

高效苯系物降解菌群的筛选及其降解性能

张迪迪, 林小英, 刘志鹏, 郭涛, 徐升, 吴欢

(福建理工大学 生态环境与城市建设学院, 福建 福州 350118)

摘要: 从受污染的土壤中富集驯化获得苯系物降解菌群, 探究其降解特性并优化降解条件。以苯、甲苯、乙苯和二甲苯作为碳源进行多周期驯化, 通过高通量测序技术进行群落结构分析, 采用气相色谱法检测菌群对苯的降解性能, 通过改变单一因素对降解条件进行优化。驯化后的苯系物降解菌群以假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 为主, 占比 56.07%; 混合菌群降解苯的最适条件是温度 30 °C、pH 7、苯浓度 200 mg/L, 降解率在 80% 以上; 添加 Fe^{3+} 、 Mn^{2+} 离子可强化苯的降解, 0.5 mg/L 的 Mn^{2+} 和 2.0 mg/L 的 Fe^{3+} 对苯的降解率分别达到 90.97% 和 86.63%, 比添加前提高 8.57% 和 4.23%; 菌群对苯的降解过程符合一级动力学方程, 菌群降解 200 mg/L 苯的半衰期仅为 12.27 h。该菌群对苯有较强的降解能力, 对苯系物污染场地的修复有一定的应用前景。

关键词: 苯系物; 菌群; 降解特性; 动力学

中图分类号: X172

文献标志码: A

文章编号: 2097-3853(2024)04-0349-06

Screening of efficient benzene-degrading microbial consortia and degradation performance

ZHANG Didi, LIN Xiaoying, LIU Zhipeng, GUO Tao, XU Sheng, WU Huan

(School of Ecological Environment and Urban Construction, Fujian University of Technology, Fuzhou 350118, China)

Abstract: A benzene-degrading microbial consortia was obtained from the enrichment and domestication of contaminated soil. Its degradation characteristics were explored and degradation conditions were optimized. Benzene, toluene, ethylbenzene and xylene were used as carbon sources for multi-cycle domestication. Community structure analysis was carried out by high-throughput sequencing technology, the degradation effect of microbial consortia on benzene was detected by gas chromatography, and the degradation conditions were optimized by changing a single factor. The BTEX-degradation microbial consortia after domestication were mainly *Pseudomonas*, accounting for 56.07%. The optimum conditions for benzene degradation by microbial consortia were an an initial pH of 7, a temperature of 30 °C and benzene concentration of 200 mg/L, and the degradation rate was more than 80%. The addition of Fe^{3+} and Mn^{2+} ions could enhance the benzene degradation efficiency, and the degradation of benzene by 0.5 mg/L Mn^{2+} and 2.0 mg/L Fe^{3+} reached 90.97% and 86.63%, respectively, which were 8.57% and 4.23% higher than before addition. The degradation process of benzene by the microbial consortia conformed to the first-order kinetic equation, and the half-life of the microbial consortia to degrade 200 mg/L benzene was only 12.27 h. This microbial consortia has a strong ability to degrade benzene, and has a certain application prospect for the remediation of benzene contaminated sites.

Keywords: benzene series; microbial consortia; degradation characteristics; kinetics

收稿日期: 2024-03-26

基金项目: 福建省科技计划项目 (2022Y0041)

第一作者简介: 张迪迪 (1996—), 女, 江苏徐州人, 硕士研究生, 研究方向: 污染控制与资源再生利用。

通信作者: 林小英 (1974—), 女, 福建上杭人, 教授, 博士, 研究方向: 污染控制与资源再生利用。

苯系物(简称 BTEX)具有致癌、致畸和致突变作用^[1],又有较强的挥发性,在工业应用和运输过程中容易泄露并造成大气污染。目前对 BTEX 的治理技术主要包括物理法、化学法和生物修复法。与传统的物理法和化学法相比,生物修复法由于生态友好、经济适用等优点被广泛应用。一般来说,尽管单一菌种在实验室条件下降解效率较高,但在实际生物修复工程和复杂工业环境中存活率低^[2],而接种混合菌群的生物系统性能更加稳定,微生物之间的协同作用有利于多种污染物的去除^[3]。Portune 等^[4]研究了接种混合菌群的生物系统去除苯乙烯的性能,发现在苯乙烯负荷增大的情况下,生物反应器的运行性能依然稳定。马小丽等^[5]研究表明混合菌系对低浓度 BTE 降解较稳定。Zhang 等^[6]使用单菌组合处理甲苯,发现生物系统的启动时间短且抗冲击负荷能力强。

混合培养物受到温度和 pH 等环境因素的影响对苯系物的降解仍然存在周期较长、降解率不高等问题。已有研究表明引入微量元素可以作为辅助因子参与含金属离子的酶的产生,从而增强细菌的新陈代谢^[7],微量元素还可以通过改变细胞外聚合物(EPS)的化学组成和官能团,增加疏水性 VOCs 的吸收和微生物与液体之间的传质。

为了进一步丰富降解苯系物的微生物资源,本研究采集某家具厂附近污染土壤,使用苯系物中具有代表性的苯、甲苯、乙苯和二甲苯为碳源,通过富集、驯化获得稳定高效的苯系物降解菌群,使用高通量测序手段对混合菌群的群落结构进行分析鉴定,探究其对苯的降解特性并进行动力学分析,通过优化培养条件和外加金属离子来促进菌群的生长和苯的降解,为生物强化以及原位修复提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 菌群来源

接种物取自福州某家具厂附近 5~20 cm 的表层土(东经 119°12'4.511",北纬 26°2'12.142"),图 1 为土壤取样点。用 0.5 mol/L 的磷酸盐(PBS)缓冲液清洗 3~5 次,排掉上清液后,接种至 90 mL 牛肉膏蛋白胨培养基(LB)中,在 30 ℃、120 r/min 下振荡培养 24 h,重复两个周期。



(a) 土壤取样点

(b) 土壤样品

图 1 土壤取样点和土壤样品

Fig.1 Soil sampling points and soil samples

1.1.2 培养基和缓冲液

无机盐培养基(g/L): K_2HPO_4 1.55, NaH_2PO_4 0.83, $CaCl_2$ 0.08, NH_4Cl 1.34, $MgSO_4$ 1.05, 将 pH 值调整到 7.0。微量元素(mg/L): EDTA 0.5、 $MnCl_2 \cdot 4H_2O$ 0.03、 H_3BO_3 0.3、 $CoCl_2 \cdot 6H_2O$ 0.2、 $CuCl_2 \cdot 2H_2O$ 0.01、 $NiCl_2 \cdot 6H_2O$ 0.02、 $Na_2MoO_4 \cdot 2H_2O$ 0.03。LB 培养基(g/L): 牛肉膏 5、蛋白胨 10, NaCl 5。PBS 缓冲液(g/L): KH_2PO_4 0.24, Na_2HPO_4 1.42, KCl 0.2, NaCl 8。

1.2 方法

1.2.1 菌群的驯化

在 150 mL 血清瓶(装有 50 mL 无机盐培养基)中,接种富集的菌悬液,加入质量浓度相等的 BTEX,在 30 ℃、120 r/min 下培养,每隔 2 d 转入新鲜的培养基中继续驯化,其中 BTEX 的总浓度逐次增加,依次为 50、100、200、300、400、600、800 mg/L,每个周期检测培养体系中的 BTEX 残余量和菌液的吸光度。将驯化前和驯化末期的菌液送至测试中心进行高通量测序分析。

1.2.2 高通量测序

根据细菌 DNA 提取试剂盒上的提取步骤,从驯化前后的混合菌液中分别提取总 DNA,委托测试中心进行微生物多样性分析。其中,PCR 扩增区域为 16S rDNA 的 V3~V4 区,并以扩增产物为模板进行 Illumina MiSeq 测序文库的制备,引物信息为 338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3')和 806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')。PCR 反应体系(25 μ L): 5 μ L 的 5 \times reaction buffer, 5 μ L 的 5 \times GC buffer, 2 μ L 的 2.5 mmol/L dNTPs, 0.25 μ L 的 Q_5 DNA Polymerase, 正反向引物(10 μ mol/L)各 1 μ L, 2 μ L 的 DNA Template, ddH₂O 8.75 μ L。PCR 反应条件为: 98 ℃ 预变性 2 min, 98 ℃ 变性 15 s, 55 ℃ 退火 30 s, 72 ℃ 延伸 30 s, 共 25 个循环, 72 ℃ 延伸 5 min。

1.2.3 菌群降解苯的特性

在 150 mL 血清瓶中进行批量实验,考察温度(20、25、30、35、40 ℃)、pH(4、5、6、7、8、9)和初始浓度(50、100、200、300、400、500 mg/L)对菌群降解苯的影响;考察外加金属离子 Fe^{3+} 和 Mn^{2+} (质量浓度为 0.5、1.0、2.0、3.0、5.0 mg/L)对菌群降解苯的强化作用。在 120 r/min 下振荡培养 36 h,测定不同实验组中菌液的吸光度(OD_{600})和苯的剩余浓度,每组实验设置 3 组平行实验,下同。

1.2.4 苯的降解动力学分析

在最适条件下进行苯的降解实验,每隔 6 h 取样残余的苯进行气相色谱分析,并测定对应菌液的 OD_{600} 值,以绘制降解动力学曲线。

1.2.5 苯的降解率计算

降解率 = (苯初始量 - 苯最终量) / 苯初始量。在血清瓶的气密性检测实验中,48 h 内苯的挥发量不足 1%,因此挥发量忽略不计。

1.2.6 分析方法

采用气相色谱测定苯系物的浓度,将待测样品在常温下静置,待目标污染物在气液两相之间浓度稳定后使用气密针进样,进样体积:1 mL。分析条件:配备火焰离子化检测器(FID)和 PEG20 填充柱,检测条件:柱温 130 ℃,检测器温度 170 ℃,进样口温度 150 ℃,载气(N_2)流量 2 mL/min,空气流量 300 mL/min,氢气流量 30 mL/min,分流比 10:1。菌液密度采用可见分光光度法测定培养液在 600 nm 下的吸光值(OD_{600})。

2 结果与分析

2.1 群落结构分析

菌液测序结果如表 1 所示,两种样品得到的优质序列量分别为 75 040 和 88 090,从测序深度指数可以看出,测序结果几乎覆盖样品中所有能检测到的序列(>99.9%)。通过样品的 OTU (operational taxonomic units) 数量和 Chao1 指数来表征物种的丰富度,Shannon 指数来评价生物多样性。驯化前样品的 OTU 数量、Chao1 指数、Shannon 指数分别为 283、283.974 和 2.483,驯化之后分别下降为 148、149.957 和 1.312。表明驯化之后细菌的丰富度和生物多样性降低,这是由于在驯化过程中始终以 BTEX 为碳源,BTEX 降解菌大量繁殖成为优势菌,而不能适应 BTEX 环境的细菌因碳源缺乏而被淘汰。

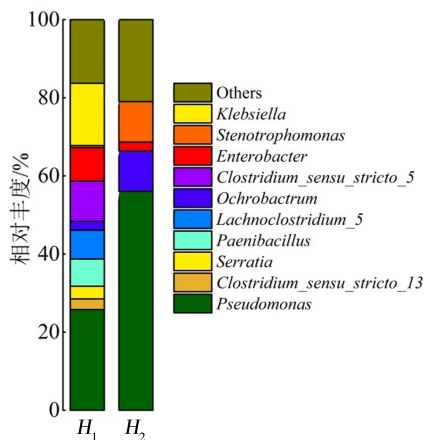
经过 6 个周期的驯化后,将驯化末期的菌液接种至 200 mg/L BTEX 混合体系中,混合菌群在 24 h 可以对 BTEX 降解率在 95% 以上,表明混合菌群驯化完成。 H_1 和 H_2 分别表示驯化前后的菌群在属水平上的分布(图 2),驯化之后假单胞菌属(*Pseudomonas*)、嗜麦芽窄食单胞菌属(*Stenotrophomonas maltophilia*)和苍白杆菌属(*Ochrobactrum*)的丰度显著提高,分别占比 56.07%、10.36% 和 10.3%,说明这三种菌属是苯系物降解的优势菌属。Li 等^[8]研究得出 *Pseudomonas* 对 BTEX 有很好的适应和去除能力,目前也有其他学者研究指出 *Bacillus* sp.^[9]、*Rhodococcus* sp.^[10]、*Klebsiella pneumonia*^[11] 和 *Burkholderia* sp.^[12] 等均可以降解 BTEX。

表 1 驯化前后的菌群多样性指数

Tab.1 Microbial consortia diversity index before and after domestication

样品名	序列数	OTU 数量	Shannon 指数	Chao1 指数	Goods_coverage
H_1	75 040	283	2.483	283.974	0.999 928
H_2	88 090	148	1.312	149.957	0.999 833

注: H_1 和 H_2 分别为驯化前后的菌液



注: H_1 和 H_2 分别为驯化前后的菌液

图 2 菌群在属水平上的分布

Fig.2 Distribution of microbial consortia at genus level

2.2 环境因子对菌群降解苯的影响

2.2.1 温度

由图 3 可知,当温度从 20 ℃ 升至 40 ℃ 时,菌群对苯的降解率呈先上升后下降的趋势,30 ℃ 时对苯的降解效果最佳,去除率为 81.37%。微生

物的生长与降解率之间呈现正相关关系^[13], 温度较低细菌代谢缓慢, 而过高的温度会使蛋白质变性导致酶的催化活性降低甚至失活。因此温度低于 30 °C 或高于 35 °C 时, 细菌的生长受到抑制, 降解率也随之降低。张磊等^[14]使用混合菌群分别在 15、28、37 °C 下测定苯系物的降解, 28 °C 下有最佳的降解效率, 和本研究的实验结果相似。

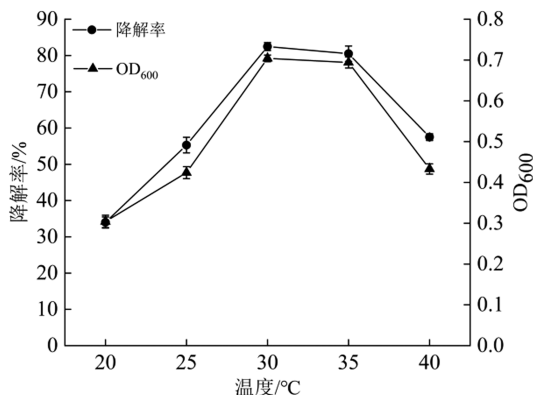


图 3 温度对混合菌群生长和苯降解率的影响

Fig.3 Effects of temperature on microbial consortia growth and benzene degradation

2.2.2 pH 值

外界环境的 pH 会改变细胞膜电荷和通透性, 从而影响营养物质的吸收, 降低菌株对污染物的降解效率^[15]。由图 4 可知, pH 对菌群降解苯的影响较大, 酸性条件下 ($\text{pH} \leq 5$), 混合菌群的生长量和对苯的降解率明显偏低, 对应降解率为 14.35% (OD_{600} 为 0.18)、27.55% (OD_{600} 为 0.25); 当 pH 为 7 时, 苯的降解率最高, 达 83.51% (OD_{600} 为 0.70); 随着 pH 值进一步提高, 菌体的生长量逐渐降低, 苯降解效率也随之降低。Pardeep 等^[16]研究表明 pH 值在 4.0~7.5 的甲苯的降解率随着 pH 值的升高而升高, 表明具有降解苯系物能力的菌群在中性环境中降解性能最佳。

2.2.3 初始浓度

碳源对微生物生长代谢的作用是为其提供细胞的碳架, 微生物通过一系列生理生化作用将有机污染物转化为自身的营养物质, 从而去除污染物^[17-18]。将混合菌群接种于苯作为单一碳源的培养基中, 苯的浓度设定为 50~500 mg/L, 36 h 后测定苯的剩余浓度和菌液的吸光度, 如图 5 所示。菌群可以在 50~500 mg/L 的浓度范围内降解苯, 当苯的浓度低于 200 mg/L, 混合菌群可以在 18 h 内降解 95% 以上的苯; 当苯浓度为

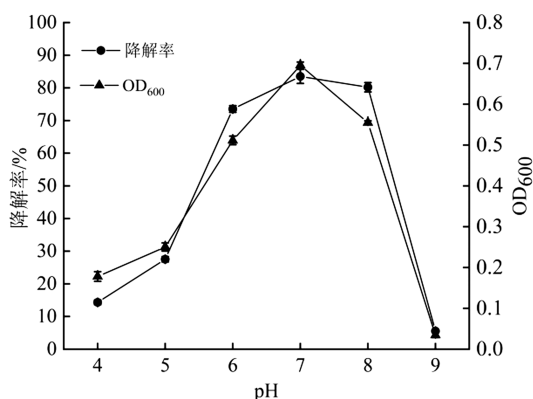


图 4 初始 pH 对混合菌群生长和苯降解的影响

Fig.4 Effects of initial pH on microbial consortia growth and benzene degradation

200 mg/L 时, 碳源充足并且苯的毒性抑制作用较弱, 混合菌群的生长量达到最大 (OD_{600} 值是 0.707), 36 h 对苯的去除率达到 82.4%; 苯浓度进一步升高, 对微生物表现出明显的生长抑制, 生长量显著下降。Padhi 等^[19]探究本土混合培养物对苯的降解, 36 h 对 200 mg/L 的苯降解率在 75% 以下。Ravi 等^[20]使用混合培养物在间歇实验中对甲苯进行生物降解, 抑制浓度是 100 mg/L, 该浓度下甲苯的最高去除率为 84%。由于微生物类型和实验条件不同, 抑制浓度和降解曲线会有所不同。

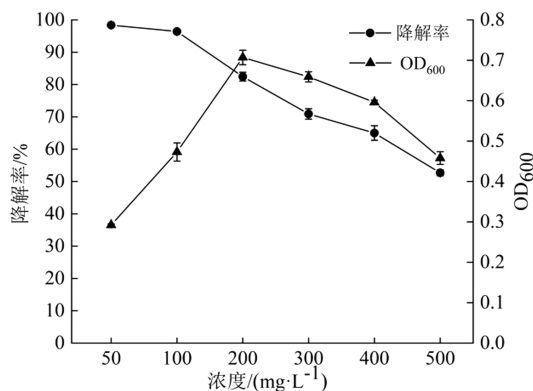


图 5 初始浓度对菌群生长和苯降解的影响

Fig.5 Impacts of initial concentrations on microbial consortia growth and benzene degradation

2.2.4 金属离子

图 6(a) 和图 6(b) 显示了在最适生长的条件下 (苯浓度 200 mg/L、温度 30 °C、pH 7), 混合菌群在不同 Fe^{3+} 和 Mn^{2+} 浓度下的生长情况和苯的去除效果。 Fe^{3+} 、 Mn^{2+} 是微生物生长所必需的微量元素, Fe^{3+} 可以参与电子转移的含铁酶同化并增强其活性, 从而建立一个坚固的生物膜基质;

Mn^{2+} 可以作为辅助因子参与含金属离子酶的产生来增强细菌的新陈代谢,从而增强微生物的生长与活性^[21]。间歇实验表明 Fe^{3+} 和 Mn^{2+} 可以促进混合菌群的生长,当 Mn^{2+} 、 Fe^{3+} 浓度分别为 0.5 mg/L 和 2.0 mg/L 时,对微生物生长的促进作用最大,与其他试验组相比,微生物达到最高的 OD_{600} 值 (0.741 和 0.729),并且对苯的去除率也最高,分别为 90.97% 和 86.63%。当 Mn^{2+} 浓度大于 0.5 mg/L、 Fe^{3+} 大于 2.0 mg/L 时,其对微生物生长的促进作用减弱并且出现了生长抑制,这可能是因为金属离子毒性过高导致对微生物生命活动起着重要作用的蛋白质变性,从而降低了微生物的活性。Liu 等^[22] 在批量实验中评估了 Fe^{3+} 和 Zn^{2+} 对微生物生长的影响,结果表明 3.0 mg/L 的 Fe^{3+} 和 2.0 mg/L 的 Zn^{2+} 对微生物生长的促进作用最高。

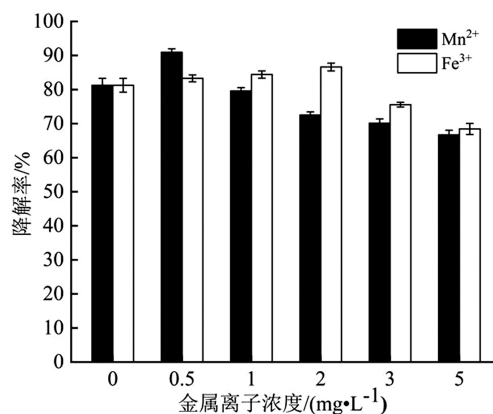
2.3 菌群降解苯的动力学分析

在最适条件下对 200 mg/L 的苯进行降解,由图 7(a) 可知,菌液的生长量与其降解能力呈正相关,0~6 h 为迟滞期;6 h 后进入对数期,细菌大量繁殖,苯浓度迅速降低,在 24 h 后趋于稳定;36 h 时 OD_{600} 值达到 0.721,对苯的降解率达到 90.7%,平均降解速率为 5.03 mg/L。

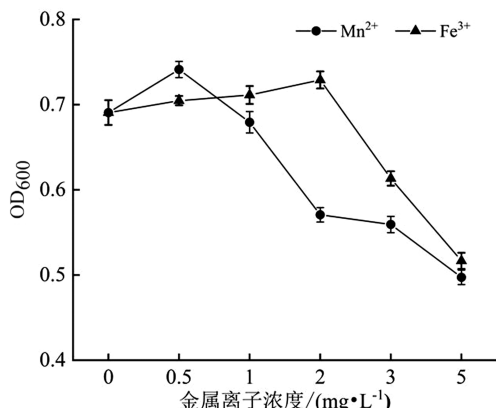
Streese 等^[23] 发现当污染物在液相中水溶性较低时,生物降解过程为扩散控制,反应速率为一级反应。实验测得的苯的降解数据使用一级动力学拟合,方程如下:

$$\ln C_t / C_0 = -kt \quad (1)$$

式中, C_t 是苯在 t 时的浓度, mg/L; C_0 是苯初始浓度, mg/L; k 是一级动力学降解常数, h^{-1} ; t 是反应时间, h。动力学拟合曲线如图 7(b) 所示,动力学方程为 $y = -0.072x + 0.19$, $R^2 = 0.953$, 拟合良好,表明菌群对苯的降解符合一级动力学模型,由方程可得该菌群降解 200 mg/L 苯的半衰期仅为 12.27 h,初步表明该菌群可较好地利用苯作为单一碳源进行生长代谢。



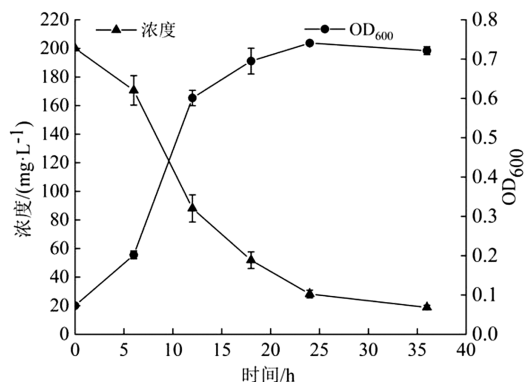
(a) Fe^{3+} 、 Mn^{2+} 对混合菌群生长的影响



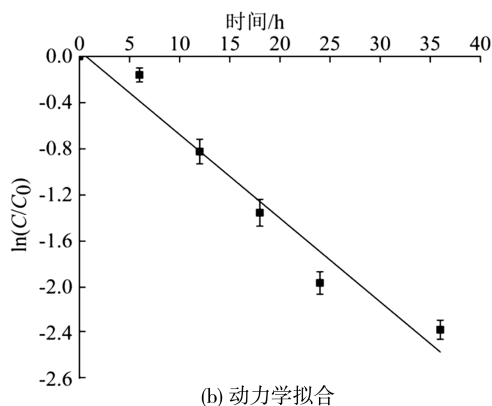
(b) Fe^{3+} 、 Mn^{2+} 对苯降解率的影响

图 6 Fe^{3+} 、 Mn^{2+} 对混合菌群生长的影响及对苯降解率的影响

Fig.6 Effects of Fe^{3+} and Mn^{2+} on growth of microbial consortia and degradation efficiency of benzene



(a) 苯的降解曲线



(b) 动力学拟合

图 7 苯的降解曲线和动力学曲线

Fig.7 Degradation curves and kinetic curves of benzene

3 结论

1) 从家具厂附近的苯系物污染土壤中通过富集驯化获得苯系物高效降解菌群, 菌群中优势菌主要有 *Pseudomonas* sp.、*Stenotrophomonas maltophilia* sp.、*Ochrobactrum* sp. 等菌属。

2) 菌群可以耐受高浓度的苯, 苯浓度为 50~500 mg/L 时均可以实现对苯的降解。在最适条件下(温度 30 ℃、pH 7、外加 0.5 mg/L 的 Mn^{2+}), 菌群

在 36 h 对 200 mg/L 苯的降解率可以达到 80% 以上。

3) 添加 Fe^{3+} 、 Mn^{2+} 这两种金属离子可以提高菌群对苯的降解效率, 特别是在 0.5 mg/L 的 Mn^{2+} 下, 苯的降解率可以达到 90.97%。

4) 菌群对 200 mg/L 苯的降解过程符合一级动力学, 半衰期为 12.27 h。综上, 菌群具有苯系物污染场地修复的潜力。

参考文献:

- [1] LATIF M T, ABD HAMID H H, AHAMAD F, et al. BTEX compositions and its potential health impacts in Malaysia[J]. Chemosphere, 2019, 237: 124451.
- [2] FENG S, GONG L, ZHANG Y, et al. Bioaugmentation potential evaluation of a bacterial consortium composed of isolated *Pseudomonas* and *Rhodococcus* for degrading benzene, toluene and styrene in sludge and sewage[J]. Bioresource Technology, 2021, 320: 124329.
- [3] WANG L J, WANG X Y, WU H, et al. Metabolic modeling of synthetic microbial communities for bioremediation[J]. Critical Reviews in Environmental Science and Technology, 2023, 16: 1-20.
- [4] PORYUNE K J, PEREZ M C, ÁLVAREZ-HORNOS J, et al. Contribution of bacterial biodiversity on the operational performance of a styrene biotrickling filter [J]. Chemosphere: Environmental toxicology and risk assessment, 2020, 247: 125800.
- [5] 马小丽, 岳秀萍, 王国英. 苯系物降解菌群的降解特性分析及模拟应用[J]. 环境科学与技术, 2018, 41(10): 42-46.
- [6] ZHANG Y, LIU J, CHEN Y, et al. Screening and study of the degradation characteristics of efficient toluene degrading bacteria combinations[J]. Environmental Technology, 2021, 42(21): 3403-3410.
- [7] QIN Y, HE Y, SHE Q, et al. Heterogeneity in respiratory electron transfer and adaptive iron utilization in a bacterial biofilm [J]. Nature Communications, 2019, 10(1): 3702.
- [8] LI J H, DE TOLEDO R A, CHUNG J, et al. Removal of mixture of cis-1, 2-dichloroethylene/trichloroethylene/benzene, toluene, ethylbenzene, and xylenes from contaminated soil by *Pseudomonas plecoglossicida*[J]. Journal of Chemical Technology & Biotechnology, 2014, 89(12): 1934-1940.
- [9] MUCCEE F, EJAZ S, ROZA N. Toluene degradation via a unique metabolic route in indigenous bacterial species[J]. Archives of Microbiology, 2019, 201(10): 1369-1383.
- [10] BARIK M, DAS C P, VERMA A K, et al. Metabolic profiling of phenol biodegradation by an indigenous *Rhodococcus pyridinivorans* strain PDB9T N-1 isolated from paper pulp wastewater[J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2021, 158(2): 105168.
- [11] WANG Y, WAN S, YU W L, et al. Newly isolated *Enterobacter cloacae* sp. HN01 and *Klebsiella pneumoniae* sp. HN02 collaborate with self-secreted biosurfactant to improve solubility and bioavailability for the biodegradation of hydrophobic and toxic gaseous para-xylene[J]. Chemosphere, 2022, 304: 135328.
- [12] BACOSA H P, MABUHAY-OMAR J A, BALISCO R A, et al. Biodegradation of binary mixtures of octane with benzene, toluene, ethylbenzene or xylene (BTEX): insights on the potential of *Burkholderia*, *Pseudomonas* and *Cupriavidus* isolates [J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2021, 37(7): 122.
- [13] KAUR G, LECKA J, KROL M, et al. Novel BTEX-degrading strains from subsurface soil: Isolation, identification and growth evaluation[J]. Environment Pollution, 2023, 335: 122303.
- [14] 张磊, 罗启仕, 陈欣, 等. 苯高效降解菌群富集及其降解机理研究[J]. 环境科学学报, 2021, 41(9): 3770-3776.
- [15] ZHU C Y, YANG W L, HE H J, et al. Preparation, performances and mechanisms of magnetic *Saccharomyces cerevisiae* bionanocomposites for atrazine removal[J]. Chemosphere, 2018, 200: 380-387.
- [16] SINGH P, SINGH V K, SINGH R, et al. Biological degradation of toluene by indigenous bacteria *Acinetobacter junii*

- CH005 isolated from petroleum contaminated sites in India[J]. *Energy, Ecology and Environment*, 2018, 3(3): 162-170.
- [17] 刘雪,温全宝,张雷,等.一株钠长石分解菌的筛选及其生长特性[J]. *微生物学通报*, 2023, 50(5): 1801-1814.
- [18] 王晓萍,石贤爱.尼古丁降解菌株的分离及其降解特性[J]. *福建农林大学学报(自然科学版)*, 2023, 52(4): 540-545.
- [19] PSAHI S K, GOKHALE S. Benzene biodegradation by indigenous mixed microbial culture: kinetic modeling and process optimization[J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2017, 119: 511-519.
- [20] RAJAMANICKAM R, KALIYAMOORTHY K, RAMACHANDRAN N, et al. Batch biodegradation of toluene by mixed microbial consortia and its kinetics[J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2017, 119: 282-288.
- [21] QIN Y, HE Y, SHE Q, et al. Heterogeneity in respiratory electron transfer and adaptive iron utilization in a bacterial biofilm[J]. *Nature Communications*, 2019, 10(1): 3702.
- [22] LIU N, LI D, LI K, et al. Enhanced biodegradation of chlorobenzene via combined Fe^{3+} and Zn^{2+} based on rhamnolipid solubilisation[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2021, 103(5): 108-118.
- [23] STREESE J, SCHLEGELMILCH M, HEINING K, et al. A macrokinetic model for dimensioning of biofilters for VOC and odour treatment.[J]. *Waste Management*, 2005, 25(9): 965-974.

(责任编辑:方素华)

(上接第340页)

范围延伸至桩身中部和后排桩桩周,桩土一起失稳发生倾覆破坏。表明随抗滑桩间、排距的增加,坡体深层滑动面剪出口会逐渐下移,滑动面由坡面圆逐渐变化为坡脚圆。

4 结论

1)抗滑桩边坡土体破坏模式为坡面剪切,滑动面呈坡面圆,整个滑移过程可分为稳定、匀速和加速变形阶段。随着抗滑桩间、排距的减小,边坡极限荷载有所增加,桩间距 $3b$ 、排距 $4b$ 时,不仅边坡峰值承载力最大,而且桩顶水平位移量最小。

2)抗滑桩边坡的滑动面数量和深度会随桩间、排距的变化而变化,间、排距较小时($3b$),会在桩顶浅层和桩身深部区域出现两个圆弧滑动面,间、排距逐渐增大后($4b$ 和 $5b$),深部滑动面的剪出口逐渐向坡脚处移动。对于土体强度不高的边坡工程,可适当增加桩的间、排距来避免二次滑动面的产生。

3)抗滑桩间、排距是影响边坡承载能力的重要因素,对于关键性的边坡防护工程而言,建议方形抗滑桩的间距与排距不应分别超出桩截面边长的3倍和4倍。然而,在边坡承载力要求相对较低的工程中,为降低施工成本,可以考虑适度地增大桩间距与桩排距。

参考文献:

- [1] 陈建峰,郭小鹏,田丹,等.抗滑桩锚固长度对均质边坡滑动面及抗滑能力影响研究[J]. *同济大学学报(自然科学版)*, 2022, 50(1): 42-49.
- [2] 屈俊童,崔茂俊,孙再斌,等.不同滑坡推力模式下新型变截面抗滑桩模型试验研究[J]. *建筑结构*, 2022, 52(S2): 2490-2496.
- [3] 景彬余,温树杰.抗滑桩加固红砂岩风化土路基边坡模型试验[J]. *桂林理工大学学报*, 2022, 42(1): 109-114.
- [4] 阙云,翁斌,蔡松林,等.基于透明土技术的非饱和和均匀流运移机理分析[J]. *应用基础与工程科学学报*, 2023, 31(4): 946-960.
- [5] 邓友生,李龙,赵衡,等.基于透明土的梅花桩沉桩挤土效应[J]. *湖南大学学报(自然科学版)*, 2022, 49(7): 205-213.
- [6] 张建伟,丁乐,樊亚龙,等.基于透明土模型试验的卸载后土体变形分析[J]. *中国科技论文*, 2022, 17(2): 127-132, 140.
- [7] 刘强,吴能森,黄志波,等.抗滑桩加固二元结构边坡可视化模型试验[J]. *林业工程学报*, 2023, 8(2): 172-179.

(责任编辑:陈雯)