企业污水处理厂的活性污泥;制酒废水原水采自湖北某白酒企业污水处理厂的反应器中的废水,灭菌(121 °C, 30 min)后备用。灭菌后的原水水质中 COD 3 500.0~5 000.0 mg/L、TOC 330.0~600.0 mg/L、TN 50.0~80.0 mg/L、TP 40.0~100.0 mg/L、pH 4.5~5.5。本研究选用的富集培养基为牛肉膏蛋白胨培养基。

## 1.2 菌种鉴定

1)生理生化指标的测定。细菌的革兰氏染色和菌落形态特征观察根据参考文献[8]提供的方法进行,参照文献[9]的方法对菌株形态进行扫描电镜观察。

2)降解菌株 16S rRNA 基因克隆、序列测定及系统发育分析。将菌体摇床培养至对数期,离心并收集菌体,抽提基因组总 DNA。依据细菌 16S rDNA 中最保守序列设计并合成引物,引物序列为正向引物(5'-AAGGAGGTGATCCAGCC-3'),反向引物(5'-AGAGTTTGATCCTGCTCAG-3')。PCR 反应体系为 100  $\mu$ L,PCR 程序为:94 °C,3 min 预变性;94 °C,30 s 变性;56 °C 1 min 退火;72 °C,2 min 延伸;30 个循环,最后再 72 °C 延伸 7 min。扩增产物经 1.0% 琼脂糖凝胶电泳后回收,连接到 pMD18-T 载体,作 AT 克隆,并转化大肠杆菌 DH5 $\alpha$ ,用 T 载体上的通用引物测定 16S rDNA 序列,测序工作由北京三博远志公司完成。

将测序得到的结果与 NCBI 中核苷酸数据库进行 Blast 比较分析,同时选取一些有代表性的菌株构建进化树。序列同源性由 Bioedit 完成,进化树用 MAGE 4.0 以邻位相连法(neighbor-joining)构建<sup>[10]</sup>。

## 1.3 不同环境因素对白酒废水生物降解的影响

1)不同 pH 下菌株 LM1 对白酒废水的降解。在 500 mL 锥形瓶中装入 100 mL 的制酒废水,调节其 pH 值至 4.0、5.0、6.0、7.0、8.0、9.0、10.0 和 11.0,将 LM1 以 5% 的接种量加至已灭菌的制酒废水中,30 °C 200 r/min 培养 72 h,样品在 12 000 r/min 下离心 5 min,取上清测定 COD、TOC、TN、TP。以同样处理但不接菌作为对照,每个处理设 3

个重复。

2)不同温度下菌株 LM1 对白酒废水的降解。在 500 mL 锥形瓶中装入 100 mL 的制酒废水,调节其 pH 值至 7.0,将 LM1 以 5% 的接种量加入已灭菌的制酒废水中,设定摇床温度分别为 15、25、30、37、45 和 50 °C,200 r/min 摇床培养 72 h,样品于 12 000 r/min 离心 5 min,取上清测定 COD、TOC、TN、TP。以同样处理但不接菌作为对照,每个处理设 3 个重复。

3)不同菌株 LM1 菌株接种量对白酒废水的降解。在 500 mL 锥形瓶中装入 100 mL 的制酒废水,调节其 pH 值至 7.0,将 LM1 以 1%、3%、5%、10% 和 15% 的接种量加入已灭菌的制酒废水中,30 °C、200 r/min 条件下培养 72 h,样品在 12 000 r/min 下离心 5 min,取上清测定 COD、TOC、TN、TP。以同样处理但不接菌作为对照,每个处理设 3 个重复。

## 1.4 最适条件下菌株 LM1 对白酒废水的降解曲线

在 500 mL 锥形瓶中装入 100 mL 的制酒废水,初始 pH 值为 7.0,将菌株 LM1 以 5% 的接种量加入已灭菌的制酒废水中,30 °C、200 r/min 条件下摇床培养,每隔 12 h 取样,样品 12 000 r/min 离心 5 min,取上清测定 COD、TOC、TN、TP。设不接菌对照,每个处理设 3 个重复。

## 1.5 芬顿试剂对 LM1 菌株好氧降解废水的深度处理

生物出水于 12 000 r/min 离心 5 min,取上清液作为芬顿反应的处理水样。在 250 mL 烧杯中加入 100 mL 的水样,在最佳反应条件下用 1 mol/L 的 HCl 溶液调节 pH 至 3.0,投加的 二价铁离子质量浓度为 200 mg/L、过氧化氢体积分数 20 mL/L,将其放在 DF-101S 型集热式恒温加热磁力搅拌器上搅拌 5 min 后,3 000 r/min 离心 10 min,取上清用 1 mol/L 的 NaOH 调节 pH 为 9.0,这时溶液中的 Fe<sup>3+</sup> 会产生水解絮凝沉淀,因此可再将其离心 10 min,取上清液作为待测水样。

## 1.6 主要分析测试方法及仪器

使用紫外可见分光光度计(UV-1750, SHIMADZU, Japan)在 600 nm 和 475 nm 处分别测定光密度确定菌浓度和色度。色度法(密闭回流法)测定 COD,方法是用 Hach DR 2800 分光光度计(HACH, USA)在 620 nm 波长处进行 COD 的测定。总有机碳分析仪 Multi N/C 3100(Jena, Germany)用于 TOC 和 TN 的测定。采用微波消解法

(WXJ-III, 韶关市泰宏医疗器械有限公司, China)<sup>[11]</sup>测定 TP。

## 2 结果与分析

### 2.1 生理生化特征

在牛肉膏蛋白胨平板上培养 2 d 后可见 LM1 菌落单一、橘红色、表面微凸、不光滑、湿润、透明度差。经革兰氏染色发现其为 G<sup>+</sup>, 不产芽孢。LM1 的部分生理生化试验结果见表 1。进一步对 LM1 菌株进行扫描电镜观察, 由图 1 可见, 菌体直径大约 1.0 μm, 球形细胞可萌芽变成短杆状。

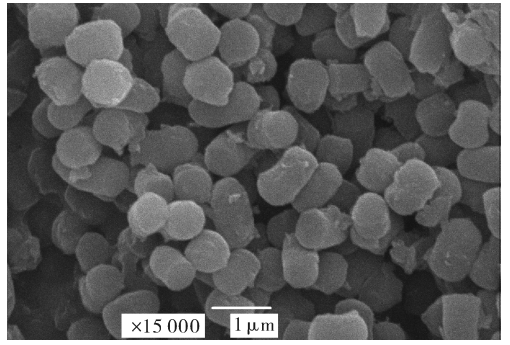


图 1 菌株 LM1 的扫描电镜照片

Fig. 1 Scanningelectron microscopic image of strain LM1

表 1 LM1 的生理生化特性鉴定<sup>1)</sup>

Table 1 The biochemical and physiological characteristics of strain LM1

项目 Item	结果 Result	项目 Item	结果 Result	项目 Item	结果 Result
淀粉水解 Starch hydrolysis	-	V-P 试验 V-P test	-	麦芽糖发酵 Maltose fermentation	-
明胶水解 Gelatin hydrolysis	-	柠檬酸盐利用试验 Citrate utilization test	+	木糖发酵 Xylose fermentation	-
酪蛋白水解 Casein hydrolysis	-	硫化氢试验 Hydrogen sulphide test	+	棉籽糖发酵 Raffinose fermentation	-
接触酶试验 Catalase test	+	葡萄糖发酵 Glucose fermentation	+	山梨糖醇发酵 Sorbitol fermentation	-
吡啉试验 Indol test	-	乳糖发酵 Lactose fermentation	-	甘油发酵 Glycerol fermentation	-
甲基红试验 Methyl red test	-	半乳糖发酵 Galactose fermentation	-		

1) +: 阳性 Positive; -: 阴性反应 Negative.

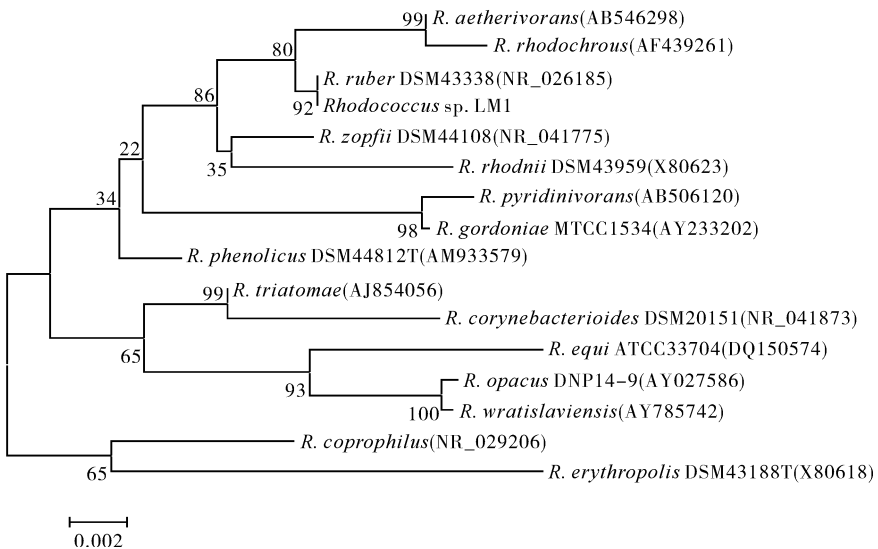


图 2 细菌 LM1 的 16S rDNA 序列的系统发育树

Fig. 2 The phylogenetic tree based on 16S rDNA sequence of Rhodococcus sp. LM1

### 2.2 菌株 LM1 16S rDNA 分析

以 Rhodococcus sp. LM1 的总 DNA 为模板, 扩

增 16S rDNA 基因并测序。在 NCBI 的核苷酸数据库中进行 Blast 比较分析, 结果表明 LM1 与红球菌

属的大多数菌种的相似度达到 97% 以上,其中和 *R. ruber* DSM43338 的 16S rDNA 序列具有 100% 的相似性,而与 *R. rhodochrous* 和 *R. zopfii* DSM44108 等菌株的相似度也达到 99%。

选取 *Rhodococcus* 属中同源性高的菌株进行比较,构建系统发育树(图 2)。由图 2 可以看出:LM1 菌株的 16S rDNA 序列与 *Rhodococcus* 属中许多种有很高的同源性,与已报道的环十二酮降解菌 *R. ruber*<sup>[12]</sup> 关系最为接近,但与已报道的具有降解工业废水能力的红平红球菌(*R. erythropolis*)<sup>[13]</sup> 之间的差异比较大。

### 2.3 酒厂废水初始 pH 值对生物降解效果的影响

由图 3 可见,pH 6.0~11.0 条件下菌株 LM1 的降解效果较稳定,其中当 pH 值为 7.0 时,COD、TOC、TN 和 TP 降解率最高。在中性条件下,LM1 对废水的处理效果很可能已经达到了最佳水平。废水中的 H<sup>+</sup> 和 OH<sup>-</sup> 是间接对微生物的代谢产生影响的,它首先作用于胞外可解离的弱酸(或弱碱),形成易通过细胞膜的游离态进入胞内再作用于参与代谢的各种酶类,从而影响菌体的生长和产物的合成<sup>[14]</sup>。因此,后续的研究选择 pH 7.0 作为白酒废水的初始 pH 值。

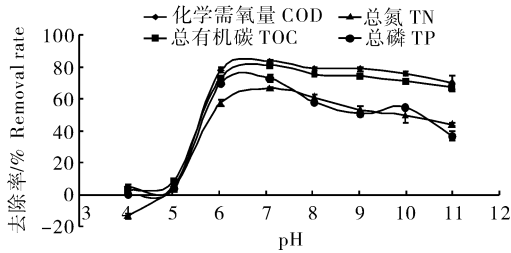


图 3 废水初始 pH 值对 LM1 生物降解白酒废水效果的影响

Fig. 3 Effect of initial pH of the liquor wastewater on the biodegradation of LM1

### 2.4 降解温度对生物降解效果的影响

从图 4 可以看出,降解率随着温度的升高先增大再减小,菌株 LM1 可在 25~37 °C 的温度范围内对白酒废水有较好的降解效果,其中 30 °C 对白酒废水的降解效率最高。因此,LM1 菌株的最适降解温度为 30 °C。

### 2.5 接种量对生物降解效果的影响

由图 5 可知,接种量对降解率的影响不大,COD、TOC、TP 的降解曲线较平稳。而 TN 的降解率为(66.6 ± 0.1)%,在投加量为 15% 时下降到

54.48%。随着接种量的增大,微生物对废水的降解率基本上没有什么变化。可能是由于 LM1 是好氧菌,且生长较快,即使接入少量菌体,72 h 后锥形瓶内依然可以达到较高的菌体浓度。其中当接种量为 5% 时,COD 的降解率最高。

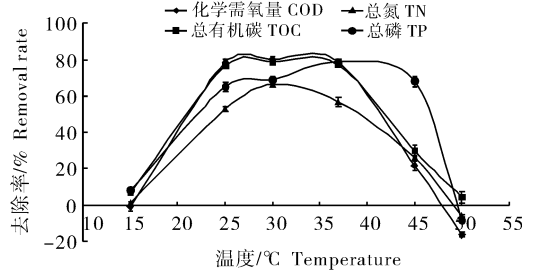


图 4 培养温度对 LM1 生物降解白酒废水效果的影响

Fig. 4 Effect of temperature on the biodegradation of the liquor wastewater by LM1

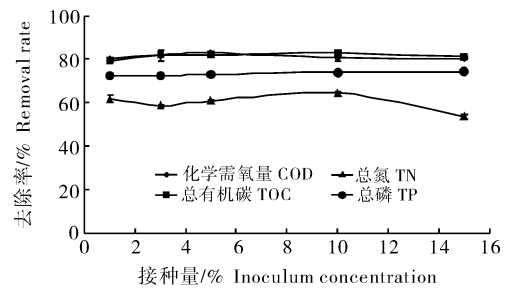


图 5 接种量对 LM1 生物降解白酒废水效果的影响

Fig. 5 Effect of inoculum concentration on the biodegradation of the liquor wastewater by LM1

### 2.6 菌株 LM1 对白酒废水的降解曲线

在最适 pH、温度及接种量的条件下,考查菌株 LM1 对白酒废水的降解曲线。如图 6 所示,随着降解时间的延长微生物对废水的降解率逐渐增大。从 12 h 至 24 h,COD、TOC、TN 和 TP 的降解率明显增加。24 h 以后,COD、TOC、TN 的去除率维持稳定,但 TP 的去除率还在进一步增加。到 72 h,菌株

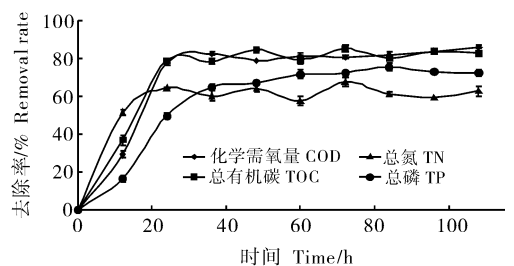


图 6 LM1 生物降解白酒废水的时间曲线

Fig. 6 Time curve of LM1 on the biodegradation of the liquor wastewater

LM1 对废水的降解率达到最大值, COD ( $475.3 \pm 60.0$ )、TOC ( $64.1 \pm 14.0$ )、TN ( $16.6 \pm 0.1$ ) 和 TP ( $15.7 \pm 0.1$ ) mg/L。经菌株 LM1 处理白酒废水剩余的 TN 达到了白酒工业废水(GB 27631-2011)的直接排放标准(TN  $\leq 25$  mg/L), COD 接近间接排放标准(COD  $\leq 400$  mg/L)。处理初期, LM1 进入对数生长期, 各种营养需求旺盛, 因此对 C、N、P 的降解率增长迅速。后期 TP 的去除率略微增加, 可能是细菌胞内积累 P 元素营养储藏颗粒所致。

### 2.7 芬顿试剂对好氧出水的降解效果

经过好氧生物处理后的 COD 为 ( $450.0 \pm 50.0$ ) mg/L, 说明废水中存在部分难生物降解的有机物, 仍需进一步深度处理。如表 2 所示, 经芬顿处理后, 脱色率为 99.8%, TP 基本被去除, COD 为 ( $120.0 \pm 7.0$ ) mg/L, 达到直接排放标准(COD  $\leq 150$  mg/L, TN  $\leq 25$  mg/L, TP  $\leq 1.0$  mg/L)。

表 2 芬顿试剂氧化试验结果

Table 2 The Fenton oxidation tests

指标 Parameters	化学需氧量 COD	总有机碳 TOC	总氮 TN	总磷 TP	脱色率 Decolorization
残余质量浓度/ (mg/L) Residual concentration	120.0 $\pm$ 7.0	36.0 $\pm$ 3.5	13.3 $\pm$ 0.5	0.1	/
降解率/% Removal rate	75.6 $\pm$ 0.6	55.6 $\pm$ 3.7	14.2 $\pm$ 3.2	97.9	99.8

## 3 讨论

本试验从某白酒企业污水处理厂的活性污泥分离得到 1 株能以高粱白酒废水作为唯一碳源和能源进行生长的细菌。经常规形态观察和 16S rDNA 序列同源性分析, 初步鉴定 LM1 为红球菌属(*Rhodococcus* sp.)。菌株降解试验表明, 废水初始 pH 和温度能显著影响 LM1 的降解效果, 接种量的影响次之。本研究得出最佳降解 pH 值为 7.0, 与吴晟旻等<sup>[15]</sup>的研究结果类似。但与 Shen 等<sup>[16]</sup>研究发现 *Rhodococcus* sp. NJUST 16 有较为宽泛的 pH 范围不同, 可能是由于菌株的自身特性造成的; 本研究中最适温度为 30 °C, Lu 等<sup>[17]</sup>也报道了 1 株邻苯二甲酸酯降解菌 *R. ruber* L4 的最佳降解温度 30 ~ 37 °C。本研究最适投加量为 5%, 在最佳条件下处理后的出水 TN、COD 的残余浓度达到排放标准。经芬顿试剂进一步氧化后, 其出水的残余浓度可达直接排放标准。因此, 白酒废水经菌株 LM1 处理后再进行深度处理有良好的发展前景。此外, 先用微生物降解污水再用化学方法进行深度处理, 既避

免了剩余氧化剂对微生物的毒害作用也减少了处理费用<sup>[18]</sup>。

迄今, 国内外对细菌和真菌处理酒厂废水的探索只获得了有限的成果, 它们对有机物具有很高的降解率, 从而降低色度和提高 COD 去除率<sup>[19]</sup>。Jain 等<sup>[20]</sup>从制酒企业污水处理厂的活性污泥中分离出 3 种细菌并进行培养鉴定, 分别为黄单胞菌、巨大芽孢杆菌、蜡状芽孢杆菌, 它们对酒厂废水 COD 和色度去除率分别为 55% ~ 68% 和 38% ~ 58%。本研究所用菌株也是分离自某白酒企业污水处理厂的本土菌株, 用红球菌处理白酒废水在国内尚属首次报道, 不仅丰富了人们对红球菌的认识, 也为好氧污水处理过程的优化提供了基础数据。后续研究可通过检测降解过程中的代谢产物来揭示菌株的降解机理, 并将 LM1 菌株投入到反应器中与芬顿氧化联用, 实现其工业应用。

## 参 考 文 献

- [1] 王延才. 中国酿酒工业协会白酒分会五年工作报告[J]. 酿酒科技, 2010(8): 105-109.
- [2] 张欣. 我国白酒废水治理技术研究进展[J]. 酿酒, 2008, 35(6): 12-15.
- [3] LING T, GUANGHUA Z, JUN R. Effects of chromium on seed germination, root elongation and coleoptile growth in six pulses[J]. International Journal of Environmental Health Research, 2009, 6(4): 571-578.
- [4] SINGH P N, ROBINSON T, SINGH D. Treatment of industrial effluents-distillery effluent[M]. New York: Food Products Press, 2004: 135-141.
- [5] JIMENEZ A M, BORJA R, MARTIN A. Aerobic-anaerobic biodegradation of beet molasses alcoholic fermentation wastewater[J]. Process Biochemistry, 2003, 38(9): 1275-1284.
- [6] PENA M, COCA M, GONZALEZ G, et al. Chemical oxidation of wastewater from molasses fermentation with ozone[J]. Chemosphere, 2003, 51(9): 893-900.
- [7] 张红岩, 王伟财, 吕荣湖, 等. Fenton/Photo-Fenton 氧化与生物处理组合技术的应用研究进展[J]. 化工进展, 2008, 27(1): 1-5.
- [8] 沈萍, 陈向东. 微生物学实验[M]. 北京: 高等教育出版社, 2008: 40-44.
- [9] MALIK A, SAKAMOTO M, ONOT T. Coaggregation between *Acinetobacter johnsonii* S35 and *Microbacterium esteraromaticum* strains isolated from sewage activated sludge[J]. Journal of Bioscience and Bioengineering, 2003, 96(1): 10-15.
- [10] 李长影, 孔雯, 王家昕, 等.  $\beta$ -甘露聚糖酶产生菌的分离鉴定和酶学性质[J]. 华中农业大学学报, 2011, 30(2): 138-142.

- [11] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法[M]. 4 版. 北京: 中国环境科学出版社, 2002.
- [12] KOSTICHKA K, THOMAS S, GIBSON K, et al. Cloning and characterization of a gene cluster for cyclododecanone oxidation in *Rhodococcus ruber* SC1[J]. Journal Bacteriology, 2001, 183(21): 6478-6486.
- [13] HIDALGO A, LOPATEGI A, PRIETO M, et al. Formaldehyde removal in synthetic and industrial wastewater by *Rhodococcus erythropolis* UPV-1[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2002, 58(2): 260-264.
- [14] 马林. 嗜烟碱节杆菌烟碱脱氢酶性质及其在烟草加工中的应用研究[D]. 北京: 中国农业大学食品科学系, 2005.
- [15] 吴晟旻, 范伟平, 茅燕勇, 等. 白腐菌和红平红球菌共固定化处理增塑剂废水[J]. 化工环保, 2005, 25(6): 431-435.
- [16] SHEN J Y, ZHANG J F, ZOU Y, et al. Biodegradation of 2,4,6-trinitrophenol by *Rhodococcus* sp. isolated from a picric acid-contaminated[J]. Journal of Hazardous Materials, 2009, 163(2/3): 1199-1206.
- [17] LU Y, TANG F, WANG Y, et al. Biodegradation of dimethyl phthalate, diethyl phthalate and di-n-butyl phthalate by *Rhodococcus* sp. L4 isolated from activated sludge[J]. Journal of Hazardous Materials, 2009, 168(2/3): 938-943.
- [18] 赵春禄, 楚晓俊. 混和菌降解模拟聚乙烯醇(PVA)废水性能研究[J]. 环境工程学报, 2011, 5(1): 100-102.
- [19] KUMAR V, WATI L, NIGAM P, et al. Decolorization and biodegradation of anaerobically treated digested sugarcane molasses spent wash effluent from biomethanation plants by white rot fungi[J]. Process Biochemistry, 1998, 33: 83-88.
- [20] JAIN N, MINOCHA A K, VERMA C L. Degradation of predigested distillery effluent by isolated bacterial strains[J]. Indian Journal of Experimental Biology, 2002, 40(1): 101-105.

## Identification of a liquor wastewater-degrading bacterium and its optimal conditions for degradation

LIU Qian<sup>1</sup> CHENG Guo-jun<sup>2</sup> ZHOU Wei<sup>2</sup> SHI Yan<sup>1</sup> DU Dong-yun<sup>1</sup>

1. Institute of Environmental Science and Engineering/College of Chemistry and Material Science/Key Laboratory of Catalysis and Material Science of the State Ethnic Affairs Commission & Ministry of Education, South-Central University for Nationalities, Wuhan 430074, China;  
2. College of Life Science, South-Central University for Nationalities, Wuhan 430074, China

**Abstract** A bacterial strain LM1 which can aerobically degrade sorghum liquor wastewater was isolated from the sewage water sample of a sorghum liquor manufacturer with dilution plate method. This strain was identified as *Rhodococcus* sp. based on its morphological observation and 16S rDNA sequence analysis. The characteristic of its liquor wastewater degradation was studied. The optimal conditions for degrading sorghum liquor wastewater were pH 7.0, temperature 30 °C with 5% inoculation amount. Under these conditions, (81.0 ± 2.4)% reduction in chemical oxygen demand (COD), (81.2 ± 4.1)% reduction in total organic carbon (TOC) and (66.6 ± 0.1)% reduction in total nitrogen (TN), and (72.7 ± 0.2)% reduction in total phosphorus (TP) of the spent wash could be achieved within 72 h by *Rhodococcus* sp. LM1. The value of COD and TN in effluent was (475.3 ± 60.0) mg/L and (16.6 ± 0.1) mg/L, which were under the highest concentration of the second discharge standard (COD ≤ 400 mg/L) and the first discharge standard (TN ≤ 25 mg/L) of water pollutants for fermentation alcohol and distilled spirits industry (GB 27631-2011), respectively. The effluent was further treated by Fenton oxidation as the advanced treatment, and the concentrations of COD, TOC, TN, TP and de-colorization ratio were (120.0 ± 7.0) mg/L, (36.0 ± 3.5) mg/L, 0.1 mg/L, (13.3 ± 0.5) mg/L and 99.8%, respectively, fitting with the standard of discharging wastewater.

**Key words** liquor wastewater; degradation; *Rhodococcus* sp.; chemical oxygen demand; Fenton oxidation

(责任编辑: 张志钰)