

耐盐染料降解菌群驯化及其微生物群落分析

马艳丽, 李海红, 宾 齐

(西安工程大学环境与化学工程学院, 陕西西安 710048)

[摘要] 为进一步提升对含盐染料废水的处理效率, 在 3 组 SBR 反应器(R1、R2、R3)中分别投加 NaCl、还原蓝 4(VB₄)、NaCl+VB₄, 并逐步提高其投加浓度, 探究在不同盐度和染料浓度的驯化条件下, 活性污泥对模拟废水的处理效果以及微生物群落的组成结构。结果表明: 盐度增加至 3% 时, R1 和 R3 的 COD 去除率开始大幅降低; 在仅投加染料反应器 R2 中, COD 的平均去除率为 95.5%; 各反应器的氨氮平均去除率在 90% 以上。随着盐度和染料浓度的提升, 系统稳定性下降。盐度和染料质量浓度分别达到 1%、40 mg/L 时, 污泥对染料的脱色性能开始下降。高通量测序分析结果表明, 随着盐度和染料的增加, 活性污泥的微生物群落多样性降低, 降解 COD 及染料的功能菌群主要受系统含盐量的影响, 氨氮降解菌群受环境变化的影响不大。在各反应器运行过程中, *norank-f-norank-o-saccharimonadales*、*Propionicihlava*、*Micropruina* 3 个菌属的丰度最高, 对盐和染料表现出较好的耐受性, 为含盐印染废水处理系统的优势菌群。

[关键词] 染料降解; 耐盐; 活性污泥; 驯化; 微生物

[中图分类号] X703.1 **[文献标识码]** A **[文章编号]** 1005-829X(2023)04-0078-07

Domestication of dye-degrading salt tolerant bacteria and the community structure analysis

MA Yanli, LI Haihong, BIN Qi

(College of Environmental and Chemical Engineering, Xi'an Polytechnic University, Xi'an 710048, China)

Abstract: In order to further improve the treatment efficiency of salinity dye wastewater, NaCl, reduced blue 4 (VB₄) and NaCl+VB₄ were added into three groups of SBR reactors (R1, R2 and R3), and their concentration was gradually increased. The treatment effect of activated sludge on simulated wastewater and microbial community structure were investigated under different conditions of salinity and dye concentration. The results showed that the COD removal rate of R1 and R3 started to decrease significantly when the salinity increased to 3%. The average COD removal rate was 95.5% in R2, where only dye was added. The average removal rate of ammonia nitrogen was above 90% in all reactors. The stability of the system decreased with the increase of salinity and dye concentration. The decolorization performance of sludge on dyes began to decline when the salinity and dye mass concentration reached 1% and 40 mg/L, respectively. The results of high-throughput sequencing analysis showed that the diversity of activated sludge microbial community decreased with the increase of salinity and dye, and the functional bacteria for degrading COD and dye were mainly affected by the salinity of the system, while the ammonia-nitrogen degrading bacteria were not affected by environmental changes. During the operation of each reactor, *norank-f-norank-o-saccharimonadales*, *Propionicihlava* and *Micropruina* had the highest abundance and showed better tolerance to salinity and dye, and were the dominant bacteria in the treatment system of saline printing and dyeing wastewater.

Key words: dye degradation; salt tolerance; activated sludge; domestication; microorganism

据统计,全球染料的年产量超过 7×10^5 t,且染料放到废水中^[2],对环境及人类健康造成威胁。生物类型超过 10 000 多种^[1]。每年约有 10% 的染料被排降解具有运行成本低、操作过程相对简单、无二次污

[基金项目] 陕西省科技厅社会发展领域项目(2020SF-435);榆林市科技计划项目(CXY-2020-054)

染等优势,是目前常用的废水处理技术。为提高染料的着色效果,印染过程需要添加大量无机盐,导致产生的印染废水是高盐度废水。此类废水会使环境中的渗透压升高,微生物难以适应,影响大多数好氧或厌氧微生物的生长代谢活动^[3],从而抑制废水生物降解的效率。因此,寻找能够耐受一定盐度的微生物对印染废水的处理具有重要意义。

目前已有研究者筛选出能够脱色的耐盐菌。如 A. GUADIE 等^[4]从盐碱性湖中分离出偶氮染料脱色细菌。Guang GUO 等^[5]对嗜盐嗜碱嗜热菌群 ZSY 进行富集,研究其可能的降解途径、相关酶的活性及代谢产物的毒性,同时对菌群的功能基因进行评估。虽然关于耐盐的染料降解菌的研究很多,但大部分处理的是偶氮染料,蒽醌类等其他染料的研究并不多见。总体而言,对于含盐染料废水的处理,具有脱色降解能力的耐盐菌株有一定优势,可以提高废水的处理效率。

还原蓝 4(VB₄)是目前使用量较大的染料品种之一,属于蒽醌还原染料,用于棉纤维、黏胶纤维、维纶等的染色等^[6]。笔者模拟 SBR 处理工艺,以还原蓝 4 为处理对象,配制含盐染料废水,对活性污泥进行驯化,得到具有耐盐性能的染料降解菌群;研究了 SBR 反应系统中耐盐脱色污泥的形成和特性,以及盐度和染料浓度对处理效果的影响。通过高通量测序技术对微生物的群落结构进行分析,分析可能具有降解 VB₄ 的优势耐盐菌,为含盐印染废水处理提供一定依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

污泥样品取自某生活污水处理厂回流污泥。实验采用人工配制的模拟废水,以葡萄糖为碳源,硫酸铵为氮源,磷酸二氢钾为磷源,投加比例为 100:5:1,盐度和染料浓度根据实验条件而定。

还原蓝 4(VB₄,纯度 95%),梯希爱(上海)化成工业发展有限公司。其他试剂均为分析纯,购自天津市福晨化学试剂厂或北京经科宏达生物技术有限公司。

1.2 实验方法

1.2.1 实验装置及运行

采用活性污泥曝气反应器作为驯化装置。反应器为圆柱形高硼硅玻璃容器,使用容积 2 L,直径和高度分别为 133、193 mm。各反应器均装有一个曝

气泵、一个进水泵和一个排水泵。人为控制反应器运行过程,模拟序批式活性污泥工艺(SBR)。气泵从底部好氧曝气 20 h 并加以磁力搅拌,保证曝气均匀;完成曝气后,静置 2 h 后取水样。周期运行参数:手动进水 10 min,曝气 20 h,沉淀 2 h,出水 5 min,静置 45 min。

利用浓度梯度压力驯化法对活性污泥微生物菌群进行驯化。设置 R1、R2、R3 共 3 组对照反应器,运行时间 41 d,分 4 个阶段驯化。其中 R1 仅投加 NaCl,盐度逐步提高至 0.5%、1%、2%、3%,R2 仅投加 VB₄,质量浓度逐步提高至 20、40、60、80 mg/L,R3 同时投加 NaCl 和 VB₄,质量浓度变化同 R1 和 R2。

1.2.2 测定方法

从各反应器中取 100 mL 混合液,静置沉降 30 min 测定污泥体积,得到污泥沉降比 SV₃₀;将上清液倒掉,剩余污泥过滤烘干后称重,计算该反应器中的污泥质量浓度 MLSS。SV₃₀ 与 MLSS 的比值即污泥体积指数 SVI,反映 1 L 混合液中的悬浮固体质量。

驯化过程中每天取进、出水水样,测定 COD、NH₄⁺-N 和色度,计算降解率。COD 测定采用快速消解分光光度法,NH₄⁺-N 测定采用纳氏试剂法,色度使用紫外分光光度计测定 616 nm 下的吸光度。

1.2.3 污泥微生物群落结构分析

实验采用 16S rRNA 分析不同盐度及染料浓度条件下菌群结构的变化。采集原始污泥样本和驯化结束后各反应器的污泥样本进行 DNA 提取,送至上海美吉生物医药科技有限公司进行高通量测序。测序使用的引物为 338F(ACTCCTACGGGAGGCAGCAG),806R(GGACTACHVGGGTWTCTAAT),测序平台为 Miseq PE300。对测序结果进行生物信息学分析,获得微生物群落组成及相对丰度。

2 结果与讨论

2.1 不同驯化条件下的污泥沉降性能

污泥的沉降性能是影响活性污泥系统性能与效率的关键因素之一。SVI 主要反映污泥的沉降性能。一般认为,污泥的 SVI 在 50~120 mL/g 之间时,污泥的沉降性能良好。SVI 过低说明活性污泥中无机物含量过高,絮体细小致密,微生物生长受到抑制,污泥缺乏活性和吸附能力;SVI 过高时易发生丝状菌膨胀,沉降性能较差。3 组反应器中活性污泥的 SV₃₀、MLSS、SVI 变化见表 1~表 3。

表1 R1中活性污泥的 SV_{30} 、MLSS、SVI

盐度/%	0	0.5	1.0	2.0	3.0
$SV_{30}/\%$	78.4	75.9	68.9	63.8	54.2
MLSS/($g \cdot L^{-1}$)	7.82	7.59	6.83	7.12	9.76
SVI/($mL \cdot g^{-1}$)	100.22	99.97	100.78	89.72	68.91

表2 R2中活性污泥的 SV_{30} 、MLSS、SVI

染料质量浓度/($mg \cdot L^{-1}$)	0	20	40	60	80
$SV_{30}/\%$	76.4	70.9	71.7	68.2	62.5
MLSS/($g \cdot L^{-1}$)	7.65	7.92	7.23	7.54	9.35
SVI/($mL \cdot g^{-1}$)	99.82	89.55	99.24	90.51	70.13

表3 R3中活性污泥的 SV_{30} 、MLSS、SVI

盐度/%	0	0.5	1.0	2.0	3.0
染料质量浓度/($mg \cdot L^{-1}$)	0	20	40	60	80
$SV_{30}/\%$	78.4	70.33	62.35	45.75	30.83
MLSS/($g \cdot L^{-1}$)	7.03	7.09	6.34	6.03	5.63
SVI/($mL \cdot g^{-1}$)	111.57	99.17	98.46	75.42	54.66

由表1~表2可见,R1和R2污泥SVI的变化趋势相似,分别随盐度和染料浓度的升高,呈下降趋势,且均在第四阶段(R1盐度达3%,R2染料质量浓度达80 mg/L)下降幅度更为明显。由表3可见,随着

盐度和染料质量浓度的同时升高,污泥的SVI不断减小,当盐度和染料质量浓度分别达到2%、60 mg/L后,SVI开始大幅下降。驯化末期,活性污泥SVI降至54.66 mL/g。由表1~表3可知,3个反应器的污泥SVI均在50~120 mL/g,说明驯化期间污泥沉降性能良好,同时增加盐度和染料浓度也促进了污泥的沉降。

在一定盐度范围内,盐度提高有利于增强活性污泥的沉降性能。原因可能是随着盐度的升高,丝状菌的生长受到抑制,使得以丝状菌为骨架的污泥絮体变得更紧密^[7]。同时,盐分增加后,细菌为适应外界渗透压的变化会分泌更多的胞外聚合物^[8],促进菌胶团的形成,从而提高污泥的沉降性能。相比于R1和R2,R3中污泥的SVI下降显著,说明染料和盐分的共同作用增强了对丝状菌的抑制,促进污泥沉降。但在盐度和染料毒性作用下,大量微生物的生长代谢活动受到抑制,从而降低活性污泥的活性。

2.2 不同驯化条件下活性污泥对模拟废水的处理效果

各反应器运行41 d,前4天进水不添加盐分及染料,剩余时间分为A(5~11 d)、B(12~19 d)、C(20~27 d)、D(28~41 d)4个阶段。不同驯化条件下废水的COD、 NH_4^+-N 、脱色率变化如图1所示。

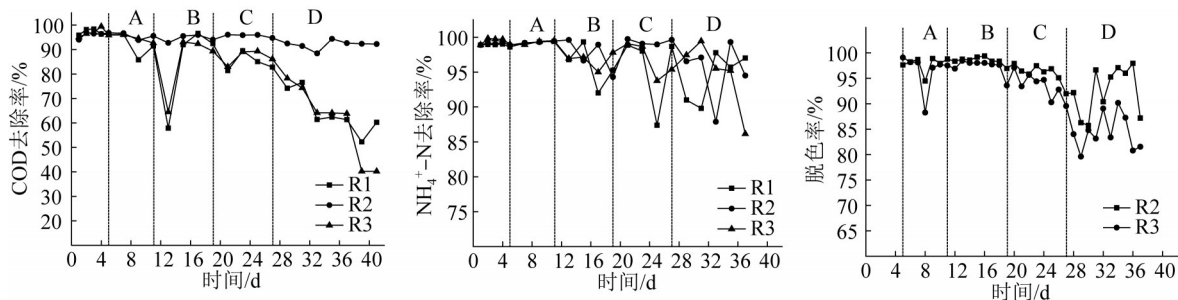


图1 不同驯化条件下的废水处理效果

Fig. 1 Wastewater treatment effect under different acclimation conditions

前4天各反应器的COD、 NH_4^+-N 去除率均保持在90%以上,活性污泥降解污染物性能良好。由图1(a)可见,当盐度<3%时,R1和R3的COD平均去除率较高,分别为89.7%、90.8%。A阶段进水盐度增加为0.5%,COD去除率稳定;进入B阶段,盐度从0.5%升至1%,R1和R3的COD去除率大幅下降,说明盐度增加对污泥系统造成冲击。随后,微生物对盐度的变化逐渐适应,COD去除率达到90%以上。在C阶段和D阶段,进水盐度分别为2%、3%。C阶

段增加盐度初期COD去除率均有一定下降,随后升高,但与B阶段COD去除率的波动相比,降幅要小得多。主要原因可能是,与适宜生长在淡水环境中的微生物相比,经过耐盐驯化的微生物具有更好的耐盐冲击特性^[9]。进入D阶段,盐度升高至3%,COD去除率下降明显,分别降至60.2%、40.2%,大部分微生物生理结构被破坏,代谢活动降低。R2仅提高染料浓度,COD平均去除率为95.5%,染料浓度对污泥系统的COD降解影响较小。因此,随着驯化过程的进

行,盐分是影响污泥COD去除率的主要因素。

由图1(b)可知,A阶段各反应器的氨氮去除率均保持在较高水平,低浓度的NaCl和染料均未对污泥中的硝化菌造成影响。B阶段盐度和染料的提升对污泥产生冲击,各反应器氨氮去除率出现波动,硝化菌生长代谢活动受到影响,但总体去除率仍保持在90%以上。C阶段进水盐度提升至1%,R1和R3氨氮去除率出现较大波动,R2去除率稳定,保持在95%以上。D阶段各反应器氨氮去除率波动幅度最大,系统不稳定,各反应器的平均氨氮去除率均比第一阶段有所下降,但去除率都维持在80%以上。在41 d的驯化过程中,系统氨氮去除率保持在较高水平,但是随着盐分和染料浓度的梯度增长,系统对氨氮的去除率波动幅度增加,稳定性减弱。总体相比于COD去除率,各反应器对氨氮的去除效果更好,污泥中硝化菌对环境变化的耐受性要更好。

由图1(c)可知,R3脱色率整体低于R2,随着驯化过程的进行,部分能降解染料的微生物不能适应含盐环境而被淘汰。2个反应器的脱色率均呈下降趋势,说明高盐及高浓度染料对染料降解菌造成危害,抑制其生长代谢活动。A阶段的第8天脱色率大幅下降,盐和染料的添加对系统内染料降解菌造成冲击,随后又恢复到95%以上,是由于微生物开始适应系统环境。B阶段,盐度和染料浓度进一步提升,脱色率基本稳定,只有小幅下降,菌群对盐和染料的耐受性增强。C阶段,盐度和染料质量浓度达到2%、60 mg/L,脱色率开始大幅下降,大部分微生物不能耐受此环境而被淘汰。D阶段,盐和染料质量浓度达到3%、80 mg/L,脱色率波动幅度较大,且有上升趋势,一部分微生物被淘汰,留下的微生物的耐盐及染料降解性能增强。

2.3 驯化污泥微生物群落多样性分析

2.3.1 操作分类单元(OTU)分析

分别采集原始污泥样本和各反应器驯化末期的污泥样本共4份,编号为Y0R0(原始污泥)、Y3R0(R1:盐度3%)、Y0R8(R2:染料质量浓度80 mg/L)、Y3R8(R3:盐度3%,染料质量浓度80 mg/L),进行Illumina Miseq高通量测序分析,共得到196 895条有效序列。在97%相似水平下对序列进行OTU聚类统计,共获得1 452个OTU,分别含32个门、88个纲、201个目、315个科、508个属、832个种。4个样品的

优质序列长度主要分布在401~420 bp,平均序列长度为409 bp。

Rank-Abundance曲线可反映群落多样性的2个方面,即物种丰富度和均匀度。物种丰富度由曲线的宽度来反映,曲线在横轴上的范围越大,物种的丰富度就越高;曲线的形状(平缓程度)反映了样本中群落的均匀度,曲线越平缓,物种分布越均匀。图2为不同驯化污泥的Rank-Abundance曲线。

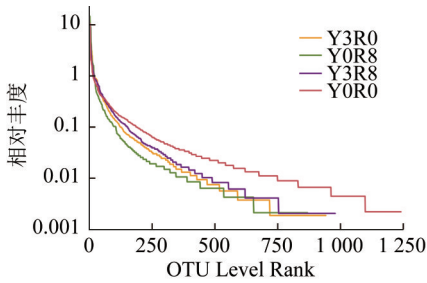


图2 Rank-Abundance曲线
Fig. 2 Curves of Rank-Abundance

由图2可知,样本Y0R0的曲线下降缓慢且平坦,说明原始污泥中初始物种组成丰富且分布均匀。相比原始污泥,样本Y3R0、Y0R8、Y3R8的曲线跨度较小,且下降曲线较陡,说明经盐和染料驯化后,污泥所含物种丰富度减小,均匀程度降低,表明盐和染料对微生物起到一定选择作用,使微生物群落发生演替,优势物种出现。

2.3.2 Alpha多样性分析

Alpha多样性指数可用来比较测序数据量不同的样本中物种的丰富度和多样性,也可用来说明样本的测序数据量是否合理^[10]。Chao指数和Ace指数反映物种丰富度,数值越大,丰富度越高;Shannon指数和Simpson指数反映物种多样性,Shannon指数数值越大,多样性越高,Simpson指数数值越小,多样性越高;Coverage指数反映测序结果是否代表样本中微生物的真实情况^[11]。样品的Alpha多样性分析结果见表4。

表4 Alpha多样性分析
Table 4 Alpha diversity analysis

样品	OTUs/个	覆盖度/%	物种丰富度		物种多样性	
			Ace指数	Chao指数	Shannon指数	Simpson指数
Y0R0	1 239	99.70	1 312.41	1 313.10	5.42	0.01
Y3R0	940	99.60	1 142.03	1 133.61	4.65	0.02
Y0R8	867	99.50	1 048.44	1 058.70	4.03	0.05
Y3R8	977	99.50	1 175.78	1 166.73	4.81	0.02

表4显示,所有样品的测序文库覆盖度指数均在99.5%以上,表明测序数据量合理,目前的测序量能够覆盖样本中的绝大部分物种。各污泥样本的Chao指数、Ace指数、Shannon指数较原始污泥样本均降低,Simpson指数上升,说明不同驯化后的活性污泥物种丰富度和多样性均降低。主要原因为盐和染料对微生物的生长及代谢活动起到一定抑制作用,使不能适应此环境的微生物被淘汰。Y0R8样本的OTU值低于Y3R0样本,说明染料对微生物具有选择性,无法适应染料环境的微生物量减少。在相同的染料质量浓度下,样本Y3R8的OTU值也高于Y0R8样本。可能因为在高盐环境中,部分微生物的生长并没有受到遏制,反而得到不同程度的生长^[12]。

2.4 驯化污泥微生物群落组成差异

2.4.1 Venn图分析

Venn图可用于计算多个样品中共有和独特物种的数量,在OTU水平上展示样品中物种组成的相似性和独特性,如图3所示。

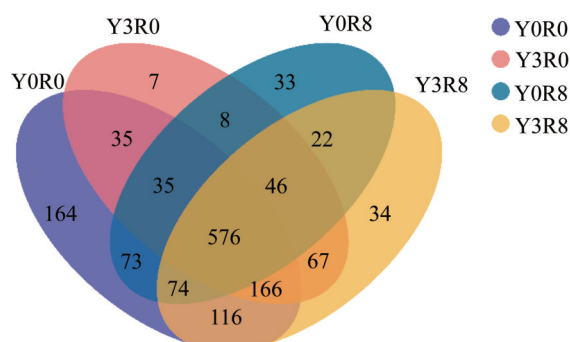


图3 Venn图

Fig. 3 Venn diagram

由图3可见,4个样本共有的OUT有548个。除原始样本,另外3个样本中,共有物种占比均在50%以上。共有物种占比很大,反应器对废水的不同处理效率由不同样本的独特物种来决定。Y0R0、Y3R0、Y0R8、Y3R8样本中特有OUT分别为195个、20个、39个、30个。相较原始污泥样本,驯化后的3份污泥样本特有物种占比大幅下降,说明大部分微生物不能适应环境条件而被淘汰。

2.4.2 门水平微生物群落结构分析

样本门水平上的群落丰度占比见图4。

由图4可见,样品中丰度占比较大的有 Actinobacteria、Patescibacteria、Proteobacteria、Chloroflexi 和 Bacteroidetes 菌门,是各类废水处理系统的常见菌

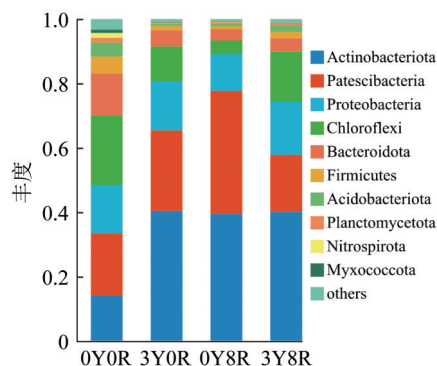


图4 门水平上的群落丰度

Fig. 4 Community abundance at phylum level

门。Actinobacteria在3个反应器运行过程中属于优势菌群,其占比明显增加。Patescibacteria菌门因超小的细胞形态和简化的膜结构,代谢率较高,可以促进有机物分解^[13],经不同浓度染料驯化后,其在R2中占比显著增加,说明是耐受染料的优势菌群,但相比另两组添加盐分的反应器,其占比有所下降,说明盐分对其有一定抑制作用。Proteobacteria经驯化后占比基本不变,说明其适应能力强,能耐受不同环境条件,大多数氨氧化菌、亚硝酸盐氧化菌和反硝化细菌属于该门类^[14],不同驯化系统均具有较高的氨氮去除率可能与该菌门相关。Chloroflexi和Bacteroidetes经过不同条件驯化后,占比较原始污泥均降低,其对环境变化敏感且适应能力弱。Actinobacteria、Patescibacteria和Proteobacteria可以作为处理含盐染料废水的优势菌门。

2.4.3 属水平微生物群落结构分析

样本属水平上的群落丰度占比如图5所示,可见经不同条件驯化后活性污泥的微生物群落结构有明显差异。图6为属水平丰度前十的物种组成Heat map图,反映样本在特定分类水平上物种组成的相似性及差异性。图左侧添加物种聚类树,越相似的物种在聚类树上的距离越近^[15]。

由图5可见,在驯化系统中 *norank-f-norank-o-saccharimonadales* 丰度占比均最高。相比R1和R3的驯化条件, *norank-f-norank-o-saccharimonadales* 在R2驯化条件下的丰度增加,是处理染料的优势菌属,但耐盐性可能较差。据报道该菌属常存在于土壤环境中,能够降解碳水化合物及芳香烃类物质^[16]。且有研究发现,在重金属胁迫下,其环境相对丰度提升^[17]。R2运行过程中COD去除率为90%

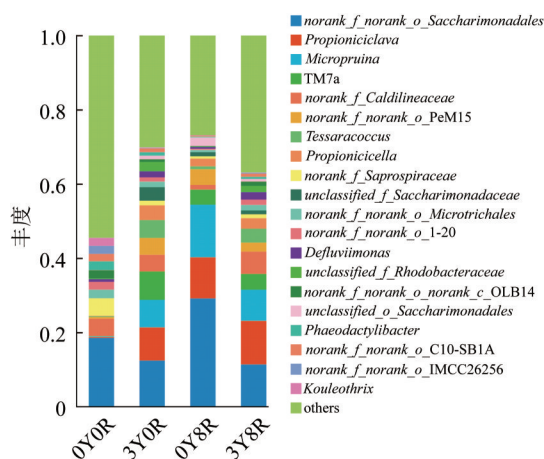


图5 属水平上的群落丰度

Fig. 5 Community abundance at genus level

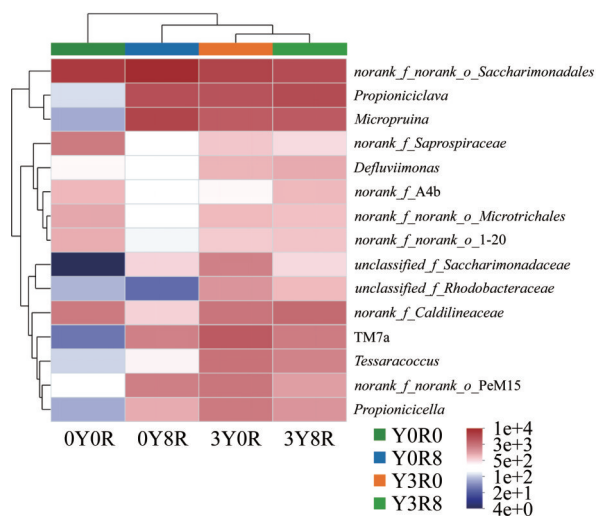


图6 属水平群落热图

Fig. 6 Community heat map at genus level

以上,保持相对稳定,因此可以推测其为去除COD的主要菌属。

由图6可知, *Propioniciclava* 和 *Micropruina* 两菌属的亲缘关系较近。在不同驯化条件下, *Micropruina* 和 *Propioniciclava* 的丰度均明显增加,且在R3反应器驯化条件下丰度占比最大,因此推测这两个菌属是处理含盐印染废水的优势菌属。有研究报道, *Propioniciclava* 和 *Micropruina* 存在于石油废水处理的好氧颗粒污泥中,同属于放线菌门(Actinobacteria)^[18]。 *Micropruina* 具有极强的耐盐性能,耐受盐度范围可达8%^[19]。 *Propioniciclava* 属于兼性厌氧菌,可利用各种碳水化合物,常见于石油废水、酸性矿山废水、造纸废水等污水处理系统中^[18]。

norank-f-norank-o-PeM15 和 *Propioniceella* 的亲缘关系较近,经驯化后丰度均增加,且在耐盐驯化中丰度增加最明显,说明这两种菌属更适应含盐环境。据报道, *Propioniceella* 为厌氧细菌,可在非常高的氯盐环境中发酵,在氯溶剂的生物降解中发挥重要作用^[20]。 *norank-f-Caldilineaceae* 多为丝状菌,能在低COD和高DO环境下生长,具有反硝化能力,存在于污水处理和生活垃圾处理系统中^[21]。在反应器R2中,经不同浓度染料驯化后 *norank-f-Caldilineaceae* 丰度降低,而在R1和R3中经耐盐驯化后其丰度增加,可以推测盐度在一定范围内对其生长有促进作用。在染料驯化的Y0R8样本中, *norank-f-Saprospiraceae* 和 *Tessaracoccus* 菌属的丰度最低,不适应添加染料的环境。丰度最低的菌属为 *Unclassified-f-Saccharimonadaceae*,在Y3R0样本中丰度增加明显,属于耐盐优势菌属,但在Y3R8样本中丰度最低,对染料耐受性较差。

3 结论

(1)在不同驯化方式下,各反应器运行期间污泥沉降性能良好,盐度和染料在一定范围内促进了污泥沉降。各反应器的COD去除率主要受盐度影响,盐度为3%时去除率大幅下降。相比COD去除率,各反应器对氨氮的去除效果更好,氨氮去除率受盐度和染料浓度的影响较小。对于添加染料的两个反应器,其脱色率均呈下降趋势,盐度和染料质量浓度为1%、40 mg/L时,平均脱色率最高。

(2)利用高通量测序技术对驯化后的污泥样本及原始污泥进行分析,共得到196 895条有效序列,1 452个OUT;Alpha多样性分析表明,经不同条件驯化后,活性污泥微生物群落的多样性均降低,盐和染料浓度的提升使得微生物群落进行演替,能耐受盐和染料的优势物种显现。

(3)盐和染料对活性污泥中微生物的胁迫作用不同,不同驯化条件下的污泥样本中微生物组成有明显差异。在盐和染料协同驯化条件下,优势菌属为 *norank-f-norank-o-saccharimonadales*、*Propioniciclava*、*Micropruina*。

参考文献

- [1] VIKRANT K, GIRI B S, RAZA N, et al. Recent advancements in bioremediation of dye: Current status and challenges [J]. Biore-source Technology, 2018, 253: 355-367.

- [2] GHAEDI A M, VAFAEI A. Applications of artificial neural networks for adsorption removal of dyes from aqueous solution: A review[J]. *Advances in Colloid and Interface Science*, 2017, 245: 20-39.
- [3] KEMPF B, BREMER E. Uptake and synthesis of compatible solutes as microbial stress responses to high-osmolality environments[J]. *Archives of Microbiology*, 1998, 170(5): 319-330.
- [4] GUADIE A, TIZAZU S, MELESE M, et al. Biodecolorization of textile azo dye using *Bacillus* sp. strain CH12 isolated from alkaline lake[J]. *Biotechnology Reports*, 2017, 15: 92-100.
- [5] GUO Guang, HAO Jiuxiao, TIAN Fang, et al. Decolorization of Metanil Yellow G by a halophilic alkalithermophilic bacterial consortium[J]. *Bioresource Technology*, 2020, 316: 123923.
- [6] 董仲生.《还原蓝 RSN(C.I. 还原蓝 4)》国家标准简介[J]. *中国石油和化工标准与质量*, 2009, 29(11): 4-8.
DONG Zhongsheng. Introduction to the national standard of Vat blue RSN (C.I. Vat blue 4) [J]. *China Petroleum and Chemical Standard and Quality*, 2009, 29(11): 4-8.
- [7] 赵凯峰, 王淑莹, 叶柳, 等. NaCl 盐度对耐盐活性污泥沉降性能及脱氮的影响[J]. *环境工程学报*, 2010, 4(3): 570-574.
ZHAO Kaifeng, WANG Shuying, YE Liu, et al. Effects of salinity on salt-tolerant activated sludge settling performance and nitrogen removal[J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2010, 4(3): 570-574.
- [8] 王子超. 盐度和重金属对序批式生物反应器性能及微生物群落结构影响的研究[D]. 青岛: 中国海洋大学, 2014.
WANG Zichao. Effects of salinity and heavy metals on the performance and microbial community structure of sequencing batch bioreactor[D]. Qingdao: Ocean University of China, 2014.
- [9] 冯叶成, 占新民, 文湘华, 等. 活性污泥处理系统耐含盐废水冲击负荷性能[J]. *环境科学*, 2000, 21(1): 106-108.
FENG Yecheng, ZHAN Xinmin, WEN Xianghua, et al. Effects of shock salinity loading on activated sludge treatment system[J]. *Chinese Journal of Environmental Science*, 2000, 21(1): 106-108.
- [10] 黄雅楠, 王晓慧, 曹琦, 等. 高通量测序技术分析猪粪堆肥过程中微生物群落结构变化[J]. *微生物学杂志*, 2018, 38(5): 21-26.
HUANG Yanan, WANG Xiaohui, CAO Qi, et al. Analysis of microbial community changes in pig excrement during compost process based on high-throughput sequencing technology [J]. *Journal of Microbiology*, 2018, 38(5): 21-26.
- [11] CHEN Weiming, WANG Fan, ZENG Lin, et al. Bioremediation of petroleum-contaminated soil by semi-aerobic aged refuse biofilter: Optimization and mechanism [J]. *Journal of Cleaner Production*, 2021, 294: 125354.
- [12] HAMODA M F, AL-ATTAR I M S. Effects of high sodium chloride concentrations on activated sludge treatment [J]. *Water Science and Technology*, 1995, 31(9): 61-72.
- [13] TIAN Renmao, NING Daliang, HE Zhili, et al. Small and mighty: Adaptation of superphylum *Patescibacteria* to groundwater environment drives their genome simplicity [J]. *Microbiome*, 2020, 8(1): 51.
- [14] 刘昊明, 罗志浩, 欧阳二明. 改进型 SBBR 中 SND 启动及微生物群落结构研究[J]. *工业水处理*, 2021, 41(3): 67-71.
LIU Haoming, LUO Zhihao, OUYANG Erming. Start-up of simultaneous nitrification and denitrification and the microbial community structure in the improved SBBR [J]. *Industrial Water Treatment*, 2021, 41(3): 67-71.
- [15] SANG Yizhou, LIN Aiguo, LIU Xinliang. Simultaneous removal of carbon, nitrogen and phosphorus from hypersaline wastewater by bioaugmented intermittently aerated biological filter (IABF) [J]. *Water and Environment Journal*, 2019, 34: 19-28.
- [16] CHEN Weiming, WANG Fan, ZENG Lin, et al. Bioremediation of petroleum-contaminated soil by semi-aerobic aged refuse biofilter: Optimization and mechanism [J]. *Journal of Cleaner Production*, 2021, 294: 125354.
- [17] 陈祥瑞, 杜强强, 韩文杰, 等. 基于纯膜 MBBR 的紧凑型污水处理 BFM 中试基质转化特性[J]. *环境工程学报*, 2021, 15(11): 3741-3756.
CHEN Xiangrui, DU Qiangqiang, HAN Wenjie, et al. Pilot test on the treatment of medium-concentration domestic sewage in Northern China by BFM process based on pure MBBR [J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2021, 15(11): 3741-3756.
- [18] CHEN Chunmao, MING Jie, YOZA B A, et al. Characterization of aerobic granular sludge used for the treatment of petroleum wastewater [J]. *Bioresource Technology*, 2019, 271: 353-359.
- [19] 古柏铭, 金春姬, 温淳, 等. 提盐速率对序批式生物反应器性能和微生物群落结构的影响[J]. *环境科学*, 2021, 42(7): 3413-3421.
GU Baiming, JIN Chunji, WEN Chun, et al. Effect of rate of salinity increase on the performance and microbial community structure of sequencing batch reactors [J]. *Environmental Science*, 2021, 42(7): 3413-3421.
- [20] 杨开明, 母宣贻, 赵梓君, 等. 多级 AO 工艺处理酿造废水效能及微生物群落分析[J]. *工业水处理*, 2021, 41(11): 112-119.
YANG Kaiming, MU Xuanyi, ZHAO Zijun, et al. Efficacy and microbial community analysis of multi-stage AO process for brewing wastewater treatment [J]. *Industrial Water Treatment*, 2021, 41(11): 112-119.
- [21] CHEN Rui, YAO Junqin, AILIJIAN N, et al. Abundance and diversity of nitrogen-removing microorganisms in the UASB-anammox reactor [J]. *PLoS One*, 2019, 14(4): e0215615.

[作者简介] 马艳丽(1998—), 硕士研究生. E-mail: 1627738330@qq.com. 通讯作者: 李海红, 教授, 研究生导师. E-mail: 1624116019@qq.com.

[收稿日期] 2023-03-15(修改稿)