

doi:10.11918/j.issn.0367-6234.2016.02.003

平行启动的微生物燃料电池阳极微生物群落差异性解析

高崇洋¹, 吴唯民², 王爱杰¹, 任南琪¹, 赵阳国³, 赵艳辉³, 王 敏³

(1. 哈尔滨工业大学 市政环境工程学院, 150090 哈尔滨; 2. 斯坦福大学 市政环境工程系, Stanford, CA 94305-4020, USA; 3. 中国海洋大学 环境科学与工程学院, 266100 山东 青岛)

摘 要: 为揭示平行操作的微生物燃料电池(MFC)产电效能出现差异的原因,应用高通量测序技术对3个平行启动和运行的MFC阳极微生物群落的组成、丰度及多样性进行分析,探讨其差异性与反应器效能的关系.结果表明:表面上控制条件完全一致的平行MFC,其运行状态存在较大差异,反应器Mfc-1和Mfc-3可获得220~240 mV电压及1.85~2.33 W/m³的功率密度;Mfc-2电压一直较低,最高仅为120 mV.同一底物富集的MFC阳极微生物群落组成和丰度差异明显,Mfc-1和Mfc-3中富集了高丰度的有利于产电的微生物种属*Anaeromusa*、*Dechloromonas*、*Geobacter*;Mfc-2则存在较独特的与产电无关的高丰度种属*Acinetobacter*,这种优势种属的差异最终导致Mfc-2产电效能较差.表面上操作条件相同的平行MFC其阳极微生物优势类群可能存在显著差异,进而决定MFC产电效率的不同.应用MFC探讨其产电效能与影响因子关系时,需运行至少3个平行MFC反应器,以减少潜在的操作失误或缺陷,提高数据可靠性.

关键词: 微生物燃料电池; 平行操作; 高通量测序; 产电微生物

中图分类号: X703; Q938 **文献标志码:** A **文章编号:** 0367-6234(2016)02-0015-06

Comparison of anodic microbial communities in parallel-operated microbial fuel cells

GAO Chongyang¹, WU Weimin², WANG Aijie¹, REN Nanqi¹, ZHAO Yangguo³, ZHAO Yanghui³, WANG Min³

(1. School of Environmental and Municipal Engineering, Harbin Institute of Technology, 150090 Harbin, China;
2. Department of Civil and Environmental Engineering, Stanford University, Stanford, CA 94305-4020, USA;
3. College of Environmental Science and Engineering, Ocean University of China, 266100 Qingdao, Shandong, China)

Abstract: The composition, abundance and diversity of anodic microbial communities in three parallel-operated MFCs, which inoculated with activated sludge, were investigated by 16S rDNA based high-throughput sequencing. The relationship between the microbial populations and MFC efficiency was evaluated. The efficiency of MFCs was markedly different even if these MFCs were started up and operated under the same conditions. Two of them (named after Mfc-1 and Mfc-3) arrived at the maximum voltage of 220 to 240 mV with power density of 1.85 to 2.33 W/m³. However, the maximum voltage of MFC Mfc-2 was relative low and kept at about 120 mV. Microbial community composition and abundance were significantly different even if they were enriched by the same substrate. Highly abundant bacteria, such as *Anaeromusa*, *Dechloromonas*, *Geobacter*, that are capable of producing electricity were enriched in Mfc-1 and Mfc-3. However, the genus *Acinetobacter*, a non-electrogen, existed at high abundance in the Mfc-2. This study concluded that divergence of dominant anodic microbial groups in MFCs, due to possible mismanagement and reactor design drawbacks, resulted in the difference of electricity-producing efficiency. To improve the reliability of experimental results during investigating the MFC function and its influencing factors, at least three parallel-operated MFCs were preferred.

Keywords: microbial fuel cells; parallel-operation; high-throughput sequencing; electricity-producing bacteria

收稿日期: 2015-03-18.

基金项目: 国家自然科学基金(40801193).

作者简介: 高崇洋(1979—),女,博士研究生;

王爱杰(1974—),女,教授,博士生导师;

任南琪(1959—),男,博士生导师,中国工程院院士.

通信作者: 王爱杰, waj0578@hit.edu.cn.

微生物燃料电池(microbial fuel cell, MFC)是一种通过微生物的催化作用,将储存在有机物中的化学能转变成电能的工艺模式^[1].近年来,MFC作为一种新的废水处理和能源回收工艺形式,受到广泛关注.深入探讨和分析影响MFC产电效能的各种环境因素,是进一步提升MFC普适性与工艺放大的重要步

骤.探讨某些影响因素作用下的 MFC 产电效能时,以往采用单个的 MFC 研究污染物的降解和 MFC 产电,很少有报道设置多个平行的 MFC 反应器进行统计学的系统研究^[2-4].由于 MFC 启动和运行存在较大的不确定性或潜在的操作失误,应用单个 MFC 反应器启动获得的数据其重复性和可靠性受到质疑^[5].

MFC 中有机物降解和产电过程是由微生物主导实现,MFC 阳极生物膜中富集的产电微生物群落具有极高的多样性,广泛分布于变形细菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、放线菌门(Actinobacteria)以及酸杆菌门(Acidobacteria)^[6-7].绝大多数产电微生物对系统的操作条件极为敏感,外部环境条件的微小改变往往引起微生物群落结构、组成和丰度的极大变化^[8].这种变化会进一步影响 MFC 运行效率.微生物群落图谱是研究 MFC 过程中需要考虑的重要指征^[1],探讨不同环境因素对 MFC 微生物群落图谱影响时,单个反应器中给出的微生物群落特征可能缺乏普遍性,根据单个 MFC 微生物群落的响应过程可能做出错误的判断.为此,有必要研究平行操作的 MFC 之间微生物群落的差异性,探讨可能对 MFC 产生的影响.本研究采用 3 个平行启动和运行的 MFC 反应器,应用高通量测序技术对接种污泥和阳极生物膜中微生物样品进行测序分析,对微生物群落的组成、丰度及多样性进行研究,并探讨其差异性与反应器效能的对应关系,为 MFC 的选择和操作提供微生物学依据.

1 实 验

1.1 实验装置

采用 3 个结构完全一致的单室空气阴极 MFC, MFC 主体为有机玻璃,内部为圆柱体形结构,直径 3 cm,高 4 cm,有效容积 28 mL.圆柱体一侧为碳刷阳极,碳刷以钛丝缠绕碳纤维丝制成,直径 2.5 cm,长 3 cm;圆柱体另一侧为经过防水预处理的碳布空气阴极,预处理过程按照 Cheng 等^[9]的方法进行.有机玻璃接缝、阳极碳刷、导线等穿孔处均用环氧树脂密封,以防止溶液渗漏,并保持极室的缺氧状态.阳极、阴极通过钛丝导出,外接 1 000 Ω 电阻,电阻两端接电压在线监测装置.

1.2 MFC 的启动与运行

3 个 MFC 反应器分别记为 Mfc-1、2、3,采用批式培养方式平行启动与运行.接种污泥取自青岛市李村河污水处理厂的好氧曝气池.人工配制的模拟废水中,乳酸钠 500 mg/L(以 COD 计),并添加营养盐及微量元素,包括(L):0.31 g NH_4Cl ,0.13 g KCl ,2 mL 微量元素,100 mL 50 mmol/L 磷酸盐缓冲液

(pH7.4),0.2 mL 维生素溶液,0.2 mL 氨基酸溶液^[10].

取 10 mL 污泥置于 MFC 反应器中,加满乳酸模拟废水,开始在线记录产电数据.每 48 h 换水一次,直至反应器电压输出升高并稳定.MFC 反应器启动成功后,在运行过程中当输出电压低于 10 mV 时即更换阳极溶液,两次更换模拟废水之间的运行过程,计为一个周期.实验过程中,对阳极溶液及 MFC 极室未采取除氧处理,实验装置于 25 $^{\circ}\text{C}$ 条件下运行.

1.3 化学及电化学监测分析

COD 应用重铬酸钾法^[11]进行测定.输出电压(U)用数据采集卡(PISO-813 型,泓格公司,台湾)在线纪录;电路中的电流、功率密度、极化曲线、库伦效率等 MFC 的表征电化学参数均按文献^[10]计算.

1.4 微生物群落高通量测序分析

分别对接种污泥和稳定运行的 MFC 阳极生物膜进行采样,用土壤 DNA 提取试剂盒(Mobio 公司,美国)提取总 DNA.参考文献^[12]方法,以微生物总 DNA 为模板,对细菌 16S rDNA V4 区进行高通量测序,委托北京诺禾公司采用基于 Illumina 公司 Miseq 平台进行.测得的序列通过筛选后,以相似性 97% 为标准获得操作分类单元(OTU),OTU 数据用 RDP 数据库(<http://rdp.cme.msu.edu/>)中的 Classifier 程序进行分类;按文献^[12]方法,对微生物群落的多样性(包括 Shannon 指数、稀释曲线)、种类组成和相对丰度、群落在属水平的主成分进行分析.将获得的 16S rDNA 高通量测序序列提交至 MG-RAST 公共数据库,登录号分别为 4565698.3(种泥);4614367.3(Mfc-1);4614364.3(Mfc-2);4614370.3(Mfc-3).

2 结果与讨论

2.1 MFC 的启动与运行

以乳酸为底物启动的 3 个 MFC,电压随时间变化如图 1 所示.虽然 3 个反应器的构造、启动条件均完全一致,启动成功的时间、达到的最高电压和最大功率密度却不同.

Mfc-1 和 Mfc-3 反应器启动成功所需要时间大约为 300 h,最高电压分别为 240 和 220 mV;Mfc-2 电压一直较低,最高仅为 120 mV.在第 400 小时左右,3 个 MFC 的最高功率密度分别为 2.33、1.19 和 1.85 W/m^3 ,对应的内阻分别为 16、19 和 21 Ω .实验中,为了保证反应器的平行运行,反应器构型完全一致,反应器的接种、启动和运行控制条件也完全相同.即使这样,MFC 的启动和运行仍然存在较大差异,尤其是本研究的 Mfc-2.这种差异可能是 MFC 阳极、阴极结构上的微小差异,MFC 运行过程中系统的气密性,以及一些实际存在但尚未注意的影响因

子的不同造成的^[13].此外,接种物活性污泥是混合菌群,细菌的分布存在非均相性,因而细菌的挂膜速度和效率以及膜成分均会受影响.Logan^[5]指出,探索不同影响因素对 MFC 影响的实验时,需至少 2 组以上 MFC 的平行运行,并摒除明显存在运行意外的 MFC 实验组,以降低不确定环境因素的干扰.有研究者通过对同一条件下 8 组 MFC 反应器研究后甚至认为,为保证数据准确性和可信度需要至少 4 组 MFC 的平行运行^[14],因为即使应用同一种接种物在同一个反应器中,其产电效率亦存在很大变数^[15].本研究结果即证实了这一点,Mfc-2 电压及功率密度一直处于较低水平,与其他两个 MFC 差异很大,其运行数据仅可作为参考.

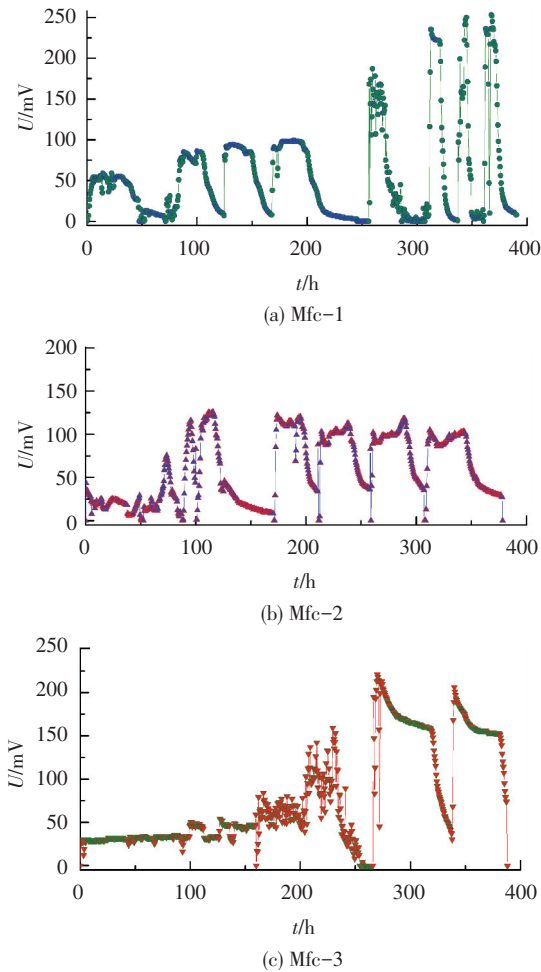


图 1 3 个平行运行 MFC 启动及运行过程中电压变化

MFC 在单一周期内 COD 的去除率具有相似的趋势(图未给出).在最初的 10 h 内,Mfc-1 对 COD 的去除率为 78.6%,Mfc-2 为 65.6%,Mfc-3 为 73.6%.运行 24 h 后,阳极室内 COD 降至 100 mg/L 左右时,Mfc-2 去除率提升最快,达 85.6%;Mfc-1、Mfc-3 仅为 80.6%、75.6%.3 个反应器的库仑效率均为 9%左右,远低于同样以乳酸为底物的双室 MFC 反应器,也低于以乙酸为底物的 MFC^[10].由于乳酸并非发酵的末端产物,这一较低的库仑效率说明在

MFC 产电过程中,可能存在大量的发酵微生物、氧化物质如氧气,进而消耗了大量有机物氧化过程中产生的电子^[16-17].因此,在 MFC 反应器运行过程中,需要保证较好的气密性,并协调产电微生物与其他辅助微生物的代谢关系.

可见,对于控制条件完全一致的平行 MFC 反应器,其启动时间、最大电压和功率密度却存在较大不同.在探讨某些影响因子对 MFC 的作用时,为保证数据的可信度,需要至少平行运行 2 个以上 MFC 反应器.

2.2 MFC 阳极微生物群落多样性及组成

微生物群落多样性分析发现,接种物活性污泥中微生物群落的多样性最高,Shanno 多样性指数为 8.7 左右,包含的微生物种类达 2 000 种以上.种泥在 MFC 内经过底物选择、驯化后,微生物种群数量和多样性明显下降,一些无法参与乳酸代谢的微生物逐渐被淘汰.Mfc-2 多样性指数为 7.1,含有约 800 种微生物;Mfc-1 和 Mfc-3 多样性更低.经过驯化后 Mfc-2 的多样性仍然较高,表明可能含有大量的乳酸发酵甚至乳酸降解非产电微生物存在,进而导致其产电效率的下降.一般而言,运行效率较高的 MFC 其微生物群落多样性往往较低^[15,18].

污泥中微生物群落的组成和丰度与乳酸底物富集后的群落存在显著差异,结果见图 2.在接种活性污泥中,丰度高于 5% 的优势类群依次为拟杆菌门(Bacteroidetes)(19.90%)、β 变形细菌纲(Betaproteobacteria)(15.70%)、硝化螺菌门(Nitrospirae)(14.60%)、绿弯菌门(Chloroflexi)(7.50%)、δ 变形细菌纲(Deltaproteobacteria)(5.80%)以及 γ 变形细菌纲(Gammaproteobacteria)(5.70%).然而,用乳酸富集后的优势类群明显不同.Mfc-1 中 β 变形细菌纲丰度高达 32.0%;样品 Mfc-3 中厚壁菌门(Firmicutes)的丰度更是高达 43.6%;只有样品 Mfc-2 中优势菌群仍与种泥一致,均为拟杆菌门,其丰度为 26.9%.

大量研究表明,产电微生物广泛分布在 β 变形细菌纲,厚壁菌门中,而在拟杆菌门较少发现^[6-7],拟杆菌门微生物主要是人体肠道内的发酵细菌^[19].这表明在 Mfc-2 中,乳酸底物并未完成对微生物群落的选择过程,最优势菌群仍然同种泥一致,这可能是导致该反应器一直处于较低产电水平的原因之一.

在接种污泥中,微生物群落的分布比较分散,在门或纲水平包含更多的类群.而经过乳酸底物驯化、筛选后,某些微生物类群的丰度进一步提高,进而更好地代谢利用乳酸底物,适应 MFC 反应器的环境.

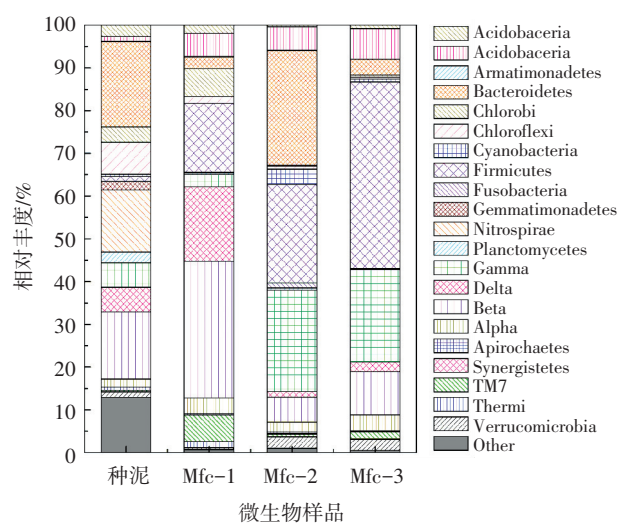


图 2 应用高通量测序技术分析微生物群落的组成及丰度

2.3 MFC 阳极微生物群落差异

在微生物种属水平探讨微生物群落的组成、丰度及差异,有助于理解某些特殊类群在 MFC 中的作用和功能.因此,在微生物属级水平,对 MFC 阳极生物膜微生物的差异进行主成分分析,结果如图 3.样品 Mfc-1、Mfc-2 和 Mfc-3 均背离初始种泥群落组成,并沿着坐标轴 PC1 的方向向左发展,表现出很大的分离距离;而 3 个平行运行的 MFC 微生物群落间,其差异主要沿着 PC2 的方向,在 PC1 的方向差异较小.这表明由乳酸富集的阳极生物膜微生物群落间的差异,同它们与种泥之间的差异不同.Mfc-1、2、3 在 PC1 的方向具有很大相似性,表明这些生物膜内包含大量一致的类群;而沿着 PC2 的方向具有很大分离,表明确实包含许多比较独特的菌属.

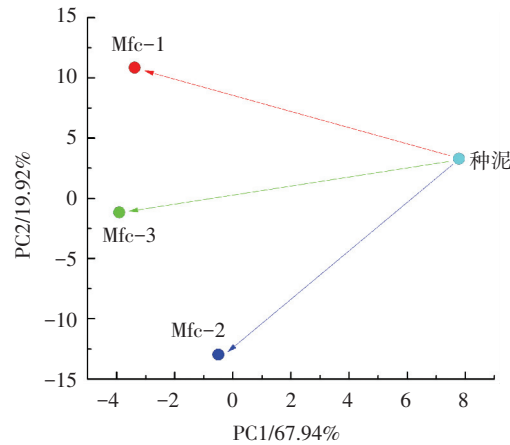


图 3 各样品高通量测序数据的主成分分析

在微生物属级水平上,比较各样品中微生物群落的组成和丰度,结果见表 1.在接种污泥中,能够鉴定到属的微生物较少,最优势的微生物属是 *Nitrospira*,其丰度达 13.90%.同样以乳酸为底物富集的 MFC 阳极微生物群落,其组成和丰度存在明显差异,其中 Mfc-1 和 Mfc-3 微生物种属更为相似.在样品 Mfc-1 中,丰度为 5% 以上的优势菌属依次为

Anaeromusa (13.89%)、*Geobacter* (9.51%)、*Dechloromonas* (6.06%)、*Zoogloea* (5.05%);在 Mfc-3 中,优势菌属依次为 *Anaeromusa* (42.59%)、*Pseudomonas* (10.92%);与之相比,*Acinetobacter* (8.37%) 是样品 Mfc-2 中的优势属,该样品中种属分布更加分散多样.

在好氧活性污泥中,*Nitrospira* 的丰度达 13.90%.在微生物氮循环中,硝化作用是关键的中心过程,在此过程中, NH_4^+ 依次被氧化成 NO_2^- 及 NO_3^- ,氨的氧化和亚硝酸盐的氧化是由系统发育学上两类不同的微生物催化完成的,即氨氧化菌和亚硝酸盐氧化菌.*Nitrospira* 即为典型的氨氧化微生物^[20],在好氧活性污泥中,高丰度的 *Nitrospira* 属微生物为李村河污水处理厂曝气池中良好的氨氧化过程提供了微生物佐证.

表 1 以乳酸为底物启动 MFC 阳极微生物群落在属级水平的差异

门或纲	属	微生物相对丰度/%			
		种泥	Mfc-1	Mfc-2	Mfc-3
Acidobacteria	<i>Geothrix</i>	0.10	0.19	0.04	0.33
	<i>Gordonia</i>	0	0.51	0.05	0.09
Actinobacteria	<i>Mycobacterium</i>	0.20	3.04	0.27	0.19
	<i>Propionimonas</i>	0	0.27	0.06	0.03
	<i>Amycolatopsis</i>	0	0	2.49	0
	<i>Bacteroides</i>	0	0.03	1.29	0.03
Bacteroidetes	<i>Prevotella</i>	0	0.02	2.51	0.01
	<i>Sphingobacterium</i>	0	0.03	2.68	0.03
	<i>Firmicutes</i>	0	0.01	0.17	0.03
Firmicutes	<i>Sporosarcina</i>	0	0.01	0.17	0.03
	<i>Lactobacillus</i>	0	0.03	1.66	0.10
	<i>Clostridium</i>	0.20	1.06	2.09	0.14
	<i>Oscillospira</i>	0	0.01	1.19	0.09
Nitrospirae	<i>Ruminococcus</i>	0	0	1.42	0.01
	<i>Anaeromusa</i>	0.40	13.98	0.26	42.59
	<i>Nitrospira</i>	13.90	0	0	0
	<i>Alphaproteobacteria</i>	0	0.24	0.07	0.01
Alphaproteobacteria	<i>Bosea</i>	0	0.24	0.07	0.01
	<i>Rhodoplanes</i>	0.10	0.09	0.02	0.04
	<i>Azospirillum</i>	0	0.30	0.04	0.20
	<i>Sphingomonas</i>	0	0.10	0.04	0.02
Betaproteobacteria	<i>Thiobacillus</i>	0.30	2.55	0.05	0.08
	<i>Dechloromonas</i>	0.80	6.06	0.03	3.30
	<i>Zoogloea</i>	0.70	5.05	0.34	0.39
Deltaproteobacteria	<i>Desulfobulbus</i>	0.10	3.34	0	0
	<i>Desulfovibrio</i>	0	3.51	0.46	0.17
	<i>Geobacter</i>	0.90	9.51	0.67	1.62
Gammaproteobacteria	<i>Pseudoalteromonas</i>	0	0.13	0.43	4.16
	<i>Escherichia</i>	0	0.01	3.81	0.05
	<i>Halomonas</i>	0.10	0.09	0.16	0.15
	<i>Acinetobacter</i>	0.80	0.24	8.37	4.36
Spirochaetes	<i>Psychrobacter</i>	0	0.01	1.30	0
	<i>Pseudomonas</i>	0.10	0.13	3.47	10.92
	<i>Dokdonella</i>	0.50	0.44	0.47	0.24
	<i>Stenotrophomonas</i>	0	0.46	1.01	0.13
Thermi	<i>Treponema</i>	0.30	0.21	0.26	0.02
	<i>Deinococcus</i>	0.10	1.53	0.16	0.09
Verrucomicrobia	<i>Akkermansia</i>	0	0	1.06	0
	<i>Rubritalea</i>	0	0.05	0.20	2.36

由表1可知,Mfc-1和Mfc-3中具有相同的高丰度微生物种属,如*Anaeromusa*、*Dechloromonas*、*Geobacter*;Mfc-2则拥有较特殊的高丰度种属,如*Acinetobacter*、拟杆菌门中的种属。从微生物学角度而言,MFC反应器间这些种属的差异是决定MFC产电效率的关键因素。

在MFC阳极微生物群落中*Anaeromusa*属的微生物被乳酸富集,在Mfc-1和Mfc-3中,其丰度分别达13.98%和42.59%。该属微生物的高度富集表明其在乳酸的降解和MFC产电过程中发挥重要作用。该菌属最初认为是能够利用氨基酸的类群,后来Borole等^[18]首次富集得到了具有很高产电能力的阳极微生物群落,其中*Anaeromusa*属微生物的丰度高达41%,从而证实该类微生物能够参与MFC的产电过程,本研究得到相似的结果。

*Dechloromonas*属中的有些菌种是重要的反硝化聚磷菌,能够在厌氧条件下完全降解芳香烃化合物产生二氧化碳,或者当硝酸盐存在时,利用硝酸盐为电子受体,实现反硝化过程^[21]。这类微生物在一些MFC阳极微生物群落中经常被检测到,而且一般丰度都很高^[22]。在Mfc-1和Mfc-3中,其丰度达6.06%和3.30%。

δ 变形细菌纲中*Geobacter*属的微生物是典型的产电微生物^[23],在氧化有机化合物的同时,能够利用产生的电子还原Fe(III)。这类微生物在厌氧微生物食物链中占有重要位置。在样品Mfc-1和Mfc-3中,*Geobacter*的丰度从种泥中的0.90%分别上升至9.51%和1.62%,而Mfc-2中仅为0.67%。由于MFC的功率密度与*Geobacter*属微生物的数量和丰度成正比^[24],这类微生物的高丰度意味着MFC反应器有高的功率密度。3个MFC的产电性能与其产电微生物丰度一致,其中*Geobacter*丰度最高的Mfc-1产电性能最好。

Mfc-2中高丰度的*Acinetobacter*种属,是一类严格好氧、不能进行发酵的革兰氏阴性球状或杆状菌,能够引起人类感染的病原微生物,能够以乙酸、乳酸、丙酮酸为唯一碳源生长^[25]。是一类与产电微生物营养生态位相似但与产电不相关的类群。其大量富集除了有适合的碳源外,存在高浓度的溶解氧也是重要因素。这说明该MFC的密闭性较差,有空气进入导致该类群的大量繁殖。可见,在MFC的结构设计或运行方式上存在表面上观察不到的缺陷。

由此可见,用相似底物富集的MFC阳极微生物群落,由于反应器设计或操作原因可能出现显著差异。产电较差的Mfc-2与产电较好的Mfc-1/Mfc-3,其差异主要源于反应器的密闭性不同而导致的功能

微生物类群的差异。Mfc-1/Mfc-3中富集了高丰度的有利于产电的微生物类群,而Mfc-2中富集了与产电相关性不大的微生物种属。

3 结 论

1)表面上控制条件完全一致的平行MFC反应器,由于潜在的操作差异,其启动时间、最大电压和功率密度可能存在较大不同。应用MFC探讨其产电效能与影响因子关系时,需要运行2个以上平行MFC反应器,以提高数据可靠性。

2)在接种污泥中,微生物群落的分布比较分散,在门或纲水平包含更多的类群。底物驯化、筛选后,微生物在某些类群中丰度进一步提高,从而更好地代谢利用底物。

3)相似底物富集的MFC阳极微生物群落差异显著,产电性能较好的Mfc-1/Mfc-3中富集了高丰度的有利于产电的微生物,而产电较差的Mfc-2中富集了高丰度的非产电微生物。

参考文献

- [1] LOGAN B E. Exoelectrogenic bacteria that power microbial fuel cells [J]. Nature Reviews Microbiology, 2009, 7(5): 375-381.
- [2] BOND D R, HOLMES D E, TENDER L M, et al. Electrode-reducing microorganisms that harvest energy from marine sediments [J]. Science, 2002, 295(5554): 483-485.
- [3] LIU R, GAO C, ZHAO Y G, et al. Biological treatment of steroidal drug industrial effluent and electricity generation in the microbial fuel cells [J]. Bioresource Technology, 2012, 123: 86-91.
- [4] 尹亚琳, 高崇洋, 赵阳国, 等. 好氧-厌氧混合污泥启动微生物燃料电池产电性能及微生物群落动态特征 [J]. 微生物学报, 2014, 54(12): 1471-1480.
- [5] LOGAN B E. Essential data and techniques for conducting microbial fuel cell and other types of bioelectrochemical system experiments [J]. Chem Sus Chem, 2012, 5(6): 988-994.
- [6] LOGAN B E, REGAN J M. Electricity-producing bacterial communities in microbial fuel cells [J]. Trends Microbiol, 2006, 14(12): 512-518.
- [7] 谢作甫, 郑平, 张吉强, 等. 产电微生物及其生理生化特性 [J]. 科技通报, 2013, 29(3): 32-39.
- [8] ZHOU G, YOKOYAMA N, YOSHINO Y, et al. Comparative study on the performance of microbial fuel cells and bacterial community at different temperatures [J]. Journal of Water and Environment Technology, 2013, 11(2): 71-79.

- [9] CHENG S, LIU H, LOGAN B E. Increased performance of single-chamber microbial fuel cells using an improved cathode structure [J]. *Electrochemistry Communications*, 2006, 8(3): 489–494.
- [10] 刘茹, 赵阳国, 卢珊珊, 等. 微生物燃料电池利用乳酸产电性能与微生物群落分布特征[J]. *微生物学报*, 2012, 52(6): 744–752.
- [11] 复盛. 水和废水监测分析方法[M]. 北京: 中国环境科学出版社, 2002.
- [12] FREGUIA S, TEH E H, BOON N, et al. Microbial fuel cells operating on mixed fatty acids [J]. *Bioresource Technology*, 2010, 101(4): 1233–1238.
- [13] SUN G, THYGESEN A, ALE M T, et al. The significance of the initiation process parameters and reactor design for maximizing the efficiency of microbial fuel cells [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2014, 98(6): 2415–2427.
- [14] LARROSA A, LOZANO L, KATURI K, et al. On the repeatability and reproducibility of experimental two-chambered microbial fuel cells [J]. *Fuel*, 2009, 88(10): 1852–1857.
- [15] YATES M D, KIELY P D, CALL D F, et al. Convergent development of anodic bacterial communities in microbial fuel cells [J]. *The ISME Journal*, 2012, 6(11): 2002–2013.
- [16] FAN Y, HU H, LIU H. Enhanced coulombic efficiency and power density of air-cathode microbial fuel cells with an improved cell configuration [J]. *Journal of Power Sources*, 2007, 171(2): 348–354.
- [17] RINGEISEN B R, RAY R, LITTLE B. A miniature microbial fuel cell operating with an aerobic anode chamber [J]. *Journal of Power Sources*, 2007, 165(2): 591–597.
- [18] BOROLE A P, HAMILTON C Y, VISHNIVETSKAYA T A, et al. Integrating engineering design improvements with exoelectrogen enrichment process to increase power output from microbial fuel cells [J]. *Journal of Power Sources*, 2009, 191(2): 520–527.
- [19] KARLSSON F H, USSERY D W, NIELSEN J, et al. A closer look at bacteroides: phylogenetic relationship and genomic implications of a life in the human gut [J]. *Microbial Ecology*, 2011, 61(3): 473–485.
- [20] SCHWIEGER F, TEBBE C C. A new approach to utilize PCR-single-strand-conformation polymorphism for 16S rRNA gene-based microbial community analysis [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1998, 64(12): 4870–4876.
- [21] CAROSIA M F, OKADA D Y, SAKAMOTO I K, et al. Microbial characterization and degradation of linear alkylbenzene sulfonate in an anaerobic reactor treating wastewater containing soap powder [J]. *Bioresource Technology*, 2014, 167: 316–323.
- [22] KIM J R, JUNG S H, REGAN J M, et al. Electricity generation and microbial community analysis of alcohol powered microbial fuel cells [J]. *Bioresource Technology*, 2007, 98(13): 2568–2577.
- [23] LOVLEY D R, UEKI T, ZHANG T, et al. Geobacter: the microbe electric's physiology, ecology, and practical applications [J]. *Advances in Microbial Physiology*, 2011, 59: 1–100.
- [24] SUN Y, WEI J, LIANG P, et al. Electricity generation and microbial community changes in microbial fuel cells packed with different anodic materials [J]. *Bioresource Technology*, 2011, 102(23): 10886–10891.
- [25] VISCA P, SEIFERT H, TOWNER K J. *Acinetobacter* infection—an emerging threat to human health [J]. *IUBMB Life*, 2011, 63(12): 1048–1054.

(编辑 刘 彤)