

中文核心期刊/CSCD

请通过网上投稿系统投稿 网址:http://www.aes.org.cn

人工湿地-微生物燃料电池系统对十二烷基苯磺酸钠的微生物响应特征

王晓欧,夏唯宜,王慧欣,李佳音,薛明

引用本文:

王晓欧,夏唯宜,王慧欣,李佳音,薛明.人工湿地-微生物燃料电池系统对十二烷基苯磺酸钠的微生物响应特征[J].农业环境科学学报,2023,42(10):2313-2323.

在线阅读 View online: https://doi.org/10.11654/jaes.2023-0294

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

采用石墨--无机硅胶复合阳极的土壤MFC产电性能研究

鲁雨,周丰武,钟文辉,刘丽,李小方,邓欢 农业环境科学学报. 2020, 39(12): 2815-2823 https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0619

DDTs污染农田土壤的强化微生物修复研究

王晓旭, 孙丽娜, 郑学昊, 吴昊, 王辉, 刘春跃 农业环境科学学报. 2018, 37(1): 72-78 https://doi.org/10.11654/jaes.2017-0882

单壁碳纳米管对紫花苜蓿根际土壤中PAHs降解及微生物群落的影响

王慧敏, 陈莉荣, 任文杰, 郑春丽, 黄怡雯, 滕应, 张铁军 农业环境科学学报. 2021, 40(12): 2647-2659 https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0332

外加电压对人工湿地处理生活污水效果的影响

罗昕怡, 叶延超, 石玉翠, 游少鸿 农业环境科学学报. 2021, 40(6): 1297-1304 https://doi.org/10.11654/jaes.2020-1236

生物炭原位添加对养殖池塘底泥中微生物群落结构的影响

赵汉胤,陈潘毅,唐欣哲,陈以芹,李娟英 农业环境科学学报. 2021, 40(12): 2770-2778 https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0434



关注微信公众号,获得更多资讯信息

王晓欧,夏唯宜,王慧欣,等.人工湿地-微生物燃料电池系统对十二烷基苯磺酸钠的微生物响应特征[J].农业环境科学学报,2023,42(10):2313-2323.

WANG X O, XIA W Y, WANG H X, et al. Microbial response characteristics of a constructed wetland-microbial fuel cell system to sodium dodecyl benzene sulfonate[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2023, 42(10):2313-2323.

人工湿地-微生物燃料电池系统对 十二烷基苯磺酸钠的微生物响应特征

王晓欧, 夏唯宜, 王慧欣, 李佳音, 薛明

(河北工业大学能源与环境工程学院,天津 300401)

摘 要:直链烷基苯磺酸盐(LAS)是日化领域应用最为广泛的阴离子表面活性剂,烷基苯磺酸盐及其降解中间产物已经成为环境 中常见的代表性有机污染物。本研究以十二烷基苯磺酸钠(SDBS)为目标LAS,通过小试试验探究了人工湿地-微生物燃料电池 耦合系统(CW-MFC)对SDBS的处理效果及系统对SDBS的微生物响应特征。结果表明:当进水SDBS浓度为25 mg·L⁻¹时,CW-MFC对SDBS的去除率和去除负荷分别为44.3%和6.74 g·m⁻³·d⁻¹;SDBS的加入对CW-MFC系统中微生物群落的组成与活性产生 了较大的干扰,微生物需要一定的时间适应并发展SDBS降解能力,而电化学活性菌(EAB)对SDBS的抗性比其他微生物物种更 强;SDBS促进了火山岩填料和阳极表面(厌氧环境)的微生物群落丰富度和多样性,而对植物根系和阴极表面(好氧环境)的微生 物群落多样性产生了抑制;CW-MFC中火山岩填料表面、阴极表面和阳极表面的优势菌门分别为Proteobacteria、Bacteroidota和 Desulfobacteroidota;SDBS将CW-MFC中阳极区EAB(Proteobacteria、Bacteroidota、Firmicutes、Acidobacteriota等)的相对丰度显著提 高56.7%,从而提高了CW-MFC的最大输出功率密度并显著降低了系统内阻;CW-MFC中有7个SDBS降解相关菌属,Geobacter可 参与β/ω氧化过程,Aeromonas、Acinetobacter和Desulfovibrio可参与脱磺酸过程,Hydrogenophaga、Zoogloea和Dechloromonas可参与 苯环裂解过程,其中,Geobacter和Desulfovibrio为厌氧菌属,其余为好氧菌属,此外,火山岩填料表面SDBS降解相关菌属相对丰度 最高,占比为61.61%。研究表明,SDBS改变了CW-MFC内部微生物群落的空间分布规律,促进了EAB和SDBS降解相关菌属的 富集生长,并改善了CW-MFC的电化学性能。总之,利用CW-MFC系统处理阴离子表面活性剂是可行的。

关键词:人工湿地;微生物燃料电池;阴离子表面活性剂;十二烷基苯磺酸钠;微生物;电化学活性菌

中图分类号:TM911.45;X703;X172 文献标志码:A 文章编号:1672-2043(2023)10-2313-11 doi:10.11654/jaes.2023-0294

Microbial response characteristics of a constructed wetland-microbial fuel cell system to sodium dodecyl benzene sulfonate

WANG Xiaoou, XIA Weiyi, WANG Huixin, LI Jiayin, XUE Ming

(School of Energy and Environmental Engineering, Hebei University of Technology, Tianjin 300401, China)

Abstract: Linear alkyl-benzene sulfonate (LAS) is the most widely used anionic surfactant in the field of daily chemicals, and alkylbenzene sulfonate and its degradation intermediates have been common representative organic pollutants in the environment. Taking sodium dodecyl benzene sulfonate (SDBS) as the target LAS, this study investigated the SDBS removal performance of the constructed wetland-microbial fuel cell coupling system (CW-MFC) and the microbial response characteristics of the system to SDBS by conducting lab-scale experiments. Results showed that as the influent SDBS concentration was 25 mg·L⁻¹, the removal rate and removal load of SDBS

收稿日期:2023-04-14 录用日期:2023-08-29

作者简介:王晓欧(1989—),女,山东泰安人,博士,讲师,主要从事水污染治理及资源化利用研究。E-mail:wangxiaoou@hebut.edu.cn 基金项目:河北省中央引导地方科技发展资金项目(226Z3605G);河北省自然科学基金(E2020202027)

Project supported: Central Guidance on Local Science and Technology Development Fund of Hebei Province, China (226Z3605G); Natural Science Foundation of Hebei Province, China(E2020202027)

in the CW-MFC were 44.3% and 6.74 g · m⁻³ · d⁻¹, respectively. The addition of SDBS exerted relatively significant interference on the composition and activity of microbial communities in the CW-MFC system; it took the microorganisms a certain amount of time to adapt and develop the ability to degrade SDBS, while the electrochemically active bacteria (EAB) were more resistant to SDBS than other microbial species. SDBS promoted the richness and diversity of microbial communities attached to the surface of lava and anodes (anaerobic environment) while inhibiting the diversity of microbial communities attached to the surface of plant roots and cathodes (aerobic environment). The dominant bacteria on the surface of lava, cathodes, and anodes in the CW-MFC were Proteobacteria, Bacteroidota, and Desulfobacteroidota, respectively. SDBS significantly increased the relative abundance of EAB (Proteobacteria, Bacteroidota, Firmicutes, Acidobacteriota, etc.) in the anode area of the CW-MFC by 56.7%, thereby increasing the maximum output power density and reducing the internal resistance of the CW-MFC. Seven genera of SDBS degradation-related bacteria were available in the CW-MFC: Geobacter could participate in the β/ω oxidation process; Aeromonas, Acinetobacter, and Desulfovibrio could participate in the desulfonic acid process; Hydrogenophaga, Zoogloea, and Dechloromonas could participate in the benzene ring cleavage process, of which Geobacter and Desulfovibrio belong to anaerobic bacteria; and the others belong to aerobic bacteria. In addition, the relative abundance of SDBS degradation-related bacteria on the surface of lava was the highest, accounting for 61.61%. The research showed that SDBS changed the spatial distribution law of microbial communities, promoted the enrichment and growth of EAB and SDBS degradationrelated bacteria in the CW-MFC, and improved the electrochemical performance of the CW-MFC. Overall, it is feasible to use CW-MFC systems to treat anionic surfactants.

Keywords: constructed wetland; microbial fuel cell; anionic surfactant; sodium dodecyl benzene sulfonate; microorganisms; electrochemically active bacteria

直链烷基苯磺酸盐(linear alkyl-benzene sulfonate,LAS)作为日化领域应用最为广泛的阴离子表面 活性剂,被添加于各种清洁剂与洗涤剂中,因此,烷基 苯磺酸盐及其降解中间产物已经成为环境中常见的 代表性有机污染物。据统计,城市生活污水中烷基苯 磺酸盐的浓度范围为3~21 mg·L^{-1[1]},由于农村用水量 少,推测农村生活污水中烷基苯磺酸盐浓度更高。烷 基苯磺酸盐属于中等毒性物质,且不易生物降解,在 20余种同系物中,C10~C12烷基苯磺酸盐的毒性显著 高于碳链更短或更长的烷基苯磺酸盐。由于具有增 溶、起泡、润湿、灭菌、消毒等作用,环境中残存的烷基 苯磺酸盐会对生态平衡、生物安全与人体健康造成直 接或间接危害。

人工湿地(constructed wetland, CW)模拟自然湿地的结构与功能,利用系统中填料、水生植物和微生物的物理、化学、生物三重协同作用对污水进行净化,具有投资低、景观生态相容性好、可实现废水资源化利用等特点,在农村生活污水、地表水体污染与面源污染处理、以及污水厂尾水深度处理中有着很大的推广应用价值^[2-4]。人工湿地系统去除LAS的途径包括植物吸收、填料吸附/解吸、微生物降解等,其中,吸附和生物降解共同作用是主要途径。但是LAS所需生物降解时间较长,即使在好氧条件下也需要2~4 d,厌氧条件下半衰期可长达33 d^[5]。传统人工湿地长期处于厌氧或缺氧状态,导致LAS生物降解较慢。

近年来,许多研究将微生物燃料电池(microbial fuel cell,MFC)技术引入湿地,构建CW-MFC耦合系 统以强化人工湿地对难降解有机物的去除效果,比如 石油烃类化合物、硝基苯、偶氮染料、抗生素等^[6-9]。 MFC 的基本工作原理是以电化学活性菌(electrochemically active bacteria, EAB)为生物催化剂,将有 机物在阳极(厌氧环境)氧化分解并释放出H⁺和e⁻,H⁺ 通过质子交换膜(或无膜)转移至阴极(好氧环境),e⁻ 经外电路迁移至阴极形成电流,并与电子受体(氧气、 硝酸盐或硫酸盐等)及H⁺反应生成水,最终将有机物 的化学能转化为电能。EAB可以通过复杂的电子传 递途径将细胞代谢产生的还原当量有效地重新连接 到不同的还原酶上,因此EAB通常对复杂大分子有 机物具有较高的生物还原效率^[10],而这也是MFC能够 强化难降解有机物去除的关键原因。

有研究发现添加表面活性剂可以强化 MFC 性能,比如,Xu 等¹¹¹报道,添加吐温-80 可强化沉积物 MFC 对疏水性有机物多氯联苯的降解效果,并降低 MFC 内阻、提高 MFC 输出功率;Hwang 等¹¹²¹报道,添加 十二烷基硫酸钠可通过提高舱底含油废水的生物可 利用性,有效强化 MFC 的产电性能和降解性能。分 析认为,表面活性剂可通过改变微生物细胞膜的超微 结构而提高其渗透性,降低有机底物和电子的跨膜转 移阻力,从而改善 MFC 的产电性能和污染物降解性 能¹¹¹⁻¹²¹。

由上述可知,利用 CW-MFC 系统降解烷基苯磺酸盐具有非常高的可行性。基于此,本研究以十二烷基苯磺酸钠(sodium dodecyl benzene sulfonate,SDBS)为目标 LAS,考察了 CW-MFC 系统对 SDBS 的去除效果以及 SDBS 对 CW-MFC 系统产电性能的影响,并重点探究了 CW-MFC 系统中微生物群落对 SDBS 的响应特征,以期挖掘 CW-MFC 中 LAS 降解优势微生物,为调控 CW-MFC 系统微生物群落功能以强化 LAS 微生物降解提供科学参考。

1 材料与方法

1.1 实验装置

本实验共有 2 套 CW-MFC 装置(编号 CW-MFC₁ 和 CW-MFC₂),结构如图 1 所示。该装置由有机玻璃 制成,高 50 cm、内径 19 cm。湿地内填料层高度为 45 cm,从下至上依次是砾石(高 5 cm,粒径 20~40 mm)、 火山岩(高 30 cm,粒径 10~30 mm)、砾石(高 5 cm,粒 径 5~10 mm)和沙子(高 5 cm,直径 1~3 mm)。在距填 料底部 5、15、25、35、45 cm处分别设置取样口。系统 阳极为三根石墨棒(长 15 cm,直径 2 cm),分别置于 距填料底部 15、25、35 cm处,阴极为石墨板(10 cm× 10 cm×0.8 cm),置于填料表面。阳极与阴极之间以 钛丝(Φ1 mm)相连并接有外接电阻,形成闭合回路, 外接电阻值设为 1 000 Ω。湿地植物选用美人蕉。用 黑色塑料薄膜包裹装置池体以防止池内藻类生长。

CW-MFC装置启动期间,将进水(不含 SDBS)自 底部连续泵入 CW-MFC₁和 CW-MFC₂装置内,运行 35 d后,系统的输出电压达到最大并基本稳定,稳定 输出电压值约为0.19~0.20 V,标志着系统启动成功。 然后,将装置 CW-MFC₂的进水中加入 SDBS并继续运 行,7~8 d后,CW-MFC₂系统的输出电压再次稳定,此 后可定期进行取样分析。装置CW-MFC₁的进水中无 SDBS,以此作为对照。2套装置内污水的水力停留时 间均为1.5 d。

1.2 实验进水

实验进水为合成生活污水,采用蛋白胨、葡萄糖、 尿素、NH4Cl、KH2PO4、Na5P3O10和C18H29NaO3S配制,除 蛋白胨外其他化学品均为分析纯。

合成生活污水水质为:pH 7.0±0.2、化学需氧量 (COD)188.8~203.5 mg·L⁻¹、总氮(TN)40.6 mg·L⁻¹、氨 氮(NH₃和NH⁴₄)26.17 mg·L⁻¹、有机氮(OrgN)9.33 mg· L⁻¹、总磷(TP)8 mg·L⁻¹、正磷盐酸(PO⁴⁻₄-P)4.54 mg· L⁻¹、聚磷盐酸(P₃O₅-10-P)3.46 mg·L⁻¹、SDBS 25 mg· L⁻¹。

1.3 监测分析方法

1.3.1 水质测定

每3d采集1次水样并进行SDBS检测,检测方法 为亚甲蓝分光光度法,所用仪器为多参数水质测定仪 MI-200H(天津众科创谱科技有限公司)。每份水样 均读数3次,取其平均值。

1.3.2 输出电压测定

使用多通道数据记录仪(新威测试仪 CT-4008-5v10mA-164)实时监测输出电压(U),数据采集频率 为1800 s。

1.3.3 微生物测定与分析

装置运行3个月后,停止进水,对CW-MFC系统 火山岩填料表面、植物根系、阳极与阴极表面进行微 生物采样,将CW-MFC₁系统植物根系表面、火山岩填 料表面、阳极表面、阴极表面样本分别命名为P.1、 T.1、A.1、C.1;将CW-MFC₂系统植物根系表面、火山岩 填料表面、阳极表面、阴极表面样本分别命名为P.2、 T.2、A.2、C.2。



(1)16SrRNA高通量测序:采用CTAB或SDS方 法对样本的基因组DNA进行提取,选取引物341F (5'-CCTAYGGGRBGCASCAG-3')和 806R(5'-GGACTACNNGGGTATCTAAT-3')对细菌的16S rRNA的V3~V4区域基因序列进行PCR扩增。使用 2%浓度的琼脂糖凝胶对PCR扩增产物进行电泳检 测,使用Thermo Scientific公司GeneJET胶回收试剂 盒对PCR扩增产物回收,最后使用Illumina公司 TruSeq DNA PCR-Free Sample Preparation Kit建库试 剂盒进行文库的构建,构建好的文库经过Qubit定量 和文库检测,合格后,使用NovaSeg6000上机器测序。

(2)高通量测序数据分析与物种统计分析:对Illumina NovaSeq测序得到的下机数据进行拼接和质 控,再进行嵌合体过滤,得到可用于后续分析的有效 数据。为研究各样本的物种组成,基于有效数据,以 97%的一致性进行OTUs(operational taxonomic units) 聚类,然后对OTUs的序列进行物种注释。根据OTUs 聚类结果,一方面对每个OTU的代表序列做物种注 释,得到对应的物种信息和基于物种的丰度分布情 况。同时,对OTUs进行Alpha多样性计算、Venn图、 物种丰度等分析,以得到样本内物种丰富度和均匀度 信息、不同样本或分组间的共有和特有OTUs信息等。 另一方面,可以对OTUs进行多序列比对并构建系统 发生树,通过PCoA等降维分析和样本聚类树展示,可 以探究不同样本或组别间群落结构的差异。

1.4 数据处理与分析

1.4.1 污染物去除率分析

SDBS去除率和去除负荷计算公式分别如(1)、(2)所示:

$$R_c = \frac{(C_i - C_e)}{C_i} \times 100\% \tag{1}$$

$$R_L = \frac{Q \times (C_i - C_e)}{V} \tag{2}$$

式中: R_c 表示 SDBS 去除率,%; R_L 表示 SDBS 去除负荷,g·m⁻³·d⁻¹; C_i 表示平均进水 SDBS 浓度,mg·L⁻¹; C_e 表示平均出水 SDBS 浓度,mg·L⁻¹;Q表示进水流量,m³·d⁻¹;V表示湿地体积,m³。

1.4.2 电化学性能分析

系统的输出电流和功率按照欧姆定律由输出电 压数据进行计算,电流密度和功率密度均以阳极表面 积进行计算,如公式(3)、(4)、(5)、(6)所示。

$$I = \frac{U}{R_{\rm ex}} \tag{3}$$

农业环境科学学报 第42卷第10期

$$I_{\rm d} = \frac{I}{S} = \frac{U}{SR_{\rm ex}} \tag{4}$$

$$P = IU = \frac{U^2}{R_{\rm ex}} \tag{5}$$

$$P_{\rm d} = \frac{P}{S} = \frac{U^2}{SR_{\rm ex}} \tag{6}$$

式中:I表示 CW-MFC系统电流,mA;U表示 CW-MFC 系统的输出电压,mV; R_{ex} 表示 CW-MFC系统的外接电 阻值, Ω ;P表示 CW-MFC系统输出功率,mW;S表示 阳极电极表面积,m²; I_{a} 表示 CW-MFC 面积电流密度, mA·m⁻²; P_{a} 表示 CW-MFC 面积功率密度,mW·m⁻²。

CW-MFC系统的内阻通过功率密度曲线得到, 具体操作为:由大到小依次调节外接电阻值(100~ 9 000 Ω),并且在每个阻值下系统稳定 30 min后记录 对应的输出电压,以电流密度值为横坐标、功率密度 值为纵坐标,绘制功率密度曲线,功率密度曲线峰值 所对应的电阻值即为CW-MFC系统内阻。此外,根 据 Pmax=E²/4R_{in}也可估算系统内阻,其中E为系统开 路电压。

本实验中所有数据均使用 Excel 2021 进行整理、 使用 Origin 2021 制图,使用 SPSS Statistics 25 进行单 因素方差分析以检测 SDBS 对 CW-MFC 系统 COD 去 除和产电性能影响的显著性(P<0.05)。

2 结果与讨论

2.1 CW-MFC系统SDBS去除性能和产电性能

CW-MFC₂系统对 SDBS 的去除效果如图 2(a)所 示,在进水中加入SDBS后,CW-MFC2系统对SDBS的 初始去除率约为35%,经过缓慢增长SDBS去除率于 60 d 后趋于稳定,达到 40%~48%,平均去除率和去除 负荷分别为44.3%和6.74g·m-3·d-1。CW-MFC2系统 中SDBS的去除过程可能是:初期,CW-MFC系统主 要通过填料、电极和植物根系等固体介质的吸附作用 去除 SDBS,随着运行时间的增加,吸附逐渐达到饱 和,同时,系统内部SDBS降解相关微生物不断富集生 长,形成稳定群落,导致系统中SDBS出水浓度不断下 降并最终趋于稳定。CW-MFC系统的COD去除率变 化如图 2(b) 所示, CW-MFC₂系统的 COD 去除率 (31.9%~72.3%)显著低于CW-MFC1系统(63.1%~ 89.3%),且CW-MFC2系统的COD去除率波动较大, 需要较长时间才能够趋于稳定。由此推测,SDBS的 加入对CW-MFC系统中微生物群落的组成与活性产 生了较大的干扰,微生物需要一定的时间适应并发展 SDBS降解能力。



2023年10月



Figure 2 Effluent concentration and removal rate of SDBS in CW-MFC₂ system(a) and COD removal rate of CW-MFC system(b)

CW-MFC系统的输出电压如图3(a)所示。在装 置启动阶段(0~35 d), CW-MFC1和CW-MFC2系统的 输出电压均不断上升,35d后,CW-MFC,的输出电压 稳定在约0.19~0.20 V,这标志着系统启动成功,即产 电微生物成功地附着在阳极表面并形成生物膜,而 CW-MFC₂的输出电压先下降后上升最终趋于稳定, 这是因为,35d时CW-MFC2系统的进水中加入了SD-BS,产电微生物种群需要时间去适应和缓冲SDBS所 造成的干扰和抑制,此过程持续了7~8 d,CW-MFC2 系统的输出电压再次稳定,平均最大输出电压约为 0.18 V, 较 CW-MFC1 系统(0.19 V)低 5.0%。由于 CW-MFC₂系统需要较长时间(60 d及以上)才能够实 现对SDBS和COD的稳定去除,而其输出电压只需7~ 8 d即可恢复稳定,推测产电微生物对 SDBS 的抗性比 其他微生物物种更强。EAB的胞外电子传递机制主 要包括(1)直接接触机制,即直接利用细胞外膜上的 多血红素细胞色素 c 或细胞表面附属物"纳米导线" 将电子传递至受体;(2)电子穿梭体介导,即利用微生 物自身分泌的氧化还原物质(内生介体)或者某些外 源化学物质(外生介体)介导电子的传递;(3)应电运 动,即利用细胞鞭毛运动快速撞击胞外受体表面而介

导电子传递^[13]。这些复杂的电子传递途径使得 EAB 对复杂大分子有机物具有较高的生物还原效率^[10],因 此,与其他微生物种群相比,EAB表现出了对 SDBS 更强的抗性。

CW-MFC₁和CW-MFC₂系统功率密度曲线、极化 曲线的变化趋势相似(图 3b、图 3c),其中,在低电流 密度区域(I_4 约<5.0 mA·m⁻²)和中电流密度区域(I_4 约 为5.0~15.0 mA·m⁻²),CW-MFC₂系统电压随电流增加 的下降趋势更缓慢,而在高电流密度区域(I_4 约>15.0 mA·m⁻²),CW-MFC₂系统电压随电流增加的下降趋势 更快速,说明 SDBS的存在减小了CW-MFC系统产电



Figure 3 Output voltage(a), power density curve(b) and polarization curve(c) of CW-MFC system

www.aer.org.cn

过程中的传质损失和欧姆损失,但是增加了活化损 失。CW-MFC₁、CW-MFC₂系统功率密度分别在电流 密度约为8.6、15.1 mA·m⁻²时达到最大值(分别约为 3.36、3.41 mW·m⁻²),根据功率密度峰值法,CW-MFC₁、CW-MFC₂的内阻应分别在500~600 Ω、300~ 400 Ω之间,而根据极化曲线斜率法,由此区域内电 压与电流的线性关系计算得出 CW-MFC₁和 CW-MFC₂的内阻分别为528.6 Ω和370.5 Ω,CW-MFC₂的 内阻较 CW-MFC₁显著低29.9%。由此可见,SDBS在 一定程度上改善了 CW-MFC 系统的电化学性能,尤 其是极大降低了其内阻。这与前人的研究结果一致, 表面活性剂可以改变细胞膜的超微结构以形成跨膜 通道,提高微生物细胞膜的渗透性,降低有机底物和 电子的跨膜转移阻力,从而提高微生物细胞的电子转 移能力,进而改善MFC的产电性能^[11-12,14]。

2.2 CW-MFC系统微生物群落结构特征

2.2.1 微生物群落多样性分析

CW-MFC系统的微生物群落多样性指数如表1 所示,其中,Shannon指数和Simpson指数表征微生物 群落的多样性,Observed species指数表征微生物群落 的丰富度。可以看出,CW-MFC₁系统中各部位的微 生物群落多样性和丰富度排序为阴极表面>植物根 系表面>阳极表面>火山岩填料表面,而CW-MFC₂系 统中微生物多样性排序为阳极表面>植物根系表面> 火山岩填料表面~阴极表面,微生物丰富度排序为阳 极表面>火山岩填料表面>植物根系表面>阴极表面> 此可见,SDBS可影响CW-MFC系统内部微生物群 落多样性的空间分布特征。与CW-MFC₁系统相比, CW-MFC₂系统火山岩填料和阳极表面的Shannon指 数分别提高了 39.62%和25%,Simpson指数分别提高 了 9.84%和11.49%,Observed species指数分别提高了

Table 1	Microbial	community	diversity	index of	t CW-M	FC system

系统 System	位置 Location	香农 Shannon	辛普森 Simpson	观察到的物种 Observed species	覆盖率/% Coverage rate
CW-	植物根系表面	7.00	0.97	1 986	99.48
MFC ₁	火山岩填料表面	3.13	0.61	1 240	99.44
	阳极表面	5.72	0.87	1 971	99.40
	阴极表面	7.71	0.98	2 404	99.34
CW-	植物根系表面	5.33	0.85	1 615	99.53
MFC ₂	火山岩填料表面	4.37	0.67	1 745	99.24
	阳极表面	7.15	0.97	2 216	99.34
	阴极表面	4.25	0.75	1 355	99.44

农业环境科学学报 第42卷第10期

40.73%和12.43%,而植物根系和MFC 阴极表面的Shannon指数却分别降低了23.86%和44.88%,Simpson指数分别降低了12.37%和23.47%,Observed species指数分别降低了18.68%和43.64%。这说明SD-BS可促进火山岩填料和MFC 阳极表面的微生物群落多样性和丰富度,但是却会抑制植物根系和MFC 阴极表面的微生物群落多样性。推测这可能与好氧/厌氧环境有关,CW-MFC系统底部(火山岩填料层和MFC 阳极)以厌氧/缺氧环境为主,而植物根系由于泌氧作用其表面为好氧环境,MFC 阴极区域由于湿地填料表层大气复氧作用亦为好氧环境。这说明SDBS对厌氧微生物群落多样性具有促进作用,但是对好氧微生物群落多样性具有抑制作用。

通过绘制OTU分布Venn图,对CW-MFC系统中 各部位微生物群落组成的相似性和特异性进行分析, 结果如图4所示。CW-MFC1共注释到OTUs 7 477 个,其中共有 OTUs 502 个,占比 6.71%, CW-MFC2共 注释到 OTUs 6 598 个,其中共有 OTUs 387 个,占比 5.87%。分部位来看,就植物根系表面OTUs数目而 言,CW-MFC2较CW-MFC1低18.19%;就火山岩填料 表面 OTUs 数目而言, CW-MFC2 较 CW-MFC1高 26.57%; 就阳极表面 OTUs 数目而言, CW-MFC2 较 CW-MFC₁高11.06%; 就阴极表面OTUs 数目而言, CW-MFC₂较CW-MFC₁低44.86%。这进一步证实 SDBS对CW-MFC系统各部位的微生物群落组成均 有不同程度的影响,其中对阴极表面微生物群落组成 影响最大,并对微生物群落的生长表现出抑制作用; 其次是火山岩填料表面,并对微生物群落的生长表现 出促进作用。

基于 Unweighted unifra 距离算法进行主坐标分析 (PCoA),以探究 CW-MFC 系统不同部位微生物群落 组成的差异性和相似性,结果如图 5(a)所示。主成 分1和2分别解释了 28.02%和7.76%的总群落变化。 植物根系表面(P.1、P.2)、火山岩填料表面(T.1、T.2)、 阳极表面(A.1、A.2)和阴极表面(C.1、C.2)的微生物样 本之间相距较远,表明 CW-MFC 系统中不同部位的微 生物群落组成差异显著,同时,P.1与P.2、T.1与T.2、 A.1与A.2、C.1与C.2之间存在明显分离,这进一步证 明 SDBS浓度显著影响了 CW-MFC 系统的微生物群落 组成,尤其是 MFC 阴极表面的微生物群落组成。

基于 Unweighted unifrac 距离对 OTUs 数据进行聚 类分析,结果如图 5(b)所示,样本 T.1、T.2、P.1、P.2 聚 为一支,A.1、A.2、C.1、C.2 聚为一支,这说明火山岩填





 $\begin{array}{c} \text{cathode surface of the CW-MFC}_1 \text{ system; P.2, plant root surface of the CW-MFC}_2 \text{ system; T.2, volcanic rock filler surface of the CW-MFC}_2 \text{ system; A.2, } \\ \text{anode surface of the CW-MFC}_2 \text{ system; C.2, cathode surface of the CW-MFC}_2 \text{ system. The same below.} \end{array}$

图4 CW-MFC₁(a)和CW-MFC₂(b)系统各部位微生物OTUs分布Venn图

Figure 4 Venn diagram of microbial OTUs distribution in various parts of the CW-MFC1(a) and CW-MFC2(b) systems



图5 基于 PCoA 的微生物群落差异分析(a)和基于 unweighted unifrac 距离 OTU 聚类分析(b)

Figure 5 PCoA based microbial community difference analysis(a) and unweighted unifrac distance based OTU cluster analysis(b)

料和植物根系表面微生物群落进化关系距离较近, MFC 阳极和阴极表面的微生物群落进化关系距离较近。此外,与 CW-MFC₁相比,CW-MFC₂系统各部位 Bacteroidota(拟杆菌门)的相对丰度明显增加,尤其是 在 MFC 阴极表面,可见 SDBS 作为碳源能够促进 Bacteroidota 富集生长。Bacteroidota 是湿地中最常检测 到的微生物菌门,在氮循环以及有机物降解中起到重 要作用^[15],同时,Bacteroidota中的许多微生物是电化 学活性细菌,可以直接或间接地参与电子转移^[16],这 也部分解释了SDBS对CW-MFC系统电化学性能的 促进作用(图3)。

2.2.2 微生物群落结构差异性分析

CW-MFC系统门水平微生物群落结构如图6(a) 所示,可以看出CW-MFC系统优势菌门为Proteobac1 3 2320



图 6 CW-MFC 系统门水平微生物群落相对丰度(a)和属水平微生物群落相对丰度(b) Figure 6 Relative abundance of microbial communities at gate level(a) and genus level(b) in CW-MFC system

teria(变形菌门)、Bacteroidota、Desulfobacteroidota(脱 硫弧菌门),其相对丰度总和占全部的78.42%~ 94.23%。其中Proteobacteria丰度最高,在各样本中占 比 39.54%~91.24%。Proteobacteria 在湿地系统中对 有机物降解和脱氮除磷起着重要作用,Bacteroidota 被认为是CW-MFC系统中常见的优势菌^[17],在厌氧 环境条件下可有效降解污染物^[18]。Desulfobacteroido $ta能以硫酸盐(SO_4^{2-})、亚硫酸盐(SO_3^{2-})、硫代硫酸盐$ (S2O3-)硫化合物作为电子受体,对LAS的中间降解产 物乙醇、富马酸盐等进行不完全发酵,将其进一步分 解成二氧化碳和水^[19]。此外,还发现了Chloroflexi(绿 弯菌门)、Acidobacteriota(酸杆菌门)、Actinobacteria (放线菌门)等重要的有机物降解微生物。Wu等^[20]使 用厌氧氨氧化工艺处理垃圾渗滤液,发现 Chloroflexi 可以使垃圾渗滤液中的难降解有机质转化为易降解 有机质,从而促进厌氧氨氧化工艺的深度脱氮。Lu 等^[21]和 Militon 等^[22]提出 Actinobacteria 在石油烃类和 脂肪烃类污染物的生物降解中具有关键作用。Han 等^[23]发现, Acidobacteriota 作为优势菌门, 可以有效参 与喹诺酮类抗生素氧氟沙星和环丙沙星的降解。

受 SDBS 的影响, Proteobacteria、Bacteroidota、Desulfobacteroidota 各菌门在系统内各部位相对丰度发 生了变化,具体为: Proteobacteria 的相对丰度在植物 根系表面几乎不变,在MFC阳极表面增加了24.39%, 而在火山岩填料表面和MFC阴极表面分别减少了 11.50%和26.36%;Bacteroidota的相对丰度在植物根 系、火山岩填料和MFC阴极表面分别减少了2.44%、 2.11%和44.31%,而在MFC阳极表面几乎不变;Desulfobacteroidota的相对丰度在MFC阴极表面减少了 30.01%,而在植物根系、火山岩填料和MFC阳极表面 几乎不变。

分析微生物群落在 CW-MFC 系统中的空间分布 规律,发现在火山岩填料表面变形菌门 Proteobacteria 的相对丰度最大,均高达 80% 以上;在 MFC 阴极表面 拟杆菌门 Bacteroidota 的相对丰度最大,占比约为 7.66~51.97%;在 MFC 阳极表面脱硫杆菌门 Desulfobacteroidota 的相对丰度最大,占比约为 10.77%~ 40.78%。因此推测 Proteobacteria、Bacteroidota 和 Desulfobacteroidota 分别在火山岩填料、MFC 阴极和 MFC 阳极部位的 SDBS 降解中发挥着重要作用。

EAB是MFC中驱动污染物降解转化的主要生物 催化剂^[24],EAB能够进行细胞外电子转移,具有给予 或接受电子的能力^[25],可以催化氧化底物产生电子, 将其代谢的电子传输至阳极,从而实现有机物的降解 和电能的转化。EAB主要包括四大类,Proteobacteria、Bacteroidota、Firmicutes(厚壁菌门)、Acidobacteriota。阳极是 CW-MFC系统中微生物产电的主要场 所, CW-MFC₁和 CW-MFC₂系统中阳极 EAB 均为 Proteobacteria 相对丰度最大,占总 EAB 丰度分别高达 83.3%和 85.9%,可见 Proteobacteria 对 CW-MFC产电 的贡献较大。与 CW-MFC₁系统相比, CW-MFC₂系统 阳极区总 EAB 的丰度显著提高 56.7%,由于 SDBS 在 一定程度上改善了 CW-MFC 系统的电化学性能,由 此推测, SDBS 可以通过促进 EAB 的生长而提高 CW-MFC 系统的电化学性能。

为了进一步探索 SDBS 对微生物群落变化的影 响,对属水平的微生物群落结构进行了分析研究。如 图 6(b) 所示, 总体来看, CW-MFC 系统内各部位微生 物群落组成差异较大,其中优势菌属是Aeromonas、 Cloacibacterium、Geobacter(地杆菌属),相对丰度分别 为 3.18%~77.66%、0.19%~49.31%、0.06%~38.70%。 CW-MFC₁和CW-MFC₂中各部位微生物群落结构组 成有较大差异,SDBS的存在对部分微生物具有选择 性促进作用,而对部分微生物具有抑制作用,具体为: 加入SDBS后, MFC阳极表面中Geobacter、Acinetobacter(不动杆菌属)相对丰度降低, Zoogloea(菌胶 团)、Dechloromonas(脱氯单胞菌)、Hydrogenophaga (氢噬胞菌属)相对丰度增大;MFC 阴极表面中 Methylophilaceae(嗜甲基菌)相对丰度降低, Cloacibacterium (泄殖腔杆菌)、Rhodobacter(红杆菌属)、Gemmobacter (芽殖杆菌属)相对丰度增大;植物根系表面Xylophilus(嗜木杆菌属)相对丰度降低、Azospira(固氮螺菌

属)相对丰度升高;填料表面Aeromonas(气单胞菌属) 相对丰度降低,Novispirillum(诺维螺旋菌属)相对丰 度升高。Okada等^[26]报道称Zoogloea、Dechloromonas、 Hydrogenophaga是LAS的降解相关菌。Hassan等^[27] 发现在MFC中,Cloacibacterium可促进苯酚降解。 Freire等^[28]同样发现,红环科(Rhodobacter、Gemmobacter等)相对丰度随LAS浓度的升高而增大。Zheng 等^[29]证明Azospira属在生物膜反应器中具有良好的异 养反硝化作用。Novispirillum隶属于 α -变形菌,常在 废水中被检测到,具有降解偶氮染料的能力^[30]。

迄今为止,已有研究在厌氧流化床、膨胀颗粒污 泥床等反应器中验证了多种LAS降解菌,包括Bacteroides(拟杆菌属)、Cytophaga(噬纤维菌属)、Syntrophus(互养菌属)、Clostridium(梭状芽孢杆菌属)等,具 体信息见表2。在本研究中,CW-MFC系统中检测到 的SDBS降解相关菌属有7个,其中1个属(Geobacter) 被认为可以进行 β/ω 氧化过程,3个属 [Aeromonas、Acinetobacter、Desulfovibrio(脱硫弧菌属)]可以进行脱磺 酸过程,3个属(Hydrogenophaga、Zoogloea、Dechloromonas)可以进行苯环裂解。除了 Geobacter 和 Desulfovibrio属于厌氧菌属,其余均为好氧菌属。由此推 测,SDBS在CW-MFC系统中的微生物降解以好氧降 解为主,但也存在厌氧降解过程。对CW-MFC2系统 中 SDBS 降解相关菌属相对丰度的空间分布进行分 析,结果如表3所示。发现火山岩填料表面SDBS降 解菌属的相对丰度最大,分别是植物根系表面、MFC

_					
	反应器	进水LAS浓度/mg·L ⁻¹	门	属	参考文献
	Reactor	Inlet LAS concentration	Phylum	Genus	Reference
	固定化生物质厌氧流化床	18.8 ± 4.2	Bacteroidetes		[31]
			Firmicutes		
			Actinobacteria		
			Proteobacteria		
	卧式厌氧固定化生物质反应器	14.0 ± 1.0	Firmicutes		[32]
	膨胀颗粒污泥床	7.35 ± 3.76	Bacteroidetes	$Bacteroides \ Cytophaga$	[33]
			Synergistetes	Synergistes	
			Proteobacteria	Syntrophus	
			Firmicutes	Clostridium	
	厌氧流化床反应器	14.0 ± 3.0	Proteobacteria	Dechloromonas	[34]
			Desulfobacterota	Geobacter	
	厌氧消化池	15.4 ± 5.3	Proteobacteria		[35]
		32.2 ± 12.4	Synergistetes		
			Bacteroidetes		
			Actinobacteria		

表2 不同反应器中LAS降解菌 Table 2 LAS degrading bacteria in different reactors

表3 本研究中CW-MFC系统中SDBS降解相关菌属相对丰度的空间分布(%)

Table 3 Spatial distribution of relative abundance of SDBS degradation related bacteria in the CW-MFC system of this study (%)

项目	门	属	火山岩填料表面	植物根系表面	阳极表面	阴极表面	
Item	Phylum	Genus	Surface of volcanic rock filler	Plant root surface	Anode surface	Cathode surface	
β/ω氧化	Desulfobacterota	$Geobacter^{(An)}$	0.06	1.91	1.61	1.18	
脱磺酸	Proteobacteria	$Aeromonas^{(FAn)}$	59.86	42.65	12.36	9.00	
	Proteobacteria	$Acinetobacter^{(Aer)}$	0.34	0.51	2.81	5.28	
	Desulfobacterota	$Desulfovibrio^{({\rm An})}$	0.28	0.78	7.80	0.47	
苯环裂解	Proteobacteria	$Hydrogenophaga^{({ m Aer})}$	0.39	0.92	0.53	0.17	
	Proteobacteria	$Zoogloea^{(Aer)}$	0.24	0.46	0.75	0.49	
	Proteobacteria	$Dechloromonas^{\rm (FAn)}$	0.44	2.15	0.61	1.23	
总计			61.61	49.38	26.47	17.82	

注:^(An)为厌氧菌属;^(Aer)为好氧菌属;^(FAn)为兼性厌氧菌属。

Note: (An) is a genus of anaerobic bacteria; (Aer) is a genus of aerobic bacteria; (FAn) is a facultative anaerobic bacteria genus.

阳极表面和MFC 阴极表面的 1.25、2.33 倍和 3.46 倍。 火山岩填料具有丰富的孔隙结构和发达的比表面积, 对污染物具有较高的吸附能力,两者均有利于 SDBS 降解相关微生物在火山岩填料表面富集生长。

3 结论

(1)十二烷基苯磺酸钠(SDBS)改变了人工湿地-微生物燃料电池(CW-MFC)系统内部微生物群落的 空间分布规律,促进了火山岩填料和阳极表面等厌氧 环境下的微生物群落丰富度和多样性,而对植物根系 和阴极表面等好氧环境下的微生物群落多样性产生 了抑制。

(2)CW-MFC系统中电化学活性菌(EAB)对SD-BS的抗性比其他微生物物种更强,SDBS可以通过促进EAB的生长而提高CW-MFC系统的电化学性能。

(3)CW-MFC系统中有7个SDBS降解相关菌属: Geobacter可参与β/ω氧化过程,Aeromonas、Acinetobacter、Desulfovibrio可参与脱磺酸过程,Hydrogenophaga、Zoogloea、Dechloromonas可参与苯环裂解过程。 其中,Geobacter、Desulfovibrio为厌氧菌属,其余为好氧 菌属。

(4) CW-MFC系统在处理 SDBS 过程中其火山 岩填料表面、阴极表面和阳极表面的优势菌门分别 为 Proteobacteria、Bacteroidota 和 Desulfobacteroidota, 其中,火山岩填料表面 SDBS 降解相关菌属相对丰 度最高。

参考文献:

 ASKARI A, VAHABZADEH F, MARDANPOUR M M. Quantitative determination of linear alkylbenzene sulfonate (LAS) concentration and simultaneous power generation in a microbial fuel cell-based biosensor[J]. Journal of Cleaner Production, 2021, 294:126349.

- [2] WU H M, ZHANG J, NGO H H, et al. A review on the sustainability of constructed wetlands for wastewater treatment: design and operation[J]. *Bioresource Technology*, 2015, 175:594-601.
- [3] SAEED T, SUN G Z. A review on nitrogen and organics removal mechanisms in subsurface flow constructed wetlands: dependency on environmental parameters, operating conditions and supporting media[J]. Journal of Environmental Management, 2012, 112(24):429-448.
- [4] 管策, 郁达伟, 郑祥, 等. 我国人工湿地在城市污水处理厂尾水脱氮 除磷中的研究与应用进展[J]. 农业环境科学学报, 2012, 31(12): 2309-2320. GUAN C, YU D W, ZHENG X, et al. Removing nitrogen and phosphorus of effluent from wastewater treatment plants by constructed wetlands in China: an overview[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2012, 31(12):2309-2320.
- [5] YING G G. Fate, behavior and effects of surfactants and their degradation products in the environment[J]. *Environment International*, 2006, 32:417-431.
- [6] DOHERTY L, ZHAO Y Q, ZHAO X H, et al. A review of a recently emerged technology: constructed wetland – microbial fuel cells[J]. Water Research, 2015, 85:38–45.
- [7] JI B, ZHAO Y, VYMAZAL J, et al. Mapping the field of constructed wetland-microbial fuel cell: a review and bibliometric analysis[J]. *Che*mosphere, 2021, 262:128366.
- [8] GUADARRAMA-PEREZ O, GUTIERREZ-MACIAS T, GARCIA-SANCHEZ L, et al. Recent advances in constructed wetland-microbial fuel cells for simultaneous bioelectricity production and wastewater treatment: a review[J]. International Journal of Energy Research, 2019, 43(10):5106-5127.
- [9] 李薛晓,程思超,方舟,等.湿地基质及阴极面积对人工湿地型微生物燃料电池去除偶氮染料同步产电的影响[J].环境科学,2017,38 (5):1904-1910. LIXX, CHENGSC, FANGZ, et al. Effects of microbial fuel cell coupled constructed wetland with different support matrix and cathode areas on the degradation of azo dye and electricity production[J]. Environmental Science, 2017, 38(5):1904-1910.
- [10] ZHANG C L, YU Y Y, FANG Z, et al. Recent advances in nitroaromatic pollutants bioreduction by electroactive bacteria[J]. Process Bio-

chem, 2018, 70:129-135.

- [11] XU X, ZHAO Q L, WU M S. Improved biodegradation of total organic carbon and polychlorinated biphenyls for electricity generation by sediment microbial fuel cell and surfactant addition[J]. *RSC Advances*, 2015, 5(77):62534–62538.
- [12] HWANG J H, KIM K Y, RESURRECCION E P, et al. Surfactant addition to enhance bioavailability of bilge water in single chamber microbial fuel cells (MFCs)[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2019, 368: 732–738.
- [13] 马晨,周顺桂,庄莉,等.微生物胞外呼吸电子传递机制研究进展
 [J]. 生态学报, 2011, 31(7): 2008-2018. MA C, ZHOU S G, ZHUANG L, et al. Electron transfer mechanism of extracellular respiration; a review[J]. Acta Ecologica Sinica, 2011, 31(7): 2008-2018.
- [14] WEN Q, KONG F, MA F, et al. Improved performance of air-cathode microbial fuel cell through additional Tween 80[J]. *Journal of Power Sources*, 2011, 196(3):899-904.
- [15] LIAO C M, WU J L, ZHOU L, et al. Repeated transfer enriches highly active electrotrophic microbial consortia on biocathodes in microbial fuel cells[J]. Biosensors & Bioelectronics, 2018, 121:118-124.
- [16] LIU S, FENG X, XUE H, et al. Bioenergy generation and nitrogen removal in a novel ecological-microbial fuel cell[J]. *Chemosphere*, 2021, 278:130450.
- [17] 陈鑫童, 郝庆菊, 熊艳芳, 等. 铁矿石和生物炭添加对潜流人工湿 地污水处理效果和温室气体排放及微生物群落的影响[J]. 环境科 学, 2022, 43(3):1492-1499. CHEN X T, HAO Q J, XIONG Y F, et al. Effects of hematite and biochar addition on wastewater treatment efficiency, greenhouse gas emission, and microbial community in subsurface flow constructed wetland[J]. *Environmental Science*, 2022, 43 (3):1492-1499.
- [18] SHI X Q, NG K K, LI X R, et al. Investigation of intertidal wetland sediment as a novel inoculation source for anaerobic saline wastewater treatment[J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, 49(10): 6231-6239.
- [19] NAGPAL S, CHUICHUCHERM S, LIVINGSTON A, et al. Ethanol utilization by sulfate-reducing bacteria: an experimental and modeling study[J]. *Biotechnology & Bioengineering*, 2015, 70(5):533-543.
- [20] WU R X, LI Y Y, LIU J Y. Refractory dissolved organic matter as carbon source for advanced nitrogen removal from mature landfill leachate: a review and prospective application[J]. *Journal of Cleaner Production*, 2022, 380:134962.
- [21] LU L, HUGGINS T, JIN S, et al. Microbial metabolism and community structure in response to bioelectrochemically enhanced remediation of petroleum hydrocarbon-contaminated soil[J]. *Environmental Science & Technology*, 2014, 48(7):4021–4029.
- [22] MILITON C, BOUCHER D, VACHELARD C, et al. Bacterial community changes during bioremediation of aliphatic hydrocarbon-contaminated soil[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2010, 74(3):669–681.
- [23] HAN J, XU Y, XU D, et al. Mechanism of downward migration of quinolone antibiotics in antibiotics polluted natural soil replenishment water and its effect on soil microorganisms[J]. *Environmental Re-*

search, 2023, 218:115032.

- [24] WANG J F, SONG X S, WANG Y H, et al. Nitrate removal and bioenergy production in constructed wetland coupled with microbial fuel cell: establishment of electrochemically active bacteria community on anode[J]. *Bioresource Technology*, 2016, 221:358–365.
- [25] PANKRATOVA G, HEDERSTEDT L, GORTON L, et al. Extracellular electron transfer features of gram-positive bacteria[J]. Analytica Chimica Acta, 2019, 1076:32–47.
- [26] OKADA D Y, DELFORNO T P, ETCHEBEHERE C, et al. Evaluation of the microbial community of upflow anaerobic sludge blanket reactors used for the removal and degradation of linear alkylbenzene sulfonate by pyrosequencing[J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2014, 96:63-70.
- [27] HASSAN H, JIN B, DONNER E, et al. Microbial community and bioelectrochemical activities in MFC for degrading phenol and producing electricity: microbial consortia could make differences[J]. *Chemical Engineering Journal*, 2018, 332:647–657.
- [28] FREIRE ANDRADE M V, DELFORNO T P, SAKAMOTO I K, et al. Dynamics and response of microbial diversity to nutritional conditions in denitrifying bioreactor for linear alkylbenzene sulfonate removal[J]. Journal of Environmental Management, 2020, 263:110387.
- [29] ZHENG Z, HUANG S, BIAN W, et al. Enhanced nitrogen removal of the simultaneous partial nitrification, anammox and denitrification (SNAD) biofilm reactor for treating mainstream wastewater under low dissolved oxygen (DO) concentration[J]. *Bioresource Technology*, 2019, 283:213-220.
- [30] MOHAN S V, BABU P S, SRIKANTH S. Azo dye remediation in periodic discontinuous batch mode operation: evaluation of metabolic shifts of the biocatalyst under aerobic, anaerobic and anoxic conditions[J]. Separation and Purification Technology, 2013, 118:196–208.
- [31] DE OLIVEIRA L L, COSTA R B, OKADA D Y, et al. Anaerobic degradation of linear alkylbenzene sulfonate (LAS) in fluidized bed reactor by microbial consortia in different support materials[J]. *Bioresource Technology*, 2010, 101(14):5112–5122.
- [32] DUARTE I C S, OLIVEIRA L L, SAAVEDRA N K, et al. Treatment of linear alkylbenzene sulfonate in a horizontal anaerobic immobilized biomass reactor[J]. *Bioresource Technology*, 2010, 101(2):606–612.
- [33] GRANATTO C F, MACEDO T Z, GEROSA L E, et al. Scale-up evaluation of anaerobic degradation of linear alkylbenzene sulfonate from sanitary sewage in expanded granular sludge bed reactor[J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2019, 138:23–32.
- [34] CAROSIA M F, OKADA D Y, SAKAMOTO I K, et al. Microbial characterization and degradation of linear alkylbenzene sulfonate in an anaerobic reactor treating wastewater containing soap powder[J]. *Bioresource Technology*, 2014, 167:316–323.
- [35] DELFORNO T P, MACEDO T Z, MIDOUX C, et al. Comparative metatranscriptomic analysis of anaerobic digesters treating anionic surfactant contaminated wastewater[J]. Science of the Total Environment, 2019, 649:482-494.

(责任编辑:叶飞)

www.aer.org.cn