

处理印染废水的厌氧折流板反应器 中的微生物种群组成及分布规律

任随周^{1,2,3}, 郭 俊², 曾国驱², 岑英华², 孙国萍^{2*}

(1. 中国科学院华南植物园, 广州 510650; 2. 广东省微生物研究所, 广州 510070; 3. 中国科学院研究生院, 北京 100039;)

摘要:设计出一个由 12 个隔室组成的厌氧折流板反应器(ABR),并将其应用于高浓度、高色度的印染废水生物处理,取得了良好效果。研究着重考察该反应器在处理印染废水过程中不同隔室的微生物种群构成,并分析与印染废水处理效率密切相关的具有脱色功能和苯胺降解功能的两类细菌的分布规律。结果表明,在处理印染废水的 ABR 反应器中,可培养的优势菌群以芽孢杆菌属(*Bacillus*)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、丛毛单胞菌属(*Comamonas*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)和水螺菌属(*Aquaspirillum*)为主,且在 ABR 的前段、中段及后段隔室中不同种类的优势菌群存在数量差异;好氧及兼性厌氧优势菌群的数量随着废水在 ABR 隔室中的折流前进而逐渐减少;厌氧微生物的数量变化规律则是先增多,后减少;产甲烷活性在前段隔室中相对较低,后段隔室则相对较高。脱色菌在 ABR 的前段隔室中分布相对较多,后段隔室中分布相对较少;苯胺降解菌则呈现出在前段隔室中分布相对较少,后段隔室中分布相对较多的规律,这两类功能菌的分布与 ABR 不同隔室中色度下降、苯胺产生和消减之间密切相关。

关键词:ABR;微生物种群结构;脱色菌;苯胺降解菌

文章编号:1000-0933(2005)09-2297-07 **中图分类号:**Q938 **文献标识码:**A

The microbial population in an anaerobic baffled reactor for the treatment of dye wastewater

REN Sui-Zhou^{1,2,3}, GUO Jun², ZENG Guo-Qu², CEN Ying-Hua², SUN Guo-Ping^{2*} (1. South China Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510650, China; 2. Guangdong Institute of Microbiology, Guangzhou 510070, China; 3. School of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100039, China). *Acta Ecologica Sinica*, 2005, 25(9): 2297~2303.

Abstract: An anaerobic baffled reactor (ABR) provides spatial separation between acidogenic and methanogenic populations, and thus allows different bacterial groups to develop under their optimal conditions. It essentially behaves as a two-phase system. Most of the past studies on microbial populations had focused on methanogenesis. The most common observation is a shift between the two acetoclastic methanogens *Methanosarcina* sp. and *Methanosaeta* sp. However, little has been done on the population of acidogenesis. Besides, there are very few examples of using ABR to treat printing and dyeing wastewater although it is known that anaerobic process is a promising alternative to decolorize the dye waste.

In this study a 4L ABR containing 12 compartments was used to treat high strength, dark printing and dyeing wastewater. It has internal dimensions of 1200 mm long, 100 mm wide and 400 mm deep. The objective of this study was to identify and quantity the dominant populations in the sludge of each compartment, as well as to analyze the distribution of the physiologically important population members: decolorizing bacteria and aniline-degrading strains. The genus of *Bacillus*, *Acinetobacter*, *Comamonas*, *Pseudomonas* and *Aquaspirillum* are the dominant population. *Bacillus* is the most dominant, and

基金项目:国家“863”资助项目(2003AA214040);广东省自然科学基金团队资助项目(200115017);广东省自然科学基金资助项目(032319)

收稿日期:2004-09-24; **修订日期:**2005-06-06

作者简介:任随周(1974~),男,河南灵宝人,博士生,主要从事环境微生物研究. E-mail: ebiotech@gdas.ac.cn

* 通过作者 Author for correspondence. E-mail: ebiotech@gdas.ac.cn

Foundation item: Chinese National Programs for High Research and Development (No. 2003AA214040); Provincial Natural Science Foundation team Item of Guangdong (No. 200115017); Provincial Natural Science Foundation of Guangdong (No. 032319)

Received date: 2004-09-24; **Accepted date:** 2005-06-06

Biography: REN Sui-Zhou, Ph. D. candidate, mainly engaged in environmental microbiology. E-mail: ebiotech@gdas.ac.cn

followed by *Acinetobacter* and *Comamonas*. In fact, the population of each genus is different various compartments. At the front end, the microbial quantity is higher, but the main population decreases in number toward the end of ABR. The populations of anaerobes in each compartment were analyzed by both plate count under anaerobic station and measurement of methane production rate. The anaerobic populations increase firstly, and then decrease. More than 547 strains, including 174 dyes degrading and 231 aniline-degrading strains, were screened and analyzed for their decolorization and aniline-degrading abilities. The results indicate that a higher decolorizing population existed in the front than in the rear compartments. On the other hand, the aniline-degrading strains were less in the front and more in the rear compartments. The aniline content and its color density in different compartments were also analyzed. The results show that the aniline concentration increased with the degradation of azo dyes by the decolorizing strains in the treatment process. This allowed more aniline-degrading strains to develop, resulting in more aniline degradation under the anaerobic condition prevailing in the second half of ABR. The concentration of aniline was the highest when wastewater was being decolorized, then it gradually decreased. These results provide a useful basis for the ABR process optimization in high strength, dark color printing and dyeing wastewater.

Key words: ABR process; microbial characterization and quantification; decolorizing bacteria; aniline-degrading strains

厌氧序批式折流板反应器(ABR)是一种在工业废水处理系统中具有广阔应用前景的高效厌氧处理工艺。该工艺使用一系列垂直放置的折流板使反应器分隔成多个连续的隔室,类似于几个串联的上流式厌氧污泥床反应器(UASB),废水在反应器中沿折流板上下运动,并借助于产气使反应器中的微生物上下运动,而整个反应器内的水流则以较慢的速度作水平推进。这样不仅加大了水流流经的总长度,而且通过折流板的阻挡及污泥自身的沉降作用,使活性污泥颗粒被有效地截流在反应器内,从而明显提高了反应器的处理效率^[1~6]。厌氧处理是通过水解-酸化-产甲烷等一系列生物过程将污水中的有机物转化为无机物的,在此过程中,各类微生物通过对不同底物的利用而形成类似于食物链的营养关系,不同类型的微生物对环境条件的要求是不同的,因而需要创造适合于不同微生物种群的环境条件。ABR 反应器独特的分隔方式使得各个隔室中易于形成适应流入该隔室废水水质的优势微生物种群,例如,在位于反应器前端的隔室中,主要以水解和产酸菌为主,而在较后的隔室中则以甲烷菌为主,就甲烷菌而言,其种类也由耐酸的甲烷八叠球菌属为主向不耐酸的甲烷丝菌属转变,从而有利于形成良好的种群分布和处理功能的配合,使废水中污染物得到逐级转化并在各司其职的微生物种群作用下得到的降解^[7~9]。目前对 ABR 反应器中微生物种群的研究主要集中在不同种类的甲烷菌上,而对酸化过程中起关键作用的其他种类的微生物在不同格室中的分布情况则研究较少,将 ABR 工艺应用于印染废水生物处理的研究在国内外也少有报道^[10,11]。印染工业是现代工业中对环境造成严重污染的产业之一,对印染废水进行有效治理一直是国际性环保难题。印染废水中 60% 以上的是偶氮类染料,绝大多数的偶氮类染料通过厌氧处理才能得到有效的脱色和降解,同时在染料脱色后可能产生毒害性更大的芳香胺类污染物^[12~14],而现有的处理工艺对废水处理过程中产生的苯胺类物质难以取得理想的去除效果。

针对印染废水水量大、水质复杂多变等特点,本研究建立了由 12 个隔室串联组成的容量为 48L 的厌氧折流板反应器(图 1),并用其对印染废水进行了成功地脱色。本研究着重考察了 ABR 不同隔室在处理印染废水过程中主要可培养微生物类群及数量,并分析了具有脱色功能和苯胺降解功能的两类细菌的分布规律及其与色度下降、苯胺产生和消减之间的关系,以期改进 ABR 处理印染废水的工艺设计及优化运行工艺参数提供有益的参考。

1 材料和方法

1.1 试验用水水质

试验用的普通印染废水来自广东省某印染厂,包含来自漂洗、染色、印花车间的生产和清洗水。水质监测资料见表 1。

1.2 试验装置

实验室废水处理系统为一套由 12 个串联的隔室组成的,长为 120cm,宽为 10cm,高为 40cm,总容积为 48L 的 ABR 与序批式活性污泥曝气反应器(SBR)串联的装置(图 1),废水在 ABR 中进行厌氧处理后进入 SBR 进行好氧曝气处理。处理工

艺流程如图 1 所示:印染废水从调节池通过水泵泵入 ABR,废水在 ABR 中进行处理,在此过程中产生沼气,由 ABR 顶部排出到沼气收集管,经处理的废水排入 SBR,用鼓风机将空气通入 SBR,澄清后出水外排。活性污泥样品取自 ABR 的 12 个隔室。

1.3 培养基

1.3.1 Luria-Bertani(LB)培养基^[4] 用于培养细菌和分离计数。

1.3.2 脱色菌筛选培养基 基本成分为 5 倍的 M9 盐溶液^[15]。在 100ml 染料溶液中含微量元素母液 0.06ml;酵母膏 0.1g;染

表 1 废水水质

Table 1 The quality of dyeing wastewater				
pH	BOD ₅ (mg/L)	COD _{Cr} (mg/L)	NH ₄ -N (mg/L)	色度 Colority
6.0~8.0	76.8~193.0	620~3400	55.4~120.0	800~700

料分别为偶氮类染料酸性大红(C.I. 27290)、蒽醌类染料活性艳兰(C.I. 61205:1)和三苯基甲烷类染料碱性绿(C.I. 4200),终浓度均为 50mg/L。

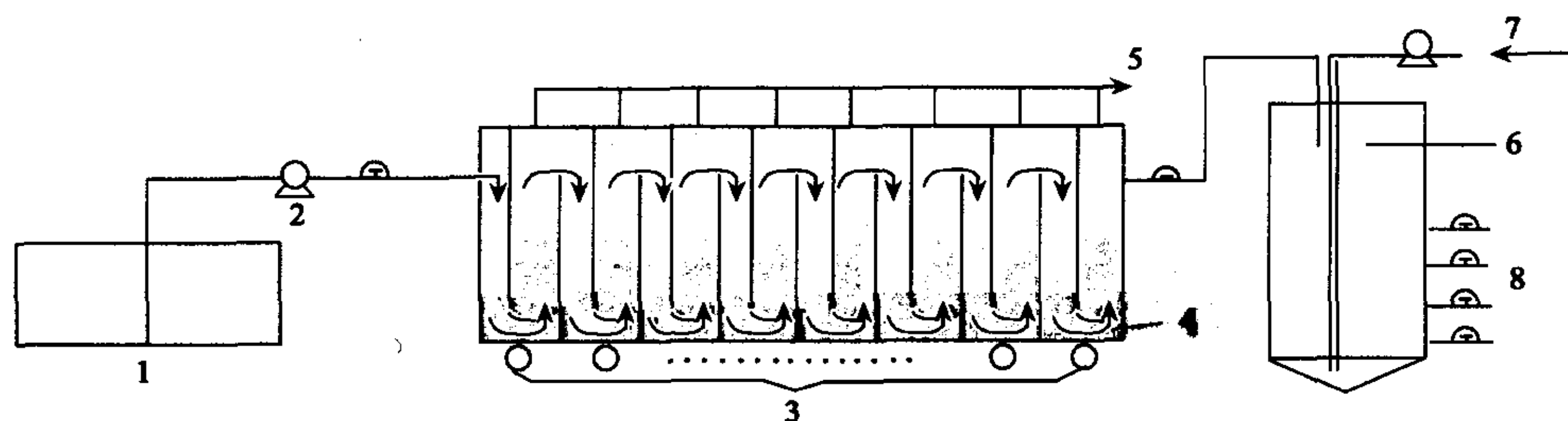


图 1 废水处理工艺流程图

Fig. 1 Schematic diagram of dyeing wastewater treatment process

1. 调节池 Adjust pool; 2. 水泵 Pump; 3. 厌氧序批式折流反应器 ABR; 4. ABR 污泥层 Sludge layer; 5. 沼气收集管 Pipe for collecting methane; 6. 序批式活性污泥曝气反应器 SBR; 7. 鼓风机 Fan; 8. 排水阀 Drainage

1.3.3 苯胺降解菌筛选培养基 采用 MSA 培养基^[16]。液体培养基中苯胺终浓度为 300mg/L, 固体培养基中添加 2% 的水洗琼脂, 苯胺终浓度为 500mg/L。

1.4 方法

1.4.1 细菌计数 采得活性污泥样品后, 用稀释涂平板的方法作总菌数分离计数(cfu/ml)。培养装置分别为 30℃ 恒温培养箱和厌氧工作站(英国 Ruskinn, Bug Box)。

1.4.2 功能微生物判断

(1) 脱色菌的筛选 将纯化后的菌种接入 5mL 营养肉汤试管中, 于 150r/min, 30℃ 摇床过夜活化, 取活化后的菌液 0.2ml 接入装有 2ml 染料溶液的小试管中, 以未加菌的染料溶液作为对照, 静置培养 24h, 用紫外-可见分光光度计(美国 BECKMAN, DU-640)分别在各染料最大吸收波长处测定吸光度(酸性大红: 530nm; 活性艳兰: 603nm; 碱性绿: 617nm), 计算脱色率。

(2) 苯胺降解菌的筛选 从各隔室活性污泥样品中分离出单菌落, 纯化后接入 5ml 营养肉汤试管中 150r/min, 30℃ 摇床过夜活化, 取活化后的菌液 3ml, 8 000r/min 离心 5min, 菌体用生理盐水洗涤 3 次后接入装有 5ml MSA 培养基的试管中, 于 150r/min, 30℃ 摇床震荡培养 72h, 采用 N-(1-萘基)乙二胺偶氮分光光度法^[17]测定苯胺浓度, 计算各菌株的苯胺降解率。

1.4.3 产甲烷活性的测定 厌氧污泥甲烷活性采用史氏发酵管法^[18]测定, 根据测定的最大比产甲烷速率值判断活性污泥的甲烷活性。

1.4.4 微生物的鉴定 经反复纯化确认的代表性单菌落, 进行包括菌落、细胞形态及生理生化等方面的鉴定, 同时结合 16S rDNA 扩增测序的方法确定代表性菌株的分类归属。按文献^[22]的方法提取基因组 DNA。16S rDNA 扩增所采用的引物为细菌 16S rDNA 通用引物 F27 (5'-AGAGTTTGTATCCTGGCTCAG-3') 和 R1522 (5'-AAGGAGGTGATCCAGCCGCA-3')^[23]。PCR 所用试剂为上海生工生物工程有限公司产品。PCR 扩增条件为: 扩增体系总体积为 100μl: 超纯水 73.5μl, 10×PCR buffer 10μl, 10.0mmol/L 的 dNTPs 2μl, 10.0μmol/L 的引物 F27 及 R1522 均为 2μl, 1U/μl 的 Taq 酶 2.5μl。PCR 程序为 94℃ 预变性 4min 后进入 PCR 循环: 94℃ 变性 50s, 60℃ 退火 1min, 72℃ 延伸 3min, 35 个循环后于 72℃ 延伸 10min, 最后保持在 4℃。PCR 扩增产物由上海博亚生物技术公司直接测序。测序结果用 BLAST 软件与 GenBank 数据库中的 16S rDNA 序列进行同源性比较, 最后根据该菌株的 16S rDNA 序列在 GenBank 数据库中同源性比对结果判定其分类归属。所得序列提交到 GenBank 数据库, 登录号为 AY686712, AY691652~AY691654, AY695070~AY695074。

2 结果与分析

2.1 ABR 中可培养的优势微生物种群组成及相对数量

在测定不同隔室的总菌数过程中, 挑取了相当的单菌落, 纯化后检查菌落形态、细胞形态及生理生化指标, 进行初步分群。每群的代表性菌株进行 16S rDNA 基因扩增测序鉴定。测序结果用 BLAST 软件与 GenBank 数据库中已提交的 16S rDNA 序列作相似性排比, 从而将所分析菌株归入到最接近的属。根据 GenBank 数据库排比结果初步证明, 在 ABR 系统中丰度最高的可培养好氧及兼性厌氧优势菌群有芽孢杆菌属(*Bacillus*), 不动杆菌属(*Acinetobacter*), 假单胞菌属(*Pseudomonas*), 丛毛单胞菌属(*Comamonas*)及水螺菌属(*Aquaspirillum*), 在 ABR 的前、中、后段, 不同类型的优势细菌数量分布不尽相同(表 2), 以芽孢杆菌属最多, 其次为不动杆菌属和丛毛单胞菌属。

表 2 ABR 各个隔室中的主要菌群类型及所占比例

Table 2 The categories and quantities of mainpopulation in the compartments of ABR

ABR		芽孢杆菌属(%) <i>Bacillus</i>	不动杆菌属(%) <i>Acinetobacter</i>	丛毛单胞菌属(%) <i>Comamonas</i>	假单胞菌属(%) <i>Pseudomonas</i>	水螺菌属(%) <i>Aquaspirillum</i>
前段	(1~4 隔室) ^①	57.4	18.5	20.9	2.4	0.8
中段	(5~8 隔室) ^②	49.2	21.0	12.3	14.9	2.6
后段	(9~12 隔室) ^③	35.8	21.9	19.1	6.9	16.3

① The front compartments of ABR (compartment 1 to 4); ② The middle compartments of ABR (compartment 5 to 8); ③ The back compartments of ABR (compartment 9 to 12)

2.2 ABR 不同隔室中好氧及兼性厌氧微生物的数量变化

用稀释涂平板的方法对不同隔室中好氧及兼性厌氧微生物进行计数,结果如图 2 所示。在 ABR 不同隔室中,前几个隔室中的好氧及兼性厌氧微生物的数量相对较多,并且随着废水在 ABR 中沿隔室的折流前进,数量逐渐减少。

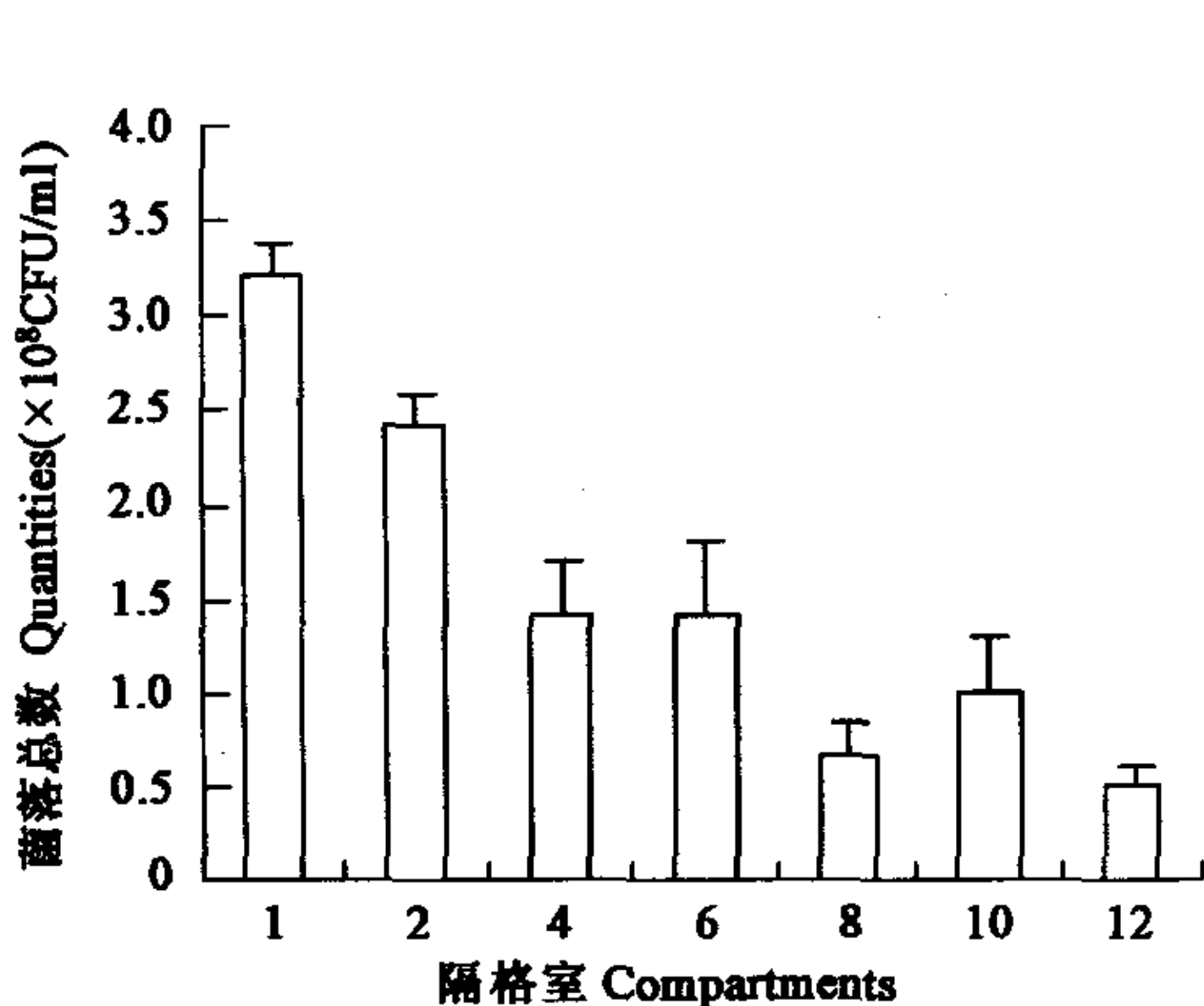


图 2 ABR 各隔室中好氧及兼性厌氧微生物的数量变化

Fig. 2 The quantities distribution of main population in ABR

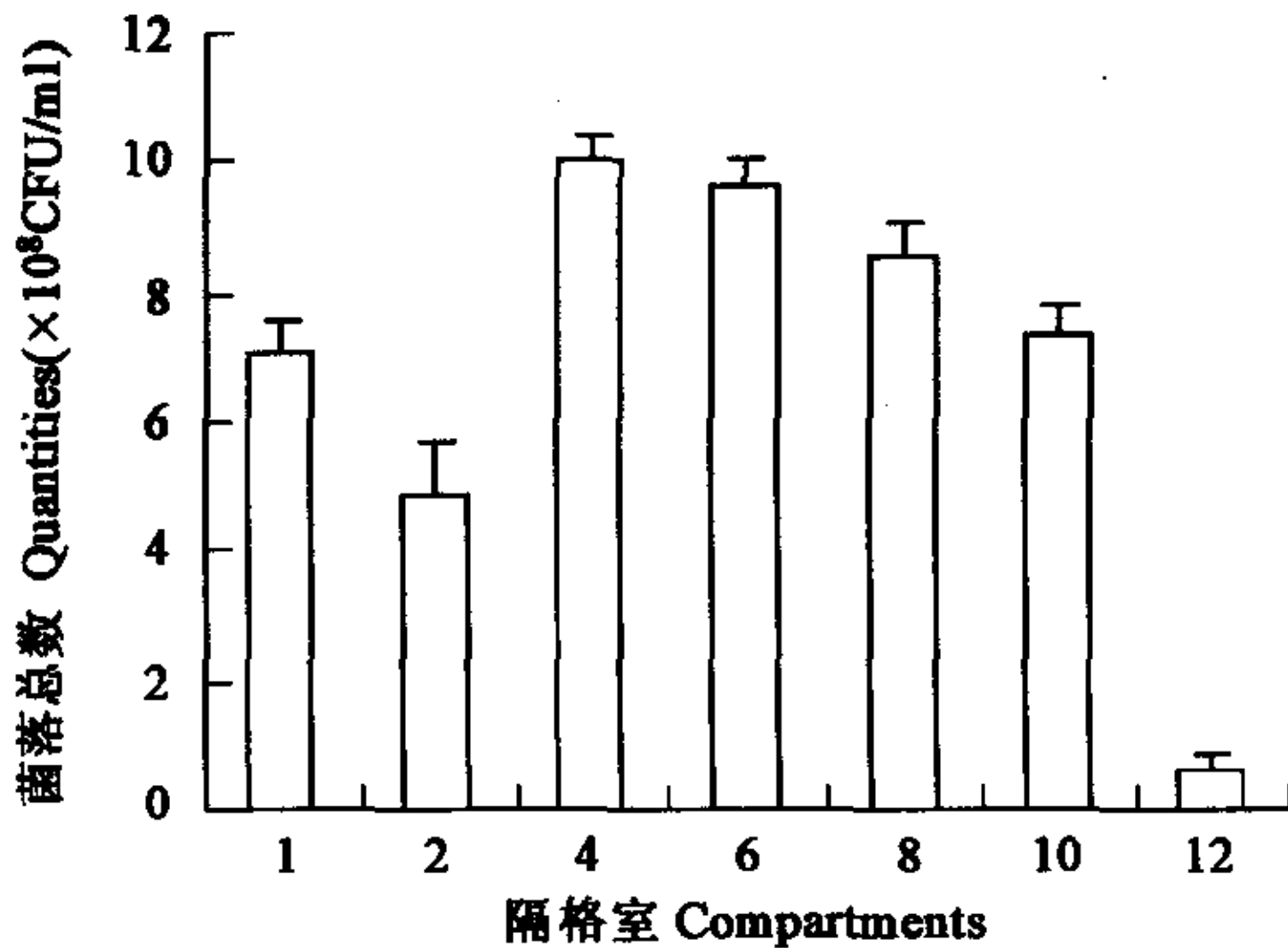


图 3 ABR 各隔室中厌氧微生物的数量变化

Fig. 3 The quantities distribution of Anaerobium in compartments of ABR

2.3 ABR 不同隔室中厌氧微生物的数量变化

在厌氧工作站中对不同隔室中厌氧微生物进行计数,结果如图 3 所示。厌氧微生物在从前到后各隔室中的变化呈现规律性的由少增多、然后减少的趋势。说明刚进入 ABR 的废水中含有较多的营养物质,这些营养物质被前段起始隔室中数量较多的好氧及兼性厌氧微生物分解,其产物可供较多的厌氧微生物利用,所以数量慢慢上升;随后减少,说明随着废水推进,能被厌氧微生物利用的水解、酸化产物越来越少,从而制约着微生物的数量,使微生物总数慢慢下降。综合分析好氧及兼性厌氧和厌氧微生物的数量变化,可以看出最前与最后两个隔室微生物数量的差异,反映出废水中的有机营养物质有很大一部分在前段隔室中已被微生物降解,降解后剩余的有机营养物质只能满足后段隔室中相对较少数量的微生物生长。因此通过对 ABR 中微生物数量的变化规律进行分析,可以了解废水中能够被微生物利用的有机污染物的降解情况。

2.4 ABR 不同隔室活性污泥的产甲烷活性

为分析 ABR 不同隔室活性污泥的产甲烷活性,又进一步测定了各个隔室中活性污泥的最大比产甲烷速率,以 $\text{ml}/(\text{g}(\text{VSS}) \cdot \text{d})$ 计^[7]。从图 4 的测定结果可以看出,第 1、2、3 隔室中甲烷活性相对较低,这可能是由于前段几个隔室承受负荷较高,使得前段隔室 pH 值较低,低 pH 抑制了产甲烷菌的活性;也可能是由于从调节池进入的废水含有较高的溶解氧,需经过好氧及兼性厌氧呼吸菌群将溶解氧消耗到一定值时,产甲烷菌才能有合适的生长环境。因而前段几个隔室最大比产甲烷速率也相应较低。后段隔室, pH 值相对较高,对甲烷菌的活性抑制程度小,因而最大比产甲烷速率比前段几个隔室高一些。前后隔室中产甲烷活性的这种变化,进一步证实 ABR 的工艺设计能够使产酸相和产甲烷相在不同隔室中得到有效分离,使 ABR 在整体上相当于一个两相厌氧处理系统^[1],从而有利于处理系统效率的提高。

2.5 脱色和苯胺降解功能微生物在 ABR 各隔室中的分布

在测定不同隔室的总菌数和分析 ABR 中可培养的优势微生物种群组成的同时,检查了来自不同隔室的 547 株菌的脱色功能和苯胺降解功能。从中检出脱色菌 174 株,苯胺降解菌 231 株。不同隔室中分离的脱色菌和苯胺降解菌数量占总的功能微生物的比例见图 5。由图可知,脱色菌在 ABR 不同隔室中的数量呈现前段隔室中相对较多,后段隔室中相对较少的分布趋势。苯胺降解菌在不同隔室中的数量分布则呈现出前少后多的规律。苯胺降解菌这一分布规律,与偶氮染料在 ABR 的前段隔室中逐

渐被降解而形成中间产物苯胺,从而使得苯胺浓度在 ABR 中段的隔室中逐渐升高有关。

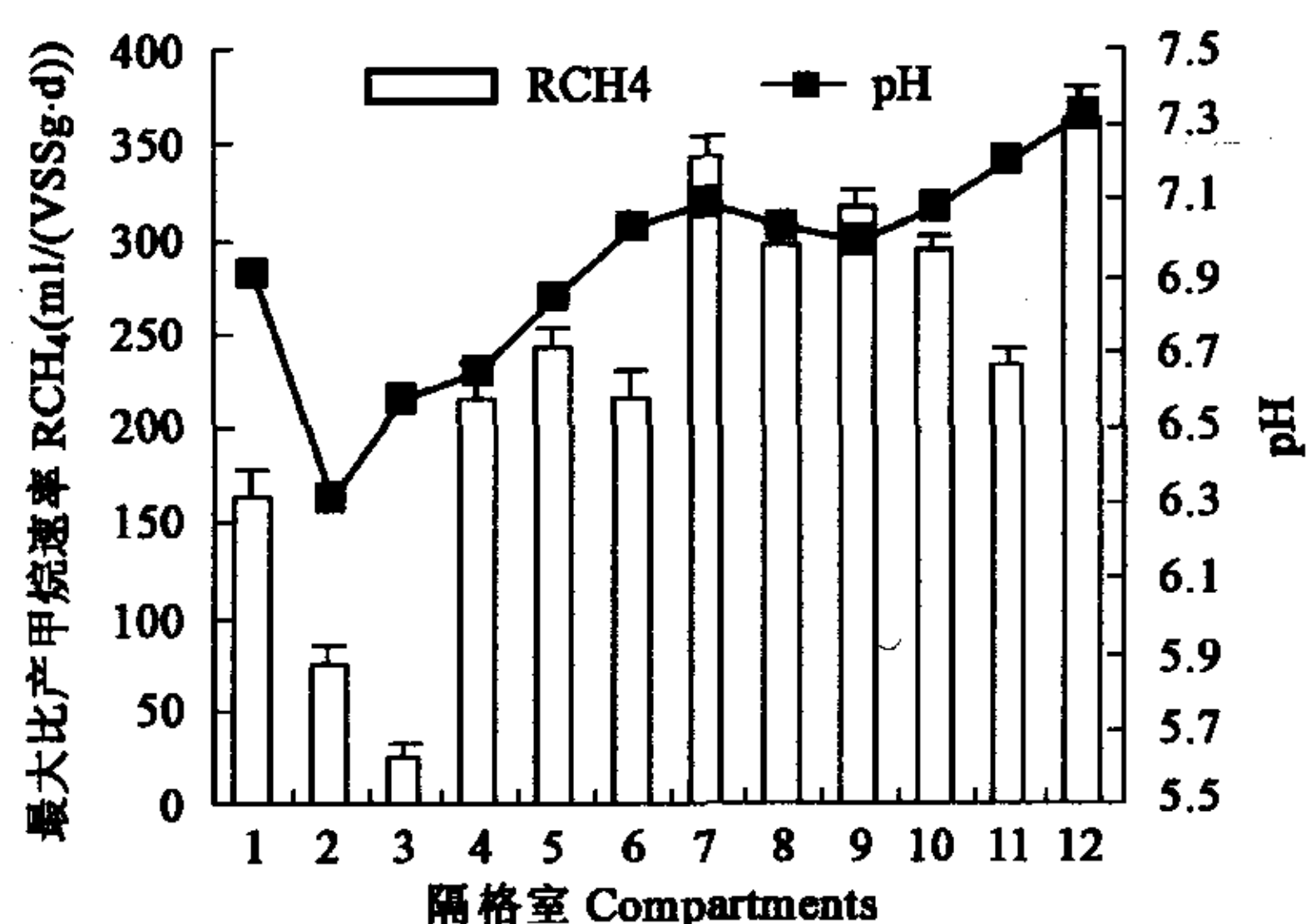


图4 ABR 各隔室 pH 值及污泥最大比产甲烷速率

Fig. 4 The pH and methane production rate in compartments of ABR

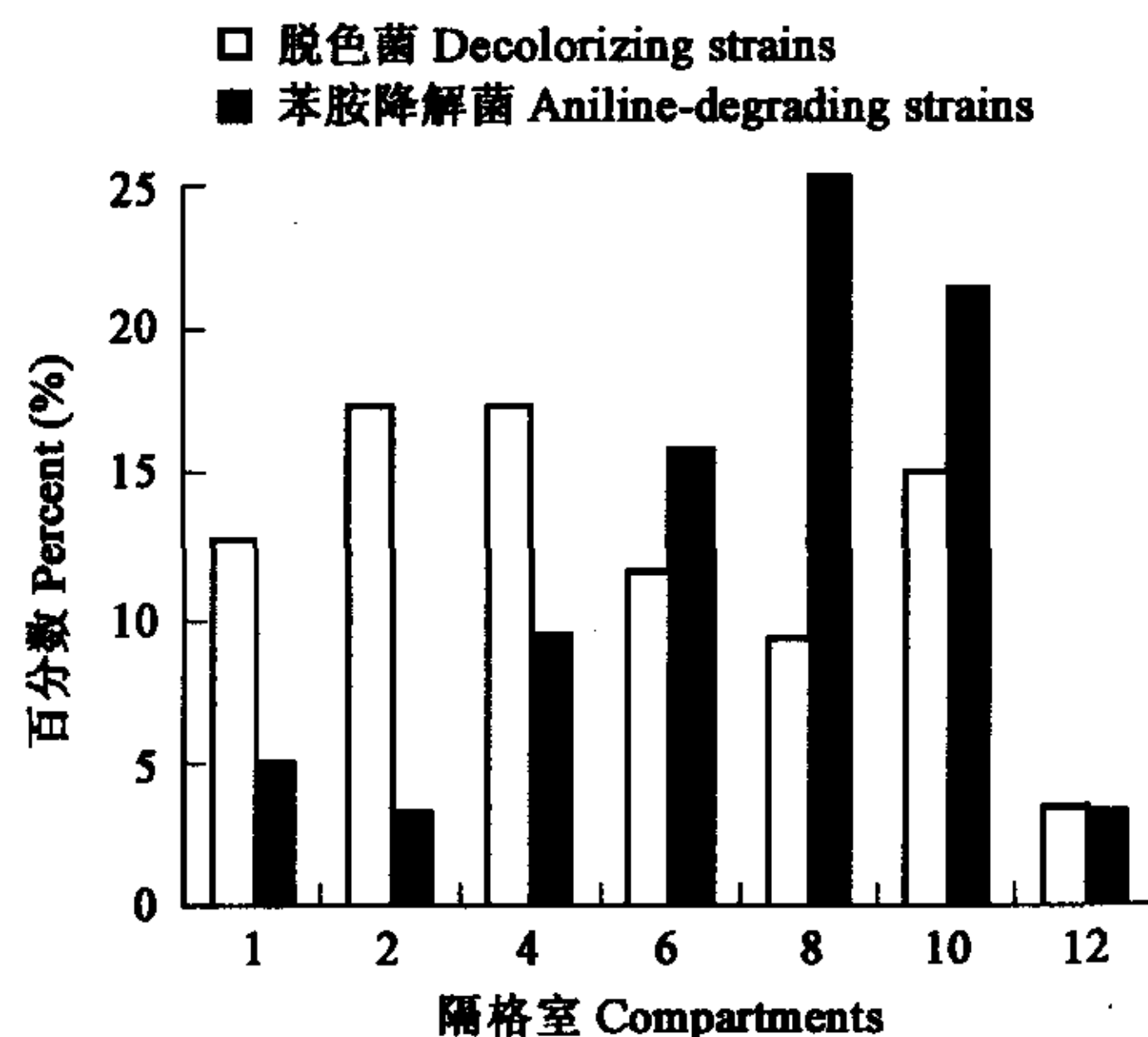


图5 脱色菌和苯胺降解菌在 ABR 隔室中的分布

Fig. 5 The distribution of decolor strains and aniline-degrading strains in compartments of ABR

2.6 ABR 隔室中苯胺浓度变化情况

在连续一年的时间内测定 ABR 各个隔室中色度和苯胺浓度,结果如图 6 所示。图 6 的结果表明印染废水中残余染料在 ABR 中的降解会引起苯胺浓度的升高,同时产生的苯胺在 ABR 的后段会被部分降解。进一步证实在构成 ABR 的连续多个隔室中,以脱色菌和苯胺降解菌为代表的功能性微生物呈现出与底物浓度相关联的分布规律。

3 讨论

目前处理印染废水的主要方法是生物法,但常规生物法处理存在两大难题:一是对色度去除率不高,一般只有 50%~60%;二是染料脱色后可能产生毒害性更大的芳香胺类污染物,而现有处理工艺对废水处理过程中产生的苯胺类有毒有机物去除效果也不够理想。因此在应用生物法处理印染废水时,不仅要考虑印染废水脱色情况,也有必要进一步分析脱色后形成的芳香胺类的降解情况。而这一点在印染废水脱色的研究中常常被

忽略。本研究将 ABR 工艺成功地应用于印染废水的脱色,同时考察脱色后形成的芳香胺类污染物在 ABR 中的降解情况,可对 ABR 处理印染废水的机理获得新的认识。一般认为苯胺是在好氧条件下降解的^[27],但本研究中对苯胺降解菌在 ABR 不同隔室中的分布及苯胺浓度的检测发现,苯胺在厌氧环境下(ABR 的第 7 至第 9 隔室)即能开始降解。

文献中对 ABR 中微生物群落构成与分布的研究重点放在与颗粒污泥形成密切相关的甲烷菌上^[7~9,19~21],本文的结果表明在处理印染废水的 ABR 系统活性污泥中除了甲烷菌外,还有大量的好氧或兼性厌氧的微生物,如芽孢杆菌属(*Bacillus*)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、丛毛单胞菌属(*Comamonas*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)和水螺菌属(*Aquaspirillum*)等,这些微生物在印染废水有机物残留尤其毒害性的芳香烃类化合物降解过程中起着重要作用^[16,24~27]。这些好氧或兼性厌氧微生物菌群能在比较厌氧的环境下与产甲烷菌共处一室且各自发挥作用,说明全面了解印染废水处理 ABR 系统中微生物生态有着重要意义。

Tiche 和 Yang^[19]研究 ABR 处理蜜糖废水时发现甲烷总量的 70% 主要在第 1 隔室中产生。Bachman^[20]在用 ABR 处理蜜糖废水时发现第 1 隔室的甲烷活性最大,最后 1 个隔室的甲烷活性最小;Orozo^[13]的研究发现 11 隔室反应器中第 1 隔室到第 7 隔室的甲烷活性较大,第 8 隔室到第 11 隔室的甲烷活性较小。而本研究则发现在以印染废水为处理基质时,ABR 中甲烷活性在前段隔室中相对较低,后段隔室则相对较高。推测甲烷活性上的这种差异,可能与印染废水中可被微生物直接利用的有机质(BOD₅)浓度较低,而蜜糖废水中可被微生物直接利用的有机质的浓度及易利用性较高有关。表明在实际的废水处理中,甲烷活性的变化规律与所处理的基质种类、基质浓度等反应器的运行条件相关。

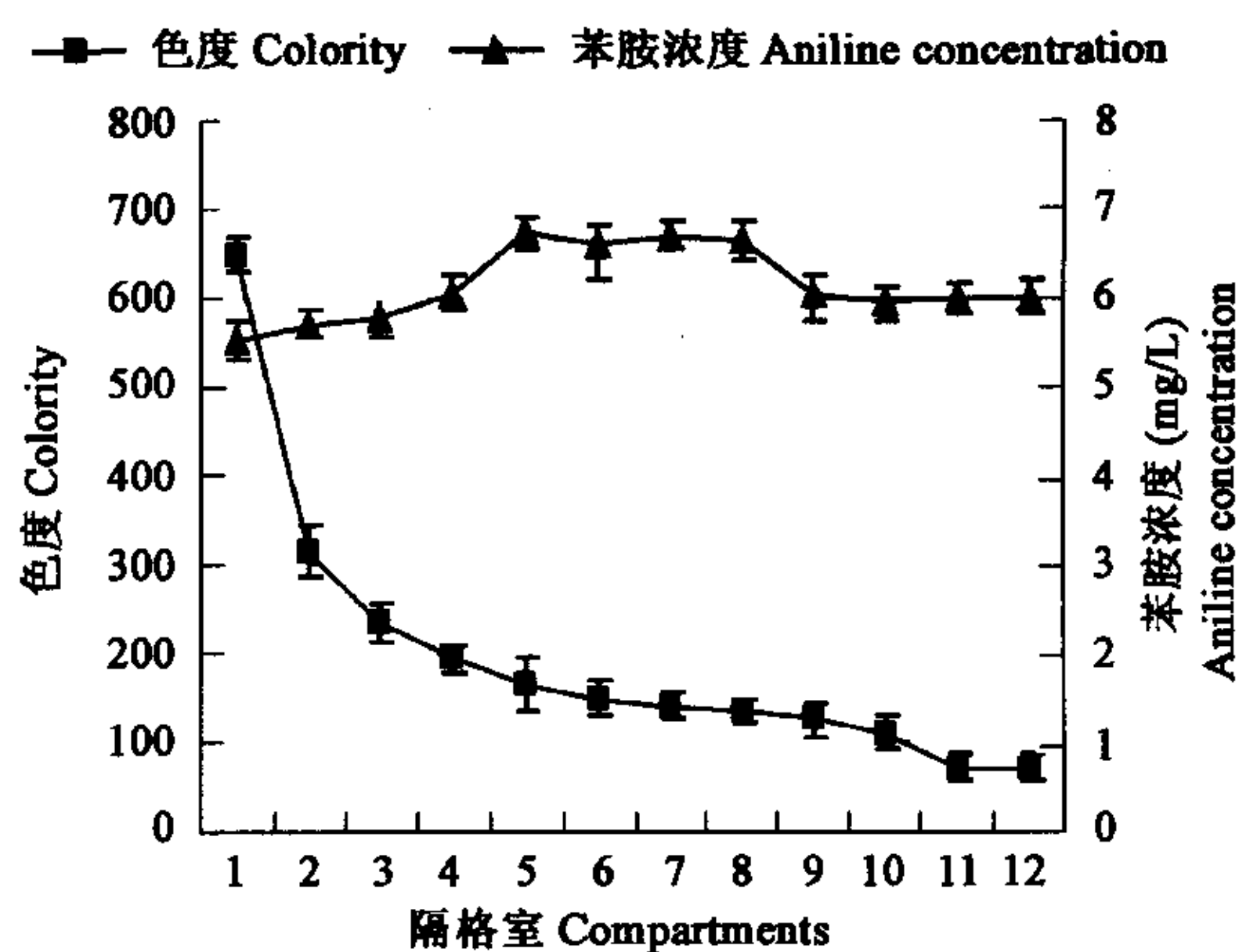


图6 ABR 处理印染废水过程随废水色度降低苯胺浓度变化

Fig. 6 The aniline concentration changes during the decolorizing process

微生物数量分析结果表明,最后一隔室中的微生物数量最少,与第1隔室相差一个数量级,这可能与最后隔室中活性污泥的数量较少,且营养相对贫乏有关。由于最后的隔室直接与ABR出水口相连接,部分活性污泥可能会随着出水流走,从而使泥量减少,并相应地引起微生物数量的减少。最大产甲烷速率在最后一隔室中增加,可能是因为测定最大产甲烷速率时各个隔室中是取相同量的活性污泥进行测定的,而最后一格室中污泥的产甲烷活性相对较高。

本文从分析ABR中可培养细菌种群结构入手,同时考察了脱色菌和苯胺降解菌这两类功能性微生物的分布与存在状况。实验结果表明,处理印染废水的ABR反应器经过长期驯化,不同隔室确实形成了与该隔室微环境相适应的微生物类群。同时脱色菌和苯胺降解菌等功能微生物在ABR中的分布与残余染料在ABR中的降解过程密切相关。由于尚未见文献报道有关ABR处理系统中功能性脱色菌和芳香胺类降解菌的分布规律,无法与其他人的研究结果进行比较。认识脱色菌和芳香胺类降解菌有规律的分布,是处理系统对印染废水中有机化合物和环境污染物的有效降解的基础。研究功能性微生物在ABR中的这些变化规律,对于优化设计适用于处理印染废水的ABR工艺,提高其处理效率都具有很强的现实指导意义。

4 结论

4.1 ABR工艺在处理印染废水时,能够使产酸相和产甲烷相在不同隔室中得到有效分离。除了产甲烷菌外,还有一些可培养的其它优势菌群,如芽孢杆菌属(*Bacillus*)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、丛毛单胞菌属(*Comamonas*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)和水螺菌属(*Aquaspirillum*)等。这些菌群能在ABR比较厌氧的环境下与产甲烷菌共处一室,在各隔室中有规律地分布,并且与废水中有机物残留尤其毒性芳香烃类化合物的降解有关。

4.2 以脱色菌和苯胺降解菌为代表的功能微生物在ABR中呈现与底物浓度相关联的分布规律,即脱色菌在ABR前段隔室中相对较多,后段隔室中相对较少;苯胺降解菌的分布规律则与之相反。苯胺的降解在ABR较为厌氧的环境下即能发生,这种厌氧条件下的苯胺降解,与ABR后段隔室中有较多苯胺降解菌有关。

References:

- [1] Barber W P, Stuckey D C. The use of the anaerobic baffled reactor (ABR) for wastewater treatment: a review. *Wat Res.*, 1999, **33**(7): 1559~1578.
- [2] Boopathy R. Biological treatment of swine waste using anaerobic baffled reactors. *Bioresource Technol.*, 1998, **64**: 1~6.
- [3] Setiadi T, Husaini L, Djajadiningrat A. Palm oil mill effluent treatment by anaerobic baffled reactors: recycle effects and biokinetic parameters. *Water Sci. Technol.*, 1996, **34**(11): 59~66.
- [4] Akunna J C, Clark M. Performance of a granular-bed anaerobic baffled reactor (GRABBR) treating whisky distillery wastewater. *Bioresource Technol.*, 2000, **74**: 257~261.
- [5] Grover R, Marwaha SS, Kennedy JF. Studies on the use of an anaerobic baffled reactor for the continuous anaerobic digestion of pulp and paper mill black liquors. *Process Biochem.*, 1999, **34**: 653~657.
- [6] Bodik I, Kratochvil K, Gasparikova E, et al. Nitrogen removal in an anaerobic baffled reactor with aerobic post-treatment. *Bioresource Technol.*, 2003, **86**: 79~84.
- [7] Nachaiyasit S, et al. The effect of shock loads on the performance of an anaerobic baffled reactor (ABR) 1. Step changes in feed concentration at constant retention time. *Water Res.*, 1997, **31**(11): 2737~2746.
- [8] Nachaiyasit S, et al. The effect of shock loads on the performance of an anaerobic baffled reactor (ABR) 2. Step and transient hydraulic shocks at constant feed strength. *Water Res.*, 1997, **31**(11): 2747~2754.
- [9] Nachaiyasit S, et al. Microbial response to environmental changes in an anaerobic baffled reactor (ABR). *Antonie van Leeuwenhoek*, 1995, **67**: 111~123.
- [10] Bell J, Buckey CA. Treatment of a textile dye in the anaerobic baffled reactor. *Water SA*, 2003, **29**(2): 129~134.
- [11] Bell J, Plumb J, Buckley C, et al. Treatment and decolorization of dyes in an anaerobic baffled reactor. *J. Environ. Eng.*, 2000, **126**(11): 1026~1032.
- [12] Razo-Flores E, Luijten M, Donlon B, et al. Biodegradation of selected azo dyes under methanogenic conditions. *Water Sci. Technol.*, 1997, **36**: 65~72.
- [13] Seshadri S, Bishop P L, et al. Anaerobic/aerobic treatment of selected azo dyes in wastewater. *Waste Manag.*, 1994, **15**: 127~137.
- [14] Zissi U, Lyberatos G. Azo-dye biodegradation under anoxic conditions. *Water Sci. Technol.*, 1996, **34**: 495~500.
- [15] Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. 3rd ed. Beijing: Science Press, 2002. 1595~1596.
- [16] Toshiki Fujii, et al. Plasmid-encoded genes specifying aniline oxidation from *Acinetobacter* sp. strain YAA. *Microbiology*, 1997, **143**: 93~99.
- [17] The Second Compiling Group of the Standards Press of China. *The complication of Chinese standards of analyzing water quality (S)*.

Beijing: Standards Press of China, 1996. 188~191.

- [18] Yu Y X, Wu G Q, Meng X T, *et al.* The *examination handbook of environmental engineering microbes*. Beijing, China Environmental Science Press, 1990. 182~186.
- [19] Tilche A, Yang X. Light and scanning electron microscope observations on the granular biomass of experimental SBAF and HABR reactors. *Proceedings of Gasmat Workshop*, Netherlands, 1987. 170~178.
- [20] Bachmann A, Beard V L, McCarty P L. Comparison of fixed film reactors with a modeled sludge blanket reactor. *Fixed Film Biological Processes for Wastewater Treatment*, Noyes Data Corp., NJ, 1983.
- [21] Orozco A. Pilot and full-scale anaerobic treatment of flow-strength wastewater at sub-optimal temperature (15°C) with a hybrid plug flow reactor. *Proceedings of the 8th International Conference on Anaerobic Digestion*. Japan, 1997. 183~191.
- [22] Zhou J Z, Bruns M A, Tiedje J M. DNA recovery from soils of diverse composition. *Appl. Environ. Microbiology*, 1996, **62**(2): 316~322.
- [23] Edwards U, Rogall T, *et al.* Isolation and direct complete nucleotide determination of entire genes: characterization of a gene coding for 16S ribosomal RNA. *Nucleic Acids Research*, 1989, **17**: 7843~7853.
- [24] Vincent J J M and William W M. A novel aromatic-ring-hydroxylating dioxygenase from the diterpenoid-degrading bacterium *Pseudomonas abietaniphila* BKME-9. *Journal of Bacteriology*, 1999, **181**(9): 2675~2682.
- [25] Li J G, Lalman J A, *et al.* Biodegradation of Red B Dye by *Bacillus* sp. OY1-2. *Environmental Technology*, 2004, **25**(10): 1167~1176.
- [26] Surovtseva E G, Ivoilov V S, *et al.* Degradation of chlorinated anilines by certain representatives of the genera *Aquaspirillum* and *Paracoccus*. *Microbiology*, 1996, **65**: 553~559.
- [27] Nico Boon, Johan Goris, *et al.* Genetic Diversity among 3-Chloroaniline- and Aniline-Degrading Strains of the *Comamonadaceae* *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, **67**(3): 1107~1115.

参考文献:

- [15] 萨姆布鲁克 J, 弗里奇 EF, 曼尼阿蒂斯 T. 分子克隆实验指南(第 3 版). 北京: 科学出版社, 2002. 1595~1596.
- [17] 中国标准出版社第二编辑室. 水质分析方法国家标准汇编. 北京: 中国标准出版社, 1996. 169~171.
- [18] 俞疏馨, 吴国庆, 孟宪庭, 等. 环境工程微生物检测手册. 北京: 中国环境科学出版社, 1990. 182~186.