



赵建国,徐永贵,李刚强,等.五氯苯酚对污泥急性毒性和菌群结构的影响[J].轻工学报,2021,36(1):58-66.
ZHAO J G, XU Y G, LI G Q, et al. Effects of pentachlorophenol on sludge acute toxicity and microbial community
[J]. Journal of Light Industry, 2021, 36(1): 58-66. DOI: 10.12187/2021.01.008
中图分类号: X703 文献标识码: A 文章编号: 2096-1553(2021)01-0058-09

五氯苯酚对污泥急性毒性和菌群结构的影响

Effects of pentachlorophenol on sludge acute toxicity and microbial community

赵建国¹, 徐永贵², 李刚强³, 李玉¹, 张珂¹, 孙言卓¹
ZHAO Jianguo¹, XU Yonggui², LI Gangqiang³, LI Yu¹, ZHANG Ke¹, SUN Yanzhuo¹

1. 郑州轻工业大学 环境污染治理与生态修复河南省协同创新中心, 河南 郑州 450001;
 2. 河南省对外科技交流中心, 河南 郑州 450001;
 3. 郑州航空港区明港水务有限公司, 河南 郑州 450000
1. He'nan Collaborative Innovation Center of Environmental Pollution Control and Ecological Restoration, Zhengzhou University of Light Industry, Zhengzhou 450001, China;
 2. He'nan Science and Technology Exchange Center with Foreign Countries, Zhengzhou 450001, China;
 3. Zhengzhou Airport Harbour Minggang Water Service Co., Ltd., Zhengzhou 450000, China

摘要:利用易于控制的序批式反应器(SBR)处理以甲醇为共代谢碳源的五氯苯酚(PCP)废水,控制进水PCP质量浓度为10 mg/L,并设置仅以甲醇为碳源的对照组,利用发光菌急性毒性生物实验和变性梯度凝胶电泳技术分别研究PCP对污泥急性毒性和菌群结构的影响,进而分析优势菌群对污泥急性毒性的作用。结果表明,在第1—19 d期间,进水中的PCP(10 mg/L)会严重抑制污泥活性,导致污泥絮体解体,PCP难以被降解去除,出水化学需氧量(COD)质量浓度和污泥急性毒性显著高于对照组;受PCP污染的污泥活性恢复较慢,在第20—32 d期间不再投加PCP和在第33—75 d期间补充投加2 mg/L PCP,进水COD和PCP的处理效果仍旧较差;吸附至污泥的PCP仅仅是引起污泥急性毒性升高的原因之一,受PCP诱导富集的优势菌群在降解PCP过程中产生的代谢中间产物和分泌的次级代谢产物也是引起污泥急性毒性不可忽视的重要因素。

关键词:

序批式反应器;污泥急性毒性;菌群结构;五氯苯酚

Key words:

sequencing batch bioreactor; sludge acute toxicity; microbial community; pentachlorophenol

收稿日期: 2020-04-17

基金项目: 国家自然科学基金项目(41801086); 郑州轻工业大学博士启动基金项目(2016BSJJ036)

作者简介: 赵建国(1987—), 男, 山东省潍坊市人, 郑州轻工业大学讲师, 博士, 主要研究方向为工业废水处理及生态风险评估。

Abstract: A sequencing batch bioreactor (SBR) was used to treat pentachlorophenol (PCP) wastewater with the co-metabolic carbon source of methanol, and the influent PCP was controlled as 10 mg/L. In addition, another SBR only supplied methanol was set as control. The effects of PCP on sludge acute toxicity and microbial community were studied by the luminescent bacterium acute toxicity bioassay and denaturing gradient gel electrophoresis technique, and the function of dominant microbes on sludge acute toxicity was deeply analyzed. Results showed that during the period of 1 – 19 days, the sludge activity was significantly inhibited after injecting into 10 mg/L PCP in influent, the sludge flocs were disintegrated and the PCP was difficult to degrade. The effluent chemical oxygen demands (COD) and sludge acute toxicity under PCP stress were significantly higher than the control. The regeneration of sludge activity was slow due to the PCP contamination. No PCP was added during 20 – 32 days and 2 mg/L PCP was added during 33 – 75 days, the removal of influent COD and PCP was still poor. The adsorbed PCP in sludge causing the increase of sludge acute toxicity was only one of the reasons. The metabolic intermediates of PCP and secretive secondary metabolites by the enriched dominant microbes should not be ignored in the process of PCP degradation, which played an important role in causing the sludge acute toxicity.

0 引言

不同种类和性质的氯酚类化合物被广泛应用于工业品的生产过程,如 2,4 - 二氯苯酚(2,4-DCP)和 2,4,5 - 三氯苯酚(2,4,5-TCP)大量用于农药 2,4-D 和 2,4,5-T 的生产,五氯苯酚(PCP)用于血吸虫病的防治等^[1-2],这导致大量的氯酚类化合物进入水体,对自然环境造成了很大的危害.此外,部分工业生产过程排放的废水(如焦化废水和造纸废水)中也含有质量浓度较高的不同氯酚类化合物^[3-4].由于氯酚类化合物会对生物的代谢造成不可逆的损害,甚至可能会引起致畸、致癌和致突变的“三致”效应,许多国家都将其列为重点管控的污染物^[5-6].我国颁布的《生活饮用水卫生标准》(GB 5749—2006)也将 2,4,6 - 三氯苯酚(2,4,6-TCP)、PCP 等多种氯酚类化合物列为毒理检测指标,要求对排放废水中氯酚类化合物的质量浓度进行严格管控^[7].

相关研究发现,采用物理和化学方法均可实现废水中氯酚类化合物的去除,但废水中的其他污染物(如悬浮物(SS)和氨氮)会影响其处理效果^[8].此外,在污染物去除过程中,氯酚类化合物会产生多种中间产物,易对水体造成

二次污染^[9].因此,可考虑采用耐受污染物冲击的活性污泥工艺.经氯酚类化合物驯化的活性污泥在降解去除氯酚类化合物的同时可去除其他类型的污染物,其菌群结构与不同反应器的运行条件有关^[10],如 S. K. Karn 等^[11]研究发现,从造纸厂分离纯化的菌株 *Pseudomonas stutzeri* CL7 可矿化质量浓度高达 600 mg/L 的 PCP.

然而,在利用活性污泥工艺处理废水中氯酚类化合物的研究中,大部分研究者多关注水相和泥相中氯酚类化合物的去除效果、氯酚类化合物的降解动力学和降解路径、降解氯酚类化合物的优势菌群筛选等,而关于处理氯酚类化合物的污泥毒性相关问题的研究较少,也忽略了降解氯酚类化合物的优势菌群对污泥毒性的影响.鉴于发光菌急性毒性生物实验可有效评估废水和污泥的急性毒性问题^[12-13],本研究在前期实验的基础上,拟利用耐受污染物冲击和易于控制的序批式反应器(SBR)处理以甲醇为共代谢碳源的 PCP 废水,控制其进水 PCP 质量浓度为 10 mg/L,研究 PCP 对污泥急性毒性和菌群结构的影响,并分析优势菌群对污泥急性毒性的作用,以期为准评估处理工业废水的污泥急性毒性和后续污泥资源化利用提供参考.

1 材料与方法

1.1 主要试剂及仪器

主要试剂:PCP(化学纯,纯度 $\geq 98.5\%$),上海飞祥化工厂产;无水甲醇(分析纯),国药集团化学试剂有限公司产;甲醇(色谱纯,纯度 $\geq 99.9\%$),北京百灵威科技有限公司产;超纯水,英国 ELGA 超纯水机(包含水柱)制取;明亮发光杆菌 T3 冻干粉,中科院南京土壤研究所产;AxyPrep DNA 凝胶回收试剂盒,美国 Axygen 公司产;pED-T 载体试剂盒、Amp 抗性 LB 培养基,上海凌科生物科技有限公司产;TAE 缓冲液(1×),上海生工生物工程股份有限公司产;其他化学试剂均为分析纯或优级纯。

主要仪器:LC-20ATVP 型高效液相色谱仪,日本岛津公司产;DXY-2 型生物毒性测定仪,中科院南京土壤研究所产;JJ-1 型精密增力电动搅拌器,金坛市科技仪器有限公司产;GZX-9030 MBE 型数显鼓风干燥箱,博旭实业有限公司医疗设备厂产;TGL-18 M 型台式高速低温离心机,上海安亭科学仪器厂产;FiveEasy™ 型 pH 计,上海梅特勒-托利多仪器(上海)有限公司产;YSI 型便携式 DO 计,上海维赛仪器贸易有限公司产。

1.2 实验方案

接种污泥取自上海长桥污水处理厂的曝气池,该污泥在投加到 SBR 前经 3 次清洗和 24 h 曝气处理。实验用 SBR 的有效容量为 5 L,其高度和内径分别为 25 cm 和 20 cm。投加的初始污泥质量浓度 (MLSS) 和体积指数 (SVI) 分别为 2.5 g/L 和 90 mL/g。单个 SBR 运行周期的水力停留时间 (HRT) 控制为 12 h,具体为进水 0.25 h,运行 11 h,沉降 0.5 h 和排水 0.25 h。调整 SBR 运行工艺为曝气-静置的循环模式,曝气和静置的时间均设置为 2 h。为使溶解氧 (DO) 与活性污泥充分接触,曝气过程中对污泥

进行搅拌,并控制 DO 质量浓度为 (1.5 ± 0.5) mg/L,静置期间停止搅拌。SBR 运行期间的温度控制为 (25 ± 1) °C,通过 NaHCO_3 溶液和稀 HCl 调整进水的 pH 值为 7.2 ± 0.4 。通过排泥的方式,整个运行过程中污泥的质量浓度控制在 2.5 g/L 左右。

实验所用废水为模拟废水,由甲醇提供碳源,控制进水化学需氧量 (COD) 为 (300 ± 20) mg/L,N 元素和 P 元素分别由尿素和 KH_2PO_4 提供,并补充微生物生长所需的大量元素和微量元素,具体成分及其质量浓度分别为: $\text{CO}(\text{NH}_2)_2$ 32 mg/L、 KH_2PO_4 13 mg/L、 $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 23.9 mg/L、 $\text{FeCl}_3 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$ 7.0 mg/L、 $\text{CaCl}_2 \cdot \text{H}_2\text{O}$ 7.6 mg/L、 $\text{CoSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.2 mg/L、 ZnCl_2 0.09 mg/L、 $\text{MnSO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$ 0.06 mg/L、 $\text{CuSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$ 0.047 mg/L 和 $\text{Na}_2\text{MoO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$ 0.05 mg/L。其中一个 SBR 进水中只补充甲醇,为对照组;另一个 SBR 进水中除补充一定量的甲醇外,再加入质量浓度为 10 mg/L 的 PCP,为实验组,研究受 PCP 胁迫的污泥急性毒性和菌群结构,并分析优势菌群对污泥急性毒性的作用。

1.3 指标测定及分析方法

利用 pH 计和 DO 计分别测定 SBR 运行过程中的 pH 值和 DO 值。按照文献[14]中的酸性重铬酸钾法测定出水 COD 的质量浓度:取 SBR 运行结束后的水相,将其在 4000 r/min 条件下离心 5 min 后进行测定。采用重量法测定 SBR 运行期间的 MLSS 变化:取 100 mL 充分混匀的泥水混合液,经滤纸(已知质量)过滤后,在 105 °C 条件下烘干、称重。利用高效液相色谱仪测定污泥水相、泥相中残留的 PCP 质量浓度:流动相为超纯水(投加体积分数为 1% 的乙酸)和甲醇的混合液(二者体积比为 2:8),柱温为 40 °C,进样体积为 10 μL ,流速为 1 mL/min,测试波长为 280 nm,固定相为反相 C-18 柱(250 nm \times 4.6 nm,5 μm);水相经 0.45 μm

滤膜过滤后,直接测定其 PCP 的质量浓度,而泥相需先经超声萃取后,再用滤膜过滤测定其 PCP 的质量浓度。

1.4 污泥急性毒性的测定方法

参考文献[13],采用发光菌急性毒性生物实验方法测定污泥的急性毒性:实验前用少量灭菌的质量分数为 3% 的 NaCl 溶液将明亮发光杆菌 T3 冻干粉复苏,将复苏的明亮发光杆菌接种到 50 mL 灭菌培养基(胰蛋白胨 5 g/L、酵母粉 5 g/L、丙三醇 3 g/L、NaCl 30 g/L、 Na_2HPO_4 5 g/L 和 KH_2PO_4 1 g/L)中进行培养,当明亮发光杆菌处于指数生长期时进行污泥急性毒性的测定;为获得准确的测定结果,需通过超声方式对污泥絮体进行破碎处理;通过生物毒性仪测定明亮发光杆菌可见光强度的变化,利用相对抑光率表征污泥急性毒性的变化,每个样品重复测试 3 次,取平均值。

1.5 菌群结构分析方法

利用成熟的溶菌酶-SDS-氯仿异戊醇技术对污泥中的基因组 DNA 进行提取,采用琼脂糖凝胶电泳技术对提取的 DNA 进行检测。采用的细菌 16 S 上游扩增引物序列为 357-F-GC:5'-CGCCCGCCGCGCGCGCGGGCGGGCGGGG-CACGGGGGGGCCTACGAGGCAGCAG-3'; 下游扩增引物序列为 518r:5'-ATTACCGCGCT-GCTGG-3'。依据 BioLinker 公司的说明书分别进行第一轮和第二轮 PCR 扩增反应,其扩增产物通过 40%~60% 的变性梯度凝胶电泳(DGGE)进行分离,电泳参数设置为:电泳缓冲液为 TAE 缓冲液,电压为 80 V,水浴温度为 60 ℃,电泳时间为 16.5 h,电泳结束后对凝胶进行染色、拍照,并在暗室紫外光激发条件下,用灭菌刀小心切割标记的优势条带。

切割条带的第二次扩增所用引物与第一次相同,只是去掉 GC 发夹结构,采用 AxyPrep DNA 凝胶回收试剂盒回收 PCR 产物,利用

pED-T 载体试剂盒克隆 PCR 产物。挑选克隆 PCR 产物,用 Amp 抗性 LB 培养基培养,待菌液培养至 OD_{600} 值为 2~3 时,对菌液进行 PCR 扩增,将扩增产物送至上海铂尚生物技术有限公司进行测序,做 3 次平行实验以保证测序结果的准确度。

通过生物信息学软件对有效的序列进行比对和筛选,去除 T 载体的引物;将全部序列结果整理为 FASTA 格式的序列文件,在 NCBI 中进行 BLAST 比对;将同一 DGGE 胶条中的 3 个克隆测序结果进行 alignment 分析,检测条带的一致性,并将比对结果中相似性最高的物种信息进行总结。

2 结果与讨论

2.1 进水 COD 和 PCP 的去除效果

实验期间,SBR 出水 COD、PCP 质量浓度和 MLSS 的变化情况分别见图 1—图 3,其中 10 mg/L、0 mg/L 和 2 mg/L 指实验组 SBR 不同运行阶段的进水 PCP 质量浓度。实验初期(第 1—9 d),由于天气变冷,SBR 进水温度逐渐降低,在第 6 d 时低至 14.6 ℃,导致对照组出水 COD 质量浓度多次超过 100 mg/L(见图 1)。考虑到微生物活性和污染物去除速率受温度影响显著^[1],故从第 10 d 开始,控制 2 个 SBR 运行温度为 (25 ± 1) ℃,对照组出水 COD 质量浓度逐渐降低并趋于稳定。从第 22 d 开始到 SBR 运行结束,对照组出水 COD 质量浓度在 (85.7 ± 14.0) mg/L 的范围内波动,这是因为温度升高会引起污泥中微生物活性的增强,而补充的甲醇属于易降解碳源,导致 SBR 系统发生了内源呼吸,后续可考虑通过缩短 HRT 的方式改善进水 COD 的去除效果。

在第 1—20 d 期间,进水中的 PCP 质量浓度为 10 mg/L,严重抑制了污泥活性,污泥絮体解体严重,导致上清液浑浊,出水 COD 质量浓

度快速升高,第 19 d 时达到 353.2 mg/L(见图 1),MLSS 在第 20 d 时更是降至 1.4 g/L(见图 3). 此阶段的进水 PCP 基本无降解,水相和泥相中积累了大量的 PCP(见图 2),这是因为 PCP 苯环上的 π 电子与 Cl 原子的 p 电子形成了稳定的共轭体系,同时 Cl 原子的存在抑制了苯环裂解酶的活性,使苯环上的电子云密度较低,再加上 PCP 的空间位阻效应,导致 PCP 难以被好氧微生物降解,故 PCP 废水的处理多以厌氧工艺为主^[15].

在第 20—33 d 期间,实验组 SBR 进水中停止投加 PCP,出水 COD 质量浓度缓慢下降,由第 19 d 的 353.2 mg/L 降低至第 33 d 的 198.4 mg/L(见图 1),这是因为前期吸附至泥相中的 PCP 仍存在于 SBR,并逐渐释放到水相(见图 2)中,导致污泥活性恢复较慢.

在第 33—75 d 期间,调整实验组 SBR 进水 PCP 质量浓度为 2 mg/L,其出水 COD 质量浓度维持在 200 mg/L 附近;运行周期末(第 60—70 d),水相和泥相中均能检测到 PCP,其残留量分别为 0.38 mg/L 和 0.81 mg/L,此时活性污泥降解 PCP 的速率较慢.这可能是由于前期进水中投加的 PCP 严重抑制了污泥活性,导致后期进水中无论是否投加 PCP,污泥活性都难以恢复.在不排泥的情况下,实验组 SBR 的 MLSS

一直低于 2.0 g/L(见图 3),这也再次证实了 PCP 的毒性作用是导致污泥活性恢复缓慢的主要因素.

在下一步的研究中,可利用离子色谱技术分析 SBR 系统中氯离子质量浓度的变化,采用气质联用或液质联用技术定期分析 PCP 降解过程中产生的代谢中间产物,为准确推断以甲醇为共代谢碳源的 PCP 降解路径提供依据.另外,为避免氯酚类化合物对污泥活性的抑制作用,可考虑优先采用低质量浓度的氯酚进水驯化活性污泥,待污泥充分降解去除氯酚类化合物后再逐步提高进水氯酚的质量浓度.

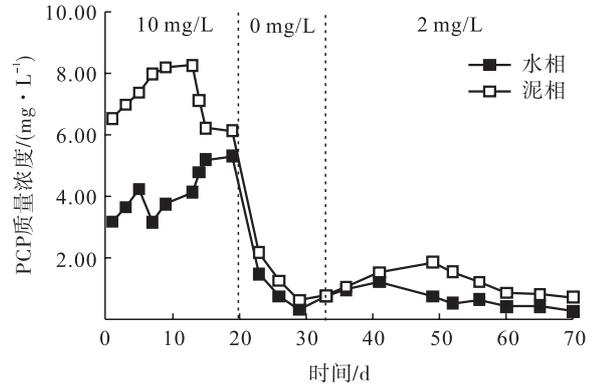


图 2 实验组 SBR 运行周期末水相、泥相中 PCP 质量浓度的变化

Fig. 2 Variation of PCP mass concentration in both aqueous and sludge phases at the end of SBR cycle

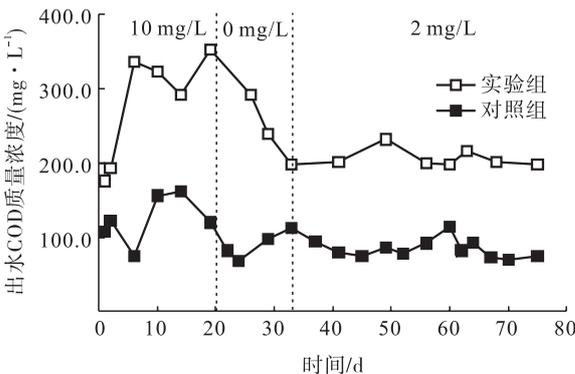


图 1 2 个 SBR 出水 COD 质量浓度的变化

Fig. 1 Variation of effluent COD mass concentration in both SBRs

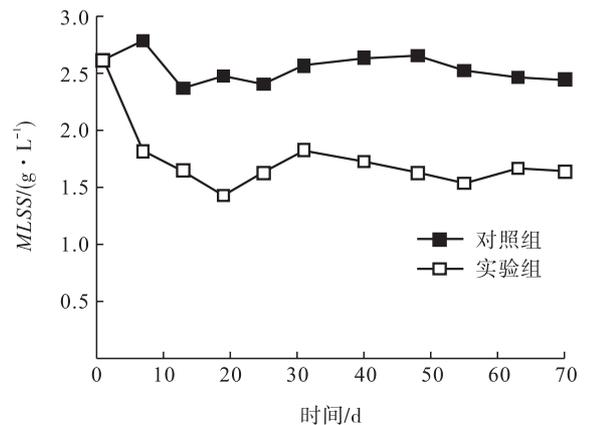


图 3 2 个 SBR 中 MLSS 的变化

Fig. 3 Variation of MLSS in both SBRs

2.2 PCP 处理过程中污泥急性毒性的变化

对处理 PCP 的实验组污泥急性毒性进行测定,与对照组作对比分析,其动态变化如图 4 所示.对照组污泥的相对抑光率在 25.8% 附近波动,这可能是由污泥中微生物代谢过程产生的次级代谢产物和微生物的部分组成成分抑制了发光菌的活性而引起的.

然而,处理 PCP 的实验组污泥急性毒性显著高于对照组,且整体呈先升高后降低直至趋于稳定的变化规律,两者差值较大的时间范围为第 6—41 d,其中最大的污泥急性毒性差值出现在第 33 d,是对照组的 1.84 倍.然而,在此期间,污泥中吸附的 PCP 质量浓度变化很大(见图 2),这表明吸附至泥相的 PCP 仅仅是引起污泥急性毒性显著的原因之一.在第 49—70 d 期间,实验组污泥的相对抑光率在 35.1% 附近波动,是对照组的 1.36 倍.因此,实验组污泥急性毒性的形成还应包括以下 3 个方面:一是活性污泥受 PCP 诱导产生大量的次级代谢产物,其

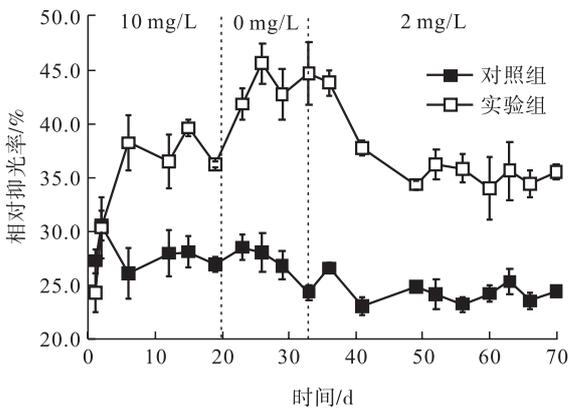


图 4 2 个 SBR 中污泥急性毒性的动态变化

Fig. 4 Dynamic changes of sludge acute toxicity in both SBRs

中部分代谢产物会导致污泥急性毒性的增加^[16];二是 PCP 降解过程中产生的不同类型代谢中间产物,会导致污泥急性毒性的增加,如 G. Ruckdeschel 等^[17]研究发现,PCP 及其中间产物对多种微生物均有毒性作用,且某些中间产物的毒性比母体要高出许多;三是许多微生物内源呼吸和解体产生的部分残留物被吸附到泥相中,同样具有一定的微生物毒性^[18].因此,PCP 处理过程中污泥急性毒性的变化是多种因素综合作用的结果.

2.3 菌群结构对污泥急性毒性的影响

当处理 PCP 废水的 SBR 运行 70 d 后,通过 PCR-DGGE 技术分析污泥中的菌群结构,并对优势条带进行鉴定,结果见图 5(图中不同数字代表鉴定出的不同优势菌群)和表 1.部分优势条带的 3 个平行样并不代表单一菌种(条带 1 和 3),这可能是由于鉴定的目的条带附近含有相邻的低亮度条带或者不同菌属的 DNA 条带出现了共迁移现象^[19].活性污泥中耐受 PCP 毒性的优势菌属大都出自变形菌门(*Proteobacteria*)(条带 1、2、4、5 和 6),主要菌属为 *Methyl-obacillus*、*Pseudomonas*、*Porphyrobacter*、*Achromobacter*、*Stenotrophomonas* 和 *Comamonas*,其次为绿弯菌门(*Chloroflexi*)(条带 3)和厚壁菌门(*Firmicutes*)(条带 7),其菌属分别为 *Levilinea* 和 *Salimesophilobacter*.然而,对照组鉴定的优势菌属主要为 *Chryseobacterium*、*Leadbetterella*、*Erysipelothrix*、*Pontibacillus*、*Bosea* 和 *Salimesophilobacter*^[20],这表明污泥的菌群结构受进水 PCP 的影响较大.相关研究已证实由实验组污泥鉴定的大多优势菌属均具有降解去除氯酚类化合



图 5 实验组 SBR 污泥的 PCR-DGGE 图

Fig. 5 The gel image of PCR-DGGE from the acclimated SBR

表1 鉴定的优势条带所属菌属和门类

Table 1 The genus and phylum from the identified dominant bands

| 条带号 | GenBank 最相近的菌种 | 相似性/% | GenBank 序列号 | 所属门类 |
|-----|-------------------------------------|-------|-------------|---------------------|
| 1 | <i>Methylobacillus arboreus</i> | 99 | NR_108851.1 | Betaproteobacteria |
| | <i>Pseudomonas entomophila</i> | 99 | NR_102854.1 | Gammaproteobacteria |
| | <i>Pseudomonas entomophila</i> | 99 | NR_102854.1 | Gammaproteobacteria |
| 2 | <i>Pseudomonas entomophila</i> | 100 | NR_102854.1 | Gammaproteobacteria |
| | <i>Pseudomonas entomophila</i> | 100 | NR_102854.1 | Gammaproteobacteria |
| | <i>Pseudomonas entomophila</i> | 100 | NR_102854.1 | Gammaproteobacteria |
| 3 | <i>Levilinea saccharolytica</i> | 92 | NR_040972.1 | GNS bacteria |
| | <i>Levilinea saccharolytica</i> | 92 | NR_040972.1 | GNS bacteria |
| | <i>Porphyrobacter colymbi</i> | 100 | NR_114328.1 | Alphaproteobacteria |
| 4 | <i>Achromobacter marplatensis</i> | 99 | NR_074754.1 | Betaproteobacteria |
| | <i>Achromobacter marplatensis</i> | 99 | NR_074754.1 | Betaproteobacteria |
| | <i>Achromobacter marplatensis</i> | 99 | NR_074754.1 | Betaproteobacteria |
| 5 | <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> | 99 | NR_040804.1 | Gammaproteobacteria |
| | <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> | 99 | NR_040804.1 | Gammaproteobacteria |
| | <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> | 99 | NR_040804.1 | Gammaproteobacteria |
| 6 | <i>Comamonas testosteroni</i> CNB-2 | 100 | NR_102841.1 | Betaproteobacteria |
| | <i>Comamonas testosteroni</i> CNB-2 | 100 | NR_102841.1 | Betaproteobacteria |
| | <i>Comamonas testosteroni</i> CNB-2 | 100 | NR_102841.1 | Betaproteobacteria |
| 7 | <i>Salimesophilobacter vulgaris</i> | 98 | NR_109327.1 | Firmicutes |
| | <i>Salimesophilobacter vulgaris</i> | 98 | NR_109327.1 | Firmicutes |
| | <i>Salimesophilobacter vulgaris</i> | 98 | NR_109327.1 | Firmicutes |

物和多环芳烃的功能,如 *Pseudomonas entomophila*、*Achromobacter marplatensis*、*Stenotrophomonas maltophilia* 和 *Comamonas testosteroni*^[21]。

受污染物胁迫, *Methylobacillus arboreus*、*Pseudomonas entomophila*、*Comamonas testosteroni* 和 *Stenotrophomonas maltophilia* 可分泌多种次级代谢产物,其中抗生素和不同种类的生物活性因子可能会起到增加污泥急性毒性的作用,而其他次级代谢产物,如表面活性剂和谷胱甘肽转移酶,可降低氯酚类化合物对微生物的毒害作用^[22-25]; *Achromobacter marplatensis* 能够降解高质量浓度的 PCP,并具有抗生素活性^[26]; *Porphyrobacter colymbi* 和 *Levilinea saccharolytica* 是否具有降解氯酚类化合物的功能,以及是否对污泥急性毒性有影响需进一步确定。相关分析表明,降解 PCP 的优势菌群在代谢过程产生的次级代谢产物是引起污泥急性毒性不可忽视的

重要因素^[20]。

3 结论

本研究利用间歇曝气的 SBR 处理 PCP 废水,设置仅以甲醇为碳源的对照组,研究 PCP 对污泥急性毒性和菌群结构的影响,并深入分析了优势菌群对污泥急性毒性的作用。得到以下主要结论:1) 进水中的 PCP (质量浓度为 10 mg/L) 严重抑制了污泥活性,污泥絮体解体现象严重,进水 COD 和 PCP 难以被降解去除,即使后期进水 PCP 质量浓度降低或不再投加,污泥活性仍旧难以恢复;2) 进水中的 PCP 导致污泥急性毒性显著增加,而污泥急性毒性的升高不仅是由吸附至污泥的 PCP 引起,PCP 降解过程产生的代谢中间产物及诱导微生物分泌的次级代谢产物也是引起污泥急性毒性的重要因素;3) 经 PCP 驯化的活性污泥中富集的优势菌

属具有降解去除氯酚污染物的能力,优势菌种代谢过程分泌的次级代谢产物可影响污泥的急性毒性.依据本文研究结果,在利用活性污泥工艺处理工业废水时,剩余污泥的急性毒性是不可忽略的问题.后续可通过选取合适的废水处理工艺或调整其运行参数等措施削减污泥的急性毒性作用.

参考文献:

- [1] MONSALVO V M, MOHEDANO A F, CASAS J A, et al. Cometabolic biodegradation of 4-chlorophenol by sequencing batch reactors at different temperatures [J]. *Bioresource Technology*, 2009, 100(20):4572.
- [2] LIM J W, LIM P E, SENG C E, et al. Simultaneous 4-chlorophenol and nitrogen removal in moving bed sequencing batch reactors packed with polyurethane foam cubes of various sizes [J]. *Bioresource Technology*, 2013, 129(2):485.
- [3] LIU Y J, LIU J, ZHANG A N, et al. Treatment effects and genotoxicity relevance of the toxic organic pollutants in semi-coking wastewater by combined treatment process [J]. *Environmental Pollution*, 2017, 220:13.
- [4] TOCZYŁOWSKA-MAMIŃSKA R. Limits and perspectives of pulp and paper industry wastewater treatment: A review [J]. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 2017, 78:764.
- [5] 姜梅,牛世全,展惠英,等. 氯酚类化合物的微生物降解研究进展[J]. *应用生态学报*, 2003, 14(6):1003.
- [6] WEN J P, LI H M, BAI J, et al. Biodegradation of 4-chlorophenol by *Candida albicans* PDY-07 under anaerobic conditions [J]. *Chinese Journal of Chemical Engineering*, 2006, 14(6):790.
- [7] 夏青,陈艳卿,刘宪兵. 水质基准与水质标准[M]. 北京:中国标准出版社,2004.
- [8] 朱冬梅. 表面改性活性炭对水中三氯酚的去除及再生实验研究[D]. 南昌:南昌大学, 2009.
- [9] BIAN W J, SONG X H, LIU D Q, et al. The intermediate products in the degradation of 4-chlorophenol by pulsed high voltage discharge in water [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2011, 192(3):1330.
- [10] CHEN A W, ZENG G M, CHEN G Q, et al. Hydrogen sulfide alleviates 2,4-dichlorophenol toxicity and promotes its degradation in *Phanerochaete chrysosporium* [J]. *Chemosphere*, 2014, 109:208.
- [11] KARN S K, CHAKRABARTY S K, REDDY M S. Pentachlorophenol degradation by *Pseudomonas stutzeri* CL7 in the secondary sludge of pulp and paper mill [J]. *Journal of Environmental Science*, 2010, 22(10):1608.
- [12] ROIG N, SIERRA J, NADAL M, et al. Relationship between pollutant content and ecotoxicity of sewage sludges from Spanish wastewater treatment plants [J]. *Science of the Total Environment*, 2012, 425:99.
- [13] ZHAO J G, CHEN X R, LIN F K, et al. Mechanism of toxicity formation and spatial distribution in activated sludge treating synthetic effluent containing bisphenol A (BPA) [J]. *Chemical Engineering Journal*, 2014, 250:91.
- [14] 国家环境保护总局. 水和废水监测方法[M]. 第4版. 北京:中国环境科学出版社.
- [15] KHODADOUST A P, WAGNER J A, SUIDAN M T, et al. Anaerobic treatment of PCP in fluidized-bed GAC bioreactors [J]. *Water Research*, 1997, 31(7):1776.
- [16] BOTT C B, LOVE N G. The immunochemical detection of stress proteins in activated sludge exposed to toxic chemicals [J]. *Water Research*, 2001, 35(1):91.

- [17] RUCKDESCHEL G, RENNER G, SCHWARZ K. Effects of pentachlorophenol and some of its known and possible metabolites on different species of bacteria [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1987, 53(11):2689.
- [18] ROSS N, DESCHENES L, BUREAU J. Ecotoxicological assessment and effects of physicochemical factors on biofilm development in groundwater conditions [J]. Environmental Science and Technology, 1998, 32(8):1105.
- [19] SEKIGUCHI H, TOMIOKA N, NAKAHARA T, et al. A single band does not always represent single bacterial strains in denaturing gradient gel electrophoresis analysis [J]. Biotechnology Letters, 2001, 23(15):1205.
- [20] ZHAO J G, CHEN X R, BAO L L, et al. Correlation between microbial diversity and toxicity of sludge treating synthetic wastewater containing 4-chlorophenol in sequencing batch reactors [J]. Chemosphere, 2016, 153:138.
- [21] BOONNORAT J, CHIEMCHAI SRI C, CHIEMCHAI SRI W, et al. Microbial adaptation to biodegrade toxic organic micro-pollutants in membrane bioreactor using different sludge sources [J]. Bioresource Technology, 2014, 165:50.
- [22] NAYAK A S, VIJAYKUMAR M H, KAREGOU-DAR T B. Characterization of biosurfactant produced by *Pseudoxanthomonas* sp. PNK-04 and its application in bioremediation [J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2009, 63(1):73.
- [23] DENTON M, KERR K G. Microbiological and clinical aspects of infection associated with *Stenotrophomonas maltophilia* [J]. Clinical Microbiology Reviews, 1998, 11(1):57.
- [24] PINGAKONG O, HABE H, OMORI T. The unique aromatic catabolic genes in *sphingomonads* degrading polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) [J]. Journal of General and Applied Microbiology, 2003, 49(1):1.
- [25] VUILLEUMIER S. Bacterial glutathione S-transferases: What are they good for? [J]. Journal of Bacteriology, 1997, 179(5):1431.
- [26] GOMILA M, TVRZOVÁ L, TESHIM A, et al. *Achromobacter marplatensis* sp. nov., isolated from a pentachlorophenol-contaminated soil [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2011, 61:2231.