

## PCR-DGGE技术解析A<sup>2</sup>/O工艺好氧单元中微生物群落结构

Application of PCR-DGGE to analysis of microbial community structure in aerobic unit of A<sup>2</sup>/O process

投稿时间: 2011-02-16 最后修改时间: 2011-06-02

DOI:

中文关键词: [PCR-DGGE](#) [活性污泥系统](#) [微生物群落结构](#) [优势菌](#)

英文关键词: [PCR-DGGE](#) [activated sludge system](#) [microbial community structure](#) [dominant microorganisms](#)

基金项目: 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2008ZX07314-001); 国家自然科学基金资助项目(51178311)

作者 单位

[吕晶华](#) 1. 天津市环境保护科学研究院研发部, 天津 300191; 2. 天津市联合环保工程设计有限公司, 天津 300191

[马挺](#) 3. 南开大学生命科学学院石油微生物国家重点实验室, 天津 300171

[郑先强](#) 1. 天津市环境保护科学研究院研发部, 天津 300191

[段云霞](#) 1. 天津市环境保护科学研究院研发部, 天津 300191

[李召雨](#) 3. 南开大学生命科学学院石油微生物国家重点实验室, 天津 300171

摘要点击次数: 278

全文下载次数: 117

中文摘要:

GE方法, 追踪了汉沽工业废水处理中好氧工艺的活性污泥系统中微生物群落结构动态变化过程及其微生物群落结构组成。研究表明: 系统中的微生物群落结构随水质变化而变化, 随着培养时间的延长, 微生物群落结构趋于稳定, 分别属于5大类群, 与 $\gamma$ 、 $\delta$ 、 $\alpha$ 、 $\epsilon$ 变形杆菌(*Proteobacterias*)、芽孢杆菌(*Bacilli*)的亲缘关系较近。其中 $\gamma$ 变形杆菌是该废水处理过程中的主要菌群, 包括*Pseudomonas* sp.、*Rheinheimera* sp.、*Citrobacter* sp.、*Klebsiella* sp.、*Enterbacteriaceae*、*Stenotrophomonas maltophilia*、*Acinetobacter*。在整个系统中未培养的*Pseudomonas* sp.、*Halobacillus* sp.、*Pseudomonas* sp.、*Pseudomonas stutzeri*、*Acinetobacter* sp.可稳定存在于系统中, 为该污水处理系统中的优势微生物。因此, 提高*Halobacillus* sp.、*Pseudomonas* sp.、*Pseudomonas stutzeri*、*Acinetobacter* sp.菌属在系统中的数量和质量, 有利于提高废水生化处理的效果。

英文摘要:

The dynamic process and the microbial community structure in the aerobic activated sludge system of the industrial wastewater treatment were traced by the PCR-DGGE technology. The results show that the microbial community structure changes with the water quality in the system and becomes stable as the incubation time increasing. The microbial community structure is mainly composed of five categories which respectively have close relationships with the  $\gamma$ ,  $\delta$ ,  $\alpha$ ,  $\epsilon$  *Proteobacterias*, *Bacilli*.  $\gamma$  *Proteobacterium* is the main microbial community, which including *Pseudomonas* sp., *Rheinheimera* sp., *Citrobacter* sp., *Klebsiella* sp., *Enterbacteriaceae*, *Stenotrophomonas maltophilia*, *Acinetobacter*. Five bacteria including uncultured *Pseudomonas* sp., *Halobacillus* sp., *Pseudomonas* sp., *Pseudomonas stutzeri*, *Acinetobacter* sp. can exist stably in the system and become dominant microorganisms. So the effect of wastewater treatment can be improved by improving quantity and quality of the dominant microorganisms in the system.

你是第540713位访问者

主办单位：中国科学院生态环境研究中心 单位地址：北京市海淀区双清路18号 邮编：100085

编辑部服务热线：010-62941074 传真：010-62941074 邮箱：cjee@rcees.ac.cn

技术支持：北京勤云科技发展有限公司