2010年 2月

宋佳秀, 任南琪, 张永明, 等. 2010 产氢反应器内两种发酵类型细菌的种群结构与发酵特征 [J]. 环境科学学报, 30(2): 321-326 Song JX, Ren NQ, Zhang YM, *et al.* 2010. M icrobial community group characteristics for two types of fementative hydrogen-production in a hydrogen producing reactor[J]. Acta Scientiae Circum stantiae 30(2): 321-326

产氢反应器内两种发酵类型细菌的种群结构与发酵 特征

宋佳秀1*,任南琪2,张永明1,陈瑛2

1上海师范大学生命与环境科学学院,上海 200234
2哈尔滨工业大学市政环境工程学院,哈尔滨 150090
收稿日期: 2009-05-03 修回日期: 2009-09-02 录用日期: 2009-11-20

摘要:通过改变 CSTR系统内₁H 值,启动发酵类型由乙醇型向丁酸型转化,研究了转化前后系统内产氢动态和细菌群落变迁.结果表明,在有 机负荷不变的情况下,启动发酵类型转化 15d后,系统内种群由乙醇型转化为丁酸型,消耗碱度量由 350mg L⁻¹增至 1720mg L⁻¹,平均比产氢 速率由 21. 2m ol kg⁻¹ d⁻¹降低至 11.1 m ol kg⁻¹ d⁻¹.荧光原位杂交技术 (F 5H)对反应系统内 3类微生物群的 监测结果表明,未启动转化时, 肠杆菌、梭菌 I、II 和梭菌 XI的相对丰度分别为 22%、48% 和 30%,转化结束后,3类细菌的相对丰度为 19%、24% 和 55%. 关键词:发酵:产氢:细菌:荧光原位杂交

文章编号: 0253-2468(2010)02-321-06 中图分类号: X172 文献标识码: A

M icrobial community group characteristics for two types of fermentative hydrogen-production in a hydrogen producing reactor

SONG Jiax iu^{1,*}, REN Nanq², ZHANG Yongming¹, CHEN Ying²

1 College of Life and Environment Sciences, ShanghaiNomalUniversity, Shanghai 200234

2 School of Municipal and Environmental Engineering Harbin Institute of Technology, Harbin 150090

Received 3 M ay 2009, received in revised form 2 September 2009; a ccepted 20 November 2009

A bstract The hydrogen-producing system and the bacterial community in a continuous stirred-tank reactor (CSTR) were studied before and after converting the process from ethanol-type fermentation to butyric acid-type by changing the pH. The results showed that the type of fermentation system transformed after 15 d from ethanol-type fermentation to butyric acid-type by changing the pH. The results showed that the type of fermentation system transformed after 15 d from ethanol-type fermentation to butyric acid-type by changing the pH. The results showed that the type of fermentation system transformed after 15 d from ethanol-type fermentation to butyric acid-type by during unchanged. A lealinity consumption increased from 350 mg^e L⁻¹ to 1720 mg L⁻¹ and the average hydrogen production rate changed from 21. 2 mol kg⁻¹ d⁻¹ to 11. 1 mol kg⁻¹ d⁻¹. Three types of microorganism s were detected in the reactor by fluorescence in situ hybridization (FISH). Before the process the relative abundances of Enterobacter, C bestridium cluster I II and C bestridium cluster XI were 22%, 48% and 30% compared with 19%, 24% and 55% after transformation, respectively. **Keywords** fermentation, hydrogen production bacteria fluorescent in situ hybridization (FISH)

1 引言 (Introduction)

发酵法生物制氢是以细菌性发酵理论为基础 的制氢技术 (X iao et al, 2006, W ang et al, 2008; Das et al, 2008), 其反应条件温和、底物廉价易获 得, 兼具废物利用、节省能耗和净化环境等多重优 点,因此受到研究者的重视.

在发酵产氢系统内,存在由不同种类细菌优势 种群决定的多种发酵类型,当反应器的控制条件发 生变化时,将引起微生物群落大幅度变迁,直接影 响生物制氢反应器的产氢能力(任南琪等,2003). 以往对种群的研究多依靠大量的细菌分离培养的

基金项目:国家自然科学基金 (Na 50808049);上海师范大学一般科研项目基金 (Na DKL842);上海师范大学重点学科资助项目基金 (Na DZL711)

Supported by the National Natural Science Foundation of China (No 50808049), the General Scientific Project of Shanghai Normal University (Na DKL842) and the Leading A cademic Discipline Project of Shanghai Normal University (Na DZL711)

作者简介: 宋佳秀 (1979-), 女, 讲师 (博士); * 通讯作者 (责任作者), E-m ail song jax i@ shnu edu cn

Biography: Song Jaxiu(1979—), femak, lecturer (Ph. D.); * Corresponding author, E-mail songjaxi@ shnu.edu cn © 1994-2012 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

鉴定工作 (林明, 2002; 秦智等, 2007), 存在局限性 (Amann et al, 1995). 而 FISH 技术具有灵敏、快 速、使用安全、特异性好等特点, 被用于分析复杂环 境的微生物群落结构 (Zeng et al, 2003; Oehmena et al, 2005; Oehmena et al, 2006), 可监测和定量 化微生物群落结构动态, 为人工创建生物处理系统 的最佳工况条件提供理论依据 (Delong et al, 1989; Amann et al, 1996).

以往的研究结果显示,丁酸型发酵和乙醇型发 酵均可达到可观的氢气产量(Am ann et al, 1996, Snaidr et al, 1997; Vatsala et al, 2008),因此,成 为制氢研究的重点(R en et al, 1997, H ark lia et al, 2006).本研究将CSTR系统内pH 由 4 2-次性提高至 6 0左右,启动发酵类型由乙醇型向丁 酸型转化,考察转化前后系统内的产氢发酵特性, 同时应用荧光原位杂交技术(FSH)检测种群数量. 本研究从微生物生态学的角度分析比较了两种发 酵类型的产氢特征,拓展和深化了相同领域的研 究,以期为制氢反应器的选择和调控提供微生物生 态学依据.

2 材料与方法 (Materials and methods)

21 实验装置与运行

2 1.1 实验装置 反应器为连续流搅拌槽式反应器(CSTR)(任南琪等, 1994),有效容积 6L,连续搅拌,搅拌速度 180r•m in⁻¹,控制操作温度在(35 ± 1)℃,连续恒定泵入底物.

2 1.2 运行 实验所用底物为葡萄糖,添加适量 N,P营养物,使 COD:N:P= 1000.5:1(质量比),补充 微量元素及维生素.进水 COD为 5000mg L⁻¹,停留 时间 (HRT)为 4h 种子污泥取自城市污水处理厂二 沉池.反应器启动 1个月后形成乙醇型发酵,稳定运 行 3个月后,调节进水碱度,将反应器内 pH 值从乙 醇型发酵最适的 4 0~4 5提高为丁酸型发酵最适 的 5.5~6 5,启动转化过程.15d后,形成稳定的丁 酸型发酵.在转化过程中每隔 2d取活性污泥进行 FISH 监测.

22 监测方法

2 2 1 常规监测 挥发酸种类和数量、产气速率、 氢气百分含量等检测方法参照文献(许丽英, 2006); pH 值采用 pH 探头通过单片机连接计算机 在线检测;碱度、VSS等按国家标准方法测定(国家 222 FISH 监测 研究结果表明,大多数产氢发 酵细菌属于梭菌属 (*Clostrid im*) 和 肠杆菌科 (*Enterobacteriaceae*). 通过查询 probeBase 寡核苷酸 数据库,获得了它们的专一性探针以及与其他发酵 菌专一性杂交的探针的寡核苷酸序列,分别为: Chis150,专一杂交 *Clostrid ium* cluster I 和 II (序列 为 5'-TET-TTATGCGGTATTAATCTYCCTTT-3'); Clit135,专一杂交 *Clostrid ium* cluster XI (序列为 5'-FITC-GTTATCCGTGTGTACAGGG-3'). 另选择探针 ENT 183(序列为 5'-ROX-CTCTTTGGTCTTGCGACG-3'),专一杂交 *Enterobacteriaceae* 探针的合成与荧 光素标记均由 Invitrogen公司完成,置于 - 20°C下避 光保存.使用前用超纯水将探针稀释到 5ng mL⁻¹, 分装备用.

实验操作如下: ① 取样: 取反应器中的活性污 泥,用灭菌玻璃珠振荡打碎, 1000 m m in⁻¹离心 2m in, 将上清液 5000 ~ 8000r min⁻¹离心 2min 弃上清 液,再用 PBS将收集到的细菌冲洗 1次. ②固定: 用 4% 多聚甲醛溶液固定, 4℃过夜, 杂交实验前, 用 PBS液清洗,离心收集. ③预处理:用蛋白酶 K, 37℃消化 30m in 减少蛋白质对杂交的影响,再用溶 菌酶处理 10m in 以增加细胞的通透性. 最后用梯度 酒精 (50%、80%、95%、100%)依次脱水. ④杂交: 探针在杂交前加入杂交液中(0.9mo) L⁻¹ N aC] 20mm of L^{-1} T ris-C 1 0 1% ~ 1% SDS, 5% ~ 55% \blacksquare 酰胺),使其终浓度为 $0.5 ng mL^{-1}$.杂交在载玻片上 进行,取经过预处理的样品 10^{µL}涂于载片,充分干 燥后,加 20µL杂交液,置于密闭湿盒,46℃杂交炉 中避光杂交 2~4h ⑤洗脱:杂交完成后,用 SET 洗 脱液,46℃将多余的探针除去. ⑥ 双杂交:洗脱后, 在新的杂交液中再加入另一种 16S rRNA 探针溶 液,按上述步骤杂交.

结果分析:全部操作完成后,加少量对苯二胺-甘油溶液覆盖样品,防止荧光淬灭,再封片.结果用 Zeiss LSM 共聚焦显微镜观察、照相,利用 Zeiss LSM hage Browser软件进行结果分析.通过观察照片和 计算荧光面积,可以获得目标菌群的相对数量和空 间分布情况.

3 结果(Results)

3.1 发酵特征

在线检测;碱度、VSS等按国家标准方法测定(国家 CSTR系统发酵产物检测结果如图 1所示. 启动 环保局, 1997) 在线检测: 碱度、VSS等按国家标准方法测定(国家 CSTR系统发酵产物检测结果如图 1所示. 启动 环保局, 1997) 在线检测: 碱度、VSS等按国家标准方法测定(国家 CSTR系统发酵产物检测结果如图 1所示. 启动 量为 1210, 821mg L^{-1} , 平均比产氢速率为 21.2 mol kg⁻¹ d⁻¹. 启动转化初期各种产物产量均明显 增多, 尽管在此期间发酵产物比例发生了变化, 乙 酸、丙酸和丁酸等物质增多, 但仍呈典型的乙醇型 发酵. 8d后产氢速率开始降低, 至第 11d 乙醇型发 酵种群被以丙酸杆菌为主的丙酸型发酵菌群代替, 主要代谢产物为丙酸和乙酸, 而此时, 基本无氢气 产出. 至第 14d 系统内又呈混合酸发酵特征, 产氢 速率则呈上升趋势. 在转化中期, 各发酵产物变化 剧烈, 系统处在极不稳定状态. 至第 15d 反应器内 开始呈现典型的丁酸型发酵, 这是因为在 pH 值为 5 5~ 6 5时, 丁酸型发酵细菌具有较强的竞争力



图 1 转化期间 CSTR 系统内发酵产物

Fig 1 Ferm entation products in the CSTR during the transformation process

(Jain e *et al*, 2008, X iao *et al*, 2006),最终取代了 其他种群成为优势种群.其主要液相产物为丁酸和 乙酸,平均产量分别为 1594 和 735 mg L⁻¹,并逐渐 趋于稳定,标志着转化结束.此时相应的产氢速率 也开始回升并趋于稳定,平均为 11. Im of kg⁻¹ d⁻¹.

转化前后系统内挥发酸产量如表 1所示,转化 前系统呈现乙醇型发酵,转化后呈现丁酸型发酵.

表 1 转化前后挥发酸产量变化

Table 1 Volatile acids production before and after transformation

					mg L ⁻¹
时间	乙醇	乙酸	丙酸	丁酸	戊酸
转化前	1115 2	799 5	126.4	110.4	55 7
转化后	144 1	585 3	181.5	1628. 1	141 9

反应器各项参数变化如表 2所示. 未启动转化 时系统内 VSS平均为 4 6g L⁻¹,转化结束后 VSS平 均为 7.5g L⁻¹,可见,细菌数量与产氢量未成正比 关系.转化前,需在进水投加少量碱 (NaOH)维持系 统内 pH 值使发酵稳定,平均消耗掉的碱度为 350 mg L⁻¹;而转化为丁酸型发酵后,需在进水中投入 大量碱 (NaOH)以维持发酵稳定,平均消耗掉碱度 为 1720 mg L⁻¹. 乙醇型发酵达到的最高比产氢速 率和平均比产氢速率为 30 7 mot kg⁻¹ d⁻¹和 21.2 mot kg⁻¹ d⁻¹,丁酸型发酵达到的最高比产氢速率 和平均比产氢速率为 14 9 mot kg⁻¹ d⁻¹和 11.1 mot kg⁻¹ d⁻¹,而反应器产氢能力分别为 99 64 mot m⁻³ d⁻¹和 81.03 mot m⁻³ d⁻¹,前者均高于 后者.

able 2 Reac	tor parameters	before and	after	trans form at ion

时间	P _{H 2^{max}} / (moł kg ^{- J} d ^{- 1})	P _{H 2^{m in} / (m oł kg[−] ¹ d^{−1})}	Y _{H2} / (m ot m ⁻³ d ⁻¹)	H ₂ / (V/V)	VSS/ (g L ⁻¹)	pH	消耗碱度 / (mg L ⁻¹)	HRT / h	$E_{\rm h}$ / mV
转化前	30. 7	21. 2	99 64	43. 2	4. 7	4. 2~ 4. 5	350	4	- 400~ - 350
转化后	14. 9	11. 1	81 03	40. 6	7. 3	5. 5~ 6 2	1720	4	- 450~ - 550

注: 表中 P_{H_2} 为单位菌体比产氢速率; Y_{H_2} 为单位体积比产氢速率 (平均值).

Т

3 2 细菌群落结构与产氢能力

采用 3种寡核苷酸探针对不同时期的样品进行 平行杂交实验(从第 18d开始取样),获得的两组结 果如图 2所示,使用的探针分别为 ENT183(标记红 色)、Chis150(标记黄色)和 Clit135(标记绿色), A (a)、B(b)和 C(c)分别代表转化前期、中期和末期. 由图 2可见,活性污泥中的肠杆菌(红色区域)数量 至转化中期明显增多,末期有所减少; Clostrid ium cluster, I, 和,IL,(梭菌 I,、II群;黄色区域)数量则至 中期呈逐渐减少态势; 而 *Clostridium* cluster XI (梭菌 XI群; 绿色区域)数量呈逐渐增加态势.

利用 Zeiss LSM In age Browser软件对荧光面积 的计算,得出菌群的相对丰度,并同反应器的比产 氢速率及生物量进行综合分析,结果见图 3 未启动 转化时,反应器内肠杆菌、梭菌 I、II 与梭菌 XI的相 对丰度分别为 22%、48%和 30%;在转化过程中,当 系统呈现丙酸型发酵时,三者的相对丰度分别为 29%、33%和、38%;当系统呈现混合酸发酵时,三者 的相对丰度为 29%、33%和 38%;转化结束后,系统 呈现丁酸型发酵,三者的相对丰度为 19%、24%和 55%.由图 3可见,肠杆菌的相对数量从转化初期开 始逐渐增多,至末期丁酸型发酵形成 (第 15d)时又 逐渐减少.梭菌 I、II的相对丰度变化有较大波动, 乙醇型发酵时期梭菌 I、II 占优势,转化启动后,呈 逐渐减少态势.而梭菌 XI (绿色)数量呈现逐渐增多 态势,最终成为优势菌群,同时,3类细菌的变化趋 势与液相发酵产物的变化趋势相呼应(参见图 1). 产氢速率在启动转化初期(第3~6d)有短暂升高



图 2 CSTR内细菌群 FISH监测照片 Fig 2 Photos for bacterial group identification by FISH monitoring in the CSTR

现象,而后逐渐降低,与梭菌 I、II的变化趋势相 同.此阶段平均比产氢速率为 23 6 mol kg⁻¹ d⁻¹; 转化中期 3类细菌数量相当,两类梭菌属均无明显 的优势,而此时产氢速率达到低谷;转化后期,丁酸 型发酵形成,产氢速率逐渐回升并趋于稳定,与梭 菌 XI的变化趋势相同,尤其至转化末期,梭菌 XI的



图 3 转化前后种群相对数量变化 Fig 3 Population change before and after transformation

数量大量增加,丁酸型发酵也趋于稳定.此时比产 氢速率也回升并趋于稳定,但要明显低于转化初 期.这期间肠杆菌尽管在中期数量有小幅增加,但 总体来看与产氢量变化无明显相关性.

4 讨论(Discussion)

在 CSTR系统内,可通过控制₁H 使系统呈现乙 醇型发酵和丁酸型发酵.乙醇型发酵在环境₁H 急 剧变化时 (由 4 2升至 6 0),发酵特征未出现明显 变化,各项产物出现增多现象,说明此时乙醇型发 酵进程加深,此状况维持了约 3d 此后尽管发酵产 物比例发生了变化,乙酸、丙酸和丁酸等物质增多, 但反应仍呈典型的乙醇型发酵.这种稳定是有限 的,由于原有的生存环境发生改变,适应新环境的 细菌开始出现,并参与竞争,数量逐渐增多,乙醇型 发酵细菌群落逐渐在竞争中失去优势地位,发酵趋 势开始改变,表现为代谢产物的变化.随后系统开 始向其他发酵类型转化,历经丙酸型发酵、混合酸

© 1994-2012 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

发酵,此阶段历时短(共 5d),发酵特征变化剧烈,系 统处在不稳定状态. 直至第 16d 发酵特征趋于稳 定,系统呈现丁酸型发酵.在此 田 范围内,丁酸型 发酵细菌具有更强的竞争优势,因此最终取代了其 他种群,产氢能力和耗碱量是选择工艺的重要参 考,本实验中,乙醇型发酵和丁酸型发酵单位菌体 比产氢速率差距较大,日平均值分别为 23.6 moł kg⁻¹ d⁻¹和 11.1 moł kg⁻¹ d⁻¹, 前者约是后者 二倍: 单位体积产氢速率前者也明显大于后者, 日 平均值分别为 99.64 mol·m⁻³·d¹和 81.03 $mot m^{-3} d^{-1}$. 本系统以葡萄糖 为底物, 乙醇型发酵 需维持 pH值为 4 0~ 4 5 丁酸型为 5 5~ 6 5 这使 得丁酸型发酵需添加大量碱性物质来维持较高的 田 值条件, 消耗碱度平均为 1720mg L⁻¹; 而乙醇型 发酵可以不投碱或少量投碱便可维持发酵稳定,消 耗碱度平均为 $350 \text{mg} \text{L}^{-1}$.

通过荧光原位杂交技术检测了各个时期细菌 种类和数量,乙醇型发酵时,肠杆菌、梭菌↓、Ⅱ与 梭菌 XI的相对丰度分别为 22%、48% 和 30%,以 Clostrid ium cluster [和][占优势, 与其产氢量变化 相对应, 说明此时该类细菌是产氢的主要种群; 丙 酸型发酵时,3类细菌数量相当,相对丰度分别为 29%、33%和 38%, 两类梭菌属均无明显的优势, 系 统产氢能力很低:丁酸型发酵时 3类细菌的相对丰 度为 19%、24% 和 55%、以 Clostridium cluster XI占 优势,也与其产氢量变化相对应,说明此时该类细 菌是产氢的主要种群;在各个时期,肠杆菌的数量 未发现大幅波动,与产氢量和发酵类型的变化未发 现有密切联系.因此从生态学的角度分析认为.尽 管上述 3 类产氢菌在两种发酵类型中始终大量存 在,但由于其种群结构的差异,使得二者的功能呈 现明显差别,其中,梭菌属的种类和数量是影响产 氢能力的关键, Clostridium cluster 1 和 11 的产氢能 力更佳,因此,乙醇型发酵具有更高的产氢能力.

参考文献 (References):

- Am ann R I, Ludwig W, Schleifer K H. 1995 Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation [J]. Microbiol Rev. 59 (1): 143-169
- Amann R I, Snaidr J Wagner M, *et al* 1996 In Situ visualization of high genetic diversity in a natural microbial community [J]. J Bacteriol 178 3496—3500
- Das D, Vezirogh T N. 2008 Advances in biological hydrogen production processes [J]. International Journal of Hydrogen

- Debng E F, Wickham G S, Pace N R 1989 Phybongenetic stains ribosom al RNA based probes for the identification of single microbial cells[J]. Science 65: 5554–5563
- Giovannon i S J Debng E F, Olsen G J *et al.* 1988 Phylogenetic group specific oligonucleotide probes for identification of single m icrobial cells[J]. J B acteriol. 170: 720-726
- 国家环保局. 1997. 水与废水监测分析方法 (第 3 版) [M]. 北京: 中 国环境科学出版社. 233-238
- Environmental Protection Agency. 1997. Monitoring and AnalysisMethod forWater and Wastewater(Third edition) [M]. Beijing China Environmental Science Press 233-238(in Chinese)
- Harik lia N, Joannis V, Ahring K B 2006. B io logical hydrogen production in suspended and attached growth an aerobic reactor systems [J]. In ternational Journal of Hydrogen Energy, 31 (9): 1164–1175
- Jaine M N, Dinsdale R, Guwy A. 2008 Hydrogen production from sewage sludge using mixed microflora inoculum: Effect of pH and enzymatic pretreatment [J]. Bioresource Technology, 99 6325-6331
- 林明. 2002 高效产氢发酵新菌种的产氢机理及生态学研究 [D]. 哈 尔滨:哈尔滨工业大学. 8-10
- Lin M. 2002 Hydrogen-producing mechanism and ecology on high efficient hydrogen-producing fearmentation bacteria [D]. Harbin Harbin Institute of Technology. 8—10 (in Chinese)
- Snaidr J. Am ann R, Huber J et al 1997. Phy bgeny analysis and in Situ identification of bacteria in activated sludge [J]. Appl Environ M icrobiol 63 2884-2896
- Oehm ena A, Vivesa M T, Lu H B, *et al.* 2005. The effect of pH on the competition between polyphosphate accumulating organisms and glycogen-accumulating organisms [J]. WaterResearch, 39: 3727– 3737
- Oehm ena A, Saunders A M, Vives M T, *et a l* 2006 C on petition between polyphosphate and glycogen accumulating organisms in enhanced biological phosphorus removal systems with acetate and propionate as carbon sources[J]. Journal of Biotechnology, 123: 22-32
- 秦智,任南琪,李建政. 2007.发酵生物制氢反应器的产氢菌生物强化 作用研究 [J].环境科学,28(12): 2843- 2848
- Q in Z, Ren N Q, Li J Z 2007. Bioaugmentation of hydrogen producing bacteria on operation of biohydrogen producing reactor [J]. Environmental Science, 28(12): 2843—2848 (in Chinese)
- 任南琪,秦智,李建政. 2003.不同产酸发酵菌群产氢能力对比分析 [J].环境科学,24(2):70-75
- Ren N Q, Q in Z, L i J Z 2003 Comparison and analysis of hydrogen production capacity with different acidogenic ferm entativem icroflora [J]. Environmental Science, 24(2): 70–75 (in Chinese)
- 任南琪,王宝贞. 1994 有机废水发酵法生物制氢技术——原理与方法[M]. 哈尔滨:黑龙江科技出版社. 38-47
- Ren N Q, Wang B Z 1994. Bio-hydrogen Production Fermentation Technology from Organic Waste Water-Principles and Methods [M]. Harb in Heilongjiang Science and Technology Press 38–47 (in Chinese)
- Ren N Q, Wang B Z, Huang J 1997. Ethanol-type fementation of

© 1994-2012 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

bioeng 54 428-433

- Vatsala T M, Raj S M, Manimaran A 2008. A pib⊢scale study of biohydrogen production from distillery effluent using defined bacterial co-culture[J]. In ternational Journal of Hydrogen Energy, 33 5404—5415
- W ang J L, W an W. 2008. The effect of substrate concentration on biohydrogen production by using kinetic models[J]. Sci China Ser B-Chem, 51(11): 1110-1117
- X iao B Y, L iu J X. 2006 Effects of the mally pretreated temperature on bio-hydrogen production from sew age sludge [J]. Journal of Environmental Sciences 8(1): 6-12

- 许丽英. 2006 产氢新菌 E hanoligenen sH arbine se B49 产氢代谢途径 研究 [D]. 哈尔滨:哈尔滨工业大学. 5-15
- Xu L Y. 2006 Hydrogen-producing metabolic pathway for the new hydrogen-producing bacteria *Ethanolig en en s H arbinese* B49 [D]. Harbin Harbin Institute of Technology. 5—15 (in Chinese)
- X iao B Y, Liu J X. 2006 _IH dependency of hydrogen ferm entation from alkali pretreated sludge [J]. Chinese Science Bulletin, 51 (4): 399-404
- Zeng R J Saunders A M, Yuan Z G, *et al* 2003. Identification and comparison of aerobic and denitrifying polyphosphate-accumulating organisms [J]. Biotechnol Bioeng 83 (2): 140–148