



Environmental Engineering

第 14卷第 1期 2020年 1月 Vol. 14, No.1 Jan. 2020

www http://www.cjee.ac.cn

Contemportation E-mail: cjee@rcees.ac.cn (010) 62941074

🧱 文章栏目:环境生物技术

DOI 10.12030/j.cjee.201903155

中图分类号 X703 文献标识码

陈鑫宇,王道雄,潘飞,等. 基于高通量测序的 OMS-2 对序批式反应器系统微生物群落的影响[J]. 环境工程学报, 2020, 14(1): 244-252.

CHEN Xinyu, WANG Daoxiong, PAN Fei, et al. Effect of OMS-2 on microbial community of SBR system through high-throughput sequencing[J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2020, 14(1): 244-252.

基于高通量测序的 OMS-2 对序批式反应器系统 微生物群落的影响

陈鑫宇1,王道雄1,潘飞2,徐少伟1,冉懋君1,*

1. 华中科技大学同济医学院附属同济医院,武汉 430030
2. 武汉纺织大学,纺织印染清洁生产教育部工程研究中心,武汉 430073

第一作者:陈鑫宇(1991—),男,学士,助理工程师。研究方向:废水处理与资源化。E-mail: 445091963@qq.com *通信作者: 冉懋君(1974—),男,学士,八级职员。研究方向:废水处理与资源化。E-mail: 673810216@qq.com

摘要随着纳米材料的广泛应用,越来越多的纳米材料随着废水进入污水处理厂,纳米材料对污水生物处理 系统的潜在影响越来越受到重视。探讨了氧化锰八面体分子筛(manganese oxide octahedral molecular sieve, OMS-2) 纳米颗粒对序批式反应器(sequencing batch reactor, SBR)中活性污泥微生物群落结构的影响;以活性艳红 X-3B 溶液模拟印染废水,将不同浓度的 OMS-2 混入稳定运行的 SBR 中,采用 Illumina MiSeq 高通量测序分析技术, 对不同 SBR 中微生物分布规律进行了研究。结果表明: SBR 添加 0.25 g·L⁻¹ 的 OMS-2 后,其 COD 去除率和脱色 率分别提升了 6% 和 13.6%; Illumina MiSeq 高通量测序显示,在混入 0.25 g·L⁻¹ 的 OMS-2 后,SBR 内污泥菌群中 拟杆菌门 (*Bacteroidetes*)和变形菌门 (*Proteobacteria*)的微生物 DNA 序列操作分类单元 (operational taxonomic units, OTU)分别增加了 16.8% 和 96.4%,这 2 类菌种可能提升了 SBR 降解有机污染物的能力;不同浓度的 OMS-2 改变了菌群的多样性和结构,低浓度的 OMS-2 可以提升微生物菌群的多样性和改变菌群的结构。X 射线光电子 能谱 (XPS)分析表明,OMS-2 在 SBR 中存在锰 (IV)/锰(III)转变为锰(II)的氧化还原反应,该过程可能影响了菌 群的组成。研究为纳米材料的实际应用和环境风险提供了参考。

关键词 序批式反应器;氧化锰八面体分子筛; X-3B; 微生物群落分析; 高通量测序

印染废水具有高化学需氧量、高色度的特点,含有大量"三致"毒性的难降解有机污染物,是一种很难处理的废水^[1]。现阶段,国内外处理印染废水的方法有吸附法、高级氧化法和膜过滤等^[2]。纳米氧化锰八面体分子筛 (manganese oxide octahedral molecular sieve,OMS-2)含有不同价态的Mn离子,结构上又是多孔形貌,具备良好的离子交换性^[3],作为高级氧化技术中的一种,纳米催化剂在近年获得广泛的关注^[4];DUAN等^[5]采用OMS-2/PMS体系,研究酸性橙 II(AO7)在可见光下的降解,发现OMS-2/PMS 能明显提高印染废水的脱色率。喻阳等^[2]采用磁性OMS-2/SBR 耦合处理活性染料 X-3B 废水发现,发现处理磁性OMS-2 在酸性条件下,催化 PMS 氧化去除 X-3B 的效果较好。

但是,纳米OMS-2这一类人工纳米材料 (manufactured nanomaterials, MNMs)释放到水体后,

收稿日期: 2019-03-22; 录用日期: 2019-06-07

基金项目:湖北省自然科学基金一般面上项目 (2018CFB515)

在水环境中会发生一系列的行为变化,如分散-团聚-沉降-再悬浮、吸附-解吸-被吸附、生物黏附-吞 食-累积-放大等^[6]。微生物在城市污水处理厂 (wastewater treatment plants, WWTPs) 的污水生物处理 系统中发挥着至关重要的作用, WWTPs 的处理效率很大程度上取决于微生物群落的组成和活性。 现阶段,已有研究表明,在WWTPs中检出了纳米 TiO₂^[7],这些 MNMs 独特的物理化学属性可能给 污水生物处理的效果带来难以预料的影响,其与污泥的相互作用可能会对污水处理效能和微生物 特性产生影响。CHEN 等^[8] 发现,暴露于 50 mg·L⁻¹ 纳米 Al₂O₃ 颗粒后,大量吸附于活性污泥表面的 纳米 Al,O,颗粒降低了反硝化菌的数量。LIANG 等^[9] 发现,经过纳米 Ag 颗粒的冲击负荷后,氨氧 化菌和亚硝化菌的数量均出现降低,而硝化菌则完全消失。SIMONIN等^[10]研究发现,纳米 TiO,能 显著影响硝化菌及反硝化菌的活性及丰度,而亚硝酸盐氧化菌的活性则基本不受纳米 TiO, 投加量 的影响。

本研究在前期研究的基础上,针对纳米材料残留对污水生物处理系统混合菌群影响尚未明确 的问题,将不同浓度的纳米 OMS-2 混入序批式反应器 (sequencing batch reactor, SBR)中,探讨纳米 OMS-2对 SBR 运行情况和活性污泥微生物菌群的影响,为 MNMs 的实际应用和环境风险的研究提 供参考。

1 实验材料和方法

1.1 实验材料

试剂: 过硫酸氢钾 (PMS) 为进口分析纯 (购自美国 Aladdin Industrial Corporation), 高锰酸钾、硫 酸锰、氢氧化钠、浓盐酸等均为国产分析纯,活性艳红 X-3B 为国产化学纯。

纳米氧化锰八面体分子筛 (OMS-2)采用回流法^[11]制备:在 30 mL去离子水中加入 60 mmol MnSO4 和 3 mL 硝酸制成溶液 1, 将 38 mmol KMnO4 溶解在 100 mL 去离子水中制成溶液 2; 将溶液 2逐滴加入溶液1中,持续搅拌,在温度为110℃的条件下,获得暗棕色沉淀;然后,将沉淀在回 流温度下保温过夜,用去离子水多次洗涤;最后,在120 ℃的条件下,干燥12h,获得纳米OMS-2。

1.2 实验装置和方法

为了研究 OMS-2 对 SBR 系统微生物群落 结构的影响,分别取 0.05、0.25 和 1.25 g·L⁻¹浓 度梯度的OMS-2,加入3个不同有机玻璃序批 式反应器(SBR)中,并设置1组SBR装置作为 空白对照(不添加OMS-2),相关SBR 对应编号 为 S0(空白)、S1(含 0.05 g·L⁻¹的 OMS-2)、S2(含 0.25g·L⁻¹的OMS-2)和S3(含1.25g·L⁻¹的OMS-2); 实验装置如图1所示,反应器的容积均为2L, 将相同规格的曝气头置于 SBR 中,并用硅胶管 将其与曝气泵连接,水中溶解氧浓度由流量计 来控制。

SBR运行参数:水力停留时间为 20 h,循 环时间为12h(曝气11.5h,进水和放水时间0.5h),





空气流速为1.5 L·min⁻¹,交换率为60%,污泥停留时间为5d;反应器的进水以葡萄糖为碳源,NH₄Cl 和 KH₂PO₄ 分别为氮源和磷源,进水参数为 X-3B 50 mg·L⁻¹, COD 800 mg·L⁻¹, pH 6.8~7.2。测定不 同浓度 OMS-2 条件下连续 30 d 对 SBR 降解 X-3B 和 COD 指标的变化情况。

反应器接种污泥取自武汉纺织大学污水处理站好氧消化池污泥,该污泥经70d 驯化后,具有良

好的降解 X-3B 废水的能力; 污泥相关参数为: pH 6.8~7.2, MLSS 4 098 mg·L⁻¹, MLVSS 2 665 mg·L⁻¹。 **1.3 DNA 的提取和 PCR 扩增及其微生物多样性分析**

在 4 个 SBR 运行 30 d 后,采集活性污泥样品。首先,采用 OMEGA 土壤基因组 DNA 提取试剂 盒进行 DNA 提取^[12]。PCR 扩增区域选择活性污泥样品 16S rRNA 的 V4 区域,合成融合引物、引物 PAGE 纯化,其引物序列为 F: 5'-AYTGGGYDTAAAGNG-3'; R: 5'-TACNVGGGTATCTAA TCC-3'。 PCR 反应体系以 20 ng·µL⁻¹ RNA 为模板,PCR 的扩增条件^[4] 为: 98 ℃ 预变性 30 s 后,27 个 PCR 循 环 (98 ℃ 变性 30 s, 50 ℃ 退火 30 s,72 ℃ 延伸 30 s),72 ℃ 延伸 5 min,最后保持在 4 ℃ 条件下。 0.8% 琼脂糖凝胶电泳检测,切割回收,使用 DNA 胶回收试剂盒回收。采用 BioTek 酶标仪对各个 样品定量。接着构建 DNA 文库,使用 Agilent 2100 对 PCR 富集片段进行质量控制,验证 DNA 文库 的片段大小及分布。最后采用 Illumina MiSeq 高通量测序平台进行基因测序。

在 Illumina MiSeq 平台测序完成后,根据序列的相似度,应用 Qiime,将序列归为多个操作分 类单元 (operational taxonomic units, OTU),OTU 的相似性水平是 97%。根据获得的 OTU 数据,做出 每个样品的稀释曲线,对 OTU 列表中获得的分类信息与丰度进行整理,在属层次下对各样品进行 物种丰度统计、聚类分析等数据分析。

1.4 分析方法

利用 SEM、XRD、XPS 等测试方法对 OMS-2 进行表征,采用紫外分光光度法^[2] 测定 538 nm 处 吸光度值,确定模拟印染废水中 X-3B 浓度。

2 结果与讨论

2.1 OMS-2 对 SBR 运行情况的影响

对 OMS-2 样品的结构进行分析,所得 X 射线衍射分析 (XRD) 结果见图 2(a),所得傅氏转换红 外线光谱 (FT-IR) 分析结果见图 2(b);样品 XRD 图谱与标准品 (JCPDS29-1020) 比对^[3],所有的特征 峰都吻合,说明本实验制备的样品是 OMS-2。样品微观形貌的扫描电镜分析结果见图 3。



Fig. 2 Characterization results of OMS-2

由图 3(a) 可知, OMS-2 为柱状纳米颗粒, 粒径为 (40~60 nm)×(150~300) nm; 图 3(b) 是将 OMS-2 以 0.25 g·L⁻¹ 的浓度与活性污泥反应 30 d 后的扫描电镜图片,由图 3(b) 可看出, OMS-2 已经被 SBR 中活性污泥包裹起来,说明活性污泥和 OMS-2 紧密结合。

OMS-2 对 SBR 的影响如图 4 所示。不同浓度的 OMS-2 投入到 SBR 后,其对 COD 去除率和脱 色率的影响呈先促进后抑制的变化趋势:当 OMS-2 浓度不超过 0.25 g·L⁻¹ 时,SBR 中的 COD 去除 率和脱色率可以提高;但当 OMS-2 的浓度超过 0.25 g·L⁻¹ 时,OMS-2 会抑制 COD 的去除和脱色。 有研究表明,多孔结构物质有利于污泥中菌体的附着生长,加速活性污泥颗粒的形成^[2];OMS-2 长







时间置于 SBR 中,会释放少量的锰离子,有利于激活污泥中某些菌体的胞外酶活性^[4],从而可以 提高 SBR 去除 COD 和降解 X-3B 的效果。但是,如果水中锰离子的浓度过高,就会抑制污泥中菌 体的生长^[13],从而抑制活性污泥的形成和降低 SBR 的运行效果。

2.2 微生物多样性分析

4个 SBR 中活性污泥菌群经过 Illumina MiSeq 高通量测序平台进行基因测序后,共获得 171 345 条有效序列,表1为不同 SBR 中菌群的有效序列分布情况。ACE 指数、Chao1 指数是生态学上用 于表明微生物群落丰富度的指数、数值越大,表明群落丰富度越高^[14]。Shannon 指数和 Simpson 指 数是生态学上用于表征微生物群落多样性的指数,Shannon 值越大,说明群落多样性越高^[11], Simpson 值越大,说明优势微生物占微生物群落总生物量越高^[15]。

由表1可知,随着 OMS-2 浓度的增加,SBR 中 ACE 指数和 Chao1 指数呈先增加后降低的变化 趋势;以 Chao1 指数为例,OMS-2 的浓度由 S1(0.05 g·L⁻¹ 的 OMS-2) 提升到 S2(0.25 g·L⁻¹ 的 OMS-

		Table 1	Change of microbial diversity indices in different SBRs			
	样品	有效序列	ACE指数	Chao1指数	Simpson指数	Shannon指数
	S0	42 460	801.90	785.64	0.92	5.16
	S1	34 409	805.63	833.05	0.95	5.73
	S2	41 819	1 436.40	1 404.69	0.96	7.92
	S3	52 657	694.18	682.19	0.59	2.82

表 1 不同 SBR 中细菌多样性指数的变化

2)时, Chao1 指数相对于 S0(空白) 上升的幅度分别是 6.03% 和 78.79%; 但是 OMS-2 的浓度继续上 升到 S3(含有 1.25 g·L⁻¹的 OMS-2)时, Chao1 指数则相对于 S0下降了 13.17%。ACE 指数和 Shannon 指数的变化趋势与 Chao1 指数基本一致。Simpson 指数随着 OMS-2 浓度的增加, 也呈先增 加后降低的变化趋势; Simpson 指数相对于 S0(空白), 首先上升了 3.26%(S1) 和 4.35%(S2), 然后下 降了 35.87%(S3), 这说明低浓度 OMS-2 有利于提升 SBR 中优势微生物种群占总生物量的比例, 高 浓度 OMS-2 则会降低优势微生物种群占总生物量的比例。

将 SBR 中获取的活性污泥菌群 DNA 序列与 Greengenes OTU 数据库进行比对,获知 SBR 中菌群主要由 12 个门的微生物组成,如图 5所示。反应器中微生物可以分为酸杆菌门

(Acidobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、装 甲菌门 (Armatimonadetes)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、蓝藻菌门 (Cyanobacteria)、厚壁菌门 (Firmicutes)、芽单胞 菌门 (Gemmatimonadetes)、黏胶球形菌门 (Lentisphaerae)、浮霉菌 (Planctomycetes)、变形 菌门 (Proteobacteria) 和栖热菌门 (Thermi)等 12个门。由图 5 可知,随着 OMS-2 浓度的增 加,不同微生物的数量呈现不同的变化情况。 其中:有的微生物在不同 OMS-2 浓度的情况 下,数量基本上一直保持不变,如酸杆菌门 (Acidobacteria); 有的微生物随着 OMS-2 浓度的 增加,数量呈现先增加后下降的变化趋势,如 放线菌门(Actinobacteria)、装甲菌门(Armatimonadetes)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes)、蓝藻菌门(Cyanobacteria)、 黏胶球形菌门 (Lentisphaerae)和浮霉菌门 (Planctomycetes); 有的微生物在较低浓度 OMS-2 的情况下,数量基本不变,较高浓度 OMS-2 (1.25 g·L⁻¹)的情况下,数量明显变化,如厚壁 菌门(Firmicutes)和栖热菌门(Thermi);有的微 生物随着 OMS-2 浓度的增加, 数量呈先增加 后下降,接着又增加的波浪变化趋势,如相对





于 S0,在 S1、S2 和 S3 中,拟杆菌门 (*Bacteroidetes*)菌种 OTU 数量分别增加了 45.0%、16.8% 和 70.0%;有的微生物随着 OMS-2 浓度的增加,数量也一直保持增加,如相对于 S0,在 S1、S2 和 S3 中,变形菌门 (*Proteo bacteria*)菌种 OTU 数量分别增加了 50.8%、96.4% 和 126.2%。

浮霉菌门(Planctomycetes)和变形菌门(Proteobacteria)是具有脱氮功能的微生物^[16],这2类菌种数量的增加有利于提升SBR的脱氮能力;拟杆菌门(Bacteroidetes)数量的增加有利于缓解菌群的代谢紊乱并提升菌群的新陈代谢水平^[17]。拟杆菌门(Bacteroidetes)和变形菌门(Proteobacteria)都可以强化SBR降解有机污染物的能力^[18-19]。绿弯菌门(Chloroflexi)是一类构成污泥菌胶团絮状体的重要菌种,普遍存在于污水处理厂中^[20],该菌可以将CO₂转变为丙酮酸而具有固碳的作用。有研究^[21]表明,绿弯菌门(Chloroflexi)也可以提升污水反应器降解污染物的能力。因此,OMS-2加入SBR后,在低浓度下强化了SBR处理污染物的能力,这一点和图4中COD和脱色率的变化情况是

一致的。

2.3 样品的聚类分析和热图

通过 Illumina MiSeq 高通量测序,鉴定出 SBR 中 54 种丰度大于 0.2% 的菌种,菌群的热图分析 结果如图 6 所示。热图是在菌种属的分类水平进行聚类后,依据高丰度和低丰度的菌种分块聚 集,通过颜色梯度和相似度,在菌种属的分类水平反映菌落结构的差异性^[21]。由图 6 可知,在 S0(空白)、S1(0.05 g·L⁻¹ 的 OMS-2)、S2(0.25 g·L⁻¹ 的 OMS-2)和 S3(1.25 g·L⁻¹ 的 OMS-2)的浓度梯度 下,SBR 中菌群结构发生了明显的变化。根据菌群结构变化规律,54 种菌种可以分为 4 个集群, 第 1 个集群从 B01 寡养单胞菌属 (*Stenotrophomonas*)到 B25 无色杆菌属 (*Achromobacter*),这 25 种是 S1 条件下 (0.05 g·L⁻¹ 的 OMS-2)的高丰度微生物;第 2 个集群从 B10 嗜碱菌属 (*Alkaliphilus*)到 B36 类 芽孢杆菌科 (*Paenibacillaceae*),这 27 种是 S2 条件下 (0.25 g·L⁻¹ 的 OMS-2) 的高丰度微生物;第 3 个



Fig. 6 Microbial community heatmap analysis result under different treatments

集群从 B37 黏球菌目 (*Myxococcales*) 到 B43 甲基杆菌属 (*Balneimonas*),这 7 种是 S0 条件下 (空白)的高丰度微生物;第4 个集群从 B44 丛毛单胞菌科 (*Comamonadaceae*) 到 B54 丝状菌科 (*Chitinophagaceae*),这 11 种是 S3 条件下 (1.25 g·L⁻¹ 的 OMS-2) 的高丰度微生物。

有研究^[4] 表明,低浓度的OMS-2 有利于提升菌群的新陈代谢水平和强化菌群降解有机物污染物的能力,而在高浓度下则具有抑制作用。S1和S2条件下高丰度的菌种数量明显高于S0和S3条件下的,说明低浓度OMS-2 可以提升菌群中高丰度菌种的数量,这个结果与已有研究结果^[11]一致。

2.4 OMS-2 变化机理分析

OMS-2 中含有不同的锰氧化态 (如 Mn(Ⅳ)、Mn(Ⅱ)和 Mn(Ⅱ))。Mn(Ⅲ)/Mn(Ⅳ)氧化物稳定且相 对不溶,而 Mn(Ⅱ)氧化物可以在酸性条件下溶解。为了研究 OMS-2 中 Mn 氧化态物质的变化,在 进行 SBR 实验前后,分别测量 OMS-2 的 XPS 光谱。对于 OMS-2 的 Mn2p₃₂ 光谱,发现在 642.0 eV 和 643.8 eV 处具有 65.11:34.89 的峰面积比的 2 个峰 (图 7(a)),并且这些峰可以被认为是 Mn(Ⅲ) 和 Mn(Ⅳ)氧化态。在进行 SBR 实验后,在 OMS-2 中鉴定出 Mn(Ⅱ)氧化态的第 3 个峰,测定其峰 面积比为 58.47:38.48:3.04(Mn(Ⅳ):Mn(Ⅲ):Mn(Ⅱ))(图 6(b))。XPS 的结果表明,在 SBR 中,OMS-2 中锰氧化态分布发生了明显的变化,说明 Mn(Ⅳ)/ Mn(Ⅲ)发生了氧化还原反应。



通常情况下,异构 Mn(IV)还原微生物包含 2 个主要部分^[11]:1)Mn(IV)-微生物 (FMR),它通过 保存从电子转移到 Mn(IV)的能量而支持生长;2) 非 Mn(IV)-微生物 (Non-FMR),FMR 广泛分布在细 菌和古菌以及生长过程通过氧化有机化合物、氢或单质硫来还原 Mn(IV)的微生物中。

锰离子可以作为细菌体内各种氧化酶、DNA聚合酶的辅助因子,与细胞的生长、代谢以及毒力密切相关^[23]。Illumina MiSeq高通量测序结果表明,低浓度的OMS-2可以提高芽孢杆菌属(*Bacillus*)等锰氧化还原菌在微生物群落中的丰度;有研究^[24]表明,锰氧化还原菌可以和锰离子反应,生成具有高的催化氧化能力和比表面积的生物氧化锰,进而通过吸附和氧化作用去除污水中的污染物。这可能与OMS-2 混入 SBR 系统后改变了 COD 和色度的去除效果有关。

3 结论

1) OMS-2 添加到 SBR 中,与对照实验相比,在 OMS-2 浓度为 0.05~0.25 g·L⁻¹ 时,脱色率增大,在浓度为 0.25~1.25 g·L⁻¹ 时,脱色率降低,但总体上来说,添加 OMS-2 能提高脱色率。

2) 不同浓度的 OMS-2 改变了菌群的多样性和结构,低浓度的 OMS-2(0.05~0.25 g·L⁻¹) 可以提升 微生物菌群的多样性和改变菌群的结构。

3) 在污水生物处理过程中,OMS-2 中 Mn(Ⅳ)/Mn(Ⅲ) 具有很好的氧化还原活性,该过程可能影响了菌群的组成。

参考文献

- [1] 钟笑涵,喻阳,刘思莹,等.纳米零价铁/EGSB耦合深度处理印染废水的研究[J].环境科学与技术,2016,39(5):80-84
- [2] 喻阳, 钟笑涵, 徐爱华, 等. 磁性OMS-2/SBR耦合处理活性染料X-3B废水[J]. 环境工程学报, 2016, 10(10): 5555-5560.
- [3] LUO S L, DUAN L, SUN B, et al. Manganese oxide octahedral molecular sieve (OMS-2) as an effective catalyst for degradation of organic dyes in aqueous solutions in the presence of peroxymonosulfate[J]. Applied Catalysis B: Environmental, 2015, 164: 92-99.
- [4] PAN F, YU Y, XU A, et al. Application of magnetic OMS-2 in sequencing batch reactor for treating dye wastewater as a modulator of microbial community[J]. Journal of Hazardous Materials, 2017, 340: 36-46.
- [5] DUAN L, SUN B, WEI M, et al. Catalytic degradation of acid orange 7 by manganese oxide octahedral molecular sieves with peroxymonosulfate under visible light irradiation[J]. Journal of Hazardous Materials, 2015, 285: 356-365.
- [6] KISER M A, RYU H, JANG H, et al. Biosorption of nanoparticles to heterotrophic wastewater biomass[J]. Water Research, 2010, 44: 4105-4114.
- [7] 李慧婷, 崔福义. 长期暴露下纳米TiO2对厌氧颗粒污泥体系稳定性的影响[J]. 环境科学, 2017, 38(12): 5229-5236.
- [8] CHEN Y, SU Y, ZHENG X, et al. Alumina nanoparticles-induced effects on wastewater nitrogen and phosphorus removal after short-term and long-term exposure[J]. Water Research, 2012, 46: 4379-4386.
- [9] LIANG Z, DAS A, HU Z. Bacterial response to a shock load of nanosilver in an activated sludge treatment system[J]. Water Research, 2010, 44: 5432-5438.
- [10] SIMONIN M, MARTINS J M F, ROUX X L, et al. Toxicity of TiO₂ nanoparticles on soil nitrification at environmentally relevant concentrations: Lack of classical dose-response relationships[J]. Nanotoxicology, 2017, 11: 247-255.
- [11] PAN F, XU A, XIA D, et al. Effects of octahedral molecular sieve on treatment performance, microbial metabolism, and microbial community in expanded granular sludge bed reactor[J]. Water Research, 2015, 87: 127-136.
- [12] PAN F, LIU W, YU Y, et al. The effects of manganese oxide octahedral molecular sieve chitosan microspheres on sludge bacterial community structures during sewage biological treatment[J]. Scientific Reports, 2016, 6: 37518.
- [13] 吴晓玉, 储炬, 李昌灵, 等. Mn*对菌株Y57生长及合成冠毒素的影响[J]. 江西农业大学学报, 2007, 29(5): 827-829.
- [14] SHU D, HE Y, YUE H, et al. Metagenomic insights into the effects of volatile fatty acids on microbial community structures and functional genes in organotrophic anammox process[J]. Bioresource Technology, 2015, 196: 621-633.
- [15] 赵诗惠, 吕亮, 蒋志云, 等. ABR-MBR组合工艺短程硝化过程的微生物种群[J]. 中国环境科学, 2018, 38(2): 566-573.
- [16] 陈重军,张海芹,汪瑶琪,等. 基于高通量测序的ABR厌氧氨氧化反应器各隔室细菌群落特征分析[J]. 环境科学, 2016, 37(7): 2652-2658.
- [17] BARCZYNSKA R, SLIZEWSKA K, LITWIN M, et al. The effect of dietary fibre preparations from potato starch on the growth and activity of bacterial strains belonging to the phyla *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, and *Actinobacteria*[J]. Journal of Functional Foods, 2015, 19: 661-668.
- [18] PAN F, ZHONG X, XIA D, et al. Nanoscale zero-valent iron/persulfate enhanced upflow anaerobic sludge blanket reactor for dye removal: Insight into microbial metabolism and microbial community[J]. Scientific Reports, 2017, 7: 44626.

- [19] KONG Y, XIA Y, NIELSEN J L, et al. Structure and function of the microbial community in a full-scale enhanced biological phosphorus removal plant[J]. Microbiology, 2007, 153: 4061-4073.
- [20] 端正花, 潘留明, 陈晓欧, 等. 低温下活性污泥膨胀的微生物群落结构研究[J]. 环境科学, 2016, 37(3): 1070-1074.
- [21] NADAIS H, BARBOSA M, CAPELA I, et al. Enhancing wastewater degradation and biogas production by intermittent operation of UASB reactors[J]. Energy, 2011, 36: 2164-2168.
- [22] 隋心,张荣涛,许楠,等. 三江平原不同退化阶段小叶章湿地土壤真菌群落结构组成变化[J].环境科学, 2016, 37(9): 3598-3605.
- [23] JAKUBOVICS N S, JENKINSON H F. Out of the iron age: New insights into the critical role of manganese homeostasis in bacteria[J]. Microbiology, 2001, 147: 1709-1718.
- [24] 周娜娜, 柏耀辉, 梁金松, 等. Pseudomonas sp. QJX-1的锰氧化特性研究[J]. 环境科学, 2014, 35(2): 740-745.

(本文编辑:王萌萌,郑晓梅,张利田)

Effect of OMS-2 on microbial community of SBR system through highthroughput sequencing

CHEN Xinyu¹, WANG Daoxiong¹, PAN Fei², XU Shaowei¹, RAN Maojun^{1,*}

1. Tongji Hospital of Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan 430030, China

2. Engineering Research Centre for Clean Production of Textile Dyeing and Printing, Ministry of Education, Wuhan Textile University, Wuhan 430073, China

*Corresponding author, E-mail: 673810216@qq.com

With widely using of the nano-particles, more and more nano-particles have entered the sewage Abstract treatment plant with wastewater, and more and more attentions have been paid to the potential impact of nanoparticles on sewage biological treatment system. In this study, the effects of nano manganese oxide octahedral molecular sieve (OMS-2) nanoparticles on the microbial community in activated sludge of sequencing batch reactor (SBR). The dyeing and printing wastewater was simulated by X-3B, and different dosages of nano OMS-2 were added into SBR. The microbial distribution rules in different SBRs were studied by the Illumina MiSeq high-throughput sequencing of 16S rRNA gene. Results showed that the COD removal and decolorization increased by 6% and 13.6%, respectively, at OMS-2 dosage of 0.25 g·L⁻¹ in the SBR, and the OTU of Bacteroidetes and Proteobacteria increased by 16.8% and 96.4%, respectively, based on the Illumina MiSeq high-throughput sequencing of 16S rRNA gene, and these two types of microorganisms could enhance the ability of organic pollutants degradation by SBR. Moreover, the small dosage of nano OMS-2 could enhance the microbial diversity and alter the community structure. The X-ray photoelectron spectroscopy illustrated that the redox reaction of $Mn(\mathbb{N})/Mn(\mathbb{I})$ to $Mn(\mathbb{I})$ in nano OMS-2 occurred in the SBR, and in turn affected the microbial community. This study provides innovative ideas for the practical application of nano-particles and their environmental risks assessment.

Keywords sequencing batch reactor; manganese oxide octahedral molecular sieve; X-3B; microbial community analysis; high-throughput sequencing